

Contributing to a sustainable society



<https://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

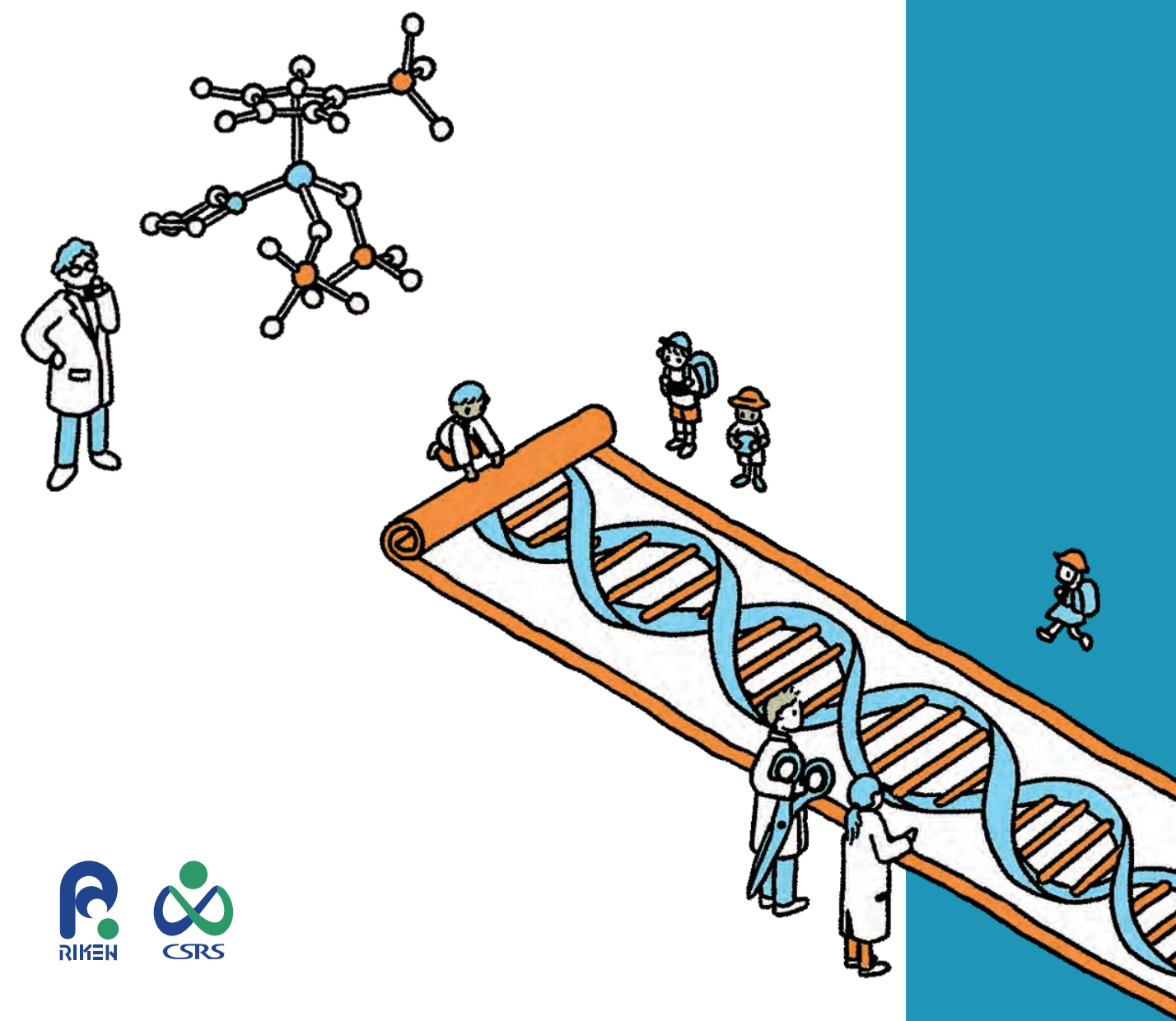
〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1丁目7番22号

1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045 Japan

Email : csrs@riken.jp

RIKEN CSRS

Annual Report 2022





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

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、バイオマス工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。

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「パリ協定」を
指標とし、環境問題や食料問題の解決に資する新しい研究分野となる「環境資源
科学」の確立を目指して、6つのフラッグシッププロジェクト「革新的植物バイオ」「共
生・環境ソリューションズ」「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」を推進しています。

環境負荷の少ない「モノづくり」を理念に「課題解決型」研究を推進し、持続的社会的
の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。

センター長 齊藤 和季

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) is a leader in creating a sustainable society through
transdisciplinary integration of plant science, chemical biology, catalytic
chemistry, and biomass engineering.

Using the Sustainable Development Goals (SDGs) and the Paris Agreement on
achieving zero greenhouse gas emissions as guidelines, we are promoting six
flagship projects; “Innovative Plant Biotechnology”, “Integrative Symbiological
Solutions”, “Metabolic Genome Engineering”, “Innovative Catalysts”,
“Leading-edge Polymers”, and “Advanced Research and Technology
Platforms”.

We aim to establish the new research field of “sustainable resource science”
that will contribute to solving environmental problems and food-related issues.
Our ultimate goal is to create a future world in which people can continue to 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.

Kazuki SAITO
Director, CSRS

目次 Contents

座談会 ― 自然科学と人文社会科学の連携 ―	4
Round-table talk on the collaboration between the natural sciences and the humanities and social sciences	
センター紹介	8
About CSRS	
研究体制	10
Research Structure	
フラッグシッププロジェクト／部門	
Flagship Projects / Division	
革新的植物バイオ	12
Innovative Plant Biotechnology	
共生・環境ソリューションズ	14
Integrative Symbiological Solutions	
代謝ゲノムエンジニアリング	16
Metabolic Genome Engineering	
先進触媒機能エンジニアリング	18
Innovative Catalysts	
新機能性ポリマー	20
Leading-edge Polymers	
先端技術プラットフォーム	22
Advanced Research and Technology Platforms	
創薬・医療技術基盤連携部門	24
Drug Discovery Platforms Cooperation Division	
研究・解析支援	25
Research Support	
国際連携／国内連携	26
International / Domestic Collaborations	
産業連携／理研所内連携	28
Industrial / RIKEN Internal Collaborations	
連携大学院／CSRS 大学院生教育プログラム	29
Joint Graduate School Program / CSRS Graduate Student Training Program	
プレスリリースハイライト	30
Press Release Highlights	
プレスリリース	31
Press Releases	
セミナー	34
CSRS Seminars	
受賞	36
Awards	
ニュース&イベント／CSRS 人物記	38
News & Events / Unsung Heroes in RIKEN CSRS	
研究室	
Laboratories	
植物免疫研究グループ	40
Plant Immunity Research Group	
統合メタボロミクス研究グループ	42
Metabolomics Research Group	
先進機能触媒研究グループ	44
Advanced Catalysis Research Group	
触媒・融合研究グループ	46
Catalysis and Integrated Research Group	
ケミカルゲノミクス研究グループ	48
Chemical Genomics Research Group	
合成ゲノミクス研究グループ	50
Synthetic Genomics Research Group	
代謝システム研究チーム	52
Metabolic Systems Research Team	
メタボローム情報研究チーム	54
Metabolome Informatics Research Team	

環境代謝分析研究チーム	56
Environmental Metabolic Analysis Research Team	
植物ゲノム発現研究チーム	58
Plant Genomic Network Research Team	
細胞機能研究チーム	60
Cell Function Research Team	
植物共生研究チーム	62
Plant Symbiosis Research Team	
機能有機合成化学研究チーム	64
Advanced Organic Synthesis Research Team	
グリーンナノ触媒研究チーム	66
Green Nanocatalysis Research Team	
生体機能触媒研究チーム	68
Biofunctional Catalyst Research Team	
分子リガンド標的研究チーム	70
Molecular Ligand Target Research Team	
バイオ生産情報研究チーム	72
Bioproductivity Informatics Research Team	
バイオ高分子研究チーム	74
Biomacromolecules Research Team	
バイオプラスチック研究チーム	76
Bioplastic Research Team	
細胞生産研究チーム	78
Cell Factory Research Team	
分子生命制御研究チーム	80
Molecular Bioregulation Research Team	
植物脂質研究チーム	82
Plant Lipid Research Team	
植物化学遺伝学研究チーム	84
Plant Chemical Genetics Research Team	
ケミカルバイオロジー・合成研究チーム	86
Chemical Biology and Biosynthesis Research Team	
適応制御研究ユニット	88
Dormancy and Adaptation Research Unit	
環境応答研究ユニット	90
Environmental Response Research Unit	
天然物合成研究ユニット	92
Natural Product Biosynthesis Research Unit	
理研-KRIBB 連携研究ユニット	94
RIKEN-KRIBB Joint Research Unit	
創薬ケミカルバンク基盤ユニット	96
Drug Discovery Chemical Bank Unit	
創薬シード化合物探索基盤ユニット	98
Drug Discovery Seed Compounds Exploratory Unit	
創薬化学基盤ユニット	100
Drug Discovery Chemistry Platform Unit	
分子構造解析ユニット	102
Molecular Structure Characterization Unit	
生命分子解析ユニット	104
Biomolecular Characterization Unit	
質量分析・顕微鏡解析ユニット	106
Mass Spectrometry and Microscopy Unit	
化合物リソース開発研究ユニット	108
Chemical Resource Development Research Unit	
2023年度 組織図	110
FY2023 Organization	
SDGs への貢献に向けた研究活動に関する寄附金について	111
Philanthropy Program “RIKEN CSRS for SDGs”	

座談会 — 自然科学と人文社会科学の連携 —

Round-table talk on the collaboration between the natural sciences and the humanities and social sciences

斉藤 2021年4月1日に「科学技術・イノベーション基本法」、「国立研究開発法人理化学研究所法」の一部が改正され、「人文社会科学のみに係る科学技術」も理研の研究領域に含まれるようになりました。2022年に就任された五神真理事長のビジョンにも、「グローバルcommons」や「人文社会科学との連携」が挙げられています。そうした背景をふまえ、私たち環境資源科学研究センター（以下CSRS）では、「環境資源科学」という新しい分野を作りながら、持続可能な開発目標（以下SDGs）の7つの目標（2. 飢餓をゼロに、3. すべての人に健康と福祉を、7. エネルギーをみんなにそしてクリーンに、12. つくる責任つかう責任、13. 気候変動に具体的な対策を、14. 海の豊かさを守ろう、15. 陸の豊かさを守ろう）に視点を定めて研究活動を進めています。

自然科学と人文社会科学との連携

斉藤 CSRSには、まだ人文社会科学の学位を持っているメンバーがいないのが現状で、今後の可能性を検討しているところです。そこで蟹江先生、亀山先生に、自然科学と人文社会科学との連携の現状や今後の展望についてお聞きしたいと思います。

蟹江 SDGsが定められてから課題解決が考えやすくなったと思います。今まではサステナビリティに関して、理系と文系、研究者と企業、研究者と自治体・政府などの間で共通言語がなかったのです。2013年から始まった地球環境研究・サステナビリティ科学の国際的研究プラットフォーム「フューチャー・アース」では、主に理念をめぐる議論がなされてきましたが、2015年からのSDGsへの取り組みでは、文系・理系の研究者が一緒になってサステナビリティを実現する具体的な課題を議論する場が生まれました。そのことが自然科学と人文社会科学との連携を促進する基盤になった側面はあります。わかりやすい例はプラスチックの問題です。もともとは科学者が、海洋プラスチックゴミ汚染の課題解決の必要性を主張していました。2017年ぐらいからSDGsの文脈で捉えられるようになると、「14. 海の豊かさを守ろう」だけでなく、「2. 飢餓をゼロに」、「3. すべての人に健康と福祉を」、「12. つくる責任つかう責

任」にかかわる研究者やその他のステークホルダーたちも自らの課題と認識し、課題解決へ向けた動きを始めました。技術的な面だけでなく、ペットボトルの回収・リサイクル、仕組みを変えるための社会政策など、現場レベルで社会的な動態を理解しつつ取り組むようになったのです。こうした点に企業も興味を持ち始めました。私は自然科学と人文社会科学の連携は以前と比べると進展していると思います。

任」にかかわる研究者やその他のステークホルダーたちも自らの課題と認識し、課題解決へ向けた動きを始めました。技術的な面だけでなく、ペットボトルの回収・リサイクル、仕組みを変えるための社会政策など、現場レベルで社会的な動態を理解しつつ取り組むようになったのです。こうした点に企業も興味を持ち始めました。私は自然科学と人文社会科学の連携は以前と比べると進展していると思います。

亀山 自然科学と人文社会科学の連携は異なる学問分野の研究者による「学際的（interdisciplinary）」連携です。一方、「フューチャー・アース」の活動などは研究者だけでなく、さらにその外側のさまざまなステークホルダーの方々を含めた「超学際的（transdisciplinary）」連携といえます。海外の研究チームはSDGsが定められる以前から、プロジェクトごとに学際的な連携をうまく回し、課題解決に向けた予算を確保して3年間ぐらいかけてひとつのゴールに向かっていくスタイルをすでに確立しています。そのうえで、今度は超学際的な連携だということで次のステップに進んでいるわけです。しかし、日本ではまず学際的連携のスタイルがなかなか確立できないまま、新たに超学際的な連携が求められるようになってしまいました。個別に民間のステークホルダーと取り組んでいるため、似たような活動がいくつか見受けられて、体系立っていない印象があります。今後、自然科学と人文社会科学の連携をより促進するためには、まずは本来の学際的連携のあり方に戻って、具体的な課題解決の指針を共通理解として持つ必要があると思います。連携の際に留意したいのは、自然科学の一部の研究者が「長期」という言葉を使う場合は200年や500年だったりするのに対して、特に経済を専門にされている人文社会科学の研究者の「長期」は10年だったりすることです。それぞれの研究者の頭の中にある時間軸を合わせていかなければなりません。

また蟹江先生もおっしゃったように、SDGs間の連関、すなわち



CSRSセンター長
斉藤 和季

ネクサス（nexus）を理解していくことがサステナビリティ全体を考える場合には重要です。

斉藤 若手メンバーによるタスクフォースで議論した際も、SDGsのゴール間やターゲット間のシナジーとトレードオフについては、かなり慎重に議論した部分です。

亀山 いったんは縦割りでグループを組んでも構わないのですが、異なる目標の研究者同士で定期的に意見交換し、少しずつ軌道修正をしていく手続きが欠かせません。幸か不幸か、新型コロナウイルスでオンライン会議が中心になって、関係者が集まりやすくなり、風通しが良くなっている雰囲気を感じます。今後は個々の成果を把握し、活用できる可能性があるものを見極め、社会に向かって発信していく力のあるリーダーが不可欠だと思います。

蟹江 SDGsがここまで普及してきたのは、キャッチコピーの力もあるでしょう。人文社会科学的なセンスを維持し、それを活用して社会に広めていく機会を継続的に確保していくことはすごく大事ではないかと思います。やはり自然科学と人文社会科学は両方必要で、お互いが理解し合わないといけません。

斉藤 自然科学と人文社会科学との連携の文脈では、「ELSI（Ethical, Legal and Social Issue: 倫理的・法的・社会的課題）」が語られることが多々あります。科学者側からは規制的な「予防倫理」として受け止められたりするのですが、これだけではなく、優れた意思決定や行動を促して鼓舞・動機付けを与える「志向倫理」の重要性も認識されつつあります。建設的で新しいものを創造していく方向性に向かうことで、理想的な連携を進めていきたいですね。

SDGsの現状と今後のビジョン

斉藤 さて次にSDGsを達成すべき2030年まではまだまだ先ですが、ポストSDGsのビジョンや世界的な現状についてもお聞きしたいと思います。

蟹江 SDGs全体への取り組みは、2015年時点より2023年の方が後退しています。端的なのは「1. 貧困をなくそう」、「2. 飢餓をゼロに」で、質を高めて改善していくはずだったのが、逆に貧困や飢餓が急速に増えてしまっています。また「7. エネルギーをみんなにそしてクリーンに」や「13. 気候変動に具体的な対策を」も悪化しているのが現状です。今、必要なのは絶対的なトランスフォーメーション（変革）です。もちろんトランジション（推移）も検討しますが、今後の議論のほとんどは、そのトランスフォーメーションをどうやって起こすのかに集約されていくでしょう。しかし、後退しているとはいっても、要所要所で目標に近づいている事例も見られます。たとえばノルウェーでは、2020年から2022年にかけて8割以上が電気自動車になりました。そうした事例を学び、どう広げていくかを考えることが、トランスフォーメーションを加速する原動力になっていきます。一方、ポストSDGsについては、基本的な目標がそもそも達成できないのなら、17の目標自体を下ろす必要はないと思っています。それほど変わらないかたちで進展していくのではないのでしょうか。

斉藤 2030年に向けて、まだまだ全力で取り組まなければいけないということですね。ただし、部分的に成功している事例があるというのは、非常に希望があるメッセージです。今後は、世界各地で起きている紛争などもSDGsの達成に干渉してくるのではないのでしょうか。

蟹江 紛争の影響は非常に大きいですね。第二次世界大戦以後、紛争国の人口は最大になっていて、20億人、ほぼ世界の4分の1にものぼっています。そもそもSDGsを達成していくうえでは平和が前提になっていますので、今のままでは前途多難です。

亀山 気候変動を例にしてお話しさせていただくと、今までは10年後、20年後に削減目標を設定して、そのときに達成できなかった場合は、次の目標を設定しましょうと、どんどん後ろ倒しにしてきたわけですが、それではうまくいきません。2015年のパリ協定が画期的だったのは、「地球の気温上昇幅を2度以内に抑える」、「そのためには21世紀の後半までに地球全体の温室効果ガスの排出量を実質ゼロにしないといけない」など、究極的な目標を明確に設定したこと。それによって2030年、2050年までに何をしないといけないかが見えてきます。現在はその2度が1.5度になるなど、さらに厳しくなっていますが、指標が定められている意味は大きい。SDGsにおいても、研究者の間で「いつまでに何をどこまで達成するか」のコンセンサスをとってもらい、達成できなかった場合には、ここまで大変になるという実情を広く知らせていくことが重要ではないかと思っています。

亀山 康子 教授

東京大学大学院新領域創成科学研究科・教授 / 国立環境研究所・上級主席研究員。専門は国際関係論。気候変動に関する国際交渉および国際制度を国際関係論等の観点から研究を行う。自然科学など異分野との連携にも注力。

蟹江 憲史 教授

慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科・教授。専門は国際政治、多国間交渉などの国際関係論。現在はSDGs実施にかかるグローバルガバナンスを中心テーマとして、SDGs実施の優良事例創出や、目標設定によるガバナンスの変化やそのメカニズムに関する研究を行う。

CSRSの研究の方向性

斉藤 今後のCSRSの研究の方向性として、「プラネタリー・バウンダリー」が大きな指標になり、地球生物圏を維持する限界点を超えたレッド・ゾーン、イエロー・ゾーンの分野に対する研究が重要だと考えています。私たちは動植物や微生物を資源として扱っているので、例えば生物多様性の研究です。それから環境に配慮し、分解メカニズムも視野に入れて作る新規化学物質 (Novel Entities) の研究。肥料が少なく、窒素やリンによる環境への影響を最小限に抑えられる農業を実現する植物の研究。もちろん気候変動の課題も大きく関係していて、植物科学の観点から二酸化炭素や温室効果ガスを削減する研究も大切です。

蟹江 植物などのバイオマス由来の原料でつくられるSAF (Sustainable aviation fuel) が航空機の燃料として注目されていますが、これだけではまだ不十分です。それを進めつつも、やはり新しい資源を開発していかなければなりません。今後は自然科学と人文社会科学との連携で風通しを良くして、現

在の技術が進展していく可能性や、政策によって実現できる可能性などのシナリオを描いて提示していく、先に全体像を見せていくことが大事なのではないかと思います。

斉藤 SAFについては、私たちも非常に興味を持ち、その重要性を認識しています。ちょうど理研横浜事業所の近くに民間企業の実証プラントがあります。そこでは微細藻類由来のオイルを使ったディーゼルエンジンのバイオ燃料を作っていますが、CSRSとの連携ラボも開設し、研究を進めているところです。

亀山 あと、若い研究者がプロジェクトに前向きに参加でき、一部をマネジメントした経験が次のキャリアで評価されるような仕組みになっていくと、学際的連携も取り組みやすくなるのではないのでしょうか。

斉藤 お二人からは貴重なお話をうかがいました。SDGsの特定の項目だけに貢献するのではなく、地球規模で人類が共有している資産、「グローバル・コモンズ」に対してどのように貢献するかを視野に入れていくべきだとの思いを強くしました。本日はどうもありがとうございました。

(2023年2月28日実施)

The Basic Act on Science, Technology and Innovation and the Act on RIKEN, National Research and Development Institute were revised in April 2021. Since then, science and technology that solely concern the humanities and social sciences have been included in RIKEN's research coverage. Makoto Gonokami, the president of RIKEN, has also

incorporated the global commons and the collaboration with the humanities and social sciences into his vision. We interviewed Professor Norichika Kanie and Professor Yasuko Kameyama about the collaboration between the natural sciences and the humanities and social sciences and its future perspective.

Future Directions of Research at CSRS

Kanie: There has been no common language to discuss sustainability between people in the science field and those in the humanities field, or between researchers in academia and people in business and local and national governments. Since the Sustainable Development Goals were set up, problem-solving has become easier, and places have been created for researchers in the humanities field and the science field to discuss specific issues to achieve sustainability together.

Kameyama: The cooperation between the natural sciences and the humanities and social sciences is achieved by an interdisciplinary collaboration among researchers in different academic fields. Further inclusion of various stakeholders makes it a transdisciplinary collaboration. To further promote the cooperation between the natural sciences and the humanities and social sciences, they should share the same guiding principles for solving specific issues. To consider the whole picture of sustainability, researchers must align their time frames and try to understand the relationship “nexus” among SDGs.

Saito: Ethical, Legal, and Social Issues (ELSI) are often mentioned in the collaboration between the natural sciences and the humanities and social sciences. Although scientists are likely to consider the ELSIs as regulatory preventive ethics, they are becoming aware of the significance of aspirational ethics, which facilitates good decision-making and behaviors to provide inspiration and motivation.

Collaboration between the natural sciences and the humanities and social sciences

Kanie: Efforts to address the SDGs as a whole have been made less in 2023 than in 2015. The world tried to improve the quality of the situations concerning “1. no poverty” and “2. zero hunger” , although poverty and hunger are growing rapidly. The goals of “7. affordable and clean energy” and “13. climate action” have become too far to reach now. Peace is a prerequisite for achieving the SDGs, but conflicts broken out in many parts of the world have a substantial negative impact on the fulfilling of the goals. On the other hand, some countries are approaching the goals. In Norway, the spread of electric vehicles exceeds 80%. Learning from such cases and considering how we can extend them will

become a driving force for accelerating transformation that is indispensable now.

Kameyama: Take climate change as an example. The greenhouse gas emission reduction targets were set for the next 10 or 20 years and then pushed back if they were not achieved. The Paris Agreement in 2015 was epoch-making because ultimate goals were explicitly set out to achieve the goal, such as limiting the range of global temperature rises to 2 degrees Celsius and requiring the substantial amount of global greenhouse gas emissions to be net zero by the latter half of the 21st century. The current numerical limitation of the range of temperature rises is stricter than that decided in 2015, but it is of great significance to have set out the indicators. In SDGs, it is also vital to form a consensus among researchers on what is achieved by when and disseminate the facts widely if the goals are not achieved.

Current Status and Further Vision of SDGs

Saito: The “planetary boundaries” will be significant indicators for the CSRS to decide on future research directions. Then, research into the red and yellow zone areas beyond limits that sustain the Earth’ s biosphere would become crucial. Some specific examples include research on biodiversity, novel chemicals, plants enabling agriculture that minimizes environmental burdens, and reducing the emission of CO₂ and greenhouse gases.

Kanie: Sustainable aviation fuels (SAFs) produced with biomass materials such as plants are attracting attention, but more is yet needed. We must develop new energy resources in parallel to the development of SAFs. To do so, we should further facilitate cooperation between the natural sciences and the humanities and social sciences. In addition, it is critical to show the whole picture of the future by suggesting possible advancements of the current technology and creating scenarios of what can be achieved by policy development.

Kameyama: More people might engage in interdisciplinary collaboration if young researchers can participate proactively and their experience of managing part of some projects is evaluated in their next career.

Saito: I have become more determined not only to contribute to achieving specific targets of the SDGs but to consider how we can contribute to the global commons, a resource shared by humans globally. (Feb. 28, 2023)



Prof. Yasuko KAMEYAMA (left)

Professor at the Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo and a Senior Principal Researcher at the National Institute for Environmental Studies, specializing in international relations. She studies international negotiations and systems associated with climate change from the perspective of international relations and other points. She also dedicates herself to collaborating with other academic fields, including the natural sciences.

Prof. Norichika KANIE (right)

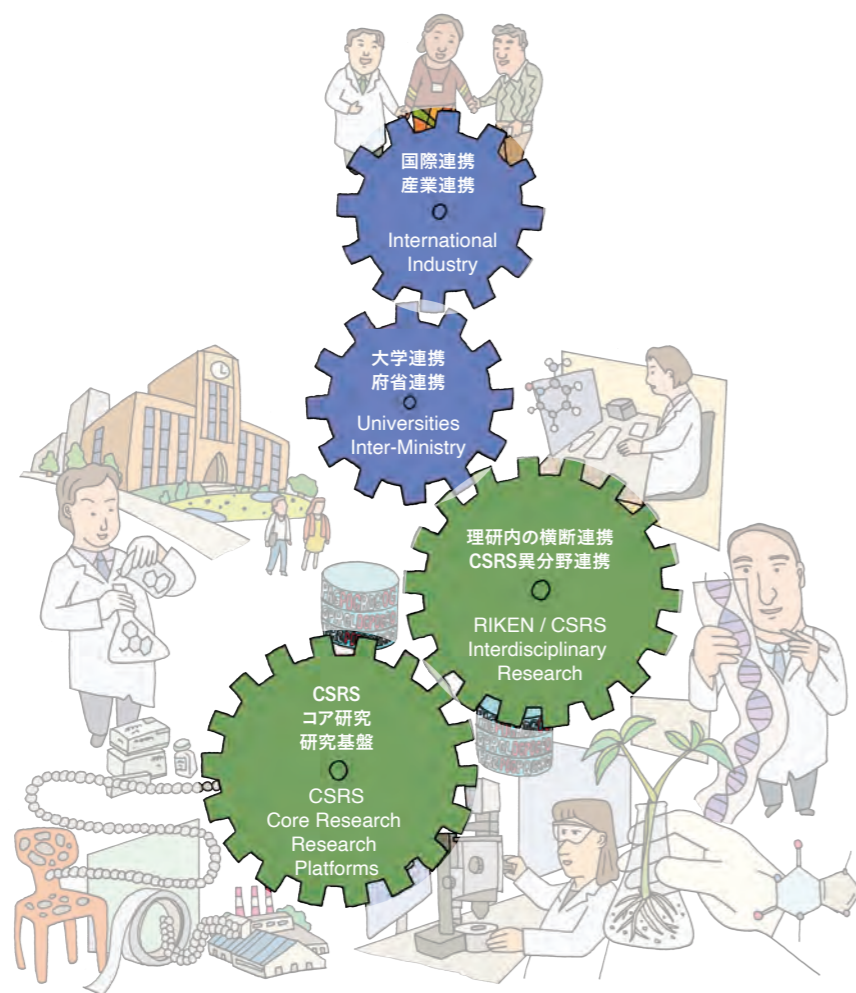
Professor at the Graduate School of Media and Governance, Keio University, specializing in international relations, including international politics and multilateral negotiations. He studies creating excellent practices of SDGs implementation, and the changes in governance resulting from goal-setting and examining the mechanisms behind those changes focusing on global governance related to the implementation of SDGs.

Kazuki SAITO
Director, CSRS

センター紹介 About CSRS

基礎的研究から応用、そしてイノベーションへ。 情報科学を活用し、地球規模の課題に貢献する 6つのフラッグシッププロジェクト

2015 年国連総会で「持続可能な開発目標：The Sustainable Development Goals (SDGs)」が採択され、2030 年までに達成すべき 17 の目標が設定されました。これらの地球規模の課題を解決するためには、科学とイノベーションの力が不可欠です。環境資源科学研究センターでは、これまで培ってきた研究の強みを活かし、SDG s の 7 つの目標に視点を定めて、6 つのフラッグシッププロジェクトを推進しています。植物科学、ケミカルバイオロジー、触媒化学、バイオマス工学の異分野融合研究に加え、データ科学やAI(人工知能)、ゲノム解析など最先端の技術を取り入れ、革新的な成果を創出していきます。



From basic research to application and innovation: Six flagship projects, using information science, providing solutions to global issues

In 2015, the United Nations General Assembly adopted a set of 17 SDGs to be achieved by 2030. The power of science and innovation is essential when addressing these global issues. CSRS leverages its strength in research and promote six flagship projects focusing on seven goals. In addition to interdisciplinary research in plant science, chemical biology, catalytic chemistry, and biomass engineering, CSRS adopts latest technology in data science, artificial intelligence (AI), and genome analysis to produce innovative results.

SUSTAINABLE DEVELOPMENT GOALS

17 GOALS TO TRANSFORM OUR WORLD



小分子 / Small Molecules

化合物・代謝物・ペプチド
Compounds / Metabolites / Peptides

データ / Data

物質データ・生物データ・人工知能
Molecule data / Genome data / AI

ゲノム / Genome

エピゲノム・ゲノム編集・合成ゲノム
Epigenome / Genome editing / Synthetic genomics

研究体制 Research Structure

青字：プロジェクトリーダー / 部門長

B 革新的植物バイオ	合成ゲノミクス研究グループ	松井 南	フラッグシップ プロジェクト	Flagship Projects	B Innovative Plant Biotechnology	Synthetic Genomics Research Group	Minami MATSUI		
	植物免疫研究グループ	白須 賢				Plant Immunity Research Group	Ken SHIRASU		
	植物ゲノム発現研究チーム	関 原明				Plant Genomic Network Research Team	Motoaki SEKI		
	細胞機能研究チーム	杉本 慶子				Cell Function Research Team	Keiko SUGIMOTO		
	植物共生研究チーム	林 誠				Plant Symbiosis Research Team	Makoto HAYASHI		
	バイオ生産情報研究チーム	持田 恵一				Bioproductivity Informatics Research Team	Keiichi MOCHIDA		
	分子生命制御研究チーム	萩原 伸也				Molecular Bioregulation Research Team	Shinya HAGIHARA		
	植物化学遺伝学研究チーム	岡本 昌憲				Plant Chemical Genetics Research Team	Masanori OKAMOTO		
S 共生・環境 ソリューションズ	適応制御研究ユニット	瀬尾 光範			S Integrative Symbiological Solutions	Dormancy and Adaptation Research Unit	Mitsunori SEO		
	環境応答研究ユニット	申 怜				Environmental Response Research Unit	Ryoung SHIN		
	植物免疫研究グループ	白須 賢				Plant Immunity Research Group	Ken SHIRASU		
	植物共生研究チーム	林 誠				Plant Symbiosis Research Team	Makoto HAYASHI		
	環境代謝分析研究チーム	菊地 淳				Environmental Metabolic Analysis Research Team	Jun KIKUCHI		
	天然物生合成研究ユニット	高橋 俊二				Natural Product Biosynthesis Research Unit	Shunji TAKAHASHI		
	M 代謝ゲノム エンジニアリング	統合メタボロミクス研究グループ				斉藤 和季	M Metabolic Genome Engineering	Metabolomics Research Group	Kazuki SAITO
		代謝システム研究チーム				平井 優美		Metabolic Systems Research Team	Masami HIRAI
細胞生産研究チーム		近藤 昭彦			Cell Factory Research Team	Akihiko KONDO			
植物脂質研究チーム		中村 友輝			Plant Lipid Research Team	Yuki NAKAMURA			
ケミカルバイオロジー・生合成研究チーム		淡川 孝義			Chemical Biology and Biosynthesis Research Team	Takayoshi AWAKAWA			
天然物生合成研究ユニット		高橋 俊二			Natural Product Biosynthesis Research Unit	Shunji TAKAHASHI			
C 先進触媒機能 エンジニアリング		先進機能触媒研究グループ			侯 召民	C Innovative Catalysts		Advanced Catalysis Research Group	Zhaomin HOU
		触媒・融合研究グループ			袖岡 幹子			Catalysis and Integrated Research Group	Mikiko SODEOKA
	機能有機合成化学研究チーム	ラウレアン・イリエシュ			Advanced Organic Synthesis Research Team		Laurean ILIES		
	グリーンナノ触媒研究チーム	山田 陽一			Green Nanocatalysis Research Team		Yoichi YAMADA		
	生体機能触媒研究チーム	中村 龍平			Biofunctional Catalyst Research Team		Ryuhei NAKAMURA		
	P 新機能性ポリマー	バイオプラスチック研究チーム			阿部 英喜		P Leading-edge Polymers	Bioplastic Research Team	Hideki ABE
		バイオ高分子研究チーム			沼田 圭司			Biomacromolecules Research Team	Keiji NUMATA
		先進機能触媒研究グループ			侯 召民			Advanced Catalysis Research Group	Zhaomin HOU
統合メタボロミクス研究グループ		斉藤 和季			Metabolomics Research Group	Kazuki SAITO			
ケミカルゲノミクス研究グループ		吉田 稔			Chemical Genomics Research Group	Minoru YOSHIDA			
代謝システム研究チーム		平井 優美			Metabolic Systems Research Team	Masami HIRAI			
メタボローム情報研究チーム		有田 正規			Metabolome Informatics Research Team	Masanori ARITA			
TP 先端技術 プラットフォーム		環境代謝分析研究チーム			菊地 淳	TP Advanced Research and Technology Platforms		Environmental Metabolic Analysis Research Team	Jun KIKUCHI
	分子リガンド標的研究チーム	チャールズ・ブーン			Molecular Ligand Target Research Team		Charles M. BOONE		
	分子生命制御研究チーム	萩原 伸也			Molecular Bioregulation Research Team		Shinya HAGIHARA		
	ケミカルバイオロジー・生合成研究チーム	淡川 孝義			Chemical Biology and Biosynthesis Research Team		Takayoshi AWAKAWA		
	分子構造解析ユニット	越野 広雪			Molecular Structure Characterization Unit		Hiroyuki KOSHINO		
	生命分子解析ユニット	堂前 直			Biomolecular Characterization Unit		Naoshi DOHMAE		
	質量分析・顕微鏡解析ユニット	平井 優美			Mass Spectrometry and Microscopy Unit		Masami HIRAI		
	化合物リソース開発研究ユニット	長田 裕之			Chemical Resource Development Research Unit		Hiroyuki OSADA		
	創薬・医療技術基盤連携部門	創薬ケミカルバンク基盤ユニット 創薬シード化合物探索基盤ユニット 創薬化学基盤ユニット	吉田 稔	部門 国際連携	Divisions / International Collaborations		Drug Discovery Platforms Cooperation Division	Minoru YOSHIDA	
			長田 裕之					Hiroyuki OSADA	
			吉田 稔					Minoru YOSHIDA	
			小山 裕雄					Hiroyuki OSADA	
理研-KRIBB連携研究ユニット		高橋 俊二			RIKEN-KRIBB Joint Research Unit	Shunji TAKAHASHI			

Blue letter: Project Leader / Division Director

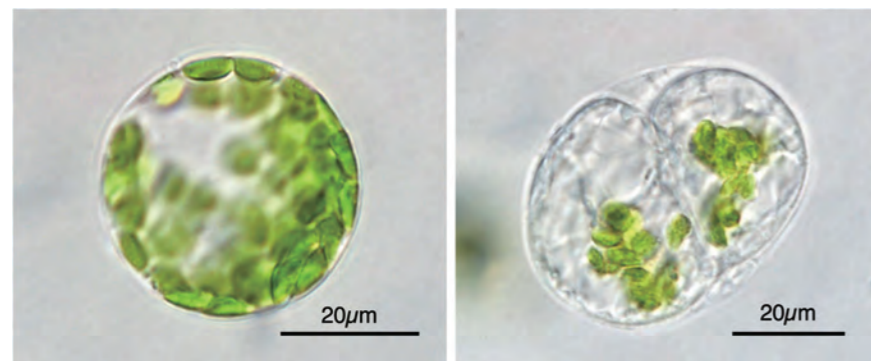
持続的な食料・バイオマス生産への貢献のため、 植物の形質改良技術を開発します

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。

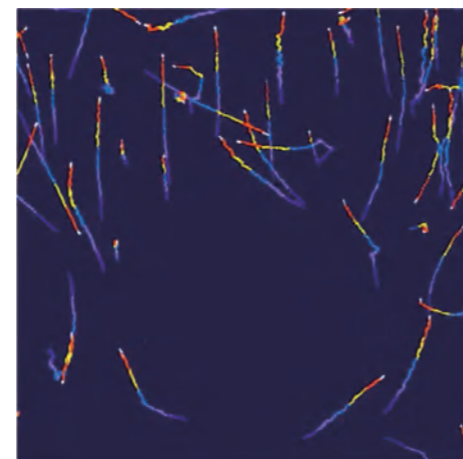
さらにオミックス解析を用いて、ペプチドをはじめとするさまざまな制御因子を探索するとともに、ケミカルバイオロジーの手法を活用し、食料やバイオマスの生産性向上、機能性向上につながる重要因子を解明していく。また圃場での成果をさまざまな条件下にある実際の農地へと確実に転換するために、情報科学を駆使してデータを多角的に蓄積、解析し、形質改良に活かす。

研究成果

- ゲノム編集により遊泳不全ユーグレナを作成し、回収性の向上させ得ることを示した。
- 分化した細胞(葉肉プロトプラスト)からのリプログラミングにおいて、オーキシン合成が細胞分裂再開の重要なステップになることや、その過程に関わる重要な転写因子を明らかにした。
- 植物の細胞内小器官を簡便に染色する蛍光色素を開発した。
- エタノール処理により気孔閉鎖が促進され、乾燥ストレス耐性を高めることを明らかにした。
- グルココルチコイド受容体を融合させた機能誘導性のシロイヌナズナ転写因子ライン、TF-GR ラインを作成した。



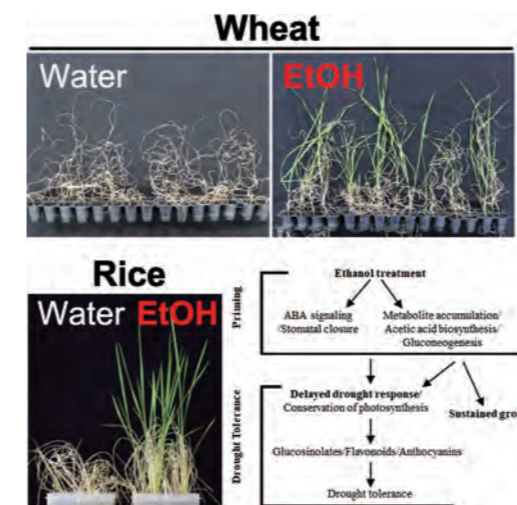
Arabidopsis mesophyll protoplast cell (left) restarts cell division when cultured under proper conditions (right).



