

大学共同利用機関法人
自然科学研究機構
基礎生物学研究所

外部点検評価報告書

2020 & 2021 合併号

目次

はじめに	2
1. 基礎生物学研究所 第3期中期目標期間における実績	3
2. 基礎生物学研究所 第4期中期目標期間における活動計画	38
3. 外部点検評価会議議事録	53
4. 外部点検評価会議アンケート結果	89
5. 在職 10 年の教授業績評価	108
長谷部光泰 教授	110
皆川 純 教授	189
6. 基礎生物学研究所 発表論文等資料	230
(1) 2020 年度発表論文	231
(2) 2021 年度発表論文	249
(3) 2020 年度及び 2021 年度プレスリリースと新聞等報道	267

はじめに

基礎生物学研究所の「外部点検評価報告書 2020 & 2021 合併号」をお送りします。この報告書は、2021 年度の最終月である 2022 年 3 月に行われた外部点検評価会議の内容についてとりまとめたものです。本来であれば、2021 年度に 2020 年度の活動に対して所外有識者から評価と提言をいただく外部点検評価会議を、2022 年度に 2021 年度の活動に対して所外有識者から評価と提言をいただく外部点検評価会議を開催すべきですが、2022 年度より第 4 期中期目標期間に入るため、2022 年度の外部点検評価も一緒に行う事で、第 3 期中期目標期間の 6 年間の総括を行うとともに、第 4 期中期計画開始に向けた意見をいただくことにしました。そこで、第 1 部を 2021 年度外部点検評価会議、第 2 部を 2022 年度外部点検評価会議とし、運営会議の所外委員の先生 3 名、運営会議に所属しない有識者の先生 3 名にお願いして、オンラインでの外部点検評価会議を開催し、研究所の活動を客観的な眼で評価して頂きました。本冊子には第 3 期中期目標期間の 6 年間に行われた私たちの活動がまとめられています。また、アンケート形式で研究所の活動についての評価と提言をお願いし、頂いた回答を記載いたしました。加えて、着任後 20 年を経過した長谷部光泰教授、着任後 10 年を経過した皆川純教授について、3 名の外部有識者に、その業績・活動の評価をお願いし、頂いた回答を掲載しています。

本研究所ではこれまで、基礎生物学の先導的な研究を推進するとともに、大学共同利用機関として、共同利用共同研究・国際連携・新領域の開拓・若手研究者の育成の諸事業に力を入れてまいりました。第 3 期中期目標期間の活動に対する最終結果が 2023 年 5 月に出され、本研究所は、「中期計画の判定がすべて「中期計画を実施している」以上であり、かつ、中期計画の実施により、小項目を達成している」、「また、特記事項を判断要素とし、総合的に判断した結果、「基礎生物学研究所における共生機構の研究」が優れた点として認められるなど「優れた実績」が認められる。」という判断をいただきました。この第 3 期中期目標期間の実績を基に、第 4 期中期目標期間では、「超階層生物学 (Trans-Scale Biology, TSB)」をキーワードに掲げ、「研究 DX」(データ駆動型サイエンス+AI 解析)」を取り込んだ新たな生物学の確立と展開をミッションとして掲げました。この超階層生物学を推進するための「超階層生物学センター (TSB センター)」の新設、組織再編など新たな取組を開始しています。その内容も本冊子に掲載しています。

本報告書をご一読くださり、基礎生物学研究所の運営と活動について、忌憚のないご意見を賜うことができれば、今後の研究所の運営活動に反映させていく所存です。今後も基礎生物学研究所 へのご助言、ご支援をどうぞよろしくお願い申し上げます。

令和 5 年 5 月

基礎生物学研究所 所長 阿形清和

1. 基礎生物学研究所

第3期中期目標期間における実績

令和4年3月8日

1

第3期中期目標期間における実績



令和4年3月8日

大学共同利用機関法人自然科学研究機構

基礎生物学研究所

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

第3期中期目標期間（2016年度～2021年度）の基礎生物学研究所の活動について、7つの項目（運営面、中核拠点性、国際性、研究資源、新分野の創出、人材育成、社会との関わり）についてまとめた。

I. 運営面

I. 運営面

基礎生物学研究所の設立と使命

2

■ モデル生物から非モデル生物に至る幅広い生き物を対象とした、多様な研究分野や生物現象の研究を最先端技術を用いて展開し、『生き物研究の世界の拠点』として、世界レベルの高水準の研究基盤を形成する。

■ 高水準の研究基盤と幅広い研究力を基に、共同利用・共同研究・トレーニングコースを他大学や研究機関の研究者に提供することで、生物学コミュニティ全体の研究力の強化に貢献する。



設立: 1977年

5つの研究所と4つのセンターから成る、自然科学研究機構(宇宙・エネルギー・物質・生命等に関わる自然科学分野の大学共同利用機関法人)の一員

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 1977年に設立。
- ・ モデル生物から非モデル生物に至る幅広い生き物を対象とした、多様な研究分野や生物現象の研究を、最先端技術を用いて展開し、『生き物研究の世界の拠点』として、世界レベルの高水準の研究基盤を形成する。
- ・ 高水準の研究基盤と幅広い研究力を基に、共同利用・共同研究・トレーニングコースを他大学や研究機関の研究者に提供することで、生物学コミュニティ全体の研究力の強化に貢献する。

1962年頃	から生物学研究者の間に研究所設立の要望が高まり、関連学会（日本動物学会、日本植物学会等）を中心に種々検討がなされた。
1966年 5月	日本学術会議は第46回総会において、生物研究所（仮称）並びに生物科学研究交流センター（仮称）の設立について内閣総理大臣に勧告した。
1973年10月	学術審議会は、分子科学研究所、基礎生物学研究所（仮称）及び生理学研究所（仮称）を緊急に設立すべき旨、文部大臣に報告した。
1977年 5月	基礎生物学研究所 創設 生理学研究所と共に生物科学総合研究機構を形成。桑原萬壽太郎 初代所長就任。3研究系（細胞生物学研究系・発生生物学研究系・制御機構研究系）、培養育成研究施設及び技術課が設置された。
1981年 4月	岡崎国立共同研究機構 創設 分子科学研究所及び生物科学総合研究機構（基礎生物学研究所、生理学研究所）は総合化され、3研究所は岡崎国立共同研究機構として一体的に運営されることとなった。
1988年10月	総合研究大学院大学 創設 基礎生物学研究所に同大学生命科学研究科分子生物機構論専攻（3年制の博士課程）が設置された。
1989年 5月	形質統御実験施設 設置
1998年 5月	形質転換生物研究施設 設置
1999年 4月	生命環境科学研究センター 設置
2000年 4月	アイソトープ実験施設、生命環境科学研究センター廃止。岡崎3研究所の共通研究施設として、統合バイオサイエンスセンター、計算科学研究センター、動物実験センター、アイソトープ実験センターを設置。
2001年 4月	情報生物学研究センター 設置
2004年 4月	大学共同利用機関法人自然科学研究機構 創設 国立大学法人法の施行により、国立天文台、核融合科学研究所、基礎生物学研究所、生理学研究所及び分子科学研究所が統合再編され、大学共同利用機関法人自然科学研究機構となった。統合バイオサイエンスセンターは岡崎統合バイオサイエンスセンターに名称変更。総合研究大学院大学は国立大学法人に移行。生命科学研究科 分子生物機構論専攻に5年一貫制の博士課程が設置された。
2005年 4月	連携・広報企画運営戦略室を設置。総合研究大学院大学 分子生物機構論専攻は基礎生物学専攻に名称変更された。
2010年 4月	培養育成研究施設、形質転換生物研究施設、情報生物学研究センター、分析室を再編してモデル生物研究センターと生物機能解析センターを設置し、専任の特任准教授を配置。
2013年 3月	大学連携バイオバックアッププロジェクト開始式開催
2013年10月	研究力強化戦略室 設置
2014年 3月	新規モデル生物開発センター 設置
2018年 4月	自然科学研究機構 生命創成探究センター 設置
2022年 4月	生物機能解析センター、モデル生物研究センター、新規モデル生物開発センターを再編して超階層生物学センターを設置

- ・ 1962 年頃から生物学者の間で新しい研究を設立の要望が高まり、学術会議の決定によって分子科学研究所、基礎生物学研究所、 生理学研究所という三つの研究所をつくりなさいということの内閣総理大臣に勧告され、1977 年に発足。
- ・ 当初は生理研と基生研で生物科学総合研究機構を形成し、そこに分子研が加わって、1981 年に岡崎国立共同研究機構創設。
- ・ 1988 年に総研大が発足し、大学院の教育を開始。
- ・ 2004 年に岡崎の三つの研究所と国立天文台と核融合科学研究所により構成される、大学共同利用機関法人自然科学研究機構が創設。
- ・ その後、施設やセンターの創設や再編などが行われ、現在の体制となる。2022 年 4 月には、既存の 3 センターを再編した超階層生物学センターを設置。

- 多様な生物における遺伝子や細胞の働き、生物多様性獲得や生物の環境応答の仕組みを解明する。
- 新たな研究領域を開拓し、また共同研究の場を提供して国際的な先端研究を推進する。

多彩な生物を用いた生物現象の解明

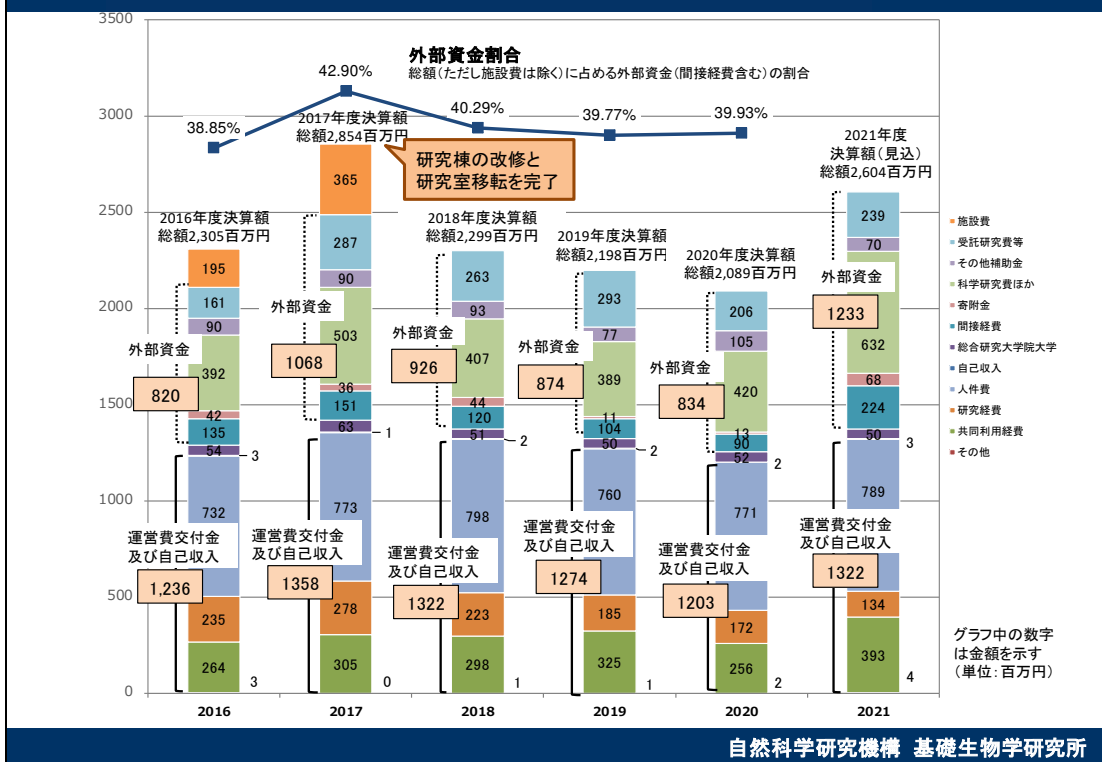


共通原理や多様性の解明へ



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

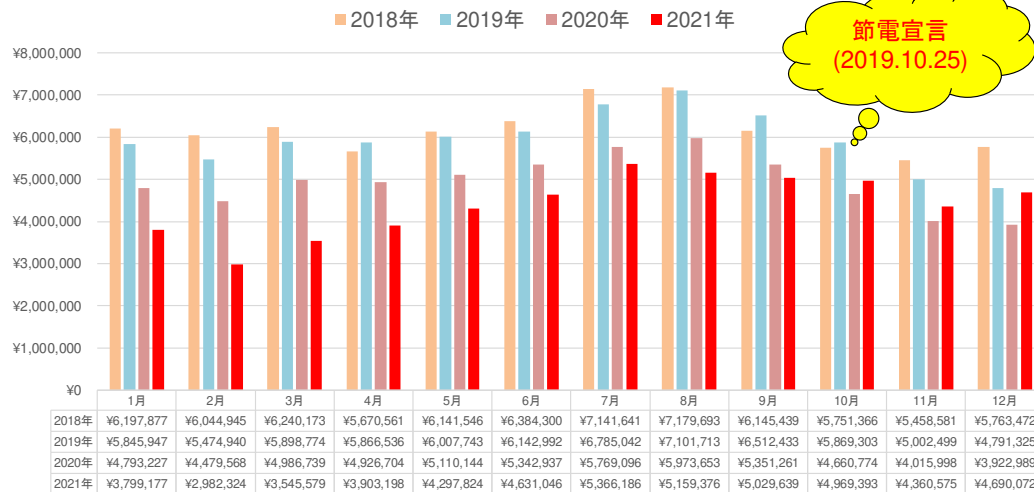
- ・ 多様な生物における遺伝子や細胞の働き、生物多様性獲得や生物の環境応答の仕組みを解明する。
- ・ 新たな研究領域を開拓し、また共同研究の場を提供して国際的な先端研究を推進する。



- 運営交付金が減少しているなか、新学術領域研究、基盤研究 S、基盤研究 A、若手研究 A、CREST やさがけ、AMED などの外部資金を獲得して、研究所の活動を支えている。総額に対する外部資金の比重は約 40%と高く維持されており、この外部資金が研究所の高い研究力を支えている。

● 電気使用量(円)推移 (2018~2021:電力計計測値から試算)

基礎生物学研究所(明大寺地区)



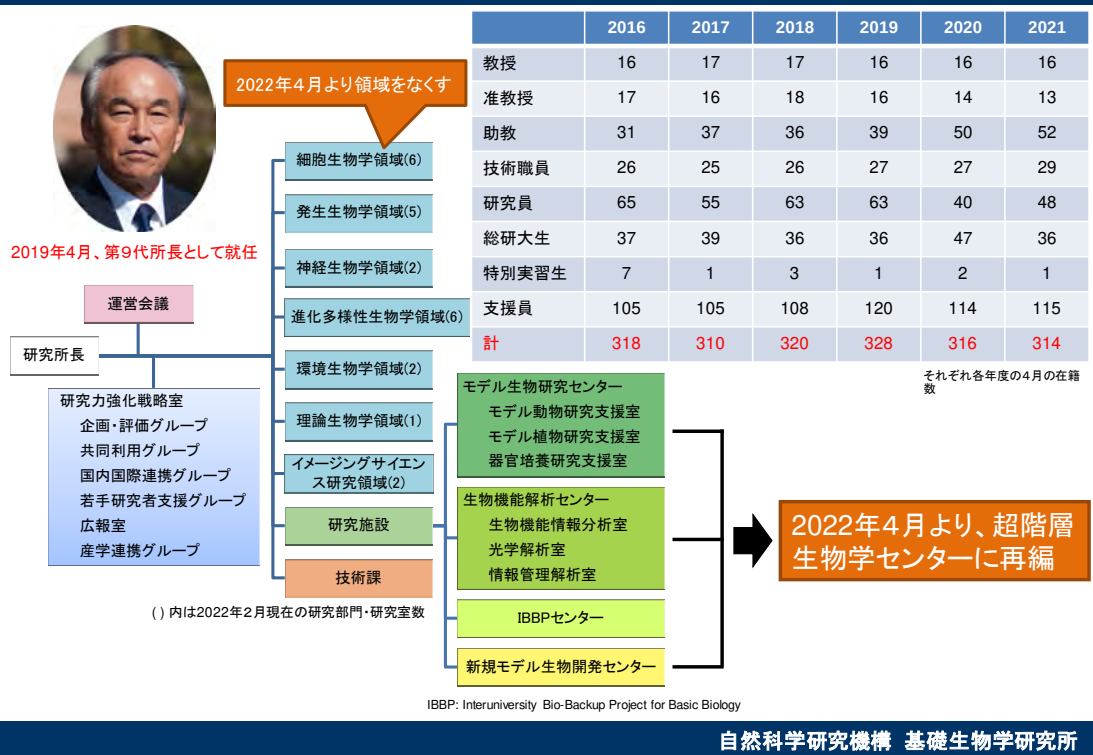
自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 節電対策ため、2019年10月25日に節電宣言を行い、老朽化した冷蔵・冷凍庫の停止、エレベーター使用の制限、不要な照明の消灯等を徹底し、光熱費の経費削減に努めた。その結果、節電開始をしてから2年間で約4,503万円（節電1年目は約1,248万円、節電2年目にはさらに約3,255万円）を節約に成功した。

I. 運営面

基礎生物学研究所の組織・人員

7



- 教授、准教授、助教、及び技術職員からなるスタッフに加え、大学院生、特別実習生、事務及び技術支援を含め、320 人前後の人員で活動している。
- 2022 年 4 月には、既存の 3 センターの超階層生物学センターへの再編、分野横断ユニットの設置に加え、領域名をなくす等の組織改編を行う予定となっている。



- 研究力強化戦略室は、文部科学省研究大学強化促進事業（平成 25 年度～令和 4 年度）のサポートのもと運営されており、企画・評価、国内国際連携、広報、共同利用、若手研究者支援および産学連携グループから構成されている。各グループの担当事業を整理・効率化するとともに、グループ間で連携しながら、研究力強化戦略室全体で研究所の活動を支えている。
- 各委員会および専攻会議の担当教員が、該当するグループに参画することで、委員会での議論や決議を速やかに反映する体制となっている。
- 各グループの実務担当者および室長、副室長からなる戦略室実務担当者会議を、毎月の教授会議終了後に開催し、情報共有と研究力強化について議論している。
- 2022 年 4 月からは、URA を RMC (Research management and Coordination) という職階へ変更する。

II. 中核拠点性

II. 中核拠点性

共同利用・共同研究を推進するためのセンター機能強化

9

技術職員によるサポートや研究者による助言

機能解析技術のサポート

生物機能解析センター

生物機能情報分析室

次世代DNAシーケンサーや60種類100台にのぼる多様な分析機器で遺伝子やタンパク質の機能解析をサポート。

光学解析室

世界最高クラスの分光器「大型スペクトログラフ」や、共焦点レーザー顕微鏡、二光子顕微鏡、DSLM（デジタル走査型ライトシート顕微鏡）、IR-LEGO（赤外レーザー遺伝子発現顕微鏡）などで生物観察、操作をサポート。

情報管理解析室

共有メモリ型計算サーバと分散処理用計算機クラスターを主軸とした「生物情報解析システム」を運用し、生物情報の解析、データベースの構築、解析ツールの開発、画像解析処理をサポート。

モデル生物を用いた研究のサポート

モデル生物研究センター

モデル動物研究支援室

哺乳動物飼育開発支援ユニット、小型魚類飼育開発支援ユニット、モデル動物解析支援ユニット、メダカバイオリソースユニットの4室から成り、モデル動物研究をサポート。NBRPメダカの中核機関、NBRPゼブラフィッシュの分担機関を担当。

モデル植物研究支援室

幅広い環境を再現できる栽培施設を備え、多様な植物の栽培を支援。NBRPアサガオの分担機関を担当。

新しいモデル生物開発のサポート

新規モデル生物開発センター

「新規モデル生物開発共同利用研究」を2021年度から開始

生物種に応じて、ゲノム情報の整備、生育培養方法の確立、ゲノム編集技術の確立などを進め、研究推進をサポート。

共同利用研究で先端機器・施設を共有し、大学研究者に貢献

年度	2016	2017	2018	2019	2020	2021	合計
採択件数	175	169	180	177	145	152	998

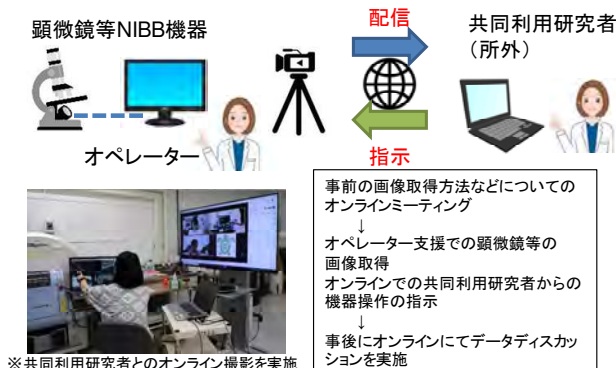
第3期中期目標期間の6年間で998件の共同利用研究を採択し、大学研究者の研究活動を支援

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

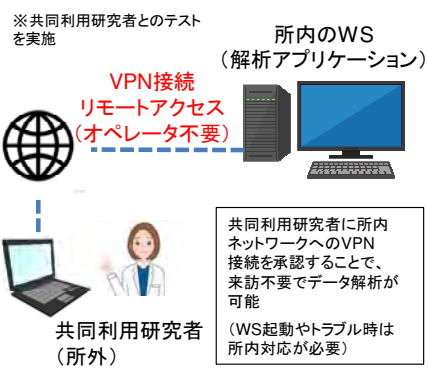
- 第3期中期目標期間の6年間で、998件の共同利用研究を採択し、大学研究者の研究活動を支援した。
- 2019年度共同利用研究の申請より、自然科学共同利用・共同研究統括システム（NOUS: NINS Open Use System）を導入し、申請者や所内研究者の負担を軽減した。
- 2021年度から、NOUSシステムに実装された成果論文の自動収集、採択課題の研究代表者の研究分野別分類などの機能を用いた、Institutional Research (IR)を開始した。
- 新規モデル生物開発の支援として2021年度から開始した「新規モデル生物開発共同利用研究」では、イペリアトゲイモリ、エダアシクラゲ、ヤマトヒメミミズの3件の課題を実施している。
- 生物機能解析センターの機能強化として、1分子ロングリードDNAシーケンサーと高速高解像度共焦点顕微鏡の導入を2021年度中に進めた。

共同利用・共同研究設備や機器の遠隔化・自動化を検討し、オンラインを介した画像取得支援などを一部実施

X線μCT、および、二光子・共焦点顕微鏡を使った遠隔共同 利用研究の実施



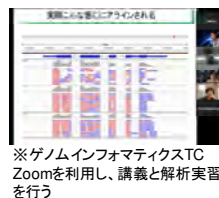
所内ワークステーション(WS)の遠隔 利用の試行



技術提供の一環として、研究所主催のトレーニングコース をオンラインで開催

- ◆ゲノムインフォマティクスTC
- ◆生物画像データ解析TC

※応募者が100名を超え、子育て中などの出張が困難な研究者が参加
できるなど、好評を博した。



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ コロナ禍での共同利用・共同研究の取り組みとして、共同利用・共同研究設備や機器の遠隔化・自動化システムを検討し、共同利用・共同研究の一部を実施している。2021年度では、オンラインを介した画像取得・解析支援や生物育成・培養施設の遠隔モニタリングを一部実施した。また、技術提供の一環として、研究所主催のトレーニングコースをオンラインあるいはオンライン／オンサイトのハイブリッド形式で開催した。

II. 中核拠点性

最近の学術研究成果 (1)

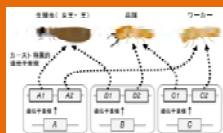
11

(2016年度から現在までに発表したプレスリリースから抜粋)

2022年1月18日

高度な社会性を持つシロアリのゲノム情報を解読
～遺伝子重複が社会性進化の原動力であることを明らかに～

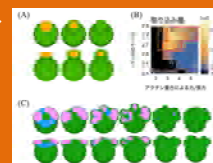
Shigenobu, S., *et al.* (2021).
Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.
119, e2110361119
doi: 10.1073/pnas.2110361119
重信研



2021年10月2日

数理で読み解く細胞の飲み食い
～細胞の口(くち)のつくりかた～

Saito, N., *et al.* (2021).
iScience 24, 103087
doi: 10.1016/j.isci.2021.103087
斉藤研



2020年10月6日

食虫植物ハエトリソウの記憶の
仕組みを解明

Suda, H., *et al.* (2020).
Nature Plants 6, 1219–1224
doi: 10.1038/s41477-020-00773-1
長谷部研



2020年8月25日

白化したサンゴの生死を決める新たな要因を発見
～高温ストレスによる共生藻の共生能力の低下～

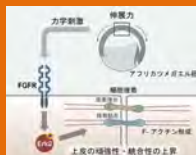
Kishimoto, M., *et al.* (2020).
ISME J. 14, 3149–3152
doi: 10.1038/s41396-020-00742-8
皆川研



2020年3月18日

力による細胞-細胞間接着の制御機構
～力で組織が強くなるしくみ～

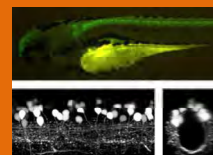
Kinoshita, N., *et al.* (2020).
Cell Reports 30, 3875–3888
doi: 10.1016/j.celrep.2020.02.074
上野研



2020年3月4日

左右の協調的な運動を担う交叉型抑制性神経細胞の
重要性が明らかに

Satou, C., *et al.* (2020).
Cell Reports 30, 3036–3050
doi: 10.1016/j.celrep.2020.02.015
東島研



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

II. 中核拠点性

最近の学術研究成果 (2)

12

(2016年度から現在までに発表したプレスリリースから抜粋)

2019年11月22日

マメ科植物の根粒と側根の発達は共通した遺伝子が
制御することを発見

Soyano, T., *et al.* (2019).
Science 366, 1021–1023.
doi: 10.1126/science.aax2153
川口研



2018年12月21日

精子幹細胞の数を一定に保つ新たな仕組みを発見

Kitadate, Y., *et al.* (2019).
Cell Stem Cell 24, 79–92.e6
doi: 10.1016/j.stem.2018.11.013
吉田研



2018年9月21日

テントウムシの多様な斑紋を決定する遺伝子の特定に
成功

Ando, T., *et al.* (2018).
Nature Commun. 9, 9843
doi: 10.1038/s41467-018-06116-1
新美研



2017年11月7日

細胞の集団移動の方向性を決める仕組みの発見
～ERK分子活性の細胞間伝搬とは逆方向に細胞が動く～

Aoki, K., *et al.* (2017).
Developmental Cell 43, 305–317
doi: 10.1016/j.devcel.2017.10.016
青木研



2017年12月7日

からだの前後のパターンは“点描”で描かれていた
～シグナル分子(モルフォゲン)の足場となる点状構造
の発見とその役割の解明～

Mii, Y., *et al.* (2017).
Nature Commun. 8, 1973
doi: 10.1038/s41467-017-02076-0
高田研



2016年9月15日

青色光受容体が光合成にブレーキをかけることを発見
～青い光が光合成装置を守る～

Petroutsos, D., *et al.* (2016).
Nature 537, 563–566
doi: 10.1038/nature19358
皆川研



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

6年間で発表した論文のうち、プレスリリースを行ったものの中から抜粋して紹介する。

- ・ シロアリは、コロニーの中に、形態も役割も異なる個体、すなわち女王と王、兵隊、ワーカーが分業と協働を行う、洗練された階級（カースト）制を特徴とする昆虫で、社会性の進化を研究するための卓越した研究材料である。今回、日本に広く分布する「ヤマトシロアリ」のゲノム情報の解読および、カースト別の大規模遺伝子発現解析により、シロアリの社会性の進化には遺伝子の重複が重要な役割を果たしていることが明らかになった。この結果は、遺伝子重複と社会性進化の関連をゲノムワイドの情報で証明した点で極めて画期的である。（重信研 重信秀治 教授ほか）
- ・ 細胞は、細胞膜を変形・陥入させることで細胞外部の物質や溶液を取り込むことができる。この中で、「食べる」プロセスはファゴサイトーシス（食作用）、「飲む」プロセスはピノサイトーシス（飲作用）と呼ばれる。大きいサイズの飲作用であるマクロピノサイトーシス過程における細胞膜変形の力学と、細胞膜上のシグナル分子の反応や拡散を数理的に記述することで、これまで全くの謎に包まれていたカップ変形と閉包のシミュレーションにはじめて成功した。その結果、この過程は飲作用だけでなく、粒子を無作為に取り込むという、従来の理解とは異なったファゴサイトーシス様式があることを示した。（斉藤研 斉藤稔 特任准教授ほか）
- ・ 食虫植物のハエトリソウでは、二つ折りになった葉の上に毛（感覚毛）が生えており、1回触っただけでは閉じないが、30秒以内にもう1回触ると、約0.3秒で閉じ、小動物を挟み込んで消化・吸収してしまう。細胞内カルシウムイオン濃度変化を可視化したところ、細胞内カルシウムイオン濃度がある閾値を超えた時に葉が閉じることが示され、毛への刺激を記憶しているように見える現象はカルシウムイオン濃度変化によって説明できることが分かった。（長谷部研 須田啓 大学院生ほか）
- ・ サンゴは、体の中に藻類（共生藻）を共生させ、共生藻の光合成に依存して生育している。海水温が異常に高くなると、サンゴは共生する藻類を失い（サンゴの白化）サンゴ礁生態系崩壊の主な原因となっている。サンゴと同様に藻類と共生するモデル生物であるセイタカイソギンチャクを用いた実験から、白化からの回復が起こりにくい原因の一つが、「高温ストレスによる藻類の共生能力の低下」であることを発見した。この発見は、藻類の共生能力の低下を抑えることで、白化したサンゴを救えることを示唆している。（皆川研 岸本 真理子 大学院生ほか）

- ・ 力学刺激を受けた動物組織が構造的に強固で安定的になる過程で、Erk2 と呼ばれる重要なシグナル伝達因子がリン酸化され核に移動することが重要であることを見出した。さらにこのリン酸化が、外力による FGF 受容体の活性化により引き起こされることが分かった。（上野研 木下典行 准教授ほか）
- ・ 魚類の遊泳運動に重要な左右の筋肉の協調運動において、それぞれ特有の転写因子で標識できる 2 群の神経細胞（dI6 神経細胞と V0d 神経細胞）が、いずれも交叉性抑制性を持ち反対側の筋肉を抑制して左右の協調的な運動を可能にしていること、及び両者は遊泳速度によって使い分けられていることが分かった。（東島研 佐藤千恵 元研究員ほか）
- ・ マメ科植物のミヤコグサで、側根の形成を制御する遺伝子として知られる ASL18a 遺伝子が、他の根粒形成遺伝子と協調しながら根粒の発達を制御することを明らかにした。これは、マメ科植物の根粒共生の能力が、植物に一般的な既存のシステムを上手く取り入れながら獲得されてきたことを示すものである。（川口研 征矢野敬 准教授ほか）
- ・ 多細胞生物が組織を長い間安定して維持するためには、組織細胞を作るおおもとの「幹細胞」の数が一定に保たれることが大切ですが、その仕組みは謎に包まれていた。そこで、まずマウスの精巣においてリンパ内皮細胞が精子幹細胞の自己複製を促す FGF（線維芽細胞増殖因子）を作ることを見出した。さらに、変異マウスや数理モデルを用いた解析の結果、FGF を巡る精子幹細胞間の競合により、精子を作る幹細胞の数が長い間一定に保たれる新しい仕組みを明らかにした。この「自己複製因子の競合」という新たな原理の発見は、他の組織においても幹細胞の数を保つ仕組みの理解に貢献すると期待される。（吉田研 北舘祐 助教ほか）
- ・ ナミテントウの前翅には 200 以上もの異なる斑紋（模様）が存在し、この斑紋の多様性は一つの遺伝子によってもたらされることが古くから知られていた。今回、ナミテントウのゲノム解読などを行うことにより、斑紋のパターンを決定する遺伝子であるパニア（*pannier*）を特定した。また、この様なたった 1 つの遺伝子の働きにより翅全体の斑紋パターンが決定される機能は、興味深いことにナナホシテントウにおいても保存されていることが判明した。（新美研 安藤俊哉 助教ほか）
- ・ 細胞が集団で移動する「細胞集団運動」において、個々の細胞がどのようにして秩序だった集団運動を生み出すのかについてはよく分かっていませんでした。今回、ERK 分子の活性が細胞間で伝搬し、その方向に向かって細胞が集団で移動することを見出しました。さらに、光遺伝学的な手法により人工的に ERK 分子活性の波を作り出すことで、細胞を集団で移動させることに成功した。これらの結果

から、ERK 分子の活性の伝搬方向を目印に細胞は集団で移動することが明らかになった。（青木研 青木一洋 教授ほか）

- ・ アフリカツメガエルの胚を使うことにより、からだづくりに関わるシグナル分子の一つである Wnt タンパク質の分布と作用が、細胞膜上にクラスター構造を形成して点状に存在する 2 種類のヘパラン硫酸を介して制御されることを初めて明らかにした。Wnt は幹細胞やがん化などの現象においても密接に関わると考えられることから、創薬等の応用への活用も期待される。（高田研 三井優輔 助教ほか）
- ・ 強すぎる光が光合成装置を破壊するのを防ぐ qE クエンチングという仕組みにおいて、これまで光合成とは直接関係ないと思われていた青色光受容体フォトトロピンが決定的な役割を果たしていることを明らかにした。この結果、環境変化が起きた際の細胞中の一連の反応の流れの全体像が見えてきた。

III. 国際性

III. 国際性
グローバルネットワーク形成
13

欧州分子生物学研究所 (EMBL)

情報交流 (合同国際会議)	人材交流 (若手研究者や学生の相互訪問)	技術交流
2005年から日本とドイツで10回開催	2017年に研究所で学ぶ大学院生を EMBL 学生シンポジウムに派遣	ともに参画する国際的なバイオイメージングネットワーク (GBI) を介して、各種情報を共有

ハイデルベルグ大学 Center for Organismal Studies (COS)

情報交流 (合同国際会議)	国際共同研究
両機関のメンバーによるオンラインミーティングを2021年3月と6月に開催	刺胞動物の光応答に関する国際共同研究に若手研究者1名が参画し、オープンラボにて実施 新たな共同研究の芽出しを進める

プリンストン大学

情報交流 (合同国際会議)	技術交流	国際共同研究
2019年度に第2回合同会議を岡崎で開催 相手先での第3回を計画中	2017年に国内向けプロトオミクス・トレーニングコースを合同で開催	NINS 国際連携研究センターを介して、定量生物学の国際共同研究を推進

テマセク生命科学研究所 (TLL)

情報交流 (合同国際会議)	国際プラクティカルコース開催
2010年から2014年で国際会議を合同で4回開催	2011年から2016年で国際プラクティカルコースを合同で4回開催

双方合意のもと、2020年7月に連携協定を一旦終結

ボトムアップ型国際共同研究

国際共同研究の重要性に基づく基礎生物学研究所の次の国際連携の形として「ボトムアップ型」国際連携を2014年度から開始。

第3期中期目標期間中に13件の所内研究室主宰者による国際共同研究を支援

NIBBコンファレンス

基研創設以来67回を開催する、先端研究のテーマに関する研究交流を目的とした国際会議

生物の季節感知	2016年度 (第64回)
新規モデル生物「ゼニゴケ」	2017年度 (第65回)
先端バイオイメージング	2018年度 (第66回)
遺伝子オルソログ解析	2019年度 (第67回)
細胞間コミュニケーション	2022年度 (予定)

国際プラクティカルコース

国際的な研究者交流と技術交流、若手研究者育成を目的とし、2007年より10回開催

Genetics and Imaging of Medaka and Zebrafish	2016年度 (第9回)
Genome Editing and Imaging of Fish and Amphibians	2018年度 (第10回)
Genome Editing, Imaging and Regeneration in Medaka, Zebrafish and Sea Urchin Embryogenesis	2022年度 (予定)

新たな国際連携に向けた活動

シンガポール国立大学との間で、バイオイメージング、定量解析、細胞操作に関する新たな連携を検討中

シンガポール国立大学を含めた新たな枠組みでの連携再構築を議論

台湾・Academia Sinicaとの間で人材交流をベースとした国際連携を検討中

コロナ禍での新しい連携活動の形として、合同オンラインウェビナーを2021年3月5日に開催

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ EMBL とは、ともに参画する国際的なバイオイメージングネットワークである Global BioImaing を介し、イメージング施設運営やバイオイメージング解析に関する各種情報を共有してきた。
- ・ ドイツ・ハイデルベルグ大学の Center for Organismal Studies (COS) とは、オンライ

ンミーティングを実施することで人材交流や共同研究の芽出しを進めるとともに、双方の若手研究者による「刺胞動物の光応答」に関する国際共同研究をオープンラボにて実施している。

- ・ プリンストン大学とは、合同会議や国内向けのプロテオミクス・トレーニングコースを岡崎にて開催するとともに、NINS 国際連携研究センターを介して定量生物学に関する国際共同研究を推進している。
- ・ シンガポール・テマセク生命科学研究所との連携協定については、双方の合意のもとで 2020 年 7 月を持って一旦終結し、シンガポール国立大学を含めた新たな枠組みでの連携を再構築するための議論を進めている。
- ・ 台湾・Academia Sinica とは、2022 年度に合同国際プラクティカルコースを台湾で開催するために準備を進めている。また、2020 年度には、コロナ禍での新しい連携活動の形として、合同オンラインセミナーを開催した。
- ・ 所内の研究室主宰者が進める国際共同研究を「ボトムアップ型国際共同研究」として支援し、第 3 期中期目標期間中に 13 件の研究課題を支援した。

IV. 研究資源

IV. 研究資源
研究コミュニティへの支援 (IBBP)
14

大学等における生物遺伝資源のバックアップ拠点の構築

目的・ねらい
全国の大学等と連携して生物遺伝資源の収集・保存を行い、災害時における迅速な回復を可能とする体制を構築するとともに、高度の品質管理により各大学等の個別研究によって創出された生物遺伝資源の付加価値を向上させ、大学間連携による共同利用・共同研究の基盤を整備する。

設備内容
基礎生物学研究所に集中バックアップ保管施設としてIBBPセンターを設置し、生物遺伝資源のバックアップに必要な最新機器を整備。液体窒素による保存システム等により、電源の供給が絶たれても3週間は超低温で生物遺伝資源が維持可能。震度7クラスにも耐えられる耐震性建築であり、2段階の非常用電源を備える。



・IBBPセンター外観 (山手地区) 平成24年に運用開始。・7大学サテライト機関と連携。2019年3月よりWeb申請・審査・管理DB (IBBP-easy) を運用開始

保管状況 (2021年10月末時点)
これまでに596件の新規・延長申請を採択した。令和3年10月時点での保管量は384穴プレート5,308枚、96プレート112枚、チューブ18,413本、ストロー7463本、種子588サンプル、合計2,075,488サンプルをバックアップ保管している。

大学連携 バイオバックアッププロジェクト (IBBP)
生物遺伝資源新規保存技術開発共同利用研究

生命は突然変異により徐々に変化していく これを防ぐ唯一の方法は凍結保存による維持管理

完全で安定したバックアップ体制の整備には新規凍結保存技術の開発が不可欠である

多くの利用者から凍結によるバックアップ保存の要望がある。

現在、既に利用されている生物遺伝資源でもいまだ凍結保存技術が未開発なものも多い



新規凍結保存技術の開発のコンセプト
動物一般: 生殖幹細胞の凍結保存と借り腹移植による系統の回復
植物・微生物・菌類等: 凍結保存技術の最適化による生存率の向上

2013年度から共同利用研究を開始。2013年度9件、2014年度10件、2015年度9件、2016年度12件、2017年度12件、2018年度18件、2019年度14件、2020年度10件、2021年度は10件を実施。

本共同利用研究により、新規凍結保存技術を開発した生物
ゼニゴケ (保管サンプル350本)、ヒメツリガネゴケ、キク、サトイモ、ラッキョウ、ニンニク、カイコ (保管サンプル62本)、テントウムシ (保管サンプル10本)、ショウジョウバエ、ラット及びマウス (保存技術向上)

2014年度以降年一回の超低温 (凍結) 保存に関する研究会を開催。

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- IBBP センターでのバックアップ保管は、液体窒素による保存であるため、電源の供給が絶たれても 3 週間は超低温で生物遺伝資源の維持が可能である。震度 7 クラスにも耐えられる耐震性建築であり、2 段階の非常用電源を備える。保存タンクは、2016 年度より増設をおこない、設立当初の 10 台から現在では 17 台となり、保存能力を向上させてきた。また、2019 年 3 月より申請、審査、およびサンプル管理を行うオンラインシステム（IBBP-easy）の運用を開始し、利用者と管理者にとってより利用しやすい環境を整備した。
- コロナ禍が始まった 2020 年度には新規及び追加申請 33 件を含む 126 件の申請を受け付けるなど、コロナ禍に対応できるバックアップ機関として認知されてきたことを思わせる。
- 生物遺伝資源のバックアップ保管に加え、2013 年より新規凍結保存技術開発共同研究を実施している。本共同利用研究では年間 10 件程度の申請を採択してきたが、その中からゼニゴケ、ヒメツリガネゴケ、ショジョウバエ、テントウムシ、サトイモなどの新規長期保存技術が開発された。
- 2014 年度より凍結保存技術開発を中心とした研究集会（Cryopreservation conference）を開催してきた。新型コロナの蔓延により 2020 年度と 2021 年度はオンライン開催となったが、参加がより容易であることもあって過去もっとも多い 200 名程度の参加者があった。

IV. 研究資源 研究コミュニティへの支援（NBRPメダカの中核機関）

15

メダカバイオリソースの体系的な収集・保存とその統合的な提供事業



実施体制

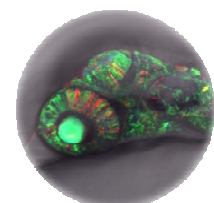
中核機関：**基礎生物学研究所**
 (汎用系統/近交系/突然変異体/野生系統/遺伝子導入系統/近縁種/TILLING系統/ゲノムクローン/cDNAクローン/酵素)
 分担機関：
 宇都宮大学 (野生系統/近縁種)
 宮崎大学 (BAC/cDNAクローンバックアップ)
 理化学研究所 (変異体/遺伝子導入系統バックアップ)

提供リソース

メダカ系統: 汎用系統/近交系/突然変異体/野生系統/遺伝子導入系統/近縁種/TILLING系統
クローン: ゲノムクローン (BAC/fosmid)/cDNAクローン (完全長cDNA/EST)/ノックイン用ドナーベクター
その他: 酵素/講習会・シンポジウム/プロトコル集/ゲノム編集プラットフォーム提供/英文プロトコル集の出版

年度	メダカ系統	ゲノム/cDNAクローン	酵素
2010年度	228系統	195クローン	300本
2011年度	220系統	324クローン	170本
2012年度	332系統	326クローン	210本
2013年度	429系統	186クローン	160本
2014年度	320系統	311クローン	200本
2015年度	332系統	179クローン	250本
2016年度	421系統	151クローン	303本
2017年度	564系統	148クローン	240本
2018年度	583系統	69クローン	260本
2019年度	670系統	78クローン	315本
2020年度	607系統	69クローン	250本
2021年度 (12月末)	411系統	50クローン	290本

第4期はメダカ系統提供数の増加に加え、採択時のコメントである海外への提供が18%から25%に増加した。酵素の提供では海外分が50%を超えるなどメダカリソースの海外で利用が進んでいる。近交系・近縁種ゲノム情報・新規凍結保存技術など新たなリソース・技術の開発と発生にともなう遺伝子発現プロファイルの網羅的解析とそのデータベース化により研究教育環境の整備を推進している。2020-2021年度は新型コロナウイルスの蔓延により提供数が減少した。



Gaudi遺伝子導入系統 <http://www.shigen.nig.ac.jp/medaka/>



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

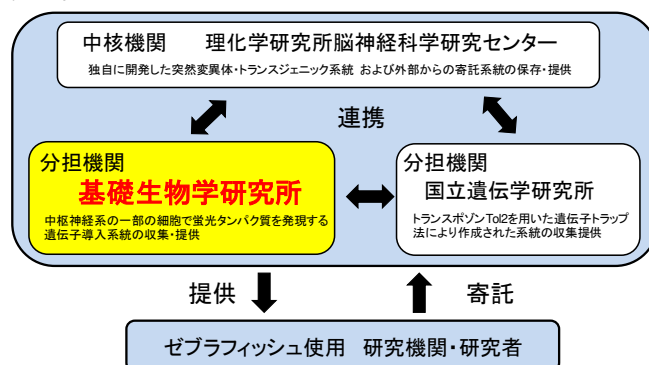
IV. 研究資源 研究コミュニティへの支援（NBRPゼブラフィッシュの分担機関）

16

ゼブラフィッシュバイオリソースの収集・保存・提供

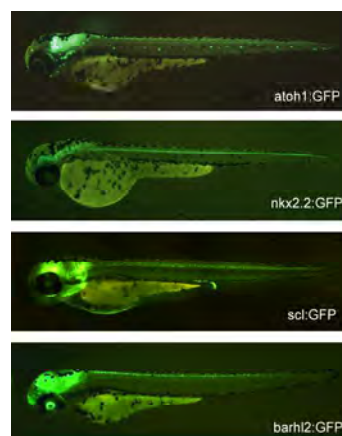


実施体制



基生研で扱っているリソース

中枢神経系の特定の種類の神経細胞で様々な蛍光タンパク質を発現するトランスジェニック系統



基生研の提供実績

年度	2016	2017	2018	2019	2020	2021
配布系統数	29	43	38	40	34	23

2021年度は、
2022年2月5日現在

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

IV. 研究資源 研究コミュニティへの支援 (NBRPアサガオの分担機関)

17

モデル生物研究センター・アサガオバイオリソースユニットでは、ナショナルバイオリソースプロジェクト・アサガオ(代表機関:九州大学)の分担機関として、アサガオの各種リソースの収集・保存・提供を行っている。

基生研で扱っているリソース

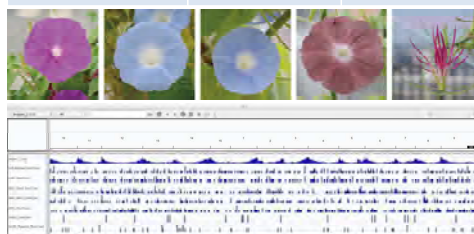
- ① ESTクローン 61,128クローン (93,693 EST)
- ② BACクローン 115,200クローン
- ③ アサガオと近縁種の系統(着色変異系統) 240系統
- ④ 形質転換系統 146系統



基生研の提供実績

2021年度は、2022年2月14日現在

年度	クローン	種子
2016年度	4件(31クローン)	2件(16系統)
2017年度	4件(32クローン)	2件(107系統)
2018年度	2件(34クローン)	4件(10系統)
2019年度	8件(35クローン)	4件(20系統)
2020年度	3件(39クローン)	3件(14系統)
2021年度	2件(3クローン)	4件(12系統)



2020年度ゲノム情報等整備プログラムでは、網羅的な変異解析の基盤となる、のべ147系統のゲノム配列を収集した。

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) では、メダカの中核機関、ゼブラフィッシュの分担機関、アサガオの分担機関として活動し、各種クローンの配布や講習会を開催し、研究者コミュニティに貢献している。
- NBRP メダカでは、分担機関と連携しながらメダカ系統、クローン及び孵化酵素の収集と保存を行うとともに、国内外の研究者のリクエストに応じて提供してきた。第4期事後評価では、「本事業は、ライブラリソースの保存・提供や孵化酵素提供を順調に進めており、成果論文の発表にも貢献していることから、日本発の代表的なリソースとして着実に展開したと評価する。実施体制は、研究者コミュニティを中心とする運営委員会により運営されており、分担機関も含め所属機関より人的支援や経費のサポートを受けている。ゲノムリソースの提供数は目標値に達していないが、技術革新で需要が減っているためであり、その中で適切な対応がなされている。」との高い事後評価を得た(10点満点中 7.4)。第4期では順調に増加していたメダカ系統・孵化酵素の提供数が2020年-2021年度のコロナ禍で減少に転じた。2020年度は輸送手段が限られ輸送に時間がかかるため海外への提供数が激減した。2021年度も長引くコロナ禍で海外だけでなく国内の研究も影響を受けていると思われる。コロナ禍で学会における対面での広報が制限を受けたため、その対応としてオンラインのWebinarを開始した。一般へのアウトリーチ

では基礎生物学研究所広報室と共同でニコニコ動画による一般向け講演会を実施した。

- ・ NBRP ゼブラフィッシュでは、配布する系統件数も順調に伸びており、今年度に行われた第4期事後評価では、中核機関と分担機関がリソースの特徴によって分担・協力しあうことで効率的な体制を構築・運営しており、コミュニティに貢献しているとの判断を得て、10点満点中8.3点という高い評価を得た。
- ・ NBRP アサガオは、全体的に順調に進んでおり、第4期最終評価では「計画通りの進捗が認められた」として高い評価(10点満点中7.2)を得た。2020年度はゲノム情報整備プログラムにも採択され、のべ147系統のゲノム配列を収集することができた。最終評価では「計画を超えた進捗が認められた」として高い評価(10点満点中7.6)を得た。
- ・ 第4期 NBRP は本年度で終了するため、上記の3つのプロジェクトについては、2022年度からの第5期 NBRP についても事業を継続すべく、中核機関(NBRP メダカ)、分担機関(NBRP ゼブラフィッシュ、NBRP アサガオ)として申請中である。

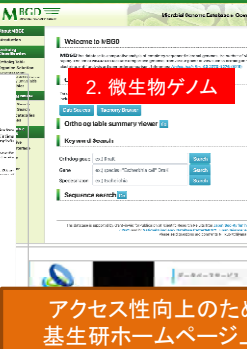
IV. 研究資源

研究コミュニティへの支援 (バイオリソースデータベース)

18



1. アフリカメガエル



2. 微生物ゲノム



3. ヒメツリガネゴケ



4. 植物オルガネラ

アクセス性向上のため、
基生研ホームページ上の
ポータルサイトにリンクを集約

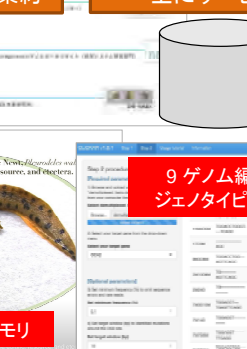
機構セキュリティポリシーに
合致させるため、公開サーバ
上にサービスを集約



5. アサガオ



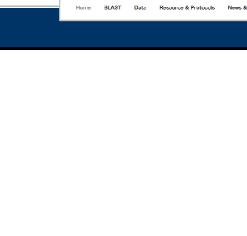
6. 菌根菌



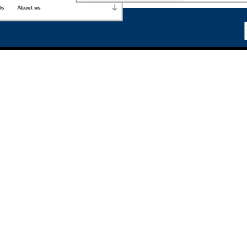
8. 有害赤潮藻類



7. イベリアアゲイモリ



9. ゲノム編集
ジェノタイピング



10. ツノケイソウ

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

データベース	データ件数	アクセス数						
		2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
MBGD 微生物ゲノム比較解析データベース	6,318ゲノム, 23,372,484 遺伝子	50339	70596	93631	109307	72828	40024	60930
PODB3 植物オルガネラデータベース	664件	59279	61004	59864	56183	55671	48541	33429
XDB アフリカツメガエルEST解析データベース	260,065 EST	8311	8950	8938	14480	14385	9669	5972
PHYSCObase ヒメツリガネゴケ統合データベース	255,332 EST	11878	10588	11437	16931	18764	12997	11795
Asagao アサガオゲノムデータベース	24,713 EST		2304	6792	10778	7688	5658	3366
nekkō アーバスキュラー菌根菌ゲノムポータル サイト	41,760遺伝子				3476	6707	5259	3321
iNewt イベリアトゲイモリに関するポータルサイト	1,395,387遺伝子					42514	65518	46972
DB-HABs 有害赤潮藻類遺伝子配列データベース	181,304遺伝子					6621	4215	1885
CLiCKAR ゲノム編集アンプリコン解析サーバ							5738	5168
ChaetoBase ツノケイソウゲノムデータベース	15,484遺伝子							585
アクセス総数		129807	153442	180662	211155	225178	197619	173423
2015年度を基準とした時の伸び率(%)		100	114	135	157	168	147	129

第3期で6つのデータベースを公開

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- 基礎生物学研究所のバイオリソースデータベースのサービスとして、
 - (1) XDB3 (Xenopus Developmental Biology Database Version 3)
 - (2) MBGD (Microbial Genome Database for Comparative Analysis)
 - (3) PHYSCObase (Physcomitrella Database)
 - (4) PODB3 (The Plant Organelles Database Version 3)
 - (5) Japanese Morning Glory Genome Database
 - (6) nekkō (NIBB Encyclopedia of “KinKon” Omics)
 - (7) iNewt (Integrated Portal Site for the Newt, *Pleurodeles waltl*)
 - (8) DB-HABs (Database for Research in Harmful Algal Blooms)
 - (9) CLiCKAR (Workflow for Genotyping of CRISPR-Cas9-based Knockout Phenotypes)
 - (10) ChaetoBase (Gene annotation database for *Chatoceros gracilis*)
 を、情報管理解析室のサポートのもと公開している。アクセス数は順調に増加しており、研究者コミュニティに貢献している。
- 上記のデータベースは、機構のセキュリティポリシーに合致させるため、機構ネットワークの DMZ (DeMilitarized Zone) 上に公開サーバを設置し、各データベースサービスを公開サーバ上に集約した。
- 2016 年度～2021 年度の間に 6 個のデータベースが新規に開設され、2020 年度の総アクセス数は 2015 年度の 147%に増加している（129,807 件 → 197,619 件）。

- ・ 上記のデータベースのうち、MBGD, PODB3, XDB3, PHYSCObase は、2019 年 4 月に会計検査院事務総長官房技術参事官によるヒアリングを受け、「日本、世界からみても大変ユニークなデータベースで、今後一層の周知を行うことで基礎生物学研究所の名をさらに高めることに繋がることを期待する」と評価された。

IV. 研究資源

研究コミュニティへの支援（イメージング）

20

先端バイオイメーシング支援プラットフォーム (ABiS; Advanced Bioimaging Support)
文部科学省科学研究費助成事業 新学術領域研究 学術研究支援基盤形成 (平成28年度～令和3年度)

基生研、生理研を中核機関として、先端機器及び先端技術をもつ全国22の機関なるネットワークを構築し、科研費取得者に対し、光学顕微鏡、電子顕微鏡、MRI、画像解析の4つの項目について技術支援を行う。

基礎生物学研究所は、光学顕微鏡支援(光シート顕微鏡支援・4D顕微鏡観察支援・IR-LEGO顕微鏡支援)と画像解析支援、及び画像解析トレーニングを担当

支援数	2016	2017	2018	2019	2020	2021
光学顕微鏡技術支援	69	102	129	134	118	133
電子顕微鏡技術支援	59	82	81	83	74	53
磁気共鳴画像技術支援	42	44	48	38	27	25
画像解析技術支援	15	32	29	18	27	28
総計	185	260	287	273	246	239

国際ネットワークの構築

欧州バイオイメーシングネットワーク (EuBI) が推進するグローバルバイオイメーシングネットワーク (GBI) との国際連携

- ・ ABiSとGBIの共催シンポジウムとトレーニングコース開催
- ・ EoE: Exchange of Experience (実績・経験に基づく意見交換のための実務者会議)に参加による情報共有
- ・ GBI主催のトレーニングコースやレクチャーへの参加

これまでのABiS活動の成果を元に、イメージング研究のニーズに応じた支援参画者を検討し、生理研と基生研を中核機関とした新たなネットワークの提案として、令和4年度科学研究費助成事業学術変革領域研究(学術研究支援基盤形成)応募した。

2022年2月2日にヒアリングを受け、6年間の活動が評価され、2022年度～2027年度の活動が認められた。

本支援活動により・・・

- ①画像取得や画像解析の質の向上
- ②支援者間の技術交流・情報交換
- ③共同研究の推進
- ④先進技術の継承と後継者の育成

基生研の参画メンバー

【光学顕微鏡技術支援】
藤森俊彦、亀井保博、野中茂紀

【画像解析技術支援】
上野直人、加藤輝、太田裕作

【トレーニング】
上野直人、小山宏史

【総括班】
阿形清和、上野直人、高田慎治、真野昌二

NIPS

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 基礎生物学研究所と生理学研究所を中核機関として 2016 年度に発足した先端バイオイメーシング支援ネットワーク (ABiS) は、最先端機器及び最先端技術をもつ 20 の大学・研究機関が参画し、科研費取得者に対して、光学顕微鏡技術支援、電子顕微鏡技術支援、磁気共鳴画像技術支援、画像解析技術支援を行ってきた。この 6 年間で 1,490 件 (2022 年 2 月 7 日現在) の支援を行った。その支援成果の一部は論文として発表 (2021 年 12 月時点で 354 報) や学会で発表されている。また、技術普及と若手育成支援としてトレーニングコースを毎年 10 件程度行ってきた。
- ・ Euro-BioImaging (EuBI) が展開している Global BioImaging (GBI) と 2018 年 9 月に国際連携協定を締結した。合同でのトレーニングコースやシンポジウムの開催することで、バイオイメーシングに関する最新の技術や情報の共有を図っている。毎年開催されている実務者会議 (EoE: Exchange of Experience) に参加し、イメージング施設のスタッフや若手研究者のキャリアパス、データ共有システム構築や産学

連携推進、バイオイメージングの将来に向けたグローバル戦略の策定など世界共通の課題について議論を行っている。また、GBI 主催のトレーニングコースやレクチャーの情報を ABiS 支援者へ展開するなど、イメージングネットワークのハブとしても活動している。

- ABiS 事業は本年度で終了するため、これまでの活動成果を元に、イメージング研究のニーズに応じた次期支援参画者を検討し、生理学研究所と基礎生物学研究所を中核機関とした新たなネットワーク構築の提案を、次期支援事業として、令和4年度科学研究費助成事業 学術変革領域研究（学術研究支援基盤形成）の公募に応募し、2022年2月2日にヒアリングを受けた。これまでの活動が評価され、2022年度～2027年度の活動が認められ、新体制における活動の準備を開始した。

V. 新分野の創出

V. 新分野の創出

先見性：新規モデル開発センター(2013年設立)

21

新規モデル生物開発センターを中心に、個々の生物種の全ゲノム情報基盤の整備と、それらに合わせた生物機能情報解析技術・手法の確立

全ゲノム情報の整備

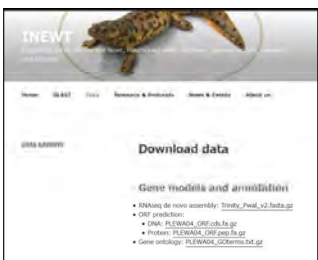
いまで研究に用いられてこなかった生物のゲノム情報をNGSにより解読



ゲノム編集技術の確立

CRISPR/Cas9を用いたゲノム編集を確立し、形質・行動の機構を解明

➤ イベリアトゲイモリの例



ゲノム情報の整備とデータベースの公開

イベリアトゲイモリに関するプレスリリース

ゲノム編集技術：2018年9月14日

ゲノム情報整備：2019年4月24日

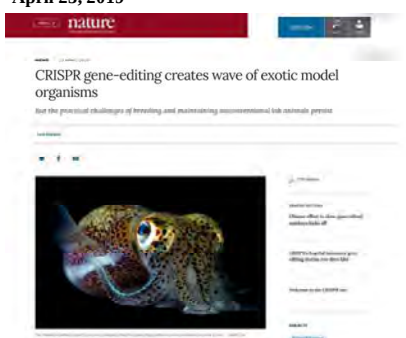


ゲノム編集技術の確立による機能解析

国際的に認知されつつある基生研の活動 (Nature誌に紹介記事)

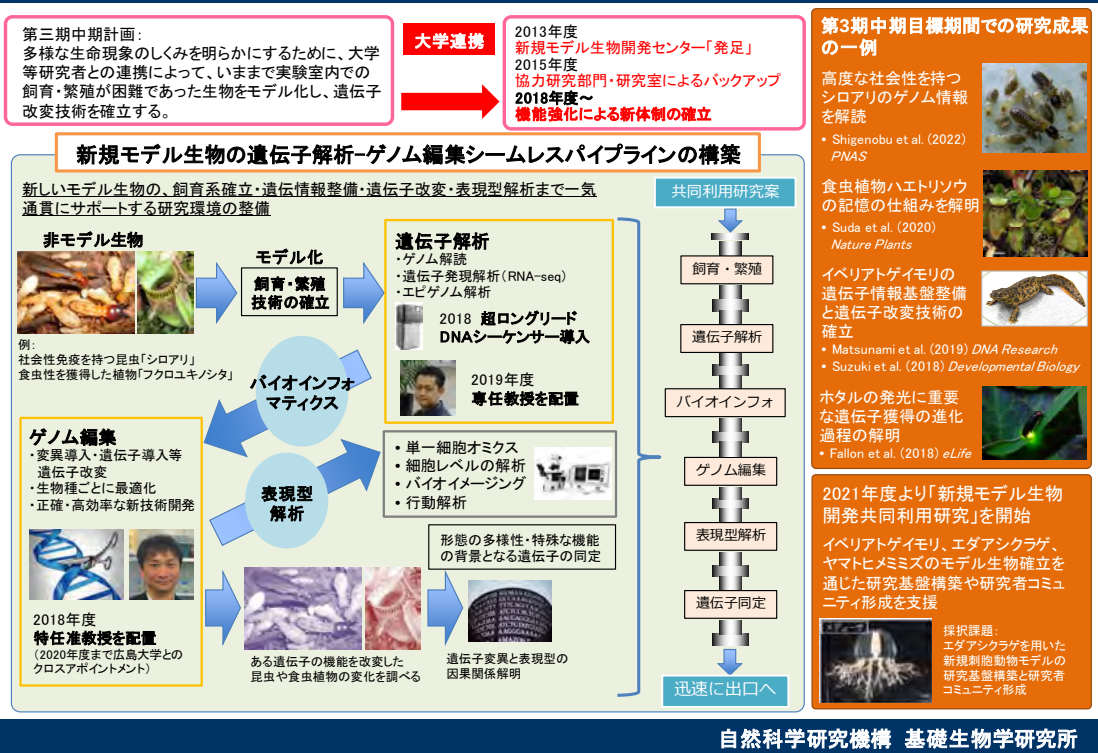
To edit the aphid's genome with CRISPR, a team led by Shuji Shigenobu, an evolutionary geneticist at the National Institute for Basic Biology in Okazaki, Japan, had to manipulate the insect's complex life cycle. *snip* After four years, they managed to edit a pigment gene as a proof of concept, Shigenobu announced last month during a conference at the Howard Hughes Medical Institute's Janelia Research Campus in Ashburn, Virginia.

April 23, 2019



“We finally are ready to start expanding what we call a model organism.”

自然科学研究機構 基礎生物学研究所



- 多彩な生物種を用いた研究を推進するために、新規モデル生物開発センター（2013 年設立）を中心に、個々の生物種ごとのゲノム情報の整備とゲノム編集技術の確立を進めてきた。これにより、モデル生物の高付加価値化や、イベリアトゲイモリなど新規モデル生物の開発を行った。このセンターの取り組みは国際的にも周知されつつある。
- 新規モデル生物の遺伝子解析からゲノム編集による機能解析までをシームレスに支援する研究パイプラインを構築した。2018 年度には、センターへのゲノム編集を用いた遺伝子ノックアウト技術の導入のために、鈴木特任准教授を配置した。また、2019 年度には、進化ゲノミクスを専門とする重信教授を配置し、ゲノム解読や RNA-seq 解析の体制を強化した。
- 研究支援パイプラインの構築により、「ホタルの発光に重要な遺伝子獲得の進化過程の解明」、「イベリアトゲイモリの遺伝子情報基盤整備と遺伝子改変技術の確率」、「食虫植物ハエトリソウの記憶の仕組みの解明」、「高度な社会性を持つシロアリのゲノム情報解読」等の共同研究の成果が得られている。
- 新規モデル生物開発共同利用研究を 2021 年度から新たに開始した。イベリアトゲイモリ、エダアシクラゲ、ヤマトヒメミミズのモデル生物確立を通じた研究基盤構築や研究者コミュニティ形成を支援している。

V. 新分野の創出 デュアルラボ体制による生物学研究の推進

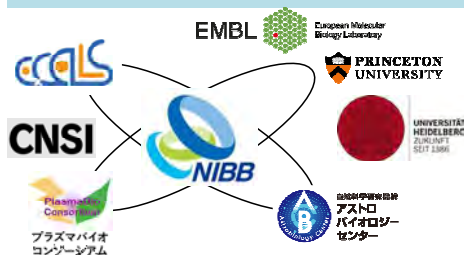
23

生物学において、化学、物理学など他分野との境界にある学際的な研究アプローチは新分野の開拓・推進に益々必要とされている。基礎生物学研究所は所長による長期プランの最優先事業として、今後10年を見据えた異分野融合研究やそのグローバル化を加速する環境を作り、新たな先導研究を開拓する。

コアラボ: 従前の教授を中心とした研究部門で、各領域における大規模、総合的な研究の推進に適している。

オープンラボ: 複数のPIが開放的な研究スペースや機器を共有し、異分野の研究者が相互に学問的刺激を受けながら研究を進める。新しい研究の芽を育むのに最適。外国人教員の採用によりグローバル化も同時に推進する。

本機構が先導してきた新分野（**アストロバイオロジー、プラズマバイオサイエンス、生命創成探究センター**）との連携、国際連携を強化し、次世代(含む女性)の新しい生物学を創成するとともに、ダイバーシティを確保し、真にグローバル化された人材を育成する。



所内の既存スペースをフロアごと改修し、交流を前提とした明るいコミュニケーションおよびオフィススペースを開設。今後のモデルとなる世界標準の研究室づくりを目指す。

オープンラボ
(自然科学研究機構の支援によって実現!)

ハイデルベルグ大学COSとの国際共同研究に従事する若手女性研究者1名、及び、ポーランド国籍の特任助教1名がオープンラボにて研究を展開



コアラボ、オープンラボの両輪で生物学を先導する

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- 形質統御棟3階に新設された「オープンラボ」での学際的研究の推進を進め、従前の教授陣を中心とするコアラボとオープンラボとのデュアルラボの両輪で生物学を先導している。
- オープンラボでは、自然科学研究機構が先導してきたアストロバイオロジーやプラズマバイオサイエンスとの連携、および、海外学術機関との連携を強化し、次世代の新しい生物学を創成するとともに、ダイバーシティを確保し、真にグローバル化された人材育成を進めている。現在、ハイデルベルグ大学 COS との国際共同研究に従事する若手女性研究者1名、及び、新たに雇用したポーランド国籍の特任助教1名がオープンラボにて研究を展開している。



- 共同利用・共同研究拠点の北海道大学 低温科学研究所、熊本大学 発生医学研究所、徳島大学 先端酵素学研究所、群馬大学 生体調節研究所との連携協定を結び、共同研究や人材交流を展開している。
- 北海道大学 低温科学研究所とは、基礎生物学研究所の重点共同利用研究として、哺乳類の冬眠機構に関する共同研究を実施している。
- 熊本大学 発生医学研究所とは、双方の若手研究者や大学院生が参加するオンライン勉強会の定期開催や、発生学研究所が主催する「国際オンラインセミナーシリーズ」に基礎生物学研究所からも若手研究者らが参加するなどにより、人材交流を進めている。
- 徳島大学 先端酵素学研究所とは、画像取得および画像解析に関する共同研究、ゲノム編集技術に関する情報共有を実施している。また、双方の機器や装置、取組を紹介するセミナーを開催し、共同研究の芽出しを進めている。
- 群馬大学 生体調節研究所とは、植物での細胞の膜交通システムに関する共同研究を実施するとともに、生体調節研究所が主催するシンポジウムにて、阿形所長と上田教授が研究所の研究や取組を紹介する講演を行った。
- 中部大学および生理学研究所と、「AI を活用した生命システムの解明」に関する研究や教育につなげることを目的に、連携を開始した。第1回(中部大学主催)お

よび第2回（生理研主催）の連携セミナーでは、研究所の取組やAIを活用した研究事例の紹介を行った。これにより、中部大学との間での共同研究に向けた議論が活発化した。2022年3月に開催予定の基礎生物学研究所主催の第3回連携セミナーの準備を進めている。この連携セミナーでは、共同研究の芽出しを念頭に、テーマを設定したグループディスカッションの実施を計画している。

- ・ 今後、国内の大学附置研や共同利用・共同研究拠点とのさらなる連携強化を目指す。

V. 新分野の創出
共同利用・共同研究拠点等との連携
24

北海道大学 低温科学研究所
(共同利用・共同研究拠点)

北海道大学 低温科学研究所との間で、2019年12月9日に連携協定を締結し、低温科学および基礎生物学分野での研究の発展を連携により目指す。

※2019年度から2020年度まで、「重点共同利用研究」として、哺乳類の冬眠に関する共同研究を実施

熊本大学 発生医学研究所
(共同利用・共同研究拠点)

熊本大学 発生医学研究所との間で、2020年5月26日に連携協定を締結し、発生医学および基礎生物学分野での研究の発展を連携により目指す。

※双方の若手研究者や大学院生が参加するオンライン勉強会を定期的に開催して、人材交流を実施

※発生医学研究所が主催する国際オンラインセミナーシリーズに、基礎生物学研究所からも若手研究者らが参加

徳島大学 先端酵素学研究所
(共同利用・共同研究拠点)

徳島大学 先端酵素学研究所との間で、2020年11月26日に連携協定を締結し、医科学および基礎生物学分野での研究の発展を連携により目指す。

※画像取得および画像解析の共同研究、ゲノム編集技術に関する情報共有を実施

※双方の間での共同研究の芽出しに向け、それぞれの共同利用機器・装置や取り組みを紹介するセミナーを開催

群馬大学 生体調節研究所
(共同利用・共同研究拠点)

オンラインでの連携協定調印式にて調印済み協定書を手に握手を交わす、佐藤健・生体調節研究所長(右)と阿形清和・基礎生物学研究所長(左)

群馬大学 生体調節研究所との間で、2021年4月7日に連携協定を締結し、内分泌・代謝学および基礎生物学分野での研究の発展を連携により目指す。

※細胞の膜交通システムに関する共同研究の実施

※生体調節研究所主催のシンポジウムにおいて、阿形所長と上田教授が講演を行い、研究所の研究や活動を紹介

中部大学 (AI数理データサイエンスセンター等)

基礎生物学研究所、生理学研究所と中部大学の3者の間で「AIを活用した生命システムの解明」での研究や教育につなげることを目的に、連携を開始。

※2021年10月28日の第1回連携セミナー(中部大学主催、ハイブリッド形式)にて、阿形所長と渡辺准教授が、研究所の活動やAIを用いた研究事例を紹介

※2022年1月27日の第2回連携セミナー(生理学研究所主催、オンライン形式)にて、研究所の若手研究者2名が、AIやデータサイエンスを用いた研究事例を紹介

※2022年3月28日の第3回連携セミナー(基礎生物学研究所主催)に向け、準備を進めている

連携により、相手方機関との先端的な共同研究の実施、共同利用・共同研究の体制強化を進める

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

全ての生き物は変動する環境に曝されている



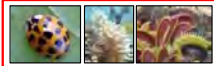
自然がつくり出す環境変動に対し、生物は「**適応的進化**」を見せて、多様性を獲得した。



人間がつくり出す環境変動に対し、“適応が追いつかなければ”、**生物種の絶滅や農作物の被害**となる。

生物はどのように巧妙に変動する環境に適応してきたのか？

生物は今後どのように環境変動に適応して生存を維持するのか？



優れた環境適応能力を持つ生物群（非モデル生物）を用い、生物の適応戦略研究を推進する。

適応戦略研究を支える4つの柱

1. モデル生物開発解析

モデル生物高価値化および新規モデル生物開発、それらの保存保管技術

2. 高度生育培養施設

地球上の様々な環境を再現できる高度生育培養施設・装置

3. 先端的解析機器開発

先端的解析機器・システムの開発

4. 大量データ解析

解析データ情報の統計的解析・統合・抽出・モデリング

日本学術会議マスタープラン2017
および同2020 重点大型研究計画

中核拠点の2つの大学共同利用機関とサブ拠点の11大学14部局に研究支援のための3センターと1施設を設置・整備する。

生物の環境応答・適応戦略の解明に向けた先端的研究の推進

国内外の大学等研究者コミュニティを含めた研究拠点ネットワークを形成し、5つのテーマに焦点を当て、生物の適応戦略に対する研究を各拠点で推進

- ・ 生物の季節応答と気候変動への適応
- ・ 適応戦略としての生物間相互作用
- ・ 適応進化と多様性の獲得
- ・ 生物適応を支える低分子コミュニケーション
- ・ 分子・細胞ネットワークの環境応答ダイナミクス

大学連携研究拠点ネットワークによる共同利用・共同研究の推進、知の共有と循環、若手研究者育成を展開する。

➤ 2019年度より、概算要求「生物の環境応答戦略解明に向けた統合的研究」として一部が措置される

COSハイデルベルグや大阪市立大学との「刺胞動物の光応答に関する研究」、北海道大学との「原生生物の遊泳行動様式に関する研究」など、環境適応戦略に関する国内外との共同研究を実施

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

生物の適応戦略研究を支える4つの支援の取組

(1) モデル生物開発解析

新規モデル生物の開発、モデル生物の飼育・培養、生物遺伝資源保存に関する取組の深化

バイオリソース事業の取り組みの深化



ゲノム編集技術



生物資源凍結保存技術

(2) 高度生育培養施設

従来のモデル生物、新たに確立されたモデル生物のための飼育・培養施設の整備

大型スペクトログラフの整備・改修



海洋生育培養法



連動式多重植物育成システム

(3) 先端的解析機器開発

バイオイメージング取得や解析に係る技術・手法・装置などに係る機能の強化

ABIS事業の取り組みの深化

AIや数理モデリング解析に係る取組の深化



特殊イメージング装置



機械学習イメージングシステム

(4) 大量データ解析

オミクスデータの取得や大規模データ解析に係る技術・手法・装置などに係る機能の強化

バイオリソースDBの充実



ビックデータ解析システム



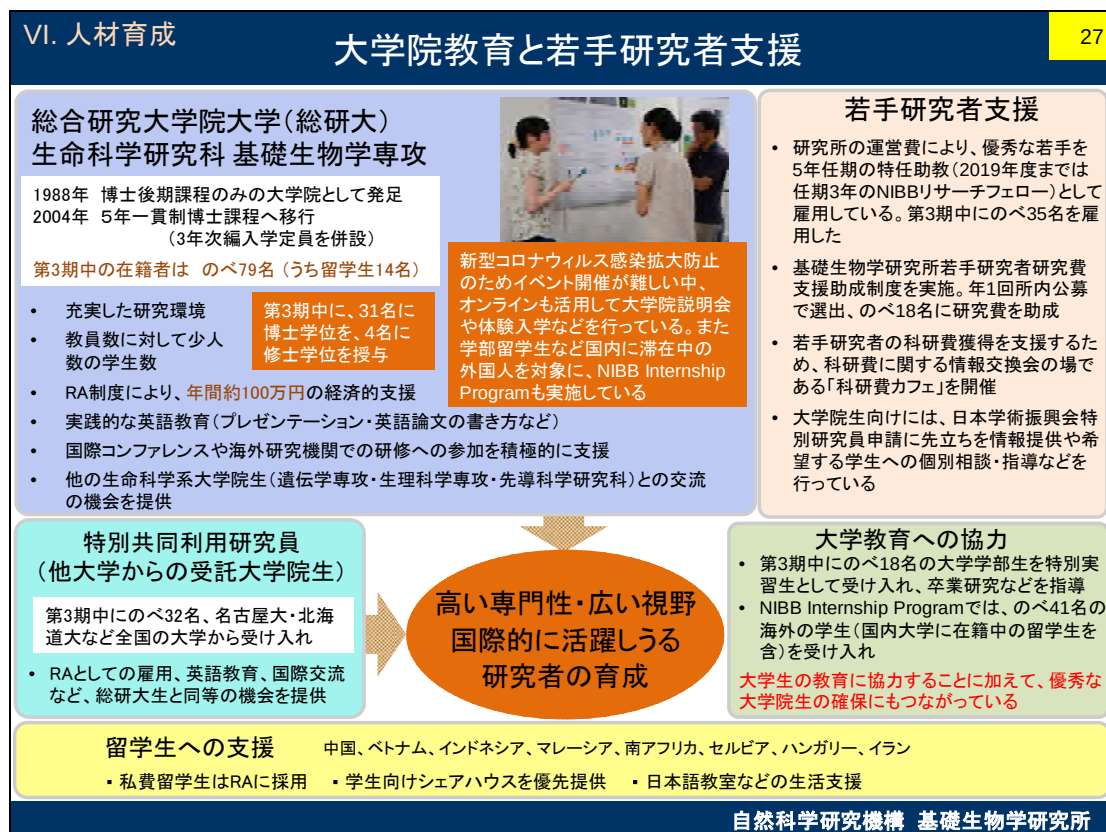
最先端ゲノムシーケンサー

基礎生物学研究所の施設の機能強化や取り組みの深化を通じ、独創的研究、先端的研究を推進するとともに、国内外の研究機関等との共同利用・共同研究を促進し、本計画の遂行に向けた準備を進めていく。

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 日本学術会議マスタープラン 2017、および、同マスタープラン 2020 の重点大型研究計画として採択された「生物の適応戦略研究のための大学連携研究拠点ネットワークの形成」については、2019 年度より概算要求「生物の環境応答戦略解明に向けた統合的研究」として部分的に措置されている。
- ・ COS ハイデルベルグや大阪市立大学との「刺胞動物の光応答に関する研究」、北海道大学との「原生生物の遊泳行動様式に関する研究」など、生物の環境適応に関する国内外との共同研究を実施している。
- ・ 基礎生物学研究所の施設の機能強化や各種事業の取り組みの深化を通じて、独創的研究、先端的研究を推進するとともに、国内外の研究機関等との共同利用・共同研究を促進し、本計画の遂行に向けた準備を進めていく。

VI. 人材育成

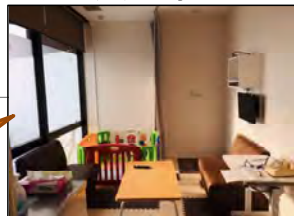


- ・ 総合研究大学院大学(総研大)の基盤機関として、生命科学研究科・基礎生物学専攻の教育、研究指導を行っている。第3期中には、のべ79名の学生(うち留学生14名)が在籍した。2021年度末の在籍者数は37名(留学生6名)である。
- ・ 第3期の6年間で合計31名に博士の学位を、また4名に修士の学位を授与した(いずれも2022年3月授与見込みを含む)。

