

マトリョーシカ型進化原理に関する総合的研究

領域番号: 3308

平成23年度～平成28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 国立感染症研究所・部長・野崎 智義

目 次

1. はしがき	2
2. 研究領域の目的及び概要	3
3. 研究領域の設定目的の達成度	5
4. 研究領域の研究推進時の問題点と当時の対応状況	9
5. 研究組織	10
6. 交付決定額	17
7. 主な研究成果	18
8. 研究成果の取りまとめ及び公表の状況	65
(1) 雑誌論文	
(2) 図書	
(3) 研究成果による産業財産権の出願・取得状況	
(4) 国際学会	
(5) 国内学会	
(6) アウトリーチ	
(7) 領域ホームページ	
(8) ニュースレター	
(9) その他	
9. 研究費の使用状況	145
10. 当該学問分野及び関連学問分野への貢献度	148
11. 研究計画に参画した若手研究者の成長の状況	149
12. 研究会	150
13. 総括班評価者による評価の状況	151

1. はしがき

真核生物、及び、オルガネラがどのように多様化・進化したかは、生物学の重要な命題であり、その深い理解は今後オルガネラ病の克服や新しい機能を付加した有用生物等の創成に繋がる技術基盤を提供し、新しい生命・生態系工学領域の創成に貢献することが期待される。本領域は、細胞内共生細菌のオルガネラ化過程と、内部共生の真核生物の進化における役割を解明することを目的として、多層的内部共生現象をマトリョーシカ人形に例え、共生に駆動されるオルガネラの成立と真核生物の進化を多層空間的に理解することを目指した。具体的には、1 オルガネラ進化に繋がる共生関係の検出、機構の解明、2 進化過程にあるオルガネラの多様性と機能の解明、3 内部共生体に駆動される真核生物進化の解明、4 オルガネラ工学による人為的生物進化の技術基盤の確立を目指した。

本領域は平成 23～27 年度の 5 年間、ならびに翌 H28 年度のとりまとめ期間を含め計 6 年間の正式な研究活動を終了した。総括・支援班 16 名、9 つの計画班 24 名、公募班のべ 38 名、運営事務局 4 名を構成員とした約 100 名が領域の運営に貢献した。6 年間で国際学術誌に掲載された英文原著論文・総説等の総数は優に 600 編、図書 45 編を超えた。また 8 件の国際学会・シンポジウム、21 件の国内シンポジウム・ワークショップの開催を通じて、内部共生に駆動された真核生物の進化に関する多様な研究分野の学術的価値を向上させることに貢献した。さらに 28 件のサイエンスカフェ、51 件の一般向け講演・その他イベントを開催すると同時に、領域ホームページやニュースレターを通じ、学問分野と研究内容・意義の一般への周知と本研究分野への人材参入を促進することに成功した。また、本領域の活動を通じて、学際的に異分野の研究者の間で多くの共同研究が開始された。また多くの若手研究者を当該研究分野に求心すると同時に、多くの若手研究者の登用・昇進に寄与することができた。

領域代表として、班員各位の多様な専門性と科学的好奇心の相互作用が作るケミストリーを感じ続け、共生・進化という共通言語の力強さに驚かされ続けた 6 年間であった。「マトリョーシカ型進化」というちょっと風変わりな、好き嫌いの別れる扇情的な標語に、多くの場合真っ正直に、時に搦手から取り組み、内部共生によるオルガネラと真核生物の進化の理解という大きな目標に向かって、100 人からの魅力的な研究者とグループ研究ができたことは極めて有意義な経験であった。本研究領域はこの 6 年間良い航海をしたが、同時に航海の途中で多くの解決すべき課題、中心概念の洗練化の必要性を見出すことにもなった。本領域は一旦終了を迎えるが、今後新しい学会組織などを通じて、本領域を通じて集まった研究者たちが共生・進化における新機軸を次々と創生し続けることを強く期待している。

2. 研究領域の目的及び概要

研究の学術的背景と研究目的：マトリョーシカ型進化原理—新たな学術領域の創成

真核生物の進化、及び、オルガネラ（細胞内小器官）の進化は、生物学の最も重要な基本命題である。一般に葉緑体・ミトコンドリアの起源は、マーギュリスの細胞内共生説（Sagan Theor Biol 14, 255, 1967）により説明されている。この説では、原始真核細胞に共生した細菌が徐々に宿主細胞に「隷属」されてゆき、最終的に宿主細胞に統合された「オルガネラ」として成立したとされる。上記2種のオルガネラの成立により真核生物の代謝機能が飛躍的に高まり、この地球上に多種多様な真核生物系統を生み出すことを可能にした。つまり共生オルガネラの成立は、地球生命史の中で最も重要な出来事の一つである。

しかしながら、真核細胞が細胞内共生細菌をオルガネラ化する過程で、宿主である真核生物も自身の細胞構造、ゲノム、代謝機構等を大幅に改変しなければならなかったはずである。さらに、現存の原生物や藻類では、オルガネラが宿主を支配する逆転現象が示されている。また、真核生物の歴史中で細胞内共生を通じたオルガネラの獲得は繰り返されている。例えば共生により生まれたオルガネラをもつ生物を、更に「二次的に」取り込むことにより生じる二次共生由来オルガネラ（二次色素体など）が存在する。さらに一部の原生物では、いわば「入れ子」ともいふべき「オルガネラの二重構造」をもった上に、更に、哺乳動物などの真核生物細胞内に寄生している（右図）。我々は、この現象をロシアのマトリョーシカ人形に例え、共生・寄生現象によって駆動されるオルガネラ創成と真核生物進化を多層的に理解することを目指した。



本研究領域が解明を目指した主要命題と研究組織構成

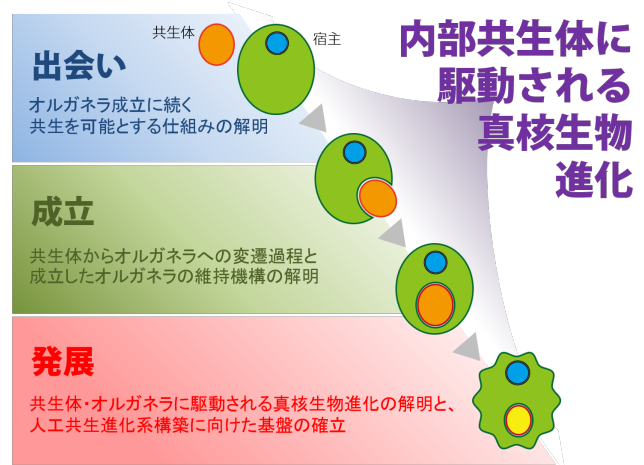
本領域の全体構想の中で具体的に解明しようとする主要命題は以下の4点である（下図参照）。

1. オルガネラに続く共生関係を生物界から広く検出し、共生を可能とする仕組みの解明（右図「出会い」段階の研究）
2. 進化過程にある共生・寄生オルガネラの維持機構の解明（右図「成立」段階の研究）
3. 共生体・オルガネラに駆動される真核生物進化の解明（右図「発展」段階の研究）
4. 生物進化を試験管内で実現するための技術基盤の確立（右図「発展」段階の研究）

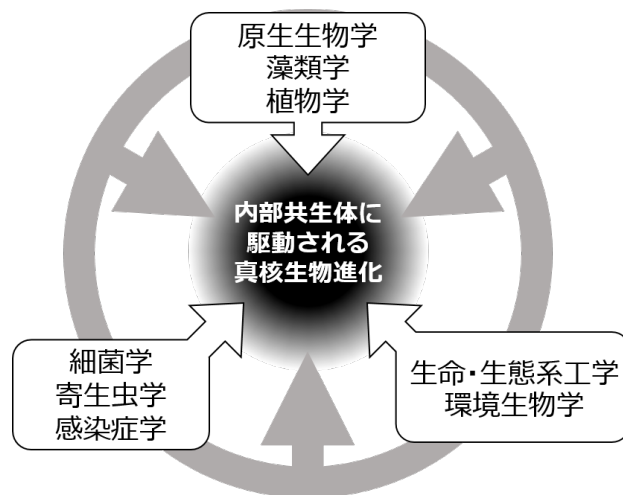
前ページで述べた4つの主要命題へチャレンジする

ために、共生に伴うオルガネラ創成の時間軸に沿って、領域研究を（A）複数の異なる生物の相互作用を通じた共生・寄生の成立機構（出会い段階）の研究、（B）細胞内共生体からオルガネラへの変遷過程（成立段階）の研究、（C）共生オルガネラ成立に伴う宿主細胞の改変の研究および人工共生進化系構築を目指した基盤研究（発展段階）の3段階に分け、それぞれの項目に対応するよう研究組織を分割した。

領域運営の全体構想



本領域の最終目標「内部共生体に駆動される真核生物進化の解明」に到達するためには、共生・寄生成立以前の「出会いの場」における異種生物の相互作用を理解する必要がある。また、共生・寄生に関わる生物種に関する広範な知見、相互作用する生物（共生体・寄生体と宿主）の細胞構造、代謝、ゲノム等の変化を理解する必要がある。従って、研究対象の生物種、研究手法に固執せず、既存の学問分野間を横断する研究が必要である。しかし、本領域以前には、生物多様性の解明を目指す原生生物・藻類学や植物学、有用生物（系・生態系）の作出を目指す生命・生態系工学や環境生物学、共生の特殊ケースと



しての寄生を中心とした2生物間での相互作用を研究する細菌学、寄生虫学、感染症学等が融合研究を行うことが少なかった。そこで本領域では既存の学問分野の融合を強力に推し進め、真核生物の進化学に新しい視点を与え、新しい生物学領域のパラダイム「内部共生体に駆動される真核生物進化」を創出することを目指した。真核細胞の成立と真核生物の多様化は、生物学の最も重要な基本的命題の一つであるが、本領域はそれに重要な原理的裏付けを与えると期待された。また、光エネルギーの利用を可能とした人工生物の構築等を通じて、新しい有用生物の創成に繋がる技術基盤を提供し、新しい生命・生態系工学領域の創成に貢献することを目指した。オルガネラの進化原理の理解に根ざしたオルガネラ的人為的修飾や新規創生は、有用生物の創出といったバイオテクノロジー分野への貢献も大きい。また、オルガネラの機能不全による疾病の治療法の創出などの医学的側面への応用も可能であり、極めて学術的価値が高い。従って、当該領域の発展は国内発の生物学の学術水準を大きく向上するだけでなく、関連する生物学・進化学全般、更に、生命工学、医学、感染症学、生物資源応用等に大きな波及効果を生むと考えられ、我が国の学術水準の向上・強化につながることを期待された。

3. 研究領域の設定目的の達成度

応募時に設定した全体目標は以下の通りである。

- (1) オルガネラ進化につながる一次・二次共生関係を生物界で広く検出し、共生を可能とする原理を理解
- (2) 進化過程にある共生・寄生オルガネラの機能と維持機構の解明
- (3) オルガネラ改変等の細胞工学手法による試験管内生物進化に必要な技術基盤の開発
- (4) 「内部共生体に駆動される真核生物進化」という新しいパラダイムの確立

同時に、長期的に本領域を展開するために以下の追加目標を設定した。

- (5) 学問領域の定着と今後の発展基盤の確立
- (6) 若手研究者の育成

全体目標の達成度：上記の全体目標の各項目の達成度に関する自己評価を示す。

(1) <目的>オルガネラ進化につながる一次・二次共生関係を生物界から広く検出し、共生を可能とする原理を理解

<自己評価>達成された。今後重点的に解明すべき点が明確化された。

特に (A 班) 生物の相互作用 (共生・寄生の初期の成立機構) に関する研究の中から上記目標を達成する成果が得られた。様々な新規共生系が同定されるとともに、共生を可能とする機構ならびにその生理意義が解明された。以下概略を示す。

a. 細菌と宿主の共生に関する成果

i. 細菌の宿主感染の成立の鍵を担う宿主制御因子注入装置 (IV 型分泌系の中核複合体) の生化学的単離、分子構造を解明した。マトリョーシカ化の初段階の細胞侵入の分子機構の一端が明らかにされた。内部共生の鍵分子機構の同定がなされた。(Proc Natl Acad Sci USA 111, 11804-11809, 2014)

ii. 細菌の宿主感染の成立に重要な宿主制御因子 (エフェクターCPAF) は宿主依存的に進化したことが示された。ヒトを宿主とする病原性クラミジアの CPAF は感染細胞のアポトーシスを強力に抑制するのに対して、アメーバ共生原始クラミジアの CPAF はヒト細胞のアポトーシスを誘導した。共生体-宿主の関係を規定する特異性の鍵が同定された。

b. 昆虫等の内部共生に関する成果

i. シロアリ腸内原生生物の新規共生細菌 (スピロヘータ) を同定し、ゲノム解析により代謝の共役を解明した。この共生関係において水素・酢酸・窒素源の宿主-共生体間の受け渡しが共生の鍵であることを示した。(Proc Natl Acad Sci USA 112, 10224-10230, 2015)

ii. 昆虫腸内で多くの環境中の細菌叢の中から共生細菌が選択的に獲得され定着する機構が、ホソヘリカメムシの共生体により示された。また、カメムシの薬剤耐性能が共生細菌により昆虫に付与されること、薬剤耐性が共生の新しい駆動力であることが示された。(Proc Natl Acad Sci USA 112: E5179-5188, 2015; 109:8618-22, 2012)

iii. 昆虫ミカンキジラミにおいて、内部共生微生物プロフィテラが産生する二次代謝物ポリケチド・ディアフォリンが宿主を天敵から守る防衛能力を付与することが共生の駆動力であったことが示された。(Curr Biol 24, R640-641, 2014)

<今後の課題>多くの成果により課題の大目的は達成された。しかしながら、多様な進化の方向性を規定し、生物が適応した環境等の選択圧 (酸素濃度・代謝物の共役等) に関しては想像によるところが多く、今後共生体成立を駆動した地質学・古生態学的要因群を検証する必要がある。

(2) <目的>進化過程にある共生・寄生オルガネラの機能と維持機構を解明する

<自己評価>達成された。ただし、詳細な解明には今後の継続的研究が必要である。

主に (B 班) 細胞内共生体からオルガネラへの変遷過程 (共生からオルガネラへの進化) に関与する研究から重要な成果が生まれた。

a. シアノバクテリア由来の色素体等の進化に関して

i. 光合成能を失った珪藻ニッチアの色素体のオルガネラゲノムの解析により、光合成に関与する遺伝子の選択的喪失が進化の原理であることを示した。同時に、プロトン勾配を造り出せず、ATP を産生できないニッチアの色素体は ATP 合成酵素遺伝子を逆向きに作用させ、タンパク質の輸送に利用されていると提案し、ATP 合成酵素の機能転換がオルガネラ機能の多様化の鍵であることを示した (*Mol Biol Evol* 32, 2598-2604, 2015)

ii. ロパルディア珪藻のシアノバクテリア由来オルガネラが、内部共生から比較的間もない「若い」オルガネラであり、窒素固定に特化していることを示した。内部共生体の進化の方向の多様性の実証となった。(*Proc Natl Acad Sci USA* 111, 11407-11412, 2014)

iii. 異なる真核藻類を二次共生で独立に取り込み葉緑体化した二次植物 (クロララクニオン藻とクリプト藻) のゲノムを決定し、細胞内に取り込まれた真核藻類の痕跡核 (ヌクレオモルフ) の内部共生体ゲノムの縮退の一般原理を明らかにするとともに、葉緑体タンパク質のプロテオーム推定により、葉緑体への輸送シグナルの多様性からタンパク質輸送機構の多様性の存在を示唆した。(*Nature* 492, 59-65, 2012)

iv. 植物細胞内で形成される概日時計の情報を葉緑体に伝達するメカニズムを発見した。葉緑体の共生起源であるシアノバクテリアの時計と植物宿主型の時計は元来異なる特徴を持つが、内部共生後の進化を経て宿主と共生体が時間情報を共有するために創出した新たな統御システムであり画期的発見であった。(*Science* 339, 1316-1319, 2013)

v. 基部陸上植物セン類ヒメツリガネゴケの葉緑体がシアノバクテリアに由来するペプチドグリカン層で覆われていることを明らかにした。広範な植物種で分裂を始めとする葉緑体機能に関与する可能性があり、宿主-オルガネラ相互作用の新しい様態である。(*Plant Cell* 2016 in press)

vi. 陸上植物の核にコードされる pentatricopeptide repeat (PPR) タンパク質はオルガネラに移行して、特異的に RNA に結合し、切断・編集・翻訳制御などを行うが、イネにおいて PPR がミトコンドリアコードの NADH dehydrogenase subunit 5 遺伝子の RNA 編集に関することを明らかにした。PPR を介した転写・翻訳レベルでの宿主核による葉緑体の支配機構の一端を証明した。(*Plant J* 72, 450-60, 2012)

b. α プロテオバクテリア由来のミトコンドリアの進化に関して

i. 高度に独自の進化を遂げた赤痢アメーバのミトコンドリアの生理機能 (硫酸活性化、硫酸コレステロールの合成と細胞分化の調節)、タンパク質等輸送装置 TOM の発見により、嫌気環境で起こったミトコンドリアの放散進化の多様性の一端が解明された。(*Proc Natl Acad Sci USA* 112, E2884-2890, 2015; *Sci Rep* 3, 1129, 2013)

ii. 植物葉緑体の内包膜タンパク質透過装置 (TIC) を初めて無傷で精製し、TIC が宿主と共生体の両者に由来する遺伝子でコードされたタンパク質で構成されることを明らかにした。核・葉緑体双方のゲノムの積極的な関与によって葉緑体が維持されていることを示した画期的成果である。(*Science* 339, 571-574, 2013)

<今後の課題>ミトコンドリア・葉緑体等内部共生体由来オルガネラの機能・維持機構の多様性と普遍性は詳細に解明されつつある。また、様々な進化過程にある内部共生体のゲノムの変貌に関する様態は詳細に記述され、内部共生体のオルガネラ化の過程における進化の「方向性」の一般原理はおおかた理解されたと言える。更に、今後の詳細な解析に必要な生化学的・遺伝学的手法等は確立しており、数年以内に現在未解決の多くの問題点が解明されると期待される。

(3) <目的>オルガネラ改変等の細胞工学手法による試験管内生物進化に必要な技術基盤を開発する

<自己評価>部分的に達成された。原らの光駆動性ミトコンドリアの創生にみられるように、逆遺伝学手法に基づくオルガネラ改変と新規生理機能の付加が達成されるなど画期的な成果が得られた。一方、項目によっては、技術的困難が時間内に克服できず、ブレークスルーを生むには至らなかった。

主に (C 班) 共生オルガネラ成立に伴う宿主細胞の改変に関与する研究から重要な成果が生まれた。

a. オルガネラからの逆方向 (内から外向き) の支配に関して

i. 単細胞性藻類を用いて細胞分裂が起きる時間帯が生物によって限定されている仕組みを解明した。細胞が光合成と分裂する時間帯を分けている意義は、活性酸素から受けるダメージを最小限にするためと推測され、共生オルガネラが宿主細胞の行動 (細胞分裂) に影響を与えていることを示した画期的成果である。(Nat Commun 5: 3807, 2014)

ii. 二次色素体をもつマラリア原虫が本来共生体自身のために使用していたオルガネラ由来の植物ホルモンが宿主である原虫の増殖や分化の制御に使われていることを見出した。マラリア原虫が産生する植物ホルモンサリチル酸が原虫細胞内でプロスタグランジン E₂ の産生を促進し、宿主の炎症性サイトカインの産生を抑制することにより免疫系を介して脳マラリア症の発症を抑制していると推測された。これは内部共生体の宿主制御の一相であると考えられる。

iii. トキソプラズマの植物ホルモンは哺乳動物宿主 (ネズミ) の行動に影響を与え、ネコの回避行動などを抑制することを示した。オルガネラからそ 3 階上層の支配 (多層逆マトリョーシカ支配) を示す一例である。

(Parasitol Int 65, 319-322, 2016)

iv. トキソプラズマは宿主細胞に寄生し、様々な宿主機能をハイジャックする。一例として小胞輸送を調節する宿主分子 RabGDI α をハイジャックして宿主細胞による排除機構から逃れていることを明らかにした。オルガネラ化に必要な分子機構の一端を明らかにした。(Proc Natl Acad Sci USA 112, E4581-90, 2015)

b. 人工マトリョーシカの作製と応用に関して

i. 哺乳類培養細胞のミトコンドリアにデルタロドプシンを特異的に発現させ、光に応答したデルタロドプシンによりプロトン駆動力と ATP 合成力を生み出すことに成功した。この光駆動ミトコンドリアは、葉緑体のように光エネルギーを細胞内エネルギーに変換することができ、植物で見られる光合成の一部を哺乳類細胞で再現した画期的な成果と言える。再生医療技術との融合によりパーキンソン病などの治療にも役立つ可能性も秘める (Sci Rep 3, 1635, 2013)

ii. 共生クロレラ含有ミドリゾウリムシが、セシウムを取り込み食胞中で可溶化し、共生クロレラ内に高濃度に蓄積することを見出した。簡便に土壤懸濁液からセシウムを含む様々な重金属類 (砒素・マンガン・カドミウム・水銀など) を回収する汚染土壌処理法を発明した。生物を用いた既存の放射性セシウム汚染土壌の処理法を凌駕する成果である。(特願 2012-252102)

<今後の課題> オルガネラの移植技術の確立、非共生由来オルガネラによる宿主支配や可逆的共生に伴う相互作用の解析に関しては、一定の進展が見られたが、今後の更に詳細な研究が必要である。

(4) <目的> 「内部共生体に駆動される真核生物進化」という新しいパラダイムを確立する

<自己評価>達成された。上記(1)-(3)の大目的の達成によりパラダイムが確立した。

理解された「内部共生による進化の共通原理」は具体的には以下に要約される。

- ・ 内部共生とオルガネラ化には、共生体-宿主間の代謝相互依存・防御・支配等の様々な生理的な有利性が駆動力として作用する。
- ・ 共生体ゲノム・遺伝子の宿主による収奪と共生体-宿主間の代謝物・タンパク質・転写・翻訳等の共役が共生体のオルガネラ化の主要な原理である。
- ・ 共生体の代謝・生理機能やタンパク質輸送装置等の機能維持装置は縮退・消失するだけでなく、改善・最適化、時に新規機能の追加が起こっており、オルガネラ進化は現在も進行している。

- ・ 内部共生体と宿主は、環境や他の生物からの遺伝子の受容（遺伝子水平転移）により、生物一体としての進化が駆動されている。オルガネラ進化は人工的に誘導できる。

(5) <目的> 学問領域の定着と今後の発展の基盤の確立

<自己評価> 達成された。

- a. マトリョーシカ型進化原理のコンセプトの普及のために、2編の邦文書籍の出版、8回の国際・21回の国内シンポジウム・ワークショップの開催、サイエンスカフェ（28回）や参加型オープンラボ（10回）等の活動を行った。詳細は、「6. 研究成果の取りまとめ及び公表の状況」に記載。
- b. 関連学会組織（日本共生物学会）をH29.11に正式に発足する。本学会の発起人は本領域の計画班員等が中心となり、日本細胞共生学会、原生生物学会、藻類学会、細菌学会、寄生虫学会、植物学会等の有志で立ち上げる予定である。H28.3.5には「共生・寄生物学シンポジウム」としてキックオフシンポジウムを筑波大学で開催した。本組織は今後、本領域に関連した学問領域の継続的発展の国内における場を提供するだけでなく、国際連を強化する役割をも緩やかに果たす。

(6) <目的> 若手研究者の育成

<自己評価> 達成された。

本領域には多くの39才以下の若手研究者（計画班で年間35-57人、公募班で34-36人の大学院生を含む）が関与した。そのうちの52名が常勤の、26名が非常勤の助教等研究職を得た。また、卒業した大学院生のうち22名がポスドク、1名が特任助教、3名がテニユアトラック助教、2名が企業の研究員などの研究職の道歩んでいる。

4. 研究領域の研究推進時の問題点と当時の対応状況

組織変更に関して

計画班の追加等の大きな組織変更は行わなかった。以下軽微な組織変更に関して記載する。

計画班分担研究者の追加に関して

A02において、シロアリ体内の原生生物と共生細菌のメタゲノミクス・メタトランスクリプトミクスの研究を追加した。この追加は領域応募時に参画を計画したが諸般の事情で参加できなかったもので、A領域の発展に多大な貢献をもたらした（*Proc Natl Acad Sci USA* 2015 など、平成 24-27 年度の発表論文計 24 編）。新しい分担研究者を追加することにより、A02 班の研究内容がより網羅的なものとなった。更に、計画班員相互の有機的連携により、シロアリ腸内の原生生物・内部共生体の統合的な共進化・代謝の相互作用に関する知見がより多面的に得られるようになった。

公募班員の交代時の研究の継続性の確保に関して

平成 26-27 年度に公募研究が採択された際に、平成 24-25 年度に採択されていた公募研究の一部が採択されなかったが、多くの研究は本領域の発展のために不可欠と考え、計画班の分担研究者として追加（A01 に 2 名、B02 に 1 名、C01 に 2 名）して研究支援を続けることにより、領域全体の研究進展につなげることができた。これら 5 名により平成 24-27 年度の 4 年間で計 111 編の論文が発表された。これらの研究内容の継続性が確保され、自由生活性アメーバとレジオネラの共進化、ミトコンドリア DNA の病原性の分子機構、トキソプラズマ症における宿主支配の分子機構等に関する知見が蓄積した。

関連学会の発足に関して

5 年間の領域の研究の展開にしたがって、関連学会（細菌学会・原生生物学会・寄生虫学会・進化学会・生化学会・分子生物学会等）でシンポジウム・ワークショップを提案しながらこの学問領域の認知と宣伝に努めてきた。その過程で、共生・寄生・オルガネラ・進化を共通のキーワードとする研究者を様々な既存学会から結集した新しい学術団体を作り、議論をより深めながら、求心力を強める必要性を認識した。このため、H29.11 に日本共生生物学会を設立することとした。本学会は本領域の計画班員数名を発起人として、日本細胞共生学会、原生生物学会、藻類学会、細菌学会、寄生虫学会、植物学会等に所属する有志で立ち上げた学会組織である。

5. 研究組織（総括：総括班，計画：総括班以外の計画研究，公募：公募研究）

平成 23-26 年度

研究項目	区分	氏名	所属機関・部局・職	研究課題名
X00 総括	計画 代表	野崎 智義	国立感染症研究所・寄生動物部・部長	マトリョーシカ型進化原理（総括班）
	計画 分担	洲崎 敏伸	神戸大学・大学院理学研究科・准教授	
	計画 分担	坪井 敬文	愛媛大学・学内共同利用施設等・教授	
	計画 分担	守屋 繁春	独立行政法人理化学研究所・基幹研究所 守屋バイオスフェア科学創成研究ユニット・ユニットリーダー	
	計画 分担	津久井 久美子	国立感染症研究所・寄生動物部・主任研究官	
	計画 分担	松崎 素道	東京大学・大学院医学系研究科・助教	
	計画 分担	橘 裕司	東海大学・医学部・教授	
	計画 分担	石田 健一郎	筑波大学・生命環境系・教授	
	計画 分担	小保方 潤一	京都府立大学・生命環境科学研究科・教授	
	計画 分担	橋本 哲男	筑波大学・生命環境系・教授	
	計画 分担	金子 修	長崎大学・熱帯医学研究所・教授	
	計画 分担	稲垣 祐司	筑波大学・生命環境系・准教授	
	計画 分担	井上 勲	筑波大学・生命環境系・教授	
	計画 分担	永井 宏樹	大阪大学・微生物病研究所・准教授	
	計画 分担	黒田 誠	国立感染症研究所・病原体ゲノム解析研究センター・センター長	
	計画 分担	永宗 喜三郎	国立感染症研究所・寄生動物部・室長	

研究項目	区分	氏名	所属機関・部局・職	研究課題名
A01	計画 代表	永井 宏樹	大阪大学・微生物病研究所・准教授	細菌の原虫・哺乳動物宿主に対する寄生・共生の分子基盤
	公募 代表	三室 仁美	東京大学・医科学研究所・室長／准教授	持続感染病原細菌がコントロールする共生成立の分子機構
	公募 代表	丸山 史人	東京医科歯科大学・大学院医歯学総合研究科・准教授	A群レンサ球菌の宿主寄生を介した新規病原因子獲得機構の時空間的解析
	公募 代表	中鉢 淳	豊橋技術科学大学・エレクトロニクス先端融合研究所・准教授	オルガネラ様共生体に輸送される宿主動物由来タンパク質の機能解析
	公募 代表	新里 尚也	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・助教	トリミエマ原虫共生系を用いた細胞内共生研究モデルの構築
	公募 代表	藤原 義弘	海洋研究開発機構・海洋・権限環境生物園領域・研究員	深海産イガイ類の共生細菌認識機構に関する研究
A02	計画 代表	守屋 繁春	独立行政法人理化学研究所・基幹研究所 守屋バイオスフェア科学創成研究ユニット・ユニットリーダー	先端ゲノム・トランスクリプトーム解析技術を用いた環境微生物の共生原理の解明
	計画 分担	大熊 盛也	独立行政法人理化学研究所・バイオリソースセンター 微生物材料開発室・室長	
	公募 代表	山口 博之	北海道大学・大学院保健科学研究員・教授	アメーバに共生する難培養性細菌のゲノム解析から紐解くマトリョーシカ進化原理
	公募 代表	見坂 武彦	大阪大谷大学・薬学部・准教授	原生生物・寄生細菌間のDNA分子フローの可視化と高精度定量
	公募 代表	福田 真嗣	慶應義塾大学・先端生命科学研究所・特任准教授	腸内微生物社会は如何にして形成されるのか
	公募 代表	菊池 義智	産業技術総合研究所・研究員	共生成立の分子基盤を解く：昆虫－細菌共生系における大規模RNA iスクリーニング
B01	計画 代表	石田 健一郎	筑波大学・生命環境系・教授	二次共生における共生藻のオルガネラ化過程の解明
	計画 分担	井上 勲	筑波大学・生命環境系・教授	
	計画 分担	松崎 素道	東京大学・大学院医学系研究科・助教	
	公募 代表	華岡 光正	千葉大学・大学院園芸学研究科・准教授	共生による葉緑体光応答系の成立と進化

	公募 代表	中井 正人	大阪大学・蛋白質研究所・准教授	色素体成立の初期過程におけるタンパク質輸送装置の確立と進化に関する研究
B02	計画 代表	野崎 智義	国立感染症研究所・寄生動物部・部長	ミトコンドリアの進化の多様性
	計画 分担	黒田 誠	国立感染症研究所・病原体ゲノム解析研究センター・センター長	
	計画 分担	橋本 哲男	筑波大学・生命環境系・教授	
	公募 代表	戸澤 譲	愛媛大学・プロテオサイエンスセンター・教授	細胞内物質代謝系の統合と変遷に伴うミトコンドリア輸送体の獲得と共進化
	公募 代表	見市 文香 (三田村文香)	佐賀大学・医学部・助教	赤痢アメーバマイトソームによる硫酸活性化経路の獲得と寄生適応との関連性の解明
	公募 代表	佐藤 暖	慶應義塾大学・先端生命科学研究所・特任助教	メタボロミクスによる、ミトコンドリアを持たない寄生虫のエネルギー代謝機構の解明
B03	計画 代表	稲垣 祐司	筑波大学・生命環境系・准教授	ミトコンドリア・色素体以外の共生オルガネラ成立過程の解明
	計画 分担	小保方 潤一	京都府立大学・生命環境科学研究科・教授	
	公募 代表	春田 伸	首都大学東京・大学院理工学研究科・准教授	細菌を細胞小器官とする窒素固定藻類の創製
	公募 代表	瀧下 清貴	海洋研究開発機構・研究員	色素体以外の“炭酸固定オルガネラ”を持つ原生生物の探索, およびその遺伝子解析
C01	計画 代表	永宗 喜三郎	国立感染症研究所・寄生動物部・室長	植物由来共生オルガネラの宿主隷属化機構
	公募 代表	今村 壮輔	東京工業大学・資源化学研究所・准教授	統御的な rRNA 合成制御機構の解明からオルガネラの進化を探る
	公募 代表	壁谷 如洋	国立遺伝学研究所・研究員	宿主細胞と光合成の協調による葉緑体ゲノム複製制御の分子機構の解明
	公募 代表	鳥山 欽哉	東北大学・大学院農学研究科・教授	イネのミトコンドリア遺伝性の雄性生殖器官発育不全とそれをレスキューする核遺伝子
C02	計画 代表	金子 修	長崎大学・熱帯医学研究所・教授	共生非依存的に進化したオルガネラによるマトリョーシカ化機構
	計画 分担	坪井 敬文	愛媛大学・無細胞生命科学研究センター・教授	
	公募 代表	加藤 健太郎	帯広畜産大学・原虫病研究センター・准教授	オルガネラ分泌蛋白質による原虫の寄生・共生成立の分子基盤

	公募 代表	久枝 一	群馬大学・大学院医学系研究科・教授	次世代オルガネラ学の革新的ツールである超高速進化型マラリア原虫の創成
	公募 代表	山本 雅裕	大阪大学・微生物病研究所・准教授	トキソプラズマ原虫「寄生胞」をめぐる寄生体・宿主間の攻防の解明
C03	計画 代表	洲崎 敏伸	神戸大学・大学院理学研究科・准教授	オルガネラの人工修飾と創成の技術基盤
	計画 分担	橘 裕司	東海大学・医学部・教授	
	公募 代表	林 純一	筑波大学・生命環境系・教授	核-ミトコンドリアゲノム間の機能的不和合性を導入したモデル生物の作出
	公募 代表	原 清敬	神戸大学・自然科学系先端融合研究環・助教	酵母オルガネラの機能改変による人工共生系の創出と有用物質生産への応用

平成 25, 26 年度

研究項目	区分	氏名	所属機関・部局・職	研究課題名
A01	計画 代表	永井 宏樹	大阪大学・微生物病研究所・准教授	細菌の原虫・哺乳動物宿主に対する寄生・共生の分子基盤
	計画 分担	山口 博之	北海道大学・大学院保健科学研究員・教授	
	計画 分担	丸山 史人	京都大学・大学院医学研究科・准教授	
A02	計画 代表	守屋 繁春	独立行政法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・専任研究員	先端ゲノム・トランスクリプトーム解析技術を用いた環境微生物の共生原理の解明
	計画 分担	大熊 盛也	独立行政法人理化学研究所・バイオリソースセンター 微生物材料開発室・室長	
	計画 分担	本郷 裕一	東京工業大学・大学院生命理工学院・教授	
A	公募 代表	野崎 久義	東京大学・大学院理学系研究科・准教授	植物細胞感染性リケッチアを用いたミトコンドリア共生初期過程の研究
	公募 代表	新里 尚也	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・助教	トリミエマ原虫共生系を用いた細胞内共生研究モデルの構築
	公募 代表	徳田 岳	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・准教授	キゴキブリ集団間における細胞内共生系とセルロース消化共生系との代謝競合
	公募 代表	春田 伸	首都大学東京・大学院理工学研究科・准教授	オルガネラ化していく窒素固定細菌のゲノムリダクション
	公募 代表	福田 真嗣	慶應義塾大学・先端生命科学研究所・准教授	腸内微生物社会形成過程における初期状態の理解

	公募 代表	丸山 真一郎	東北大学・大学院生命科学 研究科・助教	食作用を軸としたサンゴ褐虫藻共生系の マトリョーシカの進化基盤
	公募 代表	菊池 義智	産業技術総合研究所・研究 員	ホソヘリカメムシ-Burkholderia 共生系における共生成立機構の解 明
B01	計画 代表	石田 健一郎	筑波大学・生命環境系・教 授	二次共生における共生藻のオルガネラ化 過程の解明
	計画 分担	井上 勲	筑波大学・生命環境系・教 授	
	計画 分担	平川 泰久	筑波大学・生命環境系・助 教	
	計画 分担	松崎 素道	東京大学・大学院医学系研 究科・助教	
B02	計画 代表	野崎 智義	国立感染症研究所・寄生動 物部・部長	ミトコンドリアの進化の多様性
	計画 分担	黒田 誠	国立感染症研究所・病原体 ゲノム解析研究センター・セン ター長	
	計画 分担	橋本 哲男	筑波大学・生命環境系・教 授	
	計画 分担	石川 香	筑波大学・生命環境系・助 教	
B03	計画 代表	稲垣 祐司	筑波大学・計算科学研究セ ンター・教授	ミトコンドリア・色素体以外の共生オルガ ネラ成立過程の解明
	計画 分担	小保方 潤一	京都府立大学・生命環境科 学研究科・教授	
	計画 分担	神川 龍馬	京都大学・大学院地球環境 学 堂 地球親和技術学 廊・ 助教	
B	公募 代表	華岡 光正	千葉大学・大学院園芸学研 究科・准教授	内部共生による宿主-オルガネラ間の遺 伝子発現協調機構の成立
	公募 代表	今村 壮輔	東京工業大学・資源化学研 究所・准教授	オルガネラの統制を司るTORの機能解 明から真核生物の進化を探る
	公募 代表	中井 正人	大阪大学・蛋白質研究所・ 准教授	色素体成立の初期過程におけるタンパク 質輸送装置の確立と進化に関する研究
	公募 代表	戸澤 讓	埼玉大学・大学院理工学研 究科・教授	細胞内物質代謝系とオルガネラ膜輸送体 の共進化
	公募 代表	中村 崇裕	九州大学・大学院農学研究 院・准教授	植物の共生オルガネラ制御におけるPP Rシステムの解析

	公募 代表	見市 文香 (三田村文香)	佐賀大学・医学部・助教	赤痢アメーバマイトソームの硫酸活性化経路の獲得と寄生適応・病原性との関連性の解明
	公募 代表	高野 博嘉	熊本大学・大学院自然科学研究科・教授	基部陸上植物の葉緑体型ペプチドグリカン結合性タンパク質の単離と解析
	公募 代表	阪口 雅郎	兵庫県立大学・大学院生命理学研究科・教授	オルガネラ分化を実現する膜タンパク質の選別輸送機構の階層性と相互干渉
	公募 代表	今居 譲	順天堂大学・大学院医学研究科・准教授	ミトコンドリアの共生を規定する、排除と維持の監視メカニズムの解明
	公募 代表	今井 賢一郎	産業技術総合研究所・研究員	配列解析によるミトコンドリア由来オルガネラにおける品質管理因子の網羅的探索
C01	計画 代表	永宗 喜三郎	国立感染症研究所・寄生動物部・室長	植物由来共生オルガネラの宿主隷属化機構
	計画 分担	西川 義文	帯広畜産大学・原虫病研究センター・准教授	
	計画 分担	加藤 健太郎	帯広畜産大学・原虫病研究センター・准教授	
C02	計画 代表	金子 修	長崎大学・熱帯医学研究所・教授	共生非依存的に進化したオルガネラによるマトリョーシカ化機構
	計画 分担	坪井 敬文	愛媛大学・プロテオサイエンスセンター・教授	
C03	計画 代表	洲崎 敏伸	神戸大学・大学院理学研究科・准教授	オルガネラの人工修飾と創成の技術基盤
	計画 分担	橘 裕司	東海大学・医学部・教授	
C	公募 代表	倉田 祥一朗	東北大学・大学院薬学研究科・教授	細胞内共生細菌による宿主へのウイルス耐性付与機構の解明
	公募 代表	平井 誠	順天堂大学・医学部・准教授	超加速進化型オルガネラゲノムを持つマラリア原虫の創成と予測進化学への応用
	公募 代表	山本 雅裕	大阪大学・微生物病研究所・教授	「寄生胞」を介したトキソプラズマ-宿主間相互支配の“力学”の解明
	公募 代表	荒瀬 尚	大阪大学・微生物病研究所・教授	マラリア原虫感染赤血球上の多遺伝子膜分子による宿主内共生能獲得メカニズムの解明
	公募 代表	原 清敬	神戸大学・自然科学系先端融合研究環・准教授	酵母オルガネラへの新規機能賦与による人工共生系の改変と有用物質の高蓄積化
	公募 代表	藍川 晋平	神戸大学・大学院工学研究科・研究員	バイオリファイナーのための共生クロレラのマルトース分泌メカニズムの解明

	公募 代表	山本 雄広	慶應義塾大学・医学部・助教	核-ミトコンドリア間コミュニケーションによる代謝相互作用の分子機構の解明
	公募 代表	案浦 健	国立感染症研究所・寄生動物部・研究員	偽オルガネラとしての肝内型マラリア原虫の宿主内“居座り”分子基盤

平成 28 年度(取りまとめ班)

	氏 名	所属研究機関・部局・職	役割分担
研究代表者	野崎 智義	国立感染症研究所・寄生動物部・部長	領域の総括
研究分担者	守屋 繁春	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・専任研究員	アウトリーチ活動
研究分担者	山本 雅裕	大阪大学・微生物病研究所・教授	領域の統合
研究分担者	松崎 素道	国立感染症研究所・寄生動物部・協力研究員	ニュースレター発行
研究分担者	石田 健一郎	筑波大学・生命環境系・教授	関連学会の設立
研究分担者	神川 龍馬	京都大学・地球環境学堂・助教	国際シンポジウム運営
研究分担者	小保方 潤一	京都府立大学・生命環境科学研究科・教授	国際シンポジウム運営
研究分担者	稲垣 祐司	筑波大学・計算科学研究センター・教授	複数領域の融合
研究分担者	木原 久美子	熊本高等専門学校・生物化学システム工学科・講師	関連書類の準備

6. 交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
平成23年度	250,200,000	75,060,000	325,260,000
平成24年度	239,600,000	71,880,000	311,480,000
平成25年度	244,700,000	73,410,000	318,110,000
平成26年度	226,500,000	67,950,000	294,450,000
平成27年度	228,900,000	68,670,000	297,570,000
平成28年度	3,000,000	900,000	3,900,000
総計	1,192,900,000	357,870,000	1,550,770,000

7. 主な研究成果

研究項目：A01 細菌の原虫・哺乳動物宿主に対する寄生・共生の分子基盤

計画研究代表者：永井宏樹



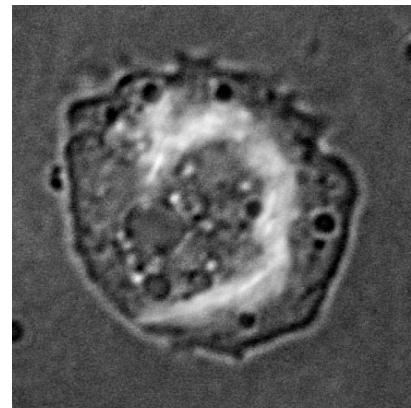
マトリョーシカ型共生関係の最深部を構成する一次共生への第一段階は、細菌の真核細胞への侵入とそれに続く潜伏・増殖可能なニッチの形成である。一次共生は史上一度だけ起こったと考えられているが、この第一段階は今日においても何らめずらしい現象ではなく、細胞内寄生菌として知られる一部の病原菌による感染成立において日常的に見いだされる。これら病原菌は、宿主細胞内機能をハイジャックすることにより宿主細胞を隷属化させる戦略をとるが、さらに一部の細菌は、その生存が宿主細胞に依存するように進化している。

本計画研究では、主として自由生活性アメーバをリザーバー宿主とする病原菌レジオネラと、自然宿主アメーバおよびその共生菌、さらには病気を起こすほ乳類宿主との関係に着目し、細胞内寄生・共生を可能にする分子基盤、さらには細胞内寄生・共生を駆動する進化原理に迫ることを目的とした。

(1) 宿主依存性を決定するレジオネラ因子の解析

我々は当初、自然宿主であるアメーバ中では必須であるが、偶然の宿主ヒト細胞中では必要ないエフェクタータンパク質が多数存在すると考えた。そのような「アメーバ特異的」エフェクタータンパク質を網羅的に同定するため、約 300 存在するエフェクター遺伝子を網羅的に破壊し、各種宿主細胞中での生存・増殖を指標にスクリーニングを行った。この結果、遺伝子欠損によりアメーバ中での増殖能のみが有意に減弱するエフェクター遺伝子を 2 種見出した。この数はレジオネラ全エフェクター遺伝子の数を比較すると、予想外に小さいものであった。また、同定した 2 つのエフェクタータンパク質の宿主細胞中での機能の検討を行ったが、本研究期間中に明らかにすることができなかった。

以上の結果は、当初の予想とは異なり、宿主の異同はエフェクターにより決定されていないことを示唆していた。このため、探索の範囲を全遺伝子に広げることにした。トランスポゾン挿入株ライブラリを作成し、各種宿主への感染前後において、集団中のトランスポゾン挿入点を次世代シーケンサーにより網羅的にプロファイルした。この結果、1) 宿主の種類にかかわらず、IV 型分泌装置が宿主内寄生に最重要であること、2) IV 型分泌装置およびエフェクターの発現調節系については、当初の予想通り、自然宿主アメーバに適応進化していること、3) それら以外の遺伝子に関して、宿主による必要度に明確な違いは見いだせないことが明らかになった。これらの結果は、レジオネラ目細菌群で非常によく保存されている IV 型分泌系が細胞内寄生に必須であることを裏書するとともに、一部の自然宿主との相互作用だけで、広範囲の真核細胞中での生存・増殖を可能とする機構の進化を駆動できることを示唆している。



アカントアメーバ中で増殖するレジオネラ（「り」の形に見える）

(2) アメーバ側の寄生・共生・病原体に対する生存戦略の解析

環境中からアカントアメーバを分離すると、その一割程度は様々な細菌が共生していることが知られている。研究分担者の山口はある種のネオクラミジアが共生するアカントアメーバが、レジオネラ感染に対して抵抗性を示すことを見出していた。この三角関係の分子基盤を解明することを目指して、領域支援班(B02班 黒田誠・国立感染症研究所センター長)と連携し、このアメーバ共生菌の比較ゲノム解析を行ったところ、このネオクラミジア S13 株ゲノム中にのみに存在する 70 個の遺伝子が同定し、そのなかに外膜に存在すると予想される Ton/Tol 輸送システムが含まれていることを見いだした。さらに、アメーバへの感染性が異なるレジオネラのゲノム解析を行い、ネオクラミジア S13 が認識するレジオネラ分子の絞り込みを行いつつある。さらに、アメーバ側のトランスクリプトーム・プロテオーム解析により発現変動遺伝子解析を行った結果、ネオクラミジア S13 株共生アメーバでは細胞運動に関わるアクチンの発現が有意に亢進していることが明らかになった。このことは、レジオネラの暴露を受けたネオクラミジア S13 共生アメーバは、他のアメーバに比べ容易にシスト化することと関連するかもしれない。今後、アメーバの感染抵抗性の分子基盤の解明をめざして、アメーバを宿主とする巨大ウイルスなどとの関連を明らかにしていきたい。

(3) 細胞内寄生・共生を駆動する進化原理の解析

ヒトには多種多様な細菌が生息しており、両者は互いに有益な共生関係を築いている。しかしながら、この中には日和見感染症を引き起こす種のみならず、病原性を示す細菌も数多く潜在している。例えば、結核菌は 33%、ピロリ菌や黄色ブドウ球菌は 50%のヒトが無症候性キャリアである。研究分担者である丸山はこれまで、A 群レンサ球菌 (Group A Streptococcus, 以下 GAS と示す) による劇症型感染症の発症メカニズムを解明するために、本菌の全ゲノム解読および比較ゲノム解析、病原因子の機能解析、また、宿主側の免疫機構解析を進めてきた。これに加えて、従来考慮されてこなかった非劇症型株を多数用いた計 259 株の比較ゲノム解析を実施し、以下の新たな知見が得られた。I) 本種の多様化においては、原核生物の獲得免疫システム (CRISPR) と病原因子の運搬役であるバクテリオファージの関わりが主要な役割を果たし、CRISPR の欠失が一つの種内を大きく 2 つのグループに分ける要因になることが分かった。II) また、各グループの特徴として、CRISPR を保有するグループはゲノムを構成する遺伝子数がほぼ一定で保守的であるのに対し、CRISPR を欠損したグループはゲノム上に多様なファージの出入りがあり、種としては多数の遺伝子種を保有するが、全株共有の遺伝子種は CRISPR 保有型に比べ少なくなっていた。すなわち、「ファージを介したゲノム縮小という新規ゲノム進化機構」の存在を明らかにすることができた。

1. 研究開始当初の背景

生命圏では限られたリソースを巡って膨大な多様性を持つ生物間相互作用が進化してきた。その中でも、特に興味深いのは競争ではなく共生＝マトリョーシカの進化というプロセスによって、生物はそのもてる機能を非連続的かつ飛躍的に向上させてきたという事実である。我々自身がエネルギーを獲得するために用いているミトコンドリアや、汎生命圏的な一次生産者である植物が光合成に用いている葉緑体がよく知られた例であるが、環境中を見渡すと、生物の数だけ共生があると言っても過言ではないくらいに非常に様々なマトリョーシカ型生物間インタラクションの例を見ることができる。

我々の研究グループにおいてすでに10年以上の研究の蓄積があるシロアリ共生系はその非常によい実例である。リンマーグリスによるミトコンドリア共生説の直接的きっかけとなったこの小さな昆虫の腸の中に形成されている生態系は、陸上植物バイオマスの中でももっとも豊富に存在するリグノセルロースのみをほぼ唯一のインプットとする半閉鎖システムで、難分解性の炭素源、非常に限られた窒素供給源、環境中の大部分の微生物同様に単離培養がほぼ不可能な微生物から構成される（しかしある程度固定された種構成を持つ）共生微生物群といった特徴を持っている。

2. 研究の目的

本研究では共生系、特にその初期過程にあると思われる微生物たちを研究対象とする。我々のグループで開発と解析を続けている、培養を経ずにそれらの遺伝子発現パターンやゲノム情報を読み取ることが可能な独自の先端ゲノム科学的手法によって、これら様々な共生系を構成する個々の生物がどのような代謝パスウェイを持ち・どのように種間相互接続し・またどのように種を超えた遺伝子の転移によって固定されていくのを調べることで、単に競争だけではなく、協調＝すなわちマトリョーシカ化によって飛躍的な機能進化を遂げる、この生命圏の美しい仕組みを包括的に明らかにしていきたい。

ここで得られる知見は、単体の生物を調べることに汲々としてきた従来の生物学とは完全に一線を画した、グローバルな新しい生物学の開始を告げる橋頭堡となり得る。同時にその知見は、組み換え遺伝子技術や大型の放射線施設などを使わなくても飛躍的に生物機能を高める革新的な進化工学技術の創成にもつながると考えられた。

3. 研究の方法

本研究における最大のポイントはどれだけ様々なマトリョーシカを対象にできるかにかかっている。そこで、本研究では研究グループがすでにデータの蓄積を持っている、陸域生態系のミニチュアモデルともいえるシロアリ共生系を題材として、まずは比較トランスクリプトーム-ゲノム解析により、いくつかの類似した…しかし異なる原生生物-バクテリア系より、それらの共生関係成立に重要な役割を果たす共代謝パスウェイの特定と、宿主と共生体の間での遺伝子の相互交通の様態を明らかにすることで、このようなマトリョーシカ化原理を導き出す技術を確認する。同時に、それらの知見を順次応用しながら、主に水圏で見られる

バイオフィーム＝並列マトリョーシカや、海洋性動物-共生微生物系＝可逆マトリョーシカといった、共生の初期段階にあるシステムに着目して、シロアリシステム研究で培った技術を応用、比較していく。

これらの解析の結果から、我々は異なる様態のマトリョーシカ化に潜在する共通性・または共通しなくてもよい性質を導き出すことができると考えられ、このようなマトリョーシカ化に必須である共生系の構築原理に関する情報をもたらすと考えられる。

4. 研究成果

シロアリ共生原生生物の消化共生が糖質か水分解酵素以外のタンパク質を含む系によって駆動されている知見を得て、このシロアリ腸内共生系に駆動される仕組みを産業的に生かすための特許の申請を行った。(特願2014-230027)

共生細菌をセルソーターを用いて、シングルセルに分離して、全ゲノムを増幅後にゲノム解析を実施する技術を確立した。

これをシロアリ腸内のセルロース分解性原生生物の細胞内・表層で共生する細菌に適応して、ゲノム概要配列から推定される代謝機能に基づいて、共生関係を推定した。原生生物細胞内の *Treponema* 属細菌では、窒素固定と炭酸固定(酢酸生成)の二つの機能が腸内全体の活性にも大きく貢献していることを明らかにした。また、安定した細胞内共生細菌であるにもかかわらず、ゲノムの縮小化が進んでいない比較的進化初期過程にあることが推定され、細胞内共生のゲノム進化を考察する上で興味深い題材と考えられた。(Ohkuma et al. 2015)

原生生物細胞表層の *Candidatus Symbiothrix* 属細菌では、これまで想定されていなかった細菌のリグノセルロース分解への関与が示唆された。(Yuki et al. 2015)

シロアリ腸内細菌の分離・新種記載をし、ゲノム解析も実施した。さらに、近縁の細菌群のゲノム解析やデータベース上の遺伝子を検索して、シロアリ共生細菌の窒素固定遺伝子の進化についての考察もした。(Inoue et al. 2015)

シロアリ腸内原生生物の核内に共生する微生物が *Verrucomicrobia* 門の新属細菌であることを分子生態学的手法で解明し、*Candidatus Nucleococcus* と命名した。例えば原生生物 *Trichonympha agilis* には2種の *Nucleococcus* が核内に同時共生している。*Verrucomicrobia* 門細菌は多様なシロアリ腸内原生生物に広範に共生しており、重要なニッチを占めていると予想されるが、それだけではなく、宿主原生生物の核内に、同細菌のゲノムの一部が移行していることも明らかとした。

バイオフィーム共生系の解析を進める上で、各種のオミクス情報を統合した BioGeoChemical typing (BGC typing) 法を開発した。これによって環境中の機能微生物集団とそれらにおけるキー化合物等に関する知見を得ることが可能になった。(Ogawa et al. 2014)

さらに微生物集団構造と発現遺伝子プロファイルをハイスループットで解析可能な total RNA seq 法を開発し、アマゾン水圏におけるバイオフィームの共生機能解明へ展開を行っている。(Tsuboi et al. in preparation)

海洋性動物と光合成微生物の共生に関しては、海洋生物全般で重要な機能的炭素キャリアであると考えられる脂肪酸がキーになっていることを、飼育条件変動時のトランスクリプトーム解析によって見いだした。(Moriya et al. in preparation)

以上の成果は共生開始を駆動する因子がその置かれた環境下によって様々であり、その環境中で欠乏した因子を求めて生物が共生を開始する可能性を示唆している。

研究項目：公募 A 持続感染病原細菌がコントロールする共生成立の分子機構

公募研究代表者：三室 仁美

ヘリコバクターピロリ（ピロリ菌）は、経口的に幼少期に感染すると、ヒト胃粘膜に生涯に渡る持続感染を成立させ、慢性炎症を引き起こし、胃炎、消化性潰瘍、胃 MALT リンパ腫、胃がんの原因となる。本研究ではピロリ菌に代表される持続感染病原細菌が、感染宿主と共生的関係を成立させて持続感染を成立させつつ、最終的には共生関係を破綻させて病態を発症させる分子機構の解明を目指した。

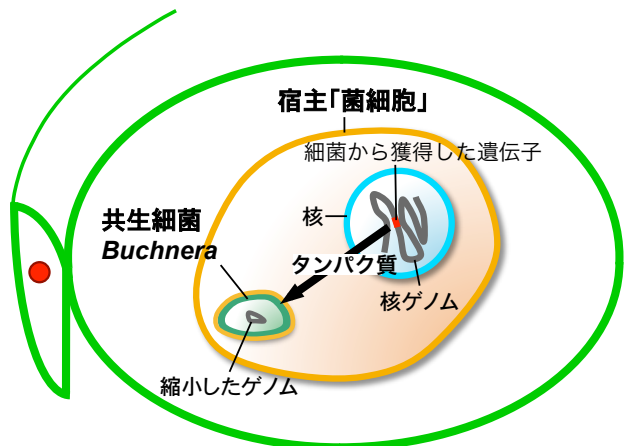
ピロリ菌の持続感染により宿主胃粘膜のマイクロ RNA-210 の発現が減少することを、ピロリ菌感染患者の胃組織およびスナネズミを用いた感染動物モデルを用いて見出した。マイクロ RNA-210 の発現減少は、ピロリ菌の持続感染に起因するゲノム DNA の異常なメチル化に起因することを明らかにした。実際にピロリ菌陽性患者の胃標本では、ピロリ菌陰性コントロール標本に比べ、マイクロ RNA-210 遺伝子のメチル化が増大していた。さらに、マイクロ RNA-210 の発現抑制により、胃上皮細胞の増殖が増大することを明らかにした。マイクロ RNA-210 の標的遺伝子は STMN1 と DIMT1 であり、マイクロ RNA-210 の発現阻害により、STMN1 と DIMT1 の遺伝子発現が亢進することで、細胞増殖が誘発された。

以上の結果から、ピロリ菌感染による持続炎症が誘導するエピジェネティックなマイクロ RNA-210 遺伝子抑制は、ピロリ菌の持続感染成立という共生状態から、共生の破綻した胃疾患発症へのターニングポイントに重要な分子であることが示唆された。

研究項目：公募 A オルガネラ様共生体に輸送される宿主動物由来タンパク質の機能解析

公募研究代表者：中鉢 淳

1)半翅目昆虫アブラムシが、細菌から遺伝子を獲得し、これを用いて実際にタンパク質を合成していること 2) その合成は、アブラムシの生存に欠かせない共生細菌をすまわせる特殊な細胞のみで起きること 3) 宿主細胞の細胞質で合成されたタンパク質を共生細菌に運ぶ細胞内輸送系が進化していること、を明らかにした。これは、太古の単細胞生物で起きたオルガネラ進化と同様の進化が、多細胞生物である動物の中でも起きていることを示すもので、生物学の常識を覆す、世界初の発見である。また、同共生系において枢要な役割を果たしていると目される機能未知タンパク質に対する選択的阻害剤を探索し、共生系を攪乱する、きわめて興味深い化合物を見出した。



研究項目：公募 A トリミエマ原虫共生系を用いた細胞内共生研究モデルの構築

公募研究代表者：新里 尚也

本研究では、細胞内にメタン生成アーキアと機能未知のバクテリアの2つの共生体を保持するトリミエマ原虫を細胞内共生研究のモデル系とすべく研究を推進した。具体的には、共生における役割が不明であったバクテリア共生体 TC1 について、PacBio シーケンサーによるゲノム解析を行い、約 1.6Mb の完全長配列の解読に成功した。このゲノムには、数多くの偽遺伝子 (606) と挿入配列 (IS) が見られ、激しいゲノム縮退の過程にあることが示された。エネルギー代謝については、糖ではなくペプチドやアミノ酸を取り込んで利用していることが示唆された。また、ほとんどのバクテリアで保存されている脂肪酸合成酵素オペロンのリプレッサーが確認されないことから、宿主細胞内で脂肪酸合成を活発に行っていることが示唆された。その一方で、宿主トリミエマ原虫の遺伝子発現を RNA-Seq で解析したところ、トリミエマ原虫は脂肪酸合成関連遺伝子を発現していないか、遺伝子自体を保持していないことが示された。これらの知見を統合すると、バクテリア共生体 TC1 は、トリミエマ原虫より、餌バクテリアの消化で生じるアミノ酸等を供給してもらい一方で、宿主が合成できない脂肪酸を細胞内で合成して提供していることが考えられた。この仮説については、研究助成期間で実施できなかった、共生体の発現解析や生理学的検証を行って証明していく必要がある。

研究項目：公募 A 深海産イガイ類の共生細菌認識機構に関する研究

公募研究代表者：藤原 義弘

本研究は多細胞動物が特定の細菌を共生者として認識するメカニズムを分子レベルで明らかにすることを目的とした。ヒラノマクラは深海底に沈んだ鯨骨に蛸集する二枚貝で、鰓上皮細胞表面に宿す化学合成共生細菌に栄養依存している。本種は深海生物ながら実験室内で長期飼育が可能で、人為操作によって共生細菌を除菌することも、また一度除菌した宿主二枚貝に共生細菌を再獲得させることも可能である。従って、鰓上皮での遺伝子発現を共生細菌の有無で比較することにより共生に関わる因子を推定し、その組織内、細胞内局在を示すとともに、認識の特異性を明らかにすることを目指した。

まず、できるだけ短時間の抗生物質処理により、ヒラノマクラの共生細菌が除菌ができる条件を検討した。結果、3週間の抗生物質処理により共生細菌の除菌がほぼ可能であることを DNA を鋳型とした PCR により確認した。この除菌個体および健常個体からトータル RNA を抽出し、HiCEP 法を用いた遺伝子発現の比較を実施した。その結果、計約 2 万ピークが出現し、そのうちの約 1 割が共生細菌を有する個体に強発現する遺伝子であることを示した。そのような遺伝子の中には細胞骨格の形成に関わる遺伝子、細胞内消化に関わる遺伝子など複雑な細胞表面を有し、活発に細胞内消化を行う菌細胞の維持に関わる分子に加え、PGRP や Mpeg1 like protein など免疫システムに関わる遺伝子が含まれ、これらが共生細菌と何らかの関わりを有する可能性を示した。

研究項目：公募 A 原生生物・寄生細菌間の DNA 分子フローの可視化と高精度定量

公募研究代表者：見坂 武彦

微生物ゲノム解析の進展に伴い、宿主と寄生生物の共進化の過程において、宿主と寄生細菌間の遺伝子の伝播とその多様化が重要な役割を果たしていることが認識されてきた。ドメインを超えた異種微生物間の遺伝子伝播は、ゲノム解析によりその痕跡が確認されているが、実験的にどの程度の頻度で起こるかは未解明のままである。本研究では、核酸分子伝達のモデルとして、アメーバと水環境中のアメーバ寄生細菌を用い、アメーバから細菌への核酸分子の移行頻度と遺伝学的影響について検討した。

大阪府下の河川より、アcantアメーバに寄生する細菌を分離し 16S rRNA 遺伝子の系統解析を行った。アメーバ寄生細菌はバクテロイデス門、ベータプロテオバクテリア綱、ガンマプロテオバクテリア綱に属した。アメーバ核酸をチミジンのアナログである EdU で標識した後、寄生細菌と共存培養したところ、細菌細胞内に取り込まれた EdU を Alexa Fluor488 で蛍光標識し、蛍光顕微鏡下で計数した。共存培養開始後 4 時間以内に 5~14% という高い割合で、寄生細菌がアメーバ由来の核酸分子を取り込むことがわかった。また寄生前後の細菌のゲノム配列の変化を網羅的に調べた。共存培養後、寄生細菌のゲノム上のタンパク質非コード領域に短鎖の DNA が挿入され、また複数の点変異が見られた。細胞外核酸を取り込ませながら増殖させた実験系では、外来核酸分子を取り込むことにより突然変異頻度が 3~9 倍上昇した。寄生を通じて、寄生細菌のゲノムの多様化が進むと考えられた。

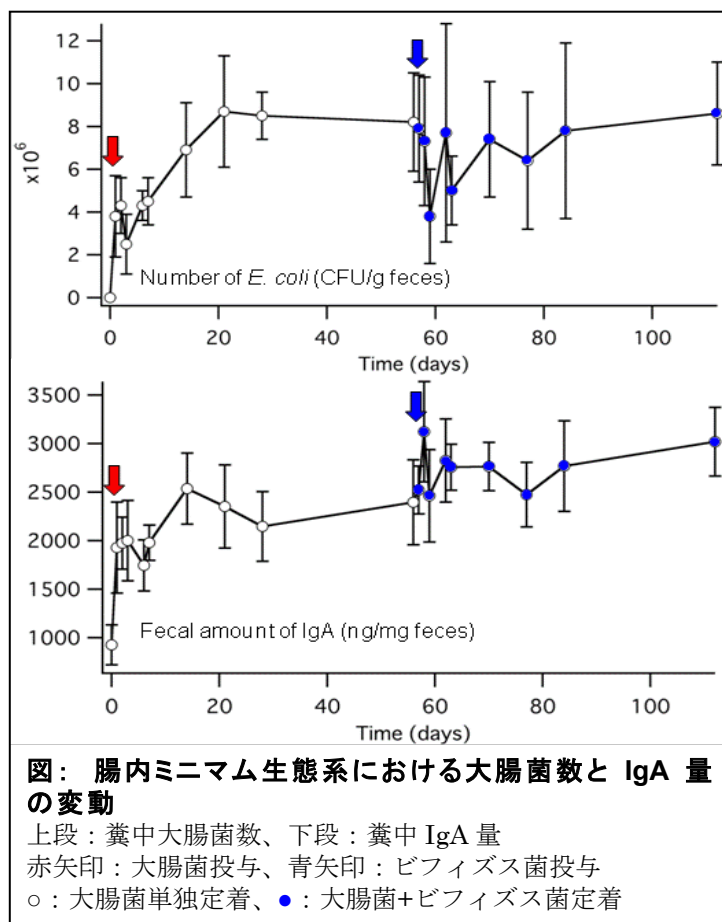
研究項目：公募 A

平成 23, 24 年度：腸内微生物社会は如何にして形成されるのか

平成 25, 26 年度：腸内微生物社会形成過程における初期状態の理解

公募研究代表者：福田 真嗣

ヒトの腸管内には多種多様な腸内細菌群が棲息しており、宿主腸管細胞と相互作用することで、複雑な腸内微生物社会を形成している。近年のオミクス研究により、腸内細菌叢の発酵代謝により産生される代謝物質が、宿主生体の恒常性維持や疾患発症に大きく寄与することが明らかとなりつつある。しかし、この複雑で洗練された腸内微生物社会がどのようなメカニズムで形成・維持されているのかについては不明な点が多い。本研究では、腸内微生物社会形成過程における初期状態を模倣し、微生物社会の最小単位である宿主と2種の腸内細菌間相互作用の詳細について、独自に構築したメタボロミクスを基盤とする統合オミクス解析手法を用いて解析を行った。その結果、無菌マウスへの大腸菌の単独定着により、①腸管内への非特異的な免疫グロブリンA (IgA) 分泌量が、大腸菌定着1日目から誘導され始め、②非特異的IgAにより大腸菌の増殖は一時的に抑制されるが、③定着4日目には大腸菌が非特異的IgAに対する



耐性を獲得し (代謝適応変異と仮定)、④14日目までは腸管内での大腸菌数が増加の一途をたどる。⑤しかし14日目以降は獲得免疫機構が機能するため、大腸菌特異的なIgAが分泌されるようになり、⑥大腸菌数の増加は見掛け上停止し、定常状態を迎えた。その後、次の微生物刺激として大腸菌定着57日目にビフィズス菌を投与したところ、⑦ビフィズス菌の定着刺激により大腸菌特異的IgAが一過性に分泌され、⑧大腸菌数が一時的に減少したものの、⑨その後大腸菌数は定常状態のレベルまで回復した。これらの結果から、腸内微生物社会形成過程における宿主側の因子として、IgAなどの免疫因子が腸内細菌との相互作用を担う宿主側因子として機能していることが示唆された。

研究項目：公募 A

平成 23, 24 年度：共生成立の分子基盤を解く：昆虫－細菌共生系における大規模 RNA i スクリーニング

平成 25, 26 年度：ホソヘリカメムシ－*Burkholderia* 共生系における共生成立機構の解明
公募研究代表者：菊池 義智

本研究では昆虫にみられる特異的な腸内共生系に着目し、その共生成立の遺伝的基盤の解明を行うことで、マトリョーシカ型共生系における「出会い」の実態解明に貢献した。大豆の重要害虫として知られるホソヘリカメムシは消化管に袋状組織を多数発達させ、その内腔中に *Burkholderia* 属の共生細菌を保持している。ホソヘリカメムシは共生細菌の母子間伝播を行わず、代わりに幼虫が環境土壌中から共生細菌を取り込むことで共生を成立させる。本研究では、共生器官の大規模トランスクリプトーム解析および RNAi スクリーニングにより共生成立に関わる宿主側の遺伝的基盤の調査を行い、新規抗菌タンパク質（システインリッチタンパク質）がカメムシ共生器官で特異的に高発現していることを解明し、それら抗菌タンパク質が共生細菌の増殖制御や代謝制御に関わる可能性を明らかにした。また、ホソヘリカメムシが消化管に発達した狭窄部（図参照）によって、餌とともに取り込まれた雑多な細菌の中から特定の共生細菌だけを選別して共生器官に取り込むことを明らかにした。（Ohbayashi et al. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2015, 112:E5179-E5188）。さらに本研究では、*Burkholderia* 共生細菌が宿主昆虫の農薬抵抗性にも寄与することを明らかにした（Kikuchi et al. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2012, 109:8618-8622）。



研究項目：公募 A 植物細胞感染性リケッチアを用いたミトコンドリア共生初期過程の研究

公募研究代表者：野崎 久義

真核生物の細胞内に存在するミトコンドリアは現在、リケッチアに近縁なバクテリアの細胞内共生から生じたとされている。細胞内バクテリアがミトコンドリアへとオルガネラ化する過程では、バクテリア遺伝子の宿主細胞核への水平伝播(細胞内共生体遺伝子水平伝播, EGT)が生じ、これにより細胞内バクテリアの維持制御機構の大部分が宿主細胞核に移行したと考えられている。我々が最近植物細胞で初めて発見したリケッチア “MIDORIKO” は宿主緑藻細胞と共存し、ホストの細胞齢とともに増殖する (Kawafune et al. 2012, PLoS ONE 7: e31749)。特に単細胞性緑藻のカルテリア (*Carteria*) に感染性のものはシンプルなホスト同調培養系が可能であり、“MIDORIKO” とホストの相互関係が細胞・ゲノム・遺伝子レベルで解析できると思われた。また、緑藻は捕食を行わないため、分子遺伝学的解析の際、餌のバクテリア等から由来する遺伝子水平伝播を考慮する必要がない。従って本研究では “MIDORIKO” を共生体として保持しているカルテリアを用いて、ホストと共生体のゲノム解析から、ミトコンドリア共生の初期過程に起きた「マトリョーシカ型相互作用」の遺伝子・ゲノムレベルの特性を明らかにすることを目的としている。2年間の本研究において、緑藻細胞内リケッチア “MIDORIKO” のドラフトゲノム配列を新たに構築した。本配列を用いて、“MIDORIKO” を細胞中に欠く緑藻 *Volvox carteri* EVE 株ゲノム配列に対する “MIDORIKO” 遺伝子類似配列の網羅的探索を実施した。その結果、“MIDORIKO” のドラフトゲノムの約 9 kbp の領域は、*Volvox carteri* EVE 株の公開ゲノム配列と一致した。9 kbp の領域中には 4 種類のリケッチア遺伝子類似配列の他、*V. carteri* に特異的と考えられる 3 種類の配列 (multicopy region A・B、*Jordan*) が存在していた。従って、4 種類のリケッチア遺伝子類似配列が EVE 株の核ゲノム上に確実に存在することが明らかとなった。従って、現在 “MIDORIKO” を持たない *V. carteri* では、“MIDORIKO” から緑藻細胞に遺伝子水平伝播が生じたと考えられ、かつて細胞内にリケッチアが共生していた可能性が示唆された。これは “MIDORIKO” が緑藻ボルボックス目の細胞に頻繁に共生する一方、共生後に消失する場合も多いと推測され、ミトコンドリアの初期進化においてもこのような頻繁な共生化と消失があった可能性が示唆された。

研究項目：公募 A キゴキブリ集団間における細胞内共生系とセルロース消化共生系との代謝競合

公募研究代表者：徳田 岳

原始的なシロアリを含むほぼ全てのゴキブリでは、脂肪体細胞内に共生する *Blattabacterium cuenoti* (以下、プラタバクテリウム) と呼ばれる細菌が宿主の窒素老廃物を利用し、アミノ酸やビタミンを生合成し宿主に供給していると考えられている。しかし、シロアリに近縁なキゴキブリに共生するプラタバクテリウムではゲノムサイズが縮小している。本研究ではキゴキブリを用い、集団間についてプラタバクテリウムの比較ゲノム解析を行うと共に、脂肪体及び腸内代謝物のアミノ酸定量解析を実施した。

本研究ではアメリカ東部・アパラチア山脈（ノースカロライナ州、バージニア州、テネシー州およびジョージア州）においてキゴキブリの一種 (*Cryptocercus punctulatus*) をサンプリングした。また、系統的に広範な種で細胞内共生細菌のゲノム進化を検討するために、カリフォルニア州北部で *C. clevelandi* をサンプリングし、韓国において *C. kye bangensis* をサンプリングした。これらのキゴキブリの脂肪体から DNA を抽出し、MiSeq を用いてシーケンスした。De novo でアセンブルした後、共生するプラタバクテリウムのコンティグ断片を TBLASTX によって選別し、これに対してリードをマッピングし、伸長することでアセンブルを実施した。最終的に得られたコンティグについて、独自のスクリプトを用いてアノテーションを行った。比較ゲノムの結果、*C. punctulatus* においてシステイン合成関連酵素遺伝子が 2 度独立に失われたと考えられた。さらに、キゴキブリとムカシシロアリの共通祖先の細胞内細菌で失われたと考えられていたアミノ酸生合成遺伝子の多くが韓国産キゴキブリの細胞内共生細菌には残っており、米国西部のキゴキブリの細胞内共生細菌においても *C. punctulatus* よりわずかに多く残っていた。この結果、これらの遺伝子が共通祖先からではなく、キゴキブリの進化の途上で細胞内共生細菌から徐々に失われ、平行進化の結果として一部のキゴキブリとムカシシロアリの細胞内共生細菌において失われることになったと考えられた (図 1)。

