

2016

**Biotechnology Research Center
Annual Report**

東京大学生物生産工学研究センター
年報

2016

御挨拶



生物生産工学研究センター長

妹尾 啓史

Keishi SENOO

東京大学生物生産工学研究センター（Biotechnology Research Center: BRC）のセンター長に2013年4月1日に着任してから約4年半が経過いたしました。本センターの運営に関しまして、皆様の多大なご理解とご協力を頂きまして、誠に有難うございます。

本センターは人類が直面している食糧問題、環境問題、資源・エネルギーの枯渇等の解決を担うバイオテクノロジーの教育と研究を行うことを使命とする全学センターです。この使命を踏まえ、先端的研究の推進、萌芽的研究の育成、教育研究基盤の提供などを強力に推し進めています。

ここに2016年度の年報をお届けします。本センターの目的である微生物・植物バイオテクノロジー研究の学内外でのハブ機能をより一層強化することを目指して、2016年度もセンターは極めて活発な研究・教育・社会貢献活動を進めてまいりました。

2016年4月1日より寄附研究部門「微生物機能代謝工学（協和発酵バイオ）」がスタートしました。この寄附研究部門は、2012年4月に設置された寄附研究部門「微生物機能代謝工学（協和発酵キリン）」から寄附者が変わって継続しているものです。

2015年4月1日にスタートした3つの学外連携部門、環境生態工学、生合成工学、植物生産工学部門においては今年度も6名の先生方（野村暢彦筑波大学教授、玉木秀幸産業技術総合研究所主任研究員、新家一男産業技術総合研究所研究グループ長、高橋俊二理化学研究所ユニットリーダー、高辻博志農業生物資源研究所ユニット長、榊原均名古屋大学教授）に連携教員をお願いして、より活発な研究・教育活動の展開にご尽力いただきました。

センター教員により、また、センターの学内共同利用により、2016年度も国際的にインパクトの高い数多くの研究が生み出されました。葛山智久准教授が住木・梅澤記念賞を、水口千穂助教が第33回井上研究奨励賞を受賞したほか、多くの大学院生、研究員が学会等の表彰を受けました。

4月には学生・院生が主体となって第5回生物生産工学研究センター発表会を開催しました。9月には研究室体験活動「植物バイオテクノロジー体験」を実施しました。10月にセンターシンポジウム「植物科学の潮流：フィールド分子生物学へ」を盛大に開催しました。11月に第3回富山県立大学・東京大学生物工学セミナーを行いました。また、外国人研究者によるセンター主催研究講演会を数多く行いました。一方、富山県立富山高校をはじめ6校の高校生訪問を受け入れました。

今後もセンターのさらなる発展のためにセンター教職員・学生院生とともに尽力する所存であります。関係各位のさらなる叱咤激励、ご支援、ご協力をよろしくお願い申し上げます。

目次

センター長からの御挨拶	1
研究・教育活動	
研究部門紹介	
環境保全工学部門	4
細胞機能工学部門	6
植物機能工学部門	8
微生物機能代謝工学（協和発酵キリン）寄附部門	10
センター主催シンポジウム	12
センター研究発表会	13
報文	16
国内学会発表等	17
国際学会発表等	23
総説等	25
教員および学生の受賞	25
学位論文	26
センター主催学術講演会	27
海外からの来訪者	27
オープンキャンパス等の来訪者	
東京大学体験活動プログラム	27
共同利用成果	
報文	30
国内学会発表等	30
国際学会発表等	34
総説等	35
学位論文	35

生物生産工学研究センター 研究・教育活動

● 研究部門紹介 ●

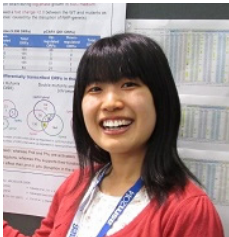
環境保全工学部門



教授 野尻 秀昭
Hideaki NOJIRI



准教授 岡田 憲典
Kazunori OKADA



助教 水口 (鈴木) 千穂
Chiho
Suzuki-Minakuchi

当研究部門では、微生物と植物の有用機能を解析し、その成果を環境汚染の低減化、汚染環境修復技術の開発に応用する研究を行っています。以下に主要な研究テーマと研究成果について紹介します。

●環境中での汚染物質分解能を制御するプラスミド機能の解明

難分解性物質による汚染を除去するためには、汚染物質分解菌がどのようにして分解力を発揮しているのかを良く知ることが重要です。環境汚染物質分解菌には接合伝達性プラスミドなどの可動性遺伝子上に分解遺伝子を持つものも多く、環境中では様々に宿主を変えて存在しています。汚染現場でこのような分解菌をうまく使い汚染の浄化を実現するためには、様々な宿主候補が混在する“環境”中の分解菌の振る舞いを知る必要があります。しかし、環境中で分解プラスミドはどのような細菌に保持されているのか、分解プラスミドはなぜ・どうやって安定に保持されるのか、分解遺伝子はうまく発現するのか、分解プラスミドの宿主は“強い”分解菌になるのか、宿主が変わると何が・どの程度変わるのか等、現在の環境微生物学の知識では良く理解されていない疑問が多くあります。本研究室では、このような疑問を解決し、環境中での分解菌の“上手な”利用法の提案を目指して、多面的に研究しています。その一環として、カルバゾール分解プラスミド pCAR1 が、宿主である *Pseudomonas* 属細胞内でどのような現象を引き起こすのかを、機構も含めて精査しています。実際、“pCAR1 を持つ”というシグナルは、プラスミド上の遺伝子に直接的に依存しない様々な現象を引き起こします。例えば、宿主染色体上の鉄取り込み関連遺伝子や多剤耐性トランスポーターなど多数の遺伝子の発現を誘導したり、また、宿主細胞の緊縮応答を遅らせたりすること（図1）が明らかになっています。さらに、これら現象の少なくとも一部は、プラスミド上にコードされている Pmr, Phu, Pnd といった核様体タンパク質と宿主のホモログとの間の相互作用を介して引き起こされるものであることが明らかになってきました（図1）。このような事実は、環境中で分解プラスミドが接合伝達した場合に宿主の形質が予想より多様化することを示しています。今後は、この知見を分解プラスミド自身やその宿主分解菌の制御に役立てることが重要です。

一方、このような現象は、従来、宿主自らに由来する“特殊な”形質を付加する“付加的なゲノム”として考えられてきたプラスミドに、染色体機能を調節する隠れた機能があることを示しています。これは、環境微生物学分野でのプラスミドの再発見とも言えるもので、細菌と細菌ゲノムの進化装置としての新しいプラスミド学を作る基盤となるものと考えられます。

●細菌由来芳香環水酸化ジオキシゲナーゼの解析

芳香族化合物の好氣的分解では、芳香環に対する二水酸化が最初の反応となることが多く、この反応が進行するか否かが分解系全体の進行を左右することから分解系の鍵反応と言うことができます。当研究室では、種々の細菌から単離したカルバゾール水酸化ジオキシゲナーゼ (carbazole 1,9a-dioxygenase, CARDO) を材料に、酸化反応メカニズムの解明を行っています。この酵素は、実際に酸化反応を触媒する末端酸化酵素(Oxy)とNADHからの電子をOxyに伝達する電子伝達系(フェレドキシン[Fd]とフェレドキシン還元酵素[Red])から成り立っています。Oxy, Fd, Redの3つのコンポーネントは全て細胞質に独立して存在するためFdはシャトルのようにOxyとRedの間を行き来して電子の伝達を繰り返します。図2はOxyに2回還元型Fdが結合して、一分子の基質(CAR)が反応産物(ABP-diol)に変

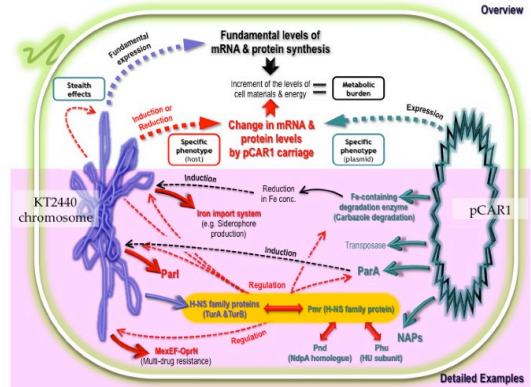


図1 カルバゾール分解プラスミド pCAR1 と宿主 *Pseudomonas putida* KT2440 株染色体の間の相互作用
接合伝達で細胞内に取り込まれた pCAR1 からの遺伝子発現と、pCAR1 の存在が染色体の遺伝子発現量を変化させることが、“プラスミドの負荷 (metabolic burden)”の原因となる。また、これら特異的な遺伝子発現変動が、プラスミドを持った宿主細胞の形質を決定する事になる。これらの現象の一部は、pCAR1 から発現した核様体タンパク質が染色体由来のホモログとの相互作用を介して、染色体・プラスミド双方に作用することで引き起こされる。

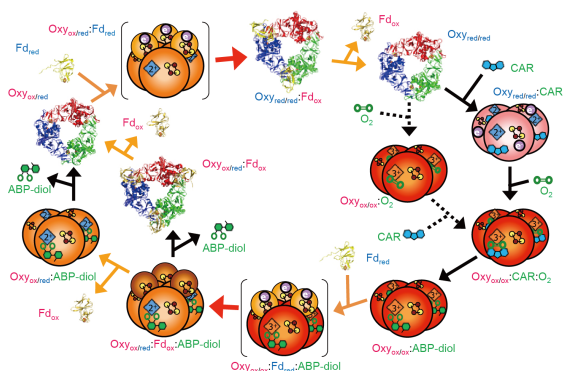


図2 CARDOの反応サイクル中の構造の解析

Oxyの鉄硫黄クラスターと活性中心鉄の酸化還元状態を下付文字で順番に示す。同様にFdの鉄硫黄クラスターの酸化還元状態を下付文字で示している。酸化状態はox、還元状態はredで示す。

換される反応サイクルを、Oxy と Fd の酸化状態も合わせて示したものです。当研究室では、世界に先駆けて Oxy と Fd の結合状態の X 線結晶構造解析に成功し、酸化還元状態を制御して結晶構造解析を進めることで、リボンモデルで示した反応サイクル中の構造を明らかにすることに成功しました。その結果、1 回目の還元型 Fd の結合によって酸化型 Oxy が還元型 Oxy に変化し、基質と酸素分子が結合できる構造に移行する機構の詳細が明らかになりました。

芳香環水酸化オキシゲナーゼについては、一般に基質認識についての解析が先行してきた歴史があり、触媒に重要であるにもかかわらず、電子伝達にカップルする反応サイクル進行の詳細なメカニズムは長く不明のままでした。本研究は、芳香環水酸化オキシゲナーゼの機能の理解に重要な一歩となるものです。

●植物における病害抵抗性発現機構の解明

重要穀物の代表であるイネに病原菌が感染すると、図3に示すように、病原菌由来の成分であるキチンオリゴ糖などのエリシター [Microbe-Associated Molecular Patterns (MAMPs) と総称される] が受容体に認識され、それが引き金となって、ジャスモン酸 (JA) などの二次シグナルの生成、エリシター応答性転写因子遺伝子の発現・活性化とそれに続く標的遺伝子の発現誘導が起こり、最終的に抗菌性タンパク質の発現やファイトアレキシンの生合成遺伝子の単離と機能解析を進めてきました。さらに、その生産制御機構の解明を目指し、植物に 2000 種以上存在する転写制御因子の中から、WRKY 型、bZIP 型および bHLH 型転写因子など、病害抵抗性に関わるエリシター/JA 応答性転写因子遺伝子を単離しています。これらの転写因子の機能をうまく利用することで、病虫害に強いイネの作出が可能になると考えています。これまでに WRKY 型の転写因子の研究として、OsWRKY53 の N 末端側に存在するセリンをアスパラギン酸に置換した疑似リン酸化体を作製すると転写活性化能が強化されることを見出しました。さらに OsWRKY53 疑似リン酸化体の過剰発現イネにおいては、いもち病菌をはじめとする代表的なイネの病原菌に対する病害抵抗性を高めることに成功しています。本年度は農業生物資源研究所との共同研究により、イネの耐病性に関与することが知られていた OsWRKY45 が、ファイトアレキシン生産の制御にもかかわることが明らかになりました。さらに、異なるタイプの OsWRKY76 が、ファイトアレキシンの生産を負に制御するような抵抗性の制御因子であることも明らかになりました。このように、WRKY 型転写因子ファミリー (OsWRKY53, OsWRKY45, OsWRKY76 等) による病害抵抗性の制御について詳細な理解が進みつつあります (図3)。

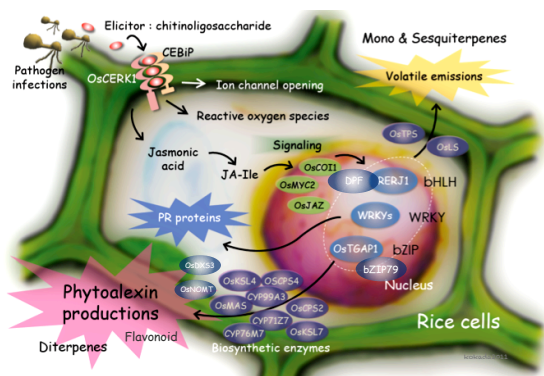


図3 イネにおける基礎的病害抵抗性の発現モデル
ファイトアレキシンをはじめとした Specialized metabolites の制御に関与する転写制御因子の情報が蓄積しつつある。活性化因子と抑制因子のバランスにより、環境変化にตอบสนองした緻密な制御を可能にしていると考えられる。

●抵抗性化合物ファイトアレキシンの生産制御機構とその進化

ジテルペン型のファイトアレキシン生産制御機構の解明に向けた研究では、TGA ファクターの一種である OsTGAP1 がモミラクトン生合成だけでなく、2 番染色体に存在するファイトサン生合成遺伝子クラスターや上流の MEP 経路の遺伝子等の発現制御にも関与する、ジテルペン型ファイトアレキシン生合成全体を制御するマスター転写因子であることを示してきました。その過程で、ChIP-seq を用いた OsTGAP1 のゲノム上の結合領域の網羅的な同定を行い、OsTGAP1 による転写制御には、プロモーターへの直接的な結合による制御と、それ以外の領域に結合しクラスター内の全ての遺伝子の転写を活性化させるような未知の制御機構の存在が示唆されました。さらに、OsTGAP1 と相互作用する OsbZIP79 の機能解析を進め、その転写因子が OsTGAP1 とは逆にファイトアレキシン生産に対し抑制的に働くことを見出しました。すなわち、これら 2 つの転写因子は、物理的に相互作用しつつ、ファイトアレキシン生産のアクセルとブレーキとして機能していることが予想されます。今年度はこれらの成果をそれぞれ 2 報の原著論文と総説論文として発表することができました。現在、その詳細な分子機構の解明に向けた研究を続けています。また、東京農工大学と岡山理科大学との共同で、蕨類ハイゴケの生産するファイトアレキシンであるモミラクトンの生合成経路の解明に着手しました。イネ以外にモミラクトンを生産する生物は、今のところハイゴケのみであり、進化的にかけ離れたコケとイネが、どのようにモミラクトンの生合成能を獲得あるいは進化させてきたのかは大変興味深いところです。これまでに塩化銅ストレスによりモミラクトンの生産を誘導したハイゴケを用いて RNA-seq を行い、モミラクトン合成の初発と最終段階を担うそれぞれの酵素遺伝子 (HpDTC1 と HpMAS1) の取得に成功しました。これらに遺伝子発現は、灰色カビ病の原因菌である *Botrytis cinerea* の感染によって誘導を受けることから、ハイゴケにおいてもモミラクトン生産は病害抵抗性を発揮するための防御システムとして働いている可能性があります。今後、これらの生合成遺伝子の発現制御に関わる因子を探査し、モミラクトン生産能と制御システムの進化について追究していきたいと考えています (図4)。

