

RIKEN Center for Sustainable Resource Science Annual Report 2015

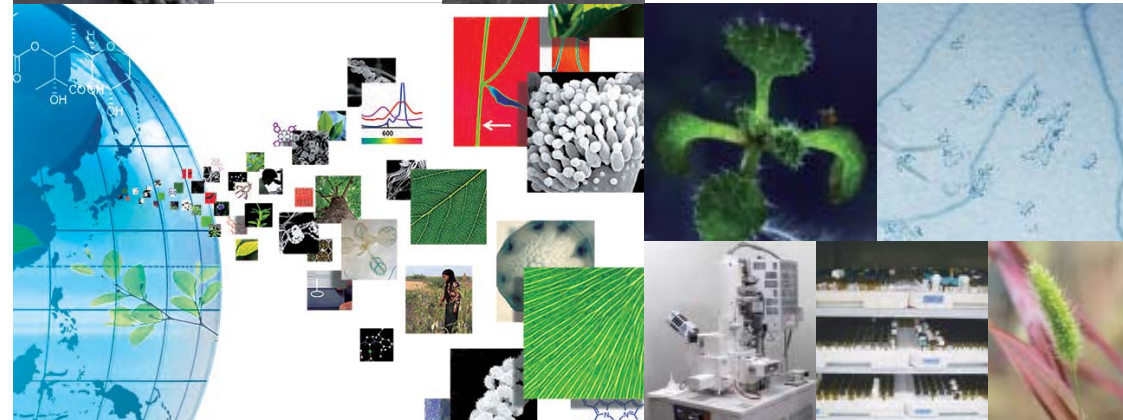
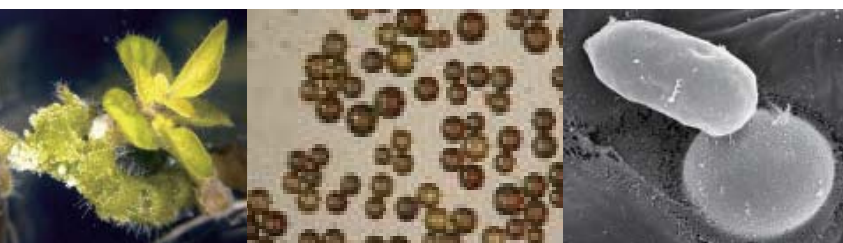
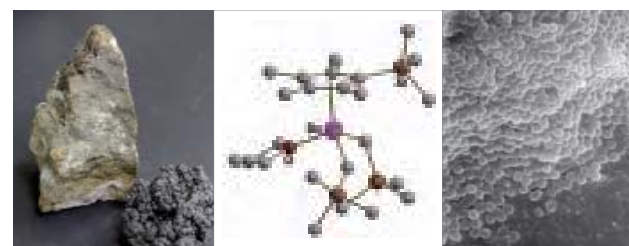


RIKEN CSRS

Annual
Report
2015



www.csrs.riken.jp



Copyright © RIKEN. Printed in Japan.
RIKEN 2016-044

生物学と化学の力を融合し、 資源・エネルギー循環型の 持続的社会的実現に貢献します。

植物や微生物などの生物の機能は、実に多様です。自然界で生物は様々な天然化合物を生合成し、さらに人類は化学合成によって有用な物質をつくり出すことができます。

環境資源科学研究センターでは、この多様な生物機能と化学機能の理解を礎に、環境に負荷をかけずに、炭素や窒素、金属元素などの生物資源、化学資源を活用し、新たに循環的な資源を創出して省エネルギーで利用することを目指します。

センター長 篠崎 一雄

Towards achieving a sustainable society based on renewable resources and energy through integration of biology and chemistry

Plants and microbes incorporate a wide range of biological functions. Many natural compounds are biosynthesized by organisms in nature, and humans can produce other useful materials using chemical synthesis.

At the RIKEN Center for Sustainable Resource Science we aim to elucidate the diversity of these biological functions and chemical diversity with the goal of promoting energy conservation by creating new sustainable resources based on the use of biological functions and chemical resources such as carbon, nitrogen and metallic elements, without placing a load on the environment.

Kazuo SHINOZAKI
CSRS Director

Contents

センター長挨拶 Message from Director	2
目次 Contents	3
特別対談 Special Talk	4
センター紹介 About CSRS	8
炭素の循環的利活用研究プロジェクト R&D Project of Carbon Utilization	12
窒素等の循環的利活用研究プロジェクト R&D Project of Nitrogen Utilization	14
金属元素の循環的利活用研究プロジェクト R&D Project of Metallic Elements Utilization	16
循環資源探索・活用研究基盤プロジェクト R&D Project of Research Platforms	18
バイオマス工学研究部門 Biomass Engineering Research Division	20
創薬・医療技術基盤連携部門 / 技術基盤部門 Drug Discovery Platforms Cooperation Division / Technology Platform Division	22
研究室紹介 Laboratories	24
植物科学 / Plant Science	
機能開発研究グループ Gene Discovery Research Group	24
生産機能研究グループ Plant Productivity Systems Research Group	26
植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group	28
統合メタボミクス研究グループ Metabolomics Research Group	30
代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team	32
メタボローム情報研究チーム Metabolome Informatics Research Team	34
環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team	36
植物ゲノム発現研究チーム Plant Genomic Network Research Team	38
細胞機能研究チーム Cell Function Research Team	40
植物共生研究チーム Plant Symbiosis Research Team	42
適応制御研究ユニット Dormancy and Adaptation Research Unit	44
発現調節研究ユニット Signaling Pathway Research Unit	46
機能調節研究ユニット Regulatory Network Research Unit	48
植物プロテオミクス研究ユニット Plant Proteomics Research Unit	50
統合ゲノム情報研究ユニット Integrated Genome Informatics Research Unit	52
ケミカルバイオロジー / Chemical Biology	
ケミカルバイオロジー研究グループ Chemical Biology Research Group	54
ケミカルゲノミクス研究グループ Chemical Genomics Research Group	56
分子リガンド標的研究チーム Molecular Ligand Target Research Team	58

天然物生合成研究ユニット Natural Product Biosynthesis Research Unit	60
化合物リソース開発研究ユニット Chemical Resource Development Research Unit	62
生体活性物質探索研究ユニット Bio-Active Compounds Discovery Research Unit	64

触媒化学 / Catalytic Chemistry

先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group	66
触媒・融合研究グループ Catalysis and Integrated Research Group	68
先進機能元素化学研究チーム Advanced Elements Chemistry Research Team	70
グリーンナノ触媒研究チーム Green Nanocatalysis Research Team	72
生体機能触媒研究チーム Bifunctional Catalyst Research Team	74

バイオマス工学研究部門 / Biomass Engineering Research Division

合成ゲノミクス研究グループ Synthetic Genomics Research Group	76
セルロース生産研究チーム Cellulose Production Research Team	78
酵素研究チーム Enzyme Research Team	80
バイオプラスチック研究チーム Bioplastic Research Team	82
細胞生産研究チーム Cell Factory Research Team	84
バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team	86

創薬・医療技術基盤連携部門 / Drug Discovery Platforms Cooperation Division

創薬ケミカルバンク基盤ユニット Chemical Bank Unit for Drug Discovery Platform	88
創薬シード化合物探索基盤ユニット Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform	90

技術基盤部門 / Technology Platform Division

分子構造解析ユニット Molecular Structure Characterization Unit	92
生命分子解析ユニット Molecular Characterization Unit	94
質量分析・顕微鏡解析ユニット Mass Spectrometry and Microscopy Unit	96

国際 / 国内 / 産業 / 理研所内連携 International / Domestic / Industrial / RIKEN Internal Collaborations	98
植物科学最先端研究拠点ネットワーク Japan Advanced Plant Science Research Network	101
ニュース&イベント News & Events	102
セミナー CSRS Seminars	104
プレスリリース Press Releases	106
受賞 Awards	108
組織図 Organization	110

特別対談 持続的社会的実現に向けて:科学技術からの貢献

*The Contributions of Scientific Technologies
to the Realization of a Sustainable Society*

ミッションや特徴 Missions and Strengths

篠崎 2015年は大村智先生のノーベル生理学・医学賞受賞という大きなニュースがありました。大村先生は微生物から有用な化合物を発見し、世界的に大きな影響を与えました。私達も天然化合物の研究をしていますので、大村先生の受賞は追い風と感じています。環境資源科学研究センター(CSRs)と伊丹先生率いる名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所(ITbM)では、生物学や化学、そして分子の力を活用するケミカルバイオロジーを融合させた研究を進めています。ITbMのミッションや方向性についてお聞かせください。

伊丹 ITbMは「分子」にフォーカスしています。合成化学、植物科学、時間生物学、バイオイメージングなどを融合させ、食糧やエネルギーなど地球規模の問題を解決し得る画期的な分子を創製することがゴールです。

篠崎 CSRSは理研の総合力を発揮し、人類の存続に関わる問題を解決することをミッションに、植物科学とケミカルバイオロジー、触媒化学の分野を結集させたセンターです。「炭素」「窒素」「金属元素」をキーワードにした融合研究プロジェクトを立ち上げました。各プロジェクトで目標を立て融合を図ることで、新しい学際研究も生まれると考えています。ITbMは2012年に世界トップレベル研究拠点プログラム(WPI)に採択されましたが、応募の際にどのような議論をされたのですか？

伊丹 最初はWPIのプログラムは大変だとの声もありましたが、議論していくうちに面白いことができるかもしれないという気持ちが高まり、「分子」にフォーカスし、「分子」を共通言語として進めていくことにしました。大村先生の研究に匹敵するような、「画期的分子」の上をいく「世界を変える分子」を生み出すことを目指し「トランスフォーマティブ生命分子研究所」と名付けました。

篠崎 CSRSは、光合成研究について生物学と化学の両面からできないかを議論したことを発端に、創薬研究が主流のケミカルバイオロジー研究者が、新たなチャレンジとして環境や資源に関わる有用な化合物を探す研究に参画することになりました。

伊丹 ITbMも似ている部分があります。私は合成化学が専門なので、創薬は大きな方向性としてありましたが、ユニークになりたいという気持ちと創薬以外にも役立てるのではという問題意識を持っていました。そんな時に同世代の植物科学者に会い、医薬の



名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所 (ITbM) 拠点長
Director of ITbM, Nagoya University

伊丹 健一郎
Kenichiro ITAMI

理研 環境資源科学研究センター長
Director of RIKEN CSRS

篠崎 一雄
Kazuo SHINOZAKI

ための合成化学の技術が食糧問題解決に繋がる基礎研究に使えることに確信を持ったのです。

篠崎 食糧や資源など地球規模の問題解決に貢献するために、時代が要請する研究所として両機関の活動が始まったと考えられますね。

Itami ITbM focuses on "molecules." The larger goal is to create innovative molecules capable of solving global-scale issues such as food security and energy through integration of synthetic chemistry, plant science, chronobiology, bioimaging and other fields.
Shinozaki CSRS also has a mission to solve issues related to the survival of the human race. It is promoting interdisciplinary research projects, bringing together plant science, chemical biology and catalytic chemistry under the keywords "carbon," "nitrogen" and "metallic elements."

異分野融合研究の取り組み Interdisciplinary Research Projects

伊丹 大きな問題解決は一つの分野だけではできないので、異分野融合が重要となります。ITbMの特徴はMix-Labと呼ばれる新し

い研究スタイルです。大学では分野や研究室間の壁が存在し、共同研究の障害になることもあります。そこでITbMでは可能な限り物理的な壁を排除し、同じ空間に違う分野の研究者が集い研究できるようにしました。研究のディスカッションだけでなく、日々の日常会話も気軽にできる環境から、予想よりはるかに速いスピードで画期的な分子が見つかっています。

篠崎 CSRSでもITbMのMix-Labの考え方を取り入れ、センターの拠点として和光に環境資源科学研究棟を作りましたが、そこまでは進んでいません。触媒化学とケミカルバイオロジーの研究者は和光、植物研究者が横浜と、拠点が離れているため同じ場所での議論がなかなかできない難しさがあります。そこで和光と横浜の研究を繋ぐため、遺伝子やゲノムを中心に研究していた植物科学にケミカルバイオロジーを取り入れ、新しい生理機能を持った化学物質を探すことから始めました。徐々に成果が出始めています。生物学の研究者は化学式が、化学の研究者は遺伝暗号が苦手な人が多いので、セミナーを開催しても最初はお互いに理解できずでしたが、説明の仕方を工夫することで理解が進んできたと思います。

伊丹 ITbMも全く同じです。構想段階で、フォーカスするもの、共通言語を「分子」と決めていたため、生物の先生が発表の際などに、分子を使って説明されたことが非常に良かった点です。また、若い人たちの吸収力は素晴らしく、生物学分野の学生の卒論や修論発

表でも分子の構造式が出てくるようになりました。これは融合の非常に分かりやすい成功例だと思います。

篠崎 学生の段階からそのような環境に置かれるのは良いことですね。異分野融合研究での具体的な成果はありますか。

伊丹 現在進行形での研究は沢山ありますが、成果を形にするには時間が掛かるので、論文や製品化したものは3〜4つです。

篠崎 CSRSも融合研究の成果が上がりつつありますが、各分野独自の成果も出す必要があるため、融合研究とコア研究の調和が難しい所です。それぞれの分野で環境や資源に関わる研究目標を持つことが重要で、コア研究を融合研究に無理に合わせる必要は無いと考えています。

伊丹 仰る通りです。ITbMが始まる際、融合研究に時間と労力を100%ではなく、本気の30%を注ぎ込んで欲しいと研究者に伝えました。70%は自分達の強みである研究に割いて世界のトップで居続ける必要があります。そうしないとITbMでの融合研究が真に価値のあるものにはなりません。

篠崎 ITbMは新しい生命分子を探索し、機能を明らかにするというミッションを掲げていますが、将来的にどのような課題の解決や抽出をしようと考えていますか。

伊丹 さまざまなタイミングで、どの問題を解決すべきか、現在の取り組みからどのような新しい研究分野が生まれるかという議論をしています。食糧問題に関わる問題は沢山あるので、一つ一つ貢献していきたいと考えています。

篠崎 食糧問題解決は植物科学の出口の一つです。人口増加が続いて2060年頃に100億人を超える予想が出されているので食糧が重要なキーワードです。

Itami One of ITbM's unique characteristics is the "Mix-Lab" approach. The aim is to remove to the largest extent possible the walls between labs and between fields (which often hinders joint research) by having researchers in different fields share the same research space. Discussions are not only about research; the environment makes daily conversation easier, so ITbM is discovering innovative molecules at a much faster speed than expected.
Shinozaki At CSRS, chemical biology and catalytic chemistry work is done in Wako, while plant science research is done in Yokohama. Because the research bases are in different places, there are some difficulties fostering discussions in the same place. To address this issue, CSRS set up the Sustainable Resource Science Building in Wako. Plant science has focused on the genetic and genomic aspects of plant science, but we have also introduced chemical biology and started to look for chemical substances with new physiological functions—and are gradually realizing results from this approach.

人材育成・企業連携・国際化

Various Activities

篠崎 大学と理研のような研究機関では異なると思いますが、ITbMにおける人材育成はいかがですか。

伊丹 人材育成はITbMの存在意義に関わると考えています。私の大学人としての目標は自分より優れた人が生まれたら成功で、自分のコピーだけを作ったら失敗です。ITbMから世界に羽ばたく人材を一人でも多く輩出したいと思っています。

篠崎 理研の場合は既に確立した研究者が多いので、その人達が新しい分野に触れ、新しいリーダーとなることを期待しています。企業や異分野との連携に関しては、研究や特許、企業のことが分かる人材育成も重要ですね。ITbMにはリサーチアドミニストレーター (RA) が多くいると思いますが、企業との連携は進んでいますか？

伊丹 RAだけではなく研究者本人も動いて進めています。企業からは共同研究や、私達の持っているユニークなケミカルライブラリーを使わせて欲しいなどの依頼もあり連携が進んでいますが、組織的に連携を展開する基盤はまだできていません。

篠崎 CSRSの場合、前身の研究センターから企業との繋がりがあったことや、推進室が様々な人と会う機会を設定してくれたので、企業連携がかなり進みました。ITbMを本務としている外国人リーダーが多いですが、国際化は学生も含めて進んでいますか。

伊丹 会議も含め基本的なところは全て英語にしています。しかし学生の英語力はそれほど高くないので、ディスカッションを本気でしようとすると物足りないところもあります。そこに“異分野”が上乘せられるとかなり厳しいですね。

篠崎 サイエンスは英語でと決めています、日本語でも他分野の話は難しいので、英語にすると更に難しくなります。そうすると専門外のセミナーへの参加者が少なくなることが難点です。

伊丹 全く同感です。学生だけでなく異分野の研究者にとっては、実はためになっていないと感じる事があります。ですので、研究会は必要に応じて日本語を交えて行っています。



篠崎 ただ、海外で発表する時は英語ですので、英語でセミナーやシンポジウムを行うことは研究者にとっては良いトレーニングになります。理研の理事長も国際化を重要視しているため、外国人研究者の人員確保も含めて、今後とも取り組んでいく必要があります。

Human resources development

Itami We consider the development of human resources involves the *raison d'être* of ITbM. If I foster someone better than myself, it's a success; producing someone who is a carbon copy of myself would be a failure. ITbM would like to turn out as many world-class scientists as it can.

Shinozaki We already have many established researchers, so it can be expected that exposure to new fields will create new leaders among them.

Industrial collaborations

Itami ITbM has received requests from industry asking for joint research and to use our unique chemical library, but we have yet to establish a systematic cooperation infrastructure.

Shinozaki CSRS has industry connections from former organizations and support from the Planning Office, so there has been good progress with industrial collaborations.

Internationalization

Itami ITbM basically uses English, including at meetings, but it's actually quite difficult when it comes to conversations about different fields.

Shinozaki It's the same at CSRS; we have difficulties getting researchers to participate in seminars outside their specialty. However, overseas conferences, etc. are in English, so it is excellent training to hold seminars in English here. The RIKEN president has placed great importance on internationalization and CSRS needs to make efforts in this area, including the hiring of foreign researchers.

Profile of Prof. Kenichiro Itami

京都大学大学院工学研究科 (Ph.D.)、京都大学大学院・助手、名古屋大学物質科学国際研究センター・准教授などを経て、2008年より名古屋大学大学院理学研究科・教授。2012年より名古屋大学トランスフォーメティブ生命分子研究所・拠点長兼任。専門分野は有機化学、有機合成化学、分子触媒化学。

Obtained Ph.D. from Graduate School of Engineering, Kyoto University (1998), Professor of Nagoya University (2008+), Director of ITbM, Nagoya University (2012-), Research Fields: Organic Chemistry, Organic Synthesis, and Molecular Catalysis Chemistry.

連携ワークショップ開催の意義と

今後の展望

Perspectives

篠崎 連携ワークショップを2回開催し、連携が更に進むことが期待されます。ITbMとCSRS、この2つの研究所があることが重要で、連携ワークショップから両者の違いを感じて育つ研究者が出てくることを目指して進めていければと思います。ワークショップを開催していかがでしたか？

伊丹 同じ分野同士は知っていても、分野が異なるとホームページ程度の情報しかありませんでしたが、ワークショップでCSRSとITbMがこんなにも同じ強みを持った研究所であることを知り、驚きと感動、親近感、安心感があつたと思います。今後、人材の相互派遣が実現していくと更に強い連携に繋がると思います。

篠崎 既に理研からITbMへ何名か研究者が移っているので、今度はITbMの学生が理研のポスドクとして来るという流れができると良いですね。その若い人たちが新しい分野を作ってくれることを期待しています。

伊丹 新しい分野を作るとしたら学生や若い研究者です。私はきっかけをつくり、彼らに活躍の場を与え、応援することが役目だと考えています。もちろん私自身も分子の力を引き出すという自分のゴールに向かって、ITbMでの研究を楽しみたいと思っています。

篠崎 この2つの組織が連携し世界に情報を発信することで、新しい分野の道が拓けるのだと思います。海外でも化学と生物学、ケミカルバイオロジーを融合する取り組みは少ないですね。

伊丹 プラントケミカルバイオロジーという分野の確立やジャーナルを出すとしたら、CSRSとITbMしかないと思います。

篠崎 将来的に目に見える活動をする事はとても重要ですね。まずは相互に技術や基盤のシェアが必要ですね。CSRSには天然化合物バンク (NPDepo) がありますが、もっと範囲を広げる必要があると感じています。ITbMではどうですか？



伊丹 今ITbMでは非常にヒット率の高い化合物ライブラリーの構築が進んでいます。これまでの経験で蓄積されたデータから、ITbM独自の分子群にフォーカスしたライブラリー構築ができるのではないかと考えています。

篠崎 ITbMは分子、CSRSは天然物にフォーカスした日本独自のライブラリー構築を目指せるかもしれませんね。海外には同じようなライブラリーはないので、目に見える活動になり得ると思います。

伊丹 ITbMはインタラクティブな活動をするためあえて組織を小さくしていますが、分野の確立や大きな研究を行っていくために、CSRSに様々な形で協力してもらいながら国際的な共同研究をしていきたいと思います。若いパワーはありますがITbMだけでは独り立ちはできないので、CSRSとの連携は非常に貴重なものであり、核にしていきたいと考えています。

篠崎 今後も連携を深め、化学と生物学の融合で地球規模の問題解決に向けた研究を協力して進めていければと思いますので、どうぞよろしくお願いいたします。

Itami In order to carry out our activities interactively, ITbM has chosen to keep itself small. In order to establish fields and do large research, ITbM would like to pursue international collaborative research while coordinating in various ways with CSRS. ITbM has the power of youth but cannot become independent alone. For that reason, we feel coordination with CSRS is very valuable and would like to make it a focal point.

Shinozaki We have held a joint workshop twice. If a mutual dispatch of human resources can be achieved, it will lead to even stronger ties. If our two organizations can coordinate and broadcast information to the world, we should be able to develop avenues for new fields. I hope we can deepen our coordination and cooperate on fusional research in chemistry and biology that will help solve global-scale issues.

センターミッションを遂行するため、各分野の専門的な「コア研究」を
礎に、全ての研究室が「融合プロジェクト研究」に参画し、異分野融合研
究を行っています。

To achieve our center mission, each laboratory specializes in a certain
"Core Research" which is applied to "Interdisciplinary Research"

センター長 / Director of CSRS

		融合プロジェクト研究 Interdisciplinary Research			
		C 炭素 Carbon	N 窒素 Nitrogen	M 金属元素 Metallic Elements	P 研究基盤 Research Platforms
植物科学 Plant Science	機能開発研究グループ Gene Discovery Research Group	篠崎 SHINOZAKI	●	○	○
	生産機能研究グループ Plant Productivity Systems Research Group	橋原 SAKAKIBARA	○	●	◎
	植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group	白須 SHIRASU	○	●	
	統合メタボロミクス研究グループ Metabolomics Research Group	斉藤 SAITO	◎	○	◎
	代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team	平井 HIRAI	○	○	○
	メタボローム情報研究チーム Metabolome Informatics Research Team	有田 ARITA	○		○
	環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team	菊地 KIKUCHI	○	○	○
	植物ゲノム発現研究チーム Plant Genomic Network Research Team	関 SEKI	○	○	○
	細胞機能研究チーム Cell Function Research Team	杉本 SUGIMOTO	○	○	
	植物共生研究チーム Plant Symbiosis Research Team	林 HAYASHI	○	○	
	適応制御研究ユニット Dormancy and Adaptation Research Unit	瀬尾 SEO	○		○
	発現調節研究ユニット Signaling Pathway Research Unit	チャン TRAN	○	○	
	機能調節研究ユニット Regulatory Network Research Unit	申 SHIN	○	○	
	植物プロテオミクス研究ユニット Plant Proteomics Research Unit	中神 NAKAGAMI	○	○	
	統合ゲノム情報研究ユニット Integrated Genome Informatics Research Unit	櫻井 SAKURAI	○	○	○
ケミカルバイオロジー Chemical Biology	ケミカルバイオロジー研究グループ Chemical Biology Research Group	長田 OSADA	○	●	●
	ケミカルゲノミクス研究グループ Chemical Genomics Research Group	吉田 YOSHIDA	●	○	●
	分子リガンド標的的研究チーム Molecular Ligand Target Research Team	ブーン BOONE			○
	天然物生合成研究ユニット Natural Product Biosynthesis Research Unit	高橋 TAKAHASHI	○	○	○
	化合物リソース開発研究ユニット Chemical Resource Development Research Unit	長田 OSADA	○	○	○
	生理活性物質探索研究ユニット Bio-Active Compounds Discovery Research Unit	渡邊 WATANABE	○	○	○
触媒化学 Catalytic Chemistry	先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group	侯 HOU	○	◎	●
	触媒・融合研究グループ Catalysis and Integrated Research Group	袖岡 SODEOKA	●	○	○
	先進機能元素化学研究チーム Advanced Elements Chemistry Research Team	内山 UCHIYAMA	○	○	○
	グリーンナノ触媒研究チーム Green Nanocatalysis Research Team	魚住 UOZUMI	○		○
生体機能触媒研究チーム Bifunctional Catalyst Research Team		中村 NAKAMURA	○		○
バイオマス工学研究部門 Biomass Engineering Research Division		松井 MATSUI			
創薬・医療技術基盤連携部門 Drug Discovery Platforms Cooperation Division		吉田 YOSHIDA			
技術基盤部門 Technology Platform Division		長田 OSADA			

- ◎ プロジェクトリーダー / Project Leader
- 副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader
- 参画研究室 / Participate



センターの中核機能となる それぞれの強みを活かしたコア研究

環境資源科学研究センターは、生物機能の多様性と化学的多
様性の理解と活用のために、理研の強い研究分野である植物科
学、ケミカルバイオロジー、触媒化学の3つの分野が結集し、発足
したセンターです。化学は分子レベルで反応や現象を捉える一
方、生物学では生命全体での情報の流れを捉える学問です。この
ように異なるアプローチから、食料、エネルギー、素材などの持続
的生産という同じ目標に向かって取り組むことで、予想もしな
かった画期的な成果が生まれることが期待できます。

植物科学

温暖化をはじめとする気候変動や地球規模の人口増加は、食料
供給を脅かす人類共通の課題です。センターでは植物の生理機能に
関わる遺伝子や代謝産物の探索を進めており、蓄積されたゲノムや
メタボロームの知見を基に、栽培環境に左右されない生産性や環境
耐性を持つ植物の研究を行っています。

ケミカルバイオロジー

センターでは天然化合物を系統的に収集・保管する化合物バンク
を構築しています。化合物バンクと、短時間で化合物実験を行うこと
ができるケミカルアレイは、分子レベルの研究には欠かせないツール
です。また、ケミカルバイオロジーは植物学と化学を結び重要な役割
も果たしています。

触媒化学

人類社会が必要とするあらゆる物質の生産には触媒が関わって
います。センターでは既存の生産プロセスよりも経済的で、環境に優
しい反応を可能とする新規触媒の開発を進め、食料、エネルギー、素
材の分野に貢献していきます。

Fundamentals of the center; Core Research

CSRS has been established to elucidate the diversity of
biological functions and chemical diversity, collecting three of
RIKEN's strong fields, Plant Science, Chemical Biology, and
Catalytic Chemistry. While chemistry examines molecular
structures, their reactions and phenomena at the molecular level,
biology considers the overall flow of genetic information and
molecular systems. By learning both sides of the coin, we
endeavor to create disruptive research and technologies for the
sustainable production of materials, energy and food.

Plant Science

Climatic risks such as global warming, and demands of a steadily
growing population threaten food security. CSRS Plant Scientists
explore molecular foundations of plant physiology, to build strategies
to manipulate the genome and 'metabolome', the diverse set of
chemical compounds in a plant, in order to maximize their durability
and productivity even in climate change.

Chemical Biology

CSRS Chemical Biologists have built a unique collection of
naturally occurring biologically active molecules known as the
'Natural Products Depository'. Together with a robust and rapid
screening chemical array, they serve as an important tool for small
molecules. Furthermore, Chemical Biology plays an important role
linking plant sciences to chemistry.

Catalytic Chemistry

Developing new catalysts allow new, economically and
ecologically sound processes and techniques to access products
required by society in vital areas including food, materials and energy.
CSRS Catalytic Chemists challenge to develop new catalysts to
facilitate useful chemical reactions previously thought impossible.

コア研究で培った知見を結集し、分野横断で行う**融合プロジェクト研究**

環境資源科学研究センターでは、コア研究の3分野にまたがる4つのプロジェクトを推進しています。持続的な社会の実現に向けて、植物科学、ケミカルバイオロジー、触媒化学の異分野の研究者たちが手を取り合い、新たなイノベーションを目指します。

C 炭素の循環的利活用研究プロジェクト

植物の光合成機能や触媒化学を用いて二酸化炭素を資源として活用する技術を開発します。さらに新規触媒の開発により二酸化炭素や酸素を高付加価値物質に変換する技術を開発します。

N 窒素等の循環的利活用研究プロジェクト

窒素を利用した省資源・省エネルギー型の革新的なアンモニア合成技術の開発を目指します。また低肥料(窒素・リン)や過酷な環境下でも高成長が可能な植物を開発します。

M 金属元素の循環的利活用研究プロジェクト

生物による金属回収能力を活用し、レアメタルなどの回収や環境修復技術の開発・実用化を目指すとともに、さらに金属元素の能力を引き出して、低コストかつ高効率で化学合成を実現する革新的な触媒を開発します。

P 循環資源探索・活用研究基盤プロジェクト

生物の代謝経路と制御機構の解明に不可欠な統合メタボローム解析基盤を構築します。さらに生物機能の解明・向上に資する生理活性物質の探索・評価技術基盤を構築します。

Integrating the strong points of the center; **Interdisciplinary Projects**

CSRS has been promoting four unique interdisciplinary projects across the core CSRS scientific fields. Scientists from plant science, chemical biology and catalytic chemistry interact with one another to tackle challenges in science and technology essential towards innovation for a sustainable future.

C Carbon project

The Carbon project centers on creating useful materials from carbon dioxide and oxygen in the atmosphere by enhancing photosynthesis in plants and microorganisms or developing catalysts with added chemical diversity.

N Nitrogen project

The Nitrogen project objective is to save in ways that reduce the use of energy, water and resources with a focus on nitrogen, phosphorous and water, especially for sustainable crop production under adverse conditions.

M Metallic Elements project

The Metallic Elements project targets recovery and replacement strategies to overcome scarcity of mineral and metallic resources and promote clean chemistry without loading the environment. Bioremediation is important for clean and sustainable environment.

P Research Platforms project

The Research Platforms project integrates research infrastructure for discovery and use of metabolic networks, novel metabolites, chemicals and natural products as sustainable resources. Metabolomics and chemical screening are key technologies.

研究・連携・基盤研究

Divisions

理研の研究成果を企業へ「橋渡し」し、産業連携を推進する社会創成事業(現:産業連携本部)の一環として始まった「バイオマス」「創業基盤」は、センターにおける産業連携を強力に推進しています。また「技術基盤」は、センターの研究活動の支援や技術基盤の提供を行います。

"Biomass" and "Drug Discovery Platforms" were established as part of the RIKEN Cluster for Industry Partnerships, to accelerate knowledge exchange between RIKEN and other institutions or companies. While "Technology Platform" provides research platforms supporting the activities of CSRS.

B バイオマス工学連携部門

植物の機能改変による効率的生産からバイオマス利活用までの一貫した課題解決型の基礎研究を進め、革新的な技術基盤を確立します。そのために国内外の研究機関、産業界と連携を進めます。

D 創業・医療技術基盤連携部門

ケミカルバンクを駆使して、創業につながるシード化合物を探索します。得られた有用な生理活性物質は理研外の共同研究機関へ提供し、研究基盤としての役割も果たしています。

T 技術基盤部門

コア研究や融合プロジェクト研究の推進に必要な研究基盤の提供・研究支援を行い、環境資源科学研究の活性化を図ります。また、企業連携や新規技術の開発によって研究基盤の高度化を目指します。

B Biomass Engineering Research Division

The division conducts basic research geared toward consistent problem-solving in areas ranging from efficient biomass production by the functional improvement of plants to its useful applications. Also the division is promoting collaborations with domestic and foreign research institutes and industries.

D Drug Discovery Platforms Cooperation Division

Two Research Units of the Chemical Bank and Seed Compounds Exploratory identify and provide promising bioactive small molecules for the RIKEN Program for Drug Discovery and Medical Technology Platforms, as well as for collaborators outside RIKEN.

T Technology Platform Division

The division consists of three supporting units providing a research platform for CSRS activities. Furthermore the division aims to develop the platform through industrial collaboration and development of new technologies.

橋渡し研究による産業連携・国際連携

Knowledge and Technology transfer; **Translational Research**

専門分野における卓越したコア研究と、分野横断型の融合プロジェクト研究で得られた知見は、産業界との連携を通して社会へ還元されます。そのため、産業連携本部の事業開発室や環境資源科学研究推進室との連携のもと、オープンイノベーションの実現に向け、企業のニーズとセンターのシーズのマッチングを積極的に行い、連携研究体制を構築しています。

また、センターの研究活動の発展やグローバルな研究コミュニティでの相互理解のために、連携は必要不可欠です。個別の共同研究に留まらず、国内大学との連携大学院制度をはじめ、多くの機関間連携やコンソーシアム、国際連携を推進しています。特に科学技術政策上重要な府省連携を積極的に進め、研究機関間の連携研究体制を構築することにより、科学技術イノベーションの実現に貢献します。

Outstanding core research in each specialized field and integrated knowledge obtained from interdisciplinary projects are transferred to society by collaborating with industry. Collaborative research projects have been promoted towards realizing "open innovation" by proactively matching industry needs with research seeds from CSRS, in cooperation with the Business Development Office of RIKEN Cluster for Industry Partnerships and the CSRS Planning Office.

Collaboration with other institutes and universities are also important means to extend center activities and encourage interaction with worldwide research communities. Beyond various individual collaborations, CSRS promotes research networks, such as consortiums and joint graduate courses with universities in Japan, as well as international collaboration. In particular, CSRS promotes inter-ministry collaboration as a way of achieving innovation.



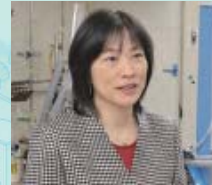
プロジェクトリーダー / Project Leader

斉藤 和季 薬学博士
Kazuki SAITO Ph.D.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



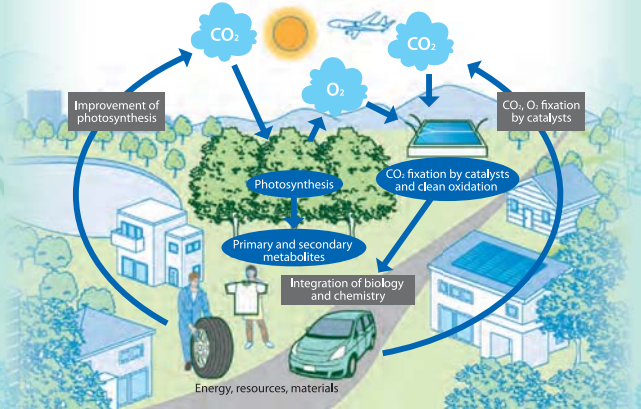
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.



袖岡 幹子 薬学博士
Mikiko SODEOKA D.Pharm.



篠崎 一雄 理学博士
Kazuo SHINOZAKI D.Sci.



