

戦略的創造研究推進事業 CREST  
研究領域「海洋生物多様性および生態系の保全・  
再生に資する基盤技術の創出」  
研究課題「超高速遺伝子解析時代の海洋生態系  
評価手法の創出」

## 研究終了報告書

研究期間 平成23年12月～平成29年3月

研究代表者：木暮 一啓  
(東京大学大気海洋研究所、教授)

## § 1 研究実施の概要

### (1) 実施概要

近年の遺伝子解析技術の急速な進歩により、環境中の多量の遺伝子情報を短時間に得ることが可能になってきた。これにより、海洋には膨大な数の未知の微生物(ここでは全体を通じて原核生物を意味する)が存在すること、さらにそれらが多様な遺伝子群を持ち、その大部分の機能はやはり未知であることが明らかになってきた。こうした多量の遺伝子群はそれを保持する微生物群の生物的特性と環境要因を反映して変動していると考えられるため、環境要因と特定遺伝子との関連が明確化されれば、逆に遺伝子構造から環境の特性を知ることができるであろう。適当な 100 の遺伝子を選択してその検出を行うことによってそれを可能にする(100 Genes Set Analysis; 100GSA)、これが本研究の目指すところであった。

このために、必要な情報あるいは開発すべきいくつかの技術がある。まず、海洋環境中の機能遺伝子群をその環境要因と併せて明らかにしていくことが必要である。これが総合解析グループの役割である。さらに技術的問題として、第一に、複数の異なる遺伝子を標的にして評価システムを作る場合、それらをどのように検出するのか、第二に、機能遺伝子の大部分が未知のままならば、開発した方法をさらに多様な環境に適用していく際に限界が生じる。そのため、新たな技術を用いて環境の評価につながるような未知遺伝子の機能を明らかにしていく作業が必要である。第三に、環境要因は時空間的に連続的に変化していく。そのような変化を捉えて評価を可能にしていくには、既存の船舶によるサンプリング方法では限界があり、そのような変化を捉えうる新たなサンプリング手法の開発が求められる。この第一の技術は総合解析グループで、第二、第三の技術はそれぞれ遺伝子解析基盤技術グループ、遺伝子アーカイバグループが担当し、相互に緊密な連携のもとに研究を進めてきた。

総合解析グループでは、主に東北沖の沿岸域から沖合にかけての環境要因の傾斜域の遺伝子情報をもとに、発現遺伝子の解析を行った。その結果、光応答系、窒素代謝系、ビタミン合成などの遺伝子を選択し、その一部についてすでにプローブを設計、残りについても設計中である。また、この検出系には、キャプチャービーズ法を採用した。この方法は、100GSAの標的とする遺伝子に対してビオチン化したプローブを用意し、ハイブリダイゼーション後、アビジン磁気ビーズによって対象遺伝子を濃縮した後、塩基配列を求める方法で、環境中の試料に適用された例は実質的にはほとんどない。複数の対象遺伝子を同時に解析することができる、またそれぞれに複数のプローブを用意することによって、配列に多少の変異があってもカバーすることができる、さらには PCR 法と異なり、対象遺伝子に連なる配列も読んでしまうことができるというメリットがある。これをアーカイバによって得た試料(後述)に適用試験中である。

遺伝子解析基盤技術グループはまず微生物群集の 16S rDNA の新たなデータベース(DB)構築を行った。世界には多くの 16S rDNA データベースがあるが、それぞれが独立に存在している。同グループが開発した MetaMetaDB は、そうした DB を繋いだものであり、この DB にアプローチすることにより、特定の配列が世界のどのような環境で見出されたのかを知ることができる。これによって特定の系統群の環境中での広がりを調べ、その起源や移動パターンなどを議論することが可能になった。同時に、魚類のミトコンドリア DNA の DB である MitoFish を確立した。次に、大規模比較ゲノムを軸にした、未知機能遺伝子の新たな探索法の開発を行った。具体的には有機物の凝集プロセスにかかわる遺伝子、光受容タンパクであるプロテオロドプシンの機能関連遺伝子など、これまで未知であった遺伝子の新たな機能を見出している。さらにこのグループは、総合解析と協働して 100GSA 用へのプローブ設計を行っている。

遺伝子アーカイバグループが開発を目指したのは、主要な環境パラメータを連続的に取得すると同時に、微生物群集を捕捉し、その発現遺伝子を解析することを可能にする新たなサンプラーの開発であった。6 連の試作器の作成と沿岸環境における原理実証の後、24 連の試作実機を完成させ、神奈川県三崎にて 2 日間にわたる連続観測を行っている。環境パラメータの取得には問題がなく、現在得られた微生物試料の解析を行っている。動作的にはほぼ問題がないことが確認されており、例えば使用フィルタのサイズを小さくすることによってさらに取得可能なサンプル数を増やすことができる。これによって様々な環境に設置あるいは船舶からウインチに装着して連続的に

環境パラメータを把握するとともに、微生物群集を濃縮・RNA の固定まで現場で実施することを可能にし、従来になく汎用性が高い新たなサンプラーとして完成されたとともに、今後、その多様な利用が期待できる。

## (2) 顕著な成果

### ＜優れた基礎研究としての成果＞

1. 近年の研究から、海洋表層の細菌群集の半分程度に、プロテオロドプシンという光受容タンパクがあること、光エネルギーを用いてプロトンポンプとして機能し、それによってATPが合成されることが知られてきた。本研究を通じてメタゲノム、海洋分離株の遺伝子解析と生化学的機能解析を組み合わせ、ナトリウムイオン排出性のロドプシン(NaR)、塩化物イオンを取り込むロドプシン(CIR)を発見し、さらに共同研究を通じてNaRの構造を明らかにした。
2. 海洋における有機物凝集体の生成に海洋細菌が関わっていることはこれまで示唆されていたが、その遺伝的基盤については不明であった。本研究では、バイオインフォマティクス技術を駆使した比較ゲノム解析を行うことにより、海洋における有機物凝集体の生成に深く関わっていると考えられる遺伝子を同定し、mag 遺伝子と命名した。本遺伝子は海洋生態系の基礎的な理解に貢献するとともに、遺伝子情報を用いた海洋環境評価に新たな手法を加えるものである。
3. これまでにサンプル採取装置が市販されてきていたが、その処理能力については、処理量、サンプル数等の点で必ずしも微生物遺伝子研究に最適ではなかった。本研究で開発した「海洋遺伝子アーカイバ」は、24 サンプル以上を処理可能であり、且つ信頼性の高い送液系を海中で使用可能にし、高い処理能力を実現できた。環境計測センサの出力をトリガとした動作も可能である。また、マイクロ流体デバイスを応用して、現場型 ATP 定量分析装置を高機能化し、完成度を高めた。

### ＜科学技術イノベーションに大きく寄与する成果＞

1. 海洋環境中には未知の機能遺伝子が多量に混在し、環境要因に応じて刻々と変動している。これらを検出することによって環境の特性を知ろうというのが本研究の主要な目的である。本研究を通じて、東北沿岸海域を中心に環境要因と発現遺伝子との関係を調べ、環境要因に敏感に反応する遺伝子を選びだし、ビーズキャプチャー法という手法を用いて検出する系を作り出した。今後、関連する試みに大きなインパクトを与えることが期待される。
2. 海洋微生物群集の生物種構成に変化が見られた場合に、その変化がどのような環境に生息する微生物の流入・増殖によるものかを簡便に解析することが可能なデータベース MetaMetaDB の開発に成功した(Yang and Iwasaki, 2014)。MetaMetaDB は URL <http://mmdb.aori.u-tokyo.ac.jp/> で一般に公開されており、現在、世界の研究者によって蓄積された膨大なメタゲノムデータに対して横断的に配列類似性検索を行うことができる唯一のシステムである。
3. 本研究で開発した「海洋遺伝子アーカイバ」の主要部分は国産・市販の部品で構成している。したがって、必要に応じて本装置をコストをおさえつつ市販展開することも十分に可能である。また、極めて柔軟性の高い装置構成になっているため、現場サンプル処理だけでなく採水や現場培養など、多様な用途を目的として展開することができ、海洋に関する科学技術の発展に大きく寄与できる。

## § 2 研究実施体制

### (1) 研究チームの体制について

#### ①「総合解析」グループ

研究参加者

| 氏名               | 所属                  | 役職                | 参加時期         |
|------------------|---------------------|-------------------|--------------|
| 木暮 一啓            | 東京大学大気海洋研究所         | 教授                | H23.12～      |
| 浜崎 恒二            | 同上                  | 准教授               | H23.12～      |
| 永田 俊             | 同上                  | 教授                | H23.12～      |
| 竹井 祥郎            | 同上                  | 教授                | H23.12～      |
| 佐藤 克文            | 同上                  | 准教授               | H23.12～H25.3 |
| 西田 周平            | 同上                  | 教授                | H24.4～H28.3  |
| 狩野 泰則            | 同上                  | 准教授               | H24.4～H28.3  |
| 吉山 浩平            | 岐阜大学流域圏科学研究センター     | 助教                | H24.4～       |
| 兵藤 晋             | 東京大学大気海洋研究所         | 准教授               | H23.12～      |
| 井上 広滋            | 同上                  | 准教授               | H24.4～       |
| 馬淵 浩司            | 同上                  | 助教                | H24.4～       |
| 三木 健             | 国立台湾大学海洋研究所         | 助理教授              | H24.4～       |
| 黄 國成             | 東京大学大気海洋研究所         | 特任助教              | H23.12～      |
| 吉澤 晋             | 同上                  | 准教授               | H23.12～      |
| 金子 亮             | 同上                  | 特任研究員             | H24.4～H26.11 |
| 多田 雄哉            | 北海道大学 大学院地球環境科学研究院  | 特別研究員             | H24.4～H26.3  |
| 藤村 玲子            | 東京大学大気海洋研究所         | 特任研究員             | H25.4～H27.9  |
| 佐野 雅美            | 同上                  | 特任研究員             | H25.4～H28.3  |
| 井上 健太郎           | 同上                  | 特任研究員             | H24.4～H24.12 |
| 崔 英順             | 同上                  | 外国人研究員            | H24.9～H26.3  |
| 武島 弘彦            | 人間文化研究機構 総合地球環境学研究所 | 特任助教              | H26.4～       |
| 伊知地 稔            | 東京大学大気海洋研究所         | 特任研究員             | H26.5～       |
| 日下部 郁美           | 同上                  | 特任研究員             | H26.6～H27.3  |
| 宋 在浩             | 東京大学大学院新領域創成科学研究科   | D3                | H24.4～H26.3  |
| 山田 洋輔            | 東京大学大学院理学系研究科       | 日本学術振興会 特別研究員(PD) | H24.4～       |
| Wong, Shu kuan   | 東京大学大学院新領域創成科学研究科   | D2                | H24.9～       |
| Haider, Md Nurul | 同上                  | D3                | H24.11～H27.9 |
| 鈴木 翔太郎           | 東京大学大学院農学生命科学研究科    | D3                | H24.4～H26.3  |

|                                  |                   |       |             |
|----------------------------------|-------------------|-------|-------------|
| 中島 悠                             | 東京大学大学院新領域創成科学研究科 | D2    | H24.4～      |
| Cuadra Marie<br>Johanna Leopoldo | 同上                | D2    | H26.4～H27.9 |
| 宇佐美光直                            | 同上                | M2    | H24.9～H27.3 |
| 熊谷 洋平                            | 同上                | D1    | H26.4～      |
| 中橋 大義                            | 同上                | M1    | H27.4～      |
| 小泉眞紅                             | 東京大学大気海洋研究所       | 技術補佐員 | H24.1～H28.3 |
| 角村 梓                             | 同上                | 技術補佐員 | H27.4～      |
| 馬淵 浩司                            | 同上                | 特任研究員 | H27.8～H28.3 |

#### 研究項目

- ・海洋微生物群集の多様性解析のための標準プロトコル策定
- ・機能遺伝子発現解析のための条件検討

#### ②「遺伝子解析基盤技術」グループ

##### 研究参加者

| 氏名     | 所属                | 役職     | 参加時期         |
|--------|-------------------|--------|--------------|
| 岩崎 渉   | 東京大学 大学院理学系研究科    | 准教授    | H23.12～      |
| 笠原 雅弘  | 東京大学大学院新領域創成科学研究科 | 講師     | H23.12～      |
| 大島 健志朗 | 東京大学大学院新領域創成科学研究科 | 特任准教授  | H23.12～      |
| 楊 静佳   | 東京大学 大学院理学系研究科    | 特任研究員  | H24.4～H26.1  |
| 金 錫元   | 東京大学大気海洋研究所       | 特任研究員  | H24.4～H27.3  |
| 町山 麻子  | 東京大学 大学院理学系研究科    | 学術支援職員 | H24.4～H27.3  |
| 富岡 直子  | 東京大学 大学院理学系研究科    | 学術支援職員 | H26.12～H28.3 |
| 小田 伊佐子 | 東京大学大気海洋研究所       | 技術補佐員  | H25.4～H26.3  |

#### 研究項目

- ・海洋生態系解析のためのバイオインフォマティクス技術開発
- ・海洋生態系解析システム開発

#### ③「遺伝子アーカイバ」グループ

##### 研究参加者

| 氏名    | 所属       | 役職      | 参加時期        |
|-------|----------|---------|-------------|
| 福場 辰洋 | 海洋研究開発機構 | 技術研究員   | H23.12～     |
| 野口 拓郎 | 同上       | 特任技術研究員 | H24.7～H27.5 |
| 許 正憲  | 同上       | 上席技術研究員 | H23.12～     |
| 下島 公紀 | 東京海洋大学   | 教授      | H23.12～     |
| 岡村 慶  | 高知大学     | 教授      | H23.12～     |

#### 研究項目

- ・海洋遺伝子アーカイバ(MGA)システム実機開発
- ・先端技術を応用したシステム開発

## § 3 研究実施内容及び成果

### 3.1 総合解析(東京大学 木暮グループ)

本研究のねらいは、遺伝子解析基盤技術グループおよび遺伝子アーカイバグループと協力しながら、微生物遺伝子を標的にした海洋生態系の新たな評価法を確立することである。この研究を通じ、主に、16S rDNA 塩基配列に基づく微生物の群集構造の解析、発現遺伝子群(mRNA)を対象にしたメタトランスクリプトーム解析を行ってきた。発現遺伝子群が例えば日周変動のような短い環境要因に応答して変化する一方、群集構成はある環境変動の範囲内で増殖、維持される群集を見ることになり、より長期の環境変動への応答を見ることにつながる。また、その範囲がかなり限定される種は、そうした特定環境の指標種とみなされる。以下、研究のステップとしては、大きく、基本的な解析技術の確立、海洋現場でのサンプリング、その結果の解析と新手法の開発、という順序で進めた。その評価を広げていくために、魚の腸内細菌、真核生物の環境応答遺伝子に関する検討も行っている。また、それぞれのステップの中で必要に応じて遺伝子解析基盤技術グループ、遺伝子アーカイバグループさらには五條堀チーム、竹山チームと連携を図ってきた。

#### 3.1.1 サンプリング手法

海洋微生物群集およびその発現遺伝子の捕集については、一貫した方法で進める必要がある。このため、海域、採水深度、採水からろ過までのプロセス、使用フィルター、ろ過法、その後のサンプルの処理法などについて最初に検討を行った。

海域およびサンプリングについては、主に以下について行ってきた。

##### ・東北海域におけるサンプリング

マリンサイエンス拠点形成事業の研究航海への参画を前提として、東北海域において、大槌湾および女川湾から外洋にかけての測点を対象としから採水を行った。湾内から外洋にかけては栄養塩、有機物の勾配があるとともに、東北沖海域は温度塩分に基づいた水塊区分が報告されており、それらとの対応を見ることが方向性である。具体的には、学術研究船淡青丸(JAMSTEC)、第三海洋丸、東北海洋生態系調査研究船新青丸(JAMSTEC)を用いて、大槌湾およびその東方海域、女川湾およびその東方海域、釜石湾に定点を置き、継続的な観測を行った(次頁、図 1)。解析中の航海の航海名、観測月は表1のとおりである。各航海では、上記の観測定点の有光層内(表層、50m、100m)でのサンプリングを行った。これは日周変化、つまり光への応答を見るため、また、有光層下になると、サンプリングからろ過処理までの時間が長くなり、発現解析には適さないことが理由である。

##### ・学術研究船白鳳丸による外洋域における観測

学術研究船白鳳丸 KH-14-2 航海(2014 年 5 月 20 日(火)ー6 月 11 日(水))において、NBD, SBD(図2)の 2 点において、発現遺伝子の日周応答を見るために、昼夜の連続観測を行った。

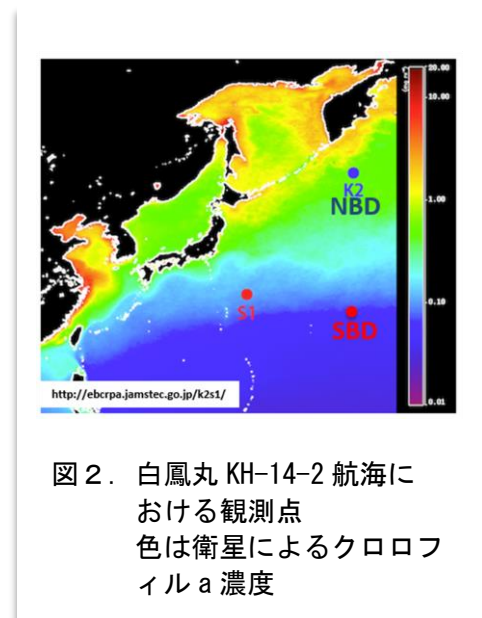
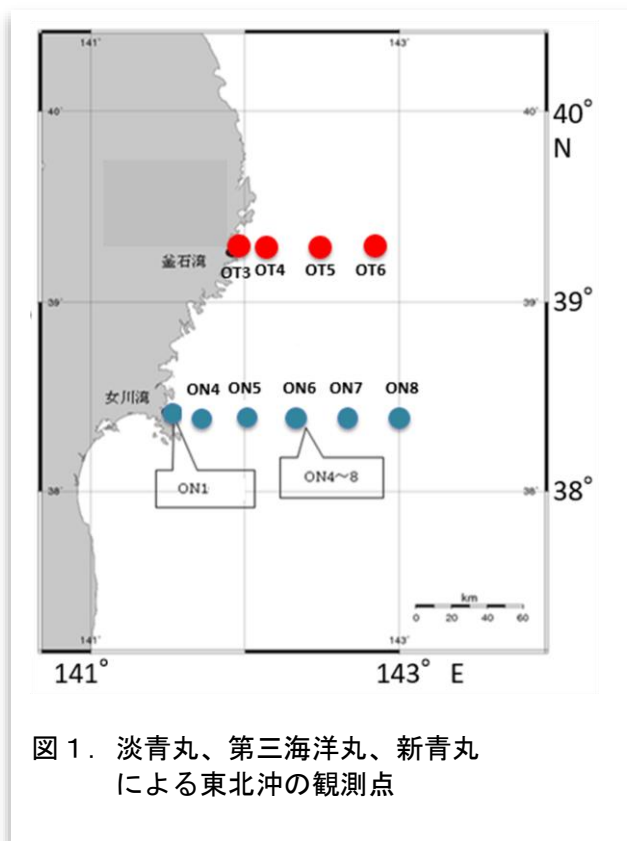
##### ・遺伝子アーカイバの利用試験のための観測