- ・ 全国の大学の大学院教育への協力として、他大学に在籍する大学院生を特別共同利用研究員として受け入れ、研究指導を行っている。第 3 期中にはのべ 32 名を受け入れ、このうち 18 名が博士、7 名が修士の学位を、それぞれの在籍大学において授与された（2022 年 3 月授与見込みを含む）。また、他大学の学部学生も特別実習生として受け入れ、卒業研究などの指導に協力しており、第 3 期中にはのべ 18 名を受け入れた。
- ・ 総研大生および特別共同利用研究員（日本学術振興会特別研究員、国費留学生、母国政府等の奨学金受給者を除く）は、リサーチアシスタントとして雇用することにより経済的支援を行っている。2018 年度までは一人あたりの年間の限度額を 70 万円としていたが、2019 年度より 100 万円に増額した。
- ・ 名古屋大学の博士課程教育リーディング大学院プログラム「グリーン自然科学国際教育研究プログラム」、卓越大学院プログラム「トランスフォーメティブ化学生命融合研究大学院プログラム」（2019 年度より）に連携機関として参画し、大学院生や特任助教の受け入れ、講義の提供、成果報告会やリトリートなどなどの行事への教員の参加など、プログラムへの協力を行った。
- ・ 意欲ある大学院生を迎え入れるため、年 4 回程度、大学院説明会を開催している。2019 年度までは興味のある研究室への訪問を含めたオンサイトのイベントとしていたが、新型コロナ感染拡大のため 2020、21 年度はオンラインのみでの開催となった。これまでの 6 年間 23 回の開催でのべ 312 名が参加し、次回は 2022 年 3 月 25 日に開催予定である。また、総研大入学に関心を持つ学生に 3 日～1 ヶ月程度研究所での活動を体験してもらう体験入学の機会を提供している（2020 年度、2021 年度は感染が下火の時期を選んでの来所、およびオンライン実施）。2016 年度からの 6 年間で 129 名受け入れ、さらに 2021 年度末までに 11 名の受け入れを予定している。
- ・ 海外の学生を受け入れる NIBB Internship Program については、2016-2019 年度の 4 年間に中国、東南アジア、ヨーロッパ各国などから合計 37 名を受け入れた。海外からの来日ができなかった 2020 年度および 2021 年度には、国内の大学に在籍中の留学生などに絞って、合計 4 名を受け入れた。
- ・ 大学学部低学年の学生にも当研究所を知ってもらうことをねらいとして、夏休み期間中に「大学生のための夏の実習」を実施しており、2016-2019 年度の 4 回で合計 107 名の参加を得た。2020 および 2021 年度は実習が開催できなかったため、代わって「大学生のための夏のレクチャーシリーズ 2021（オンライン）」を 2021 年 8 月に実施した。131 名の登録があり、盛況であった。
- ・ 研究所の運営費により若手研究者を雇用する制度を運用している。2019 年度まで

は NIBB リサーチフェロー（任期 3 年）としていたが、2020 年 4 月に改正し、任期 5 年の特任助教として雇用している。両制度を合わせて、第 3 期中にはのべ 35 名を雇用した。

- ・ 優れた研究成果を上げ将来の学術研究の発展への寄与が期待できる若手研究者（学位取得後 13 年以下（出産・育児・介護等による休業期間を除く））への支援として、研究費助成の制度を設けている。年 1 回の所内公募により 3 名程度選出し（第 3 期中に合計 18 名）、自由な発想で行う研究に研究費を助成している。
- ・ 若手研究者の研究費獲得を支援するため、毎年科研費申請シーズンに科研費に関する情報交換会の場として「科研費カフェ」を開催している。また、大学院生向けには、日本学術振興会・特別研究員申請に先立ち申請書準備の情報を提供する「学振カフェ」、希望者への個別相談などを行っている。
- ・ 子育て中の研究者支援として、引き続き、キャンパス内保育園の運営、出張時の子供帯同のための旅費支援、保育サービス利用経費の一部補助を行っている。

VI. 人材育成		女性研究者と外国人研究者支援		28
女性研究教育職員数の増加に向けて ■ 2017年度に教授の公募を行い、森田（寺尾）美代教授の採用を決定（2018年4月に着任）。		子育て世代の研究者への支援 <u>自然科学研究機構として</u> ■ ベビーシッター等の育児サービス利用費用の補助 ■ 子を帯同して出張する際の子の旅費支援 <u>岡崎3研究所として</u> ■ キャンパス内保育園での常時保育及び一時保育（共同研究等で来所する外部研究者も利用可能） <u>基生研として</u> ■ 女性研究者ネットワーク形成（ML等による情報共有） ■ 多目的室の活用		
外国人研究者への支援 ■ 研究力強化戦略室国際連携グループの専任スタッフが、外国人研究者等の来所・滞在に係る各種の続き、外国語での外部資金申請書作成を支援。 ■ 岡崎市役所や岡崎統合事務センターと協働で、岡崎3機関の外国人研究者向けの行政サービス説明・相談会を毎年10月に実施。		◆ やむを得ず子供連れで研究所に来る必要がある時の子供の待機部屋として活用（施錠が可能。カーテンを使って一部を仕切れることも可能） ◆ オンライン会議で個室が必要な場合でも使用可能		

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

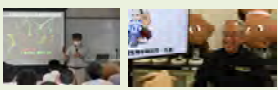
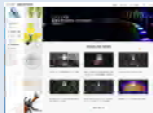
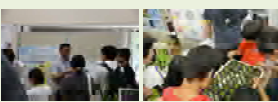
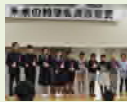
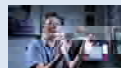
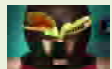
- ・ 2017 年度に女性研究職員の人事を進め、2018 年 4 月に森田（寺尾）美代教授が 2018 年 4 月に着任した。
- ・ 外国人研究者支援については、研究力強化戦略室の国内国際連携グループを中心に

外国人研究者等の来所・滞在に係る各種的続き、外国語での外部資金申請書作成等を支援している。

- ・ 岡崎市役所や岡崎統合事務センターと協働で、岡崎 3 機関の外国人研究者を対象とした「外国人研究者等滞在支援のための岡崎市行政サービス等説明会・相談会」を毎年 10 月に実施している。
- ・ 子育て中の研究者支援として、キャンパス内保育園の運営、出張時の子供帯同のための旅費支援、保育サービス利用経費の一部補助を行っている。
- ・ 子供の帯同可能な多目的室を設置し、やむを得ず子供を連れて研究所に来る必要がある時の待機部屋として活用するとともに、オンライン会議で個室が必要な場合でも使用可能とした。

VII. 社会との関わり

VII. 社会との関わり
研究成果の社会への還元
29

研究成果の情報発信 (2016年度～2021年度現在まで) 日本語プレスリリース 154件 英語プレスリリース 40件 	株式会社ドワンゴとの連携によるニコニコ生放送(インターネット生中継)の実施 2017年より毎年実施しているがコロナ禍により、オンラインアウトリーチの位置付けがより重要に 2017年 アフリカツメガエルの変態(上野研) 2017年 カブトムシの変態(新美研) 2018年 カイコの変態(新美研) 2019年 イペリアアゲハの発生(鈴木研) 2020年 メダカの発生(成瀬研) 2020年 プラナリアの再生(所長研) 2021年 「テントウムシの卵～成虫への変態の様子」+新美研の研究者らによるテントウムシと昆虫研究の解説 81万5271件のアクセス・ギフトによる自己収入額 815,271円 	出前授業 岡崎市教育委員会との連携活動として市内小中学校への出前授業 岡崎高校SSH や 岡崎北高校あいち STEMハイスクール事業での出前授業 計65件 2022年度よりオンライン出前授業 3件 
公式ホームページ等による情報発信 スマホ対応・常時SSL化対応済 FacebookやTwitter、Youtube等のSNSも積極活用 	一般公開 岡崎の3研究所で持ち回り開催 2016年度(4716人)と2019年度(2980人)に開催 	未来の科学者賞 岡崎市の小中学生の自由研究を表彰 毎年10件づつ授与 
TV番組への制作協力 NHK World Science Viewでの特集 "The Leading Edge: The Mystery of Carnivorous Plant Evolution" "Using Optical Illusions and AI to Study Brain Function" "Regenerative Biologist Kiyokazu Agata" NHK サイエンスゼロ、BSフジ ガリレオXなどの科学番組への取材協力 計18件 	自然科学研究機構シンポジウムの実施 大学共同利用機関シンポジウムへの参加 	博物館や科学館への展示協力 国立科学博物館 企画展「植物」 豊橋市自然史博物館 企画展「地球は昆虫であふれている」 あいち・なごやノーベル賞受賞者記念室(名古屋科学館内)の大隅良典名誉教授の研究成果に関する展示などの作成に協力 
所内広報 所内向ニュースレターの発行 2016-2022年度 88号を発行 	岡崎3研究所による広報誌Okazakiの発行 出前授業の様子と研究紹介 年3号定期発行 	

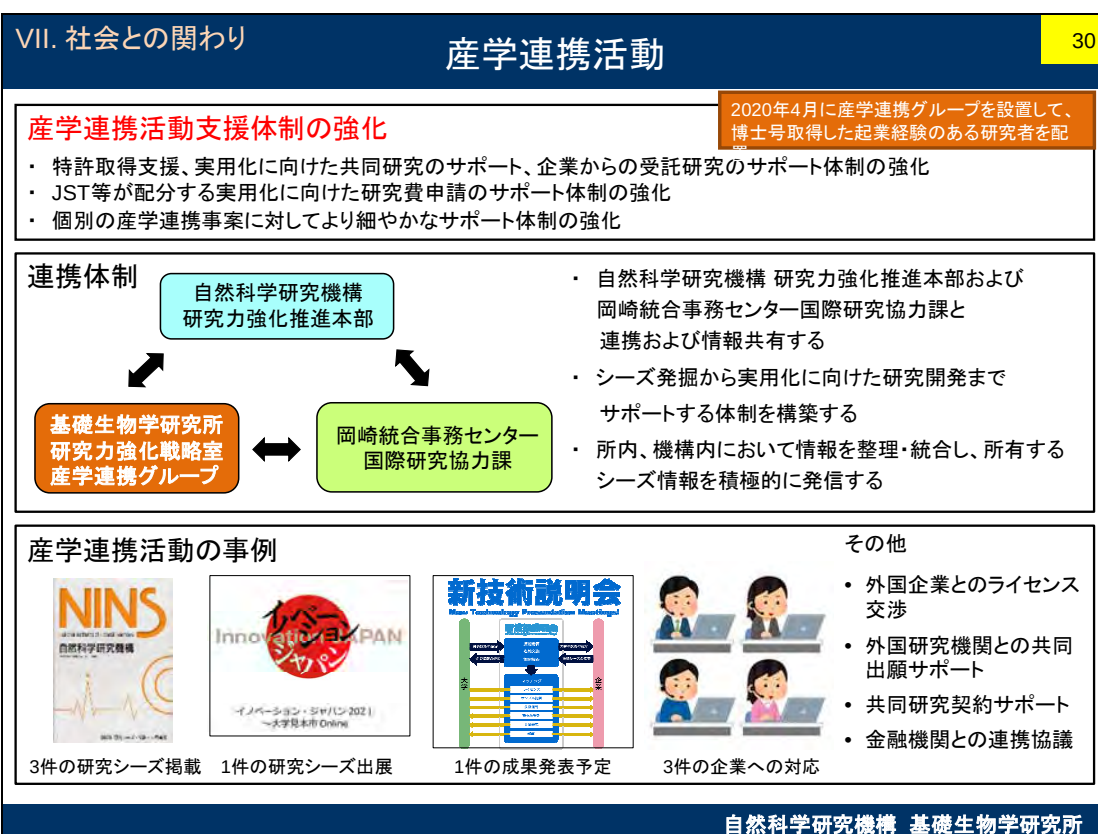
自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 【プレスリリース】基礎生物学研究所で得られた研究成果を社会へ広く還元することを目指して、研究成果のプレスリリースを積極的に行っている。2016 年度～現在までの第 3 期中期計画期間中、日本語プレスリリース 154 件、英語プレスリリース 40 件を行った。新聞や WEB サイトへの掲載に繋がると共に、論文の altmetrics の数値上昇の効果が得られている。コロナ禍においては、会見をオンライン実施す

ることで、全国の記者へのアプローチが可能になった。

- ・ 【テレビ番組や新聞の企画への協力】 マスメディアとの連携を心がけ、研究を紹介するテレビ番組や新聞の特集記事などへの協力を行った。NHK World Science View や、サイエンスゼロ、ガリレオ X などのテレビ番組での紹介は、2016 年度～現在までに 18 件行われた。
- ・ 【ニコニコ生放送との連携によるアウトリーチ活動】 2017 年度より毎年、ニコニコ生放送と共同で、インターネット生放送番組を企画・放送している。2021 年 4 月には「【テントウムシの完全変態を 200 時間見守る春の自由研究～基礎生物学研究所×niconico】と題し、ナミテントウの変態の過程および新美研による実験の実演と研究解説を行い、81 万 5271 件のアクセスと自己収入 815,271 円を得た。得られた収益は、「基礎生物学研究所 ニコニコ生物研究助成」として、番組に出演した研究者に配分した。オンライン中継を活用したアウトリーチは、コロナ禍において、その重要性が増しているが、ニコニコ生放送との連携により、幅広い層に対してのアピールに成功している。
- ・ 【ホームページの運用】 マスメディアに頼らない自己メディアでの情報発信の中心的な媒体として、基礎生物学研究所のホームページを 2018 年にリニューアルし、スマホからのアクセスに対応した。2019 年にはセキュアな通信 (https) に対応した。
- ・ 【SNS の活用】 Twitter、Facebook、Youtube を利用し、研究所の活動を発信している。
- ・ 【一般公開の実施】 市民との相互交流の機会として、基生研・生理研・分子研が持ち回りで一般公開を実施している。2016 年（大隅良典名誉教授のノーベル賞受賞直後の開催で話題となり参加人数 4716 人）と 2019 年（参加者数 2980 人）において実施。
- ・ 【出前授業による教育活動への協力】 岡崎市教育委員会や岡崎高校、岡崎北高校、また全国の学校からの希望を受入れ、小・中・高校に向けて出前授業を行っている。2016 年から現在までに学校に来訪しての出前授業 65 件を実施した。また、2021 年度からは、学校からの希望に応じてオンライン出前授業にも対応している（3 件を実施。うち 1 件は阿形所長が担当し、市内全中学校に配信された（視聴者数約 2300 人））。
- ・ 【広報誌 Okazaki ～研究所便り～の発行】 基生研、生理研・分子研と共同で、出前授業の様子と、3 研究所の研究者の研究活動を紹介する広報誌を毎年 3 号発行している。

- ・【小中学生の自由研究の表彰】岡崎市内の小中学生の理科の自由研究を表彰する「未来の科学者賞」を、分子研と生理研と共同で、毎年 10 名に授与している。
- ・【SSH 指定校への教育の協力】愛知県立岡崎高校などへの研究発表指導を行っている。また、全国の SSH 指定校の見学受け入れを行っている。
- ・【博物館や科学館との連携】国立科学博物館、名古屋市科学館、豊橋市自然史博物館、蒲郡生命の海科学館などの特別展や企画展の展示制作や講演会に協力した。また、愛知県ノーベル賞受賞者顕彰施設「あいち・なごやノーベル賞受賞者記念室」の大隅良典名誉教授の受賞研究紹介の展示制作に協力した。
- ・【所内報「基生研ニュース」の発行】所内における情報発信・情報交換を目的として、所内報「基生研ニュース」を発行している。2016 年度から現在までに 88 号を発行し、新任教員の紹介や、新入生の紹介などを掲載し、所内交流の活性化に努めている。



- ・ 2020 年 4 月に、研究力強化戦略室に新たに産学連携グループを設置し、起業経験のある研究者を配置し、自然科学研究機構研究力強化推進本部および岡崎統合事務センター国際研究協力課と連携して、特許取得支援、保有するシーズの実用化に向けた共同研究や企業からの受託試験のサポート、実用化に向けた研究をサポートする

JST 等の研究費申請のサポート、および所内の産学連携事案に対してより細やかなサポートを行っている。

- ・ 2021 年度は、機構が発刊しているシーズ集に基礎生物学研究所から 3 件掲載した。また、国内最大の大学発シーズの見本市となっているイノベーションジャパン 2021 に 1 件出展した。渡辺英治准教授のシーズ（人の錯視を AI で模倣）は主催者側（JST）から特に将来性の高いシーズとして選抜され、特設エリアでの出展となった。
- ・ JST が主催する新技術説明会に渡辺准教授が登壇し、人の錯視を AI で模倣したシーズ技術について説明をした。
- ・ 新規に共同研究を検討している企業からの問い合わせ 3 件に対応した。うち一件は 2021 年 12 月開始した新たな共同研究につながった。
- ・ 地元の金融機関である岡崎信用金庫と研究シーズの産業利用を目指した新たな取り組みについて対話を継続している。
- ・ 国内、外国企業へのライセンス実施許諾契約やライセンス交渉、企業との共同研究契約サポート、実用化志向の研究費申請のサポート等を行った。
- ・ 海外の研究機関との共同特許出願のサポートを行った。

2. 基礎生物学研究所

第4期中期目標期間における活動計画

令和4年3月8日

第4期中期目標期間における基礎生物学研究所の取組 － AIを活用した超階層生物学研究拠点の構築 －



令和4年3月8日

大学共同利用機関法人自然科学研究機構

基礎生物学研究所

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

2022年4月からの第4期中期目標期間での取組として、多階層にわたる複雑なネットワークを統一的に理解することを目指す超階層生物学を推進する。そのために、組織再編や新規機器の導入を行い、基礎生物学研究所の高い研究基盤をさらに深化させるとともに、それらの研究基盤を他大学や研究機関の研究者に提供することで、既存の分野を超えた新たな生命科学研究領域の創成につなげる。

第3期の研究成果例(食虫植物ハエトリソウ)

1



ハエトリソウ

第3期の「新規モデル生物開発」と「環境適応戦略研究」の推進による成果

- ✓ 北米の一部にしか生存しない食虫植物のハエトリソウの飼育
- ✓ 全ゲノムの解読
- ✓ 遺伝子導入技術(+ゲノム編集)の開発
- ✓ イメージングによるカルシウム濃度変化の可視化



30秒以内に2回目の刺激を与えることでカルシウム濃度が閾値を超えると葉が閉じる

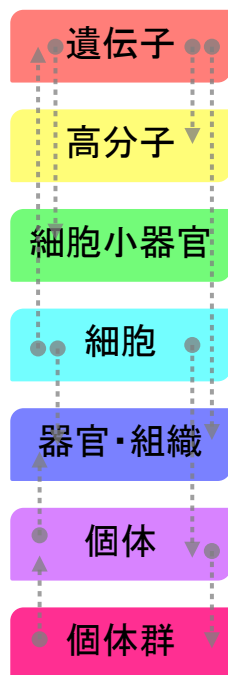
ハエトリソウは1回目と2回目の刺激の間隔を記憶している

移動しない植物にも、動物のような神経活動と類似の仕組みがある

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

第3期の研究成果例(食虫植物ハエトリソウ)

2



第3期の「新規モデル生物開発」と「環境適応戦略研究」の推進による成果

- ✓ 北米の一部にしか生存しない食虫植物のハエトリソウの飼育
- ✓ 全ゲノムの解読
- ✓ 遺伝子導入技術(+ゲノム編集)の開発
- ✓ イメージングによるカルシウム濃度変化の可視化

30秒以内に2回目の刺激を与えることでカルシウム濃度が閾値を超えると葉が閉じる

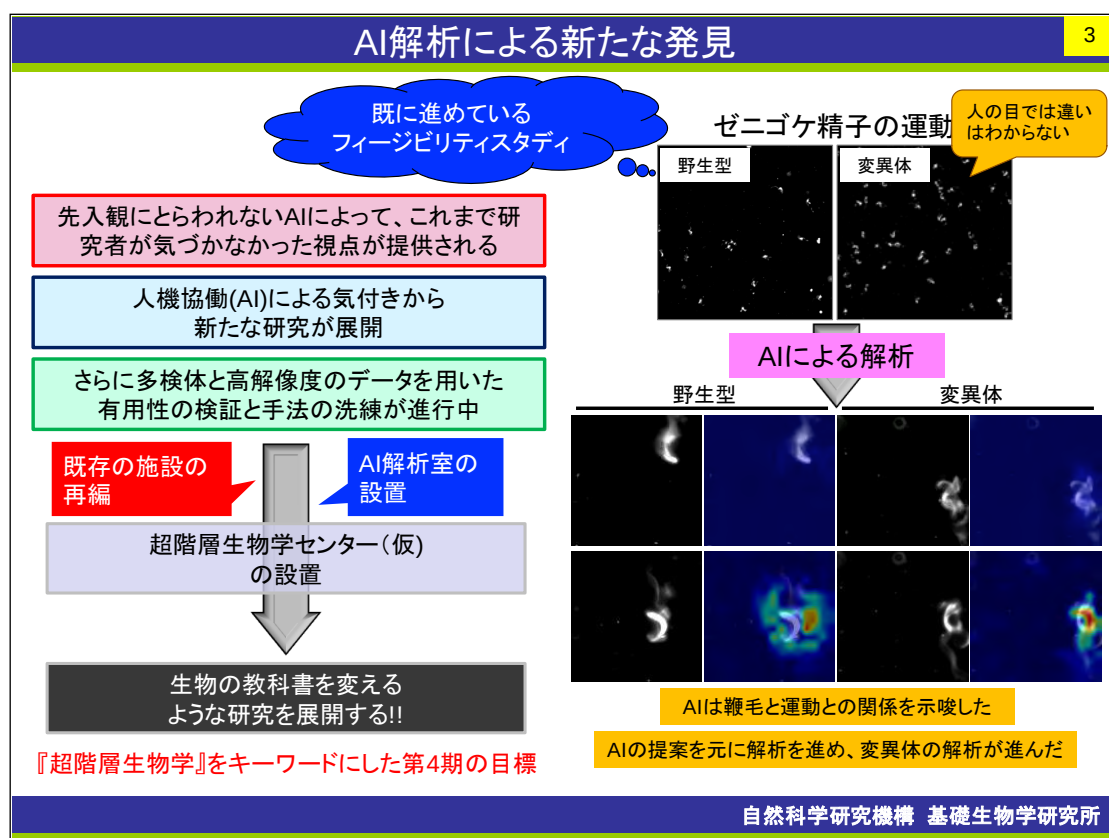
ハエトリソウは1回目と2回目の刺激の間隔を記憶している

移動しない植物にも、動物のような神経活動と類似の仕組みがある

階層を越えた研究が新しい生物学を生み出した

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 基礎生物学研究所では、第3期に「環境適応戦略研究」と「新規モデル生物開発」の2つをキーワードに掲げ、幅広い生き物を用いた多様な生命現象を対象に、最先端のオミクス解析やバイオイメーjing技術を用いた研究を展開し、国際的な『生き物研究の拠点』を目指してきた。
- ・ 従来飼育・培養が困難であったユニークな生物を研究材料として飼育・培養できる環境を整え、かつ、それらの生物の全ゲノム解析をできるプラットフォームの構築、さらには遺伝子導入やゲノム編集技術開発を行い、生物学の教科書を書き換えるような国際的にインパクトの高い論文を出すことに成功した。
- ・ 例えば、生物進化研究部門（長谷部研）でのハエトリソウの葉を閉じる仕組みの研究では、1回目の接触刺激から30秒以内に2回目の接触刺激によりカルシウム濃度が閾値を超えることが必要であることが明らかとなり、移動しない植物にも動物の神経活動と類似の仕組みがあることが明らかとなった。
- ・ これは、(1) 北米の一部にしか存在しないハエトリソウの飼育系の確立、(2) 非モデル生物であるハエトリソウの全ゲノム解読、(3) 遺伝子導入技術の開発、(4) イメーjingによるカルシウム濃度変化の可視化の成功という、「環境適応戦略研究」と「新規モデル生物開発」の推進により得られた成果である。
- ・ このような国際的にインパクトの高い研究成果の多くは、ある階層の生命現象を別の階層の生命現象と結びつける「階層を超えた研究」により得られたものである。



- 近年の解析技術や測定機器の発展により、遺伝子から個体群に至るまでの幅広い各階層の振る舞いを、多次元の「バイオイメーキングデータ」として網羅的かつ定量的に捉えることが可能となってきた。従来のオミクスデータとともに「バイオイメーキングデータ」が各階層の生命現象の振る舞いを表す膨大なビッグデータへと急速に発展し蓄積されるようになった。一方で、従来の主流であった「研究者のひらめき」だけでは、この膨大な情報から新たな知見を見出すことは困難となってきた。そこで、『AIによるビックデータ解析』やモデリング、シミュレーションといった『情報科学の技術を取り込んだ「人機協働でのひらめき」』による新たな視点の導入を目指す。
- 例えば、細胞動態研究部門（上田研）のゼニゴケ精子の運動に関する研究では、ある遺伝子の変異体の精子の運動は、人間の目では野生型と同じに見える。しかしながら、AI解析から鞭毛と運動の関係が示唆され、その後の解析が進んだ。



- この第3期の実績を踏まえ、第4期においては、「超階層生物学 (Trans-Scale Biology)」をキーワードに、既存の3センターを再編し、「研究DX」(データ駆動型サイエンス+AI解析)を加えた「超階層生物学センター」を立ち上げ、超階層生物学の確立と展開を図る。
- 超階層生物学センターには、以下の室を設置する。
 - (1) 超階層生物学推進室

超階層生物学センターの運営

超階層生物学共同研究のマネジメント

(2) トランスオミクス解析室

各階層のオミクス解析技術の開発とデータ取得および解析
階層をつなぐ解析パイプラインの開発

(3) データ統合解析室

ビックデータの保存とクラスターコンピュータの管理
解析プログラムの開発
遺伝子データベースの開発と管理
ネットワークシステムの管理と維持

(4) AI 解析室

AI を活用したビックデータ解析とモデリング・シミュレーション技術の開発
生命科学と情報科学の両方を熟知した若手人材の育成

(5) バイオイメージング解析室

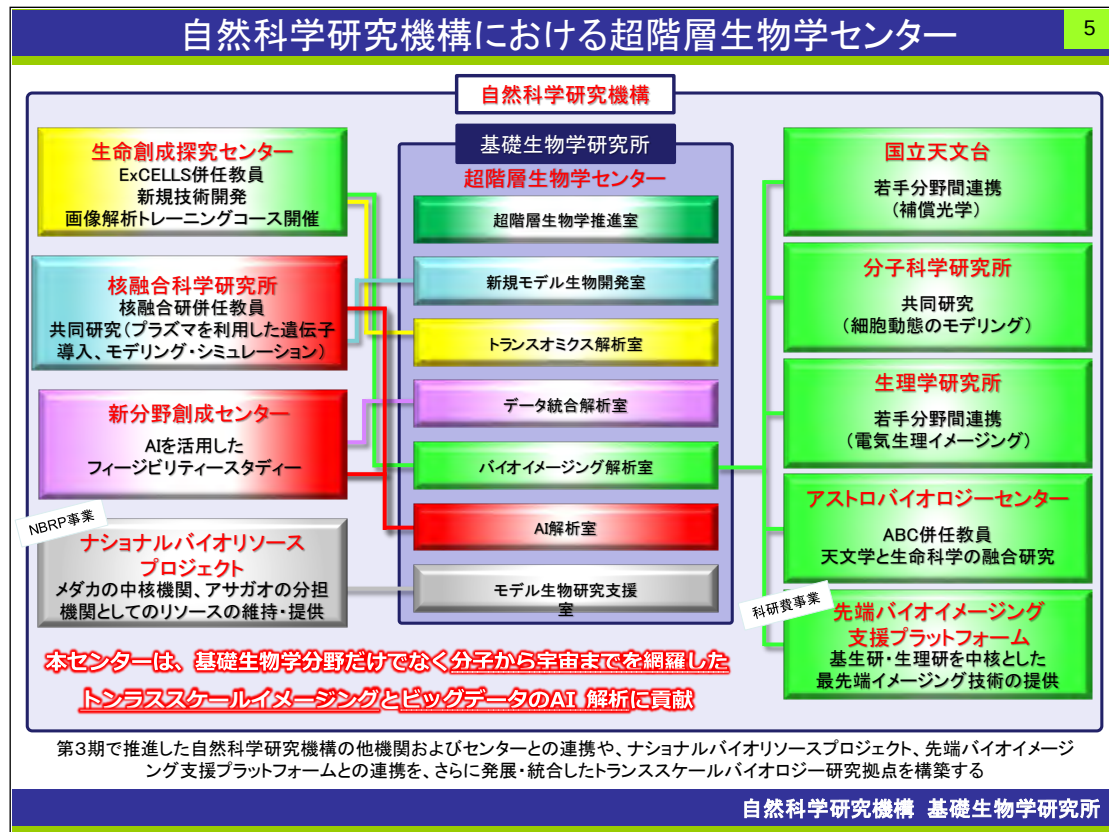
バイオイメージングデータ取得および解析
大型スペクトログラフを用いた共同利用研究の推進

(6) 新規モデル生物開発室

新規モデル生物の飼育・繁殖・栽培、それらを用いた実験操作に係る新規技術
の開発
新たなモデル生物の研究者コミュニティ構築

(7) モデル生物研究支援室：

モデル生物の飼育・栽培設備の提供
モデル生物の遺伝子資源の開発・保存・提供



- 第3期で推進した自然科学研究機構の他機関およびセンターとの連携や、ナショナルバイオリソースプロジェクト、先端バイオイメーjing支援プラットフォームとの連携をさらに発展・統合させ、既存の学問分野にとらわれない新分野の創成につながる研究拠点を目指す。

NIBB
超階層生物学を推進するための機器導入
6

ロングリード1分子DNAシーケンサー(2021年12月導入)

用途:高精度な全ゲノム配列の解読、大規模遺伝子発現解析(RNA-seq)、エピゲノム解読

特色:①1分子シーケンス技術による、高精度かつ高解像度でロングリードを取得
②DNAのエピジェネティックな修飾を同時検出することが可能

高速高解像度共焦点顕微鏡(2022年3月末導入予定)

※画像はZeissの

用途:超解像(nmスケール)画像データの取得、細胞内オルガネラレベルでの局在や変化の解析

特色:①ライブイメージング解析においてnmスケールの画像が得られる唯一の方法。
②タイムゲート機能や、励起波長の任意設定により高精度の蛍光分離や、定量的な解析が可能。

超階層生物学

Trans-scale biology

高分子

遺伝子

個体群

細胞小器官

細胞

器官・組織

個体

階層を超えた研究から
生物現象の普遍法則を読み解く

超階層生物学センター

令和4年度概算要求「基盤的設備」

ハイブリッド型質量分析計

用途:タンパク質の大規模解析(プロテオミクス)、代謝産物等多様な化合物の同定と定量的解析

特色:①高い定量/定性分析性能により大規模なプロテオミクス探索実験から標的タンパク質定量まで可能
②高速極性切替と高速スキャンにより幅広い代謝物や化合物を高いスループットで定量的に解析可能

四重極-オービトランプハイブリッド型質量分析装置

ビッグデータおよびAI解析対応クラスターコンピュータ

用途:質量分析による大規模なタンパク質、代謝産物の定量データを用いたネットワーク解明、大規模な遺伝子発現解析
AI解析による階層間モデルの算出

特徴:①高速演算による膨大な遺伝子・タンパク質情報の処理・比較解析が可能
②ビッグデータから生物学的意味を抽出する「データマイニング」が可能

クラスターコンピュータ

超階層生物学を推進するための機器導入
7

超階層生物学研究システム

高速高解像共焦点顕微鏡及びハイブリッド型質量分析計を導入し、各階層の多種多様な生命現象を対象として、データ取得・定量的解析を行う。基礎生物学研究所の現有設備から得られるデータも含め、生命現象に関わる膨大なビッグデータをクラスターコンピュータに格納し、これらのデータをAIにより統合的に解析し、多階層に渡る生命現象の理解へとつなげる。(令和4年度概算要求・基盤的設備等整備分にて要求)

各階層で表れる多様な生命現象

- 遺伝子
- 高分子
- 細胞小器官
- 細胞
- 器官・組織
- 個体
- 個体群

ロングリード1分子DNAシーケンサー

(現有設備) 次世代DNAシーケンサー

ゲノムデータ

トランスクリプトームデータ

高速高解像度共焦点顕微鏡

(現有設備) 先端顕微鏡

バイオイメージングデータ

ハイブリッド型質量分析計

(現有設備) 質量分析装置

プロテオームデータ

メタボロームデータ

データ統合

ビッグデータおよびAI解析対応
クラスターコンピュータ

計算サーバ
(高メモリ型)

計算サーバ
(分散処理型)

リレーショナルデータベース

ビッグデータストレージ

各階層のオミクスを関連づけ統合する計算処理

環境条件間の比較の計算
生物間の比較
や進化の解析
AIによる各階層間モデルの推定

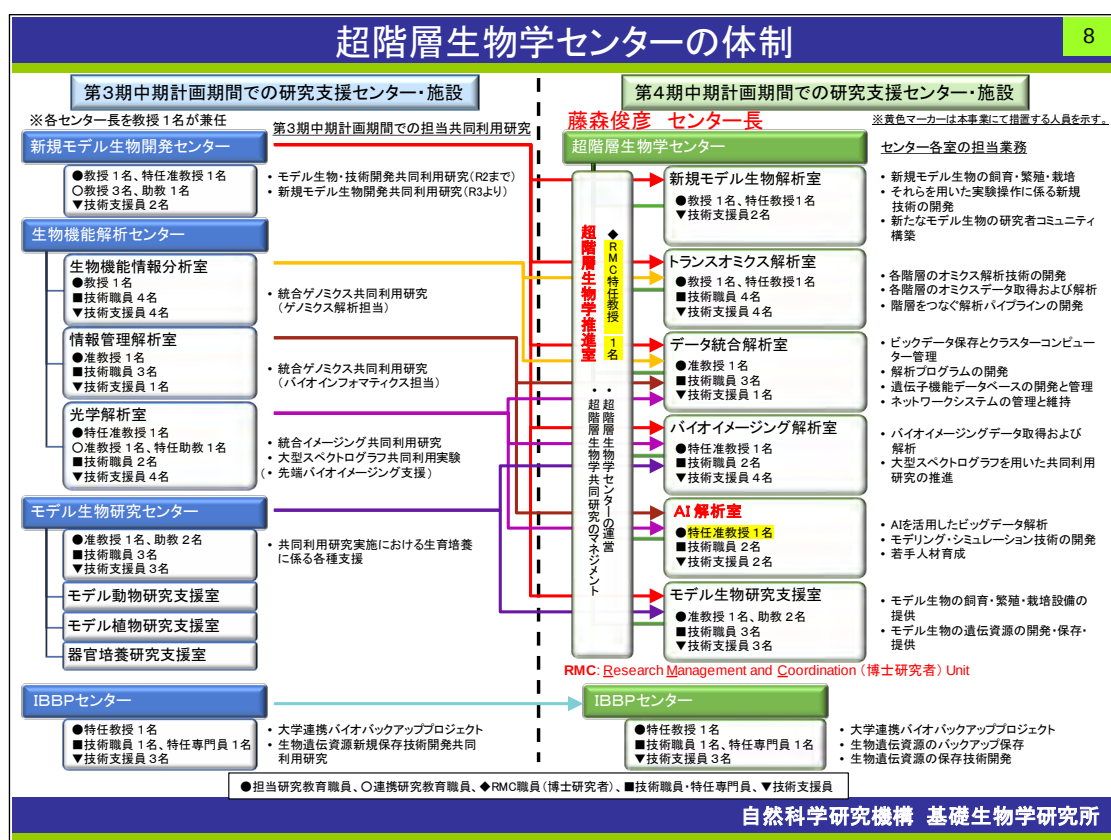
多階層オミクスデータを相互に関連づけた結果をデータベース化

ビッグデータを保存

※ 各階層から伸びる矢印はデータ統合のごく一部の例を示すものである。実際にはより多様な階層から複合的にデータを取得・統合する。

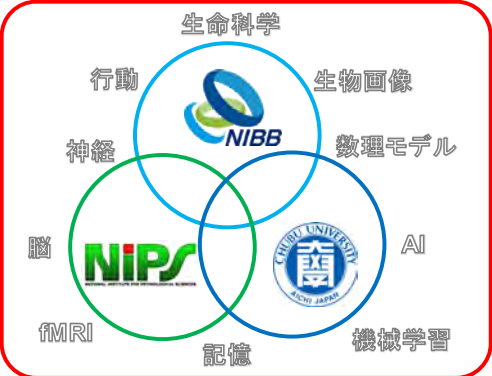
自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- 2021年12月に「ロングリード1分子DNAシーケンサー」を導入し、高精度な全ゲノム配列の解読、大規模遺伝発現解析、エピゲノム解析の実施体制を整えた。
- 高速高解像度共焦点顕微鏡（2022年3月末導入予定）を導入することにより、超解像の画像データ取得を可能とし、細胞内オルガネラレベルでの標的分子の局在や変化の解析が行える体制を整える。
- 2022年度概算要求「基盤的設備整備分」として「超階層生物学システム」が措置されることとなった。これにより、2022年度にハイブリッド型質量分析装置とビックデータおよびAI解析対応クラスターコンピュータを導入する。
- これら導入した機器を「超階層生物学システム」として運用し、共同利用・共同研究に供することで、研究所の職員が中心となって、超階層生物学を強力に推進する。



- 藤森俊彦教授（初期発生研究部門）が本センターのセンター長として、2022年4月からの運用開始を目指して各室の体制を整えている。超階層生物学推進室とAI解析室のスタッフを公募予定である。

NIBB
AI 解析の機能強化に向けた取組: 中部大学との連携
10



- 基礎生物学研究所
- 生理学研究所
- 中部大学 AI 数理データサイエンスセンター

- ❑ 生命科学分野と情報科学分野の親和性の高さを活かし、各機関の取組や研究を基盤として、「AI を活用した生命システムの解明」に繋がる共同研究を実施する。
- ❑ 共同研究や各機関の講義等を通じて大学生・大学院生や若手研究者の教育を進め、生命科学と情報科学の両方に精通した、人材を育成する。

NIBB-NIPS-中部大 連携セミナー



第1回 (2021.10.28)
中部大学主催



第2回 (2022.1.27)
生理学研究所主催

3機関から、研究者や学生が参加
各機関の取組やAI を活用した研究事例の紹介、研究室や施設の見学を実施

相互の理解を深めるとともに、若手研究者間のネットワーク形成を促す。

第3回 (2022.3.28 予定)
基礎生物学研究所主催

- ・ 研究事例紹介
- ・ 施設等の見学
- ・ テクノロジーとサイエンスでのテーマ設定による「グループディスカッション」

グループディスカッションにより、新たな共同研究や研究課題の芽出しを目指す。

◆ 連携セミナーを通じた共同研究や連携の事例

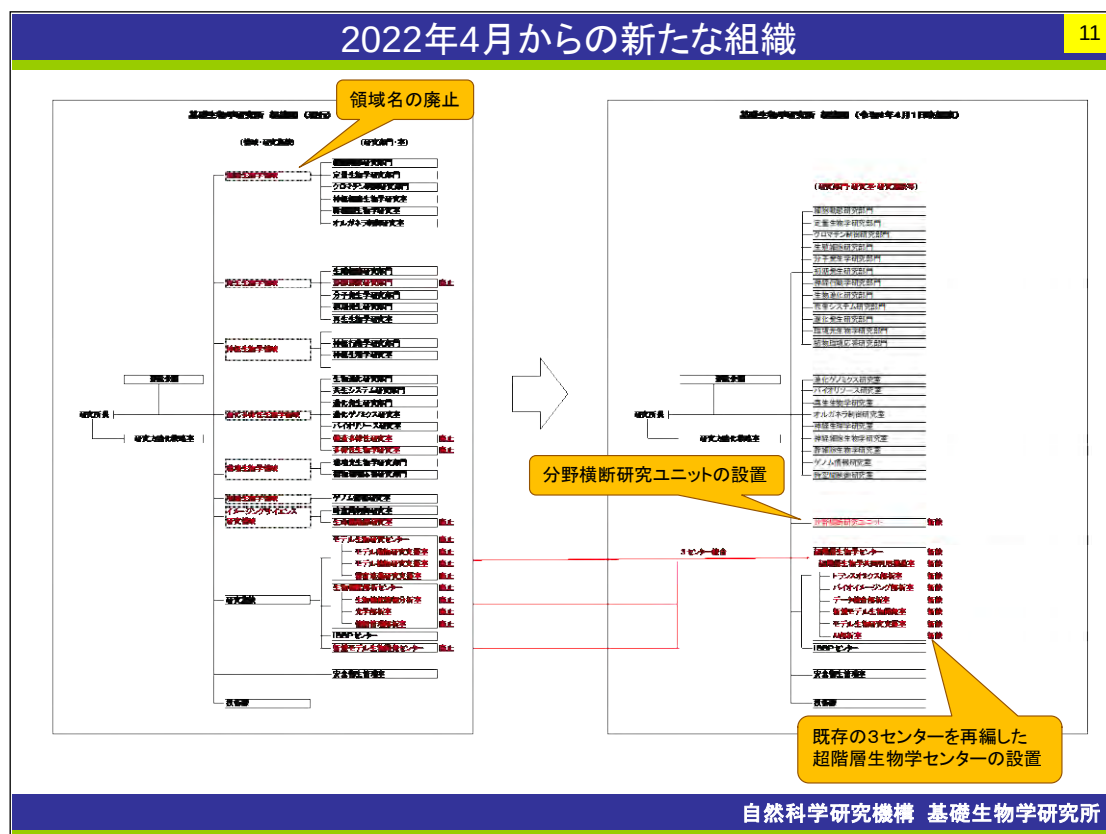
基礎生物学研究所 神経生理学研究室と中部大学 AI 数理データサイエンスセンターとの間で、「ヒトの錯視」や「動物の逃避行動」等に関する共同研究に向けた議論が進んでいる。

基礎生物学研究所の若手研究員1名がAI 数理データサイエンスセンターのセミナーにて講演を行う。

3機関による連携を通じ、TSBセンター AI 解析室での「AI 解析や統計数理モデリング、データサイエンスに係る機能」を強化し、超階層生物学を強力に推進する

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- ・ 生理学研究所や中部大学 AI 数理データサイエンスセンターと共に、各機関の取組や研究を基盤として、「AI を活用した生命システムの解明」に繋がる共同研究を実施するとともに、生命科学と情報科学の両方に精通した人材育成を行う。
- ・ 3 機関による連携セミナーを開催し、相互の理解を深め、若手研究者間のネットワーク形成を促し、共同研究や連携の芽出しを進めている。
- ・ この連携を通じ、TSB センター AI 解析室での「AI 解析や数理統計モデリング、データサイエンスに係る機能」を強化し、超階層生物学を強力に推進する。



- 2022年4月より以下の組織再編を行う。
 - 既存の3センターを再編して超階層生物学センターを設置。
 - 領域名を廃止。
 - 分野横断研究ユニットの設置（設置目的と構成員は下記参照）。
- 新しい生物学の創成、国際連携の強化、グローバル化された人材育成等の学際的共同研究を推進するために、機構本部からの支援を得てオープンラボを設置し共通機器の整備等の環境を整えてきた。2020年4月より本格的に運用を開始し、新規モデル生物開発センターの一部の教員とアストロバイオロジー教員、プラズマバイオロジー教員、基礎生物学研究所・多様性生物学研究室教員、さらにCOSハイデルベルグ大学（ドイツ）との連携プロジェクト・教員が集結し、実験やセミナーを共同で行うなど学際的な取組を進めている。この取組をより明確化するために、第4期中期目標期間が始まる2022年4月からは、「分野横断研究ユニット」に名称を変更し、分野横断的な研究活動、共同利用研究を一層推進させる。分野横断研究ユニットでは、実験機器などを共有することによって、新任の研究者や共同利用研究者がスタートアップに時間を割かずにスムーズに研究を開始できることも特徴である。

2022年4月より、URAに代わる新たな職階として RMC (Research Management and Coordination) の職階を導入

RMC とは・・・

(自然科学研究機構基礎生物学研究所RMC職員に関する申合せより抜粋)

- 特任教授、特任准教授、特任助教として採用し、その職に応じてRMC教授、RMC准教授、RMC助教の名称を付与
- 研究所の円滑な運営及び共同利用研究等の推進のために必要な職務に従事
- RMC職員の候補者は、博士の学位を有し、国内外の大学又は研究機関において、研究及び教育の経験を有する者
- 任期は採用日から5年
- 業績評価及び審査の結果に基づき、5年を限度に更新可能
- RMC職員の業績評価は、研究教育職員の業績評価の実施方法に準ずる
- 研究所長が特に必要と認める場合は、昇任させることが可能

所内の研究教育職員の職階の変更により、TSBセンター、IBBPセンター、研究力強化戦略室にRMCを配置。加えて、概算要求で認められた予算を使い、TSBセンターの超階層生物学推進室とAI解析室のRMC職員を採用予定。

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

- 2022年4月より、RMC (Research Management and Coordination) の職階を導入する。RMCは、博士の学位をもつ研究者であり、研究力強化戦略室、IBBPセンター、超階層生物学センターにおけるマネジメント業務を行う。業績審査により昇任を認める制度となっている。
- 所内の研究教育職員の職階の変更により、TSBセンター、IBBPセンター、研究力強化戦略室にRMCを配置予定。加えて、概算要求で認められた予算を使い、TSBセンターの超階層生物学推進室とAI解析室のRMC職員を公募する。

参考資料

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

超階層生物学 (Trans-Scale Biology) とは？

14

「遺伝子」、「高分子」、「細胞小器官」、「細胞」、「器官・組織」、「個体」、「個体群」に至る各階層の関係を結びつけ、階層(スケール)を超えて生命現象を解析

■これまでの生物学

遺伝子やRNA、タンパク質、代謝物など、生物種や生命現象の構成要素全体を解析する(オミクス生物学)だけでなく、それらの網羅的な分子情報(オミクスデータ)を、バイオインフォマティクスの技術を用いて関連付けることが可能になった(トランスオミクス生物学)。しかし、トランスオミクス解析により導き出されるデータは、生物が表す生命現象のうちのごく一部分である。生物が示す様々な生命現象は、遺伝子から個体群にいたる各階層の複雑なネットワークの総和として提示されるため、トランスオミクス解析データに限らず、多階層に渡るネットワークを統合的に理解することが必要となっている。

■超階層生物学

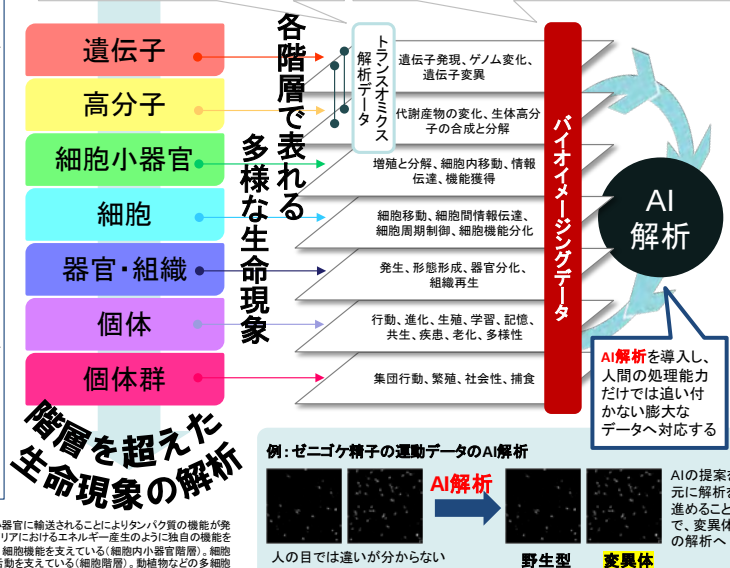
遺伝子やタンパク質、細胞小器官、細胞、器官・組織、個体、個体群の振る舞いを**多次元のバイオイメーシングデータとして網羅的かつ定量的に捉える**ことが可能となってきている。これらバイオイメーシングデータ間の統合や、トランスオミクス解析により得られる各階層の構成要素の網羅的な変動データとバイオイメーシングデータを統合することで、例えば遺伝子欠損の結果が、細胞や個体、最終的には個体群の社会性にどのように影響を及ぼすか、また環境変化に応答した細胞間のシグナルネットワークを制御するタンパク質の相関関係等、階層を超えた統合的な解析が可能となり、多様な生命現象の理解が格段に進むことが期待されている。しかし、各階層には膨大なネットワークが存在するため、人間の処理能力に頼ったバイオイメーシングデータとオミクスデータの単純な統合では、多階層をまたぐ理解に限界がある。そこで、**AI解析**を導入し、人間の認知能力では処理できない膨大なデータをAI解析により多階層にわたるシステムとしてつなぎ、生命現象を理解する「**超階層生物学**」を推進する。

*多階層にわたる生命現象

遺伝子発現により(遺伝子階層)タンパク質ができ、それが適切な細胞小器官に輸送されることによりタンパク質の機能が発揮する(高分子階層)。細胞小器官は、葉緑体における光合成やミトコンドリアにおけるエネルギー産生のように独自の機能を発揮するとともに、細胞内小器官同士が連携することで代謝系を構築し、細胞機能を支えている(細胞内小器官階層)。細胞は生物の基本単位であり、分裂や増殖、分化などその振る舞いが生命活動を支えている(細胞階層)。動植物などの多細胞生物では、細胞から構成される組織・器官が一定の機能を営み(器官・組織階層)、それが個体を支えている(個体階層)。また、鳥や魚の群れなどのような個体の集合体は、秩序をもって形成され行動する(個体群階層)。

トランスオミクス生物学(これまでの生物学)で関連付けられる各オミクスデータは、多様な生命現象の中の一部に限られている

遺伝子から個体群までの各階層の振る舞いをバイオイメーシングデータとして網羅的・定量的に捉えることが可能となっているが、膨大なデータの統合は人間の能力では追いつかない



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

超階層生物学を推進するための導入機器

15

超階層生物学研究システム

高速高解像共焦点顕微鏡及びハイブリッド型質量分析計を導入し、各階層の多種多様な生命現象を対象として、データ取得・定量的解析を行う。基礎生物学研究所の現有設備から得られるデータも含め、生命現象に関わる膨大なビッグデータをクラスターコンピュータに格納し、これらのデータをAIにより統合的に解析し、多階層に渡る生命現象の理解へとつなげる。(令和4年度概算要求・基盤的設備等整備分にて要求)



自然科学研究機構 基礎生物学研究所

超階層生物学の年次計画

16

第4期中期計画 AIを活用した超階層生物学研究拠点の構築

取組内容	R4年度	R5年度	R6年度	R7年度	R8年度	R9年度
超階層生物学センター(仮)の改組・運営	改組	運営(研究支援・技術開発)				
高速高解像共焦点顕微鏡	○	運用(共同利用・共同研究)				
ハイブリッド型質量分析計	○	運用(共同利用・共同研究)				
ビッグデータおよびAI解析対応クラスターコンピュータ	○	運用(共同利用・共同研究)				
各室の設置・運営	設置	運営(研究支援)				
各室への研究教育職員、技術支援員の配置	○	解析手法の確立、研究の実施と支援				
階層を超えて生命現象の解明を目指す研究の実施		研究の実施				
階層を超えた生命現象の解明を目指す共同利用研究者の受入れ		共同利用研究者の受入れ				
超階層生物学に関する会議・研究会やトレーニングコースなどによる情報・技術・人材交流の実施	○	○	○	○	○	○

- ・ 全国の研究者に、各階層の生命科学における高感度かつハイスループットの先端分析技術を提供
- ・ 取得した各階層のビッグデータから計算科学的に生物現象の背景にある原理を読み解くための解析基盤を確立・提供
- ・ 生命科学分野だけでなく、分子から宇宙に至るさらに幅広い階層にまたがる学際的な融合研究に貢献

自然科学研究機構 基礎生物学研究所

3. 外部点検評価会議議事録

2021 年度基礎生物学研究所外部点検評価会議

日時：令和4年3月8日（火）15:00～17:30

参加者

【外部委員】

（運営会議委員）

丹羽 仁史（熊本大学発生医学研究所 教授）

福井 学（北海道大学低温科学研究所 教授）

経塚 淳子（東北大学大学院生命科学研究科 教授）

（外部有識者）

福田 裕穂（京都先端科学大学バイオ環境学部 教授）

齊藤 和季（理化学研究所環境資源科学研究センター センター長）

原田 慶恵（大阪大学タンパク質研究所 教授）

【基生研参加者】

阿形 清和（基礎生物学研究所長 教授）

長谷部 光泰（副所長 教授）

上野 直人（第一研究主幹 教授）

吉田 松生（第二研究主幹 教授）

高田 慎治（第三研究主幹 教授）

川口 正代司（第四研究主幹 教授）

皆川 純（第五研究主幹 教授）

藤森 俊彦（総研大生命科学研究科長 教授）

新美 輝幸（総研大生命科学研究科基礎生物学専攻副専攻長 教授）

真野 昌二（研究力強化戦略室副室長 准教授（司会））

立松 圭（研究力強化戦略室 企画・評価グループ 特任助教）

倉田 智子（研究力強化戦略室 企画・評価グループ 特任助教）

定塚 勝樹（研究力強化戦略室 企画・評価グループ 助教）

藤田 浩徳（研究力強化戦略室 企画・評価グループ 助教）

【議事録担当】

株式会社コングレ・グローバルコミュニケーションズ

（真野） 定刻になりましたので、2021 年度の基生研の外部点検評価会議を始めさせていただきます。評価委員の皆さまにおかれましては、ご多忙の中をご出席いただきまして、ありがとうございます。本日の司会を務めさせていただきます、研究力強化戦略室の真野と申します。どうぞよろしくお願いいたします。

最初に、所長の阿形からご挨拶をさせていただきます。よろしくお願いいたします。

（阿形） 皆さま、本日は外部評価会議ということで、よろしくお願いいたします。本日の外

部評価メンバーですが、研究所の運営会議は外部委員が10名いらっしゃるのですが、その中から熊本大学発生病学研究所の丹羽さん、北海道大学低温科学研究所のセンター長だった福井さん、東北大学の経塚さんの3名にお願いしています。また、運営会議以外のメンバーとしては、福田さんと齊藤さんと原田さんの3名の方にお願いしています。今日はお忙しい中、ありがとうございます。一応、予定は2時間になっていますけれども、それよりも早く終了できるように頑張って、いろいろと忌憚のないご意見を頂きながら、会議を進めたいと思いますので、よろしくお願いします。

外部点検評価会議は毎年1回行っているのですが、なぜ外部評価会議をやるかという、やはり大学共同利用機関ということで、外部のコミュニティの意見をきちんと反映させた形で研究所を運営することがミッションになっていることから、所外の運営会議の先生方と運営会議以外のコミュニティを代表される3名の方に外部評価をお願いしているということになります。

今は2021年度ですから、本来であれば2020年度の評価をしていただくのですが、今年は少し変則的にやらせていただいております。なぜならば、2021年度のこの3月で第3期が終わります。今度の4月から第4期が始まりますが、来年度に第3期の話をするのは何となく間が抜けた感じがしますので、この第3期のうちに2020年度のみならず2021年度も含めた2年間分をこの外部評価会議でやっていただこうということにしております。従って、本来は2020年度だけが対象なのですが、今回は2020年度と、もう3月になっていますから2021年度も含めて、まとめて評価の対象として、今日の評価会議で議論していただきたいということです。

さらに第3期が終わりますので、今日の資料の中には第3期の2016年から2021年までの6年間分をまとめた形で資料を作っていますので、第3期分をまとめてという意味合いも含めて、やらせていただきます。さらに第4期にはこういう形で活動するという研究所の第4期中期目標・中期計画も簡単にご紹介して、第4期にどういう形でうちの研究所が挑むのか、どういう形で新しいことにチャレンジしていくのかをご説明し、それについても皆さまからご意見を頂ければと思います。お送りした資料の中に評価・助言する記入票というWordファイルがあるのですが、今日はそれに記入していただければと思います。真野さん、今月末までにもらったらいいのでしょうか。

(真野) そうですね。できれば早いうちに頂きたいと思います。

(阿形) はい。ただ、年度末で皆さんはお忙しいですから、評価・助言記入票というWordがありますので、今日はそれも広げてもらって、どこかメモ書きをしていただけたらいいのではないかと思います。その記入票の中では、第3期に行った事業についてコメントを頂く部分、第4期に向かってのコメントを頂く部分、それから全般的にこれから進展すべき研究分野や、導入すべき機器としてどういうものを共同利用機関として入れるべきかといったことについて、最後にコメントを頂ければと思いますので、よろしくお願いします。

それでは、今日参加しているうちのメンバーから紹介させていただきます。まず私が所長で、3年前の2019年の4月に第3期の後半戦、第3期は6年間あるのですが、後半の3年間で私が所長としてやりました。前半の3年間は前所長の山本正幸さんが所長をされま

したので、私としては2019年からほぼ丸3年間、所長として機能しました。そのうちの2年と3カ月はほとんどコロナがオーバーラップしていたという3年間であったということで、よろしくお願いします。

副所長は、第3期の前半の3年間の山本正幸さんのときは上野さんが副所長として機能されましたが、私が所長になってからは最初の1年間を上野さん、その後の2年間は長谷部さんがやっております。長谷部さん、簡単にご挨拶をお願いします。

(長谷部) 長谷部です。皆さん、本日はよろしくお願いいたします。

(阿形) 続きまして、うちには主幹制度というものがあまして、第一主幹から第五主幹という、一応、管理職になるのでしょうか、ヘッドクォーター機能を持たせているメンバーがいます。第一研究主幹は上野直人さんで、国際連携担当の教授です。上野さん、挨拶をお願いします。

(上野) 国際連携担当主幹の上野です。よろしくお願いいたします。

(阿形) 第二研究主幹は、財務を担当しています吉田さんをお願いしています。吉田さん、お願いします。

(吉田) 財務を担当しております、吉田です。よろしくお願いします。

(阿形) 第三研究主幹は総務、共同利用・共同研究担当の高田さんをお願いしています。

(高田) 高田です。よろしくお願いします。

(阿形) 第四研究主幹は、評価を担当している川口さんです。

(川口) 評価を担当しております、川口です。よろしくお願いします。

(阿形) 第五研究主幹は、安全衛生・知的財産・地域連携を担当している皆川さんです。

(皆川) 安全衛生・産学・知財を担当させていただいています、皆川です。よろしくお願いいたします。

(阿形) 安全衛生は今まではそんなに仕事が無茶苦茶あったわけではなかったのですが、コロナとともに結構忙しい職となりました。

次にご紹介するのは、うちの研究所は国立の研究所ですから総研大を介して大学院生を受け入れており、その総研大の中で、生理学専攻と国立遺伝学研究所の遺伝学専攻とうちの基礎生物学専攻の3専攻で生命科学研究科というものを構成しています。この2年間、藤森さんに生命科学研究科長として機能していただきましたので、今日の外部評価会議に

も入っていただいています。藤森さん、紹介をお願いします。

(藤森) 藤森です。よろしくお願いします。

(阿形) 実質的に基礎生物学専攻として、うちの研究所の大学院担当では所長である私が専攻長をやっていて、副専攻長は新美さんがやっていますので、今日は新美さんにも参加してもらっています。新美さん、どうぞ。

(新美) 新美です。よろしくお願いします。

(阿形) 今日の外部評価で皆さまからご質問が出たときに、所長が答えられないときにはそれぞれの担当の教授に振るということで、参加していただいております。

それから研究力強化戦略室の副室長として、室長は副所長の長谷部さんですが、今日の司会をやっていただいています真野さんが今日は参加しています。真野さん、どうぞ。

(真野) 真野です。どうぞよろしくお願いします。

(阿形) それから、研究力強化戦略室の中には六つのグループがあるのですが、今日は評価ということで、企画・評価グループのメンバーの4名が参加しています。まず立松さん、顔を出して自己紹介をお願いします。

(立松) 企画・評価グループの立松です。今日はどうぞよろしくお願いいたします。

(阿形) 広報室の倉田さん、お願いします。

(倉田) 倉田です。よろしくお願いします。

(阿形) アストロバイオロジーの定塚さん、お願いします。

(真野) 定塚さんはまだ Zoom には入っておりません。

(阿形) 藤田さんはいらっしゃいますか。

(藤田) 藤田です。よろしくお願いします。

(阿形) 今回、議事録は株式会社コングレ・グローバルコミュニケーションズに頼っていて、テープ起こしをしますので、前もって録音していることをご了承のほどお願いしたいと思います。コングレさん、せっかくですので、顔を出していただければと思います。

(荒木) コングレ・グローバルコミュニケーションズの荒木です。よろしくお願いします。

(阿形) よろしくお願ひします。議事録を取りますので、声だけでは識別がつかませんので、申し訳ございませんけれども、名乗ってからご質問をお願いしたいと思います。

それでは、今日の外部評価委員の方を順番に、熊本大学発生医学研究所の丹羽所長からお願いします。

(丹羽) 発生研の丹羽です。この2年間、所長をやっていましたが、まだあと2年やることになりました。よろしくお願いいたします。

(阿形) よろしくお願ひします。続いて、北海道大学低温科学研究所の福井さんです。今年いっぱいでしたか。

(福井) 今年度いっぱいです。あと3週間くらいあります。

(阿形) 自己紹介をお願いします。

(福井) 低温科学研究所の福井と申します。よろしくお願いします。前回、山本前所長のときに最後の外部点検を一度、務めさせていただいており、今回で2回目ですので、よろしくお願いします。

(阿形) 続いて東北大学の経塚先生、お願いします。

(経塚) 東北大学生命科学研究科の経塚です。植物の研究をしています。基生研の外部評価委員は初めてなので、あまり変なことを言わないようにしようと思っています。よろしくお願いします。

(阿形) 遠慮なくお願いします。続いて運営会議以外のメンバーとして、福田さん、自己紹介をお願いします。

(福田) 去年の4月から京都先端科学大学というところにいます、福田と申します。どうぞよろしくお願いします。

(阿形) 東大の副学長は何年やられたのですか。

(福田) 理事・副学長を4年、その前に研究科長を2年、その前に副学長を2年やっています。8年くらい、そういうことばかりやっていました。

(阿形) では、外部評価は得意ですね。よろしくお願いします。続いて齊藤さん、お願いします。

(齊藤) 理化学研究所の環境資源科学研究センターのセンター長の齊藤です。どうぞよろしくお願いします。

(阿形) よろしくお願いします。

(齊藤) 2年前に前センター長の篠崎一雄先生から引き継いで、引き継いだ途端にコロナになって、まずコロナ対応という、あまり面白くない仕事にだいに関わりました。皆さんもそうでしょうけれども。基生研の外部評価は初めてですので、どうぞよろしくお願いします。

(阿形) よろしくお願いします。続いて原田さん、お願いします。

(原田) こんにちは。大阪大学タンパク質研究所の原田慶恵と申します。実はこの前、生命創成探究センター（ExCELLS）の外部評価をやったばかりで、それでこちらにも頼まれたので、頭が少しだけこんがらかってしまったのですが、基生研の外部評価は初めてなので、楽しみにしています。よろしくお願いします。

(阿形) よろしくお願いします。生物物理学会の会長はまだされているのですか。

(原田) もう会長は退任したのですが、男女共同参画学協会連絡会という巨大なものの委員長をやらされたりして、大変です。

(阿形) ご苦労さまです。今日も2時間ほど、よろしくお願いします。

これから資料1を基に第3期の活動について、PowerPointを使って私から30分くらいでパフォーマンスについてご報告申し上げます。内容的には、第3期は2020年に文科省の外部検証があり、4年間分の自己検証報告書に関する検証があったのですが、そのときに七つの項目に分けて報告書を作ることになりました。その七つの項目の1番の運営面、2番の中核拠点性、3番の国際性、4番の研究資源、5番の新分野創出、6番の人材育成、7番の社会との関わりという七つの観点でまとめてあります。資料1は、それに従ってまとめたものです。

まずは1番と2番の運営面と中核拠点性について説明した後に、質疑応答を頂きます。それから3番の国際性と4番の研究資源の説明をした後に、委員の方から質疑応答を頂きます。5分間の休憩の後、後半戦では新分野創出、人材育成、社会との関わりという5番、6番、7番を説明させていただいてから、委員の方から質疑応答を頂いて、最後に第4期の取り組みについて資料2を基に説明をして、ご意見を頂くという構成でやらせていただきます。

1. 第3期中期目標期間の活動報告

(阿形) では、資料1を基に、令和3年度の基礎生物学研究所の活動紹介ということで報告させていただきます。

(以下スライド併用)

#2

基礎生物学研究所のミッションは、「モデル生物から非モデル生物に至る幅広い生き物を対象とした、多様な研究分野や生物現象の研究を最先端技術を用いて展開し、『生き物研究の世界の拠点』として、世界レベルの高水準の研究基盤を形成する」こと、それから「高水準の研究基盤と幅広い研究力を基に、共同利用・共同研究・トレーニングコースを他大学や研究機関の研究者に提供することで、生物学コミュニティ全体の研究力の強化に貢献する」ことです。研究所自体が常にフロントの研究をし、そのフロントの研究をコミュニティに反映させていくということをミッションとして、1977年に設立されております。

#3

歴史的には、1977年に創設されて、1988年に総研大が発足し、この時に大学院ができております。最初は大学院はつくらないということだったのですが、11年後の1988年に総研大がつくられて、研究所に大学院生が来るということで、最初は後期3年間の博士課程だけが許されました。

岡崎国立共同研究機構が1981年に設立されていますが、岡崎3研究所（生理学研究所、分子科学研究所、基礎生物学研究所）で、2000年に統合バイオサイエンスセンターというものがつくられて、これが2018年に、先ほど原田さんが外部評価委員会をやらされていたという生命創成探求センター（ExCELLS）というものになりました。その歴史はこの3研究所でつくった統合バイオサイエンスセンターが背景にあるということです。

2004年にいわゆる法人化がなされて、大学共同利用機関法人自然科学研究機構となって、国立天文台と核融合科学研究所と岡崎3研究所の五つの研究所で、大学共同利用機関法人の四つのうちの一つとして自然科学研究機構がつくられ、その中に五つの研究所でクラスターをつくりました。

2013年には、東北の大震災の後に各大学の持っている生物試料をバイオバックアップ、凍結保存するということでIBBP (Inter-University Bio-Backup Project for Basic Biology) が開始されました。急な災害があったときに希少なサンプルがなくならないように、基礎生物学研究所が中核となって凍結保存をして、何かトラブルがあつて試料がなくなったときには、その冷凍保管していたものから実験を再開することができるというシステムを構築しました。2011年の東北の大震災の後に、このプロジェクトに参画したということになります。

#4

生き物研究の中核拠点のイメージとしては、幅広い多様な生き物を使い、また、多様な生物現象を対象として、それらの共通原理や多様性の解明をするということが、基礎生物学研究所のカラーであり、分かりやすいポイントかと思います。

#5

次に運営面の中の予算です。この6年間、特に第3期はどのようにやってきたかは、この5ページの図を見ていただくと分かると思います。下半分が運営費交付金および自己収入ですが、12億～13億円くらいでやっているということになります。運営費交付金としては、私の頭の中では大体12.5億円が年間の予算になっています。上半分が外部資金で、2016年は8億2000万円、2021年は12億3300万円です。今年は少し多いのは、昨年にコロナで使えなかった分を繰り越しているためです。イメージとしては、全体では20億円から二十数億円で研究所が運営されていて、その6割くらいが運営交付金だということになります。

12.5億円の内訳なのですが、実は人件費がここでは8億円になっていて、電気代が2億円くらい、それからIBBPの費用が0.8億円ということで、人件費や電気代、IBBPの費用、共同研究といったもので大体終わってしまいます。あとは各研究室が獲得した外部資金で各研究室の研究をしています。かつ、外部資金の間接経費で研究所の各施設・センターを運営しているということで、皆さまの間接経費を上手く活用して運営しているということになります。

#6

私が2019年に来たときに、この予算ではとてもではないが厳しいということで、いろいろな工夫をしたのですが、2019年10月25日に全所員を集めて節電宣言をしました。このままでは人を切らなければいけなくなるから、人を切るのではなくて、まずは節電をしてほしいと要請したら、皆さまがしっかりとやったださって、2019年から先が節電宣言をした後ですが、毎月どんどん下がってきたわけです。節電宣言をしてから毎年下がってきて、現在、宣言から2.5年がたっているわけですが、約5500万円の電気代を節約して、年間では約2200万円の節電が行われるようになりました。

#7

組織と人数規模です。全部で300人強でこの研究所は運営されています。組織としては所長の下に運営会議、それから先ほど申し上げました研究力強化戦略室があり、研究については13の部門と12の研究室があって、それらが各領域で分けられています。それからセンター、研究施設、技術課で成り立っております。研究施設はモデル生物研究センター、生物機能解析センター、IBBPセンターから構成されており、2013年からは新規モデル生物開発センターができて、今はこの四つのセンターで運営されています。

教授の人数は16～17人、准教授が13～14人、そして助教が2019年から2020年でぐっと増えているのは、NIBB リサーチフェローという3年間の研究員の身分だった方を5年の特任助教に振り替えたので、ここで人数が増えています。その分、NIBB リサーチフェローという研究員の数が減っています。それから技術課が27～29人で、現在は29名の技術職員が各部門もしくはセンター、施設の技術スタッフとして働いています。事務支援員と技術支援員は100人強で、総計300人強で研究所が運営されていることになります。

#8

2013年に、文科省の研究大学強化促進事業というものが始まりました。要するに3000万円前後のURAの雇用費を文部科学省が出すので、この経費でURA職員を雇って研究力・マネジメントを強化するというで、それに合わせて研究力強化戦略室がつくられました。現在は長谷部副所長が室長をやっているで、真野さんが副室長、企画・評価グループ、共同利用グループ、国内国際連携グループ、若手研究者支援グループ、広報室、産学連携グループの六つのグループがあります。各グループに関する委員会があり、それぞれに実働部隊がいて、この研究力強化戦略室を中心に研究室のマネジメントを行っています。

ここには教授、准教授、URA職員、技術課の職員の方も入って、各グループを構成して、六つのミッションのグループでマネジメントを行っています。月に1回、実務担当者会議を行って、研究所のマネジメントをしています。また、教授会議は月に1回、第2金曜日にやっております。加えて、大学院の会議の専攻委員会と教授・スタッフ会議があるのですが、私が来てからは、できるだけ研究に専念するために、それらは全て月に1回、第2金曜日に全て固めています。その日はもう朝から夕方までひたすら会議をしているのですが、その1日だけはマネジメントに専念し、あとはもう研究に専念するというシステムでやっております。

#9

ここまでが運営面の話で、ここからは2番の中核拠点性にお話を進めさせていただきます。中核拠点であるために、共同利用・共同研究を推進するためのセンターの機能強化ということで、この6年間で全1000件、平均して1年間に200件弱の共同利用研究を受け入れて、全国の大学の全国の研究者のいろいろな研究をサポートしています。

生物機能解析センターでは、生物機能情報分析室でDNAのシーケンスやタンパク質の機能分析などの機器を管理・運営して、共同研究を受け入れています。光学解析室では顕微鏡を中心として、それから大型スペクトログラフなどを加えた光学機器の共同研究を受け入れています。情報管理解析室では出てきたデータをサーバーに保管して、コミュニティにそのデータベースを提供しています。

モデル生物を用いた研究のサポートについてはモデル生物研究センターがありまして、主に動物ではマウスを中心としながら、ナショナルバイオリソースのメダカ、ゼブラフィッシュといったモデル生物をサポートし、モデル植物の支援に関しまして、NBRPのアサガオを含むいろいろな植物の飼育支援をしています。

さらに2013年に新規モデル生物開発センターという、いわゆる非モデル動物を対象とした解析センターをつくり、全国のモデル生物以外のものを使っている方々の研究をサポートするべく、ゲノムシーケンスを行ったり、ゲノム編集技術を教えています。

#10

共同利用・共同研究の遠隔化の取り組み例をご紹介します。この2年間、コロナとともに共同研究の受け入れ件数もかなり減って困ったわけですが、できるだけそういったコロナの環境においてもリモートで共同研究をサポートできるように、リモートシステムで、特に画像解析関係は共同利用のサンプルをもらって、うちのテクニカルスタッフが光学機器をオペレーションしながら共同研究を進めるという、オンラインでの共同研究を行って

います。

また、バイオインフォマティクスのトレーニングコースも、今までは現地に来ていただいて、各参加者にノートパソコンを1台ずつ割り当ててやっていたのですが、リモートでできるように、うちの大型計算機センターにVPNで入っていただいて、各自の端末から大型計算機にあるワークステーションにアクセスしながら、バイオインフォマティクスのトレーニングコースを行うという形で対応しました。そうして共同研究をコロナ禍においても継続するシステムを構築したということになります。

#11

そういった最新鋭の機器を使いながらどういった研究をしたか、中核拠点としてのアクティビティをどのように示したかという点について、ここで6年間分の主たる結果をご紹介します。

2022年、最近ではシロアリのゲノムを解読しました。シロアリにはカースト制があるわけですが、全て同じゲノムを持っているのにどうやってカーストができるか、違った階級のものでできるかということで、遺伝子をゲノム解析した結果、どうも重複遺伝子が多いことが分かりました。ゲノム解析をただけではなくて、それぞれのトランスクリプトームも行い、実は重複した遺伝子があって、それぞれ重複した遺伝子が違うカーストで使われており、そうしてシロアリの社会性は進化したということ、ゲノム上の遺伝子重複が起これ、違うカーストで遺伝子を使い分けることによって社会性昆虫のシステムが出来上がっているということを見つけてきました。

2021年は食作用の、1個の細胞がファゴサイトーシスとピノサイトーシスの2種類の取り込みをするのですが、マクロピノサイトーシスという第3の口を開けて取るというものについて、実はこれはピノサイトーシスというよりもファゴサイトーシスの方に近いのだということ、数理モデルを基に証明しました。

2020年のハイライトは、長谷部研のハエトリソウです。ハエトリソウの記憶の仕組みを解明しました。ハエトリソウは1回触っただけでは閉じないのですが、30秒以内に2回目を触ると閉じるのです。虫がちょうど真ん中に来たくらいで閉じて、食虫植物としてそれを消化して食べるのですが、そのメカニズム、なぜ30秒の間に2回目を触ると閉じるようになっているのかを見るために、要するに動物の神経系のカルシウムイメージングをするGCaMPコンストラクトの遺伝子を入れたトランスジェニックのハエトリソウを作って、カルシウムイメージングをして、30秒以内に2回目の接触があると、カルシウムシグナルが閾値を超えて閉じるようになるということを証明しました。

地球温暖化で海水温が上がるとともにサンゴの白化現象が起きて、サンゴが絶滅するということが問題になっているわけですが、それはサンゴの方の問題ではなくて、共生している褐虫藻の方が高温ストレスを感じて逃げ出すということ、皆川研では見いだしました。これはサンゴそのものではなくて、セイタカイソギンチャクというサンゴのモデルとなるような刺胞動物を使って、共生藻の共生能力が温度とともに変化するということ、これを証明しています。

上野研はメカノセンシングの仕組みで、初期発生のときにメカノセンシングをしながら起こる形態形成の過程で、ERKシグナルが上がるということで、そのERKシグナルは何

と FGF のレセプターを介して入っているらしい、FGF のレセプターがどうもメカノセンシングをしているらしいということを報告しています。

東島研はいろいろな神経細胞が染まっているトランスジェニックのゼブラフィッシュラインを使って、魚が左右の協調運動をどのようにしてやっているかということで、結局、抑制性の右側にある感覚器が左側の筋肉につながっていて、左側の感覚神経が右側の筋肉につながっているという、交叉型・抑制型の神経細胞が右と左のコーディネーションをしているということを見いだしました。

#12

2019 年に特徴となったのは、川口研の共生のものです。ミヤコグサが根粒細菌と共生していて根粒を作るわけですが、この根粒を作るメカニズムとしては、実は側根を作る遺伝子メカニズムを共用しながら根粒を作っているのだということを見出しました。

吉田研は、精子幹細胞がなぜ常に絶えず一定の数を提供できるのかということで、FGF の取り合いをしながら常に一定の幹細胞数を作っていることを見いだしました。

新美研はテントウムシの多様な斑紋を作っている遺伝子について、ゲノム解析も含めて、パニアという転写因子がこの斑紋パターンを決めている、パニアの発現制御で斑紋ができているということで、その遺伝子を見つけました。

青木研は FRET を使ったりして、いろいろな細胞の中で起きている化学反応について、ある分子の活性をビジュアル化して定量化しています。今回、光遺伝学を使って ERK 分子の活性化をコントロールすると、ERK シグナルの伝わり方、活性化と逆方向に進んでいく、コレクティブマイグレーションが起きるということを見いだしました。

高田研は、二つのタイプのヘパラン硫酸がドット状に違う分布をして、そこで Wnt がモルフォゲンの足場となってシグナルを送り込んでいるらしいということを見つけました。

皆川研は、植物に光が強く当たると、植物は焼けてしまうわけですが、それをいかに防ぐかということで、青色光受容体フォトトロピンがそれを感知して葉緑体が焼けるのを避けているということを見いだしました。

こういった形で、それぞれイメージングやゲノムシーケンスなど、先端のテクノロジーをうまく使いながら、生物拠点の中核機関としての機能を果たすのにある程度ふさわしい研究内容をこの 6 年間、出し続けたというのは、一番のミッションである中核拠点性についても十分に果たしただろうと、われわれとしては内部評価をしています。

1 番の運営面と 2 番の中核拠点性の 2 点について、少し長くなりましたけれども、ご紹介した次第です。評価委員の方々から何かご質問やご意見があれば、受け付けたいと思います。

(福田) 福田です。つまらない質問を幾つかしてよろしいでしょうか。一つはミッションに関わっていて、なぜ多様な生物を研究するのですか。

(阿形) それぞれの生き物が持つユニークな生物現象、共通の基盤は持っていますけれども、それぞれの生き物が環境に応じて特異な部分を伸ばして、環境に適応していますので、そういった特異な部分をうまく使いながら共通の原理を見つけていく、もしくはどう

やってその多様な機能が進化したかを見ていくということが、一つのポイントではないかと私は理解しています。

(福田) もう少し良い言い方があるのかもしれないのですが、要するにそれが基生研の研究の特徴であるということをきちんと言えると、発信力が出るかなと思ったのです。必ずしもみんなそういう視点で研究所や大学の研究の専攻などを運営していないような気がするので、多様な生物を研究することによって初めて見えてくる何かがあって、それが基生研の特徴だということをもう少し強く訴えようと、基生研の特徴が出てくると思います。実際に今回の研究にしても、非常に多様な生き物で多様な新しい発見があって、それはモデル生物だけをやっていたら、多分、分からなかったに違いないことですし、今はもういろいろな生き物を使った研究ができる時代に実は入っていて、そのフロントをまさに基生研がやっているという主張があると、カッコいいと思ったのです。

(阿形) 分かりました。モデル生物ではなかなか解き明かせなかったもの、生物現象の背景にあるものを、それぞれの特徴を持った生き物を使って解き明かしているという言い方、整理の仕方がよろしいかと思います。

(福田) ありがとうございます。もう1点、これは大した質問ではないのですが、今、特任助教の人たちをたくさん増やして、その人たちが5年任期だという話でしたけれども、無期転換は大丈夫なのですか。

(阿形) 良い質問だと思います。今も無期転換の議論をしているのですが、サイエンティストに関しては、やはり5年を一つの区切りとして勝負しようということにしております。助教と准教授は5年やった後に更新審査があって10年できるということで、10年間のタームでしっかりと自分の看板の仕事を出していただいて、プロモーションを図るという目標にしています。

NIBB リサーチフェローというのは、昔は研究所のポスドク的なものは3年でやっていたのですが、やはり3年ではなかなか新しいことにチャレンジできないだろうということで5年にして、5年の間で今までやっていなかったような新しいサイエンスにチャレンジしてもらおうべく、私が来てから5年任期にしました。これについては更新して延ばすということは現在まで認めていません。

(福田) 僕が最後に東大の理事をやっていたとき、これは非常に大きな問題というか、シリアスな問題になると理解していたのですが、良い方法を見出せないまま東大を離れてしまいました。その後、どうなったのかは知らないのですが、5年間雇用すると、「そのまま私は続けたい」と言われたときに拒否することはできないので、もっと前から対応を考えておいた方がいいのではないかという気がします。

(阿形) はい。高田さん、何かコメントはありますでしょうか。

(高田) 総務・人事担当の高田です。福田先生、どうもありがとうございました。われわれが認識・理解する限りでは、研究者、研究技術に関わるスタッフは、研究開発力強化法（現在は、科学技術・イノベーション法）によって5年ではなく10年間雇用されると無期転換の権利が発生すると認識しております。今回ご指摘がありました特任助教に関しましては、そういう意味では福田先生の考えているご懸念には対応しないものだろうと思います。

