

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

研究進捗状況報告書の概要

1 研究プロジェクト

学校法人名	明治大学	大学名	明治大学
研究プロジェクト名	環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立		
研究観点	研究拠点を形成する研究		

2 研究プロジェクトの目的・意義及び計画の概要

食料の持続的な生産と安定供給は人類の生存に不可欠な重要課題である。地球規模の気候変動は植物の環境適応能力に対する新たな挑戦であり、作物の品質や収量、生産効率に大きな影響を与え始めている。本プロジェクトは植物の環境応答・防御機能を戦略的に高度化し、安定した作物生産を実現する「高度環境適応植物」の育成・開発を可能とする拠点の形成を目的とする。このため、植物が、温度、栄養や金属などの土壌成分、病原微生物由来の環境情報をどのように感知し、適切に応答し、あるいは耐性を獲得するかを分子レベルで明らかにすることを目標とする。解明された分子機構を基に、環境応答・防御機能を強化あるいは新たに付与した作物、環境応答・防御能制御技術の開発に向けた研究基盤の確立をめざす。植物は CO₂ を吸収して酸素と有機物を生み出す唯一の存在であり、本研究基盤の形成は食料生産のみならず、気候変動に対応した環境保全や循環型エネルギー生産など、現代社会の要請に応えるものであり、きわめて重要な意義を持つ。

3 研究プロジェクトの進捗及び成果の概要

研究代表者とプロジェクトマネージャーを中心とし、ホームページも活用した日常的な情報交換・発信と定期的な自己点検、および明治大学研究企画推進本部会議からの点検・評価と改善意見を受け、全体としてはやや前倒しで研究が進行している。自己点検・評価により、研究者間の連携強化、当初の計画からの軌道修正を行っており、成果に繋がっていると判断している。物理・化学的環境応答では、温度・乾燥・栄養応答に関わる新たな因子とメカニズムの発見、簡便で高感度なストレスモニタリングシステムの構築が行われた。生物的環境応答では、防御と共生の応答に同一の受容体が働くことが見出され、防御応答や遺伝子発現を制御し、高度環境適応植物をデザインする基礎技術の開発が行われた。また、オミックス情報から環境応答への関与が期待される機能未知の遺伝子群を高精度で抽出するシステムが構築され、本プロジェクトのみならず、今後の植物科学を牽引する重要プラットフォームとなることが期待される。これらの成果は、原著論文 42 報、図書 17 件、316 件の学会発表として公開され、プロジェクトのホームページからも随時情報を発信している。2016 年度には公開シンポジウムを実施し、外部講師とプロジェクトメンバー、およびプロジェクトに参画あるいはメンバーの研究室から巣立ったポスドク・助教などの若手研究者が講演を行った(別添資料参照)。本プロジェクトには多くの大学院生、およびポスドクや助教が参画しており、後進の育成も積極的に行っている。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

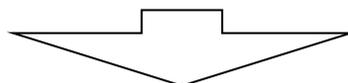
大里修一	農学部・専任講師	病害抵抗性を崩壊させる変異の獲得機構の解明	植物病原菌の病原性獲得機能の制御に基づく耐病性作物の開発
桑田茂	農学部・教授	植物ウイルスによる細胞壊死機構の解明と抵抗性付与基盤の確立	壊死反応を抑制した新規ウイルス抵抗性付与技術の確立
矢野健太郎	農学部・教授	大規模オミックス解析による環境応答遺伝子の網羅的探索	植物環境応答のバイオインフォマティクス解析とデータベース構築による環境適応植物の開発支援
(共同研究機関等)			
瀬尾光範	理化学研究所 環境資源科学研究センター・ 適応制御研究ユニットリーダー	環境・ストレス応答におけるホルモノーム解析	環境応答ホルモンの人為的制御による成長制御・ストレス耐性付与技術の開発

<研究者の変更状況(研究代表者を含む)>

旧

プロジェクト外での研究課題	所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
植物免疫のシグナル認識に関わる受容体の構造・機能解析	農学部・教授	賀来華江	プロジェクトマネージャー

(変更の時期:平成 27 年 4 月 1 日)



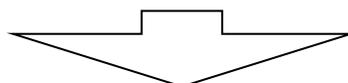
新

変更前の所属・職名	変更(就任)後の所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
農学部・専任講師	農学部・専任講師	大里修一	プロジェクトマネージャー

旧

プロジェクト外での研究課題	所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割

(変更の時期:平成 28 年 4 月 1 日)



新

変更前の所属・職名	変更(就任)後の所属・職名	研究者氏名	プロジェクトでの役割
フランス国立農学研究所・チームリーダー	農学部・准教授	吉本光希	オートファジー機能の解明によるストレス耐性の向上

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

11 研究進捗状況(※ 5枚以内で作成)

(1) 研究プロジェクトの目的・意義及び計画の概要

食料の持続的な生産と安定供給は人類の生存に不可欠な重要課題である。一方、地球規模の気候変動は植物の環境適応能力に対する新たな挑戦であり、作物の品質や収量、生産効率に大きな影響を与え始めている。本プロジェクトは植物の環境応答・防御機能を戦略的に高度化し、安定した作物生産を実現する「高度環境適応植物」の育成・開発を可能とする拠点の形成を目的とする。このため、植物が、温度、栄養や金属などの土壌成分、病原微生物由来の環境情報をどのように感知し、適切に応答し、あるいは耐性を獲得するかを分子レベルで明らかにすることを目標とする。植物は CO₂ を吸収して酸素と有機物を生み出す唯一の存在であり、本研究基盤の形成は食料生産のみならず、気候変動に対応した環境保全や循環型エネルギー生産等、現代社会の要請に応えるものであり、極めて重要な意義を持つ。

(2) 研究組織

研究代表者は定期的な打ち合わせ、プロジェクト内の成果発表会等を通して研究者間の意見交換と連携を促している。プロジェクトマネージャーは研究代表者と協力してホームページを活用した成果の公表や、自己点検・評価を実施し、年次報告書の取りまとめ等を行っている。各研究者は研究室に所属する学部学生・大学院生・ポスドクなどの研究員の指導と定期的なセミナーなどによる議論等を介し、各自の研究テーマを推進している。

本プロジェクトには当初 8 名、2016 年 4 月からは 9 名の農学部専任教員と、1 名の共同研究者が参画し、物理・化学的((4)の A-D, H, I)あるいは生物的環境応答(E-G, H)をテーマとした研究を推進している。各年度とも 20 名を越える博士前期課程、4 名の博士後期課程の大学院生、1 名の PD、1 名の助教がプロジェクトに参画し、実験・研究の推進を担ってきた。

物理・化学的環境応答では主に川上・久城・瀬尾(共同研究者)、生物的環境応答では賀来と紀藤、桑田と大里が連携して研究を推進し、成果を挙げている。共同研究者の瀬尾は環境応答に働く植物ホルモンの定量解析を担当し、プロジェクトの推進に大きく貢献している。研究支援者は 2 名が担当してきたが、研究の進展により人数・勤務時間ともにさらに充実させることが目的達成に必要である。

(3) 研究施設・設備等

<研究施設の面積及び使用者数>

明治大学生田キャンパス第 1 校舎 5 号館(500m²)、5 名
 明治大学生田キャンパス第一校舎 2 号館(500m²)、8 名
 明治大学生田キャンパス第一校舎 6 号館(500m²)、8 名
 明治大学ハイテクリサーチセンター(300m²)、4 名

<主な研究装置、設備の名称及びその利用時間数>

発光・蛍光イメージングシステム:週 5 時間程度
 解析サーバー:常時稼働

(4) 進捗状況・研究成果等 ※下記、13及び14に対応する成果には下線及び*を付すこと。

<現在までの進捗状況及び達成度>

全体としては研究者間の連携が進み、計画よりもやや前倒しで研究が進行している。環境応答に関わる未知の因子が複数同定され、環境適応機能の強化を可能とする基礎技術の開発も進行している。各テーマはそれぞれのメンバーが責任を持ちつつ、メンバー間の連携を必要に応じて発展させ、あるいは新たに構築しつつ進めてきた。

(A) 温度による発芽制御メカニズムの解明(川上):低温発芽誘導は、アブシジン酸(ABA)量の遺伝的制御が鍵を握ることを示した*1。温度に応じた ABA 量の制御因子を同定するため、ABA 合成酵素遺伝子の発現誘導が異常な突然変異を選抜し*2、1 遺伝子の同定に成功した*3。ABA 合成遺伝子の発現を誘導する 5 種の化合物を単離し*4、ABA 合成遺伝子の高温による発現誘導因子を 3 種同定した*5。当初の計画より前倒しで進行している。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- (B) 環境応答ホルモン、アブシジン酸の生合成鍵酵素遺伝子の同定(久城): ABA 生合成の未同定の異性化酵素遺伝子を探索し、候補遺伝子 *NCE11* および *NCE12* を見出した*6. *NCE11* 遺伝子の機能喪失突然変異体では葉面温度が低下し、ABA を与えると形態が回復することから、ABA の欠損が示唆された。*NCE11* タンパクを大腸菌で発現精製し、異性化活性の検出を試みたが、安定した結果は得られていない。当初の計画どおり進行している。
- (C) 環境応答における代謝酵素のプロテオーム解析(紀藤): 低栄養環境下で高増殖能を示す酵母を作出するため、転写因子の欠損株等を用いてプロテオーム資源分配を大きく変化させ、その増殖能への影響を調べた。期待した影響以外にもプロテオーム発現プロファイルが変動し、増殖能の向上はみられなかった。また、熱ストレス耐性に関わるタンパク質を同定するためストレス耐性能の異なる酵母間で異なる発現パターンを示すタンパク質を同定し、遺伝子欠損株を用いた解析から熱ストレス耐性に関わる新たな分子を同定した*7。当初の計画どおりに進行している。
- (D) 植物の環境応答・ストレスモニタリング手法の開発(安保): 環境ストレス応答時に植物根から放出される滲出物としてラジカル種、蛍光物質に着目し、その滲出メカニズムとストレスモニタリングへの利用を検討した。活性酸素種(ROS)の代謝産物と考えられる炭素中心ラジカルが計測されたが、構造は決定できていない。ニトロラジカルを検出する蛍光プローブを用いてラジカル種のトラップおよび HPLC における蛍光ピークの検出を試みた。当初の計画どおりに進行している。
- (E) 植物免疫のシグナル認識に関わる受容体の構造・機能解析(賀来): 菌類の細胞壁由来の代表的な MAMP であるキチンに対する 2 種の *LysM* 受容体 *CEBiP* と *CERK1* を同定し、受容体様キナーゼである *OsCERK1* が菌類や細菌由来の MAMPs 受容体として防御応答系で機能するだけでなく、菌根菌の共生応答にも関与することを明らかにした*8。また、紀藤との連携により受容体の防御応答の起動に関わる複数の自己リン酸化残基を同定した*9。当初の計画どおりに進行している。
- (F) 病害抵抗性を崩壊させる変異の獲得機構の解明(大里): 病原糸状菌であるイネいもち病菌や赤かび病菌の病原性獲得に関わる分子機構の解明を目指し、相同組換え検出系を用いてゲノムストレスと病原性変異に関する知見を収集した。さらに、非病原力遺伝子の周辺に人工的な DNA 二本鎖切断を導入するために、糸状菌に最適化したゲノム編集技術の開発を行った*10, 11, 12。当初の計画どおりに進行している。
- (G) 植物ウイルスによる細胞壊死機構の解明と抵抗性付与基盤の確立(桑田): タバコ条斑ウイルス(TSV)の外被タンパク質は宿主の壊死反応を抑制し、TSV ゲノム RNA の 3' UTR に結合してウイルスゲノムの翻訳を促進することで、壊死から無病徴への変化を誘導することを明らかにした。大里と連携して構築した糸状菌型 CRISPR/Cas システム*11, 12 を改変して植物用 CRISPR/Cas システムを構築し、タバコモザイクウイルス抵抗性遺伝子(N)をターゲットとしたゲノム編集により N 遺伝子を破壊することに成功した。そこで、ジャガイモ Y ウイルス抵抗性を付与する目的でタバコ eIF4E1 遺伝子*13 内にガイド RNA を設計してタバコを形質転換した。当初の計画どおりに進行している。
- (H) 大規模オミックス解析による環境応答遺伝子の網羅的探索(矢野): 主要植物の高速シーケンサー・データを公共データベースより取得し、ゲノムワイドな遺伝子発現ネットワークを構築した。また、環境応答に関わる遺伝子群の機能情報を、学術論文に対するテキストマイニングより抽出した。進捗は、当初の計画よりも早く進展している。
- (I) 植物環境応答におけるオートファジーの機能解析(吉本): 植物の環境応答メカニズムを細胞の基礎的なプロセスであるオートファジーの観点から解析した。これまでに、栄養飢餓として亜鉛欠乏・暗処理による糖欠乏、オルガネラ品質管理として緑葉ペルオキシソームの選択的分解、細胞毒性としてアンモニア毒性に注目し、これらの応答過程においてオートファジーが関与していることを明らかにした*14

<特に優れた研究成果>

- (A) 高温による ABA 合成遺伝子の発現誘導を担う転写制御因子を 1 種、分子機能未知の因子を 2 種同定し、光条件により異なる因子が発芽の高温阻害に働くことを示した。
- (B) *NCE11* が ABA 生合成に関わるカロテノイド異性化酵素であることを強く示唆した。
- (C) 熱ストレス耐性に関わる特徴的なタンパク質機能の同定に加え、新たな熱ストレス耐性関連タンパク質を見出した。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- (D) 水溶性蛍光プローブにより植物根培養液中の ROS を間接的に高感度検出した。
- (E) 植物の防御応答に関わる主要な受容体が、相反する共生応答にも機能することを明らかにし、共生と防御の進化過程が深く関連していることを示唆した。
- (F) イネいもち病菌の Srs2 破壊株に対する DNA 損傷薬剤処理では、感受性の変化は認められず、既存の酵母や他の糸状菌とは異なる本菌特有の機能が示唆された。
- (G) 植物用の CRISPR/Cas システムの独自構築に成功し、タバコ N 遺伝子をゲノム編集で破壊した。タバコモザイクウイルスの接種により、N 遺伝子の機能喪失が確認された。
- (H) 機能未知遺伝子の生物学的機能を明らかとする上で、機能既知遺伝子の生物学的機能情報は重要な情報基盤となる。当プロジェクトでは植物遺伝子の環境応答に関わる機能情報基盤の整備を進めており、今後の植物科学を牽引する重要プラットフォームとなる。
- (I) オートファジーの過程におけるアンモニアの影響・毒性の作用点が明らかとなった。この発見はこれまで報告例がなく新規の知見である。

<問題点とその克服方法>

- (A) 種子発芽の制御に関わる高温誘導性遺伝子の多くが ABA によっても制御されることが明らかとなり、高温誘導性遺伝子発現を指標にした発芽制御遺伝子探索に困難が予想された。このため、矢野・桑田・大里と連携し、ABA の制御を受けない遺伝子を探索する。
- (B) NCE11 の酵素機能を *in vitro* において明らかにするべく酵素アッセイを行っているが、再現性のある活性の検出には至っていない。精製過程での酵素の失活や反応条件の最適化が課題であるが、大腸菌の発現系を見直し酵母での発現系も検討する。
- (C) 転写因子の遺伝子欠損株では期待した効果が得られなかったが、その要因の一つと考えられるオフターゲットについても欠損株を作製することで、プロテオーム資源分配の大幅な改変による高増殖能酵母の作出を試みる。
- (D) 蛍光プローブを利用して根から滲出する ROS を間接的に検出し、植物のストレス状態変化をモニターできる可能性があるが、その評価法が確立していない。そこで根の細胞分裂に伴って脱離するボーダー細胞量と ROS 量に相関性が見出せないか検討する。
- (E) CERK1 型受容体が防御と共生の両者に関わる機構には、シグナル伝達に関わるキナーゼ領域の切替が働くことが予想される。そこで、その結晶構造を解析するため様々な発現系を用いたタンパク質の発現条件を探索する。共生応答に関わる分子をさらに探索するため、CRISPR-Cas9 等の手法を用いて、種々 CERK 型分子の欠損変異体の作成を行う。
- (F) イネいもち病菌 Srs2 の相互作用実験において、酵母 Srs2 で知られている PIP 領域は PCNA との相互作用に必須であることが知られているが、Srs2 には相当する領域が見出せなかった。今後は PCNA 領域を断片化して、Srs2 の PIP 相当領域の探索を進める。
- (G) CRISPR/Cas システムを持つ形質転換タバコのハイグロマイシンによる選抜は効率が低かった。薬剤耐性遺伝子をカナマイシン等に変更して再分化効率を上昇させ、オフターゲット切断を防止するために切断活性部位に変異を導入した dCas を使用する。
- (H) 植物の環境応答性は、種・亜種・エコタイプなどの間で大きく異なる。系統間で共通するメカニズムや各系統(群)に固有のメカニズムを同定するため、8 種の植物種の網羅的なオミックス情報解析を展開している。
- (I) ストレス状況を再現できないことがある。特に必須微量元素である亜鉛の欠乏培地を作成する際には細心の注意が必要である。亜鉛欠乏状況を高頻度に再現する一つの手法として、亜鉛特異的キレーターの使用を試みている。現在、適切な濃度を検討中である。

<研究成果の副次的効果(実用化や特許の申請など研究成果の活用の見通しを含む。)>

- (A) 未解明の植物の温度感知・情報伝達機構解明への寄与が期待される。発芽の温度応答を攪乱する化合物には、休眠性の付与や斉一な発芽誘導をもたらす薬剤の開発が期待され、作物生産への適用を目指した研究グループ、企業との共同研究を模索している。
- (B) NCE11 遺伝子の同定により、ABA 生合成における重要な酵素が明らかとなり、本遺伝子による種子の休眠や発芽の調節、植物体の環境ストレス応答を分子レベルで解明することができる。これ

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

により、様々な環境ストレス下においても有用な植物生産が可能となる。

- (C) 同定された熱ストレス関連タンパク質に基づき、酵母の熱ストレス耐性能の新たな分子メカニズムが明らかにされれば、バイオエタノール産生など産業面での利用も可能になる。
- (D) 植物の状態を水耕液中に放出される ROS を介してモニタリングできれば作物管理の項目として応用利用できる可能性がある。
- (E) イネの植物免疫に関わる防御応答系と、これと相反する菌根菌の共生応答系の活性化に共通の OsCERK1 分子の関与が明らかになり、この応答系制御機構の解明は、免疫力を付加した高耐病性作物の開発と共生系を利用した作物の生育や収量の改善の両面に応用できる可能性がある。
- (F) 植物病原糸状菌の病原性変異機構として、相同組換え経路との関係が明らかとなれば、相同組換え制御因子を標的とする新規農薬や新しい防除技術の開発につながる可能性がある。
- (G) 植物ウイルスの複製に必須な植物側の宿主因子が同定されれば、ジャガイモ Y ウイルスで検証する予定の戦略が、広範な植物ウイルスについての新たな抵抗性作物作出法として実用化される可能性が高い。
- (H) 学術論文に対するテキストマイニング技術は、知財化が見込めるとともに、操作が簡便な GUI ソフトウェアや Web ツールを構築・配布することにより、医薬農工業分野・社会学分野を始めとする多くの研究分野における利用と人工知能を活用した知識情報整備などの社会実装が見込める。
- (I) 将来的にはオートファジーを適時適切にコントロールすることにより、長寿作物、成分改変種子・作物、ストレス耐性植物などの作出に貢献可能であると考ええる。

<今後の研究方針>

- (A) プロジェクト内での連携をさらに深め、温度による発芽制御因子をより多く単離・同定し、温度の感知から ABA 作用制御に至るメカニズムの解明を目指す。
- (B) NCE1 遺伝子の過剰発現体を作製し、ABA 内生量、発芽率、乾燥耐性等を測定し、NCE1 の ABA 生合成への関与を明らかにする。酵素活性の検出方策を検討する。
- (C) プロテオーム資源分配を期待通りに変化させるために、関連する転写因子の発現量や活性を連続的に制御可能な実験系の構築を進める。酵母種間で異なる発現量を示すタンパク質の欠損株を用いた解析を継続し、熱ストレス耐性に関わる分子を同定する。
- (D) ストレスモニタリングの一般的指標として ROS の利用可能性を調べる。植物の成長ステージによる違いや植物種による違いを含めて評価できる系の確立を目指す。
- (E) LysM 受容体を中心に、リガンドの認識から受容体の活性化の分子機構を明らかにするとともに、イネにおける防御と共生の切り替えメカニズムの解明を目指す。
- (F) イネいもち病菌特有の相同組換え機構の解明のため、さらに相同組換え候補因子の破壊株の作製と機能解析をおこない、組換え因子の探索を進める。
- (G) ジャガイモ Y ウイルス抵抗性を付与可能なタバコ eIF4E1 の欠失だけではなく、eIF4E 以外の真核翻訳開始因子の欠失体を作製し、各種ウイルスに対する抵抗性を検討する。
- (H) より多くの植物種の環境応答性に関わる遺伝子について、ゲノムワイドなオミックス情報解析を進め、得られた重要情報を研究コミュニティと社会に提供するための Web データベース・プロトタイプを構築する。
- (I) 植物の環境応答におけるオートファジーの関与を示しつつあり、今後は様々な手法を駆使し、それらの機構について分子レベルで明らかにしていく。

