

独立行政法人理化学研究所 環境資源科学研究センター
RIKEN Center for Sustainable Resource Science
〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1丁目7番22号
1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045 Japan
Tel: +81-(0)45-503-9471 Fax: +81-(0)45-503-9111 Email: csrs@riken.jp

www.csrs.riken.jp

RIKEN Center for Sustainable Resource Science Annual Report 2013

RIKEN Center for Sustainable Resource Science
Annual Report 2013



独立行政法人理化学研究所 環境資源科学研究センター
アニュアルレポート2013



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。

人類は今、環境、エネルギー、食料、感染症など地球規模のさまざまな問題に直面しており、これらの問題解決に貢献できる科学技術によるイノベーションの創出が社会から求められています。環境資源科学研究センターは、理研の総合力を発揮するために、植物科学、ケミカルバイオロジー、触媒化学の異分野を融合し、食料、エネルギー、素材などの持続的生産に関わる「グリーンイノベーション」に貢献する研究センターとして2013年4月に発足しました。

地球規模の課題解決へ向け、革新的な技術を生み出すためには、分野の壁を超えた横断的な研究交流が必要不可欠です。当センターは生物学と化学の知見を融合し、「炭素の循環的利活用」「窒素の循環的利活用」「金属元素の循環的利活用」「持続的生産のための研究基盤」の4つのプロジェクトを推進しています。

多様な生物機能と化学機能の理解を礎に、「新しい資源を創りだすこと(創資源)」「資源を節約すること(省資源)」「従来の資源を新しく活かすこと(活資源)」を目標に、課題解決型の科学を進めていきます。そして、バイオ素材の利活用を進め、環境に優しい生産技術や農業生産を実現し持続的な人類社会の構築に貢献する、それが環境資源科学研究センターの使命です。

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

Humankind now faces global-scale problems with the environment, energy, food and infectious disease. Society demands creative innovations that will contribute to resolving these problems based on science and technology. The RIKEN Center for Sustainable Resource Science, CSRS, was established in April 2013 to contribute to 'green innovation' for sustainable production of food, energy and materials by fusing RIKEN's expertise in fields of plant science, chemical biology and catalytic chemistry.

Fusion of different fields is essential for innovating new technologies to solve global-scale problems. CSRS aims to create, save and utilize resources by integrating biological and chemical knowledge. We promote four key projects to this end: Carbon utilization, Nitrogen utilization, Metallic Elements utilization, and Research Platforms.

CSRS's mission is to enhance the use of biomaterials and chemicals based on understanding the diversity of both biological and chemical functions. In order to contribute to society by developing biomass engineering, chemical and energy production technologies, and sustainable agriculture that maximize efficiency and reusability of resources, which are gentle on the natural world enabling a sustainable society.

Kazuo SHINOZAKI, Director of CSRS



Contents

センター長挨拶 Message from Director	2
目次 Contents	3
センター紹介 About CSRS	4
コア研究&融合プロジェクト Core Research & Interdisciplinary Research	8
炭素の循環的利活用研究プロジェクト R&D Project of Carbon Utilization	10
窒素等の循環的利活用研究プロジェクト R&D Project of Nitrogen Utilization	12
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	14
循環資源探索・活用研究基盤プロジェクト R&D Project of Research Platforms	16
バイオマス工学連携部門／創薬・医療技術基盤連携部門 Biomass Engineering Program Cooperation Division / Drug Discovery Platforms Cooperation Division	18
国際／国内連携 International / Domestic Collaboration	20
産業／理研所内連携 Industrial / RIKEN Internal Collaboration	22
植物科学最先端研究拠点ネットワーク Japan Advanced Plant Science Research Network	23
ニュース&イベント News & Events	24
セミナー CSRS Seminars	26
プレスリリースハイライト Press Release Highlights	28
プレスリリース Press Releases	29
受賞 Awards	30
研究室紹介 Laboratories	31
植物科学 / Plant Science	
機能開発研究グループ Gene Discovery Research Group	32
生産機能研究グループ Plant Productivity Systems Research Group	34
植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group	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
適応制御研究ユニット Dormancy and Adaptation Research Unit	42
発現調節研究ユニット Signaling Pathway Research Unit	44
機能調節研究ユニット Regulatory Network Research Unit	46
植物プロテオミクス研究ユニット Plant Proteomics Research Unit	48
統合メタボロミクス研究グループ Metabolomics Research Group	50
代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team	52
環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team	54
メタボローム情報研究チーム Metabolome Informatics Research Team	56
統合ゲノム情報研究ユニット Integrated Genome Informatics Research Unit	58

ケミカルバイオロジー / Chemical Biology

ケミカルゲノミクス研究グループ Chemical Genomics Research Group	60
ケミカルバイオロジー研究グループ Chemical Biology Research Group	62
分子リガンド標的研究チーム Molecular Ligand Target Research Team	64
天然物合成研究ユニット Natural Product Biosynthesis Research Unit	66
化合物リソース開発研究ユニット Chemical Resource Development Research Unit	68
生理活性物質探索研究ユニット Bio-Active Compounds Discovery Research Unit	70

触媒化学 / Catalytic Chemistry

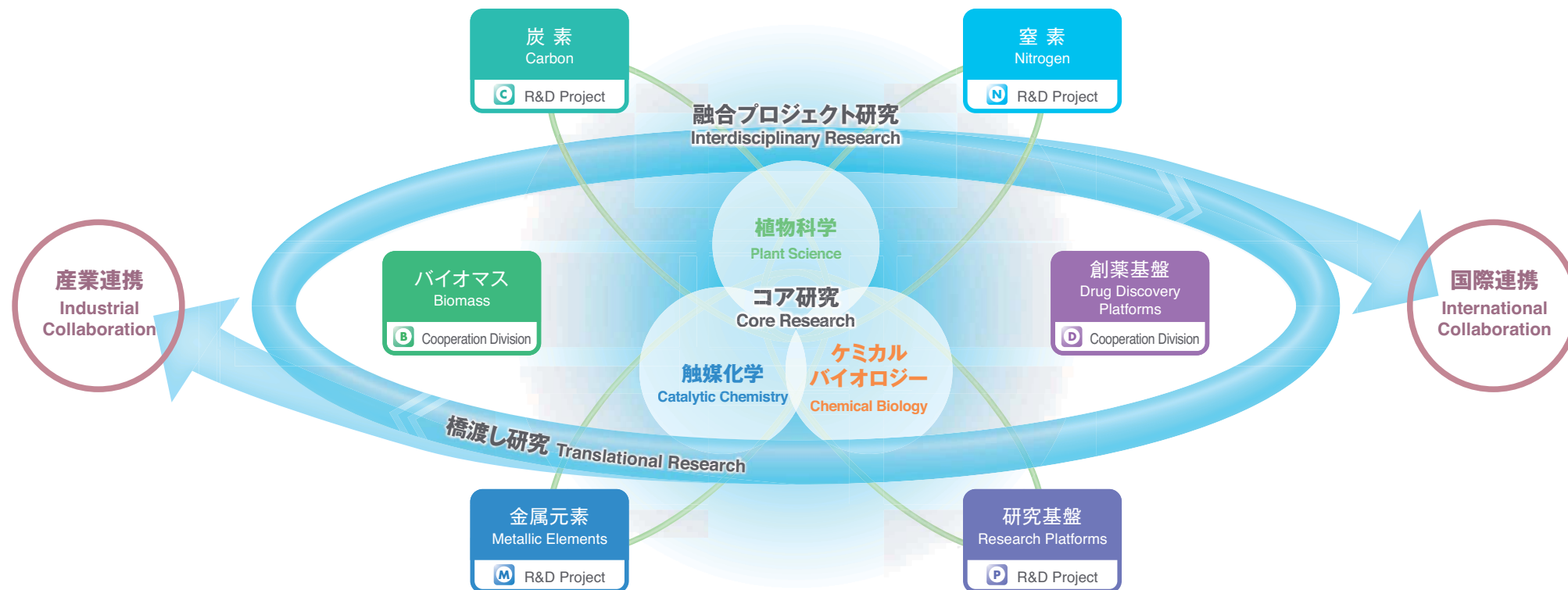
先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group	72
触媒・融合研究グループ Catalysis and Integrated Research Group	74
先進機能元素化学研究チーム Advanced Elements Chemistry Research Team	76
グリーンナノ触媒研究チーム Green Nanocatalysis Research Team	78
生体機能触媒研究チーム Bifunctional Catalyst Research Team	80

バイオマス工学連携部門 / Biomass Engineering Program Cooperation Division

セルロース生産研究チーム Cellulose Production Research Team	82
合成ゲノミクス研究チーム Synthetic Genomics Research Team	84
酵素研究チーム Enzyme Research Team	86
バイオプラスチック研究チーム Bioplastic Research Team	88
細胞生産研究チーム Cell Factory Research Team	90
バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team	92

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	94
創薬シード化合物探索基盤ユニット Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform	96
組織図 Organization	98



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**

Fundamentals of the center; **Core Research**

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つの分野を結集し、生物機能の多様性と化学的多様性の理解と活用のため、環境資源科学研究センターが発足しました。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。

RIKEN created a center collecting three of its strong fields, Plant Science, Chemical Biology, and Catalytic Chemistry, to elucidate the diversity of biological functions and chemical diversity. 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.

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ぶ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。

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新たに立ち上げました。持続的な社会の実現を目指して、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 established 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.

バイオマス工学と創薬基盤における連携研究

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知創成事業の一環として始まった下記2つの事業とセンターは、相互に密接な連携のもと活動しています。

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 創薬・医療技術基盤連携部門

ケミカルバンクを駆使して、創薬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。

Cooperative research for Biomass-Engineering and Drug Discovery Platform projects

Two CSRS projects established as part of the RIKEN Research Cluster for Innovation are charged with exchanging knowledge and discoveries between RIKEN and other institutions or companies.

B Biomass Engineering Program Cooperation Division (BMEP)

BMEP 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 BMEP is promoting collaborations with domestic and foreign research institutes and industries.

D Drug Discovery Platforms Cooperation Division

CSRS Drug Discovery Platforms Cooperation Division, the Chemical Bank and Seed Compounds Exploratory Research Unit, 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.

橋渡し研究による産業連携・国際連携

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、社会知創成事業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、30件を超える連携研究体制を構築しました。

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。

Knowledge and Technology transfer; **Translational Research**

Outstanding core research in each specialized field and integrated knowledge obtained from interdisciplinary projects are transferred to society by collaborating with industry. More than 30 collaborative research projects have started towards realizing "open innovation" by proactively matching industry needs with research seeds from CSRS, in cooperation with the Business Development Office of RIKEN Research Cluster for Innovation 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.

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

コア研究 / Core Research

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	榊原	SAKAKIBARA
	植物免疫研究グループ	Plant Immunity Research Group	白須	SHIRASU
	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
	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
	環境代謝分析研究チーム	Environmental Metabolic Analysis Research Team	菊地	KIKUCHI
	メタボーム情報研究チーム	Metabolome Informatics Research Team	有田	ARITA
	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	ケミカルゲノミクス研究グループ	Chemical Genomics Research Group	吉田	YOSHIDA
	ケミカルバイオロジー研究グループ	Chemical Biology Research Group	長田	OSADA
	分子リガンド標的研究チーム	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	Biofunctional Catalyst Research Team	中村	NAKAMURA

バイオマス工学連携部門	Biomass Engineering Program Cooperation Division	松井	MATSUI
創薬・医療技術基盤連携部門	Drug Discovery Platforms Cooperation Division	吉田	YOSHIDA

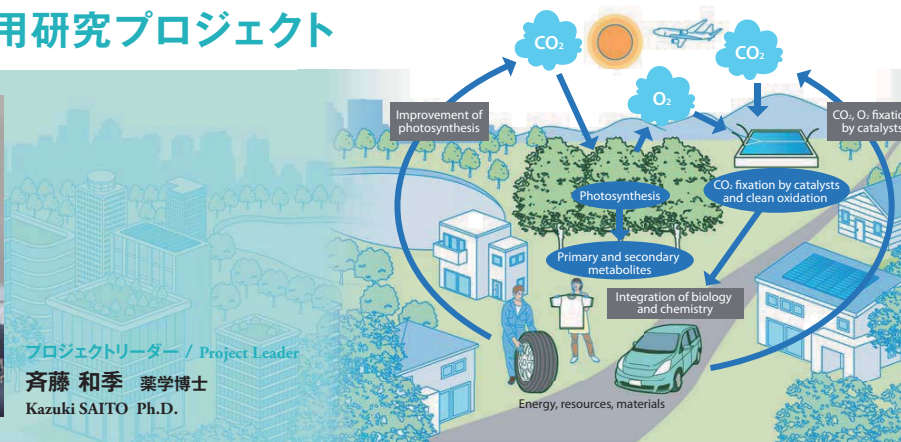
融合プロジェクト研究 / Interdisciplinary Research			
C 炭素 Carbon	N 窒素 Nitrogen	M 金属元素 Metallic Elements	P 研究基盤 Research Platforms
●	○		○
○	●	◎	
	●		
○	○		○
	○		
	○	○	○
	○	○	
	○	○	
○	○		
◎	○		◎
○	○		○
○		○	○
○		○	○
○		○	○
○		○	○
○	●		●
●	○		●
			○
○	○	○	○
○	○		○
○	◎	●	
●	○	○	
○	○	○	
○		○	
○		○	

- ◎ 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

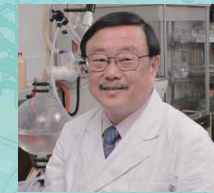


プロジェクトリーダー / Project Leader

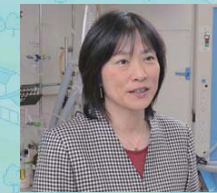
斉藤 和季 薬学博士
Kazuki SAITO Ph.D.



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.



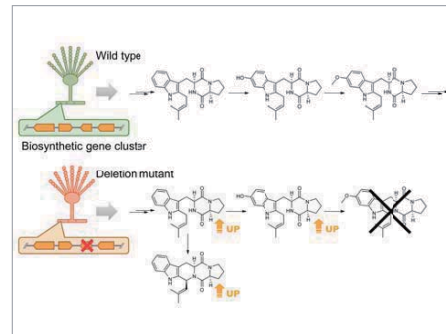
篠崎 一雄 理学博士
Kazuo SHINOZAKI D.Sci.

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

- キャッサバの系統間におけるDNA配列の違いを網羅的解析により同定した。
- 植物のリン欠ストレスを緩和する新しい糖脂質を発見し、有機合成化学によって構造を確定した。
- 窒素欠乏時のラン藻の代謝を網羅的に解析し、炭素とエネルギーを分散させて蓄積することを見出した。
- パスウェイ工学により、生成経路の特定の化合物を効率的に生産する手法を開拓した。
- ホオズキからの天然物と合成化合物を活用し、フィサリン類の作用機序を明らかにした。
- 葉緑体の機能に関わる核遺伝子の機能データベース The Chloroplast Function Database II を公開した。

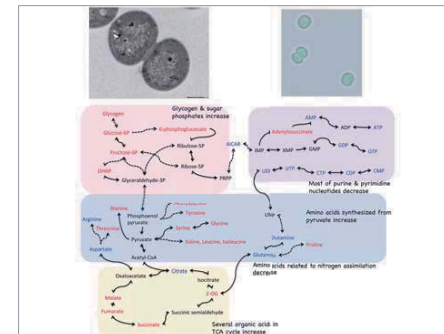


Pathway engineering of fumitremorgin biosynthesis

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.



Re-distribution of carbon source during N starvation in *Synechocystis* sp. PCC 6803

Research Results

- Comprehensive sequence analysis identifies DNA polymorphisms among cassava varieties.
- A new class of plant glycolipids essential for protection against phosphorus depletion was identified and their structure was confirmed by organic synthesis.
- Comprehensive analysis of the metabolism of nitrogen-deficient Cyanobacteria uncovered the unique distribution of carbon metabolites and energy sources.
- Pathway engineering method enables us to produce bioactive metabolites and their intermediates selectively.
- Natural products isolated from *Physalis* plants in combination with synthetic compounds uncovered the mode-of-action of physalins.
- We opened the Chloroplast Function Database II: Database for nuclear gene functions of chloroplast proteins

今後のビジョン

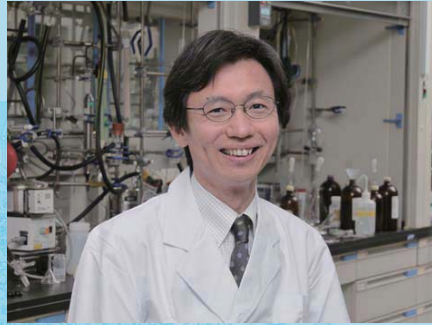
- C4光合成や葉緑体機能、代謝プロセスに関わる鍵遺伝子とネットワークの発見
- 微生物や植物の光合成の最適化と光合成を促進する化合物の探索
- 植物や微生物における脂質、テルペノイド、ポリケチド生産の代謝工学の実現
- 環境への負荷を最小にした二酸化炭素や酸素を資源として用いる化学合成反応や触媒の開発
- 水分解などの人工光合成の開発

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)

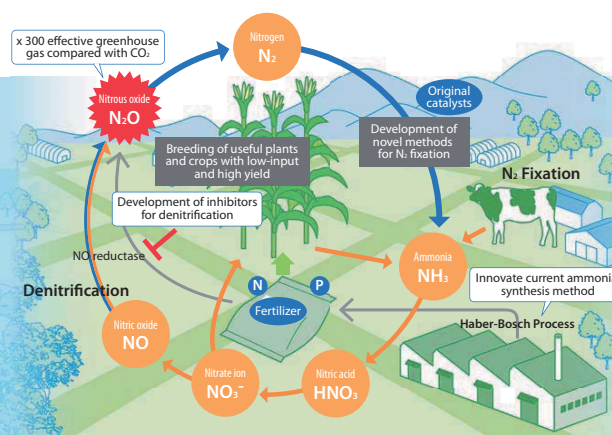


窒素等の循環的利活用研究プロジェクト



プロジェクトリーダー / Project Leader

侯 召民 工学博士
Zhaomin HOU D.Eng.

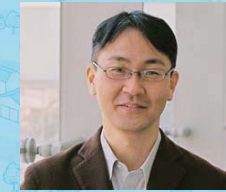


R&D Project of Nitrogen Utilization

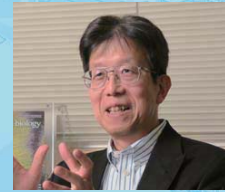
副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



白須 賢 Ph.D.
Ken SHIRASU Ph.D.



榎原 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

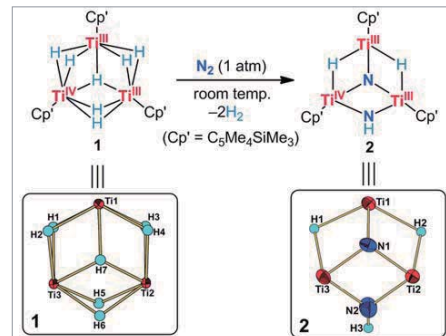
作物の栽培には、大量の肥料が使用されており、その肥料の原料となるアンモニアは、大気中の窒素から「ハーバー・ボッシュ法」によってつくられている。ハーバー・ボッシュ法は高温高压下で反応を行うため、大量の化石燃料を必要とし、アンモニアの生産に、世界全体の1%以上のエネルギーが使われているといわれるほどである。窒素プロジェクトでは、高温高压という極端な条件を必要としない、省資源・省エネルギー的な方法で窒素固定、アンモニア合成を実現する革新的な触媒の開発を目指す。また、窒素やリンが少ない栄養状態の悪い環境でも植物の生育を可能にする遺伝子や生理活性物質を探索し、それを制御することで少ない肥料(ローインプット)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(NO_3^-)は脱窒という過程を経て亜酸化窒素(N_2O)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

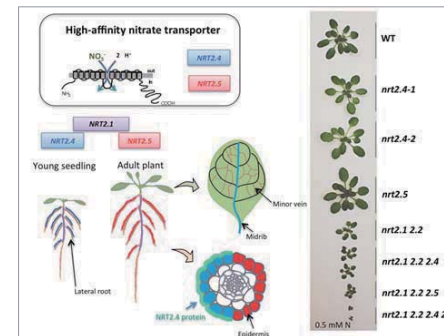
- チタンヒドライド錯体を用いて常温常圧で窒素分子の切断と水素化に成功した。
- 低窒素条件下での硝酸イオンの吸収に関わる輸送体NRT2.4とNRT2.5を同定した。
- 窒素栄養に応答した二重のサイトカイニン合成制御システムを発見した。
- 植物のストレスに対する応答を調節する3つの新規転写因子を発見した。
- 代替ポリアデニル化による植物病害応答の新規制御メカニズムを発見した。
- 原核生物、真核生物それぞれについて脱窒を阻害する化合物のスクリーニング系を構築した。

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



Dinitrogen cleavage and hydrogenation by a trinuclear titanium polyhydride



Mechanism of efficient nitrate uptake under N-limited conditions

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.