ただ、研究所としては、今、所長が申し上げたとおり、助教・准教授には任期を付けておりまして、それは10年としております。そういった方々には10年の中で成果を出してプロモーションしていただくことを最優先に考えていただくという形で研究所としては対処しております。お答えになっておりますでしょうか。

(福田) 多分、そういう考え方もできるのですが、できない可能性も結構あると僕は東大のときに判断していて、そのための対応を取る必要があると考えていました。もしかすると細かいところを法律家との間で少し詰めておいた方がいいかもしれないということだけサジェスションさせていただきたいと思います。以上です。

(高田) どうもありがとうございました。われわれもこれからも引き続き検討を続けたいと考えております。ありがとうございました。

(阿形) 他にありますか。

#7

(齊藤) よろしいですか。齊藤です。今ちょうど福田先生が提起されたことで、この表にある研究系の助教・准教授の方が5年プラス5年の10年というのは、多分、皆さん理解できると思うのですが、技術職員や支援員、いわゆるテクニシャン、テクニカルスタッフの方については、研究開発力強化法で10年ということですが、来年の2023年がちょうど10年の区切りになりますよね。そうすると、2013年より以前から雇用されている方は2023年で10年になる方もおられるのではないかと思います。こういう方々の転換というのはなかなか難しいと思うのです。その辺は何か方策があるのでしょうか。

(阿形) それについてはもちろん、うちもかなりエクステンシブに議論しております。URA職員に関しましてはこの前初めて、5年、10年たったときには審査をして無期転換にするということで、審査が終わって、今週の教授会でオーソライズすることになります。

事務支援の方の任期については5年で来るわけですが、5年雇用した場合にはその後ちゃんとしっかりと雇用しましょうというのが元々の精神性なのですが、予算が厳しい大学や研究所では5年がたつ前に切るという逆の解釈になってしまっているのが、それはやはり駄目だろうと。そういったカルチャーはやはりきちんとした元の精神性に戻して、予算がないからといって5年たったら辞めてもらうのではなくて、きちんと雇用する方にシフトしようということを議論している最中です。今週の教授会議でその辺のところを議論して決めることになっています。

技術支援の方に関しましては、研究開発力強化法で5年プラス5年でいけるのですが、10年後に無期転換するのかどうかはまだ議論がありまして、そこについてはもうワンステップ置いて、まずは事務支援の方から始めようということになっています。技術支援の方をどの段階で無期転換するのかということについては今、意見が分かれていて、技術支援の方も今度の教授会議である程度無期転換する方向にしようという考え方と、いくら何でもそれは予算的に無理ではないかという考え方があり、今週そういったことを議論することになっております。

研究所としては、予算がないから切るという方向から少しずつ、きちんと安定して生活できるような方向性に精神的なものとしてはシフトするように、今、動いているという状態です。

(齊藤) ありがとうございます。どこも対応が大変だろうと思っています。ご苦労さまです。

(阿形) 精神性的にはだいぶ受け入れられつつあるのですが、今日もここに吉田予算委員長がいますが、吉田委員長としても、やはり気持ちは分かるけれども現実の問題が常にあって、その辺でまだ葛藤しているのが現状です。

(真野) ありがとうございます。丹羽先生、お願いします。

(丹羽) よろしいですか。単純に研究所の運営者の立場から興味を持った質問なのですが、教授が16名に対して、それ以外の方の数がすごく多いという印象でして、われわれの研究所の場合は教授が12名で、その他のメンバーを全部足してもせいぜい100人なのです。16名に対して314名というのはすごい数で、この人数を維持する財源というのは、先ほどの運営費交付金の人件費だけで動いているのか、あるいはそれぞれの外部予算で雇用された方がかなり交ざっているのか、その辺りはどれくらいの比率で動いているものなのですか。

(阿形) 外部資金で技術支援と事務支援を雇っているケースは結構あります。この内訳をきちんと言えるかという、なかなか難しいのですが、いわゆる承継職員で、運営費交付金で雇っている範囲は、教授、准教授、助教、特任助教です。一部の特任助教は外部資金での雇用の場合もあります。あとは技術職員のところまでは運営費交付金で雇用しております。

支援員の100人強は運営費交付金でやっている部分と外部資金でやっている部分が1対3くらいの割合ですかね。それくらいの割合で支援員の方がいるということです。総研大生に関しては、後で説明しますが、リサーチアシスタントということで年間100万円のRA費を払っているということになります。研究員に関しては、外部資金でポストドクとして雇っている方がほとんどであると理解していいのではないかと思います。

(丹羽) 今、基生研であれば、かなりの機器類をお持ちで、その維持管理費だけでも相

当な額になると思われるのですが、恐らくその財源としても管理運営費くらいしか外部資金ではサポートできないので、管理運営費の方からの持ち出しになってくると思うのですが、そこをうまくやりくりしているポイントというのは何なのでしょうか。

(阿形) 吉田予算委員長、いかがでしょうか。

#5

(吉田) やりくり担当の吉田です。今、所長から説明がありましたように、かなりカツではあります。例えば機器の運営費に関しては、外部資金の中に入っていると思うのですが、ABiS や科研費の共通の基盤整備、それらはもちろん科研費の共同利用研究をサポートすることなのですから、それはわれわれの持っている機器を使ってサポートするという位置付けで、共同利用機関のミッションともかなり一致するのですが、そういったものを維持管理に実際には使わせていただいているということはありません。あとは間接経費などを毎年計算しながらやっています。

(丹羽) 所内や所外の方に対して、共通機器の使用料というのは何か。

(吉田) なるほど。それは原則としては取れない状況です。少なくとも今は頂いていません。共同利用機関として共同研究のための経費を配分しているので、そういうものは取れないという昔からの言い伝えのようなものがあり、そこがなかなか事務的に動かないというのが実際のところです。

(阿形) ただ、シーケンサーなどの高い消耗品については、受益者負担でもらっていますよね。

(吉田) そうですね。機器の使用料は徴収していないのですが、実際に使う消耗品などは、特に高額の場合は試薬等を買っていただいて、それを使って共同利用研究を行います。特に次世代シーケンサーは高額なので、そういった形で運用しています。ですから、ランニングコストに関しては持ち出すものはあまり多くないのですが、やはり機器を最新のものにしておいて、保守契約を含めてメンテナンスしていくところではいろいろな手を使っているというのが、実際のところです。

もう一つ、機器に関しては、大型の外部資金を取られた方がその研究の目的外の時間を研究所に委託して、それを使って共同利用もサポートすることも進めて、いろいろ苦労しながらやっています。

(丹羽) ありがとうございます。

(経塚) 関連して、いいですか。このグラフの中の自己収入とは具体的に何から来る収入で、例えばそういうものを儲けるようにというプレッシャーなどは基生研でもあるのですか。

(吉田) 私からよろしいでしょうか。

(阿形) 吉田さん、お願いします。

(吉田) この自己収入は、色は分からないのですが、このグラフではほとんど見えないくらいに実はなっています。ただ、これは基生研としては今、すごく頑張っているところで、所長からも先ほど話があったかもしれませんが、ニコニコ動画で動画を配信して、基生研のファンを増やすとともに収入を得るとか、そういったことはやっています。例えば、大学では病院の収入などはここに入ってくるのですが、基生研ではそういったことはなくて、項目としてはあるのですけれども、この大きな枠の中ではそれほど大きなものにはなっていません。

(阿形) もう色が見られない状態で、つぶれています。

(真野) だいぶ時間も来ておりますので、他に質問がありましたら、コメント票にご記載いただければと思います。続きまして、国際性と研究資源の説明をお願いします。

#13

(阿形) では、国際性について説明させていただきます。国際性に関しましては、今、海外との連携をどのようにやっているかという、2005 年から EMBL (European Molecular Biology Laboratory) と連携して、主に国際的なバイオイメーjing ネットワークである Global BioImaging に参画しております。

また、機構の国際連携の組織の IRCC (International Research Collaboration Center) との関係の中で、ヨーロッパとはハイデルベルグ大学の Centre for Organismal Studies (COS) という、比較的うちと似たような非モデル動物を使った生物センターと国際連携をして、セミナーや人的な交流をしたり、COS の女性の客員教授がうちに来て、セイタカイソギンチャクと褐虫藻の共生プロジェクトを進めたりしています。

アメリカのプリンストン大学と、自然科学研究機構の IRCC の支援の下に定量生物学の共同研究をしています。今は青木教授が向こうと併任して、ポスドク 1 名と国際共同研究をしています。

アジアはシンガポールの Temasek とやっていたのですが、2020 年に連携協定がいったん終結し、シンガポール国立大学を含めた新たな枠組みで連携の再構築を始めているという状態です。

あとはボトムアップ型国際共同研究として各研究者が国際共同研究を展開するという、このような形でグローバルネットワークの形成をしています。

国際シンポジウムとしては NIBB コンファレンスを、いろいろなテーマを決めて、年に 1 回開催しています。ただ、残念ながらこの 2 年間はコロナで開催できていません。

国際プラクティカルコースというインターナショナルなトレーニングコースは評判が結構良くて、小型魚類、両生類、棘皮動物 (ウニ) などのモデル動物もしくは非モデル動物

を使った研究のトレーニングコースを全世界に広めているという状態です。

#14

研究資源に関しましては、研究コミュニティへの支援はうちのかかなり大きなミッションです。先ほど説明しましたように IBBP (Interuniversity Bio-Backup Project for Basic Biology) で、七つの大学をサテライト機関として、そこに一つのハブをつくっていただいて、七つの大学で日本全国を七つに分割して、各サテライト機関からニーズをすくい上げ、うちで液体窒素による保管をするというシステムでやっています。今までに約 200 万サンプルをうちが受け取って、それを液体窒素で保管しています。

また、今は単に受け入れるだけではなくて、共同利用研究を通じて、今まで凍結保存できていなかった生き物を凍結保存するシステムの開発を行い、それからトレーニングコースでそれを広めて、生物試料の凍結保存を進めております。ナショナルバイオリソースでもそれぞれ凍結保存をしています、うちの研究所がやはり凍結保存に関してのノウハウを持っていて、今、約 200 万サンプルが凍結保存されています。

#15

ナショナルバイオリソースとしては三つをやっています。コア機関になっているのはメダカです。メダカに関しては、私が所長で最も判子を押さなければいけないのが MTA ですが、2019 年度は 670 系統のリクエストがあり、クローンについては 100 件前後、孵化酵素については数百本のリクエストが年間であります。日本全国、それから海外も含めて、かなりの数のものがナショナルバイオリソースとして機能しているということで、うちの一つの看板 NBRP プロジェクトです。

#16

小型魚類のゼブラフィッシュに関しましては分担機関となっており、年間 30~40 の系統をリクエストされて分配しています。

#17

植物に関しましてはアサガオの分担期間として、九州大学が中核機関なのですが、年間にこういった数の系統を配布しています。

#18

バイオリソースデータベースですが、ここにあるように 1 番から 10 番まで、10 種類の生き物に関しまして公開しています。どれも非モデル生物が多いと思いますけれども、共同研究その他でいろいろなシーケンスをするわけですが、トランスクリプトーム解析やゲノム解析などのデータを全部データベース化して、公開しています。

#19

アクセス数はどれくらいかというと、一番多いのが微生物ゲノム比較解析データベースで、10 万件近くのアクセスがあります。また、植物のオルガネラデータベース、ヒメツリ

ガネゴケ統合データベース、それからイベリアトゲイモリも4万～6万のアクセス数があります。こういったデータベースでコミュニティに貢献しているということです。

#20

研究資源としては、先ほど少し紹介がありましたが、先端バイオイメーシング支援プラットフォームといって、6年単位でやっているもので、今は新学術領域の科研費の一部、次年度からは学術変革領域の科研費の一部として、プラットフォームで全国の科研費を獲得している方々のイメーシングをサポートするという予算をもらっています。基礎生物学研究所と生理学研究所が中核機関となって、この6年間で年間200～300のものを受け入れています。基礎生物学研究所は光学顕微鏡解析と画像解析技術支援のコア機関として、隣の生理学研究所は電顕とMRIの画像解析の支援をして、かなりのサポートを行っています。特に最近は画像データを基に定量化したデータがなければ論文になりませんので、そのサポートを全国の大学の研究者に行っています。この画像解析に関しましては、今はAI解析をするような時代ですから、うちでは上野さんを中心に、日本では理研の大浪さんを窓口に、全世界のバイオイメーシングの研究者と連携してグローバルフォーマッティングをしています。

研究資源、研究コミュニティへの支援については以上です。

(真野) 阿形先生、ありがとうございました。国際性と研究資源について説明させていただきました。この二つについて何か質問やコメントがあれば、頂戴したいと思います。よろしくお願いします。

#15

(福田) 福田ですけれども、よろしいでしょうか。ナショナルバイオリソースの件ですけれども、報告書の中には2028年より他機関に移設予定と書いてあります。メダカのバイオリソースは多分、基生研の一つの目玉だったと僕は思っているのですが、もしメダカが他に行くとなると、基生研としてはこのNBRPを、これは来年も続くことが決まったと思っているのですが、どのように位置付けていくのかを知りたいと思いました。

(阿形) うちの目玉のNBRPなのですが、これはメダカをずっとやっておられる、日本のメダカの顔である成瀬さんが中核機関の代表をしてきたのですけれども、成瀬さんがあと3年で定年を迎えるという大ピンチを迎えています。メダカそのものは、成瀬さんは自分自身もメダカの研究をされていて、高いモチベーションを持ってメダカの中核機関としてNBRPを運営していたわけですが、成瀬さんがいなくなったらどうするのかということが問題になりました。メダカのコミュニティともかなり綿密に話をして、やはり3年でいなくなった後に、メダカのモチベーションがきちんとある人がNBRPを管理・運営していないと無理だろうということで、第5期に関しては成瀬さんに定年後も特任研究員としての身分を付与して、5年間はやり切ってもらおうという形にしました。

ただし、その後に関してはコミュニティの方から、東北大学でメダカを維持・管理したいという意向があり、成瀬さんが定年を迎えて特任研究員になったくらいのところから少

しずつそちらの方への移管手続きを始めていき、東北大学がそれをきちんと受け入れるということで、態勢は整えつつあると聞いております。

(経塚) はい、東北大学ではもうメダカのスペースを考えはじめています。

(阿形) 議論されていますよね。そういうことでメダカについては、第5期は基礎生物学研究所が責任を持って、成瀬さんをヘッドとしてやり切ります。その後は東北大学の方に移して、そこでメダカのリソースをしっかりと維持していくということで、コミュニティと研究所で話をして決まっています。

(福田) メダカに関してはまさにコミュニティが強いので、そのように最後まで引き受け手がいて、多分、東北大学に移っても何とかなると僕は思っているのですが、ただ、他の基生研がやってきている、ゼブラフィッシュもそうですしアサガオもそうだと思うのですが、こういうものの育成について、基生研として今の人たちがいる間はやるのだけれども、その後、どのように展開していくのかを知りたいと思います。もちろん基生研ではなくて、どこでもちゃんとやってくれる人がいたら出すという、それでも構わないと思うのですが、このナショナルバイオリソースを基生研としてどのように考えていくのかを知りたいと思いました。

(阿形) 基本的に基生研のポリシーとしては、やはりナショナルバイオリソースについては、自分たちも研究しているという強いモチベーションでマネジメントしないと、きちんとした管理・運営はできないだろうと思っています。成瀬さんがいなくなった後も基生研がやってもいいのですが、それが単に受け付けて粛々と飼育して配布するだけとなったときに、それが本当にいいのか、それでバイオリソースとして発展していくのかを考えたときに、それはあまり良くないのではないかとということで、コミュニティの方々と相談して、新しくいろいろな種類のものを作っていくモチベーションのあるところがやるべきだろうということになった次第です。

(福田) はい、結構です。

(真野) ありがとうございます。他にいかがでしょうか。丹羽先生、どうぞ。

(丹羽) バイオリソースの維持にはかなりの人員が必要だと思うのですが、具体的にどれくらいの人数がこの維持のために割かれているのでしょうか。

(阿形) 誰が詳しいでしょうか。今日は成瀬さんがいないのですが、誰か知っていますか。技術支援員は6名でしたか。6名の飼育支援員がいると思っています。

(丹羽) それはメダカだけでということですか。

(阿形) はい。

(丹羽) 今、他の分担機関としての機能もありますから、それ以外にもかなり参加されているのですかね。

(阿形) ゼブラフィッシュの方は高田さんがご存じですか。

(高田) そうですね。私が知る限り、ゼブラフィッシュは東島さんのところで1名、NBRPの経費で支援員の方を雇用されていたかと思います。

(阿形) アサガオは3名でしたか。

(真野) アサガオは支援員3名くらいで管理されています。

(丹羽) こういうバイオリソースの場合、もちろん海外からどれだけ見えて、どれくらいリクエストがあるかということも活動の評価として重要だと思うのですが、それでいて海外に対する供与の煩雑性は結構な負荷になるとも思われますけれども、どれくらいの数が来て、どのような対応をしているのか、よろしければお聞かせいただけますか。

(阿形) 多分、3年前の一番多かったときは六百数十件あるうちの150件が海外で、結構大変だったと記憶しております。ただ、運送会社がしっかりしていて、そこでちゃんとパイプラインがあったので、海外にも比較的スムーズに配布できていたのではないかと思います。去年にその運送会社が手を引いたので、国際的ないろいろなナショナルバイオリソースの方々ともコミュニケーションを取りながら、今は新しい運送会社と契約しているのではないかと思います。

(丹羽) もう1点、国際的活動という意味で、国際プラクティカルコースを毎年やられているということでしたが、海外からの参加はどれくらいあるのでしょうか。

(阿形) これは立松さん、ご存じですか。

#13

(立松) おおよそ20名程度の受講生のうち、半分近くは海外からの参加となっています。また、国内からの参加でも、国内に留学している留学生や外国人ポスドクの方が、やはり英語で受講できるのがよいという感覚で申し込んできています。

(丹羽) 半数が海外からというのはなかなかすごいと思うのですが、具体的にこういうコースのアナウンスメントはどういう形で行われているのでしょうか。

(立松) メダカやゼブラフィッシュの場合は、国際的なコミュニティの方でアナウンス

していただいて、参加者を募っているという感じです。また、それ以外にも研究所が連携している EMBL やプリンストン大学などにアナウンスして、そちらの方でも参加者を募って進めています。

(丹羽) ありがとうございます

(真野) ありがとうございます。他にはよろしいでしょうか。

私は ABiS の事務局もしているので、一言、コメントというかお願いなのですが、第 2 期 ABiS が 4 月から始まるのですけれども、新たに理研から 3 名の方が参画メンバーとして加わり、そのうちの 1 名は齊藤先生の環境資源科学研究センターから豊岡さんに電子顕微鏡支援で入っていただきます。ですから、先生のところの機器などを使わせてもらおうと同時に、豊岡さんは毎年、電顕のトレーニングコースを開催しておられるので、そこで共催などをさせていただければありがたいと思います。よろしくお願いします。

(齊藤) ぜひよろしくお願いします。豊岡さんのところを使ってください。ありがとうございます。

(真野) それでは第 3 期の残りの分、新分野創出、人材育成、そして社会との関わりについてご説明を差し上げます。所長、よろしくお願いします。

#21

(阿形) それでは新分野の創出ということで、どれだけ新しい分野の開拓をうちの研究所がチャレンジングにやったかという内容です。まず第 3 期の一番の看板になったのは新規モデル生物開発センターです。ゲノム編集時代において、ゲノムシーケンサーが発達したので、あらゆる生物でゲノムを決めてゲノム編集ができるということで、モデル生物以外でも面白い生物現象を持っている非モデル動物を使って、どんどん先鋭的な研究をしていくために、この新規モデル生物開発センターを 2013 年に設置しました。その先見性については、2019 年の「Nature」の紹介記事に載ったわけですが、うちの研究所がそういったことを積極的にやっていることは既に理解されていて、ここでは Exotic model organisms という名前になっていますが、われわれは新規モデルや Non-model animal といった名前を付けながらやってきて、新規モデル生物開発センターを中心に、いろいろな生き物についてゲノムを決めてゲノム編集ができるプラットフォームをつくったということです。

#22

メインのメンバーは、新規モデル生物開発センターの教授として専任になった重信さんと、クロスアポイントメントの鈴木賢一特任准教授を配置しながら、飼育・繁殖のシステムをサポートし、全ゲノム配列についてシーケンスでゲノムアセンブリをして、ゲノム編集し、バイオイメージングで表現型解析をすとか、遺伝子を同定するパイプラインをつくり、所内のみならず全国の共同研究を受け入れました。これが第 3 期の一番の看板仕事になったのではないかと思います。先ほどご紹介したシロアリやハエトリソウ、イベリア

トゲイモリ、ホタル、エダアシクラゲ、ヤマトヒメミミズといったユニークな生き物を使って先鋭的な研究ができるシステムをつくり、ユニークな・独創的な論文を次から次へと出していくという成果につながりました。

#23

もう一つは人的な交流ですけれども、新分野創成にはやはり異分野交流的なスペースがないといけません。うちの場合は教授、准教授、助手、特任助手、助教、それから技術支援員というフルメンバーがそろった部門というのが一つのカラーであり、それが 13 部門あります。その 13 部門で強力な研究を展開していたわけですが、もう一つ、私がこちらの所長に就任してからオープンラボを新設しました。

今までの部門はコアラボといって、従前の教授を中心とした研究部門で、各領域における大規模・総合的な研究の推進をフルメンバーでやっているのですが、オープンラボには、いろいろな個別研究、今まで助教 1 人や准教授 1 人でやっていたような、教授がいなくなってから孤立していたメンバーに全部入っていただいています。さらに、アストロバイオロジーやプラズマバイオサイエンスとの連携を強化し、また、ハイデルベルク大学や COS との共同連携プロジェクトなどの国際性もあるメンバーも加え、5 部屋分を一つにしたオープンラボをつくりました。月曜日に英語でのセミナー、プロGRESSレポートなどの研究進捗状況のコミュニケーションを取って、新しいサイエンスをしています。このオープンラボ第 1 号を、2019 年に部屋の改造をして、2020 年からスタートしており、現在はコアラボに負けないようにオープンラボでも新しいサイエンスをして、新しい科研費が取れるような研究を展開しています。

先ほどのセイタカイソギンチャクの研究、イベリアトゲイモリの研究、*Macrostromum lignano* という新しい扁形動物の研究、個別研究でやられたナマコの生殖ホルモンの研究など、そういったユニークな研究をこのオープンラボで展開しています。また、最近ホットになっているのはプラズマバイオロジーです。低温プラズマを当てて生物がどういう反応をするかという、プラズマ技術を酵母の遺伝学に導入することで、かなり面白い仕事ができるような状況になっています。

#24

新分野創出のために、この第 3 期において始めたのは共共拠点との連携です。福井さんの北海道大学低温科学研究所、丹羽さんがいらっしゃる熊本大学の発生医学研究所、徳島大学の先端酵素研究センター、群馬大学の生体調節研究所と連携しており、それから最近では中部大学の AI 数理データサイエンスセンターと AI 解析でコラボレーションを始めていて、新しい研究を展開しています。熊本大学の丹羽さんのところとは個別研究の共同利用の他に合同セミナーを月に 1 回もしくは 2 週間に 1 回開催しています。基礎生物学研究所のセミナーにも熊本大学の方が入られますし、熊本大学がやっている国際ワークショップ、国際セミナーにうちのメンバーも入るという、新たな試みもしております。北大とは人的交流もしていますし、群馬大学や徳島大学とは質量分析を用いた研究で交流をしています。

#25

新分野の創出においては、日本学術会議マスタープラン 2017 および 2020 の重点大型研究計画として、環境適応戦略というキーワードで、モデル生物の開発解析、先端的解析機器開発、高度生育培養施設、大量データ解析の四つの柱を基にマスタープランを提案しました。2019 年はそのマスタープランが通っているところは概算要求をしてもいいということになりましたので、生物の環境応答戦略解明に向けた統合的研究の課題として機構から予算的な支援を受けて、先ほど紹介しましたハイデルベルク大学や COS とのサンゴの共生問題に関する研究、北海道大学との原生生物の遊泳行動様式に関する研究などの新たな共同研究を展開しています。

#27

人材育成に関しましては、総研大の学生を受け入れて、生命科学研究科・基礎生物学専攻の教育を行っています。第 3 期の在籍者は延べ 79 名で、うち留学生が 14 名です。博士学位は 31 名に授与しました。5 年一貫が基本ですが、たまに修士で学位を取って修了された方もいて、そちらが 4 名となっています。また、総研大以外の大学からも受け入れており、受託大学院生のことをうちでは特別共同利用研究員という名前にして、第 3 期中に延べ 32 人を受け入れて教育を行いました。総研大の学生と受託大学院生のどちらについても RA 雇用で 100 万円のサポートをするとともに、英語教育や国際交流なども同等に提供して、若い世代の育成に努めました。

ポスドククラスになると、3 年間ではなくて 5 年間でしっかりと新しいことにチャレンジしてもらうような特任助教のポジションを与え、研究費をある程度サポートし、それから科研費を取れるように支援を行ってきました。

特にインターンシップをしっかりとやっていて、大学院を受ける前に研究室に 1～2 週間滞在して実験を行い、お互いのマッチングをしっかりとしながら大学院生を受け入れています。3 年間で延べ 18 名を受け入れました。

#28

女性研究者と外国人研究者については、これが問題なのですが、研究所の開設から 40 年たって初めて女性限定の教授の公募で森田さんがいらっしゃったのですが、それ以降、女性の研究者が増えているかというところ、今のところはまだ決して増えている状況ではありません。外国人研究者については、私が所長になったときには、各研究室に 1 人は海外からの研究者を入れて、各研究室もできるだけ英語でやるように、ナチュラルにやらざるを得ない状況にしていくことを考えていたのですが、コロナとともに敗北しました。教授、助教授、准教授の中で、四十数年目にして初めて台湾の研究者を助教として採用したのですが、その方はコロナによって一度も来ることなく、1 年後に辞めてしまうという悲しいことになりました。その翌年に今度は韓国から来られたキムさんが助教になられて、初めて当研究所において海外国籍を持った方が研究教育職員になりました。

女性のサポートについては、自然科学研究機構を含めて、出張帯同支援ということで学会に行くときに子どもを連れて出張に行けますし、研究所の中でも岡崎の 3 機関で保育園を持っています。また、それぞれの研究所の中にも子どもを保育・教育できる部屋をついているのですが、残念ながら、今のところ、外国人研究者と女性研究者については目標

を達成していない状態です。

#29

社会との関わりについては、研究成果の社会への還元は主に広報室の URA の倉田さんが担当して、かなり精力的にやっけていただいております。私が来てからはTV番組のNHK World Science View での特集が3件、日本語でのプレスリリースが154件、英語でのプレスリリースが40件ということで、かなりの数をこなしています。

一番の特徴はニコニコ生放送です。広報室が中心となって、いろいろな生き物の紹介の生放送をしています。最近ではニコニコサイエンスチャンネルというものを今年から立ち上げています。これはニコニコ生放送とかなり交渉したのですが、スタジアムに行ってスポーツの試合を観戦したり、ミュージックホールに行ってチケットを買って音楽を聴いたりするように、サイエンスにライブで参加してもらうようなカルチャーをつくろうということで立ち上げたものです。過去の放送もバックナンバーで見られますし、リアルタイムにまるで自分たちも実験をしているかのような臨場感を持ってサイエンスを楽しんでいただく、結果の分からないものをワクワクして見てもらうような企画をして、テントウムシでは81万件のアクセス、自己収入としては81万円のギフトが得られました。かなりコアなファンとしては1万5000人くらいをこのニコニコサイエンスチャンネルで獲得できているのではないかと感じている次第です。

また、岡崎市での出前授業はかなり皆さん積極的にアレンジして、岡崎市のレベルアップにかなり貢献していると思います。この前、私も岡崎市の全中学校にオンラインでつないで同時に授業をするということをしました。コロナ禍においても全中学生を対象にオンライン配信をしたりしていますし、あとは博物館や科学館への展示協力ということで、国立科学博物館や愛知・名古屋の科学館などに展示の素材を提供しています。

一般公開に関しましては、2016年は4716人が参加しました。このときは大隅さんがノーベル賞を取った後だったので大変なことになって、5000人近くの方があふれました。2019年は3000人近くの方が来られました。今年の10月にも一般公開があります。3研究所あるので3年に一遍回ってくるのですけれども、これくらいの規模の一般公開で、かなり地元岡崎では人気イベントになっていることが分かります。

#30

産学連携活動に関しましては、決して広くやっているわけではないのですが、いろいろな試みはしていて、大きなものとしては、中国というナマコの市場があるので、そこでのナマコの生産にナマコのホルモンのところの特許が効いています。また、川口さんの共生の研究で、菌根菌の大量培養をやるような企業と産学連携をしています。個別にやっているものがほとんどで、研究所でシステマティックな産業界との連携は今のところできていない状況です。基本的には機構自体が産学連携はしないと言っていたのですが、2019年になって突然、これからは産学連携をするのだということに変わって、産学連携の要員を機構本部の方でも雇用し、50%対50%のクロスアポイントメントで機構と基生研で産学連携担当の研究者を雇用して、産学連携や特許などに関してきちんとやっている状況です。

(真野) ありがとうございました。ただ今の新分野創出、人材育成、社会との関わりについて、何か質問やコメントがありましたら、よろしくお願いいたします。経塚先生、お願いします。

(経塚) リソースというところでは、やはりそれを研究している人がいないと、それを維持するのはなかなか難しいというお話が先ほどありましたが、そうするとメダカにしろ、いろいろな生物はその研究をされている人に付いてくるという側面があると思います。そうすると必ずやがて定年がやって来ることになり、それは長い目で見ると常にある問題だと実感したのですが、それに関連して、新分野のところで今や新しいモデルがたくさんできていると思うのですけれども、それは今後も新しいモデルを取り入れていくのですか。モデル生物を増やしていくのかということです。

(阿形) 基本的には共同研究の中に新規モデル生物開発共同利用研究という枠を作ったのです。2021年度より新規モデル生物開発共同利用研究を開始しており、ここで積極的に共同利用で受け入れていますので、これからもしばらくは新規モデルとしてユニークな生き物の共同利用を受け入れるつもりでいます。

(経塚) なるほど。それと男女共同、女性の件について、答えがあるわけではないのですが、例えば日本は女性にとって働きやすい国としては先進二十数カ国で下から2番目とか、よくありますけれども、それを考えたときに、正直、基生研は女性を増やすというところで既に出遅れているわけです。そうすると、この段階で1人、2人増やしていくのがいいのか、あるいはこの際、がらっと考え方を変えて、例えば先ほどの10年という問題で、10年の中でどこかを探して出て行ってくれるくらいの研究をアクティブにということがありました。ずっとその価値観で、もうとにかく夜中まで研究して次の職を探していかなければいけないということだけでもないような気もして、女性も男性も平等に幸せに過ごせるという観点から、もしかしたら少し違う見方もあるのではないかと思います。どういうものがあるのかというのは難しいのですが、そうでないといつまでたっても、やはり一番良い人を探したら男性だったということで終わってしまうので、少し価値観を変えた考え方もあるような気がします。どういうものがあるかはなかなか分からないのですけれども。

(阿形) なかなか重たい指摘なのですが、一応、うちでは独立の准教授で1人、坪内さんという女性の方がいらっしゃるのと、助教も数名はいらっしゃいます。ただ、供給している側はどれも女性を採らなければいけないので、今度はどちらかという引き抜かれていってしまっているケースが多くて、それで目標値が大きく下がってしまっています。

これについては一応、機構には申し入れていて、女性を雇用したときには1000万円のインセンティブが付くということは継続されています。毎年、それはもらえるように頑張っているのですが、1年間だけなので、そんなに数的に多いわけではなくて、1人ずつは増えているという状況でしかありません。ですから、どうやってポリシーをやるか、何か良

いアイデアがないかということで、外部運営委員は 10 名のうち 5 名は女性の方に入っていて、いろいろとアイデアを頂き、共同研究・共同利用の中にも女性のプロモーションをすとか、うちの研究所のみならず全国の女性研究者のサポートをしてもいいのではないかという意見も頂いています。一方で別に女性枠をつくるのは逆差別になるのではないかという意見もあって、まだなかなかスムーズに動いてはいません。

(経塚) 女性枠を作ると逆差別というのは、絶対にそういうことはないと思います。現在、女性がいなくて困っているから女性をとということになっているので、その半分いるはずの女性が生かされていないという問題を解決するためには、やはり増やすべきだと思います。それは強く主張させていただきます。

(阿形) 分かりました。

(福田) 福田ですが、よろしいですか。僕も全く経塚さんの意見に賛成です。東大には海外有識者の Global Advisory Board Meeting があって、それで 2 年連続、東大の教員・学生の女性の少なさは異常だと言われたのです。「世界的に見て、こんなことはあり得ない」「このようなことを続けていくと、あなた方の大学の価値は激減する」とかなり強く言われました。新しい総長になったときに役員の半分以上を女性にするという極めて思い切った手を取ったのは、やはり海外の外部委員から見たときの指摘がかなりシビアで、これに対応しないと大学が持たないのではないかという指摘があったからだと思います。やはりそれくらいの危機意識は持たなければいけないのではないかと僕自身も思っています。

僕も今いる大学で、女性を学生でも教員でも増やす努力をいろいろしようと思っていて、女子学生だけの討論会をして、それをホームページに上げるとか、女子教員のいろいろな意見を聞くとか努力を続けています。が、何かもう少し積極的なアファーマティブアクションをしないとイケない時期になっているような気がします。これは単なる意見で、質問ではありません。

もう一つはキャリアパスとしての学生の就職が、今、学生がなかなか大学院に行かない理由の一つになっているのだらうと思うのですが、学生がドクターを終えた後で、アカデミアポストだけでなく会社でもいいのですが、就職できるような取り組みというのは何かしているのでしょうか。

(阿形) 思わず言葉に詰まったのですが、特に就職、リクルートに対応するような形のサポート、仕組みはつくっていないです。

(藤森) 少し補足をしてよろしいですか。

(阿形) 藤森さん、お願いします。

(藤森) 総研大というよりは岡崎地区でやっていることなのですが、当初は名古屋大学の就職活動の部門と協力しまして、まずはキャリアパスとしてどういうものがあるかを学

生に向けて説明するような会を設けました。その中で総研大の卒業生、特に基礎生物学専攻の卒業生を呼びまして、民間に就職した方を含めて、どのようにして就職活動を行ったかを話してもらいました。それは現在も毎年行っています。その中で現在はコロナでできていないのですが、名古屋大学へ学生が行って、名古屋大学の学生と共に就職活動としてどういうところを自分たちが磨いたらいいかという話し合いをする機会を設けました。そのようなものも活用させていただいており、比較的広い視野でキャリアパスを考える機会を提供はしております。

(福田) 多分、それは大事だと思うのですが、それに加えてもう一步踏み込んで、キャリアパスを考える道を実際に企業と一緒に何かできると、もう少し学生の出口が広がるのではないかと思います。基生研が産学連携をやらないというのも一つの道かと思うのですが、学生の就職を考えたときに、多分、アカデミアポストだけではもういかならないのではないかと思います。実際、東大の理学部の物理の学生は半分くらい、あるいは半分以上がドクターを出た後で企業に行くのです。東大の理学系研究科でも企業との連携をキャリアパスの中で考えようとしています。ですから、産学連携をやる過程で大学院の学生なども巻き込んで、その過程で企業に就職する道などもつくってあげられると、もう少し学生が大学院に進むかもしれないという気がしました。このようなことも含めて、何か少し総合的に考えるといいかもしれないという気がします。

(藤森) ありがとうございます。多分、過去の事例ですと、総研大を出て顕微鏡関係の会社に就職した学生などもいます。それで基生研に戻ってきて、その会社の顕微鏡のデモなり説明なりをするということも、一つの活動としては良いのではないかと感じました。

(真野) 他にいかがでしょうか。よろしいですか。では、だいぶ時間も迫っておりますので、資料1を用いた第3期の取り組みについてはここで終了させていただいて、続きまして資料2を用いた第4期の取り組みについて、所長からご説明をお願いします。

2. 第4期中期目標期間の取り組みについて

(阿形) 第3期に関しましては新規モデル生物と環境適応戦略という二つの言葉をキーワードとしてサイエンスを打ち出したのですが、第4期に関しましてはAIを活用した超階層生物学(Trans-Scale Biology)の研究拠点を構築するということで、Trans-Scale Biologyをキーワードとして第4期をやろうとしています。第4期の6年間の終わった後にTrans-Scale Biologyという言葉がポピュラーな生物学の一分野となっていることを目指すということを提案したいと思います。

#1

その背景となったのは第3期の成果なのですが、先ほども紹介しましたように、長谷部研ではハエトリソウという北米にしかない植物を環境適応戦略の予算を使って飼育して、全ゲノム配列を解読し、遺伝子導入技術を作って動物の神経活動を見る GCaMP コンスト

ラクトを導入して、トランスジェニックのハエトリソウを作製しました。ハエトリソウは1回触って、30秒を超えてから触っても閉じないのですが、30秒以内に2回目を触ると閉じるのです。1回目でカルシウムシグナルが上がっていて、30秒たってから2回目を触っても駄目なのですが、30秒以内に2回目を触るとカルシウムシグナルが閾値を超えて、閉じるようになるわけです。

#2

いろいろな階層の研究をインテグレートして、それらを乗り越えるような形での研究を展開し、初めてこのようなユニークな新しい研究をして、生物の教科書を変えていくような成果が出てきたことを受けて、Trans-Scale Biology という階層を超えたダイナミックな生物学を第4期は積極的にプロモーションしていこうということになったわけです。

#3

上田さんの研究室ではゼニゴケの精子のミュータントをスクリーニングしていて、上の写真にある野生型と変異体は、人間の目で見るときはなかなか区別がつかず、どこがおかしいのかは分からなかったのですが、画像をAI解析して精子の尾の動きと頭部の動きを重み付けして見てみると、この赤い部分が一番重きのあるところなのですけれども、野生型では頭部と尾の部分とのジャンクションの部分に重きが置かれるのに対し、変異体では尾と頭の部分の間がオーバーラップしたものになっていることが分かりました。このように、われわれ研究者が人の目で見ただけではなかなか気付かなかったところが、AI解析をすることによって新たな気付きが生まれたという実体験があって、Trans-Scale Biology の中でもこれからバイオイメージングを売りにして、階層を超えた研究をしていこうというときに、こAI解析に積極的に取り組んでいく形で共同研究を受けてみようということで、第4期にTrans-Scale Biologyを展開するに当たってAI解析室をつくることになりました。

#4

生物機能解析センターとモデル生物研究センターと新規モデル生物開発センターの3センターを改組し、超階層生物学（Trans-Scale Biology）センターという形で、AI解析室を基にトランスオミクス解析室、データ統合解析室、新規モデル生物開発室、バイオイメージング解析室、モデル生物研究支援室から構成される一つのセンターとして、一気通貫でいろいろな階層の研究ができる、もしくはそういった共同研究を受け入れるシステムセンターをつくり、そこには超階層生物学推進室を設けて、積極的に超階層生物学を第4期のキーワードとして推進していきます。それは研究所としてもやりますし、共同利用の中でも受け入れて、今までになかったような新しいインパクトのある論文を出して、日本の生物の教科書を変えていくような仕事を出していこうということが第4期の目標で、これで概算要求をしました。

#5

概算要求は自然科学研究機構から出ていくので、この新しいセンターは自然科学研究機構の幾つかの研究所ともコラボレーションしながら研究ができる仕組みをつくったという

ポンチ絵を作って概算要求をしました。

#6

過去の評価委員の方々からも、だんだんと予算的に厳しくなっていて大型機器が入っていないので、これをしっかりと取る仕組みをつくりなさいという指示を受けていましたから、組織再編とともに大型機器を何としても入れるべく、この概算要求の中で組織改変とともに次世代シーケンサーや共焦点顕微鏡、質量分析計、クラスターコンピュータなどを載せて提案しました。

#7

2月になって文部科学省から提示があり、超階層生物学センターの改組で4500万円の概算要求が通り、それから機器整備、基盤整備のところで1億2000万円の予算が付いて、さらに機構からも次世代シーケンサー、共焦点顕微鏡の支援が出ることになりました。これで超階層生物学センターをマネジメントしていくための予算の裏付けができたということです。

#8

改組については2人分の人件費が付いて、超階層生物学推進室の特任教授1名とAI解析室の特任准教授1名の予算が付きしました。ここで3センターを改組して1センター化し、その推進室の下に六つの部屋があり、その中の1個にAI解析室が入って、藤森さんをセンター長として超階層生物学センターをこの4月から動かします。

#9

さらに、今年度の共同研究・共同利用の募集を昨年11月に開始したわけですが、その中で既にTrans-Scale Biologyの共同利用を受け入れると宣言しました。運営委員の方から、Trans-Scale Biologyとは何であるかということがきちんと分かるような募集をかけなさいという指示を受けたので、ホームページ上でもTrans-Scale Biologyとは何であるかを載せ、募集要項にも詳しく書きました。

共同利用の申請は3件あったのですが、そのうち1件は提案の内容でいけるだろうということだったのですが、残り2件に関しては連携準備室を中心としてアドバイスをしながら、リバイスをかけています。これでTrans-Scale Biologyの共同利用研究を最終的には来年度から3件、所内のみならず所外からも受け入れて、第4期をスタートさせるべく動いています。

#10

AI解析に関しましては、今、生理学研究所と基礎生物学研究所が国内で最も進んでいるところの一つですが、私立大学の中部大学と連携して、「AIと生命システム」という連携セミナーを10月28日と1月27日に開催しています。さらに3月28日の「AIと生命システム」の連携セミナーは基礎生物学研究所の主催で、AI解析室が中心となってアレンジして、いろいろなニーズを拾い上げ、新しい先端のAI解析ができる解析室をスタートさせて

います。

#11

こちらが4月からの新たな組織図です。左側が今年度までの研究所の組織図です。第4期からは3センターをまとめて一つの超階層生物学センターとして、そこに六つの室があるという形にまとめます。4月から Trans-Scale Biology のスタートダッシュを切る体制が組織的にも予算的にも人的にもできつつあり、これで第4期をやっていくということで、またご意見を頂ければと思います。

#12

最後にもう一つ、4月から Research Management and Coordination (RMC) という職階を導入することを決めました。URA は University Research Administrator ですが、RMC ということで、特任教授、特任准教授、特任助教として採用し、その職に応じて RMC 教授、RMC 准教授、RMC 助教の名称を付与します。これは研究所の中での名称です。そして、研究所の円滑な運営および共同利用研究等の推進のために必要な職務に従事していただきます。RMC 職員の候補者は、博士の学位を有し、国内外の大学または研究機関において研究および教育の経験を有する者です。任期は採用日から5年で、業績評価および審査の結果に基づき5年を限度に更新可能とします。RMC 職員の業績評価は研究教育職員の業績評価の実施方法に準ずることとし、研究所長が特に必要と認める場合は昇任させることができる、要するに内部昇格が可能なものとします。

博士研究員の新たなキャリアパスとしてこの RMC を設け、研究費として自分で外部資金を取ったときには50%対50%で研究もできるという形になります。URA とは違って、うちの職階として RMC というものをつくって、今まで個別研究だった助教の方などが IBBP センターの RMC 助教となって、成瀬さんがなくなった後の IBBP センターのマネジメントに貢献していただき、そのときには内部昇格もあり得るということです。ずっと定年まで助教でいるわけではなくて、RMC 助教となったときには、IBBP の仕事をするとともにきちんとパフォーマンスをすれば、RMC 准教授に昇任することができ、将来的には RMC 教授になることもできるというキャリアパスをつくったということです。

(真野) ありがとうございます。ただ今の第4期の取り組みについてご意見などがありましたら、お願いいたします。

(福田) 福田です。いつも口火を切るのは私ですけども、よろしいでしょうか。

(真野) よろしく申し上げます。

(福田) 先ほどの超階層生物学センターはとても面白いと思いましたけれども、学生の教育との関係はどうなるのですか。

(阿形) 良い質問ですね。各研究室も大体はもう Trans-Scale Biology 的にやっているので、

その辺の意識としては、別にあって Trans-Scale Biology で授業や講義を作るということはありません。

(福田) せっかくつくるので、学生の就職時に使えるといいと思ったのです。共同研究というのは割と分かりやすいのですけれども、教育のところにも何か基生研の特徴を出すということをやると、それなりにいろいろなところに学生を出しやすいのではないかと思います。

(阿形) 新美さん、藤森さん、どうでしょうか。カリキュラムとして、アイデアとしては非常に良いですから、そういったことを体系的に組んで、教科書がある程度できるような形も将来的には見据えてやるというのも、非常に第4期の成果としては求められるかなということで、いかがでしょうか。

(新美) カリキュラムに関しては、1研究科になるときに大きく変わるのですが、先ほど所長が言われたように、今のところ、この TSB センターの学生への関与として講義などを新たに設けてはいないです。

#4

(藤森) 補足します。ここにあるトランスオミクス解析室、データ統合解析室、バイオイメージング解析室、新規モデル生物開発室については、既にある講義体系の中に実習を含めて位置付けられています。今回追加された AI 解析室については、基礎生物学専攻の中にはこの講義体系は今のところないのです。ただ、先ほど新美副専攻長が言われましたけれども、1研究科になる際に情報研と統数研との講義の相互乗り入れが可能になりまして、学生も講義を受けることができるようになります。その辺をうまく活用しつつ、あとは所内で若手研究者を中心とした勉強会を開始する予定にしておりますので、そこに学生も参加してもらって、総合的にこの超階層の分野全体を見渡せるような学生が育てばいいなと期待しております。以上です。

(福田) どうもありがとうございます。

(阿形) カリキュラム的にそういったものを出すのも、非常に分かりやすいですね。そのアイデアは頂いて、また所内で相談したいと思います。ありがとうございます。

(丹羽) よろしいですか。

(真野) 丹羽先生、お願いします。

(丹羽) やはりこの超階層生物学のところで伺いたいのですが、先日の共共拠点の応募などを見ていると、やはりこの概念自体がまだコミュニティの中で消化し切れていないのだらうという印象は持っています。もっとこういうものを周知するために例えばシンポ

ジウムをやるとか、何かそういうご予定はないのでしょうか。

(阿形) Trans-Scale Biology という名前のシンポジウムは、今、インターナショナルには EMBO ワークショップで提案しています。3月1日が締め切りだったのですが、3月1日までに Trans-Scale Biology の国際シンポジウム、EMBO ワークショップとしてやるということは申請しましたので、国際ワークショップとしてはやっております。(申請した EMBO ワークショップは採択され、2023 年 7 月に開催予定)

国内に関しては、分子生物学会などのワークショップの募集はもう締め切られてしまっているのですが、まだアピールできていないのが実情ですが、なかなか鋭いサジェスションですので、今後もっと積極的にプロパガンダをしていきたいと思います。

(丹羽) ありがとうございます。

(真野) ありがとうございました。他にいかがでしょうか。

(齊藤) 齊藤ですが、よろしいですか。

(真野) 齊藤先生、お願いします。

#8

(齊藤) 二つについてお伺いしたいのですが、一つは新任の特任教授、特任准教授の方について、この方は RMC ということで、専らこの超階層生物学センターのマネジメントに関わるということなのですね。

(阿形) はい、超階層生物学センターの推進に関するマネジメントを中心にやるということです。

(齊藤) 特に自分の生物学を持って研究するというわけではないのですか。

(阿形) 公募的にはそれをマネジメントするということを出しますけれども、科研費、その他外部資金を取っているときには、RMC ですから研究をできるので、そういった方も内容に応じて採っていただける形にはしております。

(齊藤) AI 解析室も同じですが、結局、サポートだけではなくて、この人たちのキャリアを考えると、自分の生物学を培う必要も一方ではあるのではないかと思います。こういうところは結構大変ですよ。いわゆる共同研究の技術基幹部門のようなところにながら、自分のバイオロジーもやらなければいけないという、その辺にやや懸念があったので、お伺いした次第です。

もう 1 点は、これはいずれも非常にラージスケールのデータがジェネレートされますよね。そうすると、それを置いておくサーバーやそのサーバーの管理などが非常に大きな仕

事になると思うのです。なおかつ、今のオープンサイエンスの流れからすると、論文に使ったデータだけではなくて、例えば論文に今すぐにするつもりがなくても、オープンサイエンスとして世界中に出して、誰かがそれを解析してくれればいいという方向にも行く必要があると思うので、そのデータの格納と管理は結構大きな 이슈になるのではないかと思います。データ科学と AI をこれからやっていこうということでしょうから。その辺はどこも悩んでいるところだと思いますし、理研でも悩んでいるところなのですが、お考えがあればと思いました。

(阿形) 上野さん、何かその辺でありますか。

(上野) 具体的には今、先端バイオイメージング支援プラットフォームの方で、今後の6年間の計画の中に、データ共有をして、それをアーカイブ化し、同時にデータにメタデータを付与して二次利用が可能になるようにしたいという目標を置いています。基生研の中でまずデータ共有をどのようにできるか、ネットワーク、VLAN をどのように組むか、あるいはサーバーをどこに置いて、どのように各研究者が USB やハードディスクを介さずにそれを取り出して自分の研究室で処理できるか等、そういったところから来年度から具体的に始めることになっています。その経験というか、実績を積んだ上で、ABiS としては理研神戸の大浪修一さんの協力を得て、ABiS の事業でユーザーから受けた資源のデータをデポジットするような仕組みをつくって、先ほど申し上げたような ABiS の6年間の研究目標を達成したいと考えております。

(齊藤) ありがとうございます。

(真野) 他にいかがでしょうか。よろしいですか。もうだいぶ時間も迫っておりますので、もし後から気付いたことがありましたら、評価・助言記入票の方を書いていただきまして、先ほど所長からありましたように、できれば今月末をめどに私の方に送っていただければありがたいです。

(原田) 評価・助言記入票は(1)や(2)など、いろいろ項目があるのですが、今日説明していただいた分類とは少し異なっていると思うのですがけれども、こちらの評価・助言記入票の項目について、その下に思ったこと、意見を書いていけばいいということでしょうか。

(真野) そうでございます。

(原田) ありがとうございます。

(真野) よろしく申し上げます。他にいかがでしょうか。

(福井) 北海道大学の福井です。全体を聞かせていただいた感想でいいでしょうか。

(真野) もちろんです。

(福井) 私は前회가 2018 年 4 月ということで、4 年ぶりにこの会に参加させていただいたのですが、私の個人的な印象ですけれども、基礎生物学研究所が非常に明るくなったと感じていまして、これも多分、阿形所長のキャラクターによるものではないかと思っています。阿形先生が強いリーダーシップでいろいろな新しい試みをされていて、それから改組というのなかなか大変で、この超階層生物学センターも改組に当たっては大変だったと思うのですが、改組に当たって大事なことで、構成員が疲弊しないように、新たな夢をエンカレッジするような形でうまく構成されて、その結果として新しい生物学のコンセプトが生まれてくるのではないかと期待が非常にできると思います。また、共同利用研究所としては研究コミュニティへの支援ということで、質の高い研究につながっているのではないかと判断されました。それから RMC のキャリアパス、新しい職位の創設というのは、非常に目から鱗の制度なのではないかと私は思っていて感心しているところです。

一つだけお聞きしたいのは、阿形先生以外の所内の先生方が、明るくなったと思われる基礎生物学研究所をどう評価しているのかです。そういう自己評価があれば、差し支えない範囲でいいのですが、伺えればうれしいです。時間がなければ、構わないのですけれども。

(真野) ありがとうございます。どうしましょう。全員は時間がないので、どなたか 1 人か 2 人くらい、コメントをお願いします。

(福井) 多分、上野先生がずっとご苦労されていたと思うので、上野先生から何か一言、教えていただけるとありがたいかと思います。

(上野) まさに福井先生がおっしゃったように、阿形所長に代わってから基生研はどうかと聞かれたときに、私はいつもすごく明るくなったということを実際に申し上げていたところなので、福井先生も同じ印象をお持ちだというのは非常にうれしく思いました。別に前の山本所長が暗かったというわけではないのですが、阿形所長が非常にリーダーシップを発揮されて、電気料金の削減のために所員全員を集めて節電をするのだと宣言されたというのは、これはなかなか簡単にはできないことだと思うのです。やはりそういう実行力を示されていて、それが成果となって現れているというのが所員にとっては非常に励みになりますし、また、研究面でもセミナーのときに、あまり所長の前で所長を褒めるというのはあれなのですが、いつも先頭に立って質問をされて、的を射た質問をされているのも、研究所員にとって非常に大きな刺激になっているのではないかと思います。

(福井) ありがとうございます。上野先生はいろいろ長い間やってこられたので、一番説得力のあるご意見だったと思います。

(上野) とんでもございません。

(真野) ありがとうございます。他によろしいでしょうか。ちょうどよい時間になりましたので、最後に所長の方からお願いします。

(阿形) 今日は長らく、25分もオーバーしてしまい、申し訳ございませんでした。4年プラス2年で、来年にもう1期選ばれると3年と3年で、この3年間は前半戦、残り3年間は後半戦になるのですが、外からのコミュニティの意見を入れながら、研究所を新しい方向へ持っていければと思います。

特に今回、この Trans-Scale Biology を第4期に考えるに当たって、外部運営委員の10名の方にはかなり早い段階からいろいろとコメントいただいたことが、やはり概算要求が採択されることにつながったのではないかと考えております。何しろ第3期の6年間、自然科学研究機構は概算要求でこういった形での基盤整備が採択されたことがなかったそうで、「私が来てから3年間、何もまだ大型機器を買えていないので」と機構長の前で話をしたら、機構長に「君はまだ3年だからいいよ。僕なんか6年間やって、機構全体で1回もあたっていないのだから」と言われて、共同利用機関で大型設備が6年間もあたっていないのかと驚きました。今回機構として6年目に初めて基盤整備が通ったということで、小森さんが6年目で辞めるからご祝儀で出たのではないかという話もあったのですけれども、超階層生物学センターの構想は外部運営委員の方々にいろいろとアドバイスを受けながら詰めていくことが大きかったのではないかと考えております。

今後ともまた運営会議の所外メンバーの方々のみならず、それから今日は福田さんと齊藤さんと原田さんに評価に入ってくださいましたけれども、いろいろなコメントを頂いて、コミュニティの意見を積極的に取り入れて、研究所をまたアクティブに動かしていければと思います。また今後とも皆さまのご協力をよろしくお願いしたいと思います。今日はお忙しい中、どうもありがとうございました。

4. 外部点検評価アンケート結果

1. 第3期に遂行した次の事業は、国際的学術動向に鑑み、基礎生物学研究所の拠点性維持、共同利用研究を通じた日本の研究力強化に適切だったか。

(1) 欧州分子生物学研究所 (EMBL)、プリンストン大学、ハイデルベルグ大学との国際連携活動

▶ 適切である。ハイデルベルグ大との連携については、後半はコロナ禍により活動が限定されたが、オンラインでミーティングが開催されるなど今後のさらなる発展が見込まれる。プリンストン大との連携活動については、計画されている第3回合同会議を実現させてほしい。

▶ 適切であった。刺胞動物の光応答に関する国際共同研究やボトムアップ型国際共同研究等が発展するなど若手研究者を中心とする活動は高く評価される。2020年度以降はコロナ禍で研究者の往来が制限されているが、今後の国際共同研究・NIBBカンファレンス等を通してグローバルネットワーク形成の加速が期待される。

▶ 欧州分子生物学研究所 (EMBL)とは長年学生交流プログラムを行っており、第3期期間中には2017年10月にThe 19th International EMBL PhD Symposiumに学生を派遣するとともに、EMBLラボ訪問が行われた。また、2019年7月に阿形所長と上野副所長がEMBLを訪問し連携協定が更新され、今後も人材交流、国際的なバイオイメーキングネットワークを介した、情報共有、技術交流の継続が約束された。

プリンストン大学とは第3期期間中の2019年10月岡崎コンファレンスセンターで第2回基礎生物学研究所－プリンストン大学合同シンポジウム "Imaging and Quantitative Biology"が開催された。プリンストン大学から7名の講演者が来日した。また、2017年にはプロテオミクスの合同トレーニングコースが岡崎で開催された。さらに、2018年11月、2019年6月には基礎生物学研究所教員のプリンストン大学訪問、2017年7月、10月、2019年4月の3回、プリンストン大学の研究者の基礎生物学研究所への来所など、頻繁な交流が行われている。

2019 年 7 月に阿形所長と上野副所長がハイデルベルク大学 COS を訪問し連携協定が新たに締結された。2019 年にはハイデルベルク大学からの複数回の研究者の訪問があり、セミナーも開催された。2021 年 3 月と 6 月にオンラインで両機関のメンバーによるミーティングを開催するなど、技術や情報の共有や交流などが活発に行われている。2018 年には国際共同研究を推進するために基礎生物学研究所国際連携研究センターを設立し、上記 3 機関のみならず、シンガポール国立大学、台湾アカデミアシニカとも国際交流を行なっている。特にプリンストン大学との国際共同研究を推進するためにセンター内に定量・イメージング生物学研究部門を設置し、活発な共同研究が行われている点を評価したい。

▶ 欧州、米国の主要研究機関との連携として優れた取組と思います。また、シンガポール国立大学や台湾アカデミアシニカなどアジアの主要研究機関との新たな連携も高く評価します。

▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。

▶ 国際連携活動として、一定の成果を挙げている。『生き物研究の世界の拠点』を目指すのであれば、戦略的にこの分野の世界最先端拠点とコラボレートすることも良いと考える。国際トレーニングコースは国際拠点として優れている。学生が first author となる国際共同研究成果が世界のトップジャーナルに掲載されるような連携が望ましい。

（２）大学連携バイオバックアッププロジェクト（IBBP）

▶ リソースの保存業務だけではなく、凍結保存技術の開発および各生物を担当する機関のハブとしての役割が十分に果たされており、研究力強化に貢献している。

▶ 適切であった。貴重な生物資源の収集・保存の観点から、災害時の迅速な回復を可能とする体制構築は重要であり、高く評価される。

▶ 様々な災害や事故に見舞われて貴重な試料を失っても、バックアップ試料を返却してもらうことで、迅速に研究が再開できる体制を整えておくことは非常に大事である。この使命を担う集中バックアップ保管施設として基礎生物学研究所内に IBBP センターが設置されている。IBBP センターでは震度 7 クラスの地震に耐えられる建物内に超低温フリーザーだけでなく、液体窒素自動供給システムを備えた気相、液相液体窒素タンク中での保管により、停電が起きても 3 週間は生物遺伝資源の維持できる状態で貴重な生物遺伝資源の保管を行なっている点が素晴らしい。現在 200 万を超える様々な試料が保管されているということから、多くの研究者から、必要とされていることがうかがわれる。また、単に保管するだけでなく、凍結保存技術が未開発な試料について、新たな凍結保存技術の開発も行っている点も評価したい。本センターは今後より必要性が増すものと思われる。

▶ 2 万件を超えるサンプルのバックアップ保管を行っており、また、いくつかの生物について新規凍結保存技術も開発している点を高く評価します。

▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。

▶ IBBP センターでのバックアップ保管は、生物に関する共同利用研究所の中核として優れている。また、リソースの増加に伴う保存量の増大に対する対策としての凍結保存法の開発も優れている。

(3) ナショナルバイオリソースプロジェクト「メダカ(2028 年度より他機関に移設予定)」、「ゼブラフィッシュ」、「アサガオ」

▶ メダカとゼブラフィッシュについては供与件数も多く、日本の研究に貢献している。アサガオは 6 年を通して供与が年間 3 件程度にとどまっており、また、研究対象としてのアサガオの有用性は高くはないことから、日本の研究への貢献は高くはない。今後、新規

モデル生物が増えることを考えると、過去の経緯にこだわらずに必要性を判断してもいいのではないか。

▶ 適切であった。共同利用研究という観点から高く評価される。

▶ 基礎生物学研究所はナショナルバイオリソースプロジェクトの中核機関、分担機関として「メダカ」、「ゼブラフィッシュ」、「アサガオ」リソースの研究者への提供を行なっている。特に「メダカ」は中核機関として体系的な収集・保存と統合的な提供を行なっている。海外への提供も 25% と非常に多く、国内だけでなく、海外の研究コミュニティの研究支援に貢献している。担当研究者の退職に伴い、2028 年度から他機関に移設予定ということであるが、貴重なリソースの管理のためには、賢明な判断であると思う。「ゼブラフィッシュ」「アサガオ」は分担機関として中核機関と連携を取りながらそれぞれのリソースの提供を行なっている。アサガオは表現型だけでなく、遺伝子レベルで突然変異を鑑別することで収集したものもあり、非常の多くのクローンを提供している。

▶ いずれも優れたバイオリソースとして研究コミュニティに貢献しています。いずれのリソースも、今後、担当研究者が退職や異動された時にどのように対応するのか検討をしておく必要があるかもしれません。

▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。

▶ NBRP の中核機関であることは、基礎生物学研究所の拠点としてのプレゼンスを示してきた。メダカのインパクトは大きいので、これがなくなるまでに、すでに行っている新モデル生物の展開も含めて、モデル生物の研究コミュニティへの貢献をどのようにするかを研究所として明確にすることが重要だと考える。

（４）先端バイオイメーjingグ支援プラットフォーム

- ▶ 非常に活発にプロジェクトが進んでいると評価する。国際的ネットワークの構築も含め、総合的に進められている。
- ▶ 適切であった。共同利用研究という観点から高く評価される。
- ▶ 基礎生物学研究所と生理学研究所を中核機関として文部科学省科学研究費助成事業により助成されている学術研究課題に最先端の顕微鏡と解析技術を提供する支援事業として 2016 年に発足され、光学顕微鏡技術支援、電子顕微鏡技術支援、磁気共鳴画像技術支援、画像解析技術支援の 4 つの技術支援を行なっている。生命科学の研究には、バイオイメーjingグ技術が必要欠くべからざるものになっており、このような活動は我が国の生命科学研究を支える重要活動である。特に基礎生物学研究所の光学顕微鏡技術支援活動は 4D 顕微鏡観察、IR-LEGO 顕微鏡、光シート顕微鏡などユニークな顕微鏡などユニークな技術の支援活動を行なっている点で、その貢献は大きい。欧州バイオイメーjingグネットワークが推進するグローバルネットワークとの共催シンポジウムやトレーニングコース開催など国際連携の重要な活動である。当初 2021 年度で終了予定だったが、これまでの活動が評価され、2027 年度まで活動の延長が認められたことも大変喜ばしいことである。
- ▶ 生理研と効率的に分担しながら高いレベルの支援を行っていると評価されます。
- ▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。
- ▶ 6 年間で 1,490 件の支援、技術普及と若手育成支援のためのトレーニングコースの開設、Global BioImaging (GBI) との国際連携協定など、順調に展開している。次年度以降、学術変革領域研究(学術研究支援基盤形成)として再スタートすることも高く評価される。

（５）「新規モデル生物の開発」

▶ ゲノム解析技術の劇的な進展により、モデル生物という概念は急激に変わりつつある。興味深い形質を示す生物をモデル化して研究するという潮流がさらに加速することは間違いない。この流れをリードするものであり日本の研究力強化に大いに貢献した。その一方で、現在、多くの研究者が新たなモデル生物の開発に躊躇なく取り組んでおり、基生研がいくつかのモデル生物を開発することでどのように存在感を示していくのか（その必要があるかわかりませんが）が課題となるのではないかと。

▶ 適切であった。今後の生物学の研究を展開する上でも新規モデル生物の開発は極めて重要である。

▶ 基礎生物学研究所では、第３期開始時に新規モデル生物開発センターを設立し、非モデル生物のモデル化（飼育・繁殖技術の確立）、遺伝子解析、ゲノム編集技術の確立を行なうことで、多彩な生物種を用いた研究を進めてきた。単に非モデル動物の飼育法と繁殖技術を確立するだけでなく、ゲノム解読、遺伝子発現解析、エピゲノム解析、さらにはゲノム編集技術の確立まで行なうことで、モデル生物としての高付加価値化まで行なう点が非常に優れている。イベリアトゲイモリの遺伝子情報基盤整備と遺伝子改変技術の確立がその成功例の１つである。

2018年にはゲノム編集を用いた遺伝子ロックアウト技術導入のため特任准教授１名を、2019年には進化ゲノミクスを専門とする教授１名をセンターに配置し体制を整えた。また、2021年から所外の研究者が、基礎生物学研究所の教員と協力して生物学研究に有用な新しいモデル生物を開発する研究を支援する「新規モデル生物開発共同利用研究」を開始した。今後、新規モデル生物の開発のさらなる進展が期待される。新規モデル生物開発を目的としたセンターは日本で唯一のものであり、本センターによる、新規モデルを用いた研究基盤の構築や研究者コミュニティ形成支援は、多様な生命現象理解のために重要なものである。

▶ ゲノム解析とゲノム編集、表現型解析を組み合わせた効率的なパイプラインが構築されていると思います。今後、「新規モデル生物」と確立する生物種の優先順位を戦略的に検討する必要があるかもしれません。

▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。

▶ 新たな生き物をゲノムからその生活様式まで調査することで、異なる生命の仕組みが明らかになりつつあることは高く評価される。

（６）共同利用・共同研究拠点との連携活動

▶ 全国の大学と多彩な分野において連携が進められており日本の研究力強化に大いに貢献している。

▶ 適切であった。文部科学省科学技術・学術審議会学術分科会研究環境基盤部会での議論では共同利用・共同研究拠点との連携等の加速も含まれており、基礎生物学研究所はいくつかの拠点との包括連携協定締結並びに連携活動を積極的に行っていることは高く評価される。

▶ 共同利用・共同研究拠点の北海道大学低温科学研究所、熊本大学発生医学研究所、徳島大学先端酵素学研究所、群馬大学生体調節研究所と連携協定を結び、共同研究や人材交流を行なっている。北海道大学低温科学研究所とは哺乳類の冬眠機構に関する共同研究を、群馬大学生体調節研究所とは植物での細胞の膜交通システムに関する共同研究を行なうなど、それぞれの拠点と双方の強みを生かした共同研究を行なっている。今後他の共同利用・共同研究拠点との連携を強化による共同研究の推進を期待する。

▶ （おそらく政策的な理由から）主に文科省の共同利用・共同研究拠点との連携を示されましたが、これに限らず国内の主要な研究機関と必要な連携を進めることにより、

研究所の発展に繋がると思います。

▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。

▶ リソースの共有やコストの削減、さらには情報の共有化によるシステムの改善などが狙いとなるが、示されている連携で達成できているのであろうか。むしろコストがかかっているのでは？

（７）「環境適応戦略研究」

▶ 概算要求での予算的措置が決まっているなど、非常に優れている。

▶ 適切であった。日本学術会議マスタープラン 2017 及び 2020 重点大型研究計画に採択されている。今後具体的に予算化されることにより、大学連携研究拠点ネットワークによる共同利用・共同研究の推進、知の共有と循環、若手研究者育成等の展開が期待できる。

▶ 中核機関である基礎生物学研究所および国立遺伝学研究所と、連携サブ拠点となる 11 大学 14 部局が連携して、環境適応戦略研究推進に必須な（１）モデル生物開発解析、（２）高度生育培養施設、（３）先端的解析機器開発、（４）大量データ解析に対する支援体制を構築するという「生物の適応戦略研究のための大学連携研究拠点ネットワークの形成」が学術的意義の高い大型研究計画であると認められ、日本学術会議マスタープラン 2017 および日本学術会議マスタープラン 2020 の重点大型研究計画として選ばれた。2019 年度より、概算要求「生物の環境応答戦略解明に向けた統合的研究」として一部が措置されることになったことは、生物の環境適応戦略研究推進への大きな前進である。生物の環境適応に重要な分子メカニズムを解明することは、生命の本質の理解を深めるとともに、農水産業・バイオマス生産・創薬・医療・生物多様性保全など、多方面の新たな研究分野の創成と技術革新につながると期待される。

▶ 日本学術会議のマスタープラン重点大型研究計画に沿った取組として、2019 年に一部が予算措置されており高く評価できます。

▶ 極めて適切にかつ順調に事業が進められていたと感じました。

▶ これについては、始まったばかりであり、今後を期待したい。

2. 基礎生物学研究所での大学院生教育、入学者増の方策についてご意見をお聞かせ下さい。

▶ 高校生、大学学部生（1, 2 年生）の段階で、夏休みなどにインターンシップ的に受け入れ基生研で研究することの魅力を伝えてはどうか（もうやられているかもしれないですね）。奨学金を用意して滞在費等を負担する必要がある。

▶ RA 制度により年間約 100 万円（一人当たり）の経済的支援は高く評価される。また、学部学生を特別実習生として受け入れ、さらに、NIBB International Program で海外留学生を受け入れて進学先研究室とのミスマッチを避け、優秀な学生の獲得という観点で優れた取り組みであると判断される。

▶ 大学院の学生は、研究を推進する上で、大切な存在である。学部学生を持たない大学院大学や大学の附置研究所、国公立の研究所は優秀な大学院学生の確保に苦慮している。入学者を増やす方策として、ありきたりではあるが、経済的な援助は重要である。2019 年に経済的支援を 100 万円に増額したということであるが、入学時に 80 万円を超える出費が必要となるため、自宅から大学（学部）に通っている学生を、岡崎で一人暮らしをして、大学院に入学しようという気持ちにさせるのはなかなか難しいと思う。学振の DC と同程度の支援をすれば、総研大に入学し、基礎生物学研究所で研究をしたいという学生が増えるかもしれない。

併任教員を増やすことで、併任教員の研究室の学生を総研大に獲得する機会が増すのではないかと、私立大学の理系の卒研究生を「研究指導委託学生」として積極的に受け入れることで、大学院進学者数が増えるのではないかと考えるが、あまり良いアイデアではないかもしれない。

海外特にアジア地域から優秀な学生をリクルートするのも一つの方策である。その場合、大使館推薦や大学推薦の奨学金を獲得できれば、経済的にも問題ない。ただし、奨学金の獲得は競争が激しくたやすくはない。

ホームページの「大学院」のページは大変見やすく、大学院教育に力を入れていることも伝わる。

基礎生物学研究所のように恵まれた研究環境をもつ研究所に在籍する大学院学生が少ないことは非常に残念である。

▶ 大学院生の数としては必ずしも多いわけではありませんが、留学生も含めて適正な人数の大学院生を教育していると思います。いまはコロナ禍で難しいと思いますが、海外の連携研究機関に一定期間滞在して研究経験を積むなどの取組も必要かと思います。

▶ 大学院新規進学者の減少は、地方大学においては大きな問題となっています。教養過程がない総研大では、その確保には特に困難が伴うものと推察します。ニコ動などにおけるサイエンスの面白さの広報活動が学生に届けば、実は一番の対策になるのかなと思いました。

▶ 「6年間で合計31名に博士の学位、4名に修士の学位」は、やはり中核研究／教育機関としては少ないと考える。各大学でも大学院進学者が減少し、囲い込みも進む中で、大学院生の獲得はますます難しくなる。博士取得後の企業への就職もキャリアパスの一つとした大学院教育をするべきかもしれない。その上で、裕福な層が増加し、教育レベルの上がっている東南アジアからの留学生をうまく集める方法を考えると良いと考える。私たちの調査によると、今のところは、アジアでは日本に対する尊敬や日本で勉強

したいという学生はかなりいると考えられる。

3. 女性研究者と外国人研究者の現状、採用計画は適切か。

▶ 女性限定公募や優秀な若手女性研究者をリクルートして、女性研究者を増やすべきである。「優秀な人を選んだら男性だった」という言い訳は通らない時代になっており、優秀な女性が不足しているならば育成が社会の課題である。

それと同時に、男女にかかわらず働き方改革を進めてほしい。死に物狂いで頑張る研究者ではなく、研究をエンジョイするという文化を打ち立ててください。別居せずに研究を続けることができる工夫、ライフイベントに柔軟に対応できるシステム（もうやられていますね）など、これからの時代の研究者がはたらく研究所のモデルを打ち立ててほしい。

▶ 滞在にかかる各種手続きやペーパーワーク等の外国語による海外研究者への支援は高く評価される。女性研究者の比率は高くなく、今後改善が求められる。

▶ 基礎生物学という理系では比較的女性研究者の割合の多い分野にもかかわらず、女性の PI が、2017 年度に進めた女性研究職員の人事で採用が決まった森田美代教授のみであることは大変残念である。さらに、女性の特任助教は 5 名とやや多いが、助教 3 名、准教授 2 名と、どの職においても女性が非常に少ない。今後女性研究者の割合が低いと、研究所の評価が低くなり、運営費交付金の額が減らされるということもありうる。どのようにして女性研究者を増やしていくのか、具体的な方策を考える必要がある。例えば併任やクロスアポイントメントの活用などの手段もあるが、最終的には見せかけではなく、実質的に増やしていかなければならない。

外国人スタッフも名前からの判断ではあるが助教 1 名、特任助教 1 名と非常に少ない。外国人の大学院博士後期課程の学生が在籍しているのであれば、それと同等の割合の外国人助教、特任助教の採用が望まれる。

▶ 引き続き各レベルでのダイバーシティー拡大への努力を続けて頂きたいと思います。

▶ 女性研究者は、どこの研究機関にも共通する問題です。そして、大学においては評価指標に入っているのも、必然的に猛烈な争奪戦になってしまいます。どうすればいいのか、ご教示いただきたいくらいです。

外国人研究者も、よほどのきっかけがない限り難しいと思われます。地方都市の居住環境は、欧米人のニーズを満たせません。研究だけ考えても、セットアップ費や当座の研究費を保証しないときてくれないと思います。

▶ 東京大学では、国際的な視点で大学の教育研究／経営について意見をいただく外部諮問委員会がある。このメンバーは世界の大学の学長／副学長、学者、ダボス会議の会長などの著名なエコノミスト、イギリスの新聞社の元編集長などのジャーナリストから構成される。この会議は本音ベースで進められ、世界で問題になっている環境問題への大学の対応の鈍さなどが指摘された。これを受け、東京大学では、世界的なエコノミストの石井菜穂子さんを招聘して、グローバルコモンズセンターを設立した。そして、非常に強く指摘されているのが、女性研究者、女子学生の少なさである。大学としては、女性に限った公募への支援、アフターマティブアクション、外国人女子生徒の入学の促進などさまざまな努力をした。しかし、それでも大きくは増えないと対応したのであるが、委員会からは、これは最優先で対応すべき問題であり、この状態は国際的にみたときに異常であり、このような問題を抱える大学は国際的には全く尊敬されないと断言されてしまった。現在も、東京大学はこの問題に対応するために様々なアクションを考えている、基礎生物学研究所の場合は、東京大学より悪いようにも見える。この女性問題は極めて大きな問題だと認識し、より思い切った積極策を望みたい。

外国人研究者に関しては、私が理学系の研究科長をしているときに、制度を変えてもらい、東大に短期間滞在する外国人も正規の教員とし、長期間にわたって学生を指導できるようにした。WEB で頻繁に意見交換ができる現在、日本にいる期間が短くても多様な手法で、外国人研究者を受け入れることができると考える。

4. 社会との関わりについてこれまでの取組についてご意見をお聞かせ下さい。

▶ 研究所の規模を考えると、社会とのかかわりの取り組みは非常に活発である。地元密着型の取り組み（出前授業や未来の科学者賞）はすばらしい。未来の科学者賞を愛知県、善行のレベルに拡大してもいいのではないか。知名度が上がれば上記2の入学者増につながる可能性がある。

▶ プレスリリース、ホームページ等による情報発信は積極的に行われており、また一般公開、出前授業等の社会貢献も積極的であり、高く評価される。特筆すべき取り組みの一つとして、株式会社ドワンゴとの連携によるニコニコ生放送による情報発信が挙げられる。

▶ ホームページの研究プロジェクト、研究活動のページは、それぞれの研究者がばらばらに作成しているので、統一感がなく、文字が多い。研究成果の情報発信として数多くのプレスリリースを行なっていることは良いと思う。広報誌 OKAZAKI は見やすくとても良くできていると思う。3年おきに開催される3研究所持ち回りの一般公開には数千人の参加者があり、人気の高さがうかがわれる。出前授業 SSH への協力、みらいの科学者賞などは、小中高校生へのアウトリーチもしっかり行われている。2017年度より開始した、ニコニコ生放送の実施は新たなアウトリーチ方法としてとても有効である。2021年4月のテントウムシの完全変態の生放送は、81万アクセスがあり、81万円の収入を得たというのは驚きである。

2020年4月に産学連携グループを新たに設置し、特許取得支援、研究シーズの実用化に向けたサポートを開始した。産学連携についてはもっと早く取り組むべきであったと思う。設置して間もないため、顕著な成果はないが、起業経験のある博士号を持つ研究者の働きによる今後の進展に期待したい。

▶ 産学連携については伝統的にやや距離を置いた対応をされているのかと思いますが、基礎生物学研究所の研究成果に対して産業界からも興味をもってもらえる可能性が大

きいと思いますので、バランスを考えながら産学連携への取組を進める事が必要かと思っています。研究者にとっても自身の基礎的な研究成果が社会の発展に繋がっていけば、研究者としての喜びも大きいと思います。

▶ ニコ動配信には感銘を受けました。

▶ ニコニコ生放送、ニコニコサイエンスチャンネルの立ち上げなど、非常に頑張って、社会に向けて情報発信をしている。

5. 第4期に計画している次の事業は、国際的学術動向に鑑み、基礎生物学研究所の拠点性維持、共同利用研究を通じた日本の研究力強化に適切か。

(1)「超階層生物学共同利用研究」

▶ 次の時代の生物研究の方向性を示すばらしい研究構想である。また、その説明（見せ方）も的確であり研究者や研究者以外にとってわかりやすい。

*細かいことではあるが、図14で、左の説明では、「遺伝子やタンパク質、細胞小器官・・・個体群のふるまいを・・・」と書かれており、図では、遺伝子、高分子、細胞小器官、細胞・・・と表されている。タンパク質と高分子のどちらを意図しているのかという問題もあるが、「低分子」の階層も含んだ方がいいのではないかと。少なくとも植物分野では生命現象を制御する重要な低分子化合物の発見は続くと思われる。

▶ 適切である。異なる階層から生命現象を解明しようとする意欲的な取り組みであり、生物学の発展に大きく寄与し、共同利用研究を通じた日本の研究力強化に資するものであると判断される。

▶ 生物機能解析センター、モデル生物研究センター、新規モデル生物開発センターをまとめた超階層生物センターを立ち上げ、超階層生物学の確立と展開を図る計画である。

階層を超えた研究に取り組むために、ものではなく手法ごとの研究室分けとなっている。また、センター内のすべての研究室に関する AI 解析室を設置するところが特長である。藤森氏をセンター長とし、2022 年 4 月からの運用開始後、改組によって、どのような成果が得られるかが楽しみである。

▶ 新しい概念の生物学研究の共同利用として大きく期待いたします。ラージスケールの一次デジタルデータが生み出されると思いますので、それらのデータ格納や管理、公開や二次利用についての検討が必要だと思います。他機関との連携によってオープンサイエンスの流れを加速して頂きたいと思います。

▶ 発想はユニークで、すでにハエトリソウのような実例もあるので、系統的に実現可能である。しかし、この発想が科学者コミュニティーに理解させるのを待っていては、機会を逸する恐れがある。早めにシンポジウム開催など積極的な周知活動を行う必要がある。

▶ 所長の話聞いて、目指す研究の方向を理解した。目指す方向や組織改革のあり方も良いと考える。3つほど注文をしたい。一つは、「超階層生物学」は研究者の jargon で一般には伝わらないのではないか。この点について、一般に伝わる工夫が欲しい。二つ目は、このような組織は往々にして、箱だけ作って、中身は以前のままということがある。ぜひ、運営のあり方を工夫して、真に目指すべき研究を達成してほしい。最後は、基礎生物学研究所は学生教育も積極的に行なっていることから、魅力ある学生教育と学生数を増やすために、超階層生物学共同利用研究を教育にも取り込んでいただきたい。

(2) RMC 制度新設と組織改編

▶ 大胆な組織改編が行われ、節目にふさわしい。これまで、領域名が実質的に機能していたのかどうかは承知していないが、領域としてのくくりは「超階層生物学共同利用研究」にはあまりマッチしていないようなので、領域名の廃止は適切であった。

新たな職階については、RMC と URA との違いがやや分かりにくい。

▶ 適切である。URA ではなく「RMC」制度の創設は秀逸であり、今後日本国内の大学共同利用機関法人の研究所や共同利用・共同研究拠点にも広がる可能性がある。超階層生物学センターの設置等により、第4期において共同利用・共同研究を通して日本の研究力を高めるような組織に改変されていると判断される。

▶ 修士や博士修了者で、研究の経験もある者が研究者を支援する職として URA がある。URA の仕事は、所属機関や部局によって異なるが、今回基礎生物学研究所内に設けられる新しい職階 RMC は「研究所の円滑な運営および共同利用研究等の推進のための職務」となっている。博士の学位、大学や研究機関での研究、教育経験を必要とすることから、URA よりもより高度なスキルが必要とされている。任期が5年と通常1年ごとの更新の URA よりも良い条件となっている。所内の研究教育職員の職階変更で3名、概算要求の予算で2名の採用が計画されている。5年任期ののち、業績評価結果に基づき5年以内の更新が可能であることや、昇任の可能性がある点など、やりがいがある職となっている。RMC の設置が研究所の円滑な運営や共同利用研究の推進にどのような効果がもたらされるか楽しみである。

▶ 効率的な研究活動のための新しい職階の導入として高く評価します。この制度で採用された人材をロールモデルとして、他の大学や研究機関に広がり日本全体の研究高度化に繋がることを期待いたします。

▶ RMC 制度は必要なものではあるが、その後のキャリアパスをどうするのか、慎重に検討する必要がある。また、同一雇用関係であれば、身分を RMC に振り替えても、積算10年で無期転換問題が発生するので、所内研究員からの転換には注意が必要である。

▶ RMC という職種自体は意味がある。ただ、リサーチアドミニストレーターにおいて

もそうだったように、キャリアパスをどのように構築するかが極めて重要である。用が終わったらすぐ使い捨てとならないような、安心して職種に打ち込める制度設計と運用が望まれる。RMC のキャリアパスを広げるためには、他機関との連携は必須である。

6. 基礎生物学研究所で進展すべき研究分野

▶ 今後進展すべき研究分野については、所内外の研究者と慎重に議論して決めていただきたい。

▶ 研究部門、研究室は基礎生物学のすべての分野をカバーしているように思う。ただし、理論生物学がスタッフ 1 名のゲノム情報室のみでやや手薄ではないかと思った。生物学の新たな潮流を取り入れつつも、生物学の基礎をきちんと研究する研究所であってほしい。

▶ 既に所内で十分に検討されていると思いますので、特に追加のコメントはありません。資源的な余裕があれば、数理生物学や化学生物学の分野の増強が必要かも知れません。

▶ その名の通り、医学薬学などへの応用からはかけ離れた基礎生物学を推進していただきたい。ここが日本の砦です。ただ、そういうシーズが日本の大学から抹殺されつつある状況で、今後どのように新たな分野を開拓するのか？若手による全くのアイデアだけの提案から、数年の研究機会を与えるような制度も必要かもしれません。

▶ どの分野というより、基礎生物学研究所が国際的な独創的な研究の拠点と認識してもらえるような研究分野が望ましい。現在の研究者構成が示している、多様で豊かな生命の仕組みを明らかにする研究を強化するのも一つの考え方であろう。ただ、拡散するのではなく、研究所内での連携によりさらに発展する可能性の高い分野を選ぶ必要があると考える。

7. 基礎生物学研究所で導入すべき機器

▶ 大型機器の一つであるクライオ電子顕微鏡が導入されたことにより、今後多くの共同利用・共同研究が行われ、卓越した研究成果が生まれることが期待される。

▶ ホームページ内に現有の機器リストや共同利用として提供されている機器のリストがみあたらず、現在基礎生物学研究所にどのような機器があるのかわからないため、導入すべき機器について記入することができなかった。2021 年 12 月にロングリード 1 分子 DNA シーケンサー、2022 年 3 月に高速高感度共焦点顕微鏡が、また 2022 年度には超階層生物学を推進するためのハイブリッド型質量分析装置とブックデータ、AI 解析対応クラスターコンピューターを導入予定ということなので、機器は充実しているのではないかと拝察する。

▶ 既に検討されているようですが、質量分析装置は生物学のあらゆる局面に必要な機器と思います。

▶ 世界の最高級の機器を導入するだけでなく、ぜひ、工学系の専門家と組んで、本研究所にしかない機器を作り出していきたい。

8. その他、基礎生物学研究所の取り組むべき事業

▶ 今後取り組むべき事業については、研究者の研究時間を担保しつつ、人的資源、予算等とのバランスを考慮しながら、慎重に精査して決めていただきたい。

▶ 各種トレーニングコースは今後も継続して開催してほしい。

▶ オープンラボの実施は素晴らしい。ぜひ、埋もれていた人の潜在力を生かして、研究所の活性を上げていただきたい。

5. 在職 10 年の教授業績評価

教授在職 10 年業績評価

基礎生物学研究所では、在職 10 年を迎えた教授について、研究・教育・学会コミュニティへの貢献の三つの観点からみた業績評価を外部評価委員に依頼している。今回、評価対象となった教授は、長谷部光泰教授と皆川純教授であった。

評価の経緯は以下のとおりである。

(1) 所長および研究主幹とで在職 10 年教授業績評価実行委員会を設置した。研究力強化戦略室 企画・評価グループが調整し、評価の世話人を選出した。

(2) 対象教授の研究分野に近い所外研究者から国外 2 名、国内 1 名の評価委員を選出・委嘱し、下記の資料を送付した。

送付資料： (1) 研究活動の説明、(2) 研究業績リスト、(3) 主たる業績の論文別刷り、(4) 略歴

(3) 3 名の評価委員から受け取った回答を所長が取りまとめた。

長谷部光泰教授

【評価者 1】

Dear Prof. Agata,

It is with great pleasure that I provide an assessment of Dr. Mitsuyasu Hasebe, Professor and Head of Laboratory of Evolutionary Biology at NIBB. I first like to state no conflict of interest, since I only know Prof. Hasebe from open interactions during the NIBB-COS cooperation but have neither cooperated nor published with him.