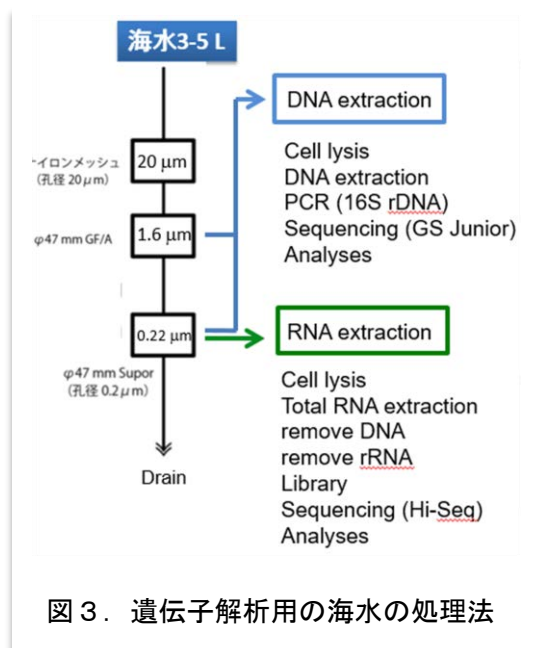
遺伝子アーカイバは時空間的に短いサンプリングと環境パラメータの取得を可能にする。これを用いてやはり発現遺伝子の日周応答を見るために、下記のように神奈川県三崎の東大理学部臨海実験所栈橋、海洋研究開発機構岸壁、にアーカイバを設置し、試験的な連続採水を行った。なお、当初岩手県大槌湾(東大大気海洋研究所、国際沿岸海洋研究センター、係船場)にて観測を予定していたが、機材の運搬および現場への設置が難しいことから、三崎を選んだ。また、三崎は一般に大槌より生物量が多く、より明確な測定結果を得られると考えた。

- ① 2015 年 8 月 26-27 日 6 連アーカイバ試験 三崎、東大臨海実験所栈橋
- ② 同年 9 月 17-18 日 6 連アーカイバ試験 横須賀、海洋研究開発機構岸壁
- ③ 2016 年 9 月 26-29 日 24 連アーカイバ試験 三崎、東大臨海実験所栈橋

表 1. 本解析に使われた東北海域における航海名とその時期

| 年    | 調査名     | 1月 | 2月 | 3月 | 4月 | 5月 | 6月 | 7月 | 8月 | 9月 | 10月 | 11月 | 12月 |
|------|---------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|
| 2012 | KT12-27 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
| 2013 | KT13-02 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
|      | KK13-01 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
|      | 大槌湾内調査  |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
|      | KK13-06 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
|      | KS13-01 |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
| 2014 | KS14-2  |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |
|      | KS14-4  |    |    |    |    |    |    |    |    |    |     |     |     |





海水試料は、検討の結果、ナイロンメッシュ（口径 20µm）で動物プランクトンや大型粒子を除いた後、GF/A フィルター（口径 1.6µm）、ステリベクスフィルター（口径 0.22µm）にて順次ろ過を行うこととした。GF/A フィルターは付着性の群集の捕集、ステリベクスフィルターは残った浮遊性群集の捕集のためにである。DNA 解析についてはおおむね 1 時間以内に行うことが必要だが、発現解析のためには採水後 30 分以内のろ過と保存、1 枚のフィルターで 500mL までのろ過を基本とした（図3）。

群集構造解析には、DNAを抽出後、16S rRNA 遺伝子をPCRで増幅後、基本的に V1-V2 region の塩基配列を 454 GS Junior（Roche）にて求め、Mothur software package (<http://www.mothur.org/>) を用いて解析した。RNA は mirVana miRNA isolation kit (Ambion) を用いて抽出し、DNA を除いた後、Dynabeads mRNA purification kit (Ambion) で回収し、polyadenylation を行った。次いで cDNA Synthesis kit (Takara) によって cDNA を作った。塩基配列は HiSeq (Illumina) で求めた。

### 3. 1.2 群集構造解析

東北沖の海域は黒潮、親潮、津軽暖流水が流入し、それが季節に応じて変化することが TS ダイアグラムから分かっている (Hanawa and Mitsudera 1987)。群集構造解析によって、

- ・そうした水塊構造と群集構造との間にどのような関係があるか。
- ・特定群集と環境要因との間にどのような関係がみられるか。
- ・水塊を特徴づける特定の配列がみられるか。

について検討を行った。特定種の配列は水塊を特徴づける 100GSA 候補となりうる。

群集構造解析に関しては、東北沖で、0.22・m のフィルター上にトラップされた群集について実施した。

微生物群集構造と水塊構造との関わりに関しては、東北沖の水塊における微生物群集構造のクラスター解析を行い、各クラスターを TS ダイアグラムにマッピングした。ここから、クラスターと TS に基づく水塊構造にある程度の対応があることが分かった。ただし、TW (津軽暖流水) と OW (親潮) の接点付近では必ずしもきれいな分離がみられない、また SW (表面水) の中では、TS では分からないものの、微生物群集構造から異なる水塊の存在が示唆された。

一方、特定の群集あるいは配列の分布がどのような環境要因に制御されているのかを見るために、観測点間の群集構造の類似度を元に二次元プロットし、Redundancy analysis (RDA) により、群集構造の変動と環境パラメータの変動の相関分析を行い、環境パラメータの相関をベクトル表示し、ANOVA で有意に相関するパラメータを調べた。その結果、例えば *Synechococcus* と温度、Flavobacteriaceae と chl a との関連などが明らかになった。

また、ブダイ類各種の細菌組成を 16S rRNA 遺伝子のアンプリコン解析により調べた結果、同種のブダイ類の細菌叢は似ている傾向にあり、さらには、温帯で大型藻類を食するブダイ類では *Fusobacteria* が比較的多いものに対し、サンゴ礁性の種では *Alphaproteobacteria* が多い傾向を確

認している。

### 3.1.3 発現解析

東北沖海域の微生物フラクションの発現解析によって、様々な遺伝子群の存在が明らかになってきた。遺伝子は多岐にわたるが、主な機能として、光合成関連遺伝子、プロテオロドプシン関連遺伝子、窒素代謝関連遺伝子、輸送系遺伝子、ビタミン合成系遺伝子等に注目して解析および100GSA への応用の検討を進めている。

さらに、上記の微生物群集構造解析では 16S rDNA を用いたが、DNA ではなく、RNA を用いて同様の解析を行うと、その中で活発に増殖している群集が抽出されて見えてくる。そうした特定の個体群について環境要因との関係をネットワーク解析した

また、特定の発現遺伝子がどのような系統群によって担われているのかを VitaminB<sub>12</sub> 合成に関わる遺伝子のうち、10を取り出し、解析した。この結果、VitaminB<sub>12</sub> 合成遺伝子は環境に応じてそれを合成する系統群が異なることから、そうした系統群に応じた変異を把握できるような検出系を確立すれば、100GSA に有力な遺伝子群であることが確認された。

### 3.1.4 100GSA 検出系の検討

この検出系では、選定した複数の発現遺伝子を検出することが必要である。既存の方法としては、いわゆる DNA チップなどの方法があるが、本研究では、独自の技術開発を目指し、キャプチャービーズ法と呼ばれる方法の開発を目指した(図4)。この技術は、対象の遺伝子配列データから作製したプローブを設計し、短断片化した DNA もしくは cDNA(逆転写した RNA)をハイブリダイゼーションで分取後、ショートリードシーケンサーで塩基配列を解読する。ハイブリダイズされた標的 DNA の配列を検出すると同時に、その断片に連なる遺伝子も同時に読むことができるという利点がある。

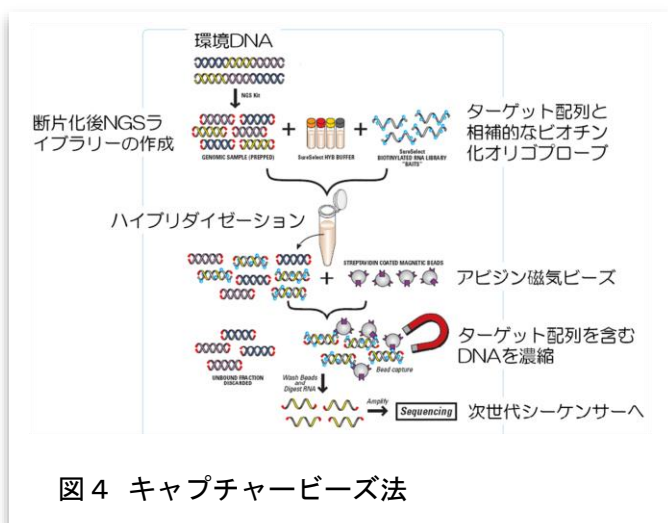


図4 キャプチャービーズ法

この解析には、Roche の SeqCap RNA System を用いることにした。このシステムは 200Mb までのプローブ設計が可能で、多くの遺伝子を対象に、環境中に存在するそれらの配列の変異にも対応したプローブを合成し、検出に用いることができる。本研究では、窒素代謝関連遺伝子、光合成、プロテオロドプシン、VitaminB<sub>12</sub> 関連遺伝子を対象にその設計を行った。

### 3.1.5 他グループとの連携

#### 1) MetaMetaDB による解析

MetaMetaDB は遺伝子解析基盤技術開発グループによって開発された新たな DB で、ばらばらに独立して存在する既存の 16S rDNA のデータベースを繋いだ新たなデータベースということができる(後述)。このデータベースを活用することにより、特定の 16S rDNA 配列がこれまでどのような環境から報告されたかを概観することができる。それにより、例えばその配列の起源を推定することが可能になる。

こうした解析は MetaMetaDB の存在によって初めて可能になるとともに、100GSA の選定にも有力な情報を与えるものである。

## 2) 遺伝子アーカイバを用いた観測

2015 年に 6 連の装置で 8, 9 月に 2 回、2016 年 9 月に 24 連の装置で 1 回試験を行った。2015 年 8 月の試験では、三崎に設置したアーカイバが横倒しになり、送液系がうまく機能せずに失敗に終わった。9 月は主に機能と RNA の回収能を調べるために海洋研究開発機構岸壁で試験を行い、十分量の RNA が回収できることを確認した。なお、いずれの観測でも環境パラメータの取得は順調に行われた。現場 ATP 定量分析装置も駆動しており、微生物のバイオマスを同時測定することが可能になった。

## 3) 凝集遺伝子の解析

海洋ではマリンスノーとしてよく知られる凝集体が広く分布しているが、その形成に微生物がどのように関わっているのかは必ずしも明確ではない。それに関わる細菌種および関連遺伝子群の解明は海洋での物質循環に関わるプロセスを明らかにするとともに、その結果を 100GSA の構築に貢献するために遺伝子解析基盤技術開発グループと協働して研究を行った。その結果、まず、凝集体を実験的に作成させ、そのプロセスを促進する微生物種をスクリーニングし、*Pseudoalteromonas* 属の株を見出した。そうした促進効果を持たない近縁株を選択して比較ゲノム解析を行い、促進に関わっているであろう遺伝子、*mag* の存在を突き止めた。これは、大型凝集体の形成促進能を有する細菌種およびその遺伝子を特定した初めての研究成果である。さらに強い凝集促進能を有する *P. luteoviolacea* をモデル種としたより詳細な生理学的解析を行った結果、*P. luteoviolacea* の増殖に伴って形成された、直径が 5 - 10 mm の大型凝集体を含む培養中に、溶存アミノ酸を添加したところ、大型凝集体が崩壊するという現象を見出した。顕微鏡観察の結果、基質の添加によって、凝集体に付着していた細菌の運動性が活発化することが明らかになった。以上より、*P. luteoviolacea* の大型凝集体形成促進能は、同種の生理状態に強く依存しており、凝集体の構成成分である多糖類に比べて、より栄養に富んだ基質(アミノ酸)が利用可能な場合には、その凝集促進能が大きく抑制される可能性が示唆された。今後、この生理状態の切り替わりに関与する遺伝子の特定を進める予定である。

## 4) 真核生物への 100GSA への適用

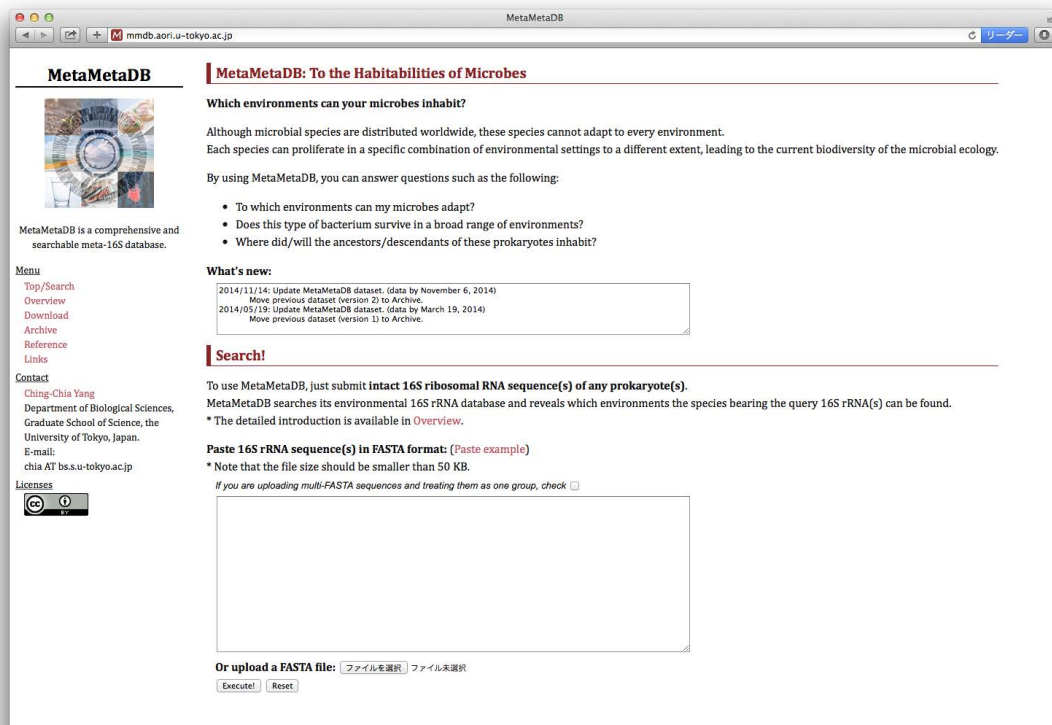
原核生物のみならず、100GSA の概念をさらに真核生物に拡大していく可能性を検討するとともに、具体的な遺伝子を同定していくため、ウナギに浸透圧変化をもたらした際に反応する遺伝子の解析を行った。その結果、浸透圧上昇に呼応して発現の上昇を示す転写因子を同定するとともに、腸と食道において水や NaCl の吸収に関与している輸送体遺伝子を同定した。さらに、海水移行後に急激な血漿浸透圧の上昇を緩和するため、Na 結合たんぱく質が動員されることを発見した。一方、魚類の鰓から高い濃度のアンモニアが排出されることから、鰓にアンモニア酸化細菌が共生していると仮定して検討を行い、*nirK* を持つ細菌の存在を見出した。これらの研究の一部には遺伝子解析基盤技術開発グループが関わっている。

## 3. 2 遺伝子解析基盤技術開発(東京大学 岩崎グループ)

本研究のねらいは、海洋生物や海洋環境に関する専門的な知見を有する総合解析グループとの連携のもと、遺伝子情報解析のための新たなバイオインフォマティクス技術を開発することであった。海洋生物に関しては、陸上生物と比較してゲノム配列や遺伝子機能等のデータベースの構築が進んでおらず、生物間の相互作用や環境の物理的構造が生物群集に果たす影響も陸上と大きく異なる。そこで、これらの解析に資する技術として、大規模データに基づいた新たな遺伝子解析技術を開発することを目的とした。特に、膨大な遺伝子情報を解析する上で遺伝子データベースの開発は基盤となるので、その開発を先行した。また、総合解析グループおよび遺伝子アーカイバグループと連携し、海洋現場にて取得した海洋微生物・真核生物の遺伝子サンプルについて、その遺伝子配列情報の解析を行った。

本研究においては、まず、海洋生態系から得られた膨大な遺伝子情報を解析するためのバイオインフォマティクス解析環境の整備に取り組んだ。当初は解析に必要な高性能計算機を新たに導入する予定であったが、研究実施場所であった東京大学大気海洋研究所内において当初想定していた計算機の設置場所が利用不可能となったことから、外部研究機関のスーパーコンピュータ

の計算時間をリースし、そのスーパーコンピュータ上に遺伝子情報解析に必要な計算環境の構築を行った。具体的には、遺伝子相同性検索プログラム、ゲノム配列アセンブリプログラム、トランスクリプトーム配列アセンブリプログラム、遺伝子配列マッピングプログラムからなるシステムを構築した。解析環境を整備することと並行して、海洋生態系評価のためのバイオインフォマティクス技術開発に取り組んだ。特に、世界中の様々な環境から得られたメタゲノムデータを収集した網羅的メタゲノムデータベース(MetaMetaDB, Yang and Iwasaki 2014)の開発が完了したのは重要な成果である。このデータベースは、海洋環境中に新たなグループの微生物群が見つかった場合、その由来となった環境を遺伝子情報から迅速に解析、遺伝子情報に基づいた生態系評価を行うための基盤となるデータベースである。



MetaMetaDB ウェブサイト



MetaMetaDB is a comprehensive and searchable meta-16S database.

**Menu**

- Top/Search
- Overview
- Download
- Archive
- Reference
- Links

**Contact**

Ching-Chia Yang  
Department of Biological Sciences,  
Graduate School of Science, the  
University of Tokyo, Japan.  
E-mail:  
chia AT bs.s.u-tokyo.ac.jp

**Licenses**



## Download the Dataset

To get all of the representative 16S rRNA sequences, [please click here](#) (FASTA format, 205 MB).

To get the taxonomic information corresponding to the 16S rRNA sequences, [please click here](#) (tab-delimited text file, 20 MB).

To get pre-calculated MHIs of 16S rRNA sequences in 'The All-Species Living Tree' Project, [please click here](#) (4 MB).

Currently, MetaMetaDB contains 2,949,852 representative 16S rRNA sequences from 61 diverse environments. (data by November 6, 2014)  
Previous data can be downloaded from [the archive](#).

To know how the terms of environmental categories and the sequences are from, please check [Q & A: Q5 and Q6](#).  
For more details about the database, please refer to [our article](#).

Number of representative 16S rRNA sequences in each environmental category is shown as follows.  
Colors are used to present environmental category in the output. (An example is in [Q & A: Q3](#))

| Ecological metagenome |                         |                         | Organismal metagenome |                        |                         |
|-----------------------|-------------------------|-------------------------|-----------------------|------------------------|-------------------------|
| Color                 | Environment             | representative 16S rRNA | Color                 | Environment            | representative 16S rRNA |
|                       | activated carbon        | 1,561                   |                       | ant                    | 3,325                   |
|                       | activated sludge        | 28,253                  |                       | beetle                 | 2,121                   |
|                       | anaerobic digester      | 7,783                   |                       | bovine                 | 6,296                   |
|                       | ant fungus garden       | 11,672                  |                       | bovine gut             | 97,809                  |
|                       | aquatic                 | 25,612                  |                       | chicken gut            | 1,451                   |
|                       | beach sand              | 1,235                   |                       | coral                  | 1,267                   |
|                       | biofilm                 | 8,015                   |                       | epibiont               | 331                     |
|                       | bioreactor              | 104,408                 |                       | fish                   | 52,185                  |
|                       | bioreactor sludge       | 53,208                  |                       | fossil                 | 2,737                   |
|                       | compost                 | 45,528                  |                       | gut                    | 144,966                 |
|                       | food                    | 39,911                  |                       | honeybee               | 23,366                  |
|                       | food fermentation       | 51,571                  |                       | human                  | 85,685                  |
|                       | freshwater              | 101,011                 |                       | human gut              | 114,085                 |
|                       | freshwater sediment     | 11,764                  |                       | human lung             | 10,892                  |
|                       | groundwater             | 87,679                  |                       | human nasal/pharyngeal | 61,794                  |
|                       | hot springs             | 13,455                  |                       | human oral             | 43,119                  |
|                       | hydrocarbon             | 37,109                  |                       | human skin             | 21,648                  |
|                       | hydrothermal vent       | 4,011                   |                       | mosquito               | 4,316                   |
|                       | hypersaline lake        | 2,457                   |                       | mouse gut              | 77,565                  |
|                       | ice                     | 434                     |                       | oral                   | 53                      |
|                       | indoor                  | 256                     |                       | phyllosphere           | 1,513                   |
|                       | marine                  | 200,564                 |                       | pig                    | 16,317                  |
|                       | marine sediment         | 28,417                  |                       | root                   | 3,795                   |
|                       | microbial mat           | 1,688                   |                       | shoot                  | 15,429                  |
|                       | mine drainage           | 632                     |                       | symbiont               | 9,529                   |
|                       | oil production facility | 1,666                   |                       | termite                | 1,587                   |
|                       | rhizosphere             | 44,557                  |                       | termite gut            | 621                     |
|                       | rock                    | 1,067                   |                       | wasp                   | 145                     |
|                       | saltern                 | 620                     |                       |                        |                         |
|                       | sediment                | 77,749                  |                       |                        |                         |
|                       | soil                    | 1,141,988               |                       |                        |                         |
|                       | stromatolite            | 2,611                   |                       |                        |                         |
|                       | terrestrial             | 362                     |                       |                        |                         |
|                       | wastewater              | 7,051                   |                       |                        |                         |
|                       | <b>Total</b>            | <b>2,145,905</b>        |                       | <b>Total</b>           | <b>803,947</b>          |

## MetaMetaDB に収集した微生物遺伝子データのオーバービュー

さらに、魚類の遺伝子情報を網羅的に収集した魚類ミトコンドリアゲノムデータベース (MitoFish, Iwasaki et al. 2013) の開発にも成功した。MitoFish データベースは論文発表から3年ほどの間にすでに200回近く引用されており、水圏における魚類の分布や集団構造を解析する上で基盤的なデータベースとして標準的な地位を占めつつある。さらに、水圏サンプルから収集した魚類環境DNAを解析する上でも、世界的に最も完成度の高い魚類ミトコンドリアゲノムデータベースとして、解析基盤として利用されつつある。



MitoFish ウェブサイト

**MitoFish**  
Mitochondrial Genome Database of Fish

MitoFish Top > All Species

**All Species**

All species whose complete mitochondrial genome data are available.