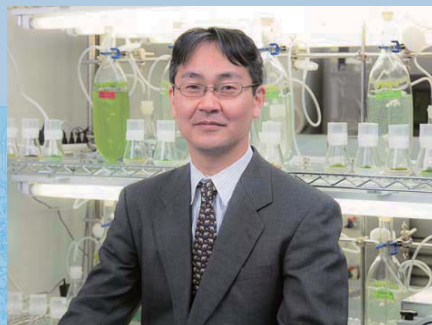
Another major goal is developing denitrification inhibitors. Nitrate ions (NO_3^-) are released into the atmosphere as nitrous oxide (N_2O) through a process called denitrification. N_2O is a greenhouse gas with 300 times the effect of carbon dioxide (CO_2), and so clearly, we need to develop technology to reduce its emission.

Research Results

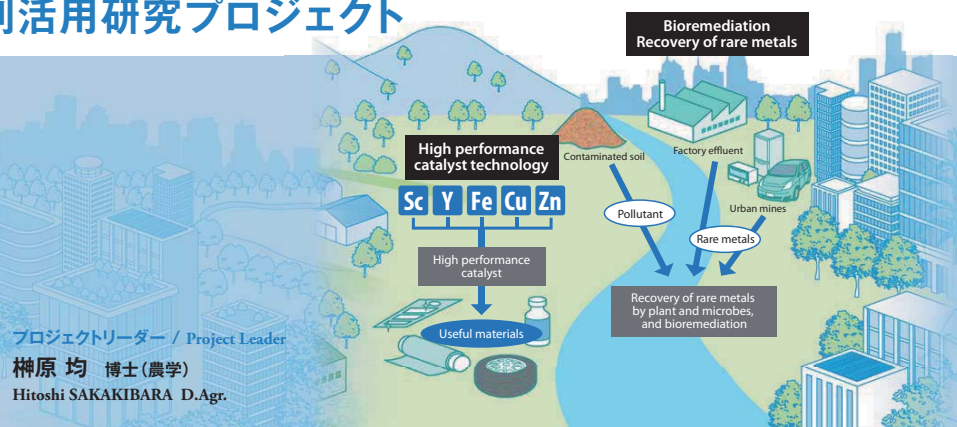
- We achieved dinitrogen cleavage and hydrogenation at ambient temperature and pressure by using a multimetallic titanium hydride complex.
- We identified NRT2.4 and NRT2.5 as key nitrate transporters under N-limited conditions.
- We identified a dual regulation system of cytokinin synthesis in response to nitrogen nutrition.
- We identified three novel transcriptional factors that regulate plant stress responses.
- We discovered a novel regulatory mechanism for plant disease responses; alternative polyadenylation controls activity of transcriptional factors for disease response
- We established screening systems for chemicals that inhibit pro- or eukaryotic denitrification.

Future Vision

- Development of efficient catalysts for N_2 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



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環境浄化にも役立つと期待できる。

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.

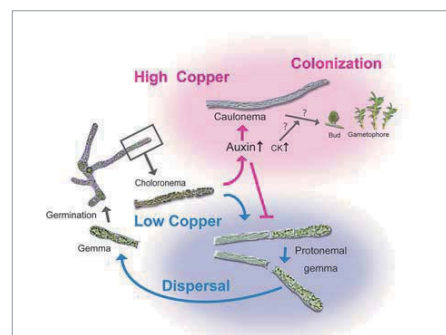
On the other hand, it is important to recover and reuse the valuable metals that lie "buried" in our "urban mines." We aim to promote technology transfers to recover useful metal resources efficiently without burdening the environment, by using mosses and other plants and microorganisms. This technology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

研究成果

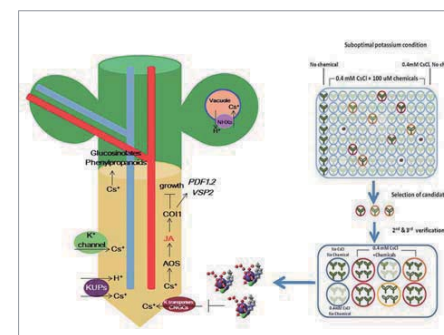
- ホンモンジゴケの銅イオンに応答した細胞分化制御のしくみを明らかにした。
- 植物のセシウム吸収効率を変化させる化合物候補を選抜した。
- アルケン類のアミノトリフルオロメチル化及びカルボトリフルオロメチル化を開発した。
- 1分以内で完結する高速水素化反応を実現する高分子鉄ナノ粒子触媒を開発した。
- ポリル亜鉛アート錯体を設計し、新規ホウ素化反応の開発を行った。

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
- 触媒的不斉トリフルオロメチル化反応の開発



Auxin controls Cu-dependent cell differentiation in copper moss, *Scopelophila cataractae*



Development of new methods for radiocesium remediation and analyses of regulatory components for phytoremediation

Research Results

- We revealed that Cu mediates auxin to control cell differentiation in *S. cataractae*.
- We isolated candidate chemicals which affect cesium uptake in plants.
- We developed catalytic amino- and carbo-trifluoromethylation of alkenes
- We developed a novel polymer-supported iron nanoparticle catalyst for the instantaneous hydrogenation within 1 minute.
- We designed borylzincate complex, and developed novel borylation reactions based on *in situ*-generated borylzincate complex.

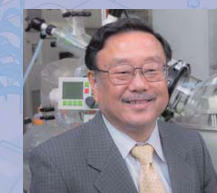
Future Vision

- 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

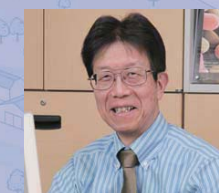


プロジェクトリーダー / Project Leader
斉藤 和季 薬学博士
 Kazuki SAITO Ph.D.

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

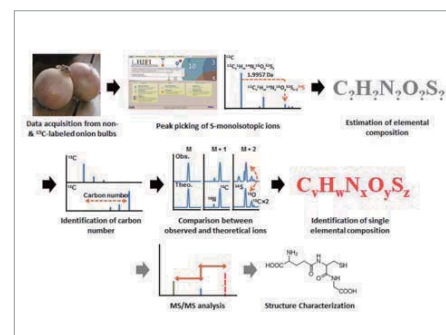
研究基盤プロジェクトでは、生物の代謝産物を統合的に調べるメタボローム解析基盤と、微生物由来の天然化合物を収集したケミカルバンクを有機的に連携し、「統合メタボロミクスプラットフォーム」を構築する。それにより、メタボローム解析で得られた代謝産物の機能がいち早く明らかになり、またケミカルバンクの多様性も上がることが期待できる。生理活性物質がどのような活性を持っているかを評価し、光合成機能の強化や窒素固定、脱窒の抑制、金属回収などの活性を持つ生理活性物質を探索できるプラットフォームを開発する。さらに、植物や微生物を用いた人工合成システムのプラットフォームの構築も目指す。有用な遺伝子や生理活性物質を見つ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

研究成果

- 硫黄を含んだ代謝物を網羅的に解析する「S-オミクス」を確立した。
- 海藻類の有機・無機成分複雑系の統合解析技術を構築した。
- ピロリジラク톤の単離と構造決定を行い、その分子標的を同定した。
- スプリットルシフェラーゼの原理を応用し、*in vitro* および *in vivo* での高速スクリーニングが可能なSUMOとSIM相互作用検出系を構築した。

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
- 系統的な成分単離と生合成による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



Overview of "S-Omics" with FT-ICR-MS

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.

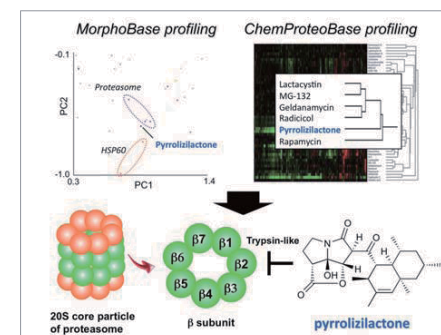
We evaluate the activity of physiologically active substances and develop a platform that can search for substances with useful functions such as enhanced photosynthesis and nitrogen fixation, suppression of denitrification, and metal recovery.

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 established "S-Omics" strategy with FT-ICR-MS for comprehensive analysis of sulfur-containing metabolites.
- We established an integrated analysis of seaweed components by heterogeneous chemical measurements with network visualization.
- We isolated and determined the structure of pyrrolizilactone, and then identified its molecular target.
- We established *in vitro* and *in vivo* systems for high-throughput assay to detect non-covalent interactions between SUMO and SIM using split-luciferase complementation.



Identification of a molecular target of pyrrolizilactone by phenotypic profiling systems

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



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。

今後のビジョン

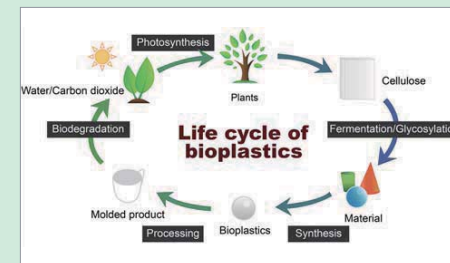
- バイオマス植物のゲノム情報を利用した植物バイオマス生産向上に関わる有用遺伝子の探索
- 合成的な代謝デザインによる革新的な細胞マテリアル生産プロセスの構築
- 社会的需要に沿った実践的バイオポリマーの開発と改良
- オープンイノベーションに向けた国際連携と企業連携研究の推進

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.

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



What is Biomass Engineering Research?



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

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、実際の医療につなげ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

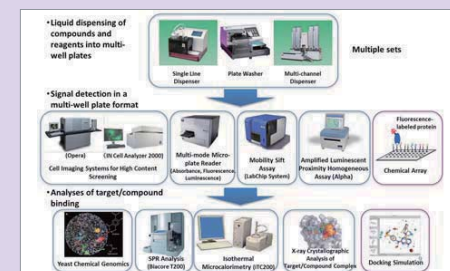
- HTSのthroughput向上（HTSからultra-HTSへのステップアップ）
- iPS細胞や幹細胞を利用したHTSやフェノタイプによるHTSの推進
- ユニークなHTS用化合物ライブラリーの構築

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



Facilities for HTS

研究協力協定 / Research Collaboration Agreement

- ① Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Germany
- ② Max Planck Institute of Molecular Physiology, Germany
- ③ Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Germany
- ④ International Center for Tropical Agriculture, Columbia
- ⑤ Nanjing Forestry University, China
- ⑥ Plant Systems Biology of VIB, Belgium
- ⑦ John Innes Centre and the Sainsbury Laboratory, UK
- ⑧ Umeå Plant Science Center, Sweden
- ⑨ China Agricultural University, China
- ⑩ University of California at San Diego, USA
- ⑪ Agricultural Genetics Institute, Viet Nam
- ⑫ Dalian University of Technology, China
- ⑬ University of Toronto, Canada
- ⑭ Korean Research Institute of Bioscience and Biotechnology at Ochang, Korea
- ⑮ Universiti Sains Malaysia at Penang, Malaysia



共同研究 / Joint Research Agreement

- A Noble Foundation, Iowa State University and University of California, Davis, USA
- B International Rice Research Institute, Philippines
- C International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico
- D Brazilian Agricultural Research Corporation, Brazil
- E Mahidol University, Thailand
- F Changchun Institute of Applied Chemistry, Chinese Academy of Sciences, China
- G Peking University, China
- H CNRS-Université de Rennes 1, France
- I Emory University, USA
- J University of Cambridge, UK

- ① 岡山大学
Okayama University
- ② 慶應義塾大学 先端生命科学研究所
Institute for Advanced Biosciences, Keio University
- ③ 神戸大学
Kobe University
- ④ 筑波大学
University of Tsukuba
- ⑤ 東京大学
The University of Tokyo
- ⑥ 名古屋大学大学院生命農学研究科 / トランスフォーマティブ生命分子研究所
Graduate School of Bioagricultural Sciences / Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University
- ⑦ 奈良先端科学技術大学院大学
Nara Institute of Science and Technology
- ⑧ 横浜市立大学 木原生物学研究所
Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University
- ⑨ 独立行政法人 海洋研究開発機構
Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology
- ⑩ 独立行政法人 国際農林水産業研究センター
Japan International Research Center for Agricultural Sciences
- ⑪ 独立行政法人 産業技術総合研究所
National Institute of Advanced Industrial Science and Technology
- ⑫ 独立行政法人 森林総合研究所
Forestry and Forest Products Research Institute
- ⑬ 独立行政法人 農業生物資源研究所
National Institute of Agrobiological Sciences
- ⑭ 独立行政法人 農業・食品産業技術総合研究機構
National Agriculture and Food Research Organization
- ⑮ 独立行政法人 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 木原生物学研究所 / 生命医科学研究科	Kihara Institute for Biological Research / Graduate School of Medical Life Science, 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 慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科	Graduate School of Media and Governance, Keio University
④ 東北大学大学院農学研究科	Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University
⑤ 東京大学大学院 農学生命科学研究科 / 理学研究科	Graduate School of Agricultural and Life Sciences / Graduate School of Science, The University of Tokyo
⑥ 新潟大学大学院自然科学研究科	Graduate School of Science and Technology, Niigata University
⑦ 埼玉大学大学院理工学研究科	Graduate School of Science and Engineering, Saitama University
⑧ 京都大学大学院理学研究科	Graduate School of Science, Kyoto University
⑨ 東洋大学大学院工学研究科	Graduate School of Engineering, Toyo University
⑩ 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
⑪ 立教大学大学院理学研究科	Graduate School of Science, Rikkyo University
⑫ 東京電機大学大学院工学研究科	Graduate School of Engineering, Tokyo Denki University
⑬ 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
⑭ 首都大学東京大学院理工学研究科	Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Metropolitan University
⑮ 千葉大学大学院融合科学研究科	Graduate School of Advanced Integration Science, Chiba University
⑯ 芝浦工業大学大学院理工学研究科	Graduate School of Engineering and Science, Shibaura Institute of Technology

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、22社の企業と共同研究を実施しています。

We are conducting collaborative research with 22 companies with the aim of practical application of our knowledge and technologies.

(株)ユーグレナ euglena Co., Ltd.

ユーグレナ(和名:ミドリムシ)の食品・繊維・飼料・肥料・燃料等への利活用

Utilization of Euglena in food, fiber, feed, fertilizer and fuel

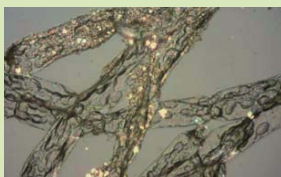


©euglena Co., Ltd.

DOWAホールディングス(株) Dowa Holdings Co., Ltd.

ヒョウタンゴケによる重金属排水処理

Disposal of waste containing heavy metal with moss



©DOWA ECO-SYSTEM

(株)カネカ KANEKA CORPORATION

バイオポリエステルの実用化に向けた高度な技術開発

Developing of the advanced technologies toward the practical use of the biopolyester



©KANEKA CORPORATION

理研所内連携

RIKEN Internal collaboration

当センターでは、理研の他センターとの連携研究を推進しています。

バイオマス工学連携部門では、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 promotes collaboration within RIKEN. The Biomass Engineering Program Cooperation Division 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.



バイオリソースセンター BioResource Center



生命システム研究センター Quantitative Biology Center



仁科加速器研究センター Nishina Center for Accelerator-Based Science



最先端研究基盤の活用 Leading-edge research facilities



NMR



K computer

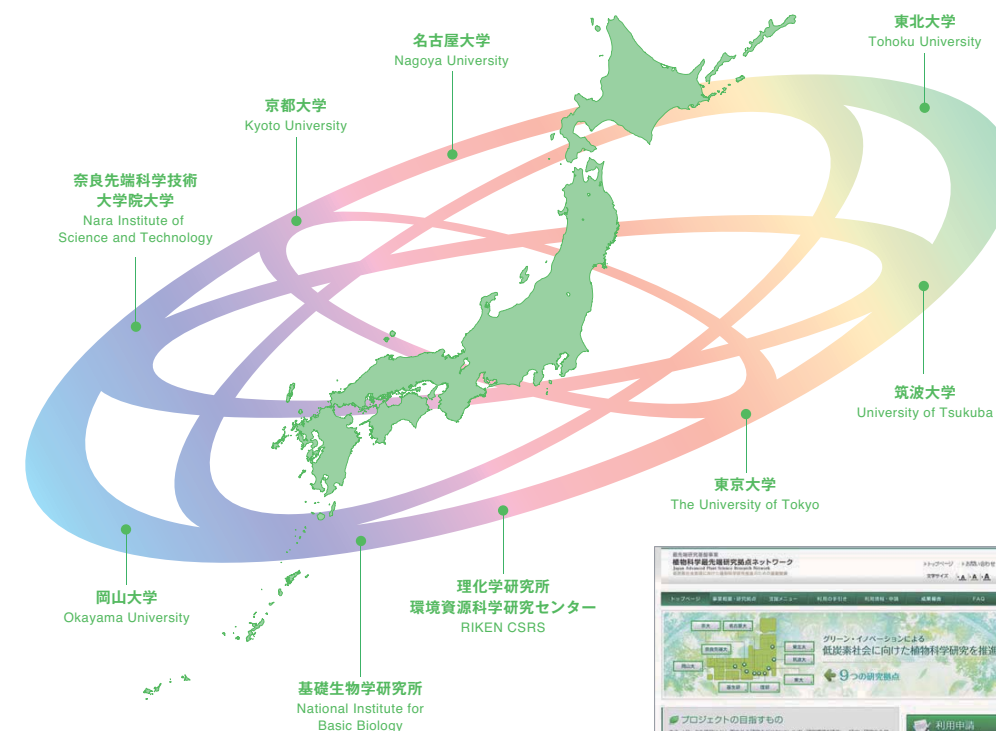


SPRING-8

SRC

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

(独立行政法人理化学研究所 環境資源科学センター)

〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22 (E720)

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



2013.04.01

理研 環境資源科学研究センター発足

RIKEN Center for Sustainable Resource Science was established

2013.05.16-17

RIKEN CSRSキックオフリトリート

理研 和光／横浜事業所

RIKEN CSRS Kickoff Retreat

RIKEN Wako/Yokohama Campus



2013.05.22

ベトナム社会主義共和国副首相 横浜事業所訪問

理研 横浜事業所

Vietnamese Deputy Prime Minister visits

RIKEN's Yokohama Campus

RIKEN Yokohama Campus



2013.09.08-14

第12回国際コムギ遺伝学シンポジウム

ーサテライトワークショップー

パシフィコ横浜

The 12th International Wheat Genetics Symposium

ーSatellite Workshopー

Pacifico Yokohama

2013.09.17-18

理研CSRSワークショップ: 植物二次代謝の理解を深めるメタボロミクス

理研 横浜事業所

RIKEN CSRS Workshop: Metabolomics to
Better Understand Plant Specialized Metabolism

RIKEN Yokohama Campus

2013.09.25-28

バイオベースポリマー国際会議2013

韓国 漢陽大学校

International Conference on Bio-based Polymers 2013

Hanyang University, Korea

2013.09.28

理研 横浜事業所 一般公開

理研 横浜事業所

RIKEN Yokohama Campus Open Day

RIKEN Yokohama Campus



2013.10.10

RIKEN CSRS発足記念シンポジウム

イノカンファレンスセンター

RIKEN CSRS Inaugural Symposium

IINO Conference Center



2013.10.22

第3回CSJ化学フェスタ2013

タワーホール船堀

3rd CSJ Chemistry Festa

Tower Hall Funabori

2013.10.23-25

アグリビジネス創出フェア2013

東京ビックサイト

Agribusiness Creation Fair 2013

Tokyo Big Sight



2013.11.06

バイオマスイノベーション若手の会

第1回ワークショップ キックオフミーティング

東京大学 弥生講堂アネックス

Kick-off Meeting of 1st Biomass Innovation

Young Researchers Workshop

Annex, Yayoi Auditorium, University of Tokyo

2013.11.22

植物電子顕微鏡若手ワークショップ2013

理研 横浜事業所

Electron Microscopy Workshop 2013 for Young Plant Biologists

RIKEN Yokohama Campus

2013.11.22-23

第3回植物RNA研究ネットワークシンポジウム

北海道大学

3rd Research's Network for Plant RNA Symposium

Hokkaido University

2013.12.04

2013植物科学シンポジウム

コクヨホール

Plant Science Symposium 2013

Kokuyo Hall



2013.12.16-17

BMEPリトリート2013

理研 和光事業所

RIKEN BMEP Retreat 2013

RIKEN Wako Campus



2014.02.05

植物工場による次世代生産技術シンポジウム

理研 横浜事業所

Plant Factory Symposium 2014

RIKEN Yokohama Campus

2014.02.27

理研ーマックスプランク協会 研究協力三十周年記念行事

RIKEN-MPI Joint Workshop on the Forefront of
Metabolomics and Future Prospects

理研 横浜事業所

The 30th anniversary of the establishment of official ties with
the Max-Planck-Gesellschaft

