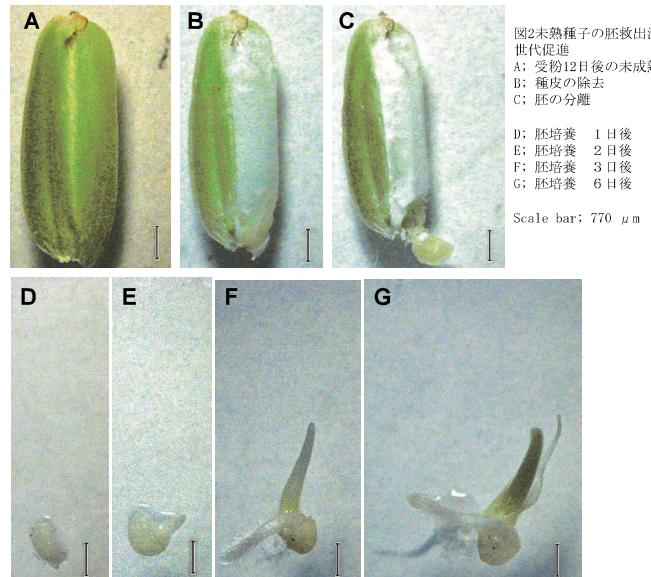


(DHLs : doubled haploid line) 200 系統の育成による固定化系統の取得を試みた。しかし薬培養後再分化した個体はほぼすべてアルビノ個体であり緑色個体はほぼ得られなかつた。これらの結果より DHLs の実験集団の育成は時間、労力の面からも大変困難な状況にあるため、H25 年度より F_4 個体から自殖系統 (RILs; recombinant inbred line) の育成を進めている。通常野生イネは開花後自殖種子の成熟、乾燥を経て、休眠打破処理後に初めて次世代の生育が可能となるため世代促進には長期間を要する。しかし本研究では開花、受粉後胚を分離し寒天培地で培養することにより成熟、乾燥、休眠打破に要する時間を省略し、これに成功している（図 2）。H26 年度は全実験集団をインキュベーターのみでミニチュア水耕栽培が可能か検証し、より短期間での世代促進を試みる。また最終的に得られた実験集団の e-QTL 解析に向け親品種 W0106 と W1921 の塩基配列多型情報をまとめることを計画している。



3-8：構造多型を考慮した発現解析手法を用いた遺伝子発現量差の解析

[堀内、春島、藤澤、久保、倉田]

生物の形質や形態の多様性は発現する遺伝子の塩基配列構造や遺伝子の発現量の差によりもたらされる。本研究は栽培イネのジャポニカとインディカの亜種間において各組織でどの程度の遺伝子が高発現し、どの程度の遺伝子の発現量が異なるのかを Affymetrix 社 Rice Genome Array を用いて解析を行つた。発現量が異なる遺伝子の特徴を調べるために、遺伝子発現の組織特異性や遺伝子進化との関連性を調査した。

公的データベース GEO よりジャポニカ (Nipponbare)、インディカ 3 品種 (Minghui63, Zhenshan97, 9311) 合わせて 321 アレイデータ (121 組織) を取得し、全 321 アレイデータのクラスタリング解析により、Nipponbare とインディカ 2 品種 (Minghui63, Zhenshan97) のアレイデータを含む 5 組織 (胚乳、成熟葦、幼穂、幼葉、根) の類似アレイクラスターを取得した。5 組織それぞれについて Nipponbare とインディカ 2 品種 (Minghui63, Zhenshan97) 間、およびインディカ亜種内 (Minghui63 と Zhenshan97) の発現多型を融合研究プロジェクト第 I 期により開発した遺伝子の塩基多型に影響されない発現量推定法 (SNEP 法) を用い推定した。高発現している遺伝子数は組織、品種に関わりなく平均 $12,759 \pm 436$ 個で同程度だったが、各品種の高発現遺伝子内においてジャポニカ－インディカ間発現多型 (*jiDE*) を示した遺伝子数は組織によって 410～1,497 と大きくばらついた。発現多型遺伝子の特性を調べるために、Nipponbare の 44 組織、Minghui63 の 36 組織、Zhenshan97 の 39 組織のアレイデータによる遺伝子発現を調べた。一方の品種では高発現しているがもう一方の品種ではいずれの組織でも高発現していない遺伝子をサイレント *jiDE* 遺伝子として区別し、サイレント型 *jiDE* 遺伝子と非サイレント型 *jiDE* 遺伝子について、各組織における検出数、遺伝子発現の組織特異性指標 (τ : 図 1 の注釈参照)、遺伝子の構造差、分子進化速度、ゲノム上の分布、遺伝子の機能等を比較した特徴を表 1 にまとめた。

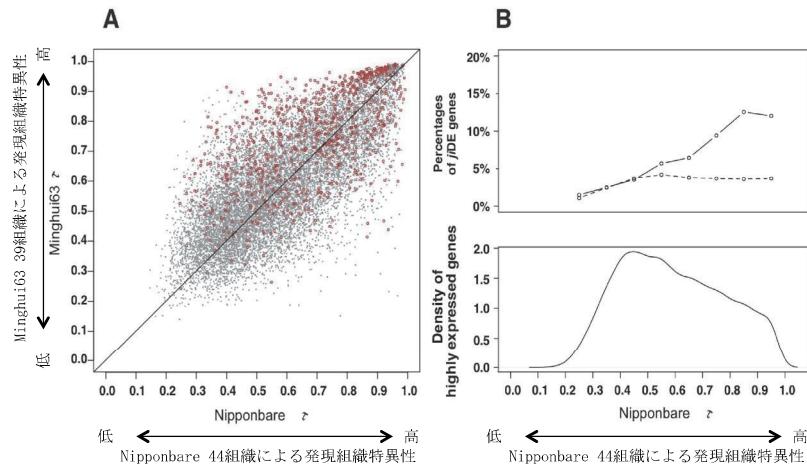


図1 薬において高発現した遺伝子群の発現の組織特異性指標(τ)の分布 遺伝子の発現組織特異性指標は、複数の組織の発現量を比較し得られ、0はすべての組織で発現量が同じ、1は1組織のみで発現を意味する。組織特異性指標=1-(最も発現量の多い組織の発現量に対する他の組織での発現量の割合を平均した値)。

A) NipponbareまたはMinghui63の薬で高発現を示した遺伝子の組織特異性指標。NipponbareとMinghui63で発現量が同じ遺伝子群をgrey、違う遺伝子群をredで示した。サイレンシングされている遺伝子群は除去した。B) Nipponbareの薬で高発現を示した遺伝子の発現組織特異性の密度分布(下)と各組織特異性度ごとの高発現遺伝子数に対するNipponbare-Minghui63間の発現多型(jDE)遺伝子数の割合(上)。実線はノンサイレントjDE、破線はサイレントjDE。

