

IV-2. 分子進化分野

1. メンバー

准教授	稲垣 祐司 (センター勤務、生命環境系)
研究員	中山 卓郎
教授	橋本 哲男 (共同研究員、生命環境系)
特任助教	谷藤 吾朗 (生命環境系)
学生	大学院生 9 名、学類生 1 名

2. 概要

分子進化分野では、真核生物の主要グループ間の系統関係解明に向け、主に 3 つの「柱」を設定し研究を進めている。

【1】新奇真核微生物の発見 …………… 真核生物の多様性の大部分は肉眼で認識することが難しい単細胞生物であるため、これまでの研究では真核生物多様性の全体像を十分に把握しているとは言いきれない。そこで自然環境からこれまでに認識されていない新奇真核微生物を単離・培養株化する。

【2】各種トランスクリプトーム・ゲノム解析 …………… 真核生物の主要グループ間の系統関係を分子系統学的に解明するには、大規模遺伝子データが必須である。そこで系統進化的に興味深い生物種を選び、培養と遺伝子データの取得を進めている。そのデータを基に、大規模配列データ解析を行い正確な真核生物系統の推測を目指す。

【3】分子系統解析の方法論研究 …………… 分子系統解析においては、解析する配列データの特長、使用する解析法・配列進化モデルなどにより、系統推定に偏りが生じることが知られている。これまでの方法論は単一遺伝子データに基づいて研究されてきたが、複数遺伝子から構成される大規模配列データを解析するための方法論の検討はそれほど進んでいない。また、現状では超並列計算機上で効率よく作動する解析プログラムも十分に普及しているとは言えない。そこで、大規模配列データ解析においてより偏りの少ない推測を目指し、方法論的研究と系統解析プログラムの並列化を行っている。

3. 研究成果

【1】大規模配列データに基づく真核生物大系統の推測

H25 年度まで、*Paliptomonas bilix* を含むクリプチスタ生物群の大規模系統解析、ディスコバ生物群内での *Tsukubamonas globosa* の系統的位置の検討とミトコンドリアゲノムの解読を終了し、論文として発表した (Yabuki et al. 2014 *Sci Rep* ; Kamikawa et al. 2014 *Genome Biol Evol*)。H25 年度には、系統的位置が確定していない新奇生物種についてトランスクリプトーム解析を行った。

(1) *Microheliella maris* の系統的位置の推測

Microheliella maris は海産の“太陽虫”であり、形態的に有中心粒太陽虫との近縁性が示唆されている（図 1 左：Yabiki et al. 2012 *Protist* 163:356-388）。しかしこれまで決定された遺伝子配列に基づく系統解析では、その系統的位置は確定することができなかった。そこで、Illumina Hi-seq2000 によるトランスクリプトーム解析を行った。*M. maris* と併せて解析するため、未記載有中心粒太陽虫 SRT127 株、未記載従属栄養性鞭毛虫 SRT149 からもトランスクリプトームデータを取得した。H26 年度は、上記 3 種からのトランスクリプトームデータを用い、大規模系統解析の準備を行う。本研究は、独立行政法人海洋研究開発機構・矢吹彬憲博士との共同研究である。

(2) *Rigifila ramosa* の系統的位置の推測

Rigifila ramosa は従属栄養性アメーバ鞭毛虫であり、*Micronuclearia* と系統的に近縁である（図 1 中央）。しかし *Rigifila*+*Micronuclearia* クレードが、他の系統群とどのような関係にあるかは不明のままである（Yabuki et al. 2013 *Protist* 164:75-88）。我々は *R. ramosa* の系統的位置の確定をめざし、*Rigifila ramosa* を含む複数の真核微生物について、Dalhousie 大学（カナダ）・Andrew Roger および Alastair Simpson 博士、およびミシシッピ州立大学（アメリカ）・Matthew Brown 博士の研究グループとともに Illumina Hi-seq2000 によるトランスクリプトーム解析を行った。我々は、*Rigifila*+*Micronuclearia* クレードとの近縁性が示唆されているディフェレリア類 *Diphylleria* sp. SRT116 株からもトランスクリプトームデータを取得した。一方、共同研究者らはアンキロモナス類に含まれる 2 種（*Ancyromonas* および *Fabomonas*）、マンタモナス類 *Mantamonas* からトランスクリプトームデータを取得した。引き続き上記真核微生物 5 種からのトランスクリプトームデータを用い、大規模系統解析の準備を行った。H26 年度は系統解析を行い、論文作成に取り掛かる。

