

Contributing to achieving a sustainable society

www.csrs.riken.jp



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)45-503-9113 Email: csrs@riken.jp



Copyright © RIKEN. Printed in Japan.
RIKEN 2018-041

RIKEN Center for Sustainable Resource Science Annual Report 2017

RIKEN CSRS Annual Report 2017



理化学研究所 環境資源科学研究センター
RIKEN Center for Sustainable Resource Science



巻頭座談会	4
Round-table Talk	
第4期中長期計画における研究戦略、研究体制	10
Research Strategy & Structure in the 4th mid- to long-term plan	
第3期中長期計画、2017年度活動報告	19
Research Activities in the 3rd mid- to long-term plan & FY2017	
炭素の循環的利活用研究プロジェクト	22
R&D Project of Carbon Utilization	
窒素等の循環的利活用研究プロジェクト	24
R&D Project of Nitrogen Utilization	
金属元素の循環的利活用研究プロジェクト	26
R&D Project of Metallic Elements Utilization	
循環資源探索・活用研究基盤プロジェクト	28
R&D Project of Research Platforms	
バイオマス工学研究部門	30
Biomass Engineering Research Division	
創薬・医療技術基盤連携部門 / 技術基盤部門	32
理研 - マックスプランク連携研究部門	
Drug Discovery Platforms Cooperation Division / Technology Platform Division	
RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology	
研究室紹介	
Laboratories	
植物科学 / Plant Science	
機能開発研究グループ	34
Gene Discovery Research Group	
生産機能研究グループ	36
Plant Productivity Systems Research Group	
植物免疫研究グループ	38
Plant Immunity Research Group	
統合メタボロミクス研究グループ	40
Metabolomics Research Group	
代謝システム研究チーム	42
Metabolic Systems Research Team	
メタボローム情報研究チーム	44
Metabolome Informatics Research Team	
環境代謝分析研究チーム	46
Environmental Metabolic Analysis Research Team	
植物ゲノム発現研究チーム	48
Plant Genomic Network Research Team	
細胞機能研究チーム	50
Cell Function Research Team	
植物共生研究チーム	52
Plant Symbiosis Research Team	
適応制御研究ユニット	54
Dormancy and Adaptation Research Unit	
発現調節研究ユニット	56
Signaling Pathway Research Unit	
機能調節研究ユニット	58
Regulatory Network Research Unit	
ケミカルバイオロジー / Chemical Biology	
ケミカルバイオロジー研究グループ	60
Chemical Biology Research Group	
ケミカルゲノミクス研究グループ	62
Chemical Genomics Research Group	
分子リガンド標的的研究チーム	64
Molecular Ligand Target Research Team	
天然物 biosynthesis 研究ユニット	66
Natural Product Biosynthesis Research Unit	
化合物リソース開発研究ユニット	68
Chemical Resource Development Research Unit	
生理活性物質探索研究ユニット	70
Bio-Active Compounds Discovery Research Unit	

触媒化学 / Catalytic Chemistry	
先進機能触媒研究グループ	72
Advanced Catalysis Research Group	
触媒・融合研究グループ	74
Catalysis and Integrated Research Group	
先進機能元素化学研究チーム	76
Advanced Elements Chemistry Research Team	
グリーンナノ触媒研究チーム	78
Green Nanocatalysis Research Team	
生体機能触媒研究チーム	80
Biofunctional Catalyst Research Team	
バイオマス工学研究部門 / Biomass Engineering Research Division	
合成ゲノミクス研究グループ	82
Synthetic Genomics Research Group	
セルロース生産研究チーム	84
Cellulose Production Research Team	
酵素研究チーム	86
Enzyme Research Team	
バイオプラスチック研究チーム	88
Bioplastic Research Team	
細胞生産研究チーム	90
Cell Factory Research Team	
バイオマス研究基盤チーム	92
Biomass Research Platform Team	
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	94
Chemical Bank Unit for Drug Discovery Platform	
創薬シード化合物探索基盤ユニット	96
Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform	
技術基盤部門 / Technology Platform Division	
分子構造解析ユニット	98
Molecular Structure Characterization Unit	
生命分子解析ユニット	100
Biomolecular Characterization Unit	
質量分析・顕微鏡解析ユニット	102
Mass Spectrometry and Microscopy Unit	
国際連携	
理研 - マックスプランク連携研究部門 /	
RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology	
バイオペローブ研究グループ	104
Bioprobe Research Group	
バイオペローブ応用研究ユニット	106
Bioprobe Application Research Unit	
理研 - KRIBB 連携研究ユニット	108
RIKEN-KRIBB Joint Research Unit	
国際 / 国内 / 産業 / 理研所内連携	110
International / Domestic / Industrial / RIKEN Internal Collaborations	
セミナー	113
CSRS Seminars	
ニュース&イベント	116
News & Events	
プレスリリースハイライト	118
Press Releases Highlights	
プレスリリース	120
Press Releases	
受賞	122
Awards	
2017年度組織図	124
FY2017 Organization	
2018年度組織図	125
FY2018 Organization	



異分野連携から生まれた5年間の成果

篠崎 2013年の発足以来、環境資源科学研究センター(CSRS)では、「植物科学」「触媒化学」「ケミカルバイオロジー」の異分野融合を進め、天然資源から有用物質の創製と探索を行い、利活用する研究を進めてきました。センター内では達成できない課題も多く、他機関との連携を積極的に進めました。特に異分野融合研究を進めるにあたり、世界トップレベル研究拠点プログラム(WPI)に選ばれた名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所(ITbM)と人材交流を含め植物ケミカルバイオロジーに関して連携ができたことは大きな成果だったと思います。

さらに機関間の連携という点では、産業技術総合研究所(産総研)との府省連携が進み、インフォマティクスを触媒研究に取り入れようとする新たなチャレンジがありました。それぞれ2017年に包括協定を結んだ水産研究・教育機構とは海の資源について、また農業・食品産業技術総合研究機構とは戦略的イノベーション創造プログラム(SIP)などで協力を進めてきました。また無期雇用制度も導入され、将来のコアになる人材を安定雇用する流れもできたと思います。

まず、こうした枠組の中で進めた研究について「炭素プロジェクト」「研究基盤プロジェクト」のプロジェクトリーダーの立場から齊藤先生、お話しください。

齊藤 「炭素プロジェクト」はCSRSのプロジェクトの中でも基幹的プロジェクトのひとつだったと思います。生物学的な側面からの重要な成果としては、機能開発研究グループで取り組んだ葉緑体へのアスコルビン酸輸送体の発見。これは光合成活性の増強と、その植物のバイオマスにつながる研究でした。異分野融合という点では、植物研究者とケミカルバイオロジーが融合して、草丈やバイオマスの向上につながるブラシノステロイド情報伝達因子を発見したという成果があります。もう一つ重要な成果として、統合メ

タボロミクス研究グループでリン酸欠乏に应答し、緩和する新しい糖脂質を植物から発見した後、触媒・融合研究グループと共同し、この化学構造を合成的に決定しました。これも化学と植物科学の融合研究によって成し得た成果です。

また、この数年でゲノム解析が高速度化されたことによって、当初考えもしなかった甘草のゲノム解読も達成することができました。これはインフォマティクスのグループとの強い連携があったからこそだと言えます。

もう一つの「研究基盤プロジェクト」では、特に統合メタボローム基盤で超高分解能の質量解析を使ったS-オミクス、N-オミクス、それからイメージングマスというところまで到達することができたと思います。情報科学的アプローチで言うと、代謝システム研究チームで代謝の数理的アプローチに関して大きな成果が生まれました。農業的な応用では、ホルモンのターゲット解析をより進化させたことがあげられますし、特にイネの代謝産物のゲノムワイド解析は大きな成果です。

基盤プロジェクトにおける応用的な成果としては、モンサント社との共同研究により、過去30年間に育種やバイオテクノロジーで得られたダイズについてのメタボローム解析を成し遂げたことがあります。これを次期のプロジェクトにもうまくつなげたいと思います。

篠崎 侯先生は触媒の中心的なリーダーとして「窒素プロジェクト」「金属元素プロジェクト」に携わりましたね。

侯 「窒素プロジェクト」は省資源・省エネでアンモニアを合成するという非常に大きな目標を掲げてスタートし、窒素分子の切断と水素化を常温常圧で実現するという成果が得られました。さらに活性化された窒素分子を有機化合物に導入する方法を見出し、窒素分子の活性化によるニトリル化合物の簡便な合成法の開発

に成功しています。現在、温和な条件下でのアンモニア合成の実用化を目指し、より高活性な触媒の開発に取り組んでいるところです。植物科学の側面では、過酷な条件下でも作物の生産性を維持できるように育成研究に取り組んできました。機能開発研究グループでは干ばつに強いイネの開発に成功し、南米の圃場で実験したところ、30日間雨が降らなくても面積あたりの収穫量が最大で157%増加しています。

一方「金属元素プロジェクト」では、様々な金属の特長を生かした触媒の開発、入手しやすい安価な金属を用いた触媒の開発、さらにこれらの触媒を用いた有機合成反応の開発、有用物質の創製などに取り組んできました。先進機能触媒研究グループでは、多核金属ヒドリド錯体を用いることによって、ベンゼン環の常温常圧での切断や、ピリジンの温和な条件下での脱酸素化に成功しました。さらに第4期中長期計画で始まるフラッグシッププロジェクトのひとつ「新機能性ポリマー」にも大きく貢献できる、希土類金属触媒を用いたエチレンと極性官能基を持つ α -オレフィンとの共重合による機能性ポリオレフィンの合成も実現しています。

また触媒・融合研究グループでは、銅触媒を用いることで新しい生理活性分子の探索への貢献が期待できるペルフルオロアルキル化合物ライブラリーの構築に成功しています。生体機能触媒研究チームでは、中性の水を分解して電子を取り出す人工マンガン触媒を開発することで中性環境における水分分解活性が15倍増大し、強アルカリ環境で得られる値の60%の活性を得ています。植物科学の側面では、コケ植物による金属資源の回収や環境浄化などの研究について取り組み、最近ヒョウタンゴケが鉛だけでなく、金や白金族の元素に対してもすぐれた吸着性を有するを発見しました。

篠崎 長田先生のケミカルバイオロジー研究グループは、融合研究で非常に重要な役割を果たしました。

長田 分子生物学だけでは解けない謎にケミカルバイオロジーでチャレンジしたことによって、ユニークな研究が誕生しています。これまで個体触媒のような化合物は生命現象の解明には使えないと思っていたのですが、細胞にかけてみると意外な生物現象が見えてくるという経験をしました。また触媒化学、有機合成化学の研究者と議論するうちに、われわれに足りなかった化合物を合成する力を補う道が見つかり、共同研究に発展することもありました。

このように化合物を通じて様々なプロジェクトに貢献していますが、現在国内外の研究者から、われわれの化合物ライブラリーへのリクエストを受けています。国内では2017年に名古屋大学と包括協定を締結したことで、特にITbMと共同の化合物ライブラリー構築を進めており、研究の幅がさらに広がることを期待しています。

私の携わる「研究基盤プロジェクト」は、理研の研究を支える縁の下の方たちだと思っています。理研創立100周年の記念切手や様々なパンフレットに、顕微鏡グループのメンバーが撮影した植物の画像が使われましたが、これも解析基盤や電子顕微鏡を扱う、研究基盤プロジェクトや技術基盤部門の研究成果であり誇りです。

篠崎 松井先生が部門長を務める「バイオマス工学研究部門」は、理研横断的なバイオマス工学研究プログラムが2015年にセンターに統合され、新たな発展をみせましたね。

松井 研究をより産業に近い形に持ってくる目的基礎研究ということで研究を進めてきました。研究成果としては、バイオプラスチック研究チームがバイオプラスチックの一種であるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)の高機能化を行う中で、結晶化を促進する化合物を発見しました。既に企業との共同研究で年間1,000トンのパイロットプラントが稼動しており、社会に研究成果が転換できた例と考えています。

また、細胞生産研究チームでは、微生物の代謝経路を改変することによって合成ゴムの原料になるイソプレンの効率的生産を企業連携で行い成果が出ています。酵素研究チームでは、アミノ酸等のバイオマス資源から高分子素材を作成する技術を開発しました。またバイオマス基盤研究チームでは、シロアリの腸内共生菌を解析することで高機能な木質分解酵素を見出しました。さらにセルロース生産研究チームは、木本とともに草本バイオマス研究も進め、合成ゲノミクス研究グループでは、植物あるいは藻類を用いたバイオマス研究を進めてきました。第4期中長期計画で掲げられている持続的社會への貢献のために、技術革新の基礎的な部分を担うことができたのではないかと考えています。

Results from Five Years of Interdisciplinary Collaborations

Since CSRS began in 2013, we have advanced interdisciplinary research projects among plant science, chemical biology and catalytic chemistry, and the creating and utilizing of useful materials from natural resources. In our interdisciplinary research on chemical biology, we have had great success with collaboration and personnel exchanges with Nagoya University's Institute of Transformative Bio-Molecules (ITbM), one of the World Premier Institute (WPI). Within CSRS, we have also had success with interdisciplinary research in chemistry and plant science. Biomass Engineering Program was integrated into CSRS in 2015 to advance application of research outputs in biotechnology.

Collaborations with other research organizations such as National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), the Japan Fisheries Research and Education Agency (FRA), and National Agriculture and Food Research Organization (NARO) have advanced for the application of research outputs in CSRS. Collaborations with industry researchers have also greatly advanced to apply research outputs for social uses.

SDGsを指標とした5つのフラッグシッププロジェクト



篠崎 この5年間で社会は大きく変化し、社会的ニーズも大きく変わってきている中、2015年に国連で決議された持続可能な開発目標(SDGs)やパリ協定に象徴されるように、人類の持続的な発展に向けた動きも加速しています。環境資源科学研究センターという名前の通り、このセンターはそういった大きな目標に貢献できる科学技術のベースを持っていますので、第4期中長期計画にはこの5年間でおきた社会と科学技術のパラダイムシフトをしっかりと取り入れようと、かなり議論を重ねました。その結果、決まったのが5つのフラッグシッププロジェクト「革新的植物バイオ」「代謝ゲノムエンジニアリング」「先進触媒機能エンジニアリング」「新機能性ポリマー」「先端技術プラットフォーム」です。

技術革新が非常に勢いで今起きています。ゲノムシーケンスや、CRISPR-Cas9のゲノム編集技術の確立があげられます。それから大量のデータを扱うデータサイエンスも急速に進みましたし、特に大きなパラダイムシフトになったのがディープラーニング(深層学習)や人工知能です。次の7年は、これらを積極的に組み込んで、人材を育成しつつ進めていきたいと考えています。また現在、およそ50社との企業連携が進んでいますが、こうした企業、大学、府省を含めた連携もますます加速するものと思われます。そのあたりを踏まえ、各フラッグシッププロジェクトについてお話しください。

松井 「革新的植物バイオ」は、温暖化など環境の変化による食料不足といった社会的な問題に対応する研究を進めていくプロジェクトです。これまでの研究を土台に、新たな植物の表現系解析やデータ解析を駆使して、より正確に環境と植物の成長の関係を明らかにし、気象変動に耐え得る植物の開発を目指します。



具体的には、環境耐性や食料増産に対して貢献するための化合物や、低分子ペプチド等の新たな因子を生み出していきます。また最近急速に研究が進むゲノム編集技術や、遺伝子の改変技術を利用して作物の展開を進めることで、生産性の向上、バイオマスの増大を目指します。これらの問題は日本だけの問題ではありませんから、国際連携、大学連携、あるいは省庁との連携も進めながら目標を達成していきたいと思っています。

斉藤 私の担当する「代謝ゲノムエンジニアリング」では、植物や微生物が有する生体触媒能力を最大限に引き出して、化石資源によらない化学工業や、医薬品の原料となる有用物質の生産システム構築を目指した研究を進めていきます。特に人工知能(AI)を用いた情報技術やゲノム科学を駆使した情報収集、遺伝子や代謝情報の収集、それらを応用した微生物や植物を宿主とした生物化

学合成を行いたいと考えています。

具体的に微生物関連ではAIを使って遺伝子型と表現型の情報解析から、ブタジエンやイソプレンのような化学工業原料を作ります。それから複雑な構造の抗生物質を作る微生物のゲノムマッピングからゲノムエンジニアリングに至る方法論ですね。植物側而言いますと、テルペノイドとかアルカロイド、それからフェニルプロパノイドや脂質のように植物の中の特徴的な成分を作る遺伝子のゲノムマッピングとそれを作る応用研究を進めます。さらに微生物をホストにして植物の成分を作るという合成ゲノム科学的な考え方や、ゲノム編集を応用した研究も進めたいと思っています。将来的には水圏にも対象を広げ、いわゆるメタ生物学と言いますか、環境メタゲノム、環境メタボロームといった複雑系についても研究を開始したいと考えています。

侯 これまでの炭素、窒素、金属元素プロジェクトの中で、特に触媒に関わる研究を集約してさらに強化するのが「先進触媒機能エンジニアリング」です。大きな目標としては地球に存在する大気や水、地殻資源を利活用するための触媒の開発があります。中でも重点を置くのが、窒素と水素から温和な条件下でアンモニアを合成する技術や、二酸化炭素を原料とするカルボン酸などの合成に有効な触媒の開発です。さらに水を分解して水素の製造を促す金属触媒、水中で機能する生体機能触媒、安くて豊富な地殻資源や各種金属の特徴を生かした有機合成触媒の開発も行います。こうしたイノベーションによって、日本は資源の乏しい国であるという発想を転換していきたいと思っています。

このプロジェクトと密接に関係するのが「新機能性ポリマー」です。分子性触媒技術を駆使した未踏の合成技術によって、植物・バイオマス・化石資源から新しい機能を持つバイオポリマー、高機能性バイオポリマーの開発を行い、産業連携によって実用化へと橋渡ししていきます。現代社会を支えるポリオレフィン系素材の可能性をさらに広げるべく、他材料との接着性に優れた機能性ポリオレフィン素材や、有機ガラスなどに使われるアクリル樹脂の開発、さらに高強度、高耐熱性を持つスーパーエンジニアリングポリマー素材、高タフネスペプチドポリマー素材の創製技術の開発などがあげられます。これらの技術は、産業連携によって資源利用効率の向上を促すと同時に、化学産業に革新をもたらすものになると考えています。

長田 「先端技術プラットフォーム」では、SDGsを意識した研究を加速するにあたり、「革新的植物バイオ」「代謝ゲノムエンジニアリング」「先進触媒機能エンジニアリング」「新機能性ポリマー」の各プロジェクトの研究推進に何が必要かを考えながら基盤を作っていきます。例えば、植物研究において重要な基盤である植物メタボロームやホルモン解析は斉藤先生と横浜のチームがサポートし、和光では、小分子化合物、天然有機化合物、生体分子、RNA、



DNAなどの解析をサポートしていきたいと思っています。

昨年ケミカルバイオロジー分野では、Dr. Booneの分子リガンド標的研究チームが、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研究グループとの共同研究で、世界の主だった化合物ライブラリーを集めて生物活性を評価したところ、理研のNPDepoは最も多様性に富んでいることが客観的に評価されました。理研の化合物ライブラリーをさらに多くの人に自信を持って使ってもらえるようになると思っています。斉藤先生たちと協力し、植物、微生物の垣根をできるだけなくした理研ならではの天然化合物ライブラリー、天然化合物メタボロームを目指していきます。

先ほど、ゲノム編集の話題がありましたが、日本では農業応用に関して議論しているところです。遺伝子改変と同じような効果を示す化合物が開発できれば、農業への貢献もできると思いますので、そういったところにもチャレンジしたいと思っています。さらにエビゲノム研究などにも、先端技術プラットフォームが貢献できると考えていますので、どんどん活用してほしいですね。

斉藤 長田先生のお話にあったように横浜では特に植物メタボロームと顕微鏡イメージングの技術を担当することになります。メタボロミクス研究の大きなチャレンジはマスビークのアノテーションです。その解決にはマスビークの同定が必要となる訳ですが、経験的な方法論に加えてインフォマティクスが非常に重要な手法になります。そこでケモインフォマティクスを用いて、実際に化合物がなくてもアノテーションできる手法の開発に注力していきたいと思っています。そのためにはメタボロームのMS-MSのデータベースの充実が求められすし、今後、深層学習を使ったAIによるアノテーションも必要になってくると思います。そういった経験的な方法とインフォマティクスの両面を進化させたチャレンジを進めます。

同時に、横浜では顕微鏡に強いグループとイメージングマスを開発していきたいと思っています。一つ一つの未知代謝産物も含めて、それが組織や細胞のどの部分にどのように分布しているかをダイナミックに明らかにすることを目指します。また超高解像度を持つ光学顕微鏡と電子顕微鏡を統合したような新しい顕微鏡技術を企業との共同研究の中で進めてCSRSの外にも応用展開していきたいと考えています。



もう一つ、理研、国立遺伝学研究所、かずさDNA研究所の3機関が共同して、メタボロームの蓄積データベースを国際標準の中で作っていく構想があります。国際的なメタボロームの標準データベースと全く同じフレームワークの中に入って、世界中の人がシェアできる仕組みを考えています。



篠崎 次期の活動ではそれぞれの分野の情報基盤を活用して、新たな展開に進むことが必要です。幸いCSRSには情報科学、あるいはデータサイエンスに興味を持っている若手の研究者がいますので、その人たちが活躍できる場を整備していきます。特に代謝のエンジニアリング、人工酵素のデザインに情報基盤を活用します。それから格段に進歩した画像解析技術を用いたイメージングを進めます。

物質科学に関して言えば情報科学は全く未知の分野だったと思うのですが、触媒に情報科学を取り入れて反応に合った触媒をデザインするという「キャタリストインフォマティクス」に取り組んでいます。これは産総研とのチャレンジングな課題として進めていて、個別の課題はかなり抽出されてきています。それから様々な企業が力を入れて取り組んでいますが、農業にデータサイエンスを取り入れられないかということでテーマを選定し、プロジェクト化していくことを検討しています。

ただ、情報科学やデータサイエンス分野の人材が少ないという現状にあるため、現在、深層学習やイメージングなど情報科学に関する勉強会を開いて興味のある研究者を発掘しようと考えています。予算次第では情報科学にチャレンジしたい生物系、化学系の研究者を採用していきたいと考えています。理研には革新知能統合研究センター(AIP)がありますから、最終的には情報科学の専門家との連携も進めて、最初の3年間で新たな取り組みを進め、この7年間で世界につなげていきたいと思っています。

Five Flagship Projects based on Sustainable Development Goals

Great paradigm shift to sustainable development is accelerating from major changes in society over the last five years and a shift in societal needs as symbolized by the UN's Sustainable Development Goals (SDGs) and the Paris Agreement (COP21) for achieving zero greenhouse gas emissions.

In the RIKEN's fourth mid- to long-term plan, CSRS addresses this paradigm shift in society and scientific technologies, and strongly promotes five flagship projects that focus on seven of the 17 SDGs: Innovative Plant Biotechnology, Metabolic Genome Engineering, Innovative Catalysts, Leading-edge Polymers, and Advanced Research and Technology Platforms.

Over the next plan, we will proactively incorporate data science and artificial intelligence in addition to genomics and chemical biology, and develop our human resources. We will also accelerate our collaborations with industry, academia and other national research institutes.

スタートする5つのフラッグシッププロジェクト

篠崎 今回のフラッグシッププロジェクトの特徴に、SDGsが掲げる17のゴールのうち7つの目標に視点を定めたことがあります。研究を進めるにあたって、どのようなアプローチを考えていますか。

松井 「革新的植物バイオ」では、特に「飢餓をゼロに」という視点から、環境変動に耐え得る植物の生産性を向上させ、安定的な食料の生産にアプローチしていきたいと考えています。また植物バイオマスの向上、それから植物バイオマスをを用いた物質生産、エネルギー生産につながる技術開発を他のプロジェクトとの連携によって進めていきたいと思っています。具体的には、環境ストレス耐性、植物成長、他の生物との共生、病害に対する抵抗性など多角的なアプローチを行います。また有用な形質を正確に解析するための計測技術や情報科学を駆使していきたいと考えています。

斉藤 「代謝ゲノムエンジニアリング」で特にSDGsと関係するのは「すべての人に健康と福祉を」です。これは高額の医薬品を開発して、それを先進国の人たちが享受するというだけではなくて、地球の全ての人が健康な生活を送るための環境や食品、医薬品原料を提供することになると思います。「海の豊かさを守ろう」「陸の豊かさを守ろう」は、いわゆる環境ゲノムという観点からも、まさに「代謝ゲノムエンジニアリング」に合致したテーマだと思われます。

もう少し包括的に見ると、SDGsはCSRSに対するメッセージのように聞こえるんですね。つまり個人や個別の国ではなくグローバルなベネフィットを考えなければいけないというメッセージであ

り、それを実現するために私たちは重要なミッションを担っていると思います。

ここでもう一つ指摘しておきたいのは、名古屋議定書も生物多様性から生まれる利益を公平に分配しようと定めている点です。「代謝ゲノムエンジニアリング」の元になる生物遺伝資源は多くの場合、資源提供国からの提供になります。いわば今まである意味で勝手に使っていたわけですが、これからはCSRSとしてグローバルな動きとアライアンスを取った活動をする責任があると考えています。

侯 「先進触媒機能エンジニアリング」では、省資源・省エネという形でモノづくりをさらにステップアップをさせていきたいと考えています。そこで触媒関連では3つのテーマに重点を置きます。まず「エネルギーをみんなに、そしてクリーンに」ですが、水から水素を作ることや、アンモニアを温和な条件で作成ことはエネルギー生産につながります。二酸化炭素、窒素や酸素など豊富な資源を使って有用物質を作ることや、安価で入手しやすい各種金属元素の特徴を活かした触媒の開発などは「つくる責任つかう責任」と「陸の豊かさを守ろう」のテーマであり、両者は密接に関係しています。

「新機能性ポリマー」も同様で、作る過程においてなるべくステップを減らして入手しやすい原料で高性能のモノを作ることや、再生可能なバイオマスを利用した高機能ポリマーの創製、強くしてしなやかなポリマーの性能をさらに強化していくことでSDGsに貢献することができそうです。

斉藤 繰り返になりますが「先端技術プラットフォーム」でも国際的な取り組みは重要です。閉じたプラットフォームではなく世界の規範になることによって、SDGsなどの国際的なアクティビティに強くコミットできると思います。

今後Society 5.0と呼ばれるスマート社会においても、プラットフォームは非常に重要な役割を担うと推測されます。サイバー空間やAI、それからデジタル計測といった特徴は、まさに私たちのプラットフォームが持つべき特性と同質で、社会での役割が変われるところですね。

篠崎 人類のグローバルな取り組みとして、SDGs、COP21、名古屋議定書が国際的な枠組みとしてできています。こういった課題解決型の科学技術、それからイノベーションという方向性が打ち出されているので、ぜひCSRSで担える部分は責任を持ってやっていきたいと思っています。

国際連携・CSRSが担うもの

篠崎 2018年4月から新しいリーダーも着任しますし、特にデータサイエンスに関しては若い世代が担って欲しいですね。それから大学連携ですが、残念ながら法人化による予算減が作用して、大学のアクティビティが非常に落ちてきています。こういった現実を考えると科学・技術の基盤を支える役割も理研に求められますが、いかがでしょうか。

長田 これまでも新しい分野が生まれた時、理研では柔軟に対応してきました。例えばケミカルバイオロジーは、学際領域なので、理研のように研究分野の垣根が低い研究環境が必要で、若い人を育てることは、我々の大きな使命だと思います。2018年4月に3名の有機合成化学者が新リーダーとして着任しますので、化学に強いCSRSとなることが期待できます。

それから、すでに皆さんもおっしゃっていますが、やはりインフォマティクスが重要です。異分野の人と研究を進めると、新しい研究が生まれるので、これまで生物学など全く興味がなかったようなインフォマティクスあるいはAI研究者を巻き込んで、新しい分野にチャレンジできるいいなと思っています。

斉藤 この5年間で国際評価が2回ありましたが、非常に印象的だったのはSustainable Resource Scienceという分野を作りなさいとの提言を受けたことです。センター発足から5年間は融合させることに忙しかつたので、本当の意味でそうした分野を作っているのは、次の5年あるいは7年じゃないでしょうか。

世界における自然科学の情勢を見ると、中国の研究アクティビティが圧倒的に上がってきています。予算的な問題だけでなく、われわれが考え直さなければいけない問題を突き付けられていると感じます。CSRSでも次世代のプロジェクトを作る中で議論していく必要があるのではないのでしょうか。

長田 この数年間でSustainableというキーワードをよく聞くよう

CSRS's Role

One of CSRS's missions is to strengthen collaborations with other countries. Also, in order for RIKEN to be supported in the domestic science community, it is necessary to build good relationships with universities and become a hub of cooperation. It is therefore necessary for RIKEN to have high-level research standards and platforms.

As a center that began with interdisciplinary research projects in chemistry and biology, we have come to a point of mutual understanding and are now at the start point of new flagship projects for the contribution to SDGs and Society 5.0. We will make endeavor to create strong foundations while actively nurturing the next-generation researchers and engineers, and also adopting latest technology in data science, genomics and chemical biology.

になりましたが、Sustainableという看板を掲げた研究センターは、世界的にあまりないように思います。時代の流れにも合致していますし、そういう意味でわれわれは自信を持って積極的に進めていきます。斉藤先生の話に出てきた中国ですが、連携して刺激を受けるべきではないでしょうか。大学や府省、あるいは産学連携を進めていますが、国際連携は非常に大事です。他国との連携を強めることはCSRSの一つのミッションであると私は捉えています。

侯 中国では大気汚染が深刻で、ようやく政府も本腰を入れて対策を始めています。そういう意味で環境資源において、確かに中国は追い風です。一緒にシンポジウムを開くといった今までの発想とは少し違う角度から、理研だけではできないテーマを思いきって試してみる可能性はありますね。

斉藤 日本の科学コミュニティで理研が支持されるためには、連携のハブになるとか、個別の研究室をサポートする解析のサービスといった大学との良い関係が必要です。そのためには理研側が非常に高いスタンダードの研究やプラットフォームを持つことが求められます。それがなければ大学側は理研をただの競争相手と見なし共同研究もやりにくいからです。そこは非常に重要な視点だと思います。

篠崎 化学と生物学の融合研究ということで発足したセンターですが、最初はそれぞれの研究プレゼンテーションが全く分からないというところからお互いの理解が進み、次のプロジェクトを立てる地点まで来ることができました。今後は次の世代が活躍できる場を作り、データサイエンスを取り入れて強い基盤を持てるよう努力していきます。おそらく3年かかると思うのですが、そこをベースに新しい流れが生まれ2030年を目指すことになるかと期待しています。いろいろ知恵を集めて進めたいと思いますので、ご協力を宜しく願います。

斉藤 和季
Kazuki SAITO



副センター長 / Deputy Director

長田 裕之
Hiroyuki OSADA



副センター長 / Deputy Director

センター長 / Director



篠崎 一雄
Kazuo SHINOZAKI



侯 召民
Zhaomin HOU

松井 南
Minami MATSUI



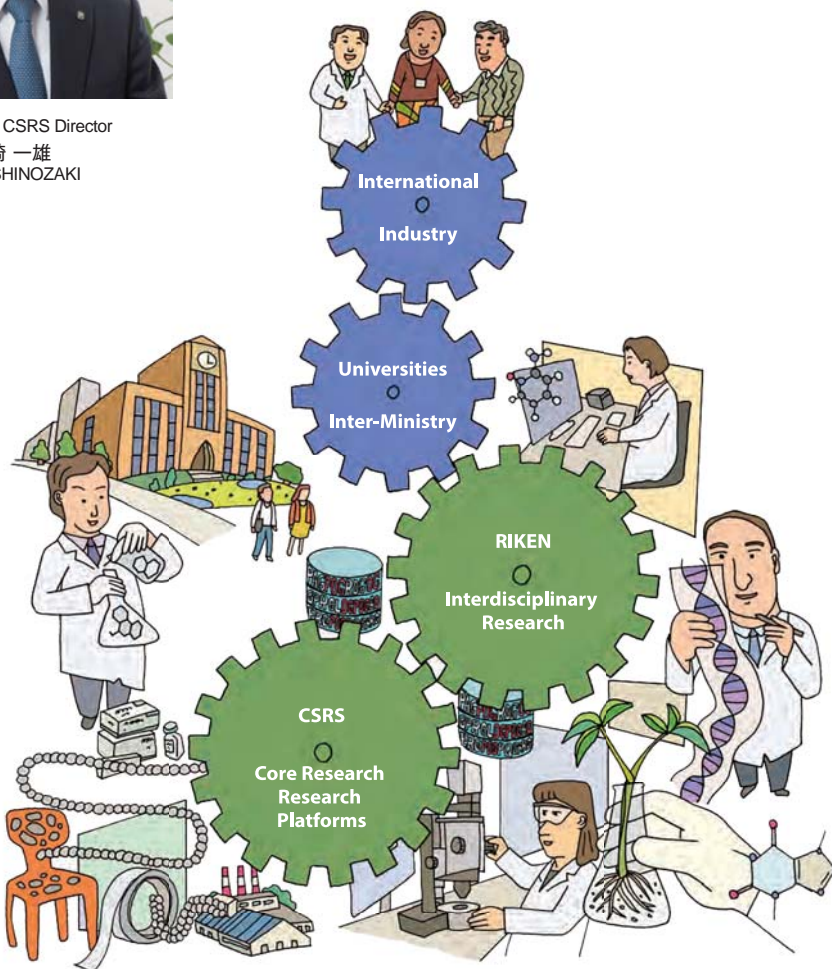
環境負荷の少ない「モノづくり」を理念に 「課題解決型」研究で、持続的社会的実現に貢献します。



センター長 / CSRS Director
篠崎 一雄
Kazuo SHINOZAKI

環境資源科学研究センターは2013年の設立以来、植物科学、ケミカルバイオロジー、触媒化学の異分野融合によって持続的な社会の実現に向け、先導的な役割を果たしてきました。2015年に国連で採択された「持続可能な開発目標 (SDGs)」および温室効果ガス排出ゼロを目指す「COP21」を指標とし、5つのフラッグシッププロジェクト「革新的植物バイオ」「代謝ゲノムエンジニアリング」「先進触媒機能エンジニアリング」「新機能性ポリマー」「先端技術プラットフォーム」を掲げています。

環境負荷の少ない「モノづくり」を理念に「課題解決型」研究で、持続的社会的実現に貢献することで、人類が健康で豊かな生活を送ることのできる地球の未来をリードしていきます。



Contributing to a sustainable society through research oriented towards “problem-solving” based on the concept of developing manufacturing methods with reduced environmental impact

Since its establishment in 2013, RIKEN Center for Sustainable Resource Science (CSRS) has been a leader in creating a sustainable society through transdisciplinary integration of plant science, chemical biology, and catalytic chemistry. Using as guides the Sustainable Development Goals (SDGs) adopted by the United Nations in 2015 and the agreement of the COP21 on achieving zero greenhouse gas emissions, we are promoting five flagship projects; “Innovative Plant Biotechnology”, “Metabolic Genome Engineering”, “Innovative Catalysts”, “Leading-edge Polymers” and “Advanced Research and Technology Platforms”.

The goal of the CSRS is to create a future world where people can live healthy and prosperous lives by carrying out “problem-solving” research and contributing to a sustainable society based on the concept of developing manufacturing methods with reduced environmental impact.



CSRS New Research Structure

フラッグシップ プロジェクト Flagship Projects	B 革新的植物バイオ Innovative Plant Biotechnology	合成ゲノミクス研究グループ	Synthetic Genomics Research Group
		機能開発研究グループ	Gene Discovery Research Group
		植物免疫研究グループ	Plant Immunity Research Group
		植物ゲノム発現研究チーム	Plant Genomic Network Research Team
		細胞機能研究チーム	Cell Function Research Team
		植物共生研究チーム	Plant Symbiosis Research Team
		バイオ生産情報研究チーム	Bioproductivity Informatics Research Team
		適応制御研究ユニット	Dormancy and Adaptation Research Unit
		ストレス適応研究ユニット	Stress Adaptation Research Unit
		環境応答研究ユニット	Environmental Response Research Unit
	M 代謝ゲノム エンジニアリング Metabolic Genome Engineering	統合メタボロミクス研究グループ	Metabolomics Research Group
		代謝システム研究チーム	Metabolic Systems Research Team
		環境代謝分析研究チーム	Environmental Metabolic Analysis Research Team
		細胞生産研究チーム	Cell Factory Research Team
	C 先進触媒機能 エンジニアリング Innovative Catalysts	天然物生産合成研究ユニット	Natural Product Biosynthesis Research Unit
		先進機能触媒研究グループ	Advanced Catalysis Research Group
		触媒・融合研究グループ	Catalysis and Integrated Research Group
		機能有機合成化学研究チーム	Advanced Organic Synthesis Research Team
	P 新機能性ポリマー Leading-edge Polymers	グリーンナノ触媒研究チーム	Green Nanocatalysis Research Team
		生体機能触媒研究チーム	Biofunctional Catalyst Research Team
		バイオプラスチック研究チーム	Bioplastic Research Team
	TP 先端技術 プラットフォーム Advanced Research and Technology Platforms	バイオ高分子研究チーム	Biomacromolecules Research Team
		先進機能触媒研究グループ	Advanced Catalysis Research Group
		ケミカルバイオロジー研究グループ	Chemical Biology Research Group
		ケミカルゲノミクス研究グループ	Chemical Genomics Research Group
		分子リガンド標的研究チーム	Molecular Ligand Target Research Team
		分子生命制御研究チーム	Molecular Bioregulation Research Team
		統合メタボロミクス研究グループ	Metabolomics Research Group
		代謝システム研究チーム	Metabolic Systems Research Team
		環境代謝分析研究チーム	Environmental Metabolic Analysis Research Team
		メタボローム情報研究チーム	Metabolome Informatics Research Team

部門・国際連携 Divisions / International Collaborations	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	Drug Discovery Chemical Bank Unit
		創薬シード化合物探索基盤ユニット	Drug Discovery Seed Compounds Exploratory Unit
		創薬化学基盤ユニット	Drug Discovery Chemistry Platform Unit
	技術基盤部門 Technology Platform Division	分子構造解析ユニット	Molecular Structure Characterization Unit
		生命分子解析ユニット	Biomolecular Characterization Unit
		化合物リソース開発研究ユニット	Chemical Resource Development Research Unit
		質量分析・顕微鏡解析ユニット	Mass Spectrometry and Microscopy Unit
	理研-マックスプランク 連携研究部門 RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology	バイオプローブ研究グループ	Bioprobe Research Group
		バイオプローブ応用研究ユニット	Bioprobe Application Research Unit
	理研-KRIBB連携研究ユニット RIKEN-KRIBB Joint Research Unit		

B 革新的植物バイオ
Innovative Plant Biotechnology



持続的な食料・バイオマス生産
への貢献のため、植物の
形質改良技術を開発します

地球温暖化や気候変動、人口増加なども加わって、持続的な食料の供給と確保は今や地球規模の課題となっている。環境資源科学研究センターはモデル植物を用いた有用遺伝子の探索と機能解明に取り組み、作物への橋渡しとなる研究を進めてきた。これらの研究成果をもとに、本プロジェクトでは、環境ストレスに適応し耐病性等を備えた、質的・量的付加価値の高い植物の開発を目指す。

さらにオミックス解析を用いて、ペプチドをはじめとするさまざまな制御因子を探索するとともに、ケミカルバイオロジーの手法を活用し、食料やバイオマスの生産性向上、機能性向上につながる重要因子を解明していく。また圃場での成果をさまざまな条件下にある実際の農地へと確実に転換するために、情報科学を駆使してデータを多角的に蓄積、解析し、形質改良に活かす。



プロジェクトリーダー
Project Leader
松井 南 理学博士
Minami MATSUI D.Sci.