Search:

| Order            | Family        | Genus          | Species                                              |
|------------------|---------------|----------------|------------------------------------------------------|
| Acanthuriformes  | Acanthuridae  | Acanthurus     | <a href="#">lineatus</a>                             |
| Acanthuriformes  | Acanthuridae  | Naso           | <a href="#">lopezi</a>                               |
| Acanthuriformes  | Acanthuridae  | Paracanthurus  | <a href="#">hepatus</a>                              |
| Acanthuriformes  | Acanthuridae  | Zebrafish      | <a href="#">flavescens</a>                           |
| Acanthuriformes  | Luvaridae     | Luvarus        | <a href="#">imperialis</a>                           |
| Acanthuriformes  | Zanclidae     | Zanclus        | <a href="#">cornutus</a>                             |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">baeri</a>                                |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">dabryanus</a>                            |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">fulvescens</a>                           |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">gueldenstaedtii</a>                      |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">medirostris</a>                          |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">nudiventris</a>                          |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">oxyrinchus</a>                           |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">ruthenus</a>                             |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">schrenckii</a>                           |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">schrenckii x Huso dauricus</a>           |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">sinensis</a>                             |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">stellatus</a>                            |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">sturio</a>                               |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Acipenser      | <a href="#">transmontanus</a>                        |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Huso           | <a href="#">dauricus</a>                             |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Huso           | <a href="#">huso</a>                                 |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Scaphirhynchus | <a href="#">albus</a>                                |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Scaphirhynchus | <a href="#">albus x Scaphirhynchus platyrhynchus</a> |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Scaphirhynchus | <a href="#">cf. albus</a>                            |
| Acipenseriformes | Acipenseridae | Scaphirhynchus | <a href="#">platyrhynchus</a>                        |
| Acipenseriformes | Polyodontidae | Polyodon       | <a href="#">spathula</a>                             |

**Site Navigation:**

- Top
- Species / Taxonomy
  - Simple Search
  - Advanced Search
  - High-Level Classification
  - All Species**
  - Help
- Sequence Search
  - Simple Search
  - Advanced Search
  - Help
- MitoAnnotator
  - Annotate Mitogenome
  - Batch Download
  - Download Mitogenomes
- About MitoFish
  - Overview
  - References
  - Supplemental Data
  - Change Log
  - Links

**MitoFish Information:**

Version: 3.21  
Update: Oct 2, 2016  
Complete mtDNA Data: 2,012 sequences, 2,012 species  
Complete + Partial Data: 432,651 sequences, 23,829 species

## MitoFish に収集した魚類遺伝子データのオーバービュー

また、これらの技術を用いることで、海洋生態系評価に用いる新たな遺伝子を同定しつつある。総合解析グループとの連携のもと、ナトリウムイオンや塩化物イオンのポンプ活性を持つ新たなロドプシンを発見したほか、海洋における有機物凝集体の生成に関わる遺伝子の同定に、これまでバイオインフォマティクス技術によって成功してきた。特に後者については、*Pseudoalteromonas* 属に属する微生物のうち凝集体生成促進能力を持つ株と持たない株の2株についてゲノムデータを取得し、かつ、これに加えて公共データベースに存在する他種のゲノムデータも合わせた比較ゲノム解析を行うことで、鍵遺伝子を同定し *mag* と命名した。これはまさに、大規模な遺伝子情報解析によって初めて可能になった成果と言える。

さらに、総合解析グループとの連携のもと、メタゲノムデータを用いた古細菌型プロテオロドプシン分布状況の解明を行った。微生物を通じて太陽光エネルギーを生態系にもたらすプロテオロドプシンのうち、最近発見された古細菌型について、海洋生態系においてどの程度の役割を果たしているかを解析した。海洋表層環境中のプロテオロドプシンのうち、およそ 5%が古細菌型であるこ

とを初めて明らかにしたとともに、その分布が海域のクロロフィル濃度と関連していることを見いだしている。加えて、魚類にとって重要な環境パラメーターの一つである浸透圧への適応に関わる新規遺伝子を発見する目的で、ニホンウナギおよびメダカについて海水移行にかかる時系列トランスクリプトームデータ解析を行った。数千億塩基対分のデータについてゲノムへのマッピング、転写産物再構築、転写量推定解析を行うことで、およそ 20,000 の遺伝子全てについてその遺伝子発現変化を網羅的に明らかにした。海水移行に伴って一時的に遺伝子発現量が上昇する一群の遺伝子群を発見し、これらの遺伝子群を Early Transient Genes と名付け、これらの遺伝子群の中からこれまで浸透圧への適応に関わることが知られていなかった多くの遺伝子が発見されつつある (Wong et al., 2016)。今後、これらの遺伝子についてさらに深く解析を進めることで、魚類が浸透圧の異なった環境に進出する現象の遺伝的基盤を明らかにできる可能性がある。

また、他研究チームとの連携に関しては、東北区水産研究所所属の若鷹丸 H24 年度研究航海より得られた海水サンプルを用いたメタゲノム解析を行ってきた。五條堀孝教授を研究代表者とする研究課題「Digital DNA chip による生物多様性評価と環境予測法の開発」と連携し、互いのグループにおける解析のプロトコルの違い(微生物の収集に用いるフィルタの違いなど)がメタゲノムデータ解析にどのような影響を与えるかの検討を行った。予想通り用いるフィルタによって微生物の種類および量に多少の影響が見られたが、これが生態系評価に影響を与えるものかどうかについて引き続き検討を行っていく予定である。

### 3. 3 海洋遺伝子アーカイバ(MGA)システムの開発と評価(海洋研究開発機構 福場グループ)

#### (1)研究実施内容及び成果

本研究では、まず平成 23 年度にメモリー式 CTD 測定装置(CTD システム)および水中ポンプを導入し、MGA システムの環境パラメタセンサ(塩分・水温・水深・pH・酸化還元電位・クロロフィル及び濁度)を整備、評価を実施した。

加えて平成 24 年度には、照度センサおよび DO センサを導入することで、多様な環境パラメータの計測を可能にした。サンプル処理装置の開発については、米国製の市販型装置をベースとする予定であったが、発売時期が未定となったため、独自開発を前倒して実施した。サンプル濾過用のポンプとしてマイクロポンプを含めた複数のポンプの比較検討を行った結果、ここで要求される流量を達成するためにはペリスタ型のポンプを使用することが最適であると結論した。同時に、ATP 定量に代表される発光分析や栄養塩定量の為のための吸光分析が可能な卓上型装置を導入し、主に ATP 定量の基礎評価実験を開始した。

平成 25 年度にはサンプル処理装置の 1 サンプル処理型プロトタイプを完成させペリスタ型ポンプを用いて、20  $\mu$ m メッシュ、1.6  $\mu$ m GF/A、及び 0.2  $\mu$ m メンブレンの構成で濾過性能及び RNA 保存試薬の供給に関する評価を実施した。その結果、当初予定していた 1L/20 min の処理目標をおおむね達成できることを確認できた。現場型 ATP 定量分析装置については ROV に搭載して電力供給およびリアルタイムモニタリングを行うことで、表層から 2000m までの ATP



6 サンプル処理型海洋遺伝子アーカイバ

の連続鉛直プロファイルの取得に成功した。

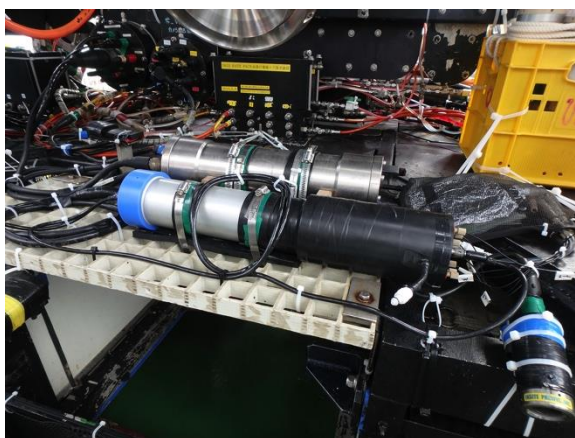
平成 26 年度には、それまでの開発・評価の結果を基にサンプル処理装置を6サンプル処理型に発展させると共に、メタゲノム解析にも対応するために処理能力を8L/20 minと大幅に向上させたサンプル処理装置を完成させ、KH14-2 航海において実海域試験を実施し、北太平洋亜寒帯及び亜熱帯サイトにおいてそれぞれサンプルを取得することに成功した。加えて、環境因子に連動したサンプル採取機構の実装も完了した。現場型 ATP 定量分析装置についてはスタンドアロン型の装置を応用して、KH14-6 航海でマリアナ海域などにおいて CTD-RMS に搭載し、浅海から深海までの連続鉛直プロファイルの取得に成功するなどの成果をあげることができた。

平成 27 年度にはニホンウナギの産卵行動に関する研究（日本大学・塚本勝巳教授）と連携し、5 月に実施された NT15-08 航海ではマリアナ海域の水深約 200m において自動的・連続的に環境遺伝子 DNA を採取する試みに貢献するなど新たな展開があった。これにより、装置の実用性および汎用性を示すことができた。8 月および 9 月にはそれぞれ東京大学三崎臨海実験所および海洋研究開発機構岸壁において、総括グループと連携して実運用試験を実施し、環境パラメータおよびサンプルの採取に成功、その品質についてもメタトランスクリプトーム解析に利用可能であることを実証した。同時に現場型 ATP 定量分析装置を用いて微生物バイオマスに関連するデータの同時取得にも成功した。加えて、中間評価の際に受けた指摘に応える形で、サンプル処理数を拡大した装置の開発を開始した。装置としては、サンプルの採取・固定・廃液の回収までを行う場合で標準的には24サンプルを処理可能とし、単純なサンプル濃縮ミッションでは最大 59 サンプルの処理が可能な装置を設計し、開発を開始した。また、RNA 処理技術の最適化に伴い必要とされるサンプル量が1~2Lに変更された。開発において中核となる送液系については、ペリスタ型ポンプよりもさらに効率・及び精度が良く、高圧力での送液が可能なプランジャ式ポンプを採用し、バルブにも多連でありながら小型のロータリーバルブを採用することとした。現場型 ATP 定量分析装置については、引き続き陸上および深海域における実運用データを蓄積し、特に浅海域における自動計測、現場校正手法について評価をおこなった。

平成 28 年度には最終的な 24 連型海洋遺伝



ニホンウナギ産卵行動観察用のカメラシステムに取り付けられた6連型海洋遺伝子アーカイバ



現場型 ATP 定量分析装



24 連型海洋遺伝子アーカイバ

子アーカイバの組み上げおよび評価を実施した。新たな送液系を導入することによって、6 サンプルから最大 59 サンプルと約 10 倍の処理能力を有しながらほぼ同サイズの装置を完成させることができた。装置システム全体の大きさは使用するフィルタの構成・数に依存するため、小型のフィルタを用いれば、システム全体は例えば JAMSTEC の「うらしま」や「ゆめいるか」、また米国モンタレー湾水族館研究所などでプランクトン採取に応用されつつある「Drado」や「LR-AUV」等の巡航型 AUV に搭載可能な程度の大きさとなる。これにより海洋微生物メタトランスクリプトーム解析に資するサンプルの取得が可能になっただけでなく、広範な海洋生態系研究にも応用が可能な研究ツールを必要に応じて提供することが可能になった。環境センサについても本装置に複数台直接接続して、環境データの取得およびデータの記録が可能であることに加え、センサからの出力をトリガとしたサンプル採取も可能な仕様とすることができた。現場型 ATP 定量分析装置については、特に Caged-ATP を用いた新たな現場校正手法の適用に取り組み、陸上および浅海域に於ける有効性を実証でき、実用性の高いセンサとすることができた。以上の研究によって、実用的な海洋遺伝子アーカイバの基本的な装置を構成する多連サンプル採取装置と、化学・生化学環境センサを開発し、それらを組みあわせて運用することで、海洋微生物に関するメタゲノム・メタトランスクリプトーム研究を推進することにつながる一連の技術を実証することができた。

24 連型サンプル採取装置については、設計の最適化によって大幅な小型・省電力化が可能であることが分かっている。また、環境因子に連動したサンプル採取機能についても、装置の動作を決定するためのアルゴリズムの高度化を進めるなど、次世代型実機の実現に取り組む予定である。

## § 4 成果発表等

(1)原著論文発表 (国内(和文)誌 2 件、国際(欧文)誌 85 件)

1. Yoshizawa, S., Kawanabe, A., Ito, H., Kandori, H. and Kogure, K., “Diversity and functional analysis of proteorhodopsin in marine Flavobacteria”, *Environ. Microbiol.*, 14(5), 1240-1248, 2012, (DOI:10.1111/j.1462-2920.2012.02702.x).
2. 岩谷芳自, 井上広滋, 竹井祥郎, 阿部宏喜, “環境浸透圧を異にしたカマキリ *Cottus kazika* の骨格筋中遊離アミノ酸の変化”, 水産増殖 (*Aquaculture Sci.*), 60, 495-501, 2012.
3. Yamada, K., Kawanabe, A., Yoshizawa, S., Inoue, K., Kogure, K. and Kandori, H., “Anomalous pH Effect of Blue Proteorhodopsin”, *J. Phys. Chem. Lett.*, 3(7), 800-804, 2012, (DOI:10.1021/jz3000257).
4. Wong, M.K.S., Sower, S.A. and Takei, Y., “The presence of teleost-type angiotensin components in lamprey buccal gland suggests a role in endocrine mimicry”, *Biochemie* 94, 637-648, 2012, (DOI: 10.1016/j.biochi.2011.09.015).
5. Miyamoto, H., Machida, R.J. and Nishida, S., “Global phylogeography of the deep-sea pelagic chaetognath *Eukrohnia hamate*”, *Progress in Oceanography*, 104, 99-109, 2012, (DOI:10.1016/j.pocean.2012.06.003).
6. Watanabe, T., and Takei, Y., “Vigorous SO<sub>4</sub><sup>2-</sup> influx via the gills is balanced by enhanced SO<sub>4</sub><sup>2-</sup> excretion by the kidney in eels after seawater adaptation”, *J. Exp. Biol.*, 215, 1775-1781, 2012, (DOI:10.1242/jeb.063511).
7. Wong, M.K.S. and Takei, Y., “Changes in plasma angiotensin subtypes in Japanese eel acclimated to various salinities from deionized water to double-strength seawater”, *Gen. Comp. Endocrinol.* 178, 250-258, 2012, (DOI: 10.1016/j.ygcen.2012.06.007).
8. Lancien, F., Wong, M. K. S., Arab, A. A., Mimassi, N., Takei, Y. and Le Mével, J.-C., “Central ventilatory and cardiovascular actions of angiotensin peptides in trout.”, *Am. J. Physiol.*, 303, 311-320, 2012, (DOI:10.1152/ajpregu.00145.2012).
9. Loretz, C. A., Pollina, C., Herberger, A. L., Hyodo, S. and Takei, Y., “Skeletal tissues in Mozambique tilapia (*Oreochromis mossambicus*) express the extracellular calcium-sensing receptor”, *Comp. Biochem. Physiol.* 163A, 311-318, 2012, (DOI: 10.1016/j.cbpa.2012.07.015).
10. Tada, Y., Taniguchi, A., Sato-Takabe, Y. and Hamasaki, K., “Growth and succession patterns of major phylogenetic groups of marine bacteria during a mesocosm diatom bloom”, *J. Oceanogr.* 68, 509-519, 2012, (DOI:10.1007/s10872-012-0114-z).
11. Wong, M.K.S. and Takei, Y., “Angiotensin AT<sub>2</sub> receptor activates the cyclic-AMP signaling pathway in eel”, *Mol. Cell. Endocrinol.* 365, 292-302, 2013, (DOI: 10.1016/j.mce.2012.11.009).
12. Miyanishi, H., Okubo, K., Nobata, S. and Takei, Y., “Natriuretic peptides in developing medaka embryos: Implications in cardiac development by loss-of-function studies”, *Endocrinology*, 154, 410-420, 2013, (DOI:10.1210/en.2012-1730).
13. Miyanishi, H., Okubo, T., Kaneko, T. and Takei, Y., “Role of cardiac natriuretic peptides in seawater adaptation of medaka embryos as revealed by loss-of-function analysis”, *Am. J. Physiol.* 304, R423-R434, 2013, (DOI:10.1152/ajpregu.00384.2012).
14. Tada, Y., Makabe, R., Kasamatsu-Takazawa, N., Taniguchi, A. and Hamasaki K., “Growth and distribution patterns of *Roseobacter*/*Rhodobacter*, SAR11, and *Bacteroidetes* lineages in the Southern Ocean”, *Polar Biology*, 2013, (DOI: 10.1007/s00300-013-1294-8).
15. Park, S., Yoshizawa, S., Inomata, K., Kogure, K. and Yokota, A., “*Aureitalea marina* gen. nov., sp. nov., a member of the family Flavobacteriaceae, isolated from seawater”, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 62, 912-916, 2012, (DOI:10.1099/ij.s.0.031450-0).
16. Park, S., Yoshizawa, S., Chiura, HX, Muramatsu, Y., Nakagawa, Y., Kogure, K. and Yokota, A., “*Nonlabens marina* sp. nov., a novel member of the Flavobacteriaceae isolated from the Pacific Ocean”. *Antonie van Leeuwenhoek*, 102(4), 669-676, 2012,

