

## IV-2. 分子進化分野

### 1. メンバー

准教授 稲垣祐司 (生命環境系)

教授 橋本哲男 (共同研究員・生命環境系)

特任助教 神川龍馬 (生命環境科学研究科)

### 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切れない。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】大規模配列データ解析 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系列化を行っている。

### 3. 研究成果

#### 【1】大規模配列データ解析

##### (1) クリプト藻類に近縁な真核微生物種の解析

H24 年度までにパラオ共和国の海水サンプルから単離した新奇従属栄養性真核微生物 *Palpitomonas bilix* およびカタブレファリス類 *Roombia* sp. の網羅的発現遺伝子 (expressed sequence tag/EST) データを取得した。これら2種からの EST データを元に159 遺伝子を含むアライメントデータを作成し、最尤法をもちいた系統解析を行うことで *Palpitomonas* の系統的位置の解明を試みた。

図1に示した159 遺伝子系統解析では、*Palpitomonas* はクリプト藻類、ゴニオモナス類、カタブレファリス類と単系統となり、そのブートストラップ法によるサポート値は 90%以

上となった。

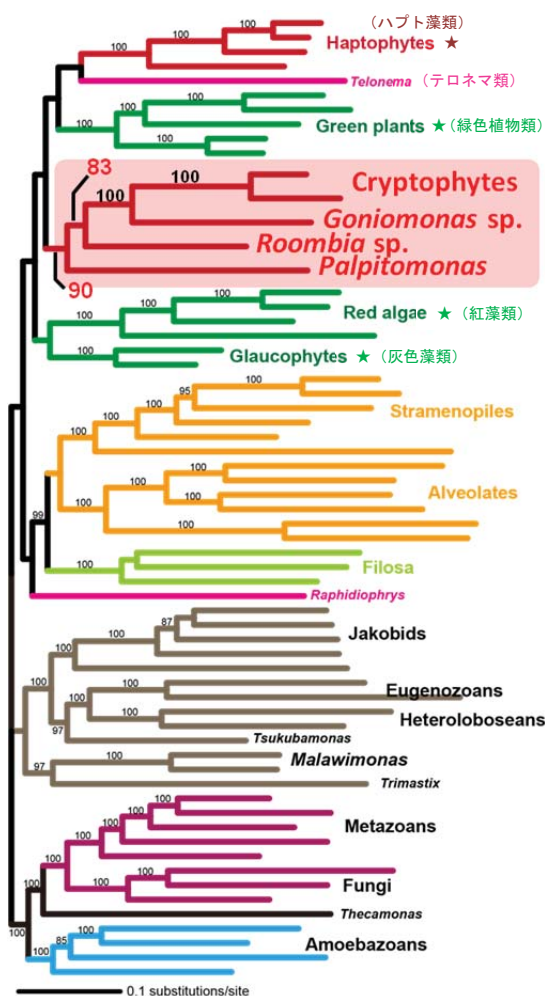


図 1: 159 遺伝子データに基づく最尤系統樹. 赤くシェードをかけたクレードは“クリプチスタ生物群”である。光合成性生物群には星印を付けた。

類) でも、MEP 経路を構成する遺伝子を保持していることが分かっている。しかし *Palpitomonas*、*Goniomonas* sp.、*Roombia* sp. の EST データ内には MEP 経路関連遺伝子転写物は発見できず、本解析では 2 次的に光合成能力を失ったかどうか判断することはできなかった。

このグループ内でまず *Palpitomonas* が分岐し、ついでカタブレファリス類が分岐した後、クリプト藻類とゴニオモナス類が分岐したと推測された。我々はこの生物群を“クリプチスタ生物群”と呼ぶことを提唱する。