RIKEN-MPI Joint Workshop on the Forefront of Metabolomics
and Future Prospects

RIKEN Yokohama Campus



2014.03.05-6

英国-日本ワークショップ: 根圏の相互作用

ー世界の食料安全保障に向けてー

理研 横浜事業所

UK-Japan Workshop; Rhizosphere Interactions

ーtowards Global Food Securityー

RIKEN Yokohama Campus

Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2013.04.04	Intercellular Communication in Plant Tissue Patterning	Dr. Keiji Nakajima	Graduate School of Biological Sciences, Nara Institute of Science and Technology	Cell Function Research Team
2013.04.09	Using Metabolic Profiling to Enhance Quality of Fruits and Vegetables	Dr. Daryl Rowan	The New Zealand Institute for Plant & Food Research Limited	Metabolomics Research Group
2013.04.18	RNAseq: technical advance and application in developmental biology & immunity research	Dr. Yasunori Ichihashi Dr. Shuta Asai	University of California, Davis, USA and RIKEN The Sainsbury Laboratory, UK and RIKEN	Cell Function Research Team
2013.04.19	Metabolomics approaches to the study of enzymes and microbial metabolisms	Dr. Natsumi Saito	The Institute for Advanced Biosciences, Keio University	Plant Immunity Research Group
2013.05.01	Analysis of the breadwheat genome using whole-genome shotgun sequencing	Dr. Anthony Hall	Institute of Integrative Biology, University of Liverpool, UK	Synthetic Genomics Research Team
2013.05.13	Radical SAM enzymes in cofactor biosynthesis	Prof. Tadhg P.Begley	Department of Chemistry Texas A&M University, USA	Metabolomics Research Group
2013.05.15	Evidences supporting distinct function of cytosolic glutamine synthetase and NADH-glutamate synthase isoenzymes in rice	Prof. Tomoyuki Yamaya	Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University	Metabolomics Research Group
	Functions of the chloroplastic PEPC in primary metabolism of rice	Dr. Mitsue Miyao-Tokutomi	Functional Plant Research Unit, National Institute of Agrobiological Sciences	
2013.05.21	Current status of plant biotechnology in Vietnam and perspectives	Dr. Ham Huy Le	Institute of Agricultural Genetics (AGI), Vietnam	Plant Genomic Network Research Team
2013.05.21	Gene network and reaction network reconstruction methods toward the understanding of chemical coevolution	Dr. Masaaki Kotera	Chemical Life Science Bioinformatics Center, Kyoto University	Metabolomics Research Group
2013.05.23	How plants know when to flower: Transcriptional regulation of CONSTANS in photoperiodic flowering in <i>Arabidopsis</i>	Dr. Shogo Ito	Institute for Advanced Research, Nagoya University	Plant Productivity Systems Research Group
2013.06.06	Asia Cassava Molecular Innovation Network	Dr. Manabu Ishitani	Agrobiodiversity Research Area, International Center for Tropical Agriculture (CIAT)	Plant Genomic Network Research Team
2013.06.14	Analysis of cell type specific splicing forms in the root meristem in <i>Arabidopsis</i>	Dr. Masashi Yamada	Biology Department, Duke University, USA	Cell Function Research Team
2013.07.29	For identification of the molecular mechanism of heterosis	Dr. Ryo Fujimoto	Graduate School of Science and Technology, Niigata University	Plant Genomic Network Research Team
2013.08.01	The roles of Chloroplast Heat Shock Protein 90 (Hsp90C) in protein import and chloroplast biogenesis	Dr. Hitoshi Inoue	Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Massachusetts, USA	Plant Proteomics Research Unit
2013.09.02	A green perspective on the developmental hourglass concept	Dr. Marcel Quint	Department of Molecular Signal Processing, Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Germany	Cell Function Research Team
2013.09.03	Exploring Biochemical Diversity in Natural Products Biosynthesis	Dr. Taifo Mahmud	Department of Pharmaceutical Sciences, Oregon State University, USA	Natural Product Biosynthesis Research Unit
2013.09.12	Self Organization of Plant Microtubules	Prof. Geoffrey O. Wasteneys	Department of Botany, The University of British Columbia, Canada	Cell Function Research Team
2013.09.18	A novel epigenetic regulator for heterochromatin gene expression in <i>Arabidopsis</i>	Dr. Taisuke Nishimura	Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University	Cell Function Research Team
2013.09.19	Xylose metabolism in <i>Arabidopsis</i>	Dr. Joshua L. Heazlewood	Joint BioEnergy Institute, Lawrence Berkeley National Laboratory, USA	Plant Proteomics Research Unit
	Tracking protein turnover in plant cells and intact plants: a new frontier in understanding the cost of plant growth	Prof. Harvey Millar	Plant Energy Biology, ARC Centre of Excellence, The University of Western Australia	
2013.09.25	Characterization of Plant Glucosinolate Metabolic Networks	Dr. Sixue Chen	Dept. Biology, Univ. Florida, USA	Metabolic Systems Research Team
2013.10.01	Architecture and dynamics of mega-synthases involved in primary and secondary metabolism	Prof. Sheryl Tsai	Molecular Biology and Biochemistry, Chemistry, and Pharmaceutical Sciences, University of California, Irvine, USA	Natural Product Biosynthesis Research Unit
2013.10.01	Silage - Raw Material for the Production of Amino Acids Use it Before it is Hidden in the Wood	Prof. Elmar Heinzel	Biochemical Engineering Institute, Saarland University, Germany	Synthetic Genomics Research Team
2013.10.08	Identification of three hydroxyproline O-arabinosyltransferases in <i>Arabidopsis</i>	Prof. Yoshikatsu Matsubayashi	National Institute for Basic Biology	Cell Function Research Team

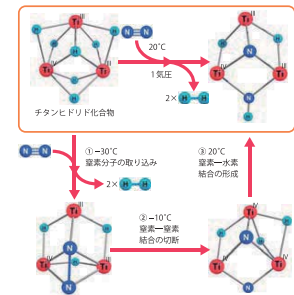
Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2013.10.22	The System Strategic Approach for Crop Research: Towards the Crop Yield Improvement	Dr. Treenut Saithong	King Mongkut's University of Technology Thonburi (KMUTT), Thailand	Metabolomics Research Group / Metabolic Systems Research Team
	Deciphering the complex of gene regulatory network in plant via systems biology approach: aim to understand the regulation of starch biosynthesis pathway in cassava	Dr. Saowalak Kalapanulak	King Mongkut's University of Technology Thonburi (KMUTT), Thailand	
2013.11.01	Using cell wall integrity research to facilitate bioenergy production from lignocellulosic biomass	Dr. Thorsten Hamann	Department of Biology, Norwegian University of Science and Technology	Cellulose Production Research Team
	Cell walls and plant development : examples in <i>Arabidopsis</i> and <i>Brachypodium</i>	Dr. Herman Höfte	Institut Jean-Pierre Bourgin, INRA Centre de Versailles-Grignon, France	
	Recent insights into expansin action: alpha, beta and bacterial	Dr. Daniel Cosgrove	Department of Biology, Penn State University, USA	
2013.11.12	DNA methylation and TE dynamics in <i>Arabidopsis</i>	Prof. Tetsuji Kakutani	Department of Integrated Genetics, National Institute of Genetics	Plant Genomic Network Research Team
2013.11.14	Biochemical genomics of polyketide biosynthesis in Cannabis and Humulus	Dr. Jonathan Page	National Research Council of Canada & University of Saskatchewan Saskatoon, SK, Canada	Metabolomics Research Group
	Applying metabolomics approaches to improve plants and their products	Prof. Robert Hall	Plant Metabolomics, Wageningen University, Netherlands	
2013.11.18	Analyses for gene expression regulated by high-order information of genetic sequences	Dr. Shuntaro Takahashi	Frontier Institute for Biomolecular Engineering Research, Konan University	Enzyme Research Team
2013.11.25	The role of GA in seed dormancy loss	Dr. Camille M. Steber	Department of Crop and Soil Sciences, Washington State University, USA	Dormancy and Adaptation Research Unit
2013.11.26	Cell Wall Chemotyping for Functional Genomics	Dr. Lorenz Gerber	Umea Plant Science Centre, Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden	Cellulose Production Research Team
2013.12.19	Site-directed genome engineering of higher plants by genome editing tools, ZFN, TALEN, and CRISPR/CAS9	Dr. Yuriko Osakabe	Gene Discovery Research Group, RIKEN CSRS	Plant Genomic Network Research Team
2014.01.15	The mechanistic bases for microRNA-mediated translational repression in plants	Dr. Hiro-oki Iwakawa	Institute of Molecular and Cellular Biosciences, The University of Tokyo	Synthetic Genomics Research Team
2014.01.22	Genetic Analysis of RNA-Silencing Pathway in <i>Arabidopsis thaliana</i>	Dr. Tatsuo Kanno	Agrogenomics Research Center, National Institute of Agrobiological Sciences	Synthetic Genomics Research Team
2014.02.12	Circadian Clocks and Signalling in <i>Arabidopsis</i>	Dr. Alex A.R. Webb	Department of Plant Sciences, University of Cambridge, UK	Plant Immunity Research Group
2014.02.14	The shape and the function of root-associated bacterial community in a natural habitat	Dr. Ryohei Thomas Nakano	Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany	Plant Immunity Research Group
2014.02.17	Cyanobacterial photoresponsive systems and their application to optogenetics and bioimaging	Dr. Rei Narikawa	Graduate School of Arts and Sciences, University of Tokyo	Synthetic Genomics Research Team
2014.03.03	The use of transcriptomics and metabolomics for pathway discovery in the lignin field	Dr. Ruben Vanholme	VIB Department of Plant Systems Biology, Ghent University, Belgium	Metabolomics Research Group
2014.03.11	Bryophytes as bio-indicators in the Amazon Forest	Dr. Charles Zartman	National Institute of Amazonian Research (INPA), Brazil	Biomass Research Platform Team
2014.03.12	Technologies and Their Applications in Crop Improvements	Dr. Caixia Gao	Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Science	Plant Genomic Network Research Team / Gene Discovery Research Group
	Mammalian genome engineering with the CRISPR/Cas system	Dr. Fei Ann Ran	Broad Institute of MIT and Harvard, USA	
2014.03.20	Recent Progress in Organic Photovoltaics to Achieve Efficiency beyond 10%	Dr. Doo Kyung Moon	Department of Materials Chemistry and Engineering, Konkuk University, Korea	Bioplastic Research Team
2014.03.27	A functional genomics approach to improving microbial fermentation	Dr. Jeff Piotrowski	Great Lakes Bioenergy Research Center, University of Wisconsin, USA	Molecular Ligand Target Research Team
	Systems level insights from large-scale analysis of genetic interactions in yeast	Dr. Chad Myers	Department of Computer Science and Engineering, University of Minnesota, USA	
2014.03.31	New frontiers between plant responses to stress and development and applications for health and fuel production	Dr. Alessandra Devoto	School of Biological Sciences, Royal Holloway - University of London, UK	Plant Genomic Network Research Team

2013.06.28

先進機能触媒研究グループ / Advanced Catalysis Research Group

窒素分子の切断と水素化を常温・常圧で実現
ー産業に多く利用されるアンモニアの新しい合成法の開発に道を拓くー

Splitting and Hydrogenating Molecular Nitrogen at Ambient Temperature and Pressure
– Developing a new synthesis method for ammonia, a key industrial chemical –

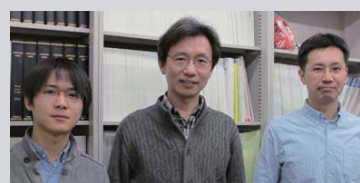


窒素と多金属チタンヒドリド化合物の反応プロセス
Reaction process of nitrogen and multi-metallic titanium polyhydride compound

Original article
Dinitrogen Cleavage and Hydrogenation by a Trinuclear Titanium Polyhydride Complex.
Science 340, 1549–1552 (2013)

研究グループは、新たに合成した多金属のチタンヒドリド化合物に、窒素分子を常温・常圧で取り込ませ、窒素ー窒素結合を切断し、窒素ー水素結合の生成(水素化)に成功しました。この手法は、省エネルギーでアンモニアを合成する新しい合成法の開発へ繋がると期待できます。また、今回合成した多金属チタンヒドリド化合物は、非常に高い反応性を有しているため、窒素の固定化反応だけでなく、新たな触媒反応への展開も期待できます。

A novel multi-metallic titanium polyhydride compound that can cleave dinitrogen bonds and make nitrogen-hydrogen bonds at ambient temperature and pressure was created successfully by the research group. This result offers hope for developing a new method of ammonia synthesis that uses less energy. Not only does it hold promise for nitrogen fixation, but also for new catalytic reactions, as the multi-metallic titanium polyhydride compound has high reactivity.



◀中央 侯 召民(グループディレクター)
Zhaomin HOU (Group Director)
◀右 島 隆則(上級研究員)
Takanori SHIMA (Senior Research Scientist)
◀左 胡 少偉(特別研究員)
Shaowei HU (Postdoctoral Researcher)

2013.11.26

生産機能研究グループ / Plant Productivity Systems Research Group

植物ホルモン「サイトカニン」の「質」の重要性を解明
ーサイトカニン分子のかたちが変わると作用が一変ー

Importance of Plant Hormone Cytokinin “Quality” Revealed
– Cytokinin side-chain modification defines hormone function –



野生株とtZ型サイトカニンを欠損させた変異体の比較
Comparison of wild type (left) and a mutant deficient in tZ-type cytokinin (right)

Original article
Side-chain Modification of Cytokinins Control Shoot Growth in *Arabidopsis*.
Developmental Cell 27, 452-461 (2013)

研究グループは、トランスゼアチン(tZ)型サイトカニンを合成するための側鎖修飾を担う酵素遺伝子「CYP735A1遺伝子」を同定し、その変異体を解析したところ、tZ型サイトカニンは葉や花茎など地上部の成長を促す作用を持つのに対し、側鎖修飾のないサイトカニンにはそのような作用はないことを突き止めました。サイトカニンの側鎖修飾がこのホルモンの作用を制御することが明らかになったことで、今後、農産物の増産に向けた技術開発に繋がるものと期待できます。

Genes responsible for making side-chain modifications to synthesize trans-zeatin (tZ)-type cytokinins, CYP735A1 and CYP735A2, were identified. Characterization of mutants deficient in CYP735A activity revealed that tZ-type cytokinins promote shoot growth, whereas cytokinins without the side-chain modification do not. These results demonstrate that the side-chain modification of cytokinin is important for plant growth regulation. We expect that this discovery leads to the development of novel technologies to increase biomass production and crop harvests.



◀ 榎原 均(グループディレクター)
Hitoshi SAKAKIBARA (Group Director)



木羽 隆敏(研究員) ▶
Takatoshi KIBA (Research Scientist)

Date	タイトル / Title	研究室 / Lab
2013.04.09	植物ホルモンアブシジン酸の応答経路を大規模に解明 SnRK2 Kinases in Plant Stress Signaling	機能開発研究グループ Gene Discovery Research Group
2013.04.10	植物は器官の大きさを適度に保つための独自の知恵をもっている Synthesis of very-long-chain fatty acids in the epidermis controls plant organ growth by restricting cell proliferation	生産機能研究グループ Plant Productivity Systems Research Group
2013.04.19	組織間での情報伝達を介した葉の成長メカニズムを解明 Uncovering a signaling mechanism behind coordinated proliferation of leaf cells	代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team
2013.06.15	植物の高い再生能力にはmRNAの制御機構が重要 Regulation of mRNA Metabolism Is Essential for Plant Development and Regeneration	セルロース生産研究チーム Cellulose Production Research Team
2013.06.20	「土に還る」バイオマスの分解・代謝評価法を構築 Returning to Soil: Building a Method for Degradation and Metabolism Evaluation of Biomass	環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team
2013.06.21	植物のDNAをデザインするウェブアプリ「PromoterCAD」を開発 Plant DNA Designing Web Application: PromoterCAD	合成ゲノミクス研究チーム Synthetic Genomics Research Team
2013.06.27	鉄を用いた安価で効率のよい水素化触媒を開発 New iron catalyst promises green future for hydrogenation	グリーンナノ触媒研究チーム Green Nanocatalysis Research Team
2013.06.28	窒素分子の切断と水素化を常温・常圧で実現 Splitting and Hydrogenating Molecular Nitrogen at Ambient Temperature and Pressure	先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group
2013.07.08	窒素欠乏時のラン藻の代謝を網羅的に解析し、代謝の矛盾を解消 Comprehensive Analysis of the Metabolism of Nitrogen-deficient Cyanobacteria that Resolves a Metabolic Contradiction	代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team
2013.07.31	植物で発見された動物の神経伝達調節因子はどのような機能をもつか Functions that MUNC13-like Protein Plays in Plants	植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group
2013.07.31	植物の陸上進出の鍵となる乾燥耐性のしくみを解明 Clarifying the drought tolerance mechanism by which plants evolved onto land	植物ゲノム発現研究チーム Plant Genomic Network Research Team
2013.08.05	植物特有のミトコンドリア遺伝子調節機構を解明 Elucidation of a mitochondrial gene regulation mechanism unique to plants	セルロース生産研究チーム Cellulose Production Research Team
2013.08.26	植物のストレスに対する応答を調節する3つの新規転写因子を発見 Three New Transcription Factors That Regulate Stress Response in Plants	植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group
2013.09.03	海底から噴出する熱水を利用した燃料電池型発電に成功 Successful fuel-cell power generation from seabed hydrothermal vents	生体機能触媒研究チーム Biofunctional Catalyst Research Team
2013.09.11	ラン藻の水素生産量を2倍以上増加させることに成功 Cyanobacteria hydrogen production more than double	代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team
2013.09.12	キャッサバの系統間におけるDNA配列の違いを網羅的に解析により同定 Comprehensive sequence analysis identifies DNA polymorphisms among cassava varieties	統合ゲノム情報研究ユニット Integrated Genome Informatics Research Unit
2013.09.20	多次元NMR法によるリグノセルロースの立体構造評価手法を構築 A structural evaluation method for lignocellulose using a multidimensional NMR method	環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team
2013.09.30	新しいがん分子標的治療薬の開発 Development of a new drug for molecularly targeted cancer therapy	ケミカルバイオロジー研究グループ Chemical Biology Research Group
2013.10.09	植物病害応答の新規制御メカニズムを発見 A new plant disease control mechanism	植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group
2013.10.10	モデル実験植物ミナトカミジグサの遺伝子構造を9,000カ所以上刷新 An overhaul of the gene structure for <i>Brachypodium distachyon</i> in more than 9,000 locations	バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team
2013.11.15	従来の数万分の1の触媒量で機能するパラジウム触媒を開発 Palladium-nanoparticle catalyst with quantitative production developed	グリーンナノ触媒研究チーム Green Nanocatalysis Research Team
2013.11.19	夢のらくらく栽培トマト開発に道 Potential Path to an Easy-to-Grow Dream Tomato	統合メタゲノミクス研究グループ Metabolomics Research Group
2013.11.26	植物ホルモン「サイトカニン」の「質」の重要性を解明 The Importance of Plant Hormone Cytokinin “QUALITY” Revealed	生産機能研究グループ Plant Productivity Systems Research Group
2014.01.14	海藻類の有機・無機成分複雑系の統合解析技術を構築 Integrated Analytical Technology for Complex Systems of Organic and Inorganic Mixtures in Seaweed	環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team
2014.01.16	フラボノイドの高蓄積が酸化と乾燥ストレスへの耐性を高める High accumulation of flavonoids increases resistance to oxidative and drought stress	統合メタゲノミクス研究グループ Metabolomics Research Group
2014.01.23	光合成によるバイオプラスチックの生産効率で世界最高レベル達成 Bioplastic productivity levels via photosynthesis among the world's highest	合成ゲノミクス研究チーム Synthetic Genomics Research Team
2014.01.27	植物の環境ストレスに対抗する新しいアプローチ A new approach to countering plant environmental stresses	発現調節研究ユニット Signaling Pathway Research Unit
2014.02.17	ラン藻のバイオプラスチック生産が3倍増 Threefold increase in cyanobacteria bioplastic production	代謝システム研究チーム Metabolic Systems Research Team
2014.03.13	植物が活性酸素を生成し病原菌を撃退する仕組みを解明 Missing link in plant immunity identified	植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group
2014.03.24	自己細胞死を促すシステムの獲得が植物陸上化の鍵を握っていた! Acquisition of a programmed cell death system was the key to plants coming ashore!	セルロース生産研究チーム Cellulose Production Research Team
2014.03.29	リグニン構成成分を原料としたバイオプラスチックの微生物生産 Lignin-derived microbial production of bioplastics	酵素研究チーム Enzyme Research Team