大気中の炭素(二酸化炭素)や酸素から 有用な物質をつくり出します

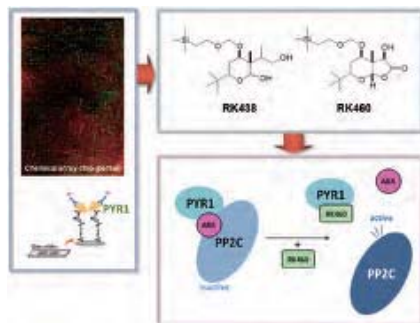
化石燃料の大量消費によって大気中に放出された大量の二酸化炭素は、地球温暖化を引き起こす厄介な物質だが、それを回収して利用できれば、環境と資源の両方にとって好都合となる。植物は、光合成によって二酸化炭素を吸収し、糖や脂質、さまざまな二次代謝産物をつくる。炭素プロジェクトでは、光合成に関わる制御因子や生理活性物質を探索して、光合成機能を強化することを目指す。また、二酸化炭素を固定する植物、化学的多様性を付加する微生物や化学触媒の開発を行う。そして、炭素から資源となる有用な物質、燃料や素材を自在につくり出す技術の開発が目標である。大気中の酸素を用いた環境に負荷を及ぼさない酸化反応を可能にする触媒の開発も行う。

研究成果

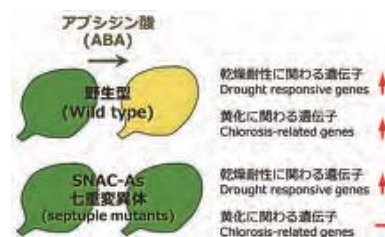
- ケミカルアレイを用いて、NPDepoライブラリーより植物ホルモンアブシジン酸の新規アンタゴニストを同定した。
- 長期の乾燥による葉の黄化防止に関わる遺伝子を発見した。
- ニンニクの薬用成分を作る鍵となる遺伝子を発見した。
- ポリケチド化合物の非典型伸長鎖の生合成を担う酵素群を解明した。
- 電気エネルギーを利用して生育可能な微生物とその代謝経路を特定した。
- イナミド化合物へ二酸化炭素とアルキル基を同時に導入できる新しい触媒反応を開発した。

今後のビジョン

- C4光合成や葉緑体機能、代謝プロセスに関わる鍵遺伝子とネットワークの発見
- 微生物や植物の光合成の最適化と光合成を促進する化合物の探索
- 植物や微生物における脂質、テルペノイド、ポリケチド生産の代謝工学の実現
- 環境への負荷を最小にした二酸化炭素や酸素を資源として用いる化学合成反応や触媒の開発
- 水分解などの人工光合成の開発



Identification of ABA antagonists (RK438 and RK460) using chemical array screening



Comparison of ABA-induced leaf senescence and gene expression between wt and SNAC-A mutant

Creation of useful materials from carbon and oxygen in the atmosphere

Global warming is caused by the increasing concentration of carbon dioxide (CO₂) in the atmosphere. Thus, recovering and using this CO₂ will be beneficial in terms of both the environment and resources. Plants and microorganisms take in CO₂ by photosynthesis to produce various primary metabolites such as sugars and lipids, as well as secondary metabolites.

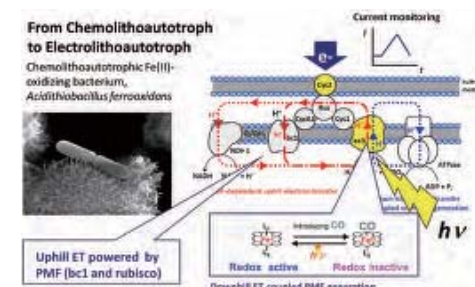
We are working to develop enhanced photosynthesis by identifying regulatory factors for the production of various biomaterials. In addition, we are developing not only plants that can effectively fix CO₂ for the production of useful materials, but also microorganisms and catalysts with added chemical diversity. Our goal is to develop technology to allow us to freely produce useful resources from CO₂. We are also developing novel catalysts that make it possible to use atmospheric oxygen to engage in oxidation without putting a load on the environment.

Research Results

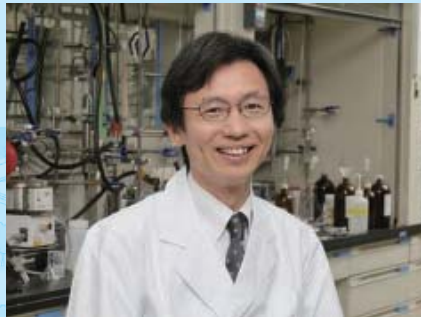
- We identified novel abscisic acid antagonists from NPDepo library using chemical array platform.
- We found a gene that prevents leaf senescence under prolonged drought conditions.
- We discovered core gene for the medicinal properties of garlic.
- We elucidated the enzymes responsible for the biosynthesis of atypical polyketide extender unit.
- We identified the electrolithoautotroph and its metabolic pathway for electricity harvesting.
- We have achieved the regiospecific alkylative carboxylation of ynamides with carbon dioxide and alkylzinc compounds by using a copper catalyst.

Future Vision

- Discovery of candidate key genes and/or networks for C4 photosynthesis, chloroplast functions and metabolic processes
- Optimization for microalgae (and plant) photosynthesis and screening of compounds for improvement of photosynthesis
- Several successes of metabolic engineering of lipids, terpenoids and polyketides in plants and microorganisms
- Development of new reactions/catalysts for chemical synthesis using CO₂ and O₂ as resources with minimal footprints on environments
- Development of artificial photosynthesis (water splitting)



Bioenergetic membrane for electrolithoautotrophs



プロジェクトリーダー / Project Leader
侯 召民 工学博士
Zhaomin HOU D.Eng.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



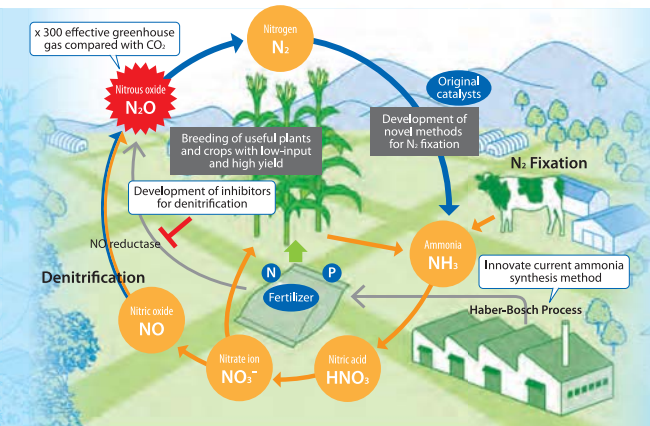
白須 賢 Ph.D.
Ken SHIRASU Ph.D.



神原 均 博士(農学)
Hitoshi SAKAKIBARA D.Agr.



吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.



大気中の窒素から 省資源・省エネルギーな方法でのアンモニア合成と、 低窒素肥料での植物生産の増加を目指します

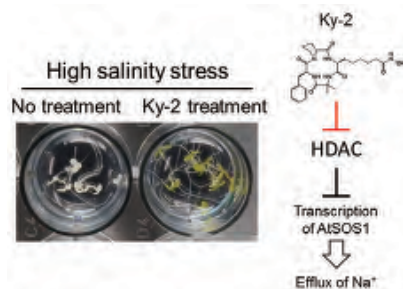
作物の栽培には大量の肥料が使用されており、その肥料の原料となるアンモニアは、大気中の窒素から「ハーバー・ボッシュ法」によってつくられている。ハーバー・ボッシュ法は高温高压下で反応を行うため、大量の化石燃料を必要とし、アンモニアの生産に、世界全体の1%以上のエネルギーが使われているといわれるほどである。窒素プロジェクトでは、高温高压という極端な条件を必要としない、省資源・省エネルギー的な方法で窒素固定、アンモニア合成を実現する革新的な触媒の開発を目指す。また、窒素やリンが少ない栄養状態の悪い環境でも植物の生育を可能にする遺伝子や生理活性物質を探索し、それを制御することで少ない肥料(ローインプット)でもたくさんの収穫を可能にする植物を生み出すことを目指す。また、脱窒阻害剤の開発も大きな目標である。肥料に含まれる硝酸イオン(NO₃⁻)は脱窒という過程を経て亜酸化窒素(N₂O)として大気中に放出される。亜酸化窒素は二酸化炭素の300倍の温室効果作用を持つと言われているため、亜酸化窒素の放出を抑制する技術の開発が求められている。

研究成果

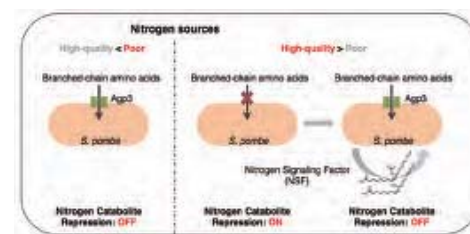
- ヒストン脱アセチル化酵素阻害剤が植物の耐塩性を強化することを発見した。
- 植物細胞の最終分化状態がPRC2を介したエピジェネティック制御によって維持されることを明らかにした。
- 酵母の窒素源カタボライト抑制を解除する自己制御因子「NSF」を発見した。
- チタン錯体によって活性化された窒素有機化合物へ導入する新しい反応を開発した。

今後のビジョン

- 温和な条件下で窒素の活性化と有効利用を可能にする新規触媒の開発
- 窒素・リン栄養や水供給の制限条件下における植物成長制御ネットワークの解明
- 植物病原体の病原性や環境ストレスの生物学的、生化学的理解
- 原核・真核生物による脱窒阻害剤の同定



A histone deacetylase inhibitor enhances high-salinity stress tolerance in plants.



The fission yeast *S. pombe* secretes NSF that induces uptake of amino acids in the presence of high-quality nitrogen.

Synthesis of ammonia from dinitrogen in an energy-saving way and production of crops with low levels of fertilizers and other resources

Growing crops requires huge amounts of fertilizers. Ammonia, the base ingredient of nitrogen fertilizers, is synthesized from dinitrogen using the Haber-Bosch process. In this process, the reaction is carried out under high temperature and pressure, and as a result, a huge amount of fossil fuels is needed. In fact, more than 1% of total energy supply of the world is used for ammonia synthesis.

We aim to develop novel catalysts that enable nitrogen fixation and ammonia synthesis using low levels of resources and energy under relatively mild conditions, without extreme conditions of high temperature and high pressure.

Also, we search for genes and biologically active substances that allow growth even in environments with low nutrients such as lower nitrogen and phosphorus, and by controlling them, we aim to develop crops with high productivity under small amounts of fertilizers.

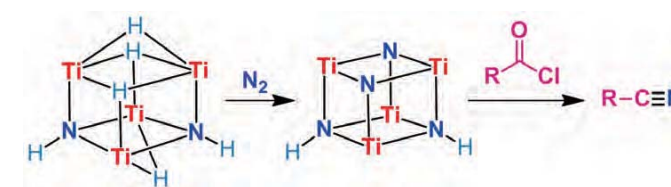
Another major goal is developing denitrification inhibitors. Nitrate ions (NO₃⁻) are released into the atmosphere as nitrous oxide (N₂O) through a process called denitrification. N₂O is a greenhouse gas with 300 times the effect of carbon dioxide (CO₂), and so clearly, we need to develop technology to reduce its emission.

Research Results

- We found that a histone deacetylase inhibitor enhances high-salinity stress tolerance.
- We demonstrated that plant cells maintain their differentiated status by PRC2-mediated epigenetic repression.
- We discovered a novel autoregulator called "Nitrogen Signaling Factor (NSF)" that regulates nitrogen catabolite repression in yeast.
- We developed a new protocol for dinitrogen activation and incorporation into organic compounds over a tetranuclear titanium framework.

Future Vision

- Development of efficient catalysts for N₂ activation and transformation
- Clarification of regulatory networks in plant growth and survival under N- and P-limited conditions and water deficit
- Elucidation of biological/biochemical functions of pathogen virulence and environmental stress resistance
- Identification of chemicals inhibiting pro- or eukaryotic denitrification



Synthesis of organic nitriles by dinitrogen activation and reaction with acid chlorides over a tetranuclear titanium framework.



プロジェクトリーダー / Project Leader
榊原 均 博士(農学)
 Hitoshi SAKAKIBARA D.Agr.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



侯 召民 工学博士
 Zhaomin HOU D.Eng.

環境に負荷を与えずに 効率的に金属元素を回収し、活用します

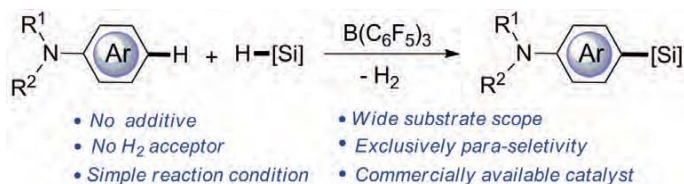
希土類や遷移金属元素などを用いた錯体触媒が開発され、化学合成によってさまざまな有用物質が生み出されている。しかし、触媒に使われる金属元素の多くは希少かつ高価であり、資源に乏しい日本はそのほとんどを輸入に頼っている。金属元素プロジェクトでは、これら特殊な金属触媒のさらなる高機能化や使用量の低減を目指すと同時に、より豊富で安価な金属を用いて、高活性、高効率、高い選択性を示す新たな触媒の開発を行う。また、都市鉱山として埋没している有用な金属を回収して再利用することも重要なミッションのひとつである。コケなどの植物や微生物が持つ生物機能を活用し、環境に負荷を与えずに効率的に資源を回収する技術の実用化を目指す。この技術は、金属などで汚染された土壌や水の水環境浄化にも役立つと期待できる。

研究成果

- 容易に入手できるホウ素化合物を触媒として用い、極めて有用な芳香族化合物C-H結合のシリル化反応を開発した。
- 高分子銅触媒膜が固定化されたマイクロデバイスを創製し、これを用いることにより、有用なHuisgen環化付加を数秒で完結させることができた。
- オレフィン類の触媒のアミノトリフルオロメチル化反応のメカニズムを明らかにした、トリフルオロメチル置換ピロリジンの合成へ展開した。
- 植物のセシウム耐性を向上または蓄積量を増加させる化学物質を選抜した。
- 強酸性条件下においてもヒョウタンゴケ原系体に選択的な金属回収能力があることを見出した。

今後のビジョン

- 超金属耐性・蓄積能力獲得に関わる鍵遺伝子の同定
- コケ細胞中で形成される金属ナノ粒子の化学反応への利用
- 放射性セシウム浄化のための新しい技術の開発
- 不活性型芳香族化合物に作用する新規化学触媒の開発
- 触媒の不斉トリフルオロメチル化反応の開発



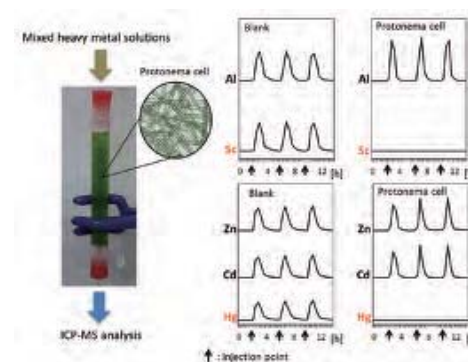
Boron-catalyzed aromatic C-H bond silylation with hydrosilanes

Efficient recovery and usage of useful metallic elements without imposing a load on the environment

Chemical synthesis has brought us a variety of useful materials through the development of various catalysts. However, many of the metals used in catalysts are rare and expensive, and Japan depends on imports of most of them.

The R&D Project of Metallic Elements Utilization is aiming to boost the functionality of special metals and reduce the amount of metal catalysts needed. At the same time, we are working to develop novel highly active and selective catalysts by using readily available and inexpensive metals.

On the other hand, it is important to recover and reuse the valuable metals that lie "buried" in our "urban mines." We aim to promote technology transfers to recover useful metal resources efficiently without burdening the environment, by using mosses and other plants and microorganisms. This technology will also contribute to bioremediation of metal-contaminated soil and water.



Selective metal recovery capability of *F. hygrometrica* protonema cell under acidic condition

Research Results

- We have developed a novel boron-catalyzed protocol for aromatic C-H bond silylation with hydrosilanes.
- We have developed a copper catalyst membrane-installed microflow device and successfully applied it to Huisgen cycloaddition, enabling completion of the reaction in a few seconds.
- We examined the mechanism of aminotrifluoromethylation of olefins and applied it to the synthesis of trifluoromethylated pyrrolidine.
- We found chemicals which enhance cesium tolerance and/or accumulation in plants.
- We found a selective metal recovery capability of *F. hygrometrica* even under strong acidic condition.

Future Vision

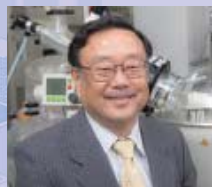
- Identification of key genes for hyper-metal tolerance/accumulation
- Utilization of metal nano-particle formed in moss for chemical reactions
- Development of new methods for radiocesium remediation
- Development of novel catalysts for the transformation and functionalization of inactive aromatic compounds
- Development of catalytic asymmetric trifluoromethylation reactions



プロジェクトリーダー / Project Leader

斉藤 和季 薬学博士
Kazuki SAITO Ph.D.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



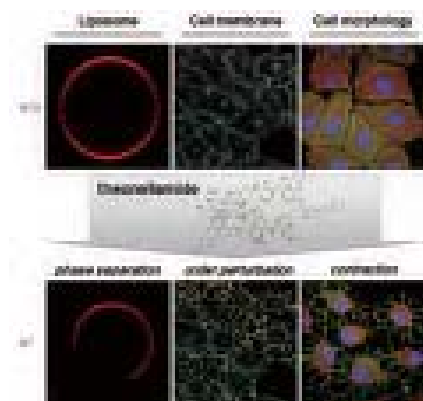
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.



吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.

循環資源の探索と利用研究のための研究基盤を構築します

研究基盤プロジェクトでは、生物の代謝産物を統合的に調べるメタボローム解析基盤と、微生物由来の天然化合物を収集したケミカルバンクを有機的に連携し、「統合メタボロミクスプラットフォーム」を構築する。それにより、メタボローム解析で得られた代謝産物の機能がいち早く明らかになり、またケミカルバンクの多様性も上がることが期待できる。生理活性物質がどのような活性を持っているかを評価し、光合成機能の強化や窒素固定、脱窒の抑制、金属回収などの活性を持つ生理活性物質を探索できるプラットフォームを開発する。さらに、植物や微生物を用いた人工生成システムのプラットフォームの構築も目指す。有用な遺伝子や生理活性物質を見つけ、人工生成システムで実際に物質生産を行うことで、その機能を迅速に検証できる。整備した最先端の基盤から、化合物を国内外の研究機関・産業界へ提供する。



Targeting cholesterol in a liquid-disordered environment by theonellamides modulates cell membrane order and cell shape
Reprinted from Kida, Y. et al. Targeting Cholesterol in a Liquid-Disordered Environment by Theonellamides Modulates Cell Membrane Order and Cell Shape, Chem Biol. 22, Copyright (2015), with permission from Elsevier.

研究成果

- 生体内の低分子化合物を網羅的に捉える解析プログラムを開発した。
- S-オミクスによりアスパラガスから血圧降下作用が期待できる新規含硫黄代謝物を発見した。
- 新たな代謝バイオマーカー探索法を開発した。
- 海洋天然物セオネラミドはコレステロールに結合し細胞膜の秩序を乱すことを発見した。
- かび毒であるテヌアゾン酸が新しいタイプの二次代謝酵素で生合成されていることを発見した。

今後のビジョン

- ピークアノテーション向上および化学的多様性拡張のための化合物ライブラリー統合化
- データベース、解析ツール、ソフトウェアなどの整備と、メタボロミクスの技術的向上
- メタボロミクスと他のオミクスとの統合
- 系統的な成分分離と生合成によるNPDepoの化学空間の拡張
- 生物活性化合物の発見のための新規アッセイ法の構築

Establishment of research platform for the discovery and utilization of sustainable resources

Under the research platform project, we are combining organically the Metabolomics Analysis Platform, in which we research the metabolic products of organisms in an integrated manner; and the Chemical Bank, a collection of natural compounds from microorganisms. Putting these together, we will build an "integrated metabolomics platform."

As a result, we expect the functions of metabolic products obtained from metabolome analysis to quickly become apparent, and to increase the diversity of the Chemical Bank.

We evaluate the activity of physiologically active substances and develop a platform that can search for substances with useful functions such as enhanced photosynthesis and nitrogen fixation, suppression of denitrification, and metal recovery.

In addition, we aim to develop an artificial biosynthesis system platform using plants and microorganisms. When we find useful genes and bioactive substances, we can quickly verify their functionality by performing actual material production using the artificial biosynthesis system.

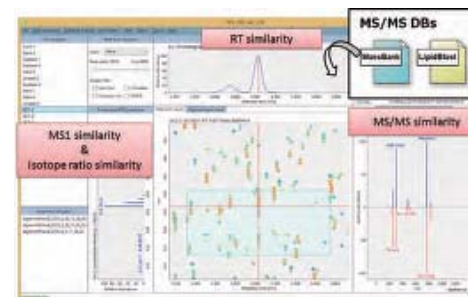
With the state-of-the-art infrastructure that we have developed, we provide compounds to research institutes and industry, both domestic and overseas.

Research Results

- We developed a new analysis program that comprehensively captures small molecules.
- We identified a novel sulfur-containing metabolite from asparagus with a possibly hypotensive activity.
- We developed a new method for data mining of metabolic biomarker.
- We found that theonellamides, natural products from marine sponges, bind to membrane cholesterol and disturb cell membrane order.
- We found that the mycotoxin tenuazonic acid is biosynthesized by a novel type of secondary metabolism enzyme.

Future Vision

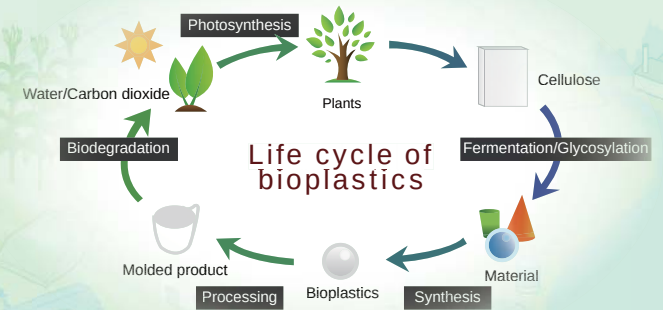
- Consolidation of chemical library for improvement of peak annotation/identification and wider coverage of metabolites
- Advancing metabolomics technology with databases, analytical tools and software
- Integration with other trans-omics technology
- Expansion of chemical space of NPDepo library through the systematic isolation and biosynthesis
- Construction of new assay systems to explore bioactive compounds



A snapshot of the MS-DIAL software for MS/MS analysis



部門長 / Division Director
松井 南 理学博士
Minami MATSUI D.Sci.



二酸化炭素の資源化と 社会知創成に貢献します

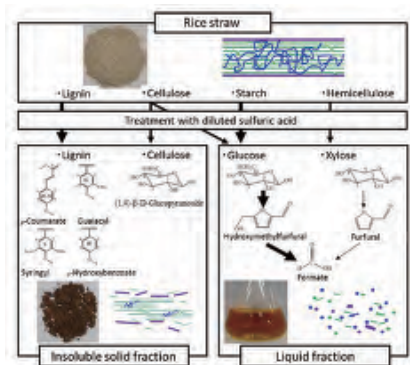
バイオマスエンジニアリング研究は、主に植物が生産するバイオマスの増産から利活用まで、工学的な見地から技術開発を行い、石油代替資源として、バイオマスを原料に燃料や化学材料を創成するとともに、その生産プロセスの革新等を目指す新たな概念である。この取り組みにより、化石資源を利用した「消費型社会」から、再生可能なバイオマスを利用した「持続型社会」への転換を実現させることに貢献する。

研究成果

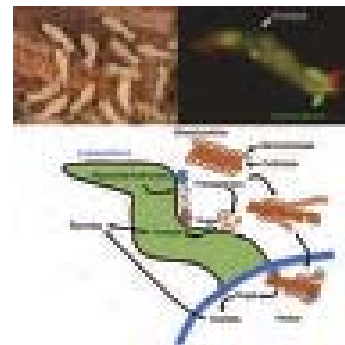
- 草本のソルガムのデータベース「MOROKOSHI」の更新を行った。
- 稲わら中の化成品原料成分の解明に成功した。
- シロアリ腸内の原生生物の表面共生細菌がリグノセルロース分解に寄与することを発見した。
- ミナトカモジグサとコムギの蓄積代謝物の共通点と相違点を解明した。
- シルク材料での水の影響を解明した。

今後のビジョン

- バイオマス植物のゲノム情報を利用した植物バイオマス生産向上に関わる有用遺伝子の探索
- 合成的な代謝デザインによる革新的な細胞マテリアル生産プロセスの構築
- 社会的需要に沿った実践的バイオポリマーの開発と改良
- オープンイノベーションに向けた国際連携と企業連携研究の推進



13 cultivars of rice straw were analyzed with Nuclear magnetic resonance (NMR) before and after dilute acid pretreatment, and then were characterized general changes in the lignin and polysaccharide components. URL: www.kobe-u.ac.jp/NEWS/info/2015_06_18_01



Single-cell genome analysis reveals that symbiotic bacteria on the cell surface of cellulolytic protists in the termite gut also contribute to lignocellulose breakdown.

Turning carbon dioxide into resources and contribution to social wisdom

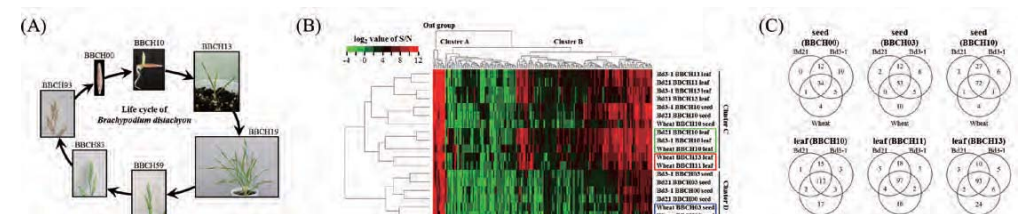
Biomass engineering involves a new engineering concept in developing technologies that integrate the increased production of biomass from plants and its utilization. As an alternative resource to petroleum, plant biomass is used to create fuels and chemical materials in an effort to achieve aims such as innovation in production processes. This commitment is helping to achieve a shift from a consumption society to a sustainable society: the former requires the use of fossil resources, while the latter uses recyclable plant biomass.

Research Results

- We updated sorghum database "MOROKOSHI" a grass biomass plant.
- We elucidated chemical ingredients in rice straw.
- Symbiotic bacteria on the surface of protists in the termite gut contribute to lignocellulose breakdown.
- We clarified similarities and differences in accumulated metabolites for *Brachypodium distachyon* and wheat.
- We clarified the effects of water on the physical and structural properties of silk materials.

Future Vision

- Discovery of useful genes for the improvement of plant biomass productivity based on genome information of biomass plants
- Establishment of innovative cell material production process based on synthetic metabolic design
- Development and improvement of the practical biopolymer materials to meet the demands of society
- Promotion of international collaboration and company cooperation researches to establish the open innovation

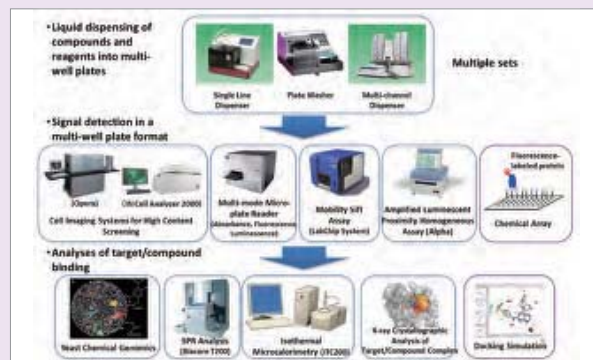


The growth scale of *Brachypodium distachyon* (A), metabolite accumulation patterns (B) and quantitative profiles (C) across different growth stages between *Brachypodium* and wheat

Drug Discovery Platforms Cooperation Division



部門長 / Division Director
吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.



Facilities for HTS

新薬創製を目的とする HTSによるシード／リード 化合物を探索します

近年急速に解明が進んだ膨大なゲノム情報から数多くの新たな創薬標的が明らかになってきている。こうした基礎研究の輝かしい成果から生まれた情報を最大限に応用し活用するためには、実際の医療につながるための新しい技術や評価方法の開発が不可欠であり、それらが多くの生命科学者の次なる挑戦となりつつある。大学や公的研究所による創薬研究（アカデミア創薬）は世界の潮流であり、理研では創薬・医療技術基盤プログラム（DMP）を開始して、理研の卓越した科学技術をプラットフォームとして提供することにより、アカデミア創薬を加速することを目指している。当部門はDMPのメンバーとして、多様性に富んだ天然化合物ライブラリーとそれをハイスループットにスクリーニング（HTS）するための適切な評価系と機器システムをプラットフォームとして提供し、アカデミア創薬へ貢献することを目指す。

今後のビジョン

- HTSのthroughput向上（HTSからultra-HTSへのステップアップ）
- iPS細胞や幹細胞を利用したHTSやフェノタイプによるHTSの推進
- ユニークなHTS用化合物ライブラリーの構築

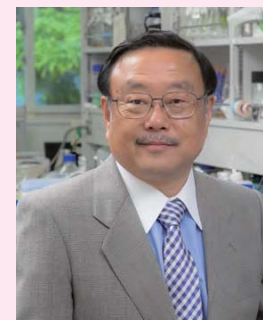
Discovery of seed/lead compounds by HTS for development of new drugs

The increased availability of genomic sequence information has already allowed the identification of numerous novel drug targets. The next challenge lies in developing new technology and assays, to further expand and exploit available genomic information obtained from basic research, and begin translational programs that will lead towards actual application and patient treatment. Academic drug discovery has become a world-wide movement at universities and research institutions, in response to which the RIKEN launched the Drug Discovery and Medical Technology Platforms (DMP). Capitalizing on RIKEN's excellent track record in basic science and technology, including a vast library of bioactive natural products and state of the art equipment for high throughput screening (HTS), our division aims at making innovative contributions to the academic drug discovery effort.

Future Vision

- Stepping up from HTS to ultra-HTS in order to reduce the term and cost for HTS
- Promoting HTS using iPS and stem cells, and phenotypic HTS in order to find unique bioactive compounds
- Construction of unique chemical libraries for HTS

Technology Platform Division



部門長 / Division Director
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.



Advanced instruments for supporting researchers

研究基盤の提供・研究支援を 行うとともに、研究基盤の 高度化を目指します

当部門は、コア研究や融合プロジェクト研究の推進に必要な研究基盤の提供・研究支援を行う3つのユニットで構成されている。核磁気共鳴（NMR）と質量分析（MS）を用いた有機化合物の定量定性分析や分子構造解析を行う「分子構造解析ユニット」、生体高分子の解析手法を開発・応用し、生命活動の中心的な役割を果たすタンパク質の構造や機能の解明を行う「生命分子解析ユニット」、研究で蓄積された質量分析技術を活用した低分子化合物解析（メタボローム、ホルモノーム）、および顕微鏡群を活用したバイオイメージング解析を行う「質量分析・顕微鏡解析ユニット」により、環境資源科学研究の活性化を図る。また、企業との連携研究、新規技術の開発によって研究基盤の高度化を目指す。

今後のビジョン

- タンパク質構造解析の基盤強化および共同研究推進
- 機器分析を活用した分子構造解析による共同研究と産業連携の推進
- 先端的なメタボロミクス、ホルモン解析の質量分析および植物細胞の顕微鏡解析の技術開発と基盤技術の提供

Activation of the sustainable resource science by supporting and providing a research platform

The division consists of three supporting units providing a research platform for CSRS activities. Through operation of NMR and MS devices, the Molecular Structure Characterization Unit supports structural elucidation and characterization of organic molecules. The Biomolecular Characterization Unit provides advanced structural characterization aiming to further understand the mechanism and action of biological molecules. And finally the Mass Spectrometry and Microscopy Unit analyzes plant metabolome and hormone using MS and specializes in bio-imaging using microscopy. The division aims to develop the platform through industrial collaboration and development of new technologies.

Future Vision

- Strengthening the activity of the proteome facility for the collaboration research
- Promoting collaborations with academia and companies through molecular characterization by instrumental analysis
- Development and provision of the cutting-edge technologies of mass spectrometry of plant metabolite analysis and microscopy for bio-imaging of plant cells

機能開発研究グループ

植物の生産性向上・環境応答に関与する
重要な機能を持つ遺伝子を探索します



研究テーマ

乾燥及びABA応答に関わる制御因子、シグナル伝達因子及び代謝産物の探索と解析

環境ストレス耐性、水利用効率の向上に関する分子育種への展開とコムギ、イネなどの作物への応用

葉緑体機能の制御に関する遺伝子解析と気候変動下での光合成機能向上への展開

変異体リソースと表現型解析技術を利用した新規遺伝子の探索

比較ゲノム科学による作物への応用展開を目指した基盤研究

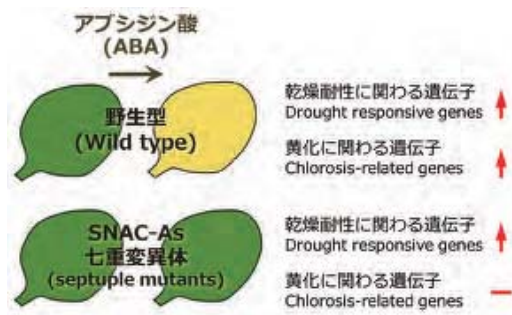
植物ケミカルバイオロジーによる光合成シグナル・ソース活性促進技術の開発研究

研究概要

当グループでは植物の生産性向上に関わるシロイヌナズナや作物での重要な機能を持つ遺伝子の探索(ジーンディスカバリー)を進めている。とくに植物の量的な向上に関わる生理機能に注目し、環境応答や環境適応、さらに光合成機能に関与する遺伝子、それらの発現を調節する制御因子、シグナル伝達因子などの探索と解析を進める。同時に、効率の良い遺伝子発現法や遺伝子導入法の開発をすすめ、植物の環境耐性や水利用効率の向上、さらには光合成機能の向上を目指す。これらの研究成果を基に栽培環境の影響を最小限にして最大の収量が得られる作物の開発に関与する基盤技術を開発する。

研究成果

- ストレス応答性NAC転写因子がアブシジン酸を介した老化の制御に関わることを明らかにした。
- 植物の水環境コントロールと画像解析を自動で行う表現型解析システムを用いた乾燥ストレスや水利用効率の評価法の開発を行った。
- ブラシノステロイド合成阻害剤Brzに高感受性を示す変異体の原因遺伝子BSS1の解析から、ブラシノステロイドを介した植物草丈の制御機構を明らかにした。



グループディレクター／Group Director
篠崎 一雄 理学博士
Kazuo SHINOZAKI D.Sci.