表1. サイレント型 jDE 遺伝子とノンサイレント型遺伝子の特性

	サイレント型 jDE 遺伝子	ノンサイレント型遺伝子
検出数	<ul style="list-style-type: none"> 各組織でほぼ一定。 ジャボニカでリヤレンシングされている jDE 遺伝子はインディカより少ない。 	<ul style="list-style-type: none"> 組織ごとに異なる。 ジャボニカとインディカの同一組織で高発現するノンサイレント型 jDE 遺伝子の数は同程度。
発現組織特異性との関係	<ul style="list-style-type: none"> 無関係。 	<ul style="list-style-type: none"> 組織特異的に発現する遺伝子で高頻度。
jDE間の遺伝子の構造差	<ul style="list-style-type: none"> 大きく構造が変異。 	<ul style="list-style-type: none"> 発現多型のない遺伝子と同程度。
jDE間の遺伝子の分子進化	<ul style="list-style-type: none"> 制約から解放。 	<ul style="list-style-type: none"> 発現多型のない遺伝子と同程度。
ゲノム上の分布	<ul style="list-style-type: none"> クラスター化し分布するものもある。 	<ul style="list-style-type: none"> ほぼ一様に分布。
トランスポゾン関連遺伝子	<ul style="list-style-type: none"> 濃縮されている。 	<ul style="list-style-type: none"> 発現多型のない遺伝子と同程度。
遺伝子オントロジー(GO)エンリッチメント解析	<ul style="list-style-type: none"> サイレント型とノンサイレント型 jDE 遺伝子群で、共通の GO term はない。 "アポトーシス", "タンパク質リン酸化", "防御応答", など。 ジャボニカでサイレンスされる遺伝子群とインディカでサイレンスされる遺伝子群の GO term は同じ。 	
	<ul style="list-style-type: none"> "ストレス応答", "低温応答", "過酸化水素に対する応答", など。 ジャボニカでより高発現する遺伝子群とインディカでより高発現する遺伝子群ではエンリッチされる GO term は異なる。 	

最後にイネのノンサイレント型遺伝子発現進化について検証した。インディカ間における発現多型は、ジャポニカーインディカ間で発現多型を示していた遺伝子がインディカ間でも発現多型を示しやすいのか、それともランダムにインディカ間でも発現多型が生じているのか5組織それぞれにおいて確認した。幼穂、幼葉、根においては、ジャポニカーインディカ間で発現多型を示した遺伝子がインディカ間においても発現多型を示す遺伝子数が、ランダムに発現多型を示す予想値より有意に多かった

($p < 0.05$)。胚乳、成熟粒においては統計的有意性を確認できなかったが、やはりジャポニカーインディカ間で発現多型を示した遺伝子がインディカ間で更に発現多型を示した遺伝子数は、ランダムとした予想値より多かった。また遺伝子発現進化の度合いとその遺伝子の発現組織特異性の関連性を調査したところ、Nipponbare, Minghui63, Zhenshan97 の3品種すべてで発現多型を示すような高度な発現進化を示す遺伝子は極めて組織特異性度が高い傾向にあることが確認された(図2)。これら結果はH26年度に論文投稿を行う予定である。

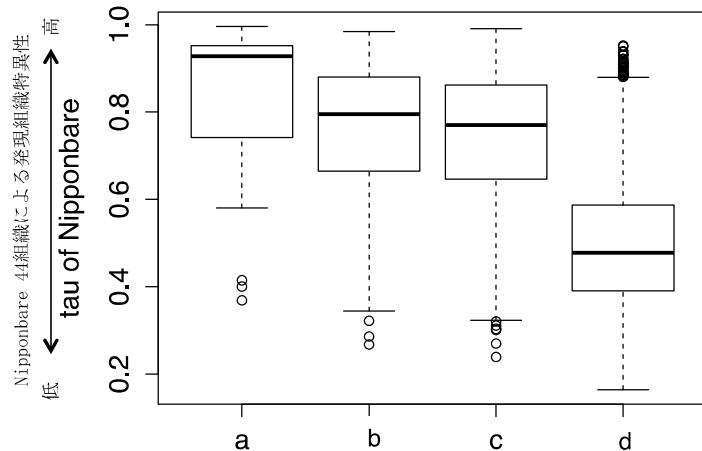


図2 遺伝子発現進化の度合いに基づき4つに分類された遺伝子の発現組織特異性指標の箱ひげ図

a) Nipponbare, Minghui63, Zhenshan97三者で発現量が異なる遺伝子。b) Minghui63またはZhenshan97でのみ発現量の異なる遺伝子。c) Nipponbareでのみ発現量の異なる遺伝子。d) Nipponbare, Minghui63, Zhenshan97三者で発現量が同じ遺伝子。

3-9：多系統野生イネゲノム構造と形質相関解析（GWAS 解析）による特性寄与遺伝子の検索

[倉田、久保、岩田、藤沢、栗木、上海植物科学研究所]

2012年度に、アジア各地から収集した野生イネ *O. rufipogon* ルフィポゴン 446 系統と栽培イネ *O. sativa* 1083 系統 (*japonica*, *indica* を含む) をゲノム解析し、ゲノム全長の構造変異のパターンを用いて、1529 系統間の相互関係を明らかにした。今期のプロジェクトでは、この研究を次ステップに展開し、遺伝型の多型と形質変異の相関検出のために野生イネ集団を用いた GWAS (genome wide association study) を行うことを計画している。このため、2013 年度は 15 種類以上の形態形質や生態型の観測および大規模データの収集を行い、特性を支配する遺伝子の検出を試みている。このデータの一部を用い通常法の GWAS による解析を開始した。それぞれの形質に関与する数個のピークを得た後、さらに改良法による GWAS 解析を行ったところ、より数の多い有為かつシャープなピークが出現した(図1 参照)。用いる野生イネ集団の各個体のゲノム上に、高密度の遺伝型情報が設定されている事、連鎖不平衡 (Linkage Disequilibrium : LD) の物理距離が栽培イネ集団に比べて短い事等の特性から、短い距離の中に原因遺伝子を追い込める可能性を期待している。GWAS 解析法に関する新たな改良法の提案、実際のデータ適用場面でのさらなるアイデアについて、統計数理研、東大グループとの検討を進めている。