興味深いことに、159 遺伝子解析ではクリプチスタ生物群は、解像度はないものの光合成を行うハプト藻類、緑色植物類、灰色藻類と近縁である可能性が示唆されている [図 1]。従って、クリプチスタ生物群の共通祖先は光合成性であり、*Palpitomonas*、ゴニオモナス類、カタブレファリス類は二次的に光合成能力を失った可能性がある。この可能性を検証するため、*Palpitomonas*、*Goniomonas* sp.、*Roombia* sp. の EST データ内に葉緑体関連遺伝子転写産物を探索した。本解析ではとくにイソプレノイド合成系について着目した。一般に光合成真核生物は、葉緑体に局在する非メバロン産

(MEP) 経路でイソプレノイドを合成する。これまでの研究で 2 次的に光合成能力を失った生物種 (例えばパーキンサス類) でも、MEP 経路を構成する遺伝子を保持していることが分かっている。しかし *Palpitomonas*、*Goniomonas* sp.、*Roombia* sp. の EST データ内には MEP 経路関連遺伝子転写物は発見できず、本解析では 2 次的に光合成能力を失ったかどうか判断することはできなかった。

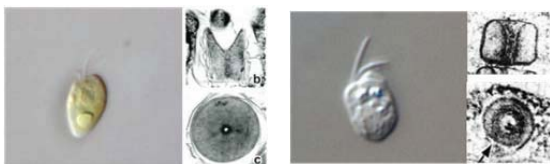
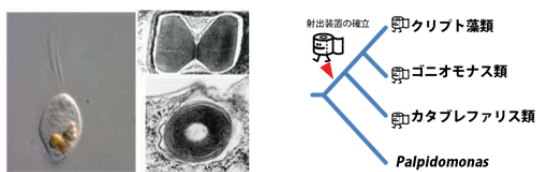


図 2: クリプト藻 (左上)、ゴニオモナス類 (右上) およびカタブレファリス類 (左下) の射出装置とクリプチスタ生物群における射出装置の進化 (右下). 光学得顕微鏡写真は矢吹彬憲博士から提供された. クリプト藻射出装置の電子顕微鏡写真 (左上) は Hausmann (*Int Rev Cytol* 1948 52:197-276) より、ゴニオモナス類射出装置の電子顕微鏡写真 (右上) は Mignot (*J Microscopie* 1965



4:239-252) より、カタブレファリス類射出装置の電子顕微鏡写真 (左下) は Lee & Kugrens (*J Phycol* 1991 27:505-513) および Okamoto & Inouye (*Protist* 2005 156:163-179) より抜粋した。

これまでの顕微鏡観察からクリプト藻類、ゴニオモナス類、カタブレファリス類は、電子顕微鏡観察によると「トイレットペーパー状」に見える射出装置 (ejectosomes) をもつことが分かっている [図 2、左上、左下、右上参照]。クリプト藻ではその構成タンパクをコードする *tri* 遺伝子群が同定されている (Yamgishi et al. *J Mol Evol* 2012 74:147-157)。興味深いことに *tri* 遺伝子転写物が *Goniomonas* sp. および *Roombia* sp. の EST データ中に発見された。一方 *Palpitomonas* 細胞には射出装置はなく、EST データにも *tri* 遺伝子転写物は検出されなかった。

射出装置の有無を、159 遺伝子系統解析から推測されたクリプチスタ生物群の分岐順にあてはめると、*Palpitomonas* が分岐した後、クリプト藻類、ゴニオモナス類、カタブレファリス類の共通祖先が射出装置を獲得したと解釈できる [図 2、右下の模式図参照]。

*Palpitomonas*・*Roombia* 等クリプチスタ生物群に含まれる従属栄養性真核微生物に関する研究は、科学研究費補助金基盤研究 (B)「ハプト・クリプト藻類を含む新奇巨大生物群の提唱とクロムアルベオラータ仮説の検証」(代表・稲垣; 課題番号 21370031) の支援を受けた。