A trace image of Euglena phototaxis

今後のビジョン

- 環境ストレス適応、バイオマス生産に関わる転写因子、機能性小分子、ペプチド等の探索
- 上記因子の解析による生物と環境の相互作用データの収集
- 植物の環境ストレス適応、バイオマス生産等を定量的データとして解析するためのフェノタイピング技術の開発
- ゲノム編集、化合物等により機能向上した植物創出のための研究の推進
- 遺伝系統選抜や環境条件、栽培方法等の最適化による地球規模の気候変動に対応した食料・バイオマスの安定的確保への貢献



Ethanol enhances drought stress tolerance in plants.

プロジェクトリーダー / Project Leader



松井 南 理学博士
Minami MATSUI D.Sci.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leaders



関 原明 博士(理学)
Motoaki SEKI Ph.D.



持田 恵一 博士(理学)
Keiichi MOCHIDA Ph.D.

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

With global warming, climate change, and population increase, sustainable food supply and procurement is now a global issue. CSRS has been working on 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.

Research Results

- We demonstrated CRISPR/Cas9-mediated generation of non-motile mutants improve the harvesting efficiency of *Euglena gracilis*.
- In cell reprogramming from leaf mesophyll protoplasts, we have revealed that auxin synthesis is an important step for resumption of cell division and identified important transcription factors involved in the process.
- We developed dyes for a rapid imaging of subcellular compartments in plants.
- We revealed that ethanol treatment enhances drought stress tolerance by inducing stomatal closure.
- We generated TF-GR lines, inducible transcription factor lines using glucocorticoid receptor-fusion techniques in *Arabidopsis*.

Future Vision

- Exploration of novel factors including transcription factors, small functional molecules and peptides involved in environmental stress responses and biomass production
- Data collection of interaction between living organism and environment by analyses of the factors above
- Development of quantitative phenotyping technologies to analyze plant's environmental stress response, biomass production and growth
- Promotion of research to create functionally improved plants by the technologies such as genome editing and chemical biology
- Contribution to sustainable food and biomass production to meet global warming by selection of genetic variants and optimization of environmental and cultivation conditions

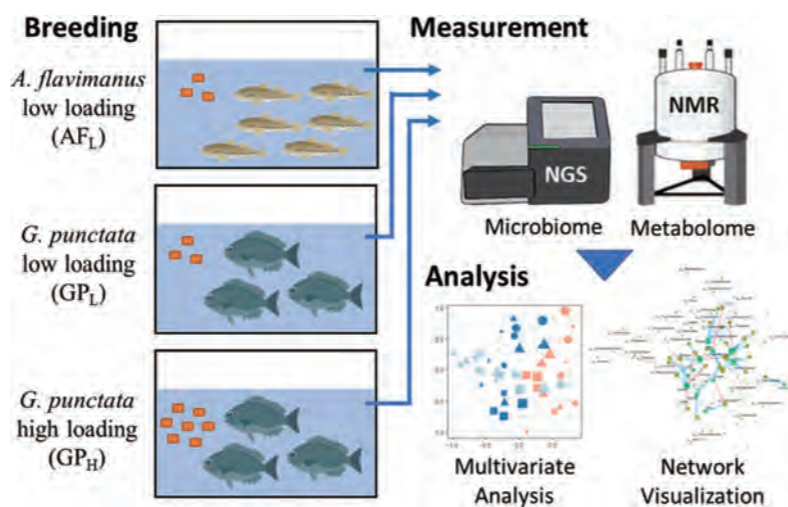


環境問題解決への貢献のため、 共生相互作用を利用した技術を開発します

環境汚染・気候変動等の環境問題に対応するため、土壌や水圏における共生関係を解明し、共生微生物機能を活用することで、化学肥料・化学農業に大きく依存しない、持続可能で環境負荷の少ない農業環境技術、また、環境変動を迅速に認知し予測するための共生動態モニター技術を開発する。さらには、未知の有用物質生産能力を保持している共生微生物を同定し、ゲノムマイニング、オミックス、生化学、構造生物学、計算化学的アプローチによる生合成機構の解明と有用化合物創製を目指す。

研究成果

- シングルセルRNA-seq解析における統合パイプラインを開発した。
- 閉鎖型陸上養殖における微生物叢・代謝物組成の相関ネットワークを可視化した。
- ハマウツボ科の寄生植物の根が宿主由来のストリゴラクトンに対して化学屈性を示すことを発見した。
- 植物由来抗菌性化合物ロカグレートに耐性を持つ糸状菌の発見とその分子機構を明らかにした。
- 植物の免疫と共生の双方に関与する因子を同定した。



Visualization of microbiome-metabolome network in closed onshore aquaculture system



Chemotropism towards strigolactone in the parasitic plant Phtheirospermum

Developing scientific technologies based on symbiotic interactions for solving global environmental problems

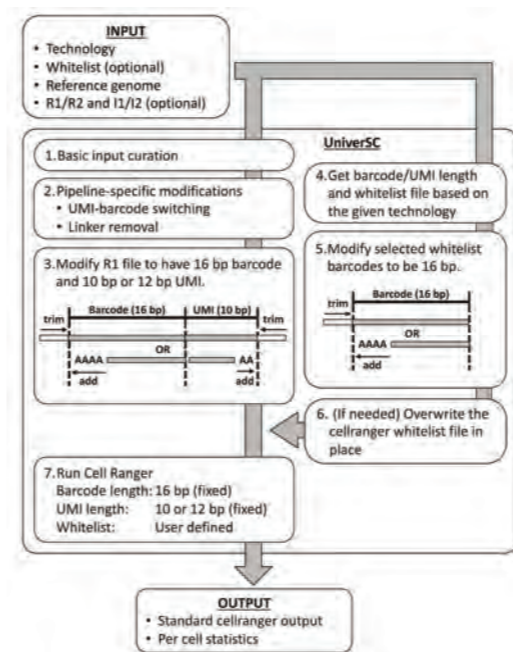
To solve environmental problems such as pollution and climate change, we will elucidate symbiotic relationships in the soil and hydrosphere. By utilizing symbiotic microbial functions, we will develop sustainable and environmentally friendly agricultural and environmental technologies that do not rely heavily on chemical fertilizers and pesticides. We will also develop technologies to monitor symbiotic dynamics in order to quickly recognize and predict environmental changes. In addition, we aim to identify symbiotic microorganisms that have the ability to produce unknown useful substances, and to elucidate their biosynthetic mechanisms and create useful compounds using genome mining, omics, biochemistry, structural biology, and computational chemistry approaches.

Research Results

- We developed UniverSC, a universal single-cell RNA-seq data processing tool.
- We visualized microbiome-metabolome network in closed onshore aquaculture system.
- We found that roots of the Orobanchaceae parasitic plants exhibit chemotropism toward host-derived strigolactones.
- We identified a fungus that overcomes the plant-derived antibiotic roaglate and revealed its mechanism.
- We identified a protein involved both in plant immunity and symbiosis.

今後のビジョン

- 共生微生物の二次代謝生合成の遺伝子クラスターの同定と機能解析
- 水圏微生物叢のダイナミクスの解明とその利用
- 植物-微生物間におけるコミュニケーション機構の解明
- 窒素固定の分子メカニズムの解明とその利用
- 環境分子解析技術の開発とその利用



Overview of UniverSC

Future Vision

- Identification and characterization of secondary metabolite gene clusters in symbiotic microbes
- Characterization of hydrosphere microbiome dynamics
- Molecular characterization of plant-microbe communications
- Understanding and application of nitrogen fixation
- Development and application of a comprehensive analytical platform of environmental molecules

プロジェクトリーダー / Project Leader



白須 賢 Ph.D.
Ken SHIRASU Ph.D.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leaders



林 誠 博士(理学)
Makoto HAYASHI Ph.D.



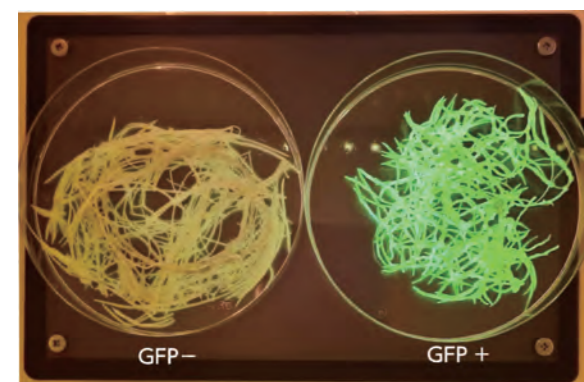
菊地 淳 博士(工学)
Jun KIKUCHI Ph.D.



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。

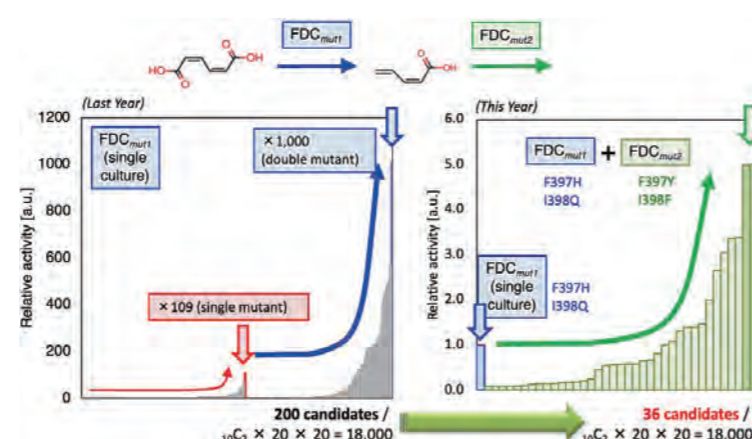
複数の細胞の相互作用から代謝経路をデザインするスマートオーガニズムや、生産システムとなる植物・微生物などの育種の高度化、従来の化学合成では困難だった化合物の合成などにチャレンジし、植物・微生物を用いた有用物質の合成を進める。化学工業の原料、機能性食品、医薬品、化粧品原料等ターゲットは広く、技術基盤の開発、産業界との連携によってさらなる展開が期待される。



GFP fluorescence in hairy roots. The liquid-cultured hairy roots transformed with GFP gene were examined using a blue LED transilluminator.

研究成果

- 酵素創製技術を発展させ人工酵素を開発し、ブタジエンを高効率でバイオ生産することに成功した。
- 国内産のエンドウとアグロバクテリウムを用いて簡便な毛状根作成系を構築した。
- 合成生物学による植物細胞を宿主とした物質生産システム開発の課題抽出を行なった。
- 海洋細菌由来の新しいセスキテルペン合成酵素を発見した。
- 効率的な代謝設計アルゴリズムを開発し、様々な有用化合物のバイオ生産に適用した。



Complete bioconversion of butadiene from muconic acid with two kinds of artificial enzymes

Maximizing capacities of plants and microorganisms for chemical synthesis in expanding the production and use of bioproducts

Departure from our dependence on fossil resources requires creation of bioproducts essential to our lives through innovative methods. Using genomic analysis data that are increasing exponentially as well as synthetic biology, genome engineering, and data science, the Metabolic Genome Engineering project will artificially maximize capacities of plants and microorganisms for chemical synthesis in developing and configuring sustainable production systems.

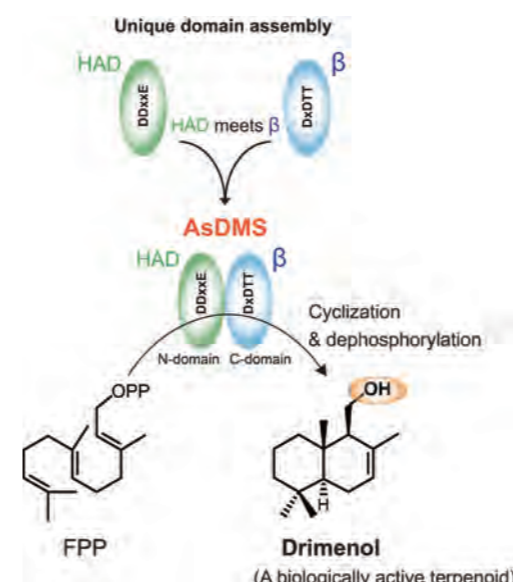
The project will promote the synthesis of useful substances from plants and microorganisms by taking on the challenge of developing smart organisms through designing metabolic pathways from the interactions of multiple cells, creating advanced forms of breeding of plants and microorganisms that make up the production systems, and synthesizing compounds that had been difficult to develop using existing chemical synthesis. There are many potential targets, including raw materials for the chemical industry, functional foods, drugs, and raw materials for cosmetics. Development of the technology base and partnership with the industry is expected to bring about further advances in this field.

Research Results

- We succeeded in bioproduction of butadiene with a high yield by developing an artificial enzyme with enzyme-creating technology.
- We established a simple method of hairy root creation using Japanese pea cultivar and Rhizobium strain.
- We performed experiments to identify issues in developing a useful material production system via synthetic biology using plant cells as a host.
- We have identified novel drimenol synthase from marine bacteria.
- We developed an algorithm of metabolic designs, applying the bioproductions of various useful compounds.

今後のビジョン

- 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およびゲノム編集や合成生物学への応用
- 有用物質生産に利用可能な植物バイオリソースの探索
- 目的の代謝反応を触媒する高機能酵素の開発および有用化合物を生産するセルファクトリーの構築
- 代謝エンジニアリングによる微生物生合成プラットフォームの構築および遺伝子資源活用による有用物質の生産
- 環境要因で変動する代謝の最適化および生物生産効率を向上する機械学習手法の開発

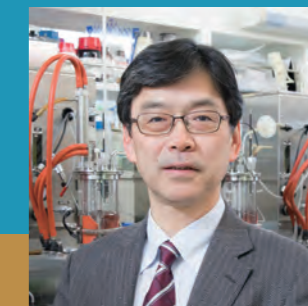


A bifunctional drimenol synthase from marine bacteria

Future Vision

- Identification of plant genes and networks involved in biosynthesis of useful specialized (secondary) metabolites, and applying them to genome engineering and synthetic biology
- Search for plant bio-resources utilizable for useful compound production
- Development of high functional enzymes catalyzing target metabolic reactions, and building cell factories for production of valuable chemicals
- Construction of microbial biosynthetic platform by metabolic engineering and producing useful compounds by utilization of genetic resources
- Methodological advances for better bio-production based on black-box optimization by machine-learning

プロジェクトリーダー / Project Leader

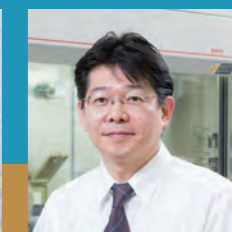


近藤 昭彦 工学博士
Akihiko KONDO Ph.D.

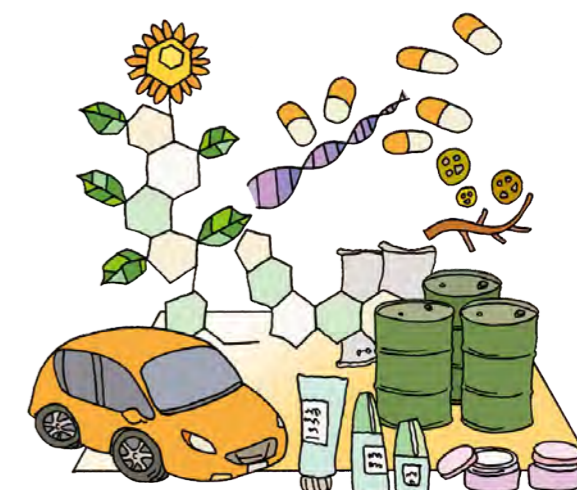
副プロジェクトリーダー / Vice Project Leaders



平井 優美 博士(農学)
Masami HIRAI Ph.D.



高橋 俊二 博士(理学)
Shunji TAKAHASHI D.Sci.





侯 召民 工学博士
Zhaomin HOU D.Eng.

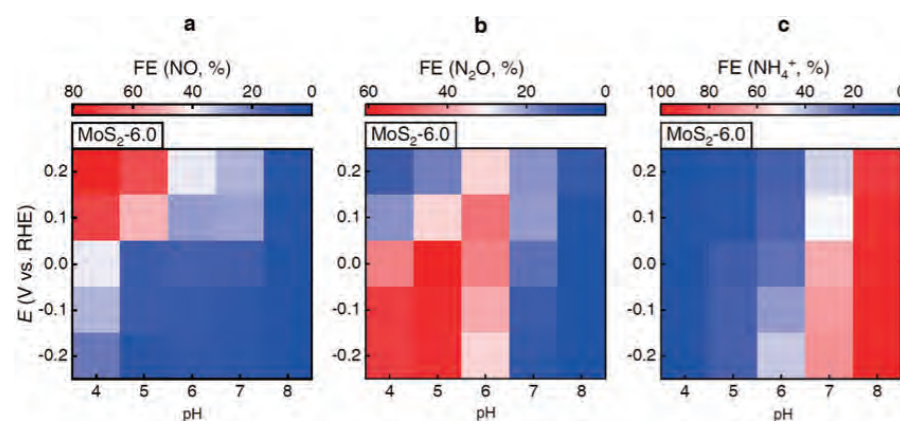
天然資源の利活用に貢献する高効率の新規触媒を開発します

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・地殻資源の有効利用を目指す先進的な触媒の開発に取り組む。

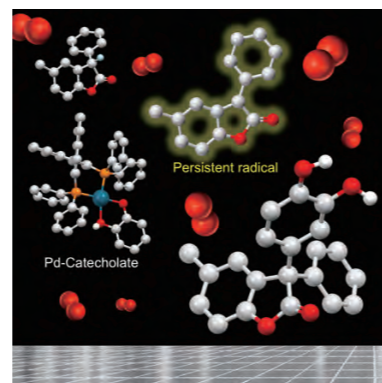
重点的には、窒素と水素から温和な条件の下でアンモニアを合成する技術や、温暖化の最大の要因とされる二酸化炭素を原料としたカルボン酸等の合成に有効な触媒の開発を目指す。さらには水を分解して水素等の製造を促す金属触媒、水中で機能する生体機能触媒、安価で豊富な地殻資源や各種金属の特徴を活かした触媒の開発などを行う。これらのイノベーションを通して、「日本は資源に乏しい国」との発想を転換していく。

研究成果

- タンデム型銅触媒を用いて、配向基を必要としないアルケニルC-H結合のCO₂によるカルボキシル化反応を達成した。
- 脱共役プロトン電子移動を活用することで、窒素化合物の電気化学的変換を制御した。
- 酸素を酸化剤として用い、Pd錯体が触媒する持続性ラジカルとカテコールとの脱水素型クロスカップリング反応を開発した。
- ハロアルキルアミドに触媒量のフェニルボロン酸を作用させると、ヒドロキシアルキルニトリルに変換されることを見出した。
- モリブデン触媒を用いたカルボニル化合物のカップリング反応を開発した。



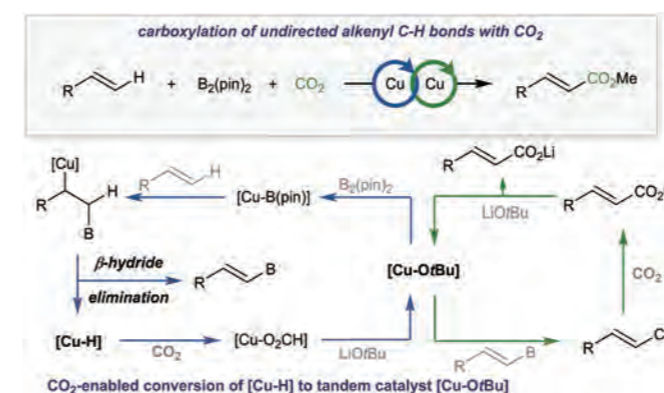
Selective synthesis of (a) NO, (b) N₂O, and (c) NH₄⁺ from NO₂⁻ by optimizing the pH, electrode potential, and pK_a of a molybdenum sulfide catalyst



Pd-catalyzed aerobic cross-dehydrogenative coupling

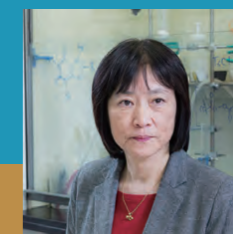
今後のビジョン

- 二酸化炭素や窒素分子の活性化と有効利用を可能とする先進的触媒の開発
- 分子状酸素を酸化剤として用いる触媒反応の開発
- 各種金属元素の特性を生かした精密有機合成触媒の開発
- 太陽エネルギーにより駆動する水分解システムの開発
- 回収・再利用可能な触媒系の構築



Auto-tandem copper-catalyzed carboxylation of undirected Alkenyl C-H bond with CO₂

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leaders



袖岡 幹子 薬学博士
Mikiko SODEOKA D.Pharm.



中村 龍平 博士(理学)
Ryuhei NAKAMURA D.Sci.

Developing new catalysts for highly efficient use of 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 catalysts for producing hydrogen and other useful products 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

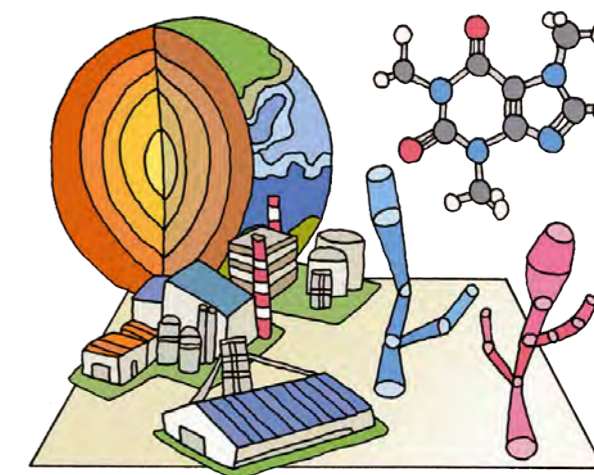
features of all available metals for chemical synthesis. Through such innovation, the project will change the notion that “Japan is a country poor in resources”.

Research Results

- We achieved the carboxylation of undirected alkenyl C-H bonds with CO₂ by auto-tandem copper catalysis.
- We succeeded in the regulation of the electrocatalytic nitrogen cycle using sequential proton-electron transfer.
- We developed Pd-catalyzed aerobic cross-dehydrogenative coupling of persistent radicals with catechols.
- We found that haloalkylamides were readily converted to hydroxyalkyl nitriles in the presence of catalytic amount of phenylboronic acid.
- We found that a molybdenum catalyst promotes the deoxygenative coupling of carbonyl compounds.

Future Vision

- Development of innovative catalysts for activation and utilization of CO₂ and N₂
- Development of new catalytic reactions using O₂ as an oxidant
- Development of new catalysts based on element features for synthesis of fine chemicals
- Exploration of water splitting systems powered by solar energy
- Development of reusable and recyclable catalysts



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な社会の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、分子性触媒技術を駆使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。

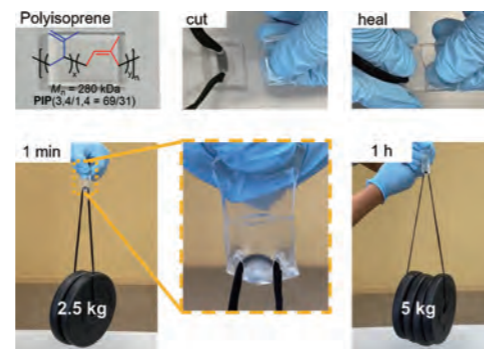
現代社会を支える高分子素材の7割はポリエチレンに代表されるポリオレフィン系である。その可能性をさらに広げるべく、他材料との接着性に優れた機能性ポリオレフィン素材や有機ガラス等に使われるアクリル樹脂の開発、高強度・高耐熱性を持つスーパーエンジニアリングポリマー素材の創出、強度としなやかさを兼ね備えた高タフネスペプチドポリマー素材の創製技術の開発を行う。こうした取り組みは、産業との連携によって、資源利用効率の向上を促すと同時に、化学産業に革新をもたらす。

研究成果

- スカンジウム触媒を用いて、ポリイソプレンのマイクロ構造を精密に制御することにより、優れた自己修復性を示すエラストマーの創製に成功した。
- クモ糸とクモ糸に含まれるタンパク質の配列、物理的性質、化学的性質、生化学的性質をまとめたデータベースを構築し、バイオ高分子のマテリアルインフォマティクスの基盤を構築した。
- 脂肪族-芳香族ポリエステルを生分解反応に及ぼす芳香環への置換基効果を明らかにした。
- バイオポリエステルを母材とするポリマーブレンドにおける相容性と環境分解性の相関を明らかにした。



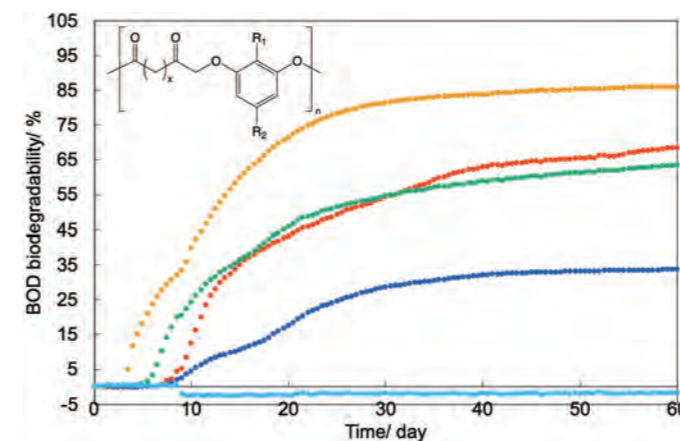
Schematic illustration of spider silk database, Silkome. As examples of Silkome database, the main page of Silkome, materials analysis, sequence data, and phylogenetic tree with protein information are shown.



Self-healing polyisoprene

今後のビジョン

- 極性・非極性オレフィンモノマーの共重合化を自在に達成できる分子触媒の開発と新規機能性ポリオレフィンの創製
- バイオマス由来オレフィンモノマーを利用した新規機能性ポリマー素材の創出
- 超耐熱性バイオマスポリマー素材の創製
- クモ糸を超越した熱成形可能な高タフネス高分子の合成
- 天然ゴムを超越した構造タンパク質材料の創製



Evaluation of biodegradability for semi-aromatic polyesters with different substitutions

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.

Research Results

- We synthesized tough and autonomous self-healing elastomers by scandium catalyst-controlled polymerization of isoprene.
- We constructed a database that summarizes the sequences, physical properties, chemical properties, and biochemical properties of spider silks and their silk proteins, and built a platform for material informatics of biopolymers.
- We found the substitution effect of aromatic unit on biodegradability for aliphatic-aromatic polyesters.
- We elucidated the relationships between miscibility and environmental degradability for biopolyester-based polymer blends.

Future Vision

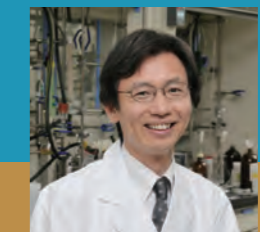
- Developments of new catalysts for the synthesis of copolymers from polar and nonpolar olefinic monomers and creations of new functional olefin polymers
- Creations of new functional polymers from bio-based olefinic monomers
- Creations of super heat-resistant polymers from biomass chemicals
- Synthesis of high toughness thermoformable polymers exceeding spider silks
- Creations of structural protein materials exceeding natural rubber

プロジェクトリーダー / Project Leader



阿部 英喜 博士(工学)
Hideki ABE Ph.D.

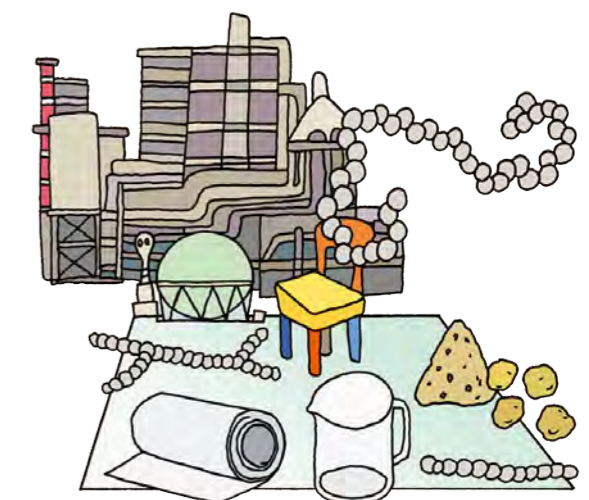
副プロジェクトリーダー / Vice Project Leaders



侯 召民 工学博士
Zhaomin HOU D.Eng.



沼田 圭司 博士(工学)
Keiji NUMATA Ph.D.



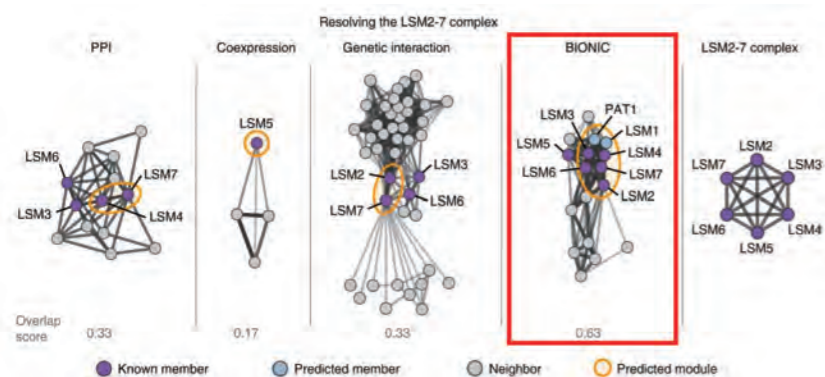
解析技術基盤・情報基盤を高度化し、日本の科学技術のハブとしてイノベーションを牽引します

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。

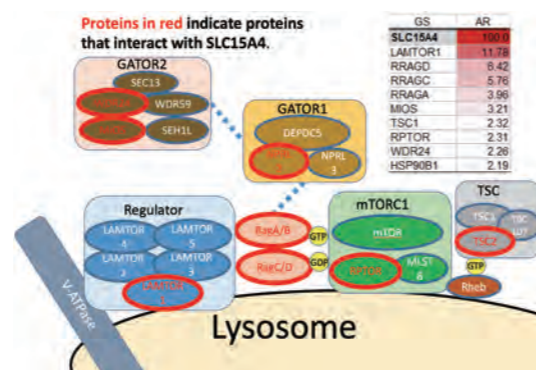
具体的には化合物同定を自動化する解析技術の開発、細胞内の全代謝の理解につながる植物ホルモンも含めた統合メタボローム解析基盤、電子顕微鏡などを用いたイメージング技術基盤や表現型解析基盤の高度化、あるいは植物から微生物まで多岐にわたる研究を束ねた生理活性物質開発プラットフォームの確立、化合物バンクの拡張などがあげられる。さらにこれらの解析技術を支えるために、横断的な情報基盤の活用・高度化も目指す。先端技術プラットフォームは理研の科学技術ハブ機能形成を牽引し、産業界との連携を深めながら次代を担うイノベーションを創出していく。

研究成果

- 複雑な細胞システムの理解につながる、深層学習を用いたネットワーク統合アルゴリズムBIONICを開発した。
- 質量分析とBioID法によるリソソーム膜タンパク質と相互作用するタンパク質の同定法を開発した。
- 糸状菌の NRPS-PKS ハイブリッド酵素により生合成された新規二次代謝産物 taslactam 類の単離・精製および構造決定を行った。
- 植物の代謝的多様性を解明するための高性能液体クロマトグラフィー質量分析計を基盤としたメタボロミクス解析(サンプル調製、抽出、データ取得、データ解析)の理論と実施例を報告した。
- 光学顕微鏡と電子顕微鏡で捉える光・電子相関顕微鏡法と高圧凍結技法を改良し、シロイヌナズナ根端における酵素の新たな液胞輸送経路を明らかにした。



Evaluation of BIONIC and the input networks at functional gene module detection in the LSM2-7 complex

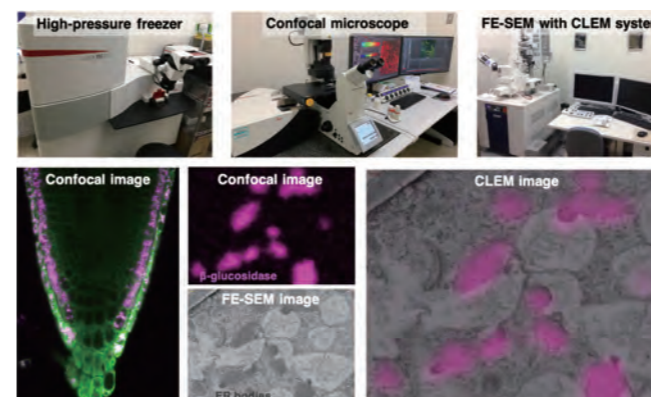


SLC15A4 interacting proteins determined by proximity-dependent biotinylation (BioID) approaches



今後のビジョン

- ER-MS²に基づく分子解析法を進展させ、より広い範囲の小分子についての「その場」同定および局在解析への応用
- 細胞表現型データに基づくケミカルゲノミクスネットワーク解析プラットフォームの確立と研究DXへの展開
- プロテオームデータベースの拡充とこれを利用した新規ORFの探索並びに機能解析
- ケモインフォマティクス等による植物メタボロミクス解析手法の高度化
- 蛍光顕微鏡法、CLEM法、アレイトモグラフィー法、高圧凍結技法など光学および電子顕微鏡法の開発と改良



CLEM image of ER bodies including red fluorescence protein-tagged β -glucosidase by high-pressure freezing, confocal microscopy and CLEM

Advancing analytical technology and information platforms, and leading innovation as a science and technology hub in Japan

RIKEN, with its state-of-the-art platform for molecular analysis, is actively conducting joint research with other research institutes and universities, with the Technology Platform Division at the core. The Advanced Research and Technology Platforms project will use and further refine RIKEN's analytical and information platforms and support the efficient promotion of the flagship projects.

Specifically, such efforts will include development of analytical technology for automatic identification of compounds; sophistication of the integrated metabolome analytical platform, including plant hormones that help us understand all intracellular metabolism, the imaging technology platform using electron microscopy, and the phenotype analytical platform; establishment of the platform for development of bioactive substances that combines research covering an extensive field from plants to microorganisms; and further expansion of the chemical bank. To support these analytical technologies, the project will also use and refine the cross-cutting information platform. The project will lead RIKEN's efforts in forming a science and technology hub and bring about the next-generation innovation while deepening collaboration with the industry.

Research Results

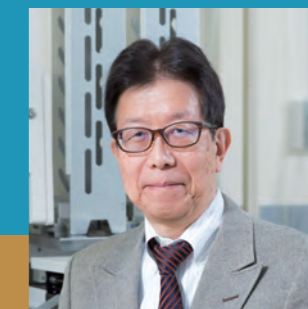
- We developed a general, scalable deep learning framework for network integration called BIONIC (Biological Network Integration using Convolutions), which uses a graph convolutional network to embed genes and proteins from each input network into a common feature space.
- We have developed a method to identify proteins that interact with lysosomal membrane proteins using mass spectrometry and BioID.
- We supported the isolation and structural elucidation of new secondary metabolites, taslactams, biosynthesized by fungal NRPS-PKS hybrid enzymes.
- We have reported theory and practice of metabolomics analysis (sample preparation, extraction, data acquisition, and data analysis) based on high-performance liquid chromatography-mass spectrometry to explore metabolic diversity in plants.
- We improved correlative light and electron microscopy (CLEM) and high-pressure freezing technique and identified a novel vacuolar transport pathway in *Arabidopsis* root tips.

Future Vision

- Advancement and application of the ER-MS²-based molecular characterization method for *in-situ* identification and localization analysis of diverse small molecules
- Establishment of a platform for chemical genomics network based on cellular phenotypic data and its application to research digital transformation
- Enlargement of proteome database and its use for searching new ORFs and their functions
- Improvement of analytical methods for plant metabolomics based on chemo-informatics and other techniques
- Development and improvement of optical and electron microscopy applications such as fluorescence microscopy, CLEM, array tomography and high-pressure freezing technique



プロジェクトリーダー / Project Leaders

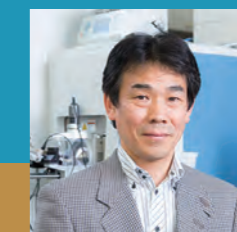


吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.



平井 優美 博士(農学)
Masami HIRAI Ph.D.

副プロジェクトリーダー / Vice Project Leaders



堂前 直 博士(学術)
Naoshi DOHMAE Ph.D.



