
環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物
デザイン研究基盤の確立

平成 26 年度～平成 30 年度私立大学戦略的研究基盤形成支援事業
研究成果報告書

2019 年（令和元年）5 月

学校法人名 学校法人明治大学

大学名 明治大学

研究組織名 植物環境応答研究所

研究代表者 川上直人

（明治大学 農学部 教授）

研究担当者および主担当テーマ

川上直人	農学部・教授	温度による発芽制御メカニズムの解明
久城哲夫	農学部・准教授	環境応答ホルモン、アブシジン酸の生合成鍵酵素遺伝子の同定
吉本光希 (平成 28 年 4 月 1 日より)	農学部・准教授	植物環境応答におけるオートファジーの機能解析
紀藤圭治	農学部・准教授	環境応答における代謝酵素のプロテオーム解析
安保 充	農学部・准教授	植物の環境応答・ストレスモニタリング手法の開発
賀来華江	農学部・教授	植物免疫のシグナル認識に関わる受容体の構造・機能解析
大里修一	農学部・准教授	病害抵抗性を崩壊させる変異の獲得機構の解明
桑田 茂	農学部・教授	植物ウイルスによる細胞壊死機構の解明と抵抗性付与基盤の確立
矢野健太郎	農学部・教授	大規模オミックス解析による環境応答遺伝子の網羅的探索

学外共同研究者

瀬尾光範	理化学研究所環境資源科学研究センター・適応制御研究ユニットリーダー	環境・ストレス応答におけるホルモノーム解析
------	-----------------------------------	-----------------------

プロジェクトマネージャー

賀来華江：平成 26 年 7 月～平成 27 年 3 月 31 日

大里修一：平成 27 年 4 月 1 日～平成 31 年 3 月 31 日

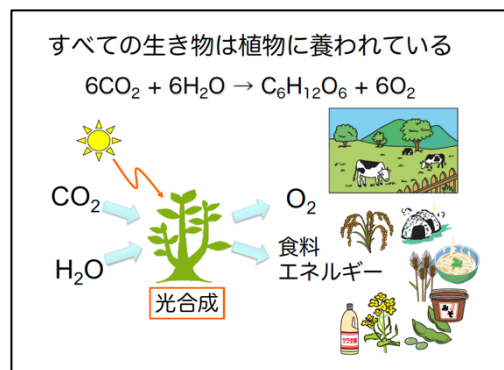
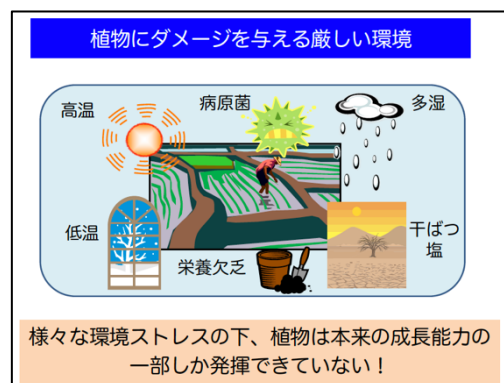
目次

研究担当者および主担当テーマ	1
はじめに	3
研究成果の概要	4
研究成果	6
温度による発芽制御メカニズムの解明	6
環境応答ホルモン、アブシジン酸の生合成鍵酵素遺伝子の同定	7
植物環境応答におけるオートファジーの機能解析	8
環境応答における代謝酵素のプロテオーム解析	8
植物の環境応答・ストレスモニタリング手法の開発	9
植物免疫のシグナル認識に関わる受容体の構造・機能解析	10
病害抵抗性を崩壊させる変異の獲得機構の解明	14
植物ウイルスによる細胞壊死機構の解明と抵抗性付与基盤の確立	15
大規模オミックス解析による環境応答遺伝子の網羅的探索	15
自己評価	17
外部評価	18
発表論文・講演等	19
原著論文	19
図書	25
招待講演	26
シンポジウム	28
国際学会	28
国内学会	32
主催シンポジウム	47
国際学会の後援	47

