

プロジェクト名： 生物多様性解析

サブテーマ名： 「表現型数値計測システムの開発と実験データの収集」

研究代表者： 城石俊彦 [国立遺伝学研究所]

1. 研究目標

生命システムの理解には、生物多様性を客観的に記載する数値計測技術と得られた表現型としての計測数値をゲノム多型に関連づけるための統計解析手法の融合が必要である。そこで、国立遺伝学研究所が保有する遺伝的多様性に富んだマウスやイネ等の多数のモデル生物系統の多様性を客観的に評価するために、表現形質の数値計測システムの開発を行う。さらに計測された数値データを統計解析に適用するため、生物系統や遺伝的交配個体からの表現型データ収集においても拡充する。イネ・マウスの形態多様性、脂肪分布などの生体内部の形質についての多様性データは特に重視する。また、マイクロアレイデータからの SNP 推定プログラムや推定された SNP に配慮した遺伝子発現解析のための統計解析システムについてもその完成を目指す。

この研究目標の達成のために、本年度は次の4つの課題を設定した。

課題 a. 3D 画像による体脂肪計測法の開発とデータマイニング

課題 b. マウスエネルギー代謝関連表現型計測法の開発と実験データの収集

課題 c. イネストレス耐性・穂形質の系統データ収集と遺伝子発現データとの相関解析法の開発

課題 d. マイクロアレイによるイネ・マウス遺伝子発現データの収集と解析

2. 年度研究計画

平成16年度 (予備研究)

統数研と遺伝研の二研究所間で融合研究の実施内容について数回の打ち合わせを行い協議した。マウス・イネの表現型、遺伝子間相互作用の数理解析法について具体的な研究方針の検討を行った。イネのマイクロアレイによる遺伝子発現解析と生殖的隔離障壁の研究について協議した。マウス形態多様性の数理解析を目的として、国立遺伝学研究所においてマウス下顎骨の骨格標本を野生マウス由来系統から作製した。また、これらの標本を使って統計数理研究所が開発した P 型フーリエ記述子を用いた形態の数理的計測を行った。さらに主成分分析によって、形態多様性に係わる成分解析を行った。

平成17年度

形態多様性解析として、マウス下顎骨の画像データについて P 型フーリエ記述子を用いた形態数値化とそれを用いた主成分分析が系統間の多様性解析に有効であることを示した。X 線 CT 値による分析において、マウス内蔵脂肪と皮下脂肪を自動的に判別して各脂肪量を定量化するためのソフトウェアの開発に着手した。マウス行動パターンの内、社会行動と自発活動の日周期変動に

ついて、客観的な数値計測化と統計モデルによるシミュレーションを行った。遺伝的距離の大きな生物系統において、一方の系統のゲノム DNA のプローブセットを用いたマイクロアレイの統計解析についての検討を行い、SNP 由来の見せかけのシグナル強度を判定するための方法論を検討した。

平成18年度

課題 a. 3D 画像による体脂肪計測法の開発とデータマイニング

マウス皮下・内臓脂肪を自動測定し数値化するシステムを構築するため、(B6 x JF1)F2世代の複数個体のCT画像データの取得と、それらを用いた各組織のCT値の画像毎のばらつきの抽出と、皮下・内臓脂肪を自動測定するため腹筋線の特徴点選定を行った。

課題b. マウスエネルギー代謝関連表現型計測法の開発と実験データの収集

マウス肥満に関連する表現型に関する責任遺伝子座を検出するため、(MSM x B6)F2交配世代を用いたQTL解析を行った。また、新規に (JF1 x B6) F2交配世代個体について、エネルギー代謝関連表現型を中心としたパラメータの計測を行った。

課題 c. イネストレス耐性・穂形質の系統データ収集と遺伝子発現データとの相関解析法の開発

イネについて、野生イネ・コアコレクション 46 系統で穂形質（穂型、穎花長、葯長、粒重、1 穂穎花数、稔性）を解析した。各形質の相関関係の検定を行い、今後のアソシエーション解析に適した形質と系統の検討を行った。