主要論文 / Publications

Sato, H. *et al.*
The *Arabidopsis* transcriptional regulator DPB3-1 enhances heat stress tolerance without growth retardation in rice.
Plant Biotechnol. J. **in press**

Takasaki, H. *et al.*
SNAC-As, stress-responsive NAC transcription factors, mediate ABA-inducible leaf senescence.
Plant J. **84**, 1114-1123 (2015)

Mogami, J. *et al.*
Two Distinct Families of Protein Kinases Are Required for Plant Growth under High External Mg²⁺ Concentrations in *Arabidopsis*.
Plant Physiol. **167**, 1039-1057 (2015)

◀ Comparison of ABA-induced leaf senescence and gene expression between wt and SNAC-A mutant

2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director Kazuo SHINOZAKI	Research Fellow Bekh-Ochir DAVAAPUREV
Senior Research Scientist Takeshi NAKANO Takashi KUROMORI Keichi MOCHIDA	Student Trainee Nagisa SHIMABUKURO Shun TAKENO Shota TANAKA Bymbajav BOLORTUYA Momoko MARUGAMI Tomoya YAMADA
Research Scientist Miki FUJITA Fumiyoshi MYOUGA Fuminori TAKAHASHI Kaoru URANO	Technical Staff Yukiko KAMIDE Saho MIZUKADO Eriko SUGIMOTO Chihiro OHASHI Saya KIKUCHI David GIFFORD
Postdoctoral Researcher Ayumi YAMAGAMI Tomoko MIYAJI Hikaru SATO	

Automated plant phenotyping system, RIPPIS (RIKEN Plant Phenotyping System) ▶

Gene Discovery Research Group

Discovering important and useful genes involved in
plant growth and environmental responses

Research Subjects

Discovery of genes, signaling molecules, transporters and metabolites involved in dehydration stress and ABA responses

Improvement of drought stress tolerance and water use efficiency of crops by international collaboration

Analysis of chloroplast functions in photosynthesis under stress conditions and discovery of regulatory factors in C4 photosynthesis

Development of systematic phenotype analysis platform (phenome analysis) for functional analysis of mutated genes

Comparative genomics and its application to crop improvement

Plant chemical biology for promotion of photosynthesis and biomass production

Research Outline

Our group is discovering plant genes of which functions are linked to quantitative improvements in plant growth and those with new functions for minimizing the effects of the environmental stresses to achieve maximum productivity. Based on the genomic analysis including transcriptomics and metabolomics, we explore key genes involved in regulation of abiotic stress response, photosynthesis and productions of useful metabolites for the improvement of plant productivity.

Research Results

- We revealed that stress-responsive NAC transcription factors are involved in ABA-induced senescence.
- We developed an automatic phenotyping system to evaluate plant growth responses to a wide range of environmental conditions.
- We elucidated the molecular mechanism of brassinosteroid mediated plant height regulation through analyses of the BSS1, the responsible gene for a mutant hypersensitive to brassinosteroid-biosynthesis inhibitor, Brz.



生産機能研究グループ

植物の省コスト高生産や
金属の回収に役立つ遺伝子を見つけ出します



研究テーマ

窒素栄養を植物成長に結びつける鍵遺伝子の同定と機能解析

サイトカイニンとオーキシンの代謝と輸送制御機能の理解による植物生産機能向上研究

コケ植物の重金属耐性および蓄積の分子機構の解明と重金属浄化技術への応用

エノコログサを用いたC4光合成機能を支える分子基盤の解明

研究概要

当グループでは、物質生産やエネルギー生産に役立つ植物資源の生産機能に関わる研究開発を行っている。窒素栄養の効率的な利用に関わる遺伝子機能同定や、植物ホルモン研究を基軸にした生産制御、シンク機能、物質輸送システムの解明と、生産性向上への利用技術の研究開発を進めている。またコケ植物の多様性に着目した金属元素耐性・蓄積機能の研究を行う。これらの研究を通じて、窒素、炭素、金属元素の循環的利活用技術の研究開発を行う。

研究成果

- 植物病原菌 *Rhodococcus fascians* が生産する新奇サイトカイニンと生合成経路を明らかにした。
- フェニル酢酸が重力によって移動方向が変わらないオーキシンであることを明らかにした。
- RFNR2が根における亜硝酸毒性の回避に重要な役割を果たすことを明らかにした。



グループディレクター / Group Director
榊原 均 博士(農学)
Hitoshi SAKAKIBARA D.Agr.

主要論文 / Publications

Radhika, V. et al.
Methylated cytokinins from the phytopathogen *Rhodococcus fascians* mimic plant hormone. *Plant Physiol.* **169**, 1118-1126 (2015)

Sugawara, S. et al.
Distinct characteristics of indole-3-acetic acid and phenylacetic acid, two common auxins in plants. *Plant Cell Physiol.* **56**, 1641-1654 (2015)

Osugi, A., Sakakibara, H.
Q&A: How do plants respond to cytokinins and what is their importance? *BMC Biol.* **13**, 102 (2015)

◀ Novel cytokinin biosynthesis pathway in phytopathogen *R. fascians*



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Hitoshi SAKAKIBARA
Senior Research Scientist
Hiroyuki KASAHARA
Misao ITOUGA
Research Scientist
Takatoshi KIBA
Technical Scientist
Mikiko KOJIMA
Special Postdoctoral Researcher
Takushi HACHIYA
Munenori KITAGAWA
Kiyoshi MASHIGUCHI
Postdoctoral Researcher
Toshihisa NOMURA
Asami OSUGI
Kyohei SHIBASAKI
Kosuke FUKUI
Visiting Researcher
Angela Maria ARES PITA
Akiko YOSHIDA
Technical Staff
Nanae UEDA
Yukari KATO
Noriko TAKEDA
Arika TAKEBAYASHI
Jun INABA
Yumiko TAKEBAYASHI

▶ Discovery of natural auxin with distinct transport characteristics

Plant Productivity Systems Research Group

Discovery and use of key genes for low-input plant production, and recovery and recycling of metals

Research Subjects

Identification of key genes linking nitrogen nutrition status to growth regulation

Functional analysis of key genes regulating plant productivity, especially genes involved in cytokinin and auxin metabolisms, and transport

Elucidation of molecular mechanisms underlying hyper-tolerance and hyper-accumulation of heavy metals in bryophytes and application of this to technology to clean-up heavy metal pollutants

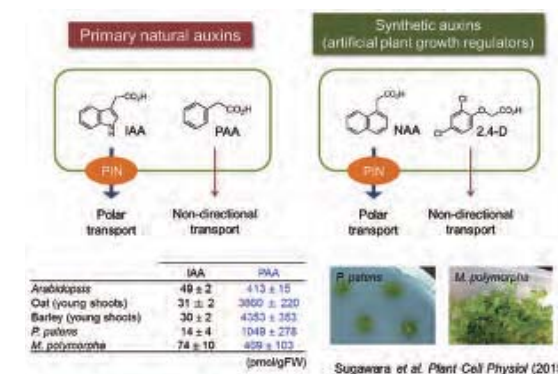
Elucidation of molecular basis for C4 photosynthesis and related traits using *Setaria viridis*, a model C4 plant

Research Outline

Our group will conduct studies on uptake and signaling of nitrogen, action mechanisms of phytohormones, and mechanisms of metal tolerance and accumulation to aim for development of innovative applied technology for low-input production of plants by saving nitrogen and water, and recovery and recycling of metals. We will also conduct studies for discovery of novel signaling molecules and key genes for plant productivity using a hormone platform.

Research Results

- We identified novel cytokinin and its biosynthesis pathway in *Rhodococcus fascians*.
- We found that phenylacetic acid is an auxin which is not actively transported in the gravitropic direction.
- We found that RFNR2 play a crucial role in reduction of toxic nitrite in roots.



植物免疫研究グループ

植物の免疫システムを理解し、
持続的な耐病性作物の作出を目指します



研究テーマ

植物の免疫と成長を促進する根圏の有用微生物の単離

植物の免疫を制御する低分子化合物の単離とそのターゲットの解析

植物病原体の病原性に関与する新規遺伝子および代謝物の同定

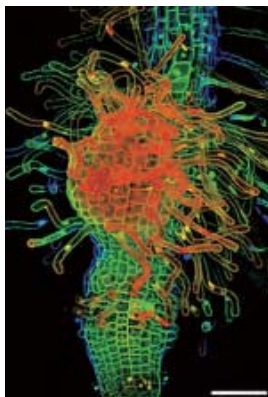
植物免疫の分子機構の解明

研究概要

当グループでは主に生化学的手法、遺伝学的手法を用いて、耐病性に関与する遺伝子、タンパク質および低分子化学物質を解析し、免疫システムの分子機構を明らかにする研究を行っている。耐病性シグナル複合体の研究、免疫システムの制御に関与するタンパク質の修飾などに注目し、タンパク質レベルでのダイナミックな制御機構を解明する。またモデル植物等を用い耐病性変異体を獲得して、新規耐病性原因遺伝子の特定を進める。総合メタボロミクス研究グループと協力して耐病性に関与する低分子化学物質の同定を推進し、作物へ応用するための基盤技術を開発する。

研究成果

- 寄生植物の吸器毛が寄生に重要な機能があることを明らかにした。
- ストライガの発芽誘導因子受容体を発見した。
- 寄生植物に対する抵抗性に必要な転写因子を同定した。



グループディレクター / Group Director

白須 賢 Ph.D.

Ken SHIRASU Ph.D.

主要論文 / Publications

Cui, S. *et al.*
Haustorial hairs are specialized root hairs that support parasitism in the facultative parasitic plant, *Phtheirospermum japonicum*.
Plant Physiol. **170**, 1492-1503 (2016)

Conn, C. E. *et al.*
Convergent evolution of strigolactone perception enabled host detection in parasitic plants.
Science **349**, 540-543 (2015)

Mutuku, J.M. *et al.*
The WRKY45-dependent signaling pathway is required for resistance against *Striga* parasitism.
Plant Physiol **168**, 1152-1163 (2015)



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Ken SHIRASU

Senior Research Scientist
Satoko YOSHIDA

Research Scientist
Yasuhiro KADOTA
Pamela Hui Peng GAN

Special Postdoctoral Researcher
Shuta ASAI
Yasunori ICHIHASHI

Foreign Postdoctoral Researcher
Anuphon LAOHAVISIT
Thomas SPALLEK

Postdoctoral Researcher
Yuji ISHIGAKI
Nobuaki ISHIHAMA
Josiah Musembi MUTUKU
Seung won CHOI
Songkui CUI
Naoyoshi KUMAKURA
Simon SAUCET

Technical Staff
Kaori TAKIZAWA
Ryoko HIROYAMA
Noriko MAKI

Plant Immunity Research Group

Understanding plant immunity mechanisms and
developing sustainable disease resistant crops

Research Subjects

To identify useful microbes from rhizosphere to promote plant immunity and growth

To identify small molecules to regulate plant immunity and characterize their targets

To isolate novel genes/metabolites for pathogen virulence

To identify novel mechanisms for plant immunity

Research Outline

Our group's ultimate goal is to fully describe functions of genes, proteins and small molecular compounds that are essential for immunity in plants. As the first step, we focus on the regulatory mechanism of immunity by studying dynamics of resistance signaling complexes and protein modifications that control defense responses. In addition, we plan to identify novel genes involved in plant immunity by isolating defense mutants in model plants. We also collaborate with the Metabolomics Research Group to isolate small molecule compounds involved in disease resistance.

Research Results

- We found that the haustorial hairs play an important role in parasitism.
- We identified receptors for germination stimulant in *Striga*.
- We identified a transcriptional factor that is required for resistance against *Striga*.



◀ The haustorial hairs in a parasitic plant

Striga-infested field in Kenya ▶

統合メタボロミクス研究グループ

植物の有用物質生産の原理を解明するために
統合メタボロミクスを推進します



研究テーマ

メタボロミクスにおける実験的および情報学的手法の組み合わせによる代謝物アノテーション



メタボロミクス解析プラットフォームのゲノム機能学とバイオテクノロジーへの応用



特異的（二次）植物代謝産物の生合成遺伝子とネットワークの解明



有用化合物生産に向けたバイオテクノロジーと合成生物学研究

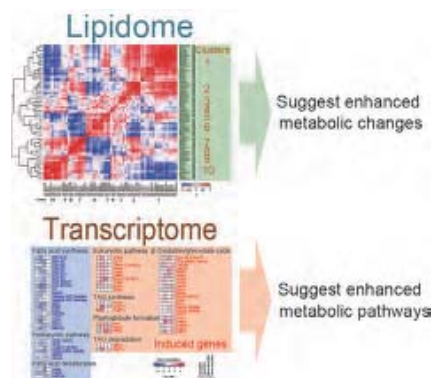


研究概要

細胞内の全代謝物（メタボローム）を同定および定量し、ゲノム機能と対応させることがメタボロミクス研究である。植物界の代謝産物の化学的多様性は非常に大きく、20万種にのぼる化学物質があると言われている。植物が生産するこれらの多様な化合物群は、植物自身の生存にとって重要であるばかりでなく、食料、工業原料、エネルギー、医薬品、健康機能成分など我々人間の生存にも欠かせない機能を有する。当グループでは、主に高性能質量分析計を用いた網羅的な非ターゲット代謝物解析とそれに基づいた未知遺伝子機能同定および代謝ネットワーク解明を行っている。植物のもつ多様な物質生産機能の基本原理の解明をシロイヌナズナなどのモデル植物を用いて行い、さらに農作物、薬用植物などの有用資源植物における特異的代謝産物の生産システムをゲノムレベルで解明するファイトケミカルゲノミクス研究を進めている。同時に、それらの結果得られた基礎的な知見を循環的資源開発に応用する研究も推進している。

研究成果

- S-オミクスによりアスパラガスから血圧降下作用が期待できる新規含硫黄代謝物を発見した。
- シロイヌナズナにおける高温ストレス時のリビドームおよびトランスクリプトームを解明した。
- リン欠乏時のグルクロン酸糖脂質の誘導蓄積は多くの作物に共通している事を発見した。



グループディレクター／Group Director

斉藤 和季 薬学博士

Kazuki SAITO Ph.D.

主要論文 / Publications

Nakabayashi, R., Yang, Z., Nishizawa, T., Mori, T., Saito, K.
Top-down targeted metabolomics reveals a sulfur-containing metabolite with inhibitory activity against angiotensin-converting enzyme in *Asparagus officinalis*
J. Nat. Prod. **78**, 1179-1183 (2015)

Higashi, Y., Okazaki, Y., Myouga, F., Shinozaki, K., Saito, K.
Landscape of the lipidome and transcriptome under heat stress in *Arabidopsis thaliana*.
Scientific Rep. **5**, 10533 (2015)

Sumner, L.W., Lei, Z., Nikolau, B. J., Saito, K.
Modern plant metabolomics: Advanced natural product gene discoveries, improved technologies, and future prospects.
Nat. Prod. Rep. **32**, 212-229 (2015)

◀ Integrated lipidome and transcriptome under heat stress in *Arabidopsis*



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Kazuki SAITO

Senior Research Scientist
Keiko SAKAKIBARA
Naoyuki UMEMOTO

Research Scientist
Jianwei TANG
Yozo OKAZAKI
Ryo NAKABAYASHI
Yasuhiro HIGASHI

Visiting Researcher
Eva KNOCH

Technical Staff
Tomoko NISHIZAWA
Satoko SUGAWARA
Kouji TAKANO
Yuka MITANI

▶ A novel sulfur-containing metabolite, asparaptine, identified by sulfur-omics

Metabolomics Research Group

Developing integrated metabolomics to explore mechanisms
and regulation of plant metabolite production

Research Subjects

Improving metabolite peak annotation in metabolomics by empirical and bioinformatics strategies



Application of the metabolomics platform to functional genomics and biotechnology



Identification of plant genes and networks involved in biosynthesis of useful specialized (secondary) metabolites



Biotechnology and synthetic biology for production of useful compounds

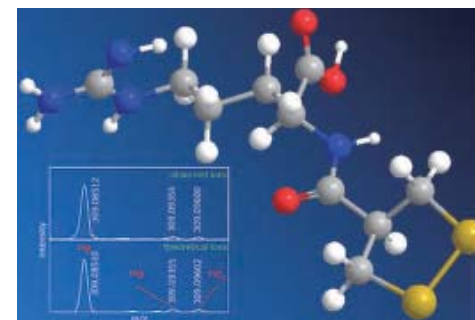


Research Outline

Metabolomics involves in the identification and quantification of all metabolites in a cell, and correlating these to genomic functions. The plant kingdom metabolome is extremely diverse chemically, with estimates indicating as many as 200,000 different types of chemical substances. The various compounds produced by plants are important for the existence of the plant itself, and also play a vital role in our lives as food, industrial materials, energy and medicines. Our group performs cutting-edge metabolomics analyses by high-performance mass spectrometry. These non-targeted metabolomic analyses are applied to the identification of unknown gene functions and elucidation of metabolic networks. We are investigating the basic principles behind the wide variety of plant production functions, using *Arabidopsis* as a model. In the field of Phytochemical Genomics we are also elucidating the production systems for specialized plant products in crops, medicinal plants and other useful plants at the genome level. Another important aspect of our research is application of basic findings from these results to development of sustainable resources.

Research Results

- Identification of a novel sulfur-containing metabolite expected to lower blood pressure from asparagus by sulfur-omics
- Revealing lipidome and transcriptome under heat stress in *Arabidopsis thaliana*
- Induced accumulation of glucuronosyldiacylglycerol under phosphorus deprivation is common in major crops.



代謝システム研究チーム

メタボロミクスによって代謝を理解し、
植物の生産性向上に役立てます



研究テーマ

メタボロミクスプラットフォームの構築

メタボロームデータを用いた代謝の数理モデリング

アミノ酸生合成制御機構の解明

発生と代謝の関係の解明

シアノバクテリアによる二酸化炭素を資源とする有用物質生産

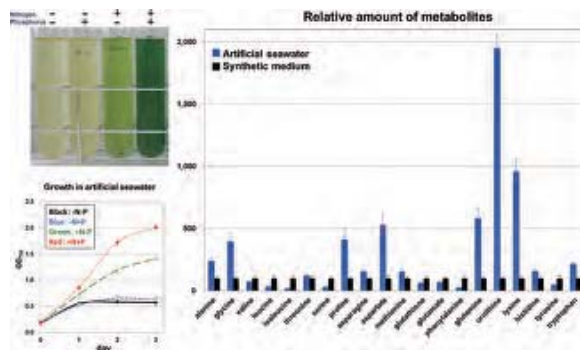


研究概要

生命現象の根幹である代謝は、生体内で複雑かつ巧妙に制御されている。とくに植物や微生物の代謝は、それら自身の生命活動のみならず、栄養源や機能成分として動物の生命や人間社会をも支える重要な基盤となっている。当チームでは、代謝の全体像を理解することを目標として、代謝産物の網羅的解析であるメタボロミクスの技術開発、オミックスデータを利用した数理モデリングによる代謝予測、分子生物学・生化学・分子遺伝学などによる代謝遺伝子の機能探索を行っている。得られた知見をもとに、植物や微生物のもつ有用物質生産能力を向上させることも目指す。

研究成果

- 倍数化による代謝物蓄積の変化は生物種、器官、生理条件に強く依存することを明らかにした。
- 海水を用いた淡水性ラン藻の培養とアミノ酸生産の増大に成功した。
- ワイドターゲットメタボローム分析により、ミナトカモシグサとコムギの蓄積代謝物の共通点と相違点を解明した。



チームリーダー / Team Leader

平井 優美 博士(農学)

Masami HIRAI Ph.D.

主要論文 / Publications

Tsukaya, H. *et al.*
Intraspecific comparative analyses of metabolites between diploid and tetraploid *Arabidopsis thaliana* and *Pyrus communis*.
New Negat. Plant Sci. 1-2, 53-61 (2015)

Iijima, H., Nakaya, Y., Kuwahara, A., Hirai, M.Y., Osanai, T.
Seawater cultivation of freshwater cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803 drastically alters amino acid composition and glycogen metabolism.
Front. Microbiol. 6, 326 (2015)

Onda, Y. *et al.*
Determination of growth stages and metabolic profiles in *Brachypodium distachyon* for comparison of developmental context with Triticeae crops.
Proc. R. Soc. B 282, 20150964 (2015)

◀ Growth of cyanobacteria in artificial seawater and metabolite levels (Iijima *et al.* 2015 *Front. Microbiol.*)

Understanding plant metabolisms through metabolomics-based approaches
and improving plant production

Metabolic Systems Research Team

Research Subjects

Development of a metabolomics platform

Mathematical modeling of metabolism using metabolome datasets

Elucidation of the regulatory mechanism of amino acid biosynthesis

Exploration of the relationship between development and metabolism

Useful material production in cyanobacteria using CO₂ as a resource



Research Outline

Metabolism comprising the basis of life is finely regulated in a complicated way. Plant and bacterial metabolisms provide nutrient and functional compounds, and thus they are essential not only for their own lives, but also for animal lives and human society. Aiming to grasp an overall picture of metabolism, we develop metabolomics techniques, predict metabolic reaction networks by mathematical modeling using omics data, and explore metabolic gene functions by molecular biology, biochemistry and molecular genetics. We also aim to improve plant and bacterial productivity of useful metabolites on the basis of our findings.

Research Results

- We found that a change in the metabolite contents by polyploidization strongly depends on species, organs, and physiological conditions.
- We successfully used seawater for freshwater cyanobacteria cultivation and enhanced amino acid production.
- We clarified similarities and differences in accumulated metabolites for *Brachypodium distachyon* and wheat by widely targeted metabolome analysis.



▶ Mass spectrometers for metabolome analysis (supported by JSPS Leading-edge Research Infrastructure Program, JSPS KAKENHI and CSTI SIP)

メタボローム情報研究チーム

メタボロミクスを支えるソフトウェアと
データベースを開発します



研究テーマ

メタボローム情報解析

メタボローム解析用のソフトウェア開発

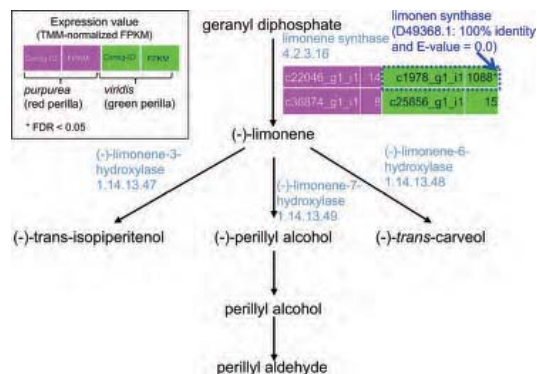
メタボロームデータベースの統合

研究概要

当チームではメタボロームの定量データ解析、ネットワーク解析、シミュレーションに必要な基盤ソフトウェアの開発をおこなっている。また、代謝産物の同定に役立つデータベースを構築している。開発したソフトウェアは研究協力相手が集積したメタボローム、トランスクリプトームデータに応用し、植物のシステムの理解を実現する。

研究成果

- 遺伝子転写産物のデータから青シソと赤シソの違いを明らかにした。
- MS/MSスペクトルから化合物の構造推定を行うソフトウェアを開発した。
- MassBankリポジトリのMS/MSスペクトルを精査し、公開用ライブラリを作成した。



チームリーダー / Team Leader

有田 正規 博士(理学)
Masanori ARITA D.Sci.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Masanori ARITA

Research Scientist
Atsushi FUKUSHIMA

Postdoctoral Researcher
Hiroshi TSUGAWA
Ramon Francisco Pacquiao MEJIA

主要論文 / Publications

Tsugawa, H. *et al.*
MS-DIAL: data-independent MS/MS
deconvolution for comprehensive metabolome
analysis.
Nature Methods **12**, 523-526 (2015)

Fukushima, A., Nakamura, M., Suzuki, H., Saito,
K., Yamazaki, M.
High-Throughput Sequencing and De Novo
Assembly of Red and Green Forms of the *Perilla*
frutescens var. *crispa* Transcriptome.
PLOS One **10**, e0129154 (2015)

Rocca-Serra, P. *et al.*
Data standards can boost metabolomics
research, and if there is a will, there is a way.
Metabolomics **12**, in press

◀ Upregulation of limonene biosynthesis in
red perilla (from Fukushima *et al.* *PLOS One*)

▶ A snapshot of the MS-DIAL software for
MS/MS analysis

Metabolome Informatics Research Team

Developing software platforms and databases
for metabolomics research

Research Subjects

Analysis and interpretation of metabolomic data

Software development for metabolome analysis and simulations

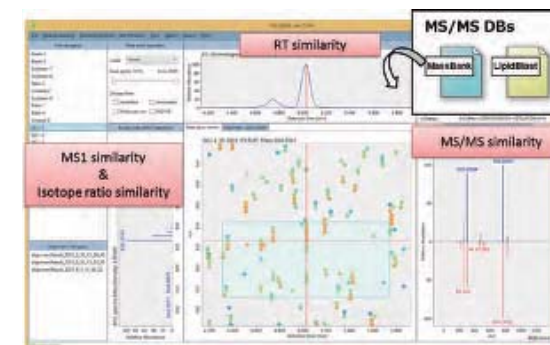
Integration of metabolic databases

Research Outline

Our team develops software platforms necessary for metabolomic analyses, network analyses and computer simulations. We also design databases for more efficient identification of metabolites. Our developments will be applied to integrated analysis of metabolomic and transcriptomic data from collaborating teams to enable systematic understanding of plants.

Research Results

- We clarified the difference between red and green perilla by transcriptome analysis.
- We developed a software platform to predict a molecular structure from its MS/MS spectra.
- We curated MS/MS spectra in the MassBank repository for a public spectral library.



環境代謝分析研究チーム

データ駆動型アプローチにより
環境調和システムの理解と持続性を探求します



研究テーマ

生体分子・微生物群複雑系に対する多彩な分光学的解析技術高度化



環境分析のデータマイニング開発およびデータベース構築



自然の物質循環能に学ぶ水陸バイオマスの持続的活用



動物・共生微生物の栄養応答に関するメタボ/ミクス解析

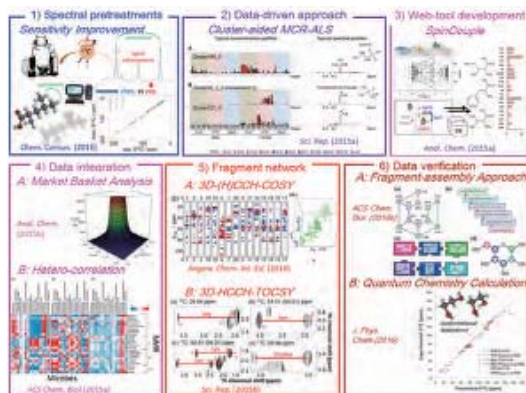


研究概要

当チームでは、これまで培ってきたNMR法による低分子代謝物群、高分子バイオマス群計測に加え、無機元素群および微生物群集の分析技術を高度化し、バイオインフォマティクスおよびケモインフォマティクスを駆使した統合的解析により、各種生物種が担う物質代謝を俯瞰する新しい環境分析科学の展開を狙う。特に化学資源の有効利用化へと貢献するために、実験室系、産業(農林水産および工業)プロセス、自然環境(水陸および宇宙空間)を問わず分析対象とし、これらの資源利用に関わる国際連携および産学連携を積極的に推進する。

研究成果

- カラム未利用のソソジ抽出物で網羅的代謝解析法を構築した。
- 簡易に高速計測可能な2D-J法に対する代謝混合物解析ツールSpinCoupleを開発した。
- プランクトンのバイオマス・プロファイリングを先駆的な固体多次元NMR法で遂行した。



チームリーダー / Team Leader

菊地 淳 博士(工学)

Jun KIKUCHI Ph.D.

主要論文 / Publications

Komatsu, T., Ohishi, R., Shino, A., Kikuchi, J.
Structure and metabolic flow analysis of molecular complexity in ¹³C-labeled tree by 2D and 3D-NMR.
Angew. Chem. Int. Ed. in press

Kikuchi, J., Tsuboi, Y., Komatsu, K., Gomi, M., Chikayama, E., Date, Y.
SpinCouple: Development of web-tool for analyzing metabolite mixtures via 2D-J resolved NMR spectra.
Anal. Chem. **88**, 659-665 (2016)

Komatsu, T., Kobayashi, T., Hatanaka, M., Kikuchi, J.
Profiling planktonic biomass using element-specific, multicomponent nuclear magnetic resonance spectroscopy.
Environ. Sci. Technol. **49**, 7056-7062 (2015)

◀ Advancement of analytical platform from spectral pretreatment, data-driven approach, and heterogeneous data integration following its verification

Environmental Metabolic Analysis Research Team

Exploring sustainability of environmental metabolic system
based on a data-driven approach



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Jun KIKUCHI

Research Scientist
Yasuhiro DATE

Postdoctoral Researcher
Feifei WEI

Junior Research Associate
Takanori KOMATSU
Kengo ITO
Taiga ASAKURA
Takuma MISAWA

Technical Staff
Yuuri TSUBOI
Amiu SHINO
Kenji SAKATA
Tomoko MATSUMOTO
Keiko KOMATSU

Research Subjects

Technological advancement of various spectrometric measurements for complex biomolecular mixtures and microbiota



Methodology development of data mining and accumulation of databases for environmental measurements



Sustainable utilization of land- and aquatic biomass based on studies of natural material cycles



Symbiotic metabonomic analysis between animal and symbiotic microbiota in relation to their food nutrients



Research Outline

Our team intends to develop novel environmental analysis such as by a bird's-eye view of metabolism caused by ecosystem biodiversity, based on technical advancements of our NMR approaches toward metabolite and biomass mixtures, as well as inorganic elements and microbial ecosystem analyses combined with bioinformatics and cheminformatics approaches. Namely, we promote both international and industrial collaboration in order to contribute for effective utilization of chemical resources, by analyzing laboratory systems, industrial (agriculture, forestry, and fishery) process, and natural environment (hydrosphere and geosphere, as well as outer space).

Research Results

- Structure analysis of metabolic mixture in tree without using column purification
- Development of web-tool (SpinCouple) for analyzing metabolite mixtures via 2D-J resolved NMR spectra
- Profiling planktonic biomass based on advanced multi-dimensional solid-state NMR



▶ Bird-eye-viewing of recent results for environmental metabolic analysis in aquatic ecosystem, land ecosystem and humanosphere

植物ゲノム発現研究チーム

植物の環境ストレス適応や生産性向上に関与する
ゲノム発現制御機構を解析します



Plant Genomic Network Research Team

Analyzing plant genomic networks for environmental stress adaptation
and improved productivity

研究テーマ

環境ストレス適応に関するエピジェネティック、RNA、ペプチド制御機構の解析



最先端科学技術を用いたキャッサバ分子育種の推進



化合物、ペプチド、形質転換技術の活用による有用植物資源
(ストレス耐性強化など)の作出

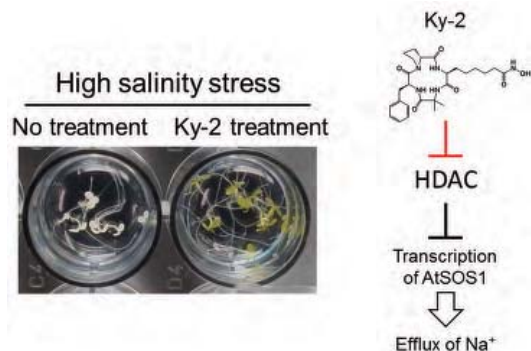


研究概要

統合オミックス解析により、環境ストレス適応・馴化に関するエピジェネティックやRNA・ペプチドの制御機構を明らかにする。キャッサバ(炭素の資源化に有用な熱帯作物)の統合オミックス解析により、塊根生成の制御ネットワークを明らかにする。化合物などの活用や形質転換により環境ストレス耐性・生産性向上など新たな有用植物資源の創出法の開発を目指す。

研究成果

- ヒストン脱アセチル化酵素阻害剤であるKy-2が耐塩性を強化することを明らかにした。
- AtXRN4によるmRNA分解が高温馴化の抑制に機能することを明らかにした。
- 乾燥ストレスにตอบสนองして根および地上部組織において多数の遺伝子の発現が異なる発現制御を受けることを明らかにした。



チームリーダー / Team Leader

関 原明 博士(理学)

Motoaki SEKI Ph.D.

主要論文 / Publications

- Sako, K. *et al.*
Ky-2, a histone deacetylase inhibitor, enhances high-salinity stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*.
Plant Cell Physiol. **57**, 776-783 (2016)
- Nguyen, A.H. *et al.*
Loss of *Arabidopsis* 5'-3' exoribonuclease AtXRN4 function enhances heat stress tolerance of plants subjected to severe heat stress.
Plant Cell Physiol. **56**, 1762-1772 (2015)
- Rasheed, S., Bashir, K., Matsui, A., Tanaka, M., Seki, M.
Transcriptomic analysis of soil-grown *Arabidopsis thaliana* roots and shoots in response to a drought stress.
Frontiers Plant Sci. **7**, 180 (2016)

◀ A histone deacetylase inhibitor enhances high-salinity stress tolerance in plants.



2015年度メンバー / FY2015 Members

- Team Leader
Motoaki SEKI
- Research Scientist
Jong Myong KIM
Akihiro MATSUI
Kentaro NAKAMINAMI
Yoshinori UTSUMI
Minoru UEDA
- Foreign Postdoctoral Researcher
Khurram BASHIR
- Postdoctoral Researcher
Kaori SAKO
- Junior Research Associate
Sultana RASHEED
- International Program Associate
Onsaya PATANUN
- Student Trainee
Cam Chau THI NGUYEN
Huong MAI NGUYEN
Ha THE VU
Yoshio TAKEI
Tomoe NAKAMURA
Yuji SUNAOSHI
- Technical Staff
Maho TANAKA
Junko ISHIDA
Satoshi TAKAHASHI
Seiko NOMURA
Chikako UTSUMI
- Others
Chieko TORII
Kayoko MIZUNASHI
Yoshie OKAMOTO
Erika MORIYA
Akiko TAKASHIBA
Minako SUMITA

▶ AtXRN4-mediated mRNA degradation is linked to the suppression of heat acclimation.

Research Subjects

Analysis of epigenetic, RNA and peptide regulation mechanisms in environmental stress adaptation



Advancement of cassava molecular breeding by cutting-edge technologies



Development of useful plant resources, such as increased stress tolerance by chemical compounds, peptides and transformation technology

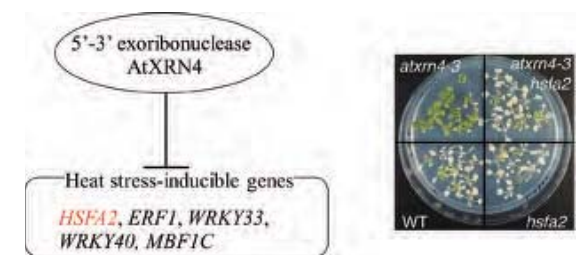


Research Outline

We are analyzing novel epigenetic, RNA and peptide regulation mechanisms in environmental stress adaptation and acclimation by integrated omics analyses. We are also analyzing regulatory networks of tuber root formation by integrated omics analyses in cassava, an important tropical crop for carbon utilization. We aim to develop useful plant resources, such as increased stress tolerance and improved plant productivity by use of chemical compounds and transformation technology.

Research Results

- We found that a histone deacetylase inhibitor, Ky-2, enhances high-salinity stress tolerance.
- We found that AtXRN4-mediated mRNA degradation is linked to the suppression of heat acclimation.
- We found that the expression of many genes with diverse functions is differentially regulated in roots and shoots in response to drought stress.