はじめに

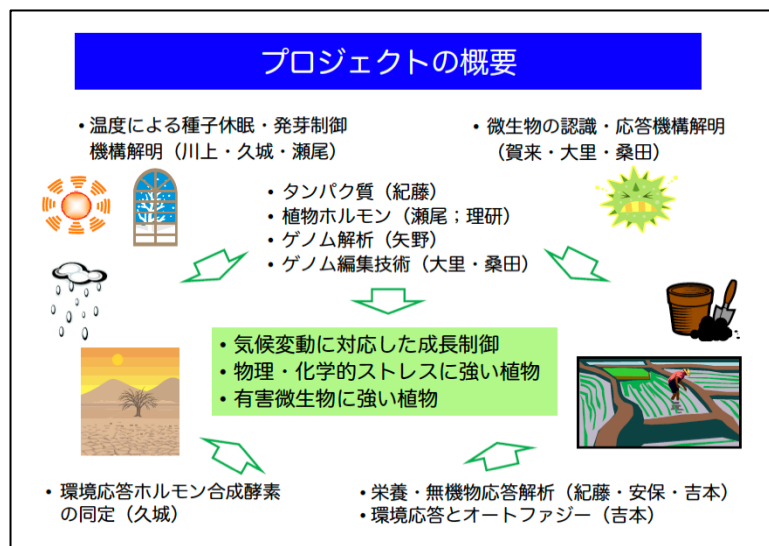
植物は季節変化などの物理的環境や、微生物など他生物との相互作用の情報を成長や認識の「シグナル」として利用し、負荷を与える物理・化学・生物的な「環境ストレス」に対して耐性を獲得する能力を持つ。ところが、様々な環境からの負荷により、植物はその潜在的な成長能力のごく一部しか発揮できていない。気候変動による「環境シグナル」の乱れと「環境ストレス」の増大は植物の環境応答能力に対するさらなる挑戦であり、実際に野生植物の生態系や作物生産に大きな影響を与え始めている。植物は太陽光のエネルギーを利用し、二酸化炭素（CO₂）と水を材料として、地球上の全生物に利用可能なエネルギーと酸素を供給する。酸素のなかった太古の地球に酸素をもたらしたのも植物である。今世紀の農学の最重要課題は、CO₂削減を含めた環境保全に貢献しつつ、持続可能で安定した食糧生産を確保することである。この課題を克服する上で、植物が潜在的に持つ環境感知・応答能力、防御能力を遺伝的に高度化する技術、あるいは強化する手法の開発は、極めて重要な意義を持つ。このためには、まず植物が環境シグナルをどのように感知し、適切に応答し、あるいは耐性を獲得するかを分子レベルで明らかにすることが必要である。

本プロジェクトは、ゲノム解析に代表される各種の網羅的（オミックス）解析技術や新たな遺伝子組換え関連技術など、最先端の技術やリソースを活用し、植物が温度、栄養や金属などの土壌成分、病原微生物由来の環境情報をどのように感知し、適切に応答し、あるいは耐性を獲得するかを分子レベルで明らかにすることを目的とした。さらに得られた知見に基づき、温暖化など変動する地球環境に適応して高い生産性と品質を持つ作物の開発や、病害をはじめ各種ストレスに耐性を付与した作物の開発に向け、新たな戦略の提示を企図した。