Contributing to sustainable
food and biomass production
through development of plant
trait improvement techniques

With global warming, climate change, and population increase, sustainable food supply and procurement is now a global issue. CSRS has been using model plants to explore and elucidate the functions of beneficial genes and promoting research for translating the results in actual crops. Based on these research results, the Innovative Plant Biotechnology project aims to develop plants with high qualitative and quantitative value added with resistance to environmental stress and diseases.

In addition, the project will use omics analysis to explore peptides and other regulators and employ chemical biology approaches to elucidate main factors leading to improvement of productivity and functionality of foods and biomass. To ensure transfer of the results in the field to the actual farmland under varying conditions, the project will also use information science to store and analyze data from multiple angles for trait improvement.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



白須 賢 Ph.D.
Ken SHIRASU Ph.D.



関 原明 博士(理学)
Motoaki SEKI Ph.D.

M 代謝ゲノムエンジニアリング Metabolic Genome Engineering



植物と微生物の化学合成能力を引き出し、バイオプロダクトの生産と利用を拡大します

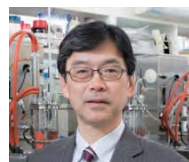
化石資源から脱却するためには、革新的な方法によって、私たちの暮らしに欠かせないバイオプロダクトを創出する必要があります。そこで、飛躍的に増えつつあるゲノム解析情報を活用し、合成生物学を含めたゲノムエンジニアリングやデータサイエンスを駆使することによって、植物や微生物の化学合成能力を人工的に最大限に引き出し、持続可能な生産システムを開発・構築する。

複数の細胞の相互作用から代謝経路をデザインするスマートオーガニズムや、生産システムとなる植物・微生物などの育種の高度化、従来の化学合成では困難だった化合物の合成などにチャレンジし、植物・微生物を用いた有用物質の合成を進める。化学工業の原料、機能性食品、医薬品、化粧品原料等ターゲットは広く、技術基盤の開発、産業界との連携によってさらなる展開が期待される。



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



近藤 昭彦 工学博士
Akihiko KONDO Ph.D.

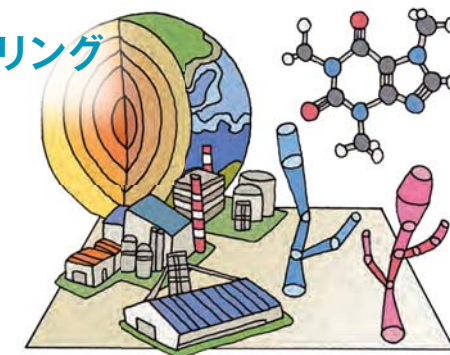


高橋 俊二 博士(理学)
Shunji TAKAHASHI D.Sci.



菊地 淳 博士(工学)
Jun KIKUCHI Ph.D.

C 先進触媒機能エンジニアリング Innovative Catalysts



天然資源を利活用する 高効率の新規触媒を開発します

化石燃料に頼らない生活への転換は、持続的社会的実現にとって重要なテーマである。天然資源は有限だが、高機能触媒によって新たな有用資源を生み出す可能性が生まれる。本プロジェクトでは、環境資源の安定的確保と、循環的な利活用に貢献するため、地球環境に存在する大気・水・地殻資源を利用する先進的な触媒の開発に取り組む。

重点的には、窒素と水素から温和な条件の下でアンモニアを合成する技術や、温暖化の最大の要因とされる二酸化炭素を原料としたカルボン酸等の合成に有効な触媒の開発を目指す。さらには水を分解して水素等の製造を促す金属触媒、水中で機能する生体機能触媒、安価で豊富な地殻資源や各種金属の特徴を活かした触媒の開発などを行う。これらのイノベーションを通して、「日本は資源に乏しい国」との発想を転換していく。



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

Developing new, highly efficient catalysts that use natural resources

Transformation of our lifestyle to one without dependence on fossil fuel is an important theme for bringing about a sustainable society. Even though natural resources are finite, new beneficial resources can be produced from natural resources through the actions of highly functional catalysts. The Innovative Catalysts project will develop advanced catalysts that enable efficient use of the atmosphere, water, and earth crust resources of the global environment to contribute to stable supply and recycling of environmental resources.

Some of the focal points will be development of new catalyst technology for synthesizing ammonia from nitrogen and hydrogen under mild conditions and development of catalysts for synthesis of carboxylic acids using carbon dioxide, which is considered as the major cause of global warming, as raw material. In addition, the project will develop metal-based catalysts for manufacture of hydrogen and other substances through water splitting, biofunctional catalysts that function in water, and catalysts that are based on cheap, earth-abundant elements and that take the advantage of the features of all available metals for chemical synthesis. Through such innovation, the project will change the notion that "Japan is a country poor in resources."

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



袖岡 幹子 薬学博士
Mikiko SODEOKA D.Pharm.



中村 龍平 博士(理学)
Ryuhei NAKAMURA D.Sci.

P 新機能性ポリマー Leading-edge Polymers



資源利用効率の向上、 新産業創出に貢献する 有用機能を持つ新規ポリマーを 開発します

「持続可能な開発目標 (SDGs)」の「つくる責任、つかう責任」とは、環境と経済が両立する持続的社会的な実現に向けて努力することでもある。本プロジェクトでは、分子性触媒技術を開発した未だの合成技術によって、植物・バイオマス・化石資源から新しい機能を持つバイオポリマーを開発し、実用化へと橋渡ししていく。

現代社会を支える高分子素材の7割はポリエチレンに代表されるポリオレフィン系である。その可能性をさらに広げるべく、他材料との接着性に優れた機能性ポリオレフィン素材や有機ガラス等に使われるアクリル樹脂の開発、高強度・高耐熱性を持つスーパーエンジニアリングポリマー素材の創出、強度としなやかさを兼ね備えた高タフネスペプチドポリマー素材の創製技術の開発を行う。こうした取り組みは、産業との連携によって、資源利用効率の向上を促すと同時に、化学産業に革新をもたらしていく。

Developing new polymers with beneficial functions improving efficiency in the use of resources and creating new industries

Achieving the Sustainable Development Goal (SDG) of "Responsible Consumption and Production" also means that we make efforts towards achieving a sustainable society that strikes a balance between the environment and economy. Through groundbreaking synthesis techniques using molecular catalysis, the Leading-edge Polymers project will develop, from plants, biomass, and fossil resources, biopolymers having new functionalities, and lead efforts towards their commercialization.

Polyethylene and other polyolefins make up about 70% of all polymers used in our world today. To further broaden its potential, the project will develop functional polyolefin materials that have excellent adhesive properties with other materials, develop acrylic resins used in organic glass, create super engineering polymers with high-strength and high-temperature heat resistance properties, and develop the technology for creating high-toughness peptide polymer materials that combine strength and flexibility. These efforts will, through collaboration with the industry, promote efficiency in the use of resources as well as bring innovation in the chemical industry.

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.

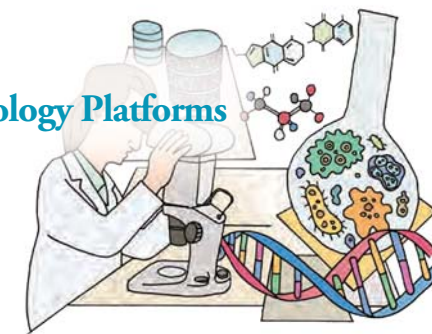


沼田 圭司 博士(工学)
Keiji NUMATA Ph.D.

プロジェクトリーダー Project Leader 阿部 英喜 博士(工学) Hideki ABE Ph.D.



TP 先端技術プラットフォーム Advanced Research and Technology Platforms



解析技術基盤・情報基盤を 高度化し、日本の科学技術の ハブとしてイノベーションを 牽引します

最先端の分子解析基盤が揃う理研では、技術基盤部門がコアとなり、他の研究所や大学との共同研究が活発に行われている。これらの解析技術基盤、情報基盤を活用・高度化し、各フラッグシッププロジェクトの効率的な推進をバックアップしていく。

具体的には化合物同定を自動化する解析技術の開発、細胞内の全代謝の理解につながる植物ホルモンも含めた統合メタボローム解析基盤、電子顕微鏡などを用いたイメージング技術基盤や表現型解析基盤の高度化、あるいは植物から微生物まで多岐にわたる研究を支えるための、横断的な情報基盤の活用・高度化も目指す。先端技術プラットフォームは理研の科学技術ハブ機能形成を牽引し、産業界との連携を深めながら次代を担うイノベーションを創出していく。

技術基盤部門

研究基盤の提供・研究支援を行う。分子機構の解明、タンパク質構造・機能の解明、低分子化合物解析(メタボローム、ホルモノーム)およびバイオイメージング解析により環境資源科学研究の活性化を図る。また、企業連携や新規技術の開発によって研究基盤の高度化を目指す。

Technology Platform Division

Promoting CSRS research activities through providing research platforms for the supports of further understanding the mechanism and action of biological molecules, structural elucidation and characterization of organic molecules, and analyzing plant metabolome and hormone, and bio-imaging analysis. Also aiming to develop the platform through industrial collaboration and development of new technologies.

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



プロジェクトリーダー / Project Leader 長田 裕之 農学博士 Hiroyuki OSADA D.Agr.



副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.



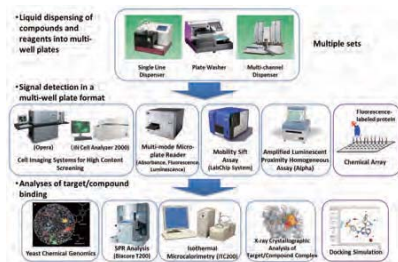
平井 優美 博士(農学)
Masami HIRAI Ph.D.



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

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

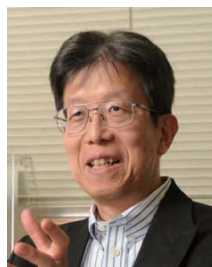
大学や公的研究所による創薬研究(アカデミア創薬)は世界の潮流であり、理研では創薬・医療技術基盤プログラム(DMP)を通じて、アカデミア創薬を加速することを目指している。アカデミア創薬を実現するためには、近年急速に進んだ膨大なゲノム解析情報やiPS細胞技術を最大限に活用し、新しい技術や評価方法を開発することが不可欠である。当部門はDMPのメンバーとして、多様性に富んだ天然化合物ライブラリーとそれをハイスループットにスクリーニングするための適切な評価系と最先端機器をプラットフォームとして提供する。



Facilities for HTS

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

Academic drug discovery has become a world-wide movement at universities and research institutions. RIKEN facilitates academic drug discovery by conducting the Drug Discovery and Medical Technology Platforms (DMP). To achieve this goal, it is necessary to develop novel assay systems based on recent advances in genome and iPS cell research. Capitalizing on RIKEN's vast library of bioactive natural products, optimized assay systems, and state of the art equipment for high throughput screening (HTS), our division aims at making innovative contributions to the academic drug discovery effort.

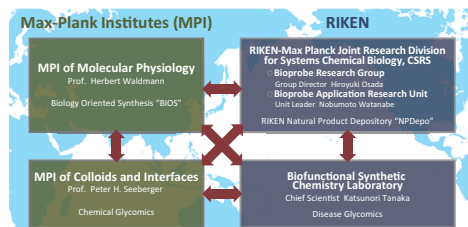


部門長 / Division Director
吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.

R 理研-マックスプランク連携研究部門 RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology

ドイツ・マックスプランク研究所と連携して ケミカルバイオロジー研究を推進します

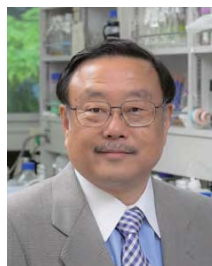
理研とマックスプランク研究所のシステムズケミカルバイオロジーに携わる研究者間の交流促進、ならびに研究資源や情報、技術の有効活用を図る。理研は独自の化合物ライブラリー(NPDepo)に加え、化合物ライブラリーから効率良く阻害剤を見つけ出す技術と有し、マックスプランク研究所側では誘導体展開による、より良い生物活性を有する化合物を創出する手法を得意としている。こうしたお互いが有する技術・手法の効果的な組み合わせにより、相乗的なケミカルバイオロジー研究の進展を目指す。



Collaboration between RIKEN and Max-Planck Institutes

Proceeding the research of systems chemical biology in collaboration with Max Planck Institute in Germany

Our division will promote exchange between scientists of systems chemical biology at RIKEN and the Max Planck Institutes, and advance effective use of research resources, information, and technology. RIKEN has its own libraries of compounds (NPDepo) as well as technology for efficiently finding inhibitors from the libraries. The Max Planck Institutes, on the other hand, are proficient in the use of derivatives to create compounds with better bioactivity. By effectively combining each other's technology and approaches, the division aims to promote chemical biology research through synergy between the two laboratories.



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

活動報告

第3期中長期計画および2017年度

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を表します。

The following icons which are indicated in the laboratory page represent a related "Interdisciplinary Project".

- 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

Research activities

The 3rd mid- to long-term plan and FY2017



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う。

			Interdisciplinary Research					
			C	N	M	P		
植物科学	機能開発研究グループ	篠崎	●	○		○	Gene Discovery RG	SHINOZAKI
	生産機能研究グループ	梶原	○	●	●		Plant Productivity Systems RG	SAKAKIBARA
	植物免疫研究グループ	白須		○			Plant Immunity RG	SHIRASU
	統合メタボロミクス研究グループ	斉藤	◎	○		●	Metabolomics RG	SAITO
	代謝システム研究チーム	平井	○	○		○	Metabolic Systems RT	HIRAI
	メタボローム情報研究チーム	有田	○			○	Metabolome Informatics RT	ARITA
	環境代謝分析研究チーム	菊地	○	○	○	○	Environmental Metabolic Analysis RT	KIKUCHI
	植物ゲノム発見研究チーム	関	○	○		○	Plant Genomic Network RT	SEKI
	細胞機能研究チーム	杉本	○	○			Cell Function RT	SUGIMOTO
	植物共生研究チーム	林		○			Plant Symbiosis RT	HAYASHI
コア研究	適応制御研究ユニット	瀬尾		○		○	Dormancy and Adaptation RU	SEO
	発現調節研究ユニット	チャン			○		Signaling Pathway RU	TRAN
	機能調節研究ユニット	申		○	○		Regulatory Network RU	SHIN
	ケミカルバイオロジー研究グループ	長田	○	●		◎	Chemical Biology RG	OSADA
	ケミカルゲノミクス研究グループ	吉田	●	○		●	Chemical Genomics RG	YOSHIDA
	分子リガンド標的研究チーム	ブーン				○	Molecular Ligand Target RT	BOONE
	天然物生成合成研究ユニット	高橋	○	○		○	Natural Product Biosynthesis RU	TAKAHASHI
	化合物リソース開発研究ユニット	長田	○	○		○	Chemical Resource Development RU	OSADA
	生理活性物質探索研究ユニット	渡邊	○	○		○	Bio-Active Compounds Discovery RU	WATANABE
	触媒化学	先進機能触媒研究グループ	侯	○	●	◎		Advanced Catalysis RG
触媒-融合研究グループ		袖岡	●	○	○		Catalysis and Integrated RG	SODEOKA
先進機能元素化学研究チーム		内山	○	○	○		Advanced Elements Chemistry RT	UCHIYAMA
グリーンナノ触媒研究チーム		魚住	○		○		Green Nanocatalysis RT	UOZUMI
生体機能触媒研究チーム		中村	○		○		Biofunctional Catalyst RT	NAKAMURA
バイオマス	バイオマス工学研究部門	松井					Biomass Engineering Research Division	MATSUI
	合成ゲノミクス研究グループ	松井					Synthetic Genomics RG	MATSUI
	セルロース生産研究チーム	持田					Cellulose Production RT	MOCHIDA
	酵素研究チーム	沼田					Enzyme RT	NUMATA
	バイオプラスチック研究チーム	阿部					Bioplastic RT	ABE
	細胞生産研究チーム	近藤					Cell Factory RT	KONDO
	バイオマス研究基盤チーム	篠崎					Biomass Research Platform T	SHINOZAKI
創薬基盤	創薬-医療技術基盤連携部門	吉田					Drug Discovery Platforms Cooperation	YOSHIDA
	創薬ケミカルバンク基盤ユニット	長田					Chemical Bank Unit for Drug Discovery Platform	OSADA
	創薬シード化合物探索基盤ユニット	吉田					Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform	YOSHIDA
	技術基盤	技術基盤部門	長田					Technology Platform Division
分子構造解析ユニット		越野					Molecular Structure Characterization U	KOSHINO
生命分子解析ユニット		堂前					Biomolecular Characterization U	DOHMAE
質量分析-顕微鏡解析ユニット		斉藤					Mass Spectrometry and Microscopy U	SAITO
国際連携	理研-マックスプランク連携研究部門	長田					RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology	OSADA
	バイオプローブ研究グループ	長田					Bioprobe RG	OSADA
	バイオプローブ応用研究ユニット	渡邊					Bioprobe Application RU	WATANABE
	理研-KRIBB連携研究ユニット	高橋					RIKEN-KRIBB Joint RU	TAKAHASHI

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

Core Research

Plant Science

Chemical Biology

Catalytic Chemistry

Biomass

Drug Discovery

Technology Platform

Interdisciplinary collaborations



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

生物機能の多様性と化学的多様性の理解と活用のために、理研の強い研究分野である植物科学、ケミカルバイオロジー、触媒化学の3つの分野が結集し発足。分子レベルで反応や現象を捉える化学と、生命全体での情報の流れを捉える生物学といった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。

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

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**

Integrating the strong points;
Interdisciplinary Projects

コア研究となる植物科学、ケミカルバイオロジー、触媒化学の3分野にまたがる4つのプロジェクト「炭素」「窒素」「金属元素」「研究基盤」を推進。持続的な社会の実現に向けて、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す。

CSRS has promoted four unique interdisciplinary projects across the core CSRS scientific fields; Carbon, Nitrogen, Metallic Elements and Research Platforms. 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.

橋渡し研究による産業連携・国際連携

Knowledge and Technology transfer;
Translational Research

専門分野における卓越したコア研究と、分野横断型の融合プロジェクト研究で得られた知見を、産業界との連携を通して社会へ還元するため、事業開発室や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た企業のニーズとセンターのシーズのマッチングを積極的に行い、連携研究体制を構築することにより、科学技術イノベーションの実現に貢献。

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、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。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。

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

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

○:プロジェクトリーダー / Project Leader ●:副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader
○:参画研究室 / Participating Labs RG:Research Group RT:Research Team RU:Research Unit U:Unit

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



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

Creation of useful materials from carbon and oxygen in the atmosphere

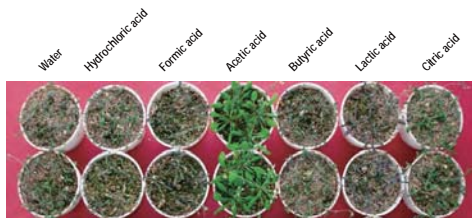


Fig1. Acetic acid enhances plant drought tolerance

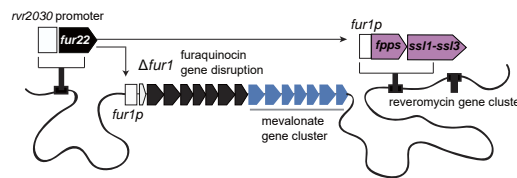


Fig2. Terpenoid-production platform

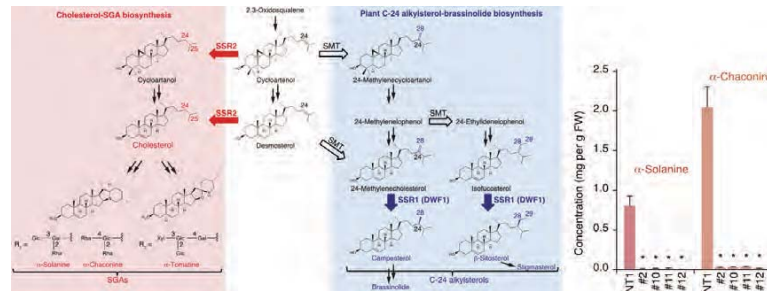


Fig3. Biosynthesis of potato alkaloids
SSR2 gene responsible for biosynthesis of toxic alkaloids was identified and engineered by genome editing technology.

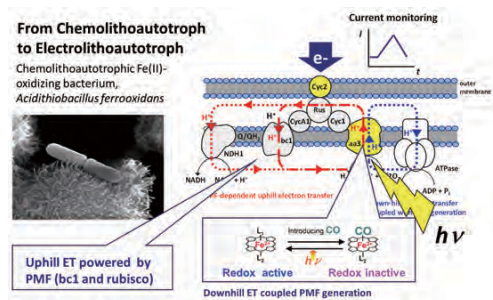


Fig4. Bioenergetic membrane for electrolithoautotrophs

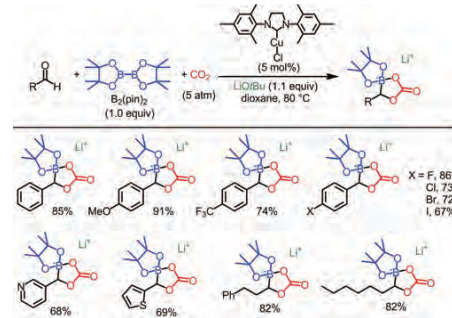


Fig5. Copper-catalyzed one-pot coupling of CO₂, B₂(pin)₂ and aldehydes

概要

- 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。
- 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。
- 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を行う。
- 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を行う。

Outline

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

2017年度の研究成果

- 酢酸処理によりJAシグナル経路が活性化されて乾燥耐性が獲得される新規な乾燥耐性機構を明らかにした。(Fig1)
- セリン合成酵素3-ホスホグリセリン酸デヒドロゲナーゼがある種のアミノ酸により活性化されることを明らかにした。
- ペチュニアにおいて花粉特異的なフラボノール生成の最終段階に関与する新規フラボノール配糖化酵素UGT79B31を同定した。
- *Streptomyces reveromyceticus* SN-593を用いたテルペノイド生産プラットフォームの構築に成功した。(Fig2)
- ヘテロ原子を含むα-オレフィンとエチレンとの共重合を任意の混合比で実現し、さまざまなヘテロ原子を含む機能性ポリオレフィンの創製に成功した。

Research Results in FY2017

- We found that acetate enhances the plant drought tolerance by activation of JA signalling pathway. (Fig1)
- We found that a serine biosynthetic enzyme 3-phosphodehydrogenase is activated by some amino acids.
- We identified a novel UGT79B31, flavonol 3- O-glycoside: 2"-O-glucosyltransferase, as an enzyme responsible for the terminal modification of pollen-specific flavonols in *Petunia hybrida*.
- We developed a terpenoid-production platform in *Streptomyces reveromyceticus* SN-593. (Fig2)
- We have achieved the efficient copolymerization of heteroatom-containing α-olefins with ethylene by using a scandium catalyst.

第3期中長期計画における主な研究成果

- ジャガイモの有毒アルカロイド生成に関わる鍵遺伝子を同定し、エンジニアリングに成功した。(Fig3)
- 葉緑体局在のビタミンC輸送体AtPHT4;4をはじめ同定し、光ストレス耐性に関わることを示した。
- ポリケチド化合物の生成に関わる新しいカルボキシル化酵素を発見した。
- 電気エネルギーを利用して生育可能な微生物とその代謝経路を特定した。(Fig4)
- 銅触媒を用いることにより、CO₂、ホウ素化合物、アルデヒド類、リチウムアルコールから、新奇なリチウムホウ素化合物の選択的合成に成功した。(Fig5)

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- Genes encoding enzymes for the biosynthesis of the toxic alkaloids in potato were identified and applied to metabolic engineering. (Fig3)
- AtPHT4;4 is a chloroplast-localized ascorbate transporter and functions in light stress tolerance.
- We discovered a new carboxylase involved in polyketide biosynthesis.
- We identified the electrolithoautotroph and its metabolic pathway for electricity harvesting. (Fig4)
- We have achieved for the first time the synthesis of novel lithium borate ion-pair compounds by copper-catalyzed one-pot multi-component coupling of carbon dioxide, diboron, aldehydes, and lithium tert-butoxide. (Fig5)

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



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

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



Fig1. Field trial of drought resistant rice production

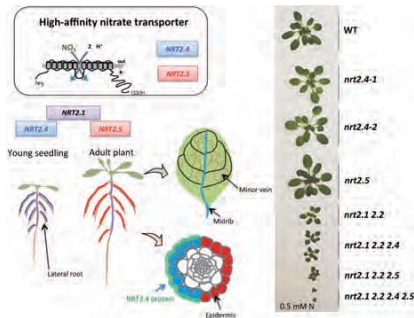


Fig3. Mechanism of efficient nitrate uptake under N-limited conditions

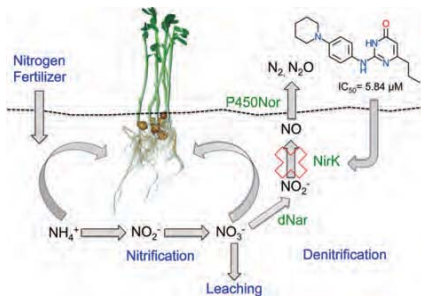


Fig5. Discovery of Fungal Denitrification Inhibitors by Targeting Copper Nitrite Reductase from *Fusarium oxysporum*

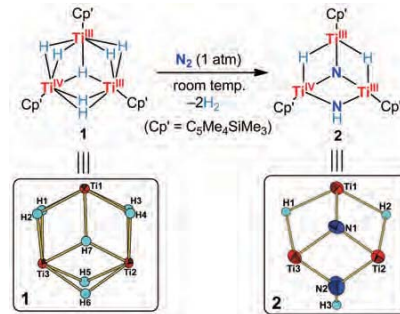


Fig2. Dinitrogen cleavage and hydrogenation by a trinuclear titanium polyhydride

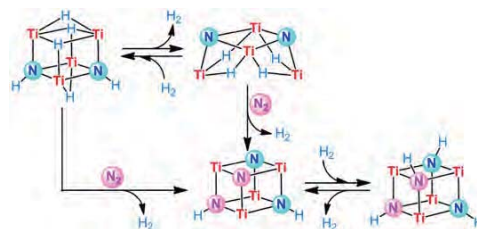


Fig4. Dinitrogen activation at a molecular multimetallic titanium nitride/hydride cluster

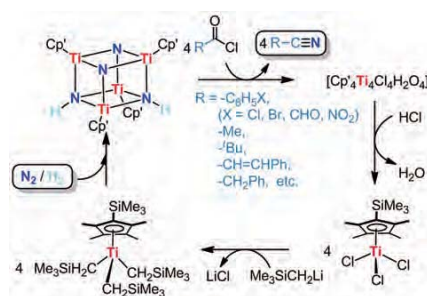


Fig6. Titanium-mediated synthesis of nitriles from N_2 and acid chlorides

概要

- 省資源・省エネルギーな方法で窒素固定、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。
- 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する。
- 探索した遺伝子や生理活性物質を制御し、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。
- 脱窒阻害剤および亜酸化窒素の放出を抑制する技術を開発する。

2017年度の研究成果

- 道管を介したトランスゼアチンとその前駆体の輸送は、シュートの成長形質に異なる役割を持つことを明らかにした。
- シロイヌナズナガラクトノール合成酵素を使って干ばつに強いイネを作り、乾燥圃場での実証栽培に成功した。(Fig1)
- 7つの化合物ライブラリーに所蔵される約13,000個について化合物の標的機能の注釈付け(アノテーション)を行った。
- チタンヒドライド化合物を用いて、温和な条件下でピリジンやキノリンから窒素を除去することに成功した。
- 根粒形成における転写制御機構を明らかにした。

第3期中長期計画における主な研究成果

- 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。(Fig2)
- 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。(Fig3)
- 多核チタンヒドライド/ニトリド錯体を用い、窒素分子の活性化機構を解析した。(Fig4)
- インシリコスクリーニングを用いて世界初の細菌の脱窒酵素(NirK)阻害剤を取得した。(Fig5)
- 窒素分子から直接ニトリルを合成→アンモニアを用いない省資源・省エネ型合成法を開発した。(Fig6)

Outline

- Aiming to develop novel catalysts that enable nitrogen fixation and ammonia synthesis using low levels of resources and energy under relatively mild conditions.
- Searching for genes and biologically active substances that allow growth even in environments with low nutrients such as lower nitrogen and phosphorus.
- Developing crops with high productivity under small amounts of fertilizer by controlling those genes and biologically active substances.
- Developing denitrification inhibitors and technology to reduce nitrous oxide (N₂O) emission.

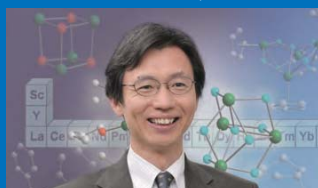
Research Results in FY2017

- We found that systemic transport of *trans*-zeatin and its precursor have differing roles in shoot growth traits.
- We developed *AtGOL/S2* overexpressed rice that show resistance to drought stress and increased grain yield in real-world situations. (Fig1)
- We screened seven different compound libraries containing ~13,000 compounds and annotated their functional diversity.
- We have achieved the hydrodenitrogenation (HDN) of pyridines and quinolines under mild conditions by using a titanium hydride compound.
- We identified transcriptional machinery in nodule development.

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- We achieved dinitrogen cleavage and hydrogenation at ambient temperature and pressure by using a multimetallic titanium hydride complex. (Fig2)
- We identified NRT2.4 and NRT2.5 as key nitrate transporters under N-limited conditions. (Fig3)
- We elucidated dinitrogen cleavage and hydrogenation mechanism at a molecular multimetallic titanium nitride/hydride cluster. (Fig4)
- We identified novel bacterial NirK inhibitors by *in silico* screening. (Fig5)
- We developed a novel method directly converting dinitrogen to nitriles. (Fig6)

プロジェクトリーダー / Project Leader



侯 召民 工学博士
Zhaomin HOU D.Eng.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



榊原 均 博士(農学)
Hitoshi SAKAKIBARA D.Agr.

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

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

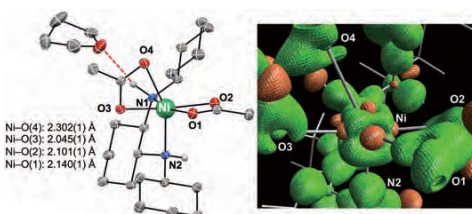


Fig1. Chiral Ni catalyst for asymmetric [3+2] cycloaddition

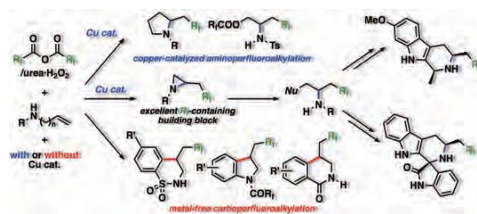


Fig2. Divergent synthetic strategy to obtain perfluoroalkylated N-containing molecules

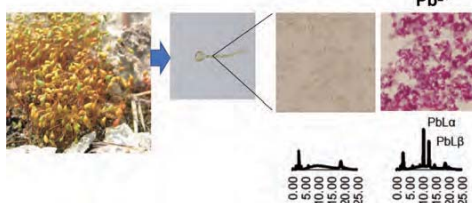


Fig3. Potential use of the moss *Funaria hygrometrica* protonemal cells as a Pb adsorbent

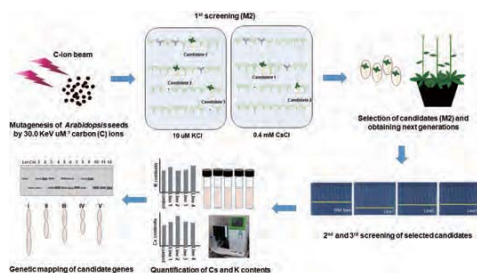


Fig4. Schematic representation of screening for K^+ deficient tolerance and Cs^+ tolerance-related genes using ion beam mutagenized Arabidopsis plants

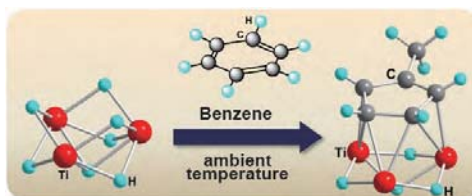


Fig5. Carbon-carbon cleavage and rearrangement of benzene by a trinuclear titanium hydride

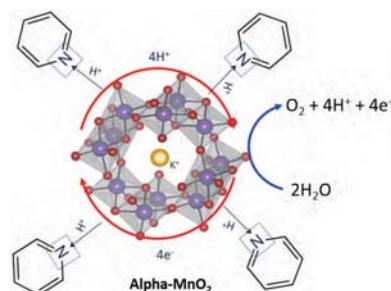


Fig6. Water splitting by $\alpha\text{-MnO}_2$ at neutral pH

概要

- 希土類や遷移金属元素などを用いた錯体触媒のさらなる高機能化や使用量の低減を目指す。
- 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を開発する。
- 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有用金属を回収・再利用する技術の実用化を目指す。

2017年度の研究成果

- 中心金属不斉を有するニッケル(II)錯体を創製し、触媒的不斉[3+2]環化付加型反応を開発した。(Fig1)
- ペルフルオロアルキル基を有する多様な含窒素複素環化合物の合成手法を開発した。(Fig2)
- 不斉ランタン触媒を用いてシクロプロペンとアミノアルケンを反応させることにより、双環性のアミノシクロプロパンの不斉合成に成功した。
- ヒョウタンゴケの細胞壁が鉛吸着材として利用できることを示した。(Fig3)
- カリウム欠乏耐性に寄与するスサビノリ遺伝子を特定した。

第3期中長期計画における主な研究成果

- 銅触媒による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。
- ヒョウタンゴケの細胞壁が鉛吸着材として利用できることを示した。(Fig3)
- 植物のセシウム耐性を向上または蓄積量を増加させる化学物質を見出した。(Fig4)
- 多核チタンヒドライド錯体を用いて、ベンゼン環の切断と再配列を常温・常圧で達成した。(Fig5)
- 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。
- プロトン共役電子移動の制御により中性で駆動するマンガン系水分解触媒を開発した。(Fig6)

Outline

- Aiming to boost the functionality of special metals and reduce the amount of metal catalysts needed.
- Developing novel highly active and selective catalysts by using readily available and inexpensive metals.
- Promoting technology transfers to recover and reuse useful metal resources efficiently without burdening the environment, by using plants and microorganisms.

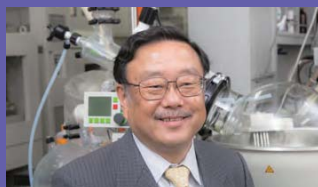
Research Results in FY2017

- We developed a catalytic asymmetric [3+2] cycloaddition using the centrochiral Ni(II) complex. (Fig1)
- We developed a synthetic method for a diverse array of perfluoroalkyl group-containing N-heterocycles. (Fig2)
- We achieved the diastereodivergent asymmetric carbamination/annulation of cyclopropenes with aminoalkenes by using chiral lanthanum catalysts.
- We demonstrated potential use of the moss *Funaria hygrometrica* as a Pb adsorbent. (Fig3)
- We identified several seaweed (*Pyropia yezoensis*) genes which play roles in enhancing potassium deficiency tolerance.

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- We developed a catalytic amino-trifluoromethylation of alkenes.
- We demonstrated potential use of the moss *Funaria hygrometrica* as a Pb adsorbent. (Fig3)
- We found chemicals which enhance cesium tolerance and/or accumulation in plants. (Fig4)
- We achieved the carbon-carbon-cleavage and rearrangement of benzene at ambient temperature and pressure by using a multimetallic titanium hydride cluster. (Fig5)
- We developed a novel polymer-supported iron nanoparticle catalyst for the instantaneous hydrogenation within one minute.
- We developed the water splitting catalyst working at neutral pH based on the regulation of proton-coupled electron transfer mechanisms. (Fig6)

プロジェクトリーダー / Project Leader



長田 裕之 農学博士
Hiroaki OSADA D.Agr.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leader



斉藤 和季 薬学博士
Kazuki SAITO Ph.D.