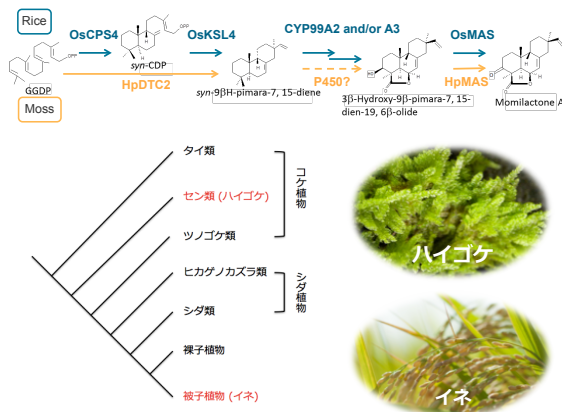


図4 蕨類ハイゴケとイネのモミラクトン生合成経路
ハイゴケのピマラジエン合成酵素 HpDTC1 は二段階の環化反応を担う二機能酵素である。最終段階を担うモミラクトン A 合成酵素 HpMAS はイネオールの OsMAS と相同性を持つ。現在、ハイゴケにおけるクラスターの存在や転写制御因子の分子進化についての解明を進めている。

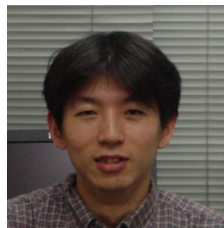
細胞機能工学部門



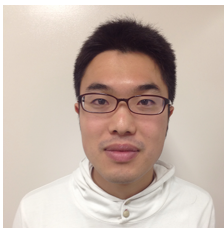
教授 西山 真
Makoto NISHIYAMA



准教授 葛山 智久
Tomohisa KUZUYAMA



助教 富田 武郎
Takeo TOMITA



助教 白石 太郎
Taro SHIRAISHI

細胞機能工学部門は、生物生産工学研究センターの2期がスタートした2003年4月に開設されました。私たちの研究室では、生物がもつ様々な有用な能力に着目し、背景にある生命活動に普遍的な原理をタンパク質や遺伝子などの分子レベルで解明することを目指しています。さらに、それらの成果を利用して有用な機能を人為的に更に強化し、より有用な酵素や化合物を創製する応用的な研究も行っています。そのため、アミノ酸や抗生物質のような生理活性低分子化合物を扱う天然物化学から、遺伝子の発現制御解析を行う分子生物学、さらにはタンパク質や酵素については、機能解析からタンパク質工学、X線結晶構造解析まで、最先端のテクノロジーを用いて多種多様なレベルで研究を行っています。以下に主な研究テーマを紹介いたします。

●微生物におけるアミノ酸合成経路の進化および多様性に関する研究

好熱菌のあるものは、他の代謝、生合成系と類似した原始的なリジン生合成系を持っており、同合成系の酵素は寛容な基質特異性を示します。生命の共通祖先に近縁とされる古細菌も同様の生合成系を有することから、これらを研究することにより、酵素の基質認識機構が解明されると同時に酵素の分子進化メカニズムについても明らかになることが期待されます。一方、私たちはリジン生合成の後半部分がキャリアタンパク質を用いて不安定な生合成中間体を保護しながら進行することを明らかにしました(図1)。これはアミノ酸生合成におけるキャリアタンパク質の初めての発見であるだけでなく、高温条件における効率的なアミノ酸発酵生産の基盤として期待されます。最近、類似のシステムが放線菌の二次代謝物質の生産にも利用されていることを明らかにしました。データベース解析から他の多数の生物にも類似のシステムが存在することが示唆されており、それらの生合成系を解明し、新規有用物質の生産を目指しています。これらの研究は、科研費(基盤研究(S))「アミノ基修飾型キャリアタンパク質を介した物質変換機構の解明と応用展開(平成24~28年度)」「アミノ基キャリアタンパク質を介する生合成機構の解明と二次代謝産物構造多様性の拡張(平成29~33年度)」として推進しています。

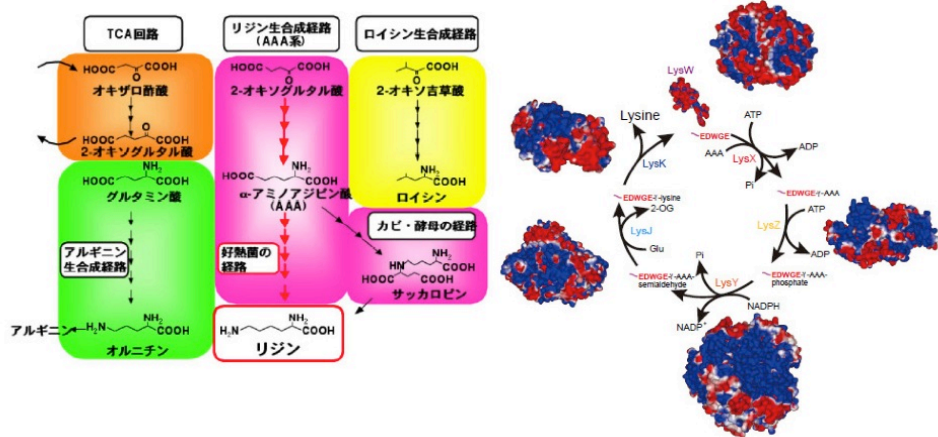


図1 リジン生合成経路と関連する代謝経路(左)、アミノ酸キャリアタンパク質を用いるAAAからリジンへの変換反応(右)

●微生物におけるアミノ酸シグナル伝達の生理的役割とその分子機構

私たちは最近好熱菌由来のグルタミン酸脱水素酵素(GDH)がロイシンにより顕著に活性化を受けることを発見し、結晶構造解析によってロイシンが新規なアロステリックサイトに結合していることを明らかにしました。ヒトのGDHもロイシンにより活性化を受けますが、この酵素はインスリン分泌や神経伝達に関与していると考えられています。これらのことから好熱菌でGDHを介したアミノ酸シグナル伝達機構が存在することが予想されます。現在そのようなシグナル伝達の生物学的意義や分子機構、さらには構造基盤を明らかにするような研究を展開しています。一方、私たちはリジン発酵の鍵酵素であるコリネ菌のアスパラギン酸キナーゼの結晶構造を決定し、リジン高生産の分子機構を明らかにしました。

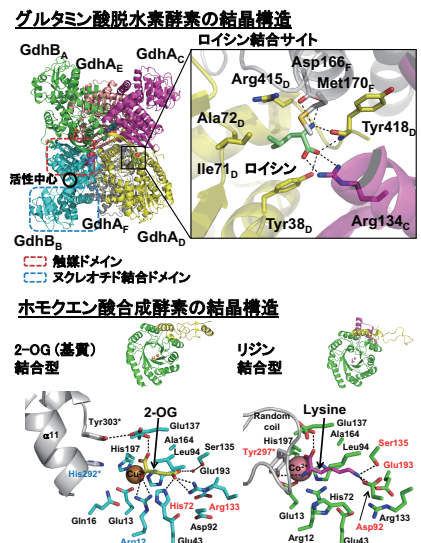


図2 当研究室で決定されたアミノ酸代謝酵素の結晶構造

また、好熱菌のリジン生合成の初発酵素であるホモクエン酸合成酵素の結晶構造を決定し、そのユニークなフィードバック阻害機構を明らかにしました。酵素の立体構造情報を利用しその触媒機構や調節機構に関する詳細な解析を行うことにより、高活性化・高機能酵素への改変や、それらを組み合わせた新しいアミノ酸生合成経路の構築を目指しています。

●アミノ酸代謝酵素遺伝子の転写調節機構

アミノ酸の生合成や代謝に関わる酵素は、酵素活性だけでなく転写調節による最終産物の合成量の調節が行なわれています。私たちはこれまでにリジン生合成酵素群が、大腸菌のトリプトファンオペロンで有名なアテニューエーション機構により調節されることを明らかにしてきました。最近、アミノ酸生合成系遺伝子の発現が予想以上に複雑な機構で制御されていることが明らかになりつつあります。細胞全体の代謝産物フラックスをエンジニアリングすることによる新規なアミノ酸生産系の構築も視野に、トランスクリプトーム解析等の網羅的手法を用いたグローバルな転写調節機構の解析も行なっています。

●有用天然物化合物生合成マシナリーの解明とエンジニアリング

近年、複数の生合成マシナリーを組み合わせることで、有用な目的物質を異種生産させる合成生物学(Synthetic Biology)が発展してきています。生合成マシナリーは、常温常圧下で複雑で多様な構造を持つ天然化合物を精密に作り上げることができるため、そのような生合成マシナリーを活用することで、構造多様な化合物の創製が期待できます。当研究室では、テルペン系二次代謝産物を扱ってきた長年の経験を生かし、テルペン生合成で律速となる重要基質であるメバロン酸の供給系を増強した宿主を新たに開発し、それを用いてテルペンの異種生産系の構築を目指しています。具体的には、リゾリン脂質加水分解酵素阻害剤シクロオクタチンや抗マラリア剤アルテミシニンなどへ、短行程で化学変換可能な生合成後期中間体を生産することを目指しています。

また、この生産系を利用して、データベース中の未開拓なテルペン環化酵素および機能未知遺伝子クラスターを発見させることで、物質生産に繋げるゲノムマイニングも行っています。さらには、テルペン環化酵素による構造多様性創出メカニズム解明のため、その結晶構造も解析しています。このほか、従来法であるゲノムライブラリーからのスクリーニングを経由しないゲノム解析による目的物質の生合成遺伝子クラスターの効率的取得法、およびその物質生産法の開発を目指しています。具体的な標的としては、これまで解析例の少ない臨床薬として期待されるヌクレオシド系抗生物質を研究対象としています。この生合成遺伝子を組み合わせることで、部分構造の組み合わせを改変した新規な構造を持つヌクレオシド系抗生物質を人為的に創製することにも挑戦しています。これらの研究は、日本医療研究開発機構 (AMED) プロジェクト、「次世代型有用天然化合物の生産技術開発」の一部として分担し展開しています。

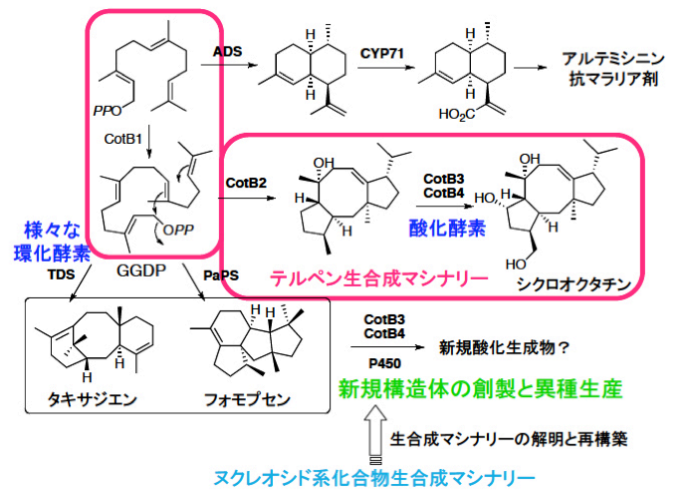
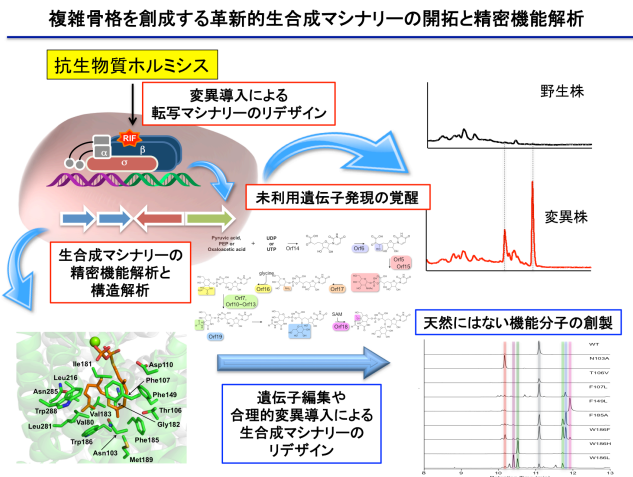


図3 有用天然化合物生合成マシナリー

●生合成マシナリーの覚醒による新規天然物化合物の同定

複数種の放線菌のゲノムシーケンスが解読されたことにより、放線菌が、通常の培養で検出できる生物活性物質の数よりもはるかに多くの生物活性物質生合成遺伝子を持っていることが明らかになってきました。近年、入手可能な放線菌ゲノムシーケンスの数はさらに増大しており、それらの中に見出される機能未知生合成遺伝子クラスターを解析することで、新たな天然化合物や有用な生合成マシナリーを発見できます。しかしながら、放線菌のゲノムシーケンスから発見される多くの生合成遺伝子は発現していないこともしばしばあります。そのため、それらを“覚醒”させて新しい生物活性物質の獲得を目指す研究も近年盛んに行われています。その一つの手法として、RNA polymerase を分子標的とする rifampicin を用いた生合成マシナリーの“覚醒”の報告例があります。そこで当研究室では、高濃度 rifampicin 耐性放線菌の誘導と、メタボローム解析を用いた rifampicin 耐性放線菌からの新規生物活性物質の同定によって、これまで人類が得ることができなかった新奇な生合成マシナリーを開拓します。これらのマシナリーの中で特に、テルペンやポリケチド、核酸系化合物の生合成マシナリーの構造解析や生合成反応の精密な反応機構の解析を通して生合成ロジックを解明します。さらには、異種ホストでの生合成マシナリーの再構築や遺伝子設計図の改変などを通して生物合成系をリデザインすることで、ゲノム編集技術なども取り入れながら天然にはない機能分子の創出を目指します。また、多様で複雑な環状構造を一気に構築する鍵反応を触媒する新奇テルペン環化酵素を開拓し、さらには、リデザインすることで狙ったものを正確に作ることも視野に入れていきます。これらの研究は、科研費、新学術領域研究(研究領域提案型)平成28~32年度、「生物合成系の再設計による複雑骨格機能分子の革新的創成科学」の計画研究として展開しています。



植物機能工学部門



教授 柳澤 修一
Shuichi YANAGISAWA



助教 青野 俊裕
Toshihiro AONO

植物機能工学研究室では、植物機能の分子基盤を解明して、植物の有用物質の生産能力の向上や持続可能な農業の実現などを可能とする植物バイオテクノロジー技術を開発することを目指して研究を進めています。特に、植物機能の調節の分子メカニズムの解明に力を入れています。以下に主な研究テーマと最近得られた研究成果を紹介します。

●高等植物における硝酸シグナル応答機構の解明

植物は土壌中の無機態窒素を吸収して同化し、アミノ酸、核酸、クロロフィルなど、さまざまな生長に必須な窒素原子を含む有機化合物を生成しています。同化された窒素量が植物の生長量、植物生産量を決める主要な因子の一つとなっています。このことから植物の窒素利用効率を高めることが植物バイオテクノロジーの大きな目標の一つとなっています。多くの植物で主たる窒素源となっている無機態窒素は土壌中の硝酸イオンですが、植物に取り込まれた硝酸イオンはシグナル伝達物質としても機能し、遺伝子発現パターンや代謝バランスを変化させます。例えば、硝酸シグナルは、硝酸還元酵素や亜硝酸還元酵素といった同化経路の酵素遺伝子の発現を迅速に誘導して、窒素同化経路を活性化します。したがって、硝酸シグナルに応答した遺伝子発現の制御機構を明らかにすることは植物の窒素利用効率を高めるために極めて重要となっています。私たちの研究グループでは、硝酸シグナルに応答した遺伝子発現の制御機構を明らかにするために、モデル植物であるシロイヌナズナやイネを用いて解析を進めています。これまでに、亜硝酸還元酵素遺伝子のプロモーター解析によって硝酸シグナルに応答して転写を促進する配列 (nitrate-responsive element, NRE) を明らかにして、この NRE に作用する転写因子とし

て NIN 様転写因子 (NLP) 群を同定しています。この転写因子群は、硝酸還元酵素遺伝子や亜硝酸輸送体遺伝子などの発現も直接的に制御していることを見出して、硝酸同化関連遺伝子の発現を一括して制御していることを明らかにしました (図 1)。このことから、NLP 転写因子群は窒素利用効率を向上させるために有益な転写因子であると考えられます。さらには、硝酸同化関連酵素遺伝子のみならず、他の制御タンパク質の遺伝子などの発現も制御しており、硝酸応答を司っている重要な転写因子群であることを明らかにしました。また、NLP 活性を抑制すると著しい生育不良が起りますが、この生育不良は窒素同化能力の低下によってのみ引き起こされるわけではないことを示して、硝酸のシグナル因子としての役割が植物の生長を制御していることを実証しました。