During the past 10 years Prof. Hasebe has shown an impressive intensity, quality and comprehensiveness in all academic disciplines. With respect to academic positions he has been appointed adjunct professor of the prestigious Universities of Kyoto and Nagoya and was Dean of the Graduate University for Advanced Studies. In addition, he served in several important national and international boards and programs. Finally, Prof. Hasebe acts as vice director of NIBB since 2020. Even more impressive, Prof. Hasebe served in a truly large number of internal, national and international committees and societies in mostly leading and organizer functions, such as President of Annual Meeting of Botanical Society of Japan (2020).

The scientific community services of Prof. Hasebe are very comprehensive as well. He was member of the editorial boards of highly recognized international journals of plant sciences and acted as reviewer for the most prestigious international journal of plant sciences during the past ten years. He was continuously asked to review for grants, awards and promotion processes in Japan and other countries.

Despite the overwhelming number of coordinating tasks, Prof. Hasebe in addition managed to be highly active in teaching and mentoring. He was regularly invited for scientific seminars, engaged in graduate school teaching and external PhD evaluations. At the same time, he supervised about 15 PhD theses himself. His research and mentoring skills attracted a large number of international visitors and fellows over the past 10 years, supporting the international visibility of Prof. Hasebe's work and activities.

Prof. Hasebe's research activities and success are best demonstrated by his numerous grants and publications. He acquired more than 800 mio. Yen funding in the past years from individual projects alone, plus many more from joint and coordinated projects from different sources in Japan. On average, he submitted almost 1.5-2 successful grant proposal per year with an outcome that is absolutely competitive with international top researchers in the field.

The scientific oeuvre of Prof. Hasebe can be divided into four main subjects: evolutionary development of body plans in land plants, reprogramming of somatic cells to stem cells, carnivory and rapid movements in plants. While the first two subjects represent long-standing interests of Prof. Hasebe, the latter two were developed during the last 10 years. Indeed, he contributed significantly to the seminal genome sequencing projects of the early land plants *Selaginella* and *Physcomitrella* in international consortia, again underlining the standing of Prof. Hasebe's research. His strategy to carefully select the most suitable organism for the scientific question and make it a 'model organism' by sequencing its genome, establish genome editing techniques and genetic transformation protocols, and functionally investigate mechanisms at cellular and organismal levels proved extremely successful over the years, establishing him as an internationally recognized scholar in the field of EvoDevo of plants.

Obviously, these tools are extremely valuable for his colleagues at NIBB and many others as well. His main interests are developmental processes not only in comparison between taxa but also developmental transitions such as diplohaplontic life cycle and cellular differentiation of leaf cells to protonema cells (i.e. stem cells) and many others. His work on plant carnivory and fast movements has to be seen as 'models' in the fundamental context of evolutionary development of novel and complex traits. The conceptual approach described here to address fundamental questions in plant biology is novel and continuously integrates most recent technical developments. These successful research activities are reflected by numerous high quality publications. 15 senior authored publications in the past 10 years achieved impact factors of more than 15.

Prof. Hasebe's report includes an outlook of the remaining 6.5 y of office. To this end, he has won a very large Grant-in-Aid for Specially Promoted Research, assumingly a special program for highly innovative and successful individual research in Japan, covering the research activities until retirement. The project builds on the trait of rapid movement in plants subject and the underlying cell-to-cell and long distance calcium waves. What looks like a similarity to animal nerve cell signals is mechanistically and functionally very different in plants, i.e. represents a novel trait. Of course, Prof. Hasebe intends to continue his studies on body plan development and has secured funding here as well.

In summary, it was a pleasure to see these impressive achievements of the past years and obtain a glance of the research to come. I congratulate NIBB to have such an intellectually comprehensive and innovate scholar and colleague as part of its faculty.

【評価者 2】

Evaluation of Professor Hasebe in recent ten years

Professor Hasebe has been a driving force in the development of plant evolutionary biology in Japan for many years. His research integrates plant phylogeny, morphology, cell biology, and molecular biology, and he is one of the frontrunner scientists in international academic community.

In the last 10 years, he has continued to develop his life's work using the moss, which he has established as a model organism for mosses. He has achieved great outcome by challenging major questions in biology, such as the mechanisms of multicellularity and organ differentiation in plants, the formation of sporophyte generations in response to terrestrial expansion, the transformation of plant cells into stem cells, and the mechanisms of cell differentiation from them. In addition to this, we have been conducting research on the evolution of novelty through whole genome analysis of non-model plants, including insectivorous plants, and have achieved results. The results of these studies have been developed into a joint research project for the development of novel model organisms in the National Institute for Basic Biology.

These research results have been published as 61 papers and 4 reviews, including 3 papers published in Science, and cited in numerous papers during the decade from 2010 to 2020.

The acquisition of external funding for research is also going well. Many research projects have been adopted by the Grants-in-Aid for Scientific Research from JSPS. In recent ten years, Prof. Hasebe had been granted for three projects in the Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas as a representative, and as a co-worker for two other projects. In the Grant-in-Aid for Scientific Research, many projects have been granted as a representative, including S and A.

Prof. Hasebe has received some national and international awards for the above mentioned researches achievements. In the past 10 years, he has received The Janette Siron Pelton Award from the Botanical Society of America in 2013, the Society Award from the Japanese Society for Evolutionary Studies in 2016, the Kimura Memorial Academic Award from the Motoo Kimura Trust Foundation for the Promotion of Evolutionary Biology, and the Golden spore award 2019 from iMOSS. In the field of education, he has received the Minister of Education, Culture, Sports, Science and Technology Award in the R&D category at the 53rd Science and Technology Film Festival in 2012.

As other academic activities, Prof. Hasebe maintain the PHYSCObase, intended for sharing information on the moss *Physcomitrella patens* for supporting the scientific community, and many plant scientists including from other countries use this database. Also, he established the KBY no PAGE (in Japanese) for explaining evolution of plant evolution. In this Web-based content, we can learn the phylogeny of land plants by phylogenetic trees and many photos. This content is also useful for education of plant science.

【評価者 3】

Reference letter for Prof. Mitsuyasu Hasebe

Dear Prof. Agata,

I am delighted to provide a reference letter for Prof. Hasebe's 10-year evaluation at NIBB. I have known Prof. Hasebe since approximately 2002. We have met at international conferences where he presented his work as invited speaker and we have corresponded over the years to discuss scientific matters and exchange information. I have also had the pleasure of visiting his laboratory at NIBB as seminar speaker some years ago.

Prof. Hasebe is a pioneer in the field of evolution and development of complex traits in land plants. Throughout his career, he has been involved in developing new model systems to study evolution of development and his work spans genomics to developmental biology. This includes several sequencing projects of non-model organisms such as the lycopod *Selaginella moellendorffii* and the moss *Physcomitrium patens*, and establishing reverse genetics technologies, such as genome editing, which resulted in developing the organisms he is studying in model organisms for their clade. This has allowed him to contribute fundamental information in the field and address questions which help us understand how complex body plans of land plants evolved, how unique traits such as carnivory appeared and function in plant lineages, and how somatic cells in *P. patens* can be reprogrammed to stem cells.

In the last 10 years, Prof. Hasebe and his group have performed several impressive comparative studies, using as systems the lycopod and moss model organisms they developed, together with the eudicot *Arabidopsis thaliana*. This is reflected in an impressive list of primary research articles and collaborative publications presented for this evaluation. Of particular note is their work on the conservation and divergence of regulatory networks among these species. Key examples include conserved function of NAC transcription factors in water transport between vascular plants and moss, which likely contributed to plant adaptation on land (Xu *et al.* 2014, Science), the function of KNOX2 genes in haploid-to-diploid transition, by suppressing the haploid-specific body plan during the diploid phase, thus contributing to the establishment of altering generations in land plants (Sakakibara *et al.* 2013, Science) and the

diversification of MADS-box transcription factors in *P. patens* to support the development of sperm cells with motile flagella, a trait that was lost in flowering plants (Koshimizu *et al.* 2018, Nature Plants).

Prof. Hasebe's group has also made significant advances on how the complex trait of carnivory arose in plants. Initially, they described how differential regulation of cell division orientation in the adaxial side of *Sarracenia purpurea* leaf primordia underlies the switch from planar leaves that are common in eudicots to pitcher-shaped organs (Fukushima *et al.* 2015, Nature Communications). Subsequently, they sequenced the genome of *Cephalotus follicularis*, a species that also develops pitcher organs, but in which carnivory arose independently, and in a comparative way showed that during evolution, stress-responsive genes were repeatedly co-opted to give rise to protein networks with digestive properties, thus enabling nutrient absorption from the pitcher (Fukushima *et al.* 2017, Nature Ecology and Evolution). They went on to sequence the genomes of three other carnivorous species of the Droseraceae family which possess touch-sensitive snap traps and showed that carnivory in this family is associated with expansion of distinct gene families involved in prey attraction, perception, digestion, and nutrient absorption, possibly co-opted from gene families involved in nutrient absorption in the root, and parallel massive gene loss (Palfalvi *et al.* 2020, Current Biology). Further, they studied how the

snap traps in *Dionaea muscipula* modulate trap closure upon prey attraction and showed that Calcium currents together with a two-step memory process enable rapid closure (Suda et al. 2020, Nature Plants).

Prof. Hasebe has also studied how somatic cells can be reprogrammed to stem cells in *P. patens*, which has a unique capacity of reprogramming among plants. Remarkably, differentiated *P. patens* cells at the wound margin undergo a similar process to wound healing in mammalian cells, and go through a Cyclin-Dependent Kinase A-dependent reprogramming step which induces stem cell characteristics and which is independent of cell cycle progression (Ishikawa et al. 2011, Plant Cell). WOX-like genes are required for this transition into 'stemness' after wounding and specifically for cell growth, however this function is exerted through a different cellular mechanism compared to eudicots (Sakakibara et al. 2014, Development). The Hasebe group has also discovered a wounding-independent mechanism of inducing reprogramming in somatic cells. They have shown that ectopic expression of the AP2/ERF transcription factor STEMIN1 in differentiated leaf cells reprograms repressive chromatin marks and initiates stem cell formation (Ishikawa et al. 2019, Nature Plants). STEMIN1 can be induced by DNA damage in the form of DNA double-strand breaks and, in an ATR-dependent manner, reprograms the differentiated cells into earlier developmental stages that have the ability to form new gametophores (Gu et al. 2020, Nature Plants).

Other than his remarkable scientific contributions and his continued engagement in mentoring the younger generations of scientists, as exemplified by the many MSc and PhD students he has supervised, Prof. Hasebe is a highly valued member of our community and has organised several meetings in the evolution of development field. He is also an excellent ambassador of Japanese science abroad as well as of science within Japan. He has engaged in numerous

outreach activities with the local community and with local schools and has communicated to the broader public how fascinating it is to work with plants and understand how they evolved and function. He has also made scientific discoveries in plants accessible to the Japanese audience by authoring and translating several chapters and books in the Japanese language. I have no doubt that he will continue working in this trajectory of creativity and excellence for the remainder of his career. In summary, Prof. Hasebe is an absolutely outstanding scientist and pioneer and true international leader in his field.

基礎生物学研究所長によるまとめ

国外 2 名、国内 1 名の外部評価を得ましたので、長谷部教授の 10 年評価をまとめさせて頂きます。長谷部教授は植物がどのように陸上に進出して多様化してきたかを理解するため、この 10 年間は、陸上進出した初期の植物に近いコケ植物や小葉植物に着目して、精力的に研究を展開してきました。特に、コケ植物についてはヒメツリガネゴケを、小葉植物についてはイヌカタヒバのゲノム配列を決定し、遺伝子レベル・細胞レベルでの研究を展開して、多くの新しい知見をもたらすとともに、ヒメツリガネゴケについてはコケ植物の新規モデルとして PHYSCObase というデータベースを構築したことは特筆に値します。また、陸上植物の多様化については、独特な形態と消化システムを進化させた食虫植物に着目して、ゲノム配列の決定からゲノム操作まで進めて、先駆的な研究成果をこの 10 年間にわたり一流の国際誌にコンスタントに発表してきました。若手育成やサイエンティフィック・コミュニティへの貢献度についても高く、研究費の獲得や幾多もの栄誉ある賞を授賞しており、内外で高く評価されていることの証となっています。

3 名の評価者からも、長谷部教授のこの 10 年間のパフォーマンスは非常に素晴らしいものとの評価を得ており、今後においても高いパフォーマンスを持続してもらい、ライフワークとなっている陸上植物を体系化した Web ページの構築を完結してもらえればと思います。

Summary by the Director General of NIBB

We would like to summarize Professor Hasebe's ten-year evaluation, as he has received external evaluations from two international and one domestic evaluator. Over the past decade, Professor Hasebe has focused on studying early land plants, such as bryophytes and lycophytes, to understand how plants diversified and evolved on land. Specifically, he determined the genome sequences of the moss *Physcomitrium patens* and the lycophytes *Selaginella moellendorffii*, and conducted genetic and cellular studies, which provided various new insights. Notably, he established a database called PHYSCObase for the moss *P. patens*, which has become a new model for bryophyte research. In addition, Professor Hasebe has conducted pioneering research on carnivorous plants, which have evolved unique morphologies and digestive systems, by determining their genome sequences and conducting genome editing. He has consistently published his research findings in top international journals over the past ten years. He has also made significant contributions to developing young researchers and the scientific community, as evidenced by his acquisition of research funds and numerous prestigious awards, and has received high praise both domestically and internationally. Three evaluators have recognized Professor Hasebe's

outstanding performance over the past decade, and we hope that he will continue to maintain high performance in the future. We also hope that he will complete the construction of a web page systematizing land plants, which has become his life's work.

Dr. Mitsuyasu Hasebe

Professor of Laboratory of Evolutionary Biology

- 1) CURRICULUM VITAE: page 2 - 27
- 2) SUMMARY OF PREVIOUS TEN YEAR'S ACHIEVEMENTS: page 28 - 34
- 3) REPRESENTATIVE PUBLICATIONS: page 35 - 37
- 4) LIST OF PUBLICATIONS: page 38 - 64
- 5) FUTURE RESEARCH PLAN: page 65 - 72

July 1st, 2021

National Institute for Basic Biology

National Institute of Natural Sciences

1) CURRICULUM VITAE

Mitsuyasu Hasebe, Ph.D.

Vice Director

National Institute for Basic Biology, National Institutes of Natural Sciences

Professor

Division of Evolutionary Biology, National Institute for Basic Biology, National Institutes of Natural Sciences

Professor

Department of Basic Biology, School of Life Science, The Graduate University for Advanced Studies

Adjunct Professor

Center for Gene Research, Nagoya University

Program Officer

Strategic International Collaboration Research Program (SICORP) between China and Japan, Japan Science and Technology Agency

Associate Member

Science Council of Japan

NATIONALITY: Japanese

PRIMARY INTERESTS:

Molecular mechanisms and evolution of stem cell formation

Molecular mechanisms and evolution of action potential in plants

Evolution of novel and complex traits in plants

EDUCATION:

1987, B.Sc. Department of Botany, University of Tokyo, Japan

1989, M.Sc. Department of Botany, University of Tokyo, Japan

1992, Ph.D. Department of Botany, University of Tokyo, Japan

Thesis title: Molecular phylogeny of vascular plants (Univ. Tokyo, mentor: Prof. Dr. Kunio Iwatsuki)

PROFESSIONAL EXPERIENCE:

1991-1996 Assistant Professor, Botanical Gardens, Faculty of Science, University of Tokyo, Tokyo, Japan in Prof. Kunio Iwatsuki laboratory

1993-1995 Visiting Research Scholar, Laboratory of Prof. Jo Ann Banks, Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, Indiana, U.S.A.

1996-2000 Associate Professor, National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan

1999-2000 Associate Professor, Faculty of Biological Sciences, The Graduate University for Advanced Studies

2000-present Professor, National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan

2000-present Professor, Faculty of Biological Sciences, The Graduate University for Advanced Studies

2005-2010	Research Director, ERATO Hasebe Reprogramming Evolution Project, Japan Science and Technology Agency (JST)
2013-2016	Program Officer in Biology, Research Center for Science Systems, Japan Society for the Promotion of Science (JSPS)
2014-2016	Dean, School of Life Science, The Graduate University for Advanced Studies
2014-2015	President, Society of Evolutionary Studies, Japan
2015-present	Program Officer, Strategic International Collaboration Research Program (SICORP) between China and Japan, JST
2018-2021	Science Advisor, Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology, Japan (MEXT)
2020-present	Vice Director, National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan
2021-present	Council member for MEXT

OTHER APPOINTMENTS:

Adjunct Professor:

2002-2003	Adjunct Professor, University of Air
2010-2012	Adjunct Professor, Kyoto University
2013-present	Adjunct Professor, Center for Gene Research, Nagoya University

Invited Lecturer:

1992	Lecturer, Tokyo Metropolitan University, Tokyo, Japan
1997	Lecturer, Kanazawa University, Kanazawa, Japan
1997	Lecturer, Chiba University, Chiba, Japan
1999	Lecturer, Kyusyu University, Fukuoka, Japan
2001	Lecturer, Niigata University, Niigata, Japan
2001	Lecturer, Univ. Osaka, Osaka, Japan
2001	Lecturer, Univ. Hiroshima, Hiroshima, Japan
2001	Lecturer, Kanagawa University, Kanagawa, Japan
2001	Lecturer, Kyoto University, Kyoto, Japan
2004	Lecturer, Department of Agriculture, Nagoya University, Nagoya, Japan
2004	Lecturer, Shimane University, Matsue, Japan
2004	Lecturer, Nippon Women's University, Mejiro, Japan
2004	Lecturer, Kumamoto University, Kumamoto, Japan
2005	Lecturer, Department of Science, Nagoya University, Japan
2005	Lecturer, University of Air, Chiba, Japan
2005	Lecturer, Department of Agriculture, Hokkaido University, Hokkaido, Japan
2005	Lecturer, Department of Science, Chiba University, Chiba, Japan
2005	Lecturer, Department of Science, Nagoya University, Nagoya, Japan
2006	Lecturer, Department of Science, Yamagata University, Yamagata, Japan
2006	Lecturer, Department of Biology, Okayama University, Okayama, Japan
2006	Lecturer, Department of Science, University of Tokyo, Tokyo, Japan
2008	Lecturer, Department of Science, University of Kobe, Kobe, Japan
2009	Lecturer, Department of Science, St Paul University
2009	Lecturer, Department of Science, Chiba University
2013	Lecturer, Department of Science, Hokkaido University
2015	Lecturer, Department of Science, Kyoto University
2015	Lecturer, Aichi University of Education
2016	Lecturer, Department of Science, Niigata University

2018 Lecturer, School of Science, The University of Hyogo
 2018 Lecturer, Faculty of Science, Chiba University
 2019 Lecturer, Faculty of Science, Tohoku University

AWARDS :

1990 Society Prize (The Insectivorous Plant Society of Japan)
 1997 Young Scientist Prize (The Botanical Society of Japan)
 2001 Young Scientist Prize (The Society of Evolutionary Studies, Japan)
 2005 Young Scientist Prize (The Japan Society for Promotion of Science)
 2005 Young Scientist Prize (The Japan Academy)
 2008 Society Prize (The Botanical Society of Japan)
 2013 The Jeanette Siron Pelton Award (The Botanical Society of America)
 2016 Eminent Evolutionalist Award (The Society of Evolutionary Studies, Japan)
 2016 Motoo Kimura Research Award (The Motoo Kimura Trust Foundation)
 2019 Golden Spore Awards 2019 (International molecular moss science society)

AWARDS (Papers) :

2004 Journal of Plant Research Best Paper Awards. "Tanabe, Y., Uchida, M. Hasebe, M., and Ito, M. 2003. Characterization of the *Selaginella remotifolia* MADS-box gene. J. Plant Res. 116: 71-75".
 2005 Journal of Plant Research Best Paper Awards "Seishiro Aoki, Koichi Uehara, Masao Imafuku, Mitsuyasu Hasebe, Motomi Ito (2004) Phylogeny and divergence of basal angiosperms inferred from APETALA3- and PISTILLATA-like MADS-box genes. J Plant Res 117: 229-44".

AWARDS (Science Movie)

2012 "Unraveling the Mystery of an Amazing Regeneration Ability ERATO, Hasebe Reprogramming Evolution Project", The Minister prize of Education, Culture, Sports, Science and Technology, Science and Technology FILM/VIDEO Festival.
 2011 "Unraveling the Mystery of an Amazing Regeneration Ability ERATO, Hasebe Reprogramming Evolution Project", Outstanding prize of Social Communication Section, International Corporate Film Showing 2011.

SERVICE TO SOCIETY AND PROFESSION: (Panelists of KAKENHI grant is not included, because it is too frequent)

1991-1992 Council of Japanese Society for Plant Taxonomists (News Letter).
 1992-1993 Council of The Botanical Society of Japan (Library)
 1991-1992 Secretary of Friend Society of Koishikawa Botanical Gardens
 1995-1997 Secretary of Friend Society of Koishikawa Botanical Gardens
 1999-2001 Council of Society of Evolutionary Studies, Japan
 2001-2005 Council of The Botanical Society of Japan
 2002-2003 Council of Society of Evolutionary Studies, Japan, public relations representative
 2002-2003 The Botanical Society of Japan, Future Plan Committee Member
 2002-2005 The Botanical Society of Japan, Awards Committee Member
 2003-2004 Trustee of The Botanical Society of Japan
 2004-2008 Council member of Japanese Society of Plant Physiologists
 2004-2005 Council member of International Prize for Biology, Japan

2004-2005	Japanese Society of Plant Physiologists Awards Committee Member
2006	Council member of Japan Prize
2006-2007	Council member of Society of Evolutionary Studies, Japan
2006-2014	Associate member of Science Council of Japan
2007-2008	Trustee of The Botanical Society of Japan
2008-2009	Council member of Society of Evolutionary Studies, Japan
2009-2011	Secretary-general of the Botanical Society of Japan
2010-2011	Chairperson of an evolution and phylogeny section, Science Council of Japan
2010-2013	Committee member of public relations, Japanese Society of Plant Physiologists
2012-2013	Vice president of Society of Evolutionary Studies, Japan
2012-2013	Council member of Kyoto Prize
2013	Council member of International Prize for Biology, Japan
2013-present	Advisory board of Plant Genome Database Japan
2014-2015	President of Society of Evolutionary Studies, Japan
2014-present	Evaluation Committee for World Premier International Research Center Initiative program
2014-2018	Evaluation committee member of The Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas “Plant Cell Wall”
2015-2021	Associate member of Science Council of Japan
2015-2016	Trustee of the Botanical Society of Japan
2015-2016	Investigation Committee on Transgenic Plants at Nagoya University
2015-present	Evaluation Committee for the Center for Frontier Research at National Institute of Genetics.
2015-2017	Evaluation committee member of The Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas “Hadean Bioscience”
2015-present	Organizing Committee in BioResource Center, RIKEN
2016-2017	Trustee of Japanese Society of Plant Physiologists
2016	Selection committee of International Prize for Biology, Japan
2016-present	Committee member of LEADSNET organizing committee in JSPS
2016-present	Selection committee of “Advanced Genome Support” of The Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas
2016-2020	Council member of the Society of Evolutionary Studies, Japan
2016-present	Council member of the Japanese Society of Plant Physiologists
2016-present	Evaluation committee member of The Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas “The Birth of New Plant Species Project”
2017-2018	Trustee of the Botanical Society of Japan
2016-2018	Selection committee in Novaltis Foundation
2018-present	Selection committee in Mitsubishi Foundation
2016-present	Evaluation committee member of The Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas “Plant Structure Opt Project”
2019-2020	President of Annual Meeting of Botanical Society of Japan 2020, Nagoya
2020	Selection committee, INARIS, Inamori Foundation
2020-2021	Trustee of Japanese Society of Plant Physiologists
2020-present	Academic Advisory Committee of the Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taiwan
2020-present	Selection committee in Fusion Oriented Research for Disruptive Science and Technology Program in JST
2021-present	Academic Committee, MEXT
2021-present	Joint Usage / Research Center Committee, MEXT
2021-present	Chair of Joint Usage / Research Center Committee in Biology section,

	MEXT
2021-present	Member of KAKENHI Grant Selection System Committee, MEXT
2021-present	Evaluation committee of National Bioresource Project, MEXT
2021-present	Selection committee, Kyoto Prize, Inamori Foundation

SERVICE TO NATIONAL INSTITUTES OF NATURAL SCIENCES (2008-)

2008-present	Head of Center for Radioisotope Facilities
2008-present	Chairperson of Steering Committee of Center for Radioisotope Facilities
2008-present	Member of Safety Committee of Center for Radioisotope Facilities in Myodai-ji area
2008-2020	Member of Safety Committee of Center for Radioisotope Facilities in Yamate area
2008-present	Member of Organizing Committee of Yamate area
2008-present	Member of Facility Maintenance Committee
2008-2011	Member of Management Committee of Research Center for Computational Science
2008-2013	Member of Communication Committee in Yamate area
2008-2013	Member of Facility Management Committee
2008-2010	Chairperson of Nursery School Committee
2008-2011	Member of Network Steering Committee
2008-2011	Member of Network Management Committee
2010-2013	Member of Research Cooperation Committee
2010-2013	Member of International Cooperation Committee
2010-2013	Member of Action Plan Working Group of International Cooperation Committee
2010-2013	Member of Graduate School Education Committee
2010-2013	Member of NINS Symposium Working group
2013-2015	Graduate School Cooperation Committee
2014-2017	Advisor for Harassment Prevention
2020-present	Member of Education and Research Council
2020-present	Member of Gender Equality Promotion Committee
2020-present	Member of Gender Equality Promotion Office
2020-present	Member of Research Enhancement Strategy Committee
2020-present	Member of Research Enhancement Strategy Office
2020-present	Member of Yamate-area Organizing Committee

SERVICE TO NATIONAL INSTITUTE FOR BASIC BIOLOGY (2008-)

2008-present	Member of Professor Committee
2008-present	Member of Future Plan Committee
2008-present	Member of Floor Plan Committee
2008-present	Member of Library Committee
2008-present	Member of Advisory Committee for Programming and Management
2008-present	Member of Steering Committee of Okazaki Biology Conference
2008-2011	Member of Cooperative Research Committee
2008-2009	Head of Research Center for Integrative and Computational Biology
2008-2011	Member of Safety Committee
2008-present	Member of Facility Committee
2009-present	Member of the Organizing committee of "Japanese-German Symposium on Evolution and Development" held at Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany
2009-2011	Chair of Young Researcher Committee
2010-2011	Chair of International Cooperation Committee

2010-present	Member of Organizing Committee of NIBB Core Research Facilities
2010-present	Member of Organizing Committee of NIBB BioResource Center
2010-present	Member of Steering Committee of Functional Genomics Facility
2010-present	Member of Organizing Committee of Office of Public Relations and International Cooperation
2010-present	Member of Steering Committee of Public Relations
2011-present	Member of International Cooperation Committee
2013-2015	Member of New Model Organism Center
2013-present	Member of Evaluation Strategy Committee
2013-present	Member of Fraud Prevention Committee
2017-2019	Chairperson of the Advisory committee for Programming and Management in NIBB
2020-present	Member of Diversity Committee

SERVICE TO THE GRADUATE UNIVERSITY FOR ADVANCED STUDIES

2000-present	Member of Department Committee
2004-2009	Chief member for Education
2010-2013	Vice Chair, Department of Basic Biology
2014-2016	Dean, School of Life Science, The Graduate University for Advanced Studies
2016-2017	Organizing committee member of the Center for the Promotion of Integrated Sciences

COURSES TAUGHT AT THE GRADUATE UNIVERSITY FOR ADVANCED STUDIES

School of Life Science Classes: E-learning – Developmental Biology I – Evolution and Development (2005-2015)

School of Life Science Classes: Life Science Progress Report I-V (2005-present)

School of Life Science Classes: Life Science Experiments I-V (2005-present)

School of Life Science Classes: Life Science Reading Seminar I-V (2005-present)

Department of Basic Biology Classes: Introduction to Basic Biology (2005-present)

School of Advanced Studies Class: “Life Science and Society” (2010, 2012, 2014)

SYMPOSIUM ORGANIZERS IN INTERNATIONAL MEETING

1993	Organizer, International Botanical Congress, symposium “Molecular phylogeny of green plants”
1998	Organizer, International Symposium on Evolution of Development in the institute of advanced study, Japan,
1998	Organizer, International Symposium on the Biology of Biodiversity in conjunction with the awarding of the international prize for biology
1999	Organizer, International Botanical Congress, keynote symposium, “Evolution and Development in Plants”
2000	Organizer, the 44th NIBB Conference “Evolution and Development”, Okazaki, Japan
2001	Organizer, MOSS2001, the international meeting on moss biology, Okazaki, Japan
2001	Organizing committee, International Carnivorous Plant Meeting, Tokyo
2003	Organizer, Plant Gametophyte, Ascona, Switzerland
2004	Organizing Committee, the 1st Okazaki Biology Conference "Biology of Extinction"
2005	Organizing Committee Member, "Dynamics of Developmental Systems", Nov. 3-6, Kisarazu, Japan

- 2008 Organizing Committee Member, "The 55th NIBB Conference: Frontiers of Plant Science in the 21st Century", Sep. 13-15, Okazaki, Japan
- 2008 Organizer, "Evolution: Genomes, Cell Types and Shapes", Nov. 21-23, Okazaki, Japan
- 2010 Session Organizer, "Regeneration" in the 21st International Conference on Arabidopsis Research, June 6-12, Yokohama, Japan
- 2010 Organizer, "Plant Science Communications 2010", Nov. 16-18, Okazaki, Japan
- 2012 Session organizer, "Molecular and Gnome Evolution", the International Congress on Plant Molecular Biology, Oct. 25, Jeju, South Korea
- 2012 Organizer, "Arabidopsis and Emerging Model Systems from the standpoint of Evolutionary Biology", the NIBB-MPIPZ-TLL joint symposium, Nov. 18-21, NIBB, Okazaki, Japan
- 2015 Session Organizer, "Evolution and Biodiversity" 11th International Congress of Plant Molecular Biology, Oct. 28, Iguazu, Brazil
- 2018 Session Organizer, "EvoDevo" in Naoto Conference "Mechanisms of evolution and biodiversity", Oct. 2-5, Sapporo, Japan
- 2019 Session Organizer, "Evolution/Taxonomy" Japan-Taiwan Plant Biology 2019, March 14-16, Nagoya, Japan

Ph.D. DISSERTATION COMMITTEE IN THE GRADUATE UNIVERSITY FOR ADVANCED STUDIES

- 2000, Koichi Sugita "Establishment of selection marker free transgenic plants with MAT vector system".
- 2001, Naoko Ishikawa "The transposable element *Tip100* and genome rearrangements in the common morning glory".
- 2001, Masami Inaba "Characterization of Na⁺/H⁺ antiporters in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC6803".
- 2001, Yuji Hiwatashi "Identification of genes expressed in apical cells of the moss *Physcomitrella patens* using gene-trap and enhancer-trap systems".
- 2003, Keiko Sakakibara "Characterization of homeodomain-leucine zipper genes in *Physcomitrella patens* with reference to evolution of homeobox genes in land plants".
- 2006, Ushio Fujikura "Genetic analyses of mechanisms of compensation in leaf organogenesis".
- 2009, Zenpei Shimatani " Characterization of autonomous *Dart1* transposons belonging to the *hAT* superfamily in rice"
- 2013, Tsuyoshi Aoyama "Regulation of stem cell characters in the haploid generation of the moss *Physcomitrella patens*"
- 2013, Songkui Cui "Proteomic identification and characterization of novel factors involved in peroxisomal biogenesis"
- 2013, Masahiro Takahara "Molecular genetic analyses and molecular cloning of *TOO MUCH LOVE*; the root regulatory gene in the long-distance regulation of the root-nodule symbiosis in *Lotus japonicus*"
- 2013, Michitaro Shibata "Analyses of autophagy in peroxysome"
- 2014, Emiko Yoro "Molecular genetic studies on regulatory mechanisms for infection thread and root nodule formation in *Lotus japonicus*"
- 2014, Takema Sasaki "Studies on systemic regulatory mechanisms of root nodulation in *Lotus japonicus*"
- 2014, Kenji Fukushima "Evolution of complex traits in carnivorous plants"
- 2016, Shusaku Tsuzuki "アーバスキュラー菌根菌 *Rhizophagus irregularis* の共生確

立に要求されるストリゴラクトン誘導型推定分泌性タンパク質の同定”

- 2017, Chen Li “A Lin28 homolog reprograms differentiated cells to stem cells in the moss *Physcomitrella patens*”
- 2017, Shizuka Koshimizu “Functional analysis of MIKC^c-type MADS-box genes in the moss *Physcomitrella patens* to infer the functional evolution of the gene family”
- 2018, Hanna Nishida “Molecular genetic studies on autoregulation of nodulation and nitrate-induced control of root nodule symbiosis in *Lotus japonicus*”
- 2018, Yousef Yari Kamrani “Study on the molecular mechanisms for high-light acclimation in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*”
- 2018, Kotaro Kosuge “緑藻クラミドモナスにおける LHCSR1 の局在と機能の解析”
- 2018, Mio Morishita “Functional analysis of an AP2/ERF transcription factor STEMIN1 that induces reprogramming of gametophore leaf cells to chloronema apical stem cells in the moss *Physcomitrella patens*”
- 2019, Meng Liu “Investigation of the role of the AP2/ERF transcription factor ERN1 in the root nodule symbiosis signaling network of *Lotus japonicus*”
- 2021, Nao Okuma “Studies on the mechanisms of shoot-mediated control of root nodule symbiosis in *Lotus japonicus*”
- 2021, Akimasa Watanabe “新規精製法を用いた、光化学系 II 超複合体における集光機構の研究”

Ph.D. DISSERTATION COMMITTEE IN OTHER UNIVERSITIES

- 2004 Feb PhD dissertation committee of Univ. Tokyo (Dr. Mikao Shigyo)
- 2005 Feb PhD dissertation committee of Univ. Tokyo (Dr. Takako Tanahashi)

GRADUATE STUDENTS

- Kazuyoshi Someya, M.S. student, Chiba University, 1996-1998
- Kumi Aso, M.S. student, University of Tokyo, 1996-1998
- Fernando-Rivadavia Lopes, M.S. student, Univ. Tokyo, 1996-1998
- Ryosuke Sano, Ph.D. student, Chiba University, 1997-2000
- Saiko Himi, M.S. student, Kanazawa Univ., 1998
- Yoichi Tanabe, Ph.D. student, Chiba Univ., 1998
- Keiko Sakakibara, M.S. student, University of Tokyo, 1997-1999
- Tomoaki Nishiyama, Ph.D. student, Univ. Tokyo, 1997-1999
- Satomi Shindo, Ph.D. student, Graduate University for Advanced Studies, 1998-2001
- Yuji Hiwatashi, Ph.D. student, Graduate University for Advanced Studies, 1998-2001
- Takako Tanahashi, M.S. student, Univ. Tokyo, 1999-2000
- Keiko Sakakibara, Ph.D. student, Graduate University for Advanced Studies, 1999-2003
- Hisako Sakaguchi, M.S. student, Shinshu Univ., 2000-2002
- Tohru Nakamura, M.S. student, Niigata Univ., 2002-2003
- Kaoru Hashimoto, Ph.D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2004-2006
- Shin-Ichi Morinaga, Ph.D. student, Tohoku Univ., 2004-2007
- Kentaro Hosokawa, Ph.D. student, Univ. Tokyo, 2004-2006
- Tsuyoshi Aoyama, Ph.D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2005-2011
- Tomomi Fujii, Ph.D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2008-2010
- Kenji Fukushima, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2010-2015
- Chiharu Kamida, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2012-2020
- Chen Li, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2010-2016
- Tomomi Sugaya, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2010-2020

Liechi Zhang, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2012-2020
 Mio Morishita, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2013-2019
 Shizuka Koshimizu, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2013-2018
 Gu Nan, Joint Ph. D. student, Huazhong Agricultural University, 2014-2020
 Yuta Horiuchi, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2014-present
 Hiraku Suda, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2015-2020
 Gergo Palfalvi, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2015-2020
 Ruan de Villiers, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2016-present
 Masamichi Ueda, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2019-present
 Peng Chen, Ph. D. student, Graduate University for Advanced Studies, 2019-present
 Kuniaki Tanase, Master course student, Nagoya University, 2020-present

HOST OF SUMMER STAY OF FOREIGN UNDERGRADUATE or GRADUATE STUDENTS

Kari Beth Thompson (Prof. Dale Karlson, West Virginia University) June-August 2006, East Asia and Pacific Summer Institutes (EAPSI) program by NSF and JSPS
 Tamrya D. d'Artenay (Prof. Karen Renzaglia, Southern Illinois University) June-August 2007, East Asia and Pacific Summer Institutes (EAPSI) program by NSF and JSPS
 Robert Augustine (Prof. Magdalena Bezanilla, University of Massachusetts) June-August 2008, East Asia and Pacific Summer Institutes (EAPSI) program by NSF and JSPS
 Jessica Buduke (Prof. Bernard Goffnet, University of Connecticut) June-August 2008, East Asia and Pacific Summer Institutes (EAPSI) program by NSF and JSPS
 Yevgeniy Plavskin (Prof. Marja Timmerman, Cold Spring Harbor Laboratory) June-August 2010, East Asia and Pacific Summer Institutes (EAPSI) program by NSF and JSPS
 Pálfalvi, Gergő (University of Pécs, Faculty of Natural Science, Institute of Biology) June-August 2013, July-August 2014, December 2014, NIBB Internship
 Loïc Bideau (Undergraduate Student, Ecole Normale Supérieure de Lyon (ENSL), February-May 2016, NIBB Internship)

HOST OF SAVATICAL STAY

Prof. Jo Ann Banks, Purdue University, USA, 2000-2001
 Dr. George Rutherford, Purdue University, USA, 2000-2001
 Prof. Jean-Pierre Zryd, University of Lausanne, Switzerland, 2001-2002
 Prof. Paul G. Wolf, Utah State University, USA, Sept. 2003-Dec. 2003
 Dr. Carol A. Rowe, Utah State University, USA, Sept. 2003-Dec. 2003
 Prof. Tobias Baskin, University of Massachusetts, Amherst, USA, Aug. 2008-May 2009
 Dr. Katerina Bisova, Academy of Sciences of the Czech Republic. 28th June-28th Sept. 2009 and 15th March-11 April, 2010, 2013, 2014
 Dr. Jesus Vicente Carbojosa, Centre for Plant Genomics & Biotechnology, Technical University of Madrid, Spain. April 2012-August 2012, April 2016-August 2016.

ORGANIZER FOR LABORATORY COURSE AND WORKSHOP **Laboratory course and workshop of the moss *Physcomitrella patens***

2001, 25-29 June
2003, 30 June-4 July
2004, 14-18 June
2005, 27 June-1st July
2007, 21-23 December
2008, 30 June – 4th July
2009, 29 June – 3rd July

Other workshops

2009 March 20 "Next generation sequencer and plant evolutionary biology" Organizer of a workshop held in NIBB, Okazaki, Japan.

EDITORSHIPS:

1997-2000	Editorial Board, Journal of Plant Research
1998-2002	Section Editor of Genetics and Systematics, Plant Biology
1998-2014	Editorial Board, International Journal of Plant Science
2005-2008	Editorial Board, Plant Cell and Physiology
2006-present	Editorial Board, Evolution and Development

REVIEWER FOR SCIENTIFIC JOURNALS:

American Journal of Botany, Australian Journal of Botany, BMC Plant Biology, BMC Biotechnology, Botanica Acta, Current Biology, Current Genetics, Development, Development Genes and Evolution, Evolution and Development, Gene, Genes and Genetic Systems, Japanese Journal of Genetics, International Journal of Plant Science, Journal of Molecular Evolution, Journal of Plant Research, Molecular Biology and Evolution, Nature Plants, New Phytologist, Plant Biology, Plant Cell and Physiology, Planta, Plant Cell, Plant Physiology, Plant Systematics and Evolution, Plant Cell Reports, Proceedings of National Academy of Science, USA, Tree Physiology, Trends in Plant Science

REVIEWER FOR AWARDS, GRANTS, AND PROMOTION IN FOREIGN COUNTRIES

- 1) Foreign reviewer for National Science Foundation foreign reviewer of "Plant Systematics", "Molecular and Cellular Biology", and "Evolution of Developmental Mechanisms".
- 2) Proposal Review Panel of Plant Genome, National Science Foundation.
- 3) Foreign reviewer for the Royal Society and JSPS fellowship.
- 4) Foreign reviewer for Biotechnology and biological sciences research council (BBSRC), UK.
- 5) Reviewer for promotion in Duke University (2009).
- 6) Reviewer for promotion in Harvard University (2003, 2010).
- 7) Reviewer for promotion in Chicago Field Museum (2000).
- 8) Reviewer for ERA-NET PLANT GENOMICS (EU's 6th Framework Program) (2009).
- 9) Reviewer for BARD, the United States – Israel Binational Agricultural Research & Development Fund (2009).
- 10) Reviewer for promotion in Pennsylvania State University (2005).
- 11) Reviewer for the Academia Sinica Institutional Investigatorship (2005).
- 12) Foreign Reviewer for Academia Sinica Investigator Award (2009)
- 13) Foreign Reviewer for Academia Sinica tenure track (2021)
- 14) Foreign Reviewer for Academia Sinica Distinguished Research Fellow (2021)
- 15) Foreign Reviewer for Academia Sinica Thematic Research Program (2021)

REVIEWER FOR JAPANESE ORGANIZATIONS

- 1) Grants-in-Aid for Scientific Research, Document Reviewer (2000-2012)
- 2) Grants-in-Aid for Scientific Research, Reviewing Committee (2016-present)

- 3) JSPS Fellowship and International Cooperation Program, Document Reviewer (2004-2006, 2008-2011)
- 4) Grants-in-Aid for Scientific Research, Subcommittee of Plant Meristem (2007)
- 5) Reviewer for RIKEN Initiative Research Units (2007, 2009)
- 6) Reviewer for the Novartis Foundation (Japan) for the Promotion of Science (2009-2011, 2015-2017)
- 7) Reviewer for a Collaborative Research by Institute of Low Temperature Science, Hokkaido University (2010-2011).

GRANT AWARDS

Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology and Japan Society of Promotion of Sciences (MEXT and JSPS)

1996-1998, Grants-in-Aid for Scientific Research (A) "Early evolution of land plants" co P. I. (P. I. Masahiro Kato), 5,000,000 yen (1996), 1,000,000 yen (1997), 1,000,000 yen (1998)

1996-1998, Grants-in-Aid for Scientific Research (A) "Conservation and extinction of plant biodiversity" co P. I. (P. I. Kunio Iwatsuki), 5,000,000 yen (1996), 1,000,000 yen (1997), 1,000,000 yen (1998)

1996-1997, Grants-in-Aid for Exploratory Research "A study on the evolution of female reproductive organs in angiosperms based on floral homeotic genes". co P. I. (P. I. Masahiro Kato), 2,000,000 yen (1996), 2,000,000 yen (1997)

1997, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Molecular basis of flexible organ plan in plants, Group director, Kenzo Nakamura) "Analysis of homeobox gene functions in organ development at the shoot meristem of *Physcomitrella patens*". P. I., 1,800,000 yen.

1997-1998, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Evolutionary study of morphological evolution of reproductive organs in vascular plants with the analyses of genes involved in development". P. I. 11,300,000 yen (1997), 3,300,000 yen (1998).

1997-1998, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Evolution of haploid and diploid generations: homology between haploid and diploid shoots". P. I. 1,400,000 yen (1997), 600,000 yen (1998).

1997-1999, Grants-in-Aid for Scientific Research (A) "RNA editing and plant evolution" co P. I. (P. I. Koichi Yoshinaga), 1,000,000 yen (1997), 1,000,000 yen (1998), 600,000 yen (1999).

1998-2001, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Molecular mechanisms of multicellular system in plants" (Group director, Kiyotaka Okada), "Molecular mechanisms of initiation and maintenance of shoot meristem in *Physcomitrella patens*". P. I. 3,300,000 yen (1998), 3,000,000 yen (1999), 3,500,000 yen (2000), 2,900,000 yen (2001).

1999-2000, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Exploring genes involved in symbiosis of lichen", P. I., 1,400,000 yen (1999), 700,000 yen (2000).

2000-2001, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Mechanisms of parallel evolution in plant shoots", P. I., 7,300,000 yen (2000), 8,000,000 yen (2001).

2000-2001, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas C "Genome Science" (Group director, Yuji Kohara), "Genomic analyses of auxin and cytokin functions in *Physcomitrella patens*". P. I., 6,000,000 yen (2000), 6,000,000 yen (2001)

2000-2002, JSPS Research for the Future Program "Plant genes" (Group director, Yasuyuki Yamada), "Analysis of biodiversity based of plant genes" co P. I. (P. I. Isao Inoue), 16,000,000 yen (2000), 10,000,000 yen (2001), 10,000,000 yen (2002)

2001, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Molecular mechanisms of genome evolution in plant polyploidization" P. I., 2,200,000 yen.

2001-2005, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Dynamics of Developmental Systems" (Group director, Naoto Ueno), "Mechanisms and Evolution of Developmental Systems" co P. I. (P. I. Sumihare Noji), 9,700,000 yen (2001), 9,700,000 yen (2002), 9,700,000 yen (2003), 9,700,000 yen (2004), 9,000,000 yen (2005).

2002, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Molecular Basis of Axis and Signals in Plant Development" (Group director, Hiroo Fukuda) "Molecular mechanisms of asymmetric cell division as the first step of axis formation in *Physcomitrella patens* and *Arabidopsis thaliana*". 3,600,000 yen (2002).

2002-2003, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Analysis of gene evolution that caused the evolution of floral morphology" P. I., 7,700,000 yen (2002), 7,100,000 yen (2003).

2002-2008, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Molecular Mechanisms of Speciation" (Group director, Norihiro Okada) "Molecular mechanisms of speciation via hybridization and Polyploidization in plants". 20,000,000 yen (2002), 20,000,000 yen (2003), 16,400,000 yen (2004), 16,200,000 yen (2005), 20,000,000 yen (2006), 10,000,000 yen (2007), 10,000,000 yen (2008).

2004-2006, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Origin and evolution of digestive enzymes in carnivorous plants", P. I., 1,000,000 yen (2004), 7,400,000 yen (2005), 6,800,000 yen (2006), 2,580,000 yen (2007).

2005-2006, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Mechanisms of life cycle evolution focusing on polycomb genes", P. I., 2,100,000 yen (2005), 1,300,000 yen (2006).

2005-2009, Grants-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas "Comparative Genomics" (Group director, Asao Fujiyama) "Genomics of evolution and diversity in lower plants" co P. I. (P. I. Hideya Fukuzawa), 9,000,000 yen (2005), 8,800,000 yen (2006), 8,200,000 yen (2007).

2007-2008, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Molecular mechanisms that caused the evolution and diversity of life cycles in land plants", P. I., 9,400,000 yen (2007) and 8,580,000 yen (2008).

2009-2011, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Inference of the developmental genetic networks of the common ancestor of land plants", P. I., 3,900,000 yen (2009), 3,500,000 yen (2010), and 7,000,000 yen (2011).

2009-2011, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Evolutionary significance of sensory movement of *Mimosa pudica*", P. I., 1,000,000 yen (2009), 900,000 yen (2010), and 1,200,000 yen (2011).

2012-2013, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Key factors involved in the evolution from unicellular organisms to multicellular organisms", P. I., 1,400,000 yen (2012), 1,400,000 yen (2013).

2013-2015, Grants-in-Aid for Scientific Research (B) "Analysis of STEMIN, a master regulator for stem cell formation", P. I., 1,700,000 yen (2013), 3,400,000 yen (2014), 3,500,000 yen (2015).

2010-2014, Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas, "Genetic Bases for the Evolution of Complex Adaptive Traits", Program Director, 143,100,000 yen (2010), 54,100,000 yen (2011), 50,500,000 yen (2012), 52,100,000 yen (2013), 38,400,000 yen (2014).

2010-2014, Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas, "Evolution of Complex traits with a small number of genes" in "Genetic Bases for the Evolution of Complex Adaptive Traits", P. I., 15,900,000 yen (2010), 21,200,000 yen (2011), 22,100,000 yen (2012), 21,200,000 yen (2013), 20,100,000 yen (2014).

2015, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Examination of new hypothesis on the seismonastic movement of *Mimosa pudica*", P.I., 3,000,000 yen (2015).

2016-2018, Grants-in-Aid for Exploratory Research "Molecular mechanisms of memory of Venus fly trap *Dionaea muscipula*", P.I., 900,000 yen (2016), 800,000 yen (2017), 1,200,000 yen (2018).

2016, Grants-in-Aid for Scientific Research (A) "Evolution and molecular mechanisms of cell division axis formation as a gland plan of plant developmental evolution", P.I., 19,700,000 yen (2016).

2016-2020, Grants-in-Aid for Scientific Research (S) "Evolution and molecular mechanisms of cell division axis formation as a gland plan of plant developmental evolution", P.I., 75,000,000 yen (2016), 18,600,000 yen (2017), 19,200,000 yen (2018), 22,100,000 yen (2019), 15,200,000 yen (2020).

2017-2021, Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas, "Exploring Evolution of Carnivory in Plants with Perturbation Experiments" in "Constrained and Directional Evolution". P.I. 16,800,000 yen (2017), 18,830,000 yen (2018), 17,220,000 yen (2019), 16,170,000 yen (2020), 15,050,000 yen (2021).

2017-2021, Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas, Support Team in "Constrained and Directional Evolution". coP.I. 129,100,000 yen (2017), 54,400,000 yen (2018), 51,500,000 yen (2019), 51,700,000 yen (2020), 44,500,000 yen (2021).

2021-2027, Grant-in-Aid for Specially Promoted Research, “Studies on the molecular mechanisms and evolution of the generation and transmission of action potential in plants”. P.I. 46,100,000 yen (2021), 125,800,000 yen (2022), 55, 500,000 yen (2023), 55,800,000 yen (2024), 55, 800,000 yen (2025), 52, 800,000 yen (2026), 42, 000,000 yen (2027).

Japan Science and Technology Agency

1998-2001, PRESTO, "Origin and Evolution of gene networks regulating floral morphology", P. I., 5,500,000 yen (1998), 11,000,000 yen (1999), 11,000,000 yen (2000), 5,500,000 yen (2001).

2005-2010, ERATO, "Hasebe Reprogramming Evolution Project", Research Director, 305,000,000 yen (2005), 223,000,000 yen (2006), 339,000,000 yen (2007), 270,000,000 yen (2008), 265,000,000 yen (2009), 198,000,000 yen (2010).

Other Ministries

1996-1998, Ministry of Economy, Trade and Industry, Official Development Assistance, "cooperation of sustainable use and conservation of biodiversity", collaborator (P. I. Kunio Iwatsuki), accepted foreign researchers for two months every year.

Non-Governmental Funds

1998-1999, Fujiwara Natural History Foundation, "Evolution of carnivorous system in the Droseraceae", P. I., 450,000 yen (1998), 350,000 yen (1999).

1999-2000, Showa Seitoku Memorial Foundation, "Exploration of genes involved in symbiosis of lichen". 1,000,000 yen (1999), 500,000 yen (2000).

2018, Naito Foundation, “Mechanisms of seismonastic movement in *Mimosa pudica*”. 1,500,000 yen (2018).

INVITED TALKS IN INTERNATIONAL CONFERENCES:

- | | |
|-----------------|--|
| 1990 July | International Pteridophyte Meeting “Progress in Pteridology”, Mitsuyasu Hasebe, M. and Iwatsuki, K. “Characterization of chloroplast DNA in <i>Adiantum</i> ” Univ. Michigan, Ann Arbor, Michigan, U.S.A. |
| 1993 Aug. 28 | The 15th International Botanical Congress, Symposium "Molecular phylogeny of green plants" organized by Chase, M. and Hasebe, M., Hasebe, M. “Phylogenetic relationships of ferns inferred from <i>rbcL</i> gene sequences”. Organizer, Yokohama, Japan. |
| 1994 Aug. 8 | The 45 th Annual meeting of Botanical Society of America, Symposium “Use of Molecular Data in Evolutionary Studies of Pteridophytes” organized by Wolf, P.G., Hasebe, M. "Molecular Phylogeny of ferns" Knoxville, U.S.A. |
| 1996 Sept. 8 | International symposium to commemorate the discovery of the sperm of <i>Ginkgo biloba</i> . Hasebe, M. “Molecular phylogeny of <i>Ginkgo biloba</i> ”, Tokyo, Japan. |
| 1997 July 28-30 | US-Japan Seminar, "Fern Development and Evolution" organized by Banks, J.A. and Kadota, A., Hasebe, M. "Molecular evolutionary morphology based on MADS-box and homeobox gene expression in <i>Ceratopteris</i> ". West Lafayette, Indiana, USA. |
| 1998 Dec. 10 | The 15th International Symposium held in conjunction with Award of |

- the International Prize for Biology "Alternative Reproduction Strategies" organized by Hoshi, M., Hasebe, M. "Origin and Evolution of Floral Homeotic Genes in Green Plants", Hayama, Kanagawa, Japan.
- 1999 Aug. 1-7 The 16th International Botanical Congress, A keynote symposium "Evolution of Plant Development" organized by Kellogg, E. and Hasebe, M., Hasebe, M. "Origin and Evolution of Floral Homeotic Genes in Green Plants". St. Louis, USA.
- 1999 Aug. 1-7 The 16th International Botanical Congress, a symposium "Bryophytes: model systems for cell and molecular biology" organized by Cove, D., Nishiyama, T. and Hasebe, M. "Approach to the molecular mechanisms of shoot development in *Physcomitrella patens*", St. Louis, MO, USA.
- 2000 March 21-23 The 44th National Institute for Basic Biology Conference "Evolution and Development: Generality and Diversity of Development in Animals and Plants" organized by Hasebe, M., Tsukaya, H., and Agata, K. Hasebe, M. "Origin and evolution of floral homeotic genes in green plants". Okazaki, Japan.
- 2000 Aug. 15 FASEB meeting "Plant Development" organized by Irish, V. Hasebe, M. and Kofuji, R. "Expression patterns of floral homeotic gene homologs in the moss *Physcomitrella patens*, and its implication to the evolution of reproductive organs in land plants", Rockville, Bethesda, USA.
- 2000 Nov. 12 The International Symposium held in conjunction with Award of the 16th Kyoto Prize to Prof. Dr. Walter J. Gehring "Challenge to Evolutionary Developmental Biology: Exploring of Life through Molecules" organized by Nishikawa, S., Hasebe, M. "Origin and Evolution of Floral Homeotic Genes", Kyoto, Japan.
- 2001 May 27-29 The International Meeting on Moss Biology: MOSS2001. Organizer. Okazaki, Japan.
- 2001 July 8-12 The 14th International Congress of Developmental Biology. A symposium "Evolution of the animal body plan" organized by Sato, N., Hasebe, M., Kofuji, R., and Ito, M. "Evolution of floral homeotic genes", Kyoto, Japan.
- 2002 June 21-23 The 4th International Carnivorous Plant Conference. Keynote lecture, Hasebe, M. "Phylogeny of sundews, *Drosera* (Droseraceae) based on chloroplast *rbcL* and nuclear 18S ribosomal DNA sequences", Tokyo, Japan.
- 2002 Sept. 24-27 International Conference on Morphogenesis and Pattern Formation in Biological Systems-Experiments and Models" organized by Noji, S. Hasebe, M., Sakakibara, K., Fujita, T. and Sakaguti, H. "Body plans of land plants are conserved in a diploid generation but not between diploid and haploid generations", Chubu Univ., Kasugai, AICHI, Japan.
- 2003 June 8-13 Conference on "Plant Gametophytes: Evolution, Development and Function" organized by Grossniklaws, U., Banks, J.A., Pruitt, R., and Hasebe, M., Hasebe, M., Sakakibara, K., Sakaguti, H. and Fujita, T. "Evolution of the Plant Gametophyte and Life Cycle", Ascona, Switzerland.
- 2003 July 29 PLANT BIOLOGY 2003 the annual meeting of the American Society of Plant Biologists. Plenary symposium: "Evolution of Plant Development" organized by Sinha, N.R., Hasebe, M. "Evolution of plant body plan from *Physcomitrella* to *Arabidopsis*", Honolulu, Hawaii, USA.

- 2004 March 26-28 European Science Foundation LESC Exploratory Workshop
“Functional Evolution of MADS-domain Proteins” organized by
Theissen, G., Hasebe, M. “On the Evolution of MADS-box Genes in
Green Plants”, Jena, Germany.
- 2004 May 20-22 Penn State Symposium in Plant Physiology: “Regulation of Plant
Growth”, Hasebe, M. "Evolution of the plant body plan from
Physcomitrella to *Arabidopsis*", Pennsylvania State Univ., PA, USA.
- 2004 July 12-16 Ferns for the 21st Century: “An International Symposium on
Pteridophytes”, Keynote speaker, Hasebe, M. "The origin and
evolution of diploid body plans – synthesis of evolution and
development", Edinburgh, Scotland, UK.
- 2004 July 29 International Symposium on Asian Plant Diversity and Systematics.
Keynote speaker, Hasebe, M. “Evolution of Body Plan in Land
Plants”, Chiba, Japan.
- 2004 October 15-17 Frontiers in Sexual Plant Reproduction II. Hasebe, M. "Floral
homeotic gene *FLO/LFY* homologs are indispensable for the first
zygotic cell division in the moss *Physcomitrella patens*", Albany, New
York, USA.
- 2005 Nov. 3-6 2nd International Symposium “Dynamics of Developmental Systems”
organized by Ueno, N. et al., Hasebe, M. “*De novo* indeterminate
meristem evolution in land plants”, Kisarazu, Chiba, Japan.
- 2005 Dec. 1 International Symposium on “Morphology, Molecules and
Morphogenesis” in conjunction with the awarding of the international
prize for biology organized by Sato, N. Hasebe, M. "Evolution of
body plan in land plants", Hayama, Kanagawa, Japan.
- 2006 Jan. 22 The 52nd National Institute for Basic Biology Conference,
“Reproductive Strategies” organized by Hoshi, M., Hasebe, M.
"Evolution of floral homeotic genes: evolution of gene functions in
FLORICAULA/LEAFY gene", Okazaki, Japan.
- 2006 Aug. 14-17 “Bioinformatics and Evolutionary Genomics” organized by Chaw, S.-
M. and Li, W.-H., Hasebe, M. "Genome evolution and body plan
evolution in land plants", Academia Sinica, Taipei, Taiwan.
- 2006 Oct. 23-28 Institute Symposium at Max Planck Institute, Hasebe, M., “Evolution
of Body Plant in Land Plants”, Cologne, Germany
- 2006 Nov. 9-10 The 5th Korea-Japan Joint Symposium “Emerging Plant Science and
Biotechnology” organized by Shin, J.S. and Nagatani, A., Hasebe, M.
“Genome Evolution and Body Plan Evolution in Land Plants”, Tegue,
Korea.
- 2007 Jan. 8-9 Plant Winter Conference organized by Hwang, I., Hasebe, M.
“Evolution of Body Plant in Land Plants”, Pohang University of
Science and Technology, Pohang, Korea
- 2007 Jan. 13 Plant and Animal genome Conferences, Workshop "Lower Plants
Workshop" organized by Cove, D., Hasebe, M. et al. “Genome-wide
Comparison of Developmental Genes in Land Plants”, San Diego,
USA.
- 2007 May 25 EMBL/NIBB Joint Symposium "Cell and Developmental Biology" organized by
Ueno, N., Hasebe, M. "Evolution of Body Plan and Developmental Genes in
Land Plants", Okazaki, Japan.
- 2007 May 30 Symposium in the Joint Meeting of the Japanese Society of Developmental
Biologists and the Japan Society of Cell Biology, "Frontiers in Molecular,
Evolutional and Comparative Biology", Hasebe, M. "Genome-wide comparison
of developmental genes in land plants". Fukuoka, Japan.
- 2007 July 9 Plant Biology and Botany 2007 Joint Congress, ASPB/BSA Joint Symposium
“Evolution of Development” organized by Sinha, N.R., Hasebe, M. "Evolution of

- Developmental Genes in Land Plants", Chicago, USA.
- 2008 Jan. 18 UK-Japan Workshop "Frontiers in Plant Post-Genomics" organized by Shirasu, K. and The British Embassy Tokyo, Hasebe, M. "Evolution of developmental genes in land plants", RIKEN, Yokohama, Japan.
- 2008 July 15 Symposium "Evolution of Development (Evo-Devo)" organized by Dr. Thomas C. Kaufman and E. Wimmer, Hasebe, M. "Evolution of Genome and Body Plan in Land Plants", The International Congress in Genetics, Berlin, Germany.
- 2008 Aug. 13 FASEB Summer Research Conference "Mechanisms in Plant Development" organized by Sinha, N.R. and Kuhlemeier, C., Hasebe, M. "Molecular mechanisms in transdifferentiation of stem cell characters", Saxton River, Vermont, USA.
- 2008 Oct. 21 The XIth France-Japan Workshop on Plant Sciences 2008 "Genome-Wide Omics Analysis in Plant Sciences" organized by Ezura, H. and Pugin, A., Hasebe, M. "Genome analyses of the moss *Physcomitrella patens* and its implication on the evolution of development genes in land plants", Tsukuba, Japan.
- 2008 Nov. 22 The 8th NIBB-EMBL Join Meeting "Evolution: Genomes, Cell Types and Shapes" organized by Gunter, D., Ueno, N., Kuratani, S., and Hasebe, M., Hasebe, M. "PcG genes manages life cycle by regulating pluripotent stem cell character", Okazaki, Japan.
- 2009 Jan. 31 The 25th Symposium in Plant Biology "The Evolution of Plant Development" organized by Springer, P., Hasebe, M. "A polycomb repression complex 2 gene manages life cycle by regulating pluripotent stem cell character", Univ. California, Riverside, USA.
- 2009 July 24 The 3rd International Symposium of the Biodiversity and Evolution Global COE project "Adaptation to Land" Organized by Agata, K., Hasebe, M. "Evolution of Complex Characters in Early Land Plant Evolution: Long Lasting Pluripotent Stem Cells and Branching", Kyoto, Japan.
- 2009 July 27 Symposium "Genome, Phenome, Environment, and Evolution of Land Plants" organized by Qiu, Y.-Q., Botany and Micology 2009, Okano, Y. et al. "A polycomb repressive complex 2 gene regulates apogamy and likely played a role in the evolution of extended diploid generation and branching in land plants", Snowbird, UT, USA.
- 2009 Aug. 13 SYSTEMATICS, Keynote speaker, Hasebe, M. "Evolution of Genome, Body Plan, and Life Cycle in Land Plants", Leiden, Netherland.
- 2009 Aug. 25 Japanese-German Symposium on Evolution and Development, Hasebe, M. "Molecular Mechanisms of the Evolution of Novelty and Complexity", Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany.
- 2009 Sept. 3 The International Darwin Bicentennial Symposium "Integrating Genes, Development and Morphological Evolution" organized by Global COE, Hokkaido Univ., Okano, Y. et al. "Evolution of Complex Character in Early Land Plant Evolution: Long Lasting Pluripotent Stem Cells and Branching", Hokkaido Univ., Sapporo, Japan.
- 2009 Oct. 25 Symposium "Moss Molecular Biology comes of Age" organized by Quatrano, R. in MOSS 2009, Hasebe, M. et al. "Polycomb repressive complex 2 genes *PpCLF* and *PpFIE* regulate apogamy and give evolutionary insights into early land plant evolution", St. Louis, MO, U.S.A.
- 2010 March 11-12 International Symposium "Cell-cell Communication in Plant Reproduction" organized by Kurata, N., Hasebe, M. "Conservation

- and divergence of genes involved in cell-cell communication and development in land plants”, Nara, Japan.
- 2010 June 6-10 Concurrent Session “Regeneration” in the 21st International Conference on Arabidopsis Research organized Hasebe, M., Hasebe, M. “Molecular mechanisms of cell-fate change from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, Yokohama, Japan.
- 2010 July 9 International Conference “New Frontiers in Plant Systematics and Evolution” organized by Ge, S., Sang, T., and Wen, J., Hasebe, M. “Evolution of genome, body plan, and life cycle in land plants”, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China.
- 2010 July 23 International Symposium entitled “New Frontiers of Plant Sciences with *Physcomitrella patens*” organized by Fujita, T., Hasebe, M. “Molecular mechanisms of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, MOSS 2010, Hokkaido Univ., Sapporo, Japan.
- 2010 Aug. 8 “Concurrent Session 9: Evolution of Regulatory Traits” chaired by Shin Aizawa and R. Behringer, Society for Developmental Biology 69th Annual Meeting Jointly with the Japanese Society of Developmental Biologists, Hasebe, M. “Molecular mechanisms of reprogramming to form pluripotent stem cells in a moss *Physcomitrella patens*”, Albuquerque, NM, USA.
- 2011 March 29 “Origin of Plant Patterns” A workshop “Evolution of Plant Patterns” organized by Mata Laskowski and Ben Scheres, Jackson Hall, WY, USA.
- 2012 April 21 “Evolution of the Developmental Functions of Histone Methylations in Land Plants”, Invited talk, “Epigenetic regulation in plants” at Chinese Academy of Science, Beijing.
- 2012 July 7 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, Invited talk in the 1st Annual Symposium in the Centre for Organismal Studies, Heidelberg University, Heidelberg, Germany.
- 2012 Aug. 2 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*.” Keynote lecture at Plant Biology Congress Freiburg 2012, jointly organized by FESPB and EPSO, Freiburg, Germany.
- 2012 Aug.22 “Perspectives on evolutionary biology based on phylogeny”, invited talk in the International Symposium on Molecular Phylogeny, Annual meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan, Tokyo Metropolitan University, Tokyo, Japan.
- 2012 Aug. 24 “A polycomb repressive complex 2 gene regulates apogamy and likely played a role in the evolution of extended diploid generation and branching in land plants”, invited talk at “Evolutionary novelties in land plants and developmental mechanisms symposium” organized by Drs. Toshihiro Yamada and Hirofumi Nishida, the 13th International Palynological Congress and 9th International Organization of Palaeobotany Conference, Chuo University, Tokyo, Japan
- 2012 Oct. 25 “The recurrent co-option in the evolution of digestive enzymes of carnivorous plants” Invited organizer and speaker of a symposium Molecular and Genome Evolution, the International Congress on Plant Molecular Biology, Jeju, South Korea.
- 2012 Nov. 18-21 “Arabidopsis and Emerging Model Systems from the standpoint of Evolutionary Biology”, organizer and speaker at the NIBB-MPIPZ-TLL joint symposium, NIBB, Okazaki, Japan.

- 2013 April 15 “Induction of a single transcription factor *STEMIN* can directly change a differentiated leaf cell to a pluripotent stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, invited speaker at “Non-flowering plant genetics” chaired by John Bowman, the XX International Genetics Congress, Singapore.
- 2013 Aug. 29 “Regulation of bottlenecks in alteration of generations: switches to start diploid and haploid generations” invited talk in the International Symposium “Evolutionary bottle neck” organized by Drs. Shigeru Kuratani and Mikiko Tanaka, Annual meeting of the Society of Evolutionary Studies, Tsukuba University, Tsukuba, Japan.
- 2013 Nov. 22 “Evolution of Genome, body plan, and carnivory in land plants”, invited talk in the International Symposium for International Biology Prize, Kyushu University, Fukuoka, Japan
- 2014 April 23 “Carnivorous plant genomes: the parallel evolution of digestive enzymes”, invited talk in the international symposium “Genome Assisted Biology of Crops and Model Plant System” organized Dr. Nam-Hai Chua, Cold Spring Harbor Asia, Suzhou, China.
- 2014 Sept. 26 “Evolution of Development in Land Plants”, Keynote lecture, the 17th Annual MOSS International Conference, Capital Normal University, Beijing, China
- 2014 Oct. 9 “Epigenetic and genetic changes that caused evolution of land plant body plants” The 38th Naito Conference on “Molecule-based biological systems”, Sapporo, Japan
- 2014 Nov. 24 “Evolution of development in land plants” The 5th NIBB-MPIPZ-TLL Symposium “Horizons in Plant Biology” at MPIPZ, Cologne, Germany.
- 2015 Oct. 20 “Generality and diversity of development in land plants” International Symposium of Korea National Arboretum 2015, Gyeonggi, South Korea
- 2015 Oct. 28 “Evolution of Carnivorous Plants” 11th International Congress of Plant Molecular Biology, Session chair and speaker for “Evolution and Biodiversity”, Iguazu, Brazil
- 2015 Dec. 1 “Life cycle of *Physcomitrella patens* as transitions of eight types of stem cells” Keynote speaker, International Moss Meeting 2015, Cancun, Mexico
- 2016 March 29 “Morphological evolution by switching cell division orientation in plants” in the symposium “Size in Development: Growth, Shape and Allometry”, RIKEN Center for Developmental Biology, Kobe, Japan
- 2016 April 17 “Generality and Diversity of Development in Land Plants: The Common Ancestor of Land Plants” The 37th New Phytologist Symposium: Plant Developmental Evolution, Beijing, China
- 2016 July 27 “Serial changes of eight types of stem cells in the life cycle of the moss *Physcomitrella patens*” In the session “Life Cycle Evolution”, Euro Evo Devo meeting, Uppsala, Sweden
- 2016 Nov 27 “Generality and Diversity of Development in Land Plants” as a special lecture in the annual meeting of Taiwan Society of Plant Biologists, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan
- 2017 March 4 “Effects of cellular changes to the evolution of land plant development and life cycle” at the Rhynie Chert Discussion Meeting – our earliest terrestrial ecosystem revisited organized by Dianne Edwards, Liam Dolan, and Paul Kenrick, The Royal Society, London, England
- 2017 Oct 20 “Evolution of movement and carnivory in flowering plants” As an invited speaker in the 29th Center of Developmental Biology Meeting “Mavericks, New Models in Developmental Biology” organized by

- Hanashima, C., Kiyonari, H., Kuratani, S., and Behringer, R.R., RIKEN CDB, Kobe, Japan: Invited speaker.
- 2017 Nov 6 “Genome biology to understand the evolution of carnivory and movement in plants” As a keynote lecture in 2017 International Symposium on Evolutionary Genomics and Bioinformatics, Tzu Chi University, Huaren, Taiwan: Invited speaker.
- 2017 Dec 16-18 “Effects of Cellular Changes to the Evolution of Land Plant Development and Life Cycle” As a keynote lecture in the 65th NIBB Conference and Marchantia Workshop 2017, NIBB, Okazaki, Japan: Keynote speaker.
- 2018 June 20-23 “Gene regulatory networks on water conductions, flagellate sperm formation, and reprogramming from differentiated cells to stem cells in *Physcomitrella patens*”, an invited speaker in EMBO Workshop “New shores in land plant evolution”, Lisbon, Portugal.
- 2018 Oct 3 “Evolution of Plant Carnivory and Movement” in Naito Conference, Sapporo, Japan.
- 2018 Nov 28 “Evolution of Plant Carnivory and Movement” an international symposium organized by Tetsuya Higashiyama, in Annual Meeting of the Society of Molecular Biology, Yokohama, Japan
- 2018 Dec 3 “Evolution of Plant Carnivory and Movement” in Academia Sinica, Tapei, Taiwan.
- 2019 March 15 “Evolution of Carnivory and movement in Plants”, Japan Taiwan Plant Biology 2019, Nagoya, Japan. Invited session organizer of “Evolution, Taxonomy” and invited speaker.
- 2019 May 14 “Mechanisms of the cell division axis determination and the regeneration of apical stem cells with implication to the body plan evolution and the adaptation to land environment”. International Symposium: Principles of pluripotent stem cells underlying plant vitality, Tohoku University, Sendai, Japan. Invited speaker.
- 2019 June 26 “Molecular mechanisms of reprogramming from differentiated cells to stem cells in the moss *Physcomitrella patens*”. International symposium “Regeneration and Post-Embryonic Development”, Tel Aviv University, Israel. Keynote speaker.
- 2019 July 10 “Mechanisms and evolution of land plant development: stem cell formation and cell division orientation”. A Joint International Meeting of International molecular moss science society and International Association of Bryologists. Jardin Botanico, Madrid, Spain. Keynote speaker.
- 2019 July 31 “Cell division axis regulation and stem cell regeneration in *Physcomitrella patens*”. FASEB “Plant Development”. Invited speaker.
- 2019 Nov. 26 “Evolution of carnivory and movement in plants”. Institute of Tropical Plant Sciences, National Cheng Kung University. Invited speaker.

INVITED SEMINAR FOR SPECIALISTS (from 2005)

- 2005 March 17 “Evolutionary Morphology in Plants”, Seminar at Department of Botany, University of Tokyo.
- 2005 June 2 "Polyploidization and Evolution", National Institute for Genetics Workshop "Genome Flexibility", Mishima, Japan.
- 2005 Aug. 26 "Diversity of Development between metazoans and plants", Symposium "EvoDevo—Evolution of Developmental Systems", 2005 Annual Meeting of Society of Evolutionary Studies, Japan.
- 2005 Oct. 6 "Evolution of Meristem in Plants", NIBB Cooperative Workshop "Plant Meristem", Okazaki, Japan.

