

# 生態進化発生学研究センター活動報告

平成 29 年 4 月 17 日受付

木 村 成 介\*  
金 子 貴 一\*  
本 橋 健 一\*  
河 邊 昭 一\*

## 要 旨

地球上の多彩な生物の形の多様性が生じる仕組みを、「発生」、「進化」、「環境」という3つの異なる観点から総合的に理解しようとするのが「生態進化発生学（エコ-エボ-デボ）」である。総合学術研究所生態進化発生学研究センターは、生物のゲノムやトランスクリプトームなどのオミックス情報を統合的に解析することで、生物の形の多様性が生じる仕組みを理解することを目的とし、先進的な研究拠点の形成を目指して活動している。本報告では、平成 28 年度における本センターの研究成果について概説する。

キーワード：生態進化発生学，次世代シーケンサー，統合オミックス解析，表現型可塑性，*Rorippa aquatica*

## 1. 生態進化発生学研究センターの概要

地球上の多彩な生物が見せる驚くべき「形の多様性」は、古くから多くの人々を惹きつけてきた。「生態進化発生学（エコ-エボ-デボ）」は、「発生」、「進化」、「環境」という3つの異なる観点から生物の形の多様性について総合的に解き明かそうとするものであり、近年花開きつつある新しい研究領域である。

生態進化発生学研究センターは、平成 27 年度文部科学省私立大学戦略的研究基盤形成支援事業の支援を受け、総合学術研究所に設置された特定研究センターである。本センターでは、特に植物の形と環境の関係に着目し、「表現型可塑性」という現象を研究することで生態進化発生学という研究分野をリードする拠点になることを目指している。

本センターで研究対象としている北米に分布する半水生植物 *Rorippa aquatica* は、生育環境に応答して葉の形態を変化させる表現型可塑性を示す。この植物は、水没すると葉身が針状になった羽状複葉（ギザギザの葉）を発生する一方、陸上では生育環境に依存して単葉（丸い葉）から複葉まで様々な形の葉を発生する（図 1）。このような葉形の変化は、水の抵抗を軽減したり、効率良く光合成を

---

\* 京都産業大学総合生命科学部，生態進化発生学研究センター

行なうために役立っていると考えられ、発生と環境の相互作用を理解し、生態進化発生学研究を推進するための最良のモデルとなる。これまで、この植物が温度や光強度の変化で葉形を変化させることや、環境に応答して単葉と複葉の発生のメカニズムが遺伝子発現レベルで切り替わっていることなどを明らかにしてきた。しかしながら、表現型可塑性の鍵となる遺伝子の同定には至っておらず、また、葉形変化の意義については全くわかっていなかった。そこで本センターでは、ゲノム解析、トランスクリプトーム解析、エピゲノム解析などを組み合わせた統合オミックス解析により、*R. aquatica* の表現型可塑性の生態進化発生学的な観点から解明することを目的として研究を進めている。本研究の成果は、温暖化、冷害、乾燥（砂漠化）、水没（洪水）などの環境ストレスに耐性のある植物を作出するために有用であると考えられるため、環境ストレス耐性植物や不良環境でも生育できる植物の作出

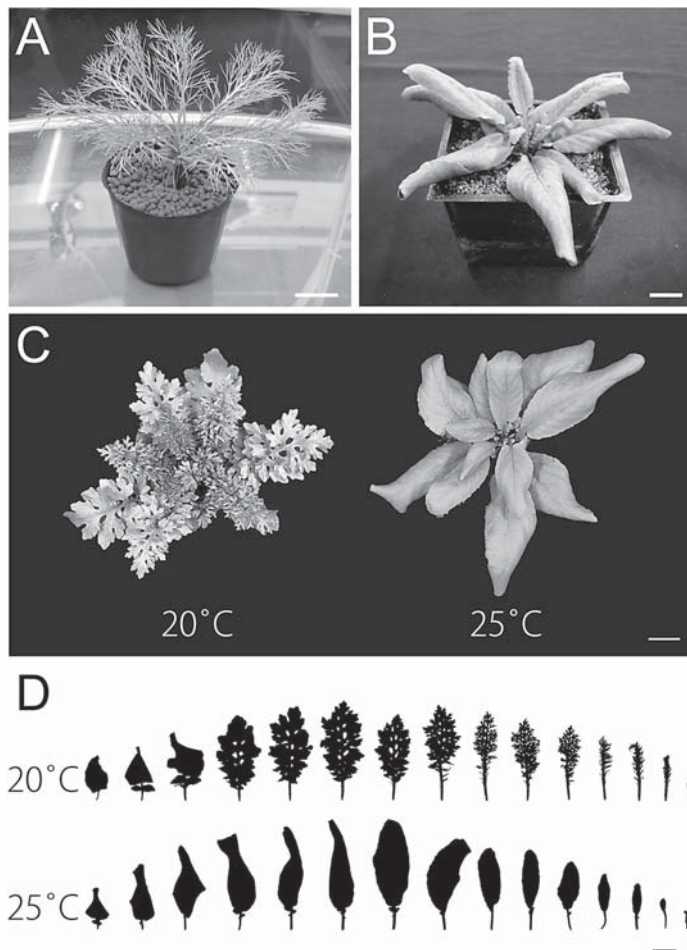


図 1. *Rorippa aquatica* にみられる葉の形態の表現型可塑性

(A) 水中で育てた個体。(B) 気中で育てた個体。(C) 20°Cもしくは25°Cで一ヶ月間育てた個体。図は植物体を上から見たもの。(D) Cの個体の葉をそれぞれ一枚ずつ発生順（葉位順）に並べたもの。右側がより若い葉。Barは全て2 cm。