課題 d. マイクロアレイによるイネ・マウス遺伝子発現データの収集と解析

イネとマウスの二つの生物種において、SNPに配慮したマイクロアレイによる遺伝子発現の統計解析手法開発のための実験データを生産した。また、アフィメトリクス社製GeneChipを用いて、シグナル強度の比較からSNPを検出するために開発したプログラムを検証するため、このプログラムにより検出されたSNPと、塩基配列比較から検出されたSNP（すでにDB化した）の比較検討を行った。

平成19年度

課題 a. 3D 画像による体脂肪計測法の開発とデータマイニング

マウスF2(JF1/B6)個体のBMIにより分類した多様なCT画像データを脂肪量自動抽出に必要な腹筋線検出のための各種モデルに当てはめ、最適となるモデルの選定を行った。マウスの全身CT画像から腹筋線および2種類の脂肪組織（内臓脂肪と皮下脂肪）の自動抽出を行う画像処理プログラム (ActScan) を作成した。

課題b. マウスエネルギー代謝関連表現型計測法の開発と実験データの収集

JF1-B6系統間のエネルギー代謝関連表現型差異を規定する遺伝的要因を探索するため、両系統より作出したF2世代の当該表現型を中心としたパラメータの計測を充実させた。さらに全ゲノムスキャンによる各種表現型を規定する責任領域の抽出を行った。

課題 c. イネストレス耐性・穂形質の系統データ収集と遺伝子発現データとの相関解析法の開発

野生イネ系統の集団を用いて穂形質特性についての集団内系統別形質データを収集し、さらに系統別の遺伝子発現をマイクロアレイデータとして取得した。特に種内で形質が大きく2つのグループに分かれた*O. rufipogon*にtargetを絞って、形質データを収集した。

課題 d. マイクロアレイによるイネ・マウス遺伝子発現データの収集と解析

- (i) イネゲノムSNPとハイブリシグナル強度差との相関解析の結果をもとに、SNP推定プログラムの最適化を行い、論文を作成した。
- (ii) 日本産野生由来近交系統のゲノム情報からSNPにより影響を受けているプローブの抽出をさらに推し進める。B6系統、日本産野生由来近交系統の発現データを使用し、プローブのシグナル値からSNP effectを検出するアルゴリズムによる遺伝子発現差異の検証を行う。マウスSNP推定アルゴリズムにより、B6-MSM系統間のSNP情報とシグナル強度の関連を検証し、論文を作成した。

平成20年度

課題 a. 3D画像による体脂肪計測法の開発とデータマイニング

腹筋線自動抽出アルゴリズムのベータ版ソフトウェアの作成を開始する。これによる腹筋線自動抽出と脂肪蓄積量の計測、ソフトウェアのデバックならびに実データとの比較による完成版ソフトウェアへの反映を行う。

課題 b. マウスエネルギー代謝関連表現型計測法の開発と実験データの収集

MSM-B6系統間ならびにJF1-B6系統間のF2世代のエネルギー代謝関連表現型を指標として、全ゲノムを対象としたゲノムスキャンにより責任領域を明らかにする。さらに候補遺伝子の探索とQTL解析によるエピスタシスの抽出を行う。

課題 c. イネストレス耐性・穂形質の系統データ収集と遺伝子発現データとの相関解析法の開発

すでに形質データを収集した複数系統で遺伝子発現をマイクロアレイデータとして取得する。SNP推定プログラムを用いて、発現データからSNPと遺伝子発現量のデータを同時に取り出し、遺伝子発現量の差を系統間で正確に見積もる。

課題 d. マイクロアレイによるイネ・マウス遺伝子発現データの収集と解析

- (i) SNP推定プログラムを、配列未知のイネゲノムのSNP推定に応用し、実際の遺伝子発現量のデータに補正を加える方法を確立する。
- (ii) 複数のマウス亜種に由来する他系統のデータを解析する際に補正を加える方法を確立する。SNP effectを検出するアルゴリズムを発現データに反映し、SNP頻度と遺伝子発現検出の可能性を検討する。

平成21年度

課題 a. 3D画像による体脂肪計測法の開発とデータマイニング

腹筋線自動抽出アルゴリズムを実装したソフトウェアの完成と公開を行う。完成版ソフトウェアを使用した各種脂肪組織の測定とデータマイニングを行い、その有効性を検討する。