- (DOI:10.1007/s10482-012-9765-4).
17. Park, S., Song, J., Yoshizawa, S., Choi, A., Cho, J.C. and Kogure, K., “*Rubrivirga marina* gen. nov., sp. nov., a member of the family Rhodothermaceae isolated from the deep sea.” *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 63, 2229–2233, 2013, (DOI:10.1099/ij.s.0.046318-0).
  18. Fukuba, T., Provin, C., Mogi, K., Kinoshita, H., Okamura, K., Kyo, M. and Fujii, T., “Microfluidic Devices for Ocean Science and Exploration” The 16th International Conference on Miniaturized Systems for Chemistry and Life Sciences ( $\mu$ TAS 2012) (Okinawa, Japan 2012.10.28–11.1), 2012
  19. Inoue, K., Ono, H., Abe-Yoshizumi, R., Yoshizawa, S., Ito, H., Kogure, K. and Kandori, H., “A light-driven sodium ion pump in marine bacteria”, *Nat. Commun.*, 4, 1678, 2013, (DOI: 10.1038/ncomms2689).
  20. Park, S., Yoshizawa, S., Muramatsu, Y., Nakagawa, Y., Yokota, A. and Kogure, K., “*Aureicoccus marinus* gen. nov., sp. nov., a member of the family Flavobacteriaceae, isolated from seawater”. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 63, 1885–1890. 2013, (DOI:10.1099/ij.s.0.045104-0).
  21. Takei, Y., Miyanishi, H., Nobata, S., Wong, M. K. S., Watanabe, T., Ventura, A., Shiozawa, A., Hyodo, S. and Kusakabe, M., “Establishment and validation of an aquarium system to evaluate salinity preference in conscious rainbow trout”. *Coast. Mar. Sci.* 36, 26–34, 2013 (ISSN: 13493000)
  22. Miya, M., Friedman, M., Satoh, T.P., Takeshima, H., Sado, T., Iwasaki, W., Yamanoue, Y., Nakatani, M., Mabuchi, K., Inoue, J.G., Poulsen, J.Y., Fukunaga, T., Sato, Y. and Nishida, M., “Evolutionary Origin of the Scombridae (Tunas and Mackerels): Members of a Paleogene Adaptive Radiation with 14 Other Pelagic Fish Families”, *PLOS ONE*, 8, e73535, 2013, (DOI:10.1371/journal.pone.0073535).
  23. Yamada, Y., Fukuda, H., Inoue, K., Kogure, K. and Nagata, T., “Effects of attached bacteria on organic aggregate settling velocity in seawater.”, *Aquatic Microbial Ecology* 70, 261–272, 2013, (DOI:10.3354/ame01658).
  24. Iwasaki, W., Fukunaga, T., Isagozawa, R., Yamada, K., Maeda, Y., Satoh, T.P., Sado, T., Mabuchi, K., Takeshima, H., Miya, M. and Nishida, M., “MitoFish and MitoAnnotator: A Mitochondrial Genome Database of Fish with an Accurate and Automatic Annotation Pipeline.”, *Mol. Biol. Evol.*, 30, 2531–2540, 2013, (DOI:10.1093/molbev/mst141).
  25. Yang, C. and Iwasaki, W., “MetaMetaDB: A Database and Analytic System for Investigating Microbial Habitability”, *PLOS ONE*, 9, e87126, 2014, (DOI:10.1371/journal.pone.0087126).
  26. Mabuchi, K. and Kuriwa, K., “Molecular phylogenetic affinities of *Scarus obishime* Randall & Earle, 1993, endemic to the Pacific Ocean archipelago of Ogasawara (Japan)”, *Pacific Science*, 68 (3), 321–331, 2014, (DOI: <http://dx.doi.org/10.2984/68.3.2>).
  27. Okamura, K., Noguchi, T., Hatta, M., Sunamura, M., Suzue, T., Kimoto, H., Fukuba, T. and Fujii, T., “Development of a 128-channel multi-water-sampling system for underwater platforms and its application to chemical and biological monitoring”, *Methods in Oceanography*, 75–90, 2013, (DOI: 10.1016/j.mio.2014.02.001)
  28. Yoshitane, H., Ozaki, H., Terajima, H., Du, N.H., Suzuki, Y., Fujimori, T., Kosaka, N., Shimba, S., Sugano, S., Takagi, T., Iwasaki, W. and Fukada, Y., “CLOCK-controlled polyphonic regulations of circadian rhythms through canonical and non-canonical E-boxes”, *Mol. Cell. Biol.*, 34, 1776–1787, 2014, (DOI:10.1128/MCB.01465-13).
  29. Yoshizawa, S., Kumagai, Y., Kim, H., Ogura, Y., Hayashi, T., Iwasaki, W., DeLong, E.F. and Kogure, K., “Functional characterization of flavobacteria rhodopsins reveals a unique class of light-driven chloride pump in bacteria”, *Proc Natl Acad Sci U S A*, 111, 6732–6737, 2014, (DOI: 10.1073/pnas.1403051111).
  30. Uchiyama, M., Maejima, S., Wong, M.K.S., Preyavichyapugdee, N., Wanichanon, C., Hyodo, S., Takei, Y., and Matsuda, K., “Changes in plasma angiotensin II, aldosterone, arginine

- vasotocin, corticosterone, and electrolyte concentrations after exposure to dry and seawater environment in the crab-eating frog”, *Gen. Comp. Endocrinol.* 195, 40–46, 2014, (DOI:10.1016/j.ygcen.2013.10.013).
31. Kumagai, Y., Yoshizawa, S., Oshima, K., Hattori, M., Iwasaki, W. and Kogure, K., “Complete genome sequence of *Winogradskyella* sp. strain PG-2, a proteorhodopsin-containing marine flavobacterium”, *Genome Announc.*, 2(3), e00490–14, 2014, (DOI:10.1128/genomeA.00490–14).
  32. Mabuchi, K., Fraser, TH., Song, H., Azuma, Y. and Nishida, M., “Revision of the systematics of the cardinalfishes (Percomorpha: Apogonidae) based on molecular analyses and comparative reevaluation of morphological characters”. *Zootaxa*, 3846(2), 151–203, 2014, (DOI: 10.11646/zootaxa.3846.2.1.).
  33. Hirase, S., Ozaki, H. and Iwasaki, W., “Parallel selection on gene copy number variations through evolution of three-spined stickleback genomes”. *BMC Genomics*, 15, 735, 2014, (DOI: 10.1186/1471-2164-15-735).
  34. Ando, M., Wong, M.K.S. and Takei, Y., “Mechanisms of guanylin action on water and ion absorption at different regions of seawater eel intestine”, *Am. J. Physiol.*, 307, R1167–R1179, 2014, (DOI: 10.1152/ajpregu.00543.2013).
  35. Fukuba, T., Noguchi, T., Okamura, K., Kyo, M., Okamura, K., Nishida, S., Miwa, T. and Fujii, T., “ATP sensing in deep-sea environments using continuous flow microfluidic device”, The 18th International Conference on Miniaturized Systems for Chemistry and Life Sciences ( $\mu$ TAS 2014) proceedings pp. 1912–1914 (Texas, USA 2014) (査読付き proceedings)
  36. Ruhr, I. M., Bodinier, C., Mager, E. M., Esbaugh, A. J., Williams, C., Takei, Y., and Grosell, M., “Guanylin peptides regulate electrolyte and fluid transport in the Gulf toadfish (*Opsanus beta*) posterior intestine”, *Am. J. Physiol.* 307, R1167–R1179, 2014, (DOI: 10.1152/ajpregu.00188.2014).
  37. Wong, M.K.S., Ozaki, H., Suzuki, Y., Iwasaki, W., and Takei, Y., “Discovery of osmotic sensitive transcription factors in fish intestine via a transcriptomic approach.” *BMC Genomics*, 15, 1134, 2014, (DOI: 10.1186/1471-2164-15-1134).
  38. Shiozaki, T., Ijichi, M., Kodama, T., Takeda, S., Furuya, K., “Heterotrophic bacteria are major nitrogen fixers in the euphotic zone of the Indian Ocean”, *Global Biogeochemical Cycle*, 28: 1096–1110, 2014, (DOI: 10.1002/2014GB004886).
  39. Cameron, MS., Nobata, S., Takei, Y. and Donald, JA., “Vasodilatory effects of homologous adrenomedullin 2 and adrenomedullin 5 in isolated blood vessels of two eel species.” *Comp. Biochem. Physiol.* 179A, 157–163, 2015, (DOI:10.1016/j.cbpa.2014.09.034).
  40. Ando, M. and Takei, Y., “Guanylin activates Cl<sup>−</sup> secretion into the lumen of seawater eel intestine via apical Cl<sup>−</sup> channel under simulated in vivo conditions”, *Am. J. Physiol.* 308, R400–R410, 2015, (DOI:10.1152/ajpregu.00333.2014).
  41. Hanatani, H., Fukuba, T. and Fujii, T., “Development of in situ microbial ATP analyzer and internal standard calibration method”, *Underwater Technology 2015* (Chennai, India), UT15–120, 2015.
  42. Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, JY., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H., Kondoh, M., and Iwasaki, W. “MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species.” *R. Soc. Open Sci.*, 2(7), 150088. 2015, (DOI:10.1098/rsos.150088).
  43. Fukunaga, T., Kubota, S., Oda, S. and Iwasaki, W., “GroupTracker: Video tracking system for multiple animals under severe occlusion.” *Computational Biology and Chemistry*, 57, 39–45. 2015, (DOI: 10.1016/j.compbiolchem.2015.02.006).
  44. Kato, H. E., Inoue, K., Abe-Yoshizumi, R., Kato, Y., Ono, H., Konno, M., Hososhima, S., Ishizuka, T., Hoque, M. R., Kunitomo, H., Ito, J., Yoshizawa, S., Yamashita, K., Takemoto, M., Nishizawa, T., Taniguchi, R., Kogure, K., Maturana, A. D., Iino, Y., Yawo, H., Ishitani,

- R., Kandori, H. and Nureki, O. "Structural basis for Na<sup>+</sup> transport mechanism by a light-driven Na<sup>+</sup> pump.", *Nature*, 521, 48–53, 2015, (DOI:10.1038/nature14322).
45. Hiraoka, S., Machiyama, A., Ijichi, M., Inoue, K., Oshima, K., Hattori, M., Yoshizawa, S., Kogure, K. and Iwasaki, W. 2016. "Genomic and metagenomic analysis of microbes in a soil environment affected by the 2011 Great East Japan Earthquake Tsunami." *BMC Genomics*. 17, 53, 2016, (DOI:10.1186/s12864-016-2380-4).
  46. Cui, Y., Suzuki, S., Omori, Y., Wong, SK., Ijichi, M., Kaneko, R., Kameyama, S, Tanimoto, H., Hamasaki, K., "Abundance and Distribution of Dimethylsulfoniopropionate Degradation Genes and the Corresponding Bacterial Community Structure at Dimethyl Sulfide Hot Spots in the Tropical and Subtropical Pacific Ocean." *Applied and Environmental Microbiology*. 81, 4184–4194, 2015, (DOI:10.1128/AEM.03873-14).
  47. Tsuchiya, K., Kuwahara, V.S., Hamasaki, K., Tada, Y., Ichikawa, T., Yoshiki, T., Nakajima, R., Imai, A., Shimode, S. and Toda, T. "Typhoon-induced response of phytoplankton and bacteria in temperate coastal waters." *Estuarine Coastal and Shelf Science* 167, 458–465, 2015, (DOI: 10.1016/j.ecss.2015.10.026).
  48. Park, S., Yokota, A. and Kogure, K., "The Family Rhoderthermaceae". In *Prokaryotes*. 849–856. 2014
  49. Yamakita, T., Yamamoto, H., Nakaoka, M., Yamano, H., Fujikura, K., Hidaka, K., Hirota, Y., Ichikawa, T., Kakehi, S., Kameda, T., Kitajima, S., Kogure, K., Komatsu, T., Kumagai, NH., Miyamoto, H., Miyashita, K., Morimoto, H., Nakajima, R., Nishida, S., Nishiuchi, K., Sakamoto, S., Sano, M., Sudo, K., Sugisaki, H., Tadokoro, K., Tanaka, K., Jintsu-Uchifune, Y., Watanabe, K., Watanabe, H., Yara, Y., Yotsukura, N. and Shirayama, Y. "Identification of important marine area around the Japanese Archipelago: Establishment of a protocol for evaluating a broad area using ecologically and biologically significant areas selection criteria", *Marine Policy*, 51, 136–147, 2015, (DOI:10.1016/j.marpol.2014.07.009).
  50. 馬渕浩司, 林公義, Thomas H. Fraser. "テンジクダイ科の新分類体系にもとづく亜科・族・属の標準和名の提唱". 魚類学雑誌, 62, 29–49, 2015.
  51. Ozaki, H. and Iwasaki, W., "MOCCS: clarifying DNA-binding motif ambiguity using ChIP-Seq data." *Comput Biol Chem.*, S1476–9271(16), 30030–30035, 2016, (DOI:10.1016/j.compbiolchem.2016.01.014).
  52. Hirase, S., Takeshima, H., Nishida, M., and Iwasaki, W. "Parallel mitogenome sequencing alleviates random rooting effect in phylogeography." *Genome Biol Evol.*, 8(4), 1267–1278, 2016, (DOI:10.1093/gbe/evw063).
  53. Takasu, H. and Nagata T. "High proline content of bacteria-sized particles in the western North Pacific and its potential as a new biogeochemical indicator of organic matter diagenesis", *Front. Mar. Sci.*, 2015, (DOI:10.3389/fmars.2015.00110).
  54. Takei, Y. "From aquatic to terrestrial life: Evolution of the mechanisms for water acquisition." *Zool. Sci.* 32, 1–7. 2015, (DOI:10.2108/zs140142).
  55. Shiozaki, T., Nagata, T., Ijichi, M., Furuya, K., "Nitrogen fixation and the diazotroph community in the temperate coastal region of the northwestern North Pacific", *Biogeosciences*, 12: 865–889, 2015, (DOI: 10.5194/bg-12-4751-2015).
  56. Yamada Y., Fukuda H., Tada Y., Kogure K. and Nagata T. "Bacterial enhancement of gel particle coagulation in seawater." *Aquat. Microb. Ecol.*, 77, 11–22, 2016, (DOI:10.3354/ame01784).
  57. Yuyama, I., Higuchi, T. and Takei, Y. "Sulfur utilization in corals and their algal symbionts. *Marine Biology*"
  58. Haider, Md. N., Nishimura M. and Kogure, K. "Bacterial community structure and diversity of closely located coastal areas", *Open Journal of Marine Science*, 6(3), 423–439, 2016 (DOI:10.4236/ojms.2016.63036).
  59. Song, J., Joung, Y., Park, S., Cho, JC. and Kogure, K. "*Rubrivirga profundus* sp. nov., isolated from deep-sea water, and emended description of the genus *Rubrivirga*", *Int. J. Syst. Evol.*

- Microbiol.*, 2016 (DOI:10.1099/ijsem.0.001182).
60. Hosaka, T., Yoshizawa, S., Nakajima, Y., Ohsawa, N., Hato, M., DeLong, E. F., Kogure, K., Yokoyama, S., Kimura-Someya, T., Iwasaki, W. Shirouzu, M. 2016. Structural mechanism for light-driven transport by a new type of chloride ion pump. *Journal of Biological Chemistry*, 291:17488–17495. doi: 10.1074/jbc.M116.728220 jbc.M116.728220.
  61. Mabuchi, K. “Complete mitochondrial genome of the parrotfish *Calotomus japonicus* (Osteichthyes: Scaridae) with implications based on the phylogenetic position”, *Mitochondrial DNA Part B* 1, 643–645, 2016. (DOI: 10.1080/23802359.2016.1214553).
  62. Yamada Y., Fukuda H., Tada Y., Kogure K. and Nagata T. (2016) Bacterial enhancement of gel particle coagulation in seawater *Aquatic Microbial Ecology*, 77:11–22. doi: 10.3354/ame017841. Wong MKS, Ozaki H, Suzuki Y, Iwasaki W, Takei Y (2014) Discovery of transcription factors for seawater acclimation in fish intestine via a transcriptomic approach. *BMC Genomics* 15:1134.
  63. Wong MKS, Pipil S, Ozaki H, Suzuki Y, Iwasaki W, Takei Y (2016) Flexible selection of diversified Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>-ATPase  $\alpha$ -subunit isoforms for osmoregulation in teleosts. *Zoological Lett* 2:15.
  64. Wong MKS, Pipil S, Kato A, Takei Y (2016) Duplicated CFTR isoforms in eels diverged in regulatory structures and osmoregulatory functions. *Comp Biochem Physiol* 199A:130–141.
  65. Ando M, Wong MKS, Takei Y (2014) Mechanisms of guanylin action on water and ion absorption at different regions of seawater eel intestine. *Am J Physiol Regul Integr Comp Physiol* 307(6):R653–R663.
  66. Sriswasdi, S., Takashima, M., Manabe, R., Ohkuma, M., Sugita, M., and Iwasaki, W. “Global deceleration of gene evolution following recent genome hybridizations in fungi”, *Genome Research*, 26, 1081–1090. 2016 (DOI:10.1101/gr.205948.116).
  67. Hirase, S., Yokoyama, Y., Leed, C-Y., and Iwasaki, W. “The Pliocene–Pleistocene transition had dual effects on north American migratory bird speciation”, *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 462, 85–91. 2016 (DOI:10.1016/j.palaeo.2016.09.006)
  68. Wong, M.K., Pipil, S., Ozaki, H., Suzuki, Y., Iwasaki, W., and Takei, Y. “Flexible selection of diversified Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>-ATPase  $\alpha$ -subunit isoforms for osmoregulation in teleosts”, *Zoological Letters*, 2, 15. 2016 (DOI:10.1186/s40851-016-0050-7)
  69. Fukuba, T., Hanatani K., Okamura K., and Fujii, T., “Microfluidic Device for In Situ Quantification of Marine Microbial ATP with In-Line Photolysis of Caged ATP as Internal Standard”, *The 20th International Conference on Miniaturized Systems for Chemistry and Life Sciences (μTAS 2016) proceedings* pp. 1469–1470 (Dublin, Ireland 2016) (査読付き proceedings)
  70. Shiozaki, T., Ijichi, M., Isobe, K., Hashihama, F., Nakamura, K., Ehama, M., Hayashizaki, K., Takahashi, K., Hamasaki, K., Furuya, K., “Nitrification and its influence on biogeochemical cycles from the equatorial Pacific to the Arctic Ocean”, *The ISME Journal*, 10: 2184–2197, 2016, (DOI: 10.1038/ismej.2016.18).
  71. Ijichi, M., Hamasaki, “Distinctive physiological response of shallow and deep ecotypes of ammonia-oxidizing marine archaea in seawater cultures”, *Plankton Benthos Res*, 12: 259–265, 2017, (DOI: 10.3800/pbr.12.259).
  72. Sriswasdi, S., Yang, C-c., and Iwasaki, W. (2017) “Generalist species drive microbial dispersion and evolution”, *Nature Communications*, 8, 1162.
  73. Fukunaga, T. and Iwasaki, W. (2017) “Inactivity periods and postural change speed can explain atypical postural change patterns of *Caenorhabditis elegans* mutants”, *BMC Bioinformatics*, 18, 46.
  74. Hiraoka, S., Miyahara, M., Fujii, K., Machiyama, A., and Iwasaki, W. (2017) “Seasonal analysis of microbial communities in precipitation in the Greater Tokyo Area, Japan”, *Frontiers in Microbiology*, 8, 1506.
  75. Ushio, M., Fukuda, H., Inoue, T., Makoto, K., Kishida, O., Sato, K., Murata, K., Nikaido,