(3) *Azumiobodo hoyamushi* の系統的位置の推測

キネトプラスチダ類は、アフリカ眠り病を引き起こすトリパノソーマなどの各種寄生性の系統と、ボド類などの自由生活性系統から構成される。キネトプラスチダ類が進化する過程で、自由生活性から寄生性への移行が独立に複数回起こったと考えられているが、その詳細は解明されていない。*Azumiobodo hoyamushi* は、ホヤの「フニャフニャ病」を引き起こすキネトプラスチダ類の新奇系統である（図 1 右：Hirose et al. 2012 *Dis Aquat Organ* 97:227-235）。我々はキネトプラスチダ類における自由生活性から寄生性への移行を詳細に解明するため、ホヤ寄生虫である *A. hoyamushi* に加え、魚類に寄生するキネトプラスチダ類 *Trypanoplasma borreli* を含む大規模系統解析を計画した。H25 年度は、まず上記 2 種に対して Illumina Hi-seq2000 によるトランスクリプトーム解析を行った。H26 年度は、上記トランスクリプト

ームデータを用い、大規模系統解析の準備を行う。本研究は、独立行政法人水産総合研究センター増養殖研究所・釜石隆博士との共同研究である。

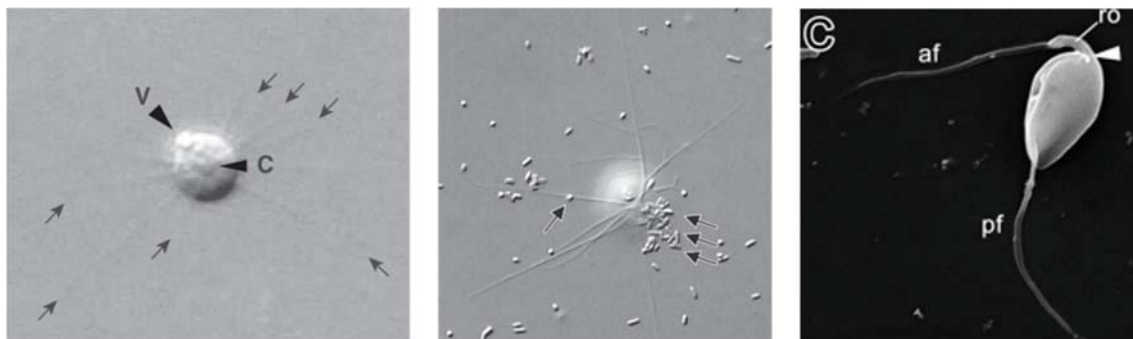


図 1. 左から *Microheliella maris* (写真は Yabuki et al. 2012 に使用されたもの)、*Rigidula ramosa* (写真は Yabuki et al. 2013 に使用されたもの)、*Azumiobodo hoyamushi* (写真は Hirose et al. 2012 に使用されたもの)

【2】各種トランスクリプトーム・ゲノム解析

真核生物進化における各種の未解決問題にチャレンジするため、系統的に多様な真核微生物からトランスクリプトーム・ゲノムデータを取得した。

(1) ロパロディア科珪藻細胞内のシアノバクテリア共生体（楕円体）のゲノム解読

ロパロディア科珪藻は、ミトコンドリアや色素体に加え、独自のシアノバクテリア共生体を保持する（楕円体, spheroid body）。楕円体は窒素固定能力を持ち、窒素化合物を宿主細胞に供給していると考えられてきた。また楕円体は珪藻細胞外では生育できず、珪藻細胞の分裂とともに娘細胞に受け継がれることは分かっていた。しかし、楕円体が珪藻細胞にどの程度統合されているのか詳細は不明であった。