豊岡 公德 博士(理学)
Kiminori TOYOOKA 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と創薬化学によって シード／リード化合物を創製します

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

今後のビジョン

- ユニークなHTS用化合物ライブラリーの構築
- iPS細胞や幹細胞を利用したHTSやフェノタイプによるHTSの推進
- タンパク質分解誘導キメラ分子を含めた中分子創薬のプラットフォーム構築

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

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

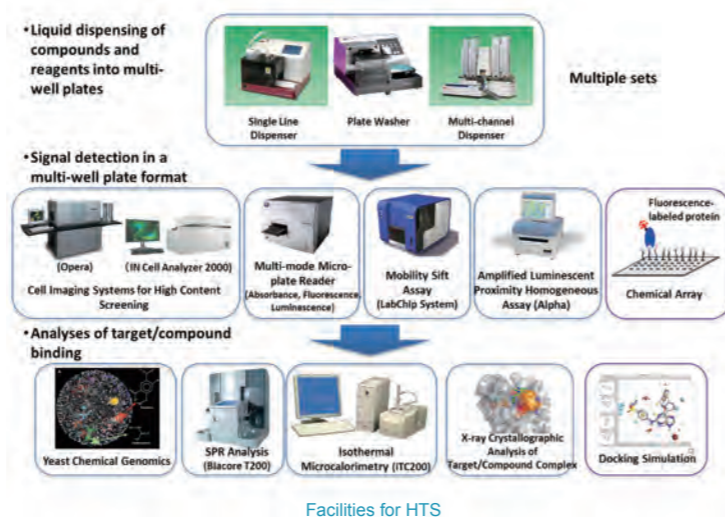
Future Vision

- Construction of unique chemical libraries for HTS
- Promoting HTS using iPS and stem cells, and phenotypic HTS in order to find unique bioactive compounds
- Establishment of the platform for middle-molecular drug discovery including proteolysis-targeting chimeric molecules

部門長 / Division Director



吉田 稔 農学博士
Minoru YOSHIDA D.Agr.



研究・解析支援

Research Support

先端技術プラットフォームプロジェクトを中核として、
解析技術基盤、情報基盤を活用・高度化し、
効率的な研究推進をバックアップしています

質量分析（横浜）

ホルモン解析
メタボローム解析

顕微鏡解析室（横浜）

電子顕微鏡技術
光学顕微鏡技術

植物表現型解析室（筑波）

自動植物表現型解析 RIPPS
(RIKEN Integrated Plant Phenotyping System)

共同研究推進プログラム（和光）

化学物質と小分子
ハイスループットスクリーニング
タンパク質と超分子
分子間相互作用



日本語サイト
<https://www.csr.s.riken.jp/jp/support/index.html>

With the Advanced Technology Platform at the core,
CSRS utilize and advance analytical technology and
information platforms, and we are supporting the efficient
promotion of research both inside and outside of RIKEN CSRS

Mass spectrometry in Yokohama

Plant metabolomic analyses
Plant hormone analyses

Microscopy Room in Yokohama

Electron microscopes
Optical microscopes

Plant Phenotyping Facility in Tsukuba

RIPPS (RIKEN Integrated Plant Phenotyping System)

Joint Research Promotion Program (JRPP) in Wako

Chemicals and small molecules
High throughput screening
Proteins and supermolecules
Molecular interactions



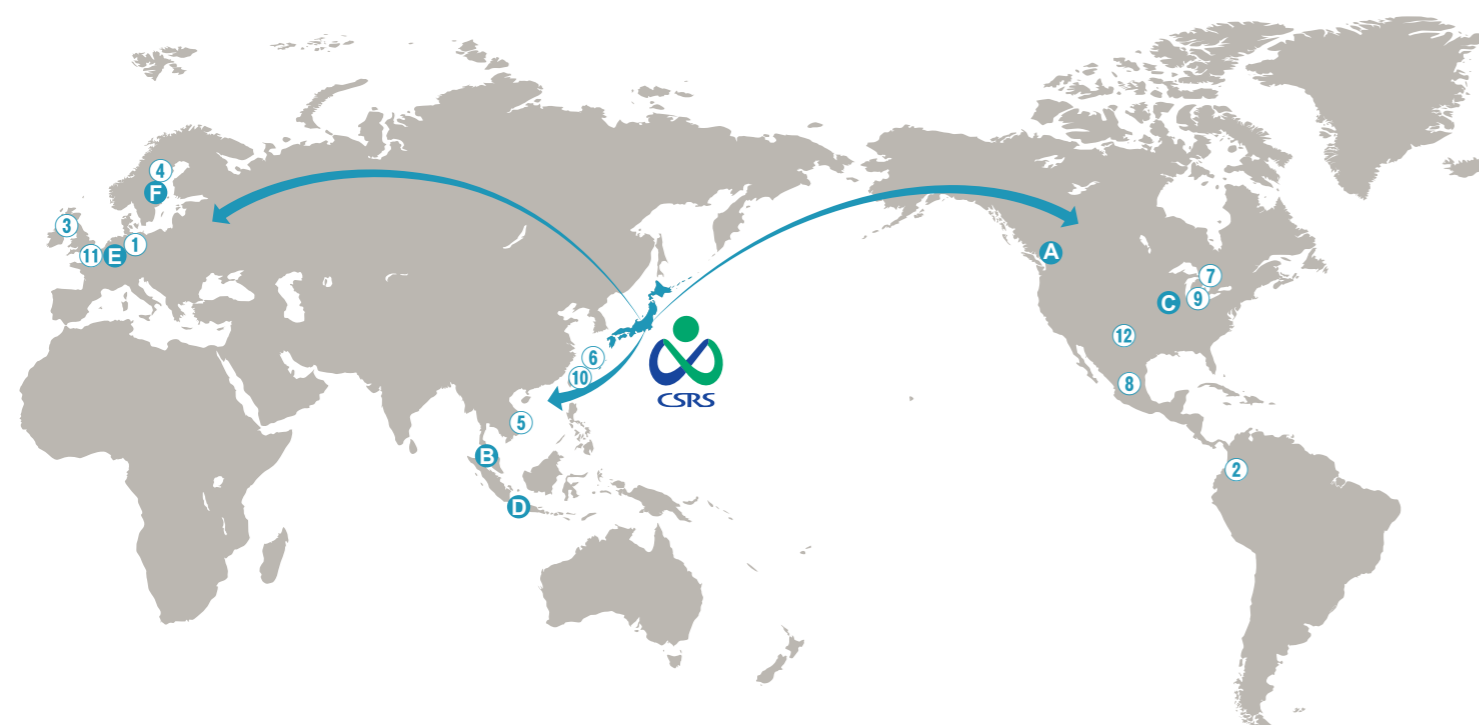
English site
<https://www.csr.s.riken.jp/en/support/index.html>

国際連携 International Collaborations

研究協力協定

Research Collaboration Agreements

- ① The Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Germany
- ② The International Center for Tropical Agriculture, Colombia
- ③ The Sainsbury Laboratory, UK
- ④ Umeå Plant Science Center, Sweden
- ⑤ Agricultural Genetics Institute, Vietnam
- ⑥ National Taiwan Normal University, Taiwan
- ⑦ Terrence Donnelly Centre for Cellular and Biomolecular Research, University of Toronto, Canada
- ⑧ National Laboratory of Genomics for Biodiversity, Cinvestav, Mexico
- ⑨ Plant Resilience Institute, Michigan State University, USA
- ⑩ Biotechnology Center and College of Agriculture and Natural Resources, National Chung Hsing University, Taiwan
- ⑪ VIB-UGent Center for Plant Systems Biology, Belgium
- ⑫ Institute of Genomics for Crop Abiotic Stress Tolerance, Texas Tech University, USA



主な共同研究

Principal Joint Research Agreements

- A The University of British Columbia, Canada
- B Universiti Sains Malaysia, Malaysia
- C University of Minnesota, USA
- D Indonesian Rubber Research Institute, Indonesia
- E Max Plank Institute for Plant Breeding Research, Germany
- F KTH Royal Institute of Technology, Sweden

国内連携 Domestic Collaborations

研究協力協定

慶應義塾大学
神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科
筑波大学 つくば機能植物イノベーション研究センター
名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所
横浜市立大学
千葉大学 植物分子科学研究センター等
宇都宮大学 バイオサイエンス教育研究センター
森林研究・整備機構
かずさDNA研究所
国立遺伝学研究所
九州大学
北海道大学 触媒科学研究所
東北大学 材料科学高等研究所
東京工業大学 エネルギー・情報卓越教育院
熊本大学 産業ナノマテリアル研究所
物質・材料研究機構 統合型材料開発・情報基盤部門

Research Collaboration Agreements

Keio University
Graduate School of Science, Technology and Innovation, Kobe University
Tsukuba-Plant Innovation Research Center, University of Tsukuba
Institute of Transformative Bio-Molecules, Nagoya University
Yokohama City University
Plant Molecular Science Center, etc., Chiba University
Center for Bioscience Research and Education, Utsunomiya University
Forest Research and Management Organization
Kazusa DNA Research Institute
National Institute of Genetics
Kyushu University
Institute for Catalysis, Hokkaido University
Advanced Institute for Materials Research, Tohoku University
Tokyo Tech Academy of Energy and Informatics, Tokyo Institute of Technology
Institute of Industrial Nanomaterials, Kumamoto University
Research and Services Division of Materials Data and Integrated System, National Institute for Materials Science

主な共同研究

Principal Joint Research Agreements

岡山大学
東京大学
名古屋大学大学院生命農学研究科
北海道大学
東京工業大学
京都大学
九州大学
奈良先端科学技術大学院大学
筑波大学
東北大学
神戸大学
大阪大学
海洋研究開発機構
国際農林水産業研究センター
産業技術総合研究所
農業・食品産業技術総合研究機構
水産研究・教育機構
Okayama University
The University of Tokyo
Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
Hokkaido University
Tokyo Institute of Technology
Kyoto University
Kyushu University
Nara Institute of Science and Technology
University of Tsukuba
Tohoku University
Kobe University
Osaka University
Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology
Japan International Research Center for Agricultural Sciences
National Institute of Advanced Industrial Science and Technology
National Agriculture and Food Research Organization
Japan Fisheries Research and Education Agency

産業連携 Industrial Collaborations

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、42社の企業と共同研究を実施しています。

CSRS conducts collaborative research with 42 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.

Technology development for renewable fuel production increase from microalgae

© Euglena Co., Ltd.

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.

開拓研究本部 (CPR)
Cluster for Pioneering Research

革新知能統合研究センター (AIP)
Center for Advanced Intelligence Project

生命医科学研究センター (IMS)
Center for Integrative Medical Sciences

生命機能科学研究センター (BDR)
Center for Biosystems Dynamics Research

脳神経科学研究センター (CBS)
Center for Brain Science

創発物性科学研究センター (CEMS)
Center for Emergent Matter Science

光量子工学研究センター (RAP)
Center for Advanced Photonics

仁科加速器科学研究センター (RNC)
Nishina Center for Accelerator-Based Science

計算科学研究センター (R-CCS)
Center for Computational Science

放射光科学研究センター (RSC)
SPring-8 Center

バイオリソース研究センター (BRC)
BioResource Research Center



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



NMR



SPring-8



SRC



Supercomputer Fugaku

As of Mar. 2023

連携大学院 Joint Graduate School Program

理研と国内大学間との協定に基づき、理研の研究者が大学の客員教授等となって講義を行ったり、理研の研究室に大学院生を受け入れて研究指導を行う理研の制度です。

This is one of the program in RIKEN that under agreements between RIKEN and universities in Japan, RIKEN researchers serve as visiting professors and give lectures at universities, and also RIKEN researchers accept graduate students into their laboratories to give research guidance.

横浜市立大学大学院生命ナノシステム科学研究科	Graduate School of Nanobioscience, Yokohama City University
横浜市立大学大学院生命医科学研究科	Graduate School of Medical Life Science, Yokohama City University
埼玉大学大学院理工学研究科	Graduate School of Science and Engineering, Saitama University
筑波大学大学院生命環境科学研究科	Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba
東京医科歯科大学大学院医歯学総合研究科	Graduate School of Medical and Dental Sciences, Tokyo Medical and Dental University
東京工業大学	Tokyo Institute of Technology
東京大学大学院農学生命科学研究科	Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo
東京大学大学院理学系研究科	Graduate School of Science, The University of Tokyo
東京電機大学大学院工学研究科	Graduate School of Engineering, Tokyo Denki University
東京都立大学大学院理工学研究科	Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Metropolitan University
東京理科大学大学院理学研究科	Graduate School of Science, Tokyo University of Science
北海道大学大学院総合化学院	Graduate School of Chemical Sciences and Engineering, Hokkaido University
名古屋大学大学院 生命農学研究科	Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University

CSRS大学院生教育プログラム CSRS Graduate Student Training Program (CSRS-GSTP)

当センターでは、優秀な人材や次世代の研究者を育成していくため、教育プログラムに積極的に取り組んでいます。

2020年4月より、CSRSに在籍する大学院生を対象としたCSRS大学院生教育プログラムを開始し、CSRSの下で将来の科学技術を支え発展させていく優秀な科学者・技術者を発掘・育成していくことを目指します。

2022年度は、博士課程4名 (GSTP1)、修士課程11名 (GSTP2)、博士・修士課程13名 (GSTP3)を対象に、オンライン講義を9回実施しました。

CSRS actively provides training programs with the aim of fostering talented personnel and the next generation of scientists.

The CSRS Graduate Student Training Program (CSRS-GSTP) was launched in FY2020 for graduate students enrolled in the CSRS. Under the supervision of CSRS, this program aims to identify and foster talented young scientists capable of contributing to the advancement of science for the future.

In FY2022, nine online lectures were held for 4 doctor students (GSTP1), 11 master students (GSTP2) and 13 doctor / Master students (GSTP3).

2022年度講義 / FY2022 Lectures

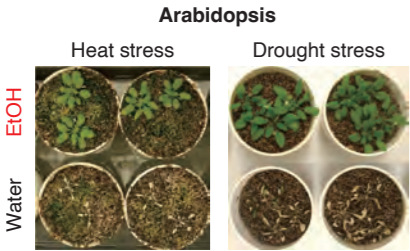
May. 2022	Introduction CSRS-GSTP
Jun.	Sustainable Resource Science
Jul.	So you wanna be a researcher?
Oct.	Beginner's guide for presentation
Nov.	Students' presentation 1
Nov.	Students' presentation 2
Jan. 2023	Challenges to create new functional biomass-based polymeric materials
Feb.	バイオものづくりを加速する Engineering Biology
Mar.	How I became a scientist - A journey to science

エタノールが植物の高温・乾燥耐性を高めることを発見
Ethanol increases high temperature tolerance and enhances drought tolerance in plants



2022.06.22 / 2022.08.25

植物ゲノム発現研究チーム / Plant Genomic Network Research Team



シロイヌナズナにおけるエタノール投与による高温ストレス耐性の強化(左)、シロイヌナズナにおけるエタノール投与による乾燥ストレス耐性の強化(右)

Ethanol enhances heat stress tolerance in plants (left)
Ethanol enhances drought stress tolerance in plants (right)

Original article

Ethanol induces heat tolerance in plants by stimulating unfolded protein response.
Plant Mol. Biol. **110**, 131-145 (2022)

Ethanol-mediated novel survival strategy against drought stress in plants.
Plant Cell Physiol. **63**, 1181-1192 (2022)



左から / From left
関 原明 (チームリーダー) / Motoaki SEKI (Team Leader)
戸高 大輔 (研究員) / Daisuke TODAKA (Research Scientist)

シロイヌナズナにエタノールを投与し、遺伝子発現や代謝産物の量的変化を網羅的に解析しました。「小胞体ストレス応答 (UPR)」が高温ストレス耐性の獲得に関与していることが示唆されたことから、UPRに関わる薬剤処理実験や変異体の解析を行った結果、エタノール投与により小胞体ストレス応答が促進されることで、高温ストレス耐性が強化されることを発見しました。

また、エタノールを投与したシロイヌナズナに乾燥ストレスを施した結果、1) 気孔閉鎖が促進され、細胞内の水分損失が低減、2) エタノール分子が植物体内に取り込まれて代謝され、糖やアミノ酸に変換されて蓄積、3) 気孔閉鎖による二酸化炭素の取り込み低減を糖新生で補うことにより、植物成長が維持、4) グルコシノレートなどの有用代謝産物が蓄積、といった複合的な作用機序により、乾燥ストレス耐性が強化されることを明らかにしました。

本成果は、農作物の高温耐性・乾燥耐性を強化する肥料や技術の開発に貢献すると期待できます。

The research group has discovered that the application of ethanol to plants enhances their tolerance to high temperature stress. They investigated the effectiveness of the application of ethanol to *Arabidopsis thaliana* under high temperature stress conditions. They comprehensively analyzed quantitative changes of gene expression and metabolites. The results of the analysis suggested that an endoplasmic reticulum stress response (unfolded protein response: UPR) is involved in the acquisition of high-temperature stress tolerance. They next conducted drug treatment experiments and analysis of mutants and found that ethanol treatment enhanced the endoplasmic reticulum stress response, thereby enhancing high-temperature stress tolerance.

They also found that ethanol enhances the drought stress tolerance in plants through the following mechanisms: 1. Induces stomatal closure, decreasing water loss in cells. 2. Ethanol is absorbed, metabolized, and converted into amino acids and sugars. 3. A decrease in carbon dioxide intake due to stomatal closure is compensated by gluconeogenesis, maintaining plant growth. 4. Plants accumulate metabolites, such as glucosinolates that help tolerate drought stress.

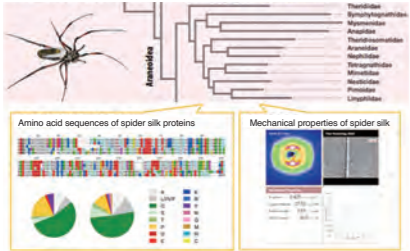
These findings would contribute to the development of fertilizers and technologies to enhance high-temperature tolerance and drought stress of agricultural products.

クモ糸の構造と力学物性をデータベース化
Building a database of spider silk's structure and physical property



2022.10.13

バイオ高分子研究チーム / Biomacromolecules Research Team



クモ糸の構造と力学物性を収録したデータベース (Spider Silkome Database)

Spider Silkome Database contains sequences and mechanical properties of spider silk proteins

Original article

1000 spider silkomes: Linking sequences to silk physical properties.
Sci. Adv. **8**, eabo6043 (2022)



左から / From left
沼田 圭二 (チームリーダー) / Keiji NUMATA (Team Leader)
荒川 和晴 (客員主管研究員) / Kazuharu ARAKAWA (Senior Visiting Scientist)

世界中のさまざまな地域で採集された1,000種を超えるクモを系統的に分類し、クモの細胞から抽出したRNAの解析からクモ糸タンパク質のアミノ酸配列情報を収集しました。また、それぞれのクモから牽引糸を採取し、クモ糸の引張強度や伸び率、タフネス(靱性)など12種類の物性を測定し、アミノ酸配列などの構造に関する情報とひも付けたデータベース「Spider Silkome Database」を作成しました。さらに、クモ糸タンパク質の構造と物性の相関を基に、タフネスに寄与するアミノ酸モチーフを同定することに成功しました。

本成果は、天然クモ糸の情報から合理的に設計されたさまざまな材料物性を示す人工クモ糸材料の創出に貢献すると期待できます。

The research group phylogenetically classified spiders collected from various regions of the world and analyzed RNAs from spider cells to obtain amino acid sequences of spider silk proteins. They gathered a dragline silk fiber from each spider and measured its 12 physical properties, including tensile strength, extensibility, and toughness. And then, the researchers linked those properties to the structural information, such as amino acid sequences, to create the Spider Silkome Database. They also identified the amino acid motifs contributing to the toughness based on the association between spider silk proteins' structures and physical properties.

These findings would contribute to creating materials for artificial spider silk with various material properties designed rationally based on the information of natural spider silk.

Date	プレスリリースタイトル / Titles of Press Release	研究室 / Labs
2022.04.04	種子の油を合成する新しい代謝経路を発見 New metabolic pathway for the synthesis of seed oil is discovered	植物脂質研究 T Plant Lipid RT
2022.04.08	窒素分子と二酸化炭素から有機物を合成 A nitrogen-containing organic compound is synthesized from dinitrogen and carbon dioxide	先進機能触媒研究 G Advanced Catalysis RG
2022.04.11	環境ストレス適応のクロマチン制御機構を解明 Unwinding the secrets of stress in plants could help feed the world during climate crisis	植物ゲノム発現研究 T Plant Genomic Network RT
2022.04.14	始原的なシアノバクテリアの光化学系 I 複合体の立体構造を解明 Structure of photosystem I complex of primordial cyanobacterium	生命分子解析 U Biomolecular Characterization U
2022.04.19	高 CO ₂ 条件での植物の成長促進に関連する遺伝子を発見 Genes associated with plant growth enhancement under elevated CO ₂ conditions is identified	バイオ生産情報研究 T Bioproductivity Informatics RT
2022.05.16	カーボンナノチューブで植物に遺伝子を送り込む Plant gene delivery via carbon nanotubes	バイオ高分子研究 T Biomacromolecules RT
2022.05.18	炭素・窒素循環を担う昆虫共生細菌系の因果構造 A causal structure of insect symbiotic bacteria involved in carbon and nitrogen cycling	環境代謝分析研究 T Environmental Metabolic Analysis RT
2022.05.18	海洋細菌由来の新しいテルペン合成酵素の発見 Identification of new terpene synthases of marine bacterial origin	天然物生合成研究 U 生命分子解析 U Natural Product Biosynthesis RU Biomolecular Characterization U
2022.05.20	植物が病原菌特有の脂質を認識するしくみ How plants recognize pathogen-specific lipids	植物免疫研究 G Plant Immunity RG
2022.06.18	栄養が豊富過ぎると根毛は伸びなくなる Excess nutrients suppress root hair growth	細胞機能研究 T Cell Function RT
2022.06.21	生細胞内のヒストンメチル化を追う Tracking histone methylation in a living cell	ケミカルゲノミクス研究 G 創薬シード化合物探索基盤 U 触媒・融合研究 G Chemical Genomics RG Drug Discovery Seed Compounds Exploratory U Catalysis and Integrated RG
2022.06.22	エタノールが植物の高温耐性を高めることを発見 Ethanol increases high temperature tolerance in plants	植物ゲノム発現研究 T Plant Genomic Network RT
2022.07.27	太古の地球における酸素の起源 Origin of oxygen on ancient Earth	生命分子解析 U Biomolecular Characterization U
2022.08.01	新たな植物の硫黄分配メカニズムを発見 New mechanism of sulfur reallocation in plants discovered	代謝システム研究 T Metabolic Systems RT
2022.08.02	世紀を超えた DNA 空間配置の謎を解明 Mystery of DNA arrangement for over a century finally solved	植物ゲノム発現研究 T Plant Genomic Network RT
2022.08.04	分化細胞からの植物体再生 Plant regeneration from differentiated cells	細胞機能研究 T Cell Function RT

プレスリリース Press Releases

Date	プレスリリースタイトル / Titles of Press Release	研究室 / Labs
2022.08.05	植物の精子形成に関わる新規因子を発見 Novel factors involved in land plant spermatogenesis identified	質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
2022.08.10	電気を使った海産ミミズの観察と制御 Monitoring and regulating marine oligochaete by measuring electrical signals	   生体機能触媒研究 T 環境代謝分析研究 T Biofunctional Catalyst RT Environmental Metabolic Analysis RT
2022.08.18	寄生植物が宿主に接近するメカニズムの解明 How parasitic plants approach hosts elucidated	   植物免疫研究 G Plant Immunity RG
2022.08.24	世界初 非可食バイオマスを原料とする糖からナイロン原料を創出 Toray Invents 100% Bio-Based Adipic Acid from Sugars Derived from Inedible Biomass, Scaling Up for Application to Eco-Friendly Nylon 66	細胞生産研究 T Cell Factory RT
2022.08.25	エタノールが植物の乾燥耐性を高めることを発見 Ethanol enhances drought tolerance in plants	  植物ゲノム発現研究 T Plant Genomic Network RT
2022.09.09	ゲノム編集で遊泳不全ミドリムシの作出に成功 Generation of non-motile <i>Euglena gracilis</i> by genome editing	  バイオ生産情報研究 T 質量分析・顕微鏡解析 U Bioproductivity Informatics RT Mass Spectrometry and Microscopy U
2022.09.12	植物の鉄蓄積調節を担う短鎖ペプチド FEP1 の機能を明らかに Function of a short peptide FEP1 involved in regulating iron accumulation in plants	バイオ生産情報研究 T Bioproductivity Informatics RT
2022.09.13	窒素化合物の選択的化学変換 Selective chemical conversion of nitrogen compounds	   生体機能触媒研究 T Biofunctional Catalyst RT
2022.09.13	中心体の9角柱構造の形成機構を解明 Mechanism of forming the nine-fold centriole structure	質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
2022.09.26	自己修復性を示すポリイソプレンの開発に成功 Success in developing self-healable polyisoprenes	 先進機能触媒研究 G Advanced Catalysis RG
2022.09.30	細胞小器官を接着する新技術「オルガネラグルー」を開発 Organellar glue: new technique to stick organelles together	バイオ高分子研究 T Biomacromolecules RT
2022.10.13	クモ糸の構造と力学物性をデータベース化 Building a database of spider silk's structure and physical property	 バイオ高分子研究 T Biomacromolecules RT
2022.10.13	植物脂質合成の鍵となる酵素の機能を解明 Functionality of a key enzyme in plant lipid synthesis elucidated	    植物脂質研究 T Plant Lipid RT
2022.10.18	一つの植物細胞を丸ごと 3 次元で再現 3D reconstruction of a whole plant cell	バイオ高分子研究 T Biomacromolecules RT
2022.10.25	植物が切断されても、傷口を修復してつなげる仕組みを解明 Mechanism of wound-repairing and organ-reconnecting in cut plants	細胞機能研究 T Cell Function RT
2022.10.28	二次代謝物シデロフォアによる分裂酵母の適応生育と一次代謝への影響 Influence of secondary metabolite siderophore on adaptive growth and primary metabolism of fission yeast	ケミカルゲノミクス研究 G 分子リガンド標的研究 T Chemical Genomics RG Molecular Ligand Target 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	プレスリリースタイトル / Titles of Press Release	研究室 / Labs
2022.12.14	免疫抑制剤の新しい作用メカニズムの解明 Elucidation of a new action mechanism of immunosuppressants	ケミカルゲノミクス研究 G 分子リガンド標的研究 T Chemical Genomics RG Molecular Ligand Target RT
2022.12.20	生薬「甘草」の染色体スケールのゲノム解読に成功 Successful chromosome-scale genome sequencing of the herbal drug “licorice”	   統合メタボロミクス研究 G Metabolomics RG
2022.12.27	親しき仲にも礼儀あり Good fences make good neighbors	ケミカルゲノミクス研究 G Chemical Genomics RG
2023.01.06	タンデム触媒による新しいC-H 官能基化反応の開発に成功 Novel C-H functionalization reaction with tandem catalyst developed	 先進機能触媒研究 G Advanced Catalysis RG
2023.01.10	光合成が始まる瞬間の代謝機構を解明 The metabolic mechanism for the initiation of photosynthesis elucidated	細胞生産研究 T Cell Factory RT
2023.01.12	ブルーカーボンのための海草底泥の共生環境を予測 Estimation of symbiotic environments in seagrass bottom sediments for “blue carbon”	 環境代謝分析研究 T Environmental Metabolic Analysis RT
2023.01.12	鎌状赤血球症の新しい治療薬候補を開発 A new candidate therapeutic for sickle cell disease developed	 ケミカルゲノミクス研究 G Chemical Genomics RG
2023.01.16	未知の転写・転写後制御を解明 Unknown transcriptional/post-transcriptional regulatory mechanisms elucidated	  合成ゲノミクス研究 G Synthetic Genomics RG
2023.01.20	光受容によるリボソーム生合成関連遺伝子の翻訳活性機構 Translational activation mechanism of ribosome biogenesis-related genes at photoreception	   合成ゲノミクス研究 G Synthetic Genomics RG
2023.01.23	グルコシノレート分解酵素の液胞への輸送を可視化 Visualization of transport of glucosinolate hydrolase to vacuoles	  質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
2023.01.30	ユーグレナの眼点をつかさどる色素を同定 Pigments responsible for Euglena's eyespot apparatus identified	バイオ生産情報研究 T Bioproductivity Informatics RT
2023.02.01	植物油脂の合成には葉緑体と小胞体の酵素が協調して働く Enzymes in chloroplasts and endoplasmic reticulum work in cooperation in the synthesis of plant lipids	    植物脂質研究 T Plant Lipid RT
2023.02.21	シアノバクテリアの光化学系Ⅰ単量体 IsiA 超複合体の立体構造解明 Three-dimensional structure of photosystem I monomer Iron-stress-induced-A supercomplex in a cyanobacteria	生命分子解析 U Biomolecular Characterization U
2023.02.28	植物の器官再生を制御する酵素を発見 Discovery of enzymes that control organ regeneration in plants	植物ゲノム発現研究 T Plant Genomic Network RT
2023.02.28	翻訳阻害剤を介した、植物と糸状菌間の生存競争 Survival competition between plants and filamentous fungi mediated by translation inhibitors	植物免疫研究 G Plant Immunity RG
2023.03.14	STING 炎症シグナルの終結分子機構 Molecular machinery that terminates STING inflammation signaling	生命分子解析 U Biomolecular Characterization U
2023.03.31	高 CO ₂ 環境でイネを増収させる「コシヒカリ」由来の遺伝子を発見 Discovery of Koshihikari-derived gene that increases rice yield in high CO ₂ environment	バイオ生産情報研究 T Bioproductivity Informatics RT

セミナー CSRS Seminars

Date	Title	Speaker	Affiliation	Host
2022.05.13	Terpenoid indole alkaloid biosynthesis inCatharanthus roseus	Dr. Kotaro Yamamoto	Yokohama City University	Metabolomics RG
2022.06.03	Single-cell and spatial dissection of plant-microbe interactions	Dr. Tatsuya Nobori	Salk Institute, USA	Plant Immunity RG
2022.06.17	Metal-catalyzed carbonylative polymerizations - A quest for sustainable commodity plastics	Prof. Li Jia	The University of Akron, USA	Advanced Catalysis RG
2022.06.22	Molecular Genetics of Arbuscular Mycorrhizal Symbiosis in Cereals	Prof. Uta Paszkowsk	University of Cambridge, USA	Plant Immunity RG
2022.06.29	Genomics and ecology of fruit tree-pest interactions	Dr. Amandine Cornille	CNRS / Université Paris-Saclay, France	Plant Immunity RG
2022.07.05	Photoenzymatic Catalysis - Using Light to Reveal New Enzyme Functions	Prof. Todd K. Hyster	Cornell University, USA	Advanced Organic Synthesis RT
2022.07.12	Quantum Supremacy at Electrified Solid-Liquid Interfaces	Dr. Ken Sakaushi	National Institute for Materials Science	Biofunctional Catalyst RT
2022.07.20	Measurements of surface and internal structures and physical properties of biological samples by super-resolution atomic force microscopy	Dr. Keisuke Miyazawa	Kanazawa University	Plant Immunity RG
2022.08.23	Evolution of NPR proteins: salicylic acid receptors	Dr. Hirofumi Nakagami	Max Plank Institute for Plant Breeding Research, Germany	Plant Immunity RG
2022.09.30	The unexpected finding of the transplastomic tobacco plant having a bipartite chloroplast genome and the development of a plasmid shuttle vector for chloroplast transformation	Dr. Toru Terachi	Kyoto Sangyo University	Biomacromolecules RT
2022.10.04	Searching for New Reactivity: Iron-Catalyzed Selective Nitrogen Atom Transfer	Prof. Hao Xu	Brandeis University, USA	Catalysis and Integrated RG
2022.11.15	Stereoselective synthesis & catalysis with reactive metal carbenes and ylides	Prof. Jerome Lacour	University of Geneva, Switzerland	Catalysis and Integrated RG
2022.11.22	Adaptation strategies in a clonally evolving fungal pathogen	Prof. Antonio Di Pietro	University of Córdoba, Spain	Plant Immunity RG

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	Title	Speaker	Affiliation	Host
2022.11.22	核酸分析の最前線4			生命分子解析U
	核酸認証標準物質RNA水溶液(NMIJ CRM 6204-b)の開発	藤井 紳一郎 先生	産業技術総合研究所	
	核酸の不純物の網羅的解析を目的とした多次元HPLCシステムの開発	柿田 穰 先生	エーザイ株式会社	
2022.11.25	Tailoring Organosodium Reagents for Arene Functionalisation	Prof. Eva Hevia	University of Bern, Switzerland	Advanced Organic Synthesis RT
2022.11.25	Lighting up Bio-Molecules with Fluorescent Chemical Tools	Prof. Ankona Datta	Tata Institute of Fundamental Research, India	Catalysis and Integrated RG
2022.11.28	Developments in Photocatalytic Hydrophosphination	Prof. Rory Waterman	University of Vermont, Burlington, USA	Advanced Catalysis RG
2022.12.06	Eco-redox model: Towards a fundamental understand-ing of ecological metabolism	Dr. Mayumi Seto	Nara Women's University	Biofunctional Catalyst RT
2022.12.12	Natural products and metabolism: in vivo screens in C.elegans and in vitro structure-switching aptamer sensors	Prof. Andy Fraser	University of Toronto, Canada	Chemical Resource Development RU
2022.12.16	Carbo- and nickel-catalyzed CO ₂ valorization: new perspectives in organic synthesis	Prof. Marco Bandini	University of Bologna, Italy	Advanced Organic Synthesis RT
2023.01.17	The Sabatier principle as a tool for the discovery and engineering of industrial enzymes	Dr. Jeppe Kari	Roskilde University, Denmark	Biofunctional Catalyst RT
2023.02.06	Bringing inorganic carbon to life: From new-to-nature carboxylases to artificial chloroplasts	Prof. Dr. Tobias J. Erb	Max-Planck-Institute for Terrestrial Microbiology, Germany	Biofunctional Catalyst RT
2023.02.20	How can plants stay in this world while their pathogens can evolve much faster?	Prof. Fumiaki Katagiri	University of Minnesota, USA	Plant Immunity RG
2023.03.07	Revealing cambium stem cell behaviours during secondary growth in Arabidopsis	Dr. Dongbo Shi	University of Potsdam, Germany	Cell Function RT
2023.03.08	Genome editing by direct introduction of Cas9/sgRNA into plant cells by a temperature-controlled atmospher-ic-pressure plasma	Dr. Yuki Yanagawa	Chiba University	Synthetic Genomics RG
2023.03.16	From Conducting Polymers to Mild Semiconductor Synthesis in Solution: Main Group Chemistry at Work	Prof. Eric Rivard	University of Alberta, Canada	Advanced Catalysis RG

受賞 Awards

Date	賞 / Awards	受賞者 / Awardees	研究室 / Labs
2022.04.01	日本農芸化学会 トピックス賞 Hot Topics Award, Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry	平井 優美 チームリーダー Masami HIRAI Team Leader	代謝システム研究 T Metabolic Systems RT
		佐藤 心郎 テクニカルスタッフ I Muneo SATO Technical Staff I	
		守屋 繁春 専任研究員 Shigeharu MORIYA Senior Research Scientist	環境代謝分析研究 T Environmental Metabolic Analysis RT
2022.04.01	第 30 回木原記念財団 学術賞 The 30th Kihara Memorial Foundation Academic Award	杉本 慶子 チームリーダー Keiko SUGIMOTO Team Leader	細胞機能研究 T Cell Function RT
2022.05.12	日本顕微鏡学会 第 37 回論文賞 The Japanese Society of Microscopy Award for the Scientific Paper (FUNDAMENTALS) in 2022	豊岡 公徳 上級技師 Kiminori TOYOOKA Senior Technical Scientist	質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
2022.05.18	台湾 科技部 傑出研究賞 Outstanding Research Award, Minstory of Science and Technology, Taiwan	中村 友輝 チームリーダー Yuki NAKAMURA Team Leader	植物脂質研究 T Plant Lipid RT
2022.09.01	日本植物バイオテクノロジー学会 論文賞 The JSPB Excellent Paper Award	中林 亮 客員研究員 Ryo NAKABAYASHI Visiting Scientist	統合メタボロミクス研究 G Metabolomics RG
		斉藤 和季 グループディレクター Kazuki SAITO Group Director	
		武田 紀子 テクニカルスタッフ II Noriko TAKEDA-KAMIYA Technical Staff II	質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
		森 哲哉 専門技術員 Tetsuya MORI Expert Technician	
		豊岡 公徳 上級技師 Kiminori TOYOOKA Senior Technical Scientist	
		山田 豊 テクニカルスタッフ I Yutaka YAMADA Technical Staff I	メタボローム情報研究 T Metabolome Informatics RT
2022.09.13	日本植物バイオテクノロジー学会 学生優秀発表賞 The JSPB Outstanding Student Presentation Award	鶴崎 真妃 大学院生リサーチ・アソシエイト Mai UZAKI Junior Research Associate	代謝システム研究 T Metabolic Systems RT
		多部田 弘光 研修生 Hiromitsu TABETA Student Trainee	代謝システム研究 T Metabolic Systems RT
2022.09.18	2022 年度日本植物学会 特別賞（技術と教育） The BSJ Special Prize	豊岡 公徳 上級技師 Kiminori TOYOOKA Senior Technical Scientist	質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
2022.09.20	第 12 回永瀬賞 最優秀賞 12th Frontier Salon Nagase Prize, Grand Prize	沼田 圭司 チームリーダー Keiji NUMATA Team Leader	バイオ高分子研究 T Biomacromolecules RT
2022.11.03	文化功労者 Person for Cultural Merit	吉田 稔 グループディレクター Minoru YOSHIDA Group Director	ケミカルゲノミクス研究 G Chemical Genomics RG

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
2022.11.03	Best Scientist Award, Research.com World 2022 Ranking Best Scientist Award, Research.com World 2022 Ranking	篠崎 一雄 特別顧問 Kazuo SHINOZAKI Senior Advisor	CSRS CSRS
2022.11.07	第 45 回フッ素化学討論会 優秀口頭発表賞 The 45th Fluorine Conference of Japan Excellent oral presentation award	田上 拓磨 基礎科学特別研究員 Takuma TAGAMI Special Postdoctoral Researcher	触媒・融合研究 G Catalysis and Integrated RG
2022.11.12	日本アミノ酸学会 学会賞 JSAAS Award for Distinguished Investigator	堂前 直 副部門長 Naoshi DOHMAE Deputy Division Director	技術基盤部門 Technology Platform Division
2022.11.15	Highly Cited Researchers 2022 Highly Cited Researchers 2022	斉藤 和季 センター長 Kazuki SAITO Director	CSRS CSRS
		篠崎 一雄 特別顧問 Kazuo SHINOZAKI Senior Advisor	
		白須 賢 副センター長 Ken SHIRASU Deputy Director	
		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
		Lam-Son Phan Tran 客員主管研究員 Lam-Son Phan TRAN Senior Visiting Scientist	バイオ生産情報研究 T Bioproductivity Informatics RT
		榊原 均 客員主管研究員 Hitoshi SAKAKIBARA Senior Visiting Scientist	質量分析・顕微鏡解析 U Mass Spectrometry and Microscopy U
2022.12.07	有機合成化学協会 東ソー・ファインケム 研究企画賞	小嶋 美紀子 専門技術員 Mikiko KOJIMA Expert Technician	
		峠 隆之 客員研究員 Takayuki TOHGE Visiting Scientist	統合メタボロミクス研究 G Metabolomics RG
2022.12.07		河村 伸太郎 上級研究員 Shintaro KAWAMURA Senior Scientist	触媒・融合研究 G Catalysis and Integrated RG
2023.01.13	Thieme Chemistry Journals Award Thieme Chemistry Journals Award	浅子 壮美 上級研究員 Sobi ASAKO Senior Scientist	機能有機合成化学研究 T Advanced Organic Synthesis RT
2023.02.15	第 5 回日本オープンイノベーション大賞 科学技術政策担当大臣賞 5th Japan Innovation Prize (JOIP) Minister of Science and Technology Policy Award	沼田 圭司 チームリーダー Keiji NUMATA Team Leader	バイオ高分子研究 T Biomacromolecules RT
2023.02.20	島津賞 Shimadzu Award	斉藤 和季 センター長 Kazuki SAITO Center Director	CSRS CSRS
2023.03.23	日本化学会名誉会員 The Chemistry Society of Japan Award for Honorary Membership	侯 召民 グループディレクター Zhaomin HOU Group Director	先進機能触媒研究 G Advanced Catalysis RG
2023.03.23	日本化学会 進歩賞 The Chemical Society of Japan Award for Young	浅子 壮美 上級研究員 Sobi ASAKO Senior Scientist	機能有機合成化学研究 T Advanced Organic Synthesis RT

ニュース&イベント News & Events

2022.04.20-21

2021年度CSRS成果報告会

オンライン

FY2021 CSRS Annual Progress Report Meeting

Online

2022.04.23

理研 和光地区 一般公開

理研 和光事業所 / オンライン

RIKEN Wako Campus Open Day

RIKEN Wako campus / Online



2022.07.07

CSRS加速重点プログラム「シングルセルオミクス」
キックオフミーティング

オンライン

CSRS Accelerated Priority Program

“Single Cell Omics” Kick-off Meeting

Online

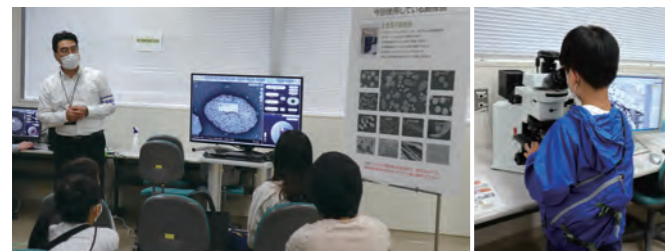
2022.10.22

理研 横浜地区 一般公開

理研 横浜事業所 / オンライン

RIKEN Yokohama Campus Open Day

RIKEN Yokohama campus / Online



2022.11.04

2022年度CSRS中間報告会

オンライン

FY2022 CSRS Interim Progress Report Meeting

Online

2022.11.21

CSRSの研究者8名が

「Highly Cited Researchers 2022」に選出

Eight CSRS researchers have been selected for

Highly Cited Researchers 2022

2022.12.06

植物科学シンポジウム2022

—植物科学で挑む、社会実装への道—

東京大学 / オンライン

Plant Science Symposium 2022

The University of Tokyo / Online

2023.01.06

CSRS加速重点プログラム「Carbon Neutrality and Beyond」
キックオフミーティング

オンライン

CSRS Accelerated Priority Program

“Carbon Neutrality and Beyond” Kick-off Meeting

Online

2023.02.02-03

九州大学エネルギーシステムデザイン研究センター

キックオフワークショップ

九州大学 / オンライン

Center for Energy Systems Design, Kyushu University

Kick-off Workshop

Kyushu University / Online

Laboratories

研究室ページに掲載されている下記アイコンは、
参画しているフラッグシッププロジェクトおよび部門を表します。

The following icons on the laboratory page
represent flagship projects or division involved in.