シロイヌナズナには NLP 転写因子群に含まれる転写因子は 9 つありますが、これら 9 つのタンパク質の N 末端側領域に保存された領域に存在するセリン残基が硝酸シグナル伝達に応答してリン酸化され、この翻訳後制御によって活性化されることを明らかにしました。すなわち、硝酸シグナルの伝達の実体は NLP 転写因子群のリン酸化であることを示すことに成功しました。また、このリン酸化を担うタンパク質リン酸化酵素を同定することにも成功しました。

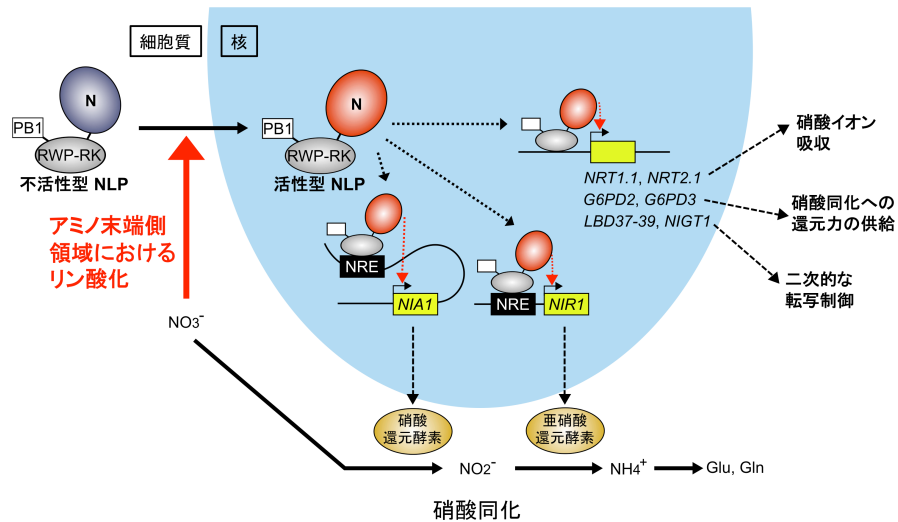


図 1 NLP 転写因子群による硝酸シグナル応答型の遺伝子発現の一括制御の概念図。硝酸シグナルをうけてリン酸化され活性化した NLP 転写因子は硝酸同化関連遺伝子の発現と制御タンパク質遺伝子の両方の発現を抑制することにより、窒素応答の鍵因子として働いている。硝酸同化に関わる高親和性硝酸輸送体遺伝子 (*NRT2.1*)、硝酸還元酵素遺伝子 (*NIA1*)、亜硝酸輸送体、亜硝酸還元酵素遺伝子 (*NIR1*) など硝酸同化関連遺伝子の発現に加えて、転写因子遺伝子 (*NIGT1* など) の発現も NLP によって直接、制御されている。

●自然突然変異体のコレクションを利用したフェノーム解析による植物機能の制御能力の遺伝的多様性の解明

自然界において植物は多様な環境に適応しています。このことにより、同じ植物種でも生育環境に適応するために遺伝情報に多様性が生じている可能性があります。世界の各地から集められたシロイヌナズナの野生種とイネの栽培品種を用いて、栄養元素の取り込みの能力に関するフェノーム解析を行い、シロイヌナズナの野生種間あるいはイネ品種間で栄養元素の取り込み能力に数倍の違いがあることを明らかにしました。さらに、このことを引き起こしている原因遺伝子の一つを同定することに成功しました。

●植物の高 CO₂ 応答のメタボローム解析

よく知られているように大気中の二酸化炭素濃度は上昇し続けています。このような二酸化炭素濃度の上昇が、植物の物質生産にどのような影響を及ぼすかを代謝物の包括的な解析によって明らかにしました。質量分析装置 (MS) とキャピラリー電気泳動法 (CE) を組み合わせた CE-MS 分析やイオンクロマトグラフィーを用いたメタボローム解析によって、さまざまな栄養環境、光環境における二酸化炭素濃度の違いが及ぼす影響を評価し、窒素栄養環境の相違によって植物の高 CO₂ 応答が異なることを明らかにしました。これにより、大気中の二酸化炭素濃度の上昇がもたらす植物生産への影響は、土地々々で異なる可能性を示しました。

●植物に特異的な Dof 転写因子の機能の解明

植物には動物には存在しないタイプの転写因子が存在します。私たちが発見した Dof 転写因子のファミリーは、そのような植物に固有の転写因子ファミリーの一つです。このファミリーの個々の因子は、それぞれに異なる生理的機能を持つことが予測され、これまでに栄養環境依存的な生長における役割などを明らかにしてきました。最近では、シロイヌナズナの Dof 転写因子の一つ AtDof5.8 は、植物ホルモンであるオーキシンに対する応答を司る転写因子 MONOPTEROS (ARF5)によって直接的に発現が制御されており、維管束形成に関わっていることを明らかにしています。

●植物における糖応答機構と核小体ストレスの解析

光合成によって生み出される糖は、エネルギーの貯蔵源となっているだけでなく、植物の成長を調整するホルモン様の活性を示すことが知られています。私たちは、糖に反応して核小体に存在するリボソーム RNA の成熟過程に必須な因子の発現が誘導され、これに伴ってリボソーム自体の生合成自体が促進されることを見出しました。さらに、この因子の発現が低下すると核小体ストレスと呼ばれる現象が起こり、糖に反応した成長が正常に進まなくなることも明らかにしました。

●マメ科植物-根粒菌共生に関する研究

私たちは、熱帯マメ科植物セスパニアに共生する根粒菌 *Azorhizobium caulinodans* を用いて、非マメ科植物に窒素固定能を付与させるという課題に挑戦しています。*A. caulinodans* はセスパニアの根と茎に窒素固定器官である根粒と茎粒を形成させます。私たちはこれまで、*A. caulinodans* の全ゲノム配列を解読することにより、*A. caulinodans* は根粒菌の進化の過程において先祖型に近いということを示し、根粒の成熟と維持に関する遺伝子群をゲノムワイドに探索してきました。根粒菌と植物の共生が成立するためには、養分の授受のように相手にとって有益な要因を双方が発現することが重要です。その一方で、相手にとって有害となる要因の発現を双方が抑制することも同時に重要となってきます。*A. caulinodans* のゲノム上には *reb* 遺伝子群という宿主殺傷に関与する遺伝子群が存在します。*reb* 遺伝子群はゾウリムシの絶対内性細菌で発見され、近年では多くの動植物病原細菌が保有することが判明しましたが、その機能の詳細は不明な部分が多く残されています。私たちは *A. caulinodans* の *reb* 遺伝子群が高発現すると宿主とのパワーバランスが崩壊して宿主細胞を攻撃するようになる、つまり共生菌が病原菌的になることを見出しました。また、*reb* 遺伝子群の発現抑制機構の全容を先駆的に明らかにしつつあります。

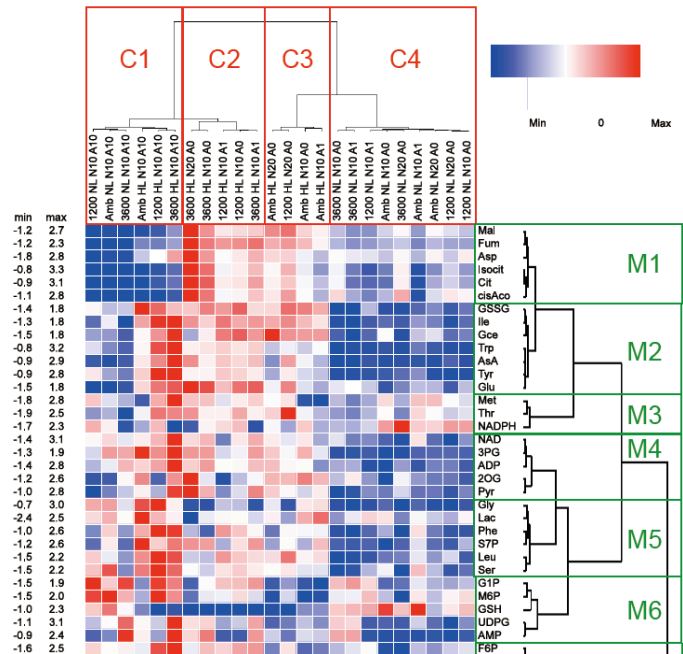


図 2 多様な生育環境で栽培されたシロイヌナズナにおける個々の代謝物含量のクラスター解析の一部

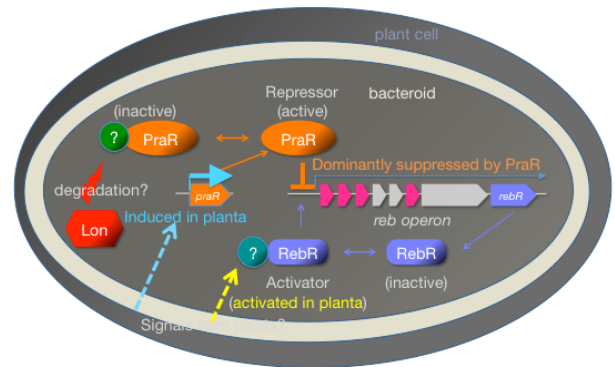


図 3 *A. caulinodans* において想定される *reb* 遺伝子群の発現抑制機構

微生物機能代謝工学（協和発酵バイオ）寄附部門

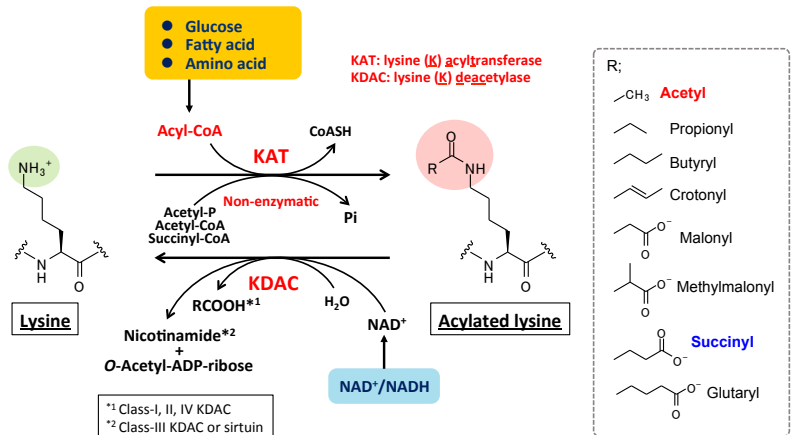


特任准教授
古園 さおり
Saori KOSONO



特任教授
西山 真
Makoto NISHIYAMA

微生物機能代謝工学部門は、2016年4月より協和発酵バイオ株式会社の寄附部門として第二期をスタートしました。近年、細菌からヒトまで生物に普遍的な翻訳後修飾として知られるようになった「タンパク質のアシル化修飾」に着目した研究を行っています。アシル化修飾はアシル CoA やアセチルリン酸のような代謝化合物を利用することから、細胞内の代謝の状態を反映して変化し、代謝や栄養シグナルに応答したタンパク質の機能調節に関わると考えられています。扱いやすい細菌を用いて、アシル化修飾の新しい生物学的意義や全体像を明らかにするとともに、アシル化修飾を標的とした代謝改変や制御、微生物による物質生産の向上といった応用につなげることを目指しています。以下に主な研究テーマをご紹介します。



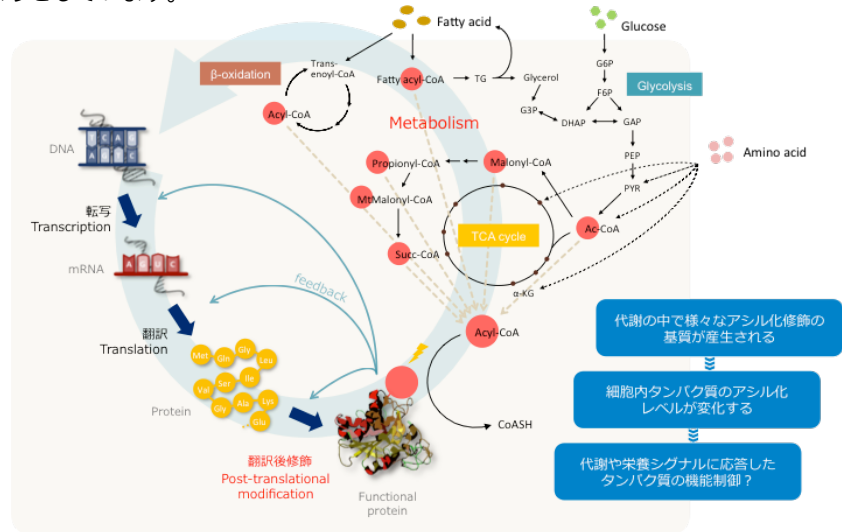
用することから、細胞内の代謝の状態を反映して変化し、代謝や栄養シグナルに応答したタンパク質の機能調節に関わると考えられています。扱いやすい細菌を用いて、アシル化修飾の新しい生物学的意義や全体像を明らかにするとともに、アシル化修飾を標的とした代謝改変や制御、微生物による物質生産の向上といった応用につなげることを目指しています。以下に主な研究テーマをご紹介します。

●コリネバクテリウム菌のグルタミン酸生産に関わるアシル化修飾の研究

コリネバクテリウム菌 (*Corynebacterium glutamicum*) は、グルタミン酸生産菌として分離されて以来、我が国の醗酵工業において重要な位置を占める細菌です。この菌は、生育必須因子であるビオチンの制限、脂肪酸エステル系界面活性剤の添加、抗生物質であるペニシリンの添加によってL-グルタミン酸を過剰生産することが知られています。上記の刺激は細胞膜上のメカノセンシティブチャネルを開口させグルタミン酸排出を引き起こすとともに、グルコースからグルタミン酸生産へ向かうような大規模な代謝フラックス変化をもたらします。私たちは、コリネバクテリウム菌を対象にアセチローム・スクシニローム解析を実施し、グルタミン酸生産条件ではアセチル化やスクシニル化修飾が大規模に変化することを明らかにしました。こうしたアシル化修飾の変化が代謝フラックス変化やグルタミン酸生産に及ぼすインパクトや役割について、解析を進めています。

●枯草菌をモデルとしたアシル化修飾の新規機能の発掘

枯草菌 (*Bacillus subtilis*) は孢子形成能を有するグラム陽性の代表的なモデル細菌です。安定同位体アミノ酸を用いたアセチローム・スクシニローム解析から、様々なタンパク質のアシル化修飾が栄養条件や培養フェーズに応じて変化することが明らかとなりました。そのなかで、RNAポリメラーゼやリボソームの活性や特異性に影響を及ぼすとしたら、転写や翻訳に与えるインパクトは大きいことが予想されます。アシル化修飾が栄養シグナルに応答した転写・翻訳制御に関わる未知のメカニズムを明らかにしようとしています。



生物生産工学研究センターシンポジウム

植物科学の潮流：フィールド分子生物学へ

生物生産工学研究センターでは、毎年、「生物資源・食料・環境問題の微生物・植物バイオテクノロジーの活用による解決」をキーワードにシンポジウムを開催している。2016年度は、国立研究開発法人科学技術振興機構戦略的創造研究推進事業（CREST）ならびに東京大学農学生命科学研究科との共催により、10月27日に東京大学弥生講堂一条ホールに於いて「植物科学の潮流：フィールド分子生物学へ」と題して開催された。植物研究界をリードする最先端の研究者を講師として迎え、参加者は約160名にのぼり盛会のうちに行われた。シンポジウムに引き続き、東京大学弥生講堂アネックスセイホクギャラリーにおいて懇談会が開催され、最後まで討論が行われた。



開催記念集合写真



懇親会

プログラム

開会の辞

13:30 妹尾 啓史（生物生産工学研究センター長）

挨拶

13:35 丹下 健（農学生命科学研究科長）

座長：藤原 徹（東京大学大学院農学生命科学研究科）

13:40 柳澤 修一（東京大学生物生産工学研究センター）

“植物のフィールド分子生物学に向けた試み”

14:10 芦苺 基行（名古屋大学生物機能開発利用研究センター）

“ウエットですか？ドライですか？いいえ、マッドです。－田んぼで科学する－”

14:40 休憩

座長：大西 康夫（東京大学大学院農学生命科学研究科）

14:55 射場 厚（九州大学大学院理学研究院）

“温暖化・高CO₂化適応植物に関する基盤的研究”

15:25 高橋 秀樹（Michigan State University, Department of Biochemistry and Molecular Biology）

“根の形態制御における窒素栄養応答の数理統計学モデリングへの試み”

15:55 休憩

座長：篠崎 和子（東京大学大学院農学生命科学研究科）

16:10 片桐 文章（University of Minnesota, Department of Plant Biology）

“Dynamics, mechanisms, and evolution of a highly resilient plant immune signaling network”

16:40 田中 歩（北海道大学低温科学研究所）

“緑色植物における光合成光捕捉系の進化と限界”

閉会の辞

17:10 妹尾 啓史（生物生産工学研究センター長）

第五回 生物生産工学研究センター 研究発表会

5th Seminar of Biotechnology Research Center

生物生産工学研究センターの学生・ポスドクがバイオテクノロジー分野における広い視野を持つことと切磋琢磨することを目指して、研究発表会が企画された。センターの研究室に加え、学外連携部門、応用生命化学・工学専攻の研究室からの学生、研究員、教員が4月19日に弥生講堂一条ホールに集まり、研究発表会が行われた。また二名の海外研究者を招待し、特別講演をして頂いた。会の運営や進行、発表は学生・ポスドクを主体として行われた。口頭発表とポスター発表は主に英語によって行われ、活発な議論がなされた。教員による公正な審査の結果、小林正弥さん、前田佳栄さんに優秀発表賞が授与され、茂手木敦史さん、松岡淳一さん、井上達也さんに敢闘賞が授与された。

13:00 Opening address (Director of BRC, Prof. Keishi Senoo)

Session 1 Chair : Kazuya Teramoto (CB)

13:05 Yoshie Maeda (PFB) Molecular mechanism underlying regulation of the expression of NRT2.1 nitrate transporter gene in *Arabidopsis thaliana*

13:20 Kazumasa Ogura (AM) Physiological studies of the two rhodanese-like proteins in *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6

13:35 Yuri Yoshida (EB) Molecular Action of bZIP Type Transcription Factor OsTGAP1 on Phytoalexins Synthesis in Rice

13:50 Break

Session 2 (Special lecture) Chair: Aya Mizuike (CG)

14:05 Prof. Sang-Dong Yoo (Lab of Molecular Signaling Systems, Division of Life Sciences, College of Life Sciences and Biotechnology, KOREA University) Molecular signaling systems underlying cellular energy stress tolerance in plants.