- 2005 Nov. 9 "Evolution of Plant Morphology", Graduate Student Seminar, Nara Institute of Science and Technology, Graduate School of Biological Science, Nara, Japan.
- 2005 Nov. 18 "Evolution of indeterminate meristem in land plants", Department Seminar, Univ. Colorado, USA.
- 2005 Nov. 25 "Phylogeny of land plants", Special Symposium on Phylogeny at National Institute of Genetics, Mishima, Japan.
- 2005 Dec. 7 "Genome evolution and body plan evolution in land plants", Workshop on Comparative Genomics at the annual meeting of the molecular biology society of Japan.
- 2005 Dec. 18 "Macro and Micro Biology", Graduate Student Seminar, Kyoto Univ., Kyoto, Japan
- 2006 Jan. 20 "What makes the differences in evodevo between animal and plants", Department Seminar, Faculty of Science, Department of Biology, Nagoya Univ.
- 2006 Jan. 28 "Evolution of Totipotency", Special Symposium on Totipotency, Univ. Tokyo, Tokyo, Japan.
- 2006 Aug. 2 "Molecular mechanisms underlying the differences between land plants and metazoans", Department Seminar at Okayama University, Okayama, Japan.
- 2006 Aug. 31 "Body plan evolution caused by extensive gene gains and losses in land plants which revealed with comparative genomics", Symposium entitled "Evolution of multi gene family: dynamic birth and death of genes" organized by Nishida, M., Tokyo, Japan.
- 2006 Sept. 15 "Evolution of roots in land plants", President Symposium entitled "Roots", Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, Kumamoto, Japan.
- 2006 Oct. 7 "Totipotency in plants and animals: generality and diversity of its regulatory system", Symposium held at International Institute for Advanced Studies, Nara, Japan.
- 2007 Sept. 7 "Evolution of Development with incorporating the genomes of the moss *Physcomitrella patens* and the lycopods *Selaginella moellendorffii*", An Annual meeting of Botanical Society of Japan, Symposium "Plant Functions based on Genome Analyses of Non-Vascular Plants" organized by Dr. H. Fukuzawa and S. Nakayama, Noda, Japan.
- 2008 Jan. 22 "Molecular Phylogeny, Evolution and Development, Comparative Genomics, and more", Special lecture in School of Advanced Sciences, Graduate University of Advanced Studies, Hayama, Kanagawa, Japan.
- 2008 Jan. 24 "Studies on transdifferentiation from a differentiated cell to a stem cell using *Physcomitrella patens* and an establishment of deletion mutants using ion beam", RIKEN Symposium "Revolution of Plant Sciences with Ion beam", Wako, Saitama, Japan.
- 2008 June 13 "Application of new-generation sequencers in *Physcomitrella patens* genome project", MEXT Priority Area "Comparative genomics" Satellite Meeting, Kyusyu Univ., Fukuoka, Japan.
- 2009 Feb. 7 "Molecular mechanisms of apogamy and evolution of body plan in land plants", COE symposium "Best Scientist 2008 Autumn Selected by Graduate Students", Kyushu Univ., Fukuoka, Japan.
- 2009 March 7 "Cell lineage and chromatin modification in plants". Workshop on "Cell lineage in Plants" organized by Prof. Hiroshi Kamada. International Institute for Advanced Studies, Nara, Japan.
- 2009 March 10 "Interest in Basic Biology: Unexpected Results", Bio Forum 2008, Kyoto Sangyo Univ., Kyoto, Japan.
- 2009 March 23 "Generality and diversity of pluripotent stem cell initiation,

- maintenance, repression, and character change”, Symposium "Key process in plant development and cell differentiation" organized by Drs. Mitsuhiro Aida and Masaaki Umeda, Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists. Nagoya Univ., Nagoya, Japan.
- 2009 Aug. 27 "Molecular Mechanisms of Reprogramming to Form Pluripotent Stem Cells in *Physcomitrella patens*" in Prof. Dr. Jon Hughes laboratory in Justus Liebig University, Giessen, Germany.
- 2009 Sept. 28 “Evolution of Complex Characters”, The 3rd Nagoya Univ. Global COE Retreat, Global COE 2007-2011 System Life Science, Suzuka, Mie, Japan.
- 2010 Sept. 17 “Toward Revealing Genetic Bases of Evolution of Complex Adaptive Traits”, Symposium for Public organized by Priority Area Grant “Genetic Bases for the Evolution of Complex Adaptive Traits”, Univ. Tokyo, Tokyo.
- 2011 March 29 “Origin of Plant Patterns” A workshop “Evolution of Plant Patterns” organized by Mata Laskowski and Ben Scheres, Jackson Hall, WY, USA.
- 2011 Sept. 9 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, invited seminar at Institute of Biology, Laboratory of cell and molecular biology, University of Neuchatel, Switzerland.
- 2011 Sept. 16 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, invited seminar at Faculty of Biological Sciences, University of Leeds, England.
- 2011 Nov. 22 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, The 3rd NIBB-TLL-MPIZ Joint Symposium 2011, Temasek Life Science Institute, Singapore.
- 2012 Jan. 23 “Evolution of genome and body plan in land plants”, invited seminar at Chibodas Botanic Garden, Indonesia.
- 2012 Jan. 26 “State changes in different hierarchies”, invited seminar in SOKENDAI International lecture, Bogor Agriculture University, Bogor, Indonesia.
- 2011 Sept. 21 “Evolutionary mechanisms of novel characters in carnivorous plants”, Invited talk, The Japanese Biochemistry Society, The 84th Annual Meeting.
- 2012 April 16 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, Invited seminar at Department of Biochemistry, Fudan University.
- 2012 April 22 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*”, Invited seminar at College of Life Science, Capital Normal University, Beijing.
- 2012 June 1 “Evolutionally Biology”, Invited seminar at Leading Graduate School, Nagoya University, Nagoya, Japan
- 2012 Dec. “Challenge to study interesting non-model organisms with genomes in evolutionary biology”, Invited talk at the international symposium organized Dr. Kiyokazu Agata, The Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
- 2013 July 22 “Evolution of body plan in land plants”, Invited seminar at Department of Biology, Hokkaido University.
- 2013 Nov. 22 “Evolution of genome and body plan in land plants”, Invited seminar at the symposium for International Biology Prize, Kyusyu University, Fukuoka, Japan
- 2013 Dec. 5 “Evolution of novel complex traits”, Invited talk in the annual meeting

- of the Molecular Biology Society of Japan
- 2013 Dec. 10 “Evolution of Carnivorous Plants”, Invited talk at Nagoya University Center for Gene Research, Nagoya, Japan
- 2013 Nov 12 “Evolution of Genome, body plan, and carnivory in land plants”, Invited talk in the workshop to celebrate Dr. Masatoshi Nei’s Kyoto prize, Kyoto, Japan
- 2014 March 27 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*” Invited talk at Academia Sinica, Taipei, invited by Prof. Shu-Hsing Wu, Taiwan
- 2014 April 28 “Evolution of genome, body plan, and life cycle in land plants” Invited talk at Huazhong Agricultural University, invited by Prof. Chunli Chen, Wuhan, China
- 2014 Oct 19 “Molecular networks of reprogramming from a differentiated cell to a stem cell in the moss *Physcomitrella patens*” Invited talk at Huazhong Agricultural University, invited by Prof. Chunli Chen, Wuhan, China
- 2014 Oct 21 “Evolution of genome, body plan, and life cycle in land plants”. Invited talk at the Kunming Botany Research Institute, invited by Prof. Lieu Li, Kunming, China
- 2014 Oct 24 “Evolution of Carnivorous plants”, Invited talk at the Xishangbanna Botanic Garden, invited by Dr. Jianghua Chen, Xishangbanna, Yunnan, China
- 2015 June 27 “Evolution of Carnivorous plants”, Invited talk at National Institute of Genetics, Mishima, Japan
- 2015 Aug. 21 “Restoration of extinct plants with genetic engineering”, Session chair and speaker at the annual meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan, Chuo University, Tokyo, Japan
- 2015 Aug. 22 “Evolution of complex traits”, Session chair and speaker at the annual meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan, Chuo University, Tokyo, Japan
- 2015 Sept. 6 “Evolution of complex traits”, Session chair and speaker at the annual meeting of the Botanical Society of Japan, Niigata, Japan
- 2015 Nov. 16 “Evolutionary questions by a plant biologist”, Invited talk at Yamada Conference “Connection between organisms and non-organisms”, Izu, Tokyo
- 2016 Jan. 14 “Evolutionary studies of novel complex traits with genome technology”, Invited talk at Open Symposium by the Genome Grant, Tokyo, Japan
- 2016 April 23 “Comparative genomics revealed evolution and diversity of land plants”, invited talk at the retirement symposium of Prof. Asao Fujiyama, Tokyo, Japan
- 2016 May 25 “Analyses of molecular mechanisms of spatiotemporal cell division axis regulation to understand Grand plan of plant EvoDevo”
- 2016 July 29 “Evolution of Carnivorous Plants” at the seminar at Institute for Botany, Wurzburg University, Germany
- 2016 Aug 5 “Generality and Diversity in Land Plant Development” at the seminar in Faculty of Science, Niigata University, Niigata, Japan
- 2016 Aug 26 “Evolution of Plants”, organizer of the symposium at the annual meeting of Society of Evolutionary Studies, Japan.
- 2016 Aug 26 “Evolvability and constraint in land plant evolution” in the symposium “Evolvability and Constraint in Evolution” at the annual meeting of Society of Evolutionary Studies, Japan.
- 2016 Aug 26 “Interest in Evolutionary studies of plants” as an award lecture for the Society Prize in Society of Evolutionary Studies, Japan and for Motoo Kimura award from The Motoo Kimura Trust Foundation for the

- Promotion of Evolutionary Biology.
- 2016 Oct 28 “Generality and Diversity of Development in Land Plants” at College of Life Sciences, Peking University, Peking, China
- 2016 Dec 1 “Carnivorous plants, *Physcomitrella*, and *Mimosa pudica*” in a symposium “Interesting model organisms” in the annual meeting of the Molecular Biology Society of Japan, Yokohama, Japan
- 2017 March 1 “Generality and Diversity of Development in Land Plants” at Department of Biology, ETH Zurich, Switzerland
- 2017 March 9 “What I was and may be appreciated as a basic plant scientist” at Faculty of Biology, the Universitas National Jakarta, Indonesia
- 2017 July 3 “Diversity and generality of land plant body plans” In Bioscience seminar at Univ. Tokyo, Tokyo, Japan: Invited speaker.
- 2018 Aug 20 “Evolution of Carnivory and Movement in Plants” in a seminar at Faculty of Science, Hyogo Prefecture University, Hyogo, Japan.
- 2018 Nov. 23 “Evolution of Carnivory and Movement in Plants” in Young Researcher’s Meeting of the Society of Developmental Biology Japan, Okazaki, Japan.: Invited Speaker.
- 2018 Dec 21 “Evolution of Carnivory and Movement in Plants” In Faculty of Science, Chiba University, Japan (in Japanese): Invited Speaker.
- 2019 Sept 25 “New model organisms and new discoveries: *Physcomitrella*, *Mimosa pudica*, and carnivorous plants”. Faculty of Science, Tohoku Univ. Invited Speaker.

INVITED SEMINAR FOR PUBLIC (from 2005)

- 2005 June 4 "Diversity of Plant Morphology", Public Lecture in The Botanical Garden, Univ. Tohoku, Sendai, Japan.
- 2005 Sep. 24 "Molecular Evolution and EvoDevo", Lecture for Students in Sundai Preparatory School, Tokyo, Japan.
- 2006 March 21 "Where organisms come and where they will go?", National Institute for Natural Sciences Symposium with Takashi Tachibana, Tokyo.
- 2006 June 2 "Molecular mechanisms of organism evolution", Lecture for high school teachers in Nagoya city education center, NIBB, Okazaki, Japan.
- 2006 Sept. 23 "What is Biology?", Lecture for Students in Sundai Preparatory School, Tokyo, Japan.
- 2007 Sept. 22 "Regeneration in Plants", Lecture for public organized by Japan Society of Plant Physiologists, Nagoya City Science Museum, Nagoya, Japan.
- 2008 Apr. 12 “Difference of EvoDevo between animals and plants based on comparative genomics”, Symposium for Public entitled “Genome and Life Systems according to Genome Language” organized by 21st Century COE Program, Univ. Tokyo, Tokyo, Japan.
- 2008 Sept. 23 "Evolution of Plants", National Institute for Natural Sciences Symposium with Takashi Tachibana, Tokyo.
- 2008 Dec. 1 "Molecular mechanisms of pluripotent stem cell formation and asexual reproduction in plants" Plant Science Symposium "Future Application of Plant Resources for Human" organized by National Institute of Agrobiological Sciences. Invited speaker, Kokuyo-hall, Tokyo, Japan (In Japanese)
- 2009 Aug. 22 Mitsuyasu Hasebe "Plant Evolution Beyond Darwin". Public Symposium "Beyond Darwin: Evolutionary Biology in 21st Century" organized by Japan Academy, Univ. Tokyo, Tokyo. (In Japanese).
- 2010 Feb. 12 “Genetic Bases of Complex Adaptive Characters”, Symposium for

- Public organized by Priority Area Grant “Genome” entitled “Frontier of Genome Biology”, Tokyo, Japan.
- 2010 Feb. 20 “How organisms evolved with the change of genes”, Lecture in Chiba Natural History Museum, Chiba, Japan.
- 2010 May 4 “Morphology and Evolution of Land Plants”, A special lecture to candidates for the 21th International Biology Olympic, NIBB, Okazaki, Japan.
- 2010 May 30 “Every Plant Book was erroneous: Frontier of Plant Sciences”, Lecture for public organized by Friend Society of Koishikawa Botanical Gardens and Botanical Society of Japan, Univ. Tokyo, Tokyo, Japan.
- 2010 Aug. 4 “Phylogeny and EvoDevo of Plants”, 24 Hours Symposium for Public organized by Profs. Maruyama, S. and Okada, N., The 12th Annual Meeting of Society of Evolutionary Studies, Japan, Tokyo Institute of Technology, Tokyo, Japan.
- 2011 Feb. 14 “Exploration of Invisible hands of Gods in evolutionary biology” Toyota related company technical meeting, NINS, Okazaki, Japan.
- 2011 Dec. 23 “Recent progresses in *Selaginella moellendorffii* and the origin of land plants”, Invited talk at “Shida-to-Koke Danwa-kai”, Osaka City Museum.
- 2012 Dec. 4 “How to teach plant evolution”, High school teachers association in Yamaguchi Prefecture, Yamaguchi, Japan
- 2013 May 3 “Challenge to biologically important questions with mosses”, Invited talk at Ibaraki Nature Museum, Tsukuba, Japan
- 2013 Oct 10 “A view on astrobiology by a biologist”, Invited talk at National Institutes of Natural Sciences Public Seminar, Tokyo, Japan
- 2014 Dec 13 “What is interesting in land plant evolution”, Invited talk in the annual open lecture by the Japanese Society of Plant Taxonomists, Osaka Prefecture University, Osaka, Japan
- 2015 Dec. 7 “Evolution of carnivorous plants”, Invited talk in the annual open lecture by Gakushuin University, Tokyo, Japan
- 2016 April 22 “Evolution of complex traits: Stem cell formation and Carnivorous plants”, Invited talk in Asahi Kasei Co. Ltd., Moriyama, Shiga, Japan
- 2016 Sept to 2017 March “Interests in Plants”, 6 times seminars in NHK Culture Center, Nagoya, Japan
- 2017 March 9 “What I was and may be appreciated as a basic plant scientist” as a keynote lecture in the Indonesia-Japan Joint Research Project Expose and Inauguration of JSPS Alumni Association of Indonesia (JAAI), Jakarta, Indonesia
- 2017 May 15 “植物の形をどう決めるか” As a talk session organized by Japanese Society of Developmental Biology for public, National Science Museum, Ueno, Japan: Invited speaker.
- 2017 Sept. 30 「学問分野を統合するような自然史博物館への期待」日本学术会议主催シンポジウム「進化学と自然史博物館」招待講演 “Natural history museum for citizens to research by themselves with providing contemporay knowledge in biology” In Symposium organized by Japan Academy “Evolutionary biology and Natural history museum”. Invited speaker.
- 2018 Dec. 6 “Why do we study Evolutionary Biology” in Nukata Junior High Schol.
- 2021 March 28 “Evolution of carnivory in plants” in Museum of Natural and Environmental History, Shizuoka.

EXIBITION OR SERVICE FOR PUBLIC

- 2008 Oct. 25-26 "Genome Forum 2008 in Nagoya", Nagoya, Japan.
- 2010 Aug. 8 Interview by a student of the junior high school adjunct to Aichi University of Education.
- 2010 Sept. 11 Chairman of a public symposium entitled "Present issues on Biodiversity Research", Tyubu Univ., Kasugai, Japan.
- 2016 Sept to 2017 March Lecturer at NHK public lecture course "How interesting plants are" (6 times lectures)
- 2018 Feb. 16th "Evolution, Life, and Plants". Lecture at Sho-Nan Junior High School for the 2nd grade students: Invited speaker.
- 2018 Sept to 2019 Aug Mentor in "High school mentor program" Japan Science Foundation.
- 2019 May 22, July 24 "Evolution" in lecturer series "Human university series 2019" in NHK Culture Center, Nagoya
- 2020 May "Evolution: past and present" in lecturer series "Human university series 2020" in NHK Culture Center, Nagoya
- 2020 August to 2021 April (every two weeks) "How to observe plants during lunch time" on-line by NHK Culture Center, Nagoya

2) SUMMARY OF ACHIEVEMENTS from October 2010 to June 2021

***Publications in this period is indicated in bold faces. Cited references without volume and page numbers are published by my team.**

I would like to know key genetic changes that resulted in the evolution of influential novel traits in land plants. For the purpose, I select new key-stone model organisms, sequence the genomes, establish genome editing techniques, and investigate mechanistic novelty at both cellular and organismal levels. Main traits that I studied last eleven years are (1) body plans in land plants, (2) reprogramming ability of somatic cells to stem cells in *Physcomitrium patens*, (3) botanical carnivory, and (4) rapid movement in *Mimosa pudica* and the carnivorous family Droseraceae.

(1) Evolution of Body Plan in Land Plants

Comparisons of metazoan genomes and developmental mechanisms revealed that genetic regulatory networks of development in extant bilateral metazoans were established in their common ancestor. In contrast, the evolution of development in another major lineage of multicellular land organisms, land plants, remained mostly unknown due to a lack of genome information and developmental analyses in non-flowering plants. As a member of international consortia, we sequenced the lycopod *Selaginella moellendorffii* (Selaginella: **Banks et al. 2012 Science**) and the moss *Physcomitrella patens* (Physcomitrella: Rensing et al. 2008 Science) genomes and analyzed the phylogenetic relationships of homologues of approximately 800 *Arabidopsis thaliana* (Arabidopsis) genes that function in development (**Banks et al. 2012 Science**) (Figure 1).

As well as genome comparisons, we compared gene functions in development between Arabidopsis, Selaginella, and Physcomitrella: MADS-box genes (Tanabe et al. 2005 Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **Koshimizu et al. 2018 Nat. Plants**), *LEAFY* gene (Maizel et al. 2005 Science), *WOX* genes (**Sakakibara et al. 2014 Development**), *AINTEGUMENTA/BABYBOOM/PLETHORA* genes (**Aoyama et al. 2012 Development**), *VND/NST* genes (**Xu et al. 2014 Science**), class 1 *KNOX* genes (Sakakibara et al. 2008 Evol.

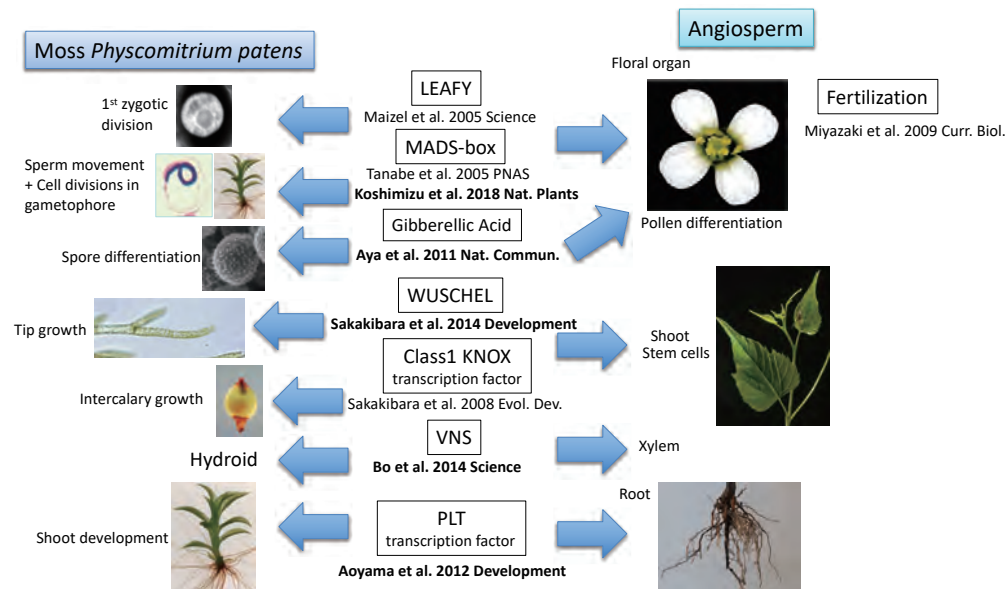


Figure 1: Comparison of functions of genes involved in development between Arabidopsis and Physcomitrium.

Dev.), class 2 KNOX genes (Sakakibara et al. 2013 Science), Polycomb repression complex II gene (Okano et al. 2009 Proc. Natl. Acad. Sci. USA), auxin polar transport and signaling (Fujita

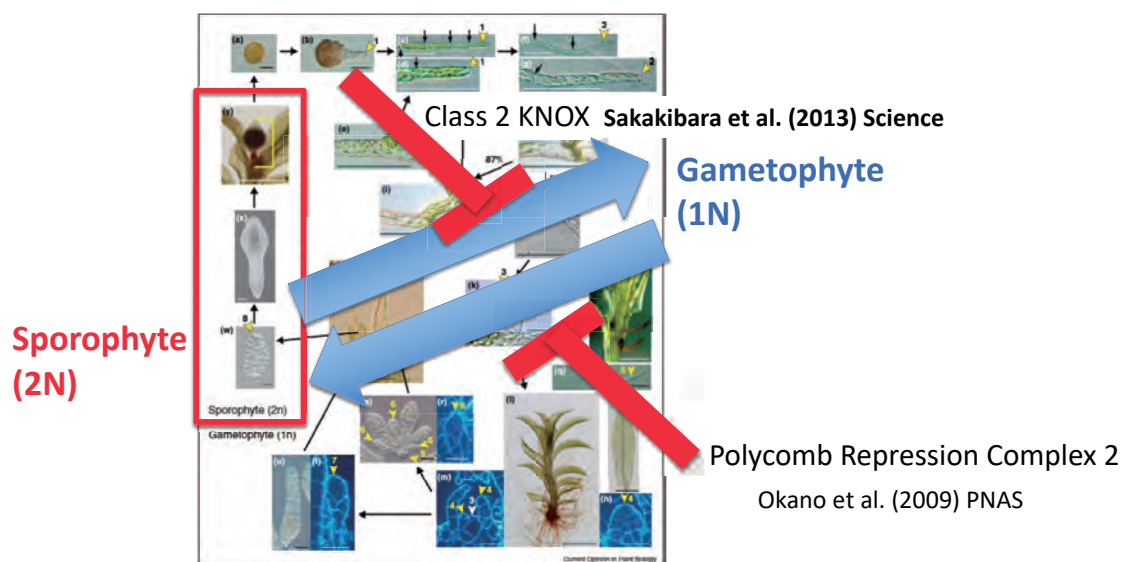


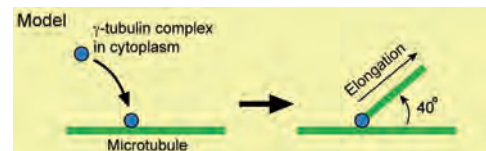
Figure 2: Regulators of diplohaplontic life cycle. Class 2 KNOX genes repress sporophyte somatic cells to be reprogrammed to gametophyte stem cells, while the polycomb repression complex 2 gene represses gametophyte somatic cells not to be reprogrammed to sporophyte stem cells.

et al. 2008 Evol. Dev., Palvskin et al. 2016 Dev. Cell), gibberellin signaling genes (Aya et al. 2011 Nat. Commun.), and genes regulating fertilization (Miyazaki et al. 2009 Curr. Biol.)

(Figure 1). These studies together with publications by other groups showed that genetic regulatory networks in body organization and organ development are substantially different between the different land plant lineages. This supports the palaeobotanical hypothesis that flowering plants, lycopods, and mosses evolved from different ancestors without leaves and complex stems (Doyle 2013 Ann. Plant Reviews 45: 1). We also found regulators of diplohaplontic life cycle, that evolved in the common ancestor of land plants (Okano et al. 2009 Proc. Natl. Acad. Sci. USA, **Sakakibara et al. 2013 Science**) (Figure 2).

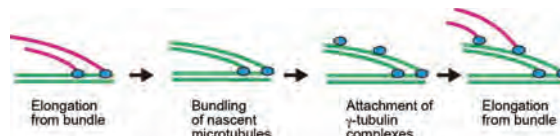
Development depends on cell division orientation especially in plants whose cells do not migrate. We are interested in the regulatory mechanisms of cell division orientation and found new mechanisms of (1) microtubule dependent microtubule initiation (Murata et al. 2005 Nat. Cell Biol.), (2) phragmoplast expansion (Murata et al. 2013 Nat. Commun.), and (3) spindle orientation (Kosetsu et al. 2017 Proc. Natl. Acad. Sci. USA).

Microtubule dependent microtubule initiation
(Murata et al. 2005 Nat. Cell Biol.)



The first finding that a new microtubule originates on a preexisting microtubule.

Mechanisms of Phragmoplast expansion
(Murata et al. 2013 Nat. Commun.)



Phragmoplast expands from the center of the spindle to cellular surface because of the branching nature of microtubules.

Spindle orientation (Kosetsu et al. 2017 Proc. Natl. Acad. Sci. USA).

The "microtubule cloud" (arrow) directs spindle orientation rather than the preprophase band.

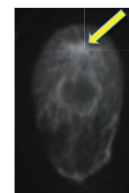


Figure 3: Molecular mechanisms to regulate cell division orientation.

(2) Molecular mechanisms of reprogramming from differentiated cells to stem cells

Plant cells can be more easily reprogrammed from differentiated cells to stem cells than animal cells can. The moss *Physcomitrella patens* has one of highest reprogramming ability in land plants. *Physcomitrella* leaf cells in a dissected leaf segment change to stem cells without exogenous phytohormones within 24 hours. We studied the genetic regulatory networks of the

stem cell formation and found three major pathways (Figure 4): cell cycle reentry with activation of CDKA (Ishikawa et al. 2011 Plant Cell), initiation of tip growth by WOX transcription factor (Sakakibara et al. 2014 Development), post transcriptional regulation by RNA binding protein orthologous to a factor to induce pluripotent stem cell in mammals (Chen et al. 2017 Nat. Commun.). Furthermore, we found that the reprogramming including the three pathways is induced without wounding by a single transcription factor SEMICELL INDUCING FACTOR (STEMIN) (Ishikawa et al. 2019 Nat. Plants). SETMIN induction reduces H3K27me3, which results in the induction of reprogramming genes. We also found that STEMIN directed reprogramming without wounding is induced by DNA damage and STEMIN is indispensable for this reprogramming (Gu et al. 2020 Nat. Plants), suggesting that sessile *Physcomitrella* may utilize reprogramming after substantial but repairable DNA strand breaks to form fast-growing protonema cells to escape from a local area with genotoxic stress before it accumulates in the genome. This may be one of biological reasons why *Physcomitrella* retains such high ability of reprogramming.

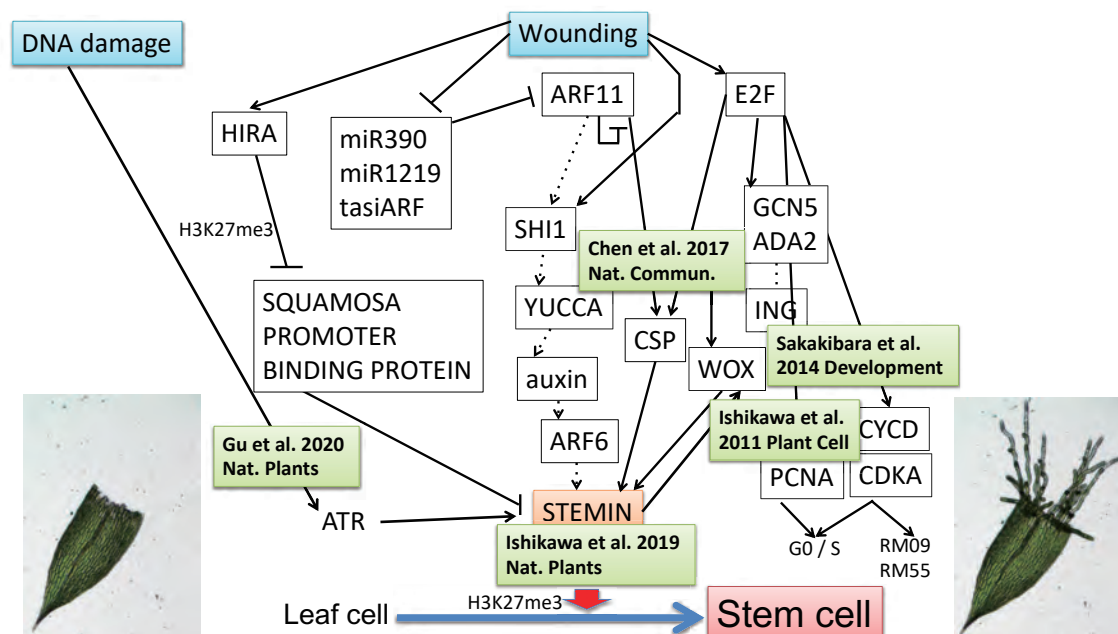


Figure 4: Genetic regulatory network of reprogramming from a leaf cell to a chloronema apical stem cell in *Physcomitrium patens*

(3) Evolution of botanical carnivory

Charles Darwin wrote a book entitled “Carnivorous Plants” based on his observation and experiments. Many studies followed and revealed physiological mechanisms of carnivory in plants. However, we still do not know what modifications of genetic regulatory networks resulted in the evolution of carnivory, mainly because of the lack of genome information and gene manipulation techniques. The evolution of carnivory is one of fundamental questions in evolutionary biology: evolution of novel complex traits. Botanical carnivory comprises many components including capture with modified leaves, digestion by digestive enzymes, and absorption, and becomes adaptive only when most components are gathered together. We analyzed development of the North American pitcher plant *Sarracenia purpurea* with adaxial and abaxial gene markers as well as cellular organization, and found that tissue-specific changes in the orientation of cell divisions underlie the evolution of pitcher leaves (**Fukushima et al. 2015 Nat. Commun.**). This finding implies that pitcher morphology should evolve with small modifications at the early stage of development, suggesting small amounts of genetic modification is necessary for the trap evolution. Next, we sequenced the genome of the

Fukushima et al. 2015 Nat. Commun.

Cell division change at the early stage of development results in a substantial morphological changes.



Sarracenia purpurea

Fukushima et al. 2017 Nat. Eco. Evo.

Cephalotus genome and transcriptome of other carnivorous plants showed Repeated co-options of stress-responsive protein lineages coupled with convergent amino acid substitutions to acquire digestive physiology.



Cephalotus follicularis

Palfalvi et al. 2020 Curr. Biol.

Genome analyses of *Drosera*, *Aldrovanda*, and *Dionaea* revealed that genome duplications facilitated evolution of carnivory.



Drosera spatulata



Dionaea muscipula



Aldrovanda vesiculosa

Figure 5: Evolution of carnivory in plants.

Australian pitcher plant *Cephalotus follicularis* and transcripts of three other carnivorous plants with independent carnivorous origins. This revealed repeated co-options of stress-responsive protein lineages coupled with convergent amino acid substitutions to acquire digestive physiology (**Fukushima et al. 2017 Nat. Eco. Evo.**). We also sequenced the sundew *Drosera*

spatulata, the Venus Flytrap *Dionaea muscipula* (Dionaea), and the waterwheel *Aldrovanda vesiculosa* (Aldrovanda), and found that genome duplication might have accelerated the evolution of carnivory with co-option (Palfalvi et al. 2020 Curr. Biol.).

(4) Evolution of rapid movement in plants

The sensitive plant *Mimosa pudica* and carnivorous plants in the Droseraceae including *Dionaea muscipula*, *Aldrovanda vesiculosa*, and the sundew *Drosera* spp. have long attracted the interest of researchers due to their spectacular leaf movements in response to touch or other external stimuli. Although various aspects of these movements have been elucidated by physiological approaches, the lack of genetic tools available has hampered the investigation of molecular mechanisms involved in these processes. To overcome this obstacle, we developed genetic transformation methods for *Mimosa pudica* (Mano et al. 2014 PLoS ONE) and *Dionaea muscipula* (Suda et al. 2020 Nat. Plants).

In *Dionaea*, the closure response usually requires two successive mechanical stimuli to

Mano et al. 2014 PLoS ONE

Establishment of transformation in *Mimosa pudica*.



Suda et al. 2020 Nat. Plants

Molecular mechanisms of memory system in *Dionaea* can be explained by calcium dynamics.

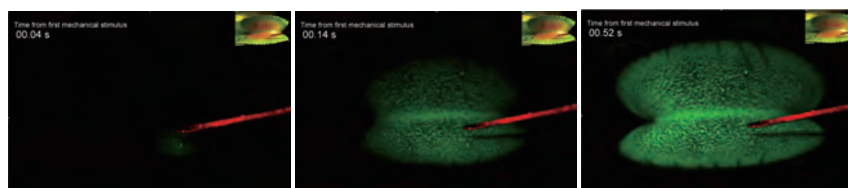


Figure 6: Evolution of rapid movement in plants.

sensory hairs on the leaf blade within approximately 30 s. An unknown biological system in *Dionaea* is thought to memorize the first stimulus and transduce the signal from the sensory hair to the leaf blade. We could link signal memory to calcium dynamics using transgenic *Dionaea* expressing a Ca^{2+} sensor (Suda et al. 2020 Nat. Plants). Stimulation of a sensory hair caused an increase in cytosolic Ca^{2+} concentration ($[\text{Ca}^{2+}]_{\text{cyt}}$) starting in the sensory hair and spreading

to the leaf blade. A second stimulus increased $[Ca^{2+}]_{cyt}$ to an even higher level, meeting a threshold that is correlated to the leaf blade closure. Because $[Ca^{2+}]_{cyt}$ gradually decreased after the first stimulus, the $[Ca^{2+}]_{cyt}$ increase induced by the second stimulus was insufficient to meet the putative threshold for movement after about 30 s. The Ca^{2+} wave triggered by mechanical stimulation moved an order of magnitude faster than that induced by wounding in petioles of *Arabidopsis* and *Dionaea*.

3) REPRESENTATIVE PUBLICATIONS

- Suda, H., Mano, H., Toyota, M., Fukushima, K., Mimura, T., Tsutsui, I., Hedrich, R., Tamada, Y., and Hasebe, M. 2020. Calcium dynamics during trap closure visualized in transgenic Venus flytrap. **Nature Plants** 6, 1219-1224
- Gu, N., Tamada, Y., Imai, A., Palfalvi, G., Kabeya, Y., Shigenobu, S., Ishikawa, M., Angelis, K.J., Chen, C., and Hasebe, M. 2020. DNA damage triggers reprogramming of differentiated cells into stem cells in *Physcomitrella*. **Nature Plants** 6, 1098-1105
- Palfalvi, G., Hackl, T., Terhoeven, N., Shibata, T.F., Nishiyama, T., Ankenbrand, M., Becker, D., Förster, F., Freund, M., Iosip, A., Kreuzer, I., Saul, F., Kamida, C., Fukushima, K., Shigenobu, S., Tamada, Y., Adamec, L., Hoshi, Y., Ueda, K., Winkelmann, T., Fuchs, J., Schubert, I., Schwacke, R., Al-Rasheid, K., Schultz, J., Hasebe, M., and Hedrich, R. 2020. Genomes of the Venus flytrap and close relatives unveil the roots of plant carnivory. **Current Biology** 30, 2312-2320
- Ishikawa, M., Morishita, M., Higuchi, Y., Ichikawa, S., Ishikawa, T., Nishiyama, T., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Kurata, T., Kubo, M., Shigenobu, S., Tamada, Y., Sato, Y. and Hasebe, M. 2019. *Physcomitrella* STEMIN transcription factor induces stem cell formation with epigenetic reprogramming. **Nature Plants** 5, 681-690
- Koshimizu, S., Kofuji, R., Sasaki-Sekimoto, Y., Kikkawa, M., Shimojima, M., Ohta, H., Shigenobu, S., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Tamada, Y., Murata, T., and Hasebe, M. 2018. *Physcomitrella* MADS-box genes regulate water supply and sperm movement for fertilization. **Nature Plants**. 4, 36-45.
- Fukushima, K., Fang, X., Alvarez-Ponce, D., Cai, H., Carretero-Paulet, L., Chen, C., Chang, T.-H., Farr, K.M., Fujita, T., Hiwatashi, Y., Hoshi, Y., Imai, T., Kasahara, M., Librado, P., Mao, L., Mori, H., Nishiyama, T., Nozawa, M., Pálfalvi, G., Pollard, S.T., Rozas, J., Sánchez-Gracia, A., Sankoff, D., Shibata, T.F., Shigenobu, S., Sumikawa, N., Uzawa, T., Xie, M., Zheng, C., Pollock, D.D., Albert, V.A., Li, S., and Hasebe, M. (2017) Genome of pitcher plant *Cephalotus* reveals genetic changes associated with carnivory. **Nature Ecol. Evol.** 1, 59.
- Li, C., Sako, Y., Imai, A., Nishiyama, T., Thompson, K., Kubo, M., Hiwatashi, Y., Kabeya, Y., Karlson, D., Wu, S.-H., Ishikawa, M., Murata, M., Benfey, P.N.,

- Sato, Y., Tamada, Y., and Hasebe, M. (2017) A Lin28 homolog reprograms differentiated cells to stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. **Nature Commun.** 8, 14242.
- Fukushima, K., Fujita, H., Yamaguchi, T., Kawaguchi, M., Tsukaya, H., and Hasebe, M. (2015). Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *Sarracenia purpurea*. **Nature Commun.** 6: 6450.
- Mano, H., Fujii, T., Sumikawa, N., Hiwatashi, Y., and Hasebe, M. (2014). Development of an Agrobacterium-Mediated Stable Transformation Method for the Sensitive Plant *Mimosa pudica*. **PLoS One** 9, e88611.
- Murata, T., Sano, T., Sasabe, M., Nonaka, S., Higashiyama, T., Hasezawa, S., Machida, Y., and Hasebe, M. (2013). Mechanism of microtubule array expansion in the cytokinetic phragmoplast. **Nature Commun.** 4, 1967.
- Sakakibara, K., Ando, S., Yip, H.K., Tamada, Y., Hiwatashi, Y., Murata, T., Deguchi, H., Hasebe, M., and Bowman, J.L. (2013). KNOX2 genes regulate the haploid-to-diploid morphological transition in land plants. **Science** 339, 1067-1070.
- Aya, K., Hiwatashi, Y., Kojima, M., Sakakibara, H., Ueguchi-Tanaka, M., Hasebe, M., and Matsuoka, M. (2011). The Gibberellin perception system evolved to regulate a pre-existing GAMYB-mediated system during land plant evolution. **Nature Communications** 2, 544.
- Banks, J.A., Nishiyama, T., Hasebe, M., Bowman, J.L., Gribskov, M., dePamphilis, C., Albert, V.A., Aono, N., Aoyama, T., Ambrose, B.A., Ashton, N.W., Axtell, M.J., Barker, E., Barker, M.S., Bennetzen, J.L., Bonawitz, N.D., Chapple, C., Cheng, C., Correa, L.G., Dacre, M., DeBarry, J., Dreyer, I., Elias, M., Engstrom, E.M., Estelle, M., Feng, L., Finet, C., Floyd, S.K., Frommer, W.B., Fujita, T., Gramzow, L., Gutensohn, M., Harholt, J., Hattori, M., Heyl, A., Hirai, T., Hiwatashi, Y., Ishikawa, M., Iwata, M., Karol, K.G., Koehler, B., Kolukisaoglu, U., Kubo, M., Kurata, T., Lalonde, S., Li, K., Li, Y., Litt, A., Lyons, E., Manning, G., Maruyama, T., Michael, T.P., Mikami, K., Miyazaki, S., Morinaga, S., Murata, T., Mueller-Roeber, B., Nelson, D.R., Obara, M., Oguri, Y., Olmstead, R.G., Onodera, N., Petersen, B.L., Pils, B., Prigge, M., Rensing, S.A., Riano-Pachon, D.M., Roberts, A.W., Sato, Y., Scheller, H.V., Schulz, B., Schulz, C., Shakhov, E.V., Shibagaki, N., Shinohara, N., Shippen, D.E., Sorensen, I., Sotooka, R., Sugimoto, N., Sugita,

M., Sumikawa, N., Tanurdzic, M., Theissen, G., Ulvskov, P., Wakazuki, S., Weng, J.K., Willats, W.W., Wipf, D., Wolf, P.G., Yang, L., Zimmer, A.D., Zhu, Q., Mitros, T., Hellsten, U., Loque, D., Otiillar, R., Salamov, A., Schmutz, J., Shapiro, H., Lindquist, E., Lucas, S., Rokhsar, D., and Grigoriev, I.V. (2011). The *Selaginella* genome identifies genetic changes associated with the evolution of vascular plants. **Science** 332, 960-963.

Ishikawa, M., Murata, T., Sato, Y., Nishiyama, T., Hiwatashi, Y., Imai, A., Kimura, M., Sugimoto, N., Akita, A., Oguri, Y., Friedman, W.E., Hasebe, M., and Kubo, M. (2011). *Physcomitrella* cyclin dependent kinase A links cell cycle reactivation to other cellular changes during reprogramming of leaf cells. **Plant Cell** 23, 2924-2938.

4) LIST OF PUBLICATIONS

4-1) Original Articles

- Maeda, T., Takahashi, S., Yoshida, T., Shimamura, S., Takaki, Y., Nagai, Y., Toyoda, A., Suzuki, Y., Arimoto, A., Ishii, H., Satoh, N., Nishiyama, T., Hasebe, M., Maruyama, T., Minagawa, J., Obokata, J., and Shigenobu, S. 2021. Chloroplast acquisition without the gene transfer in kleptoplastic sea slugs, *Plakobranthus ocellatus*. **eLife** 10. e60176
- Fukushima, K., Narukawa, H., Palfalvi, G., and Hasebe, M. 2021. A discordance of seasonally covarying cues uncovers misregulated phenotypes in the heterophyllous pitcher plant *Cephalotus follicularis*. **Proc. Royal Soc. B.** 288, 20202568.
- Suda, H., Mano, H., Toyota, M., Fukushima, K., Mimura, T., Tsutsui, I., Hedrich, R., Tamada, Y., and Hasebe, M. 2020. Calcium dynamics during trap closure visualized in transgenic Venus flytrap. **Nature Plants** 6, 1219-1224
- Gu, N., Tamada, Y., Imai, A., Palfalvi, G., Kabeya, Y., Shigenobu, S., Ishikawa, M., Angelis, K.J., Chen, C., and Hasebe, M. 2020. DNA damage triggers reprogramming of differentiated cells into stem cells in *Physcomitrella*. **Nature Plants** 6, 1098-1105
- Palfalvi, G., Hackl, T., Terhoeven, N., Shibata, T.F., Nishiyama, T., Ankenbrand, M., Becker, D., Förster, F., Freund, M., Iosip, A., Kreuzer, I., Saul, F., Kamida, C., Fukushima, K., Shigenobu, S., Tamada, Y., Adamec, L., Hoshi, Y., Ueda, K., Winkelmann, T., Fuchs, J., Schubert, I., Schwacke, R., Al-Rasheid, K., Schultz, J., Hasebe, M., and Hedrich, R. 2020. Genomes of the Venus flytrap and close relatives unveil the roots of plant carnivory. **Current Biology** 30, 2312-2320
- Kumar, M., Quan, X., Awatsuji, Y., Cheng, C., Hasebe, M., Tamada, Y., and Matoba, O. 2020. Common-path multimodal 3D fluorescence and phase imaging system. **J. Biomedical Optics** 25, 1-15
- Yano, H., Alam, M.Z., Rimbara, E., Shibata, T.F., Fukuyo, M., Furuta, Y., Nishiyama, T., Shigenobu, S., Hasebe, M., Toyoda, A., Suzuki, Y., Sugano, S., Shibayama, S., and Kobayashi, I. 2020. Networking and specificity-changing DNA

- methyltransferases in *Helicobacter pylori*. **Front. Microbiology** *11*, 1628-1628
- Sasaki, T., Tsutsumi, M., Otomo, K., Murata, T., Yagi, N., Nakamura, M., Nemoto, T., Hasebe, M., and Oda, Y. 2019. A novel katanin-tethering machinery accelerates cytokinesis. **Current Biology** *29*, 4060-4070
- Hashida, Y., Takechi, K., Abiru, T., Yabe, N., Nagase, H., Hattori, K., Takio, S., Sato, Y., Hasebe, M., Tsukaya, H., and Takano, H. 2020. Two *ANGUSTIFOLIA* genes regulate gametophore and sporophyte development in *Physcomitrella patens*. **Plant J.** *101*, 1318-1330
- Ishikawa, M., Morishita, M., Higuchi, Y., Ichikawa, S., Ishikawa, T., Nishiyama, T., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Kurata, T., Kubo, M., Shigenobu, S., Tamada, Y., Sato, Y. and Hasebe, M. 2019. Physcomitrella STEMIN transcription factor induces stem cell formation with epigenetic reprogramming. **Nature Plants** *5*, 681-690
- Kubo, M., Nishiyama, T., Tamada, Y., Sano, R., Ishikawa, M., Murata, T., Imai, A., Lang, D., Demura, T., Reski, R., Hasebe, M. 2019. Single-cell transcriptome analysis of Physcomitrella leaf cells during reprogramming using microcapillary manipulation. **Nucleic Acids Res.** *47*, 4539-4553
- Kofuji, R., Yagita, Y., Murata, T., and Hasebe, M. 2018. Antheridial development in the moss *Physcomitrella patens*: implications for understanding stem cells in mosses. **Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.** *373*, 20160494.
- Koshimizu, S., Kofuji, R., Sasaki-Sekimoto, Y., Kikkawa, M., Shimojima, M., Ohta, H., Shigenobu, S., Kabeya, Y., Hiwatashi, Y., Tamada, Y., Murata, T., and Hasebe, M. 2018. Physcomitrella MADS-box genes regulate water supply and sperm movement for fertilization. **Nature Plants**. *4*, 36-45.
- Kosetsu, K., Murata, T., Yamada, M., Nishina, M., Boruc, J., Hasebe, M., Damme, DV., and Goshima, G. 2017. Cytoplasmic MTOCs control spindle orientation for asymmetric cell division in plants. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** *114*, E8847-E8854.
- Yilamujiang, A., Zhu, A., Ligabue-Braun, R., Bartram, S., Witte, CP. , Hedrich, R., Hasabe, M., Schöner, CR., Schöner, MG., Kerth, G., Carlini, CR., and Mithöfer, A. 2017. Coprophagous features in carnivorous *Nepenthes* plants: a task for ureases. **Sci.**

Rep. 7, 11647.

- Hattori, M., Tamada, Y., Murata, T., Oya, S., Hasebe, M., Hayano, Y., and Kamei, Y. 2017. Artificial testing targets with controllable blur for adaptive optics microscopes. **Optical Engineering** 56, 080502.
- Sato, Y., Sugimoto, N., Hirai, T., Imai, A., Kubo, M., Hiwatashi, Y., Nishiyama, T., and Hasebe, M. 2017. Cells reprogramming to stem cells inhibit the reprogramming of adjacent cells in the moss *Physcomitrella patens*. **Sci. Rep.** 7, 1909.
- Fukushima, K., Fang, X., Alvarez-Ponce, D., Cai, H., Carretero-Paulet, L., Chen, C., Chang, T.-H., Farr, K.M., Fujita, T., Hiwatashi, Y., Hoshi, Y., Imai, T., Kasahara, M., Librado, P., Mao, L., Mori, H., Nishiyama, T., Nozawa, M., Pálfalvi, G., Pollard, S.T., Rozas, J., Sánchez-Gracia, A., Sankoff, D., Shibata, T.F., Shigenobu, S., Sumikawa, N., Uzawa, T., Xie, M., Zheng, C., Pollock, D.D., Albert, V.A., Li, S., and Hasebe, M. (2017) Genome of pitcher plant *Cephalotus* reveals genetic changes associated with carnivory. **Nature Ecol. Evol.** 1, 59.
- Li, C., Sako, Y., Imai, A., Nishiyama, T., Thompson, K., Kubo, M., Hiwatashi, Y., Kabeya, Y., Karlson, D., Wu, S.-H., Ishikawa, M., Murata, M., Benfey, P.N., Sato, Y., Tamada, Y., and Hasebe, M. (2017) A Lin28 homolog reprograms differentiated cells to stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. **Nature Commun.** 8, 14242.
- Nagata, T., Hasebe, M., Toriba, T., Taneda, H. and Crane, P.R. (2016) Sex conversion in *Ginkgo biloba* (Ginkgoaceae). **J. Jap. Bot.** 91 Suppl.: 120-127.
- Tong, W., Imai, A., Tabata, R., Shigenobu, S., Yamaguchi, K., Yamada, M., Hasebe, M., Sawa, S., Motose, H., and Takahashi, T. (2016). Polyamine Resistance Is Increased by Mutations in a Nitrate Transporter Gene NRT1.3 (AtNPF6.4) in *Arabidopsis thaliana*. **Front. Plant Sci.** 7, 1–22.
- Pereman, I., Mosquna, A., Katz, A., Wiedemann, G., Lang, D., Decker, E.L., Tamada, Y., Ishikawa, T., Nishiyama, T., Hasebe, M., Reski, R., and Ohad, N. (2016). The Polycomb group protein CLF emerges as a specific tri-methylase of H3K27 regulating gene expression and development in *Physcomitrella patens*. **Biochim. Biophys. Acta** 1859, 860–870.
- Plavskin, Y., Nagashima, A., Perroud, P.-F., Hasebe, M., Quatrano, R.S., Atwal, G.S., and Timmermans, M.C.P. (2016). Ancient trans-acting siRNAs confer robustness and

sensitivity onto the auxin response. **Dev. Cell** 36: 276-289.

Fukushima, K., Fujita, H., Yamaguchi, T., Kawaguchi, M., Tsukaya, H., and Hasebe, M. (2015). Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *sarracenia purpurea*. **Nature Commun.** 6: 6450.

Kinoshita, A., ten Hove, C.A., Tabata, R., Yamada, M., Shimizu, N., Ishida, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Takebayashi, Y., Iuchi, S., *et al.* (2015). A plant U-box protein, PUB4, regulates asymmetric cell division and cell proliferation in the root meristem. **Development** 142, 444-453.

Otomo, K., Hibi, T., Murata, T., Watanabe, H., Kawakami, R., Nakayama, H., Hasebe, M., and Nemoto, T. (2015). Multi-point scanning two-photon excitation microscopy by utilizing a high-peak-power 1042-nm laser. **Anal. Sci.** 31, 307-313.

Shimizu, N., Ishida, T., Yamada, M., Shigenobu, S., Tabata, R., Kinoshita, A., Yamaguchi, K., Hasebe, M., Mitsumasu, K., and Sawa, S. (2015). BAM 1 and RECEPTOR-LIKE PROTEIN KINASE 2 constitute a signaling pathway and modulate CLE peptide-triggered growth inhibition in Arabidopsis root. **New Phytol.** 208, 1104-1113.

Teh, O.K., Hatsugai, N., Tamura, K., Fuji, K., Tabata, R., Yamaguchi, K., Shingenobu, S., Yamada, M., Hasebe, M., Sawa, S., Shimada, T., and Hara-Nishimura, I. (2015). BEACH-domain proteins act together in a cascade to mediate vacuolar protein trafficking and disease resistance in Arabidopsis. **Mol. Plant** 8, 389-398.

Xu, B., Ohtani, M., Yamaguchi, M., Toyooka, K., Wakazaki, M., Sato, M., Kubo, M., Nakano, Y., Sano, R., Hiwatashi, Y., Murata, T., Kurata, T., Yoneda, A., Kato, K., Hasebe, M., and Demura, T. (2014). Contribution of nac transcription factors to plant adaptation to land. **Science** 343: 1505-1508.

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

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

e1004272.

- Gusev, O., Suetsugu, Y., Cornette, R., Kawashima, T., Logacheva, M.D., Kondrashov, A.S., Penin, A.A., Hatanaka, R., Kikuta, S., Shimura, S., *et al.* (2014). Comparative genome sequencing reveals genomic signature of extreme desiccation tolerance in the anhydrobiotic midge. **Nature Commun.** 5, 4784.
- Hieno, A., Naznin, H.A., Hyakumachi, M., Sakurai, T., Tokizawa, M., Koyama, H., Sato, N., Nishiyama, T., Hasebe, M., Zimmer, A.D., *et al.* (2014). ppdb: plant promoter database version 3.0. **Nucleic Acids Res.** 42, D1188-1192.
- Ishida, T., Tabata, R., Yamada, M., Aida, M., Mitsumasu, K., Fujiwara, M., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Higuchi, M., Tsuji, H., *et al.* (2014). Heterotrimeric G proteins control stem cell proliferation through CLAVATA signaling in Arabidopsis. **EMBO Rep.** 15, 1202-1209.
- Kishi-Kaboshi, M., Muto, H., Takeda, A., Murata, T., Hasebe, M., and Watanabe, Y. (2014). Localization of tobacco germin-like protein 1 in leaf intercellular space. **Plant Physiol. Biochem.** 85C, 1-8.
- Mano, H., Fujii, T., Sumikawa, N., Hiwatashi, Y., and Hasebe, M. (2014). Development of an Agrobacterium-Mediated Stable Transformation Method for the Sensitive Plant *Mimosa pudica*. **PLoS One** 9, e88611.
- Sakakibara K, R.P., Aoyama T, Friedrich T, Ando S, Sato Y, Tamada Y, Nishiyama T, Hiwatashi Y, Kurata T, Ishikawa M, Deguchi H, Rensing SA, Werr W, Murata T, Hasebe M, Laux T. (2014). WOX13-like genes are required for reprogramming of leaf and protoplast cells into stem cells in the moss *Physcomitrella patens*. **Development** 141, 1660-1670.
- Sessa, E., Banks, J., Barker, M., Der, J., Duffy, A., Graham, S., Hasebe, M., Langdale, J., Li, F., Marchant, D., *et al.* (2014). Between two fern genomes. **Gigascience** 3, 15.
- Takeshita, K., Shibata, T.F., Nikoh, N., Nishiyama, T., Hasebe, M., Fukatsu, T., Shigenobu, S., and Kikuchi, Y. (2014). Whole-Genome Sequence of *Burkholderia* sp. Strain RPE67, a Bacterial Gut Symbiont of the Bean Bug *Riptortus pedestris*. **Genome Announc.** 2.
- Tamada, Y., Murata, T., Hattori, M., Oya, S., Hayano, Y., Kamei, Y., and Hasebe, M.

- (2014). Optical property analyses of plant cells for adaptive optics microscopy. **Int. J. Optomechatronics** 8, 1-11.
- Kim, S.Y., Colpitts, C.C., Wiedemann, G., Jepson, C., Rahimi, M., Rothwell, J.R., McInnes, A.D., Hasebe, M., Reski, R., Sterenberg, B.T., *et al.* (2013). Physcomitrella PpORS, basal to plant type III polyketide synthases in phylogenetic trees, is a very long chain 2'-oxoalkylresorcinol synthase. **J. Biol. Chem.** 288, 2767-2777.
- Kubo, M., Imai, A., Nishiyama, T., Ishikawa, M., Sato, Y., Kurata, T., Hiwatashi, Y., Reski, R., and Hasebe, M. (2013). System for stable beta-estradiol-inducible gene expression in the moss *Physcomitrella patens*. **PLoS ONE** 8, e77356.
- Murata, T., Sano, T., Sasabe, M., Nonaka, S., Higashiyama, T., Hasezawa, S., Machida, Y., and Hasebe, M. (2013). Mechanism of microtubule array expansion in the cytokinetic phragmoplast. **Nature Commun.** 4, 1967.
- Sakakibara, K., Ando, S., Yip, H.K., Tamada, Y., Hiwatashi, Y., Murata, T., Deguchi, H., Hasebe, M., and Bowman, J.L. (2013). KNOX2 genes regulate the haploid-to-diploid morphological transition in land plants. **Science** 339, 1067-1070.
- Shibata, T.F., Maeda, T., Nikoh, N., Yamaguchi, K., Oshima, K., Hattori, M., Nishiyama, T., Hasebe, M., Fukatsu, T., Kikuchi, Y., *et al.* (2013). Complete Genome Sequence of Burkholderia sp. Strain RPE64, Bacterial Symbiont of the Bean Bug Riptortus pedestris. **Genome Announc.** 1, e00441-00413.
- Zimmer, A.D., Lang, D., Buchta, K., Rombauts, S., Nishiyama, T., Hasebe, M., Van de Peer, Y., Rensing, S.A., and Reski, R. (2013). Reannotation and extended community resources for the genome of the non-seed plant *Physcomitrella patens* provide insights into the evolution of plant gene structures and functions. **BMC Genomics** 14, 498.
- Aoyama, T., Hiwatashi, Y., Shigyo, M., Kofuji, R., Kubo, M., Ito, M., and Hasebe, M. (2012). AP2-type transcription factors determine stem cell identity in the moss *Physcomitrella patens*. **Development** 139, 3120-3129.
- Nishimura, T., Matano, N., Morishima, T., Kakinuma, C., Hayashi, K.I., Komano, T., Kubo, M., Hasebe, M., Kasahara, H., Kamiya, Y., and Koshiba, T. (2012). Identification of indole-3-acetic acid transport inhibitors including compounds

affecting cellular PIN trafficking by two chemical screening approaches using maize coleoptile systems. **Plant Cell Physiol.** 53, 1671-1682.

Nishiyama, T., Miyawaki, K., Ohshima, M., Thompson, K., Nagashima, A., Hasebe, M., and Kurata, T. (2012). Digital gene expression profiling by 5'-end sequencing of cDNAs during reprogramming in the moss *Physcomitrella patens*. **PLoS ONE** 7, e36471.

Suetsugu, N., Sato, Y., Tsuboi, H., Kasahara, M., Imaizumi, T., Kagawa, T., Hiwatashi, Y., Hasebe, M., and Wada, M. (2012). The KAC family of kinesin-like proteins is essential for the association of chloroplasts with the plasma membrane in land plants. **Plant Cell Physiol.** 53, 1854-1865.

Zhao, N., Ferrer, J.L., Moon, H.S., Kapteyn, J., Zhuang, X., Hasebe, M., Stewart, C.N., Jr., Gang, D.R., and Chen, F. (2012). A SABATH Methyltransferase from the moss *Physcomitrella patens* catalyzes S-methylation of thiols and has a role in detoxification. **Phytochemistry** 81, 31-41.

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

Banks, J.A., Nishiyama, T., Hasebe, M., Bowman, J.L., Gribskov, M., dePamphilis, C., Albert, V.A., Aono, N., Aoyama, T., Ambrose, B.A., Ashton, N.W., Axtell, M.J., Barker, E., Barker, M.S., Bennetzen, J.L., Bonawitz, N.D., Chapple, C., Cheng, C., Correa, L.G., Dacre, M., DeBarry, J., Dreyer, I., Elias, M., Engstrom, E.M., Estelle, M., Feng, L., Finet, C., Floyd, S.K., Frommer, W.B., Fujita, T., Gramzow, L., Gutensohn, M., Harholt, J., Hattori, M., Heyl, A., Hirai, T., Hiwatashi, Y., Ishikawa, M., Iwata, M., Karol, K.G., Koehler, B., Kolukisaoglu, U., Kubo, M., Kurata, T., Lalonde, S., Li, K., Li, Y., Litt, A., Lyons, E., Manning, G., Maruyama, T., Michael, T.P., Mikami, K., Miyazaki, S., Morinaga, S., Murata, T., Mueller-Roeber, B., Nelson, D.R., Obara, M., Oguri, Y., Olmstead, R.G., Onodera, N., Petersen, B.L., Pils, B., Prigge, M., Rensing, S.A., Riano-Pachon, D.M., Roberts, A.W., Sato, Y., Scheller, H.V., Schulz, B., Schulz, C., Shakhov, E.V., Shibagaki, N., Shinohara, N., Shippen, D.E., Sorensen, I., Sotooka, R., Sugimoto, N., Sugita, M., Sumikawa, N., Tanurdzic, M., Theissen, G., Ulvskov, P., Wakazuki, S., Weng, J.K., Willats, W.W., Wipf, D., Wolf, P.G., Yang, L., Zimmer, A.D., Zhu, Q., Mitros,

- T., Hellsten, U., Loque, D., Otiillar, R., Salamov, A., Schmutz, J., Shapiro, H., Lindquist, E., Lucas, S., Rokhsar, D., and Grigoriev, I.V. (2011). The *Selaginella* genome identifies genetic changes associated with the evolution of vascular plants. **Science** 332, 960-963.
- Ishikawa, M., Murata, T., Sato, Y., Nishiyama, T., Hiwatashi, Y., Imai, A., Kimura, M., Sugimoto, N., Akita, A., Oguri, Y., Friedman, W.E., Hasebe, M., and Kubo, M. (2011). Physcomitrella cyclin dependent kinase A links cell cycle reactivation to other cellular changes during reprogramming of leaf cells. **Plant Cell** 23, 2924-2938.
- Motose, H., Hamada, T., Yoshimoto, K., Murata, T., Hasebe, M., Watanabe, Y., Hashimoto, T., Sakai, T., and Takahashi, T. (2011). NIMA-related kinases 6, 4, and 5 interact with each other to regulate microtubule organization during epidermal cell expansion in *Arabidopsis thaliana*. **Plant J.** 67, 993-1005.
- Hayashi, K., Horie, K., Hiwatashi, Y., Kawaide, H., Yamaguchi, S., Hanada, A., Nakashima, T., Nakajima, M., Mander, L.N., Yamane, H., Hasebe, M., and Nozaki, H. (2010). Endogenous diterpenes derived from ent-kaurene, a common gibberellin precursor, regulate protonema differentiation of the moss *Physcomitrella patens*. **Plant Physiol.** 153, 1085-1097.
- Mikami, K., Saavedra, L., Hiwatashi, Y., Uji, T., Hasebe, M., and Sommarin, M. (2010). A dibasic amino acid pair conserved in the activation loop directs plasma membrane localization and is necessary for activity of plant type I/II phosphatidylinositol phosphate kinase. **Plant Physiol.** 153, 1004-1015.
- Ohshima, I., Tanikawa-Dodo, Y., Saigusa, T., Nishiyama, T., Kitani, M., Hasebe, M., and Mohri, H. (2010). Phylogeny, biogeography, and host-plant association in the subfamily Apaturinae (Insecta: Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from eight nuclear and seven mitochondrial genes. **Mol. Phylogenet. Evol.** 57, 1026-1036.
- Yokoyama, R., Uwagaki, Y., Sasaki, H., Harada, T., Hiwatashi, Y., Hasebe, M., and Nishitani, K. (2010). Biological implications of the occurrence of 32 members of the XTH (xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase) family of proteins in the bryophyte *Physcomitrella patens*. **Plant J.** 64, 645-656.
- Kofuji, R., Yoshimura, T., Inoue, H., Sakakibara, K., Hiwatashi, Y., Kurata, T., Aoyama,

- T., Ueda, K., and Hasebe, M. (2009). Gametangia development in the moss *Physcomitrella patens*. In *The moss Physcomitrella*, D. Cove, Perroud, F., and Knight, C., ed. (Black Well), pp. 167-181.
- Miyazaki, S., Murata, T., Sakurai-Ozato, N., Kubo, M., Demura, T., Fukuda, H., and Hasebe, M. (2009). *ANXURI* and 2, sister genes to *FERONIA/SIRENE*, are male factors for coordinated fertilization. **Curr. Biol.** *19*, 1327-1331.
- Oda, Y., Hirata, A., Sano, T., Fujita, T., Hiwatashi, Y., Sato, Y., Kadota, A., Hasebe, M., and Hasezawa, S. (2009). Microtubules regulate dynamic organization of vacuoles in *Physcomitrella patens*. **Plant Cell Physiol.** *50*, 855-868.
- Okano, Y., Aono, N., Hiwatashi, Y., Murata, T., Nishiyama, T., Ishikawa, T., Kubo, M., and Hasebe, M. (2009). A polycomb repressive complex 2 gene regulates apogamy and gives evolutionary insights into early land plant evolution. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *106*, 16321-16326.
- Abe, J., Hiwatashi, Y., Ito, M., Hasebe, M., and Sekimoto, H. (2008). Expression of exogenous genes under the control of endogenous HSP70 and CAB promoters in the *Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex. **Plant Cell Physiol.** *49*, 625-632.
- Fujita, T., Sakaguchi, H., Hiwatashi, Y., Wagstaff, S.J., Ito, M., Deguchi, H., Sato, T., and Hasebe, M. (2008). Convergent evolution of shoots in land plants: lack of auxin polar transport in moss shoots. **Evol. Dev.** *10*, 176-186.
- Hiwatashi, Y., Obara, M., Sato, Y., Fujita, T., Murata, T., and Hasebe, M. (2008). Kinesins are indispensable for interdigitation of phragmoplast microtubules in the moss *Physcomitrella patens*. **Plant Cell** *20*, 3094-3106.
- Hoshi, Y., Shirakawa, J., Hasebe, M., Fukushima, K., and Kondo, K. (2008). Tandem repeat rDNA sequence derived from parents were stably maintained in hexaploids of *Drosera spathulata* complex (Droseraceae). **Cytologia** *73*, 313-325.
- Inouye, T., Odahara, M., Fujita, T., Hasebe, M., and Sekine, Y. (2008). Expression and complementation analyses of a chloroplast-localized homolog of bacterial RecA in the moss *Physcomitrella patens*. **Biosci. Biotechnol. Biochem.** *72*, 1340-1347.
- Morinaga, S.-I., Nagano, A.J., Miyazaki, S., Kubo, M., Demura, T., Fukuda, H., Sakai, S.,

- and Hasebe, M. (2008). Ecogenomics of cleistogamous and chasmogamous flowering: genome-wide gene expression patterns from cross-species microarray analysis in *Cardamine kokaiensis* (Brassicaceae). **J. Ecol.** 96, 1086-1097.
- Rensing, S.A., Lang, D., Zimmer, A.D., Terry, A., Salamov, A., Shapiro, H., Nishiyama, T., Perroud, P.F., Lindquist, E.A., Kamisugi, Y., Tanahashi, T., Sakakibara, K., Fujita, T., Oishi, K., Shin, I.T., Kuroki, Y., Toyoda, A., Suzuki, Y., Hashimoto, S., Yamaguchi, K., Sugano, S., Kohara, Y., Fujiyama, A., Anterola, A., Aoki, S., Ashton, N., Barbazuk, W.B., Barker, E., Bennetzen, J.L., Blankenship, R., Cho, S.H., Dutcher, S.K., Estelle, M., Fawcett, J.A., Gundlach, H., Hanada, K., Heyl, A., Hicks, K.A., Hughes, J., Lohr, M., Mayer, K., Melkozernov, A., Murata, T., Nelson, D.R., Pils, B., Prigge, M., Reiss, B., Renner, T., Rombauts, S., Rushton, P.J., Sanderfoot, A., Schween, G., Shiu, S.H., Stueber, K., Theodoulou, F.L., Tu, H., Van de Peer, Y., Verrier, P.J., Waters, E., Wood, A., Yang, L., Cove, D., Cuming, A.C., Hasebe, M., Lucas, S., Mishler, B.D., Reski, R., Grigoriev, I.V., Quatrano, R.S., and Boore, J.L. (2008). The *Physcomitrella* genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. **Science** 319, 64-69.
- Sakakibara, K., Nishiyama, T., Deguchi, H., and Hasebe, M. (2008). Class 1 KNOX genes are not involved in shoot development in the moss *Physcomitrella patens* but do function in sporophyte development. **Evol. Dev.** 10, 555-566.
- Tanikawa-Dodo, Y., Saigusa, T., Chiba, H., Nishiyama, T., Hirowatari, T., Ishii, M., Yagi, T., Hasebe, M., and Mohri, H. (2008). Molecular phylogeny of Japanese skippers (Lepidoptera, HesperIIDae) baed on mitochondrial *ND5* and *COI* gene sequences. **Trans. Lepid. Soc. Japan** 59, 29-41.
- Hirano, K., Nakajima, M., Asano, K., Nishiyama, T., Sakakibara, H., Kojima, M., Katoh, E., Xiang, H., Tanahashi, T., Hasebe, M., Banks, J.A., Ashikari, M., Kitano, H., Ueguchi-Tanaka, M., and Matsuoka, M. (2007). The GID1-mediated gibberellin perception mechanism Is conserved in the lycophyte *Selaginella moellendorffii* but not in the bryophyte *Physcomitrella patens*. **Plant Cell** 19, 3058-3079.
- Odahara, M., Inouye, T., Fujita, T., Hasebe, M., and Sekine, Y. (2007). Involvement of mitochondrial-targeted RecA in the repair of mitochondrial DNA in the moss, *Physcomitrella patens*. **Genes Genet. Syst.** 82, 43-51.
- Tsuji, S., Ueda, K., Nishiyama, T., Hasebe, M., Yoshikawa, S., Konagaya, A., Nishiuchi,

- T., and Yamaguchi, K. (2007). The chloroplast genome from a lycophyte (microphyllphyte), *Selaginella uncinata*, has a unique inversion, transpositions and many gene losses. **J. Plant Res.** 120, 281-290.
- Hoshi, Y., Shirakawa, J., and Hasebe, M. (2006). Nucleotide sequence variation was unexpectedly low in an endangered species, *Aldrovanda vesiculosa* L. (Droseraceae). **Chromosome Bot.** 1, 27-32.
- Machida, M., Takechi, K., Sato, H., Chung, S.J., Kuroiwa, H., Takio, S., Seki, M., Shinozaki, K., Fujita, T., Hasebe, M., and Takano, H. (2006). Genes for the peptidoglycan synthesis pathway are essential for chloroplast division in moss. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 103, 6753-6758.
- Shigyo, M., Hasebe, M., and Ito, M. (2006). Molecular evolution of the AP2 subfamily. **Gene** 366, 256-265.
- Hayashida, A., Takechi, K., Sugiyama, M., Kubo, M., Itoh, R.D., Takio, S., Fujita, T., Hiwatashi, Y., Hasebe, M., and Takano, H. (2005). Isolation of mutant lines with decreased number of chloroplasts per cell from tagged mutant library of moss *Physcomitrella patens*. **Plant Biol.** 54, 300-306.
- Kishi-Kaboshi, M., Murata, T., Hasebe, M., and Watanabe, Y. (2005). An extraction method for tobacco mosaic virus movement protein localizing in plasmodesmata. **Protoplasma** 225, 85-92.
- Maizel, A., Busch, M.A., Tanahashi, T., Perkovic, J., Kato, M., Hasebe, M., and Weigel, D. (2005). The floral regulator *LEAFY* evolves by substitutions in the DNA binding domain. **Science** 308, 260-263.
- Murata, T., Sonobe, S., Baskin, T.I., Hyodo, S., Hasezawa, S., Nagata, T., Horio, T., and Hasebe, M. (2005). Microtubules are nucleated on extant microtubules via gamma-tubulin in plant cortical arrays. **Nature Cell Biol.** 7, 961-968.
- Nakamura, T., Fukuda, T., Nakano, M., Hasebe, M., Kameya, T., and Kanno, A. (2005). The modified ABC model explains the development of the petaloid perianth of *Agapanthus praecox* ssp. *orientalis* (Agapanthaceae) flowers. **Plant Mol. Biol.** 58, 435-445.
- Sano, R., Juárez, C.M., Hass, B., Sakakibara, K., Ito, M., Banks, J.A., and Hasebe, M.

- (2005). KNOX homeobox genes potentially have similar function in both diploid unicellular and multicellular meristems, but not in haploid meristems. **Evol. Dev.** 7, 69-78.
- Tanabe, Y., Hasebe, M., Sekimoto, H., Nishiyama, T., Kitani, M., Henschel, K., Münster, T., Theissen, G., Nozaki, H., and Ito, M. (2005). Characterization of MADS-box genes in charophycean green algae and its implication for the evolution of MADS-box genes. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 102, 2436–2441.
- Tanahashi, T., Sumikawa, N., Kato, M., and Hasebe, M. (2005). Diversification of gene function: homologs of the floral regulator *FLO/LFY* control the first zygotic cell division in the moss *Physcomitrella patens*. **Development** 132, 1727-1736.
- Aoki, S., Uehara, K., Imafuku, M., Hasebe, M., and Ito, M. (2004). Phylogeny and divergence of basal angiosperms inferred from APETALA3- and PISTILLATA-like MADS-box genes. **J. Plant Res.** 117, 229-244.
- Hattori, M., Hasebe, M., and Sugita, M. (2004). Identification and characterization of cDNAs encoding pentatricopeptide repeat proteins in the basal land plant, the moss *Physcomitrella patens*. **Gene** 343, 305-311.
- Nishiyama, T., Wolf, P.G., Kugita, M., Sinclair, R.B., Sugita, M., Sugiura, C., Wakasugi, T., Yamada, K., Yoshinaga, K., Yamaguchi, K., Ueda, K., and Hasebe, M. (2004). Chloroplast phylogeny indicates that bryophytes are monophyletic. **Mol. Biol. Evol.** 21, 1813-1819.
- Rutherford, G., Tanurdzic, M., Hasebe, M., and Banks, J.A. (2004). A systemic gene silencing method suitable for high throughput, reverse genetic analyses of gene function in fern gametophytes. **BMC Plant Biol.** 4, 6.
- Tamura, M.N., Fuse, S., Azuma, H., and Hasebe, M. (2004). Biosystematic studies on the family Tofieldiaceae I. Phylogeny and circumscription of the family inferred from DNA sequences of *matK* and *rbcL*. **Plant Biol.** 6, 562-567.
- Wolf, P.G., Rowe, C.A., and Hasebe, M. (2004). High levels of RNA editing in a vascular plant chloroplast genome: analysis of transcripts from the fern *Adiantum capillus-veneris*. **Gene** 339, 89-97.
- Itoh, Y., Hasebe, M., Davies, E., Takeda, J., and Ozeki, Y. (2003). Survival of Tdc

- transposable elements of the En/Spm superfamily in the carrot genome. **Mol. Genet. Genomics** 269, 49-59.
- Kofuji, R., Sumikawa, N., Yamasaki, M., Kondo, K., Ueda, K., Ito, M., and Hasebe, M. (2003). Evolution and divergence of the MADS-box gene family based on genome-wide expression analyses. **Mol. Biol. Evol.** 20, 1963-1977.
- Nishiyama, T., Fujita, T., Shin-I, T., Seki, M., Nishide, H., Kamiya, A., Carninci, P., Hayashizaki, Y., Shinozaki, K., Kohara, Y., and Hasebe, M. (2003). Comparative genomics of *Physcomitrella patens* gametophytic transcriptome and *Arabidopsis thaliana*: Implication for land plant evolution. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 100, 8007– 8012.
- Rivadavia, F., Kondo, K., Kato, M., and Hasebe, M. (2003). Phylogeny of the sundews, *Drosera* (Droseraceae) based on chloroplast *rbcL* and nuclear 18S ribosomal DNA sequences. **Amer. J. Bot.** 90, 123-130.
- Sakakibara, K., Nishiyama, T., Sumikawa, N., Kofuji, R., Murata, T., and Hasebe, M. (2003). Involvement of auxin and a homeodomain-leucine zipper I gene in rhizoid development of the moss *Physcomitrella patens*. **Development** 130, 4835-4846.
- Tanabe, Y., Uchida, M., Hasebe, M., and Ito, M. (2003). Characterization of the *Selaginella remotifolia* MADS-box gene. **J. Plant Res.** 116, 71–75.
- Wolf, P.G., Rowe, C.A., Sinclair, R.B., and Hasebe, M. (2003). Complete nucleotide sequence of the chloroplast genome from a leptosporangiate fern, *Adiantum capillus-veneris* L. **DNA Res.** 10, 59-65.
- Henschel, K., Kofuji, R., Hasebe, M., Saedler, H., Munster, T., and Theissen, G. (2002). Two ancient classes of MIKC-type MADS-box genes are present in the moss *Physcomitrella patens*. **Mol. Biol. Evol.** 19, 801-814.
- Imaizumi, T., Kadota, A., Hasebe, M., and Wada, M. (2002). Cryptochrome light signals control development to suppress auxin sensitivity in the moss *Physcomitrella patens*. **Plant Cell** 14, 373-386.
- Iwakawa, H., Ueno, Y., Semiarti, E., Onouchi, H., Kojima, S., Tsukaya, H., Hasebe, M., Soma, T., Ikezaki, M., Machida, C., and Machida, Y. (2002). The *ASYMMETRIC LEAVES2* gene of *Arabidopsis thaliana*, required for formation of a symmetric

flat leaf lamina, encodes a member of a novel family of proteins characterized by cysteine repeats and a leucine zipper. **Plant Cell Physiol.** 43, 467-478.

Himi, S., Sano, R., Nishiyama, T., Tanahashi, T., Kato, M., Ueda, K., and Hasebe, M. (2001). Evolution of MADS-box gene induction by *FLO/LFY* genes. **J. Mol. Evol.** 53, 387-393.

Hiwatashi, Y., Nishiyama, T., Fujita, T., and Hasebe, M. (2001). Establishment of gene-trap and enhancer-trap systems in the moss *Physcomitrella patens*. **Plant J.** 28, 105-116.

Sakakibara, K., Nishiyama, T., Kato, M., and Hasebe, M. (2001). Isolation of homeodomain-leucine zipper genes from the moss *Physcomitrella patens* and the evolution of homeodomain-leucine zipper genes in land plants. **Mol. Biol. Evol.** 18, 491-502.

Shindo, S., Sakakibara, K., Sano, R., Ueda, K., and Hasebe, M. (2001). Characterization of a *FLORICAULA/LEAFY* homologue of *Gnetum parvifolium* and its implication for the evolution of reproductive organs in seed plants. **Int. J. Plant Sci.** 162, 1199-1209.

Nishiyama, T., Hiwatashi, Y., Sakakibara, K., Kato, M., and Hasebe, M. (2000). Tagged mutagenesis and gene-trap in the moss, *Physcomitrella patens* by shuttle mutagenesis. **DNA Res.** 7, 1-9.

Sano, R., Ito, M., Kurita, S., and Hasebe, M. (2000a). *Deparia formosana* (Rosenst.) as the new name for *Diplazium formosanum*. **Acta. Phytotaxa Geobot.** 51, 17-20.

Sano, R., Takamiya, M., Ito, M., Kurita, S., and Hasebe, M. (2000b). Phylogeny of the lady fern group, tribe Physematieae (Dryopteridaceae), based on chloroplast *rbcL* gene sequences. **Mol. Phylogenet Evol.** 15, 403-413.