などの応用研究も視野に入れている。

本センターでは、*R. aquatica* の研究に止まらず、植物と環境の関係や、植物の適応進化などに着目した研究について広く展開することで、生態進化発生学の推進に貢献したい。また、本研究プロジェクトにより整備された研究基盤を生かして、学内における研究の活性化や学外との共同研究を推進することも重要な使命であると考えている。

## 2. 研究体制

本センターは、京都産業大学総合生命科学部生命資源環境学科に所属する以下の教員や研究員を学内メンバーとしている。それぞれの所属や専門、本センターにおいて果たす役割は以下の通りである。

木村成介（教授）

植物分子発生学 研究の統括およびトランスクリプトーム解析

坂本智昭（研究助教）

生物情報学 次世代シーケンス解析およびバイオインフォマティクス解析

岡本郁（博士研究員）

植物分子生物学 遺伝子の機能解析

池松朱夏（博士研究員）

植物分子遺伝学 遺伝子の機能解析

金子貴一（教授）

ゲノム科学 ゲノム解析およびバイオインフォマティクス解析

板倉学（博士研究員）

植物微生物相互作用 メタゲノム解析

河邊昭（准教授）

集団遺伝学 エピゲノム解析および進化解析

川邊隆大（研究助教）

育種学 エピゲノム解析および進化解析

本橋健（教授）

植物生理学 プロテオーム解析および生化学的解析

桶川友季（研究助教）

植物生理学 光合成解析

また、学外から3名の研究者が参加している。それぞれの所属と本センターにおいて果たす役割は以下の通りである。

塚谷裕一（教授）

東京大学大学院理学研究科生物科学専攻発生進化研究室 進化発生学的研究に関する支援

Neelima Sinha（教授）

カリフォルニア大学デービス校植物学科 進化発生トランスクリプトーム解析に関する支援

矢野健太郎（准教授）

明治大学農学部生命科学部バイオインフォマティクス研究室 バイオインフォマティクス解析の支援

### 3. 本年度の研究成果

ここでは、本年度センターが取り組んだ研究課題のうち、*R. aquatica*に関する研究成果について報告する。

#### (1) *R. aquatica* のゲノム解析

本年度はまず、*R. aquatica* のゲノム配列解読をおこなった。*R. aquatica* のゲノム DNA をイルミナ社の NextSeq500 および MiSeq でシーケンシングし、100Gbp 程度の配列情報を得た（約 200x カバレッジ）。また長鎖リードを得るために、PacBio でもシーケンシングをおこない、12Gbp 程度の配列情報を得た（20-30x カバレッジ）。得られた Illumina リードおよび PacBio リードを用いて MaSuRCA ver3.2.1 によるハイブリッドアセンブリを行った。その結果、1,797 本の配列からなるゲノムサイズ 440Mbp のドラフトゲノムが得られた。ドラフトゲノムの  $N_{50}$  は 1,355,881bp、最長配列は 8,916,255bp であった。k-mer 頻度分析から推定されるゲノムサイズは 450Mb 前後であり、BUSCO 解析の結果からも、今後の解析に十分なゲノム配列情報が得られたと判断できた。

イヌガシ属の基本染色体数は 8 ( $2n=16$ ) である。*R. aquatica* の染色体数を数えたところ、30 本であったため染色体が倍加している可能性が示唆された。実際、ゲノム配列情報からも多くの遺伝子

が重複していることが示された。また、細胞遺伝学的な解析から、染色体が倍加したあと、一部の染色体が融合することで30本になっていることを確かめた ( $2n = 4x - 2 = 30$ )。

*R. aquatica* には、表現型可塑性の程度が著しく異なる2つの地域系統 (A株およびJ株) が存在するが、今回の解析では両者についてイルミナ社のNextSeq500およびMiSeqでシーケンスしており、両者の間の一塩基多型 (SNPs) や挿入欠失変異 (Indels) を同定することができた。

今年度のゲノム解析により、統合オミックス解析の基盤となるゲノム配列情報が得られたことになる。今後は、得られたゲノム配列情報を利用してトランスクリプトーム解析 (発現解析) などを実施していく。

## (2) 葉の形態の表現型可塑性のトランスクリプトーム解析

本研究ではトランスクリプトーム解析により、葉の形態の表現型可塑性に関わる遺伝子群の同定を試みている。これまでに行った温度変化にともなう葉形変化についてのトランスクリプトーム解析から、フィトロン相互作用因子の一種である *PIL1* の発現が葉形変化に相関していることがわかってきた。実際、RT-PCRにより *PIL1* などの発現解析をしたところ、温度に応答して発現が変動していることがわかった。また、*R. aquatica* の葉形変化の程度が異なる2つの地域系統を用いて、暗所への応答やフィトクロム相互作用因子により制御されるオーキシンへの応答を比較したところ、大きく応答が異なっていることがわかった。これらの結果は、フィトロン相互作用因子が葉の形態の制御に関与していることを示唆するものである。フィトクロム相互作用因子は蛋白質レベルの制御を受けていることが多いので、*PIL1* などのペプチド抗体を今後の解析のために作成中である。