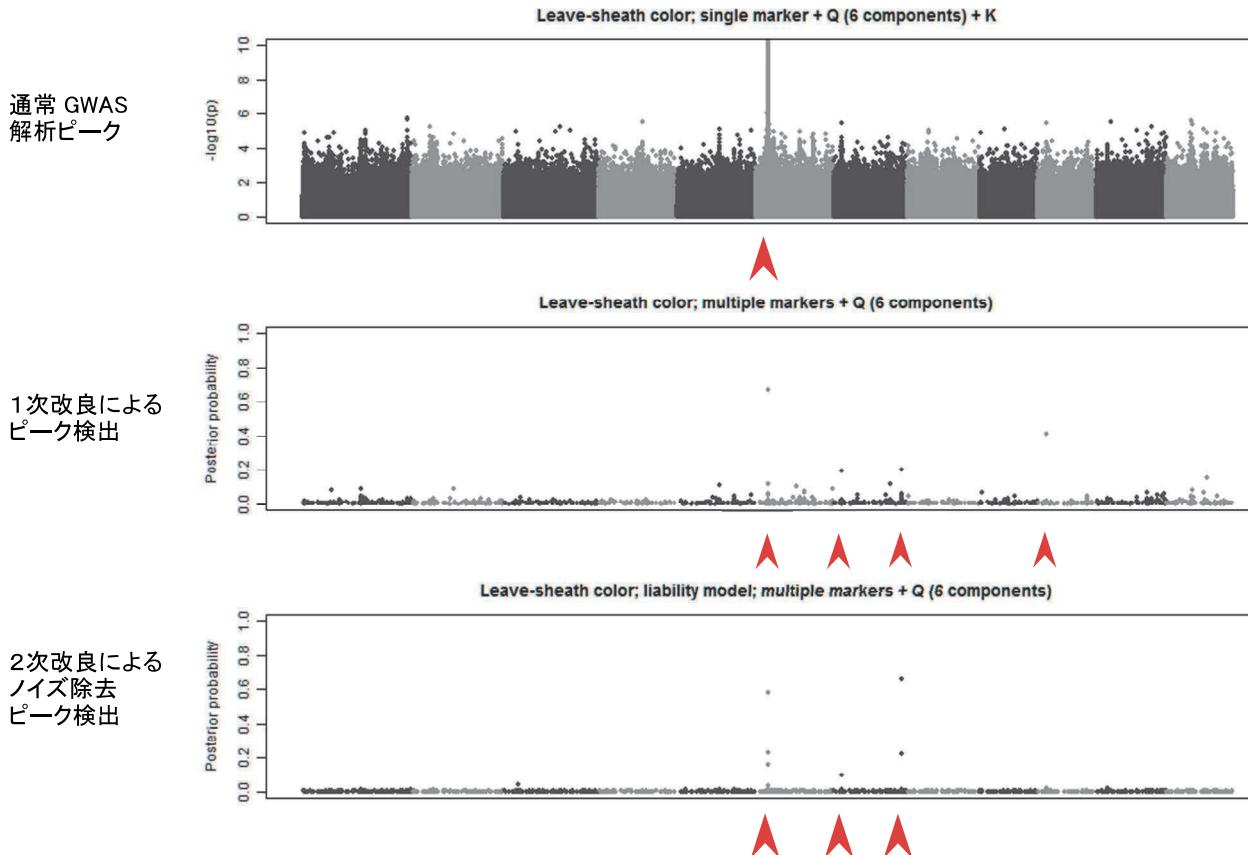


図 1. イネ GWAS 解析法の改良・適性化例

3-10：ゼブラフィッシュの多様な表現型の抽出とその表出法の確立 [川上、武藤、北本、栗木、小山]

平成 24 年度に引き続き、トランスポゾンのランダムな挿入に基づくトランスジェニック系統、ノックアウト変異系統の網羅的な開発とそれらに基づく多様な表現型の抽出とその表出法の確立のための研究を行った。神経活動パターンの画像解析、数理解析等の研究を進めた。下図に概略を示す。

モデル脊椎動物ゼブラフィッシュにおけるゲノム機能と表現型解析

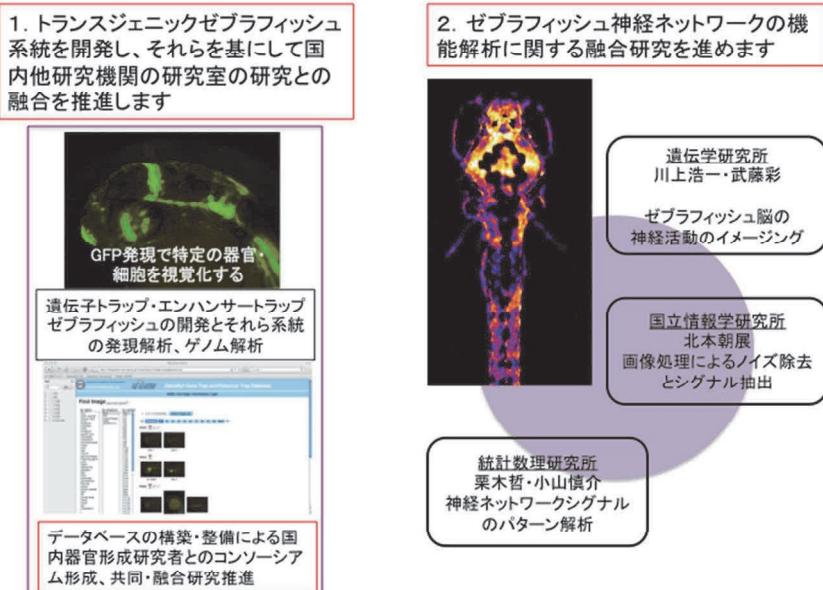


図. ゼebraフィッシュの多様な表現型の抽出とその表出法の確立のための研究の概略。

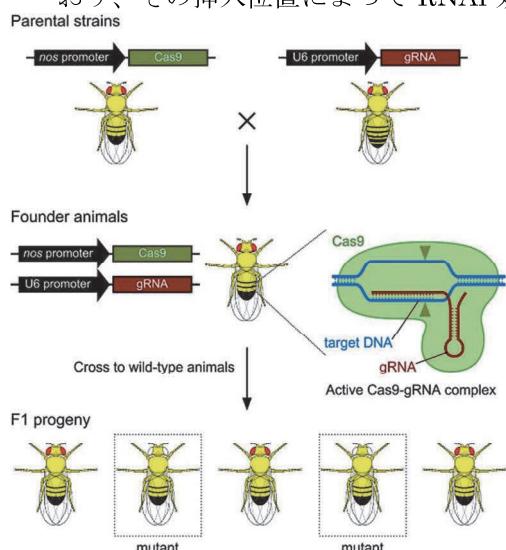
- (1) モデル脊椎動物ゼブラフィッシュにおいて、トランスポゾンを用いた遺伝子トラップ・エンハンサートラップスクリーンを実施し、Gal4 を細胞・組織・器官特異的に発現するトランスジェニックゼブラフィッシュを新たに 100 系統作製し、合計 1200 系統以上とした。これらを基にして、国内外の器官形成研究者と共同研究を展開することにより研究の融合をはかった。東北大学小椋博士との共同研究では、心臓弁形成における micro RNA の機能を明らかにした (Bajo et al., Nature Comm. 2013)。名古屋市立大学澤本博士との共同研究では、嗅覚からのインプットによる脳左右半球の非対称性形成のメカニズムを明らかにした (Kishimoto et al., Nature Neurosci. 2013)。新しい付属肢（ヒレ）形成機構を明らかにした (Yano et al., Development, 2012)。国立循環器病研究センター研究所望月博士との共同研究では、運動神経の軸索伸長における血管からの成長因子の役割を明らかにした (Kwon et al. 2013)。岡崎統合バイオの東島博士との共同研究では、神経科学研究に有用な神経細胞特異的に蛍光蛋白質を発現する多数のトランスジェニックフィッシュの作製を行なった (Satou et al. Development 2013)。融合研究員の和田博士は、感覚器官の感丘の分裂・増殖における神経細胞からの wnt シグナルの重要性、wnt とそのインヒビターのフィードバックによる器官サイズ制御機構を明らかにした (Wada et al. Current Biol. 2013)。埼玉大学弥益博士との共同研究では、発生過程の脳形成における転写因子 Gbx2 の役割を明らかにした (Nakayama et al. Mech. Dev. 2013)。USA ミズーリ大学の Chandrasekhar 博士との共同研究では、神経細胞移動における Vangl2 の役割を明らかにした (Sittramane et al. Dev. Biolo. 2013)。
- (2) これまで、新しい表現型抽出法としてゼブラフィッシュの神経細胞の活動を、カルシウムインディケーター GCaMP を用いてイメージングするシステムの開発に成功してきた (Muto et al., PNAS, 2011, Muto et al. Curr. Biol. 2013)。さらにこれを発展させて、脳神経活動を実際の行動に結びつけるためのゼブラフィッシュ稚魚の行動の詳細な解析を行なった (Muto et al. Frontiers Neural circuits 2013)。自由行動中のゼブラフィッシュをゼブラフィッシュの脳神経活動をイメージングするために、さらに高感度の GCaMP 遺伝子を発現するためのトランスジェニックフィッシュの作製に成功した（未発表）。

3-11：ショウジョウバエ翅形態異常のゲノム相関解析

これまで RNAi 変異体等を用いて、8,070 遺伝子に対応する翅異常表現型 26 万枚を記録した。しかしながら RNAi 変異体ではターゲット遺伝子のノックダウンが効率よく行われるという保証はない。私達の用いている変異体系統では RNAi ベクターがトランスポゾンによって染色体にランダムに挿入されており、その挿入位置によって RNAi 効果を産み出す二重鎖 RNA の発現量が変化すること、また当該遺