Sano, R., Takamiya, M., Kurita, S., Ito, M., and Hasebe, M. (2000c). *Diplazium subsinuatum* and *Di. tomitaroanum* should be moved to *Deparia* according to molecular, morphological, and cytological characters. **J. Plant Res.** 113, 157-163.

Yokoyama, J., Suzuki, M., Iwatsuki, K., and Hasebe, M. (2000). Molecular phylogeny of *Coriaria*, with special emphasis on the disjunct distribution. **Mol. Phylogenet Evol.** 14, 11-19.

- Yoshimoto, Y., Higeta, D., Ito, Y., Yoshida, H., Hasebe, M., and Ozeki, Y. (2000). Isolation and characterization of a cDNA for Phenylalanine ammonia-lyase (PAL) from *Dianthus caryophyllus* (carnation). **Plant Biotech.** *17*, 325-329.
- Aso, K., Kato, M., Banks, J.A., and Hasebe, M. (1999). Characterization of homeodomain-leucine zipper genes in the fern, *Ceratopteris richardii* and the evolution of the homeodomain-leucine zipper gene family in vascular plants. **Molec. Biol. Evol.** *16*, 544-552.
- Shindo, S., Ito, M., Ueda, K., Kato, M., and Hasebe, M. (1999). Characterization of MADS genes in the gymnosperm *Gnetum parvifolium* and its implication on the evolution of reproductive organs in seed plants. **Evol. Dev.** *1*, 180-190.
- Hasebe, M., Ando, T., and Iwatsuki, K. (1998a). Intrageneric relationships of maple trees based on the chloroplast DNA restriction fragment length polymorphisms. **J. Plant Res.** *111*, 441-451.
- Hasebe, M., Wen, C.-K., Kato, M., and Banks, J.A. (1998b). Characterization of MADS homeotic genes in the fern *Ceratopteris richardii*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** *95*, 6222-6227.
- Fukada-Tanaka, S., Hoshino, A., Hisatomi, Y., Habu, Y., Hasebe, M., and Iida, S. (1997). Identification of new chalcone synthase genes for flower pigmentation in the Japanese and common morning glories. **Plant Cell Physiol.** *38*, 754-758.
- Eberle, J., Wen, C.-K., Nemacheck, J., Hasebe, M., and Banks, J.A. (1995). *Ceratopteris*: a model system for studying sex-determining mechanisms in plants. **Int. J. Plant Sci.** *156*, 359-366.
- Hasebe, M., Wolf, P.G., Pryer, K.M., Ueda, K., Ito, M., Sano, R., Gastony, G.J., Yokoyama, J., Manhart, J.R., Murakami, N., Crane, E.H., Haufler, C.H., and Hauk, W.D. (1995). A global analysis of fern phylogeny based on *rbcL* nucleotide sequences. **Amer. Fern J.** *35*, 134-181.
- Ito, M., Soejima, A., Hasebe, M., and Watanabe, K. (1995). A chloroplast-DNA phylogeny of *Kalimeris* and *Aster*, with reference to the generic circumscription. **J. Plant Res.** *108*, 93-96.
- Hasebe, M., Omori, T., Nakazawa, M., Sano, T., Kato, M., and Iwatsuki, K. (1994). *RbcL*

gene-sequences provide evidence for the evolutionary lineages of Leptosporangiate ferns. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** *91*, 5730-5734.

Hasebe, M., Ito, M., Kofuji, R., Ueda, K., and Iwatsuki, K. (1993). Phylogenetic relationships of ferns deduced from *rbcL* gene sequence. **J. Mol. Evol.** *37*, 476-482.

Sriboonma, D., Hasebe, M., Murakami, N., Murata, J., and Iwatsuki, K. (1993). Phylogeny of *Typhonium* (Araceae) inferred from restriction fragment analysis of chloroplast DNA. **J. Plant Res.** *106*, 11-14.

Yukawa, T., Kurita, S., Nishida, M., and Hasebe, M. (1993). Phylogenetic implications of chloroplast DNA restriction site variation in subtribe Dendrobinae (Orchidaceae). **Lindleyana** *8*, 211-221.

Hasebe, M., Ito, M., Kofuji, R., Iwatsuki, K., and Ueda, K. (1992a). Phylogenetic relationships in Gnetophyta deduced from *rbcL* gene sequences. **Bot. Mag. Tokyo** *106*, 11-14.

Hasebe, M., Kofuji, R., Ito, M., Kato, M., Iwatsuki, K., and Ueda, K. (1992b). Phylogeny of gymnosperms inferred from *rbcL* gene sequences. **Bot. Mag. Tokyo** *105*, 673-679.

Stein, D.B., Conant, D.S., Ahearn, M.E., Jordan, E.T., Kirch, S.A., Hasebe, M., Iwatsuki, K., Tan, M.K., and Thomson, J.A. (1992). Structural rearrangements of the chloroplast genome provide an important phylogenetic link in ferns. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA.** *89*, 1856-1860.

Hasebe, M., and Iwatsuki, K. (1990a). Chloroplast DNA from *Adiantum capillus-veneris* L., a fern species (Adiantaceae); clone bank, physical map and unusual gene localization in comparison with angiosperm chloroplast DNA. **Curr. Genet.** *17*, 359-364.

Hasebe, M., and Iwatsuki, K. (1990b). *Adiantum capillus-veneris* chloroplast DNA clone banks: as useful heterologous probes in the systematics of the leptosporangiate ferns. **Amer. Fern J.** *80*, 20-25.

Homma, M., Kutsukake, K., Hasebe, M., Iino, T., and Macnab, R.M. (1990). FlgB, FlgC, FlgF and FlgG. A family of structurally related proteins in the flagellar basal body

of *Salmonella typhimurium*. **J. Mol. Biol.** 211, 465-477.

4-2) Review Articles

Mano, H. and Hasebe, M. (2021) Rapid movements in plants. **J. Plant Res.** 134: 3-17.

Kakishima, S., Liang, Y.-s., Ito, T., Yang, T.-Y. A., Lu, P.-L., Okuyama, Y., Hasebe, M., Murata, J., and Yoshimura, J. (2019) Evolutionary origin of a periodical mass-flowering plant. **Ecol. Evol.** 9: 4373-4381.

Hasebe, M. (2016). Starting bell for embryos. **Nature Plants** 2: 1-2

Ishikawa, M., and Hasebe, M. (2015). Cell cycle reentry from the late S phase: implications from stem cell formation in the moss *Physcomitrella patens*. **J. Plant Res.** 128, 399-419

Fukushima, K., and Hasebe, M. (2014). Adaxial-abaxial polarity: the developmental basis of leaf shape diversity. **Genesis** 52, 1-18.

Kofuji, R., and Hasebe, M. (2014). Eight types of stem cells in the life cycle of the moss *Physcomitrella patens*. **Curr. Opin. Plant Biol.** 17, 13-21.

Sessa, E., Banks, J., Barker, M., Der, J., Duffy, A., Graham, S., Hasebe, M., Langdale, J., Li, F., Marchant, D., *et al.* (2014). Between two fern genomes. **Gigascience** 3, 15.

Sparks, E.E., Imai, A., Hasebe, M., and Benfey, P.N. (2014). Developmental regulation and *de novo* formation of stem cells in plants. In Stem Cells: From Basic Research to Therapy, Volume 1: Basic Stem Cell Biology, Tissue Formation during Development, and Model Organisms, F. Calegari, and C. Waskow, eds. (CRC press), pp. 405-434.

Tomescu, A.M., Wyatt, S.E., Hasebe, M., and Rothwell, G.W. (2014). Early evolution of the vascular plant body plan - the missing mechanisms. **Curr. Opin. Plant Biol.** 17C, 126-136.

- Murata, T., and Hasebe, M. (2010). Microtubule nucleation and organization in plant cells. In *The Plant Cytoskeleton, Advances in Plant Biology 2*, B. Liu, ed. (New York, Springer-Verlag), p. 81-93.
- Murata, T., and Hasebe, M. (2007). Microtubule-dependent microtubule nucleation in plant cells. **J. Plant Res.** *120*, 73-78.
- Murata, T., Tanahashi, T., Nishiyama, T., Yamaguchi, K., and Hasebe, M. (2007). How do plants organize microtubules without a centrosome? **J. Integr. Pl. Biol.** *49*, 1455-1463.
- Murata, T., and Hasebe, M. (2006). Formation of cortical microtubules in a cell-free system prepared from plasma membrane ghosts and a cytosolic extract of BY-2 cells. In *Tobacco BY-2 Cells: From Cellular Dynamics to Omics*, T. Nagata, K. Matsuoka, and D. Inze, eds. (Berlin Heidelberg, Springer-Verlag), pp. 41-49.
- Fujita, T., Nishiyama, T., Hiwatashi, Y., and Hasebe, M. (2003). Gene tagging, gene- and enhancer-trap systems, and full-length cDNA overexpression in *Physcomitrella patens*. In *New Frontiers in Bryology: Physiology, Molecular Biology & Applied Genomics*, A.J. Wood, M.J. Oliver, and D.J. Cove, eds. (Netherlands, Kluwer Academic Publishers), pp. 111-132.
- Machida, C., Iwakawa, H., Ueno, Y., Semiarti, E., Tsukaya, H., Hasebe, M., Kojima, S., and Machida, Y. (2003). Formation of a Symmetric Flat Leaf Lamina in *Arabidopsis*. In *Morphogenesis and Pattern Formation in Biological Systems: Experiments and Models*, T. Sekimura, S. Noji, N. Ueno, and P.K. Maini, eds. (Tokyo, Springer-Verlag), pp. 177-187.
- Hasebe, M. (1999). Evolution of reproductive organs in land plants. **J. Plant Res.** *112*, 463-474.
- Hasebe, M., and Ito, M. (1999). Evolution of reproductive organs in vascular plants. In *The Biology of Biodiversity*, M. Kato, ed. (Tokyo, Springer-Verlag), pp. 243-255.
- Wolf, P.G., Pryer, K.M., Smith, A.R., and Hasebe, M. (1998). Phylogenetic studies of extant Pteridophytes. In *Molecular Systematics of Plants*, D. Soltis, ed. (New York,

Chapmann and Hall), pp. 173-181.

Hasebe, M., and Banks, J.A. (1997). Evolution of MADS gene family in plants. In Evolution and Diversification of Land Plants., K. Iwatsuki, and P.H. Raven, eds. (Tokyo, Springer-Verlag), pp. 179-197.

4-3) Japanese publications

著書 Books

長谷部光泰 (2020) 「陸上植物の形態と進化」 248 pp. 裳華房

佐藤矩行、倉谷滋、長谷部光泰、野地澄晴 (2004) 「植物の発生と進化」 238 pp. 岩波書店

著書：翻訳 Translation

長谷部光泰、鈴木武、植田邦彦監訳 (2002) 「維管束植物の形態と進化」 文一総合出版 Pp. 643 (原著：E.M. Gifford and A.S. Foster. 1988. Morphology and Evolution of Vascular Plants. Freeman and Company, New York) .

著書：監修、分担執筆 Editors and Authors

長谷部光泰監修 (2015) : 「進化の謎をゲノムで解く」 198 pp. 秀潤社

福島健児、長谷部光泰 (2015) 「食虫植物はどのような遺伝的変化によって進化したのか？」 Pp. 68-77. 長谷部光泰監修「進化の謎をゲノムで解く」 秀潤社

長谷部光泰 (2015) 「陸上植物の系統」 Pp. 176-187. 長谷部光泰監修「進化の謎をゲノムで解く」 秀潤社

清水健太郎、長谷部光泰監修 (2007) : 植物細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ 23 「植物の進化：基本原理からモデル生物を活用した比較・進化ゲノム学まで」 秀潤社

著書：監修 Editors

長谷部光泰、西田治文監修、木谷美咲 (文)、横山拓彦 (絵) (2019) 「食虫植物のわな」 59 pp. 偕成社

和田正三、徳富哲、長谷あきら、長谷部光泰 (監修) (2001) : 植物細胞工学シ

リーズ16「植物の光センシング」192 pp. 秀潤社

著書：編集、分担執筆 Book Chapters

石井龍一、竹中明夫、土橋豊、岩槻邦男、矢原徹一、長谷部光泰、和田正三編
(2009)「植物の百科事典」朝倉書店

著書：分担執筆 Authors

長谷部光泰 (2020)「食虫植物の進化」Pp. 20-21. 「食虫植物—シンカのからくり—」ふじのくに 地球環境史ミュージアム 企画展図録

長谷部光泰 (2017)「植物の陸上進出と多様化」Pp. 126-144. 二河成男「生物の進化と多様化の科学」放送大学教育振興会

長谷部光泰 (2017)「花の進化：陸上植物の生殖器官の進化」Pp. 145-161. 二河成男「生物の進化と多様化の科学」放送大学教育振興会

長谷部光泰 (2015)「ゲノムから進化の実体を探る」Pp. 190. 林崎良英監修「次世代シーケンサー活用術」化学同人

柴田朋子、笠原雅弘、重信秀治、西山智明、長谷部光泰 (2015)「1 分子シーケンサーを用いた非モデル生物の *de novo* ゲノム解読」Pp. 115-127. 林崎良英監修「次世代シーケンサー活用術」化学同人

長谷部光泰 (2014)「生物の進化と系統」Pp. 82-89. 町田泰則他監修「高校生物解説書」講談社

「植物の智慧に学ぶ 長谷部光泰（基礎生物学研究所教授）X 中村桂子（JT 生命誌研究館館長）」Pp. 62-85. 中村桂子編「変わる」(2012) 新曜社

長谷部光泰 (2012)「食虫植物はどのような遺伝子がどう変わることによって進化したのか」Pp. 99-107. 戸部博・田村実編「新しい植物分類学 I」講談社

長谷部光泰 (2012)「被子植物の分布形成における拡散と分断」Pp.121-152. 植田邦彦編「植物地理の自然史」北海道大学出版会

西山智明、長谷部光泰 (2012)「非モデル生物におけるNGSを用いたゲノム統

合解析」 Pp. 239-248. 菅野純夫・鈴木穰監修「次世代シーケンサー」秀潤社

長谷部光泰 (2009)「ヒメツリガネゴケで植物の発生進化と幹細胞のダイナミズムを探る」 Pp. 156-158. 吉川寛、堀寛編「研究をささえるモデル生物」化学同人

長谷部光泰 (2009)「植物のかたち、総論」 Pp. 156-158.「孢子・花粉」 Pp. 187.「葉状体、前葉体」 Pp. 190.「胚」 Pp. 200.「茎頂分裂組織」 Pp. 201.「精子・精細胞」 Pp. 194.「孢子嚢」 Pp. 224.「葉序」 Pp. 208-209.「全能性」 Pp. 63-64. 石井龍一、竹中明夫、土橋豊、岩槻邦男、矢原徹一、長谷部光泰、和田正三編「植物の百科事典」朝倉書店

長谷部光泰 (2009)「植物生理学会と進化」 Pp. 53-55. 日本植物生理学会運営委員会編「日本植物生理学会50年の流れ、これまでとこれから」日本植物生理学会

倉田哲也、程朝陽、長谷部光泰 (2008)「エピジェネティック制御遺伝子の進化」 Pp. 52-54. 島本功、飯田滋、角谷徹仁監修 植物細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ24「植物のエピジェネティクス」秀潤社

長谷部光泰 (2008)「植物の比較ゲノム解析からみえてきたもの」蛋白質核酸酵素 53, 1787-1793

長谷部光泰 (2008)「見えてきた！ 生命の謎 生物はどこからきてどこに行くのか」 Pp. 49-77. 立花隆プログラムコーディネート 自然科学研究機構監修「見えてきた！宇宙の謎。生命の謎。脳の謎。」クバプロ

長谷部光泰 (2008)「ゲノム進化が生み出した動物と植物のちがい」 Pp. 35-54. 立花隆プログラムコーディネート 自然科学研究機構監修「生物の生存戦略」クバプロ

倉田哲也、程朝陽、長谷部光泰 (2008)「エピジェネティック制御遺伝子の進化」 Pp. 52-54. 島本功、飯田滋、角谷徹仁監修、植物細胞工学シリーズ24「植物のエピジェネティクス」秀潤社

長谷部光泰 (2007)「代表的な植物」 Pp. 9-15. 清水健太郎、長谷部光泰監修 植

植物細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ23「植物の進化：基本原理からモデル生物を活用した比較・進化ゲノム学まで」 秀潤社

長谷部光泰（2007）「植物の系統」 Pp. 66-76. 清水健太郎、長谷部光泰監修 植物細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ23「植物の進化：基本原理からモデル生物を活用した比較・進化ゲノム学まで」 秀潤社

長谷部光泰、藤田知道、倉田哲也、佐藤良勝、久保稔、村田隆、青山剛士、三上浩司、石川雅樹、日渡祐二、青野直樹、篠原直貴、西山智明、棚橋貴子（2007）「発生遺伝子の進化」 Pp. 163-173. 清水健太郎、長谷部光泰監修 植物細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ23「植物の進化：基本原理からモデル生物を活用した比較・進化ゲノム学まで」 秀潤社

長谷部光泰（2007）「陸上植物の発生遺伝子の進化と多様性」 Pp. 139-145. 藤山秋佐夫監修 細胞工学別冊「比較ゲノム学から読み解く生命システム」 秀潤社

長谷部光泰（2006）「ヒメツリガネゴケ」 Pp. 2237-2238. 蛋白質核酸酵素別冊 小原雄治他編「ゲノムから生命システムへ」

長谷部光泰（2006）「発生と進化（植物）」 Pp. 136-143. 松本忠夫、西田治文、二河成男編「生物界の変遷」 日本放送出版協会

長谷部光泰、棚橋貴子（2005）「陸上植物の体制進化を引き起こした遺伝子進化」 Pp. 756-761. 蛋白質核酸酵素増刊「発生システムのダイナミクス（上野直人、八杉貞雄、野地澄晴編集）」

長谷部光泰（2002）「発生と進化を結ぶヒメツリガネゴケ」 岡田清孝ら編集「植物の形づくり」 蛋白質核酸酵素 47, 1494-1499

長谷部光泰（2001）「系統樹の分かれ目で何がおきたか-“エボデボ”の誕生」 AERA Mook 64-67. 朝日新聞社

西山智明、長谷部光泰（2001）「遺伝子系統樹の構築法」 Pp. 49-53. 佐々木卓治、田畑哲之、島本功監修、植物細胞工学シリーズ14「植物のゲノム研究プロトコール」 秀潤社

長谷部光泰、日渡祐二、西山智明（2001）「遺伝子ターゲティングの容易なヒメツリガネゴケ」 Pp. 163-168. 佐々木卓治、田畑哲之、島本功監修、植物細胞工学シリーズ14「植物のゲノム研究プロトコール」 秀潤社

長谷部光泰、伊藤元己（2000）「生殖器官の進化とMADS遺伝子」 Pp. 188-191. 岡田清孝、町田泰則、松岡信監修、植物細胞工学シリーズ12「植物の形を決める分子機構」 秀潤社

長谷部光泰（2000）「植物形態進化を引き起こした遺伝子進化」 Pp. 23-53. 岩槻邦男・加藤雅啓編「多様性の植物学 2 植物の系統」 東京大学出版会

長谷部光泰（1999）「遺伝子で探る植物の形の進化」 Pp. 58-66. 「遺伝子で生物の進化を考える」 クバプロ

長谷部光泰（1996）「小石川植物園と分類学」 Pp. 116-119 大場秀章編「日本植物研究の歴史 小石川植物園 300年の歩み」 東京大学総合研究博物館

長谷部光泰（1996）「分子系統学のすすめ」 Pp. 88-101. 岩槻邦男、馬渡峻輔編集「生物の種多様性」 裳華房

長谷部光泰（1996）「形態形成遺伝子と進化」 Pp.76-85. 大山莞爾、飯田滋、島本功監修、植物細胞工学シリーズ5「植物のゲノムサイエンス」 秀潤社

長谷部光泰（1994）「分子データからみた陸上植物の系統」 Pp. 211-227. 岡田博、植田邦彦、角野康郎編「植物の自然史」 北海道大学図書刊行会

長谷部光泰（1992）「分子系統学に基づく生物界の系統と分類」 生物もの知り手帳 Pp. 3-9 (1992) 教育出版

和文論文 Original Articles in Japanese

長谷部光泰、鵜沢武敏、猪野明寿、岩瀬徹（1983）「千葉港に見られる帰化植物（1）」 千葉生物誌 32, 66-70.

和文総説 Review Articles in Japanese

長谷部光泰 (2021) 「食虫植物 その不思議を探る」のその後」食虫植物研究会誌 72, 1-4.

長谷部光泰 (2020) 「食虫植物の花茎が長いのはなぜか？」食虫植物情報誌 26 (4), 9.

長谷部光泰 (2020) 「コモウセンゴケ、ハエトリソウ、ムジナモのゲノム解読からわかった食虫性の進化」食虫植物情報誌 26 (3), 2-3.

長谷部光泰 (2020) 「植物のなかま分け」理科教育 63: 37-43.

長谷部光泰 (2016) 「食虫植物の適応進化」遺伝 70, 274-278.

村田隆、大友康平、日比輝正、中山博史、根本知己、長谷部光泰 (2015) 「2光子スピニングディスク共焦点顕微鏡による3Dライブイメージング」Plant Morphology 27, 27-32.

長谷部光泰 (2015) 「植物と動物の発生における相違点と類似点」生体の科学 66, 261-266.

長谷部光泰 (2015) 「昆虫と植物」昆虫DNA研究会ニュースレター 22, 1-4.

今井章裕、村田隆、長谷部光泰 (2015) 「ルシフェラーゼを用いた細胞レベルの遺伝子発現動態解析」バイオイメージング 24, 12-16.

福島健児、長谷部光泰 (2014) 「食虫植物はどのような遺伝的变化によって進化したのか？」細胞工学 33, 96-100.

長谷部光泰 (2013) 「植物の形の安定性について」進化学会リレーエッセイ. 日本進化学会ニュース 14, 1-2.

長谷部光泰 (2013) 「複合適応形質の進化について」細胞工学 32, 720-724.

長谷部光泰 (2013) 「原稿によせて」遺伝 67, 229.

長谷部光泰 (2012) 「モウセンゴケ科」Pp. 99-107. 日本植物分類学会監修、戸

部博・田村実編集「新しい植物分類学II」講談社

長谷部光泰（2012）「徒然に研究したい草など」進化学会リレーエッセイ．日本進化学会ニュース 13, 1-3.

西山智明、長谷部光泰（2011）「シダ植物イヌカタヒバのゲノム解読 陸上植物の進化研究の一里塚」遺伝 65, 8-14.

長谷部光泰、宮崎さおり、岡野陽介（2009）「クロマチン修飾による発生遺伝子系の異時性進化」実験医学 27, 3069-3074.

長谷部光泰（2008）「どうしてヒメツリガネゴケのゲノムを解読することになったのか」Pp. 30-35 総研大ジャーナル No. 14 総合研究大学院大学

長谷部光泰（2008）「植物の比較ゲノム解析からみえてきたもの」蛋白質核酸酵素 53: 1787-1793.

福澤秀哉、長谷部光泰（2006）「植物の比較ゲノム：緑藻とコケ植物のゲノムから植物の成り立ちを明らかにする」ゲノムから読み解く生命システムー比較ゲノムからのアプローチ第11回 細胞工学 25, 677-682.

長谷部光泰（2006）「進化多様性生物学の私的問題点」蛋白質核酸酵素 51, 1722-1724.

長谷部光泰（2005）「食虫植物は普通の植物からどう進化したのか」遺伝 59, 32-37.

長谷部光泰（2005）「分類学、進化多様性生物学、そして発生進化学」学術月報 58, 387-388.

長谷部光泰（2005）「花の進化 発見物語」国立科学博物館ニュース第440号, 12-13.

長谷部光泰（2004）「陸上植物のボディープランの進化」科学 74, 1227-1233.

長谷部光泰（2003）「植物の茎葉はどのように進化したのか？-平行進化と収斂

進化-」遺伝 57, 39-44.

長谷部光泰 (2003) 「カエデ」 プランタ 90, 16-20. 研成社

長谷部光泰 (2003) 「モウセンゴケ科およびモウセンゴケ属の系統関係」 食虫植物研究会会誌 54, 1-9.

長谷部光泰 (2003) 「形の進化の謎」 プランタ 92, 13-20. 研成社

長谷部光泰 (2003) 「ネブリナ山周辺の奇妙な植物」 分類 4, 81-85.

長谷部光泰 (2003) 「かたちと遺伝子11」 遺伝 57, 18-21. 裳華房

長谷部光泰 (2003) 「かたちと遺伝子 9」 遺伝 57, 14-17. 裳華房

長谷部光泰 (2003) 「かたちと遺伝子 7」 遺伝 57, 17-21. 裳華房

長谷部光泰 (2002) 「かたちと遺伝子 5」 遺伝 56, 15-18. 裳華房

長谷部光泰 (2002) 「かたちと遺伝子 3」 遺伝 56, 16-20. 裳華房

長谷部光泰 (2002) 「かたちと遺伝子 1」 遺伝 56, 16-22. 裳華房

長谷部光泰 (2002) 「DNAが語る植物の進化」 プランタ 80, 23-29. 研成社

毛利秀雄、谷川由希子、長谷部光泰 (2002) 「チョウの分子分類」 昆虫と自然 37, 10-13

横山潤、長谷部光泰 (2001) 「分子データに基づくドクウツギ属の種間系統と生物地理-ドクウツギは南半球起源か?-」 日本植物分類学会会報 70, 43-48.

長谷部光泰 (2001) 「発生進化の分子機構」 蛋白質核酸酵素 46, 1321-1323.

長谷部光泰 (2001) 「MADSボックス遺伝子と植物の生殖器官の進化」 蛋白質核酸酵素 46, 1358-1366.

日渡祐二、西山智明、長谷部光泰（2000）「ヒメツリガネゴケ-植物ホルモン、分化、そして進化-：総説」 蘚苔類研究 7, 276-284.

長谷部光泰（1997）「植物の生殖器官の進化」 遺伝 51, 16-21. 裳華房

長谷部光泰、佐野亮輔（1996）「維管束植物の茎頂とホメオボックス遺伝子」 植物形態学会報 6, 9-14. 日本植物形態学会

長谷部光泰、新道聡美、佐野亮輔、西山智明（1996）「形態進化の解明にむけて」 種生物学研究 20, 1-10. 種生物学会

長谷部光泰（1996）「花をつけないシダ植物で花の起源を探る」 生命誌 4, 4-9. 生命誌研究館

長谷部光泰（1993）「シダから花への進化」 科学 63, 268-272. 岩波書店

長谷部光泰、横山潤（1993）「遺伝子からみたドクウツギ属植物の系統」 遺伝 47, 44-49. 裳華房

長谷部光泰（1992）「裸子植物は単系統か」 Plant Science Tomorrow. No. 7, 18. Plant Science Tomorrow 刊行会

長谷部光泰（1992）「葉緑体DNAとシダ植物の系統進化」 プランタ No.14, 28-33. 研成社

長谷部光泰（1992）「種子植物の系統」 高校通信 26, 6-8. 教育出版

長谷部光泰（1992）「葉緑体 DNA とシダ植物の系統」 遺伝 46, 30-36. 裳華房

小藤累美子、長谷部光泰（1992）「*rbcL* の塩基配列と裸子植物の系統」 遺伝 46, 24-29. 裳華房

長谷部光泰（1990）「葉緑体DNAを用いた陸上植物の分子系統学」 日本植物分類学会会報 8, 54-75. 日本植物分類学会

5) FUTURE RESEARCH PLAN

Until my retirement and closure of my laboratory on March 31, 2028, I have six and half year to research in NIBB. My proposal to Grant-in-Aid for Specially Promoted Research, “Studies on the molecular mechanisms and evolution of the generation and transmission of action potential in plants” until March 31, 2028 with 430,100,000 JPY was safely approved last month and I will mainly focus on this study as well as some remaining works of previous grants and text book writing for next generation researchers and taxpayers.

(1) molecular mechanisms and evolution of the generation and transmission of action potential in plants

Plants lack blood flow and nerves, but have evolved unique long-distance intercellular signaling mechanisms. Signals using plant hormones, peptides, proteins, and slow calcium waves have been well elucidated; however, the molecular mechanism of long-range, rapid, intercellular signaling by action potentials with fast calcium waves, which evolved in parallel to similar signaling mechanisms in animals, remains largely unknown.

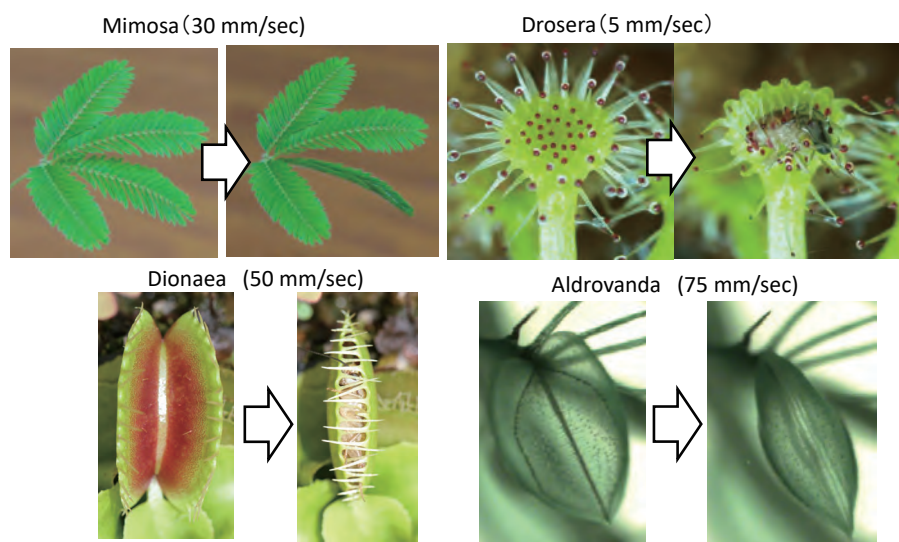


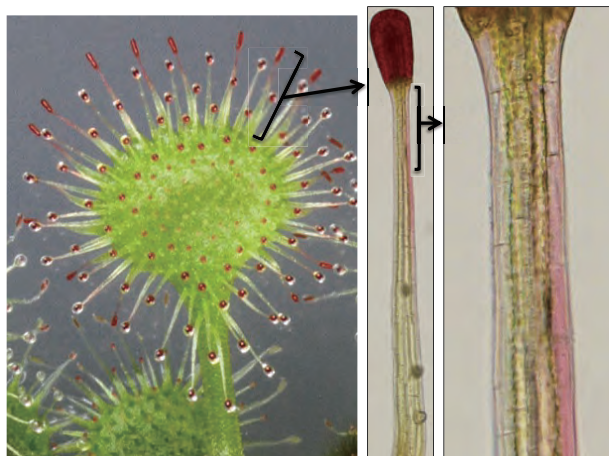
Figure 7: Plants used in this project. Velocities of action potential are indicated in parentheses.

Mimosa senses mechanical stimuli at pulvini of leaves and leaflets. An action potential is generated and propagates through the tissue at about 30 mm/sec, causing movement (Fig. 7). Dionaea and Aldrovanda senses mechanical stimuli using sensory

hairs on the upper side of leaves; an action potential propagates through the laminar tissue at about 50 and 75 mm/sec, respectively causing leaf closure to capture small animals (Fig. 7). *Drosera rotundifolia* senses mechanical stimuli at tentacles on its leaves. An action potential is generated that propagates through the tentacles at about 5 mm/sec, causing the hairs to bend and capture small animals (Fig. 7).

Long-range intercellular signaling by action potential propagation is faster than other intercellular signaling mechanisms. In addition to movement in the above-mentioned plants, action potentials are produced for movement of stamens and pistils in response to mechanical stimuli by visiting insects (Pickard 1973, *Bot. Rev.* 39: 172) and during stress responses to environmental stimuli in other plants (Davies 2006, in Volkov ed. *Plant Electrophysiology: Theory and Methods*, Springer, pp. 407-422).

Electrophysiological studies have shown that the mechanism of action potential generation and propagation in plants almost certainly differs from that of animals, as plants use anion channels rather than sodium channels to generate action potentials and propagate these action potentials between cells via plasmodesmata. However, few channels have been identified, and which molecules function in the generation and propagation of action potentials remains unclear. The transmission velocity also differs between different tissues in the same organism and between plant species, but the



mechanism generating this diversity is unknown. Long-distance, high-speed, electrical signaling using action potentials is not a unique phenomenon in specific plants;

Figure 8: *Drosera rotundifolia* leaf with tentacles (left) and magnification of tentacles (center and right).

therefore, elucidation of the molecular mechanism of action potential propagation will lead to a new paradigm of plant signaling. In model plants such as *Arabidopsis*, the generation, transmission, and effects of action potentials are systemic and difficult to distinguish from those of other signaling systems, making them difficult to study. By contrast, the four plants demonstrating rapid movement possess cells that generate, transmit, and respond to action potentials, making them suitable for experiments. In particular, the tentacles of *Drosera* are composed of a few layers of cells, which facilitates imaging analysis at the

cellular level, especially of plasmodesmata (Fig. 8). Furthermore, since we have obtained draft genome sequences of these four species (Dionaea and Aldrovanda: Palfalvi *et al.* 2020, *Curr. Biol.* 30:1; unpublished results for Mimosa and *Drosera rotundifolia*) and established Agrobacterium-mediated transformation techniques for Mimosa (Mano *et al.* 2014), Dionaea (Suda *et al.* 2020), and *Drosera rotundifolia* (unpublished), we conceive this study to understand fast electrical signaling at the genetic level. We have already detected calcium waves almost as fast as the action potential generated in genetically modified Dionaea (Suda *et al.* 2020). We also discovered that a glutamate receptor (GLR) is involved in action potential propagation in Mimosa (Fig. 9). In the loss-of-function mutant, a mechanical stimulus (Fig. 9 left) was not transmitted, while a mechanical stimulus is over-transmitted in the gain-of-function mutant (Fig. 9 right).

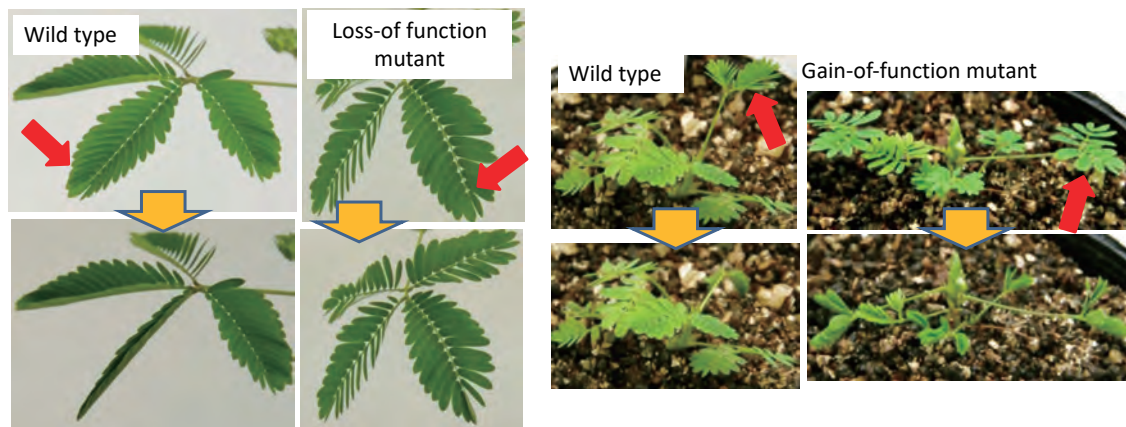


Figure 9: Loss- and gain-of-function mutants of Mimosa Glutamate Receptor-Like gene. Leaves pointed by red arrows were stimulated.

In animals, propagation of action potentials is mediated by Na^+ and K^+ channels allowing ion flow between the inside and outside of cells. In plants, however, it is hypothesized that stimulation of cells causes Ca^{2+} influx into the cytoplasm from the extracellular space or vacuole; this induces opening of Cl^- channels on the cell membrane and efflux of Cl^- from the cytoplasm to the extracellular surface, causing depolarization (Beilby 2007, *Int. Rev. Cytol.* 257: 43). Voltage-gated K^+ channels then open, allowing efflux of K^+ from the cytoplasm to the extracellular space resulting in hyperpolarization, and increasing Cl^- channel activation. A relay of Cl^- and K^+ channel activity results in the wave of an action potential. However, when we introduced the calcium sensor protein GCaMP6f into Dionaea to detect cytosolic Ca^{2+} concentrations, we found that stimulation was accompanied by the propagation of Ca^{2+} waves with a transmission rate similar to the action potential (Suda *et al.* 2020). This raises the

possibility that action potentials may be transmitted together with Ca^{2+} waves and highlights our lack of understanding of how action potentials are generated and propagated within and between plant cells.

How action potentials are propagated between cells remains particularly elusive. In animal neurons, action potentials are propagated synaptically between cells by chemicals. Plants, however, possess no synaptic structures between cells. Instead, cells are connected by plasmodesmata, channels 50 nm in diameter and 100 nm long. Isolation of plasmodesmata from plant tissues propagating action potentials has been unsuccessful, and plasmodesma-specific proteomic analysis is difficult to perform, so it is unclear whether ion channels exist to propagate action potentials. In addition, the Ca^{2+} diffusion rate is simulated to be too slow with respect to the rate of electrical signaling (Evans *et al.* 2016, *Plant Physiol.* 171: 1771). Therefore, how Ca^{2+} ions propagate through thousands of *Dionaea* cells with action potentials as long as 20 μm in length at a speed of 50 mm/sec remains a great mystery. We believe that the key to solving this mystery is to identify the channel proteins generating the electrical signals and observe their localization and dynamics.

Our objective is to understand the molecular mechanisms of the generation and transmission of high-speed electrical signals within and between cells and the diversity in transmission speeds. We will analyze the molecular aspects of the generation and transmission of action potentials using *Mimosa*, *Dionaea*, *Aldrovanda*, and *Drosera rotundifolia* as well as *Arabidopsis* as follows: (1) We will screen candidate ion channels that generate and transmit action potentials with comparing single-cell transcriptomes between movable and non-movable cells in the four movable plants. (2) We will characterize their functions with analyzing ion permeability, intracellular localization, and loss- and gain-of-function mutants. (3) We will characterize *Arabidopsis* genes orthologous to the candidate genes found in the movable plants. (4) We will swap the genes between the movable and non-movable plants to examine their functions and infer the evolutionary process. (5) A model of molecular mechanisms for the generation and transmission of action potentials in plants will be constructed and the process of molecular evolution that produced the diversity in velocity will be deduced.

(2) Evolution of body plan in land plants

The following studies are on-going and I will publish them during my employment period.

(2-1) Regulation of local cell expansion by ABCB transporter

Directional cell expansion determines cell shape that underlies the morphogenesis in multicellular organisms. In most land plant cells, the cortical microtubule array limits the direction of diffuse cell expansion, however, it remains elusive whether other additional systems regulate the directional diffuse growth, especially in cells without well-organized cortical microtubule array. In this study, we found that an ATP-binding cassette (ABC) transporter B family member 14 of the moss *Physcomitrium patens* (PpABCB14) promotes directional diffuse cell growth in the gametophore initial cells without well-organized cortical microtubule arrays. Localization of PpABCB14 on the plasma membrane preceded the growth of the localized area. PpABCB14 protein amounts positively correlated with growth amounts. In PpABCB14 deletion mutants, gametophore initial cells were more broadly expanded than in wild-type plants. Furthermore, PpABCB14 localized in growing gametophore leaf cells with well-organized cortical microtubule arrays perpendicular to the proximodistal axis. PpABCB14 amounts were correlated to growth rates in the proximodistal axis, but not in the transverse axis that is limited by the cortical microtubule arrays. The mutant gametophore leaves displayed irregular cell shapes and erroneously spread. These results indicate that asymmetric cell growth is regulated by PpABCB14 collaborating with the cortical microtubule arrays. Together, PpABCB14 is a new regulator of asymmetric cell growth next to cortical microtubule arrays and contributes to the morphogenesis in *Physcomitrium patens*.

(2-2) Cell division mechanisms in the zygnematalean green alga *Closterium*

Preprophase bands (PPBs) regulate cell plate orientation in all land plant lineages but not in most of green algae with simpler body organization than land plants, suggesting that PPBs are one of key regulatory factors for the evolution of complex cellular organization during development in land plants (Buschmann and Zachgo 2016 Trends Plant Sci.). Traditionally, based on tubulin immunostaining, it has been believed that PPBs do not exist or do not function in the Zygnematophyceae, the sister green algae to the land plants. However, we found that tubulin fused with GFP formed PPBs in *Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex and dynamically changed the localization during cell division. We will describe the tubulin dynamics and perform some inhibitor experiments to deduce the function of PPBs, which will give insight on the origin of regulatory mechanisms of complex cellular organization in land plants.

(2-3) Physcomitrella GRAS transcription factor, LATERAL SUPPRESSOR regulates formative cell divisions to produce sperm and egg cells.

Green plants landed around 480 million years ago with the evolution of special organs for reproduction on the harsh environment without surrounding water (Kenrick and Crane 1997 Nature). Sperms and an egg are formed inside of the multicellular organ: the antheridium and archegonium, respectively and nurtured, while the gametes are formed at the surface of a haploid plant body. Some factors were found to be involved in the development (Landberg et al. 2013 Plant Physiol., Yamaoka et al. 2018 Curr. Biol.), but the molecular mechanisms for the development are mostly unknown, especially no factors were found to be involved in regulating both organs, even though their homology has been discussed based on their similar development (Bower 1928 The Ferns III, Cambridge Univ. Press). The GRAS transcription factor gene family was acquired at the common ancestor of land plants by the horizontal gene transfer from soil bacteria (Cheng et al. 2019 Cell). We found that one of the GRAS member LATERAL SUPPRESSORS (LASs) regulate formative cell divisions to produce the reproductive cells in both antheridia and archegonia and are indispensable to form gametes in *Physcomitrium patens*. In both gametangia, LASs were expressed during the development and were necessary for cell divisions to separate cell lineages to be reproductive cells from surrounding vegetative wall cells. This finding indicates that the development of both gametangia is at least partly regulated by the same genetic regulatory networks, that might facilitate the contemporary evolution of the reproductive organs in the landing of plants.

(2-4) GRAS transcription factors, SCARECROW, SHORTROOT, and LATERAL SUPPRESSOR co-regulate cell division orientation with overlaying the default shortest wall rule.

Empirical observations suggest that plant cells divide along the plane that minimizes the surface area of the cell plate in symmetrical cell divisions (Errera 1886 C. R. Hebd. Seances Acad. Sci.). More recent study indicates that this rule is more flexible and cell division planes select the locally minimum surface area as well as the globally minimum surface area (Besson and Dumais 2011 Proc. Natl. Acad. Sci. USA). During the leaf development of *Physcomitrium patens*, we found that cells divide with locally minimum surface areas and leaf morphology is autonomously formed. Furthermore, when leaf vein is formed, mutually interacting GRAS transcription factors, SCARECROW, SHORTROOT, and LATERAL SUPPRESSOR disrupt the default division pattern to result in periclinal cell divisions for water conducting tissue

differentiation. This study will give insight on the evolution of complex tissue structure in land plants.

(2-5) Collaboration works with other laboratories.

We continue to collaborate with some other laboratories in research works with *Physcomitrium patens*.

(3) Molecular mechanisms of reprogramming from differentiated cells to stem cells

The following studies are on-going and I will publish them during my employment period.

(3-1) Relationship between ABCB transporter localization and stem cell characters

In *Physcomitrium patens* protonemata, chloronema apical stem cells change to caulonema apical stem cells by the accumulation of cellular auxin amounts. During the growth of caulonema apical stem cells, they return to chloronema apical stem cells when cellular auxin amounts decrease. We found that a member of ABCB transporters, ABCB19B shuttles between cytosol and membrane depending on cellular auxin amounts. We plan to investigate whether ABCB19B is related to the change of stem cell characters with regulating cellular auxin amounts.

(3-2) Mechanism of STEMIN induction

STEMIN transcription factor solely induces reprogramming of leaf cells to chloronema apical stem cells (Ishikawa et al. 2019 Nat. Plants). STEMIN is induced by wounding (Ishikawa et al. 2011 Plant Cell) or DNA damage (Gu et al. 2020 Nat. Plants). However, STEMIN is indispensable for the DNA damage induced reprogramming but not for the wound induced one. While several regulatory pathways for the wound induction have been found as shown in Fig. 4, those for the DNA damage induction are unknown. We analyze changes of epigenetic regulations by DNA damage and subsequent repair, and investigate the mechanism of STEMIN induction.

(4) Text book writing for next-generation Japanese researchers and public

Most Japanese citizens are not familiar to English literatures and new scientific

knowledge is not well introduced in public. As the last works of my research life, I would like to publish text books in Japanese on land plant evolution with incorporating contemporary knowledge. Previously, I and my collaborators have translated “Morphology and Evolution of Vascular Plants (1989)” by E.M. Gifford and A.S. Foster into Japanese. To update the classic text book and to expand from vascular plants to whole land plants including their sister green algae, I wrote and published “Morphology and Evolution of Land Plants (2020)” (248 pp, 20 cover figures, and 153 regular figures). I am now writing a book entitled “Morphology and Evolution of Carnivorous Plants” including the recent progresses of carnivorous plant research works. I and a former technical staff, Dr. Yukiko Kabeya established two web pages on plant evolution (<http://www.nibb.ac.jp/plantdic/blog/> and http://www.nibb.ac.jp/evodevo/tree/00_index.html). I will maintain these pages. I am also writing a book on seed plants entitled “Morphology and Evolution of Seed Plants”, including phylogenetic trees of all families and representative genera, morphological keys to all genera in the world as well as special morphological characters in each group from the standpoint of evolutionary developmental biology.

皆川純 教授

【評価者 1】

Dear Professor Kiyokazu Agata,

It is my great honor to have this opportunity to review the achievements of Professor Jun Minagawa, Institute for Basic Biology, regarding his teaching activities over the past ten years. Below I would like to assess his level of achievement, focusing on Professor Minagawa's research and management skills.

Professor Minagawa is a world-renowned researcher in photosynthesis, particularly in the study of light-harvesting systems. Photosynthesis is the metabolic reaction in which all plants on earth capture light energy from sunlight, convert it into chemical energy in intracellular organelles called chloroplasts, and finally produce sugars using this energy from water and carbon dioxide. In general, the sugar accumulated by plants is consumed by animals as food. In other words, all life on earth uses the energy of sunlight indirectly through photosynthesis.

In photosynthesis, chlorophyll, a light-harvesting molecule contained in large amounts in chloroplasts, absorbs light energy and is excited to initiate the energy conversion reaction. This chlorophyll is bound to protein complexes on the thylakoid membranes of chloroplasts to achieve highly efficient energy conversion.

Professor Minagawa's research has consistently focused on this light-harvesting system, focusing on the molecular structure and function of the system and its control. In the initial stage of light-energy conversion, it is necessary to perform charge separation in which the energy acquired by numerous chlorophyll molecules is collected to gain electrons through decomposing water molecules at the reaction center. The reaction center of photosynthesis consists of tandemly connected two systems, photosystem II and photosystem I, and both must work efficiently. On the other hand, since the photosystem is a light energy-conversion system, it will be destroyed if exposed to unacceptably strong light in nature. Photosynthetic systems also have defense mechanisms against such intense light. Professor Minagawa has dramatically advanced our understanding of the overall picture of such systems over the past decade.

First, as a structural biology study of the photosynthetic system, he revealed the overall structure of the photosystem II supramolecular complex bound with light-harvesting chlorophyll protein complex from the unicellular green alga *Chlamydomonas*. This achievement is worthy of special mention. In structural studies of supramolecular complexes in biological membranes, it is challenging to isolate the protein alone without dissolving the membrane with a detergent. Therefore, extracting the protein while maintaining the complex structure is complicated. Prof. Minagawa and his research group have successfully isolated the supramolecular complex using a new detergent. Consequently, his group has elucidated the entire photosystem surrounding the light-harvesting chlorophyll protein complex.

Next, as for research related to the regulation of photosynthesis, they have made significant contributions to the molecular mechanism of non-photochemical quenching, NPQ. In particular, his group has been elucidating the role of LHCSR1 and LHCSR3, expressed under high-light conditions, in photoprotection. Based on the protein structural information, his group also reported an essential molecular mechanism called state transition, in which photosynthetic organisms recombine their light-harvesting systems in response to light conditions. Furthermore, he has elucidated the molecular mechanism of functional expression of the photoprotective system for photosynthesis at the gene expression level.

The above research series has been published in many academic papers, many of which have appeared in high-impact, leading international journals such as *Nature*, *Nature Plants*, and *PNAS*, proving that Professor Minagawa's research results are highly regarded in this field.

From 2016 to 2020, Professor Minagawa led Japanese research on photosynthesis as the head of the MEXT's Project "New Photosynthesis: Reoptimization of the Solar Energy Conversion System" (Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas) with eight planning groups, a total of 40 open call groups for two terms, and approximately 200 co-worked researchers. In launching this research area, Dr. Minagawa first powerfully formulated his research concept and then organized the overall image of the research area. Furthermore, as the head of the research area, he has taken the initiative in designing the overall image of the planning group and has shown strong leadership, successfully launching the new research project.

During the five years of research activities in this project, the total number of papers published exceeded 500, contributing significantly to raising the level of photosynthesis research in Japan. In addition, professor Minagawa demonstrated his outstanding ability to get a bird's-eye view of the entire project in compiling the final report. As a result, the area received a grade of "A" in the final evaluation and was recognized as having achieved outstanding results.

While focusing on his research, he has also contributed to the international academic community by serving as a member of the editorial board of *Plant and Cell Physiology*, a journal of the Japanese Society for Plant Physiology. In addition, he has served as a reviewer for numerous international journals and as a member of various academic research fund evaluation committees.

In summary, I believe that Professor Minagawa's research activities and management over the past ten years are fully appreciated as a professor of the National Institute for Basic Biology.

【評価者 2】

Kiyokazu Agata, Ph.D.
Director-General
National Institute for Basic Biology

This is to evaluate scientific achievements of Prof. Jun Minagawa in past 10 years.

Almost all organisms depend on photosynthesis for the energy to survive. Photosynthesis is unique to plants. Hence, it continues to be a major subjects in plant science. As explained below, Prof. Minagawa's contribution to this research field is enormous.

Prof. Minagawa has a strong background in biochemistry and plant physiology, by which he took the lead in isolating various photosynthetic super-complexes. However, he never stops there and is keen to adopt other techniques such as genetics and structural biology to expand his research field. Another unique feature of his work is to take advantage of a model algae, *Chlamydomonas*. All these efforts have enabled Prof. Minagawa to continuously make major discoveries.

Photosystems I (PSI) and II (PSII) are two major components of the photosynthetic electron transfer. Both systems exist as protein super-complexes consisting of a core

reaction center complex and surrounding light harvesting complexes. Prof. Minagawa's work mainly focuses on how these super-complexes are structurally and functionally regulated to avoid damages caused by excess light. This is a key feature of photosynthesis for plants to expand their territory on earth.

Prof. Minagawa has determined structures of several photosynthetic super-complexes at atomic resolution by using cryo-EM and other techniques. Those include two different forms of the PSII-LHCII super-complex and the PSI-LHCI-LHCII super-complex. These achievements represent most advanced structural studies in plant science. Furthermore, they provide a firm basis to elucidate how the super-complex is regulated in response to changing light conditions.

Prof. Minagawa has further explored adaptation mechanisms of the photosynthetic apparatus to changes in the light intensity. Non-photochemical quenching (NPQ) is one of such mechanisms. He has revealed that a certain LHC subunit of the PSII super-complex is replaced to facilitate NPQ in *Chlamydomonas*. He has also demonstrated that

higher-order structure of the super-complexes is important for the acclimation process to high light.

State 1- State 2 transition is a mechanism to balance the activities of PSI and PSII in response to changes in light intensity and State 2 is favored under excess light conditions to avoid damages. Prof. Minagawa has demonstrated that thylakoid membrane stacking is stronger in State 1 in *Chlamydomonas*. Furthermore, he has determined the structure of PSI-LHCI-LHCII super-complex in State 2 and revealed an essential role for a certain LHC subunit of the super-complex to induce the state transition.

Prof. Minagawa has also studied how expression of the above LHC subunit genes are regulated. By adopting a genetic approach in *Chlamydomonas*, he has revealed several signaling components for this regulation. Those include a photo receptor (PHOT), ubiquitin-related factors (DET1, DDB1), and flowering-related factors (CO, NF-Y). The overall results enable us to compare similar mechanisms between higher plants and algae, and give us hints about how the signaling mechanism was modified in the process of plant evolution.

Taken together, Prof. Minagawa has greatly contributed to understanding of how the photosynthetic apparatus is structurally regulated under high light conditions to avoid damages. The work provides deeper insights into how photosynthesis have evolved to

cope with new light environments. In addition, such knowledge would be of great help to improve photosynthesis in crop plants.

【評価者 3】

2022 年 11 月 28 日

評価書

私は、光合成の電子伝達を研究しており、皆川純博士と長いこと交流しております。特に、2016 から 5 年間、新学術領域研究「新光合成」においては、同じ領域でグループ研究を行っており、皆川氏の人柄、研究をよく理解しております。

皆川氏の研究テーマは、光化学系 II での光エネルギー利用効率の調節です。光化学系 II は、太陽の光エネルギーをもとに、水から二酸化炭素を固定するための還元力（電子）を得ます。その際、副産物として酸素を大気に放出し、この酸素が、人類を含む多くの生物を支えています。言わば地球で最も重要なこの反応には、光のエネルギーが必要ですが、過剰な光の受容は、活性酸素の生成を介して光合成装置を破壊します。この光傷害を防ぐため、植物は、様々な光の利用効率の調節機構を備えています。光のエネルギーは、クロロフィルの励起として受容されますが、光が過剰になると、多くの励起エネルギーが光合成に使われることはなく、熱として捨てられます。このことは、過剰な励起エネルギーが活性酸素の生成を引き起こさないことに重要です。この過程は NPQ と呼ばれますが、古くは、生理学により議論されていた現象です。2000 年前後に、皆川氏の材料とする単細胞緑藻クラミドモナス、そして被子植物シロイヌナズナなどのモデル植物を使った遺伝学から、NPQ に関わるタンパク質が特定され、NPQ は生化学の研究対象となりました。NPQ はクロロフィルの励起エネルギーを熱に変換する過程であり、鍵になる分子が特定されると、残される課題は、物理現象の解明になります。皆川氏は、生化学に強いバックグラウンドをもち、このポスト遺伝学時代の NPQ 研究に大きく貢献しました。

NPQ 誘導のメカニズムの理解には、強光により誘導されるチラコイド膜ルーメンの酸性化による光化学系 II 超複合体の構造変化を、超複合体に多数結合するクロロフィル分子間のエネルギー伝達を考察する解像度で明らかにする必要があります。皆川氏は、得意とする光化学系 II 超複合体の精製に加えて、近年、進歩の著しい cryo-EM の技術を組み合わせ、コア複合体と複数の集光アンテナタンパク質から成る光化学系 II 超複合体の構造を明らかにしています。また、野生株とルーメンの酸性化をモニターできないクラミドモナス変異株から光化学系 II 超複合体を単離し、NPQ の誘導をクロロフィル蛍光として物理的に捉えることに成功しています。また、弱光下では、光化学系 II 超複合体が整然と配置し、Semi-crystalline state と呼ばれる集光に適した状態をとるが、強光下ではこれが崩れて、NPQ の誘導に適した構造をとることを明らかにしています。

一方、ステート遷移は、光化学系 II からの電子移動を仲介するプラストキノンプールの

酸化還元状態をモニターすることで、光化学系IIの集光アンテナのリン酸化を制御し、二つの光化学系の励起バランスをとる機構です。やはり、遺伝学によりリン酸化に関わるキナーゼが特定され、大きく研究が進みました。残された課題は、その生理機能の解明とアンテナ移動による励起エネルギーの分配の分子機構の解明です。皆川氏は、ここでも光化学系I-光化学系II集光アンテナの超複合体の構造を決定することで、クラミドモナスを用いて、後者の問題に解答を与えました。

さらに皆川氏のこの10年間の特筆すべき研究成果は、クラミドモナスにおける強光へのレスポンスの分子機構の解明です。皆川氏は、基生研の大型スペクトル装置を用いて、クラミドモナスが、青色光受容体のPHOTを用いて、強光を感受することを明らかにしています。この情報は、NPQの誘導に必要な、LHCSR3の発現誘導に繋がるが、皆川氏は、さらにここに、E3 ubiquitin-ligase CUL4-DDB1^{DET1}を構成するdet1やddb1が関わることを明らかにしています。またUVにより誘導される別のNPQ誘導装置であるLHCSR1の発現誘導には、被子植物で花芽誘導に関わるCONSTANSが関わることを明らかにしています。この成果は、NPQ誘導装置を強光に応答して構築する緑藻特有の分子機構を遺伝学を用いて解明した重要なものです。

冒頭で述べた様に、私は新学術領域研究において皆川氏が代表を務めるグループと一緒に研究を行いました。皆川氏は、強いリーダーシップで、領域研究を牽引しました。特に領域会議において、未発表のデータを示して議論することを強く奨励しました。当然のことのように思いますが、当時から光合成装置の構造の解明は熾烈な競争下にあり、勇気のある提案だったと思います。最終年度はコロナ禍にありながら、非常に多くの領域内共同研究を誘導することに成功したのは、皆川氏の大きな功績だと思います。皆川新学術は、特に若手研究者にとっては、自身のテーマを発展させる絶好の機会になったと思います。

皆川氏は、人格的にも優れており、国内外の同じ領域の研究者と良好な関係を築いております。光合成分野で非常に発展している構造生物学、生化学の分野で、今後も多くの成果をあげることが期待できます。

【評価者4】

November 2022

Jun Minagawa

Dear Sir,

This is to provide my assessment of Professor Jun Minagawa's research activities in the period from 2010 till present. His research in this period is characterized by a rather broad interest in the mechanisms of acclimation and adaptation of the photosynthetic apparatus of algae and higher plants to light environment. The key focus Professor Minagawa directed onto the dynamics of the structural organization of the photosynthetic complexes in the membrane. To study these processes, he applied equally broad range of methods spanning from molecular biology and biochemistry to structural and spectroscopic techniques. Such scientific approach proved to be very successful. In this period that

accounts to about 30% of his entire career in science, he published nearly 50% of his total number of papers. In the last 5 years the number of citations of Professor Minagawa's works is doubled. A good dozen of papers published within the last 10 years are in the top international journals such as Nature, Nature methods, Nature communications, Nature plants and PNAS. Recently the yearly number of citations rose above 600. Particularly successful was his research of the structural aspects of photosynthetic complexes in *Chlamydomonas*, *Chlorella*, *Symbiodinium* and *Arabidopsis*, the mechanisms of state transitions and non-photochemical chlorophyll fluorescence quenching in green algae and higher plants. In addition, a remarkable novel biochemical technique has been developed for isolation of intact light harvesting complexes from the photosynthetic membrane. One of the major strengths of Professor Minagawa is his dedication to algal photosynthesis, his multifaceted research strategy, international collaborations and dynamicity, logical, and still continuing to evolve. He participated with many presentations on international conferences and his standing as an internationally recognized scientist is strong.

基礎生物学研究所長によるまとめ

植物は葉緑体の光化学反応系で光のエネルギーで水を分解し、水から二酸化炭素を固定するための還元力を得ます（その時の副産物として酸素が放出されます）。従来は、光エネルギーで炭酸同化する仕組みの解明が光合成研究の主眼でありましたが、現在では、強い光が当たった時に光エネルギーで活性酸素の過剰生産をせずにいかに光合成装置を保持するかの理解が大きな課題になっていました。皆川研究室はこの10年間で、クラミドモナスの葉緑体を使ってこの謎を世界に先駆けて解明した点が高く評価されています。具体的には、光化学反応系の超複合体を精製することに成功したことで、その立体構造をクライオ電顕で明らかにするとともに、強い光が当たって LHC というタンパク質が合成されるとそのコンパクトな複合体構造がゆるむことで、光エネルギーを熱とし逃していることを明らかにしました。また、強光の条件で LHC タンパク質の合成が促進される仕組みについても遺伝学的手法を駆使して、青色光受容体で強い光をキャッチすると、ユビキチン関連因子や被子植物で花芽誘導因子として機能する転写因子を介して行われることを明らかにしています。これらの成果は、Nature や Nature Plants や PNAS といったメジャー誌に掲載されたことからこれらの発見のインパクトの高さを示しているものと思います。これからの10年についても葉緑体研究に進化的な観点を加えた新たな研究ステージへと切り拓いてくれることを期待します。

Summary by the Director General of NIBB

Plants obtain reducing power for fixing carbon dioxide from water by using the energy of light in the photosynthetic reaction center of chloroplasts (with the byproduct being the release of oxygen). Traditionally, the focus of photosynthesis research has been on understanding the mechanisms of carbon assimilation through light energy. However, in recent times, understanding how to maintain the photosynthetic apparatus without excessive production of reactive oxygen species under intense light conditions has become a major challenge. The Minagawa Laboratory has been highly acclaimed for pioneering the elucidation of this mystery using the chloroplasts of *Chlamydomonas* over the past decade. Specifically, they successfully purified the super-complexes of the photosynthetic reaction center and used cryo-electron microscopy to reveal their three-dimensional structures. They also demonstrated that under intense light, the compact structure of the super-complexes is disordered by LHC (Light-Harvesting Complex), allowing the dissipation of light energy as heat. Furthermore, they utilized genetical approaches to uncover the mechanism by which synthesis of LHC proteins is enhanced under intense light conditions. These achievements, published in prestigious journals such as Nature, Nature Plants, and PNAS, demonstrate the high impact of these discoveries. In the next decade, they will continue to pave the way towards a new stage of photosynthesis research by incorporating an evolutionary perspective.

Activities at National Institute for Basic Biology

2010/Oct - 2022/Mar

JUN MINAGAWA

Professor, Division of Environmental Photobiology
National Institute for Basic Biology

Professor, Department of Basic Biology, School of Life Science
The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI)

1. Research activity over the past decade (Oct 2010-Mar 2022)	3
a. Macro-organization of the photosynthetic machinery	3
b. Acclimation of photosynthesis.....	5
(1) Non-photochemical quenching (NPQ).....	5
(2) State transitions	6
c. Signal transduction for photoprotection	7
d. Key publications	10
2. Perspective of research	11
3. Description of other academic activities	13
a. Education	13
b. Service to the Academic Communities.....	14
4. Personal Information.....	16
a. Name.....	16
b. Date of Birth	16
c. Office Address	16
d. Research Area	16
e. Education.....	16
f. Professional Experience	16
g. Awards.....	16
h. Professional Societies	16
i. Publication List (Oct 2010 – Mar 2022).....	17
j. Symposium Presentations / Invited Seminars.....	24
k. Organization of Symposium	27
l. Grant Awards	28
m. Professional Activities	29
n. Teaching Experience.....	31
o. Other Activities (Outreach activities)	31
5. Selected reprints	33

1. Research activity over the past decade (Oct 2010 – Mar 2022)

When cyanobacteria first appeared on the earth about 3 billion years ago, the basal system for the oxygen-evolving photosynthesis, namely the photosynthetic reaction center, was already almost complete. Subsequently, photosystems evolved to overcome various environmental stress such as low light, high light, low temperature, high temperature, drought, etc. in their habitats, and have spread to every corner on the earth. The diversity of photosystems were mainly brought about by changes in the structure of their light-harvesting system that is surrounding the reaction centers and in the arrangement of their pigments. Photosystem supercomplexes not only achieved the geographical and spatial adaptations, but also developed plasticity (environmental adaptation system) that can withstand these temporal variations in order to adapt to environments with extremely large ranges from seconds to yearly variations in the environmental factors. My research has focused on answering the questions of what the fundamental principles are there, when the photosynthetic organisms are to adapt or acclimate to different environment, which is based on a perspective of dynamic remodeling of supramolecular organization of the photosynthetic supercomplexes.

During the past decade, after sorting out several issues on state transitions, which balances the excitation between the two photosystems, we extended the study to the molecular mechanism of non-photochemical quenching, or NPQ, that is heat dissipation process of excess amount of light energy harvested by the photosynthetic machinery. We showed that an ancient-type light-harvesting complex (LHC) protein called LHCSR3 is associated with photosystem (PS) II-LHCII supercomplex when it exhibited NPQ. After characterizing the NPQ properties of LHCSR3 and its paralog LHCSR1, we advanced our study to investigate the signal transduction pathways for the expression of the high light (HL)-inducible *LHCSR3* gene and the UV-inducible *LHCSR1* gene using genetic approaches. Lately, we developed an innovative purification method of membrane protein complexes using a surface surfactant amphipol and were the first to elucidate the Cryo-EM structure of the PSII-LHCII supercomplex and PSI-LHCI supercomplex under State 2 conditions in green algae. The amphipol methods were also successful to understand the roles of LHCII aggregates and semi-crystalline array of PSII-LHCII supercomplex in NPQ. The following are summaries about our **key publications** (highlighted in *bold* in the text), but the entire activities can be referred to **Publication List (2010-2022)**. In short, my research started from the study of acclimation processes of photosynthesis, which was expanded to deal with photobiology as a whole just like the name of my research group.

a. Macro-organization of the photosynthetic machinery

We initially established a biochemical procedure to selectively solubilize the PSII-LHCII supercomplex out of the thylakoid membranes by using α -dodecyl maltoside. We obtained a highly active PSII-LHCII supercomplex from a green unicellular alga *Chlamydomonas reinhardtii*, revealing that it was the largest PSII-LHCII supercomplex among the photosynthetic organisms. Single particle analysis of the negatively stained

electron micrographs revealed that it is a $C_2S_2M_2L_2$ -type supercomplex, where C, S, M, L stand for PSII Core complex, Strongly-, Moderately-, and Loosely-bound LHCII trimer, respectively (Tokutsu et al. (2012) *J. Biol. Chem.*).

Later in 2019, after establishing another breakthrough step to stabilize the solubilized supercomplexes by a surface surfactant amphipol A8-35 (Watanabe et al. (2019) *FEBS lett.*), we further determined its high-resolution structure at 3.2Å by using cryo-EM (Fig. 1). Structures of two different PSII-LHCII supercomplexes, including C_2S_2 and $C_2S_2M_2L_2$, were determined. The C_2S_2 supercomplex contains LhcbM1-LhcbM2-LhcbM3 in the S-LHCII heterotrimer, and the LhcbM1 subunit assembles with CP43 through two interfacial galactolipid molecules. The L- and M- LHCII interact closely with the minor antenna complex CP29 to form a subcomplex bound to CP47 in the $C_2S_2M_2L_2$ supercomplex. A notable direct pathway for energy transfer from the L-LHCII to the PSII core complex, as well as several indirect routes were determined (Sheng et al, (2019) *Nat. Plants*).

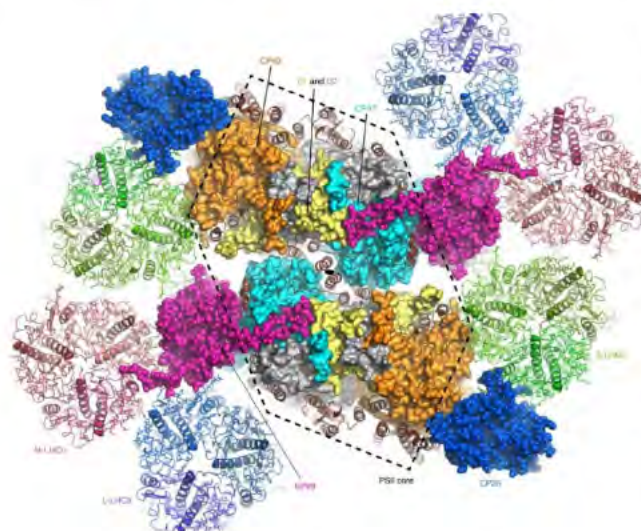


Fig. 1. Overall architecture of the $C_2S_2M_2L_2$ PSII-LHCII supercomplexes from *C. reinhardtii* (Top view from the stromal side). The central elliptical symbol indicates the C_2 axis running perpendicular to the membrane plane. The four large subunits (D1, D2, CP43 and CP47) of the PSII core are shown as surface models. The monomeric LHCII, CP26 and CP29, are shown as sphere models, whereas LHCII trimers (S-, M- and L-types) are shown as cartoon and stick models. The small intrinsic subunits and PsbO are shown as cartoon models in brown and gold, respectively.

We also applied the same technique to the PSI-LHCI supercomplex from *C. reinhardtii* when it was under state 2 conditions, where PSII was preferentially excited. More explanation about state transitions will be given in the following section. The PSI-

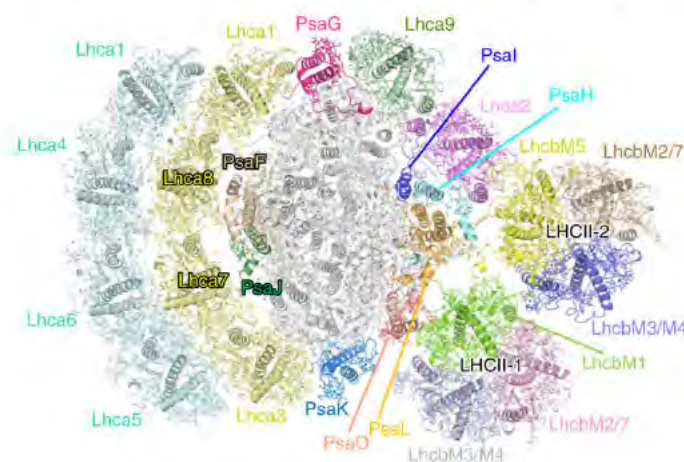


Fig. 2. Overall architecture of the native PSI-LHCI-LHCII supercomplexes from the *pph1;pbcp* mutant of *C. reinhardtii* (Top view from the stromal side). Pigments, lipids and other co-factors are shown in stick mode. The core subunits PsbA-PsbE are shown in white, while other subunits are shown in different colors and labelled. In *pph1;pbcp*, LHCII are maximally phosphorylated.

LHCI supercomplex was associated with two mobile LHCII trimers, LHCII-1 and LHCII-2 (Fig. 2). This was an unexpected result, because previously reported PSI-LHCI supercomplex structure from State 2 maize was only associated with one LHCII trimer (Pan et al. (2018) *Science*). The algal PSI-LHCI supercomplex extends its light-harvesting antenna even larger than vascular plants under State 2 conditions probably because of their low light (LL) habitats. Notably, the mode of LHCII trimer association with PSI core was the same between green algae and vascular plants. This will be described in detail in the following section (Pan et al (2022) *Nat. Plants*). Using similar techniques, structures of the negatively-stained particles of PSI in *Symbiodiniaceae* (Kato et al. (2019) *Plant Physiol*) and PSII and PSI in *Chlorella sorokiniana* (Watanabe and Minagawa (2019) *Planta*) were determined.

b. Acclimation of photosynthesis

(1) Non-photochemical quenching (NPQ)

Too much of a good thing. Although light is essential for photosynthesis, amounts of light that exceed an organism's assimilation capacity can cause serious damage. Photosynthetic organisms minimize such potential harm via protection mechanisms collectively referred to as non-photochemical quenching, or NPQ (Ruban (2016) *Plant Physiol.*). One of the NPQ mechanisms is readily activated under HL conditions and dissipates excess energy as heat. Previously, an NPQ-deficient mutant *npq4* that lacks the light-harvesting complex stress-related protein 3 (LHCSR3) was reported in *C. reinhardtii*, (Peers, et al. (2009) *Nature*).

By applying above-mentioned biochemical procedure, we isolated the PSII-LHCII supercomplex from both WT *C. reinhardtii* and the *npq4* mutant grown under either LL or HL conditions. LHCSR3 was present in the PSII supercomplex from the HL-grown WT, but not from the LL-grown WT or mutant. The purified PSII supercomplex containing LHCSR3 exhibited a normal fluorescence lifetime at a neutral pH (7.5), but a significantly shorter lifetime at pH 5.5, which mimics the acidified lumen of the thylakoid membranes in the HL-exposed chloroplasts, indicating that the PSII-LHCII-LHCSR3 supercomplex found in HL conducts energy dissipation for photoprotection (Fig.3, Tokutsu and Minagawa (2013) *PNAS*).

While the LHCSR3 protein has been intensively studied, a paralog of LHCSR3, LHCSR1 had been only fragmentally described.

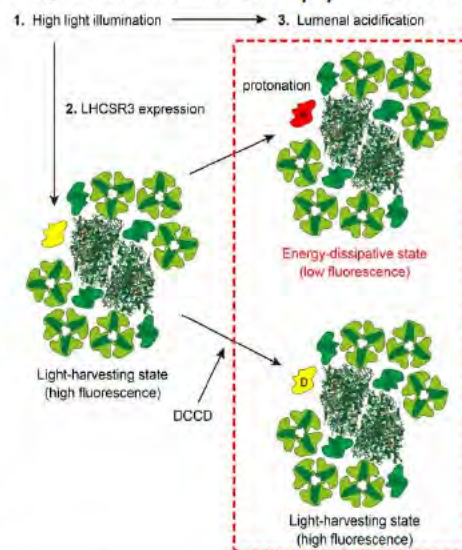


Fig. 3. A model for the induction of NPQ in *C. reinhardtii* (Top view from the lumenal side). 1. HL illumination, 2. LHCSR3 expression and its binding of to the PSII-LHCII supercomplex, 3. When LHCSR3 is activated upon acidification of the thylakoid lumen, the PSII-LHCII supercomplex is shifted to the energy dissipation mode. The LHCSR3 activation is inhibited by DCCD.

To investigate the functions of LHCSR1 in *C. reinhardtii*, we performed biochemical and spectroscopic experiments and clarified that LHCSR1 mediates excitation energy transfer from LHCI to PSI at a low pH, rather than to PSII. This altered excitation transfer causes remarkable fluorescence quenching and establishes PSI-dependent photoprotection (**Kosuge et al (2018) PNAS**).

An intriguing molecular architecture called the "semi-crystalline PSII array" has been observed in the thylakoid membranes in vascular plants. It is an array of PSII-LHCII supercomplexes that only appears under LL conditions, but its functional role had not been clarified. While we identified PSII-LHCII supercomplexes in their monomeric and multimeric forms in LL-acclimated spinach leaves, only the monomeric forms were present when the leaves were acclimated to HL, suggesting that the multimeric forms represent a structural

adaptation to LL and that monomerization of the PSII-LHCII supercomplex represents an adaptation to HL. Single-particle EM analysis revealed that the multimeric PSII-LHCII supercomplexes are composed of two or three units of PSII-LHCII supercomplexes, which likely constitute a fraction of the semi-crystalline PSII array. These findings suggest that the configurational conversion of PSII-LHCII supercomplexes may serve as a structural basis for acclimation of plants to environmental light (Fig.4, **Kim et al. (2020) J. Biol. Chem.**).

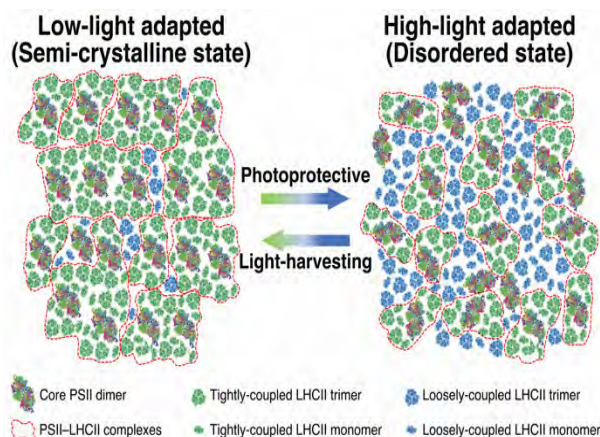


Fig. 4. Schematic representation of the putative arrangements of PSII-LHCII supercomplexes in the thylakoid membrane in LL and HL conditions.

(2) State transitions

Plants and algae respond to changes in light quality by adjusting the absorption capacity of the two photosystems (Minagawa (2011) *Biochim. Biophys. Acta*). This acclimation uses redox-controlled, reversible phosphorylation of LHCII to regulate the relative absorption cross-section of the two photosystems, commonly referred to as state transitions (Rochaix et al. (2012) *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.*). We investigated how state transitions affect the chloroplast structure and function using complementary approaches for the living cells of *C. reinhardtii*. Using small-angle neutron scattering, we found a strong periodicity of the thylakoids in State 1, with characteristic repeat distances of approximately 200 Å, which was almost completely lost in State 2 (Fig.5, **Nagy et al. (2014) PNAS**).

The detailed molecular architecture of the PSI-LHCI supercomplex when it extends the light-harvesting capacity by docking the mobile LHCII trimers was later

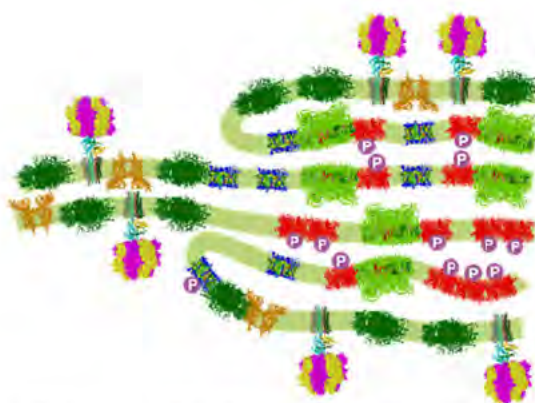


Fig. 5. A hypothetical model for chloroplast remodeling during state transitions in *C. reinhardtii*. Side views of the membrane planes showing thylakoid ultrastructure and photosystem supercomplexes in State 2. Many LHCII proteins are phosphorylated, and the thylakoids are partially unstacked and undulated. The periodicity of the thylakoid membranes is weak. Most of the phosphorylated LHCIIs are in an energy-dissipative state (red).

determined by Cryo-EM as described above. The revealed structure of algal PSI-LHCI-LHCII supercomplex (Fig. 2) was even larger than the counterpart in vascular plants (Pan et al. (2018) Science) probably because of their LL habitats. Notably, the mode of LHCII trimer association with the PSI core was completely conserved between green algae and vascular plants. In the case of maize, the N-terminal “Arg-Arg-p(hospho)Thr” motif of Lhcb2 protein is associated with the surface pocket formed by PsaH and PsaL subunits of PSI. In the case of *C. reinhardtii*, the N-terminal “Arg-Arg-pThr” motif of LhcbM1 protein binds to the surface pocket formed by PsaH and PsaL in a nearly identical way (Fig. 6). Further biochemical and functional studies using relevant mutants indicated that LhcbM5 is indispensable for the formation of PSI-LHCI-LHCII supercomplex, but LhcbM1, which carries the “Arg-Arg-pThr” motif is dispensable (Pan et al (2022) Nat. Plants).

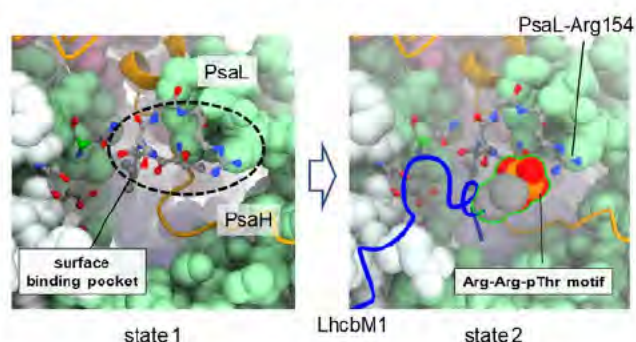


Fig. 6. Relationship between the key (N-terminal of LHCII) and the keyhole (PSI) in State 2. pThr (shown by surface model) is bound to PsaL-Arg154 in the “surface binding pocket” (shown by ball-and-stick model) formed by PsaL and PsaH.

c. Signal transduction for photoprotection

As described above, an ancient LHC family member protein LHCSR3 is required for NPQ in *C. reinhardtii*, which had been known to be induced by HL (Peers et al. (2009) Nature). However, how HL is perceived by the cells and how the signal was processed inside the cells had remained unknown.