細胞機能研究チーム

植物の成長や再生を制御する
シグナルネットワークを解明します



研究テーマ

植物の器官成長を司る分子メカニズムの解明

植物の細胞リプログラミングを司る分子メカニズムの解明

分子組織培養法の確立と作物への応用展開

研究概要

植物の葉や根などの器官の成長は様々な発生、環境情報によって調節されるが、その具体的な仕組みはまだ解明されていない。私達は植物細胞の増殖、成長、分化の制御機構を明らかにし、植物が発生、環境情報を統合的に処理して、器官成長を調節する分子機構の解明を目指している。また植物細胞の脱分化、再分化の分子機構を解明し、傷害などの過酷な環境ストレスによって植物の多様な再生現象が引き起こされる仕組みを解明しようとしている。一方、これらの基礎研究から得られた成果を利用して作物の生産性向上や有用物質生産を目指した新技術の開発に貢献する。

研究成果

- 植物細胞の最終分化状態がPRC2を介したエピジェネティック制御によって維持されることを明らかにした。
- SIM及びSMRタンパク質がサイクリン依存性キナーゼの機能を阻害することによって植物の細胞周期の進行を抑制することを見いだした。
- 植物の再生にはWIND1転写因子を介した細胞のリプログラミングが必要であることを発見した。



チームリーダー / Team Leader

杉本 慶子 Ph.D.

Keiko SUGIMOTO Ph.D.

主要論文 / Publications

Ikeuchi, M. *et al.*
PRC2 represses dedifferentiation of mature somatic cells in *Arabidopsis*.
Nature Plants **1**, 15089 (2015)

Kumar, N. *et al.*
Functional conservation in the SIAMESE-RELATED family of Cyclin-dependent kinase inhibitors in land plants.
Plant Cell **27**, 3065-3080 (2015)

Iwase, A. *et al.*
WIND1-based acquisition of regeneration competency in *Arabidopsis* and rapeseed.
J. Plant Res. **128**, 389-397 (2015)

◀ PRC2 mutations in *Arabidopsis* lead to the development of embryonic structures from mature root hair cells.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Keiko SUGIMOTO

Research Scientist
Akira IWASE
Hirofumi HARASHIMA
Yoichi OGAWA

Special Postdoctoral Researcher
Momoko IKEUCHI

Postdoctoral Researcher
Bart RYMEN
Michitaro SHIBATA

Visiting Researcher
Anna FRANCIOSINI

Intern
Alice LAMBOLEZ
Ciera MARTINEZ
Natalie CLARK

Technical Staff
Ayako KAWAMURA
Lewis WATT

▶ WIND1 can substitute wound-induced cellular reprogramming and promote subsequent shoot regeneration in *Arabidopsis*.

Cell Function Research Team

Uncovering the regulatory network
underlying plant organ growth and regeneration

Research Subjects

Molecular dissection of plant organ growth

Molecular dissection of cellular reprogramming in plants

Genetic manipulation of cellular differentiation in crops

Research Outline

We investigate how plants integrate developmental and environmental cues to maximise organ growth under the changing environment. We also explore how plants establish and maintain cellular differentiation status and how various stress stimuli override the developmental commitments to undergo cellular reprogramming. These strategies should allow us identify key modulators of organ growth and reprogramming, thus providing molecular basis for crop improvement.

Research Results

- We demonstrated that plant cells maintain their differentiated status by PRC2-mediated epigenetic repression.
- We showed that SIM and SMR proteins negatively regulate the plant cell cycle by inhibiting the CYCLIN-CDK complex.
- We found that plant regeneration requires the WIND1-mediated cellular reprogramming.

wild type plants WIND1 overexpressing plants



植物共生研究チーム

植物・微生物間の共生を理解し、
持続的農業の実現を目指します



研究テーマ

根粒形成における分子遺伝的機構の解明



共生的窒素固定における分子的要因の同定



穀物における根粒共生の応用



研究概要

窒素肥料は現代の農業で最も多く利用されるが、その生産および施用は温室効果ガスの排出など生態系に悪影響を及ぼす。一方、根粒菌はダイズなどマメ科植物の根に感染し、根粒内で大気窒素を固定することで、宿主植物に窒素栄養を供給する。したがってイネ・トウモロコシ・コムギなどの穀物と根粒菌とが共生できれば窒素肥料の大幅な使用削減が可能となり、生態系に優しい持続的な農業が実現できる。このために私たちは、根粒形成および共生的窒素固定を分子遺伝学的・生化学的に解明するとともに、マメ科植物と根粒菌との共生における進化的要因を探ることで、穀物への窒素固定能の賦与を目指す。

研究成果

- 根粒菌の根表皮細胞への感染は細胞非自律的に決定されていることを明らかにした。
- ダイズ道管液に含まれるペプチドを同定する方法を確立した。
- 菌根菌の共生におけるストリゴラクトンの受容は共通共生経路とは独立であることを見いだした。



チームリーダー / Team Leader

林 誠 博士(理学)

Makoto HAYASHI Ph.D.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Makoto HAYASHI

Research Scientist
Keisuke YOKOTA
Tsuneo HAKOYAMA
Takashi SOYANO
Akihiro YAMAZAKI
Satoru OKAMOTO

Technical Staff
Atsuko HIROTA

主要論文 / Publications

Yamazaki, A., Hayashi, M.
Building the interaction interfaces: host responses upon infection with microorganisms.
Curr. Opin. Plant Biol. **23**, 132-139 (2015)

Okamoto, S., Suzuki, T., Kawaguchi, M., Higashiyama, T., Matsubayashi, Y.
A comprehensive strategy for identifying long-distance mobile peptides in xylem sap.
Plant J. **84**, 611-620 (2015)

Ohkama-Ohtsu, N. et al.
Peribacteroid solution of soybean root nodules partly induces genomic loci for differentiation into bacteroids of free-living *Bradyrhizobium japonicum* cells.
Soil Sci. Plant Nut. **61**, 461-470 (2015)

◀ Wild type (left) and the strigolactone insensitive mutant (right) of *Lotus japonicus*

Graphical abstract of how to identify peptides in xylem sap ▶

Plant Symbiosis Research Team

Understanding plant-microbe symbiosis
in order to establish sustainable agriculture

Research Subjects

Elucidation of molecular genetic mechanisms in nodulation



Identification of molecular components in symbiotic nitrogen fixation



Application of root nodule symbiosis to cereals



Research Outline

Nitrogen is the most heavily used fertilizer in the present agriculture. Its production and use however damage the ecosystem due to the emission of greenhouse gases. Soil bacteria called rhizobia infect legume roots, and fix atmospheric nitrogen in root nodules. Consequently, if cereals such as rice, corn and wheat establish symbiosis with rhizobia, we can dramatically reduce the use of nitrogen fertilizer, resulted in ecosystem-friendly, sustainable agriculture. In order to achieve our goal, we aim to confer the ability to fix nitrogen on cereals, by elucidating molecular-genetic and biochemical functions of nodulation and symbiotic nitrogen fixation, as well as by investigating evolutionary aspects of legume-rhizobia symbiosis.

Research Results

- We showed that infection of rhizobia to root epidermal cells is determined cell non-autonomously.
- We established a method to identify peptides in xylem sap of soybean.
- We found that the perception of strigolactones was independent of the common symbiosis pathway in arbuscular mycorrhiza symbiosis.



Collection of xylem sap

Gel-free purification

MS, MS/MS analysis



Identification of long-distance mobile peptides

適応制御研究ユニット

種子機能と環境適応力を高める
遺伝子・化合物を探索します



研究テーマ

植物ホルモン輸送体の同定と機能解析



種子寿命に関与する因子の同定



植物の成長制御およびストレス応答に関与する代謝物質の同定



一細胞からの植物ホルモン分析法の確立

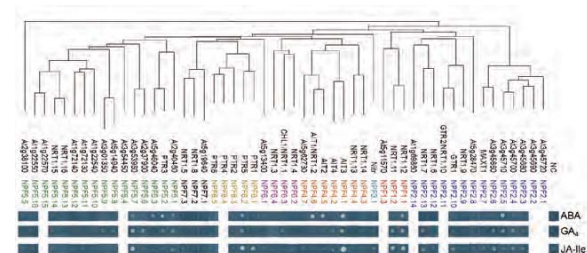


研究概要

当ユニットでは種子休眠、発芽、ストレス応答に代表される植物の適応反応の制御機構を明らかにする研究を行っている。これらの生理作用に重要な役割を果たすことが知られているアブシシン酸 (ABA)、ジベレリン (GA)、ジャスモン酸 (JA-Ile) などの植物ホルモンに着目し、その生合成および輸送機構の解明に取り組んでいる。さらに遺伝的、化学的な制御により、輸送体や生合成制御因子の機能を有効に利用することで、植物の生産性や環境適応力を高める技術開発に取り組む。

研究成果

- 新たな植物ホルモン輸送体候補を複数同定した。
- シロイヌナズナ種子の吸水後の種子寿命の変化に関与するQTLを検出した。
- シロイヌナズナのモリブデンコファクター硫化酵素ABA3によってABA非依存的に制御される遺伝子を同定した。



ユニットリーダー / Unit Leader

瀬尾 光範 博士(理学)

Mitsunori SEO D.Sci.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Mitsunori SEO

Special Postdoctoral Researcher
Naoto SANO

Postdoctoral Researcher
Takafumi SHIMIZU

Visiting Researcher
Shunsuke WATANABE

Technical Staff
Yuri KANNO

主要論文 / Publications

Shimizu, T. *et al.*
Live single cell plant hormone analysis by video-mass spectrometry.
Plant Cell Physiol. **56**, 1287-1296 (2015)

Chiba, Y. *et al.*
Identification of Arabidopsis NRT1/PTR FAMILY (NPF) proteins capable of transporting plant hormones.
J. Plant Res. **128**, 679-686 (2015)

Maekawa, M. *et al.*
Impact of the plastidial stringent response in plant growth and stress responses.
Nature Plants **1**, 15167 (2015)

◀ Plant hormone transport activities of Arabidopsis NPF proteins

Natural variation of seed longevity after imbibition ▶

Dormancy and Adaptation Research Unit

Discovering genes and chemicals that improve seed quality and adaptation responses

Research Subjects

Identification and functional characterization of plant hormone transporters



Identification of factors involved in seed longevity



Identification of metabolites involved in plant growth and stress responses



Development of a system to quantify hormones from a single cell

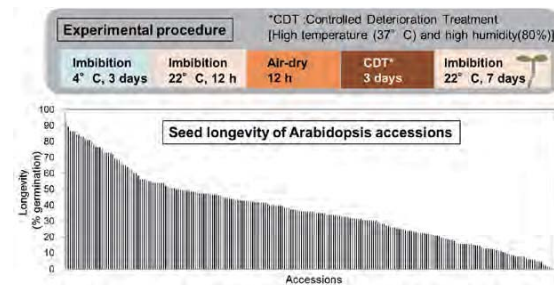


Research Outline

Our unit studies the mechanisms that regulate plant adaptation responses such as seed dormancy, germination and stress responses. We will reveal how biosynthesis and transport of plant hormones such as abscisic acid (ABA), gibberellin (GA) and jasmonates (JA-Ile) are regulated. We will optimize plant adaptation responses by genetic and chemical regulation of hormone transport and biosynthesis.

Research Results

- We identified several candidates for plant hormone transporters.
- We detected QTLs related to longevity of Arabidopsis seeds after imbibition.
- We identified genes regulated by Arabidopsis ABA3 independently from its role in ABA biosynthesis.



発現調節研究ユニット

作物の生産性向上に向けて
植物の環境ストレス応答の研究に取り組みます



研究テーマ

乾燥および塩ストレス応答における、ホルモン調節ネットワークの分子機構の解明

乾燥ストレスにおける窒素固定を制御するメカニズムの解明

劣悪環境下での作物の生産性向上を目的とした作物の機能ゲノミクス

非生物学的ストレス緩和における植物生長レギュレータの役割解明

研究概要

地球の人口は急速に増加しており、特に開発途上国では食糧の安定供給が主要問題の一つである。さらに、近年の気候変化は、食糧生産の大きな負担になっている。干ばつ、塩害、土壌侵食および土壌汚染のような環境ストレスは、作物の生産量に悪影響を及ぼす要因で、安定的な農業生産を脅かしている。当ユニットの研究テーマは、(i) 植物生長レギュレータの役割および非生物学ストレス応答との相互作用、(ii) 環境ストレス条件下で作物の生産性を向上させることを目標とするトランスレショナルゲノミクス、の2つである。

研究成果

- 植物が乾燥に抵抗する戦略の一つとして、タイプ-Bレスポンスレギュレータのダウンレギュレーションによりサイトカニン情報伝達シグナルを抑制することを明らかにした。
- カドミウムストレス下のイネにおけるH₂S誘導性保護メカニズムを見出した。
- 植物の非生物学的ストレス適応におけるストリゴラクトンとカリキンの役割に新たな可能性を示した。



ユニットリーダー / Unit Leader
ラムソン・ファン・チャン Ph.D.
Lam-Son Phan Tran Ph.D.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Lam-Son Phan TRAN

Research Scientist
Weiqiang LI
Rie NISHIYAMA

International Program Associate
Kien NGUYEN

Student Trainee
Ha CHU

Technical Staff
Yasuko WATANABE

主要論文 / Publications

Nguyen, K.H. et al.
Arabidopsis type B cytokinin response regulators ARR1, ARR10, and ARR12 negatively regulate plant responses to drought.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA **113**, 3090-3095 (2016)

Mostofa, M.G., Ansary, M.U., Watanabe, A., Fujita, M., Tran, L.S.
Hydrogen sulfide modulates cadmium-induced physiological and biochemical responses to alleviate cadmium toxicity in rice.
Sci. Rep. **5**, 14078 (2015)

Li, W., Tran, L.S.
Are karrikins involved in plant abiotic stress responses?
Trends Plant Sci. **20**, 535-538 (2015)

◀ Loss-of-function of *ARR1*, *ARR10*, and *ARR12* genes enhances drought tolerance.

▶ Loss-of-function of *ARR1*, *ARR10*, and *ARR12* genes results in impairment of stomatal opening.

Signaling Pathway Research Unit

Understanding plant responses to environmental stress for improvement of crop productivity

Research Subjects

Molecular elucidation of hormonal regulatory networks in plant responses to drought and salt stress

Mechanisms controlling nitrogen fixation in legumes under drought stress

Functional genomics of food crops for improvement of crop productivity in adverse conditions

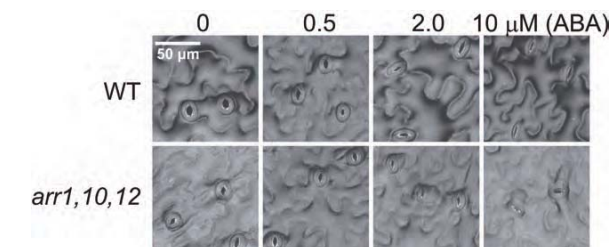
Role of plant growth regulators in abiotic stress mitigation

Research Outline

The population of the earth is rapidly increasing, setting food security one of the major issues in the world, especially in developing countries. Additionally, climate changes also put a great burden on food production. Environmental stresses, such as drought, high salinity, soil erosion and pollutants are factors affecting yield and stability of crop production, thereby threatening sustainable agriculture. Our unit has interest in (i) studying the roles of plant growth regulators and their interactions in abiotic stress responses, as well as (ii) translational genomics aiming to enhance crop productivity under adverse environmental stress conditions.

Research Results

- We provided evidence that repression of cytokinin signaling through down-regulation of type-B response regulators is one of the strategies plants use to cope with drought.
- We provided an insight into H₂S-induced protective mechanisms of rice exposed to cadmium stress.
- We discussed new research potential to understand the roles of strigolactones and karrikins in plant adaptation to abiotic stresses.



機能調節研究ユニット

植物におけるセシウム吸収の制御技術開発および
栄養欠乏応答におけるシグナル伝達カスケードを解明します



研究テーマ

植物における栄養欠乏時のシグナル伝達系の解明



窒素利用効率向上イネの開発および植物の栄養素利用効率を制御するメカニズムの解明



シロイヌナズナおよびノリにおけるイオン・チャネルの解析



植物におけるセシウム吸収抑制技術の開発およびファイトレメディエーションの制御因子分析

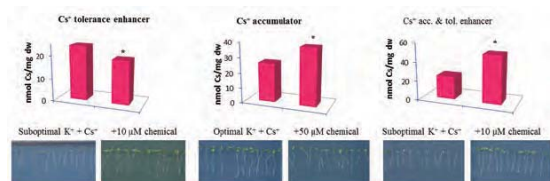


研究概要

肥料に含まれるカリウムと窒素は、植物の生長を制御する主要栄養素であり、生産量を増加させるため肥料の使用量が増加している。しかし肥料の増加は生産量の増加には正比例せず、余った肥料は土壌汚染を引き起こす要因となる。環境保護意識が高まっている昨今、地球にやさしい新しい方法による農業生産量の増加と、食糧の確保を可能にする持続的農業の実現が求められている。当ユニットでは解決策として、シロイヌナズナを用いてカリウムの感知および欠乏時のシグナル伝達に働く因子の単離に取り組む。また効率的に主要栄養素を利用し低栄養条件下でもよく生長するイネの開発を目指す。さらに放射性セシウムに関する新たなファイトレメディエーション技術の確立を目指し、ケミカルスクリーニングで植物のセシウム吸収に影響を及ぼす化学物質の選抜を行い、これら化学物質を小胞バイオリアクターシステムなど多領域にわたる手法を用いて解析を行う。また、セシウム吸収・応答に関与する制御因子の分析も行っている。

研究成果

- 植物のセシウム耐性を向上または蓄積量を増加させる化学物質を選抜した。
- 栄養素が欠乏した条件下においてよく生長し、環境ストレスに耐性を示すイネFOX系統を単離した。
- 植物においてカリウム欠乏およびセシウム感知のシグナル伝達制御因子を解析した。



ユニットリーダー / Unit Leader

申 怜 Ph.D

Ryoung SHIN Ph.D.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Ryoung SHIN

Research Scientist
Eri ADAMS

Visiting Scientist
Minwoo HAN

Technical Staff
Hajime TAKIGUCHI
Takae MIYAZAKI

Others
Tsuzumi MITO

主要論文 / Publications

Adams, E., Chanban, V., Khandelia, H., Shin, R.
Selective chemical binding enhances cesium
tolerance in plants through inhibition of cesium
uptake.
Sci. Rep. 5, 8842 (2015)

◀ Isolation of cesium accumulators and
tolerance enhancers

Prediction of cesium binding sites on
selected chemicals using Hokusai super
computer ▶

Regulatory Network Research Unit

Developing method for reducing cesium uptake and
elucidating signaling cascades in response to nutrient deprivation in plants

Research Subjects

Dissection of signaling cascades in plant response to nutrient deprivation



Development of rice with improved nitrogen-use efficiency and elucidation of regulatory mechanisms of plant nutrient utilization



Characterization of ion channels in plants and seaweed



Development of methods to reduce cesium uptake in plants and analyses of regulatory components for phytoremediation

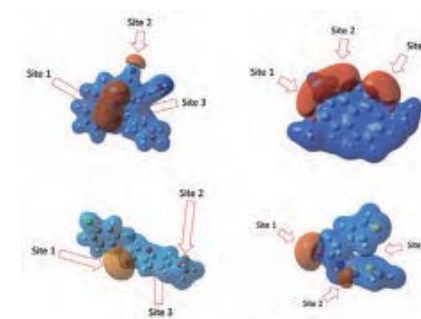


Research Outline

Potassium and nitrogen are major nutrients for plant growth, and lack of them has entailed increased use of fertilizers. However, increased fertilizer usage does not result in comparable production increase, and excess fertilizer run-off creates soil pollution. Growing ecological awareness necessitates new solutions to increase agricultural production without endangering the environment, and achieve food security via sustainable agriculture. As solutions to these issues, we aim to elucidate the components of plant potassium sensing and deficiency signaling in *Arabidopsis* using various approaches and develop rice plants that efficiently utilize macronutrients and grow well under nutrient limited conditions. In addition, to establish a new method of phytoremediation, chemical screenings to elucidate the chemicals which affect cesium uptake in plants have been conducted. Further characterization of selected chemicals are on-going using multidisciplinary approaches including vesicle-micro-bioreactor system. We are also intensively analyzing regulatory components of cesium uptake that selectively inhibit/suppress/prevent uptake of radiocesium from contaminated soil.

Research Results

- Elucidation of chemicals which enhance cesium tolerance and/or accumulation in plants
- Isolation of rice FOX lines which grow well in nutrient limited condition and are tolerance to biotic stresses
- Dissecting regulatory components of potassium deficient and cesium signaling in plants



植物プロテオミクス研究ユニット

最先端プロテオミクス技術を駆使して、
植物独自の環境応答の仕組みを明らかにします



研究テーマ

プロテオミクス技術を利用した植物免疫システムの解明

最先端プロテオミクス技術の確立



研究概要

植物は急激な外的環境の変化から逃避することが出来ないため、様々な環境変化に対して自らを速やかに変化させて生き抜く能力を獲得している。その植物に特徴的な環境適応システムの分子機構の解明は、新しい形質を付与したより優れた植物品種の開発に繋がると期待されている。当ユニットではプロテオミクス技術の開発に取り組むとともに、最新のプロテオミクス技術を駆使して植物独自の細胞内シグナルネットワークの解明を目指す。

研究成果

- シロイヌナズナの概日リズムに伴うリン酸化プロテオームの変動解析に成功した。
- ナノファイバー化したキチンにエリシター活性があることを見出した。
- ゼニゴケのゲノム解析に貢献した。



ユニットリーダー / Unit Leader

中神 弘史 博士(バイオサイエンス)
Hirofumi NAKAGAMI Ph.D.

主要論文 / Publications

Choudhary, M., Nomura, Y., Wang, L., Nakagami, H., Somers, D.
Quantitative circadian phosphoproteomic analysis of Arabidopsis reveals extensive clock control of key components in physiological, metabolic and signaling pathways.
Mol. Cell Proteomics. **14**, 2243-2260 (2015)

Egusa, M. *et al.*
Chitin nanofiber elucidates the elicitor activity of polymeric chitin in plants.
Front Plant Sci. **6**, 1098 (2015)

Bowman, J L. *et al.*
The naming of names: guidelines for gene nomenclature in *Marchantia*.
Plant Cell Physiol. **57**, 257-261 (2015)



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Hirofumi NAKAGAMI

Special Postdoctoral Researcher
Gang-Su HYON

Postdoctoral Researcher
Hidenori MATSUI
Izumi YOTSUI

Technical Staff
Yuko NOMURA

Others
Shouko YAMAZAKI

Plant Proteomics Research Unit

Dissecting plant-unique adaptation systems
by using advanced proteomics methods

Research Subjects

Exploration of novel key components of the plant immune system by proteomic approaches

Establishment of an advanced proteomics platform for collaborative research



Research Outline

Plants have evolved unique adaptation systems to tolerate various environmental stresses. An understanding of the fundamental mechanisms underlying adaptation processes is expected to provide novel ideas for improving plant functions. The main goal of our unit is to dissect plant specific signaling networks essential for the adaptation system by employing advanced proteomics methods.

Research Results

- Analyzed circadian dynamics of Arabidopsis phosphoproteome
- Demonstrate that chitin nanofiber has elicitor activity
- Contributed to *Marchantia* genome analysis



◀ Peptide identification and quantification

Marchantia polymorpha L. ▶

統合ゲノム情報研究ユニット

ゲノム情報を活用して、
環境に役立つ植物の有用機能の探索を加速します



研究テーマ

植物資源の使いやすさ、生産性向上に関する研究



コケ植物のゲノム解読等に基づく金属元素耐性、環境浄化に関する生物機能研究



データベース開発、遺伝子機能注釈の改善等による情報資源開発、大量情報処理基盤の整備

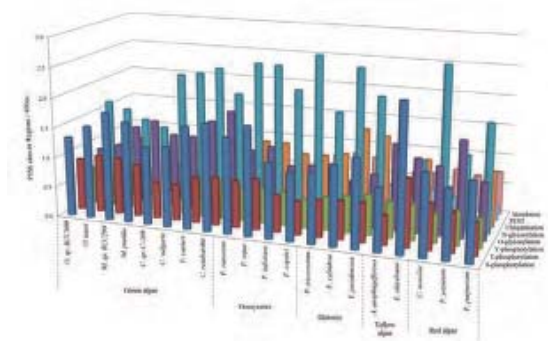


研究概要

ライフサイエンス研究の推進には生物情報を統合的に解析するアプローチが必要であり、これには大量かつ多様なデータとそれを解析するための解析手法の構築や情報技術が求められる。当研究ユニットは、植物を中心とした様々な生物種のゲムからメタボローム、フェノームに渡るデータ解析だけでなく、それらの研究成果のデータベース化および解析環境の開発などの情報基盤整備を推進している。さらに、これらの情報基盤を活かした解析手法の開発を目指す。

研究成果

- 主要植物、藻類におけるタンパク質の物理化学的および構造的性質を予測し、機能未知遺伝子の注釈づけを推進した。
- コケ植物、葉用植物等の有用機能研究のためのゲノム、トランスクリプトーム解析を推進した。
- 情報基盤整備を行い、オミクス解析等の包括的研究を推進した。



ユニットリーダー／Unit Leader

櫻井 哲也 博士(農学)

Tetsuya SAKURAI Ph.D.

主要論文 / Publications

Kurotani, A., Sakurai, T.
In Silico Analysis of Correlations between Protein
Disorder and Post-Translational Modifications in
Algae.
Int. J. Mol. Sci. **16**, 19812-19835 (2015)

Onda, Y. *et al.*
Determination of growth stages and metabolic
profiles in *Brachypodium distachyon* for
comparison of developmental context with
Triticeae crops.
Proc. Biol. Sci. **282**, 20150964 (2015)

Kurotani, A., Yamada, Y., Shinozaki, K., Kuroda, Y., Sakurai, T.
Plant-PrAS: A Database of Physicochemical and Structural Properties and Novel Functional Regions in Plant Proteomes.
Plant Cell Physiol. **56**, e11. (2015)



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Tetsuya SAKURAI

Technical Staff
Atsushi KUROTANI
Takuhiro YOSHIDA
Yutaka YAMADA

Integrated Genome Informatics Research Unit

Discovering useful functions and traits in plants based on genome information and bioinformatics

Research Subjects

Development of useful plant resources such as by improved usability and productivity



Discovery of useful functions for metal recovery and environmental detoxification by using a variety of bryophytes from the aspect of omics analysis



IT infrastructure management and development of information platforms for project promotion including database development and gene annotation enrichment



Research Outline

The importance of utilizing information technology for life science and sustainable resource science has increased. Information integration through genome and phenotype is important for understanding these science fields. Our research unit promotes analyses with large-volume and various information as well as implementation of an analytic pipeline that is accessible to effective results. We also provide databases and an analysis environment for omics research. Furthermore, we are challenging ourselves to construct an integrated analytical approach which is a synthesis of the technologies and information infrastructure.

Research Results

- We have predicted the physicochemical and structural properties of major plants and algae proteins, and promoted the annotation for unknown genes.
- We have promoted the genome and transcriptome analyses for useful plants such as medicinal plants and bryophytes.
- We have developed and managed the information infrastructure for comprehensive research such as genome, transcriptome and metabolome analyses.



IT infrastructure development for comprehensive research using omics-wide information

ケミカルバイオロジー研究グループ

ケミカルバイオロジーの新技术を開発し、
複雑な生物系の謎解きを目指します



研究テーマ

天然化合物バンク"NPDepo"データベースの拡充



遺伝子工学的・合成化学的技術駆使した化合物ライブラリーの拡充



生理活性小分子の探索および標的の同定を可能にする新たな解析技術の開発



研究概要

化学を出発点として生命現象の解明を目指す「ケミカルバイオロジー」研究を推進するためには、ケミカルライブラリーを整備し、それを活用するためのプラットフォームを構築することが重要である。当グループは、微生物、植物の代謝産物に着目した天然化合物を収集・合成すると共に、その化学情報および生物情報を集録したデータベースを構築する。そして、天然化合物ライブラリーから新しい生理活性物質を探索すると共に、それらの標的タンパク質同定、作用機作解析、タンパク質および天然有機化合物の構造解析などの研究基盤を整備し、ケミカルバイオロジーと環境資源科学に関連する基礎研究を遂行する。

研究成果

- カビ毒であるテヌアゾン酸の生合成遺伝子を発見した。
- ケミカルアレイを用いて、NPDepoライブラリーより植物ホルモンアブシジン酸の新規アンタゴニストを同定した。
- 野田産業科学研究所との共同研究で、転写制御因子を破壊した麹菌から、新規抗がん活性物質astellolide Fを単離、同定した。



グループディレクター / Group Director

長田 裕之 農学博士

Hiroyuki OSADA D.Agr.

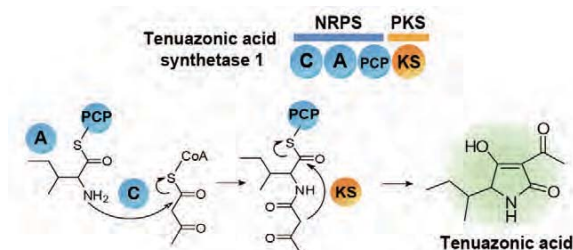
主要論文 / Publications

Yun, C. S., Motoyama, T., Osada, H.
Biosynthesis of the mycotoxin tenuazonic acid by a fungal NRPS-PKS hybrid enzyme.
Nature Commun. **6**, 8758 (2015)

Ito, T. *et al.*
Novel Absciscic Acid Antagonists Identified with Chemical Array Screening.
Chembiochem **16**, 2471-2478 (2015)

Shinohara, Y., Kawatani, M., Futamura, Y., Osada, H., Koyama, Y.
An overproduction of astellolides induced by genetic disruption of chromatin-remodeling factors in *Aspergillus oryzae*.
J. Antibiot. **69**, 4-8 (2016)

◀ Proposed model for tenuazonic acid biosynthesis by the novel type of fungal NRPS-PKS hybrid enzyme



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Hiroyuki OSADA

Senior Research Scientist
Makoto MURAI
Takayuki MOTOYAMA
Yasumitsu KONDOH
Makoto KAWATANI
Takeshi SHIMIZU

Research Scientist
Toshihiko NOGAWA
Yushi FUTAMURA
Choong Soo YUN

Special Postdoctoral Researcher
Tatsuro KAWAMURA

Postdoctoral Researcher
Kazuko YOSHIDA

Visiting Researcher
Azhar RASUL

Junior Research Associate
Takeshi MIYAZAWA

International Program Associate
Amit SUBEDI
Ammara KHALID

Technical Staff
Fuyu ITO
Harumi AONO
Akiko OKANO
Miho TANAKA
Yoko TANAKA

Identification of ABA antagonists (RK438 and RK460) using chemical array screening ▶

Chemical Biology Research Group

Developing new techniques for chemical biology and
elucidating mysteries of complex biological systems

Research Subjects

Expansion of the database of the chemical bank, "Natural Products Depository (NPDepo)"



Expansion of the chemical library using genetic engineering and synthetic chemistry



Exploration of bioactive small molecules and development of new analytical techniques for target identification

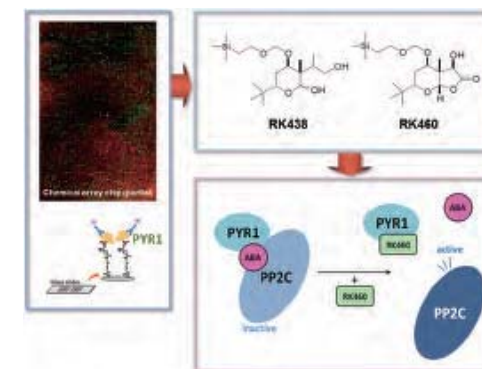


Research Outline

In order to promote research in chemical biology that aims to elucidate biological phenomena using chemical compounds as starting materials, it is important to establish a platform for chemical libraries. Our group constructs chemical libraries through the genetic engineering of microorganisms and organic synthesis, as well as databases that describe the chemical and biological information of the libraries. We explore useful bioactive compounds in the chemical library and identify molecular targets of bioactive compounds, and elucidate mechanisms behind the actions of active compounds as well. We continue to maintain this infrastructure for advanced studies of chemical biology and sustainable resource science.

Research Results

- We found the biosynthetic gene of mycotoxin, tenuazonic acid.
- We identified novel abscisic acid antagonists from NPDepo library using chemical array platform.
- We found a novel anticancer compound, astellolide F, in chromatin-remodeling factor gene disruptants of *Aspergillus oryzae* in collaboration with Noda Institute for Scientific Research.



ケミカルゲノミクス研究グループ

ケミカルバイオロジーを用いて
環境資源に関する諸問題を解決する方法論を開拓します



Chemical Genomics Research Group

Exploiting methodologies to resolve environmental and
resource-related problems using chemical biology

研究テーマ

バイオ燃料生産への応用を目指した化合物による脂質代謝の制御

地球温暖化防止を目指した化合物による窒素サイクルの制御

タンパク質メチル化、アセチル化、SUMO化などを介したエピジェネティクスの化学的制御

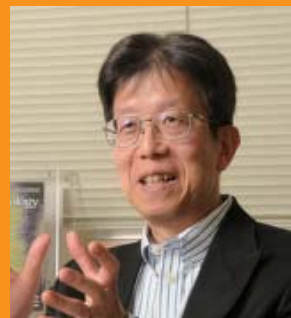
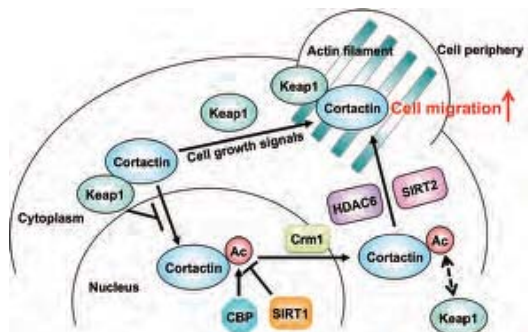
タンパク質間相互作用を標的とした化合物のスクリーニング系開発

研究概要

ケミカルバイオロジーのアプローチにより、様々な生命現象を理解し、それを人為的に制御するためには、ユニークな活性を持つ新たな小分子リガンドの開発が必須である。そこで当グループは、化合物ライブラリーから環境資源科学の進展に貢献可能な新しい分子リガンドの発見を目指す。具体的には、動植物・微生物細胞を用いた表現型スクリーニング系、あるいは代謝調節やエピゲノム等を標的とした *in vitro* スクリーニング系を構築し、探索研究を行う。さらにハイスループットスクリーニング (HTS) の高度化を目指した基盤研究を行う。これらのケミカルバイオロジー研究を通じて、環境資源科学研究の新しい方法論を開拓することを研究目標としている。

研究成果

- がん細胞の新しい運動制御機構を明らかにした。
- 分裂酵母の窒素源カタボライト抑制を解除する分泌性活性物質を同定した。
- 生細胞内でヒストンH3のアセチル化を検出可能な蛍光プローブを作製した。



グループディレクター / Group Director

吉田 稔 農学博士

Minoru YOSHIDA D.Agr.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Minoru YOSHIDA

Senior Research Scientist
Akihisa MATSUYAMA
Yoko YASHIRODA
Akihiro ITO
Ken MATSUMOTO

Research Scientist
Kazuki SASAKI

Special Postdoctoral Researcher
Akiko FUJIWARA

Postdoctoral Researcher
Shin-ya OKAMOTO
Masaki MATSUOKA
Tomoshige HIRATSUKA

Junior Research Associate
Shohei TAKASE

Technical Staff
Satoko MAEDA
Atsushi HASHIMOTO

主要論文 / Publications

Ito, A. *et al.*
The subcellular localization and activity of cortactin is regulated by acetylation and interaction with Keap1.
Sci. Signal. 8, ra120 (2015)

Sun, X. *et al.*
Identification of novel secreted fatty acids that regulate nitrogen catabolite repression in fission yeast.
Sci. Rep. 6, 20856 (2016)

Nakaoka, S., Sakaki, K., Ito, A., Nakao, Y., Yoshida, M.
A genetically encoded FRET probe to detect intranucleosomal histone H3K9 or H3K14 acetylation using BRD4, a BET family member.
ACS Chem. Biol. 11(3), 729-733 (2016)

◀ Regulation of cell migration by cortactin acetylation and its binding to Keap1

Intra-species chemical communication for nitrogen metabolism ▶

Research Subjects

Chemical regulation of the lipid metabolism for effective biofuel production

Chemical regulation of the nitrogen cycle for prevention of global warming

Chemical regulation of epigenetics such as protein methylation, acetylation, and SUMOylation

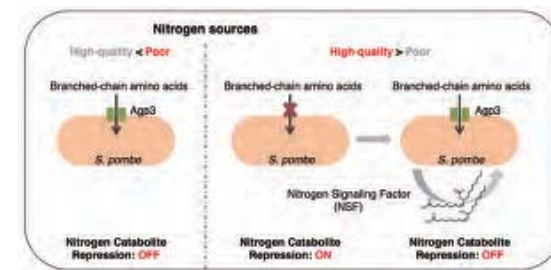
Development of screening systems that target protein-protein interactions

Research Outline

Identification of novel small molecular ligands is essential to understand diverse biological phenomena and to control the biological systems by chemical methods. This project focuses on the development of useful molecular ligands that are expected to contribute to an advance in environmental and resource sciences by employing chemical libraries that consist of microbial metabolites and/or synthetic compounds. In particular, we search into novel active compounds by constructing a variety of phenotypic screening systems using genetically modified animal, plant and yeast cells, and *in vitro* screening systems using various target proteins that include enzymes for metabolism and epigenetics. In addition, we construct new platforms for developing high throughput screening systems. Our goal is to identify and provide unique molecular ligands that are useful for chemical biology research that aims to exploit new areas of environmental and resource sciences.