<今後期待される研究成果>

- (A) 温度による植物ホルモン作用制御因子が複数単離同定され、温度による発芽制御機構の解明と、作物への成果の適用の基盤形成に繋がると期待される。
- (B) NCE1 の酵素活性の検出と植物体での生理作用が明らかとなり、ABA 生合成における本酵素の役割や重要度が解明され、環境ストレス耐性植物の作出も期待される。
- (C) プロテオーム資源分配の改変とそれによる高増殖能酵母の作出は、物質生産の宿主として酵母を利用する際にも、その効率を改善するために有益なアプローチとなる。
- (D) 各種ストレスに特異的あるいは非特異的に放出されるラジカル種および代謝物を選定し、モニタ

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- リングによる作物生産効率の向上が期待される。
- (E) 植物のもつ防御と共生の分子機構がより詳細に解明されることにより、これらの情報に基づいて、高度な機能を付加した植物作出の基礎基盤の構築が期待される。
- (F) イネいもち病菌の相同組換え制御因子を明らかにすることで、本菌の病原性獲得に関わる分子機構の解明が進み、新規の病害除法につながるものが期待される。
- (G) ジャガイモYウイルス抵抗性付与技術が確立されるとともに、真核翻訳開始因子群のウイルス増殖における機能が解明されることが期待できる。
- (H) 植物の環境応答に関わる情報を集約することにより、植物育種戦略などに資する Web データベース・プロトタイプを世界で初めて構築できる。
- (I) 植物が過酷な環境ストレスに応答する際に、オートファジーが何を、如何にして選択的に分解するのか、その分子メカニズムの詳細が明らかになると期待される。

<自己評価の実施結果及び対応状況>

全体の研究プロジェクトの進捗管理・自己点検・改善活動を確実に行うため、研究代表者に加えて、2014年7月にプロジェクトマネージャーを設置し、当初は賀来、2015年度からは大里がその任に就いている。年度末にメンバー全員が出席して実施している研究報告会では、当該年度の進捗状況と成果、次年度に向けての計画等を発表し、質疑応答と意見交換を行っている。年度初めには当該年度の研究推進に向けたミーティングを行い、日常的には随時開催されるセミナーやメール会議において相互の連携と点検作業を行っている。これらの自己点検・評価活動により、各自の研究の軌道修正および推進が促進されるとともに、メンバー間の連携がより推進され、成果にも繋がっている。2016年度の研究報告会の成果発表の議論からも、さらなる連携が課題解決に重要であることがプロジェクト内で再認識された。

また、明治大学研究企画推進本部会議（研究支援事業に係わる専門部会）において、研究代表者が提出した①研究達成度・自己点検表、②私立大学戦略的研究基盤形成事業全体計画書・ロードマップについて毎年度確認・点検を受け、研究代表者とプロジェクトマネージャーは改善意見を次年度の研究推進にフィードバックしている。また、本進捗状況報告書の概要については、その趣旨が第三者に対しても明確に伝わるよう、同専門部会の精査を受け、適宜修正を加えた。また、本私立大学戦略的研究基盤形成事業に係る中間評価（研究進捗状況報告書）を提出し、研究企画推進本部会議からも研究推進に関わる評価を受ける予定である。なお、これらの自己点検・評価は、私立大学戦略的研究基盤形成支援事業学内選考及び採択後の進捗管理体制に関する内規に基づいて行われており、具体的な取り組みについては本学のホームページ（<http://www.meiji.ac.jp/research/promote/index.html>）に掲載されている。

このような自己点検評価の結果を受け、各メンバーが適切な対応を行ってきたこと、研究基盤形成の観点および各テーマの性格の違いを考慮し、これまでは成果に応じた研究費の配分などは行っていない。

<外部（第三者）評価の実施結果及び対応状況>

プロジェクトの節目となる2016年度に開催した公開シンポジウム（添付資料参照）において、外部の複数の有識者から、本プロジェクトは基礎・応用の両面において意義のあるものとの評価をいただいた。公開シンポジウムは今後も計画しており、外部の有識者を積極的に招き、忌憚のない評価をいただき、今後の研究にフィードバックしたいと考えている。

プロジェクトのメンバーはいずれも国内学会、国際学会、シンポジウムにおいて発表しており、国内外の専門家と情報交換を行うとともに様々な質問や意見を受け、研究推進やプロジェクト内外との連携推進に反映させている。また、毎年複数の国外研究者が生田キャンパスを訪れ、メンバーと情報・意見交換を行い、各自の研究推進あるいは共同研究の推進に反映させている。

プロジェクト全体で発表した査読付きの原著論文は42報に達し、このうち多くがインパクトファクターの高い国際誌に掲載されている。また、多くのメンバーが国内あるいは国際学会で招待講演に招かれており、これらは本プロジェクトが外部から高く評価されていることの表れと判断している。

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

12 キーワード(当該研究内容をよく表していると思われるものを8項目以内で記載してください。)

- | | | |
|-------------------|------------------|-------------------|
| (1) <u>温度応答</u> | (2) <u>植物免疫</u> | (3) <u>共生</u> |
| (4) <u>植物ウイルス</u> | (5) <u>栄養</u> | (6) <u>環境ストレス</u> |
| (7) <u>オミックス</u> | (8) <u>ゲノム編集</u> | |

13 研究発表の状況(研究論文等公表状況。印刷中も含む。)

上記、11(4)に記載した研究成果に対応するものには*を付すこと。

<雑誌論文>

- 川上-01) Yuichi Kashiwakura, Daisuke Kobayashi, Yusuke Jikumaru, Yumiko Takebayashi, Eiji Nambara, Mitsunori Seo, Yuji Kamiya, Tetsuo Kushiro, and Naoto Kawakami (2016) Highly sprouting tolerant wheat grain exhibits extreme dormancy and cold imbibition resistant accumulation of abscisic acid. *Plant & Cell Physiology*. doi:10.1093/pcp/pcw051, 2016年03月12日(久城-03)*1
- 川上-02) Takuma Shigeyama, Asuka Watanabe, Konatsu Tokuchi, Shigeo Toh, Naoki Sakurai, Naoto Shibuya and Naoto Kawakami (2016) α -Xylosidase plays essential roles in xyloglucan remodelling, maintenance of cell wall integrity, and seed germination in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany*. doi:10.1093/jxb/erw321, 2016年9月7日*3
- 久城-01) Shohei Takase, Yusuke Saga, Nozomi Kurihara, Shingo Naraki, Kenta Kuze, Genki Nakata, Takeshi Araki, Tetsuo Kushiro (2015) Control of the 1,2-rearrangement process by oxidosqualene cyclases during triterpene biosynthesis. *Org. Biomol. Chem.* 13, 7331-7336. , 2015年07月14日
- 久城-02) Takeshi Araki, Yusuke Saga, Momo Marugami, Junnosuke Otaka, Hiroshi Araya, Kazuki Saito, Mami Yamazaki, Hideyuki Suzuki, Tetsuo Kushiro (2016) Onocerin biosynthesis requires two highly dedicated triterpene cyclases in a fern *Lycopodium clavatum*. *ChemBioChem* 17, 288-290., 2016年02月15日
- 久城-03) Yuichi Kashiwakura, Daisuke Kobayashi, Yusuke Jikumaru, Yumiko Takebayashi, Eiji Nambara, Mitsunori Seo, Yuji Kamiya, Tetsuo Kushiro, and Naoto Kawakami (2016) Highly sprouting tolerant wheat grain exhibits extreme dormancy and cold imbibition resistant accumulation of abscisic acid. *Plant & Cell Physiology*. doi:10.1093/pcp/pcw051, 2016年03月12日(川上-01)*1
- 久城-04) Yusuke Saga, Takeshi Araki, Hiroshi Araya, Kazuki Saito, Mami Yamazaki, Hideyuki Suzuki, Tetsuo Kushiro (2017) Identification of serratane synthase gene from the fern *Lycopodium clavatum*. *Org. Lett. in press*. DOI: 10.1021/acs.orglett.6b03659. , 2017年01月18日
- 紀藤-01) Yukinobu Isowa, Isao Sarashina, Kenshiro Oshima, Keiji Kito, Masahira Hattori, Kazuyoshi Endo (2015) Proteome analysis of shell matrix proteins in the brachiopod *Laqueus rubellus*. *Proteome Sci.* 13:21. doi: 10.1186/s12953-015-0077-2., 2015年08月15日
- 紀藤-02) Keiji Kito, Haruka Ito, Takehiro Nohara, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Daisuke Takeda (2016) Yeast inter-species comparative proteomics reveals divergence in expression profiles and provides insights into proteome resource allocation and evolutionary roles of gene duplication. *Mol Cell Proteomics.* 15:218-235 doi: 10.1074/mcp.M115.051854., 2016年01月01日
- 紀藤-03) Maruya Suzuki, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Masato Nakashima, Shohei Takahashi, Kenkichi Suto, Issei Yoshida, Saki Matsui, Natsumi Tsujimoto, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya. Autophosphorylation of specific threonine and tyrosine residues in *Arabidopsis CERK1* is essential for the activation of chitin-induced immune signaling. *Plant Cell Physiol.* 57, 2312-2322. doi: 10.1093/pcp/pcw150. 2016年08月26日(賀来-06)*9
- 紀藤-04) Kito, K., Okada, M., Ishibashi, Y., Okada, S., Ito, T. A Strategy for Absolute Proteome Quantification with Mass Spectrometry by Hierarchical Use of Peptide-concatenated Standards. *Proteomics.* 16, 1457-1473. doi: 10.1002/pmic.201500414., 2016年04月28日
- 安保-01) 長谷部誉人, 広島千早紀, 東良太, 吉野将紀, 岡部勝美, 安保充 (2016) 非接触型電気伝度検出 CE を用いる薄膜水耕における循環水耕液中の主要無機イオンの定量, *分析化学*, 65, 283-288, 2016年03月16日
- 賀来-01) Tomonori Shinya, Koji Yamaguchi, Yoshitake Desaki, Kenta Yamada, Tomoko Narisawa, Yoshihiro

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- Kobayashi, Kanako Maeda, Maruya Suzuki, Takumi Tanimoto, Jun Takeda, Masato Nakashima, Ryota Funama, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku, Tsutomu Kawasaki, Naoto Shibuya (2014) Selective regulation of the chitin-induced defense response by the Arabidopsis receptor-like cytoplasmic kinase PBL27, *The Plant Journal* 79, 56–66, 2014年07月01日
- 賀来-02) Yusuke Kouzai, Susumu Mochizuki, Keisuke Nakajima, Yoshitake Desaki, Masahiro Hayafune, Hideo Miyazaki, Naoki Yokotani, Kenjiro Ozawa, Eiichi Minami, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, Yoko Nishizawa (2014) Targeted gene disruption of OsCERK1 reveals its indispensable role in chitin perception and involvement in the peptidoglycan response and immunity in rice. *Mol. Plant-Microbe Int.*, 27,975–982. doi/org/10.1094/MPMI-03-14-0068-R, 2014年09月01日
- 賀来-03) Kana Miyata, Toshinori Kozaki, Yusuke Kouzai, Kenjiro Ozawa, Kazuo Ishii, Erika Asamizu, Yoshihiro Okabe, Yosuke Umehara, Ayano Miyamoto, Yoshihiro Kobae, Kohki Akiyama, Hanae Kaku, Yoko Nishizawa, Naoto Shibuya, Tomomi Nakagawa (2014) Bifunctional plant receptor, OsCERK1, regulates both chitin-triggered immunity and arbuscular mycorrhizal symbiosis in rice. *Plant Cell Physiol.* 55 (11), 1864–1872, 2014年11月27日 *8
- 賀来-04) Masaki Shimono, Takumi Higaki, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, Seiichiro Hasezawa, Brad Day (2016) Quantitative Evaluation of Stomatal Cytoskeletal Patterns during the Activation of Immune Signaling in *Arabidopsis thaliana*. PLOS ONE DOI:10.1371, 2016年07月27日
- 賀来-05) Kana Miyata, Masahiro Hayafune, Yoshihiro Kobae, Hanae Kaku, Yoko Nishizawa, Yoshiki Masuda, Naoto Shibuya, Tomomi Nakagawa (2016) Evaluation of the role of the LysM receptor-like kinase, OsNFR5/OsRLK2 for AM symbiosis in rice. *Plant Cell Physiol.*, 2016 Nov;57(11):2283–2290, 2016年11月01日
- 賀来-06) Maruya Suzuki, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Masato Nakashima, Shohei Takahashi, Kenkichi Suto, Issei Yoshida, Saki Matsui, Natsumi Tsujimoto, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya (2016) Autophosphorylation of specific threonine and tyrosine residues in Arabidopsis CERK1 is essential for the activation of chitin-induced immune signaling. *Plant Cell Physiol.* 57(11):2312–2322, 2016年11月01日 (紀藤-03)*9
- 賀来-07) Gennaro Carotenuto, Mireille Chabaud, Kana Miyata, Martina Capozzi, Naoya Takeda, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, Tomomi Nakagawa, David Barker, Andrea Genre, The rice LysM receptor-like kinase OsCERK1 is required for the perception of short-chain chitin oligomers in arbuscular mycorrhizal signaling, *New Phytologist*, In press, 2017年03月01日
- 大里-01) Hiroyuki Ichida, Xiaoying Sun, Suguru Imanaga, Yasuhiro Ito, Katsuyoshi Yoneyama, Shigeru Kuwata, Shuichi Ohsato (2014) Construction and characterization of a copy number-inducible fosmid library of *Xanthomonas oryzae* pathovar *oryzae* MAFF311018. *Gene* 546: 68–72, 2014年05月14日
- 大里-02) Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Kazuyuki Maeda, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2014) The effect of chemicals on somatic homologous recombination in the rice blast fungus: its possible application for detection of mycotoxins. *JSM Mycotoxins*, 64:141–146, 2014年05月15日 (桑田-01)
- 大里-03) Takayuki Arazoe, Tetsuo Ogawa, Kennosuke Miyoshi, Thoru Yamato, Shuichi Ohsato, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made TALEN system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI: 10.1002/bit.25559, 2015年02月05日 (桑田-02) *10
- 大里-04) Takayuki Arazoe, Kennosuke Miyoshi, Thoru Yamato, Tetsuo Ogawa, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made CRISPR/Cas system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI 10.1002/bit.25662., 2015年07月14日 (桑田-03) *11
- 大里-05) Osamu Mizutani, Takayuki Arazoe, Kenji Toshida, Risa Hayashi, Shuichi Ohsato, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata, Osamu Yamada (2017) Detailed analysis of targeted gene mutations caused by the Platinum-Fungal TALENs in *Aspergillus oryzae* RIB40 strain and a ligD disruptant. *Journal of Bioscience and Bioengineering* 123: 287–293, 2016年09月29日 (桑田-05)*12
- 大里-06) Kazuyuki Maeda, Shuichi Ohsato (2017) Molecular genetic characterization of *Fusarium graminearum* genes identified as encoding a precocene II-binding protein. *JSM Mycotoxins* 67:1–3, 2017年01月13日
- 桑田-01) Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Kazuyuki Maeda, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2014) The effect of chemicals on somatic homologous recombination in the rice blast fungus: its possible application for

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- detection of mycotoxins. *JSM Mycotoxins*, 64:141–146, 2014年05月15日(大里-02)
- 桑田-02) Takayuki Arazoe, Tetsuo Ogawa, Kennosuke Miyoshi, Tohru Yamato, Shuichi Ohsato, Tesushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made TALEN system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI: 10.1002/bit.25559, 2015年02月05日(大里-03) *10
- 桑田-03) Takayuki Arazoe, Kennosuke Miyoshi, Thoru Yamato, Tetsuo Ogawa, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made CRISPR/Cas system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI 10.1002/bit.25662., 2015年07月14日(大里-04) *11
- 桑田-04) Yoshimitsu Takakura, Kozue Sofuku, Masako Tsunashima, Shigeru Kuwata (2015) Novel avidin-like proteins with low isoelectric points from shiitake mushroom (*Lentinula edodes*). *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 121: 420–423., 2015年09月05日
- 桑田-05) Osamu Mizutani, Takayuki Arazoe, Kenji Toshida, Risa Hayashi, Shuichi Ohsato, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata, Osamu Yamada (2017) Detailed analysis of targeted gene mutations caused by the Platinum-Fungal TALENs in *Aspergillus oryzae* RIB40 strain and a ligD disruptant. *Journal of Bioscience and Bioengineering* 123: 287–293, 2016年09月29日(大里-05)*12
- 桑田-06) Kuwata Shigeru (2016) Plant viral translation strategies and disease resistance conferred by recessive host genes. *Journal General Plant Pathology* 82:318–322, 2016年10月25日 *13
- 桑田-07) 桑田茂 (2016) 植物ウイルスのタンパク質翻訳戦略と抵抗性について. *日本植物病理学会報* 82:149–152, 2016年10月25日
- 矢野-01) Akira Nakatsuka, Tsuyoshi Nakagawa, Kentaro Yano, Ningjing Sun, Hiroaki Sakata, Kayoko Koyama, Nobuo Kobayashi, Tomoya Esumi, Hiroyuki Itamura (2014) Gene Expression of Pectic Polysaccharide Degrading Enzymes in On-tree Softened ‘Hiratanenashi’ Persimmon Fruit. *Food Preservation Science* 40(4):185–193., 2014年07月01日
- 矢野-02) Naoki Yamamoto, Tomohiro Suzuki, Masaaki Kobayashi, Hideo Dohra, Yohei Sasaki, Hirofumi Hirai, Koji Yokoyama, Hirokazu Kawagishi, Kentaro Yano (2014) A-WINGS: an integrated genome database for *Pleurocybella porrigens* (Angel’s wing oyster mushroom, Sugihiratake). *BMC Research Notes* 7:866. doi:10.1186/1756-0500-7-866, 2014年12月01日
- 矢野-03) Haruyasu Hamada, Takamitsu Kurusu, Hiroshi Nokajima, Masahiro Kiyoduka, Kentaro Yano, Kazuyuki Kuchitsu (2014) Regulation of xylanase elicitor-induced expression of defense-related genes involved in phytoalexin biosynthesis by a cation channel OsTPC1 in suspension-cultured rice cells. *Plant Biotechnology* 31(4):329–334. doi:10.5511/plantbiotechnology.14.0805b, 2014年12月01日
- 矢野-04) Koichiro Aya, Masaaki Kobayashi, Junmu Tanaka, Hajime Ohyanagi, Takayuki Suzuki, Kenji Yano, Tomoyuki Takano, Kentaro Yano, Makoto Matsuoka (2015) De Novo Transcriptome Assembly of a Fern, *Lygodium japonicum*, and a Web Resource Database, Ljtrans DB. *Plant and Cell Physiology* 56(1):e5 doi:10.1093/pcp/pcu184, 2015年01月01日
- 矢野-05) Hajime Ohyanagi, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Masaaki Kobayashi, Maasa Kanno, Kyoko Morimoto, Hiromi Kanegae, Yohei Sasaki, Misa Saito, Satomi Asano, Soichi Ozaki, Toru Kudo, Koji Yokoyama, Koichiro Aya, Keita Suwabe, Go Suzuki, Koh Aoki, Yasutaka Kubo, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Kentaro Yano (2015) Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation. *Plant and Cell Physiology* 56(1):e9 doi:10.1093/pcp/pcu188, 2015年01月01日
- 矢野-06) Naoki Yamamoto, Tomoyuki Takano, Keisuke Tanaka, Taichiro Ishige, Shin Terashima, Chisato Endo, Takamitsu Kurusu, Shunsuke Yajima, Kentaro Yano, Yuichi Tada (2015) Comprehensive analysis of transcriptome response to salinity stress in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus*. *Frontiers in Plant Science* 6: 241 doi:10.3389/fpls.2015.00241 (21 April 2015, Epub: March 26, 2015), 2015年04月21日
- 矢野-07) Yoshitsugu Hirose, Kunihiro Suda, Yao-Guang Liu, Shusei Sato, Yukino Nakamura, Koji Yokoyama, Naoki Yamamoto, Shigeru Hanano, Eiji Takita, Nozomu Sakurai, Hideyuki Suzuki, Yasukazu Nakamura, Takakazu Kaneko, Kentaro Yano, Satoshi Tabata and Daisuke Shibata (2015) Arabidopsis TAC Position Viewer: a high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones aligned with the Arabidopsis thaliana Columbia-0 genome. *The Plant Journal* 83(6):1114–1122. doi: 10.1111/tpj.12949 (8 September 2015, Epub: July 30 2015), 2015年09月08日
- 矢野-08) Naoki Yamamoto, Toru Kudo, Shoko Fujiwara, Yukiko Takatsuka, Yasutaka Hirokawa, Mikio Tsuzuki,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

Tomoyuki Takano, Masaaki Kobayashi, Kunihiro Suda, Erika Asamizu, Koji Yokoyama, Daisuke Shibata, Satoshi Tabata and Kentaro Yano (2016) Pleurochrysome: A web-database of Pleurochrysis transcripts and orthologues among heterogeneous algae. *Plant and Cell Physiology* 57(1):e6 doi:10.1093/pcp/pcv195 (January 2016, Epub: January 7, 2016), 2016年01月01日