- M., Sado, T., Sato, Y., Takeshita, M., Iwasaki, W., Yamanaka, H., Kondoh, M., and Miya, M. (2017) “Environmental DNA enables detection of terrestrial mammals from forest pond water”, *Molecular Ecology Resources*, 17, e63–e75.
76. Yohei Kumagai, Susumu Yoshizawa, Keiji Nakamura, Yoshitoshi Ogura, Tetsuya Hayashi, Kazuhiro Kogure. Complete and Draft Genome Sequences of Eight Oceanic *Pseudomonas aeruginosa* Strains. *Genome announcements*, 5: e01255–17. (2017) DOI: 10.1128/genomeA.01255–17.
  77. Yu Nakajima, Susumu Yoshizawa, Sanghwa Park, Yohei Kumagai, Shu-Kuan Wong, Yoshitoshi Ogura, Tetsuya Hayashi and Kazuhiro Kogure. Draft Genome Sequence of *Rubricoccus marinus* SG-29<sup>T</sup>, a Marine bacterium within the Family Rhodothermaceae, which contains two different rhodopsin genes. *Genome Announcements*, 5(38): e00990–17. (2017) DOI: 10.1128/genomeA.00990–17
  78. Akiko Niho<sup>▽</sup>, Susumu Yoshizawa<sup>▽</sup>, Takashi Tsukamoto<sup>▽</sup>, Marie Kurihara, Shinya Tahara, Yu Nakajima, Misao Mizuno, Hikaru Kuramochi, Tahei Tahara, Yasuhisa Mizutani, and Yuki Sudo. Demonstration of a Light-Driven SO<sub>4</sub><sup>2-</sup> Transporter and Its Spectroscopic Characteristics. *Journal of the American Chemical Society*, 139 (12): 4376–4389. (2017) DOI: 10.1021/jacs.6b12139
  79. Takashi Tsukamoto, Susumu Yoshizawa, Takashi Kikukawa, Makoto Demura, and Yuki Sudo. Implications for the Light-Driven Chloride Ion Transport Mechanism of *Nonlabens marinus* Rhodopsin 3 by Its Photochemical Characteristics. *The Journal of Physical Chemistry B*, 121(9): 2027–2038. (2017) DOI: 10.1021/acs.jpcc.6b11101
  80. Satoko Doi, Takashi Tsukamoto, Susumu Yoshizawa and Yuki Sudo. An inhibitory role of Arg-84 in anion channelrhodopsin-2 expressed in *Escherichia coli*. *Scientific Reports*, 7:41879. (2017) DOI: 10.1038/srep41879.
  81. Kumagai, Y., Yoshizawa, S., Nakajima, Y., Watanabe, M., Fukunaga, T., Ogura, Y., Hayashi, T., Oshima, K., Hattori, M., Ikeuchi, M., Kogure, K., DeLong, E. F., and Iwasaki, W. (2018) “Solar-panel and parasol strategies shape the proteorhodopsin distribution pattern in marine Flavobacteriia” *The ISME Journal*, 12, 1329–1343.
  82. Yu Nakajima, Takashi Tsukamoto, Yohei Kumagai, Yoshitoshi Ogura, Tetsuya Hayashi, Jaeho Song, Takashi Kikukawa, Makoto Demura, Kazuhiro Kogure, Yuki Sudo and Susumu Yoshizawa. Presence of a haloarchaeal halorhodopsin-like Cl<sup>-</sup> pump in marine bacteria. *Microbes and Environments*, 33, 89–97. (2018) DOI:10.1264/jsme2.ME17197
  83. Daniel K. Olson, Susumu Yoshizawa, Dominique Boeuf, Wataru Iwasaki, Edward F. DeLong. Proteorhodopsin Variability and Distribution in the North Pacific Subtropical Gyre. *The ISME journal*, 12, 1047–1060. (2018) DOI: 10.1038/s41396-018-0074-4
  84. Ushio, M., Murata, K., Sado, T., Nishiumi, I., Takeshita, M., Iwasaki, W., and Miya, M. (2018) “Demonstration of the potential of environmental DNA as a tool for the detection of avian species”, *Scientific Reports*, 8, 4493.
  85. Haider, Md. N., Nishimura, M., Ijichi, M., Yang, C., Iwasaki, W., Kogure, K., “Bacterial Habitability in Coastal Marine Environments”, *Journal of Oceanography*, 74, 197–207. 2018.
  86. Ijichi, M., Takano, T., Hasegawa, M., Yashiki, H., Kogure, K., Kojima, S., Yoshizawa, S., “The complete mitochondrial genome of the longfin dragonfish *Tactostoma macropus* (Stomiiformes: Stomiidae)”, *Mitochondrial DNA B Resour*, 3, 486–487, 2018, (DOI: 10.1080/23802359.2018.1464411).
  87. Shiozaki, T., Fujiwara, A., Ijichi, M., Harada, N., Nishino, S., Nishi, S., Nagata, T., Hamasak, K., “Diazotroph community structure and the role of nitrogen fixation in the nitrogen cycle in the Chukchi Sea (western Arctic Ocean)”, *Limnology and Oceanography*, in press, (DOI: 10.1002/lno.10933).

(2)その他の著作物(総説、書籍など)

1. 佐藤行人, 八谷剛史, 岩崎渉, 水圏生物学における次世代シーケンサー活用の現状と応用可能性への展望, 水産育種, 41, 17-32, 2012
2. 竹井祥郎, 体液調節機構の進化: 系統発生から個体発生を考える (Phylogenetic and Ontogenic approach to body fluid regulation), 小児体液研究会誌 (Jap. J. Pediat. Body Fluid and Electrolyte) 4:3-9, 2012
3. 竹井祥郎, 飯野靖彦, 対談“水の世界と進化 Sea within us”, 腎と透析 73: 9-20, 2012
4. Fukuba, T. and Fujii, T., “Bioluminescence Detection for ATP Quantification Using Microfluidic Device” in Sonia Tiquia-Arashiro (ed.), Molecular Biological Technologies for Ocean Sensing, Springer Protocols Handbooks, Springer, 203-217, 2012, (DOI:10.1007/978-1-61779-915-0\_3)
5. Ando, M. and Takei, Y., Regulation of intestinal water and ion absorption. In: Eel Physiology (F. Trischitta, Y. Takei, and P. Sebert eds.), CRC Press, Boca Raton, pp. 160-177, 2013
6. Tsukada T., Wong M. K. S., Ogoshi M. and Yuge S. “Endocrine control of osmoregulation”, In: Eel Physiology (F. Trischitta, Y. Takei, A. Damasceno-Oliveira eds.), CRC Press, Boca Raton, pp. 178-224, 2013, (DOI: 10.1201/b15365-8).
7. Nobata, S., Ando, M. and Takei, Y. “Hormonal control of drinking behavior in fishes.” Gen. Comp. Endocrinol. 192, 214-221, 2013, (DOI: 10.1016/j.ygcen.2013.05.009).
8. 福場辰洋, 藤井輝夫, マイクロ流体デバイスを用いた海洋計測」光技術コンタクト, 596, 4-10, 2013.
9. Katayama, T., Wilkinson, M.D., Aoki-Kinoshita, K.F., Kawashima, S., Yamamoto, Y., Yamaguchi, A., Okamoto, S., Kawano, S., Kim, J.D., Wang, Y., Wu, H., Kano, Y., Ono, H., Bono, H., Kocbek, S., Aerts, J., Akune, Y., Antezana, E., Arakawa, K., Aranda, B., Baran, J., Bolleman, J., Bonnal, R.J.P., Buttigieg, P.L., Campbell, M.P., Chen, Y., Chiba, H., Cock, P.J.A, Cohen, K.B., Constantin, A., Duck, G., Dumontier, M., Fujisawa, T., Fujiwara, T., Goto, N., Hoehndorf, R., Igarashi, Y., Itaya, H., Ito, M., Iwasaki, W., Kalas, M., Katoda, T., Kim, T., Kokubu, A., Komiyama, A., Kotera, M., Laibe, C., Lapp, H., Lütkeke, T., Marshall, M.S., Mori, T., Mori, H., Morita, M., Murakami, K., Nakao, M., Narimatsu, H., Nishide, H., Nishimura, Y., Nystrom-Persson, J., Ogishima, S., Okamura, Y., Okuda, S., Oshita, K., Packer, N.H., Prins, P., Ranzinger, R., Rocca-Serra, P., Sansone, S., Sawaki, H., Shin, S.H., Splendiani, A., Strozzi, F., Tadaka, S., Toukach, P., Uchiyama, I., Umezaki, M., Vos, R., Whetzel, P.L., Yamada, I., Yamasaki, C., Yamashita, R., York, W.S., Zmasek, C.Z., Kawamoto, S. and Takagi, T., “BioHackathon series in 2011 and 2012: penetration of ontology and linked data in life science domains.”, Journal of Biomedical Semantics, 5, 5, 2014, (DOI:10.1186/2041-1480-5-5).
10. Fukuba, T., Noguchi, T. and Fujii, T., “The Irabu Knoll: Hydrothermal site at the eastern edge of the Yaeyama Graben” in “Subseafloor biosphere linked to global hydrothermal systems; TAIGA concept” J. Ishibashi, K. Okino, M. Sunamura eds. Springer Japan, Tokyo, 2014.
11. 尾崎遼, 岩崎渉, NGS データ解析, 実験医学増刊 Vol.32 No.20, 3197-3202, 2014
12. 福場辰洋, 西田周平, 藤井輝夫, 可搬型装置が拓く資源探査・海洋科学の新時代, 化学工学, 79, No.2, pp.125-127, 2015.
13. 福永津嵩, 岩崎渉, Computational Ethology: バイオインフォマティクスと動物行動学の融合, 領域融合レビュー, 4, e003, 2015.
14. Takei, Y. and Tsukada, T. “Evolution of the natriuretic peptide system”, In: Reference Module in Biomedical Sciences. Michael Caplan (ed.), Elsevier, Amsterdam. 2014, (DOI:10.1016/B978-0-12-801238-3.03804-6).
15. Takei, Y., Hiroi, J., Takahashi, T. and Sakamoto, T. “Diverse mechanisms of body fluid regulation in teleost fishes”, Am. J. Physiol. , 307, R778-R792, 2014, (DOI: 10.1152/ajpregu.00104.2014).
16. Takei, Y. “From aquatic to terrestrial life: Evolution of the mechanisms for water acquisition”,

- Zool. Sci. 32: 1-7. 2015 (DOI: 10.2108/zs140142)
17. Fernandes, S. O., and Kogure, K. "Great East Japan Earthquake (GEJE). In: Marine Ecosystems after Great East Japan Earthquake in 2011. (Eds. Kogure, K., Hirose, M., Kitazato, H. and Kijima A.) pp. 6-9. Tokai University Press 2016.
  18. Fujimura, R., Kaneko, R. and Kogure, K. Identification of active bacterial community in the temperate coastal region of Sanriku area. In: Marine Ecosystems after Great East Japan Earthquake in 2011. (Eds. Kogure, K., Hirose, M., Kitazato, H. and Kijima A.) pp. 101-102. Tokai University Press 2016.
  19. Kaneko, R., Hamasaki, K. and Kogure, K. In: Marine Ecosystems after Great East Japan Earthquake in 2011. (Eds. Kogure, K., Hirose, M., Kitazato, H. and Kijima A.) pp. 103-104. Tokai University Press 2016.
  20. 岩崎由香, 岩崎渉. ncRNA のバイオインフォマティクス解析. 実験医学, 33, 3379-3384. (2015)
  21. 岩崎渉, 佐藤行人, 源利文, 山中裕樹, 荒木仁志, 宮正樹. 環境 DNA 解析のインパクト. 実験医学, 34, 103-107. (2016)
  22. 福場辰洋, 花谷耕平, 藤井輝夫, "マイクロ流体デバイス技術を応用した現場計測システムー深海環境における化学・生化学現場分析と光検出ー"光アライアンス, 26(5), 7-11, 2015
  23. 福場辰洋, 三輪哲也, 深海環境モニタリングの為に現場計測センサと観測プラットフォームの開発, 海洋と生物, 38, No.2, pp. 131-137, 2016.
  24. Takei, Y. and Hwang, P.-P. "Homeostatic responses to osmotic stress in fishes", In: Fish Physiology Vol. 35: Biology of Stress in Fish (C. B. Schreck, L. Tort, A. P. Farrell, and C. J. Brauner eds.), Academic Press, San Diego, 2016, (in press).
  25. Hiraoka, S., Yang, C.-c., and Iwasaki, W. "Metagenomics and bioinformatics in microbial ecology: Current status and beyond", Microbes and Environments, 31, 204-212, 2016 (DOI: 10.1264/jsme2.ME16024)

### (3)国際学会発表及び主要な国内学会発表

#### ① 招待講演 (国内会議 28 件、国際会議 17 件)

1. Kogure, K., "Photoheterotrophy" -an overlooked new mechanism in marine environments, ASLO Preconference, Biwako Hall, Ohtsu, Japan (2012/3/5)
2. 木暮一啓, 低次生態系研究のための技術開発, 日本海洋学会春季大会シンポジウム「海洋生物多様性・生態研究のボトルネックを解消するための、技術開発およびモデリング」, 筑波大学, 茨城県つくば市 (2012/3/30)
3. 伊知地稔, "アンモニア酸化能を有する海洋古細菌の生態", 創価大学工学部講演会, 創価大学, 東京都八王子市 (2012/5/11)
4. Iwasaki, W., "How can bioinformatics open up new fields in marine microbiology?", CREST International Workshop on Aquatic Microbial Ecology, Atmosphere and Ocean Research Institute, the University of Tokyo, Kashiwa, Japan (2012/7/6)
5. Takei, Y., Nobata, S. and Ando, M. "Hormonal control of drinking behavior in fish", 7th International Symposium on Fish endocrinology, NH City & Tower, Buenos Aires, Argentina (2012/09/03)
6. Miyanishi, H., Okubo, K. and Takei, Y. "Role of cardiac natriuretic peptides in seawater adaptation in medaka embryos as revealed by knockdown experiments", 7th International Symposium on Fish endocrinology, NH City & Tower, Buenos Aires, Argentina (2012/09/05)
7. Iwasaki, W. "Bioinformatics for eco-systems biology", The 28th Annual meeting of the Japanese Society of Microbial Ecology, Toyohashi University of Technology, Toyohashi, Japan (2012/9/20)
8. 竹井祥郎, "魚類の体液調節のしくみー海水環境への適応機構ー", ソルトサイエンスシンポジウム 2012「海水・塩の科学」, 早稲田大学国際会議場, 東京都新宿区 (2012/10/30)
9. 岩崎渉, "ゲノムインフォマティクスは系統分類学にパラダイムシフトを引き起こすか?", 第 32 回日本微生物系統分類研究会年次大会, 産業技術総合研究所, 茨城県つくば市

(2012/11/16)

10. Takei, Y., Nobata, S. and Ando, M. “Hormonal regulation of drinking in fish”, 2013 International Joint Meeting of Cellular and Molecular Physiology in Epithelia III, Sagamihara, Japan (2013/03/09)
11. 岩崎渉, “バイオインフォマティクスからの系統樹可視化”, 日本生物地理学会第 68 回年次大会, 立教大学, 東京都豊島区 (2013/04/14)
12. 伊知地稔, “Community structure of ammonia-oxidizing marine archaea differs by depth of collection and temperature of cultivation ~アンモニア酸化能を有する海洋古細菌の生態~, 特定非営利活動法人海ロマン 21 定例卓話会, いであ株式会社, 東京都世田谷区, (2013/5/24)
13. 木暮一啓, “海洋微生物の生存戦略”, 第 27 回 Bacterial Adherence & Biofilm 学術集会、東京ガーデンパレス, 東京都文京区 (2013/7/12)
14. 浜崎恒二, “太平洋における微生物プランクトンの多様性・群集構造・機能”, 京都大学生態学研究センターセミナー, 京都大学生態学研究センター, 滋賀県大津市 (2013/7/19)
15. 竹井祥郎, “水生から陸生へ: 体液・循環調節の比較内分泌学”, 第 38 回日本比較内分泌学会大会 小林英司先生記念シンポジウム, 宮崎市民プラザ, 宮崎県宮崎市 (2013/10/24-26)
16. Hamasaki, K., Kaneko, R., Suzuki, S. and Cui, Y. “Spatiotemporal dynamics of bacterioplankton in the Pacific Ocean: clues to ecosystem functioning”, The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, National Central University, Jhongli, Taiwan. (2013/10/31-11/2)
17. Hamasaki, K., Kaneko, R. and Takami, H. “Metagenomic evaluation of metabolic potential in microbial communities: stability and variability in the western North Pacific”, International Symposium on Aquatic Metagenomics, School of Pharmacy Convention Hall, Kitasato Institute for Life Sciences, Graduate School of Infection, Tokyo, Japan (2013/11/23)
18. 岩崎渉, “バイオインフォマティクスから迫るアーキアの正体と多様性”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市 (2013/11/23-25)
19. 岩崎渉, “次世代DNAシーケンサデータ解析分野のバイオインフォマティクス人材の見つけ方”, 第 36 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 兵庫県神戸市 (2013/12/4)
20. Takei, Y. Wong, M. K.-S., Nobata, S. and Ando, S. “The eel: an excellent but enigmatic model for the study of osmoregulation”, Eel Genome Symposium 2014, Leiden, The Netherlands (2014/1/16-17)
21. 木暮一啓, “微生物ーその群集構造と機能の解析”, 2014 年度日本プランクトン学会春季シンポジウム「遺伝子解析とプランクトン研究」, 東京海洋大学, 東京都港区 (2014/3/26)
22. 岩崎渉, “Fundamental bottlenecks in big-data biology”, 第 52 回日本生物物理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 北海道札幌市 (2014/9/27)
23. 岩崎渉, “バイオインフォマティクスから時空間解析へ”, 日本学術会議学術フォーラム 生命情報ビッグデータ時代における新しい生命科学, 日本学術会議講堂, 東京都港区 (2014/8/29)
24. 岩崎渉, “ゲノムをどう比較するか、それが問題だ”, ラン藻ゲノム交流会 2014, 東京大学駒場キャンパス, 東京都目黒区 (2014/7/19)
25. 伊知地稔, 町山麻子, 高橋唯, 千浦博, 伊藤世人, 北出有, 花田茂久, 田中祐之, 岩崎渉, 木暮一啓, “Every gene is everywhere, but the environment selects”, 第 8 回細菌学若手コロッセウム, ホテルニセコ いこいの村, 北海道虻田郡 (2014/8/6-8)
26. 岩崎渉, “分子系統学とデータ表現”, 第 188 回農林交流センターワークショップ, 農林水産省農林水産技術会議事務局筑波事務所, 茨城県つくば市 (2014/11/6)
27. 岩崎渉, “大規模遺伝子情報から見えてくる生物進化”, 地球システム変動研究の新戦略ー知識連携から見えてきた地球環境と生命の進化ー, 東京大学本郷キャンパス情報学環・福武ホール, 東京都文京区 (2014/12/10)
28. 岩崎渉, “定量生物学と情報生物学”, 定量生物学の会第 7 回年会, 九州大学筑紫キャンパス, 福岡県春日市 (2015/1/11)

29. 浜崎恒二, “細菌プランクトンの動態と光栄養”, 日本海洋学会春季大会シンポジウム「光とプランクトン研究 –現状と展望–」, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都品川区 (2015/3/21)
30. Takei, Y. and Watanabe, T. “An environmental signal that triggers switching of renal sulfate regulation in eels”, Symposium on Extra- and Intra-cellular Signalling: Conserved Responses Controlling Diverse Physiological Functions, International Congress of the Biology of Fish, Heriot-Watt University, Edinburgh, Scotland, UK (2014/8/3-7)
31. Takei, Y. and Watanabe, T. “What can be learned from fishes for sulfate regulation by the kidney: Environmental sensing and transport mechanisms in eels” 2015 Kitasato-Yale Fluid Symposium: Molecular control of cellular and epithelial function, Kitasato University Sch of Pharmacy, Minato-ku, Tokyo (2015/3/2)
32. 岩崎渉, “NGS データ解析におけるバイオインフォマティクスの課題”, 第 17 回日本 RNA 学会年会, ホテルライフオーポート札幌 (2015/7/15)
33. 岩崎渉, “NGS データ解析とバイオインフォマティクス:ゲノムから海洋生態系まで”, 第6回生命科学阿波おどりシンポジウム, 徳島大学蔵本キャンパス (2015/8/12)
34. 岩崎渉, “NGS メタバーコーディングからより多くの情報を得るために”, 日本進化学会第 17 回大会, 中央大学後楽園キャンパス (2015/8/20)
35. Iwasaki, W. “Bioinformatics for Exhaustively Describing Biological Systems: Genomes, Phenotypes, and Ecosystems”, QBIC Symposium 2015, RIKEN Quantitative Biology Center (2015/8/25)
36. 岩崎渉, “NGS データ解析におけるバイオインフォマティクスの課題”, 第4回さがけ「RNA と生体機能」終了領域研究会, ラフォーレ南紀白浜 (2015/10/24)
37. 岩崎渉, “分子系統学とバイオインフォマティクス”, 第196回農林交流センターワークショップ, 農林水産省農林水産技術会議事務局筑波事務所 (2015/10/28)
38. Kogure, K., Many marine heterotrophs utilize light! –latest news on rhodopsin–, 海峡兩岸環境微生物学検討会, 東海大学, 台湾 (2015/11/6)
39. 岩崎渉, “Bioinformatic Approaches for Comprehensive Description of Biological Systems”, 京都大学化学研究所客員准教授講演会, 京都大学化学研究所 (2015/11/12)
40. Kogure, K. “Marine microorganisms; their community structure and function”, 特別セミナー, 廣西大学生命科学興技術学院, 中国 (2015/11/27)
41. Takei, Y. “Roles of digestive tracts in seawater adaptation in teleost fish”, The Second Kitasato-Yale Fluid Symposium: Molecular Control of Cellular and Epithelial Function, 東京 (2015/12/5)
42. 岩崎渉. “バイオインフォマティクスでひもとく生命進化の道のり”, 早稲田大学先進理工学部電気・情報生命工学科講演会, 早稲田大学西早稲田キャンパス, 東京都新宿区 (2016/9/20)
43. 岩崎渉. “環境 DNA 解析のインパクト”, イルミナゲノムサミット 2016「ゲノム情報活用で変わる未来」, 東京コンファレンスセンター・品川, 東京都港区. (2016/6/1)
44. Kogure, K. “Recent news on sodium world of marine bacteria”, 2017 International Meeting of the Federation of Korean Microbiological Societies. KINTEX, Korea (2017/11/2)
45. 木暮一啓. 海洋微生物:培養不能状態から気候変動応答まで. The 33<sup>rd</sup> International Prize for Biology Commemorative Symposium, (2017/12/6)