中山研究員を中心に、我々はロパロディア科珪藻の一種 *Epithemia turgida* の楕円体から抽出した DNA を次世代シーケンサーにて解析を行い、楕円体ゲノムの全塩基配列を決定した（図 2 左）。楕円体ゲノムの総塩基数は 2.79 Mbp であり、共生生活を送らないシアノバクテリアに比べゲノムは縮小していることが明らかとなった。楕円体ゲノムには、珪藻細胞外で生育するために必要と考えられる代謝関連遺伝子の多くが消失しており、宿主細胞に代謝的に依存していること裏付けられました。興味深いことに、楕円体は光合成関連遺伝子を失い、二次的に光合成能を失っていることが判明した。一方、予想通り窒素固定に必要な遺伝子一式が楕円体ゲノム中に同定された。以上の結果から、楕円体は窒素固定能力をキープしつつ、シアノバクテリアのアイデンティティともいべき光合成能力を捨てるという前例のない進化を遂げていることがわかった。Dalhousie 大学(カナダ)・John M. Archibald 博士との共同で、*E. turgida* 楕円体ゲノムに関する論文を執筆し、アメリカ科学アカデミー紀要 *Proc Nat Acad Sci USA* に掲載が決定した。また *E.*

*turgida*に加え、H25年度にはロパロディア科珪藻の別種 *Rhopalodia gibberula* の楕円体ゲノム、宿主細胞のトランスクリプトーム解析も行った。H26年度は *R. gibberula* (図2右) 材料に、楕円体ゲノム解析と宿主核ゲノム解析を通して、楕円体がどの程度珪藻細胞に統合されているのか、宿主ゲノムは楕円体獲得によりどのように変化したのかの2点について解明を試みる。

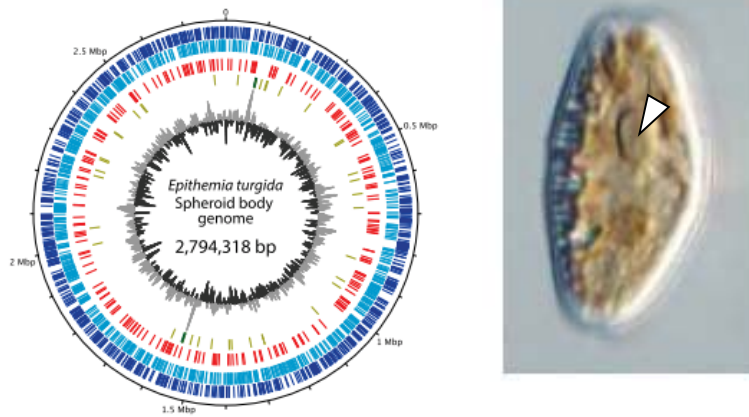


図2. 左; *Epithemia turgida* 楕円体ゲノム. 右; *Rhopalodia gibberula*. 矢頭は楕円体を示す. (写真提供; 中山卓郎)

ロパロディア科珪藻と楕円体の研究は、稲垣が研究代表を務める、新学術領

域研究(研究領域提案型)「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(課題番号 23117006)」の中心的課題である。

(2) 光合成性真核微生物の色素体ゲノム解析

我々は渦鞭毛藻における葉緑体置換、二次的な光合成能の欠失に伴う色素体ゲノム進化に興味を持ち、渦鞭毛藻 *Lepidodinium chlorophorum* と未記載珪藻 IriIs04 株 (NIES-3581) の色素体ゲノムを解析した。両研究とも、京都大学大学院・人間環境学研究科・地球環境学堂・神川龍馬博士との共同研究である。

渦鞭毛藻 *L. chlorophorum* は、元々持っていた色素体を細胞内共生した緑藻の色素体と置換したと考え

られる(図3左)。我々はこの特異な渦鞭毛藻系統で、色素体はどのような緑藻が色素体化したのか、色素体置換に伴い *L. chlorophorum* の宿主ゲノムにどんな変化が起こったのかを研究してきた。H25年度には *L. chlorophorum* のゲノムシーケンスデータを取得し、色素体ゲノムを完全に解読した。*L. chlorophorum* 色素体ゲノムは約 66 Kbp であり、これまで解読された緑藻色素体ゲノムに比べ縮小していた。このゲノムにコードされるタンパク質配列を用いた系統解析では、*L. chlorophorum* 色素体の起源となった緑藻はペディノ藻であることが解明された。H26年度には、この色素体ゲノムデータと系統解析結果を論文にまとめ、投稿する。