## (2) 新奇真核生物種 *Tsukubamonas globosa* の解析

筑波大学構内の兵太郎池から単離された新奇従属栄養性真核微生物 *Tsukubamonas globosa* は、エクスカバータ生物群のディスコバ生物群と呼ばれるグループに含まれる。我々は H23 年度までに *Tsukubamonas* の EST 解析を行い、そのデータを元に 157 遺伝子データを作成し大規模系統解析を行った。157 遺伝子データにもとづく最尤法による分子系統解析では、*Tsukubamonas* を含むディスコバ生物群が単系統となり、この関係はブートストラップ値 92% で支持された。またこのクレード中で、*Tsukubamonas* はこれまで知られている既知のディスコバグループに属することはなかったが、ヘテロロボサ類 [図 3 では *Naegleria*] とユーグレノゾア類 [図 3 では *Diplonema* と *Euglena*] の基部から分岐し、その系統関係はブートストラップ値 99% で支持された。従って今回の 157 遺伝子アライメントの系統解析により、*Tsukubamonas* は、①ディスコバ生物群の独立した新奇系統群であること、②ヘテロロボサ類 + ユーグレノゾア類と姉妹群であると推測された。

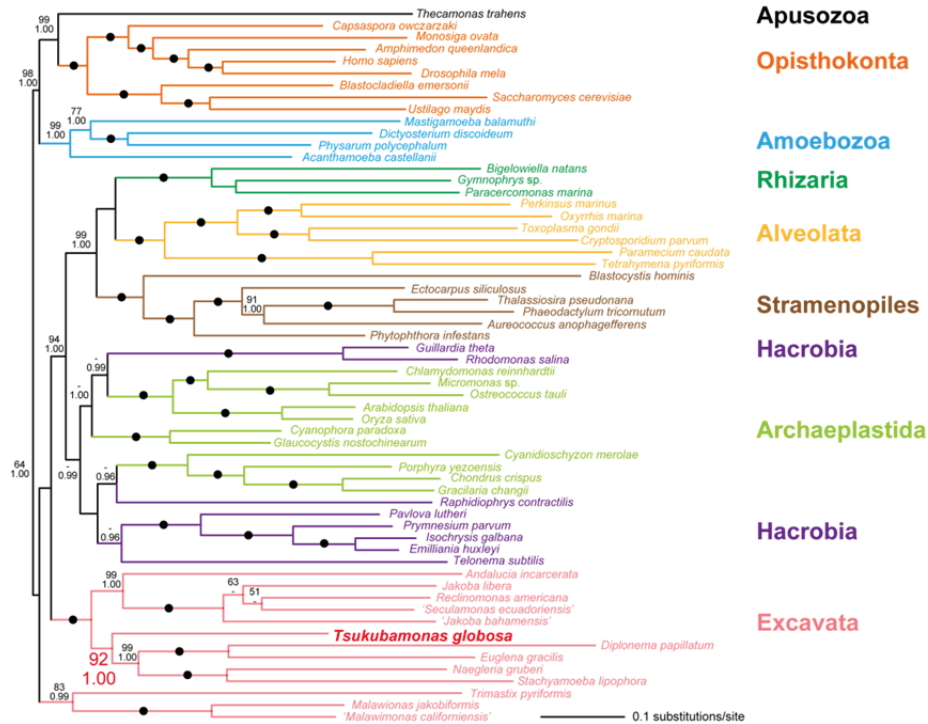


図 3 :  
157 遺伝子アライメントから最尤法により推測された真核生物の系統関係

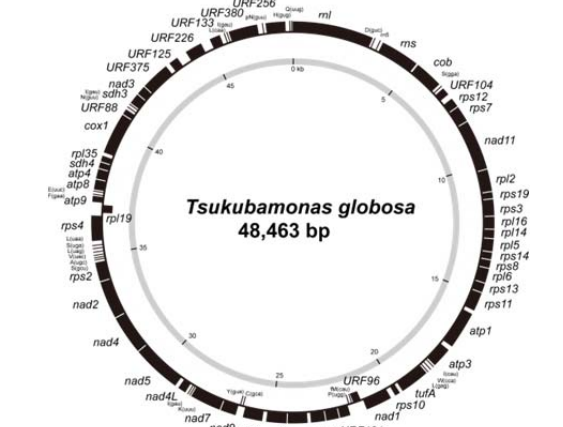


図 4 : *Tsukubamonas globosa* ミトコンドリアゲノム  
とに成功した。

ディスコバ生物群のうちヤコバ類のミトコンドリア (mt) ゲノムは、一般の真核生物 mt にくらべより多くの遺伝子をコードしていることから原始的であるとも考えられ、mt ゲノムと真核生物の初期進化を考察する上で極めて重要である。我々は *Tsukubamonas* の mt ゲノムを完全解読に成功したが〔図 4〕、157 遺伝子データに基づく大規模分子系統解析から解明されたディスコバ生物群の系統関係をもとに、この生物群において mt ゲノムコード遺伝子がどのように変化したのかを解明すること