② 口頭発表 (国内会議 50 件、国際会議 22 件)

1. Takei, Y., Makita, Y., and Ando, M. “Multiple gut function in marine fish: Roles in osmoregulation and environment”, University of Hawaii and University of Tokyo Joint Symposium on Ocean, Coastal, and Atmospheric Sciences, University of Hawaii at Manoa, Hawaii, USA(2012/6/13-15)
2. Yoshizawa, S. and Kogure, K. “Quantitative Estimation of Contribution of Proteorhodopsin to Energy Cycle in the Ocean”, University of Hawaii and University of Tokyo Joint Symposium on Ocean, Coastal, and Atmospheric Sciences, University of Hawaii at Manoa, Hawaii, USA (2012/6/13-15)

3. Yoshizawa, S., Kawanabe, A., Ito, H., Kandori, H., and Kogure, K., “Proteorhodopsin-mediated phototrophy in marine Flavobacteria”, The 14th International Symposium on Microbial Ecology (ISME 14), Bella Center, Copenhagen, Denmark (2012/8/19-24)
4. Fukuba, T., Provin, C., Mogi, K., Kinoshita, H., Okamura, K., Kyo, M. and Fujii, T., Microfluidic Devices for Ocean Science and Exploration, The 16th International Conference on Miniaturized Systems for Chemistry and Life Sciences ( $\mu$ TAS 2012), Okinawa Convention Center, Okinawa, Japan (2012/10/28-11/1)
5. 尾崎遼, 岩崎渉, 高木利久 “メタゲノムデータの比較を ab initio に行う手法の開発”, 第 7 回日本ゲノム微生物学会年会, 長浜バイオ大学, 滋賀県長浜市 (2013/3/8)
6. Li, Q., Ijichi, M., Amano, C., Utsumi, M., “Abundance and characteristics of ammonia-oxidizing Archaea in the Arctic Ocean”, 日本水環境学会平成 24 年度 第 47 回 年会, 大阪工業大学, 大阪府大阪市 (2013/3/11-13)
7. 山田洋輔, 福田秀樹, 永田俊, “細菌による大型有機凝集物 (マリンスノー) の形成促進”, 日本海洋学会春季大会シンポジウム, 東京海洋大学, 東京都港区 (2013/03/21-25)
8. 金子亮, 内宮万里央, 福田秀樹, 鈴木翔太郎, 小川浩史, 永田俊, 浜崎恒二, “西部北太平洋中深層における懸濁粒子付着微生物の群集構造解析”, 日本海洋学会春季大会シンポジウム, 東京海洋大学, 東京都港区 (2013/03/21-25)
9. Kogure, K. “Sunlight and sodium: two rich factors for microbes”, Taiwan-Japan Workshop for Next Generation Oceanography and Biodiversity Science, Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan (2013/5/23)
10. Hamasaki, K. “The rare bacterial biosphere in the Pacific Ocean”, Taiwan-Japan Workshop for Next Generation Oceanography and Biodiversity Science, Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan (2013/5/23)
11. Yoshiyama, K. “Phytoplankton evolution in a water column”, Taiwan-Japan Workshop for Next Generation Oceanography and Biodiversity Science, Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan (2013/5/23)
12. 岩崎渉, “バイオインフォマティクスの利用と考え方. 熱水活動域の生態学: 生態系の研究と環境影響評価”, 東京大学大気海洋研究所共同利用研究集会, 東京大学柏キャンパス, 千葉県柏市 (2013/05/28)
13. Ito, Y., Takahashi, Y., Hanada, S., Chiura, HX., Ijichi, M., Iwasaki, W., Machiyama, A., Kitade, T., Tanaka, Y., Kurihara, M., Kogure, K., “Impact of chemical addition on the establishment of Mega-ton per day sized SWRO desalination plant”, Membranes & desalination conference, Brisbane Convention & Exhibition Center, Brisbane, Australia (2013/7/2-3)
14. 伊知地稔, 多田雄哉, 浜崎恒二, “アンモニア酸化海洋古細菌の系統と増殖特性”, 日本 Archaea 研究会第 26 回講演会, 東京工業大学, 東京都目黒区 (2013/7/19-20)
15. Ijichi, M., Hamasaki, K., “The phylogenetic position of ammonia-oxidizing archaea from the deep ocean”, 3rd International Conference on Nitrification, Chuo University, Bunkyo-ku, Tokyo (2013/9/2-5)
16. Fukunaga, T and Iwasaki, W. “MitoAnnotator: An accurate and automatic mitochondrial genome annotation pipeline”, 7th Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology (AYRCOB), AIST Tokyo Waterfront, Tokyo, Japan (2013/9/9-10)
17. 山田洋輔, 福田秀樹, 永田俊, “細菌による大型有機凝集物 (マリンスノー) の形成促進要因”, 2013 年度日本海洋学会秋季大会, 北海道大学学術交流会館, 北海道札幌市 (2013/9/20)
18. 竹井祥郎, 野畑重教, 宮西弘, 黄國成, 日下部誠, 佐藤克文, 兵藤晋, “サケ科魚類の塩分嗜好性に関わるホルモンの探索”, 日本動物学会第 84 回年次大会, 岡山大学津島キャンパス, 岡山県岡山市 (2013/9/26-28)
19. 西田睦, 福永津嵩, 砂子澤遼太, 山田浩一郎, 佐藤崇, 佐土哲也, 宮正樹, 武島弘彦, 馬淵浩司, 前田泰伸, 岩崎渉, “高性能自動アノテーションパイプライン MitoAnnotator の実装による魚類ミトコンドリアゲノムデータベース MitoFish の充実”, 2013 年度日本魚類学会年会, 宮崎観光ホテル, 宮崎県宮崎市 (2013/10/3-5)

20. 武島弘彦, 平瀬祥太郎, 岩崎渉, 田畑諒一, 渡辺勝敏, 西田睦 “次世代シーケンシングによる魚類の大量ミトコンドリアゲノム分析法の確立”, 2013 年度日本魚類学会年会, 宮崎観光ホテル, 宮崎県宮崎市 (2013/10/3-5)
21. 岩崎渉, 楊静佳 “MetaMetaDB: Microbial Habitability 解析のためのメタ・メタゲノムデータベース”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市 (2013/11/23-25)
22. 伊知地稔, 町山麻子, 高橋唯, 千浦博, 伊藤世人, 北出有, 花田茂久, 田中祐之, 岩崎渉, 木暮一啓, “海水淡水化逆浸透膜に発生したバイオフィルムのメタゲノミクス”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市(2013/11/23-25)
23. 熊谷洋平, 吉澤晋, 木暮一啓, 岩崎渉 “大規模比較ゲノム解析が明らかにするプロテオロドプシンを持つ海洋細菌のゲノム進化”, 第 8 回日本ゲノム微生物学会年会, 東京農業大学, 東京都世田谷区(2014/3/7)
24. 平岡聡史, 町山麻子, 岩崎渉 “微生物の津波土壌への適応および進化”, 第 8 回日本ゲノム微生物学会年会, 東京農業大学, 東京都世田谷区 (2014/3/9)
25. 岩崎渉, “微生物ゲノム・メタゲノム、ChIP-Seq. ”, 次世代シーケンサー研究推進のためのデータ解析ワークショップ (NGS ワークショップ), つくば国際会議場, 茨城県つくば市 (2014/3/12)
26. 塩崎拓平, 伊知地稔, 児玉武稔, 武田重信, 古谷研, “中部インド洋表層における従属栄養生物による窒素固定” 2014 年度日本海洋学会春季大会, 東京海洋大学, 東京都品川区 (2014/3/26-30)
27. Sano, M., Sakamoto, S., Miyamoto, H., Kaneko, R., Kogure, K., Komatsu, T. and Nishida, S. “Application of metagenomic community analysis as a biodiversity measure for seagrass ecosystems”, 9th IOC/WESTPAC International Scientific Symposium, Nha Trang, Vietnam (2014/4/22-25)
28. Wong, M.K.S., Ozaki, H., Suzuki, Y., Iwasaki, W. and Takei, Y. “Discovery of Transcription factors for seawater acclimation in fish intestine via transcriptomic approach”, Symposium on Ion and Acid-Base Regulation, International Congress of the Biology of Fish, Edinburgh, Scotland (2014/8/3-7)
29. Ruhr, IM., Heuer, RM., Mager, EM., Takei, Y. and Grosell, M., “The effects on intestinal physiology by the guanylin peptides of gulf toadfish exposed to hypersalinity and hypercapnia, Symposium on Ion and Acid-Base Regulation”, International Congress of the Biology of Fish, Heriot-Watt University, Edinburgh, Scotland, UK (2014/8/3-7)
30. Wong, MKS., Ozaki, H., Suzuki, Y., Iwasaki, W., Takei, Y. “Discovery of transcription factors for seawater adaptation in teleost via a transcriptomic approach”, 新学術領域研究「ゲノム支援」拡大班会議, 神戸ポートピアホテル, 兵庫県神戸市 (2014/8/21-22)
31. Ijichi, M., Machiyama, A., Takahashi, Y., Chiura, HX., Ito, Y., Kitade, T., Hanada, S., Tanaka, Y., Iwasaki, W., Kogure, K., “Meta-omics approach to biofilm communities on the membrane of seawater reverse osmosis system”, 15th International Symposium on Microbial Ecology, Coex, Seoul, Korea (2014/08/24-29)
32. 佐野雅美,, 阪本真吾, 宮本洋臣, 小松輝久, 木暮一啓, 西田周平, “マレーシア・ジョホール州におけるアマモ場メイオベントス群集のメタゲノム解析”, 2014 年度日本プランクトン学会・日本ベントス学会合同大会, 広島大学東広島キャンパス, 広島県東広島市 (2014/9/6)
33. 片山侑駿, 日下部誠, 坂本竜哉, 小林靖尚, 斉藤和裕, 竹井祥郎, “水陸両生魚であるトビハゼの飲水行動に関わるホルモンの探索”, 日本動物学会第 85 回仙台大会, 東北大学川内キャンパス, 宮城県仙台市 (2014/9/11-13)
34. Fukunaga, T., Kubota, S., Oda, S. and Iwasaki, W., “GroupTracker: A video tracking system for analysis of social behaviors in a medaka school”, 第 20 回小型魚類研究会, 慶應義塾大学芝共立キャンパス, 東京都港区 (2014/9/20-21)
35. 平岡聡史, 町山麻子, 伊知地稔, 井上健太郎, 木暮一啓, 岩崎渉, “東北大地震の津波による土壌微生物の多様性変化及び環境適応”, 第 8 回日本ゲノム微生物学会若手の会, ろうきん研修所富士センター, 静岡県小山町 (2014/9/28-29)

36. Yoshitane, H., Ozaki, H., Terajima, H., Du, NH., Suzuki, Y., Fujimori, T., Kosaka, N., Shimba, S., Sugano, S., Takagi, T., Iwasaki, W. and Fukada, Y. “CLOCK による古典的・非古典的 E-box を介した概日時計の“多声的”制御”, 日本バイオインフォマティクス学会 2014 年年会／第 3 回生命医薬情報学連合大会, 仙台国際センター, 宮城県仙台市 (2014/10/3)
37. 青木誠志郎, 伊藤元己, 岩崎渉 “マメ科根粒菌の起源:  $\beta$ -から  $\alpha$ -プロテオバクテリアへの根粒形成遺伝子群 *nodIJ* の水平伝播”, 環境微生物系学会合同大会 2014, 浜松アクティビティコンgresセンター, 静岡県浜松市 (2014/10/23)
38. 岩崎渉, 楊静佳 “微生物の生息環境の多様性とその進化: MetaMetaDB による解析”, 環境微生物系学会合同大会 2014, 浜松アクティビティコンgresセンター, 静岡県浜松市 (2014/10/24)
39. 熊谷洋平, 吉澤晋, 福永津嵩, 渡辺麻衣, 池内昌彦, 小椋義俊, 林哲也, 木暮一啓, 岩崎渉. “大規模比較ゲノム解析が明らかにする、プロテオロドプシンを持つ海洋細菌のゲノム進化”, 環境微生物系学会合同大会 2014. 浜松アクティビティコンgresセンター. 静岡県浜松市 (2014/10/24)
40. 平岡聡史, 町山麻子, 伊知地稔, 井上健太郎, 木暮一啓, 岩崎渉. “東北大地震の津波による土壌微生物の多様性変化及び環境適応”, 環境微生物系学会合同大会 2014, 浜松アクティビティコンgresセンター, 静岡県浜松市 (2014/10/24)
41. Yoshizawa, S., Kumagai, Y., Kim, H., Ogura, Y., Hayashi, T., Iwasaki, W., DeLong, EF., and Kogure, K. “Light-driven transmembrane H<sup>+</sup>, Na<sup>+</sup> and Cl<sup>-</sup> pumping is mediated by three different rhodopsins in a marine flavobacterium”, 環境微生物系学会合同大会 2014, 浜松アクティビティコンgresセンター, 静岡県浜松市 (2014/10/24)
42. 伊知地稔, 町山麻子, 高橋唯, 千浦博, 伊藤世人, 北出有, 花田茂久, 田中祐之, 岩崎渉, 木暮一啓, “Every gene is everywhere, but the environment selects”, 環境微生物系学会合同大会 2014, 浜松アクティビティコンgresセンター, 静岡県浜松市 (2014/10/24)
43. 岩崎渉, “生命情報科学分野のグランドチャレンジ”, 生命情報科学若手の会第6回研究会, 理化学研究所発生・再生科学総合研究センター, 兵庫県神戸市 (2014/10/29-30)
44. 宮正樹, 佐藤行人, 福永津嵩, 佐土哲也, 佐藤圭一, 源利文, 山中裕樹, 荒木仁志, 岩崎渉, “魚類環境 DNA 用ユニバーサルプライマーの開発と次世代シーケンサを用いた分析法の確立”, 2014 年度日本魚類学会年会, 神奈川県立生命の星・地球博物館, 神奈川県小田原市 (2014/11/16)
45. 馬淵浩司, 井上広滋, “サンゴ礁性ブダイ類の腸内細菌叢”, 2014 年度日本魚類学会年会, 神奈川県立生命の星・地球博物館, 神奈川県小田原市 (2014/11/16)
46. 寺嶋秀騎, 吉種光, 尾崎遼, 鈴木穰, 榛葉繁紀, 岩崎渉, 深田吉孝, “ゲノムワイドな CLOCK の標的探索により明らかにされたリズム的な転写後制御の重要性”, 第 37 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 神奈川県横浜市 (2014/11/25)
47. 尾崎遼, 吉種光, 寺嶋秀騎, Ngoc-Hien Du, 鈴木穰, 藤森大平, 小阪実生, 榛葉繁紀, 菅野純夫, 高木利久, 深田吉孝, 岩崎渉, “ChIP-Seq データから認識配列を網羅的に抽出するバイオインフォマティクス手法 MOCCS”, 第 37 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 神奈川県横浜市 (2014/11/26)
48. 石津大嗣, 岩崎由香, 平形樹生, 福永津嵩, 尾崎遼, 木立尚孝, 岩崎渉, 塩見春彦, 塩見美喜子 “人工 piRNA 発現システムを用いた piRNA 生合成機構の解析”, 第 37 回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 神奈川県横浜市 (2014/11/27)
49. Sano, M., Nishida, S. and Yusoff, FM. “Metagenomic analysis of meiobenthic communities”, MoE-UPM-JSPS (ACORE-COMSEA) International Workshop on Integrative Research on Seagrass Ecosystems (IER) in Southeast Asia, Universiti Putra Malaysia, Port Dickson, Malaysia (2014/12/16-18)
50. Fukunaga, T., Kubota, S., Oda, S. and Iwasaki, W. “GroupTracker: Video Tracking System for Multiple Animals under Severe Occlusion”, The eighth Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology (8th AYRCOB), National Chiao Tung University, HsinChu, Taiwan. (2015/1/19-20)
51. Fukunaga, T., Kubota, S., Oda, S. and Iwasaki, W. “GroupTracker: Video Tracking System

- for Multiple Animals under Severe Occlusion”, The Thirteenth Asia Pacific Bioinformatics Conference (APBC2015), National Chiao Tung University, HsinChu, Taiwan (2015/1/21)
52. Yamada, Y., Fukuda, H., Tada, Y., Kogure, K. and Nagata, T. “Bacterial enhancement of microgel coagulation in seawater”, 2015 ASLO Aquatic Sciences Meeting, Granada, Spain (2015/2/23)
  53. 花谷耕平, 福場辰洋, 藤井輝夫, “深海 ATP 計測に向けた caged ATP による現場校正機能の開発”, ブルーアース 2015, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都港区 (2015/3/20)
  54. 山田洋輔, 福田秀樹, 内宮万里央, 茂手木千晶, 西野茂人, 菊池隆, 永田俊, “西部北極海の陸棚 (チュクチ海) および海盆地 (カナダ海盆) における懸濁態粒子の局所的蓄積と濃度水平勾配”, 2015 年度日本海洋学会春季大会, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都港区 (2015/3/22)
  55. 塩崎拓平, 伊知地稔, 磯部一夫, 橋濱史典, 中村賢一, 江濱誠, 林崎健一, 高橋一生, 浜崎恒二, 古谷研, “北太平洋の新生産における硝化の影響とアンモニア酸化細菌・古細菌の動態”, 2015 年度日本海洋学会春季大会, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都港区 (2015/3/22)
  56. 岩崎渉, 楊靜佳, “MetaMetaDB: メタ・メタゲノム解析のためのデータベース”, NGS 現場の会 第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/2)
  57. 岩崎渉, “大規模ゲノム比較によるゲノム進化解析法の開発”, 生命情報科学若手の会第7回研究会, 慶應義塾大学鶴岡タウンキャンパス (2015/10/1)
  58. Iwasaki, W., Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H., Fujimura, R., Ijichi, M., Hamasaki, K., Kogure, K. and Kondoh, M. “Toward ecosystem-scale biodiversity monitoring: Metabarcoding of microbial and environmental DNA from identical water samples”, 第 30 回日本微生物生態学会土浦大会, 土浦市亀城プラザ (2015/10/19)
  59. Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J.Y., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H., Kondoh, M. and Iwasaki, W. “MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species”, 生命医薬情報学連合大会 2015 年大会 (日本バイオインフォマティクス学会 2015 年年会), 京都大学宇治キャンパス (2015/10/30)
  60. 片山俊駿, 坂本竜哉, 竹井祥郎 “トビハゼの飲水行動—利尿調節ホルモンの作用を中心として—”, 第 26 回バゾプレシン研究会, 東京 (2016/1/9)
  61. 塩崎拓平, 伊知地稔, 磯部一夫, 橋濱史典, 中村賢一, 江濱誠, 林崎健一, 高橋一生, 浜崎恒二, 古谷研, “太平洋赤道域から北極海における硝化とその生物地球化学的循環への影響”, 東京大学大気海洋研究所共同利用研究集会 太平洋南北断面観測による生物地球化学・生態系の統合研究, 東京大学柏キャンパス, 千葉県柏市 (2016/2/18-19)
  62. 花谷耕平, 福場辰洋, 岡村慶, 藤井輝夫, “Caged ATP を用いた深海微生物 ATP センサの現場校正システム”, 2016 年度精密工学会春季大会学術講演会, 千葉 (2016/3/15)
  63. 岩崎渉. “生態系解析への NGS の活用—超並列ミトゲノムシーケンスが分子系統地理学に正確な“根”をもたらす”, 生物科学専攻第 1102 回生物科学セミナー, 東京大学本郷キャンパス, 東京都文京区 (2016/6/27)
  64. 岩崎渉, “バイオインフォマティクスからバイオイメージインフォマティクスへ”, 第 5 回生命医薬情報学連合大会, 東京国際交流館プラザ平成, 東京都江東区 (2016/9/30)
  65. Hirase, S., Takeshima, H., Nishida, M., and Iwasaki, W. “Parallel mitogenome sequencing alleviates random rooting effect in phylogeography”, 第 5 回生命医薬情報学連合大会, 東京国際交流館プラザ平成, 東京都江東区 (2016/9/30)
  66. 山田 洋輔, 福田 秀樹, 永田 俊 「黒潮流軸付近において現場型光散乱・透過率粒子測定計で検出された粒子の鉛直分布と粒子サイズ分布」 日本海洋学会 2016 年度秋季大会、鹿児島
  67. 馬淵浩司. ブダイ属内におけるブダイの系統的位置: ミトコンドリア DNA に基づく Supermatrix 解析. 2016 年度日本魚類学会年会, 岐阜大学, 岐阜. (2016/9/24-25)
  68. 塩崎拓平, 藤原周, 伊知地稔, 原田尚美, 西野茂人, 永田俊, 濱崎恒二, “Cluster III *nifH*—

