
さきがけとは

科学技術イノベーションの源泉を生み出すネットワーク型研究(個人型)

趣旨

さきがけは、我が国が直面する重要な課題の克服に向けて、独創的・挑戦的かつ国際的に高水準の発展が見込まれる先駆的な目的基礎研究を推進し、社会・経済の変革をもたらす科学技術イノベーションの源泉となる、新たな科学知識に基づく創造的な革新的技術のシーズ(新技術シーズ)を世界に先駆けて創出することを目的としています。

そのために、研究総括が定めた研究領域運営方針の下、研究総括が選んだ若手研究者が、研究領域内および研究領域間で異分野の研究者ネットワークを形成しながら、若手ならではのチャレンジングな個人型研究を推進します。

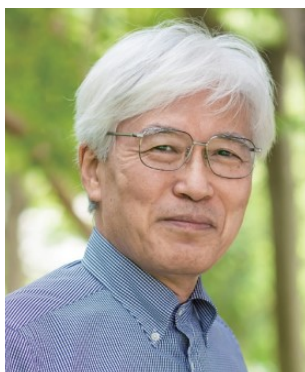
領域概要

さきがけ「植物分子の機能と制御」研究領域は植物分子(植物由来化合物及びその関連遺伝子)を軸として、生体内及び生態系内の生命現象の解明と、その有効利用に資する基礎的知見の創出と革新技術の構築に向けた研究を推進してきました。この目的のために「生体内における植物分子の機能と制御」、「生態系内における植物分子の機能と制御」、「植物分子の探索と設計・制御技術の開発」の3つを領域の柱とし、異分野の連携・融合を積極的に進めてきました。具体的には、分子生物学や細胞生物学、生態学、植物病理学などで用いられてきた従来の手法に加えて、近年特に発展を遂げた計測・分析技術、比較ゲ

ノム解析やオミクス解析等を含むバイオインフォマティクス、合成生物学、天然物有機化学や有機合成化学などの化学的手法を駆使しながら、モデル植物のみならず、農薬用作物や薬用植物、それ以外の多様な植物を対象にして、植物分子の機能と制御に関する新しい概念を創出し、その活用に向けた基盤技術の創出を目指してきました。

本研究領域は、文部科学省の選定した戦略目標「革新的植物分子デザイン」のもとに、2020年度に発足し、3年度かけて公募を行いました。

研究総括より



研究総括

西谷 和彦 Kazuhiko Nishitani

神奈川大学 理学部 特任教授

地球上には数十万種を超える植物が生息し、そのバイオマスは炭素換算で全体の8割以上を占める。これらの植物種が合成する分子種の総数は膨大な数に上るが、人類が認知し利用しているのはそのごく一部に過ぎない。注目すべきは、その分子種の多くが植物の陸上適応と多様化の過程で生存戦略の一環として獲得された点である。したがって、これらは資源としてのみならず、植物機能の解明と制御における研究上の「戦略分子」としても重要

である。さきがけ「植物分子の機能と制御」研究領域は、このような観点から2020年に発足し、化学・生命科学・情報科学の専門家30名が分野横断的な共同研究を積極的に進めながら研究を推進してきた。本小冊子は、6年間にわたる本領域の終了に当たり、研究成果と今後の展望を研究者ごとにまとめ、広く社会に公開するものである。これにより新しい共同研究が芽生えることを願っている。

アドバイザー紹介



有田 正規 Masanori Arita

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 教授

本領域では自発的な共同研究が数多く生まれ、相乗効果を目のあたりにできました。またモデル植物に限らぬ多様な対象から大躍進を期待できる優れた研究シーズが生まれました。何より個々の研究者が生き活きと発表する姿が印象的で、プロジェクト型研究の費用対効果をうるさく言われる時代に、科学のオアシスを見た思いです。



遠藤 求 Motomu Endo

奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス領域 教授

アドバイザーという役割を忘れ、最前列で最高の知的エンターテインメントを堪能させていただきました。領域の後半の皆さんの凄まじい「あと伸び」力に、良い人材には良い環境を与えて見守るのが正解なのだと改めて感じました。ここで得た仲間は一生の財産になると思いますので、この出会いを大切にしてください。



小埜 栄一郎 Eiichiro Ono

サントリーグローバルイノベーションセンター(株) 研究部 主幹研究員・研究スペシャリスト

私自身が視点や技術などを学ぶことが多く、どれほどお役に立てたか不明ですが、本領域から新たな協働が生まれ、大きな発見が数々生まれていることを確信しております。今後益々のご発展を祈念しつつ、私も奮起して老獪の意地を見せたいと思います。



高野 義孝 Yoshitaka Takano

京都大学 大学院農学研究科 教授

本領域では、西谷総括が作り上げる自由闊達な雰囲気のもと、領域内で驚くほど様々な共同研究が実施され、そして、多くの重要な成果が得られ、これこそがサイエンスだと実感していました。本領域はここで終了という形をとりますが、さきがけ「植物分子」領域メンバーの交流、共同研究はこれからも続いていくと思います。



高林 純示 Junji Takabayashi

京都大学 生態学研究センター 名誉教授

皆さんは、西谷総括のもと、のびのびと研究されたことと思います。この研究期間で得られた成果をシーズとし、さらなる飛躍を期待しています。研究で得られた新たな知見は、論文にして世界の研究者と共有してください。プロの研究者の条件はResearch, Finish, Publishです(M. Faraday改変)。



萩原 伸也 Shinya Hagihara

理化学研究所 環境資源科学研究センター チームディレクター

植物分子というキーワードのもと、化学から生態学にわたる幅広い分野の研究者が集い、議論を交し、共同研究を進めることで、新たな知見や考え方が数多く創出されました。個々の研究の進展が影響し合い、大きなうねりとなって、新たな潮流を生み出す現場に立ち会えたことに感謝いたします。



松井 健二 Kenji Matsui

山口大学 大学院創成科学研究科 教授

植物代謝という一見すると狭い研究領域での公募であったが既成概念に囚われない視点からの研究提案が寄せられミクロからマクロまで植物科学全体を包括する成果が産出されました。なにより異分野交流により新しい研究の視点が醸成されすでに動き出したことは大きな成果です。本ユニットを拡張し、新規概念の創出を期待しています。



村中 俊哉 Toshiya Muranaka

大阪大学 先導的学際研究機構 特任教授

産学官で植物バイオと代謝工学に携わってきた経験から本領域を支援させていただきましたが、毎回わくわくする議論に学ぶことばかりでした。研究者が自発的に連携し化学反応を生み出す姿に心から感銘を受けました。これからも皆さまが伸びやかに研究を展開されることを楽しみにしております。



森田(寺尾) 美代 Miyo T. Morita

自然科学研究機構 基礎生物学研究所 教授

「植物分子」では初めてアドバイザーという立場に関わることになり、西谷総括のもとで学びながらの参加でした。若いパワーに圧倒されつつも、とても楽しい領域研究に携われたことに、心から感謝しております。「植物分子」研究者の今後の活躍とこのネットワークのさらなる広がり期待しております。



山崎 真巳 Mami Yamazaki

千葉大学 大学院薬学研究院 教授

本領域では、個々の研究者の研究が進展するとともに、それぞれの視点や技術を基盤として新しい共同研究が始まり予想以上の展開が数多く起こりました。その瞬間に立ち会うことができたのは、サイエンスに携わる者として大変幸せなことでした。そして植物分子領域はまだ興味のない分野であると実感しました。

さきがけ研究者と課題

2020年度採択研究者 [1期生]

P06



赤木 剛士 Takashi Akagi

ゲノム・遺伝子倍化が駆動する植物分子の新機能の探索とデザイン

P07



岩瀬 哲 Akira Iwase

低分子化合物から読み解く植物細胞の分化全能性

P08



大島 良美 Yoshimi Oshima

細胞壁-クチクラ連続体の理解とその応用

P09



亀岡 啓 Hiromu Kameoka

新規植物分子によるAM菌培養技術の開発と共生制御の解明

P10



平野 朋子 Tomoko Hirano

植物と昆虫の共生・寄生の分子メカニズムを解く

P11



宮島 俊介 Shunsuke Miyashima

根冠の組織形成が創発する根の防御応答の時空間制御とその動態

P12



棟方 涼介 Ryosuke Munakata

収斂進化の理解に基づく植物特化代謝のデザイン

P13



村上 慧 Kei Murakami

ポリアミンの新合成反応開発と気孔活性植物分子の創出

P14



元村 一基 Kazuki Motomura

花粉を用いた「細胞間移行RNA分子」の解析とそれを利用した遺伝子改変

P15



森 貴裕 Takahiro Mori

植物生合成酵素の機能改変と物質生産系の確立

2021年度採択研究者 [2期生]

P16



安達 広明 Hiroaki Adachi

比較ゲノミクスを基盤とする免疫受容体ネットワークの解明とデザイン

P17



大津 美奈 Mina Ohtsu

植物寄生性線虫の感染をモデルとして植物の細胞融合の謎に迫る

P18



奥山 雄大 Yudai Okuyama

「擬態する花」に着目した昆虫操作の物質・遺伝基盤解明

P19



加藤 義宣 Yoshinobu Kato

生殖障壁としてのクチクラ層の分子機能の解明

P20



佐藤 玄 Hajime Sato

計算化学を用いたテルペン環化酵素と酸化酵素の反応機構解析と機能改変

P21



末次 健司 Kenji Suetsugu

情報分子が拓く植物による菌根菌への寄生能力獲得と制御

P22



関本 奏子 Kanako Sekimoto

生態系内における多成分揮発性植物分子の時空間イメージング

P23



高橋 洋平 Yohei Takahashi

二酸化炭素濃度を感知する植物細胞内装置と作用分子

P24



福井 康祐 Kosuke Fukui

「発芽スイッチ」の構築：厳密な種子休眠維持機構の解明と応用

P25



山田 泰之 Yasuyuki Yamada

発現制御機構の多様性に基づく植物特化代謝の生産制御

2022年度採択研究者 [3期生]

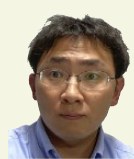
P26



相原 悠介 Yusuke Aihara

植物修飾分子による多面的機能のテイラーメイド制御

P27



加藤 大明 Hiroaki Kato

植物のストレス応答分子機構を利用した人工受容体の創出

P28



白川 一 Makoto Shirakawa

一細胞／一核 RNA-seq 解析による異形細胞の遺伝子発現アトラス

P29



杉山 龍介 Ryosuke Sugiyama

特化代謝のリサイクル経路がもたらすC/N/S 循環システムの理解

P30



館田 知佳 Chika Tateda

全身獲得抵抗性／感受性間のスイッチングシステムを解く

P31



榎本 悟史 Satoshi Naramoto

オーキシン極性輸送をモデルとした体軸の形成・維持機構の解明

P32



野元 美佳 Mika Nomoto

機械刺激センサーであるトライコームの分子基盤の解明と応用

P33



深田 史美 Fumi Fukada

植物の免疫シグナル因子を逆手に取った病原菌の宿主認識機構

P34



吉成 晃 Akira Yoshinari

植物の細胞極性を制御する分子基盤の解明

P35



若林 孝俊 Takatoshi Wakabayashi

植物生長制御に寄与するアポカロテノイドの包括的理解

課題と横顔

赤木 剛士 Takashi Akagi

Nihon BioData Senior Science Director
 理化学研究所 革新知能統合研究センター 客員研究員
 claatakashi@gmail.com



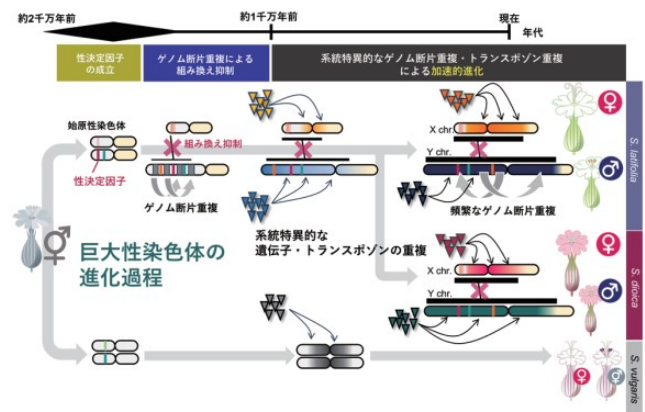
成果

植物はその進化の中で特異的に極めて高頻度の「ゲノム・遺伝子倍化」を経験してきました。しかし、この進化的特異性が駆動する植物独自の形質多様性はまだ明らかにされていません。本研究では、幅広い植物種において「古い時代に起こったゲノム・遺伝子倍化（古倍化）」と最近起こったゲノム倍化（倍数化）が駆動する新機能獲得メカニズムの解明を、AI技術を含む情報学技術と進化・集団遺伝学的観点を融合した複合的研究手法によって目指しました。

AI手法の活用では、これまでは画像や言語が中心であった深層学習を全ゲノム配列情報に適用し、プロモーター配列からの発現パターンのモデル化に成功し、これを広く倍化遺伝子群に適用することで、倍化による新規遺伝子発現パターンの獲得を予測し、その鍵因子を同定する手法を確立しました (Akagi et al. 2022 *Plant Cell*, Kuwada et al. 2024 *Plant J*)。

ゲノム・遺伝子倍化が駆動する新機能獲得や新しい染色体形態の獲得については、複数の植物の性決定システ

ムをモデルとし、近年の倍数化による両性花誘導系メカニズム (Masuda et al. 2022 *Nat Plants*), 全ゲノム・ゲノム断片倍化を起点としたネオ性染色体や新規動態を持った性染色体の急速な進化の促進 (Akagi et al. 2023 *Nat Plants*; Akagi et al. 2024 *Nat Plants*; Akagi et al. 2025 *Science*; Akagi et al. 2025 *Nat Plants*) などを明らかにすることに成功しました。(下図)



展望

植物の進化は動物とは一線を画しており、独自のゲノム動態に由来する形質・特徴を系統ごとに独立して成立させています。一方、そんな「多様性の極み」の中であって、潜在的に共通する「定向進化」なるものは存在していないのだろうか?という疑問の解明が現在の研究テーマです。これは植物の倍数化やそれと連動した性の成立・逸脱において垣間見えるものであり、一見ランダムに見える植物の新機能獲得において何らかの共通したゲノム進化理論の上でそれらが連動している可能性を探索するものです。

課題と横顔

岩瀬 哲 Akira Iwase

理化学研究所 環境資源科学研究センター 上級研究員
<https://researchmap.jp/docbenitake>
 akira.iwase@riken.jp

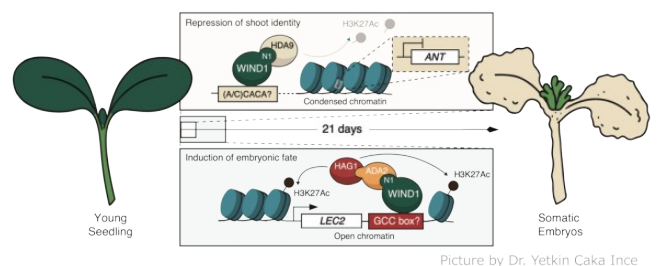


成果

植物組織培養は、植物細胞がもつ分化全能性に基づき、細胞の運命を人為的に転換する技術である。植物ホルモンであるオーキシシンとサイトカイニンの発見以降、その濃度比を調節することで、一度分化した組織から脱分化したカルスを誘導したり、根・莖葉・胚といった器官を再分化させることが可能になった。こうした技術は現在も、園芸・農業分野での有用品種の量産や、新品種・高機能植物の作出、さらには医薬品原料の生産など、植物の物質生産を支える基盤技術として広く利用されている。しかし、組織培養に適用できる作物は限られており、また作業工程が煩雑であるため、より普遍的かつ実用的な手法の開発が求められている。そのためには、細胞が多能性・全能性を獲得する仕組みを基礎的に理解しつつ、植物ホルモンによる制御に加え、リプログラミングを担う遺伝子機能の活用や、ホルモンに代わる化合物の利用によって効率化・簡便化を図ることが有効な戦略となる。