そこでアミノ酸生合成遺伝子の欠失と腸内微生物の関与との関係を検討するために、オオゴキブリ (*Panesthia angustipennis*) と韓国産キゴキブリ、および米国東部のキゴキブリにおいて後腸内に遊離するアミノ酸量を HPLC によって測定した。その結果、オオゴキブリ及び韓国産キゴキブリに対して、米国東部産キゴキブリの後腸では顕著にアミノ酸量が増加していた。従って、腸内共生系と細胞内共生系の間にはアミノ酸生産をめぐる競合関係が存在する可能性が考えられた。

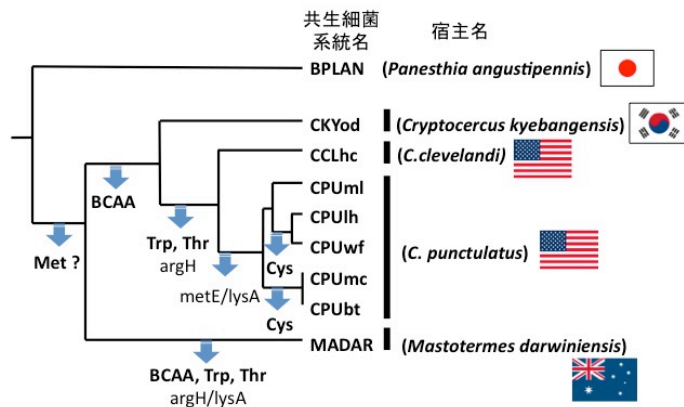


図 1 キゴキブリ細胞内共生細菌における遺伝子欠失パターン

研究項目：公募 A

平成 23, 24 年度：細菌を細胞小器官とする窒素固定藻類の創製

平成 25, 26 年度：オルガネラ化していく窒素固定細菌のゲノムリダクション

公募研究代表者：春田 伸

窒素固定細菌と緑藻の共生系を確立し、その共生機構を物質やエネルギーの授受、および細菌のゲノム変化に注目して解析した。可溶性窒素化合物欠乏条件で緑藻の生育を促進する窒素固定細菌として、シアノバクテリア、好気従属栄養性細菌、紅色非硫黄光合成細菌が有効であることが分かった。緑藻と共培養することで細菌の窒素固定酵素（ニトロゲナーゼ）の活性が上昇することが観察されるなど、共生が与える代謝変化を捉えることができた。紅色非硫黄光合成細菌として *Rhodospseudomonas palustris* CGA009 株について転写プロファイル変化をマイクロアレイ解析した。窒素固定条件になるとニトロゲナーゼ転写量は増大するが、なかでも V 型ニトロゲナーゼの転写が顕著に誘導されることがわかった。また、炭素源の供給が限定されると、アミノ酸や無機イオンの取り込みに関する遺伝子のほかに、二次代謝に関わる遺伝子の転写に顕著な影響が現れることを見出した。

共生培養における *R. palustris* のゲノム変化を Multiplex PCR 法で検出を試みたが、約 300 世代の培養では顕著な変化は見られなかった。一方、土壌由来の *R. palustris* CGA009 株と、緑藻と共存している環境から分離した *R. palustris* HIR 株について、ゲノムを比較したところ、窒素固定関連酵素に違いが見られ、CGA009 株では、三つのタイプ（V-type、Fe-type、Mo-type）のニトロゲナーゼ遺伝子が検出されるのに対し、HIR 株では、このうち、一つまたは二つが確認できなかった。以上から、共生状態の継続により、窒素固定代謝およびその遺伝子に影響が現れる可能性が強く示唆された。

研究項目：公募 A 食作用を軸としたサンゴ褐虫藻共生系のマトリョーシカの進化基盤

公募研究代表者：丸山真一郎

共生現象は、現在の地球に見られる多様性豊かな生態系を作り上げる原動力であり続けてきたが、現象論的には食作用による細胞取り込みが共生最初期の鍵であると長く考えられてきたも関わらず、その分子機構は未だ不明なままである。本研究の目的は、これまでの哺乳類中心の食作用研究を大きく展開すべく、サンゴ等刺胞動物と褐虫藻の共生系をモデルとして用い、共生の維持に関与する遺伝子発現の分子基盤を明らかにすることである。

本研究において、マトリョーシカ型進化の典型的モデルであるセイタカイソギンチャク *Aiptasia* sp. と褐虫藻の共生系を用い、光強度や温度など異なる環境要因に対応したトランスクリプトーム解析を行ったところ、共生の有無により異なる遺伝子発現パターンが宿主動物において確認された。興味深いことに、この傾向は遺伝子ファミリーという単位で見た場合には軽減されており、ゲノム規模での共生依存的な遺伝子発現の総切替えは、構造でなく機能的単位で制御されていることが示唆された。

研究項目：B01 二次共生における共生藻のオルガネラ化過程の解明

計画研究代表者：石田健一郎

本研究は、二次共生における異なる進化段階を代表する生物（①一時的な色素体をもつ半藻半獣原生生物ハテナ、②オルガネラとしての色素体をもつが祖先共生藻の縮退核（ヌクレオモルフ）も有するクロララクニオン藻、③非光合成性の極端に縮退した色素体をもつ寄生生物パーキンサスとマラリア原虫）について、色素体への依存の仕方や程度、宿主-色素体の関係維持機構を解析し、それぞれの共生藻（色素体）と宿主の統合機構を明らかにすることで、色素体のマトリョーシカ型進化原理を理解し、色素体が駆動する進化・寄生化仮説を検証することを目的とした。そのために以下の3つの項目について重点的に研究を展開した。

1. 細胞内共生藻のオルガネラ化初期段階プロセスの解明（井上）：

半藻半獣原生生物「ハテナ」をモデルとして、一時的で分裂不全だと思われる盗葉緑体をどのように維持しているのか、についての理解を深めるため、次世代シーケンサーを用いてハテナ共生藻に極めて近縁なプラシノ藻 *Nephroselmis* sp. のトランスクリプトームと盗葉緑体を持つハテナ（藻世代ハテナ）のトランスクリプトーム解析を行った。その結果、ハテナ共生藻は盗葉緑体となった後も転写レベルでアクティブであり、発現している遺伝子にも顕著な偏りはないと考えられること、ハテナ共生藻に近縁な *Nephroselmis* sp. と藻世代ハテナの比較とランスクリプトームでは、両者の遺伝子発現はミトコンドリア関連遺伝子などがハテナ細胞内共生藻で低いなど一部が異なっていた。また、より詳細な解析を行ったところ、ハテナ細胞内共生藻では特に光化学系や炭酸固定の経路の遺伝子が選択的に発現していることも示された。*Nephroselmis* sp. を細胞内に取り込み盗葉緑体とする過程で、共生藻の核における遺伝子発現が、より光合成に特化していることが明らかとなった。また、共生藻-ハテナ細胞核間の遺伝子転移については、その候補となる遺伝子を30個検出した。分子系統解析を行った結果、色素体型のプロテアーゼ遺伝子はEGTに由来し、スターチ合成酵素は*Nephroselmis* 以外の他の生物からの水平伝播に由来する可能性が高いことが示唆された。この他に本研究ではハテナ細胞核の全ゲノム解析を試みた。ハテナは培養に成功しておらず、野外サンプルから選別したハテナ細胞を解析に用いたため十分なDNA量の確保とバクテリア等の混入に課題があり試行錯誤が必要になったが、本研究課題期間中に混入ゲノムが少ない良好な配列18.5 Gbpを得ることに成功した。今後、この配列をもとにゲノム解析を進めることにより、トランスクリプトーム解析の検証が進むほか、盗葉緑体の維持機構機構の理解に向けた新知見が得られると期待できる。トランスクリプトーム解析とゲノム解析から得られる知見は実際の現象と結びつけられる必要があるが、ハテナについては実際の現象面の理解があまり進んでいない。そこで本研究ではハテナ細胞の基本的知見を蓄積するため、内部共生体の取り込みと細胞分裂様式の二点に着目し、透過型電子顕微鏡による微細構造観察を行った。取り込み様式については、*Nephroselmis* sp. の細胞内への取り込みの際に、*Nephroselmis* sp. の細胞外被を選択的に排除しているという新知見が得られ、取り込み様式の進化が細胞内共生成立に寄与している可能性が考えられた。細胞分裂様式については、ハテナ細胞の間期に細胞の全体に広がっていた盗葉緑体は、核分裂前期に細胞の片側（眼点が配置されている側）に移動することにより、娘細胞の一方のみが盗葉緑体を受け継ぐことがわかった。また、細胞分裂様式そのものはハテナと近縁であることがわかっているクリプト藻クリプト藻の細胞分裂様式と類似していた。これまでハテナの捕食様式および細胞分裂様式の微細構造についての報告はなく、重要な知見を得ることに成功した。

2. 二次共生における共生藻ゲノムの進化、宿主との相互作用（石田）：

クロララクニオン藻は、緑藻を細胞内に取り込み葉緑体を獲得した、代表的な二次共生藻の一つである。また、取り込まれた共生緑藻の核が完全には消失しておらず、ヌクレオモルフと呼ばれる構造体として葉緑体に付随しているのが特徴である。本研究では、クロララクニオン藻の葉緑体獲得に伴う進化と葉緑体維持機構を理解

するため、共生藻ゲノム（ヌクレオモルフゲノム）の進化、葉緑体へのタンパク質輸送機構、葉緑体分裂機構、全核遺伝子の細胞周期における発現パターン解析、葉緑体 DNA 複製に関わる DNA ポリメラーゼの進化の解明を行なった。ヌクレオモルフゲノムの進化については、本研究において3種のヌクレオモルフゲノム全配列の解読を行い、既知の2種と合わせて比較ゲノム解析を行なった。その結果、ヌクレオモルフゲノムは二次共生初期に大幅な縮小を経た後、現生クロララクニオン藻の分岐以後はほとんど変化しておらず、縮小進化は非常におそく、むしろ安定化していることが示唆された（一部を GBE 誌に発表済）。また、ゲノムサイズが縮小傾向にあるヌクレオモルフの染色体が倍数化しており、コピー数が増加していること、ヌクレオモルフの遺伝子の進化速度が核ゲノム遺伝子の約3倍であること、その原因の一つとしてヌクレオモルフで分子シャペロンが高発現していることなどを明らかにした（MBE 誌に発表済）。また、解読したヌクレオモルフゲノムの1つは極端にサイズが大きく（約1 Mbp）、染色体の縦列重複のようなことが生じている可能性がある。葉緑体へのタンパク質輸送機構について、クロララクニオン藻 *Bigelowiella natans* の全ゲノム解読を国際共同研究で行い（Nature 誌に発表済）、その情報を利用して核コード色素体タンパク質の葉緑体への輸送シグナル配列を網羅的に比較し、多様なタンパク質輸送機構の存在を示唆した。また、クロララクニオン藻からの無傷色素体単離法も開発した。葉緑体分裂機構については、葉緑体分裂の微細構造レベルでの現象面の把握をまず行い、*B. natans* の細胞周期において葉緑体-ヌクレオモルフ-核の分裂プロセスを微細構造レベルでほぼ明らかにするとともに、分裂前にピレノイドが消失し、分裂完了後にピレノイドが de novo に生成するという新知見も得た。その上で、葉緑体分裂関連タンパク質の *ftsZ* 遺伝子ホモログを単離し、細胞周期における発現時期を特定するとともに、FtsZ タンパク質の細胞内局在が他の生物の葉緑体とは異なることを見出した（BMC Plant Biology 誌に発表済）。クロララクニオン藻において核コード遺伝子がどのような発現制御を受けているかの示唆を得るため、明暗周期により同調分裂させた *B. natans* を用いて、細胞周期を通じた網羅的トランスクリプトーム解析を行い、全核遺伝子の発現量変動パターンを解析した。その結果葉緑体に関連するタンパク質の約8割は、転写レベルでの発現調節を受けていることを明らかにした。葉緑体の機能（光合成、代謝、分裂や DNA 複製）は、大部分が核コードタンパク質に依存しているが、その遺伝子発現は細胞周期を通して高度にコントロールされていることが示され、二次共生により宿主核へと転移した多くの遺伝子が、転写制御機構を獲得・進化したことを明らかにした（GBE 誌に発表済）。葉緑体 DNA 複製に関わる DNA ポリメラーゼの進化の解明にも着手し、二次葉緑体の DNA 複製に関わるポリメラーゼ遺伝子（オルガネラ DNA ポリメラーゼ：POP）を同定するとともに、これが緑藻ではなく不等毛藻などに由来する可能性を示唆し、クロララクニオン藻においては POP の由来と進化が他の藻類群とは大きく異なることを明らかにした（投稿準備中）。本研究により、二次共生による葉緑体獲得に伴う進化とその葉緑体の維持機構についての理解を大きく進めることができた。

3. 寄生性原生生物における二次葉緑体の機能と寄生性獲得との関連(松崎) :

縮退した葉緑体をもつ貝類病原性の寄生性原生生物パーキンサスを用いて、その非光合成性葉緑体機能を明らかにし寄生性獲得への道筋を議論することを目的とした。当初計画では葉緑体を単離してプロテオーム解析を行うことにより、葉緑体機能を網羅的に明らかにする計画であった。オルガネラを蛍光タンパク質で標識した形質転換株を用い、パーコール密度勾配遠心法と蛍光駆動細胞分取法による葉緑体単離を試みたが、この方法ではプロテオーム解析に十分な精製度を得ることができなかった。そこで、新たに葉緑体最外膜に局在するタンパク質に対しエピトープタグgingを行い免疫沈降法により葉緑体単離を試みるとともに、想定される葉緑体機能につき個々解析を進めることとした。

1) 形質転換法の改良と葉緑体エピトープタグ付加株の樹立

パーキンサスでは電気穿孔法による形質転換が可能であるが、薬剤選択系が存在しないことから安定発現株の樹立に多大な労力と時間を要していた。そこで数種の薬剤選択系を検討し、ブレオマイシンとピューロマイシンによる薬剤選択系を確立した。これを利用して、二次葉緑体の最外膜に局在すると想定される、三炭糖リン

酸輸送体およびオートファジー関連因子 Atg8 に対しエピトープタギングを行った安定発現株を樹立した。いずれのタンパク質も二次葉緑体の包膜上に存在することが示された。今後は免疫沈降の条件を検討し当初計画のプロテオーム解析を進める予定である。

2) 想定される葉緑体機能の解析

パーキンサスの葉緑体機能としてイソプレノイド生合成が想定されるので、その下流の各種化合物について解析を行った。tRNA のイソプレノイド修飾酵素が細胞質局在と予想されるため、ミトコンドリア DNA 上に tRNA 遺伝子が存在するか否かが問題となる。そこでミトコンドリア DNA の配列決定を行ったところ、パーキンサスのミトコンドリア DNA はランダムに断片化した直鎖状 DNA の集合体という新奇な構造を取っていることが示された。ミトコンドリア DNA 上に存在するのはタンパク質遺伝子 2 つと断片化した rRNA 遺伝子のみであり、tRNA は細胞核から転写され細胞質でイソプレノイド修飾を受けた後ミトコンドリアへ輸送されることが想定される。これはマラリア原虫類で想定されているものと同様の葉緑体機能と言える。一方マラリア原虫類での知見からは植物ホルモンの 1 つアブシシン酸の合成が想定されたが、パーキンサスでは予想外に全く合成されないことを明らかにした。これは縮退葉緑体の機能進化に多様性があることを示す知見である。またミトコンドリア呼吸鎖の電子伝達体であるユビキノンの合成が想定されたので呼吸鎖の機能解析を行った。パーキンサスはユビキノンをを用いる好氣的呼吸鎖に加えて、新奇の低電位キノンをを用いる嫌氣的呼吸鎖を備えていることが示された。嫌気環境への適応は寄生性の獲得と密接に関連しており、これは本研究計画の目的である非光合成性二次葉緑体の機能と寄生性獲得との関連の一端を明らかにする成果である。

1. 嫌気性原生生物ミトコンドリア関連オルガネラ（マイトソーム）への輸送機構、オルガネラ分裂機構、生理機能の進化

(1) 研究開始当初の背景

ミトコンドリアはアルファプロテオバクテリアの内部共生に由来するが、特に嫌気条件下での主に縮退的な進化には多様性が知られる。特に嫌気環境に適応した寄生性の原生生物においてミトコンドリアの構成タンパク質やタンパク質輸送機構、分裂機構、生理機能などは多様な変化を遂げたことが予想され、一部示されているがその全容は未解明であった。

(2) 研究の目的

嫌気性寄生原生生物の一例として赤痢アメーバ(*Entamoeba histolytica*)を一例として、そのミトコンドリアに由来するオルガネラ（マイトソーム）のタンパク質・物質輸送機構、分裂機構、生理機構を解明し、ミトコンドリア進化の多様性とそれに駆動された寄生性真核生物の進化を理解することを目的とした。

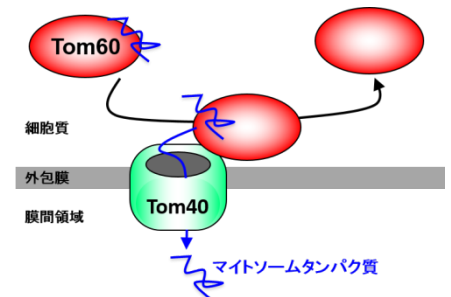
(3) 研究の方法

赤痢アメーバのマイトソームへのタンパク質輸送複合体を、外膜に保存した Tom40 を足がかりにアフィニティ精製し、機能を明らかにした。また、新規ベータバレル型膜タンパク質を同定し、機能を生化学的・細胞生物学的・遺伝学的手法により解明した。マイトソームの分裂に関与する分子機構を Drp を中心として解析した。マイトソームに隔離される唯一の代謝である硫酸活性化経路の硫酸受容体を解明し、赤痢アメーバにおける硫酸活性化の生活史・病原機構における役割を解明した。

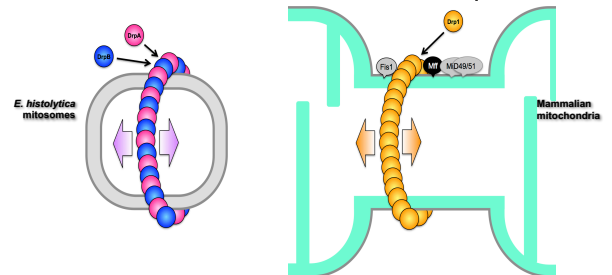
(4) 研究成果

タンパク質輸送に関しては、外膜の主要タンパク質輸送チャネルである Tom40 と結合するタンパク質として Tom60 を同定し、Tom60 が細胞質でマイトソームへ輸送されるべきタンパク質に結合し、マイトソーム外膜まで積み荷を運ぶシャトルタンパク質であることを示した（右図）。また、インシリコ解析によりマイトソームプロテオームからベータバレル型膜タンパク質をスクリーニングし、新規ベータバレル型膜タンパク質 MBOMP30 を始め、4 種類のタンパク質を同定した。

MBOMP30 は *Entamoeba* 属特異的タンパク質であり、外膜に局在し代謝物輸送等に機能すると推察された。マイトソームの分裂に関与するダイナミン関連タンパク質 DrpA, B を同定し、その複合体の中での組成、分裂における役割などを提唱した（右図）。赤痢アメーバマイトソームの硫酸活性化により作られた活性化硫酸 PAPS の硫酸受容体がコレステロールであることを発見するとともに、硫酸コレステロールが生活史におけるステージ転換に必須であることを示した（詳細は見市の報告参照）。



赤痢アメーバと哺乳動物のミトコンドリア分裂における Drp の役割の違い



2. 嫌気的原始生物群のゲノム・EST 解析、マイトソームのプロテオーム解析（橋本）

(1) 研究開始当初の背景

ミトコンドリア (mt) の進化多様性に関する知見はオピストコントやアーケプラスチダなどの大グループのごく一部の生物群について報告されているのみであり、真核生物の他の大グループの mt 進化に関する知見はほとんど存在していなかった。とくに典型的な mt が嫌気・微好気環境に適応した結果生ずると考えられていたミ

トコンドリア関連オルガネラ (mitochondrion related organelles, MRO) に関する知見は、真核生物系統樹の中に散在するごく一部の寄生虫に関して報告があるのみで、その進化プロセスに関する研究はまだ行われていなかった。

(2) 研究の目的

ミトコンドリア進化の多様性を明らかにするために 2 つのテーマに沿って研究を進めることとした。まず、典型的なミトコンドリアをもたない嫌気性の生物群フォルニカータに属す生物種を対象に、ゲノム・EST 解析及びミトコンドリア関連オルガネラ (MRO) のプロテオーム解析を行い、得られたデータを他のフォルニカータ生物種および姉妹群であるパラバサリアに属す生物種と比較解析することにより、退化型ミトコンドリアの機能および関連する代謝や情報発現機構の分子進化を解明しようとした。また、これまでにミトコンドリア全ゲノム配列データの報告のない多様な新奇真核非モデル微生物におけるデータの取得とそれらに基づく比較解析から、真核生物におけるミトコンドリアゲノム進化の概要を明らかにしようとした。

(3) 研究の方法

フォルニカータ生物群に属する 4 つの典型的な mt をもたない生物種、*Aduncisulcus paluster*, *Kipferlia bialata*, *Dysnectes brevis*, *Trepomonas* sp. について NGS 解析によりトランスクリプトームデータを得、フォルニカータ生物群の系統樹の推測を行った。次に、それぞれの生物種に関して、培地中に存在する餌バクテリアの種類を 1 種のみをすることを目標に二者培養系の確立を目指した。二者培養系が確立できた *K. bialata* と、ほぼ二者培養系に近い状態が確立できた *D. brevis* の 2 生物種について NGS による全ゲノム解析を実施した。得られたデータおよび既存のデータをもとに比較ゲノム・トランスクリプトーム解析を行い、MRO の機能進化に関する推測を行った。一方、さまざまな新奇真核微生物に関して、mt ゲノム解析を実施した。

4. 研究成果

4 種のフォルニカータ生物、*K. bialata*, *D. brevis*, *Aduncisulcus paluster*, *Trepomonas* sp. の NGS データに基づく比較解析から、フォルニカータ生物群に関する高解像度の系統樹を推測することができた。また、MRO における嫌気的エネルギー産生経路の進化において、関連酵素の獲得や別の酵素への転換に遺伝子水平転移が大きく貢献していることが明らかとなった。さらに、MRO のプロテオーム解析、タンパク質局在解析を進めるための予備的解析を行った。Mt ゲノム解析に関してはハプト藻類 *Chrysochromulina* sp., カタブレファリス類 *Leucocryptos marina*, クリプティスタ生物群の原始系統 *Palpitomonas bilix*, クロララクニオン藻 *Lotharella oceanica*, ディスコバ生物群に属することが判明した鞭毛虫 *Tsukubamonas globosa* および有中心粒太陽虫の未記載株に関して、mt ゲノム配列データを得ることができ、mt ゲノムの多様性に関する新知見を明らかにした。とくに、*Chrysochromulina* sp., *L. marina* の解析からイントロン転移に関する複雑な進化史が明らかとなり、*T. globosa* の解析からはこれまでに例のない新規のミトコンドリア DNA コード遺伝子が発見された。

3. 嫌気性生物のゲノム解析 (黒田)

(1) 研究開始当初の背景

養殖ヒラメ喫食後の平均 6 時間を潜伏期とする嘔吐・下痢の原因病原体 *Kudoa aseptumpunctata* を次世代シーケンサーによるメタゲノム解読法で発見した (Clin Infect Dis. 2012 Apr;54(8):1046–52.)。 *Kudoa septempunctata* は、ミクソゾア門に属する後生動物で、数個の細胞からなる簡単な個体構造を持つ。ミクソゾアは、魚と環形動物への交互寄生という独特の生活環を持つが、ゲノムは未解読で進化も不明である。 *Kudoa septempunctata* の生活環から寄生による個体構造の退化が特徴的であり、予備的なゲノム情報からもマトリョーシカ的な退化を伴うゲノム縮退が生じている貴重なモデル生物であることが示唆されていた。

(2) 研究の目的

Kudoa septempunctata の特徴的な生活環ゆえにゲノム情報等の遺伝情報は乏しい。総合的なゲノミクスおよ

びトランスクリプトーム解析を用いてマトリョーシカ的な交互寄生に依存する生命の特徴を理解することを目的とする。

(3) 研究の方法

(i) ゲノム情報解析

Kudoa septempunctata に感染している養殖ヒラメの冷凍切身を PBS で懸濁し、浮遊してきた直径約 10 μm の細胞を 100 μm フィルターにてゴミを除いて純度をあげ回収した。DNA 精製は常法のプロテアーゼ処理後、QIAGEN カラムにて精製した。精製ゲノム DNA を用いて イルミナ GAIIX /MiSeq もしくは PacBio 1 分子シーケンサーにて配列解読した。SSPACE および HGAP2 にて de novo assembly を行った。

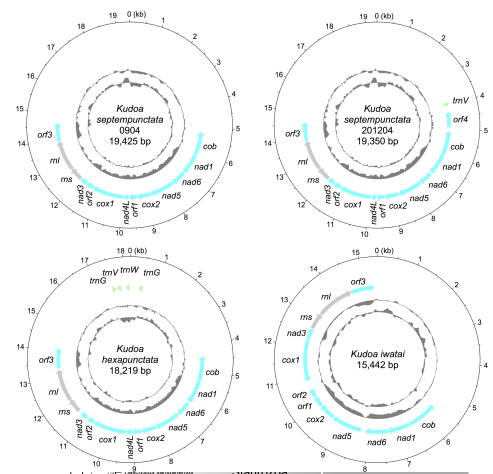
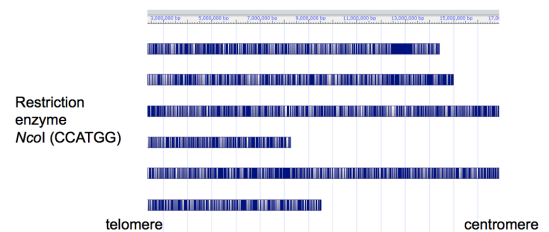
(ii) トランスクリプトーム解析

ヒト直腸ガン細胞 Caco2 に生 *Kudoa septempunctata* を接種して、経時的に Caco2 の total RNA を調製して mRNA を精製後、ScriptSeq v2 kit にて RNA-seq ライブラリーを作成した。配列解読は MiSeq v3 kit 150 cycle にて行った。情報解析は CLC Genome workbench v7.5 で行った。

(4) 研究成果

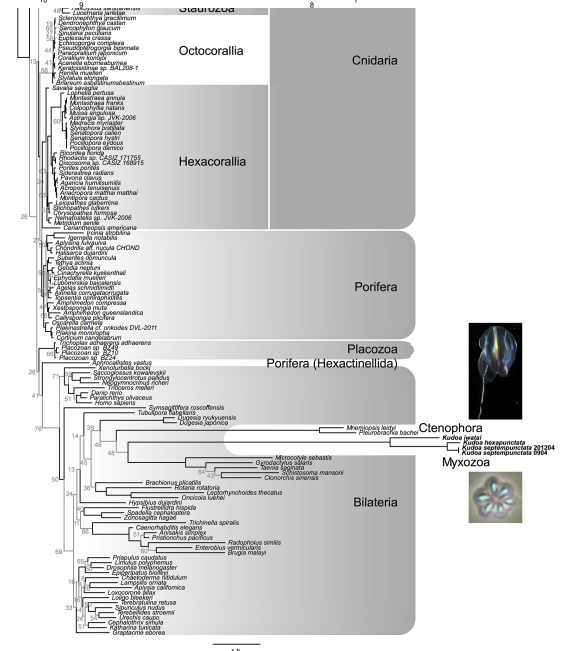
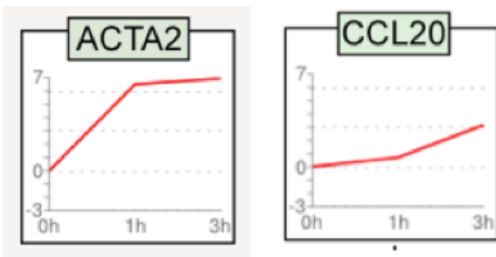
(i) *Kudoa septempunctata* のゲノムおよびミトコンドリアゲノム解析

Kudoa septempunctata の全ゲノム解読とミトコンドリア DNA 配列を解読した。配列情報と合わせて光学マッピング法 (Argus system) により全ゲノム制限酵素地図を作成した。ゲノムサイズ 83 Mb で二倍体の 3 本の染色体からなることを明らかにした。従来のミトコンドリア DNA の常識を覆す遺伝子構成 (rRNA, COX1, COX2, ND1, ND5, CYTB のみ) であり、極度な遺伝子縮退が生じていることが示唆された (PLoS One. 2015 Jul 6;10(7):e0132030)。ミクソゾアの生物分類は刺胞動物もしくは左右相称動物であるのか未だ謎に包まれたままの生物であり、今後、近縁種の配列情報を内包した比較ゲノム解析が有効だと思われる。



(ii) *Kudoa septempunctata* のトランスクリプトーム解析

環形動物と魚類を交互寄生して生存する *Kudoa septempunctata* のゲノム情報を活用し、トランスクリプトーム解析を行った。ヒト腸管培養細胞 Caco2 との接触により、培養細胞の遺伝子発現がどう変化するか検討した。炎症性ケモカイン Cc120 およびアクチン Acta2 の転写増強が顕著であり、*Kudoa septempunctata* との接触により炎症応答と細胞内骨格のリアレンジメントが生じていると推察された。



(iii) *Kudoa septempunctata* の Multi-locus Sequencing Typing (MLST) 法の開発

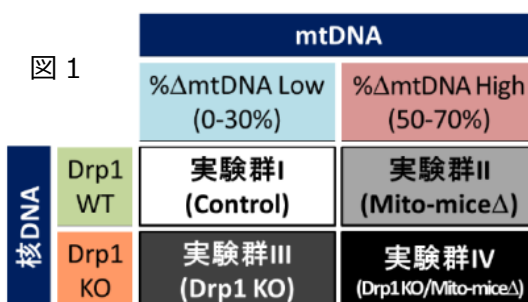
解読したミトコンドリア遺伝子を標的にしたナナホシクダアの高感

度かつ高精度の検出系開発のための基盤情報を得ることができた。ミトコンドリアゲノムは細胞中に大量に存在するため、18S-rRNAなどの核ゲノムを対象とした検査系よりも高感度なPCR検出が可能である。また、ミトコンドリア・ゲノムの変異導入率が高いことから、18S-rRNAよりも明確なKudoa属の分類法を確立することが可能だと思われる。他種のミトコンドリア遺伝子を同定して比較することにより、食中毒に起因する種のみを検出系も開発できると考えている(J Fish Dis. 2016 Jun;39(6):667-72.)。一方で、クドアの種間では遺伝子領域のみが保存されていた。これらの違いを利用して産地の区別ができれば、疫学解析にも応用できると示唆された。

4. ミトコンドリア DNA の病原性の分子機構 (石川)

mtDNAに突然変異を有し、ミトコンドリアの機能が低下しているマウス個体においてミトコンドリアの分裂が阻害される系を用い、ミトコンドリアの機能低下による病態発症機構にミトコンドリア分裂がどのように関わっているかを検証することを目的として研究を実施した。

大規模欠失突然変異型 mtDNA (Δ mtDNA) を有する Mito-mice Δ と、ミトコンドリアの分裂を司る核ゲノムコードの Drp1 を組織特異的に欠損するマウスとを掛け合わせ、図 1 に示す 4 種類のマウスを得た。これらにおいて病態を比較した結果、実験群 IV は実験群 II や III よりも病態が重篤化することが確認された。この結果は、mtDNA の突然変異にミトコンドリア分裂の異常が加えられることによって病態が悪化していることを示しており、mtDNA 起因性の病態発症機構に核 DNA コードの遺伝子の機能も大きくかかわっていることを示唆している。



その原因として、ミトコンドリアのターンオーバー機構に違いがあるのではないかと考え、ミトコンドリアがオートファジーによって分解される際にユビキチン化されることに着目して、肝臓切片の免疫染色を行ったところ、実験群 IV ではミトコンドリアの大部分がユビキチン化されているものの、オートファジー自体はほとんど活性化されていないことが分かった。このことは、細胞は機能が低下したミトコンドリアを分解しようとしてユビキチン化しているものの、分裂不全によって巨大化したミトコンドリアをオートファゴソームによって包み込むことができず、結果的に大部分のミトコンドリアがユビキチン化された状態で残存していることを示唆している。本来分解されるべき機能不全ミトコンドリアが残存することにより、正常な機能を有するミトコンドリアが相対的に減少し、細胞としての呼吸機能が全体的に低下するのではないかと考えられる。一方で、Drp1 が KO されると、肝臓における Δ mtDNA の蓄積速度が加速する傾向も明らかとなった。すなわち、Drp1 が KO されると、同程度の Δ mtDNA を有する場合に現れる病態が、Drp1 が正常である場合と比較して重篤になり、かつ、 Δ mtDNA の蓄積速度が速くなり、より症状の悪化が加速するという二重の理由によって病態の悪化が引き起こされていると考えられる。

研究項目：B03 ミトコンドリア・色素体以外の共生オルガネラ成立過程の解明

計画研究代表者：稲垣祐司

Rhopalodia 科珪藻 *Epithemia turgida* 楕円体ゲノムの完全解読

計画研究 B03「ミトコンドリア・色素体以外の共生オルガネラ成立過程の解明」では、進化的起源の異なる“若い”オルガネラをもつ2種類の真核微生物、すなわち①窒素固定能シアノバクテリア共生体（楕円体）をもつ Rhopalodia 科珪藻、②光合成オルガネラ（有色体）をもつ有殻アメーバ *Paulinella chromatophora* を実験材料として、共生体から宿主への遺伝子の移行の探索と同定、宿主ゲノム中での共生体遺伝子の発現に必要な配列因子の解明、宿主細胞質から共生体へのタンパク質輸送機構の解明等を目指し研究を行った。上記研究から得られる知見と、これまで蓄積したミトコンドリア・色素体に関する知見を統合し、最終的にオルガネラ獲得に伴う真核細胞進化の共通原理を理解することを最終目標とした。

我々はまず、世界に先駆けて Rhopalodia 科珪藻 *Epithemia turgida* 楕円体の完全解読に成功し、約 2.8 メガ塩基対の長さをもつ環状ゲノムであることを明らかにした（図 1）。楕円体ゲノムの詳細な解析から、①楕円体は宿主からの物質供給に完全依存していること、②偽遺伝子が 200 個以上存在すること、③多くのバクテリア共生体ですでに失われたアミノ酸合成経路が完全に保存されていること等が判明した（図 2）。楕円体ゲノムデータを統合すると、楕円体は進化的に最近獲得された“若い”オルガネラであると考えられる。今後、さらに複数の Rhopalodia 科珪藻楕円体ゲノムを比較解析することで、オルガネラ化にともなうゲノムの縮退過程のモデル化が可能となる。この研究成果は、アメリカ科学アカデミー紀要（*Proc Nat Acad Sci USA* 2014 111:11407-11412）に掲載された。

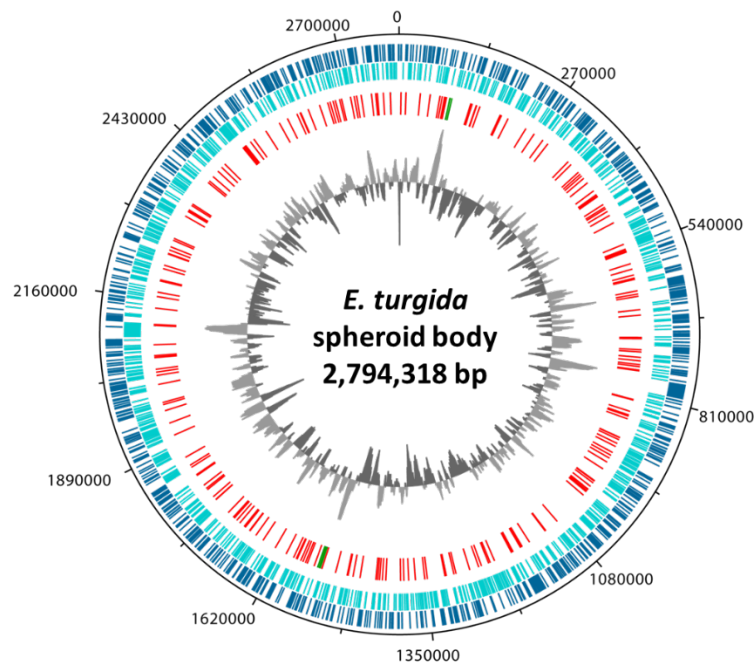


図 1. Rhopalodia 科珪藻 *Epithemia turgida* の楕円体ゲノムマップ

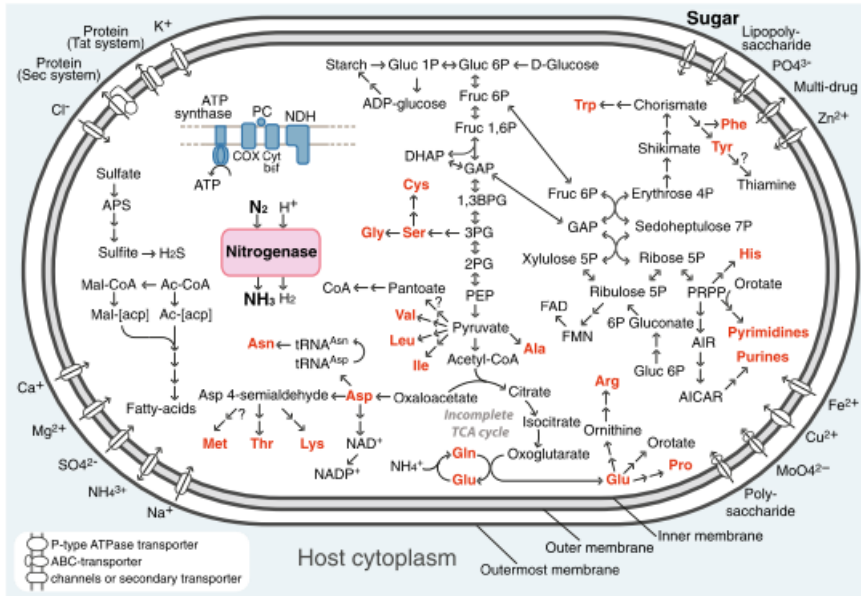


図2. *Epithemia turgida* 楕円体ゲノムから推測された代謝マップ

非光合成性色素体における ATP 合成酵素の機能に関する一考察

計画研究 B03 では、オルガネラ化の途上にある細胞内共生原核細胞の研究が主たる研究対象であったが、前頁で紹介した珪藻の近縁種では、光合成能力を二次的に失うという逆方向への進化が独立に複数回起こったことが分かっている。本研究の主要テーマであるオルガネラの獲得だけでなく、オルガネラの機能縮退も真核生物の多様性を生み出していることから、研究分担者の京都大学・神川龍馬が中心となり、光合成能力を失った葉緑体（色素体）を対象に研究を進めた。

非光合成珪藻の一種である *Nitzschia* sp. NIES-3581 株の色素体ゲノムを完全に解読した。この色素体ゲノムは 70 Kbp 程度であり、光合成能喪失に伴いゲノム縮退が進行したと考えられる。これは主に光合成関連遺伝子がゲノム上から消失したことに起因する（図3）。

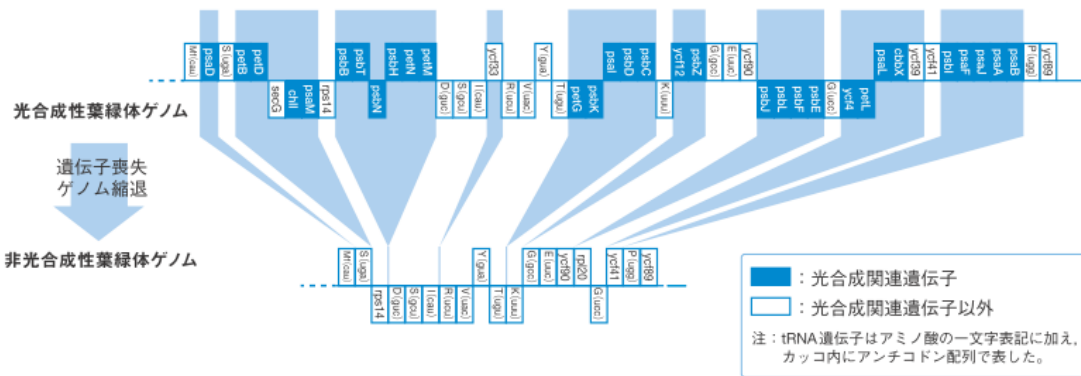


図3. 光合成能の二次的喪失に伴う珪藻葉緑体の縮退進化

この色素体ゲノム上には光化学系 I および II、シトクロム *b₆/f* 複合体に関連する遺伝子は存在しないため、ATP 合成酵素の駆動力となるプロトン勾配を造り出せず、従って ATP を産生できない。しかし奇妙なことに、NIES-3581 株をはじめ非光合成性色素体で ATP 合成酵素遺伝子が色素体ゲノム上に保存されていることから、①これらの色素体中の ATP 合成酵素では ATP 分解してプロトン勾配を形成し（通常とは逆反応）、②プロトン勾配はストロマからチラコイドルーメンへのタンパク質を輸送に利用されているという仮説を提案した（図4）。本論文は分子進化学分野のインパクトファクター第一位（IF = 9.105 ; 2014 年）のジャーナルに掲載された (*Mol Biol Evol* 2015 32:2598-2604)。

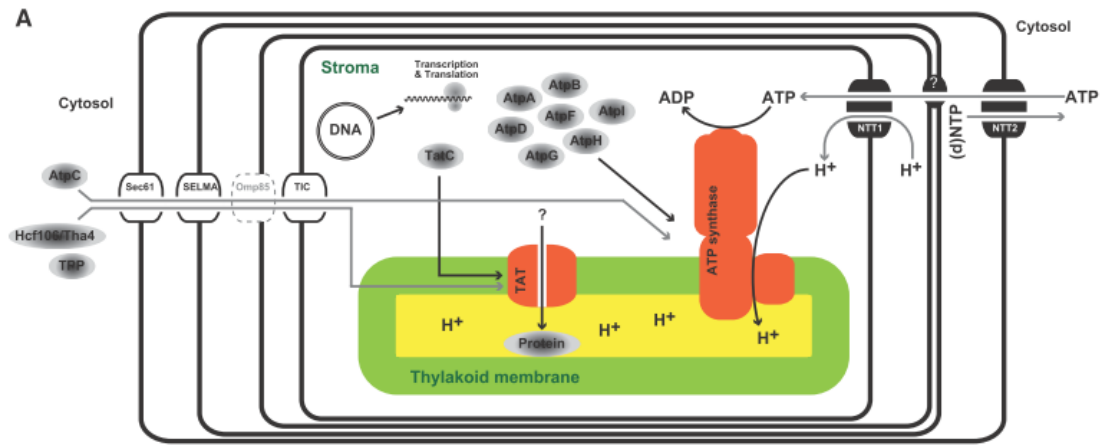


図4. 推測される非光合成性珪藻色素体におけるチラコイド膜上のタンパク輸送

研究項目：公募 B

平成 23, 24 年度：共生による葉緑体光応答系の成立と進化

平成 25, 26 年度：内部共生による宿主-オルガネラ間の遺伝子発現協調機構の成立

公募研究代表者：華岡光正

核と葉緑体間の遺伝子発現協調機構

公募研究「共生による葉緑体光応答系の成立と進化」「内部共生による宿主-オルガネラ間の遺伝子発現協調機構の成立」では、内部共生起源に近い葉緑体を持つ原始紅藻シアニディオシズン（以降シズンと略す）と高等植物シロイヌナズナを用いて、葉緑体を中心とした光応答系の分子機構、また核による葉緑体遺伝子の発現制御システム、さらには葉緑体による宿主遺伝子の調節機構を明らかにすることで、内部共生に基づく植物の遺伝子発現協調系の進化を明確にすることを目的とした。

我々はまず、単細胞紅藻シズンの葉緑体において、シアノバクテリアの細胞内共生に由来する自律的な光応答系（二成分制御系を介した光転写制御システム）が確かに機能していることを見出すことができた。また、葉緑体で受容した光情報が葉緑体から核へのシグナル伝達系を介して宿主核の光応答遺伝子の発現にも関与していることを明らかにした（*Front Plant Sci.* 2013 3:301, *生物科学* 2015）（図 1）。一方、環境変化やストレス等に依存した宿主核による葉緑体遺伝子の発現調節についてもシズンとシロイヌナズナの両方で検討を進め、特に概日時計情報を核と葉緑体間で共有するためのシグマ因子 SIG5 を介したオルガネラ間シグナル伝達・光合成遺伝子発現調節の実体を明らかにすることができた（*Science* 2013 339:1316-1319）。

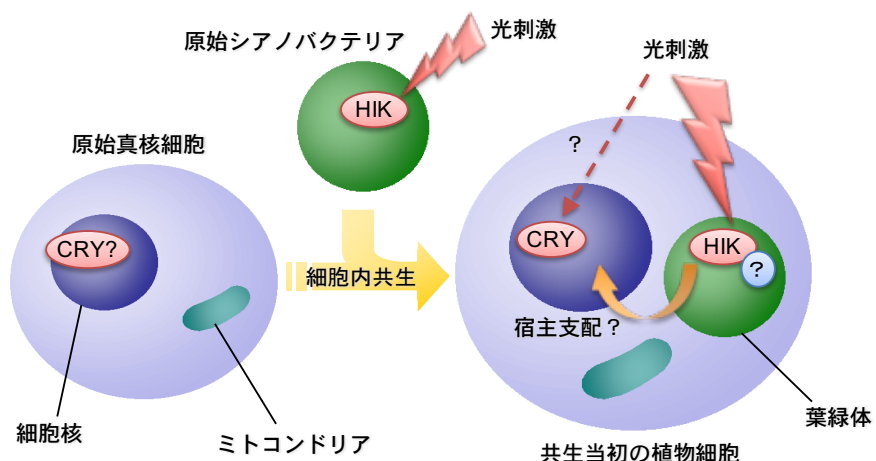


図 1. 細胞内共生に際した光応答系の成立とオルガネラ間の遺伝子発現協調

研究項目：公募 B

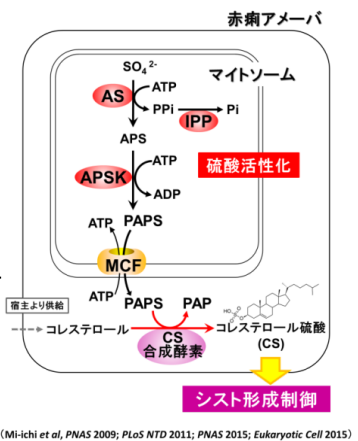
平成 23, 24 年度：赤痢アメーバマイトソームによる硫酸活性化経路の獲得と寄生適応との関連性の解明
平成 25, 26 年度：赤痢アメーバマイトソームの硫酸活性化経路の獲得と寄生適応・病原性との関連性の解明

公募研究代表者：見市文香

赤痢アメーバマイトソームの硫酸活性化経路の獲得と寄生適応・病原性との関連性の研究

公募研究 B02「赤痢アメーバマイトソームの硫酸活性化経路の獲得と寄生適応・病原性との関連性の解明」では赤痢アメーバのマイトソーム関連オルガネラ (MRO) の主たる機能の 1 つである硫酸活性化経路の機能解明を行った。赤痢アメーバのマイトソーム“マイトソーム”は、好氣的ミトコンドリア由来の機能をほとんど全て失っており、機能・役割は全く未知であった。我々の先行研究により、硫酸活性化がマイトソームの主たる機能の 1 つであること、硫酸活性化が原虫の増殖に必須であることを見出した (Mi-ichi *et al*, *PNAS*, 2009、Mi-ichi *et al*, *PLoS NTD*, 2011)。

本研究課題では、最初に硫酸活性化を介して生成される産物の分離・精製法の確立、構造決定を行い、含硫脂質が主たる最終代謝産物であり、その 1 種類が“コレステロール硫酸 (CS)”であることを明らかにした。そして CS が赤痢アメーバのステージ移行である感染嚢子 (シスト) 形成制御に重要な分子であることを見出した (図 1)。一方で、土壤中に生息する自由生活性の赤痢アメーバの近縁種 *Mastigamoeba balamuthi* では、硫酸活性化能を MRO に持つことは共通するにも関わらず CS 合成能を欠く事を見出したことから、赤痢アメーバの祖先による CS 合成能の獲得が、コレステロールが豊富な宿主腸管内でシスト形成能を上昇させ、生育に有利に働き、寄生適応に繋がった可能性を提唱した (図 2)。(Mi-ichi F, *et al.*, *Proc Nat Acad Sci USA* 2015 112: E2884-E2890)。さらに、含硫脂

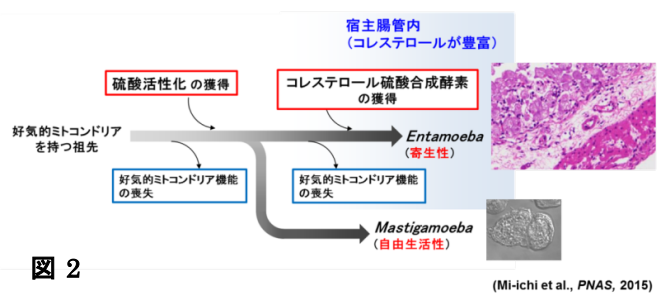


(Mi-ichi *et al*, *PNAS* 2009; *PLoS NTD* 2011; *PNAS* 2015; *Eukaryotic Cell* 2015)

質合成の最終酵素である硫酸基転移酵素が細胞質に局在すること、マイトソームで活性化された硫酸のトランスポーターとして、MCF を同定し、報告した (図 1) (Mi-ichi F, *et al.*, *Eukaryotic cell* 2015 14:1144-1150)。

新規制御分子としての CS の発見は、シスト形成制御の分子機構の全容解明の鍵となることが期待される。“シスト形成”の分子機構に関するこれまでの知見についての概説および CS の重要性と今後の研究の展望について述べた総説を公表した (Mi-ichi F, *et al.*, *PLoS Pathogens* 2016)。

CS 合成能の獲得がシスト形成制御の効率を上昇、寄生適応に繋がった可能性



(Mi-ichi *et al.*, *PNAS*, 2015)

研究項目：公募 B 基部陸上植物の葉緑体型ペプチドグリカン結合性タンパク質の単離と解析

公募研究代表者：高野博嘉

基部陸上植物の葉緑体型ペプチドグリカン結合性タンパク質の単離と解析

当公募研究では、ヒメツリガネゴケ (*Physcomitrella patens*) を実験材料として、葉緑体分裂に関与する葉緑体型ペプチドグリカン (PG) について研究を行った。藍藻の原始真核細胞への共生により生じた葉緑体において、藍藻の持つ細胞壁 PG は緑色植物への進化の過程で消失したと考えられてきたが、我々は PG 関連遺伝子が現在でもコケ植物の葉緑体において分裂等の基本的な葉緑体機能にかかわっていることを見い出してきた。

ペニシリン結合タンパク質 (PBP) は PG 合成の最終酵素である。PBP と相互作用するタンパク質を見出すため、myc タグを付加したヒメツリガネゴケ葉緑体型 PBP を発現する形質転換ラインを作成した。myc 抗体を用いた免疫沈降と質量分析法により、PG 結合ドメインである LysM ドメインを持つ新規タンパク質を見いだしており、遺伝子破壊実験等により機能解析を進めたい。

藍藻の持つ PG-外膜接着システムである S-layer homology (SLH) ドメインと予測される領域を持つ葉緑体タンパク質 (SLH) に関する研究も進めた。コケには、4 つの SLH が存在しており、SLH1/2 二重遺伝子破壊ラインを作成したところ、細胞当りの葉緑体数が減少していた。今後は四重遺伝子破壊ラインの作成等により、機能を解析していきたい。

また、クリック反応を利用して PG を可視化する方法により、コケ植物の葉緑体が PG で覆われていることを発見した (図 1)。この研究成果は、Plant Cell 誌 (2016 28:1521-1532) に掲載された。更に、葉緑体型 PG を持つシアノフォラに同様の方法を用いることにより、チアネレを取り囲む PG の可視化にも成功した。

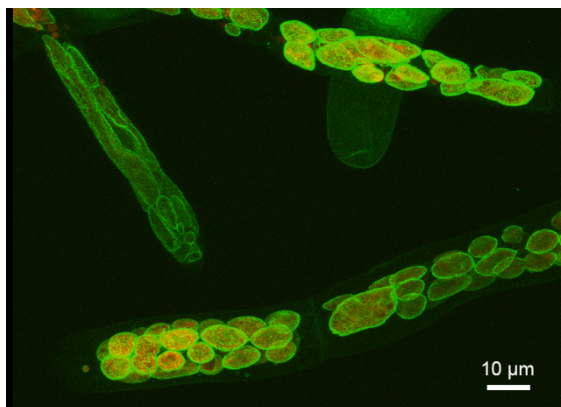


図 1. ヒメツリガネゴケの Ddl1 遺伝子破壊ラインの巨大葉緑体形質を EDA-DA で相補後、クリック反応で PG を可視化した細胞の共焦点顕微鏡画像。

全ての葉緑体の自家蛍光(赤)の周りが PG (緑) で覆われている。

ミトンドリアタンパク質輸送機構の進化モデルの刷新

本研究では、バイオインフォマティクス技術を駆使し、ミトコンドリア及びミトコンドリア関連オルガネラ (MRO) を持つ生物種がミトコンドリア品質管理関連因子をどれほど維持しているかを調べ、品質管理機構の進化解析を行い、品質管理機構解明へつながる新知識を得ることを目的としている。そこで、品質管理機構の一つとして、まず、タンパク質輸送に注目した。ミトコンドリアのタンパク質の輸送機構の進化に関してはいくつかのモデルが提案されているが、互いに矛盾を抱えており、未だにすべてを説明できるモデルはない。そこで、ミトコンドリアターゲティング配列 (プレ配列) とタンパク質輸送複合体 (TOM 複合体、TIM23 複合体) の両方からタンパク質輸送の進化を調べるため、高精度にプレ配列を予測する手法 MitoFates を開発した (*Mol Cell Proteomics*, 2015, 14(4):1113-26)。そして、プレ配列欠損/獲得推定、精密なオルソログ解析による系統プロファイル、祖先配列推定、構造予測などを組み合わせ、タンパク質輸送複合体とプレ配列を持つ遺伝子の進化解析を行った。その結果、輸送複合体の進化は、プレ配列を用いた輸送機構を維持するかどうか束縛条件となっており、収斂進化や別のファミリーからのマイグレーションにより、巧みにサブユニットを獲得することで、進化の過程でプレ配列による輸送機構を維持していることがわかった。また、TOM 複合体のチャンネルである Tom40 の内孔におけるタンパク質輸送に関わる負電荷パッチや疎水性パッチは、Last eukaryotic common ancestor (LECA) の時点で存在しており、タンパク質輸送の基本的なメカニズムはすでに LECA の時点で確立していた可能性があることもわかった。そして、我々は、得られた知見をもとに、これまでわかっている事実を説明できる新しいミトコンドリア輸送複合体の進化モデルを提案した (下図)。これらの成果は、研究期間内には論文発表することは出来なかったが、その後、分子進化学分野のトップジャーナルに掲載された (*Mol Biol Evol.*, 2017, 34(7):1574-1586)。

また、系統特異的な品質管理因子の探索においても成果が得られた。開発した膜タンパク質予測法を用いた解析と共同研究における実験的検証によって、赤痢アメーバの MRO に局在する系統特異的膜タンパク質を発見することができた (*Sci Rep*, 2015, 5:8545, *Mol Biochem Parasitol.*, 09(1-2):10-17, 2016)。これら系統特異的な膜タンパク質の機能解明にはさらなる解析が必要であるが、MRO の品質管理機構解明につながる可能性がある。

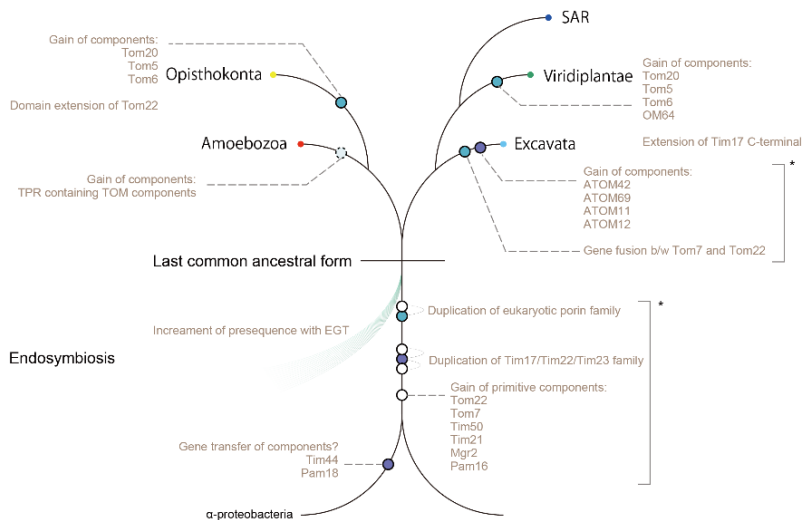


図. ミトコンドリアタンパク質輸送複合体の進化モデル

リン酸化ユビキチン鎖の産生と増幅による不良ミトコンドリア排除メカニズムの発見

パーキンソン病原因遺伝子産物 PINK1、Parkin が構成するシグナル経路は、共生関係から外れた(膜電位の低下した)ミトコンドリアをマイトファジーへ誘導して除去する。しかし、異物センサーとして機能する PINK1 が排除実行因子 Parkin をミトコンドリアへ呼び寄せる分子メカニズムは不明であり、公募研究「ミトコンドリアの共生を規定する、排除と維持の監視メカニズムの解明」において、Parkin をミトコンドリアへ呼び寄せる分子メカニズムを明らかにすることを目的とした。

定量的リン酸化プロテオミクスによりキナーゼである PINK1 の基質探索を行い、ユビキチンがリン酸化されることを明らかにした。ミトコンドリア上に形成されたリン酸化ユビキチン鎖に Parkin は強い親和性を示すことから、不良ミトコンドリア上に形成されるリン酸化ユビキチンの形成が、Parkin をミトコンドリアへ呼び寄せる分子メカニズムの本態であること、リン酸化ユビキチン鎖の形成が PINK1 と Parkin の協働作業で速やかに形成されることを示し (PLoS Genet 2014 10:e1004861) (図 1, 2)、ミニレビューで特集された (PLoS Genet 2015 11: e1004952)。また、Lys63 にリンクするユビキチン鎖が、Parkin が介するマイトファジーに重要であることが従来示唆されていたが、これが必須でないことを示した (J Biol Chem 2014 289:33131-33136)。

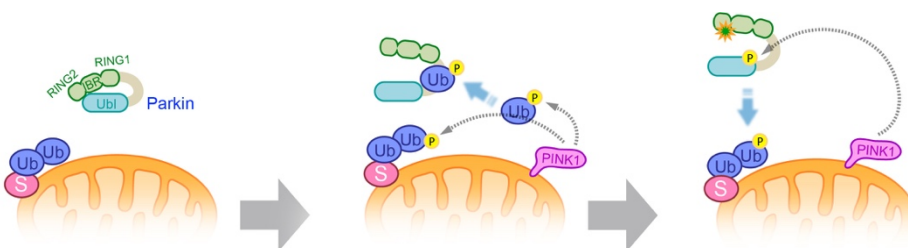


図 1. PINK1 による Parkin の活性化メカニズム

(左) Parkin は不活性型のユビキチンリガーゼとして細胞質に局在する。

(中央) ミトコンドリアが損傷し膜電位が低下すると PINK1 が蓄積・活性化し、細胞質のユビキチン(Ub)およびミトコンドリア外膜タンパク質 (S) 上に形成されたポリユビキチンをリン酸化する。リン酸化されたユビキチンは、Parkin と結合し、Parkin の閉じた構造を緩める。

(右) リン酸化ユビキチンによりオープン構造になった Parkin のユビキチン様ドメイン(Ub1)が PINK1 によりリン酸化される。これにより、Parkin のユビキチンリガーゼの活性中心が露出し、活性化状態となる。活性化 Parkin はリン酸化ポリユビキチン鎖と結合し、それを足場にミトコンドリア外膜基質(S)をさらにユビキチン化する。RING1-IBR-RING2, Parkin C 末端側のシステイン残基に富んだ保存されたドメイン(活性中心は RING2 にある); P, リン酸化。

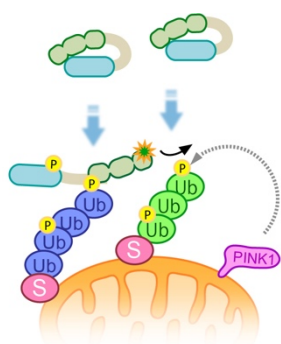


図 2. Parkin 活性化のポジティブフィードバックループ

図 1 のメカニズムでミトコンドリア上に形成されたリン酸化ポリユビキチン鎖は Parkin と親和性をもち、その結合することにより、Parkin を活性化する。この性質から、細胞質で不活性として残っていた Parkin がミトコンドリア上に呼び寄せられ活性化し、さらにミトコンドリア上にポリユビキチン鎖を形成する。その後、ポリユビキチン鎖は PINK1 によりリン酸化される。この Parkin と PINK1 による協働作業により、ミトコンドリア外膜上でリン酸化ポリユビキチン鎖の増幅反応が起こり、Parkin の迅速なミトコンドリア移行と活性化が達成される。

ペルオキシソーム膜タンパク質の小胞体回避モチーフの発見

細胞におけるタンパク質のオルガネラ局在化は、生命活動の根幹の一つである。真核細胞の分泌経路を構成するオルガネラ膜タンパク質は、大部分が小胞体で膜組み込みされ、小胞輸送で最終機能部位へ移行する。それに対して、ミトコンドリアやペルオキシソームのものは、翻訳終了後に直接それぞれに移行すると考えられてきた。このドグマに対して、ペルオキシソーム膜タンパク質が小胞体を経由して、ペルオキシソームに移行するとの知見が示されてきた。一方、それに反する知見も発表され、混乱状態にある。このような状況下で、我々はABC輸送体のペルオキシソームアイソフォームである70kDa膜タンパク質(ABCD3)の小胞体膜への標的化を、無細胞膜組み込み系により検討し、ABCD3の膜貫通配列が、小胞体への標的化に十分な高い疎水性を有するにもかかわらず、標的化が抑制されていることを発見した。さらに、詳細を解析し下記を明らかにした。

- ① N末端の12残基のモチーフ(N12、ETSと命名)が後続の第一膜貫通配列の標的化を抑制する(下図ETS)。
- ② N12の小胞体回避作用には、5番目のセリン残基(Ser5)が必須で他のアミノ酸残基では代替できない。
- ③ N12は他のシグナルペプチド作用をも抑制できる。
- ④ N12の配列を有する融合タンパク質でその作用は拮抗阻害される。
- ⑤ これらの作用は、培養細胞内でも明確に再現確認できる。
- ⑥ N12配列に特異的に化学架橋される50kDaタンパク質が存在する
- ⑦ この化学架橋反応をアッセイに用いて分画・精製を行い、結合因子候補の絞り込みに成功し、質量分析によって候補の同定にまで至った。

以上、小胞体回避の機能単位の存在及び、それに作用するタンパク質因子の存在を示し、ペルオキシソーム存立の基盤を明らかにできた。この機能単位をETS(ER targeting suppressor)と命名した(下図)。

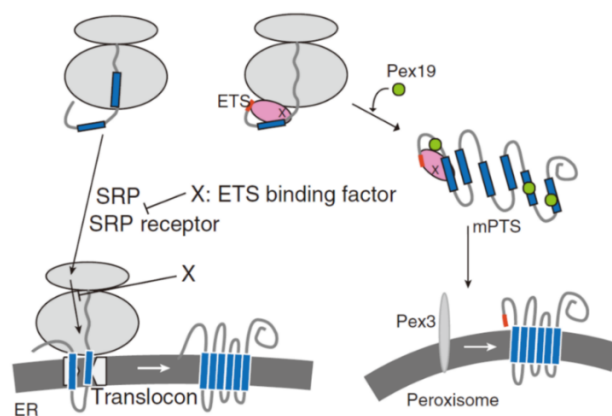


図1. ETSの作用機構モデル

研究項目：公募 B 色素体以外の“炭酸固定オルガネラ”を持つ原生生物の探索，およびその遺伝子解析

公募研究代表者：瀧下清貴

真核生物におけるリボソーマル RNA 遺伝子の種をまたぐ水平伝搬の発見

新規原生生物探索の一環として、甕島（鹿児島県薩摩川内市）に位置する貝池より底泥の採集を行い、その試料中に生息していた *Ciliophrys infusionum*（ストラメノパイル生物群の一種）の培養株を確立した。確立された *Ciliophrys* の系統的位置を確認するため、抽出した DNA を用いて 18S rRNA 遺伝子を増幅したところ、異なる 2 種類の配列が存在することを発見した。分子系統解析から、それら 2 種類の 18S rRNA 遺伝子は、1) *Ciliophrys* が長い進化の中で祖先種から受け継いできたもの、2) 系統的に離れた寄生性単細胞真核生物であるパーキンサス類（アルベオラータ生物群の一種）に起源を持つものであることが示された。*Ciliophrys* とパーキンサス類は系統的に遠く離れた生物であり、これまで *Ciliophrys* に近縁な生物種から同様の報告はなされていなかったため、今回確認されたパーキンサス型 18S rRNA 遺伝子は、比較的最近に *Ciliophrys* のゲノム上へ水平伝播したものであることが示唆された（図 1）。この研究成果は ISME Journal (Yabuki et al. 2014 8:1544-1547) に掲載された。

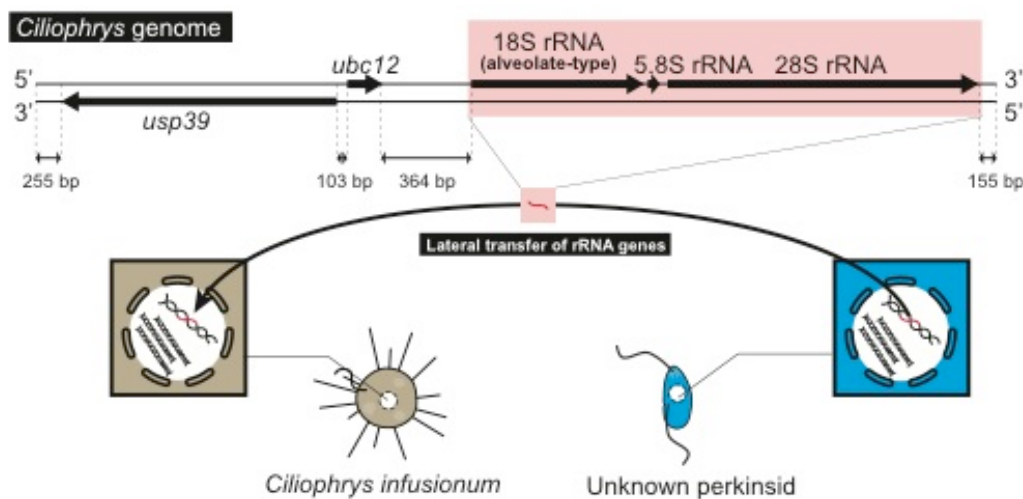


図 1. パーキンサス様生物から *Ciliophrys* への rRNA 遺伝子の水平伝搬

Cantina marsupialis が有する退化ミトコンドリアの機能推定

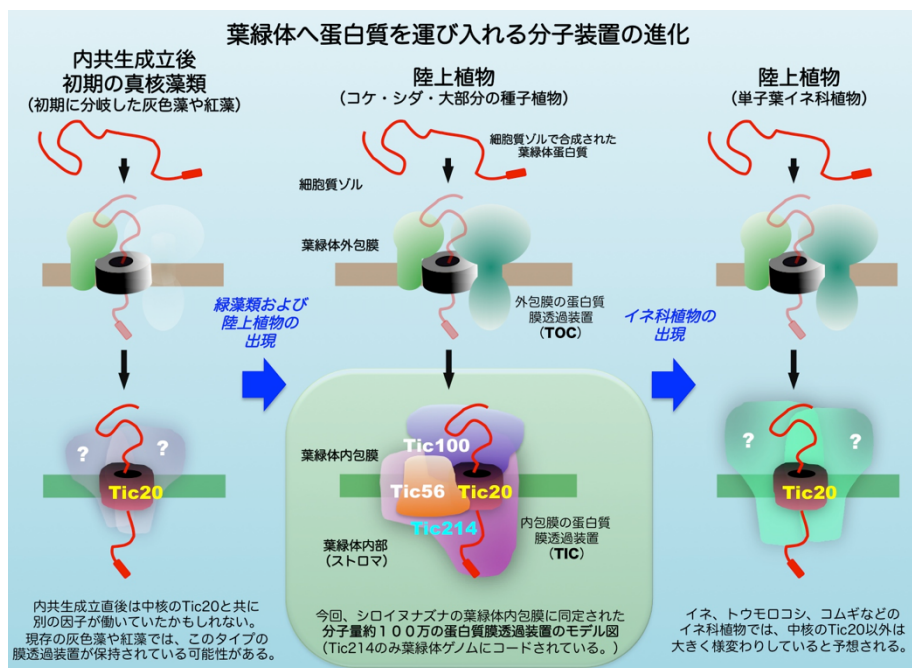
真核生物の中には嫌気環境に適応し、好気呼吸を行わない退化したミトコンドリアを有するものが存在する。ストラメノパイル系統群の中にも嫌気環境に生息した生物が複数種知られているものの、その適応機構や退化ミトコンドリアの機能についてはほとんど知られていない状況にあった。本研究では上記の貝池から分離・培養された自由生活型の嫌気性ストラメノパイル生物 *Cantina marsupialis* のトランスクリプトームデータを基に、当該生物における退化ミトコンドリアの機能推定を行い、そのオルガネラは生化学的にこれまで知られていない新規なタイプのものであることを示した（図 2）。特に特殊な退化的電子伝達系の発見は、これまでに予想されていたミトコンドリアの退化プロセスを覆すものであった。この研究成果は Protist (Noguchi et al. 2015 166:534-550) に掲載された。

植物葉緑体内包膜のタンパク質輸送装置の同定からその進化過程の解明へ

公募研究「色素体成立の初期過程におけるタンパク質輸送装置の確立と進化に関する研究」 植物や藻類の葉緑体はシアノバクテリアのような光合成を営む原核生物が一次共生したものが進化して生じたと考えられている。この進化の過程で共生体ゲノムの遺伝子の多くは核へと移行し、核の遺伝子発現の支配を直接受けるようになった。同時に、これらを含む核コードの葉緑体タンパク質を葉緑体へ正しく運ぶ輸送機構が確立されてきた。本公募研究では、モデル植物シロイヌナズナの輸送装置の解明を手掛かりに、進化過程を遡り、緑藻や紅藻における輸送装置の解析を進め、オルガネラ進化とタンパク質輸送装置の進化との関連の解明を目指した。

高等植物においては2000種類を越す葉緑体タンパク質が、葉緑体の二重の包膜に存在するタンパク質膜透過装置トランスロコンによって葉緑体内へ運ばれている。内包膜のトランスロコン TIC に関しては長い間不明な点が多かった。われわれはシロイヌナズナで TIC の同定に成功し、その研究成果を *Science* 誌に論文発表した (2013:339, 571-574)。それら構成因子の系統進化的考察から、このトランスロコンが内共生成立後にダイナミックな変化を遂げて来たことが分かった。すなわち、この TIC は緑藻出現時から大きな変化を遂げはじめ、さらに陸上植物の出現に伴い完成したと考えられる。また緑藻よりも初期に分岐した紅藻では、TIC の原型と呼べる輸送装置が働いている事が示唆された。

図 1. 葉緑体タンパク質輸送装置の進化



研究項目：公募 B 植物の共生オルガネラ制御における PPR システムの解析

公募研究代表者：中村崇裕

植物のミトコンドリアのゲノム情報は RNA 段階で維持、管理されている。この制御のため、植物は 500 個もの核コード遺伝子、PPR タンパク質遺伝子、を獲得してきた。PPR タンパク質は、それぞれが異なるオルガネラ RNA に作用し、転写後の様々な段階で働く。PPR タンパク質は維管束植物の全タンパク質遺伝子の 1/50 に達するが、その本質は、宿主がオルガネラをマリオネット（糸操り人形）のように操作する「糸」（実行因子）だと予想される（下図）。本研究では、特徴的な発現パターンを示す一連の PPR タンパク質遺伝子群（PPR クラスター）をモデルとし、同クラスター中の未解析 PPR タンパク質が作用するオルガネラ遺伝子（アウトプット）、および当該 PPR クラスターの発現を制御する転写因子（インプット）の解析を行うことで、植物の共生オルガネラ制御における PPR システムの解析を通して、マトリョーシカ型進化における共生体と宿主の相互作用について、その共通性および種特異性に関する知見を得ることを目指した