課題b. マウスエネルギー代謝関連表現型計測法の開発と実験データの収集

MSM-B6系統ならびにJF1-B6系統間のエネルギー代謝関連表現型を規定する原因遺伝子、エピスタシスに関与する遺伝子群の探索を行う。有力な候補遺伝子についてはノックアウトマウスやトランスジェニックマウス作製などの逆遺伝学的実験手法による検証を行う。

課題c. イネストレス耐性・穂形質の系統データ収集と遺伝子発現データとの相関解析法の開発

各系統の発現データ差と、SNP データとを相互につきあわせ、形質差、遺伝子発現量の差と、検出した SNP 相互間のアソシエーション解析の統計的方法論を検討する。

課題d. マイクロアレイによるイネ・マウス遺伝子発現データの収集と解析

indica-japonica イネ間に見られる遺伝子発現データの SNP による補正を行い、発現データを用いた e-QTL 解析を試みる。e-QTL と形質多様性との相関解析の統計的手法を開発し、説明可能な相関関係を捉える。マイクロアレイを使用し、かつ SNP を考慮した遺伝子発現解析を様々な観点から応用したデータを収集する。本研究課題が目的とする表現型多様性を規定する遺伝子発現差異と、これに関与する遺伝子群を同定する。

平成22年度以降の展開

課題a. 3D 画像による体脂肪計測法の開発とデータマイニング

開発した体脂肪測定法の検証と実測定への応用を行うため、多数のマウス系統を用いた脂肪蓄積量の測定を実施し、解剖により計測した実測値と比較する。また、本課題により開発したソフトウェアによるC57BL/6Jやコンソミック系統など特定系統の脂肪蓄積の時系列データを収集する。また、脂肪蓄積測定については、外部研究機関とデータを共有して解析するための共同研究ネットワークを構築する。

課題b. マウスエネルギー代謝関連表現型計測法の開発と実験データの収集

MSM/JF1-B6系統間のエネルギー代謝関連表現型を規定する原因遺伝子群、さらにはエピスタシスに関与する遺伝子群を同定する。本課題により明らかにした関連エネルギー代謝表現型について広くマウス系統を調査し、当該遺伝子の多型と表現型の関連について解析する。対応するヒト相同遺伝子が肥満や脂肪蓄積の責任遺伝子となっているかどうかを外部の医学系研究機関との共同研究によって明らかにする。

課題c. イネストレス耐性・穂形質の系統データ収集と遺伝子発現データとの相関解析法の開発

複数の系統間の SNP、遺伝子発現量、形質多型について、相互の関連をアソシエーション解析によってどの程度の信頼性で特定できるかは、それぞれのデータの信頼度と系統の選択の仕方によってかなり異なると思われる。よって、この研究で得られた結果を基に、さらにどのような遺伝的および統計的改良が可能であるかを、次のステップでいくつかの例として示す必要がある。

課題d. マイクロアレイによるイネ・マウス遺伝子発現データの収集と解析

我々の開発した手法により、SNP を考慮した遺伝子発現解析をマイクロアレイにより行うことが可能になりつつある。今後は、同種の異なる系統間の遺伝子発現多様性と形質多様性の相

関解析についてゲノムシャッフル系統群等を利用して一層推進する。さらに、一連の解析から得られる豊富な e-QTL 情報を利用することにより、エピスタシスや遺伝子発現ネットワークの解析への新たな展開を図る。

3. 研究経費の推移

平成 17 年度実績 (サブテーマ 1 と 2 の総計) : 157,820 千円

平成 18 年度実績 : 115,370 千円

平成 19 年度実績 : 94,210 千円

4. 平成 19 年度の研究実施体制

[国立遺伝学研究所]

倉田のり 久保貴彦 春島嘉章 田村 勝 高田豊行
前野哲輝 岡 (木曾) 彩子 永口 貢 堀内陽子
小出 剛 梅森十三

[国立情報学研究所]

北本朝展 藤山秋佐夫 佐藤真一

[統計数理研究所]

江口真透 池田思朗 藤澤洋徳 川崎能典 坂口隆之
Nurul Haque Mollah

[東京大学 大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻]

中谷明弘 中原達聡

[長浜バイオ大学 バイオサイエンス学科 生命情報科学コース]