研究成果の概要

物理的な環境要因として、温度、乾燥、栄養欠乏、金属ストレスに対する応答機構を解析した。温度は野生植物の発芽の季節を決める環境要因であり、作物種子の発芽も左右するため、品質・収量・生産効率に大きく影響する。温度が種子の発芽を制御するメカニズムを解析することにより、発芽に関わる植物ホルモンの作用を制御する新たなメカニズムの存在を明らかにし、また発芽を人為的に制御できる化合物を同定した。酵母を用いた熱に対する応答解析では、熱ストレス耐性に関わる新たな分子を同定することに成功した。温度や乾燥、土壌塩類などのストレス対応に重要な植物ホルモンとしてアブシシン酸が知られているが、その合成経路において唯一未発見の異性化酵素について同定を試み、当該活性を持つ酵素を見出すことができた。オートファジーはダメージを受けた生体成分やオルガネラを分解して回収することに働くが、植物における役割については解析が進んでいない。本研究では栄養飢餓（亜鉛欠乏）、アンモニア毒、傷ストレスによるカルス形成において、オートファジーが重要な役割を持つことを明らかにした。様々な環境応答やストレス応答において、活性酸素種はシグナルとして、あるいはストレス誘導に作用する。植物工場における水耕栽培において、細胞毒性が大変低いため長期間のモニタリングが可能な水溶性プローブを用い、培養液中の活性酸素ラジカルを高感度に検出する方法を確立した。



生物的な環境要因として、病原微生物の認識や応答、病原性が変異するメカニズムを解析した。病原菌の認識は植物が病気に対抗するためのはじめのステップであり、重要な役割を持つ。病原菌が持つ特有な分子を認識し、その情報を細胞に伝える分子メカニズムを解析し、その詳細を明らかにした。また、病原菌にたいする植物免疫に働く受容体が、植物に有益な菌根菌との共生にも働くことを明らかにしている。また、病原糸状菌が病原性を獲得した分子機構について、糸状菌に最適化したゲノム編集技術を開発することにより、そのメカニズムの一端を明らかにした。植物ウイルスの感染は、植物の防御反応の一つとして宿主細胞の壊死を引き起こすが、タバコ条斑ウイルスの外被タンパク質が壊死から無病徴への変化を誘導するメカニズムを明らかにした。また、糸状菌のゲノム編集技術を改変し、新規な人工ヌクレアーゼを利用し

た植物ウイルス抵抗性付与の基盤技術を構築した。

研究開発において、ゲノムなどの大規模なオミックス解析は、すでに無くてはならないアプローチであり、将来にわたってさらに重要性が増すことは明白である。植物の環境応答に関わるオミックス・知識情報を網羅的に、かつハイスループットに収集・集約し、有用な情報を簡便・迅速に抽出して利用することを可能にするシステムを構築した。

植物の環境応答能力を分子レベルで解明することを目標とした本研究の成果は、植物の成長に有益な環境シグナルへの応答、ダメージをもたらす環境ストレスへの耐性獲得機構の解明に大きく貢献するものと期待される。また、作物の生産効率を高め、気候変動に対応した育種や生産技術の開発等、価値の高い知的財産をもたらすと期待される。これらの成果は、国内外での招待講演、国際および国内の学会、シンポジウムなどで発表し、国内外の専門家と情報交換を行い、国際的な協力関係の発展や研究の推進の糧となっている。また、多数の原著論文として国際誌に掲載され、総説にも引用されるなど、高い評価を受けている。プロジェクトの節目となる2016年度および2018年度にはシンポジウムを開催し、外部講師を招いて講演いただくとともに、プロジェクトメンバーの発表を行うことにより、学外の研究者との意見交換や交流を積極的に行った。

本プロジェクトの遂行により、各自の研究は大きく進展するとともに、メンバー間の有機的な連携体制がより緊密化し、国内外の研究者との交流や連携が促進され、植物環境応答の研究基盤が確立されたと考えている。また、多数の大学院生が専門を生かした職に就くとともに、博士号の授与や若手研究者の転出など、これからの研究開発を担う若手の育成にも成果が現れている。