Date	賞 / Award	受賞者 / Awardee	研究室 / Lab
2013.04.04	日本土壌肥科学会 奨励賞 Young Scientist Award of Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition	バシルクーラム 国際特別研究員 Bashir KHURRAM Foreign Postdoctoral Researcher	植物ゲノム発現研究チーム Plant Genomic Network Research Team
2013.04.11	第53回科学技術週間における「科学技術の「美」/ナエル展」 優秀作品 Award for excellence, Kagaku gjutsu bi no panel ten [Beauty of science and technology exhibit] held during the Science & Technology Week, 2012	豊岡 公徳 上級研究員 Kiminori TOYOOKA Senior Research Scientist	機能開発研究グループ Gene Discovery Research Group
		橋本 恵 テクニカルスタッフ Kei HASHIMOTO Technical Staff	
		持田 恵一 上級研究員 Keiichi MOCHIDA Senior Research Scientist	バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team
2013.04.16	科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞 The Young Scientists' Prize of the Commendation for Science and Technology by the Minister of Education, Culture, Sports, Science and Technology	吉田 聡子 上級研究員 Satoko YOSHIDA Senior Research Scientist	植物免疫研究グループ Plant Immunity Research Group
2013.06.13	有機合成化学協会 エーザイ研究企画賞 Eisai Award in Synthetic Organic Chemistry, Japan	五月女 宜裕 研究員 Yoshihiro SOHTOME Research Scientist	触媒-融合研究グループ Catalysis and Integrated Research Group
2013.06.13	第3回日本がん分子標的治療学会 鶴尾隆賞 The 3rd Takashi Tsuruo Award of the Japanese Association for Molecular Target Therapy of Cancer	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グループ Chemical Genomics Research Group
2013.09.11	日本植物細胞分子生物学会 奨励賞 The Japanese Society of Plant Cell and Molecular Biology (JSPCMB) Award for Young Scientists	福島 敦史 研究員 Atsushi FUKUSHIMA Research Scientist	メタボローム情報研究チーム Metabolome Informatics Research Team
2013.09.14	日本植物学会 日本植物学会賞特別賞 (技術) The Botanical Society of Japan Special Award (Technical Category)	阿部 知子 上級研究員 Tomoko ABE Senior Research Scientist	バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team
2013.09.18	日本生物工学会 生物工学奨励賞 (斎藤賞) Encouragement Award of the Society for Biotechnology, Japan (Saito Award)	菊地 淳 チームリーダー Jun KIKUCHI Team Leader	環境代謝分析研究チーム Environmental Metabolic Analysis Research Team
2013.09.27	第4回バイオベースポリマー国際会議 ポスター論文賞 The 4th International Conference on Biobased Polymer (ICBP2013) Poster Paper Award	田端 雄太 大学院リサーチアソシエイト Yuta TABATA Junior Research Associate	バイオプラスチック研究チーム Bioplastic Research Team
2013.11.01	植物化学調節学会 奨励賞 The Japanese Society for Chemical Regulation of Plants (JSCRP) Young Investigator Award	増口 潔 基礎科学特別研究員 Kiyoshi MASHIGUCHI Special Postdoctoral Researcher	生産機能研究グループ Plant Productivity Systems Research Group
2013.11.11	第3回CSJ化学フェスタ2013 最優秀ポスター発表賞 CSJ Poster Presentation Award 2013 for the Most Excellent Research	山口 晃 研修生 Akira YAMAGUCHI Student Trainee	生体機能触媒研究チーム Biofunctional Catalyst Research Team
2013.11.11	第3回CSJ化学フェスタ2013 優秀ポスター発表賞 CSJ Poster Presentation Award 2013 for Excellent Research	大岡 英史 研修生 Hideshi OOKA Student Trainee	生体機能触媒研究チーム Biofunctional Catalyst Research Team
		北沢 裕 パートタイマー Yu KITAZAWA Part-time staff	先進機能元素化学研究チーム Advanced Elements Chemistry Research Team
2013.11.28	第8回ICCEOCA / NICCEOCA-4 アジアコアプログラムレクチャーシップ賞 Asian Core Program Lectureship Award of 8th ICCEOCA and NICCEOCA-4	島 隆則 上級研究員 Takanori SHIMA Senior Research Scientist	先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group
2013.11.30	韓国植物科学者学会 若手PI (科学者) 賞 Young Principal Investigator (Scientist) Award of Korean Society of Plant Biologist	申 怜 ユニットリーダー Ryoung SHIN Unit Leader	機能調節研究ユニット Regulatory Network Research Unit
2013.12.03	中国留日同学会 中国駐大阪総領事賞 Chinese Consul General in Osaka Award of Association of Chinese Alumni in Japan	胡 少偉 特別研究員 Shaowei HU Postdoctoral Researcher	先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group
2014.02.20	有機合成化学協会 日産化学・有機合成反応/手法賞 SSOCI Nissan Chemical Industries Award for Nobel Reaction & Method 2013	内山 真伸 チームリーダー Masanobu UCHIYAMA Team Leader	先進機能元素化学研究チーム Advanced Elements Chemistry Research Team
2014.02.20	有機合成化学協会 有機合成化学奨励賞 Incentive Award in Synthetic Organic Chemistry, Japan	平井 剛 上級研究員 Go HIRAI Senior Research Scientist	触媒-融合研究グループ Catalysis and Integrated Research Group
2014.03.08	日本顕微鏡学会関東支部 第38回講演会優秀ポスター賞 Poster Award of the 38th Kanto Division Meeting of the Japanese Society of Microscopy	橋本 恵 テクニカルスタッフ Kei HASHIMOTO Technical Staff	機能開発研究グループ Gene Discovery Research Group
2014.03.19	日本植物生理学会 PCP論文賞 Japanese Society of Plant Physiology (JSP) Plant and Cell Physiology Award for the Paper of Excellence	斉藤 和季 グループディレクター Kazuki SAITO Group Director	統合メタボロミクス研究グループ Metabolomics Research Group
		金谷 重彦 客員主管研究員 Shigehiko KANAYA Senior Visiting Scientist	
2014.03.27	日本農芸化学会 第11回農芸化学研究企画賞 Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry The 11th JSBBA Innovative Research Program Award	高橋 俊二 ユニットリーダー Shunji TAKAHASHI Unit Leader	天然物合成研究ユニット Natural Product Biosynthesis Research Unit

Laboratories

研究室ページに掲載されている下記アイコンは、関連する融合プロジェクト研究および連携部門を表します。The following icons which are appeared in the laboratory page represent a related “Interdisciplinary Project” or “Cooperation Division”.

- C

炭素の循環的利活用研究プロジェクト
R&D Project of Carbon Utilization
- N

窒素等の循環的利活用研究プロジェクト
R&D Project of Nitrogen Utilization
- M

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
- P

循環資源探索・活用研究基盤プロジェクト
R&D Project of Research Platforms
- B

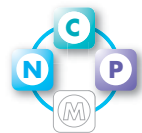
バイオマス工学連携部門
Biomass Engineering Program Cooperation Division
- D

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



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



Gene Discovery Research Group

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



グループディレクター / Group Director

篠崎 一雄 理学博士

Kazuo SHINOZAKI D.Sci.



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



バイオイメージング技術基盤と顕微鏡施設の運営



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

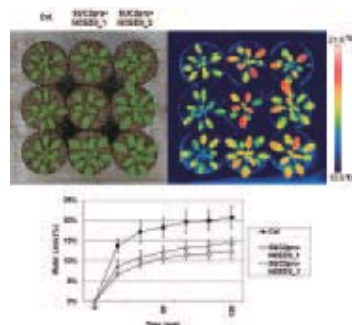


研究概要

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を持つ遺伝子の探索、栽培環境の影響を最小限にして最大限の生産性を発揮できるような新機能を付与した作物を作成するための研究技術開発を行う。さらに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。これらを利用して、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

- 維管束組織から表皮気孔へアブジジン酸の組織間シグナル伝播があることを明らかにした。
- アブジジン酸合成酵素であるNCED3遺伝子の乾燥応答に必要なシス因子を同定した。
- ABAシグナル伝達の中心的な制御モジュールであるSnRK2の基質や下流因子を同定した。
- 葉緑体タンパク質約2000の核コード遺伝子の変異体を収集し表現型データベースを公表した。



ABA biosynthesis induced in vascular tissue enhances stomatal closure

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



Development and maintenance of imaging facilities for cellular functions including microscope and electron microscope



Comparative genomics and its application to crop improvement



Research Outline

Our group is discovering plant genes of which functions are linked to quantitative improvements in plants and those with new functions for minimizing the effects of the environmental stresses to achieve maximum productivity. Other targets of research include not only genes that respond to environmental changes, stimuli and adaptation but also genes involved in photosynthesis and productions of useful metabolites. Our group explores key genes contribute to improved productivity and abiotic stress tolerance based on genomics including transcriptome and metabolome analyses, and are analyzing regulatory factors and signaling factors controlling gene expression in response to abiotic environmental stresses. We also explore genes involved in metabolic regulation for the improvement plant productivity.

Research Results

- We found that there is intertissue signal transfer of ABA from vascular cells to guard cells.
- We identified a cis-acting element involved in dehydration stress response of *NCED3* gene.
- We searched substrates of the SnRK2 protein, a part of the central ABA signaling module.
- We opened a database on the collection and phenotype analysis of about 2000 *Arabidopsis* nuclear genes encoding chloroplast proteins for the systematic analysis of chloroplast functions involved in photosynthesis (Chloroplast Function Database II).



Wide-range high-resolution TEM image acquisition and tiling system

主要論文 / Publications

Kuromori, T., Sugimoto, E., Shinozaki, K.
Intertissue signal transfer of abscisic acid from vascular cells to guard cells.
Plant Physiol. **164**, 1587-1592 (2014)

Behnam, B. *et al.*
Characterization of the promoter region of an *Arabidopsis* gene for 9-*cis*-epoxycarotenoid dioxygenase involved in dehydration-inducible transcription.
DNA Res. **20**, 315-324 (2013)

Urmezawa, T. *et al.*
Genetics and phosphoproteomics reveal a protein phosphorylation network in the abscisic acid signaling pathway in *Arabidopsis thaliana*.
Science Signal. **6**, rs8 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Group Director
Kazuo SHINOZAKI

Senior Research Scientist
Takashi KUROMORI
Kiminori TOYOOKA
Shozo FUJIOKA
Hiroshi ABE
Takeshi NAKANO
Takuya ITO
Keiichi MOCHIDA

Research Scientist
Yuriko OSAKABE
Miki FUJITA
Fumiyoshi MYOUGA
Kaoru URANO
Mieko HIGUCHI
Hiroshi MAGOME
Takanari TANABATA
Kumiko KONDO
Fuminori TAKAHASHI

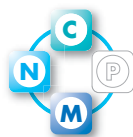
Technical Scientist
Mayuko SATO

Postdoctoral Researcher
Hironori TAKASAKI
Babak BEHNAM

Technical Staff
Yukiko KAMIDE
Noriko TAKEDA
Saho MIZUKADO
Mayumi WAKAZAKI
Eriko SUGIMOTO
Chihiro OHASHI
Kei HASHIMOTO
Minami SHIMIZU
Yukiko UEHARA

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



Plant Productivity Systems Research Group

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



グループディレクター / Group Director

榊原 均 博士(農学)

Hitoshi SAKAKIBARA D.Agr.



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

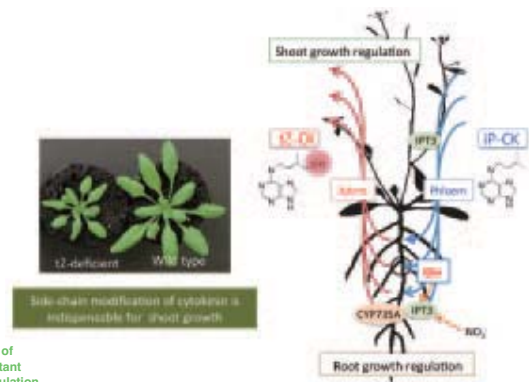


研究概要

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、植物ホルモンの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

- 窒素栄養による新たなサイトカイニン生合成制御のしくみを明らかにした。
- サイトカイニン側鎖構造の多様性が植物成長制御に重要であることを明らかにした。
- オーキシシン活性調節の鍵酵素の1つである配糖化酵素遺伝子 *UGT74D1* を同定した。



Structural variations of cytokinins are important for shoot growth regulation

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

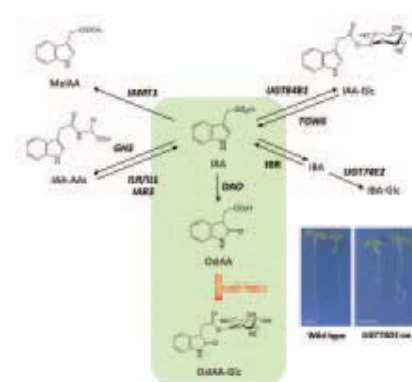


Research Outline

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 found dual regulatory systems of nitrogen-dependent cytokinin *de novo* synthesis.
- We revealed the importance of structural variations of cytokinins for shoot growth regulation.
- We identified *UGT74D1*, a key enzyme in the main IAA inactivation pathway.



Identification of a key enzyme in the main IAA inactivation pathway

主要論文 / Publications

Tanaka, K. *et al.*
UGT74D1 catalyzes the glucosylation of 2-oxindole-3-acetic acid in the auxin metabolic pathway in *Arabidopsis*.
Plant Cell Physiol. **55**, 218-228 (2014)

Kiba, T., Takei, K., Kojima, M., Sakakibara, H.
Side-chain modification of cytokinins control shoot growth in *Arabidopsis*.
Dev. Cell **27**, 452-461 (2013)

Kamada-Nobusada, T., Makita, N., Kojima, M., Sakakibara, H.
Nitrogen-dependent regulation of *de novo* cytokinin biosynthesis in rice: the role of glutamine metabolism as an additional signal.
Plant Cell Physiol. **54**, 1881-1893 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Group Director
Hitoshi SAKAKIBARA

Senior Research Scientist
Hiroyuki KASAHARA
Misao ITOUGA

Research Scientist
Takatoshi KIBA
Tomoe KAMADA-NOBUSADA

Technical Scientist
Mikiko KOJIMA

Special Postdoctoral Researcher
Kiyoshi MASHIGUCHI
Takushi HACHIYA

Postdoctoral Researcher
Radhika VENKATESAN
Asami OSUGI

Student Trainee
Keita TANAKA

Visiting Researcher
Toshihisa NOMURA

Technical Staff
Nanae UEDA
Nobue MAKITA
Yukari KATO
Yumiko TAKEBAYASHI
Saya KIKUCHI

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



Plant Immunity Research Group

Understanding plant immunity mechanisms
and developing sustainable disease resistant crops



グループディレクター / Group Director
白須 賢 Ph.D.
Ken SHIRASU Ph.D.



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

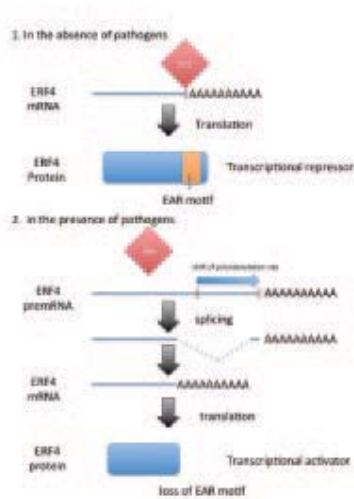
研究概要

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

- RNA結合タンパク質FPAがポリアデニル化によって鞭毛応答と転写因子の活性を制御することを明らかにした。
- bHLH 型転写因子JAM2 and JAM3 がジャスモン酸応答を負に制御することを明らかにした。
- 比較ゲノム/トランスクリプトーム解析により、炭疽病の遺伝子発現パターンを明らかにした。

RNA-binding protein FPA regulates flg22-triggered defense responses and transcription factor activity by alternative polyadenylation.



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 RNA-binding protein FPA regulates flg22-triggered defense responses and transcription factor activity by alternative polyadenylation.
- We showed that bHLH transcription factors JA-ASSOCIATED MYC2-LIKE 1, JAM2 and JAM3 are negative regulators of jasmonate responses.
- Comparative genomic and transcriptomic analyses revealed the hemibiotrophic stage shift of Colletotrichum fungi.



Colletotrichum fungus germinates on the host

主要論文 / Publications

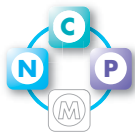
- Lyons, R. *et al.*
The RNA-binding protein FPA regulates flg22-triggered defense responses and transcription factor activity by alternative polyadenylation.
Scientific Reports **3**, 2866 (2013)
- Sasaki-Sekimoto, Y. *et al.*
bHLH transcription factors JA-ASSOCIATED MYC2-LIKE 1, JAM2 and JAM3 are negative regulators of jasmonate responses in *Arabidopsis*.
Plant Physiol. **163**, 291-304 (2013)
- Gan, P. *et al.*
Comparative genomic and transcriptomic analyses reveal the hemibiotrophic stage shift of *Colletotrichum* fungi.
New Phytologist **197**, 1236-1249 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Group Director**
Ken SHIRASU
- Foreign Postdoctoral Researcher**
Anuphon LAOHAVISIT
- Postdoctoral Researcher**
Yuji ISHIGAKI
Pamela Hui Peng GAN
Nobuaki ISHIIHAMA
Seung won CHOI
Songkui CUI
- Visiting Researcher**
Shuta ASAI
Thomas SPALLEK
Josiah Musembi MUTUKU
Yasunori ICHIHASHI
- Technical Staff**
Kaori TAKIZAWA

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



チームリーダー / Team Leader
関 原明 博士(理学)
Motoaki SEKI Ph.D.



研究テーマ

- 最先端科学技術を用いたキャッサバ分子育種の推進
- 環境ストレス適応に関するRNA制御機構の解析
- 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
- 環境ストレス適応に関するエピジェネティック制御機構の統合オミックス解析
- 植物トランスクリプトーム・エピゲノム解析の推進

研究概要

最先端のゲノム科学的方法により、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の制御機構を明らかにし、化合物などの活用により新たな有用植物資源の創出法の開発を目指す。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、塊根生成やデンプン合成の制御ネットワークを明らかにし、生産性向上などの有用植物資源の創出法の開発を目指す。また、最先端のゲノム科学的手法を用いてトランスクリプトームおよびエピゲノム解析に関する共同研究を推進する。

研究成果

- 酢酸がシロイヌナズナの乾燥ストレス耐性を付与できることを明らかにした。
- 国内外の研究者と共同して有用キャッサバの分子育種に向けた研究を推進した。
- tasiRNAバスウェイが乾燥・塩ストレス下での受粉に重要であることを明らかにした。



WT dry



rdr6 dry



Introduction of cassava collaborative research to Vietnamese Deputy Prime Minister

Research Subjects

- Advancement of cassava molecular breeding by cutting-edge technologies
- Analysis of RNA regulation mechanisms in environmental stress adaptation
- Development of useful plant resources, such as increased stress tolerance by use of chemical compounds and peptides, and by transformation technology
- Integrated Omic analysis of epigenetic regulation mechanisms in abiotic stress adaptation
- Advancement of plant transcriptome and epigenome analyses

Research Outline

We are analyzing novel epigenetic and RNA regulation mechanisms in environmental stress adaptation and acclimation by cutting-edge genomic approaches. We aim to develop useful plant resources, such as stress-tolerant plants by use of chemical compounds. We are analyzing regulatory networks of starch biosynthesis and tuber root formation by integrated omics analyses in cassava, an important tropical crop for carbon utilization, and aim to develop useful cassava plants, such as improved plant productivity. We also collaborate with other research teams inside and outside the center on transcriptome and epigenome analysis using cutting-edge genome technologies.

Research Results

- We revealed that acetate enhances drought stress tolerance in *Arabidopsis*.
- We advanced molecular breeding of useful cassava plants in collaboration with domestic and overseas researchers.
- We revealed that tasiRNA pathway is involved in pollination under drought and high-salinity stress.

主要論文 / Publications

- Jung, J.H. *et al.*
The cold signaling attenuator high expression of osmotically responsive gene1 activates flowering locus C transcription via chromatin remodeling under short-term cold stress in *Arabidopsis*.
Plant Cell **25**, 4378-4390 (2013)
- Komatsu, K. *et al.*
Group A PP2Cs evolved in land plants as key regulators of intrinsic desiccation tolerance.
Nature Commun. **4**, 2219 (2013)
- Hirayama, T. *et al.*
Poly(A)-specific ribonuclease directly regulates the poly(A) status of mitochondrial mRNA in *Arabidopsis*.
Nature Commun. **4**, 2247 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Team Leader**
Motoaki SEKI
- Research Scientist**
Jong Myong KIM
Akihiro MATSUI
Kentaro NAKAMINAMI
Yoshinori UTSUMI
- Foreign Postdoctoral Researcher**
Khurram BASHIR
- International Program Associate**
Anh Hai NGUYEN
Onsaya PATANUN
- Student Trainee**
Cam Chau THI NGUYEN
Huong MAI NGUYEN
Yoshio TAKEI
- Visiting Researcher**
Kaori SAKO
- Technical Staff**
Junko ISHIDA
Satoshi TAKAHASHI
Maho TANAKA
Seiko NOMURA
Chikako UTSUMI
- Others**
Chieko TORII
Masae HARUTA
Kayoko MIZUNASHI
Yoshie OKAMOTO
Erika MORIYA
Sultana RASHEED
Minako SUMITA



チームリーダー / Team Leader

杉本 慶子 Ph.D.
Keiko SUGIMOTO Ph.D.



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

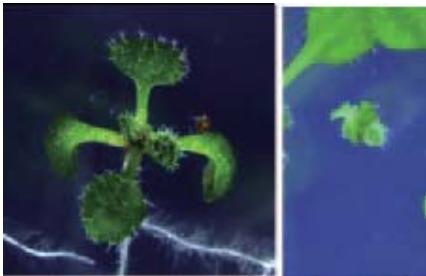


研究概要

生物界において個体、また個体を形成する器官、組織、細胞などの大きさがいかに決定されるかという問題は基礎、応用研究上、非常に重要だが、その制御機構についてはほとんど解明されていない。当チームではこの問題を特に植物の器官、細胞の大きさ制御の視点から解明することを目指している。植物の器官や細胞の大きさは外因性、内因性の様々な要素からなる複雑な制御ネットワークによって規定されている。これらのネットワークに関与する遺伝子群を同定し、高等植物の大きさを決定する制御システムを解明していく。また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を向上するための新手法を確立することを目指す。

研究成果

- HPY1 が細胞の増殖期から分化期への移行を制御することを明らかにした。
- トライヘリックス型転写因子が冗長的に細胞成長を抑制することを示した。
- シロイヌナズナの WIND1 が作物でもカルス化を誘導することを発見した。



Loss of HPY1 causes severe dwarfism in *Arabidopsis*.