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

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

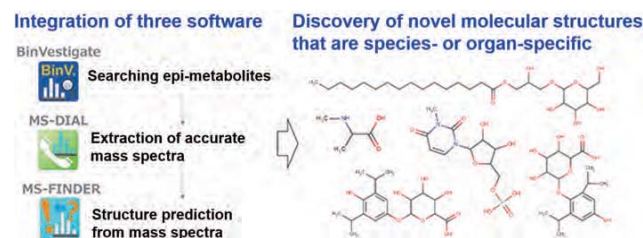


Fig1. Novel metabolite discoveries by integrating cheminformatics methods

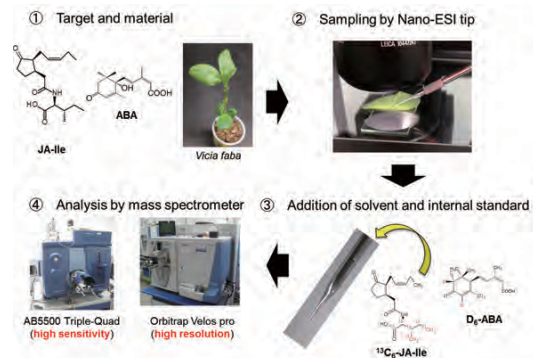


Fig2. Quantification of plant hormones from single cells

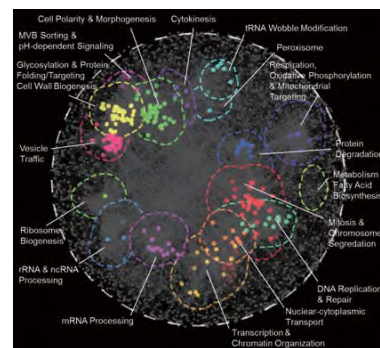


Fig3. Functional signatures of the RIKEN NPDepo compound collection

概要

- 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。
- 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。
- 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を目指す。
- 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。

2017年度の研究成果

- 未知構造の代謝物を質量スペクトルから予測するソフトウェアシステムを開発した。(Fig1)
- 一細胞質量分析に関する共同研究を促進した。(Fig2)
- 酵母ケミカルゲノミクスツールを開発し、理研の天然化合物バンク(NPDepo)に所蔵される化合物の標的機能を大規模に解析した。(Fig3)
- 光学顕微鏡と高分解能走査電子顕微鏡で捉える光電子相関顕微鏡システムを改良するとともに、各試料に対応した試料調製法を開発した。(Fig4)
- プロテオーム基盤を駆使して、髄膜炎糖転移酵素がラムノースをタンパク質に転移する仕組みを明らかにした。

第3期中長期計画における主な研究成果

- 未知構造の代謝物を質量スペクトルから予測するソフトウェアシステムを開発した。(Fig1)
- 一細胞から植物ホルモンとして知られるアブシジン酸、ジャスモンイルイソロイジンのストレス応答的な蓄積を検出するシステムを構築した。(Fig2)
- 大規模に化合物の標的機能を決定する酵母ケミカルゲノミクスツールを開発した。(Fig3)
- 蛍光標識した細胞小器官を高分解能走査電子顕微鏡で捉える光電子相関顕微鏡法を開発し、メーカーと製品"MirrorCLEM"を上市した。(Fig4)
- 含硫黄代謝産物を網羅的に解析する「S-オミクス」を開発し、アスパラガスから血圧降下作用が期待できる新規含硫黄代謝産物を発見した。

Outline

- Building an "integrated metabolomics platform" combining organically the Metabolomics Analysis Platform for research the metabolic products of organisms in an integrated manner and the Chemical Bank, a collection of natural compounds from microorganisms.
- Developing a platform that can evaluate the activity of physiologically active substances and also can search for substances with useful functions such as enhanced photosynthesis and nitrogen fixation, suppression of denitrification, and metal recovery.
- Developing an artificial biosynthesis system platform using plants and microorganisms.
- Providing compounds to research institutes and industry, both domestic and overseas.

Research Results in FY2017

- We developed software that can predict metabolites of unknown structure from their spectra. (Fig1)
- We promoted collaborations on single cell mass-spectrometry analysis. (Fig2)
- We developed a novel yeast chemical genomics platform, and annotated the functional diversity of a large number of compounds collected in the RIKEN NPDepo library. (Fig3)
- We improved correlative light and electron microscopy (CLEM) using light microscope and FE-SEM, and developed the applications for sample preparation. (Fig4)
- We used the advanced proteomic platform in RIKEN and revealed that the structural basis of protein arginine rhamnosylation by *N. meningitidis* glycosyltransferase EarP.

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- We developed software that can predict metabolites of unknown structure from their spectra. (Fig1)
- We established a system to detect stress-inducible accumulation of plant hormones abscisic acid and jasmonoyl-isoleucine from single cells. (Fig2)
- We developed a yeast chemical genomics platform to globally determine compound functionality. (Fig3)
- Development of correlative light and electron microscopy for fluorescence-labeled organelles using FE-SEM and launched a product "MirrorCLEM". (Fig4)
- We developed "S-Omics" strategy for comprehensive analysis of sulfur-containing metabolites, leading to a discovery of a novel metabolite from asparagus with a possible hypotensive function.



Fig4. MirrorCLEM system: FE-SEM equipped with a light microscope

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

Turning carbon dioxide into resources and contribution to social wisdom

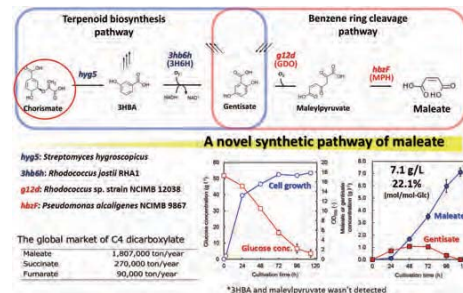


Fig1. A novel maleate biosynthesis from chorismate, and bioproduction with a recombinant *Escherichia coli*

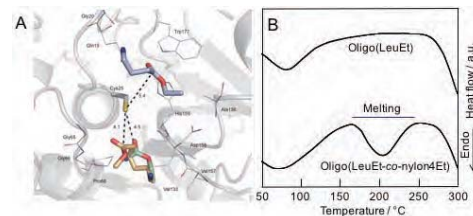


Fig2. Chemoenzymatic polymerization by papain produced the copolymer of L-leucine and nylon monomers.
(A) Molecular docking simulations between nylon monomers and papain
(B) The copolymers showed melting behavior at around 200°C.

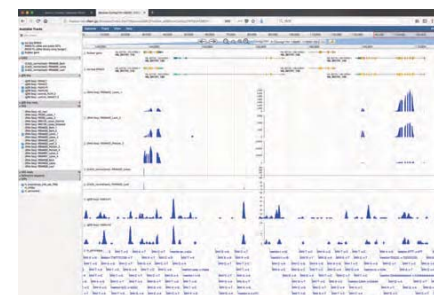


Fig3. Syntheses of heat-resistant polyesters with anthraquinone backbone structure

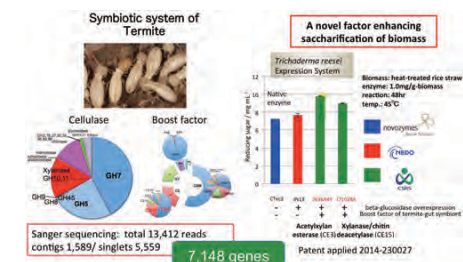


Fig5. Obtained genetic resources for biomass utilization from termite symbiotic system

Fig4. Genome Browser for Pará-rubber Tree

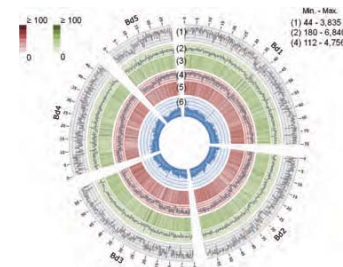


Fig6. Genome sequencing of polyploid *Brachypodium* and its ancestral parental species

概要

- 主に植物が生産するバイオマスの増産や利活用の技術開発、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し、その生産プロセスの革新等を目指す。
- 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」の実現に貢献する。

2017年度の研究成果

- 合成生物学を用いた新規代謝経路の構築により、マレイン酸を大腸菌で生産することに成功した。(Fig1)
- 化学酵素重合を拡張することで、ナイロンや人工アミノ酸を含むポリペプチドを合成することに成功した。(Fig2)
- アントラキノン骨格を有する新規耐熱性ポリエステル素材を創出した。(Fig3)
- パラゴムノキのゲノムブラウザと発現解析のためのウェブサイトを公開した。(Fig4)
- シロアリ腸内から新種の乳酸菌 *Lactococcus reticulitermitis* を分離した。
- 作物病害である紋枯病に対し、植物が植物ホルモンの一つであるサリチル酸を介した免疫機構によって抵抗性を発揮する能力を持つことを明らかにした。

第3期中長期計画における主な研究成果

- 人工代謝経路を創製するための代謝設計ツールおよび有用化合物生産大腸菌のプラットフォームを確立した。
- バイオマス資源から、生化学的な合成手法と高分子科学に基づく分子設計により、多様な物性を有する高分子素材を創出することに成功した。
- 植物資源由来の脂肪酸・芳香族化合物群から、各種新規耐熱性ポリマー素材の創出に成功した。
- 天然ゴムのドラフトゲノムを解読した。
- シロアリ共生系より7148遺伝子にのぼる高機能木質分解系関連酵素遺伝子を取得し、その応用を目指した研究を推進した。(Fig5)
- 異質倍数体草本植物のゲノム解析により、祖先種ゲノム特異的な高温ストレス応答を明らかにするとともに、それが雑種の環境ストレス適応性に関連することを示唆した。(Fig6)

Outline

- Developing technologies that integrate the increased production of biomass from plants and its utilization.
- Contributing to achieving a shift from a consumption society which requires the use of fossil resources to a sustainable society using recyclable plant biomass.

Research Results in FY2017

- We succeeded in producing maleic acid with *Escherichia coli* constructed a novel metabolic pathway using synthetic biology. (Fig1)
- Developed chemoenzymatic polymerization to synthesize polypeptides containing nylon and artificial amino acids. (Fig2)
- We synthesized the novel heat-resistant polyesters with anthraquinone backbone structure. (Fig3)
- We released a web site for Pará-rubber tree genome and transcriptome browser. (Fig4)
- We isolated and characterized a novel species of the genus *Lactococcus* from the gut of termite.
- We found that salicylic acid-dependent immunity contributes to resistance against *Rhizoctonia solani*, a necrotrophic fungal agent of sheath blight, in rice and *Brachypodium distachyon*.

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

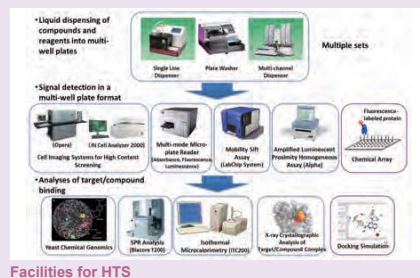
- We constructed in silico tools for creating artificial metabolic pathways and *Escherichia coli* platforms for producing valuable chemical compounds.
- We developed various biopolymers with novel functions and physical properties by biochemical conversion from biomass resources.
- We succeeded in syntheses of several novel heat-resistant polymers from biomass aliphatic and aromatic chemicals.
- We determined of draft genome sequence of rubber tree.
- We obtained number of genetic resources (7148 genes) for biomass utilization from termite symbiotic system and toward to application study for industrial usage. (Fig5)
- Through genome analyses of an allopolyploid grass and its ancestors, we revealed homoeolog specific transcriptional responses to heat stress conditions in the hybrid species suggesting its stress acclimation. (Fig6)

D 創薬・医療技術基盤連携部門

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や機器システムをプラットフォームとして提供し、アカデミア創薬への貢献を目指す。

第3期中長期計画における主な研究成果

- ハイスループットスクリーニング (HTS) 用に20,000化合物のNPDepoライブラリーと9,280化合物のDMPライブラリーを提供し、また、ヒット化合物の再提供により生物活性の再評価を支援した。
- 新しい蛍光基質によるヒストンメチル化酵素活性のHTS評価系、スプリットシフェラーゼを最適化したタンパク質間相互作用のHTS評価系など、新しい評価方法を開発した。
- 理研 創薬・医療技術基盤プログラム (DMP) および国立研究開発法人日本医療研究開発機構「次世代がん医療創生研究事業 (P-CREATE)」において、HTSを実施し、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。
- 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HTSによって新しい抗がん剤開発候補品の開発に貢献した。



Facilities for HTS

T 技術基盤部門

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

第3期中長期計画における主な研究成果

- 1粒のシロイヌナズナ種子のような極微量試料のメタボローム解析方法を開発した。
- 蛍光標識した細胞小器官を高分解能走査電子顕微鏡で捉える光・電子相関顕微鏡法を開発し、メーカーと製品 "MirrorCLEM" を上市した。
- 卓上型NMRの高性能化 (強磁場化に関する) シミュレーションによる評価を行い、実現の方向性を示した。
- プロテオーム基盤を駆使して、髄膜炎糖転移酵素がラムノースをタンパク質に転移する仕組みを明らかにした。



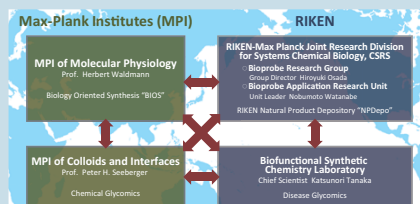
Advanced instruments for supporting researchers

R 理研-マックスプランク連携研究部門

理研とマックスプランク研究所のシステムズケミカルバイオロジーに携わる研究者間の交流促進、ならびに研究資源や情報、技術の有効活用を図り、ケミカルバイオロジー研究の進展を目指す。

第3期中長期計画における主な研究成果

- オートファジー阻害物質の探索によりミトコンドリアの呼吸鎖複合体Iを阻害する事でオートファジーを阻害する物質を見出した。
- 細胞内に活性酸素種 (ROS) を誘導する新しい小分子化合物を見出し、その作用機構を明らかにした。
- プリン骨格を有するMTH1阻害剤群の構造活性相関研究を行い高い阻害活性を有する分子を得た。
- 微生物のフラクションライブラリー探索からPIK1のポリボックスドメイン依存結合阻害活性を有する新規物質を見出した。
- ケモプロテオーム系を利用してオートファジー阻害物質 autophinib の分子標的を解析し、脂質リン酸化酵素VPS34を標的とすることを見出した。



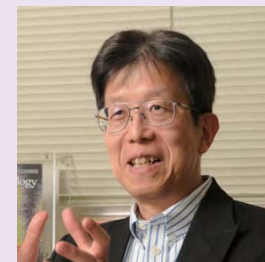
Collaboration between RIKEN and Max-Planck Institutes

D Drug Discovery Platforms Cooperation Division

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.

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- We provided chemical libraries consisting of 20,000 NPDepo compounds and 9,280 DMP compounds for high throughput screening (HTS), and supported re-evaluation of biological activities by providing hit compounds.
- We developed novel assay methods for HTS, such as histone methyltransferases by creating novel fluorescent substrates and protein-protein interaction by optimizing a split luciferase system.
- We conducted HTS in the RIKEN program for the Drug Discovery and Medical Technology Platforms (DMP) and the Japan Agency for Medical Research and Development (AMED) Project for Cancer Research and Therapeutic Evolution (P-CREATE), and identified many hit compounds that might have direct activities.
- We contributed to the development of a preclinical candidate for cancer therapy by performing HTS for compounds that rescue growth inhibition caused by overexpression of human genes in yeast.



部門長 / Division Director

吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.

T Technology Platform Division

Providing a research platform for CSRS activities and also aiming to develop the platform through industrial collaboration and development of new technologies.

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- A novel method for single-grain-based metabolic profiling of Arabidopsis seed was established.
- Development of correlative light and electron microscopy for fluorescence-labeled organelles using FE-SEM and launched a product "MirrorCLEM".
- Evaluation by simulation for high performance desktop type NMR was carried out and the direction of realization was shown.
- We used the advanced proteomic platform in RIKEN and revealed that the structural basis of protein arginine rhamnosylation by *N. meningitidis* glycosyltransferase EarP.



部門長 / Division Director

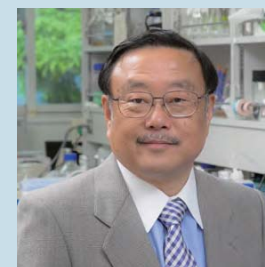
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.

R RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology

Exchanges of researchers and their resources between Max Planck Institutes (Groups of Prof. Herbert Waldmann and Prof. Peter Seeberger) and RIKEN promote more effective use of research resources as well as information and technology in the field of systems chemical biology

Research Results in the 3rd mid- to long-term plan

- Screening for autophagy inhibitors identified a new autophagy inhibitor that inhibits mitochondrial respiration by targeting complex I.
- Novel small molecules that induce ROS (Reactive oxygen species) in cells were identified and the mechanism of action of them were revealed.
- The structure activity relationship of novel purine-based MTH1 inhibitors provided insights for the development of highly potent MTH1 inhibitors.
- A novel compound with an inhibitory activity on PBD (Polo Box Domain) dependent binding was identified.
- We found that a novel autophagy inhibitor, autophinib targets the lipid kinase VPS34 through the analyses of chemoprotease system.



部門長 / Division Director

長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.



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



Isukuba



Wako

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します

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

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 N
- 環境ストレス耐性、水利用率の向上に関する分子育種への展開とコムギ、イネ、ダイズなどの作物への応用 N
- 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 C
- 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 P
- 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 C
- 植物ケミカルバイオロジーによる光合成シンク・ソース活性促進技術の開発研究 C

研究成果

- シロイヌナズナガラクトノール合成酵素を使って干ばつに強いイネを作り、乾燥圃場での実証栽培に成功した。
- 光合成反応を担う光化学系II複合体の分子集合に関与する新しい因子を発見した。
- シロイヌナズナの細胞体結合型転写因子、bZIP17とbZIP28が正常な根の伸長に必須であることを明らかにした。



AtGoS2 overexpressed rice showed drought stress resistance and increased grain yield in dry field.

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

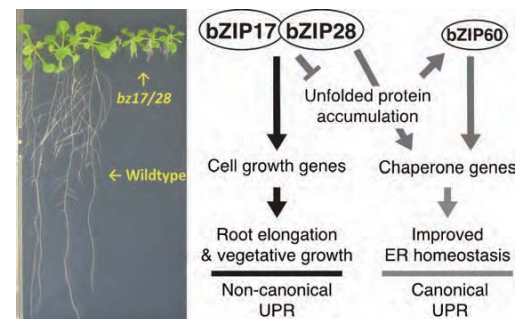
Our group is discovering plant genes of which functions are linked to quantitative improvements in plant growth and those with new functions for minimizing the effects of the environmental stresses to achieve maximum productivity. Based on the genomic analysis including transcriptomics and metabolomics,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

Research Subjects

- Discovery of genes, signaling molecules, transporters and metabolites involved in dehydration stress and ABA responses N
- Improvement of drought stress tolerance and water use efficiency of crops by international collaboration N
- Analysis of chloroplast functions in photosynthesis under stress conditions and discovery of regulatory factors in C4 photosynthesis C
- Development of systematic phenotype analysis platform (phenome analysis) for functional analysis of mutated genes P
- Comparative genomics and its application to crop improvement C
- Plant chemical biology for promotion of photosynthesis and biomass production C

Research Results

- We developed AtGoS2 overexpressed rice that show resistance to drought stress and increased grain yield in real-world situations.
- We have discovered a new factor involved in the molecular assembly of the photosystem II complex responsible for the photosynthetic reaction.
- Two ER-anchored transcription factors, bZIP17 and bZIP28 are essential to sustain the normal root elongation in Arabidopsis.



主要論文 / Publications

- Selvaraj, M. G. *et al.*
Overexpression of an *Arabidopsis thaliana* galactinol synthase gene improves drought tolerance in transgenic rice and increased grain yield in the field.
Plant Biotechnol J. **15**, 1465-1477 (2017)
- Myouga, F. *et al.*
Stable Accumulation of Photosystem II Requires ONEHELIX PROTEIN1 (OHP1) of the Light Harvesting-Like Family.
Plant Physiol. **176**, 2277-2291 (2018)
- Kim, J.S., Yamaguchi-Shinozaki, K., Shinozaki, K.
ER-anchored transcription factor bZIP17 and bZIP28 regulate root elongation.
Plant Physiol. **176**, 2221-2230 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

- Group Director
Kazuo SHINOZAKI
- Senior Research Scientist
Takeshi NAKANO
Takashi KUROMORI
Keiichi MOCHIDA
- Research Scientist
Miki FUJITA
Fumiyoshi MYOUGA
Fuminori TAKAHASHI
Kaoru URANO
- Postdoctoral Researcher
Ayumi YAMAGAMI
Tomoko MIYAJI
Hikaru SATO
- Special Postdoctoral Researcher
June-Sik KIM
- Technical Staff
Yukiko KAMIDE
Saho MIZUKADO
Eriko SUGIMOTO
Saya KIKUCHI
David GIFFORD
- Student Trainee
Shun TAKENO
Yuichiro TANAKA
Momoko MARUGAMI
Reika TAGUCHI
Nagisa SHIMABUKURO

Defective root growth in the double mutant of bZIP17 and bZIP28 (left)
Current working model for extended unfolded protein response regulation via bZIP17 and bZIP28 (upper)



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



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

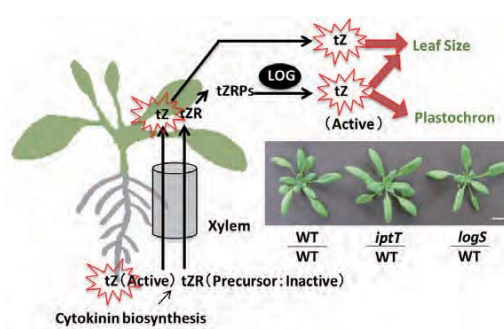
当グループでは、物質生産やエネルギー生産に役立つ植物資源の生産機能に関わる研究開発を行っている。窒素栄養の効率的な利用に関わる遺伝子機能同定や、植物ホルモン研究を基軸にした生産制御、シンク機能、物質輸送システムの解明と、生産性向上への利用技術の研究開発を進めている。またコケ植物の多様性に着目した金属元素耐性・蓄積機能の研究を行う。これらの研究を通じて、窒素、炭素、金属元素の循環的利活用技術の研究開発を行う。

研究テーマ

- 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 N
- サイトカイニ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 N
- 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 M
- 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 C

研究成果

- 窒素栄養欠乏応答を司るGARP-G2タイプの転写因子群を同定した。
- ヒョウタンゴケ原系体の細胞壁成分に優れたPb吸着能力があることを明らかにした。
- 道管を介したトランスゼアチンとその前駆体の輸送は、シュートの成長形質に異なる役割を持つことを明らかにした。



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

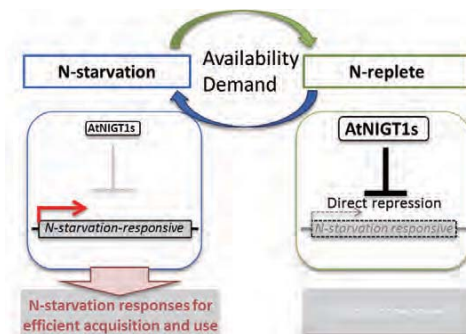
Our group will conduct studies on uptake and signaling of nitrogen, action mechanisms of phytohormones, and mechanisms of metal tolerance and accumulation to aim for development of innovative applied technology for low-input production of plants by saving nitrogen and water, and recovery and recycling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

Research Subjects

- Identification of key genes linking nitrogen nutrition status to growth regulation N
- Functional analysis of key genes regulating plant productivity, especially genes involved in cytokinin metabolisms, and transport N
- 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 M
- Elucidation of molecular basis for C4 photosynthesis and related traits using *Setaria viridis*, a model C4 plant C

Research Results

- We identified a group of GARP-G2 type transcription factors as major regulators of nitrogen nutrient-starvation responses.
- We found that cell wall fraction of *Funaria hygrometrica* protonema has a strong ability of lead (Pb) adsorbent.
- We found that systemic transport of *trans*-zeatin and its precursor have differing roles in shoot growth traits.



主要論文 / Publications

Osugi, A. *et al.*
 Systemic transport of *trans*-zeatin and its precursor have differing roles in shoots of *Arabidopsis*.
Nat. Plants **3**, 17112 (2017)

Itouga, M. *et al.*
 Protonema of the moss *Funaria hygrometrica* can function as a lead (Pb) adsorbent.
PLoS ONE **12**, e0189726 (2017)

Kiba, T. *et al.*
 Repression of nitrogen-starvation responses by *Arabidopsis* GARP-type transcription factor AtNIGT1 subfamily.
Plant Cell **30**, 925-945 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Group Director
 Hitoshi SAKAKIBARA
 Senior Research Scientist
 Misao ITOUGA
 Research Scientist
 Takatoshi KIBA
 Akiko YOSHIDA
 Technical Scientist
 Mikiko KOJIMA
 Postdoctoral Researcher
 Toshihisa NOMURA
 Visiting Researcher
 Angela Maria ARES PITA
 Technical Staff
 Nanae UEDA
 Noriko TAKEDA
 Jun INABA
 Yumiko TAKEBAYASHI

Arabidopsis GARP-G2 type transcription factor AtNIGT1s are major repressors of nitrogen (N)-starvation responses



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

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

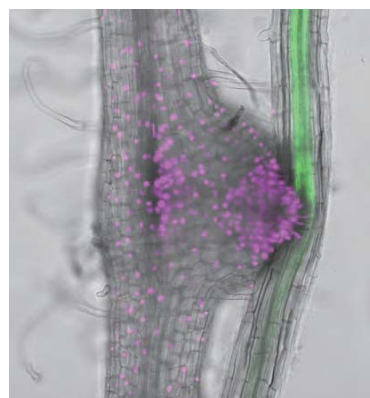
当グループでは主に生化学的手法、遺伝学的手法を用いて、耐病性および病原性に関する遺伝子、タンパク質および低分子化学物質を解析し、免疫システムの分子機構、病原性機構を明らかにする研究を行っている。耐病性シグナル複合体の研究、免疫システムの制御に関するタンパク質の修飾などに注目し、タンパク質レベルでのダイナミックな制御機構を解明する。またモデル植物等を用い耐病性変異体を獲得して、新規耐病性原因遺伝子の特定を進める。総合メタボロミクス研究グループと協力して耐病性に関する低分子化学物質の同定を推進し、作物へ応用するための基盤技術を開発する。

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

研究成果

- 寄生植物が宿主植物に成長ホルモンを注入してその成長をコントロールしていることを明らかにした。
- いちご炭疽病が異なる3種の真菌によって引き起こされていることを明らかにした。
- 宿主のリグニン組成が寄生植物の吸器形成に重要であることを明らかにした。



The parasitic plant *Phtheirospermum japonicum* injects growth hormone into the host *Arabidopsis*

Understanding plant immunity mechanisms and developing sustainable disease resistant crops

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 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 Results

- We found that the parasitic plant *Phtheirospermum japonicum* injects growth hormone into the host *Arabidopsis*.
- We found that three distinct species of *Colletotrichum* fungi cause anthracnose disease in strawberry.
- We found that host lignin composition is important for haustorium organogenesis in parasitic plants.



Anthrachnose causing fungal pathogen, *Colletotrichum* forms appressorium to infect host plants

主要論文 / Publications

Spallek, T. *et al.*
Inter-species hormonal control of host root morphology by parasitic plants.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA **114**, 5283-5288 (2017)

Matsui, H. *et al.*
The GYF domain protein PSIG1 dampens the induction of cell death during plant-pathogen interactions.
PLoS Genetics **13**, e1007037 (2017)

Cui, S. *et al.*
Host lignin composition affects haustorium induction in the parasitic plants *Phtheirospermum japonicum* and *Striga hermonithica*.
New Phytol. **218**, 710-723 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Group Director
Ken SHIRASU

Research Scientist
Yasuhiro KADOTA
Pamela Hui Peng GAN
Anuphon LAOHAVISIT
Nobuaki ISHIHAMA

Special Postdoctoral Researcher
Thomas SPALLEK
Naoyoshi KUMAKURA

Postdoctoral Researcher
Yuji ISHIGAKI
Takanori WAKATAKE
Kazuki SATO
Satoshi OGAWA

Visiting Researcher
Shuta ASAI
Yasunori ICHIHASHI

Technical Staff
Kaori TAKIZAWA
Ryoko HIROYAMA
Noriko MAKI
Arisa SHIBATA
Hugh MULVEY

Student Trainee
Yukihisa GOTO
Ayako TSUSHIMA

Others
Yoko NAGAI
Kanako HORI



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



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

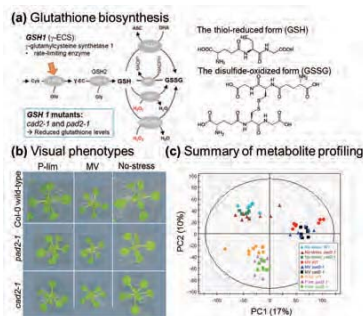
細胞内の全代謝産物(メタボローム)を同定および定量し、ゲノム機能と対応させることがメタボロミクス研究である。植物界の代謝産物の化学的多様性は非常に大きく、20万種にのぼる化学物質があると言われている。植物が生産するこれらの多様な化合物群は、植物自身の生存にとって重要であるばかりでなく、食料、工業原料、エネルギー、医薬品、健康機能成分など我々人間の生存にも欠かせない機能を有する。当グループでは、主に高性能質量分析計を用いた網羅的な非ターゲット代謝物解析とそれに基づいた未知遺伝子機能同定および代謝ネットワーク解明を行っている。植物のもつ多様な物質生産機能の基本原理解明をシロイヌナズナなどのモデル植物を用いて行い、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(二次)植物代謝産物の生合成遺伝子とネットワークの解明 C N
- 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 C N

研究成果

- ペチュニアにおいて花粉特異的なフラボノール生合成の最終段階に関与する新規フラボノール配糖化酵素UGT79B31を同定した。
- システム生物学アプローチによってシロイヌナズナにおける低グルタチオンと緩和な環境ストレス下でのメタボロームおよびトランスクリプトーム変化を明らかにした。
- ミトコンドリアでの脂肪酸生合成における3-ヒドロキシアシル-ACP脱水酵素の役割を明らかにした。



A systems biology approach clarified the metabolomic and transcriptomic perturbation by low glutathione content under mild abiotic stress in *Arabidopsis thaliana* (adopted from Ref. 2).

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

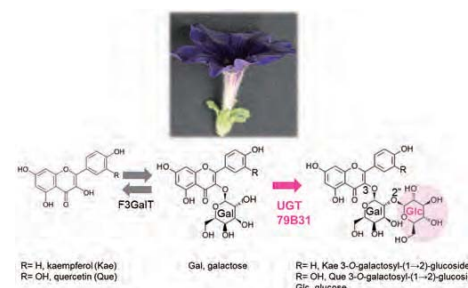
Metabolomics involves in the identification and quantification of all metabolites in a cell, and correlating these to genomic functions. The plant kingdom metabolome is extremely diverse chemically, with estimates indicating as many as 200,000 different types of chemical substances. The various compounds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

Research 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 (secondary) metabolites C N
- Biotechnology and synthetic biology for production of useful compounds C N

Research Results

- We identified a novel UGT79B31, flavonol 3-O-glycoside: 2"-O-glucosyltransferase, as an enzyme responsible for the terminal modification of pollen-specific flavonols in *Petunia hybrida*.
- A systems biology approach clarified the metabolomic and transcriptomic perturbation by low glutathione content under mild abiotic stress in *Arabidopsis thaliana*.
- We characterized the 3-hydroxyacyl-ACP dehydratase component of the plant mitochondrial fatty acid synthase system.



UGT79B31, a flavonol 3-O-galactoside: 2"-O-glucosyltransferase, catalyzes the terminal modification of pollen-specific flavonols in petunia.

主要論文 / Publications

- Knoch, E. *et al.*
 UGT79B31 is responsible for the final modification step of pollen-specific flavonoid biosynthesis in *Petunia hybrida*. *Planta* **247**, 779-790 (2018)
- Fukushima, A. *et al.*
 Effects of combined low glutathione with mild oxidative and low phosphorus stress on the metabolism of *Arabidopsis thaliana*. *Front. Plant Sci.* **8**, 1464 (2017)
- Guan, X. *et al.*
 Discovery and characterization of the 3-hydroxyacyl-ACP dehydratase component of the plant mitochondrial fatty acid synthase system. *Plant Physiol.* **173**, 2010-2028 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

- Group Director
 Kazuki SAITO
- Senior Research Scientist
 Keiko SAKAKIBARA
 Naoyuki UMEMOTO
- Research Scientist
 Yasuhiro HIGASHI
 Ryo NAKABAYASHI
 Jianwei TANG
- Visiting Researcher
 Eva KNOCH
- Technical Staff
 Tomoko NISHIZAWA
 Satoko SUGAWARA
 Kouji TAKANO



チームリーダー / Team Leader
平井 優美 博士(農学)
Masami HIRAI Ph.D.

メタボロミクスによって代謝を理解し、 植物の生産性向上に役立てます

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、植物や微生物の持つ有用物質生産能力を向上させることも目指す。



研究テーマ

- メタボロミクスプラットフォームの構築
- メタボロームデータを用いた代謝の数理モデリング
- アミノ酸生合成制御機構の解明
- 発生と代謝の関係の解明
- シアノバクテリアによる二酸化炭素を資源とする有用物質生産

研究成果

- セリン生合成酵素3-ホスホグリセリン酸デヒドロゲナーゼがある種のアミノ酸により活性化されることを明らかにした。
- 野生種の4倍体シロイヌナズナが、その地理的起源によって異なるユニークな代謝産物プロファイルを示すことを明らかにした。
- ニコチンアミドモノヌクレオチドと関連代謝産物が植物の病害抵抗性を誘導することを明らかにした。

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

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

Research Subjects

- Development of a metabolomics platform
- Mathematical modeling of metabolism using metabolome datasets
- Elucidation of the regulatory mechanism of amino acid biosynthesis
- Exploration of the relationship between development and metabolism
- Useful material production in cyanobacteria using CO₂ as a resource

Research Results

- We found that a serine biosynthetic enzyme 3-phosphoglycerate dehydrogenase (PGDH) is activated by some amino acids.
- We found that wild *Arabidopsis thaliana* autotetraploids display unique metabolic profiles associated with their geographic origin.
- We found that nicotinamide mononucleotide and related metabolites induce disease resistance against fungal phytopathogens.

主要論文 / Publications

Okamura, E., Hirai, M.Y.
Novel regulatory mechanism of serine biosynthesis associated with 3-phosphoglycerate dehydrogenase in *Arabidopsis thaliana*.
Sci. Rep. 7, 3533 (2017)

Vergara, F. et al.
Autopolyploidization, geographic origin, and metabolome evolution in *Arabidopsis thaliana*.
Am. J. Bot. 104, 905-914 (2017)

Miwa, A. et al.
Nicotinamide mononucleotide and related metabolites induce disease resistance against fungal phytopathogens in *Arabidopsis* and barley.
Sci. Rep. 7, 6389 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Masami HIRAI

Research Scientist
Yuji SAWADA

Special Postdoctoral Researcher
Ryosuke SUGIYAMA

Postdoctoral Researcher
Eiji OKAMURA
Yimeng LI
Kai UCHIDA

Visiting Scientist
Takashi OSANAI
Kensuke KAWADE
Kansuporn SRIYUDTHSAK

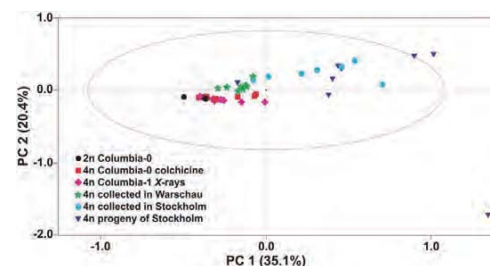
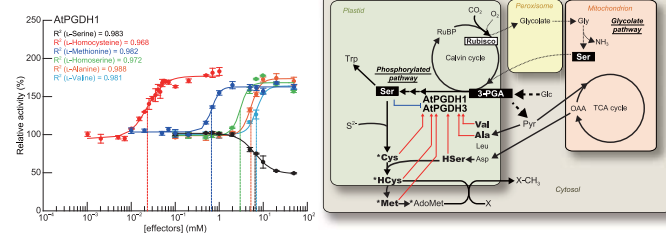
Technical Staff
Ayuko KUWAHARA
Muneo SATO
Hiromichi AKASHI
Mami OKAMOTO

Student Trainee
Surina BOERZHIJN

Others
Akane SAKATA
Junko TAKANOBU

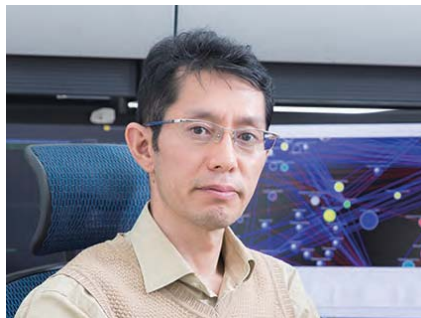
(Left) Dose responses of PGDH activities to effector amino acids

(Right) Schematic of metabolic pathways in *A. thaliana* focusing on the regulation of PGDH



PCA score plot of metabolome data of diploid and autotetraploid *Arabidopsis thaliana*

メタボローム情報研究チーム



チームリーダー / Team Leader
有田 正規 博士(理学)
Masanori ARITA D.Sci.