研究成果

温度による発芽制御メカニズムの解明

担当者：川上、瀬尾、久城

温度は野生植物の発芽の季節を決める環境要因であり、種子は周囲の温度を感知して適切に応答することにより、生育に不適な季節を休眠状態で過ごし、栄養成長や生殖成長に適した季節に発芽する能力を持つ。このため、温度に応答した種子の発芽制御機構は個体の生存と種の保存に重要な適応の一つであるが、作物生産においては大きな障害となることがある。たとえば、穀類では収穫前の降雨とそれに伴う低温や高温により、種子が穂に付いたまま発芽（穂発芽）し、その品質や収量を大きく低下させる。本研究では、コムギの穂発芽の誘導は温度によるアブシジン酸（ABA）合成・代謝酵素遺伝子の発現制御が鍵を握ること、穂発芽耐性系統では通常低温で減少するABAが逆に増加すること等を明らかにした(*川上-1)。

春に散布された冬に生育する植物の種子は、夏の間高温を感知して発芽を抑制し、地温が低下する秋に発芽することを可能としている。冬型一年生草本であるシロイヌナズナの高温耐性発芽突然変異の解析から、 α -キシロシダーゼを介した細胞壁リモデリングによる物性の制御が発芽に重要であることを示した(*川上-2)。高温の情報伝達に関わる2種の制御因子を見出し、昼と夜では異なる温度情報伝達機構が発芽制御に関わることを示唆した。また、高温によるABA合成酵素遺伝子の発現誘導が起こらない突然変異を選抜し、遺伝子の同定を進めている。さらに、高温の発芽抑制効果を高める化合物を7種、低下させる化合物を8種選抜した。前者はジベレリン（GA）の増加を強く抑制し、少なくとも2種はABA合成遺伝子の発現を誘導した。このうち1種は植物自身が合成する天然化合物であり、穂発芽抑制剤としての応用が期待される。後者はGAと同等あるいはそれ以上の発芽誘導効果を持ち、ABA合成の抑制、GA合成の誘導に働くことが示された。このうち4種の化合物は、蔬菜種子の高温発芽抑制を緩和する効果を示し、温暖化に対応した発芽誘導化合物としての利用が期待される。

本研究により、高温によるABA合成遺伝子の発現誘導を担う転写制御因子を1種、分子機能未知の因子を2種同定し、光条件により異なる因子が高温の情報伝達と発芽の高温阻害に働くことを示した。この成果は、未解明の植物の温度感知・情報伝達機構解明への寄与が期待される。今後、まだ分子機能が未知の遺伝子について、具体的な分子機能の同定を目指す。また、高温の発芽抑制効果を高める、あるいは弱める化合物を見出し、発芽制御機構解明への展開とともに、穂発芽抑制剤、気候変動に対応した発芽促進剤としての応用が期待された。これらの化合物には、ターゲットのタンパク質が推定される化合物と、全く未知の化合物がある。今後は、化合物のターゲットタンパク質を同定し、さらなる発芽制御機構の解明を進めることを計画している。温度による発芽制御には本プロジェクトで新たに同定した因子以外にも多くの因子が

関わること、当初の想定以外の植物ホルモンも重要な役割を持つことが本研究から示唆された。今後、これらの因子の同定を推進するとともに、本プロジェクトで見出された因子の詳細な分子機能についての解析をさらに進展させたい。

環境応答ホルモン、アブシジン酸の生合成鍵酵素遺伝子の同定

担当者：久城、川上

ABA 生合成の未同定の異性化酵素遺伝子を探索し、候補遺伝子 NCE11 および NCE12 を見出した。NCE11 遺伝子の機能喪失突然変異体では葉面温度が低下し、ABA を与えると形態が回復することから、ABA の欠損が示唆された。NCE11 タンパクを大腸菌で発現精製し、カロテノイドの異性化活性の検出を行ったところ、trans-b-carotene を cis 体へと異性化する活性がみられた。また、trans-violaxanthin の異性化活性ははっきりとはみられなかった。一方、cis-neoxanthin を基質としたところ、逆反応である trans 体への異性化活性がみられ、NCE11 は neoxanthin を基質とすることが強く示唆された。さらに、ストリゴラクトンの生合成に関与する NCE11 のホモログである D27 についても酵素活性の検出を行ったところ、報告されている trans-b-carotene の異性化だけでなく、cis-neoxanthin の異性化も触媒できることが明らかとなった。