矢野-09) Shunsuke Maeda, Satomi Sakazono, Hiromi Masuko-Suzuki, Midori Taguchi, Kaori Yamamura, Kuniaki Nagano, Takashi Endo, Kenichi Saeki, Masaaki Osaka, Moe Nabemoto, Kana Ito, Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Mizuho Kawagishi, Kotomi Fujita, Hikaru Nanjo, Tomoe Shindo, Kentaro Yano, Go Suzuki, Keita Suwabe, and Masao Watanabe (2016) Comparative analysis of microRNA profiles of rice anthers between cool-sensitive and cool-tolerant cultivars under cool-temperature stress. *Genes & Genetic Systems* doi:10.1266/ggs.15-00056, 2016年03月25日

矢野-10) Toru Kudo, Yohei Sasaki, Shin Terashima, Noriko Matsuda-Imai, Tomoyuki Takano, Misa Saito, Maasa Kanno, Soichi Ozaki, Keita Suwabe, Go Suzuki, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Seiji Takayama, Kentaro Yano (2016) Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes & Genetic Systems* 91(2):111-125. doi:10.1266/ggs.15-00065, 2016年04月01日

矢野-11) Chonprakun Thagun, Shunsuke Imanishi, Toru Kudo, Ryo Nakabayashi, Kiyoshi Ohyama, Tetsuya Mori, Koichi Kawamoto, Yukino Nakamura, Minami Katayama, Satoko Nonaka, Chiaki Matsukura, Kentaro Yano, Hiroshi Ezura, Kazuki Saito, Takashi Hashimoto, and Tsubasa Shoji (2016) Jasmonate-responsive ERF transcription factors regulate steroidal glycoalkaloid biosynthesis in tomato. *Plant and Cell Physiology* 57(5):961-975 doi:10.1093/pcp/pcw067, 2016年04月15日

矢野-12) Tomohiro Suzuki, Naoki Yamamoto, Jae-Hoon Choi, Tomoyuki Takano, Yohei Sasaki, Yurika Terashima, Akinobu Ito, Hideo Dohra, Hirofumi Hirai, Yukino Nakamura, Kentaro Yano, Hirokazu Kawagishi (2016) The biosynthetic pathway of 2-azahypoxanthine in fairy-ring forming fungus. *Scientific Reports* 6:39087. doi:10.1038/srep39087, 2016年12月19日

矢野-13) Yukino Nakamura, Toru Kudo, Shin Terashima, Misa Saito, Eiji Nambara, Kentaro Yano (2017) CATchUP: A web database for spatiotemporally regulated genes. *Plant and Cell Physiology* doi:10.1093/pcp/pcw199, 2016年12月23日

矢野-14) Toru Kudo, Shin Terashima, Yuno Takaki, Ken Tomita, Misa Saito, Maasa Kanno, Koji Yokoyama, and Kentaro Yano (2017) PlantExpress: A Database Integrating *OryzaExpress* and *ArthaExpress* for Single-species and Cross-species Gene Expression Network Analyses with Microarray-Based Transcriptome Data. *Plant And Cell Physiology* doi.org/10.1093/pcp/pcw208 58(1):e1, 2017年01月27日

矢野-15) Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Shin Terashima, Minami Katayama, Soichi Ozaki, Maasa Kanno, Misa Saito, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Koh Aoki, Yasutaka Kubo and Kentaro Yano (2017) TOMATOMICS: A Web Database for Integrated Omics Information in Tomato. *Plant and Cell Physiology* doi.org/10.1093/pcp/pcw207 58(1):e1, 2017年01月27日

矢野-16) Chisato Endo, Naoki Yamamoto, Masaaki Kobayashi, Yukino Nakamura, Koji Yokoyama, Takamitsu Kurusu, Kentaro Yano, Yuichi Tada (2017) Development of simple sequence repeat markers in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus* and transferable genotyping across multiple grass genera/species/genotypes. *Euphytica* doi:10.1007/s10681-017-1846-z 213:56, 2017年02月03日

矢野-17) Yaichi Kawakatsu, Hokuto Nakayama, Kaori Kaminoyama, Kaori Igarashi, Masaki Yasugi, Hiroshi Kudoh, Atsushi J. Nagano, Kentaro Yano, Nakao Kubo, Seisuke Kimura (2017) A GLABRA1 ortholog on LG A9 controls trichome number in the Japanese leafy vegetables Mizuna and Mibuna (*Brassica rapa* subsp. *nipposinica*): evidence from QTL analysis. *Journal of Plant Research* doi:10.1007/s10265-017-0917-5, 2017年03月03日

<図書>

- 01) 川上直人, アブシシン酸, 新しい植物ホルモンの科学第3版 浅見忠男・柿本辰男編 講談社 2016年11月21日
- 02) Tomonori Shinya, Tomomi Nakagawa, Hanae Kaku, Naoto Shibuya (2015) Chitin-mediated plant-fungal interactions: catching, hiding and handshaking. *Current Opinion in Plant Biology*, 26, 64-71, 2015年07月01日
- 03) 賀来華江, 渋谷直人, キチンオリゴ糖は受容体のサンドイッチ型ダイマー形成を介して植物免疫を活性化

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

する, 糖鎖を表と裏から認識するユニークな受容体活性化機構, 化学と生物, 53, 726-728 (2015), 2015年10月20日

04) 賀来華江, 分担執筆, 植物の免疫と防御応答の分子機構—免疫と防御応答に関係する糖鎖—, 「植物細胞壁実験法」, (編者, 石井忠, 石水毅, 梅澤俊明, 加藤陽治, 岸本崇生, 小西照子, 松永俊朗), pp 376-379, 弘前大学出版社, 2016年02月26日

05) Flavia Squeglia, Rita Berisio, Naoto Shibuya, Hanae Kaku (2016) Defense against pathogens: structural insights into the mechanism of chitin induced activation of innate immunity. *Current Medicinal Chemistry*, 2017年01月23日

06) 桑田茂, 日比忠明, 大木理(監修), 「植物ウイルス大辞典」朝倉書店, 2015年11月25日

07) 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎, 岩田洋佳 「植物育種のためのオミックス・データ解析入門」育種学研究, Vol.16, No.2, p.93-99. doi:10.1270/jsbbr.16.93 (2014年), 2014年07月01日

08) 「Omics Technologies and Crop Improvement」, Published: October 14, 2014 by CRC Press, Content: 392 Pages | 40 B/W Illustrations, Editor(s): Noureddine Benkeblia, http://www.crcpress.com/product/isbn/9781466586680?j=459303&e=kyano@isc.meiji.ac.jp&l=311_HTML&u=9647419&mid=7004476&jb=3&utm_medium=Email&utm_source=ExactTarget&utm_term=&utm_content=http://view.email.taylorandfrancis.com/?j=fec710757c67047e&utm_campaign=KLN42E_Omics, 明治大グループ(小林・大柳・矢野)は, 下記の章の執筆を担当しました。Omics databases and gene expression networks in plant sciences, 2014年10月14日

09) Hajime Ohyanagi, Takeshi Obayashi, Kentaro Yano. Editorial. *Plant and Cell Physiology* 56 (1): 4-6. doi:10.1093/pcp/pcu206 (2015), 2015年01月01日

10) 神沼英里, 望月孝子, 門田有希, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎 (2015) 「遺伝研スパコンとコマンドラインでのNGSデータ使い倒し講座」育種学研究, Vol.17, No.2, p.88-93. doi:10.1270/jsbbr.17.88, 2015年07月03日

11) Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2015) Chapter 13 Omics Analysis and Databases for Plant Science. *Genomics, Proteomics and Metabolomics in Nutraceuticals and Functional Foods*, Second Edition. Debasis Bagchi, Anand Swaroop, Manashi Bagchi. (Editors), John Wiley & Sons, Ltd., Published Online, pp.150-159. , 2015年08月14日

12) Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2015) Expression Analysis and Genome Annotations with RNA Sequencing. *Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches*. Sablok, G. etal. (Editors), Springer, pp.1-12. , 2015年08月29日

13) 工藤徹, 寺島伸, 矢野健太郎 (2015) 「統合オミックス情報解析と作物育種への利用」月刊バイオインダストリー, 2015年12月号, p.10-16., 2015年12月12日

14) Hajime Ohyanagi, Takeshi Obayashi, and Kentaro Yano (2016) Editorial: *Plant and Cell Physiology's* 2016 Online Database Issue. *Plant Cell Physiol* (2016) 57(1): 1-3 doi:10.1093/pcp/pcu205., 2016年01月01日

15) Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2016) Databases for Solanaceae and Cucurbitaceae Research. *Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops*. Ezura H., Ariizumi T., Garcia-Mas J., Rose J. (Editors), Springer, pp.31-42. , 2016年01月05日

16) 小林 正明, 門田 有希, 望月 孝子, 工藤 徹, 寺島 伸, 中村 幸乃, 中村 保一, 矢野健太郎 (2016) 「Perl講習会」育種学研究, Vol.18, No.1, p.27-33. doi:10.1270/jsbbr.18.27, 2016年03月25日

17) 「植物学の百科事典」(監修・公益社団法人 日本植物学会) 共著(09_吉本 光希ほか多数)丸善出版 生理学:植物の老化, 480-481, 2016年6月., 2017年06月30日

<学会発表>

1. 招待講演

01) Naoto Kawakami, Shigeo Toh and Asuka Watanabe, Regulation mechanism of phytohormone biosynthesis and seed germination at supraoptimal temperature (Oral, Invited), XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, 2014年10月28日

02) H. Kaku & N. Shibuya, Molecular mechanisms of chitin recognition and immune signaling by LysM-receptors, 11th Japan-US seminar: Molecular contact points in host-pathogen co-evolution, ホテルクレメント高松、2015年10月26-29日

03) Yoshitake Desaki, Syohei Takahashi, Kohei yashima, Haruki Koizumi, Takaki Miura, Hiroko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku and Naoto Shibuya, Regulation of immune signaling by

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- an E3 ubiquitin ligase that interacts with Arabidopsis CERK1, 11th Japan-US seminar: Molecular contact points in host-pathogen co-evolution, ホテルクレメント高松、2015年10月26-29日
- 04) 賀来華江, LysM 受容体を介した植物防御応答機構、植物ストレス科学研究シンポジウム—人類の未来のための植物科学—、倉敷芸文館 アイシアター、2016年3月7,8日
- 05) 紀藤圭治、岡田充弘, 質量分析と安定同位体を用いたタンパク質の量的および質的解析方法. 日本遺伝学会第88回大会, 2016年9月7日
- 06) Kentaro Yano, Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. East AsiaAgricultural Genome ScientistForum, Busan, Korea. 2016年12月19-20
- 07) Kentaro Yano, Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. University of Toronto, Canada, 2016年11月1日
- 08) Kentaro Yano, Omics- and Knowledge-based approaches for new advances in the use of valuable genetic resources of crops. The PAG Asia Conference, Finding Function in Crop Genomes Workshop, Grand Copthorne Waterfront Hotel, Singapore, 2016年6月6-8日
- 09) 矢野健太郎, サントリーグローバルイノベーションセンター株式会社セミナー, 「植物有用遺伝資源探索のための大規模オミックス・知識情報を融合したシステムズ・バイオロジーの展開」, サントリーグローバルイノベーションセンター株式会社, 2016年11月29日
- 10) 矢野健太郎, 岡山大学大学院環境生命科学研究科セミナー, 「植物有用遺伝資源の探索のためのオミックス情報解析基盤整備」, 岡山大学, 2016年8月5日
- 11) 矢野健太郎, 「ゲノム解読とオミックス解析に基づく生命科学の新たな展開」, 大阪信愛女学院高等学校, 2016年6月16日
- 12) 矢野健太郎, 「社会人講演会」, 大阪信愛女学院中学校, 2016年6月16日
- 13) Koki Yoshimoto, Adaptation of metabolism in autophagy-defective plants during environmental stresses. 第57回 日本植物生理学会年会, Symposium “Metabolic Biochemistry meets Cell Biology” 岩手大学, 2016年3月18日 *14
- 14) 吉本光希, 植物ペキソファジー: 機能特異的な植物ペルオキシソーム分解によるオルガネラ品質管理機構, 第39回 日本分子生物学会年会, シンポジウム“オルガネロファジー: オートファジーによるオルガネラ破壊の意義とメカニズム” パシフィコ横浜, 2016年11月30日
2. 国際学会
- 01) Yukinori Yoshino, Arata Tanaka, Sonoko Gomibuchi, Kazutaka Akahori, Reo Sugiyama, Aoi Kamoshita and Naoto Kawakami, 「Analysis of Arabidopsis thermoinhibition resistant germination 2 that has defect in aleurone layer and epidermis (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日~29日, 東大・弥生講堂)
- 02) Masanori Kaji, Megumi Morita, Kaiki Shiozawa, Asuka Watanabe and Naoto Kawakami, 「A forward genetic approach for thermoinhibition of Arabidopsis seed germination (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日~29日, 東大・弥生講堂)
- 03) Asuka Watanabe, Takuma Shigeyama, Konatsu Tokuchi, Shigeo Toh, Naoto Kawakami, 「Function of α -xylosidase in xyloglucan oligosaccharide metabolism, cell wall loosening and seed germination (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日~29日, 東大・弥生講堂)
- 04) Takuya Iwamoto, Hitomi Ohtsuki and Naoto Kawakami, 「Dormancy and germination of Arabidopsis seeds and flavonoids in testa (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日~29日, 東大・弥生講堂)
- 05) Watanabe A, Shigeyama T, Tokuchi K, Toh S, Kawakami N 「Function of α -xylosidase in xyloglucan metabolism, cell wall extensibility and seed germination (poster)」, The 26th International Conference on Arabidopsis Research, Paris, 5-9 July 2015
- 06) Masanori Kaji, Shione Kawano, Megumi Morita, Kaiki Shiozawa and Naoto Kawakami, 「Selection of high temperature resistant germination mutants that have defect in abscisic acid regulation at high temperature (poster, selected for short presentation)」, The 26th International Conference on Arabidopsis Research,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

Paris, 5-9 July 2015 *2

- 07) Naoto Kawakami, Masanori Kaji, Shione Kawano 「Selection of Arabidopsis germination mutants that have defect in the regulation of abscisic acid metabolism in response to high temperature」 (oral), 5th Workshop in the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination. Vancouver, 2016年6月1日
- 08) Ryo Tojo, Masahiko Otani, Naoto Kawakami 「Contribution of MAP kinase cascade to seed dormancy of Arabidopsis」 5th Workshop in the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination. Vancouver, 2016年5月31日~6月3日
- 09) Yuki Uchida, Kazutaka Akahori, Reo Sugiyama, Yukinori Yoshino, Michio Sato, Kiminori Toyooka, Naoto Kawakami 「Functional analysis of *TRG2A* gene which is involved in the development of endosperm aleurone in Arabidopsis seed」 5th Workshop in the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination. Vancouver, 2016年5月31日~6月3日
- 10) Naoto Kawakami, Shota Higashi, Tomoki Kishigawa, Shizuka Kojo, Seiya Chikamatsu, Motoki Yamaguchi, Otowa Kameoka 「Selection and characterization of chemicals that modulate the effect of high temperature on abscisic acid and gibberellin action in Arabidopsis seeds」 22nd International Conference on Plant Growth Substances. Toronto, 2016年6月21日~25日
- 11) Masanori Kaji, Shione Kawano, Naoto Kawakami 「Selection of Arabidopsis germination mutants that have defect in abscisic acid and gibberellin regulation at high temperature」 22nd International Conference on Plant Growth Substances. Toronto, 2016年6月21日~25日
- 12) Naoto Kawakami, Yu-ichi Kashiwakura, Daisuke Kobayashi 「Highly sprouting tolerant wheat grain exhibits extreme dormancy and cold imbibition resistant accumulation of abscisic acid」 13th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals. Perth, Western Australia, 2016年9月18日~20日
- 13) Y. Saga, M. Kawashima, N. Kawakami, H. Nakajima, T. Kushiro, 「Characterization of plant and fungal aaRS sequences in search for non-canonical functions. 10th International Symposium on Aminoacyl-tRNA Synthetases」, Barcelona, Spain, 2015年10月19日
- 14) T. Kushiro, Y. Saga, M. Kawashima, Y. Toyoda, S. Sakai, N. Kawakami, H. Nakajima, T. Nakano, M. Wada, K. Endo, K. Ito, 「Studies on plant and fungal tRNA synthetases in search for non-canonical functions」, 26th tRNA Conference. Jeju, Korea, 2016年09月06日
- 15) Keiji Kito, Haruka Ito, Takehiro Nohara, Mihoko Ohnishi, Daisuke, 「Conserved and diverse aspect of proteome profile across multiple yeast species」, 13th Human Proteome Organization World Congress in IFEMA, Madrid, Spain. Oct. 2014, 2014年10月07日
- 16) Keiji Kito, Mitsuhiro Okada, Shunta Kusunoki, Yuko Ishibashi, 「A strategy for large-scale analysis of asymmetric inheritance of old-age proteins at cell division」, Human Proteome Organization 14th World Congress in East Building of the Vancouver Convention Centre, Vancouver, Canada. Sep 2015, 2015年09月27日
- 17) Keiji Kito, Mitsuhiro Okada, Shunta Kusunoki, Satoshi Sugiyama, Yuko Ishibashi. Old-age proteins asymmetrically inherited in mother cells of budding yeast. 15th Human Proteome Organization World Congress in Taipei International Convention Center, Taipei, Taiwan. Sep. 2016., 2016年09月20日
- 18) Maruya Suzuki, Kenkichi Suto, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Shohei Takahashi, Issei Yoshida, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya. Identification and functional analysis of autophosphorylation sites in Arabidopsis CERK1. XVII International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions, The Oregon Convention Center, アメリカ, ポートランド, 2016年7月17日-21日
- 19) Yoshitake Desaki, Shohei Takahashi, Haruki Koizumi, Takaki Miura¹, Kohei Yashima, Yuko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku and Naoto Shibuya. An E3 ubiquitin ligase, PUB4, regulates immune signaling through the interaction with Arabidopsis CERK1. XVII International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions, The Oregon Convention Center, アメリカ, ポートランド, 2016年7月17日-21日
- 20) Miyashita, Shin-ichi; Mitsuhashi, Hiroaki; Fujii, Shin-ichiro; Abo, Mitsuru; Takatsu, Akiko; Inagaki, Kazumi, 「Characterization of nanoparticles uptake and adsorption by red microalgal cells using single particle ICP-MS」, EUROPEAN WINTER CONFERENCE ON PLASMA SPECTROCHEMISTRY 2017, Sankt Anton, Austria, 2017年02月19日
- 21) M. Hayafune, Y. Desaki, M. Kayama, R. Berisio, R. Marchetti, A. Silipo, F. Squeglia, A. Ruggiero, K. Tokuyasu, A. Molinaro, N. Shibuya, H. Kaku, 「Rice chitin receptor CEBiP relies on a unique sandwich-type dimerization for its immune signaling」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