Research Results

- We elucidated a novel molecular mechanism of cancer cell migration.
- We identified novel secreted oxylipins that regulate nitrogen catabolite repression in fission yeast.
- We generated a novel fluorescent probe that allows visualization of histone H3 acetylation in living cells.



分子リガンド標的研究チーム

化学遺伝学的アプローチにより
化合物の標的分子や細胞内作用機序を明らかにします



研究テーマ

分子リガンドとその標的分子間の化学遺伝学的相互作用の網羅的解析

生理活性を有する化合物の作用機序の検証

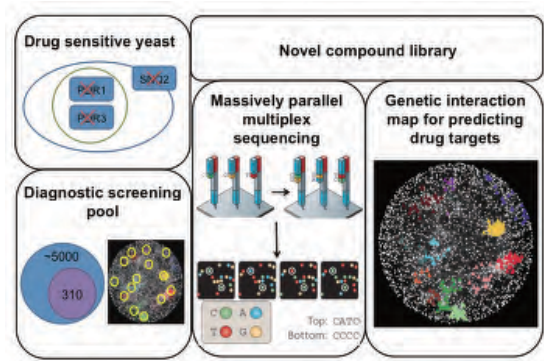
必須遺伝子を標的とする生理活性物質の同定

研究概要

ユニークな生理活性を示す小分子リガンドには、生体内に必ず特異的な標的分子が存在する。標的分子の決定は、分子リガンドの作用機構解明に必須であり、創薬研究の要ともなっている。しかし、分子リガンドと標的分子との相互作用は一様でないため、これまで標的分子の決定はきわめて困難であった。当チームは、分裂酵母全遺伝子ORF発現株ライブラリーや出芽酵母遺伝子破壊株ライブラリーを用いた遺伝学的相互作用の検出法をもとにした新しい相互作用検出技術の開発を行う。これを用いて生理活性を引き出す原因となる標的分子を速やかにかつ正確に決定することを目指す。

研究成果

- 化合物の標的決定のためのハイスループットケミカルゲノミクス解析パイプラインを確立した。
- 理研NPDepo化合物やFDAにより認可されている抗がん剤について出芽酵母のケミカルゲノミクスプロファイルにより標的予測を行った。
- 化合物の標的決定ツールとして、非必須遺伝子の遺伝子破壊株を用いたケミカルゲノミクスプロファイルシステムに加え、必須遺伝子の二倍体ヘテロ型遺伝子破壊株を用いたハプロ不全プロファイルシステムを構築した。



チームリーダー / Team Leader
チャールズ・ブーン Ph.D.
Charles M. BOONE Ph.D.

主要論文 / Publications

Dickinson, Q. *et al.*
Mechanism of imidazolium ionic liquids toxicity in *Saccharomyces cerevisiae* and rational engineering of a tolerant, xylose-fermenting strain.
Microb. Cell Fact. **15**, 17 (2016)

Serate, J. *et al.*
Controlling microbial contamination during hydrolysis of AFEX-pretreated corn stover and switchgrass: effects on hydrolysate composition, microbial response and fermentation.
Biotechnol. Biofuels **8**, 180 (2015)

Piotrowski, JS. *et al.*
Plant-derived antifungal agent poacic acid targets β -1,3-glucan.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA **112**, E1490-1497 (2015)

◀ A high throughput chemical genomic screening pipeline



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Charles M. BOONE

Deputy Team Leader
Yoko YASHIRODA

Foreign Postdoctoral Researcher
Sheena Claire Leoncio LI

Technical Staff
Yumi KAWAMURA

Non-essential and essential gene chemical genetics ▶

Molecular Ligand Target Research Team

Exploring target molecules and mode-of-action of bioactive compounds
through global analysis of chemical genetic interactions

Research Subjects

Global analysis of chemical genetic interactions between molecular ligands and their target molecules

Validating the mode of action of bioactive compounds

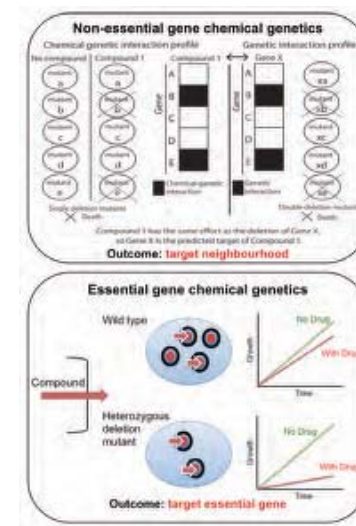
Identifying bioactive chemical tools and therapeutic leads that target essential gene pathways

Research Outline

Small molecular ligands with unique activities must have specific target molecules that exist in their cells or organisms. Identification of target molecules is critical for elucidating the mode of action of molecular ligands and for drug development. However, drug target identification has been difficult in general, because the mode of interactions between molecular ligands and their targets are not uniform. Our team aims at developing innovative techniques based on global analysis of yeast genetic interaction, which leads to quick and accurate detection of ligand-target interactions.

Research Results

- We established a high throughput chemical genomic screening pipeline.
- We performed the budding yeast chemical genomic profiling of compounds including the RIKEN NPDepo compound library and the FDA-approved oncology drugs to predict the cellular targets of the compounds.
- We constructed the essential gene haploinsufficiency profiling system in addition to the non-essential gene chemical genetic profiling system.



天然物生合成研究ユニット

微生物遺伝子資源を探索し、
有用物質生産に向けて生合成機構を解明します



研究テーマ

遺伝子、生化学、及び構造解析による生理活性を持つ微生物代謝産物の生合成機構解明

二次代謝生合成遺伝子クラスターに存在する転写制御因子群の評価

ゲノム配列解析より見出された未知遺伝子クラスターからの新規二次代謝物の生産

二次代謝産物の生産を高める小分子の開発

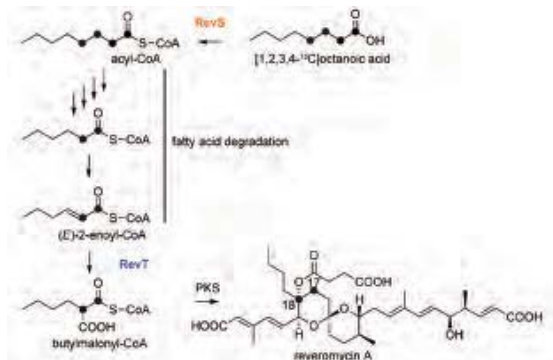
微生物を利用した生合成プラットフォームの構築

研究概要

放線菌や糸状菌などの微生物は有用二次代謝物の宝庫である。微生物代謝物を効率的に生産するためには生合成機構の理解が重要であり、遺伝学的・生化学的に生合成の鍵反応の解明を進めている。さらに生合成経路改変により、微生物が本来有している化合物多様化機能の拡張を図る。転写制御因子の利用に加え、小分子化合物を用いた生合成遺伝子クラスターの活性化手法を開発し天然物を創出する。有用天然物の効率的生産を可能とする微生物生合成プラットフォームを構築し、遺伝子資源を活用した有用化合物生産を目指す。

研究成果

- ポリケチド化合物の非典型伸長鎖の生合成を担う酵素群を解明した。
- 放線菌を利用したテルペノイド生合成プラットフォーム構築した。
- 殺昆虫性プレニル化インドールアルカロイドであるオカラミンの生合成遺伝子を同定した。



ユニットリーダー / Unit Leader

高橋 俊二 博士(理学)

Shunji TAKAHASHI D.Sci.

主要論文 / Publications

Miyazawa, T. *et al.*
Identification of middle chain fatty acyl-CoA
ligase responsible for the biosynthesis of
2-alkylmalonyl-CoAs for polyketide extender unit.
J. Biol. Chem. **290**, 26994-27011 (2015)

Lim, C.L. *et al.*
Unantimycin A, a new neoantimycin analog
isolated from a microbial metabolite fraction
library.
J. Antibiot. *in press*

Kim, J.W. *et al.*
Haenamindole, an unusual diketopiperazine
derivative from a marine-derived *Penicillium* sp.
KCB12F005.
Bioorg. Med. Chem. Lett. **25**, 5398-5401 (2015)

◀ Degradation of fatty acid and biosynthesis
of 2-alkylmalonyl-CoA

Natural Product Biosynthesis Research Unit

Exploring microbial gene resources and
elucidating biosynthetic mechanisms to produce valuable compounds

Research Subjects

Elucidation of biosynthetic machinery of bioactive microbial metabolites by genetic, biochemical and structural analyses

Evaluation of transcriptional regulators associated with secondary metabolite gene clusters

Production of novel secondary metabolites from unknown gene clusters unveiled by genome sequence analysis

Development of small molecules that enhance production of secondary metabolites

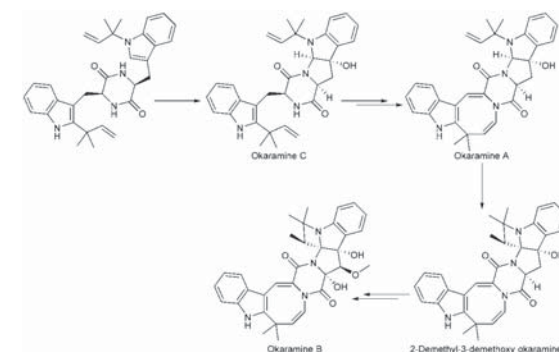
Construction of biosynthetic platforms using microorganisms

Research Outline

Microorganisms such as actinomycetes and filamentous fungi are a rich repository of valuable secondary metabolites. The understanding of biosynthetic mechanisms is important to utilize microbial metabolites efficiently. For this reason we elucidate a key reactions of biosynthetic pathways by genetic and biochemical methods. We diversify microbial metabolites by modifying gene clusters and pathway engineering. In addition to utilizing transcriptional regulators, we develop novel methods to activate biosynthetic gene clusters by small molecules and create natural products. We are constructing microbial biosynthetic platforms and efficiently produce valuable natural products using genetic resources from nature.

Research Results

- We elucidated the enzymes responsible for the biosynthesis of atypical polyketide extender unit.
- We constructed terpenoid biosynthetic platform using Actinomycetes.
- We identified the biosynthetic gene cluster for insecticidal okaramines.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Shunji TAKAHASHI

Research Scientist
Naoki KATO

Foreign Postdoctoral Researcher
Suresh PANTHEE

Postdoctoral Researcher
Naoko KITO

Visiting Scientist
Keita AMAGAI

Technical Staff
Hiroshi TAKAGI
Noriko SHIBAZAKI
Kiyomi KINUGASA

Proposed biosynthetic pathway of
okaramines ▶

化合物リソース開発研究ユニット

ケミカルバイオロジー研究を加速するための
化合物ライブラリーを拡充し活用します



研究テーマ

化合物ライブラリーの有効活用



構造活性相関解析と化合物の構造最適化による研究推進



研究概要

化合物ライブラリーは、ケミカルバイオロジーの研究手法を用いて生物機能制御研究、医薬農業研究を推進する上で、欠くことの出来ない研究ツールである。当ユニットは、化合物ライブラリーの有効活用を目的として化合物ライブラリー基盤をベースとした連携研究を推進する。化合物ライブラリーおよび化合物情報の提供などを通じて、環境資源科学研究、ケミカルバイオロジー研究をサポートし、当該分野での連携をプロモートする。また、ケミカルバイオロジー研究グループ、天然物生合成研究ユニット等と連携して化合物ライブラリーの充実を図る。

研究成果

- アルツハイマー型認知症の原因となる神経細胞脱落を引き起こすタウ蛋白質の凝集を阻害する薬剤をNPDepo化合物ライブラリーから化合物アレイを用いて探索し、カテコール核をもつ薬剤がタウ蛋白質の凝集を阻害し、神経細胞脱落を抑制することを見出した。
- HIV-1のVprの核内移行を阻害し、HIV-1の複製を阻害するヘマトキシリン誘導体の化合物ビーズを作製し、この化合物がVprの α H3ドメインに結合することを明らかにした。
- 化合物ライブラリーの有効活用のため、国内外の研究機関に化合物とそれらの情報を提供した。



ユニットリーダー / Unit Leader

長田 裕之 農学博士

Hiroyuki OSADA D.Agr.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Hiroyuki OSADA

Technical Staff
Hiroyuki HIRANO
Yuta IWAI

主要論文 / Publications

Soeda, Y. *et al.*
Toxic tau oligomer formation blocked by capping of cysteine residues with 1,2-dihydroxybenzene groups.
Nat. Commun. 6, 10216 (2015)

Hagiwara, K. *et al.*
Synthesis of a Vpr-binding derivative for use as a novel HIV-1 inhibitor.
PLoS One 10, e0145573 (2015)

Kakisaka, M. *et al.*
A novel antiviral target structure involved in the RNA binding, dimerization, and nuclear export functions of the influenza A virus nucleoprotein.
PLoS Pathog. 11, e1005062 (2015)

◀ Achievement of chemical library provision

Conservation of chemical library ▶

Chemical Resource Development Research Unit

Expanding and using chemical libraries
to accelerate chemical biology research

Research Subjects

Chemical library utilization



Research promotion by structure-activity relationship analysis and optimization of chemical structures

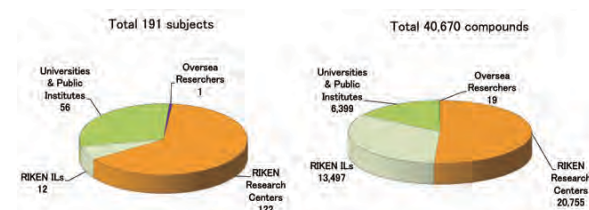


Research Outline

A chemical library is an indispensable tool to promote research on regulation of cell functions and drug-discovery under the strategy of chemical biology. To ensure utilization and application of the chemical library, we promote research supports for chemical biology and resource science by providing chemical compounds, their information and structure-activity relationship analysis. Moreover we will enrich the chemical library by cooperation with Chemical Biology Research Group and Natural Product Biosynthesis Research Unit.

Research Results

- We identified that catechol compounds bind to tau protein and inhibit tau oligomer formation by chemical array screening using NPDepo chemical library. These catechol compounds reduce the levels of detergent-insoluble tau and neuronal loss.
- We constructed chemical beads immobilized hematoxylin derivative, which suppresses the nuclear import of HIV-1 Vpr and inhibits HIV-1 replication. Using the chemical beads, we identified that the derivative bound to α H3 domain of Vpr.
- To ensure utilization and application of chemical library, we provided chemical compounds and their information to domestic and international research institutes.



生理活性物質探索研究ユニット

環境資源科学研究に活用できる
生理活性物質の探索・評価系開発を行います



研究テーマ

新しいバイオプローブ開発のための微生物学・化学的アプローチ

生理活性物質の探索研究

生理活性物質の標的分子の同定

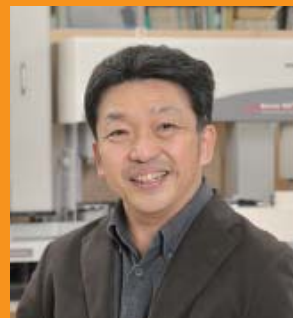
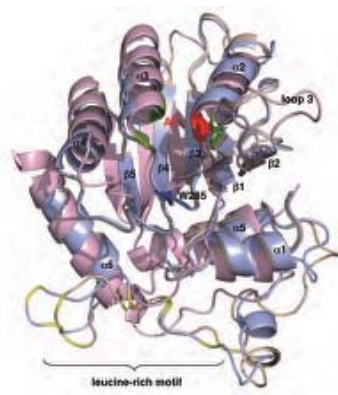
新規分子標的の開拓とそれらの機能解析研究

研究概要

循環資源の探索と利用研究に活用できる研究基盤構築のため、生理活性物質の探索・評価プラットフォームの開発を行っている。プラットフォームの開発とその高度化によって、光合成機能・窒素固定能の活性化、脱窒抑制、微量元素回収活性の強化等といったセンターの目標に資する生理活性物質探索への貢献を目指す。具体的には、理研NPDepo化合物ライブラリーの生物活性評価を行うとともに、物理的相互作用検出技術の開発を、リン酸化依存タンパク質間相互作用認識系や、化合物アレイによるタンパク質-小分子化合物認識系の開発を中心に行っている。

研究成果

- ホモロジーモデリングの方法でエイズウイルス感染におけるAPOBECA1タンパク質の機能部位を明らかにした。
- リン酸化依存プロリルイソメラーゼの新しい阻害物質を理研NPDepo化合物ライブラリーから見出した。
- テロシン脱リン酸化酵素の新しい阻害物質を理研NPDepo化合物ライブラリーから見出した。



ユニットリーダー / Unit Leader

渡邊 信元 理学博士

Nobumoto WATANABE D.Sci.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader

Nobumoto WATANABE

International Program Associate

Kruthi SUVARNA

Technical Staff

Hideaki KONNO

Kaori HONDA

Tomomi SEKINE

Emiko SANADA

主要論文 / Publications

Ikeda, T. *et al.*
Creation of chimeric human/rabbit APOBEC1 with HIV-1 restriction and DNA mutation activities.
Sci. Rep. **6**, 19035 (2016)

Aretz, J., *et al.*
Chemical fragment arrays for rapid druggability assessment.
Chem. Commun. *in press*

Hayase, H. *et al.*
Inhibition of malaria parasite growth by quinomycin A and its derivatives through DNA-intercalating activity.
Biosci. Biotechnol. Biochem. **79**, 633-635 (2015)

◀ Homology models of human (light blue) and rabbit (wheat) APOBEC1 show structural conservation relative to APOBEC3G-CTD (light pink)

▶ Pin1 isomerize peptidyl prolyl bonds in a phosphorylation dependent manner

Bio-Active Compounds Discovery Research Unit

Developing platforms to discover and validate useful bio-active compounds
for sustainable resource science

Research Subjects

Microbiological and chemical approaches for exploitation of novel bioprobes

Screening of bioactive compounds

Identification of molecular targets of bioprobes

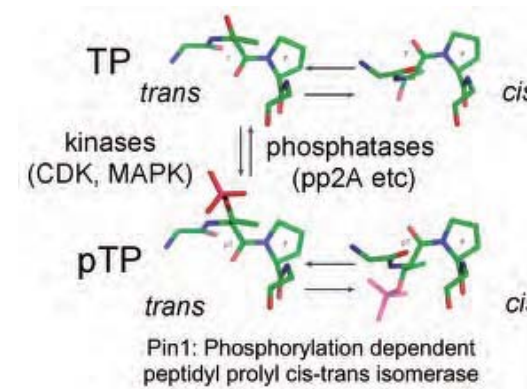
Mining and functional analysis of molecular targets

Research Outline

We are developing platforms for discovery and validation of useful bio-active compounds as research platforms for sustainable resources and their application. After development and refinement of these platforms, we will identify bioactive compounds useful for improvement of photosynthesis efficiency, N₂ fixation, denitrification and recovery of rare metals. We will validate bioactivity of RIKEN NPDepo chemical library compounds and develop and refine a detection system for phosphorylation dependent protein-protein interaction. We are also improving chemical array systems for discovery of novel bioactive compounds.

Research Results

- Homology models of the HIV1 APOBECA1s indicated that their activities derive from functional domains upon the infection.
- We isolated novel inhibitors of phosphorylation dependent peptidyl prolyl cis-trans isomerase from RIKEN NPDepo chemical library.
- We identified novel inhibitors of tyrosine phosphatases and analyzed their mode of action.



先進機能触媒研究グループ

省資源・省エネ型化学合成を実現できる
新しい触媒を開発します



研究テーマ

窒素分子の活性化と有効利用

二酸化炭素を炭素資源として活用する有機合成反応の開発

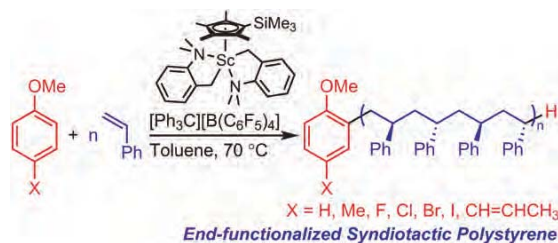
希土類触媒による精密重合と精密有機合成

研究概要

新しい触媒の開発は、従来にはない優れた機能を持つ物質の創製につながり、不可能だと思われていた化学反応を可能にするなど、様々な分野にインパクトを与える極めて重要な研究課題である。当グループでは、各種金属元素の特徴を活かした革新的触媒の開発を通じて、省資源・活資源・省エネルギー型物質創製を追求している。特に、窒素から温和な条件下でのアンモニア合成や含窒素有機化合物の合成、二酸化炭素を活用するカルボン酸などの高付加価値有機化合物の合成、複数の異なるモノマーの効率的・選択的共重合による高機能ポリマー材料の創製など、実用化も念頭に多方面にわたる基礎研究を行う。

研究成果

- スカンジウム触媒を用いることにより、アニソール官能基末端を有するシンジオタクチックポリスチレンの触媒的合成に初めて成功した。
- 銅触媒を用いることにより、イナミド化合物へ二酸化炭素とアルキル基を同時に導入できる反応を開発し、非対称 α,β -デヒドロ- α -アミノ酸誘導体の有用な合成法の開発に成功した。
- 希土類触媒を用いることにより、アレン類に対するピリジン類のC-H結合付加反応を初めて実現した。



グループディレクター / Group Director
侯 召民 工学博士
Zhaomin HOU D.Eng.

主要論文 / Publications

Nishiura, M., Guo, F., Hou, Z.
Half-Sandwich Rare-Earth-Catalyzed Olefin Polymerization, Carbometalation, and Hydroarylation.
Acc. Chem. Res. **48**, 2209-2220 (2015)

Takimoto, M., Gholap, S. S., Hou, Z.
Cu-Catalyzed Alkylative Carboxylation of Ynamides with Dialkylzinc Reagents and Carbon Dioxide.
Chem. Eur. J. **21**, 15218-15223 (2015)

Song, G., Wang, B., Nishiura, M., Hou, Z.
Catalytic C-H Bond Addition of Pyridines to Allenes by a Rare-Earth Catalyst.
Chem. Eur. J. **21**, 8394-8398 (2015)

◀ Scandium-catalyzed syndiospecific polymerization of styrene with anisole derivatives as chain transfer agents



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Zhaomin HOU

Senior Research Scientist
Satoshi KAMIGUCHI
Masayoshi NISHIURA
Takanori SHIMA
Masanori TAKIMOTO

Research Scientist
Liang ZHANG

Special Postdoctoral Researcher
Shaowei HU

Foreign Postdoctoral Researcher
Ching Tat TO

Postdoctoral Researcher
Atsushi UENO
Murali Mohan GURU
Hualong TENG
Chengyun LIU
Chunxiang WANG
Haobing WANG
Can XUE
Shaojie LOU

Technical Staff
Hisashi SOGA

▶ Copper-catalyzed regio- and stereospecific alkylative carboxylation of ynamides

Advanced Catalysis Research Group

Developing new catalysts for more efficient,
selective chemical transformations

Research Subjects

Activation and efficient use of dinitrogen

Activation and efficient use of carbon dioxide for organic synthesis

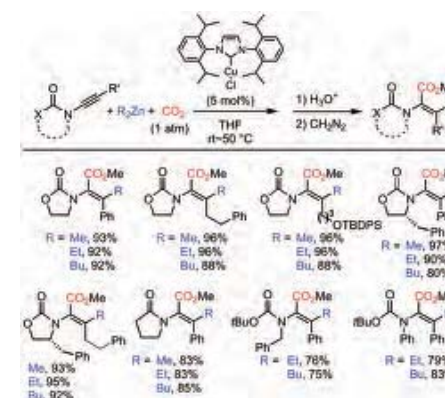
Organo rare-earth catalysts for precision polymerization and organic synthesis

Research Outline

Our group aims to develop new generations of catalysts, which are complementary or superior to existing ones, for the efficient use of untapped resources and the synthesis of fine chemicals and functional polymer materials. Particular interests are directed to: (1) activation and utilization of N_2 for the synthesis of ammonia and nitrogen-containing organic compounds under mild conditions, (2) utilization of CO_2 as a chemical feedstock for the synthesis of valued fine chemicals, and (3) synthesis of fine chemicals and functional polymer materials in an atom-economical fashion.

Research Results

- By using a scandium catalyst, we have achieved for the first time highly efficient syndiospecific chain-transfer polymerization of styrene with anisoles as a chain transfer agent.
- By using a copper catalyst, we have developed an efficient protocol for the alkylative carboxylation of ynamides, which selectively gave non-symmetric α,β -dehydro- α -amino acid derivatives.
- By using a rare earth catalyst, we have achieved for the first time the catalytic *ortho*-C-H addition of pyridines to allenenes.



触媒・融合研究グループ

遷移金属触媒を用いる新規反応の開発と、
化学と植物科学との融合研究に取り組みます



Catalysis and Integrated Research Group

Developing new transition metal-catalyzed reactions and
conducting integrated research of chemistry and plant science

研究テーマ

植物由来の酸化ステロイドphysalin類の生物活性発現機構を解明する

植物リポドミクス解析に利用可能な糖脂質を化学合成する

酸素を用いる遷移金属触媒反応を開発する

遷移金属触媒を用いるトリフルオロメチル化反応を開発する

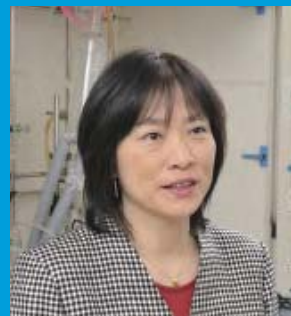
遷移金属触媒を用いる不斉炭素-炭素結合形成反応を開発する

研究概要

環境資源科学に資する、遷移金属触媒を用いる新規反応の開発と、植物科学と化学との融合研究に取り組んでいる。特に、物質の構造、機能を、分子状酸素を利用した触媒的酸化反応で調節する手法を開発し、炭素資源や金属資源の有効活用に貢献することを目指す。また、精密有機合成化学を基盤とする天然資源の有用物質への変換や、開発した有機反応によって合成できる化合物や植物などの二次代謝産物の有効活用法の探索にも取り組んでいる。特に植物二次代謝産物は、植物、動物に対する機能が未知のものも多いことから、それらの活用を多面的に探索することにも挑戦している。さらに、当研究センターの植物や微生物科学と化学の連携研究に貢献することも目指す。

研究成果

- 分裂酵母の窒素源catabolite抑制を解除する分泌性脂肪酸の合成を達成した。
- オレフィン類の触媒的アミノトリフルオロメチル化反応のメカニズムを明らかにした。
- パラジウム触媒を用いてβ-ケトアミドを基質とする不斉反応を開発した。



グループディレクター / Group Director
袖岡 幹子 薬学博士
Mikiko SODEOKA D.Pharm.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Mikiko SODEOKA

Senior Research Scientist
Go HIRAI
Kosuke DODO

Research Scientist
Yoshihiro SOHTOME

Postdoctoral Researcher
Shintaro KAWAMURA
Qianqian WANG
Shigeru YAMAGUCHI

Technical Staff
Kana ONUMA
Daisuke SEKINE

主要論文 / Publications

Sun, X. *et al.*
Identification of novel secreted fatty acids that regulate nitrogen catabolite repression in fission yeast.
Sci. Rep. **6**, 20856 (2016)

Kawamura, S., Egami, H., Sodeoka, M.
Aminotrifluoromethylation of Olefins via Cyclic Amine Formation: Its Mechanistic Study and Application to Synthesis of Trifluoromethylated Pyrrolidines.
J. Am. Chem. Soc. **137**, 4865-4873 (2015)

Hayamizu, K., Terayama, N., Hashizume, D., Dodo, K., Sodeoka, M.
Unique features of chiral palladium enolates derived from β-ketoamide: Structure and catalytic asymmetric Michael and fluorination reactions.
Tetrahedron **71**, 6594-6601 (2015)

◀ Cu-catalyzed aminotrifluoromethylation of olefins

Research Subjects

Analysis of the mode-of-action of physalins – plant oxygenated steroids

Synthesis of unique glycolipids

Utilization of O₂ for oxidation reactions

Development of catalytic trifluoromethylations

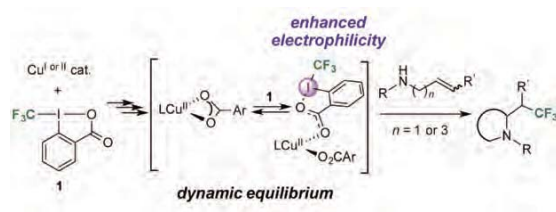
Development of asymmetric carbon-carbon bond-forming reactions

Research Outline

Our group focuses on developing new transition metal-catalyzed reactions, and on conducting integrated plant science and chemistry research with emphasis on sustainable resource science. In particular, we aim to develop methodologies for manipulation and/or modulation of structures and functions of organic molecules by catalytic oxidation reactions utilizing molecular oxygen, which will contribute to effective utilization of carbon- and metal-based resources. In addition, of interest are investigation on transformations of readily accessible natural organic molecules into valuable materials based on fine synthetic organic chemistry, as well as research on the effective utilization of materials synthesized by newly developed reactions or from secondary metabolites of plants. In particular, we study various aspects of secondary metabolites of plants, whose effects on plants and animals have not been well clarified. Furthermore, this group will also contribute to enhancing collaboration between plant/microbiology research and chemical research activities inside CSRS.

Research Results

- We synthesized secreted fatty acids that regulate nitrogen catabolite repression in fission yeast.
- We examined the mechanism of aminotrifluoromethylation of olefins.
- We developed Pd-catalyzed enantioselective reactions of β-ketoamides.



先進機能元素化学研究チーム

多様な元素の特性を活かし、分子の新たな機能を引き出し、
未踏の科学を切り拓きます



研究テーマ

金属アート錯体の精密設計と有機合成への応用



近赤外光の活用を指向した拡張フラトシアニンの開発



遷移金属触媒を用いないクロスカップリング反応の開発



有機化学反応機構に関する理論的考察

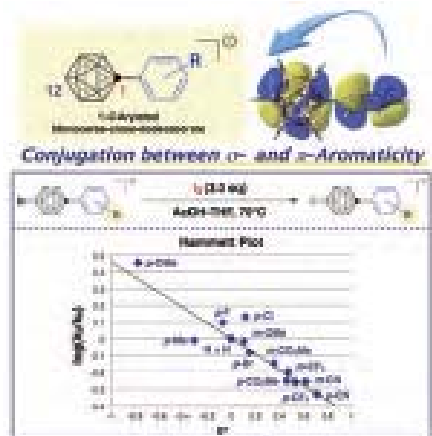


研究概要

分子を自由自在に変換し、機能性の高い化合物を創出することは、循環型社会形成の観点から重要性が高まっている。当チームでは、有機合成化学/理論計算/分光学を駆使して、「普遍金属元素を活用する新反応の開発」「光合成などの生物機能を理解するための分子設計と合成」「計算化学を活用した反応機構解析」に挑んでいる。新奇有機配位子の設計、高機能性有用物質の合成、有機-無機融合材料の物質変換を通して、グリーンイノベーションを目指した独創的・先導的研究を展開する。

研究成果

- 実験・理論の両面から精査することにより、 σ 芳香族性の C1 カルボランアニオンと π 芳香族化合物との間の新たな共役 (" σ - π 共役") を明らかにした。
- 理論計算と実験化学を組み合わせて、シクロオクタチン生合成におけるテルペン合成酵素内部でのユニークな環化反応の全貌を明らかにした。
- 多環芳香族炭化水素を触媒とする効率的なスタニルリチウム種の調製法を開発した。



チームリーダー / Team Leader

内山 真伸 博士(薬学)

Masanobu UCHIYAMA D.Pharm.

主要論文 / Publications

Otsuka, M. *et al.*
Conjugation between σ - and π -Aromaticity in 1-C-Arylated Monocarba-closo-dodecaborate Anions.
J. Am. Chem. Soc. **137**, 15082-15085 (2015)

Sato, H. *et al.*
"Cation-Stitching Cascade": exquisite control of terpene cyclization in cyclooctatin biosynthesis.
Sci. Rep. **5**, 18471 (2015)

Wang, D.-Y., Wang, C., Uchiyama, M.
Stannylium: A Facile and Efficient Synthesis Facilitating Further Applications.
J. Am. Chem. Soc. **137**, 10488-10491 (2015)

◀ Structure of 1-C-Arylated C1-Carboranes and Its HOMO Derived from " σ - π Conjugation"



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Masanobu UCHIYAMA

Deputy Team Leader
Ryo TAKITA

Senior Research Scientist
Atsuya MURANAKA

Postdoctoral Researcher
Misae KANAI

▶ "Cation-Stitching Cascade" in Cyclooctatin Biosynthesis Clarified by Systematic Theoretical and Experimental Investigations

Advanced Elements Chemistry Research Team

Exploring the science frontier through periodic table-wide chemistry
with molecules featuring element-based characteristics

Research Subjects

Design of new ate complexes and their practical application for organic synthesis



Development of expanded phthalocyanines toward utilization of near-infrared light



C-C cross-coupling without transition metal catalysts



Theoretical analysis of reaction mechanisms

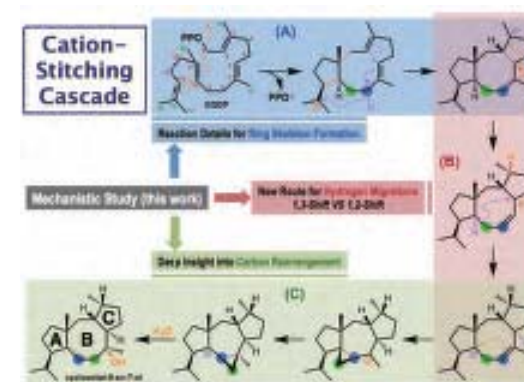


Research Outline

From the perspective of establishing a recycling-based society, it has become more important to sophisticatedly convert molecules into desired products in order to synthesize highly functional compounds. Our main research aims include 1) development of innovative synthetic processes utilizing common metal elements, 2) molecular design and synthesis toward understanding biological functions such as photosynthesis, and 3) theoretical analysis of reaction mechanisms. We are conducting cutting-edge multidisciplinary research that combines synthetic organic chemistry, spectroscopy, and computational chemistry.