(3) フォルニカータ生物群に属する嫌気性真核微生物種の解析

フォルニカータ生物群は嫌気性あるいは微好気性真核生物から構成され、病原性真核微生物 *Giardia intestinalis* に代表されるディプロモナス類と自由生活性の「カルペディエモナス様生物 (*Carpediemonas*-like organisms or CLOs)」が含まれる。病原性微生物として研究されてきた *Giardia* は、嫌気環境へ適応する過程で好気性 mt を機能不明の mt 由来オルガネラ・マイトソームへと改変したことが分かっている。しかし、ディプロモナス類のマイトソームがどのように成立したのかはよく理解できていない。我々は、フォルニカータ

生物群中での嫌気性 mt およびミトソームの進化を解明するため、主要な CLO から EST データを取得してきた (カナダ・Dalhousie 大学の Alastair Simpson 博士、Andrew Roger 博士等との共同研究)。これらの EST データを基盤に 163 遺伝子アライメントを作成し、大規模系統解析を行った結果、フォルニカータ生物群の主要生物種間の系統関係を高精度で解明することに成功した [図 5]。H25 年度には各種 CLOs の EST データ中に mt 由来オルガネラで機能すると考えられる遺伝子を網羅的に探索し、系統間での mt 由来オルガネラ機能の普遍性と特異性を検出する。

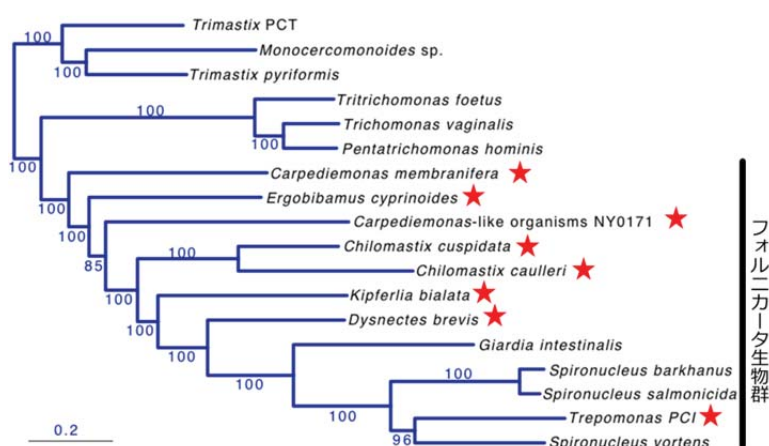


図 5 :  
163 遺伝子アライメントから最尤法により推測されたフォルニカータ生物群の主要系統間の関係  
我々が EST 解析に関連した生物種には星印を付けた。

## 【2】新奇真核生物の発見

H24 年度には以下の新奇真核微生物の培養株を新たに確立した。H25 年度には、次世代シーケンシングを用いてこれらの生物種の網羅的発現遺伝子解析を行う予定である。