B

革新的植物バイオ

Innovative Plant Biotechnology

S

共生・環境ソリューションズ

Integrative Symbiological Solutions

M

代謝ゲノムエンジニアリング

Metabolic Genome Engineering

C

先進触媒機能エンジニアリング

Innovative Catalysts

P

新機能性ポリマー

Leading-edge Polymers

TP

先端技術プラットフォーム

Advanced Research and Technology Platforms

D

創薬・医療技術基盤連携部門

Drug Discovery Platforms Cooperation Division

CSRS 人物記 Unsung Heroes in RIKEN CSRS

研究に携わる多様な職種のCSRSスタッフを紹介する
動画コンテンツ制作しました。研究者を支える研究支
援スタッフや、研究環境を支える事務スタッフにフォー
カスし、普段なかなか知ることのできない職種を紹介
しています。

We produced videos introducing the diverse staff
of RIKEN CSRS such as research support staff,
and administrative staff who support the research
environment.



日本語ウェブサイト

<https://www.csr.riken.jp/jp/activities/diversity/people/index.html>



English website

<https://www.csr.riken.jp/en/activities/diversity/people/index.html>



植物免疫研究グループ

Plant Immunity Research Group

植物の免疫システムを理解し、持続的な耐病性作物の作出を目指します

研究テーマ

- 植物の免疫と成長を促進する根圏の有用微生物の同定
- 植物の免疫を制御する低分子化合物の単離とそのターゲットの解析
- 植物病原体の病原性に関与する新規遺伝子および代謝物の同定
- 植物免疫の分子機構の解明



Phtheirospermum roots responding to strigolactone derivative

Understanding plant immunity mechanisms and developing sustainable disease resistant crops

Research Subjects

- To identify useful microbes from rhizosphere to promote plant immunity and growth
- To identify small molecules to regulate plant immunity and characterize their targets
- To isolate novel genes/metabolites for pathogen virulence
- To identify novel mechanisms for plant immunity

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与する遺伝子、タンパク質および低分子化学物質を解析し、免疫システムの分子機構、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。また、耐病性に関与する低分子化学物質の同定を推進し、作物へ応用するための基盤技術を開発する。

Our group's 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 aim to isolate small molecule compounds involved in disease resistance.



B S

研究成果

- ハマウツボ科の寄生植物の根が宿主由来のストリゴラクトンに対して化学屈性を示すことを発見した。
- 卵菌病原体由来のスフィンゴ脂質を認識する受容体が病害抵抗性に重要であることを示した。
- 植物由来抗菌性化合物ロカグレートに耐性を持つ糸状菌の発見とその分子機構を明らかにした。



Chemotropism towards strigolactone in *Phtheirospermum*

Research Results

- We found that roots of the Orobanchaceae parasitic plants exhibit chemotropism toward host derived strigolactones.
- We showed that receptor that recognize sphingolipid base derived from oomycete pathogens are important for disease resistance.
- We identified a fungus overcomes the plant-derived antibiotic rocaglate and revealed its mechanism.

主要論文 / Publications

Ogawa, S. *et al.*
Strigolactones are chemoattractants for host tropism in Orobanchaceae parasitic plants.
Nat. Commun. **13**, 4653 (2022)

Kato, H. *et al.*
Recognition of pathogen-derived sphingolipids in Arabidopsis.
Science **376**, 857-860 (2022)

Chen, M. *et al.*
A parasitic fungus employs mutated eIF4A to survive on rocaglate-synthesizing *Aglaia* plants.
eLife **12**, e81302 (2023)



グループディレクター
白須 賢 Ph.D.

Group Director
Ken SHIRASU Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Group Director
Ken SHIRASU

Senior Research Scientist
Yasuhiro KADOTA
Takayuki MOTOYAMA

Senior Scientist
Shuta ASAI

Research Scientist
Nobuaki ISHIHAMA
Sachiko MASUDA
Naoyoshi KUMAKURA

Postdoctoral Researcher
Yu AYUKAWA
Kazuki SATO
Satoshi OGAWA
Max FISHMAN
Bruno Pok Man NGOU

Technical Staff
Kaori TAKIZAWA
Ryoko HIROYAMA
Noriko MAKI
Arisa SHIBATA

Student Trainee
Erika IINO
Yuki TANAKA
Katsuma YONEHARA

Assistant
Yoko NAGAI
Mika FUJITA



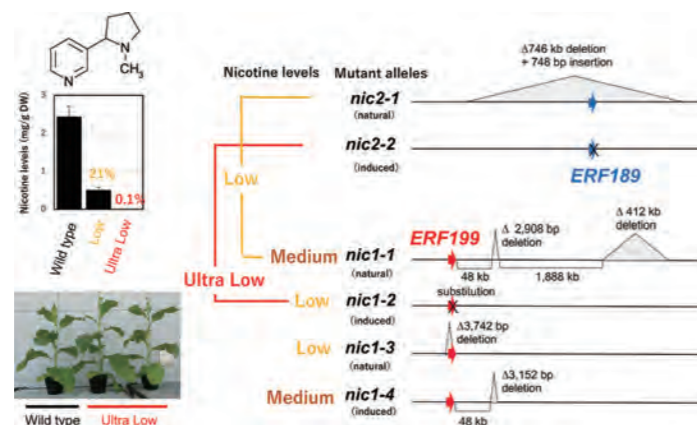
統合メタボロミクス研究グループ

Metabolomics Research Group

植物の有用物質生産の原理を 解明するために統合メタボロミクスを 推進します

研究テーマ

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



Natural and induced mutations in ERF199 and ERF189 transcription factor genes, which reside on *NIC1* and *NIC2* locus, respectively, result in low-nicotine phenotypes in tobacco. Deletions, insertions, and substitutions were found in the mutant alleles.

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

Research Subjects

- Improving metabolite peak annotation in metabolomics by empirical and bioinformatics strategies
- Application of the metabolomics platform to functional genomics and biotechnology
- Identification of plant genes and networks involved in biosynthesis of useful specialized (secondary) metabolites
- Metabolic genome engineering and synthetic biology for production of useful compounds

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産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則の解明をシロイヌナズナなどのモデル植物を用いて行い、さらに農作物、薬用植物などの有用資源植物における特異的代謝産物の生産システムをゲノムレベルで解明するファイトケミカルゲノミクス研究を進めている。同時に、それらの結果得られた基礎的な知見を代謝ゲノムエンジニアリングに応用して循環的資源開発に資する研究も推進していく。

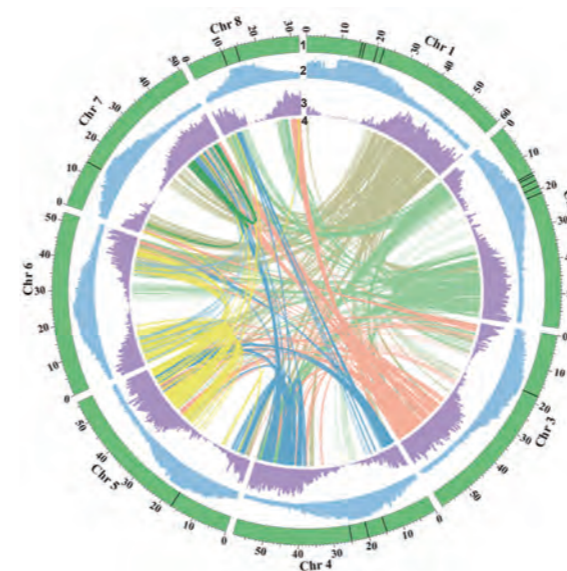
Metabolomics involves the identification and quantification of all metabolites in a cell and correlating these to genomic functions. The plant kingdom metabolome is extremely diverse chemically, with estimates indicating as many as 200,000 different types of chemical substances. The various compounds 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 an application of basic findings from these results to metabolic genome engineering for the development of sustainable resources.



MTP

研究成果

- タバコの精密ゲノム配列を用いて低ニコチン形質の分子基盤を解明し、超低ニコチンタバコの分子育種に成功した。喫煙習慣性物質ニコチンの削減規制に沿った育種を技術的に可能にするものである。
- 重要生薬の甘草(カンゾウ)の染色体スケールの高品質ゲノム配列を解読し、グリチルリチンなどの薬効成分の生合成に関わる遺伝子クラスターを同定した。今後、バイオテクノロジーを用いた甘草の品種改良や薬効成分の生産向上に役立つと期待される。
- 植物の代謝的多様性を解明するための高性能液体クロマトグラフィー質量分析計を基盤としたメタボロミクス解析(サンプル調製、抽出、データ取得、データ解析)の理論と実施例を報告した。



Circos plot depicting genomic features of *Glycyrrhiza uralensis*. From outer to inner circles: 1, eight chromosomes scaled in Mb length, assembly gaps have been shown in black color lines on individual chromosomes; 2, repetitive sequences; 3, distribution of HC gene models; 4, intra-syteny blocks.

Research Results

- We have succeeded to develop ultra-low nicotine tobacco (*Nicotiana tabacum*) plants, elucidating the genomic basis of nicotine regulation. This study contributes to easy and fast molecular breeding of tobacco containing the addictive substance at very low levels.
- The chromosome-scale genome assembly of an important medicinal plant, licorice (*Glycyrrhiza uralensis*) has been achieved, and gene clusters containing the genes in the biosynthesis of glycyrrhizin have been identified. This research is expected to be useful for biotechnological improvement of licorice and the production of medicinal components.
- We have reported theory and practice of metabolomics analysis (sample preparation, extraction, data acquisition, and data analysis) based on high-performance liquid chromatography-mass spectrometry to explore metabolic diversity in plants.

主要論文 / Publications

Shoji, T. *et al.*
Natural and induced variations in transcriptional regulator genes result in low-nicotine phenotypes in tobacco.
Plant J. **111**, 1768-1779 (2022)

Rai, A. *et al.*
Chromosome-scale genome assembly of *Glycyrrhiza uralensis* revealed metabolic gene cluster centred specialized metabolites biosynthesis.
DNA Res. **29**, dsac043 (2022)

Mori, T. *et al.*
A liquid chromatography-mass spectrometry-based metabolomics strategy to explore plant metabolic diversity.
Methods Enzymol. **680**, 247-273 (2023)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Group Director
Kazuki SAITO

Senior Scientist
Naoyuki UMEMOTO
Tsubasa SHOJI

Research Scientist
Amit RAI

Technical Staff
Tomoko NISHIZAWA
Satoko SUGAWARA
Kouji TAKANO



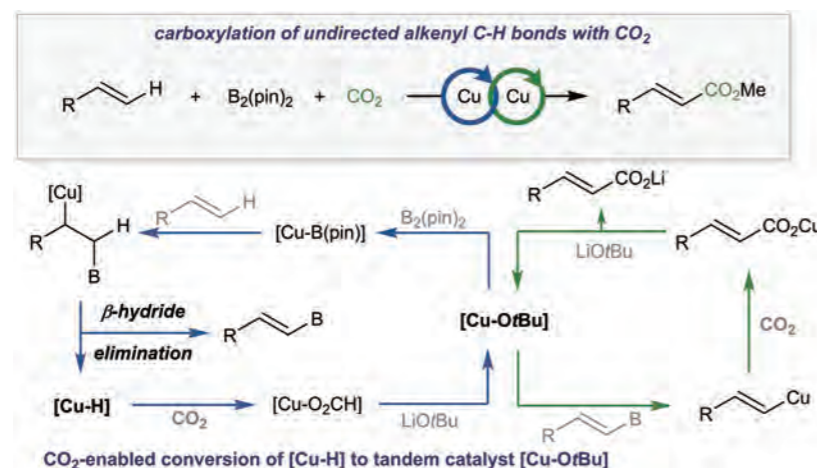
先進機能触媒研究グループ Advanced Catalysis Research Group

省資源・省エネ型化学合成を実現できる 新しい触媒を開発します

研究テーマ

- 希土類触媒の特徴を活かした新規重合反応の開発
- 元素特性を活かした新規有機合成反応の開発
- 多核金属ヒドリドクラスターによる小分子の活性化と有効利用

新触媒の開発は、従来にない優れた新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。当研究グループでは、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・省エネルギー型物質創製を追求する。特に希土類触媒の特性を生かしたC-H結合活性化と不斉変換、希土類金属とヘテロ原子との特異な相互作用を生かした極性-非極性オレフィンの精密共重合や新規機能性ポリマー合成、多金属ヒドリドクラスターの特徴を生かした小分子の活性化と有効利用など、新触媒の設計・創製から新反応・新機能性材料の開発まで統合的に研究を進め、また実用化も念頭に多方面にわたる研究を行う。



Auto-tandem copper-catalyzed carboxylation of undirected Alkenyl C-H bond with CO₂

Developing new catalysts for more efficient, selective chemical transformations

Research Subjects

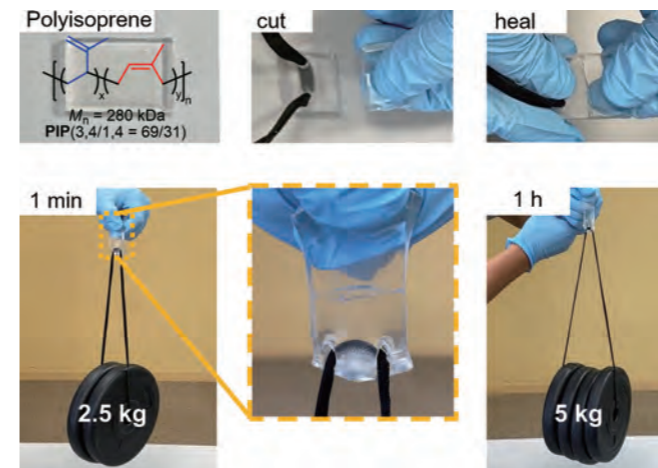
- Precision olefin polymerization by unique rare-earth metal catalysts
- Innovative organic synthesis based on new catalyst and reaction designs
- Small molecule activation and transformation by molecular multimetallic hydride clusters

Our group aims to develop new generations of catalysts, which are superior or complementary to existing ones, for the synthesis of fine chemicals and functional polymers and for the efficient use of untapped resources. Our research interests include: (1) precision copolymerization of non-polar and polar olefins for the synthesis of new functional polymers by unique rare-earth metal catalysts, (2) development of regio-, stereo-, and enantioselective and atom-, operation-efficient chemical transformations for the synthesis of fine chemicals by designing new catalysts and new reactions, and (3) activation and transformation of small molecules such as N₂, CO, and CO₂ by synergistic molecular multimetallic polyhydride clusters.



研究成果

- タンデム型銅触媒を用いて、配向基を必要としないアルケニルC-H結合のCO₂によるカルボキシル化反応を達成した。
- 二核チタンヒドリド錯体を用いて、温和な条件で窒素分子と二酸化炭素のN≡N結合およびC=O結合を切断するとともに、新たにN=C結合を形成させ、イソシアネート(—N=C=O)を合成することに成功した。
- スカンジウム触媒を用いて、ポリイソプレンのマイクロ構造を精密に制御することにより、優れた自己修復性を示すエラストマーの創製に成功した。



Self-healing polyisoprene

Research Results

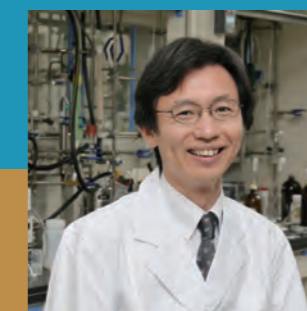
- We achieved the carboxylation of undirected alkenyl C-H bonds with CO₂ by auto-tandem copper catalysis.
- We achieved the activation and functionalization of N₂ with CO₂ in a dititanium dihydride framework, affording isocyanate species through N≡N and C=O bond cleavage and N=C bond formation.
- We synthesized tough and autonomous self-healing elastomers by scandium catalyst-controlled polymerization of isoprene.

主要論文 / Publications

Sahoo, H., Zhang, L., Cheng, J., Nishiura, M., Hou, Z.
Auto-Tandem Copper-Catalyzed Carboxylation of Undirected Alkenyl C-H Bonds with CO₂ by Harnessing β-Hydride Elimination.
J. Am. Chem. Soc. **144**, 23585-23594 (2022)

Zhuo, Q. *et al.*
Dinitrogen Cleavage and Functionalization with Carbon Dioxide in a Ditanium Dihydride Framework.
J. Am. Chem. Soc. **144**, 6972-6980 (2022)

Wang, H. *et al.*
Making Polyisoprene Self-Healable through Microstructure Regulation by Rare-Earth Catalysts.
Angew. Chem. Int. Ed. **61**, e202210023 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Group Director
Zhaomin HOU

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

Research Scientist
Xuefeng CONG

Postdoctoral Researcher
Harekrishna SAHOO
Lin HUANG
Xiaobin LIN
Aniket MISHRA
Kun AN
Wenxuan XU

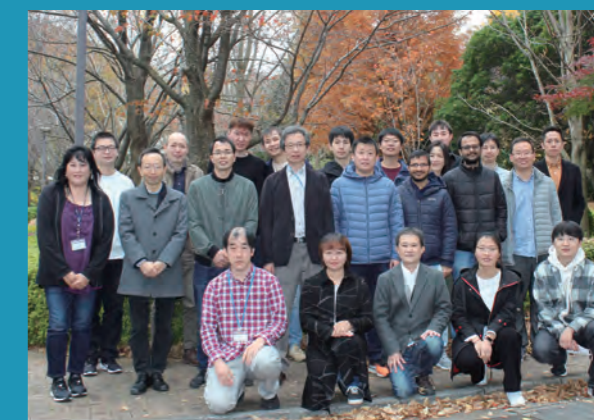
Visiting Scientist
Na HAO
Shigeru YAMAGUCHI

Technical Staff
Hisashi SOGA

Junior Research Associate
Yidan CHENG

International Program Associate
Haoran ZHANG
Mingjun CHI
Jingjing SHAO

RIKEN Student Researcher M
Zhou SUN



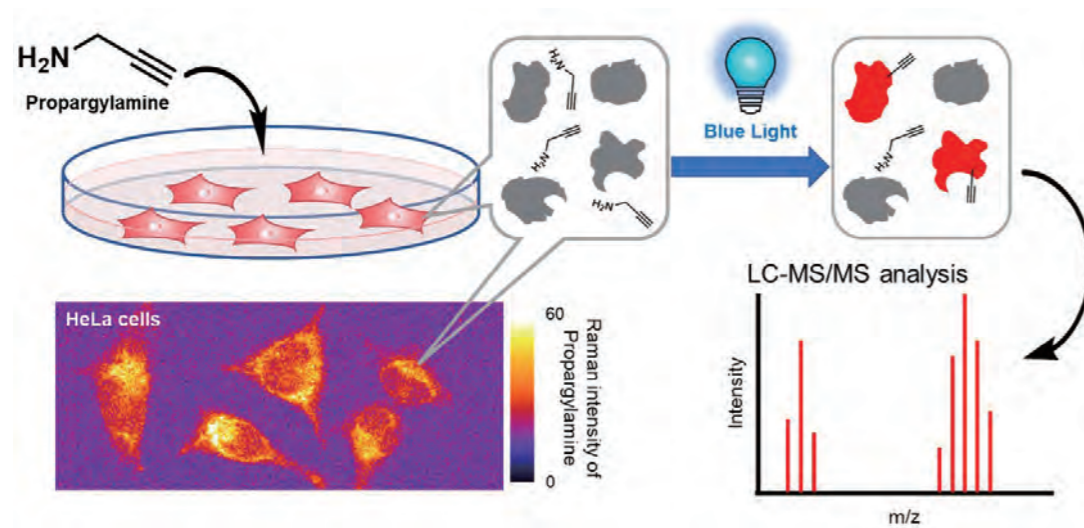
触媒・融合研究グループ Catalysis and Integrated Research Group

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

研究テーマ

- 遷移金属触媒を用いるフルオロアルキル化反応の開発
- 遷移金属触媒を用いる不斉炭素-炭素結合形成反応の開発
- 酸素を用いる遷移金属触媒反応の開発
- 遷移金属触媒を用いる反応の計算化学的手法による解析
- プローブ分子の開発と生物学的応用

環境資源科学に資する、遷移金属触媒を用いる新規反応の開発と、植物科学と化学との融合研究に取り組んでいる。特に、遷移金属触媒を用いる不斉炭素-炭素結合形成反応や分子状酸素を利用した反応、含フッ素化合物の合成反応などを開発し、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、独自に開発した触媒反応によって合成した化合物の機能開発にも取り組んでいる。さらに、植物や微生物の機能調節能をもつ化合物の開発や作用機序解明研究も行い、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を目指す。



The chemoproteomics using propargylamine to detect blue-light-damaged proteins in live cells

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

Research Subjects

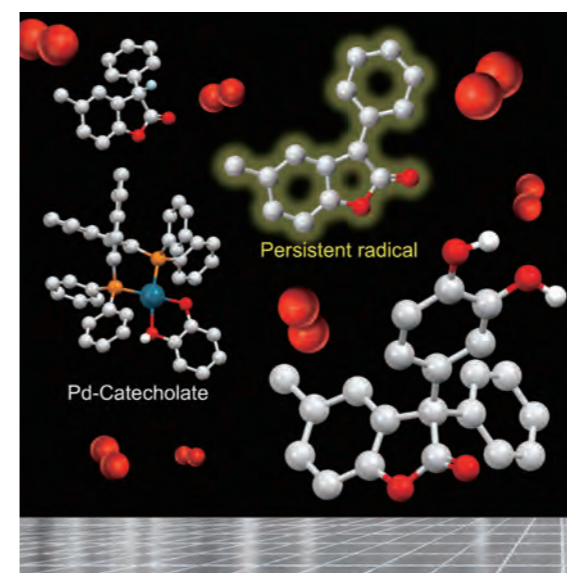
- Development of catalytic fluoroalkylations
- Development of asymmetric carbon-carbon bond-forming reactions
- Utilization of O₂ for oxidation reactions
- Computational analysis of transition metal-catalyzed reactions
- Development of new probe molecules and their application to biological research

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 transition metal-catalyzed asymmetric carbon-carbon bond-forming reactions, reactions utilizing molecular oxygen, and reactions for the synthesis of fluorine-containing molecules. In addition, we further examine the functions of our original catalytic reaction products. Furthermore, this group will also contribute to enhancing collaboration between plant/microbiology research and chemical research activities inside CSRS through development of new modulators of plants and microorganisms and elucidation of their action mechanisms.



研究成果

- プロパルギルアミンを用いた青色光で損傷したタンパク質のプロテオミクス法を確立し、ラマンイメージングによって生細胞へ適応できることを実証した。
- ニッケル錯体が触媒するマイケル反応における立体多様性発現機構を明らかにした。
- 酸素を酸化剤として用い、Pd錯体が触媒する持続性ラジカルとカテコールとの脱水素型クロスカップリング反応を開発した。



Pd-catalyzed aerobic cross-dehydrogenative coupling

Research Results

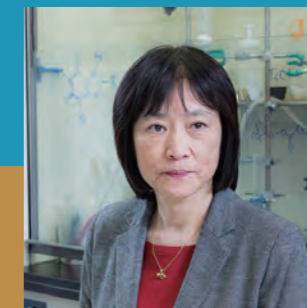
- We demonstrated a novel proteomics approach to mapping blue-light-damaged proteins marked with propargylamine in live cells by using Raman imaging.
- We clarified the mechanism of the facial selectivity switching in Ni-catalyzed Michael reactions.
- We developed Pd-catalyzed aerobic cross-dehydrogenative coupling of persistent radicals with catechols.

主要論文 / Publications

Toh, K. *et al.*
Chemoproteomic Identification of Blue-Light-Damaged Proteins.
J. Am. Chem. Soc. **144**, 20171-20176 (2022)

Sohtome, Y. *et al.*
Experimental and Computational Investigation of Facial Selectivity Switching in Nickel-Diamine-Acetate-Catalyzed Michael Reactions.
J. Org. Chem. *in press*

Sugawara, M. *et al.*
Pd-catalyzed Aerobic Cross-Dehydrogenative Coupling of Catechols with 2-Oxindoles and Benzofuranones: Reactivity Difference Between Monomer and Dimer.
Chem Asian J. **17**, e202200807 (2022)



グループディレクター
袖岡 幹子 薬学博士

Group Director
Mikiko SODEOKA D.Pharm.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Group Director
Mikiko SODEOKA

Senior Research Scientist
Kosuke DODO
Yoshihiro SOHTOME

Senior Scientist
Shintaro KAWAMURA

Research Scientist
Syusuke EGOSHI

Special Postdoctoral Researcher
Takuma TAGAMI

Postdoctoral Researcher
Subrata MUKHERJEE
Yanzong LYU

Technical Staff
Naoki TERAYAMA
Mai AKAKABE

Temporary Staffing
Ayako KUBOTA



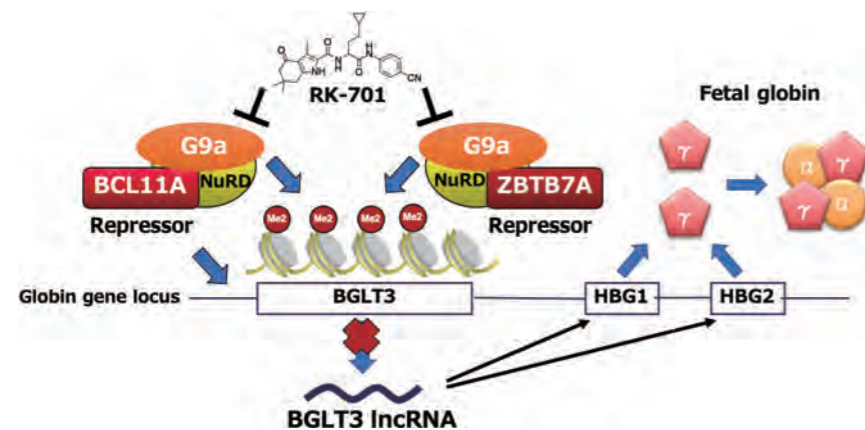
ケミカルゲノミクス研究グループ

Chemical Genomics Research Group

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

研究テーマ

- タンパク質間相互作用を標的とした生理活性化合物のスクリーニング系開発
- 生理活性物質の作用機序を網羅的に解明する技術の開発
- タンパク質メチル化、アセチル化、アシル化などを介したエピジェネティクスの化学的制御
- バイオエネルギー生産への応用を目指した化学的代謝制御法の開発



A critical role of BGLT3 long non-coding RNA in reactivation of fetal globin gene expression upon inhibition of G9a by a specific and low-toxic G9a inhibitor RK-701

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

Research Subjects

- Development of screening systems for bioactive compounds that target protein-protein interactions
- Development of comprehensive methodologies for target identification of bioactive compounds
- Chemical regulation of epigenetics by controlling protein methylation, acetylation, and acylation
- Chemical regulation of metabolism for effective bioenergy production

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

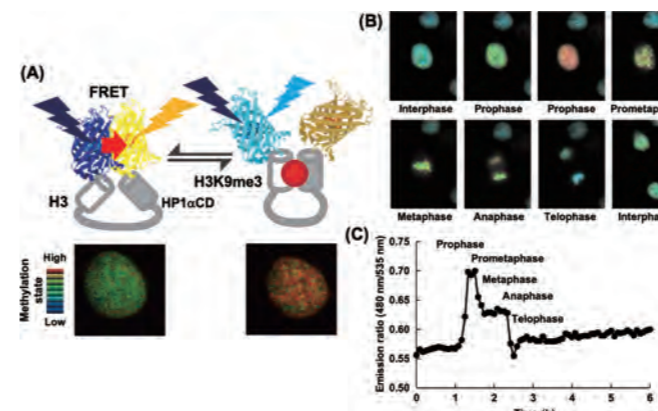
Identification of novel small molecular ligands is essential to understand diverse biological phenomena and to control the biological systems by chemical methods. This project focuses on the development of useful molecular ligands that are expected to contribute to an advance in environmental and resource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



TP

研究成果

- ヒストンメチル化酵素G9aに対する安全で特異的な阻害剤RK-701は、非コードRNAであるBGLT3の活性化を介して胎児型γグロビンの発現を強く誘導することを明らかにしたことから、鎌状赤血球症の新規治療薬として期待される。
- ヒストンH3のメチル化とそれに伴うヘテロクロマチンタンパク質HP1αとの相互作用を検出できる蛍光プローブの開発に成功し、細胞分裂に伴うメチル化とHP1αのダイナミックな変動を明らかにした。
- 免疫抑制剤FK506の標的であるFKBP12は分裂酵母においてアミノ酸の一種であるスレオニンの脱アミノ化を触媒するTda1タンパク質の機能を抑制し、それによりイソロイシンの生合成を抑制することを明らかにした。



Hismet-HP1αCD, a FRET probe that can monitor the histone H3K9me3 binding to HP1α chromodomain, was developed (A). Pseudocolor images (B) and the time course (C) of emission ratios in the nuclei of COS7 cells expressing Hismet-HP1αCD show a step-wise change due to methylation of histone H3K9me3 followed by phosphorylation of histone H3S10 during mitosis.

Research Results

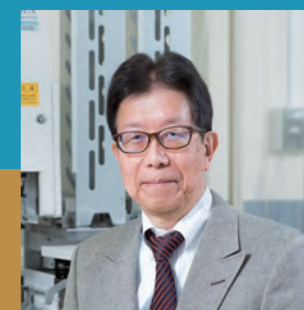
- RK-701, a safe and specific inhibitor of a histone methyltransferase G9a, strongly induces expression of fetal γ-globin gene expression by activating a non-coding RNA BGLT3, suggesting that RK-701 will be a novel therapeutics for sickle cell disease.
- We have successfully developed a fluorescent probe that can detect histone H3K9 methylation and its interaction with the heterochromatin protein HP1α, revealing dynamic changes in methylation and HP1α during mitosis.
- FKBP12, the target protein of the immunosuppressor FK506, negatively regulates the function of threonine deaminase Tda1, thereby suppressing the biosynthesis of isoleucine.

主要論文 / Publications

Takase, S. *et al.*
A novel and specific G9a inhibitor unveils BGLT3 lncRNA as a universal mediator of chemically induced fetal globin gene expression.
Nat. Commun. **14**, 23 (2023)

Sasaki, K. *et al.*
Visualization of the dynamic interaction between nucleosomal histone H3K9 tri-methylation and HP1α chromodomain in living cells.
Cell Chem. Biol. **29**, 1153-1161 (2022)

Sasaki, M. *et al.*
FK506 binding protein, FKBP12, promotes serine utilization and negatively regulates threonine deaminase in fission yeast.
iScience **25**, 105659 (2022)



グループディレクター
吉田 稔 農学博士

Group Director
Minoru YOSHIDA D.Agr.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Group Director
Minoru YOSHIDA

Senior Research Scientist
Akihisa MATSUYAMA
Ken MATSUMOTO
Feng LING
Yoko YASHIRODA

Senior Scientist
Kazuki SASAKI
Norio KUDO
Takashi ITO

Research Scientist
Tilman SCHNEIDER-POETSCH

Postdoctoral Researcher
Jagat CHHIPI SHRESTHA

Visiting Scientist
Tomoshige HIRATSUKA
NURMILA SARI

Technical Staff

Rumi KUROKAWA
Atsushi HASHIMOTO
Megumi TAKASE

Junior Research Associate
Fereshteh AZADEH

RIKEN Student Researcher M
Huanlin LI

Student Trainee

Takumi TAKAHASHI
Wenjuan ZHU
Yifan WANG
Karam SAGHIR
Mio KIKUTA
Kodai KATO

Assistant

Junko NODA



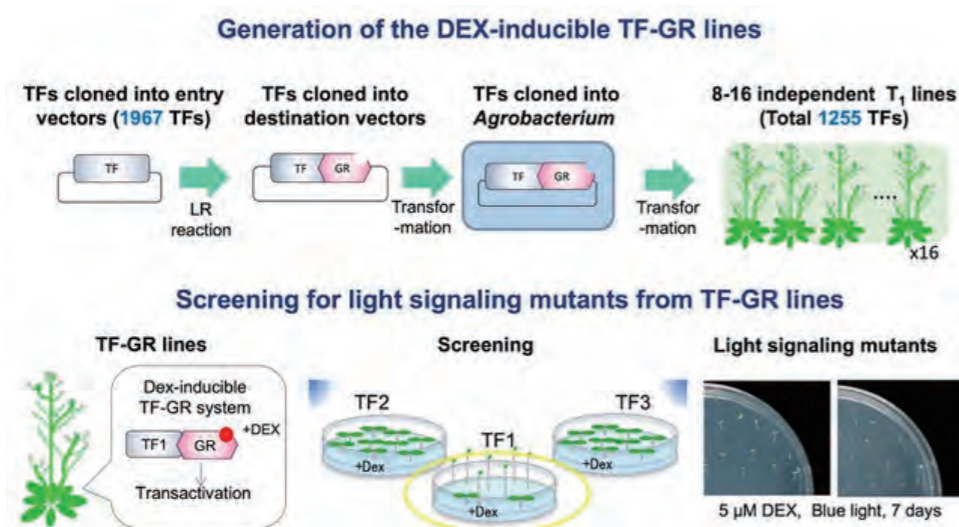
合成ゲノミクス研究グループ Synthetic Genomics Research Group

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に貢献する 研究を目指します

研究テーマ

- 植物の光環境に応答するメカニズムの解析
- 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
- 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

我々は、植物の光環境に対応した遺伝子発現制御機構解明により効率的な成長制御のための研究を進める。またパラゴムノキやC4光合成植物であるソルガムのゲノム解読を通じて、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に貢献する研究を目指す。



Schematic model showing the generation of the DEX-inducible TF-GR lines and flow diagram of the screening of TF-GR lines for light-signaling mutants

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

Research Subjects

- Analysis of mechanism for plant's response to light environment
- Research on plant biomass improvement through chemical biology
- Genome and expression studies and gene transformation of *Sorghum* a C4 photosynthesis crop
- Research on the improvement of plant biomass production through analysis of gene expression profile and genome of Pará-rubber tree

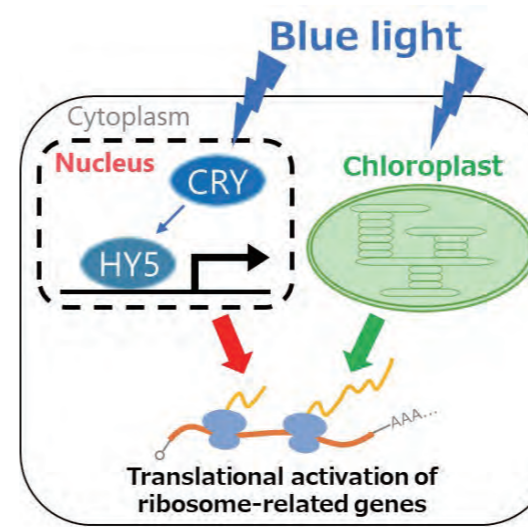
Our group conducts on research for elucidation of central genes that connect to biomass increase through the study on the control of gene expression respond to light environment. We also analyse useful plant genome including Pará-rubber tree and *sorghum*, a C4 photosynthesis crop. We will contribute sustainable production of useful biomass materials through these researches.