Research Results

- We clarified the conjugation between σ -aromaticity of C1-carborane anion and π -aromaticity (" σ - π conjugation") by the combination of experimental and theoretical investigations.
- Our mechanistic study on cyclooctatin biosynthesis by means of theoretical calculations combined with experimental methods clarified the unique cyclization pathway, "cation-stitching cascade."
- We developed an efficient polycyclic aromatic hydrocarbon (PAH)-catalyzed preparation of stannyl lithium (Sn-Li).



グリーンナノ触媒研究チーム

新しい触媒システムを開発し、
環境調和性に富む安全・高効率な化学反応を実現します



Green Nanocatalysis Research Team

Developing novel catalytic systems to create highly efficient,
safe and environmentally friendly chemical reactions

研究テーマ

- 高分子触媒の開発
- 触媒的還元・酸化プロセスの開発
- 連続的フロー反応システムの開発
- 不均一触媒のための新規プラットフォームの開発
- 水中機能型有機変換反応のための新手法の構築



研究概要

次世代型化学プロセス・化学反応のゴールは「環境にも人にも優しく、高い効率と選択性を持って望みとする化合物のみを簡単に迅速に自在に創り出す化学」である。当チームでは、そのゴールを実現するべく、シナジスティックな効果を発現する触媒反応システムの創出を目指す。すなわち、触媒の分子構造の精緻な設計に加え、反応媒体や反応装置との協同作用、反応メディアと基質の相互作用による反応の駆動と制御などを通じて、その実現が待望されながらも従来法では達成困難であった (1) 水中不均一系有機分子変換 (2) 汎用性ある環境調和型触媒反応 (3) 瞬間的フロー反応システムを標的とし、それを実施するための新触媒 (高分子金属・有機金属・有機触媒分子、触媒分子集合体、触媒反応システム) を開発し、超効率有機合成化学を実現する。

研究成果

- 世界で初めて高分子銅触媒膜が固定化されたマイクロデバイスを創製した。これを用いることで、クリック化学に有用なHuisgen環化付加が数秒で完結することを見出した。
- 我々が開発してきた高分子イミダゾールパラジウム触媒を数mol ppm 用いることで、満呂木-ヘック反応が効率的に進行することを見出した。またこの触媒構造、反応機構を解明した。
- 我々が開発してきた高分子酸触媒がオレイン酸のメチルエステル化を効率的に促進し、バイオディーゼル燃料を効率的に合成できることを見出した。



チームリーダー / Team Leader

魚住 泰広 薬学博士

Yasuhiro UOZUMI D.Pharm.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Yasuhiro UOZUMI

Deputy Team Leader
Yoichi M. A. YAMADA

Postdoctoral Researcher
Takuma SATO
Heeyoul BAEK

International Program Associate
Franco King-Chi LEUNG

Student Trainee
Nektarios KRANDIOTIS

Technical Staff
Rikako ISHII
Aya OHNO

主要論文 / Publications

Yamada, Y. M. A., Ohno, A., Sato, T., Uozumi, Y.
Instantaneous Click Chemistry by a Copper-Containing Polymeric-Membrane-Installed Microflow Catalytic Reactor.
Chem. Eur. J. **21**, 17269-17273 (2015)

Sato, T., Ohno, A., Sarkar, S. M., Uozumi, Y., Yamada, Y. M. A.
A Convuluted Polymeric Imidazole Palladium Catalyst: Structural Elucidation and Investigation of Driving Force for Efficient Mizoroki-Heck Reaction.
ChemCatChem **7**, 2141-2148 (2015)

Kim, Y.-H. *et al.*
Production of Valuable Esters from Oleic Acid with a Porous Polymeric Acid Catalyst without Water Removal.
Synlett **27**, 29-32 (2016)

◀ Instantaneous Click Chemistry by a Copper-Containing Polymeric-Membrane-Installed Microflow Catalytic Reactor

▶ A Convuluted Polymeric Imidazole Palladium Catalyst: Structural Elucidation and Investigation of the Driving Force for the Efficient Mizoroki-Heck Reaction

Research Subjects

- Development of polymeric catalysts
- Development of catalytic reduction/oxidation processes
- Development of continuous flow-reaction systems
- Development of novel platforms for heterogeneous catalysis
- Development of new protocols of organic transformations in water

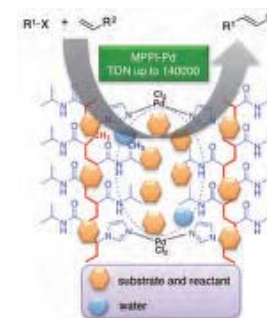


Research Outline

An important goal of next generation synthetic organic chemistry is developing a safe, green, simple, easy and fast chemical process to produce a desired compound with high efficiency and selectivity. To accomplish this goal, the Green Nanocatalysis Research Team explores novel catalytic systems operating synergistically. Thus, our team targets eagerly awaited yet immature (1) catalytic molecular transformations in water under heterogeneous conditions, (2) versatile and environmentally benign catalytic reactions, and (3) instantaneous catalytic molecular transforming systems, through, in addition to minute structural design of polymeric metal, organometallic and organic molecular catalysts, driving and controlling synergistic reactions with cooperation of catalysts using either or both reaction media and equipment.

Research Results

- We developed a polymeric copper catalytic membrane-installed microflow device for the first time. By using the microdevice, Huisgen cycloaddition, an important reaction for click chemistry, was completed in a few seconds.
- A few mol ppm of the polymeric imidazole palladium catalyst that we have developed promoted the Mizoroki-Heck reaction efficiently. We also clarify the catalytic structure as well as the catalytic mechanism.
- The polymeric acid catalyst that we have developed promoted the esterification of oleic acid to provide the biodiesel fuel efficiently.



生体機能触媒研究チーム

生体電子移動を理解し、
持続可能な環境エネルギー技術を創出します



研究テーマ

光合成PSIIに学ぶ水分解触媒の開発

深海底に広がる巨大電流生態系の実証

微生物の細胞外電子移動を利用した電力生産



研究概要

当チームでは、生体機能に着目した触媒材料の開発、ならびに生体そのものを利用した新規エネルギー変換、物質生産システムの構築に取り組んでいる。具体的には、微生物や植物等で利用される触媒反応、電子プロトン輸送、代謝制御、外部環境適応能、さらには太陽光が届かない深海底に潜む巨大なエネルギー循環システムを利用、または模倣した新しい方法論を開拓し、エネルギーや資源の創出、その生産効率の向上を目指し研究を行っている。

研究成果

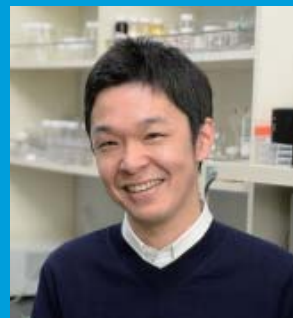
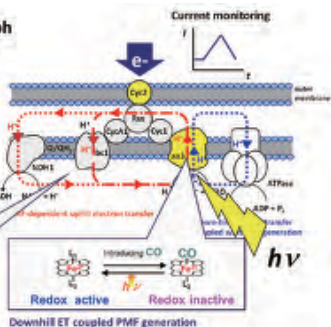
- 電気エネルギーを利用して生育可能な微生物とその代謝経路を特定した。
- 深海熱水噴出孔より採取した鉱物に熱電変換能があることを見出した。
- 深海熱水噴出孔における新規な化学・熱・電気エネルギー変換モデルを提唱した。

From Chemolithoautotroph to Electrolithoautotroph

Chemolithoautotrophic Fe(II)-oxidizing bacterium, *Acidithiobacillus ferrooxidans*



Uphill ET powered by PMF (bc1 and rubisco)



チームリーダー / Team Leader

中村 龍平 博士(理学)

Ryuhei NAKAMURA D.Sci.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader

Ryuhei NAKAMURA

Postdoctoral Researcher

Akira YAMAGUCHI

Satoshi KAWAICHI

Wang YUANQING

Yamei LI

主要論文 / Publications

Ishii, T., Kawaichi, S., Nakagawa, H., Hashimoto, K., Nakamura, R.

From chemolithoautotrophs to electrolithoautotrophs: CO₂ fixation by Fe(II)-oxidizing bacteria coupled with direct uptake of electrons from solid electron sources. *Front. Microbiol.* **6:994** (2015)

Ang, R. *et al.*

Thermoelectricity Generation and Electron-Magnon Scattering in a Natural Chalcopyrite Mineral from a Deep-Sea Hydrothermal Vent.

Angew. Chem. Int. Ed. **54**, 12909-12913 (2015)

Yamaguchi, A., Li, Y., Takashima, T., Hashimoto, K., Nakamura, R.

CO₂ Reduction Using an Electrochemical Approach from Chemical, Biological, and Geological Aspects in the Ancient and Modern Earth.

Solar to Chemical Energy Conversion **32**, 213-228 (2015)

◀ Bioenergetic membrane for electrolithoautotrophs

▶ Decoupled electron and heat transfer at deep-sea hydrothermal vents

Biofunctional Catalyst Research Team

Seeking biological electron transfer to develop sustainable energy and environmental technology

Research Subjects

Development of water splitting catalysts

Investigation of giant electro-ecosystems in a deep hydrothermal environment

Microbial Electricity generation



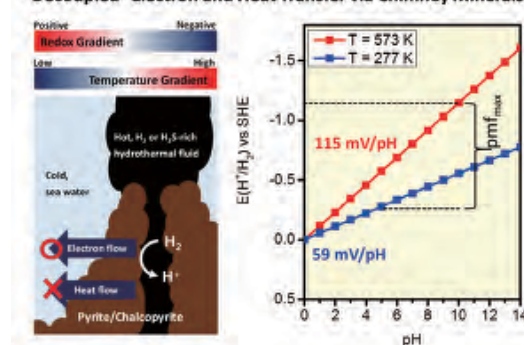
Research Outline

We work on developing biologically inspired catalysts and their application to energy conversion and production systems. Specifically, we attempt to exploit nature's ingenuities for multielectron catalytic reaction, metabolic regulation by external redox stimuli, as well as employ robust energy management in the deep sea environment to develop novel materials and systems necessary to effectively manage renewable energy sources.

Research Results

- We identified the electrolithoautotroph and its metabolic pathway for electricity harvesting.
- We found the thermoelectric effects of minerals taken from the deep-sea hydrothermal vents.
- We proposed the new model of chemical/thermal/electrical energy conversion at deep-sea hydrothermal vents.

"Decoupled" Electron and Heat Transfer via Chimney Minerals



合成ゲノミクス研究グループ

バイオマス植物のゲノム発現解析とそれらを利用した
バイオマス有用物質の植物等による光合成生産の研究を目指します



研究テーマ

C4植物のソルガム等のバイオマス重要植物の遺伝子発現解析とバイオマス向上に関わる遺伝子探索の研究

植物における多重遺伝子発現制御のためのシステム構築の研究

ケミカルバイオロジーによるバイオマス生産向上に関わる化合物の探索研究

ラン藻を用いたPHA等の化合物生産の研究

研究概要

種々の生物の遺伝子情報を駆使して、主に植物を用いた新規の代謝経路、合成経路の機能を付与することにより、バイオマスプラスチック、バイオマスエネルギーに繋がる新規の化学物質を生産することを目的とする。具体的には、急速に集積されつつある多種生物のゲノム情報から、これらの目的に適う遺伝子情報を探索し、加工し、合成するために必要な代謝経路を創出し、新しいバイオマス資源の創出を目指す。

研究成果

- C4光合成草本ソルガムの種子発熟過程の遺伝子発現解析を行った。
- 細胞壁の肥厚を起こし、易分解性を付与する化合物の単離と解析を進めた。
- リグニン分解菌の探索を行い、有用株の単離を行った。



グループディレクター / Group Director

松井 南 理学博士

Minami MATSUI D.Sci.

主要論文 / Publications

Shimada, S. *et al.*
Functional and expression analyses of transcripts based on full-length cDNAs of *Sorghum bicolor*.
DNA Res. **22**, 485-493 (2015)

Shimada, S. *et al.*
Formation and dissociation of BSS1 protein complex regulates plant development via brassinosteroid signal.
Plant Cell **27**, 375-90 (2015)



2015年度メンバー / FY2015 Members

Group Director
Minami MATSUI

Research Scientist
Yuko MAKITA
Yukio KURIHARA
Setsuko SHIMADA

Postdoctoral Researcher
Emiko KURIHARA
Dongwook KIM

International Program Associate
Tobias Thomas BARDUHN
Wen Dee ONG

Technical Staff
Mika KAWASHIMA
Hiroko TSUCHIDA
Tomoko KONDO-KURIYAMA

Synthetic Genomics Research Group

Through analysis of the gene expression profile of biomass plants and utilization of these information for the production of new materials through photosynthesis

Research Subjects

Research on genome expression profile of important C4-biomass plant "Sorghum" and gene analysis for the improvement of plant biomass

Research on the establishment of system for the regulation of multiple gene expression in plants

Research on exploration of chemicals for plant biomass production increase by chemical biology

Research on chemical production (PHA) using Cyanobacteria

Research Outline

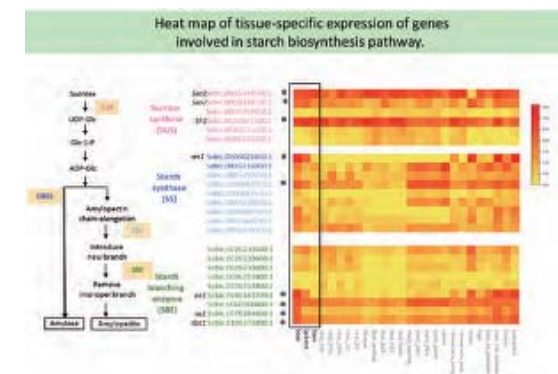
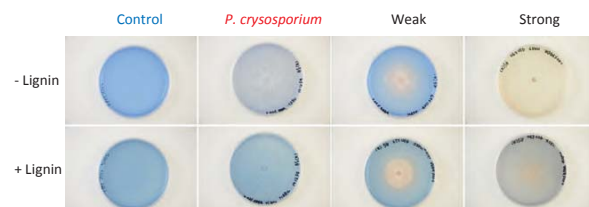
Our group's goal is to produce new chemical materials in plants that connect to bioplastics and biomass energy by using genome information of various organisms. For this purpose we will search for and design genes, and synthesize new metabolic pathways for production of new biomass resources.

Research Results

- We analyzed gene expression profiles during seed maturation in C4-photosynthetic grass plant Sorghum.
- We have isolated and characterized a chemical that enhances cell wall thickness and degradation.
- We isolated lignin-degradation fungi and characterized them.

◀ RBBR assay for efficient lignin degradation fungi

▶ From analyses of gene expression profile during seed maturation in sorghum we found some specific genes among gene families are involved in starch biosynthesis (indicated with asterisks).



セルロース生産研究チーム

植物の生産性に関わる有用遺伝子を探索し、
草本バイオマス増産技術の開発を目指します



研究テーマ

異質倍数体の高生産性機構の理解と植物バイオマス増産への利用

草本バイオマスの生産性向上に有用な遺伝子の同定

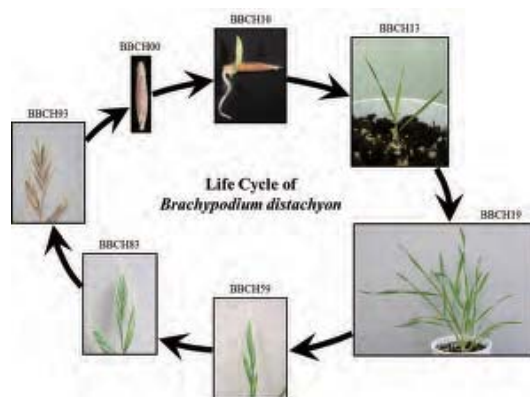
草本植物における糖代謝システムの合理的改変によるセルロースバイオマスの増産

研究概要

草本系のセルロースバイオマスの量的・質的な生産性を向上させた植物の開発を目指す。
草本モデル植物を用いて植物の高生産性、環境ストレス耐性などの有用形質を付与するための遺伝子探索を進める。また、バイオマス資源用植物への応用研究を、大学や他の研究機関と連携して推進する。

研究成果

- モデル草本植物のミナカモジグサの生長ステージを統一するとともに、ストレス応答性の代謝物を網羅的に明らかにした。
- ミナトカモジグサの植物ホルモンに応答するトランスクリプトームの変化を明らかにした。
- ミナトカモジグサ属の倍数体種およびその祖先種の全ゲノムを解読し、その特徴をあきらかにした。



チームリーダー / Team Leader

持田 恵一 博士(理学)

Keiichi MOCHIDA Ph.D.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader

Keiichi MOCHIDA

Research Scientist

Tadamasa SASAKI

Postdoctoral Researcher

Yoshihiko ONDA

Student Trainee

Komaki INOUE

Kotaro TAKAHAGI

Motoshi TANAKA

Technical Staff

Yukiko UEHARA

Minami SHIMIZU

Others

Yukiko NISHIZUKA

Yoshiko NAKAGAWA

Kyoko TOYAMA

Fumiko KATO

Risa NAKAYAMA

主要論文 / Publications

Onda, Y. et al.

Determination of growth stages and metabolic profiles in *Brachypodium distachyon* for comparison of developmental context with Triliceae crops.

Proc. R. Soc. B 282, 20150964 (2015)

Kakei, Y. et al.

Transcriptome analysis of hormone-induced gene expression in *Brachypodium distachyon*.

Sci. Rep. 5, 14476 (2015)

Onda, Y., Mochida, K.

Exploring Genetic Diversity in Plants by Using High-Throughput Sequencing Techniques.

Curr. Genomics 17, 358-367 (2016)

◀ Application of morphological-based growth scale to entire life of *Brachypodium distachyon*

Genome sequencing of polyploid *Brachypodium* and its ancestral parental species ▶

Cellulose Production Research Team

Exploring useful genes for plant productivity and
developing technology to increase grass biomass

Research Subjects

Elucidation of molecular mechanisms of higher productivity in allopolyploid and its application to increase plant biomass production

Identification of useful genes for improving biomass productivity in grasses

Enhancement of cellulosic biomass by rational modification of the sugar metabolism system in grasses

Research Outline

Our team aims to develop plants with improvements in the quantitative and qualitative productivity of cellulosic biomass. By using model grass, we carry out gene discovery to improve biomass productivity and environment adaptability in plants. Furthermore, we are promoting applied researches for plants for biomass resources in collaboration with universities and institutes.

Research Results

- To integrate growth stages between this model grass and major crops such as wheat, we applied morphological-based growth scale to *Brachypodium distachyon*. We carried out global identification of commonalities and specificities of stress induced metabolites between *Brachypodium* and wheat at same growth stage.
- We identified changes in transcriptome under plant hormone treatments in *Brachypodium distachyon*.
- We decoded the genome of polyploid *Brachypodium* and its ancestral parental species, and clarified its characteristics.



酵素研究チーム

材料設計に基づいた機能性高分子の生合成技術を確認し、
環境循環型材料としての実用化を目指します



研究テーマ

バイオポリマー合成酵素の構造解析・新規バイオポリマーの合成

新規バイオポリマーの生産微生物、合成酵素、および分解酵素の探索・開発

機能性タンパク質に倣った高性能ポリアミド／ポリペプチドの設計・生合成

植物バイオテクノロジーによるバイオポリマー生産

研究概要

高分子合成酵素(ポリエステル合成酵素)、高分子分解酵素(プロテアーゼ)、およびそれらを含む微生物(光合成細菌)および植物を用いて、バイオマスから構造材料として利用可能なバイオポリマーを効率良く生産するシステムを開発する。目的とするバイオポリマーに適した酵素または微生物を合目的に高性能化することにより、高効率かつ合理的にバイオマスを資源化する反応システムの構築を目指す。対象とするバイオポリマーは、バイオプラスチック素材となるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)およびクモ糸のようなポリペプチド／ポリアミドに焦点を絞って研究を遂行する。

研究成果

- 植物ミトコンドリアへ遺伝子導入する手法を開発した。
- シルクを模倣したポリペプチドを化学酵素重合により合成することに成功した。
- 水分子がシルク材料の熱的および機械的物性に与える影響を明らかにした。



チームリーダー／Team Leader

沼田 圭司 博士(工学)

Keiji NUMATA Ph.D.

主要論文 / Publications

Yazawa, K., Ishida, K., Masunaga, H., Hikima, T., Numata, K.
Influence of water content on the β -sheet formation, thermal stability, water removal, and mechanical properties of silk materials.
Biomacromolecules 17, 1057-1066 (2016)

Ageitos, J. M., Yazawa, K., Tateishi, A., Tsuchiya, K., Numata, K.
Benzyl ester group of amino acid monomers broadens the substrate specificity and enhance the affinity of papain in chemo-enzymatic copolymerization.
Biomacromolecules 17, 314-323 (2016)

Chuah, J.-A., Yoshizumi, T., Kodama, Y., Numata, K.
Gene introduction into the mitochondria of *Arabidopsis thaliana* via peptide-based carriers.
Sci. Rep. 5, 7751 (2015)



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Keiji NUMATA

Senior Research Scientist
Takeshi YOSHIZUMI
Kosuke TSUCHIYA

Research Scientist
Ali Andres Defrance MALAY
Mieko HIGUCHI

Postdoctoral Researcher
Jo-Ann CHUAH
Jose Manuel Ageitos MARTINEZ
Chayati INSOMPHUN
Ting-Yu LIN
Kenjiro YAZAWA
Nur Alia OKTAVIANI
Haejoon LEE

Visiting Scientist
Takamasa SAKAI
Yutaka KODAMA
Siddharth PATWARDHAN
Takashi OSANAI
Kazuhanu ARAKAWA
Sachiko NITTA
Ryota SATO
Kana ISHIDA

International Program Associate
Yoke Ming WONG
Kiaw Kiaw NG
Yinan MA

Technical Staff
Yoko MOTODA
Yoko HORII
Ayaka TATEISHI
Nao IFUKU

Others
Kumiko MORISAKI
Hiroe WATANABE

Schematic representation of the gene delivery strategy using engineered peptides ▶

Enzyme Research Team

Developing new biopolymers and applying them as biomass-based functional and structural materials

Research Subjects

3D structures and polymerization mechanisms of biopolymer synthases

Search and development of microorganisms, polymerases, and depolymerases

Design and biosynthesis of bio-inspired functional peptides

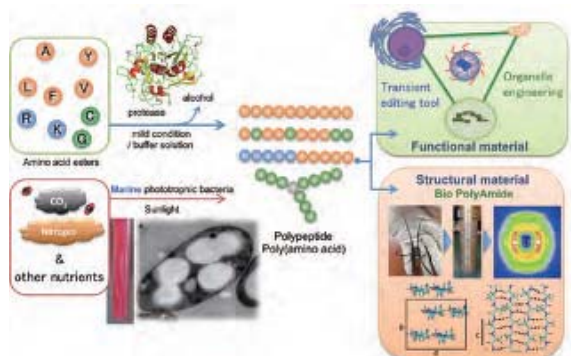
Biopolymer production via plant biotechnology

Research Outline

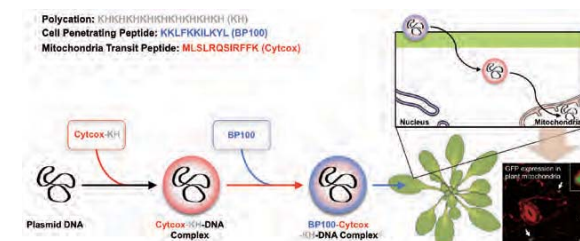
We aim to search for, create and develop new functional enzymes (polymerase and protease) as well as new microorganisms (phototrophic bacteria) to contain developed enzymes based on the relationship between structures and functions of biopolymer synthases. The final goal of our laboratory is to design and develop novel functional enzymes to produce biopolymers such as poly (hydroxyalkanoate) (PHA) and polyamide/polypeptide, which can be used as structural materials.

Research Results

- We developed a method to introduce DNA into plant mitochondria.
- We successfully synthesized silk-like polypeptides by chemoenzymatic polymerization.
- We clarified the effects of water molecules on thermal and mechanical properties of silk.



◀ Overview of the research strategy



バイオプラスチック研究チーム

バイオマス由来だからこそできる
高付加価値な新規プラスチック素材を創製します



研究テーマ

バイオポリエステル的高度材料化技術の開発

高性能・高機能な新規バイオマスポリマーの創製

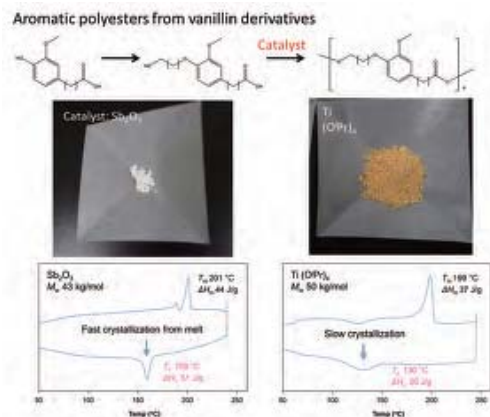
バイオマスポリマーの高度合成技術の開発

研究概要

バイオマス資源を原料として次世代型の高性能・高機能なバイオマスプラスチックの創製を目指した研究を推進している。バイオポリエステルをターゲットとし、本来の性能・機能ポテンシャルを最大限に発現し、実材料としての利用を可能にする高度材料化技術の開発に取り組んでいる。また、バイオポリエステルに続く新たなバイオプラスチック素材の創出を目指し、アミノ酸など有機酸をバイオマスモノマーとした新規ポリマーの合成と高性能・高機能発現を予測できる分子設計法を構築する。さらに高性能・高機能なバイオマスポリマーの高効率・精密合成を可能にする新たな合成技術を開発する。

研究成果

- 加工性に優れた含芳香族ポリエステル樹脂の合成技術を開発した。
- 含芳香族 α,β -不飽和カルボニル化合物からの樹脂合成技術を開発した。
- バイオポリエステルの引裂強度を向上する添加物の合成に成功した。



チームリーダー / Team Leader

阿部 英喜 博士(工学)

Hideki ABE Ph.D.

主要論文 / Publications

Jiang, N., Abe, H.
Effect of atactic poly(3-hydroxybutyrate) block on the crystallization and degradation behavior of 6-arm poly(L-lactide)-*b*-atactic poly(3-hydroxybutyrate).
Polym. Degrad. Stab. **114**, 8-15 (2015)

Jiang, N., Abe, H.
Morphological changes in poly(L-lactide)/poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) blends induced by different miscibility.
Polymer **66**, 259-267 (2015)

Jiang, N., Abe, H.
Crystallization and mechanical behavior of covalent functionalized carbon nanotube/poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) nanocomposites.
J. Appl. Polym. Sci. **132**, 42136 (2015)

◀ Aromatic polyester with fast crystallization rate and without color



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Hideki ABE

Senior Research Scientist
Tomohiro HIRAIISHI

Research Scientist
Yasumasa TAKENAKA

Postdoctoral Researcher
Koichiro TACHIBANA
Ayaka HOKAMURA
Masayoshi HONDA

Senior Visiting Scientist
Tadahisa IWATA
Seichi TAGUCHI
Ken-ichi KASUYA
Takeharu TSUGE

Visiting Scientist
Yoshihiro KIKKAWA
Noriyuki SUZUKI
Koji NEMOTO

Visiting Researcher
Manami HYAKUTAKE

Student Trainee
Hidehito HATANAKA
Yuusuke ENOKIDA

Technical Staff
Reiko KIUCHI
Masayo SEKIMOTO

Novel acrylic resins containing aromatic groups ▶

Creating new high quality plastic materials
made from biomass

Research Subjects

Design of biopolyesters for advanced materials

Synthesis and molecular design of novel biomass-polymers

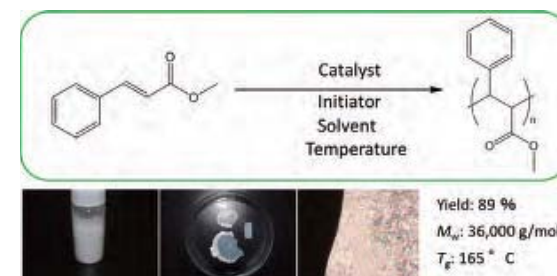
New advanced methods for biomass-polymer synthesis

Research Outline

Our team aims to provide high-performance and specific functional bioplastic materials as environmentally conscious polymeric materials. Particularly, by paying attention to biopolyesters produced by microorganisms, we have developed the advanced technology that enables us to bring out their potential and use them as practical plastic materials. We also employ various biomass substances to create novel polymeric materials, followed with biopolyesters. We achieved to construct a methodology of molecular design for bioplastics to predict their properties and functions, and new technology for efficient and precise bioplastic synthesis.

Research Results

- We developed the synthetic technologies of aromatic polyesters with excellent processability.
- We developed the synthetic technologies of polymers from aromatic compounds with α,β -unsaturated carbonyl group.
- We succeeded in syntheses of polymeric additives to improve the tear strength of biopolyesters.



細胞生産研究チーム

バイオプロダクションに最適な細胞の設計と植物原料の評価技術の確立を目指します



Developing optimal cell design for bioproduction and evaluating plant biomass systems

研究テーマ

微生物セルファクトリー設計法の開発

有用化合物を生産するセルファクトリーの構築

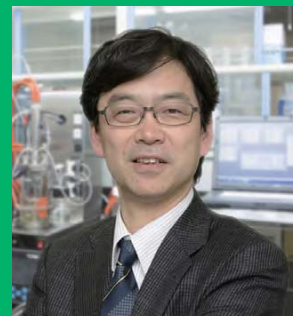
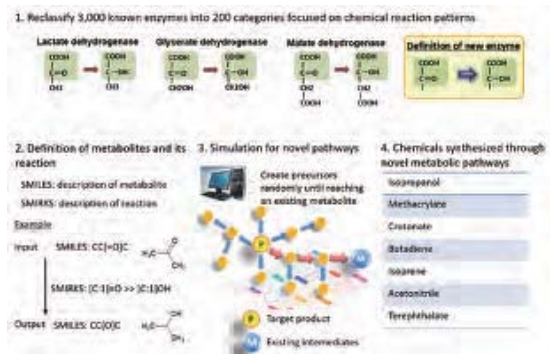
NMRを用いた草本バイオマスの評価

研究概要

バイオマスを化石資源の代替として活用するには、原材料・プロセスコストの削減が重要である。当チームでは、植物によるセルロースの生産性・易分解性と、微生物によるバイオマスの分解・合成過程を一体的に最適化する事により、従来の複雑で高コストなプロセスを一体化し、低コストで省エネルギー化された革新的な一貫バイオプロセスの開発を目指す。

研究成果

- 新奇代謝反応を探索するコンピュータシミュレーション技術を確立した。
- コリスミ酸誘導体化合物を高生産するプラットフォーム大腸菌を作成することができた。
- イソプレンを生合成する人工代謝経路を細胞内で構築することができた。



チームリーダー / Team Leader

近藤 昭彦 工学博士

Akihiko KONDO Ph.D.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Akihiko KONDO

Deputy Team Leader
Tomokazu SHIRAI

Special Postdoctoral Researcher
Shuhei NODA
Yohei TASHIRO

Postdoctoral Researcher
Yutaro MORI

Technical Staff
Sachiko OYAMA
Yuka NAKAYA
Ryoko ORISHIMO

主要論文 / Publications

Shirai, T., Osanai, T., Kondo, A.
Designing intracellular metabolism for production of target compounds by introducing a heterologous metabolic reaction based on a *Synechocystis* sp. 6803 genome-scale model. *Microb. Cell Fact.* **15**, 13 (2016)

Noda, S., Shirai, T., Oyama, S., Kondo, A.
Metabolic design of a platform *Escherichia coli* strain producing various chorismate derivatives. *Metab. Eng.* **33**, 119-129 (2016)

Noda, S. et al.
Evaluation of *Brachypodium distachyon* L-Tyrosine Decarboxylase Using L-Tyrosine Over-Producing *Saccharomyces cerevisiae*. *PLoS One* **10**, e0125488 (2015)

◀ Outline of a computer simulation tool for novel metabolic pathways

▶ Construction of *Escherichia coli* overproducing several chorismate-derivatives

Research Subjects

Developing methods for designing a microbial cell factory

Building cell factories for production of valuable chemicals

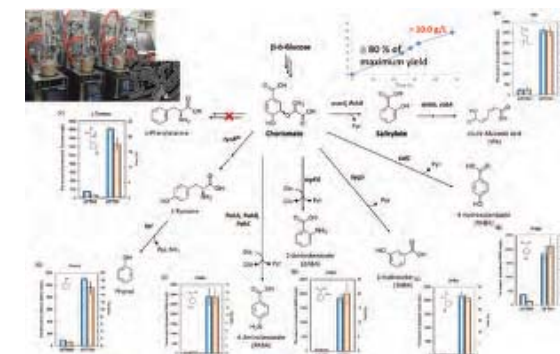
Evaluation of grass biomass by using NMR

Research Outline

Cost reduction of raw materials and processes is needed in order to use biomass as an alternative to fossil resources. Our team aims to integrate conventional processes, which are typically complicated and costly, into a bio-process that is innovative, consistent, less costly and energy-saving. This will be achieved by optimizing, in an integrated manner, a plant's capacity to produce and degrade cellulose and the process of microorganisms' degrading and synthesizing biomass.

Research Results

- Development of a computer simulation tool of searching a novel metabolic pathway
- Construction of *Escherichia coli* overproducing several chorismate-derivatives
- Construction of an artificial metabolic pathway for isoprene synthesis in a cell



バイオマス研究基盤チーム

植物バイオマスを利用した
循環型社会の実現に必要な基盤整備を推進します



研究テーマ

バイオマスモデル植物のブラキポディウム (*Brachypodium distachyon*) を用いた変異体や完全長cDNAの収集等のリソース基盤整備

逆遺伝学および比較ゲノム解析に基づいたバイオマス生産性（収量と環境耐性など）に関わる遺伝子の探索と利用

バイオマス生産に関わる樹木、草本への応用展開を目指した情報基盤の構築

メタゲノム解析、単細胞ゲノム解析により、シロアリ共生菌などから木質分解に関わる重要遺伝子の探索と微生物リソースの整備

バイオマス関連の代謝解析のための技術基盤の構築と解析



チームリーダー / Team Leader

篠崎 一雄 理学博士

Kazuo SHINOZAKI D.Sci.