### (1) 嫌気性従属栄養性ストラメノパイル生物 MAST-13

ストラメノパイル生物群には、海水から抽出した DNA から PCR 法により増幅した 18S リボソーム RNA 配列だけから存在が推測されている系統群 (通称 MAST) が多数存在する。我々は、この MAST グループのうち MAST-13 に属する嫌気性従属栄養性真核微生物を単離し、培養株化に成功した。[カナダ British Columbia 大・雪吹直史博士との共同研究]

### (2) 嫌気性従属栄養性真核微生物 PAP020 株

PAP020 株は嫌気性真核微生物であり、培養株化され、実験室内で継代培養されている。この細胞の光学顕微鏡観察による形態観察では、その系統的位置に目星をつけることができなかった。また 18S rRNA 配列を決定し分子系統解析を行ったが、PAP020 株が既知のどのような真核生物に近縁なのか全く分からず、高次分類群レベルで全く新奇な生物である可能性がある。[筑波大・石田健一郎博士、白鳥峻志氏との共同研究]

### (3) 緑色渦鞭毛藻類 TRD および MRD 株

一般に光合成性渦鞭毛藻類の葉緑体は「ペリニディン型」と呼ばれ、特異な補助色素ペリ

ディニンを含む。その一方、一部の渦鞭毛藻類は系統的に異なる真核藻類が細胞内共生を通して葉緑体化し、ペリディニン型葉緑体と置換した結果である「非ペリディニン型」葉緑体をもっている。*Lepidodinium* 属渦鞭毛藻類は緑色を呈する非ペリディニン型葉緑体を持ち、その葉緑体は緑藻起源であることが分かっている。我々は *Lepidodinium* 属とは形態的に異なる緑色渦鞭毛藻類 TRD 株および MRD 株を培養株化することに成功した。[山形大学・岩滝光儀博士、皿井千裕氏との共同研究]

### 【3】分子系統解析の方法論研究

#### (1) 塩基組成の偏りがもたらすアーティファクト

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”モデルによる系統解析プログラムの実用化が必須である。H24 年度までに、塩基組成の偏りの程度を変えたシミュレーションデータを作成し、non-homogeneous モデル解析の頑健性を詳細に検証した。その結果、non-homogeneous モデル解析は塩基組成の偏りに起因するアーティファクトを抑制しうることを示した。H24 年度からは、石川奏太（生物科学専攻後期 1 年・CS 専攻 M1）が non-homogeneous モデルを実装した系統解析プログラム NHML (Galtier & Gouy *Mol Biol Evol* 1998 15:871-879) を超並列計算機上での使用を前提とした改変を行い、その性能評価を開始した。Subtree pruning and regrafting（発見的樹形探索）の並列化、尤度計算の並列化における通信作業の最適化、複数の初期樹形からの樹形探索の並列化などを行っている。

### 4. 外部資金の獲得状況

- 基盤研究 (B)「ハプト・クリプト藻類を含む新奇巨大生物群の提唱とクロムアルベオラータ仮説の検証（課題番号 21370031）」代表、研究期間：2009~2012  
交付決定額：直接経費 1,800 千円（期間全体 14,200 千円）、間接経費 540 千円（期間全体 4,260 千円）
- 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）」代表、研究期間：2011~2015  
交付決定額：直接経費 17,100 千円（期間全体 14,200 千円・予定）、間接経費 5,130 千円（期間全体 4,260 千円・予定）