IriIs04 株 (NIES-3581) は、二次的に光合成能力を失った未記載珪藻である(図3右)。こ

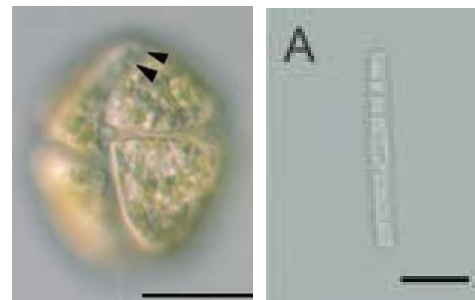


図3. 左; *Lepidodinium chlorophorum* (写真は Takishita et al. 2008 に使用されたもの). スケールバーは 20 μm . 右; 未記載珪藻 IriIs04 株. スケールバーは 10 μm . (写真提供; 神川龍馬)

真核微生物のミトコンドリアゲノムを解読し、その多様性と進化を解明しようと試みている。H25 年度には、有殻アメーバ *Paulinella chlamatophora*、ハプト藻 *Chrysochromulina* sp. NIES-1333 のミトコンドリアゲノムを解読した。またカタブレファリス類 *Roombia* sp. NY0200 株、クリプチスタ生物群の新規メンバーである *Paliptomonas bilix* のミトコンドリアゲノムの解読にも取り掛かった。*Chrysochromulina* sp. のミトコンドリアゲノムについては、Nishimura et al. (2014 *Mobile Genet Elements* 4:e29384) で発表した。そのほかのデータについては H26 年度中に論文として発表することを目指す。上記ミトコンドリアゲノム解析は、京都大学・神川龍馬博士との共同研究である。

(5) 嫌気性従属栄養性ストラメノパイル生物 MAST-13 のトランスクリプトーム解析

ストラメノパイル生物群には PCR 法により海水サンプルから増幅された 18S リボソーム RNA 配列だけから存在が推測されている MAST 系統群が多数知られている。我々は、ブリテイッシュコロンビア大 (カナダ)・雪吹直史博士と共同で MAST-13 グループに含まれる嫌気性従属栄養性真核微生物の単離培養に成功した。H25 年度にこの培養株のトランスクリプトームデータを取得し、独立行政法人海洋研究開発機構・瀧下清貴博士の研究グループと共同でこの生物がもつ退化型ミトコンドリアの代謝機能を推測している。H26 年度には論文を執筆、投稿することを目指す。

【3】分子系統解析の方法論研究

一般に分子系統解析で用いられる“homogeneous”塩基置換モデルでは、配列間で塩基組成は大きく異なることを前提としている。しかし現実には、生物種間あるいは同一ゲノムの異なる領域間でも塩基組成が異なることがある。配列間の塩基組成が大きく異なる場合、homogeneous 置換モデルを前提とした解析では著しいモデル不整合が生じ、その結果誤った系統樹 (アーティファクト) に導かれることが分かっている。この塩基組成の偏りに起因するアーティファクトを防ぐためには、配列間の塩基組成の偏りを取り入れたより複雑な“non-homogeneous”置換モデルによる系統解析プログラムを適応することで解消可能である (Ishikawa et al. 2012 *Evol Bioinform* 8:357-371)。一方、この解析法では推定すべきパラメータ数と計算時間が飛躍的に増大するという問題が生じるため、系統解析プログラムの並列化が必須である。

H25 年度には、塩基配列データにおける系統間での G+C 含量の不均一性を許容する non-homogeneous 置換モデルを搭載した系統解析プログラム“NHML”を対象とし、系統樹の尤度計算アルゴリズムに MPI および OpenMP によるハイブリッド並列計算技術を導入した。シミュレーション配列を用いた性能評価では、1 本の系統樹の尤度計算において 256 並列まで良好な並列化効率が認められた。さらに MPI コミュニケータを分割することで、複数本の系統樹に対する尤度計算を並列的に行わせた。結果、1024 CPU コア以上を用いた場合であっても優れた並列性を実