Research Subjects

Molecular dissection of plant organ growth



Molecular dissection of cellular reprogramming in plants



Genetic manipulation of cellular differentiation in crops

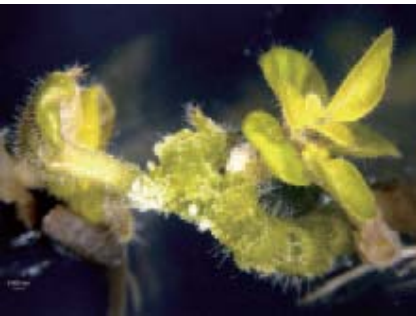


Research Outline

What controls 'size' in biological systems is a fundamental question, but the intrinsic mechanism that mediates this control remains largely unknown. The goal of our research is to unravel genetic mechanisms that determine cell and organ size in plants and to explore new strategies to improve yield and quality of economically important plant species. Cell and organ size in plants are defined by highly dynamic, intersecting signaling pathways that involve genetic, hormonal and environmental cues. We identify sets of genes that act in these pathways and unravel complex regulatory networks that control size in higher plants.

Research Results

- We demonstrated that HPY1 mediates the transition from proliferation to differentiation.
- We demonstrated that trihelix proteins redundantly repress cell expansion.
- We demonstrated that *Arabidopsis* WIND1 induces callus formation in crops.



Arabidopsis WIND1 induces callus formation in tomato.

主要論文 / Publications

Braidwood, L., Breuer, C., Sugimoto, K.
My body is a cage: Mechanisms and modulation of plant cell growth.
New Phytol. **201**, 388-402 (2014)

Ikeuchi, M., Sugimoto, K., Iwase, A.
Plant callus: mechanisms of induction and repression.
Plant Cell **25**, 3159-3173 (2013)

Iwase, A. *et al.*
Arabidopsis WIND1 induces callus formation in rapeseed, tomato and tobacco.
Plant Signal Behav. **8**, e27432 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Keiko SUGIMOTO

Research Scientist
Christian BREUER
Akira IWASE
Hirofumi HARASHIMA

Postdoctoral Researcher
Momoko IKEUCHI

Visiting Researcher
Bart RYME
Shinichiro KOMAKI

Technical Staff
Luke Anthony BRAIDWOOD
Ayako KAWAMURA
Mariko ONUMA

Others
Mariko MORI
Chika IKEDA
Yasuko YATOMI
Britta RADTKE
Takako FURUKAWA

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



Dormancy and Adaptation Research Unit

Discovering genes and chemicals that improve seed quality
and adaptation responses



ユニットリーダー／Unit Leader
瀬尾 光範 博士(理学)
Mitsunori SEO D.Sci.



研究テーマ

植物ホルモン輸送体の同定と機能解析



輸送体の機能解析における新たな手法・技術開発



ホルモン輸送阻害剤の探索



1細胞からの植物ホルモン分析法の確立

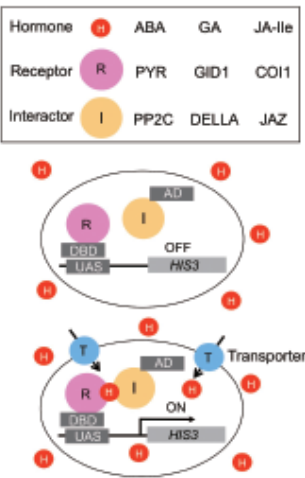


研究概要

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

- 酵母を用いた植物ホルモン(ABA、GA、JA-Ile)輸送体探索系を確立した。
- ABA、GA、JA-Ileに対する輸送活性を持つタンパク質を同定した。
- 孔辺細胞の1細胞質量分析によりABAに対応するイオンピークを検出した。



Identification of hormone transporters
by using yeast two-hybrid systems
with receptor complexes

Research Subjects

Identification and functional characterization of plant hormone transporters



Establishment of technologies and methodologies to study transporter functions



Screening of potential hormone transport inhibitors



Development of a system to quantify hormones from a single cell

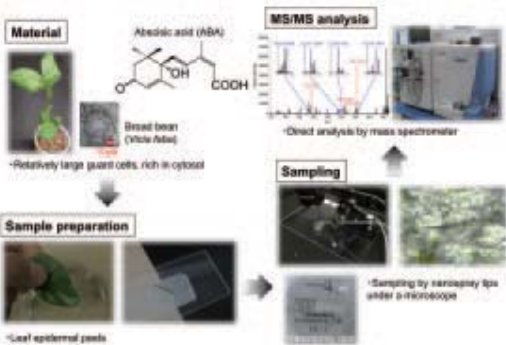


Research Outline

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 developed yeast systems to identify transporters of ABA, GA and JA-Ile.
- We identified proteins capable of transporting ABA, GA and JA-Ile.
- We detected ion peaks corresponding to ABA by single cell mass-spectrometry analysis of guard cells.



Detection of ABA from
a single guard cell

主要論文 / Publications

Léran, S. *et al.*
A unified nomenclature of NITRATE TRANSPORTER 1/PEPTIDE TRANSPORTER family members in plants.
Trends Plant Sci. **19**, 5-9 (2014)

Kanno, Y., Kamiya, Y. Seo, M.
Nitrate does not compete with abscisic acid as a substrate of AtNPF4.6/NRT1.2/AT1 in *Arabidopsis*.
Plant Signal. Behav. **8**, e26624 (2013)

Yano, R., Takebayashi, Y., Nambara, E., Kamiya, Y. Seo, M.
Combining association mapping and transcriptomics identify HD2B histone deacetylase as a genetic factor associated with seed dormancy in *Arabidopsis thaliana*.
Plant J. **74**, 815-828 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Unit Leader**
Mitsunori SEO
- Special Postdoctoral Researcher**
Atsuko KINOSHITA
- Foreign Postdoctoral Researcher**
Eunjo SEO
- Postdoctoral Researcher**
Takafumi SHIMIZU
- Junior Research Associate**
Yasutaka CHIBA
- Technical Staff**
Yuri KANNO



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



研究テーマ

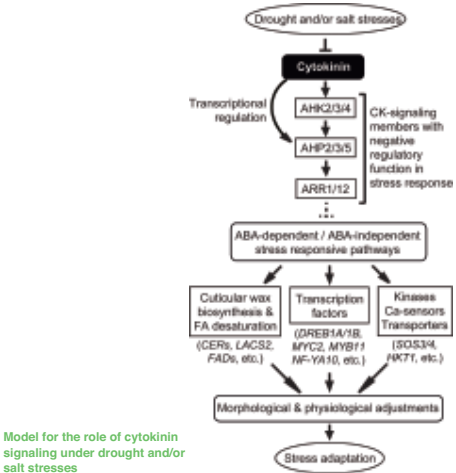
- 乾燥および塩ストレス応答における、サイトカイニンとサイトカイニンシグナル伝達の分子機構の解明 N
- リン欠乏および乾燥ストレスにおける窒素固定を制御するメカニズムの解明 N
- 劣悪環境下での作物の生産性向上を目的とした作物の機能ゲノミクス N
- 重金属ストレス応答における植物生長レギュレータの役割解明 M

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1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

- 乾燥・塩ストレス応答に関与するサイトカイニン応答性シグナル伝達因子 (AHP及び type-B ARR) の単離・機能解析
- 乾燥・塩ストレス応答におけるストリゴラクトンの制御機能の決定
- リン欠乏条件下におけるタルウマゴヤシおよびヒヨコマメの窒素固定制御メカニズムの解明



Model for the role of cytokinin signaling under drought and/or salt stresses

Research Subjects

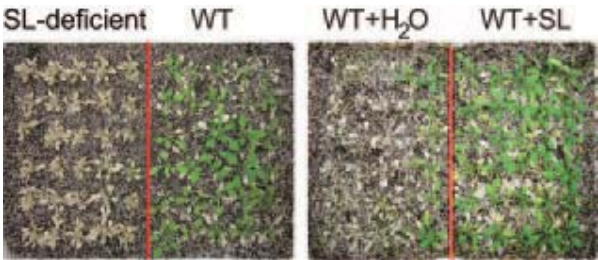
- Molecular elucidation of hormonal regulatory networks in drought and salt stress responses N
- Mechanisms controlling nitrogen fixation under drought and low phosphorus stresses N
- Functional genomics of food crops for improvement of crop productivity in adverse conditions N
- Role of plant growth regulators in plant response to heavy metal stress M

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

- Identification and functional analyses of His-containing phosphotransfers (AHPs) and type-B response regulators involved in regulation of salt and drought stresses.
- Determination of regulatory function of strigolactone in salt and drought stress responses.
- Elucidation of mechanisms regulating nitrogen fixation in *Medicago truncatula* and chickpea under normal and phosphorus deficiency.



Positive regulatory role of strigolactone (SL) in drought response

主要論文 / Publications

Ha, C.V. *et al.*
Positive regulatory role of strigolactone in plant responses to drought and salt stress.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA **111**, 851-856 (2014)

Suliman, S., Ha, C.V., Schulze, J., Tran, L.S.
Growth and nodulation of symbiotic *Medicago truncatula* at different levels of phosphorus availability.
J. Exp. Bot. **64**, 2701-2712 (2013)

Nishiyama, R. *et al.*
Arabidopsis AHP2, AHP3 and AHP5 histidine phosphotransfer proteins function as redundant negative regulators of drought stress response.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA **110**, 4840-4845 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Unit Leader**
Lam-Son Phan TRAN
- Research Scientist**
Rie NISHIYAMA
- International Program Associate**
Chien Van HA
- Visiting Researcher**
Saad Abdel Rahman Suliman MOHAMED
- Technical Staff**
Yasuko WATANABE

機能調節研究ユニット

放射性セシウム除去法の開発および
植物の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



ユニットリーダー／Unit Leader
申 怜 Ph.D.
Ryoung SHIN Ph.D.



研究テーマ

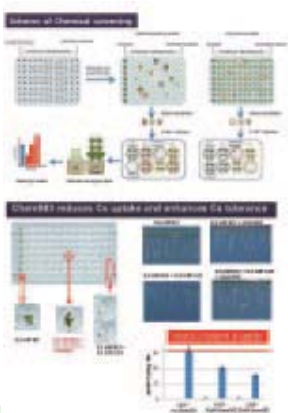
- 植物における栄養欠乏時のシグナル伝達系の解明
- 窒素利用効率向上イネの開発および植物の栄養素利用効率を制御するメカニズムの解明
- イオン・チャネルの解析
- 新たな放射性セシウム除去技術の開発およびファイトレメディエーションの制御因子分析

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、余った肥料は土壤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。また窒素が乏しい条件下でもよく生長し、効率的に他の主要栄養素を利用するイネの開発を目指す。さらに新たなファイトレメディエーション技術の確立を目指す。汚染土壌からセシウムを効率的に吸収する植物体を作製するため、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を同定と、制御因子の調査を行っている。

研究成果

- 高親和性K吸収システムの上流因子を解明した。
- 放射性セシウム除去のため新たな化学物質を同定およびファイトレメディエーション技術を開発した。
- 窒素利用効率向上イネを単離した。



Cesium tolerant chemical screening

Regulatory Network Research Unit

Developing new methods to remove radiocesium
and elucidating signaling cascades in plant response to nutrient deprivation

Research Subjects

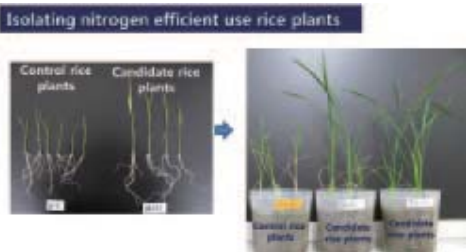
- Dissection of signaling cascades in plant response to nutrient deprivation
- Development of rice with improved nitrogen-use efficiency and elucidation of regulatory mechanisms of plant nutrient utilization
- Characterization of ion channels in various systems
- Development of new methods for radiocesium remediation 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 grow well under nitrogen-limited conditions and efficiently utilize other macronutrients. Also, we are intensively analyzing regulatory components of cesium uptake to develop plants which selectively and efficiently absorb cesium from contaminated soil. In addition, chemical screenings to elucidate the chemicals which affect cesium uptake in plants has been conducted. From the results obtained, we aim to establish a new method of phytoremediation.

Research Results

- Upstream components of a high affinity K uptake system were elucidated.
- New chemicals and phytoremediation methods were developed to remove radiocesium.
- Isolation of rice with improved nitrogen use efficiency.



Isolating rice with improved nitrogen use efficiency

主要論文 / Publications

Akamatsu, M. *et al.*, Intracellular Imaging of cesium distribution in *Arabidopsis* using cesium green. *ACS Appl. Mater. Interfaces* **6**, 8208–8211 (2014)

Adams, E., Abdollahi, P., Shin, R. Cesium inhibits plant growth through jasmonate signalling in *Arabidopsis thaliana*. *Int. J. Mol. Sci.* **14**, 4545–4559 (2013)

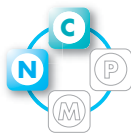
Hong, J. *et al.* Identification and characterization of transcription factors regulating *Arabidopsis* HAK5. *Plant Cell Physiol.* **54**, 1478–1490 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Unit Leader**
Ryoung SHIN
- Postdoctoral Researcher**
JongPil HONG
Eri ADAMS
- Technical Staff**
Parisa ABDOLLAHI
Mio HIRAI

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



Plant Proteomics Research Unit

Dissecting plant-unique adaptation systems
by using advanced proteomics methods



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.



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

- 病原体認識に伴うリン酸化プロテオームの変動解析に成功した。
- 病原体感染時の細胞死を制御する因子を同定した。
- ゼニゴケでキチン応答システムが保存されていることを明らかにした。



Cell death upon pathogen
infection on a leaf surface

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 phosphoproteome dynamics of several plant species upon pathogen infection
- Identified a novel factor which regulates cell death upon pathogen infection
- Revealed that the chitin responsive pathway is conserved in *Marchantia*



Marchantia polymorpha L.

主要論文 / Publications

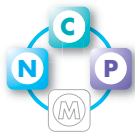
- Nakagami, H.,
StageTip-based HAMMOC, an efficient and inexpensive phosphopeptide enrichment method for plant shotgun phosphoproteomics.
Methods Mol. Biol. **1072**, 595-607 (2014)
- Kondo, Y. *et al.*
Plant GSK3 proteins regulate xylem cell differentiation downstream of TDIF-TDR signaling.
Nat. Commun. **5**, 3504 (2014)
- Fujita, S. *et al.*
An Atypical Tubulin Kinase Mediates Stress-Induced Microtubule Depolymerization in *Arabidopsis*.
Curr. Biol. **23**, 1969-1978 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Unit Leader**
Hirofumi NAKAGAMI
- Special Postdoctoral Researcher**
Gang-Su HYON
- Postdoctoral Researcher**
Hidenori MATSUI
Izumi YOTSUI
- Technical Staff**
Yuko NOMURA
- Others**
Yuko GONOHE

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



Metabolomics Research Group

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



グループディレクター / Group Director
斉藤 和季 薬学博士
Kazuki SAITO Ph.D.



研究テーマ

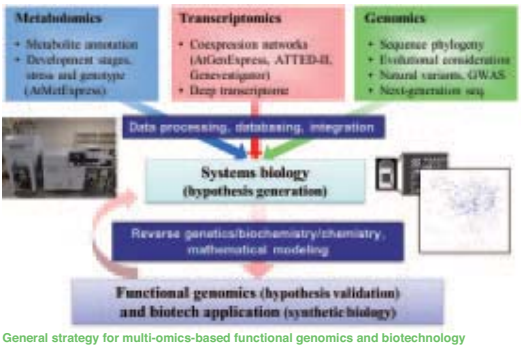
- メタボロミクスにおける実験的および情報学的手法の組み合わせによる代謝物アノテーション P
- メタボロミクス解析プラットフォームのゲノム機能学とバイオテクノロジーへの応用 P
- 特異的植物(二次)代謝産物の生合成遺伝子とネットワークの解明 N C
- 有用化合物生産に向けたバイオテクノロジーと合成生物学研究 N C

研究概要

細胞内の全代謝産物(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く。

研究成果

- 硫黄を含んだ代謝物を網羅的に解析する「S-オミクス」を確立した。
- 植物のリン欠ストレスを緩和する新しい糖脂質を発見した。
- フラボノイドの高蓄積が植物の酸化と乾燥ストレスへの耐性を高めることを発見した。



Research Subjects

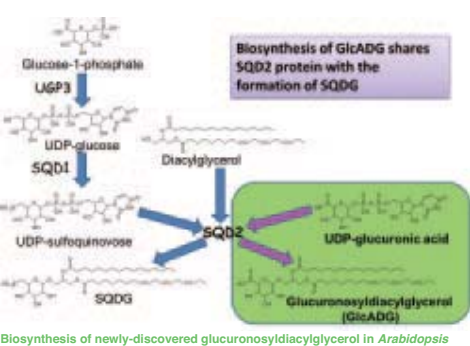
- Improving metabolite peak annotation in metabolomics by empirical and bioinformatics strategies P
- Application of the metabolomics platform to functional genomics and biotechnology P
- Identification of plant genes and networks involved in biosynthesis of useful specialized metabolites N C
- Biotechnology and synthetic biology for production of useful compounds N C

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 high-throughput 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

- We have established an "S-Omics" strategy with FT-ICR-MS for comprehensive analysis of sulfur-containing metabolites.
- We have identified a new class of plant glycolipids that is essential for protection against phosphorus depletion.
- We have elucidated enhancement of oxidative and drought tolerance in *Arabidopsis* by overaccumulation of antioxidant flavonoids.

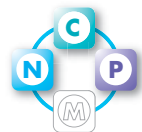


主要論文 / Publications

- Nakabayashi, R. *et al.*
Enhancement of oxidative and drought tolerance in *Arabidopsis* by overaccumulation of antioxidant flavonoids.
Plant J. **77**, 367–379 (2014)
- Okazaki, Y. *et al.*
A new class of plant lipid is essential for protection against phosphorus depletion.
Nat. Commun. **4**, 1510 (2013)
- Nakabayashi, R. *et al.*
Combination of liquid chromatography-Fourier transform-ion cyclotron resonance-mass spectrometry with ¹³C-labeling for chemical assignment of sulfur-containing metabolites in onion bulbs.
Anal. Chem. **85**, 1310–1315 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Group Director**
Kazuki SAITO
- Senior Research Scientist**
Keiko SAKAKIBARA
Miyako KUSANO
- Research Scientist**
Jianwei TANG
Yozo OKAZAKI
Satoru SAWAI
Yasuhiro HIGASHI
- Postdoctoral Researcher**
Ryo NAKABAYASHI
Zhigang YANG
- Technical Staff**
Makoto KOBAYASHI
Tomoko NISHIZAWA
Tetsuya MORI
Satoko SUGAWARA
Ryosuke SASAKI
Tomomi SAWADA
Kouji TAKANO
Yuka MITANI



チームリーダー / Team Leader

平井 優美 博士(農学)

Masami HIRAI Ph.D.



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



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



アミノ酸合成制御機構の解明



発生と代謝の関係の解明

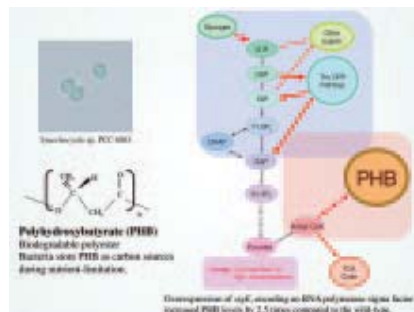


研究概要

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

- 藍藻の転写制御因子SigEの過剰発現により、水素およびバイオプラスチックの生産量を増大させることに成功した。
- AN3タンパク質が葉の組織間の情報伝達を担い、細胞増殖を組織間で協調させることを明らかにした。
- アブラナ科作物ケールの完全長cDNAライブラリーを構築し、健康機能成分の生合成を制御する転写因子BoMYB29を同定した。

Cyanobacteria and thier metabolic
pathway of bioplastic production

Research Subjects

Development of a metabolomics platform



Mathematical modeling of metabolism using metabolome datasets

Useful material production in cyanobacteria using CO₂ as a resource

Elucidation of the regulatory mechanism of amino acid biosynthesis



Exploration of the relationship between development and metabolism



Research Outline

Metabolism is finely regulated in a complicated way, as it comprises the basis of life. By providing nutrient and functional compounds, plant and bacterial metabolisms are an especially important base, 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. Using our findings, we also aim to improve plant and bacterial productivity of useful metabolites.

Research Results

- We successfully improved hydrogen and bioplastic production in cyanobacteria by over-expressing the transcription factor SigE.
- We revealed that AN3 protein is responsible for signaling between clonally distinct cells in leaves and coordinates proliferation between clonally independent leaf cells.
- We established full-length cDNA libraries of the Brassicaceae vegetable kale, and identified BoMYB29 as a transcription factor regulating biosynthesis of health-promoting metabolites.