阿部貴志

5. 平成 19 年度研究成果

(1) 成果物 (知見・成果物・知的財産権等)

1. 遺伝子発現と塩基多型同時検出の新技术である SNEP 法を開発しホームページに公開した。
2. P 型フリーエ記述子に関するソフトウェアをホームページに公開した。
3. X 線 CT 画像から腹筋線および内臓/皮下脂肪の自動抽出を行う画像処理プログラム (ActScan) を作成した。

(2) 成果発表等

<論文発表>

[学術論文]

1. Takada, T., Mita, A., Maeno, A., Sakai, T., Shitara, H., Kikkawa, Y., Moriwaki, K., Yonekawa, H. and Shiroishi, T.: Mouse inter-subspecific consomic strains for genetic dissection of quantitative complex traits. *Genome Res.*, 18: 500-508, 2008.
2. Ammiraju, J. S. S., Luo, M., Goicoechea, J. L., Wang, W., Kudrna, D., Muller C., Talag, J., Kim, H., Sisneros, N. B., Blackmon, B., Fang, E., Tomkins, J. B., Brar, D., MacKilp, D., McCouch, S., Kurata,

- N., Lambert, G., Galbraith, D. W., Arumuganathan, K., Rao, K., Walling, J. G., Gill, N., Yu, Y., SanMiguel, P., Soderlund, C., Jackson S., Wing, R. A. The *Oryza* bacterial artificial chromosome library resource: Construction and analysis of 12 deep-coverage large-insert BAC libraries that represent the 10 genomes types of the genus *Oryza*. *Genome Research*. 16:140-147. 2007.
3. Miyabayashi, T., Nonomura, K., Morishima, H. and Kurata N. Genome size of twenty wild *Oryza* Species determined by flow cytometric and chromosome analyses. *Breeding Science* 57: 73-78. 2007.
 4. Schaller, G. E., Doi, K., Hwang, I., Kieber, J. J., Khurana, J. P., Kurata, N., Mizuno, T., Pareek, A., Shiu, S. H., Wu, P., Yip, W. K. Nomenclature for two-component signaling elements of rice. *Plant Physiol*. 143: 555-557. 2007.
 5. Nonomura, K., Morohoshi, A., Nakano, M., Eiguchi, M., Miyao, A., Hirochika, H. and Kurata, N. A germcell-specific gene of the *ARGONAUTE* family is essential for the progression of premeiotic mitosis and meiosis during sporogenesis in rice. *Plant Cell* 19:2583-2594. 2007.
 6. Suzuki, T., Eiguchi, M., Kumamaru T., Satoh, H., Matsusaka, H., Moriguchi, K. and Kurata, N. MNU-induced mutant pools and high performance TILLING enable finding of any gene mutation in rice. *Mol Gen Genomics*.279:213-223. 2008
 7. Thirumurugan, T., Ito, Y., Kubo, T., Serizawa, A. and Kurata, N. Identification, characterization and interaction of *HAP* family genes in rice. *Mol Gen Genomics*.279: 279-289. 2008.
 8. Ito, N. and Kurata, N. Disruption of *KNOX* gene suppression in leaf by introducing its cDNA in rice. *Plant Science*. 174: 279-289. 2008.
 9. Fujisawa, H., Isomura, H., Eguchi, S., Ushijima, M., Miyata, S., Miki, Y., Matsuura. M. Identifying haplotype block structure by using ancestor-derived model. *J. Human Genetics* 52 (9) (2007) 738-746.
 10. Kanamori, T., Takenouchi, T., Eguchi, S. Murata, N. Robust loss functions for boosting. *Neural Computation* 19 (2007) 2183-2244.
 11. Mollah, M. N. H., Minami, M. and Eguchi, S. Robust prewhitening for ICA by minimizing beta-divergence and its application to FastICA. *Neural Processing Letters* 25 (2007) 91-110.
 12. Takenouchi, T., Ushijima, M. and Eguchi, S. GroupAdaBoost: accurate prediction and selection of important genes. *IPSJ Transactions on Bioinformatics* 3 (2007), 1-8.
 13. Ninomiya, S. and Fujisawa, H. A conservative test for multiple comparison based on highly correlated test statistics, *Biometrics*, 63 (2007), 1135-1142.
 14. Takenouchi, T., Eguchi, S., Murata, N. and Kanamori, T. Robust boosting algorithm against mislabeling in multi-class problems. To appear in *Neural Computation*, 2007.
 15. Ushijima, M., Miyata, S., Eguchi, S., Kawakita, M., Yoshimoto, M., Iwase, T., Akiyama, F., Sakamoto, G., Nagasaki, K., Miki, Y., Noda, T., Hoshikawa Y. and Matsuura, M. Common peak approach using mass spectrometry data sets for predicting the effects of anticancer drugs on breast cancer. *Cancer Informatics*, 3 (2007) 285-293.