伝子の発現する細胞によって GAL4-UAS 発現誘導システムの効率に差があることなど、原理的な問題である。

H25 年度になって、ゲノム DNA 配列特異的に二重鎖切断を行う CRISPR/Cas9 エンドヌクレアーゼを用いたゲノム編集技術が発表された。この技術をショウジョウバエに応用したところ、平均 50% という高効率でターゲット遺伝子の突然変異を誘発することができた。各遺伝子の適切な部位を選択して Cas9 酵素を働かせると、遺伝子の活性を完全にノックアウトしたヌル変異体を容易に作出することができる。H25 年度はこの技術をハイスクレプトでショウジョウバエに適用する技術の開発を行い、数十の遺伝子のヌル変異体系統を作出することが出来た。来年度はこの技術を 1,000 遺伝子程度に対して体系的に適



用し、これらの変異体での翅表現型を RNAi 変異体と比較検討する予定である。

[5] 研究成果物

サブテーマ 1

① 知見・成果物・知的財産権等

1. RefGS プログラム : <http://tga.nig.ac.jp/refgs/>

② 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

1. Aoki K, Ogata Y, Igarashi K, Yano K, Nagasaki H, Kaminuma E, Toyoda A: Functional genomics of tomato in a post-genome-sequencing phase. *Breed Sci.* 63:14-20, 2013.
2. Osakabe A, Tachiwana H, Takaku M, Hori T, Obuse C, Kimura H, Fukagawa T, and Kurumizaka H.: Vertebrate Spt2 is a novel nucleolar histone chaperone that assists in ribosomal DNA transcription. *J. Cell Sci.* 126: 1323-1332, 2013.
3. Shang W-H, Hori T, Martins NMC, Toyoda A, Misu S, Monma N, Hiratani I, Maeshima K, Ikeo K, Fujiyama F, Kimura H, Earnshaw WC, and Fukagawa T.: Chromosome Engineering Allows the Efficient Isolation of Vertebrate Neocentromeres. *Dev. Cell* 24: 635-648, 2013.
4. Kikuchi K, Narita T, Van PT, Iijima J, Hirota K, Mohiuddin ISK, Okawa K, Hori T, Fukagawa T, Essers J, Kanaar R, Whitby MC, Sugawara K, Taniguchi Y, Kitagawa K, and Takeda S.: Structure-specific endonucleases Xpf and Mus81 play overlapping but essential roles in DNA repair by homologous recombination. *Cancer Res.* 73: 4362-4371, 2013.
5. Earnshaw WC, Allshire RC, Black BE, Bloom K, Brinkley BR, Brown W, Cheeseman IM, Choo KH, Copenhaver GP, Deluca JG, Desai A, Diekmann S, Erhardt S, Fitzgerald-Hayes M, Foltz D, Fukagawa T, Gassmann R, Gerlich DW, Glover DM, Gorbsky GJ, Harrison SC, Heun P, Hirota T, Jansen LE, Karpen G, Kops GJ, Lampson MA, Lens SM, Losada A, Luger K, Maiato H, Maddox PS, Margolis RL, Masumoto H, McAinsh AD, Mellone BG, Meraldi P, Musacchio A, Oegema K, O'Neill RJ, Salmon ED, Scott KC, Straight AF, Stukenberg PT, Sullivan BA, Sullivan KF, Sunkel CE, Swedlow JR, Walczak CE, Warburton PE, Westermann S, Willard HF, Wordeman L, Yanagida M, Yen TJ, Yoda K, and Cleveland DW.: Esperanto for histones: CENP-A, not CenH3, is the centromeric histone H3 variant. *Chromosome Res.* 21: 101-106, 2013.
6. Fukagawa T.: Speciation mediated by centromeres. *Dev Cell* 27: 367-368, 2013.
7. Takeuchi K, Nishino T, Mayanagi K, Horikoshi N, Osakabe A, Tachiwana H, Hori T, Kurumizaka H, and Fukagawa T.: The centromeric nucleosome-like CENP-T-W-S-X complex induces positive supercoils into DNA. *Nucl. Acids Res.* 42: 1644-1655, 2014.
8. Saze H, Kitayama J, Takashima K, Miura S, Harukawa Y, Ito T, Kakutani T Mechanism for full-length RNA processing of *Arabidopsis* genes containing intragenic heterochromatin. *Nat Commun* 4:2301, 2013.
9. Fu Y, Kawabe A, Etcheverry M, Ito T, Toyoda A, Fujiyama A, Colot V, Tarutani Y, Kakutani T Mobilization of a plant transposon by expression of the transposon-encoded anti-silencing factor. *EMBO J* 32:2407-2417, 2013.
10. Inagaki S and Kakutani T What triggers differential DNA methylation in genes and TEs:

contribution of body methylation? Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology 77: 155–160, 2013.

<会議発表等>

[招待講演]

国際

1. Fujiyama, Asao, Hideki Noguchi, Shoji Tatsumoto, Hideki Hirakawa, Hong-Seog Park , Koji Mikami, Naotsune Saga, Atsushi Toyoda and Satoshi Tabata: Toward understanding marine lifestyles using new-generation sequencing and genomic technologies: Red alga *Pyropia yezoensis* and other case studies. 10th International Marine Biotechnology Conference (IMBC) 2013, Brisbane, Australia, 11–15 November 2013
2. Fukagawa, T. Nucleosomes and chromosome structure. EMBO Workshop, L'Isle-sur-la-Sorgue, France, Oct2-6, 2013
3. Kakutani , T.: Genetics of DNA Methylation in Genes and Transposons in Arabidopsis. Singapore 2013/4/14 21st International Congress of Genetics

[招待講演]

国内

1. 角谷徹仁: シロイヌナズナのエピ遺伝学 東京都・秋葉原 2013/4/19 エピゲノム・エピジェネティックス JST・NEDO 公開シンポジウム
2. 深川竜郎, 高等動物におけるキнетокояの集合機構/Kinetochore assembly pathway in vertebrate cells. 第 65 回日本細胞生物学会大会, 名古屋 6/9-11, 2013.
3. Shang, W.H., Hori, T., and ,Fukagawa, T. Isolation of neocentromeres to understand mechanisms for centromere formation in vertebrate cells. 第 36 回日本分子生物学会年会, 神戸市, 12/3-6, 2013
4. 藤山秋佐夫 : Moleculo のロングリードを活用した非モデル生物の de novo アセンブリ、第 36 回日本分子生物学会年会ランチョンセミナー、2014 年 12 月 3 日、神戸

[一般講演]

国 内

1. 角谷徹仁: トランスポゾンの挙動のゲノミクス トランスポゾンの挙動のゲノミクス 東京都・神保町 2013/7/24 生命システム融合研究プロジェクト会議
2. 付煜、河邊昭、伊藤佑、豊田敦、藤山秋佐夫、樽谷芳明、角谷徹仁：シロイヌナズナ TE の抑制解除活性 神奈川県横浜市 2013/9/19 日本遺伝学会第 85 回大会
3. 伊藤佑、樽谷芳明、豊田敦、藤山秋佐夫、佐瀬英俊、角谷徹仁：シロイヌナズナの ibm1(INCREASE IN BONSAI METHYLATION1)変異は世代を越えて漸進的なゲノム DNA 高メチル化を誘発する 神奈川県横浜市 2013/9/20 日本遺伝学会第 85 回大会
4. 角谷徹仁 : DNA メチル化と植物トランスポゾンの動態 神奈川県横浜市 2013/9/21 日本遺伝学会第 85 回大会
5. 藤泰子 : Epigenetic regulation in plant environmental responses 神奈川県横浜市 2013/9/21 日本遺伝学会第 85 回大会
6. 付煜 : 植物トランスポゾンの抗サイレンシング機構 静岡県三島市 2013/10/10 2013 年度国立遺伝学研究所研究集会「転移因子と宿主の相互作用による生命機能」