我々は、まず十数ラインのシロイヌナズナ PPR 欠損株を対象として、アウトプットに相当する標的オルガネラ遺伝子を同定した。並行して、インプットに相当する PPR 遺伝子の発現制御領域をインフォマティクス解析により解析したところ、PPR クラスターに共通の保存配列、作用する潜在的な転写因子を割り出すことができた。次に PPR システムの攪乱、すなわち PPR 遺伝子のクラスターからの除外、異種 PPR のクラスターへの導入、クラスターの転写を制御する因子の改変、を行い、形質転換植物におけるオルガネラ機能の変化（光合成、呼吸、など）、および植物個体の生理型表現型（ストレス応答、形態形成、配偶子形成、など）を解析した。その結果、PPR 遺伝子の欠損および発現の攪乱は容易に致死性の表現型を示し、植物の核とオルガネラが高度に相互連携していることが推測されたが、生命の頑強性の一般的な理論との乖離が見られ、新たな解釈が必要だと考えられた。PPR によるマリオネット式オルガネラ制御システムの植物における役割、意義についてさらに研究開発を進める必要がある。

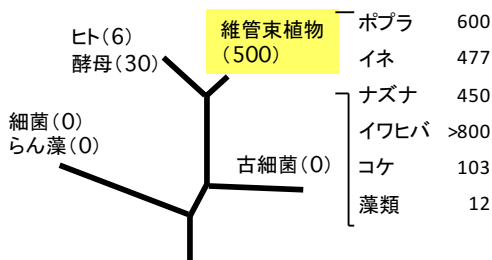
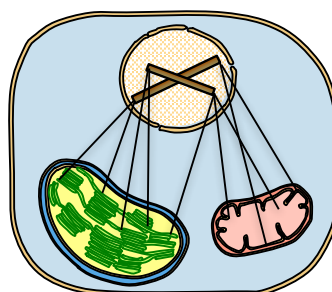


図1. 様々な生物種でのPPR遺伝子



オルガネラ制御システムとしての PPR 蛋白質（マリオネットの糸）。一本の糸が一つの PPR 蛋白質を表す。

研究項目：公募 B

平成 23, 24 年度：細胞内物質代謝系の統合と変遷に伴うミトコンドリア輸送体の獲得と共進化

平成 25, 26 年度：細胞内物質代謝系とオルガネラ膜輸送体の共進化

公募研究代表者：戸澤 謙

公募研究「細胞内代謝とオルガネラ膜輸送体の共進化」では、オルガネラの初期成立過程およびその後の生物進化の過程において、代謝システムの統合・変遷に伴い分子進化を遂げ、生物細胞内に多様な物質輸送系をもたらしたと考えられるミトコンドリア輸送体 (MC) を対象にした研究を進めた。熱帯説マラリア原虫、シアニディオシゾン、赤痢アメーバ、出芽酵母をモデル生物として、各生物の MC 輸送機質特異性の解析により、代謝経路の進化と MC 分子進化との相関性を明らかにすることを目指した。

領域内共同研究成果として、佐賀大学、国立感染症研究所と共同で、赤痢アメーバのユニークなオルガネラであるマイトソームが担う硫酸活性化経路において代謝物の細胞質ゾルとの交換輸送に必須な役割を担う MC 分子種として、PAPS 輸送体の同定に成功した (*Eukaryotic Cell* 14, 1144, 2015)。さらに、筑波大学大学院、国立感染症研究所と共同で赤痢アメーバの新規 β バレル型膜局在タンパク質 MBOMP30 に関する研究を行い、その中で無細胞翻訳系による MBOMP30 の膜上での再構成系の構築ならびにその構造モチーフ解析を担当し、リボソーム上に再構成した MBOMP30 の β シート構造に富む構造様式を円二色性スペクトルなどの分析化学的手法を導入して明らかにした (*Scientific report* 5, 8545, 2015)。

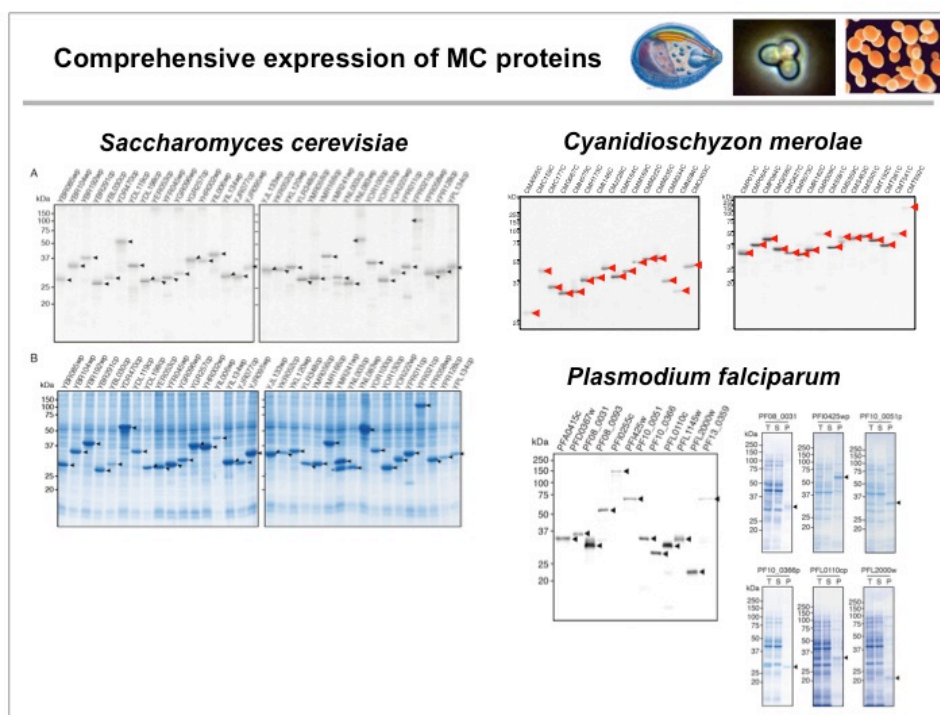


図 1. 酵母、シニディオシゾン、マラリア原虫の MC の網羅的発

研究項目：C01 植物由来共生オルガネラの宿主隷属化機構

計画研究代表者：永宗喜三郎

研究代表者らはまず、アピコンプレクサの持つ植物ホルモンの網羅的な検出・定量を試みた。その結果、これまで存在が確認されているアブシジン酸のほか新規に数種の植物ホルモンが検出され、特にマラリア原虫中に大量のサリチル酸の存在を見出した。そこで申請者らは、マラリア原虫をモデルにサリチル酸の生理機能の解析を行った。熱帯熱マラリア原虫に細菌由来のサリチル酸分解酵素遺伝子を導入し、サリチル酸欠乏原虫を作出した。この変異原虫は野生株と比較して増殖速度などに大きな差は認められなかったが、マラリア原虫が産生することが知られている炎症物質 PGE₂ の産生量が有意に減少していた。このことからサリチル酸と PGE₂ 合成系の関係性、宿主免疫系を改変している可能性が示された。この可能性を検証するため、ネズミマラリア原虫を用い、同様に欠乏原虫を作出した。欠乏原虫は感染試験におけるマウス致死活性が有意に上昇しており、脳組織検査、色素漏出試験の結果、脳マラリアの重症度が亢進していることが確認された。PGE₂ は炎症性サイトカインを介した脳マラリア発症への関与が知られている。そこで感染マウス血中での PGE₂、および各種サイトカインの定量を行ったところ、サリチル酸欠乏原虫では血中 PGE₂ 濃度が減少し、また炎症性サイトカイン産生が亢進していた。以上から、サリチル酸は宿主の PGE₂ および炎症性サイトカイン濃度を変化させ、宿主免疫を改変する機能を持ち、マラリアの重症度決定に関与している可能性が示唆された。

さらに研究代表者は、これまでの知見を生かし、植物ホルモンやその阻害薬を抗原虫薬として応用できないかその可能性を探るための研究を行った。まず今までの研究で、トキソプラズマに対して抗原虫作用を有することを確認済みであるアブシジン酸生合成阻害剤であるフルリドンが、トキソプラズマに近縁なアピコンプレクサ生物であるネオスポーラに対して抗原虫作用を有するかを確認したところ、*in vitro* あるいは *in vivo* いずれにおいても有意な作用を持つことが確認できた。さらに、今までに治療薬のないトキソプラズマ組織シストに対する阻害効果をもつ物質をスクリーニングした結果、やはり *in vitro*、*invivo* 双方で抗原虫効果を持つ物質を見出すことができた。

TLR2 は TLR ファミリーに属する受容体タンパク質で、トキソプラズマに対する防御免疫の作動に不可欠であることが知られている。また神経炎症等に関連し、中枢神経系におけるその病理学的な機能の研究も進みつつある。そこで、トキソプラズマ感染時、脳細胞で TLR2 が担う機能の解明を目指し、TLR2 欠損マウスを用いたトランスクリプトーム解析を行った。TLR2 依存的に発現上昇する遺伝子として、アストロサイト (As) では免疫・ストレス応答関連遺伝子が上位を占めた。免疫・ストレス応答関連遺伝子に加え、ミクログリア (MG) では細胞分化・増殖関連遺伝子、神経細胞 (Neu) では代謝関連遺伝子の TLR2 依存的な発現上昇が認められた。一方、TLR2 依存的に発現低下する遺伝子として、As ではイオン輸送関連遺伝子と神経機能関連遺伝子、MG では代謝関連遺伝子と細胞周期・分裂関連遺伝子、Neu では代謝関連遺伝子が認められた。本解析により、脳神経細胞における TLR2 依存的な機能として、原虫排除に必要な脳内免疫の活性化の重要性が示された。

トキソプラズマ感染マウスモデルにて、うつ様症状の発現の評価を行った。トキソプラズマ感染急性期および再活性化期にはマウスにうつ様症状が発現することが明らかとなった。この病態には、インターフェロンガンマによる炎症反応、インドールアミン-2,3-ジオキシングナーゼによるキヌレニンの産生が関与しており、それぞれの阻害剤投与によるうつ様症状の改善が確認された。うつ様症状の発現には神経伝達物質のドーパミン、セロトニンの関与は明らかでなかったことから、本病態には感染による炎症反応により生じるキヌレニンが重要であることが示唆された。

また、慢性感染期にはマウスの恐怖記憶が障害されることが明らかとなった。これらマウスでは恐怖記憶の形成に重要な脳領域である大脳皮質と扁桃体に障害が認められた。感染により大脳皮質ではドーパミン代謝の

亢進とノルエピネフリンの低下、扁桃体ではノルエピネフリンとセロトニンの低下が認められた。これら神経伝達物質は恐怖記憶の形成に必要であり、トキソプラズマの脳内感染により脳機能の傷害が起きていることが示唆された。記憶の消去能力においては、感染マウスでも正常であった。上記実験をトキソプラズマの近縁原虫であるネオスポラの感染で実施したが、ネオスポラの感染ではマウスの恐怖記憶の障害は認められなかった。従って、マウスの恐怖記憶の障害はトキソプラズマ感染に特有な生体反応であることが示唆された。

研究分担者である加藤らは、原虫の分泌蛋白質とこれらに関わる宿主改変オルガネラの形成が原虫の寄生・共生成立にどのような役割を果たすのか、その分子基盤の解明を行い、以下の研究成果を得た。

- (i) タイレリアのオルガネラ分泌蛋白質 MPSP、P23、トキソプラズマのオルガネラ分泌蛋白質 RON4 に対する宿主細胞上の感染レセプターや会合分子の同定を、我々が確立した原虫感染レセプター同定系、糖鎖アレイ、質量解析を用いて行った。この結果、原虫のオルガネラ分泌蛋白質に対する感染レセプターや会合分子として、 β -チューブリンとヘパラン硫酸等の糖鎖分子を同定することに成功した。
- (ii) 第1、2層と第3層マトリョーシカの相互作用の解析を行った。熱帯熱マラリア原虫が寄生赤血球内に構築する宿主改変オルガネラであるマウレル裂の機能解析を行った。マウレル裂に局在し、宿主細胞支配に直接関わっていると考えられる蛋白質 PfSBP1 と相互作用する原虫及び宿主因子を免疫沈降法と質量解析によって同定し、マウレル裂の実態の解明及び機能解析を行った。質量分析器として世界有数の性能を持つ nanoLC-MS/MS に用いて高感度ショットガンプロテオーム解析によって、PfSBP1 と相互作用していると考えられる 205 個の原虫因子と 51 個の宿主因子の同定に成功した。さらに、ここで同定された原虫因子について緑色蛍光タンパク質を付加し、原虫内での局在観察に成功した。

研究項目：C02 共生非依存的に進化したオルガネラによるマトリョーシカ化機構

計画研究代表者：金子修

1. 研究開始当初の背景

二次共生由来のオルガネラを内部に持つアピコンプレクス門原虫は、さらに真核生物の細胞へ侵入することで「マトリョーシカ」構造を発展させる。細胞に侵入した原虫は宿主細胞のシグナル伝達系へ介入しサイトカイン産生を制御したり（トキソプラズマ原虫）、宿主細胞膜を改変し新規オルガネラを作製したり（マラリア原虫マウレル裂）することで、宿主細胞を巧みにハイジャックするのである。

研究代表者の金子は、マラリア原虫のオルガネラから分泌され、赤血球を認識・改変する分子群の機能解析を一貫して行ってきたが、赤血球認識分子 EBL がアミノ酸の変異により、オルガネラ局在が変化し、宿主に対する病原性も劇的に変わることを見出していた [Otsuki et al, 2009]。また、マラリア原虫が寄生した赤血球内の新規オルガネラを経て赤血球表面に発現し、かつ、様々なマラリア原虫種の赤血球表面抗原の祖先と考えられる新規原虫分子 SURFIN を見出した [Winter et al, 2005]。しかし、このような原虫オルガネラの役割とオルガネラ局在分子の役割に関する全貌は明らかとはなっていない。

一方、2002年に明らかにされた熱帯熱マラリア原虫の全ゲノム配列と網羅的転写解析により、赤血球侵入型原虫の時期に発現する分子や赤血球膜を改変する時期に発現する分子が分類された。この研究成果を受け、大腸菌を用いて網羅的に組換えタンパク質を発現する実験が米国で行われたが、可溶性タンパク質として得られたものは A/U コドンに適した tRNA を組み込んだ大腸菌を用いた研究でも 20%程度しかなかった。この技術的な問題に対して、分担研究者の坪井敬文はコムギ胚芽無細胞タンパク質合成系を用いると A/T 豊富な原虫遺伝子からも高い確立で可溶性タンパク質が発現されることを示し、熱帯熱マラリア原虫のタンパク質の網羅的発現に成功した [Tsuboi et al, 2008]。

2. 研究の目的

本研究では赤血球に侵入・改変して発育するマラリア原虫について、種々の分泌オルガネラに局在するタンパク質の網羅的同定と各オルガネラへの輸送に関わる分子の同定を通じて、細胞侵入と寄生成立を可能とする特殊化された分泌オルガネラの役割を明らかにすることで、マラリア原虫が赤血球を隷属化するマトリョーシカ化発展機構の成立と分子機序を包括的に理解することを目的とした。

3. 研究の方法

組換えタンパク質の作製と抗血清の作製

組換えタンパク質はコムギ胚芽無細胞タンパク質合成系により作製し、抗体作製は外部委託した。

各種マラリア原虫の維持と遺伝子導入

熱帯熱マラリア原虫 (*Plasmodium falciparum*) の培養は Trager and Janse (1976) を改変した方法により行った。3D7株とタイで分離した MS822株を主に用いた。WR99210と BSD を選択薬とするプラスミドを赤血球内へあらかじめ電気穿孔法にて導入し、赤血球へ侵入した原虫がプラスミドを自然に取り込む方法により遺伝子導入を行った。ネズミマラリア原虫 (*Plasmodium yoelii*) はマウスを用いて維持し、主として強毒の 17XL株と弱毒

の17XNL株を用いた。遺伝子導入はNucleofectionにより行った。各種の分子細胞生物学的、生化学的、形態学的解析は定法通り行った。

4. 研究成果

赤血球侵入に関するオルガネラと分子

赤血球侵入型原虫のオルガネラに局在すると予想される 125 種類のマラリア分子群について網羅的に組換えタンパク質を作製した。100 kDa 以上の分子については組換えタンパク質の発現が困難であったため、分子を 100 kDa 以下のサイズに断片化し合計 165 種類の組換えタンパク質を作製した。これらの組換えタンパク質を用いて調整した抗血清により、未解明であった多数の分子群について局在を決定し、19 種類の新たなオルガネラ局在分子を同定した、その内 3 種類について、より詳細な解析を行ったので詳述する。

熱帯熱マラリア原虫の RALP1 と呼ばれる分子がロプトリー頸部に局在し、密着接合形成に関与する事を明らかにした [Ito et al, 2013]。熱帯熱マラリア原虫メロゾイトのデンスグラニュールに局在する新規分子として PfPV1 を同定した。さらに PfPV1 の赤血球侵入後の動態を超解像顕微鏡を用いて詳細に観察し、寄生胞膜に局在することを明らかにした [Morita et al, 投稿準備中]。熱帯熱マラリア原虫メロゾイトの先端部に局在する新規赤血球結合分子として PfMAS170 を同定した。特異抗体が赤血球への侵入を阻害することから、赤血球侵入に重要な役割を果たしていると考えられた [Sasaoka et al, unpublished]。

また、一アミノ酸変異により、オルガネラ局在が変わる EBL について、本来局在すべきオルガネラに細胞内輸送されるには従来提唱されていた分子領域だけでなく、その上流部位も必要であることを明らかにした [Sakura et al, 2013]。

さらに、赤血球侵入過程で、赤血球侵入型原虫の種々のオルガネラからの分子分泌機序を明らかにするために、遺伝子改変が熱帯熱マラリア原虫に比べて迅速に行えるネズミマラリア原虫に着目した。その結果、本原虫が赤血球に侵入する動態を解析するためのタイムラプスイメージ解析系 [Yahata et al, 2012]、赤血球侵入能力を保持したまま赤血球侵入型原虫を精製する方法 [Mutungi et al, 2015]、コンディショナル・ノックダウン法 [Kegawa et al, 投稿準備中] 等の手法を開発した。これらの手法により、RON5 と呼ばれる分子がロプトリー頸部に局在し、RON2、RON4、AMA1 と複合体を形成していること、赤血球侵入型のメロゾイトのみならず肝細胞侵入型のスポロゾイトにも発現していること等を明らかにした [Mutungi et al, 2014]。

赤血球改変に関するオルガネラと分子

感染赤血球表面に発現する SURFIN について、原虫が包まれる寄生胞膜を透過し、赤血球内に新たに形成されるマウレル裂と呼ばれるオルガネラ構造物へ輸送されるためには細胞膜貫通領域、N末端の配列および細胞内領域の一部が必要である事を明らかにした [Zhu et al, 2013]。さらに、細胞内領域のトリプトファンに富んだ領域が、SURFIN がマウレル裂から、赤血球膜へ移行し、赤血球表面に露出に必要であること [Kagaya et al, 2016]、また、この領域が赤血球膜を裏打ちするアクチンとスペクトリンに結合すること [Zhu et al, 2017] を見出した。

さらに、タグを付与した部分組換え SURFIN を熱帯熱マラリア原虫で発現し、SURFIN と相互作用する分子の分離に取り組み、SURFIN が分子量 700 kDa 以上の複合体を形成することを見出した。さらに、プロテオーム解析により複合体を構成する分子の同定に成功した。その中には、SURFIN とは異なる分子を輸送するのに利用されているトランスロコンの構成分子が検出され、SURFIN も本トランスロコンを利用して輸送されることが示唆された。また、従来、輸送に関与することが知られていなかった分子も検出され、特異抗体により、SURFIN との

結合が確認された [Miyazaki et al, 投稿準備中]。

以上、細胞侵入と寄生成立を可能とする特殊化された分泌オルガネラおよびオルガネラ分子の役割の一端を明らかにしたとともに、本領域の今後の発展のための様々な手法を開発し、それらの研究成果を 82 報の論文として発表した。

C03 計画班では、オルガネラの創成と進化の理解に根ざしたオルガネラの人為的操作を通して有用生物を創出すること、すなわち人工マトリョーシカ創成への試みを実施することを目的とした。ミトコンドリアや葉緑体などのような既存のオルガネラでは、共生体の遺伝子が共生体自身と核ゲノムとに分散して存在しており、それらの分散状態は一様ではない。そのため、たとえばある生物の共生体を別の生物の細胞に移植しても、正常な機能を果たすことはできない。そこで本研究においては、共生体の遺伝子が分散して存在していない単純な系を選び、研究対象として用いた。すなわち、洲崎は遺伝子の移行が生じていないミドリゾウリムシとクロレラとの共生系を、橘は遺伝子が完全に核ゲノムに移行している赤痢アメーバのマイトソームを用いて、細胞内共生系に必要不可欠な因子を探索した。具体的には、(1) 原生動物や無脊椎動物の細胞内にクロレラが共生する場合、細胞内共生クロレラは、宿主細胞により供給された一層の膜 (PV 膜) で覆われている。PV 膜は、宿主と共生体との間での様々な物質輸送や情報伝達に関与していると考えられている。そこで、様々な共生クロレラを包む PV 膜の微細構造を解析すると共に、PV 膜を単離精製し、膜の透過性及び PV 膜に含まれるタンパク質成分の比較検討を行うこととした。また、(2) 分担研究においては、人為的操作による新たな共生関係を構築する試みとして、オルガネラの機能不全による疾病の治療法の創出などの医学的側面への応用も視野に入れたオルガネラのマイクロインジェクションによる異種移植実験を行い、異種移植の互換性を決定する根本的な因子の同定を行うことを目標とした。これらの研究を総合することで、オルガネラの細胞内における共生・定着にかかわる必須因子を同定することが本研究課題の目的であった。

(1) ミドリゾウリムシ/クロレラ共生系においては、クロレラの細胞内での共生状態の電顕的立体構造解析を行い、クロレラ包膜とホストのミトコンドリアとが構造的に一体化していることを初めて示した (図 12、Sci. Rep., 2017)。化学的に固定された試料では、共生藻類と宿主細胞小器官および PV 膜との直接的な構造的相互作用は観察されなかったが、凍結置換法により作製された試料では、PV 膜を介した宿主ミトコンドリアと共生クロレラとの間の密接な結合が確認された。PV 膜は共生クロレラの細胞壁に近接しており、いくつかの場所では宿主ミトコンドリア膜および共生クロレラの細胞壁に直接またはクサビのような構造を介して固く結合していることを世界で初めて明らかにした。

さらに、PV に結合しているミトコンドリアは小胞体を介して周辺のみトコンドリアとも大きなネットワークを形成していることも判明した。このような細胞内共生の例としては、トキソプラズマやマラリア原虫などが知られているが、これらの場合も共生体が宿主のミトコンドリアや小胞体と直接結合していることがわかっている。このことから、ミドリゾウリムシとクロレラの共生関係もこれと類似のメカニズムにより行われているものと考えられた。この発見は藻類の細胞内共生のみならず生物一般における共生メカニズムを解明する上で重要なヒントを与えると考えられた。

また、トランスクリプトーム・プロテオーム解析により、PV 膜のタンパク質組成の網羅的解析を行い、従来から細胞内共生に必要と考えられてきた糖・アミノ酸の輸送体や、V-type H^+ ポンプが PV 膜に存在することを実証した。さらに、ミドリゾウリムシが土壌粒子に結合したセシウムを食胞中で可溶化し、共生クロレラを介

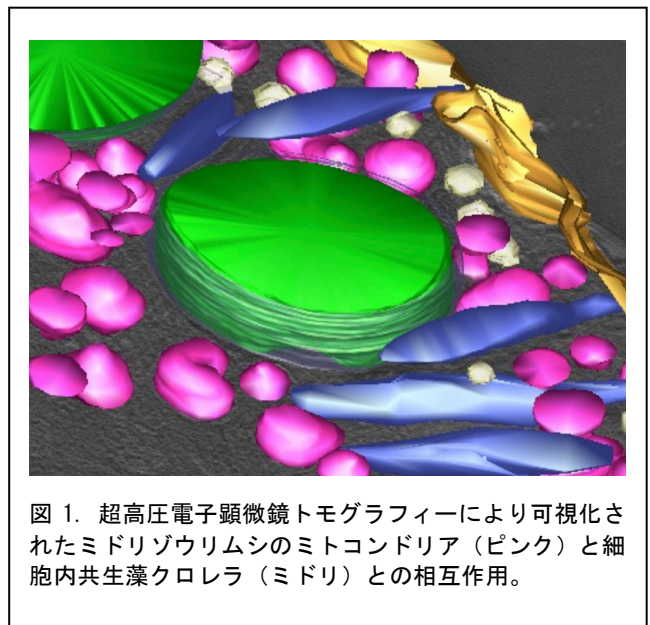


図 1. 超高圧電子顕微鏡トモグラフィーにより可視化されたミドリゾウリムシのミトコンドリア (ピンク) と細胞内共生藻クロレラ (ミドリ) との相互作用。

して細胞内に高濃度に蓄積する事を見出した。この現象を利用して、ミドリゾウリムシの走電性を利用した装置で土壌懸濁液からセシウムを含む様々な重金属類（砒素・マンガン・カドミウム・水銀など）を回収する汚染土壌処理法を考案し、特許を取得した（特許 2017-6099124 号）。

（2）オルガネラ異種間移植の前段階として、赤痢アメーバの同種異株間でのミトソーム移植を行い、嫌気性原生生物におけるオルガネラ移植に初めて成功した（図 2、Sci. Rep., 2017）。移植後の細胞において、ドナーとレシピエントにそれぞれ由来するミトソームタンパク質の共局在が観察された。すなわち、移植ミトソームは機能的であり、哺乳類や酵母のミトコンドリアと同様にミトソーム間での融合によるタンパク質の交換、あるいはドナー由来ミトソームによるレシピエントタンパク質の取り込みが行われていることが示された。しかし、細胞内のドナー由来ミトソームは経時的に減少し、移植ミトソームを排除する機構として自食作用が考え

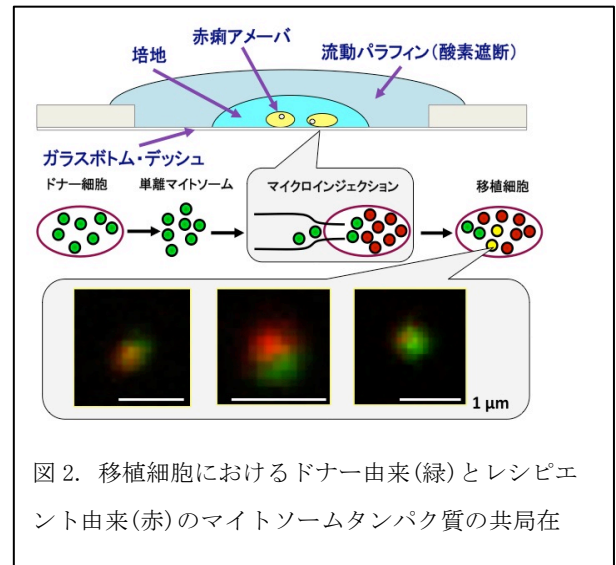


図 2. 移植細胞におけるドナー由来(緑)とレシピエント由来(赤)のミトソームタンパク質の共局在

られた。そこで、赤痢アメーバの autophagy-related protein 8 遺伝子発現抑制株への移植実験を行ったが、移植効率は対照株と差がなく、移植ミトソームは自食作用とは別のメカニズムによって排除される、あるいはレシピエント細胞の形質に置き換わると考えられた。一方で、赤痢アメーバ G3 株への移植効率が clone 6 株に比べて高かった。G3 株は clone 6 株と比較してストレス耐性に関わる遺伝子群の発現が亢進しており、致死性薬剤 G-418 に対する抵抗性も高いことから、オルガネラの細胞内における共生・定着にかかわる因子として、ストレス耐性の重要性が示唆された。

オルガネラの異種間移植に関しては、赤痢アメーバの近縁種として *Entamoeba nuttalli*、外群種として *Entamoeba invadens* を用いた。独自に解読した *E. nuttalli* のゲノムデータと公開されている *E. invadens* のゲノムデータの解析から、同属間ではミトソームタンパク質の相同性が高く、ミトソーム移植に対する許容性は高いと予想された。実際に赤痢アメーバミトソームの *E. nuttalli* および *E. invadens* への移植効率は、同種間移植の効率と有意差を認めなかった。また、*E. invadens* において、移植後に lag-phase が長くなるものの、その後は移植していない細胞と同様の増殖曲線を示した。これらの結果から、ゲノム DNA を持たないミトコンドリアにおいては、哺乳類細胞で見られる核ゲノムがコードする遺伝子とミトコンドリアゲノムがコードする遺伝子の不和合に起因する致命的な影響は生じず、種間を超えたオルガネラの移植が可能であると考えられた。

研究項目：公募 C 宿主細胞と光合成の協調による葉緑体ゲノム複製制御の分子機構の解明

公募研究代表者：壁谷如洋

本研究課題は、細胞内共生を異なるゲノム DNA を持つ細胞の統合と考え、宿主細胞による共生体ゲノムの複製制御機構の理解から、細胞内共生のメカニズムの一端を理解することを目的とした。本研究期間中は、①光合成に駆動される葉緑体 DNA 複製の制御の解明、②葉緑体 DNA 複製の ON/OFF スイッチ変換の分子機構の解明、について主に実施した。

クラミドモナスを用いて、葉緑体 DNA 複製制御について解析を行った。光合成の電子伝達阻害剤である DCMU を加えることで葉緑体 DNA 複製は阻害されるが、従属栄養条件で完全暗所下でも葉緑体 DNA は複製されることを明らかにし、葉緑体 DNA 複製には必ずしも光合成は必要でないことが明らかになった。一方で、葉緑体 DNA は細胞内が還元的になると複製され、酸化的になると複製が行われなことを、活性酸素除去剤および誘導剤を用いた実験によって明らかにした。これらの結果から、葉緑体 DNA 複製はレドックスによって制御されていること、また、単離葉緑体核を用いた *in vitro* DNA 複製実験から葉緑体核に存在するタンパク質のジスルフィド結合 (SS 結合) が複製制御に関与している可能性が示唆された。

上記の結果を受けて、葉緑体 DNA 複製制御の分子機構は、葉緑体 DNA 複製関連タンパク質の SS 結合であろうと想定し、いくつかの葉緑体 DNA 複製関連タンパク質が明らかになっている紅藻シアニディオシゾンを用いて、既知のシアニディオシゾン葉緑体 DNA 複製タンパク質について、組換えタンパク質を作製して SS 結合を形成の有無を調べた。その結果、葉緑体 DNA ポリメラーゼ (POP) は分子内 SS 結合を形成し、DnaB ヘリカーゼは分子間 SS 結合を形成することを明らかにした。しかしながら、両タンパク質の SS 結合と *in vivo* における葉緑体 DNA 複製活性との関係の解析が課題として残っている。

研究項目：公募 C イネのミトコンドリア遺伝性の雄性生殖器官発育不全とそれをレスキューする核遺伝子

公募研究代表者：鳥山欽哉

植物のミトコンドリア遺伝病の代表例として雄性生殖器官発育不全(細胞質雄性不稔性;CMS)がある。ミトコンドリアの遺伝子によって花粉の発育不全を起こすが、その程度はミトコンドリアのハプロタイプによって異なるため、「オルガネラによる宿主支配」の1つと見ることが出来る。一方、核は、ミトコンドリアが原因の花粉発育不全をレスキューする遺伝子を進化させ、不妊を克服している。その代表例のひとつが、核に存在する稔性回復遺伝子(*Rf*)であり、ミトコンドリア遺伝子の転写後制御に関わっている。本研究では、イネを材料として、ミトコンドリアゲノムの進化を考察するためにBT型CMSのミトコンドリアゲノムの全塩基配列を決定するとともに、核ゲノムの進化を考察するために野生イネの稔性回復遺伝子*Rf1*座のまわりの塩基配列を決定した。その結果、類似のRNA結合タンパク質(PPR) 遺伝子がクラスターを形成して多数存在し、その中のいくつかはそれぞれ異なったミトコンドリアRNAに作用していることを明らかにした。植物のミトコンドリアゲノムは、重複配列を介した組換えを頻繁に起し、新奇に*orf*を作り出して植物をメス化しようとする利己的なミトコンドリアと考えることができた。一方、核ゲノムは、利己的な植物ミトコンドリアゲノムのわがままをDNAレベルで許す代わりに、RNAレベルで制御する仕組みを発達させたと考えられた。

研究項目：公募 C

久枝一：次世代オルガネラ学の革新的ツールである超高速進化型マラリア原虫の創成

平井誠：超加速進化型オルガネラゲノムを持つマラリア原虫の創成と予測進化学への応用

公募研究代表者：久枝一、平井誠

ネズミマラリア原虫 (*Plasmodium berghei*) のアピコプラスト DNA ポリメラーゼの Proofreading に関与するアミノ酸をアラニンに置換した変異型遺伝子を調製した。これを野生型原虫に導入し、組み換え原虫を薬剤選択した。その結果、目的とした組み換え原虫の作成に成功した。作成した組み換え原虫をマウスからマウスへ継代感染を繰り返した後、Ultra-deep sequencing を行なった結果、継代感染した野生型と比較して有意に変異が蓄積していることを確認した。さらにアピコプラストミューテーターからアジスロマイシン耐性原虫の単離を試みたところ弱い耐性を示す原虫を単離した。以上の結果より、アピコプラストミューテーターは、これまでの核ミューテーターとともに薬剤耐性機構の解明のための画期的ツールであると考えられる。一方、アピコプラストミューテーターを継代すると一部の原虫が野生型に戻る現象が確認された。変異を安定に維持する組み換え原虫の作成あるいは維持方法を検討する必要がある。

研究項目：公募 C

平成 23, 24 年度：トキソプラズマ原虫「寄生胞」をめぐる寄生体・宿主間の攻防の解明

平成 25, 26 年度：「寄生胞」を介したトキソプラズマ-宿主間相互支配の“力学”の解明

公募研究代表者：山本雅裕

IFN γ 誘導性遺伝子 GBP がトキソプラズマ原虫の寄生胞膜構造を破壊し、生体レベルでの抗寄生虫免疫応答に必須の役割を果たし、GBP の寄生胞膜破壊にオートファジー必須分子群 Atg3, Atg7, Atg16L1 が関与することを見出した (文献 15、25)。さらに GBP が空胞形成細菌であるサルモネラやクラミジアに対するインフラマソーム活性化に重要であることを報告した (文献 13, 14)。GBP2 に結合するタンパク質を網羅的に検索した結果、RabGDI α を同定した。RabGDI α を過剰発現させると GBP2 の病原体含有膜への動員が抑制され、RabGDI α を欠損したマウスでは逆にその動員率が高くなっていた。RabGDI α は GBP2 の C 末端に存在する脂質修飾基 (ガラニルガラニル基) にポケットを介して GBP2 と直接結合し、GBP2 の病原体含有膜への動員を負に制御していることを明らかにした (文献 8) またトキソプラズマ原虫の病原性因子 GRA6 が宿主 NFAT4 を活性化し、原虫の感染局所から全身性感染拡大に重要であることを明らかにした (文献 12)。フランシセラ菌は Aim2 依存的にパイロトーシスを活性化する細菌として知られていたが、どのようにして病原体含有膜が破壊されるのかについては不明であった。スイス及び米国グループと共同で、GBP 欠損細胞ではフランシセラ菌感染によるパイロトーシス誘導が著しく障害を受け、さらに GBP 欠損マウスはフランシセラ菌感染に極めて弱くなることを見出した。これらの研究により、Aim2 依存的パイロトーシスの活性化に GBP が重要であることを示した (文献 10, 11)。米国グループと共同で、インターフェロン誘導性 GTP 分解酵素の一つである IRGB10 が GBP 依存的にグラム陰性細菌の病原体含有膜および細菌細胞膜に蓄積し、その構造を破壊することによって、リガンドの細菌内部から細胞質中への放出を促進し、Aim2 依存的および Caspase-11 依存的パイロトーシスが起ることを示した。 (文献 1)

研究項目：公募 C 核一ミトコンドリアゲノム間の機能的不和合性を導入したモデル生物の作出

公募研究代表者：林純一

研究成果（1）

マウス核ゲノムを背景とし、そこにさまざまな近縁齧歯類のミトコンドリアゲノムを導入することでマウス核ゲノムを持ち、ミトコンドリアゲノムは近縁齧歯類であるゲノムキメラ細胞の作製に成功した。この細胞ではミトコンドリアゲノムを提供した齧歯類がマウスとの類縁関係が遠くなるほど呼吸活性が低下することから、両ゲノムの共進化の存在を示した (Enoki S et al. Exp Anim 2014)。ただし、その後これらの細胞に導入した近縁齧歯類のミトコンドリアゲノムを、マウス ES 細胞に導入することで、ゲノムキメラの作製を試みたが成功しなかった。

研究成果（2）

マウスの高転移性がん細胞株に存在するミトコンドリアゲノムの突然変異が高転移性発現の原因であることをすでに報告した (Ishikawa K, et al. Science 2008)。そこでこの突然変異型ミトコンドリアゲノムをもつマウスを作製して病態を観察したところ、ミトコンドリア病の症状に加え、糖尿病や B リンパ腫が高頻度で発現することを明らかにした (Hashizume O et al. PNAS 2012)。

研究成果（3）

マウスのがん細胞株のミトコンドリアゲノム集団にごく微量に存在する病原性突然変異をもつミトコンドリアゲノムを濃縮する方法を新たに開発し、それをマウスに導入したところ、突然変異型ミトコンドリアゲノムの割合が 8 割を超えると呼吸欠損が誘発され、同時にミトコンドリア病の病態も発現することを明らかにした。ただし、同じ母親から生まれた仔マウスの中にはほとんど突然変異型ミトコンドリアゲノムを持たない個体もいることから、ヒトのミトコンドリア病の治療のために核移植をする必要がなく、突然変異型ミトコンドリアゲノムの割合が低い卵を選別することで十分であることを明らかにした (Shimizu A et al. PNAS 2014)。

研究項目：公募 C

平成 23, 24 年度：酵母オルガネラの機能改変による人工共生系の創出と有用物質生産への応用

平成 25, 26 年度：酵母オルガネラへの新規機能賦与による人工共生系の改変と有用物質の高蓄積化

公募研究代表者：原 清敬

現在、増殖速度が速い大腸菌や出芽酵母等の発酵微生物に、遺伝子組換え技術を用いた代謝工学的な改良を施し、医薬品や食品、化粧品、燃料、ポリマー原料等の様々な有用物質の発酵生産性を向上させるバイオプロダクションの研究が盛んに行われている。しかし、目的物質の生産性が向上するにつれ、自然界での暮らしでは考えられない偏った重労働を課せられたこれらの発酵微生物が、しばしば細胞内エネルギー（ATP）不足に陥り、生育の低下や目的物質の生産性の頭打ちを引き起こす場面に直面してきた。これは、発酵そのものがインプットである資源（Resource）を「細胞自身の材料（Cell）」、「細胞内エネルギー（Energy）」、「目的生産物（Product）」の3つのアウトプットに振り分けるプロセスであり、これらがトレードオフの関係にあることに、根本的な原因が存在すると考えられる。今回、我々は、この3つ巴の状態にある発酵プロセスから「細胞内エネルギー」を切り離すべく、真核生物の細胞内エネルギー生産を司るオルガネラであるミトコンドリアに、共生細胞工学的に光リン酸化能を人工的に賦与することで光駆動ミトコンドリアを創製し、光エネルギーを利用可能にする新しい光活性型宿主細胞を開発した。具体的には、高度好塩菌が有する光駆動プロトンポンプ（delta-rhodopsin）をミトコンドリア内膜に発現させることで、ミトコンドリアに本来の酸化的リン酸化能に加え、光リン酸化能を付与した。また、この光駆動ミトコンドリアが細胞内共生した出芽酵母を利用して、ATP 依存的な反応により合成される有用物質の生産性を向上させた。

研究項目：公募 C 細胞内共生細菌による宿主へのウイルス耐性付与機構の解明

公募研究代表者：倉田祥一朗

細胞内共生細菌は、自立増殖が出来ないために、宿主に利益を与え共生関係を維持する。2008年に、細胞内共生細菌であるボルバキアが、感染したショウジョウバエに、プラス鎖一本鎖 RNA ウイルスに対する抵抗性を付与することが報告された (Hedges et al. Science)。ボルバキアは、垂直伝搬し自立増殖できない。したがって、この現象は、共生細菌が宿主を改変し、ウイルス感染を利用して共生細菌を保菌する個体群を維持し、種の伝搬を図る戦略と捉えることが出来る。しかしながら、この現象の分子機構は全く明らかにされていない。

本研究では、研究代表者が確立した共生細菌によるウイルス増殖抑制を簡単に検出できるレポーターシステムを用いて、機能欠失型の遺伝学的スクリーニングと、機能獲得型の遺伝学的スクリーニングを行った。機能欠失型の遺伝学的スクリーニングとして、標的遺伝子の発現を抑制できる RNAi 系統ライブラリーの 2480 系統、遺伝子変異体ライブラリーの 803 系統を解析した。機能獲得型の遺伝学的スクリーニングとして、標的遺伝子を強制発現できる 904 系統の解析を行った。そして、二次スクリーニングを行い、共生細菌によるウイルス抑制をキャンセルする系統として、RNAi 系統ライブラリーから 6 系統、遺伝子変異体ライブラリーから 5 系統、強制発現ライブラリーから 6 系統を同定した。RNAi 系統ライブラリーから同定した因子について、さらに解析を進め、この因子は、宿主内での共生細菌の増殖、あるいは共生過程に必要な因子であることが示唆された。

研究項目：公募 C マラリア原虫感染赤血球上の多遺伝子膜分子による宿主内共生能獲得メカニズムの解明

公募研究代表者：荒瀬 尚

マラリアは依然として非常に多くの人々の生命を脅かす重大な感染症の一つである。従って、マラリアの制圧のためには、マラリア原虫がどのように進化し、宿主免疫機構から逃れる手法を獲得してきたかを解明することは、非常に重要である。マラリア原虫も、ウイルスと同様に、感染上に様々な分子を発現することが知られている。それらの分子には、感染赤血球の接着等に関わる分子は今まで知られているが、免疫細胞の機能を直接制御する分子に関してはほとんど知られていない。そこで、本研究では、宿主免疫細胞の発現する抑制化レセプターを中心に、それらと相互作用するマラリア分子の機能解明を目的とした。本研究により、マラリア感染赤血球上に免疫抑制化レセプター PfiR (Plasmodium falciparum Inhibitory Receptor) のリガンド分子が発現していることが明らかになった。さらに、PfiR に結合するマラリア原虫の分子の検索を行ったところ、今までに機能の全く明らかでなっていない多遺伝子分子の一つの Rifin がリガンド分子であることが判明した。さらに、感染赤血球における PfiR のリガンドの発現が強いと、マラリアが重症化することが判明した。以上より、Rifin はマラリア原虫の免疫逃避機構に重要な機能を担っていることが判明した。今後、さらに Rifin と抑制化レセプター PfiR の相互作用を解析することは、マラリアに対するワクチンや治療薬開発に重要であると考えられた。

研究項目：公募 C バイオリファイナリーのための共生クロレラのマルトース分泌メカニズムの解明

公募研究代表者：藍川晋平

近年、原油の枯渇により、穀物から微生物による発酵プロセスで液体燃料や汎用化成品原料を生産するバイオリファイナリーの構築が進められている。しかし、この穀物の利用は食糧生産と競合するため、食糧価格高騰の問題を抱えている。研究代表者は繊毛虫と共生し、マルトースを細胞外に分泌する共生クロレラに注目した。共生クロレラにマルトースを高分泌させ、同時に微生物が発酵生産する事ができれば、前処理不要の生産プロセスを構築できる。しかし、共生クロレラによる、マルトース生産は十分に評価されていなかった。本研究では、共生クロレラが分泌するマルトースをバイオリファイナリーの糖質源として利用するために、マルトース分泌機構を調べ、共生クロレラのマルトース生産能を評価した。

新規に単離した株を含む数株の共生クロレラのマルトース分泌能を評価し、高いマルトース分泌能を有する共生クロレラ株を見だし、さらに二酸化炭素濃度を 1%に向上させることでマルトース生産量が向上することを明らかにした。そして、マルトース生産量の異なる共生クロレラの細胞内代謝反応の網羅的な解析を行ったところ、デンプン合成経路が活性化しており、デンプン合成の強化によって、マルトース生産量が向上していると予想された。そして、濃縮した培養上清から酵母によるエタノール発酵を行った結果、理論収率の 20%で 0.2 g/L のエタノールを生産する事に成功した。これらの研究を通して、共生クロレラによって生産されたマルトースを利用し、発酵プロセスを構築可能であることが明らかになった。

研究項目：公募 C 核-ミトコンドリア間コミュニケーションによる代謝相互作用の分子基盤の解明

公募研究代表者：山本雄広

我々は腹腔マクロファージをオルガネラ間の代謝連携の実験モデルとして分化誘導時におけるエネルギー代謝リモデリングの制御機構の解明を試みた。

解糖系が亢進する炎症性マクロファージ (M1 型) では、既に我々が同定した解糖系酵素群のアルギニンメチル化修飾が核内特異的に認められ、同時にミトコンドリアの断片化が認められた。それに対し、組織修復型マクロファージ (M2 型) では融合した長いミトコンドリアが観察され、TCA 回路の代謝産物量が対照群と比較して増加していた。そこで、ミトコンドリア形態と糖代謝活性が相関するかを明らかにするためにミトコンドリア分裂因子である Drp1 に着目し、その発現量を操作することで解糖系の代謝産物量を比較した。過剰発現株 (ミトコンドリアの断片化) では解糖系の亢進が認められたが、shRNA によるノックダウン株 (ミトコンドリア融合の惹起) では解糖系代謝産物量が軒並み低下することが明らかとなり、ミトコンドリアの形態が解糖系の活性化を規定する一因であることが示された。また安定同位体ラベルグルコース ($^{13}\text{C}_6$) およびグルタミン ($^{13}\text{C}_5$) を用いた代謝 flux 解析から M1 型マクロファージは解糖系により乳酸を合成し培地中へ排出し、糖由来の carbon source はミトコンドリアに流入しない。一方でグルタミン由来の carbon が α -ketoglutarate から TCA サイクルに流入し代謝されることを明らかにした。つまり、炎症性マクロファージでは、生化学の教科書に描かれている pathway ではなく、解糖系と TCA 回路が独立した代謝系であることがわかった。さらにグルタミン代謝の鍵酵素をノックダウンした細胞株では解糖系酵素のメチル化レベルを上昇させることから、グルコース代謝、グルタミン代謝、メチオニン代謝が互いに協調して細胞内の energy management を制御するという代謝系同士の「interaction」の存在を明らかにした。

研究項目：公募 C 偽オルガネラとしての肝内型マラリア原虫の宿主内“居座り”分子基盤

公募研究代表者：案浦健

世界最大の感染症であるマラリアは、ハマダラカにより注入されるマラリア原虫がヒト体内ではまず肝臓に寄生（肝内型）することで感染が成立する。この肝内型には休眠期が存在することから、時空間的に拡散伝播を可能にするためマラリア撲滅を難しくしている。休眠期原虫は、宿主に害を与えず平均寿命半年の肝細胞内に複数年にも亘り“居座る”ことから、片利共生との類似性が窺え“休眠期原虫を偽オルガネラ”と捉えることもできる。この偽オルガネラと共生体オルガネラの違いは、原虫が分裂増殖し宿主を食い破るステップ；偽オルガネラの脱共生段階であり寄生虫とされる所以である。このような観点から肝内型発育期を俯瞰すると、偽オルガネラ化の成立・決定機構とそこからの脱共生という興味深い生命現象が見出されるが、休眠モデル株の不足などの理由から、そのメカニズムは全く解明されていない。そこで本研究ではマラリア原虫の偽オルガネラ化の制御因子・決定機構に着目し、その分子メカニズムの解明を試みる研究を展開した。

齧歯類マラリア原虫を用いた Loss-of-function analyses により、世界に先駆けて偽オルガネラ化モデル株（ng2-ko）の作製に成功した。そこで ng2 の機能を明らかにするため、タグ付加 ng2-MYC を発現する陽性原虫を作製した。免疫蛍光抗体法を用いた観察の結果、MYC のシグナルは肝細胞に侵入後、スポロゾイトの形態が変化した後より検出され、そのシグナルは原虫細胞膜局在性であった。また詳細な各種 in silico 解析から、ABC 輸送体であることが強く示唆された。今後、ng2 の詳細な機能解析から、マラリア原虫の偽オルガネラ化の成立に關与する分子メカニズム解明が期待される。

研究項目：公募 C

平成 23, 24 年度：統御的な rRNA 合成制御機構の解明からオルガネラの進化を探る

平成 25, 26 年度：オルガネラの統制を司る TOR の機能解明から真核生物の進化を探る

公募研究代表者：今村壮輔

核・葉緑体・ミトコンドリアにおける生理現象の統制は、細胞内共生後のオルガネラの誕生過程において必須であったと考えられる。その統制メカニズムの解明は、オルガネラの誕生・進化を理解する上で重要であるが、それらに関する研究は少なく明らかになっていない。本研究では、植物における 3 つのオルガネラ（核・葉緑体・ミトコンドリア）で行われる、リボソーム RNA (rRNA) 合成の統制機構を明らかにすることを通じて、「オルガネラの誕生・真核生物の構築原理」を理解することを目的にした。

本研究の成果として、3 つのオルガネラで行われる rRNA 合成が、TOR (target of rapamycin) キナーゼによって統制的に制御されていることを明らかにした。更に、その知見を基盤として、TOR によるオルガネラ、特に葉緑体における rRNA 合成の制御機構についての解析を行なった。その結果、核にコードされている、RelA-SpoT homolog (RSH) をコードする遺伝子の発現が、TOR の不活性化に伴って、上昇することを見出した。その後の遺伝学的、生化学的解析により、当該 RSH が、葉緑体に移行し、葉緑体で行われる rRNA 合成を阻害することを立証した。

TOR は、原始真核生物の誕生時に既に存在していたと考えられている。一方、RSH による制御機構は、真核生物の内、植物系統のみが有する。よって、シアノバクテリア共生後に宿主が、TOR シグナル経路を用いて、葉緑体を制御する仕組みを構築したと考えられ、葉緑体が誕生したプロセスの一端を示したと言える。

8. 研究成果の取りまとめ及び公表の状況

(1) 雑誌論文

2011年

Maruyama S, Suzaki T, Weber A P M, Archibald J M and Nozaki H. 2011. Eukaryote-to-eukaryote gene transfer gives rise to genome mosaicism in euglenids. *BMC Evol. Biol.* 査読あり. 11. 2011. 105.

Yang Y, Maruyama S, Sekimoto H, Sakayama H and Nozaki H. An extended phylogenetic analysis reveals ancient origin of "non-green" phosphoribulokinase genes from two lineages of "green" secondary photosynthetic eukaryotes: Euglenophyta and Chlorarachniophyta. *BMC Research Notes.* 査読あり. 4. 2011.

Ashida H, Ogawa M, Kim M, Mimuro H, Sasakawa C. Bacteria and host interactions in the gut epithelial barrier. *Nat Chem Biol.* 査読有り. 8. 2011. 36-45.

Ashida H, Mimuro H, Ogawa M, Kobayashi T, Sanada T, Kim M, Sasakawa C. Cell death and infection. a double-edged sword for host and pathogen survival. *J Cell Biol.* 査読有り. 195. 2011. 931-942.

Ashida H, Ogawa M, Mimuro H, Kobayashi T, Sanada T, Sasakawa C. Shigella are versatile mucosal pathogens that circumvent the host innate immune system. *Curr Opin Immunol.* 査読有り. 23. 2011. 448-455.

Suzuki M, Kiga K, Kersulyte D, Cok J, Hooper CC, Mimuro H, Sanada T, Suzuki S, Oyama M, Kozuka-Hata H, Kamiya S, Zou QM, Gilman RH, Berg DE, Sasakawa C. Attenuated CagA oncoprotein in *Helicobacter pylori* from Amerindians in Peruvian Amazon. *J Biol Chem.* 査読有り. 286. 2011. 29964-19972.

Ogawa M, Mimuro H, Yoshikawa Y, Ashida H, Sasakawa C. Manipulation of autophagy by bacteria for their own benefit. *Microbiol Immunol. J Biol Chem.* 55. 2011. 459-471.

Ishijima N, Suzuki M, Ashida H, Ichikawa Y, Kanegae Y, Saito I, Borén T, Haas R, Sasakawa C, Mimuro H. BabA-mediated adherence is a potentiator of the *Helicobacter pylori* type IV secretion system activity. *J Biol Chem.* 査読有り. 286. 2011. 25256-25264.

Ogawa M, Yoshikawa Y, Kobayashi T, Mimuro H, Fukumatsu M, Kiga K, Piao Z, Ashida H, Yoshida M, Kakuta S, Koyama T, Goto Y, Nagatake T, Nagai S, Kiyono H, Kawalec M, Reichhart JM, Sasakawa C. A Tecpr1-dependent selective autophagy pathway targets bacterial pathogens. *Cell Host Microbe.* 査読有り. 9. 2011. 376-389.

Fernández Robledo JA, Caler E, Matsuzaki M, Keeling PJ, Shanmugam D, Roos DS, Vasta GR The search for the missing link: a relic plastid in *Perkinsus*? *International Journal for Parasitology* 41(12):1217-1229. 2011

Mi-ichi, F., Makiuchi, T., Furukawa, A., Sato, D., and Nozaki, T. Sulfate activation in mitochondria plays a crucial role in the proliferation of *Entamoeba histolytica*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 5, e1263, 2011.

Kamikawa R, Inagaki Y, Hashimoto T. A novel spliceosome-mediated trans-splicing can change our view on the genome complexity of the divergent eukaryote *Giardia intestinalis*. *Biophys Rev* 2011 3:193-197.

Yamamoto YY, Yoshioka Y, Hyakumachi M, Obokata J. Characteristics of core promoter types with respect to gene structure and expression in *Arabidopsis thaliana*. *DNA Res* 2011 18:333-342.

Masuda I, Kamikawa R, Ueda M, Oyama K, Yoshimatsu S, Inagaki Y, Sako Y. Mitochondrial genomes from two red-tide forming raphidophycean algae, *Heterosigma akashiwo* and *Chattonella* var. *marina*. *Harmful Algae* 2011 10:130-137.

Ishitani Y, Ishikawa SA, Inagaki Y, Tsuchiya M, Takahashi K, Takishita K. Multigene phylogenetic analyses including diverse radiolarian species support the Retaria hypothesis—the sister relationship of Radiolaria and Foraminifera. *Marine Micropaleontol* 2011 81:32-42.

Mi-ichi F, Makiuchi T, Furukawa A, Sato D, Nozaki T. Sulfate activation in mitochondria plays an important role in the proliferation of *Entamoeba histolytica*. *PLoS Negl Trop Dis* 2011 5:e1263.

Ishitani Y, Ishikawa SA, Inagaki Y, Tsuchiya M, Takahashi K, Takishita K. Multigene phylogenetic analyses including diverse radiolarian species support the Retaria hypothesis -- the sister relationship of Radiolaria and Foraminifera. *Marine Micropaleontol* 2011 81:32-42.

Nozawa A, Fujimoto R, Matsuoka H, Tsuboi T, Tozawa Y. Cell-free synthesis, reconstitution, and characterization of a mitochondrial dicarboxylate-tricarboxylate carrier of *Plasmodium falciparum*. **Biochem Biophys Res Commun** 2011 414:612-617.

Arisue N, Kawai S, Hirai M, Palacpac NM, Jia M, Kaneko A, Tanabe K, Horii T: Clues to evolution of the SERA multigene family in 18 Plasmodium species. **PLoS One**. 6:e17775, 2011

Matsuzaki-Moriya C, Tu L, Ishida H, Imai T, Suzue K, Hirai M, Tetsutani K, Hamano S, Shimokawa C, Hisaeda H: A critical role for phagocytosis in resistance to malaria in iron-deficient mice. **Eur J Immunol** 41:1365-1375, 2011

Hirotake Imanishi, Mutsumi Yokota, Masayuki Mori, Akinori Shimizu, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2011) Nuclear but not mitochondrial DNA involvement in respiratory complex I defects found in a senescence-accelerated mouse strain, SAMP8. *Exp. Anim.* 60: 397-404.

2012 年

田島直幸, 佐藤修正, 丸山史人, 黒川颯, 太田啓之, 田畑哲之, 関根康介, 森山崇, *佐藤直樹. 単細胞紅藻チノリモ (*Porphyridium purpureum*)の葉緑体ゲノム解析. *光合成研究* **22**, 156–159 (2012).

Ohtsubo Y, Maruyama F, Mitsui H, Nagata Y, Tsuda M. Complete genome sequence of *Acidovorax* sp. strain KKS102, a polychlorinated-biphenyl degrader. *J Bacteriol* **194**, 6970-6971 (2012). doi: 10.1128/JB.01848-12

Aikawa C, Furukawa N, Watanabe T, Minegishi K, Furukawa A, Eishi Y, Oshima K, Kurokawa K, Hattori M, Nakano K, *Maruyama F, Nakagawa I, Ooshima T. Complete genome sequence of the serotype k *Streptococcus mutans* strain LJ23. *J Bacteriol* **194**, 2754-2755 (2012). doi: 10.1128/JB.00350-12

Nozawa T, Aikawa C, Goda A, Maruyama F, Hamada S, Nakagawa I. The small GTPases Rab9A and Rab23 function at distinct steps in autophagy during Group A *Streptococcus* infection. *Cell Microbiol* **14**, 1149-1165 (2012). doi: 10.1111/j.1462-5822.2012.01792.x

Okude M, Matsuo J, Nakamura S, Kawaguchi K, Hayashi Y, Sakai H, Yoshida M, Takahashi K, *Yamaguchi H. Environmental chlamydiae alter the growth speed and motility of host acanthamoebae. *Microbes Environ* **27**, 423-429 (2012).

Thong-on A, Suzuki K, Noda S, Inoue J, Kajiwara S and Ohkuma M. Isolation and characterization of anaerobic bacteria for symbiotic recycling of uric acid nitrogen in the gut of various termites. *Microbes Environ*. 27. 2012. 186-192. doi:10.1264/jsme2.ME11325.

Noda S, C Mantini, D Meloni, Inoue J-I, Kitade O, E Viscogliosi and Ohkuma M. Molecular phylogeny and evolution of Parabasalia with improved taxon sampling and new protein markers of actin and elongation factor-1 α . *PLoS ONE*. 7. 2012. e29938. doi:10.1371/journal.pone.0029938 .

中鉢淳. 新規防除法開発の標的としてのアブラムシ栄養共生系. 植物防疫. 査読無. 66(2). 2012. 24-29.

Hosokawa T, Kikuchi Y, Nikoh N, Fukatsu T. Polyphyly of gut symbionts in stinkbugs of the family Cydnidae. *Applied and environmental microbiology*. 査読. 78. 2012. 4758-4761.

Kikuchi Y, Hayatsu M, Hosokawa T, Nagayama A, Tago K, Fukatsu T. Symbiont-mediated insecticide resistance. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 査読有り. 109. 2012. 8618-8622.

Kikuchi Y, Hosokawa T, Nikoh, N. and Fukatsu, T. Gut symbiotic bacteria in the cabbage bugs *Eurydema rugosa* and *Eurydema dominulus* (Heteroptera: Pentatomidae). *Appl Entomol Zool*. 査読有り. 47. 2012. 1-8.

Matsuura Y, Kikuchi Y, Hosokawa T, Koga R, Meng X-Y, Kamagata Y, Nikoh N, Fukatsu T. Evolution of symbiotic organs and endosymbionts in lygaeid stinkbugs. *The ISME journal*. 査読有り. 6. 2012. 397-409.

Kawafune K, Hongoh, Y, Hamaji T and Nozaki H. Molecular identification of rickettsial endosymbionts in the non-phagotrophic volvocalean green algae. *PLoS ONE*. 査読あり. 7. 2012. e31749.

Nozaki H, Yang Y, Maruyama S and Suzaki T. A case study for effects of operational taxonomic units from intracellular endoparasites and ciliates on the eukaryotic phylogeny: phylogenetic position of the haptophyta in

analyses of multiple slowly evolving genes. PLoS ONE. 査読あり. 7. 2012. e50827.

Sanada T, Kim M, Mimuro H, Ashida H, Ogawa M, Mizushima T, Sasakawa C. A bacterial effector targets the TRAF6-NFκB pathway to modulate the acute inflammatory response to bacterial invasion of epithelial cells. *Virulence*. 査読有り. 3. 2012. 518-521.

Fukumatsu M, Ogawa M, Kim M, Mimuro H, Sasakawa C. Uptake of Shigella-containing pseudopodia by neighboring epithelial cells at tricellular junctions via non-canonical clathrin-dependent trafficking pathway. *Virulence*. 査読有り. 3. 2012. 515-518.

Fukumatsu M, Ogawa M, Arakawa S, Suzuki M, Nakayama K, Shimizu S, Kim M, Mimuro H, Sasakawa C. Shigella targets epithelial tricellular junctions and uses a noncanonical clathrin-dependent endocytic pathway to spread between cells. *Cell Host Microbe*. 査読有り. 11. 2012. 325-336.

Sanada T, Kim M, Mimuro H, Suzuki M, Ogawa M, Oyama A, Ashida H, Kobayashi T, Koyama T, Nagai S, Shibata Y, Gohda J, Inoue J, Mizushima T, Sasakawa C. The Shigella flexneri effector Ospl deamidates UBC13 to dampen the inflammatory response. *Nature*. 査読有り. 483. 2012. 623-626.

Nakayama T., Ishida K., Kasai F., Archibald J. M. Broad distribution of TPI-GAPDH fusion proteins among eukaryotes: evidence for glycolytic reactions in the mitochondrion? *Pros One* 7(12):e52340. 2012

Curtis B, Tanifuji G, Burki F., Gruber A., Irimia M, Maruyama S., Arias M. C., Ball S. G., Gile G. H., Hirakawa Y., Hopkins J. F., Kuo A., Rensing S. A., Schmutz J., Symeonidi A., Elias M., Eveleigh R. J. M., Herman E. K., Klute M. J., Nakayama T., Oborník M., Reyes-Prieto A., Armbrust E. V., Aves S. J., Beiko R. G., Coutinho P., Dacks J. B., Durnford D. G., Fast N. M., Green B. R., Gridale C., Hempel F., Henrissat B., Höppner M. P., Ishida K., Kim E., Kořený L., Kroth P. G., Liu Y., Malik S.-B., Maier U. G., McRose D., Mock T., Neilson J. A. D., Onodera N. T., Poole A. M., Pritham E. J., Richards T. A., Rocop G., Roy S. W., Sarai C., Schaack S., Shirato S., Slamovits C. H., Spencer D. F., Suzuki S., Worden A. Z., Zauner S., Barry K., Bell C., Bharti A. K., Crow J. A., Grimwood J., Kramer R., Lindquist E., Lucas S., Salamov A., McFadden G. I., Lane C. E., Keeling P. J., Gray M. W., Grigoriev I. V., Archibald J. M. Algal nuclear genomes reveal evolutionary mosaicism and fate of nucleomorphs. *Nature* 492:59-65. 2012

Kashiyama Y., Yokoyama A., Kinoshita Y., Shoji S., Miyashita H., Shiratori T., Suga H., Ishikawa K., Ishikawa A., Inouye I., Ishida K., Fujimura D., Aoki K., Kobayashi M., Nomoto S., Mizoguchi T. and Tamiaki H. Ubiquity and quantitative significance of detoxification catabolism of chlorophyll associated with protistan herbivory *Proc. Natl. acad. Sci. USA* 109(43):17328-17335. 2012

Shiratori T., Yabuki A., Ishida K. *Esquamula lacrimiformis* n. g., n. sp., a new member of thaumatomonads that lacks siliceous scales. *J. Eukaryot. Microbiol.* 59(6):527-536. 2012

Yabuki A., Chao E. E., Ishida K. and Cavalier-Smith T. *Microheliella maris* (Microhelida ord. n.), an ultrastructurally highly distinctive new axopodial protist species and genus, and the unity of phylum Heliozoa. *Protist* 163(3):356-388. 2012

Penuliar, G. M., Furukawa, A., Nakada-Tsukui, K., Husain, A., Sato, D., and Nozaki, T. Transcriptional and functional analysis of trifluoromethionine resistance in *Entamoeba histolytica*. *J. Antimicrob. Chemother.* 67, 375-386, 2012. (10.1093/jac/dkr484)

Mishra, V., Kumar, ., Ali, V., Nozaki, T., Zhang, K. Y. J., Bhakuni, V. Role of conserved active site tryptophan-101 in functional activity and stability of phosphoserine aminotransferase from an enteric human parasite. *Amino Acids* 43, 483-491, 2012. (10.1007/s00726-011-1105-x)

Mishra, V., Kumar, A., Ali, V., Nozaki, T., Zhang, K. Y. J., and Bhakuni, V. Glu-108 is essential for subunit assembly and dimer stability of D-phosphoglycerate dehydrogenase from *Entamoeba histolytica*. *Mol. Biochem. Parasitol.* 181, 117-124, 2012. (10.1016/j.molbiopara.2011.10.008)

Furukawa, A., Nakada-Tsukui, K., and Nozaki, T. Novel transmembrane receptor involved in phagosome transport of lysozymes and β-hexosaminidase in the enteric protozoan *Entamoeba histolytica*. *PLoS Pathogens* 8, e1002539 2012. doi:10.1371/journal.ppat.1002539. (10.1371/journal.ppat.1002539)

Nakada-Tsukui, K., Tsuboi, K., Furukawa, A., Yamada, Y., and Nozaki, T. A novel class of cysteine protease receptors that mediate lysosomal transport. *Cell. Microbiol.* 14, 1299-317, 2012. (10.1111/j.1462-5822.2012.01800.x)

Jeelani, G., Sato, S., Husain, A., Escueta-de Cadiza, A., Sugimoto, M., Soga, T., Suematsu, M., and Nozaki, T.

Metabolic profiling of the protozoan parasite *Entamoeba* revealed activation of unpredicted pathway during encystation. *PLoS ONE* 7, e37740, 2012. (10.1371/journal.pone.0037740)

Mishra, V., Kumar, A., Ali, V., Nozaki, T., Zhang, K. Y., and Bhakuni, V. Novel protein-protein interactions between *Entamoeba histolytica* d-phosphoglycerate dehydrogenase and phosphoserine aminotransferase. *Biochimie*. 94, 1676-1686, 2012. (10.1016/j.biochi.2012.02.028)

Husain, A., Sato, D., Jeelani, G., Soga, T., and Nozaki, T. Dramatic increase in glycerol biosynthesis upon oxidative stress in the anaerobic protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 6, e1831, 2012. (10.1371/journal.pntd.0001831)

Klionsky D. J., et al. Guidelines for the use and interpretation of assays for monitoring autophagy. *Autophagy* 8, 445-544, 2012. (PMID: 22966490)

Kawai T, Sekizuka T, Yahata Y, Kuroda M, Kumeda Y, Iijima Y, Kamata Y, Sugita-Konishi Y, Ohnishi T. Identification of *Kudoa septempunctata* as the causative agent of novel food poisoning outbreaks in Japan by consumption of *Paralichthys olivaceus* in raw fish. *Clin Infect Dis.* 2012 Apr;54(8):1046-52. doi: 10.1093/cid/cir1040. Epub 2012 Jan 26. PubMed PMID: 22281845. (査読有)

Ishikawa SA, Inagaki Y, Hashimoto T. RY-Coding and Non-Homogeneous Models Can Ameliorate the Maximum-Likelihood Inferences From Nucleotide Sequence Data with Parallel Compositional Heterogeneity. *Evol Bioinform Online* 8, 357-371 (2012). doi: 10.4137/EBO.S9017

Nishimura Y, Kamikawa R, Hashimoto T, Inagaki Y. Separate origins of group I introns in two mitochondrial genes of the katablepharid *Leucocryptos marina*. *PLoS One* 7, e37307 (2012). doi: 10.1371/journal.pone.0037307

Arisue N, Hashimoto T, Mitsui H, Palacpac NM, Kaneko A, Kawai S, Hasegawa M, Tanabe K, Horii T. The *Plasmodium* apicoplast genome: conserved structure and close relationship of *P. ovale* to rodent malaria parasites. *Mol Biol Evol* 29, 2095-2099 (2012). doi: 10.1093/molbev/mss082

Takishita K, Kolisko M, Komatsuzaki H, Yabuki A, Inagaki Y, Cepicka I, Smejkalova P, Silberman JD, Hashimoto T, Roger AJ, Simpson AG. Multigene phylogenies of diverse *Carpediemonas*-like organisms identify the closest relatives of 'amitochondriate' diplomonads and retortamonads. *Protist* 163, 344-355 (2012). doi: 10.1016/j.protis.2011.12.007

Ishikawa SA, Inagaki Y, Hashimoto T. RY-coding and non-homogeneous models can ameliorate the maximum-likelihood inferences from nucleotide sequence data with parallel compositional heterogeneity. *Evol Bioinform* 2012 8:357-371.

Ishitani Y, Kamikawa R, Yabuki A, Tsuchiya M, Inagaki Y, Takishita K. Evolution of elongation factor-like (EFL) protein in Rhizaria is revised by radiolarian EFL gene sequences. *J Eukaryot Microbiol* 2012 59:367-373.

Nishimura Y, Kamikawa R, Hashimoto T, Inagaki Y. Separate origins of group I introns in two mitochondrial genes of the katablepharid *Leucocryptos marina*. *PLoS One* 2012 7:e37307.

Matsumoto T, Kawachi M, Miyashita H, Inagaki Y. Prasinolaxanthin is absent in the green-colored dinoflagellate *Lepidodinium chlorophorum* strain NIES-1868: pigment composition and 18S rRNA phylogeny. *J Plant Res* 2012 125:705-711.

Takishita K, Kolisko M, Komatsuzaki H, Yabuki A, Inagaki Y, Cepicka I, Smejkalova P, Silberman JD, Hashimoto T, Roger AJ, Simpson AG. Multigene phylogenies of diverse *Carpediemonas*-like organisms identify the closest relatives of 'amitochondriate' diplomonads and retortamonads. *Protist* 2012 163:344-355.

Hanaoka M, Kato M, Anma M, Tanaka K. SIG1, a sigma factor for the chloroplast RNA polymerase, differently associates with multiple DNA regions in the chloroplast chromosomes in vivo. *Int J Mol Sci* 2012 13:12182-12194.

Hanaoka M, Takai N, Hosokawa N, Fujiwara M, Akimoto Y, Kobori N, Iwasaki H, Kondo T, Tanaka K. RpaB, another response regulator operating circadian clock-dependent transcriptional regulation in *Synechococcus elongatus* PCC 7942. *J Biol Chem* 2012 287:26321-26327.

Maeda T, Hirose E, Chikaraishi Y, Kawato M, Takishita K, Yoshida T, Verbruggen H, Tanaka J, Shimamura S, Takaki Y, Tsuchiya M, Iwai K, Maruyama T. Algivore or phototroph? *Plakobranchnus ocellatus* (Gastropoda) continuously acquires kleptoplasts and nutrition from multiple algal species in nature. *PLoS One* 2012

7:e42024.

Toyama T, Tahara M, **Nagamune K**, Arimitsu K, Hamashima Y, Palacpac NMQ, Kawaide H, Horii T, Tanabe K. Gibberellin Biosynthetic Inhibitors Make Human Malaria Parasite *Plasmodium falciparum* Cells Swell and Rupture to Death. *PLoS ONE* 2012, 7(3), e32246 査読有り

Toda, T., Fujii, S., Noguchi, K., Kazama, T., Toriyama, K. Rice MPR25 encodes a pentatricopeptide repeat protein and is essential for RNA editing of *nad5* transcripts in mitochondria. *Plant J* 72: 450-460 (2012) (査読有り)

Matsuoka H, Sano G, Hattori R, Tomita H, Yamamoto DS, **Hirai M**: One Injection of DsRed Followed by Bites from Transgenic Mosquitoes Producing DsRed in the Saliva Elicits a High Titer of Antibody in Mice. **Trop Med Health** 40:47-52, 2012

Tanaka TQ, **Hirai M**, Watanabe Y, Kita K: Toward understanding the role of mitochondrial complex II in the intraerythrocytic stages of *Plasmodium falciparum*: gene targeting of the Fp subunit. **Parasitol Int** 61:726-728, 2012

Hino A, **Hirai M**, Tanaka TQ, Watanabe Y, Matsuoka H, Kita K: Critical roles of the mitochondrial complex II in oocyst formation of rodent malaria parasite *Plasmodium berghei*. **J Biochem** 152:259-268, 2012

Yamamoto M, Okuyama M, Ma JS, Kimura T, Kamiyama N, Saiga H, Ohshima J, Sasai M, Kayama H, Okamoto T, Huang DS, Soldati-Favre D, Horie K, Takeda J, Takeda K. A cluster of interferon- γ -inducible p65 GTPases plays a critical role in host defense against *Toxoplasma gondii*. *Immunity* (2012) 37:302-313.

Saiga H, Kitada S, Shimada Y, Kamiyama N, Okuyama M, Makino M, Yamamoto M, Takeda K. Critical role of AIM2 in *Mycobacterium tuberculosis* infection. *Int Immunol.* (2012) 24:637-44.