主要論文 / Publications

Osanai, T. *et al.*
Pleiotropic effect of *sigE* overexpression on cell morphology, photosynthesis, and hydrogen production in *Synechocystis* sp. PCC 6803. *Plant J.* **76**, 456-465 (2013)

Kawade, K. *et al.*
ANGUSTIFOLIA3 signaling coordinates proliferation between clonally distinct cells in leaves. *Current Biol.* **23**, 788-792 (2013)

Araki, R. *et al.*
Novel bioresources for studies of *Brassica oleracea*: identification of a kale MYB transcription factor responsible for glucosinolate production. *Plant Biotechnol. J.* **11**, 1017-1027 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Masami HIRAI

Research Scientist
Yuji SAWADA

Special Postdoctoral Researcher
Kensuke KAWADE
Takeshi FURUHASHI

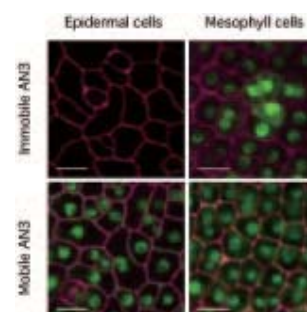
Postdoctoral Researcher
Kansuporn SRIYUDTHSAK
Eiji OKAMURA
Yimeng LI

Junior Research Associate
Hiroshi KIYOTA

Visiting Scientist
Takashi OSANAI

Technical Staff
Ayuko KUWAHARA
Muneo SATO
Hiroko IJIMA

Others
Akane SAKATA
Junko TAKANOBU
Atsuko WATANABE

AN3 protein is produced specifically
in leaf mesophyll cells, and then
moves into epidermal cells.



チームリーダー / Team Leader

菊地 淳 博士(工学)

Jun KIKUCHI Ph.D.



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ノミクス解析

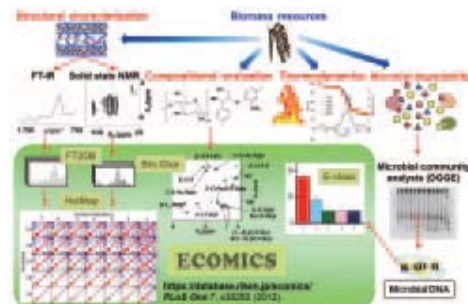


研究概要

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

- 環境・バイオマス試料の多角的な分析ツールによりイナワラの土壌微生物分解様式を評価した。
- 多次元NMR法によるリグノセルロースの立体構造評価手法を構築した。
- 海藻類の有機・無機成分複雑系の統合解析技術を構築した。



Use of the trans-omics analysis tool "ECOMICS" to evaluate biomass structure and its metabolic process by paddy-field microbiota

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

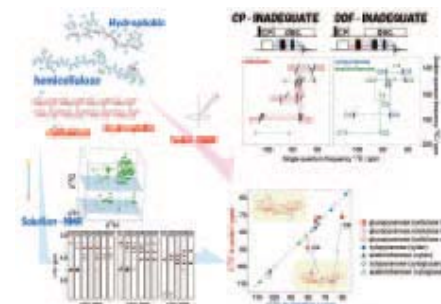


Research Outline

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 chemoinformatics 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

- We described a method for evaluation of biomass degradation and metabolism.
- We developed a method for lignocellulose structural evaluation based on multi-dimensional NMR approaches.
- We proposed an integrated analytical technology for complex systems of organic and inorganic mixtures in seaweed.



Structure and composition of lignocellulose can be evaluated by advanced solid-state and solution-state multi-dimensional NMR.

主要論文 / Publications

Ito, K., Sakata, K., Date, Y., Kikuchi, J.
Integrated analysis of seaweed components in seasonal fluctuation by data mining across heterogeneous chemical measurements with network visualization.
Anal. Chem. **86**, 1098-1105 (2014)

Komatsu, T., Kikuchi, J.
Comprehensive signal assignment of ^{13}C -labeled lignocellulose using multidimensional solution NMR and ^{13}C chemical shift comparison with solid-state NMR.
Anal. Chem. **85**, 8857-8865 (2013)

Ogura, T., Date, Y., Kikuchi, J.
Differences in cellulosic supramolecular structure of compositionally similar rice straw affect biomass metabolism by paddy soil microbiota.
PLoS ONE **8**, e66919 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Jun KIKUCHI

Foreign Postdoctoral Researcher
Luis Fredd Leonardo VERGARA

Postdoctoral Researcher
Yasuhiro DATE

Junior Research Associate
Tatsuki OGURA
Takanori KOMATSU
Kengo ITO
Taiga ASAKURA

Technical Staff
Yuuri TSUBOI
Amiu SHINO
Kenji SAKATA



チームリーダー / Team Leader

有田 正規 博士(理学)

Masanori ARITA D.Sci.



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行っている。また、未知代謝産物にも柔軟に対応できるデータベースを構築している。開発したソフトウェアは他チームにおいて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

- MRMメタボロミクス解析用のソフトウェアを開発した。
- シロイヌナズナ変異体の代謝比較データベースを構築した。
- マスバンクデータベースを開発した。

Research Subjects

Analysis and interpretation of metabolomic data



Development of software 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 that help more efficient identification of metabolites. The developed software will be applied to integrated analysis of metabolomic and transcriptomic data collated by other teams to enable systematic understanding of plants.

Research Results

- Development of a software environment for the metabolome analysis of multiple reaction monitoring (MRM) assays
- Database for metabolomic characterization of knock-out mutants in *Arabidopsis*
- Development of MassBank database

主要論文 / Publications

Fukushima, A. *et al.*
Metabolomic Characterization of Knock-Out Mutants in *Arabidopsis* - Development of a Metabolite Profiling Database for Knock-Out Mutants in *Arabidopsis* (MeKO).
Plant Physiol. **165**, 948-961 (2014)

Tsugawa, H. *et al.*
MRMPROBS: a data assessment and metabolite identification tool for large-scale multiple reaction monitoring based widely targeted metabolomics.
Anal. Chem., **85**, 5191-5199 (2013)

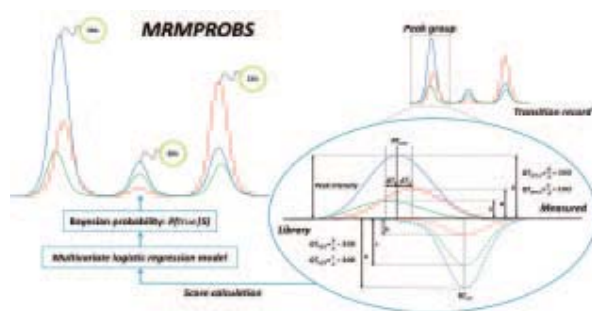
Fukushima, A.
DiffCorr: an R package to analyze and visualize differential correlations in biological networks.
Gene **518**, 209-214 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Masanori ARITA

Research Scientist
Atsushi FUKUSHIMA

Postdoctoral Researcher
Hiroshi TSUGAWA
Ramon Francisco Pacquiao MEJIA



Statistical evaluation of peak quality



Main cycle to generate metabolomic data



ユニットリーダー / Unit Leader

櫻井 哲也 博士(農学)

Tetsuya SAKURAI Ph.D.



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



光合成の分子基盤解明への貢献



コケ植物のゲノム解読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、基盤整備



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ノ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

- デンプン作物キャッサバの系統間DNA多型1万カ所以上を同定し、遺伝子機能とDNA多型の関連解析および分子育種のための基盤整備を行った。
- 植物におけるタンパク質のディスオーダー領域と各種翻訳後修飾との関連性を明らかにした。
- シロイヌナズナ変異体の表現形質情報を統合、データベース化し、機能未知遺伝子の注釈改善を図った。

DNA polymorphism identification among 17 cassava varieties
— Over 10,000 DNA polymorphisms (SNP and INDEL)

Polymorphisms	SNPs	InDels	Total
No. polymorphisms	33,346	758	34,104
No. polymorphisms succeeded in designing a primer pair	8,759	583	9,342
No. genes with polymorphisms detected	5,252	583	5,835
Avg. polymorphisms per gene	3.2	3.3	3.3
Avg. polymorphism interval in transcribed regions including 5'UTR	1,072.5	2,558.7	1,347.8

— Database development: Cassava Online Archive <http://casvaseg.ncr.ac.cn/>

Genome-wide discovery and information resource development of DNA polymorphisms in cassava

Research Subjects

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



Elucidation of the molecular basis for C4 photosynthesis



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



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 phenome 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 identified more than 10 thousand DNA polymorphisms among cassava varieties and promoted a research platform for cassava molecular breeding.
- We elucidated correlations between predicted protein disorder and post-translational modifications in plants.
- We integrated phenotypic information of *Arabidopsis* mutants as the RARGE II database using controlled vocabularies.

主要論文 / Publications

Kurotani, A. *et al.*
Correlations between protein disorder and post-translational modifications in plants.
Bioinformatics **30**, 1095-1103 (2014)

Akiyama, K. *et al.*
RARGE II: An Integrated Phenotype Database of *Arabidopsis* Mutant Traits Using a Controlled Vocabulary.
Plant Cell Physiol. **55**, e4 (2014)

Sakurai, T. *et al.*
Genome-wide discovery and information resource development of DNA polymorphisms in cassava.
PLoS One **8**, e74056 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Unit Leader

Tetsuya SAKURAI

Technical Scientist

Kenji AKIYAMA

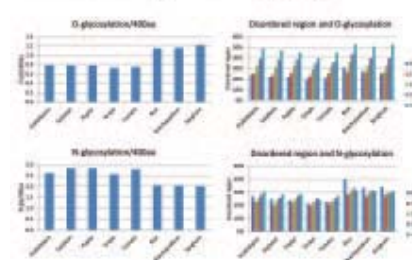
Technical Staff

Atsushi KUROTANI

Takuhiro YOSHIDA

Yutaka YAMADA

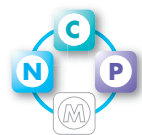
Correlations between protein disorder and glycosylation



Correlations between protein disorder and post-translational modifications in plants

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



グループディレクター / Group Director

吉田 稔 農学博士

Minoru YOSHIDA D.Agr.



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

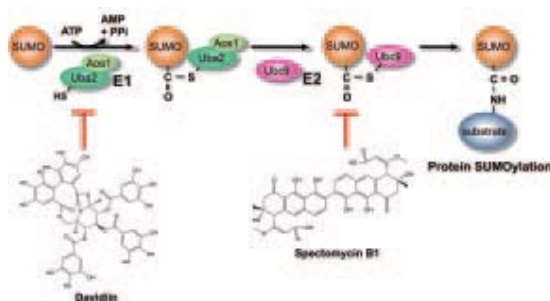


研究概要

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

- 脱窒阻害剤のスクリーニング系を確立した。
- 植物および微生物由来の天然物からタンパク質SUMO化を阻害する小分子化合物を同定した。
- スプリットルシフェラーゼの原理を応用した *in vitro* および *in vivo* でHTS可能なSUMOとSIM相互作用検出系を構築した。



Spectomycin B1 and Davidin as inhibitors of SUMO E2 and E1, respectively

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

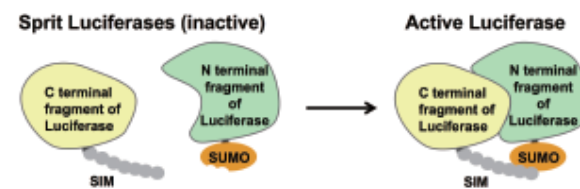


Research Outline

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 established screening systems for compounds that interfere with bacterial or fungal denitrification.
- We identified small molecule inhibitors of protein SUMOylation from plants and microorganisms.
- We established *in vitro* and *in vivo* systems for high-throughput assays to detect non-covalent interactions between SUMO and SIM using split-luciferase complementation.



Scheme of the split luciferase complementation assay for detecting SUMO-SIM interaction

主要論文 / Publications

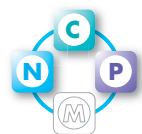
- Takemoto, M. *et al.*
Inhibition of protein SUMOylation by davidin, an ellagitannin from *Davidia involucrata*.
J. Antibiot. **67**, 335-338 (2014)
- Hirohama, M. *et al.*
Assay methods for small ubiquitin-like modifier (SUMO)-SUMO-interacting motif (SIM) interactions *in vivo* and *in vitro* using a split-luciferase complementation system.
Anal. Biochem. **448**, 92-94 (2014)
- Hirohama, M. *et al.*
Spectomycin B1 as a novel SUMOylation inhibitor that directly binds to SUMO E2.
ACS Chem. Biol. **8**, 2635-2642 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Group Director**
Minoru YOSHIDA
- Senior Research Scientist**
Akihiro ITO
Akihisa MATSUYAMA
- Postdoctoral Researcher**
Ayako TOKUMITSU
Shin-ya OKAMOTO
Ishfaq MUHAMMAD
Masaki MATSUOKA
Tomoshige HIRATSUKA
- Technical Staff**
Atsushi HASHIMOTO

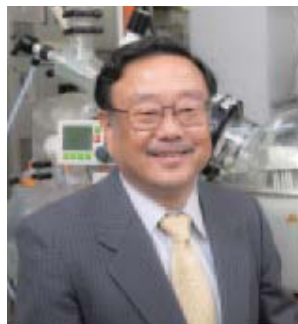
ケミカルバイオロジー研究グループ

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



Chemical Biology Research Group

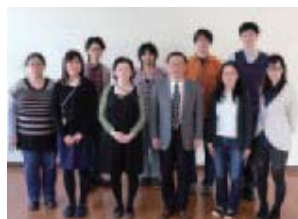
Developing new techniques for chemical biology
and elucidating mysteries of complex biological systems



グループディレクター / Group Director

長田 裕之 農学博士

Hiroyuki OSADA D.Agr.



研究テーマ

天然化合物バンク“NPDepo”の構築



遺伝子工学的・合成化学的技術を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



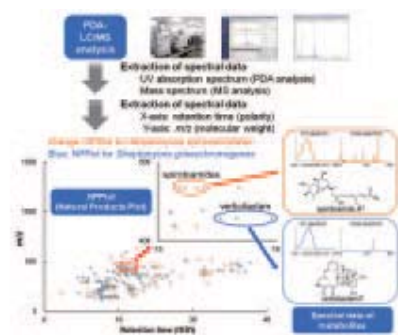
研究概要

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

- NPDepoに所蔵されている約400種類の天然化合物のUV、Massスペクトルを測定した。そして、それらの各種データを加えることでNPPlotを拡充した。
- 生理活性化合物とそれらの誘導体を合成することで、化合物ライブラリーを充実させた。
- 生理活性化合物の標的タンパク質の同定のため、2D-DIGEを基盤とするプロテオーム解析“ChemProteoBase”と無細胞タンパク質合成系を利用したリボソームディスプレイ法を開発した。

2-dimensional distribution map of metabolites based on their physico-chemical properties; polarity and molecular weight, NPPlot (Natural Products Plot)



Research Subjects

Construction 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

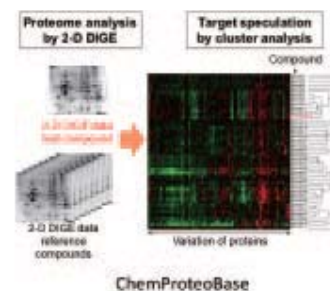


Research Outline

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 collected UV and mass spectra derived from about 400 natural products from NPDepo by using a DAD-LC/MS system, and expanded our original database, “Natural Products Plot (NPPlot)” including the obtained spectral data.
- We synthesized bioactive compounds and their derivatives (e.g., plant PKS inhibitors) by using organic synthetic methods and expanded the chemical library.
- For identifying target proteins of bioactive compounds, we developed a 2D-DIGE based proteome analysis, “ChemProteoBase” and a ribosome display technique using a cell free protein synthesis system.



主要論文 / Publications

Futamura, Y. *et al.*
Identification of a molecular target of a novelfungal metabolite, pyrrolizilactone, by phenotypic profiling systems.
Chembiochem, **14**, 2456-2463 (2013)

Nogawa, T. *et al.*
Pyrrolizilactone, a new pyrrolizidinone metabolite produced by a fungus.
J. Antibiot. **66**, 621-623 (2013)

Wada, A., Hara, S., Osada, H.
Ribosome display and photo-cross-linking techniques for *in vitro* identification of target proteins of bioactive small molecules.
Anal. Chem. **86**, 6768-6773 (2014)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Group Director
Hiroyuki OSADA

Senior Research Scientist
Makoto MUROI
Akira WADA
Takayuki MOTOMYAMA

Research Scientist
Toshihiko NOGAWA

Technical Staff
Yasuko HIRATA
Miho TANAKA
Akiko OKANO
Mizue YUKI
Kumi SUGINO



チームリーダー / Team Leader

チャールズ・ブーン Ph.D.

Charles M. BOONE Ph.D.



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概でないため、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

- 酵母を用いた化学遺伝学的相互作用の大規模解析法を確立した。
- 酵母の化学遺伝学的相互作用をもとにNPDepo化合物の標的予測を行った。

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 developed a high throughput chemical genomic profiling system using the budding yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
- We performed chemical genomic profiling of bioactive compounds within the RIKEN NPDepo compound library to predict the cellular targets of the compounds.

主要論文 / Publications

Fung, S.Y. *et al.*
Unbiased screening of marine sponge extracts for anti-inflammatory agents combined with chemical genomics identifies giroline as an inhibitor of protein synthesis.
ACS Chem. Biol. **9**, 247-257 (2014)

Deshpande, R. *et al.*
A comparative genomic approach for identifying synthetic lethal interactions in human cancer.
Cancer Res. **73**, 6128-6136 (2013)

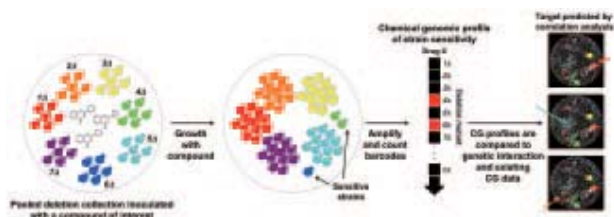
2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Charles M. BOONE

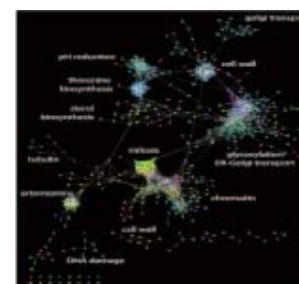
Deputy Team Leader
Yoko YASHIRODA

Postdoctoral Researcher
Jacqueline Mary Elizabeth Kane BARBER
Sheena Claire Leoncio LI

Technical Staff
Yumi KAWAMURA



Experimental pipeline for high-throughput chemical genomic profiling



Target prediction based on yeast chemical genetic interactions



ユニットリーダー / Unit Leader

高橋 俊二 博士(理学)

Shunji TAKAHASHI D.Sci.



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



金属に結合する天然化合物の同定



微生物を利用した生合成プラットフォームの構築

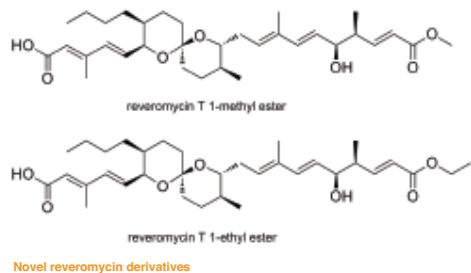


研究概要

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

- 新規リベロマイシン誘導体の創製に成功した。
- フミトレモルジン生合成機能欠損に関わる *ftmD* 変異を同定した。
- Verticilactam 生合成遺伝子クラスターのクローニングと異種発現に成功した。



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



Identification of metal binding natural products



Construction of biosynthetic platforms using microorganisms

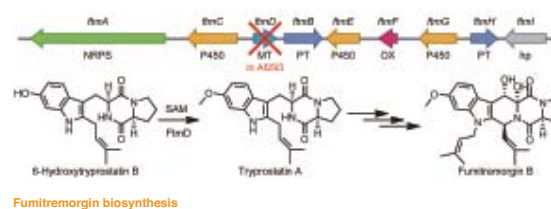


Research Outline

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 succeeded in creating novel reveromycin derivatives.
- We identified the *ftmD* mutation responsible for loss of fumitremorgin biosynthesis.
- We succeeded in cloning the verticilactam biosynthetic gene cluster and its heterologous expression.



主要論文 / Publications

Nogawa, T. *et al.*
Creation of novel reveromycin derivatives by alcohol-added fermentation.
J. Antibiot. **66**, 247-250 (2013)

Kato, N., Suzuki, H., Okumura, H., Takahashi, S., Osada, H.
A point mutation in *ftmD* blocks the fumitremorgin biosynthetic pathway in *Aspergillus fumigatus* strain Af293.
Biosci. Biotech. Biochem. **77**, 1061-1067 (2013)

Nogawa, T. *et al.*
Pyrrolizilactone, a new pyrrolizidinone metabolite produced by a fungus.
J. Antibiot. **66**, 621-623 (2013)

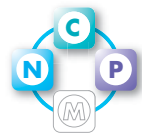
2013年度メンバー / FY2013 Members

Unit Leader
Shunji TAKAHASHI

Research Scientist
Naoki KATO

Foreign Postdoctoral Researcher
Suresh PANTHEE

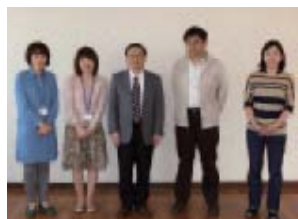
Technical Staff
Hiroshi TAKAGI
Noriko SHIBAZAKI



ユニットリーダー / Unit Leader

長田 裕之 農学博士

Hiroyuki OSADA D.Agr.