16. Zheng, Z., Iwata, H., Hirata, H. and Tamura, Y. Quantitative evaluation of the degree of sprout leaf bending of rice cultivars using P-type Fourier descriptors and principal component analysis, *Euphytica* (2008) DOI 10.1007/s10681-007-9642-9 (to appear)(online 版
<http://www.springerlink.com/content/513u046251521246/>)

〔会議録〕

1. 倉田のり, 渡辺正夫:国立遺伝学研究所研究集会「高等植物の受粉・受精形質(雌雄間相互作用形質)を統御する遺伝子の分子遺伝学的解析」国立遺伝学研究所, 2007年11月16日。三島

〔解説・総説〕

1. 江口真透, 統計的パターン認識:線型判別からアダブーストまで。日本化学会情報化学部会誌 25, 68 (2007)。
2. 江口真透, リスク科学のための人工知能的方法と統計的思考。人工知能学会誌 22 巻 5 号特集「定量的リスク科学」656-662 (2007年9月)。
3. 城石俊彦 マウス亜種間コンソミック系統によるゲノム機能解析。p905-911 学術月報 特集「遺伝学」平成19年11月号

〔研究ノート〕

1. Kurata, N. Chromosome and genome evolution in rice. In “Rice Biology in the Genomics Era.” Ed. Hirano, Hirai, Sano and Sasaki. Springer, p235-243. 2007
2. Ohtsubo, H., Tsuchimoto, S., Xu, J-H., Cheng, C., Kuroda, M. Y., Kurata, N. and Ohtsubo, E. Rice retroposon, *p-SINE*, and its use for classification and Identification of *Oryza* species. In “Rice Biology in the Genomics Era.” Ed. Hirano, Hirai, Sano and Sasaki. Springer, p277-289. 2007

〔その他〕

<会議発表等>

〔招待講演〕

1. Shiroishi, T. Functional Genomics of Complex Traits Based on Mouse Inter-Subspecific Differences. 第23回国際生物学賞シンポジウム 2007年11月21-22日, 京都。
2. Shiroishi, T. Genome anatomy of C57BL/6 and exploration of SNPs for energy metabolism. EUMODIC First Annual Meeting. 2007. 2.22-23, Barcelona, Spain.
3. 城石俊彦:ゲノム解読から見えてきた実験用マウスの起源:新たな実験用マウス系統の開発と利用。第4回国免疫フォーラム特別講演。松山 2008年7月14日
4. 城石俊彦:マウスゲノム多型に基づく多因子表現型の解析。第4回生命資源研究・支援セン

ター国際シンポジウム。熊本，2008年2月15日。

5. Kurata, N., Suzuki, T., Kumamaru, T., Satoh, H. High Performance Rice Mutant Screening by using modified TILLING and MNU-induced mutant pools. The 5th International Symposium of Rice Functional Genomics. Tsukuba, 2007, October 15
6. Eguchi, S. Boosting learning approach to association studies in bioinformatics, First joint meeting between Institute of Statistical Science, Academia Sinica, Taiwan and the Institute of Statistical Mathematics, 2007年11月29日
7. Eguchi, S. Boosting methods for association studies in bioinformatics, International Conference on Multiple Decision Theory, Statistical Inference and Applications, タイペイ，中華民国，2007年12月28日
8. 江口真透。表現形の相関研究：パターン認識の先に何が見えるか。春季統計学会，2008年3月1日（予定）
9. Kuriki, S. Multiplicity Adjustments in Detecting Reproductive Barriers caused by Loci Interactions, "First joint meeting between Institute of Statistical Science, Academia Sinica, Taiwan and the Institute of Statistical Mathematics", Tokyo, 2007年11月29日