Jeon SG, Kayama H, Ueda Y, Takahashi T, Asahara T, Tsuji H, Tsuji NM, Kiyono H, Ma JS, Kusu T, Okumura R, Hara H, Yoshida H, Yamamoto M, Nomoto K, Takeda K. Probiotic *Bifidobacterium breve* Induces IL-10-Producing Tr1 Cells in the Colon. *PLoS Pathog.* (2012) 8:e1002714.

Kayama H, Ueda Y, Sawa Y, Jeon SG, Ma JS, Okumura R, Kubo A, Ishii M, Okazaki T, Murakami M, Yamamoto M, Yagita H, Takeda K. Intestinal CX3C chemokine receptor 1(high) (CX3CR1(high)) myeloid cells prevent T-cell-dependent colitis. *Proc Natl Acad Sci U S A.* (2012) 109:5010-5.

Hirotake Imanishi, Keisuke Hattori, Reiko Wada, Kaori Ishikawa, Sayaka Fukuda, Keizo Takenaga, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2011) Mitochondrial DNA mutations regulate metastasis of human breast cancer cells. *PLOS ONE* 6: e23401.

Junya Yamaguchi, Satoshi Nishiyama, Midori Shimanuki, Tomio Ono, Akitsugu Sato, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi, Hiromichi Yonekawa, Hiroshi Shitara (2012) Comprehensive application of an mtDsRed2-Tg mouse strain for mitochondrial imaging. *Transgenic Res.* 21: 439-447.

Osamu Hashizume, Akinori Shimizu, Mutsumi Yokota, Atsuko Sugiyama, Kazuto Nakada, Hiroyuki Miyoshi, Makiko Itami, Miki Ohira, Hiroki Nagase, Keizo Takenaga, and Jun-Ichi Hayashi (2012) Specific mitochondrial DNA mutation in mice regulates diabetes and lymphoma development. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 109: 10528-10533.

Kei Watanabe, Kenta Wada, Tomoko Ohashi, Saki Okubo, Kensuke Takekuma, Ryoichi Hashizume, Jun-Ichi Hayashi, Tadao Serikawa, Takashi Kuramoto, Yoshiaki Kikkawa (2012) A 5-bp insertion in Mip causes recessive congenital cataract in KFRS4/Kyo rats. *PLOS ONE* 7: e50737.

2013 年

Hubber A, Kubori T, *Nagai H. Modulation of the ubiquitination machinery by Legionella. *Curr Top Microbiol Immunol* **376**, 227-247 (2013). doi: 10.1007/82_2013_343

*Nagai H, Kubori T. Purification and characterization of legionella U-box-type E3 ubiquitin ligase. *Methods Mol Biol* **954**, 347-354 (2013). doi: 10.1007/978-1-62703-161-5_21

Hori JI, Pereira MS, Roy CR, *Nagai H, Zamboni DS. Identification and functional characterization of K(+) transporters encoded by Legionella pneumophila kup genes. *Cell Microbiol* **15**, 2006-2019 (2013). doi: 10.1111/cmi.12168

Matsuo J, Nakamura S, Ito A, Yamazaki T, Ishida K, Hayashi Y, Yoshida M, Takahashi K, Sekizuka T, Takeuchi

F, Kuroda M, Nagai H, Hayashida K, Sugimoto C, *Yamaguchi H. Protochlamydia induces apoptosis of human HEp-2 cells through mitochondrial dysfunction mediated by chlamydial protease-like activity factor. *PLoS One* **8**, e56005 (2013). doi: 10.1371/journal.pone.0056005

Ishida K, Kubo T, Saeki A, Yamane C, Matsuo J, Yimin, Nakamura S, Hayashi Y, Kunichika M, Yoshida M, Takahashi K, Hirai I, Yamamoto Y, Shibata K, *Yamaguchi H. Chlamydia pneumoniae in human immortal Jurkat cells and primary lymphocytes uncontrolled by interferon-gamma. *Microbes Infect* **15**, 192-200 (2013). doi: 10.1016/j.micinf.2012.11.006

Watanabe T, Nozawa T, Aikawa C, Amano A, *Maruyama F, Nakagawa I. CRISPR regulation of intraspecies diversification by limiting IS transposition and intercellular recombination. *Genome Biol Evol* **5**, 1099-1114 (2013). doi: 10.1093/gbe/evt075

渡辺孝康, 中川一路, *丸山史人. 原核生物の新規な獲得免疫機構 CRISPR/Cas システム. *化学と生物* in press (2013).

Sawabe T, Ogura Y, Matsumura Y, Feng G, Amin AR, Mino S, Nakagawa S, Sawabe T, Kumar R, Fukui Y, Satomi M, Matsushima R, Thompson FL, Gomez-Gil B, Christen R, Maruyama F, Kurokawa K, Hayashi T. Updating the Vibrio clades defined by multilocus sequence phylogeny: proposal of eight new clades, and the description of Vibrio tritonius sp. nov. *Front Microbiol* **4**, 414 (2013). doi: 10.3389/fmicb.2013.00414

Masuda S, Hori K, Maruyama F, Ren S, Sugimoto S, Yamamoto N, Mori H, Yamada T, Sato S, Tabata S, Ohta H, Kurokawa K. Whole-Genome Sequence of the Purple Photosynthetic Bacterium Rhodovulum sulfidophilum Strain W4. *Genome Announc* **1**, (2013). doi: 10.1128/genomeA.00577-13

Okura M, Takamatsu D, Maruyama F, Nozawa T, Nakagawa I, Osaki M, Sekizaki T, Gottschalk M, Kumagai Y, Hamada S. Genetic analysis of capsular polysaccharide synthesis gene clusters from all serotypes of Streptococcus suis: potential mechanisms for generation of capsular variation. *Appl Environ Microbiol* **79**, 2796-2806 (2013). doi: 10.1128/AEM.03742-12

Minegishi K, Aikawa C, Furukawa A, Watanabe T, Nakano T, Ogura Y, Ohtsubo Y, Kurokawa K, Hayashi T, *Maruyama F, Nakagawa I, Eishi Y. Complete Genome Sequence of a Propionibacterium acnes Isolate from a Sarcoidosis Patient. *Genome Announc* **1**, (2013). doi: 10.1128/genomeA.00016-12

Jorquera MA, Saavedra N, Maruyama F, Richardson AE, Crowley DE, del C Catrila R, Henriquez EJ, de la Luz Mora M. Phytate addition to soil induces changes in the abundance and expression of Bacillus beta-propeller phytase genes in the rhizosphere. *FEMS Microbiol Ecol* **83**, 352-360 (2013). doi: 10.1111/j.1574-6941.2012.01480.x

Nakabachi A, Nikoh N, Oshima K, Hlnoue H, Ohkuma M, Hongoh Y, Miyagishima S, Hattori M and Fukatsu T. Horizontal gene acquisition of Liberibacter plant pathogens from a bacteriome-confined endosymbiont of their psyllid vector. *PLoS ONE* . **8**. 2013. e82612. doi: 10.1371/journal.pone.0082612

Hattori S, Hongoh Y, Itoh T, P Deevong, S Trakulnaleamsai, N Noparatnaraporn, Kudo T, and Ohkuma M. Sporomusa intestinalis sp. nov., a homoacetogenic bacterium isolated from the gut of higher termite, Termes comis (Termitinae). *J. Gen. Appl. Microbiol.* **59**. 2013. 321-324. doi:10.2323/jgam.59.321

Nakabachi A, Ueoka R, Oshima K, R Teta A Mangoni, M Gurgui, N J Oldham, G van Echten-Deckert, Okamura K, Yamamoto K, Inoue H, Ohkuma M, Hongoh Y, Miyagishima S, Hattori M, J Piel and Fukatsu T. Defensive bacteriome symbiont with a drastically reduced genome. *Curr. Biol.* **23**. 2013. 1478-1484. doi:10.1016/j.cub.2013.06.027

Sakamoto M and Ohkuma M. Bacteroides reticulotermitis sp. nov., isolated from the gut of the subterranean termite (Reticulitermes speratus). *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **63**. 2013. 691-695. doi:10.1099/ijs.0.040931-0

Otagiri M, Lopez CM, Kitamoto K, Arioka M, Kudo T, Moriya S. Heterologous expression and characterization of a glycoside hydrolase family 45 endo-beta-1,4-glucanase from a symbiotic protist of the lower termite, Reticulitermes speratus. *Appl Biochem Biotechnol.* Mar;169(6). 2013. 1910-8.

守屋繁春. 「細胞進化の証人たち 細胞進化モデル生物図鑑 第1回 生き物たちの異様な愛情・または生き物たちは如何にして心配するのを止めて互いに愛し合うようになったか?共生創発モデル:シロアリ腸内共生微生物群」. *細胞工学* **32(11)**. 2013. 1172-1173

Nakabachi A, Ueoka R, Oshima K, Teta R, Mangoni A, Gurgui M, Oldham N J, van Echten-Deckert G, Okamura K, Yamamoto K, Inoue H, Ohkuma M, Hongoh Y, Miyagishima SY, Hattori M, Piel J, Fukatsu T. Defensive

- bacteriome symbiont with a drastically reduced genome. *Curr Biol.* 査読有. 23(15). 2013. 1478-84.
- Nakabachi A. Toxin-producing bacteria integrated into a pest insect. Toyohashi University of Technology e-Newsletter. 査読無. 12. 2013. 4.
- Nakabachi A, Nikoh N, Oshima K, Inoue H, Ohkuma M, Hongoh Y, Miyagishima SY, Hattori M, Fukatsu T. Horizontal gene acquisition of *Liberibacter* plant pathogens from a bacteriome-confined endosymbiont of their psyllid vector. *PLoS One*. 査読有. 8(12). 2013. e82612.
- Futahashi R, Tanaka K, Tanahashi M, Nikoh N, Kikuchi Y, Lee B L, Fukatsu T. Gene expression in gut symbiotic organ of stinkbug affected by extracellular bacterial symbiont. *PloS one*. 査読有り. 8. 2013. e64557.
- Kikuchi Y, Yumoto I. Efficient colonization of the bean bug *Riptortus pedestris* by an environmentally transmitted Burkholderia symbiont. *Applied and environmental microbiology*. 査読有り. 79. 2013. 2088-2091.
- Kim J K, Kim N H, Am Jang H, Kikuchi Y, Kim C-H, Fukatsu T, Lee B L. Specific midgut region controlling the symbiont population in an insect-microbe gut symbiotic association. *Applied and environmental microbiology*. 査読有り. 79. 2013. 7229-7233.
- Kim J K, Lee H J, Kikuchi Y, Kitagawa W, Nikoh N, Fukatsu T, Lee B L. Bacterial cell wall synthesis gene *uppP* is required for Burkholderia colonization of the stinkbug gut. *Applied and environmental microbiology*. 査読有り. 79. 2013. 4879-4886.
- Kim J K, Won Y J, Nikoh N, Nakayama H, Han S H, Kikuchi Y, Rhee Y H, Park H Y, Kwon J Y, Kurokawa K. Polyester synthesis genes associated with stress resistance are involved in an insect-bacterium symbiosis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 査読有り. 110. 2013. E2381-E2389.
- Shibata T F, Maeda T, Nikoh N, Yamaguchi K, Oshima K, Hattori M, Nishiyama T, Hasebe M, Fukatsu T, Kikuchi Y. Complete genome sequence of Burkholderia sp. strain RPE64, bacterial symbiont of the bean bug *Riptortus pedestris*. *Genome announcements*. 査読有り. 1. 2013. e00441-00413.
- Kawafune K, Sato M, Toyooka K and Nozaki H. Ultrastructure of the rickettsial endosymbiont "MIDORIKO" in the green alga *Carteria cerasiformis* as revealed by high-pressure freezing and freeze-substitution fixation. *Protoplasma*. 査読あり. 250. 2013. 949-953.
- Hamaji H, Smith D R, Noguchi H, Toyoda A, Suzuki M, Kawai-Toyooka H, Fujiyama A, Nishii I, Marriage T, Olson B J S C and Nozaki H. Mitochondrial and plastid genomes of the colonial green alga *Gonium pectorale* give insights into the origins of organelle DNA architecture within the Volvocales. *PLoS ONE*. 査読あり. 8. 2013. e57177.
- Smith D R, Hamaji T, Olson B J S C, Durand P M, Ferris P, Michod R E, Nozaki H, Featherston J, and Keeling P J. Organelle genome complexity scales positively with organism size in volvocine green algae. *Mol. Biol. Evol.* 査読あり. 30. 2013. 793-797.
- Kobayashi T, Ogawa M, Sanada T, Mimuro H, Kim M, Ashida H, Akakura R, Yoshida M, Kawalec M, Reichhart JM, Mizushima T, Sasakawa C. The *Shigella* OspC3 effector inhibits caspase-4, antagonizes inflammatory cell death, and promotes epithelial infection. *Cell Host Microbe*. 査読有り. 13. 2013. 570-583.
- Mori H, Maruyama F, Kato H, Toyoda A, Dozono A, Ohtsubo Y, Nagata Y, Fujiyama A, Tsuda M and Kurokawa K. Design and Experimental Application of a Novel Non-Degenerate Universal Primer Set that Amplify Prokaryotic 16S rRNA Genes with a Low Possibility to Amplify Eukaryotic rRNA Genes. *DNA Res.* 査読有り. 21. 2013. 217-227.
- Masuda S, Hori K, Maruyama F, Ren S, Sugimoto S, Yamamoto N, Mori H, Yamada T, Sato S, Tabata S, Ohta H, Kurokawa K. Whole-Genome Sequence of the Purple Photosynthetic Bacterium *Rhodovulum sulfidophilum* strain W4. *Genome Announc.* 査読有り. 1. 2013. e00577-13.
- Okura M, Takamatsu D, Maruyama F, Nozawa T, Nakagawa I, Osaki M, Sekizaki T, Gottschalk M, Kumagai Y and Hamada S. Genetic Analysis of Capsular Polysaccharide Synthesis Gene Clusters from All Serotypes of *Streptococcus suis*. . Potential Mechanisms for the Generation of Capsular Variation. co-corresponding author. *Appl. Environ. Microbiol.* 査読有り. 79. 2013. 2796-2806.
- Minegishi K, Aikawa C, Furukawa A, Watanabe T, Nakano T, Ogura Y, Ohtsubo Y, Kurokawa K, Hayashi T,

Maruyama F, Nakagawa I, Eishi Y. Complete genome sequence of *Propionibacterium acnes* isolate from sarcoidosis patient. Equal contribution. *Genome Announc.* 査読有り. 1. 2013. e00016-12.

渡辺孝康, 村瀬一典, 中川一路, 丸山史人. 原核生物の獲得免疫に見られる新機構から紐解かれてきたゲノム進化. *化学療法の領域* 査読無し. 31. 2013. 118-128. 2015

渡辺孝康, 中川一路, 丸山史人. 原核生物の新規な獲得免疫機構CRISPR/Casシステム. *化学と生物*. 査読有り. 51. 2013. 440-443.

Watanabe T, Nozawa T, Aikawa C, Amano A, Maruyama F and Nakagawa I. CRISPR regulation of intra-species diversification by limiting IS transposition and inter-cellular recombination. *Genome Biol. Evol.* 査読有り. 5. 2013. 1099-1114.

Takamatsu D and Maruyama F. Diversity and Universality of Capsular Polysaccharide Synthesis Gene Clusters in *Streptococcus suis*. *Appl. Environ. Microbiol.* 査読無し. 79. 2013. 2493.

Sawabe T, Kumar R, Fukui Y, Satomi M, Matsushima R, Thompson F, L, Gil B G R C, Maruyama F, Kurokawa K and Hayashi T. Updating the *Vibrio* Clades Defined by Multilocus Sequence Phylogeny. Proposal of Eight New Clades, and the Description of *Vibrio tritonius* sp. nov. *Front. Microbiol.* 査読有り. 4. 2013. 414.

Lorion J, Kiel S, Faure B, Kawato M, Ho SY, Marshall B, Tsuchida S, Miyazaki J, Fujiwara Y. Adaptive radiation of chemosymbiotic deep-sea mussels. *Proc Biol Sci.* 査読有り. 280. 2013. 1243-1252

Yabuki A., Ishida K. and Cavalier-Smith T. *Rigifila ramosa* n. gen., n. sp., a filose apusozoan with a distinctive pellicle, is related to Micronuclearia. *Protist* 164(1):75-88. 2013

Jeelani, G., Husain, A., Sato, D., Soga, T., Suematsu, M., Nozaki, T. Biochemical and functional characterization of novel NADH kinase in the enteric protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. *Biochimie* 95, 309-319, 2013. (10.1016/j.biochi.2012.09.034)

Makiuchi, T., Mi-ichi, F., Nakada-Tsukui, K., and Nozaki, T. Novel TPR-containing subunit of TOM complex functions as cytosolic receptor for *Entamoeba* mitochondrial transport. *Sci Rep* 3, 1129, 2013. (10.1038/srep01129)

Furukawa, A., Nakada-Tsukui, K., and Nozaki, T. Cysteine protease-binding protein family 6 mediates the trafficking of amylases to phagosomes in the enteric protozoan *Entamoeba histolytica*. *Inf. Immun.* 81,1820-1829, 2013. (10.1128/IAI.00915-12)

Ali, V. and Nozaki, T. Iron sulfur clusters, their biosynthesis and biological functions in protozoan parasites. *Adv. Parasitol.*, 83, 1-92, 2013. (10.1016/B978-0-12-407705-8.00001-X)

Escueta- De Cadiz, A., Jeelani, G., Nakada-Tsukui, K., Caler, E., and Nozaki, T. Transcriptome analysis of encystation in *Entamoeba invadens*. *PLoS One* 8, e74840, 2013. (10.1371/journal.pone.0074840)

Makiuchi, T. and Nozaki, T. Highly divergent mitochondrion-related organelles in anaerobic parasitic protozoa. *Biochimie* 100, 3-17, 2014, doi: 10.1016/j.biochi.2013.11.018.

Kamikawa R, Brown MW, Nishimura Y, Sako Y, Heiss AA, Yubuki N, Gawryluk R, Simpson AG, Roger AJ, Hashimoto T, Inagaki Y. Parallel re-modeling of EF-1alpha function: divergent EF-1alpha genes co-occur with EFL genes in diverse distantly related eukaryotes. *BMC Evol Biol* 13, 131 (2013). doi: 10.1186/1471-2148-13-131

Kamikawa R, Brown MW, Nishimura Y, Sako Y, Heiss AA, Yubuki N, Gawryluk R, Simpson AG, Roger AJ, Hashimoto T, Inagaki Y. Parallel re-modeling of EF-1alpha function: divergent EF-1alpha genes co-occur with EFL genes in diverse distantly related eukaryotes. *BMC Evol Biol* 2013 13:131.

Yagi Y, Tachikawa M, Noguchi H, Satoh S, Obokata J, Nakamura T. Pentatricopeptide repeat proteins involved in plant organellar RNA editing. *RNA Biol* 2013 10:1419-1425.

Nagayasu E, Ishikawa SA, Taketani S, Chakraborty G, Yoshida A, Inagaki Y, Maruyama H. Identification of a bacteria-like ferrochelatase in *Strongyloides venezuelensis*, an animal parasitic nematode. *PLoS One* 2013 8:e58458.

Tanaka K, Hanaoka M. The early days of plastid retrograde signaling with respect to replication and transcription. *Front Plant Sci* 2013 3:301.

- Kanazawa T, Ishizaki K, Kohchi T, [Hanaoka M](#), [Tanaka K](#). Characterization of four nuclear-encoded plastid RNA polymerase sigma factor genes in the liverwort *Marchantia polymorpha*: blue-light- and multiple stress-responsive SIG5 was acquired early in the emergence of terrestrial plants. *Plant Cell Physiol* 2013 54:1736-1748.
- Watanabe S, [Hanaoka M](#), Ohba Y, Ono T, Ohnuma M, Yoshikawa H, Taketani S, [Tanaka K](#). Mitochondrial localization of ferrochelatase in a red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Plant Cell Physiol* 2013 54:1289-1295.
- Noordally ZB, Ishii K, Atkins KA, Wetherill SJ, Kusakina J, Walton EJ, Kato M, Azuma M, [Tanaka K](#), [Hanaoka M](#), Dodd AN. Circadian control of chloroplast transcription by a nuclear-encoded timing signal. *Science* 2013 339:1316-1319.
- Fujii G, Imamura S, [Hanaoka M](#), [Tanaka K](#). Nuclear-encoded chloroplast RNA polymerase sigma factor SIG2 activates chloroplast-encoded phycobilisome genes in a red alga, *Cyanidioschyzon merolae*. *FEBS Lett* 2013 587:3354-3359.
- Makiuchi T, [Mi-Ichi F](#), Nakada-Tsukui K, Nozaki T. Novel TPR-containing subunit of TOM complex functions as cytosolic receptor for *Entamoeba* mitosomal transport. *Sci Rep* 2013 3:1129.
- Yabuki A, Eikrem W, [Takishita K](#), Patterson DJ. Fine structure of *Telonema subtilis* Griessmann, 1913: a flagellate with a unique cytoskeletal structure among eukaryotes. *Protist* 2013 164:556-569.
- Noguchi F, Kawato M, Yoshida T, Fujiwara Y, Fujikura K, [Takishita K](#). A novel alveolate in bivalves with chemosynthetic bacteria inhabiting deep-sea methane seeps. *J Eukaryot Microbiol* 2013 60:158-165.
- Kikuchi S, Bedard J, Hirano M, Hirabayashi Y, Oishi M, Imai M, Takase M, Ide T, [Nakai M](#). Uncovering the protein translocon at the chloroplast inner envelope membrane. *Science* 2013 339:571-574.
- Yagi Y, Tachikawa M, Noguchi H, Satoh S, Obokata J, [Nakamura T](#). Pentatricopeptide repeat proteins involved in plant organellar RNA editing. *RNA Biol* 2013 10:1419-1425.
- Kazama T, Yagi Y, Toriyama K, [Nakamura T](#). Heterogeneity of the 5'-end in plant mRNA may be involved in mitochondrial translation. *Front Plant Sci* 2013 4:517.
- Bernhard F, [Tozawa Y](#). Cell-free expression--making a mark. *Curr Opin Struct Biol* 2013 23:374-380.
- [Kabeya Y](#) and Miyagishima S. Chloroplast DNA replication is regulated by the redox state independently of chloroplast division in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol*. 16号 2013年 2102-2112
- Toda, T., [Toriyama, K](#). Re-sequencing of mitochondrial genes in a standard rice cultivar Nipponbare. *Rice* 6, 2: 1-3 (2013) (査読有り)
- Okazaki, M., [Kazama, T](#)., Murata, H., Motomura, K., [Toriyama, K](#). Whole mitochondrial genome sequencing and transcriptional analysis to uncover an RT102-type cytoplasmic male sterility-associated candidate gene derived from *Oryza rufipogon*. *Plant Cell Physiol*. 54: 1560-1568 (2013) (査読有り)
- Kondo H, Hirano S, Chiba S, Andika IB, [Hirai M](#), Maeda T, Tamada T: Characterization of burdock mottle virus, a novel member of the genus Benyvirus, and the identification of benyvirus-related sequences in the plant and insect genomes. *Virus Res* Oct;177:75-86, 2013
- Duan X, Imai T, Chou B, Tu L, Himeno K, Suzue K, [Hirai M](#), Taniguchi T, Okada H, Shimokawa C, [Hisaeda H](#): Resistance to malaria by enhanced phagocytosis of erythrocytes in LMP7-deficient mice. *PLoS One*. 8:e59633, 2013
- Imai T, Ishida H, Suzue K, [Hirai M](#), Taniguchi T, Okada H, Suzuki T, Shimokawa C, [Hisaeda H](#): CD8(+) T cell activation by murine erythroblasts infected with malaria parasites. *Sci Rep* 3:1572, 2013
- Ishida H, Imai T, Suzue K, [Hirai M](#), Taniguchi T, Yoshimura A, Iwakura Y, Okada H, Suzuki T, Shimokawa C, [Hisaeda H](#): IL-23 protection against *Plasmodium berghei* infection in mice is partially dependent on IL-17 from macrophages. *Eur J Immunol* 43(10):2696-2706, 2013 Oct
- Shimokawa C, Culleton R, Imai T, Suzue K, [Hirai M](#), Taniguchi T, Kobayashi S, [Hisaeda H](#), Hamano S: Species-specific immunity induced by infection with *Entamoeba histolytica* and *Entamoeba moshkovskii* in mice. *PLoS ONE*. 2013 Nov 29;8(11):e82025.

Kimura T, Katoh H, Kayama H, Saiga H, Okuyama M, Okamoto T, Umemoto E, Matsuura Y, Yamamoto M, Takeda K. Ifit1 inhibits Japanese encephalitis virus replication through binding to 5' capped 2'-O unmethylated RNA. *J Virol.* (2013) 87:9997-10003.

Sasai M, Yamamoto M (Corresponding author). Pathogen Recognition Receptors: Ligands and Signaling Pathways by Toll-like Receptors. *Int Rev Immunol.* (2013) 32:116-33.

Kemp LE, Yamamoto M, Soldati-Favre D. Subversion of host cellular functions by the apicomplexan parasites. *FEMS Microbiol Rev.* (2013) 37:607-31.

Satoh T, Kidoya H, Naito H, Yamamoto M, Takemura N, Nakagawa K, Yoshioka Y, Morii E, Takakura N, Takeuchi O, Akira S. Critical role of Trib1 for the differentiation of adipose tissue-resident macrophages maintaining metabolic homeostasis. *Nature.* (2013) 495:524-8.

Lundberg AM, Ketelhuth DF, Johansson ME, Gerdes N, Liu S, Yamamoto M, Akira S, Hansson GK. Toll-like receptor 3 and 4 signalling through the TRIF and TRAM adaptors in hematopoietic cells promotes atherosclerosis. *Cardiovasc Res.* (2013) 99:364-73.

Kamiyama N, Yamamoto M (Equal contribution, Co-corresponding author), Saiga H, Ma JS, Ohshima J, Machimura S, Sasai M, Kimura T, Ueda Y, Kayama H, Takeda K. CREBH Determines the Severity of Sulphydryl-Induced Fatal Shock. *PLoS One.* (2013) 8:e55800.

Kusu T, Kayama H, Kinoshita M, Jeon SG, Ueda Y, Goto Y, Okumura R, Saiga H, Kurakawa T, Ikeda K, Maeda Y, Nishimura J, Arima Y, Atarashi K, Honda K, Murakami M, Kunisawa J, Kiyono H, Okumura M, Yamamoto M, Takeda K. Ecto-Nucleoside Triphosphate Diphosphohydrolase 7 Controls Th17 Cell Responses through Regulation of Luminal ATP in the Small Intestine. *J Immunol.* (2013) 190:774-783.

Takayuki Mito, Akinori Shimizu, Osamu Hashizume, Shun Katada, Hirotake Imanishi, Azusa Ohta, Yukina Kato, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2013) Mitochondrial DNA mutations in mutator mice confer respiration defects and B-lymphoma development. *PLOS ONE* 8: e55789.

Shun Katada, Takayuki Mito, Emi Ogasawara, Jun-Ichi Hayashi, Kazuto Nakada (2013) Mitochondrial DNA with a large-scale deletion causes two distinct mitochondrial disease phenotypes in mice. *G3: Genes Genomes Genetics* 3: 1545-1552.

Hirotake Imanishi, Gaku Takibuchi, Toshihiko Kobayashi, Kaori Ishikawa, Kazuto Nakada, Masayuki Mori, Yoshiaki Kikkawa, Keizo Takenaga, Noriko Toyama-Sorimachi, Jun-Ichi Hayashi (2013) Specific mtDNA mutations in mouse carcinoma cells suppress their tumor formation via activation of the host innate immune system. *PLOS ONE* 8: e75981.

Gaku Takibuchi, Hirotake Imanishi, Mami Morimoto, Kaori Ishikawa, Kazuto Nakada, Noriko Toyama-Sorimachi, Yoshiaki Kikkawa, Keizo Takenaga, and Jun-Ichi Hayashi (2013) Polymorphic mutations in mouse mitochondrial DNA regulate a tumor phenotype. *Mitochondrion* 13: 881-887.

Kiriyama, K., Hara, K.Y. and Kondo, A. 2013 Oxidized glutathione fermentation using *Saccharomyces cerevisiae* engineered for glutathione metabolism. *Appl Microbiol Biotechnol* 97:7399-7404.

Hara, K.Y., Wada, T., Kino, K., Asahi, T. and Sawamura, N. 2013 Construction of photoenergetic mitochondria in cultured mammalian cells. *Sci Rep* 3:1635.

Gaku Fujii, Sousuke Imamura, Mitsumasa Hanaoka, and Kan Tanaka. Nuclear-encoded chloroplast RNA polymerase sigma factor SIG2 activates chloroplast-encoded phycobilisome genes in a red alga, *Cyanidioschyzon merolae*. *FEBS Lett.*, 査読有, 587(20), 2013, 3354-3359.

Sousuke Imamura, Aiko Ishiwata, Satoru Watanabe, Hirofumi Yoshikawa, and Kan Tanaka. Expression of budding yeast FKBP12 confers rapamycin susceptibility to the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 査読有, 439(2), 2013, 264-269.

2014 年

Kubori T, Hubber AM, *Nagai H. Hijacking the host proteasome for the temporal degradation of bacterial effectors. *Methods Mol Biol* **1197**, 141-152 (2014). doi: 10.1007/978-1-4939-1261-2_8

Abe H, Aikawa C, Nakabachi A, Miyakoshi M, *Maruyama F. [New insights from infection-specific gene expression network]. *Nihon Saikingaku Zasshi* **69**, 539-546 (2014).

- *[Nagai H.](#) [Host-pathogen interaction of Legionella pneumophila]. *Nihon Saikingaku Zasshi* **69**, 503-511 (2014).
- Ishida K, Matsuo J, Yamamoto Y, *[Yamaguchi H.](#) Chlamydia pneumoniae effector chlamydial outer protein N sequesters fructose bisphosphate aldolase A, providing a benefit to bacterial growth. *BMC Microbiol* **14**, 330 (2014). doi: 10.1186/s12866-014-0330-3
- Sawabe T, Ogura Y, Matsumura Y, Feng G, Amin AK, Mino S, Nakagawa S, Sawabe T, Kumar R, Fukui Y, Satomi M, Matsushima R, Thompson FL, Gomez Gil B, Christen R, [Maruyama F.](#) Kurokawa K, Hayashi T. Corrigendum: Updating the Vibrio clades defined by multilocus sequence phylogeny: proposal of eight new clades, and the description of Vibrio tritonius sp. nov. *Front Microbiol* **5**, 583 (2014). doi: 10.3389/fmicb.2014.00583
- Maruyama N, *[Maruyama F.](#) Takeuchi Y, Aikawa C, Izumi Y, Nakagawa I. Intraindividual variation in core microbiota in peri-implantitis and periodontitis. *Sci Rep* **4**, 6602 (2014). doi: 10.1038/srep06602
- Lorena M. Lagos, Oscar U. Navarrete, [Maruyama F.](#) David E. Crowley, Fernanda P. Cid, María L. Mora, Milko A. Jorquera. Bacterial community structures in rhizosphere microsites of ryegrass (Lolium perenne var. Nui) as revealed by pyrosequencing. *Biology and Fertility of Soils* doi:10.1007/s00374-014-0939-2 (2014).
- Haobam B, Nozawa T, Minowa-Nozawa A, Tanaka M, Oda S, Watanabe T, Aikawa C, [Maruyama F.](#) Nakagawa I. Rab17-mediated recycling endosomes contribute to autophagosome formation in response to Group A Streptococcus invasion. *Cell Microbiol* **16**, 1806-1821 (2014). doi: 10.1111/cmi.12329
- Kubori T, Koike M, Bui XT, Higaki S, Aizawa S, *[Nagai H.](#) Native structure of a type IV secretion system core complex essential for Legionella pathogenesis. *Proc Natl Acad Sci U S A* **111**, 11804-11809 (2014). doi: 10.1073/pnas.1404506111
- Segawa T, Ishii S, Ohte N, Akiyoshi A, Yamada A, [Maruyama F.](#) Li Z, Hongoh Y, Takeuchi N. The nitrogen cycle in cryoconites: naturally occurring nitrification-denitrification granules on a glacier. *Environ Microbiol* **16**, 3250-3262 (2014). doi: 10.1111/1462-2920.12543
- Hubber A, Arasaki K, Nakatsu F, Hardiman C, Lambright D, De Camilli P, [Nagai H.](#) Roy CR. The machinery at endoplasmic reticulum-plasma membrane contact sites contributes to spatial regulation of multiple Legionella effector proteins. *PLoS Pathog* **10**, e1004222 (2014). doi: 10.1371/journal.ppat.1004222
- Okada K, Na-Ubol M, Natakathung W, Roobthaisong A, [Maruyama F.](#) Nakagawa I, Chantaroj S, Hamada S. Comparative genomic characterization of a Thailand-Myanmar isolate, MS6, of Vibrio cholerae O1 El Tor, which is phylogenetically related to a "US Gulf Coast" clone. *PLoS One* **9**, e98120 (2014). doi: 10.1371/journal.pone.0098120
- Hori K, [Maruyama F.](#) Fujisawa T, Togashi T, Yamamoto N, Seo M, Sato S, Yamada T, Mori H, Tajima N, Moriyama T, Ikeuchi M, Watanabe M, Wada H, Kobayashi K, Saito M, Masuda T, Sasaki-Sekimoto Y, Mashiguchi K, Awai K *et al.* Klebsormidium flaccidum genome reveals primary factors for plant terrestrial adaptation. *Nat Commun* **5**, 3978 (2014). doi: 10.1038/ncomms4978
- Yamazaki T, Matsuo J, Nakamura S, Oguri S, *[Yamaguchi H.](#) Effect of Ureaplasma parvum co-incubation on Chlamydia trachomatis maturation in human epithelial HeLa cells treated with interferon-gamma. *J Infect Chemother* **20**, 460-464 (2014). doi: 10.1016/j.jiac.2014.04.003
- Nonaka L, [Maruyama F.](#) Onishi Y, Kobayashi T, Ogura Y, Hayashi T, Suzuki S, Masuda M. Various pAQU plasmids possibly contribute to disseminate tetracycline resistance gene tet(M) among marine bacterial community. *Front Microbiol* **5**, 152 (2014). doi: 10.3389/fmicb.2014.00152
- Ishida K, Sekizuka T, Hayashida K, Matsuo J, Takeuchi F, Kuroda M, Nakamura S, Yamazaki T, Yoshida M, Takahashi K, [Nagai H.](#) Sugimoto C, [Yamaguchi H.](#) Amoebal endosymbiont Neochlamydia genome sequence illuminates the bacterial role in the defense of the host amoebae against Legionella pneumophila. *PLoS One* **9**, e95166 (2014). doi: 10.1371/journal.pone.0095166
- Watanabe R, Shimoda T, Yano R, Hayashi Y, Nakamura S, Matsuo J, *[Yamaguchi H.](#) Visualization of hospital cleanliness in three Japanese hospitals with a tendency toward long-term care. *BMC Res Notes* **7**, 121 (2014). doi: 10.1186/1756-0500-7-121
- Sampo A, Matsuo J, Yamane C, Yagita K, Nakamura S, Shouji N, Hayashi Y, Yamazaki T, Yoshida M, Kobayashi M, Ishida K, *[Yamaguchi H.](#) High-temperature adapted primitive Protochlamydia found in

- Acanthamoeba isolated from a hot spring can grow in immortalized human epithelial HEp-2 cells. *Environ Microbiol* **16**, 486-497 (2014). doi: 10.1111/1462-2920.12266
- Ohnishi N, Maruyama F, Ogawa H, Kachi H, Yamada S, Fujikura D, Nakagawa I, Hang'ombe MB, Thomas Y, Mweene AS, Higashi H. Genome Sequence of a Bacillus anthracis Outbreak Strain from Zambia, 2011. *Genome Announc* **2**, (2014). doi: 10.1128/genomeA.00116-14
- Tajima N, Sato S, Maruyama F, Kurokawa K, Ohta H, Tabata S, Sekine K, Moriyama T, Sato N. Analysis of the complete plastid genome of the unicellular red alga Porphyridium purpureum. *J Plant Res* **127**, 389-397 (2014). doi: 10.1007/s10265-014-0627-1
- Okura M, Lachance C, Osaki M, Sekizaki T, Maruyama F, Nozawa T, Nakagawa I, Hamada S, Rossignol C, Gottschalk M, Takamatsu D. Development of a two-step multiplex PCR assay for typing of capsular polysaccharide synthesis gene clusters of Streptococcus suis. *J Clin Microbiol* **52**, 1714-1719 (2014). doi: 10.1128/JCM.03411-13
- Mori H, Maruyama F, Kato H, Toyoda A, Dozono A, Ohtsubo Y, Nagata Y, Fujiyama A, Tsuda M, Kurokawa K. Design and experimental application of a novel non-degenerate universal primer set that amplifies prokaryotic 16S rRNA genes with a low possibility to amplify eukaryotic rRNA genes. *DNA Res* **21**, 217-227 (2014). doi: 10.1093/dnares/dst052
- Goda A, Maruyama F, Michi Y, Nakagawa I, Harada K. Analysis of the factors affecting the formation of the microbiome associated with chronic osteomyelitis of the jaw. *Clin Microbiol Infect* **20**, O309-O317 (2014). doi: 10.1111/1469-0691.12400
- Maruyama S, Tokutsu R and Minagawa J. Transcriptional regulation of the stress-responsive light harvesting complex genes in Chlamydomonas reinhardtii. *Plant Cell Physiol* . 査読あり . 55. 2014. 1304-1310.
- Kim E, Maruyama S. A contemplation on the secondary origin of green algal and plant plastids. *Acta Soc Bot Pol* . 査読あり . 83. 2014. 331-336.
- Tsukagoshi H, Nakamura A, Ishida T, Touhara KK, Otagiri M, Moriya S, Samejima M, Igarashi K, Fushinobu S, Kitamoto K and Arioka M. Structural and biochemical analyses of glycoside hydrolase family 26 糖-マンナンナーゼ from a symbiotic protist of the termite Reticulitermes speratus. *J Biol Chem*. Apr 11;289(15). 2014. 10843-52.
- Tokuda G, Tsuboi Y, Kihara K, Saitou S, Moriya S, Lo N, Kikuchi J. Metabolomic profiling of ¹³C-labelled cellulose digestion in a lower termite: insights into gut symbiont function. *Proc Biol Sci*. Aug 22;281(1789). 2014.20140990.
- Tsukagoshi H, Nakamura A, Ishida T, Otagiri M, Moriya S, Samejima M, Igarashi K, Kitamoto K, Arioka M. The GH26 beta-mannanase RsMan26H from a symbiotic protist of the termite Reticulitermes speratus is an endo-processive mannanohydrolase: heterologous expression and characterization. *Biochem Biophys Res Commun*. Sep 26;452(3). 2014. 520-5.
- Ogawa DM, Moriya S, Tsuboi Y, Date Y, Prieto-da-Silva dis-Baptista G, Yamane T, Kikuchi J. Biogeochemical typing of paddy field by a data-driven approach revealing sub-systems within a complex environment--a pipeline to filtrate, organize and frame massive dataset from multi-omics analyses. *PLoS One*. Oct 20;9(10): e110723. 2014.
- Nakabachi A, Ishida K, Hongoh Y, Ohkuma M and Miyagishima S. Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to an obligate endosymbiont. *Curr. Biol*. 24. 2014. R640-R641. doi: 10.1016/j.cub.2014.06.038
- Yuki M, Oshima K, Suda W, Sakamoto M, Iida T, Hattori M and Ohkuma M. Draft genome sequence of Bacteroides reticulotermitis strain JCM 10512T, isolated from the gut of a termite. *Genome Announc*. 2:e00072-14. 2014. doi:10.1128/genomeA.00072-14
- Ohkuma M, Yuki M, Oshima K, Suda W, Oshida Y, Kitamura K, Iida T and Hattori M. Draft genome sequence of an alkaliphilic and xylanolytic Paenibacillus sp. strain JCM 10914, isolated from the gut of a soil-feeding termite. *Genome Announc*. 2: e01144-13. 2014.doi: 10.1128/genomeA.01144-13
- Shintani M, Matsui K, Inoue J, Hosoyama A, Ohji S, Yamazoe A, Nojiri H, Kinbara K, and Ohkuma M. Single-cell analyses revealed transfer ranges of IncP-1, IncP-7, and IncP-9 plasmids in a soil bacterial community. *Appl. Environ. Microbiol*. 80. 2014. 138-145. doi: 10.1128/AEM.02571-13

- Kawafune K, Hongoh Y, Nozaki H. A rickettsial endosymbiont inhabiting the cytoplasm of *Volvox carteri* (Volvocales, Chlorophyceae). *Phycologia*. 53. 2014. 95-99. doi: 10.2216/13-193.1
- Sato T, Kuwahara H, Fujita K, Noda S, Kihara K, Yamada A, Ohkuma M, Hongoh Y. Intranuclear verrucomicrobial symbionts and evidence of lateral gene transfer to the host protist in the termite gut. *ISME J* 8. 2014. 1008-1019. doi: 10.1038/ismej.2013.222
- Yamaguchi H, Nakayama T, Hongoh Y, Kawachi M, Inoue I. Molecular diversity of endosymbiotic *Nephroselmis* (Nephroselmidophyceae) in *Hatena arenicola* (Katablepharidophycota). *J Plant Res*. 127. 2014. 241-247. doi: 10.1007/s10265-013-0591-1
- Segawa T, Ishii S, Ohte N, Akiyoshi A, Yamada A, Maruyama F, Li Z, Hongoh Y, Takeuchi N. The nitrogen cycle in cryoconites: naturally occurring nitrification-denitrification granules on a glacier. *Environ Microbiol*. 16. 2014. 3250-3262. doi: 10.1111/1462-2920.12543
- 本郷裕一. 「シングルセル・ゲノミクスの現状と展望」. *バイオサイエンスとインダストリー (B&I)*. 72. 2014. 161-165
- 本郷裕一. 「シングルセル・ゲノミクスによる未培養腸内細菌研究の可能性」. *G.I.Research (先端医学社)*. 22. 2014. 93-98
- Nakabachi A, Ishida K, Hongoh Y, Ohkuma M, Miyagishima SY. Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to an obligate endosymbiont. *Curr Biol*. 査読有. 24(14). 2014. R640-1.
- Nakabachi A. Innovative research with potential for pest control: Evolution of a novel organelle in Animalia. *Toyohashi University of Technology e-Newsletter*. 査読無. 16. 2014. 4.
- Sloan DB, Nakabachi A, Richards S, Qu J, Murali SC, Gibbs RA, Moran NA. Parallel histories of horizontal gene transfer facilitated extreme reduction of endosymbiont genomes in sap-feeding insects. *Mol Biol Evol*. 査読有. 31(4). 2014. 857-71.
- Abe H, Aikawa C, Nakabachi A, Miyakoshi M, Maruyama F. New insights from infection-specific gene expression network. *Nihon Saikingaku Zasshi*. 査読有. 69(3). 2014. 539-46.
- Mikaelyan A, Strassert J F H, Tokuda G, Brune A. The fiber-associated cellulolytic bacterial community in the hindgut of wood-feeding higher termites (*Nasutitermes* spp.). *Environmental Microbiology*. 査読有. 16. 2014. 2711-2722.
- Tokuda G, Tsuboi Y, Kihara K, Saitoh S, Moriya S, Lo N, Kikuchi J. Metabolomic profiling of ¹³C-labelled cellulose digestion in a lower termite: insights into gut symbiont function. *Proceedings of the Royal Society B*. 査読有. 281. 2014. 20140990.
- Kenzaka T, Yamada Y, Tani K. Draft genome sequence of an antifungal bacterium isolated from the breeding environment of *Dorcus hopei binodulosus*. *Genome Announc*. 査読有. 2. 2014. e00424-14.
- Kenzaka T, Nakahara M, Higuchi S, Maeda K, Tani K. Draft genome sequences of amoeba-resistant *Aeromonas* spp. isolated from aquatic environments. *Genome Announc*. 査読有. 2. 2014. e01115-14.
- Itoh H, Aita M, Nagayama A, Meng X-Y, Kamagata Y, Navarro R, Hori T, Ohgiya S, Kikuchi Y. Evidence of environmental and vertical transmission of *Burkholderia* symbionts in the oriental chinch bug, *Cavelerius saccharivorus* (Heteroptera: Blissidae). *Applied and environmental microbiology*. 査読有り. 80. 2014. 5974-5983.
- Itoh H, Navarro R, Takeshita K, Tago K, Hayatsu M, Hori T, Kikuchi Y. Bacterial population succession and adaptation affected by insecticide application and soil spraying history. *Frontiers in microbiology*. 査読有り. 5. 2014. 457.
- Kikuchi Y and Fukatsu T. Live imaging of symbiosis: spatiotemporal infection dynamics of a GFP-labelled *Burkholderia* symbiont in the bean bug *Riptortus pedestris*. *Molecular ecology*. 査読有り. 23. 2014. 1445-1456.
- Kim J K, Am Jang H, Won Y J, Kikuchi Y, Han S H, Kim C-H, Nikoh N, Fukatsu T, Lee B L. Purine biosynthesis-deficient *Burkholderia* mutants are incapable of symbiotic accommodation in the stinkbug. *The ISME journal*. 査読有り. 8. 2014. 552-563.

- Kim J K, Han S H, Kim C-H, Jo Y H, Futahashi R, [Kikuchi Y](#), Fukatsu T and Lee B L. Molting-associated suppression of symbiont population and up-regulation of antimicrobial activity in the midgut symbiotic organ of the Riptortus–Burkholderia symbiosis. *Developmental & Comparative Immunology*. 査読有り. 43. 2014. 10-14.
- Tago K, Itoh H, [Kikuchi Y](#), Hori T, Sato Y, Nagayama A, Okubo T, Navarro R, Aoyagi T and Hayashi K. A fine-scale phylogenetic analysis of free-living Burkholderia species in sugarcane field soil. *Microbes and environments*. 査読有り. 29. 2014. 434-437 .
- Takeshita K, Shibata T F, Nikoh N, Nishiyama T, Hasebe M, Fukatsu T, Shigenobu S and [Kikuchi Y](#). Whole-genome sequence of Burkholderia sp. strain RPE67, a bacterial gut symbiont of the bean bug Riptortus pedestris. *Genome announcements*. 査読有り. 2, 2014. e00556-00514.
- Kanno N, Matsuura K and [Haruta S](#). Differences in survivability under starvation conditions among four species of purple nonsulfur phototrophic bacteria. *Microbes and Environments*. 査読有り. 29. 2014. 326-328
- Kawafune K, [Hongoh Y](#) and [Nozaki H](#). A rickettsial endosymbiont inhabiting the cytoplasm of Volvox carteri (Volvocales, Chlorophyceae). *Phycologia*. 査読あり. 53. 2014. 95-99.
- Yang Y, Matsuzaki M, Takahashi F, Qu L and [Nozaki H](#). Phylogenomic analysis of “red” genes from two divergent species of the “green” secondary phototrophs, the chlorarachniophytes, suggests multiple horizontal gene transfers from the red lineage before the divergence of extant chlorarachniophytes. *PLoS ONE*. 査読あり. 9. 2014. e101158.
- Kawafune K, [Hongoh Y](#) and [Nozaki H](#). A rickettsial endosymbiont inhabiting the cytoplasm of Volvox carteri (Volvocales, Chlorophyceae). *Phycologia*. 査読あり. 53. 2014. 95-99.
- [Nozaki H](#), Yamada T K, Takahashi F, Matsuzaki R and Nakada T. New "missing link" genus of the colonial volvocine green algae gives insights into the evolution of oogamy. *BMC Evol. Biol.* 査読あり. 14. 2014. 37.
- Kawai-Toyooka H, Mori T, Hamaji T, Suzuki M, Olson B J S C, Uemura T, Ueda T, Nakano A, Toyoda A, Fujiyama A and [Nozaki H](#). Sex-specific posttranslational regulation of the gamete fusogen GCS1 in the isogamous volvocine alga Gonium pectorale. *Eukaryotic Cell*. 査読あり. 13. 2014. 648-656.
- Matsuzaki R, Hara Y and [Nozaki H](#). A taxonomic study of snow Chloromonas species (Volvocales, Chlorophyceae) based on light and electron microscopy and molecular analysis of cultured material. *Phycologia* 53. 2014 293-304. 査読あり
- Takahashi, T., Sato, M., Toyooka, K. and [Nozaki, H](#). 2014. Surface ornamentation of Cyanophora paradoxa (Cyanophorales, Glaucophyta) cells as revealed by ultra-high resolution field emission scanning electron microscopy. *Cytologia*. 査読あり. 79. 2014. 119-123.
- Yang Y, Matsuzaki M, Takahashi F, Qu L and [Nozaki H](#). Phylogenomic analysis of “red” genes from two divergent species of the “green” secondary phototrophs, the chlorarachniophytes, suggests multiple horizontal gene transfers from the red lineage before the divergence of extant chlorarachniophytes. *PLoS ONE*. 査読あり. 9. 2014. e101158.
- Hirooka S, Higuchi S, Uzuka A, [Nozaki H](#). and Miyagishima SY. Acidophilic green alga Pseudochlorella sp. YKT1 accumulates high amount of lipid droplets under a nitrogen-depleted condition at a low-pH. *PLoS ONE* 9: e107702. 査読あり
- Takahashi T, Sato M, Toyooka K, Matsuzaki R, Kawafune K, Kawamura M, Okuda K and [Nozaki H](#). Five Cyanophora (Cyanophorales, Glaucophyta) species delineated based on morphological and molecular data. *J. Phycol.* 査読あり. 50. 2014. 1058-1069.
- Kiga K, [Mimuro H*](#), Suzuki M, Shinozaki-Ushiku A, Kobayashi T, Sanada T, Kim M, Ogawa M, Iwasaki YW, Kayo H, Fukuda-Yuzawa Y, Yashiro M, Fukayama M, Fukao T, Sasakawa C. Epigenetic silencing of miR-210 increases the proliferation of gastric epithelium during chronic Helicobacter pylori infection. *Nat Commun*. 査読有り. 5. 2014. 4497.
- Irving AT, [Mimuro H](#), Kufer TA, Lo C, Wheeler R, Turner LJ, Thomas BJ, Malosse C, Gantier MP, Casillas LN, Votta BJ, Bertin J, Boneca IG, Sasakawa C, Philpott DJ, Ferrero RL, Kaparakis-Liaskos M. The immune receptor NOD1 and kinase RIP2 interact with bacterial peptidoglycan on early endosomes to promote autophagy and inflammatory signaling. *Cell Host Microbe*. 査読有り. 15(5). 2014. 623-35.

- Suzuki S, Mimuro H, Kim M, Ogawa M, Ashida H, Toyotome T, Franchi L, Suzuki M, Sanada T, Suzuki T, Tsutsui H, Núñez G, Sasakawa C. Shigella IpaH7.8 E3 ubiquitin ligase targets glomulin and activates inflammasomes to demolish macrophages. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 査読有り. 111. 2014. E4254-63.
- Suzuki S, Franchi L, He Y, Muñoz-Planillo R, Mimuro H, Suzuki T, Sasakawa C, Núñez G. Shigella type III secretion protein MxII is recognized by Naip2 to induce Nlr4 inflammasome activation independently of Pkcδ. *PLoS Pathog*. 査読有り. 10(2). 2014. e1003926.
- Maruyama N, Maruyama F, Takeuchi Y, Aikawa C, Izumi Y, Nakagawa I. Intraindividual variation in core microbiota in peri-implantitis and periodontitis. *Sci. Rep*. 査読有り. 4. 2014. 6602.
- Nomoto R, Maruyama F, Ishida S, Tohya M, Sekizaki T, Osawa R. Reappraisal of the taxonomy of *Streptococcus suis* serotypes 20, 22, and 26: *Streptococcus parasuis* sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*. 査読有り. 2014. doi: 10.1099/ijs.0.067116-0.
- Haobam B, Nozawa T, Minowa-Nozawa A, Tanaka M, Oda S, Watanabe T, Aikawa C, Maruyama F, Nakagawa I. Rab17-mediated recycling endosomes contribute to autophagosome formation in response to Group A *Streptococcus* invasion. *Cell. Microbiol*. 査読有り. 2014. doi: 10.1111/cmi.12329.
- Segawa T, Ishii S, Ohte N, Akiyoshi A, Yamada A, Maruyama F, Li Z, Hongoh Y and Takeuchi N. The nitrogen cycle in cryoconites: naturally occurring nitrification-denitrification granules on a glacier. *Environ. Microbiol*. 査読有り. 2014. doi: 10.1111/1462-2920.12543.
- Lagos L, Jorquera M A, Maruyama F, Crowley D E, Cid F, Mora M L. Bacterial community structures in rhizosphere microsites of ryegrass grown in volcanic soils as revealed by pyrosequencing. *Biol. Fertil. Soils*. 査読有り. 2014. doi: 10.1007/s00374-014-0939-2.
- Hori K, Maruyama F, Fujisawa T, Togashi T, Yamamoto N, Seo M, Sato S, Yamada T, Mori H, Tajima N, Moriyama T, Ikeuchi M, Watanabe M, Wada H, Kobayashi K, Saito M, Masuda T, Sasaki-Sekimoto Y, Mashiguchi K, Awai K, Shimojima M, Masuda S, Iwai M, Nobusawa T, Narise T, Kondo S, Saito H, Sato R, Murakawa M, Ihara Y, Oshima Y, Ohtaka K, Satoh M, Sonobe K, Ishii M, Ohtani R, Kanamori M, Honoki R, Miyazaki D, Mochizuki H, Umetsu J, Higashi K, Shibata D, Kamiya Y, Sato N, Nakamura Y, Tabata S, Ida S, Kurokawa K, Ohta H. *Klebsormidium flaccidum* genome reveals primary factors for plant terrestrial adaptation. *Nature Commun*. 査読有り. 5. 2014. 3978.
- Okada K, Na Ubol M, Natakathung W, Roobthaisong A, Maruyama F, Nakagawa I, Chantaroj S, Hamada S. Comparative genomic characterization of a Thailand-Myanmar isolate, MS6, of *Vibrio cholerae* O1 El Tor, which is phylogenetically related to a "US Gulf Coast" clone. *PLoS One*. 査読有り. 9. 2014. e98120.
- Nonaka L, Maruyama F, Onishi Y, Kobayashi T, Ogura Y, Hayashi T, Suzuki S, Masuda M. Various pAQU plasmids possibly contribute to disseminate tetracycline resistance gene tet(M) among marine bacterial community. *Front. Microbiol*. 査読有り. 5. 2014. 152.
- Tajima N, Sato S, Maruyama F, Kurokawa K, Ohta H, Tabata S, Sekine K, Moriyama T, Sato N. Analysis of the complete plastid genome of the unicellular red alga *Porphyridium purpureum*. *J. Plant Res*. 査読有り. 127. 2014. 389-397.
- Ohnishi N, Maruyama F, Ogawa H, Kachi H, Yamada S, Fujikura D, Nakagawa I, Hang'ombe M, B, Thomas Y, Mweene A, S and Higashi H. Genome Sequence of *Bacillus anthracis* outbreak strain in Zambia, 2011. *Genome Announc*. 査読有り. 6. 2014. e00116-114.
- Okura M, Lachance C, Osaki M, Sekizaki T, Maruyama F, Nozawa T, Nakagawa I, Hamada S, Rossignol C, Gottschalk M and Takamatsu D. Development of a two-step multiplex PCR assay for typing of capsular polysaccharide synthesis gene clusters of *Streptococcus suis*. *J. Clin. Microbiol*. 査読有り. 52. 2014. 1714-1719.
- Goda A, Maruyama F, Michi Y, Nakagawa I and Harada K. Analysis of the factors affecting the formation of the microbiome associated with chronic osteomyelitis of the jaw. *Clin. Microbiol. Infect*. 査読有り. 20. 2014. O309-O317.
- 遺伝子改変育種に革新技術“異次元”のゲノム編集(インタビュー記事). *日経バイオテク*. 査読無し. 2014. 11-10.

安倍裕順, 相川知宏, 中鉢淳, 宮腰昌利, 丸山史人. 感染特異的遺伝子発現ネットワークからの新展開. 日本細菌学雑誌. 査読有り. 69. 2014. 539-46

Yamaguchi H, Nakayama T, Hongoh Y, Kawachi M, Inouye I. Molecular diversity of endosymbiotic Nephroselmis (Nephroselmidophyceae) in *Hatena arenicola* (Katablepharidophycota). *Journal of Plant Research*, 127(2):241-247 2014

Shiratori T, Yokoyama A, Ishida K. Phylogeny, ultrastructure, and flagellar apparatus of a new marimonad flagellate *Abollifer globosa* sp. nov. (Imbricatea, Cercozoa). *Protist* 165(6):808-824. 2014

Hirakawa Y., Ishida K. Polyploidy of endosymbiotically derived genomes in complex algae. *Genome Biology and Evolution* 6(4):974-980. 2014

Yabuki A., Kamikawa R., Ishikawa S., Kolisko M., Kim E., Tanabe A., Kume K., Ishida K., Inagaki Y. *Palpitomonas bilix* represents a basal cryptist lineage: insight into the character evolution in Cryptista. *Scientific Reports* 4: 4641 (DOI: 10.1038/srep04641). 2014

Kamikawa R., Kolisko M., Nishimura Y., Yabuki A. Brown M. W., Ishikawa S. A., Ishida K., Roger A. J., Hashimoto T., Inagaki Y. Gene Content Evolution in Discobid Mitochondria Deduced from the Phylogenetic Position and Complete Mitochondrial Genome of *Tsukubamonas globosa*. *Genome Biology and Evolution* 6(2):306-315. 2014

Hirakawa Y., Suzuki S., Archibald J. M., Keeling P. J., Ishida K. Overexpression of molecular chaperone genes in nucleomorph genomes. *Molecular Biology and Evolution* 31(6):1437-1443. 2014

Nomura M., Nakayama T., Ishida K. Detailed Process of Shell Construction in the Photosynthetic Testate Amoeba *Paulinella chromatophora* (Euglyphid, Rhizaria). *Journal of Eukaryotic Microbiology* 61:317-321. 2014

Owari A., Hayashi A., Ishida K. Subcellular localization of minicircle DNA in the dinoflagellate *Amphidinium massartii*. *Phycological Research* 62:1-8. 2014

Fukuda S., Iwamoto K., Atsumi M., Yokoyama A., Nakayama T., Ishida K., Inouye I., Shiraiwa Y. Screening of microalgae and aquatic plants that can eliminate radioactive cesium, iodine and strontium by bioaccumulation from radio-contaminated aquatic environment. *Journal of Plant Research* 127:79-89. 2014

Yang Y, Matsuzaki M, Takahashi F, Qu L, Nozaki H Phylogenomic analysis of "red" genes from two divergent species of the "green" secondary phototrophs, the chlorarachniophytes, suggests multiple horizontal gene transfers from the red lineage before the divergence of extant chlorarachniophytes. *PloS One* 9:e101158. 2014

Chandra, M., Mukherjee, M., Srivastava, V.K., Saito-Nakano, Y., Nozaki, T., Datta, S. Insights into GTP/GDP cycle of RabX3, a novel GTPase from *Entamoeba histolytica* with tandem G-domains. *Biochemistry* 53, 1191-1205, 2014. doi: 10.1021/bi401428f.

Hertz, R., Tovy, A., Kirschenbaum, M., Geffen, M., Nozaki, T., Adir, N., and Ankri, S. The *Entamoeba histolytica* Dnmt2 homolog (Ehmet) confers resistance to nitrosative stress. *Eukaryot Cell*. 13, 494-503, 2014. doi: 10.1128/EC.00031-14.

Marumo, K., Nakada-Tsukui, K., Tomii, K., and Nozaki, T. Ligand heterogeneity of the cysteine protease binding protein family in the parasitic protist *Entamoeba histolytica*. *Int. J. Parasitol.* 44, 625-35 2014. doi: 10.1016/j.ijpara.2014.04.008.

Jeelani, G. and Nozaki, T. Metabolomic analysis of *Entamoeba*: applications and implications. *Curr. Opin. Microbiol.* 20C:118-124, 2014. doi: 10.1016/j.mib.2014.05.016.

Valdés, J., Nozaki, T., Sato, E., Chiba, Y., Nakada-Tsukui, K., Villegas-Sepúlveda, N., Winkler, R., Azuara-Liceaga, E., Mendoza-Figueroa, M. S., Watanabe, N., Santos, H. J., Saito-Nakano, Y., Galindo-Rosales, J. M. Proteomic analysis of *Entamoeba histolytica* in vivo assembled pre-mRNA splicing complexes. *J Proteomics*. 111:30-45, 2014. doi: 10.1016/j.jprot.2014.07.027

Anwar, S., Dikhit, M. R., Singh, K. P., Kar, R. K., Zaidi, A., Sahoo, G. C., Roy, A. K., Nozaki, T., Das, P., and Ali, V. Interaction between Nbp35 and Cfd1 proteins of cytosolic Fe-S cluster assembly reveals a stable complex formation in *Entamoeba histolytica*. *PLoS One* 9, e108971, 2014. doi: 10.1371/journal.pone.0108971.

Jeelani, G., Sato, D., Soga, T., Watanabe, H., Nozaki, T. Mass Spectrometric analysis of L-cysteine metabolism: physiological role and fate of L-cysteine in the enteric protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. *MBio*. 5(6),

e01995, 2014. doi: 10.1128/mBio.01995-14.

牧内貴志, 野崎智義 (2014) 酸素がないっ！ そのときミトコンドリアは？ミトコンドリア極限進化モデル：赤痢アメーバ in 細胞進化の証人たち：細胞進化モデル生物図鑑 第5回 細胞工学 33 (3), 2014

Sugita-Konishi Y, Fukuda Y, Mori K, Mekata T, Namba T, Kuroda M, Yamazaki A, Ohnishi T. New validated rapid screening methods for identifying *Kudoa septempunctata* in olive flounder (*Paralichthys olivaceus*). *Jpn J Infect Dis.* 2015;68(2):145-7. doi: 10.7883/yoken.JJID.2014.133. Epub 2014 Dec 24. PubMed PMID: 25672358. (査読有)

Kamikawa R, Kolisko M, Nishimura Y, Yabuki A, Brown MW, Ishikawa SA, Ishida K, Roger AJ, Hashimoto T, Inagaki Y. Gene content evolution in Discobid mitochondria deduced from the phylogenetic position and complete mitochondrial genome of *Tsukubamonas globosa*. *Genome Biol Evol* 6, 306-315 (2014). doi: 10.1093/gbe/evu015

Nishimura Y, Kamikawa R, Hashimoto T, Inagaki Y. An intronic open reading frame was released from one of group II introns in the mitochondrial genome of the haptophyte sp. NIES-1333. *Mob Genet Elements* 4, e29384 (2014). doi: 10.4161/mge.29384

Nakayama T, Inagaki Y. Unique genome evolution in an intracellular N₂-fixing symbiont of a rhopalodiacean diatom. *Acta Soc Bot Pol* 2014 83:409-413.

Nakayama T, Kamikawa R, Tanifuji G, Kashiyama Y, Ohkouchi N, Archibald JM, Inagaki Y. Complete genome of a nonphotosynthetic cyanobacterium in a diatom reveals recent adaptations to an intracellular lifestyle. *Proc Natl Acad Sci USA* 2014 111:11407-11412.

Kamikawa R, Inagaki Y, Hashimoto T. Secondary loss of a cis-spliced intron during the divergence of *Giardia intestinalis* assemblages. *BMC Res Notes* 2014 7:413.

Nishimura Y, Kamikawa R, Hashimoto T, Inagaki Y. An intronic open reading frame was released from one of group II introns in the mitochondrial genome of the haptophyte *Chrysochromulina* sp. NIES-1333. *Mob Genet Elements* 2014 4:e29384.

Yabuki A, Kamikawa R, Ishikawa SA, Kolisko M, Kim E, Tanabe AS, Kume K, Ishida K, Inagaki Y. *Palpitomonas bilix* represents a basal cryptist lineage: insight into the character evolution in Cryptista. *Sci Rep* 2014 4:4641.

Kamikawa R, Kolisko M, Nishimura Y, Yabuki A, Brown MW, Ishikawa SA, Ishida K, Roger AJ, Hashimoto T, Inagaki Y. Gene content evolution in Discobid mitochondria deduced from the phylogenetic position and complete mitochondrial genome of *Tsukubamonas globosa*. *Genome Biol Evol* 2014 6:306-315.

Hieno A, Naznin HA, Hyakumachi M, Sakurai T, Tokizawa M, Koyama H, Sato N, Nishiyama T, Hasebe M, Zimmer AD, Lang D, Reski R, Rensing SA, Obokata J, Yamamoto YY. ppdb: plant promoter database version 3.0. *Nuc Acid Res* 2014 42(Database issue):1188-1192.

Shin MR, Natsuume M, Matsumoto T, Hanaoka M, Imai M, Iijima K, Oka S, Adachi E, Kodama H. Sense transgene-induced post-transcriptional gene silencing in tobacco compromises the splicing of endogenous counterpart genes. *PLoS One* 2014 9:e87869.

Tewari RK, Satoh M, Kado S, Mishina K, Anma M, Enami K, Hanaoka M, Watanabe M. Overproduction of stromal ferredoxin:NADPH oxidoreductase in H₂O₂-accumulating *Brassica napus* leaf protoplasts. *Plant Mol Biol* 2014 86: 627-639.

Dodd AN, Kusakina J, Hall A, Gould PD, Hanaoka M. The circadian regulation of photosynthesis. *Photosynth Res* 2014 119: 181-190.

Yasukawa S, Miyazaki Y, Yoshii C, Nakaya M, Ozaki N, Toda S, Kuroda E, Ishibashi K, Yasuda T, Natsuaki Y, Mi-Ichi F, Iizasa E, Nakahara T, Yamazaki M, Kabashima K, Iwakura Y, Takai T, Saito T, Kurosaki T, Malissen B, Ohno N, Furue M, Yoshida H, Hara H. An ITAM-Syk-CARD9 signalling axis triggers contact hypersensitivity by stimulating IL-1 production in dendritic cells. *Nat Commun* 2014 5:3755.

Shiba-Fukushima K, Inoshita T, Hattori N, Imai Y. Lysine 63-linked polyubiquitination is dispensable for Parkin-mediated mitophagy. *J Biol Chem* 2014 289:33131-33136.

Shiba-Fukushima K, Arano T, Matsumoto G, Inoshita T, Yoshida S, Ishihama Y, Ryu KY, Nukina N, Hattori N, Imai Y. Phosphorylation of mitochondrial polyubiquitin by PINK1 promotes Parkin mitochondrial tethering. *PLoS*

Genet 2014 10:e1004861.

Shiba-Fukushima K, Inoshita T, Hattori N, Imai Y. PINK1-mediated phosphorylation of Parkin boosts Parkin activity in *Drosophila*. **PLoS Genet** 2014 10:e1004391.

Yamagishi M, Onishi Y, Yoshimura S, Fujita H, Imai K, Kida Y, Sakaguchi M. A few positively charged residues slow movement of a polypeptide chain across the endoplasmic reticulum membrane. **Biochemistry** 2014 53:5375-5383.

Yabuki A, Toyofuku T, Takishita K. Lateral transfer of eukaryotic ribosomal RNA genes: an emerging concern for molecular ecology of microbial eukaryotes. **ISME J** 2014 8:1544-1547.

Imai T, Nakamura T, Maeda T, Nakayama K, Gao X, Nakashima T, Kakuta Y, Kimura M. Pentatricopeptide repeat motifs in the processing enzyme PRORP1 in *Arabidopsis thaliana* play a crucial role in recognition of nucleotide bases at TpsiC loop in precursor tRNAs. **Biochem Biophys Res Commun** 2014 450:1541-1546.

Okuda K, Shoki H, Arai M, Shikanai T, Small I, Nakamura T. Quantitative analysis of motifs contributing to the interaction between PLS-subfamily members and their target RNA sequences in plastid RNA editing. **Plant J** 2014 80:870-882.

Kawahara F, Zhang G, Suzuki T, Iwata A, **Nagamune K**, Nunoya T. Characterization of *Eimeria brunetti* isolated from a poultry farm in Japan. *J. Vet. Med. Sci.* 2014, 76 (1), 25-9 査読有り

Matsuo K, Kamai R, Uetsu H, Goto H, Takashima Y, **Nagamune, K**. Seroprevalence of *Toxoplasma gondii* infection in cattle, horses, pigs and chickens in Japan. *Parasitol. Int.* 2014, 63 (4), 638-639 査読有り

Yamasaki H, Arakawa K, Ohashi T, Yagita K, Morishima Y, Sugiyama H, **Nagamune K**, Kakinuma M, Osada Y, Oushiki D, Hasegawa A. Development of a Tool for Evaluating the Risk of Health Damage by Meat-borne Parasite Infection. *Food Safety*, 2014, 2 (4), 151-159 査読有り

Recuenco FC, Takano R, Chiba S, Sugi T, Takemae H, Murakoshi F, Ishiwa A, Inomata A, Horimoto T, Kobayashi Y, Horiuchi N, **Kato K**. Lambda-carrageenan treatment exacerbates the severity of cerebral malaria caused by *Plasmodium berghei* ANKA in BALB/c mice. **Malar J.** 13:487. (2014) 査読有り

Murakoshi F, Takeuchi M, Inomata A, Horimoto T, Ito M, Suzuki Y, **Kato K**. Administration of lasalocid-NA is preventive against Cryptosporidiosis of newborn calves. **Vet Rec.** 175:353. (2014) 査読有り

Sugi T, Masatani T, Murakoshi F, Kawazu S, **Kato K**. Microplate assay for screening *Toxoplasma gondii* bradyzoite differentiation with DUAL luciferase assay. **Anal Biochem.** 464C:9-11. (2014) 査読有り

Takemae H, Sugi T, Kobayashi K, Murakoshi F, Recuenco FC, Ishiwa A, Inomata A, Horimoto T, Yokoyama N, **Kato K**. Analyses of the binding between *Theileria orientalis* major piroplasm surface proteins and bovine red blood cells. **Vet Rec.** 175:149. (2014) 査読有り

Takemae H, Sugi T, Kobayashi K, Murakoshi F, Gong H, Recuenco FC, Ishiwa A, Inomata A, Horimoto T, Yokoyama N, **Kato K**. Interaction between *Theileria orientalis* 23-kDa piroplasm membrane protein and heparin. **Jpn J Vet Res.** 62:17-24. (2014) 査読有り

Recuenco FC, Kobayashi K, Ishiwa A, Enomoto-Rogers Y, Fundador NGV, Sugi T, Takemae H, Iwanaga T, Murakoshi F, Gong H, Inomata A, Horimoto T, Iwata T, **Kato K**. Gellan sulfate inhibits *Plasmodium falciparum* growth and invasion of red blood cells *in vitro*. **Sci Rep. (Nature Publishing Group)** 4:4723. (2014) 査読有り

Miyagishima, S., Kabeya, Y., Sugita, C., Sugita, M., Fujiwara, T. DipM is required for peptidoglycan hydrolysis during chloroplast division *BMC Plant Biol.* 14 号 2014 年 Article number 57

Miyagishima, S., Fujiwara, T., Sumiya, N., Hirooka, S., Nakano, A., Kabeya, Y., and Nakamura, M. *Nature Comm.* 5 号 2014 年 Article number 3807

Kazama, T., Toriyama, K. A fertility restorer gene *Rf4* widely used for hybrid rice breeding encodes a pentatricopeptide repeat protein. *Rice* 7, 28: 1-5 (2014) (査読有り)

Fujii, S., Kazama, T., Ito, Y., Kojima, S., Toriyama, K. A candidate factor that interacts with RF2, a restorer of fertility of Lead rice-type cytoplasmic male sterility in rice. *Rice* 7, 21:1-4 (2014) (査読有り)

Honma H, **Hirai M**, Nakamura S, Hakimi H, Kawazu S, Palacpac NM, **Hisaeda H**, Matsuoka H, Kawai S, Endo H, Yasunaga T, Ohashi J, Mita T, Horii T, Furusawa M, Tanabe K: Generation of rodent malaria parasites with a high mutation rate by destructing proofreading activity of DNA polymerase δ . **DNA Res.** 2014 Aug;21(4):439-46. doi: 10.1093/dnares/dsu009.

Imai T, Iwawaki T, Akai R, Suzue K, **Hirai M**, Taniguchi T, Okada H, **Hisaeda H**. Evaluating experimental cerebral malaria using oxidative stress indicator OKD48 mice. **Int J Parasitol.** 2014 Sep;44(10):681-5.

The things that Professor Tanabe left for us. **Hirai M. Parasitol Int.** 2014 Sep 26. pii: S1383-5769(14)00131-7.

Ma JS, Sasai M, Ohshima J, Lee Y, Bando H, Takeda K, Yamamoto M (Corresponding author). Selective and strain-specific NFAT4 activation by the *Toxoplasma gondii* polymorphic dense granule protein GRA6. **J Exp Med.** (2014) 211:2013-32.

Pilla DM, Hagar JA, Haldar AK, Mason AK, Degrandi D, Pfeffer K, Ernst RK, **Yamamoto M**, Miao EA, Coers J. Guanylate binding proteins promote caspase-11-dependent pyroptosis in response to cytoplasmic LPS. **Proc Natl Acad Sci U S A.** (2014) 111:6046-51.