## (3) 葉の断面からの再生過程のトランスクリプトーム解析

*R. aquatica* は、栄養繁殖能が高く、葉の断面から新しい個体を再生することができる (図2)。自然状態でもちぎれた葉からの再生することで無性的に繁殖していると考えられている。植物の高い再生能は古くから知られているが、多くの植物が植物ホルモンを外から添加しないと再生することができない。*R. aquatica* のように自然に再生することができる植物を研究することで、植物の再生について新しい知見が得られるだけでなく、農学的な応用価値のある成果が期待できる。そこで、再生過程に重要な遺伝子を同定するために、経時的なトランスクリプトーム解析を行なった。*R. aquatica* は、葉の断片の基部側の断面からのみ再生し、先端部側からは再生しない。基部側と先端部側で比較トランスクリプトーム解析をおこなったところ、基部側でのみ再生に関わる遺伝子群の発現が誘導されていることが明らかとなった。

## (4) 次年度以降の展望

*R. aquatica* のゲノム情報が得られたことで、今後ChIP-seq法によるヒストン修飾の解析や、バイサルファイトシーケンス法によるDNAメチル化解析などが可能になった。現在、温度変化にとも

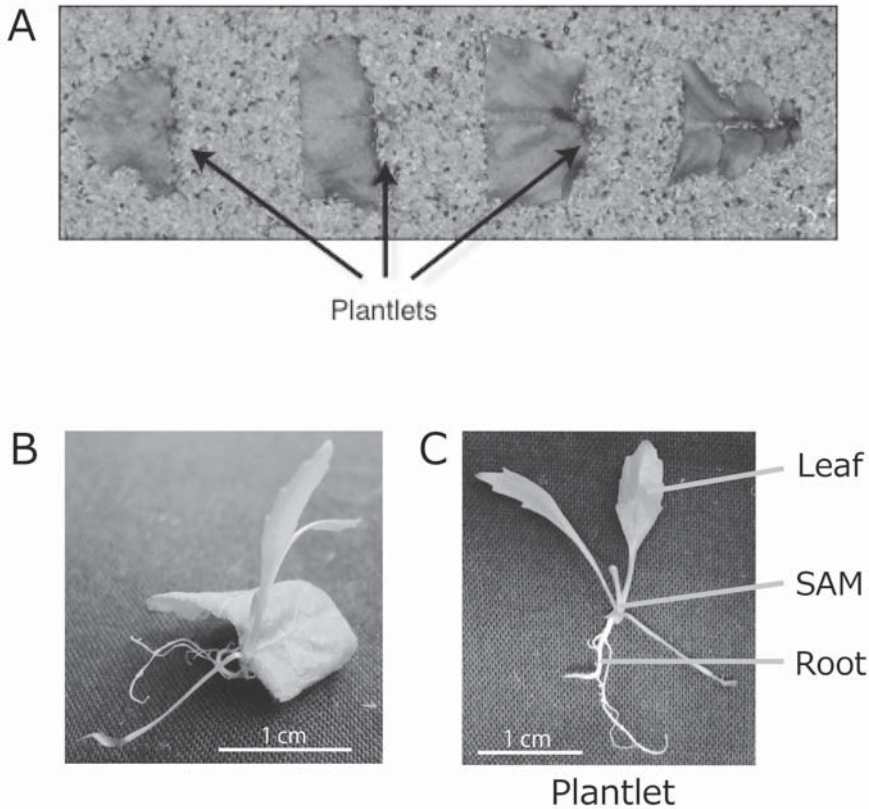


図 2. *Rorippa aquatica* にみられる葉の断面からの再生

(A) *R. aquatica* の葉を切断し、2 週間おいておいたもの。葉片の基部側の断面から新しい個体 (Plantlet) が再生している。(B) 再生した個体と葉片の拡大図。(C) 再生した個体の拡大図。Bar は全て 1 cm。

なう DNA メチル化の変動と、葉断面からの再生過程における DNA メチル化の変動について全ゲノムバイサルファイトシーケンス法による解析を始めたところである。今後、トランスクリプトーム解析の結果と統合的に解析することで、ヒストン修飾や DNA のメチル化と転写制御との関係を明らかにしていきたい。

#### 4. 共同研究の実施

本センターでは、学内の共同研究だけでなく、学外の研究機関との共同研究を積極的に進めている。現在共同研究を実施している研究機関は以下の通りである。

東京大学  
名古屋大学

新潟大学

奈良先端科学技術大学院大学

神戸大学

広島大学

山口大学

熊本大学

京都府立大学

理化学研究所

東京理科大学

明治大学

龍谷大学

中国科学院水生生物研究所 (中国)

Masaryk University (チェコ共和国)

University of California, Davis (米国)

University of Washington (米国)

Warwick University (イギリス)

Sainsbury Laboratory, Cambridge (イギリス)

University of Edinburgh (イギリス)

National Autonomous University (メキシコ)

McMaster University (カナダ)

Max Planck Institute for Molecular Plant Physiology (ドイツ)

Heinrich-Heine-University Duesseldorf (ドイツ)