14:25 Dr. Park, Jin-Soo (Natural Constituents Research Center, Gangneung Institute of Natural Products, Korea Institute of Science and Technology (KIST)) From symbiotic association between dung beetle and microbe to the discovery of new secondary metabolites

15:05 Break

Session 3 Chair : Masahiro Nishio (MCB)

15:15 Kei Kudo (CB) Biosynthesis of the histone deacetylase inhibitor trichostatin A

15:30 Atsushi Motegi (EB) The JA-inducible transcription factor RERJ1 is involved in the response mechanism to herbivores in rice

15:45 Junichi Matsuoka (PFB) Searching for environmental factors controlling a pathogenic feature of *Azorhizobium caulinodans*, a rhizobium of *Sesbania rostrata*

16:00 Break

Session 4 Chair : Kazumasa Ogura (AM)

16:15 Kazuki Noshio (MCB) The importance of fatty acid synthesis in colony formation

16:30 Tatsuya Inoue (AM) Exploration of bacteria which produce useful materials using iron as an electron source

16:45 Masaya Kobayashi (CB) Biosynthesis of Prenylated Indole Alkaloids in Bacteria

17:00 Break

17:10 Poster session

Hirofumi Akagawa (MCB) Mechanism of ribosome degradation induced by rapamycin in *Saccharomyces cerevisiae*

Hiroko Fukushima (MCB) Analysis of genes retaining colony-forming activity of cold- and starvation-stressed *Escherichia coli* cells

Tian Siqi (CG) Sterol transport from the endoplasmic reticulum to vacuole in *Saccharomyces cerevisiae*

Kei-ichi Murai (MM) Study on "metabolons", supercomplexes of metabolic enzymes, in *Corynebacterium glutamicum*

Mirai Tanigawa (Maeda Lab) Analysis of the Ego/Gtr independent activation mechanism of TORC1

Ayano Abe (MM) The functional analysis of lysine acetylation in the E2 subunit of the ODH/PDH complex in *Corynebacterium glutamicum*

Ayuka Yamada (MM) Analysis of acetylation and deacetylation of PEPC in *Corynebacterium glutamicum*

Kyosuke Yamamoto (Univ. of Tsukuba, AIST) Changes in evolutionary dynamics of pathogenic bacteria driven by interspecies interactions

Yu Hagiwara (SS) Response to phosphorus sources of soil bacterium *Burkholderia* sp.

Hibiki kawano (EB) Adaptation of bacterial strains to increased fitness cost by plasmid carriage

Yuki Kadono (EB) DNA-binding affinities of plasmid- chromosomally encoded MvaT homologs

Yoko Tabushi (SS) Dominance and large contribution to reductive N transformation of Deltaproteobacteria in paddy soil as revealed by metatranscriptome and metagenome approaches

Keitaro Yoshida (Univ. of Tsukuba) An adhesin required for biofilm formation of the non-motile Gram-negative bacterium *Paracoccus denitrificans*

Kana Morinaga (Univ. of Tsukuba) Quorum-sensing represses the cell aggregation of *Paracoccus denitrificans*

Sarina Tanaka (CB) Toward engineering of *Bacillus terpenae* synthase for isoprene bioproduction

Shunsuke Oba (CB) Exploration of novel nucleoside antibiotics produced by *Streptomyces*

Ioana Valea (EB) RERJ1, a Wound Inducible Transcription Factor - Involvement in the JA Signaling System

Fumika Nakanishi (CB) Studies on transcriptional regulatory mechanism of arginine biosynthesis in thermoacidophilic archaeon *Sulfolobus acidocaldarius*

Choong-Soo Yun (RIKEN) Biosynthesis of the mycotoxin tenuazonic acid by a novel NRPS-PKS hybrid enzyme in fungi

Satomi Fujita (CB) Crystallographic analysis of LysK involved in lysine biosynthesis in *Thermus thermophilus*

Ye Zhongphen (EB) ¹³C labelled chemical approach toward unlocking of diterpene phytoalexins biosynthetic pathway in Rice

Keita Oishi (CB) Functional analysis of novel biotin biosynthetic enzyme conserved in halophilic archaea and cyanobacteria

18:40 Reception

20:10 Closing remarks

AM, Applied Microbiology (応用微生物学); **CBT**, Cell Biotechnology (細胞機能工学); **CG**, Cellular Genetics (細胞遺伝学); **EB**, Environmental Biochemistry (環境保全工学); **MBM**, Microbial Metabolomics (微生物機能代謝工学); **MCB**, Molecular and Cellular Breeding (分子育種学); **PFB**, Plant Functional Biotechnology (植物機能工学); **SS**, Soil Science (土壌圏科学)

**生物生産工学研究センター
研究・教育活動**

● 報文、学会発表等 ●

●報文

Miyamoto K, Enda I, Okada T, Sato Y, Watanabe K, Sakazawa T, Yumoto E, Shibata K, Asahina M, Iino M, Yokota T, Okada K, Yamane H. (2016) Jasmonoyl-L-isoleucine is required for the production of a flavonoid phytoalexin but not diterpenoid phytoalexins in ultraviolet-irradiated rice leaves. *Biosci Biotechnol Biochem* 80:1934-1938

Miyamoto K, Fujita M, Shenton MR, Akashi S, Sugawara C, Sakai A, Horie K, Hasegawa M, Kawaide H, Mitsuhashi W, Nojiri H, Yamane H, Kurata N, Okada K, Toyomasu T (2016) Evolutionary trajectory of phytoalexin biosynthetic gene clusters in rice. *Plant J* 87:293-304

Okada K, Kawaide H, Miyamoto K, Miyazaki S, Kainuma R, Kimura H, Fujiwara K, Natsume M, Nojiri H, Nakajima M, Yamane H, Hatano Y, Nozaki H, Hayashi K (2016) HpDTC1, a Stress-Inducible Bifunctional Diterpene Cyclase Involved in Momilactone Biosynthesis, Functions in Chemical Defence in the Moss *Hypnum plumaeforme*. *Sci Rep* 6:25316

Nishimura T, Mochizuki S, Ishii-Minami N, Fujisawa Y, Kawahara Y, Yoshida Y, Okada K, Ando S, Matsumura H, Terauchi R, Minami E, Nishizawa Y (2016) *Magnaporthe oryzae* Glycine-Rich Secretion Protein, Rbf1 Critically Participates in Pathogenicity through the Focal Formation of the Biotrophic Interfacial Complex. *PLoS Pathog* 12:e1005921

Toyomasu T, Miyamoto K, Shenton MR, Sakai A, Sugawara C, Horie K, Kawaide H, Hasegawa M, Chuba M, Mitsuhashi W, Yamane H, Kurata N, Okada K (2016) Characterization and evolutionary analysis of ent-kaurene synthase like genes from the wild rice species *Oryza rufipogon*. *Biochem Biophys Res Commun* 480:402-408

Takeuchi, Hasegawa H, Gyoehda A, Komatsu S, Okamoto T, Okada K, Terakawa T, Koshiba T. (2016) Overexpression of RSOsPR10, a root-specific rice PR10 gene, confers tolerance against drought stress in rice and drought and salt stresses in bentgrass. *Plant Cell Tiss Org* 127:35-46

Shinya T, Hojo Y, Desaki Y, Christeller JT, Okada K, Shibuya N, Galis I (2016) Modulation of plant defense responses to herbivores by simultaneous recognition of different herbivore-associated elicitors in rice. *Sci Rep* 6:32537

Suzuki-Minakuchi C, Kawazuma K, Matsuzawa J, Vasileva D, Fujimoto Z, Terada T, Okada K, Nojiri H (2016) Structural similarities and differences in H-NS family proteins revealed by the N-terminal structure of TurB in *Pseudomonas putida* KT2440. *FEBS Lett* 590:3583-3594

Ye Z, Nakagawa K, Natsume M, Nojiri H, Kawaide H, Okada K (2017) Biochemical synthesis of uniformly ¹³C-labeled diterpene hydrocarbons and their bioconversion to diterpenoid phytoalexins in planta. *Biosci Biotech Biochem* 81:1176-1184

Ogawa S, Miyamoto K, Nemoto K, Sawasaki T, Yamane H, Nojiri H, Okada K (2017) OsMYC2, an essential factor for JA-inductive sakuranetin production in rice, interacts with MYC2-like proteins that enhance its transactivation ability. *Sci Rep* 7:40175

Ogawa S, Kawahara-Miki R, Miyamoto K, Yamane H, Nojiri H, Tsujii Y, Okada K. (2017) OsMYC2 mediates numerous defence-related transcriptional changes via jasmonic acid signalling in rice. *Biochem Biophys Res Commun*. 486:796-803.

Chakraborty J, Suzuki-Minakuchi C, Okada K, Nojiri H (2017) Thermophilic bacteria are potential sources of novel Rieske non-heme iron oxygenases *AMB Express* 7:17

Matsuda K, Hasebe F, Shiwa Y, Kanesaki Y, Tomita T, Yoshikawa H, Shin-ya K, Kuzuyama T, Nishiyama M (2017) Genome mining of amino group carrier protein-mediated machinery: discovery and biosynthetic characterization of a natural product with unique hydrazone unit. *ACS Chem Biol* 12:124-131

Nara A, Hashimoto T, Komatsu M, Nishiyama M, Kuzuyama T, Ikeda H (2017) Characterization of bafilomycin biosynthesis in *Kitasatospora setae* KM-6054 and comparative analysis of gene clusters in Actinomycetales microorganisms. *J Antibiot* 70:616-624

Shimizu T, Yin L, Yoshida A, Yokooji Y, Hachisuka SI, Sato T, Tomita T, Nishida H, Atomi H, Kuzuyama T, Nishiyama M (2017) Structure and function of an ancestral-type β -decarboxylating dehydrogenase from *Thermococcus kodakarensis*. *Biochem J* 474:105-122

Kubota T, Matsushita H, Tomita T, Kosono S, Yoshida M, Kuzuyama T, Nishiyama M (2017) Novel stand-alone RAM domain protein-mediated catalytic control of anthranilate phosphoribosyltransferase in tryptophan biosynthesis in *Thermus thermophilus*. *Extremophiles* 21:73-83

Takahashi K, Nakanishi F, Tomita T, Akiyama N, Lassak K, Albers SV, Kuzuyama T, Nishiyama, M (2016) Characterization of two β -decarboxylating dehydrogenases from *Sulfolobus acidocaldarius*. *Extremophiles* 20:843-853

Hasebe F, Matsuda K, Shiraiishi T, Futamura Y, Nakano T, Tomita T, Ishigami K, Taka H, Mineki R, Fujimura T, Osada H, Kuzuyama T, Nishiyama M (2016) Amino-group carrier-protein-mediated secondary metabolite biosynthesis in *Streptomyces*. *Nat Chem Biol* 12:967-972

Takahashi K, Tomita T, Kuzuyama T, Nishiyama M (2016) Determinants of dual substrate specificity revealed by the crystal structure of homoisocitrate dehydrogenase from *Thermus thermophilus* in complex with homoisocitrate-Mg²⁺-NADH. *Biochem Biophys Res Commun* 478:1688-1693

Yoshida A, Tomita T, Atomi H, Kuzuyama T, Nishiyama M (2016) Lysine biosynthesis of *Thermococcus kodakarensis* with the capacity to function as an ornithine biosynthetic system. *J Biol Chem* 291:21630-21643

Tsujimoto M, Yoshida A, Shimizu T, Tomita T, Ohnishi Y, Kuzuyama T, Nishiyama M (2016) Aspartate kinase involved in 4-hydroxy-3-nitrosobenzamide biosynthesis in *Streptomyces murayamaensis*. *Biosci Biotechnol Biochem* 2:1-9

Inahashi Y, Shiraishi T, Palm K, Takahashi Y, Ōmura S, Kuzuyama T, Nakashima T (2016) Biosynthesis of trehangelin in *Polymorphospora rubra* K07-0510: identification of metabolic pathway to angelyl-CoA. *ChemBiochem*. 17:1442-1447

Shiraishi T, Hiro N, Igarashi M, Nishiyama M, Kuzuyama, T (2016) Biosynthesis of the antituberculous agent caprazamycin: Identification of caprazol-3"-phosphate, an unprecedented caprazamycin-related metabolite. *J Gen Appl Microbiol* 62:164-166

Shimizu T, Tomita T, Kuzuyama T, Nishiyama M (2016) Crystal structure of the LysY·LysW complex from *Thermus thermophilus*. *J Biol Chem* 291:9948-9959

Liu KH, Niu Y, Konishi M, Wu Y, Du H, Chung HS, LL, Boudsocq M, McCormack M, Maekawa S, Ishida T, Zhang C, Shokat K, Yanagisawa S, Sheen J, (2017) Discovery of Nitrate-CPK-NLP signalling in central nutrient-growth networks. *Nature* 18:311-316

Otori K, Tanabe N, Maruyama T, Sato S, Yanagisawa S, Tamoi M, Shigeoka S (2017) Enhanced photosynthetic capacity increases nitrogen metabolism through the coordinated regulation of carbon and nitrogen assimilation in *Arabidopsis thaliana*. *J Plant Res* 130:909-927

Sato T, Maekawa S, Konishi M, Yoshioka N, Sasaki Y, Maeda H, Ishida T, Kato Y, Yamaguchi J, Yanagisawa S (2017) Direct transcriptional activation of *BT* genes by NLP transcription factors is a key component of the nitrate response in *Arabidopsis*. *Biochem Biophys Res Commun*, 483:380-386.

Ishida T, Maekawa S, Yanagisawa S (2016) The pre-rRNA processing complex in *Arabidopsis* includes two WD-domain-containing proteins encoded by glucose-inducible genes and plant-specific proteins. *Mol Plant* 9:312-315.