7. 河邊昭,角谷徹仁 : 動原体をターゲットとする LTR 型トランスポゾン 静岡県三島市 2013/10/11 2013
年度国立遺伝学研究所研究集会「転移因子と宿主の相互作用による生命機能」

[ポスター]

国際

1. Asao Fujiyama, Masahiro Kasahara and Atsuhi Toyoda: Incorporation of long-read technologies into hybrid-*de novo* genome sequencing strategy: an assessment on PacBIO and Moleculo reads. 2014 Advances in Genome Biology & Technology, February 12, - 15, 2014, Marco Island, USA
2. Nishino, T., Fukagawa, T. Structure and function of the vertebrate kinetochore complex. 7th International Conference on Structural Genomics, Sapporo, July 29-Aug. 1, 2013
3. Hori, T., Shang, W.H., Perpelescu, M., Ikeo, K., Toyoda, A., Fujiyama, A., and Fukagawa, T. The size of centromere is controlled by coordination of centromere proteins. American Society Cell Biology meeting, New Orleans, USA , Dec 14-18,

[ポスター]

国内

1. 西野達哉, 深川竜郎, 脊椎動物動原体因子 CENP-T と微小管結合蛋白質 Ndc80 複合体 Spc24-Spc25 の共結晶構造解析/ Crystal structure of CENP-T/Spc24/Spc25 ternary complex involved in eukaryotic chromosome segregation. 第 13 回日本蛋白質科学会年会 鳥取市、6/12-14, 2013.
2. 望月孝子, 長崎英樹, 谷澤靖洋, 藤澤貴智, 神沼英里, 大柳一, 清水徳朗, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 倉田のり, 二河成男, 中村保一、DNA 多型統合データベースと解析ワークフローの構築：植物、微生物への取り組み、第 3 回 NGS 現場の会、2013 年 9 月 4 日
3. 望月孝子, 藤澤貴智, 谷澤靖洋, 長崎英樹, 神沼英里, 大柳一, 清水徳朗, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 倉田のり, 二河成男, 中村保一： DNA 多型統合データベースと解析ワークフローの構築：植物、微生物への取り組み、第 36 回日本分子生物学会年会、2013 年 12 月 5 日

<受賞>

なし

③ その他の成果発表：なし

サブテーマ 2

① 知見・成果物・知的財産権等：なし

② 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

1. Dou, X., Kuriki, S., Lin, G. -D. and Richards, D.: EM algorithms for estimating the Bernstein copula. Computational Statistics & Data Analysis: in press, available online 27 January 2014.
2. Dou, X., Kuriki, S., Maeno, A., Takada, T. and Shiroishi, T.: Influence Analysis in Quantitative Trait Loci Detection, Biometrical Journal 56: 697-719, 2014.
3. Kawano, S., Fujisawa, H., Takada, T., and Shiroishi, T.: Sparse principal component regression with

- adaptive loading. arXiv:1402.6455: submitted. <http://arxiv.org/abs/1402.6455>
4. Kim, D., Kawano, S. and Ninomiya, Y.: Adaptive basis expansion via l_1 trend filtering. Computational Statistics: in press, available online 16 January 2014, DOI 10.1007/s00180-013-0477-7
 5. Koyama, S.: Coding efficiency and detectability of rate fluctuations with non-Poisson neuronal firing. Advances in Neural Information Processing Systems (NIPS) 25 (NIPS Proceedings, eds. P. Bartlett and F.C.N. Pereira and C.J.C. Burges and L. Bottou and K.Q. Weinberger): 180-188, 2013.
 6. Koyama, S. and Kostal, L.: The effect of interspike interval statistics on the information gain under the rate coding hypothesis. Mathematical Biosciences and Engineering 11: 63-80, 2014.
 7. Kuriki, S., Harushima, Y., Fujisawa, H. and Kurata, N.: Approximate tail probabilities of the maximum of a chi-square field on multi-dimensional lattice points and their applications to detection of loci interactions. Annals of the Institute of Statistical Mathematics 66: 725-757, 2014.
 8. Nakagome, S., Fukumizu, K. and Mano, S.: Kernel approximate Bayesian computation in population genetic inferences. Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology 12: 667-678, 2013.
 9. Nakagome, S., Nakajima, Y. and Mano, S.: Biogeography revealed by Mariner-like transposable element sequences via a Bayesian coalescent approach. Journal of Molecular Evolution 77: 64-69, 2013.
 10. Nishino, J. and Mano, S.: The number of candidate variants in exome sequencing for Mendelian disease under no genetic heterogeneity. Computational and Mathematical Methods in Medicine 2013: 179761, 13pp., 2013.

[著書等]

1. Ninomiya, Y. “Signal Detection and Model Selection”, A Mathematical Approach to Research Problems of Science and Technology (分担執筆), Springer, in press.

[解説・総説]

1. 間野修平:ポストゲノム時代に遺伝疫学を考える. 生物の科学「遺伝」NTS 出版 67(3): 368-371, 2013.

<会議発表等>

[一般講演]

国際

1. Ninomiya, Y.: P-value evaluation for multiple testing of means under the existence of positive correlations. Southampton (UK), July, 2013, 8th International Conference on Multiple Comparison Procedures

(国 内)

1. 加藤昇吾:回帰分析を用いたマウス活動量データの遺伝解析. 統計数理研究所（東京）, 2013年7月10日, 統計数理セミナー
2. 加藤昇吾:回帰分析を用いたマウス活動量データの遺伝解析. 国立情報学研究所（東京）, 2013年7月24日, 新領域融合センター「生命システム融合研究」プロジェクト会議
3. 二宮嘉行:変量間に相関があるときの平均に関する多重検定について. 福島, 2013年5月, 日本計量

生物学会年会

4. 藤澤洋徳：主成分スコアに基づいたスペース回帰モデル. 国立情報学研究所（東京），2013年7月24日，新領域融合センタープロジェクト「生命システム融合研究」プロジェクト会議.
5. 藤澤洋徳：適応的な主成分スコアを用いたスペース回帰, 湘南国際村（神奈川）, 2014年2月24日, 融合研究プロジェクト冬合宿 2014