Interactions, 2014年07月06日

- 22) Y. Desaki, J. Jumonji, J. Takeda, M. Suzuki, M. Nakashima, S. Takahashi, K. Yashima, K. Suto, H. Kaku and N. Shibuya, 「Characterization of an Arabidopsis CERK1-interacting E3 ubiquitin ligase」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 2014年07月06日
- 23) Y. Nishizawa, Y. Kouzai, K. Nakajima, K. Ozawa, M. Hayafune, S. Mochizuki, H. Miyazaki, Y. Desaki, E. Minami, H. Kaku, Naoto Shibuya, 「EFFECTS OF HOMOLOGOUS RECOMBINATION-BASED DISRUPTION OF CEBIP OR OSCERK1 ON THE PERCEPTION OF CHITIN AND PEPTIDOGLYCAN, AND IMMUNITY」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 2014.7.6-10, 2014年07月06日
- 24) Y. Desaki, S. Takahashi, K. yashima, H. Koizum, T. Miura, H. Ishibashi, K. Kito, M. Narusaka, Y. Narusaka, H. Kaku and N. Shibuya, 「Regulation of immune signaling by an E3 ubiquitin ligase that interacts with Arabidopsis CERK1」, 11th Japan-US seminar: Molecular contact points in host-pathogen co-evolution, ホテルクレメント高松, 2015年10月26日
- 25) Y. Desaki, K. Yashima, M. Kohari, T. Ueda, H. Kaku, N. Shibuya, 「Membrane traffic components involved in MAMP-triggered callose accumulation in Arabidopsis」, 36th New Phytologist Symposium, “Cell biology at the plant-microbe interface” Eden Hotel Wolff, Munich, Germany, 2015年11月29日
- 26) Yoshitake Desaki, Shohei Takahashi, Haruki Koizumi, Takaki Miura, Kohei Yashima, Yuko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, 「An E3 ubiquitin ligase, PUB4, regulates immune signaling through the interaction with Arabidopsis CERK1」, XVII IS-MPMI, Portland, USA, 2016年7月17-21日
- 27) Maruya Suzuki, Kenkichi Suto, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Shohei Takahashi, Issei Yoshida, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya, 「Identification and functional analysis of autophosphorylation sites in Arabidopsis CERK1」, XVII IS-MPMI, Portland, USA, 2016年7月17-21日
- 28) Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata, 「Highly efficient gene targeting in Pyricularia oryzae by Zinc Finger Nuclease」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 2014年07月07日
- 29) Yaichi Kawakatsu, Kaori Kaminoyama, Kaori Igarashi, Hokuto Nakayama, Nakao Kubo, Kentaro Yano, Seisuke Kimura. 「QTL analysis of leaf morphological traits in Japanese traditional leafy vegetables, Mizuna and Mibuna. 25th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR)」July 2014, Vancouver, British Columbia, Canada., 2014年07月28日
- 30) Hajime Ohyanagi, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Masaaki Kobayashi, Maasa Kanno, Kyoko Morimoto, Hiromi Kanegae, Soichi Ozaki, Toru Kudo, Hayato Matsumura, Yohei Sasaki, Misa Saito, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Koichiro Aya, Keita Suwabe, Go Suzuki, Koh Aoki, Yasutaka Kubo, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Kentaro Yano. CA Plot Viewer and Plant Omics Data Center: 「A GUI-based Tool for Gene Expression Network Construction and an Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation」 12th International Symposium on Rice Functional Genomics, November 2014, Tucson, AZ, USA., 2014年11月16日
- 31) Naoki Yamamoto, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Youhei Sasaki, Maasa Kanno, Kyoko Morimoto, Hiromi Kanegae, Misa Saito, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Koichiro Aya, Keita Suwabe, Go Suzuki, Toshio Sugimoto, Takehiro Masumura, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Kentaro Yano. 「Plant Omics Data Center (PODC): a knowledge-based transcriptomic database for exploring functional gene modules in plants」 GIW / ISCB-Asia 2014, 2014, Tokyo, Japan., 2014年12月15日
- 32) Toru Kudo, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Masaaki Kobayashi, Maasa Kanno, Kyoko Morimoto, Hiromi Kanegae, Soichi Ozaki, Yohei Sasaki, Misa Saito, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Koichiro Aya, Keita Suwabe, Go Suzuki, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano. 「Data Mining in Plant Omics Data Center Suggests Conserved Gene Expression Networks of Molecular Chaperone and Protein Disulfide Isomerase Genes in Different Organs」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日
- 33) Tomoki Matsuda, Mai Matsushima, Moe Nabemoto, Masaaki Osaka, Satomi Sakazono, Hiromi Masuko-Suzuki, Mikio Nakazono, Hirokazu Takahashi, Mikio Nakazono, Megumi Iwano, Seiji Takayama, Kentaro K. Shimizu, Kentaro Yano, Go Suzuki, Masao Watanabe, Keita Suwabe. 「Comparative Transcriptome Analysis Between Pre- and Post-Pollination in Arabidopsis thaliana」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 34) Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Hajime Ohyanagi, Maasa Kanno, Yohei Sasaki, Koji Yokoyama, Koichiro Aya, Keita Suwabe, Go Suzuki, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Kentaro Yano. 「Plant Omics Data Center (PODC) : The Integrated Web Repository for Intra- and Interspecies Gene Expression Networks」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日
- 35) Mai Matsushima, Mei Ando, Tomoki Matsuda, Moe Nabemoto, Mikako Sone, Kenichiro Hiroi, Satomi Sakazono, Hiromi Masuko-Suzuki, Kentaro Yano, Go Suzuki, Masao Watanabe, Keita Suwabe. 「Establishment of Dynamic Imaging of Pollination in Arabidopsis thaliana」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日
- 36) Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Hideki Takanashi, Atsushi J. Nagano, Hitoshi Tainaka, Tsuyoshi Tokunaga, Takashi Sazuka, Hiroyoshi Iwata, Nobuhiro Tsutsumi, Kentaro Yano. 「Heap: A SNPs Detection Tool for NGS Data with Special Reference to GWAS and Genomic Prediction」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日
- 37) Yohei Sasaki, Kentaro Yano, Hajime Ohyanagi, Tomoyuki Takano, Masaaki Kobayashi, Shin Terashima, Naoki Yamamoto, Masato Otani, Eiji Nambara. 「A Comprehensive Method and Tool for Identifying Conserved Cis-Element Motifs on the Basis of Large-Scale Gene Expression and Sequence Data」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日
- 38) Soichi Ozaki, Masaaki Kobayashi, Maasa Kanno, Kyoko Morimoto, Mai Takazawa, Koh Aoki, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano. 「TOMATOMICS: An Integrated Database for Omics Information in Tomato」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月12日
- 39) Kentaro Yano, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Yukino Nakamura. 「A GUI Application "CA Plot Viewer" for Large-Scale Gene Expression Analysis with Next-Generation Sequencing Technology」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 10-14, 2015, San Diego, CA, USA, 2015年01月12日
- 40) Eiji Nambara, Masato Otani, Yohei Sasaki, Kentaro Yano. 「A Comparative Transcriptome Analysis on Growth Regulation Between Seeds and Buds of Arabidopsis」 International Plant and Animal Genome XXIII, January 2015, San Diego, CA, USA., 2015年01月13日
- 41) Hajime Ohyanagi, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Maasa Kanno, Misa Saito, Noriko Matsuda, Toru Kudo, Satomi Asano, Yohei Sasaki, Soichi Ozaki, Masaaki Kobayashi, Koji Yokoyama, Kentaro Yano, 「Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation」, Plant and Animal Genome ASIA 2015, SINGAPORE, 2015年07月13日
- 42) Kentaro Yano, Shin Terashima, Minami Katayama, Tomoyuki Takano, Toru Kudo, Maasa Kanno, Misa Saito, Noriko Matsuda-Imai, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Koh Aoki, Hajime Ohyanagi, 「Web-databases podc and tomatomics for the seamless integration of large-scale omics and knowledge-based information」 The 12th Solanaceae Conference, France, Bordeaux, ENSEIRB conference hall, 2015年10月25日
- 43) Kentaro Yano, Shin Terashima, Yukino Nakamura, Minami Katayama, Yuno Takaki, Kataru Onosato, Tomoyuki Takano, Yohei Sasaki, Maasa Kanno, Misa Saito, Noriko Matsuda, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Yoshifumi Tada, Hiroshi Chiba, Hajime Ohyanagi, Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, 「A GUI Application 'CA Plot Viewer' for Large-Scale Gene Expression Analysis and Databases for Gene Expression Networks」. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016年01月09日
- 44) Toru Kudo, Yohei Sasaki, Shin Terashima, Noriko Matsuda, Tomoyuki Takano, Misa Saito, Maasa Kanno, Keita Suwabe, Go Suzuki, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Seiji Takayama, Kentaro Yano, 「Identification of Reference Genes for Quantitative Expression Analysis Using Large-scale RNA-seq Data of Arabidopsis thaliana and Model Crop Plants」. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016年01月09日
- 45) Shin Terashima, Toru Kudo, Tomoyuki Takano, Maasa Kanno, Misa Saito, Noriko Matsuda, Satomi Asano, Yohei Sasaki, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano, 「Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation」. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016年01月09日
- 46) Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano, 「A Bioinformatics Tool Searching for Genome-Wide SSR Markers by Using High-Throughput Sequencing Data」. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016年01月09日
- 47) Motoyuki Ishimori, Hiromi Kajiya-Kanegae, Hideki Takanashi, Masaru Fujimoto, Mai Minamikawa, Taichi Koshiba, Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano, Tsuyoshi Tokunaga, Nobuhiro Tsutsumi, Hiroyoshi Iwata, 「Genome-Wide Association Study of Traits Involved in Biofuel Production in Sorghum」. International Plant and Animal Genome XXIV, San Diego, CA, USA, 2016年01月09日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 48) Kentaro Yano, Shin Terashima, Yukino Nakamura, Toru Kudo, Maasa Kanno, Misa Saito, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, 「Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks and Knowledge-based Information on Gene Functions」, Plant & Animal Genome ASIA 2016, 2016年06月06日
- 49) Kentaro Yano, Shin Terashima, Yukino Nakamura, Toru Kudo, Maasa Kanno, Misa Saito, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, 「Omics- and Knowledge-based approaches for new advances in the use of valuable genetic resources of crops」. Plant and Animal Genome ASIA 2016, 2016年06月06日
- 50) Matt Shenton, Hajime Ohyanagi, Masaaki Kobayashi, Nobuko Ohmido, Dario Copetti, One other tbc, Masahiro Fujita, Atsushi Toyoda, David Kudrna, Rod Wing, Tomoyuki Takano, Shin Terashima, Hiroshi Ikawa, Kentaro Yano, Asao Fujiyama, Hiroyasu Furuumi, Takahiko Kubo, Ken-Ichi Nonomura, Yutaka Sato, Nori Kurata, 「Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza C* genome」, 14th International Symposium on Rice Functional Genomics, 2016年09月26日
- 51) Yukino Nakamura, Toru Kudo, Shin Terashima, Misa Saito, Eiji Nambara, Kentaro Yano, 「CATchUP: A Web Database for Spatiotemporally Expressed Genes」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 52) Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Shin Terashima, Minami Katayama, Misa Saito, Maasa Kanno, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano, 「Prediction of Gene Structures Using Public Sequencing Data of RNA-Seq and cDNA in *Solanum lycopersicum*」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 53) Kentaro Yano, Shin Terashima, Yukino Nakamura, Maasa Kanno, Misa Saito, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, 「A GUI Application CA Plot Viewer”: Large-Scale Gene Expression Network Analysis and Web Databases for Crops」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 54) Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Hideki Takanashi, Satomi Asano, Toru Kudo, Hiromi Kajiya-Kanegae, Atsushi J. Nagano, Hitoshi Tainaka, Tsuyoshi Tokunaga, Takashi Sazuka, Hiroyoshi Iwata, Nobuhiro Tsutsumi, Kentaro Yano, 「Heap: A Highly Sensitive and Accurate SNP Calling Tool with Low-Coverage High-Throughput Sequencing Data」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 55) Tomoaki Hori, Hideki Takanashi, Masaru Fujimoto, Hiromi Kajiya-Kanegae, Kiyoshi Yamazaki, Tsuneo Hakoyama, Mai Minamikawa, Atsushi Nagano, Masaaki Kobayashi, Takashi Sazuka, Kentaro Yano, Tsuyoshi Tokunaga, Toru Fujiwara, 「Nobuhiro Tsutsumi, Hiroyoshi Iwata, Multi-Task Learning for Genomic Prediction Robust to Missing Data in Multi-Environmental Trials」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 56) Motoyuki Ishimori, Kiyoshi Yamazaki, Hiromi Kajiya-Kanegae, Masaru Fujimoto, Hideki Takanashi, Mai Minamikawa, Tomoaki Hori, Taichi Koshiba, Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano, Tsuyoshi Tokunaga, Nobuhiro Tsutsumi, Toru Fujiwara, Hiroyoshi Iwata, 「Genomic Prediction of the F1 Performance in Sorghum」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 57) Hideki Takanashi, Hiromi Kajiya-Kanegae, Motoyuki Ishimori, Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano, Rie Hijiya, Norikazu Ohnishi, Fiona Wacera, Hiroyoshi Iwata, Wataru Sakamoto, Nobuhiro Tsutsumi, 「Mapping of QTLs Associated with Awn Length in Sorghum Recombinant Inbred Lines」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日
- 58) Mitsutoshi Shichijo, Hideki Takanashi, Yuki Sano, Masaru Fujimoto, Hiromi Kajiya-Kanegae, Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano, Taichi Koshiba, Tsuyoshi Tokunaga, Hiroyoshi Iwata, Wataru Sakamoto, Nobuhiro Tsutsumi, 「GWAS and QTL Analysis of Anthocyanin Pigmentation in Sorghum」, PLANT & ANIMAL GENOME XXV, 2017年01月14日

3. 国内学会

- 01) 渡邊飛鳥, 藤茂雄, Soohwan Lim, Jeongmoo Park, 山口信次郎, 南原英司, 神谷勇治, Giltso Choi, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子において, 高温は PIL5 タンパク質の蓄積誘導を介して, 光発芽を抑制する」, 日本植物学会第78回大会(川崎・生田)2014年9月12日
- 02) 赤堀一貴, 吉野幸則, 五味渕苑子, 杉山礼央, 鴨志田葵, 川上直人, 「種子の糊粉層形成に異常を持つシロイヌナズナの突然変異体 *trg2* の解析」, 日本植物学会第78回大会(川崎・生田)2014年9月13日
- 03) 東翔太, 水内恭平, 近松誠也, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子発芽の高温阻害を攪乱する化合物の選抜とその作用解析」, 植物化学調節学会第49回大会(京都)2014年10月18日
- 04) 岩本 拓也, 大槻 瞳, 川上 直人, 「シロイヌナズナ種子の休眠と種皮のカテキン-タンニン」, 植物化学調

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 節学会第 49 回大会(京都)2014 年 10 月 18 日
- 05) 渡邊飛鳥, 藤茂雄, 川上直人, 「高温はフィトクロム結合タンパク質, PIL5 の作用誘導を介して植物ホルモン合成を制御し, 光発芽を抑制する」, 第 35 回種子生理生化学研究会年会(新潟・岩室温泉)2014 年 11 月 15 日
 - 06) 渡邊飛鳥, 重山拓摩, 徳地小夏, 藤茂雄, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子発芽時の細胞伸長における α -キシロシダーゼの役割」, 第 56 回日本植物生理学会年会(東京)2015 年 3 月 16 日
 - 07) 吉野幸則, 赤堀一貴, 杉山礼央, 鴨志田葵, 内田悠輝, 田中新太, 五味渕苑子, 佐藤道夫, 川上直人, 「胚乳最外層の消失と植物体の形態異常をもたらすシロイヌナズナ *trg2* 突然変異の解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会(東京)2015 年 3 月 17 日
 - 08) 大沼夏樹, 川上直人, 「シロイヌナズナの胎生発芽突然変異体, YY10-4 の解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会(東京)2015 年 3 月 18 日
 - 09) 川上直人, 「種子休眠の形成と維持・低下の分子機構」, 第 19 回穂発芽研究会(帯広畜産大学)2015 年 6 月 25 日
 - 10) 杉山礼央, 吉野幸則, 赤堀一貴, 内田悠稀, 川上直人, 「アダプチン結合領域を持つ TRG2 タンパク質の機能解析(ポスター)」, 日本植物学会第 79 回大会(新潟)2015 年 9 月 7 日
 - 11) 東翔太, 岸川智紀, 小城静香, 近松誠也, 水内恭平, 大橋世弥, 那須雄太, 川上直人, 「種子発芽の温度反応性を攪乱する化合物の選抜と解析」, 第 36 回種子生理生化学研究会(松本市美ヶ原温泉)2015 年 11 月 7 日
 - 12) 川島萌華, 佐賀裕亮, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索(ポスター)」, 第 38 回日本分子生物学会年会(神戸)2015 年 12 月 2 日
 - 13) 赤堀一貴, 杉山礼央, 内田悠稀, 吉野幸則, 佐藤道夫, 豊岡公徳, 川上直人, 「種子の糊粉層の形成・維持に関わるシロイヌナズナの TRG2A タンパク質の解析(口頭)」, 第 57 回日本植物生理学会年会(岩手)2016 年 3 月 18 日
 - 14) 川島萌華, 佐賀裕亮, 伊藤耕一, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索(ポスター)」, 第 57 回日本植物生理学会年会(岩手)2016 年 3 月 18 日
 - 15) 岸川智紀, 山口源貴, 亀岡音羽, 小城静香, 近松誠也, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子発芽において高温による発芽阻害効果を高める化合物の選抜と解析(ポスター)」, 第 57 回日本植物生理学会年会(岩手)2016 年 3 月 18 日
 - 16) 山口源貴, 亀岡音羽, 岸川智紀, 川上直人 「シロイヌナズナ種子におけるアブシジン酸合成を促進し、温度に依存して発芽を阻害する化合物の選抜と解析」 植物化学調節学会第 51 回大会(高知)2016 年 10 月 29 日 *4
 - 17) 亀岡音羽, 山口源貴, 東翔太, 川上直人 「シロイヌナズナ種子発芽の高温阻害を緩和する化合物と植物ホルモン作用の関連」 植物化学調節学会第 51 回大会(高知)2016 年 10 月 30 日
 - 18) 渡邊飛鳥, 中澤祐樹, 藤茂雄, Giltso Choi, 川上直人 「昼夜で異なる、温度による種子発芽の制御」 生命システムの熱科学(岡崎)2016 年 12 月 10 日~11 日
 - 19) 中澤祐樹, 渡邊飛鳥, 藤茂雄, 川上直人 「温度による種子発芽の制御には、明暗で異なる因子が働く」 第 58 回日本植物生理学会年会(鹿児島)2017 年 3 月 16 日 *5
 - 20) 川島萌華, 佐賀裕亮, 坂井志帆, 中野雄司, 川上直人, 久城哲夫 「シロイヌナズナ由来ヒスチジル tRNA 合成酵素の新規機能の探索」 第 58 回日本植物生理学会年会(鹿児島)2017 年 3 月 16 日
 - 21) 鄭李鵬, 東城僚, 大谷真彦, 大森涼葉, 杉本和彦, 川上直人 「異なる種から同定された種子休眠制御遺伝子のシロイヌナズナにおける遺伝的相互作用」 第 58 回日本植物生理学会年会(鹿児島)2017 年 3 月 18 日
 - 22) 阿部晋, 山上あゆみ, 市川尚齊, 松井南, 長田裕之, 久城哲夫, 浅見忠男, 中野雄司, 「緑化制御機能をもつブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 の分子機能解析と相互作用因子の探索」, 植物化学調節学会第 49 回大会, 2014 年 10 月 17 日~19 日, 2014 年 10 月 17 日
 - 23) 阿部晋, 山上あゆみ, 市川尚齊, 松井南, 長田裕之, 久城哲夫, 浅見忠男, 中野雄司, 「緑化調節を制御するブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 はクロロフィル生合成の転写因子 GLK1,2 と相互作用する」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 3 月 16 日~18 日, 2015 年 03 月 17 日
 - 24) 田中翔太, 藤岡昭三, 久城哲夫, 長田裕之, 浅見忠男, 中野雄司, 「新規植物カルス形成促進化合物 FPX と新規植物成長促進化合物 PPG の同定と生理作用解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 03 月 18 日
 - 25) 佐賀裕亮, 荒木健志, 丸上萌々, 荒谷博, 齊藤和季, 山崎真己, 鈴木秀幸, 久城哲夫, 「ヒカゲノカズラ由来オノセリン生合成に関与する環化酵素遺伝子の同定」, 第 33 回日本植物細胞分子生物学会(東京)大会, 2015 年 08 月 10 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 26) 田中翔太, 藤岡昭三, 久城哲夫, 長田裕之, 篠崎一雄, 浅見忠男, 中野雄司, 「植物成長促進化合物 PPG の生理作用解析とターゲットタンパク質の探索」, 植物化学調節学会第 50 回大会, 2015 年 10 月 23 日
- 27) 川島萌華, 佐賀祐亮, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 02 日
- 28) 川島萌華, 佐賀祐亮, 伊藤耕一, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016 年 03 月 18 日
- 29) 田中翔太, 藤岡昭三, 久城哲夫, 長田裕之, 篠崎一雄, 浅見忠男, 中野雄司, 「植物成長促進化合物 PPG 及び新規カルス誘導化合物 FPX のケミカルバイオロジー研究」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016 年 03 月 19 日
- 30) 田中翔太, 藤岡昭三, 久城哲夫, 長田裕之, 篠崎一雄, 浅見忠男, 中野雄司, 「新規化合物 FPX によるカルス誘導活性, 植物成長促進活性およびブラシノステロイド情報伝達における分子機構」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 28 日
- 31) 佐賀祐亮, 荒木健志, 丸上萌々, 大高潤之介, 荒谷博, 齊藤和季, 山崎真己, 鈴木秀幸, 久城哲夫, 「ヒカゲノカズラ由来オノセリンおよびセラタン型トリテルペンの生合成遺伝子の同定」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 28 日
- 32) 豊田陽平, 川島萌華, 佐賀祐亮, 和田美紀, 伊藤耕一, 久城哲夫, 「シロイヌナズナ由来二量体型チロシル tRNA 合成酵素の機能解析」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 28 日
- 33) 川名誠, 相馬史幸, 小竹英一, 都築和香子, 長尾昭彦, 川上直人, 久城哲夫, 「シロイヌナズナ由来カロテノイド異性化酵素の探索」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 28 日 *5
- 34) 丸上萌々, 阿部晋, 山上あゆみ, 市川尚斉, 松井南, 久城哲夫, 篠崎一雄, 浅見忠男, 中野雄司, 「ブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 の概日リズム同調的な発現と緑化促進活性の解析」, 植物化学調節学会第 51 回大会, 2016 年 10 月 29 日
- 35) 竹野駿, 田中翔太, 山上あゆみ, 嶋田せつこ, 松井南, 箕雄介, 嶋田幸久, 大谷美沙都, 出村拓, 久城哲夫, 浅見忠男, 篠崎一雄, 中野雄司, 「植物成長促進化合物 PPG の生理機能の解明とターゲットタンパク質の探索」, 植物化学調節学会第 51 回大会, 2016 年 10 月 29 日
- 36) 豊田陽平, 川島萌華, 佐賀祐亮, 和田美紀, 伊藤耕一, 久城哲夫, 「シロイヌナズナ由来二量体型チロシル tRNA 合成酵素の機能解析」, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
- 37) 川島萌華, 佐賀祐亮, 坂井志帆, 中野雄司, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索」, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 12 月 02 日
- 38) 紀藤圭治, 「定量解析からみた酵母種間におけるプロテオームの保存性と多様性」, 日本プロテオーム学会 2014 年大会, 2014 年 07 月 17 日
- 39) 古澤和俊, 武田大祐, 伊藤遼, 大西美帆子, 野原健弘, 紀藤圭治, 「分析を用いた酵母種間の比較プロテオミクス」, 日本プロテオーム学会 2014 年大会, 2014 年 07 月 17 日
- 40) 岡田充弘, 佐藤慶, 武田大祐, 紀藤圭治, 「出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の質量分析による網羅的解析」, 日本プロテオーム学会 2014 年大会, 2014 年 07 月 17 日
- 41) 古澤和俊, 野原健弘, 伊藤遼, 大西美帆子, 武田大祐, 紀藤圭治, 「酵母種間で代謝酵素群と重複遺伝子の発現プロファイルはどのくらい似ているか」, 酵母遺伝学フォーラム第 47 回研究報告会, 2014 年 09 月 01 日
- 42) 岡田充弘, 佐藤慶, 楠竣太, 武田大祐, 紀藤圭治, 「出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の質量分析による網羅的解析」, 第 37 回日本分子生物学会年会, 2014 年 11 月 25 日
- 43) 古澤和俊, 武田大祐, 伊藤遼, 大西美帆子, 野原健弘, 佐賀証孝, 矢島宙岳, 紀藤圭治, 「酵母種間におけるタンパク質発現プロファイルの比較解析」, 第 37 回日本分子生物学会年会, 2014 年 11 月 25 日
- 44) 古澤和俊, 伊藤遼, 野原健弘, 矢島宙岳, 石橋裕子, 大西美帆子, 武田大祐, 紀藤圭治, 「異なる炭素源や熱ストレス存在下での *S. cerevisiae* と *C. glabrata* のプロテオームの比較解析」, 日本プロテオーム学会 2015 年大会, 2015 年 07 月 23 日 *6
- 45) 矢島宙岳, 尾松祐太, 完戸麻里香, 石橋裕子, 伊藤遼, 野原健弘, 紀藤圭治, 「PCS-MS 法による酵母種間における重複遺伝子発現量の比較解析」, 日本プロテオーム学会 2015 年大会, 2015 年 07 月 23 日
- 46) 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 須藤健吉, 吉田一誠, 中島正登, 大西美帆子, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析」, 日本植物病理学会平成 27 年度植物感染生理談話会, 2015 年 08 月 24 日
- 47) 小泉春樹, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 によるリン酸化を介した PUB4 の機能制御」, 日本植物病理学会平成 27 年度植物感染生理談話会, 2015 年 08 月 24 日
- 48) 岡田充弘, 楠竣太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治, 「出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の網羅的解析」, 酵母遺伝学フォーラム第 48 回研究報告会, 2015 年 08 月 31 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 49) 古澤和俊, 石橋裕子, 武田大祐, 紀藤圭治, 「様々な生育条件下での *S. cerevisiae* と *C. glabrata* の比較プロテオーム解析」, 酵母遺伝学フォーラム第 48 回研究報告会, 2015 年 08 月 31 日
- 50) 岡田充弘, 楠俊太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治, 「出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 01 日
- 51) 古澤和俊, 石橋裕子, 寺川瑛, 鳥居幸也, 紀藤圭治, 「*S. cerevisiae* と *C. glabrata* における熱ストレス耐性に関わるプロテオーム発現プロファイルの比較解析」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 01 日
- 52) 矢島宙岳, 完戸麻里香, 石橋裕子, 伊藤遼, 野原健弘, 紀藤圭治, 「出芽酵母における遺伝子重複によるタンパク質発現量への影響」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 01 日
- 53) 須藤健吉, 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の同定と機能解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016 年 03 月 18 日
- 54) 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八島航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016 年 03 月 18 日
- 55) 出崎能文, 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八島航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 2016 年 03 月 21 日
- 56) 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化部位の機能解析」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 2016 年 03 月 21 日
- 57) 紀藤圭治. 酵母種間の比較プロテオミクス. 2016 年 7 月、日本プロテオーム学会 2016 年大会, 2016 年 07 月 28 日
- 58) 紀藤圭治、岡田充弘. 質量分析と安定同位体を用いたタンパク質の量的および質的解析方法. 2016 年 9 月、日本遺伝学会第 88 回大会, 2016 年 09 月 07 日
- 59) 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
- 60) 古澤和俊、石橋裕子、鳥居幸也、紀藤圭治. 熱耐性に関わる新規タンパク質を特定するための酵母種間での比較プロテオミクス. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
- 61) 杉山知史、岡田 充弘、楠俊太、陳思キ、紀藤圭治. 出芽酵母における老化タンパク質の分裂寿命への影響. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
- 62) 寺川瑛、畔上楓、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母におけるプロテオーム資源分配の最適化と細胞増殖能との関係. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
- 63) 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治. 質量分析を用いた細胞分裂時におけるタンパク質不均等分配の網羅的解析. 2016 年 9 月、酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 2016 年 09 月 10 日
- 64) 古澤和俊、石橋裕子、鳥居幸也、紀藤圭治. 酵母種間での比較プロテオーム解析による熱耐性に関わるタンパク質の探索. 2016 年 9 月、酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 2016 年 09 月 10 日
- 65) 寺川瑛、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母における代謝および翻訳へのプロテオーム資源分配と細胞増殖との関係. 2016 年 9 月、酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 2016 年 09 月 09 日
- 66) 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配のプロテオーム解析. 2016 年 7 月、日本プロテオーム学会 2016 年大会, 2016 年 07 月 29 日
- 67) 古澤和俊、石橋裕子、鳥居幸也、紀藤圭治. 酵母種間でのプロテオーム比較解析による熱耐性に関わるタンパク質の探索. 2016 年 7 月、日本プロテオーム学会 2016 年大会, 2016 年 07 月 29 日 *7
- 68) 寺川瑛、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母におけるプロテオーム資源分配最適化の細胞増殖能への影響. 2016 年 7 月、日本プロテオーム学会 2016 年大会, 2016 年 07 月 29 日
- 69) 塚田岳大、吉田彩舟、紀藤圭治、藤原研、八子英司、堀口幸太郎、屋代隆、加藤たか子、加藤幸雄. 下垂体由来株化細胞 TtT/GF の分化能の検討と TGF β の関与. 第 41 回日本比較内分泌学会大会, 2016 年 12 月 09 日
- 70) 吉田一誠、鈴木丸陽、須藤健吉、渋谷匡俊、島田日加瑠、元山記子、高橋昌平、大西美帆子、石橋裕子、出崎能文、賀来華江、紀藤圭治、渋谷直人. キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析. 日本植物病理学会平成 28 年度植物感染生理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016 年 8 月 10-12 日.
- 71) 松井紗樹、中島正登、三浦駿希、田中優太、大西美帆子、紀藤圭治、出崎能文、賀来華江、渋谷直人. シロイヌナズナ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析. 日本植物病理学会平成 28 年度植物感染生