Meunier E, Dick MS, Dreier RF, Schürmann N, Kenzelmann Broz D, Warming S, Roose-Girma M, Bumann D, Kayagaki N, Takeda K, **Yamamoto M**, Broz P. Caspase-11 activation requires lysis of pathogen-containing vacuoles by IFN-induced GTPases. **Nature.** (2014)509:366-70.

Ohshima J, Lee Y, Sasai M, Saitoh T, Ma JS, Kamiyama N, Matsuura Y, Pann-Ghill S, Hayashi M, Ebisu S, Takeda K, Akira S, **Yamamoto M** (Corresponding author). Role of the mouse and human autophagy proteins in IFN- γ -induced cell-autonomous responses against *Toxoplasma gondii*. **J Immunol.** (2014) 192: 3328-3335.

Haldar AK, Piro AS, Pilla DM, **Yamamoto M**, Coers J. The E2-Like Conjugation Enzyme Atg3 Promotes Binding of IRG and Gbp Proteins to Chlamydia- and *Toxoplasma*-Containing Vacuoles and Host Resistance. **PLoS One.** (2014) 9:e86684.

Ono C, Ninomiya A, Yamamoto S, Abe T, Wen X, Fukuhara T, Sasai M, **Yamamoto M**, Saitoh T, Satoh T, Kawai T, Ishii KJ, Akira S, Okamoto T, Matsuura Y. Innate immune response induced by baculovirus attenuates transgene expression in mammalian cells. **J Virol.** (2014) 88:2157-2167.

Shunkei Enoki, Akinori Shimizu, Chisato Hayashi, Hirotake Imanishi, Osamu Hashizume, Kazuyuki Mekada, Hitoshi Suzuki, Tetsuo Hashimoto, Kazuto Nakada, **Jun-Ichi Hayashi** (2014) Selection of rodent species appropriate for mtDNA transfer to generate transmitochondrial mito-mice expressing mitochondrial respiration defects. **Exp. Anim.** 63: 21-30.

Akinori Shimizu, Takayuki Mito, Chisato Hayashi, Emi Ogasawara, Ryusuke Koba, Issei Negishi, Keizo Takenaga, Kazuto Nakada, **Jun-Ichi Hayashi** (2014) Transmitochondrial mice as models for primary prevention of diseases caused by mutation in the *tRNA^{Lys}* gene. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 111: 3104-3109.

Haruka Yamanashi, Osamu Hashizume, Hiromichi Yonekawa, Kazuto Nakada, **Jun-Ichi Hayashi** (2014) Administration of an antioxidant prevents lymphoma development in transmitochondrial mice overproducing reactive oxygen species. **Exp. Anim.**63: 459-466.

Natsumi Uehara, Masato Mori, Yoshimi Tokuzawa, Yosuke Mizuno, Shunsuke Tamaru, Masakazu Kohda, Yohsuke Moriyama, Yutaka Nakachi, Nana Matoba, Tetsuro Sakai, Taro Yamazaki, Hiroko Harashima, Kei Murayama, Keisuke Hattori, **Jun-Ichi Hayashi**, Takanori Yamagata, Yasunori Fujita, Masafumi Ito, Masashi Tanaka, Ken-ichi Nibu, Akira Ohtake, Yasushi Okazaki (2014) New *MT-ND6* and *NDUFA1* mutations in mitochondrial respiratory chain disorders. **Annals of Clinical and Translational Neurology** 1: 361-369.

Aikawa S., Nishida A., Ho S.H., Chang J.S., Hasunuma T., Kondo A., "Glycogen production for biofuels by the euryhaline cyanobacteria *Synechococcus* sp. strain PCC 7002 from an oceanic environment", **Biotechnology for Biofuels**, 7, 2014, 88

van Schaijk BC, Ploemen IH, **Annoura T**, Vos MW, Foquet L, van Gemert GJ, Chevalley-Maurel S, van de Vegte-Bolmer M, Sajid M, Franetich JF, Lorthiois A, Leroux-Roels G, Meuleman P, Hermsen CC, Mazier D, Hoffman SL, Janse CJ, Khan SM, Sauerwein RW. A genetically attenuated malaria vaccine candidate based on *P. falciparum* b9/slarp gene-deficient sporozoites. **Elife** 査読有. 3, (2014). eLife.03582

Lin JW, Shaw TN, **Annoura T**, Fougere A, Bouchier P, Chevalley-Maurel S, Kroeze H, Franke-Fayard B, Janse CJ, Couper KN, Khan SM. The subcellular location of ovalbumin in *Plasmodium berghei* blood stages influences the magnitude of T-cell responses. **Infect Immun** 査読有. 82, (2014). 4654-4665

Annoura T, van Schaijk BC, Ploemen IH, Sajid M, Lin JW, Vos MW, Dinmohamed AG, Inaoka DK, Rijpma SR, van Gemert GJ, Chevalley-Maurel S, Kielbasa SM, Scheltinga F, Franke-Fayard B, Klop O, Hermesen CC, Kita K, Gego A, Franetich JF, Mazier D *et al.* Two Plasmodium 6-Cys family-related proteins have distinct and critical roles in liver-stage development. *FASEB J* 査読有. 28, (2014). 2158-2170

Satoru Watanabe, Jun Sato, Sousuke Imamura, Mio Ohnuma, Yusaku Ohoba, Taku Chibazakura, Kan Tanaka, and Hirofumi Yoshikawa. Stable Expression of a GFP-reporter Gene in the Red Alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 査読有, 78(1), 2014, 175-177.

2015 年

Shoji M, Takeshita T, Maruyama F, Inaba H, Imai K, *Kawada-Matsuo M. [Recent advances in the field of oral bacteriology]. *Nihon Saikingaku Zasshi* **70**, 333-338 (2015). doi: 10.3412/jsb.70.333

Wada T, Maruyama F, Iwamoto T, Maeda S, Yamamoto T, Nakagawa I, Yamamoto S, *Ohara N. Deep sequencing analysis of the heterogeneity of seed and commercial lots of the bacillus Calmette-Guerin (BCG) tuberculosis vaccine substrain Tokyo-172. *Sci Rep* **5**, 17827 (2015). doi: 10.1038/srep17827

Watanabe T, Murase K, Nakagawa I, *Maruyama F. 原核生物の獲得免疫に見られる新機構から紐解かれてきたゲノム進化. *化学療法の領域* 31:118-128. (2015).

Kubori T, *Nagai H. The Type IVB secretion system: an enigmatic chimera. *Curr Opin Microbiol* **29**, 22-29 (2015). doi: 10.1016/j.mib.2015.10.001

*Ushida K, Tsuchida S, Ogura Y, Toyoda A, Maruyama F. Domestication and cereal feeding developed domestic pig-type intestinal microbiota in animals of suidae. *Anim Sci J*. doi: 10.1111/asj.12492. (2015).

Kato H, Mori H, Maruyama F, Toyoda A, Oshima K, Endo R, Fuchu G, Miyakoshi M, Dozono A, Ohtsubo Y, Nagata Y, Hattori M, Fujiyama A, Kurokawa K, *Tsuda M. Time-series metagenomic analysis reveals robustness of soil microbiome against chemical disturbance. *DNA Res* (2015). doi: 10.1093/dnares/dsv023

Yamazaki T, Matsuo J, Kikuchi M, Miyamoto K, Oka K, Takahashi M, Takahashi S, Okubo T, *Yamaguchi H. Draft Genome Sequence of Chlamydia trachomatis Strain 54 Isolated from the Urogenital Tract of a Male in Japan. *Genome Announc* **3**, e01242-15 (2015).

Yamazaki T, Matsuo J, Takahashi S, Kumagai S, Shimoda T, Abe K, Minami K, *Yamaguchi H. *J Infect Chemother*. Dec;21(12):842-8. doi: 10.1016/j.jiac.2015.08.016. (2015) .

Oguri S, Hanawa T, Matsuo J, Ishida K, Yamazaki T, Nakamura S, Okubo T, Fukumoto T, Akizawa A, Shimizu C, Kamiya S, *Yamaguchi H. Protozoal ciliate promotes bacterial autoinducer-2 accumulation in mixed culture with Escherichia coli. *J Gen Appl Microbiol* 2015;61(5):203-10. doi: 10.2323/jgam.61.203 (2015).

Aikawa C, Maruyama F, Nakagawa I. CRISPR/Cas システム：微生物における新規機能とゲノム編集適用例. *乳酸菌学会誌* **26**, 14-21 (2015).

Matsumura Y, Al-saari H, Mino S, Nakagawa S, Maruyama F, Ogura Y, Hayashi T, Kurokawa K, Sawabe T, Sawabe T. Identification of a gene cluster responsible for hydrogen evolution in Vibrio tritonus strain AM2 with transcriptional analyses. *International Journal of Hydrogen Energy* **40**, 9137-9146 (2015).

Okada K, Natakathung W, Na-Ubol M, Roobthaisong A, Wongboot W, Maruyama F, Nakagawa I, Chantaroj S, Hamada S. Characterization of 3 Megabase-Sized Circular Replicons from Vibrio cholerae. *Emerg Infect Dis* **21**, 1262-1263 (2015). doi: 10.3201/eid2107.141055

Kuroda T, Kubori T, Thanh Bui X, Hyakutake A, Uchida Y, Imada K, *Nagai H. Molecular and structural analysis of Legionella DotI gives insights into an inner membrane complex essential for type IV secretion. *Sci Rep* **5**, 10912 (2015). doi: 10.1038/srep10912

Minegishi K, Watanabe T, Furukawa A, Uchida K, Suzuki Y, Akashi T, *Maruyama F, Nakagawa I, Eishi Y. Genetic profiles of Propionibacterium acnes and identification of a unique transposon with novel insertion sequences in sarcoid and non-sarcoid isolates. *Sci Rep* **5**, 9832 (2015). doi: 10.1038/srep09832

Nonaka L, Maruyama F, Suzuki S, Masuda M. Novel macrolide-resistance genes, mef(C) and mph(G), carried by plasmids from Vibrio and Photobacterium isolated from sediment and seawater of a coastal aquaculture site.

Matsuo J, Nakamura S, Takeda S, Ishida K, Yamazaki T, Yoshida M, Chiba H, Hui SP, *Yamaguchi H. Synergistic Costimulatory Effect of Chlamydia pneumoniae with Carbon Nanoparticles on NLRP3 Inflammasome-Mediated Interleukin-1beta Secretion in Macrophages. *Infect Immun* **83**, 2917-2925 (2015). doi: 10.1128/IAI.02968-14

*Yamaguchi H, Matsuo J, Yamazaki T, Ishida K, Yagita K. Draft Genome Sequence of High-Temperature-Adapted Protochlamydia sp. HS-T3, an Amoebal Endosymbiotic Bacterium Found in Acanthamoeba Isolated from a Hot Spring in Japan. *Genome Announc* **3**, (2015). doi: 10.1128/genomeA.01507-14

Yamane C, Yamazaki T, Nakamura S, Matsuo J, Ishida K, Yamazaki S, Oguri S, Shouji N, Hayashi Y, Yoshida M, Yimin, *Yamaguchi H. Amoebal endosymbiont Parachlamydia acanthamoebae Bn9 can grow in immortal human epithelial HEp-2 cells at low temperature; an in vitro model system to study chlamydial evolution. *PLoS One* **10**, e0116486 (2015). doi: 10.1371/journal.pone.0116486

Endo A, Watanabe T, Ogata N, Nozawa T, Aikawa C, Arakawa S, *Maruyama F, Izumi Y, Nakagawa I. Comparative genome analysis and identification of competitive and cooperative interactions in a polymicrobial disease. *ISME J* **9**, 629-642 (2015). doi: 10.1038/ismej.2014.155

Yuki M, Kuwahara H, Shintani M, Izawa K, Sato T, D Starns, Hongoh Y, and Ohkuma M. Dominant ectosymbiotic bacteria of cellulolytic protists in the termite gut also have the potential to digest lignocellulose. *Environ. Microbiol.* **17**. 2015. 4942-4953. doi: 10.1111/1462-2920.12945

Ohkuma M, Noda S, Hattori S, Iida T, Yuki M, D Starns, Inoue J, A C Darby, and Hongoh Y. Acetogenesis from H₂ plus CO₂ and nitrogen fixation by an endosymbiotic spirochete of a termite-gut cellulolytic protist. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **112**(33). 2015. 10224-10230. doi: 10.1073/pnas.1423979112

Inoue J, Oshima K, Suda W, Sakamoto M, Iino T, Noda S, Hongoh Y, Hattori M, and Ohkuma M. Distribution and evolution of nitrogen fixation genes in the phylum Bacteroidetes. *Microbes Environ.* **30**. 2015. 44-50. doi:10.1264/jsme2.ME14142

Pramono, A K, Sakamoto M, Iino, T, Hongoh Y, Ohkuma M. *Dysgonomonas termitidis* sp. nov., isolated from the gut of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **65**. 2015. 681-685. doi:10.1099/ijs.0.070391-0

Murakami T, Segawa T, Bodington D, Dial R, Takeuchi N, Kohshima S, Hongoh Y. Census of bacterial microbiota associated with the glacier ice worm *Mesenchytraeus solifugus*. *FEMS Microbiol Ecol.* **91**:fiv003. 2015. doi: <http://dx.doi.org/10.1093/femsec/fiv003>

Kawafune K, Hongoh Y, Hamaji T, Sakamoto T, Kurata T, Hirooka S, Miyagishima S, Nozaki H. Two different rickettsial bacteria invading *Volvox carteri*. *PLoS One* **10**: e0116192. 2015. doi: 10.1371/journal.pone.0116192

David V, Flegontov P, Gerasimov E, Tanifuji G, Hashimi H, Logacheva MD, Maruyama S, Onodera NT, Gray MW, Archibald JM, Lukes J. Gene Loss and Error-Prone RNA Editing in the Mitochondrion of *Perkinsella*, an Endosymbiotic Kinetoplastid. *MBio*. 査読あり. **6**. 2015. e01498-e01415.

Maruyama S, Shoguchi E, Satoh N, Minagawa J. Diversification of the light-harvesting complex gene family via intra- and intergenic duplications in the coral symbiotic alga *Symbiodinium*. *PLoS One*. 査読あり. **10**. 2015. e0119406.

Nakabachi A. Horizontal gene transfers in insects. *Curr Opin Insect Sci.* 査読有. **7**. 2015. 24-29.

中鉢淳. 動物界で見つかった「新規オルガネラ」進化—アブラムシは細菌から獲得した遺伝子を発現し、産物タンパク質を共生細菌へ輸送する—. *化学と生物*. 査読無. **53**(12). 2015. 820-821.

中鉢淳. 動物で見つかった「新規オルガネラ」進化. *科研費NEWS* **2014**. 査読無. **4**. 2015. 15.

Kinjo Y, Saitoh S, Tokuda G. An efficient strategy developed for next-generation sequencing of endosymbiont genomes performed using crude DNA isolated from host tissues: a case study of *Blattabacterium cuenoti* inhabiting the fat bodies of cockroaches. *Microbes and Environments*. 査読有. **30**. 2015. 208-220.

Hosokawa T, Kaiwa N, Matsuura Y, Kikuchi Y and Fukatsu T. Infection prevalence of *Sodalis* symbionts among

stinkbugs. Zoological letters. 査読有り . 1. 2015. 5.

Lee J B, Byeon J H, Jang H A, Kim J K, Yoo J W, Kikuchi Y and Lee B L Bacterial cell motility of Burkholderia gut symbiont is required to colonize the insect gut. FEBS letters. 査読有り . 589. 2015. 2784-2790.

Matsuura Y, Kikuchi Y, Miura T and Fukatsu T. Ultrabithorax is essential for bacteriocyte development. Proceedings of the National Academy of Sciences. 査読有り . 112. 2015. 9376-9381.

Ohbayashi T, Takeshita K, Kitagawa W, Nikoh N, Koga R, Meng X-Y, Tago K, Hori, T, Hayatsu M and Asano K. Insect's intestinal organ for symbiont sorting. Proceedings of the National Academy of Sciences. 査読有り . 112. 2015. E5179-E5188.

Sudakaran S, Retz F, Kikuchi Y, Kost C and Kaltenpoth M. Evolutionary transition in symbiotic syndromes enabled diversification of phytophagous insects on an imbalanced diet. The ISME journal. 査読有り . 9. 2015. 2587-2604.

Tago K, Kikuchi Y, Nakaoka S, Katsuyama C and Hayatsu M. Insecticide applications to soil contribute to the development of Burkholderia mediating insecticide resistance in stinkbugs. Molecular ecology. 査読有り . 24. 2015. 3766-3778.

Tago K, Okubo T, Itoh H, Kikuchi Y, Hori T, Sato Y, Nagayama A, Hayashi K, Ikeda S and Hayatsu M. Insecticide-degrading Burkholderia symbionts of the stinkbug naturally occupy various environments of sugarcane fields in a Southeast island of Japan. Microbes and environments. 査読有り . 30. 2015. 29-36.

Tago K, Okubo T, Shimomura Y, Kikuchi Y, Hori T, Nagayama A. and Hayatsu M. Environmental factors shaping the community structure of ammonia-oxidizing bacteria and archaea in sugarcane field soil. Microbes and environments. 査読有り . 30. 2015. 21-28.

Takeshita K, Matsuura Y, Itoh H, Navarro R, Hori T, Sone T, Kamagata Y, Mergaert P and Kikuchi Y. Burkholderia of plant-beneficial group are symbiotically associated with bordered plant bugs (Heteroptera: Pyrrhocoroidea: Largidae). Microbes and environments. 査読有り . 30. 2015. 321-329.

Nakada T, Matsuzaki R, Krienitz R, Tomita M and Nozaki H. Taxonomic reassessment of strains formerly classified as *Chloromonas insignis* (Volvocales, Chlorophyceae), and description of *Gloeomonas anomalipyrenoides* sp. nov. Acta Phytotax. Geobot. 査読あり . 66. 2015. 23-33.

Sakayama H, Kai A, Nishiyama M, Watanabe M M, Kato S, Ito M, Nozaki H and Kawai H. Taxonomy, morphology, and genetic variation of *Nitella flexilis* var. *bifurcata* (Charales, Characeae) from Japan. Phycol. Res. 査読あり . 63. 2015. 159-166.

Kawafune K, Hongoh Y, Hamaji T, Sakamoto T, Kurata T, Hirooka S, Miyagishima SY and Nozaki H. Two different rickettsial bacteria invading *Volvox carteri*. PLoS ONE. 査読あり . 10(2): 2015. e0116192.

Nozaki H, Ueki N, Misumi O, Yamamoto K, Yamashita S, Herron M D and Rosenzweig F. Morphology and reproduction of *Volvox capensis* (Volvocales, Chlorophyceae) from Montana, USA. Phycologia. 査読あり . 54. 2015. 316-320.

Kuroiwa T, Ohmura M, Nozaki H, Imoto Y and Kuroiwa H. Cytological evidence of cell-nuclear genome size of a new ultra-small unicellular freshwater green alga, "Medakamo hakoo" strain M-hakoo 311. I. Comparison with *Cyanidioschyzon merolae* and *Ostreococcus tauri*. Cytologia. 査読あり . 80. 2015. 143-150.

Sugasawa M, Matsuzaki R, Arakaki Y and Nozaki H. Morphology and phylogenetic position of a rare four-celled green alga, *Pascherina tetras* (Volvocales, Chlorophyceae), based on cultured material. Phycologia. 査読あり . 54. 2015. 342-348.

Matsuzaki R, Kawai-Toyooka H, Hara Y and Nozaki H. Revisiting the taxonomic significance of aplanozygote morphologies of two cosmopolitan snow species of the genus *Chloromonas* (Volvocales, Chlorophyceae). Phycologia. 査読あり . 54. 2015. 491-502.

Takahashi T, Nishida T, Saito C, Yasuda H and Nozaki H. Ultra-high voltage electron microscopy of primitive algae illuminates 3D ultrastructures of the first photosynthetic eukaryote. Sci. Rep. 査読あり . 5. 2015. 14735.

Sugasawa M, Matsuzaki R, Kawafune K, Takahashi T, Kawachi M, Krienitz L and Nozaki H. Taxonomic study of

Pyrobotrys (Spondylomoraceae, Chlorophyceae) based on comparative morphological and molecular analyses of culture strains established using novel methods. *Cytologia*. 査読あり. 80. 2015. 513-524.

Nozaki H, Matsuzaki R, Yamamoto K, Kawachi M and Takahashi F. Delineating a new heterothallic species of *Volvox* (Volvocaceae, Chlorophyceae) using new strains of “*Volvox africanus*”. *PLoS One*. 査読あり. 10. 2015. e0142632.

Ashida H, Mimuro H, Sasakawa C. *Shigella* manipulates host immune responses by delivering effector proteins with specific roles. *Front Immunol*. 査読有り. 6. 2015. 219.

Ogawa H, Fujikura D, Ohnuma M, Ohnishi N, Hang'ombe BM, Mimuro H, Ezaki T, Mweene AS, Higashi H A novel multiplex PCR discriminates *Bacillus anthracis* and its genetically related strains from other *Bacillus cereus* group species. *PLoS One*. 査読有り. 10(3). 2015. e0122004.

Wada T, Maruyama F, Iwamoto T, Maeda S, Yamamoto T, Nakagawa I, Yamamoto S, Ohara N. Deep sequencing analysis of the heterogeneity of seed and commercial lots of the bacillus Calmette-Guérin (BCG) tuberculosis vaccine. Equal contribution. press releaseあり. *Sci. Rep*. 査読有り. 5. 2015. 17827.

Kato H, Mori H, Maruyama F, Toyoda A, Ohshima K, Endo R, Fuchu G, Miyakoshi M, Dozono A, Ohtsubo Y, Nagata Y, Hattori M, Fujiyama A, Kurokawa K and Tsuda M. Time Series Metagenomic Analysis Reveals Robustness of Soil Microbiome against Chemical Disturbance. *DNA Res*. 査読有り. 2015. pii: dsv023.

Ushida K, Tsuchida S, Ogura Y, Toyoda A and Maruyama F. Domestication and cereal feeding developed domestic pig-type intestinal microbiota in animals of Suidae. *Anim. Sci. J*. 査読有り. 2015. doi: 10.1111/asj.12492.

Matsumura Y, Al-saari H, Kuga K, Inohara Y, Mino S, Nakagawa S, Maruyama F, Ogura Y, Hayashi T, Kurokawa K, Sawabee T, Sawabe T. Identification of a gene cluster responsible for hydrogen evolution in *Vibrio tritoni* strain AM2 with transcriptional analyses. *Int. J. Hydrogen Energy*. 査読有り. 40. 2015. 9137–9146.

Okada K, Natakathung W, Na-Ubol M, Roobthaisong A, Maruyama F, Nakagawa I, Chantaroj S, Hamada S. *Vibrio cholerae* O1 TSY216 consists of three megabase-sized circular replicons. *Emerg. Infect. Dis*. 査読有り. 2015. doi: 10.3201/eid2107.141055.

Minegishi K, Watanabe T, Furukawa A, Uchida K, Suzuki Y, Akashi T, Maruyama F, Nakagawa I, Eishi Y. Genetic profiles of *Propionibacterium acnes* and identification of a unique transposon with novel insertion sequences in sarcoid and non-sarcoid isolates. *Sci. Rep*. 査読有り. 5. 2015. 9832.

Nonaka L, Maruyama F, Suzuki S, Masuda M. Novel macrolide resistance genes, *mef* (C) and *mph* (G), carried by plasmids from *Vibrio* and *Photobacterium* isolated from sediment and seawater of a coastal aquaculture site editors choice. *Let. Appl. Microbiol*. 査読有り. 2015. doi: 10.1111/lam.12414.

Endo A, Watanabe T, Ogata N, Nozawa T, Aikawa C, Arakawa S, Maruyama F, Izumi Y, Nakagawa I, Comparative genome analysis and identification of competitive and cooperative interactions in a polymicrobial disease. *ISME J*. 査読有り. 9. 2015. 629-642.

L. Lagos, F Maruyama, P Nannipieri, M Luz Mora, A Ogram, M A Jorquera. Current overview on the study of bacteria in the rhizosphere by modern molecular techniques. . a mini-review. *J. Soil Sci. Plant Nutr*. 査読有り. 15. 2015. 504-523.

相川知宏, 丸山史人, 中川一路. 2015. CRISPR/Casシステム. . 微生物における新規機能とゲノム編集適用例. 乳酸菌学会誌. 査読有り. 26. 2015. 14-21.

庄子幹郎, 竹下徹, 丸山史人, 稲葉裕明, 今井健一, 松尾美樹. 2015. 口腔細菌研究の新展開. 日本細菌学雑誌. 査読有り. 70. 2015. 333-338.

Hirakawa Y., Ishida K. Prospective function of FtsZ proteins in the secondary plastid of chlorarachniophyte algae. *BMC Plant Biology* 15: 276. 2015

Kamikawa R., Tanifuji G., Ishikawa S.A., Ishii KI., Matsuno, Y., Onodera N.T., Ishida K., Hashimoto T., Miyashita H., Mayama S., Inagaki Y. Proposal of a Twin Arginine Translocator System-Mediated Constraint against Loss of ATP Synthase Genes from Nonphotosynthetic Plastid Genomes. *Molecular Biology and Evolution* 32(10):2598-2604. 2015

Heiss, Aaron A., Lee, Won J., Ishida, Ken-ichiro, Simpson, Alastair G. B. Cultivation and Characterisation of New Species of Apusomonads (the Sister Group to Opisthokonts), Including Close Relatives of *Thecamonas* (*Chelonomonas* n. gen.). *Journal of Eukaryotic Microbiology* 62(5):637-649. 2015

Shiratori T., Nakayama T., Ishida K A new deep-branching stramenopile, *Platysulcus tardus* gen. nov. sp. nov. *Protist* 166:337-348. 2015

Suzuki S., Shirato S., Hirakawa Y., Ishida K Nucleomorph genome sequences of two chlorarachniophytes, *Amorphochlora amoebiformis* and *Lotharella vacuolata*. *Genome Biology and Evolution* 7(6):15336-1545. 2015

Nakayama T., Nakamura A., Yokoyama A., Shiratori T., Inouye I., Ishida K. Taxonomic study of a new eustigmatophycean alga, *Vacuoliviride crystalliferum* gen. et sp. nov. *Journal of Plant Research* 128(2):249-257. 2015

Kamikawa R., Yubuki N., Yoshida M., Taira M. Nakamura N., Ishida K., Leander B. S., Miyashita H., Hashimoto T., Mayama S., Inagaki Y. Multiple losses of photosynthesis in *Nitzschia* (Bacillariophyceae). *Phycological Research* 63(1):19-28. 2015

Kanesaki Y, Imamura S, Matsuzaki M., Tanaka K Identification of centromere regions in chromosomes of a unicellular red alga, *Cyanidioschyzon merolae*. *FEBS Letters* 589(11):1219-1224 2015

Emmanuel, M., Saito-Nakano, Y, Nozaki, T., and Datta, S. Small GTPase Rab21 mediates Fibronectin induced actin reorganization in *Entamoeba histolytica*: implications in pathogen invasion. *PLoS Pathog* 11(3):e1004666, 2015. doi: 10.1371/journal.ppat.1004666.

Santos, H. J.*, Imai, K.*, Makiuchi, T., Tomii, K., Horton, P., Nozawa, A., Ibrahim, M., Tozawa, Y., and Nozaki, T. A novel mitochondrial β -barrel outer membrane protein in *Entamoeba*. *Sci Rep* 5:8545, 2015. doi: 10.1038/srep08545. (* equal contribution)

Picazarrí, K.,* Nakada-Tsukui, K.,* Tsuboi, K., Miyamoto, E., Watanabe, N., Kawakami, E., and Nozaki, T. Atg8 is involved in endosomal and phagosomal acidification in the parasitic protist *Entamoeba histolytica*. *Cell Microbiol* 17, 1510-1522, 2015 (* equal contribution) doi: 10.1111/cmi.12453

Mi-ichi, F.,# Miyamoto, T., Takao, S., Jeelani, G., Hashimoto, T., Hara, H., Nozaki, T.,# and Yoshida, H. *Entamoeba* mitochondria play an important role in encystation by association with cholesteryl sulfate synthesis. *Proc Natl Acad Sci USA* 112(22):E2884-90, 2015. doi: 10.1073/pnas.1423718112. (# correspondence) pii: 201423718.

Takeuchi, F., Sekizuka, T., Ogasawara, Y., Yokoyama, H., Kamikawa, R., Inagaki, Y., Nozaki, T., Sugita-Konishi, T., Ohnishi, T, and Kuroda, M. The mitochondrial genomes of a myxozoan genus *Kudoa* are extremely divergent in Metazoa. *PLoS ONE* 10(7):e0132030, 2015. doi: 10.1371/journal.pone.0132030. eCollection 2015.

Verma, K., Saito-Nakano, Y., Nozaki, T., and Datta, S. Insights into endosomal maturation of human holo-transferrin in the enteric parasite *Entamoeba histolytica*: essential roles of Rab7A and Rab5 in biogenesis of giant early endocytic vacuoles. *Cell Microbiol.* 17(12):1779-1796, 2015. doi: 10.1111/cmi.12470.

Chiba, Y., Kamikawa, R., Nakada-Tsukui, K, Saito-Nakano, Y., and Nozaki, T. Discovery of PPI-type phosphoenolpyruvate carboxykinase genes in eukaryotes and bacteria. *J Biol Chem* 290, 23960-23970, 2015. doi: 10.1074/jbc.M115.672907

Mi-ichi, F.*, Nozawa, A.*, Yoshida, H., Tozawa, Y.#, Nozaki, T.# Evidence that *Entamoeba histolytica* mitochondrial carrier family links mitochondrial and cytosolic pathways through exchange of PAPS and ATP. *Eukaryot Cell* 14(11):1144-1150, 2015 (*Equal first authors; #Double correspondence) doi: 10.1128/EC.00130-15.

Srivastava, V. K., Chandra, M., Saito-Nakano, Y., Nozaki, T., Datta, S. Crystal structure analysis of wild type and fast hydrolyzing mutant of EhRabX3, a tandem Ras superfamily GTPase from *Entamoeba histolytica*. *J Mol Biol.* 428(1):41-51, 2015 Nov 7. pii: S0022-2836(15)00624-5. doi: 10.1016/j.jmb.2015.11.003.

野崎智義 (2015) 赤痢アメーバ感染症-オルガネラ進化の多様性をみせるすばらしき生物モデル-感染症 Hot Topics~新興再興感染症を中心に 感染症 いま何が起きているのか 33(17), 2752-2756, 2015、実験医学 羊土社

Takeuchi F, Sekizuka T, Ogasawara Y, Yokoyama H, Kamikawa R, Inagaki Y, Nozaki T, Sugita-Konishi Y, Ohnishi T, Kuroda M. The Mitochondrial Genomes of a Myxozoan Genus *Kudoa* Are Extremely Divergent in

Metazoa. PLoS One. 2015 Jul 6;10(7):e0132030. doi: 10.1371/journal.pone.0132030. eCollection 2015. PubMed PMID: 26148004; PubMed Central PMCID: PMC4492933. (査読有)

Takeuchi F, Ogasawara Y, Kato K, Sekizuka T, Nozaki T, Sugita-Konishi Y, Ohnishi T, Kuroda M. Genetic variants of *Kudoa septempunctata* (Myxozoa: Multivalvulida), a flounder parasite causing foodborne disease. J Fish Dis. 2016 Jun;39(6):667-72. doi: 10.1111/jfd.12395. Epub 2015 Jun 11. PubMed PMID: 26096292. (査読有)

Noguchi F, Shimamura S, Nakayama T, Yazaki E, Yabuki A, Hashimoto T, Inagaki Y, Fujikura K, Takishita K. Metabolic Capacity of Mitochondrion-related Organelles in the Free-living Anaerobic Stramenopile *Cantina marsupialis*. Protist 166, 534-550 (2015). doi: 10.1016/j.protis.2015.08.002

Arisue N, Hashimoto T. Phylogeny and evolution of apicoplasts and apicomplexan parasites. Parasitol Int 64, 254-259 (2015). doi: 10.1016/j.parint.2014.10.005

Mito T, Ishizaki H, Suzuki M, Morishima H, Ota A, Ishikawa K, Nakada K, Maeno A, Shiroishi T, Hayashi J. Transmitochondrial *mito-mice Δ* and mtDNA mutator mice, but not aged mice, share the same spectrum of musculoskeletal disorders. Biochem Biophys Res Commun. 2015 Jan 24;456(4):933-7. doi: 10.1016/j.bbrc.2014.12.009.

Shimizu A, Mito T, Hashizume O, Yonekawa H, Ishikawa K, Nakada K, Hayashi J. G7731A mutation in mouse mitochondrial tRNA^{Lys} regulates late-onset disorders in transmitochondrial mice. Biochem Biophys Res Commun. 2015 Mar 27;459(1):66-70. doi: 10.1016/j.bbrc.2015.02.070.

Hashizume O, Ohnishi S, Mito T, Shimizu A, Ishikawa K, Nakada K, Soda M, Mano H, Togayachi S, Miyoshi H, Okita K, Hayashi J. Epigenetic regulation of the nuclear-coded GCAT and SHMT2 genes confers human age-associated mitochondrial respiration defects. Sci Rep. 2015 May 22;5:10434. doi: 10.1038/srep10434.

Hayashi C, Takibuchi G, Shimizu A, Mito T, Ishikawa K, Nakada K, Hayashi J. A somatic T15091C mutation in the Cytb gene of mouse mitochondrial DNA dominantly induces respiration defects. Biochem Biophys Res Commun. 2015 Aug 7;463(4):1021-7. doi: 10.1016/j.bbrc.2015.06.052.

Shimizu A, Enoki S, Ishikawa K, Mito T, Obata K, Nagashima R, Yonekawa H, Nakada K, Hayashi J. Mouse somatic mutation orthologous to MELAS A3302G mutation in the mitochondrial tRNA(Leu(UUR)) gene confers respiration defects. Biochem Biophys Res Commun. 2015 Nov 27;467(4):1097-102. doi: 10.1016/j.bbrc.2015.09.072.

Noguchi F, Shimamura S, Nakayama T, Yazaki E, Yabuki A, Hashimoto T, Inagaki Y, Fujikura K, Takishita K. Metabolic capacity of mitochondrion-related organelles in the free-living anaerobic stramenopile *Cantina marsupialis*. **Protist** 2015 166:534-550.

Chiba Y, Kamikawa R, Nakada-Tsukui K, Saito-Nakano Y, Nozaki T. Discovery of PPI-type phosphoenolpyruvate carboxykinase genes in eukaryotes and bacteria. **J Biol Chem** 2015 290:23960-23970.

Ishikawa SA, Kamikawa R, Inagaki Y. Multiple conversion between the genes encoding bacterial class-I release factors. **Sci Rep** 2015 5:12406

Takeuchi F, Sekizuka T, Ogasawara Y, Yokoyama H, Kamikawa R, Inagaki Y, Nozaki T, Sugita-Konishi Y, Ohnishi T, Kuroda M. The Mitochondrial genomes of a myxozoan genus *Kudoa* are extremely divergent in metazoan. **PLoS One** 2015 10:e0132030.

Matsuo M, Johnson JM, Hieno A, Tokizawa M, Nomoto M, Tada Y, Godfrey R, Obokata J, Sherameti I, Yamamoto YY, Böhmer FD, Oelmüller R. High redox responsive transcription factor1 levels result in accumulation of reactive oxygen species in *Arabidopsis thaliana* shoots and roots. **Mol Plant** 2015 8:1253-1273.

Kamikawa R, Tanifuji G, Ishikawa SA, Ishii K, Matsuno Y, Onodera NT, Ishida K, Hashimoto T, Miyashita H, Mayama S, Inagaki Y. Proposal of a twin arginine translocator system-mediated constraint against loss of atp synthase genes from nonphotosynthetic plastid genomes. Mol Biol Evol 2015 32:2598-2604.

Kamikawa R, Tanifuji G, Kawachi M, Miyashita H, Hashimoto T, Inagaki Y. Plastid genome-based phylogeny pinpointed the origin of the green-colored plastid in the dinoflagellate *Lepidodinium chlorophorum*. **Genome Biol Evol**. 2015 7:1133-1140.

Yubuki N, Panek T, Yabuki A, Cepicka I, Takishita K, Inagaki Y, Leander BS. Morphological identities of two different marine stramenopile environmental sequence clades: *Bicosoeca kenaiensis* (Hilliard, 1971) and

Cantina marsupialis (Larsen and Patterson, 1990) gen. nov., comb. nov. **J Eukaryot Microbiol** 2015 62:532-542.

Kamikawa R, Yubuki N, Yoshida M, Taira M, Ishida K, Leander BS, Miyashita H, Hashimoto T, Mayama S, Inagaki Y. Multiple losses of photosynthesis in *Nitzschia* (Bacillariophyceae). **Phycol Res** 2015 63:19-28.

Hirose Y, Katayama M, Ohtsubo Y, Misawa N, Iioka E, Suda W, Oshima K, Hanaoka M, Tanaka K, Eki T, Ikeuchi M, Kikuchi Y, Ishida M, Hattori M. Complete genome sequence of cyanobacterium *Geminocystis* sp. Strain NIES-3708, which performs type ii complementary chromatic acclimation. **Genome Announc** 2015 3:e00357-15.

Hirose Y, Katayama M, Ohtsubo Y, Misawa N, Iioka E, Suda W, Oshima K, Hanaoka M, Tanaka K, Eki T, Ikeuchi M, Kikuchi Y, Ishida M, Hattori M. Complete genome sequence of cyanobacterium *Geminocystis* sp. Strain NIES-3709, which harbors a phycoerythrin-rich phycobilisome. **Genome Announc** 2015 3:e00385-15.

Fujii G, Imamura S, Era A, Miyagishima SY, Hanaoka M, Tanaka K. The nuclear-encoded sigma factor SIG4 directly activates transcription of chloroplast *psbA* and *ycf17* genes in the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*. **FEMS Microbiol Lett** 2015 362:fnv063.

Mi-Ichi F, Nozawa A, Yoshida H, Tozawa Y, Nozaki T. Evidence that *Entamoeba histolytica* mitochondrial carrier family links mitochondrial and cytosolic pathways through exchange of PAPS and ATP. **Eukaryot Cell** 2015 14:1144-50.

Mi-Ichi F, Miyamoto T, Takao S, Jeelani G, Hashimoto T, Hara H, Nozaki T, Yoshida H. *Entamoeba* mitochondria play an important role in encystation by association with cholesteryl sulfate synthesis. **Proc Natl Acad Sci USA** 2015 112:E2884-E2890.

Nakahara J, Takechi K, Myouga F, Moriyama Y, Sato H, Takio S, Takano H. Bending of protonema cells in a plastid glycolate/glycerate transporter knockout line of *Physcomitrella patens*. **PLoS One** 2015 10:e0118804.

Mohamed E, Matsuda R, El-khatib AA, Takechi K, Takano H, Takio S. Characterization of the superoxide dismutase genes of the halophyte *Suaeda maritima* in Japan and Egypt. **Plant Cell Rep** 2015 34:2099-2110.

Higashi Y, Takechi K, Takano H, Takio S. Maintenance of normal stress tolerance in the moss *Physcomitrella patens* lacking chloroplastic CuZn-superoxide dismutase. **American Journal of Plant Sciences** 2015 6:591-601.

Fukasawa Y, Tsuji J, Fu SC, Tomii K, Horton P, Imai K. MitoFates: improved prediction of mitochondrial targeting sequences and their cleavage sites. **Mol Cell Proteomics** 2015 14:1113-1126.

Shiota T, Imai K, Qiu J, Hewitt VL, Tan K, Shen HH, Sakiyama N, Fukasawa Y, Hayat S, Kamiya M, Eloffsson A, Tomii K, Horton P, Wiedemann N, Pfanner N, Lithgow T, Endo T. Molecular architecture of the active mitochondrial protein gate. **Science** 2015 349:1544-1548.

Santos HJ, Imai K, Makiuchi T, Tomii K, Horton P, Nozawa A, Ibrahim M, Tozawa Y, Nozaki T. A novel mitochondrial beta-barrel outer membrane protein in *Entamoeba*. **Sci Rep** 2015 5:8545.

Imai Y, Kobayashi Y, Inoshita T, Meng H, Arano T, Uemura K, Asano T, Yoshimi K, Zhang CL, Matsumoto G, Ohtsuka T, Kageyama R, Kiyonari H, Shioi G, Nukina N, Hattori N, Takahashi R. The Parkinson's disease-associated protein kinase LRRK2 modulates notch signaling through the endosomal pathway. **PLoS Genet** 2015 11:e1005503.

Kang K, Takahara M, Sakaue H, Sakaguchi M. Capsid protease domain as a tool for assessing protein-domain folding during organelle import of nascent polypeptides in living cells. **J Biochem** 2015 159:497-508.

Sakaue H, Iwashita S, Yamashita Y, Kida Y, Sakaguchi M. The N-terminal motif of PMP70 suppresses cotranslational targeting to the endoplasmic reticulum. **J Biochem** 2015 159:539-551.

Yubuki N, Panek T, Yabuki A, Cepicka I, Takishita K, Inagaki Y, Leander BS. Morphological Identities of Two Different marine stramenopile environmental sequence clades: *Bicosoeca kenaiensis* (Hilliard, 1971) and *Cantina marsupialis* (Larsen and Patterson, 1990) gen. nov., comb. nov. **J Eukaryot Microbiol** 2015 62:532-542.

Nakai M. YCF1: A Green TIC: Response to the de Vries et al. Commentary. **Plant Cell** 2015 27:1834-1838.

Nakai M. The TIC complex uncovered: The alternative view on the molecular mechanism of protein translocation across the inner envelope membrane of chloroplasts. *Biochim Biophys Acta* 2015 1847:957-967.

Mi-ichi F, Nozawa A, Yoshida H, Tozawa Y, Nozaki T Evidence that *Entamoeba histolytica* mitochondrial carrier family links mitochondrial and cytosolic pathways through exchange of PAPS and ATP. *Eukaryot Cell* 2015 14:1144-1150.

Mi-ichi F, Miyamoto T, Takao S, Jeelani G, Hashimoto T, Hara H, Nozaki T, Yoshida H. *Entamoeba* mitosomes play an important role in encystation by association with cholesteryl sulfate synthesis. *Proc Natl Acad Sci USA* 2015 112:E2884-E2890.

Santos HJ, Imai K, Makiuchi T, Tomii K, Horton P, Nozawa A, Ibrahim M, Tozawa Y, Nozaki T. A novel mitochondrial beta-barrel outer membrane protein in *Entamoeba*. *Sci Rep* 2015 5:8545.

Takehisa K, Sato K, Nabekura T, Nagamune K, Hamada H, Yoshikawa H, Shibuya A, shibuya K. Increased CD11b+ Gr-1+ cell population in the placenta after infection with *Toxoplasma gondii*. *Microbiol. Immunol.*, 2015, 59 (2), 95-98 査読有り

Rahman M, Alauddin M, Hossain KM, Islam MH, Kitoh K, Nagamune K, Takashima Y. Prevalence and dynamics of antibodies against *Toxoplasma gondii* in kids born from naturally infected goats. *Parasitol. Int.* 2015, 64 (5), 389-391 査読有り

Bhat H.B, IshitsukaR, Inaba T, Murate M, Abe M, Makino A, Kohyama-Koganeya A, Nagao K, Kurahashi A, Kishimoto T, Tahara M, Yamano A, Nagamune K, Hirabayashi Y, Jyuni N, Umeda M, Fujimori F, Nishibori K, Yamaji-Hasegawa A, Greimel P, Kobayashi T. Evaluation of aegerolysins as novel tools to detect and visualize ceramide phosphoethanolamine, a major sphingolipid in invertebrates. *FASEB J.* 2015, 29 (9), 3920-34 査読有り

Matsubara R, Aonuma H, Kojima M, Tahara M, Andrabi SBA, Sakakibara H, Nagamune K. Plant Hormone Salicylic Acid Produced by a Malaria Parasite Controls Host Immunity and Cerebral Malaria Outcome. *PLoS ONE* 2015, 10 (10), e0140559 査読有り

Inomata A, Murakoshi F, Ishiwa A, Takano R, Takemae H, Sugi T, Recuenco FC, Horimoto T, Kato K. Heparin interacts with elongation factor 1 α of *Cryptosporidium parvum* and inhibits invasion. *Sci Rep. (Nature Publishing Group)* 5:11599. (2015) 査読有り

Kato K, Ishiwa A. Roles of carbohydrates in the infection strategies of enteric pathogens. *Trop Med Health.* 43: 41-52. (2015) 査読有り

Sugi T, Kawazu S, Horimoto T, Kato K. A single mutation in the gatekeeper residue in TgMAPKL-1 restores the effect of bumped kinase inhibitor on cytokinesis arrest. *Int J Parasitol Drugs Drug Resist.* 5:1-8. (2015) 査読有り

Hikosaka K, Hirai M, Komatsuya K, Ono Y, Kita K: Lactate retards the development of erythrocytic stages of the human malaria parasite *Plasmodium falciparum*. *Parasitol Int.* 2015 Jun;64(3):301-3. doi: 10.1016/j.parint.2014.08.003.

Direct evidence for the atovaquone action on the *Plasmodium* cytochrome bc1 complex. Siregar JE, Kurisu G, Kobayashi T, Matsuzaki M, Sakamoto K, Mi-ichi F, Watanabe Y, Hirai M, Matsuoka H, Syafruddin D, Marzuki S, Kita K. *Parasitol Int.* 2015 Jun;64(3):295-300. doi: 10.1016/j.parint.2014.09.011.

Matsuoka H, Tomita H, Hattori R, Arai M, Hirai M: Visualization of Malaria Parasites in the Skin Using the Luciferase Transgenic Parasite, *Plasmodium berghei*. *Trop Med Health.* 2015 Mar;43(1):53-61.

Tomoyo Taniguchi, Eiji Miyauchi, Shota Nakamura, Makoto Hirai, Kazutomo Suzue, Takashi Imai, Takahiro Nomura, Tadashi Handa, Hiroko Okada, Chikako Shimokawa, Risa Onishi, Alex Olia, Jun Hirata, Haruyoshi Tomita, Hiroshi Ohno, Toshihiro Horii, and Hajime Hisaeda: *Plasmodium berghei* ANKA causes intestinal malaria associated with dysbiosis. *Sci. Reports* 2015 Oct 27;5:15699. doi: 10.1038/srep15699.

Finethy R, Jorgensen I, Haldar AK, de Zoete MR, Strowig T, Flavell RA, Yamamoto M, Nagarajan UM, Miao EA, Coers J. Guanylate binding proteins enable rapid activation of canonical and noncanonical inflammasomes in *Chlamydia*-infected macrophages. *Infect Immun.* (2015) 83:4740-9.

Hammoudi PM, Jacot D, Mueller C, Di Cristina M, Dogga SK, Marq JB, Romano J, Tosetti N, Dubrot J, Emre Y,

- Lunghi M, Coppens I, Yamamoto M, Sojka D, Pino P, Soldati-Favre D. Fundamental Roles of the Golgi-Associated Toxoplasma Aspartyl Protease, ASP5, at the Host-Parasite Interface. *PLoS Pathog.* (2015) 11:e1005211.
- Lee Y, Sasai M, Ma J, Sakaguchi N, Ohshima J, Bando H, Saitoh T, Akira S, Yamamoto M (Corresponding author). p62 plays a specific role in interferon- γ -induced presentation of a Toxoplasma vacuolar antigen. *Cell Rep.* (2015) 13:223-233.
- Ohshima J, Sasai M, Liu J, Yamashita K, Ma JS, Lee Y, Bando H, Howard JC, Ebisu S, Hayashi M, Takeda K, Standley DM, Frickel EM, Yamamoto M (Corresponding author). RabGDI α is a negative regulator of interferon- γ -inducible GTPase-dependent cell-autonomous immunity to Toxoplasma gondii. *Proc Natl Acad Sci U S A.* (2015) 112:E4581-4590.
- Ito D, Nojima S, Nishide M, Okuno T, Takamatsu H, Kang S, Kimura T, Yoshida Y, Morimoto K, Maeda Y, Hosokawa T, Toyofuku T, Ohshima J, Kamimura D, Yamamoto M, Murakami M, Morii E, Rakugi H, Isaka Y, Kumanogoh A. mTOR Complex Signaling through the SEMA4A-Plexin B2 Axis Is Required for Optimal Activation and Differentiation of CD8⁺ T Cells. *J Immunol.* (2015) 195:934-43. doi:10.4049/jimmunol.1403038.
- Meunier E, Wallet P, Dreier RF, Costanzo S, Anton L, Rühl S, Dussurgey S, Dick MS, Kistner A, Rigard M, Degrandi D, Pfeffer K, Yamamoto M, Henry T, Broz P. Guanylate-binding proteins promote activation of the AIM2 inflammasome during infection with Francisella novicida. *Nat Immunol.* (2015) 16:476-484.
- Man SM, Karki R, Malireddi RK, Neale G, Vogel P, Yamamoto M, Lamkanfi M, Kanneganti TD. The transcription factor IRF1 and guanylate-binding proteins target activation of the AIM2 inflammasome by Francisella infection. *Nat Immunol.* (2015) 16:467-475.
- Takehiro Takahashi, Masashi Yamamoto, Kazutoshi Amikura, Kozue Kato, Takashi Serizawa, Kanako Serizawa, Daisuke Akazawa, Takumi Aoki, Koji Kawai, Emi Ogasawara, Jun-Ichi Hayashi, Kazuto Nakada and Mie Kainoh (2015) A novel mitoNEET ligand, TT01001, improves diabetes and ameliorates mitochondrial function in db/db mice. *J. Pharmacol. Exp. Ther.* 352: 338–345.
- Takayuki Mito, Hikari Ishizaki, Michiko Suzuki, Hitomi Morishima, Azusa Ota, Kaori Ishikawa, Kazuto Nakada, Akiteru Maeno, Toshihiko Shiroishi, Jun-Ichi Hayashi (2015) Transmitochondrial mito-mice Δ and mtDNA mutator mice, but not aged mice, share the same spectrum of musculoskeletal disorders. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 456: 933-937.
- Osamu Hashizume, Haruka Yamanashi, Makoto M. Taketo, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2015) A specific nuclear DNA background is required for high frequency lymphoma development in transmitochondrial mice with G13997A mtDNA. *PLoS ONE* 10: e0118561.
- Akinori Shimizu, Takayuki Mito, Osamu Hashizume, Hiromichi Yonekawa, Kaori Ishikawa, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2015) G7731A mutation in mouse mitochondrial tRNA^{Lys} regulates late-onset disorders in transmitochondrial mice. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 459: 66-70.
- Osamu Hashizume, Sakiko Ohnishi, Takayuki Mito, Akinori Shimizu, Kaori Ishikawa, Kazuto Nakada, Manabu Soda, Hiroyuki Mano, Sumie Togayachi, Hiroyuki Miyoshi, Keisuke Okita, Jun-Ichi Hayashi (2015) Epigenetic regulation of the nuclear-coded GCAT and SHMT2 genes confers human age-associated mitochondrial respiration defects. *Sci. Rep.* 5: 10434.
- Chisato Hayashi, Gaku Takibuchi, Akinori Shimizu, Takayuki Mito, Kaori Ishikawa, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2015) A somatic T15091C mutation in the *Cytb* gene of mouse mitochondrial DNA dominantly induces respiration defects. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 463: 1021-1027.
- Akinori Shimizu, Shunkei Enoki, Kaori Ishikawa, Takayuki Mito, Kanae Obata, Ruriko Nagashima, Hiromichi Yonekawa, Kazuto Nakada, Jun-Ichi Hayashi (2015) Mouse somatic mutation orthologous to MELAS A3302G mutation in the mitochondrial tRNA^{Leu(UUR)} gene confers respiration defects. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 467: 1097-1102.
- Hara, K.Y. and Kondo, A. 2015 ATP regulation in bioproduction. *Microb Cell Fact* 14:198.
- Hara, K.Y. and Aoki, N. Kobayashi, J., Kiriya, K., Nishida, K., Araki, M. and Kondo, A. 2015 Improvement of oxidized glutathione fermentation by thiol redox metabolism engineering in *Saccharomyces cerevisiae*. *Appl Microbiol Biotechnol* 99:9771-9778.
- Ye, X., Morikawa, K., Ho, S.H., Araki, M., Nishida, K., Hasunuma, T., *Hara, K.Y. and Kondo, A. 2015 Evaluation

of genes involved in oxidative phosphorylation in yeast by developing a simple and rapid method to measure mitochondrial ATP synthetic activity. *Microb Cell Fact* 14:56.

Hirayasu, K., Arase, H. Functional and genetic diversity of leukocyte immunoglobulin-like receptor and implication for disease associations. *J Hum Genet.* 60:703-708. 2015 査読有

Aikawa S., Ho S.H., Nakanishi A., Chang J.S., Hasunuma T., Kondo A., "Improving polyglucan production in cyanobacteria and microalgae via cultivation design and metabolic engineering", *Biotechnology Journal*, 10, 2015, 886-898

Nishime C, Kawai K, Yamamoto T, Katano I, Monnai M, Goda N, Mizushima T, Suemizu H, Nakamura M, Murata M, Suematsu M, and Wakui M. (2015) Innate Response to Human Cancer Cells with or without IL-2 Receptor Common γ -Chain Function in NOD Background Mice Lacking Adaptive Immunity. *Journal of Immunology.* 査読あり Vol. 195, 1883-1890. doi: 10.4049/jimmunol.1402103.

Ohmura M, Hishiki T, Yamamoto T, Nakanishi T, Kubo A, Tsuchihashi K, Tamada M, Toue S, Kabe Y, Saya H, and Suematsu M. (2015) Impacts of CD44 knockdown in cancer cells on tumor and host metabolic systems revealed by quantitative imaging mass spectrometry. *Nitric Oxide.* 査読あり Vol. 46, 102-113. doi: 10.1016/j.niox.2014.11.005.

Lin JW, Spaccapelo R, Schwarzer E, Sajid M, Annoura T, Deroost K, Ravelli RB, Aime E, Capuccini B, Mommaas-Kienhuis AM, O'Toole T, Prins F, Franke-Fayard BM, Ramesar J, Chevalley-Maurel S, Kroeze H, Koster AJ, Tanke HJ, Crisanti A, Langhorne J *et al.* Replication of Plasmodium in reticulocytes can occur without hemozoin formation, resulting in chloroquine resistance. *J Exp Med* 査読有. 212, (2015). 893-903

De Niz M, Helm S, Horstmann S, Annoura T, Del Portillo HA, Khan SM, Heussler VT. In vivo and in vitro characterization of a Plasmodium liver stage-specific promoter. *PLoS One* 査読有. 10, (2015). e0123473

Keiko Taki, Toshiyuki Sone, Yuki Kobayashi, Satoru Watanabe, Sousuke Imamura, and Kan Tanaka. Construction of a URA5.3 deletion strain of the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*: A backgroundless host strain for transformation experiments. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 査読有, 61(5), 2015, 211-214.

Sousuke Imamura, Yasuko Kawase, Ikki Kobayashi, Toshiyuki Sone, Atsuko Era, Shin-ya Miyagishima, Mie Shimojima, Hiroyuki Ohta, and Kan Tanaka. Target of rapamycin (TOR) plays a critical role in triacylglycerol accumulation in microalgae. *Plant Mol. Biol.*, 査読有, 89(3), 2015, 309-318.

Nobuko Sumiya, Yasuko Kawase, Jumpei Hayakawa, Mami Matsuda, Mami Nakamura, Atsuko Era, Kan Tanaka, Akihiko Kondo, Tomohisa Hasunuma, Sousuke Imamura, and Shin-ya Miyagishima. Expression of Cyanobacterial Acyl-ACP Reductase Elevates the Triacylglycerol Level in the Red Alga *Cyanidioschyzon merolae*. *Plant Cell Physiol.*, 査読有, 56(10), 2015, 1962-1980.

Yu Kanesaki, Sousuke Imamura, Motomichi Matsuzaki, and Kan Tanaka. Identification of centromere regions in chromosomes of a unicellular red alga, *Cyanidioschyzon merolae*. *FEBS Lett.*, 査読有, 589(11), 2015, 1219-1224.

Gaku Fujii, Sousuke Imamura, Atsuko Era, Shin-ya Miyagishima, Mitsumasa Hanaoka, and Kan Tanaka. Nuclear-encoded chloroplast RNA polymerase sigma factor SIG2 activates chloroplast-encoded phycobilisome genes in a red alga, *Cyanidioschyzon merolae*. *FEMS Microbiol. Lett.*, 査読有, 362(10), 2015, pii: fnv063.

2016年

F. Maruyama, *S. Ueki. Evolution and phylogeny of large DNA viruses, Mimiviridae and Phycodnaviridae including newly characterized Heterosigma akashiwo virus. *Front. Microbiol.* 7:1942. 2016.

T. Kulkarni, C. Aikawa, T. Nozawa, K. Murase, *F. Maruyama, I. Nakagawa. DNA-based culture-independent analysis detects the presence of Group A Streptococcus in throat samples from healthy adults in Japan. *BMC Microbiol.* 16:237. 2016.

T. Shiba, T. Watanabe, H. Kachi, T. Koyanagi, N. Maruyama, K. Murase, *Y. Takeuchi, *F. Maruyama, Y. Izumi, I. Nakagawa. Distinct interacting core taxa in co-occurrence networks enable discrimination of polymicrobial oral diseases with similar symptoms. * press release あり *Sci. Rep.* 6:30997. 2016.

M. Tohya, T. Watanabe, *F. Maruyama, S. Arai, A. Ota, T. B. T. Athey, N. Fittipaldi, I. Nakagawa, *T. Sekizaki. Comparative genome analyses of *Streptococcus suis* isolates from endocarditis demonstrate persistence of

dual phenotypic clones. *PLoS One* 11:e0159558. 2016.

*MA Jorquera, F. Maruyama, A. Ogram, O. Navarrete, L. Lagos, N. Inostroza, J. Acuña, J. Rilling, M. Mora. Rhizobacterial community structures associated with native plants grown in Chilean extreme environments. *Microb. Ecol.* 72:633-646. 2016.

L. Lagos, J. J. Acuña, F. Maruyama, A. Ogram, M. de la Luz Mora, *M. A. Jorquera. Effect of phosphorus addition on the total bacterial communities and alkaline phosphomonoesterase-harboring bacterial populations in the rhizosphere of ryegrass (*Lolium perenne* var. Nui) *Biol. Fertil. Soils.* 52:1007-1019. 2016.

Fukumoto T, Matsuo J, Okubo T, Nakamura S, Miyamoto K, Oka K, Takahashi M, Akizawa K, Shibuya H, Shimizu C, *Yamaguchi H. Acanthamoeba containing endosymbiotic chlamydia isolated from hospital environments and its potential role in inflammatory exacerbation. *BMC Microbiol.* 2016 Dec 15;16(1):292. PubMed PMID: 27978822; PubMed Central PMCID: PMC5160005.

Maita C, Matushita M, Okubo T, Matsuo J, Miyake M, Nagai H., *Yamaguchi H. Draft Genome Sequences of *Legionella pneumophila* JR32 and Lp01 Laboratory Strains Domesticated in Japan. *Genome Announc* 4, (2016). doi: 10.1128/genomeA.00791-16

*Maruyama F., Watanabe T, Nakagawa I. *Streptococcus pyogenes* Genomics. *Source Streptococcus pyogenes: Basic Biology to Clinical Manifestations* 1, 26866228 (2016).

Furusawa T, *Iwano H, Higuchi H, Usui M, Maruyama F., Nakagawa I, Yokota H, Tamura Y. Complete Genome Sequences of Broad-Host-Range *Pseudomonas aeruginosa* Bacteriophages PhiR18 and PhiS12-1. *Genome Announc* 4, (2016). doi: 10.1128/genomeA.00041-16

Hirayasu K, Saito F, Suenaga T, Shida K, Arase N, Oikawa K, Yamaoka T, Murota H, Chibana H, Nakagawa I, Kubori T, Nagai H., Nakamaru Y, Katayama I, Colonna M, *Arase H. Microbially cleaved immunoglobulins are sensed by the innate immune receptor LILRA2. *Nat Microbiol* 1, 16054 (2016). doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.54

*Kubota T, Kobayashi T, Nunoura T, Maruyama F., Deguchi S. Enantioselective Utilization of D-Amino Acids by Deep-Sea Microorganisms. *Front Microbiol* 7, 511 (2016). doi: 10.3389/fmicb.2016.00511

*Tajima N, Saitoh K, Sato S, Maruyama F., Ichinomiya M, Yoshikawa S, Kurokawa K, Ohta H, Tabata S, Kuwata A, Sato N. Sequencing and analysis of the complete organellar genomes of Parmales, a closely related group to Bacillariophyta (diatoms). *Curr Genet* (2016). doi: 10.1007/s00294-016-0598-y

Zheng H, Dietrich C, Hongoh Y., Brune A. Restriction-modification systems as mobile genetic elements in the evolution of an intracellular symbiont. *Mol Biol Evol.* 33. 2016. 721-725. doi: 10.1093/molbev/msv264

Igai K, Itakura M, Nishijima S, Tsurumaru H, Suda W, Tsutaya T, Tomitsuka E, Tadokoro K, Baba J, Odani S, Natsuhara K, Morita A, Yoneda M, Greenhill A R, Horwood P F, Inoue J, Ohkuma M., Hongoh Y., Yamamoto T, Siba P M, Hattori M, Minamisawa K, Umezaki M. Nitrogen fixation and nifH diversity in human gut microbiota. *Sci Rep.* 6: e31932. 2016. doi: 10.1038/srep31942

Izawa K, Kuwahara H, Kihara K, Yuki M, Lo N, Itoh T, Ohkuma M., Hongoh Y. Comparison of intracellular “*Ca. Endomicrobium trichonymphae*” genomovars illuminates the requirement and decay of defense systems against foreign DNA. *Genome Biol Evol.* 8. 2016. 3099-3107. doi: 10.1093/gbe/evw227

Ohkuma M. The outset of another nitrogenase. *Environ. Microbiol.* 18(1): 4. 2016. doi: 10.1111/1462-2920.13001

Ike F, Sakamoto M, Ohkuma M., Kajita A, Matsushita S, and Kokubo T. *Filobacterium rodentium* gen. nov., sp. nov., a member of *Filobacteriaceae* fam. nov. within the phylum *Bacteroidetes*; includes a microaerobic filamentous bacterium isolated from specimens from diseased rodent respiratory tracts. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 150-157. doi: 10.1099/ijsem.0.000685

Kunthiphun S, Endoh R, Takashima M, Ohkuma M., S Tanasupawat, and A Akaracharanya. *Trichosporon heliocopridis* sp. nov., a urease-negative basidiomycetous yeast associated with dung beetles (*Heliocopris bucephalus* Fabricius). *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 1180-1186. doi: 10.1099/ijsem.0.000850

Irisawa, T., S. Saputra, M. Kitahara, M. Sakamoto, S. Tiani, T. Yulineri, A. Dinoto, and Ohkuma M. *Bacteroides caecicola* sp. nov. and *Bacteroides gallinaceum* sp. nov., isolated from the caecum of an Indonesian chicken. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 1431-1437. doi: 10.1099/ijsem.0.000899

- Irisawa T, S Saputra, Kitahara M, Sakamoto M, Tiani S, T Yulineri, A Dinoto, Ohkuma M. *Bacteroides caecicola* sp. nov. and *Bacteroides gallinaceum* sp. nov., isolated from the caecum of an Indonesian chicken. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 1431-1437. doi: 10.1099/ijsem.0.000899
- Masuya H, Manabe R, Ohkuma M, Endoh R. Draft genome sequence of *Raffaelea quercivora* JCM 11526, a Japanese oak wilt pathogen associated with the platypodid beetle, *Platypus quercivorus*. *Genome Announc.* 4. 2016. e00755-16. doi: 10.1128/genomeA.00755-16
- Gao F, N Al-saari A K Rohul Amin, Sato K, Mino S, Suda W, Oshima K, Hattori M, Ohkuma M, P I Hargreaves, P M Meirelles, F L Thompson, C Thompson, B Gomez-Gil, Sawabe T, and Sawabe T. *Vibrio ishigakensis* sp. nov. in *Halioticoli* clade isolated from seawater in Okinawa coral reef area, Japan. *Syst. Appl. Microbiol.* 39. 2016. 330-335. doi: 10.1016/j.syapm.2016.04.002
- Harada T, V C Dang, D P Nguyen, T A Nguyen, Sakamoto M, Ohkuma M, Motooka D, Nakamura S, Uchida K, Jinnai M, Yonogi S, Kawahara R, Kanki M, Kawai T, Kumeda Y, Yamamoto Y. *Enterococcus saigonensis* sp. nov., isolated from retail chicken meat and liver. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 3779-3785. doi: 10.1099/ijsem.0.001264
- Klykleung N, W Phongsopitanun, P Pittayakhajonwut, M Ohkuma, T Kudo, S Tanasupawat. *Streptomyces phyllanthi* sp. nov., isolated from the stem of *Phyllanthus amarus*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 3923-3928. doi: 10.1099/ijsem.0.001289
- Sujarit K, Kudo T, Ohkuma M, W Pathom-Aree, S Lumyoung. *Streptomyces palmae* sp. nov., isolated from oil palm (*Elaeis guineensis*) rhizosphere soil. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66. 2016. 3983-3988. doi: 10.1099/ijsem.0.001298
- Tsuchida S, Murata K, Ohkuma M, Ushida K. Isolation of Streptococcus sp. with very high degradability of condensed tannins from feces of the wild Japanese rock ptarmigan on Mt. Tateyama. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 2016. doi: 10.2323/jgam.2016.09.003 [Epub ahead of print]
中鉢淳. 昆虫のオルガネラ様共生細菌たち. 化学と生物. 査読無. 54(10). 2016. 753-761.
- Hosokawa T, Matsuura Y, Kikuchi Y and Fukatsu T. Recurrent evolution of gut symbiotic bacteria in pentatomid stinkbugs. *Zoological Letters*. 査読有り. 2. 2016. 24.
- Kikuchi Y, Tada A, Musolin D L, Hari N, Hosokawa T, Fujisaki K and Fukatsu T Collapse of insect gut symbiosis under simulated climate change. *mBio*. 査読有り. 7. 2016. e01578-01516.
- Kuechler S M, Matsuura Y, Dettner K and Kikuchi Y. Phylogenetically diverse Burkholderia associated with midgut crypts of spurge bugs, Dicranoccephalus spp.(Heteroptera: Stenocephalidae). *Microbes and Environments*. 査読有り. 31. 2016. 145-153.
- Hirose S, K Matsuura and S Haruta. Phylogenetically diverse aerobic anoxygenic phototrophic bacteria isolated from epilithic biofilms in Tama River, Japan. *Microbes and Environments*. 査読有り. 31. 2016. 299-306
- Nagao-Kitamoto H, Shreiner A B, Gilliland M G 3rd, Kitamoto S, Ishii C, Hirayama A, Kuffa P, El-Zaatari M, Grasberger H, Seekatz A M, Higgins P D, Young V B, Fukuda S, Kao J Y, Kamada N. Functional characterization of inflammatory bowel disease-associated gut dysbiosis in gnotobiotic mice. *Cell Mol. Gastroenterol. Hepatol.* 2. 2016. 468-481.
- Yasuda T, Fukada T, Nishida K, Nakayama M, Matsuda M, Miura I, Dainichi T, Fukuda S, Kabashima K, Nakaoka S, Bin B H, Kubo M, Ohno H, Hasegawa T, Ohara O, Koseki H, Wakana S, and Yoshida H. Hyperactivation of JAK1 tyrosine kinase induces stepwise, progressive pruritic dermatitis. *J. Clin. Invest.* 126. 2016. 2064-2076.
- Hayashi R, Tsuchiya K, Fukushima K, Horita N, Hibiya S, Kitagaki K, Negi M, Itoh E, Akashi T, Eishi Y, Okada E, Araki A, Ohtsuka K, Fukuda S, Ohno H, Okamoto R, Nakamura T, Tanaka S, Chayama K, Watanabe, M. Reduced human α -defensin 6 in noninflamed jejunal tissue of patients with Crohn's disease. *Inflamm. Bowel Dis.* 22. 2016. 1119-1128.
- Munakata H, Nakada T, Nakahigashi K, Nozaki H and Tomita M. Phylogenetic position and molecular chronology of a colonial green flagellate, *Stephanosphaera pluvialis* (Volvocales, Chlorophyceae), among unicellular algae. *J. Euk. Microbiol.* 査読あり. 63. 2016. 340-348.
- Nakada, T., Tomita, M., Wu, J.-T. and Nozaki, H. 2016. Taxonomic revision of *Chlamydomonas* subg. *Amphichloris* (Volvocales, Chlorophyceae) with resurrection of genus *Dangeardinia* Temp. and descriptions of

Ixipapillifera gen. nov. and Rhysamphichloris gen. nov. J. Phycol. 52. 2016. 283-304. 査読あり

Hamaji T, Mogi Y, Ferris P J, Mori T, Miyagishima SY, Kabeya Y, Nishimura Y, Toyoda A, Noguchi H, Fujiyama A, Olson B J S C, Marriage T N, Nishii I, Umen J G, Nozaki H. Sequence of the *Gonium pectorale* mating locus reveals a complex and dynamic history of changes in volvocine algal mating haplotypes. G3: Genes, Genomes, Genetics. 査読あり. 6. 2016. 1179-1189.

Hanschen E R, Marriage T N, Ferris P J, Hamaji T, Toyoda A, Fujiyama A, Neme R, Noguchi H, Minakuchi Y, Suzuki M, Kawai-Toyooka H, Smith D R, Sparks H, Anderson J, Bakarić R, Luria V, Karger A, Kirschner M, Durand P M, Michod R E, Nozaki H and Olson B J S C. The *Gonium pectorale* genome demonstrates cooption of cell cycle regulation during the evolution of multicellularity. Nature Communications. 査読あり. 7. 2016. 11370.

Takahashi T, Nishida T, Saito C, Yasuda H and Nozaki H. A new type of 3-D peripheral ultrastructure in *Glaucozystis* (Glaucozystales, Glaucophyta) as revealed by ultra-high voltage electron microscopy. J. Phycol. 査読あり. 52. 2016. 486-490.

Watanabe S, Nozaki H, Nakada, T. and Lewis, L. A. Comparative ultrastructural analysis of *Chloromonas* and *Gloeomonas* (Chlorophyceae): tracing the origin of *Gloeomonas*-specific basal apparatus traits. Phycologia. 査読あり. 55. 2016. 585-601.

Featherston J, Arakaki Y, Nozaki H, Durand P M and Smith D R. Inflated organelle genomes and a circular-mapping mtDNA probably existed at the origin of coloniality in volvocine green algae. Eur. J. Phycol. 査読あり. 51. 2016. 369-377.

Takahashi T, Nishida T, Tuji A, Saito C, Matsuzaki R, Sato M, Toyooka K, Yasuda H and Nozaki H. Delineation of six species of the primitive algal genus *Glaucozystis* based on in situ ultrastructural characteristics. Scientific Reports. 査読あり. 6. 2016. 29209.

Suzuki M, Segawa T, Mori H, Akiyoshi A, Ootsuki R, Kurihara A, Sakayama H, Kitayama T, Abe T, Kogame K, Kawai H and Nozaki H. Next-generation sequencing of an 88-year-old specimen of the poorly known species *Liagora japonica* (Nemaliales, Rhodophyta) supports the recognition of *Otohimella* gen. nov. PLOS ONE. 査読あり. 11. 2016. e0158944.

Yamashita S, Arakaki Y, Kawai-Toyooka H, Noga A, Hirono M and Nozaki H. Alternative evolution of a spheroidal colony in volvocine algae: developmental analysis of embryogenesis in *Astrephomene* (Volvocales, Chlorophyta). BMC Evol. Biol. 査読あり. 6. 2016. 243.

Nozaki H, Ueki N, Isaka N, Saigo T, Yamamoto K, Matsuzaki R, Takahashi F, Wakabayashi K and Kawachi M. A new morphological type of *Volvox* from Japanese large lakes and recent divergence of this type and *V. ferrisii* in two different freshwater habitats. PLOS ONE. 査読あり. 11. 2016. e0167148.

Gómez F, Wakeman K C, Yamaguchi A. and Nozaki H. Molecular phylogeny of the marine planktonic dinoflagellate *Oxytoxum* and *Corythodinium* (Peridinales, Dinophyceae). Acta Protozool. 査読あり. 55. 2016. 239–248.

Maruyama F, Ueki S. Evolution and phylogeny of large DNA viruses, Mimiviridae and Phycodnaviridae including newly characterized *Heterosigma akashiwo* virus. Front. Microbiol. 査読有り. 7. 2016. 1942

Kulkarni T, Aikawa C, Nozawa T, Murase K, Maruyama F, Nakagawa I. DNA-based culture-independent analysis detects the presence of Group A *Streptococcus* in throat samples from healthy adults in Japan. BMC Microbiol. 査読有り. 16. 2016. 237.

Shiba T, Watanabe T, Kachi H, Koyanagi T, Maruyama N, Murase K, Takeuchi Y, Maruyama F, Izumi Y, Nakagawa I. Distinct interacting core taxa in co-occurrence networks enable discrimination of polymicrobial oral diseases with similar symptoms. press releaseあり. Sci. Rep. 査読有り. 6. 2016. 30997.