B

研究成果

- シロイヌナズナ芽生えの青色光受容後におけるリボソーム関連遺伝子の翻訳効率の増大はCRYとHY5を介した青色光シグナル伝達機能だけではなく、葉緑体機能も関与することを明らかにした。
- 遺伝子間スプライシングによる異常転写物が植物の初期光受容時に選択的に分解されていることを明らかにした。
- グルココルチコイド受容体を融合させた機能誘導性のシロイヌナズナ転写因子ライン、TF-GRラインを作成した。



Schematic model showing signals that increase translational efficiency of ribosome-related genes upon blue light reception

Research Results

- We found that the increased translational efficiency of ribosome-related genes after blue light receiving in *Arabidopsis* seedlings are not only related to blue light signaling functions via CRY and HY5, but also to chloroplast functions.
- We found that aberrant transcripts derived from intergenic splicing are selectively eliminated at the first plant light perception.
- We generated TF-GR lines, inducible transcription factor lines using glucocorticoid receptor fusion techniques in *Arabidopsis*.

主要論文 / Publications

Akagi, C. *et al.*
Translational activation of ribosome-related genes at initial photoreception is dependent on signals derived from both the nucleus and the chloroplasts in *Arabidopsis thaliana*.
J. Plant Res. **136**, 227-238 (2023)

Kurihara, Y. *et al.*
Intergenic splicing-stimulated transcriptional readthrough is suppressed by nonsense-mediated mRNA decay in *Arabidopsis*.
Commun. Biol. **5**, 1390 (2022)

Shimada, S. *et al.*
A collection of inducible transcription factor-glucocorticoid receptor fusion lines for functional analyses in *Arabidopsis thaliana*.
Plant J. **111**, 595-607 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Group Director Minami MATSUI	Technical Staff Tomoko KURIYAMA
Senior Scientist Yukio KURIHARA	Student Trainee Chika AKAGI
Research Scientist Setsuko SHIMADA Emiko KURIHARA Hidefumi HAMASAKI	Part-time Worker Rieko SATO Mieko KOMOCHI Junko ENOKIDO Kyoko YOKOMIZO Masaharu KAWAUCHI Emi OSADA Kaori TERADA Mayuko CHIBA
Visiting Scientist Yuko MAKITA Yuki YANAGAWA Nyok Sean LAU Misao ITOUGA Takatoshi KIBA	



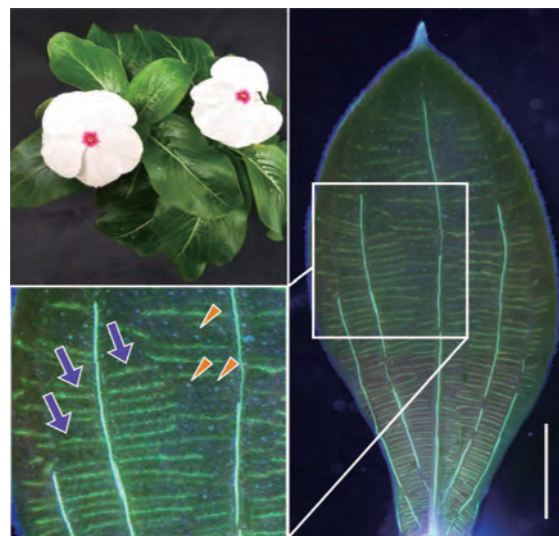
代謝システム研究チーム

Metabolic Systems Research Team

代謝のメカニズムと生理機能を理解して、植物による有用物質生産の向上を目指します

研究テーマ

- アミノ酸生合成制御機構の解明
- 植物特化代謝産物の生合成と分解に関わる遺伝子同定
- 植物の発生を制御する代謝経路の同定
- 機械学習や数理モデリングによるメタボロームのデータマイニング



A photo of *C. roseus* (upper left), fluorescent microscopic image of *C. roseus* leaf (right) and its magnification (lower left). Two types of fluorescent idioblast cells are indicated by purple arrows and orange arrowheads.

Understanding the mechanisms and physiology of plant metabolism and improving production of useful materials

Research Subjects

- Elucidation of the regulatory mechanism of amino acid biosynthesis
- Identification of genes involved in biosynthesis/degradation of plant specialized metabolites
- Identification of metabolic pathways regulating plant development
- Data mining from metabolome data through machine learning and mathematical modeling

代謝は生命現象の根幹であり、巧妙かつ精緻に制御されている。特に、一次代謝産物に加え多様な特化代謝産物を作る植物の代謝とその制御は複雑である。人間は、植物代謝産物を栄養源、薬、香料などとして古来利用してきた。当チームは、植物代謝のメカニズムと生理機能を理解すること、その理解に基づいて有用代謝産物をよりよく植物に作らせることを目指す。アミノ酸およびそれを生合成前駆体とする植物特化代謝産物を主対象として、生合成・分解に関わる遺伝子を同定し、制御機構を解明する。代謝産物の一斉解析技術であるメタボロミクスを推進し、得られるメタボロームデータから最大限に情報を抽出するための数理モデリングや機械学習を行う。

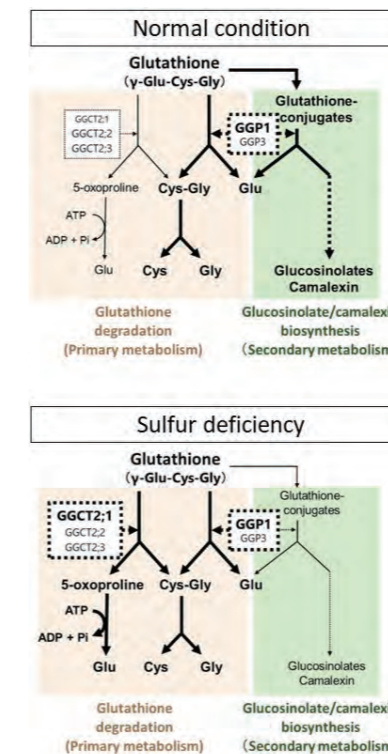
Metabolism is the basis of life and is finely regulated. Plant metabolism and its regulation are complicated, because plants produce primary metabolites as well as diverse specialized metabolites. Since ancient times, humans have used plant metabolites for nutrients, medicine, flavors, etc. We aim to understand the mechanisms and physiology of plant metabolism and improve plant productivity of useful metabolites based on our findings. We identify genes involved in biosynthesis/degradation of amino acids and their derivative specialized metabolites and elucidate regulatory mechanism. We also develop metabolomics techniques and exploit mathematical modelling and machine learning for data mining from metabolome data.



MTP

研究成果

- 国内産のエンドウとアグロバクテリウムを用いて簡便な毛状根作成系を構築した。
- シロイヌナズナの細胞内酵素GGP1がグルタチオンを分解し、硫黄一次・二次代謝の両方で機能することを明らかにした。
- ニチニチソウにおいてアルカロイドを蓄積する、形態が異なる2種類の異形細胞について、アルカロイド蓄積能の獲得時期が異なることを明らかにした。



Models of glutathione degradation and glucosinolate/camalexin biosynthesis under sulfur-sufficient (top) and -deficient (bottom) conditions

Research Results

- We established a simple method of hairy root creation using Japanese pea cultivar and *Rhizobium* strain.
- We clarified that a cytosolic enzyme GGP1 degrades glutathione and has dual roles in primary and secondary sulfur metabolism in *Arabidopsis thaliana*.
- We clarified that two types of idioblast cells of *Catharanthus roseus*, which accumulate alkaloids and have different morphologies, differ in the time of acquisition of alkaloid accumulation capacity.

主要論文 / Publications

Uchida, K., Hirai, M.Y.
A simple method for creating transgenic pea hairy roots using a Japanese pea cultivar and a Japanese *Rhizobium radiobacter* strain.
Plant Biotechnol. **40**, 1-4 (2023)

Ito, T. *et al.*
Glutathione degradation activity of γ-glutamyl peptidase 1 manifests its dual roles in primary and secondary sulfur metabolism in *Arabidopsis*.
Plant J. **111**, 1626-1642 (2022)

Uzaki, M. *et al.*
Differential regulation of fluorescent alkaloid metabolism between idioblast and laticifer cells during leaf development in *Catharanthus roseus* seedlings.
J. Plant Res. **135**, 473-483 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader Masami HIRAI	Technical Staff Ayuko KUWAHARA Muneo SATO
Research Scientist Kai UCHIDA Ryoichi SATO	Junior Research Associate Mai UZAKI
Postdoctoral Researcher Yushiro FUJI Mengyao WANG	International Program Associate Nhung THI DO Yen THI DO
Visiting Scientist Yimeng LI Ryosuke SUGIYAMA Takashi OSANAI Kensuke KAWADE Kentaro YANO Kinuka OHTAKA	Student Trainee Hiromitsu TABETA Takehiro ITO
	Part-time Worker Junko TAKANOBU



メタボロミクスを支えるソフトウェアとデータベースを開発します

研究テーマ

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



MS-DIAL, an integrated platform for metabolomics

当チームではメタボロームの定量データ解析、ネットワーク解析、シミュレーションに必要な基盤ソフトウェアの開発を行なっている。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。

Developing software platforms and databases for metabolomics research

Research Subjects

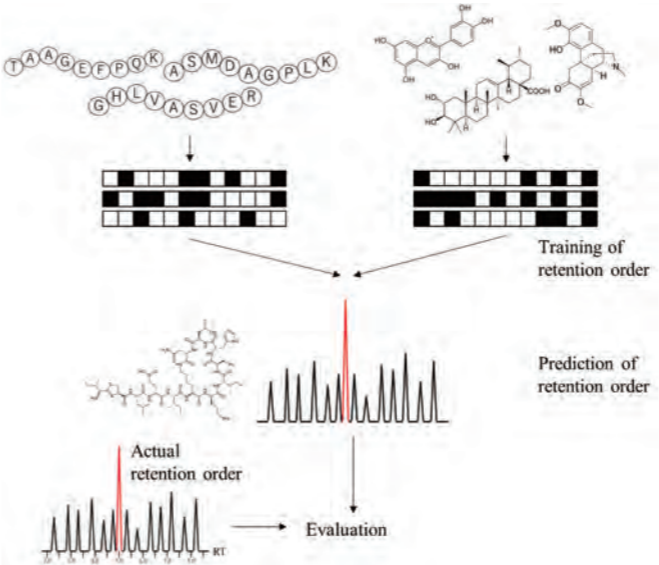
- Analysis and interpretation of metabolomic data
- Software development for metabolome analysis and simulations
- Integration of metabolic databases

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.



研究成果

- MS-DIALソフトウェアの継続開発を行った。
- 代謝物名称や構造表記の国際標準化を行った。
- ペプチド性二次代謝物の溶出時間予測を行った。



Kernel-based prediction of retention orders from structure

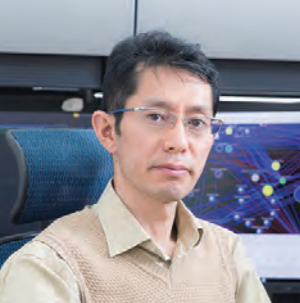
Research Results

- We continued development of MS-DIAL software.
- We performed international standardization of metabolite nomenclature.
- We predicted retention-time of peptide secondary metabolites.

主要論文 / Publications

McDonald, J. G. et al.
Introducing the lipidomics minimal reporting checklist.
Nat. Metab. 4, 1086-1088 (2022)

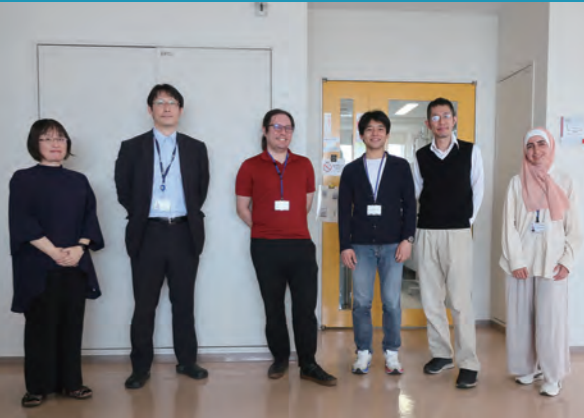
Mori, T., Rai, A., Tsugawa, H., Yamada, Y., Saito, K.
A liquid chromatography-mass-spectrometry-based metabolomics strategy to explore plant metabolic diversity.
Methods Enzymol. 680, 247-273 (2023)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

- Team Leader
Masanori ARITA
- Research Scientist
Shohei NAKAMUKAI
- Visiting Scientist
Hiroshi TSUGAWA
Atsushi FUKUSHIMA



環境代謝分析研究チーム

Environmental Metabolic Analysis Research Team

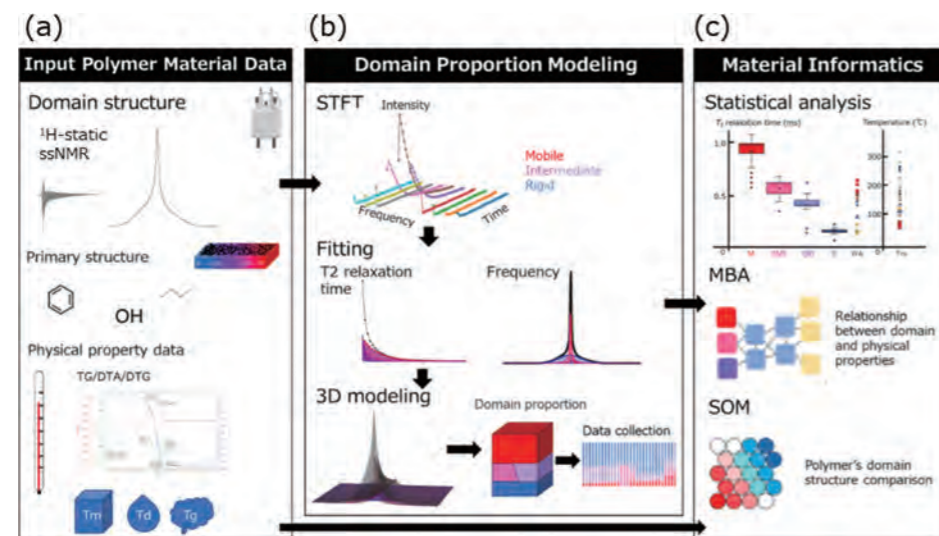


データ駆動型アプローチにより 環境調和システムの理解と持続性を 探求します

研究テーマ

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

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、および制御工学的アプローチを推進する。



Materials informatics approach has been developed for structure-property relationship in biodegradable polymers.

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

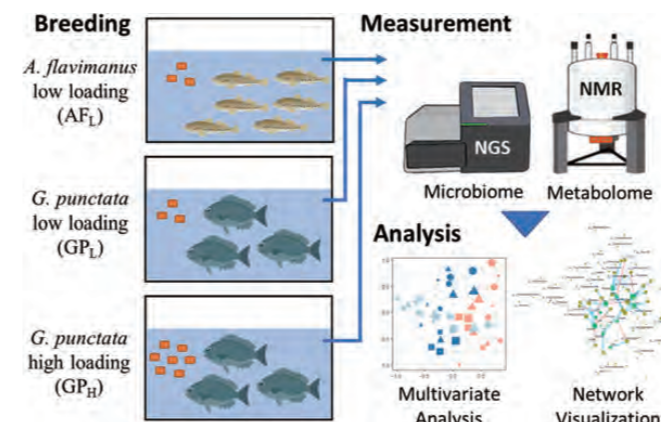
Research Subjects

- 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

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).

研究成果

- 生分解性材料の高次構造と物性を関連付けるマテリアルズインフォマティクス技術を構築した。
- 閉鎖型陸上養殖における微生物叢・代謝物組成の相関ネットワークを可視化した。
- データサイエンスにより魚類多様性の中からサケ科魚類における特徴抽出を行った。



Visualization of microbiome-metabolome network in closed onshore aquaculture system

Research Results

- We have developed materials informatics approach for structure-property relationship in biodegradable polymers.
- We have visualized microbiome-metabolome network in closed onshore aquaculture system.
- We have featured extraction of salmonids among fish diversity by data science approach.

主要論文 / Publications

- Shima, H. *et al.*
Identification of salmoniformes aquaculture conditions to increase the creatine and anserine levels using multiomics dataset and nonnumerical information.
Front. Microbiol. **13**, 991819 (2022)
- Yokoyama, D., Suzuki, S., Asakura, T. Kikuchi, J.
Microbiome and metabolome analyses in different closed-circulation aquarium systems and their network visualization.
ACS Omega **7**, 30399-30404 (2022)
- Miyamoto, H. *et al.*
A potential network structure of symbiotic bacteria involved in carbon and nitrogen metabolism of wood-utilizing insect larvae.
Sci. Total Environ. **836**, 155520 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

- Team Leader**
Jun KIKUCHI
- Research Scientist**
Kenichi AKAGI
Hideaki SHIMA
- Postdoctoral Researcher**
Atsushi KUROTANI
Daiki YOKOYAMA
Shunji YAMADA
Tatsunori YAGI
- Technical Staff**
Yuuri TSUBOI
Kenji SAKATA
Tomoko MATSUMOTO



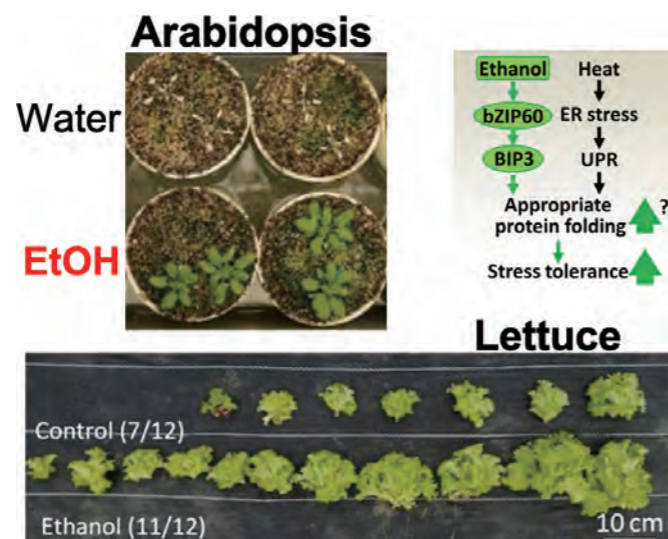
植物ゲノム発現研究チーム

Plant Genomic Network Research Team

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

研究テーマ

- 環境ストレス適応に関する制御機構（化合物・エピジェネティクス、RNA、ペプチドが関与する）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
- 化学制御技術や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、生産性向上など）の作出



Ethanol enhances heat stress tolerance in plants.

環境ストレス適応・馴化に関する制御機構（化合物・エピジェネティクス・RNA・ペプチドなどが関与する）を統合オミックス解析などにより明らかにする。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、塊根形成の制御ネットワークを明らかにする。化合物や形質転換技術の活用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。

Analyzing plant genomic networks for environmental stress adaptation and improved productivity

Research Subjects

- Analysis of chemical, 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 enhanced stress tolerance and increased plant productivity by chemical regulation and transformation technology

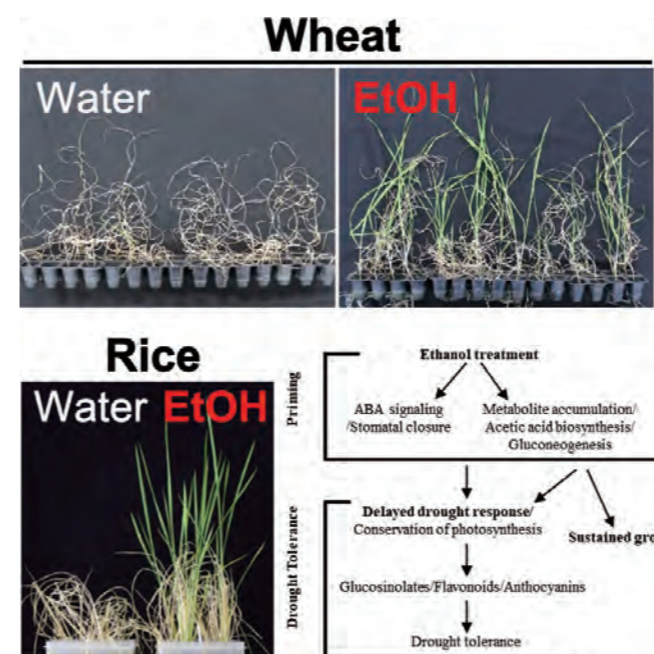
We are analyzing novel chemical, epigenetic, RNA and peptide regulation mechanisms in environmental stress adaptation and acclimation by integrated omics analyses. We are also analyzing regulatory networks of tuberous root formation by integrated omics analyses in cassava, an important tropical crop 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.



B

研究成果

- エタノール処理により気孔閉鎖が促進され、乾燥ストレス耐性を高めることを明らかにした。
- エタノール処理により小胞体ストレス応答が促進され、高温ストレス耐性を高めることを明らかにした。
- 植物の環境ストレス適応に関するヒストン脱アセチル化酵素HDA6とジャスモン酸によるクロマチン制御を明らかにした。



Ethanol enhances drought stress tolerance in plants.

Research Results

- We revealed that ethanol treatment enhances drought stress tolerance by inducing stomatal closure.
- We revealed that ethanol treatment enhances heat stress tolerance by inducing unfolded protein response.
- We revealed chromatin landscape regulated by MeJA and HDA6 in plant stress response.

主要論文 / Publications

Bashir, K. *et al.*
Ethanol-mediated novel survival strategy against drought stress in plants.
Plant Cell Physiol. **63**, 1181-1192 (2022)

Matsui, A. *et al.*
Ethanol induces heat tolerance in plants by stimulating unfolded protein response.
Plant Mol. Biol. **110**, 131-145 (2022)

Vincent, S. *et al.*
Jasmonates and histone deacetylase 6 activate Arabidopsis genome-wide histone acetylation and methylation during the early acute stress response.
BMC Biol. **20**, 83 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Motoaki SEKI

Research Scientist
Kentaro NAKAMINAMI
Yoshinori UTSUMI
Minoru UEDA
Hiroki TOKUNAGA
Daisuke TODAKA

Special Postdoctoral Researcher
Akihiro EZOE

Technical Staff
Junko ISHIDA
Maho TANAKA
Satoshi TAKAHASHI
Chikako UTSUMI

International Program Associate
Thu ANH VU
Quynh Thi Nhu DO

Student Trainee
Hinata MOTEGI

Part-time Worker
Chieko TORII
Kayoko MIZUNASHI
Yoshie OKAMOTO
Megumi MIYAMOTO
Akiko SATO

Part-time Worker (ICAR2023)
Miho MAKINO

Assistant
Nobuko KIMURA



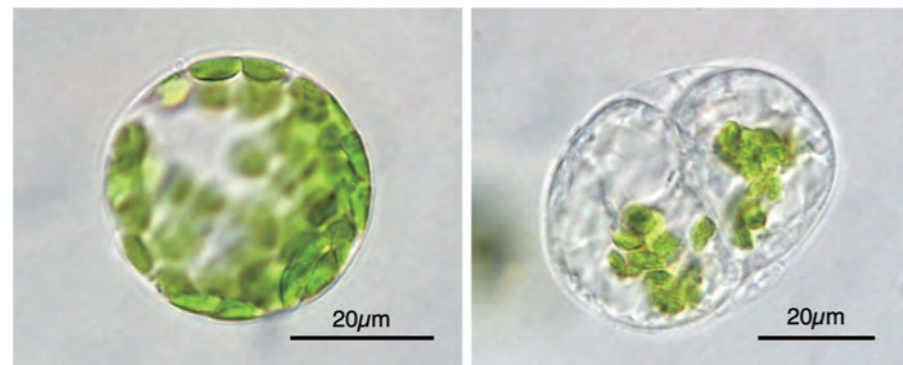
細胞機能研究チーム

Cell Function Research Team

植物の成長や再生を制御する シグナルネットワークを解明します

研究テーマ

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



Arabidopsis mesophyll protoplast cell (left) restarts cell division when cultured under proper conditions (right).

植物の葉や根などの器官の成長は様々な発生プログラムや環境情報によって調節されるが、その具体的な仕組みはまだ解明されていない。私達は植物細胞の増殖、成長、分化の制御機構を明らかにし、植物が発生プログラムや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、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。

Uncovering the regulatory network underlying plant organ growth and regeneration

Research Subjects

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

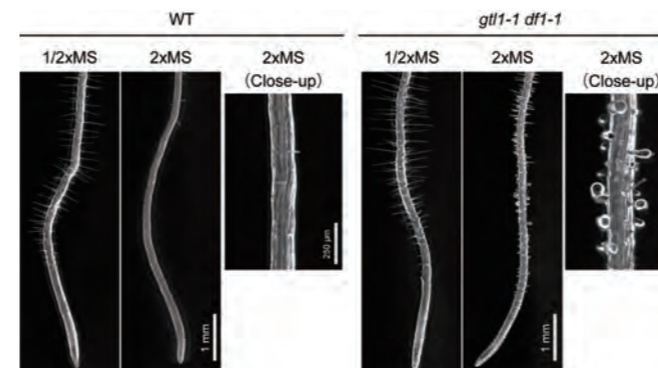
We investigate how plants integrate developmental and environmental cues to maximise organ growth under the changing environment. We also explore how plants establish and maintain cellular differentiation status and how various stress stimuli override the developmental commitments to undergo cellular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



B

研究成果

- 分化した細胞(葉肉プロトプラスト)からのリプログラミングにおいて、オーキシン合成が細胞分裂再開の重要なステップになることや、その過程に関わる重要な転写因子を明らかにした。
- 栄養過剰の条件において、Trihelix転写因子であるGTL1とDF1がRSL4転写因子の遺伝子発現を抑制することで、根毛細胞の成長を適切に抑えることを発見した。
- 比較的高い生育温度条件下(適温+5° C程度)ではカルス形成や茎葉再生が促進する。この一因は、ヒストンバリエーションH2A.Zを介した遺伝子発現抑制機構が解除されるためであることを見出した。



Nutrient rich condition inhibits root hair growth.
GTL1 and DF1 function in this regulation.

Research Results

- In cell reprogramming from leaf mesophyll protoplasts, we have revealed that auxin synthesis is an important step for resumption of cell division and identified important transcription factors involved in the process.
- We have discovered that the trihelix transcription factors GTL1 and DF1 are required for proper termination of root hair growth under nutrient rich condition through the suppression of *RSL4* gene expression.
- Relatively high growth temperature conditions (around 5°C higher than the optimum temperature) promote callus formation and shoot regeneration. We discovered that this is partly due to the release of gene expression suppression mechanism mediated by histone variant H2A.Z.

主要論文 / Publications

Sakamoto, Y. *et al.*
Transcriptional activation of auxin biosynthesis drives developmental reprogramming of differentiated cells.
Plant Cell **34**, 4348-4365 (2022)

Shibata, M. *et al.*
Trihelix transcription factors GTL1 and DF1 prevent aberrant root hair formation in an excess nutrient condition.
New Phytol. **235**, 1426-1441 (2022)

Lambolez, A. *et al.*
Warm temperature promotes shoot regeneration in *Arabidopsis thaliana*.
Plant Cell Physiol. **63**, 618-634 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader Keiko SUGIMOTO	Technical Staff Ayako KAWAMURA Arika TAKEBAYASHI
Senior Scientist Akira IWASE	Student Trainee Yuki SAKAMOTO Yu CHEN Yosuke SASAI
Research Scientist David FAVERO Michitaro SHIBATA	Part-time Worker Mariko MOURI Chika IKEDA Noriko DOI Akiko HANADA
Special Postdoctoral Researcher Hatsune MORINAKA Xin TONG Yetkin INCE	Assistant Takako FURUKAWA
Postdoctoral Researcher Duncan COLEMAN Fu-Yu HUNG	



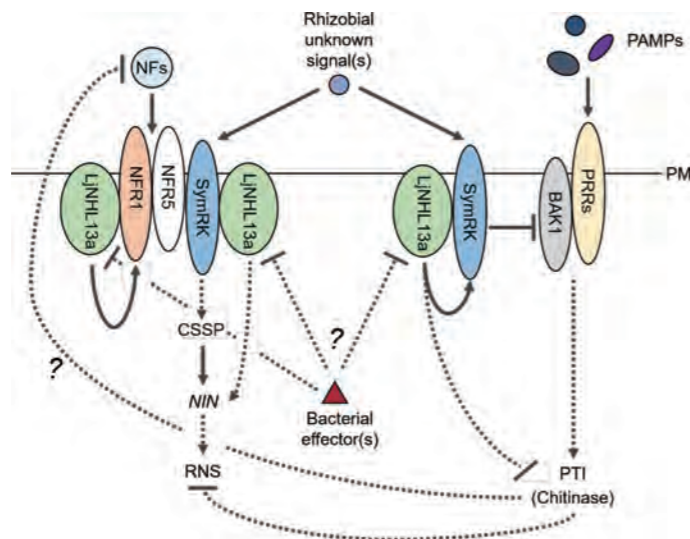
植物共生研究チーム

Plant Symbiosis Research Team

植物・微生物間の共生を理解し、持続的農業の実現を目指します

研究テーマ

- 根粒形成における分子機構の解明
- 根粒菌の感染における分子要因の同定
- 穀物における根粒共生の応用



Interaction of NHL13a with symbiotic receptors and downstream targets

Understanding plant-microbe symbiosis in order to establish sustainable agriculture

Research Subjects

- Elucidation of molecular mechanisms in nodulation
- Identification of molecular components in infection by rhizobia
- Application of root nodule symbiosis to cereals

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、根粒共生の分子機構を明らかにするとともに、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。

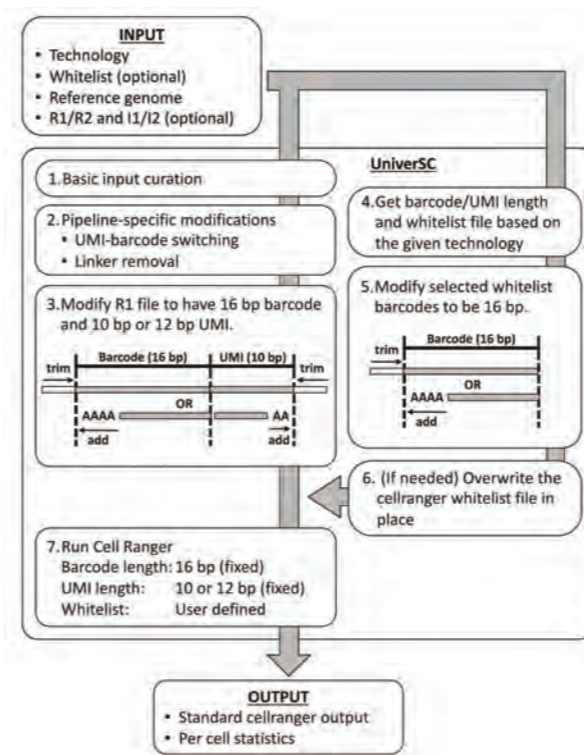
Nitrogen is the most heavily used fertilizer in present agriculture. Its production and use however damage the ecosystem due to the emission of greenhouse gases. Soil bacteria called rhizobia infect legume roots, and fix atmospheric nitrogen in root nodules. Consequently, if cereals such as rice, corn,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



B S

研究成果

- シングルセルRNA-seq解析における統合パイプラインを開発した。
- 植物の免疫と共生の双方に関与する因子を同定した。
- 交配によって活性化されるLTRレトロトランスポゾンを探り出した。



Overview of UniverSC

Research Results

- We developed UniverSC, a universal single-cell RNA-seq data processing tool.
- We identified a protein involved both in plant immunity and symbiosis.
- We found LTR retrotransposons that are activated and transposed by hybridization.

主要論文 / Publications

Battenberg, K. *et al.*
A flexible cross-platform single-cell data processing pipeline.
Nat. Commun. **13**, 6847 (2022)

Yamazaki, A., Battenberg, K., Shimoda, Y., Hayashi, M.
NDR1/HIN1-Like Protein 13 Interacts with Symbiotic Receptor Kinases and Regulates Nodulation in *Lotus japonicus*.
Mol. Plant Microbe Interact. **35**, 845-856 (2022)

Battenberg, K., Hayashi, M.
Evolution of root nodule symbiosis: Focusing on the transcriptional regulation from the genomic point of view.
Plant Biotechnol. **39**, 79-83 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Makoto HAYASHI

Research Scientist
Tsuneo HAKOYAMA
Akihiro YAMAZAKI

Postdoctoral Researcher
Kai BATTENBERG

Technical Staff
Atsuko HIROTA
Shoko YAMAZAKI

Intern
Matthew FORD

Assistant
Mai SUGIYAMA



機能有機合成化学研究チーム

Advanced Organic Synthesis Research Team

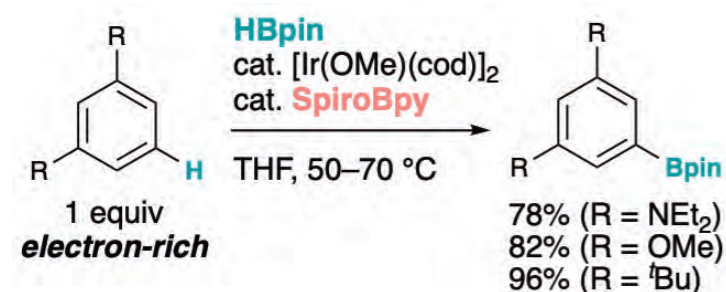


持続可能な社会を支える 次世代有機合成を開拓します

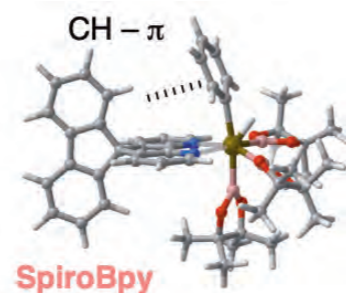
研究テーマ

- 有機化合物の直裁的かつ選択的反応
- 普遍金属を用いた触媒系の開発
- 有機ナトリウム化合物を用いた有機合成

当チームは、『次世代有機合成法』の開発及びその合成法を利用した機能性有機分子の創製に取り組んでいる。我々が目指す『次世代有機合成法』とは、高効率で進行する生体内反応にインスパイアされた、反応活性点や保護基を持たない分子を直裁的かつ選択的に反応させる方法である。我々は精密に設計した触媒系を用いて、複雑な化合物を簡便かつ選択的に合成することで『次世代有機合成』の実現を目指す。鉄、モリブデンなどの普遍金属触媒反応や有機ナトリウム化合物を用いた有機合成反応の開発にも取り組んでいる。



SpiroBipyridine: a powerful ligand that accelerates catalysis



Exploring next generation organic synthesis for an environmentally sustainable society

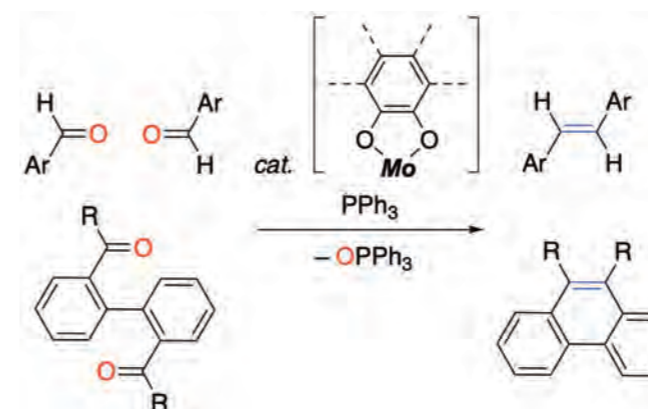
Research Subjects

- Direct and selective functionalization of organic molecules
- Catalysis with Earth-abundant metals
- Organic synthesis with organosodium

Our team aims at the development of “next generation synthesis” and its utilization for the creation of functional organic molecules. Our vision of “next generation synthesis” is inspired by the highly efficient reactions the Nature uses: direct and highly selective coupling of organic molecules without prefunctionalization with reactive groups. We envision that by precise design of ligands, efficient and selective catalysts enable the rapid assembly of complex functional molecules from simple building blocks. We are also interested in the development of sustainable catalysis based on Earth-abundant metals such as iron and molybdenum, and the utilization of organosodium compounds for organic synthesis.