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016年8月10-12日.
- 72) 小泉春樹、三浦駿希、小針政輝、鈴木丸陽、澤進一郎、石橋裕子、紀藤圭治、出崎能文、渋谷直人、賀来華江. ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化を介してシグナル伝達を制御する. 第 58 回日本植物生理学会年会, 2017 年 3 月 16-18 日
 - 73) 長谷部誉人, 東良太, 吉野将紀, 岡部勝美, 安保充, 「C4D 検出器を利用した NFT 型水耕液の簡易分析 (その 2)」, 日本農芸化学会 2015 年度大会 (岡山), 2015 年 03 月 26 日
 - 74) 三橋弘明, 宮下振一, 藤井紳一郎, 安保充, 高津章子, 日置昭治, 稲垣和三, 「微細藻類における金属ナノ粒子の取り込み・吸着解析」, CSJ 化学フェスタ 2015 年度大会, 2015 年 10 月 15 日
 - 75) 三橋弘明, 宮下振一, 藤井 紳一郎, 安保充, 高津章子, 日置昭治, 稲垣和三, 「単一細胞元素分析による微細藻類と金属ナノ粒子の相互作用解析」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 29 日
 - 76) 菊地俊介, 須山隆大, 城所美紀, 安保充, 「塩ストレス応答時の植物根蛍光滲出物の解析」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 30 日
 - 77) 江口朋宏, 長谷部誉人, 戸澤謙, 安保充, 「ストレス応答に関与する低分子リン酸化合物の分析法の開発」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 30 日
 - 78) 長谷部誉人, 植山智紗, 吉野将紀, 岡部勝美, 安保充, 「C4D 検出器の現場分析への応用」, 日本農芸化学会 2017 年度大会, 2017 年 03 月 20 日
 - 79) 西片百合, 荒城新, 松崎雅広, 安保充, 「微生物資材の植物への作用機作の研究」, 日本農芸化学会 2017 年度大会, 2017 年 03 月 20 日
 - 80) 出崎能文, 十文字純一, 竹田潤, 鈴木丸陽, 中島正登, 高橋昌平, 八嶋航平, 須藤健吉, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼの機能解析」, 平成 26 年度植物病理学会, 2014 年 06 月 02 日
 - 81) 香西雄介, 中島敬介, 望月進, 宮崎秀夫, 出崎能文, 青柳伸代, 賀来華江, 渋谷直人, 南栄一, 西澤洋子, 「OsCERK1 はイネのペプチドグリカン応答に関与する」, 平成 26 年度植物病理学会, 2014 年 06 月 02 日
 - 82) 白坂昂, 早船真広, 西澤洋子, Rita Berisio, 小沢憲二郎, 渋谷直人, 賀来華江, 「イキチン受容体 CEBiP の Ile122 残基に変異を導入したイネ細胞の防御応答解析」, 平成 26 年度植物感染生理談話会, 2014 年 08 月 06 日
 - 83) 栗原渉, 見澤大介, 早船真広, 渋谷直人, 賀来華江, 「GPI アンカー型受容体 CEBiP の機能を保持したタグ挿入位置の探索」, 平成 26 年度植物感染生理談話会, 2014 年 08 月 06 日
 - 84) 須藤健吉, 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 藤本瑞, 大西美帆子, 出崎能文, 紀藤圭治, 賀来華江, 渋谷直人, 「大腸菌発現タンパク質を用いたシロイヌナズナキチン受容体キナーゼの機能解析」, 平成 26 年度植物感染生理談話会, 2014 年 08 月 06 日
 - 85) 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 中島正登, 鈴木丸陽, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の機能解析」平成 26 年度植物感染生理談話会, 2014 年 08 月 06 日
 - 86) 出崎能文, 十文字純一, 竹田潤, 鈴木丸陽, 中島正登, 高橋昌平, 八嶋航平, 須藤健吉, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼの機能解析」平成 26 年度植物感染生理談話会, 2014 年 08 月 06 日
 - 87) 中島正登, 渋谷匡俊, 田中優太, 椎野聖大, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 03 月 16 日
 - 88) 高橋昌平, 中島正登, 八嶋航平, 須藤健吉, 小泉春樹, 三浦駿希, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用因子する E3 ユビキチンリガーゼの機能解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 03 月 16 日
 - 89) 渋谷匡俊, 須藤憲吉, 島田日加瑠, 鈴木丸陽, 中島正登, 辻本 奈都美, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ CERK1 の自己リン酸化はキナーゼの活性化と基質の特異的リン酸化を通じてキチン応答を制御する」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 42079
 - 90) 八嶋航平, 小針政輝, 住谷雄介, 上田貴志, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「植物免疫応答としてのカロース蓄積に関わる膜交通系因子の解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 2015 年 03 月 18 日
 - 91) 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 須藤健吉, 吉田一誠, 中島正登, 大西美帆子, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析」, 平成 27 年度植物感染生理談話会, 2015 年 08 月 24 日
 - 92) 高橋昌平, 三浦駿希, 八嶋航平, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能文, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼ PUB4 による免疫シグナリング制御」, 平成 27 年度植物感染生理談話会,

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

2015年08月24日

- 93) 小針政輝, 八嶋航平, 上田貴志, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「植物免疫応答としてのカロース蓄積に関わる膜交通系因子の解析」, 平成27年度植物感染生理談話会, 2015年08月24日
- 94) 小泉春樹, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1によるリン酸化を介した PUB4の機能制御」, 平成27年度植物感染生理談話会, 2015年08月24日
- 95) 八嶋航平, 小針政輝, 上田貴志, 西村いくこ, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズンのMAMP 応答性カロース蓄積に関する膜交通系因子の解析」, 第57回日本植物生理学会年会, 2016年03月18日
- 96) 白坂昂, 栗原渉, 早船真広, 西澤洋子, 渋谷直人, 賀来華江, 「Structure - biological function relationship of rice chitin receptor CEBiP」, 第57回日本植物生理学会年会, 2016年03月18日
- 97) 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八嶋航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 第57回日本植物生理学会年会, 2016年03月18日
- 98) 須藤健吉, 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の同定と機能解析」, 第57回日本植物生理学会年会, 2016年03月18日
- 99) 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化部位の機能解析」, 平成28年度日本植物病理学会大会, 2016年03月21日
- 100) 出崎能丈, 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八嶋航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 平成28年度日本植物病理学会大会, 2016年03月21日
- 101) 吉田一誠, 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 大西美帆子, 石橋裕子, 出崎能丈, 賀来華江, 紀藤圭治, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析」, 平成28年度植物感染生理談話会, 42592
- 102) 増田善樹, 栗原渉, 渡邊瞳, 関口吉則, 早船真広, 出崎能丈, 西澤洋子, 渋谷直人, 賀来華江, 「イネキチン受容体の動態解析へ向けた実験系構築」, 平成28年度植物感染生理談話会, 42592
- 103) 松井紗樹, 中島正登, 三浦駿希, 田中優太, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析」, 平成28年度植物感染生理談話会, 42592
- 104) 岩瀬良, 島田日加瑠, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「可溶性ペプチドグリカン断片の調製とそのエリクター活性評価」, 平成28年度植物感染生理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016年8月10日-12日
- 105) 賀来華江, Rita Berisio, Antonio Molinaro, 渋谷直人, 「キチンオリゴ糖による植物免疫受容体の活性化機構」, 第35回日本糖質学会年会, 高知市文化プラザ かるぼーと, 2016年9月1日-3日
- 106) 小泉春樹, 三浦駿希, 小針政輝, 鈴木丸陽, 澤進一郎, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 渋谷直人, 賀来華江, 「ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化を介してシグナル伝達を制御する」, 第58回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学, 郡元キャンパス, 2017年3月16日-18日
- 107) 鈴木丸陽, 渡邊巧, 出崎能丈, 渋谷直人, 賀来華江, 「シロイヌナズナ CERK1 の自己リン酸化部位 Y428 はキナーゼの活性化を通じてキチン応答を制御する」, 第58回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学, 郡元キャンパス, 2017年3月16日-18日
- 108) 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの単離と機能解析」, 平成26年度日本植物病理学会, 2014年06月03日
- 109) 荒添貴之, 用之丸哲也, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「Platinum Gate TALEN システムを用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子ターゲティング」, 平成26年度日本植物病理学会, 2014年06月04日
- 110) 水谷治, 荒添貴之, 利田賢次, 林梨咲, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 山田修, 「TALEN を用いた麹菌 *Aspergillus oryzae* におけるゲノム編集」, 第4回ゲノム編集研究会, 2014年10月06日
- 111) 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 Platinum TALEN の作製とイネいもち病菌(糸状菌)におけるゲノム編集」, 第4回ゲノム編集研究会, 2014年10月06日
- 112) 荒添貴之, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「植物病原糸状菌(イネいもち病菌)のゲノム編集および変異機構解析に向けて」, 植物ゲノム編集ワークショップ, 2014年11月04日
- 113) 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「人工ヌクレアーゼ TALENs を用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子改変法」, 第14回 糸状菌分子生物コンファレンス, 2014年11月16日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 114) 荒添貴之, 田中寿樹, 小川哲央, 三好健之介, 大和澄, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 中馬いづみ, 大里修一, 土佐幸雄, 桑田茂, 「DNA 二本鎖切断とその修復過程において生じるイネいもち病菌の病原性変異」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
- 115) 三好健之介, 荒添貴之, 大和澄, 小川哲央, 佐久間哲史, 山本卓, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型人工ヌクレアーゼ Platinum Fungal TALENs を用いたイネいもち病菌における新規遺伝子ノックインおよび塩基置換導入法」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
- 116) 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの機能解析」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
- 117) 松岡美里, 米山勝美, 桑田茂, 大里修一, 「芝草栽培土壌における糸状菌相の年間変動およびピシウム病による影響」, 日本芝草学会 春期大会, 神奈川県, 2015 年 06 月 21 日
- 118) 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復機構における Srs2 DNA ヘリカーゼの役割」, 第 15 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2015, 東京都, 2015 年 11 月 19 日
- 119) 荒添貴之, 三好健之介, 大和澄, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムを用いたイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」, 第 15 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2015, 東京都, 2015 年 11 月 19 日
- 120) 末廣景亮, 大里修一, 池浦博美, 川端鋭憲, 玉置雅彦, 「減農薬栽培法にむけたマイクロナノバブルの利用とイネいもち病菌の殺菌効果」, 日本マイクロナノバブル学会 第 4 回学術総会, 東京都, 2015 年 12 月 13 日
- 121) 富田健一, 竹村拓也, 桑田茂, 大里修一, 「膜透過性ペプチドを用いたイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016 年 03 月 22 日
- 122) 大和澄, 荒添貴之, 三好健之介, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムの開発とイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016 年 03 月 22 日
- 123) 富田成美, 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復に関与する SRS2 複合体の相互作用領域」, 平成 28 年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016 年 09 月 30 日
- 124) 太田光祐, 富田健一, 桑田茂, 大里修一「膜透過性ペプチド Penetratin とイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」平成 28 年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016 年 09 月 30 日
- 125) 田中寿樹, 國吉真史, 高崎恵利花, 小川哲央, 桑田茂, 大里修一, 「イネいもち病菌における RecQ helicase MUSN の DNA 損傷応答への関与」, 平成 28 年度日本植物病理学会九州部会, 佐賀県, 2016 年 11 月 09 日
- 126) 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの単離と機能解析」, 平成 26 年度日本植物病理学会, 2014 年 06 月 03 日
- 127) 荒添貴之, 用之丸哲也, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「Platinum Gate TALEN システムを用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子ターゲティング」, 平成 26 年度日本植物病理学会, 2014 年 06 月 04 日
- 128) 水谷治, 荒添貴之, 利田賢次, 林梨咲, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 山田修, 「TALEN を用いた麹菌 *Aspergillus oryzae* におけるゲノム編集」, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014 年 10 月 06 日
- 129) 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 Platinum TALEN の作製とイネいもち病菌 (糸状菌) におけるゲノム編集」, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014 年 10 月 06 日
- 130) 荒添貴之, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「植物病原糸状菌 (イネいもち病菌) のゲノム編集および変異機構解析に向けて」, 植物ゲノム編集ワークショップ, 2014 年 11 月 04 日
- 131) 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「人工ヌクレアーゼ TALENs を用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子改変法」, 第 14 回 糸状菌分子生物コンファレンス, 2014 年 11 月 16 日
- 132) 荒添貴之, 田中寿樹, 小川哲央, 三好健之介, 大和澄, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 中馬いづみ, 大里修一, 土佐幸雄, 桑田茂, 「DNA 二本鎖切断とその修復過程において生じるイネいもち病菌の病原性変異」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
- 133) 三好健之介, 荒添貴之, 大和澄, 小川哲央, 佐久間哲史, 山本卓, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型人工ヌクレアーゼ Platinum Fungal TALENs を用いたイネいもち病菌における新規遺伝子ノックインおよび塩基置換導入法」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
- 134) 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの機能解析」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 135) 松岡美里, 米山勝美, 桑田茂, 大里修一, 「芝草栽培土壌における糸状菌相の年間変動およびピシウム病による影響」, 日本芝草学会 春期大会, 神奈川県, 2015年06月21日
- 136) 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本 卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復機構における Srs2 DNA ヘリカーゼの役割」, 第15回 糸状菌分子生物コンファレンス2015, 東京都, 2015年11月19日
- 137) 荒添貴之, 三好健之介, 大和澄, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムを用いたイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」, 第15回 糸状菌分子生物コンファレンス2015, 東京都, 2015年11月19日
- 138) 富田健一, 竹村拓也, 桑田茂, 大里修一, 「膜透過性ペプチドを用いたイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」, 平成28年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016年03月22日
- 139) 大和澄, 荒添貴之, 三好健之介, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムの開発とイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」, 平成28年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016年03月22日
- 140) 川口祐司, 蛭間幸実, 牧真理子, 桑田茂, 「タバコ条斑ウイルス外被タンパク質のウイルスタンパク質発現に与える影響」, 平成28年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016年03月23日
- 141) 富田成美, 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復に関する SRS2 複合体の相互作用領域」, 平成28年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016年09月30日
- 142) 太田光祐, 富田健一, 桑田茂, 大里修一, 「膜透過性ペプチド Penetratin とイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」, 平成28年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016年09月30日
- 143) 田中寿樹, 國吉真史, 高崎恵利花, 小川哲央, 桑田茂, 大里修一, 「イネいもち病菌における RecQ helicase MUSN の DNA 損傷応答への関与」, 平成28年度日本植物病理学会九州部会, 佐賀県, 2016年11月09日
- 144) 山本直樹, 杉本敏男, 高野知之, 木下由貴, 佐生愛, 矢野健太郎, 増村威宏, 「コムギ登熟種子ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼの開花期窒素供給への応答と遺伝子発現」, 農芸化学会関西支部例会, 大阪府立大学, 2014年07月12日
- 145) 佐々木陽平, 山本直樹, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 南原英司, 大谷征史, 矢野健太郎, 「大規模な塩基配列情報に基づくシス因子の網羅的な予測システムの構築」, 第32回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, 2014年08月21日
- 146) 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 佐々木陽平, 松村駿人, 豊島裕美, 森本恭子, 菅野真麻, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎, 「遺伝子発現情報と高信頼度アノテーションに基づく種間比較解析とWeb データベース構築」, 第32回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, 2014年08月21日
- 147) 小林正明, 大柳一, 豊島裕美, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎, 「高速シーケンスデータから高精度かつ多量な系統間 SNPs を検出するツール"Heap"」, 第32回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, 2014年08月22日
- 148) 大柳一, 小林正明, 豊島裕美, 高野知之, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎, 「バイオエネルギー作物・ソルガム高速育種への取り組み」, 第32回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, 2014年08月22日
- 149) 木下由貴, 齊藤雄飛, 東田潤, 土居誠, 寺島伸, 堺谷荘太, 森田重人, 佐藤茂, 石丸努, 近藤始彦, 山本直樹, 矢野健太郎, 増村威宏 「イネ登熟種子中の脂質合成関連遺伝子群の組織別・網羅的発現解析」, 第32回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, アイーナ, 2014年, 2014年08月22日
- 150) 第32回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会 シンポジウム 「バイオインフォマティクス講習会 II(2014)」, 「相同性解析と高速シーケンサー配列解析の実行方法」, アイーナ, 2014年, 2014年08月22日
- 151) 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 久保中央, 矢野健太郎, 木村成介 「QTL 解析による京野菜のミズナとミブナに見られる葉形変異の遺伝学的解析」, 日本植物形態学会第26回大会, 明治大学生田キャンパス, 2014年, 2014年09月11日
- 152) 久保中央, 上ノ山華織, 川勝弥一, 五十嵐香理, 矢野健太郎, 木村成介, 「ダイコンの品種間に見られる葉形の変異に寄与する遺伝子の同定」, 日本植物学会・第78回大会, 明治大学, 2014年09月13日
- 153) 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 久保中央, 矢野健太郎, 木村成介 「京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析」, 日本植物学会・第78回大会, 明治大学, 2014年, 2014年09月13日
- 154) 高野知之, 小林正明, 大柳一, 佐々木陽平, 寺島伸, 松村駿斗, 森本恭子, 菅野真麻, 横山幸治, 千葉洋, 多田欣史, 清水顕史, 安益公一郎, 松岡信, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 矢野健太郎 「遺伝子発現ネット