Tohya M, Watanabe T, Maruyama F, Arai S, Ota A, Athey T B T, Fittipaldi N, Nakagawa I, Sekizaki T. Comparative genome analyses of *Streptococcus suis* isolates from endocarditis demonstrate persistence of dual phenotypic clones. PloS One. 査読有り. 11. 2016. e0159558.

Jorquera M A, Maruyama F, Ogram A, Navarrete O, Lagos L, Inostroza N, Acuña J, Rilling J, Mora M. Rhizobacterial community structures associated with native plants grown in Chilean extreme environments. .

Microb. Ecol. 査読有り. 72. 2016. 633-646.

Lagos L, Acuña J J, Maruyama F, Ogram A, de la Luz Mora M, Jorquera M A. Effect of phosphorus addition on the total bacterial communities and alkaline phosphomonoesterase-harboring bacterial populations in the rhizosphere of ryegrass (*Lolium perenne* var. Nui) . Biol. Fertil. Soils. 査読有り. 52. 2016. 1007-1019.

Tajima N, Saito K, Sato S, Maruyama F, Ichinomiya M, Yoshikawa S, Kurokawa K, Ohta H, Tabata S, Kuwata A, Sato N. Sequencing and analysis of the complete organellar genomes of *Parmales*, a closely related group to Bacillariophyta (diatoms). Curr. Genet. 査読有り. 62. 2016. 887-896.

Kubota T, Kobayashi T, Nunoura T, Maruyama F, Deguchi S. Enantioselective utilization of D-amino acids by deep-sea microorganisms. press releaseあり. Front. Microbiol. 査読有り. 7. 2016. 511.

Furusawa T, Iwano H, Higuchi H, Usui M, Maruyama F, Nakagawa I, Yokota H, Tamura Y. Complete genome sequencing of the broad-host-range *Pseudomonas aeruginosa* bacteriophages Φ R18 and Φ S12-1. Genome Announc. 査読有り. 4. 2016. e00041-16.

Maruyama F, Watanabe T, Nakagawa I. *Streptococcus pyogenes*, Basic Biology to Clinical Manifestations”NIH NCBI Bookshelf, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK333426/>. 2016

丸山史人. One side gone, other side born. 日本微生物生態学会誌. 査読無し. 31. 2016. 81.

Shinzato N, Aoyama H, Saitoh S, Nikoh N, Nakano K, Shimoji M, Shinzato M, Satou K, Teruya K, Hirano T, Yamada T, Nobu MK, Tamaki H, Shirai Y, Park S, Narihiro T, Liu WT, Kamagata Y. Complete genome sequence of the intracellular bacterial symbiont TC1 in the anaerobic ciliate *Trimyema compressum*. Genome Announc. 査読あり. 4. 2016. e01032-16.

Shinzato N, Aoyama H, Saitoh S, Nikoh N, Nakano K, Shimoji M, Shinzato M, Satou K, Teruya K, Hirano T, Yamada T, Nobu MK, Tamaki H, Shirai Y, Park S, Narihiro T, Liu WT, Kamagata Y. Complete genome sequence of the intracellular bacterial symbiont TC1 in the anaerobic ciliate *Trimyema compressum*. Genome Announc. 査読あり. 4. 2016. e01032-16.

Shiratori T., Ishida K. A New Heterotrophic Cryptomonad: *Hemiarma marina* n. g., n. sp.. Journal of Eukaryotic Microbiology 63(6):804-812. 2016

Shiratori T., Ishida K. *Trachyrhizium urniformis* n. g., n. sp., a Novel Marine Filose Thecate Amoeba Related to a Cercozoan Environmental Clade (Novel Clade 4). Journal of Eukaryotic Microbiology 63(6):722-731. 2016

Suzuki S., Ishida K, Hirakawa Y., Diurnal Transcriptional Regulation of Endosymbiotically Derived Genes in the chlorarachniophyte *Bigelowiella natans*. Genome Biology and Evolution 8(9):2672-2682. 2016

Nomura M., Ishida K. Fine-structural observations on siliceous scale production and shell assembly in the testate amoeba *Paulinella chromatophora*. Protist 167 (4):303-318. 2016

Suzuki S., Hirakawa Y., Kofuji R., Sugita M., Ishida K. Plastid genome sequences of *Gymnochlora stellata*, *Lotharella vacuolata*, and *Partenskyella glossopodia* reveal remarkable structural conservation among chlorarachniophyte species. Journal of Plant Research 129(4):581-590. 2016

Shiratori T., Ishida K. *Entamoeba marina* n. sp.; a New Species of Entamoeba Isolated from Tidal Flat Sediment of Iriomote Island, Okinawa, Japan. Journal of Eukaryotic Microbiology 63(3):280-286. 2016

Kamikawa R., Shiratori T., Ishida K, Miyashita H., Roger A. Group II intron-mediated trans-splicing in the gene-rich mitochondrial genome of an enigmatic eukaryote, *Diphylleia rotans*. Genome Biology and Evolution 8(2):458-466. 2016

Sakamoto H, Kita K, Matsuzaki M Drug selection using bleomycin for transfection of the oyster-infecting parasite *Perkinsus marinus*. Parasitology International 65(5B):563-566 2016

Goodman CD, Siregar JE, Mollard V, Vega-Rodríguez J, Syafruddin D, Matsuoka H, Matsuzaki M, Toyama T, Sturm A, Cozijnsen A, Jacobs-Loreno M, Kita K, Marzuki S, McFadden GI. Parasites resistant to the anti-malarial atovaquone fail to transmit by mosquitoes. Science 352(6283):349-353 2016

Santos, H. J., Imai, K., Hanadate, Y., Fukasawa, Y., Oda, T., Mi-ichi, F., and Nozaki, T. Screening and discovery of lineage-specific mitochondrial membrane proteins in *Entamoeba histolytica*. Mol. Biochem. Parasitol.

209(1-2):10-17, 2016. doi: 10.1016/j.molbiopara.2016.01.001.

Jeelani, G. and Nozaki, T. *Entamoeba* thiol-based redox metabolism: a potential target for drug development. *Mol. Biochem. Parasitol.* 207(2):56-60, 2016. doi: 10.1016/j.molbiopara.2016.01.004.

Pineda, E., Vázquez, C., Encalada, R., Nozaki, T., Sato, E., Hanadate, Y., Néquiz, M, Olivos-García, A., Moreno-Sánchez, R., Saavedra, E. Roles of acetyl-CoA synthetase (ADP-forming) and acetate kinase (PPI-forming) in ATP and PPI supply in *Entamoeba histolytica*. *Biochim. Biophys. Acta* 1860(6):1163-1172, 2016. doi: 10.1016/j.bbagen.2016.02.010.

Hanadate, Y., Saito-Nakano, Y., Nakada-Tsukui, K., and Nozaki, T. Endoplasmic reticulum-resident Rab8A GTPase is involved in phagocytosis in the protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. *Cell Microbiol.* 18(10):1358-73, 2016 doi: 10.1111/cmi.12570.

Chiba, Y., Makiuchi, T., Jeelani, G., and Nozaki, T. Heterogeneity of the serine synthetic pathway in *Entamoeba* species. *Mol Biochem Parasitol.* 207(2):56-60, 2016. doi:10.1016/j.molbiopara.2016.06.002.

Kazama, M., Ogiwara, S., Makiuchi, T., Yoshida, K., Nakada-Tsukui, K., Nozaki, T., Tachibana H. Behavior of DNA-lacking mitochondria in *Entamoeba histolytica* revealed by organelle transplant. *Sci Rep.* 7:44273, 2017. doi: 10.1038/srep44273. PMID:28287148

Somlata, Nakada-Tsukui, K., Nozaki, T. AGC family kinase1 participates in trogocytosis but not in phagocytosis in *Entamoeba histolytica*. *Nat Commun* in press.

Nishimura Y, Tanifuji G, Kamikawa R, Yabuki A, Hashimoto T, Inagaki Y. Mitochondria genome of *Palpitomonas bilix* : Derived genome structure and ancestral system for cytochrome c maturation. *Genome Biology and Evolution* 8, 3090-3098 (2016). Doi: 10.1093/gbe/evw217

Nishimura Y, Amagasa T, Inagaki Y, Hashimoto T, Kitagawa H. A system for supporting phylogenetic analyses over alignments of next generation sequence data. *Proceedings for the 10th International Conference on Complex, Intelligent, and Software Intensive Systems (CISIS-2016)* (2016).

Tanifuji G, Archibald JM, Hashimoto T. Comparative genomics of mitochondria in chlorarachniophyte algae: endosymbiotic gene transfer and organellar genome dynamics. *Sci Rep* 6, 21016 (2016). doi: 10.1038/srep21016

Hayashi JI, Hashizume O, Ishikawa K, Shimizu A. Mutations in mitochondrial DNA regulate mitochondrial diseases and metastasis but do not regulate aging. *Curr Opin Genet Dev.* 2016 Jun;38:63-67. doi: 10.1016/j.gde.2016.03.004.

Gawryluk RM, Kamikawa R, Stairs CW, Silberman JD, Brown MW, Roger AJ. The earliest stages of mitochondrial adaptation to low oxygen revealed in a novel rhizarian. 2016 *Curr Biol* 26:2729-2738.

Nishimura Y, Tanifuji G, Kamikawa R, Yabuki A, Hashimoto T, Inagaki Y. Mitochondrial genome of *Palpitomonas bilix*: Derived genome structure and ancestral system for cytochrome c maturation. 2016 *Genome Biol Evol* 8:3090-3098.

Nishimura Y, Amagasa T, Inagaki Y, Hashimoto T, Kitagawa H. A system for supporting phylogenetic analyses over alignments of next generation sequence data. *Proceedings for the 10th International Conference on Complex, Intelligent, and Software Intensive Systems (CISIS-2016)* 2016 230-237.

Templeton TJ, Asada M, Jiratanh M, Ishikawa SA, Tiawsirisup S, Sivakumar T, Namangala B, Takeda M, Mohkaew K, Ngamjituea S, Inoue N, Sugimoto C, Inagaki Y, Suzuki Y, Yokoyama N, Kaewthamasorn M, Kaneko O. Ungulate malaria parasites. *Sci Rep* 2016 6:23230.

Kunugi M, Satoh S, Ihara K, Shibata K, Yamagishi Y, Kogame K, Obokata J, Takabayashi A, Tanaka A. Evolution of green plants accompanied changes in light-harvesting systems. *Plant Cell Physiol* 2016 57:1231-1243.

Kamikawa R, Shiratori T, Ishida K, Miyashita H, Roger AJ. Group II intron-mediated *trans*-splicing in the gene-rich mitochondrial genome of an enigmatic eukaryote, *Diphyllieia rotans*. *Genome Biol Evol* 2016 8: 458-466.

Santos HJ, Imai K, Hanadate Y, Fukasawa Y, Oda T, Mi-Ichi F, Nozaki T.. Screening and discovery of lineage-specific mitosomal membrane proteins in *Entamoeba histolytica*. *Mol Biochem Parasitol* 2016

209:10-17.

Mi-Ichi F, Yoshida H, Hamano S. *Entamoeba* encystation: new targets to prevent the transmission of amebiasis. **PLoS Pathog** 2016 12:e1005845.

Takahashi Y, Takechi K, Takio S, Takano H. Both the transglycosylase and transpeptidase functions in plastid penicillin-binding protein are essential for plastid division in *Physcomitrella patens*. **Proc Jpn Acad Ser B** 2016 92:499-508.

Hirano T, Tanidokoro K, Shimizu Y, Kawarabayashi Y, Ohshima T, Sato M, Tadano S, Ishikawa H, Takio S, Takechi K, Takano H. Moss chloroplasts are surrounded by a peptidoglycan wall containing D-amino acids. **Plant Cell** 2016 28:1521-1532.

Higuchi H, Takechi K, Takano H. Visualization of cyanelle peptidoglycan in *Cyanophora paradoxa* using a metabolic labeling method with click chemistry. **Cytologia** 2016 81:356-357.

Santos HJ, Imai K, Hanadate Y, Fukasawa Y, Oda T, Mi-Ichi F, Nozaki T. Screening and discovery of lineage-specific mitochondrial membrane proteins in *Entamoeba histolytica*. **Mol Biochem Parasitol** 2016 209:10-17.

Kida Y, Ishihara Y, Fujita H, Onishi Y, Sakaguchi M. Stability and flexibility of marginally hydrophobic segments stalling at the endoplasmic reticulum translocon. **Mol Biol Cell** 2016 27:930-940.

Kazama T, Itabashi E, Fujii S, Nakamura T, Toriyama K. Mitochondrial ORF79 levels determine pollen abortion in cytoplasmic male sterile rice. **Plant J** 2016 85:707-716.

Tahara M, Andrabi SBA, Matsubara R, Aonuma H, Nagamune K. A host cell membrane microdomain is a critical factor for organelle discharge by *Toxoplasma gondii*. *Parasitol. Int.* 2016, 65 (5), 378-388 査読有り

Sakamoto H, Suzuki S, Nagamune K, Kita K, Matsuzaki M. Investigation into the Physiological Significance of the Phytohormone Abscisic Acid in *Perkinsus marinus*, an Oyster Parasite Harboring a Non-Photosynthetic Plastid. *J. Eukaryot. Microbiol.* 2016, DOI: 10.1111/jeu.12379 査読有り

Ihara F, Nishimura M, Muroi Y, Mahmoud ME, Yokoyama N, Nagamune K, Nishikawa Y. *Toxoplasma gondii* Infection in Mice Impairs Long-Term Fear Memory Consolidation Through Dysfunction of the Cortex and Amygdala. *Infect Immun.* 2016; 84: 2861-2870. 査読有り

Ybañez RH, Leesombun A, Nishimura M, Matsubara R, Kojima M, Sakakibara H, Nagamune K, Nishikawa Y. *In Vitro* and *In Vivo* Effects of the phytohormone inhibitor fluridone against *Neospora caninum* infection. *Parasitol Int.* 2016; 65: 319-322. 査読有り

Ihara F, Nishimura M, Muroi Y, Furuoka H, Yokoyama N, Nishikawa Y. Changes in neurotransmitter levels and expression of immediate early genes in brain of mice infected with *Neospora caninum*. *Sci Rep.* 2016; 6: 23052. 査読有り

Mahmoud ME, Ihara F, Fereig RM, Nishimura M, Nishikawa Y. Induction of depression-related behaviors by reactivation of chronic *Toxoplasma gondii* infection in mice. *Behav Brain Res.* 2016; 298: 125-133.

Kato K, Sugi T, Takemae H, Takano R, Gong H, Ishiwa A, Horimoto T, Akashi H. Characterization of a *Toxoplasma gondii* calcium calmodulin-dependent protein kinase homolog. **Parasit Vectors.** 9:405. (2016) 査読有り

Kato K, Murata Y, Horiuchi N, Inomata A, Terkawi MA, Ishiwa A, Ogawa Y, Fukumoto S, Matsuhisa F, Koyama K. Dextran sulfate inhibits acute *Toxoplasma gondii* infection in pigs. **Parasit Vectors.** 9:134. (2016) 査読有り

Murakoshi F, Recuenco FC, Omatsu T, Sano K, Taniguchi S, Masangkay JS, Alviola P, Eres E, Cosico E, Alvarez J, Une Y, Kyuwa S, Sugiura Y, Kato K. Detection and molecular characterization of *Cryptosporidium* and *Eimeria* species in Philippine bats. **Parasitol Res.** 115:1863-1869. (2016) 査読有り

Murakoshi F, Ichikawa-Seki M, Aita J, Yaita S, Kinami A, Fujimoto K, Nishikawa Y, Murakami S, Horimoto T, Kato K. Molecular epidemiological analyses of *Cryptosporidium parvum* virus 1 (CSpV1), asymptomatic virus of *Cryptosporidium parvum*, in Japan. **Virus Res.** 211:69-72. (2016) 査読有り

Kazama, T., Itabashi, E., Fujii, S., Nakamura, T., Toriyama, K. Mitochondrial ORF79 levels determine pollen

abortion in cytoplasmic male sterile rice. *Plant J* 85, 707-716 (2016) (査読有り)

Kazama, T., Toriyama, K. Whole mitochondrial genome sequencing and re-examination of a cytoplasmic male sterility-associated gene in Boro-Taichung-type cytoplasmic male sterile rice. *PLoS ONE* 11, e0159379 p.1-13 (2016) (査読有り)

Igarashi, K., Kazama, T., Toriyama, K. A gene encoding pentatricopeptide repeat protein partially restores fertility in RT98-type cytoplasmic male-sterile rice. *Plant Cell Physiol* 57, 2187-2193 (2016) (査読有り)

Toshihiro Mita, Shinichiro Tahibana, **Makoto Hirai**: Plasmodium falciparum Kelch13: A potential molecular marker for tackling artemisinin-resistant malaria parasites. **Expert Review of Anti-infective Therapy** 2016;14(1):125-35. doi: 10.1586/14787210.2016.1106938.

Ebine K, **Hirai M**, Sakaguchi M, Yahata K, Kaneko O, Saito-Nakano Y. Plasmodium Rab5b is secreted to the cytoplasmic face of the tubovesicular network in infected red blood cells together with N-acylated adenylate kinase 2. **Malar J.** 2016 Jun 17;15:323. doi: 10.1186/s12936-016-1377-4.

Honma H, Niikura M, Kobayashi F, Horii T, Mita T, Endo H, **Hirai M**. Mutation tendency of mutator *Plasmodium berghei* with proofreading-deficient DNA polymerase δ . **Sci Rep.** 2016 Nov 15;6:36971. doi: 10.1038/srep36971.

Man SM, Karki R, Sasai M, Place DE, Kesavardhana S, Temirov J, Frase S, Zhu Q, Malireddi RK, Kuriakose T, Peters JL, Neale G, Brown SA, Yamamoto M, Kanneganti TD. IRGB10 Liberates Bacterial Ligands for Sensing by the AIM2 and Caspase-11-NLRP3 Inflammasomes. *Cell.* (2016) 167:382-396.

Ozaki T, Muramatsu R, Sasai M, Yamamoto M, Kubota Y, Fujinaka T, Yoshimine T, Yamashita T. The P2X4 receptor is required for neuroprotection via ischemic preconditioning. *Sci Rep.* (2016) 6:25893.

Aizawa S, Okamoto T, Sugiyama Y, Kouwaki T, Ito A, Suzuki T, Ono C, Fukuhara T, Yamamoto M, Okochi M, Hiraga N, Imamura M, Chayama K, Suzuki R, Shoji I, Moriishi K, Moriya K, Koike K, Matsuura Y. TRC8-dependent degradation of hepatitis C virus immature core protein regulates viral propagation and pathogenesis. *Nat Commun.* (2016) 7:11379.

Okumura R, Kurakawa T, Nakano T, Kayama H, Kinoshita M, Motooka D, Gotoh K, Kimura T, Kamiyama N, Kusu T, Ueda Y, Wu H, Iijima H, Barman S, Osawa H, Matsuno H, Nishimura J, Ohba Y, Nakamura S, Iida T, Yamamoto M, Umemoto E, Sano K, Takeda K. Lypd8 promotes the segregation of flagellated microbiota and colonic epithelia. *Nature.* (2016) 532:117-21.

Akimoto M, Hayashi J-I, Nakae S, Saito H, Takenaga K (2016) Interleukin-33 enhances programmed oncosis of ST2L-positive low-metastatic cells in the tumour microenvironment of lung cancer. *Cell Death Disease* 7: e2057. doi: 10.1038/cddis.2015.418

Jun-Ichi Hayashi, Osamu Hashizume, Kaori Ishikawa, Akinori Shimizu (2016) Mutations in mitochondrial DNA regulate mitochondrial diseases and metastasis but do not regulate aging. *Current Opinion in Genetics & Development* 38: 63-67.

Hirayasu K, Saito F, Suenaga T, Shida K, Arase N, Oikawa K, Yamaoka T, Murota H, Chibana H, Nakagawa I, Kubori T, Nagai H, Nakamaru Y, Katayama I, Colonna M, Arase H. Microbially cleaved immunoglobulins are sensed by the innate immune receptor LILRA2. **Nat. Microbiol.** 1:16054. 2016. 査読有

山本雄広、末松 誠 (2016)「ガスシグナルを介した翻訳後修飾によるがん細胞の代謝制御」 **The LUNG** 査読なし Vol.24, No.2, p80-86

山本雄広、末松 誠 (2016)「メチオニン代謝に起因するメチル化修飾を介した、がん細胞のエネルギー代謝制御機構」 **生化学**、査読なし Vol.88, No.3, p397-401

Kabe Y, Yamamoto T, Kajimura M, Sugiura Y, Koike I, Ohmura M, Nakamura T, Tokumoto Y, Tsugawa H, Handa H, Kobayashi T, and Suematsu M. (2016) Cystathionine beta-synthase and PGRMC1 as CO sensors. *Free Radical Biology & Medicine.* 査読あり Vol. 99, 333-344. doi: 10.1016/j.freeradbiomed.2016.08.025

Suematsu M, Nakamura T, Tokumoto Y, Yamamoto T, Kajimura M, Kabe Y. (2016) CO-CBS-H₂S axis: From vascular mediator to cancer regulator. *Microcirculation.* 査読あり Vol.23, 183-90. doi: 10.1111/micc.12253.

Rijpma SR, van der Velden M, **Annoura T**, Matz JM, Kenthirapalan S, Kooij TW, Matuschewski K, van Gemert

GJ, van de Vegte-Bolmer M, Siebelink-Stoter R, Graumans W, Ramesar J, Klop O, Russel FG, Sauerwein RW, Janse CJ, Franke-Fayard BM, Koenderink JB.. Vital and dispensable roles of Plasmodium multidrug resistance transporters during blood- and mosquito-stage development. *Mol Microbiol.* 査読有り. 101(1): (2016). 78-91.

Rijpma SR, van der Velden M, González-Pons M, **Annoura T**, van Schaijk BC, van Gemert GJ, van den Heuvel JJ, Ramesar J, Chevalley-Maurel S, Ploemen IH, Khan SM, Franetich JF, Mazier D, de Wilt JH, Serrano AE, Russel FG, Janse CJ, Sauerwein RW, Koenderink JB, Franke-Fayard BM. *et al.* Multidrug ABC transporters are essential for hepatic development of Plasmodium sporozoites. *Cell Microbiol.* 査読有り. 18, (2016). 369-83.

Sousuke Imamura, Yasuko Kawase, Ikki Kobayashi, Mie Shimojima, Hiroyuki Ohta, and Kan Tanaka. TOR (target of rapamycin) is a key regulator of triacylglycerol accumulation in microalgae. *Plant Signal. Behav.*, 査読有り, 11(3), 2016, e1149285.

2017年

Murakami T, Segawa T, Dial R., Takeuchi N, Kohshima S, Hongoh Y. Bacterial microbiota associated with the glacier ice worm is dominated by both worm-specific and glacier-derived facultative lineages. *Microbes Environ.* 32. 2017. 32-39 doi: 10.1264/jsme2.ME16158.

Pramono A K, Kuwahara H, Itoh T, Toyoda A, Yamada A, Hongoh Y. Discovery and complete genome sequence of a bacteriophage from an obligate intracellular symbiont of a cellulolytic protist in the termite gut. *Microbes Environ.* 2017. doi.org/10.1264/jsme2.ME16175 [Epub ahead of print]

Tashiro Y, Hasegawa Y, Shintani M, Ohkuma M, Kimbara K, Futamata H. Interaction of bacterial membrane vesicles with specific species and their potential for delivery to target cells. *Front Microbiol* 8. 2017. 571. doi: 10.3389/fmicb.2017.00571

Sakamoto M, Iino T, Ohkuma M. *Faecalimonas umbilicata* gen. nov., sp. nov., isolated from human faeces, and reclassification of *Eubacterium contortum*, *Eubacterium fissicatena* and *Clostridium oroticum* as *Faecalicatena contorta* gen. nov., comb. nov., *Faecalicatena fissicatena* comb. nov. and *Faecalicatena orotica* comb. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 67(5). 2017. 1219-1227. doi: 10.1099/ijsem.0.001790

Lee C G, Iida T, Inoue Y, Muramoto Y, Watanabe H, Nakaho K, Ohkuma M. Prokaryotic communities at different depths between soils with and without tomato bacterial wilt but pathogen-present in a single greenhouse. *Microbes Environ.* 2017. doi: 10.1264/jsme2.ME16136 [Epub ahead of print]

Takeshita K and Kikuchi Y. Riptortus pedestris and Burkholderia symbiont: an ideal model system for insect-microbe symbiotic associations. *Research in Microbiology.* 査読有り. 168. 2017. 175-187.

Kubota-Aizawa S, Ohno K, Kanemoto H, Nakashima K, Fukushima K, Uchida K, Chambers JK, Goto-Koshino Y, Mimuro H, Watanabe T, Sekizaki T, Tsujimoto H. Epidemiological study on feline gastric Helicobacter spp. in Japan. *J Vet Med Sci.* 査読有り. 79(5). 2017. 876-880.

Haruta S, Iino T, Ohkuma M, Suzuki K and Igarashi Y. Ca²⁺ ions in hybridization solutions for fluorescence in situ hybridization facilitate the detection of *Enterobacteriaceae*. *Microbes Environ.* 2017. doi: 10.1264/jsme2.ME16186 [Epub ahead of print]

Leger MM, Kolisko M, Kamikawa R, Stairs CW, Kume K, Cepicka I, Silberman JD, Andersson JO, Xu F, Yabuki A, Eme L, Zhan Q, Takishita K, Inagaki Y, Simpson AGB, Hashimoto T, Roger AJ. Organelles that illuminate the origins of *Trichomonas* hydrogenosomes and *Giardia* mitosomes. *Nature Ecology & Evolution* 1, 0092 (2017). Doi: 10.1038/s41559-017-0092

Babychuk E, Hoang KT, Vandepoele K, Van De Slijke E, Geelen D, De Jaeger G, Obokata J, Kushnir S. The mutation nrpb1-A325V in the largest subunit of RNA polymerase II suppresses compromised growth of *Arabidopsis* plants deficient in a function of the general transcription factor IIF. *Plant J* 2017 89:730-745.

Andrabi SBA, Tahara M, Matsubara R, Toyama T, Aonuma H, Sakakibara H, Suematsu M, Tanabe K, Nozaki T, **Nagamune K.** Plant hormone cytokinins control cell cycle progression and plastid replication in apicomplexan parasites. *Parasitol. Int.* 2017, *in press* 査読有り

Mahmoud ME, Fereig R, **Nishikawa Y.** Involvement of host defense mechanisms against *Toxoplasma gondii* infection in anhedonic and despair-like behaviors in mice. *Infect Immun.* 2017; 85: e00007-17. 査読有り

Aikawa S., Inokuma K., Wakai S., Sasaki K., Ogino C., Chang J.S., Hasunuma T., Kondo A., "Direct and

high-productive conversion of cyanobacteria *Arthrospira platensis* to ethanol by CaCl₂ addition” 「未発表・査読中」

Miyazawa H, Yamaguchi Y, Sugiura Y, Honda K, Kondo K, Matsuda F, **Yamamoto T**, Suematsu M, and Miura M. (2017) Rewiring of embryonic glucose metabolism via suppression of PFK-1 and aldolase during mouse chorioallantoic branching. *Development* 査読あり Vol.144, 63-73. doi: 10.1242/dev.138545

Sousuke Imamura, Keiko Taki, and Kan Tanaka. Construction of a rapamycin-susceptible strain of the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae* for analysis of target of rapamycin (TOR) function. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, 査読有, In press.

Sousuke Imamura, Yuta Nomura, Keiko Taki, Tokiaki Takemura, Yuzuru Tozawa, and Kan Tanaka. Transcription of ribosomal RNA in chloroplast is coordinated with those in nucleus and mitochondrion, and controlled by a nuclear-encoded RelA-SpoT homolog. (発表予定)

(2) 図書

2012年

守屋繁春、海青社、2012、シロアリの辞典 pp. 312-319

仲田崇志、松崎素道「ミトコンドリアの細胞内共生」 pp. 55-61. 『進化学事典』 日本進化学会編 共立出版・東京 2012年4月 975頁

石田健一郎 「共生によるオルガネラの獲得」 pp. 70-73. 『進化学事典』 日本進化学会編 共立出版・東京 2012年4月 975頁

泉山信司、八木田健司、永宗喜三郎 「生水と原虫症（生水のリスク）」 公衆衛生 2012, 76: 50-53

永宗喜三郎 「アピコンプレクス門原虫が産生する植物ホルモン様物質とその作用」 日生研たより 2012, 58: 24-28

福士路花、松原立真、永宗喜三郎 「*Toxoplasma gondii* ～三日月に恋してる～」 原生動物園 2012, 3: 3-7

2013年

喜屋武向子、松原立真、永宗喜三郎 「トキソプラズマ症と沖縄県におけるトキソプラズマの流行状況について」 防菌防黴 2013, 41: 19-28

永宗喜三郎 「オモロいのは名前だけじゃない！ ～マトリョーシカ型進化原理～」 細胞工学 2013, 32: 226-231

永宗喜三郎 「トキソプラズマ症」 IDWR 感染症発生動向調査 感染症週報 2013, 15: 20-25

2014年

本郷裕一、海青社、2012、「シロアリ腸内共生微生物群集の多様性と役割」シロアリの事典、pp. 37-45

井上潤一・大熊盛也、シーエムシー出版、2012、環境遺伝子の網羅的解析と植物バイオマス分解酵素「バイオマス分解関連酵素研究の最前線」、pp. 92-97.

大熊盛也、朝倉書店、2014、「88. シロアリと微生物」環境と微生物の事典、pp. 198-199.

野田悟子、大熊盛也、羊土社、2014、「メタトランスクリプトーム研究の現状」常在細菌叢が操るヒトの健康と疾患、pp. 693-698.

本郷裕一、朝倉書店・微生物生態学会、2014、「環境ゲノミクス」「メタゲノム」「一細胞ゲノミクス」環境と微生物の事典

春田伸、朝倉書店・微生物生態学会、2014、「微生物の飢餓適応」環境と微生物の事典、pp. 75

永宗喜三郎、松原立真、田原美智留、佐倉孝哉 「明日に向かってスベレ！ 細胞運動獲得モデル：アピコンプレクサ類生物」 細胞工学 2014, 33: 774-776

福本隼平、永宗喜三郎 「トキソプラズマ分子疫学の現状」 獣医寄生虫学会誌 2014, 13: 74-79

渡邊智美、永宗喜三郎 「トーチの会とその活動：母親たちの願いから啓発活動へ」 獣医寄生虫学会誌 2014, 13: 110-114

加藤健太郎 「寄生虫研究 材料と方法」 トキソプラズマ原虫のブタを用いた感染実験 p. 27-28 三恵社 2014年 総ページ数 180

猪又敦子、加藤健太郎 「寄生虫研究 材料と方法」 クリプトスポリジウム原虫のマウスでの継代と原虫オーシストの糞便からの精製 p. 29-32 三恵社 2014年 総ページ数 180

村越ふみ、加藤健太郎 「寄生虫研究 材料と方法」 クリプトスポリジウム原虫における培養細胞を用いた感染・増殖阻害アッセイ p.105-106 三恵社 2014年 総ページ数 180

杉達紀、加藤健太郎 「寄生虫研究 材料と方法」 DUAL-LUCIFERASE を利用したトキソプラズマ原虫潜伏感染評価方法 p.107-109 三恵社 2014年 総ページ数 180

森稔幸、平井 誠 第二章 [配偶子融合] 動植物の受精—共通機構と多様性 (DOJIN BIOSCIENCE SERIES 13th) 澤田 均 編 化学同人 2014年

Hirai M: Fertilization mechanisms of the rodent malarial parasite *Plasmodium berghei*. In “Sexual Reproduction in Animals and Plants”, Sawada, H. et al. eds. Springer. Japan 2014 doi: 10.1007/978-4-431-54589-7

Ye Xiaoting、原清敬 (2014) 「もっと光を！人工光合成細菌の魅力」 生物工学会誌 バイオメディア (日本生物工学会) 92, 444 (共著)

山本雄広、高野直治、石渡恭子、末松 誠 (2014) 「メチオニン代謝の変動ががんの代謝を決める~アルギニンメチル化修飾によるがん細胞の糖代謝制御」 実験医学増刊号 驚愕の代謝システム Vol. 32 No. 15 (増刊) p78-85 (8 ページ)

末松 誠、山本雄広、梶村眞弓、(2014) 「CO とシグナル伝達」 酸化ストレスの医学 (改訂第2版)、診断と治療社 p137-144 (8 ページ)

2015年

中鉢淳、シーエムシー出版、2015、「農業害虫の生存を支えるオルガネラ様共生細菌」 難培養微生物研究の最新技術Ⅲ、85-94.

雪 真弘・大熊盛也、シーエムシー出版、2015、「難培養微生物研究の最新技術III-微生物の生き様に迫り課題解決へ」 シングルセルゲノム解析技術の現状と展望、pp. 30-40.

石田健一郎 「藻類の系統」 pp.166-175. 『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・東京 2015年9月 198頁

石川香、林純一、中田和人. ミトコンドリアセントラルドグマの破綻病理. *医学のあゆみ* 254, 452-458 (2015).

2016年

本郷裕一、化学同人、2016、「昆虫における共生の総論」 共生微生物、 pp. 60-74

本郷裕一、新曜社、2016、「マトリョーシカ型共生が支えるシロアリの繁栄」 つむぐ、pp.113-117

大熊盛也、化学同人、2016、「第7章 シロアリ共生微生物」 共生微生物-生物と密接に関わるマイクロな生命体-、pp. 75-84.

坂本光央・大熊盛也、羊土社、2016、「第1章メタゲノム解析の基本知識 3」 細菌の分類 実験医学別冊 メタゲノム解析実験ハンドブック、pp. 22-26.

中鉢淳、化学同人、2016、「半翅目昆虫の菌細胞内共生」 共生微生物、pp.213-224.

石田健一郎 「葉緑体と共生」 pp.202-212. 『共生微生物：生物と密接に関わるマイクロな生命体』大野博司編 化学同人・東京 2016年10月 281頁

松原立真、永宗喜三郎 「アピコンプレクサ生物におけるカルシウム・シグナリングと植物ホルモン」 化学療法の領域 2016, 32: 117-126

松原立真、永宗喜三郎 「アピコンプレクサ類のもつ植物様オルガネラと植物ホルモン -オルガネラ進化学か

ら考える感染症対策」遺伝 2016, 70:99-104

永宗喜三郎 「お肉とネコの寄生虫、トキソプラズマってナニモノ？」衛生の友 2016, 59: 2

猪原史成、**西川義文**：獣医寄生虫学会誌 (Jpn. J. Vet. Parasitol.) Vol. 15. No. 2、2016年、pp. 90-99 (トキソプラズマ感染によるヒトの精神疾患とげっ歯類の行動変化)

西川義文、猪原史成：医歯薬出版株式会社、医学のあゆみ、259巻9号 2016年11月26日号、pp. 952-960 (総説「グローバル感染症トキソプラズマトキソプラズマ感染が環境と人間活動に及ぼす影響は？」、グローバル感染症最前線-NTDsの先へ-)

原清敬 (2016)「共生由来オルガネラの改変—共生が駆動する微生物発酵生産」生物の科学 遺伝 (2016年3月号) 特集 真核細胞の共生由来オルガネラ研究最前線—広がり続ける多様性と機能 (NTS出版) 70, 110-114

2017年

西川義文：緑書房、寄生虫病学、改訂版第1刷発行 2017年3月10日、pp. 47-49 (第2章・原虫 2-3原虫各論 II (アピコンプレクサ類) 2. コクシジウム II (1) トキソプラズマ、(2) ネオスポラ、(3) サルコシステイス)

永宗喜三郎 「トキソプラズマ感染症診断法」小児内科 2017, 49 印刷中

山本雄広、伊藤真衣、大津 陽、末松 誠 (2017)「メチオニン代謝-がん細胞における制御機構とその役割」実験医学増刊号 がん代謝〜ワールブルグを超えて全容解明に挑む Vol. 35 No. 10 (増刊) p52-59 (8ページ)

(3) 研究成果による産業財産権の出願・取得状況

平成 24 年度

鳥山欽哉・風間智彦・本村恵二・五十嵐圭介：イネ RT 型細胞質雄性不稔性原因遺伝子およびその利用、特願 2012-180824、2012 年 8 月 17 日出願

平成 25 年度

鳥山欽哉・風間智彦・本村恵二・五十嵐圭介：イネ RT 型細胞質雄性不稔性原因遺伝子およびその利用、2013 年 6 月 10 日出願 PCT/JP2013/066528

平成 26 年度

加藤健太郎、杉達紀、正谷達膳 (以上発明者) 「抗原虫薬のスクリーニング方法及び組換えトキソプラズマ株」特願 2014-109262、国立大学法人帯広畜産大学、国立大学法人鹿児島大学 (以上出願人) 2014 年 5 月 27 日

セルラーゼ賦活剤及びそれを用いたリグノセルロース系バイオマス糖化方法 守屋繁春、小田切正人、雪真弘、大熊盛也、岸川昭太郎 11 月 12 日 特願 2014-230027

微細藻類、培養物、及び油脂の製造方法、特願 2014-111565

今村壮輔、田中寛、小林一幾、河瀬泰子、竹内卓人、太田啓之、下嶋美恵、藏野憲秀

平成 27 年度

原清敬・近藤昭彦 「光駆動高エネルギーサッカロミセス亜門酵母の作製方法」(特願 2016-517869)【国際出願日】平成 27 年 4 月 24 日

加藤健太郎、アラール テルカウイ、高野量 (以上発明者) 「抗原虫薬」特願 2015-233632、国立大学法人帯広畜産大学 (出願人) 2015 年 11 月 30 日

倉田祥一朗、Study of endosymbiont-induced anti-virus effects in host insects, 第 89 回日本細菌学会総会、3 月 24 日

平成 28 年度

矢野環、倉田祥一朗、化学同人、ショウジョウバエの腸内共生細菌・細胞内共生細菌と宿主の相互作用. DOJIN BIOSCIENCE シリーズ「共生微生物」大野博司編 2016 年、281 ページ (85-93)

(4) 国際学会

平成 23 年度

Kawafune K, Hongoh Y, Hamaji T and Nozaki H. "Molecular identification of rickettsiacean endosymbionts in the volvocaeans, *Carteria cerasiformis* and *Pleodorina japonica* (Chlorophyta)". Joint Meeting of the Phycological Society of America, International Society of Protistologists & Northwest Algal Symposium. Jul 12-16 2011. University of Washington Seattle, Washington, USA.

Nozaki, T. A novel class of hydrolase receptors involved in the lysosomal trafficking of virulence factors in *Entamoeba histolytica*. The Second Cross-Straits and Asia Pacific International Conference on Parasites, August 31-September 2, 2011, Tainan, Taiwan. (Invited lecture)

Hiroki Nagai, Type IVB secretion systems of *Legionella* and related bacteria. Deciphering core complex of the type IVB secretion system. XIII International congress of bacteriology and applied microbiology, (Sapporo) Sep. 6-10, 2011

Akinori Yabuki, Ryoma Kamikawa, Martin Kolisko, Sohta A. Ishikawa, Ken-ichiro Ishida, Alastair G. B. Simpson, Andrew J. Roger, *Yuji Inagaki. *Tsukubamonas globosa* is a deep-branching member in the Discoba clade: Morphology, phylogenomics, and mitochondrial genome. **International Union of Microbiological Societies 2011 Congress**, September 6-10, 2011, Sapporo Convention Center (Sapporo, Hokkaido)

*Ryoma Kamikawa, Yuji Inagaki, Andrew J. Roger, Tetsuo Hashimoto. *Trans*-splicing of split introns is required for the expressions of indispensable genes in *Giardia intestinalis*. **International Union of Microbiological Societies 2011 Congress**, September 6-10, 2011, Sapporo Convention Center (Sapporo, Hokkaido)

Mimuro H, Kiga K and Sasakawa C . 「Control of host cell responses by *Helicobacter pylori* infection」. International Union of Microbiological Societies (IUMS) 2011 Congress. Sep 8 2011. 札幌

Nozaki, T. A novel import machinery of the highly divergent mitochondrion-related organelle from the anaerobic parasitic protist *Entamoeba histolytica*. International Union of Microbiological Societies. September 8-10, 2011, Sapporo, Japan. (Symposist and Convenor)

Nakada-Tsukui, K., Tsuboi, K., Furukawa, A., Yamada, Y., and Nozaki, T. Novel receptor family proteins mediate transport of lysosomal enzymes in the enteric protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. International Union of Microbiological Societies. September 8-10, 2011, Sapporo, Japan. (Symposist)

Furukawa, A., Nakada-Tsukui, K., and Nozaki, T. Trafficking mechanisms of phagosomal proteins in *Entamoeba histolytica*. International Union of Microbiological Societies. September 8-10, 2011, Sapporo, Japan.

Nozaki, T. Function and transport of the highly divergent mitochondrion-related organelle from the anaerobic parasitic protist *Entamoeba histolytica*. The 1st Asian Conference of Prosistology, October 3-6, 2011, Jeju, Korea (Plenary Lecture)

Nozaki, T, Nakada-Tsukui, K., and Furukawa, A. A novel class of hydrolase receptors involved in the lysosomal trafficking of virulence factors in *Entamoeba histolytica*. The 1st Asian Conference of Prosistology, October 3-6, 2011, Jeju, Korea (Workshop).

Hiroki Nagai: Structural insights highlight mosaic nature of the type IVB secretion system. Current Trends in biomedicine workshop "The Biology of Intracellular Bacterial Pathogens " Baeza, Spain, Oct. 24-26, 2011.

Nakabachi A. The obligate symbiosis in aphids: a promising target for highly selective pest control. The Asia-Pacific Interdisciplinary Research Conference 2011. Nov 18 2011. Toyohashi, Japan.

Yang Y, Maruyama S, Sekimoto H, Sakayama H and Nozaki H. "Cryptic non-green endosymbiosis in the secondary photosynthetic eukaryotes, Chlorarachniophyta, based on extended phylogenetic analyses" . First International *Volvox* Conference, Biosphere 2. Dec 1-4 2011. Tucson, Arizona, USA.

Nozaki, T. Divergent evolution of mitochondrion-related organelles under anaerobic conditions: Function and transport of mitosomes in *Entamoeba histolytica*. The 33rd Japanese Society of Molecular Biology, December 13-16, 2011, Yokohama.

Nozaki, T. Evolutionary divergence of function and import of the mitochondria. JST Vinnova Japan-Sweden Joint Workshop, Multidisciplinary BIO, January 25, 2012, Tokyo.

Nozaki, T. Metabolism and metabolomics in *Entamoeba histolytica*. EMBO Global Lecture Course and Symposium on 'Amoebasis: Exploring the Biology and the Pathogenesis of *Entamoeba*' March 2-3, 2012, Delhi, India. (Invited lecture)

Nozaki, T. Metabolism, drug resistance, vesicular trafficking, virulence, and mitochondria evolution in *Entamoeba histolytica*. EMBO Global Lecture Course and Symposium on 'Amoebasis: Exploring the Biology and the Pathogenesis of *Entamoeba*' March 4-7, 2012, Khajuraho, India. (Plenary Lecture)

Nakada-Tsukui, K., Furukawa, A., Tsuboi, K., Yamada, Y., and Nozaki, T. A novel class of cysteine protease receptors that mediate lysosomal transport in *Entamoeba histolytica*. EMBO Global Lecture Course and Symposium on 'Amoebasis: Exploring the Biology and the Pathogenesis of *Entamoeba*' March 4-7, 2012, Khajuraho, India.

Jeelani, G., Sato, D., Husain, A., Escueta-de Cadiz, A., Suematsu, M., Soga, T., and Nozaki, T. Metabolomics of parasite differentiation: metabolomic profiling of the protozoan parasite *Entamoeba* revealed activation of unprecedented pathways during encystation. EMBO Global Lecture Course and Symposium on 'Amoebasis: Exploring the Biology and the Pathogenesis of *Entamoeba*' March 4-7, 2012, Khajuraho, India.

平成 24 年度

Yamamoto M, Okuyama M, Ma JS, Kamiyama N, Ohshima J, Soldati-Favre D, Takeda J, Takeda K. 「Critical function of a Cluster of IFN- γ -inducible p65 GTPases in Host Defense Against *Toxoplasma gondii*」 WHIP 2012 16th Annual Woods Hole ImmunoParasitology Conference (Marine Biological Laboratory, Woods Hole, MA, USA, April 22-25, 2012)

*Yuji Inagaki. Genome evolution of the nitrogen-fixing cyanobacterial endosymbiont in the diatom *Epithemia turgida*. **2012 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 9-11, 2012, Hilton Hotel, Quebec City (Quebec City, Canada)

Nozaki, T. Evolution of function and import machinery of the mitochondria under anaerobic conditions: Highly divergent mitochondrion-related organelles in the parasitic protozoan *Entamoeba histolytica*. Mito 21012, Heraklion, Greece, May 9-13, 2012.

Matsuzaki M, Kuroiwa H, Kuroiwa T, Nozaki H, Kita K An oyster parasite *Perkinsus marinus* harbors reduced, DNA-lacking plastid. Forum Cheju 15: The 15th Japan-Korea Parasitologists' Seminar 2012年5月24日 (宮崎市・日本)

Kawafune K, Hongoh Y and Nozaki H. "Horizontal transmissions and extinctions of the rickettsia-like bacterial endosymbionts within the Volvocaceae", 15th International Conference on the Cell and Molecular Biology of *Chlamydomonas*. Jun 5-10 2012. Kongresshotel, Potsdam (near Berlin), Germany.

Sousuke Imamura, Yu Kanesaki, Mio Ohnuma, Takayuki Inouye, Yasuhiko Sekine, Takayuki Fujiwara, Tsuneyoshi Kuroiwa and Kan Tanaka. R2R3-type MYB transcription factor, CmMYB1, controls the expression of nitrogen assimilation genes in response to nitrogen status in the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*. The 12th Asian Conference on Transcription, 7th June, 2012, Jesu Island, Korea.

J. Matsuo, A. Ito, S. Nakamura, H. Sakai, M. Yoshida, K. Takahashi, H. Yamaguchi. Environmental chlamydia, Protochlamydia Induces Caspase-Dependent Apoptosis to Human Immortal HEp-2 Cells by Triggering a Mitochondrial Pathway. ASM 112th General Meeting: San Francisco June 16-19, 2012

Y. Hayashi, Yimin, J. Matsuo, S. Nakamura, M. Kunichika, M. Yoshida, K. Takahashi, H. Yamaguchi. Parachlamydia acanthamoebae attachment to amoebae is required for several amoebal secreted molecules and serine-protease activity. ASM 112th General Meeting: San Francisco June 16-19, 2012

K. Ishida, T. Kubo, J. Matsuo, C. Yamane, S. Nakamura, M. Kunichika, M. Yoshida, K. Takahashi, H. Yamaguchi. Pathogenic Chlamydial Growth in Human Immortal Jurkat Lymphoid Cells Uncontrolled by Interferon- γ . ASM 112th General Meeting: San Francisco June 16-19, 2012

Kenzaka T, Nasuno H, Kuga T, Nasu M, Tani K. Enhanced induction of mutation by extracellular nucleic acids in *Escherichia coli*. 112th General Meeting of American Society for Microbiology. Jun 16-19 2012. San Francisco, USA.

菊池義智, 早津雅仁, 細川貴弘, 永山敦士, 多胡香奈子, 深津武馬. Insecticide resistance by endosymbiotic bacteria. 7th International Symbiosis Society Congress. Jul 27 2012. Auditorium Maximum of the Jagiellonian University, Krakow, Poland

Symposium: Nagamune, K., Andrabi, S.B.A., and Matsubara, R. "Apicomplexan parasites and plant hormones" Protist 2012, July 2012, Oslo, Norway

Nomura M., Nakayama T., Motomura T., Nagasato C. and Ishida K. Fine structural observation of shell formation in a rhizarian testate amoeba *Paulinella chromatophora*. Protist 2012, 29 July – 3 August 2012, Oslo, Norway.

Shirato S., Suzuki S., Nakayama T., Hirakawa Y., Koike S. and Ishida K. Comparative analysis of nucleomorph genomes among three chlorarachniophytes. Protist 2012, 29 July – 3 August 2012, Oslo, Norway.

Nozaki, T. Mitosomal transport system in *Entamoeba histolytica*. Protist 2012, International Society of Evolutionary Protistology Meeting, Oslo, Norway, July 29-Aug 3, 2012.

*Yuji Inagaki. A model for endosymbiotic genome reduction: rhopalodiacecan diatoms and their nitrogen-fixing organelle, spheroid body. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Sohta Ishikawa, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto. RY-coding and non-homogeneous models can ameliorate the maximum-likelihood inferences from nucleotide sequence data with parallel compositional heterogeneity. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Yuki Nishimura, Ryoma Kamikawa, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto. A new strategy of organellar genome sequencing incorporating rolling circle amplification: protist mitochondria genomes. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Yuki Yazaki, Ryoma Kamikawa, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki Is the replacement of a gene encoding plastid-targeted GAPDH on-going in the dinoflagellate genus in *Karenia*? **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Ryoma Kamikawa, Yuki Nishimura, Akinori Yabuki, Martin Kolisko, Alastair G. B. Simpson, Andrew J. Roger, Ken-ichiro Ishida, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki. The phylogenetic position and mitochondrial genome sequence of the enigmatic discobid *Tsukubamonas globosa*. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Akiko Yokoyama, Shigeharu Moriya, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto, Isao Inouye. Seasonal succession of eukaryotic community detected by environmental sequences in Tokyo Bay, Japan. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Martin Kolisko, Ryoma Kamikawa, Kiyotaka Takishita, Ivan Cepicka, Qianqian Zhang, Tetsuo Hashimoto, Akinori Yabuki, Yuji Inagaki, Andrew J Roger, Alastair GB Simpson. Evolutionary analysis of mitochondrial ancestry of diplomonads: Phylogenomics of mitochondrial-related organelles in *Carpediemonas*-like organisms. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

*Junichi Obokata. A new driving force for the functional gene transfer during endosymbiotic evolution: Pol II promoter *de novo* origination. **Protist 2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

Masato Nakai. Uncovering the protein translocon at the chloroplast inner envelope. **Gordon Research Conference "Mitochondria & Chloroplasts"**, July 29-August 3, 2012, Bryant University (Smithfield, USA)

Akinori Yabuki, Wenche Eikrem, Kiyotaka Takishita. Fine structure of *Telonema subtile* Griessmann, 1913: A unique cytoskeletal structure among eukaryotes. **Protist2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

Fumiya Noguchi, Kiyotaka Takishita, Masaru Kawato, Takao Yoshida, Yoshihiro Fujiwara, Katsunori Fujikura. A novel alveolate in gill epithelium cells of bivalves with chemosynthetic bacteria inhabiting deep-sea methane seeps in Sagami Bay, Japan. **Protist2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

Martin Kolisko, Ryoma Kamikawa, Kiyotaka Takishita, Ivan Čepička, Qianqian Zhang, Tetsuo Hashimoto, Akinori Yabuki, Yuji Inagaki, Andrew J. Roger, Alastair G Simpson. Evolutionary analysis of mitochondrial ancestry of diplomonads: Phylogenomics of mitochondrial-related organelles in *Carpodidomonas*-like organisms. **Protist2012**, July 29-August 3, 2012, University of Oslo (Oslo, Norway)

Ishida K Endosymbiosis, plastid acquisition and the chlorarachniophytes. (Presidential lecture) Protist 2012, 2012年7月30日 (オスロ・ノルウェー)

Mitsumasa Hanaoka, Naoki Takai, Norimune Hosokawa, Masayuki Fujiwara, Yuki Akimoto, Nami Kobori, Hideo Iwasaki, Takao Kondo and Kan Tanaka. RpaB is involved in transcriptional regulation in response to the circadian clock as well as high light stress in *Synechococcus elongatus* PCC 7942. **ISPP 2012: 14th International symposium on Phototrophic Prokaryotes**. August 5-10, 2012, Porto Palácio Congress Hotel & Spa (Porto, Portugal)

*Yuji Inagaki. Recent progress in placing newly-discovered lineages of protists in the deep tree of eukaryotes. **Center for Comparative Genomic and Evolutionary Bioinformatics meeting**, August 6, 2012, Dalhousie University (Halifax, Canada)

大林 翼, 北川 航, 深津 武馬, 菊池 義智. Bacterial flagellar motility plays a pivotal role in an insect-microbe gut symbiosis. 14th International Symposium on Microbial Ecology. Aug 19-24 2012. Copenhagen, Denmark.

Nakabachi A. Aphids acquired symbiotic genes from bacteria. The XXIV International Congress of Entomology. Aug 20 2012. Daegu, Korea.

菊池義智, 早津雅仁, 細川貴弘, 永山敦士, 多胡香奈子, 深津武馬. Insecticide resistance governed by endosymbiotic bacteria. XXIV International Congress of Entomology. Aug 23 2012. Exco-Daegu Convention Center, Daegu, Korea.

Nagamune, K., Tahara, M., Andrabi, S.B.A., Aonuma, H., and Kinoshita, T. "The effect of host GPI to *Toxoplasma gondii* infection." Molecular Parasitology Meeting XXIII, Woods Hole, MA, USA, September 2012

Fkshi, M., Aonuma, H., Matsubara, R., Tahara, M., Andrabi, S.B.A., and Nagamune, K. "The acidic organelle in extracellular *Toxoplasma gondii*." Molecular Parasitology Meeting XXIII, Woods Hole, MA, USA, September 2012

Jeelani, G., Dan, S., Husain, A., Escueta-de Cadiz, Sugimoto, M., Soga, T., Suematsu, M., and Nozaki, T. Metabolome of encystation in *Entamoeba histolytica*. Metabolomics of Protozoan parasites. Glasgow, U.K., Sep 10-14, 2012.

Chiba, Y., Dan, S., Makiuchi, T., Jeelani, G., Soga, T., and Nozaki, T. Organelle metabolomics of *Entamoeba histolytica*. Metabolomics of Protozoan parasites. Glasgow, U.K., Sep 10-14, 2012.

Nozaki, T. Evolution of the mitochondria under anaerobic conditions: Function and import machinery of the highly divergent mitochondrion-related organelle in the parasitic protozoan *Entamoeba histolytica*. The 11th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Japan, Sep 11-14, 2012.

Tomoko Kubori, Takuya Kuroda, Katsumi Imada and Hiroki Nagai: Legionella DotI and DotJ form a multimeric subcomplex associated with the core complex of the Dot/Icm type IVB secretion system. The 11th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo, Sep 11-14, 2012

Yamamoto M. 「Essential role of interferon- γ -inducible p65 GTPases in host cellular innate immunity against *Toxoplasma gondii*」 The 11th Awaji International Forum on Infection and Immunity (Awaji Yumebutai International Conference Center on Awaji Island, Hyogo, Japan, September 11th-14th, 2012)

Nakabachi A, Ueoka R, Oshima K, Teta R, Mangoni A, Gurgui M, Oldham NJ, van Echten-Deckert G, Okamura K, Yamamoto K, Inoue H, Ohkuma M, Hongoh Y, Miyagishima SY, Hattori M, Piel J, Fukatsu T. Functions and evolution of a dual bacterial symbiosis in a serious citrus pest, *Diaphorina citri*. The 28th Annual Meeting of the Japanese Society of Microbial Ecology. Sep 20-21 2012. Toyohashi, Japan.

Kuwahara H, Nakanishi S, Nakabachi A, Hongoh Y. Extremely large genome size of the flagellated protists in termite guts. The 28th Annual Meeting of the Japanese Society of Microbial Ecology. Sep 20-21 2012. Toyohashi, Japan.

Mimuro H. Crosstalk between *Helicobacter pylori* and Host Cells. 9th International Conference of Flow Dynamics, ICFD. Sep 21 2012. 仙台,宮城

Nozaki, T., Nakada-Tsukui, K., Furukawa, A., and Marumo, K. A novel class of transporters that mediate lysosomal trafficking in *Entamoeba histolytica*. International Conference of Tropical Medicine and Malaria. T. Rio de Janeiro, Brazil, Sep 23-27, 2012.

Andree Hubber, Craig Roy and Hiroki Nagai: Survey of host GTPases co-opted by the bacterial pathogen *Legionella pneumophila*, Small GTPases at Different Scales: Proteins, Membranes, Cells, Suzhou, China, Sep. 24-28, 2012

Toriyama, K.: Genome barriers between mitochondria and nuclei exemplified by cytoplasmic male sterility/fertility restoration in rice. 10th International Congress on Plant Molecular Biology, Jeju, Korea, October 21-26, 2012 (招待講演)

Kano, T., Kazama, T., Toriyama, K.: Analysis of mitochondrial genes causing pollen abortion and restorer of fertility genes in *Oryza rufipogon*. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics, Chiang Mai, Thailand, November 26-29, 2012(ポスター発表)

Kiyotaka Hara "Novel glutathione production using engineered *Saccharomyces cerevisiae*." The 18th Symposium of Young Asian Biological Engineers'Community (2012) Korea

Nozaki, T. Evolution of the mitochondria under anaerobic conditions: Function and import machinery of the highly divergent mitochondrion-related organelle in *Entamoeba histolytica*. Joint International Tropical Medicine Meeting. Bangkok, Thailand, Dec 12-14, 2012.

Nozaki, T. A novel beta barrel transporter in the mitosome of *Entamoeba histolytica*. XVII Seminar on Amebiasis 2013, Merida, Mexico, Mar 1-5, 2013.

Nakada-Tsukui, K., Tomii, K., Marumo, K., Sato, E., Takashima, E., Shiba, T., Horton, P., Tsuboi, T., Harada, S., and Nozaki, T. Unique lysosomal targeting system in *Entamoeba histolytica*. XVII Seminar on Amebiasis 2013, Merida, Mexico, Mar 1-5, 2013.

平成 25 年度

Masato Nakai. A novel TIC translocon-associated import motor? **EMBO Conference "From Structure to Function of Translocation Machines"**, April 13-17, 2013, Hotel Valamar Lacroma (Dubrovnik, Croatia)

Matsuzaki M, Hata M, Masuda I, Kita K Randomly-fragmented linear DNA molecules constitute mitochondrial genome of *Perkinsus marinus*. Annual meeting for CIFAR Integrated Microbial Biodiversity program 2013年5月14日 (ウイスラー・カナダ)

*Yuji Inagaki. The enigmatic discobid *Tsukubamonas globosa*: phylogenomic analysis and mitochondrial genome sequence. **2013 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 14-17, 2013, Four Seasons Hotel (Whistler, Canada)

*Yuji Inagaki. The genes encoding elongation factor 1 α and elongation factor-like protein co-exist in distantly related eukaryotic genomes. **2013 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 14-17, 2013, Four Seasons Hotel (Whistler, Canada)

*Ryoma Kamikawa. Pedinophytes are easy: Origin and diversity of green-colored plastids in dinoflagellates. **2013 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 14-17, 2013, Four Seasons Hotel (Whistler, Canada)

Ishida K, Matsuo J, Hayashida K, Sekizuka T, Kuroda M, Takeuchi F, Nagai H, Sugimoto C, Yamaguchi H. A unique genome feature of an amoebal endosymbiotic primitive chlamydia, Neochlamydia, showing intimate mutualistic interaction with *Acanthamoeba*. ASM 113th General Meeting: Denver Colorado, May 18-21, 2013

Matsuo J, Okude M, Hayashi Y, Nakamura S, Yamaguchi H. Cell-to-cell transfer of amoebal endosymbiotic primitive chlamydiae via cytokinesis: a model. ASM 113th General Meeting: Denver Colorado, May 18-21, 2013

Yamane C, Yamazaki T, Hayashi Y, Matsuo J, Nakamura S, Yamaguchi H. Incomplete developmental cycle of amoebal endosymbiotic primitive chlamydia *Parachlamydia* into human immortal HEp-2 cells at low culture

temperature. ASM 113th General Meeting: Denver Colorado, May 18-21, 2013

Yamazaki T, Matsuo J, Nakamura S, Yamaguchi H. Ureaplasma parvum stimulation prompts Chlamydia trachomatis growth in HeLa cells treated with IFN- γ . ASM 113th General Meeting: Denver Colorado, May 18-21, 2013

Fkshi, M., Sakura, T., Tahara, M., Aonuma, H., Matsubara, R., Andrabi, S.B.A., and Nagamune, K. "The Acidic organelle in extracellular *Toxoplasma gondii*." 12th International Congress on Toxoplasmosis, Oxford, UK, June 2013

Mitsumasa Hanaoka, Takayuki Kawakami, Daichi Satoh, Hiroyuki Ando, Gaku Fujii, Sousuke Imamura and Kan Tanaka. Roles of the possible photosensory two-component system in the chloroplasts of *Cyanidioschyzon merolae*. **International Symposium of Plant Photobiology (ISPP) 2013 conference**, June 3-7, 2013, University of Edinburgh (Edinburgh, UK)

Kenzaka T, Kinuko K, Kitayama A, Tani K. Promotion of mutation by extracellular nucleic acids in Escherichia coli. 12th Symposium on Bacterial Genetics and Ecology Jun 9-13 2013. Ljubljana, Slovenia.

*Sohta Ishikawa, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto, Mitsuhisa Sato. Efficient parallelization of the maximum-likelihood phylogenetic inference with the non-homogeneous substitution model. **Evolution 2013**, June 21-25, 2013, Meeting and Conference Center (Snowbird, Utah, USA)

Yamamoto M 「Immunological interface between host and a protozoan parasite *Toxoplasma gondii*」 FORUM GRADUATE SCHOOLS INFECTION & IMMUNITY BIOLOGIE-MEDECINE (Geneva, Switzerland, June 28, 2013)

Symposium: Nagamune, K. "Extracellular Maturation in *Toxoplasma gondii* of Plant-like Vacuoles, Essential Organelles of Apicomplexan Parasites." International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells, July 2013, Kyoto

Tomoko Kubori, Takuya Kuroda, Xuan Thanh Bui, Yumiko Uchida, Katsumi Imada and Hiroki Nagai: "Characterization of Legionella DotI and DotJ subcomplex reveals a VirB8-like structure essential for type IV secretion function." Gordon Research Conference on Microbial Adhesion & Signal Transduction, Salve Regina University, Newport RI, USA, July 21-26, 2013

*Ryoma Kamikawa. Reductive evolution of mitochondrion-related organelles in a monophyletic lineage. **International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, July 25, 2013, Kyoto Garden Palace (Kyoto, Japan)

Ohkuma M. Metabolic coordinations between termite-gut cellulolytic flagellates and their endosymbiotic bacteria. ICOP XIV International Congress of Protistology. Jul 2013. Vancouver, Canada.

Ohkuma M. Symbioses between termite-gut cellulolytic flagellates and their associated bacteria. 3rd RIKEN-Liverpool Symposium. Jul 2013. Liverpool, UK.

Santos, H, Makiuchi, T., Imai, K, Tomii, K., Horton, P, and Nozaki, T. A novel mitochondrial beta barrel protein in *Entamoeba histolytica*. International Congress of Protistology XIV, Jul 28-Aug 2, 2013, Vancouver.

Kolisco M, Kamikawa R, Andersson JO, Hashimoto T, Inagaki Y, Aimpson AGB, Roger AJ. The origin of the *Giardia* mitosome demystified: comparative analyses of predicted organellar proteomes across free-living and parasitic metamonads. International Congress of Protistology (ICOP) XIV, Jul 28-Aug 3, Vancouver, Canada (2013).

Nishimura Y, Kamikawa R, Hirasawa T, Yubuki N, Hashimoto T, Inagaki Y. An intron-rich mitochondrial *cox1* gene of the katablepharid *Roombia* sp. NY0200. International Congress of Protistology (ICOP) XIV, Jul 28-Aug 3, Vancouver, Canada (2013).

Hirakawa Y., Akiyama M. and **Ishida K**. The plastid division machinery of complex algae, chlorarachniophytes. ICOP XIV, 28 July – 2 August 2013, Vancouver, Canada.

*Yuki Nishimura, Ryoma Kamikawa, Teruhito Hirasawa, Naoji Yubuki, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki. An intron-rich mitochondrial *cox1* gene of the katablepharid *Roombia* sp. NY0200. **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-Aug 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

*Yuji Inagaki, Ryoma Kamikawa, Matthew Brown, Yuki Nishimura, Yoshihiko Sako, Aaron A. Heiss, Naoji Yubuki, Ryan Gawryluk, Alastair G.B. Simpson, Andrew J. Roger, Tetsuo Hashimoto. The genes encoding EF-1 α and EFL genes co-exist in diverse distantly related eukaryotes. **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-Aug 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

*Yuji Inagaki, Ryoma Kamikawa, Takuya Matsumoto. Pedinophyte-origin of the non-canonical plastids in the dinoflagellate genus *Lepidodinium*. **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-Aug 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

*Naoji Yubuki, Tomás Pánek, Akinori Yabuki, Ivan Cepicka, Kiyotaka Takishita, Yuji Inagaki, Brian S Leander. Morphological identities of two MAST-13 (marine stramenopile) environmental sequence clades. **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-Aug 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

*Yuji Inagaki. Progress in placing newly discovered protist lineages in the deep tree of eukaryotes: *Tskuubamonas globosa* and *Palpitomonas bilix*. **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-Aug 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

*Martin Kolisko, Ryoma Kamikawa, Jan O Andersson, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki, Alastair GBE Simpson, Andrew J Roger. The origin of the *Giardia* mitosome demystified: comparative analyses of predicted organellar proteomes across free-living and parasitic metamonads. **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-Aug 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

Akinori Yabuki, Takashi Toyofuku, Kiyotaka Takishita. Ribosomal RNA gene laterally transferred from a perkinsid alveolate to *Ciliophrys infusionum* (stramenopiles, Dictyochophyceae). **International Congress of Protistology (ICOP) XIV**, July 28-August 3, 2013, Westin Bayshore Hotel (Vancouver, Canada)

Yamamoto M 「A protozoan parasite *Toxoplasma gondii* manipulates host cell functions by effector molecules」
The XIVth International Congress of Protistology, Symposium 7 (Vancouver, Canada, July 28-Aug 2, 2013)

Matsuzaki M, Hata M, Masuda I, Kita K Mitochondrial genome of oyster pathogen *Perkinsus marinus* is composed of randomly-fragmented linear DNA molecules. International Congress of Protistology XIV 2013年7月29日 (バンクーバー・カナダ)

Kawafune K, Hongoh Y, Hamaji T, Sakamoto T, Kurata T, Hirooka S, Shin-ya Miyagishima SY and Nozaki H. "Different rickettsial bacteria invading *Volvox carteri* by endosymbiosis and horizontal gene transfer". Second International *Volvox* Conference. Jul 31-Aug 3 2013. University of New Brunswick, Fredericton, New Brunswick, Canada.

Presentation Prize 受賞: Sakamoto, H., Nagamune, K., Kita, K. and Matsuzaki, M. "Characterization of secondary plastid membrane transporter homologs in *Perkinsus marinus*." International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis, August 2013, Halifax, Canada

*Chihiro Sarai, Kazuya Takahasi, Ryoma Kamikawa, Yuji Inagaki, Mitsuyosi Iwataki. Morphologies and phylogenetic characteristics of two novel dinoflagellates with green-colored chloroplasts. **10th International Congress of Phycology (IPC 10)**, August 4-10, 2013, The Renaissance Orlando (Orlando, Florida, USA)

*Soichirou Satoh, Mitsuhiro Matsuo, Hisayuki Kudo, Yoshiharu Yamamoto, Junichi Obokata. Possible roles of ATG initiation codon in the maintenance and alternation of the transcriptome in the plant genome: Hints for elucidating the molecular basis of EGT. **12th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, August 18-22, 2013, Dalhousie University (Halifax, Canada)

Suzuki S. and Ishida K. Nucleomorph genome sequences of *Partenskyella glossopodia* reveals subsequent chromosomal expansion. 12th International Colloquium on endocytobiology and symbiosis, 18 - 22 August, 2013, Halifax, Canada

Mitsumasa Hanaoka, Takayuki Kawakami, Daichi Satoh, Hiroyuki Ando, Misato Anma, Gaku Fujii, Sousuke Imamura and Kan Tanaka. Endosymbiotic evolution of light responses in chloroplasts. **12th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, August 18-22, 2013, Dalhousie University (Halifax, Canada)

Hata M, Masuda I, Kita K, Matsuzaki M *Perkinsus marinus* mitochondrial genome is mixture of randomly fragmented linear DNAs. 12th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis 2013年8月20日 (ハリファックス・カナダ)

Sakamoto H, Hata M, Kita K, Matsuzaki M Characterization of secondary plastid membrane transporter homologs in *Perkinsus marinus*. 12th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis 2013年8月22日 (ハリファックス・カナダ)

Tahara, M., Fkshi, M., Sakura, T., Matsubara, R., Yamano, A., Yamagishi, J., and Nagamune, K. "Primaquine-resistance in *Toxoplasma gondii* is associated with the mutations in chloroquine resistance transporter (CRT), which are different from chloroquine resistance in *Plasmodium falciparum*." Molecular Parasitology Meeting XXIV, Woods Hole, MA, USA, September 2013

Tomoko Kubori, Takuya Kuroda, Yumiko Uchida, Katsumi Imada, Hiroki Nagai: "Characterization of Legionella DotI and DotJ subcomplex reveals a VirB8-like structure essential for type IV secretion." The 12th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo, Sep. 10-13, 2013

Hiroki Nagai, Tomoko Kubori, Masafumi Koike, Saori Higaki and Shin-ichi Aizawa: Interdomain protein transport: a key strategy employed by bacterial pathogens and symbionts. The 12th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo, Sep. 10-13, 2013

Masato Nakai. New evolutionary insights into the chloroplast protein import system. **12th International Forum on Infection and Immunity**, September 10-13, 2013, Awaji Umebutai International Conference Center (Awaji, Japan)

Kumiko Nakada-Tsukui, Emi Sato, Tomoyoshi Nozaki, Functional analysis of the AIG1 family proteins that were originally identified as virulence-related genes in comparative genomic analysis in *Entamoeba histolytica*. The 10th Japan-Taiwan Symposium on Vaccine Preventable Diseases and Vector-Borne Diseases & Cooperative Project Report, September 12-13, 2013, Tokyo, Japan 日台シンポジウム

Ryo Kashima, Mitsumasa Hanaoka and Kan Tanaka. The dark-induced transcriptional activation mechanism of *gifA/B* in *Synechococcus elongatus* PCC 7942. **EMBO/EMBL symposium: New Approaches and Concepts in Microbiology**, October 14-16, 2013, EMBL (Heidelberg, Germany)

Nakabachi A. Novel toxin isolated from a pest insect kills cancer cells. The Irago Conference 2013. Oct 25 2013. Tahara, Japan.

Nozaki, T. Evolution of mitochondrion-related organelles in parasitic protists under anaerobic conditions. The 4th International Symposium on Dynamics of Mitochondria, Oct 28-Nov 1, 2013, Okinawa.

Santos, H, Makiuchi, T., Imai, K, Tomii, K., Horton, P, and Nozaki, T. A novel mitochondrial beta barrel protein in *Entamoeba histolytica*. The 4th International Symposium on Dynamics of Mitochondria, Oct 28-Nov 1, 2013, Okinawa.

Tomoko KUBORI, Takuya KURODA, Xuan Thanh BUI, Yumiko UCHIDA, Katsumi IMADA and Hiroki NAGAI: Characterization of Legionella DotI and DotJ subcomplex reveals VirB8-like structure essential for type IV secretion system, The 8th international conference on Legionella, Melbourne, Australia, Oct 29-Nov 1, 2013

Andree Hubber and Hiroki Nagai: "Analysis of Dot/Icm-dependent recruitment of Rab GTPases to the Legionella pneumophila-containing vacuole", The 8th international conference on Legionella, Melbourne, Australia, Oct 29-Nov 1, 2013

Hiroki Nagai, Tomoko Kubori, Masafumi Koike, Saori Higaki, Shin-ichi Aizawa, Takuya Kuroda, Miki Kinoshita, Yumiko Uchida and Katsumi Imada. Structural analysis of the type IVB secretion system. The 8th international conference on *Legionella*, Nov. 1, 2013 (Melbourne, Australia)

Toriyama, K., Igarashi, K., Okazaki, M., Motomura, K., Kazama, T.: Comparative study on cytoplasmic male sterility-associated genes, *orf79*, *orf113*, *orf352*, derived from *Oryza rufipogon*. 7th International Rice Genetics Symposium, Manila, Philippines, November 5-8, 2013 (ポスター発表)

Igarashi, K., Kazama, T., Motomyra, K., Toriyama, K.: Determination of 5' and 3' ends of *orf113* RNA associated with RT98-type cytoplasmic male sterility in rice. 7th International Rice Genetics Symposium, Manila, Philippines, November 5-8, 2013 (ポスター発表)

Yamamoto M 「Selective and Strain-specific NFAT4 activation by a *Toxoplasma gondii* polymorphic Dense Granule Protein GRA6」 International Symposium TCUID2013 Toward Comprehensive Understanding of Immune Dynamism (Suita, Osaka, Japan, November 18-20, 2013)

Hiroki Nagai, Tomoko Kubori, Masafumi Koike, Saori Higaki and Shin-ichi Aizawa, "Structural analysis of a type

IV secretion system core complex essential for bacterial virulence.”, Cold Spring Harbor Asia meeting on Bacterial Infection and Host Defense, Nov. 19, 2013, (18-22) Suzhou, China

Ishida K Evolution through a secondary endosymbiosis. Commemorative Symposium for the 29th International Prize for Biology: Influences and Impacts of Evolutionary Biology. 2013年11月21日 (九州大学・福岡)

Kiyotaka Hara “Novel glutathione production using engineered *Saccharomyces cerevisiae*.” ACB2013 (2013) India

Kiyotaka Hara “Novel glutathione production using engineered yeast.” 3RD Asian Symposium on Innovative Bio-Production (2013) Singapore

Nozaki, T. Unique evolution of mitochondrion-related organelles in the enteric protozoon *Entamoeba histolytica*: a potential target for drug development. 16th International Conference on Emerging Infectious Diseases in the Pacific Rim-US-Japan Cooperative Medical Sciences Program, Parasitic Diseases Panel Meeting, Feb 9-12, 2014, Dhaka.