- harboring microbes dominated diazotroph communities in the Chukchi Sea (western Arctic Ocean)”, JpGU-AGU Joint Meeting 2017, 幕張メッセ, 千葉県千葉市 (2017/5/20-24)
69. Shiozaki, T., Fujiwara, A., Ijichi, M., Harada, N., Nishino, S., Nishi, S., Nagata, T., Hamasak, K., “Cluster III nifH-harboring microbes dominated diazotroph communities in the Chukchi Sea (western Arctic Ocean)”, 2017 ESSAS Open Science Meeting, Radisson Blu Hotel, Tromsø, Norway, (2017/6/12-15)
  70. Shiozaki, T., Ijichi, M., Makabe, A., Fujiwara, A., Sugie, K., Nishino, S., Yoshikawa, C., Harada, N., “Significant decrease in nitrification rates by Arctic environment changes”, JpGU-AGU Joint Meeting 2018, 幕張メッセ, 千葉県千葉市 (2017/5/20-24)
  71. Wong, SK., Ijichi, M., Hamasaki, K., “Occurrence and Composition of Ammonia-Oxidizing Archaea in the Sea Surface Microlayer and Underlying Water of a Semi-Enclosed Marine Inlet”, JpGU-AGU Joint Meeting 2018, 幕張メッセ, 千葉県千葉市 (2017/5/20-24)
  72. 木暮一啓. VNC のはじまり. VNC シンポジウム ―最近生存戦略・ストレス応答・病原性に関する横断的研究―. 東京慈恵会医科大学 (2018/3/13).
- ③ ポスター発表 (国内会議 56 件、国際会議 43 件)
1. 伊知地稔, 浜崎恒二, “駿河湾におけるアンモニア酸化古細菌の群集構造と生息場所”, 2012年度日本海洋学会春季大会, 筑波大学, 茨城県つくば市 (2012/3/26-30)
  2. 町山麻子, 岩崎渉 “NGSを用いた海洋生態系理解へ向けて”, Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第2回研究会, ホテル阪急エキスポパーク, 大阪府吹田市 (2012/05/24-25)
  3. 伊知地稔, “海洋環境のバイオフィルム形成プロセスの解明”, NGS 現場の会 第二回研究会, ホテル阪急エキスポパーク・オービットホール, 大阪府吹田市 (2012/5/24-25)
  4. 山田洋輔, 永田俊 “海洋における凝集物に付着した細菌の網羅的遺伝子発現解析”, Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第2回研究会, ホテル阪急エキスポパーク, 大阪府吹田市 (2012/05/24-25)
  5. Inoue, K. and Kogure, K. “Distribution and Characterization of Halophilic Archaea in Marine Environments”, University of Hawaii and University of Tokyo Joint Symposium on Ocean, Coastal, and Atmospheric Sciences, University of Hawaii at Manoa, Hawaii, USA (2012/6/13-15)
  6. Inoue, K. and Kogure, K. “Diversity and Characterization of Halophilic Archaea Isolated from Marine Environments”, 2012 ASLO (the Association for the Sciences of Limnology and Oceanography) Aquatic Sciences Meeting, Lake Biwa, Ohtsu, Shiga, Japan (2012/7/8-13)
  7. Yoshizawa, S., Kawanabe A., Ito H., Kandori, H., Kogure, K. Diversity and Functional Analysis of Proteorhodopsin in Marine Flavobacteria, 2012 ASLO Aquatic Sciences Meeting, Lake Biwa, Ohtsu, Shiga, Japan (2012/7/8-13)
  8. Yamada, Y., Fukuda, H., Inoue, K., Kogure, K., Nagata, T. “Attached bacteria reduce settling velocity of organic aggregates in seawater”, 2012 ASLO Aquatic Sciences Meeting, Lake Biwa, Ohtsu, Shiga, Japan (2012/7/8-13)
  9. Hamasaki, K., Watanabe, K., Tada, Y., Takahashi, K., Saito, H., Miki, T. “Bacterial community structures in relation to multiple environmental factors in the Kuroshio-Oyashio transition of the western North Pacific”, 2012 ASLO Aquatic Sciences Meeting, Lake Biwa, Ohtsu, Shiga, Japan (2012/7/8-13)
  10. Yamada, Y., Fukuda, H., Inoue, K., Kogure, K., Nagata, T. “Role of attached bacteria in controlling settling velocity of organic aggregates in seawater”, 2nd International Workshop on Marine Aggregates, Max Planck Institute, Bremen, Germany (2012/08/15-17)
  11. Inoue, K., Ito, T., Ohkuma M., Kogure, K., “Genome analysis of Haloarchaea isolated from seawater”, The 14th International Symposium on Microbial Ecology (ISME 14), Bella Center, Copenhagen, Denmark (2012/8/19-24)
  12. Hamasaki, K., Tada, Y., Taniguchi A. “Bromodeoxyuridine incorporation techniques reveal actively growing bacteria in a temperate coastal water of Hiroshima Bay, western Japan”, ISME

14. Bella Center, Copenhagen, Denmark (2012/8/19-24)
13. Kaneko, R., Uchimiya, M., Fukuda, H., Suzuki, S., Ogawa, H., Nagata, T., Honda, M., Hamasaki, K. "Temporal dynamics of the microbial community structure in dark ocean of the western north pacific", ISME 14, Bella Center, Copenhagen, Denmark(2012/8/19-24)
14. Takahashi, Y., Chiura, HX., Ijichi, M., Ito, Y., Hanada, S., Kogure, K., Variations of Microbial Community Structures During Seawater Desalination Process by Reverse Osmosis Under Different Conditions, ISME 14, Bella Center, Copenhagen, Denmark (2012/8/19-24)
15. Ijichi, M., Hamasaki, K., "Enrichment and phylogenetic study of uncultured ammonia-oxidizing marine archaea", 第 28 回日本微生物生態学会大会, 豊橋科学技術大学, 愛知県豊橋市 (2012/9/19-22)
16. Ozaki, H., Iwasaki, W. and Takagi, T. "Enumerating DNA-binding Motifs from ChIP-seq. Joint Conference on Informatics in Biology", Medicine and Pharmacology, Tower Hall Funabori, Tokyo. (2012/10/15-17)
17. Yang, C. and Iwasaki, W. "Metagenome-wide characterization of CRISPRs in diverse environments", The 7th International Conference on Genomics, Kowloon Shangri-La Hotel, Hong Kong, China (2012/11/29-12/1)
18. Ozaki, H., Iwasaki, W. and Takagi, T. "Enumerating DNA-binding Motifs from ChIP-Seq Data", 6th Asian Young Researchers Conference for Computational and Omics Biology, BGI-Shenzhen, Shenzhen, China. (2012/12/20)
19. Takei, Y., Wong, M.K.S. and Iwasaki, W., "Exploring key genes responsible for seawater adaptation in teleost fish by transcriptome analyses", International Symposium on Genome Science 'Expanding Frontiers of Genome Science', The University of Tokyo, Tokyo, Japan (2013/1/09-10)
20. 金子亮, 内宮万里央, 福田秀樹, 鈴木翔太郎, 小川浩史, 永田俊, 本多牧生, 浜崎恒二, "西部北太平洋における微生物群集の時空間変動", ブルーアース2013, 東京海洋大学, 東京都港区 (2013/03/14-15)
21. 蟻塚溪, 古谷研, 塩崎拓平, 児玉武稔, 橋濱史典, 伊知地稔, "太平洋表層におけるアンモニア酸化能を有する細菌及び古細菌の動態に関する研究", 2013年度日本海洋学会春季大会, 東京海洋大学, 東京都品川区, (2013/3/22-24)
22. Fukuba, T., Noguchi, T., Fujii, T. and Miwa, T. "Microfluidic Devices for Ocean Exploration", The Collaborative on Oceanographic Chemical Analysis (COCA), University of Hawaii, Hawaii, USA (2013/03/26-29)
23. Mabuchi, K., Fraser, TH., Song, H. and Nishida, M. "Molecular phylogeny of the cardinalfishes (Percomorpha: Apogonidae): revisions for genus/subgenus systematics", 9th Indo-Pacific Fish Conference, Okinawa Convention Center, Okinawa, Japan (2013/6/26)
24. Ijichi, M., Hamasaki, K., "The phylogenetic position of ammonia-oxidizing archaea from the deep ocean", 3rd International Conference on Nitrification, Chuo University, Bunkyo-ku, Tokyo (2013/9/2-5)
25. 平瀬祥太郎, 武島弘彦, 西田睦, 岩崎渉 "次世代シーケンサーによる魚類ミトコンドリアゲノム: Parallel Tag Sequencing のプロトコル確立", Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第三回研究会, 神戸国際会議場, 兵庫県神戸市 (2013/9/4-5)
26. 福永津嵩, 岩崎渉 "MitoAnnotator: 超高速シーケンサー時代のミトコンドリアゲノムアノテーションシステム", Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第三回研究会, 神戸国際会議場, 兵庫県神戸市 (2013/9/4-5)
27. 尾崎遼, Marty Wong, 竹井祥郎, 岩崎渉, "トランスクリプトーム時系列解析で迫る広塩性魚の浸透圧調節メカニズムの進化", Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第三回研究会, 神戸国際会議場, 兵庫県神戸市 (2013/9/4-5)
28. 岩崎渉, 町山麻子, 平岡聡史, 藤井和史, 伊知地稔, 井上健太郎, 木暮一啓, "空と海と陸をめぐる微生物の「旅」", Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第三回研究会, 神戸国際会議場, 兵庫県神戸市 (2013/9/4-5)
29. Yang, C. and Iwasaki, W. "MetaMetaDB: From metagenomes to the habitats of microbes",

Next Generation Sequencing (NGS) 現場の会第三回研究会, 神戸国際会議場, 兵庫県神戸市 (2013/9/4-5)

30. Nakajima, Y., Yoshizawa, S. and Kogure, K. “Quantification of the proton pump activity of proteorhodopsin in *Vibrio campbellii*”, Aquatic Microbial Ecology(SAME 13), The Palazzo dei Congressi (Conference Palace) of Stresa, Stresa, Italy (2013/9/8-13)
31. Kaneko, R., Mario, U., Hideki, F., Suzuki, S., Ogawa, H., Nagata, T., Honda, M., Hamasaki, K. “Comparison of particle-associated and free-living archaeal communities in the western North Pacific Ocean”, Aquatic Microbial Ecology(SAME 13), The Palazzo dei Congressi (Conference Palace) of Stresa, Stresa, Italy (2013/9/8-13)
32. Wong, SK., Suzuki, S., Kaneko, R., Cui, Y. and Hamasaki, K. “Variability and dynamics of microbial community structures in the sea surface microlayer”, Aquatic Microbial Ecology(SAME 13), The Palazzo dei Congressi (Conference Palace) of Stresa, Stresa, Italy (2013/9/8-13)
33. Iwasaki, W., Fukunaga, T., Isagozawa, R., Yamada, K., Maeda, Y., Satoh, TP., Sado, T., Mabuchi, T., Takeshima, H., Miya, M. and Nishida, M. “MitoFish and MitoAnnotator: A Mitochondrial Genome Database of Fish with an Accurate and Automatic Annotation Pipeline.” 日本バイオインフォマティクス学会 2013 年年会／第 2 回生命医薬情報学連合大会, タワーホール船堀, 東京. (2013/10/29-31)
34. Wong, SK., Suzuki, S., Kaneko, R., Kogure, K. and Hamasaki, K. “Short-term dynamics and stability of the sea surface microlayer”, The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, National Central University, Jhongli, Taiwan (2013/10/31-11/2)
35. Yang, C. and Iwasaki, W. “MetaMetaDB: Revealing all the habitats of microbes”, The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, National Central University, Jhongli, Taiwan. (2013/10/31-11/2)
36. Takeuchi, M., Marumo, K., Maeda, H., Nedachi, M., Oshima, K., Katayama, T., Yamagishi, T., Iwasaki, W., Kamagata, Y., Hanada, S., Tamaki, H., Hattori, M., Suwa, Y. and Sakata, S. “Novel marine moderately thermophilic microbes isolated from microbial consortium depends on methane”, The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, National Central University, Jhongli, Taiwan. (2013/10/31-11/2)
37. Yoshizawa, S. and Kogure, K. “Light-driven sodium pump, a new type of rhodopsin”, The 5th Taiwan-Korea-Japan International Symposium on Microbial Ecology, National Central University, Jhongli, Taiwan. (2013/10/31-11/2)
38. 中島悠, 吉澤晋, 木暮一啓 “*Vibrio* 属細菌におけるプロテオロドプシンの活性評価および生理的役割の解明”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市 (2013/11/23-25)
39. 伊知地稔, 町山麻子, 高橋唯, 千浦博, 伊藤世人, 北出有, 花田茂久, 田中祐之, 岩崎渉, 木暮一啓, “海水淡水化逆浸透膜に発生したバイオフィルムのメタゲノミクス”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市 (2013/11/23-25)
40. 竹内美緒, 丸茂克美, 根建宗具, 前田広人, 鎌形洋一, 大島健志郎, 岩崎渉, 片山泰樹, 山岸昂夫, 花田智, 坂田将, “鹿児島湾海底堆積物中に生息するメタンを基盤とする新規中温性微生物群の生理学的・遺伝学的特徴の解明”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市 (2013/11/23-25)
41. 鈴木翔太郎, 金子亮, 伊知地稔, 浜崎恒二, “太平洋深層水中における付着性細菌群の特徴と高い多様性”, 第 29 回日本微生物生態学会大会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 鹿児島県鹿児島市 (2013/11/23-25)
42. 尾崎遼, 岩崎渉, 高木利久, “ChIP-Seq データからの結合モチーフの列挙とその応用”, 第 36 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 兵庫県神戸市 (2013/12/3-6)
43. 武島弘彦, 平瀬祥太郎, 岩崎渉, 井口恵一朗, 西田睦 “次世代シーケンシングによるアユの集団ミトコンドリアゲノミクスへのアプローチ”, 第 36 回日本分子生物学会年会, 神戸ポートアイランド, 兵庫県神戸市 (2013/12/3-6)
44. 福場辰洋, 野口拓郎, 岡村慶, 下島公紀, 藤井輝夫 “多成分計測に基づく熱水活動探査

- 手法の検証と沖縄トラフと論海穴及び伊良部海丘における探査結果速報”, ブルーアース 2014, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都港区 (2014/2/19-20)
45. 小西正朗, 野牧秀隆, 平山仙子, 山本正浩, 柳川勝紀, 牧田寛子, 西真郎, 阿部真理子, 長井裕季子, 福場辰洋, 堀内淳一, 生田哲朗, 吉田尊雄, 豊福高志, “シロウリガイ類の生息環境の調査”, ブルーアース 2014, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都港区 (2014/2/19-20)
  46. Shiozaki, T., Ijichi, M., Kodama, T., Takeda, S., Furuya K., “Heterotrophic bacteria as major nitrogen-xers in the western Indian Ocean during northeast monsoon period”, The 2014 Ocean Sciences Meeting, ASLO (Association for the Sciences of Limnology and Oceanography), Honolulu, Hawaii, USA (2014/2/23-28)
  47. Yoshizawa, S., Kogure, K. and DeLong, EF. “Light-driven sodium pumps in marine bacteria: a new type of microbial rhodopsin”, The 2014 Ocean Sciences Meeting, ASLO (Association for the Sciences of Limnology and Oceanography), Honolulu, Hawaii, USA (2014/2/23-28)
  48. Yoshizawa, S., Kogure, K. and DeLong, EF. “A light-induced sodium ion pumping rhodopsin in marine flavobacteria”, 114th General Meeting, American Society for Microbiology (ASM2014), Boston, Massachusetts, USA (2014/5/17-20)
  49. Kumagai, Y., Yoshizawa, S., Fukunaga, T., Ogura, T., Hayashi, T., DeLong, EF., Kogure, K. and Iwasaki, W. “Gains and losses of proteorhodopsin genes affect genomic evolution”, 15th International Symposium on Microbial Ecology, Coex Convention Center, Seoul, South Korea. (2014/8/24-29)
  50. Yoshizawa, S., Kumagai, Y., Kim, H., Ogura, Y., Hayashi, T., Iwasaki, W., DeLong, EF. and Kogure, K. “Functional diversification in bacterial rhodopsins: a new class of light-driven Cl<sup>-</sup> pumps in marine flavobacteria”, 15th International Symposium on Microbial Ecology. Coex Convention Center, Seoul, South Korea. (2014/8/24-29)
  51. 馬渕浩司, 井上広滋 “サンゴ礁性ブダイ類の腸内細菌叢”, 2014 年度日本魚類学会年会, 神奈川県立生命の星・地球博物館, 神奈川県小田原市 (2014/11/14-17)
  52. Hamasaki, K., Kaneko, R., Fujimura, R., Shiozaki, T. Takasu, H. and Kogure, K. “Dynamics of bacterioplankton community structures in relation to environmental factors off the coast of Tohoku area, northern Japan”, ASLO Aquatic Science Meeting, Granada, Spain (2015/2/22-27)
  53. 福永津嵩, 久保田祥子, 尾田正二, 岩崎渉 “バイオイメージインフォマティクスによるメダカ社会性行動の定量化”, 第14回東京大学生命科学ネットワークシンポジウム, 東京大学本郷キャンパス, 東京都文京区 (2014/4/26)
  54. 平岡聡史, 町山麻子, 伊知地稔, 井上健太郎, 木暮一啓, 岩崎渉 “微生物の津波土壌への適応”, 第14回東京大学生命科学ネットワークシンポジウム, 東京大学本郷キャンパス, 東京都文京区 (2014/4/26)
  55. 福永津嵩, 久保田祥子, 尾田正二, 岩崎渉 “バイオイメージインフォマティクスによるメダカ社会性行動の定量化”, バイオイメージ・インフォマティクスワークショップ2014, 岡崎コンファレンスセンター, 愛知県岡崎市 (2014/6/9-10)
  56. 石津大嗣, 平形樹生, 福永津嵩, 尾崎遼, 木立尚孝, 岩崎渉, 塩見春彦, 塩見美喜子. “人工piRNA発現システムを用いたpiRNA生合成機構の解析”, 第16回日本RNA学会年会. ウィンクあいち, 名古屋 (2014/7/23-25)
  57. 伊知地稔, 町山麻子, 高橋唯, 千浦博, 伊藤世人, 北出有, 花田茂久, 田中祐之, 岩崎渉, 木暮一啓, “Every gene is everywhere, but the environment selects”, 第8回細菌学若手コロッセウム, ホテルニセコいこいの村, 北海道ニセコ町 (2014/8/7)
  58. Hosaka, T., Yoshizawa, S., Kimura-Someya, T., Shrestha, R., Muddassar, M., Kam Y. J. Zhang, Hato, M., Kogure, K., Iwasaki, W., Shirouzu, M. and Yokoyama, S. “青色光を吸収するプロテオロドプシンの結晶構造解析”, 第87回日本生化学会大会, 国立京都国際会館, 京都府京都市 (2014/10/15-18)
  59. 竹内美緒, 山岸昂夫, 鎌形洋一, 大島健志朗, 服部正平, 片山泰樹, 花田智, 玉木秀幸, 丸茂克美, 前田広人, 根建心具, 岩崎渉, 諏訪裕一, 坂田将, “微好気条件でのみ脱窒・亜