研究成果

- スピロビピリジン配位子によるIr触媒を用いたホウ素化反応の加速効果を見出した。
- モリブデン触媒を用いたカルボニル化合物のカップリング反応を開発した。
- 遷移金属触媒を用いた有機ナトリウム化合物のカップリング反応を開発した。



Molybdenum-catalyzed deoxygenative coupling of carbonyl compounds

Research Results

- We developed a spirobipyridine ligand that accelerates iridium-catalyzed borylation of arenes.
- We found that a molybdenum catalyst promotes the deoxygenative coupling of carbonyl compounds.
- We investigated transition-metal-catalyzed coupling of organosodium compounds.

主要論文 / Publications

Banerjee, S., Kobayashi, T., Takai, K. Asako, S., Ilies, L.
Molybdenum–Quinone-Catalyzed Deoxygenative Coupling of Aromatic Carbonyl Compounds.
Org. Lett. **24**, 7242-7246 (2022)

Asako, S., Ilies, L.
Iron-Catalyzed Enantioselective C–H Functionalization.
Handbook of CH-Functionalization, Ed.: D. Maiti, John Wiley&Sons, Inc. (2022)



チームリーダー
ラウレアン・イリエシュ Ph.D.
Team Leader
Laurean ILIES Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Laurean ILIES

Senior Scientist
Sobi ASAKO
Yuichiro MUTOH

Research Scientist
Kazuhiro OKAMOTO

Special Postdoctoral Researcher
Ikko TAKAHASHI

Postdoctoral Researcher
Yushu JIN
Boobalan RAMADOSS
Pinaki Bhusan DE
Somsuvra BANERJEE

Student Trainee
Relam MOHAMED



グリーンナノ触媒研究チーム

Green Nanocatalysis Research Team

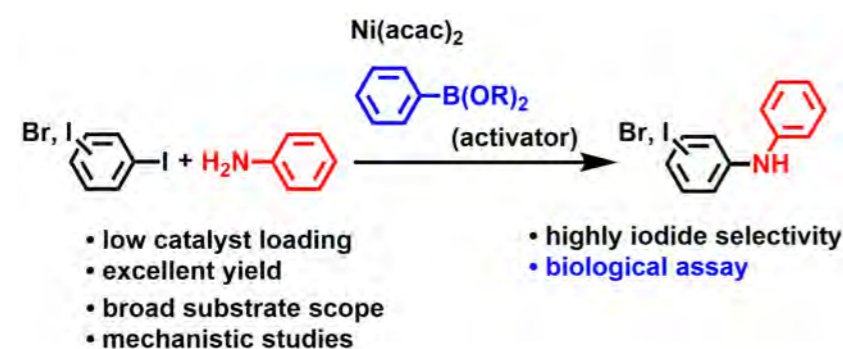


グリーンケミストリー (環境にも人にも優しい化学)に最適な 触媒は造れないか？

研究テーマ

- 高分子配位子と金属との自己組織化触媒の開発
- マイクロ空間・ナノ空間物質と触媒分子・クラスターが融合した空間型触媒の開発
- 電磁波活性化型触媒の開発

「高活性で再利用可能な触媒開発の一般的方法論を示すことができるか?」「もし物凄く活性が高い触媒が創れたら、今までに実現していない反応を進行させることができるのではないか?」「高活性な触媒に光を当てたら、どのような反応を促進するのか?」「グリーンケミストリー(環境にも人にも優しい化学)に最適な触媒は造れないか?」という命題に対して解答を示していくことが、私たちのチームのミッションである。高分子配位子と金属との自己組織化触媒、マイクロ空間・ナノ空間物質と触媒分子・クラスターが融合した空間型触媒、さらには電磁波により活性化される電磁波活性化型触媒の開発を行う。



Ni(acac)₂-catalyzed Buchwald-Hartwig type reaction with phenylboronic acids

Can we develop suitable catalysts towards green sustainable chemistry?

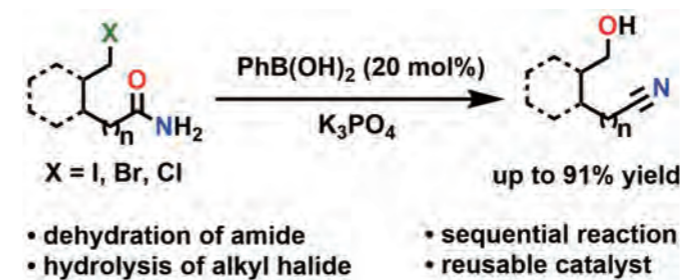
Research Subjects

- Development of self-organized catalysts of polymer ligands and metal species
- Development of spatial catalysts where micro/nano space materials and catalytic molecules/clusters are merged
- Development of electromagnetic waves-activated catalysts

“Can we show the general methodology for development of highly active & reusable catalysts?”, “If we can develop ultimately highly active catalysts, can they promote unrealized reactions?”, “If we cover catalysts with light, what reactions will be promoted?”, and “Can we develop suitable catalysts towards green sustainable chemistry?” It is our mission in our team to show our answers against the above-mentioned questions. For this purpose, we will develop self-organized catalysts of polymer ligands and metal species, spatial catalysts where micro/nano space materials and catalytic molecules/clusters are merged, and electromagnetic waves-activated catalysts.

研究成果

- ハロアルキルアミドに触媒量のフェニルボロン酸を作用させると、ヒドロキシアルキルニトリルに変換されることを見出した。
- Ni(acac)₂を触媒量用い、フェニルボロン酸類を活性化剤として用いることで、ヨウ化アリール選択的なBuchwald-Hartwig型反応が進行することを見出した。またこの生成物に抗真菌活性を見出した。
- シリコンナノアレイパラジウム触媒存在下、犠牲還元剤としてトリエタノールアミンを用いたマイクロ波照射選択的なヨードアレーンの水素化分解の開発に成功した。



Conversion of haloalkylamides to hydroxyalkylnitriles catalyzed by phenylboronic acid

Research Results

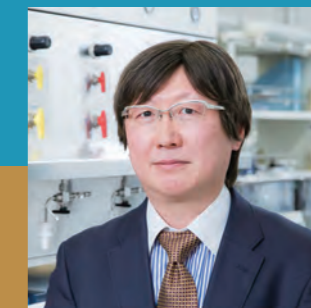
- We found that haloalkylamides were readily converted to hydroxyalkylnitriles in the presence of catalytic amount of phenylboronic acid.
- We found that the Buchwald-Hartwig type reaction selective for aryl iodide proceeds by using Ni(acac)₂ as a catalyst and phenylboronic acids as an activator. Some products were found to have antifungal activity.
- We developed the microwave irradiation selective hydrogenolysis of iodoarenes using triethanolamine as a sacrificial reducing agent in the presence of silicon nanowire array palladium catalyst.

主要論文 / Publications

Sen, A., Muranaka, A., Ohno, A., Yamada, Y. M. A. Oxygen transfer reaction of haloalkyl amides catalyzed by phenylboronic acid. *Commun. Chem.* **6**, 29 (2023)

Dhital, R. N. *et al.* Phenylboronic Ester-Activated Aryl Iodide-Selective Buchwald-Hartwig Type Amination towards Bioactivity Assay. *ACS Omega* **7**, 24184-24189 (2022)

Matsukawa, Y., Yamada, Y. M. A. Microwave-Assisted Hydrogen-Free Reductive Deiodination of Iodoarenes with Silicon-Nanoarray Palladium-Nanoparticle Catalyst. *Synlett* **33**, 777-780 (2022)



チームリーダー
山田 陽一 博士(薬学)

Team Leader
Yoichi M. A. YAMADA
D.Pharm.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Yoichi M. A. YAMADA

Research Scientist
Heeyoel BAEK
Zhenzhong ZHANG
Abhijit SEN

Postdoctoral Researcher
Yuta MATSUKAWA

Visiting Researcher
Valerii BUKHANKO

Senior Visiting Scientist
Hiromasa KANEKO

Technical Staff
Aya OHNO

International Program Associate
Eman SOLIMAN



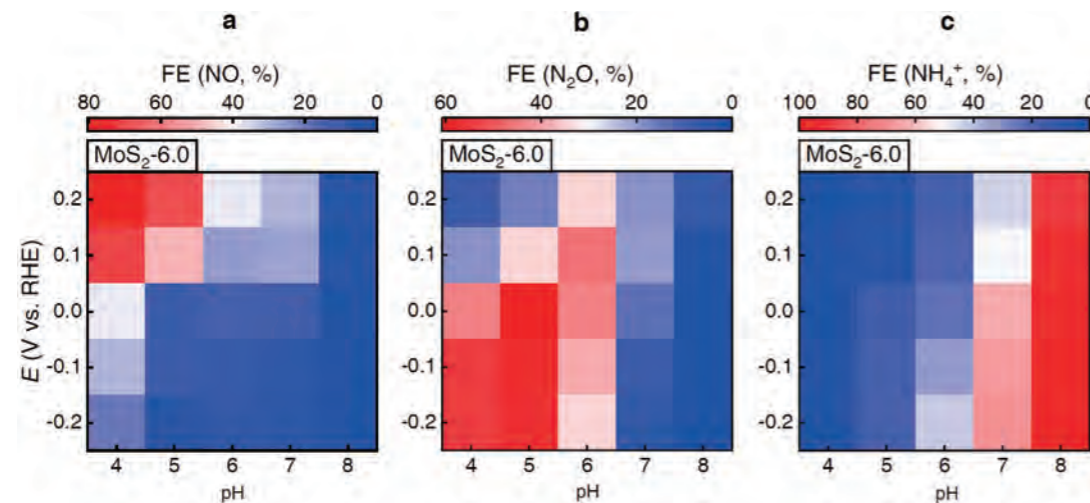
生体機能触媒研究チーム

Biofunctional Catalyst Research Team

生体における電子移動の理解に基づき、持続可能なエネルギー変換戦略を創出します

研究テーマ

- 光合成PSIIに学ぶ水分解触媒の開発
- 深海底に広がる巨大電流生態系の実証
- 微生物の細胞外電子移動を利用した電力生産



By optimizing the pH, electrode potential, and pK_a of the molybdenum sulfide catalyst, we were able to realize selective synthesis of (a) NO, (b) N₂O, and (c) NH₄⁺ from NO₂⁻.

Understanding biological electron transfer is critical to develop a sustainable energy strategy

Research Subjects

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

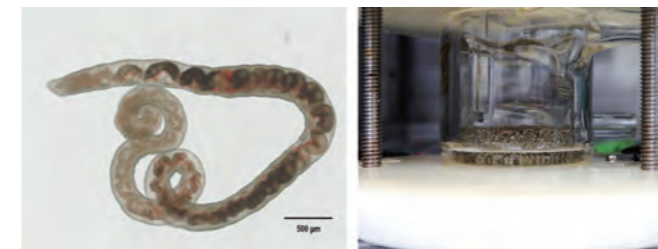
当チームでは、生体機能に着目した触媒材料の開発、ならびに生体そのものを利用した新規なエネルギー変換、物質生産システムの構築に取り組んでいる。具体的には、微生物や植物等で利用される触媒反応、電子プロトン輸送、代謝制御、外部環境適応能、さらには太陽光が届かない深海底に潜む巨大なエネルギー循環システムを利用、または模倣した新しい方法論を開拓し、エネルギーや資源の創出、その生産効率の向上を目指し研究を行っている。

We work on the development of biologically inspired catalysts and their application to energy conversion and production systems. Specifically, we aim to understand nature's ingenuity towards multi-electron transfer catalysis, electron/proton transport, metabolic regulation, responsiveness to external stimuli, and energy management in deep sea environments to develop novel materials and systems necessary to effectively manage renewable energy sources.



研究成果

- 脱共役プロトン電子移動を活用することで、窒素化合物の電気化学的変換を制御した。
- 養殖環境に生息する海産ミミズの活動によって作り出される電気シグナルのリアルタイム計測に成功した。
- 深海熱水孔で自然に発生する起電力を利用して、電気合成微生物の培養に成功した。



Marine earthworms (*Thalassodrillides cf. briani*) collected from an aquaculture environment (left) were transferred into an electrochemical reactor and the electric signals were monitored (right).

Research Results

- We succeeded in the regulation of the electrocatalytic nitrogen cycle using sequential proton–electron transfer.
- We succeeded in real-time monitoring of the electric signals of the activity of marine earthworms in aquaculture environments.
- We successfully cultivated electroautotrophic microorganisms using the naturally occurring electromotive forces at a deep-sea hydrothermal vent.

主要論文 / Publications

He, D. *et al.*
Regulation of the electrocatalytic nitrogen cycle based on sequential proton–electron transfer.
Nat. Catal. **5**, 798–806 (2022)

Shono, N. *et al.*
Tracing and regulating redox homeostasis of model benthic ecosystems for sustainable aquaculture in coastal environments.
Front. Microbiol. **13**, 907703 (2022)

Yamamoto, M. *et al.*
In situ electrosynthetic bacterial growth using electricity generated by a deep-sea hydrothermal vent.
ISME J. **17**, 12–20 (2023)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Ryuhei NAKAMURA

Senior Scientist
Yoko CHIBA

Research Scientist
Hideshi OOKA
Ailong LI

Special Postdoctoral Researcher
Hye-Eun LEE

Postdoctoral Researcher
Jieun LEE
Shuang KONG
Koichi YATSUZUKA
Taejung LIM

Technical Staff
Marie WINTZER
Kazuna FUSHIMI
Nao TSUNEMATSU

Assistant
Tomomi MINAMI
Taeko HORIE



分子リガンド標的研究チーム

Molecular Ligand Target Research Team

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

研究テーマ

- 分子リガンドとその標的分子間の化学遺伝学的相互作用の網羅的解析
- 生理活性を有する化合物の作用機序の検証
- 必須遺伝子を標的とする生理活性物質の同定



Chemical-genetic profiles of jervine, D75-4590, NP329, NP293, calcofluor white, and tunicamycin using a nonessential deletion collection of the budding yeast mutants. Blue, negative chemical-genetic interactions.

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

Research Subjects

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

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

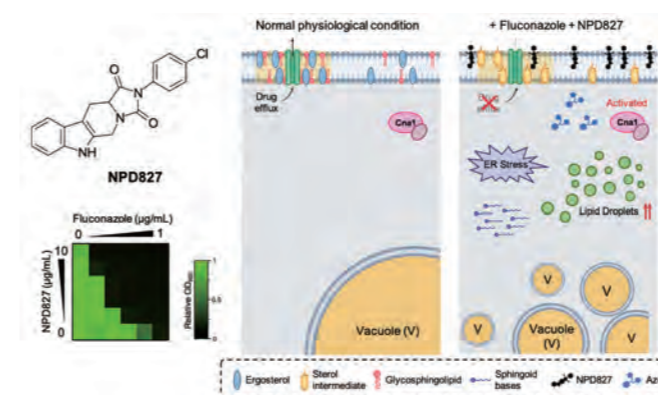
Bioactive molecular ligands with unique physiological effects must have specific cellular targets. Target identification is critical for elucidating the mechanism of action of molecular ligands and for drug discovery. However, drug target identification has been extremely difficult, because the interactions between molecular ligands and their targets are not uniform. Our team aims to develop innovative techniques for target identification based on the global analysis of yeast chemical-genetic and genetic interactions, leading to quick and accurate elucidation of ligand-target interactions.



TP

研究成果

- 複雑な細胞システムの理解につながる、深層学習を用いたネットワーク統合アルゴリズムBIONICを開発した。
- フルコナゾールとの併用で抗真菌活性が向上するNPD827は細胞膜の恒常性の破壊に関わることを見出した。
- 酵母ケミカルゲノミクス解析等により、ジェルビンが真菌細胞壁の β -1,6-グルカン合成を阻害することを明らかにした。



Candida growth assay with NPD827 in combination with fluconazole and Model of NPD827 mechanism of action

Research Results

- We developed a general, scalable deep learning framework for network integration called BIONIC (Biological Network Integration using Convolutions), which uses a graph convolutional network to embed genes and proteins from each input network into a common feature space.
- We screened NPD827, as the most active hit with enhanced activity against *Candida albicans* in combination with the conventional antifungal fluconazole and found its unusual mode of action which involved disruption of membrane homeostasis.
- We revealed that jervine, a jerveratrum-type steroidal alkaloid, inhibited the biosynthesis of β -1,6-glucan based on the chemical-genetic profiling.

主要論文 / Publications

Forster, DT. *et al.*
BIONIC: biological network integration using convolutions.
Nat. Methods **19**, 1250-1261 (2022)

Revie, NM. *et al.*
Targeting fungal membrane homeostasis with imidazopyrazindoles impairs azole resistance and biofilm formation.
Nat. Commun. **13**, 3634 (2022)

Kubo, K. *et al.*
Jerveratrum-type steroidal alkaloids inhibit β -1,6-glucan biosynthesis in fungal cell walls.
Microbiol. Spectr. **10**, e0087321 (2022)



チームリーダー
チャールズ・ブーン Ph.D.

Team Leader
Charles M. BOONE Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Charles M. BOONE

Deputy Team Leader
Yoko YASHIRODA

Research Scientist
Lien Thi Kim PHAM

Visiting Scientist
Matej USAJ

Technical Staff
Mami YOSHIMURA

Assistant
Takako HIYOSHI



バイオ生産情報研究チーム

Bioproductivity Informatics Research Team

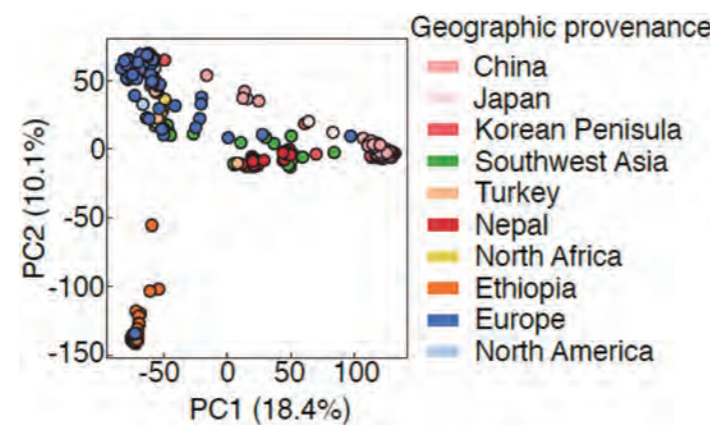


植物の生産性に関わる有用遺伝子を探索し、草本バイオマス増産技術の開発を目指します

研究テーマ

- 異質倍数体の高生産性機構の理解と植物バイオマス増産への利用
- 草本バイオマスの生産性向上に有用な遺伝子の同定
- 草本植物および微細藻類における代謝や細胞システムの合理的改変によるバイオマスの増産

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。



Genetic variation of a barley diverse panel illustrated based on an exome-sequencing of a barley diverse panel

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

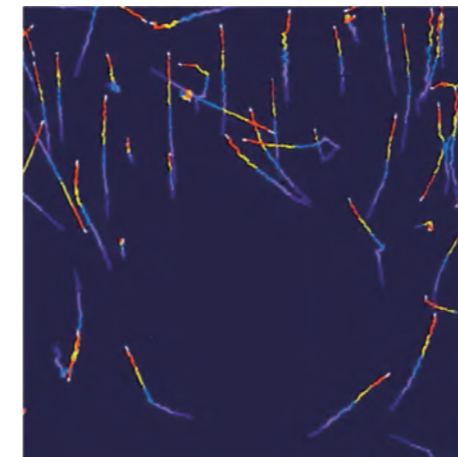
Research Subjects

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

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.

研究成果

- オオムギ集団のエクソーム解析により、東アジア型分集団の遺伝子多型とオオムギの10の農業形質との遺伝的関連性を明らかにした。
- ゲノム編集により遊泳不全ユーグレナを作出し、回収性の向上させ得ることを示した。
- ユーグレナの光走性をつかさどる眼点の形成には、ゼアキサンチンという色素の合成が必要であることを明らかにした。



A trace image of *Euglena* phototaxis

Research Results

- We revealed genetic associations with ten agronomic traits in Eastern landraces through wxome-wide variation analysis in a diverse barley panel.
- We demonstrated CRISPR/Cas9-mediated generation of non-motile mutants improve the harvesting efficiency of *Euglena gracilis*.
- We found that zeaxanthin is required for eyespot formation and phototaxis in *Euglena gracilis*.

主要論文 / Publications

Kim, J. S. *et al.*
Exome-wide variation in a diverse barley panel reveals genetic associations with ten agronomic traits in Eastern landraces. *J. Genet. Genomics* **50**, 241-252 (2023)

Ishikawa, M. *et al.*
CRISPR/Cas9-mediated generation of non-motile mutants to improve the harvesting efficiency of mass-cultivated *Euglena gracilis*. *Plant Biotechnol. J.* **20**, 2042-2044 (2022)

Tamaki, S. *et al.*
Zeaxanthin is required for eyespot formation and phototaxis in *Euglena gracilis*. *Plant Physiol.* **191**, 2414-2426 (2023)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Keiichi MOCHIDA

Research Scientist
Toshihisa NOMURA
Anzu MINAMI
June-Sik KIM

Senior Visiting Scientist
Lam-Son Phan TRAN

Visiting Scientist
Weiqiang LI

Technical Staff
Yukiko UEHARA
Minami SHIMIZU
Yasuko WATANABE

Part-time Worker
Akiko SUZUKI
Hiromi OJIMA
Kyoko TOYAMA
Yuko KANEKO
Etsuko KITADA



バイオ高分子研究チーム

Biomacromolecules Research Team

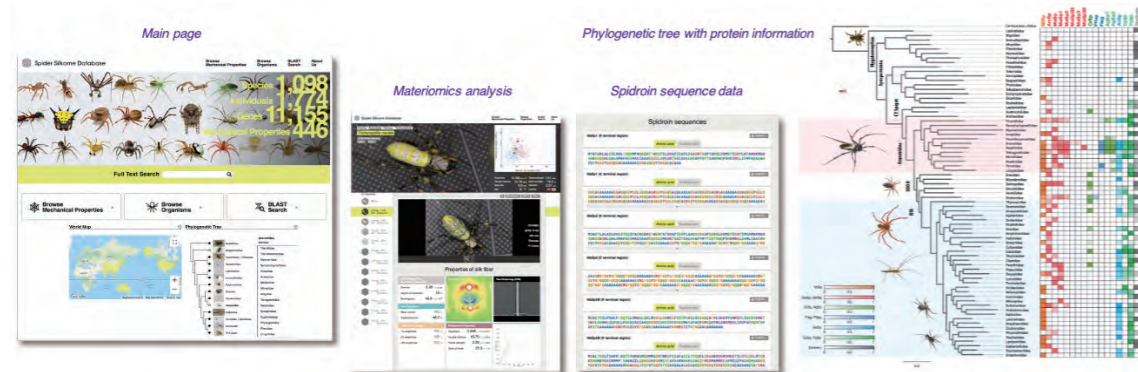


材料設計に基づいた機能性高分子の 生合成技術確立し、環境循環型材料 としての実用化を目指します

研究テーマ

- バイオポリマー合成酵素の構造解析・新規バイオポリマーの合成
- 新規バイオポリマーの生産微生物、合成酵素、および分解酵素の探索・開発
- 機能性タンパク質に倣った高性能ポリアミド／ポリペプチドの設計・生合成
- 植物バイオテクノロジーによるバイオポリマー生産および機能化植物の開発

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。



Schematic illustration of spider silk database, Silkome. As examples of Silkome database, the main page of Silkome, materiomics, sequence data, and phylogenetic tree with protein information are shown.

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

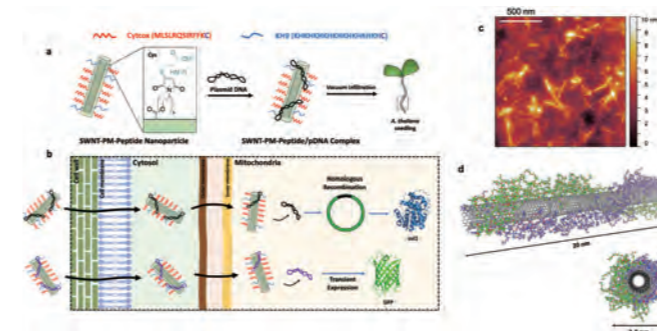
Research Subjects

- 3D structures and polymerization mechanisms of biopolymer syntheses
- Search and development of microorganisms, polymerases, and depolymerases
- Design and biosynthesis of bio-inspired functional peptides
- Biopolymer production and plant modifications via plant biotechnology

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 syntheses. 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.

研究成果

- クモ糸とクモ糸に含まれるタンパク質の配列、物理的性質、化学的性質、生化学的性質をまとめたデータベースを構築し、バイオ高分子のマテリアルインフォマティクスの基盤を構築した。
- 植物細胞の核や葉緑体に効率的に遺伝子導入するため、双性イオン液体を利用した低毒性の新規手法を開発した。
- カーボンナノチューブと機能性ペプチドを組み合わせることで、植物ミトコンドリアに高効率で遺伝子を導入し、その発現を定量的に評価することに成功した。



Gene delivery system into plant mitochondria using carbon nanotube with functional peptides. The experimental scheme (a), penetration pathway to plant mitochondria (b), an atomic force microscopy image (c) and a molecular simulation snap shot of carbon nanotube/peptide complexes (d).

Research Results

- We constructed a database that summarizes the sequences, physical properties, chemical properties, and biochemical properties of spider silks and their silk proteins, and built a platform for material informatics of biopolymers.
- To efficiently introduce exogenous DNA into the nucleus and chloroplasts of plant cells, we developed a new low-toxicity method using a zwitterionic liquid.
- By combining carbon nanotubes and functional peptides, we successfully introduced genes into plant mitochondria with high efficiency and quantitatively evaluated their expression.

主要論文 / Publications

Arakawa, K. *et al.*
1000 spider silkomes: Linking sequences to silk physical properties.
Sci. Adv. **8**, eabo6043 (2022)

Miyamoto, T. *et al.*
Relaxation of the plant cell wall barrier via zwitterionic liquid pretreatment for micelle-complex-mediated DNA delivery to specific plant organelles.
Angew. Chem. Int. Ed. **61**, e202204234 (2022)

Law, S. S. Y. *et al.*
Polymer-coated carbon nanotube hybrids with functional peptides for gene delivery into plant mitochondria.
Nat. Commun. **13**, 2417 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Keiji NUMATA
Senior Scientist
Ali Andres DeFrance MALAY
Research Scientist
Masaki ODAHARA
Takaaki MIYAMOTO
Special Postdoctoral Researcher
Nur Alia OKTAVIANI

Postdoctoral Researcher
Simon Sau Yin LAW
Hamish Cameron CRAIG
Naoto YOSHINAGA

Senior Visiting Scientist
Taku DEMURA
Takamasa SAKAI
Yutaka KODAMA
Kazuharu ARAKAWA

Visiting Scientist
Takashi OSANAI
Misato OHTANI
Kosuke TSUCHIYA
Toshiki SAWADA
Hirotaka UJI
Daichi IDA
Yui TSUJI
Shigeru YAMAGUCHI

Technical Staff
Yoko HORII
Ayaka TATEISHI
Student Trainee
Taichi KURITA
Naoya ABE
Shota SAKAMOTO
Takato MATSUI
Takuma KAWAGUCHI
Yusuke UENO
Kota NISHII
Shogo TAKEMURA
Haruka TAKEDA
Risa NAKA
Part-time Worker
Mai MORI
Mami GOTO
Assistant
Tomomi INOUE
Mizuki TOMIZAWA



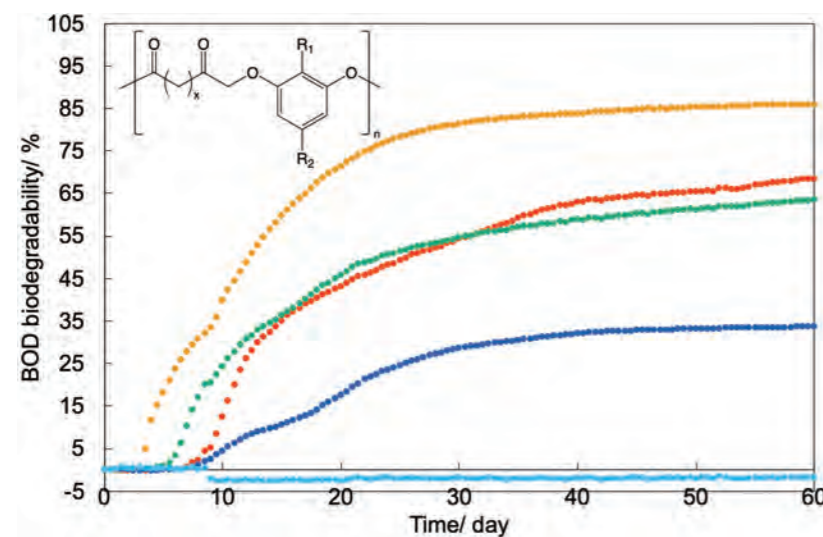
バイオプラスチック研究チーム

Bioplastic Research Team

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

研究テーマ

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



Evaluation of biodegradability for semi-aromatic polyesters with different substitutions

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のターゲットとし、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。

Creating new high quality plastic materials made from biomass

Research Subjects

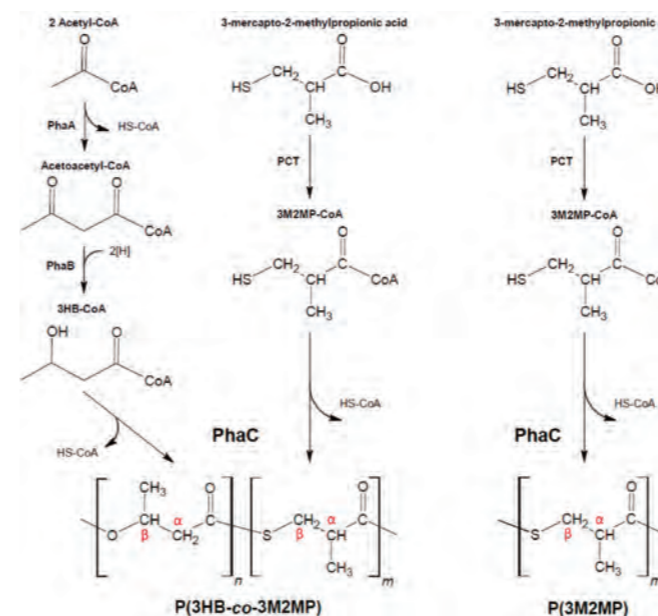
- Design of biopolyesters for advanced materials
- Synthesis and molecular design of novel biomass-polymers
- New advanced methods for biomass-polymer synthesis

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.



研究成果

- 新規なチオエステル構造を有するポリマーの微生物合成に成功した。
- 脂肪族-芳香族ポリエステルの生分解反応に及ぼす芳香環への置換基効果を明らかにした。
- バイオポリエステルの母材とするポリマーブレンドにおける相容性と環境分解性の相関を明らかにした。



Biosynthetic pathways of novel bio-polythioester and its copolymer

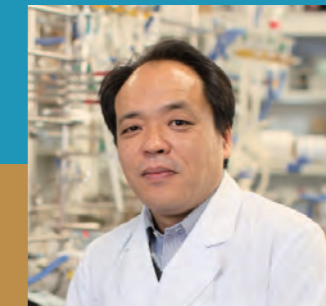
Research Results

- We succeeded in the biosynthesis of novel bio-polythioester.
- We found the substitution effect of aromatic unit on biodegradability for aliphatic-aromatic polyesters.
- We elucidated the relationships between miscibility and environmental degradability for biopolyester-based polymer blends.

主要論文 / Publications

Sasanami, Y. *et al.*
Purification and Characterization of an Enzyme that Degrades Polyamide 4 into gamma-Aminobutyric Acid Oligomers from *Pseudomonas* sp. TNN1.
Polym. Degrad. Stab. **197**, 109868 (2022)

Ceneviva, LVS. *et al.*
Poly(3-mercapto-2-methylpropionate), a Novel α -Methylated Bio-Polythioester with Rubber-like Elasticity, and Its Copolymer with 2-Hydroxybutyrate: Biosynthesis and Characterization.
Bioengineering-Basel **9**, 228 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader Hideki ABE	Senior Visiting Scientist Tadahisa IWATA Ken-ichi KASUYA
Senior Research Scientist Tomohiro HIRAISHI Masahiro FUJITA	Visiting Scientist Takeharu TSUGE Yoshihiro KIKKAWA
Research Scientist Yasumasa TAKENAKA	Technical Staff Naoko NAKADA Atsushi KATSURAGI
Technical Scientist Sumito KUMAGAI	International Program Associate Ayan Yeosi BARTELS-ELLIS
Postdoctoral Researcher Tatsuya GOTO Senri HAYASHI Yunfan ZHANG	Student Trainee Maho KAWASAKI



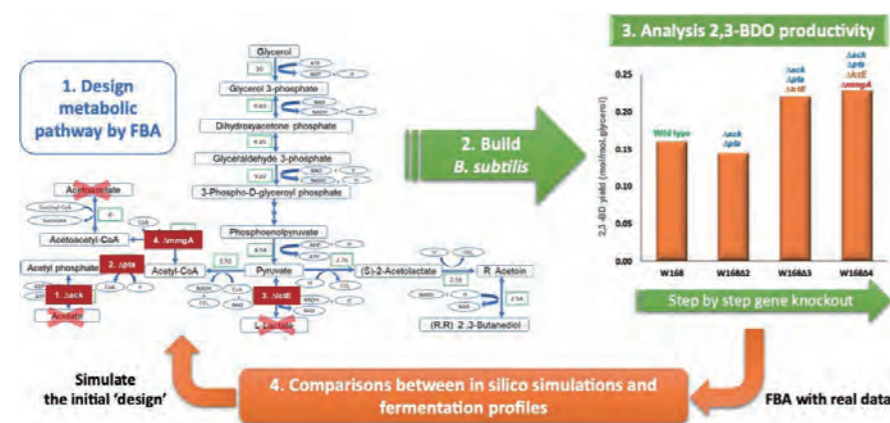
細胞生産研究チーム

Cell Factory Research Team

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

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ツールの開発
- 目的の代謝反応を触媒する高機能酵素の開発



An efficient design producing 2,3-butanediol from glycerol with a recombinant *Bacillus subtilis*

Designing and constructing optimal cell factories for valuable chemical compounds

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

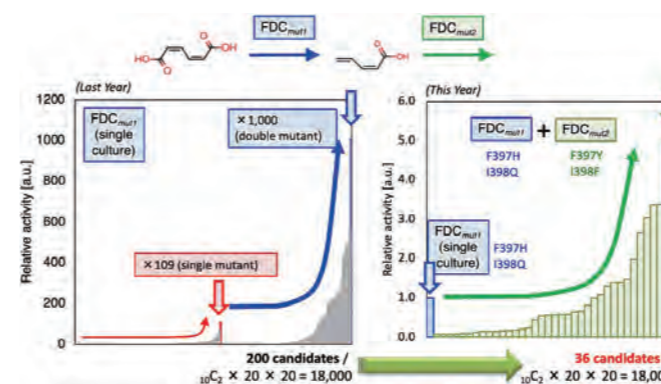
バイオマスを化石資源の代替として活用するには、原材料・プロセスコストの削減が重要である。当チームでは、植物によるセルロースの生産性・易分解性と、微生物によるバイオマスの分解・合成過程を一体的に最適化する事により、従来の複雑で高コストなプロセスを一体化し、低コストで省エネルギー化された革新的な一貫バイオプロセスの開発を目指している。



M

研究成果

- 効率的な代謝設計アルゴリズムを開発し、様々な有用化合物のバイオ生産に適用した。
- ゲノムスケールモデルを用いた代謝設計によりグリセリンから2,3-ブタンジオールを効率良く生産する枯草菌を構築した。
- 酵素工学技術を用いて人工酵素を開発し、ブタジエンを高効率でバイオ生産することに成功した。



Complete bioconversion of butadiene from muconic acid with two kinds of artificial enzymes

Research Results

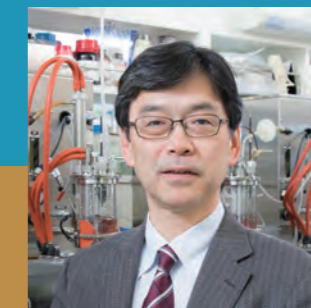
- We developed an algorithm of metabolic designs, applying the bioproductions of various useful compounds.
- We constructed a *Bacillus subtilis* efficiently producing 2,3-butanediol from glycerol by a practical metabolic design using a genome-scale model.
- We succeeded in bioproduction of butadiene with a high yield by developing an artificial enzyme with use of enzyme engineering technology.