本研究では、この課題に対し、メタボローム解析とケミカルスクリーニングという二つのアプローチを用いた。その結果、動物分野でヒストンアセチル化阻害剤として知られる4-phenylbutyric acidがオーキシシン様の作用を持つことを再発見し、植物細胞のカルス形成や莖葉再生を促

進することを明らかにした (Iwase et al., 2022)。さらに、過剰発現により細胞リプログラミングを誘導する転写因子WIND1が、体細胞胚の形成をも引き起こすことを発見した。そして、この系においてヒストン修飾を低分子化合物で阻害すると、WIND1による分化全能性の発揮が抑制されることを見出した。これを手掛かりに、WIND1がヒストン脱アセチル化とアセチル化という相反する修飾を使い分けることで、既存の細胞運命を抑制すると同時に新たな細胞運命を獲得させていることを明らかにした (Iwase et al., 投稿中)。これらの成果は、細胞運命転換を担う転写因子の本質を明らかにする基礎科学的な意義を持つとともに、低分子化合物を活用することで植物細胞の分化全能性を効率的に制御できるという応用的な可能性を示している。



Picture by Dr. Yetkin Çaka Ince

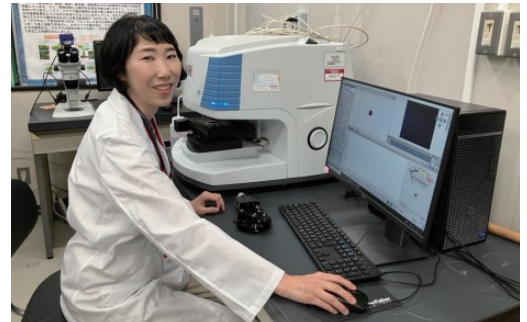
展望

直近のテーマは、転写因子WIND1がパートナータンパク質を切り替えて特定のゲノム領域でヒストン修飾を制御する仕組みを、特にストレス条件下で時空間的に解析することである。さらに、WIND1が色素体の形態や機能に影響を及ぼす現象を見出しており、その解明も進めている。今後も、これまでと同様に、カルス形成や器官再生の分子基盤を明らかにし、植物の生き様の理解と知見の応用展開を目指していきたい。

課題と横顔

大島 良美 Yoshimi Oshima

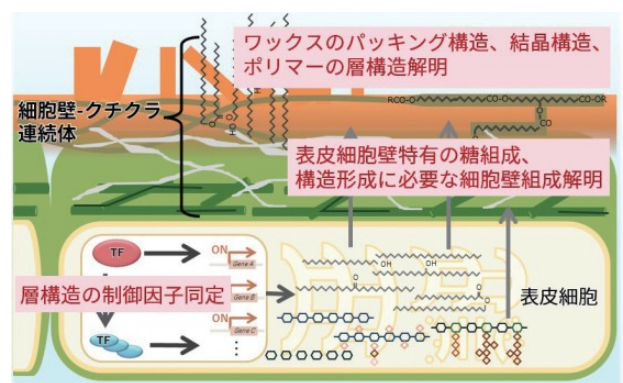
産業技術総合研究所 バイオものづくり研究センター 主任研究員
<https://bprc.aist.go.jp/pfrr>
 yoshimi-ooshima@aist.go.jp



成果

植物のほぼすべての表面を覆うクチクラは、陸上の環境や外敵から保護する脂質性バリア、吸水とガス交換にも関与するなど植物の生存に欠かせない。また、クチクラワックスは潤滑剤や塗料、化粧品など幅広い分野で利用されている。したがって、クチクラのバリア機能強化やワックス増産が期待される一方、その複雑な構造への理解が進まず、制御が難しいことが課題となっている。本研究では、これまで細胞壁の外側の脂質層と考えられてきたクチクラを、細胞壁と境目がない「細胞壁-クチクラ連続体」として捉え、新たな解析法を開発して遺伝学的解析と組み合わせ、その形成機構解明を目指した。まず、偏光変調反射吸収赤外分光法 (PM-IRRAS) で、シロイヌナズナの細胞壁-クチクラ連続体の疎水性の層の化学構造や分子のパッキング構造、配向などを明らかにした。さらに、シロイヌナズナとトマトに適した深度可変全反射吸収赤外分光法 (深度可変ATR法) を開発し、MIXTA様転写因子MYB16機能強化植物の細胞壁-クチクラ連続体層構造の変化を明らかにした。加えて、顕微FT-IRを購入し、深度可変顕微ATR法を立ち上げ、柱頭や矮化した葉などの微小な組織の細胞壁-クチクラ連続体の主要な構造を解明した。この成果は、2期生の加藤義宣氏を含む3件の共同研究に発展した。さらに、表皮細胞

を単離した微量サンプルを用いて、細胞壁多糖類の分析、scRNA-Seq等による表皮細胞の遺伝子発現解析に成功し、細胞壁の成分異常がワックス・クチン蓄積に及ぼす影響や、両者を協調的に制御する転写因子などを明らかにした。また、転写因子ライブラリから複数の細胞壁-クチクラ連続体新規制御因子候補を同定した。このように同定した複数遺伝型の比較解析を進めており、構造と遺伝子発現制御の関係が明らかになるものと期待できる。また、細胞壁-クチクラ連続体改変技術の開発にも取り組んでいる。乾燥耐性にはMYB16、種子劣化耐性にはLMI2が有用であることを見出し、実用植物での検証も開始した。



「細胞壁-クチクラ連続体」改変技術の開発へ

展望

本研究で開発した細胞壁-クチクラ連続体の構造解析及び表皮細胞分析方法は新しい基盤技術として、すでに複数の共同研究が始まっている。今後は多様な植物種に応用し、構造形成と機能に関する知見を蓄積することで、表面化学、環境・生物相互作用、物質生産研究等とのシナジーが起こり、農業の効率化、脂質性有用物質生産、気候変動への適応等の社会課題解決に貢献することを期待したい。

課題と横顔

亀岡 啓 Hiromu Kameoka

China Academy of Science Center for Excellence in Molecular Plant Sciences Group leader

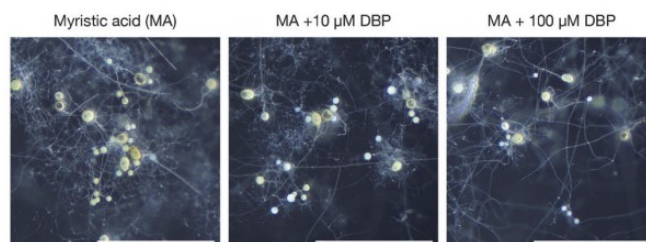
khiromu@cemps.ac.cn



成果

化学肥料の使用を低減する栽培技術として、作物へのアーバスキュラー菌根菌（AM菌）接種が注目されています。AM菌は植物と共生し、植物にリンや窒素などの無機栄養を与えるため、生物肥料として利用されています。しかし、AM菌は単独では増殖できず、宿主植物に共生させて培養する必要があるため、AM菌資材の生産コストが高いことが利用拡大を妨げています。私達は特定の脂肪酸を用いることでAM菌を単独培養できることを見出しましたが、この方法では植物に共生させた場合に比べて培養効率が著しく低いという点が実用化に向けた課題となっていました。脂肪酸による培養の効率が低い原因とその解決方法の検討から、AM菌が共生時に糖の吸収に必要な糖輸送体MONOSACCHARIDE TRANSPORTERT2 (MST2)を発現していないこと、イネ抽出物中に糖輸送体を誘導する化合物（仮にMST2誘導因子と命名）が含まれることを見出されました。そこで、本さきがけ課題では、1. MST2誘導因子によってMST2の発現を誘導することにより単独培養での生育が改善する、2. MST2誘導因子はAM菌内生菌糸での共生遺伝子発現を誘導する、という仮説を立て、MST2誘導因子の同定による仮説の検証とMST2誘導因子を用いた高効率AM菌単独培養を目指

しました。採択期間中にMST2誘導因子の同定には至りませんでしたが、MST2誘導因子精製の過程でDibutyl Phthalate (DBP)という溶媒に混入していた化合物にMST2の発現を誘導する活性があることを見出しました。さらに、脂肪酸培地にDBPを加えてAM菌を培養すると、AM菌は通常より太く枝分かれの少ない菌糸を形成しました。これは、植物と共生中の菌糸と共通する特徴です。しかし、少なくとも現在の条件では、顕著な孢子形成や生育の促進はみられませんでした。また、採択期間終了後に、MST2の発現を誘導する植物由来の化合物を単離しました。現在はこの化合物の生理機能を検証中です。これらの成果はAM菌単独培養の効率改善やAM共生のさらなる理解につながると考えています。



DBPのAM菌培養への影響
 ミリスチン酸を含む培地に0, 10, 100 μMのDBPを加えてAM菌を2ヶ月間培養した。DBPは太く分枝の少ない菌糸を誘導したが、少なくとも現在の条件では、顕著な孢子形成や生育の促進はみられなかった。

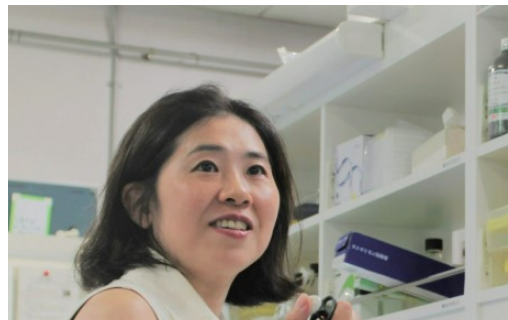
展望

AM菌の生育やAM共生を制御する遺伝子やシグナル分子の探索をしています。AM共生の分野は植物発生や病理などの分野に比べて未発見の因子が多く残っていると考えています。なので、天然物化学、系統ゲノミクス、トランスクリプトミクス、AM菌の遺伝学技術の開発など、様々な手法でまず新規因子を見つけることを目指しています。将来的には新しく見つけた因子を育種や資材開発につなげていきたいと考えています。

課題と横顔

平野 朋子 Tomoko Hirano

京都府立大学 生命環境科学研究科 准教授
<https://www.sato-hiranolab.com/>
 thirano@kpu.ac.jp



成果

ある種の昆虫(虫こぶ形成昆虫)は、自らのすみか兼食料となる「虫こぶ」を、宿主植物に形成させる。「他者の遺伝子発現操作による延長された表現型」の代表例としても知られ、数世紀を超えて研究対象とされてきた。虫こぶ形成昆虫の寄生がなければ、植物は「虫こぶ」を形成しないことから、虫こぶは、虫こぶ形成昆虫が分泌するなんらかの物質(エフェクター)により形成されると考えられてきた。そして、虫こぶが多様で複雑な形や色をもつことから、そのエフェクターは、寄生昆虫と寄主植物の種類ごとに数千以上が必要であり、その解明には、途方もない時間と研究量を要すると予想されていた。一方、これまで、いくつかの虫こぶ形成エフェクター候補となる分子や遺伝子が挙げられたが、その効果を確認する手段がなく、また、寄生昆虫と寄主植物にモデル生物がないことから、虫こぶ形成のメカニズムの分子レベルの解析が不可能とされていた。そこで、本さきがけ研究において、「寄生・共生」の原理を探るため、虫こぶ形成を解析するための寄生昆虫と寄主植物のモデル化とエフェクターの同定を目指した。結果、虫こぶ形成因子としてCAPペプチドを同定し、虫こぶ形成昆虫が存在しない条件で、CAPペプチドと植物ホルモンであるオーキシシンとサイトカイニンのみを作用させることによって、植

物に人工的に虫こぶ様構造を形成させることに世界で初めて成功した。さらに、虫こぶ形成植物ムシクサについて、ゲノム解読、遺伝子操作法の確立により、「延長された表現型」、「高度な異種高等生物同士の共生」である「虫こぶ形成」のモデル化に成功した。また、基礎研究の成果を応用研究につなげた。CAPペプチドが植物の潜在能力を引き出して、生物・非生物ストレスに耐性を与えることを発見し、未来型農業資材バイオスティミュラントとしてのCAPペプチドの実用化を進めた。



展望

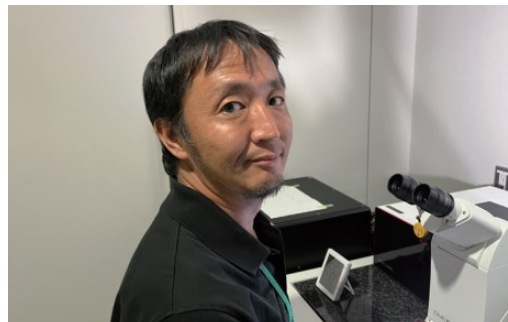
虫こぶ形成エフェクターであるCAPペプチドは、昆虫だけでなく、植物を含めほとんどの生物が共通に持っている。植物では、免疫、環境ストレス耐性、新生細胞の形成と分化に働くことから、CAPペプチドが、生物間や細胞間のコミュニケーションに使われる分子であることが示唆される。従って、CAPペプチドを中心とした研究は、植物の防御と器官形成の根幹システムの解明につながり、環境保護型農業に貢献すると確信している。

課題と横顔

宮島 俊介 Shunsuke Miyashima

石川県立大学 生物資源工学研究所 准教授

<https://www.ishikawa-pu.ac.jp/staff/staffname/shunsuke-miyashima/s-miyash@ishikawa-pu.ac.jp>



成果

土壌環境に炭素源をもたらす植物の根では、その周囲に多種多様な病害微生物が集合し、感染や細胞破壊を通じ植物個体から炭素源を搾取する。根冠は、根の先端部を覆う層状組織で、内層に位置する幹細胞からの細胞新生と最外層での細胞死を伴う細胞除去による継続的なターンオーバーを繰り返すという特異な発生動態を示す。これまで、根冠は土壌中の病害微生物から根を保護する機能を有することが示唆されていたが、その機能の詳細については未解明であった。本研究は、シロイヌナズナおよびそれに感染する病原性糸状菌を研究材料に、植物の根冠が発動する病害抵抗反応の発動原理と動態を分子レベルで解明することを目的とした。シロイヌナズナを含むアブラナ科植物は、特異な防御二次代謝産物であるグルコシノレートを経路ミロシナーゼにより加水分解することで抗菌性物質を産出する。本研究では、第一に、細胞レベルでの遺伝子発現解析から、層状組織である根冠の最外層に位置する細胞において、細胞壁蓄積型のミロシナーゼTGG4およびTGG5が発現し、根冠細胞の細胞死