現した。これらの研究は、生物科学専攻博士課程（後期）およびシステム情報工学研究科博士課程（前期）に所属する石川奏太の成果である。H26 年度は、このハイブリッド並列化した NHML を用いた実データ解析を行い、non-homogeneous 置換モデルの有効性を検証する計画である。

4. 教育

【学生の指導状況】

なし

【集中講義】

1. 橋本哲男

「核酸・タンパク質配列データにもとづく生物進化の推測」, 計算科学リテラシー (日・英)

2. 稲垣祐司

基礎計算生物学 (2 コマ担当 ; 2014/11/14, 21)

5. 受賞、外部資金、知的財産権等

1) 【受賞】

① Paul Claude Silva Travel Award, 皿井千裕 (共同研究者, 山形大・院), 10th International Congress of Phycology.

2) 【外部資金】 (名称、氏名、代表・分担の別、採択年度、金額、課題名)

<代表者>

- ・ 新学術領域研究 (研究領域提案型) 稲垣祐司 (代表)

「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 (課題番号 23117006)」, 研究期間 : 2009-2013 年, 交付決定金額 : 直接経費 17,300 千円, 間接経費 5,190 千円.

<代表者>

- ・ 基盤研究 (A) 稲垣祐司 (分担) (代表:橋本哲男)

「新型分割イントロン切り出し因子同定に基づく真核生物 mRNA 成熟機構進化の解明 (課題番号 23247038)」, 研究期間 : 2011-2013 年, 交付決定額 : 直接 1000 千円.

- ・ 基盤研究 (B) 稲垣祐司 (分担) (代表:橋本哲男)

海外学術「ミトコンドリアをもたない真核微生物群フォルニカータの多様性の解明 (課題番号 23247038)」, 研究期間 : 2011-2013 年, 交付決定額 : 直接 1000 千円.

3) 知的財産権（種別、氏名、課題名、年月日）

なし

6. 研究業績

(1) 研究論文

A) 査読付き論文

- 1) R. Kamikawa, M. Kolisko, Y. Nishimura, A. Yabuki, M.W. Brown, S.A. Ishikawa, K. Ishida, A.J. Roger, **T. Hashimoto**, **Y. Inagaki**, “Gene content evolution in discobid mitochondria deduced from the phylogenetic position and complete mitochondrial genome of *Tsukubamonas globosa*”. 2014 *Genome Biology and Evolution* 6(2):306-315.
- 2) 石川奏太, 中尾昌広, **稲垣祐司**, **橋本哲男**, 佐藤三久、「Non-homogeneous 置換モデルに基づく進化系統樹推測の MPI/OpenMP HYBRID 並列化：大規模計算システム向けプログラムの開発と性能評価」、ハイパフォーマンスコンピューティングと計算科学シンポジウム (HPCS2014) 論文集、情報処理学会 10-20.
- 3) 石川奏太, 中尾昌広, **稲垣祐司**, **橋本哲男**, 佐藤三久、「Non-homogeneous 置換モデルを搭載した系統解析プログラムの MPI/OpenMP ハイブリッド並列化：大規模遺伝子データセットへの適応に向けて」、**Proceedings of High Performance Computing Symposium 2014**.
- 4) R. Kamikawa, M.W. Brown, Y. Nishimura, Y. Sako, A.A. Heiss, N. Yubuki, R. Gawryluk, A.G.B. Simpson, A.J. Roger, **T. Hashimoto**, **Y. Inagaki**, “Parallel re-modeling of EF-1 α function in eukaryotic evolution: Divergent, low-expressed EF-1 α genes co-occur with EFL genes in diverse distantly related eukaryotes”, 2013 *BMC Evolutionary Biology* 13:131.

B) 査読無し論文

なし

(2) 国際会議発表（発表者には*を付けた）

A) 招待講演

- 1) ***T. Nakayama**, “Nitrogen-fixing organelle? Genome sequence of a cyanobacterial endosymbiont in a rhopalodiacean diatom”, 2014 年 3 月 24 日 *Microbial Evolution 2014* Tsukuba. University of Tsukuba, Tsukuba, Japan.
- 2) ***Y. Inagaki**, “Progress in placing newly discovered protist lineages in the deep tree of eukaryotes: *Tsukubamonas globosa* and *Palpitomonas bilix*”, 2013 年 7 月 28 日－8 月 3 日 *International Congress of Protistology (ICOP) XIV*, Westin Bayshore Hotel, Vancouver, Canada.