Ohama N, Kusakabe K, Mizoi J, Zhao H, Kidokoro S, Koizumi S, Takahashi F, Ishida T, Yanagisawa S, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K (2016) The transcriptional cascade in the heat stress response in *Arabidopsis* is strictly regulated at the expression levels of transcription factors. *Plant Cell* 28:181-201

Sato S, Siarot L, Matsuoka J, Aono T, Oyaizu H (2016) An *Azorhizobium caulinodans* ORS571 mutant with deletion of a gene encoding a TIGR02302 family protein overproduces exopolysaccharides and is defective in infection into plant host cells. *Soil Sci Plant Nutr* 62:392-398

Kizawa K, Aono T, Ohtomo R (2016) *PHO8* gene coding alkaline phosphatase of *Saccharomyces cerevisiae* is involved in polyphosphate metabolism. *J Gen Appl Microbiol* 62:297-302

Mizuno Y, Nagano-Shoji M, Kubo S, Kawamura Y, Yoshida A, Kawasaki H, Nishiyama M, Yoshida M, Kosono S (2016) Altered acetylation and succinylation profiles in *Corynebacterium glutamicum* in response to conditions inducing glutamate overproduction. *MicrobiologyOpen* 5:152-173

Ishigaki Y, Akanuma G, Yoshida M, Horinouchi S, Kosono S, Ohnishi Y (2017) Protein acetylation involved in streptomycin biosynthesis in *Streptomyces griseus*. *J Proteomics* 155: 63-72

●国内学会発表等

■第 15 回東京大学生命科学シンポジウム 2016 年 4 月 23 日 (東京大学)
アレロパシー物質モミラクトンに対するイネの自己耐性機構の解明
富田啓介、野尻秀昭、岡田憲典

イネの bHLH 型転写因子 DPF によるファイトアレキシン生合成遺伝子 OsCPS2 の発現誘導機構の解析
田淵雄夢, 堤涼, 根本圭一郎, 澤崎達也, 森昌樹, 野尻秀昭, 岡田憲典

土壌細菌 *Pseudomonas putida* のヒストン様因子 TurB の結晶構造解析
水口千穂、川妻孝平、松澤淳、Delyana Vasileva、藤本瑞、寺田透、岡田憲典、野尻秀昭

Protein lysine acylation profile of a plasmid-free and pCAR1-harboring *Pseudomonas putida* KT2440
Vasileva Delyana, Suzuki-Minakuchi Chiho, Kosono Saori, Yoshida Minoru, Okada Kazunori, Nojiri Hideaki

複数の受容菌存在下で接合伝達の成立に影響を及ぼす因子の探索

作田郁子、水口千穂、小曾根郁子、橋本詢子、小松護、新家一男、池田治生、岡田憲典、野尻秀昭

■環境バイオテクノロジー学会 2016 年度大会 2016 年 6 月 13-14 日 (広島県民文化センター)
接合伝達性プラスミドの複数の受容菌存在下における受容菌選択機構の解明
作田郁子、水口千穂、小曾根郁子、橋本詢子、小松護、新家一男、池田治生、岡田憲典、野尻秀昭

プラスミド保持に伴う宿主依存的な負荷の差異
河野響、久保彩、水口千穂、岡田憲典、野尻秀昭

■日本農芸化学会 2016 年度第一回関東支部例会シンポジウム「微生物の代謝と天然物化学」 2016 年 6 月 25 日 東京
放線菌由来環状天然化合物の骨格形成機構
葛山智久

■日本農芸化学会 関東支部 2016 年度第一回支部例会 受賞講演 東京農業大学 2016 年 6 月 25 日 東京
アミノ酸代謝に関わる酵素に関する構造生物学的研究
富田 武郎

■第 51 回天然物談話会 2016 年 7 月 6-8 日 新潟
放線菌の生産するプレニルインドールアルカロイドの生合成研究
小林正弥

放線菌由来ジテルペン環化酵素 CotB2 の特異な環化反応機構の解明
寺本和矢

■東京理科大学アグリ・バイオ公開シンポジウム 2016 年 7 月 28 日 (東京理科大学)
化学防御物質を利用した植物の巧みな生存戦略とその進化
岡田憲典

アミノ基キャリアタンパク質を介する生合成：発見と普遍性
西山真

■生命システム原材料の起源と進化研究会 第 2 回研究交流会 千葉工業大学御宿研究センター 2016 年 8 月 5 日 千葉
アミノ基結合型キャリアタンパク質を介したリジン生合成メタボロンの解析
清水哲、富田武郎、葛山智久、西山真

■2016 年度グラム陽性菌ゲノム機能会議、2016 年 8 月 (KKR ホテル熱海)
翻訳因子 EF-Tu におけるアシル化修飾の機能解析
近藤直子、鈴木祥太、西山真、古園さおり

■生物資源ゲノム解析拠点シンポジウム・研究発表会 2016 年 9 月 6 日 (東京農業大学)
Whole genome sequencing of carbazole-degrading bacteria
Felipe Vejarano, Chiho Suzuki-Minakuchi, Yu Kanesaki, Hirofumi Yoshikawa, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

■2016 年度日本放線菌学会大会 東京 2016 年 9 月 8-9 日
放線菌由来新奇テルペン環化酵素の結晶構造解析
小林正弥、尾崎太郎、富田武郎、西山真、葛山智久

Structural and biochemical studies of cytidylyltransferase involved in the biosynthesis of the phosphonate-antibiotic fosfomicin
Su Hee Cho, Seung Young Kim, Taro Shiraiishi, Takeo Tomita, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

ペプチジルヌクレオシド系抗生物質Amipurimycinの生合成に関する研究
池内秀雄、新家一男、西山真、葛山智久

アシル化反応に関与する新奇キャリアタンパク質の発見
白石太郎、五十嵐雅之、西山 真、葛山智久

Novel polyketide discovered via activation of cryptic biosynthetic genes from *Streptomyces*
Wei Li Thong, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

■第 58 回天然有機化合物討論会 2016 年 9 月 11 日 仙台
ジテルペン環化酵素が触媒する多段階反応機構の解明
寺本和矢、目黒亜由子、本吉祐大、佐藤玄、増本優衣、手塚則亨、坂井健太、上田翔太、遠塚悠輔、安藤祐美、富田武郎、
金承榮、木村智之、五十嵐雅之、澤竜一、品田哲郎、王超、内山真伸、西山真、葛山智久

■第 26 回イソプレノイド研究会 2016 年 9 月 20 日 (長崎県立大学)

適応代謝産物モミラクトンはイネだけが装備する化学防御物質ではないようだ
岡田憲典、藤原薫、照屋美優、野尻秀昭、宮本皓司、山根久和、野崎浩、林謙一郎、
川出洋、Longjiang Fan

Trichoderma 属糸状菌由来モノテルペン合成酵素の探索と機能解析
寺本和矢、石神健、野中健一、塩見和朗、西山真、葛山智久

Bacillus alcalophilus 由来セスタテルペン/トリテルペン合成酵素
田中慧里奈、石神健、富田武郎、西山真、葛山智久

シクロラバンデュリル 2 リン酸合成酵素の結晶構造解析
小林正弥、富田武郎、西山真、葛山智久

■日本土壌肥科学 2016 年度佐賀大会 2016 年 9 月 20-22 日 (佐賀大学)
硝酸シグナル応答型転写因子 NLP は BT 群の遺伝子発現制御を介して側根伸長を制御する
前川修吾、吉岡希、小西美稲子、石田哲也、加藤祐樹、柳澤修一

シロイヌナズナのリン応答における BT 遺伝子の機能の解析
菅野里美、岡田和哉、前川修、大西美輪、石田哲也、Laurent NUSSAUME、中西友子、深城英弘、柳澤修一、三村徹郎

植物の硝酸応答を担う NLP 転写因子群の機能解析
沖津孝幸、小西美稲子、柳澤修一

硝酸シグナルによる NLP 転写因子の翻訳後修飾
小西美稲子、前川修吾、石田哲也、柳澤修一

硝酸シグナル応答における転写因子群 NIGT ファミリーの役割
前田佳栄、小西美稲子、木羽 隆敏、榊原均、柳澤修一

セスパニア根粒菌の宿主殺傷能に関わる *reb* オペロンの新たな発現制御因子
松岡淳一、青野俊裕

セスパニア根粒菌における *reb* オペロン発現および R-body 合成の温度による調節
青野俊裕、石網史子、松岡淳一

■第 89 回 日本生化学会 フォーラム 2F10 生命システム原材料の起源と進化：現在の生化学反応に生命初期進化の痕跡は残っているか 2016 年 9 月 25-26 日 横浜
アミノ酸生合成系における反応の共通性と多様性
西山真

■日本農芸化学会中部支部第 177 回例会ミニシンポジウム「触媒機能の活用に向けた微生物研究の新展開」、2016 年 9 月 (名古屋大学)
細菌におけるタンパク質アシル化修飾研究の現状と展望
古園さおり

■静岡県立大学 平成 28 年度 食糧栄養科学 月例セミナー 2016 年 10 月 5 日 静岡
アミノ基キャリアタンパク質を介した多様な化合物の生合成
西山真

■日本農芸化学会関東支部 2016 年度大会 2016 年 10 月 15 日 (日本獣医生命科学大学)
複数の受容菌候補の存在下で接合伝達の受容菌はどう決まるのか
作田郁子、水口千穂、小曾根郁子、橋本絢子、小松護、新家一男、池田治生、岡田憲典、野尻秀昭

核様体タンパク質の DNA 結合における塩基配列特異性の解析
角埜裕基、水口千穂、高橋裕里香、岡田憲典、野尻秀昭

植物化学調節学会 第 51 回大会、2016 年 10 月 28-30 日 (高知大学)
イネのジテルペン型ファイトアレキシン生産制御因子 DPF のジャスモン酸シグナル下流での働き
田淵雄夢、堤涼、根本圭一郎、澤崎達也、森昌樹、宮本皓司、山根久和、光田展隆、野尻秀昭、岡田憲典

■住木・梅澤記念賞受賞講演 2016 年 10 月 18 日 東京
微生物由来テルペノイドの生合成研究
葛山智久

■第 15 回微生物研究会 2016 年 11 月 5 日 (日本大学)

複数の受容菌が存在するとき、プラスミドはどの菌を選ぶのか？

作田郁子、水口千穂、小曾根郁子、橋本絢子、小松護、新家一男、池田治生、岡田憲典、野尻秀昭

細菌にとってプラスミドの保持は負荷なのか？

河野響、上田朋美、水口千穂、岡田憲典、野尻秀昭

Pseudomonas 属細菌の H-NS ファミリータンパク質が持つ DNA 結合特異性の評価

角埜裕基、水口千穂、高橋裕里香、岡田憲典、野尻秀昭

■第 7 回醗酵学フォーラム 2016 年 11 月 12-13 日 山梨

アミノ基結合型キャリアタンパク質を指標とした探索による新規天然化合物 s56-p1 発見とその生合成に関する研究

松田研一

■公益財団法人 日本応用酵素協会 酵素研究助成 第 42 回研究発表会 2016 年 11 月 21 日 大阪

アミノ基結合型キャリアタンパク質を介した二次代謝生合成機構の解明と新規有用生物活性物質の探索

西山真

■極限環境生物学会 2016 年度年会 2016 年 11 月 25-26 日 (東京工業大学)

プラスミドは種々の宿主にどのように負荷を与えるのか？

河野響、上田朋美、水口千穂、岡田憲典、野尻秀昭

■HiHA 第 8 回 Workshop 「代謝と健康」 2016 年 12 月 16 日 広島

放線菌の生産するヌクレオシド系抗結核性抗生物質に関する研究

葛山智久

■浅野酵素活性分子プロジェクト研究成果報告会 特別招待講演 2016 年 12 月 22 日 東京

アミノ酸代謝関連酵素の構造・機能・調節

西山真

■公益社団法人 日本農芸化学会 賀詞交歓会 2017 年 1 月 7 日 東京

『Visionary 農芸化学 100』全体構想について

西山真

■新学術領域「生合成リデザイン」第一回公開シンポジウム 2017 年 1 月 28 日 東京

複雑骨格を創成する革新的生合成マシナリーの開拓と精密機能解析

葛山智久

■第 11 回日本ゲノム微生物学会年会 2017 年 3 月 2-4 日 (慶應義塾大学)

Genomic analysis of carbazole degrading bacteria from different environments

Vejarano Felipe, Chakraborty Joydeep, Suzuki-Minakuchi Chiho, Kanesaki Yu, Yoshikawa Hirofumi, Okada Kazunori, Nojiri Hideaki

Pseudomonas 属細菌由来 H-NS ファミリータンパク質の DNA 結合ドメインが持つ塩基配列嗜好性の解析

角埜裕基、水口千穂、高橋裕里香、寺田透、岡田憲典、野尻秀昭

■第 11 回日本ゲノム微生物学会年会シンポジウム「微生物および代謝のフロンティア研究」、2017 年 3 月 (慶應義塾大学湘南藤沢キャンパス)

微生物代謝に関わるタンパク質アシル化修飾研究の現状と展望

古園さおり

■第 447 回ビタミン B 研究協議会 2017 年 3 月 4 日 大阪

好熱菌の CoA 転移酵素の新規制御機構

西山真

■第 58 回日本植物生理学会年会、2017 年 3 月 16-18 日 (鹿児島)

bZIP 型転写因子 OsTGAP1 はジテルペン型ファイトアレキシン生産を介したイネのアレロパシー活性に必要である

Yuri Yoshida, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

RERJ1 – a JA-dependent Early Inducible bHLH Transcription Factor – Function in the rice JA-signaling System together with OsMYC2 and OsJAZ

Ioana Valea, Koji Miyamoto, Kenji Gomi, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

イネ品種間で見られる窒素飢餓応答とリン酸飢餓応答の多様性のリン酸取り込みを指標とした評価

植田佳明、菅野圭一、宮尾光恵、柳澤修一

リボソーム RNA プロセッシング因子である APUM24 の発現低下は糖応答に影響を及ぼす
前川修吾、石田哲也、柳澤修一

シロイヌナズナエコタイプ間での CO₂/N 応答の比較解析
馬淵敦士、門田慧奈、高橋將、櫻庭康仁、柁宜淳太郎、柳澤修一、射場厚

植物の硝酸応答を担う NLP 転写因子群の機能解析
沖津孝幸、小西美稲子、柳澤修一

硝酸シグナルによる遺伝子発現誘導における NIGT1 転写因子群の役割
前田佳栄、小西美稲子、木羽隆敏、櫻庭康仁、榎原均、柳澤修一

■第 58 回日本植物生理学会年会シンポジウム「植物栄養研究の新局面」
硝酸応答における NLP 転写因子の中心的機能
小西美稲子

老化と栄養応答における赤色光シグナルの役割
櫻庭康仁

■公益社団法人 日本農芸化学会 Visionary 農芸化学特別シンポジウム
2017 年 3 月 17 日 京都
Visionary 農芸化学 100 について
西山真

■日本農芸化学会 2017 年度大会 2017 年 3 月 17-20 日 (京都女子大)
ハイゴケにおける化学防御物質モミラクトンの生産制御機構の解明
照屋美優、藤原 薫、宮本 皓司、新屋友規、Ivan Galis、山根 久和、林 謙一郎、野尻秀昭、岡田 憲典

野生イネにおけるファイトアレキシン生合成遺伝子クラスター領域の転写動態とその制御因子の進化
富山詩歩、川原玲香、宮本皓司、山根久和、Matthew R. Shenton、倉田のり、豊増知伸、野尻秀昭、岡田憲典

イネのフラボノイド化合物サクラネチンの生産誘導におけるジャスモン酸とフォスファチジン酸の協調作用
石田明大、小川哲史、西澤洋子、南栄一、山根久和、有村源一郎、野尻秀昭、岡田憲典

イネのジテルペン型ファイトアレキシン生産制御因子 DPF のジャスモン酸による誘導と細胞内挙動
田淵雄夢、堤涼、根本圭一郎、澤崎達也、森昌樹、宮本皓司、山根久和、光田展隆、野尻秀昭、岡田憲典

植物由来の生物活性ジテルペン化合物モミラクトンが酵母に与える生育抑制効果する
富田啓介、松尾安浩、川向誠、野尻秀昭、岡田憲典

イネのジテルペン型ファイトアレキシン生産における OsbZIP79 を介した転写抑制機構の解析
渋谷大地、宮本皓司、山根久和、野尻秀昭、岡田憲典

イネのジャスモン酸誘導性転写因子 RERJ1 によるリナロール生産制御メカニズムの解明
茂手木敦史、宮本皓司、山根久和、新屋友規、Ivan Galis、岡田憲典、野尻秀昭

bZIP 型転写因子 OsTGAP1 によるジテルペン型ファイトアレキシン生産制御機構の解明
吉田悠里、宮本皓司、山根久和、野尻秀昭、岡田憲典

Diversity of carbazole degradative gene clusters, mobilization and recruitment according to whole genome sequencing
Vejarano Felipe, Suzuki-Minakuchi Chiho, Chakraborty Joydeep, Kanesaki Yu, Yoshikawa Hirofumi, Okada Kazunori, Nojiri Hideaki