により、ミロシナーゼタンパク質が根表面に蓄積することを発見した。また内層に位置する根冠細胞においては、病害微生物にตอบสนองし、ミロシナーゼの基質であるグルコシノレートの産出が活性化すること、さらには、このグルコシノレート合成系の病害応答性を司る細胞内シグナルの同定を達成した。また新たに確立したFRET-FLIM法により、この病害微生物にตอบสนองしたグルコシノレート合成の活性化過程において、その生合成を担うP450酵素および細胞質酵素を組み合わせた多様な酵素複合体メタボロンが構築されることを実証した。これら結果より、シロイヌナズナの根冠では、細胞がその存在する位置に応じた病害抵抗反応を発動させることで、病害微生物に対する抵抗性を生み出すことが示された。これらの成果は、根冠における発生形質と防御代謝が連動し、内層細胞による代謝活性化と最外層細胞による抗菌物質放出が統合された高度な時空間的免疫制御機構を形成していることを示す。

展望

今後は、本研究で見出した細胞位置に応じた根冠細胞の機能転換が如何にして制御されているのか、その分子実体に迫る。さらには本研究でもちいたシロイヌナズナの知見を基に、植物種間に存在する根冠発生多様性に着目し、土壌適応機構の進化的理解を深化させる。

課題と横顔

棟方 涼介 Ryosuke Munakata

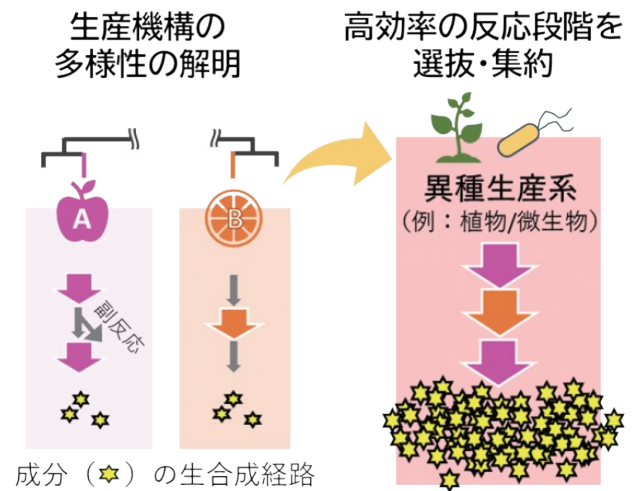
京都大学 生存圏研究所 助教
<https://www.rish.kyoto-u.ac.jp/lpge/munakata.ryosuke.3z@kyoto-u.ac.jp>



成果

植物は多様な特化代謝産物を生産し、これらは香料、染料色素、また医薬原料などとして人間の生活を多面的に支えてきました。近年は持続型社会の構築に向けて、植物特化代謝産物に再び注目が集まっていますが、多くの化合物が未利用なのが現状です。この活用拡大に向けて、私は、同一の特化代謝産物であっても植物系統毎に独自の生産の仕組みが獲得されてきたという収斂進化に着目しました。この植物系統間の生産機構の多様性を遺伝子レベルで調べ、互いをうまく統合することで、有用な植物成分の新規生産技術が構築できると考えました。そこで、本研究では、植物特化代謝産物における生合成・分泌・蓄積様式の収斂進化の基礎的理解を深めること、さらにそれを基に、収斂進化の代謝工学への有用性を実証することを目的としました。さがげ研究の期間では、代謝工学への応用までは届きませんでした。薬理活性物質フラノクマリン類の生産機構が、ミカン科やセリ科などの植物系統間で大きく異なることを見出し、収斂

進化の新知見を得ることができました。(Munakata et al., *PNAS*, 2021)。これらの植物科は、作物種や薬用植物種を多く含むことから、本成果は植物代謝だけでなく、食品科学や薬学など、様々な学術分野に波及効果を及ぼすと期待できます。



展望

今後は、生合成だけでなく、成分の分泌や蓄積機構についても植物系統間の比較解析を進めることで、植物特化代謝の収斂進化についてより俯瞰的な知見が得られると考えています。また、このようにより深く植物成分の生産機構を理解することで、代謝工学への応用可能性も広がると期待できます。この植物分子領域では、さがげ研究者、また総括やアドバイザーの方々と、領域会議だけでなく学会でふとお会いした時など、様々な場面で深く・楽しく議論を交わることができました。私自身、この領域を通じて、研究に対するマインドが大きく変わったと感じています。ここでの交流を大事にして共同研究も進めていきたいと思っています。

課題と横顔

村上 慧 Kei Murakami

関西学院大学 理学部 教授

<https://www.murakamilab-kwansei.com/>

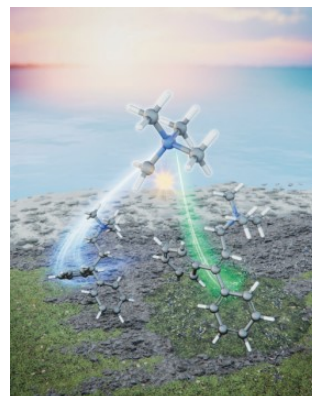
kei.murakami@kwansei.ac.jp



成果

本研究では、「植物に作用する新しい構造のポリアミン分子を有機合成によって創出する」ことを狙いとし、植物科学と有機合成化学を融合させた学際的研究を展開した。ポリアミンは複数のアミノ基を有するアルキル鎖構造をもつ分子群であり、植物においては成長促進や環境ストレス応答など、極めて重要な生理機能を担っていることが知られている。そこで本研究では、有機合成により精密に官能基化したポリアミン誘導体を創製することで、ポリアミンの潜在的な未知の生物活性を引き出すことを目的とした。その達成に向け、「ポリアミン合成手法の確立」と「植物活性を有するポリアミンの創出」を二本柱とし、分子変換技術の開発に注力した。具体的には、ポリアミン骨格の構築およびその修飾（骨格変換・官能基化）を通じて、多様なポリアミン誘導体を合成し、それらの植物に対する活性を評価した。研究活動は、当初の計画に基づく「ポリアミン骨格構築」と「骨格修飾」に加え、さきがけ研究の成果を起点とした「第4級アンモニウム塩合成」、「ポリアミン合成に関わる新規反応の開発」、さらに「共同研究を基盤とした植物分子の創出」へと発展した。

中でも特筆すべき成果は、第4級アンモニウム塩の合成に関する研究である。ポリアミンの生物活性にはカチオン性が深く関与していると考えられることから、第4級アンモニウム塩の合成反応の開発を進め、新たな合成法を確立した。さらに、平野准教授との共同研究により、合成した化合物の中から植物に耐塩性を付与する分子を見出した。特に、100 nMという低濃度で顕著な活性を示す分子の発見は、植物ストレス応答の制御に新たな可能性を提示するものであり、本研究の成果が有機合成化学と植物学の橋渡しとなる点で意義を有する。



展望

研究終了後も引き続き、新たな触媒や反応剤を用いる分子変換反応の開発に基づく研究を継続している。特に、第4級アンモニウム塩を鍵中間体とする分子変換法の確立は大きな進展を見せ、現在はその展開を視野に入れた次のステージへと進んでいる。この変換法は、従来困難であった官能基導入や骨格変換に新たな可能性を拓くものであり、基礎的にも応用的にも高い波及効果が期待される。今後は、これまでに得られた知見を活かし、新構造アミン分子群の合成を進めるとともに、それらを足がかりとした植物分子創出に向けた基礎研究をより一層推進していきたい。

課題と横顔

元村 一基 Kazuki Motomura

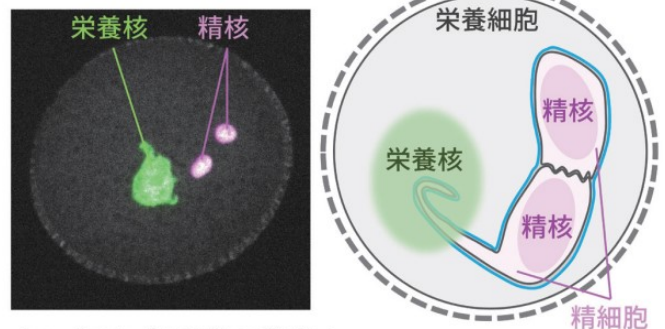
立命館大学 総合科学技術研究機構 准教授
<https://motomura-lab.jp/>
 kazuki-m@fc.ritsumei.ac.jp



成果

細胞間の分子のやり取りを理解するためには、隣り合う細胞に着目することが重要である。そこで本研究では、「栄養細胞」と「精細胞」という2種類の細胞で構成される花粉を材料に、植物細胞間の相互作用を解析した(図1)。特に本研究では、近年報告が相次ぐ栄養細胞から精細胞へ移行する「精細胞移行性RNA」に着目しながら、「栄養細胞-精細胞間のコミュニケーション」の理解を目指した。第一の実験として、このコミュニケーションの生理学的意義を解明するため、カロース合成酵素を精細胞で異所的に発現させ、RNAの精細胞移行が阻害された花粉を作出した。この花粉を解析した結果、伸長中の花粉管の中で精細胞が先端へ輸送されなくなるという、過去に例のない表現型を示すことが明らかとなった(Motomura et al., *Nat Commun*, 2021)。さらに解析を進め、花粉管の先端細胞質から核が排除された状態でも、花粉管が伸長を続けて胚珠まで到達する能力を持つことを発見した(Motomura et al., *Front Plant Sci*, 2022)。この一連の成果は、文科省表彰若手科学者賞をはじめ、複数の学会から受賞するなど、高い評価を得た。次に、精細胞へのRNA移行を制御するタンパク質を同定するため、RNAの細胞間移行に応答する独自のレポーター植物とゲノム編集技術を組み合

わせ、画期的なスクリーニング系を確立した。本スクリーニングを通じて、これまで未知であったRNA移行に関与する複数の有力な候補遺伝子の同定に成功した。本研究ではこれらの発見に加え、その遂行過程で生まれた複数の革新的なツール開発を通じて、植物科学コミュニティへ波及効果をもたらした。例えば、スクリーニングで用いる花粉収穫法は、多様な植物種に適用可能なポテンシャルを秘めている。また、タバコ葉への一過的発現でRNAサイレンシングの活性を簡便に検出できる評価ツールなども開発し、今後の研究の迅速化に貢献すると期待される(Tabara et al., *Mol Plant Sci*, 2024)。



シロイヌナズナ花粉の模式図。
 植物科学最前線 15:22 (2024) より引用

展望

今後は、同定したRNA移行関連因子候補の機能解析を進め、RNAが細胞間を移行するメカニズムの解明を目指す。また、この輸送システムを応用し、ゲノム編集ツールなどを精細胞へ送達することで、従来の組換え技術に依存しない植物遺伝子改変技術の実現に繋げたい。加えて、本研究で確立した高速スクリーニングや各種ツールのノウハウを活かし、技術開発を通じて植物科学分野全体の発展に貢献することを目指す。

課題と横顔

森 貴裕 Takahiro Mori

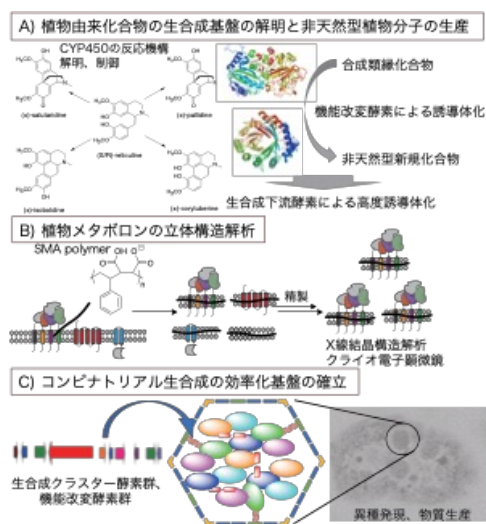
東京大学 大学院薬学系研究科 准教授
tmori@mol.f.u-tokyo.ac.jp



成果

植物が生産する二次代謝産物は、その構造の複雑さ、高い生物活性、多様な物理化学的特性から、医薬品やバイオ産業品として重要な役割を担っている。遺伝子操作技術やシークエンサーの発展により、生合成遺伝子の報告は増加しているが、活性部位の数残基の違いによって機能が大きく変化する酵素も多く、配列情報のみから機能を予測することは困難である。このため、精製酵素による機能解析や立体構造に基づく反応機構の解明が不可欠である。また、生体内では酵素間相互作用により巨大複合体(メタボロン)が形成され、チャネリング効果で反応効率が向上するとされるが、原子レベルの構造解析例は少なく、その分子基盤は未解明である。本研究では、植物二次代謝産物生合成の「解析・改変・利用」を目的に、鍵酵素や酵素複合体の立体構造解析、構造に基づく人為的制御、高効率物質生産系の構築を行った。非天然型分子の創出としては、ベンジルイソキノリンアルカロイド生合成に関わるCYP450酵素に設計基質アナログを作用させ、新規化合物を得るとともに基質選択性比較から反応機構の知見を得た。酵素複合体解析では、C-配糖化フラボノイド代謝に関与するヒト腸内細菌由来脱配糖化酵素複合体、テルペノイド生合成系のプレニル基転移酵素と

テルペン環化酵素のキメラ型酵素を解析し、スクアレンを介さずトリテルペノイドを生産する新規反応機構とドメイン間チャネリングの構造基盤を解明した。さらに、局在化を考慮したコンビナトリアル生合成効率化技術として、クルクミン生合成系をモデルにシェル内局在化システムを構築し、認識ペプチドを最適化することで生産系を高効率化した。本成果は、構造多様性創出と高効率生産を可能にする新たな分子基盤技術を提供し、創薬・バイオ産業への応用可能性を大きく広げるものである。



展望

さまざまな天然物生合成経路において、酵素-酵素間相互作用を原子レベルで詳細に解明し、生物間における代謝効率化戦略の分布や相違性を明らかとしていく。これらの知見は今後の計算化学による酵素間相互作用予測の分野を進展させていくためにも重要な基礎的データとなり、さらに自然界における天然物生合成経路や酵素進化に関する新たな基本原理の知見の取得にもつながることが期待される。

課題と横顔

安達 広明 Hiroaki Adachi

北海道大学 大学院先端生命科学研究院 准教授
<https://life.sci.hokudai.ac.jp/fa/lab/plant-immunity>
hadachi@sci.hokudai.ac.jp



成果

自然界において、植物は糸状菌、卵菌、細菌、ウイルス、線虫など様々な病原微生物にさらされる。しかし、植物は、強固な免疫系を発展させることで、それら病原微生物の感染を阻止してきた。植物免疫系は、宿主の細胞膜上や細胞内に存在する種々の免疫受容体が病原体分子を認識した際に活性化される。植物細胞内の免疫受容体は、nucleotide-binding domain and leucine-rich repeat-containing protein (NLR) と呼ばれ、エフェクターと総称される病原体由来の分泌タンパク質を認識する。エフェクター認識により活性化したNLRは、多くの場合、局所的な過敏感反応細胞死を伴う強固な免疫反応を誘導する。これまでの耐病性育種により同定された抵抗性遺伝子(R遺伝子)の多くは、NLR型受容体をコードすることから、NLRは、病害抵抗性形質を決定する植物免疫系の中心分子であると考えられる。NLR遺伝子は、多くの植物種で多様化・増幅しており、数百から数千のNLR遺伝子がゲノム上にコードされる。様々な病原微生物が存在する環境中において、NLR遺伝子の多様性は植物の