主要論文 / Publications

Shirai, T., Kondo, A.
In Silico Design Strategies for the Production of Target Chemical Compounds Using Iterative Single-Level Linear Programming Problems.
Biomolecules **12**, 620 (2022)

Fujiwara, R. *et al.*
G6P-capturing molecules in the periplasm of *Escherichia coli* accelerate the shikimate pathway.
Metab. Eng. **72**, 68-81 (2022)

Vikromvarasiri, N., Noda, S., Shirai, T., Kondo, A.
Investigation of two metabolic engineering approaches for (R,R)-2,3-butanediol production from glycerol in *Bacillus subtilis*.
J. Biol. Eng. **17**, 3 (2023)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Akihiko KONDO

Senior Scientist
Tomokazu SHIRAI

Research Scientist
Shuhei NODA
Yutaro MORI

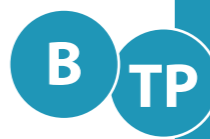
Special Postdoctoral Researcher
Ryosuke FUJIWARA

Postdoctoral Researcher
Nunthaphan VIKROMVARASIRI
Yuki OGAWA
Ryosuke MITSUI



分子生命制御研究チーム

Molecular Bioregulation Research Team

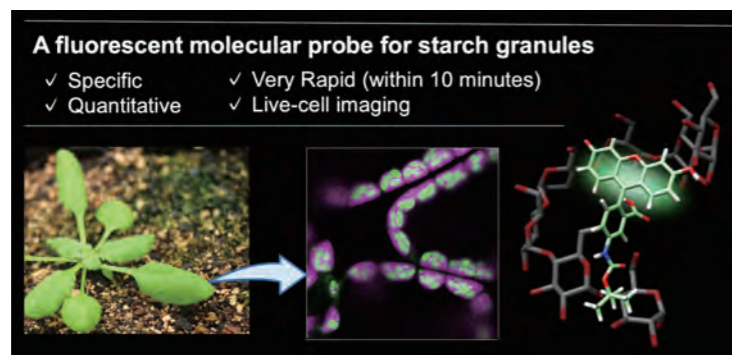


植物の生理機能を人工分子で制御します

研究テーマ

- 植物ホルモンスIGNALの精密制御
- 植物の発生を制御する新手法の開発
- ケミカルバイオロジーにおける新技術の開発

食糧生産量の増加は、社会を持続させる上で喫緊の課題であるが、気候変動など様々な要因がその妨げとなっている。我々の研究チームは、この課題の解決に化学と生物学の両面から挑んでいる。論理的な分子設計や化合物ライブラリーからの探索により、植物の生理機能を制御する新たな分子を創生する。このような分子を用いて、安定的な食糧生産の鍵となる遺伝子を解明し、食糧生産の様々な場面で最適な植物の成長制御法を提供する。こうした分野横断型の研究を進めることで、既存の手法では見つからなかった地球規模の課題に対する解決の糸口を探るとともに、新たな研究分野の開拓を目指している。



A synthetic dye for rapid starch staining

Regulation of plant physiology with synthetic molecules

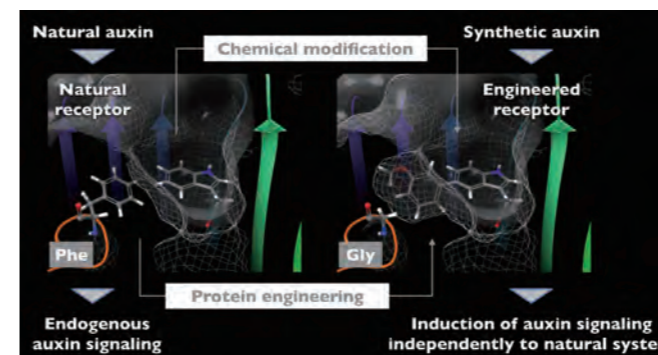
Research Subjects

- Precise control of plant hormone signaling
- New methodology for regulating plant reproduction
- Development of new technology in chemical biology

Although increasing global food supply is the critical issue for sustainable society, crop yields are growing too slowly to meet the expected food demand. We are rather facing many problems such as climate change, which will make it challenging to produce enough food. Our team aims at solving these issues by chemical biology approach. We search key genes for stable food production through forward and reverse chemical genetics. The compounds obtained from chemical screening will be structurally optimized through chemical synthesis and applied to regulate physiological functions of plants. Our goal is to go beyond the limitation of current plant science and agriculture by combining synthetic chemistry and plant biology, and to explore new field of sustainable resource science.

研究成果

- デンプンを可視化する蛍光分子を開発した。
- 植物の細胞内小器官を簡便に染色する蛍光色素を開発した。
- 植物の遺伝子発現を精密に制御する手法を確立した。



Chemically induced dimerization system using auxin receptor pair

Research Results

- We developed a fluorescent molecule that illuminates starch granules.
- We developed dyes for a rapid imaging of subcellular compartments in plants.
- We established controlled gene expression in plants.

主要論文 / Publications

Kusano, S., Nakamura, S., Izumi, M., Hagihara, S.
Development of 1,8-Naphthalimide dyes for a rapid imaging of subcellular compartments in plants.
Chem. Commun. **58**, 1685-1688 (2022)



チームリーダー
萩原 伸也 Ph.D.
Team Leader
Shinya HAGIHARA Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Shinya HAGIHARA

Senior Scientist
Masanori IZUMI

Research Scientist
Shuhei KUSANO

Special Postdoctoral Researcher
Kotaro NISHIYAMA
Sakuya NAKAMURA

Postdoctoral Researcher
Jekson ROBERTLEE

Visiting Researcher
Yuma SHISAKA
Yutaro SHIMIZU

Technical Staff
Yo KIKUCHI
Izumi FUKUHARA
Izumi KONO

Part-time Worker
Emi SONE
Mio TOKUDA
Yumiko OHTSUKA



植物脂質研究チーム

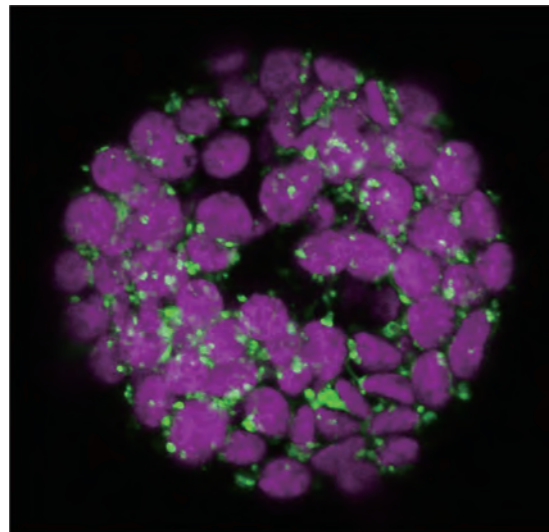
Plant Lipid Research Team



脂質機能から植物の成長と発生のしくみに迫ります

研究テーマ

- 脂質が制御する植物の成長・発生のメカニズム
- 環境変化に応答する膜脂質プロファイルの多様性とその生理学的意義
- 時空間(4次元)リポミクス—植物細胞における脂質代謝の動的変化を立体的に捉える取り組み—
- 光合成産物をオイル産生に活用する代謝改変



A microscope image showing specific sub-organelle localization of LPPε1 (green) within the chloroplasts (magenta)

脂質は生物を構成する主な分子であり、エネルギー源のみならず細胞膜の構成や情報伝達物質として生命機能を維持するために多様な役割を果たしている。我々は、脂質が植物の成長・発生をどのようにコントロールしているかを明らかにすべく、脂質代謝のダイナミックな変動を時空間的に捉え、それが細胞機能を制御する分子メカニズムを研究している。これにより、脂質が制御する植物機能の理解を深めるとともに、得られた知見を戦略的な脂質代謝エンジニアリングに供し、光合成産物を有効活用する低炭素社会の実現に貢献することを目指す。

A lipidomic approach to addressing plant growth and development

Research Subjects

- Lipid-mediated mechanism in plant growth and developmental control
- Physiological significance of molecular diversity in the membrane lipid profiles
- Spatiotemporal (4-D) lipidomics -An effort to address the subcellular dynamics of plant lipid metabolism at spatiotemporal resolution-
- Utilization of photosynthetic assimilates through the lipid metabolic engineering

We are investigating how lipids control plant growth and development. Lipids play diverse roles in energy storage, cellular membrane integrity and signal transduction. Under the concept of “Spatiotemporal (4-D) lipidomics”, we precisely address the molecular dynamics of lipid metabolism and underlying mechanism in growth control. Our basic research will form the basis of knowledge-based metabolic engineering strategy to efficiently convert photosynthetic assimilates into industrially valuable lipids, which contributes to the development of carbon-neutral society.

研究成果

- 植物油脂の合成には葉緑体と小胞体の酵素が協調して働くことを見出した。
- 植物脂質合成の鍵となる酵素の機能を解明した。
- 種子の油を合成する新しい代謝経路を発見した。



Arabidopsis wild-type plant (left) and transgenic plant partially disrupting LPAT2, a major enzyme for lipid biosynthesis

Research Results

- We revealed that a pair of enzymes at chloroplast and ER cooperate in ER-localized lipid biosynthesis.
- We demonstrated an enzyme function in plant lipid biosynthesis pathway.
- We discovered a new metabolic pathway for plant seed oil production.

主要論文 / Publications

Nguyen, V. C., Nakamura, Y.
Distinctly localized lipid phosphate phosphatases mediate endoplasmic reticulum glycerolipid metabolism in Arabidopsis. *Plant Cell* **35**, 1548-1571 (2023)

Barroga, N. A. M., Nakamura, Y.
LYSOPHOSPHATIDIC ACID ACYLTRANSFERASE 2 (LPAT2) is required for *de novo* glycerolipid biosynthesis, growth, and development in vegetative and reproductive tissues of Arabidopsis. *Plant J.* **112**, 709-721 (2022)

TAN, Y.-R., Nakamura, Y.
The importance of Arabidopsis PHOSPHOLIPID N-METHYLTRANSFERASE in glycerolipid metabolism and plant growth. *J. Exp. Bot.* **73**, 2971-2984 (2022)



チームリーダー
中村 友輝 博士(理学)
Team Leader
Yuki NAKAMURA D.Sci.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Yuki NAKAMURA

Research Scientist
ArtikElisa ANGKAWIJAYA

Postdoctoral Researcher
Anh Hai NGO
Van Cam NGUNYEN

Visiting Researcher
Chao-Yuan YU

Technical Staff
Yasuko WATANABE

International Program Associate
Nina Alyssa Mabalot BARROGA

Assistant
Ayako SATO



植物化学遺伝学研究チーム

Plant Chemical Genetics Research Team

2022年4月発足
Launched in April 2022



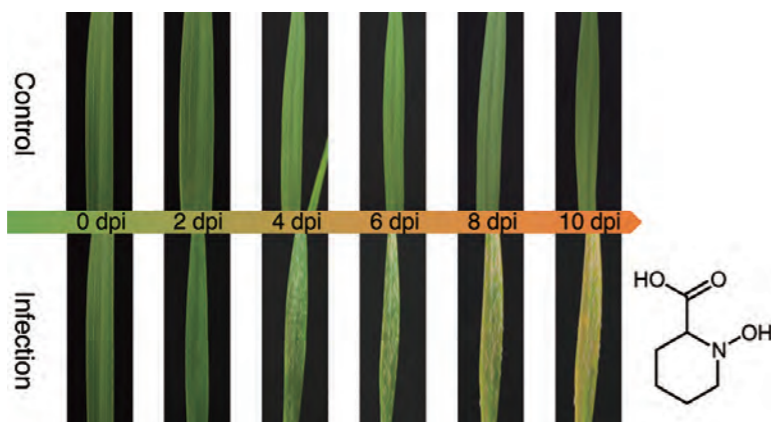
B

植物ホルモンの機能を明らかにして、 作物の持続的生産性と環境ストレス適応性 の向上に貢献します

研究テーマ

- 植物ホルモンの代謝制御とシグナル伝達の解明
- 新規植物ホルモンの探索
- 植物ホルモンの作用を利用した作物の改変
- 植物ホルモン作用を変化させる分子の開発
- 植物生産性を改良するための鍵遺伝子の同定

作物の緑の革命は、植物ホルモンのジベレリン作用が変化した遺伝子変異を有効利用したものである。植物の生長や環境ストレス適応には、植物ホルモンのように生体内に微量に含まれ多様な生理作用を示す活性分子が関与する。地球環境に低負荷な農業や気候変動に柔軟に適応して生長できる作物の開発を目指すには、さらなる植物ホルモンの機能解明と利用が必要である。また、植物の生産性や環境ストレス適応に鍵となる遺伝子の同定を進め、得られた知見を実用作物へ展開し、食糧の生産性向上を目指す。



N-hydroxypipicolinic acid is drastically accumulated during powdery mildew infection in wheat.

Contributing sustainable crop productivity and improvement of environmental stress adaptation through elucidation of plant hormone functions

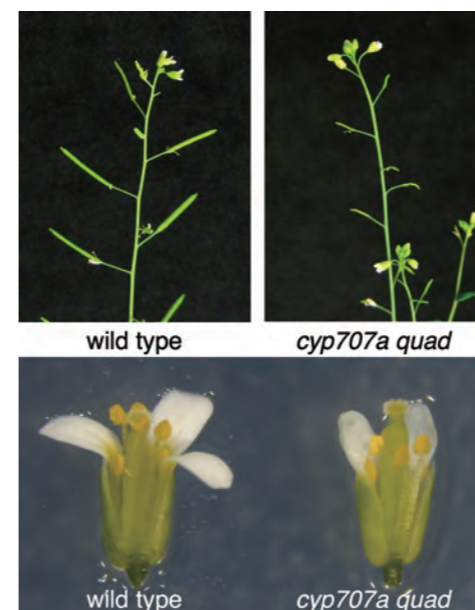
Research Subjects

- Elucidation of plant hormone metabolic regulations and signaling
- Search of new hormone-like molecules in plants
- Molecular breeding of crops by modifying plant hormone action
- Development of small molecules that regulate plant hormone action
- Identification of key genes for improving crop productivity

The Green Revolution in crops is an effective use of gene mutation that altered the gibberellin action of plant hormones. Bioactive small molecules including plant hormones exhibit various physiological actions and are involved in plant growth and adaptation to environmental stress. Further elucidation and utilization of plant hormone functions are necessary to develop crops that can grow with less environmental impact under global climate change. In addition, we also explore key genes for plant growth and environmental stress adaption and aim to improve food productivity by applying the scientific knowledge to practical crops.

研究成果

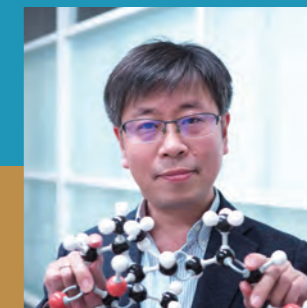
- 適切な受粉には、アブシシン酸が不活性化される必要があることを明らかにした。
- コムギにおいてアブシシン酸とサリチル酸の間に拮抗性が無いことを明らかにした。
- コムギうどんこ病菌感染過程においてN-ヒドロキシピペコリン酸が重要な役割を果たしていることを明らかにした。



cyp707a quadruple mutant exhibits sterility due to abnormal development of stamens.

Research Results

- We found that inactivation of abscisic acid is required for the efficient pollination in Arabidopsis.
- We found that there is no antagonism between abscisic acid and salicylic acid in wheat.
- We found that *N*-hydroxypipicolinic acid plays an important role during powdery mildew infection in wheat.



チームリーダー
岡本 昌憲 博士(理学)
Team Leader
Masanori OKAMOTO D.Sci.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Masanori OKAMOTO

ケミカルバイオロジー・生合成研究チーム

Chemical Biology and Biosynthesis Research Team

2022年10月発足
Launched in October 2022

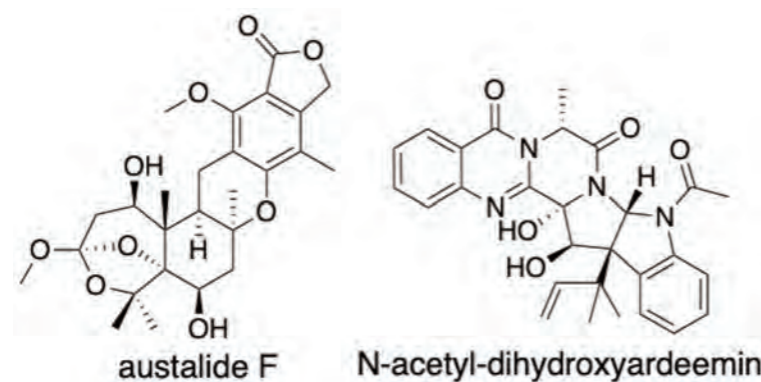


生合成機構を用いて活性物質を生産します

研究テーマ

- 生合成機構のリデザイン
- 酵素機能の改変
- 活性化化合物の機能解明

当研究室では、ケミカルバイオロジー・生合成の手法を用いた活性化合物創出に関する研究を通じて、資源の減少、枯渇といった社会課題の解決に貢献し、環境資源科学研究を進展することを目指している。活性化化合物の生合成機構を解析し、微生物などの宿主における物質生産システムを構築する。物質生産系における生合成経路、酵素機能の改変によって非天然型化合物を創出する。生理、生物化合物の作用機構を解析し、ケミカルバイオロジーにおける新規知見の取得を目指す。



The structures of the bioactive compounds produced in the microbial host

Production of novel bioactive compounds with biosynthetic ways

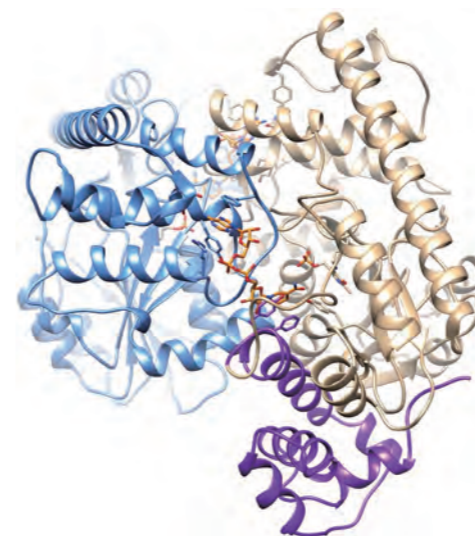
Research Subjects

- Redesign of biosynthetic machinery
- Alteration of enzyme function
- Functional elucidation of bioactive compounds

Our laboratory aims to contribute to solving social issues such as the decrease and depletion of natural resources and to advance environmental resource science research through research on chemical biology and biosynthesis, including research on new useful natural products using biosynthetic methods. We analyze the biosynthesis pathway of bioactive substances and construct substance production systems in microbial hosts. We create non-natural compounds by modifying biosynthetic pathways and enzyme functions in the production system. We also analyze the mechanism of action of the bioactive compounds and obtain new knowledge in chemical biology.

研究成果

- β -NADとSAMを基質として二次代謝産物を合成する新規酵素の構造基盤を明らかにした。
- 生理活性メロテルペノイドの微生物生産系を構築し、二種の新規化合物を取得した。
- 生理活性インドールテルペノイドの微生物生産系を構築し、一種の新規酸化酵素を同定した。



The cryo-EM structure of the enzyme which accepts β -NAD and SAM as substrates for secondary metabolite biosynthesis

Research Results

- We solved the structure basis of the enzyme which accepts β -NAD and SAM as substrates.
- We constructed the production system of bioactive meroterpenoids in the microbial host to produce two novel compounds.
- We constructed the production system of bioactive indole terpenoids in the microbial host and identified one novel α -ketoglutarate oxygenase.

主要論文 / Publications

Awakawa, T., Liu, W., Bai, T., Taniguchi, T., Abe, I.
Orthoester formation in fungal meroterpenoid austalide F biosynthesis.
Philos. Trans. R. Soc. Lond., B, Biol. Sci. **378**, 1871, 20220037 (2023)

Awakawa, T., Mori, T., Ushimaru, R., Abe, I.
Structure-based engineering of α -ketoglutarate dependent oxygenases in fungal meroterpenoid biosynthesis.
Nat. Prod. Rep. **40**, 46-61 (2023)

Zhou, L., Abe, I., Awakawa, T.
Biosynthesis of dihydroxyardeemin by heterologous expression.
Tetrahedron **127**, 133095 (2022)



チームリーダー
淡川 孝義 博士(農学)
Team Leader
Takayoshi AWAKAWA Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Team Leader
Takayoshi AWAKAWA

Research Scientist
Zhiyang QUAN

Assistant
Akiko IRIE



適応制御研究ユニット

Dormancy and Adaptation Research Unit

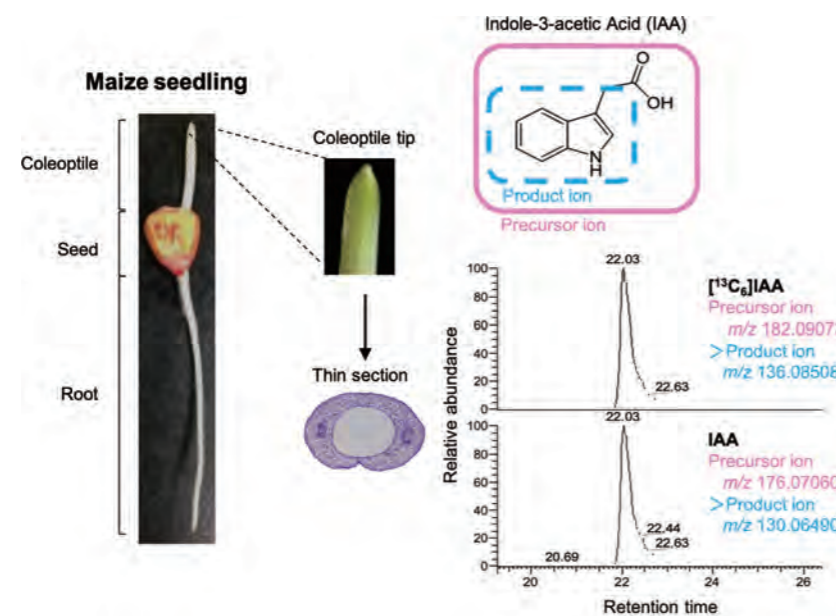


種子機能と環境適応力を高める 遺伝子・化合物を探索します

研究テーマ

- 植物ホルモン輸送体の同定と機能解析
- 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
- 種子の休眠、発芽、寿命に関する因子の同定
- 一細胞からの植物代謝物質質量分析法の確立

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、ジベレリン、ジャスモン酸、オーキシシン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。



Quantification of auxin (indole-3-acetic acid) from maize coleoptiles

Discovering genes and chemicals that improve seed quality and plant adaptation responses

Research Subjects

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

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, gibberellin, jasmonates and auxin are regulated. We will optimize plant adaptation responses by genetic and chemical regulation of hormone transport and biosynthesis.

研究成果

- シロイヌナズナの種皮で発現するABA取り込み輸送体NPF5.1が、種子発芽の制御に関与することを明らかにした。
- シロイヌナズナの自然変異系統における植物ホルモン内生量の多様性を明らかにした。
- nanoLC-MSを用いた植物ホルモンの超微量定量を行った。



NPF5.1 is expressed in the seed coat.

Research Results

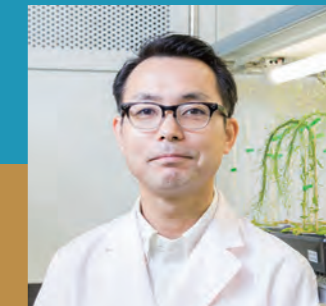
- We revealed that the ABA importer NPF5.1, which is expressed in the seed coat of Arabidopsis, regulates seed germination.
- We revealed natural variation in plant hormone contents among Arabidopsis accessions.
- We quantified plant hormones from very small plant tissues using nanoLC-MS.

主要論文 / Publications

Zheng, L. *et al.*
Seed dormancy 4 like1 (SFL1) of Arabidopsis is a key regulator of phase transition from embryo to vegetative development.
Plant J. **112**, 460-475 (2022)

Shimizu, T., Kanno, Y., Watanabe, S., Seo, M.
Arabidopsis NPF5.1 regulates ABA homeostasis and seed germination by mediating ABA uptake into the seed coat.
Plant Signal. Behav. **17**, 2095488 (2022)

Delfin, J. *et al.*
AtGH3.10 is another jasmonic acid-amido synthetase in *Arabidopsis thaliana*.
Plant J. **110**, 1082-1096 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Mitsunori SEO

Postdoctoral Researcher
Hiromi SUZUKI

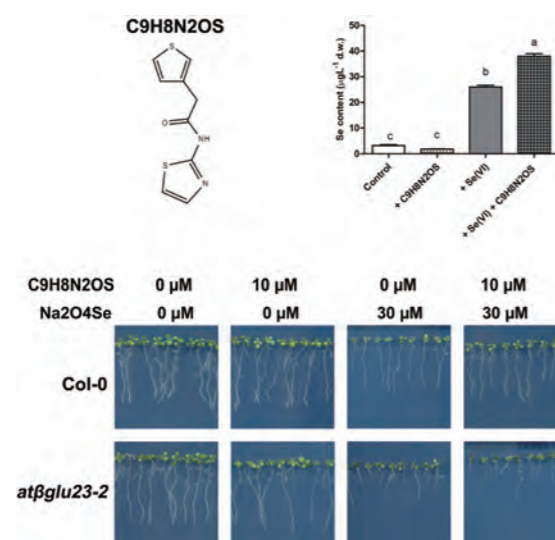
Technical Staff
Yuri KANNO



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

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
- 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
- 海藻類の海洋環境における生存メカニズムの解析
- 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法の確立



カリウムは植物の生長を制御する主要栄養素のひとつであり、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。有害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おり、汚染土壌から植物が有害な金属を吸収するメカニズムの分析も行っている。

A selenium accumulating enhancing chemical, C9H8N2OS improves the plant selenate tolerance response via an Arabidopsis BETA-GLUCOSIDASE 23 protein.

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

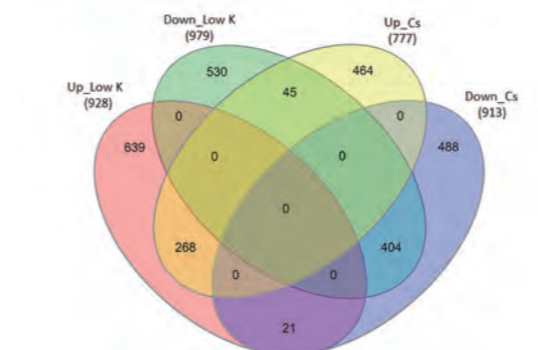
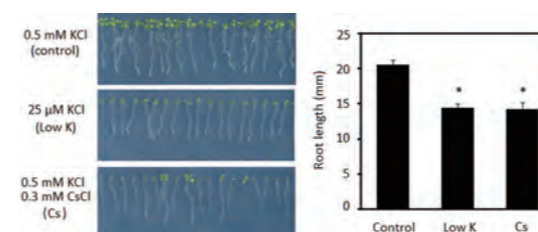
Research Subjects

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

Potassium is one of major nutrients for plant growth, and lack of it 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. 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 and heavy metals 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 unwanted metals contamination are studying. We are also intensively elucidating regulatory components of unwanted metals uptake that selectively inhibit/suppress/prevent uptake of metals from contaminated soil.

研究成果

- アラビドプシスのトランスクリプトーム解析により、低カリウムとセシウムストレスの基礎となるメカニズムの分岐は、ABAの知覚およびシグナリングの変化と関連している可能性がある事が明らかとなった。
- セレン蓄積性・耐性向上化学物質C9H8N2OSがシロイヌナズナBETA-GLUCOSIDASE 23タンパク質を介してセレン耐性と蓄積性を向上させる事を実証した。
- 成長を促進するフェノール化合物の作用機序を解明した。



Growth response of Arabidopsis wild-type Col-0 and the changes in the gene expression profiles of root tissue under low K content and Cs treatments

Research Results

- We revealed that the divergence of mechanisms underlying low K and Cs stress may be linked to changes in ABA perception and signaling through Arabidopsis transcriptomic analysis.
- We demonstrated that a selenium accumulating and tolerance enhancing chemical, C9H8N2OS, improved selenium tolerance and accumulation via an Arabidopsis BETA-GLUCOSIDASE 23 protein.
- We elucidated the mode-of-actions of growth-enhancing phenolic compounds.

主要論文 / Publications

Park, C.-J., Shin, R. Calcium channels and transporters: Roles in response to biotic and abiotic stresses. Front. Plant Sci. 13, 964059 (2022)

Moon, J.Y., Miyazaki, T., Muroi, M., Watanabe, N., Shin, R. Isolation of novel chemical components and their target proteins in plants under selenium stress. Methods Enzymol. 680, 421-438 (2022)

Kim, Y.-A., Moon, H., Shin, R., Park, C.-J. Rice nucleus-encoded thylakoid protein, OsY3IP1, confers enhanced tolerance to saline and alkaline stresses in rice. Rice Sci. 29, 225-236 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Ryoung SHIN

Postdoctoral Researcher
Wen Dee ONG

Technical Staff
Takae MIYAZAKI
Ayako MIYA

Temporary Staffing
Sumiko MOROKUMA

Part-time Worker
Miho TANAKA
Miwa MATSUKURA



天然物生合成研究ユニット

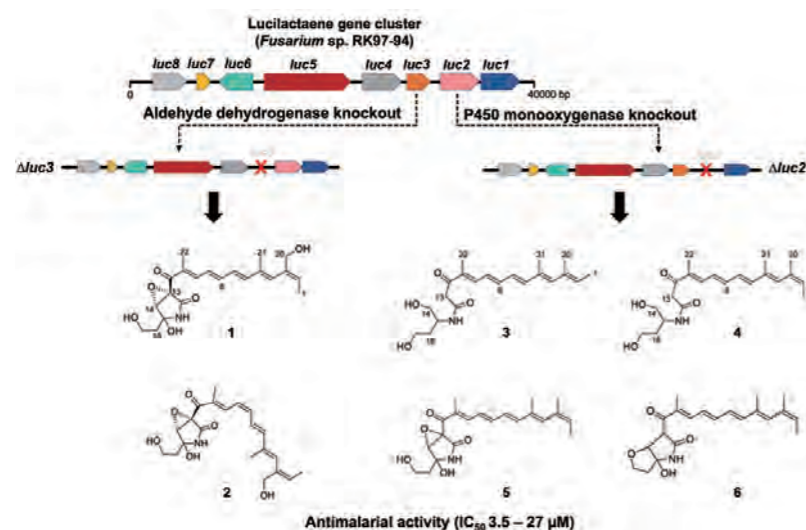
Natural Product Biosynthesis Research Unit



微生物遺伝子資源を探索し、 有用物質生産に向けて 生合成機構を解明します

研究テーマ

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



Analysis of lucilactaene biosynthesis

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。

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

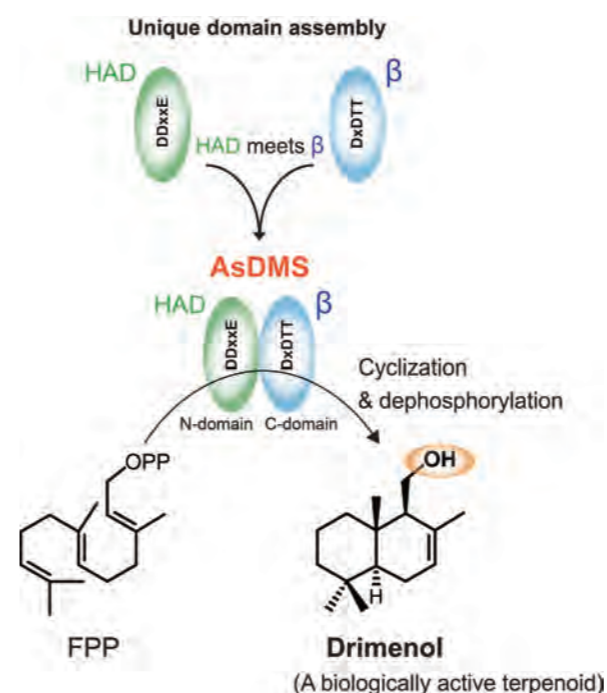
Research Subjects

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

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.

研究成果

- 海洋細菌由来の新しいセスキテルペン合成酵素を発見した。
- Fusarium* sp. RK97-94 株から新規シリラクタエン誘導体を単離しその生物活性を評価した。
- Streptomyces* sp. SN-593を用いて二次代謝生合成の解析、小分子化合物による二次代謝生産誘導、及びテルペン生合成プラットフォーム構築した。



A bifunctional drimenol synthase from marine bacteria

Research Results

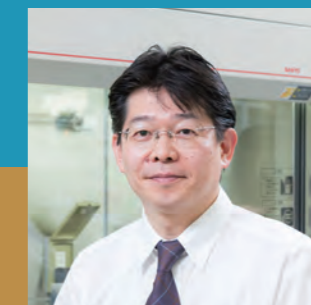
- We have identified novel drimenol synthase from marine bacteria.
- We have isolated a novel lucilactaene derivative from *Fusarium* sp. RK97-94 and evaluated their biological activity.
- We used *Streptomyces* sp. SN-593 to analyze secondary metabolic biosynthesis, induce secondary metabolic production by small molecules, and establish a terpene biosynthetic platform.

主要論文 / Publications

Vo, N.N.Q., Nomura, Y., Kinugasa, K., Takagi, H., Takahashi, S. Identification and characterization of a bifunctional drimenol synthase of bacterial origin from *Aquimarina spongiae*. *ACS Chem. Biol.* **17**, 1226-1238 (2022)

Adel, I. *et al.* Isolation of new lucilactaene derivatives from P450 monooxygenase and aldehyde dehydrogenase knockout *Fusarium* sp. RK97-94 strains and their biological activities. *J. Antibiot.* **75**, 361-374 (2022)

Takahashi, S. Studies on *Streptomyces* sp. SN-593: reveromycin biosynthesis, β -carboline biomediator activating LuxR family regulator, and construction of terpenoid biosynthetic platform. *J. Antibiot.* **75**, 432-444 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Shunji TAKAHASHI

Research Scientist
Eiji OKAMURA

Postdoctoral Researcher
Katsuyuki SAKAI
Vo Ngoc Quynh NHU
Zheng YU
Risa TAKAO

Visiting Researcher
Keisuke FUJIYAMA

Technical Staff
Naoko MORITA
Hiroshi TAKAGI
Yumi SATO

Part-time Worker
Akiko TAKAHASHI
Islam Adel Abdelhakim AMIN



理研-KRIBB連携研究ユニット

RIKEN-KRIBB Joint Research Unit

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

研究テーマ

- 生物活性物質の作用標的同定
- 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

当ユニットは、韓国生命工学院(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、創薬シードの創出を目指す。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。

研究成果

- 第4回RIKEN-KRIBBケミカルバイオロジージョイントシンポジウムを開催した。

Formation of mutual network and promotion of chemical biology study

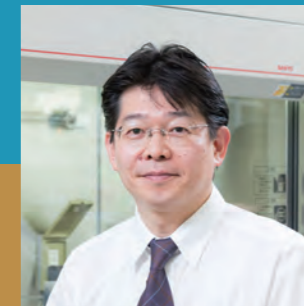
Research Subjects

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

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 Results

- We held the 4th RIKEN-KRIBB Chemical Biology Joint Symposium.



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Shunji TAKAHASHI
Postdoctoral Researcher
Katsuyuki SAKAI



創薬ケミカルバンク基盤ユニット

Drug Discovery Chemical Bank Unit

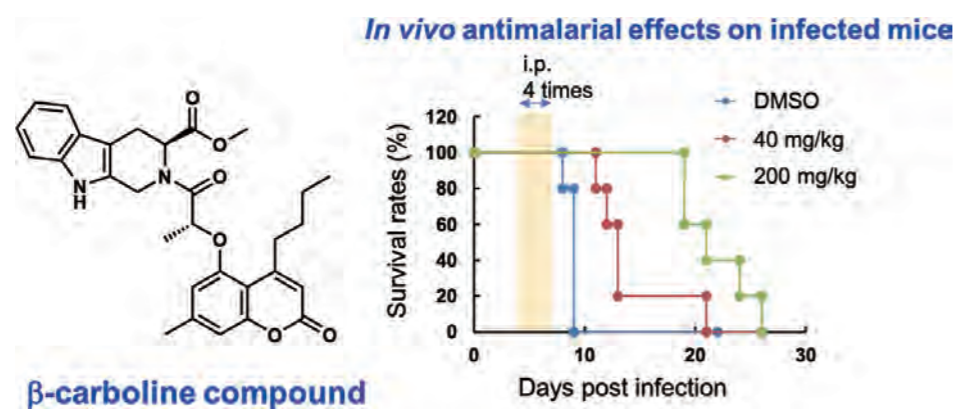


適正な化合物管理と提供および 化合物探索技術を通して、 創薬研究を支えます

研究テーマ

- 創薬用化合物ライブラリーの受託、保管、配布
- 活性物質の標的同定、高速リガンド探索のための技術開発
- 化合物管理データベースの構築

当ユニットは、創薬・医療技術基盤プログラムにおけるケミカルバンクとして、化合物探索や構造最適化の過程で合成あるいは購入した化合物を、保管管理・ライブラリー化し、生物活性評価、毒性試験・安全性評価などのために提供する。化合物リソース開発研究ユニットと連携し、スクリーニング用化合物ライブラリーを整備し、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、化合物ライブラリーの中から目的化合物を迅速に選抜し、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。化合物の標的同定技術、タンパク質リガンド探索の高速化技術などの開発を進め、創薬シード探索に貢献する。



New antimalarials identified by iHOPE screening

Support the research for drug discovery by providing well managed chemical library and the compound screening technology

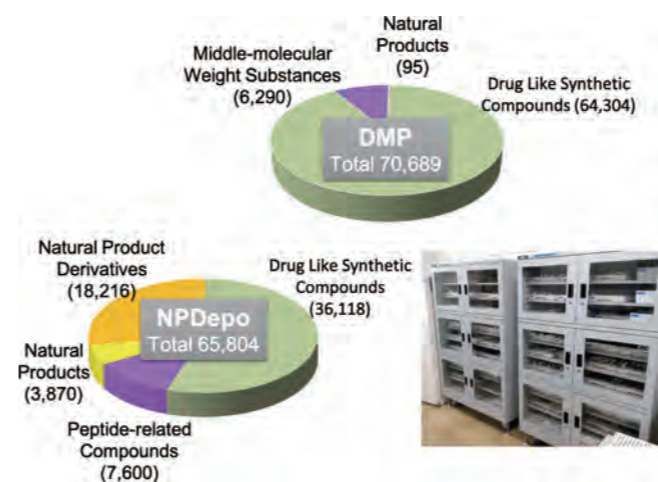
Research Subjects

- Storage and provision of chemical libraries for drug-discovery
- Development of technologies for target identification and HTS
- Construction of database for management of chemical library

This unit acts as a 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 hit compounds and supply the compounds for validation of biological activity, toxicity or safety. In cooperation with the Chemical Resource Development Research Unit, we construct and provide a chemical library for drug-discovery screening. We are constructing databases for the management of the chemical library to provide compounds efficiently. We will contribute to the drug seed screening through the technology development for the target identification and the high throughput ligand identification.