<受賞>

なし

③ その他の成果発表：なし

サブテーマ3

① 知見・成果物・知的財産権等：なし

② 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

1. Oka A, Takada T, Fujisawa H, Shiroishi T.: Evolutionarily diverged regulation of X-chromosomal genes as a primal event in mouse reproductive isolation. PLoS Genet. 10: e1004301.
2. Takada, T., Ebata, T., Noguchi, H., Keane, K., Adams, D., Narita, T., Shin-I, T., Fujisawa, H., Toyoda, A., Abe, K., Obata, Y., Sakaki, Y., Moriwaki, K., Fujiyama, A., Kohara, Y. and Shiroishi, T. : The ancestor of extant Japanese fancy mice contributed to the mosaic genomes of classical inbred strains. Genome Res. 23: 1329-1338, 2013. (Selected Journal Cover), (朝日新聞 2013.6.7 紹介記事掲載)
3. Roy S., Liang X., Kitamoto A., Tamura M., Shiroishi T. and Brown MS.: Phenotype detection in morphological mutant mice using deformation features. Med. Image Comput. Comput-Assist. Interv. 16: 437-444, 2013.
4. Tamura, M., Hosoya, M., Fujita, M., Iida, T., Amano, T., Maeno, A., Kataoka, T., Otsuka, T., Tanaka, S., Sagai, T., Tomizawa, S., and Shiroishi, T.: Over-dosage of Hand2 causes limb and heart defects in human chromosomal disorder, partial trisomy distal 4q. Hum. Mol. Genet. 22:2471-2481, 2013.
5. Kato S, Ishii A, Nishi A, Kuriki S, Koide T. Segregation of a QTL cluster for home-cage activity using a new mapping method based on regression analysis of congenic mouse strains. Heredity. Advance online publication 30 April 2014.
6. Arakawa T, Tanave A, Ikeuchi S, Takahashi A, Kakihara S, Kimura S, Sugimoto H, Asada N, Shiroishi T, Tomihara K, Tsuchiya T, Koide T. A male-specific QTL for social interaction behavior in mice mapped with automated pattern detection by a hidden Markov model incorporated into newly developed freeware. Journal of Neuroscience Methods. Available online 21 April 2014.
7. Takahashi A, Nagayasu K, Nishitani N, Kaneko S, Koide T. Control of intermale aggression by the medial prefrontal cortex activation in the mouse. PLoS ONE 9(4): e94657, 2014.
8. Goto T, Tanave A., Moriwaki K., Shiroishi T., Koide T. Selection for reluctance to avoid humans during the domestication of mice. Genes, Brain, and Behavior 12: 760-770, 2013.
9. Kanno K., Kokubo H., Takahashi A., Koide T., Ishiura S. Enhanced prepulse inhibition and low

- sensitivity to a dopamine agonist in *Hesr1*-knockout mice. *Journal of Neuroscience Research* 92: 287-297, 2014.
- 10. Umemori J, Mori A, Ichianagi K, Uno T, Koide T. Identification of both copy number variation-type and constant-type core elements in a large segmental duplication region of the mouse genome. *BMC Genomics* 14: 455, 2013.
 - 11. Kubo, T.: Genetic mechanisms of posuzygotic reproductive isolation: An epistatic network rice. *Breeding Science* 63:359-366, 2013.
 - 12. Nagasaki H, Mochizuki T, Kodama Y, Saruhashi S, Morizaki S, Sugawara H, Ohyanagi H, Kurata N, Okubo K, Takagi T, Kaminuma E, Nakamura Y. DDBJ Read Annotation Pipeline: a cloud computing-based pipeline for high-throughput analysis of new-generation sequencing data. *DNA Res.* 20:383-390.2013.
 - 13. Kubo T, Fujita M, Takahashi H, Nakazono M, Tsutsumi M, Kurata N. Transcriptome analysis of developing ovules in rice isolated by laser microdissection. *Plant Cell Physiol.* 54: 750-765. 2013.
 - 14. Moriguchi K, Yamamoto S, Tanaka K, Kurata N, Suzuki K. Trans-Kingdom horizontal DNA transfer from bacteria to yeast is highly plastic due to natural polymorphisms in auxiliary nonessential recipient genes. *PLoS One.* 8: e74590, 2013.
 - 15. Akiba T, Hibara K, Kimura F, Tsuda K, Shibata K, Ishibashi M, Moriya C, Nakagawa K, Kurata N, Itoh J, Ito Y. Organ fusion and defective shoot development in *oni3* mutants of rice. *Plant Cell Physiol.* 55: 42-51. 2013.
 - 16. Yamaki S, Ohyanagi H, Yamasaki M, Eiguchi M, Miyabayashi T, Kubo T, Kurata N, Nonomura K-I. Development of INDEL markers to discriminate all genome types rapidly in the genus *Oryza*. *Breeding Science*. 63:246-254.2013.
 - 17. Nakamura M, Kato A, Fujita M, Kinoshita Y, Kurata N, Kinoshita T. Characterization of NAR1, a cytosolic iron-sulfur cluster assembly component in *Arabidopsis thaliana*: its role in gametophytic gene expression and oxidative stress responses in vegetative tissue. *New Phytologist*. 199:925-935.2013.
 - 18. Moriguchi K, Edahiro N, Yamamoto S, Tanaka K, Kurata N, Suzuki K. Transkingdom genetic transfer from *Escherichia coli* to *Saccharomyces cerevisiae* as a simple gene introduction tool. *Appl. Environ. Microbiol.* 79:4393-4400. 2013.
 - 19. Kaminuma E, Fujisawa T, Tanizawa Y, Sakamoto N, Kurata N, Shimizu T, Nakamura Y. H2DB: a heritability database across multiple species by annotating trait-associated genomic loci. *Nucleic Acids Res.* 41:D1:D880-D884. 2013.
 - 20. Sekine D, Ohnishi T, Furuumi H, Ono A, Yamada T, Kurata N, Kinoshita T. Dissection of two major components of the post-zygotic hybridization barrier in rice endosperm. *Plant Journal*. 76: 792-799. 2013.
 - 21. Umeda, K., Shoji, W., Sakai, S., Muto, A., Kawakami, K., Ishizuka, T, and Yawo, H. Targeted expression of a chimeric channelrhodopsin in zebrafish under regulation of Gal4-UAS system. *Neuroscience Research*. 75,:69-75, 2013.
 - 22. Wada, H., Damblly-Chaudière, C., Kawakami, K., and Ghysen, A. Innervation is required for sense organ development in the lateral line system of adult zebrafish. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 110:5659-5664, 2013.
 - 23. Kishimoto, N., Asakawa, K., Madelaine, R., Blader, P., Kawakami, K., and Sawamoto, K.

- Interhemispheric asymmetry of olfactory input-dependent neuronal specification in the adult brain. *Nature Neuroscience*. 16:884-888, 2013.
24. Asakawa, K., Abe, G., and Kawakami, K. Cellular dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. *Frontiers in Neural Circuits*. 7:100, 2013.
 25. Muto, A., and Kawakami, K. Prey capture in zebrafish larvae serves as a model to study cognitive functions. *Frontiers in Neural Circuits*. 7:110, 2013.
 26. Banjo, T., Grajcarek, J., Yoshino, D., Osada, H., Miyasaka, K.Y., Kida, Y.S., Ueki, Y., Nagayama, K., Kawakami, K., Matsumoto, T., Sato, M., and Ogura, T. Haemodynamically dependent valvulogenesis of zebrafish heart is mediated by flow-dependent expression of *miR-21*. *Nature Communications*. 4:1978, 2013.
 27. Wada, H., Ghysen, A., Asakawa, K., Abe, G., Ishitani, T., and Kawakami, K. Wnt/Dkk negative feedback regulates sensory organ size in zebrafish. *Current Biology* 23:1559-1565, 2013.
 28. Satou, C., Kimura, Y., Hirata, H., Suster, M.L., Kawakami, K., and Higashijima, S.-i. Transgenic tools to characterize neuronal properties of discrete populations of zebrafish neurons. *Development*. 140:3927-3931, 2013.
 29. Kwon, H.-B., Fukuwara, S., Asakawa, K., Ando, K., Kashiwada, T., Kawakami, K., Hibi, M., Kwon, Y.-G., Kim, K.-W., Alitalo, K., and Mochizuki, N. The parallel growth of motoneuron axons with the dorsal aorta depends on Vegfc/Vegfr3 signaling in zebrafish. *Development*. 140:4081-4090, 2013.
 30. Nakayama, Y., Kikuta, H., Kanai, M., Yoshikawa, K., Kawamura, A., Kobayashi, K., Wang, Z., Khan, A., Kawakami, K., and Yamasu, K. Gbx2 functions as a transcriptional repressor to regulate the specification and morphogenesis of the mid-hindbrain junction in a dosage- and stage-dependent manner. *Mechanisms of Development*. 130:532-552, 2013.
 31. Kondo, S. Ueda, R. Highly Improved Gene Targeting by Germline-Specific Cas9 Expression in *Drosophila*. *Genetics*, 195:715-721, 2013.
 32. Aoyama N, Yamakawa T, Sasamura T, Yoshida Y, Ohori M, Okubo H, Iida E, Sasaki N, Ueda R, Matsuno K. Loss- and gain-of-function analyses of vacuolar protein sorting 2 in Notch signaling of *Drosophila melanogaster*. *Genes Genet. Syst.*, 88:45-57, 2013.