## 5. シンポジウム等の開催

平成 28 年 11 月 25 日に京都産業大学で第 45 回植物バイテクシンポジウム「International Plant Meeting in Kyoto 2016 -Plant Development and Environment」を開催した。このシンポジウムは、グローバル化を見据え、若い日本人の大学院生に英語で研究発表をする機会を与えることを目的として、生態進化発生学研究センターと京都植物バイテク談話会の共催で開催された。Royal Holloway, University of London (イギリス) の Dr. Alessandra Devoto, 奈良先端科学技術大学院大学の伊藤 寿朗博士, University of Tours François-Rabelais (フランス) の Antoine Guiguet 氏の 3 名のゲストスピーカーを招き、植物の発生と環境の関係に関する最先端の研究成果について発表していただいた。また、大学院生も英語で研究成果を発表し、本学からも 1 名 (天野 瑠美, 生命科学研究所 博士後期課程・1 年次) が研究成果を発表した。京都産業大学、京都府立大学の大学院生を中心に 80 名ほどの参加者があり、活発な議論が英語で行われた。

平成 28 年 12 月 15 日には、京都大学医学研究科の藤本明洋特定准教授に「ヒトのゲノム配列を解析する～大量データの解析で分かってきたこと、これからの課題～」という題目で講演（生命科学セミナー）をしていただいた。講演内容はヒトのゲノム研究の最新の知見を中心に特にがんゲノム研究について基本的な内容から応用面までをわかりやすく解説していただいた。講演中・講演後には質疑応答の時間を設け、活発な議論が行われた。当日は学部生を中心に総合生命科学部 3 学科から教員、研究員、大学院生、学部生がおおよそ 50 名参加した。本研究センターの課題でもあるゲノム研究についての最新の知見が得たことで、今後の研究の方針決定や解析方法の確認ができたと考えている。

## 6. 研究業績（本学関係者のみ）（2016 年以降）

### (1) 学術論文, 総説, 著書

1. Yaichi Kawakatsu, Hokuto Nakayama, Kaori Kaminoyama, Kaori Igarashi, Masaki Yasugi, Hiroshi Kudoh, Atsushi J. Nagano, Kentaro Yano, Nakao Kubo, Seisuke Kimura, A *GLABRA1* ortholog on LG A9 controls trichome number in the Japanese leafy vegetables Mizuna and Mibuna (*Brassica rapa* subsp. *Nipposinica* L. H. Bailey): evidence from QTL analysis, *Journal of Plant Research* in press (2017)
2. 坂本智昭, 木村成介, *Rorippa aquatica* 遺伝子情報データベースの構築, *京都産業大学総合学術研究所報* 11: 105-113 (2016)
3. 天野瑠美, 中山北斗, 木村成介, アブラナ科植物 *Rorippa aquatica* にみられる葉断面からの栄養繁殖条件の検討, *京都産業大学総合学術研究所報* 11: 115-121 (2016)
4. 中西佳世子, 中沢正江, 木村成介, 山本尚広, 荻野晃大, 下田幸男, 平春菜, 主体性と異文化受容力を育成する正課外プロジェクト型教育の実践と評価 — WACE 世界大会の学生企画活動の事例より —, *高等教育フォーラム* 6: 49-63 (2016)
5. 木村成介, 川勝弥一, 水菜と壬生菜の来歴について —文献と遺伝子から探る葉形変化の歴史—, *京都産業大学論集人文科学系列* 49: 161-181 (2016)
6. Mutsutomo Tokizawa, Kazutaka Kusunoki, Hiroyuki Koyama, Atsushi Kurotani, Tetsuya Sakurai, Yutaka Suzuki, Tomoaki Sakamoto, Tetsuya Kurata and Yoshiharu Y Yamamoto: Identification of *Arabidopsis* Genic and Non-genic Promoters by Paired-end Sequencing of TSS Tags. *Plant J* in press (2017)
7. Qingqing Cai, Hiroko Fukushima, Mai Yamamoto, Nami Ishii, Tomoaki Sakamoto, Tetsuya Kurata, Hiroyasu Motose and Taku Takahashi: The SAC51 Family Plays a Central Role in Thermospermine Responses in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol* 57: 1583-1592 (2016)
8. Shota Yamauchi, Atsushi Takemiya, Tomoaki Sakamoto, Tetsuya Kurata, Toshifumi Tsutsumi, Toshinori Kinoshita and KenIchiro Shimazaki: The Plasma Membrane H<sup>+</sup>-ATPase AHA1 Plays a Major Role in Stomatal Opening in Response to Blue Light. *Plant Physiol* 171: 2731-2743 (2016)
9. Asuka Higo, Masaki Niwa, Katsuyuki T Yamato, Lixy Yamada, Hitoshi Sawada, Tomoaki Sakamoto, Tetsuya Kurata, Makoto Shirakawa, Motomu Endo, Shuji Shigenobu, Katsushi Yamaguchi, Kimitsune Ishizaki, Ryuichi Nishihama, Takayuki Kohchi and Takashi Araki: Transcriptional Framework of Male Gametogenesis in the Liverwort *Marchantia polymorpha* L. *Plant Cell Physiol* 57: 325-338 (2016)
10. K. O. Yoshiyama, SOG1: a master regulator of the DNA damage response in plants. *Genes & Genetic Systems* 90: 209-216 (2016) (総説)
11. K. O. Yoshiyama, Recent progress in research on DNA damage responses in animals and plants. *Genes &*