Nozaki, T. Evolution of mitochondrion-related organelles in parasitic protists under anaerobic conditions. 33rd Yonsei Tropical Medicine Symposium “Recent Progress on Cell Biology of Protozoan Parasites”, Institute of Tropical Medicine, Yonsei University College of Medicine, Feb 20, 2014, Seoul.

Fumito Maruyama “Diversification mechanism of group A streptococcus revealed by comparative genomic analysis of multiple isolates” The 12th Japan-Korea International Symposium on Microbiology. 2014.3.24-25. Tokyo, Japan.

Maruyama F. Diversification mechanism of group A streptococcus revealed by comparative genomic analysis of multiple isolates. The 12th Japan-Korea International Symposium on Microbiology. Mar. 24-25, 2014. Tokyo, Japan

平成 26 年度

Masato Nakai. Unraveling the mechanism of protein transport across the chloroplast inner envelope membrane. **East Asian Cell Biology Conference "focusing on the protein trafficking and protein targeting to various organelles"**, April 3, 2014, Pohang University of Science and Technology (Pohang, South Korea)

Masato Nakai. The evolution of the chloroplast protein import system. **A DYNAMO LABEX SYMPOSIUM "Evolution, biogenesis and dynamics of energy transducing membranes"**, April 10, 2014, Maison des Oceans, Institut Oceanographique (Paris, France)

Masato Nakai. Reevaluation of the involvement of the "old" Tic proteins in chloroplast protein import. **16th Annual Meeting of The French Society of Photosynthesis**, April 14-15, 2014, (Paris, France)

Yamamoto M, Ma JS, Ohshima J, Sasai M. 「Activation of host NFAT by a *Toxoplasma gondii* polymorphic dense granule protein plays an important role in virulence mediated by the local infection」 WHIP 2014 18th Annual Woods Hole ImmunoParasitology Conference (Marine Biological Laboratory, Woods Hole, MA, USA, April 27-30, 2014)

Kasumi Ishida, Junji Matsuo, Sumire Yamazaki, Shinji Nakamura, Hiroyuki Yamaguchi. Chlamydial effector CopN interacts with human fructose-bisphosphate aldolase A. ASM 114th General Meeting: Boston Massachusetts, May 17-20, 2014

J. Matsuo, S. Takeda, S. Nakamura, H. Chiba, H. Yamaguchi. *Chlamydia pneumoniae* stimulation with carbon nanoparticles synergistically enhances IL-1 β secretion from macrophages. ASM 114th General Meeting: Boston Massachusetts, May 17-20, 2014

C. Yamane, T. Yamazaki, J. Matsuo, S. Nakamura, K. Ishida, H. Yamaguchi. Chlamydial Thermal Adaptation: Amoebal Endosymbiont Primitive *Parachlamydia Bn9* Can Grow into Human Immortal Epithelial Cell Line HEp-2 Cells at Low Temperature. ASM 114th General Meeting: Boston Massachusetts, May 17-20, 2014

Tomohiro Yamazaki, Aya Sampo, Junji Matsuo, Chikayo Yamane, Shinji Nakamura, Kasumi Ishida, Kenji Yagita, Hiroyuki Yamaguchi. High-temperature adapted amoebal endosymbiont *Protochlamydia* found in HS-T3 *Acanthamoeba* isolated from a hot spring can grow in immortalized human epithelial HEp-2 cells. ASM 114th General Meeting: Boston Massachusetts, May 17-20, 2014

Umezaki Y, Yoshii T, Helfrich-Förster C, Tomioka K, Hattori N, Imai Y: Analysis of sleep-wake rhythms in aged and Parkinson's disease model flies. **The 2014 Meeting of the Society for Research on Biological Rhythms**. June 14-18, 2014, Yellowstone Conference Center (Big Sky, USA)

*Sohta Ishikawa, Ryoma Kamikawa, Yuji Inagaki. Inter- or intra-genomic gene conversions between peptide-chain release factor paralogs in Bacteroidetes. **Evolution 2014**, June 20-24, 2014, Raleigh Convention Center (Raleigh, USA)

Nozaki, T. Divergent evolution of protein and metabolite transport in the anaerobic protozoon *Entamoeba histolytica*. CIFAR meeting, Prague, Czech Republic, June 25-28, 2014.

Ryoma Kamikawa, Eriko Matsuo, Euki Yazaki, Michiru Tahara, Takaya Sakura, Kisaburo Nagamune, *Yuji Inagaki. Cellular localization of evolutionarily distinctive 'plastid-targeted' GAPDHs in *Karenia brevis* and *K. mikimotoi*. **2014 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, June 25-29, 2014, Liblice Castle (Liblice, Czech Republic)

*Takuro Nakayama, Yuji Inagaki. Green dinoflagellates: their origins and implications from transcriptome analyses. **2014 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, June 25-29, 2014, Liblice Castle (Liblice, Czech Republic)

Ohkuma M. Molecular studies of termite-gut protists on cellulose utilization. IUSSI 2014, International Union for the Study of Social Insects International Congress. Jul 2014. Cairns, Australia.

Mimuro H. "Epigenetic silencing of miR-210 increases the proliferation of gastric epithelium during chronic *Helicobacter pylori* infection". 11th International Workshop on Pathogenesis and Host Response in *Helicobacter* Infections, Jul 2-5 2014. Helsingor, Denmark.

Tokuda G, Kikuchi J.: Cellulose catabolism in the gut of the termite, *Hodotermopsis sjostedti*. XVII International Congress of IUSSI. Jul 13-18 2014. Cairns, Australia.

Hongoh Y. "Evolution of nitrogen-fixing endosymbionts of termite-gut protists". International Union for the Study of Social Insects (IUSSI14). Jul 13-18 2014. Cairns, Australia. (招待)

Yoshinori Fukasawa, Kenichiro Imai, Junko Tsuji, Szu-Chin Fu, Kentaro Tomii, Paul Horton. Accurate prediction of mitochondrial presequences and their cleavage sites with MitoFates identifies hundreds of novel human mitochondrial protein candidates **ISMB2014**, July 15, 2014, Hynes Convention Center (Boston, USA)

Nagamune, K. and Matsubara, R. "Functional analysis of Apicomplexa-producing plant hormone." 13th International Congress of Parasitology, Mexico City, Mexico, August 2014

Nozaki H. "200 MY time Travel" for origin of female and male genders by driving the evolutionary time machine "colonial Volvocales". DBS Special Seminar, Division of Biological Sciences. Jul 30 2014. University of Montana, Missoula, Montana, USA. 招待講演

Nishimura Y, Kamikawa R, Tanifuji G, Hashimoto T, Inagaki Y. Mitochondrial genome of *Palpitomonas bilix*: unique genome structure and ancestral characteristics in gene content. Protist2014, Aug 3-8, Banff, Canada (2014).

*Yuki Nishimura, Mami Nomura, Takuro Nakayama, Ken-ichiro Ishida, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki. *Paulinella chromatophora* retains two evolutionarily distinct pathways for tetrapyrrole biosynthesis. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

*Yuki Nishimura, Ryoma Kamikawa, Goro Tanifuji, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki. Mitochondrial genome of *Palpitomonas bilix*: unique genome structure and ancestral characteristics in gene content. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

*Eriko Matsuo, Takuro Nakayama, Ryoma Kamikawa, Goro Tanifuji, Chihiro Sarai, Kazuya Takahashi, Mitsunori Iwataki, Yuji Inagaki. Complex evolution of plastid GAPDHs in the dinoflagellate species with green alga-derived plastids. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

*Takuro Nakayama, Goro Tanifuji, Ryoma Kamikawa, Eriko Matsuo, Chihiro Sarai, Kazuya Takahashi, Ken-ichiro Ishida, Mitsunori Iwataki, Yuji Inagaki. "Green genes" in novel green colored dinoflagellates: signs of the nucleomorph genomes. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

*Goro Tanifuji, Chihiro Sarai, Ryoma Kamikawa, Kazuya Takahashi, Takuro Nakayama, Konosuke Morita, Tetsuo Hashimoto, Mitsunori Iwataki, Yuji Inagaki. The discovery of novel nucleomorph-bearing algae. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

Ryoma Kamikawa, Eriko Matsuo, Euki Yazaki, Michiru Tahara, Takaya Sakura, Kisaburo Nagamune, *Yuji Inagaki. A snap shot of the gene replacement after endosymbiotic gene transfer: plastid GAPDH genes in the dinoflagellate *Karenia brevis* as a case study. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

*Matthew W Brown, Aaron A Heiss, Ryoma Kamikawa, Akinori Yabuki, Takashi Shiratori, Ken-ichiro Ishida, Yuji Inagaki, Alastair GB Simpson, Andrew J Roger. Phylogenomic placement of the orphaned amorphean protists; ancyromonads, mantamonads, collodictyonids, and rigifilids. **Protist 2014**, August 3-8, 2014, Banff Centre (Banff, Canada)

Sakamoto H, Suzuki S, Nagamune K, Kita K, Matsuzaki M Abscisic acid biosynthetic pathways have been lost in a non-photosynthetic plastid of *Perkinsus marinus*, a protozoan parasite of oyster. Protist2014 2014年8月5日 (バンフ・カナダ)

Matsuzaki M, Hata M, Masuda I, Kita K RNA-seq analysis on randomly-fragmented linear mitochondrial genome of an oyster pathogen *Perkinsus marinus*. Protist2014 2014年8月5日 (バンフ・カナダ)

Nozaki, T. Unique evolution of metabolism, pathogenesis, and organelles in the enteric protozoon *Entamoeba histolytica*. (plenary lecture) International Conference of Parasitology XIII, Mexico City, Mexico, Aug 10-15, 2014.

Nozaki, T. Metabolomics analysis of differentiation and anti-oxidative stress mechanisms of the enteric protozoon *Entamoeba* (workshop; invited) International Conference of Parasitology XIII, Mexico City, Mexico, Aug 10-15, 2014.

Nozaki, T. Novel lysosome transport mechanisms of the enteric protozoon *Entamoeba* (workshop; invited) International Conference of Parasitology XIII, Mexico City, Mexico, Aug 10-15, 2014.

菊池義智. Evolutionary innovation through endosymbiosis in heteropteran insects."MaxPlanck Institute Seminar . Aug 11 2014. MaxPlanck Institute, Germany.

Masato Nakai. Reevaluation of the involvement of the "old" Tic proteins in chloroplast protein import. "**The International Symposium on the Regulation of Photosynthetic Function**" organized by the **Photosynthesis Research Center of CAS (Chinese Academy of Sciences) Institute of Botany and the International Society of Photosynthesis Research (ISPR)**, August 16-20, 2014, Guilin Park Hotel (Guilin, China)

菊池義智, Bok-Luel Lee, 深津武馬. Gut morphogenesis stimulated by symbiotic bacteria in the bean bug *Riptortus pedestris*. "15th International Symposium on Microbial Ecology". Aug 24-29 2014. COEX, Seoul, Korea.

Nishihara A, Matsuura K and Haruta S. Aerobic diazotroph isolated from epilithic biofilms supported the growth of green algae under combined-nitrogen free conditions. 15th International Symposium on Microbial Ecology. Aug 24-29 2014. COEX, Seoul, Korea

Shinzato N, Saitoh S, Aoyama H, Nagahama H, Sunagawa H, Kamagata Y. Intensive genome reduction of the intracellular resident in *Trimyema* ciliate implicating its obligate symbiotic lifestyle. 15th International symposium on microbial ecology. Aug 24-29 2014. Seoul.

Matsubara, R. and Nagamune, K. "Functional analysis of Apicomplexa- producing plant hormone." 11th International Coccidiosis Conference, Dresden, Germany, September 2014

Tahara, M. and Nagamune, K. "Primaquine-resistance in *Toxoplasma gondii* is associated with the mutations in chloroquine resistance transporter (CRT), which are different from chloroquine resistance in *Plasmodium falciparum*." 11th International Coccidiosis Conference, Dresden, Germany, September 2014

Akira Nozawa, Yuzuru Tozawa. Cell-free system for functional analysis of membrane transporters. **12th Matsuyama International Symposium on Proteo-Sciences**. 2014年9月17日 Ehime University (Maatsuyama, Japan)

Yuki Shimonosono, Yuya Sasaki, Tomoaki Izumi, Satoru Doi, Yuzuru Tozawa, Akira Nozawa. Functional analysis of *Cyanidioschyzon merolae* mitochondrial carrier proteins. **12th Matsuyama International Symposium on Proteo-Sciences**. 2014 年 9 月 17 日 Ehime University (Maatsuyama, Japan)

Daichi Morita, Hiroyuki Inoue, Yuki Shimonosono, Hitoshi Myoraku, Taito Takabayashi, Ryoji Fujimoto, Nobuhiro Yamashitani, Yusuke Okada, Shinichi Teramoto, Hironori Takeda, Akira Nozawa, Yuzuru Tozawa. **12th Matsuyama International Symposium on Proteo-Sciences**. 2014 年 9 月 17 日 Ehime University (Maatsuyama, Japan)

Bui XT, Sasai M, Yamamoto M, Koburi T, and Nagai H: Identification of natural compounds that inhibit growth of intracellular pathogens. The 13th Awaji International Forum on Infection and Immunity in Nara, Nara, Sep 23-26, 2014

Kubori T, Koike M, Bui XT, Higaki S, Aizawa SI, Nagai H: Native structure of a type IV secretion system core complex essential for Legionella pathogenesis. The 13th Awaji International Forum on Infection and Immunity in Nara, Nara, Sep 23-26, 2014

Hubber A, and Nagai H: Intracellular survival of non-pneumophila Legionella species. The 13th Awaji International Forum on Infection and Immunity in Nara, Nara, Sep 23-26, 2014

Yamamoto M. 「NFAT4 activation by the Toxoplasma gondii polymorphic effector protein GRA6 maximizes the parasite virulence in a strain-specific manner」 The 13th Awaji International Forum on Infection and Immunity (Nara Prefectural New Public Hall, Nara, Japan, September 23th-26th, 2014)

Yoshifumi Nishikawa, Fumiaki Ihara : Failure of brain environment associated with fear memory impairment following Toxoplasma gondii infection. 第 1 3 回 あわじしま感染症・免疫フォーラム in 奈良, 2014 年 9 月 23 日～9 月 26 日 (9 月 2 4 日ポスター発表), 奈良県新公会堂

Pan Liu, Katsuaki Takechi, Susumu Takio, Hiroyoshi Takano. Peptidoglycan related chloroplast division system in the moss *Physcomitrella patens*. **Moss2014**, September 25-28, 2014, Capital Normal University (Beijing, China)

Fumito Maruyama “Diversification mechanism of intracellularly invading bacteria revealed by comparative genomic analysis of multiple isolates” 長崎、ベトナム拠点セミナー. 2014.10.7. Hanoi, Vietnam.

Maruyama F. Diversification mechanism of intracellularly invading bacteria revealed by comparative genomic analysis of multiple isolates. 長崎. ベトナム拠点セミナー. Oct. 7, 2014. Hanoi, Vietnam

Masato Nakai. Unraveling the mechanism of protein transport across the chloroplast inner envelope membrane. **The Finland-Japan Joint Research Seminar on Photosynthesis**, October 9-14, 2014, (Sapporo, Japan)

Ohkuma M. "Symbioses becoming permanent: The origins and evolutionary trajectories of organelles". Metabolic integration across endosymbiotic communities. National Academy of Science, USA, Arthur M. Sackler Colloquium. Oct 2014. Irvine CA, USA

Nakabachi A. Evolution of a novel organelle in Animalia. The Irago Conference 2014. Nov 7 2014. Tsukuba, Japan.

Paul Horton, Kenichiro Imai, Yoshinori Fukasawa, Kentaro Tomii Computational prediction of mitochondrial targeting signals and their cleavage sites. **TPS2014 Translational and Systems Biology Symposium**, November 11-12, 2014, National Taiwan University (Taipei, Taiwan)

Takahiro Nakamura. PPR motif as a new RNA/DNA binding module for genome editing. **JAACT2014 Symposium**, November 11-14, 2014, Kitakyushu International Convention Center (Kitakyushu, Japan)

Fumito Maruyama “A polymicrobial disease caused by novel competitive and cooperative microbial interactions predicted from comparative genome analysis” 2nd international symposium: soil, plant and microorganism. 2014.11.24-26. Pucon, Chile.

Maruyama F. A polymicrobial disease caused by novel competitive and cooperative microbial interactions predicted from comparative genome analysis. 2nd international symposium: soil, plant and microorganism. Nov. 24-26, 2014. Pucon, Chile

Pan Liu, Katsuaki Takechi, Susumu Takio, Hiroyoshi Takano. Chloroplast division system with peptidoglycan

including D-amino acids in the moss *Physcomitrella patens*. **2nd International Symposium for Integrated Science for Molecular Chirality in Biology and Chemistry (ISMCBC)**, November 30-December 1, 2014, Greenpia Minamiaso (Kumamoto, Japan)

Jin Nakahara, Katsuaki Takechi, Fumiyoshi Myouga, Yasuko Moriyama, Hiroshi Sato, Susumu Takio, Hiroyoshi Takano. Bending of Protonema Cells in a Plastid Glycolate/Glycerate Transporter Knockout Line of *Physcomitrella patens*. **2nd International Symposium for Integrated Science for Molecular Chirality in Biology and Chemistry (ISMCBC)**, November 30-December 1, 2014, Greenpia Minamiaso (Kumamoto, Japan)

Takayuki Hirano, Koji Tanidokoro, Yasuhiro Shimizu, Yutaka Kawarabayasi, Toshihisa Ohshima, Momo Sato, Shinji Tadano, Hayato Ishikawa, Susumu Takio, Katsuaki Takechi, Hiroyoshi Takano. D-alanyl-D-alanine is required for moss plastid division, but not for *Arabidopsis*. **2nd International Symposium for Integrated Science for Molecular Chirality in Biology and Chemistry (ISMCBC)**, November 30-December 1, 2014, Greenpia Minamiaso (Kumamoto, Japan)

Kenichiro Imai, Yoshinori Fukasawa, Kentaro Tomii, Paul Horton. Human mitochondrial proteome analysis by novel mitochondrial targeting signal prediction. **GIW ISCB-ASIA 2014**, December 15-17, 2014, Plaza Heisei (Odaiba, Tokyo)

Kiyotaka Hara "Synthetic Bioengineering for Efficient and Ecofriendly Glutathione Production." 1ST INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INTEGRATED BIOREFINERY (2014) Indonesia

Kiyotaka Hara "Glutathione Production Using Yeast Engineered for Membrane and Metabolism" Metabolic Engineering X (2014) Canada

Takahiro Nakamura. PPR Motifs and Their Engineering. **Gordon Research Conference, Chloroplast Biotechnology, "Reengineering Photosynthetic Organelles"**, Jan 18-23, 2015, Ventura Beach Marriott (Ventura, USA)

Mitsumasa Hanaoka. Plastid sigma factors and nucleus-chloroplast communication. **Gordon Research Conference "Chloroplast Biotechnology: Reengineering Photosynthetic Organelles"**, January 18-22, 2015, Ventura Beach Marriott (Ventura, CA, USA)

*Ryoma Kamikawa. The plastid genome in a nonphotosynthetic diatom. **Center for Comparative Genomic and Evolutionary Bioinformatics meeting**, February 12, 2015, Dalhousie University (Halifax, Canada)

Gaku Fujii, Sousuke Imamura, Keisuke Tarohra, Keisuke Yoshida, Toru Hisabori, Mitsumasa Hanaoka and Tanaka K. Redox status regulates chloroplast transcription in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. Tokyo Tech-HHU Dusseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource, 4th March, 2015, Tokyo

Takashi Kanzaki, Sousuke Imamura and Kan Tanaka. Functional analysis of nitrogen deficiency responsive transcriptional factor MYB1 in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. Tokyo Tech-HHU Dusseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource, 4th March, 2015, Tokyo

Sousuke Imamura. Regulation of nitrogen assimilation in the unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*, Tokyo Tech-HHU Dusseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource, 4th March, 2015, Tokyo.

Mitsumasa Hanaoka. Light sensing in chloroplasts. **Tokyo Tech-HHU Dusseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource**, March 4-5, 2015, Tokyo Tech Campus Innovation Center (Tokyo, Japan)

Gaku Fujii, Sousuke Imamura, Keisuke Tarohara, Keisuke Yoshida, Toru Hisabori, Mitsumasa Hanaoka and Kan Tanaka. Redox status regulates chloroplast transcription in the red algae *Cyanidioschyzon merolae*. **Tokyo Tech-HHU Dusseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource**, March 4-5, 2015, Tokyo Tech Campus Innovation Center (Tokyo, Japan)

Masato Nakai. Evolution of the chloroplast protein import system. **Tokyo Tech-HHU Dusseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource**, March 4-5, 2015, Tokyo Tech Campus Innovation Center (Tokyo, Japan)

Fumito Maruyama and I. Nakagawa "Competitive and cooperative microbial interactions support polymicrobial diseases predicted from comparative genome analysis" CER International Workshop "Microbes beyond borders",

2015.3.5. Kyoto University, Shiga.

Maruyama F., Nakagawa I. "Competitive and cooperative microbial interactions support polymicrobial diseases predicted from comparative genome analysis. CER International Workshop "Microbes beyond borders.", Mar.5, 2015. Kyoto University, Shiga

Masato Nakai. Unraveling the Mechanism of protein transport across the chloroplast inner envelope membrane. **EMBO Conference "Mechanisms and regulation of protein translocation"**, March 21-25, 2015, Hotel Valamar Lacroma (Dubrovnik, Croatia)

*Fumiya Noguchi, Shigeru Shimamura, Takuro Nakayama, Yuki Yazaki, Tetsuo Hashimoto, Yuji Inagaki, Katsunori Fujikura, Kiyotaka Takishita. Metabolic capacity of mitochondrion-derived organelles in the free-living anaerobic stramenopile *Cantina marsupialis*. **Annual Conference 2015, Society of General Microbiology**, March 30-April 2, 2015, International Convention Centre (Birmingham, UK)

平成 27 年度

Kinjo Y., Saitoh S., Tokuda G.: An efficient strategy developed for the target genome reconstruction of endosymbiont genomes performed using crude DNA isolated from host tissues. International Symposium on Basic and Applied Research on Sericulture and Insect Sciences. Apr 21 2015. Daegu (大邱市), South Korea (大韓民国).

Hongoh Y. "Single cell genomics deciphers the complex symbiotic system in the termite gut microbiota" 第 11 回国際ゲノム会議. May 21 2015. 一橋講堂 (招待)

Euki Yazaki, Takashi Shiratori, Keitaro Kume, Sohta Ishikawa, Ken-Ichiro Ishida, Tetsuo Hashimoto, *Yuji Inagaki. Is a microaerophilic flagellate strain PAP020 is the most basal member of the Fornicata? **2015 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 27-29, 2015, Westin Mountain Bear Resort (Victoria, Canada)

*Ryoma Kamikawa. Two cercozoans from low-oxygen environments reveal the early stages of mitochondrial adaptation to anaerobiosis. **2015 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 27-29, 2015, Westin Mountain Bear Resort (Victoria, Canada)

Masato Nakai. Evolution of the chloroplast protein import system. **2015 Meeting of Canadian Institute for Advanced Research, Integrated Microbial Biodiversity Program**, May 27-29, 2015, Westin Mountain Bear Resort (Victoria, Canada)

J. Matsuo, S. Kumagai, T. Yamazaki, S. Takahashi, H. Yamaguchi. Polymorphisms in polymorphic membrane protein F (PmpF) of *Chlamydia trachomatis* isolated from male. ASM 115th General Meeting: New Orleans, May 30-June 2, 2015

Hiroyuki Yamaguchi, Chikayo Yamane, Tomohiro Yamazaki, Kasumi Ishida, Junji Matsuo, Shinji Nakamura. Intracellular growth mechanism of amoebal endosymbiont environmental chlamydiae *Parachlamydia Bn9* in immortalized human epithelial HEp-2 cells at low temperature 30°C. ASM 115th General Meeting: New Orleans, May 30-June 2, 2015

Tomohiro Yamazaki, Hiroshi Ohba, Nozomi Takagi, Junji Matsuo, Hiroyuki Yamaguchi. Computational prediction and intracellular expression with GFP-tag of novel type III effectors in pathogenic *Chlamydiae*. ASM 115th General Meeting: New Orleans, May 30-June 2, 2015

Nagamune, K., Yamano, A., Fukumoto, J., Tahara, M., and Matsubara, R. "Molecular genotyping of *Toxoplasma gondii* isolated in Japan." 13th International Congress on Toxoplasmosis and *Toxoplasma gondii* Research, Gettysburg, PA, June 2015

Masahiro Yamamoto 「Positive and Negative Regulation of IFN- γ -inducible GTPase-dependent cell-autonomous immunity to *Toxoplasma gondii*」 RIKEN IMS-JSI International Symposium on Immunology 2015 (Pacifico Yokohama, Kanagawa, Japan, June 18-19, 2015)

Kida Y., Ishihara Y., Fujita H., Onishi Y., Sakaguchi M. Stability of marginally hydrophobic segments stalling at the ER translocon. **Gordon Research Conference on Membrane Protein Folding "Biology, Disease, Design and Theory"**, June 21-26, 2015, Bentley University (Waltham, USA)

Nozaki, T. Metabolism, pathogenesis, and unique organelles in the enteric protozoon *Entamoeba histolytica*. The 44th Annual Convention and Scientific Meeting of the Philippine Society for Microbiology. July 16-17, 2015, Pasay City, The Philippines. (Plenary lecture)

Meng H, Yamashita C, Shiba-Fukushima K, Hattori N, Imai Y. Mutations of a mitochondrial protein CHCHD2 in *Drosophila* lead to Parkinson's disease-like phenotypes. **Cell Symposia, Multifaceted Mitochondria**, July 19-21, 2015, Hyatt Regency McCormick Place (Chicago, USA)

Arasaki K, Sugo M, Hirota N, Dohmae N, Ortiz-Sandoval C, Simmen T, Imai Y, Hattori N, Tagaya M. Regulation of mitochondrial division and mitophagy by syntaxin 17. **Cell Symposia, Multifaceted Mitochondria**, July 19-21, 2015, Hyatt Regency McCormick Place (Chicago, USA)

Hiroki Nagai, Type IV secretion system as a lethal weapon of bacterial pathogens. The 10th International Symposium of the Institute Network "Towards the next generation research for cancer and Immunology", Jul. 23-24, 2015, Hokkaido University

Nozaki H. "Female and male are not necessary for doing only "love" - Unveiling the evolution of sex based on studies of the colonial volvoclean green algae". School of Science Seminar, University of Tokyo Amgen Scholars Program 2015. Jul 24 2015. Hongo Campus, Bunkyo-ku, University of Tokyo, Bunkyo-ku, Tokyo. 招待講演

Fumiaki Ihara, Maki Nishimura, Motamed E Mahmoud, Yoshikage Muroi, Naoaki Yokoyama, Yoshifumi Nishikawa. *Toxoplasma gondii* infection in mouse impairs long-term fear memory consolidation and downregulates Arc expression. 第25回 World Association for the Advancement of Veterinary Parasitology. 2015年8月17日~8月20日 (8/18 口頭発表)、The Arena and Convention Centre リバプール、イギリス

Arakaki Y, Sugasawa M, Matsuzaki R, Kawai-Toyooka H and Nozaki H. "Unveiling the initial stage of multicellularity within the Volvocales". Third International *Volvox* Conference, Centre for Mathematical Sciences. Aug 19-22 2015. University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom.

Kawai-Toyooka H, Mori T, Nakazawa S, Yamada, L, Suzuki M, Mogi Y, Hamaji T, Miyagishima SY, Sawada H and Nozaki H. "Isolation and characterization of the plus and minus tubular mating structures from the isogamous volvocine alga *Gonium pectorale*". Third International *Volvox* Conference, Centre for Mathematical Sciences. Aug 19-22 2015. University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom.

Yamashita S, Arakaki Y, Kawai-Toyooka H and Nozaki H. "Another evolution for spheroidal colony formation: developmental analysis of *Astrephomene* (Volvocales, Chlorophyta)" Third International *Volvox* Conference, Centre for Mathematical Sciences. Aug 19-22 2015. University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom.

Nozaki H, Matsuzaki R, Yamamoto K and Takahashi F. "Taxonomic re-examination of two sexual types of *Volvox africanus*" by Starr (1971), based on the use of new strains from Lake Biwa, Japan". Third International *Volvox* Conference, Centre for Mathematical Sciences. Aug 19-22 2015. University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom.

Yamamoto K, Mori T, Kawai-Toyooka H and Nozaki H. "Identification and characterization of the *MID* orthologs from two homothallic species of *Volvox*" Third International *Volvox* Conference, Centre for Mathematical Sciences. Aug 19-22 2015. University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom.

Maruyama F. Robustness of micro-ecosystem in intractable polymicrobial infectious disease. 2015年日本数理生物学会/日中韓数理生物学コロキウム合同大会. Aug. 26, 2015. 京都

Maruyama F. Robustness of micro-ecosystem in intractable polymicrobial infectious disease. 2015年日本数理生物学会/日中韓数理生物学コロキウム合同大会. Aug. 26, 2015. 京都

Matsubara, R. and Nagamune, K. "Functional analysis of Apicomplexa- producing plant hormone." Molecular Parasitology Meeting XXVI, Woods Hole, MA, USA, September 2015

Fukumoto, J., Sakura, T., Matsubara, R., Nagamune, K. "Investigation for the Understanding of the Mechanism of Host Organelle Recruitment by *Toxoplasma gondii*." 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells, September 2015, Tsukuba

Matsubara, R., Sakura, T., Nagamune, K. "Searching for IP₃ and Ryanodine receptor like proteins of *Toxoplasma gondii*." 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells, September 2015, Tsukuba

Tanifuji G, Archibold JM, Hashimoto T. Comparative analysis of chlorarachniophyte mitochondrial genomes; evolutionary insights from genome architecture and endosymbiotic gene transfer. VII ECOP-ISOP Joint Meeting, Sep 5-10, Sevilla, Spain (2015).

*Euki Yazaki, Takashi Shiratori, Keitaro Kume, Tetsuo Hashimoto, Ken-Ichiro Ishida, Yuji Inagaki. Strain PAP020, a novel anaerobic microeukaryote branching at the base of Fornicata. **VII ECOP-ISOP Joint Meeting**, September 5-10, 2015, Hotel-Conference Center Sylken Al-Andalus Palace & the "Reina Mercedes" Scientific Campus of the University of Seville (Seville, Spain)

*Kounosuke Morita, Goro Tanifuji, Takuro Nakayama, Ryoma Kamikawa, Chihiro Sarai, Kazuya Takahashi, Mitsunori Iwataki, Yuji Inagaki. Comparative genome analysis of pedinophyte plastids and the pedinophyte-derived plastids in two dinoflagellates *Lepidodinium chlorophorum* and strain MRD-151. **VII ECOP-ISOP Joint Meeting**, September 5-10, 2015, Hotel-Conference Center Sylken Al-Andalus Palace & the "Reina Mercedes" Scientific Campus of the University of Seville (Seville, Spain)

*Ryoma Kamikawa. The dynamics of mitochondrial metabolism in a cercozoan capable of growth in aerobic and low-oxygen conditions. **VII ECOP-ISOP Joint Meeting**, September 5-10, 2015, Hotel-Conference Center Sylken Al-Andalus Palace & the "Reina Mercedes" Scientific Campus of the University of Seville (Seville, Spain)

Sakamoto H, Kita K, Matsuzaki M Development of a drug selection system for transfection of the oyster parasite *Perkinsus marinus* (Alveolata). VII European Congress of Protistology in partnership with International Society of Protistologists 2015年9月9日 (セビリア・スペイン)

Matsuzaki M, Kuroda M, Masuda I, Sakamoto H, Sakamoto K, Inaoka DK, Kita K Mitochondrial respiratory chain of an oyster parasite *Perkinsus marinus*. VII European Congress of Protistology in partnership with International Society of Protistologists 2015年9月9日 (セビリア・スペイン)

Murakami T, Segawa T, D Bodington, Takeuchi N, P Labarca, G B Sepulveda, Kohshima S, YHongoh Y "Survey of the glacier invertebrates and their gut microbiota". 6th International Conference on Polar and Alpine Microbiology (PAM2015) . Sep 6-9 2015. České Budějovice, Czech

Tomoko Kubori, Xuan Thanh Bui, Andree HUBBER and Hiroki Nagai: Legionella RavZ plays a role in preventing ubiquitin recruitment to bacteria-containing vacuoles. Sep. 8-11, 2015, The 14th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo

Hubber A, Coban C, Matsuzawa T, Kubori T and Nagai H: LC3-associated phagocytosis restricts an intracellular bacterial pathogen in a process that involves both TLR2 signaling and ROS. Sep. 8-11, 2015, The 14th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo

Mimuro H. "Helicobacter pylori infection and microRNA". The 14th Awaji International Forum on Infection and Immunology. Sep 10 2015. 淡路夢舞台国際会議場, Hyogo, Japan. 招待講演

Yamamoto T, Takano N, Ishiwata K, Suematsu M 「Carbon monoxide regulates directional biotransformation of glucose via protein arginine methylation」第10回 World Congress for Microcirculation (世界微小循環学会)、2015年9月27日、国立京都国際会館、京都市 (招待講演)

Maruyama S, Aihara Y, Yamaguchi T, Yamaguchi K, Shigenobu S, Takahashi H, Kawata M, Ueno N, Minagawa J. Transcriptomic responses to elevated temperature in cnidarian-dinoflagellate endosymbiosis. 2nd International Symposium 'Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells'. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan. (poster)

Ohkuma M. CO₂- and N₂-fixing endosymbionts of termite-gut cellulolytic protists. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

Izawa K, Kuwahara H, Kihara K, Nathan Lo, Yuki M, Ohkuma M, Hongoh Y. Comparative genome analysis of intracellular Endomicrobium symbionts among distinct host protist species in the termite gut. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

Kinjo Y, Hongoh Y, Ohkuma M, Tokuda G. Alternative nutrient source in the hindgut correlates with endosymbiont genome decay in *Cryptocercus* cockroaches. 2nd International Symposium and 4th Annual

Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

Nagura Y, Harada M, Izawa K, Murakami T, Ohkuma M, Kuwahara H, Hongoh Y. Evolution of verrucomicrobia from ectosymbionts to endonuclear symbionts of protists in the termite gut. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

A Pramono, Yamada Y, Kuwahara H, Mabuchi T, Kitade O, Nathan Lo, Toyoda A, Ito T, Ohkuma M, Hongoh Y. Comparative genomics of the nitrogen-fixing endosymbionts of the cellulolytic protists *Pseudotriconympha* spp. in the gut of termites. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

D Starns, Yuki M, Kuwahara H, Hongoh H, A Darby, Ohkuma M. Investigations into the roles of symbiotic treponemes in the gut of the higher termite *Nasutitermes takasagoensis*. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

Yuki M, Kuwahara H, D Starns, Izawa K, Hongoh Y, Ohkuma M. Single-cell genomics of Bacteroidales ectosymbionts of termite-gut protists. 2nd International Symposium and 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 28 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.

Fumito Maruyama "Similarity, dissimilarity and robustness of micro-ecosystem in intractable polymicrobial infectious disease" International Seminars "Brazil-Japan cooperation in microbiology and marine sciences". 2015.9.30. Rio de Janeiro, Brazil.

Maruyama F. Similarity, dissimilarity and robustness of micro-ecosystem in intractable polymicrobial infectious disease. International Seminars "Brazil-Japan cooperation in microbiology and marine sciences". Sep. 30, 2015. Rio de Janeiro, Brazil

Hiroki Nagai, Interdomain protein transfer as a critical mechanism for survival of intracellular bacteria. 2015 International Meeting of "Matryoshka-type Evolution", Sep. 30 – Oct. 2, 2015, Tsukuba University.

Tokuda G.: Genomic transitions of the intracellular symbiont during evolution of the wood-feeding cockroaches, *Cryptocercus* spp. 2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 30 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan

Kawafune K, Kuwahara H, Hongoh Y, Sakamoto T, Kurata T, Hirooka S, Miyagishima S, Matsuzaki M and Nozaki H. "Genome sequence and glycolysis pathway of the rickettsial endosymbiont of the green alga". 2nd International Symposium & 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 30 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan

Takahashi T, Nishida T, Saito C, Yasuda H and Nozaki H. "Ultra-high voltage electron microscopy of primitive algae illuminates 3D ultrastructures of the first photosynthetic eukaryote". 2nd International Symposium & 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 30 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan

Arakaki Y, Sugawara M, Matsuzaki R, Kawai-Toyooka H and Nozaki H. "Incipient multicellular organisms in two separate lineages of the Volvocales". 2nd International Symposium & 4th Annual Research Meeting on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells. Sep 30 - Oct 2, 2015. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan

*Yuji Inagaki. Green alga-derived nucleomorphs in dinoflagellate cells. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

Soichirou Satoh, Takayuki Hata, Naoto Takada, Makoto Tachikawa, Mitsuhiro Matsuo, *Junichi Obokata. Molecular basis of the EGT and HGT: How do newly emerged/introduced protein-coding sequences in the eukaryotic genome become transcriptionally active? **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

Fumihiko Takeuchi, Tsuyoshi Sekizuka, Yumiko Ogasawara, Hiroshi Yokoyama, Ryoma Kamikawa, Yuji Inagaki, Tomoyoshi Nozaki, Yoshiko Sugita-Konishi, Takahiro Ohnishi, *Makoto Kuroda. Phylogenetic analysis of a myxozoan genus *Kudoa* mitochondrial genomes, and the modulation of host innate immunity by *Kudoa* infection. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

*Ryoma Kamikawa, Yuji Inagaki. Convergent evolution of carbon metabolisms after loss of photosynthesis. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

*Kounosuke Morita, Goro Tanifuji, Takuro Nakayama, Ryoma Kamikawa, Chihiro Sarai, Kazuya Takahashi, Mitsunori Iwataki, Yuji Inagaki. Plastid genome reduction in two separate dinoflagellate lineages bearing pedinophyte-derived plastids. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

*Keitaro Kume, Shun Takabayashi, Ryoma Kamikawa, Goro Tanifuji, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto. Prediction and comparison of the metabolism of mitochondrion-related organelles in free-living fornicate organisms. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

*Eriko Matsuo, Yuki Nishimura, Yuji Inagaki. Impact of endosymbiotic gene transfer on plastid metabolic pathways in dinoflagellates with haptophyte-derived plastids. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

Masato Nakai. Evolution of the chloroplast protein import system. **2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells**, September 30-October 2, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

Fumiaki Ihara, Maki Nishimura, Motamed Elsayed Mahmoud, Yoshikage Muroi, Naoaki Yokoyama, Kisaburo Nagamune, Yoshifumi Nishikawa. *Toxoplasma gondii* infection in mouse impairs long-term fear memory consolidation and downregulates Arc expression. 2nd International Symposium "Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells", 2015年9月30日~10月2日、筑波大学・大学ホール A

Takeshi Annoura, Ben C.L. van Schaijk, Ivo H.J. Ploemen, Mohammed Sajid, Daniel K. Inaoka, Geert-Jan van Gemert, Severine Chevalley-Maurel, Blandine M.D. Franke-Fayard, Audrey Gego, Kiyoshi Kita, Dominique Mazier, Tomoyoshi Nozaki, Stephen L. Hoffman, Chris J. Janse, Robert W. Sauerwein and Shahid M. Khan, New member of the Plasmodium 6-Cys family B9 have distinct and critical roles in liver stage development, 2nd International Symposium Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells, 2015年10月1日-10月2日 筑波大学 大学会館

Aikawa S., "Development of bioprocess using symbiotic algae producing maltose", 2nd International Symposium on Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells, Oct. 2nd, 2015, Tsukuba, Japan 「招待講演」

Kaori Ishikawa, Shun Katada, Takayuki Mito, Takaya Ishihara, Naotada Ishihara, Kazuto Nakada. Mitochondrial fission is important to prevent disease phenotypes induced by a pathogenic mtDNA mutation. Molecular Mitochondria –Joint Seminar of Young Finnish-Japanese Mitoscientists. 2015/10/5. Helsinki, Finland (Oral).

Herbert J. Santos, Kenichiro Imai, Takashi Makiuchi, Kentaro Tomii, Paul Horton, Akira Nozawa, Mohamed Ibrahim, Yuzuru Tozawa, and Tomoyoshi Nozaki. A novel mitosomal β -barrel outer membrane protein in *Entamoeba*. Seminar on Amebiasis, Campeche, Oct 13-16, 2015.

Somlata, Kumiko Nakada-Tsukui, Kentaro Tomii and Tomoyoshi Nozaki. Analyzing role of BAR domain proteins in *Entamoeba histolytica*. Seminar on Amebiasis, Campeche, Oct 13-16, 2015.

Takashi Makiuchi, Herbert J. Santos, Tomoyoshi Nozaki, Hiroshi Tachibana. Analysis of the fission mechanism of mitosomes in *Entamoeba histolytica*. Seminar on Amebiasis, Campeche, Oct 13-16, 2015.

Ghulam Jeelani, Yoko Chiba, Tomoyoshi Nozaki. Exploring the polyamine pathway in the enteric protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. Seminar on Amebiasis, Campeche, Oct 13-16, 2015.

Herbert J. Santos, Ghulam Jeelani, Mihoko Mori, Kazuro Shiomi, and Tomoyoshi Nozaki. Screening of microbial metabolites for inhibitors of cysteine biosynthesis pathway in *Entamoeba histolytica*. Seminar on Amebiasis, Campeche, Oct 13-16, 2015.

Dan H, Nakabachi A. RNA interference approach to analyze functional role of a gene highly expressed in the symbiotic organ of the Asian citrus psyllid, *Diaphorina citri*. The Irago Conference 2015. Oct 23 2015. Tahara, Japan.

Onishi K, Ohkuma M, Nakabachi A. Screening of proteins that potentially play pivotal roles in the aphid-*Buchnera* symbiosis. The Irago Conference 2015. Oct 23 2015. Tahara, Japan.

Yamada T, Hamada M, Sugino A, Okamura K, Nakabachi A. Differential toxicity of a novel polyketide diaphorin to various organisms. The Irago Conference 2015. Oct 23 2015. Tahara, Japan.

Takahiro Nakamura. PPR motif as a New DNA/RNA Binding Module for Genome/transcriptome Editing. **Conference on Transposition and Genome Engineering 2015**, November 17-20, 2015, Nara Kasugano International Forum IRAKA (Nara, Japan)

Takahiro Nakamura. PPR motif as a New DNA/RNA Binding Module for Genome/transcriptome Editing. **International Symposium on Plant Genome Engineering**, November 28, 2015, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan)

Fumito Maruyama “Evolution of Phage Selfishness by CRISPR in Diverse Bacteria and Archaea” 5th international workshop: Advances in Science and Technology of Bioresources. 2015.12.2-4. Pucon, Chile.

Maruyama F. Evolution of Phage Selfishness by CRISPR in Diverse Bacteria and Archaea. 5th international workshop: Advances in Science and Technology of Bioresources. Dec.2-4, 2015. Pucon, Chile

Eri Hirasawa, Kan Tanaka and Sousuke Imamura. Overexpression of glycerol-3-phosphate acyltransferase improves TAG productivity in a unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae*. 6th International Singapore Lipid Symposium/6th Asian Symposium on Plant Lipids, SLING, 3th December, 2015, Singapore

Nobuko Sumiya, Yasuko Kawase, Junpei Hayakawa, Mami Matsuda, Mami Nakamura, Atsuko Era, Kan Tanaka, Akihiko Kondo, Tomohisa Hasunuma, Sousuke Imamura, Shin-ya Miyagishima. Expression of cyanobacterial acyl-ACP reductase elevates the triacylglycerol level in the red alga *Cyanidioschyzon merolae*. 6th International Singapore Lipid Symposium/6th Asian Symposium on Plant Lipids, SLING, 3th December, 2015, Singapore.

Sousuke Imamura. Target of rapamycin (TOR) plays a critical role in triacylglycerol accumulation in microalgae, 6th International Singapore Lipid Symposium/6th Asian Symposium on Plant Lipids, 3th December, 2015, Singapore

Fumito Maruyama “What we learn from evolutionary strategies of bacteria in the point of view of original niche.”, “What makes micro-ecosystem robust revealed by metagenomic information” International Seminar on Applied Microbial Ecology. 2015.12.16. Temuco, Chile.

Maruyama F. What we learn from evolutionary strategies of bacteria in the point of view of original niche., “What makes micro-ecosystem robust revealed by metagenomic information. International Seminar on Applied Microbial Ecology. Dec.16, 2015. Temuco, Chile

Tomoyoshi Nozaki. Endoplasmic reticulum-resident Rab8A GTPase is involved in phagocytosis in the protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. 18th International Conference on Emerging Infectious Diseases, The U.S. – Japan Cooperative Medical Sciences Program, Bethesda, U.S.A., January 13-14, 2016.

Masahiro Yamamoto 「IFN-γ-inducible cell-autonomous immunity to intracellular pathogens」 The 7th International Symposium of IFReC (Grand Front Osaka, Osaka, Japan, January 21-22, 2016)

Fumito Maruyama “Strategy of group A streptococci to adapt inside host cell” International Symposium on Intracellular Pathogens 2016.2.5. Yamaguchi, Japan.

Maruyama F. Strategy of group A streptococci to adapt inside host cell. International Symposium on Intracellular Pathogens. Feb. 5, 2016. Yamaguchi, Japan

*Euki Yazaki, Takashi Shiratori, Tetsuo Hashimoto, Ken-ichiro Ishida, Yuji Inagaki. 153 genes phylogenetic analysis indicated a new single-celled eukaryote, strain SRT308, as a deep-branching Euglenozoan. **Genome Evolution in Mishima**, March 28-29, 2016, National Institute for Genetics (Mishima, Japan)

平成 28 年度

Hiroki Nagai and Tomoko Kubori: Type IVB Secretion System as an Essential Tool for Intracellular Life. The 13th Korea - Japan International Symposium on Microbiology (XIII-KJISM). May 13, 2016, Gyeong Ju, South Korea

Fukuda S. Gut microbiota-derived metabolites shape host physiological homeostasis. International Conference on Beneficial Microbes 2. May 31-June 2, 2016. Duangchanok Conference Hall, Phuket, Thailand.

Tanifuji G, Takabayashi S, Kume K, Takagi M, Inagaki Y, Hashimoto T. The draft genome of *Kipferlia bialata* reveals that the gain of function contributes the massive reductive evolution in Metamonada. Protists2016, June 6-10, Moscow, Russia (2016).

*Takashi Shiratori, Euki Yazaki, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto, Ken-ichiro Ishida. Characterization of strain SRT308; a new heterotrophic flagellate basal to Euglenozoa. **Protist-2106 Moscow Forum**, June 6-10, 2016, Lomonsov Moscow State University (Moscow, Russia)

*Eriko Matsuo, Yuji Inagaki. Trends in endosymbiotic gene transfer on plastid metabolic pathways in dinoflagellates with non-canonical plastids. **Protist-2106 Moscow Forum**, June 6-10, 2016, Lomonsov Moscow State University (Moscow, Russia)

*Goro Tanifuji, Sun Takabayashi, Keitaro Kume, Mizue Takagi, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto. The draft genome of *Kipferlia bialata* reveals that the gain of function contributes the massive reductive evolution in Metamonada. **Protist-2106 Moscow Forum**, June 6-10, 2016, Lomonsov Moscow State University (Moscow, Russia)

*Takuro Nakayama, Yuji Inagaki. Cyanobacterial genes in the nuclear genome of a diatom bearing N₂-fixing cyanobacterial endosymbionts: Potential factors involved in the host-endosymbiont partnership. **Protist-2106 Moscow Forum**, June 6-10, 2016, Lomonsov Moscow State University (Moscow, Russia)

Sakamoto H, Hirakawa Y, Ishida K, Kita K, Matsuzaki M Development of a multiple-drug selection system for dual-transfection of the oyster parasite *Perkinsus marinus*. Protist 2016 2016年6月7日(モスクワ・ロシア)

J. Matsuo, T. Fukumoto, T. Okubo, S. Nakamura, K. Akizawa, H. Shibuya, C. Shimizu, H. Yamaguchi. Amoebal endosymbiont, Protochlamydia isolated from a hospital can induce proinflammatory cytokine IL-8. ASM microbe 2016, June 16-20, 2016, Boston USA.

C. Maita, T. Yamazaki, J. Matsuo, S. Nakamura, T. Okubo, H. Nagai, H. Yamaguchi. Impact of Amoebal Endosymbiont Neochlamydia on Host Defense against Harmful Legionella Infection and Its Defense Mechanism. ASM microbe 2016, June 16-20, 2016, Boston USA.

菊池義智. Gut Symbiotic Bacteria in Stink Bugs Confer Pesticide Resistance. ASM Microbe 2016. Jun 17 2016. Boston Convention and Exhibition Center, Boston, USA.

Aikawa S. Inokuma K. Hasunuma T. Kondo A., "Direct and high-productive conversion from a cyanobacterium *Arthrospira platensis* to ethanol", Metabolic Engineering 11, Jun. 26th, 2016, Awaji Island, Japan

Nozaki, H., Mahakham, W., Athibai, S., Takusagawa, M. and Misumi, M. "Establishing new strains of *Volvox* for future studies of biodiversity and evolution", The 69th Yamada Conference 17th International Conference on the Cell and Molecular Biology of *Chlamydomonas*. Jun 26-Jul 1 2016. Kyoto International Conference Center, Kyoto, Japan.

Kawai-Toyooka H, Hamaji T, Uchimura H, Suzuki M, Toyoda A, Noguchi H, Minakuchi Y, Fujiyama A, Miyagishima SY and Nozaki H. "Evolution of volvocine mating-type/gender-specific genes deduced from de novo genome sequencing of isogamous *Yamagishiella* and anisogamous *Eudorina*". The 69th Yamada Conference 17th International Conference on the Cell and Molecular Biology of *Chlamydomonas* . Jun 26 –Jul 1 2016. Kyoto International Conference Center, Kyoto, Japan.

Yamashita S, Arakaki Y, Kawai-Toyooka H, Hirono M and Nozaki H. "Developmental analysis of the spheroidal colony formation in *Astrephomene* (Volvocales, Chlorophyta)". The 69th Yamada Conference 17th International Conference on the Cell and Molecular Biology of *Chlamydomonas* . Jun 26 –Jul 1 2016. Kyoto International Conference Center, Kyoto, Japan.

Sousuke Imamura. Nitrogen deficiency responses and its regulation in *Cyanidioschyzon merolae*, 1st *Cyanidioschyzon merolae* Symposium, 4th July, 2016, Tokyo

Nishimura Y, Amagasa T, Inagaki Y, Hashimoto T, Kitagawa H. A system for supporting phylogenetic analyses over alignments of next generation sequence data. 10th International Conference on Complex, Intelligent, and Software Intensive Systems (CISIS-2016), Jul 6-8, Fukuoka, Japan (2016).

Yuki Nishimura, *Toshiyuki Amagasa, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto, Hiroyuki Kitagawa. A system for phylogenetic analyses over alignments of next generation sequence data. **10th International Conference on Complex, Intelligent, and Software Intensive Systems**. July 6-8, 2016, Fukuoka Institute of Technology (Fukuoka, Japan)

Shinzato N, Aoyama H, Saitoh S, Naruo N, Nakano K, Shimoji M, Shinzato M, Satou K, Teruya K, Hirano T, Yamada T, Park S, Kamagata Y. Complete genome sequence of the intracellular bacterial symbiont 'TC1' in the anaerobic ciliate *Trimyema compressum*. 16th International symposium on microbial ecology. Aug 21-26 2016. Montreal.

Fukumoto, J., Sakura, T., Matsubara, R., Nagamune, K. "Elucidating the mechanism of host mitochondrial recruitment of *Toxoplasma gondii*." The 13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis, September 2016, Kyoto

Tomoko Kubori and Hiroki Nagai. Manipulation of the host ubiquitin system by Legionella Deubiquitinases. Sep. 6-9, 2016, The 15th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo

Masahiro Yamamoto 「Mechanism of IFN- γ -inducible cell-autonomous immunity to intracellular pathogens」 The 15th Awaji International Forum on Infection and Immunity (Awaji Yumebutai International Conference Center on Awaji Island, Hyogo, Japan, September 6th-9th, 2016)

Hirayasu K, Saito F, Suenaga T, Shida K, Arase N, Oikawa K, Yamaoka T, Murota H, Chibana H, Nakagawa I, Kubori T, Nagai H, Nakamaru Y, Katayama I, Colonna M, Arase H. Microbially cleaved immunoglobulins are sensed by the innate immune receptor LILRA2. 15th Awaji International Forum on Infection and Immunity, 2016/09/08, Awaji island, Japan

Herbert H. Santos, Ken-ichiro Imai, and Tomoyoshi Nozaki. Discovery of lineage-specific mitochondrial membrane proteins in *Entamoeba histolytica*. The 13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis. Kyoto, Japan, Sept 10-14, 2016

*Euki Yazaki, Takashi Shiratori, Tetsuo Hashimoto, Ken-ichiro Ishida, Yuji Inagaki. A phylogenomic study placed a previously undescribed eukaryote, strain SRT308, at the base of the Euglenozoa clade. **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

*Goro Tanifuji, Ryoma Kamikawa, Christa E. Moore, Tyler Mills, Yuji Inagaki, Tetsuo Hashimoto, John M. Archibald. Plastid comparative genomics elucidates multiple independent losses of photosynthesis in *Cryptomonas* (Cryptophyta). **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

Kevin Wakeman, *Takuro Nakayama, Goro Tanifuji, Eriko Matsuo, Brian Leander, Yuji Inagaki. Phylogenetic positions of marine gregarines *Selenidium terebellae* and *Lecudina tuzetae*, and molecular evidence of their remnant nonphotosynthetic plastids (apicoplasts). **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

*Eriko Matsuo, Yuji Inagaki. Differential impacts of plastid replacement on plastidal biosynthetic pathways in dinoflagellates with non-canonical plastids, *Karlodinium veneficum* and *Lepidodinium chlorophorum*. **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

*Ryosuke Miyata, Takuro Nakayama, Goro Tanifuji, Yasuhiko Chikami, Kensuke Yahata, Yuji Inagaki. Gregarine-like apicomplexan parasite isolated from the intestinal tract of a centipede *Scolopocryptops rubiginosus*. **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

*Ryoma Kamikawa, Stefan Zauner, Daniel Moog, Goro Tanifuji, Ken-ichiro Ishida, Shigeki Mayama, Tetsuo Hashimoto, John M Archibald, Andrew J Roger, Uwe-G Maier, Hideaki Miyashita, Yuji Inagaki. Loss of the Calvin Benson cycle in non-photosynthetic plastids. **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

*Mitsuhiro Matsuo, Atsushi Katahata, Soichirou Satoh, Motomichi Matsuzaki, Mami Nomura, Ken-ichiro Ishida, Yuji Inagaki, Junichi Obokata. Evolutionary roles of SL-*trans*-splicing in the primary endosymbiosis. **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural

University (Kyoto, Japan)

*Soichirou Satoh, Takayuki Hata, Naoto Takada, Makoto Tachikawa, Mitsuhiro Matsuo, Junichi Obokata. DMA-barcode technology reveals integration-dependent stochastic transcription activation of transgenes in the plant genome: Its implication for the molecular basis of EGT and HGT. **13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis**, September 10-14, 2016, Kyoto Prefectural University (Kyoto, Japan)

Jeelani G, Mori M, Shiomi K, Nozaki T. Functional analysis of cysteine biosynthetic pathway in enteric protozoan parasite *Entamoeba histolytica*. The 7th EMBO meeting 2016, Sept 10-13, 2016, Mannheim, Germany.

Matsuzaki M, Sakamoto H, Hata M, Masuda I, Nagamune K, Kita K Conformation of mitochondrial DNA in the oyster parasite *Perkinsus marinus*. The 13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis 2016 年9月12日 (京都市・日本)

Sakamoto H, Hirakawa Y, Ishida K, Kita K, Matsuzaki M Development of dual-transfection system in *Perkinsus marinus*. The 13th International Colloquium on Endocytobiology and Symbiosis 2016年9月12日 (京都市・日本)

Endoh R, Ohkuma M. Transport of yeast consortium by the forest pest ambrosia beetle *Platypus quercivorus* (Platypodidae, Coleoptera). The 14th International Congress on Yeasts, Sep 12-13 2016. Hyogo, Japan.

Herbert H. Santos, Ken-ichiro Imai, and Tomoyoshi Nozaki. Discovery of lineage-specific mitosomal membrane proteins in *Entamoeba histolytica*. 2016 (27th) Annual Molecular Parasitology Meeting. Woods Hole, Massachusetts, USA, Sept 18-22, 2016

Aikawa S., Tomohisa H., Kondo A., "Enhancement of glycogen production from cyanobacteria via metabolic engineering", The 4th Asia-Oseania Algae Innovation Summit, Sep. 20th, 2016, Wuhan, China 「招待講演」

Tokuda G. Genomic and metabolic transitions of the intracellular symbiont during evolution of the wood-feeding cockroaches, *Cryptocercus* spp. XXV International Congress of Entomology (ICE2016). Sep 25-30 2016. Orlando, FL, USA.

Nakabachi A. Aphid gene of bacterial origin encodes a protein transported to *Buchnera*. The XXV International Congress of Entomology. Sep 26 2016. Orlando, FL, USA. (招待講演)

Hirayasu K, Saito F, Suenaga T, Shida K, Arase N, Oikawa K, Yamaoka T, Murota H, Chibana H, Nakagawa I, Kubori T, Nagai H, Nakamaru Y, Katayama I, Colonna M, Arase H. Microbially cleaved immunoglobulins are sensed by the innate immune receptor LILRA2. 16th Annual Meeting of the Society for Natural Immunity, 2016/10/03, Taormina, Italy

Fukuda S. Gut microbiota-derived metabolites shape host physiological homeostasis. 2016 International Conference of the Korean Society for Molecular and Cellular Biology. Oct. 12-14, 2016. 14th. COEX, Seoul, Korea,

Ishikawa K, Katada S, Ogasawara E, Homma Y, Ishihara T, Mito T, Mihara K, Hayashi JI, Ishihara N, Nakada K. The importance of mitochondrial fission in preventing disease phenotypes induced by a pathogenic mtDNA mutation. The 13th Conference of Asian Society for Mitochondrial Research and Medicine [ASMRM] and The 16th Conference of Japanese Society of Mitochondrial Research and Medicine [J-mit]. 2016/10/30-11/1. TKP ガーデンシティ品川 (東京都・品川区).

Jeelani G, Nozaki T. Metabolomic analysis of *Entamoeba*. AMOEBA Review meeting, Nov 1-2, 2016. Indian National Science Academy, New Delhi, India.

Fumito Maruyama "Vibrio sp., Algal bloom, and Next". graduate course: Comparative microbial genomics and Taxonomy. 2016.11.21. UFRJ, Rio de Janeiro, Brazil.

Maruyama F. Vibrio sp., Algal bloom, and Next.. graduate course: Comparative microbial genomics and Taxonomy. Nov. 21, 2016. UFRJ, Rio de Janeiro, Brazil

Fumito Maruyama "Robustness of soil bacterial community against chemical disturbance" PGPR Latin America. 2016 2016.11.28. Pucon, Chile.

Maruyama F. Robustness of soil bacterial community against chemical disturbance. PGPR Latin America. Nov. 28, 2016. Pucon, Chile

Fumito Maruyama “The earth Vibrio project: collections from normal to extreme environments: the NEXT” International Seminar on Applied Microbial Ecology. 2016.12.5. Temuco, Chile.

Maruyama F. The earth Vibrio project: collections from normal to extreme environments: the NEXT. International Seminar on Applied Microbial Ecology. Dec.5, 2016. Temuco, Chile

Masahiro Yamamoto 「Interferon-induced activation of cell-autonomous immunity against vacuolar pathogens」 S11. Vaccine and Infectious Disease, The 45th Annual meeting of the Japanese Society for Immunology (Okinawa Convention Center, Okinawa, Japan, December 5-7, 2016)

Tomoko Kubori and Hiroki Nagai. Manipulation of the host ubiquitin system by Legionella Deubiquitinases. T4SS 2016, Dec. 8-11, 2016, Schloss Hirschberg, Germany.

Hiroki Nagai. T4BSS: a pivotal tool to establish intracellular lifestyle of bacteria. T4SS 2016, Dec. 8-11, 2016, Schloss Hirschberg, Germany.

Yoshifumi Nishikawa: Brain manipulation by intracellular parasite, *Toxoplasma gondii*. The annual Joint International Tropical Medicine Meeting (JITMM2016)、2016年12月9日、Amari Watergate、タイ (バンコク)

Fumito Maruyama . “How can bacterial community keep its resilience?” and 2. “What we should learn from Vibrio spp. in the normal environments”. Strengthening postgraduate training capacities for innovation and science competition Acuácas the University of Antofagasta. 2016.12.12-13. Antofagasta, Chile.

Maruyama F. How can bacterial community keep its resilience?. and What we should learn from Vibrio spp. in the normal environments. Strengthening postgraduate training capacities for innovation and science competition Acuácas the University of Antofagasta. Dec.12-13, 2016. Antofagasta, Chile

Hamaji T, Kawai-Toyooka H, Uchimura H, Suzuki M, Toyoda A, Noguchi H, Minakuchi Y, Fujiyama A, Miyagishima SY and Nozaki H. “Comparative genomics of isogamous and anisogamous volvocine algae reveals molecular evolutionary insights into sex specific genes”. Advanced Genome Science International Symposium “The Start of New Genomics”. Jan10-11 2017. Ito International Research Center, Hongo Campus of University of Tokyo, Tokyo, Japan.

Herbert H. Santos, Ken-ichiro Imai, and Tomoyoshi Nozaki. Discovery of lineage-specific mitochondrial membrane proteins in *Entamoeba histolytica*. U.S.-Japan Cooperative Medical Sciences Program (USJCMSP), 19th International Conference on Emerging Infectious Diseases in the Pacific Rim. Seoul, South Korea. February 7-10, 2017

(5) 国内学会

平成23年度

牧内貴志、見市文香、津久井久美子、野崎智義 Entamoeba マイトソームにおけるタンパク質輸送機構の解析第80回日本寄生虫学会大会・第22回日本臨床寄生虫学会大会, July 17-18, 2011, Tokyo

中鉢淳、吸汁性昆虫とゲノミクス. 住友化学株式会社 健康・農業関連事業研究所講演会、2011.7.25、兵庫

*小保方潤一. ゲノム科学から見た植物園. 京都府立大学大学院生命環境科学研究科公開シンポジウム：大学と植物園連携の新しい形を探る 2011年8月20日 京都府立大学（京都市・京都府）

Hirai M. Male fertility of malaria parasite is determined by GCS1, a plant-type reproduction factor. Malaria Mini-symposium (2011年9月6日。於：長崎大学熱帯医学研究所)

Hirai M. Male fertility of malaria parasite is determined by GCS1, a plant-type reproduction factor. Biology of Malaria. IUMS 2011 (2011年9月8日。於：北海道札幌市)

野崎智義 マトリョーシカ型進化原理 分子寄生虫ワークショップ XIX October 21-23, 2011、神戸。

*小保方潤一. 植物ゲノムの謎を解く！光を食べる生き物たち. 京都府立大学公開講座「桜楓講座」 2011年10月29日 京都府立大学（京都市・京都府）

*稲垣祐司, 矢吹彬憲, 神川龍馬. 新奇真核微生物からの大規模配列データで変貌し続ける, 我々の真核生物大系統像. 第31回微生物系統分類研究会 2011年11月25日 理化学研究所和光地区 (和光市・埼玉県)

*稲垣祐司, 中山卓郎, 笠井文絵, 大河内直彦. 珪藻細胞中の窒素固定に特化したオルガネラ「楕円体」: オルガネラ獲得過程理解にむけた新たなモデル. 第34回日本分子生物学会 2011年12月13-16日 パシフィコ横浜 (横浜市・神奈川県)

松崎素道 貝類寄生虫パーキンサスが明らかにするオルガネラ進化の最終局面. 第81回日本寄生虫学会大会 2012年3月23日 (西宮)

牧内貴志, 見市文香, 津久井久美子, 野崎智義 高度に進化した *Entamoeba* マイトソームのタンパク質輸送機構 第81回日本寄生虫学会大会 March 23-24, 2012, Nishinomiya, Hyogo.

津久井久美子, 坪井久美子, 古川敦, 山田陽子, 野崎智義 A novel class of cysteine protease receptors that mediate lysosomal transport. 第81回日本寄生虫学会大会 March 23-24, 2012, Nishinomiya, Hyogo.

黒田誠 新下痢原性寄生虫クドアの発見 第81回日本寄生虫学会 (西宮市 2012年3月23-24日)

平成24年度

田中寛, 今村壮輔. 紅藻シズン *Cyanidioschyzon merolae* における代謝制御研究, 第3回日本光合成学会, 2012年6月1日, 東京工業大学 (横浜)

中井正人. Uncovering the protein translocon at the chloroplast inner envelope. 第12回日本蛋白質科学会年会 2012年6月20日 名古屋国際会議場 (名古屋市・愛知県)

中鉢淳, オルガネラ化する昆虫細胞内共生細菌たち. 東京大学大学院 生物科学セミナー, 2012.7.4, 東京

竹内史比古, 関塚剛史, 野崎智義, 大西真, 小西良子, 大西貴弘, 黒田誠. ナナホシクドアの退化したミトコンドリアゲノムが明らかにする, ミクソゾアの左右相称動物起源. 日本進化学会第14回大会 (八王子市 2012年8月)

*小保方潤一. マトリョーシカ型進化とゲノム. 日本植物学会第76回大会 2012年9月14-17日 兵庫県立大学書写キャンパス (姫路市・兵庫県)

松崎素道 マトリョーシカ型進化の最終段階. 日本植物学会シンポジウム「マトリョーシカ型進化と植物: その多様性から分子基盤まで」日本植物学会第76回大会 2012年9月15日 (姫路)

石田健一郎, 皿井千裕, 白戸秀, 鈴木重勝, 平川泰久 二次共生のマトリョーシカ型進化. 日本植物学会シンポジウム「マトリョーシカ型進化と植物: その多様性から分子基盤まで」日本植物学会第76回大会 2012年9月15日 (兵庫県立大学姫路書写キャンパス・兵庫)

中井正人. 一次共生進化の初期過程でのタンパク質輸送装置の確立・進化. 第76回日本植物学会年会 2012年9月15日 兵庫県立大学 (姫路市・兵庫県)

*神川龍馬, 矢吹彬憲, 橋本哲男, 西村祐貴, 稲垣祐司. 新奇真核微生物がもたらす新しい真核生物大系統像. 第28回日本微生物生態学会 2012年9月19-22日 豊橋技術科学大学 (豊橋市・愛知県)

*稲垣祐司, 神川龍馬, 中山卓郎, 谷藤吾朗, 橋本哲男. 細胞共生体由来オルガネラ進化に関する新たな展開. 第28回日本微生物生態学会 2012年9月19-22日 豊橋技術科学大学 (豊橋市・愛知県)

菊池義智, Symbiotic gut bacteria confer insecticide resistance, 第28回日本微生物生態学会大会, 2012.9.22, 愛知

シンポジウム: 松原立真, 永宗喜三郎 “アピコンプレクサ生物の植物ホルモンとその生理機能” 第45回日本原生動物学会大会 2012年11月, 兵庫県姫路市

シンポジウム：永宗喜三郎、福士路花 “アピコンプレクサ生物の滑走運動とカルシウム・シグナリング” 第45回日本原生動物学会大会 2012年11月、兵庫県姫路市

Hirai M. Sexual reproduction of malaria parasites; A critical target for antimalarial strategy 第2回国際シンポジウム 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)) (2012年11月12日-16日 於：ホテル名古屋グランドパレス)

中鉢淳、アブラムシによるオルガネラ様共生細菌の獲得. 第45回日本原生動物学会大会シンポジウム、2012. 11. 23、兵庫

松崎素道 カキの寄生虫パーキンサスの極限まで縮退した色素体. 第45回日本原生動物学会大会 2012年11月23日(姫路)

見市文香. 赤痢アメーバ“マイトソーム”の硫酸活性化経路. 第45回日本原生動物学会 2012年11月23-25日 兵庫県立大学書写キャンパス(姫路・兵庫県)

Nagai, H., Interdomain protein transport: a critical strategy employed by bacterial pathogens and symbionts, 第35回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡(福岡県), December 13, 2012.

平井誠 マラリア原虫をやっつける。その驚異、生態、新たな対策。
早稲田大学トップランナーズレクチャー・コレクションオブサイエンス(2012年12月14日 於：早稲田大学)

野崎智義 寄生生物ミトコンドリアの特性～嫌気環境下における多様化. J-mit, “Mitochondrial Diversity: shall we find out her multiple faces” (日本ミトコンドリア学会), Tsukuba, Ibaraki, Dec 19-21, 2012.

原清敬「光駆動ATP再生小胞の創製」 第45回原生動物学会(2012)

ワークショップ：田原美智留、Syed Bilal Ahmad Andrabi、青沼宏佳、木下タロウ、永宗喜三郎 “トキソプラズマ感染における宿主細胞膜マイクロドメインの役割” 第82回日本寄生虫学会大会 2013年3月、東京

ワークショップ：永宗喜三郎、喜屋武向子、山本徳栄、山野安規徳、Asis Khan、L. David Sibley “本邦におけるトキソプラズマ分離株の分子タイピング” 第82回日本寄生虫学会大会 2013年3月、東京

見市文香、宮本智文、Ghulam Jeelani、原博満、野崎智義、吉田裕樹 赤痢アメーバマイトソーム硫酸活性化経路の生理的意義の解明 第6回寄生虫感染免疫研究会、日本、立山、Mar 8-9, 2013

Andree Hubber and Hiroki Nagai: PI4KIIIa is important for targeting of multiple PI4P-binding Legionella effectors, 第86回日本細菌学会総会国際シンポジウム, 幕張メッセ(千葉県), 2013. 3. 18-20

*稲垣祐司, 皿井千裕, 神川龍馬, 高橋和也, 岩滝光儀. 渦鞭毛藻類における緑色葉緑体の起源と多様性. 第15回植物オルガネラワークショップ 2013年3月20日 オルガホール(岡山市・岡山県)

中井正人. 葉緑体内包膜の新奇な蛋白質輸送装置：葉緑体進化の新たな謎. 第15回植物オルガネラワークショップ 2013年3月20日 オルガホール(岡山市・岡山県)

野澤彰, 戸澤譲. コムギ無細胞翻訳系を利用した膜輸送体蛋白質の機能解析系の構築. 第54回日本植物生理学会年会シンポジウム 2013年3月21-23日 岡山大学(倉敷市・岡山県)

大林翼・北川 航・孟憲英・鎌形洋一・深津武馬・菊池義智、泳げ、Burkholderia!～ホソヘリカメムシ共生細菌は鞭毛を使って共生器官に辿り着く～、第57回日本応用動物昆虫学会大会、2013. 3. 28、神奈川

会田学・永山敦士・澤岬哲也・扇谷悟・菊池義智、カンシャコバナナガカメムシにおける内部共生系のキャラクターゼーション、第57回日本応用動物昆虫学会大会、2013. 3. 28、神奈川

菊池義智、Bok-Lue1 Lee、深津武馬 共生細菌の感染がホソヘリカメムシ消化管の形態変化を引き起こす、第57回日本応用動物昆虫学会大会、2013. 3. 29、神奈川

平成 25 年度

丸山史人 “バクテリア多株ゲノム解析から見えた種特異的進化機構” 第 38 回 GCOE 談話会, 2013. 4. 12. 東京大学医科学研究所、東京.