## 5. 研究業績

### (1) 研究論文

- 1 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. *Journal of Plant Research* 125:705-711.
- 2 Tsuji M, Sato M, Tanabe AS, **Inagaki Y**, **Hashimoto T**. An asynchronous parallel genetic algorithm for the maximum likelihood phylogenetic tree search. 2012 *Proceedings of 2012 IEEE Congress on Evolutionary Computation*. doi: 10.1109/CEC.2012.6256560
- 3 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. 2012 *Journal of Eukaryotic Microbiology* 59:367-373.
- 4 Ishikawa SA, **Inagaki Y**, **Hashimoto T**. RY-coding and non-homogeneous models ameliorate the maximum-likelihood inferences from nucleotide sequence data with parallel compositional heterogeneity. 2012 *Evolutionary Bioinformatics* 8:357-371.
- 5 Nishimura Y, **Kamikawa R**, **Hashimoto T**, **Inagaki Y**. Separate origins of group I introns in two mitochondrial genes of the katablepharid *Leucocryptos marina*. 2012 *PLoS One* 7:e37307.
- 6 Takishita K, Kolisko M, Komatsuzaki H, Yabuki A, **Inagaki Y**, Cepicka I, Smejkalova P, Silberman JD, **Hashimoto T**, Roger AJ, Simpson AGB. Multigene phylogenies of diverse *Carpodomonas*-like organisms identify the closest relatives of 'amitochondriate' diplomonads and retortamonads. 2012 *Protist* 163:344-355.
- 7 Nagayasu E, Ishikawa S, Taketani S, Ooka T, Chakraborty G, Yoshida A, **Inagaki Y**, Hayashi T, Maruyama H. Identification of a bacteria-like ferrochelatase gene in *Strongyloides venezuelensis*, an animal parasitic nematode. *PLoS One* 8:e58458.

### (2) 学会発表 (発表者は太字)

#### (A) 招待講演 (すべて口頭発表)

- 1 **Yuji Inagaki**. Genome evolution of the nitrogen-fixing cyanobacterial endosymbiont in the diatom *Epithemia turgida*. 2012 年 7 月 29 日-8 月 3 日 Integrated Microbial Biodiversity Program Meeting, Canadian Institute for Advanced Research. Hilton Hotel, Quebec City, Quebec, Canada.
- 2 **Yuji Inagaki**. A model for endosymbiotic genome reduction: rhopalodiacean diatoms and their nitrogen-fixing organelle, spheroid body. (Oral, Invited) 2012

年 7 月 29 日-8 月 3 日 Protist2012 University of Oslo, Oslo, Norway.

- 3 **Yuji Inagaki**, Ryoma Kamikawa, Takuro Nakayama, Goro Tanifuji, **Tetsuo Hashimoto**. 細胞共生体由来オルガネラ進化に関する新たな展開 (New aspects of the evolution of endosymbiotic bacterium-derived organelles). 2012 年 9 月 19-22 日 第 28 回日本微生物生態学会 (JSME 2012) 豊橋技術科学大学, 豊橋, 愛知.
- 4 **Ryoma Kamikawa**, Akinori Yabuki, **Tetsuo Hashimoto**, Yuki Nishimura, **Yuji Inagaki**. 新奇真核微生物がもたらす新しい真核生物大系統像 (Searching for missing pieces in natural environments: With the emphasis on the importance of culture strains of enigmatic eukaryotes for global eukaryotic phylogeny). 2012 年 9 月 19-22 日 第 28 回日本微生物生態学会 (JSME 2012) 豊橋技術科学大学, 豊橋, 愛知.
- 5 **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. 2013 年 3 月 20 日 第 15 回植物オルガネラワークショップ オルガホール, 岡山, 岡山.