メタボロミクスを支えるソフトウェアとデータベースを開発します

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

研究テーマ

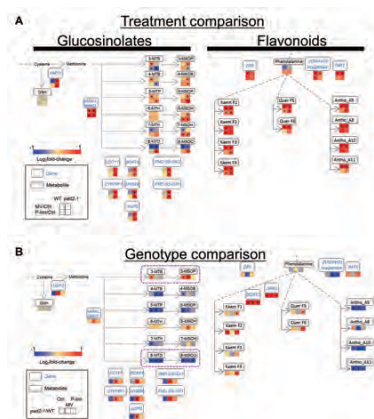
- メタボローム情報解析
- メタボローム解析用のソフトウェア開発
- メタボロームデータベースの統合



研究成果

- シロイヌナズナで、酸化ストレスが短鎖グルコシレートやフラボノイドを増やす機序を解明した。
- 構造が未知の代謝物でも質量スペクトルから予測できるソフトウェアシステムを開発した。
- リビドミクス・メタボロミクス データベースを開発した。

Integrated metabolomic and transcriptomic responses in normal and stressed plants



Metabolome Informatics Research Team

Developing software platforms and databases for metabolomics research

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

Research Subjects

- Analysis and interpretation of metabolomic data
- Software development for metabolome analysis and simulations
- Integration of metabolic databases



Research Results

- We elucidated glucosinolate- and flavonoid induction under oxidative stress in *Arabidopsis*.
- We developed software that can predict metabolites of unknown structure from mass spectra.
- We developed database for lipidomics and metabolomics.

主要論文 / Publications

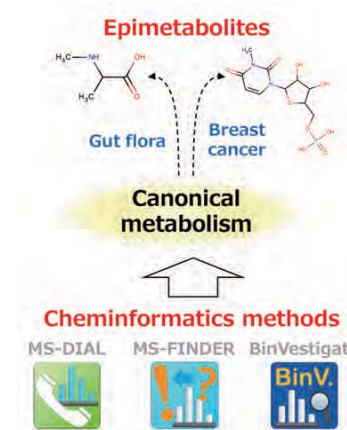
Fukushima, A. *et al.*
Effects of Combined Low Glutathione with Mild Oxidative and Low Phosphorus Stress on the Metabolism of *Arabidopsis thaliana*.
Front. Plant Sci. **8**, 1464 (2017)

Lai, Z. *et al.*
Identifying metabolites by integrating metabolome databases with mass spectrometry cheminformatics.
Nat. Methods **15**, 53-56 (2018)

Tsugawa, H., Ikeda, K., Arita, M.
The importance of bioinformatics for connecting data-driven lipidomics and biological insights.
Biochim. Biophys. Acta **1862**, 762-765 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Masanori ARITA
Research Scientist
Atsushi FUKUSHIMA
Hiroshi TSUGAWA



Novel metabolite discoveries by integrating cheminformatics methods

環境代謝分析研究チーム



チームリーダー / Team Leader
菊地 淳 博士(工学)
Jun KIKUCHI Ph.D.

データ駆動型アプローチにより 環境調和システムの理解と 持続性を探求します

自然環境では、多様な生物種間の摂食および共生関係により化学資源が生産・消費・分解され、物質代謝の恒常性が保たれている。従来の環境分析は特定の物質や生物に焦点を当てた研究が多く、こうした自然の理を俯瞰するアプローチは少ない。当研究室では、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、IoT/ビッグデータ蓄積/AI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の将来予測、特性分類と重要因子抽出、および制御学的アプローチを推進する。

研究テーマ

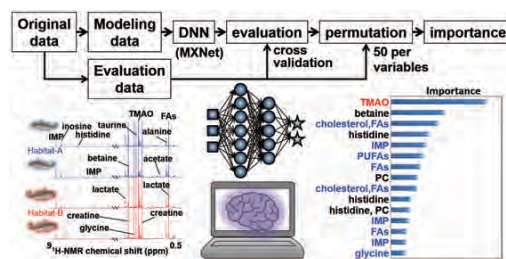
- 生体分子・微生物群複雑系に対する多彩な分光学的解析技術高度化
- 環境分析のデータマイニング開発およびデータベース構築
- 自然の物質循環能に学ぶ水陸バイオマスの持続的活用
- 動物・共生微生物の栄養応答に関するメタボノミクス解析



研究成果

- 天然魚類の産地判別や重要代謝物因子の抽出に有用な深層学習計算法を開発した。
- 魚類、底泥や環境水の統合解析データを可視化するエコインフォマティクス手法を提案した。
- 沖縄三大高級魚スジアラの飼料代謝に関するトランス・オミクス解析を遂行した。

Selection of important metabolic factors and habitat discrimination by NMR big-data from natural fishes based on new deep learning algorithm



Environmental Metabolic Analysis Research Team

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

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).

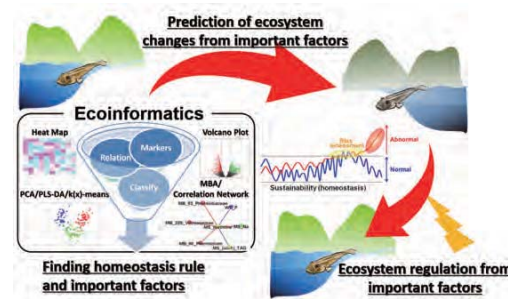
Research Subjects

- 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 Results

- We developed deep neural network algorithm for high-performance of habitat discrimination and selection of important metabolites.
- We proposed ecoinformatics approach visualized for integrated analysis and relationships of natural fishes, sediments and environmental waters.
- Trans-omics approach showed metabolic biorhythm and markers in Leonard coral groupers.



主要論文 / Publications

Date, Y., Kikuchi, J.
Application of a Deep Neural Network to Metabolomics Studies and Its Performance in Determining Important Variables.
Anal. Chem. **90**, 1805-1810 (2018)

Wei, F., Sakata, K., Asakura, T., Date, Y., Kikuchi, J.
Systemic Homeostasis in Metabolome, Ionome and Microbiome of Wild Yellowfin Goby in Estuarine Ecosystem.
Sci. Rep. **8**, 3478 (2018)

Mekuchi, M., Sakata, K., Yamaguchi, T., Koiso, M. Kikuchi, J.
Trans-omics Approaches Represented Used to Characterize Fish Nutritional Biorhythms in Leopard Coral Groupers (*Plectropomus leopardus*).
Sci. Rep. **7**, 9372 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Jun KIKUCHI

Research Scientist
Yasuhiro DATE

Postdoctoral Researcher
Feifei WEI
Kengo ITO
Azusa OITA

Technical Staff
Taiga ASAKURA
Yuuni TSUBOI
Kenji SAKATA
Tomoko MATSUMOTO
Tomoko SHIMIZU

Ecoinformatics approach for finding homeostasis rule and important factors by integrated analytical big-data



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

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

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

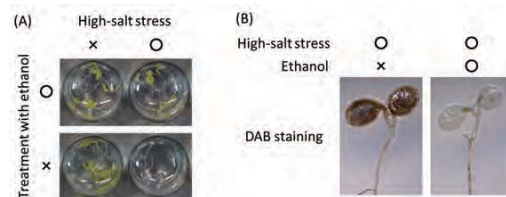
研究テーマ

- 環境ストレス適応に関するエピジェネティクス、RNA、ペプチド制御機構の解析
- 最先端科学技術を用いたキャッサバ分子育種の推進
- 化合物、ペプチド、形質転換技術の活用による有用植物資源(ストレス耐性強化など)の作出



研究成果

- 酢酸処理によりJAシグナル経路が活性化されて乾燥耐性が獲得される新規な乾燥耐性機構を明らかにした。
- エタノールが活性酸素の蓄積を抑制することによって耐塩性を強化することを明らかにした。
- RNA依存性RNAポリメラーゼにより生成されるストレス誘導性の非翻訳型アンチセンスRNAが既知のsmall RNAの生成経路とは異なる新規な経路でRNAを分解し、環境ストレス適応に関与することを見いだした。



Ethanol enhances high-salinity stress tolerance by detoxifying reactive oxygen species.

Ethanol treatment increases salt stress tolerance.

DAB staining analysis shows that ethanol treatment decreases ROS accumulation.

Analyzing plant genomic networks for environmental stress adaptation and improved productivity

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

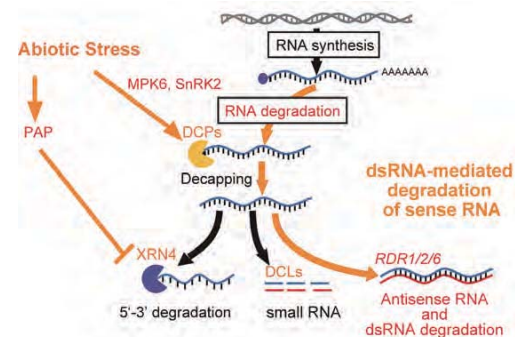
Research Subjects

- Analysis of epigenetic, RNA and peptide regulation mechanisms in environmental stress adaptation
- Advancement of cassava molecular breeding by cutting-edge technologies
- Development of useful plant resources, such as increased stress tolerance by chemical compounds, peptides and transformation technology



Research Results

- We found that acetate enhances the plant drought tolerance by activation of JA signalling pathway.
- We found that ethanol enhances the high-salinity tolerance by detoxification of reactive oxygen species in plants.
- We found that stress-inducible non-coding antisense RNAs generated by RNA-dependent RNA polymerases function in a novel abiotic stress response mechanism different from the known endogenous small RNA pathways.



Schematic model for antisense RNA-mediated degradation of sense mRNAs under abiotic stress

主要論文 / Publications

- Kim, J.M. *et al.*
Acetate-mediated novel survival strategy against drought in plants.
Nat. Plants **3**, 17097 (2017)
- Nguyen, H.M. *et al.*
Ethanol enhances high-salinity stress tolerance by detoxifying reactive oxygen species in *Arabidopsis thaliana* and rice.
Front. Plant Sci. **8**, 1001 (2017)
- Matsui, A. *et al.*
Novel stress-inducible antisense RNAs of protein-coding loci are synthesized by *Arabidopsis* RDRs.
Plant Physiol. **175**, 457-472 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader Motoaki SEKI	International Program Associate Zamab AHMAD
Research Scientist Jong Myong KIM Akihiro MATSUI Kentaro NAKAMINAMI Yoshinori UTSUMI Minoru UEDA Khurram BASHIR	Student Trainee Huong MAI NGUYEN Tomoe NAKAMURA Yuji SUNAOSHI Takahiro ABE Aya SAKAMOTO
Postdoctoral Researcher Kaori SAKO Hiroki TOKUNAGA Chien VAN HA	Others Sultana RASHEED Chieko TORII Kayoko MIZUNASHI Yoshie OKAMOTO Erika MORIYA Akiko TAKASHIBA Megumi MIYAMOTO Minako SUMITA
Technical Staff Junko ISHIDA Maho TANAKA Satoshi TAKAHASHI Chikako UTSUMI Seiko NOMURA Hiroko TSUCHIDA	



チームリーダー / Team Leader
杉本 慶子 Ph.D.
 Keiko SUGIMOTO Ph.D.

植物の成長や再生を制御する シグナルネットワークを解明します

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

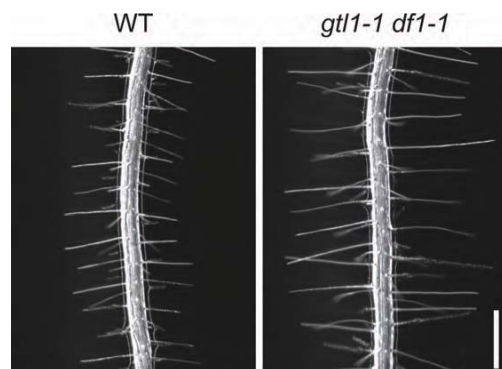
研究テーマ

- 植物の器官成長を司る分子メカニズムの解明
- 植物の細胞リプログラミングを司る分子メカニズムの解明
- 分子組織培養法の確立と作物への応用展開



研究成果

- 転写因子GTL1とDF1が根毛細胞の成長を停止させるしくみを解明した。
- 傷害誘導性のカルス形成にサイトカイニンのシグナル応答が関与することを解明した。
- 植物の再生を司る主要な遺伝子制御ネットワークを解明した。



The *gtl1 df1* double mutants display longer root hairs compared to wild-type (WT) plants.

Bar = 500 μ m

Uncovering the regulatory network underlying plant organ growth and regeneration

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

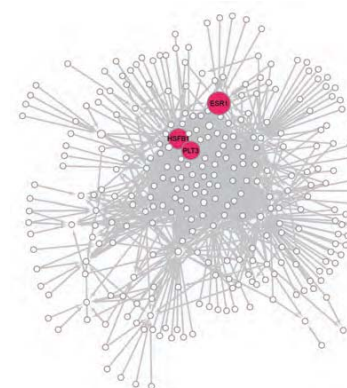
Research Subjects

- Molecular dissection of plant organ growth
- Molecular dissection of cellular reprogramming in plants
- Genetic manipulation of cellular differentiation in crops



Research Results

- We demonstrated how GTL1 and DF1 transcription factors terminate root hair growth.
- We showed an involvement of cytokinin signaling in wound-induced callus formation.
- We uncovered a core gene regulatory network underlying plant cellular reprogramming.



A gene regulatory network underlying plant cellular reprogramming

主要論文 / Publications

Shibata, M. *et al.*
 GTL1 and DF1 regulate root hair growth through transcriptional repression of *ROOT HAIR DEFECTIVE 6-LIKE 4* in *Arabidopsis*.
Development **145**, dev159707 (2018)

Ikeuchi, M. *et al.*
 Wounding triggers callus formation via dynamic hormonal and transcriptional changes in *Arabidopsis*.
Plant Physiol. **175**, 1158-1174 (2017)

Ikeuchi, M. *et al.*
 A gene regulatory network for cellular reprogramming in plant regeneration.
Plant Cell Physiol. **59**, 765-777 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
 Keiko SUGIMOTO
 Research Scientist
 Akira IWASE
 Bart RYMEN

Special Postdoctoral Researcher
 Momoko IKEUCHI

Postdoctoral Researcher
 Michitaro SHIBATA
 David FAVERO

Intern
 Tatsuya TAKAHASHI
 Sander JACOBS
 Duncan COLEMAN

Technical Staff
 Ayako KAWAMURA



チームリーダー / Team Leader
林 誠 博士(理学)
Makoto HAYASHI Ph.D.

植物・微生物間の共生を理解し、
持続的農業の実現を目指します

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

研究テーマ

- 根粒形成における分子遺伝的機構の解明
- 共生的窒素固定における分子的要因の同定
- 穀物における根粒共生の応用



研究成果

- 根粒形成における転写制御機構を明らかにした。
- 共発現ネットワーク解析から重要なハブを同定した。
- 根粒菌の感染に必要な遺伝子を解析した。



Co-expression network of plant and bacterial genes in nodules

Understanding plant-microbe symbiosis in order to establish sustainable agriculture

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

Research Subjects

- Elucidation of molecular genetic mechanisms in nodulation
- Identification of molecular components in symbiotic nitrogen fixation
- Application of root nodule symbiosis to cereals



Research Results

- We identified transcriptional machinery in nodule development.
- We found hubs necessary for nodulation from co-expression network analysis.
- We characterized the gene required for infection of rhizobia.

主要論文 / Publications

Yamaya-Ito, H. *et al.*
Loss-of-function of ASPARTIC PEPTIDASE NODULE-INDUCED 1 (APN1) in *Lotus japonicus* restricts efficient nitrogen-fixing symbiosis with specific *Mesorhizobium loti* strains.
Plant J. **93**, 5-16 (2018)

Shimomura, A. *et al.*
Blue light does not inhibit nodulation in *Sesbania rostrata*.
Plant Signal. Behav. **12**, e1268313 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Makoto HAYASHI

Research Scientist
Tsuneo HAKOYAMA
Akihiro YAMAZAKI

Postdoctoral Researcher
Aya SHIMOMURA

Visiting Scientist
Yoshikazu SHIMODA
Takashi SOYANO

Technical Staff
Atsuko HIROTA
Shoko YAMAZAKI

Student Trainee
Miyu NOGUCHI
Shuhei KUGE
Kousuke ABE

Intern
Anne GREIFENHAGEN



Lotus japonicus wild type (left) and the mutant (right) defective in infection of rhizobia

適応制御研究ユニット



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

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

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。

研究テーマ

- 植物ホルモン輸送体の同定と機能解析
- 種子寿命に関する因子の同定
- 植物の成長制御およびストレス応答に関する代謝物質の同定
- 一細胞からの植物代謝物質質量分析法の確立

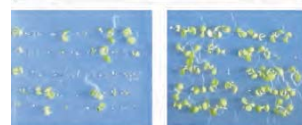
研究成果

- ブラシノステロイドがブライミング処理による寿命低下に関与することを明らかにした。
- ブラシノステロイド生合成阻害剤処理によりブライミング後の種子寿命を改善する技術を発明した。
- シロイヌナズナのモリブデンコファクター硫化酵素ABA3の酸化ストレス応答における新たな機能を発見した。



Controlled deterioration treatment
・High temperature (37°C)
・High humidity (RH 80%)

Test for germination ability



Arabidopsis accessions with
different seed longevity

Sensitive accession
(Shorter longevity)

Resistant accession
(Longer longevity)

Dormancy and Adaptation Research Unit

Discovering genes and chemicals that improve seed quality and adaptation responses

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 Subjects

- Identification and functional characterization of plant hormone transporters
- Identification of factors involved in seed longevity
- Identification of metabolites involved in plant growth and stress responses
- Development of a system to quantify plant metabolites from a single cell

Research Results

- We revealed that brassinosteroid is involved in the reduction of seed longevity during priming.
- We developed a technique to improve seed longevity after priming using a brassinosteroid biosynthesis inhibitor.
- We found a novel function of the Arabidopsis molybdenum cofactor sulfurase ABA3 in oxidative stress responses.

主要論文 / Publications

Sano, N. *et al.*
RNA-Seq using bulled recombinant inbred line populations uncovers the importance of brassinosteroid for seed longevity after priming treatments.
Sci. Rep. **7**, 8095 (2017)

Ohtaka, K., Hori, K., Kanno, Y., Seo, M., Ohta, H.
Primitive Auxin response without TIR1 and Aux/IAA in Charophyte Alga *Klebsormidium nitens*.
Plant Physiol. **174**, 1621-1632 (2017)

Ishimaru, Y. *et al.*
GTR1 is a jasmonic acid and jasmonoyl-L-isoleucine transporter in *Arabidopsis thaliana*.
Biosci. Biotechnol. Biochem. **81**, 249-255 (2017)

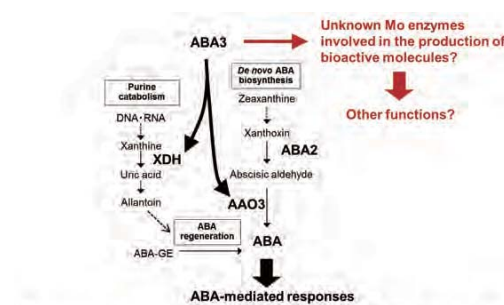
2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Mitsunori SEO

Postdoctoral Researcher
Naoto SANO

Visiting Researcher
Shunsuke WATANABE

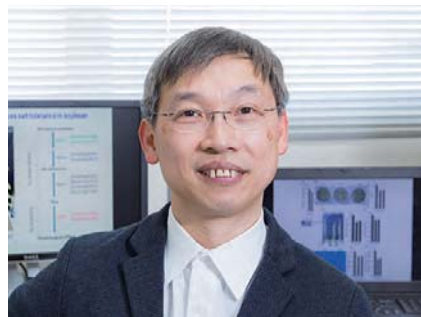
Technical Staff
Yuri KANNO



Comparison of transcriptome and metabolome between WT, aba3 and aba2

ABA3 regulates multiple processes
during stress responses

発現調節研究ユニット



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

作物の生産性向上に向けて 植物の環境ストレス応答の研究に 取り組みます

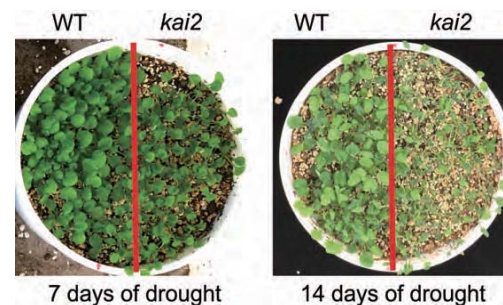
地球の人口は急速に増加しており、特に開発途上国では食糧の安定供給が主要問題の1つである。さらに、近年の気候変化は、食糧生産の大きな負担になっている。干ばつ、塩害、土壌侵食および土壌汚染のような環境ストレスは、作物の生産性に悪影響を及ぼす要因で、安定的な農業生産を脅かしている。当ユニットの研究テーマは、(i) 植物生長レギュレータの役割および非生物学ストレス応答との相互作用、(ii) 環境ストレス条件下で作物の生産性を向上させることを目標とするトランスレショナルゲノミクス、の2つである。

研究テーマ

- 乾燥および塩ストレス応答における、ホルモン調節ネットワークの分子機構の解明 N
- リン欠乏下におけるマメ科植物の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
- 非生物学的ストレス緩和における植物生長レギュレータの役割解明 M

研究成果

- KAI2 (KAR Insensitive 2) がシロイヌナズナの乾燥ストレス耐性の正の制御因子であることを明らかにした。
- ヒヨコマメ根粒のリン欠乏適応において重要な役割を担う分子プロセスを同定した。
- マメ科植物の遺伝資源、非生物ストレス応答におけるトランスクリプトーム変動の全体像を明らかにした。



Effects of KAI2 on drought resistance
kai2 mutant plants are more sensitive to drought than wild-type (WT) plants.

Signaling Pathway Research Unit

Understanding plant responses to environmental stresses for improvement of crop productivity

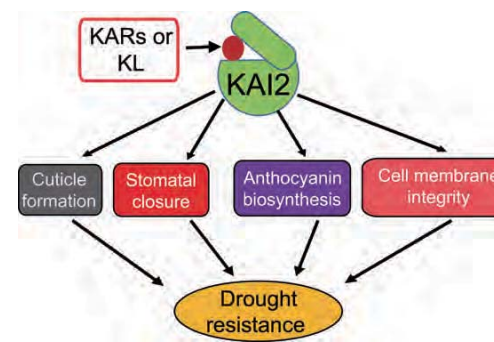
The population of the earth is rapidly increasing, setting food security one of the major issues in the world, especially in developing countries. Additionally, climate changes also put a great burden on food production. Environmental stresses, such as drought, high salinity, soil erosion and pollutants 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 Subjects

- Molecular elucidation of hormonal regulatory networks in plant responses to drought and salt stress N
- Mechanisms controlling nitrogen fixation in legumes under phosphate deficiency N
- Functional genomics of food crops for improvement of crop productivity in adverse conditions N
- Role of plant growth regulators in abiotic stress mitigation M

Research Results

- We discovered that KAI2 acts as a positive regulator of drought resistance in *Arabidopsis thaliana*.
- We identified key molecular processes that play important roles in the acclimation of chickpea nodules to phosphate deficiency.
- We overviewed legume genetic resources, and current understanding of transcriptome dynamics associated with legume responses to abiotic stresses.



Model illustrating functions of KAI2 in plant resistance to drought
Karrikins (KARs) or a putative, endogenous KAI2 ligand (KL) activate KAI2 signaling, which promotes plant resistance to drought through several biochemical and physiological processes.

主要論文 / Publications

Li, W. *et al.*
The karrikin receptor KAI2 promotes drought resistance in *Arabidopsis thaliana*.
PLoS Genet. **13**, e1007076 (2017)

Nasr Esfahani, M. *et al.*
Comparative transcriptome analysis of nodules of two *Mesorhizobium*-chickpea associations with differential symbiotic efficiency under phosphate deficiency.
Plant J. **91**, 911-926 (2017)

Abdelrahman, M., Jogaiah, S., Burritt, D.J., Tran, L.S.
Legume genetic resources and transcriptome dynamics under abiotic stress conditions.
Plant Cell Environ. doi: 10.1111/pce.13123 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Lam-Son Phan TRAN

Research Scientist
Weiqiang LI
Rie NISHIYAMA

Visiting Researcher
Mohammad Golam MOSTOFA

Technical Staff
Yasuko WATANABE

International Program Associate
Kien NGUYEN

Student Trainee
Nuramalee DEENAMO
Cuong TRAN



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



栄養素利用効率の向上、海藻類の生存メカニズム、金属汚染土壌浄化のファイトレメディエーションの研究に取り組みます

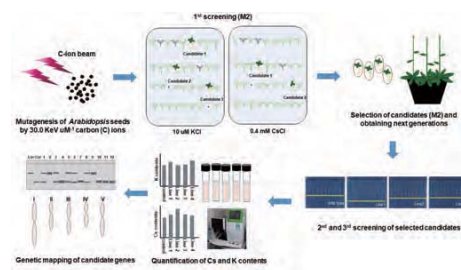
カリウムと窒素は植物の生長を制御する主要栄養素であり、生産量を増加させるためこれらを含む肥料の使用量が増加しているが、生産量には正比例せず、余った肥料は土壌汚染を引き起こす要因となる。環境保護意識が高まる昨今、地球にやさしい新しい方法による生産量の増加と、食糧の確保を可能にする持続的農業の実現が求められている。当ユニットでは解決策として、シロイヌナズナを用いてカリウムの感知および欠乏時のシグナル伝達に働く因子の単離に取り組んでいる。また紅藻類 *Pyropia yezoensis* (スサビノリ)を用い、海藻が塩分の高い海洋環境に適応してナトリウム/カリウムの恒常性を保つメカニズムを模索し、陸上植物であるシロイヌナズナと比較分析を行っている。不要な金属を土壌から効率的に除去するファイトレメディエーションの手法を確立するため、ケミカルスクリーニングで植物によるセシウムや重金属の吸収に影響を与える化合物の研究、多領域にわたる手法を用いた解析を進めている。さらにセシウム吸収・応答に関与する制御因子の分析も行っている。

研究テーマ

- 植物における栄養欠乏応答のシグナル伝達系の解明 N
- 栄養欠乏時における植物の栄養素利用効率の向上に関する研究 N
- 海藻類の海洋環境における生存メカニズムの解析 M
- 金属汚染土壌の浄化を目指した化合物併用ファイトレメディエーション方の確立 M

研究成果

- セシウムが植物におけるカリウム蓄積を減少させる分子メカニズムを解明した。
- カリウム欠乏耐性に寄与するスサビノリ遺伝子を特定した。
- セシウムと重金属の高効率吸収を促進する化合物を単離した。



Schematic representation of screening for K⁺ deficient tolerance and Cs⁺ tolerance-related genes using ion beam mutagenized Arabidopsis plants

Plant nutrient use efficiency, seaweeds survival mechanism, developing methods for removal of unwanted metals from the environment

Potassium and nitrogen are major nutrients for plant growth, and lack of them has entailed increased use of fertilizers. However, increased fertilizer usage does not result in comparable production increase, and excess fertilizer run-off creates soil pollution. Growing ecological awareness necessitates new solutions to increase agricultural production without endangering the environment, and achieve food security via sustainable agriculture. As solutions to these issues, we aim to elucidate the components of plant potassium sensing and deficiency signaling in *Arabidopsis* using various approaches and develop rice plants that efficiently utilize macronutrients and grow well under nutrient limited conditions. In parallel, we are using a marine red macroalga, *Pyropia yezoensis* (susabinori) in order to understand the mechanisms that enable seaweeds to survive in salty condition and to compare these mechanisms with those of the land plant *Arabidopsis thaliana* in terms of Na⁺/K⁺ homeostasis. In addition, to establish a new method of phytoremediation, chemical screenings to elucidate the chemicals which affect cesium uptake in plants were conducted and the characterization of selected chemicals are on-going using multidisciplinary approaches. As an extension, the roles of these selected chemicals for the removal of heavy metal contamination are studying. We are also intensively analyzing regulatory components of cesium uptake that selectively inhibit/suppress/prevent uptake of radiocesium from contaminated soil.

Research Subjects

- Dissection of signaling cascades in plant response to nutrient deprivation N
- Improvement of plant nutrient use efficiency in response to nutrient limitation N
- Understanding of marine macroalgae life in the marine environment M
- Establishment of remediation methods for land contaminated with unwanted metals using plants and chemical compounds M

Research Results

- We elucidated the molecular mechanism by which cesium causes reduced potassium accumulation in plants.
- We identified several seaweed (*Pyropia yezoensis*) genes which play roles in enhancing potassium deficiency tolerance.
- We characterized the chemical compounds that improve the cesium and heavy metal phytoaccumulation.

Study of marine macroalgae life in the marine environment
(A) Gametophytes of *Pyropia yezoensis*
(B) Functional characterization of *Pyropia* genes in potassium deficient condition

主要論文 / Publications

Adams, E. *et al.*
A novel role for methyl cysteinine, a cysteine derivative, in cesium accumulation in *Arabidopsis thaliana*.
Sci. Rep. **7**, 43170 (2017)

Adams, E., Mikami, K., Shin, R.
Selection and functional analysis of a *Pyropia yezoensis* ammonium transporter PyAMT1 in potassium deficiency.
J. Appl. Phycol. **29**, 2617-2626 (2017)

Takiguchi, H. *et al.*
Discovery of E3 ubiquitin ligases that alter responses to nitrogen deficiency using rice Full-length cDNA OverExpressor (FOX)-hunting system.
Pl. Mol. Biol. Rep. **35**, 343-354 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Ryoung SHIN

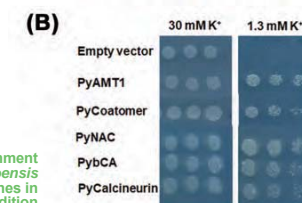
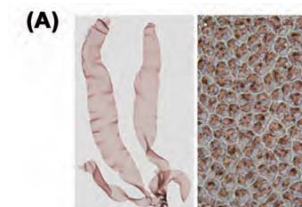
Research Scientist
Eri ADAMS

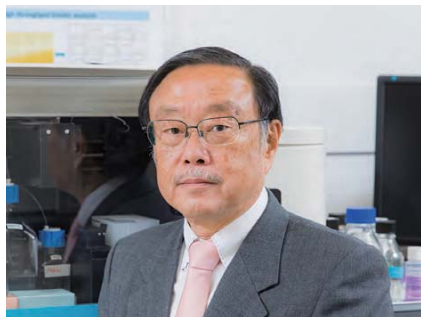
Postdoctoral Researcher
Ju Yeon MOON

Visiting Scientist
Minwoo HAN

Technical Staff
Takae MIYAZAKI

Others
Tsuzumi MITO
Akino YAMAGUCHI





グループディレクター / Group Director
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.

ケミカルバイオロジーの
新手法を開発し、
複雑な生物系の謎解きを目指します

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て天然化合物を収集・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、作用機作解析を行う。更に、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。

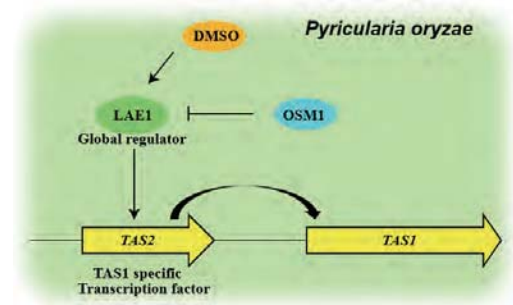
研究テーマ

- 天然化合物バンク“NPDepo”データベースの拡充
- 遺伝子工学的・合成化学的技術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

研究成果

- イネいもち病菌においてかび毒素アゾノ酸の生産制御メカニズムを明らかにした。
- 二種の新規骨格norsesquiterpenoidをキノコ・ヒトヨタケ培養液抽出物から発見した。
- トロント大学、ミネソタ大学、東京大学と共同研究で化合物の標的機能を決定するツールを開発した。

Proposed regulation model of tenuazonic acid biosynthesis in *Pyricularia oryzae*



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

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 biology. 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, 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 Subjects

- Expansion of the database of the chemical bank, "Natural Products Depository (NPDepo)"
- Expansion of the chemical library using genetic engineering and synthetic chemistry
- Exploration of bioactive small molecules and development of new analytical techniques for target identification

Research Results

- We elucidated regulatory mechanism of mycotoxin tenuazonic acid production in *Pyricularia oryzae*.
- We discovered two novel skeletal norsesquiterpenoids from the Basidiomycete *C. cinerea*.
- We constructed a tool for functional annotation of chemical libraries in collaboration with University of Minnesota-Twin Cities, University of Toronto and University of Tokyo.



Hitoyols A and B: Discovery of two novel norsesquiterpenoids from *C. cinerea*

主要論文 / Publications

Yun, C. S., Motoyama, T., Osada, H.
Regulatory mechanism of mycotoxin tenuazonic acid production in *Pyricularia oryzae*.
ACS Chem Biol, **12**, 2270-2274 (2017)

Okata, J. *et al.*
Hitoyol A and B, two norsesquiterpenoids from the Basidiomycete *Coprinopsis cinerea*.
Org. Lett. **19**, 4030-4033 (2017)

Piotrowski, J. S. *et al.*
Functional annotation of chemical libraries across diverse biological processes.
Nat. Chem. Biol. **13**, 982-993 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Group Director
Hiroyuki OSADA

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

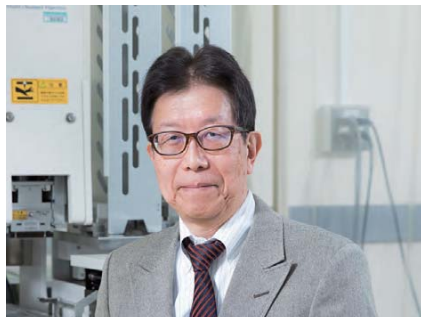
Research Scientist
Toshihiko NOGAWA
Yushi FUTAMURA
Choong Soo YUN

Special Postdoctoral Researcher
Junnosuke OTAKA
Ikuko NAGASAWA

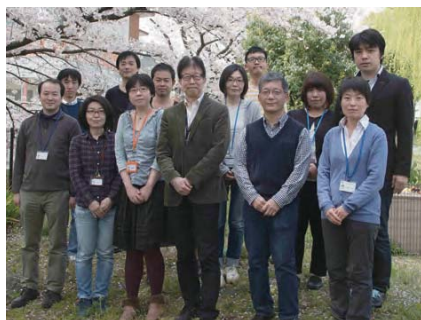
Postdoctoral Researcher
Kazuko YOSHIDA
Takeshi KASHIWA
Lopez Julius Adam VELASCO

Technical Staff
Akiko OKANO
Harumi AONO
Reiko SATO
Aiko HIRAKI
Motoko UCHIDA

International Program Associate
Amir Rawa Mira Syahfrien BINTI



グループディレクター / Group Director
吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.



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

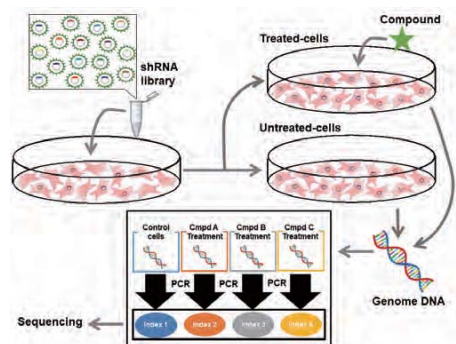
ケミカルバイオロジーのアプローチにより、様々な生命現象を理解し、それを人為的に制御するためには、ユニークな活性を持つ新たな小分子リガンドの開発が必須である。そこで当グループは、化合物ライブラリーから環境資源科学の進展に貢献可能な新しい分子リガンドの発見を目指す。具体的には、動植物・微生物細胞を用いた表現型スクリーニング系、あるいは代謝調節やエピゲノム等を標的とした *in vitro* スクリーニング系を構築し、探索研究を行う。さらにハイスループットスクリーニング (HTS) の高度化を目指した基盤研究を行う。これらのケミカルバイオロジー研究を通じて、環境資源科学の新しい方法論を開拓することを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

研究成果

- 多検体同時解析できる新しいshRNAスクリーニング法の開発により、化合物の標的分子同定の効率化を実現した。
- 生きた細胞中でゲノムワイドにSUMO化を受けるタンパク質を同定する方法の開発に成功した。
- タンパク質脱アセチル化と脱長鎖アシル化の二重特異性酵素SIRT2の脱アセチル化反応のみを阻害する化合物を発見した。



Simultaneous analysis of multiple samples made possible with new shRNA screening method

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

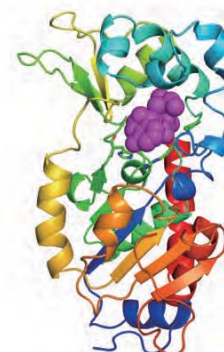
Identification of novel small molecular ligands is essential to understand diverse biological phenomena and to control the biological systems by chemical methods. This project focuses on the development of useful molecular ligands that are expected to contribute to an advance in environmental and resource 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 Subjects

- Chemical regulation of the lipid metabolism for effective biofuel production C
- Chemical regulation of the nitrogen cycle for prevention of global warming N
- Chemical regulation of epigenetics such as protein methylation, acetylation, and SUMOylation P
- Development of screening systems for active compounds that target protein-protein interactions P

Research Results

- We developed a method for concurrently analyzing multiple samples of genome-wide shRNA library screening, which allows to identify compound target molecules.
- We developed a method to screen for mammalian SUMOylated proteins in living cells.
- We identified a novel inhibitor, which inhibits deacetylase but not deacetylase activity of SIRT2.