We found blue-light perception by a photoreceptor phototropin (PHOT) and photosynthetic activity are required for the *LHCSR3* induction from the measurement of its action spectra by Okazaki Large Spectrograph. Mutants deficient in *PHOT* or *LHCSR3* displayed severely reduced fitness under HL conditions, demonstrating that the sensing, utilization, and dissipation of light is a concerted process that plays a vital role in microalgal acclimation to environments of variable light intensities (Fig. 7, Petroutsos et al. (2016) Nature). Subsequent genetic studies identified two *phot*

suppressor loci involved in NPQ, including *det1* (DE-ETIOLATED 1) and *ddb1* (DAMAGED DNA-BINDING 1). Using a yeast two-hybrid analysis and an inhibitor assay, we determined that these two genetic elements are part of a putative E3 ubiquitin-ligase CUL4-DDB1^{DET1} (Fig. 8, **Aihara et al. (2019) Nat. Plants**). Further genetical studies of the mutants affecting *LHCSR1* expression, which is primarily induced by UV light illumination, revealed that the transcription factors CONSTANS and Nuclear Factor Ys (NF-Ys) form a complex that governs light-dependent photoprotective responses in *C. reinhardtii*. The NPQ responses did not occur in CONSTANS or NF-Y mutants. The signal from light perception to the CONSTANS/NF-Ys complex was directly inhibited by the SPA1/COP1-dependent E3 ubiquitin ligase. This negative regulation mediated by the E3 ubiquitin ligase and the CONSTANS/NF-Ys complex was common to photoprotective response in algal photosynthesis and flowering in plants (**Tokutsu et al. (2019) Nat. Commun.**). Our current hypothesis for the signal transduction toward induction of *LHCSR*s is illustrated in Fig.9.

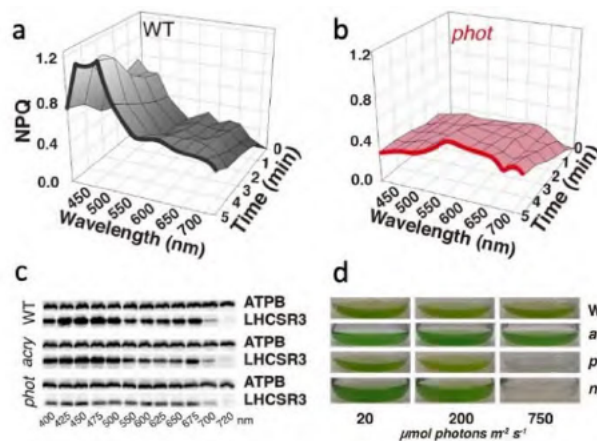


Fig. 7. PHOT controls induction of *LHCSR3* and NPQ, and is crucial for survival of *C. reinhardtii* in HL. NPQ in WT (a) and in *phot* (b) cells after exposure for 4 h to different wavelengths of light. c, Immunoblot analysis of *LHCSR3* accumulation (ATPB is the loading control). d, Erlenmeyer flasks containing WT, *acry* and *phot* cells after 16 h of exposure to light at the indicated intensity. *npq4* and *acry* are mutants of *LHCSR3* and cryptochrome, respectively.

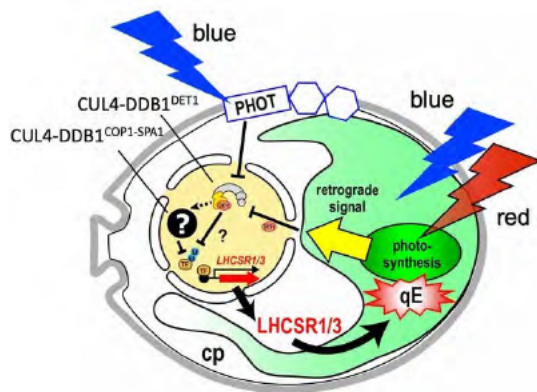


Fig. 8. Schematic model for HL induction of *LHCSR1* and *LHCSR3* via the CUL4-DDB1^{DET1} putative E3 ligase complex.

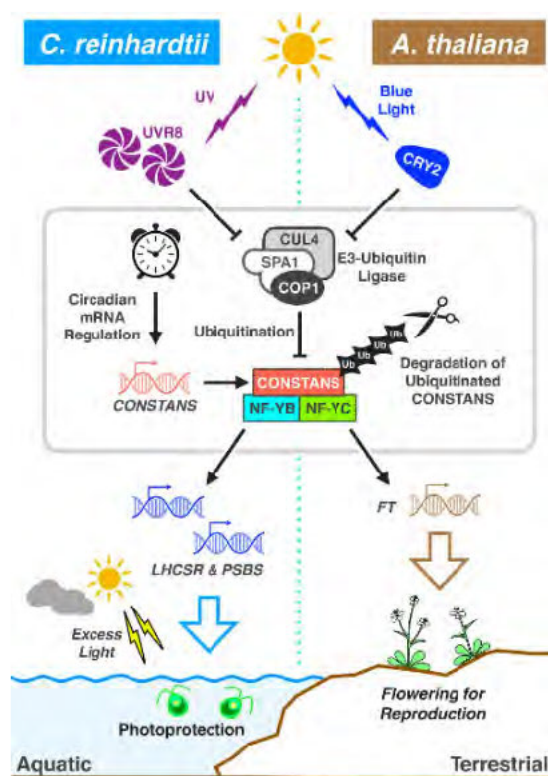


Fig. 9. Hypothetical signal transduction pathways and physiological functions of CONSTANS/NF-Ys-dependent control of the photoprotective and flowering genes in *C. reinhardtii* and *A. thaliana*, respectively. Blue light perception by CRY2 in *A. thaliana* deactivates the COP1/SPA1 E3 ubiquitin ligase, whereas UV light perception by UVR8, which is in turn monomerized, deactivates the COP1/SPA1 E3 ligase in *C. reinhardtii*. Circadian clock-regulated *CONSTANS* transcripts are translated, and successfully accumulate in the organisms when proteasome- and ubiquitin-dependent degradation is inactivated. The CONSTANS/NF-Ys transcriptional module transcribes *FT* and photoprotective genes (LHCSR&PSBS) to stimulate flowering and photoprotection in land plants and green algae, respectively. The kernel, including SPA1/COP1- E3 ligase, circadian regulation of *CONSTANS*, and the CONSTANS/NF-Ys transcriptional complex, was possibly established in an ancestral green photosynthetic organism.

References

- Pan, X., Ma, J., Su, X., Cao, P., Chang, W., Liu, Z., Zhang, X., Li, M. (2018) Structure of the maize photosystem I supercomplex with light-harvesting complexes I and II. *Science* 360: 1109-1113.
- Peers, G., Truong, T.B., Ostendorf, E., Busch, A., Elrad, D., Grossman, A.R., Hippler, M., Niyogi, K.K. (2009) An ancient light-harvesting protein is critical for the regulation of algal photosynthesis. *Nature* 462: 518-521.
- Rochaix, J.D., Lemeille, S., Shapiguzov, A., Samol, I., Fucile, G., Willig, A., Goldschmidt-Clermont, M. (2012) Protein kinases and phosphatases involved in the acclimation of the photosynthetic apparatus to a changing light environment. *Phil Trans R Soc Lond B Biol Sci* 367: 3466-3474. (review)
- Ruban, A.V. (2016) Nonphotochemical chlorophyll fluorescence quenching: Mechanism and effectiveness in protecting plants from photodamage. *Plant Physiol* 170: 1903-1916. (review)

d. Key Publications

1. Pan, X., Tokutsu, R., Li, A., Takizawa, K., Song, C., Murata, K., Yamasaki, T., *Liu, Z., ***Minagawa, J.**, *Li, M. Structural basis of LhcbM5-mediated state transitions in green algae. *Nat. Plants* 7:1119-1131 (2021).
2. Kim, E., Watanabe, A., Duffy, C. D. P., Ruben, A. V., ***Minagawa, J.** Multimeric and monomeric photosystem II supercomplexes represent structural adaptations to low- and high-light conditions. *J. Biol. Chem.* 295: 14537-14545 (2020).
3. Sheng, X., Watanabe, A., Li, A., Kim, E., Song, C., Murata, K., Song, D., ***Minagawa, J.**, *Liu, Z. Structural insight into light harvesting for photosystem II in green algae. *Nat. Plants* 5: 1320-1330 (2019).
4. *Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Matsuo, T., Yamasaki, T., ***Minagawa, J.** The CONSTANS flowering complex controls the protective response of photosynthesis in the green alga *Chlamydomonas*. *Nat. Commun.* 10: 4099, (2019).
5. Watanabe, A., Kim, E., Burton-Smith, R.-N., Tokutsu, R., ***Minagawa, J.** Amphipol-assisted purification method for the highly active and stable photosystem II supercomplex of *Chlamydomonas reinhardtii*. *FEBS Lett.* 593: 1072-1079 (2019).
6. Aihara, Y., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., ***Minagawa, J.** Algal photoprotection is regulated by the E3 ligase CUL4-DDB1^{DET1}. *Nat. Plants* 5: 34-40 (2019).
7. Kosuge, K., Tokutsu, R., Kim, E., Akimoto, S., Yokono, M., Ueno, Y., ***Minagawa, J.** LHCSR1-dependent fluorescence quenching is mediated by excitation energy transfer from LHCI to photosystem I in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 115: 3722-3727 (2018).
8. *Petroutsos, D., Tokutsu, R., Maruyama, S., Flori, S., Greiner, A., Magneschi, L., Cusant, L., Kottke, T., Mittag, M., Hegemann, P., *Finazzi, G., ***Minagawa, J.** A blue light photoreceptor mediates the feedback regulation of photosynthesis. *Nature* 537: 563-566 (2016).
9. Nagy, G., Ünneper, R., Zsiros, O., Tokutsu, R., Takizawa, K., Porcar, L., Moyet, L., Petroutsos, D., *Garab, G., *Finazzi, G., ***Minagawa, J.** Chloroplast remodeling during state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii* as revealed by non-invasive techniques in vivo. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 111: 5042-5047 (2014).
10. Tokutsu, R. and ***Minagawa, J.** Energy-dissipative supercomplex of photosystem II associated with LHCSR3 in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 110: 10016-10021 (2013).

2. Perspective of research

Light-harvesting antennae are designed to "efficiently collect sunlight" and fuel the collected energy to the reaction center. However, those exposed to excess amount of light could cause serious damage to the cell due to the reactive oxygen species produced by overexcited chlorophylls there. Therefore, plants and algae have developed NPQ, a protective measure to dissipate light energy as heat. NPQ could also be a future target for improving photosynthetic yield in the field (Kromdijk, et al. 2016).

Why is the NPQ study in algae important? Algae are responsible for a half of the primary production on the earth. Because green algae are in the green lineage as in land plants, knowledge obtained in NPQ study in green algae could be applicable to the problem(s) of NPQ in higher plants. Although the overall principle seems to be the same, there are a few mechanical differences between NPQ in higher plants and green plants, which became clearer in the past few decades. PsbS, which is essential for NPQ in higher plants (Li et al., 2000), is not essential in green algae, although the algae's genomes encode PsbS. Instead, other LHC proteins, LHCSR1/3, are essential in algal NPQ (Peers et al., 2009). Zeaxanthin, which is another critical factor of NPQ in higher plants (Ahn et al., 2008), is not necessarily important in green algae. In terms of the high-order PSII structure, there are PSII arrays in the stacked membrane regions in higher plants, which are suggested to be important in keeping the PSII in light-harvesting mode (Kim et al., 2020). Such a high-order structure, however, cannot be found in green algae. The details of these differences including the precise molecular mechanisms will be elucidated in the next decade, and the research will be further expanded to "non-model" green organisms, such as primitive green algae and other plants. I am indeed planning to apply our expertise developed in our studies in green algae and higher plants to those non-model organisms to study their NPQ functions (fluorescence yield, lifetime, and spectra), properties (pigments, and subunits), gene regulation (genetics and molecular biology) and the structures (Cryo-EM) in the hope of understanding the plants' strategy to cope with HL.

Research of state transitions will be, I think, in a similar direction. An acclimation event state transitions was originally discovered as a process to balance the excitation between PSI and PSII (Murata, 1969). Fifty years of research has revealed that the light-harvesting antenna of PSII is phosphorylated in response to the reduction of the intersystem redox factors including plastoquinone and cytochrome b_6f complex. The phospho-LHCII are then detached from PSII and re-associated with PSI. Details of this remodeling event of the supramolecular complexes have been mainly uncovered in *Chlamydomonas* and *Arabidopsis* (Rochaix et al., 2012). One of the most prominent achievements of the past decade was the elucidation of a near atomic structure of the PSI-LHCI that binds phospho-LHCII (Pan et al, 2018; Pan et al, 2021). We now know that the molecular architecture of the surface binding pocket on PSI and the bound phospho-LHCII is completely conserved throughout green lineage, including all green

algae, higher plants and the other plants. This would mean that all of them perform state transitions, which is highly intriguing: Although higher plants and some green algae need to balance the excitation of the two photosystems because the optical properties of the two photosystems are largely different, many algae do not need to do so because their PSI and PSII are optically similar. Therefore, state transitions in those "other" non-model green algae have to be studied, those include their state transition ability (fluorescence yield, phosphorylation, subunit compositions) and the structures of the respective complexes (Cryo-EM). These may give us a clue for the origin and the unprecedented biological significance of state transitions.

I believe that our understanding of the plants' acclimation strategy to various environmental light will significantly deepen in the next decade by introducing the evolutionary perspective. If I can contribute to this exciting new field of photosynthesis research with the colleagues in NIBB, I would be more than happy.

References

- Ahn, T.K., Avenson, T.J., Ballottari, M., Cheng, Y.-C., Niyogi, K.K., Bassi, R., Fleming, G.R. (2008) Architecture of a charge-transfer state regulating light harvesting in a plant antenna protein. *Science* 320: 794-797.
- Kromdijk, J., Glowacka, K., Leonelli, L., Gabilly, S.T., Iwai, M., Niyogi, K.K., Long, S.P. (2016) Improving photosynthesis and crop productivity by accelerating recovery from photoprotection. *Science* 354: 857-861.
- Li, X.P., Björkman, O., Shih, C., Grossman, A.R., Rosenquist, M., Jansson, S., Niyogi, K.K. (2000) A pigment-binding protein essential for regulation of photosynthetic light harvesting. *Nature* 403: 391-395.
- Peers, G., Truong, T.B., Ostendorf, E., Busch, A., Elrad, D., Grossman, A.R., Hippler, M., Niyogi, K.K. (2009) An ancient light-harvesting protein is critical for the regulation of algal photosynthesis. *Nature* 462: 518-521.
- Kim, E., Watanabe, A., Duffy, C.D.P., Ruban, A.V., Minagawa, J. (2020) Multimeric and monomeric photosystem II supercomplexes represent structural adaptations to low- and high-light conditions. *J Biol Chem* 295: 14537-14545.
- Murata, N. (1969) Control of excitation transfer in photosynthesis. I. Light-induced change of chlorophyll a fluorescence in *Porphyridium cruentum*. *Biochim Biophys Acta* 172: 242-251.
- Rochaix, J.D., Lemeille, S., Shapiguzov, A., Samol, I., Fucile, G., Willig, A., Goldschmidt-Clermont, M. (2012) Protein kinases and phosphatases involved in the acclimation of the photosynthetic apparatus to a changing light environment. *Phil Trans R Soc Lond B Biol Sci* 367: 3466-3474.
- Pan, X., Ma, J., Su, X., Cao, P., Chang, W., Liu, Z., Zhang, X., Li, M. (2018) Structure of the maize photosystem I supercomplex with light-harvesting complexes I and II. *Science* 360: 1109-1113.
- Pan, X., Tokutsu, R., Li, A., Takizawa, K., Song, C., Murata, K., Yamasaki, T., Liu, Z., Minagawa, J., Li, M. (2021) Structural basis of LhcbM5-mediated state transitions in green algae. *Nat Plants* 7: 1119-1131.

3. Other academic activities (Education, Service to the academic communities)

a. Education

Ph.D. dissertation committee in SOKENDAI:

- 2018 Yousef Yari Kamrani "Study on the molecular mechanisms for high-light acclimation in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*"
- 2018 Kotaro Kosuge "緑藻クラミドモナスにおける LHCSR1 の局在と機能の解析"
- 2020 Hiroki Kato "サンゴ共生褐虫藻における光合成及び光適応メカニズムの研究"
- 2020 Mariko Kishimoto, "Study on the thermal sensitivity of cnidarian-algal symbiosis using Aiptasia model system"
- 2021 Akimasa Watanabe "新規精製法を用いた、光化学系 II 超複合体における集光機構の研究"

Ph.D. Dissertation committee in other universities:

- 2011 Ryutaro Tokutsu, "Functional analysis of light harvesting complexes in photosynthetic green alga: Molecular mechanisms of photoacclimation", Hokkaido University
- 2016 Serena Flori, "Light utilization in microalgae: the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum* and the green algae *Chlamydomonas reinhardtii*", Université Grenoble Alpes

M.S. dissertation committee in SOKENDAI:

- 2022 Ayako Yanaka, "有藻性刺胞動物の共生能力の解明"

M.S. Dissertation committee in other universities:

- 2011 Tadaaki Kawashima, "緑藻チラコイド膜の光環境適応における FNR の役割", Hokkaido University
- 2011 Yang Chen, "Effects of iron deficiency on photosynthesis in a prasinophyte *Ostreococcus tauri*", Hokkaido University
- 2016 Mariko Kishimoto, "A study on the expulsion of symbiotic *Symbiodinium* algae upon thermal stress on corals and sea anemones", Nagoya University

Graduate Students:

- Nobuyasu Kato, Ph.D. student, 2006-2011, Hokkaido University
- Ryutaro Tokutsu, Ph.D. student, 2006-2011, Hokkaido University
- Tadaaki Kawashima, M.S. student, 2009-2011, Hokkaido University

Yang Chen, M.S. student, 2009-2011, Hokkaido University
 Yousef Kamrani, Ph.D. student, 2012-2018, SOKENDAI
 Kotaro Kosuge, Ph.D. student, 2013-2018, SOKENDAI
 Hiroki Kato, Ph.D. student, 2013-2018, SOKENDAI
 Mariko Kishimoto, M.S. student, 2014-2016, Nagoya University
 Ayaka Kikuchi, Ph.D. student, 2015-2016, SOKENDAI
 Akimasa Watanabe, Ph.D. student, 2016-2021, SOKENDAI
 Keisuke Okajima, Ph.D. student, 2016-2021, SOKENDAI
 Ayako Yanaka, Ph.D. student, 2017-2022, SOKENDAI

Students with the NIBB Internship Program

2012 Tushar Suhas Khare (University of Pune, India)
 2013 Bhagyashree Nandkishor Swarge (University of Pune, India)
 2015 M. Orkun Çoruh (Hacettepe University, Turkey)
 2016 Emre M. Ipekoglu (Middle East Technical University, Turkey)
 2018 Nguyen Ha Ngoc Anh (Univ. of Sciences and Technology of Hanoi, Vietnam)
 2019 Nguyen Hoang Yen Nhi (Vietnam National University HCMC, Vietnam)

Visiting Professorships:

2010-2011 Invited Professor, Hokkaido University
 2012-2016 Invited Professor, Nagoya University

b. Service to the academic communities

Editorships:

2013-2018 Editorial board, "Plant and Cell Physiology"
 2019-present Editor, "Plant and Cell Physiology"

Reviewer for scientific journals:

Algal Res, ACS Synth Biol, Biochemistry, Biochim Biophys Acta, Curr Opin Plant Biol, eLife, EMBO Rep, Eur J Protistol, FEBS Lett, Front Plant Sci, J Biotechnol, J Phys Chem Lett, Mol Biol Evol, Nature, Nat Commun, Nat Gen, Nat Plants, Photochem Photobiol, Photosynth Res, Photosynthetica, Plant Cell, Plant Cell Physiol, Plant J, Plant Physiol, Plant Physiol Biochem, Plant Mol Biol, PLoS One, Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A., Science, Sci Adv, Sci Rep

Reviewer for Japanese funding organizations:

JSPS (Japan Society for the Promotion of Science)
 MEXT (Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology)

JST (Japan Science and Technology Agency)

Reviewer for Foreign funding organizations:

GACR (Czech Science Foundation)

HFSP (Human Frontier Science Program)

NWO (Dutch Research Council)

SCIENCE CONNECT (European Science Foundation)

SNF (Swiss National Science Foundation)

Panel for scientific programs:

2010-present ALCA (Advanced Low Carbon Technology Research and Development Program), JST

Leading the research field of photosynthesis in Japan:

From FY2016 to 2020, I lead a MEXT grant program, "New Photosynthesis: Reoptimization of the solar energy conversion system" (Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas) as the Head Investigator. This program is intended to foster novel research areas proposed by diverse groups of researchers that are expected to lead to development and heightening of Japan's research level in the respective fields, to be conducted by collective research efforts through collaboration, scholarly training, shared use of equipment, etc. The period is 5 years. The budget range is set around JPY300,000,000 per year per area. This unique Japanese funding system has a history over 50 years, supporting the strength of this country's science.

Our "New Photosynthesis area" presented new perspectives into basic photosynthesis research with the ultimate goal of improving photosynthetic efficiency under any environment. Photosynthesis requires solar energy, which has the intrinsic potential to damage photosystems. During the course of evolution, plants have developed mechanisms to dissipate such excess light to achieve an optimal balance between utilization of light energy (photosynthesis) and dissipation of light energy (photoprotection). However, this balance is not always achieved. The goal of this project was to understand the mechanisms that regulate the proton motive force across thylakoid membranes, which is required for re-optimization of the balance between photosynthesis and photoprotection. Nearly 200 researchers belonging to eight groups of planned research and 23 groups of publicly offered research, including many students and postdocs in the area were working toward the same goal. They clarified several key steps that regulate and that are regulated by proton motive force. The area was extremely successful because we are now very close to revealing the whole picture of it. The project produced more than 500 research papers including numerous high impact papers. Many young researchers obtained jobs during or after the project. The area was highly regarded by the panel after the research period.

4. Personal Information

a. **Name:** Jun Minagawa

b. **Date of Birth:** [REDACTED]

c. **Office Address:** 38 Nishigonaka, Myodaiji, Okazaki 444-8585, Japan

d. **Research Area:** Plant Biology (photosynthesis, environmental stress)

e. Education:

1983-1987 Department of Pharmaceutical Sciences
The University of Tokyo

1987-1992 Graduate School of Pharmaceutical Sciences
The University of Tokyo

March 1992 Ph.D, The University of Tokyo

f. Professional Experience:

1992-1995 Postdoctoral Research Associate, Department of Biophysics
University of Illinois at Urbana-Champaign

1995-2001 Researcher, RIKEN

2001-2010 Associate Professor, Institute of Low Temperature Science,
Hokkaido University

2010-present Professor, Division of Environmental Photobiology
National Institute for Basic Biology

2010-present Professor, Department of Basic Biology
School of Life Science,
The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI)

g. Awards:

n/a

h. Professional Societies

The Botanical Society of Japan

2020 Member, Annual Meeting Organizing Committee

2020 Manager, Corporate Exhibition

2020 Member, Program Organizing Committee

The Japanese Society of Plant Physiologists

2006-2009 Trustee

2014-2015 Member, JSPP Award Committee

2016-present Delegate

The Japanese Society of Photosynthesis Research

2010-present Secretary

2011-2015 Executive board

2013-2014 Member, Liaison Committee for the photobiology association
of Japan

International Photosynthesis Society

i. Publication List (Oct 2010 – Mar 2022)

Class I: Research articles (in peer reviewed journals)

*Senior author(s)

1. Tanno, A., Arakaki, Y., Tokutsu, R., Ueki, N., Minagawa, J., Yoshimura, K., Hisabori, T., Nozaki, H., *Wakabayashi, K. The four-celled Volvocales green alga *Tetrabaena socialis* shows weak photobehavior and high photoprotection ability. *PLoS One* 16: e0259138 (2021).
2. Morishita, J, Tokutsu, R., Minagawa, J., Hisabori, T., *Wakabayashi, K. Characterization of *Chlamydomonas reinhardtii* mutants that exhibit strong positive phototaxis. *Plants* 10:1483 (2021).
3. Pan, X., Tokutsu, R., Li, A., Takizawa, K., Song, C., Murata, K., Yamasaki, T., *Liu, Z., *Minagawa, J., *Li, M. Structural basis of LhcbM5-mediated state transitions in green algae. *Nat. Plants* 7:1119-1131 (2021).
4. *Maeda, T., Takahashi, S., Yoshida, T., Shimamura, S., Takaki, Y., Nagai, Y., Toyoda, A., Suzuki, Y., Arimoto, A., Ishii, H., Satoh, N., Nishiyama, T., Hasebe, M., Maruyama, T., Minagawa, J., Obokata, J., Shigenobu, S. Genomic evidence of chloroplast acquisition without gene transfer in the kleptoplastic sea slug *Plakobranthus ocellatus*. *eLife* 10:e60176 (2021).
5. Zhang, X. J., Fujita, Y., Tokutsu, R., Minagawa, J., Shen, Y., *Shibata, Y. Shape-memory behavior of thylakoid in *Chlamydomonas* as revealed by novel excitation spectral microscopy. *Plant Cell Physiol.* 62: 872-882 (2021).
6. *Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., Okajima, K., *Minagawa, J. UV-A/B radiation rapidly activates photoprotective mechanisms in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol.* 185: 1894-1902 (2021).
7. Shukla, M. K., Watanabe, A., Wilson, S., Giovagnetti, V., Moustafa, E. I., *Minagawa, J., *Ruban, A. V. A novel method produces native LHClI aggregates from the photosynthetic membrane revealing their role in NPQ. *J. Biol. Chem.* 295:17816-17826 (2020).

8. Watanabe, A. *Minagawa, J. Structural characterization of the photosystems in the green alga *Chlorella sorokiniana*. *Planta* 252:79 (2020).
9. *Kim, E., Kawakami, K., Sato, R., Ishii, A., *Minagawa, J. Photoprotective capabilities of light-harvesting complex II trimers in a green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *J. Phys. Chem. Lett.* 11: 7755-7761 (2020).
10. Kishimoto, M., Baird, A. H.I, Maruyama, S., Minagawa, J., *Takahashi, S. Loss of symbiont infectivity following thermal stress limits recovery from bleaching in cnidarians. *ISME J.* 14: 3149–3152 (2020).
11. Kim, E., Watanabe, A., Duffy, C. D. P., Ruben, A. V., *Minagawa, J. Multimeric and monomeric photosystem II supercomplexes represent structural adaptations to low- and high-light conditions. *J. Biol. Chem.* 295: 14537-14545 (2020).
12. Kato, H., Tokutsu, R., Kubota-Kawai, H., Burton-Smith, R. N., Kim, E., *Minagawa, J. Characterization of a giant photosystem I supercomplex in the symbiotic dinoflagellate *Symbiodiniaceae*. *Plant Physiol.*, 183: 1725-1734, (2020).
13. *Faktorová, D., Nisbet, R. E. R., Robledo, J. A. F., Casacuberta, E., Sudek, L., Allen, A. E., Ares Jr., M., Aresté, C., Balestreri, C., Barbrook, A. C., Beardslee, P., Bender, S., Booth, D. S., Bouget, F.-Y., Bowler, C., Breglia, A. A., Broellochs, A., Brownlee, C., Burger, G., Cerutti, H., Cesaroni, R., Chiurillo, M. A., Clemente, T., Coles, D. B., Collier, J. L., Cooney, L., Coyne, K., Docampo, R., Dupont, C. L., Edgcomb, V., Einarsson, E., Elustondo, P. A., Federici, F., Freire-Beneitez, V., Freyria, N. J., Fukuda, K., García, P. A., Girguis, P. R., Goma, F., Gornik, S., Guo, J., Hampl, V., , Hanawa, Y., Haro-Contreras, E. R., Hehenberger, E., Highfield, A.,, Hirakawa, Y., Hopes, A., Howe, C. J., Hu, I., Ibañez, J., Irwin, N. A. T., Ishii, Y., Janowicz, N. E., Jones, A. C., Kachale, A., Fujimura-Kamada, K., Kaur, B., Kaye, J. Z., Kazana, E., Keeling, P. J., King, N., Klobutcher, L. A., Lander, N., Lassadi, I., Li, Z., Lin, S., Lozano, J. C., Luan, F., Maruyama, S., Matute, T., Miceli, C., Minagawa, J., Moosburner, M., Najle, S. R., Nanjappa, D. N., Nimmo, I. C., Noble, L., Vanclová, A. M. G. N., Nowacki, M., Nuñez, I., Pain, A., Piersanti, A., Pucciarelli, S., Pyrih, J., Rest, J. S., Rius, M., Robertson, D., Ruaud, A., Ruiz-Trillo, I., Sigg, M. A., Silver, P. A., Slamovits, C. H., Swart, E., Smith, G. J., Sprecher, B., Stern, R., von der Haar, T., Tsypin, L., Turkewitz, A., Turnšek, J., Valach, M., Vergé, V., von Dassow, P., Tsaousis, A., Waller, R. F., Wang, L., Wen, X., Wheeler, G., Woods, A., Zhang, H., *Mock, T., *Worden, A. Z., *Lukeš, J. Genetic tool development in marine protists: Emerging model organisms for experimental cell biology. *Nat. Methods*, 17: 481-494 (2020).
14. Negi, S., Perrine, Z., Friedland, N., Kumar, A., Tokutsu, R., Minagawa, J., Berg, H., Barry, A., Govindjee, *Sayre, R. Light-regulation of light harvesting antenna size substantially enhances photosynthetic efficiency and biomass yield in green algae. *Plant J.*, 103: 584-603 (2020).

15. Sheng, X., Watanabe, A., Li, A., Kim, E., Song, C., Murata, K., Song, D., *Minagawa, J., *Liu, Z. Structural insight into light harvesting for photosystem II in green algae. *Nat. Plants* 5: 1320-1330 (2019).
16. *Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Matsuo, T., Yamasaki, T., *Minagawa, J. The CONSTANS flowering complex controls the protective response of photosynthesis in the green alga *Chlamydomonas*. *Nat. Commun.* 10: 4099, (2019).
17. *Kawakami, K., Tokutsu, R., Kim, E., Minagawa, J. Four distinct trimeric forms of light-harvesting complex II isolated from the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *Photosynth. Res.*, 142: 195-201 (2019).
18. Burton-Smith, R. N., Watanabe, A., Tokutsu, R., Song, C., *Murata, K., *Minagawa, J. Structural determination of the large photosystem II–light-harvesting complex II supercomplex of *Chlamydomonas reinhardtii* using non-ionic amphipol. *J. Biol. Chem.*, 294: 15003-15013 (2019).
19. Ishii, Y., *Maruyama, S., Takahashi, H., Aihara, Y., Yamaguchi, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., *Kawata, M., Ueno, N., Minagawa, J. Global shifts in gene expression profiles accompanied with environmental changes in cnidarian-dinoflagellate endosymbiosis. *G3* 9: 2337-2347 (2019).
20. *Kim, E., Watanabe, A., Sato, R., Okajima, K., *Minagawa, J. pH-responsive binding properties of light-harvesting complexes in a photosystem II supercomplex investigated by thermodynamic dissociation kinetics analysis. *J. Phys. Chem. Lett.* 10: 3615-3620 (2019).
21. Watanabe, A., Kim, E., Burton-Smith, R.-N., Tokutsu, R., *Minagawa, J. Amphipol-assisted purification method for the highly active and stable photosystem II supercomplex of *Chlamydomonas reinhardtii*. *FEBS lett.* 593: 1072-1079 (2019).
22. Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Matsuo, T., Yamasaki, T., *Minagawa, J. Isolation of photoprotective signal transduction mutants by systematic bioluminescence screening in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Sci. Rep.* 9: 2820, (2019).
23. Kubota-Kawai, H., Burton-Smith, R. N., Tokutsu, R., Song, C., Akimoto, S., Yokono, M., Ueno, Y., Kim, E., Watanabe, A., Murata, K., *Minagawa, J. Ten antenna proteins are associated with the core in the supramolecular organization of the photosystem I supercomplex in *Chlamydomonas reinhardtii*. *J. Biol. Chem.* 294: 4304-4314 (2019).
24. Aihara, Y., Maruyama, S., Baird, A. H., Iguchi, A., *Takahashi, S., *Minagawa, J. Green fluorescence from cnidarian hosts attracts symbiotic algae. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 116: 2118-2123 (2019).
25. Aihara, Y., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., *Minagawa, J. Algal photoprotection

is regulated by the E3 ligase CUL4-DDB1^{DET1}. *Nat. Plants* 5: 34-40 (2019).

26. Toyoshima, M., Sakata, M., Ohnishi, K., Tokumaru, Y., Kato, Y., Tokutsu, R., Sakamoto, W., Minagawa, J., Matsuda, F., *Shimizu, H. Targeted proteome analysis of microalgae under high-light conditions by optimized protein extraction of photosynthetic organisms. *J. Biosci. Bioeng.* 127: 394-402 (2019).
27. Yari Kamrani, Y., Matsuo T., Mittag, M., *Minagawa, J. ROC75 Functions as an attenuator of the circadian clock to control photoprotective *LHCSR3* gene in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol.* 59: 2602-2607 (2018).
28. Kosuge, K., Tokutsu, R., Kim, E., Akimoto, S., Yokono, M., Ueno, Y., *Minagawa, J. LHCSR1-dependent fluorescence quenching is mediated by excitation energy transfer from LHCII to photosystem I in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 115: 3722-3727 (2018).
29. Ishii, Y., *Maruyama, S., Fujimura-Kamada, K., Kutsuna, N., Takahashi, S., *Kawata, M., Minagawa, J. Isolation of uracil auxotroph mutants of coral symbiont alga for symbiosis studies. *Sci. Rep.* 8: 3237 (2018).
30. Kim, E., Tokutsu, R., *Minagawa, J. Investigation on the thermodynamic dissociation kinetics of photosystem II supercomplexes to determine the binding strengths of light-harvesting complex. *J. Phys. Chem. B* 122: 1627-1630 (2018).
31. Kim, E., Akimoto, S., Tokutsu, R., Yokono, M., *Minagawa, J. Fluorescence lifetime analyses reveal how the high light-responsive protein LHCSR3 transforms PSII light-harvesting complexes into an energy-dissipative state. *J. Biol. Chem.* 292: 18951-18960 (2017).
32. Takizawa, K., Minagawa, J., Tamura, M., Kusakabe, N., *Narita, N. Red-edge position of habitable exoplanets around M-dwarfs. *Sci. Rep.* 7: 7561 (2017).
33. Biquand, E., Okubo, N., Aihara, Y., Rolland, V., Hayward, D., Hatta, M., Minagawa, J., Maruyama, T., *Takahashi, S. Acceptable symbiont cell size differs among cnidarian species and may limit symbiont diversity. *ISME J.* 11:1702-1712 (2017).
34. Ho, S.-H., Nakanishi, A., Kato, Y., Yamasaki, H., Chang, J.-S., Misawa, N., Hirose, Y., Minagawa, J., *Hasunuma, T., *Kondo, A. Dynamic metabolic profiling together with transcription analysis reveals salinity-induced starch-to-lipid biosynthesis in alga *Chlamydomonas* sp. JSC4. *Sci. Rep.* 7: 45471 (2017).
35. Wang, L., Yamano, T., Takane, S., Niikawa, Y., Toyokawa, C., Ozawa, S., Tokutsu, R., Takahashi, Y., Minagawa, J., Kanesaki, Y., Yoshikawa, H., *Fukuzawa, H. Chloroplast-mediated regulation of CO₂-concentrating mechanism by Ca²⁺-binding protein CAS in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 113: 12586-12591 (2016).

36. *Petroutsos, D., Tokutsu, R., Maruyama, S., Flori, S., Greiner, A., Magneschi, L., Cusant, L., Kottke, T., Mittag, M., Hegemann, P., *Finazzi, G., *Minagawa, J. A blue light photoreceptor mediates the feedback regulation of photosynthesis. *Nature* 537: 563-566 (2016).
37. Ueki, N., Mochiji, S., Ide, T., Tokutsu, R., Ohnishi, N., Kobayashi, Y., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Tanaka, K., Minagawa, J., Hisabori, T., Hirono, M., *Wakabayashi, K. Eyespot-dependent determination of the phototactic sign in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 113: 5299-5304, (2016).
38. Aihara, Y., Takahashi, S., *Minagawa, J. Heat induction of cyclic electron flow around photosystem I in the symbiotic dinoflagellate *Symbiodinium*. *Plant Physiol.* 171: 522-529 (2016).
39. Karim, W., Seidi, A., Hill, R., Chow, W. S., Minagawa, J., Hidaka, M., *Takahashi, S. Novel characteristics of photodamage to photosystem II in a high-light-sensitive *Symbiodinium* phylotype. *Plant Cell Physiol.* 56: 1162-1171 (2015).
40. Xue, H., Tokutsu, R., Bergner, S., Scholz, M., Minagawa, J., *Hippler, M. PSBR is required for efficient binding of LHCSR3 to photosystem II - light-harvesting supercomplexes in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol.* 167: 1566-1578, (2015).
41. Maruyama, S., Shoguchi, E., Satoh, N., *Minagawa, J. Diversification of light harvesting complex gene family via intra- and intergenic duplications in the coral symbiotic alga *Symbiodinium*. *PLoS One* 10: e0119406 (2015)
42. Takahashi, H., Okamuro, A., Minagawa, J., *Takahashi, Y. Biochemical characterization of photosystem I associating light-harvesting complexes I and II isolated from State-2 cells of *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol.* 55: 1437-1449 (2014).
43. Maruyama, S., Tokutsu, R., *Minagawa, J. Transcriptional regulation of the stress-responsive light harvesting complex genes in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol.* 55: 1304-1310 (2014).
44. *Shibata, Y., Katoh, W., Chiba, T., Namie, K., Ohnishi, N., Minagawa, J., Nakanishi, H., Noguchi, T., Fukumura, H. Development of a novel cryogenic microscope with numerical aperture of 0.9 and its application to photosynthesis research. *Biochim. Biophys. Acta* 1337: 880-887 (2014).
45. Nagy, G., Ünneper, R., Zsiros, O., Tokutsu, R., Takizawa, K., Porcar, L., Moyet, L., Petroutsos, D., *Garab, G., *Finazzi, G., *Minagawa, J. Chloroplast remodeling during state transitions in *Chlamydomonas reinhardtii* as revealed by non-invasive techniques in vivo. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 111: 5042-5047 (2014).

46. Tokutsu, R. and *Minagawa, J. Energy-dissipative supercomplex of photosystem II associated with LHCSR3 in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 110: 10016-10021 (2013).
47. Alloreant, G., Tokutsu, R., Roach, T., Peers, G., Cardol, P., Girard-Bascou, J., Seigneurin-Berny, D., Petroutsos, D., Kuntz, M., Breyton, C., Franck, F., Wollman, F. A., Niyogi, K. K., Krieger-Liszkay, A., Minagawa, J., *Finazzi, G. A dual strategy to cope with high light in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell* 25: 545-557, (2013).
48. Tokutsu, R., Kato, N., Bui, K. H., Ishikawa, T., *Minagawa, J. Revisiting the supramolecular organization of photosystem II in *Chlamydomonas reinhardtii*. *J. Biol. Chem.* 287: 31574-31581 (2012).

Class II: Invited reviews (in peer reviewed journals)

49. *Hippler, M., *Minagawa, J., *Takahashi, Y. Photosynthesis and chloroplast regulation—Balancing photosynthesis and photoprotection under changing environments. *Plant Cell Physiol.* 62: 1059-1062 (2021).
50. Sheng, X., Liu, Z., Kim, E., *Minagawa, J. Plant and algal PSII-LHCII supercomplexes: structure, evolution and energy transfer. *Plant Cell Physiol* 62: 1108-1120 (2021).
51. *Minagawa, J., Tokutsu, R. Dynamic regulation of photosynthesis in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant J.* 82: 413-428 (2015).
52. *Minagawa, J. Dynamic reorganization of photosynthetic supercomplexes during environmental acclimation of photosynthesis. *Front. Plant Sci.* 4: 513, (2013).
53. *Minagawa, J. State transitions — The molecular remodeling of photosynthetic supercomplexes that controls energy flow in the chloroplast. *Biochim. Biophys. Acta*, 1807: 897-905 (2011).

Class II: Book chapters

54. Minagawa, J. Abiotic stress and adaptation in light harvesting. *In* Photosynthesis in Action, A. Ruban, C. Foyer E. Murchie (Eds.) pp.61-84, Academic Press, Cambridge, MA, USA, 2022.
55. Minagawa, J. Chlamydomonas: Bioenergetic Pathways—Regulation of Photosynthesis. *In* Chlamydomonas: Molecular Genetics and Physiology, M. Hippler (Ed.) pp.135-154, Springer, Dordrecht, 2017.
56. Finazzi, G., Minagawa, J., Johnson, G. N. The cytochrome *b₆f* complex – a regulatory

hub controlling electron flow and the dynamics of photosynthesis? *In* Cytochrome Complexes: Evolution, Structures, Energy Transduction, and Signaling, W. Cramer, T. Kallas (Eds.) pp. 437-452, Advances in Photosynthesis and Respiration Vol.41, Springer, Dordrecht, 2016.

57. Minagawa, J. A supercomplex of cytochrome bf and photosystem I for cyclic electron flow. *In* Cytochrome Complexes: Evolution, Structures, Energy Transduction, and Signaling, W. Cramer, T. Kallas (Eds.) pp.453-462, Advances in Photosynthesis and Respiration Vol.41, Springer, Dordrecht, 2016.
58. Johnson, G. N., Cardol, P., Minagawa, J., Finazzi, G. Regulation of electron transport in photosynthesis. *In* Plastid Biology (Theg, S., Wollman, F.-A., Eds.) pp.437-464, Advances in Plant Biology Vol. 5, Springer, Dordrecht, 2014.
59. Finazzi, G., Minagawa, J. High light acclimation in green microalgae. *In* Non-Photochemical Quenching and Energy Dissipation in Plants, Algae, and Cyanobacteria, B. Demmig-Adams, G. Garab G, W. Adams III and Govindjee (Eds.), pp.445-469, Advances in Photosynthesis and Respiration Vol.40, Springer, Dordrecht, 2014.

Class II: Invited reviews and Book chapters (in Japanese)

60. 皆川純 “周辺集光装置” 「光合成」 日本光合成学会編（朝倉書店）, pp.35-40, 2021.
61. 皆川純 “光合成系Ⅱ複合体” 「生体の科学」(医学書院) vol. 71 No.4, 353-358, 2020.
62. 皆川純 “光合成系の光強度変化への適応” 「光と生命の事典」 日本光生物学協会 光と生命の事典編集委員会編（朝倉書店）, pp.84-85, 2016.
63. 皆川純 “光合成を自在に最適化する” 「実験医学」 vol.34 No.16, 2747, 2016.
64. 皆川純 “色素と生物” 「発光の事典 一基礎からイメージングまで」 木下修一、太田信廣、永井健治、南不二雄編（朝倉書店）, pp.510-524, 2015.
65. 得津隆太郎, 皆川純 “光合成における過剰光エネルギー消去のメカニズム” 「パリティ」 vol.29 No.6, 43-45, 2014.
66. 皆川純, 太郎田博之 “微細緑藻の高密度化へ向けた光合成能力増強技術” BIOINDUSTRY vol.31, 30-36, 2014.
67. 皆川純 “光合成の誕生” 「アストロバイオロジー 宇宙に生命の起源を求めて」 山岸明彦編（化学同人）, pp.145-155, 2013.
68. 皆川純 “光合成に見る地球の生命の絶妙さ” 「地球外生命9の論点」 自然科学研究機構編（講談社ブルーバックス）, pp.51-76, 2012.

j. Symposium Presentations / Invited Seminars

International Conferences and Seminars

- Minagawa, J. "Algal Photoprotection: Signal Transduction and the Mechanism", 11th Asian Photochemistry Conference (keynote talk), ONLINE, 2021. (31 Oct-4 Nov)
- Minagawa, J. "Algal photoprotection: Signal transduction and the mechanism", Digital symposium "Chloroplasts – the green hubs of plant biology" (invited talk), ONLINE, 2021. (22-24, Sep.)
- Minagawa, J. "Multimeric and monomeric PSII supercomplexes represent structural adaptations to low- and high-light conditions", the 62nd Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, ONLINE, 2021. (14th, Mar)
- Minagawa, J. "Algal photoprotection: Mechanism and the signal transduction", 1st Japan-US Binational Seminar 2019 (invited lecture) , Kyoto, Japan, 2019. (1-3rd, Oct)
- Minagawa, J. "Algal photoprotection: Mechanism and Signal Transduction", 9th Asia and Oceania Conference on Photobiology (AOCP2019) (plenary lecture) , Qingdao, China, 2019. (21-24th, Sep)
- Minagawa, J. "Algal photoprotection: Mechanism and Signal Transduction", World Congress on Light and Life 2019 (Photobiology 2019) (invited lecture) , Barcelona, 2019. (25-30th, Aug)
- Minagawa, J. "Algal photoprotection: Mechanism and Signal Transduction", International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis (ISPCB2018) (invited lecture) , Kurashiki, Okayama, 2018. (7-10th, Nov)
- Minagawa, J. "1st Asia-Oceania International Congress on Photosynthesis", (AOICP2018) (plenary lecture) , Beijing, China, 2018. (19-22nd, Aug)
- Minagawa, J. "A putative E3 ubiquitin-ligase negatively regulates photosynthesis by mediating the phototropin signal in *Chlamydomonas reinhardtii*", International Symposium on Plant Photobiology 2018 (ISPP2018) (invited lecture), Matsue, Japan, 2018. (15-18th, Jan)
- Minagawa, J. "Dissipation of excess light energy for photosynthesis in microalgae (plenary lecture), Taiwan-Japan Plant Biology 2017 (TJPB2017), Taipei, Taiwan, 2017. (3-5th, Nov)
- Minagawa, J. "Acclimation of Photosynthetic Light-harvesting in Nature" at Gordon Research Conference on Photosynthesis (invited talk) , Newry, ME, USA, 2017. (16-21st, Jul)

- Minagawa, J. "Dissipation of excess light energy for photosynthesis in microalgae", at 4th Int'l conference on Molecular Life of Diatoms (plenary lecture), Kobe, Japan, 2017. (10th, Jul)
- Minagawa, J. "How *Chlamydomonas* harvest and dissipate light energy for photosynthesis?" at the seminar "Molecular mechanisms of perception and responses to abiotic factors in eukaryotic microalgae in a changing environment" at University of Bielefeld (invited seminar) Bielefeld, Germany 2017. (6th, April)
- Minagawa, J. "Dynamic remodeling of photosynthetic supercomplexes during environmental acclimation" at the Chemobiosys Lectures (invited seminar) Jena, 2017. (4th, April)
- Minagawa, J. "LHCSR3-dependent energy dissipation in PSII supercomplexes in a green alga *Chlamydomonas reinhardtii*.", 'Photosynthetic and Respiratory complexes, from structure to function' (Invited talk) Verviers, Belgium, 2016. (13th-16th, Aug)
- Minagawa, J. "Dissipation of Excess Light Energy in *Chlamydomonas reinhardtii*", 45th World Chemistry Congress (IUPAC2015) (invited lecture), Busan, South Korea, 2015. (15-18th, Nov)
- Minagawa, J. "Dissipation of Excess Light Energy in *Chlamydomonas reinhardtii*", 7th Asia and Oceania Conference on Photobiology (AOCP2017) (invited lecture), Taipei, Taiwan, 2015. (15-18th, Nov)
- Minagawa, J. "Dissipation of excess light energy in *Chlamydomonas reinhardtii*", Yamada Conference "International Symposium on Dynamics and Regulation of Photosynthesis" (invited talk), Nara, 2015. (29-31th Oct)
- Minagawa, J. "Dissipation of Excess Light Energy in *Chlamydomonas reinhardtii*", 2nd CRL International Forum 'Tokyo Tech-HHU Dusseldoff Joint Symposium on photosynthesis as a new chemical resource (invited talk), Tokyo, 2015. (4th-5th Mar)
- Minagawa, J. Regulation of NPQ induction in *Chlamydomonas reinhardtii* at Gordon Research Conference on Photosynthesis (invited talk), West Dover, VT, 2014. (11th Aug).
- Minagawa, J. "Energy dissipative supercomplex of photosystem II associated with LHCSR3 in *Chlamydomonas*". Michigan State University Plant Biology Laboratory Seminar, East Lansing, USA, 2013. (30th Sep)
- Minagawa, J. "Energy dissipative supercomplex of photosystem II associated with LHCSR3 in *Chlamydomonas*". 3rd International Conference on Algal Biomass, Biofuels & Bioproducts, Toronto, Canada, 2013. (16th-19th June).

Minagawa, J. "Supercomplexes and super-supercomplexes in photosynthesis". The 4th NIBB-MPIPZ-TLL Symposium, Okazaki, Japan, 2012. (19th - 21st Nov)

Minagawa, J. "Supercomplexes and super-supercomplexes in photosynthesis." Workshop on "Molecular Functional Dynamics: Fundamental to Life Activity", Okazaki, Japan, 2012. (26th Oct).

Minagawa, J. "A PSII-LHCII-LHCSR3 supercomplex engaged in high energy quenching in *Chlamydomonas reinhardtii*". International Congress on Plant Molecular Biology, Jeju, South Korea, 2012. (21st - 26th Oct)

Minagawa, J. "Molecular Remodeling of the Photosynthetic Supercomplexes in Algae". Okazaki Biology Conference 9, Okazaki & Onna, Japan, 2012. (14th - 19th Oct)

Minagawa, J. "A supercomplex of supercomplexes that drives cyclic electron flow in photosynthesis". Special seminar, University of Nebraska, Lincoln, USA, 2012. (26th Sep)

Domestic Symposiums (In Japanese)

皆川純 「光合成超複合体の環境適応 -組み換えとシグナル伝達-」 新学術領域研究「生命金属科学」領域会議第二回地方巡業名古屋（2021年4月3日、オンライン）

皆川純 「光化学系II超複合体のメタ構造変化による光環境適応」第62回日本植物生理学会年会シンポジウム「光エネルギー変換システムの再最適化—構造・機能・システムの視点から」（2021年3月14日、オンライン）

皆川純 「環境の中で姿を変える光合成」2019年度第2回バイオ単分子研究会「ナノバイオ研究の進展」（2019年11月24日 山梨県北杜市 Royal Hotel ハケ岳）

皆川純 「プロトン駆動力による光合成のフィードバック制御」第70回日本生物工学会大会シンポジウム（2018年9月7日 関西大学、大阪）

皆川純 「藻類の植物生理と培養技術 特に強光ストレスへの対応や強光阻害の回避策」藻類バイオ燃料シンポジウム（2018年1月29日 JMAF 東京オフィス、中央区、東京）

皆川純 「光合成における光エネルギーの利用と散逸の制御」第17回名古屋大学遺伝子実験施設公開セミナー「藻類が解き明かす生命の仕組み」（2017年12月14日 名古屋大学坂田・平田ホール、名古屋）

皆川純 「新光合成～光合成の再最適化を目指す～」植物科学シンポジウム2016「植

物科学とイノベーション」(2016年12月7日 東大弥生講堂一条ホール、東京)

皆川純 「LHCSR3 を結合した光化学系 II 超複合体によるエネルギー散逸」日本植物学会第 77 回 大会シンポジウム「光合成の超分子複合体の構造と動態」(2013 年 9 月 14 日 札幌)

皆川純 「超複合体再編成による光合成環境適応」第 21 回 光合成の色素系と反応中心に関するセミナー (2013 年 7 月 6 日 名古屋)

皆川純 「藻類における光合成機能の解析と向上」第二回代謝工学研究部会シンポジウム (2012 年 11 月 28 日 大阪)

皆川純 「光合成を司る超複合体 / 超・超複合体」蛋白質科学会年会シンポジウム (2012 年 6 月 21 日 名古屋)

皆川純 「光合成ステート遷移における超複合体のリモデリング」名工大―自然科学研究機構合同講演会第二回講演会 (2011 年 8 月 29 日 名古屋)

皆川純 「光化学系 I 超・超複合体によるサイクリック電子伝達」(大阪大学タンパク質研究所セミナー：分子科学と生理学が解き明かす植物の光エネルギー変換の新展開, 吹田市, 2011 年 3 月 9-10 日)

皆川純 「真核藻類を利用して展開する光合成研究」(ナショナルバイオリソースプロジェクト藻類シンポジウム 「未来を支える藻類, その多様性 -ゲノミクス・ポストゲノミクスの視点から- 2011 年 1 月 29 日 東京)

k. Organization of Symposiums

Symposium "Re-optimization of Energy Transduction in Photosynthesis — Structure, Function and System" in the 62nd Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists (ONLINE, 14th March 2021)

Symposium "A new horizon in photosynthesis research: Regulation via Proton Motive Force" in The 58th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists (Kagoshima, 16th March 2017)

The 9th Okazaki Biology Conference "Marine Biology II" (Okazaki & Onna, 14th - 19th October 2012)

Symposium "Photosynthesis and Algal Biotechnology" in the 3rd Annual Meeting of the Japanese Society of Photosynthesis Research (Tokyo, 1st June 2012)

l. Grant Awards

KAKENHI (Grants-in-Aid for Scientific Research from *MEXT and **JSPS)

*MEXT : Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology

**JSPS : Japan Society for the Promotion of Science

Grant-in-Aid for Scientific Research (S), "Comprehensive study of excessive light stress response in plants (21H05040)", PI, FY2021-2025, JPY189,150,000.-

Grant-in-Aid for Scientific Research (A), "Signals and mechanisms of excess energy dissipation in photosynthesis, (21H04778)", PI, FY2021, JPY 5,772,228.-

Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas (Research in a proposed research area) "*New Photosynthesis : Reoptimization of the solar energy conversion system*, Results Compilation (21H00463)", PI, FY2021, JPY2,400,000.-

Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas (Research in a proposed research area) "*New Photosynthesis : Reoptimization of the solar energy conversion system*, Administrative Group (16H06552)", PI, FY2016-2020, JPY32,386,000.-

Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas (Research in a proposed research area), Support Group for International Activities (16K21737)", PI, FY2016-2020, JPY40,000,000.-

Grant-in-Aid for Scientific Research on Innovative Areas (Research in a proposed research area) "Feedback regulation of light-harvesting by proton gradient", Planned Research (16H06553)", PI, FY2016-2020, JPY85,700,000.-

Grant-in-Aid for Scientific Research (A) "Regulation of photosynthesis under variable light (26251033)", PI, FY2014-20217, JPY31,100,000.-

Japan Society for the Promotion of Science (JST)

A-STEP (Seeds development type) "Development of technology for production of carotenoid pigments from microalgae", Co-I (PI: Hasunuma Tomohisa) , FY2016-2019, JPY61,400,000.-

Joint Research Projects and Seminars under the Bilateral Programs (Japan-Belgium), "Study on the environmental acclimation of the symbiotic relationship between marine invertebrates and phytoplankton", PI, FY2015-2016, JPY5,000,000.-

CREST: Structural Life Science and Advanced Core Technologies for Innovative Life Science Research, "Structural Studies on the transient macromolecular complexes formed upon photoacclimation", Co-I (PI: Genji Kurisu), FY2013-2018, JPY69,700,000.-

Funds from Governments and Governmental Bodies

New Energy and Industrial Technology Development Organization (NEDO), Research and Development of Biomass Energy, Strategic Development of Next-generation Bioenergy Utilization Technology, *"Development of Oil Production Process Using Marine Green Algae"*, Co-I (PI: Tomohisa Hasunuma), FY2012-2015, JPY80,000,000.-

Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT), The Green Network of Excellence Program (GRENE), *"Network of Centers of Carbon Dioxide Resource Studies in Plants: NC-CARP"*, Co-I (PI: Hiroo Fukuda), FY2011-2015, JPY68,230,000.-

Cabinet Office, Funding Program for Next Generation World-Leading Researchers (NEXT Program), *"Technical basis for the integrated control of photosynthetic performance (GS026)"*, PI, FY2011-2014, JPY133,000,000.-

Funds from Other Organizations

Gordon and Betty Moore Foundation, Marine Microbiology Initiative, *"Screening Marine Microeukaryotes for their Amenability for Genetic Tool Development"* (Grant #4985), PI, 2015-2018, USD322,388.-

m. Professional Activities

Service to NIBB

FY2010-present	Member, Faculty Meeting
FY2011-present	Member, Future Planning Committee
FY2011-present	Member, Space Utilization Committee
FY2011-2014	Member, Steering Committee of NIBB Bioresource Center
FY2011-2016	Member, Safety Officers of Recombinant DNA Experiments
FY2011-present	Member, Steering Committee of Library and Information Center
FY2011-present	Member, Steering Committee of Model Plant Research
FY2011-2012	Member, Young Professors Liaison Meeting
FY2011-present	Member, Subcommittee of Health and Safety Management
FY2011-2017	Member, Steering Committee of Okazaki Biology Conference
FY2011-present	Member, Steering Committee of Information Management and Analysis Facility

FY2013-present	Member, Steering Committee of Functional Genomics Facility
FY2013-2016	Member, Steering Committee of NIBB Core Research Facilities
FY2015-present	Department Chair (Officer of Health and Safety/ Intellectual Properties/ Regional Collaboration)
FY2015-present	Member, Steering Committee of NIBB
FY2015-present	Member, Committee of Inspection and Evaluation
FY2015-present	Member, Committee of Special Joint Researcher Screening
FY2015-present	Member, Committee of Conflict of Interest
FY2015-present	Member, Intellectual Properties Committee
FY2015-present	Member, Meeting of Intellectual Properties Office
FY2015-present	Chair, Intellectual Properties Committee
FY2015-present	Member, Misconduct Prevention Committee
FY2017-present	Member, Steering Committee of NINS Astrobiology Center
FY2017-present	Chair, Subcommittee of Health and Safety Management
FY2018-2019	Member, Committee of Research Cooperation and Liaison
FY2020-present	Member, Committee of Research Enhancement Strategy
FY2020-present	Member, Collaborative Innovation Office
FY2021-present	Member, Collaborative Innovation Committee
FY2021-present	Chair, Steering Committee of NIBB

Service to NINS (National Institutes of Natural Sciences), Okazaki Region

FY2011-2014	Member, Committee of Sexual Harassment Prevention
FY2011-2019	Member, Environmental Conservation Working Group
FY2016	Member, Steering Committee of Research Center for Computational Science
FY2015-present	Member, Committee of Health and Safety Management
FY2015-present	Member, Committee of Fire and Disaster Prevention
FY2015-2019	Member, Steering Committee of On-Campus Traffic Regulation and Management

Service to NIBB and NIPS(National Institute for Physiological Sciences)

FY2014-2016	Member, Committee of Instrument Research and Prototyping Laboratory
FY2014-2017	Member, Waste Disposal Committee

Service to SOKENDAI

FY2013-2019	Officer, International Student Affairs
-------------	--

FY2013-2019	Member, Committee of Leading Program of the Graduate School
FY2014-2016	Officer, Entrance Examination
FY2014-2017	Member, Committee of priority arrangement of the MEXT Scholarship Students

n. Teaching Experience

Lectures at SOKENDAI (Department of Basic Biology)

2011, 2014, 2017, 2020	Environmental Biology
2014	Micro-macro Biology
2011-2013, 2015-2016, 2018-2019	Introduction to Basic Biology I

Lecture series at Tokyo Institute of Technology (Department of Life Science and Technology)

2011	Photosynthesis and environment: How to collect light in a variable environment
------	--

Lecture series at Nagoya University (Department of Biology)

2012	Photosynthesis and environment: How to collect light in a variable environment
------	--

Lecture series at Nagoya University (Department of Agriculture)

2014	Environmental adaptation of photosynthesis
------	--

o. Other Activities (Outreach activities)

2010	自然科学研究機構シンポジウム「多彩な地球の生命 宇宙に仲間はいるか」 “光合成のダイナミズム” (東京都)
2011	愛知県立岡崎高校 特別授業 “光合成研究の最先端 そして研究とは？” (岡崎市)
2011	名古屋大学グローバル COE「システム生命科学の展開：生命機能の設計」第5回リトリート Keep Our Scientific Interaction Alive ～科学で交流し続けよう～ “A supercomplex of supercomplexes that drives cyclic electron flow in photosynthesis” (長浜市)
2013	総研大「はじまり」のシンポジウム “細胞内共生の「はじまり」ー光合成” (葉山町)
2014	「『科学技術が拓く 2030 年』へのシナリオ」(主催 JSPS) 出展 (東京都)
2016	愛知県立岡崎高校 特別授業

“光合成のダイナミックな姿 最先端を少し紹介しよう そして研究とは何か？”（岡崎市）

2016 第21回自然科学研究機構シンポジウム「地球にやさしいエネルギーの未来」
“しなやかな光合成”（東京都）

5. Selected reprints

1. Tokutsu, R. and *Minagawa, J.
Energy-dissipative supercomplex of photosystem II associated with LHCSR3 in *Chlamydomonas reinhardtii*.
Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 110: 10016-10021 (2013).
2. *Petroutsos, D., Tokutsu, R., Maruyama, S., Flori, S., Greiner, A., Magneschi, L., Cusant, L., Kottke, T., Mittag, M., Hegemann, P., *Finazzi, G., *Minagawa, J.
A blue light photoreceptor mediates the feedback regulation of photosynthesis.
Nature 537: 563-566 (2016).
3. Aihara, Y., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., *Minagawa, J.
Algal photoprotection is regulated by the E3 ligase CUL4-DDB1^{DET1}.
Nat. Plants 5: 34-40 (2019).
4. *Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Matsuo, T., Yamasaki, T., *Minagawa, J.
The CONSTANS flowering complex controls the protective response of photosynthesis in the green alga *Chlamydomonas*.
Nat. Commun. 10: 4099, (2019).
5. Sheng, X., Watanabe, A., Li, A., Kim, E., Song, C., Murata, K., Song, D., *Minagawa, J., *Liu, Z.
Structural insight into light harvesting for photosystem II in green algae.
Nat. Plants 5: 1320-1330 (2019).
6. Pan, X., Tokutsu, R., Li, A., Takizawa, K., Song, C., Murata, K., Yamasaki, T., *Liu, Z., *Minagawa, J., *Li, M.
Structural basis of LhcbM5-mediated state transitions in green algae.
Nat. Plants 7:1119-1131 (2021).

6. 基礎生物學研究所 發表論文等資料

(1) 2020 年度 発表論文

1. Abe, G., Hayashi, T., Yoshida, K., Yoshida, T., Kudoh, H., Sakamoto, J., Konishi, A., Kamei, Y., Takeuchi, T., Tamura, K., and Yokoyama, H. (2020). Insights regarding skin regeneration in non-amniote vertebrates: Skin regeneration without scar formation and potential step-up to a higher level of regeneration. *Semin. Cell Dev. Biol.* **100**, 109–121. DOI: 10.1016/j.semcdb.2019.11.014
2. Abe, Y., Meguriya, K., Matsuzaki, T., Sugiyama, T., Yoshikawa, H.Y., Morita, M.T., and Toyota, M. (2020). Micromanipulation of amyloplasts with optical tweezers in *Arabidopsis* stems. *Plant Biotechnol.* **37**, 405–415. DOI: 10.5511/plantbiotechnology.20.1201a
3. Adachi, H., Matsuda, K., Niimi, T., Kondo, S., and Gotoh, H. (2020). Genetical control of 2D pattern and depth of the primordial furrow that prefigures 3D shape of the rhinoceros beetle horn. *Sci. Rep.* **10**, 18687. DOI: 10.1038/s41598-020-75709-y
4. Akamatsu, A., Nagae, M., Nishimura, Y., Montero, D.R., Ninomiya, S., Kojima, M., Takebayashi, Y., Sakakibara, H., Kawaguchi, M., and Takeda, N. (2021). Endogenous gibberellins affect root nodule symbiosis via transcriptional regulation of NODULE INCEPTION in *Lotus japonicus*. *Plant J.* **105**, 1507–1520. DOI: 10.1111/tpj.15128
5. Akiyama, S., Aoki, K., and Kubo, Y. (2020). Biophysical research in Okazaki, Japan. *Biophys. Rev.* **12**, 237–243. DOI: 10.1007/s12551-020-00633-4
6. Ansai, S., Mochida, K., Fujimoto, S., Mokodongan, D.F., Sumarto, B.K.A., Masengi, K.W.A., Hadiaty, R.K., Nagano, A.J., Toyoda, A., Naruse, K., Yamahira, K., and Kitano, J. (2021). Genome editing reveals fitness effects of a gene for sexual dichromatism in Sulawesian fishes. *Nat. Commun.* **12**, 1350. DOI: 10.1038/s41467-021-21697-0
7. Aoki, T., Kawaguchi, M., Imaizumi-Anraku, H., Akao, S., Ayabe, S., and Akashi, T. (2021). Mutants of *Lotus japonicus* deficient in flavonoid biosynthesis. *J. Plant Res.* **134**, 341–352. DOI: 10.1007/s10265-021-01258-8
8. Araki, K.S., Nagano, A.J., Nakano, R.T., Kitazume, T., Yamaguchi, K., Hara-Nishimura, I., Shigenobu, S., and Kudoh, H. (2020). Characterization of rhizome transcriptome and

identification of a rhizomatous ER body in the clonal plant *Cardamine leucantha*. Sci. Rep. *10*, 13291. DOI: 10.1038/s41598-020-69941-9

9. Asakura, Y., Kondo, Y., Aoki, K., and Naoki, H. (2021). Hierarchical modeling of mechano-chemical dynamics of epithelial sheets across cells and tissue. Sci. Rep. *11*, 4069. DOI: 10.1038/s41598-021-83396-6
10. Ashida, Y., Honma, Y., Miura, N., Shibuya, T., Kikuchi, H., Tamada, Y., Kamei, Y., Matsuda, A., and Hattori, M. (2020). Imaging performance of microscopy adaptive-optics system using scene-based wavefront sensing. J. Biomed. Opt. *25*, 123707. DOI: 10.1117/1.JBO.25.12.123707
11. Auwal, M.A., Kashima, M., Nishimura, O., Hosoda, K., Motoishi, M., Kamimura, A., Okumura, A., Agata, K., and Umesono, Y. (2020). Identification and characterization of a fibroblast growth factor gene in the planarian *Dugesia japonica*. Dev. Growth Differ. *62*, 527–539. DOI: 10.1111/dgd.12696
12. Bessho-Uehara, M., Yamamoto, N., Shigenobu, S., Mori, H., Kuwata, K., and Oba, Y. (2020). Kleptoprotein bioluminescence: *Parapriacanthus* fish obtain luciferase from ostracod prey. Sci. Adv. *6*, eaax4942. DOI: 10.1126/sciadv.aax4942
13. Chikami, Y., Kawaguchi, H., Suzuki, T., Yoshioka, H., Sato, Y., Yaginuma, T., and Niimi, T. (2021). Oral RNAi of *diapI* results in rapid reduction of damage to potatoes in *Henosepilachna vigintioctopunctata*. J. Pest Sci. *94*, 505–515. DOI: 10.1007/s10340-020-01276-w
14. Cui, S., Kubota, T., Nishiyama, T., Ishida, J.K., Shigenobu, S., Shibata, T.F., Toyoda, A., Hasebe, M., Shirasu, K., and Yoshida, S. (2020). Ethylene signaling mediates host invasion by parasitic plants. Sci. Adv. *6*, e abc2385. DOI: 10.1126/sciadv.abc2385
15. Dong, C., Nakagawa, R., Oyama, K., Yamamoto, Y., Zhang, W., Dong, A., Li, Y., Yoshimura, Y., Kamiya, H., Nakayama, J., Ueda, J., and Min, J. (2020). Structural basis for histone variant H3tK27me3 recognition by PHF1 and PHF19. eLife *9*, e58675. DOI: 10.7554/eLife.58675
16. Duan, Z., Tanaka, M., Kanazawa, T., Haraguchi, T., Takyu, A., Era, A., Ueda, T., Ito, K.,

- and Tominaga, M. (2020). Characterization of ancestral myosin XI from *Marchantia polymorpha* by heterologous expression in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* *104*, 460–473. DOI: 10.1111/tpj.14937
17. Faktorova, D., Nisbet, R.E.R., Robledo, J.A.F., Casacuberta, E., Sudek, L., Allen, A.E., Ares Jr., M., Areste, C., Balestreri, C., Barbrook, A.C., Beardslee, P., Bender, S., Booth, D.S., Bouget, F.-Y., Bowler, C., Breglia, S.A., Brownlee, C., Burger, G., et al. (2020). Genetic tool development in marine protists: emerging model organisms for experimental cell biology. *Nat. Methods* *17*, 481-494. DOI: 10.1038/s41592-020-0796-x
 18. Feng, Z., Nagao, H., Li, B., Sotta, N., Shikanai, Y., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Kamiya, T., and Fujiwara, T. (2020). An SMU splicing factor complex within nuclear speckles contributes to magnesium homeostasis in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* *184*, 428–442. DOI: 10.1104/pp.20.00109
 19. Fujimoto, M., Ebine, K., Nishimura, K., Tsutsumi, N., and Ueda, T. (2020). Longin R-SNARE is retrieved from the plasma membrane by ANTH domain-containing proteins in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A* *117*, 25150–25158. DOI: 10.1073/pnas.2011152117
 20. Fukuda, M., Mieda, M., Sato, R., Kinoshita Satoru and Tomoyama, T., Ferjani, A., Maeshima, M., and Segami, S. (2020). Lack of vacuolar H⁺-pyrophosphatase and cytosolic pyrophosphatases causes fatal developmental defects in *Arabidopsis thaliana*. *Front. Plant Sci.* *11*, 655. DOI: 10.3389/fpls.2020.00655
 21. Fukushima, K., Narukawa, H., Palfalvi, G., and Hasebe, M. (2021). A discordance of seasonally covarying cues uncovers misregulated phenotypes in the heterophyllous pitcher plant *Cephalotus follicularis*. *Proc. Biol. Sci.* *288*, 20202568. DOI: 10.1098/rspb.2020.2568
 22. Fukutomi, Y., Kondo, S., Toyoda, A., Shigenobu, S., and Koshikawa, S. (2021). Transcriptome analysis reveals wingless regulates neural development and signaling genes in the region of wing pigmentation of a polka-dotted fruit fly. *FEBS J.* *288*, 99–110. DOI: 10.1111/febs.15338

23. Greetatorn, T., Hashimoto, S., Maeda, T., Fukudome, M., Piromyou, P., Teamtisong, K., Tittabutr, P., Boonkerd, N., Kawaguchi, M., Uchiumi, T., and Teaumroong, N. (2020). Mechanisms of rice endophytic bradyrhizobial cell differentiation and its role in nitrogen fixation. *Microbes Environ.* *35*, ME20049. DOI: 10.1264/jsme2.ME20049
24. Gu, N., Tamada, Y., Imai, A., Palfalvi, G., Kabeya, Y., Shigenobu, S., Ishikawa, M., Angelis, K.J., Chen, C., and Hasebe, M. (2020). DNA damage triggers reprogramming of differentiated cells into stem cells in *Physcomitrella*. *Nat. Plants* *6*, 1098-1105. DOI: 10.1038/s41477-020-0745-9
25. Habuta, M., Yasue, A., Suzuki, K.T., Fujita, H., Sato, K., Kono, H., Takayama, A., Bando, T., Miyaishi, S., Oyadomari, S., Tanaka, E., and Ohuchi, H. (2020). *Fgf10*-CRISPR mosaic mutants demonstrate the gene dose-related loss of the accessory lobe and decrease in the number of alveolar type 2 epithelial cells in mouse lung. *PLoS One* *15*, e.0240333. DOI: 10.1371/journal.pone.0240333
26. Hamashima, T., Ishii, Y., Nguyen, L.Q., Okuno, N., Sang, Y., Matsushima, T., Kurashige, Y., Takebayashi, H., Mori, H., Fujimori, T., Yamamoto, S., and Sasahara, M. (2020). Oligodendrogenesis and myelin formation in the forebrain require platelet-derived growth factor receptor- α . *Neuroscience* *436*, 11-26. DOI: 10.1016/j.neuroscience.2020.04.001
27. Hasegawa, R., Ebina, T., Tanaka, Y.R., Kobayashi, K., and Matsuzaki, M. (2020). Structural dynamics and stability of corticocortical and thalamocortical axon terminals during motor learning. *PLoS One* *15*, e0234930. DOI: 10.1371/journal.pone.0234930
28. Hasegawa, Y., Ueno, S., Wei, F.J., Matsumoto, A., Uchiyama, K., Ujino-Ihara, T., Hakamata, T., Fujino, T., Kasahara, M., Bino, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Tsumura, Y., and Moriguchi, Y. (2021). Identification and genetic diversity analysis of a male-sterile gene (*MS1*) in Japanese cedar (*Cryptomeria japonica* D. Don). *Sci. Rep.* *11*, 1496. DOI: 10.1038/s41598-020-80688-1
29. Hasegawa, Y., Ueno, S., Wei, F.J., Matsumoto, A., Ujino-Ihara, T., Uchiyama, K., Moriguchi, Y., Kasahara, M., Fujino, T., Shigenobu, S., Yamaguchi, K., Bino, T., and Hakamata, T. (2020). Development of diagnostic PCR and LAMP markers for *MALE*

STERILITY 1 (MS1) in *Cryptomeria japonica* D. Don. BMC Res. Notes *13*, 457. DOI: 10.1186/s13104-020-05296-8

30. Hashida, Y., Takechi, K., Abiru, T., Yabe, N., Nagase, H., Hattori, K., Takio, S., Sato, Y., Hasebe, M., Tsukaya, H., and Takano, H. (2020). Two *ANGUSTIFOLIA* genes regulate gametophore and sporophyte development in *Physcomitrella patens*. Plant J. *101*, 1318–1330. DOI: 10.1111/tpj.14592
31. Hattori, Y., Naito, Y., Tsugawa, Y., Nonaka, S., Wake, H., Nagasawa, T., Kawaguchi, A., and Miyata, T. (2020). Transient microglial absence assists postmigratory cortical neurons in proper differentiation. Nat. Commun. *11*, 1631. DOI: 10.1038/s41467-020-15409-3
32. Hijioka, M., Ikemoto, Y., Fukao, K., Inoue, T., Kobayakawa, T., Nishimura, K., Takata, K., Agata, K., and Kitamura, Y. (2021). MEK/ERK signaling regulates reconstitution of the dopaminergic nerve circuit in the planarian *Dugesia japonica*. Neurochem. Res. *47*, 2558–2567. DOI: 10.1007/s11064-020-03226-5
33. Hino, N., Rossetti, L., Marin-Llaurado, A., Aoki, K., Trepas, X., Matsuda, M., and Hirashima, T. (2020). ERK-mediated mechanochemical waves direct collective cell polarization. Dev. Cell *53*, 646–660. DOI: 10.1016/j.devcel.2020.05.011
34. Iida, M., Suzuki, M., Sakane, Y., Nishide, H., Uchiyama, I., Yamamoto, T., Suzuki, K.T., and Fujii, S. (2020). A simple and practical workflow for genotyping of CRISPR-Cas9-based knockout phenotypes using multiplexed amplicon sequencing. Genes to Cells *25*, 498–509. DOI: 10.1111/gtc.12775
35. Jang, S., Mergaert, P., Ohbayashi, T., Ishigami, K., Shigenobu, S., Itoh, H., and Kikuchi, Y. (2021). Dual oxidase enables insect gut symbiosis by mediating respiratory network formation. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. *118*, e2020922118. DOI: 10.1073/pnas.2020922118
36. Jorg, D.J., Kitadate, Y., Yoshida, S., and Simons, B.D. (2021). Stem cell populations as self-renewing many-particle systems. In Annual Review of Condensed Matter Physics, Vo. 12, 2021, A.P. Mackenzie, and M.C. Marchetti, eds. pp. 135–153 DOI: 10.1146/annurev-conmatphys-041720-125707

37. Kanazawa, N., Goto, M., Harada, Y., Takimoto, C., Sasaki, Y., Uchikawa, T., Kamei, Y., Matsuo, M., and Fukamachi, S. (2020). Changes in a cone opsin repertoire affect color-dependent social behavior in medaka but not behavioral photosensitivity. *Front. Genet.* *11*, 801. DOI: 10.3389/fgene.2020.00801
38. Kanazawa, T., Morinaka, H., Ebine, K., Shimada, T.L., Ishida, S., Minamino, N., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Kohchi, T., Nakano, A., and Ueda, T. (2020). The liverwort oil body is formed by redirection of the secretory pathway. *Nat. Commun.* *11*, 6152. DOI: 10.1038/s41467-020-19978-1
39. Kashima, M., Agata, K., and Shibata, N. (2020). What is the role of PIWI family proteins in adult pluripotent stem cells? Insights from asexually reproducing animals, planarians. *Dev. Growth Differ.* *62*, 407–422. DOI: 10.1111/dgd.12688
40. Kataoka, K., Fujita, H., Isa, M., Gotoh, S., Arasaki, A., Ishida, H., and Kimura, R. (2021). The human *EDAR* 370V/A polymorphism affects tooth root morphology potentially through the modification of a reaction–diffusion system. *Sci. Rep.* *11*, 5143. DOI: 10.1038/s41598-021-84653-4
41. Kato, H., Tokutsu, R., Kubota-Kawai, H., Burton-Smith, R.N., Kim, E., and Minagawa, J. (2020). Characterization of a giant PSI supercomplex in the symbiotic dinoflagellate Symbiodiniaceae. *Plant Physiol.* *183*, 1725–1734. DOI: 10.1104/pp.20.00726
42. Kawade, K., Horiguchi, G., Hirose, Y., Oikawa, A., Hirai, M.Y., Saito, K., Fujita, T., and Tsukaya, H. (2020). Metabolic control of gametophore shoot formation through arginine in the moss *Physcomitrium patens*. *Cell Rep.* *32*, 108127. DOI: 10.1016/j.celrep.2020.108127
43. Kawamoto, N., Kanbe, Y., Nakamura, M., and Mori Akiko and Morita, M.T. (2020). Gravity-sensing tissues for gravitropism are required for “anti-gravitropic” phenotypes of *Izy* multiple mutants in Arabidopsis. *Plants* *9*, 615. DOI: 10.3390/plants9050615
44. Kim, E., Kawakami, K., Sato, R., and Ishii Asako and Minagawa, J. (2020). Photoprotective capabilities of light-harvesting complex II trimers in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *J. Phys. Chem. Lett.* *11*, 7755–7761. DOI:

10.1021/acs.jpcclett.0c02098

45. Kim, E., Watanabe, A., Duffy, C.D.P., Ruban, A. V, and Minagawa, J. (2020). Multimeric and monomeric photosystem II supercomplexes represent structural adaptations to low- and high-light conditions. *J. Biol. Chem.* *295*, 14537–14545. DOI: 10.1074/jbc.RA120.014198
46. Kishimoto, M., Baird, A.H., Maruyama, S., Minagawa, J., and Takahashi, S. (2020). Loss of symbiont infectivity following thermal stress can be a factor limiting recovery from bleaching in cnidarians. *ISME J.* *14*, 3149–3152. DOI: 10.1038/s41396-020-00742-8
47. Kobayashi, M.I., Angelone, M., Yoshihashi, S., Ogawa, K., Isobe, M., Nishitani, T., Sangaroon, S., Kamio, S., Fujiwara, Y., Tsubouchi, T., Uritani, A., Sakama, M., Osakabe, M., and Grp, L.E. (2020). Thermal neutron measurement by single crystal CVD diamond detector applied with the pulse shape discrimination during deuterium plasma experiment in LHD. *Fusion Eng. Des.* *161*, 112063. DOI: 10.1016/j.fusengdes.2020.112063
48. Konagaya, T., Idogawa, N., and Watanabe, M. (2020). Destination of apyrene sperm following migration from the bursa copulatrix in the monandrous swallowtail butterfly *Byasa alcinous*. *Sci. Rep.* *10*, 20907. DOI: 10.1038/s41598-020-77683-x
49. Kondow, A., Ohnuma, K., Kamei, Y., Taniguchi, A., Bise, R., Sato, Y., Yamaguchi, H., Nonaka, S., and Hashimoto, K. (2020). Light-sheet microscopy-based 3D single-cell tracking reveals a correlation between cell cycle and the start of endoderm cell internalization in early zebrafish development. *Dev. Growth Differ.* *62*, 495–502. DOI: 10.1111/dgd.12695
50. Kondrychyn, I., Kelly, D.J., Carretero, N.T., Nomori, A., Kato, K., Chong, J., Nakajima, H., Okuda, S., Mochizuki, N., and Phng, L.K. (2020). Marcksl1 modulates endothelial cell mechanoresponse to haemodynamic forces to control blood vessel shape and size. *Nat. Commun.* *11*, 5476. DOI: 10.1038/s41467-020-19308-5
51. Koyama, H., and Fujimori, T. (2020). Isotropic expansion of external environment induces tissue elongation and collective cell alignment. *J. Theor. Biol.* *496*, 110248. DOI: 10.1016/j.jtbi.2020.110248

52. Kumar, M., Matoba, O., Quan, X., Rajput S.K. and Awatsuji, Y., and Tamada, Y. (2021). Single-shot common-path off-axis digital holography: applications in bioimaging and optical metrology. *Appl. Opt.* *60*, A195–A204. DOI: 10.1364/AO.404208
53. Kumar, M., Quan, X., Awatsuji, Y., Cheng, C., Hasebe, M., Tamada, Y., and Matoba, O. (2020). Common-path multimodal 3D fluorescence and phase imaging system. *J. Biomed. Opt.* *25*, 1-15. DOI: 10.1117/1.JBO.25.3.032010
54. Kumar, M., Quan, X., Awatsuji, Y., Tamada, Y., and Matoba, O. (2020). Single-shot common-path off-axis dual-wavelength digital holographic microscopy. *Appl. Opt.* *59*, 7144–7152. DOI: 10.1364/AO.395001
55. Kurihara, M., Kato, K., Sanbo, C., Shigenobu, S., Ohkawa, Y., Fuchigami, T., and Miyanari, Y. (2020). Genomic profiling by ALaP-seq reveals transcriptional regulation by PML bodies through DNMT3A exclusion. *Mol. Cell* *78*, 493-505. DOI: 10.1016/j.molcel.2020.04.004
56. Lee, J., Nishiyama, T., Shigenobu, S., Yamaguchi, K., Suzuki, Y., Shimada, T., Katsuma, S., and Kiuchi, T. (2021). The genome sequence of *Samia ricini*, a new model species of lepidopteran insect. *Mol. Ecol. Resour.* *21*, 327–339. DOI: 10.1111/1755-0998.13259
57. Li, Y., Liu, Y., Yang, H., Zhang, T., Naruse, K., and Tu, Q. (2020). Dynamic transcriptional and chromatin accessibility landscape of medaka embryogenesis. *Genome Res.* *30*, 924–937. DOI: 10.1101/gr.258871.119
58. Li, Y., Omori, A., Flores, R.L., Satterfield, S., Nguyen, C., Ota, T., Tsurugaya, T., Ikuta, T., Ikeo, K., Kikuchi, M., Leong J.C. K. Reich, A., Hao, M., Wan, W., Dong, Y., Ren, Y., Zhang, S., Zeng, T., Uesaka, M., Uchida, Y., Li, X., Shibata, T.F., Bino, T., Ogawa, K., Shigenobu, S., Kondo, M., Wang, F., Chen, L., Wessel, G., Saiga, H., Cameron, R.A., Livingston, B., Bradham, C., Wang, W., and Irie, N. (2020). Genomic insights of body plan transitions from bilateral to pentameral symmetry in Echinoderms. *Commun. Biol.* *3*, 371. DOI: 10.1038/s42003-020-1091-1
59. Liu, Z., Kimura, Y., Higashijima, S., Hildebrand, D.G.C., Morgan, J.L., and Bagnall, M.W. (2020). Central vestibular tuning arises from patterned convergence of otolith afferents.