〔著書等〕

1. 高田豊行、城石俊彦：ゲノムスケールデータから実験用マウスの起源を探る、生命のビッグデータ利用の最前線（監修、植田充美）シーエムシー出版 pp. 161-168, 2014 年
2. 小出剛 編集：マウス実験の基礎知識 第2版（学術書），オーム社 2013年6月出版 全222ページ

〔解説・総説〕

1. 高田豊行、城石俊彦：日本産マウス系統 MSM と JF1 のゲノム解読からみえてきた実験用マウスの起源。医学のあゆみ 248: 171-173, 2014.
2. 高田豊行：マウスのゲノムに遺る江戸時代の愛玩ねずみ。生命の科学 遺伝 68: 7 - 10, 2014.
3. 高田豊行、城石俊彦：実験用マウス系統の起源 日本産愛玩用マウスの貢献。実験医学 31: 3107-3110, 2013.
4. 久保貴彦、倉田のり：栽培イネの起源に迫る、生物の科学 遺伝 67(4): 414-417, エヌ・ティー・エス出版, 2013 年
5. 武藤彩、川上浩一：HOT PRESS:ゼブラフィッシュを用いた脳神経活動のリアルタイムイメージング。

- 細胞工学（秀潤社）32巻、700-701頁、2013年
6. 川上浩一：トランスジェニックフィッシュが拓く新しい生物学。細胞工学（秀潤社）32巻、898-913頁、2013年

<会議発表等>

[招待講演]

国際

1. Koide T: Genetic analysis of anxiety-like behavior using wild-derived mouse resources: consomic strains and heterogeneous stock. Gordon Research Conference “Genes & Behavior”, February 9-14, 2014, Hotel Galvez, Galveston, TX.
2. Kawakami, K. Genetic dissection of the zebrafish brain by the Gal4-UAS method. 国際高等研究所研究プロジェクト「ゲノム工学とイメージングサイエンスに基づく生命システム研究の新展開」第2回研究会. 2014.2.27-28 (京都)
3. Kawakami, K., Lal, P., and Itoh, M. Genetic dissection of the adult zebrafish brain by the Gal4-UAS method. The 36th Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan. 2013.12.3-6 (神戸)
4. Kawakami, K. Genetic dissection of the adult zebrafish brain by the Gal4-UAS method. 6th Asia Oceania Zebrafish Meeting. 2014.1.19-22 (Hong Kong)
5. Kawakami, K. ZeBrain: A database of the Gal4 expression patterns in the adult zebrafish brain. Jenelia workshop on zebrafish genetics, transgenesis, and systems biology. 2013.11.4-5 (Ashburn, USA)
6. Kawakami, K. A Gal4FF driver transgenic fish resource for developmental biology and neuroscience. The 3rd Chinese Zebrafish Conference. 2013.10.11-14 (Suzhou, China)
7. Kawakami, K., and Iwasaki, M. Tol2: forward and reverse genetics in zebrafish and transposition in *S. cerevisiae*. Conference on Transposition and Genome Engineering 2013. 2013.9.18-21 (Budapest, Hungary)
8. Kawakami, K., Ailani, D., Asakawa, K., Tanabe, H., Lal, P., Miller, A.S., Muto, A., Wada, H., and Yoshino, A. A Gal4 driver resource for developmental biology and neuroscience in zebrafish. 8th European Zebrafish Meeting. 2013.7.9-13 (Barcelona, Spain)
9. Kawakami, K. A Gal4 driver resource in zebrafish. Zebrafish Disease Models 6. 2013.7.14-17 (Murcia, Spain)

国内

1. 高田豊行：ミシママウスでゲノム機能を探る。ワークショップ「目指せメジャー入り！マイナーモデル動物たちの熱き闘い」第60回日本実験動物学会総会.2013, 5.15-17, 筑波.
2. 小出剛：「不安様行動の亢進と低下に関わる遺伝的仕組みとその応用の試み」神経科学セミナー, 京都大学医学部, 2013年7月1日
3. 高橋阿貴, 小出剛：過剰な攻撃行動を制御する神経メカニズム：背側縫線核と内側前頭前野. 第16回神経科学領域における分子モニタリングシンポジウム 2013年12月20日 名古屋
4. 荒川俊也：統計モデリングを用いたマウスの行動の特徴付け—表現型の定量化と遺伝情報との比較—. 統計数理研究所（東京）, 2013年9月13日, USTREAM: ISM Interview Seminar
5. 荒川俊也, 高橋阿貴, 田邊彰, 柿原聰, 木村真吾, 杉本大樹, 城石俊彦, 富原一哉, 小出剛, 土谷隆：隠れマルコフモデルに基づくコンソミックマウスの行動判定とコンソミックマウスの社会性に関する認

- 知モデルの検討. 社団法人自動車技術会本部（東京），2013年6月21日，社団法人自動車技術会ドライバ評価手法検討部門委員会
6. 川上浩一：遺伝子トラップ法に基づく脊椎動物脳機能研究 国立遺伝学研究所研究会「哺乳類脳の機能的神経回路の構築メカニズム」 2013.12.19-20

[一般講演]

国際

1. Hibi, M., Takeuchi, M., Yamaguchi, S., Matsuda, K., Yonemura, S., Asakawa, K., Kawakami, K., Shimizu, T. Deciphering Cerebellar Neural Circuitry Using the Zebrafish Model. 国際高等研究所研究プロジェクト「ゲノム工学とイメージングサイエンスに基づく生命システム研究の新展開」第2回研究会. 2014.2.27-28 (京都)
2. Hibi, M., Takeuchi, M., Yamaguchi, S., Matsuda, K., Yonemura, S., Asakawa, K., Takada, S., Kawakami, K., and Shimizu, T. Development of functional cerebellar neural circuitry in zebrafish. The 36th Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan. 2013.12.3-6 (神戸)
3. Takehana, Y., Matsuda, M., Matsuyama, H., Myosho, T., Suster, M., Kawakami, K., Shin-i, T., Kohara, Y., Kuroki, Y., Toyoda, A., Fujiyama, A., Hamaguchi, S., Sakaizumi, M., and Naruse, K. Evolution of the neo-Y chromosome through co-option of Sox3 in a medaka-related fish. 8th European Zebrafish Meeting. 2013.7.9-13 (Barcelona, Spain)