- Genetic Systems* 90: 185-186 (2016) (総説)
12. Alma Balestrazzi, Mohan M. Achary, Anca Macovei, Kaoru O. Yoshiyama, Ayako Sakamoto, Maintenance of genome integrity: DNA damage sensing, signaling, repair and replication in plants, *Frontiers in physiology* (2016) (著書)
  13. Toshiaki Tameshige, Shuka Ikematsu, Keiko U. Torii and Naoyuki Uchida : Stem development through vascular tissues: EPFL-ERECTA family signaling that bounces in and out of phloem. *Journal of Experimental Botany* 68:, 45-53 (2017)
  14. Shuka Ikematsu, Masao Tasaka, Keiko U. Torii and Naoyuki Uchida : *ERECTA*-family receptor kinase genes redundantly prevent premature progression of secondary growth in the *Arabidopsis* hypocotyl. *New Phytologist* 213: 1697-1709 (2017)
  15. Sachiko Masuda, Masaki Saito, Chiaki Sugawara, Manabu Itakura, Shima Eda, and Kiwamu Minamisawa: Identification of the hydrogen uptake gene cluster for chemolithoautotrophic growth and symbiosis hydrogen uptake in *Bradyrhizobium diazoefficiens*. *Microbes Environ.* 31: 76-78 (2016)
  16. Tomoyuki Minami, Misue Anda, Hisayuki Mitsui, Masayuki Sugawara, Takakazu Kaneko, Shusei Sato, Seishi Ikeda, Takashi Okubo, Hirohito Tsurumaru, Kiwamu Minamisawa: Metagenomic Analysis Revealed Methylamine and Ureide Utilization of Soybean-Associated Methylobacterium. *Microbes Environ.* 31: 268-278 (2016)
  17. Masayuki Sugawara, Takahiro Tsukui, Takakazu Kaneko, Yoshiyuki Ohtsubo, Shusei Sato, Yuji Nagata, Masataka Tsuda, Hisayuki Mitsui and Kiwamu Minamisawa: Complete Genome Sequence of *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 122, a Nitrogen-Fixing Soybean Symbiont. *Genome Announc.* 5: e01743-16 (2017)
  18. Ken Motohashi : Evaluation of the efficiency and utility of recombinant enzyme-free seamless DNA cloning methods. *Biochem. Biophys. Rep.* 9, 310-315 (2017)
  19. Ken Motohashi: Seamless ligation cloning extract (SLiCE) method using cell lysates from laboratory *Escherichia coli* strains and its application to SLiP site-directed mutagenesis. *Methods Mol. Biol.* 1498, 349-357 (2017)
  20. 本橋健: 精製酵素をいっさい使わない“超低コスト”シームレスクローニング 実験医学 34, 2349-2354 (2016)
  21. Y. Okegawa, K. Motohashi: Expression of spinach ferredoxin-thioredoxin reductase using tandem T7 promoters and application of the purified protein for *in vitro* light-dependent thioredoxin-reduction system. *Protein Expr. Purif.* 121, 46-51 (2016)
  22. Y. Okegawa<sup>1</sup>, M. Koshino<sup>1</sup>, T. Okushima, K. Motohashi: Application of preparative disk gel electrophoresis for antigen purification from inclusion bodies. *Protein Expr. Purif.* 118, 77-82 (2016) <sup>1</sup>These authors contributed equally to this work.
  23. A. Kosugi, C. Nishizawa, A. Kawabe, E. Harada: Zinc accumulation and vegetation ecology in the allotetraploid, *Arabidopsis kamchatica* ssp. *kawasakiana*. *Plant Biotechnology* 33, 33-37 (2016)
  24. HY. Furihata, K. Suenaga, T. Kawanabe, T. Yoshida, A. Kawabe: Gene duplication, silencing and expression alteration govern the molecular evolution of PRC2 genes in plants. *Genes Genet. Syst.* 91, 85-95 (2016)
  25. S. Masuda, K. Nozawa, W. Matsunaga, Y. Masuda, A. Kawabe, A. Kato, H. Ito: Characterization of a heat-activated retrotransposon in natural accessions of *Arabidopsis thaliana*. *Genes Genet. Syst.*, in press
  26. T. Yoshida, A. Kawabe: Analysis of nuclear mitochondrial DNAs and the factors affecting patterns of integration in plant species. *Genes Genet. Syst.*, in press
  27. K. Kawamura, M. Shimizu, T. Kawanabe, Z. Pu, T. Kodama, M. Kaji, K. Osabe, R. Fujimoto, K. Okazaki:

Assessment of DNA markers for seed contamination testing and selection of disease resistance in cabbage. *Euphytica* **213**, 28 (2017)

28. T. Kawanabe, K. Osabe, E. Itabashi, K. Okazaki, ES. Dennis, R. Fujimoto: Development of primer sets that can verify the enrichment of histone modifications, and their application to examining vernalization-mediated chromatin changes in *Brassica rapa* L. *Genes Genet. Syst.* **91**, 1-10 (2016)
29. K. Tonosaki, K. Osabe, T. Kawanabe, R. Fujimoto: The importance of reproductive barriers and the effect of allopolyploidization on crop breeding. *Breed Sci.* **66**, 333-349 (2016)
30. T. Kawanabe, S. Ishikura, N. Miyaji, T. Sasaki, LM. Wu, E. Itabashi, S. Takada, M. Shimizu, T. Takasaki-Yasuda, K. Osabe, WJ. Peacock, ES. Dennis, R. Fujimoto: Role of DNA methylation in hybrid vigor in *Arabidopsis thaliana*. *Proc Natl Acad Sci U S A.* **113**, E6704-E6711 (2016)
31. N. Saeki, T. Kawanabe, H. Ying, M. Shimizu, M. Kojima, H. Abe, K. Okazaki, M. Kaji, JM. Taylor, H. Sakakibara, WJ. Peacock, ES. Dennis, R. Fujimoto: Molecular and cellular characteristics of hybrid vigour in a commercial hybrid of Chinese cabbage. *BMC Plant Biol.* **16**, 45 (2016)