主要論文 / Publications

Takahashi, F. et al.
Comparison of Leaf Sheath Transcriptome Profiles with Physiological Traits of Bread Wheat Cultivars under Salinity Stress.
PLoS One 10, e0133322 (2015)

Yuki, M. et al.
Dominant ectosymbiotic bacteria of cellulolytic protists in the termite gut also have the potential to digest lignocellulose.
Environ. Microbiol. 17, 4942-4953 (2015)

Kakei, Y. et al.
Transcriptome analysis of hormone-induced gene expression in *Brachypodium distachyon*.
Sci. Rep. 5, 14476 (2015)

◀ Sequential monitoring of shoot biomass of South Australian bread wheat under salinity stress conditions



2015年度メンバー / FY2015 Members

Team Leader
Kazuo SHINOZAKI

Senior Research Scientist
Tomoko ABE
Moriya OHKUMA
Masatomo KOBAYASHI
Shigeharu MORIYA
Jun KIKUCHI

Research Scientist
Fuminori TAKAHASHI
Masato OTAGIRI
Xiang YU

Postdoctoral Researcher
Yasuyo HIMURO
Masahiro YUKI

Student Trainee
Arisa TSUBOI

Technical Staff
Hiroko KOBAYASHI

▶ Symbiotic roles of ectosymbiotic bacteria of termite-gut protists for efficient biomass degradation

Biomass Research Platform Team

Developing research platforms for plant biomass
to establish a sustainable society

Research Subjects

Development of the resource of mutants and full-length cDNA of *Brachypodium distachyon*, a model soft biomass plants

Exploration and use of genes involved in plant biomass productivity and stress tolerance using a reverse genetic approach

Construction of integrated-meta databases to deploy biomass production and increase yield

Identification of important and useful genes to contribute to efficient woody-biomass degradation based on meta-genomics and single-cell genomics analyses of complex bacterial communities especially in the termite intestine

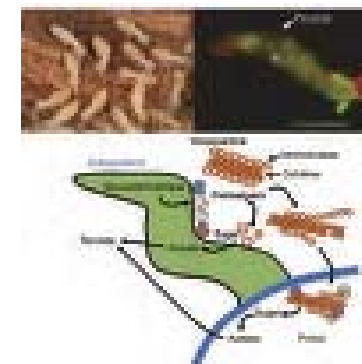
Consolidation and analysis of metabolic profiling related to biomass and metabolism

Research Outline

Our aim is research and development of resources related to plants, microorganisms and so forth, development of bases for genome and other information, and metabolome analysis approaches, among others. We undertake gene hunt studies related to enhancing production, growth and environmental tolerance of cellulose in *Brachypodium*, a species of plant expected to serve as the model for studies on increased production of cellulose biomass. In addition, we perform metagenomics and genomics with the use of single cells in symbiotic microorganisms of termites for discovery of useful enzymes for cellulose degradation, and NMR technology for biomass evaluation.

Research Results

- We identified key genes which mediate salt stress resistance and biomass supply with the integration analysis of transcriptome and phenome in bread wheat.
- We identified symbiotic bacteria on the surface of protists in the termite mediates lignocellulose dissolution.
- We analyzed whole transcriptome analysis mediating plant hormones signaling in *Brachypodium*.



創薬ケミカルバンク基盤ユニット

適正な化合物管理と提供を通して、
創薬研究を支えます



研究テーマ

創薬用化合物ライブラリーの受託と保管

創薬スクリーニング用化合物ライブラリーの配布

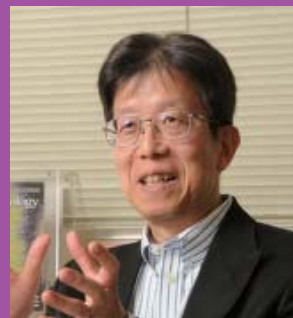
化合物管理データベースの構築

研究概要

当ユニットは、理研 創薬・医療技術基盤プログラムにおける化合物探索、構造最適化の過程で合成あるいは購入された創薬シード化合物を適正な環境下で保管管理し、それらの化合物をライブラリー化し、生物活性評価、毒性・安全性評価などの目的に応じて提供するケミカルバンク機能を担っている。化合物リソース開発研究ユニットと連携し、創薬のためにスクリーニング用化合物ライブラリーを整備して、創薬シード化合物探索基盤ユニットをはじめとする創薬研究者に提供する。また、ヒット化合物をライブラリーの中から迅速に選抜し、効率良く提供するための化合物管理データベースの構築を進めている。

研究成果

- ヒット化合物の類縁体の購入、受託を行い、溶液化して提供した。
- 国立研究開発法人日本医療研究開発機構「次世代がん研究シーズ戦略的育成プログラム」の採択研究テーマに対して研究支援を行った。
- 創薬研究用化合物10,000種のHTS用のライブラリー化を開始した。



基盤ユニットリーダー / Unit Leader

吉田 稔 農学博士

Minoru YOSHIDA D.Agr.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader

Minoru YOSHIDA

Deputy Unit Leader

Yasumitsu KONDOH

Technical Staff

Yuta IWAI

Chemical Bank Unit for Drug Discovery Platform

Drug Discovery Platforms Cooperation Division

Proper management and provision of chemical compounds
to support research for drug discovery and development

Research Subjects

Storage of chemical libraries for drug-discovery

Provision of chemical libraries for HTS to explore drug seeds

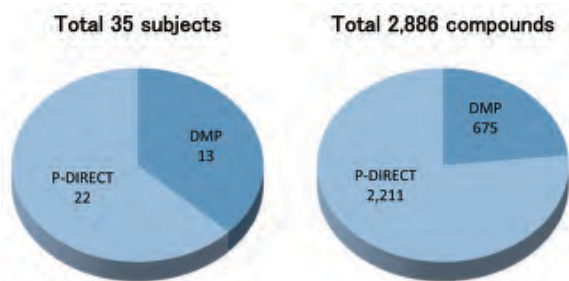
Construction of database for management of chemical library

Research Outline

Our unit takes the role of chemical bank in the RIKEN program for Drug Discovery and Medical Technology Platforms (DMP); we store compounds synthesized or purchased in the process of exploration and structure optimization of drugs and supply them for the purpose of validation of biological activity, toxicity or safety. In cooperation with the Chemical Resource Development Research Unit, we also construct and provide a chemical library for drug-discovery screening to the Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform and other researchers. We have constructed the database for management of chemical library to provide compounds efficiently.

Research Results

- We purchased lead candidates possessing similar structure to hit compounds and provided their solutions.
- We supported cancer-drug discovery research adopted for the Japan Agency for Medical Research and Development (AMED) Project for Development of Innovative Research on Cancer Therapeutics (P-DIRECT).
- We have constructed chemical library of 10,000 compounds for HTS.



◀ Achievement of chemical library provision

Chemical storages under a condition of low humidity ▶



創薬シード化合物探索基盤ユニット

新薬創製を目的とする

HTSによるシード/リード化合物を探索します

Drug Discovery Platforms Cooperation Division
Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery PlatformDiscovering seed and lead compounds
by HTS to develop new drugs

研究テーマ

インビトロおよび細胞系アッセイによる高速スクリーニング (HTS)

細胞イメージングに基づくハイコンテンツスクリーニング

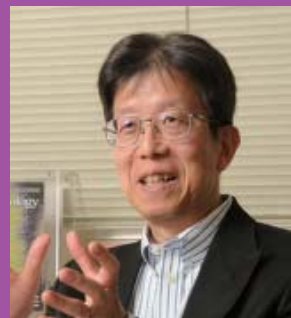
ヒト遺伝子発現による酵母の表現型変化を回復させる化合物の高速スクリーニング

研究概要

創薬シード化合物探索基盤ユニットは、創薬標的として期待される分子に作用する新しい生理活性化合物を化合物ライブラリーから大規模に探索することによって、創薬シードの同定を目指す。

研究成果

- 理研 創薬・医療技術基盤プログラム、国立研究開発法人日本医療研究開発機構「次世代がん研究シーズ戦略的育成プログラム」および共同研究において、合計9テーマのHTS用のアッセイ法を構築した。
- 理研 創薬・医療技術基盤プログラム、国立研究開発法人日本医療研究開発機構「次世代がん研究シーズ戦略的育成プログラム」および共同研究において、合計26テーマのHTSを実施した。HTSを完了した20テーマのそれぞれにおいて、ターゲット分子に作用する可能性のあるヒット化合物を多数同定した。



基盤ユニットリーダー / Unit Leader

吉田 稔 農学博士

Minoru YOSHIDA D.Agr.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader

Minoru YOSHIDA

Deputy Unit Leader

Tetsuo ONUKI

Senior Research Scientist

Ken MATSUMOTO

Kenji OGAWA

Research Scientist

Koushiki MINO

Norio KUDO

Special Technical Staff

Masako ABE

Technical Staff

Mami YOSHIMURA

Iku KUWAHARA

Mari FUJIMOTO

Seiji MATSUOKA

Hiroki KORENAGA

Yui KASHIMA

Michiru IWASHITA

Takeshi SONODA

Yui MAZAKI

主要論文 / Publications

Feldman, J. L., *et al.*
Kinetic and structural basis for acyl-group selectivity and NAD(+) dependence in sirtuin-catalyzed deacylation.
Biochemistry **54**, 3037-3050 (2015)

◀ HTS themes carried out in FY 2015, categorized by assay methods

Research Subjects

High throughput screening(HTS) using *in vitro* and cell-based assay systems

High content screening based on cell imaging

HTS for compounds that recover yeast phenotypes induced by expression of human genes

Research Outline

Our unit aims to identify seed compounds for drug development that are active on drug target molecules, by HTS of large compound libraries.

Research Results

- We developed assay methods of HTS for the compounds active on a total of 9 target molecules in the RIKEN Program for Drug Discovery and Medical Technology Platforms (DMP), the Japan Agency for Medical Research and Development (AMED) Project for Development of Innovative Research on Cancer Therapeutics (P-DIRECT), and collaborative studies.
- We conducted HTS campaigns for the compounds active on a total of 26 target molecules in the RIKEN DMP, the AMED P-DIRECT, and collaborative studies. Among them, we completed HTS of 20 targets, and identified hit compounds that might have direct activities on each of the targets.





研究テーマ

核磁気共鳴および質量分析に関する新しい手法と技術開発

機器分析と有機合成化学による有機化合物の同定と構造決定

核磁気共鳴および質量分析による研究支援と共同研究

有機合成化学を活用したNMR, CDなどの分光学的手法による新しい立体化学の決定法の開発と応用

研究概要

当ユニットでは、構造決定に必要な核磁気共鳴(NMR)や質量分析(MS)に関する新しい手法と技術開発を行い、ケミカルバイオロジー、メタボロミクス研究、あるいは様々な有機合成化学の研究などで発見あるいは創製される新規化合物の同定、構造解析へ応用する。有機化合物の構造解析において重要なNMR、MSおよび円二色性分散(CD)などの分析装置を共同利用機器として維持管理・運営を行い、オープンアクセス装置の利用講習、依頼測定、依頼解析、技術指導など様々な研究支援を全理研に対して行っている。さらに機器分析に有機合成化学の手法を交えて、有機化合物の同定、構造決定に必要な方法論を開発しその技術を高め、構造解析に関する様々な応用研究を所内外の共同研究として遂行している。

研究成果

- ナマコ由来の細胞保護作用および抗酸化活性を有するリゾリン脂質の構造を解明した。
- 計算化学的手法によってセスキテルペンaldingenin AとBの構造訂正を行った。
- NMRおよびMRIに利用できる均一な磁場の超電導バルク磁石を開発した。



ユニットリーダー / Unit Leader

越野 広雪 農学博士

Hiroyuki KOSHINO D.Agr.

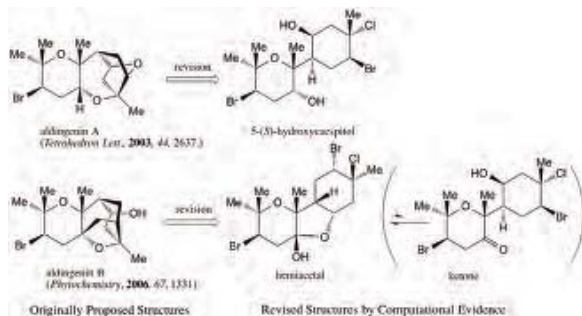
主要論文 / Publications

Nishimura, Y. *et al.*
Cytoprotective effects of lysophospholipids from sea cucumber *Holothuria atra*.
PLoS ONE **10**, e0135701 (2015)

Mukhina, O. A., Koshino, H., Crimmins, M. T., Kutateladze A. G.
Computationally driven reassignment of the structures of aldingenins A and B.
Tetrahedron Lett. **56**, 4900-4903 (2015)

Nakamura, T. *et al.*
Development of a superconducting bulk magnet for NMR and MRI.
J. Magn. Reson. **259**, 68-75 (2015)

◀ Structural revision of brominated sesquiterpenoids aldingenins A and B



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Hiroyuki KOSHINO

Senior Research Scientist
Shun-ya TAKAHASHI
Takemichi NAKAMURA

Senior Technical Scientist
Yayoi HONGO
Takashi NAKAMURA

▶ Identification of cytoprotective lysophospholipids from sea cucumber *Holothuria atra*

Research Subjects

Development of new methods and technologies for NMR and MS analyses

Organic molecular characterization and structural determination by spectroscopic analysis and organic synthesis

Research supporting activity and collaborative research with NMR and mass spectrometry

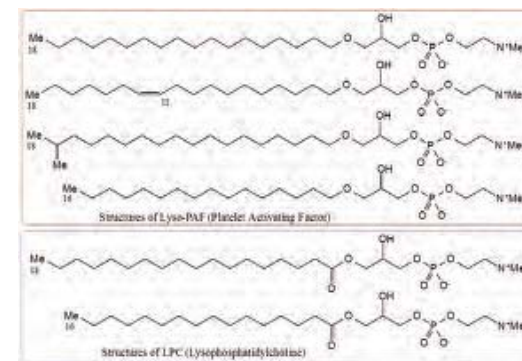
Development and application of new methodologies for determination of stereochemistry by NMR, CD, and other spectroscopic methods assisted by organic synthesis

Research Outline

We develop new methods and technologies of NMR and MS analyses for structural elucidation and characterization of novel organic compounds that are found or synthesized in chemistry and related scientific fields such as chemical biology, metabolomics research, and several organic synthetic studies. We provide diverse research support activity for characterization of organic molecules through maintenance and operation of MS, NMR, and CD facilities for all RIKEN researchers. Our research supporting activities include training on open access machines, technical assistance, data acquisition, and spectral data analysis and interpretation. We collaborate with many research groups, and continue to improve our capability and methodology for organic molecular characterization and structural determination by spectroscopic analysis together with organic synthesis.

Research Results

- We determined the structures of lysophospholipids with cytoprotective and antioxidant activity from sea cucumber.
- We revised the structures of sesquiterpenoids aldingenins A and B by computational evidence.
- We developed a superconducting bulk magnet for high resolution NMR and MRI measurements.



生命分子解析ユニット

タンパク質の構造を調べて、
生命現象の謎にせまります



研究テーマ

生体分子の翻訳後修飾を含めた詳細な構造解析

生体分子の定量的解析法の開発

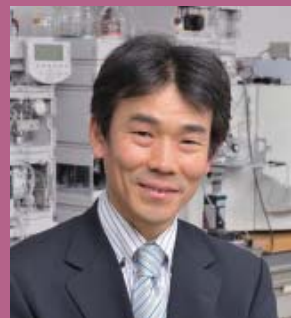
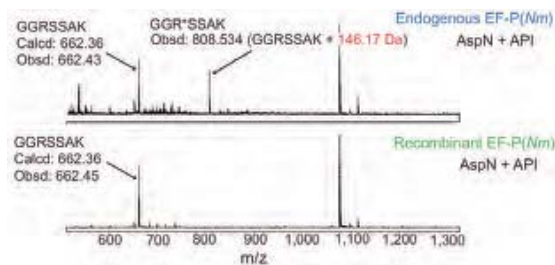
RNAの質量分析

研究概要

当ユニットは、生命現象の解明に向け、生体成分構造解析法の開発や構造解析の応用研究を行っている。生体成分の中でも特にタンパク質は生命現象の源であり、さまざまな生物活性がある。そのタンパク質の構造を詳細に調べることで、活性と遺伝子との対応、生物学的活性のメカニズムや活性の制御機構を解明する。また、装置ならびに設備の設置や管理、解析方法に関する情報の整備をすることで研究支援を行っている。

研究成果

- 髄膜炎菌の翻訳伸長因子P(EF-P)がラムノースにより修飾されていることを同定し、その修飾が細菌の生存に必須であることを明らかにした。
- アルギニンメチル基転移酵素PRMT6によるp21タンパク質のアルギニンメチル化部位を同定し、その修飾によってp21の細胞質局在が制御されていることを明らかにした。
- ヒト細胞外タンパク質CCN1がPOFUT2によってフコシル化されることを発見し、それがCCN1の細胞外分泌を制御していることを明らかにした。



ユニットリーダー / Unit Leader

堂前 直 博士(学術)

Naoshi DOHMAE Ph.D.



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader

Naoshi DOHMAE

Senior Research Scientist

Hiroshi NAKAYAMA

Senior Technical Scientist

Takehiro SUZUKI

Kowashi WATANABE

International Program Associate

Ho-Geun KWAK

Technical Staff

Masami KOIKE

主要論文 / Publications

Yanagisawa, T. *et al.*
Neisseria meningitidis Translation Elongation Factor P and Its Active-Site Arginine Residue Are Essential for Cell Viability.
PLoS One **11**, e0147907 (2016)

Nakakido, M. *et al.*
PRMT6 increases cytoplasmic localization of p21^{CODN1A} in cancer cells through arginine methylation and makes more resistant to cytotoxic agents.
Oncotarget **6**, 30957-30967 (2015)

Niwa, Y., Suzuki, T., Dohmae, N., Simizu, S.
O-fucosylation of CCN1 is required for its secretion.
FEBS Lett. **589**, 3287-3293 (2015)

Modified EF-P peptide was detected larger by 146 Da than the theoretical mass value of unmodified peptide by MALDI TOF-MS analysis.
(Yanagisawa, T. *et al.* 2016 *PLoS One*)

Sugar composition analysis showed that modified EF-P peptide is rhamnosylated
(Yanagisawa, T. *et al.* 2016 *PLoS One*)

Biomolecular Characterization Unit

To resolve the mystery of biological phenomena,
we examine the protein structure

Research Subjects

Development and application of analytical methods for structural details on biological molecules

Development of quantitative analysis of biomolecules

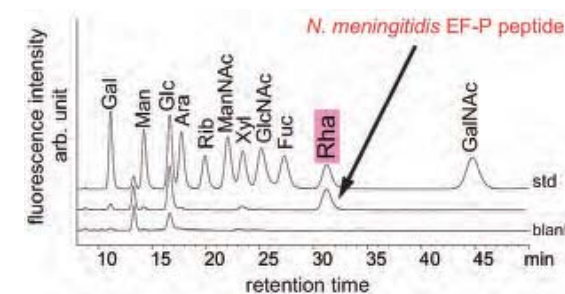
Identification and characterization of RNA by mass spectrometry

Research Outline

Our unit provides high quality structural characterization methods to the field of biological science, aiming to further understand the mechanism and action of biological molecules. We manage specialized and technical instruments including protein chemical analyses, mass spectrometry. Our challenge to research, develop and fine-tune novel characterization methods for biological molecules, is an endless yet rewarding process.

Research Results

- We identified that *Neisseria meningitidis* EF-P is modified with rhamnose, and found that its modification is essential for cell viability.
- We identified the methylation site of p21 protein promoted by PRMT6, and revealed that its modification regulates p21 cytosolic localization.
- We found that human matricellular protein CCN1 is fucosylated by POFUT2 and CCN1 fucosylation is required for its extracellular secretion.



植物科学研究のための質量分析および
顕微鏡解析の技術基盤を提供します



Providing mass spectrometric and
microscopic platforms for plant science

研究テーマ

質量分析計による植物メタボローム解析

質量分析計による植物ホルモン解析

植物組織および細胞の顕微鏡解析

研究概要

質量分析と顕微鏡解析は環境資源科学研究のコアである植物科学の基盤解析技術である。当ユニットでは、植物メタボロームおよびホルモンの解析のための質量分析ならびに植物細胞の微細構造解析のための顕微鏡解析の技術基盤開発と実際分析を担当している。

研究成果

- 35年にわたるダイズ育種の代表的系統のメタボロームおよび化学的多様性を評価した。
- トマト果実形成制御におけるエチレンとジベレリンの新たな役割を発見した。
- GFP蛍光標識した細胞小器官を高分解能走査電子顕微鏡で捉える光-電子相関顕微鏡法を開発した。



ユニットリーダー / Unit Leader

斉藤 和季 薬学博士

Kazuki SAITO Ph.D.

主要論文 / Publications

Kusano, M. *et al.*
Assessing metabolomic and chemical diversity of a soybean lineage representing 35 years of breeding.
Metabolomics **11**, 261-270 (2015)

Shinozaki, Y. *et al.*
Ethylene suppresses tomato fruit set through modification of gibberellin metabolism.
Plant J. **83**, 237-251 (2015)

Toyooka, K., Sato, M., Wakazaki, M., Matsuoka, K.
Morphological and quantitative changes in mitochondria, plastids, and peroxisomes during the log-to-stationary transition of the growth phase in cultured tobacco BY-2 cells.
Plant Signal. Behav. **11**, e1149669 (2016)

◀ Mass spectrometers for metabolomic and hormone analysis, and microscopies for tissues and cells



2015年度メンバー / FY2015 Members

Unit Leader
Kazuki SAITO

Deputy Unit Leader
Hitoshi SAKAKIBARA
Masami HIRAI

Senior Research Scientist
Kiminori TOYOOKA

Technical Scientist
Mikiko KOJIMA
Mayuko SATO

Technical Staff
Makoto KOBAYASHI
Tetsuya MORI
Muneo SATO
Ryosuke SASAKI
Mayumi WAKAZAKI
Yumiko TAKEBAYASHI
Kei HASHIMOTO

▶ Correlative light and electron microscopy to observe GFP-labeled organelles embedded in resin using FE-SEM

Research Subjects

Plant metabolomic analyses by mass spectrometry

Plant hormone analyses by mass spectrometry

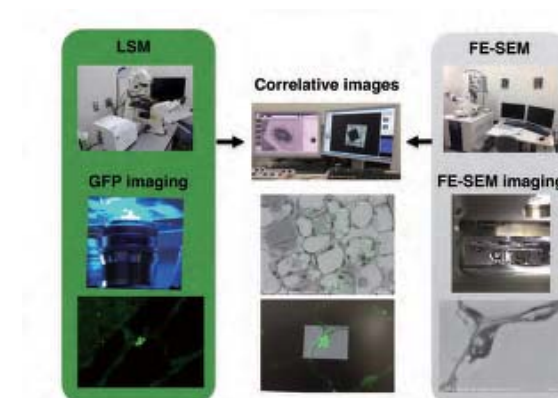
Microscopic analyses of plant tissues and cells

Research Outline

Mass spectrometric and microscopic analyses are fundamental analytical technology in plant science and sustainable resource science. Our unit develops and executes the analyses based on mass spectrometry for the study of plant metabolome and hormone and on microscopy for the ultrastructural observation of the plant cells.

Research Results

- Assessing metabolomic and chemical diversity of a soybean lineage representing 35 years of breeding
- Identification of novel role of ethylene and gibberellins in regulation of tomato fruit set
- Development of correlative light and electron microscopy for GFP-labeled organelles using FE-SEM



研究協力協定 / Research Collaboration Agreements

- ① Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Germany
- ② Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Germany
- ③ International Center for Tropical Agriculture, Columbia
- ④ John Innes Centre and the Sainsbury Laboratory, UK
- ⑤ Umeå Plant Science Center, Sweden
- ⑥ KTH Royal Institute of Technology, Sweden
- ⑦ University of California at San Diego, USA
- ⑧ Agricultural Genetics Institute, Viet Nam
- ⑨ Dalian University of Technology, China
- ⑩ University of Toronto, Canada
- ⑪ Universiti Sains Malaysia, Malaysia

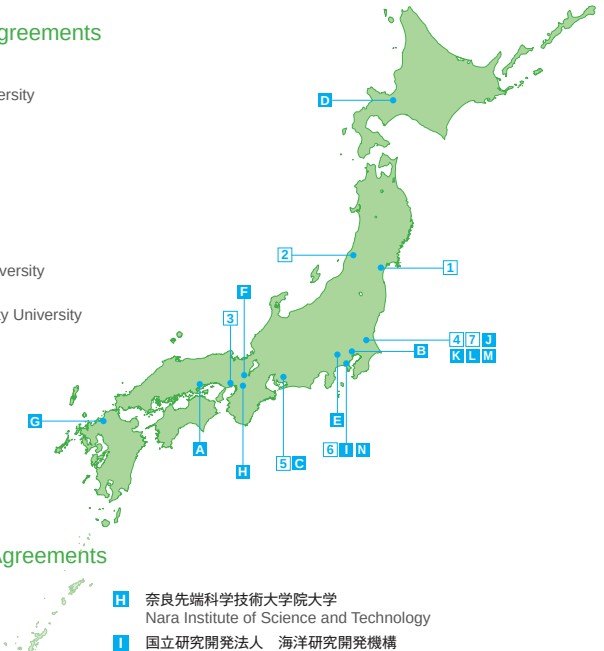


主な共同研究 / Principal Joint Research Agreements

- A Iowa State University, USA
- B International Rice Research Institute, Philippines
- C Mahidol University, Thailand
- D Chinese Academy of Sciences, China
- E University of California, Davis, USA
- F Nanjing Forestry University, China
- G CNRS-Université de Rennes 1, France
- H Emory University, USA
- I University of Cambridge, UK
- J Amazonas State University, Brazil

研究協力協定 / Research Collaboration Agreements

- ① 東北大学大学院農学研究科
Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
- ② 慶應義塾大学
Keio University
- ③ 神戸大学大学院工学研究科
Graduate School of Engineering, Kobe University
- ④ 筑波大学
University of Tsukuba
- ⑤ 名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所
Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University
- ⑥ 横浜市立大学 木原生物学研究所
Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University
- ⑦ 国立研究開発法人 森林総合研究所
Forestry and Forest Products Research Institute



主な共同研究 / Principal Joint Research Agreements

- A 岡山大学
Okayama University
- B 東京大学
The University of Tokyo
- C 名古屋大学大学院生命農学研究科
Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
- D 北海道大学
Hokkaido University
- E 東京工業大学
Tokyo Institute of Technology
- F 京都大学
Kyoto University
- G 九州大学
Kyushu University
- H 奈良先端科学技術大学院大学
Nara Institute of Science and Technology
- I 国立研究開発法人 海洋研究開発機構
Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology
- J 国立研究開発法人 国際農林水産業研究センター
Japan International Research Center for Agricultural Sciences
- K 国立研究開発法人 産業技術総合研究所
National Institute of Advanced Industrial Science and Technology
- L 国立研究開発法人 農業生物資源研究所
National Institute of Agrobiological Sciences
- M 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構
National Agriculture and Food Research Organization
- N 国立研究開発法人 水産総合研究センター
Fisheries Research Agency

連携大学院

Cooperative Graduate Schools

- 1) 横浜市立大学大学院生命医科学研究科／
生命ナノシステム科学研究科(木原生物学研究所)
Graduate School of Medical Life Science / Graduate School of Nanobioscience
(Kihara Institute for Biological Research), Yokohama City University
- 2) 名古屋大学大学院生命農学研究科
Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
- 3) 東京大学大学院
農学生命科学研究科／理学系研究科
Graduate School of Agricultural and Life Sciences / Graduate School of Science,
The University of Tokyo
- 4) 埼玉大学大学院理工学研究科
Graduate School of Science and Engineering, Saitama University
- 5) 京都大学大学院理学研究科
Graduate School of Science, Kyoto University
- 6) 東京工業大学大学院総合理工学研究科
Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology
- 7) 立教大学大学院理学研究科
Graduate School of Science, Rikkyo University
- 8) 東京電機大学大学院工学研究科
Graduate School of Engineering, Tokyo Denki University
- 9) 東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科
Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University
- 10) 首都大学東京大学院理工学研究科
Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Metropolitan University

当センターでは下記連携をはじめ、これまでに培った知見や技術の実用化を目指し、39社の企業と共同研究を実施しています。

CSRS conducts collaborative research with 39 companies with the aim of practical application of our knowledge and technologies.

(株) ユーグレナ

ユーグレナ(和名:ミドリムシ)の品種改良、および利活用



© euglena Co., Ltd.

euglena Co., Ltd.

Breed improvement and utilization of *Euglena*

日本たばこ産業(株)

作物改良に役立つ遺伝子研究を活用した穀物生産等への貢献



© Japan Tobacco Inc.

Japan Tobacco Inc.

Utilization of genetic research related to crop improvement towards grain production

理研所内連携

RIKEN Internal collaborations

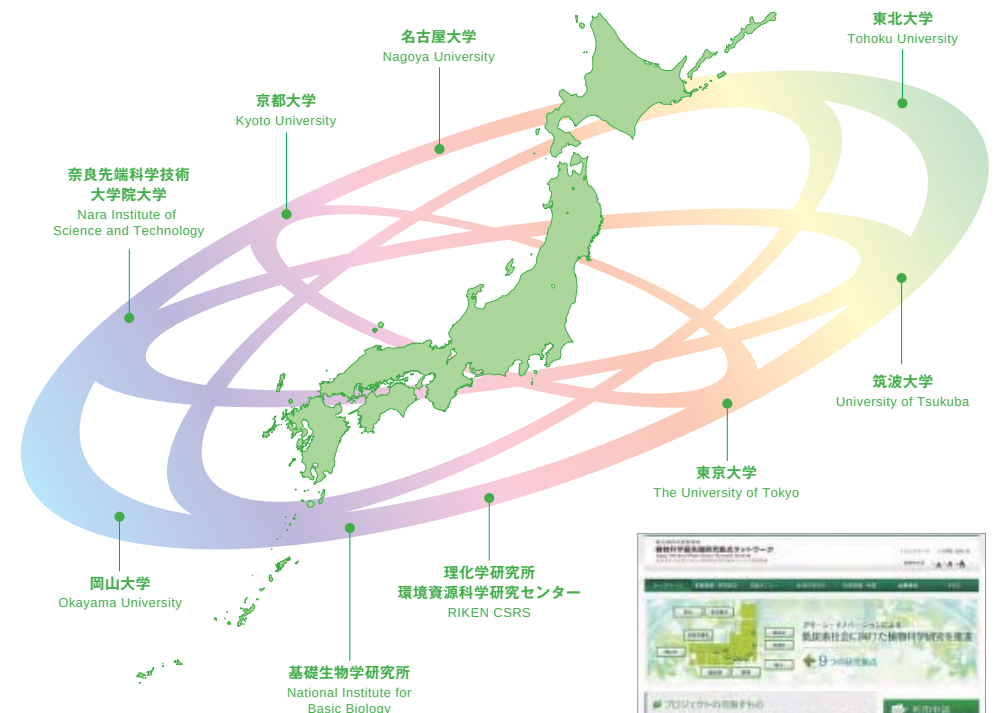
当センターでは、研究者の“個人知”を組織の総合力で融合し、“社会知”につなげる取り組みとして、理研の各センターとの分野横断型研究を行っています。また、理研が保有する最先端研究基盤を活用し、新たな研究成果の創出に取り組んでいます。

CSRS carries out interdisciplinary field research with several centers in RIKEN as activity of the wisdom of individual researchers to be combined with the comprehensive power of an organization and expand into social wisdom. Also we use the leading-edge research facilities of RIKEN for creation of new research results.



植物科学最先端研究拠点ネットワークは、独自に技術基盤及びノウハウを構築して世界トップレベルの成果を輩出してきた9つの研究拠点が所有する最先端計測・形質評価プラットフォームを集結、集中整備することにより、研究者がアクセスしやすい研究環境を組織的に提供する目的で設立されました。国内外の植物科学研究者は最先端の計測機器、植物育成システム及びそのノウハウを利用することができるため、各研究拠点との共同研究などにより高度な研究を行うことが可能となりました。また、本ネットワークは普段交流する機会が少ない異分野の研究者間、研究室間に繋がりをもたらし、9拠点を軸として植物研究コミュニティ全体が活性化されることが期待されます。なお、本ネットワークは文部科学省「最先端研究基盤事業」の予算で整備された機器を利用して各機関で運営されています。本ネットワークの強化や活発な共同研究は、持続的食糧生産、効率的な二酸化炭素の固定化・資源化やバイオマス増産など、循環型社会に貢献し、グリーンイノベーションに資する植物科学研究を推進していきます。

The project started in FY2010, supported by the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT). It is intended to enable plant science researchers to access leading-edge experimental instruments, facilities and technical supports. This network consists of 9 top-level research institutes in Japan and is aiming to contribute to sustainable and low carbon society.