B) 一般講演

- 1) *C. Sarai, K. Takahasi, R. Kamikawa, **Y. Inagaki**, M. Iwataki, “Morphologies and phylogenetic characteristics of two novel dinoflagellates with green-colored chloroplasts”, 2013 年 8 月 4–10 日 *10th International Congress of Phycology (IPC 10)*, Oland, Florida, USA.
- 2) *Y. Nishimura, R. Kamikawa, T. Hirasawa, N. Yubuki, **T. Hashimoto**, **Y. Inagaki**, “An intron-rich mitochondrial *cox1* gene of the katablepharid *Roombia* sp. NY0200”, 2013 年 7 月 28 日–8 月 3 日 *International Congress of Protistology (ICOP) XIV*, Westin Bayshore Hotel, Vancouver, Canada.
- 3) ***Y. Inagaki**, R. Kamikawa, M. Brown, Y. Nishimura, Y. Sako, A.A. Heiss, N. Yubuki, R. Gawryluk, A.G.B. Simpson, A.J. Roger, **T. Hashimoto**, “The genes encoding EF-1 α and EFL genes co-exist in diverse distantly related eukaryotes”, 2013 年 7 月 28 日–8 月 3 日 *International Congress of Protistology (ICOP) XIV*, Westin Bayshore Hotel, Vancouver, Canada.
- 4) ***Y. Inagaki**, R. Kamikawa, T. Matsumoto, “Pedinophyte-origin of the non-canonical plastids in the dinoflagellate genus *Lepidodinium*”, 2013 年 7 月 28 日–8 月 3 日 *International Congress of Protistology (ICOP) XIV*, Westin Bayshore Hotel, Vancouver, Canada.
- 5) *N. Yubuki, T. Panek, A. Yabuki, I. Cepicka, K. Takishita, **Y. Inagaki**, B.S. Leander, “Morphological identities of two MAST-13 (marine stramenopile) environmental sequence clades”, 2013 年 7 月 28 日–8 月 3 日 *International Congress of Protistology (ICOP) XIV*, Westin Bayshore Hotel, Vancouver, Canada.
- 6) *M. Kolisko, R. Kamikawa, J.O. Andersson, **T. Hashimoto**, **Yuji Inagaki**, A.G.B. Simpson, A.J. Roger, “The origin of the *Giardia* mitosome demystified: comparative analyses of predicted organellar proteomes across free-living and parasitic metamonads”, 2013 年 7 月 28 日–8 月 3 日 *International Congress of Protistology (ICOP) XIV*, Westin Bayshore Hotel, Vancouver, Canada.
- 7) *S. Ishikawa, **Y. Inagaki**, **T. Hashimoto**, M. Sato, “Efficient parallelization of the maximum-likelihood phylogenetic inference with the non-homogeneous substitution model”, 2013 年 7 月 21–25 日 *Meeting and Conference Center*, Snowbird, Utah, USA.
- 8) ***Y. Inagaki**, “The enigmatic discobid *Tsukubamonas globosa*: phylogenomic analysis and mitochondrial genome sequence”, 2013 年 5 月 14–17 日 *Integrated Microbial Biodiversity Program meeting*, Canadian Institute for Advanced Research. Four Seasons Hotel, Whistler, Canada.
- 9) ***Y. Inagaki**, “The genes encoding elongation factor 1 α and elongation factor-like protein co-exist in distantly related eukaryotic genomes”, 2013 年 5 月 14–17 日 *Integrated Microbial Biodiversity Program meeting*, Canadian Institute for Advanced Research. Four Seasons Hotel, Whistler, Canada.