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- ワークの種間比較と高信頼度アノテーションの統合データベース PODC], 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014 年, 2014 年 09 月 26 日
- 155) 鐘ヶ江弘美, 望月孝子, 神沼英里, 南川舞, 小林正明, 豊島裕美, 大柳一, 高梨秀樹, 永野惇, 徳永毅, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 中村 保一, 堤 伸浩, 岩田 洋佳「ソルガムのHapMap の構築とゲノム育種への利用」, 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014 年, 2014 年 09 月 26 日
- 156) 矢野健太郎「遺伝研スパコンとコマンドラインでの NGS データ使い倒し講座」, 「Linux マシン使用法」, 日本育種学会 第 126 回講演会 ワークショップ南九州大学, 2014 年 09 月 26 日
- 157) 佐々木陽平, 山本直樹, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 南原英司, 大谷征史, 矢野健太郎, 「大規模な塩基配列情報を用いたシス因子の網羅的な予測システムの開発」, 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014 年 09 月 27 日
- 158) 小林正明, 大柳一, 豊島裕美, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎「Heap:ゲノミックセレクションやゲノムワイド関連解析のための系統間 SNPs 検出ツール」, 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014 年, 2014 年 09 月 27 日
- 159) 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎「遺伝子発現ネットワークの種間比較と高信頼度アノテーションの統合データベース PODC の構築」, 第 11 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014 年 10 月 25 日
- 160) 佐々木陽平, 山本直樹, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 南原英司, 大谷征史, 矢野健太郎「大規模な塩基配列情報を用いたシス配列の網羅的な予測システム・ツールの開発」, 第 11 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014 年 10 月 25 日
- 161) 尾崎崇一, 小林正明, 菅野真麻, 森本恭子, 高沢舞, 青木考, 大柳一, 矢野健太郎「トマトの統合オミクス・データベース TOMATOMICS の構築」, 第 11 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014 年 10 月 25 日
- 162) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 工藤徹, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎「PODC 活用例; トマトの遺伝子発現情報に基づくゲノム遺伝子相関の解明に向けて」, 第 11 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014 年 10 月 25 日
- 163) 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 森本恭子, 菅野真麻, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 松村駿斗, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 青木考, 久保康隆, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎「遺伝子発現ネットワークの種間比較を実現する植物オミクス統合データベース PODC を用いたデータ マイニング例」, 第 11 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014 年 10 月 25 日
- 164) Koh Aoki, Maki Hazama, Hideki Hirakawa, Kentaro Yano「Update of DNA resource of NBRP tomato」, 第 11 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 名古屋大学, 2014 年 10 月 25 日
- 165) 多田雄一, 山本直樹, 石毛太郎, 田中啓介, 矢嶋俊介, 矢野健太郎, 来須孝光「塩ストレスを与えた塩生植物ソナレシバの RNA-seq によるトランスクリプトーム解析」, 日本分子生物学会・第 37 回年会, パシフィコ横浜, 2014 年, 2014 年 11 月 26 日
- 166) 大柳一, 小林正明, 高野知之, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 南川舞, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 工藤徹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎「バイオエネルギー作物・ソルガムテラーメード育種に向けた高速ジェノタイピング技術研究開発の現状」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 167) 小林正明, 大柳一, 豊島裕美, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 工藤徹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎, 「Heap: A high-sensitive SNPs Detection Tool for NGS Data」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 168) 高野知之, 寺島伸, 大柳一, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 矢野健太郎, 「Plant Omics Data Center (PODC): The Integrated Web Repository for Interspecies GeneExpression Networks」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 169) 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介, 「京野菜であるミズナとミヅナの葉形変異の QTL 解析」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 170) 久保俊彰, 上ノ山華織, 川勝弥一, 五十嵐香理, 中山北斗, 矢野健太郎, 木村成介, 「Genetic analysis for natural variation in leaf shape of Daikon radish (*Raphanus sativus* var. longipinnatus)」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 171) 松嶋舞, 松田智貴, 長坂香里, 星合ちひろ, 成田紗紀, 辺本萌, 坂園聡美, 増子(鈴木)潤美, 矢野健太郎, 清水健太郎, 高山誠司, 加賀谷安章, 小林裕子, 小林一成, 奥村克純, 鈴木剛, 渡辺正夫, 諏訪部圭太, 「Arabidopsis 属における自家不和合性因子の比較解析」, 日本植物生理学会・第 56 回年度, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 172) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤 美沙, 工藤徹, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺 正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎, 「Research applications of PODC (Plant Omics Data Center): For discovering new gene on the basis of information on expression networks and biological knowledge」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 173) 尾崎崇一, 高沢舞, 菅野真麻, 森本恭子, 浅野さとみ, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎 「TOMATOMICS:トマトのオミックス統合データベース」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 174) 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎, 「Data mining in Plant Omics Data Center: A case of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes」, 日本植物生理学会・第 56 回年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 175) 佐々木陽平, 山本直樹, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 南原英司, 大谷征史, 矢野健太郎 「A sensitive and accurate method and tool for rapid and comprehensive identification of conserved cis-element motifs on the basis of large-scale gene expression and sequence data」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 176) 大柳一, 矢野健太郎, 「データベース講習会」, 「植物オミックス統合データベース Plant Omics Data Center : 遺伝子発現ネットワーク情報と高精度機能アノテーション情報の蓄積情報」, 第 56 回日本植物生理学会大会 関連集会, 東京農業大学, 2015 年 03 月 16 日
- 177) 高野知之, 寺島伸, 工藤徹, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 佐々木陽平, 小林正明, 尾崎崇一, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎 「遺伝子発現ネットワーク情報と高精度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC の開発」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 21 日
- 178) 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 横山幸治, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎 「植物オミックス統合データベース Plant Omics Data Center の横断的遺伝子発現ネットワーク情報を用いたデータマイニング例」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 21 日
- 179) 小林正明, 浅野さとみ, 大柳一, 工藤徹, 尾崎崇一, 高梨秀樹, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎 「Heap: ゲノミックセレクションやゲノムワイド関連解析のための高感度 SNP 検出ツール」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 21 日
- 180) 鐘ヶ江弘美, 望月孝子, 神沼英里, 南川舞, 小林正明, 豊島裕美, 大柳一, 高梨秀樹, 永野惇, 徳永毅, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 中村保一, 堤伸浩, 岩田洋佳 「ソルガムリファレンスパネルの全ゲノム配列を利用した遺伝子型予測」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 21 日
- 181) 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介 「京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 21 日
- 182) 佐々木陽平, 大谷征史, 山本直樹, 高野知之, 寺島伸, 小林正明, 大柳一, 南原 英司, 矢野健太郎 「シス配列予測ツール COMET の開発: 大規模な塩基配列情報と遺伝子発現情報に基づく高精度探索手法」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 22 日
- 183) 松田智貴, 松嶋舞, 辺本萌, 大坂正明, 坂園聡美, 増子(鈴木)潤実, 曾根美佳子, 高橋宏和, 中園幹生, 岩野恵, 高山誠司, 清水健太郎, 奥村克純, 矢野健太郎, 鈴木剛, 渡辺正夫, 諏訪部圭太 「LM-RNA-seq による受粉時のシロイヌナズナ雌性生殖組織の機能解析」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 22 日
- 184) 尾崎崇一, 高沢舞, 菅野真麻, 森本恭子, 浅野さとみ, 齋藤美沙, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎 「トマトの統合オミックス・データベース TOMATOMICS」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 22 日
- 185) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 森本恭子, 鐘ヶ江弘美, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 安益公一郎, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎 「植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center) を用いた環境応答遺伝子の網羅的な解析例」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 03 月 22 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 186) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 工藤徹, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎「植物オミックスデータベース PODC (Plant Omics Data Center)を用いた環境応答遺伝子の解析事例」, 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 08 月 10 日
- 187) 工藤徹, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 松田典子, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 08_矢野 健太郎「植物オミックス統合データベース PODCに搭載された遺伝子発現ネットワーク情報からのデータマイニング例」, 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 08 月 10 日
- 188) 尾崎崇一, 寺島伸, 菅野真麻, 浅野さとみ, 齋藤美沙, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎「TOMATOMICS:トマトのオミックス統合データベース」, 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 08 月 10 日
- 189) 中村幸乃, 幸坂歩, Manickavelu Alagu, 矢野健太郎「コムギ赤カビ病菌-コムギ間相互作用の解明に向けたデータベース WFI-DB(Wheat-Fusarium graminearumInteraction Database)の構築」, 第 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 08 月 10 日
- 190) 小林正明, 大柳一, 浅野さとみ, 工藤徹, 尾崎崇一, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 永野惇, 田井中均, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎「Heap: 低 depth の高速シーケンスデータから高感度に SNP を検出するツール」, 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 08 月 10 日
- 191) 寺島伸, 高野知之, 工藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎「複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC」, 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 08 月 10 日
- 192) 寺島伸, 高野智之, 工藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田(今井)典子, 浅野さとみ, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎「複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 193) 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田(今井)典子, 寺島伸, 矢野健太郎「自然言語処理とマニュアル・キュレーションを併用した高信頼度機能アノテーションの作成」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 194) 齋藤美沙, 菅野真麻, 松田(今井)典子, 寺島伸, 工藤徹, 矢野健太郎「トマト(Solanum lycopersicum)の高信頼度機能アノテーション情報整備」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 195) 松田(今井)典子, 菅野真麻, 齋藤美沙, 寺島伸, 矢野健太郎「PODC における高信頼度機能アノテーションの意義と展望」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 196) 浅野さとみ, 高野知之, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田(今井)典子, 工藤徹, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 久保康隆, 矢野健太郎「植物オミックスデータベース PODC(Plant Omics Data Center)を用いた環境応答遺伝子の解析事例」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 197) 片山南美, 尾崎崇一, 寺島伸, 菅野真麻, 浅野さとみ, 齋藤美沙, 小林正明, 大柳一, 青木考, 矢野健太郎「TOMATOMICS:トマトのオミックス統合データベース」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 198) 小林正明, 大柳一, 倉田のり, 藤田雅丈, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 矢野健太郎「NGS データを用いた野生植物種ゲノムの de novo アセンブル」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 199) 高野知之, 山本直樹, 鈴木智大, 矢野健太郎「高速シーケンサー・データに基づくゲノム配列解読のためのバイオインフォマティクス解析基盤整備」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 200) Toru Kudo, Yohei Sasaki, Shin Terashima, Noriko Matsuda-Imai, Tomoyuki Takano, Misa Saito, Maasa Kanno, Soichi Ozaki, Suwabe Keita, Go Suzuki, Masao Watanabe, Matsuoka Makoto, Takayama Seiji, Kentaro Yano「Identification of Reference Genes for Quantitative Expression Analysis in Broad Experimental Conditions Using Large-scale RNA-seq Data of Arabidopsis thaliana and Model Crop Plants」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 201) 佐々木陽平, 寺島伸, 大柳一, 山本直樹, 小林正明, 高野知之, 大谷征史, 南原英司, 矢野健太郎「COMET:大規模塩基配列情報に基づく高精度なシス配列予測ツール」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 202) 中村幸乃, 幸坂歩, Manickavelu Alagu, 矢野健太郎「農作物-病原菌間相互作用解明に向けたデータベース WFI-DB(Wheat-Fusarium graminearum interaction Database)の構築」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 203) 久保康隆, 閻瑞, 青木考, 矢野健太郎, 牛島幸一郎, 中野龍平「DNA アレイによるトマト果実成熟関連遺伝子のエチレン, RIN, NOR 依存性の解析」, 第 12 回 日本ナス科コンソシアム(JSOL)年会, 明治大学, 2015 年 09 月 04 日
- 204) 川勝弥一, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 中山北斗, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介「京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析」, 日本植物学会・第 79 回大会, 朱鷺メッセ, 2015 年 09 月 06 日
- 205) 久保俊彰, 上ノ山華織, 川勝弥一, 五十嵐香理, 矢野健太郎, 木村成介「ダイコンの品種間に見られる葉形の変異に寄与する遺伝子の同定」, 日本植物学会・第 79 回大会, 朱鷺メッセ, 2015 年 09 月 06 日
- 206) 倉田のり, 豊田敦, Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 伊川浩司, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 久保貴彦, 古海弘康, 新濱充, 野々村賢一, Copetti Dario, RodWing, 藤山秋佐夫「野生イネ Oryza 属 200 ゲノムの解読と多様性・系統関係の解析」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 207) 小林正明, 大柳一, 倉田のり, 藤田雅丈, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 矢野健太郎「野生イネ Oryza officinalis ゲノムの de novo アセンブル」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 208) Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 倉田のり「Oryza officinalis complex についての遺伝的多様性の解析」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 209) 七条光年, 高梨秀樹, 佐野悠樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 小林正明, 矢野健太郎, 小柴太一, 徳永毅, 岩田洋佳, 堤伸浩「ソルガム葉鞘におけるアントシアニン着色の GWA 解析」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 210) 堀智明, 小林正明, 大柳一, 高梨秀樹, 永野惇, 徳永毅, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 堤伸浩, 岩田洋佳「多形質へのゲノミックセレクション手法の開発: マルチタスク学習の応用」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 211) 寺島伸, 高野智之, 工藤徹, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 尾崎崇一, 佐々木陽平, 小林正明, 横山幸治, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡信, 大柳一, 矢野健太郎「複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度機能アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 212) 中村幸乃, 幸坂歩, マニカベルアラグ, 矢野健太郎「コムギ-赤カビ病菌間相互作用の解明に向けたデータベース WFI-DB(Wheat-Fusarium graminearum interaction Database)の構築」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 213) 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 小童谷利恵, 大西紀和, Fiona Wacera, 岩田洋佳, 坂本亘, 堤伸浩「ソルガム RIL 集団を用いた芒長に関する QTL 解析」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 214) Wacera Fiona, 小童谷利恵, 高梨秀樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 大西紀和, 岩田洋佳, 堤伸浩, 坂本亘「ソルガム RIL 集団を用いたステイグリーン形質評価法の確立と QTL マッピング」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 215) 佐々木陽平, 寺島伸, 大柳一, 山本直樹, 小林正明, 高野知之, 大谷征史, 南原英司, 矢野健太郎「高精度なシス配列予測ツール COMET の開発およびその活用法」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 216) 工藤徹, 寺島伸, 佐々木陽平, 高野知之, 松田(今井)典子, 菅野真麻, 齋藤美沙, 尾崎崇一, 浅野さとみ, 横山幸治, 矢野健太郎「シロイヌナズナおよびモデル農作物の大規模 RNA-seq データを用いたリファレンス遺伝子候補の網羅的選抜」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 217) 浅野さとみ, 釜付香, 大柳一, 小林正明, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 徳永毅, 佐塚隆志, 岩田洋佳, 堤伸浩, 矢野健太郎「形質調査およびジェノタイプングの大規模情報を統合した圃場情報管理システム整備」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 218) 矢野健太郎, 尾崎崇一, 寺島伸, 片山南美, 菅野真麻, 浅野さとみ, 齋藤美沙, 小林正明, 大柳一, 青木考「TOMATOMICS: トマト統合オミックス情報データベース」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 219) 坂本莉沙, 鐘ヶ江弘美, 野下浩司, 石森元幸, 小林正明, 高梨秀樹, 永野惇, 徳永毅, 佐塚隆志, 矢野健太郎, 堤伸浩, 岩田洋佳「画像解析で定量化されたソルガム種子形態のゲノミック予測とゲノムワイド

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 関連解析」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 220) 多田雄一, 且原真木, 尾崎崇一, 寺島伸, 遠藤千里, 矢野健太郎, 来須孝光「ソナレシバの glycine-rich RNA-binding protein を発現するシロイヌナズナの耐塩性と遺伝子発現解析」, 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学, 2015 年 09 月 11 日
- 221) 小林正明, 矢野健太郎「高速シーケンサー・データから SSR マーカーを作成するためのバイオインフォマティクス・ツール開発」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 222) 寺島伸, 工藤徹, 高野知之, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎「複数植物種の遺伝子発現ネットワークと知識情報を統合した Web データベース PODC」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 223) 工藤徹, 佐々木陽平, 寺島伸, 松田(今井)典子, 高野知之, 齋藤美沙, 菅野真麻, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡誠, 高山誠司, 矢野健太郎「シロイヌナズナおよび作物植物の RNA-seq データを用いた遺伝子発現解析用リファレンス遺伝子の探索」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 224) 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 矢野健太郎「CATchUP: 大規模遺伝子発現データに基づく特異的発現遺伝子の網羅的探索とデータベース構築」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 225) Chonprakun Thagun, 今西俊介, 工藤徹, 中林亮, 大山清, 森哲哉, 河本晃一, 佐々木陽平, 中村雪乃, 野中聡子, 松倉千昭, 矢野健太郎, 江面浩, 齊藤和季, 橋本隆, 庄司翼「トマトにおけるステロイドグルコアルカロイド生合成の転写制御」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 226) 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介「京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 227) ワヒンヤ フィオナ ワセラ, 小童谷利恵, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 大西紀和, 岩田洋佳, 草場信, 堤伸浩, 坂本亘「RILを用いたソルガムステイグリーンの QTL の解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 228) 坂本亘, Fiona Wacera, 小童谷利恵, 高梨秀樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 大西紀和, 岩田洋佳, 草場信, 堤伸浩「ソルガム RIL の高密度マップデータの作製とステイグリーン他 QTL の解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 03 月 18 日
- 229) 小林正明, 矢野健太郎「高速シーケンサー・データから SSR マーカーを探索するバイオインフォマティクス・ツールの開発」, 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016 年 03 月 21 日
- 230) 寺島伸, 工藤徹, 高野知之, 菅野真麻, 齋藤美沙, 浅野さとみ, 佐々木陽平, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎「複数植物種の遺伝子発現ネットワーク情報と高信頼度アノテーション情報を搭載した Web データベース PODC」, 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016 年 03 月 21 日
- 231) 工藤徹, 寺島伸, 高木諭乃, 菅野真麻, 横山幸治, 矢野健太郎, 「イネのマイクロアレイ遺伝子発現データベース OryzaExpress」, 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016 年 03 月 21 日
- 232) 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 菅野真麻, 齋藤美沙, 松田典子, 浅野さとみ, 矢野健太郎, 「CATchUP: 時空間特異的に発現する遺伝子の網羅的探索とデータベースの構築」, 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016 年 03 月 21 日
- 233) 石森元幸, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 南川舞, 小柴太一, 小林正明, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳, 「メキシコ塩害地におけるソルガムのゲノムワイド関連解析」, 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016 年 03 月 21 日
- 234) 坂本莉沙, 藤本優, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, WaceraFiona, 小童谷利恵, 大西紀和, 堤伸浩, 坂本亘, 岩田洋佳「ソルガム RIL 集団を用いた種子形態の QTL 解析とゲノミック予測」, 日本育種学会 129 回講演会, 第 58 回シンポジウム, 横浜市立大学, 2016 年 03 月 21 日
- 235) 西谷千佳子, 井上栄一, 奈島賢児, 尾形夏海, 喜多晃一, 郷内武, 石井亮二, 中村幸乃, 小林正明, 矢野健太郎, 山本俊哉, 「ニホンナシの果肉障害「みつ症」感受性系統に特徴的な遺伝子のマイクロアレイ解析」, 園芸学会平成 28 年度春季大会, 東京農業大学, 2016 年 03 月 26 日
- 236) 上野真義, 中村幸乃, 小林正明, 石塚航, 内山憲太郎, 津村義彦, 矢野健太郎, 後藤晋「Transcriptome analysis for *Abies sachalinensis*」, 第 127 回日本森林学会大会, 日本大学, 2016 年 03 月 27 日
- 237) 七条光年, 高梨秀樹, 佐野悠樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 小林正明, 矢野健太郎, 小柴太一, 徳永毅, 岩