[一般講演]

1. Nakahara, T. and Nakaya, A. ActScan: an Image Analysis Tool for Automatic Classification of Mouse Body Fat Japan-Taiwan Young Researchers Conference on Computational and Systems Biology. 2008, 3.9-11. National Tsing Hua University, Taiwan
2. Oka, A., Takada, Y., Koseki, H., Mita, A., Moriwaki, K., Shiroishi, T. Meiotic arrest in males of the B6.ChrXMSM consomic strain. 21th International Mammalian Genome Conference, 2007. 10.28-11.1, Kyoto
3. Takada, T., Ebata, T., Narita, T., Shin-I, T., Abe, K., Sakaki, Y., Toyoda, A., Sagai T., Mita, A., Moriwaki, K., Kohara, Y. and Shiroishi, T. Whole genome shotgun sequencing of M. M. Molossinus-derived MSM/Ms and detection of vast amount of SNPs against C57BL/6. 21th International Mammalian Genome Conference, 2007. 10.28-11.1, Kyoto
4. Shiroishi, T., Takada, T., Maeno, A., Mita, A., Moriwaki, K., Yonekawa, H. Functional genomics of complex traits with inter-subspecific consomic strains. 21th International Mammalian Genome Conference, 2007. 10.28-11.1, Kyoto
5. Oka, A. Disruption of genetic interaction between two autosomal regions and the X chromosome causes reproductive isolation between mouse strains derived from different subspecies. The Fifth Okazaki Biology Conference: "Speciation and Adaptation" 2007. 3.11-16, Kakegawa
6. Fujisawa, H., Horiuchi, Y., Harushima, Y., Eguchi, S., Mochizuki, T., Sakaguchi, T., Kurata, N. A unified method for detecting single feature polymorphisms and gene expression level differences. 1st joint research meeting of ISM and ISSAS. 2007. 11.30, Tokyo

7. Fujisawa, H., Horiuchi, Y., Harushima, Y., Eguchi, S., Mochizuki, T., Sakaguchi, T., Kurata, N. A unified method for detecting single feature polymorphisms and gene expression level differences. Pacific Symposium on Biocomputing, 2008.1.6, Hawaii, USA
8. Umemori J., Nishi A., Takahashi A., Kawasaki Y., Lionikas A., Blizard D., Koide, T. QTL analysis of differences of activities in home-cage and open-field between KJR and B6 mouse strains. 6th Annual Meeting of the Complex Trait Consortium, May 26-29, 2007, Braunschweig, Germany
9. Nonomura, K., Nakano, M., Eiguchi, M., Miyao, A., Hirochika, H., Kurata, N. Rice meiosis and its relation to small RNA-mediated gene silencing. EMBO world workshop, 8th European Meiosis Meeting. 2007.9月.13-18日. Hayama, Kanagawa, Japan
10. 高田豊行, 三田晃彦, 前野哲輝, 森脇和郎, 米川博通, 城石俊彦。「マウス亜種間コンソミック系統群を用いたエネルギー代謝関連形質の遺伝解析」日本遺伝学会第79回大会 2007年9月19-21日, 岡山。
11. 高田豊行「B6. MSM コンソミック系統を用いた代謝関連表現型解析」国立遺伝学研究所研究会「多因子疾患の遺伝解析: 糖尿病・メタボリックシンドロームを中心に」2007年3月16-17日, 三島。
12. 上田健治, 豊澤恵子, 高橋幸子, 宮尾安藝雄, 廣近洋彦, 野々村賢一, 倉田のり, 井上正保。イネ花粉突然変異体 Tos0216 の解析。日本植物学会第71回大会 2007.9月.6-9日。東京
13. Nonomura, K., Nakano, M., Eiguchi, M., Miyao, A., Hirochika, H., Kurata, N. Rice meiosis and its relation to small RNA-mediated gene silencing. EMBO world workshop, 8th European Meiosis Meeting. 2007.9月.13-18日。Hayama, Kanagawa, Japan
14. 米田典央, 野々村賢一, 倉田のり。イネ Pot1 ホモログの単離と解析。日本遺伝学会第79回大会 2007.9月.19-21日。岡山
15. 水多陽子, 春島嘉章, 倉田のり。イネ雑種花粉で相互作用する2遺伝子座に起因する生殖的隔離。日本遺伝学会第79回大会 2007.9月.19-21日。岡山
16. 久保貴彦, 吉村淳, 倉田のり。イネの交雑後代に見出された F2 雌性不稔の遺伝機構。日本遺伝学会第79回大会 2007.9月.19-21日。岡山
17. 藤田雅丈, 堀内陽子, 上田弥生, 水多陽子, 倉田のり。イネの生殖過程を通じた遺伝子発現プロファイリング。日本遺伝学会第79回大会 2007.9月.19-21日。岡山
18. 津田勝利, 伊藤幸博, 倉田のり。イネの KNOX 遺伝子 OSH1 の発現制御機構の解析。日本遺伝学会第79回大会 2007.9月.19-21日。岡山
19. 春島嘉章, 栗木哲, 水多陽子, 藤澤洋徳, 倉田のり。イネ F2 集団における生殖的隔離障害の相互作用の検出。日本遺伝学会第79回大会 2007.9月.19-21日。岡山
20. 堀内陽子, 藤澤洋徳, 川喜田雅則, 望月孝子, 春島嘉章, 坂口隆之, 倉田のり。Affymetrix Rice Genome Array を用いた SFP 検出手法の開発。日本育種学会第112回講演会 2007.9月.22-23日。鶴岡
21. 津田勝利, 伊藤幸博, 宮尾安藝雄, 廣近洋彦, 倉田のり。KNOX 遺伝子を葉で異所的に発現す