細菌集団におけるプラスミドの受容菌選り好み機構の発見と解析
作田郁子、水口千穂、小曾根郁子、橋本絢子、小松護、新家一男、池田治生、森内良太、道羅英夫、新谷政己、岡田憲典、野尻秀昭

Gene expression analysis of aerobic and anaerobic benzene degradative genes of *Azoarcus* sp. DN11
Allan Devanadera, Chiho Suzuki-Minakuchi, Yuki Kasai, Yoh Takahata, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

Pseudomonas resinovorans CA10dm4 株はプラスミド「非感受性」の宿主である
河野響、上田朋美、水口千穂、岡田憲典、野尻秀昭

プラスミド・宿主染色体由来 H-NS ファミリータンパク質の DNA との結合親和性の定量
角埜裕基、水口千穂、高橋裕里香、岡田憲典、野尻秀昭

土壌・マングローブ底泥由来の微生物におけるピレン分解系の解析
森田知美、Felipe Vejarano、水口千穂、Pagakrong Wanapaisan、Natthariga Laothamteep、Chanokporn Muangchinda、
岡田 憲典、Onruthai Pinyakong、岩田 健一、野尻 秀昭

Quantification of H-NS family proteins in *Pseudomonas putida*
Zongping Sun, Delyana Vasileva, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada, Feng Luo, Yasuo Igarashi, Hideaki Nojiri

pCAR1 上のカルバゾール分解遺伝子群の発現は一細胞レベルでどのように異なっているか？
高比良早紀、山本夏実、水口千穂、岡田憲典、野尻秀昭

Thermophilic bacteria are potential sources of novel Rieske non-heme iron oxygenases
Joydeep Chakraborty, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

Biodegradation of phenolic compounds by *Bacillus licheniformis* strain TAB7
Enock Mpofu, Chiho Suzuki-Minakuchi, Felipe Vejarano, Joydeep Chakraborty, Toshiaki Kimura, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

プラスミド・宿主染色体由来 H-NS ファミリータンパク質のヘテロ多量体形成機構
水口 千穂、ヴァシレヴァ デリアナ、藤本 瑞、寺田 透、岡田 憲典、野尻 秀昭

好塩性古細菌およびシアノバクテリアに保存された新規ビオチン生合成酵素の機能解析
大石恵太、清水哲、小林一幾、富田武郎、田中寛、葛山智久、西山真

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* 由来 isopropylmalate synthase のアシル化修飾による活性制御機構の解析
吉田彩子、吉田稔、古園さおり、西山真

新規アミノ酸 DADH によるマスト細胞の活性抑制
白井智文、笠倉和巳、長谷部文人、松田研一、八代拓也、西山真、西山千春

新規非タンパク性アミノ酸 DADH による免疫抑制作用
関本崇宏、八代拓也、長谷部文人、松田研一、笠倉和巳、西山真、西山千春

好熱菌 *Thermus thermophilus* 由来のリジン生合成系酵素 LysK とキャリアタンパク質 LysW の相互作用機構に関する研究
藤田理美、長谷部文人、CHO Su-Hee、富田武郎、葛山智久、西山真

新規天然化合物 s56-p1 の特異なヒドラゾンユニットの生合成に関する研究
松田研一、新家一男、葛山智久、西山真

カブラザマイシン生合成における小タンパク質を介したアシル化反応の発見
白石太郎、廣昇、五十嵐雅之、西山真、葛山智久

ペプチジルヌクレオシド系抗生物質 Amipurimycin の生合成に関する研究
池内秀雄、白石太郎、新家一男、西山真、葛山 智久

放線菌のメロテルペノイド生合成における普遍的脱アミノ化機構の解析
野口智弘、工藤慧、西山真、葛山智久

シクロラバンデュリルニリン酸合成酵素の結晶構造解析
小林正弥、富田武郎、品田哲郎、西山真、葛山智久

Trichoderma 属糸状菌由来テルペン合成酵素の探索と機能解析
寺本和矢、石神健、野中健一、塩見和朗、西山真、葛山智久

超好熱・好酸性古細菌 *Sulfolobus acidocaldarius* におけるアルギニン生合成酵素遺伝子の転写調節機構に関する研究
中西史佳、富田武郎、葛山智久、西山真

Corynebacterium glutamicum 由来 Phosphoenolpyruvate carboxylase における Pup 化修飾の機能解析
濱本勇磨、永野愛、西山真、古園さおり

Corynebacterium glutamicum における 2-オキソグルタル酸デヒドロゲナーゼ制御因子 OdhI のアシル化部位の機能解析
阿部理乃、西山真、古園さおり

Isolation of isoindolinomycin, a novel isoindolinone-derived natural product discovered via activation of cryptic gene cluster

from Streptomyces

Wei Li Thong, Kazuo Shin-Ya, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

■日本植物学会80回大会シンポジウム「植物成長を最適化する行動選択」

硝酸シグナルと植物成長

柳澤修一

■第34回日本植物細胞分子生物学会（上田）大会

糖誘導性核小体タンパク質APUM24はRNAエンドヌクレアーゼと相互作用してrRNAプロセッシングに関与する

前川修吾・石田哲也・柳澤修一

シロイヌナズナ核局在型BTBタンパク質によるC/N栄養応答制御機構

佐藤長緒・前田遥名・柳澤修一・山口淳二

気孔機能化因子SCAP1の気孔特異的な発現に必須なシス因子の探索

森脇宏介・佐竹秀元・衿宜淳太郎・小西美穂子・柳澤修一・射場 厚

■第二回植物の栄養研究会

リン酸取り込み能力のイネ品種間差を利用した栄養応答特性のキャラクタリゼーションの試み

植田佳明・柳澤修一

■第6回植物RNA研究ネットワークシンポジウム

新奇Pumilioタンパク質APUM24は糖依存的にリボソームRNAの特定のプロセッシング段階に関与する

前川修吾、石田哲也、柳澤修一

■ Nitrogen 2016

Post-translational modification of NLP transcription factor proteins by nitrate

Mineko Konishi, Shugo Maekawa, Tetsuya Ishida, Shuichi Yanagisawa

●国際学会発表等

■ASM Microbe 2016, June 16-20, 2016, Boston, USA

Crystal Structure of Dimerization/Oligomerization Domain of an MvaT homolog in pseudomonads

C. Suzuki-Minakuchi, K. Kawazuma, J. Matsuzawa, D. Vasileva, Z. Fujimoto, T. Terada, K. Okada, and H. Nojiri

Exploring Microbial Genomes in Search of Novel Rieske Oxygenase Guided by Evolutionary Studies

J. Chakraborty, C. Suzuki-Minakuchi, K. Okada, T. K. Dutta, and H. Nojiri

■IPGSA 2016 6/21-25, Toronto, Canada

Diterpenoid Momilactones Exhibit Broad Range of Growth-Inhibitory Action upon Various Organisms

Keisuke Tomita, Yasuhiro Matsuo, Makoto Kawamukai, Ken-ichiro Hayashi, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

Regulation of diterpenoid phytoalexin biosynthesis mediated by the stress-inducible transcription factor DPF in rice

Yumu Tabuchi, Ryo Tsutsumi, Keiichiro Nemoto, Tatsuya Sawasaki, Masaki Mori, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Nobutaka Mitsuda, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

Stress responses of the biosynthetic genes for momilactones in chemical defence in the moss *Hypnum plumaeforme*

Kazunori Okada, Hiroshi Kawaide, Koji Miyamoto, Sho Miyazaki, Masahiro Natsume, Hideaki Nojiri, Masatoshi Nakajima, Hisakazu Yamane, Hiroshi Nozaki, Ken-ichiro Hayashi

■Extremophiles 2016, September 12-16, 2016, Kyoto University

Reconstitution and Characterization of Novel Rieske Oxygenase System from Thermophiles

Joydeep Chakraborty, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

Plasmid Biology 2016, September 18-23, 2016, Clare College Cambridge, UK

Plasmid-borne nucleoid associated proteins, key factors determining host cell physiology and fitness

Hideaki Nojiri (invited speaker)

How does plasmid pCAR1 carriage affect the expression pattern of genes on chromosome of *Pseudomonas putida* KT2440 at single cell level?

Saki Takahira, Chiho Suzuki-Minakuchi, Ryo Miyazaki, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

Coexistence of Multiple Recipient Candidates Affects the Host Range of Conjugation

Ayako Sakuda, Chiho Suzuki-Minakuchi, Junko Hashimoto, Ikuko Kozono, Mamoru Komatsu, Kazuo Shin-ya, Haruo Ikeda, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

How does plasmid pCAR1 induce the transcription of the genes regulated by MexT in *Pseudomonas putida* KT2440, a chromosomally-encoded key factor of pCAR1 burden to host KT2440 cell?

Aya Kubo, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada and Hideaki Nojiri

Effect of the carbazole degradative plasmid pCAR1 in *Pseudomonas putida* KT2440 as a host-a proteomic view
Delyana Vasileva, Chiho Suzuki-Minakuchi, Saori Kosono, Kazunori Okada and Hideaki Nojiri

Structural basis of the hetero-oligomerization mechanisms of plasmid- and chromosomally encoded MvaT homologs
Chiho Suzuki-Minakuchi, Kohei Kawazuma, Jun Matsuzawa, Delyana Vasileva, Zui Fujimoto, Tohru Terada, Kazunori Okada, and Hideaki Nojiri

■ ISRFG 2016 9/26-29, Le Corum, Montpellier, France
Regulation Mechanism of Phytoalexin Production by OsbZIP79 in Rice Plant
Shibuya D, Miyamoto K, Yamane H, Nojiri H, Okada K

Rice JA inductive transcription factor RERJ1 regulates linalool emission in response to herbivory
Motegi A, Miyamoto K, Yamane H, Shinya T, Galis I, Nojiri H, Okada K

Evolutionary trajectory and regulatory feature of phytoalexin biosynthetic gene cluster in rice.
Kazunori Okada Shiho Tomiyama, Hideaki Nojiri, Koji Miyamoto, Matthew R. Shenton, Morifumi Hasegawa, Hiroshi Kawaide, Wataru Mitsuhashi, Hisakazu Yamane, Nori Kurata and Tomonobu Toyomasu

■ The 19th Chinese National Symposium on Environmental Microbiology, November 11-14, 2016, Beibei, Chongqing, China
Plasmid-borne nucleoid associated proteins, key factors determining host cell physiology
Hideaki Nojiri (invited speaker)

Proteomic view of the functional interaction between the carbazole degradative plasmid pCAR1 and *Pseudomonas putida* KT2440 as a host
Delyana Vasileva, Chiho Suzuki-Minakuchi, Saori Kosono, Kazunori Okada, and Hideaki Nojiri

Counting two H-NS family proteins in *Pseudomonas putida*
Zongping Sun, Delyana Vasileva, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada, Feng Luo, Yasuo Igarashi, and Hideaki Nojiri

■ The 28th Annual Meeting of the Thai Society for Biotechnology and International Conference, November 28-30, 2016, Chiang Mai, Thailand
Synergistic degradation of pyrene by defined consortia containing *Mycobacterium* as key member
Natthariga Laothamteep, Chanokporn Muangchinda, Pagakrong Wanapaisan, Masaki Shintani, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kengo Inoue, Hideaki Nojiri and Onruthai Pinyakong

■ Thailand-Japan Collaboration Symposium on Environmental Microbiology and Applications, March 8, 2017, Bangkok, Thailand
Catalytic mechanism of Rieske non-heme iron oxygenase
Hideaki Nojiri (invited speaker)

■ Society for Industrial Microbiology & Biotechnology annual meeting, July 24-08, 2016, New Orleans, USA
Biosynthesis of the antituberculous agent caprazamycin
Taro Shiraishi, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama.

■ The 1st A3 Foresight Symposium on "Chemical & Synthetic Biology of Natural Products", August 21-23, 2016, Shanghai, China
Enzyme-catalyzed [4+2]-cycloaddition required for macrocyclization of spirotetranate-containing polyketides
Tomohisa Kuzuyama

Biosynthetic studies of the nucleoside antibiotic A-94964
Taro Shiraishi, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Novel polyketide discovered via activation of "orphan" biosynthetic gene clusters
Wei Li Thong, Kazuo Shin-ya, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

■ The Fifth International Conference on Cofactors & Active Enzyme Molecule 2016 Sept. 4-8, Toyama
AmCP-mediated lysine biosynthesis and regulation
Makoto Nishiyama

Regulatory mechanism of glutamate dehydrogenase from *Thermus thermophilus*
Takeo Tomita, Makoto Nishiyama

■ Extremophiles 2016 Sept. 12-16, Kyoto
AmCP-mediated lysine biosynthesis and its regulation in thermophiles
Makoto Nishiyama

■Symposium on Novel NP discovery and biosynthesis from precious microorganisms, December 7, 2016, Bangkok, Thailand
Biosynthesis of terpenoids produced by *Streptomyces*
Tomohisa Kuzuyama

■2nd US-Japan Seminar of the Biosynthesis of Natural Products for Young Researchers. Mar. 4-5, Tokyo
Biosynthetic studies of the nucleoside antibiotic A-94964
Taro Shiraishi, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Biosynthesis of a Histone Deacetylase Inhibitor Trichostatin A
Kei Kudo, Kazuo Shin-ya, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Novel polyketide discovered via activation of cryptic biosynthetic genes from *Streptomyces*
Wei Li Thong, Kazuo Shin-ya, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Elucidation of multistep reaction cascade catalyzed by the diterpene cyclase CotB2
Kazuya Teramoto, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Biosynthesis of prenylated indol alkaloids in *Streptomyces*
Masaya Kobayashi, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

■JSPS-NRCT2017, March 3, 2017, Bangkok, Thailand
Activation of cryptic gene clusters led to the discovery of novel polyketides in *Streptomyces*
Wei Li Thong, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

■Directing Biosynthesis V. Mar. 22-24, Warwick, UK
Understanding biochemical mechanism in natural product biosynthesis
Tomohisa Kuzuyama

Biosynthetic studies on the antituberculous agent caprazamycin
Taro Shiraishi, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Discovery and biosynthetic characterization of a natural product biosynthesized via AmCP-mediated machinery
Kenichi Matsuda, Fumihito Hasebe, Yuh Shiwa, Yu Kanesaki, Takeo Tomita, Hirofumi Yoshikawa, Kazuo Shin-ya, Tomohisa Kuzuyama, Makoto Nishiyama

■11th International Congress on Extremophiles, September 2016, Kyoto University (Kyoto, Japan)
Analysis of protein acylation on enzymes involved in branched-chain amino acid biosynthesis in *Thermus thermophilus*.
Ayako Yoshida, Makoto Nishiyama, Minoru Yoshida, Saori Kosono

■2nd Conference on Post-translational Modifications in Bacteria. October 2016. (Lyon, France)
Characterization of lysine acetylation in phosphoenolpyruvate carboxylase involved in glutamate overproduction in *Corynebacterium glutamicum*.
Megumi Nagano, Yuta Mizuno, Ayuka Yamada, Masaki Kikuchi, Mikako Shirouzu, Takeshi Umehara, Minoru Yoshida, Makoto Nishiyama, and Saori Kosono

●総説等

長谷部文人, 西山 真 (2016) アミノ基結合型キャリアタンパク質を介した二次代謝生合成機構の解明と新規有用生物活性物質の探索、*日本応用酵素協会誌* 51: 1-6

Hashimoto T, Kuzuyama T (2016) Mechanistic insights into Diels-Alder reactions in natural product biosynthesis. *Curr Opin Chem Biol* 35:117-123

Kuzuyama T (2017) Biosynthetic studies on terpenoids produced by *Streptomyces*. *J Antibiot* 70:811-818