生存戦略の1つであると考えられる。本研究では、植物におけるNLR免疫系の発展の軌跡を解明する目的で、単独で機能するNLR (シングルトンNLR) に加え、複数のNLRが協調的に機能するNLRペアおよびNLRネットワークの分子進化について調査した。各植物種がもつNLR遺伝子群の比較ゲノム解析を行ったところ、種子植物に例外的に広く保存されたNLRとしてZAR1遺伝子を同定した。ZAR1は単独で機能するシングルトンNLRであり、本成果では、ZAR1遺伝子の起源と分子進化について報告した。さらに、ナス科植物とその近縁種がもつNLRの比較解析から、キク類植物に広く保存されたNLRペアを同定し、機能解析を行った。本成果では、ナス科植物で発展したNLRネットワークの起源を報告した。さらに、遺伝学的解析により、ナス科植物のNLRネットワークを制御し、免疫と生育のバランスを調節する因子を同定した。これら成果により、病原微生物との攻防の末、植物が獲得したNLR免疫系の成り立ちと制御の仕組みを理解するための重要な情報が得られた。

展望

近年の植物免疫研究により、植物がもつNLRタンパク質の活性化機構は明らかになりつつある。しかし、モデル植物を中心に一部の植物種がもつNLRの分子機能に限定されており、様々な植物種がもつNLR免疫系の全体像の理解には程遠い。また、NLRが認識する多種多様な病原体分子の機能やタンパク質構造は、多くが未解明である。本さきがけ研究を基盤とし、NLR-病原体リガンド分子間相互作用の体系的理解が期待される。

課題と横顔

大津 美奈 Mina Ohtsu

北海道大学 大学院先端生命科学研究院 助教
mina.o@sci.hokudai.ac.jp



成果

植物寄生性線虫であるシストセンチュウは、宿主植物の細胞同士を融合させることで、シンシチウムと呼ばれる多核の巨大な栄養貯蔵細胞を宿主の根の内部に形成する。細胞壁を持つ植物細胞では、細胞融合はほとんど起こらないと考えられており、植物科学における細胞融合現象の理解は進んでいない。本研究では、植物における細胞融合現象を明らかにするため、感染により細胞融合のタイミングをコントロールできるシストセンチュウの誘導する細胞融合をモデルとすることを着想した。本研究では、まず、シストセンチュウを用いた今後の植物における細胞融合の解析の礎となる実験系の構築を行った。そして、根での生物間相互作用解析に特化したモデル植物であるミヤコグサ (*Lotus japonicus*) に着目し、クローバーシストセンチュウ (*Heterodera trifolii*) がミヤコグサの実験系統MG20、およびGifuを宿主植物とすることを見出し、感染実験系など、今後の基盤となるモデル実験系の確立を行った。さらに、シンシチウムを効率的に濃縮できる新規のトランスクリプトーム解析系の確立を行った。従来は、レーザーマイクロダイセクションによって組織切片から感

染細胞を取り出す方法が主流であったが、数個の細胞しか融合していない感染初期のシンシチウムを単離することは難しい。先行研究において、シンシチウムの核は肥大化し核相が増加することが明らかになっている。本研究では、その核相の違いに着目し、セルソーターを用いて核相ごとにRNAseq解析すれば、感染の初期から後期のシンシチウムにおける遺伝子発現について、切片を作成することなく調べられると考えた。得られたそれぞれの核相における遺伝子発現データを比較したところ、核相が8C以上のサンプルにおいて、シンシチウムの形成に必要な細胞壁関連の遺伝子や細胞膜に関連する脂質修飾に関連する遺伝子の発現が増加しており、先行研究の知見を取り入れた本研究で新たに確立した手法は効率的に感染組織を濃縮・単離できることが示唆された。シンシチウムで発現変動を示した遺伝子の中には、機能未知のものが多かった。今後は、これらの遺伝子について詳細に解析を行うことで、線虫が宿主植物に細胞壁の再構成や細胞融合を起こす鍵となる因子を同定できると考えている。

展望

今後、シストセンチュウが植物細胞に誘導する細胞融合メカニズムを、重複受精や助細胞-胚乳融合と比較することで、植物の細胞融合現象のメカニズムや細胞融合因子についての普遍的な理解が期待できる。また、シストセンチュウは、世界中の農業現場において重篤な被害をもたらしている。そのため、シンシチウム形成メカニズムを理解し新たな防除法を確立できれば、全てのシストセンチュウ被害に悩まされている国内外の農業現場を救うことに繋がる。

課題と横顔

奥山 雄大 Yudai Okuyama

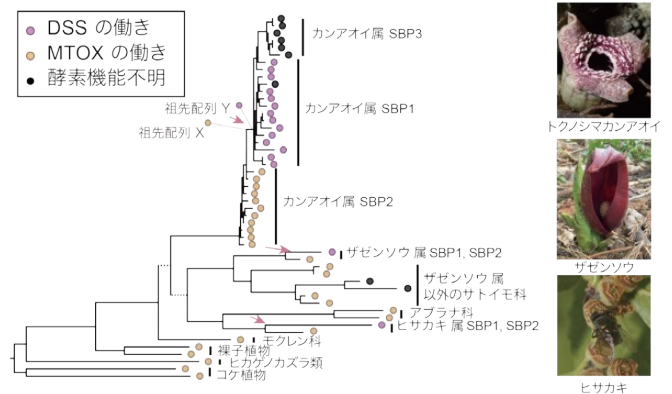
国立科学博物館 植物研究部 研究主幹
yokuyama@kahaku.go.jp



成果

本研究では、カンアオイ属とテンナンショウ属という「昆虫をだまして花粉を運ばせる花」を咲かせる2つの植物群の性質を利用し、まず擬態花をめぐる植物と昆虫の多様な化学コミュニケーションの実態とその進化メカニズム解明を目的とした。カンアオイ属においては複数種について新たに送粉者を特定し、花の香りの違いが実際に擬態様式の違いを反映していることを裏付けた。次にカンアオイ属の花の香気成分に含まれる物質のうち他の植物群の擬態花でも共通する含硫黄成分であるジメチルジスルフィド(DMDS)に着目し、この成分を出す花がカンアオイ属で繰り返し進化していることを突き止めた。この知見を踏まえ、比較トランスクリプトーム解析によってDMDSの生合成がメチオニンを経る2段階の酵素反応で起こること、2段階目の反応は新規酵素ジスルフィドシンターゼ(DSS)が触媒することを解明した。またDSSはカンアオイ以外に異なる2つの被子植物の系統で独立に獲得され

ており、その過程には同一のアミノ酸置換が関与していることを発見した。テンナンショウ属においても多くの種で送粉者が特定でき、やはり花の香りが送粉者特異性に関与していることを示唆するデータを得た。中でも特異なキノコ擬態を行っているユキモチソウでは、他種とは著しく異なる花の香り形質を有しており、その原因と考えられる候補遺伝子を複数特定した。



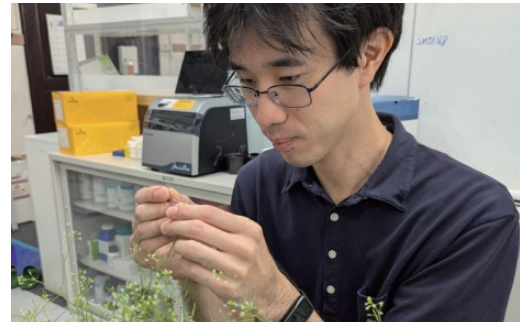
展望

テンナンショウ属におけるキノコ擬態に関与する成分や、フェロモン擬態に関与する成分、カンアオイ属やその他の花から放出されるホモテルペン、フェニルプロペンなどの多様な成分について、未解明の生合成メカニズムを解明するとともに、究極的にはそもそも多くの植物が特定の送粉者を誘引するメカニズム全般や、その進化のプロセスについて理解したいと考えている。

課題と横顔

加藤 義宣 Yoshinobu Kato

東京大学 大学院農学生命科学研究科生物有機化学研究室 助教
a-ykato@g.ecc.u-tokyo.ac.jp



成果

植物の受粉は、雌しべが外来の花粉を識別し、適切なもののみを発芽させる過程である。多くの植物は自家不和合性により自己花粉を拒絶し、また異種花粉も資源の無駄を避けるため排除される（種間生殖障壁）。これらの仕組みを理解・制御することは、F1ハイブリッドの種子生産や新たな交雑育種技術の開発に直結する。本研究は、シロイヌナズナでクチクラ成分クチンを減少させると、近縁種サンドストックの花粉が受容されるという発見を出発点とした。本研究では、クチクラ層がどのように異種花粉を拒絶し、同種花粉がいかんしてこの障壁を突破するか解明を目指した。顕微ATR-FTIR解析により、シロイヌナズナ柱頭はクチンが豊富であるのに対し、サンドストック柱頭はワックス主体であることが判明した。したがって、シロイヌナズナはクチンを量的に発達させることで異種花粉を拒絶していると考えられる。さらに、自家不和合性を再構成した株でもクチン欠損により自己花粉拒絶は維持されたため、クチンは自家不和合性には関与せず、専ら種間障壁として機能していることを示した。これは半世紀前の古い仮説を修正し、新たに支持した結果である。加えて、異種花粉を受容する自然系統を解析した

結果、4番および5番染色体に原因遺伝子座が存在することが判明し、特に4番染色体では有力候補遺伝子を特定した。これはクチクラとは独立の因子である可能性があり、新たな種間障壁メカニズム解明につながると期待される。また、花粉側の要因として想定されたクチン分解酵素クチナーゼについて検証した。唯一の候補とされてきたCDEF1を精製し柱頭に処理したが、障壁突破は起こらず、さらにタバコ葉で一過的に発現させてもクチン分解は認められなかった。一方、病原菌由来のクチナーゼでは明確に分解が観察された。したがってCDEF1はクチナーゼ活性を持たず、これまでの理解は誤っていたことが示唆された。一方で、新たに確立した発現・染色系は真の花粉クチナーゼ探索に有効であり、長年未解明であった酵素同定への道を切り拓いた。本研究は、柱頭クチクラ層が種間生殖障壁として機能することを実証し、さらに従来候補因子の再検討を通じて、新たな障壁突破機構の探索基盤を築いた。これにより、植物の進化的な生殖隔離の理解を深化させるとともに、人工的なクチン分解による種間交雑促進という応用可能性を提示した。

展望

真の花粉クチナーゼを探索し明らかにすることは、本研究の目標であったクチクラ層による生殖障壁のさらなる理解に必須であるのはもちろんであるが、それ以前に受粉過程そのものの基本メカニズムの解明につながる重要課題である。さきがけ研究を通じて見出した真のクチナーゼ活性検出条件を用いてクチナーゼ探索を鋭意進行させている。また、蜜腺に生息するバクテリアが窒素源を花粉から強奪するメカニズム、花粉管破裂物質についての解析も進行させている。

課題と横顔

佐藤 玄 Hajime Sato

東京大学 大学院農学生命科学研究科 助教
<https://www.bi.a.u-tokyo.ac.jp/>
 hsato@bi.a.u-tokyo.ac.jp



成果

テルペン環化反応の研究においては、従来、順方向での反応経路探索が主流であった。しかしこの方法では、分子の高い自由度に起因して探索空間が膨大化し、個々の経路解析に膨大な時間を要するうえ、反応過程に伴うコンフォメーション変化など複数の要因を同時に考慮する必要があるため、包括的な探索は困難であった。本研究では、peniroquesin および retigeranine 型テルペンの生合成研究を通じて、逆合成的アプロー

チによる新規の経路探索手法を確立した。この手法により、従来法と比較して探索時間を大幅に短縮するとともに、より高精度な反応経路の同定を実現した。さらに、Rosetta を用いたテルペン環化酵素の全原子モデルを構築し、環化反応における初期配座固定化に重要な残基を特定することに成功した（下図）。また、機械学習を応用したエネルギー予測手法の開発も進め、反応機構解析に新たな視点を提供した。



展望

近年、様々な分野において AI・機械学習の導入による研究の加速が顕著に見られる。計算化学分野もその例外ではなく、本研究終了後には私自身も ColabReaction という新しいツールの開発に携わった。本ツールは、従来の DFT 計算と同等の精度を保ちながら、100 倍以上の高速化を実現しており、これは機械学習技術の応用によって初めて可能となったものである。<https://colabreaction.net/> から無償で利用可能である。一つ一つの計算コストが劇的に低下した現在、次に重要となるのは、網羅的な探索と大規模データの集積であると考えられる。こうした取り組みは、他分野でも見られた飛躍的な発展を計算化学にもたらすと予想され、反応機構解析の在り方を根本的に変える可能性を秘めている。今後は、データ駆動型の探索と機械学習モデルの高度化を組み合わせることで、計算化学の新たな展開を切り開いていきたい。

課題と横顔

末次 健司 Kenji Suetsugu

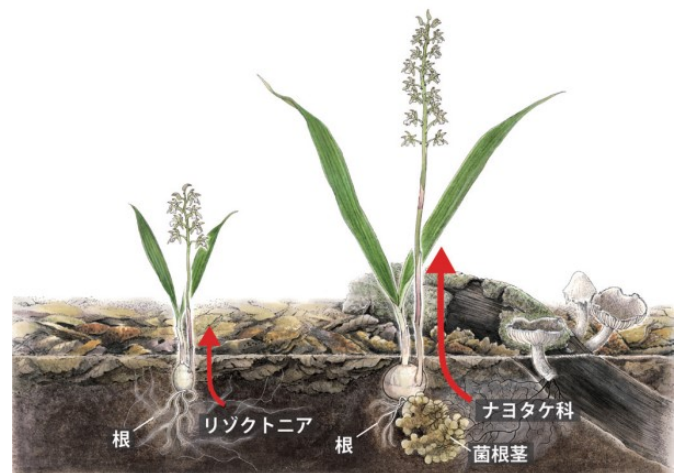
神戸大学 大学院理学研究科 教授
<https://sites.google.com/site/suetsugu.jp/home>
kenji.suetsugu@gmail.com



成果

菌根共生系は、陸上の生態系を根幹から支える存在である。しかし、一部の植物はこの相利共生の枠組みを逸脱し、菌根菌から一方的に有機栄養を得る「菌従属栄養戦略」を進化させてきた。本研究は、そうした植物がどのように誕生したのか、その過程と分子機構の解明を目指すものである。菌従属栄養植物は、地上部をほとんど現さず、特異な環境に局在するため、その分布すら不明な種も多い。そこで本研究では、精力的なフィールド調査と分類学的研究により多様性の実態を明らかにし、特にサイハイランとコケイランをモデルに、菌との相互作用や栄養獲得様式の柔軟性に着目した解析を展開した。安定同位体分析とDNAメタバーコーディングにより、これらの種は共生する菌の種類に応じて栄養戦略を切り替えることが明らかとなった。さらに、菌由来の炭素が開花数などの適応度を高める一方で、高い従属栄養性を支える菌の局所的分布が、環境依存的なトレードオフを生むことも示された。分子レベルの解析では、菌従属栄養性を示す地下器官において、アミノ酸トランスポーター遺伝子の発現上昇や免疫関連遺伝子の抑制といった特徴的な応答が認められ、菌根菌の感染促進と有機物の取り込みが並行して進む可能性が示唆された。また、バイオアッセイにより、菌根菌