(B) その他の学会発表

- 1 石谷佳之、石川奏太、神川龍馬、矢吹彬憲、土屋正史、**稲垣祐司**、瀧下清貴. 放散虫と有孔虫が互いに姉妹群とする「レタリア仮説」に基づいたアクチン、チューブリンおよびペプチド伸長因子の複雑な進化シナリオ. (口頭発表) 2012 年 5 月 20-25 日 日本地球惑星科学連合 2012 年大会 幕張メッセ国際会議場, 幕張, 千葉.
- 2 横山亜紀子 守屋繁春、**稲垣祐司**、**橋本哲男**、白鳥峻志、中山剛、石田健一郎、井上勲. メタゲノミクスで探る東京湾沿岸の藻類・プロティスト相. (口頭発表) 2012 年 5 月 20-25 日 日本地球惑星科学連合 2012 年大会 幕張メッセ国際会議場, 幕張, 千葉.
- 3 西村祐貴、**神川龍馬**、**稲垣祐司**、**橋本哲男**. ローリングサークル型複製法に基づく原生生物ミトコンドリアゲノムのシーケンス解析. (口頭発表) 2012 年 7 月 13-15 日 日本藻類学会第 36 回大会 北海道大, 札幌, 北海道.
- 4 矢崎裕規、**神川龍馬**、**橋本哲男**、**稲垣祐司**. *Karenia* 属渦鞭毛藻類の三次葉緑体獲得に伴う葉緑体型 GAPDH の進化. (ポスター発表) 2012 年 7 月 13-15 日 日本藻類学会第 36 回大会 北海道大, 札幌, 北海道.
- 5 横山亜紀子、守屋繁春、**稲垣祐司**、**橋本哲男**、井上勲. 塩基配列情報で探る東京湾沿岸の真核微生物相とその季節変動. (口頭発表) 2012 年 7 月 13-15 日 日本藻類学会第 36 回大会 北海道大, 札幌, 北海道.
- 6 **神川龍馬**、吉田昌樹、平美砂歌、石田健一郎、**橋本哲男**、**稲垣祐司**. 光合成能進化研究のモデルとしての無色珪藻類 *Nitzschia* spp. (口頭発表) 2012 年 7 月 13-15 日 日本藻類学会第 36 回大会 北海道大, 札幌, 北海道.
- 7 松本拓也、**神川龍馬**、**橋本哲男**、**稲垣祐司**. 渦鞭毛藻 *Lepidodinium* EST 解析による



- ヌクレオモルフ関連遺伝子の探索. (ポスター発表) 2012 年 7 月 13-15 日 日本藻類学会第 36 回大会 北海道大, 札幌, 北海道.
- 8 **稲垣祐司**. 珪藻 *Epithemia turgida* 細胞における窒素固定シアノバクテリア共生体のゲノム解析. (口頭発表) 2012 年 7 月 20-21 日 第 1 回マトリョーシカ型生物学会 国立感染症研究所, 東京, 東京.
  - 9 西村祐貴、**神川龍馬**、**稲垣祐司**、**橋本哲男**. ローリングサークル型複製法に基づく原生生物ミトコンドリアゲノムのシーケンス解析. (ポスター発表) 2012 年 7 月 20-21 日 第 1 回マトリョーシカ型生物学会 国立感染症研究所, 東京, 東京.
  - 10 矢崎裕規、**神川龍馬**、**橋本哲男**、**稲垣祐司**. *Karenia* 属渦鞭毛藻類の三次葉緑体獲得に伴う葉緑体型 GAPDH の進化. (ポスター発表) 2012 年 7 月 20-21 日 第 1 回マトリョーシカ型生物学会 国立感染症研究所, 東京, 東京.
  - 11 久米慶太郎、平澤輝仁、松尾恵梨子、沈茹菁、**神川龍馬**、**稲垣祐司**、**橋本哲男**. *Dysnectes brevis* ミトコンドリア関連タンパク質における輸送シグナル配列の探索. (ポスター発表) 2012 年 7 月 20-21 日 第 1 回マトリョーシカ型生物学会 国立感染症研究所, 東京, 東京.
  - 12 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. (口頭発表) 2012 年 7 月 29 日-8 月 3 日 Protist2012 University of Oslo, Oslo, Norway.
  - 13 Yuki Nishimura, **Ryoma Kamikawa**, **Yuji Inagaki**, **Tetsuo Hashimoto**. A new strategy of organellar genome sequencing incorporating rolling circle amplification: protist mitochondria genomes. (ポスター発表) 2012 年 7 月 29 日-8 月 3 日 Protist2012 University of Oslo, Oslo, Norway.
  - 14 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*? (ポスター発表) 2012 年 7 月 29 日-8 月 3 日 Protist2012 University of Oslo, Oslo, Norway.
  - 15 **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*. (口頭発表) 2012 年 7 月 29 日-8 月 3 日 Protist2012 University of Oslo, Oslo, Norway.
  - 16 Akiko Yokoyama, Shigeharu Moriya, **Yuji Inagaki**, **Tetsuo Hashimoto**, Isao Inouye. Seasonal succession of eukaryotic community detected by environmental sequences in Tokyo Bay, Japan. (ポスター発表) 2012 年 7 月 29 日-8 月 3 日 Protist2012