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

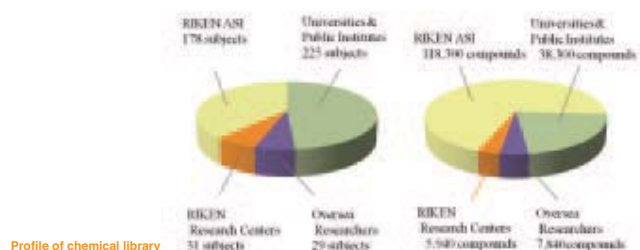


研究概要

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、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、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

- NPDepoに所蔵されている化合物ライブラリーを提供し、Trichothecene 3-O-acetyltransferaseの阻害剤を探索した。
- NPDepoに所蔵されている化合物ライブラリーを提供し、MDM2/MDMX-p53相互作用の阻害剤を探索した。
- 化合物ライブラリーの有効活用のため、国内外の研究機関等に化合物とそれらの情報を提供した。



Profile of chemical library

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 provided the chemical library stored in NPDepo and explored trichothecene 3-O-acetyltransferase inhibitors.
- We provided the chemical library stored in NPDepo and explored MDM2/MDMX-p53 interaction inhibitors.
- To ensure utilization and application of the chemical library, we provided chemical compounds and their information to domestic and international research institutes.



Conservation of chemical library

主要論文 / Publications

Nakajima, Y. *et al.*
Identification and characterization of an inhibitor of trichothecene 3-O-acetyltransferase, TRI101, by the chemical array approach.
Biosci. Biotechnol. Biochem. **77**, 1958-1960 (2013)

Hirohama, M. *et al.*
Spectomycin B1 as a novel SUMOylation inhibitor that directly binds to SUMO E2.
ACS Chem. Biol. **8**, 2635-2642 (2013)

Kondoh, Y., Osada, H.
High-throughput screening identifies small molecule inhibitors of molecular chaperones.
Curr. Pharm. Des. **19**, 473-492 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Unit Leader

Hiroyuki OSADA

Senior Research Scientist

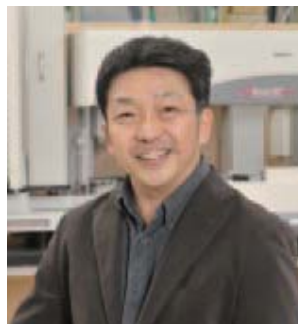
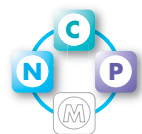
Tamio SAITO

Technical Staff

Atsuko NIHONYANAGI

Others

Yukie AKIMOTO
Akiko YOSHIOKA



ユニットリーダー / Unit Leader

渡邊 信元 理学博士

Nobumoto WATANABE D.Sci.



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

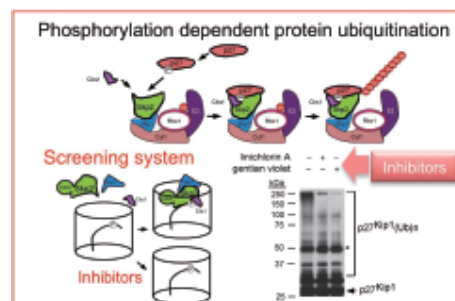


研究概要

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

- リン酸化依存のタンパク質ユビキチン化を阻害する物質の探索系を構築しp27ユビキチン化阻害物質を同定した。
- リン酸化酵素、脱リン酸化酵素阻害剤の新しいハイスループットスクリーニング系を構築し、阻害剤探索を行い、阻害物質を得た。
- 化合物アレイシステムを改良して、p38 γ/δ の新規阻害剤を同定した。



Identification of inhibitors of phosphorylation dependent protein ubiquitination using a novel high throughput screening system

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

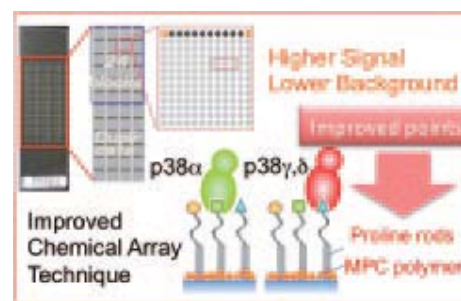


Research Outline

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

- We established a screening system for inhibitors of phosphorylation dependent protein ubiquitination and isolated inhibitors of p27 ubiquitination.
- We established novel high throughput screening systems for inhibitors of protein kinases and phosphatases.
- We improved the chemical array technique and identified novel inhibitors of p38 γ/δ MAP kinases.

Identification of novel p38 γ/δ inhibitors using improved chemical array techniques

主要論文 / Publications

Ooi, L.-C. *et al.*
Identification of small molecule inhibitors of p27^{Kip1} ubiquitination by high-throughput screening.
Cancer Sci. **104**, 1461-1467 (2013)

Kasahara, K. *et al.*
PI 3-kinase-dependent phosphorylation of Plk1-Ser99 promotes its association with 14-3-3 γ and is required for metaphase-anaphase transition.
Nat. Commun. **4**, 1882 (2013)

Zimmermann, T. J. *et al.*
Boron based inhibitors of acyl protein thioesterase 1 and 2.
ChemBioChem **14**, 115-122 (2013)

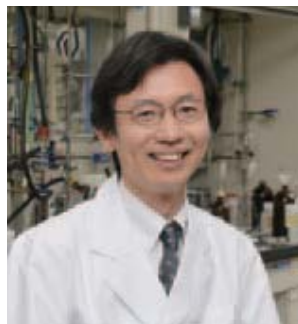
2013年度メンバー / FY2013 Members

Unit Leader
Nobumoto WATANABE

Senior Research Scientist
Yasumitsu KONDOH

Technical Staff
Hideaki KONNO
Kaori HONDA
Tomomi SEKINE
Emiko SANADA

Others
Junko KOBAYASHI



グループディレクター / Group Director

侯 召民 工学博士

Zhaomin HOU D.Eng.



研究テーマ

革新的触媒による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高性能触媒の開発



希土類触媒による精密共重合

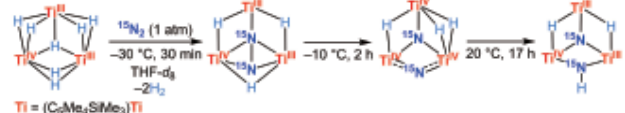


研究概要

新しい触媒の開発は、従来に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性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

- 窒素分子の切断と水素化を常温・常圧で実現した。
- 二酸化炭素による様々なアルキン類の位置および立体選択的メチルカルボキシ化やヒドロカルボキシ化反応を開発した。
- 1,6-ヘプタジエン(HPD)とイソプレン(IP)の交互共重合を初めて達成した。



Dinitrogen cleavage and hydrogenation through the cooperation of multiple metal sites

Research Subjects

Activation and Efficient Use of Dinitrogen



Activation and Efficient Use of Carbon Dioxide for Chemical Synthesis



Precision Copolymerization by Single-Site Rare-Earth Catalysts

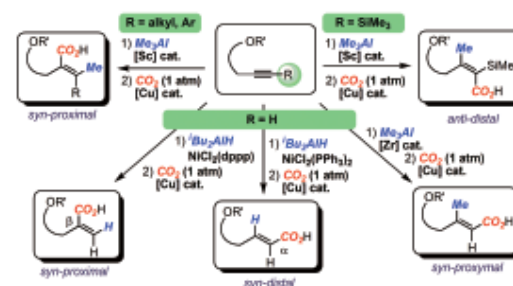


Research Outline

Our group aims to develop new generations of catalysts, complementary or superior to existing ones, for application in efficient utilization of untapped resources and the synthesis of fine chemicals and functional polymer materials. Particular interests are directed to: (1) activation and utilization of N₂ for the synthesis of ammonia and nitrogen-containing organic compounds under mild conditions, (2) utilization of CO₂ as a chemical feedstock for the synthesis of high-value added fine chemicals, and (3) synthesis of high-performance polymer materials by selective copolymerization of commodity monomers having different properties.

Research Results

- Dinitrogen cleavage and hydrogenation has been achieved at ambient temperature and pressure by using a polynuclear titanium hydride cluster.
- The regio- and stereoselective methylative- and hydrogenative carboxylation of various alkynes with CO₂ have been achieved.
- The alternating copolymerization of IP with HPD has been achieved for the first time.



Methylative and Hydrogenative Carboxylation of Various Alkynes with CO₂

主要論文 / Publications

Shima, T. *et al.*
Dinitrogen cleavage and hydrogenation by a trinuclear titanium polyhydride complex.
Science **340**, 1549-1552 (2013)

Takimoto, M., Hou, Z.
Cu-Catalyzed Formal Methylative and Hydrogenative Carboxylation of Alkynes with Carbon Dioxide: Efficient Synthesis of α , β -Unsaturated Carboxylic Acids.
Chem. Eur. J. **19**, 11439-11445 (2013)

Guo, F., Nishiura, M., Li, Y., Hou, Z.
Copolymerization of Isoprene and Nonconjugated α , ω -Dienes by Half-Sandwich Scandium Catalysts with and without a Coordinative Side Arm.
Chem. Asian J. **8**, 2471-2482 (2013)

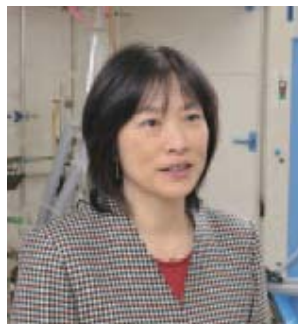
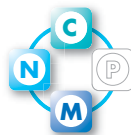
2013年度メンバー / FY2013 Members

Group Director
Zhaomin HOU

Senior Research Scientist
Masayoshi NISHIURA
Takanori SHIMA
Masanori TAKIMOTO
Satoshi KAMIGUCHI

Postdoctoral Researcher
Juzo OYAMADA
Shaowei HU
Yoshinori ENDO
Ning ZHANG
Murali Mohan GURU
Huailong TENG
Chengyun LIU

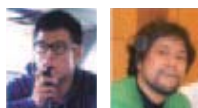
Technical Staff
Hisashi SOGA



グループディレクター / Group Director

袖岡 幹子 薬学博士

Mikiko SODEOKA D.Pharm.



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



植物リビ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



新規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



新規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

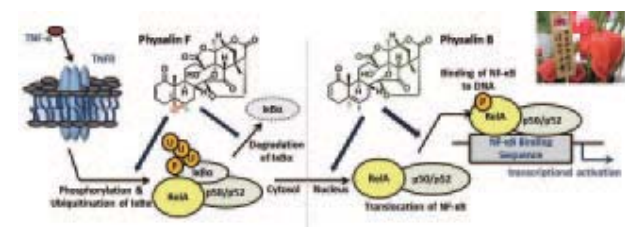


研究概要

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の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も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も貢献することを目指す。

研究成果

- 植物酸化ステロイド天然物physalin類とその合成類縁体を用いて、構造-作用機序相関を明らかにした。
- アルケン類のアミノトリフルオロメチル化反応を開発した。
- アルケン類のカルボトリフルオロメチル化反応を開発した。



Structure and mode-of-action relationships of plants steroids

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

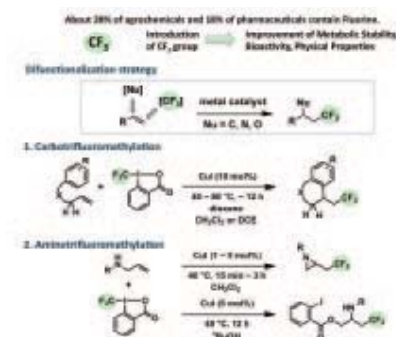


Research Outline

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 revealed structure-activity and structure-mode-of-action relationships using natural and synesthetic analogues of physalin.
- We developed a catalytic amino-trifluoromethylation of alkenes.
- We developed catalytic carbo-trifluoromethylations of alkenes.



Catalytic difunctionalization strategy to introduce trifluoromethyl group

主要論文 / Publications

Ozawa, M. *et al.*
Contribution of Cage-Shaped Structure of Physalins to Their Mode of Action in Inhibition of NF-κB Action.
ACS Med. Chem. Lett. **4**, 730-735 (2013)

Egami, H., Kawamura, S., Miyazaki, A., Sodeoka, M.
Trifluoromethylation Reactions for the Synthesis of β-Trifluoromethylamines.
Angew. Chem. Int. Ed. **52**, 7841-7844 (2013)

Egami, H., Shimizu, R., Kawamura, S., Sodeoka, M.
Alkene Trifluoromethylation Coupled with C-C Bond Formation: Construction of Trifluoromethylated Carbocycles and Heterocycles.
Angew. Chem. Int. Ed. **52**, 4000-4003 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Group Director
Mikiko SODEOKA

Senior Research Scientist
Go HIRAI

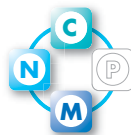
Research Scientist
Yoshihiro SOHOTO

Postdoctoral Researcher
Masaaki OZAWA
Daiki HONGO

Technical Staff
Kana ONUMA

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



Advanced Elements Chemistry Research Team

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



チームリーダー / Team Leader

内山 真伸 博士(薬学)

Masanobu UCHIYAMA D.Pharm.



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ロシアニンの開発



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

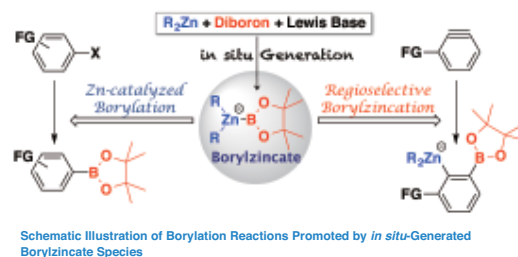


研究概要

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』に挑む。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

- ポリル亜鉛アート錯体を設計し、新規ホウ素化反応の開発を行った。
- 遷移金属触媒を用いない有機亜鉛試薬とアリールハライドのクロスカップリング反応を開発した。
- ニッケル触媒による [3+2+2] 環化反応における化学選択性／位置選択性を理論計算によって明らかにした。



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

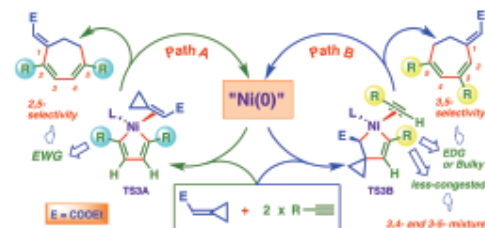


Research Outline

From the perspective of establishing a recycling-based society, it has become more important to freely 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 designed a borylzincate complex, and developed novel borylation reactions based on an *in situ*-generated borylzincate complex.
- We developed the cross-coupling reaction of aryl halides with organozinc reagents without adding transition metal catalysts.
- We revealed the origin of chemo- and regioselectivity nickel-catalyzed [3+2+2] cyclization by theoretical investigations.



主要論文 / Publications

Nagashima, Y., Takita, R., Yoshida, K., Hirano, K., Uchiyama, M.
Design, Generation, and Synthetic Application of Borylzincate: Borylation of Aryl Halides and Borylzincation of Benzyne/Terminal Alkyne.
J. Am. Chem. Soc. **135**, 18730-18733 (2013)

Komagawa, S., Wang, C., Morokuma, K., Saito, S., Uchiyama, M.
Mechanistic Origin of Chemo- and Regioselectivity of Nickel-Catalyzed [3+2+2] Cyclization Reaction.
J. Am. Chem. Soc. **135**, 14508-14511 (2013)

Minami, H., Wang, X., Wang, C., Uchiyama, M.
Direct C-C Bond Construction from Arylzinc Reagent and Aryl Halide Without an External Catalyst.
Eur. J. Org. Chem. **35**, 7891-7894 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Masanobu UCHIYAMA

Deputy Team Leader
Ryo TAKITA

Senior Research Scientist
Atsuya MURANAKA

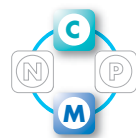
Foreign Postdoctoral Researcher
Chao WANG

Postdoctoral Researcher
Xuan WANG

Technical Staff
Kengo YOSHIDA

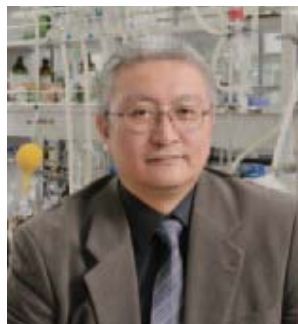
グリーンナノ触媒研究チーム

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

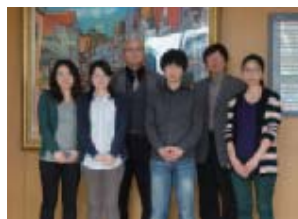
Developing novel catalytic systems to create highly efficient, safe
and environmentally friendly chemical reactions



チームリーダー / Team Leader

魚住 泰広 薬学博士

Yasuhiro UOZUMI D.Pharm.



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

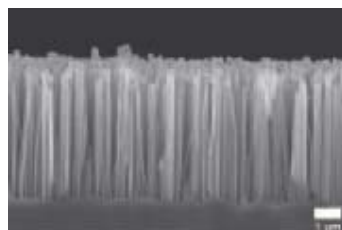


研究概要

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便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

- 1 mol ppm Pd 以下の触媒量で溝呂木-ヘック反応を効率的に促進するシリコンナノワイヤーアレイ担持パラジウムナノ粒子触媒を開発した。
- 1分以内で完結する高速水素化反応を実現する高分子鉄ナノ粒子触媒を開発した。
- 脱水条件を必要としないカルボン酸とアルコールとのエステル化反応を促進するフェノール樹脂型有機触媒を開発した。



A silicon nanowire array-supported Pd nanoparticle catalyst

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

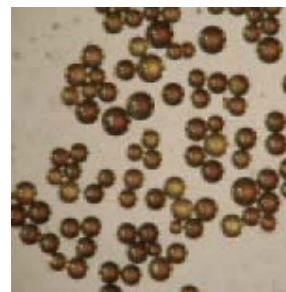


Research Outline

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 novel silicon nanowire array-supported palladium nanoparticle catalyst for the Mizoroki-Heck reaction that was promoted with less than 1 mol ppm Pd.
- We developed a novel polymer-supported iron nanoparticle catalyst for the instantaneous hydrogenation within 1 minute.
- We developed a phenol resin-type organic acid catalyst for the esterification of carboxylic acids and alcohols without removal of water.



A polystyrene-polyethylene glycol resin-supported Fe nanoparticle catalyst

主要論文 / Publications

Yamada, Y. M. A., Yuyama, Y., Sato, T., Fujikawa, S., Uozumi, Y.
A Palladium-Nanoparticle and Silicon-Nanowire-Array Hybrid: A Platform for Catalytic Heterogeneous Reactions.
Angew. Chem. Int. Ed. **53**, 127-131 (2014)

Hudson, R., et al.
Highly Efficient Iron(0) Nanoparticle-Catalyzed Hydrogenation in Water in Flow.
Green Chem. **15**, 2141-2148 (2013)

Minakawa, M., Baek, H., Yamada, Y. M. A., Han, J., Uozumi, Y.
Direct Dehydrative Esterification of Alcohols and Carboxylic Acids with a Macroporous Polymeric Acid Catalyst.
Org. Lett. **15**, 5798-5801 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader

Yasuhiro UOZUMI

Deputy Team Leader

Yoichi M. A. YAMADA

Postdoctoral Researcher

Takuma SATO

Shaheen M. SARKAR

International Program Associate

Heeyoel BAEK

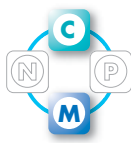
Technical Staff

Aya OHNO

Others

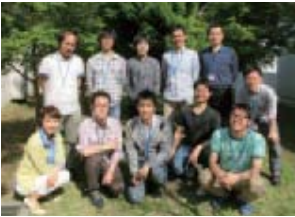
Yoshinari YUYAMA

Rikako ISHII



チームリーダー / Team Leader

中村 龍平 博士(理学)
Ryuhei NAKAMURA D.Sci.



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なエネルギー変換、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

- 深海熱水噴出孔を利用した燃料電池型発電に成功した。
- 結合フラビンを経た新規な細胞外電子伝達経路を同定した。
- 長距離細胞外電子移動における半導体鉱物の役割を解明した。

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 demonstrated generation of electricity by an environmental fuel cell in a deep-sea hydrothermal vent.
- We identified the novel pathway for bacterial extracellular electron transport mediated by bound flavin semiquinones.
- We revealed the bacterial ability to utilize semiconductive minerals as an electrical conduit to facilitate long-distance extracellular electron transport.

主要論文 / Publications

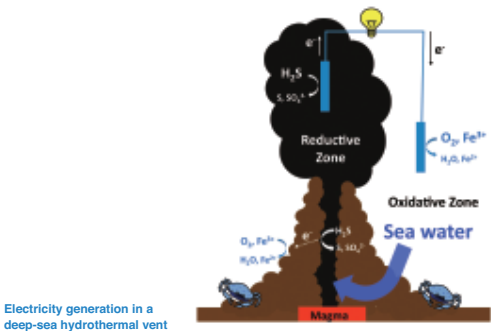
Okamoto, A., Saito, K., Inoue, K., Nealsen, H. K., Hashimoto, K., Nakamura, R.
Uptake of Self-secreted Flavins as Bound Cofactors for Extracellular Electron Transfer in *Geobacter* Species, *Energy Environ. Sci.*, 2014, **7**, 1357-1361 (2014)

Yamamoto, M. *et al.*
Generation of Electricity and Illumination by an Environmental Fuel Cell in Deep-Sea Hydrothermal Vents. *Angew. Chem.* **52**, 10758-10761 (2013)

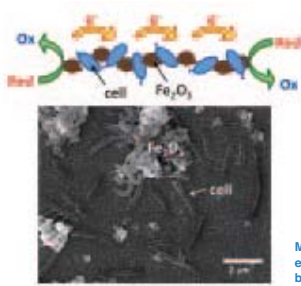
Okamoto, A., Hashimoto, K., Nealsen, H. K., Nakamura, R.
Rate enhancement of bacterial extracellular electron transport involves bound flavin semiquinones. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **110**, 7856-7861 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Ryuhei NAKAMURA



Electricity generation in a deep-sea hydrothermal vent



Microbial long-distance electron transport mediated by semiconductive minerals



チームリーダー / Team Leader
出村 拓 博士(理学)
Taku DEMURA Ph.D.