を誘引・活性化する化合物を植物抽出物から分離することに成功し、その構造解析と機能解明が進行中である。加えて本研究では、親属・新種の発見や絶滅種の再発見、昆虫・ほ乳類との共生関係の解明、市民科学による新種の発見など、菌従属栄養植物を軸に多様な生物間相互作用の理解にも大きく貢献した。これらの成果は、極端な栄養戦略である菌従属栄養の進化とその制御機構に迫るだけでなく、絶滅危惧植物の保全や植物-菌類-動物間の複雑な関係の理解にも資するものであり、生態学・植物学・共生生物学の新たな展開を切り拓く契機となることが期待される。



展望

これまでに培ってきた菌従属栄養植物の培養技術や分子メカニズムに関する知見は、絶滅危惧種が多い本群の保全に高い応用可能性を秘めており、今後はこれらを活かした技術開発へとつなげていきたい。最終的には、菌従属栄養という極端な戦略を手がかりに、植物多様性の維持や生態系の安定性を支える原理の解明を目指す。同時に、生命の神秘と生物多様性の重要性を、今後も社会へ発信し続けていきたいと考えている。

課題と横顔

関本 奏子 Kanako Sekimoto

横浜市立大学 大学院生命ナノシステム科学研究科 准教授
<https://www-user.yokohama-cu.ac.jp/~masspec2/sekimoto@yokohama-cu.ac.jp>



成果

ケミカルコミュニケーション (アレロパシー) は、植物が体内で生産した代謝物を大気中や土壌中に放散させ、周囲の生物に影響を及ぼす現象である。その代謝物は多数あり、我々にとって有用なものも多いと期待されるが、極微量かつ多様な揮発性物質の捕捉や効果検証は難しく、ほとんど未発掘である。そこで本研究では、揮発性植物分子の放出特性や生態系内での時空間動態を網羅的に分析・可視化するための質量分析技術を開発し、新規ケミカルコミュニケーション探索の基盤技術を確立することを目的とした。これまでの植物科学における揮発性植物分子の計測法は、ガスクロマトグラフィー質量分析法 (GC/MS) が主流であったが、試料を直接その場で・リアルタイムに計測できない、また、検出可能な化合物は数十種類に限られるといった問題点があった。このような現状を打破するために、本研究では、本研究者の質量分析学および大気化学の独創的な経験を駆使し、植物とその周辺に発生する揮発性物質の濃度を「サンプルがある現場で」「多成分同時に」「経時的かつリアルタイムに」計測することにより、揮発性植物分子の時間的・空間的な生態系内動態を網羅的に可視化する可搬型質量分析技術を開発した。本技術を用い、実験室のチャンバー内および野外

にて種々の植物を計測した結果、森林内に発生する多成分の揮発性植物分子のリアルタイム計測や、害虫忌避効果を有する新規の揮発性植物分子の発掘に成功した。



展望

現在、学術変革領域研究(A)の課題にて、森林生態系内に発生する揮発性植物分子の計測を続けています。年間を通じて、どのような時期にどのような植物分子が発生するのかを捉えていきます。今後は、さきがけ研究で開発した質量分析技術をさらに改良していき、植物をはじめとした様々な生体に関与する自然現象を、「分子」の目線から解き明かしたいと思います。

課題と横顔

高橋 洋平 Yohei Takahashi

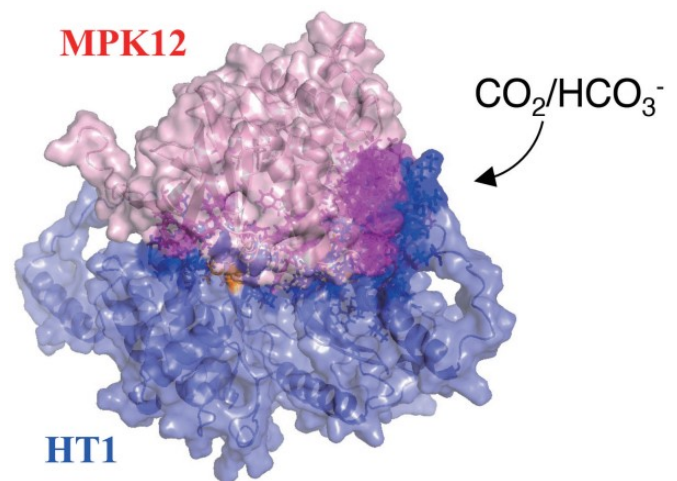
名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所 特任准教授
<https://plantphys.bio.nagoya-u.ac.jp/index.html>
 takahashi.yohei.n9@f.mail.nagoya-u.ac.jp



成果

大気中二酸化炭素 (CO₂)濃度の急激な上昇は、植物や作物にも大きな影響を与える。陸上植物は、気孔を介して光合成に必要なCO₂を吸収するが、多くの植物種においてCO₂そのものに応答して気孔を開閉するなど短期的・長期的に応答することが知られており、植物の効率的な水利用などに重要である。本研究では、植物がどのようにCO₂濃度を感知して気孔閉鎖を引き起こすのかを、生化学・分子生物学・プロテオミクス・ケミカルバイオロジーを駆使して解明し、さらには気孔CO₂応答を操作する新規化合物を開発することで、植物の生育促進や作物増産につながる生物学的知見を創出することを目的とした。本研究では、独自に見出していたMPK4/12-HT1複合体を、「植物CO₂感知分子モジュール」と位置付け、国際共同研究を含む先駆的な研究計画を構想した。その結果、MPK4/12とHT1とが、in vitro, in vivoの両方でCO₂/HCO₃⁻に直接応答して互いに結合することを見出し、CO₂に応答したMPK4/12-HT1複合体形成が気孔閉鎖を引き起こすCO₂/HCO₃⁻センサーの実体であることを世界で初めて証明した。さらに、MPK4/12-HT1複合体直下で機

能するCBC1キナーゼの活性がCO₂濃度に依存して活性制御されて気孔開閉をコントロールするメカニズムを、明確な生化学的・遺伝学的証拠に基づき解明した。さらに、CO₂情報伝達を阻害する化合物を探索する新規スクリーニング系を複数立ち上げた。2万種類近くの化合物ライブラリーから複数の候補化合物を選抜した。これらの作用機序の解明は、植物のCO₂感知メカニズムの解明に役立ち、将来的な薬剤開発につながると期待される。



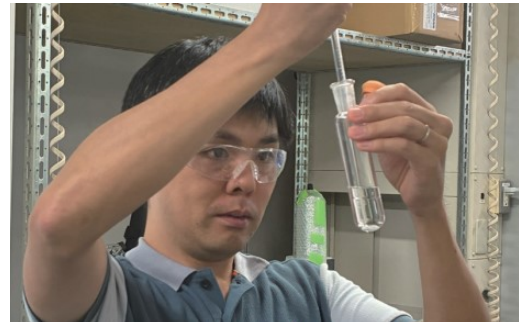
展望

陸上植物と大気との重要なインターフェイスである気孔が、4億年以上にわたる地球大気環境変化と関連しながら、どのように機能進化を遂げてきたのかについて、遺伝子のレベルから明らかにしたい。加えて、将来的に想定されている大気CO₂の高濃度化や地球の高温化に対して植物がどのように応答していくのか、そしてそのような過酷な環境下における農作物の生産に対し、基礎科学的な理解をいかに応用していけるのかを追求したい。

課題と横顔

福井 康祐 Kosuke Fukui

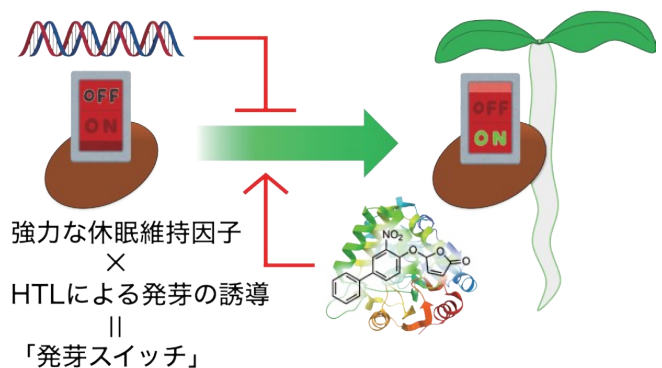
東京理科大学 大学院 理学研究科 准教授
<https://dept.tus.ac.jp/pcb-lab/>
fukui@rs.tus.ac.jp



成果

一般に、吸水した種子は発芽に至適な条件（温度や光、湿度）におかれると発芽へと向かうが、どのような分子メカニズムが不可逆的な発芽の引き金となるのかについては十分に理解されていない。一部の根寄生植物は、宿主の根から放出されるストリゴラクトンをHTL/KAI2（以下HTL）受容体で認識することが引き金となり、発芽することが知られている。また、それらの根寄生植物種子は吸水と乾燥を繰り返しても発芽能力を維持できるため、厳密に発芽を制御していると言える。このように、農作物種子や穀物の発芽を自在に制御できれば、農業における種子利用効率を向上させるだけでなく、穀物の保存コストや劣化を低減させることに応用できる。本研究では、HTL受容体を介した発芽の制御機構の理解を足がかりに、一部の根寄生植物が有する種子発芽の厳密な制御メカニズムについて解き明かし、発芽させたくない時には決して発芽させず、発芽させたい時に効率よく発芽させる「発芽スイッチ」を構築することを目的とした。まず、HTL受容体を介した発芽の制御機構の解明を目的に、モデル植物シロイヌナズナの自然変異系統から吸水で発芽せず、HTL受容体アゴニスト化合物処理で発芽する系統を選抜した。ここで、SLはシロイヌナズナのHTL受容体に対し

ではアゴニストとして機能しないため、本研究では独自にHTL受容体アゴニスト化合物を創製し、利用した。以上から、選抜した系統が持つ吸水で発芽しない形質の分子メカニズムを「発芽OFFスイッチ」、HTL受容体を介した発芽の誘導メカニズムを「発芽ONスイッチ」と捉え、それぞれの解析を進めている。現在まで、「OFFスイッチ」の原因遺伝子の特定を目指した遺伝学的な解析を行っている一方で、選抜した系統では吸水しても発芽抑制ホルモンであるABAの量が減少しないことを突き止めた。また、「ONスイッチ」を強力にするための受容体の高感度化と、高活性アゴニストの創出も達成できた。



展望

さきがけ研究期間では発芽の秘密をほとんど解き明かせなかったため、引き続き種子の休眠と発芽の詳細な分子制御メカニズムの解明に挑戦していく。また、HTL/KAI2受容体を介した情報伝達の解明に資するため、受容体阻害剤や内生リガンドの生合成阻害剤の創製にも挑戦している。ライフワークとして、植物の生産性を向上させたり、植物内での生命現象を解き明かしたりするのに「使える」化合物を創製したい。

課題と横顔

山田 泰之 Yasuyuki Yamada

神戸薬科大学 薬学部 講師
<https://medicinalcellbiolo.wixsite.com/kpu-med-cell-biol>
 yyamada@kobepharma-u.ac.jp

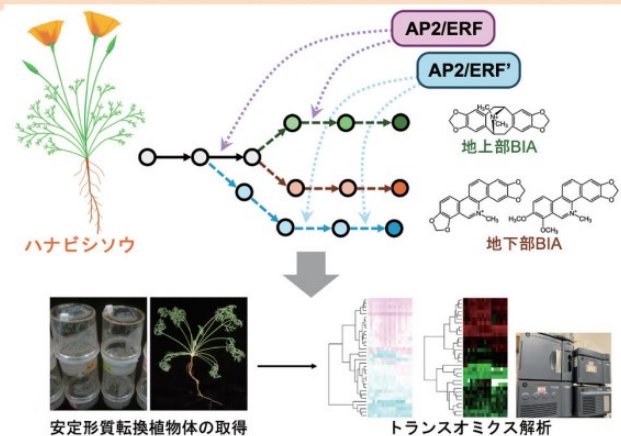


成果

医薬品原料等として利用される植物特化代謝産物の安定供給系確立には生合成の理解が不可欠である。私は、鎮痛薬のモルヒネに代表されるベンジルイソキノリンアルカロイド(BIA)を産生する様々な植物のゲノム比較解析、代謝酵素や発現制御因子の同定などを進めてきた。その過程で、転写因子の機能や発現制御ネットワークの多様化が、植物種に特異的かつ多様な分子の産生能獲得に大きな影響を及ぼした可能性を見出してきた。本研究では、BIA生合成経路の多様化とそれに寄与する転写因子群の機能獲得や進化との関係性を詳細に解明し、革新的な物質生産制御系確立のための研究基盤を構築することを研究目的とした。キンポウゲ科のオウレンやケシ科のハナビシソウから単離した植物特有のAP2/ERF転写因子（以下、ERF）が、BIA生合成系のような遺伝子群の発現に影響を及ぼすかを詳細に解明するために、安定形質転換体を作成してトランスオミクス解析を行った。特に、ハナビシソウは植物体の各組織で異なるタイプのBIAを産生し、地上部BIAの生合成機構は未解明であったため、再分化植物体を取得し、組織ごとの解析を試みた。本稿では、主にハナビシソウから得られた成果を紹介する。6つのハナビシソウERFについて発現抑制株の解析を行った結果、

特に1つのERF抑制株において、地上部特異的なBIA蓄積量や、推定酵素遺伝子群の発現減少が認められた。一方、ERF過剰発現株では地下部特異的な酵素遺伝子の発現、BIA蓄積量の増加傾向が見られた。他のERFについても影響が確認されており、ERFなどが関わる多様な発現制御機構が組織ごとに存在する可能性も示唆された。また、発現変動が見られた推定酵素遺伝子の一部は、酵素アッセイにより地上部BIAの骨格形成への関与が示唆されたことから、本研究成果は、未同定の酵素遺伝子の探索への貢献も期待される。

転写制御機構と特化代謝経路の多様化との関連性の解明



展望

現在、ドイツの研究者らと共同でハナビシソウの高精度ゲノムシーケンス解析を進めており、今後はそれら情報を利用したChIP-seq解析などにより、ERFを含む多様な転写因子群の制御機構の詳細を解き明かしていく。また、発現制御因子を標的とした代謝変動からの未同定酵素遺伝子の単離・同定をより迅速に進めることで、合成生物学などの応用研究と組み合わせた物質生産系の構築も可能になると期待される。

課題と横顔

相原 悠介 Yusuke Aihara

神戸大学 大学院理学研究科 准教授
y.aihara@opal.kobe-u.ac.jp



成果

本研究では、植物が産生する高反応性分子を「植物修飾分子」と定義します。アブラナ目植物の植物修飾分子イソチオシアネート (ITC) を題材として、植物における多面的な標的タンパク質と生理機能を解明することを目指します。標的特異性を決定づける ITC の作用機構を分子構造レベルで解明し、生理作用ごとに最適化されたテイラーメイド ITC を創出します。これを基に、有用な植物機能を亢進させる、植物修飾分子のテイラーメイド制御技術を確認します。有機化学研究者と共同で、ITC の生理活性とその活性特異性を飛躍的に増大させたスーパー ITC の開発に成功し、気孔開口を阻害する作用点を解析するとともに、その結果のしおれ抑制効果実証して論文として発表しました (Aihara et al., *Nat. Commun.*, 2023)。加えて、ITC の標的タンパク質を標識できる ITC プローブを用いたプルダウン解析により、植物細胞における多様な標的タンパク質候補を見出し、それら標的候補の機能解析を進めました。特にある受容体様タンパク質については、ITC の構造特異的に酵素活性が阻害されることが確かめられたことから、テイラーメイド ITC の標的として最有力の候補として捉えています。この標的受容体と ITC との結合構造