Crystal structure of deacetylase SIRT2 in complex with a novel inhibitor (purple), identified in our group

主要論文 / Publications

Takase, S. *et al.*
A quantitative shRNA screen identifies *ATP1A1* as a gene that regulates cytotoxicity by aurilide B.
Sci. Rep. 7, 2002 (2017)

Komiya, M. *et al.*
A genetic screen to discover SUMOylated proteins in living mammalian cells.
Sci. Rep. 7, 17443 (2017)

Kudo, N. *et al.*
Identification of a novel small molecule that inhibits deacetylase but not defatty-acylase reaction catalyzed by SIRT2.
Phil. Trans. R. Soc. B 373, 20170070 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Group Director
Minoru YOSHIDA

Senior Research Scientist
Akihisa MATSUYAMA
Yoko YASHIRODA
Akihiro ITO
Ken MATSUMOTO

Research Scientist
Kazuki SASAKI

Special Postdoctoral Researcher
Akiko FUJIWARA

Postdoctoral Researcher
Masaki MATSUOKA
Tomoshige HIRATSUKA

Technical Staff
Satoko MAEDA
Atsushi HASHIMOTO

International Program Associate
Effendi

Student Trainee
Jagat CHHIPISHRESTHA
Shohei TAKASE
Kota HORIIKE
Yoshiki OCHIAI
Shunichi MIURA
Akifumi SUGANAGA

Others
Keiko MORONAGA

分子リガンド標的研究チーム



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



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

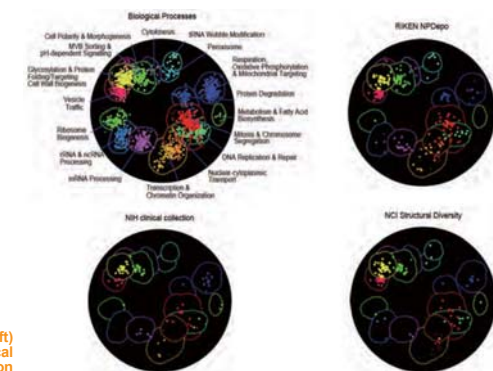
ユニークな生理活性を示す小分子リガンドには、生体内に必ず特異的な標的分子が存在する。標的分子の決定は、分子リガンドの作用機構解明に必須であり、創薬研究の要ともなっている。しかし、分子リガンドと標的分子との相互作用は一樣でないため、これまで標的分子の決定はきわめて困難であった。当チームは、分裂酵母全遺伝子ORF発現株ライブラリーや出芽酵母遺伝子破壊株ライブラリーを用いた遺伝学的相互作用の検出法をもとにした新しい相互作用検出技術の開発を行う。これを用いて生理活性を引き出す原因となる標的分子を速やかにかつ正確に決定することを目指す。

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 P
- 生理活性を有する化合物の作用機序の検証 P
- 必須遺伝子を標的とする生理活性物質の同定 P

研究成果

- バーコードシークエンス法をもとにして、ハイスループットに化合物-遺伝子相関プロファイリングを行う酵母ケミカルゲノミクス解析パイプラインを確立した。
- 7つの化合物ライブラリーに所蔵される約13,000個について化合物の標的機能の注釈付け(アノテーション)を行った。
- 酵母ケミカルゲノミクスデータベースである「MOSAIC」を開発・公開した。



The global genetic interaction similarity network (top, left) and chemical genetic interaction profiles for chemical compounds derived from the indicated collection

Molecular Ligand Target Research Team

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

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 Subjects

- Global analysis of chemical genetic interactions between molecular ligands and their target molecules P
- Validating the mode of action of bioactive compounds P
- Identifying bioactive chemical tools and therapeutic leads that target essential gene pathways P

Research Results

- We developed a high-throughput chemical genetic pipeline to functionally annotate compounds in a rapid and systematic manner based on a highly multiplexed barcode-sequencing protocol.
- We screened seven different compound libraries containing ~13,000 compounds and annotated their functional diversity.
- We developed a public database and web interface named MOSAIC, which provided yeast chemical genetic interaction profiles.

主要論文 / Publications

Nelson, J. *et al.*
MOSAIC: a chemical-genetic interaction data repository and web resource for exploring chemical modes of action.
Bioinformatics **34**, 1251-1252 (2018)

Piotrowski, JS. *et al.*
Functional annotation of chemical libraries across diverse biological processes.
Nat. Chem. Biol. **13**, 982-993 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Charles M. BOONE

Deputy Team Leader
Yoko YASHIRODA

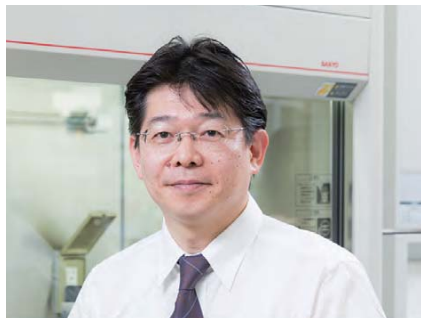
Research Scientist
Sheena Claire Leoncio LI

Technical Staff
Yumi KAWAMURA
Mami YOSHIMURA
Hiromi KIMURA



Chemical genomics website "MOSAIC"

天然物生合成研究ユニット



ユニットリーダー / Unit Leader
高橋 俊二 博士(理学)
Shunji TAKAHASHI D.Sci.



微生物遺伝子資源を探索し、
有用物質生産に向けて
生合成機構を解明します

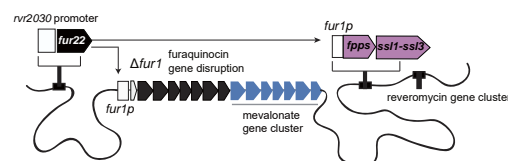
放線菌や糸状菌などの微生物は有用二次代謝物の宝庫である。微生物代謝物を効率的に生産するためには生合成機構の理解が重要であり、遺伝学的・生化学的に生合成の鍵反応の解明を進めている。さらに生合成経路改変により、微生物が本来有している化合物多様化機能の拡張を図る。転写制御因子の利用に加え、小分子化合物を用いた生合成遺伝子クラスターの活性化手法を開発し天然物を創出する。有用天然物の効率的生産を可能とする微生物生合成プラットフォームを構築し、遺伝子資源を活用した有用化合物生産を目指す。

研究テーマ

- 遺伝子、生化学、及び構造解析による生理活性を持つ微生物代謝産物の生合成機構解明
- 二次代謝生合成遺伝子クラスターに存在する転写制御因子群の評価
- ゲノム配列解析より見出された未知遺伝子クラスターからの新規二次代謝物の生産
- 二次代謝産物の生産を高める小分子の開発
- 微生物を利用した生合成プラットフォームの構築

研究成果

- *Streptomyces reveromyceticus* SN-593を用いたテルペノイド生産プラットフォームの構築に成功した。
- テロメスタチン生合成遺伝子クラスターの同定及び効率的生産に成功した。
- 生合成研究により取得したオカラミン類縁体を用いた構造活性相関により、オカラミンの生物活性に必須な部分構造を解明した。



Terpenoid-production platform

Natural Product Biosynthesis Research Unit

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

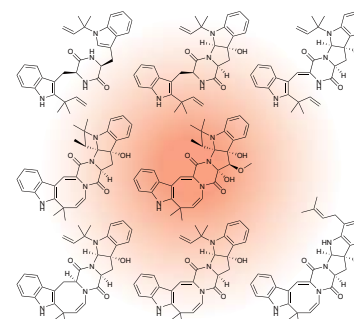
Microorganisms such as actinomycetes and filamentous fungi are a rich repository of valuable secondary metabolites. The understanding of biosynthetic mechanisms is important to utilize microbial metabolites efficiently. For this reason we elucidate a key reactions of biosynthetic pathways by genetic 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 Subjects

- Elucidation of biosynthetic machinery of bioactive microbial metabolites by genetic, biochemical and structural analyses
- Evaluation of transcriptional regulators associated with secondary metabolite gene clusters
- Production of novel secondary metabolites from unknown gene clusters unveiled by genome sequence analysis
- Development of small molecules that enhance production of secondary metabolites
- Construction of biosynthetic platforms using microorganisms

Research Results

- We developed a terpenoid-production platform in *Streptomyces reveromyceticus* SN-593
- We identified telomestatin biosynthetic gene cluster and achieved efficient production.
- Structure-activity relationship study using okaramine analogues collected from genetic engineered fungi revealed crucial moieties for biological activity of okaramine.



Okaramine analogues collected from genetic engineered fungi for SAR study

主要論文 / Publications

Khalid, A. *et al.*
Development of a terpenoid-production platform in *Streptomyces reveromyceticus* SN-593.
ACS Synth. Biol. **6**, 2339–2349 (2017)

Amagai, K. *et al.*
Identification of gene cluster for telomestatin biosynthesis and efficient production in heterologous host using specific promoter.
Sci. Rep. **7**, 3382 (2017)

Kato, N. *et al.*
Biosynthesis and structure-activity relationship studies of okaramines that target insect glutamate-gated chloride channels.
ACS Chem. Biol. **13**, 561–566 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Shunji TAKAHASHI

Research Scientist
Naoki KATO

Postdoctoral Researcher
Naoko KITO
Shogo FURUTANI

Visiting Scientist
Yotaro SAITO

Technical Staff
Hiroshi TAKAGI
Kiyomi KINUGASA
Yumi SATO

化合物リソース開発研究ユニット



ユニットリーダー／Unit Leader
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.

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

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、医薬研究を推進する上で、欠くことの出来ない研究ツールである。当ユニットは、化合物ライブラリーの有効活用を目的として化合物ライブラリー基盤をベースとした連携研究を推進する。化合物ライブラリーおよび化合物情報の提供などを通じて、環境資源科学研究、ケミカルバイオロジー研究をサポートし、当該分野での連携をプロモートする。また、ケミカルバイオロジー研究グループ、天然物生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。

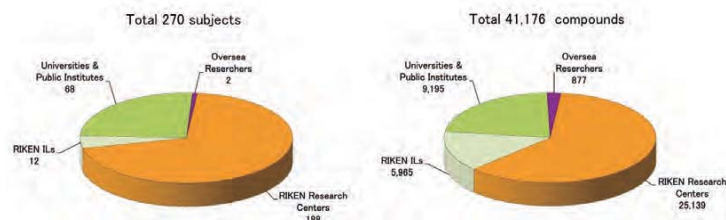
研究テーマ

- 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



研究成果

- 化合物の標的分子の予測／同定を迅速に効率よく行う出芽酵母を用いた方法により、理化学研究所天然化合物バンク(NPDepo)の化合物の標的機能のアノテーションを行った。
- 理化学研究所天然化合物バンク (NPDepo)の化合物ライブラリーからインスリンの分泌促進に関わるGPBAを活性化させる化合物を見出した。
- 化合物ライブラリーの有効活用のため、国内外の研究機関に化合物とそれらの情報を提供した。



Achievement of
chemical library provision

Chemical Resource Development Research Unit

Expanding and using chemical libraries to accelerate chemical biology research

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 Subjects

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



Research Results

- Functional annotation of chemical library of RIKEN Natural Product Depository (NPDepo) was performed by a new developed chemical genetics approach using yeast cells.
- We found an agonist of GPBA involved in the stimulation of insulin secretion from chemical library of RIKEN Natural Product Depository (NPDepo).
- To ensure utilization and application of chemical library, we provided chemical compounds and their information to domestic and international research institutes.

主要論文 / Publications

Piotrowski, J.S. *et al.*
Functional annotation of chemical libraries across diverse biological processes.
Nat. Chem. Biol. **13**, 982-993 (2017)

Enomoto, R. *et al.*
A novel partial agonist of GPBA reduces blood glucose level in a murine glucose tolerance test.
Eur. J. Pharmacol. **814**, 130-137 (2017)

Maeda, K. *et al.*
Identification of a trichothecene production inhibitor by chemical array and library screening using trichodiene synthase as a target protein.
Pestic. Biochem. Physiol. **138**, 1-7 (2017)

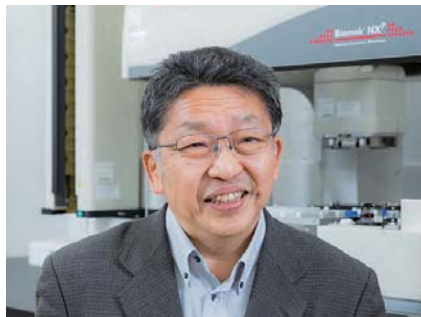
2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Hiroyuki OSADA
Technical Staff
Hiroyuki HIRANO
Yuta Iwai



Chemical library of NPDepo in storage

生理活性物質探索研究ユニット



ユニットリーダー / Unit Leader
渡邊 信元 理学博士
Nobumoto WATANABE D.Sci.

環境資源科学研究に活用できる
生理活性物質の探索・評価系開発を
行います

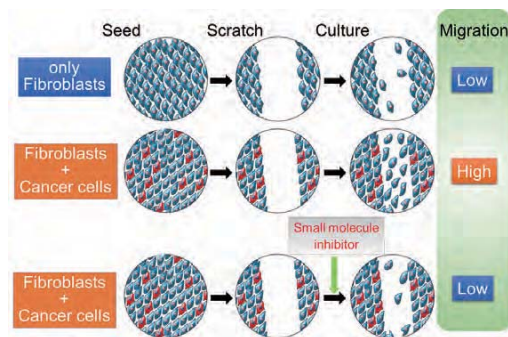
循環資源の探索と利用研究に活用できる研究基盤構築のため、生理活性物質の探索・評価プラットフォームの開発を行っている。プラットフォームの開発とその高度化によって、光合成機能・窒素固定能の活性化、脱窒抑制、微量元素回収活性の強化等といったセンターの目標に資する生理活性物質探索への貢献を目指す。具体的には、理研NPDepo化合物ライブラリーの生物活性評価を行うとともに、物理的相互作用検出技術の開発を、リン酸化依存タンパク質間相互作用認識系や、化合物アレイによるタンパク質-小分子化合物認識系の開発を中心に行っている。

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

研究成果

- 繊維芽細胞の細胞運動が、がん細胞と共培養することによって増加することを見出し、その阻害物質探索系を構築した。
- RKN5755が β アレスチン1に直接結合し、コフィリンの脱リン酸化による活性化を阻害する事を見出した。
- CD147による細胞増殖にSmad/p214シグナル伝達阻害が関与していることを見出した。



Acceleration of fibroblasts migration by co-cultured cancer cells and its inhibition by small molecule

Bio-Active Compounds Discovery Research Unit

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

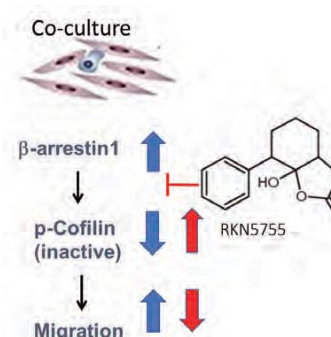
We are developing platforms for discovery and validation of useful bio-active compounds as research platforms for sustainable resources and their application. After development and refinement of these platforms, we will identify bioactive compounds useful for improvement of photosynthesis efficiency, 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 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 Results

- We established a system for screening the inhibitors of fibroblast activation by co-cultured cancer cells.
- We found that RKN5755 directly interacts with β -arrestin1 and inhibits the dephosphorylation (activation) of cofilin.
- We found that CD147-induced cell proliferation is associated with Smad4/p21 signal inhibition.



RKN5755 directly interacts with β -arrestin1 and inhibits the dephosphorylation of cofilin

主要論文 / Publications

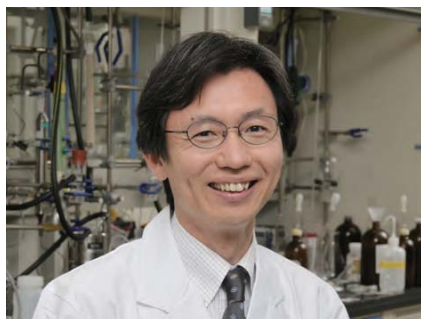
Suvarna, K., Honda, K., Kondoh, Y., Osada H., Watanabe, N. Identification of a small molecule ligand of β -arrestin1 as an inhibitor of stromal fibroblast cell migration accelerated by cancer cells. *Cancer Med.* 7,883-893 (2018)

Qin, H. *et al.* CD147-induced cell proliferation is associated with Smad4 signal inhibition. *Exp. Cell Res.* 358, 279-289 (2017)

Ong, W-D. *et al.* Chemical-Induced Inhibition of Blue Light-Mediated Seedling Development Caused by Disruption of Upstream Signal Transduction Involving Cryptochromes in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol.* 58, 95-105 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Nobumoto WATANABE
International Program Associate
Kruthi SUVARNA
Technical Staff
Hideaki KONNO
Kaori HONDA
Tomomi SEKINE
Emiko SANADA



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

省資源・省エネ型化学合成を 実現できる新しい触媒を開発します

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機能ポリマー材料の創製など、実用化も念頭に多方面にわたる基礎研究を行う。

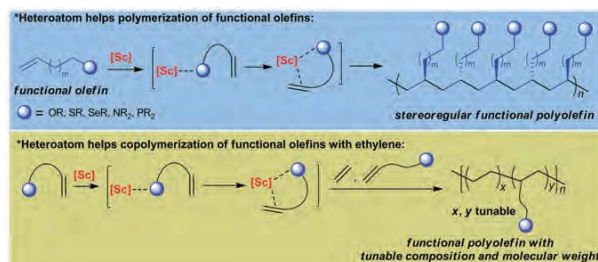
研究テーマ

- 窒素分子の活性化と有効利用
- 二酸化炭素を炭素資源として活用する有機合成反応の開発
- 希土類触媒による精密重合と精密有機合成



研究成果

- チタンヒドリド化合物を用いて、温和な条件下でピリジンやキノリンから窒素を除去することに成功した。
- スカンジウム触媒を用いることにより、ヘテロ原子を含むα-オレフィンとエチレンとの共重合を任意の混合比で実現し、さまざまなヘテロ原子を含む機能性ポリオレフィンの合成に成功した。
- 不斉ランタン触媒を用いてシクロプロペンとアミノアルケンを反応させることにより、双環性のアミノシクロプロパンの不斉合成に成功した。



Heteroatom-assisted polymerization and copolymerization of α-olefins by a scandium catalyst

Developing new catalysts for more efficient, selective chemical transformations

Our group aims to develop new generations of catalysts, which are complementary or superior to existing ones, for the efficient use of untapped resources and the synthesis of fine chemicals and functional polymer materials. Particular interests are directed to: (1) activation and utilization of 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 value-added fine chemicals, and (3) efficient and selective synthesis of fine chemicals and functional polymer materials.

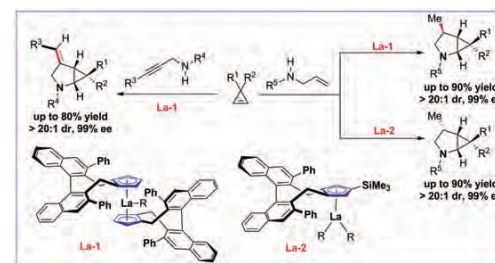
Research Subjects

- Dinitrogen activation and efficient transformation
- Using carbon dioxide as a building block for organic synthesis
- Organo rare-earth catalysts for precision polymerization and organic synthesis



Research Results

- We have achieved the hydrogenation (HDN) of pyridines and quinolines under mild conditions by using a titanium hydride compound.
- We have achieved the efficient copolymerization of heteroatom-containing α-olefins with ethylene by using a scandium catalyst.
- We have achieved the diastereodivergent asymmetric carboamination/annulation of cyclopropenes with aminoalkenes by using chiral lanthanum catalysts.



Diastereodivergent asymmetric carboamination/annulation of cyclopropenes with aminoalkenes by chiral lanthanum catalysts

主要論文 / Publications

Hu, S., Luo, G., Shima, T., Luo, Y., Hou, Z.
Hydrodenitrogenation of pyridines and quinolines at a multinuclear titanium hydride framework.
Nat. Commun. **8**, 1866 (2017)

Wang, C. *et al.*
Heteroatom-assisted olefin polymerization by rare-earth metal catalysts.
Sci. Adv. **3**, e1701011 (2017)

Teng, H., Luo, Y., Nishiura, M., Hou, Z.
Diastereodivergent asymmetric carboamination/annulation of cyclopropenes with aminoalkenes by chiral lanthanum catalysts.
J. Am. Chem. Soc. **139**, 16506-16509 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Group Director
Zhaomin HOU

Senior Research Scientist
Satoshi KAMIGUCHI
Masayoshi NISHIURA
Takanori SHIMA
Masanori TAKIMOTO
Liang ZHANG

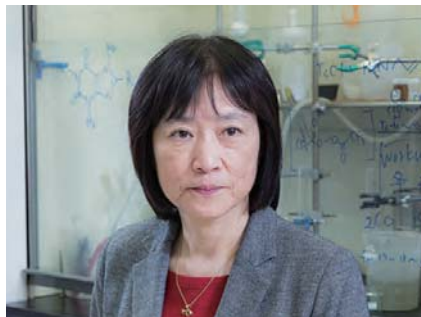
Special Postdoctoral Researcher
Shaowei HU
Chunxiang WANG

Foreign Postdoctoral Researcher
Ching Tat TO

Postdoctoral Researcher
Hualong TENG
Haobing WANG
Can XUE
Shaojie LOU
Yusuke SAITO
Yu PAN
Zhenghua LI
Yat Ming SO
Gen LUO
Yang YANG

Visiting Researcher
Chaorong QI

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.



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

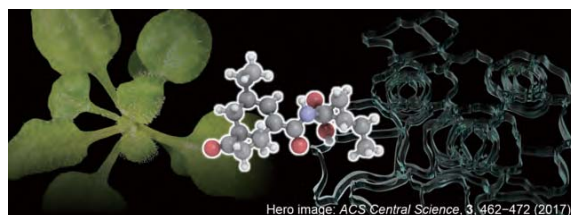
環境資源科学に資する、遷移金属触媒を用いる新規反応の開発と、植物科学と化学との融合研究に取り組んでいます。特に、物質の構造、機能を、分子状酸素を利用した触媒的酸化反応で調節する手法を開発し、炭素資源や金属資源の有効活用に貢献することを目指す。また、精密有機合成化学を基盤とする天然資源の有用物質への変換や、開発した有機反応によって合成できる化合物や植物などの二次代謝産物の有効活用法の探索にも取り組んでいます。特に植物二次代謝産物は、植物、動物に対する機能が未知のものも多いため、それらの活用を多面的に探索することにも挑戦している。さらに、当研究センターの植物や微生物科学と化学の連携研究に貢献するこ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

研究テーマ

- 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 C
- 植物毒素コロナチンの気孔開口作用のメカニズムを解明する N
- 酸素を用いる遷移金属触媒反応を開発する C
- 遷移金属触媒を用いるフルオロアルキル化反応を開発する M
- 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 M

研究成果

- 植物毒素コロナチンが提唱メカニズムとは異なる機構で気孔再開口を引き起こしていることを明らかにした。
- ペルフルオロアルキル基を有する多様な含窒素複素環化合物の合成手法を開発した。
- 中心金属不斉を有するニッケル(II)錯体を創製し、触媒的不斉[3+2]環化付加型反応を開発した。



The phytotoxin coronatine induces stomatal reopening through noncanonical mechanisms

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

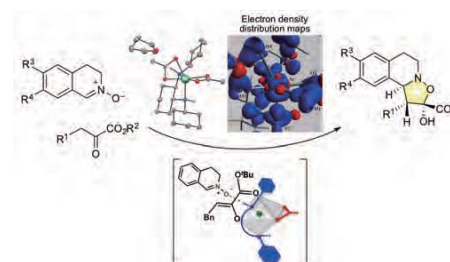
Our group focuses on developing new transition metal-catalyzed reactions, and on conducting integrated plant science and chemistry research with emphasis on sustainable resource science. In particular, we aim to develop methodologies for manipulation and/or modulation of structures and functions of organic 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 Subjects

- Analysis of the mode-of-action of physalins – plant oxygenated steroids C
- Analysis of the mechanism of stomatal opening induced by phytotoxin coronatine N
- Utilization of O₂ for oxidation reactions C
- Development of catalytic fluoroalkylations M
- Development of asymmetric carbon-carbon bond-forming reactions M

Research Results

- We found that the phytotoxin coronatine induces stomatal reopening through noncanonical mechanisms.
- We developed a synthetic method for a diverse array of perfluoroalkyl group-containing N-heterocycles.
- We developed a catalytic asymmetric [3+2] cycloaddition using the centrochiral Ni(II) complex.



The catalytic asymmetric [3+2] cycloaddition using the centrochiral Ni(II) complex

主要論文 / Publications

- Ueda, M. *et al.*
 Noncanonical function of a small-molecular virulence factor coronatine against plant immunity: an *in vivo* Raman imaging approach.
ACS Central Science **3**, 462-472 (2017)
- Kawamura, S., Dosei, K., Valverde E., Ushida, K., Sodeoka, M.
N-Heterocycle-forming amino/carboperfluoroalkylations of aminoalkenes by using perfluoro acid anhydrides: mechanistic studies and applications directed toward perfluoroalkylated compound libraries.
J. Org. Chem. **82**, 12539-12553 (2017)
- Sohtome, Y. *et al.*
 Naked σ -orbital in a centrochiral Ni(II) complex as a catalyst for asymmetric [3+2] cycloaddition.
Nat. Commun. **8**, 14875 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

- Group Director
 Mikiko SODEOKA
- Senior Research Scientist
 Kosuke DODO
- Research Scientist
 Yoshihiro SOHTOME
 Shintaro KAWAMURA
- Special Postdoctoral Researcher
 Shigeru YAMAGUCHI
- Postdoctoral Researcher
 Florian PÜNNER
 Ryo MURAKAMI
 Syusuke EGOSHI
 Miwako ASANUMA
- Visiting Scientist
 Go HIRAI
- Technical Staff
 Naoki TERAYAMA
 Kana OONUMA



チームリーダー / Team Leader
内山 真伸 博士 (薬学)
Masanobu UCHIYAMA D.Pharm.

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

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



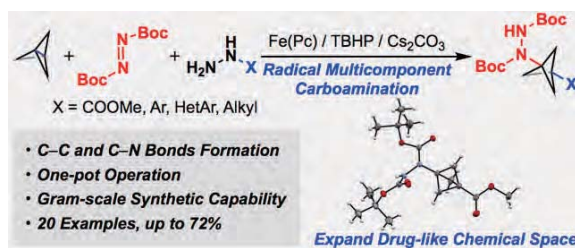
研究テーマ

- 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ジオアニンの開発
- 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



研究成果

- 創薬において注目されるビシクロ [1.1.1] ペンタンの直截的非対称二置換化を可能にする、[1.1.1] プロペランの多成分ラジカル反応を開発した。
- 高活性金属錯体創製に重要な新たな弱配位性アニオン種として、二種類のカルボランアニオン二量体を設計し、優れた物性を明らかにした。
- 遷移金属触媒を用いない炭素-炭素三重結合のアルキニルホウ素化反応を開発した。



Radical multicomponent carboamination
of [1.1.1]propellane

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

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

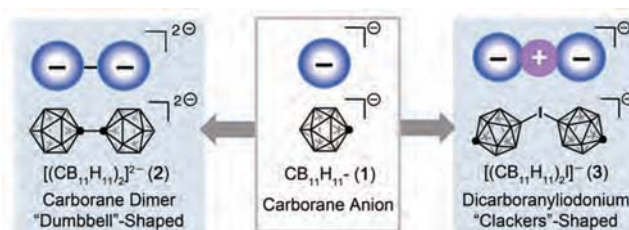
Research Subjects

- 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 Results

- We have developed an efficient method for multi-functionalized bicyclo [1.1.1]pentane by means of a radical multicomponent carboamination of [1.1.1]propellane.
- The newly designed two types of dimeric forms of carborane anion were developed to show excellent properties as weakly coordinating anions.
- Transition metal-free alkynylboration of alkynes was developed.



Newly designed "dumbbell-" and
"clackers-" shaped dimers of
carborane anion

主要論文 / Publications

Kanazawa, J., Maeda, K., Uchiyama, M.
Radical Multicomponent Carboamination of [1.1.1]Propellane.
J. Am. Chem. Soc. **139**, 17791-17794 (2017)

Kitazawa, Y. *et al.*
"Dumbbell"- and "Clackers"-Shaped Dimeric Derivatives of
Monocarbocloso-dodecaborate.
Angew. Chem. Int. Ed. **57**, 1501-1504 (2018)

Nogami, M. *et al.*
Transition Metal-Free trans-Selective Alkynylboration of
Alkynes.
J. Am. Chem. Soc. **139**, 12358-12361 (2017)

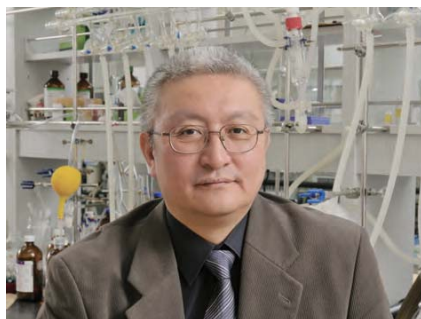
2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Masanobu UCHIYAMA

Deputy Team Leader
Ryo TAKITA

Senior Research Scientist
Atsuya MURANAKA

Postdoctoral Researcher
Misae KANAI



チームリーダー / Team Leader
魚住 泰広 薬学博士
Yasuhiro UOZUMI D.Pharm.



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

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

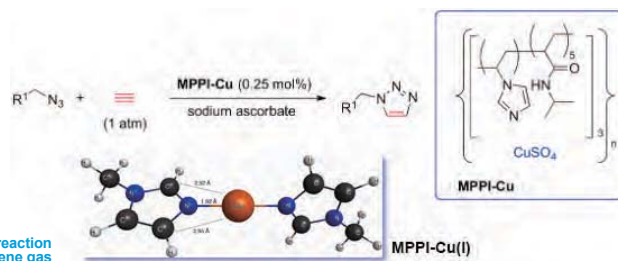
研究テーマ

- 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



研究成果

- 我々が開発した高分子銅触媒を用いることにより、アセチレンガスを反応試薬とした安全かつ効率的なクリック反応が実現した。
- パラジウム触媒として、高分子不均一系・不斉均一系触媒の開発を行い、カップリング反応へ適用した。
- Mol ppm-ppbの触媒量で機能する均一系ピンサー型パラジウム触媒の開発を行った。



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

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.

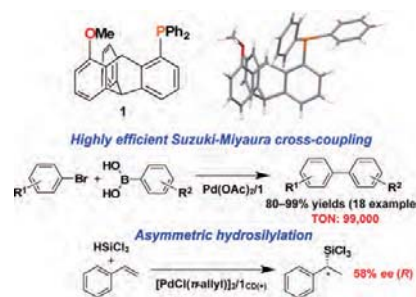
Research Subjects

- 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 Results

- The safe and efficient click reaction with acetylene gas was realized by using our polymeric copper catalyst.
- Both polymeric heterogeneous and asymmetric homogeneous palladium catalysts for coupling reactions were developed.
- A homogeneous pincer palladium catalyst was developed that worked with mol ppm-ppb level.



A homogeneous triptycene-based monophosphine palladium catalyst for Suzuki-Miyaura coupling and asymmetric hydrosilylation

主要論文 / Publications

- Leung, K.-C. F. *et al.*
Synthesis and Catalytic Applications of a Triptycene-Based Monophosphine Ligand for Palladium-Mediated Organic Transformations.
ACS Omega **2**, 1930-1937 (2017)
- Yamada, M. A. Y. *et al.*
Huisgen Cycloaddition with Acetylene Gas by Using an Amphiphilic Self-Assembled Polymeric Copper Catalyst.
Heterocycles **95**, 715-721 (2017)
- Hamasaka, G. *et al.*
Detailed Structural Analysis of a Self-Assembled Vesicular Amphiphilic NCN-Pincer Palladium Complex by Wide-Angle X-Ray Scattering and Molecular Dynamics Calculations.
Chem. Eur. J. **23**, 1291-1298 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Yasuhiro UOZUMI

Deputy Team Leader
Yoichi M. A. YAMADA

Postdoctoral Researcher
Takuma SATO
Heeyoul BAEK
Ragh Nath DHITAL

Visiting Researcher
Reuben Hoyt HUDSON

Technical Staff
Aya OHNO

生体機能触媒研究チーム



チームリーダー / Team Leader
中村 龍平 博士(理学)
Ryuhei NAKAMURA D.Sci.

生体電子移動を理解し、
持続可能な環境エネルギー技術を
創出します

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。

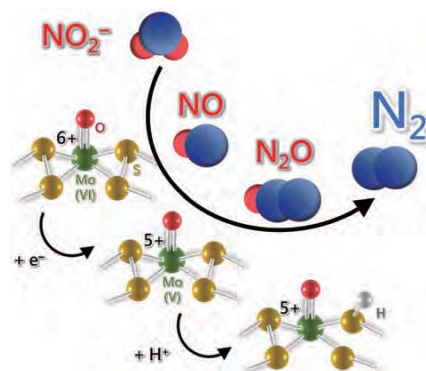
研究テーマ

- 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



研究成果

- 酸化マンガン触媒上で進行する水分解反応と光合成反応の類似点の抽出に成功した。
- 中性領域で駆動する脱窒触媒の開発に成功した。
- 電気を作り電気を食べる繊維状微生物を特定した。



Artificial denitrification catalysts working
under neutral pH conditions

Biofunctional Catalyst Research Team

Seeking biological electron transfer
to develop sustainable energy and
environmental technology

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.

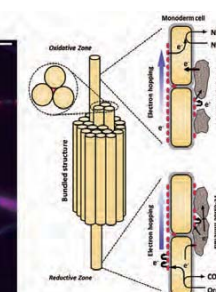
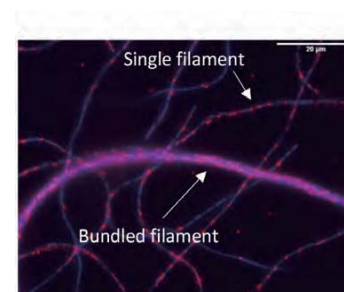
Research Subjects

- Development of water splitting catalysts
- Investigation of giant electro-ecosystems in a deep hydrothermal environment
- Microbial Electricity generation



Research Results

- We identified the common mechanism of water oxidation between an artificial Mn catalysis and a biological enzyme.
- We developed the artificial denitrification catalyst working under neutral pH conditions.
- We identified the filamentous bacterium that can generate and uptake electricity.



Microbial filaments that can generate
and uptake electrical current

主要論文 / Publications

He, D. *et al.*
Selective electrocatalytic reduction of nitrite to dinitrogen based on decoupled proton-electron transfer.
J. Am. Chem. Soc. **140**, 2012-2015 (2018)

Kakizaki, H. *et al.*
Evidence that crystal facet orientation dictates oxygen evolution intermediates on rutile manganese oxide.
Adv. Funct. Mater. doi: 10.1002/adfm.201706319 (2018)

Kawaichi, S. *et al.*
Anodic and cathodic extracellular electron transfer by the filamentous bacterium *Ardenticatena maritima* 110S.
Front. Microbiol. **9**, 68 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Ryuhei NAKAMURA
Postdoctoral Researcher
Nobuaki SHONO

Technical Staff
Nadege BONNET
Kesu DONG

International Program Associate
Daoping HE
Ailong LI

Student Trainee
Toru HAYASHI
Hideshi OOKA
Tetsuya YAMADA

Others
Shuang KONG
Tomomi MINAMI



グループディレクター／Group Director
松井 南 理学博士
Minami MATSUI D.Sci.



バイオマス植物のゲノム情報と
遺伝子発現解析を利用し、
バイオマスの安定的な生産への
貢献を目指します

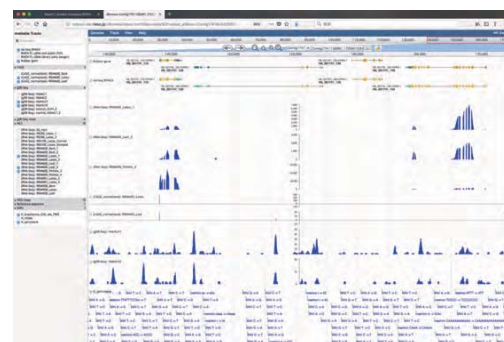
我々は、天然ゴムを生産するパラゴムノキやC4光合成植物で糖によるバイオマス生産の主要作物であるソルガムのゲノム解析を通じて、バイオマス生産向上に繋がる中心的な遺伝子の探索やケミカルバイオロジーを利用した化合物による遺伝子発現制御を目的とした研究を行う。これらの研究を通じて有用バイオマスの安定的な生産への貢献を目指す。

研究テーマ

- パラゴムノキの遺伝子発現解析とゲノム解析によるバイオマス生産向上に関わる研究
- ケミカルバイオロジーによるバイオマス生産向上に関わる研究
- C4光合成作物ソルガムのゲノム、遺伝子発現解析と遺伝子導入

研究成果

- パラゴムノキのゲノムブラウザと発現解析のためのウェブサイトを開発した。
- パラゴムの完全長cDNA情報と組織特異的遺伝子発現の解析を行った。



Genome Browser for Pará-rubber Tree

Contributing sustainable production
of useful biomass materials with
genome information and gene
expression profile of biomass plants

Our group conducts on research for elucidation of central genes that connect to biomass increase through the analysis of useful plant genome including Pará-rubber tree producing natural rubber and sorghum, a C4 photosynthesis crop for utilization of its sugar for biomass material production. We also study on the control of gene expression through chemical biology. We will contribute sustainable production of useful biomass materials through these researches.

Research Subjects

- Research on the improvement of plant biomass production through analysis of gene expression profile and genome of Pará-rubber tree
- Research on plant biomass improvement through chemical biology
- Genome and expression studies and gene transformation of *Sorghum* a C4 photosynthesis crop

Research Results

- We released a web site for Pará -rubber tree genome and transcriptome browser.
- We performed collection of full-length cDNAs and tissue-specific gene expression analysis of Pará rubber tree.

主要論文 / Publications

Makita, Y., Kawashima, M., Lau, NS., Othman, AS., Matsui, M.
Construction of Pará rubber tree genome and
multi-transcriptome database accelerates rubber researches.
BMC Genomics **19**, 922 (2018)

Makita, Y. *et al.*
Large-scale collection of full-length cDNA and transcriptome
analysis in *Hevea brasiliensis*.
DNA Res. **24**, 159-167 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

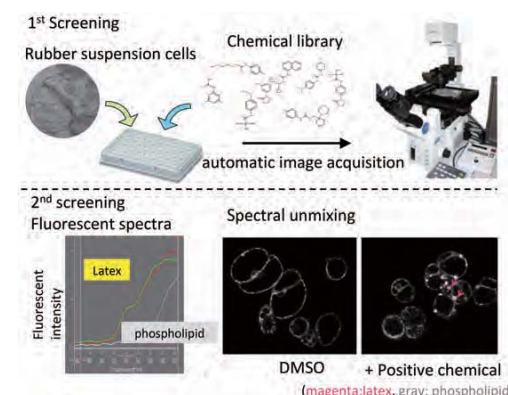
Group Director
Minami MATSUI

Research Scientist
Yuko MAKITA
Yukio KURIHARA
Setsuko SHIMADA
Yotaro SAITO

Postdoctoral Researcher
Emiko KURIHARA

Technical Staff
Mika KAWASHIMA
Hiroko TSUCHIDA
Tomoko KURIYAMA

Student Trainee
Yuya ARAKI
Takachika MUNESADA
Tomoko YAMAGUCHI
Aya SUEHISA
Haruka SHIMOHARA



Chemical screening for
latex-inducible chemicals



チームリーダー / Team Leader
持田 恵一 博士(理学)
Keiichi MOCHIDA Ph.D.