- 酸化窒素生成(N<sub>2</sub>O)を行う新規海洋細菌”,環境微生物系学会合同大会2014, 浜松アクティビティコンgresセンター, 静岡県浜松市 (2014/10/24)
60. 平岡聡史, 町山麻子, 伊知地稔, 井上健太郎, 木暮一啓, 岩崎渉, “東北大地震の津波による土壌微生物の多様性変化及び環境適応”, 生命情報科学若手の会第6回研究会, 理化学研究所発生・再生科学総合研究センター, 兵庫県神戸市 (2014/10/29-30)
  61. Yagi, Y., Kusakabe, M., Nobata, S., Hyodo, S., Takei, Y., and Hirai, T. “Comparison of temperature tolerance between early and late returning chum salmon in the Tsugaruishi River”, 第39回日本比較内分泌学会大会・第8回国際両生類爬虫類神経内分泌学会合同大会、岡崎コンファレンスセンター, 愛知県岡崎市 (2014/11/7-9)
  62. 吉種光, 尾崎遼, 寺嶋秀騎, Ngoc-Hien Du, 布川莉奈, 鈴木穰, 岩崎渉, 深田吉孝, “新しいバイオインフォマティクス技術MOCCSを用いた転写因子CLOCKのDNA結合モチーフの決定”, 第37回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 神奈川県横浜市 (2014/11/25)
  63. 前田京香, 三輪哲也, 福場辰洋, “Caged ATPを内部標準に用いた海洋サンプルのATP定量方法”, ブルーアース2015, 東京海洋大学品川キャンパス, 東京都港区 (2015/3/20)
  64. Kumagai, Y., Yoshizawa, S., Fukunaga, T., Ogura, T., Hayashi, T., DeLong, EF., Kogure, K. and Iwasaki, W. “Gains and losses of proteorhodopsin genes affect genomic evolution”, 15th International Symposium on Microbial Ecology, Coex Convention Center, Seoul, South Korea (2014/8/24-29)
  65. Ijichi, M., Machiyama, A., Takahashi, Y., Chiura, HX., Ito, Y., Kitade, T., Hanada, S., Tanaka, Y., Iwasaki, W. and Kogure, K., “Meta-omics approach to biofilm communities on the membrane of seawater reverse osmosis system”, 15th International Symposium on Microbial Ecology. Coex Convention Center, Seoul, South Korea (2014/8/24-29)
  66. Yoshizawa, S., Kumagai, Y., Kim, H., Ogura, Y., Hayashi, T., Iwasaki, W., DeLong, EF. and Kogure, K. “Functional diversification in bacterial rhodopsins: a new class of light-driven Cl-pumps in marine flavobacteria”, 15th International Symposium on Microbial Ecology. Coex Convention Center, Seoul, South Korea (2014/8/24-29)
  67. Sano, M., Sakamoto, S., Miyamoto, H., Kaneko, R., Kogure, K., Komatsu, T. and Nishida, S. “Metagenomic analysis of meiobenthic diversity in seagrass ecosystems in Johor, Malaysia”, World Conference on Marine Biodiversity 2014, Huanghai Hotel, Qingdao, China (2014/10/12-16)
  68. Iwasaki, W., Ozaki, H., Yoshitane, H., Terajima, H., Du, NH., Suzuki, Y., Fujimori, T., Kosaka, N., Shimba, S., Sugano, S., Takagi, T. and Fukada, Y. “MOCCS: a bioinformatic method to enumerate DNA-binding motifs from ChIP-Seq data”, International Symposium on Genome Science 2015 “Expanding Frontiers of Genome Science II”, Hitotsubashi-Hall, Chiyoda-ku, Tokyo (2015/1/20-21)
  69. Hamasaki, K., Kaneko, R., Fujimura, R., Shiozaki, T., Takasu, H. and Kogure, K., “Dynamics of bacterioplankton community structures in relation to environmental factors off the coast of Tohoku area, northern Japan”, 2015 ASLO Aquatic Sciences Meeting, Granada, Spain (2015/2/22-27)
  70. 尾崎和海, 平瀬祥太郎, 草間優子, 岩崎渉, 横山祐典, 川幡穂高, 多田隆治, 山本正伸, “日本海古環境データベース(JSPED)の構築とその応用”, 日本地球惑星科学連合2015年大会, 幕張メッセ国際会議場 (2015/5/24)
  71. 藤村玲子, 金子亮, 武島弘彦, 岩崎渉, 福庭辰洋, 浜崎恒二, 木暮一啓, “超高速遺伝子解析時代の海洋生態系評価手法の創出”, 第17回マリンバイオテクノロジー学会大会, 東京海洋大学品川キャンパス (2015/5/30)
  72. 福永津嵩, 岩崎渉, “Computational Ethology: バイオイメージインフォマティクスと動物行動学の融合”, バイオイメージ・インフォマティクスワークショップ2015, 九州大学病院キャンパス (2015/6/18-19)
  73. 松井求, 岩崎渉, “Graph Splitting法: 遠縁な進化的関係の解明に資する新たな系統解析手法の開発と適用”, 第15回東京大学生命科学シンポジウム. 東京大学本郷キャンパス (2015/6/27)

74. 尾崎遼, 岩崎渉, “ChIP-SeqデータからDNAモチーフを抽出するMOCCSとその応用”, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
75. 松井求, 岩崎渉, “NGS時代の新たな系統解析アプローチ: Graph Splitting法”, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
76. 新居良規, 岩崎渉, “タヌキモ科におけるゲノムサイズの変化とウイルス感染との相互作用の解析”, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
77. 熊谷洋平, 吉澤晋, 福永津嵩, 渡辺麻衣, 池内昌彦, 小椋義俊, 林哲也, 木暮一啓, 岩崎渉, プロテオロドプシンを持つ海洋細菌のゲノム比較から、新規の光利用関連遺伝子を探る, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
78. 平瀬祥太郎, 岩崎渉, “日本列島におけるHybrid Speciationの可能性 ―アゴハゼのNGS―”, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
79. 平岡聡史, 町山麻子, 伊知地稔, 井上健太郎, 吉澤晋, 木暮一啓, 岩崎渉, “東北大地震の津波がもたらした大規模な環境攪乱に対する微生物の応答と適応”, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
80. 岩崎渉, 楊静佳 “MetaMetaDB: メタ・メタゲノム解析のためのデータベース”, NGS現場の会第四回研究会, つくば国際会議場 (2015/7/1-3)
81. Kaneko, R., Kobayashi, Y., Hamasaki, K., Shiozaki, T. and Kogure, K. “Current systems shape bacterial community structure in the Sanriku coastal area, northwestern Japan”, 7th Japan-Taiwan-Korea International Symposium on Microbial Ecology, 土浦市亀城プラザ (2015/10/19)
82. Park, S., Wong, S, Lee, J, Lee, K.C., Kim, S.W., Hamasaki, K. and Kogure, K. “Isolation and characterization of rhodopsin containing *Mesoflavibacter misakiensis* SK-14 sp. nov. from sea surface microlayer at the coast of Misaki, Japan”, 8th Japan-Taiwan-Korea International Symposium on Microbial Ecology, 土浦市亀城プラザ (2015/10/20)
83. Matsui, M. and Iwasaki, W. “Graph Splitting Method: Novel Phylogenetic Approach Beyond the Twilight Zone”, 生命医薬情報学連合大会2015年大会 (日本バイオインフォマティクス学会2015年年会), 京都大学宇治キャンパス (2015/10/29-31)
84. Hiraoka, S. and Iwasaki, W. “Novel metagenomic data analysis method based on genetic divergences and gene-order networks”, 生命医薬情報学連合大会2015年大会 (日本バイオインフォマティクス学会2015年年会), 京都大学宇治キャンパス (2015/10/29-31)
85. 熊谷洋平, 吉澤晋, 渡辺麻衣, 池内昌彦, 木暮一啓, 岩崎渉, “「光合成」と「ロドプシン」、二つの異なる光利用システムを繋げる未知遺伝子DUF2237の機能解析”, 藍藻の分子生物学2015, かずさアカデミアホール (2015/11/16-17)
86. 松井求, 岩崎渉, “Graph Splitting法: トワイライトゾーンを越える新たな系統解析アプローチ”, 第38回分子生物学会年会・第88回生化学会大会合同大会, 神戸ポートアイランド (2015/12/1-4)
87. Hiraoka, S., Machiyama, A., Ijichi, M., Inoue, K., Oshima, K., Hattori, M., Yoshizawa, S., Kogure, K. and Iwasaki, W., “Genomic and metagenomic analysis of microbes in a soil environment affected by the 2011 Great East Japan Earthquake Tsunami”, The 9th Asian Young Researchers Conference on Computational and Omics Biology., Biopolis (2016/1/21-22)
88. Hiraoka, S. Machiyama, A., Ijichi, M., Inoue, K., Oshima, K., Hattori, M., Yoshizawa, S., Kogure, K. and Iwasaki, W., “Genomic and metagenomic analysis of microbes in a soil environment affected by the 2011 Great East Japan Earthquake Tsunami”. International Symposium on Restoration after Great East Japan Earthquake -Our Knowledge on the Ecosystem and Fisheries-, Hongo Campus, the University of Tokyo (2016/3/2-4)
89. Shiozaki, T., Ijichi, M., Isobe, K., Hashihama, F., Nakamura, K., Ehama, M., Hayashizaki, K., Takahashi, K., Hamasaki, K., Furuya, K., “Nitrification and its influence on biogeochemical cycles from the equatorial Pacific to the Arctic Ocean”, ESSAS Science Meeting, Yokohama, Kanagawa (2016/3/7-9)
90. 前田京香, 三輪哲也, 福場辰洋, “内部標準を用いた海洋サンプルのATP 定量法”, ブル

- ーアース'16, 東京海洋大学品川キャンパス (2016/3/9)
91. 福場辰洋, 藤村玲子, 金子 亮, 伊知地稔, 木暮一啓, “海洋微生物を対象としたメタトランスクリプトーム解析のための海洋遺伝子アーカイバシステムの開発”, 日本海洋学会2016年度春季大会, 東京大学本郷キャンパス (2016/3/17)
  92. 平瀬祥太郎, 手塚あゆみ, 永野惇, 岩崎渉, “更新世の日本海隔離で生じたアゴハゼ2グループの交雑帯のRAD-seq解析”, 日本生態学会第63回全国大会, 仙台国際センター (2016/3/22)
  93. 伊知地稔, 平岡聡史, 岩崎渉, 木暮一啓, Every gene is everywhere, but the environment selects ～空間的に異なる海水試料での検証～, 水圏微生物研究フォーラム2016, 東京大学柏キャンパス, 千葉県柏市 (2016/8/9-10)
  94. Wong, SK., Ijichi, M., Hamasaki, K., Kogure, K., “Diversity of neustonic archaea and the corresponding ammonia oxidizing genes in the sea surface microlayer”, 水圏微生物研究フォーラム2016, 東京大学柏キャンパス, 千葉県柏市 (2016/8/9-10)
  95. Hiraoka, S., Machiyama, A., Ijichi, M., Inoue, K., Oshima, K., Hattori, M., Yoshizawa, S., Kogure, K., and Iwasaki, W. “Genomic and metagenomic analysis of microbes in a soil environment affected by the 2011 Great East Japan Earthquake tsunami”, 16th International Symposium on Microbial Ecology. Palais des Congres de Montreal, Montréal, Canada (2016/8/21-26)
  96. Kumagai, Y., Yoshizawa, S., Kogure, K., Iwasaki, W. “Phylogenetic profiling analysis of proteorhodopsin gene among marine flavobacteria. The 8<sup>th</sup> Asian Symposium on Microbial Ecology. National Taiwan University, Taipei, Taiwan (2016/9/30-10/2).
  97. 伊知地稔, 塩崎拓平, 藤原周, 眞壁明子, 吉川知里, 川口慎介, 西野茂人, 原田尚美, 木暮一啓, “特定波長の太陽光線が海洋に遍在する *Thaumarchaeota* 門古細菌の有光層における分布へ与える影響の評価”, 第31回日本微生物生態学会大会, 横須賀市文化会館, 神奈川県横須賀市, (2016/10/22-25)
  98. 浜崎恒二, 井上智, 伊知地稔, 南承一, 鈴木健太, 山本正伸, “西部北太平洋および北極海におけるアーキアの群集構造”, JpGU-AGU Joint Meeting 2017, 幕張メッセ, 千葉県千葉市 (2017/5/20-24)
  99. 伊知地稔, 武島弘彦, 熊谷洋平, 吉澤晋, 木暮 一啓, “Targeted metatranscriptomicsが解き明かすアンモニア酸化微生物群集像”, NGS現場の会 第五回研究会, 仙台国際センター, 宮城県仙台市 (2017/5/22-25)

#### (5)受賞・報道等

##### ①受賞

- 1., Iwasaki W., Fukunaga, T., Isagozawa, R., Yamada, K., Maeda, Y., Satoh, T. P., Sado, T., Mabuchi, K., Takeshima, H., Miya, M., and Nishida, M.. Excellent Poster Award, 日本バイオインフォマティクス学会 2013 年年会(第 2 回生命医薬情報学連合大会) (2013)

##### ②マスコミ(新聞・TV等)報道(プレス発表をした場合にはその概要もお書き下さい。)

1. 日刊工業新聞, 東大、海洋細菌から光エネルギーで塩化物イオンを輸送する新ポンプ発見 (2014/4/10)
2. マイナビニュース, 海洋細菌の巧みな太陽光利用を発見 (2014/4/11)
3. NHK ニュース, “バケツ1杯”の水で魚の種類一度に特定(2015/7/22)
4. 日経新聞, ぐんだ水で魚種特定(2015/7/22)
4. 朝日新聞, 池・海の魚種 水をすくって判定(2015/7/25)
5. 日刊工業新聞, 深海微生物量連続計測(2016/5/20)
6. 日経産業新聞, 深海の微生物、光で測る(2016/7/14)

#### (6)成果展開事例

①社会還元的な展開活動

遺伝子解析、それもいわゆる第二世代、第三世代型による超高速解析は、我々の日常生活にも様々な形で関わりつつある。例えば人の遺伝病の検出とそれへの対応、魚類や果物、野菜などの食品類の原産地の特定。さらにメタゲノムや全ゲノム解析などを通じて有用物質を探る試みなど。こうした試みは、バイオインフォマティクス技術の発展とデータベースの充実により一層加速されるものと考えられる。本研究は生態学的な研究ではあるが、そのような“超高速遺伝子解析時代”へ基本的な要素を備えた先駆け的な研究として、学問的にも社会的にも大きなインパクトを持ちうるものとする。

## §5 研究期間中の活動

### 5. 1 主なワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ等の活動

| 年月日                 | 名称                                                                              | 場所                              | 参加人数  | 概要                                                                                                    |
|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------|-------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 2012 年 7 月<br>6 日   | CREST International Workshop on Aquatic Microbial Ecology                       | 東京大学大気海洋研究所                     | 70 名  | 海外の研究者 (F. Azam, H-P Grossart) を招へいしてワークショップを開催。                                                      |
| 2013 年 5 月<br>23 日  | Taiwan-Japan Workshop for Next Generation Oceanography and Biodiversity Science | Academia Sinica, Taipei, Taiwan | 30 名  | 本プロジェクトに関連する研究課題について成果を報告するとともに、台湾の関連研究者と意見交換を行った。                                                    |
| 2014 年 10 月<br>23 日 | Prof. E. F. DeLong 特別講演会および研究打合せ                                                | アクトシティ浜松                        | 200 名 | 本プロジェクトを通じて共同研究を行っているハワイ大学の E. F. DeLong 教授を環境微生物系学会合同大会に招へいし、特別講演会を行うとともに、学会期間中、プロジェクト関係者と研究打合せを行った。 |
| 2015 年 12 月<br>15 日 | 公開シンポジウム「新技術を活用した『海を活かしたまちづくり』」                                                 | 笹川平和財団ビル                        | 70 名  | Crest と公益財団法人笹川平和財団海洋政策研究所との一般向け共同シンポジウム。                                                             |

## §6 最後に

主要な目的としていた 100GSA については、基本的な検出法の検討が済み、対象遺伝子のプローブ設計が進んでいるものの、24 連のアーカイバの完成が 2016 年秋になり、その試料の解析が 10 月からになってしまった。つまり、具体的な最終的なチェックは最終年度後半にずれ込みつつある。そのため、100GSA による生態系の評価もそれに応じて遅れている。これが大きな反省点である。また、これまで東北海域を主な対象としてきたが、より早めに富栄養化の進んだ内湾域などを加え、有機物濃度、栄養塩などの変動の明確な場にて検討を進めるべきであったが、これも十分に達成できなかった。ただし、遺伝子アーカイバを用いた観測は三崎で行っており、年度内にこれらの点を改善するつもりである。

代表者としては、特任研究員の雇用と彼らの研究の進め方に苦勞した。すなわち、期間を通じて一貫して関わってくれる特任研究員はおらず、いわば異なる人が出たり入ったりして、全体としての研究の流れを統率していくのが容易ではなかった。また、Crest で雇用されたとしても、その研究内容が当人のそれまでの研究内容や興味と完全に一致する場合はなく、その点でも動かしていくのには苦勞させられた。准教授クラスの学術的にもリーダーシップの上でも強力なサブリーダーが存在するとかかなり改善されるものの、残念ながらそのような人は確保できなかった。

その一方で、この CREST はこれに参画し、海洋微生物を扱う研究者にとってのみでなく、遺伝子解析に関する関連技術を有する諸研究を融合して行く上で極めて有効であった。例えば、

- MetaMetaDB、あるいは比較ゲノムによる凝集遺伝子の同定に代表されるように、バイオインフォマティクス技術を世界でも初めて様々な形で微生物群集に適用してきた。また、微生物のみならず、魚類のミトコンドリア遺伝子を対象にしたデータベースなどは関連研究に大きな貢献を行っている。
- 遺伝子アーカイバのアイデアは、ほぼ世界でも最初であったが、研究途上でアメリカのグループが同様の機器の開発を行った。ただし、機器のコンパクトさやセンサー類の多様性などで本研究に

よる物はかなりのメリットを持っている。今後より汎用性の高い機器として、例えばブイなどに設置するアイデアも出ており、商品化も含めて環境中の微生物群集を把握する装置として発展していく可能性がある。

• やや細かいことになるが、Crest をきっかけとして東大大気海洋研究所内の遺伝子関連研究者が相互に情報交換や技術的協力を始めた。これは海洋生物学全体の新たな展開に大きく貢献するものと考えられる。

左図：24 連アーカイバー