研究テーマ

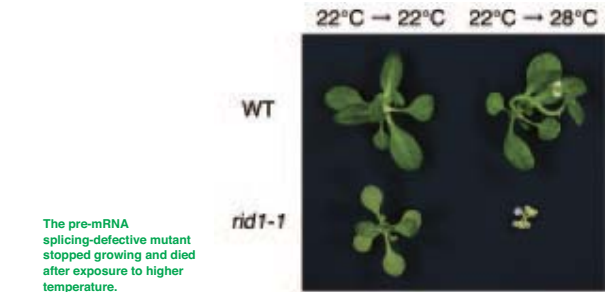
- 有用形質を付与した形質転換早生樹木(スーパー樹木)の開発
- スーパー樹木の機能評価
- 木質バイオマスの生産制御システムの分子レベルでの解明

研究概要

セルロースなどの木質バイオマスの量的・質的な生産性が向上したスーパー樹木の研究開発を目的としている。遺伝子組換えによって、早生樹木であるポプラならびにユーカリに高生産性、高糖化性(易分解性)、高環境ストレス耐性、高収穫性などの有用形質を付与し、得られた遺伝子組換え(GM)樹木の有用性について、国内外の大学と連携しながら研究を実施する。

研究成果

- 植物発生と高い再生能力にはmRNA制御機構が重要であることを発見した。
- 木質バイオマスの包括的評価プラットフォームを確立した。
- NAC転写因子による木質バイオマス生産システムが陸上植物間で進化的に保存されていることを発見した。



The pre-mRNA splicing-defective mutant stopped growing and died after exposure to higher temperature.

Research Subjects

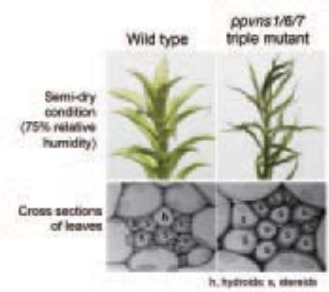
- Development of "Super trees" (transgenic trees with improved woody biomass production)
- Evaluation of "Super trees"
- Analysis of the regulatory system for woody biomass production at molecular levels

Research Outline

Our aim is research and development of super trees characterized by improvements in quantitative and qualitative productivity of woody biomass of cellulose and other substances. By employing genetic modification, we offer high productivity, high glycosylation properties (degradability), high resistance to environmental stress, high-yielding profitability and other useful characteristics to fast-growing trees, namely poplar and eucalyptus. In this way we cooperate with universities, both within Japan and overseas, in studying usefulness obtained by genetically modified (GM) trees.

Research Results

- We revealed that mRNA metabolism regulation is essential for plant development and regeneration.
- We established a comprehensive analysis platform to evaluate woody biomass.
- We revealed evolutionary conservation of a woody biomass production system by specific NAC transcription factors.



The ppvns1/6/7 triple mutants of moss Physcomitrella patens lack hydroids (water conducting tissues) at the center of leaves. Moreover, they have abnormal supporting cells called stereids, with thinner cell walls and cytoplasmic cellular contents remaining, unlike wild type.

主要論文 / Publications

- Xu, B. *et al.*
Contribution of NAC transcription factors to plant adaptation to land.
Science **343**, 1505-1508 (2014)
- Goué, N. *et al.*
Secondary cell wall characterization in a BY-2 inductive system.
Plant Cell, Tissue and Organ Culture **115**, 223-232 (2013)
- Ohtani, M., Demura, T., Sugiyama, M.
Arabidopsis ROOT INITIATION DEFECTIVE 1, a DEAH-box RNA helicase involved in pre-mRNA splicing, is essential for plant development.
Plant Cell **25**, 2056-2069 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

- Team Leader**
Taku DEMURA
- Senior Research Scientist**
Hitoshi SAKAKIBARA
- Research Scientist**
Misato OHTANI
- Foreign Postdoctoral Researcher**
Jennifer C MORTIMER
- Postdoctoral Researcher**
Xiang YU
- Visiting Scientist**
Masatoshi YAMAGUCHI
Arata YONEDA
Yoshimi NAKANO
- Visiting Researcher**
Chiaki HORI
- Technical Staff**
Ayumi IHARA
Tomoko MATSUMOTO
Arika TAKEBAYASHI
Ryoko HIROYAMA
Masayo IKEYA
- Others**
Kayo KITaura
Akiko SATO
Tomomi AKIHO
Rika SHIOBARA
Takaomi SUZUKI



チームリーダー / Team Leader

松井 南 理学博士

Minami MATSUI D.Sci.



研究テーマ

PHAを中心としたバイオマスプラスチック素材の植物における産生

モデル及び有用植物のバイオマスに関わる表現形質研究

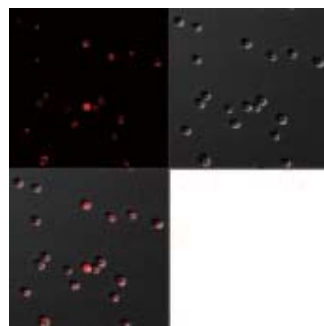
遺伝子設計素材の収集

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作し、新しいバイオマス資源の創出を目指す。

研究成果

- シアノバクテリアによる光合成のみでバイオプラスチックの生産に成功した。
- 植物細胞壁の肥厚と糖化を促進する化合物の同定に成功した。
- ソルガムの完全長cDNAの収集と転写解析を行い、新たな転写単位同定した。

Production of Bioplastic in
Cyanobacteria by
photosynthesis

Research Subjects

Production of Biomass Plastics and new materials using plants

Phenome analysis for biomass control using model plants and crops

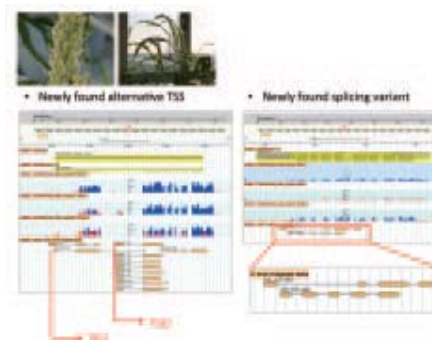
Collection of tools for gene design

Research Outline

Our team'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 succeeded in production of Bioplastic in Cyanobacteria by photosynthesis only.
- We succeeded to identify chemicals that enhance plant cell wall thickness and saccharification.
- We collected Sorghum full-length cDNAs and performed transcriptome analysis. We identified new transcription units.



Sorghum database

主要論文 / Publications

Nyok-Sean, L., Foong, C.P., Kurihara, Y., Sudesh, K., Matsui, M.
RNA-seq analysis provides insights for understanding photoautotrophic polyhydroxyalkanoate production in recombinant *Synechocystis* sp.
PLoS ONE **9**, e86368 (2014)

Cox, R.S. *et al.*
PromoterCAD: Data-driven design of plant regulatory DNA.
Nucleic Acids Res. **41**, W569-574 (2013)

Higuchi-Takeuchi, M., Matsui, M.
Screening for gene function using the FOX (full-length cDNA overexpressor gene) hunting system.
Methods Mol Biol. **1056**, 201-210 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Minami MATSUI

Senior Research Scientist
Tetsuro TOYODA

Research Scientist
Yukio KURIHARA
Setsuko SHIMADA
Yuko MAKITA

Postdoctoral Researcher
Emiko KURIHARA

International Program Associate
Tobias BARDUHN
Andrew TINDALL
Wen Dee ONG
Kiaw Kiaw NG
Nyok Sean LAU
Foong Choon PIN

Student Trainee
Hidehumi HAMASAKI
Kai OHSHIMA

Visiting Scientist
Kenichi TAKANE
Nobuyo ITO
Tadayoshi HIRAI
Hiroaki KUSANO
Yoshiharu YAMAMOTO
Yoshihiro KONDO
Yoshito OKA
Robert COX
Nao TAKANO
Yuki YANAGAWA

Technical Staff
Tomoko KONDO
Yoko HORII
Mika KAWASHIMA
Hiroko TSUCHIDA

Others
Harumi ITO
Mieko KOMOCHI
Mieko AMEMIYA
Rieko SATO
Miyuki EBASHI
Kazuko ONISHI
Kyoko YOKOMIZO
Juniko ENOKIDO
Harumi UBUKATA



チームリーダー / Team Leader

沼田 圭司 博士(工学)

Keiji NUMATA Ph.D.



研究テーマ

バイオポリマー重合酵素の構造解析・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做った高性能ポリアミド／ポリペプチドの設計・生合成

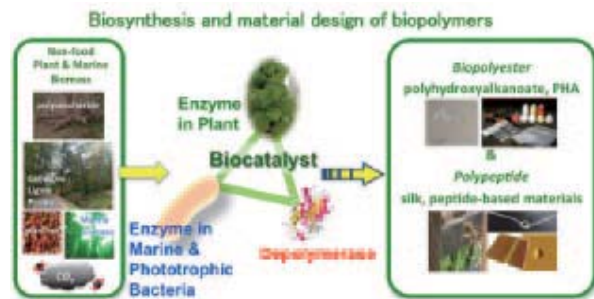
植物バイオテクノロジーによるバイオポリマー生産

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)およびクモ系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

- リグニン誘導体を原料とし、バイオプラスチックを微生物合成することに成功した。
- ペプチドを利用したRNAを植物体へ直接導入する技術を確認した。
- 最高強度を誇るシルクゲルの開発に成功した。



Biosynthesis and material design of biopolymers

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

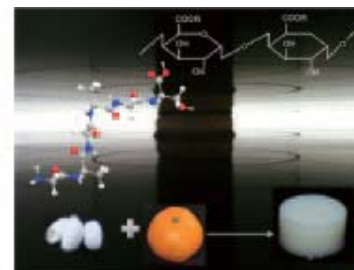
Biopolymer production via plant biotechnology

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

- Established a microbial method to synthesize biopolyesters from lignin derivatives.
- Established a technique to introduce RNA into intact plants via gene carrier peptides.
- Successfully developed the strongest silk-based hydrogel.



Silk hydrogels with a secret strength: weaving pectin molecules into silk-based hydrogels improves mechanical properties

主要論文 / Publications

Tomizawa, S., Chuah, J.-A., Doi, Y., Numata, K. Understanding the limitations in the biosynthesis of polyhydroxyalkanoate (PHA) from lignin derivatives. *ACS Sustainable Chem. Eng.* **2**, 1106–1113 (2014)

Numata, K., Ohtani, M., Yoshizumi, T., Demura, T., Kodama, Y. Local gene silencing in plants via synthetic dsRNA and carrier peptide. *Plant Biotechnol. J.* DOI: 10.1111/pbi.12208

Numata, K. *et al.* Silk-Pectin Hydrogel with Superior Mechanical Properties, Biodegradability, and Biocompatibility. *Macromol. Biosci.* **14**, 799–806 (2014)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Keiji NUMATA

Senior Research Scientist
Akira WADA

Research Scientist
Michihiro SUGAHARA
Takashi OSANAI

Postdoctoral Researcher
Satoshi TOMIZAWA
Jo-Ann CHUAH
Jose Manuel AGEITOS
Mieko HIGUCHI
Kazuyuki ISHIKAWA

Foreign Postdoctoral Researcher
Nicholas THOMSON

International Program Associate
Yoke Ming WONG
Manoj LAKSHMANAN

Visiting Scientist
Takamasa SAKAI
Yutaka KODAMA
Takeshi YOSHIZUMI
Siddharth PATWARDHAN

Visiting Researcher
Sachiko NITTA

Technical Staff
Yoko MOTODA
Ayaka TATEISHI

Others
Kumiko MORISAKI



チームリーダー / Team Leader

篠崎 一雄 理学博士

Kazuo SHINOZAKI D.Sci.



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

研究概要

植物や微生物等の関連リソースやゲノム情報等の基盤整備、メタボローム解析手法などに関わる研究開発を目的とする。セルロースバイオマス増産研究のモデル植物として期待される「ブラキポディウム(和名 ミナトカモジグサ)」におけるセルロース生産向上、生長や環境耐性の向上等に関わる遺伝子探索を実施する。さらに、セルロース分解に関わる酵素遺伝子の探索のためにシロアリ共生微生物群などを対象に、メタゲノム解析及びシングルセルでのゲノム解析を行う。また、バイオマス計測のためのNMR解析技術の開発を行う。

研究成果

- ミナトカモジグサの完全長cDNAを解析し、データベースの公開、遺伝子構造アノテーションの修正、理研BRCからの完全長cDNAクローンの配布体制の整備を進めた。
- ヤマトシロアリの腸内共生微生物叢を解析し、グリコシダーゼファミリーに属する新規な endo- β -1,4-glucanaseを同定した。
- 多次元NMR法によるリグノセルロースの立体構造評価手法を構築し、新規を含む119シグナルを網羅的に同定することに成功した。

Brachypodium plant and its full-length cDNA database



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

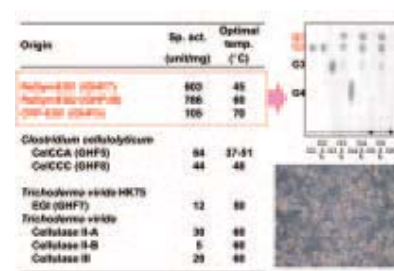
Consolidation and analysis of metabolic profiling related to biomass production and metabolism

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 analyzed *Brachypodium* full-length cDNAs, and established a database on cDNA information, improved structural gene annotation as well as deposited the clone set to the RIKEN Bio Resource Center for open public use.
- We isolated an endo- β -1,4-glucanase gene homolog of a glycoside hydrolase family from a symbiotic protistan community of *Reticulitermes speratus*.
- We developed a multidimensional solution NMR method using various pulse programs for structural characterization of lignocellulose, and successfully assigned 119 of the signals in the 13C-HSQC spectrum.



High-performance enzymes for biomass degradation from termite-gut symbionts

主要論文 / Publications

Mochida, K. *et al.* Large-Scale Collection and Analysis of Full-Length cDNAs from *Brachypodium distachyon* and Integration with Pooideae Sequence Resources. *PLoS ONE* **8**, e75265 (2013)

Otagiri, M. *et al.* Heterologous expression and characterization of a glycoside hydrolase family 45 endo- β -1,4-glucanase from a symbiotic protist of the lower termite, *Reticulitermes speratus*. *Appl. Biochem. Biotechnol.* **169**, 1910-1918 (2013)

Komatsu, T., Kikuchi, J. Comprehensive signal assignment of ^{13}C -labeled lignocellulose using multidimensional solution NMR and ^{13}C chemical shift comparison with solid-state NMR. *Anal. Chem.*, **85**, 8857-8865 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Team Leader
Kazuo SHINOZAKI

Deputy Team Leader
Keiichi MOCHIDA

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

Research Scientist
Fuminori TAKAHASHI
Tadamasa SASAKI
Masato OTAGIRI

Postdoctoral Researcher
Yasuyo HIMURO
Masahiro YUKI
Yoshihiko ONDA

Junior Research Associate
Marie MITSUI

Student Trainee
Komaki INOUE
Kotaro TAKAHAGI
Arisa TSUBOI

Technical Staff
Yukiko UEHARA-YAMAGUCHI
Hiroko KOBAYASHI

Others
Michie ETO
Kumiko MATSUO
Yukiko NISHIZUKA
Fumiko KATO
Risa NAKAYAMA
Kumiko OZAWA



基盤ユニットリーダー／Unit Leader

斎藤 臣雄 博士(農学)

Tamio SAITO D.Agr.

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

化合物構造解析モジュールの活用

研究概要

当ユニットは、創薬基盤・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ライブラリー化し、生物活性再評価、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。創薬に適した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し、さらに、スクリーニングヒットの構造類縁化合物を化合物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システム、化合物検索モジュールの開発を進めている。

研究成果

- 創薬標的タンパク質に対するスクリーニングを実施し、ヒットおよび類縁化合物を提供した。
- 次世代がん研究プロジェクトの採択研究テーマに対して研究支援を行なった。
- 次世代HBV創薬研究において、リード化合物候補を提案、提供した。

Research Subjects

Storage of chemical libraries for drug-discovery

Distribution of chemical libraries for HTS to explore drug seeds

Using Cheminformatics modules to analyze chemical structures

Research Outline

Our unit takes the role of chemical bank in 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. 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 develop software modules to select and search chemical information and compounds based on structural similarity, and improve the system to provide compounds efficiently.

Research Results

- We promoted ligand screening for drug targets, and provided hits and their related compounds.
- We supported cancer-drug discovery research adopted for P-DIRECT.
- We proposed and supplied lead candidates for anti-HBV drugs.

主要論文 / Publications

Hirohama, M., *et al.*
A. Spectomycin B1 as a novel SUMOylation inhibitor that directly binds to SUMO E2.
ACS Chem. Biol. **8**, 2635-2642 (2013)

Noguchi, T., *et al.*
Affinity-based screening of MDM2/MDMX-p53 interaction inhibitors by chemical array: identification of novel peptidomimetic inhibitors.
Bioorg. Med. Chem. Lett. **23**, 3802-3805 (2013)

2013年度メンバー / FY2013 Members

Unit Leader
Tamio SAITO

Technical Staff
Kaori KISO



基盤ユニットリーダー／Unit Leader

吉田 稔 農学博士

Minoru YOSHIDA D.Agr.



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

- 理研創薬プログラム、文科省次世代がんプログラムおよび共同研究において、合計7テーマのHTS用のアッセイ法を構築した。
- 理研創薬プログラム、文科省次世代がんプログラムおよび共同研究において、合計27テーマのHTSを実施した。HTSを完了した17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があるヒット化合物を多数同定した。

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

The seed compounds exploratory unit for drug discovery 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 compounds active on a total of 7 target molecules in the RIKEN program for Drug Discovery and Medical Technology Platforms, the MEXT program for Development of Innovative Research on Cancer Therapeutics, and collaborative studies.
- We conducted HTS campaigns for compounds active on a total of 27 target molecules in the RIKEN program for Drug Discovery and Medical Technology Platforms, the MEXT program for Development of Innovative Research on Cancer Therapeutics, and collaborative studies. Among these, we completed HTS for 17 targets, and identified hit compounds that might have direct activities on each of the targets.

2013年度メンバー / FY2013 Members

Unit Leader

Minoru YOSHIDA

Deputy Unit Leader

Tetsuo ONUKI

Contract Researcher

Norio KUDO

Koshiki MINO

Special Technical Staff

Masako ABE

Technical Staff

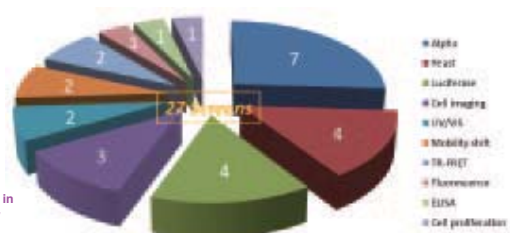
Reika OKAMOTO

Iku KUWAHARA

Mami YOSHIMURA

Takeshi SONODA

Misao YONEYAMA



HTS themes carried out in
FY 2013, categorized by
assay methods.

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
齊藤 和季 / Kazuki SAITO
侯 召民 / Zhaomin HOU

コーディネーター / Coordinator
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	榊原 均 / Hitoshi SAKAKIBARA
植物免疫研究グループ / Plant Immunity Research Group	白須 賢 / Ken SHIRASU
ケミカルゲノミクス研究グループ / Chemical Genomics Research Group	吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
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
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
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
適応制御研究ユニット / Dormancy and Adaptation Research Unit	瀬尾 光範 / Mitunori SEO
発現調節研究ユニット / Signaling Pathway Research Unit	ラムーソン・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
統合メタボロミクス研究グループ / Metabolomics Research Group	齊藤 和季 / Kazuki SAITO
代謝システム研究チーム / Metabolic Systems Research Team	平井 優美 / Masami HIRAI
環境代謝分析研究チーム / Environmental Metabolic Analysis Research Team	菊地 淳 / Jun KIKUCHI
メタボローム情報研究チーム / Metabolome Informatics Research Team	有田 正規 / Masanori ARITA
統合ゲノム情報研究ユニット / Integrated Genome Informatics Research Unit	櫻井 哲也 / Tetsuya SAKURAI
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
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
天然物生成成研究ユニット / 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
バイオマス工学連携部門 / Biomass Engineering Program Cooperation Division	松井 南 / Minami MATSUI
セルロース生産研究チーム / Cellulose Production Research Team	出村 拓 / Taku DEMURA
合成ゲノミクス研究チーム / Synthetic Genomics Research Team	松井 南 / Minami MATSUI
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	斎藤 臣雄 / Tamio SAITO
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