お問い合わせ:
植物科学最先端研究拠点ネットワーク事務局
(理化学研究所 環境資源科学研究センター)
〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22
E-mail: psr-net.psc@riken.jp

Contact:
Secretariat of Japan Advanced Plant Science Research Network
(RIKEN Center for Sustainable Resource Science)
1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan
E-mail: psr-net.psc@riken.jp

www.psr-net.riken.jp



2015.04.15-16
2014年度CSRS研究プロジェクト成果報告会
理研 和光/横浜事業所

FY2014 RIKEN CSRS Annual Research Project Progress Report
RIKEN Wako/Yokohama Campus



2015.04.18
理研 和光事業所 一般公開
理研 和光事業所

RIKEN Wako Campus Open Day
RIKEN Wako Campus



2015.07.05-09
第26回国際シロイヌナズナ研究会議
フランス バレ・デ・コングレ・ド・バリ

The 26th International Conference on Arabidopsis Research
Palais des congrès de Paris, France

2015.07.07-08
第4回JACI/GSCシンポジウム
一橋大学一橋講堂

The 4th JACI/GSC Symposium
Hitotsubashi Hall, Hitotsubashi University

2015.08.29
理研 横浜地区 一般公開
理研 横浜事業所

RIKEN Yokohama Campus Open Day
RIKEN Yokohama Campus



2015.09.02
デンマーク-日本 合同ミニワークショップ
理研 横浜事業所

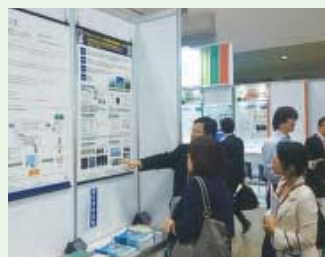
Denmark-Japan Mini Workshop on Ion Transport Proteins
RIKEN Yokohama Campus

2015.09.24-26
第3回植物電顕サマーセミナー
理研 横浜事業所

The 3rd Plant Electron Microscopy Summer Seminar
RIKEN Yokohama Campus

2015.10.14-16
バイオジャパン2015
パシフィコ横浜

BioJapan 2015
Pacifico Yokohama



2015.11.09
第4回ブラキポディウムワークショップ
理研 筑波事業所

The 4th Brachypodium Workshop
RIKEN Tsukuba Campus

2015.11.17
CSRS若手研究者ワークショップ
理研 横浜事業所

CSRS Early Career Workshop
RIKEN Yokohama Campus

2015.11.18-20
アグリビジネス創出フェア2015
東京ビックサイト

Agribusiness Creation Fair 2015
Tokyo Big Sight



2015.11.24-25
理研国際シンポジウム「Towards Increased Plant Productivity through Understanding of Environmental Responses and Epigenetic Regulation」
理研 横浜事業所

RIKEN International Symposium "Towards Increased Plant Productivity through Understanding of Environmental Responses and Epigenetic Regulation"
RIKEN Yokohama Campus

2015.11.26
2015年度CSRS研究プロジェクト中間報告会
理研 和光事業所

FY2015 RIKEN CSRS Interim Progress Report on the Interdisciplinary Research Projects
RIKEN Wako Campus



2015.11.30-12.02
第5回世界工学会議
国立京都国際会館

World Engineering Conference and Convention 2015
Kyoto International Conference Center



2015.12.02
植物科学シンポジウム2015
東京大学弥生講堂 一条ホール

Plant Science Symposium 2015
The University of Tokyo, Yayoi Auditorium, Ichijo Hall

2015.12.04
理研シンポジウム「第16回分析・解析技術と化学の最先端」
理研 和光事業所

RIKEN Symposium "The 16th Analytic Technologies and Forefront of Chemistry"
RIKEN Wako Campus

2015.12.11
ヨコハマ・アグリフォーラム
横浜情報文化センター

Yokohama Agriforum
Yokohama Media and Communications Center

2015.12.21
第3回三機関(理研・水産総合研究センター・海洋研究開発機構)
連携ワークショップ
理研 和光事業所

The 3rd RIKEN-FRA-JAMSTEC Joint Workshop
RIKEN Wako Campus

2015.12.24
第1回理研-北大-産総研「触媒研究」合同シンポジウム
イノカンファレンスセンター

The 1st RIKEN-Hokkaido Univ.-AIST Joint Symposium
Iino Conference Center



2016.01.07
第2回CSRS-ITbM合同ワークショップ
理研 和光事業所

The 2nd CSRS-ITbM Joint Workshop
RIKEN Wako Campus



2016.02.22-23
岡山大学IPSR × 九州大学IMI × 理研CSRS シンポジウム
理研 横浜事業所

IPSR (Okayama Univ.)-IMI (Kyushu Univ.)-RIKEN CSRS Joint Symposium
RIKEN Yokohama Campus

Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2015.04.08	R2R3-MYBs and MYC/bHLH transcription factors in the regulation of Trp-derived secondary metabolites in <i>A. thaliana</i>	Dr. Henning Frerigmann	Metabolic Systems RT, RIKEN CSRS / Botanical Institute and Cluster of Excellence on Plant Sciences, University of Cologne, Germany	CSRS Yokohama seminar series (Metabolic Systems RT)
2015.04.08	Universal Fluorescent Probe Platform for Almost Everything	Prof. Young-Tae Chang	Department of Chemistry, National University of Singapore, Singapore	Chemical Biology RG
2015.04.20	Mechanisms of nonhost disease resistance and its potential application strategies in plant disease resistance breeding	Dr. Seonghee Lee	Strawberry Molecular Genetics and Genomics Gulf Coast Research and Education Center, Institute of Food and Agricultural Science, University of Florida, USA	CSRS Yokohama seminar series (Plant Proteomics RU)
2015.05.28	Noncovalent and Reversible Covalent Interactions: Fundamental Studies and New Applications	Prof. Mark S. Taylor	Department of Chemistry, University of Toronto, Canada	Advanced Elements Chemistry RT
2015.06.04	Genetics of root branching	Prof. Tom Beeckman	Department of Plant Systems Biology, VIB / Department of Plant Biotechnology and Bioinformatics, Gent University, Belgium	CSRS Yokohama seminar series (Cell Function RT)
2015.06.15	The endodermis: A tale of two cell types	Dr. Niko Geldner	Plant Cell Biology lab, DBMV, University of Lausanne, Switzerland	Plant Immunity RG
2015.07.07	「Metabolic Rewiring - 代謝変換の生命科学」			ケミカルゲノミクス研究G
	腸内細菌由来代謝物によるエピゲノム修飾変化の誘導	長谷 耕二 教授	慶應義塾大学薬学部	
	放線菌における新奇なベブチド系化合物の生合成	西山 真 教授	東京大学生物生産工学研究センター 細胞機能工学部門	
2015.07.10	Improving the Precision of CRISPR/Cas9 nucleases through Protein Engineering	Prof. Scot A. Wolfe	Department of Molecular, Cell, and Cancer Biology, University of Massachusetts Medical School, USA	Catalysis and Integrated RG
2015.07.22	Mechanisms in fertilization and subsequent zygotic development in angiosperms: Investigations using <i>in vitro</i> fertilization system with rice gametes	Prof. Takashi Okamoto	Tokyo Metropolitan University	CSRS Yokohama seminar series (Dormancy and Adaptation RU)
2015.07.31	How do host plants establish secure symbioses with microbial partners?	Dr. Tomomi Nakagawa	National Institute for Basic Biology / Nagoya University	Plant Immunity RG
2015.08.10	Cross-talks between the control of flowering time and the response to salinity stress in <i>Arabidopsis</i>	Prof. Dae-Jin Yun	Division of Applied Life Science (Brain Korea 21 program), Gyeongsang National University, Korea	Gene Discovery RG
2015.08.21	Dark Energy Ecosystem: Looking through the modern deep ocean to the ancient and the extraterrestrial ones	Dr. Ken Takai	Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology	CSRS Wako seminar series (Biofunctional Catalyst RT)
2015.08.31	共生細菌が引き起こすアブラムシ体色変化の分子機構	土田 努 准教授	富山大学大学院理工学研究部	ケミカルゲノミクス研究G
	ウンカとヨコバイの共生微生物:次世代伝播と共生に係わる遺伝子	野田 博明 研究専門員	農業生物資源研究所 昆虫科学研究領域	
2015.09.08	Epigenetic control of genes and transposable elements in <i>Arabidopsis</i>	Dr. Hidetoshi Saze	Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University	Plant Genomic Network RT
2015.09.11	Mitochondrial DNA Mutations and Ageing: Insights from <i>in silico</i> modeling and analysis	Prof. Rudyanto Gunawan	Institute for Chemical and Bioengineering, ETH Zurich, Switzerland	Metabolic Systems RT
2015.09.17	Nanostructured surfaces for improved activity and selectivity for electrochemical carbon dioxide reduction	Dr. Joel W. Ager III	Solar Energy Materials Research Group, Lawrence Berkeley National Laboratory, USA	Biofunctional Catalyst RT
2015.10.02	A Role for Jasmonates in the Release of Dormancy by Cold Stratification in Wheat	Dr. Frank Gubler	CSIRO Agriculture, Canberra, Australia	CSRS Yokohama Seminar Series (Dormancy and Adaptation RU)
2015.10.05	Transport properties of PIN proteins and regulation by AGCVIII kinases: a structure function approach	Dr. Ulrich Hammes	Cell Biology and Plant Biochemistry, University of Regensburg, Germany	Regulatory Network RU

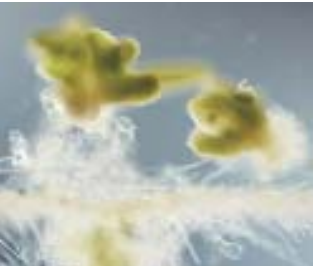
G:グループ T:チーム / RG: Research Group RT: Research Team RU: Research Unit

Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2015.10.08	New Bioscience Research at BASF	Dr. Christophe Reuzeau	CropDesign N.V., a BASF Plant Company, Belgium	Biomass Engineering Research Division
2015.10.09	Enhanced salinity tolerance in <i>Arabidopsis</i> by overexpression of an endogenous peptide elicitor, AtPep1	Dr. Yube Yamaguchi	Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University	CSRS Yokohama Seminar Series (Plant Genomic Network RT)
2015.10.19	How a stressed out endoplasmic reticulum network deals with virus infection	Prof. Jeanmarie Verchot	Entomology and Plant Pathology, Oklahoma State University, USA	Plant Immunity RG
2015.10.19	Chemistry of Carbon Dioxide Dianion	Prof. Jun Okuda	Institute of Inorganic Chemistry / Organometallic Chemistry at RWTH Aachen University, Germany	Advanced Catalysis RG
2015.10.20	Multiple proton-coupled electron transfer in electrocatalysis	Prof. Marc Koper	Leiden Institute of Chemistry, Leiden University, Netherlands	Biofunctional Catalyst RT
2015.11.05	A spectral network-based strategy for identification of metabolites	Dr. Eisuke Hayakawa	Innovation Center for Medical Redox Navigation, Kyushu University	Metabolomics RG
2015.11.05	Sustainable Gold Catalysis	Prof. Norbert Krause	Organic Chemistry, Dortmund University of Technology, Germany	Catalysis and Integrated RG
2015.11.18	タンパク質リガンド連結プローブによる動物／植物細胞内ケミカルバイオロジー	高岡 洋輔 講師	東北大学大学院理学研究科化学専攻	触媒・融合研究G
2015.11.20	Strigolactones in plants: from biosynthesis to functions	Dr. Sander van der Krol	Wageningen UR, Netherlands	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2015.12.10	Interorganellar communication in plant cells: stromules and plant immunity	Dr. Eunsook Park	Plant biology and the genome center, University of California, Davis, USA	Plant Immunity RG
2016.01.13	Punctuality of the rice circadian clock under fluctuating field conditions	Dr. Jun Matsuzaki	National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)	Metabolic Systems RT
2016.01.14	Bioinspired Asymmetric Catalysis with Peptides	Prof. Helma Wennemers	ETH Zurich, Organic Chemistry, Switzerland	Catalysis and Integrated RG
2016.01.19	Prospecting with Gold: Gold-N-Heterocyclic Carbene	Prof. Steve Nolan	Chemistry Department, College of Science, King Saud University, Saudi Arabia	Advanced Catalysis RG
2016.02.25	Genus <i>Vigna</i> -the Wild and Sexy-	Dr. Ken Naito	Genetic Resource Center, The National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)	Plant Immunity RG
2016.02.26	Synthesis and Application of Fused N-Heterocycles in Pd and Cu Catalysis	Prof. Jin Kyoong Park	Department of Chemistry, Pusan National University, Korea	Advanced Catalysis RG
2016.03.08	ファインバブル有機合成 ～研究事例と今後の展望～	間瀬 暢之 教授	静岡大学大学院総合科学技術研究科	グリーンナノ触媒研究T
2016.03.11	Ⅲ型分泌システム:細菌-宿主相互作用を介在するナノマシン	加藤 淳也 博士	Department of Microbial Pathogenesis, Yale University School of Medicine, USA	ケミカルゲノミクス研究G
	細菌が細胞長の恒常性を維持する機構	加藤 節 博士	Department of Molecular, Cellular and Developmental Biology, Yale University, USA	
2016.03.14	Complexes of Rare-and Alkaline-Earth Metals for Catalytic Intermolecular Olefin Hydrophosphination and Hydroamination Reactions	Prof. Alexander Trifonov	Institute of Organometallic Chemistry of Russian Academy of Sciences, Russia	Advanced Catalysis RG
2016.03.15	Rhizosphere communication in arbuscular mycorrhizal symbiosis in rice and maize	Dr. Uta Paszkowski	Department of Plant Sciences, University of Cambridge, UK	Plant Immunity RG
2016.03.17	Proton-coupled electron transfer in organic synthesis	Prof. Robert Knowles	Department of Chemistry, Princeton University, USA	Catalysis and Integrated RG
2016.03.28	Functional assessment of multiple populations of root-associated rhizobia from non-leguminous plants	Dr. Ryohei Thomas Nakano	Department of Plant Microbe Interactions, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Germany	Plant Immunity RG

2015.06.30細胞機能研究チーム / Cell Function Research Team

植物の分化全能性抑制の分子メカニズムの一端を解明

Discovery of a mechanism that represses plant totipotency



PRC2変異体の根毛に形成された胚様体
Embryoids from root hairs of PRC2 mutant

Original article
PRC2 represses dedifferentiation of mature somatic cells in *Arabidopsis*.
Nature Plants 1, 15089 (2015)

シロイヌナズナのPRC2(Polycomb Repressive Complex 2)というタンパク質複合体の機能が欠損したPRC2変異体では、根毛細胞が細胞分裂を開始し、不定形の細胞塊であるカルスと不定胚を形成することを発見しました。さらに、このPRC2変異体の根毛細胞では、核内倍加を経て、一度正常に分化した根毛細胞がカルス化と不定胚形成をしていることを明らかにしました。今後、効率の良い組織培養による植物の量産などへの活用が期待できます。

PRC2 (Polycomb Repressive Complex 2) loss-of-function mutants complete cell differentiation but later develop somatic embryos and callus (unorganized cell mass). Researchers also determined that the mutants form callus after undergoing initial normal differentiation accompanied by endoreduplication. These findings are expected to contribute to efficient tissue culturing for plant production and other applications.



◀左から
岩瀬 哲 (研究員)
杉本 慶子 (チームリーダー)
池内 桃子 (基礎科学特別研究員)

From left;
Akira IWASE (Research Scientist)
Keiko SUGIMOTO (Team Leader)
Momoko IKEUCHI (Special Postdoctoral Researcher)

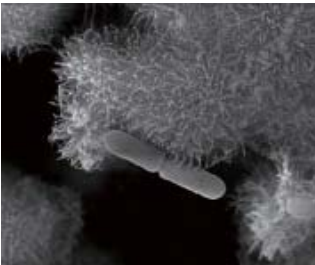
2015.09.25生体機能触媒研究チーム / Biofunctional Catalyst Research Team

電気で生きる微生物を初めて特定

A bacteria's double life: living off both iron and electricity

CSRSと東京大学は、鉄イオンをエネルギーとして利用する*Acidithiobacillus ferrooxidans*が、鉄イオンのない環境下において、細胞が増殖し、細胞が体外の電極から電子を引き抜くことでNADHを作り出し、ルビスコタンパク質を介して二酸化炭素から有機物を合成する能力を持つことを突き止めました。本研究は、電気が光と化学物質に続く、地球上の食物連鎖を支える第3のエネルギーであることを示しました。今後、深海底に広がる電気に依存した生命圏である電気生態系を調査する上で重要な知見になると期待できます。

Cells of the *Acidithiobacillus ferrooxidans* (*A. ferrooxidans*), a chemolithoautotrophic bacterium known to oxidize iron ions, proliferate and generate the NADH by extracting electrons from the electrode outside of body, and also *A. ferrooxidans* synthesizes organic substances from carbon dioxide through the rubisco protein. This research showed that the electricity could be the third energy following to the light and chemicals to support the food chain on the earth.



Acidithiobacillus ferrooxidans



◀中村 龍平 (チームリーダー)
Ryuei NAKAMURA (Team Leader)

Original article
From chemolithoautotrophs to electrolithoautotrophs: CO₂ fixation by Fe(II)-oxidizing bacteria coupled with direct uptake of electrons from solid electron sources.
Front. Microbiol. 6, 994 (2015)

G:グループ T:チーム U:ユニット / RG: Research Group RT: Research Team RU: Research Unit T: Team U: Unit		
Date	タイトル / Title	研究室 / Lab
2015.04.01	ソルガムのデータベース「MOROKOSHI」をバージョンアップ Morokoshi sorghum database upgraded	合成ゲノミクス研究G Synthetic Genomics RG
2015.04.08	海水を用いた淡水性ラン藻の培養に成功 Seawater successfully used for freshwater cyanobacteria cultivation	代謝システム研究T Metabolic Systems RT
2015.04.28	微生物が特定の形の代謝物を作るために必要な酵素遺伝子を発見 New enzyme gene required for the formation of specific configurations of microbial secondary metabolites	天然物生産合成研究U Natural Product Biosynthesis RU
2015.05.05	生体内の低分子化合物物を網羅的に捉える解析プログラムを開発 New analysis program comprehensively captures small metabolites	メタボローム情報研究T Metabolome Informatics RT
2015.05.15	有用プランクトンを細胞丸ごと計測する多次元固体NMR解析 Profiling of plankton whole-cells using multidimensional solid-state NMR	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT
2015.05.25	海洋天然物セオネラミドはコレステロールに結合し細胞膜の秩序を乱す Theonellamides, natural products from marine sponges, bind to membrane cholesterol and disturb cell membrane order	ケミカルゲノミクス研究G Chemical Genomics RG
2015.05.26	血圧上昇に關与する酵素を阻害する新規含硫黄代謝物を発見 Newfound sulfur-containing metabolite inhibits enzyme that raises blood pressure	統合メタボロミクス研究G Metabolomics RG
2015.06.18	稲わら中の化成品原料成分の解明に成功 Elucidation of chemical ingredients in rice straw	細胞生産研究T / 環境代謝分析研究T Cell Factory RT / Environmental Metabolic Analysis RT
2015.06.25	重力によって移動方向が変わらないオーキシンを発見 A common auxin that does not respond to gravity's pull in land plants	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
2015.06.30	植物の分化全能性抑制の分子メカニズムの一端を解明 Discovery of a mechanism that represses plant totipotency	細胞機能研究T Cell Function RT
2015.07.06	シロアリ腸内の原生生物の表面共生細菌がリグノセルロース分解に寄与 Symbiotic bacteria on the surface of protists in the termite gut contribute to lignocellulose breakdown	バイオマス研究基盤T Biomass Research Platform T
2015.07.15	ミナトカモジグサとコムギの蓄積代謝物の共通点と相違点を解明 Clarification of similarities and differences in accumulated metabolites for <i>Brachypodium distachyon</i> and wheat	セルロース生産研究T Cellulose Production RT
2015.07.31	寄生植物の発芽誘導の仕組みを解明 New strigolactone receptor advances knowledge of how germination is induced in parasitic plants	植物免疫研究G Plant Immunity RG
2015.08.05	ニンニクの薬用成分を作る鍵となる遺伝子を発見 Core gene for the medicinal properties of garlic discovered	統合メタボロミクス研究G Metabolomics RG
2015.08.06	コムギの塩ストレス耐性のメカニズムを解明 Further understanding of salt stress tolerance mechanisms in wheat	バイオマス研究基盤T Biomass Research Platform T
2015.09.25	電気で生きる微生物を初めて特定 Electron-munching bacteria	生体機能触媒研究T Biofunctional Catalyst RT
2015.10.27	かび毒テヌアソンの生成成遺伝子を同定 Secrets of a rice-killing fungal toxin	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2015.10.30	アブシジン酸と拮抗的に働く新規化合物を同定 Novel abscisic acid antagonists identified	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2015.11.04	新たな代謝バイオマーカー探索法を開発 New method for data mining of metabolic biomarker	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT
2015.11.10	細胞分裂のブレーキの働きを解明 Deepening understanding of the brakes on cell division	細胞機能研究T Cell Function RT
2015.11.12	ポリケチド化合物の骨格形成に重要な酵素の機能解明 Elucidation of key enzymes involved in the formation of atypical polyketide extender unit	天然物生産合成研究U / ケミカルバイオロジー研究G Natural Product Biosynthesis RU / Chemical Biology RG
2015.11.13	葉緑体が植物の成長を制御する新たな仕組みを発見 A new mechanism in chloroplast-controlled plant growth	適応制御研究U / 統合メタボロミクス研究G Dormancy and Adaptation RU / Metabolomics RG
2015.11.27	長期の乾燥による葉の黄化防止に関わる遺伝子を発見 A gene that prevents leaf senescence under prolonged drought conditions	機能開発研究G Gene Discovery RG
2015.12.24	植物に耐塩性を与える化合物を発見 Chemical compound improves resistance to salinity stress	植物ゲノム発現研究T / ケミカルゲノミクス研究G Plant Genomic Network RT / Chemical Genomics RG
2016.01.05	植物の高温に対する初期応答のメカニズムを解明 Initial plant response mechanism to high temperatures elucidated	機能開発研究G Gene Discovery RG
2016.01.18	エイズウイルスの細胞間感染の新たなメカニズムを解明 A new mechanism of intercellular transmission of the AIDS virus	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2016.02.04	シルク材料での水の影響を解明 Understanding how silk is affected by water	酵素研究T Enzyme RT
2016.02.04	イネの高温ストレス耐性を向上する方法の開発 A new method for increasing heat stress tolerance in rice plants	機能開発研究G Gene Discovery RG
2016.02.26	酵母のアミノ酸取り込みを調節する化合物を発見 Novel oxylipins modulate amino acid uptake in fission yeast	ケミカルゲノミクス研究G Chemical Genomics RG
2016.03.07	髄膜炎菌感染症の新たな薬剤標的を発見 A new medicinal target for meningococcal disease	生命分子解析U Biomolecular Characterization U
2016.03.15	有機ケイ素化合物の新しい合成法を開発 New method for the synthesis of organosilicon compounds	先進機能触媒研究G Advanced Catalysis RG

Date	賞 / Awards	受賞者 / Awardees	研究室 / Labs
2015.04.07	日本農芸化学会2015年度大会 トピックス賞 Hot Topics Award at Annual Meeting of JSBBA 2015	天貝 啓太 客員研究員 Keita AMAGAI Visiting Scientist 柴崎 典子 テクニカルスタッフ Noriko SHIBAZAKI Technical Staff 高木 海 テクニカルスタッフ Hiroshi TAKAGI Technical Staff 高橋 俊二 ユニットリーダー Shunji TAKAHASHI Unit Leader	天然物合成研究U Natural Product Biosynthesis RU
		長田 裕之 グループディレクター Hiroyuki OSADA Group Director	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2015.04.13	第9回科学技術の「美」パネル展 優秀賞 9th Science and Technology beautiful panel exhibition, The Best Award	豊岡 公徳 上級研究員 Kiminori TOYOOKA Senior Research Scientist 佐藤 茜子 技師 Mayuko SAITO Technical Scientist 若崎 真由美 テクニカルスタッフ Mayumi WAKAZAKI Technical Staff	質量分析・顕微鏡解析U Mass Spectrometry and Microscopy U
		井藤 賢 上級研究員 Misao ITOUGA Senior Research Scientist 加藤 由佳梨 テクニカルスタッフ Yukari KATO Technical Staff	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
2015.04.23	The Inhoffen Medal, Helmholtz Centre for Infection Research The Inhoffen Medal, Helmholtz Centre for Infection Research	長田 裕之 副センター長 Hiroyuki OSADA Deputy Director	環境資源科学研究センター CSRS
2015.04.30	ASBP's Top Authors ASBP's Top Authors	篠崎 一雄 センター長 Kazuo SHINOZAKI Director 斉藤 和季 副センター長 Kazuki SAITO Deputy Director 神谷 勇治 コーディネーター Yuji KAMIYA Coordinator	環境資源科学研究センター CSRS
		榎原 均 グループディレクター Hitoshi SAKAKIBARA Group Director	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
		峠 隆之 客員研究員 Takayuki TOHGE Visiting Scientist	統合メタボロミクス研究G Metabolomics RG
2015.05.07	日本植物学会 若手奨励賞 BSJ Young Botanist Prize	池内 桃子 基礎科学特別研究員 Momoko IKEUCHI Special Postdoctoral Researcher	細胞機能研究T Cell Function RT
2015.05.29	ICRR2015 Excellent Poster Award ICRR2015 Excellent Poster Award	谷田貝 文夫 研究囑託 Fumio YATAGAI Research Consultant	生命分子解析U Biomolecular Characterization U
2015.05.29	高分子学会 優秀ポスター賞 SPSJ Symposium on Macromolecules Poster Award	畑中 秀仁 研修生 Hidehito HATANAKA Student Trainee	バイオプラスチック研究T Bioplastic RT
2015.06.01	日本学士院賞 Japan Academy Prize	吉田 稔 グループディレクター Minoru YOSHIDA Group Director	ケミカルゲノミクス研究G Chemical Genomics RG
2015.06.02	ASBP Corresponding Membership Award ASBP Corresponding Membership Award	篠崎 一雄 センター長 Kazuo SHINOZAKI Director	環境資源科学研究センター CSRS
2015.06.11	第19回日本がん分子標的治療学会学術集会 優秀演題賞 The Lecture Award, The 19th Workshop of the Japanese Association for Molecular Target Therapy of Cancer	河村 達郎 基礎科学特別研究員 Tatsuro KAWAMURA Special Postdoctoral Researcher	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2015.06.12	平成26年度日本がん分子標的治療学会 研究奨励賞 Inclement Award of the Japanese Association for Molecular Target Therapy of Cancer	二村 友史 研究員 Yushi FUTAMURA Research Scientist	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2015.07.17	第G1回高分子研究発表会 ヤングサイエンティスト講演賞 The Young Scientist Lecture Award, The Society of Polymer Science, Japan	沼田 圭司 チームリーダー Keiji NUMATA Team Leader	酵素研究T Enzyme RT
2015.07.23	高分子学会 バイオ・高分子研究会 若手研究者奨励講演賞 Forum on Biopolymers Science, Society of Polymer Science Young Scientist Lecture Award	沼田 圭司 チームリーダー Keiji NUMATA Team Leader	酵素研究T Enzyme RT
2015.08.11	日本植物細胞分子生物学会 奨励賞 The JSPCMB Award for Young Scientists	岡咲 洋三 研究員 Yoza OKAZAKI Research Scientist	統合メタボロミクス研究G Metabolomics RG
2015.08.21	ISMAR Student Travel Stipend ISMAR Student Travel Stipend	小松 功典 大学院生リサーチアソシエイト Takanori KOMATSU Junior Research Associate	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT

G:グループ T:チーム U:ユニット / RG: Research Group RT: Research Team RU: Research Unit U: Unit

Date	賞 / Awards	受賞者 / Awardees	研究室 / Labs
2015.08.26	日本植物病理学会 植物感染生理談話会 優秀発表賞 The Poster Award, Plant Fungal Pathogen Workshop of the PSJ	津島 綾子 研修生 Ayako TSUSHIMA Student Trainee	植物免疫研究G Plant Immunity RG
2015.09.04	第26回新薬創製談話会 奨励賞 Incentive Award, the 26th Workshop for discovery of new drugs	山本 甲斐 研修生 Kai YAMAMOTO Student Trainee	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2015.09.05	日本植物形態学会 平瀬賞 Hirase Award 2015 of The Japanese Society of Plant Morphology	豊岡 公徳 上級研究員 Kiminori TOYOOKA Senior Research Scientist 佐藤 茜子 技師 Mayuko SAITO Technical Scientist	質量分析・顕微鏡解析U Mass Spectrometry and Microscopy U
2015.09.26	日本農芸化学会 関東支部大会 若手優秀発表賞 The Poster Award, Kanto branch meeting of the JSBBA	田中 翔太 研修生 Shota TANAKA Student Trainee	機能開発研究G Gene Discovery RG
2015.11.05	Asian Core Program Lectureship Award Asian Core Program Lectureship Award	滝田 良 副チームリーダー Ryo TAKITA Deputy Team Leader	先進機能元素化学研究T Advanced Elements Chemistry RT
2015.11.07	第54回NMR討論会 若手ポスター優秀賞(副賞:JEOL RESONANCE賞) The Best Poster Award and JEOL RESONANCE Award for Young Scientists, The 54th Annual Meeting of the NMR Society of Japan	小松 功典 大学院生リサーチアソシエイト Takanori KOMATSU Junior Research Associate	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT
2015.11.07	第54回NMR討論会 若手ポスター賞 Poster Award for Young Scientists, The 54th Annual Meeting of the NMR Society of Japan	魏 菲菲 特別研究員 WEI Fefei Postdoctoral Researcher	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT
2015.11.18	Highly Cited Researcher 2015 Highly Cited Researcher 2015	篠崎 一雄 センター長 Kazuo SHINOZAKI Director 斉藤 和季 副センター長 Kazuki SAITO Deputy Director 神谷 勇治 コーディネーター Yuji KAMIYA Coordinator	環境資源科学研究センター CSRS
		榎原 均 グループディレクター Hitoshi SAKAKIBARA Group Director	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
		白須 賢 グループディレクター Ken SHIRASU Group Director	植物免疫研究G Plant Immunity RG
		平井 優美 チームリーダー Masami HIRAI Team Leader	代謝システム研究T Metabolic Systems RT
		関 原明 チームリーダー Motoaki SEKI Team Leader	植物ゲノム発現研究T Plant Genomic Network RT
		藤田 美紀 研究員 Miki FUJITA Research Scientist	機能開発研究G Gene Discovery RG
2015.11.19	日本薬学会 学術振興賞 The Pharmaceutical Society of Japan Award for Divisional Scientific Promotions	山田 陽一 副チームリーダー Yoichi YAMADA Deputy Team Leader	グリーンナノ触媒研究T Green Nanocatalysis RT
2015.11.30	日本遺伝学会第87回大会 Best Papers賞 The Best Paper Award, The 87th annual meeting, The Genetics Society of Japan	金 鍾明 研究員 Jong-Myong KIM Research Scientist 関 原明 チームリーダー Motoaki SEKI Team Leader	植物ゲノム発現研究T Plant Genomic Network RT
2015.12.05	Banyu Chemist Award Banyu Chemist Award	五月女 宜裕 研究員 Yoshihiro SOHTOME Research Scientist	触媒・融合研究G Catalysis and Integrated RG
2016.01.19	The 8th Korea-Japan Chemical Biology Symposium Young Scientist Award The 8th Korea-Japan Chemical Biology Symposium Young Scientist Award	尹 忠鉢 研究員 YUN Choong-Soo Research Scientist 宮澤 岳 大学院生リサーチアソシエイト Takeshi MIYAZAWA Junior Research Associate	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2016.01.22	Thieme Chemistry Journal Award 2016 Thieme Chemistry Journal Award 2016	五月女 宜裕 研究員 Yoshihiro SOHTOME Research Scientist	触媒・融合研究G Catalysis and Integrated RG
2016.01.22	名古屋メダル(シルバー) Nagoya Silver Medal	侯 召民 副センター長 Zhaomin HOU Deputy Director	環境資源科学研究センター CSRS
2016.03.06	ImPACT セレンディビティ賞 The IMPACT Serendipity Award	持田 恵一 チームリーダー Keiichi MOCHIDA Team Leader	セルロース生産研究T Cellulose Production RT
2016.03.19	日本植物生理学会賞 JSPPP Award	斉藤 和季 副センター長 Kazuki SAITO Deputy Director	環境資源科学研究センター CSRS
2016.03.27	日本農芸化学会特別賞 The Japan Bioscience, Biotechnology and Agrochemistry Society Special Award	長田 裕之 副センター長 Hiroyuki OSADA Deputy Director	環境資源科学研究センター CSRS

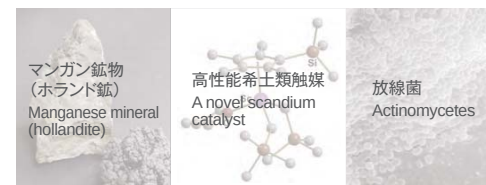
センター長 / Director
篠崎 一雄 / Kazuo SHINOZAKI

副センター長 / Deputy Director
長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
斉藤 和季 / Kazuki SAITO
侯 召民 / Zhaomin HOU

コーディネーター / Coordinator
篠原 健司 / Kenji SHINOHARA
神谷 勇治 / Yuji KAMIYA

機能開発研究グループ / Gene Discovery Research Group
篠崎 一雄 / Kazuo SHINOZAKI
生産機能研究グループ / Plant Productivity Systems Research Group
構原 均 / Hitoshi SAKAKIBARA
植物免疫研究グループ / Plant Immunity Research Group
白須 賢 / Ken SHIRASU
統合メタボミクス研究グループ / Metabolomics Research Group
斉藤 和季 / Kazuki SAITO
先進機能触媒研究グループ / Advanced Catalysis Research Group
侯 召民 / Zhaomin HOU
触媒・融合研究グループ / Catalysis and Integrated Research Group
袖岡 幹子 / Mikiko SODEOKA
ケミカルバイオロジー研究グループ / Chemical Biology Research Group
長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
ケミカルゲノミクス研究グループ / Chemical Genomics Research Group
吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
代謝システム研究チーム / Metabolic Systems Research Team
平井 優美 / Masami HIRAI
メタボローム情報研究チーム / Metabolome Informatics Research Team
有田 正規 / Masanori ARITA
環境代謝分析研究チーム / Environmental Metabolic Analysis Research Team
菊地 淳 / Jun KIKUCHI
植物ゲノム発現研究チーム / Plant Genomic Network Research Team
関 原明 / Motoaki SEKI
細胞機能研究チーム / Cell Function Research Team
杉本 慶子 / Keiko SUGIMOTO
植物共生研究チーム / Plant Symbiosis Research Team
林 誠 / Makoto HAYASHI
先進機能元素化学研究チーム / Advanced Elements Chemistry Research Team
内山 真伸 / Masanobu UCHIYAMA
グリーンナノ触媒研究チーム / Green Nanocatalysis Research Team
魚住 泰広 / Yasuhiro UOZUMI
生体機能触媒研究チーム / Biofunctional Catalyst Research Team
中村 龍平 / Ryuhei NAKAMURA
分子リガンド標的研究チーム / Molecular Ligand Target Research Team
チャールズ・ブーン / Charles M. BOONE
適応制御研究ユニット / Dormancy and Adaptation Research Unit
瀬尾 光範 / Mitsunori SEO
発現調節研究ユニット / Signaling Pathway Research Unit
ラム・ソン・ファン・チャン / Lam-Son Phan TRAN
機能調節研究ユニット / Regulatory Network Research Unit
申 伶 / Ryoung SHIN
植物プロテオミクス研究ユニット / Plant Proteomics Research Unit
中神 弘史 / Hirofumi NAKAGAMI
統合ゲノム情報研究ユニット / Integrated Genome Informatics Research Unit
櫻井 哲也 / Tetsuya SAKURAI
天然物生合成研究ユニット / Natural Product Biosynthesis Research Unit
高橋 俊二 / Shunji TAKAHASHI
化合物リソース開発研究ユニット / Chemical Resource Development Research Unit
長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
生理活性物質探索研究ユニット / Bio-Active Compounds Discovery Research Unit
渡邊 信元 / Nobumoto WATANABE
バイオマス工学研究部門 / Biomass Engineering Research Division
松井 南 / Minami MATSUI
合成ゲノミクス研究グループ / Synthetic Genomics Research Group
松井 南 / Minami MATSUI
セルロース生産研究チーム / Cellulose Production Research Team
持田 恵一 / Keiichi MOCHIDA
酵素研究チーム / Enzyme Research Team
沼田 圭司 / Keiji NUMATA
バイオプラスチック研究チーム / Bioplastic Research Team
阿部 英喜 / Hideki ABE
細胞生産研究チーム / Cell Factory Research Team
近藤 昭彦 / Akihiko KONDO
バイオマス研究基盤チーム / Biomass Research Platform Team
篠崎 一雄 / Kazuo SHINOZAKI
創薬・医療技術基盤連携部門 / Drug Discovery Platforms Cooperation Division
吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
創薬ケミカルバンク基盤ユニット / Chemical Bank Unit for Drug Discovery Platform
吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
創薬シード化合物探索基盤ユニット / Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform
吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
技術基盤部門 / Technology Platform Division
長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
分子構造解析ユニット / Molecular Structure Characterization Unit
越野 広雪 / Hiroyuki KOSHINO
生命分子解析ユニット / Biomolecular Characterization Unit
堂前 直 / Naoshi DOHMAE
質量分析・顕微鏡解析ユニット / Mass Spectrometry and Microscopy Unit
斉藤 和季 / Kazuki SAITO

Figures on the cover



back cover