小西美穂子 (2016) 植物が硝酸イオンに応答して遺伝子発現を制御するメカニズム、*日本土壌肥科学雑誌* 87:260-266

古園さおり (2016) バクテリアにおけるアシル化修飾タンパク質の網羅的解析～アシローム解析から見えてきたこと、*化学と生物* 54:871-872

●教員および学生の受賞

葛山智久：住木・梅澤記念賞 「微生物由来テルペノイドの生合成研究」

水口 千穂：第 33 回井上研究奨励賞

河野 響：環境バイオテクノロジー学会 2016 年度大会 ポスター賞

作田 郁子：日本農芸化学会関東支部 2016 年度大会 若手優秀発表賞（ポスター発表部門）

Zongping Sun：The 19th Chinese National Symposium on Environmental Microbiology, Best Poster Award

上田 朋美：極限環境生物学会 2016 年度年会 ポスター賞

松田 研一：東京大学大学院農学生命科学研究科 研究科長賞

前田 佳栄：東京大学大学院農学生命科学研究科 研究科長賞

●学位論文

■博士論文

小川 哲史 イネのフラボノイド型ファイトアレキシンの生産制御機構の解明（指導教員 野尻秀昭）

叶忠峰 13C 標識ジテルペン炭化水素の投与によるイネのファイトレキシン生合成経路の解明（指導教員 野尻秀昭）

松田 研一 放線菌におけるアミノ基キャリアタンパク質を介して生合成される新規天然化合物の探索・発見とその特異な N-N 結合の形成機構に関する研究（指導教員 西山 真）

■修士論文

作田 郁子 複数の受容菌存在下で接合伝達の成立に影響を及ぼす因子の探索（指導教員 野尻秀昭）

渋谷 大地 イネのジテルペン型ファイトアレキシン生産における OsbZIP79 を介した転写抑制機構の解析（指導教員 野尻秀昭）

高比良 早紀 プラスミドと宿主染色体が互いの遺伝子発現に及ぼす影響の一細胞レベルでの解析（指導教員 野尻秀昭）

べハラノ フェリペ 「Genomic Analysis of Bacteria Involved in the Complete Degradation of Aromatic Compounds」（指導教員 野尻秀昭）

茂手木 敦史 イネのジャスモン酸誘導性転写因子 RERJ1 が関与するストレス応答機構に関する研究（指導教員 野尻秀昭）

大石 恵太 好塩性古細菌およびシアノバクテリアに見出したピオチン生合成ミッシングリンクの解析（指導教員 西山真）

大場 俊介 ゲノム情報を基盤としたヌクレオシド系化合物の生合成マシナリーに関する研究（指導教員 西山真）

田中 慧里奈 バクテリアと植物由来テルペン合成酵素の結晶化と機能解析（指導教員 西山真）

中西 史佳 超好熱性・好酸性古細菌 *Sulfolobus acidocaldarius* におけるアルギニン生合成酵素遺伝子の転写調節機構に関する研究（指導教員 西山真）

藤田 理美 好熱菌 *Thermus thermophilus* 由来のリジン生合成系酵素 LysK とキャリアタンパク質 LysW の相互作用機構に関する研究（指導教員 西山真）

前田 佳栄 拮抗的に働く 2 つの転写因子群による植物硝酸応答の制御機構の発見（指導教員 柳澤修一）

松岡 淳一 スパニア根粒菌の R-body 合成を司る *reb* オペロンの発現制御機構の解析（指導教員 柳澤修一）

阿部 理乃 *Corynebacterium glutamicum* 由来 ODH/PDH の活性調節に関わるアシル化修飾の機能解析（指導教員 古園さおり）

村井 恵一 *Corynebacterium glutamicum* のグルタミン酸生産に関わるメタボロンに関する研究（指導教員 古園さおり）

■卒業論文

上田 朋美 集団中での細菌の生き残りを決める新規遺伝因子の探索と解析（指導教員 野尻秀昭）

照屋 美優 ハイゴケにおけるモミラクトン生産制御機構の解明（指導教員 野尻秀昭）

富山 詩歩 ジテルペン型ファイトアレキシン生合成遺伝子クラスター領域の転写動態と制御因子の進化（指導教員 野尻秀昭）

山本 夏実 pCAR1 由来カルバゾール分解系制御遺伝子 *antR* の一細胞での発現解析（指導教員 野尻秀昭）

黒澤 董 アミノ基キャリアタンパク質を介して生合成される二次代謝産物のアザビシク口環形成機構の解明（指導教員 西

山真)

鈴木智大 超好熱・好酸性古細菌 *Sulfolobus acidocaldarius* のリジン生合成におけるフィードバック制御機構に関する研究 (指導教員 西山真)

野口智弘 放線菌のメロテルペノイド生合成における普遍的脱アミノ化機構の解析 (指導教員 西山真)

増田七彩 放線菌の生産するポリケタイドに関する研究 (指導教員 西山真)

斎藤守秋 NLP 転写因子群を介した硝酸シグナルによる NAD⁺生合成制御の可能性の検討 (指導教員 柳澤修一)

●センター主催学術講演会

Exploring the regulatory network of *Corynebacterium glutamicum*: functional studies on protein phosphorylation and pupylation.

Professor Michael Bott (Institute of Bio-and Geosciences, Germany) 2016 年 6 月 21 日

NanoBiotechnology Strategies and Engineering Design Approaches towards the Development of Smart Therapeutics Against Infectious Diseases.

Director Ruben Morones (Biotechnology and Nanotoxicology Research Center, Universidad Autónoma de Nuevo León, México) 2016 年 10 月 21 日

Mechanosensitive channels: What they are and why they are important.

Professor Boris Martinac (Victor Chang Cardiac Research Institute, Australia) 2016 年 11 月 29 日

Chemoenzymatic Platforms for the Discovery of New Peptide Therapeutics.

Assistant Professor Albert A. Bowers (Eshelman School of Pharmacy, University of North Carolina, USA.) 2017 年 3 月 6 日

Structural study of nonribosomal peptide synthesis.

Associate Professor Martin Schmeing (Department of Biochemistry, McGill University, Canada) 2017 年 3 月 8 日

Bacterial Genome Mining and Biosynthetic Engineering for Natural Product Drug Discovery and Development.

Assistant Professor Alessandra S. Eustaquio (College of Pharmacy, University of Illinois, USA.) 2017 年 3 月 9 日

●海外からの来訪者

Dr. Ruben Morones (Universidad Autónoma de Nuevo León, Biotechnology and Nanotoxicology Research Center, Mexico) 2016 年 10 月

Dr. Michael Sadowsky, Dr. Satoshi Ishii (University of Minnesota, Biotechnology Institute, USA) 2016 年 10 月

Dr. Jaka Widada (Gadjah Mada University, Indonesia) 2017 年 3 月

Professor Michael Burkart (University of California, San Diego, USA) 2016 年 11 月

Dr. Alessandra S Eustaquio (University of Illinois, USA) 2016 年 3 月

Min-Ji Kim, Ji-Hyeon Kang, Hyo-Jeong Kang (Ulsan University)

Professor Dr. Michael Bott (Forschungszentrum Jülich, Germany)

Professor Dr. Boris Martinac (Victor Chang Cardiac Research Institute, Australia)

●オープンキャンパス等の来訪者

都立戸山高校 2016 年 7 月 6 日 学生 92 名、引率者 2 名

富山県立魚津高校 2016 年 7 月 29 日 学生 27 名、引率者 2 名

富山県立富山高校 2016 年 8 月 9 日 学生 106 名、引率者 2 名

島根県立松江南高校 2016 年 10 月 7 日 学生 11 名、引率者 1 名

鳥取県立倉吉東高校 2017 年 1 月 25 日 学生 38 名、引率者 4 名

●東京大学体験活動プログラム (研究室体験活動)

植物バイオテクノロジー体験 2016 年 9 月 5-16 日 参加学生 1 名

共同利用成果

- 報文、学会発表等 ●

●報文

- Hirai T, Osamura T, Ishii M, Arai H (2016) Expression of multiple *cbb₃* cytochrome c oxidase isoforms by combinations of multiple isosubunits in *Pseudomonas aeruginosa*. *Proc Natl Acad Sci USA* 113:12815-12819
- Minamoto T, Sekine M, Ogawa T, Hidaka M, Watanabe H, Homma H, Masaki H (2016) Detection of diastereomer peptides as the intermediates generating D-amino acids during acid hydrolysis of peptides. *Amino Acids* 48:2683–2692
- Iwama R, Kobayashi S, Ishimaru C, Ohta A, Horiuchi H, Fukuda R (2016) Functional roles and substrate specificities of twelve cytochromes P450 belonging to CYP52 family in *n*-alkane assimilating yeast *Yarrowia lipolytica*. *Fungal Genet Biol* 91:43-54.
- Hoshi H, Zheng L, Ohta A, Horiuchi H (2016) A Wiskott-Aldrich syndrome protein is involved in endocytosis in *Aspergillus nidulans*. *Biosci Biotechnol Biochem* 80:1802-1812
- Yamada C, Sawano K, Iwase N, Matsuoka M, Arakawa T, Nishida S, Fushinobu S (2016) Isolation and characterization of a thermostable lipase from *Bacillus thermoamylovorans* NB501. *J Gen Appl Microbiol* 62:313-319
- Yan Z, Maruyama A, Arakawa T, Fushinobu S, Wakagi T (2016) Crystal structures of archaeal 2-oxoacid: ferredoxin oxidoreductases from *Sulfolobus tokodaii*. *Sci Rep* 6:33061
- Wakagi T, Nishimasu H, Miyake M, Fushinobu S (2016) Archaeal Mo-Containing Glyceraldehyde Oxidoreductase Isozymes Exhibit Diverse Substrate Specificities through Unique Subunit Assemblies. *PLoS One* 11:e0147333
- Matsuzawa T, Jo T, Uchiyama T, Manninen JA, Arakawa T, Miyazaki K, Fushinobu S, Yaoi K (2016) Crystal structure and identification of a key amino acid for glucose tolerance, substrate specificity, and transglycosylation activity of metagenomic beta-glucosidase Td2F2. *FEBS J* 283:2340-2353.
- Tanaka M, Sotta N, Yamazumi Y, Yamashita Y, Miwa K, Murota K, Chiba Y, Hirai MY, Akiyama T, Onouchi H, Naito S, Fujiwara T (2016) The Minimum Open Reading Frame, AUG-Stop, Induces Boron-Dependent Ribosome Stalling and mRNA Degradation. *Plant Cell* 28:2830-2849
- Tanaka N, Nishida S, Kamiya T, Fujiwara T (2016) Large-scale profiling of brown rice ionome in an ethyl methanesulphonate-mutagenized hitomebore population and identification of high- and low-cadmium lines *Plant Soil* 407:109-117
- Nishida S, Kakei Y, Shimada Y, Fujiwara T (2017) Genome-wide analysis of specific alterations in transcript structure and accumulation caused by nutrient deficiencies in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J* 91:741-753
- Watanabe K, Guo W, Arai K, Takanashi H, Kajiya-Kanegae H, Kobayashi M, Yano K, Tokunaga T, Fujiwara T, Tsutsumi N, Iwata H (2017) High-Throughput Phenotyping of Sorghum Plant Height Using an Unmanned Aerial Vehicle and Its Application to Genomic Prediction Modeling. *Front Plant Sci* 8:421
- Li B, Kamiya T, Kalmbach L, Yamagami M, Yamaguchi K, Shuji S, Sawa S, Danku JMC, Salt DE, Geldner N, Fujiwara T (2017) Role of LOTR1 in nutrient transport through organization of spatial distribution of root endodermal barriers. *Curr Biol* 27:1-8
- Tsuboi K, Shehzad T, Yoneda J, Uruguchi S, Ito Y, Shinsei L, Morita S, Rai H, Nagasawa N, Asari K, Suzuki H, Itoh R, Saito T, Suzuki K, Takano I, Takahashi H, Sakurai K, Watanabe A, Akagi H, Tokunaga T, Itoh M, Fujiwara T, Okuno K, Tsutsumi N, Satoh-Nagasawa N (2017) Genetic Analysis of Cadmium Accumulation in Shoots of Sorghum Landraces. *Crop Sci* 57:22-31

●国内学会発表等

■第 16 回日本蛋白科学会年会

膜貫通型一酸化窒素還元酵素の変異体解析による NO および H⁺輸送経路の解明
山際来佳, 澤井仁美, 當舎武彦, 中村寛夫, 新井博之, 城宜嗣

■第 89 回日本生化学会大会

緑膿菌由来一酸化窒素還元酵素の NO および H⁺の輸送に関わるアミノ酸残基の役割
山際来佳, 武田真梨子, 澤井仁美, 當舎武彦, 中村寛夫, 新井博之, 城宜嗣

■第 68 回日本生物工学会大会

好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 のヒドロゲナーゼ機能の解析
井上達也, 平野伸一, 松本伯夫, 石井正治, 新井博之

好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 におけるチオ硫酸酸化代謝の解析
小倉一将、Dahl Christiane、三本木至宏、新井博之、石井正治

■第5回日本生物工学会東日本支部コロキウム

好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* の光合成色素生産における光受容体タンパク質の役割
山本麻衣子、石井正治、新井博之

好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 の heterodisulfide reductase に関する研究

小倉一将、新井博之、石井正治

■酵母遺伝学フォーラム第49回研究報告会

小胞体から液胞へのステロールの輸送に関する研究

田スチ、堀内裕之、福田良一

■第16回糸状菌分子生物学コンファレンス

Aspergillus nidulans における AP2 コンプレックスの機能解析

金京運、高城 景子、堀内 裕之

■日本応用糖質科学会平成28年度大会

ピフィス菌が腸内の糖質を分解するための酵素のかたちと動き（招待講演）

伏信進矢

ABC トランスポーター粗ホロオリゴ糖結合蛋白質のリガンド認識の構造基盤

阿部紘一、中島将博、砂川直輝、石田卓也、五十嵐圭日子、鮫島正浩、宮永顕正、中井博之、田口速男、荒川孝俊、伏信進矢

GH129 ファミリー α -N-アセチルガラクトサミニダーゼの X 線結晶構造解析

佐藤真与、Dorothee Liebschner、荒川孝俊、山田悠介、千田俊哉、芦田久、伏信進矢

■日本農芸化学会2016年度大会

伝統的壺作り純米黒酢醸造における熟成期の菌叢解析

渡辺紳太、堀知行、青柳智、橋口和典、長野正信、藤井暁、新井博之、石井正治

DNA バーコードを用いた緑膿菌のポピュレーション解析

木戸玲子、新井博之、石井正治

緑膿菌の新規シアン応答転写調節因子の機能解析

多田羅圭、石井正治、新井博之

好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* の光合成色素生産における光受容体タンパク質の役割

山本麻衣子、石井正治、新井博之

微生物による金属鉄腐食プロセスの解析

井上達也、平野伸一、松本伯夫、新井博之、石井正治

好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 の heterodisulfide reductase に関する研究

小倉一将、新井博之、石井正治

低温飢餓に曝された大腸菌のコロニー形成の制御に関わる遺伝子の解析

西尾優宏、浅井健宏、小川哲弘、日高真誠、正木春彦

出芽酵母におけるホスホリパーゼ A₁ の生理学的機能の解析

森貞志穂、西田郁久、川向誠、堀内裕之、福田良一

糸状菌 *Aspergillus nidulans* の形態形成における AP2 複合体の機能解析

金京運、堀内裕之

B. longum JCM1217 由来 GH127 β -L-アラビノフラノシダーゼ (HypBA1) の機能構造解析

丸山瞬、伊藤佑、藤田清貴、石渡明弘、伊藤幸成、荒川孝俊、伏信進矢

GH129 α -N-アセチルガラクトサミニダーゼの金属結合サイトと阻害剤を用いた解析

佐藤真与、LIEBSCHNER Dorothee、山田悠介、松垣直宏、千田俊哉、荒川孝俊、芦田久、伏信進矢

Bacteroides thetaiotaomicron 由来マンノシル- β -1,4-N-アセチルグルコサミンホスホリラーゼの X 線結晶構造解析

間島滉一郎、仁平高則、中井博之、北岡本光、荒川孝俊、伏信進矢

■第16回東京大学生命科学シンポジウム

イネ LC5 は複数の金属輸送体を制御する
田中伸裕、梶川昌孝、斎藤彰宏、大森良弘、浦口晋平、藤原徹

ルシフェラーゼレポーター遺伝子を用いたアルミニウム応答変異株の単離と解析
佐藤峻輔

lonome mutants reveal Casparian strip formation and identify novel barrier for extracellular transport.
神谷岳洋

Isolation and characterization of rice mutants with altered
carbon to nitrogen ratio in shoot.
Shota Teramoto, Nobuhiro Tanaka, Toru Fujiwara