Neuron 108, 748-762. DOI: 10.1016/j.neuron.2020.08.019

60. Lupanga, U., Roehrich, R., Askani, J., Hilmer Stefan and Kiefer, C., Krebs, M., Kanazawa, T., Ueda, T., and Schumacher, K. (2020). The Arabidopsis V-ATPase is localized to the TGN/EE via a seed plant-specific motif. *eLife* 9, e60568. DOI: 10.7554/eLife.60568
61. Mano, H., and Hasebe, M. (2021). Rapid movements in plants. *J. Plant Res.* 134, 3–17. DOI: 10.1007/s10265-020-01243-7
62. Matsuda, N., Numata, H., and Udaka, H. (2020). Transcriptomic changes in the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*: Effects of the seasonal timer and photoperiod. *Comp. Biochem. Physiol. Part D Genomics Proteomics* 36, 100740. DOI: 10.1016/j.cbd.2020.100740
63. Matsuda, T., Hiyama, T.Y., Kobayashi, K., Kobayashi, K., and Noda, M. (2020). Distinct CCK-positive SFO neurons are involved in persistent or transient suppression of water intake. *Nat. Commun.* 11, 5692. DOI: 10.1038/s41467-020-19191-0
64. Matsumoto, Y., Yamaguchi, Y., Hamachi, M., Nonomura, K., Muramatsu, Y., Yoshida, H., and Miura, M. (2020). Apoptosis is involved in maintaining the character of the midbrain and the diencephalon roof plate after neural tube closure. *Dev. Biol.* 468, 101–109. DOI: 10.1016/j.ydbio.2020.09.015
65. Mii, Y. (2020). Heparan sulfate clusters regulate distribution and signaling of Wnt morphogens. *Trends Glycosci. Glycotechnol.* 32, E205–E211. DOI: 10.4052/tigg.2006.7E
66. Mii, Y., and Takada, S. (2020). Heparan sulfate proteoglycan clustering in Wnt signaling and dispersal. *Front. Cell Dev. Biol.* 8, 631. DOI: 10.3389/fcell.2020.00631
67. Miura, S., Tsutsumi, R., Agata, K., and Endo, T. (2020). Maturing articular cartilage can induce ectopic joint-like structures in neonatal mice. *Regen. Eng. Transl. Med.* 6, 373–382. DOI: 10.1007/s40883-020-00176-w
68. Mizoguchi, T., Fukada, M., Iihama, M., Song Xuehui and Fukagawa, S., Kuwabara, S., Omaru, S., Higashijima, S., and Itoh, M. (2020). Transient activation of the Notch-

her15.1 axis plays an important role in the maturation of V2b interneurons. *Development* 147, dev191312. DOI: 10.1242/dev.191312

69. Mondal, S.I., Akter, A., Koga, R., Hosokawa, T., Dayi, M., Murase, K., Tanaka, R., Shigenobu, S., Fukatsu, T., and Kikuchi, T. (2020). Reduced genome of the gut symbiotic bacterium “*Candidatus Benitsuchiphilus toji*” provides insight into its possible roles in ecology and adaptation of the host insect. *Front. Microbiol.* 11, 840. DOI: 10.3389/fmicb.2020.00840
70. Nagao, R., Kato, K., Ifuku, K., Suzuki, T., Kumazawa, M., Uchiyama, I., Kashino, Y., Dohmae, N., Akimoto, S., Shen, J.-R., Miyazaki, N., and Akita, F. (2020). Structural basis for assembly and function of a diatom photosystem I-light-harvesting supercomplex. *Nat. Commun.* 11, 2481. DOI: 10.1038/s41467-020-16324-3
71. Nakamura, A., Oki, C., Kato, K., Fujinuma Satoko and Maryu, G., Kuwata, K., Yoshii, T., Matsuda, M., Aoki, K., and Tsukiji, S. (2020). Engineering orthogonal, plasma membrane-specific SLIPT systems for multiplexed chemical control of signaling pathways in living single cells. *ACS Chem. Biol.* 15, 1004–1015. DOI: 10.1021/acscchembio.0c00024
72. Nakayama, T., Okimura, K., Shen, J., Guh, Y.J., Tamai, T.K., Shimada, A., Minou, S., Okushi, Y., Shimmura, T., Furukawa, Y., Kadofusa, N., Sato, A., Nishimura, T., Tanaka, M., Nakayama, K., Shiina, N., Yamamoto, N., Loudon, A.S., Nishiwaki-Ohkawa, T., Shinomiya, A., Nabeshima, T., Nakane, Y., and Yoshimura, T. (2020). Seasonal changes in NRF2 antioxidant pathway regulates winter depression-like behavior. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 117, 9594–9603. DOI: 10.1073/pnas.2000278117
73. Nakazawa, K., Shichino, Y., Iwasaki, S., and Shiina, N. (2020). Implications of RNG140 (caprin2)-mediated translational regulation in eye lens differentiation. *J. Biol. Chem.* 295, 15029–15044. DOI: 10.1074/jbc.RA120.012715
74. Nguyen, Q.L., Okuno, N., Hamashima, T., Dang, S.T., Fujikawa, M., Ishii, Y., Enomoto, A., Maki, T., Nguyen, H.N., Nguyen, V.T., Fujimori, T., Mori, H., Andrae, J., Betsholtz, C., Takao, K., Yamamoto, S., and Sasahara, M. (2021). Vascular PDGFR- α protects against BBB dysfunction after stroke in mice. *Angiogenesis* 24, 35–46. DOI: 10.1007/s10456-020-09742-w

75. Nishiike, Y., Miyazoe, D., Togawa, R., Yokoyama K., Nakasone, K., Miyata, M., Kikuchi, Y., Kamei, Y., Todo, T., Ishikawa-Fujiwara, T., Ohno, K., Usami, T., Nagahama, Y., and Okubo, K. (2021). Estrogen receptor 2b is the major determinant of sex-typical mating behavior and sexual preference in medaka. *Curr. Biol.* *31*, 1699-1710. DOI: 10.1016/j.cub.2021.01.089
76. Norizuki, T., Minamino, N., and Ueda, T. (2020). Role of autophagy in male reproductive processes in land plants. *Front. Plant Sci.* *11*, 756. DOI: 10.3389/fpls.2020.00756
77. Nozaki, M., Kawade, K., Horiguchi, G., and Tsukaya, H. (2020). an3-mediated compensation is dependent on a cell-autonomous mechanism in leaf epidermal tissue. *Plant Cell Physiol.* *61*, 1181–1190. DOI: 10.1093/pcp/pcaa048
78. Ohashi, R., and Shiina, N. (2020). Cataloguing and selection of mRNAs localized to dendrites in neurons and regulated by RNA-binding proteins in RNA granules. *Biomolecules* *10*, 167. DOI: 10.3390/biom10020167
79. Ohtsuka, H., Kobayashi, M., Shimasaki, T., Sato, T., Akanuma, G., Kitaura, Y., Otsubo, Y., Yamashita, A., and Aiba, H. (2021). Magnesium depletion extends fission yeast lifespan via general amino acid control activation. *Microbiologyopen* *10*, e1176. DOI: 10.1002/mbo3.1176
80. Okada, K., and Takada, S. (2020). The second pharyngeal pouch is generated by dynamic remodeling of endodermal epithelium in zebrafish. *Development* *147*, dev19473. DOI: 10.1242/dev.194738
81. Okubo, T., Hara, K., Azuma, S., and Takada, S. (2021). Effect of retinoic acid signaling on *Ripply3* expression and pharyngeal arch morphogenesis in mouse embryos. *Dev. Dyn.* *250*, 1036–1050. DOI: 10.1002/dvdy.301
82. Okuma, N., Soyano, T., Suzaki, T., and Kawaguchi, M. (2020). *MIR2111-5* locus and shoot-accumulated mature miR2111 systemically enhance nodulation depending on HAR1 in *Lotus japonicus*. *Nat. Commun.* *11*, 5192. DOI: 10.1038/s41467-020-19037-9

83. Otsubo, Y., Kamada, Y., and Yamashita, A. (2020). Novel links between TORC1 and traditional non-coding RNA, tRNA. *Genes* *11*, 956. DOI: 10.3390/genes11090956
84. Otsuka, K., Mamiya, A., Konishi, M., Nozaki, M., Kinoshita, A., Tamaki, H., Arita, M., Saito, M., Yamamoto, K., Hachiya, T., Noguchi Ko and Ueda, T., Yagi, Y., Kobayashi, T., Nakamura, T., Sato, Y., Hirayama, T., and Sugiyama, M. (2021). Temperature-dependent fasciation mutants provide a link between mitochondrial RNA processing and lateral root morphogenesis. *eLife* *10*, e61611. DOI: 10.7554/eLife.61611
85. Palfalvi, G., Hackl, T., Terhoeven, N., Shibata, T.F., Nishiyama, T., Ankenbrand, M., Becker D., Foerster, F., Freund, M., Iosip, A., Kreuzer, I., Saul, F., Kamida, C., Fukushima, K., Shigenobu, S., Tamada, Y., Adamec, L., Hoshi, Y., Ueda, K., Winkelmann, T., Fuchs, J., Schubert, I., Schwacke, R., Al-Rasheid, K., Schultz, J., Hasebe, M., and Hedrich, R. (2020). Genomes of the venus flytrap and close relatives unveil the roots of plant carnivory. *Curr. Biol.* *30*, 2312-2320. DOI: 10.1016/j.cub.2020.04.051
86. Perera, S.N., Williams, R.M., Lyne, R., Stubbs, O., Buehler, D.P., Sauka-Spengler, T., Noda, M., Micklem, G., Southard-Smith, E.M., and Baker, C.V.H. (2020). Insights into olfactory ensheathing cell development from a laser-microdissection and transcriptome-profiling approach. *Glia* *68*, 2550–2584. DOI: 10.1002/glia.23870
87. Rezende-Melo, C.A., Caldeira-Brant, A.L., Drumond-Bock A. L. and Buchold, G.M., Shetty, G., Almeida, F.R.C.L., Matzuk, M.M., Hara, K., Yoshida, S., Meistrich, M.L., and Chiarini-Garcia, H. (2020). Spermatogonial asynchrony in *Tex14* mutant mice lacking intercellular bridges. *Reproduction* *160*, 205–215. DOI: 10.1530/REP-20-0118
88. Romani, F., Banic, E., Florent, S.N., Kanazawa, T., Goodger, J.Q.D., Mentink, R.A., Dierschke, T., Zachgo, S., Ueda, T., Bowman J.L., Tsiantis, M., and Moreno, J.E. (2020). Oil body formation in *Marchantia polymorpha* is controlled by *MpC1HDZ* and serves as a defense against arthropod herbivores. *Curr. Biol.* *30*, 2815-2828. DOI: 10.1016/j.cub.2020.05.081
89. Rusni, S., Sassa, M., Takehana, Y., Kinoshita, M., and Inoue, K. (2020). Correlation between cytochrome P450 1A (*cyp1a*) mRNA expression and ambient phenanthrene and pyrene concentration in Japanese medaka *Oryzias javanicus*. *Fish. Sci.* *86*, 605–613. DOI: 10.1007/s12562-020-01428-y

90. Sakae, Y., Oikawa, A., Sugiura, Y., Mita, M., Nakamura, S., Nishimura, T., Suematsu, M., and Tanaka, M. (2020). Starvation causes female-to-male sex reversal through lipid metabolism in the teleost fish, medaka (*Olyzias latipes*). *Biol. Open* *9*, bio050054 DOI: 10.1242/bio.050054
91. Sakaguchi, S., Nagano, A.J., Yasugi, M., Kudoh, H., Ishikawa, N., and Ito, M. (2020). Genetic consequences of being a dwarf: do evolutionary changes in life-history traits influence gene flow patterns in populations of the world's smallest goldenrod? *Ann. Bot.* *126*, 163–177. DOI: 10.1093/aob/mcaa062
92. Sakai, H., Konagaya, T., Takemura, Y., Sahara, K., and Niimi, T. (2020). Double-copulated introduction of ejaculate with dominant larval phenotype to maintain *Bombyx mori* mutant with dysfunctional apyrene sperm. *J. Insect Biotechnol. Sericology* *89*, 39–43. DOI: 10.11416/jibs.89.2_039
93. Sakai, Y., Kato, K., Koyama, H., Kuba Alyson and Takahashi, H., Fujimori, T., Hatta, M., Negri, A.P., Baird, A.H., and Ueno, N. (2020). A step-down photophobic response in coral larvae: implications for the light-dependent distribution of the common reef coral, *Acropora tenuis*. *Sci. Rep.* *10*, 17680. DOI: 10.1038/s41598-020-74649-x
94. Sakuta, H., Lin, C.-H., Hiyama, T.Y., Matsuda, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Kobayashi, K., and Noda, M. (2020). SLC9A4 in the organum vasculosum of the lamina terminalis is a [Na⁺] sensor for the control of water intake. *PFLUGERS Arch. J. Physiol.* *472*, 609–624. DOI: 10.1007/s00424-020-02389-y
95. Sakuta, H., Lin, C.H., Yamada, M., Kita Yoshihiro and Tokuoka, S.M., Shimizu, T., and Noda, M. (2020). Na_x-positive glial cells in the organum vasculosum laminae terminalis produce epoxyeicosatrienoic acids to induce water intake in response to increases in [Na⁺] in body fluids. *Neurosci. Res.* *154*, 45–51. DOI: 10.1016/j.neures.2019.05.006
96. Sasaki, T., Komatsu, Y., and Yamamori, T. (2020). Expression patterns of *SLIT/ROBO* mRNAs reveal a characteristic feature in the entorhinal-hippocampal area of macaque monkeys. *BMC Res. Notes* *13*, 262. DOI: 10.1186/s13104-020-05100-7

97. Shikanai, Y., Yoshida, R., Hirano, T., Enomoto, Y., Li, B., Asada, M., Yamagami, M., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Tabata, R., Sawa, S., Okada, H., Ohya, Y., and Kamiya, T., and Fujiwara, T. (2020). Callose synthesis suppresses cell death induced by low-calcium conditions in leaves. *Plant Physiol.* *182*, 2199–2212. DOI: 10.1104/pp.19.00784
98. Shimada, T.L., Ueda, T., and Hara-Nishimura, I. (2021). Excess sterol accumulation affects seed morphology and physiology in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Signal. Behav.* *16*, e1872217. DOI: 10.1080/15592324.2021.1872217
99. Shimada, T.L., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Takahashi, H., Murase, M., Fukuyoshi, S., and Hara-Nishimura, I. (2020). Excess sterols disrupt plant cellular activity by inducing stress-responsive gene expression. *J. Plant Res.* *133*, 383–392. DOI: 10.1007/s10265-020-01181-4
100. Shimizu, Y., Takagi, J., Ito, E., Ito, Y., Ebine, K., Komatsu, Y., Goto, Y., Sato, M., Toyooka, K., Ueda, T., Kurokawa, K., Uemura, T., and Nakano, A. (2021). Cargo sorting zones in the trans-Golgi network visualized by super-resolution confocal live imaging microscopy in plants. *Nat. Commun.* *12*, 1901. DOI: 10.1038/s41467-021-22267-0
101. Shindo, M., Makigawa, S., Kodama, K., Sugiyama, H., Matsumoto, K., Iwata, T., Wasano, N., Kano, A., Morita, M.T., and Fujii, Y. (2020). Design and chemical synthesis of root gravitropism inhibitors: Bridged analogues of ku-76 have more potent activity. *Phytochemistry* *179*, 112508. DOI: 10.1016/j.phytochem.2020.112508
102. Shindo, M., Makigawa, S., Matsumoto, K., Iwata, T., Wasano, N., Kano, A., Morita, M.T., and Fujii, Y. (2020). Essential structural features of (2Z,4E)-5-phenylpenta-2,4-dienoic acid for inhibition of root gravitropism. *Phytochemistry* *172*, 112287. DOI: 10.1016/j.phytochem.2020.112287
103. Shukla, M.K., Watanabe, A., Wilson, S., Giovagnetti, V., Moustafa, E.I., Minagawa, J., and Ruban V, A. (2020). A novel method produces native light-harvesting complex II aggregates from the photosynthetic membrane revealing their role in nonphotochemical quenching. *J. Biol. Chem.* *295*, 17816–17826. DOI: 10.1074/jbc.RA120.016181
104. Soyano, T., Liu, M., Kawaguchi, M., and Hayashi, M. (2021). Leguminous nodule symbiosis involves recruitment of factors contributing to lateral root development. *Curr.*

105. Stefanik, N., Bizan, J., Wilkens, A., Tarnawska-Glatt, K., Goto-Yamada, S., Strzalka, K., Nishimura, M., Hara-Nishimura, I., and Yamada, K. (2020). NAI2 and TSA1 drive differentiation of constitutive and inducible ER body formation in Brassicaceae. *Plant Cell Physiol.* 61, 722–734. DOI: 10.1093/pcp/pcz236
106. Suda, H., Mano, H., Toyota, M., Fukushima, K., Mimura, T., Tsutsui, I., Hedrich, R., Tamada, Y., and Hasebe, M. (2020). Calcium dynamics during trap closure visualized in transgenic Venus flytrap. *Nat. Plants* 6, 1219–1224. DOI: 10.1038/s41477-020-00773-1
107. Suetsugu, K., and Tomonari, N. (2020). Promiscuity among stick insects. *Front. Ecol. Environ.* 18, 158. DOI: 10.1002/fee.2185
108. Sugiura, Y., Akiyama, R., Tanaka, S., Yano, K., Kameoka, H., Marui, S., Saito, M., Kawaguchi, M., Akiyama, K., and Saito, K. (2020). Myristate can be used as a carbon and energy source for the asymbiotic growth of arbuscular mycorrhizal fungi. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 117, 25779–25788. DOI: 10.1073/pnas.2006948117
109. Suzuki, M., Numazaki, R., Nakagawa, T., Shibuya, N., and Kaku, H. (2020). Cytoplasmic interaction of LysM receptors contributes to the formation of symbiotic receptor complex. *Plant Biotechnol.* 37, 359–362. DOI: 10.5511/plantbiotechnology.20.0511a
110. Sznurkowska, M.K., Hannezo, E., Azzarelli R., Chatzeli, L., Ikeda, T., Yoshida, S., Philpott, A., and Simons, B.D. (2020). Tracing the cellular basis of islet specification in mouse pancreas. *Nat. Commun.* 11, 5037. DOI: 10.1038/s41467-020-18837-3
111. Takehana, Y., Zahm, M., Cabau, C., Klopp, C., Roques, C., Bouchez, O., Donnadieu C., Barrachina, C., Journot, L., Kawaguchi, M., Yasumasu, S., Ansai, S., Naruse, K., Inoue, K., and Shinzato, C., Scharl, M., Guiguen, Y., and Herpin, A. (2020). Genome sequence of the Euryhaline Javafish medaka, *Oryzias javanicus*: A small aquarium fish model for studies on adaptation to salinity. *G3: Genes Genomes Genet.* 10, 907–915. DOI: 10.1534/g3.119.400725
112. Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., Okajima, K., and Minagawa, J. (2021). UV-A/B radiation rapidly activates photoprotective mechanisms in *Chlamydomonas*

reinhardtii. Plant Physiol. 185, 1894–1902. DOI: 10.1093/plphys/kiab004

113. Tominaga, T., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Yamato, M., and Kaminaka, H. (2020). The effects of gibberellin on the expression of symbiosis-related genes in *Paris*-type arbuscular mycorrhizal symbiosis in *Eustoma grandiflorum*. Plant Signal. Behav. 15, 1784544. DOI: 10.1080/15592324.2020.1784544
114. Tomoi, T., Kawade, K., Kitagawa, M., Sakata, Y., Tsukaya, H., and Fujita, T. (2020). Quantitative imaging reveals distinct contributions of SnRK2 and ABI3 in plasmodesmatal permeability in *Physcomitrella patens*. Plant Cell Physiol. 61, 942–956. DOI: 10.1093/pcp/pcaa021
115. Tsugawa, S., Kanda, N., Nakamura, M., Goh, T., Ohtani, M., and Demura, T. (2020). Spatio-temporal kinematic analysis of shoot gravitropism in *Arabidopsis thaliana*. Plant Biotechnol. 37, 443–450. DOI: 10.5511/plantbiotechnology.20.0708a
116. Tsugawa, S., Sano, T.G., Shima, H., Morita, M.T., and Demura, T. (2020). A mathematical model explores the contributions of bending and stretching forces to shoot gravitropism in Arabidopsis. Quant. Plant Biol. 1, e4. DOI: 10.1017/qpb.2020.5
117. Uchida, Y., Shigenobu, S., Takeda, H., Furusawa, C., and Irie, N. (2022). Potential contribution of intrinsic developmental stability toward body plan conservation. BMC Biology 20, 1-13. DOI: 10.1186/s12915-022-01276-5
118. Uda, Y., Miura, H., Goto, Y., Yamamoto, K., Mii, Y., Kondo, Y., Takada, S., and Aoki, K. (2020). Improvement of phycocyanobilin synthesis for genetically encoded phytochrome-based optogenetics. ACS Chem. Biol. 15, 2896–2906. DOI: 10.1021/acscchembio.0c00477
119. Uemura, Y., Kato, K., Kawakami, K., Kimura Y., Oda, Y., and Higashijima, S. (2020). Neuronal circuits that control rhythmic pectoral fin movements in zebrafish. J. Neurosci. 40, 6678–6690. DOI: 10.1523/JNEUROSCI.1484-20.2020
120. Umnajkitikorn, K., Fukudome, M., Uchiumi, T., and Teaumroong, N. (2021). Elevated nitrogen priming induced oxinitro-responses and water deficit tolerance in rice. Plants 10, 381. DOI: 10.3390/plants10020381

121. Usami, F.M., Arata, M., Shi, D., Oka S., Higuchi, Y., Tissir, F., Takeichi, M., and Fujimori, T. (2021). Intercellular and intracellular cilia orientation is coordinated by CELSR1 and CAMSAP3 in oviduct multi-ciliated cells. *J. Cell Sci.* *134*. DOI: 10.1242/jcs.257006
122. Vu, T.D., Lwasaki, Y., Shigenobu, S., Maruko A., Oshima, K., Lioka, E., Huang, C.L., Abe T., Tamaki, S., Lin, Y.W., Chen, C.K., Lu M.-Y., Hojo, M., Wang, H.V., Tzeng, S.F., Huang, H.J., Kanai, A., Gojobori, T., Chiang, T.Y., Sun, H.S., Li, W.H., and Okada N. (2020). Behavioral and brain- transcriptomic synchronization between the two opponents of a fighting pair of the fish *Betta splendens*. *PLoS Genet.* *16*, e1008831. DOI: 10.1371/journal.pgen.1008831
123. Watanabe, A., and Minagawa, J. (2020). Structural characterization of the photosystems in the green alga *Chlorella sorokiniana*. *Planta* *252*, 79. DOI: 10.1007/s00425-020-03487-y
124. Watanabe, Y., Okuya, K., Takada, Y., Kinoshita M., Yokoi, S., Chisada, S., Kamei, Y., Tatsukawa, H., Yamamoto, N., Abe, H., Hashimoto, H., and Hitomi, K. (2020). Gene disruption of medaka (*Oryzias latipes*) orthologue for mammalian tissue-type transglutaminase (TG2) causes movement retardation. *J. Biochem.* *168*, 213–222. DOI: 10.1093/jb/mvaa038
125. Wen, C., Miura, T., Voleti, V., Yamaguchi, K., Tsutsumi, M., Yamamoto, K., Otomo, K., Fujie, Y., Teramoto, T., Ishihara, T., Aoki, K., Nemoto, T., Mc Hillman, E., and Kimura, K.D. (2021). 3DeeCellTracker, a deep learning-based pipeline for segmenting and tracking cells in 3D time lapse images. *eLife* *10*, e59187. DOI: 10.7554/eLife.59187
126. Yagi-Utsumi, M., Tanaka, T., Otsubo, Y., Yamashita, A., Yoshimura, S., Nishida, M., and Kato, K. (2021). Cold atmospheric plasma modification of amyloid β . *Int. J. Mol. Sci.* *22*, 3116. DOI: 10.3390/ijms22063116
127. Yamashita, J., Takeuchi, A., Hosono, K., Fleming, T., Nagahama, Y., and Okubo, K. (2020). Male-predominant galanin mediates androgen-dependent aggressive chases in medaka. *eLife* *9*, e59470. DOI: 10.7554/eLife.59470

128. Yano, H., Alam, M.Z., Rimbara, E., Shibata, T.F., Fukuyo, M., Furuta, Y., Nishiyama, T., Shigenobu, S., Hasebe, M., Toyoda A., Suzuki, Y., Sugano, S., Shibayama, K., and Kobayashi, I. (2020). Networking and specificity-changing DNA methyltransferases in *Helicobacter pylori*. *Front. Microbiol.* *11*, 1628. DOI: 10.3389/fmicb.2020.01628
129. Yano, T., Tsukita, K., Kanoh, H., Nakayama, S., Kashihara, H., Mizuno, T., Tanaka, H., Matsui, T., Goto, Y., Komatsubara, A., Aoki, K., Takahashi, R., Tamura, A., and Tsukita, S. (2021). A microtubule-LUZP1 association around tight junction promotes epithelial cell apical constriction. *EMBO J.* *40*, e104712. DOI: 10.15252/embj.2020104712
130. Yassumoto I, T., Nakatsukasa, M., Nagano, A.J., Yasugi, M., Yoshimura, T., and Shinomiya, A. (2020). Genetic analysis of body weight in wild populations of medaka fish from different latitudes. *PLoS One* *15*, 0234803. DOI: 10.1371/journal.pone.0234803
131. Yeh, Y.H., Hu, M., Nakagawa, T., Sakashita, A., Yoshida, S., Maezawa, S., and Namekawa, S.H. (2021). Isolation of murine spermatogenic cells using a violet-excited cell-permeable DNA binding dye. *J. Vis. Exp.* DOI: 10.3791/61666
132. Yoshida, S. (2020). Mouse spermatogenesis reflects the unity and diversity of tissue stem cell niche systems. *Cold Spring Harb. Perspect. Med.* *10*. DOI: 10.1101/cshperspect.a036186
133. Yoshimura, S., Otsubo, Y., Yamashita, A., and Ishikawa, K. (2020). Insights into normothermic treatment with direct irradiation of atmospheric pressure plasma for biological applications. *Jpn. J. Appl. Phys.* *60*, 10502. DOI: 10.35848/1347-4065/abcbd2
134. Zeng, C.W., Kamei, Y., Shigenobu, S., Sheu, J.C., and Tsai, H.J. (2021). Injury-induced Cav1-expressing cells at lesion rostral side play major roles in spinal cord regeneration. *Open Biol.* *11*, 200304. DOI: 10.1098/rsob.200304

(2) 2021 年度 発表論文

1. Albertos, P., Tatematsu, K., Mateos, I., Sanchez-Vicente, I., Fernandez-Arbaizar, A., Nakabayashi, K., Nambara, E., Godoy, M., Franco, J.M., Solano, R., Gerna, D., Roach, T., Stoeggl, W., Kranner, I., Perea-Resa, C., Salinas, J., and Lorenzo, O. (2021). Redox feedback regulation of ANAC089 signaling alters seed germination and stress response. *Cell Rep.* *35*. DOI: 10.1016/j.celrep.2021.109263
2. Ansai, S., Mochida, K., Fujimoto, S., Mokodongan, D.F., Sumarto, B.K.A., Masengi, K.W.A., Hadiaty, R.K., Nagano, A.J., Toyoda, A., Naruse, K., Yamahira, K., and Kitano, J. (2021). Genome editing reveals fitness effects of a gene for sexual dichromatism in Sulawesian fishes. *Nat. Commun.* *12*. DOI: 10.1038/s41467-021-21697-0
3. Aragaki, H., Ogoh, K., Kondo, Y., and Aoki, K. (2022). LIM Tracker: a software package for cell tracking and analysis with advanced interactivity. *Sci. Rep.* *12*. DOI: 10.1038/s41598-022-06269-6
4. Bando, T., Okumura, M., Bando, Y., Hagiwara, M., Hamada, Y., Ishimaru, Y., Mito, T., Kawaguchi, E., Inoue, T., Agata, K., Noji, S., and Ohuchi, H. (2022). Toll signalling promotes blastema cell proliferation during cricket leg regeneration via insect macrophages. *Development* *149*. DOI: 10.1242/dev.199916
5. Bao, L., Inoue, N., Ishikawa, M., Gotoh, E., Teh, O.-K., Higa, T., Morimoto, T., Ginanjar, E.F., Harashima, H., Noda, N., Watahiki, M., Hiwatashi, Y., Sekine, M., Hasebe, M., Wada, M., and Fujita, T. (2022). A PSTAIRE-type cyclin-dependent kinase controls light responses in land plants. *Sci. Adv.* *8*. DOI: 10.1126/sciadv.abk2116
6. Beppu, K., Tsutsumi, R., Ansai, S., Ochiai, N., Terakawa, M., Mori, M., Kuroda, M., Horikawa, K., Tomoi, T., Sakamoto, J., Kamei, Y., Naruse, K., and Sakaue, H. (2022). Development of a screening system for agents that modulate taste receptor expression with the CRISPR-Cas9 system in medaka. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* *601*, 65–72. DOI: 10.1016/j.bbrc.2022.02.082
7. Bohm, U.L., Kimura, Y., Kawashima, T., Ahrens, M.B., Higashijima, S., Engert, F., and Cohen, A.E. (2022). Voltage imaging identifies spinal circuits that modulate locomotor adaptation in zebrafish. *Neuron* *110*, 1211+. DOI: 10.1016/j.neuron.2022.01.001

8. Farahani, P.E., Reed, E.H., Underhill, E.J., Aoki, K., and Toettcher, J.E. (2021). Signaling, deconstructed: Using optogenetics to dissect and direct information flow in biological systems. *Annu. Rev. Biomed. Eng.* VOL 23, 2021 23, 61–87. DOI: 10.1146/annurev-bioeng-083120-111648
9. Feng, D., Wang, J., Yang, W., Li, J., Lin, X., Zha, F., Wang, X., Ma, L., Choi, N.T., Mii, Y., Takada, S., Huen, M.S.Y., Guo, Y., Zhang, L., and Gao, B. (2021). Regulation of Wnt/PCP signaling through p97/VCP-KBTBD7-mediated Vangl ubiquitination and endoplasmic reticulum-associated degradation. *Sci. Adv.* 7. DOI: 10.1126/sciadv.abg2099
10. Fitzgerald, T., Brettell, I., Leger, A., Wolf, N., Kusminski, N., Monahan, J., Barton, C., Herder, C., Aadepe, N., Gierten, J., Becker, C., Hammouda, O.T., Hasel, E., Lischik, C., Lust, K., Sokolova, N., Suzuki, R., Tsingos, E., Tavhelidse, T., Thumberger, T., Watson, P., Welz, B., Khouja, N., Naruse, K., Birney, E., Wittbrodt, J., and Loosli, F. (2022). The Medaka Inbred Kiyosu-Karlsruhe (MIKK) panel. *Genome Biol.* 23. DOI: 10.1186/s13059-022-02623-z
11. Fujimori, S., Ohigashi, I., Abe, H., Matsushita, Y., Katagiri, T., Taketo, M.M., Takahama, Y., and Takada, S. (2022). Fine-tuning of beta-catenin in mouse thymic epithelial cells is required for postnatal T-cell development. *eLife* 11. DOI: 10.7554/eLife.69088
12. Furutani, M., and Morita, M.T. (2021). LAZY1-LIKE-mediated gravity signaling pathway in root gravitropic set-point angle control. *Plant Physiol.* 187, 1087–1095. DOI: 10.1093/plphys/kiab219
13. Goto, T., Soyano, T., Liu, M., Mori, T., and Kawaguchi, M. (2022). Auxin methylation by IAMT1, duplicated in the legume lineage, promotes root nodule development in *Lotus japonicus*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 119. DOI: 10.1073/pnas.2116549119
14. Hasegawa, Y., Ueno, S., Wei, F.-J., Matsumoto, A., Uchiyama, K., Ujino-Ihara, T., Hakamata, T., Fujino, T., Kasahara, M., Bino Takahiro and Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Tsumura, Y., and Moriguchi, Y. (2021). Identification and genetic diversity analysis of a male-sterile gene (*MS1*) in Japanese cedar (*Cryptomeria japonica* D. Don). *Sci. Rep.* 11. DOI: 10.1038/s41598-020-80688-1

15. Hashiro, S., Chikami, Y., Kawaguchi, H., Krylov, A.A., Niimi, T., and Yasueda, H. (2021). Efficient production of long double-stranded RNAs applicable to agricultural pest control by *Corynebacterium glutamicum* equipped with coliphage T7-expression system. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* *105*, 4987–5000. DOI: 10.1007/s00253-021-11324-9
16. Hayashi-Tsugane, M., and Kawaguchi, M. (2022). *Lotus japonicus* HAR1 regulates root morphology locally and systemically under a moderate nitrate condition in the absence of rhizobia. *Planta* *255*, 95. DOI: 10.1007/s00425-022-03873-8
17. Hiiragi, T., Gladfelter, A.S., Miguel-Aliaga, I., Collier, H.A., Lau, O.S., McBride, H.M., Aoki, K., Linkermann, A., Santaguida, S., Wasteney, G., Rivron, N.C., Shahbazi, M.N., Ebisuya, M., and Lancaster, M.A. (2021). 20 years of *Developmental Cell*: Looking forward. *Dev. Cell* *56*, 3185–3191. DOI: 10.1016/j.devcel.2021.11.017
18. Hippler, M., Minagawa, J., and Takahashi, Y. (2021). Photosynthesis and chloroplast regulation-balancing photosynthesis and photoprotection under changing environments. *Plant Cell Physiol.* *62*, 1059–1062. DOI: 10.1093/pcp/pcab139
19. Hirata, T., Tohsato, Y., Itoga, H., Shioi, G., Kiyonari, H., Oka, S., Fujimori, T., and Onami, S. (2021). NeuroGT: A brain atlas of neurogenic tagging CreER drivers for birthdate-based classification and manipulation of mouse neurons. *Cell Reports Methods* *1*. DOI: 10.1016/j.crmeth.2021.100012
20. Hirata, Y., Matsuo, M., Kurihara, K., Suzuki, K., Nonaka, S., and Sugawara, T. (2021). Colocalization analysis of lipo-deoxyribozyme consisting of DNA and protic catalysts in a vesicle-based protocellular membrane investigated by confocal microscopy. *Life* *11*. DOI: 10.3390/life11121364
21. Honda, G., Saito, N., Fujimori, T., Hashimura, H., Nakamura, M.J., Nakajima, A., and Sawai, S. (2021). Microtopographical guidance of macropinocytic signaling patches. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* *118*. DOI: 10.1073/pnas.2110281118
22. Hsieh, W.-C., Lai, E.-Y., Liu, Y.-T., Wang, Y.-F., Tzeng, Y.-S., Cui, L., Lai, Y.-J., Huang, H.-C., Huang, J.-H., Ni, H.-C., Tsai, D.-Y., Liang, J.-J., Liao, C.-C., Lu, Y.-T., Jiang, L., Liu, M.-T., Wang, J.-T., Chang, S.-Y., Chen, C.-Y., Tsai, H.-C., Chang, Y.-M., Wernig,

- G., Li, C.-W., Lin K.-I., Lin, Y.-L., Tsai, H.-K., Huang, Y.-T., and Chen, S.-Y. (2021). NK cell receptor and ligand composition influences the clearance of SARS-CoV-2. *J. Clin. Invest.* *131*. DOI: 10.1172/JCI146408
23. Igawa-Ueda, K., Ikuta, T., Tame, A., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Hongo, Y., Takaki, Y., Fujikura, K., Maruyama, T., and Yoshida, T. (2021). Symbiont transmission onto the cell surface of early oocytes in the deep-sea clam *Phreagena okutanii*. *Zoolog. Sci.* *38*, 140–147. DOI: 10.2108/zs200129
 24. Imoto, D., Saito, N., Nakajima, A., Honda, G., Ishida, M., Sugita, T., Ishihara, S., Katagiri, K., Okimura, C., Iwadata, Y., and Sawai, S. (2021). Comparative mapping of crawling-cell morphodynamics in deep learning-based feature space. *PLoS Comput. Biol.* *17*. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009237
 25. Inoue, T., and Agata, K. (2022). Quantification of planarian behaviors. *Dev. Growth Differ.* *64*, 16–37. DOI: 10.1111/dgd.12765
 26. Ishida, S., Suzuki, H., Iwaki, A., Kawamura, S., Yamaoka, S., Kojima, M., Takebayashi, Y., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Sakakibara, H., Kohchi, T., and Nishihama, R. (2022). Diminished auxin signaling triggers cellular reprogramming by inducing a regeneration factor in the liverwort *Marchantia polymorpha*. *Plant Cell Physiol.* *63*, 384–400. DOI: 10.1093/pcp/pcac004
 27. Ishikawa, M., and Hasebe, M. (2022). Molecular mechanisms of reprogramming of differentiated cells into stem cells in the moss *Physcomitrium patens*. *Curr. Opin. Plant Biol.* *65*. DOI: 10.1016/j.pbi.2021.102123
 28. Ishishita, S., Kitahara, S., Takahashi, M., Iwasaki, S., Tatsumoto, S., Hara, I., Kaneko, Y., Kinoshita, K., Yamaguchi, K., Harada, A., Ohmori, Y., Ohkawa, Y., Go, Y., Shigenobu, S., Matsuda, Y., and Suzuki, T. (2022). Uterus-specific transcriptional regulation underlies eggshell pigment production in Japanese quail. *PLoS One* *17*. DOI: 10.1371/journal.pone.0265008
 29. Ito, R.E., Oneyama, C., and Aoki, K. (2021). Oncogenic mutation or overexpression of oncogenic KRAS or BRAF is not sufficient to confer oncogene addiction. *PLoS One* *16*. DOI: 10.1371/journal.pone.0249388

30. Jha, S.G., Borowsky, A.T., Cole, B.J., Fahlgren, N., Farmer, A., Huang, S.-S.C., Karia, P., Libault, M., Provart, N.J., Rice, S.L., Saura-Sanchez, M., Agarwal, P., Ahkami, A.H., Anderton, C.R., Briggs, S.P., Brophy, J.A., Denolf, P., Di Costanzo, L.F., Exposito-Alonso, M., Giacomello, S., Gomez-Cano, F., Kaufmann, K., Ko, D.K., Kumar, S., Malkovskiy V.A., Nakayama, N., Obata, T., Otegui, M.S., Palfalvi, G., Quezada-Rodriguez, E.H., Singh, R., Uhrig, R.G., Waese, J., Van Wijk, K., Wright, R.C., Ehrhardt, D.W., Birnbaum, K.D., Rhee, S.Y., and Consortium, Plant Cell Atlas (2021). Science Forum: Vision, challenges and opportunities for a Plant Cell Atlas. *eLife* 10. DOI: 10.7554/eLife.66877
31. Kajiwarra, K., Yamano, S., Aoki, K., Okuzaki, D., Matsumoto, K., and Okada, M. (2021). CDCP1 promotes compensatory renal growth by integrating Src and Met signaling. *Life Sci. Alliance* 4. DOI: 10.26508/lsa.202000832
32. Kamada, T., Otomo, K., Murata, T., Nakata, K., Hiruma, S., Uehara, R., Hasebe, M., and Nemoto, T. (2022). Low-invasive 5D visualization of mitotic progression by two-photon excitation spinning-disk confocal microscopy. *Sci. Rep.* 12. DOI: 10.1038/s41598-021-04543-7
33. Kaneko, E., Sato, H., and Fukamachi, S. (2021). Validation of the three-chamber strategy for studying mate choice in medaka. *PLoS One* 16. DOI: 10.1371/journal.pone.0259741
34. Kanne, J. V, Ishikawa, M., Bressendorff, S., Ansbol, J., Hasebe, M., Rodriguez, E., and Petersen, M. (2021). Overexpression of ATG8/LC3 enhances wound-induced somatic reprogramming in *Physcomitrium patens*. *Autophagy* 18, 1463-1466. DOI: 10.1080/15548627.2021.1975913
35. Kataoka, K., Fujita, H., Isa, M., Gotoh, S., Arasaki, A., Ishida, H., and Kimura, R. (2021). The human EDAR 370V/A polymorphism affects tooth root morphology potentially through the modification of a reaction–diffusion system. *Sci. Rep.* 11, 5143. DOI: 10.1038/s41598-021-84653-4
36. Kawano, K., Kato, K., Sugioka, T., Kimura, Y., Tanimoto, M., and Higashijima, S. (2022). Long descending commissural V0v neurons ensure coordinated swimming movements along the body axis in larval zebrafish. *Sci. Rep.* 12. DOI: 10.1038/s41598-022-08283-0

37. Kinoshita, N., Yamamoto, T.S., Yasue, N., Takagi, C., Fujimori, T., and Ueno, N. (2022). Article Force-dependent remodeling of cytoplasmic ZO-1 condensates contributes to cell-cell adhesion through enhancing tight junctions. *iScience* *25*. DOI: 10.1016/j.isci.2022.103846
38. Kishi, K., Koyama, H., Oka, S., Kato, A., Sato, M., and Fujimori, T. (2021). Repetitive short-pulsed illumination efficiently activates photoactivatable-Cre as continuous illumination in embryonic stem cells and pre-implantation embryos of transgenic mouse. *Genesis* *59*. DOI: 10.1002/dvg.23457
39. Kitadate, Y., and Yoshida, S. (2022). Regulation of spermatogenic stem cell homeostasis by mitogen competition in an open niche microenvironment. *Genes Genet. Syst.* *97*, 15–25. DOI: 10.1266/ggs.21-00062
40. Kobayashi, T., Kitaoka, A., Kosaka, M., Tanaka, K., and Watanabe, E. (2022). Motion illusion-like patterns extracted from photo and art images using predictive deep neural networks. *Sci. Rep.* *12*. DOI: 10.1038/s41598-022-07438-3
41. Kobayashi, Y., Katsuren, M., Hojo, M., Wada, S., Terashima, Y., Kawaguchi, M., Tokuda, G., Kinjo, K., and Shigenobu, S. (2022). Taxonomic revision of *Termitomyces* species found in Ryukyu Archipelago, Japan, based on phylogenetic analyses with three loci. *Mycoscience* *63*, 33–38. DOI: 10.47371/mycosci.2021.11.001
42. Komatsu, Y., and Takizawa, K. (2021). A quantum chemical study on the effects of varying the central metal in extended photosynthetic pigments. *Phys. Chem. Chem. Phys.* *23*, 14404–14414. DOI: 10.1039/d1cp00760b
43. Korgaonkar, A., Han, C., Lemire, A.L., Siwanowicz, I., Bennouna, D., Kopec, R.E., Andolfatto, P., Shigenobu, S., and Stern, D.L. (2021). A novel family of secreted insect proteins linked to plant gall development. *Curr. Biol.* *31*, 1836+. DOI: 10.1016/j.cub.2021.01.104
44. Koyama, H., Suzuki, M., Yasue, N., Sasaki, H., Ueno, N., and Fujimori, T. (2022). Differential cellular stiffness contributes to tissue elongation on an expanding surface. *Front. Cell Dev. Biol.* *10*. DOI: 10.3389/fcell.2022.864135

45. Kumazawa, M., Nishide, H., Nagao, R., Inoue-Kashino, N., Shen, J.-R., Nakano, T., Uchiyama, I., Kashino, Y., and Ifuku, K. (2022). Molecular phylogeny of fucoxanthin-chlorophyll a/c proteins from *Chaetoceros gracilis* and Lhcq/Lhcf diversity. *Physiol. Plant.* *174*. DOI: 10.1111/ppl.13598
46. Kunita, I., Morita, M.T., Toda, M., and Higaki, T. (2021). A three-dimensional scanning system for digital archiving and quantitative evaluation of Arabidopsis plant architectures. *Plant Cell Physiol.* *62*, 1975–1982. DOI: 10.1093/pcp/pcab068
47. Lee, H., Hikasa, K., Umesono, Y., Hayashi, T., Agata, K., and Shibata, N. (2022). Loss of plac8 expression rapidly leads pluripotent stem cells to enter active state during planarian regeneration. *Development* *149*. DOI: 10.1242/dev.199449
48. Leger, A., Brettell, I., Monahan, J., Barton, C., Wolf, N., Kusminski, N., Herder, C., Aadeptu, N., Becker, C., Gierten, J., Hammouda, O.T., Hasel, E., Lischik, C., Lust, K., Sokolova, N., Suzuki, R., Tavhelidse, T., Thumberger, T., Tsingos, E., Watson, P., Welz, B., Naruse, K., Loosli, F., Wittbrodt, J., Birney, E., and Fitzgerald, T. (2022). Genomic variations and epigenomic landscape of the Medaka Inbred Kiyosu-Karlsruhe (MIKK) panel. *Genome Biol.* *23*. DOI: 10.1186/s13059-022-02602-4
49. Lin, S., Hirayama, D., Maryu, G., Matsuda, K., Hino, N., Deguchi, E., Aoki, K., Iwamoto, R., Terai, K., and Matsuda, M. (2022). Redundant roles of EGFR ligands in the ERK activation waves during collective cell migration. *Life Sci. Alliance* *5*. DOI: 10.26508/lsa.202101206
50. Linard, B., Ebersberger, I., McGlynn, S.E., Glover, N., Mochizuki, T., Patricio, M., Lecompte, O., Nevers, Y., Thomas, P.D., Gabaldon, T., Sonnhammer, E., Dessimoz, C., Uchiyama, I., and Consortium, Q.F.O. (2021). Ten years of collaborative progress in the Quest for Orthologs. *Mol. Biol. Evol.* *38*, 3033–3045. DOI: 10.1093/molbev/msab098
51. Maeda, T., Takahashi, S., Yoshida, T., Shimamura, S., Takaki, Y., Nagai, Y., Toyoda, A., Suzuki, Y., Arimoto, A., Ishii, H., Satoh, N., Nishiyama, T., Hasebe, M., Maruyama, T., Minagawa, J., Obokata, J., and Shigenobu, S. (2021). Chloroplast acquisition without the gene transfer in kleptoplastic sea slugs, *Plakobranthus ocellatus*. *eLife* *10*. DOI: 10.7554/eLife.60176

52. Matsuda, S., Schaefer V, J., Mii, Y., Hori, Y., Bieli, D., Taira, M., Plueckthun, A., and Affolter, M. (2021). Asymmetric requirement of Dpp/BMP morphogen dispersal in the *Drosophila* wing disc. *Nat. Commun.* *12*. DOI: 10.1038/s41467-021-26726-6
53. Matsui, K., Okamoto, K., Hasegawa, T., Ohtsuka, H., Shimasaki, T., Ihara, K., Goto, Y., Aoki, K., and Aiba, H. (2021). Identification of *ksg1* mutation showing long-lived phenotype in fission yeast. *Genes to Cells* *26*, 967–978. DOI: 10.1111/gtc.12897
54. Matsuo, M., Kamei, Y., and Fukamachi, S. (2021). Behavioural red-light sensitivity in fish according to the optomotor response. *R. Soc. Open Sci.* *8*. DOI: 10.1098/rsos.210415
55. Mii, Y., Nakazato, K., Pack, C.-G., Ikeda, T., Sako, Y., Mochizuki, A., Taira, M., and Takada, S. (2021). Quantitative analyses reveal extracellular dynamics of Wnt ligands in *Xenopus* embryos. *eLife* *10*. DOI: 10.7554/eLife.55108
56. Misawa, F., Ito, M., Nosaki, S., Nishida, H., Watanabe, M., Suzuki, T., Miura, K., Kawaguchi, M., and Suzaki, T. (2022). Nitrate transport via NRT2.1 mediates NIN-LIKE PROTEIN-dependent suppression of root nodulation in *Lotus japonicus*. *Plant Cell* *34*, 1844–1862. DOI: 10.1093/plcell/koac046
57. Miura, T., Oguchi, K., Yamaguchi, H., Nakamura, M., Sato, D., Kobayashi, K., Kutsukake, N., Miura, K., Hayashi, Y., Hojo, M., Maekawa, K., Shigenobu, S., Kano, T., and Ishiguro, A. (2022). Understanding of superorganisms: collective behavior, differentiation and social organization. *Artif. Life Robot.* *27*, 204–212. DOI: 10.1007/s10015-022-00754-x
58. Miyazaki, S., Fujiwara, K., Kai, K., Masuoka, Y., Gotoh, H., Niimi, T., Hayashi, Y., Shigenobu, S., and Maekawa, K. (2021). Evolutionary transition of doublesex regulation from sex-specific splicing to male-specific transcription in termites. *Sci. Rep.* *11*. DOI: 10.1038/s41598-021-95423-7
59. Morishita, J., Tokutsu, R., Minagawa, J., Hisabori, T., and Wakabayashi, K. (2021). Characterization of *Chlamydomonas reinhardtii* mutants that exhibit strong positive phototaxis. *Plants* *10*. DOI: 10.3390/plants10071483

60. Mulla, A.J., Lin, C.-H., Takahashi, S., and Nozawa, Y. (2021). Photo-movement of coral larvae influences vertical positioning in the ocean. *Coral Reefs* *40*, 1297–1306. DOI: 10.1007/s00338-021-02141-7
61. Murata, R., Nozu, R., Mushirobira, Y., Amagai, T., Fushimi, J., Kobayashi, Y., Soyano, K., Nagahama, Y., and Nakamura, M. (2021). Testicular inducing steroidogenic cells trigger sex change in groupers. *Sci. Rep.* *11*. DOI: 10.1038/s41598-021-90691-9
62. Nagahama, Y., Chakraborty, T., Paul-Prasanth, B., Ohta, K., and Nakamura, M. (2021). Sex determination, gonadal sex differentiation, and plasticity in vertebrate species. *Physiol. Rev.* *101*, 1237–1308. DOI: 10.1152/physrev.00044.2019
63. Nagaki, K., Furuta, T., Yamaji, N., Kuniyoshi, D., Ishihara, M., Kishima, Y., Murata, M., Hoshino, A., and Takatsuka, H. (2021). Effectiveness of Create ML in microscopy image classifications: a simple and inexpensive deep learning pipeline for non-data scientists. *Chromosom. Res.* *29*, 361–371. DOI: 10.1007/s10577-021-09676-z
64. Nakagawa, T., Jorg, D.J., Watanabe, H., Mizuno, S., Han, S., Ikeda, T., Omatsu, Y., Nishimura, K., Fujita, M., Takahashi, S., Kondoh, G., Simons, B.D., Yoshida, S., and Nagasawa, T. (2021). A multistate stem cell dynamics maintains homeostasis in mouse spermatogenesis. *Cell Rep.* *37*. DOI: 10.1016/j.celrep.2021.109875
65. Nakamoto, C., Goto, Y., Tomizawa, Y., Fukata, Y., Fukata, M., Harpsoe, K., Gloriam, D.E., Aoki, K., and Takeuchi, T. (2021). A novel red fluorescence dopamine biosensor selectively detects dopamine in the presence of norepinephrine in vitro. *Mol. Brain* *14*. DOI: 10.1186/s13041-021-00882-8
66. Nakamura, A., Goto, Y., Kondo, Y., and Aoki, K. (2021). Shedding light on developmental ERK signaling with genetically encoded biosensors. *Development* *148*. DOI: 10.1242/dev.199767
67. Nakamura, R., and Nakayama, J. (2022). Multiple interfaces to recognize nucleosomal targets. *J. Biochem.* *171*, 257–259. DOI: 10.1093/jb/mvab139
68. Nakamura, Y., Jorg, D.J., Kon, Y., Simons, B.D., and Yoshida, S. (2021). Transient

suppression of transplanted spermatogonial stem cell differentiation restores fertility in mice. *Cell Stem Cell* **28**, 1443+. DOI: 10.1016/j.stem.2021.03.016

69. Nakayama, H., Rowland, S.D., Cheng, Z., Zumstein, K., Kang, J., Kondo, Y., and Sinha, N.R. (2021). Leaf form diversification in an ornamental heirloom tomato results from alterations in two different HOMEBOX genes. *Curr. Biol.* **31**, 4788+. DOI: 10.1016/j.cub.2021.08.023
70. Nakayama, T., Okimura, K., Shen, J., Guh, Y.-J., Tamai, T.K., Shimada, A., Minou, S., Okushi, Y., Shimmura, T., Furukawa, Y., Kadofusa, N., Sato, A., Nishimura, T., Tanaka, M., Nakayama, K., Shiina, N., Yamamoto, N., Loudon, A.S., Nishiwaki-Ohkawa, T., Shinomiya, A., Nabeshima, T., Nakane, Y., and Yoshimura, T. (2020). Seasonal changes in NRF2 antioxidant pathway regulates winter depression-like behavior. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A* **117**, 9594–9603. DOI: 10.1073/pnas.2000278117
71. Niimi, T., and Ando, T. (2021). Evo-devo of wing colour patterns in beetles. *Curr. Opin. Genet. Dev.* **69**, 97–102. DOI: 10.1016/j.gde.2021.02.007
72. Nishida, H., Nosaki, S., Suzuki, T., Ito, M., Miyakawa, T., Nomoto, M., Tada, Y., Miura, K., Tanokura, M., Kawaguchi, M., and Suzaki, T. (2021). Different DNA-binding specificities of NLP and NIN transcription factors underlie nitrate-induced control of root nodulation. *Plant Cell* **33**, 2340–2359. DOI: 10.1093/plcell/koab103
73. Nishiike, Y., Miyazoe, D., Togawa, R., Yokoyama Keiko and Nakasone, K., Miyata, M., Kikuchi, Y., Kamei, Y., Todo, T., Ishikawa-Fujiwara, T., Ohno, K., Usami, T., Nagahama, Y., and Okubo, K. (2021). Estrogen receptor 2b is the major determinant of sex-typical mating behavior and sexual preference in medaka. *Curr. Biol.* **31**, 1699+. DOI: 10.1016/j.cub.2021.01.089
74. Nishiyama, S., Matsushita, M.C., Yamane, H., Honda, C., Okada, K., Tamada, Y., Moriya, S., and Tao, R. (2021). Functional and expressional analyses of apple FLC-like in relation to dormancy progress and flower bud development. *Tree Physiol.* **41**, 562–570. DOI: 10.1093/treephys/tpz111
75. Nitta, M. (2021). Capsalids (Platyhelminthes: Monogenea) from marine fishes off Okinawa in Japan with the proposal of two new genera. *Parasitol. Int.* **85**. DOI:

10.1016/j.parint.2021.102448

76. Nozaki, T., Suetsugu, K., Sato, K., Sato, R., Takagi, T., Funaki, S., Ito, K., Kurita, K., Isagi, Y., and Kaneko, S. (2021). Development of microsatellite markers for the geographically parthenogenetic stick insect *Phraortes elongatus* (Insecta: Phasmatodea). *Genes Genet. Syst.* *96*, 199–203. DOI: 10.1266/ggs.21-00022
77. Nozaki, T., and Matsuura, K. (2021). Oocyte resorption in termite queens: Seasonal dynamics and controlling factors. *J. Insect Physiol.* *131*. DOI: 10.1016/j.jinsphys.2021.104242
78. Nozaki, T., Hojo, M., Yashiro, T., and Matsuura, K. (2021). First Record of the Soil-feeding Higher Termites (Isoptera: Termitidae) from Okinawa Island, the Central Ryukyus, Japan. *Sociobiology* *68*. DOI: 10.13102/sociobiology.v68i2.6159
79. Ogino, H., Kamei, Y., Hayashi, T., Sakamoto, J., Suzuki, M., and Igawa, T. (2021). Invention sharing is the mother of developmental biology PREFACE. *Dev. Growth Differ.* *63*, 395–396. DOI: 10.1111/dgd.12755
80. Ohde, T., Mito, T., and Niimi, T. (2022). A hemimetabolous wing development suggests the wing origin from lateral tergum of a wingless ancestor. *Nat. Commun.* *13*. DOI: 10.1038/s41467-022-28624-x
81. Ohmura, T., Nishigami, Y., Taniguchi, A., Nonaka, S., Ishikawa, T., and Ichikawa, M. (2021). Near-wall rheotaxis of the ciliate *Tetrahymena* induced by the kinesthetic sensing of cilia. *Sci. Adv.* *7*. DOI: 10.1126/sciadv.abi5878
82. Ohnishi, O., Takenaka, M., Okano, R., Yoshitomi, H., and Tojo, K. (2021). Wide-scale gene flow, even in insects that have lost their flight ability: Presence of dispersion due to a unique parasitic ecological strategy of piggybacking hosts. *Zoolog. Sci.* *38*, 122–139. DOI: 10.2108/zs200088
83. Ohtsuka, H., Hatta, Y., Hayashi, K., Shimasaki, T., Otsubo, Y., Ito, Y., Tsutsui, Y., Hattori, N., Yamashita, A., Murakami, H., and Aiba, H. (2022). Cdc13 (cyclin B) is degraded by autophagy under sulfur depletion in fission yeast. *Autophagy Reports* *1*, 51–64. DOI: 10.1080/27694127.2022.2047442

84. Okamoto, S., Kawasaki, A., and Makino, Y. (2022). Characterization of oligopeptides in *Solanum lycopersicum* xylem exudates. *Life* *12*. DOI: 10.3390/life12040592
85. Okamoto, S., Kawasaki, A., Makino, Y., Ishida, T., and Sawa, S. (2022). Long-distance translocation of CLAVATA3/ESR-related 2 peptide and its positive effect on roots sucrose status. *Plant Physiol.* *189*, 2357–2367. DOI: 10.1093/plphys/kiac227
86. Okubo, T., Hara, K., Azuma, S., and Takada, S. (2021). Effect of retinoic acid signaling on Ripply3 expression and pharyngeal arch morphogenesis in mouse embryos. *Dev. Dyn.* *250*, 1036–1050. DOI: 10.1002/dvdy.301
87. Okubo, T., Toyoda, A., Fukuhara, K., Uchiyama, I., Harigaya, Y., Kuroiwa, M., Suzuki, T., Murakami, Y., Suwa, Y., and Takami, H. (2021). The physiological potential of anammox bacteria as revealed by their core genome structure. *DNA Res.* *28*. DOI: 10.1093/dnares/dsaa028
88. Okuma, N., and Kawaguchi, M. (2021). Systemic optimization of legume nodulation: a shoot-derived regulator, miR2111. *Front. Plant Sci.* *12*. DOI: 10.3389/fpls.2021.682486
89. Osawa, Y., Murata, K., Usui, M., Kuba, Y., Le, H.T., Mikami, N., Nakagawa, T., Daitoku, Y., Kato, K., Shawki, H.H., Ikeda, Y., Kuno, A., Morimoto, K., Tanimoto, Y., Dinh, T.T.H., Yagami, K., Ema, M., Yoshida, S., Takahashi, S., Mizuno, S., and Sugiyama, F. (2021). EXOC1 plays an integral role in spermatogonia pseudopod elongation and spermatocyte stable syncytium formation in mice. *eLife* *10*. DOI: 10.7554/eLife.59759
90. Pan, X., Tokutsu, R., Li, A., Takizawa, K., Song, C., Murata, K., Yamasaki, T., Liu, Z., Minagawa, J., and Li, M. (2021). Structural basis of LhcbM5-mediated state transitions in green algae. *Nat. Plants* *7*, 1119+. DOI: 10.1038/s41477-021-00960-8
91. Saito, H., Matsukawa-Usami, F., Fujimori, T., Kimura, T., Ide, T., Yamamoto, T., Shibata, T., Onoue, K., Okayama, S., Yonemura, S., Misaki, K., Soba, Y., Kakui, Y., Sato, M., Toya, M., and Takeichi, M. (2021). Tracheal motile cilia in mice require CAMSAP3 for the formation of central microtubule pair and coordinated beating. *Mol. Biol. Cell* *32*. DOI: 10.1091/mbc.E21-06-0303

92. Saito, N., and Sawai, S. (2021). Three-dimensional morphodynamic simulations of macropinocytic cups. *iScience* *24*. DOI: 10.1016/j.isci.2021.103087
93. Sakai, K., Kondo, Y., Fujioka, H., Kamiya, M., Aoki, K., and Goto, Y. (2021). Near-infrared imaging in fission yeast using a genetically encoded phycocyanobilin biosynthesis system. *J. Cell Sci.* *134*. DOI: 10.1242/jcs.259315
94. Sakura, K., and Numata, H. (2021). Locomotor activity rhythms in laboratory-reared adults of the mangrove cricket, *Apteronomobius asahinai*. *Entomol. Sci.* *24*, 247–255. DOI: 10.1111/ens.12470
95. Sato, K., Uehara, T., Holbein, J., Sasaki-Sekimoto, Y., Gan, P., Bino, T., Yamaguchi, K., Ichihashi, Y., Maki, N., Shigenobu, S., Ohta, H., Franke, R.B., Siddique, S., Grundler, F.M.W., Suzuki, T., Kadota, Y., and Shirasu, K. (2021). Transcriptomic analysis of resistant and susceptible responses in a new model root-knot nematode infection system using *Solanum torvum* and *Meloidogyne arenaria*. *Front. Plant Sci.* *12*. DOI: 10.3389/fpls.2021.680151
96. Sato, Y., Umesono, Y., Kuroki, Y., Agata, K., and Hashimoto, C. (2022). Proliferation maintains the undifferentiated status of stem cells: The role of the planarian cell cycle regulator Cdh1. *Dev. Biol.* *482*, 55–66. DOI: 10.1016/j.ydbio.2021.12.006
97. Sekiguchi, T., Ishii, T., Kamada, Y., Funakoshi, M., Kobayashi, H., and Furuno, N. (2022). Involvement of Gtr1p in the oxidative stress response in yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* *598*, 107–112. DOI: 10.1016/j.bbrc.2022.02.016
98. Seleit, A., Ansai, S., Yamahira, K., Masengi, K.W.A., Naruse, K., and Centanin, L. (2021). Diversity of lateral line patterns and neuromast numbers in the genus *Oryzias*. *J. Exp. Biol.* *224*. DOI: 10.1242/jeb.242490
99. Sheng, X., Liu, Z., Kim, E., and Minagawa, J. (2021). Plant and algal PSII-LHCII supercomplexes: structure, evolution and energy transfer. *Plant Cell Physiol.* *62*, 1108–1120. DOI: 10.1093/pcp/pcab072

100. Shigenobu, S. (2022). Editorial overview: Insect genomics: Genomics of emerging model insects. *Curr. Opin. Insect Sci.* *51*. DOI: 10.1016/j.cois.2022.100913
101. Shigenobu, S., Hayashi, Y., Watanabe, D., Tokuda, G., Hojo, M.Y., Toga, K., Saiki, R., Yaguchi, H., Masuoka, Y., Suzuki, R., Suzuki, S., Kimura, M., Matsunami, M., Sugime, Y., Oguchi, K., Niimi, T., Gotoh, H., Hojo, M.K., Miyazaki, S., Toyoda, A., Miura, T., and Maekawa, K. (2022). Genomic and transcriptomic analyses of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*: Gene duplication facilitates social evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* *119*. DOI: 10.1073/pnas.2110361119
102. Shimada, T.L., Ueda, T., and Hara-Nishimura, I. (2021). Excess sterol accumulation affects seed morphology and physiology in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Signal. Behav.* *16*. DOI: 10.1080/15592324.2021.1872217
103. Shinozuka, T., and Takada, S. (2021). Morphological and functional changes of roof plate cells in spinal cord development. *J. Dev. Biol.* *9*. DOI: 10.3390/jdb9030030
104. Soyano, T., Liu, M., Kawaguchi, M., and Hayashi, M. (2021). Leguminous nodule symbiosis involves recruitment of factors contributing to lateral root development. *Curr. Opin. Plant Biol.* *59*. DOI: 10.1016/j.pbi.2020.102000
105. Subhankar, B., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., and Aoki, K. (2021). Trans-species small RNAs move long distances in a parasitic plant complex. *Plant Biotechnol.* *38*, 187–196. DOI: 10.5511/plantbiotechnology.21.0121a
106. Suzuki, D.G., Wada, H., and Higashijima, S. (2021). Generation of knock-in lampreys by CRISPR-Cas9-mediated genome engineering. *Sci. Rep.* *11*. DOI: 10.1038/s41598-021-99338-1
107. Takenaka, M., Shibata, S., Ito, T., Shimura, N., and Tojo, K. (2021). Phylogeography of the northernmost distributed *Anisocentropus* caddisflies and their comparative genetic structures based on habitat preferences. *Ecol. Evol.* *11*, 4957–4971. DOI: 10.1002/ece3.7419
108. Takeuchi, T., Matsubara, H., Minamitani, F., Satoh, Y., Tozawa, S., Moriyama, T.,

- Maruyama, K., Suzuki, K.T., Shigenobu, S., Inoue, T., Tamura, K., Agata, K., and Hayashi, T. (2022). Newt Hoxa13 has an essential and predominant role in digit formation during development and regeneration. *Development* *149*. DOI: 10.1242/dev.200282
109. Tanaka, S., Hashimoto, K., Kobayashi, Y., Yano, K., Maeda, T., Kameoka, H., Ezawa, T., Saito, K., Akiyama, K., and Kawaguchi, M. (2022). Asymbiotic mass production of the arbuscular mycorrhizal fungus *Rhizophagus clarus*. *Commun. Biol.* *5*. DOI: 10.1038/s42003-021-02967-5
110. Tanno, A., Tokutsu, R., Arakaki, Y., Ueki, N., Minagawa, J., Yoshimura, K., Hisabori, T., Nozaki, H., and Wakabayashi, K.-I. (2021). The four-celled Volvocales green alga *Tetrabaena socialis* exhibits weak photobehavior and high-photoprotection ability. *PLoS One* *16*. DOI: 10.1371/journal.pone.0259138
111. Tokanai, K., Kamei, Y., and Minokawa, T. (2021). An easy and rapid staining method for confocal microscopic observation and reconstruction of three-dimensional images of echinoderm larvae and juveniles. *Dev. Growth Differ.* *63*, 478–487. DOI: 10.1111/dgd.12758
112. Tokutsu, R., Fujimura-Kamada, K., Yamasaki, T., Okajima, K., and Minagawa, J. (2021). UV-A/B radiation rapidly activates photoprotective mechanisms in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol.* *185*, 1894–1902. DOI: 10.1093/plphys/kiab004
113. Tominaga, T., Miura, C., Sumigawa, Y., Hirose, Y., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Mine, A., and Kaminaka, H. (2021). Conservation and diversity in gibberellin-mediated transcriptional responses among host plants forming distinct arbuscular mycorrhizal morphotypes. *Front. Plant Sci.* *12*. DOI: 10.3389/fpls.2021.795695
114. Tong, X., Kanzaki, N., and Akimoto, S. (2021). First record of a mermithid nematode (Nematoda: Mermithidae) parasitizing winged females of gall-forming aphids (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae). *Entomol. Sci.* *24*, 354–360. DOI: 10.1111/ens.12486
115. Trofka, A., Huang, B.-L., Zhu, J., Heinz, W.F., Magidson, V., Shibata, Y., Shi, Y.-B.,

- Tarchini, B., Stadler, H.S., Kabangu, M., Baddar, N.W.A.H., Voss, S.R., and Mackem, S. (2021). Genetic basis for an evolutionary shift from ancestral preaxial to postaxial limb polarity in non-urodele vertebrates. *Curr. Biol.* *31*, 4923+. DOI: 10.1016/j.cub.2021.09.010
116. Umeda, M., Ikeuchi, M., Ishikawa, M., Ito, T., Nishihama, R., Kyojuka, J., Torii, K.U., Satake, A., Goshima, G., and Sakakibara, H. (2021). Plant stem cell research is uncovering the secrets of longevity and persistent growth. *Plant J.* *106*, 326–335. DOI: 10.1111/tpj.15184
117. Urakawa, N., Nakamura, S., Kishimoto, M., Moriyama, Y., Kawano, S., Higashiyama, T., and Sasaki, N. (2022). Semi-in vitro detection of Mg²⁺-dependent DNase that specifically digest mitochondrial nucleoids in the zygote of *Physarum polycephalum*. *Sci. Rep.* *12*. DOI: 10.1038/s41598-022-06920-2
118. Ustyantsev, K., Wudarski, J., Sukhikh, I., Reinoite, F., Mouton, S., and Berezikov, E. (2021). Proof of principle for piggyBac-mediated transgenesis in the flatworm *Macrostomum lignano*. *Genetics* *218*. DOI: 10.1093/genetics/iyab076
119. Verma, A., Jena, S.G., Isakov, D.R., Aoki, K., Toettcher, J.E., and Engelhardt, B.E. (2021). A self-exciting point process to study multicellular spatial signaling patterns. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* *118*. DOI: 10.1073/pnas.2026123118
120. Wang, L., Li, D., Yang, K., Guo, X., Bian, C., Nishimura, T., Le, J., Morita, M.T., Bergmann, D.C., and Dong, J. (2022). Connected function of PRAF/RLD and GNOM in membrane trafficking controls intrinsic cell polarity in plants. *Nat. Commun.* *13*. DOI: 10.1038/s41467-021-27748-w
121. Wu, D., Arakawa, H., Fujita, A., Hashimoto, H., Hibi, M., Naruse, K., Kamei, Y., Sato, C., and Kitajima, K. (2021). A point-mutation in the C-domain of CMP-sialic acid synthetase leads to lethality of medaka due to protein insolubility. *Sci. Rep.* *11*. DOI: 10.1038/s41598-021-01715-3
122. Yagi-Utsumi, M., Aoki, K., Watanabe, H., Song, C., Nishimura, S., Satoh, T., Yanaka, S., Ganser, C., Tanaka, S., Schnapka, V., Goh, E.W., Furutani, Y., Murata, K., Uchihashi, T., Arakawa, K., and Kato, K. (2021). Desiccation-induced fibrous condensation of CAHS

protein from an anhydrobiotic tardigrade. *Sci. Rep.* *11*. DOI: 10.1038/s41598-021-00724-6

123. Yamagishi, J.F., Saito, N., and Kaneko, K. (2021). Adaptation of metabolite leakiness leads to symbiotic chemical exchange and to a resilient microbial ecosystem. *PLoS Comput. Biol.* *17*. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009143
124. Yamamoto, K., Miura, H., Ishida, M., Mii, Y., Kinoshita, N., Takada, S., Ueno, N., Sawai, S., Kondo, Y., and Aoki, K. (2021). Optogenetic relaxation of actomyosin contractility uncovers mechanistic roles of cortical tension during cytokinesis. *Nat. Commun.* *12*. DOI: 10.1038/s41467-021-27458-3
125. Yashiro, T., Tea, Y.-K., van der Wal, C., Nozaki, T., Mizumoto, N., Hellemans, S., Matsuura, K., and Lo, N. (2021). Enhanced heterozygosity from male meiotic chromosome chains is superseded by hybrid female asexuality in termites. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* *118*. DOI: 10.1073/pnas.2009533118
126. Yazaki, E., Miyata, R., Chikami, Y., Harada, R., Kawakubo, T., Tanifuji, G., Nakayama, T., Yahata, K., Hashimoto, T., and Inagaki, Y. (2021). Signs of the plastid: Enzymes involved in plastid-localized metabolic pathways in a eugregarine species. *Parasitol. Int.* *83*. DOI: 10.1016/j.parint.2021.102364
127. Ylla, G., Nakamura, T., Itoh, T., Kajitani, R., Toyoda, A., Tomonari, S., Bando, T., Ishimaru, Y., Watanabe, T., Fuketa, M., Matsuoka, Y., Barnett, A.A., Noji, S., Mito, T., and Extavour, C.G. (2021). Insights into the genomic evolution of insects from cricket genomes. *Commun. Biol.* *4*. DOI: 10.1038/s42003-021-02197-9
128. Yoshida, A., Kato, Y., Takahashi, H., and Kodama, R. (2021). Programmed scale detachment in the wing of the pellucid hawk moth, *Cephonodes hylas*: Novel scale morphology, scale detachment mechanism, and wing transparency. *Zoolog. Sci.* *38*, 427–435. DOI: 10.2108/zs210031
129. Yoshida, Y., Shaikhutdinov, N., Kozlova, O., Itoh, M., Tagami, M., Murata, M., Nishiyori-Sueki, H., Kojima-Ishiyama, M., Noma, S., Cherkasov, A., Gazizova, G., Nasibullina, A., Deviatiiarov, R., Shagimardanova, E., Ryabova, A., Yamaguchi, K., Bino, T., Shigenobu, S., Tokumoto, S., Miyata, Y., Cornette, R., Yamada, T.G., Funahashi, A.,

- Tomita, M., Gusev, O., and Kikawada, T. (2022). High quality genome assembly of the anhydrobiotic midge provides insights on a single chromosome-based emergence of extreme desiccation tolerance. *NAR Genomics Bioinforma.* *4*. DOI: 10.1093/nargab/lqac029
130. Yoshihi, K., Kato, K., Iida, H., Teramoto, M., Kawamura, A., Watanabe, Y., Nunome, M., Nakano, M., Matsuda, Y., Sato, Y., Mizuno, H., Iwasato, T., Ishii, Y., and Kondoh, H. (2022). Live imaging of avian epiblast and anterior mesendoderm grafting reveals the complexity of cell dynamics during early brain development. *Development* *149*. DOI: 10.1242/dev.199999
131. Yuhi, T., Nishimiya, O., Ohno, K., Takita, A., Inoguchi, T., Ura, K., and Takagi, Y. (2022). Cloning of cDNA encoding a newly recognized apolipoprotein-like protein and its expression in the northern sea urchin *Mesocentrotus nudus*. *Fish. Sci.* *88*, 259–273. DOI: 10.1007/s12562-022-01584-3
132. Zeng, C.-W., Kamei, Y., Shigenobu, S., Sheu, J.-C., and Tsai, H.-J. (2021). Injury-induced Cav1-expressing cells at lesion rostral side play major roles in spinal cord regeneration. *Open Biol.* *11*. DOI: 10.1098/rsob.200304
133. Zhang, X.J., Fujita, Y., Tokutsu, R., Minagawa, J., Ye, S., and Shibata, Y. (2021). High-speed excitation-spectral microscopy uncovers in situ rearrangement of light-harvesting apparatus in *Chlamydomonas* during state transitions at submicron precision. *Plant Cell Physiol.* *62*, 872–882. DOI: 10.1093/pcp/pcab047

(3) 2020 年 及び 2021 年の プレスリリースと新聞等報道

プレスリリース及び新聞報道等は以下のページを参照

- ・ 2020 年 プレスリリース : <https://www.nibb.ac.jp/press/2020/>
- ・ 2021 年 プレスリリース : <https://www.nibb.ac.jp/press/2021/>

- ・ 2020 年 新聞報道等 : <https://www.nibb.ac.jp/pressroom/pressrecord/2020/>
- ・ 2021 年 新聞報道等 : <https://www.nibb.ac.jp/pressroom/pressrecord/2021/>

基礎生物学研究所 点検評価委員会

阿形清和 委員長

長谷部光泰

上野直人

川口正代司

皆川 純

成瀬 清

児玉隆治

藤森俊彦

吉田松生

高田慎治

重信秀治

定塚勝樹

藤田浩徳

三輪朋樹

外部点検評価報告書制作

長谷部光泰

真野昌二

定塚勝樹

藤田浩徳

立松 圭

倉田智子

内村 愛

坂神真理

(敬称略)