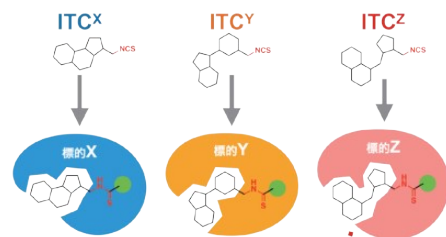
を解明しさらに結合親和性を改善できるようモデリング解析を進めることで、テイラーメイド ITC を創成・実証できると期待しています。

イソチオシアネート：
気孔開口を抑える植物修飾分子とその分子改良



(Aihara et al., *Nat. Commun.*, 2023, 国際特許申請)

テイラーメイド ITC 構想



テイラーメイド ITC とその受容体ペアの「雛形」を捉えた！

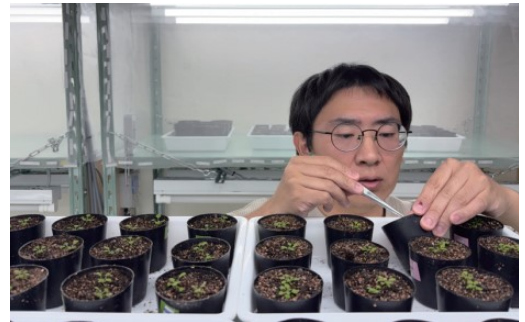
展望

植物修飾分子は ITC に限らずセスキテルペンラクトンやオキシリピンなど幅広く存在します。これらの植物標的タンパク質や、その生理機能などの分子メカニズムの解明にも取り組んでいます。また、しおれ抑制剤としてのスーパー ITC をはじめとして、植物修飾分子を農業や作物流通に役立てるための基礎から応用への橋渡しとなる研究もライフワークとしていきたいです。

課題と横顔

加藤 大明 Hiroaki Kato

京都大学 大学院農学研究科 特定研究員
kato.hiroaki.6a@kyoto-u.ac.jp



成果

植物は、生育環境においてさまざまなストレスにさらされながら、それに応じた適切な応答を行い、生存している。しかし、植物細胞がどのような分子を、どのように認識しているのかについては、未解明な点が多い。従来の殺菌剤などによる病害防除と併用可能な、薬剤に依存しない新たな植物保護手法として、植物が病原菌に抵抗するための適切な応答を誘導できる「分子スイッチ」を有する植物の創出が期待されている。その実現には、植物が微生物を構成するどの分子を、どのようなしくみで認識するのかを詳細に解明することが不可欠である。これまでの研究により、植物がスフィンゴ脂質を認識するためには、細胞外セラミダーゼである NCER2 および受容体キナーゼ RDA2 が必要であることが明らかとなっている。そこで本研究では、植物のスフィンゴ脂質認識機構をより詳細に解明することを目的に、生物発光レポーター植物を用いた表現型解析と、遺伝子単離手法 MutMap を組み合わせた Lumi-Map法 により、スフィンゴ脂質応答変異体およびその原因遺伝子の特定と機能解析を行った。その結果、グルコシルセラミドに特異的に応答しない変異体を取得し、原因遺伝子として グルコシダーゼ遺伝子 (BGLU)を同定した。さらに、このBGLU遺伝子は植物の

アポプラストにおいてグルコシルセラミダーゼとして機能し、グルコシルセラミドをセラミドへと変換する能力を有することが明らかとなった(図1)。以上の結果は、糸状菌や卵菌などが普遍的に有するスフィンゴ脂質のような複雑な構造を持つ分子に対し、植物が細胞外において複数の分解酵素を利用し、受容体によって認識可能なリガンド分子を切り出して認識するという、段階的に調節された認識機構を備えていることを示唆している。

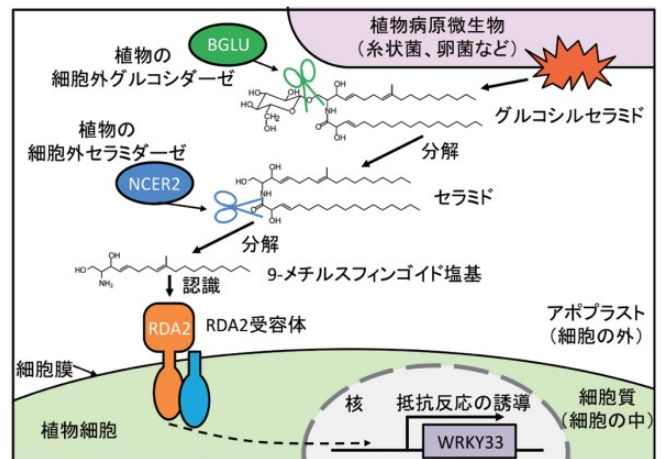


図1. 植物が病原菌特有の脂質を認識するしくみ

展望

植物によるスフィンゴ脂質の認識機構が解明されたことにより、グルコシルセラミドを利用した応用展開が期待される。グルコシルセラミドは、きのこ栽培時に廃棄される菌床などに多量に含まれており、これらの廃棄物を材料とすることで、植物免疫活性化剤としての利用が展望される。今後は、作物の栽培現場で課題となっている病虫害や環境ストレス応答に関与する新規分子を特定し、その認識機構の解明を進めるとともに、得られた知見をもとに作物がそれらのストレスに適切に応答できるような技術の開発につながる研究を展開したい。

課題と横顔

白川 一 Makoto Shirakawa

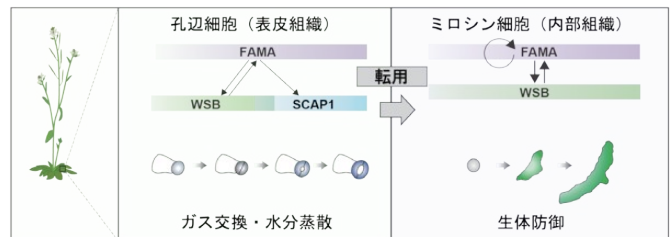
Institute of Plant and Microbial Biology, Academia Sinica
Assistant Research Fellow
makotos@gate.sinica.edu.tw



成果

植物の異形細胞には、種に固有の酵素や特化代謝産物が含まれている。異形細胞の分化の分子機構に迫ることで、それら有用植物分子の利用を可能にすることを目的に研究を行った。アブラナ目の異形細胞であるミロシン細胞とS細胞をモデルに研究を進めた。まずはじめにシングルセル解析により、シロイヌナズナ本葉からミロシン細胞とS細胞を同定し、トランスクリプトームデータを取得することに成功した。予想外の発見として、S細胞の多様化を示唆するデータを取得した。次に、ミロシン細胞のマスター転写因子FAMAに着目し、その下流標的因子を探索した。新規転写因子WASABI MAKER (WSB)を同定した (Shirakawa et al., Nature Plants 2025)。WSBは被子植物に保存されたAP2/ERF型転写因子であり、ミロシン細胞の分化に必要な転写因子であることを明らかにした。FAMA-WSB系は表皮の異形細胞である孔辺細胞でも発現していたが、孔辺細胞系ではFAMA-WSBに加えてZincフィンガータイプのSCAP1転写因子も重要な働きをしていることがわかった。進化の過程で、孔辺細胞を作るためのFAMA-WSB-SCAP1ネットワークの一部であるFAMA-WSB系がミロシン細胞の分化に転用されたと考えられる。さらなる解析から、進化の過程でミロシ

ン細胞におけるWSBが新機能を獲得したことも示唆された。以上の結果は、転写因子の転用と新機能獲得による新しい細胞種の獲得の分子機構を提唱しており、今後他の植物の異形細胞の研究を進める上で類似の分子機構が発見されると期待される。また、異形細胞の数や性質を人為的に改変する技術の創出に貢献すると考えられる。



孔辺細胞を作るための転写ネットワークの一部であるFAMA-WSBが転用されてミロシン細胞が作られるようになった
孔辺細胞を作るためには、FAMA-WSB-SCAP1ネットワークが必要である。一方で、ミロシン細胞を作るためには、その一部であるFAMA-WSBネットワークが必要である。孔辺細胞はほとんどの陸上植物に存在し、一方でミロシン細胞はアブラナ目植物だけが持つ細胞である。以上のことから、FAMA-WSBネットワークが進化の過程で転用されたと明らかになった。

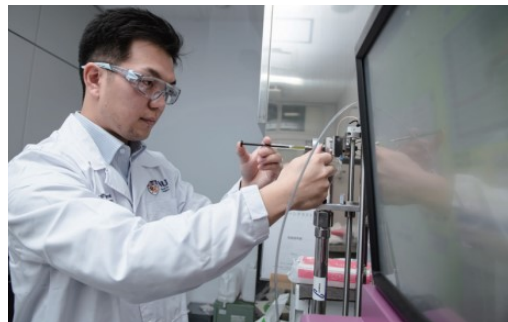
展望

植物が多様な特殊化した細胞や特化代謝産物を生み出す仕組みを分子レベルで明らかにする。進化の過程における「遺伝子の転用」と「新機能獲得」の事例を様々な植物種において発見し、それが可能になったゲノム基盤とエピゲノム制御を解明する。加えて、遺伝子だけでなくシスエレメントの新機能獲得にも着目して研究を進めていきたい。それら新規メカニズムの保存性と多様性を明らかにすることが次の10年の重要な課題と考えている。

課題と横顔

杉山 龍介 Ryosuke Sugiyama

千葉大学 大学院薬学研究院 助教

<https://sites.google.com/faculty.gs.chiba-u.jp/idenshi-chiba/homejrsugiyama@chiba-u.jp>

成果

植物は外敵や環境ストレスから身を守る手段として特化代謝産物を生産します。本研究では、これまで「代謝の終着点」と考えられてきた特化代謝産物が植物体内で分解・リサイクルされている可能性に着目し、炭素・窒素・硫黄それぞれの栄養循環に対応する複数の特化代謝産物について、リサイクル経路の実証と分子メカニズムの解明を目指して研究を進めました。主な成果を2つ紹介します。

1. リサイクル経路を検証する新たな手法として、安定同位体「逆」トレーサー法の開発に取り組みました。この方法では、天然に微量しか存在しない安定同位体（例： ^{34}S ）を含む培地で植物を栽培した後、特化代謝産物を添加します。添加した化合物は天然存在比の多い同位体（例： ^{32}S ）で構成されているので、ラベル栽培した植物内ではむしろマイナーな同位体種となり、質量分析により追跡することができます。これにより、複雑な構造の化合物を事前標識することなく、間接的にトレーサー試験と同様の観察を行うことができます。本手法を用いて、ワサビやダイコンなどの辛み成分であるグルコシノレート（からし油配糖体）を構成する硫黄原子が一次代謝へとリサイクルされる現象の植物種保存性を検証しました。その結果、硫黄リサイクル経路はグルコシノレート生産植物（アブラナ

目）に特異的に保存されていることが強く示唆されました。

2. オウレン根茎で高蓄積するベルベリンなどのベンジルイソキノリンアルカロイドが植物内で分解・リサイクルされている可能性を検証するモデルとして、オウレン培養細胞を用いた代謝解析を2期生の神戸薬科大学 山田泰之博士と共同で行いました。アルカロイド生合成に必須な窒素が不足するとアルカロイドの分解が促進すると予測し、窒素の安定同位体 ^{15}N で標識したベルベリンが分解する様子を観察しました。その結果、ベルベリンの分解中間体と推測される化合物を4つ構造決定することに成功し、オウレン自身がベルベリンを分解できることを示唆する結果が得られました。また、本研究の過程で、オウレンに含まれるアルカロイドの1つであるヤトロリジンの新規生合成遺伝子を同定しました。

今後、リサイクル経路の詳細がより明らかになれば、成長と環境適応の栄養バランスや有用生理活性物質の生産を制御する、新しい戦略ターゲットとして利用できると期待されます。

展望

植物が特化代謝産物を自ら分解・リサイクルするというターンオーバーの概念は1970年代頃から議論されていますが、実証された例は未だごく僅かです。さきがけ終了後も、この分野の第一人者として研究を進めていきます。また、「植物や微生物はなぜ特化代謝産物をつくるのか？」というより根源的な問いに迫る学問領域「天然物生物学」の創成に挑戦しており、植物の栄養循環戦略の観点からこの分野の発展に貢献していきます。

課題と横顔

舘田 知佳 Chika Tateda

岩手大学 農学部 特任助教
ctateda@iwate-u.ac.jp



成果

病原菌感染により植物の全身に誘導されるシステミックな抵抗性反応 (Systemic acquired resistance : SAR) と感受性誘導 (Systemic-induced susceptibility : SIS) 間のスイッチングメカニズムを解き明かすことを研究の狙いとしている。植物と病原菌の攻防により植物にはSARが誘導されるということがこれまでの植物免疫の常識であった。しかし、私たちは、一部の病原菌が数種類の植物の生長や分化を操作して、自身がより感染しやすくなる環境を整えるという真逆の現象が実は存在し、このSISと考えられる現象の誘導にSARとの攻防を制する何らかの長距離シグナルSIS分子が関与していることも見出していた。さきがけ研究では、SISシグナル分子の実態解明とSISを検出可能なマーカー遺伝子の探索を中心に研究を進めたところ、同じ一枚の葉の中でSISとSARが同時に誘導されているにも関わらず、なぜかSISを誘導できる病原菌だけが、単にSARを回避するだけでなく、SISを“あえて”利用することで自身の感染をより容易にしているということが見えてきた。特に、SARによく利用される植物分子のサリチル酸の気孔形成抑制効果が、SISシグナル分子群 (ペプチド、RNA) によって阻害され、逆にSISシグナル分子

の誘導にはSAR関連遺伝子が必要であるという興味深い知見が得られた。植物が条件反射的に誘導するSARというシステムを病原菌が巧みに利用し、適切なSISシグナル分子を植物に作らせることで病原菌側が周辺環境を整えているのだらうと予想している。研究当初に期待していた通り、SISを抑制することで減農薬を実現可能にする持続可能な農業に向けた技術の開発につながるような研究成果が得られたのではないだろうか。一方で、植物はなぜ病原菌にSISを許容するのか、また、SISを必要とする病原菌はなぜSAR制御を介したSISという複雑な仕組みをあえて利用するのかという生命現象の本質を解き明かすまでには至っておらず、まだまだ不思議な生命現象ではある。さきがけ研究で得られたSISマーカーやSISシグナル分子が、今後のSIS現象の解明や応用研究に大いに役立ってくれると期待している。

展望

さきがけ研究終了後も引き続き、不思議なSISという生命現象を解き明かしていきたいと考えている。病原菌により改造された植物組織や細胞の性状解析、免疫抑制機構の解明、SISシグナル分子の作用を阻害する因子の探索やSISを必要とする病原菌の特徴づけなどSISという生命現象を理解するために必要な研究はまだまだ尽きない。また、SISシグナル分子やマーカー遺伝子を利用して、多年生作物栽培が潜在的に抱えるリスクを回避できる持続可能な農業に向けた新しい技術を国内外の研究者、特に開発途上国の研究者とも連携して開発していきたい。