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

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

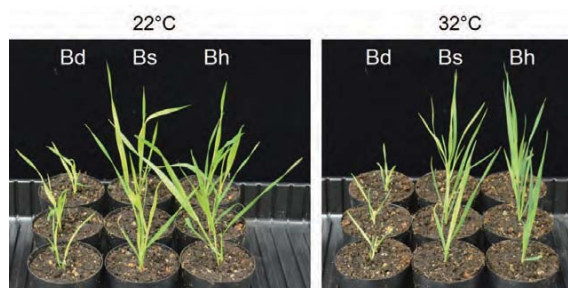
研究テーマ

- 異質倍数体の高生産性機構の理解と植物バイオマス増産への利用
- 草本バイオマスの生産性向上に有用な遺伝子の同定
- 草本植物における糖代謝システムの合理的改変によるセルロースバイオマスの増産

研究成果

- 作物病害である紋枯病に対し、植物が植物ホルモンの一つであるサリチル酸注を介した免疫機構によって抵抗性を発揮する能力を持つことを明らかにした。
- イネ科草本植物である異質倍数体種が示す高温ストレス耐性が、一方の祖先二倍体種から受け継いだゲノム上の特定の遺伝子群の初期ストレス応答であることを明らかにした。
- 時系列トランスクリプトームから遺伝子ネットワークを推定する手法を考案し、イネ科草本植物の遺伝子ネットワークを描出した。

Three *Brachypodium* species grown under normal (22°C, left) and heat stress (32°C, right) conditions for 15 days
Bd, *B. distachyon* (2X)
Bs, *B. stacei* (2X)
Bh, *B. hybridum* (4X)



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

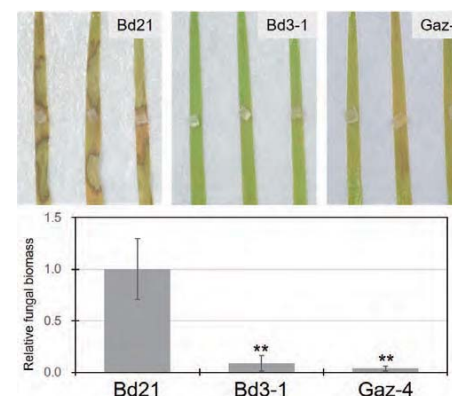
Our team aims to develop plants with improvements in the quantitative and qualitative productivity of cellulosic biomass. By using model grass, we carry out gene discovery to improve biomass productivity and environment adaptability in plants. Furthermore, we are promoting applied researches for plants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

Research Subjects

- Elucidation of molecular mechanisms of higher productivity in allopolyploid and its application to increase plant biomass production
- Identification of useful genes for improving biomass productivity in grasses
- Enhancement of cellulosic biomass by rational modification of the sugar metabolism system in grasses

Research Results

- We found that salicylic acid-dependent immunity contributes to resistance against *Rhizoctonia solani*, a necrotrophic fungal agent of sheath blight, in rice and *Brachypodium distachyon*.
- We found that omoeolog-specific activation of genes contributes to heat acclimation in the allopolyploid grass *Brachypodium hybridum*.
- We demonstrated that diurnal transcriptome and gene network represented through sparse modeling in *Brachypodium distachyon*.



Sheath blight-resistant accessions of *B. distachyon*

主要論文 / Publications

Kouzai, Y. *et al.*
Salicylic acid-dependent immunity contributes to resistance against *Rhizoctonia solani*, a necrotrophic fungal agent of sheath blight, in rice and *Brachypodium distachyon*. *New Phytol.* **217**, 771-783 (2018)

Takahagi, K. *et al.*
Homeolog-specific activation of genes for heat acclimation in the allopolyploid grass *Brachypodium hybridum*. *GigaScience* **7**, gij020 (2018)

Koda, S. *et al.*
Diurnal transcriptome and gene network represented through sparse modeling in *Brachypodium distachyon*. *Front. Plant Sci.* **8**, 2055 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Keiichi MOCHIDA
Research Scientist
Yoshihiko ONDA
Special Postdoctoral Researcher
Yusuke KOUZAI
Technical Staff
Yukiko UEHARA
Minami SHIMIZU
Komaki INOUE
Junior Research Associate
Kotaro TAKAHAGI
Student Trainee
Motoshi TANAKA
Shun TAKAYA
Others
Yukiko NISHIZUKA
Yoshiko NAKAGAWA
Kyoko TOYAMA
Fumiko KATO
Risa NAKAYAMA
Toshie KITA
Tomoko OKACHI
Yumiko KAN



チームリーダー / Team Leader
沼田 圭司 博士(工学)
Keiji NUMATA Ph.D.



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

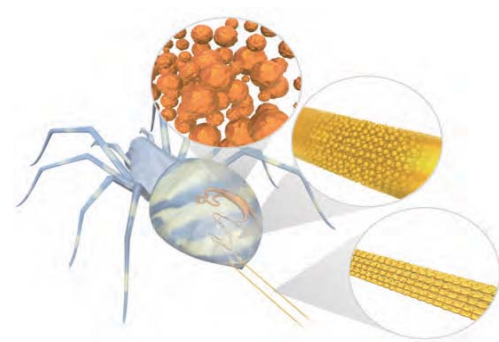
高分子合成酵素(ポリエステル合成酵素)、高分子分解酵素(プロテアーゼ)、およびそれらを含む微生物(光合成細菌)および植物を用いて、バイオマスから構造材料として利用可能なバイオポリマーを効率良く生産するシステムを開発する。目的とするバイオポリマーに適した酵素または微生物を合目的に高性能化することにより、高効率かつ合理的にバイオマスを資源化する反応システムの構築を目指す。対象とするバイオポリマーは、バイオプラスチック素材となるポリヒドロキシアルカン酸(PHA)およびクモ糸のようなポリペプチド/ポリアミドに焦点を絞って研究を遂行する。

研究テーマ

- バイオポリマー合成酵素の構造解析・新規バイオポリマーの合成
- 新規バイオポリマーの生産微生物、合成酵素、および分解酵素の探索・開発
- 機能性タンパク質に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

研究成果

- 化学酵素重合を拡張することで、ナイロンや人工アミノ酸を含むポリペプチドを合成することに成功した。
- ポリペプチドの水和や水素結合の状態を乱すことで、融点や新たな機械的物性を発現させることに成功した。
- クモ糸の紡糸過程に置いて、グラニュール状の構造が主要な構成要素であることを見出した。



Schematic of the spinning process of spider dragline silk from the major ampullate gland
The major spidroins form granules in the major ampullate sac. Subsequently, the granules become homogeneous in size and align along the tapering duct. Even before spinning at the spinnerets, granules with diameters of approximately 100 nm connect and axially align. The spun fibre, namely, the dragline silk, is composed of connected granules that contribute to the unusual mechanical properties of spider dragline silk.

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

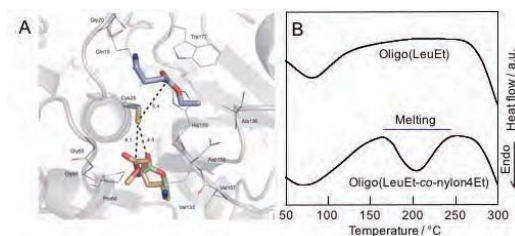
We aim to search for, create and develop new functional enzymes (polymerase and protease) as well as new microorganisms (phototrophic bacteria) to contain developed enzymes based on the relationship between structures and functions of biopolymer synthases. The final goal of our laboratory is to design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

Research 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 Results

- We developed chemoenzymatic polymerization to synthesize polypeptides containing nylon and artificial amino acids.
- Mechanical and thermal properties of polypeptides were successfully modified by rearranging the hydration and hydrogen-bonding states.
- Granules were found to be a critical element to form spider dragline in the spider spinning process.



Chemoenzymatic polymerization by papain produced the copolymer of L-leucine and nylon monomers
(A) Molecular docking simulations between nylon monomers and papain
(B) The copolymers showed melting behavior at around 200°C

主要論文 / Publications

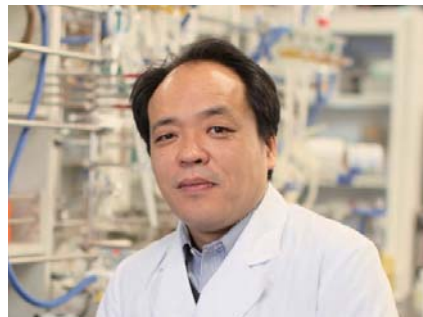
Yazawa, K., Gimenez-Dejor, J., Masunaga, H., Hikima, T., Numata, K.
Chemoenzymatic synthesis of a peptide containing nylon monomer units for thermally processable peptide material application.
Polym. Chem. **8**, 4172-4176 (2017)

Tsuchiya, K., Numata, K.,
Chemoenzymatic synthesis of polypeptides containing the unnatural amino acid 2-aminoisobutyric acid.
Chem. Commun. **53**, 7318-7321 (2017)

Lin, T.-Y., Masunaga, H., Sato, R., Malay, D. A., Toyooka, K., Hikima, T., Numata, K.
Liquid crystalline granules align in a hierarchical structure to produce spider dragline microfibrils.
Biomacromolecules **18**, 1350-1355 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader Keiji NUMATA	Visiting Scientist Takamasa SAKAI Yutaka KODAMA Takashi OSANAI Kazuharu ARAKAWA Sachiko NITTA
Senior Research Scientist Kosuke TSUCHIYA Takeshi YOSHIZUMI	Research Scientist Ali Andres Defrance MALAY Mieko HIGUCHI Kazusato OIKAWA Mitsuhiro KIMURA Neval YILMAZ
Research Scientist Ali Andres Defrance MALAY Mieko HIGUCHI Kazusato OIKAWA Mitsuhiro KIMURA Neval YILMAZ	Research Scientist Ryota SATO Takaaki ISHII Toshiki SAWADA Rintaro OHTOSHI Hiroyuki NAKAMURA Hiroshi SATO
Postdoctoral Researcher Jo-Ann CHUAH Kenjiro YAZAWA Nur Alia OKTAVIANI Md. Monirul ISLAM Hiromi AOKI Foong Choon PIN Thagun CHONPRAKUN Takuto IMAI Prashant GUDEANGADI Joan GIMENEZ DEJOZ Taku TAKAMI Yu MIYAGI Takaaki MIYAMOTO Keiko MIDORIKAWA	International Program Associate Kang YANG Technical Staff Yoko MOTODA Yoko HORII Ayaka TATEISHI Nao IFUKU Ryosuke INABA Yuki NEGISHI Others Kumiko MORISAKI Mai MORI Sangeetha Srinivasa SHETTY Kensaku SUDA Madoka KAI Mizuki TOMIZAWA Ayumi HOSOKAWA



チームリーダー / Team Leader
阿部 英喜 博士(工学)
Hideki ABE Ph.D.

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

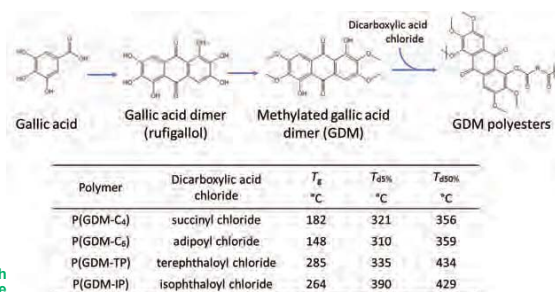
バイオマス資源を原料として次世代型の高性能・高機能なバイオマスプラスチックの創製を目指した研究を推進している。バイオポリエステルをターゲットとし、本来の性能・機能ポテンシャルを最大限に発現し、実材料としての利用を可能にする高度材料化技術の開発に取り組んでいる。また、バイオポリエステルに続く新たなバイオプラスチック素材の創出を目指し、アミノ酸など有機酸をバイオマスモノマーとした新規ポリマーの合成と高性能・高機能発現を予測できる分子設計法を構築する。さらに高性能・高機能なバイオマスポリマーの高効率・精密合成を可能にする新たな合成技術を開発する。

研究テーマ

- バイオポリエステルの高度材料化技術の開発
- 高性能・高機能な新規バイオマスポリマーの創製
- バイオマスポリマーの高度合成技術の開発

研究成果

- アントラキノン骨格を有する新規耐熱性ポリエステル素材を創出した。
- スチレン骨格を有する高耐熱性ポリエステル樹脂の効率的合成手法を開発した。
- 耐熱性に優れた新規バイオポリエステルの生合成に成功し、その構造と特性を明らかにした。



Syntheses of heat-resistant polyesters with anthraquinone backbone structure

Creating new high quality plastic materials made from biomass

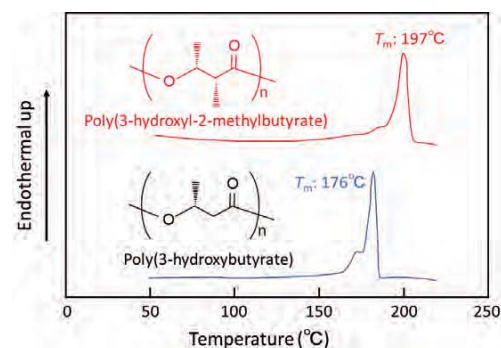
Our team aims to provide high-performance and specific functional bioplastic materials as environmentally conscious polymeric materials. Particularly, by paying attention to biopolyesters produced by microorganisms, we have developed the advanced technology that enables us to bring out their potential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

Research Subjects

- Design of biopolyesters for advanced materials
- Synthesis and molecular design of novel biomass-polymers
- New advanced methods for biomass-polymer synthesis

Research Results

- We synthesized the novel heat-resistant polyesters with anthraquinone backbone structure.
- We developed the efficient synthetic method for heat-resistant polyesters with stilbene backbone structure.
- We succeeded in biosynthesis of novel thermally stable biopolyester and characterized its structure and properties.



Structure and properties of biosynthesized poly(3-hydroxy-2-methylbutyrate)

主要論文 / Publications

Mizuno, S., Hiroe, A., Fukui, T., Abe, H., Tsuge, T.
Fractionation and thermal characteristics of biosynthesized polyhydroxyalkanoates bearing aromatic groups as side chains.
Polym. J. **49**, 557-565 (2017)

Furutate, S. *et al.*
Biosynthesis and characterization of novel polyhydroxyalkanoate copolymers consisting of 3-hydroxy-2-methylbutyrate and 3-hydroxyhexanoate.
J. Polym. Res. **24**, 221 (2017)

Foong, C. P. *et al.*
A novel and wide substrate specific polyhydroxyalkanoate (PHA) synthase from unculturable bacteria found in mangrove soil.
J. Polym. Res. **25**, 23-229 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Hideki ABE

Senior Research Scientist
Tomohiro HIRAIISHI

Research Scientist
Yasumasa TAKENAKA

Postdoctoral Researcher
Koichiro TACHIBANA
Masayoshi HONDA
Boyang GUO

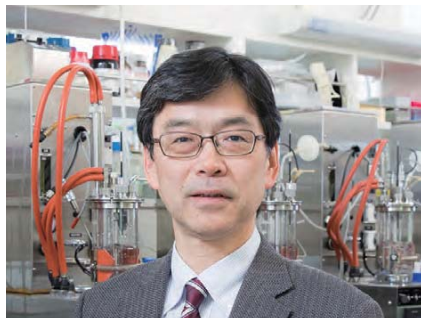
Senior Visiting Scientist
Tadahisa IWATA
Seichi TAGUCHI
Ken-ichi KASUYA
Takeharu TSUGE

Visiting Scientist
Yoshihiro KIKKAWA
Noriyuki SUZUKI
Koji NEMOTO

Visiting Researcher
Manami HYAKUTAKE

Technical Staff
Reiko KIUCHI
Mizue YUKI
Masayo SEKIMOTO

Student Trainee
Tatsuya GOTO
Yuusuke ENOKIDA



チームリーダー / Team Leader
近藤 昭彦 工学博士
Akihiko KONDO Ph.D.



有用化合物生産を目指した 最適な細胞の設計技術の 確立を目指します

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

研究テーマ

- 有用化合物を生産するセルファクトリーの構築
- 人工代謝経路を設計するインシリコソールの開発
- 目的の代謝反応を触媒する高機能酵素の開発

研究成果

- 合成生物学を用いた新規代謝経路の構築により、マレイン酸を大腸菌で生産することに成功した。
- 化石原料由来のモノマー化合物をバイオ合成するために必要な脱炭酸酵素の高活性化に成功した。
- イソプレンを生合成する人工代謝経路の構築に成功した。

Designing and constructing optimal cell factories for valuable chemical compounds

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

Research Subjects

- Building cell factories for production of valuable chemicals
- Developing *in silico* tools for designing artificial metabolic pathways
- Developing high functional enzymes catalyzing target metabolic reactions

Research Results

- We succeeded in producing maleic acid with *Escherichia coli* constructed a novel metabolic pathway using synthetic biology.
- We succeeded in functionalizing a decarboxylase with high activity necessary for biosynthesis of monomer compounds from fossil materials.
- We succeeded in constructing an artificial metabolic pathway for isoprene synthesis.

主要論文 / Publications

Noda, S., Shirai, T., Mori, Y., Oyama, S., Kondo, A.
Engineering a synthetic pathway for maleate in *Escherichia coli*.
Nat. Commun. 8, 1153 (2017)

Thomson, N. M. *et al.*
Efficient 3-Hydroxybutyrate Production by Quiescent *Escherichia coli* Microbial Cell Factories is Facilitated by Indole-Induced Proteomic and Metabolomic Changes.
Biotechnol. J. 13, 1700571 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

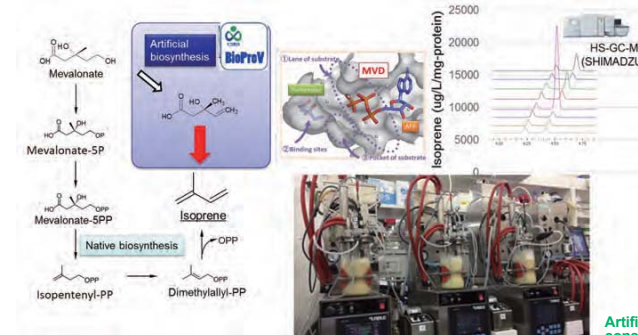
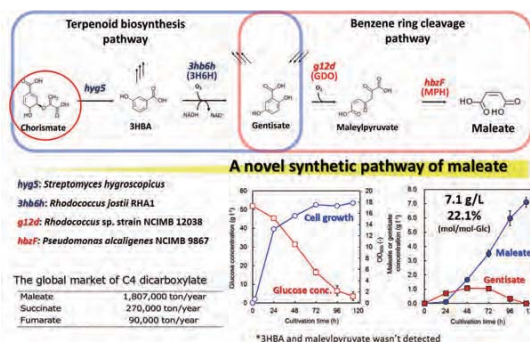
Team Leader
Akihiko KONDO

Deputy Team Leader
Tomokazu SHIRAI

Special Postdoctoral Researcher
Shuhei NODA
Yohei TASHIRO

Postdoctoral Researcher
Yutaro MORI

Technical Staff
Sachiko OYAYAMA
Ryoko ORISHIMO



A novel maleate biosynthesis from chorismate, and bioproduction with a recombinant *Escherichia coli*

Artificial metabolic pathway design and construction for bio-isoprene production



チームリーダー / Team Leader
篠崎 一雄 理学博士
Kazuo SHINOZAKI D.Sci.

植物バイオマスを利用した 循環型社会の実現に必要な 基盤整備を推進します

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す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:ミナトカモシグサ)」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。

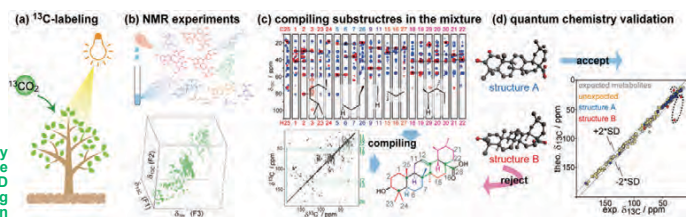
研究テーマ

- 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

研究成果

- 光合成から植物バイオマスへの代謝と高分子構造、ならびに微生物分解追跡の手法整備を完了した。
- シロアリ腸内から新種の乳酸菌 *Lactococcus reticulitermitis* を分離した。
- ブラキポディウムを用いたバイオマス増産に関わる研究を加速させる基盤整備を行った。

Assignments of secondary metabolite mixtures from tree (*Rhododendron japonicum*) by 3D NMR and verification using quantum chemistry calculation



Developing research platforms for plant biomass to establish a sustainable society

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 Subjects

- Development of the resource of mutants and full-length cDNA of *Brachypodium distachyon*, a model soft biomass plants
- Exploration and use of genes involved in plant biomass productivity and stress tolerance using a reverse genetic approach
- Construction of integrated-meta databases to deploy biomass production and increase yield
- Identification of important and useful genes to contribute to efficient woody-biomass degradation based on meta-genomics and single-cell genomics analyses of complex bacterial communities especially in the termite intestine
- Consolidation and analysis of metabolic profiling related to biomass and metabolism

Research Results

- We have finished to provide analytical platform to pursuit plant metabolism, biomass superstructure and its microbial degradation.
- We isolated and characterized a novel species of the genus *Lactococcus* from the gut of termite.
- We developed the bioresource maintenance for accelerating the increased production of biomass with *Brachypodium distachyon*.

主要論文 / Publications

Kikuchi, J. *et al.*
NMR analysis of molecular complexity.
Experimental approaches of NMR spectroscopy 461-489
(2017)

Yuki, M., Sakamoto, M., Nishimura, Y., Ohkuma, M.
Lactococcus reticulitermitis sp. nov., isolated from the gut of the subterranean termite *Reticulitermes speratus*.
Int. J. Syst. Evol. Microbiol. **68**, 596-601 (2018)

Himuro, Y., Kobayashi, M.
Bioresources and technologies that accelerate biomass research.
Biofuels: Greenhouse Gas Mitigation and Global Warming 341-356 (2018)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Team Leader
Kazuo SHINOZAKI

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

Research Scientist
Fuminori TAKAHASHI
Masato OTAGIRI
Xiang YU
Masahiro YUKI

Technical Staff
Hiroko KOBAYASHI

Student Trainee
Arisa TSUBOI



Lactococcus reticulitermitis was isolated from the gut of wood-feeding termite.

創薬ケミカルバンク基盤ユニット



基盤ユニットリーダー／Unit Leader
長田 裕之 農学博士
 Hiroyuki OSADA D.Agr.

適正な化合物管理と提供を通して、 創薬研究を支えます

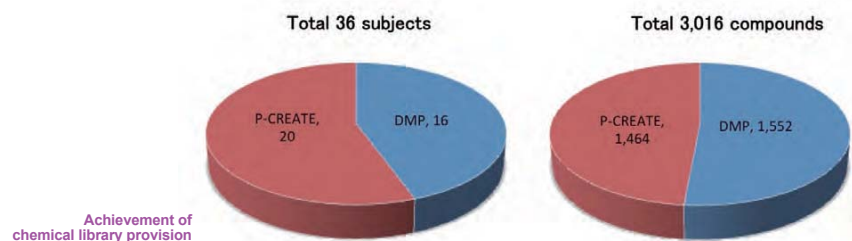
当ユニットは、創薬・医療技術基盤プログラムにおける化合物探索、構造最適化の過程で合成あるいは購入された創薬シード化合物を適正な環境下で保管管理し、それらの化合物をライブラリー化し、生物活性評価、毒性・安全性評価などの目的に応じて提供するケミカルバンク機能を担っている。化合物リソース開発研究ユニットと連携し、創薬のためにスクリーニング用化合物ライブラリーを整備して、創薬シード化合物探索基盤ユニットをはじめとする創薬研究者に提供する。また、ヒット化合物をライブラリーの中から迅速に選抜し、効率良く提供するための化合物管理データベースの構築を進めている。

研究テーマ

- 創薬用化合物ライブラリーの受託と保管
- 創薬スクリーニング用化合物ライブラリーの配布
- 化合物管理データベースの構築

研究成果

- スクリーニングのヒット化合物を、再評価のために提供を行った。
- ヒット化合物の類縁体の購入、受託を行い、溶液化して提供した。
- HTS用にDMP化合物9,280種を提供した。



Chemical Bank Unit for Drug Discovery Platform

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

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

Research Subjects

- Storage of chemical libraries for drug-discovery
- Provision of chemical libraries for HTS to explore drug seeds
- Construction of database for management of chemical library

Research Results

- We provided hit compounds for re-evaluation of biological activities.
- We purchased lead candidates possessing similar structure to hit compounds and provided their solutions.
- We provided 9,280 DMP compounds for HTS.

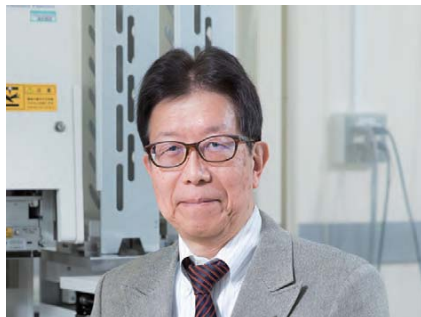
2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
 Hiroyuki OSADA
 Deputy Unit Leader
 Yasumitsu KONDOH
 Senior Research Scientist
 Takeshi SHIMIZU
 Technical Staff
 Hiroyuki HIRANO
 Yuta IWAJ



DMP chemical library in storage

創薬シード化合物探索基盤ユニット



基盤ユニットリーダー／Unit Leader
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

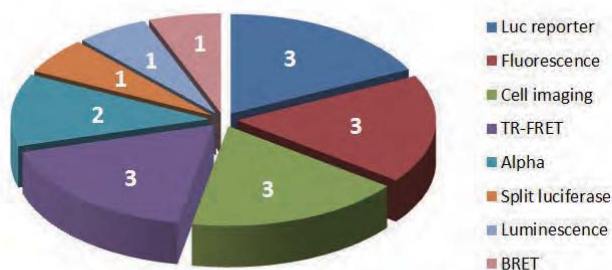
創薬シード化合物探索基盤ユニットは、創薬標的として期待される分子に作用する新しい生理活性化合物を化合物ライブラリーから大規模に探索することによって、創薬シードの同定を目指す。

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

研究成果

- 理研 創薬・医療技術基盤プログラムおよび国立研究開発法人日本医療研究開発機構「次世代がん医療創生研究事業」において、合計4テーマのHTS用のアッセイ法を構築した。
- 理研 創薬・医療技術基盤プログラム、国立研究開発法人日本医療研究開発機構「次世代がん医療創生研究事業」および共同研究において、合計17テーマのHTSを実施した。HTSを完了した9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。



HTS themes carried out in FY 2017,
categorized by assay methods

Drug Discovery Platforms Cooperation Division Seed Compounds Exploratory Unit for Drug Discovery Platform

Discovering seed and lead compounds by HTS to develop new drugs

The seed compounds exploratory unit for drug discovery aims to identify seed compounds for drug development, which are active on drug target molecules, through HTS of large compound libraries.

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 Results

- We developed assay methods for HTS of compounds active on a total of 4 target molecules in the RIKEN program for the Drug Discovery and Medical Technology Platforms (DMP), and the Japan Agency for Medical Research and Development (AMED) Project for Cancer Research and Therapeutic Evolution (P-CREATE).
- We conducted HTS for the compounds active on a total of 17 target molecules in the RIKEN DMP and the AMED P-CREATE. Among them, we completed HTS of 9 targets, and identified hit compounds that might have direct activities on each of the targets.

主要論文 / Publications

Ito, S. *et al.*
Induced cortical tension restores functional junctions in adhesion-defective carcinoma cells.
Nat Commun. 8, 1834-1850 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Minoru YOSHIDA
Deputy Unit Leader
Tetsuo ONUKI

Senior Research Scientist
Ken MATSUMOTO
Kenji OGAWA
Ryogo HIRATA

Research Scientist
Koushiki MINO
Norio KUDO
Hiroki KOBAYASHI

Technical Staff
Iku KUWAHARA
Mari AGAWA
Seiji MATSUOKA
Yui KASHIMA
Michiru IWASHITA
Mayumi ARATA
Haruna NISHIMURA
Satoko MAEDA
Takeshi SONODA
Yui MAZAKI
Akiko NAKATA



ユニットリーダー / Unit Leader
越野 広雪 農学博士
 Hiroyuki KOSHINO D.Agr.



機器分析による化学物質の 構造解析に必要な基盤整備と 技術開発を行います

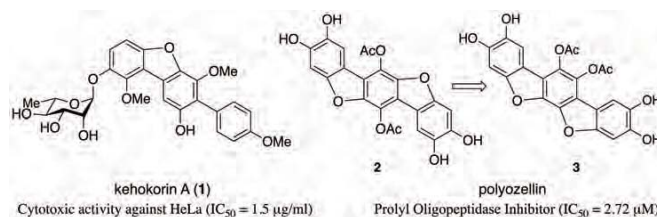
当ユニットでは、構造決定に必要な核磁気共鳴(NMR)や質量分析(MS)に関する新しい手法と技術開発を行い、ケミカルバイオロジー、メタボロミクス研究、あるいは様々な有機合成化学の研究などで発見あるいは創製される新規化合物の同定、構造解析へ応用する。有機化合物の構造解析において重要なNMR、MSおよび円二色性分散(CD)などの分析装置を共同利用機器として維持管理・運営を行い、オープンアクセス装置の利用講習、依頼測定、依頼解析、技術指導など様々な研究支援を全研研に対して行っている。さらに機器分析に有機合成化学の手法を交えて、有機化合物の同定、構造決定に必要な方法論を開発しその技術を高め、構造解析に関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

研究テーマ

- 核磁気共鳴および質量分析に関する新しい手法と技術開発
- 機器分析と有機合成化学による有機化合物の同定と構造決定
- 核磁気共鳴および質量分析による研究支援と共同研究
- 有機合成化学を活用したNMR、CDなどの分光学的手法による新しい立体化学の決定法の開発と応用

研究成果

- 合成化学とNMRによる構造解析を基盤として、*p*-テルフェニル系天然物の構造解析研究を続けてきたが、その一環として2種の生理活性*p*-テルフェニル (ケホコリンAならびにポリオゼリン) の全合成を達成し、ポリオゼリンの提出構造式2は3に訂正された。
- 卓上型NMRの高性能化 (強磁場化に関する) シミュレーションによる評価を行い、実現の方向性を示した。
- 工業的アセトン-ブタノール-エタノール生産菌*Clostridium acetobutylicum*の細胞分化を制御するポリケタイドclostrienoseの構造を明らかにした。



Structure of kekokorin A and structural revision of polyozellin by total synthesis

Developing technologies and platforms for structure characterization by NMR and MS analyses

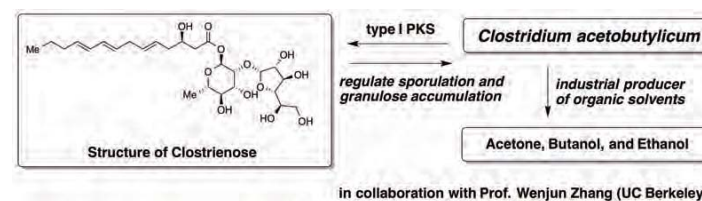
We develop new methods and technologies of NMR and MS analyses for structural elucidation and characterization of novel organic compounds that are found or synthesized in chemistry and related scientific fields such as chemical biology, metabolomics research, and several organic synthetic studies. We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

Research Subjects

- Development of new methods and technologies for NMR and MS analyses
- Organic molecular characterization and structural determination by spectroscopic analysis and organic synthesis
- Research supporting activity and collaborative research with NMR and mass spectrometry
- Development and application of new methodologies for determination of stereochemistry by NMR, CD, and other spectroscopic methods assisted by organic synthesis

Research Results

- During the course of our molecular characterization studies on natural *p*-terphenyls based on the organic synthesis coupled with NMR analyses, we succeeded in total syntheses of kekokorin A and polyozellin, and the proposed structure 2 of the latter was revised to 3.
- Evaluation by simulation for high performance desktop type NMR was carried out and the direction of realization was shown.
- Structure of clostrienose from the industrial acetone-butanol-ethanol fermentation anaerobe *Clostridium acetobutylicum* was elucidated as a new polyketide which regulate cellular differentiation.



Clostridium acetobutylicum uses clostrienose to regulate sporulation and granulose accumulation.

主要論文 / Publications

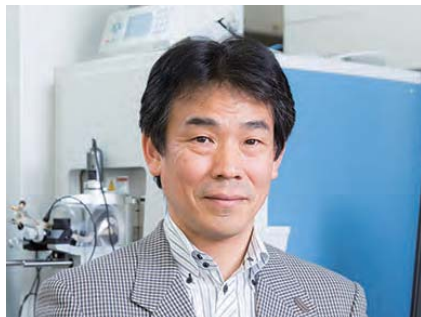
Takahashi, S., Suda, Y., Nakamura, T., Matsuoka, K., Koshino, H.
 Total synthesis of kekokorins A-E, cytotoxic *p*-terphenyls.
J. Org. Chem. **82**, 3159-3166 (2017)

Kusakabe, K. *et al.*
 Neomacrophorin X, a [4.4.3]propellane-type meroterpenoid from *Trichoderma* sp, 1212-13.
J. Nat. Prod. **80**, 1484-1492 (2017)

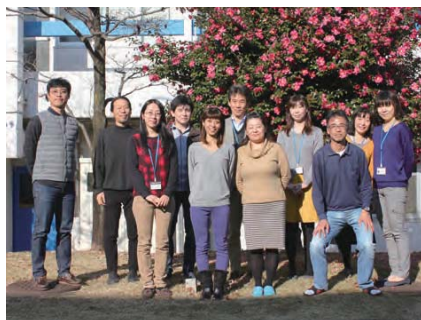
Herman, N. A. *et al.*
 The industrial anaerobe *Clostridium acetobutylicum* uses polyketides to regulate cellular differentiation.
Nat. Commun. **8**, 1514 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
 Hiroyuki KOSHINO
 Senior Research Scientist
 Shun-ya TAKAHASHI
 Takemichi NAKAMURA
 Senior Technical Scientist
 Takashi NAKAMURA



ユニットリーダー / Unit Leader
堂前 直 博士(学術)
Naoshi DOHMAE Ph.D.



タンパク質の構造を調べて、 生命現象の謎にせまります

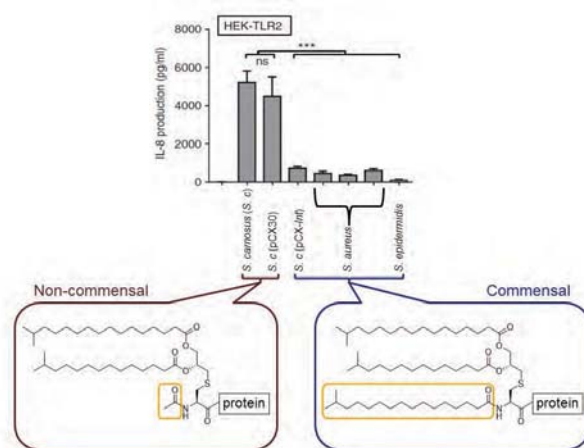
当ユニットは、生命現象の解明に向け、生体成分構造解析法の開発や構造解析の応用研究を行っている。生体成分の中でも特にタンパク質は生命現象の源であり、さまざまな生物活性がある。そのタンパク質の構造を詳細に調べることで、活性と遺伝子との対応、生物学的活性のメカニズムや活性の制御機構を解明する。また、装置ならびに設備の設置や管理、解析方法に関する情報の整備をすることで研究支援を行っている。

研究テーマ

- 生体分子の翻訳後修飾を含めた詳細な構造解析
- 生体分子の定量的解析法の開発
- RNAの質量分析

研究成果

- 共生・非共生ブドウ球菌のリポタンパク質の脂質部分の違いが免疫応答の差を生むことを示した。
- ヒストン修飾酵素Mettl23によるヒストンH3の17番目のアルギニンのジメチル化が、受精卵における父性ゲノムのリプログラミングに必須であることを明らかにした。
- マグネシウムイオントランスポーター-MgtEのATP脱離による Mg^{2+} 流入増加の機構を解明した。



Lipid moieties on lipoproteins of commensal and non-commensal staphylococci induce differential immune responses.

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

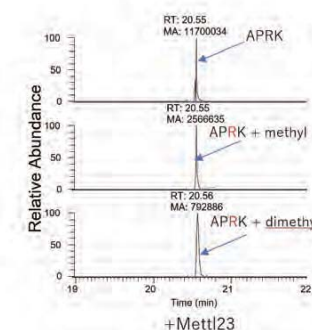
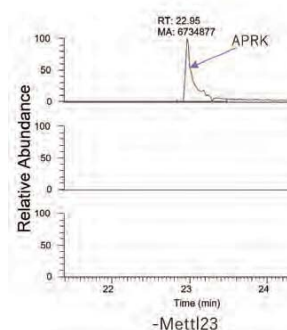
Our unit provides high quality structural characterization methods to the field of biological science, aiming to further understand the mechanism and action of biological molecules. We manage specialized and technical instruments including protein chemical analyses, mass spectrometry. Our challenge to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

Research Subjects

- Development and application of analytical methods for structural details on biological molecules
- Development of quantitative analysis of biomolecules
- Identification and characterization of RNA by mass spectrometry

Research Results

- We show that lipid moieties on lipoproteins of commensal and non-commensal staphylococci induce differential immune responses.
- We revealed asymmetric dimethylation of histone H3R17 catalyzed by Mettl23 is essential for reprogramming the paternal genome in zygotes.
- We identify key residues and main structural changes of MgtE involved in the process that ATP dissociation from MgtE upregulates Mg^{2+} influx.