国内

1. 高田豊行, 近藤伸二, 阿部貴志, 清澤秀孔, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 城石俊彦. マウス亜種間ゲノム多型を利用したアレル発現量解析. 第60回日本実験動物学会総会, 2013.5.15-17, つくば.
2. Tanave, A., Takahashi, A., Toshihiko, S., Koide, T. Genetic mapping and molecular analysis of behavioral response to stress in wild-derived mouse strain. Neuro 2013 2013年6月20-23日 Kyoto
3. 後藤達彦、小出剛 野生由来ヘテロジニアスストックを用いたマウス従順性の新たな遺伝解析法の確立 第60回日本実験動物学会総会 2013年5月15-17日 筑波
4. 春島嘉章, 倉田のり インディカイネのアウスとインディカ間の生殖的隔離障壁検出. 日本育種学会第124回講演会 2013年10月11-14日 鹿児島
5. Shenton M, 大柳一、豊田敦、藤山秋佐夫、長田俊文、倉田のり 近縁イネゲノムにおける抗菌タイプのシスティンリッチタンパク質の多様性 第125回日本育種学会講演会 2014年3月21.22日 仙台
6. 久保貴彦、吉村淳、倉田のり イネ雑種不稔遺伝子S35とEFSの遺伝的関係について 第125回日本育種学会講演会 2014年3月21.22日 仙台
7. 谷澤靖洋、望月孝子、長崎英樹、紙ぬか英里、豊田敦、藤山秋佐夫、倉田のり、中村保一、清水徳郎 高いヘテロ性をもったウンシュウミカンゲノムの de novo アセンブリ 第125回日本育種学会講演会 2014年3月21.22日 仙台
8. Amo, R., Agetsuma, M., Kinoshita, M., Fredes, F., Shiraki, T., Aoki, T., Aoki, R., Yamazaki, M., Higashijima, S.-i., Matsuda, M., Suster, M.L., Kawakami, K., Ohshima, T., Aizawa, H., and Okamoto, H. Serotonin regulation by the habenula is essential for adaptive problem solving in zebrafish. The 19th Japanese Medaka and Zebrafish Meeting. 2013.9.20-21 (仙台)
9. Horita, N., Abe, G., Kawakami, K., Kudo, A., and Kawakami, A. Differential actions of Fgf signaling controls blastema formation and regeneration in zebrafish. The 19th Japanese Medaka and

Zebrafish Meeting. 2013 9/20-21 (仙台)

10. Wada, H., and Kawakami, K. Development of the lateral line canal system in zebrafish. The 19th Japanese Medaka and Zebrafish Meeting. 2013 9/20-21 (仙台)
11. Asakawa, K., and Kawakami, K. The Zebrafish VIPLa mutant is defective in activating the Mauthner cells in the escape behavior. 第3回日本糖質学会年会. 2013.8.5 (大阪)
12. Lal, P., Hiratani, M., Suster, M.L., Kawakami, K. The dorsomedial telencephalon is essential for active avoidance response in zebrafish. The 36th Annual Meeting of the Japan Neuroscience Society. 2013.6.20-23 (京都)

[ポスター]

国際

1. Takahashi A, Miczek KA, Koide T: Escalated aggression and the dorsal raphe nucleus: Role of Glutamate and GABA, SfN2013 2013年11月9日 San Diego
2. Asakawa, K., Abe, G., and Kawakami, K. Dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. 8th European Zebrafish Meeting. 2013.7.9-13 (Barcelona, Spain)

国内

1. Hirata, H., Juzoh, U., Koide, T., Watanabe, K., Shimoda, Y. Interacting molecules of the cell adhesion molecule Caspr3 expressed in the basal ganglia. Neuro 2013 2013年6月20-23日 Kyoto
2. Goto, T., Koide, T. Genetic analysis on tame behavior using wild-derived mice. Neuro 2013 2013年6月20-23日 Kyoto
3. Koide, T., Ishii, A., Nishi, A., Umemori, J., Kuriki, S., Kato, S. Genetic dissection of clustered QTLs related to strain difference of home-cage activity. Neuro 2013 2013年6月20-23日 Kyoto
4. Takahashi, A., Koide, T. Escalated aggression by the activation of 5-HT system via glutamate in the dorsal raphe nucleus. Neuro 2013 2013年6月20-23日 Kyoto
5. 長澤達弘、高橋阿貴、田邊彰、小出剛、榎原啓之、保田倫子、下位香代子 群飼育マウスにおける上下関係が行動に与える影響 第36回日本分子生物学会年会 2013年12月3日 神戸
6. 小出剛、高野敏行、後藤達彦 野生由来ヘテロジニアストックマウス作製過程におけるアレル頻度のシミュレーション 第60回日本実験動物学会総会 2013年5月15-17日 筑波
7. Takahashi A, Nagayasu K, Kaneko S, Koide T: Neural control of intermale aggressive behavior of mice: the role of mPFC. Optogenetics2013 2013年9月26日 東京
8. 高橋阿貴、永安一樹、金子周司、小出剛：マウスの雄間攻撃行動を制御する神経回路：内側前頭前野の役割. 日本動物心理学会第73回大会 2013年9月14日 筑波
9. Matsuda, K., Takeuchi, M., Asakawa, K., Yoshida, M., Ohkura, M., Miyasaka, N., Yoshihara, Y., Nakai, J., Kawakami, K., Hibi, M., and Shimizu, T. Functional analysis of zebrafish cerebellar neural circuitry in classical conditioning. The 19th Japanese Medaka and Zebrafish Meeting. 2013 9/20-21 (仙台)
10. Takeuchi, M., Yonemura, S., Asakawa, K., Kawakami, K., Takada, S., Shimizu, T., and Hibi, M. Basement membranedependent control of axogenesis of cerebellar granule cells. The 19th Japanese Medaka and Zebrafish Meeting. 2013 9/20-21 (仙台)
11. 天羽龍之介、揚妻正和、木下雅恵、白木利幸、青木田鶴、山崎昌子、東島眞一、松田勝、川上浩一、大島

- 登志男, 相澤秀紀, 岡本仁. ゼブラフィッシュ手綱核・縫線核経路は逃避学習行動を制御する. The 36th Annual Meeting of the Japan Neuroscience Society. 2013.6.20-23 (京都)
12. Kawakami, K., Ailani, D., Asakawa, K., Lal, P., Tanabe, H., Miller, A.S., Muto, A., Yoshino, A. A Gal4 driver resource for developmental biology and neuroscience in zebrafish. 第 46 回日本発生生物学会. 2013.5.28-31 (松江)
 13. Asakawa, K., Abe, G., Kawakami, K. Cellular dissection of the spinal cord motor column by BAC transgenesis and gene trapping in zebrafish. 第 46 回日本発生生物学会. 2013.5.28-31 (松江)
 14. Takeuchi, M., Yonemura, S., Asakawa, K., Kawakami, K., Takada, S., Shimizu, T., Hibi, M. Basement membrane integrity is required for axogenesis of cerebellar granule cells. 第 46 回日本発生生物学会. 2013.5.28-31 (松江)
 15. Yamaguchi, S., Takeuchi, M., Asakawa, K., Kawakami, K., Shimizu, T., Hibi, M. Development of cerebellar granule cell axons in zebrafish. 第 46 回日本発生生物学会. 2013.5.28-31 (松江)

<受賞>

1. 高田豊行: 日本産マウス由来系統のゲノム情報整備と多因子形質解析への応用 第 27 回モロシヌス研究会 森脇和郎賞 2013, 6.28-29, 筑波

③ その他の成果発表

1. マウス社会行動解析フリーウェア “DuoMouse” を遺伝研ウェブサイトより公開した
2. 荒川俊也: 自動車技術やデータへの統計科学の適用の成果等について展示. ポートメッセなごや (愛知), 2013 年 12 月 12 日 ~15 日, あいち ITS ワールド 2013
3. 荒川俊也 : ITS (高度道路交通システム) での技術研究への取り組み (HMI/人間工学研究と統計科学研究の融合) について展示. 名古屋国際会議場 (愛知), 2014 年 3 月 4 日 ~6 日, 新産業・フォーラム未来展 2014