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 田洋佳, 坂本亘, 堤伸浩「ソルガムにおけるアントシアニン着色の GWA 解析・QTL 解析」, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2016, 名古屋大学, 2016 年 07 月 04 日
- 238) 小林 正明, 中村 幸乃, 西谷 千佳子, 山本 俊哉, 矢野 健太郎, 「ニホンナシの網羅的なトランスクリプトーム配列決定」, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会(上田)大会, 信州大学, 2016 年 09 月 01 日
- 239) 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 齋藤美沙, 松田典子, 菅野真麻, 浅野さとみ, 矢野 健太郎「CATchUP: 時空間特異的発現遺伝子の網羅的探索とデータベース構築」, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会(上田)大会, 信州大学, 2016 年 09 月 01 日
- 240) 工藤徹, 片山南, 寺島伸, 齋藤美沙, 菅野真麻, 小林正明, 浅野さとみ, 青木考, 矢野 健太郎「トマト・オミックス・データベース TOMATOMICS: 機能強化と情報更新」, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会(上田)大会, 信州大学, 2016 年 09 月 01 日
- 241) 寺島伸, 工藤徹, 齋藤美沙, 菅野真麻, 松田典子, 浅野さとみ, 横山幸治, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎「Plant Omics Data Center: 複数植物種の遺伝子発現ネットワークと遺伝子機能に関する知識情報を格納した Web データベース」, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会(上田)大会, 信州大学, 2016 年 09 月 01 日
- 242) Shin Terashima, Yukino Nakamura, Toru Kudo, Maasa Kanno, Misa Saito, Satomi Asano, Noriko Matsuda-Imai, Koji Yokoyama, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano, 「Databases PODC and TOMATOMICS: OMICS- and knowledge-based approaches for accurate and rapid identification of novel genes」, The 13th Annual Solanaceae Conference, 2016 年 09 月 12 日
- 243) 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介「京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析」, 日本植物形態学会・第 28 回大会, 琉球大学, 2016 年 09 月 15 日
- 244) 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介「京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析」, 日本植物学会・第 80 回大会, 沖縄コンベンションセンター, 2016 年 09 月 16 日
- 245) 小林正明, 中村幸乃, 西谷千佳子, 横山幸治, 大柳一, 山本俊哉, 矢野健太郎「ニホンナシにおける網羅的なトランスクリプトーム配列決定」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 246) 工藤徹, 片山南, 寺島伸, 小林正明, 齋藤美沙, 菅野真麻, 浅野さとみ, 青木考, 矢野 健太郎, 「トマト・オミックス統合データベース TOMATOMICS: オミックス情報の更新」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 247) 中村幸乃, 工藤徹, 寺島伸, 齋藤美沙, 松田典子, 菅野真麻, 浅野さとみ, 矢野健太郎, 「Web データベース・CATchUP に搭載された時空間特異的発現遺伝子の解析事例と種間比較」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 248) 七条光年, 高梨秀樹, 佐野悠樹, 藤本優, 鐘ヶ江弘美, 小林正明, 矢野健太郎, 小柴太一, 徳永毅, 岩田洋佳, 坂本亘, 堤伸浩, 「ソルガムにおけるアントシアニン着色の GWA 解析・QTL 解析」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 249) 佐野悠樹, 藤本優, 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 小林正明, 矢野健太郎, 小柴太一, 徳永毅, 岩田洋佳, 草場信, 坂本亘, 堤伸浩「ソルガムの穂の形態に関する QTL 解析」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 250) Fiona Wahinya, 小童谷利恵, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 大西紀和, 岩田洋佳, 草場信, 堤伸浩, 坂本亘, 「ソルガムの RIL 系統を用いたステイグリーン形質の QTL 解析」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 251) 鐘ヶ江弘美, 高師知紀, 高梨秀樹, 藤本優, 石森元幸, 山崎清志, 小柴太一, 小林正明, 永野惇, 矢野健太郎, 佐塚隆志, 藤原徹, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳, 「RAD-Seq を用いた分離集団のジェノタイプングパイプラインの構築と QTL 解析・ゲノミックセレクションへの利用」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 252) 高梨秀樹, 鐘ヶ江弘美, 石森元幸, 小林正明, 矢野健太郎, 小童谷利恵, 大西紀和, Wacera Fiona, 岩田洋佳, 堤伸浩, 「ソルガム RIL 集団を用いた芒長に関する QTL 解析 II」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 253) 石森元幸, 山崎清志, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 小柴太一, 小林正明, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 藤原徹, 岩田洋佳, 「ゲノムワイドマーカーを用いたソルガム F1 バイオマスの予測について」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 254) 服部智宏, 石森元幸, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 南川舞, 小柴太一, 小林正明, 永野惇, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳, 「メキシコおよび福島におけるソルガム栽培試験データを用いたゲノミックセレクションの精度評価」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

- 255) 岩田洋佳, 石森元幸, エリタイプ アミン, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 服部智宏, 南川舞, 米田淳一, 小柴太一, 永野惇, 小林正明, 矢野健太郎, 佐塚隆志, 徳永毅, 堤伸浩, 「ゲノム領域間の関係行列の異質性を考慮したマルチカーネル学習に基づくゲノミック予測モデル」, 日本育種学会 130 回講演会, 鳥取大学, 2016 年 09 月 24 日
- 256) 上野真義, 中村幸乃, 小林正明, 寺島伸, 石塚航, 内山憲太郎, 津村義彦, 矢野健太郎, 後藤晋, 「TodoFirGene: トドマツのトランスクリプトームデータベースの構築」, 森林遺伝育種学会第5回大会, 東京大学, 2016 年 11 月 11 日
- 257) Koh Aoki, Nobuaki Chiba, Hideki Hirakawa, Kenta Shirasawa, Hideki Nagasaki, Sachiko Isobe, Kentaro Yano, Yasutaka Kubo, Yoshinori Kanayama, Ken Hoshikawa, Tohru Ariizumi, Hiroshi Ezura, 「NBRP Tomato DNA resources: update and application of Micro-Tom genome information」, 第 13 回日本ナス科コンソシアム年会, 国際基督教大学, 2016 年 11 月 25 日
- 258) Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Shin Terashima, Minami Katayama, Maasa Kanno, Misa Saito, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Koh Aoki, Kentaro Yano「TOMATOMICs: A Web Database for Integrated Omics Information in Tomato」, 第 13 回日本ナス科コンソシアム年会, 国際基督教大学, 2016 年 11 月 25 日

<研究成果の公開状況>(上記以外)

シンポジウム・学会等の実施状況、インターネットでの公開状況等

<既に実施しているもの>

- 1)シンポジウムタイトル:「動物生殖内分泌組織の機能制御と高度環境適応植物のデザインのための研究戦略」、私立大学戦略的研究基盤形成支援事業「大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」合同シンポジウム

日時:2016 年 11 月 5 日(土)13 時 00 分~17 時 45 分

会場:明治大学生田キャンパス 中央校舎メディアホール

講演者:13 人

参加人数:121 人

- 2)インターネットでの成果公開

プロジェクトの概要、研究成果などについて、インターネットのホームページ(http://bioinf.mind.meiji.ac.jp/blog_kawakami/)を介して公開している。

<これから実施する予定のもの>

2017 年 11 月頃および 2018 年度にシンポジウムを実施予定。

14 その他の研究成果等

15 「選定時」に付された留意事項とそれへの対応

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

<「選定時」に付された留意事項>

なし

<「選定時」に付された留意事項への対応>

なし

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

16 施設・装置・設備・研究費の支出状況(実績概要)

(千円)

年度・区分	支出額	内 訳						備考
		法人負担	私学助成	共同研究機関負担	受託研究等	寄付金	その他()	
平成26年度	施設	0						受託研究等: (独)科学技術振興機構, 沖縄県水産海洋技術センター, 民間企業 科研費:5件 13,000千円
	装置	0						
	設備	14,688	5,626	9,062				
	研究費	39,443	13,337	9,465	15,733	908		
平成27年度	施設	0						受託研究等: (国研)科学技術振興機構, 沖縄県水産海洋技術センター, 民間企業 科研費:5件 14,700千円
	装置	0						
	設備	14,521	4,840	9,681				
	研究費	43,829	13,924	9,635	20,229	41		
平成28年度	施設	0						受託研究等: (国研)科学技術振興機構, (国研)新エネルギー・産業技術総合開発機構, (独)日本学術振興会, 民間企業 科研費:3件 10,300千円
	装置	0						
	設備	0						
	研究費	48,006	13,668	8,880	25,458	0		
総額	施設	0	0	0	0	0	0	
	装置	0	0	0	0	0	0	
	設備	29,209	10,466	18,743	0	0	0	
	研究費	131,278	40,929	27,980	0	61,420	949	
総計	160,487	51,395	46,723	0	61,420	949	0	

17 施設・装置・設備の整備状況 (私学助成を受けたものはすべて記載してください。)

《施設》(私学助成を受けていないものも含め、使用している施設をすべて記載してください。)

(千円)

施設の名 称	整備年度	研究施設面積	研究室等数	使用者数	事業経費	補助金額	補助主体
生田キャンパス第一校舎5号館		500㎡	5	5			
生田キャンパス第一校舎2号館		500㎡	6	8			
生田キャンパス第一校舎6号館		500㎡	7	8			
明治大学ハイテクリサーチセンター		300㎡	6	4			

※ 私学助成による補助事業として行った新增築により、整備前と比較して増加した面積

0 m²

(様式1)

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

《装置・設備》(私学助成を受けていないものは、主なもののみを記載してください。)

(千円)

装置・設備の名称	整備年度	型番	台数	稼働時間数	事業経費	補助金額	補助主体
(研究装置)							
(研究設備)							
発光・蛍光イメージングシステム	26	C9743-24B等	1	週5	h	14,688	9,062 私学助成
解析用サーバー一式	27	Takeru Octa	1	週168	h	14,521	9,681 私学助成
リアルタイムPCR装置	20	7500-03	1	週10	h	6,999	4,666 私学助成
細胞微細構造高次解析システム	20	FV19C-O-SET等	1	週10	h	14,643	7,249 私学助成
(情報処理関係設備)							
					h		
					h		
					h		
					h		
					h		

18 研究費の支出状況

(千円)

年度	平成 26 年度		
小科目	支出額	積算内訳	
		主な用途	金額
教育研究経費支出			
消耗品費	14,199	試薬, 実験器具, 研究用品	14,199
光熱水費	0		0
通信運搬費	0		0
印刷製本費	0		0
旅費交通費	430	交通費・宿泊費・日当	430
報酬・委託料	92	支払手数料	92
()			
計	14,721		14,721
アルバイト関係支出			
人件費支出 (兼務職員)	59	アルバイト	59
教育研究経費支出	0		0
計	59		59
設備関係支出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教育研究用機器備品	5,144	機器備品	5,144
図書	0		0
計	5,144		5,144
研究スタッフ関係支出			
リサーチ・アシスタント	0		0
ポスト・ドクター	2,760	ポスト・ドクター	2,760
研究支援推進経費	118	研究支援者・研究推進員	118
計	2,878		2,878

法人番号	131092
プロジェクト番号	S1411023

年 度	平成 27 年度		
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳	
		主 な 使 途	金 額
教 育 研 究 経 費 支 出			
消 耗 品 費	14,369	試薬, 実験器具, 研究用品	14,369
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	0		0
印 刷 製 本 費	0		0
旅 費 交 通 費	351	交通費・宿泊費・日当	351
報 酬・委 託 料	286	支払手数料	286
(修 繕 費)	252	修繕費	252
計	15,258		15,258
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出 (兼 務 職 員)	31	アルバイト	31
教 育 研 究 経 費 支 出	0		0
計	31		31
設 備 関 係 支 出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教 育 研 究 用 機 器 備 品	4,146	機器備品	4,146
図 書	0		0
計	4,146		4,146
研 究 ス タ ッ フ 関 係 支 出			
リサーチ・アシスタント	0		0
ポスト・ドクター	2,760		2,760
研究支援推進経費	1,364	研究支援者・研究推進員	1,364
計	4,124		4,124

年 度	平成 28 年度		
小 科 目	支 出 額	積 算 内 訳	
		主 な 使 途	金 額
教 育 研 究 経 費 支 出			
消 耗 品 費	16,175	試薬, 実験器具, 研究用品	16,175
光 熱 水 費	0		0
通 信 運 搬 費	17	運搬費	17
印 刷 製 本 費	0		0
旅 費 交 通 費	989	交通費・宿泊費・日当	989
報 酬・委 託 料	311	支払手数料, 業務委託費	311
()	89	修繕費	89
計	17,581		17,581
ア ル バ イ ト 関 係 支 出			
人 件 費 支 出 (兼 務 職 員)	121	アルバイト	121
教 育 研 究 経 費 支 出	0		0
計	121		121
設 備 関 係 支 出(1個又は1組の価格が500万円未満のもの)			
教 育 研 究 用 機 器 備 品	4,323	機器備品	4,323
図 書	0		0
計	4,323		4,323
研 究 ス タ ッ フ 関 係 支 出			
リサーチ・アシスタント	0		0
ポスト・ドクター	0		0
研究支援推進経費	523	研究支援者・研究推進員	523
計	523		523

私立大学戦略的研究基盤形成支援事業

「大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」

「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」

合同シンポジウム

「動物生殖内分泌組織の機能制御と高度環境適応植物
のデザインのための研究戦略」

2016年11月5日（土）13時00分～17時45分

会場：明治大学生田キャンパス 中央校舎メディアホール

プログラム・要旨集

プログラム

- 13:00 挨拶 戸村 秀明、川上 直人
(明治大学農学部)
- 第一部 座長：矢野 健太郎、紀藤 圭治
- 13:10 「染色体高次構造と転写制御」 白髭 克彦 (東京大学分子細胞生物学研究所)
- 13:45 「活性を指標とした新たな植物ホルモン輸送体の探索」 瀬尾 光範 (理化学研究所環境資源科学研究センター)
- 休憩 (10分)
- 第二部 座長：川上 直人、吉田 彩舟
- 14:30 「新規有用遺伝子探索と遺伝資源高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」 矢野 健太郎 (明治大学農学部)
- 14:55 「プロテオミクス研究を支える様々な解析手法」 紀藤 圭治 (明治大学農学部)
- 休憩 (30分)
- 第三部 座長：戸村 秀明、小林 正明
- 15:50 「キチン受容体を介した植物免疫シグナル制御」 出崎 能丈 (明治大学農学部)
- 16:05 「根寄生雑草からみた環境適応戦略とその応用の可能性」 藤 茂雄 (名古屋大学大学院理学研究科)
- 16:25 「ゲノムを切らずに書き換える新規ゲノム編集技術の確立と展開」 荒添 貴之 (神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科)
- 16:45 「脳下垂体細胞種特異的遺伝子についてのDNAメチル化解析の新たな試み」 新井 良和 (宮崎大学農学部)
- 17:05 「性腺刺激ホルモン産生細胞株からのホルモン分泌を迅速に検出するアッセイ系の開発」 持丸 雄太 (明治大学農学部)
- 17:20 「下垂体から単離した幹細胞ニッチの解析と分化誘導の試み」 吉田 彩舟 (明治大学農学部)
- 17:35 挨拶 加藤 幸雄 (明治大学農学部)

染色体高次構造と転写制御

白髭 克彦

(東京大学・分子細胞生物学研究所・ゲノム情報解析)

コヒーシンは姉妹染色分体間接着の機能以外にも、組換え、修復、転写といった多岐にわたる生命現象において重要な役割を担っている。特にヒトでは我々を含む複数のグループがインシュレータとして転写に寄与することを 2008 年に発見して以降、コヒーシンは転写制御と染色体高次構造を連動する重要な因子として大きく取り上げられるようになった。ヒトでは骨髄異形性症候群で高頻度にコヒーシン関連因子に機能喪失型変異が見出されている。また、コヒーシン及びコヒーシン関連遺伝子の機能喪失型変異はヒト遺伝病 CdLS (コルネリア・デ・ランゲ症候群) の原因であることも報告されており、その患者は、成長障害、精神遅延、心臓・消化器官障害など様々な分化異常に起因すると考えられる症状を呈する。実際に、CdLS の約 6 割で変異が検出されるコヒーシンローダー Nipbl 遺伝子や、コヒーシン、コヒーシン脱アセチル化酵素に変異をもつ患者由来の細胞では、コヒーシンの染色体結合部位の減少と、コヒーシン結合領域近傍に位置する遺伝子の発現量に変化が生じることを我々は報告してきた。昨年、我々はフィラデルフィアこども病院のクラント、泉両博士とともに CdLS に類似のヒト希少疾患 CHOPS 症候群の原因遺伝子として Aff4 を同定した。講演では、これら疾患の遺伝学的、ゲノム学的解析を通して得られた知見と、試験管内再構成系を用いて得られた知見をもとに、コヒーシンによる転写制御の分子メカニズムとその破綻による疾患の分子病態について概説したい。

活性を指標とした新たな植物ホルモン輸送体の探索

瀬尾 光範

(理化学研究所・環境資源科学研究センター)

植物ホルモンは非常に低濃度（外生処理の場合 μM オーダー以下）で作用し、成長、発生、分化、生殖、ストレス応答など、生活環のあらゆる場面で多岐にわたる生理作用を示す低分子化合物である。現在までに 9 種の化合物（群）[オーキシシン、サイトカイニン、ジベレリン (GA)、アブシシン酸 (ABA)、エチレン、ブラシノステロイド、ジャスモン酸、サリチル酸、ストリゴラクトン]が植物ホルモンとして認識され、それぞれに関する生理作用機構の解明が精力的に進められている。植物ホルモンの生合成及び分解による「内生量の制御」や、受容体によりホルモンが認識されて生理応答が引き起こされるまでの「情報伝達」に関わる因子の多くは正遺伝学的手法、すなわち突然変異体の発見を起点に明らかにされてきた。しかしながら「内生量の制御」と「情報伝達」の間をつなぐ重要な要因である、植物ホルモンの「輸送」に関しては正遺伝学的手法が十分に有効でなく、オーキシシンの例を除いてその大部分が不明のままであった。

我々は、ABA 受容体 PYR/PYL/RCAR と PP2C タンパク質ホスファターゼの ABA 依存的な相互作用を利用した機能的スクリーニングにより、硝酸及びペプチド輸送体として知られていた NPF ファミリーに属するタンパク質の一つ NPF4.6 が、ABA 輸送体として機能することを明らかにした。これに加え、GA 及びジャスモン酸 (JA-Ile) 受容体複合体（それぞれ *GID1* と *DELLA*、*COI1* と *JAZ*）を利用した Y2H 系を用いて、シロイヌナズナに存在する 53 の NPF ファミリーの中に、ABA、GA、JA-Ile 輸送活性を持つタンパク質を複数同定した。これらのことから、NPF は硝酸やペプチドのみならず、植物ホルモンを含む多様な化合物を基質とすると考えられる。更に、酵母における GA 受容体 *GID1* と *DELLA* の GA 依存的な相互作用を促進する因子をシロイヌナズナ cDNA ライブラリーから大規模にスクリーニングした結果、近年新たな糖輸送体として報告された SWEET ファミリーのうちの少なくとも SWEET13 及び SWEET14 が GA 輸送体として機能することを明らかにした。本シンポジウムでは、これらの植物ホルモン輸送体の生理的な役割を議論したい。