壁谷如洋、第 26 回つくば藻類・プロティストフォーラム 筑波大学 2013 年 4 月 22 日 タイトル: 細胞内共生と共生体細胞周期制御

菊池義智、ホソヘリカメムシは細菌を取り込んで農薬に強くなる!、(一財)バイオインダストリー協会(JBA)主催講演会「バイオリソースの新しい風」、2013. 5. 20、東京

*稲垣祐司. 新奇生物種の単離と大規模分子系統解析が解明(?)する真核生物の多様性と系統関係. お茶の水大学大学院生命情報学副専攻公開セミナー・第 39 回バイオインフォマティクスへの招待 2013 年 6 月 27 日 お茶の水大学(文京区・東京都)

ワークショップ: 松尾恵梨子、神川龍馬、矢崎裕規、田原美智留、佐倉孝哉、永宗喜三郎、稲垣祐司 “*Karenia* 属渦鞭毛藻における進化的起源の異なる葉緑体型 GAPDH の進化と細胞内局在” 第 15 回日本進化学会 2013 年 8 月、つくば

*中山卓郎, 神川龍馬, 谷藤吾朗, John M. Archibald, 稲垣祐司. 窒素固定オルガネラ? - 珪藻細胞内共生シアノバクテリアに見るゲノム縮小進化. 第 15 回日本進化学会 2013 年 8 月 28-30 日 筑波大学(つくば・茨城県)

*皿井千裕, 神川龍馬, 高橋和也, 稲垣祐司, 岩滝光儀. 紅(アカ)からミドリへのお色直し—渦鞭毛藻類における緑藻類由来葉緑体の獲得— 第 15 回日本進化学会 2013 年 8 月 28-30 日 筑波大学(つくば・茨城県)

*松尾恵梨子, 神川龍馬, 矢崎裕規, 田原美智留, 佐倉孝哉, 永宗喜三郎, 稲垣祐司. *Karenia* 属渦鞭毛藻における進化的起源の異なる葉緑体型 GAPDH の進化と細胞内局在. 第 15 回日本進化学会 2013 年 8 月 28-30 日 筑波大学(つくば・茨城県)

菊池義智、共生ダイナミクスによる昆虫の農薬抵抗性進化、日本進化学会第 15 回大会シンポジウム「進化的原動力としての共生」、2013. 8. 30、筑波

見市文香, 宮本智文, 原博満, 野崎智義, 吉田裕樹 赤痢アメーバ “マイトソーム” の硫酸活性化経路の生化学的解析 第 86 回日本生化学会大会、日本、横浜、Sep 11-13, 2013

津久井久美子、丸茂このみ、佐藤映美、野崎智義 赤痢アメーバで 見つかった新規システインプロテアーゼ輸送受容体の解析 第 86 回日本生化学会大会 神奈川県横浜市 2013 年 9 月 11 日~13 日 口頭発表(ワークショップ)

中井正人. 葉緑体タンパク質輸送と光合成超分子複合体の形成. 第 77 回日本植物学会年会 2013 年 9 月 14 日 札幌 北海道大学高等教育推進機構(札幌市・北海道)

菊池義智、害虫の殺虫剤抵抗性を決める腸内共生微生物、日本植物脂質科学研究会主催の第 26 回植物脂質シンポジウム、2013. 9. 15、札幌

菊池義智、Evolutionary innovation through endosymbiosis、International Symposium on Molecular and Phenotype Evolution、2013. 9. 24、札幌

丸山史人、“CRISPR/Cas システム: その生物における意味とゲノム編集” The 115th RIKEN BRC SEMINAR、2013. 9. 25. 理化学研究所、千葉

丸山史人、“原核生物における獲得免疫である CRISPR の基礎と真核ゲノム編集技術への応用の現状” ヤクルト中央研究所、2013. 9. 26、東京

見市文香、宮本智文、原博満、野崎智義、吉田裕樹 赤痢アメーバ “マイトソーム” の硫酸活性化経路の生化学的解析 第 11 回分子寄生虫・マラリア研究フォーラム、Oct 2-3, 2013, Nagasaki

陳内理生、原田哲也、河合高生、黒田誠、竹内史比古、久米田裕子。ミトコンドリア DNA を標的としたナノホシクドア検出法の開発。第 34 回日本食品微生物学会総会。(江戸川区 2013 年 10 月)

中鉢淳、昆虫の細胞内に棲むオルガネラ様共生細菌たち. 第44回中部化学関係学協会支部連合秋季大会、2013. 11. 2、静岡

*神川龍馬. “王道”から外れた葉緑体進化：渦鞭毛藻類や珪藻類を例に. 藻類懇話会 2013年11月9日 奈良女子大学（奈良市・奈良県）

丸山史人、“投稿論文A to Z” 微生物生態学会若手交流会、2013. 11. 22、鹿児島
大林翼・北川航・孟憲英・二河成男・田中みち子・鎌形洋一・深津武馬・菊池義智、ホソヘリカメムシにおけるBurkholderia共生細菌の特異的感染機構の解明、第29回日本微生物生態学会大会、2013. 11. 23-25、鹿児島

竹下和貴・二河成男・柴田朋子・前田太郎・西山智明・重信秀治・長谷部光泰・深津武馬・菊池義智、ホソヘリカメムシ共生細菌Burkholderia sp. RPE64株の比較ゲノム解析、第29回日本微生物生態学会大会、2013. 11. 23-25、鹿児島

菊池義智、昆虫-微生物共生系における分子基盤の解明に向けて、第29回日本微生物生態学会大会シンポジウム「共生の生物学～微生物との素敵な出会い」、2013. 11. 24、鹿児島

ワークショップ：永宗喜三郎 “寄生・共生におけるゾンビ化機構の分子生物学的解析” 第36回日本分子生物学会 2013年12月、神戸

ワークショップ：田原美智留、Syed Bilal Ahmad Andrabi、青沼宏佳、木下タロウ、永宗喜三郎 “トキソプラズマによる宿主細胞ゾンビ化タンパク質群（ロプトリー蛋白質群）注入における宿主細胞膜マイクロドメインの役割” 第36回日本分子生物学会 2013年12月、神戸

菊池義智、害虫に農薬抵抗性を賦与する共生細菌の発見、第36回日本分子生物学会大会ワークショップ「寄生・共生におけるゾンビ化機構の分子生物学的解析」、2013. 12. 5、神戸

*神川龍馬. 嫌気環境下におけるミトコンドリアの縮退進化：フォルニカータ生物群を例に. 2013年度日本分子生物学会 2013年12月5日 ポートピアホテル（神戸市・兵庫県）

牧内 貴志、見市 文香、津久井 久美子、橘 裕司、野崎 智義 Entamoeba マイトソームのタンパク質輸送機構 第36回日本分子生物学会年会 神戸, Dec 5, 2013

中井正人. 葉緑体タンパク質輸送装置の確立・進化. 第36回日本分子生物学会年会 2013年12月5日 神戸国際会議場（神戸市・兵庫県）

丸山史人 “原核生物における獲得免疫の種特異的ゲノム進化・生態学的意義” 第90回 東北大学生態適応セミナー. 2013. 12. 18. 宮城.

西川義文：Brain manipulation by intracellular parasite, *Toxoplasma gondii*. 第2回マトリョーシカ型生物学研究会・公開国際シンポジウム, 2013年, 京都.

原清敬「出芽酵母を用いたグルタチオンの生産」平成25年度開発型企業連携研究会(2013)

丸山史人、“我々の生活における環境微生物学入門” 千葉大、2年生講義、千葉大学園芸学部, 2014. 1. 10、千葉

春田伸、微生物エコシステムの形成と多様性維持の機構、京都セミナー「非線形現象の数理を考える」、2014. 1、京都

永井宏樹、久堀智子、Xuan Bui Thanh、小池雅文、桧垣沙緒里、相沢慎一 “ヒト病原菌レジオネラの病原因子輸送装置” 分子遺伝学シンポジウム2014 新しい生命像を導いた大腸菌遺伝学の系譜、2014年3月1日、京都大学北部総合教育研究棟・益川ホール(京都)

華岡光正. 色素体分化と概日時計機構を支える核と葉緑体間のシグナル伝達. 第16回植物オルガネラワークショップ. 2014年3月17日 富山大学五福キャンパス（富山市・富山県）

中村 崇裕, 八木祐介. PPR motif: オルガネラ研究から RNA/DNA 操作ツールの開発へ. 第 55 回日本植物生理学会年会 2014 年 3 月 19 日 富山大学五福キャンパス (富山市・富山県)

鳥山欽哉・風間智彦、イネ細胞質雄性不稔性／稔性回復に見られるミトコンドリア RNA のプロセッシング 第 55 回日本植物生理学会シンポジウム、富山、2014 年 3 月 19 日 (招待講演)

久堀 智子, 永井 宏樹, “Structural analysis of a type IV secretion system core complex essential for bacterial virulence” 第 87 回日本細菌学会総会, 2014 年 3 月 26 日 (26-28)、タワーホール船堀 (東京)

丸山史人 “口腔病原細菌ゲノム情報から紐解く恒常性破綻機構解析” 第 87 回 日本細菌学会総会. 2014. 3. 26-28. 東京.

中鉢淳、昆虫ゲノム上の細菌由来水平転移遺伝子群. 第87回日本細菌学会総会、2014. 3. 26、東京
大林翼・二橋亮・鎌形洋一・深津武馬・菊池義智、ホソヘリカメムシ共生器官特異的に発現するシステインリッチタンパク質の発見、第 5 8 回日本応用動物昆虫学会大会、2014. 3. 26-28、高知

竹下和貴・二河成男・柴田朋子・前田太郎・西山智明・長谷部光泰・深津武馬・重信秀治・菊池義智、ホソヘリカメムシ - Burkholderia 共生系における共生因子の探索、第 5 8 回日本応用動物昆虫学会大会、2014. 3. 26-28、高知

西郁美・仲山賢一・鎌形洋一・菊池義智、ホソヘリカメムシ - Burkholderia 共生系の成立における糖鎖の役割、第 5 8 回日本応用動物昆虫学会大会、2014. 3. 26-28、高知

見市文香, 宮本智文, Ghulam Jeelani, 原博満, 野崎智義, 吉田裕樹 赤痢アメーバ “マイトソーム” が産生するコレステロール硫酸の機能解析 第 83 回日本寄生虫学会大会、日本、松山、Mar 28-29, 2014

平成 26 年度

丸山史人 “多次元的解析により見えてつある A 群レンサ球菌の新常識” 平成 26 年度第 1 回環境研セミナー、神戸市環境保険研究所. 2014. 4. 16. 兵庫.

丸山史人、“微生物相互作用解析を通じたヒトの疾患および健康とのつながりに関する研究とその展望” ライオン大学院講演会、2014. 5. 7. 株式会社ライオン平井研究所、東京

菊池義智、ホソヘリカメムシにみる進化的イノベーションとしての内部共生、第22回九州昆虫セミナー、2014. 5. 12、佐賀

丸山史人、“細菌ゲノム・細菌叢解析より紐解く慢性感染症の実態と新展開” 2014. 5. 23. カルピス株式会社、神奈川

中村 崇裕. ゲノム編集の新しい DNA/RNA 結合モジュール、PPR モチーフ. ゲノム編集ワークショップ「ゲノム編集の現状と可能性」 2014 年 5 月 23 日 九州大学 (福岡市・福岡県)

荒瀬 尚, 病原体とペア型レセプター, 第 31 回日本産婦人科感染症研究会 学術集会, 2014/06/08, 神戸国際会議場 (兵庫)

津久井久美子、丸茂このみ、中野由美子、野崎智義 (2014) 寄生性原虫赤痢アメーバにユニークなりソソーム酵素輸送受容体群. Unique lysosomal targeting receptors in enteric protozoan parasite Entamoeba histolytica. 第 66 回日本細胞生物学会大会. シンポジウム「比べてみよう：細胞ダイナミクスの共通性と独自性」 2014 年 6 月 11 日-13 日. 奈良.

中村 崇裕. ゲノム編集と新しい DNA/RNA 結合モジュール、PPR モチーフ. 第 32 回 日本動物細胞工学会 シンポジウム 「日本のバイオ医薬品開発を支える先端技術」 2014 年 6 月 20 日 キャンパス・イノベーションセンター (港区・東京都)

中村 崇裕. ゲノム編集と新しい DNA/RNA 結合モジュール、PPR モチーフ. 第 51 回 化学関連支部合同九州大会 2014 年 6 月 28 日 北九州国際会議場 (北九州市・福岡県)

シンポジウム：永宗喜三郎 “新たな抗トキソプラズマ薬開発へ向けて：始めの一步” 第54回日本先天異常学会学術集会 2014年7月、神奈川県相模原市

山本雅裕 「トキソプラズマ原虫と宿主の免疫学的攻防」平成26年度 遺伝子病制御研究所研究集会（北海道大学遺伝子病制御研究所、北海道、平成26年7月3日-4日）

丸山史人 “Genome information clarifies the backstage of polymicrobial infection” 感染症特別講演会 共催：北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター、日本細菌学会北海道支部. 2014.7.25. 北海道.

山本雅裕 「トキソプラズマ原虫の免疫寄生虫学」 第16回免疫サマースクール2014 in 小豆島（リゾートホテルオリビアン小豆島、香川、平成26年7月28日-31日）

守屋繁春、バイオマスとシロアリ共生原生生物 日本動物学会大会、2014.8、仙台

案浦 健, 荒木 球沙, Franke-Fayard BM, Janse CJ, 浅井史敏, Khan SM, Heussler VT, 嘉糠 洋陸肝内型マラリア原虫と宿主の“闘ぎ合い”分子メカニズム（招待）、第8回細菌学若手コロッセウム2014年8月6日-8月8日 ホテルニセコ いこいの村

中村 崇裕. ゲノム編集と植物育種における現状. 九州農業研究発表会 2014年9月4日 九州大学（福岡市・福岡県）

徳田岳・菊地淳、昆虫消化系におけるセルロース代謝メカニズム. 第66回日本生物工学会大会（シンポジウム）、2014.9.9-11、札幌

今井 謙. Mitochondrial quality control by the gene products of early-onset Parkinson's disease. 第37回日本神経科学大会 2014年9月11-13日 パシフィコ横浜（横浜市・神奈川県）

*稲垣祐司, 西村祐貴, 神川龍馬, 谷藤吾朗, 中山卓郎, 橋本哲男. 大規模配列データで解明される新奇真核微生物系統とそのオルガネラゲノム. 日本植物学会第78回大会 2014年9月12-14日 明治大学生田キャンパス（川崎・神奈川県）

*稲垣祐司. 新たな細胞内共生体獲得に伴うゲノムの進化. 日本遺伝学会第86回大会 2014年9月17-19日 長浜バイオ大学（長浜市・滋賀県）

菊池義智、ホソヘリカメムシにみる昆虫腸内共生の遺伝的基盤、第11回昆虫病理研究会シンポジウム、2014.9.18、富士

中村 崇裕. ゲノム編集の概念と技術の現状. 平成26年度日本水産学会秋季大会 ミニシンポジウム 水産物におけるゲノム編集の現状と展望 2014年9月19日 九州大学（福岡市・福岡県）

今井 賢一郎, 深沢嘉紀, 富井 健太郎, Paul Horton. Improved prediction of mitochondrial presequence for detecting undiscovered mitochondrial proteins. 第52回日本生物物理学会年会 2014年9月25日 札幌コンベンションセンター（札幌市・北海道）

山本雅裕、大嶋淳、Lee Youngae、笹井美和 「インターフェロン- γ 誘導性GTPaseによるトキソプラズマ原虫殺傷機構について」第87回日本生化学会大会 シンポジウム（京都国際会議場、京都、平成26年10月15日）

西郁美・仲山賢一・鎌形洋一・菊池義智、ホソヘリカメムシ腸内に発達する糖タンパク質とBurkholderia定着の関係、環境微生物系学会合同大会2014、2014.10.21-24、浜松

*稲垣祐司. 珪藻細胞内の非光合成性シアノバクテリア共生体の起源と進化. 環境微生物系学会合同大会2014 サテライト研究集会『植物を住处とする微生物の生態』 2014年10月25日 クランパレス浜松（浜松市・静岡県）

新垣陽子、豊岡博子、野崎久義 “緑藻ボルボックス目“シアワセモ”で探る多細胞化の初期過程” 「若手の会シンポジウム～真核生物のスーパーグループを渡り歩く～」第47回日本原生生物学会大会、2014.10.31～11.2、仙台

学校教員向けシンポジウム：永宗喜三郎 “寄生、共生、マトリョーシカ ～細胞共生と進化～” 第47回日本原生生物学会大会 2014年11月、仙台

ワークショップ：松原立真、小嶋美紀子、榊原均、永宗喜三郎 “マラリア原虫が産生する植物ホルモンと脳マラリア重症化：マウスマラリア原虫をモデルとした研究例” 第37回日本分子生物学会 2014年11月、横浜

中村 崇裕. PPRタンパク質を用いたゲノム編集技術開発. 植物ゲノム編集ワークショップ 2014年11月4日 倉敷市芸文館アイシアター (倉敷市・岡山県)

荒瀬 尚, ペア型レセプターを介した宿主病原体相互作用, 千葉大学感染症グローバルネットワークフォーラム 2014, 2014/11/05, 千葉大学医学部記念講堂 (千葉)

風間智彦・鳥山欽哉、ミトコンドリアゲノムタイプと核遺伝子の組み合わせによって決まるイネの花粉発達 国立遺伝学研究所オルガネラゲノム研究集会、三島、2014年11月7日 (招待講演)

野崎久義、“ボルボックスの仲間を用いて探るメスとオスの進化” 自然史学会連合講演会「第一線の研究者が語る進化の謎」、2014. 11. 23、茨城

津久井久美子、丸茂このみ、富井健太郎、野崎智義、Ligand heterogeneity of the cysteine protease binding protein family in the parasitic protist *Entamoeba histolytica* 腸管寄生性原虫赤痢アメーバにおけるリソソーム酵素輸送受容体分子ファミリー(CPBF)のリガンド多様性とドメイン構造の解析 第37回日本分子生物学会年会 2014年11月25～27日、神奈川県横浜市 ポスター発表

今井 賢一郎, 深沢嘉紀, 富井 健太郎, Paul Horton. Human mitochondrial proteome analysis by novel mitochondrial targeting signal prediction. 第37回日本分子生物学会年会 2014年11月26日 パシフィコ横浜 (横浜市・神奈川県)

今井 賢一郎, 深沢嘉紀, 富井 健太郎, Paul Horton. 新規ミトコンドリア局在化シグナル予測手法を用いたヒトのミトコンドリアプロテオーム解析. 第14回日本ミトコンドリア学会年会 2014年12月4日九大医学部百年講堂 (福岡市 福岡県)

荒瀬 尚, ペア型レセプターPILRによる糖鎖認識を介した免疫制御機構, 第12回糖鎖学コンソーシアムシンポジウム, 2014/12/04, 東京医科歯科大学鈴木章夫記念講堂 (東京)

中鉢淳、昆虫と融合するオルガネラ様共生細菌たち. 第162回日本昆虫学会・第99回日本応用動物昆虫学会合同東海支部会、2014. 12. 6、静岡

今村壮輔. 藻類バイオ燃料生産に向けた分子生物学的アプローチ, 化学工学会 2014年度開発型企業の会, 2014年12月12日, 東京工業大学

今村壮輔. 単細胞紅藻 *Cyanidioschyzon merolae* における窒素同化系とその制御, 微細藻類研究会 2014, 2014年12月22日, 岡崎

原清敬「合成生物学による光駆動ミトコンドリアの創製」第66回日本細胞生物学会大会 (2014)

*石井健一郎, 神川龍馬, 宮下英明. 海産珪藻類が形成する休眠期細胞の分類. 第14回日本分類学会連合 総会・公開シンポジウム 2015年1月10-11日 国立科学博物館上野本館 (台東区・東京都)

永井宏樹、レジオネラ病原性の分子基盤、平成26年度第24回学会賞受賞者特別講演会、2015年1月29日、北里大学 (東京)

石川香. ミトコンドリア・ワールド～Parasite EVEの真実～. 関東プロテオーム倶楽部－微生物進化2015－、2015/2/27. つくば (招待講演)

丸山 史人 “完全ゲノム配列決定経験者がPacBio RS IIを使って思うところ” 第9回日本ゲノム微生物学会 2015. 3. 7. 兵庫.

野崎久義、 “緑藻ボルボックスの仲間から探る雌雄性の進化” 第84回日本寄生虫学会大会サテライトシンポジウム「第28回分子生物学・生理生化学研究会」、 2015. 3. 20、東京

丸山史人 “自然生態から病原細菌を捉えてわかる展望” 京都大学野生動物研究センター異分野ゼミ. 2015. 3. 24. 京都.

丸山史人 “A 群レンサ球菌の宿主細胞内適応機構” 第 88 回 日本細菌学会総会 2015. 3. 26. 岐阜.

永井 宏樹、久堀 智子、Xuan Thanh Bui, 相沢慎一、今田 勝巳, レジオネラ病原性に必須な IV 型分泌装置の構造生物学, 第 88 回日本細菌学会総会ワークショップ, 2015 年 3 月 26 (26-28) 日、長良川国際会議場 (岐阜)

山口博之. 原始的なクラミジアとアcantアメーバとの共生様式から学ぶ. 第 88 回日本細菌学会総会, 2015 年 3 月 26 (26-28) 日、長良川国際会議場 (岐阜)

本郷裕一、ゲノムから解き明かすシロアリ腸内複合共生系」日本農芸化学会2015. 度大会、2015. 3. 29、岡山

平成 27 年度

今井讓. Neurodegenerative mechanism of Parkinson’s disease-associated kinase LRRK2. 第 56 回日本神経学会学術大会 2015 年 5 月 22 日 朱鷺メッセ (新潟市・新潟県)

山本雄広 「アルギニンメチル化を介したがん細胞のエネルギー代謝制御機構」東北大学医学部酸素医学コアセンター特別セミナー、2015 年 5 月 28 日、東北大学医学部、仙台市 (招待講演)

丸山史人 “CRISPR から病原細菌の進化を捉える” 国立感染症研究所学友会セミナー. 2015. 6. 5. 東京.

山本雄広、高野直治、石渡恭子、伊藤真衣、末松 誠「メチオニン代謝に起因するがん細胞の解糖系の制御機構」第 3 回がんと代謝研究会、2015 年 7 月 16-17 日、金沢市 (招待講演)

大熊盛也、シロアリ共生微生物群集の代謝機能と共生機構 日本農芸化学会蕨田セミナー、静岡大学大学院工学研究科化学バイオ工学専攻キックオフシンポジウム「生物間コミュニケーション研究の最前線」、2015. 8、浜松

中村 崇裕. PPR タンパク質を利用した DNA/RNA 操作技術の開発. 第 5 回合成生物学シンポジウム 2015 年 8 月 5 日 神戸大学統合研究拠点コンベンションホール (神戸市・兵庫県)

* 皿井千裕, 谷藤吾朗, 中山卓郎, 神川龍馬, 高橋和也, 石田健一郎, 岩滝光儀, 稲垣祐司. スクレオモルフをもつ 2 種の未記載渦鞭毛藻: 「真核-真核型」細胞内共生を介した葉緑体成立過程を解き明かす新たなモデルとして. 日本進化学会第 17 回大会 2015 年 8 月 20-23 日 中央大学後楽園キャンパス (文京区・東京都)

中鉢淳、動物界のオルガネラ進化. 日本進化学会第17回大会ワークショップ「Endosymbiosis and organellogenesis」、2015. 8. 21、東京

山本雅裕 「S3 宿主免疫系によるトキソプラズマ原虫の排除機構とその破綻の分子機構」第 27 回 日本比較免疫学会学術集会 シンポジウム (小浜市働く婦人の家、福井、2015 年 8 月 23 日)

中村 崇裕. PPR モチーフを利用したカスタム DNA/RNA 結合タンパク質の設計とゲノム編集での利用. 第 6 回 Molecular Cardiovascular Conference II 2015 年 9 月 4 日 ヒルトン福岡シーホーク (福岡市・福岡県)

山本雅裕 「CS2-3 トキソプラズマ病原性因子による免疫ハイジャック機構」第 158 回日本獣医学会学術集会シンポジウム (北里大学獣医学部、青森、2015 年 9 月 7 日)

丸山史人, 中川一路 “非遺伝子領域 CRISPR を用いた高解像度タイピング法の現状と展望” 第 158 回日本獣医学会. 2015. 9. 8. 青森.

阪口雅郎. 小胞体トランスロコンによる新生鎖のハンドリング. 第 53 回日本生物物理学会年会 2015 年 9 月 13-15 日 金沢大学 (金沢市・石川県)

平井誠・池田恵美・橋真一郎・美田敏宏『高頻度突然変異マラリア原虫を活用した薬剤耐性機構解明への挑戦』

第 75 回日本寄生虫学会東日本支部大会 (2015 年 9 月 26 日。於：東京・LEN 貸会議室 御茶ノ水ニコライ堂前),

*小保方潤一. 生物間の多様性と柔らかなゲノム. 第 13 回積水化学自然に学ぶものづくりフォーラム 2015 年 10 月 14 日 イイノホール・カンファレンスセンター (千代田区・東京都)

高野博嘉. コケ植物の葉緑体を取り囲む藍藻由来の細胞壁構成要素ペプチドグリカン. 第 30 回日本微生物生態学会 2015 年 10 月 17-20 日 土浦市亀城プラザ (土浦市・茨城県)

丸山史人 “ファージと獲得免疫システム CRISPR の割り切れない関係とその生態学的意義” 第 30 回微生物生態学会. 2015. 10. 20. 茨城.

丸山史人 “微生物生態学的アプローチから紐解く「病原」細菌ゲノムの適応戦略”. 第 6 回愛媛微生物学ネットワークフォーラム. 2015. 10. 24. 愛媛.

春田伸、環境で生きる細菌たち—Two heads are better than one?—、光合成若手&植物脂質若手ジョイントセミナー2015「階層領域越境突破～転写制御から生態系まで～」、2015. 10、東京

案浦 健, 荒木 球沙, Franke-Fayard BM, Janse CJ, 浅井 史敏, 川合 覚, Khan SM, Heussler VT, 野崎 智義、細胞内・寄生原虫による“宿主ハイジャック生物学”の解明 (招待)、第 9 回細菌学若手コロッセウム、2015 年 11 月 23 日-11 月 25 日 KKR ホテル敬天閣

案浦 健, 荒木 球沙, Franke-Fayard BM, Janse CJ, 浅井 史敏, Khan SM, Heussler VT, 野崎 智義、肝内型マラリア原虫-宿主間“闘ぎ合い”分子メカニズムの解明 (提案採択型ワークショップ)、BMB2015 (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 11 月 30 日-12 月 4 日 神戸ポートピアホテル、他

ワークショップ: 永宗喜三郎、山野安規徳、福本隼平、喜屋武向子、正谷達膳、松尾智英、松井利博、村上麻美、高島康弘、佐倉孝哉、松原立真 “日本におけるトキソプラズマの分子系統と病原性” 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、神戸

徳田岳、食材性昆虫と微生物との栄養共生。BMB2015 (第38回日本分子生物学会. 会・第88回日本生化学会大会合同大会)、2015. 12. 1-4 神戸

深沢嘉紀、小田 俊之、富井 健太郎、今井 賢一郎. 真核生物におけるミトコンドリアタンパク質輸送機構の動的な進化. BMB2015 2015 年 12 月 1-4 日 神戸ポートピアアイランド (神戸市・兵庫県)

中井正人. Chloroplast Protein Import System. BMB2015 日本生化学会・日本分子生物学会 合同大会 2015 年 12 月 2 日 ポートピアホテル (神戸市・兵庫県)

石川香、橋爪脩、清水章文、三藤崇行、中田和人、林純一. マウスミトコンドリア DNA の突然変異がコントロールする表現型～核外ゲノムの変異によるインパクト～. 第 28 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)、2015/12/3. 神戸 (招待講演)

山本雅裕「インターフェロン γ 誘導性 GTPase によるトキソプラズマ寄生胞の破壊制御機構」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 3W26 (神戸商工会議所、兵庫、2015 年 12 月 3 日)

西川 義文: 脳を操る細胞内寄生体: トキソプラズマ. 分子生物学・生化学合同大会 BMB2015 BMB2015 ワークショップ: 4W10 「感染を制御せよ! 微生物と宿主の“覇権争い”生物学」, 2015 年 12 月 4 日, 神戸ポートピアホテル: 南館地下 1 階 トパーズ (第 10 会場)

鳥山欽哉、イネの花粉発育不全に見られるミトコンドリアと宿主のせめぎあい、第 38 回日本分子生物学会年会ワークショップ (神戸、2015 年 12 月 4 日) (招待講演)

石田健一郎、鈴木重勝、平川泰久 二次共生による葉緑体獲得に伴う細胞進化. ワークショップ「寄生、共生が駆動する多様な生物進化」BMB2015 2015 年 12 月 4 日 (神戸ポートピアアイランド・兵庫)

大熊盛也、シロアリ腸内の原生生物の細胞内で効率的に働く共生細菌 (Endosymbioses and efficient metabolic interactions with termite-gut cellulolytic protists) 第38回日本分子生物学会 第88回日本生化学会大会 合同大会 ワークショップ「はたらく細胞内共生体」、2015.12、神戸

中村 崇裕、PPR タンパク質を利用した次世代型ゲノム編集技術. 第8回DNA鑑定学会大会 2015年12月9日 発明会館 (港区・東京都)

大熊盛也、日本進化学会第17回大会ワークショップ”Endosymbiosis and Organellogenesis” シロアリ腸内の原生生物細胞内の細菌の共生と進化大熊盛也 2015.12. 東京

原清敬「共生細胞工学による有用物質生産」BMB2015 (日本生化学会) (2015)

山本雄広「メチオニン代謝に起因するがん細胞の糖代謝制御機構」第32回臨床フリーラジカル会議、2016年1月29日、京都・烟河、京都府亀岡市 (招待講演)

丸山史人 “環境コレラ菌 (*Vibrio cholerae*) ゲノム多様性とゲノム疫学” 京都府立大学生命環境科学研究科 マケレレ大学獣医畜産防疫学部交流協定締結記念、ウガンダセミナー. 2016.1.31. 京都.

丸山史人、“微生物群集に「たおやかさ」をもたらすダークマター” 長崎大 第88回 先端新興感染症病態制御学特論、2016.2.12、長崎.

丸山史人 “最も複雑な土壌の微生物集団と恒常性の維持” 岡山大学資源植物科学研究所拠点共同研究ワークショップ「微小生態系の構成原理~Wet/Dry 双方からのアプローチによる理解と制御の試み」 2016.2.15. 岡山.

野崎久義、“愛するだけであればメスとオスはいらない” 東京都立大学/首都大学東京・八畳会平成28. 新. 会特別講演会、2016.2.27、東京

ワークショップ：高島康弘、川原史也、永宗喜三郎、戸田なつき、鬼頭克也 “実験感染ニワトリにおける抗トキソプラズマ抗体の産生状況” 第85回日本寄生虫学会大会 2016年3月、宮崎

ワークショップ：喜屋武向子、高良武俊、岡野祥、永宗喜三郎 “沖縄県におけるトキソプラズマ感染実態調査と感染要因の推定” 第85回日本寄生虫学会大会 2016年3月、宮崎

国際シンポジウム：永宗喜三郎 “Plant hormones and apicomplexan parasites” 第89回日本細菌学会総会 2016年3月、大阪

永井 宏樹、偶然による病原菌 レジオネラ、共生・寄生生物学シンポジウム、2016年3月5日、筑波大学

中鉢淳、農業害虫から見つかったオルガネラ様防衛共生体. 第10回日本ゲノム微生物学会. 会シンポジウム「微生物の新規機能を探る」、2016.3.5、東京

荒瀬 尚、ペア型レセプターを介した宿主病原体相互作用, 東京大学医科学研究所-千葉大学真菌医学研究センター 共同利用・共同研究拠点事業 平成27年度 成果報告会 特別講演, 2016/03/15, 東京大学医科学研究所 (東京)

見市 文香、野澤 彰、吉田 裕樹、戸澤 譲、野崎 智義、赤痢アメーバ “マイトソーム” の PAPS 輸送体の同定、第85回日本寄生虫学会大会、宮崎、March 19-20, 2016.

本郷裕一、ゲノムから読み解くシロアリ腸内難培養微生物群集の多重共生機構」第89回日本細菌学会総会、2016.3.24、岡山

菊池義智、Evolutionary innovation through symbiotic association with microorganisms、日本昆虫学会第76回大会・第60回日本応用動物昆虫学会大会合同大会、2016.3.27、大阪

平成28年度

山本雅裕「インターフェロニンによる細胞内寄生性病原体の排除機構」第81回日本インターフェロニン・サイトカイン学会学術集会 (長崎大学、長崎、2016年5月13日-14日)

丸山史人、 “複合感染症に見られるゲノム・メタゲノムレベルでの共創機構” 兵庫医科大学 平成28年度特別講義 第1回、2016. 5. 17、兵庫.

福田真嗣、腸内環境の制御による新たな健康維持基盤技術の創出 第16回日本抗加齢医学会総会ランチョンセミナー、2016. 6. 10-12、神奈川

平井 誠、マラリア原虫の受精と薬剤耐性：マラリア制圧のための作用点、第 1073 回生物科学セミナー 2016 年 06 月 15 日 (Wed) 16:50-18:35 理学部 2 号館 講堂

福田真嗣、腸内環境の制御による疾患予防・治療基盤技術の創出 第59回日本腎臓学会学術総会、2016. 6. 17-19、神奈川

福田真嗣、腸内環境を標的とした新たな疾患予防・治療戦略 第68回日本ビタミン学会、2016. 6. 17-18、富山

福田真嗣、もう一つの臓器、腸内細菌叢の機能に迫る 第34回日本肥満症治療学会学術集会、2016. 7. 1-2、東京

福田真嗣、腸内環境を標的とした新たな疾患予防・治療戦略 フォーサム2016、2016. 7. 1-3、東京

福田真嗣、メタボロゲノミクスによる腸内細菌叢の機能理解とその制御 第43回BMSコンファレンス、2016. 7. 4-6、静岡

福田真嗣、腸内細菌叢由来代謝物質がもたらす生体恒常性維持機構 第27回日本生体防御学会学術総会、2016. 7. 7-9、福岡

本郷裕一、「シロアリと絶対共生する腸内微生物群集の進化と機能」第27回日本生体防御学会総会、2016. 7. 8、福岡

中鉢淳、キジラミから見つかったオルガネラ様共生細菌の産生する新規毒性ポリケチド. 第63回トキシシンポジウム、2016. 7. 16、山形

丸山史人 “ビブリオプロジェクトー地球規模での水の衛生微生物学的安全性を保証する” 第二回 LaMer 共同利用研究集会「遺伝子汚染の新しい視点：環境中の抗菌剤耐性菌・耐性遺伝子の動態解明とそのリスク評価へむけて」 2016. 7. 27. 愛媛.

*矢崎裕規, 白鳥峻志, 久米慶太郎, 橋本哲男, 石田健一郎, 稲垣祐司. 真核生物進化の空白を埋める！分子系統解析が解き明かすプロティストの系統関係. 日本進化学会第 18 回大会 2016 年 8 月 25-28 日 東京工業大学大岡山キャンパス (目黒区・東京都)

*中山卓郎, 神川龍馬, 谷藤吾朗, 稲垣祐司. 窒素固定ははじめました - Rhopalodia 科珪藻に見る細胞内共生進化. 日本進化学会第 18 回大会 2016 年 8 月 25-28 日 東京工業大学大岡山キャンパス (目黒区・東京都)

*神川龍馬. インビジブル：色を捨てた“藻類”たち. 日本進化学会第 18 回大会 2016 年 8 月 25-28 日 東京工業大学大岡山キャンパス (目黒区・東京都)

石田健一郎、塚越智夏、中村篤史、野村真未、萩野恭子、中山卓郎 一次共生、二次共生に伴う藻類の細胞進化. シンポジウム「植物の進化」日本進化学会第 18 回東京大会 2016 年 8 月 26 日 (東京工業大学大岡山キャンパス・東京)

福田真嗣、茶色い宝石が切り拓く病気ゼロの社会 第109回発酵学懇話会、2016. 8. 26、大阪
大林翼、菊池義智、カメムシとBurkholderia細菌を結ぶ共生戦略とは？、日本進化学会第18回東京大会、2016. 8. 26、東京

福田真嗣、腸内環境の制御による疾患予防・治療基盤技術の創出 第33回糖尿病Up・Date賢島セミナー、2016. 8. 27-28、三重

寄生虫分科会シンポジウム：永宗喜三郎 “アピコンプレクサと植物ホルモン” 第 159 回日本獣医学会学

術集会、2016年9月、神奈川県藤沢市

猪原史成、西村麻紀、室井善景、Mahmoud Motamed、横山直明、永宗喜三郎、西川義文：トキソプラズマ感染によるマウスの恐怖記憶固定の障害は脳皮質および扁桃核における機能異常が引き起こす。第159回日本獣医学会学術集会、寄生虫分科会若手ゼミナール、2016年9月6日、日本大学・湘南キャンパス

永井 宏樹、レジオネラ、アメーバ、そしてヒト、第159回日本獣医学会学術集会、2016年9月6日、日本大学藤沢キャンパス

野崎久義、“ボルボックスの仲間を用いた多細胞化と雌雄性の進化”第4回細胞凝集研究会、2016.9.9、札幌

新垣陽子・宮城島進也・豊岡博子・野崎久義、“ゲノム情報を用いた緑藻ボルボックス系列における多細胞化初期段階の比較解析”シンポジウム「Sex in water and on land～ゲノム解析から見えてきた性の多様性と共通性～」、日本植物学会第80回大会、2016.9.16～18、沖縄

山本荷葉子・森稔幸・浜地貴志・豊岡博子・野崎久義、“ボルボックス雌雄異体・同体種の進化の分子遺伝学的基盤の解明をめざして”シンポジウム「Sex in water and on land～ゲノム解析から見えてきた性の多様性と共通性～」、日本植物学会第80回大会、2016.9.16～18、沖縄

川船かおる、桑原宏和、坂本智昭、倉田哲也、廣岡俊亮、宮城島進也。野崎久義、本郷裕一 “緑藻共生リケッチアのゲノムから植物細胞内への共生メカニズムを探る”シンポジウム「次世代シーケンシング×藻類学=次世代藻類学」、日本植物学会第80回大会、2016.9.16～18、沖縄

福田真嗣、腸内環境の制御による新たな疾患予防・治療基盤技術の創出 第89回日本生化学会、2016.9.25-27、宮城

福田真嗣、プロバイオティクスの可能性 第18回ダノン健康栄養フォーラム、2016.10.8、東京

福田真嗣、腸内細菌叢由来代謝物質による生体恒常性維持機構 第10回メタボロームシンポジウム、2016.10.19-21、山形

福田真嗣、茶色い宝石から紐解く腸内微生物生態系の真実 日本微生物生態学会第31回大会、2016.10.22-25、神奈川

丸山史人 “医科微生物生態学の創成に関する研究-そして次に何を指すのか-” 日本微生物生態学会、2016.10.23. 神奈川。

菊池義智、カメムシ類の腸内共生細菌に関する研究～垂直伝播を伴わない昆虫内部共生系の発見、そしてその発展～、日本微生物生態学会第31回大会、2016.10.24、横須賀

永井 宏樹、レジオネラの分泌装置とエフェクターから紐解く感染細胞内での卓越した宿主細胞支配機構、第31回日本微生物生態学会大会、2016年10月25日、横須賀市

*神川龍馬、Lumière et obscurité ～光合成能の喪失がもたらす真核生物進化～ 水圏微生物のエネルギー利用戦略とその相互作用に関する研究会 2016年11月3-4日 国立遺伝学研究所（三島市・静岡県）

野崎久義、“ユーグレナの過去と未来”ユーグレナ研究会第32回研究集会、2016.11.5、東京大学農学部、東京

福田真嗣、腸内細菌叢由来代謝物質がもたらす生体修飾機構 日本食品免疫学会第12回学術大会、2016.11.9-10、東京

中鉢淳、アブラムシ・ブフネラ間共生の理解を目指して。日本動物学会第87回沖縄大会シンポジウム「新興モデル昆虫『アブラムシ』研究の最前線」、2016.11.17、沖縄

福田真嗣、もう1つの臓器、腸内細菌叢の機能に迫る 第29回日本総合病院精神医学会学術総会、2016.11.25-26、東京

平井誠・池田恵美・橘真一郎・美田敏宏 『高頻度突然変異マラリア原虫を用いた薬剤耐性機構解明への挑戦』

シンポジウム「生殖系列変異から捉える生物進化」第39回日本分子生物学会年会（2016年11月30日。於：パシフィコ横浜）

福田真嗣、腸内環境制御が切り拓く疾患予防・治療の新地平 第39回日本分子生物学会、2016.11.30-12.2、神奈川

福田真嗣、もう1つの臓器、腸内細菌叢の機能に迫る 第61回日本新生児生育医学会学術集会、2016.12.1-3、大阪

福田真嗣、腸内環境の制御による新たな疾患予防・治療戦略 第8回泌尿器抗加齢医学研究会、2016.12.11、大阪

福田真嗣、腸内環境の制御による新たな疾患予防・治療戦略 第20回日本病態栄養学会、2017.1.13-15、京都

福田真嗣、腸内環境の制御による新たな疾患予防・治療戦略 第12回トランスレーショナルリサーチワークショップ、2017.1.17、東京

今村壮輔. 藻類油脂合成のチェックポイントキナーゼ TOR, 公開シンポジウム、光合成科学：エネルギーとバイオマス、2017年1月28日、東京工業大学（東京）

福田真嗣、もう1つの臓器、腸内細菌叢の機能に迫る 第84回日本心身医学会東北地方大会、2017.2.11、宮城

福田真嗣、茶色い宝石が切り拓く病気ゼロの社会 第19回日本神経消化器病学会公開市民講座、2017.2.11、宮城

本郷裕一、「1細胞ゲノムとメタゲノムから読み解くシロアリ腸内多重共生系」平成28.度EIRISプロジェクト研究成果報告会ーバイオ情報技術の社会応用ー、2017.3.10、愛知

福田真嗣、健康長寿社会の実現に向けた腸内微生物生態系の制御 第64回日本生態学会、2017.3.14-18、東京

*松尾充啓, 瀧端篤, 水口洋平, 野口英樹, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 鈴木穰, 佐藤壮一郎, 中山卓郎, 神川龍馬, 野村真未, 稲垣祐司, 石田健一郎, 小保方潤一. 真核光合成生物はどのように生まれたか?ー光合成有殻アメーバのゲノム解析から見えてきた一次細胞内共生進化の初期プロセス. 第19回植物オルガネラワークショップ 2017年3月15日 鹿児島大学郡元キャンパス（鹿児島市・鹿児島県）

*神川龍馬. 光合成喪失に伴う葉緑体ゲノム進化. 第90回日本細菌学会総会 2017年3月19-21日 仙台国際センター（仙台市・宮城県）

見市文香. Unique role of *Entamoeba* mitosomes: contributing for adaptation to parasitic lifestyle. 第90回日本細菌学会総会 2017年3月19-22日 仙台国際センター（仙台市・宮城県）

*稲垣祐司. 窒素固定珪藻と緑色渦鞭毛藻：一次共生と二次共生を解き明かす新しいモデルとして. 蛋白研セミナー“真核細胞のオルガネラ研究最前線” 2017年3月21-22日 大阪大学蛋白質研究所（吹田市・大阪府）

松崎 素道. なぜ共生由来オルガネラはDNAを維持するのかー貝類寄生虫に見る最後の抵抗. 第90回日本細菌学会総会 2017年3月21日（仙台）

野崎智義. 嫌気環境下でのミトコンドリア進化：硫酸活性化経路のミトコンドリアへの隔離はどうして起こったのか? 蛋白研セミナー“真核細胞のオルガネラ研究最前線” 2017年3月21日～3月22日、大阪大学蛋白質研究所、吹田市、大阪府

今村壮輔. 細胞質とオルガネラのリボソーム RNA 合成の協調機構, 大阪大学蛋白質研究所セミナー:真核細胞のオルガネラ研究最前線, 2017年3月22日, 大阪大学（大阪）

(6) アウトリーチ

総括班、計画班、公募班をあわせて、サイエンスカフェ 28 件、一般向け講演 17 件、その他のイベント 34 件を開催し、一般への研究活動内容の周知および当領域関連分野への新たな学生の参入を促進した。また、領域の

研究成果をわかりやすくまとめた一般向け書籍の発刊準備を行っている。

当領域で行った主なアウトリーチ活動の概要は以下の通りである。

1. 本領域の研究を双方向コミュニケーションによって一般にアウトリーチする公式サイエンスカフェ「マトリョーシカカフェ」シリーズを開催した。研究期間中を通じて全 15 回に渡り各地で実施。研究者と参加者の物理的距離を近くした実施形式を重んじ、1 回当たり 15 名前後の小規模型サイエンスカフェとして、のべ参加人数およそ 250 名程度を記録し好評を博している。研究者と一般の方々との間の双方向コミュニケーションを目指したユニークな形式を採用し、サイエンスコミュニケーション分野でも話題になった。領域終了後も継続予定。概要は以下の通り。

「マトリョーシカカフェ」1～19 (H25.3.29-H29.2.18 にかけて、計 19 回、東京・京都・大阪・長崎など) 表題例 (担当者) 「マトリョーシカ生物の物語」 守屋繁春; 「クロレラと生きる動物たち」 洲崎敏伸; 「プレデターvsマトリョーシカ 弱肉強食から共生へ」 早川昌志; 「マトリョーシカ生物のカラクリ工作」 原清敬; 「ばいきんまんの毒針」 永井宏樹; 「赤血球をイボイボするマトリョーシカ生物」 金子修; 「貝の中で暮らすマトリョーシカ」 松崎素道; 「自作スマホ顕微鏡で”微生物”を撮ろう-マトリョーシカ生物の不思議-」 早川昌志; 植物細胞から探る現在進行形のマトリョーシカ型進化 -未来のミドリムシは何色?-」 野崎久義; 「昆虫から学ぶマトリョーシカ型進化 -虫の大繁栄を支える共生微生物の話-」 菊池義智; 「藻類の知られざる多様性-マトリョーシカ型進化が創った生物多様性-」 石田健一郎 (各回ともにファシリテーター: 木原久美子)

2. つくば科学フェスティバル「生物ひろば」, H23. 11. 12-13 及び H24. 11. 17-18, 二次共生により葉緑体を獲得した生物等の展示。来訪者 200 人。ブース”マトリョーシカ型生物ってなに?” を開催。ブースではクイズ形式で参加者に「マトリョーシカ生物」を紹介し。来訪者 300 名以上。二次共生により葉緑体を獲得した生物等の展示

3. サイエンス・カフェ「藻類から探る進化の謎」H24. 9. 2, 喫茶店 lamp (池袋) 主催: 早稲田大学政治学研究科ジャーナリズムコース・サイエンスカフェ実行委員会

4. サイエンスカフェ 「あなたの知らない寄生虫のセカイ～トキソ、マラリア、マトリョーシカ～」 第 63 回バイオ e カフェ H24. 9、つくばを開催。

5. 日本原生動物学会主催の「原生動物フェスティバル」, H24. 11. 23 を共催 (一般公開・参加費無料)。

6. 細胞工学 32 巻「オモロいのは名前だけじゃない! ～マトリョーシカ型進化原理～」(p 226-231, H25) により領域活動の報告。

7. サイエンスカフェ「シロアリはマトリョーシカ! ?」(東工大・大岡山), H25. 2. 27 を開催。

8. H25. 8. 25 「平成 25 年度ひらめき☆ときめきサイエンス」を神戸大学にて実施。

9. H25. 6. 30, H26. 6. 22, H27. 6. 6-7 日本微生物研究会主催の「原生動物フェスティバル 2013」(大阪・奈良・京都) を共催 (一般公開・参加費無料)。

10. プランクトンを見よう. つくば科学フェスティバル「生物ひろば」H25. 11. 9-10 (つくばカピオ・つくば)

11. プランクトンを見よう！身近なマイクロアドベンチャー. つくば科学フェスティバル「生物ひろば」
H26. 11. 8-9 (つくばカピオ・つくば)
12. 藻類ハンターズ！～プランクトンを探してみよう～. つくば科学フェスティバル「生物ひろば」
H27. 10. 31-11. 1 (つくばカピオ・つくば)
13. 石田健一郎 ぱくぱく藻類大進化-水中の植物が多様になたわけ-. 日本科学未来館サイエンス・トーク (みどりの学術賞関連イベント) H28. 6. 4 (日本科学未来館・東京)
14. めざせ！藻類マスター. つくば科学フェスティバル「生物ひろば」 H28. 11. 12-13 (つくばカピオ・つくば)
15. H23-27 年度にマトリョーシカ型生物 (ミドリゾウリムシ・ミドリマヨレラ・ミドリヒドラなど) を神戸大学より全国の分譲希望者 340 名 (延べ) に配布した。

(7) 領域ホームページ <http://www.matryoshka-evolution.jp/> の URL を開設し、情報発信を行っている。

(8) ニュースレター これまで 8 号を刊行した。

(9) その他

若手教育セミナーとしてバイオインフォマティクス講習会を開催した (2012 年 7 月 22 日)。20 名の参加者を迎え、“基本的な unix コマンドの習得”と Open source (無償) を最大限に活用した “次世代シーケンサー解読リードの情報解析” を中心に講習を実施した。

9. 研究費の使用状況

(1) 主要な物品明細

年度	品名	仕様・性能等	数量	単価 (円)	金額 (円)	設置(使用)研究機関
23	高速共焦点レーザー キャン倒立顕微鏡	LMS7LIVE Vario Two GB 488	1	41,979,000	41,979,000	国立感染症研究所
	高圧凍結装置	EM-PACT2	1	19,530,000	19,530,000	長崎大学
	次世代シーケンサー	MS-J-MN02 イルミナ社製 74	1	14,962,500	14,962,500	国立感染症研究所
	共焦点スキャナユニット	横河電機 CSU-X1-M1・固体レーザーコンバイナシステム	1	14,070,000	14,070,000	大阪大学
	電動倒立顕微鏡システム1式	カールツァイス Axio ObserverZ1他	1	6,400,000	6,400,000	東海大学
	レーザーライン	405nm Diode Laser 50mW	1	5,881,386	5,881,386	国立感染症研究所
	高機能プレートリーダー	モレキュラーデバイス Spectra Max M2	1	5,811,750	5,811,750	理化学研究所
	Ion Personal Genome Machineシステム	米国ライフテクノロジー社 PGM-4 OCP	1	4,998,000	4,998,000	東京大学
	レーザーライン 532nm	ZEISS 75mW for LIVE	1	4,368,063	4,368,063	国立感染症研究所
	倒立型リサーチ顕微鏡システム	IX71-SET	1	3,935,400	3,935,400	国立感染症研究所
	真空蒸着装置	真空デバイス VE-2030	1	3,027,675	3,027,675	神戸大学
	正立顕微鏡	独国カールツァイス社 AxioImager M2	1	3,311,700	3,311,700	東京大学
24	EM-CCD カメラセット	ニコン製 DU897E-CS0-#BV	1	4,998,000	4,998,000	大阪大学
	電子増幅デジタルカメラ iXon3	(株)オプトライン DU-897E-CS0-#BV-OPLN	1	3,604,882	3,604,882	長崎大学
25	共焦点スペクトルイメージャー	LSM780 Light Edition	1	26,982,375	26,982,375	国立感染症研究所
26	カールツァイスマイクロイメージング共焦点顕微鏡用レーザー	Diode 405nm, HeNe 633nm	1	4,990,000	4,990,000	国立感染症研究所

(2) 計画研究における支出のうち、旅費、人件費・謝金、その他の主要なもの

平成23年度

・旅費

3/1-10: インド、デリー・カジュラホ、EMBO 主催国際会議/シンポジウムにて野崎ら4名が成果発表。1,135,182円 (B02 班)

・人件費・謝金

X00 班 領域事務補助 (2名): 2,677,251円、B01 班 技術補助員 (2名): 2,950,694円、B03 班 実験補助 (2名): 2,382,900円、C01 班 実験補助 (3名): 1,043,740円、C03 班 アウトリーチ活動補助 (4名): 403,789円

・その他

次世代ゲノム・トランスクリプトーム解析: 4,200,000円 (B03 班)、同 3,150,000円 (B01 班)

平成24年度

・旅費

7/29-8/4: ノルウェー・オスロ、Protist2012 にてワークショップ開催石田ら4名成果発表。1,451,950円 (B01 班)

7/26-8/14: ノルウェー・オスロ、Protist2012 にてワークショップ開催稲垣ら2名成果発表。うち1名が同国スピッツベルゲン島にて検体採取。654,444円 (X00 班)

5/7-17: ギリシャ、2012FEBS/EMBO による MITO2012 にて野崎が成果発表。635,180円 (B02 班)

7/29-8/9: ノルウェー・オスロ、Protist2012 にてワークショップ開催。同国スピッツベルゲン島にて検体採取。565,600円 (B03 班)

・人件費・謝金

X00 班 実験補助及び領域事務補助 (3名): 5,379,804円、A01 班 実験補助 (1名): 4,635,551円、B01 班 ポスドク・実験補助 (4名) 11,057,371円、B02 班 ポスドク (1名): 4,872,568円、B03 班 ポスドク・実験補助 (3名): 6,499,320円、C01 班 (2名) 実験補助: 1,930,065円、C02 班 ポスドク (1名): 5,104,156円、C03 班 ポスドク・実験・アウトリーチ活動補助 (4名): 5,855,743円

・その他

次世代ゲノム・トランスクリプトーム解析: 3,600,975円 (B02 班)、次世代ゲノム解析支援: 4件・計 2,310,000円 (X00 班)、電子顕微鏡修理費: 1,890,000円 (C03 班)、次世代ゲノム解析: 1,680,000円 (C01 班)、次世代ゲノム解析: 577,500円 (B02 班)

平成25年度

・旅費

5/23-31, 9/8-17, 10/16-26, 3/14-24: アマゾン州立大学と共同でブラジル・アマゾン川 (マナウス) にて守屋および研究協力者1名がバイオフィルムの季節変動の調査および検体採取。のべ5回 2,182,583円 (A02 班)

8/17-24: カナダ・ハリファックス、第12回国際細胞共生学会で石田、松崎および研究協力者1名が成果発表。1,190,582円 (B01 班)

7/28-8/5: カナダ・バンクーバー、ICOPXIV で石田、松崎および研究協力者1名が成果発表。820,252円 (B01 班)

メルボルン、第8回レジオネラ国際会議に永井および研究協力者2名が成果発表および情報収集。668,471円 (A01 班)

4/19-5/2: ブラジル・レシフェペルナンブコ大学で成果発表及び共同研究打ち合わせ。633,510円 (B02 班)

9/7-14: 米国・ウッズホール、第24回分子寄生虫学会にて永宗および研究協力者1名が成果発表。585,459円 (C01 班)

・人件費・謝金

X00 班 実験補助及び領域事務補助 (3名): 4,987,354円、A01 班 実験補助 (2名): 7,138,697円、A02 班 実験補助 (1名): 840,383円、B01 班 ポスドク・実験補助 (3名): 12,000,665円、B03 班 ポスドク・実験補助 (4名): 8,298,709円、C01 班 実験補助 (2名): 4,719,245円、C02 班 ポスドク・実験補助 (3名): 7,396,616円、C03 班 ポスドク・実験補助 (3名): 8,627,750円

・その他

次世代ゲノム・トランスクリプトーム解析: 1,795,500円 (B03 班)、高速シーケンス解析: 1,575,000円 (B01 班)、次世代ゲノム解析支援: 2件・計 1,493,625円 (X00 班)、次世代ゲノム解析: 756,000円 (C01 班)

平成26年度

・旅費

8/2-10: カナダ・バンフ、Protist2014 にて松崎および研究協力者1名が成果発表。1,046,936円 (B01 班)

8/6-17: メキシコ・メキシコシティ、第13回国際寄生虫学会にて野崎が招待講演。675,930円 (B02班)
9/16-21: フランス・パリ、パスツール研究所にギレン記念シンポにて成果発表及び研究打合せ。595,054円 (B02班)
6/24-7/2: チェコ・プラハ、CIFAR-IMB に野崎・稲垣2名参加。うち1名はチャールズ大学にて研究打合せ。564,760円 (X00班)
2/15-21: インド・コルカタおよびタイ・バンコク、野崎が嫌気原虫に関する研究合わせ。442,400円 (B02班)

・人件費・謝金

X00班 実験補助及び領域事務補助(4名): 5,340,251円、A01班 ポスドク・実験補助(3名): 8,631,838円、A02班 ポスドク・実験補助(2名): 6,127,579円、B01班 ポスドク・実験補助(4名): 8,233,400円、B02班 実験補助(1名): 352,854円、B03班 ポスドク・実験補助(4名): 9,127,303円、C01班 ポスドク・実験補助(4名): 7,414,138円、C02班 ポスドク・実験補助(3名): 7,141,555円、C03班 ポスドク・実験補助・アウトリーチ活動補助(6名): 7,569,170円

・その他

次世代ゲノム・トランスクリプトーム解析: 1,048,284円 (B03班)、次世代ゲノム解析: 751,680円 (C01班)、次世代ゲノム解析支援: 3件・計413,100円 (X00班)

平成27年度

・旅費

9/28-10/5: つくば市、第2回マトリョーシカ型進化国際シンポジウム・第4回マトリョーシカ型生物学研究会へ海外研究者5名招聘。1,302,080円 (X00班)
8/9-21 アマゾンナス州立大学と共同でブラジル・アマゾン川(マナウス)にて守屋および研究協力者が検体採取。のべ2回 1,165,690円 (A02班)
9/4-12: スペイン・セビリヤ、VII ECOP-ICOPにて松崎および研究協力者1名が成果発表。1,115,500円 (B01班)
9/19-27: 米国・ウッズホール、第26回分子寄生虫学会にて永宗および研究協力者1名が成果発表。729,765円 (C01班)
4/27-5/3: 米国・アセンズおよびシャーロットビル、第25回分子寄生虫シンポジウムで野崎および研究協力者1名が成果発表・研究打合せ。599,700円 (B02班)
5/10-21: インド・チャンディガールおよびコルカタにて野崎が嫌気原虫に係る研究打合せ。596,892円 (B02班)

・人件費・謝金

X00班 実験補助及び領域事務補助(3名): 3,569,983円、A01班 ポスドク・実験補助(3名): 8,069,731円、A02班 ポスドク・実験補助(2名): 1,194,349円、B01班 ポスドク・実験補助(4名): 11,945,165円、B02班 実験補助(2名): 1,313,000円、B03班 ポスドク・実験補助(4名): 8,407,875円、C01班 ポスドク・実験補助(2名): 4,268,526円、C02班 ポスドク・実験補助(2名): 7,517,941円、C03班 ポスドク・実験補助(2名): 6,118,995円

・その他

次世代ゲノム・トランスクリプトーム解析: 1,244,160円 (B03班)、次世代ゲノム解析支援: 7件・計3,656,880円 (X00班)、PacBio RSIIIを用いたシーケンス受託解析2件・計1,001,160円 (A02班)

平成28年度

・旅費

研究打合せ、マトリョーシカフェ 437,830円

・その他

ニューズレターVol.8 416,880円、マトリョーシカフェ会場使用料他 45,830円

10. 当該学問分野及び関連学問分野への貢献度

当該学問分野の今後の継続的な発展：学会の設立

本領域の成果が継続的な学問領域の創生に繋がる成果として、H28.9に正式に発足する日本共生寄生生物学会が挙げられる。本学会は本領域の計画班員数名を発起人として、日本細胞共生学会、原生生物学会、藻類学会、細菌学会、寄生虫学会、植物学会等の有志で立ち上げた。H28.3.5には発足準備シンポジウムとして筑波大学で「共生・寄生生物学シンポジウム」を開催した。これは国際学会組織 International Society of Endocytobiology and Symbiosis の国内支部として本学問領域の国際連携の強化に機能する。また、北米・欧州を中心とした藻類・原生生物・生態学・海洋学研究所の組織である CIFAR (Canadian Institute for Advanced Research) との深い連携・共同研究に発展した。同時に、本領域は国内の若手研究者の教育にも連携して積極的に取り組んだ。

関連分野へのインパクト・波及効果

<報道等>報道等による紹介は、各グループの研究成果の新聞報道はのべ196件以上おこなわれ、また国内外のテレビや雑誌などでも広く研究成果が周知された。新聞・テレビ等の報道の総数と内訳は、国内では新聞報道126件、雑誌報道14件、テレビ報道13件、その他報道35件であった。海外では新聞報道1件、雑誌報道5件、テレビ報道1件、その他報道1件であった。主要な報道の概要は以下の通り。

A班の研究内容では、中鉢らの昆虫細胞内細菌共生の研究成果は「米国微生物学会」のpodcast番組で特集され、Nature誌のResearch Highlight欄で紹介された。藤原らの鯨骨生態系の研究はNHKの国際放送で海外配信された。菊池らのホソヘリカメムシ共生体の研究はScience News, The Scientist, Discover Magazine等にて紹介された。福田らの腸内フローラの研究がNHKスペシャルを始めとする各局で紹介されたほか、国内テレビで9件報道された。B班の研究では、中井らがScience誌に報告した新奇な葉緑体蛋白質輸送装置の発見が読売新聞で紹介された。今居らがPLoS Genet誌に発表したミトコンドリアの選択的除去の仕組みの解明は日刊工業新聞など17メディアで紹介された。今井らがScience誌に発表したミトコンドリアタンパク質輸送装置の構造と機能の解明は、科学新聞等で紹介された。石田らのポウリネラの殻構築に関する成果は朝日新聞デジタルで紹介された。C班の研究では、原らの光応答ミトコンドリアをもつ細胞の作製は、3件のWebニュースで取り上げられた。平井らの高い突然変異率を持つネズミマラリア原虫の作成は多くの新聞報道として配信された。荒瀬らの研究成果は日本経済新聞等やNature Reviews Immunology誌のResearch Highlight、Nature Microbiology誌のNews & Viewsで紹介された。また領域のコンセプトや関連研究は、野崎により「寄生と共生で大進化！書き換えられる系統樹」(BSフジ「ガリレオX」2014.10.12)で紹介された。また、領域のコンセプトは鳥山により河北新報において紹介された。洲崎らのアウトリーチ活動が新聞報道で紹介された。

一般書籍等による学問分野の普及

1. 本領域の研究者による「内部共生に伴う進化」に関する研究内容9題目は、「生物の科学 遺伝」の特集として紹介された。

特集表題：「真核生物の共生由来オルガネラ研究最前線—広がり続ける多様性と機能」
「生物の科学 遺伝」特集企画 NTS株式会社、2016年3月出版

概要：真核細胞内のオルガネラのうち、ミトコンドリアと葉緑体は細胞内共生したバクテリア由来であり、現存する真核生物の細胞体制、代謝、ゲノムの初期進化に重大な影響を与えたと考えられる。この特集では、最近の研究により明らかとなったミトコンドリア、葉緑体の成立に伴う分子機構・ゲノムの進化に関する班員らの最新の知見等を紹介した。

2. 本領域の研究者により「細胞進化」に関する12題の解説を、「細胞工学」誌に1年間連載した。

連載表題：「細胞進化の証人たち—細胞進化モデル生物図鑑」
「細胞工学」特集企画 学研メディカル秀潤社、2013年11月-2014年10月

概要：オルガネラ成立の細胞内共生説、共生・寄生が現在進行中の生物に関して、細胞進化のモデルとなる生物たちを取り上げ、細胞進化の過去・現在・未来の道筋を考察した。

3. また、領域全体の概念の普及に資する一般書籍の出版を予定している。以下概要である。

書名：新しい共生のはなし—マトリョーシカ型の共生と進化—、共立出版、2017年出版予定

概要：生物の中に別の生物が共生する現象が多層的に起こることが進化の多様性を創発するという、マトリョーシカ型の共生・進化原理について、高校～大学教養レベルの一般向け紹介・解説書を出版する。

領域主催・共催の国際・国内シンポジウム・ワークショップ・アウトリーチ活動

本領域が主催・共催した学会等におけるシンポジウム・ワークショップは国際学会8件、国内学会等21件、アウトリーチ活動は計38件である。

以上、本領域は新しい分野・学問の流れを作りつつある。新しい学問領域創生の一定の役割を果たすと同時に、今後、他の学問領域との更なる融合を目指すのに必要なコンセプトの定着が行われつつある。

11. 研究計画に参画した若手研究者の成長の状況

【若手研究者育成への取組に関する活動】

1. 日本細胞共生学会若手の会として若手が自分たちで企画・運営する若手育成合宿の開催を支援
 - ・「第1回日本細胞共生学会若手の会」平成24年11月7～8日、筑波大学下田臨海実験センター、静岡県下田市(20名)
 - ・「第2回日本細胞共生学会若手の会」平成25年9月21～22日、京都大学総合人間学部キャンパス、京都府京都市(27名)
 - ・「(第3回)日本細胞共生学会若手の会」平成26年7月11日、神戸大学瀧川記念学術交流会館、兵庫県神戸市(118名、ただし第3回マトリョーシカ型生物学研究会との合同開催)
2. 関連研究分野での若手育成企画の共催
 - ・「第22回分子寄生虫学ワークショップ・第12回分子寄生虫・マラリア研究フォーラム」平成26年8月31日～9月3日、帯広畜産大学原虫病研究センター、北海道帯広市(65名)
 - ・「第23回分子寄生虫学ワークショップ・第13回分子寄生虫・マラリア研究フォーラム」H27年8月30日～9月2日、帯広畜産大学原虫病研究センター、北海道帯広市(61名)
3. 若手を対象とした技術講習会の開催
 - ・「バイオインフォマティクス講習会」平成24年7月22日、国立感染研究所、東京都新宿区(20名)。若手の指導力向上を目的に、計画班の若手メンバーを対象に事前講習を行い、講習会当日に講習補助として参加。
 - ・「超解像顕微鏡講習会」平成25年1月11日、長崎大学熱帯医学研究所、長崎県長崎市(10名)
4. 領域が主催する研究集会での若手研究者からのポスター発表奨励
 - ・領域班会議にて、若手によるポスター発表を奨励し、若手間の交流を深める交流会を企画した。
5. 若手研究者の国際学会での発表に対する参加支援および奨励
 - ・平成25年5月14日～17日にカナダで開催された Canadian Institute For Advanced Research Integrated Microbial Biodiversity Program and the Tula Foundation UBC Centre For Microbial Diversity and Evolution 年会への参加者2名、平成26年8月10～15日にメキシコで開催された第13回国際寄生虫学会への参加者1名への国際研究集会参加費・旅費支援を行った。
 - ・また、計画班研究に参画している多くのポスドク・大学院生にも総括班・各研究班から国際研究集会参加費・旅費を支援した。例としては、平成24年7月29日～8月3日にノルウェーで開催された国際原生生物学学会議へ2名、平成25年7月28日～8月2日にカナダで開催された国際原生生物学学会議へ4名、平成25年8月18～22日にカナダで開催された第12回国際細胞共生学会へ3名(ポスドクの坂本寛和がポスドク部門発表賞受賞)、平成26年6月21～26日にポーランドでのESF-EMBO Symposiumへ1名、平成26年6月末、チェコでのCIFAR Integrated Microbial Biodiversityへ2名、平成26年8月、カナダProtist2014へ1名、平成27年9月、スペインでの国際原生生物学学会議へ4名、他3件3名など。このうち13名は総括班から旅費援助を行った。
6. 2. 関連研究分野での若手育成企画の共催
 - ・「第22回分子寄生虫学ワークショップ・第12回分子寄生虫・マラリア研究フォーラム」平成26年8月31日～9月3日、帯広畜産大学原虫病研究センター、北海道帯広市(65名)
 - ・「第23回分子寄生虫学ワークショップ・第13回分子寄生虫・マラリア研究フォーラム」H27年8月30日～9月2日、帯広畜産大学原虫病研究センター、北海道帯広市(61名)
6. 若手研究者のテニユアポジション獲得時の研究費支援
 - ・ポスドクから助教に、または特任助教から定員内助教に昇進した6名にスタートアップ支援として、消耗品50万円分の支援を行った。

【参画した若手研究者の領域参加期間終了後の動向】

- ・本領域研究に参画したポスドクの就職状況について、別添【様式1-2】「(5) 領域に関与したポスドク・RA等・若手研究者(～39歳)の就職状況」を参照。
- ・本領域に参画した博士課程大学院生(39歳以下)のうち22名がポスドク、1名が特任助教、3名がテニユア助教、1名がテニユア准教授となった。また、2名が企業での研究職についた。

【参画した若手研究者の領域参加期間中・期間後の動向】

- ・本領域に参画した時点で特任助教等のパーマネント職でなかった者(39歳以下)のうち7名がテニユアの助教や研究員となった。
- ・3名の助教が講師・准教授レベルに、1名の講師が准教授に、1名の特任講師が特任准教授に、1名の准教授が教授に昇任した(全員昇任時39歳以下)。

【他の特記事項】

- ・39歳以下ではないが上記に加えて2名が准教授から教授へ昇進した。

12. 研究会

第1回マトリョーシカ型生物学研究会, H24.7.20-22, (東京) (特別講演1件、口頭発表43件、ポスター発表27件)

国際シンポジウム”Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells”, 第2回マトリョーシカ型生物学研究会(マトリョーシカ生物の世界2013), 2013.7.24-26, (京都) を開催。(シンポジウム9件、口頭発表38件、ポスター発表35件、参加者数124名)

第3回マトリョーシカ型生物学研究会, 2014.7.11-13, (神戸) (特別講演1件、口頭発表49件、ポスター発表48件、共催若手ワークショップ発表5件)

第2回国際シンポジウム”Matryoshka-type Evolution of Eukaryotic Cells”, 第4回マトリョーシカ型生物学研究会, H27.9.30-10.2, (つくば) を主催 (シンポジウム16件、ポスター発表76件、参加者数約120名)。

13. 総括班評価者による評価の状況

総括班評価者による評価体制

1. 黒岩常祥（日本女子大学理学部物質生物科学科研究員、東京大学名誉教授、前職 立教大学大学院理学研究科特任教授、日本学士院会員、2011年度文化功労者）
 2. 北潔（長崎大学大学院熱帯医学・グローバルヘルス研究科長、H28.3まで東京大学大学院医学系研究科教授）
- 上記2名の外部有識者による評価を受けている。年2回の班会議並びに国内研究会・国際シンポジウムの際には可能な限り、総括班会議と本会議への出席を依頼し、多くの総括班会議に出席し、研究の進捗に対する評価や問題が生じた際の具体的な助言を受けた。また、本会議にも度々参加いただき、本領域の発展のために必要な主にサイエンスに関する様々な議論や助言を得ることができた。

本研究終了後の両評価者のコメントは以下の通りであった。

領域の運営について

多くの異なった分野からの科学者を集約し、学際的に新しい学問領域を作る意義は極めて高い。本領域は、領域代表者のリーダーシップのもと、目標よりも高い成果を収めたと言える。背景となる研究対象・研究方法・分野等が異なる研究者が班を形成する場合、往々にして分野の異なる良い研究の寄せ集めになりがちである。しかし本領域では、専門分野を超えた多くの共同研究が展開され、多数の画期的成果が生み出された。領域代表者は多様な分野の研究者をよくまとめ、積極的に共同研究を推し進めた。本研究領域が5年間に生み出した英文論文の多くが本領域の複数の研究代表者の間の共同研究によることは、本領域の創出により、異分野の融合が果たせた証拠である。また、本領域では支援班を使って、ゲノム・メタゲノム支援、タンパク質合成支援、画像解析支援などを介して、有効に班員全体の研究を支えたといえる。特に、ゲノム支援では領域内から公募で優れた研究提案をコンペで選考するなど、研究者間で切磋琢磨しながら領域全体の質の向上を目指して運営された。若手育成に関しても、若手育成合宿の開催、海外への派遣援助、国際シンポジウム・サイエンスカフェの開催等を通じて、積極的・介入的に努力したことも高く評価される。

研究領域の科学の進展について

領域の提案時に計画された研究項目はほぼ予定通りに実施されており、設定された目標に向かって着実に研究が展開された。本領域から発表された成果の中には、Nature, Science, Proc Natl Acad Sci USA, Mol Biol Evol等に掲載されたものもある。本領域の特徴である学際的な共同研究による論文も今後掲載されると聞いており、更なる評価が得られることが期待される。

本領域の中には比較的計画通り展開し、多くの優れた分野もある一方で、技術的な困難が研究期間中に打破できなかった分野も僅かにある。しかし、上手に展開できた研究項目の中には、間違いなくオルガネラ進化に駆動された生命進化をマイクロは分子レベルで、マクロはゲノムレベルで説明できる「原理」を創出したと言える成果を生んだ研究がいくつも存在する。本領域の中心コンセプトである進化原理の導出は、5年の研究期間内に一定のレベルで達成されたと評価することができる。

本研究は多くの異なった分野を集めオルガネラ生物学、進化学の新しい領域を切り開こうとする野心的な新領域であり、学問分野として花開き、進化原理へと結晶化するまでに少々時間がかかると考えられ、領域終了後にもより優れた研究成果が生まれることが期待される。本領域を中心として新しい学会が組織されると聞いており、こうした展開はこのプロジェクトの成功を意味していると言える。

本学問領域に関しての今後の要望

本研究領域は若手研究者の育成にも努力した。その結果、今後新しい学問領域をリードしていく核となるべき

優秀な若手研究者が育った。今後も新しい学会組織等を上手に利用し、若手研究者の育成を継続するべきである。本領域が達成できなかったものには、豊富な EST・ゲノムデータに基づく真核生物の進化の原理のアルゴリズム化、共生体間での代謝物をやり取りする輸送体などが挙げられる。今後、細胞内局在シグナル予測など大量データを有効活用するための解析技術の開発、メタボロミクス等解析手法を加える事により、原理はより精密化し発展すると期待される。また、現存生物を詳細に解析するだけでなく、試験内で共生と内部共生を作り、人工マトリョーシカを実証する合成生物学・細胞工学的アプローチを更に進めることも、本学問領域の「出会い・成立・発展」のうち発展の部分をさらに深化させるために極めて重要である。