課題と横顔

榎本 悟史 Satoshi Naramoto

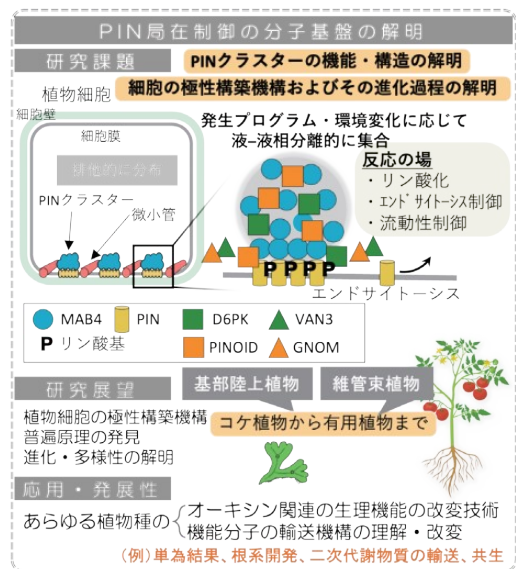
北海道大学 大学院理学研究院 准教授
<https://keitai1.sci.hokudai.ac.jp/>
satoshi.naramoto@sci.hokudai.ac.jp



成果

植物の形態形成において、植物ホルモンであるオーキシンは体軸形成や光・重力応答などの環境適応に必須の役割を担う。その機能は組織中で一定方向に極性輸送されることに基づいており、この仕組みの理解は植物発生学における中心的課題である。本研究では、①オーキシン極性輸送を担う分子メカニズムの解明、②この輸送様式が植物の進化の過程でどのように成立・多様化してきたのかの理解、の二点を大きな目的とした。①に関しては、オーキシン排出担体であるPINタンパク質の細胞内局在に着目した。特にPINが細胞膜表面で多量体様のクラスターを形成することを見出し、クラスターがどのような仕組みで形成され、細胞内での偏った局在を規定するのかを解析した。その結果、PINクラスターはオーキシン依存的に形成が誘導され、さらに細胞表面の微小管近傍に出現することを明らかにした。微小管は細胞の力学的状態を反映して配向することが知られており、この知見はPINの局在と細胞力学・ホルモン応答が密接に結びつくことを示唆している。現在は、これらの実験的知見をもとに数理モデルを構築し、細胞群レベルでのオーキシン流路形成原理の理解を進めている。②に関しては、非種子植物のコケ植物(ゼニゴケ・ヒメツリガネゴケ)やシダ植物(リチャードミズワラビ)を対象にPINの局在を比較解析した。その結果、種子植物では組織中で長距離にわたり極性輸送する仕組みが一般的であるのに対し、コケやシダではPINを介してオーキシンを細胞外に排出する様式を有することが判明した。また、コケ植物では一部の組織で長距離輸送がみられるものの、基本的には数細胞レベルの局所的な輸送に依存して形態形成が制御されることが明らかになった。

これらの結果から、植物は進化の過程で「体外排出」から「局所的体内輸送」へ、さらに「長距離輸送」へと段階的に輸送様式を進化させてきたとの仮説が導かれた。本研究の成果は、植物の形態形成におけるオーキシン輸送の分子基盤を解明するとともに、その進化的背景を統合的に理解する上で新たな視座を与える。さらに、今後の数理モデルとの統合解析により、植物が多様な形態を獲得する普遍的な原理に迫ることが期待される。これらの知見は、植物進化学や発生生物学の深化に寄与だけでなく、将来的には植物形態の設計や作物改良など、応用的な研究展開への基盤となる意義を持つ。



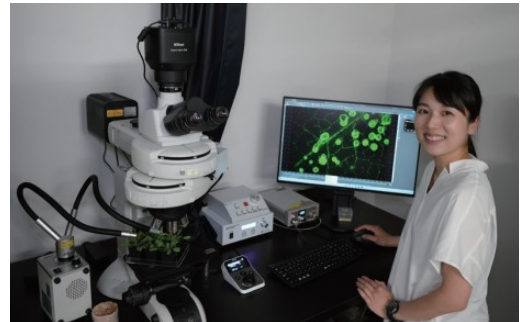
展望

地球上に繁茂する植物が、どのような仕組みで多様な形態を生み出すようになったのかを、分子レベルで解明したいと考えています。特に、発生過程における機能性分子の動態を可視化し、その振る舞いを数理モデルによる理論解析と統合することで、植物の進化や多様化の原理に迫ります。将来的には、この知見を基盤として植物形態のテーラードデザインにもつながる研究を展開したいと考えています。

課題と横顔

野元 美佳 Mika Nomoto

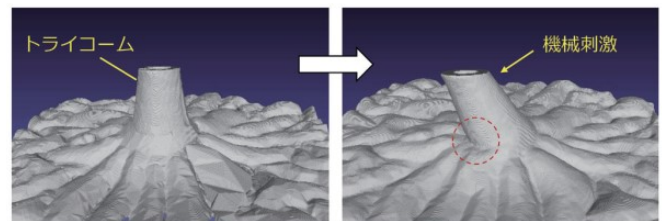
名古屋大学 遺伝子実験施設 講師
nomoto@gene.nagoya-u.ac.jp



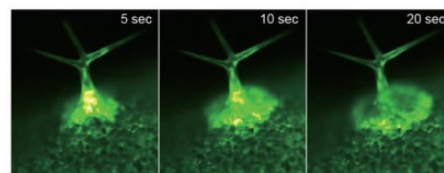
成果

植物葉面の毛状突起（トライコーム）は、雨などによって負荷される機械刺激を感知すると、周辺組織でカルシウムウェーブ依存的な免疫を活性化します。この雨による機械刺激応答性免疫は、寄生菌や腐生菌など感染戦略の異なる病原微生物に対して効果的にその増殖を抑制することから、植物は雨を危険因子として認識し、来るべき感染に備える能力があると考えられます。本研究では、トライコームがどのように機械刺激を感知し、カルシウムシグナルを誘導するかという分子基盤を明らかにすることを目的としました。まず、トライコーム基部の構造特性や機械刺激に伴う構造変化を非破壊かつ高分解能で観察するため、SPring-8を用いたX線マイクロCTによる時系列イメージングを行いました。これにより、外力によって基部が可逆的に変形する様子を観察することに成功しました。さらに、カルシウムシグナルの伝播や免疫応答に関与する植物分子を明らかにするために、遺伝学的スクリーニングやトランスクリプトーム解析も行いました。その結果、このトライコームの構造変化がカルシウムシグナルの初期トリガーとなり、下流の免疫応答関連遺伝子の発現を誘導することが明らかになりました。以上の成果から、トライコームは単なる突起状の構造物

ではなく、自身の構造変化を感知して免疫シグナルを作動させる「力学センサー」として機能することが示されました。本研究は、植物が環境刺激を利用して先制的に病害抵抗性を高める仕組みを明らかにしたものであり、この知見は、農薬使用量削減や病害抵抗性作物の分子育種といった持続的農業の実現に貢献することが期待されます。



葉面の毛状突起トライコームは、雨などの機械刺激をトライコーム基部が可逆的に変形することによって感知している。



屈曲したトライコームは、カルシウムウェーブを誘導し、免疫関連遺伝子の発現を誘導し、病原菌への抵抗力を高める。

展望

今後は、トライコーム基部と隣接する連結細胞との間に存在するプラズモデスマータに着目し、機械刺激応答性のカルシウムシグナルがどのように細胞間で伝達されるのか、その構造および分子基盤の解明を進める予定です。さらに、細胞内に流入したカルシウム依存的なリン酸化カスケードの全貌も明らかにする予定です。トライコーム起点の情報伝達ネットワークの理解を深め、植物の環境ストレスに対するレジリエンスの解明に貢献したいと考えています。

課題と横顔

深田 史美 Fumi Fukada

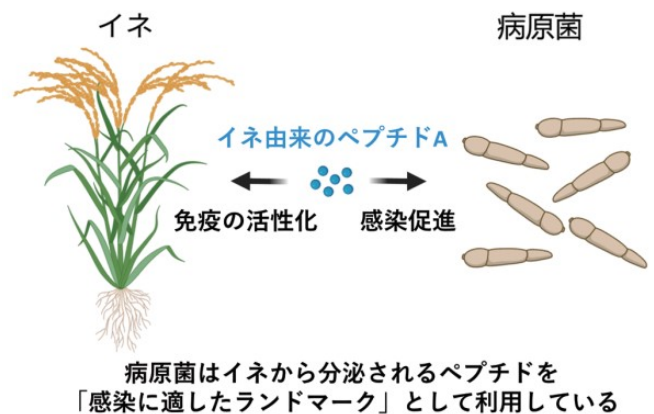
岡山大学 資源植物科学研究所 助教
https://www.rib.okayama-u.ac.jp/plant_design/fumi.fukada@okayama-u.ac.jp



成果

植物は病原菌の攻撃から身を守るために、精巧な免疫機構を持っています。その一つに、病原菌を感知して防御応答を活性化させる免疫誘導ペプチドの作用があります。イネ由来のペプチドAも、この一種だと考えられていました。しかし、この免疫誘導ペプチドAの欠損体は、本来であれば防御応答が低下して病気に弱くなるはずが、逆に欠損体の方が病気に強くなることが明らかになりました。本研究では、このペプチドAが持つ既存の知見に反する二面的な機能の解明を目的としました。まず、in vitroで合成ペプチドAが特定の病原菌の形態形成に与える影響を検証しました。その結果、驚くべきことに、ペプチドAの処理が病原菌の感染器官である付着器の形成を促進するという作用を発見しました。次に、ペプチドAの欠損体と過剰発現体を用ってin planta実験を行ったところ、ペプチドAが病原菌の付着器形成を促進することが確認されました。これらの結果から、ペプチドAが植物免疫を活性化する「防御因子」であると同時に、特定の病原菌の感染を助長する「感染促進因子」としての二面的な機能を有することが明らかになりました。付着器は植物への侵入開始に必須の器官であるため、病原菌はイネから分泌されるペプチドAを「感染に適したラ

ンドマーク」として利用していると考えられます。以上の結果から、ペプチドA欠損体ではイネの免疫応答が低下するものの、それを上回って病原菌の感染性も低下するため、結果的に病気に強くなると結論づけられました。今回発見した現象は、植物の免疫因子が特定の病原菌に利用され得るという、植物病理学における新しい概念を提唱し、ペプチドAの「諸刃の剣」としての役割を示すことにより、植物-病原菌間の複雑な共進化機構の理解に貢献します。さらに、ペプチドAの二面機能の分子レベルでの解明は、植物成長を維持しつつ病害抵抗性のみを向上させる、持続可能な新規病害防除技術開発への応用が期待されます。



展望

病原菌にはペプチドAを認識する受容体が存在すると予想されますが、菌における受容体の知見は非常に限られています。そこで、ペプチドAの受容体の単離を出発点として、病原菌が外部環境（植物や他の微生物など）を認識する受容体の解明を進めたいと考えています。特に日本の農業現場で問題となる植物病原菌を対象に、強い感染力の背景に未知の受容体が関与している可能性に注目し、その分子機構の解明に取り組みたいと考えています。

課題と横顔

吉成 晃 Akira Yoshinari

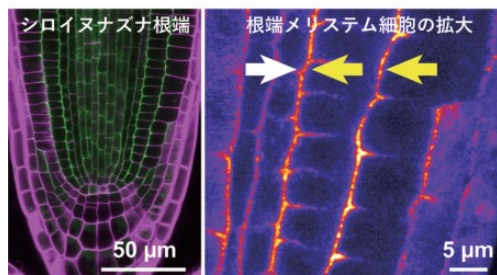
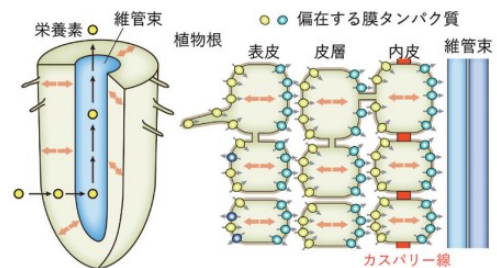
名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所 特任講師
<https://www.itbm.nagoya-u.ac.jp/frommer-yoshinari/>
 yoshinari.akira.t2@f.mail.nagoya-u.ac.jp



成果

植物の美しく機能的な形態はどのように生まれるのでしょうか。陸上植物の組織は、幾重にも重なった細胞の層で構成されています。シロイヌナズナやイネなどの維管束植物の根では、栄養素の輸送体や受容体といったタンパク質の一部が、維管束側（内側）あるいは土壌側（外側）の限られた細胞膜領域に偏在していることが知られています。こういった現象は一般に細胞極性と呼ばれ、個々の細胞が何らかの方法で組織の内側と外側の情報を感知し、タンパク質の動態が非対称的に制御されることによって生み出されると考えられています。しかしながら、陸上植物がどのように組織の内外といった空間情報を捉え、細胞極性を確立しているのか、それは謎に包まれていました。本研究では、陸上植物がどのように細胞極性を制御するのか、その分子基盤の解明に挑みました。しかし、細胞極性は植物の発生や形態形成に重要であるため、通常の遺伝学的アプローチが難しいと考えられました。そこで本研究では、プロテオミクスやケミカルジェネティクスを駆使して、未知の細胞極性制御因子の発見を目指しました。ビオチン化酵素TurboIDによる近接依存性標識と質量分析を組み合わせることで、細胞表面で組織の内側や外側に向かって偏在するタンパク質の同定に取り組み、これまで知られていなかった偏在性タンパク質の同定に成功しました。興味深いことに、同定され

たタンパク質の一部は互いに相互作用し、安定的なクラスターを形成していることがわかりました。今後、この偏在するタンパク質クラスターの機能を詳細に解析することで、植物の細胞極性制御メカニズムを理解する重要なヒントが得られると期待されます。さらに、細胞膜上で偏在するタンパク質・BOR1の局在様式を変調するPolarin化合物群の作用機序の解析や、受容体様キナーゼDPKの翻訳後修飾と細胞膜上での偏在についての解析を通して、細胞膜上でのタンパク質の局在様式と膜交通との関連についての知見を得ることができました。



細胞側面に偏在する新奇のタンパク質の発見

展望

植物の細胞極性制御機構にはまだ多くの謎が残されています。植物の栄養素輸送体や受容体など様々なタンパク質が細胞表面で偏在する仕組みを突き止めることができれば、植物細胞の性質を調節し、作物収量の増加や機能性の向上といった育種への応用も可能になるかもしれません。今後は、植物の細胞極性制御分子のタンパク質分子スケールの動態・機能解析を進めるとともに、陸上植物が誕生するに至った細胞極性の進化についても明らかにしたいと考えています。

課題と横顔

若林 孝俊 Takatoshi Wakabayashi

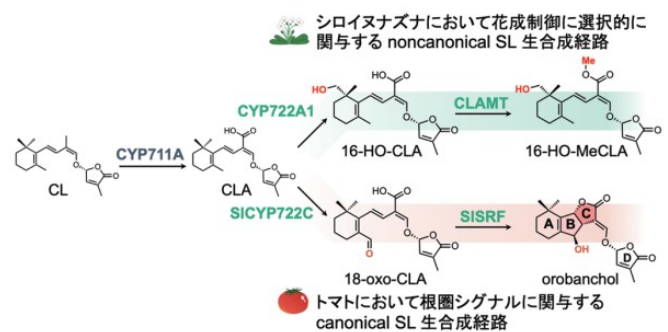
東京大学 大学院農学生命科学研究科 助教
<https://webpark2213.sakura.ne.jp/wakabayashi-t@g.ecc.u-tokyo.ac.jp>