(3) 国内学会・研究会発表

A) 招待講演

- 1) *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」、2013 年 8 月 25–30 日 第 15 回日本進化学会 筑波大学、つくば、茨城。
- 2) *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—」、2013 年 8 月 25–30 日 第 15 回日本進化学会 筑波大学（茨城県つくば市）。
- 3) *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」、2013 年 8 月 25–30 日 第 15 回日本進化学会 筑波大学（茨城県つくば市）。
- 4) *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」、2013 年 7 月 27 日 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 お茶の水大学（東京都文京区）。

B) その他の発表

- 1) *久米慶太郎、高林舜、森田幸之介、神川龍馬、稲垣祐司、橋本哲男、「フォルニカータ生物群におけるミトコンドリア関連オルガネラ標的シグナルの分子進化」、2014 年 3 月 27–28 日 第 83 回日本寄生虫学会 愛媛大学（愛媛県松山市）。
- 2) *松尾恵梨子、中山卓郎、神川龍馬、谷藤吾朗、皿井千裕、高橋和也、岩滝光儀、稲垣祐司、「緑藻由来葉緑体をもつ渦鞭毛藻における葉緑体型 *gapdh* 遺伝子の進化」、2014 年 3 月 15–16 日 第 38 回日本藻類学会 東邦大学習志野キャンパス（千葉県船橋市）。
- 3) *中山卓郎、神川龍馬、谷藤吾朗、J.M. Archibald、稲垣祐司、「*Rhopalodia* 科珪藻における細胞内共生シアノバクテリアのゲノム縮小進化」、2014 年 3 月 15–16 日 第 38 回日本藻類学会 東邦大学習志野キャンパス（千葉県船橋市）。
- 4) *石川奏太、中尾昌広、稲垣祐司、橋本哲男、佐藤三久、「non-homogeneous 置換モデルを搭載した系統解析プログラムの MPI/OpenMP ハイブリッド並列化：大規模遺伝子配列データセットへの適用に向けて」、2014 年 1 月 7–8 日 HPCS2014 一橋大学（東京都国立市）。
- 5) *西村祐貴、野村真未、石田健一郎、小保方潤一、橋本哲男、稲垣祐司、「独自の光合成シアノバクテリア共生体を持つ有殻アメーバ *Paulinella chromatophora* におけるテトラピロール合成系の進化」、2013 年 9 月 13–15 日 北海道大学（北海道札幌市）。
- 6) *西村祐貴、野村真未、中山卓郎、石田健一郎、小保方潤一、橋本哲男、稲垣祐司、「独自の光合成シアノバクテリア共生体を持つ有殻アメーバ *Paulinella chromatophora* におけるテトラピロール合成系の進化」、2013 年 8 月 25–30 日 第 15 回日本進化学会 筑波大学（茨城県つくば市）。

- 7) *石川奏太、神川龍馬、稲垣祐司、「真正細菌由来翻訳終結因子パラログにおける相同組換えの検出」、2013 年 8 月 25–30 日 第 15 回日本進化学会 筑波大学（茨城県つくば市）。
- 8) *久米慶太郎、高林舜、森田幸之介、神川龍馬、稲垣祐司、橋本哲男、「Fornicata 生物のミトコンドリア関連オルガネラタンパク質における matrix targeting signal」、2013 年 8 月 25–30 日 第 15 回日本進化学会 筑波大学（茨城県つくば市）。

(4) 著書、解説記事等

なし

7. 異分野間連携・国際連携・国際活動等

なし

8. シンポジウム、研究会、スクール等の開催実績

- 1) 国際ワークショップ「*Microbial Evolution 2014 Tsukuba*」開催場所：筑波大学（茨城県つくば市），2014 年 3 月 24 日，オーガナイザー：橋本哲男、稲垣祐司、中山卓郎、谷藤吾朗（招待講演者 6 名、内海外からの招待者 3 名）
- 2) ワークショップ「ウズベン葉緑体の進化」（於・第 15 回日本進化学会）開催場所：筑波大学（茨城県つくば市），日時：2013 年 8 月 25–30 日，オーガナイザー：稲垣祐司
- 3) シンポジウム「進化原動力としての共生」（於・第 15 回日本進化学会）開催場所：筑波大学（茨城県つくば市），日時：2013 年 8 月 25–30 日，オーガナイザー：稲垣祐司、他 3 名

9. 管理・運営

10. 社会貢献・国際貢献

11. その他