## (2) 招待講演

1. Adaptation of plants to aquatic environments: Studies on heterophylly and vegetative propagation in semi-aquatic plant, *Rorippa aquatica*, Seisuke Kimura, CSRS seminar, RIKEN Center for Sustainable Resource Science, Yokohama, Japan, Jan. 24, 2017
2. Rumi Amano, Risa Momoi, Seisuke Kimura, Vegetative propagation in *Rorippa aquatica*: Understanding plant regeneration using non-model species, The 45<sup>th</sup> Plant Biotechnology Symposium “International Plant Meeting in Kyoto 2016 –Plant Development and Environment–”, Kyoto Sangyo University, Kyoto, 2016.11.25
3. 京野菜であるミズナとミブナの葉形変異と育種の歴史の解析, 川勝弥一, (木村成介), 第2回農学手会の会, 雄琴温泉湯の宿木こもれび, 2016年11月10日~11日
4. 木村成介, 水中への適応戦略としての異形葉性と栄養繁殖, 日本植物学会第80回大会シンポジウム「Induced Development: 環境要因に誘発される発生の多様性と共通性」, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16 (招待講演)
5. Seisuke Kimura, Impact of Environment on Leaf Development: Studies on Heterophylly in *Rorippa aquatica*, Seminar at Institute of Molecular Plant Sciences, University of Edinburgh, Edinburgh, UK, 2016.4.7
6. Seisuke Kimura, Impact of Environment on Leaf Development: Studies on Heterophylly in *Rorippa aquatica*, Sainsbury Laboratory Symposium “Induced Plant Development”, The Sainsbury Laboratory, University of Cambridge, Cambridge, UK, 2016.4.4-6
7. 木村成介, 環境に応じて葉の形態を変化させる植物 *Rorippa aquatica* を用いた表現型可塑性の研究, 東京理科大学応用生物科学科セミナー, 東京理科大学, 2016.3.7
8. 木村成介, 葉っぱの形の遺伝と進化 -メンデル遺伝学で解き明かす多様な葉の形ができるしくみ-, 京都産業大学リエゾンオフィス主催シンポジウム「遺伝と進化の不思議~ダーウィンとメンデルから学んだこと~, 京都産業大学むすびわざ館, 2016.3.5
9. 天野瑠美, (木村成介), 切っても切っても生えてくる! 葉断面からの栄養繁殖, 第41回植物バイオテクノロジーシンポジウム「これからの植物科学」, 京都産業大学, 2016.1.22
10. Thioredoxin-dependent redox regulatory system in chloroplasts, Ken Motohashi, The 17th International Congress on Photosynthesis Research, MECC Maastricht, Maastricht, Netherland, 2016.8.7-12
11. レドックス制御~光に応答して植物の代謝を制御する仕組み: 本橋健, 関西学院大学セミナー, 関西学院大

学理工学部, 2016年11月18日

### (3) 学会発表

1. 転写因子 SOG1 による DNA 損傷応答の統括メカニズム, 愿山 (岡本) 郁, 上ノ山香織, 坂本智昭, 木村成介, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 日~18 日
2. 非モデル植物 *Rorippa aquatica* にみられる栄養繁殖機構の解析, 天野瑠美, 中山北斗, 坂本智昭, 桃井理沙, 郡司玄, Ali Ferjani, 木村成介, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 日~18 日
3. *Rorippa aquatica* のドラフトゲノム解析, 坂本智昭, 木村成介, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 日~18 日
4. 「虫こぶ」プロジェクト: 植物の形態や代謝を制御する新たな技術開発にむけて, 大坪憲弘, 武田征士, 木村成介, 佐藤雅彦, 大島一成, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 日~18 日
5. Ab-GALFA: Development of a novel bioassay for dissecting of gall formation mechanism using *Arabidopsis thaliana*, Ayaka Okamoto, Tomoko Hirano, Akihisa Hamatani, Issei Ohshima, Seisuke Kimura, Masa H. Sato, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 日~18 日
6. 植物が独自に獲得した DNA 損傷応答因子 SOG1 の機能解析, 岡本郁, 木村成介, 平成 28 年度京都産業大学総合生命科学部シンポジウム「見ればわかる。魅せる最新の生命科学」, 京都産業大学むすびわざ館, 2017 年 3 月 3 日
7. Rumi Amano, Hokuto Nakayama, Risa Momoi, Shizuka Gunji, Ali Ferjani, Seisuke Kimura, Developmental and molecular studies on the mechanism of vegetative propagation in *Rorippa aquatica*, Latest Advances in Plant Development & Environmental Response, 2016 Cold Spring Harbor Asia Conference, Awaji, Japan, 2016.11.29-12.2
8. Hokuto Nakayama, Tomoaki Sakamoto, Yasunori Ichihashi, Manabu Fujie, Tetsuya Kurata, Seisuke Kimura, Impact of Environment on Leaf Development: Studies on Heterophylly in *Rorippa aquatica*, Latest Advances in Plant Development & Environmental Response, 2016 Cold Spring Harbor Asia Conference, Awaji, Japan, 2016.11.29-12.2
9. 木村成介, 水中への適応形質としての異形葉性と栄養繁殖の進化, 植物科学若手研究会 2016, 木江ふれあい郷土資料館, 2016.9.29-10.1
10. 辻村真衣, 出雲谷遙, 執行正義, 上ノ山華織, 坂本智昭, 木村成介, 寺地徹, 雄性不稔タマネギのミトコンドリア転写産物の解析, 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取大学, 2016.9.24-26
11. 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介, 京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19
12. 山口修二, 中山北斗, 坂本智昭, 市橋泰範, 倉田哲也, 木村成介, *Rorippa aquatica* の異形葉性における PHYTOCHROME INTERACTING FACTORs の機能解析, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19
13. 桃井理沙, 天野瑠美, 中山北斗, 木村成介, *Rorippa aquatica* の栄養繁殖とオーキシンの関係の解析, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19
14. 天野瑠美, 中山北斗, 郡司玄, Ali Ferjani, 木村成介, アブラナ科 *Rorippa aquatica* を用いた葉断面からの栄養繁殖機構の解析, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19