研究成果

- NPDepo化合物ライブラリーから見出した抗マラリア物質をもとに、*in vivo*でも抗マラリア活性の効果がある β -カルボリン誘導体を創製した。
- 深層学習に基づくアルゴリズムによって、化合物と遺伝子の関連を予想し化合物を細胞内標的と結びつけるシステムを開発した。
- 化合物ライブラリーを有効に活用するために、生物学的評価情報 (NPEDIA assay database) をもとに、標的別ライブラリーを構築した。



NPDepo and DMP chemical libraries in storage

Research Results

- We identified a β -carboline compound as a new antimalarial. SAR study of this compound provided a potent derivative, which exhibited significant *in vivo* antimalarial effects.
- We developed a deep learning-based network integration algorithm that can predict relevant chemical-genetic interactions and link compounds to their cellular targets.
- In order to make effective use of the compound library, we constructed Targeted library using the information of our biological evaluation (NPEDIA assay database).

主要論文 / Publications

Cho, N. *et al.*
New antimalarials identified by a cell-based phenotypic approach: Structure-activity relationships of 2,3,4,9-tetrahydro-1H- β -carboline derivatives possessing a 2-((coumarin-5-yl)oxy)alkanoyle moiety.
Bioorg. Med. Chem. **66**, 116830 (2022)

Revie, N.M. *et al.*
Targeting fungal membrane homeostasis with imidazopyrazoindoles impairs azole resistance and biofilm formation.
Nat. Commun. **13**, 3634 (2022)

Forster, D.T. *et al.*
BIONIC: biological network integration using convolutions.
Nat. Methods **19**, 1250-1261 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Hiroyuki OSADA

Technical Staff
Hiroyuki HIRANO
Yuta IWAI
Kaori HONDA
Akiko OKANO

Part-time Worker
Manami MORIHASHI

Assistant
Madoka KAI



創薬シード化合物探索基盤ユニット

Drug Discovery Seed Compounds Exploratory Unit

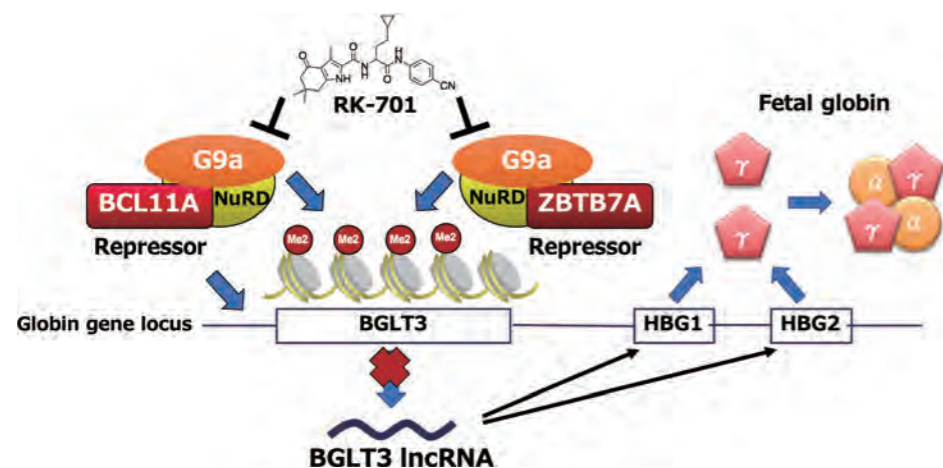


新薬創製を目的とするシード/リード化合物をHTSにより探索します

研究テーマ

- インビトロおよび細胞系アッセイによるハイスループットスクリーニング (HTS)
- 細胞イメージングに基づくハイコンテントスクリーニング
- 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HTS

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。



A critical role of BGLT3 long non-coding RNA in reactivation of fetal globin gene expression upon inhibition of G9a by a specific and low-toxic G9a inhibitor RK-701

Discovering seed and lead compounds by HTS to develop new drugs

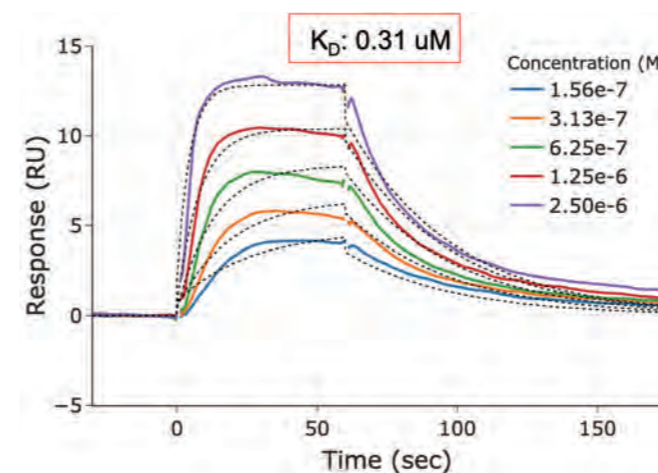
Research Subjects

- 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

The Drug Discovery Seed Compounds Exploratory Unit aims to identify seed compounds for drug development, which are active on drug target molecules, through HTS of large compound libraries.

研究成果

- ヒストンメチル化酵素G9aに対する安全で特異的な阻害剤RK-701は、非コードRNAであるBGLT3の活性化を介して胎児型γグロビンの発現を強く誘導することを明らかにしたことから、鎌状赤血球症の新規治療薬として期待される。
- HDAC6阻害剤と脳内ヒスタミンH1受容体拮抗剤を組み合わせたハイブリッド戦略により、中枢神経系に浸透するベンジルピペラジン誘導体の設計・合成を行った。
- ジャガイモ疫病菌の病原菌に対する防御反応を引き起こすスフィンゴ脂質の受容体を発見した共同研究グループの一員として、表面プラズモン共鳴分析によりスフィンゴ脂質と受容体の結合を実証することに成功した。



Binding kinetics analysis of the extracellular domain of a lectin receptor-like kinase RDA2 with 9-methyl-4,8-sphingadienine by surface plasmon resonance. Dotted lines represent fitting curves.

Research Results

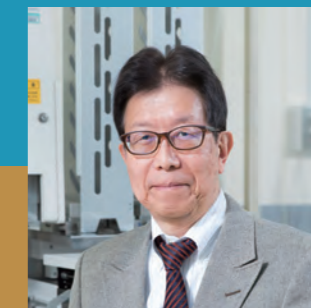
- RK-701, a safe and specific inhibitor of a histone methyltransferase G9a, strongly induces expression of fetal γ-globin gene expression by activating a non-coding RNA BGLT3, suggesting that RK-701 will be a novel therapeutics for sickle cell disease.
- We designed and synthesized benzylpiperazine derivatives that penetrate into the central nervous system using a hybrid strategy of combining HDAC6 inhibitors and brain-penetrant histamine H1 receptor antagonists.
- As a member of a joint research group that discovered the receptor for sphingolipids, which triggers defense responses to a pathogen of potato late blight, we succeeded in demonstrating the binding between sphingolipids and the receptor by surface plasmon resonance analysis.

主要論文 / Publications

Takase, S. *et al.*
A novel and specific G9a inhibitor unveils BGLT3 lncRNA as a universal mediator of chemically induced fetal globin gene expression.
Nat. Commun. **14**, 23 (2023)

Hashimoto, K. *et al.*
Discovery of benzylpiperazine derivatives as CNS-penetrant and selective histone deacetylase 6 inhibitors.
ACS Med. Chem. Lett. **13**, 1077-1082 (2022)

Kato, H. *et al.*
Recognition of pathogen-derived sphingolipids in *Arabidopsis*.
Science **376**, 857-860 (2022)



基盤ユニットリーダー
吉田 稔 農学博士
Unit Leader
Minoru YOSHIDA D.Agr.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader Minoru YOSHIDA	Technical Staff Satoko MAEDA Junko MIKUNI Iku KUWAHARA Takeshi SONODA Michiru IWASHITA Haruna NISHIMURA Mari AGAWA Yasue ICHIKAWA Akiko NAKATA Taeko WAKANA Toshie KAIZUKA Keiko MORONAGA Kaori SATO Rika KAWAMURA Makiko ITO
Deputy Unit Leader Akiko IDEI	Senior Research Scientist Ken MATSUMOTO
Senior Research Scientist Ken MATSUMOTO	Technical Scientist Seiji MATSUOKA
Senior Visiting Scientist Kenji OGAWA	Senior Visiting Scientist Hiroki KOBAYASHI
Visiting Scientist Hiroki KOBAYASHI	Senior Technical Staff Koushiki MINO Shin-ya OKAMOTO
Senior Technical Staff Koushiki MINO Shin-ya OKAMOTO	Assistant Hiroko ISHIWATA



創薬化学基盤ユニット

Drug Discovery Chemistry Platform Unit

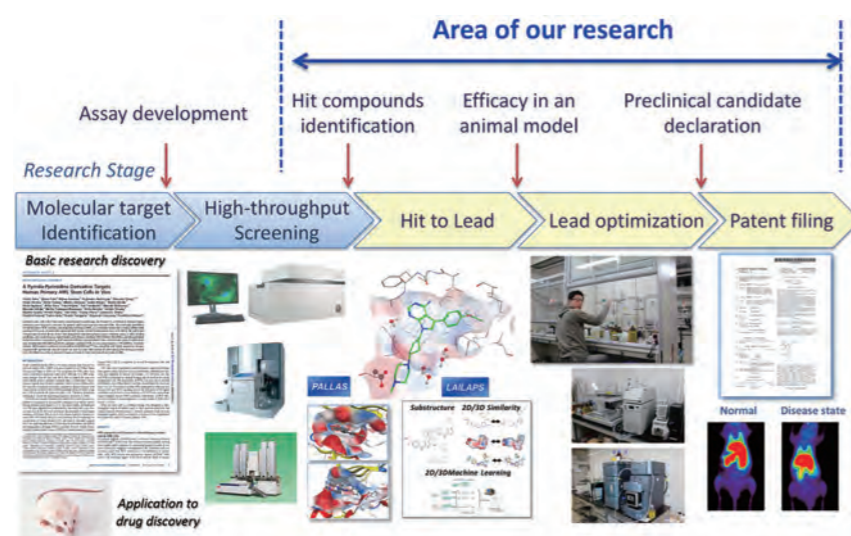


低分子創薬および標的蛋白分解を用いた新薬開発を推進します

研究テーマ

- 低分子創薬と標的蛋白分解を用いた新薬開発

我々の研究の領域は、1) 低分子新規治療薬の開発候補品の同定、2) 標的蛋白分解を用いた中分子化合物による創薬研究、3) アカデミア研究機関の創薬研究支援、と多岐に渡っている。具体的にはヒット化合物からリード化合物、リード化合物から開発候補化合物まで、最新の有機合成化学の手法を用いて生物活性、薬物代謝、体内動態などの最適化を構造展開によって行う。また、その際に理化学研究所内に蓄積された構造生物学や in silico drug design の優れた技術を総動員して創薬の迅速化を図る。現在、主として難治性癌、希少疾患、有効な治療法がないウイルス感染症などの治療薬開発に取り組んでいる。



Drug discovery process

Pursuing small molecule drug discovery and targeted protein degradation

Research Subjects

- Small molecule drug discovery and targeted protein degradation

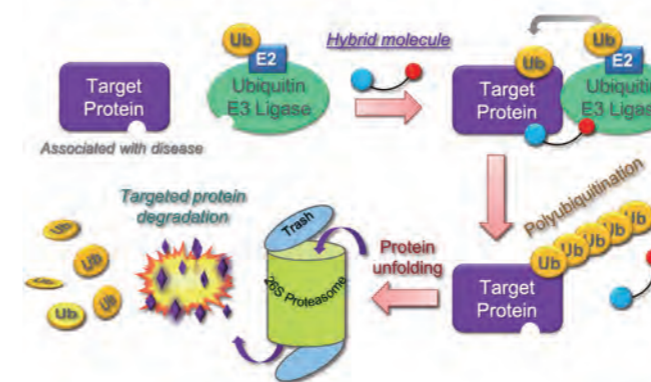
As a part of the drug discovery efforts at RIKEN, our group's research is focused on 1) small molecule drug discovery, 2) targeted protein degradation, and 3) chemistry-related general support for the drug discovery efforts of our collaborators at various academic and governmental research institutions in Japan. We specialize on programs with novel therapeutic targets or mode of action, and strive to quickly develop structure-activity relationships on HTS hits in a wide range of therapeutic areas including intractable cancers, rare diseases, difficult-to-cure viral diseases. While identification of a preclinical candidate is the ideal outcome, validation of novel therapeutic targets is also an important part of our efforts.

研究成果

- AMED革新的がん医療実用化研究事業の支援の下に抗がん剤の前臨床開発を推進中。
- 海外製薬企業への導出を視野に入れた鎌形赤血球症治療薬の前臨床開発を推進中。
- AMED創薬支援推進事業「産学連携による次世代創薬AI開発」を推進中。

Targeted Protein Degradation

"An emerging therapeutic modality"



Targeted protein degradation

Research Results

- Preclinical development of a small molecule anti-cancer drug candidate is in progress.
- Preclinical development of a small molecule Sickle cell disease drug candidate is in progress.
- Next generation drug discovery AI platform development is in progress.

主要論文 / Publications

Takase, S. *et al.*

A Specific G9a inhibitor unveils BGLT3 lncRNA as a universal mediator for chemically induced fetal globin gene expression. *Nat. Commun.* **14**, 23 (2023)

Shibata, N., Cho, N., Koyama, H., Naito, M.

Development of a degrader against oncogenic fusion protein FGFR3-TRACCS3. *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **60**, 128584 (2022)

Koda, Y. *et al.*

Design and synthesis of Tranylcypromine-derived LSD1 inhibitors with improved hERG and microsomal stability profiles. *ACS Med. Chem. Lett.* **13**, 848-854 (2022)



基盤ユニットリーダー
小山 裕雄 薬学博士

Unit Leader
Hiroo KOYAMA Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Hiroo KOYAMA

Senior Scientist
Fumiyuki SHIRAI
Nobuo CHO

Senior Technical Scientist
Junichi KAZAMI

Research Scientist
Katsuhiko SEKIMATA
Yasuko KODA
Hirokazu KUBOTA
Kenichi WASHIZUKA
Hirofumi YAMAMOTO

Technical Scientist
Ko KIKUZATO

Visiting Scientist
Takuya TASHIRO

Technical Staff
Rie OSAKI

Part-time Worker
Fumiko KYOTANI

Assistant
Chieko SHIDA



分子構造解析ユニット

Molecular Structure Characterization Unit



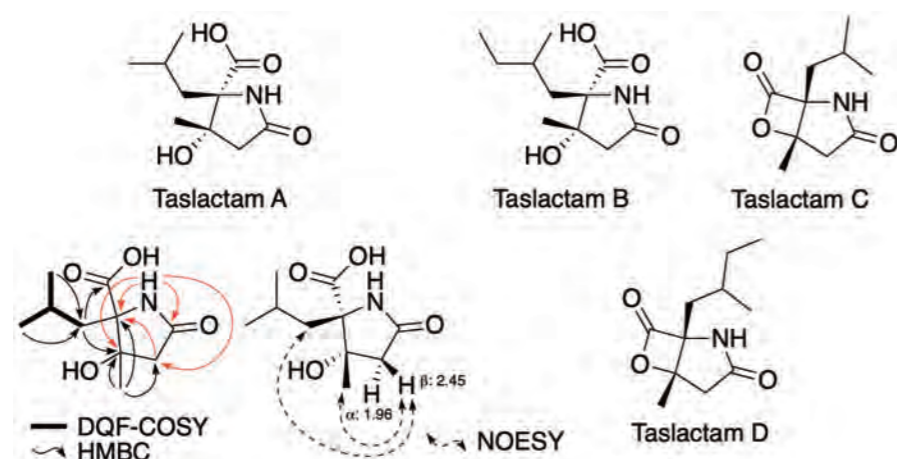
TP

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

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、質量分析、各種分光法と量子化学計算による研究支援と共同研究
- 構造解析と生物活性評価を目的とした生物活性天然物の合成研究

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的手法を交えて、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。



Structures of taslactams A-D and key 2D NMR correlations of taslactam A to determine the structure

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

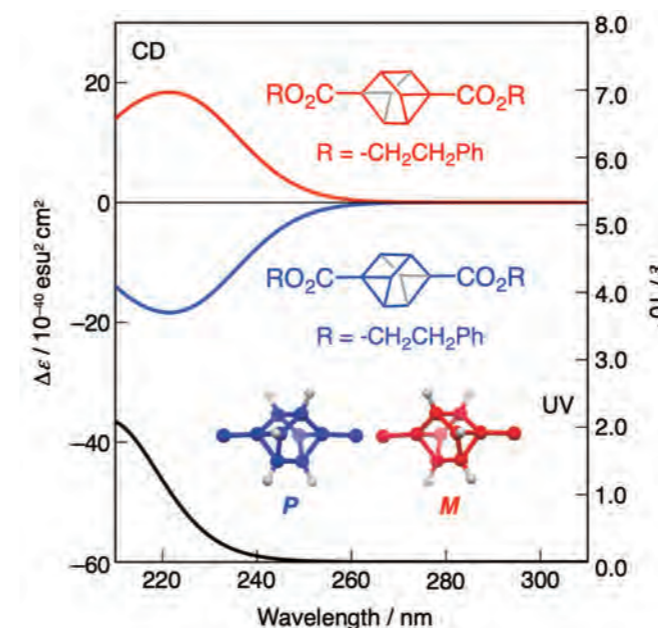
Research Subjects

- 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, mass spectrometry, other spectroscopic methods and quantum chemical calculations
- Synthesis of bioactive natural products in aid of the structural and biological activity studies

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.

研究成果

- キララなくさび型六面体炭化水素の絶対配置をCD分光法・量子化学的手法を用いて解析した。
- 糸状菌のNRPS-PKS/ハイブリッド酵素により生合成された新規二次代謝産物taslactam類の単離・精製および構造決定を行った。
- 久慈産琥珀由来のノルジテルペノイド生物活性物質の構造解析を行った。



Computational analysis of the absolute configuration of a chiral wedge-like hexahedral hydrocarbon

Research Results

- We analyzed the absolute configuration of a chiral wedge-like hexahedral hydrocarbon by CD spectroscopy and quantum chemical calculations.
- We supported the isolation and structural elucidation of new secondary metabolites, taslactams, biosynthesized by fungal NRPS-PKS hybrid enzymes.
- We elucidated the structures of biologically active norditerpenoids from Kuji amber.

主要論文 / Publications

Takebe, H., Muranaka, A., Uchiyama, M., Matsubara, S. Studies for absolute configuration of chiral 2,6-cuneanedicarboxylic acid esters. *Chem. Lett.* **51**, 754-755 (2022)

Motoyama, T. *et al.* Fungal NRPS-PKS hybrid enzymes biosynthesize new g-lactam compounds, taslactams A-D, analogous to actinomycete proteasome inhibitors. *ACS Chem. Biol.* **18**, 396-403 (2023)

Kanehira, R., Tonouchi, A., Konno, K., Koshino, H., Hashimoto, M. Isolation of cyclohumulanoids from *Daedaleopsis tricolor* and their biosynthesis based on *in silico* simulations. *Tetrahedron* **123**, 133006 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Hiroyuki KOSHINO

Senior Research Scientist
Shun-ya TAKAHASHI
Takemichi NAKAMURA
Atsuya MURANAKA

Senior Technical Scientist
Takashi NAKAMURA

Technical Scientist
Toshihiko NOGAWA

Technical Staff
Eiyu IMAI

Part-time Worker
Xingmei OUYANG



生命分子解析ユニット

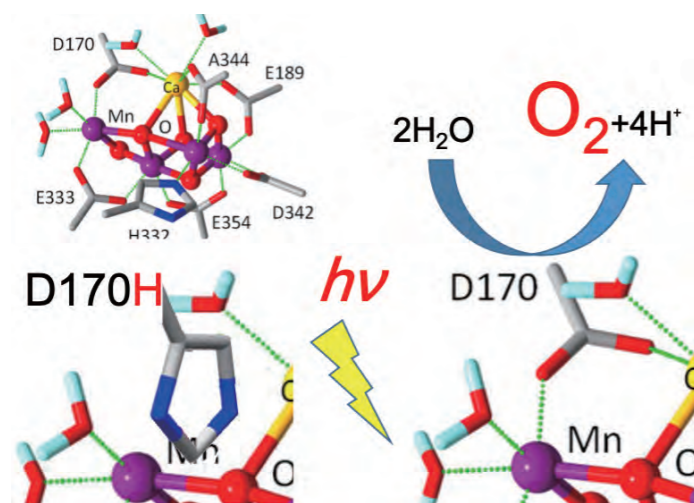
Biomolecular Characterization Unit



タンパク質の構造を調べて、 生命現象の謎にせまります

研究テーマ

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



PSII Mutants Regain Oxygen-Evolving Capacity upon Light Irradiation
Oxygen-evolving ability of PSII active center mutants were restored by photoirradiation. We revealed that this mechanism is due to post-translational conversion of amino acids by mass spectrometry.

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。

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

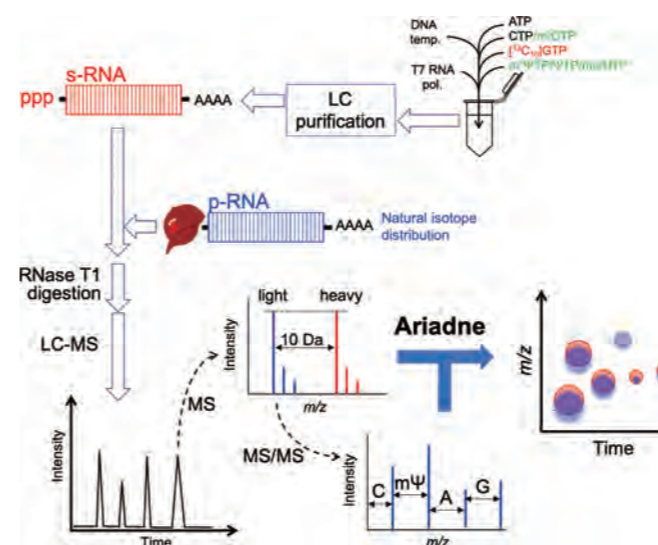
Research Subjects

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

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.

研究成果

- PSII変異体の酸素発生能の復元メカニズムの解析と光合成酸素発生の起源を提唱した。
- mRNA医薬品の特性解析に資する同位体希釈質量分析法を開発した。
- 質量分析とBioID法によるリソソーム膜タンパク質と相互作用するタンパク質の同定法を開発した。



Schematic of quality assessment of mRNA pharmaceuticals
The proposed method has allowed one to quantitatively characterize structures that play critical roles in mRNA's function, i. e. 5'-Capping, modified nucleosides on internal sequence, and poly(A) tail, even for more-than-megadalton mRNA.

Research Results

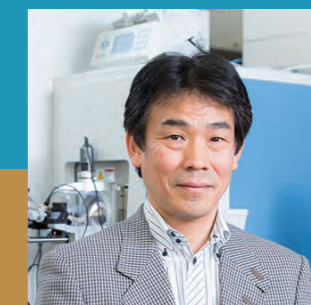
- We found the mechanism of restoration of oxygen-evolving capacity in PSII mutants and proposed the a possible origin of photosynthetic oxygen evolution.
- We have developed the isotope-dilution mass spectrometry method for characterizing mRNA pharmaceuticals.
- We have developed a method to identify proteins that interact with lysosomal membrane proteins using mass spectrometry and BioID.

主要論文 / Publications

Shimada, Y. *et al.*
Post-translational amino acid conversion in photosystem II as a possible origin of photosynthetic oxygen evolution.
Nat Commun. **13**, 4211 (2022)

Nakayama, H., Nobe, Y., Koike, M., Taoka, M..
Liquid Chromatography-Mass Spectrometry-Based Qualitative Profiling of mRNA Therapeutic Reagents Using Stable Isotope-Labeled Standards Followed by the Automatic Quantitation Software Ariadne.
Anal. Chem. **95**, 1366-1375 (2023)

Nguyen-Tien, D.*, Suzuki, T.*, Kobayashi, T., Toyama-Sorimachi, N., Dohmae, N.
Identification of the interacting partners of a lysosomal membrane protein in living cells by BioID technique.
STAR Protoc. **3**, 101263 (2022) *equal contributor



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader Naoshi DOHMAE	Student Trainee Miharu KIMURA Ai KATSUMA
Senior Research Scientist Makoto MUROI Hiroshi NAKAYAMA Makoto KAWATANI	Part-time Worker Tomoko SHIINA Akina KAWATA Tamayo OISHI
Senior Technical Scientist Takehiro SUZUKI	Assistant Atsuyo OMORI
Technical Scientist Miwako ASANUMA	
Technical Staff Masami KOIKE Hiroko TSUCHIDA	



質量分析・顕微鏡解析ユニット

Mass Spectrometry and Microscopy Unit

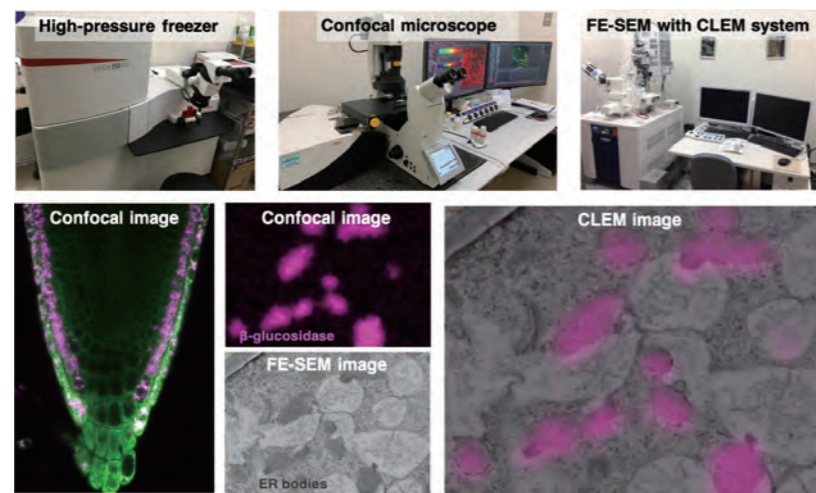


植物科学研究のための質量分析、顕微鏡解析、表現型解析の技術基盤を提供します

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
- 自動植物表現型解析システムによる植物成長解析

質量分析、顕微鏡解析、植物表現型解析は、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、植物細胞の微細構造解析のための顕微鏡解析、植物生長解析のための自動表現型解析の技術基盤開発と実際分析を担当している。



CLEM image of ER bodies including red fluorescence protein-tagged β -glucosidase by high-pressure freezing, confocal microscopy and CLEM

Providing mass spectrometric, microscopic, and phenotyping platforms for plant science

Research Subjects

- Plant metabolomic analyses by mass spectrometry
- Plant hormone analyses by mass spectrometry
- Microscopic analyses of plant tissues and cells
- Plant growth analysis by automated plant phenotyping system

Mass spectrometric and microscopic analyses and plant phenotyping 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 hormonome, on microscopy for the ultrastructural observation of the plant cells, and on automated plant phenotyping system for plant growth analysis.

研究成果

- 統合オミクス解析の一環として、キャッサバ塊根における代謝物変動を測定し、塊根形成時にデンプン生合成系やショ糖代謝に関連する物質、核酸類が変動することを示した。
- 微小重力条件でのエンドウ上胚軸の自発的形態形成と成長抑制にオーキシシンとサイトカイニンの相互作用が深く関わることを見出した。
- 光学顕微鏡と電子顕微鏡で捉える光-電子相関顕微鏡法と高圧凍結技法を改良し、シロイヌナズナ根端における酵素の新たな液胞輸送経路を明らかにした。
- 植物表現型解析システムRIPPSと連動して動作する自動ケミカル投与システムを開発した。



Automated chemical application system working with the plant phenotyping system RIPPS

Research Results

- As an integrated omics approach, we analyzed metabolic changes in cassava root tubers, and showed that substances related to starch biosynthesis and sucrose metabolism and nucleotides were changed during tuberous root development.
- Hormone profiling of pea epicotyls grown under microgravity conditions revealed that interaction between auxin and cytokinin is involved in the automorphogenesis and growth inhibition.
- We improved correlative light and electron microscopy (CLEM) and high-pressure freezing technique and identified a novel vacuolar transport pathway in *Arabidopsis* root tips.
- We developed an automated chemical application system that works with the plant phenotyping system RIPPS.

主要論文 / Publications

Utsumi, Y. *et al.*
Integrative omics approaches revealed a crosstalk among phytohormones during tuberous root development in cassava. *Plant Mol. Biol.* **109**, 249-269 (2022)

Yamazaki, C. *et al.*
Comprehensive analyses of plant hormones in etiolated pea and maize seedlings grown under microgravity conditions in space: Relevance to the International Space Station experiment "Auxin Transport". *Life Sci Space Res (Amst)*. **36**, 138-146 (2022)

Toyooka, K. *et al.*
Endoplasmic reticulum bodies in the lateral root cap are involved in the direct transport of beta-glucosidase to vacuoles. *Plant Cell Physiol.* *in press* (2023)

Bashir, K. *et al.*
Ethanol-mediated novel survival strategy against drought stress in plants. *Plant Cell Physiol.* **63**, 1181-1192 (2022)



ユニットリーダー
平井 優美 博士(農学)
Unit Leader
Masami HIRAI Ph.D.

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader Masami HIRAI	Technical Staff Makoto KOBAYASHI Yumiko TAKEBAYASHI Muneo SATO Mayumi WAKAZAKI Noriko TAKEDA Kouji TAKANO Yumi GOTO Marie SAKUMA
Senior Technical Scientist Kiminori TOYOOKA Miki FUJITA	Part-time Worker Yuko SAITO Chieko KOMORI Masami NANRI Toshiyo MOTOJIMA Kiyoko MOROHOSHI Mieko NODA
Technical Scientist Mayuko SATO	
Visiting Scientist Tomoko SUZUKI	
Expert Technician Mikiko KOJIMA Tetsuya MORI Ryosuke SASAKI	



化合物リソース開発研究ユニット

Chemical Resource Development Research Unit

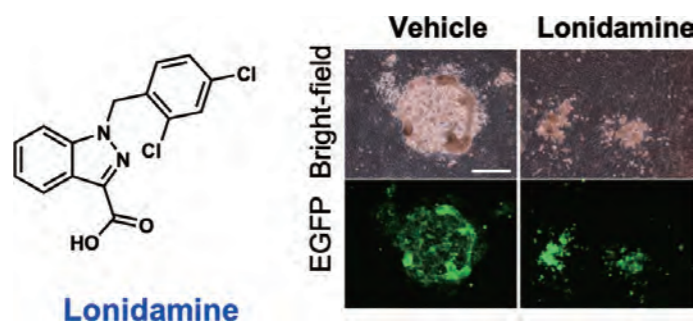


ケミカルバイオロジー研究を 加速するための化合物ライブラリーを 拡充し活用します

研究テーマ

- NPDepo化合物ライブラリーの拡充と有効活用
- 新規生物活性物質の探索と作用機序研究
- 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

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、微生物の代謝産物に着目して天然化合物やその類縁体を収集・合成すると共に、その化学情報、生物活性をデータベース化した理研NPDepo化合物ライブラリーを整備する。化合物ライブラリーの有効活用として独自の表現型スクリーニング(iHOPE)や化合物アレイスクリーニングで医薬のリード化合物に資する生物活性物質を探索し、その作用機序研究を進める。また理研内外の研究機関に化合物ライブラリーや化合物情報などを提供し、環境資源科学研究やケミカルバイオロジー研究分野での連携を推進する。



Lonidamine induces the anticancer activity of surrounding non-transformed cells.

Expanding and using chemical libraries to accelerate chemical biology research

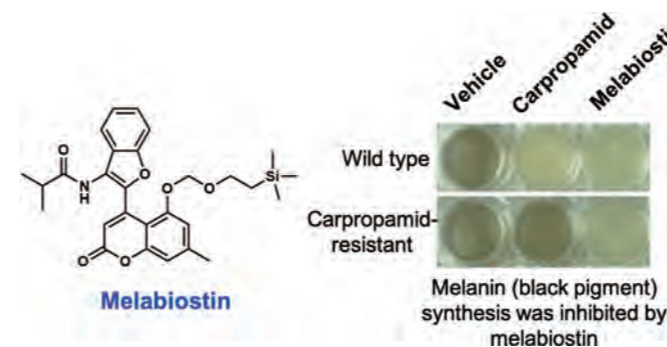
Research Subjects

- Expansion and utilization of chemical library in NPDepo
- Exploring of bioactive small molecules and their mode of action study
- Research promotion by structure-activity relationship analysis and optimization of chemical structures

A chemical library is an indispensable tool to promote research on the regulation of cell functions and drug-discovery empowered by chemical biology. Our unit manages and enhances the NPDepo chemical library having the databases of its chemical and biological information. We explore useful bioactive compounds by our original phenotype- and target-based screening systems (iHOPE and chemical array), and elucidate mechanisms of action of hit compounds. We provide chemical libraries and their information to inside and outside RIKEN, promoting close collaborations with researchers in chemical biology and sustainable resource science.

研究成果

- 化合物アレイ法を活用し、メラニン生合成阻害剤耐性いもち病菌を防除可能な化合物としてmelabiostinを創製した。
- 変異型RASがん細胞の細胞塊形成を、周りの正常細胞が阻害する活性を誘導する物質としてLonidamineを見出した。
- 理研新領域開拓課題「ケミカルプローブ」の化合物ライブラリーの中から抗真菌活性を示す*N*-アリルアニリン化合物を発見した。



Melabiostin is a novel inhibitor of melanin synthesis in plant pathogenic fungi.

Research Results

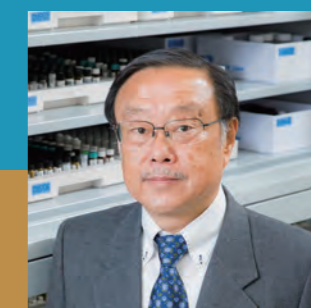
- Melabiostin was generated from a hit of chemical array screening for scytalone dehydratase inhibitors. This compound suppresses melanin biosynthesis in wild type and MBI-resistant *Pyricularia oryzae* and infection of rice with both strains.
- Lonidamine was identified as a compound that induces the activity of surrounding non-transformed cells to inhibit the focus formation of RASG12D-transformed cells.
- In the course of screening from a chemical library of the RIKEN Pioneering Research Project "Chemical Probe," we found *N*-aryl aniline derivatives as potent antifungals.

主要論文 / Publications

Motoyama T. *et al.*
Identification of scytalone dehydratase inhibitors effective against melanin biosynthesis dehydratase inhibitor-resistant *Pyricularia oryzae*.
J. Agric. Food Chem. **70**, 3109-3116 (2022)

Aoyama M. *et al.*
Lonidamine and domperidone inhibit expansion of transformed cell areas by modulating motility of surrounding nontransformed cells.
J. Biol. Chem. **298**, 102635 (2022)

Dhital RN. *et al.*
Phenylboronic ester-activated aryl iodide-selective Buchwald-hartwig-type amination toward bioactivity assay.
ACS Omega, **7**, 3109-3116 (2022)



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

2022年度メンバー / FY2022 Members

Unit Leader
Hiroyuki OSADA

Temporary Employee
Nobumoto WATANABE

Technical Staff
Harumi AONO
Hiroyuki HIRANO
Yuta IWAI
Emiko SANADA

International Program Associate
Xintong LIU

Student Trainee
Hiroyuki UNO

Part-time Worker
Mari SHIME
Akiko YOSHIOKA

Assistant
Madoka KAI



2023年度組織図 FY2023 Organization

センター長 / Director		副センター長 / Deputy Director	
斉藤 和季 / Kazuki SAITO		白須 賢 / Ken SHIRASU	袖岡 幹子 / Mikiko SODEOKA
		侯 召民 / Zhaomin HOU	近藤 昭彦 / Akihiko KONDO

植物免疫研究グループ / Plant Immunity Research Group	白須 賢 / Ken SHIRASU
統合メタボミクス研究グループ / Metabolomics Research Group	斉藤 和季 / Kazuki SAITO
先進機能触媒研究グループ / Advanced Catalysis Research Group	侯 召民 / Zhaomin HOU
触媒・融合研究グループ / Catalysis and Integrated Research Group	袖岡 幹子 / Mikiko SODEOKA
ケミカル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・イリエシュ / 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
植物脂質研究チーム / Plant Lipid Research Team	中村 友輝 / Yuki NAKAMURA
植物化学遺伝学研究チーム / Plant Chemical Genetics Research Team	岡本 昌憲 / Masanori OKAMOTO
ケミカルバイオロジー・生合成研究チーム / Chemical Biology and Biosynthesis Research Team	淡川 孝義 / Takayoshi AWAKAWA
天然物生合成研究ユニット / Natural Product Biosynthesis Research Unit	高橋 俊二 / Shunji TAKAHASHI
創薬・医療技術基盤連携部門 / Drug Discovery Platforms Cooperation Division	吉田 稔 / Minoru YOSHIDA
創薬ケミカルバンク基盤ユニット / Drug Discovery Chemical Bank Unit	長田 裕之 / Hiroyuki OSADA
創薬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
創薬化学基盤ユニット / Drug Discovery Chemistry Platform Unit	小山 裕雄 / Hiroo KOYAMA
技術基盤部門 / Technology Platform Division	袖岡 幹子 / Mikiko SODEOKA
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	平井 優美 / Masami HIRAI
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

寄附金募集 Request for donations

SDGsへの貢献に向けた環境資源科学研究及び研究者育成支援に関する寄附金

研究者の研究活動支援、国内外の研究者の交流促進、大学院生への教育プログラムの構築と提供等により研究者の育成を行い、世界に先駆けて「環境資源科学」という新しい学問分野の確立を目指します。皆様の温かいご支援・ご協力をお願い申し上げます。



募集期間：2021年1月12日 - 2025年3月31日

特典：センターホームページへの芳名の掲載
本センターが開催するイベント等のご案内
センター作成のオリジナルグリーティングカードの進呈

Philanthropy Program “RIKEN CSRS for SDGs”

we will support the research activities of researchers, promote exchanges between domestic and international researchers, and develop researchers by building and providing educational programs for graduate students, and through these efforts, we will establish a world-first academic field of "sustainable resource science"



Donation call duration: January 12, 2021 - March 31, 2025

Privileges: Donors' names on the Center's website
Direct information about Center's events
Original greeting cards by the Center