- るイネ突然変異体の解析。日本育種学会第 112 回講演会 2007. 9 月. 22-23 日。鶴岡
22. KNOX 遺伝子を葉で異所的に発現するイネ突然変異体の解析 2. 日本育種学会第 112 回講演会 2007. 9 月. 22-23 日。鶴岡
 23. 水多陽子, 春島嘉章, 倉田のり。イネ雑種花粉で作用する生殖的隔離障壁遺伝子のポジショナルクローニング。日本育種学会第 112 回講演会 2007. 9 月. 22-23 日。鶴岡市
 24. 春島嘉章, 倉田のり。栽培イネの第 3 染色体の雄性配偶体型生殖的隔離障壁と相互作用する第 6 染色体の雌性親遺伝子のポジショナル。日本育種学会第 112 回講演会 2007. 9 月. 22-23 日。鶴岡
 25. 板橋悦子, 藤田雅丈, 倉田のり, 鳥山欽哉。BT 型細胞質雄性不稔イネの花粉発達に關与する核遺伝子の発現解析。日本育種学会第 112 回講演会 2007. 9 月. 22-23 日。鶴岡市
 26. 堀内陽子, 藤澤洋徳, 川喜田雅則, 望月孝子, 春島嘉章, 坂口隆之, 江口真透, 倉田のり。Affymetrix Rice Genome Array を用いた SFP 検出手法の開発。第 30 回日本分子生物学会年會 2007. 12 月. 11-15 日。横浜
 27. 津田勝利, 伊藤幸博, 宮尾安藝雄, 廣近洋彦, 倉田のり。KNOX 遺伝子を葉で異所的に発現するイネ突然変異体の解析(1)。第 49 回日本植物生理学会年會 2008. 3 月. 20-22 日。札幌
 28. 伊藤幸博, 津田勝利, 倉田のり KNOX 遺伝子を葉で異所的に発現するイネ突然変異体の解析(2) 第 49 回日本植物生理学会年會 2008. 3 月. 20-22 日。札幌
 29. 石川亮, 永口貢, 池田陽子, 倉田のり, 木下哲。イネの胚乳における生殖隔離機構とゲノムインプリンティング。第 49 回日本植物生理学会年會 2008. 3 月. 20-22 日。札幌
 30. 望月孝子, 倉田のり, 矢野健太郎。OryzaExpress: イネのゲノム・アノテーションと遺伝子発現の統合データベース。第 49 回日本植物生理学会年會 2008. 3 月. 20-22 日。札幌
 31. 藤田雅丈, 望月孝子, 堀内陽子, 水多陽子, 上田弥生, 春島嘉章, 倉田のり。Affymetrix マイクロアレイプローブ再定義とイネ生殖過程の遺伝子発現解析。日本育種学会第 113 回講演会 2008. 3 月. 27-29 日。川崎
 32. 矢野健太郎, 大木信彦, 望月孝子, 藤田雅丈, 堀内陽子, 谷坂隆俊, 倉田のり。OryzaExpress: イネのゲノム・アノテーションとオミックス統合データベース。日本育種学会第 113 回講演会 2008. 3 月. 27-29 日。川崎市
 33. 上田弥生, 野々村賢一, 藤田雅丈, 堀内陽子, 倉田のり。生殖細胞の初期発生が異常になるイネ *me11* 突然変異体を用いたマイクロアレイ解析。日本育種学会第 113 回講演会 2008. 3 月. 27-29 日。川崎
 34. 石川亮, 永口貢, 池田陽子, 倉田のり, 木下哲。イネの胚乳における生殖隔離機構とゲノムインプリンティング。日本育種学会第 113 回講演会 2008. 3 月. 27-29 日。川崎
 35. 藤澤洋徳「SNP を考慮した遺伝子発現データ解析」統計サマーセミナー, 2007 年 8 月 7 日, 鹿児島。
 36. 藤澤洋徳, 堀内陽子, 春島嘉章, 江口真透, 望月孝子, 坂口隆之, 倉田のり「SNP を考慮した遺伝子発現データ解析」統計関連学会連合大会, 2007 年 9 月 7 日, 神戸。