University of Oslo, Oslo, Norway.

- 17 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. (口頭発表)2012年7月29日-8月3日 Protist2012 University of Oslo, Oslo, Norway.
- 18 神川龍馬、西村祐貴、矢吹彬憲、Martin Kolisko、Alastair GB Simpson、Andrew J Roger、石田健一郎、橋本哲男、稲垣祐司. The enigmatic discobid *Tsukubamonas globosa*: phylogenomic analysis and mitochondrial genome sequence (新奇単細胞真核生物 *Tsukubamonas globosa* の系統的位置とミトコンドリアゲノム). (ポスター発表)2012 Dec 11-14 第35回日本分子生物学会 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 福岡, 福岡.
- 19 神川龍馬、西村祐貴、左子芳彦、橋本哲男、稲垣祐司. The genes encoding elongation factor 1 $\alpha$  and elongation factor-like protein co-exist in distantly related eukaryotic genomes (真核生物における翻訳伸長因子 EF-1 $\alpha$  と EFL を両有するゲノムの分布). (ポスター発表)2012年12月11-14日 第35回日本分子生物学会 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 福岡, 福岡.
- 20 神川龍馬、Martin Kolisko、Jan Andersson、Alastair GB Simpson、Andrew J Roger、稲垣祐司、橋本哲男. A comparative transcriptomic analysis of the mitochondrion-related organelles in members of an anaerobic protist group, Fornicata (嫌気環境に適応した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のトランスクリプトーム比較解析). (ポスター発表)2012年12月11-14日 第35回日本分子生物学会 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 福岡, 福岡.
- 21 神川龍馬、Martin Kolisko、Jan O Andersson、Alastair GB Simpson、Andrew J Roger、稲垣祐司、橋本哲男. ミトコンドリア関連オルガネラの縮退進化. (口頭発表)2012年12月19-21日 日本ミトコンドリア学会第12回年会 筑波大学, つくば, 茨城.
- 22 橋本哲男、神川龍馬、林奈々子、稲垣祐司. 嫌気性寄生原虫におけるエネルギー代謝関連酵素の分子進化 (Molecular evolution of energy metabolism-related proteins in anaerobic protozoan parasites). (口頭発表)2013年3月29-31日 第82回日本寄生虫学会 日本医科歯科大学, 東京, 東京.

## 6. 異分野連携・国際連携等

なし

## 7. 国際活動

Councilor-at-large, International Society of Evolutionary Protistology (2008 年より)

## 8. 教育

- 矢崎裕規、修士（理学）論文題目「*Karenia* 属渦鞭毛藻類の三次葉緑体獲得に伴う葉緑体型 GAPDH の進化」
- 久米慶太郎、学士（理学）論文題目「Fornicata 生物の持つミトコンドリア関連タンパク質に存在する輸送シグナルの探索」

## 9. 社会貢献・国際貢献

なし

## 10. その他

関東プロティスト倶楽部（真核微生物を材料にした幅広い研究者の相互交流を目指す研究会：<https://sites.google.com/site/memicrobes/home/kpc>）を主催している。

※2012 年 6 月 1 日（順天堂大）と 2013 年 2 月 12 日（東京慈恵医科大）にて開催した。