新規有用遺伝子探索と遺伝資源高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立

矢野 健太郎

(明治大学・農学部)

高速シーケンサーに代表されるように、ウェット実験の低コスト・大規模化が進展し、利用可能な植物オミックス情報が Web 上に蓄積している。これらのオミックス情報を積極的に活用することにより、新たな生物学的知見を効率的に導出できる。このアプローチには、ゲノムやトランスクリプトームといった各オミックス要素の解析（たとえば、新規遺伝子の発見や遺伝子発現制御の同定）だけではなく、表現型決定に至るオミックス間相互作用（環境要素も含む）の解析、すなわち、システムズ・バイオロジーへの展開が含まれる。グリーン・イノベーションに資する新規有用遺伝資源を探索し、高度利用化を達成するためには、集積する大規模オミックス情報を的確・迅速にハンドリングするバイオインフォマティクス基盤の早期整備が喫緊の課題である。

当プロジェクトでは、オミックス統計解析手法と GUI ソフトウェアの開発、また、オミックス解析から得られた情報を提供するための Web データベースの構築を進めている。たとえば、遺伝子発現情報解析は、階層的クラスタリング (HCL) が広く用いられている。ここで、HCL は多くの計算機メモリーと計算時間を要求するため、大規模な遺伝子発現情報を処理できない。また、デンドログラムとヒートマップを用いた結果の視覚化では、大規模データを俯瞰できないため、解釈が困難である。そこで、当プロジェクトでは、多変量解析の 1 つである対応分析を応用し、発現が類似する遺伝子群を高精度・迅速・ハイスループット・低コストに同定するための統計手法とソフトウェア CA_Plot_Viewer を開発している (図 1 左)。本手法の適用により、発現プロファイルの類似性に基づく遺伝子ネットワーク (GEN : Gene Expression Network) も迅速に構築できる。当プロジェクトでは、シロイヌナズナ、イネ、トマト、ダイズなどの主要モデル植物・農作物種の GEN を構築し、異なる植物種の GEN をオーソログ情報により結合することによって、横断的な比較解析を実現した。さらに、自然言語処理 (NLP; Natural Language Processing) とマニュアル・キュレーションを併用した文献情報テキスト・マイニングより、遺伝機能に関する知識情報を付加している。これらのオミックス情報・知識情報を統合することにより、遺伝子探索の加速化・高精度化・ハイスループット化を実現できる。本講演では、PODC (Plant Omics Data Center) (図 1 右) や TOMATOMICS, PlantExpress, CATchUP など開発・運営しているデータベース、また、シス因子や SNP を探索するための解析基盤についても紹介する。

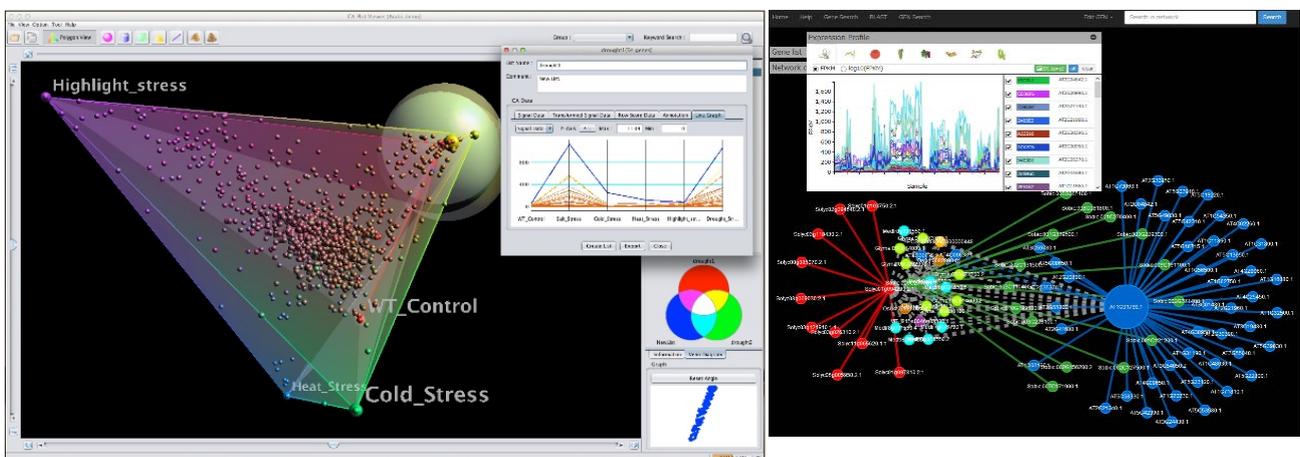


図 1. GUI ソフトウェア CA_Plot_Viewer 構築とデータベース PODC 開発

プロテオミクス研究を支える様々な解析手法

紀藤 圭治

(明治大学・農学部)

細胞内では、各々のタンパク質の発現制御、フォールディングや複合体形成、翻訳後修飾や細胞内局在、不要タンパク質の分解など、様々な制御機構が協調的に作用することで細胞内プロテオームの秩序が保たれている。こうした複雑で多様なプロテオームを包括的かつ統合的に理解するためには、様々な視点からのプロテオミクス解析が必要となる。なかでも質量分析によるタンパク質の解析技術は、解析可能対象が多様であることと単一細胞集団からの大規模解析が可能なることから、プロテオミクス研究では欠かせない分析手法である。本シンポジウムでは多種多様なプロテオーム解析の視点のなかから、各タンパク質コピー数の高精度計測、機能グループごとのタンパク質発現量の比較、タンパク質の老化について、出芽酵母を用いた質量分析による解析データを紹介したい。

細胞内のタンパク質コピー数の高精度計測には多くの課題があるが、それらを克服可能な定量解析手法を開発してきた。代謝経路の定量的解釈やタンパク質発現制御機構の理解など、高精度計測がゆえに得られる知見について紹介する。また異なる生物種での比較解析として、出芽酵母近縁種間でのプロテオーム発現プロファイルの違いを解析してきた。とくに機能グループごとのタンパク質が占める発現量の割合を比べることで、ある種の酵母ではプロテオーム資源分配が最適化されていることが示唆された。出芽酵母は細胞寿命のモデルとしても広く活用されているが、個々のタンパク質の老化がどのように寿命に関与するのかについては報告例が乏しい。そこで老化タンパク質の系統的な解析手法を考案し、細胞老化への関与があらたに示唆されるタンパク質を同定することに成功してきた。プロテオミクス解析はスクリーニング的な解析手法として用いることに加え、我々の事例も含めて多種多様な視点と方法論の開発にもとづいたあらたな知識抽出が今後ますます重要になってくると考える。

キチン受容体を介した植物免疫シグナル制御

○出崎 能丈、渋谷 直人、賀来 華江

(明治大学・農学部)

植物は微生物固有の分子パターン(MAMPs: Microbe associated molecular patterns)を認識することで防御応答を誘導する。MAMP 認識に基づく防御機構は植物の基礎的抵抗性に関与すると考えられ、近年では植物免疫機構の基盤的な仕組みとして注目されている。我々はこれまでに、真菌由来の MAMP であるキチンに着目し、イネとシロイヌナズナでキチン受容体を構成する 2 種類の分子(CEBiP, Os/AtCERK1)を世界に先駆けて同定した^{1,2,3)}。これらの分子は細胞外領域に共通して、キチンペプチドグリカンの結合に関わる LysM(lysine motif)を持っており、さらに Os/AtCERK1 の細胞内のキナーゼ領域はシグナル伝達の起動に寄与すると考えられる。

近年、我々は GPI アンカー型受容体である CEBiP とキチンオリゴ糖間での詳細な相互作用解析から、CEBiP 分子内の 3 つの LysM のうち、中央に位置する LysM がキチンとの結合に重要であることを示した⁴⁾。さらに、2 分子の CEBiP が 1 分子のキチンオリゴ糖を両側から挟み込むように結合し、この CEBiP の 2 量体化がシグナル伝達の起動に繋がることを示した⁴⁾。一方、シロイヌナズナ AtCERK1 の細胞内キナーゼドメインの活性化がシグナル伝達の起動に必須であることを示し、また防御応答に重要な複数のリン酸化部位を同定した⁵⁾。さらに、活性化した AtCERK1 の直下で機能する相互作用因子として、受容体様細胞質キナーゼである PBL27 と E3 ユビキチンリガーゼである PUB4 を同定した。特に PBL27 に関しては活性型の CERK1 のキナーゼによって選択的にリン酸化を受けることでシグナル伝達を正に制御することを明らかにした⁶⁾。

本シンポジウムでは、これまでの研究の概要と現在研究を進めている PUB4 を中心としたユビキチン化を介したキチンシグナル伝達制御について紹介する。

¹⁾ Kaku et al, *PNAS*, 2006, ²⁾ Miya et al, *PNAS*, 2007,

³⁾ Shimizu et al, *Plant J*, 2011, ⁴⁾ Hayafune et al, *PNAS*, 2014,

⁵⁾ Suzuki et al, *PCP*, 2016, ⁶⁾ Shinya et al, *Plant J*, 2014

「根寄生雑草からみた環境適応戦略とその応用の可能性」

藤 茂雄

(名古屋大学・理学部・生命理学科)

ストリゴラクトンは内生の植物ホルモンであり、分化、菌類との相互作用、そして、根寄生植物における宿主植物の認識において重要なはたらきを担う。最近の発表者らの研究から、ストライガとよばれる根寄生植物のもつストリゴラクトン受容体をコードすると考えられる 11 個の遺伝子について、モデル植物であるシロイヌナズナに導入することによりその生理活性を調べた。その結果、非寄生植物の 1 万倍以上に相当する非常に高感受性のひとつを含む、4 つの重要なストリゴラクトン受容体の同定に成功した。さらに、それらのうちのひとつの結晶構造を解析した結果、ストライガのもつトリゴラクトン受容体はストリゴラクトンの結合するポケットの大きさが大きくかたちも異なっており、それによりさまざまなストリゴラクトンに応答できるよう進化した可能性が考えられた。さらに、この超高感受性のストリゴラクトン受容体をもつシロイヌナズナの種子をバイオセンサーとする、ストリゴラクトンの簡易的なバイオアッセイ系の開発にも成功した。この研究の成果は、ストライガのもつストリゴラクトン受容体についての理解を促進し、将来的には、ストライガの発芽を制御する化合物の開発や耐性をもつ品種の育種への応用が考えられ、アフリカにおける食糧問題の解決への貢献が期待される。

また、最近の研究から SL は少なくとも、非寄生植物においても種子の休眠性や発芽においても重要な役割を担っていることが明らかにされている。さらに、葉の形態形成（受容体を欠損すると葉が肥大化）、気孔の閉鎖、根の伸長阻害にも関わっていることが示唆されている。寄生植物が獲得した超高感度 SL レセプターを作物に応用することによって、様々な植物の環境応答を制御することが出来るかもしれない。それらの可能性についても議論したい。

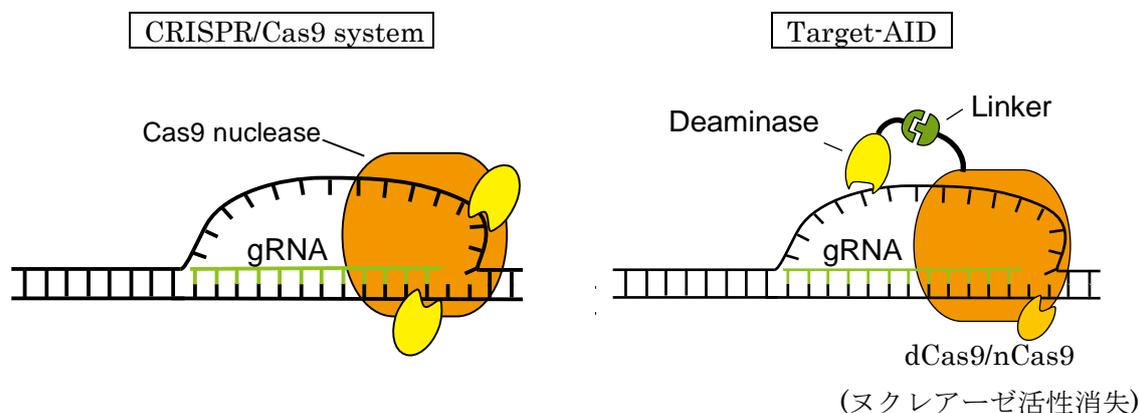
ゲノムを切らずに書き換える新規ゲノム編集技術の確立と展開

荒添 貴之

(神戸大学大学院・科学技術イノベーション研究科)

近年、任意のゲノム配列を特異的に認識・切断できるように改良した人工ヌクレアーゼの開発に伴い、切断後の DNA 修復機構を利用して標的配列を高効率に改変するゲノム編集技術が確立されつつある。特に細菌の獲得免疫機構を応用した CRISPR/Cas9 システムは、簡便かつ高効率に DNA を切断することができる RNA 誘導型的人工ヌクレアーゼとして、様々な生物種における基礎・応用研究でその有用性が示されている。一方で、狙い通りにゲノムを改変するためには標的配列と相同性が高い DNA 配列をノックインする必要があるが、植物や動物といった高等真核生物におけるノックイン効率は十分なものとは言い難い。また、ゲノムサイズが小さく不安定な微生物では、ゲノムを切断することによる細胞毒性が問題となっており、標的配列以外を切断してしまうオフターゲット活性も懸念される。

活性化誘導シチジンデアミナーゼ (Activation-induced cytidine deaminase : AID) は転写が活発におこなわれている一本鎖 DNA 上のシトシン残基をウラシル残基へと変換する脱アミノ化酵素であり、抗体遺伝子座の体細胞超変異を引き起こす。我々は、CRISPR/Cas9 の gRNA と標的 DNA のハイブリットにより形成される一本鎖 DNA 構造と、AID が作用する転写時の一本鎖 DNA 構造 (R-loop) が類似している点に着目し、原核生物 (CRISPR) と脊椎動物 (AID) の免疫システムを組み合わせた新たなゲノム編集技術「Target-AID」の確立をおこなった (Nishida et al., 2016; 図)。本技術は、標的配列上 3~5 塩基の範囲内に位置するシトシン残基またはグアニン残基を、相同配列を用いずに直接改変 (C to T または G to A) することが可能である。我々はこれまでに大腸菌、酵母、糸状菌、植物ならびに動物細胞における本技術の最適化に成功しており、本シンポジウムでは動物細胞と植物を中心にその応用例を紹介する。



脳下垂体特異的遺伝子についての DNA メチル化解析の新たな試み

新井 良和

(宮崎大学・農学部)

DNA メチル化は細胞種特異的な遺伝子発現制御に関与し、細胞分裂後も継承される遺伝子発現の記憶装置である。組織は複数の細胞種からなり、一般に組織中で遺伝子が転写可能な細胞では、その遺伝子の転写制御領域は低メチル化状況にある。しかし、組織全体の DNA メチル化解析では、組織内での割合が高い細胞種のメチル化状況が解析結果に反映されやすいため、組織中のごく一部の細胞種から発現する遺伝子では、組織全体のメチル化状況と遺伝子発現が関連しないことがある。シーケンスによる DNA メチル化解析では、配列を決定したフラグメントごとの結果が 1 つのアリル（細胞）に由来すると考えられるため、低メチル化のフラグメントは遺伝子が活性化状態にある細胞と考えることができる。本研究では数種のホルモン産生細胞、前駆細胞や幹細胞など多様な細胞種から構成されるブタの下垂体について、次世代シーケンサーを用いたウルトラディープシーケンスによる下垂体特異的遺伝子の DNA メチル可変領域の検出を試みた。次世代シーケンサーによる DNA メチル化解析の結果、従来のサンガー法による数十フラグメント程度のシーケンス解析では検出が困難であった、組織間でメチル化状況の差が小さい遺伝子領域についても、細胞種に特異的と考えられるメチル化状況を示す領域を同定できた。さらに、従来のメチル化解析結果の解釈である、解析領域に含まれる全 CpG についての DNA メチル化率からは高メチル化状況を示した遺伝子についても、次世代シーケンサーで読まれたフラグメントごとのメチル化状況に注目することで、遺伝子が活性化状態にあると考えられるアリル（細胞）を示すことができた。以上より、下垂体に含まれるホルモン産生細胞、およびごくわずかに存在する幹細胞から発現する遺伝子について、DNA メチル化によって制御されると考えられる領域を検出できた。

Arai *et al. Genesis*. 51(11): 763–776, 2013.

Arai *et al. PLoS One*, 11(1): e0146498, 2016.

「性腺刺激ホルモン産生細胞株」からのホルモン分泌を迅速に検出する アッセイ系の開発

持丸 雄太

(明治大学・農学部)

【背景】動物生殖内分泌組織の機能制御をより深く理解することは、家畜や希少動物の繁殖効率の改善へとつながる可能性がある。生殖は、視床下部-下垂体-生殖腺軸（HPG 軸）によって主に調節されている。下垂体前葉には、生殖内分泌調節に重要な役割を担っている性腺刺激ホルモン産生細胞（ゴナドトロフ）が存在する。ゴナドトロフは視床下部ニューロンから分泌される生殖腺刺激ホルモン放出ホルモン(GnRH)に応答して、性腺刺激ホルモンの合成・分泌を行う。近年 GnRH 以外にも種々の因子がゴナドトロフに作用して、性腺刺激ホルモンの合成・分泌を修飾する可能性が示唆されている。本研究ではオミックス情報を利用して、ゴナドトロフに発現する受容体（GPCR）を網羅的に取得し機能解析を行うことで、ゴナドトロフの新たな機能調節系を明らかにすることを目標としている。網羅的な解析を行うためには、培養細胞株を用いた簡便かつ鋭敏なリアルタイムの検出系の利用が有効である。性腺刺激ホルモン遺伝子発現の検出系としては、レポーター遺伝子を用いたアッセイ系がこれまでに利用されてきている。一方、性腺刺激ホルモン分泌の測定系には、ELISA や RIA 法を用いたアッセイ系が一般に利用されている。しかしながら ELISA や RIA 法は上記レポーター遺伝子による解析に比べて、簡便かつリアルタイムな検出という点で難がある。

【目的】ゴナドトロフ細胞株を用いて、性腺刺激ホルモンの分泌を簡便かつ鋭敏にリアルタイムに検出する系の開発を試みる。

【方法】マウスゴナドトロフ細胞株（L β T2）にガウシアルシフェラーゼ遺伝子を導入・発現させ、培養液中のルシフェラーゼ活性を測定した。また GnRH による LH 分泌の測定を行った。さらに細胞内での LH とガウシアルシフェラーゼの局在を観察した。

【結果】（1）ガウシアルシフェラーゼ遺伝子を L β T2 細胞に導入・発現させると、時間経過とともにルシフェラーゼ活性の増加が観察された。（2）この細胞を GnRH または KCl で刺激すると、培養液中のルシフェラーゼ活性は増大した。（3）GnRH 刺激によるルシフェラーゼ活性の増大は GnRH 受容体に対するアンタゴニストであるアンチドにより抑制されたが、KCl 刺激によるルシフェラーゼ活性の増大はアンチドにより影響を受けなかった。（4）ガウシアルシフェラーゼは L β T2 細胞内で LH と部分的に共局在を示した。

【考察】ホルモン産生細胞株を用いた「ホルモン分泌を修飾する因子」のハイスループットスクリーニングによる探索に、ガウシアルシフェラーゼが利用できる可能性がある。

下垂体から単離した幹細胞ニッチの解析と分化誘導の試み

吉田 彩舟

(明治大学・農学部)

下垂体前葉は、5種類のホルモン産生細胞が存在し、成長や代謝、生殖、ストレス応答などを制御するホルモンを分泌することで、個体の恒常性維持に寄与する内分泌器官である。それらホルモン産生細胞は、成体下垂体に存在する SOX2 陽性の組織幹細胞により、常に供給され維持されている。また、これら幹細胞は、周囲とは異なる特殊な微小環境(ニッチ)を構成し、その幹細胞性が維持されていると考えられている。我々は、下垂体においては、MCL ニッチと実質層ニッチという 2 種類のニッチが形成されていることを見出している。しかし、これらニッチにおいて、幹細胞を制御するニッチ制御因子に関しては、未解明な点が非常に多い。そこで、本研究では、下垂体の幹細胞ニッチを単離し、網羅的な遺伝子発現解析を行うことで、ニッチ制御因子の探索を進めている。

幹細胞ニッチの単離には、複数の組織において、幹細胞ニッチが周囲の細胞とは異なる ECM により維持されている点に着目し、タンパク質分解酵素に対する反応性の違いを利用した。コラゲナーゼとトリプシンを用いた組織分散の結果、下垂体前葉組織から、酵素処理でも分散されない細胞塊として、実質層ニッチを三次元構造を維持した状態で単離できることを見出した。また、この細胞塊は、*S100β*の発現を指標に三種類のサブタイプに分類できること、さらに、サブタイプ間で異なる性質を有することが確認された。

現在は、単離した実質層ニッチを材料に、次世代シーケンスによる網羅的な遺伝子発現解析を実施している。これらデータから、実質層ニッチで特徴的に発現する遺伝子を同定し、下垂体の組織幹細胞を維持する因子、ならびホルモン産生細胞への分化を誘導する因子の同定を進めている。