The quantitative analysis based on LC-MS chromatograms showed histone H3R17 methylation was promoted in presence of Mettl23.

主要論文 / Publications

- Nguyen, MT. *et al.*
Lipid moieties on lipoproteins of commensal and non-commensal staphylococci induce differential immune responses.
Nat. Commun. **8**, 2246 (2017)
- Hatanaka, Y. *et al.*
Histone H3 Methylated at Arginine 17 Is Essential for Reprogramming the Paternal Genome in Zygotes.
Cell Rep. **20**, 2756-65 (2017)
- Tomita, A. *et al.*
ATP-dependent modulation of MgtE in Mg^{2+} homeostasis.
Nat. Commun. **8**, 148 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Naoshi DOHMAE

Senior Research Scientist
Hiroshi NAKAYAMA

Senior Technical Scientist
Takehiro SUZUKI
Kowashi WATANABE

Postdoctoral Researcher
Ho-Geun KWAK

Technical Staff
Masami KOIKE

質量分析・顕微鏡解析ユニット



ユニットリーダー／Unit Leader
斉藤 和季 薬学博士
 Kazuki SAITO Ph.D.



植物科学研究のための 質量分析および顕微鏡解析の 技術基盤を提供します

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

研究テーマ

- 質量分析計による植物メタボローム解析
- 質量分析計による植物ホルモン解析
- 植物組織および細胞の顕微鏡解析

研究成果

- 1粒のシロイヌナズナ種子のような極微量試料のメタボローム解析方法を開発した。
- ホルモノーム解析を活用し、竹の節間伸長における植物ホルモン作用の重要性を明らかにした。
- 光学顕微鏡と高分解能走査電子顕微鏡で捉える光電子相関顕微鏡システムを改良するとともに、各試料に対応した試料調製法を開発した。



Light microscope and FE-SEM
 equipped with CLEM system

Mass Spectrometry and Microscopy Unit

Providing mass spectrometric and microscopic platforms for plant science

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

Research Subjects

- Plant metabolomic analyses by mass spectrometry
- Plant hormone analyses by mass spectrometry
- Microscopic analyses of plant tissues and cells

Research Results

- A novel method for single-grain-based metabolic profiling of Arabidopsis seed was established.
- Hormone analysis revealed importance of hormone actions in bamboo shoots elongation.
- We improved correlative light and electron microscopy (CLEM) using light microscope and FE-SEM, and developed the applications for sample preparation.

主要論文 / Publications

Sawada, Y. *et al.*
 A novel method for single-grain-based metabolic profiling of Arabidopsis seed.
Metabolomics **13**, 75 (2017)

Gamuyao, R. *et al.*
 Hormone distribution and transcriptome profiles in bamboo shoots provide insights on bamboo stem emergence and growth.
Plant Cell Physiol. **58**, 702-716 (2017)

Atarashi K. *et al.*
 Ectopic colonization of oral bacteria in the intestine drives TH1 cell induction and inflammation.
Science **358**, 359-365. (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
 Kazuki SAITO

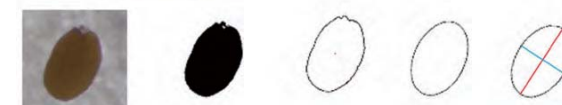
Deputy Unit Leader
 Hitoshi SAKAKIBARA
 Masami HIRAI

Senior Research Scientist
 Kiminori TOYOOKA

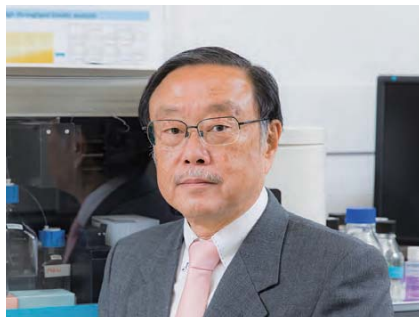
Postdoctoral Researcher
 Kinuka OHTAKA

Technical Scientist
 Mikiko KOJIMA
 Mayuko SATO

Technical Staff
 Makoto KOBAYASHI
 Tetsuya MORI
 Munao SATO
 Ryosuke SASAKI
 Ayako MIYA
 Mayumi WAKAZAKI
 Yumiko TAKEBAYASHI
 Kei HASHIMOTO



Arabidopsis seeds
 The volume of a single grain was calculated based on its photomicrographic image and used for normalization of metabolome data.



グループディレクター / Group Director
長田 裕之 農学博士
Hiroyuki OSADA D.Agr.

ドイツ・マックスプランク研究所と 連携してケミカルバイオロジー研究を 推進します

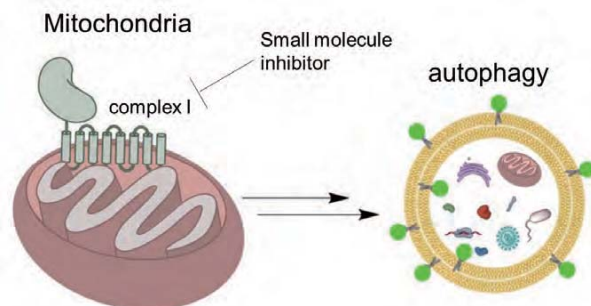
当グループでは、ドイツ・ドルトムートのマックスプランク分子生理学研究所 (MPI of Mol. Physiol. ヘルベルト・ワルドマン教授のグループ) と連携して、ケミカルバイオロジー研究を行っている。互いのグループへ若手研究者を長期滞在させることで緊密にかつ継続した共同研究を行っている。特に連携研究で見出された化合物の細胞内標的の同定を主な解析テーマとして研究を進めている。

研究テーマ

- 生理活性物質の細胞内標的の同定
- 動物細胞に影響を与える小分子化合物の探索と解析
- 新規分子標的の開拓とそれらの機能解析研究

研究成果

- オートファジー阻害物質の探索によりミトコンドリアの呼吸鎖複合体Iを阻害する事でオートファジーを阻害する物質を見出した。
- 細胞内に活性酸素種(ROS)を誘導する新しい小分子化合物を見出し、その作用機構を明らかにした。
- プリン骨格を有するMTH1阻害剤群の構造活性相関研究を行い高い阻害活性を有する分子を得た。



A new autophagy inhibitor inhibited mitochondrial respiration by targeting complex I.

Proceeding the research of systems chemical biology in collaboration with Max Planck Institute in Germany

In collaboration with a group of Max Planck Institute (MPI) of Molecular Physiology (group of Prof. Herbert Waldmann), Dortmund, Germany, we perform chemical biology study. We exchange young researchers each other for the tight and continuous collaboration.

Research Subjects

- Target identification of bioactive compounds
- Screening for small molecules with effects on animal cells and analyses of their mechanisms of action
- Mining and functional analysis of molecular targets

Research Results

- Screening for autophagy inhibitors identified a new autophagy inhibitor that inhibits mitochondrial respiration by targeting complex I.
- We identified novel small molecules that induce ROS (Reactive oxygen species) in cells and revealed the mechanisms of action of them.
- The structure activity relationship of novel purine-based MTH1 inhibitors provided insights for the development of highly potent MTH1 inhibitors.

主要論文 / Publications

Robke, L. *et al.*
Discovery of the novel autophagy inhibitor Aumitin that targets mitochondrial complex I.
Chem. Sci. **9**, 3014-3022 (2018)

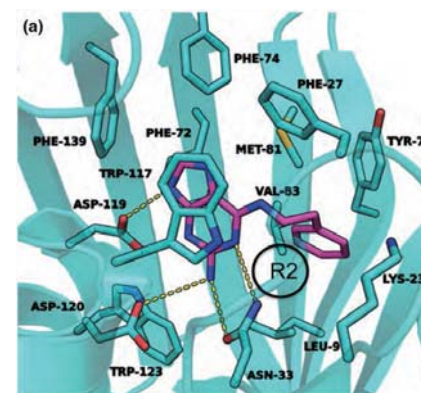
Wilke, J. *et al.*
Identification of cytotoxic, glutathione-reactive moieties inducing accumulation of reactive oxygen species via glutathione depletion.
Bioorg Med. Chem. **26**, 1453-1461 (2018)

Kumar, A., Kawamura, T., Kawatani, M., Osada, H., Zhang, K.Y.L.
Identification and structure-activity relationship of purine derivatives as novel MTH1 inhibitors.
Chem Biol. Drug Des. **89**, 862-869 (2017)

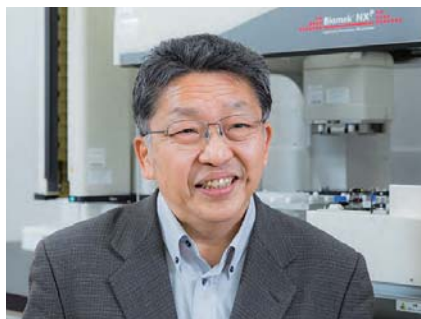
2017年度メンバー / FY2017 Members

Group Director
Hiroyuki OSADA

Senior Research Scientist
Makoto MUROI



Docking-predicted binding mode of MTH1 and its inhibitor molecule



ユニットリーダー / Unit Leader

渡邊 信元 理学博士

Nobumoto WATANABE D.Sci.



細胞増殖に影響を与える小分子を マックスプランク研究所と連携して 探索します

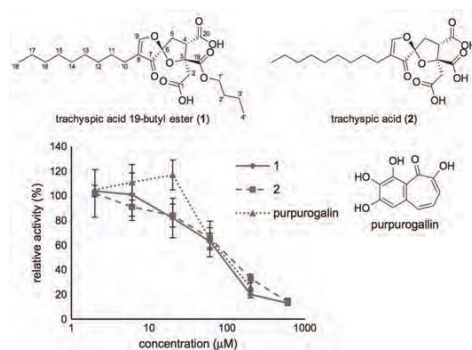
マックスプランク分子生理学研究所 (MPI of Mol. Physiol. ヘルベルト・ワルドマン教授のグループ) と連携し、細胞増殖の基本的な仕組みである細胞周期制御機構をケミカルバイオロジー技術で解析する。例えば、理研から天然化合物ライブラリーをMPIに送り、MPIでは細胞分裂を興味深い状態で停止させる因子を探索し、理研はその化合物に結合するタンパク質因子を同定して作用解析を行う。あるいはMPIの化合物ライブラリーを理研のハイスループット系に供し、細胞周期調節因子阻害剤を見出し、MPIでその詳細な解析を行うといった、化合物・情報・技術の交換を密にした共同研究を行っている。細胞周期調節因子に働く小分子化合物は、その因子の役割を明らかにすることができるだけでなく、がんなどの細胞増殖異常に起因する疾病の分子標的治療薬に応用することが可能である。

研究テーマ

- 細胞増殖に影響を与える小分子化合物の探索と解析
- バイオプローブの標的分子同定
- 新たな分子標的開拓とそれらの阻害剤探索系開発研究

研究成果

- 微生物のフラクションライブラリー探索からPlk1のポロボックスドメイン依存結合阻害活性を有する新規物質を見出した。
- 細胞内でのオートファジーをハイスループットに測定出来る系を構築し、オートファジーを阻害する新規構造を有する物質群を見出した。
- ケモプロテオベース系を利用してオートファジー阻害物質autophinibの分子標的を解析し、脂質リン酸化酵素VPS34を標的とすることを見出した。

Compounds with inhibitory activities
upon PBD dependent binding

Identification of small molecules with effects on cell growth in collaboration with Max Planck Institute in Germany

In collaboration with a group of Max Planck Institute (MPI) of Molecular Physiology (group of Prof. Herbert Waldmann), we study the cell cycle control through the identification of small molecule inhibitors of the proteins that have an important role for the progression of cell division. We propose the collaboration of these two groups by taking the merits of both different approaches by frequently exchanging materials, technologies and information. For example, after sending compounds of RIKEN NPDepo chemical library to MPI, the MPI group will screen for compounds that arrest cell division with interesting phenotypes. Then we will analyze the mechanism of action of the compounds by identifying the target proteins of the compounds. In the opposite way, MPI group will provide their compounds for the screening by the high throughput system of us. The isolated interesting compounds will be deeply analyzed by the MPI cell biology group.

Research Subjects

- Screening for small molecules with effects on cell growth and analyses of their mechanism of action
- Identification of molecular targets of bioprobes
- Mining of novel molecular targets and developments of their ligand isolation system

Research Results

- A novel compound with an inhibitory activity on PBD (Polo Box Domain) dependent binding was identified.
- We established a high throughput screening system to identify small molecules with effects on autophagy.
- We found that a novel autophagy inhibitor, autophinib targets the lipid kinase VPS34 through the analyses of chemoprotease system.

主要論文 / Publications

Nogawa, T. *et al.*
Trachyspic acid 19-butyl ester, a new inhibitor of Plk1 polo box domain-dependent recognition from uncharacterized fungus RKGS-F2684.
J. Antibiotics **70**, 705-707 (2017)

Robke, L. *et al.*
Phenotypic Identification of a Novel Autophagy Inhibitor Chemotype Targeting Lipid Kinase VPS34.
Angew. Chem. Int. Ed. **56**, 8153-8157 (2017)

Watanabe, N., Osada H.
Cell proliferation and differentiation.
Bioprocess 11-35 (2017)

2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader

Nobumoto WATANABE

Senior Research Scientist

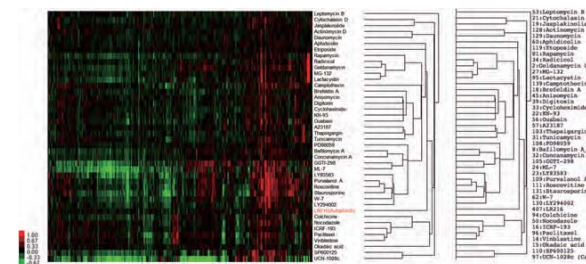
Makoto KAWATANI

Research Scientist

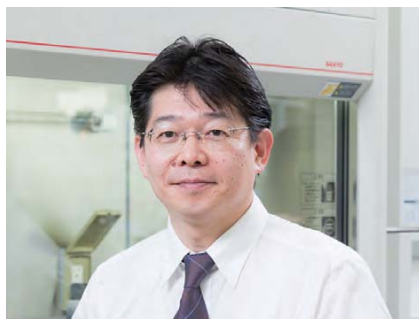
Tatsuro KAWAMURA

Technical Staff

Emiko SANADA



Target identification of LR216 (autophinib)



ユニットリーダー / Unit Leader
高橋 俊二 博士(理学)
Shunji TAKAHASHI D.Sci.

相互ネットワーク形成により ケミカルバイオロジー研究を 推進します

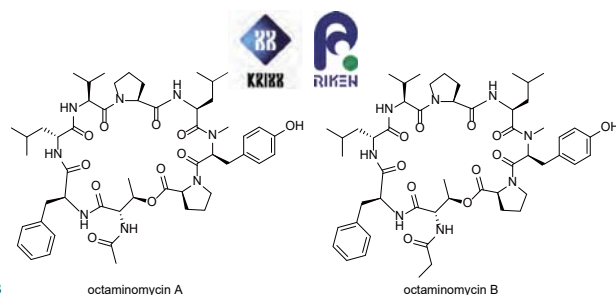
当ユニットは、韓国生命工学研究院 (KRIBB) の抗がん物質研究団 (研究団長・Jong Seog Ahn) と連携し、微生物由来の生理活性物質に関する総合的研究を共同で行っている。新規物質の探索、単離、構造解析などの化学的研究を出発点として、生合成、生物活性評価、作用機作解析などの生物学的研究に至るケミカルバイオロジー研究を通して、創薬シーズの創出を目指す。互いの研究員を交換 (長期滞在) することにより、人的ネットワークの形成も促進する。

研究テーマ

- 生物活性物質の作用標的の同定
- 微生物由来の新規生物活性物質の探索
- 微生物二次代謝産物の生合成機構の解明

研究成果

- *Streptomyces* sp. RK88-1441 により生産される新規ベナドロステン誘導体を同定した。
- 抗 *Plasmodium falciparum* 活性を有するオクタミノマイシン A 及び B を同定した。
- *Pyrenochaetopsis* sp. RK10-F058 により生産されるワコデカリン A 及び B を同定した。



Structures of octaminomycins A and B

Formation of mutual network and promotion of chemical biology study

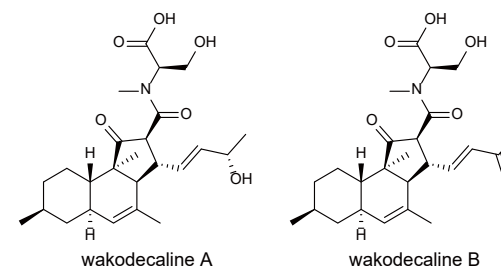
Our unit is collaborating with Anticancer Agent Research Center of KRIBB directed by Dr. Jong Seog Ahn on the integrative research of bioactive compounds derived from microorganisms. The goal of this joint team is the discovery of drug candidate compounds through the chemical biology research from the chemical studies such as screening, isolation and structure determination to the biological studies such as biosynthesis, evaluation of biological activity, and the understanding of the mechanism of action. Exchange and long-term stay of researchers will promote the formation of a human network.

Research Subjects

- Target identification of bioactive compounds
- Screening and isolation of novel bioactive microbial products
- Understanding of biosynthetic mechanism of microbial secondary metabolites

Research Results

- We identified a new benadrostin derivative produced by *Streptomyces* sp. RK88-1441.
- We identified octaminomycins A and B, active against *Plasmodium falciparum*.
- We identified wakodecalines A and B produced by *Pyrenochaetopsis* sp. RK10-F058.



Structures of wakodecalines A and B

主要論文 / Publications

Jang, J.-P. *et al.*
RK-1441, a new benadrostin derivative produced by *Streptomyces* sp. RK88-1441.
J. Antibiot. **70**, 102-104 (2017)

Jang, J.-P. *et al.*
Octaminomycins A and B, cyclic octadepsipeptides active against *Plasmodium falciparum*.
J. Nat. Prod. **80**, 134-140 (2017)

Nogawa, T. *et al.*
Wakodecalines A and B, new decaline metabolites isolated from a fungus *Pyrenochaetopsis* sp. RK10-F058.
J. Antibiot. **71**, 123-128 (2018)

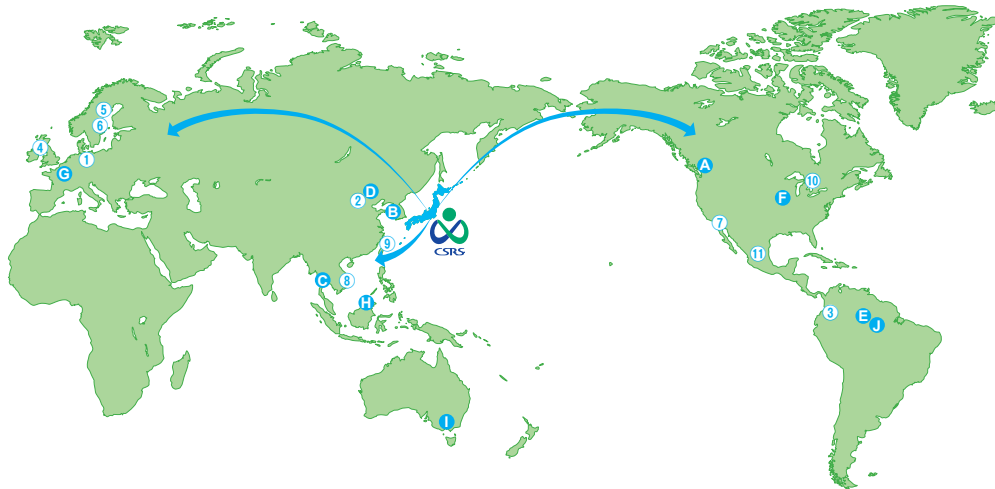
2017年度メンバー / FY2017 Members

Unit Leader
Shunji TAKAHASHI

Research Scientist
Naoki KATO
Toshihiko NOGAWA

研究協力協定 / Research Collaboration Agreements

- ① Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Germany
- ② Beihang University, China
- ③ International Center for Tropical Agriculture, Columbia
- ④ John Innes Centre and the Sainsbury Laboratory, UK
- ⑤ Umeå Plant Science Center, Sweden
- ⑥ KTH Royal Institute of Technology, Sweden
- ⑦ University of California at San Diego, USA
- ⑧ Agricultural Genetics Institute, Viet Nam
- ⑨ National Taiwan Normal University, Taiwan
- ⑩ University of Toronto, Canada
- ⑪ National Laboratory of Genomics for Biodiversity, Cinvestav, Mexico

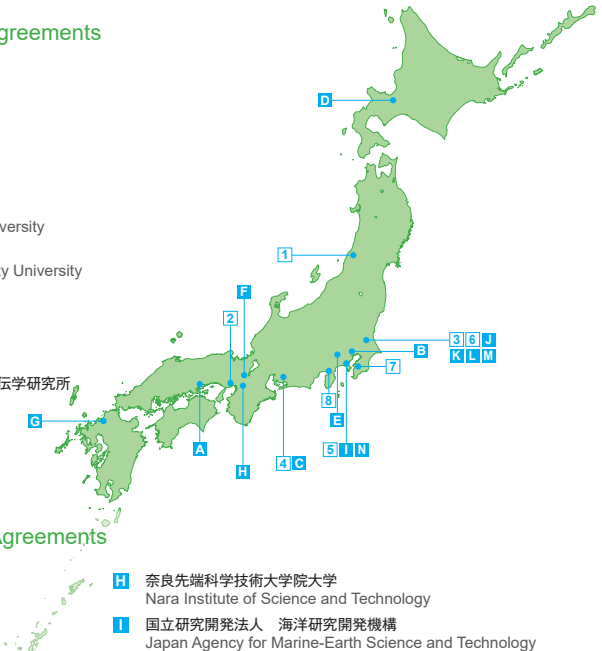


主な共同研究 / Principal Joint Research Agreements

- A The University of British Columbia, Canada
- B Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology, Korea
- C Mahidol University, Thailand
- D Chinese Academy of Sciences, China
- E Brazilian Agricultural Research Corporation, Brazil
- F University of Nebraska-Lincoln, USA
- G National Centre for Scientific Research, France
- H University of Malaysia Sabah, Malaysia
- I The University of Melbourne, Australia
- J University of the State of Amazonas, Brazil

研究協力協定 / Research Collaboration Agreements

- ① 慶應義塾大学
Keio University
- ② 神戸大学大学院工学研究科
Graduate School of Engineering, Kobe University
- ③ 筑波大学
University of Tsukuba
- ④ 名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所
Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University
- ⑤ 横浜市立大学 木原生物学研究所
Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University
- ⑥ 国立研究開発法人 森林総合研究所
Forestry and Forest Products Research Institute
- ⑦ 公益財団法人 かずさDNA研究所
Kazusa DNA Research Institute
- ⑧ 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
National Institute of Genetics



主な共同研究 / Principal Joint Research Agreements

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

連携大学院

Cooperative Graduate Schools

- | | |
|---|---|
| ① 横浜市立大学大学院生命医科学研究科／
生命ナノシステム科学研究科(木原生物学研究所) | Graduate School of Medical Life Science / Graduate School of Nanobioscience
(Kihara Institute for Biological Research), Yokohama City University |
| ② 名古屋大学大学院生命農学研究科 | Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University |
| ③ 東京大学大学院
農学生命科学研究科／理学系研究科 | Graduate School of Agricultural and Life Sciences / Graduate School of Science,
The University of Tokyo |
| ④ 埼玉大学大学院理工学研究科 | Graduate School of Science and Engineering, Saitama University |
| ⑤ 京都大学大学院理学研究科 | Graduate School of Science, Kyoto University |
| ⑥ 東京工業大学物質理工学院 | School of Materials and Chemical Technology, Tokyo Institute of Technology |
| ⑦ 立教大学大学院理学研究科 | Graduate School of Science, Rikkyo University |
| ⑧ 東京電機大学大学院工学研究科 | Graduate School of Engineering, Tokyo Denki University |
| ⑨ 東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科 | Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University |
| ⑩ 首都大学東京大学院理工学研究科 | Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Metropolitan University |
| ⑪ 群馬大学大学院理工学府 | Graduate School of Science and Technology, Gunma University |

当センターでは下記連携をはじめ、これまでに培った知見や技術の実用化を目指し、50社の企業と共同研究を実施しています。

CSRS conducts collaborative research with 50 companies with the aim of practical application of our knowledge and technologies.

横浜ゴム(株) / 日本ゼオン(株)

合成ゴムの材料イソプレンの生物による効率的な生産



**The Yokohama Rubber Co., Ltd.
Zeon Corporation**

Efficient production of isoprene, a synthetic rubber material,
by organism

(株)ユーグレナ

微細藻のバイオ燃料増産のための技術開発



© euglena Co., Ltd.

euglena Co., Ltd.

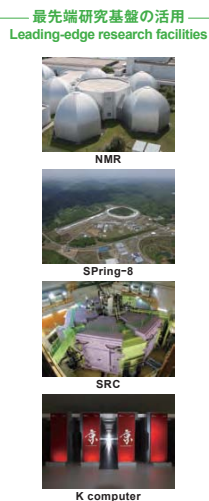
Technology development for biofuel production increase
from microalgae

理研所内連携

RIKEN Internal collaborations

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

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



As of Mar. 2018

G: グループ / RG: Research Group RT: Research Team RU: Research Unit U: Unit

Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2017.04.05	Plant Genes Important for Agrobacterium-mediated Plant Transformation	Prof. Stanton B. Gelvin	Department of Biological Sciences, Purdue University, USA	CSRS Yokohama Seminar Series (Plant Genomic Network RT)
	VIP1 and its family members are not important for Agrobacterium-mediated transformation	Dr. Lan-Ying Lee		
2017.04.05	Metabolic engineering to polymer science: Next-generation polyhydroxyalkanoates (PHAs) for biomedical research	Prof. Dr. Christopher T. Nomura	College of Environmental Science and Forestry, The State University of New York, USA	CSRS Wako Seminar Series (Enzyme RT)
2017.04.10	Deciphering convergent evolution at a molecular level	Dr. Kenji Fukushima	Department of Biochemistry & Molecular Genetics, School of Medicine, University of Colorado Denver, US	Plant Immunity RG
2017.04.12	Conserved cold shock domain proteins enhance reprogramming in land plants and metazoans	Dr. Yosuke Tamada	Division of Evolutionary Biology, National Institute for Basic Biology	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2017.04.25	アブラナ科野菜根こぶ病菌に関する研究の現状	田中 秀平	名誉教授 山口大学農学部	植物免疫研究 G
2017.05.09	Florigen, its antagonists and plant domestication	Dr. Yuval Eshed	Department of Plant and Environmental Sciences, Weizmann Institute of Science, Israel	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2017.05.10	Highly Reactive Heavy Alkaline-Earth Complexes for Hydroelementation and Dehydrocoupling Catalysis	Prof. Jean-François Carpentier	Department of Chemistry, University of Rennes 1, France	Advanced Catalysis RG
2017.05.15	Analyses of infection mechanisms of plant parasitic root-knot nematodes, <i>M. incognita</i>	Prof. Shinichiro Sawa	Graduate School of Science and Technology, Kumamoto University	CSRS Yokohama Seminar Series (Plant Symbiosis RT)
2017.05.22	Computational Physics and Chemistry: Our recent activity from Industrial Applications to Category Theory	Dr. Shinichiro Nakamura	Nakamura Laboratory, RIKEN Cluster for Industry Partnerships	CSRS Wako Seminar Series (Enzyme RT)
2017.05.26	Synthesis of water-soluble fullerene derivatives and bioapplication	Prof. Yoko Yamakoshi	Department of Chemistry and Applied Biosciences, ETH Zurich, Switzerland	Catalysis and Integrated RG
	Chemical Synthesis of Very Large Molecules	Prof. Jeffrey W. Bode		
2017.06.01	Genome and transcriptome analysis of biomass plants and construction of their databases	Dr. Yuko Makita	Synthetic Genomics Research Group, RIKEN CSRS	CSRS Wako Seminar Series (Natural Product Biosynthesis RU)
2017.06.06	Regulation of plant Cl channels and role of bacterial K/Cs transporters	Prof. Nobuyuki Uozumi	Graduate School of Engineering, Tohoku University	CSRS Yokohama Seminar Series (Regulatory Network RU)
2017.06.21	Identifying cell types and subpopulations by single cell RNA-seq	Dr. Aki Minoda	Epigenome Technology Exploration Unit, RIKEN CLST	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2017.06.22	Detecting core microbiomes for designing natural and agricultural ecosystems	Dr. Hirokazu Toju	Center for Ecological Research, Kyoto University	Plant Immunity RG
	Claident: A high-throughput analysis pipeline for metabarcoding and DNA barcoding studies	Dr. Akifumi S. Tanabe		
2017.06.23	Chemical Epigenetics - Inhibiting readers and erasers of the epigenetic code	Prof. Manfred Jung	Institute of Pharmaceutical Sciences, University of Freiburg, Germany	Seed Compounds Exploratory U for Drug Discovery Platform
2017.06.29	Identification of a non-canonical de novo DNA methylation pathway regulating dormancy-specific imprinting and cold-induced dormancy	Dr. Luis Lopez-Molina	Department of Plant Biology, University of Geneva, Switzerland	CSRS Yokohama Seminar Series (Dormancy and Adaptation RU)
2017.07.06	Long-range symplastic calcium transmission in plants	Dr. Masatsugu Toyota	Saitama University / University of Wisconsin-Madison, USA	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2017.07.07	Natural Products Total Synthesis Using Photo-reactions	Prof. Shuanhu Gao	School of Chemistry and Molecular Engineering, East China Normal University, China	Advanced Catalysis RG
2017.07.13	Flowers, hairs, and insects - trials of non-model plant researches	Dr. Seiji Takeda	Graduate School of Life and Environmental Sciences, Kyoto Prefectural University	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2017.07.18	Functions of noncoding RNAs in plant growth and development	Prof. Nam-Hai Chua	Rockefeller University, USA / National University of Singapore, Singapore	CSRS
2017.07.19	Klebsormidium as model alga to study primitive terrestrial adaptation	Dr. Koichi Hori	School of Life Science and Technology, Tokyo Institute of Technology	Dormancy and Adaptation RU
2017.07.21	Functional analyses of the Arabidopsis type-B cytokinin response regulators ARR1, ARR10 and ARR12 in plant responses to drought	Dr. Chien Van Ha	Plant Genomic Network Research Team, RIKEN CSRS	CSRS Wako Seminar Series (Enzyme RT)
2017.08.02	Grafting for systemic signaling studies	Dr. Michitaka Notaguchi	Graduate School of Bioagricultural Sciences & ITbM, Nagoya University	CSRS Yokohama Seminar Series (Plant Genomic Network RT)

Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2017.08.18	Biochemical dissection of stomatal ABA signaling: From the receptor to DNA	Dr. Yohei Takahashi	University of California, San Diego, USA	Synthetic Genomics RG
2017.08.29	Carbon and Catalysis	Prof. Tiow-Gan Ong	Institute of Chemistry, Academia Sinica, Taiwan	Advanced Catalysis RG
2017.08.30	Bursaphelenchus okinawensis: an emerging genetic model for plant-parasitic nematodes	Dr. Ryoji Shinya	Department of Agriculture, Meiji University	Plant Immunity RG
2017.09.05	Chemoselective Manipulation of Boryl Groups With or Without Metals	Prof. Pengfei Li	Center for Organic Chemistry, Frontier Institute of Science and Technology, Xi'an Jiaotong University, China	Advanced Catalysis RG
2017.09.07	Tomato root gene expression atlas	Dr. Kaisa Kajala	Utrecht University, the Netherland	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
	The dynamics of molecular and cellular processes in the maize leaf growth zone in well-watered and drought conditions	Dr. Hilde Nelissen	VIB, Belgium	
	Stressed! How plants cope through dynamic responses	Dr. José R. Dinnery	Carnegie Institution for Science, USA	
2017.09.07	Application of plant cell, tissue and organ culture methodology for manipulation of plant stem cells	Prof. Shinjiro Ogita	Faculty of Life and Environmental Sciences, Prefectural University of Hiroshima	Enzyme RT
2017.09.11	Redox Switchable Catalysis	Prof. Paula L. Diaconescu	Chemistry & Biochemistry Department, University of California, Los Angeles, USA	Advanced Catalysis RG
2017.09.27	Exploring the impact of protein acylation on the biology of bacteria	Dr. Saori Kosono	Biotechnology Research Center, The University of Tokyo	CSRS Wako Seminar Series (Molecular Ligand Target RT)
2017.09.29	The plant guard cell as a paradigm for the analysis of immunity and pathogen virulence	Dr. Brad Day	Department of Plant, Soil and Microbial Sciences, Michigan State University	CSRS Yokohama Seminar Series (Plant Immunity RG)
	Modularity in Jasmonate Signaling for Multi-stress Tolerance	Dr. Gregg A. Howe	Department of Biochemistry and Molecular Biology, Michigan State University	
	Regulation of Freezing Tolerance and Salicylic Acid-Mediated Immunity by Arabidopsis CAMTA Transcription Factors	Dr. Michael Thomashow	Department of Plant, Soil and Microbial Sciences / Department of Microbiology and Molecular Genetics, Michigan State University, USA	
	The Genetic and Physiological Basis of Adaptation to Divergent Habitats	Dr. David B. Lowry	Department of Plant Biology, Michigan State University, USA	
2017.10.04	Interplay between phosphorylation and ubiquitination in plant immune signaling	Dr. Jacqueline Monaghan	Plant Biology, Queen's University, Canada	Plant Immunity RG
2017.10.05	KWS – a different kind of plant breeding company with research institutes in US and Europe	Dr. Derek Bartlem	KWS Gateway Research Center, USA	Plant Immunity RG
2017.10.24	Glasstransition behaviours in silk and the exploration of engineering applications of silk materials	Prof. Juan Guan	School of Material Sciences and Engineering, Beihang University, China	Enzyme RT
2017.10.24	Role of DNA methylation in reproductive success	Dr. Daniel Bouyer / Souraya Khouider	Epigenetics & Epigenomics, Institut de Biologie de l'ENS, France	Cell Function RT
2017.10.24	Genome-wide association study of drought tolerance and gene cloning in maize seedlings	Prof. Feng Qin	College of Biological Sciences, China Agricultural University, China	Biomass Research Platform T
2017.10.24	Effector-triggered defence against apoplastic fungal pathogens of oilseed rape	Dr. Henrik Stotz	School of Life and Medical Sciences, University of Hertfordshire, UK	Plant Immunity RG
2017.10.26	Protein-Like Inorganic Nanoparticles for Orbital Controlled Electrocatalysis and Chiral Plasmonics	Prof. Ki Tae Nam	Seoul National University, Korea	Biofunctional Catalyst RT
2017.10.31	Rare-Earth-Catalyzed C-H Bond Activation for Organic Synthesis and Olefin Polymerization	Dr. Masayoshi Nishiura	Advanced Catalysis Research Group, RIKEN CSRS	CSRS Wako Seminar Series (Biofunctional Catalyst RT)
2017.12.13	Development of polyion complex vesicle (PICsome) for biomedical applications	Prof. Akihiro Kishimura	Department of Applied Chemistry, Faculty of Engineering, Kyushu University	Enzyme RT
2017.12.14	New Insights into the Basis of Innate Immunity in Plants	Dr. Scott C. Peck	Biochemistry Department, University of Missouri, USA	Plant Immunity RG
2017.12.15	Coupling growth and identity specification of auxin-induced organogenesis	Dr. Teva Vernoux	Developpement des Plantes, ENS de Lyon, France	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
2017.12.19	Different Perspectives of Compound Screening from Chemical-based to Receptor-based Screening	Dr. Ratkiao Siriwach	Kyoto University	Metabolic Systems RT
2017.12.20	The Ancient Transcription Factor ZHOUP1 Controls An Evolutionary Innovation In <i>Marchantia</i>	Dr. Justin Goodrich	Institute of Molecular Plant Science, University of Edinburgh, UK	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)