成果

本研究の狙いは、アポカロテノイドであるストリゴラクトン (SL) の構造特異的な機能を分子レベルで解明し、その知見を植物の生長制御や寄生雑草防除といった農業応用へつなげることである。アポカロテノイドとは、カロテノイドの酸化的分解で生じる代謝産物群であり、SLはその代表例である。SLは枝分かれ抑制などの植物ホルモン作用を担う一方、根から分泌されて菌根菌との共生促進や寄生雑草の発芽誘導にも関わるが、その「構造ごとの機能分担」は未解明であった。本研究ではまずトマトを対象に、canonical SLである orobanchol の生合成経路を解明した。canonical SLとは、ABC環の三環性ラクトン骨格がエノールエーテルを介してメチルブテノライド環 (D環) と結合した構造をもつ群で、寄生雑草や菌根共生の主要シグナルとされる。本研究により、CYP722Cファミリーの酸化酵素と、新規に同定したdirigent protein系酵素「SRF (stereoselective BC-ring forming factor)」が協調して、carlactonic acid (CLA) から orobanchol を生成することを明らかにした。これは寄生雑草誘導分子の生合成を分子レベルで特定した点で大きな意義を持ち、SLを標的とした防除技術の基盤となる。

さらにシロイヌナズナでは、新たにCYP722A1を同定した。CYP722Cが根圏に分泌されるcanonical SL生成を担うのに対し、CYP722A1はABC環を持たないnoncanonical SLの生合成に関与し、花成制御に特異的な役割を果たすことを明らかにした。すなわち、SLの構造多様化は植物体内機能と根圏機能を分担させる進化的戦略であることを示す知見を得た。以上の成果により、SL分子群は「構造に応じて役割を分担するシグナルネットワーク」を形成することが示され、作物改良や持続的農業技術の開発に直結する基盤的成果となった。



展望

さきがけ研究で得られた知見を基盤に、今後はSL分子の構造と受容体・シグナル伝達因子との相互作用を解析し、構造特異的な機能発現機構を明らかにする。その上で、作物におけるSL分泌や構造を精密に制御し、根寄生雑草の防除法を確立することを目指す。また、SLが根圏微生物群集や植物間相互作用に及ぼす影響も包括的に解析し、作物生産の安定化に資する新たな技術基盤を創出する。

共同研究可能な測定と解析技術[1期生]

1. 研究テーマ・専門分野
2. 共有可能なデータ情報
3. 共同研究として提供できる技術
4. 利用可能な機器
5. 扱っているあるいは提供可能な実験材料

赤木 剛士

P.6

1. ゲノム言語モデルの活用、深層学習による画像・ゲノム配列などの解析、進化的力学に基づく各種モデリング

researchmap

<https://researchmap.jp/7000009048>



岩瀬 哲

P.7

1. 植物細胞の再生メカニズム解明と利用・分子生物学
3. 植物形質転換、組織培養、一過的遺伝子発現、EMSA、Y2H、BiFC、シングルセル解析、空間トランスクリプトーム解析など

researchmap

<https://researchmap.jp/docbenitake>



大島 良美

P.8

1. 細胞壁-クチクラ連続体の構造解析・形成制御、転写因子の探索・機能解析
3. 細胞壁-クチクラ連続体の成分分析、構造解析、表皮細胞単離、遺伝子発現解析
4. 顕微FT-IR、GC-MS、SEM
5. シロイヌナズナ・イネ転写因子ライブラリ、キメラリプレッサー発現種子ライブラリ、マイクロトム

researchmap

<https://researchmap.jp/read0143348>



亀岡 啓

P.9

1. アーバスキュラー菌根共生、植物-微生物相互作用、植物ホルモン
5. イネ、フタバネゼニゴケ、アーバスキュラー菌根菌 (*Rhizophagus irregularis*)

researchmap

<https://researchmap.jp/hiromukameoka>



平野 朋子

P.10

1. 植物の共生・寄生, 植物の器官や細胞の形態形成
2. ムシクサのゲノム配列, RNA-seqデータ
3. CAPペプチドを用いた高効率な植物形質転換法
5. CAPペプチド, ムシクサ

researchmap

<https://researchmap.jp/tomokohirano>



宮島 俊介

P.11

1. 根の発生および環境応答の分子機構の解明・植物発生学
3. 蛍光寿命イメージング
4. ライカ ステラリス8、ステラリス5を用いた共焦点レーザー顕微鏡解析。機器を用いた共同研究可能
5. シロイヌナズナ、コレトリカム糸状菌

researchmap

<https://researchmap.jp/miyashima>



棟方 涼介

P.12

1. 作物や薬用植物の二次（特化）代謝産物の生産機構の解明とその代謝工学的応用
植物二次(特化)代謝/生化学
3. 酵素の機能解析・LCMSやGCMSIによる低分子化合物の分析

researchmap

https://researchmap.jp/ryosuke_munakata



村上 慧

P.13

1. 有機化学・反応開発・ケミカルバイオロジー
3. ケミカルライブラリー
5. 小分子

researchmap

<https://researchmap.jp/chem>



共同研究可能な測定と解析技術[1期生]

1. 研究テーマ・専門分野
2. 共有可能なデータ情報
3. 共同研究として提供できる技術
4. 利用可能な機器
5. 扱っているあるいは提供可能な実験材料

元村 一基

P.14

1. RNA植物生殖工学
3. シロイヌナズナやその他植物の高効率な花粉回収法、ゲノム編集による遺伝子破壊やスクリーニング
4. スピニングディスク式共焦点蛍光顕微鏡（花粉を始めとしたライブイメージングに特化）

researchmap

<https://researchmap.jp/kazum>



森 貴裕

P.15

1. 酵素構造機能解析・天然物化学
3. タンパク質立体構造解析（X線結晶構造解析、クライオ電子顕微鏡解析）、酵素精密機能解析

researchmap

https://researchmap.jp/t_mori



1. 研究テーマ・専門分野
2. 共有可能なデータ情報
3. 共同研究として提供できる技術
4. 利用可能な機器
5. 扱っているあるいは提供可能な実験材料

安達 広明

P.16

1. 植物免疫研究におけるR遺伝子が決定する病害抵抗性の分子メカニズムを専門
2. 各植物種が有するNLR遺伝子群、及びその分子系統解析データ
3. 植物を使ったNLRタンパク質および病原体分子の遺伝子発現技術ならびに生化学的解析手法
4. 植物組織において任意のタンパク質を発現させ、目的のタンパク質を精製するための関連機器

researchmap

<https://researchmap.jp/AkiAdachi>



大津 美奈

P.17

1. 植物-微生物間相互作用、植物寄生性線虫、植物免疫
3. 各種病原微生物の植物への接種実験、光学顕微鏡を用いた観察、セルソーターでの核のソーティング
4. イメージングMicrohub Mica
5. ダイズシストセンチュウ、クローバーシストセンチュウ、テンサイシストセンチュウ等

researchmap

https://researchmap.jp/mina_adachi-ohtsu



奥山 雄大

P.18

1. 進化生物学、分子系統学、植物生態学
3. GCMSによる揮発性物質全般の分析、分子系統解析
5. 日本産野生植物種を中心とした植物のリビングコレクション

researchmap

<https://researchmap.jp/read0128283>



加藤 義宣

P.19

1. 植物生殖、光合成、植物・蜜腺バクテリア相互作用
3. タンパク質複合体分離解析 (Blue-Native PAGEなど)
5. シロイヌナズナ、タバコ、蜜腺バクテリア

researchmap

https://researchmap.jp/yoshi_kato123



1. 研究テーマ・専門分野 2. 共有可能なデータ情報 3. 共同研究として提供できる技術
4. 利用可能な機器 5. 扱っているあるいは提供可能な実験材料

佐藤 玄

P.20

1. 計算化学・天然物化学
2. 計算座標
3. DFT計算、ドッキングシミュレーション

researchmap

<https://researchmap.jp/hajimesato>



末次 健司

P.21

1. 日本の生物多様性を活かした植物、菌類や昆虫のナチュラルヒストリー研究)
3. 菌従属栄養植物の生育情報・生活史特性・共生培養に関する情報
5. 菌従属栄養植物の種子や共生菌

researchmap

<https://researchmap.jp/KenjiSuetsugu>



関本 奏子

P.22

1. 質量分析学・大気化学・植物分子科学
3. 大気中の微量な揮発性有機化合物(VOC)の質量分析計測

researchmap

<https://researchmap.jp/KanakoSekimoto>



高橋 洋平

P.23

1. 陸上植物の細胞機能発現について、生化学や分子遺伝学を用いて情報伝達メカニズムを解明する。
2. シロイヌナズナ孔辺細胞を用いたCO₂応答因子の網羅的データ
3. 陸上植物の気孔に着目した生理学的解析や、二酸化炭素濃度を制御したインキュベーターにおける植物の栽培
4. 植物生育用インキュベーターなど
5. シロイヌナズナの気孔CO₂応答に関する各種変異体・形質転換植物など

researchmap

https://researchmap.jp/yohei_takahashi



福井 康祐

P.24

1. 植物ホルモン
ケミカルバイオロジー
種子発芽
2. Rome-1 whole genome sequence
3. 有機合成
アゴニスト&アンタゴニスト設計
DSFアッセイ
4. HPLC
リアルタイムPCR装置
5. 難発芽性シロイヌナズナ自然変異系統
HTL合成アゴニストライブラリー

researchmap

<https://researchmap.jp/ydh>



山田 泰之

P.25

1. 研究テーマ：アルカロイド等植物特化代謝生成系の統合的解明と応用専門：植物分子細胞生物学
2. 薬用植物（オウレン、ハナビシソウ、ウマノスズクサ、ヒガンバナなど）のシーケンスデータ
出芽酵母やメタノール資化性酵母の異種発現
3. 系オウレンプロトプラスト発現系レポーターアッセイやEMSA
4. 顕微鏡（ニコンECLIPSE Ts2-FL）ルミノメーター（プロメガGloMax20/20）など
5. 薬用植物園で栽培中の植物の一部
<https://www.kobepharma-u.ac.jp/botanical-gardens/>

researchmap

https://researchmap.jp/iqa_kea



1. 研究テーマ・専門分野
2. 共有可能なデータ情報
3. 共同研究として提供できる技術
4. 利用可能な機器
5. 扱っているあるいは提供可能な実験材料

相原 悠介

P.26

1. 植物の反応性代謝物の生理作用と分子標的・植物生理学、ケミカルバイオロジー

researchmap

<https://researchmap.jp/7000006296>



加藤 大明

P.27

1. 植物の遺伝学スクリーニング
3. シロイヌナズナ実生における生物発光表現型の測定に関わる試験条件およびMutMap解析
4. 自動プレート搬送装置が付属した生物発光測定装置
5. シロイヌナズナ生物発光レポーター系統

researchmap

<https://researchmap.jp/hiro2>



白川 一

P.28

1. 植物の異形細胞・発生生物学
3. 共焦点顕微鏡解析及びシングルセル解析のための植物核の抽出:共焦点顕微鏡解析では、組織中の細胞や細胞内オルガネラの観察が可能です。また、対象となる植物から核を抽出し、その質と量を調べてシングルセル解析が可能か判別します。
4. 共焦点顕微鏡ステラリス5
5. シロイヌナズナ

researchmap

<https://researchmap.jp/makotoshirakawa>



杉山 龍介

P.29

1. 生物有機化学
天然物化学
天然物生物学(天然有機化合物の生物学的意義)
3. 植物の安定同位体標識栽培
微量成分のLCMSターゲット分析
微量成分の単離・構造決定
4. トリプル四重極型LCMS: サンプルの受託分析
分析・分取HPLC: 目的化合物の分析・単離の受託
5. 安定同位体標識栽培した植物試料
特に、各種アブラナ科野菜

researchmap

<https://researchmap.jp/RSugiyama>



舘田 知佳

P.30

1. 植物の全身での免疫/感受性反応の解明・植物感染生理学(植物病理学)、植物生理学
5. シロイヌナズナ(提供可能)、タバコ、トマト、リンドウとそれらに感染する気孔侵入型の病原菌

researchmap

<https://researchmap.jp/tateda>



楢本 悟史

P.31

1. 植物進化発生生物学 植物細胞生物学
3. (1)超解像顕微鏡観察(2)重力応答などを解析するのに最適な横倒し顕微鏡の利用(3)植物の進化発生生物学的解析を行ううえでの技術、特に、様々な植物の遺伝子組み替え等の技術
4. 横倒し超解像共焦点レーザー顕微鏡を用いた共同研究を引き受けます。重力応答などの解析に有用です。機器の使用は使用方法を指導したうえで、利用者自身が利用することを想定しますが、場合によっては実験の引き受けも行います。
5. シロイヌナズナ、ゼニゴケ、ヒメツリガネゴケ、リチャードミズワラビ、ヒカリゴケ、アゼゴケ、オゼソウ、サクライソウ

researchmap

<https://researchmap.jp/7000017796>



野元 美佳

P.32

1. サリチル酸応答性遺伝子の発現制御機構の解明、トライコーム依存的な免疫応答の解明・植物免疫
2. サリチル酸やジャスモン酸処理のRNA-seq、病原性細菌接種のRNA-seq、機械刺激のRNA-seq
3. カルシウムイメージング、蛍光実体顕微鏡+IR-LEGO、無細胞タンパク質合成系、ChIP-seq解析
5. シロイヌナズナ、ベンサミアナタバコ

researchmap

<https://researchmap.jp/nomotomika>



深田 史美

P.33

1. 植物-病原菌相互作用・植物病理学、植物生理学
2. 菌感染時のトランスクリプトームのデータ
3. 病原菌の感染実験・植物の抵抗性反応の解析
5. 植物病原糸状菌

researchmap

<https://researchmap.jp/fumi.fukada>



共同研究可能な測定と解析技術[3期生]

1. 研究テーマ・専門分野
2. 共有可能なデータ情報
3. 共同研究として提供できる技術
4. 利用可能な機器
5. 扱っているあるいは提供可能な実験材料

吉成 晃

P.34

1. 植物科学・イメージング・輸送体・受容体・細胞極性
5. 植物発現用蛍光タンパク質付加ベクター

researchmap

<https://researchmap.jp/AYoshinari>



若林 孝俊

P.35

1. ストリゴラクトンを中心とした植物低分子天然物の構造と機能解明
3. 植物代謝産物の単離・精製、生合成酵素機能解析（植物シトクロムP450）、根寄生雑草実験
4. 超高速液体クロマトグラフィー-タンデム四重極型質量分析計による低分子定量
5. ストライガ属やオロバンキ属など根寄生雑草種子

researchmap

<https://researchmap.jp/wakabayashi-t>





国立研究開発法人科学技術振興機構 戦略研究推進部

〒102-0076 東京都千代田区五番町 7 K's 五番町 TEL:03-3512-3526 FAX:03-3222-2066

https://www.jst.go.jp/kisoken/presto/research_area/ongoing/bunya2020-2.html



2026年1月発行