Exploring cell-layer specific roles of boron in Arabidopsis roots
福田牧葉

Mechanism of excess B induced ROS accumulation in Arabidopsis roots.
Naoyuki Sotta, Takuya Sakamoto, Takehiro Kamiya, Shinichiro Sawa, Ryo Tabata, Masashi Yamada, Mitsuyasu Hasebe,
Shuji Shigenobu, Katsushi Yamaguchi, Masami Yokota Hirai, Toru Fujiwara

■イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2016
イネ LC5 は複数の金属輸送体を制御する
田中伸裕、梶川昌孝、斎藤彰宏、大森良弘、浦口晋平、藤原徹

イオノーム解析によるイネ元素蓄積変異株のスクリーニング
神谷岳洋、田中伸裕、藤原徹

Genome-wide association studies of agronomic traits in japonica rice
矢野憲司

■ホウ素研究会
Issues that may not be covered by peoples talk, including LA-ICP-MS story, modeling/BOR3, AUG-UAA issues etc.
藤原徹

Exploring cell-layer specific roles of boron in Arabidopsis roots
福田 牧葉

Analysis of the mineral distribution in root using LA-ICP-MS
笠井光治

Coordination of transcription and mRNA degradation in B-dependent regulation of NIP5;1
田中真幸

Analysis of Arabidopsis mutant defective in B-dependent regulation of NIP5;1 expression
五味寛子

Analysis of Arabidopsis mutant sensitive to low Mg
馮志航

Cellulose-galactan network plays a role in cell elongation regulation and boron regulates galactan accumulation in the roots
of Arabidopsis
李克

Mechanisms of high-boron stress tolerance in Arabidopsis
反田直之

■日本育種学会第 130 回講演会
RAD-Seq を用いた分離集団のジェノタイプングパイプラインの構築と QTL 解析・ゲノミックセレクションへの利用
鐘ヶ江弘美、高師知紀、高梨秀樹、藤本優、石森元幸、山崎清志、小柴太一、小林正明、永野惇、矢野健太郎、佐塚隆志、
藤原徹、徳永毅、堤伸浩、岩田洋佳

野生イネイントログレッション系統の玄米中遊離アミノ酸分析
大森良弘、藤原徹

イネ低硝酸吸収突然変異体の遺伝子マッピングおよび候補遺伝子の推定
寺本翔太、大森良弘、長谷川博、谷坂隆俊、藤原 徹

■第2回植物の栄養研究会

イオノーム解析によるイネ元素蓄積変異株のスクリーニング
神谷岳洋

イネの LC5 は複数の金属輸送を制御する
田中伸裕

初期生育において低栄養耐性を示すイネ変異体の原因遺伝子の同定とその解析
吉田紗貴

ホウ酸チャネル NIP5;1 のホウ素依存的な発現制御に欠陥のあるシロイヌナズナ変異体の解析
五味寛子

レポーター遺伝子を用いた AI 応答変異株の単離と解析
佐藤峻輔

C/N 比制御に異常を示すイネ突然変異体の単離とその特徴解析
寺本翔太

シロイヌナズナの低 Ca 感受性変異株 *gsl10* の解析によって示唆される低 Ca 耐性機構と病害応答反応との類似点の考察
鹿内勇佑

野生イネイントログレッション系統の玄米中遊離アミノ酸分析
大森 良弘

不利な栄養環境がゲノムの安定性と子孫のストレス耐性に与える影響の評価
反田直之

■日本遺伝学会第 88 回大会（三島大会）

シロイヌナズナのホウ素輸送体 NIP5;1 mRNA の 5'UTR に存在する AUGUAA 配列を介したホウ素依存的 mRNA 分解
Boron-dependent degradation of NIP5;1 mRNA through AUGUAA sequences, in the 5'UTR in Arabidopsis
藤原徹、田中真幸、反田直之、三輪京子、千葉由佳子、尾之内均、内藤哲

■日本土壌肥料学会 2016 年度佐賀大会

ひとめぼれ EMS 変異系統のイオノームスクリーニング
神谷岳洋、田中伸裕、藤原徹

土壌栄養環境は植物の進化を加速するか
反田直之、藤原徹

ひとめぼれ EMS 変異系統から得られた Cd 変異体の解析
田中伸裕、西田翔、神谷岳洋、藤原徹

シロイヌナズナのホウ素輸送体 NIP5;1 のホウ素に応答した mRNA 蓄積の mRNA 分解と転写の制御機構の解析
田中真幸、反田直之、千葉由佳子、尾之内均、内藤哲、藤原徹

シロイヌナズナの *gsl10* 変異株の低 Ca 感受性における葉の壊死パターンの解析
鹿内勇佑、吉田亮祐、榎本裕介、平野朋子、山上睦、重信秀治、山口勝司、神谷岳洋、藤原徹

網羅的遺伝子発現解析からみたイネアデノシンキナーゼ (OsADK1) の機能性
奥村啓史、大森良弘、吉永良平、小嶋美紀子、榎原均、藤原徹

初期生育において低栄養耐性を示すイネ変異体の原因遺伝子の同定と解析
吉田紗貴、田中伸裕、高木宏樹、寺内良平、藤原徹

■根研究学会特別シンポジウム

カスパー線とスベリン：内皮細胞における拡散障壁
神谷岳洋

■植物 RNA 研究ネットワークシンポジウム

最小上流 ORF 「AUGUAA」を介したリボソームの停止による栄養感知機構
田中真幸、反田直之、山下由依、三輪京子、千葉由佳子、尾之内均、内藤哲、藤原徹

■第7回ソルガムワークショップ

ソルガム新奇優性芒抑制遺伝子の同定に向けて

高梨秀樹、鐘ヶ江弘美、石森元幸、小林正明、矢野健太郎、山崎清志、藤原徹、小童谷利恵、大西紀和、Fiona Wacera、草場信、岩田洋佳、坂本亘、堤伸浩

ソルガム苞穎毛に関する QTL 解析

三輪幸哉、七条光年、高梨秀樹、藤本優、佐野悠樹、鐘ヶ江弘美、小林正明、矢野健太郎、山崎清志、藤原徹、草場信、坂本亘、岩田洋佳、堤伸浩

ソルガムにおけるアントシアニン着色の GWA 解析・QTL 解析

七条光年、高梨秀樹、佐野悠樹、藤本優、鐘ヶ江弘美、小林正明、矢野健太郎、山崎清志、藤原徹、小柴太一、徳永毅、草場信、坂本亘、岩田洋佳、堤伸浩

ソルガムの穂の形態に関する QTL 解析

佐野悠樹、藤本優、高梨秀樹、鐘ヶ江弘美、小林正明、矢野健太郎、山崎清志、藤原徹、小柴太一、徳永毅、岩田洋佳、草場信、坂本亘、堤伸浩

耐塩性ソルガム品種の探索

山崎清志、石森元幸、藤本優、高梨秀樹、米田純一、小柴太一、岩田洋介、堤伸浩、徳永毅、藤原徹

■第 61 回リグニン討論会

カスパリー線の機能と形成

神谷岳洋

■日本植物生理学会第 58 回年会

Roles of cell wall in Ca transport and Ca-dependent growth

藤原徹

Apoplastic barrier formation and function in roots

神谷岳洋

ホウ素輸送体 NIP5;1 における、5'-UTR に存在する AUGUAA を介した転写制御機構の可能性

田中真幸、反田直之、千葉由佳子、尾之内均、内藤哲、藤原徹

Cell layer specific expression of boron transporter in Arabidopsis roots

福田牧葉、下遠野明恵、反田直之、高野順平、神谷岳洋、藤原徹

NADPH oxidase RBOHC is responsible for root growth inhibition caused by excess B stress in *Arabidopsis thaliana*

反田直之、平井優美、藤原徹

A novel Arabidopsis protein affects Magnesium transporter oligomerization and is required for plant root Mg homeostasis under both low and high Mg conditions

Zhihang Feng, Takehiro Kamiya, Toru Fujiwara

A role of OsNLP4 in nitrate dependent growth

Wang Mengyao, Takahiro Hasegawa, Makoto Hayashi, Yoshihiro Ohmori, Koji Yano, Takehiro Kamiya, Toru Fujiwara

Rice LC5 is essential for metals absorption via promotion of transporter genes for multiple metals in root

田中伸裕

■日本育種学会第 131 回講演会

圃場ムラなどの局所環境異質性を考慮するための幾つかのモデルの比較検討

岩田洋佳、石森元幸、山崎清志、鐘ヶ江弘美、高梨秀樹、藤本優、米田純一、小柴太一、永野惇、小林正明、矢野健太郎、

佐塚隆志、藤原徹、徳永毅、堤伸浩

GWA 解析を用いたイネカルスの再分化率に関与する候補遺伝子の同定

矢野憲司

●国際学会発表等

■11th International Congress on Extremophiles (Extremophiles2016)

Discovery and analysis of novel-type phosphoserine phosphatases in a thermophilic and chemolithoautotrophic bacterium, *Hydrogenobacter thermophilus*.

Yoko Chiba, KeugTae Kim, Hiroyuki Arai, Masaharu Ishii

■14th International Congress on Yeasts

Supply of phosphatidylethanolamine synthesized by endosomal phosphatidylserine decarboxylase to the mitochondria.

Aya Mizuike, Shingo Kobayashi, Akinori Ohta, Hiroyuki Horiuchi, Ryouichi Fukuda

Substrate specificities of twelve cytochromes P450 belonging to CYP52 family in *n*-alkane assimilating yeast *Yarrowia lipolytica*.

Ryo Iwama, Hiroshi Takai, Satoshi Kobayashi, Chiaki Ishimaru, Akinori Ohta, Hiroyuki Horiuchi, Ryouichi Fukuda

Identification of acyl-CoA synthetases involved in fatty acid metabolism in yeast *Yarrowia lipolytica*.

Tenagy, Jun Seok Park, Ryo Iwama, Satoshi Kobayashi, Akinori Ohta, Hiroyuki Horiuchi, Ryouichi Fukuda, and Susumu Kajiwara

■ The 27th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR2016)

Mechanisms of excess boron toxicity on root growth.

反田直之

■ RNA 2016

Boron-dependent ribosome stalling at AUGUAA, a minimum uORF, downregulates NIP5;1 expression in *Arabidopsis thaliana*.

Mayuki Tanaka, Naoyuki Sotta, Kyoko Miwa, Yukako Chiba, Hitoshi Onouchi, Satoshi Naito, Toru Fujiwara

mRNA degradation and transcriptional regulation contribute to B-dependent regulation of NIP5;1 mRNA accumulation in *Arabidopsis thaliana*.

Mayuki Tanaka, Naoyuki Sotta, Yukako Chiba, Hitoshi Onouchi, Satoshi Naito, Toru Fujiwara

■ 14th International Symposium on Rice Functional Genomics

イネの LC5 は複数の金属輸送体を制御する

田中伸裕

■ ASME2016

Plant growth promoting ability of the denitrifying and N₂O reducing bacterium *Azoarcus* sp. strain KH32C in low nitrogen condition

Tomoyasu Nishizawa, Maika Mizusawa, Fumitaka Shiotsu, Shohei Sakuda, Toru Fujiwara, Hiroyuki Ohta, Keishi Senoo

● 総説等

Arai H, Sakurai K, Ishii M (2016) Metabolic features of *Acetobacter acetii*. In "Acetic acid Bacteria: Ecology and physiology" Matsushita, K. et al. (eds.), pp. 225-271. Springer

桜井健太、石井正治、新井博之 (2017) 古くて新しい酢酸菌の酸化発酵、バイオサイエンスとインダストリー 75:17-21

石井正治 (2016) 新資源生物変換研究会シンポジウム「熟成の微生物科学」を企画して、バイオサイエンスとインダストリー - 74:266-267

岩間亮、福田良一 (2016) *Yarrowia lipolytica* における炭化水素の代謝. 生物工学会誌 94: 259-262

Fukuda R, Ohta A (2017) Enzymes for aerobic degradation of alkanes in yeasts. In: Rojo, F. editor. Aerobic Utilization of Hydrocarbons, Oils and Lipids, Handbook of Hydrocarbon and Lipid Microbiology. Basel, Springer.

Fukuda R, Ohta A (2017) Genetic features and regulation of *n*-alkane metabolism in yeasts. In: Rojo, F. editor. Aerobic Utilization of Hydrocarbons, Oils and Lipids, Handbook of Hydrocarbon and Lipid Microbiology. Basel, Springer

伏信進矢 (2016) 廃食用油を添加した好気性発酵システムの開発と好熱菌の油脂分解酵素の特性, 生活と環境 61:67-72

● 学位論文

■ 博士論文

反田直之 Synthesis of boron transport systems and analysis of boron toxicity mechanisms in roots of *Arabidopsis thaliana* (シロイヌナズナの根におけるホウ素輸送の統合的理解と、過剰ホウ素による生育阻害機構の解明) (指導教員 藤原徹)

■ 修士論文

井上達也 微生物の独特な電子獲得代謝に関する研究—水素と個体鉄に注目して— (指導教員 石井正治)

多田羅圭 緑膿菌におけるシアン応答遺伝子群の発現制御と機能解析 (指導教員 石井正治)

赤川博文 ラバマイシンにตอบสนองした出芽酵母リボソーム分解機構の解析 (指導教員 正木春彦)

植田秀樹 *Klebsiella oxytoca*の窒素固定能の増強に関わる *Pseudomonas* sp. RKF06株の機能の解析 (指導教員 正木春彦)

福嶋凡子 低温飢餓に曝した大腸菌のコロニー形成能を制御する遺伝子の解析 (指導教員 正木春彦)

村田基樹 *Klebsiella oxytoca*の窒素固定能の増強に関わる *Bacillus subtilis*の機能の解析 (指導教員 正木春彦)

金京運 糸状菌*Aspergillus nidulans*の形態形成におけるAP2複合体の機能に関する研究（指導教員 堀内裕之）

手崎聡 酵母*Yarrowia lipolytica*における*n*-アルカン応答に関する研究（指導教員 堀内裕之）

森貞志穂 出芽酵母*Saccharomyces cerevisiae*における生体膜構成リン脂質のリモデリングに関する研究（指導教員 堀内裕之）

丸山瞬 *Bifidobacterium longum* JCM1217由来GH127 β -L-アラビノフラノシダーゼの機能・構造解析（指導教員 伏信進矢）

間島滉一郎 新規な基質特異性を有する糖質ホスホリラーゼのX線結晶構造解析（指導教員 伏信進矢）

野田顕吾 マグネシウム欠乏感受性シロイヌナズナ変異株 kudo9 の原因遺伝子の同定と機能解析（指導教員 藤原徹）

佐藤峻輔 レポーター遺伝子を用いたシロイヌナズナのアルミニウム応答変異株の解析（指導教員 藤原徹）

長谷川雄大 植物の窒素代謝における NIN-Like Protein(NLP)ファミリーの発現と生理的役割に関する研究（指導教員 藤原徹）

■卒業論文

新井凌 酢酸菌のピルビン酸代謝関連酵素の役割に関する研究（指導教員 石井正治）

中村匡 *Acetobacter aceti* における TCA 回路関連遺伝子の調節機構に関する研究（指導教員 石井正治）

中山宗一郎 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 における同化的硫酸還元経路に関する研究（指導教員 石井正治）

堀遥花 緑膿菌 *Pseudomonas aeruginosa* のエネルギー獲得機構に関する研究（指導教員 石井正治）

浅井健宏 コロニー形成に関わる遺伝子の探索：遺伝子破壊によるVBNC化抑制（指導教員 正木春彦）

池田有沙 エクソソームによるRNase T2の細胞外分泌の観察（指導教員 正木春彦）

近藤佐紀 *Klebsiella oxytoca* NG13の窒素固定能とアセチレン還元能に関する研究（指導教員 正木春彦）

山田陸翠 出芽酵母RNase T2における細胞間伝達性の検証（指導教員 正木春彦）

林透真 出芽酵母*Saccharomyces cerevisiae*における細胞内リン脂質分布に関する研究（指導教員 堀内裕之）

福嶋真輝恵 *Aspergillus nidulans*におけるエルゴステロール合成制御におけるProtein kinase Cの役割の解析（指導教員 堀内裕之）

渡邊夏仁 酵母*Yarrowia lipolytica*のSec14ファミリータンパク質の機能解析（指導教員 堀内裕之）