RG: Research Group RT: Research Team RU: Research Unit T: Team U: Unit					Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
					2017.12.20	Imaging and Manipulation of Temperature in Living Cells: Uncovering Unique Mechanism of Intracellular Thermal Signaling	Dr. Kohki Okabe	Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo	CSRS Wako Seminar Series (Catalysis and Integrated RG)
					2017.12.27	Developing a sustainable seed system for cassava in Southeast Asia	Dr. Hiroki Tokunaga	Plant Genomic Network Research Team, RIKEN CSRS	CSRS Yokohama Seminar Series (Plant Genomic Network RT)
					2018.01.05	CO ₂ capture and utilization; introduction of materials and analytical methods developed in our lab	Prof. Yu Hoshino	Department of Chemical Engineering, Faculty of Engineering, Kyushu University	Enzyme RT
					2018.01.09	Recent UAV Image Analysis Methods and Applications to Urban Monitoring and Precision Farming	Dr. Farid Melgani	Information Engineering and Computer Science, Trento University, Italy	Cellulose Production RT
					2018.01.16	Sustainable production of industrial chemicals through combination of chemo- and biocatalysis	Prof. Dr. Harald Gröger	Faculty of Chemistry, Bielefeld University, Germany	Green Nanocatalysis RT
					2018.01.16	Synthetic chromatin acylation promoted by chemical catalyst systems	Prof. Dr. Motomu Kanai	Graduate School of Pharmaceutical Sciences, The University of Tokyo	Catalysis and Integrated RG
					2018.01.18	Development of the third generation hybrid seed production technology for rice and wheat	Prof. Xing Wang Deng	School of Advanced Agricultural Sciences and School of Life Sciences, Peking University, China	Synthetic Genomics RG
					2018.01.19	Plant aging and senescence: The other half of a life history	Prof. Hong Gil Nam	Institute for Basic Science / Daegu Geongbuk Institute of Science and Technology, Korea	Synthetic Genomics RG
					2018.01.19	Circadian Timing Mechanisms in Seasonal Flowering	Dr. Takato Imaizumi	Department of Biology, University of Washington, USA	CSRS Yokohama Seminar Series (Cell Function RT)
						Plant Strategies for enhancing access to sunlight	Dr. Christian Fankhauser	Center for Integrative Genomics, University of Lausanne, Switzerland	
					2018.01.23	The plant defense hormone salicylic acid is required for Arabidopsis shade avoidance	Dr. Kazunari Nozue	Department of Plant Biology, University of California Davis, USA	Plant Immunity RG
						Reproducibility and transparency of your experiments using free web-based tools			
					2018.01.26	A chemical genetic roadmap to improved tomato flavor	Prof. Harry J. Klee	Horticultural Sciences Department, University of Florida, USA	Metabolomics RG
					2018.02.09	Sequencing 1,000 spiders to elucidate the design mechanisms of spider silk proteins and elucidating the molecular mechanisms of extemo-tolerance of tardigrades	Prof. Dr. Kazuharu Arakawa	Institute for Advanced Biosciences, Keio University	CSRS Wako Seminar Series (Enzyme RT)
					2018.02.22	Open Software, Data, and Computing Frameworks to Advance High Throughput Phenomics and Agricultural Forecasting	Dr. David LeBauer	National Center for Supercomputing Applications, University of Illinois, Urbana-Champaign, USA	Cellulose Production RT
					2018.02.22	High throughput drug screening and the dissection of the Rhoquinone synthesis pathway in <i>C.elegans</i>	Prof. Andrew Fraser	The Donnelly Centre, University of Toronto, Canada	Seed Compounds Exploratory U for Drug Discovery Platform
					2018.03.06	Yeast evolutionary history and natural variation revealed by 1,011 genomes	Dr. Joseph Schacherer	Laboratory of Molecular Genetics, Genomics and Microbiology, Université de Strasbourg, France	Chemical Genomics RG
					2018.03.08	Artificial Photosynthesis by Light Absorption, Charge Separation, and Photoredox Catalysis	Prof. Han Sen Soo	Nanyang Technological University, Singapore	Advanced Catalysis RG
					2018.03.09	Stereoselective Functionalization of Unsaturated Hydrocarbons	Prof. Uttam K. Tambar	The University of Texas Southwestern Medical Center, USA	Catalysis and Integrated RG
					2018.03.09	Understanding Biochemical Mechanism in Natural Product Biosynthesis	Dr. Tomohisa Kuzuyama	Biotechnology Research Center, The University of Tokyo	CSRS Wako Seminar Series (Natural Product Biosynthesis RU)
					2018.03.12	The Efficient Outer Sphere Hydrogenation of Carbonyl Containing Substrates: Some New Insights	Prof. John C. Gordon	Chemistry Division, Los Alamos National Laboratory, USA	Advanced Catalysis RG
					2018.03.13	The Regulation and Evolution of Transcription in Chloroplasts	Prof. Takashi Shiina	Graduate School of Life and Environmental Sciences, Kyoto Prefectural University	Enzyme RT
					2018.03.15	Latest Capabilities & Future Directions of Long-read PacBio Sequencing	Dr. Jonas Korlach	Pacific Biosciences	Plant Immunity RG
					2018.03.19	NIN-LIKE PROTEIN8 transcription factor activates expression of CYP707A2 in nitrate-promoted seed germination in Arabidopsis	Dr. Eiji Nambara	University of Toronto, Canada / Tokyo University of Agriculture and Technology	CSRS Yokohama Seminar Series (Dormancy and Adaptation RU)

2017.04.20-21
2016年度CSRS研究プロジェクト成果報告会
理研 和光／横浜事業所
FY2016 RIKEN CSRS Annual Research Project Progress Report
RIKEN Wako/Yokohama Campus



2017.04.22
理研 和光事業所 一般公開
理研 和光事業所
RIKEN Wako Campus Open Day
RIKEN Wako Campus



2017.04.23-26
第6回システムズケミカルバイオロジー合同シンポジウム
パシフィックホテル沖縄
The 6th RIKEN-Max Planck Joint Research Center for Systems Chemical Biology Symposium
Pacific Hotel Okinawa



2017.06.13
理研と名古屋大学が連携・協力の推進に関する基本協定締結
RIKEN and Nagoya University sign Memorandum of Agreement

2017.06.19-23
国際シロイヌナズナ研究会議
アメリカ St. Louis, Missouri
The 28th International Conference on Arabidopsis Research
Hyatt Regency, St. Louis, Missouri, America

2017.06.20
分子構造解析2017: MSとNMRの基礎と実践
理研 和光事業所
Molecular Structure Characterization 2017: Basics and Practical Application of MS and NMR
RIKEN Wako Campus

2017.07.06
理研と水産研究・教育機構が連携・協力に関する協定を締結
RIKEN and Japan Fisheries Research and Education Agency sign Memorandum of Agreement

2017.08.02-03
こども霞が関見学デー
文部科学省
Kasumigaseki Kids Day
Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology



2017.08.28
林芳正 文部科学大臣が横浜地区を視察
理研 横浜事業所
Minister of the MEXT visited RIKEN Yokohama Campus
RIKEN Yokohama Campus

2017.09.16-17
横浜市立サイエンスフロンティア高等学校文化祭
横浜市立サイエンスフロンティア高等学校
School Festival of the Yokohama Science Frontier High School
Yokohama Science Frontier High School



2017.09.23
理研 横浜地区 一般公開
理研 横浜事業所
RIKEN Yokohama Campus Open Day
RIKEN Yokohama Campus



2017.10.04-06
アグリビジネス創出フェア2017
東京ビックサイト
Agribusiness Creation Fair 2017
Tokyo Big Sight



2017.11.02
2017年度CSRS研究プロジェクト中間報告会
理研 和光事業所
FY2017 RIKEN CSRS Interim Progress Report
RIKEN Wako Campus



2017.11.15
第8回植物電顕若手ワークショップ
理研 横浜事業所
The 8th Plant Electron Microscopy young workshop
RIKEN Yokohama Campus

2017.11.27
CSRSの研究者8名が「Highly Cited Researchers 2017」に選出
CSRS researchers have been selected for Highly Cited Researchers 2017

2017.12.04
植物科学シンポジウム2017
東京大学弥生講堂 一条ホール
Plant Science Symposium 2017
The University of Tokyo, Yayoi Auditorium, Ichijo Hall

2017.12.12
第18回分析・解析技術と化学の最先端
理研 和光事業所
Frontiers on Chemistry and Analytical Technology (XVIII)
RIKEN Wako Campus

2017.12.14
お茶の水女子大学附属高等学校出張講座
お茶の水女子大学附属高等学校
Visiting Lecture at Ochanomizu University Senior High School
Ochanomizu University Senior High School



2017.12.25
理研と農業・食品産業技術総合研究機構が連携・協力に関する協定を締結
RIKEN and National Agriculture and Food Research Organization sign Memorandum of Agreement

2018.01.15
第4回CSRS-ITbM合同ワークショップ with Kihara
理研 横浜事業所
The 4th CSRS-ITbM Joint Workshop with Kihara
RIKEN Yokohama Campus



2017.06.27

植物ゲノム発現研究T / Plant Genomic Network RT

植物に酢酸を与えると乾燥に強くなるメカニズムを発見

Vinegar: a cheap and simple way to help plants fight drought

乾燥ストレス応答時の植物体内の代謝変化を調べ、乾燥に応答して酢酸が積極的に作り出されていることを発見し、この酢酸合成開始には植物のエピジェネティック因子が活性化のスイッチとして働いていることや、酢酸を与えることで、さまざまな植物で乾燥耐性が強化されることを見いだしました。本成果は、遺伝子組み換え植物に頼らず、植物に酢酸を与えるだけで、急激な乾燥や干ばつに対処できる簡便・安価な農業的手法として役立つことが期待されます。

RIKEN CSRS found that plants under drought stress produce acetate, the main component of vinegar. Further analysis showed that epigenetic factor acts as a switch of this activation. Not only did they discover that external application of acetate can enhance drought tolerance in Arabidopsis plants, but they also found that this pathway is regulated epigenetically and conserved in useful crops such as maize, rice, and wheat. External application of acetate to plants which does not depend on transgenic technologies is expected to be a useful, simple, and less expensive way to enhance drought tolerance in a variety of plants.



酢酸による植物の乾燥耐性強化
Acetic acid enhances plant drought tolerance

Original article

Acetate-mediated novel survival strategy against drought in plants.
Nature Plants. 3, 17097 (2017)

2017.07.22

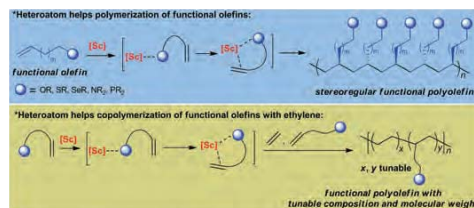
先進機能触媒研究G / Advanced Catalysis RG

機能性ポリオレフィンの合成・制御に成功

Success in synthesizing functional polyolefins in a controllable way

希土類金属がヘテロ原子に対し特異な親和力を持つことに着目し、希土類に属するスカンジウムやイットリウムなどと、酸素や硫黄などのヘテロ原子との特異な相互作用を生かした触媒設計や分子設計を行うことで、ヘテロ原子を含む α -オレフィンとエチレンとの共重合を任意の混合比で実現し、さまざまなヘテロ原子を含む高分子量の機能性ポリオレフィンの合成に成功しました。得られたポリマー材料はポリオレフィン部位と極性ユニットの両方を任意の割合で持つため、少量の添加で効果を発揮する環境調和型のポリオレフィン改質剤としての用途展開に加え、従来のポリオレフィンとさまざまな極性ポリマー材料などをつなぐ、異種材料の接着剤としての応用が期待できます。

By designing catalysts and functional olefin molecules that enable specific interactions between rare-earth metals such as scandium and yttrium and heteroatoms such as oxygen and sulfur, RIKEN CSRS was able to copolymerize heteroatom-containing α -olefins with ethylene at the desired ratios to synthesize high molecular weight functional polyolefins with various heteroatoms. The resulting polymer materials have both polyolefin moieties and polar units at the desired ratios, allowing for application as environmentally friendly polyolefin modifiers in small amounts to achieve the desired effects, as well as for applications as adhesives to connect polyolefins with various kinds of polar polymer materials.



希土類金属触媒によるエチレンと極性モノマーとの共重合反応
Heteroatom-assisted Olefin Polymerization

Original article

Heteroatom-assisted olefin polymerization by rare-earth metal catalysts.
Science Advances. 3, e1701011 (2017)

2017.07.25

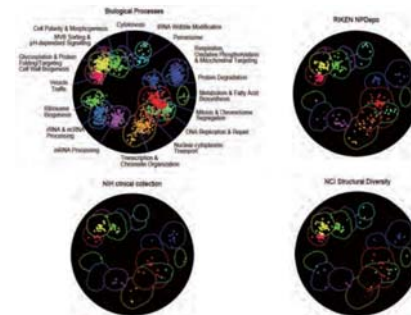
化合物の標的機能を決定するツールを開発

Scientists Enlist Baker's Yeast to Find New Medicines

分子リガンド標的の研究T / Molecular Ligand Target RT
ゲミカルゲノミクス研究G / Chemical Genomics RG
ゲミカルバイオロジー研究G / Chemical Biology RG
化合物リソース開発研究U / Chemical Resource Development RU

出芽酵母の遺伝子破壊株セットについて化合物の感受性を測定し、その情報を「合成致死性」の遺伝子データベースと照合することにより、化合物が標的とする遺伝子産物(タンパク質)とその機能を予測/同定できることを示しました。さらに、この簡便な化学遺伝学アプローチと「バーコードシークエンス法」を組み合わせることで、数百の化合物の標的分子の予測/同定を迅速に効率よく行う方法を確立しました。今回開発した無作為的に化合物の標的分子機能を予測/同定する方法は、新規かつ未知の有用化合物の作用メカニズムの解明を迅速に進めるための非常に有効な手段になると期待できます。

RIKEN CSRS, in collaboration with the University of Toronto, the University of Tokyo and the University of Minnesota developed a new chemical genetics approach to link a drug to the cellular process it acts on. This has the potential to accelerate target discovery with help from yeast cells, which are a simpler version of human cells but are far better understood at the molecular level. Using their chemical genetics platform, they were able to predict the cellular pathways that are targeted by thousands of compounds from seven different chemical libraries, including collections from the RIKEN Natural Product Depository, the U.S. National Cancer Institute, and the National Institute of Health. By visualizing the predicted targets of these libraries on the genetic interaction network, the researchers could easily show the potential bioprocesses that these libraries are likely to target. This gives us a head start on linking a compound to its molecular target, which is perhaps the most challenging part of drug discovery.



出芽酵母の遺伝子-遺伝子相関性と化合物-遺伝子相関性
The global genetic interaction similarity network (top, left) and chemical genetic interaction profiles for chemical compounds derived from the indicated collection

Original article

Functional Annotation of Chemical Libraries across Diverse Biological Processes.
Nature Chemical Biology. 13, 982-993 (2017)

2017.10.27

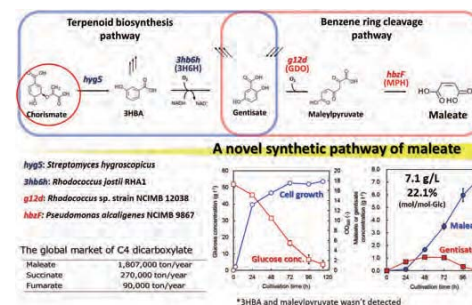
細胞生産研究T / Cell Factory RT

大腸菌を用いたマレイン酸合成法の開発

Using *E. coli* to synthesize maleic acid

放線菌のポリケタイド合成経路と芳香族化合物分解菌の保有する経路を組み合わせ、大腸菌細胞内に新規マレイン酸合成経路を構築し、バイオマス資源の構成成分であるグルコースから直接マレイン酸を合成することに成功しました。また、細胞内の代謝経路を最適化することにより、その生産量を、単純に合成経路を導入した株と比較して250倍以上に引き上げることにも成功しました。今後、生産速度や生産収率を改善し大規模培養プロセスを適用できれば、マレイン酸生産プロセスの一部をバイオプロセスに置き換えることが可能です。化石資源を用いない、バイオマス資源を原料としたマレイン酸生産を実現することで、低炭素社会実現への貢献が期待できます。

RIKEN CSRS succeeded in combining the polyketide synthesis pathway from actinomycetes and the aromatic compound-degrading pathway in bacteria to construct a novel maleic acid synthesis pathway in *E. coli* cells that synthesizes maleic acid directly from glucose, a component of biomass resources. By also optimizing the intracellular metabolic pathway, researchers succeeded in raising production more than 250 times over non-optimized strains to give a 37 percent yield. If production rates and yields can be modified to accommodate large-scale culturing processes, a portion of chemical maleic acid production can be replaced with bioprocess production, thereby providing a great contribution to the realization of a low-carbon society.



新規マレイン酸合成経路
A novel maleate biosynthesis from chorismate, and bioproduction with a recombinant *Escherichia coli*

Original article

Engineering a synthetic pathway for maleate in *Escherichia coli*.
Nature Communications. 8, 1153 (2017)

Date	タイトル / Title	研究室 / Lab
2017.04.04	干ばつに強いイネの実証栽培に成功 Enhanced drought tolerance in rice confirmed	機能開発研究G Gene Discovery RG
2017.04.06	ニッケル錯体触媒の電子構造を可視化 Visualizing the electronic structure of a nickel complex catalyst	触媒・融合研究G / 先進機能元素化学研究T Catalysis and Integrated RG / Advanced Elements Chemistry RT
2017.04.18	植物のエピジェネティクス変化をリアルタイムに捉えることに成功 Real-time visualization of plant epigenetic dynamics	植物ゲノム発現研究T / ケミカルゲノミクス研究G Plant Genomic Network RT / Chemical Genomics RG
2017.04.28	深海熱水系は「天然の発電所」深海熱水噴出孔周辺における自然発生的な発電現象を実証 Deep-sea Hydrothermal Systems are "Natural Power Plants"	生体機能触媒研究T Biofunctional Catalyst RT
2017.05.02	寄生植物は植物ホルモンを使い宿主を太らせる Parasitic plants employ plant hormones to "fatten" their hosts	植物免疫研究G Plant Immunity RG
2017.05.17	植物への病原菌感染に新機構 A novel bacterial infection mechanism in plants	触媒・融合研究G Catalysis and Integrated RG
2017.05.23	化合物の標的分子の同定を効率化 Efficient identification of compound target molecules	ケミカルゲノミクス研究G Chemical Genomics RG
2017.05.29	植物の環境適応の過程で「水を取るか、病害菌から身を守るか」決め手となった仕組みを解明 Shedding light on how plants choose water or protecting themselves against pathogens	機能開発研究G / 生産機能研究G Gene Discovery RG / Plant Productivity Systems RG
2017.06.14	セリン合成の新しい制御機構を発見 A novel regulatory mechanism for serine biosynthesis	代謝システム研究T Metabolic Systems RT
2017.06.27	植物に酢酸を与えると乾燥に強くなるメカニズムを発見 Vinegar: a cheap and simple way to help plants fight drought	植物ゲノム発現研究T Plant Genomic Network RT
2017.07.03	エタノールが植物の耐塩性を高めることを発見 Ethanol enhances plant high-salinity stress tolerance	植物ゲノム発現研究T Plant Genomic Network RT
2017.07.18	植物細胞の伸長を促進する新しいタンパク質を発見 A protein that helps plant cell elongation	機能開発研究G Gene Discovery RG
2017.07.22	機能性ポリオレフィンの合成・制御に成功 Success in synthesizing functional polyolefins in a controllable way	先進機能触媒研究G Advanced Catalysis RG
2017.07.25	化合物の標的機能を決定するツールを開発 Scientists Enlist Baker's Yeast to Find New Medicines	分子リガンド標的研究T / ケミカルゲノミクス研究G ケミカルバイオロジー研究G / 化合物リソース開発研究U Molecular Ligand Target RT / Chemical Genomics RG Chemical Biology RG / Chemical Resource Development RU
2017.07.25	サイトカニン輸送による植物成長促進制御の新たなしくみを発見 A discovery of new role of cytokinin transport fine-tuning plant growth	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
2017.08.01	植物の新しい環境ストレス適応機構の発見 Discovery of a novel abiotic stress adaptation mechanism in plants	植物ゲノム発現研究T Plant Genomic Network RT
2017.08.11	セルロース合成の足場増やす遺伝子を発見 A novel gene that increases cellulose synthesis	質量分析・顕微鏡解析U Mass Spectrometry and Microscopy U
2017.08.18	種子の寿命をコントロールする Controlling the longevity of seeds	適応制御研究U / セルロース生産研究T Dormancy and Adaptation RU / Cellulose Production RT
2017.08.24	沖縄三大高級魚シリアラの効率的給餌法にヒント Hints for efficient feeding methods for the leopard coral grouper	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT
2017.09.15	血糖値をさげる新しい化合物を同定 A novel blood glucose-lowering compound	化合物リソース開発研究U Chemical Resource Development RU
2017.09.19	植物に乾燥・高温耐性を付与する転写因子DREB2Aが活性化する仕組みを解明 Understanding how transcription factor DREB2A gives plants drought and heat tolerance	機能開発研究G Gene Discovery RG
2017.09.20	哺乳類の受精における精子ゲノム再構築機構を解明 Elucidation of paternal genome reprogramming in mammalian zygotes	生命分子解析U Biomolecular Characterization U
2017.09.27	植物二次代謝産物の生合成遺伝子の推定を簡便に A simple method for estimating biosynthetic genes for secondary metabolites	機能開発研究G / 統合メタボロミクス研究G 植物ゲノム発現研究T Gene Discovery RG / Metabolomics RG Plant Genomic Network RT
2017.10.06	かび毒の生産制御機構 The production control mechanisms of a mycotoxin	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
2017.10.20	口腔常在菌の中には、異所性に腸管に定着すると免疫を活性化するものがある Certain oral bacteria activate an immunological response when ectopically colonizing the gut	質量分析・顕微鏡解析U Mass Spectrometry and Microscopy U

G:グループ T:チーム U:ユニット / RG:Research Group RT:Research Team RU:Research Unit U:Unit			
Date	タイトル / Title	研究室 / Lab	
2017.10.20	イネやバイオマス作物を脅かす紋枯病から身を守るための植物免疫機構を解明 Salicylic acid-dependent immunity contributes to plant sheath blight resistance	セルロース生産研究T Cellulose Production RT	
2017.10.23	チロシンリン酸化によるジベレリン応答の新しい制御機構を発見 A novel gibberellin response regulatory mechanism via tyrosine phosphorylation	機能開発研究G Gene Discovery RG	
2017.10.27	植物病原菌感染時の細胞死調節因子を同定 A new cell death regulatory factor for plants during pathogen infections	植物免疫研究G Plant Immunity RG	
2017.10.27	大腸菌を用いたマレイン酸合成法の開発 Using E. coli to synthesize maleic acid	細胞生産研究T Cell Factory RT	
2017.11.07	植物の耐塩性に関わるヒストン脱アセチル化酵素の同定 Histone deacetylases linked to plant salt tolerance identified	植物ゲノム発現研究T / ケミカルゲノミクス研究G Plant Genomic Network RT / Chemical Genomics RG	
2017.11.09	ペルフルオロアルキル化合物ライブラリーの構築 Synthesis of various N-heterocycles with perfluoroalkyl groups for creating a perfluoroalkyl compound library	触媒・融合研究G Catalysis and Integrated RG	
2017.11.20	植物が光環境に応答して適切に道管細胞をつくる仕組みを解明 Understanding the mechanisms controlling appropriate xylem formation according to light conditions: Several genes share roles, control seedling growth	バイオマス研究基盤T Biomass Research Platform T	
2017.11.28	未開拓の代謝物を次世代メタボローム解析により発見 Discovering unexplored metabolomes with novel metabolomics techniques	メタボローム情報研究T Metabolome Informatics RT	
2017.11.30	ピリジンから窒素を容易に除く Easy removal of nitrogen from pyridine	先進機能触媒研究G Advanced Catalysis RG	
2017.12.06	がん細胞の接着を回復させる機構 A mechanism that restores adhesion in cancer cells	創薬シード化合物探索基盤U Seed Compounds Exploratory U for Drug Discovery Platform	
2017.12.12	放線菌を用いたボツリコクセン生産 Botryococcene production from actinomycetes	天然物生合成研究U / ケミカルバイオロジー研究G Natural Product Biosynthesis RU / Chemical Biology RG	
2018.01.04	カリキンが植物の乾燥耐性を高めることを発見 Karrikin, a component from smoke, promotes plant resistance to drought	発現調節研究U Signaling Pathway RU	
2018.01.17	鉛吸着材に使えるコケの新たな生物機能を発見 Clean and green: a moss that removes lead (Pb) from water	生産機能研究G / 環境代謝分析研究T 質量分析・顕微鏡解析U Plant Productivity Systems RG / Environmental Metabolic Analysis RT / Mass Spectrometry and Microscopy U	
2018.01.22	天然ゴムノキの研究基盤データベースを構築 A new Para rubber tree research database	合成ゲノミクス研究G Synthetic Genomics RG	
2018.01.24	深層学習を用いた重要代謝物探索法 Determination of important metabolites based on deep learning	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT	
2018.02.06	植物の根の伸長を支えるストレス応答機構 The stress response mechanism supporting plant root elongation	機能開発研究G Gene Discovery RG	
2018.02.14	植物の根毛の成長を止める仕組みの解明 How plants halt growth of their root hairs	細胞機能研究T Cell Function RT	
2018.02.15	植物の再生を司る遺伝子制御ネットワーク Toward improvement of tissue culture technique: depicting a global picture of gene regulatory network for plant regeneration	細胞機能研究T Cell Function RT	
2018.02.17	鉄腐食の原因菌が電子を引き抜く酵素を持つことを証明 Enzyme confirmed to extract electrons, causing iron corrosion	生命分子解析U Biomolecular Characterization U	
2018.02.22	光親和性標識法の新たな分子ツール A novel molecular tool for photoaffinity labeling	触媒・融合研究G Catalysis and Integrated RG	
2018.02.22	植物の光化学系II複合体の形成因子を同定 Identification of new factors in the stable accumulation of the PSII complexes	機能開発研究G Gene Discovery RG	
2018.02.23	天然魚類と環境水・底泥のエコインフォマティクス Ecoinformatics of systemic homeostasis wild fish, environmental water and bottom mud	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT	
2018.02.26	ペプチドでシルク素材を高強度化 Improving strength of silks by adding a peptide	酵素研究T Enzyme RT	
2018.03.14	異質倍數体植物における祖先種由来のストレス応答機構 A stress response mechanism from ancestral species in allopolyploid plants	セルロース生産研究T Cellulose Production RT	
2018.03.29	温和な環境で働く人工脱窒触媒 An artificial denitrification catalyst that works in a mild environment	生体機能触媒研究T Biofunctional Catalyst RT	

Date	賞 / Awards	受賞者 / Awardees	研究室 / Labs
2017.04.07	第11回 科学技術の「美」パネル展 優秀賞 11th Science and Technology beautiful panel exhibition, best award	豊岡 公徳 上級研究員 Kiminori TOYOOKA Senior Scientist	質量分析・顕微鏡解析U Mass Spectrometry and Microscopy U
2017.05.03	Springer Nature Change the World Springer Nature Change the World	斉藤 和季 副センター長 Kazuki SAITO Deputy Director	環境資源科学研究センター CSRS
		山崎 真巳 客員主管研究員 Mami YAMAZAKI Senior Visiting Scientist	統合メタボロミクス研究G Metabolomics RG
		金谷 重彦 客員主管研究員 Shigehiko KANAYA Senior Visiting Scientist	メタボローム情報研究T Metabolome Informatics RT
2017.05.22	International Bioprocessing Association(IBA), Outstanding Scientist Award-2016 International Bioprocessing Association(IBA), Outstanding Scientist Award-2016	近藤 昭彦 チームリーダー Akihiko KONDO Team Leader	細胞生産研究T Cell Factory RT
2017.08.21	日本生物工学会東日本支部長賞 Eastern Japan Branch Manager's Award of The Society for Biotechnology Japan	伊達 康博 研究員 Yasuhiro DATE Research Scientist	環境代謝分析研究T Environmental Metabolic Analysis RT
2017.09.16	名古屋大学特別教授の称号授与および名古屋大学レクチャー University Professor, the Nagoya University The Nagoya University Lecturer	篠崎 一雄 センター長 Kazuo SHINOZAKI Director	環境資源科学研究センター CSRS
2017.09.22	Best Paper Awards of BMC Track of InCoB 2017 Best Paper Awards of BMC Track of InCoB 2017	蒔田 由布子 研究員 Yuko MAKITA Research Scientist	合成ゲノミクス研究G Synthetic Genomics RG
		川島 美香 テクニカルスタッフ I Mika KAWASHIMA Technical Staff I	
		Lau Nyok Sean 客員研究員 Lau Nyok Sean Visiting Scientist	
		松井 南 グループディレクター Minami MATSUI Group Director	
2017.10.13	2017年度化学生物学会 研究奨励賞 FY2017 Chemical Biology Workshop Research Award	高瀬 翔平 研修生 Shohei TAKASE Student Trainee	ケミカルゲノミクス研究G Chemical Genomics RG
2017.10.26	第40回ケモインフォマティクス討論会 ポスター賞 40th Symposium on Chemoinformatics Poster Award	松岡 聖二 テクニカルスタッフ I Seiji MATSUOKA Technical Staff I	創薬シード化合物探索基盤U Seed Compounds Exploratory U for Drug Discovery Platform
2017.10.28	植物化学調節学会賞 The Japanese Society for Chemical Regulation of Plants Award	笠原 博幸 客員主管研究員 Hiroyuki KASAHARA Senior Visiting Scientist	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
2017.11.15	Clarivate Analytics Highly Cited Researchers 2017 Clarivate Analytics Highly Cited Researchers 2017	篠崎 一雄 センター長 Kazuo SHINOZAKI Director	環境資源科学研究センター CSRS
		斉藤 和季 副センター長 Kazuki SAITO Deputy Director	
		神谷 勇治 コーディネーター Yuji KAMIYA Coordinator	
		榎原 均 グループディレクター Hitoshi SAKAKIBARA Group Director	生産機能研究G Plant Productivity Systems RG
		白須 賢 グループディレクター Ken SHIRASU Group Director	植物免疫研究G Plant Immunity RG
		関 原明 チームリーダー Motoaki SEKI Team Leader	植物ゲノム発現研究T Plant Genomic Network RT
		瀬尾 光範 ユニットリーダー Mitsunori SEO Unit Leader	適応制御研究U Dormancy and Adaptation RU
		小嶋 美紀子 技師 Mikiko KOJIMA Technical Scientist	質量分析・顕微鏡解析U Mass Spectrometry and Microscopy U
2017.12.09	Chemist Award BCA 2017 Chemist Award BCA 2017	滝田 良 副チームリーダー Ryo TAKITA Deputy Team Leader	先進機能元素化学研究T Advanced Elements Chemistry RT

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

Date	賞 / Awards	受賞者 / Awardees	研究室 / Labs
2018.01.05	Thieme Chemistry Journals Award Thieme Chemistry Journals Award	滝田 良 副チームリーダー Ryo TAKITA Deputy Team Leader	先進機能元素化学研究T Advanced Elements Chemistry RT
2018.01.18	Poster Award, ISPP2018 Poster Award, ISPP2018	陶久 あや 研修生 Aya SUEHISA Student Trainee	合成ゲノミクス研究G Synthetic Genomics RG
		蒔田 由布子 研究員 Yuko MAKITA Research Scientist	
		川島 美香 テクニカルスタッフ I Mika KAWASHIMA Technical Staff I	
		嶋田 勢津子 研究員 Setsuko SHIMADA Research Scientist	
		松井 南 グループディレクター Minami MATSUI Group Director	
2018.01.29	平成29年度コニカミノolta画像科学奨励賞 Konica Minolta Imaging Science Encouragement Award	間間 孝介 専任研究員 Kosuke DODO Senior Research Scientist	触媒・融合研究G Catalysis and Integrated RG
2018.03.09	みどりの学術賞 MIDORI Academic Prize	篠崎 和子 客員研究員 Kazuko SHINOZAKI Visiting Scientist	機能開発研究G Gene Discovery RG
2018.03.15	日本農芸化学会 B.B.B. 論文賞 Award for Excellence to Authors Publishing in Bioscience, Biotechnology, Biochemistry in 2017	瀬尾 光範 ユニットリーダー Mitsunori SEO Unit Leader	適応制御研究U Dormancy and Adaptation RU
		清水 崇史 特別研究員 Takafumi SHIMIZU Postdoctoral Researcher	
2018.03.23	2018 MERIT Award 2018 MERIT Award	大岡 英史 研修生 Hideshi OOKA Student Trainee	生体機能触媒研究T Biofunctional Catalyst RT
2018.03.23	東京大学工学系研究科長賞 Dean's Award FY2017	大岡 英史 研修生 Hideshi OOKA Student Trainee	生体機能触媒研究T Biofunctional Catalyst RT
2018.03.27	日本農芸化学会2018年度大会トピックス賞 Hot Topics Award at Annual Meeting of JSBBA 2018	河村 達郎 研究員 Tatsuro KAWAMURA Research Scientist	バイオフィロブ応用研究U Bioprobe Application RU
		Julian WILKE 客員研究員 Julian WILKE Visiting Scientist	
		渡邊 信元 ユニットリーダー Nobumoto WATANABE Unit Leader	
2018.03.27	日本農芸化学会2018年度大会トピックス賞 Hot Topics Award at Annual Meeting of JSBBA 2018	長田 裕之 グループディレクター Hiroyuki OSADA Group Director	バイオフィロブ研究G Bioprobe RG
		高瀬 翔平 研修生 Shohei TAKASE Student Trainee	ケミカルゲノミクス研究G Chemical Genomics RG
2018.03.27	日本農芸化学会2018年度大会トピックス賞 Hot Topics Award at Annual Meeting of JSBBA 2018	松本 健 専任研究員 Ken MATSUMOTO Senior Research Scientist	
		吉田 稔 グループディレクター Minoru YOSHIDA Group Director	
		近藤 恭光 専任研究員 Yasumitsu KONDOH Senior Research Scientist	ケミカルバイオロジー研究G Chemical Biology RG
		長田 裕之 グループディレクター Hiroyuki OSADA Group Director	
		鈴木 健裕 専任技師 Takehiro SUZUKI Senior Technical Scientist	生命分子解析U Biomolecular Characterization U
2018.03.27	日本農芸化学会2018年度大会トピックス賞 Hot Topics Award at Annual Meeting of JSBBA 2018	堂前 直 ユニットリーダー Naoshi DOHMAE Unit Leader	

2017年度組織図

Organization in FY2017

センター長 / Director 篠崎 一雄 / Kazuo SHINOZAKI	副センター長 / Deputy Director 長田 裕之 / Hiroyuki OSADA 斉藤 和季 / Kazuki SAITO 侯 召民 / Zhaomin HOU	コーディネーター / Coordinator 篠原 健司 / Kenji SHINOHARA 神谷 勇治 / Yuji KAMIYA
---	--	--

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

2018年度組織図

Organization in FY2018

センター長 / Director 篠崎 一雄 / Kazuo SHINOZAKI	副センター長 / Deputy Director 長田 裕之 / Hiroyuki OSADA 斉藤 和季 / Kazuki SAITO 侯 召民 / Zhaomin HOU 松井 南 / Minami MATSUI	コーディネーター / Coordinator 篠原 健司 / Kenji SHINOHARA
---	--	---

機能開発研究グループ / Gene Discovery Research Group	篠崎 一雄 / Kazuo SHINOZAKI
植物免疫研究グループ / Plant Immunity Research Group	白須 賢 / Ken SHIRASU
統合メタボロミクス研究グループ / Metabolomics Research Group	斉藤 和季 / Kazuki SAITO
先進機能触媒研究グループ / Advanced Catalysis Research Group	侯 召民 / Zhaomin HOU
触媒・融合研究グループ / Catalysis and Integrated Research Group	袖岡 幹子 / Mikiko SODEOKA
ケミカルバイオロジー研究グループ / Chemical Biology Research Group	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
ケミカルゲノミクス研究グループ / Chemical Genomics Research Group	吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
合成ゲノミクス研究グループ / Synthetic Genomics Research Group	松井 南 / Minami MATSUI
代謝システム研究チーム / Metabolic Systems Research Team	平井 優美 / Masami HIRAI
メタボローム情報研究チーム / Metabolome Informatics Research Team	有田 正規 / Masanori ARITA
環境代謝分析研究チーム / Environmental Metabolic Analysis Research Team	菊地 淳 / Jun KIKUCHI
植物ゲノム発現研究チーム / Plant Genomic Network Research Team	関 原明 / Motoaki SEKI
細胞機能研究チーム / Cell Function Research Team	杉本 慶子 / Keiko SUGIMOTO
植物共生研究チーム / Plant Symbiosis Research Team	林 誠 / Makoto HAYASHI
機能有機合成化学研究チーム / Advanced Organic Synthesis Research Team	ラウレアン・イリエシ / Laurean ILIES
グリーンナノ触媒研究チーム / Green Nanocatalysis Research Team	山田 陽一 / Yoichi YAMADA
生体機能触媒研究チーム / Biofunctional Catalyst Research Team	中村 龍平 / Ryuhei NAKAMURA
分子リガンド標的研究チーム / Molecular Ligand Target Research Team	チャールズ・ブーン / Charles M. BOONE
バイオ生産情報研究チーム / Bioproductivity Informatics Research Team	持田 恵一 / Keiichi MOCHIDA
バイオ高分子研究チーム / Biomacromolecules 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
分子生命制御研究チーム / Molecular Bioregulation Research Team	萩原 伸也 / Shinya HAGIHARA
適応制御研究ユニット / Dormancy and Adaptation Research Unit	瀬尾 光範 / Mitsunori SEO
ストレス適応研究ユニット / Stress Adaptation Research Unit	ラムーソン・ファン・チャン / Lam-Son Phan TRAN
環境応答研究ユニット / Environmental Response Research Unit	申 伶 / Ryoung SHIN
天然物生合成研究ユニット / Natural Product Biosynthesis Research Unit	高橋 俊二 / Shunji TAKAHASHI
理研-KRIBB 連携研究ユニット / RIKEN-KRIBB Joint Research Unit	高橋 俊二 / Shunji TAKAHASHI
創業・医療技術基盤連携部門 / Drug Discovery Platforms Cooperation Division	吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
創業ケミカルバンク基盤ユニット / Drug Discovery Chemical Bank Unit	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
創業シード化合物探索基盤ユニット / Drug Discovery Seed Compounds Exploratory Unit	吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
創業化学基盤ユニット / Drug Discovery Chemistry Platform Unit	小山 裕雄 / Hiroo KOYAMA
技術基盤部門 / Technology Platform Division	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
分子構造解析ユニット / Molecular Structure Characterization Unit	越野 広雪 / Hiroyuki KOSHINO
生命分子解析ユニット / Biomolecular Characterization Unit	堂前 直 / Naoshi DOHMAE
質量分析・顕微鏡解析ユニット / Mass Spectrometry and Microscopy Unit	斉藤 和季 / Kazuki SAITO
化合物リソース開発研究ユニット / Chemical Resource Development Unit	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
理研・マックスプランク連携研究部門 / RIKEN-Max Planck Joint Research Division for Systems Chemical Biology	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
バイオブローブ研究グループ / Bioprobe Research Group	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
バイオブローブ応用研究ユニット / Bioprobe Application Research Unit	渡邊 信元 / Nobumoto WATANABE