37. 藤澤洋徳, 堀内陽子, 春島嘉章, 江口真透, 望月孝子, 坂口隆之, 倉田のり「SNP を考慮に入れた遺伝子発現データ解析」シンポジウム「バイオインフォマティクスおよび経時観察データの解析」2008年2月8日, 広島。
38. 江口真透, 竹之内高志, マルチクラスの判別問題におけるミスラベルのモデリング, 統計関連学会, 2007年9月7日
39. 江口真透, 観察データの推測の限界—揺らぎモデルアプローチ—広島大学理学部, 科研費研究集会「統計的データ解析手法の評価と開発」2008年1月16日
40. 川崎能典, 多変量計数時系列データのモデリング, 統計数理セミナー, 統計数理研究所, 東京, 2007年4月18日。
41. 栗木 哲, 春島嘉章, 藤澤洋徳, 倉田のり, 遺伝子座間の相互作用による生殖的隔離障壁の検出と多重性調整, 統計関連学会連合大会, 神戸, 2007年9月6日
42. 栗木 哲, 格子点上カイ2乗確率場の最大値分布の近似とその連鎖解析への応用, 科研費研究集会「統計的モデリングの方法と理論」, 東京, 2007年11月27日
43. 城石俊彦 統計・情報技術を駆使したゲノム多型と表現型多様性の連鎖解析システムの開発。融合研究シンポジウム「地球と生命の新パラダイム創造への挑戦」2007年10月29日, 東京。
44. 栗木 哲, 生殖的隔離に関わるエピスタシス (相互作用) 検出と多重性調整, 融合研究シンポジウム「地球と生命の新パラダイム創造への挑戦」ハイライト講演, 東京, 2007年11月29日

<著書等>

1. 高田豊行, 城石俊彦 「マウスの比較ゲノム, 日本産マウス系統のゲノム解読とコンソミック系統の樹立」細胞工学別冊 細胞工学別冊, 比較ゲノム学から読み解く生命システム pp. 97-104 藤山秋佐夫 監修 秀潤社, 東京 (2007)
2. [執筆] Kurata, N. Chromosome and genome evolution in rice. In “Rice Biology in the Genomics Era.” Ed. Hirano, Hirai, Sano and Sasaki. Springer, p235-243. 2007.
3. [執筆] Ohtsubo, H., Tsuchimoto, S., Xu, J-H., Cheng, C., Kuroda, M. Y., Kurata, N. and Ohtsubo, E. Rice retroposon, p-SINE, and its use for classification and Identification of Oryza species. In “Rice Biology in the Genomics Era.” Ed. Hirano, Hirai, Sano and Sasaki. Springer, p277-289. 2007.