15. 三好彩央里, 中益朗子, 木村成介, 水生シダ *Microsorium pteropus* とその変種の葉の形態に関わる分岐構造の多様性について, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19
16. 小塚俊明, 中野道治, 坂本智昭, 木村成介, 有賀悠貴, 谷口研至, 草場信, キクタニギク自家不和合性系統を用いたキク属モデル植物の開発, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19
17. 天野瑠美, 中山北斗, 郡司玄, Ali Ferjani, 木村成介, アブラナ科 *Rorippa aquatica* を用いた葉断面からの栄養繁殖機構の解析, 日本植物形態学会第 28 回大会, 琉球大学, 2016.9.15
18. 三好彩央里, 中益朗子, 木村成介, 水生シダ *Microsorium pteropus* とその変種の葉の形態に関わる分岐構造の多様性について, 日本植物形態学会第 28 回大会, 琉球大学, 2016.9.15
19. 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介, 京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析, 日本植物形態学会第 28 回大会, 琉球大学, 2016.9.15
20. 愿山 (岡本) 郁, 上ノ山華織, 坂本智昭, 木村成介, 植物における多様な DNA 損傷応答の選択機構, 日本遺伝学会第 88 回大会, 日本大学 (三島), 2016.9.15
21. Kaoru (Okamoto) Yoashiyama, Kaori Kaminoyama, Tomoaki Sakamoto, Seisuke Kimura, The regulatory mechanism of DNA damage responses through SOG1 phosphorylation, Plant Genome Stability and Change 2016, Shonan Village Center, Hayama, Japan, 2016.7-7-10
22. 川勝弥一, 中山北斗, 上ノ山華織, 五十嵐香理, 八杉公基, 工藤洋, 永野惇, 矢野健太郎, 久保中央, 木村成介, 京野菜であるミズナとミブナに見られる葉形変異の QTL 解析, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20
23. 中山北斗, 坂本智昭, 市橋泰範, 藤江学, 倉田哲也, Neelima Sinha, 木村成介, 異形葉性を示す *Rorippa aquatica* の二つの地域系統を用いたトランスクリプトーム解析, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20
24. 岡本郁, 木村成介, シロイヌナズナにおける DNA 損傷応答と SOG1 のリン酸化の関係, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20
25. 三好彩央里, 中益朗子, 木村成介, 水生シダ *Microsorium pteropus* とその変種の葉の形態に関わる分岐構造の多様性について, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016.3.18-20
26. 有用ダイズ根粒菌 *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA110 型菌株におけるゲノム構造の多様性, 板倉学, 三屋公佑, 金原一真, 菅原雅之, 金子貴一, 南澤究, 日本土壤微生物学会 2016 年度大会, 岐阜大学, 2016 年 6 月 11 日~12 日
27. 微生物群集がアブラナ科水生植物ニューベキア (*Rorippa aquatica*) における葉の形態形成に及ぼす影響, 板倉学, 木村成介, 上ノ山華織, 金子貴一, 植物微生物研究会 第 26 回研究交流会, 東北大学, 2016 年 9 月 7 日~9 日
28. ゲノムマッピングによるダイズ根粒菌の種判定および土着ダイズ根粒菌群と接種菌群の識別, 金原一真, 板倉学, 星野裕子, 秋山博子, 早津雅仁, 王勇, 鶴丸博人, 南澤究, 植物微生物研究会 第 26 回研究交流会, 東北大学, 2016 年 9 月 7 日~9 日
29. *Bradyrhizobium elkanii* 系統共生アイランドの塩基配列比較, 西田裕貴, 板倉学, 佐藤修正, 金子貴一, 植物微生物研究会 第 26 回研究交流会, 東北大学, 2016 年 9 月 7 日~9 日
30. ダイズ根粒菌 *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA110 型菌株における吸収型ヒドロゲナーゼの多様性, 渡辺剛, 板倉学, 三屋公佑, 原新太郎, 金原一真, 菅原雅之, 按田瑞恵, 篠田亮, 金子貴一, 南澤究, 植物微生物研究会 第 26 回研究交流会, 東北大学, 2016 年 9 月 7 日~9 日

31. ミヤコグサのとの相互作用に関与する *Bradyrhizobium elkanii* USDA 61 株の 3 型分泌エフェクターの解析, 日下部翔平, 金子貴一, 安田美智子, 三輪大樹, 岡崎伸, 佐藤修正, 植物微生物研究会 第 26 回研究交流会, 東北大学, 2016 年 9 月 7 日~9 日
32. 根粒菌のエフェクターによるミヤコグサ根粒形成の制御, 三輪大樹, 安田美智子, 増田幸子, 金子貴一, 佐藤修正, 岡崎伸, 植物微生物研究会 第 26 回研究交流会, 東北大学, 2016 年 9 月 7 日~9 日
33. 土着ダイズ根粒菌 USDA110 系統株におけるゲノム多様性とゲノミックアイランド構造の変化, 板倉学, 三屋公佑, 金原一真, 原新太郎, 渡辺剛, 菅原雅之, 金子貴一, 南澤究, 第 11 回日本ゲノム微生物学会年会, 慶応大学, 2017 年 3 月 2 日~4 日
34. ミヤコグサにエフェクター誘導性免疫反応を誘導する *Bradyrhizobium elkanii* USDA 61 株の 3 型分泌エフェクターの同定, 日下部翔平, 金子貴一, 安田美智子, 三輪大樹, 岡崎伸, 佐藤修正, 第 58 回植物生理学会年会, 鹿児島大学, 2017 年 3 月 16 日~18 日
35. Analysis of overexpressor of chloroplastic thioredoxins in *Arabidopsis thaliana*: 桶川友季, 本橋健, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学, 2016 年 3 月 16 日~18 日
36. Evaluation of the efficiency and utility of recombinant enzyme-free seamless DNA cloning methods: 本橋健, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学, 2016 年 3 月 16 日~18 日
37. *Arabidopsis m*-type thioredoxin regulates the Calvin cycle enzymes *in vivo*.: Yuki Okegawa, Ken Motohashi, The 17th International Congress on Photosynthesis Research (国際光合成会議) (オランダ;マーストリヒト), 2016 年 8 月 7 日~12 日
38. Chloroplastic *m*-type thioredoxins as major regulators of Calvin cycle during photosynthesis: 桶川友季, 本橋健, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 3 月 18 日~20 日
39. A simple and efficient seamless DNA cloning method using cell lysates from laboratory Escherichia coli strains and its application to SLIP site-directed mutagenesis: 本橋健, 桶川友季, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 3 月 18 日~20 日
40. アブラナ科植物ハタザオのゲノム解析, 吉田貴徳, 河邊昭, 日本遺伝学会第 88 回大会, 日本大学国際関係学部三島駅北口校舎, 2016 年 9 月 7 日~10 日
41. アブラナ科植物 *Brassica rapa* におけるゲノムインプリンティング, 吉田貴徳, 薄伊納, 河邊昭, 日本進化学会第 18 回大会, 東京工業大学大岡山キャンパス, 2016 年 8 月 25 日~28 日
42. 琵琶湖湖岸における絶滅危惧種タチスズシロソウの金属集積性および耐性, 小杉亜希, 西澤千晶, 河邊昭, 原田英美子, 第 7 回日本水環境学会関西支部研究発表会, 大阪工業大学うめきたナレッジセンター, 2016 年 12 月 2 日
43. 絶滅危惧種タチスズシロソウ (*Arabidopsis kamchatica* ssp. *kawasakiana*) の重金属集積性と植生調査, 原田英美子, 小杉亜希, 西澤千晶, 高倉耕一, 野間直彦, 河邊昭, 日本植物学会第 80 回大会, 琉球大学, 沖縄コンベンションセンター, 2016.9.16-19
44. *Brassica rapa* におけるゲノムインプリント候補遺伝子の探索, 川邊隆大, 田中翔, 吉田貴徳, 河邊昭, 日本育種学会第 131 回講演会, 名古屋大学東山キャンパス, 2017 年 3 月 29 日~30 日
45. 川邊隆大, 宮路直美, 高田紗都子, 板橋悦子, 安田剛志, 藤本龍, シロイヌナズナの雑種強勢の分子機構の解明に向けた RIL の整備, 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜市立大学, 2016.3.21-22

# Center for Ecological Evolutionary Developmental Biology: Research Activity Annual Report 2016

Seisuke KIMURA  
Takakazu KANEKO  
Ken MOTOHASHI  
Akira KAWABE

## Abstract

Center for Ecological Evolutionary Developmental Biology is established as one of the research center in Institute of Comprehensive Academic Research in 2015. The center is supported by Grants-in-Aid from MEXT-Supported Program for the Strategic Research Foundation at Private Universities. The center's research efforts focus on several areas to understand the relationship between plant and environment and its evolutionary background. Especially we study the mechanism of phenotypic plasticity on leaf shape of North American Lake Cress, *Rorippa aquatica* by Omics approaches. Here we report the progress of our research in 2016.

**Keywords :** Ecological Evolutionary Developmental Biology, Next-generation sequencing, Omics, Phenotypic plasticity, *Rorippa aquatica*