NCE11 が ABA 生合成に関わるカロテノイド異性化酵素であることを強く示唆した。NCE11 が cis-neoxanthin および trans-b-carotene の異性化反応を触媒することを見出した。

ABA の生合成は trans-neoxanthin もしくは trans-violaxanthin の cis 体への異性化反応を経由するが、NCE11 は逆反応である cis-neoxanthin から trans 体への異性化活性を顕著に示した。果たして NCE11 が実際に ABA の生合成に関与しているのかどうか、植物内での NCE11 の役割を詳細に解析していく必要がある。また、ストリゴラクトンの生合成に関与する D27 が cis-neoxanthin の異性化反応を触媒したことから、D27 の ABA 生合成への関与の可能性も検討しなければならない。NCE11 の酵素活性の検出と植物体での生理作用が明らかとなり、ABA 生合成における本酵素の役割や重要度が解明され、環境ストレス耐性植物の作出も期待される。さらに、D27 と同様の機能を有していたことから、枝分かれホルモンであるストリゴラクトンの生合成にも関与している可能性があり、ABA とストリゴラクトンのクロストークの解明も期待される。NCE11 が ABA 生合成に関わることが明らかとなり、様々な環境ストレス下においても有用な植物生産が可能となる。さらに、ストリゴラクトン合成に関わる D27 も cis-neoxanthin の異性化を触媒できることが見出され、当初は想定されておらず、またこれまで例のない、一つの酵素が複数のホルモンの合成に関わる可能性を示すことができた。

植物環境応答におけるオートファジーの機能解析

担当者：吉本

植物の環境応答メカニズムを細胞の基礎的な細胞内分解プロセスであるオートファジーの観点から解析した。これまでに、栄養飢餓として亜鉛欠乏・暗処理による糖欠乏、オルガネラ品質管理として緑葉ペルオキシソームの選択的分解、細胞毒性としてアンモニア毒性に注目し、これらの応答過程においてオートファジーが関与していることを明らかにした。亜鉛欠乏適応におけるオートファジーの役割として、亜鉛イオンの恒常性維持により鉄イオンの細胞内蓄積を防ぎ、その結果、細胞内の活性酸素種蓄積の抑制、さらには亜鉛イオン要求性の酵素の活性化を介して亜鉛欠乏症を抑制することであると結論付けることができた (*吉本-3)。また、傷ストレスによって誘導される無定形で無方向に増殖するという点で癌組織によく似た細胞塊・カルスの形成過程におけるオートファジーの重要性について明らかにした。これまで植物オートファジーのカルス形成への関与は全く明らかになっていなかったことから、野生型とオートファジー欠損シロイヌナズナ (atg 変異体) における傷ストレス後のカルス形成の頻度とカルスのサイズを定量測定して比較した。その結果、炭素源飢餓条件下において、atg 変異体ではカルス形成頻度およびカルスサイズが顕著に減少するという結果が得られた (*国内学会：74)。特定の栄養飢餓条件下ではオートファジーがカルス形成に重要な役割を持っているようだ。植物の環境適応におけるオートファジーの重要性を示す新たな現象を見出すことができ、当初の計画以上に進行した。

一方で、オートファジーによる器官特異的なペルオキシソーム分解の選択性付与因子を単離・同定するために質量分析を行っているが、候補タンパク質が多数あり、現状、すぐに絞り込むのが困難である。

最終年度新たに、カルスの形成過程におけるオートファジーの重要性について明らかにした。その他にも植物の環境適応におけるオートファジーの重要性を示す新たな現象を複数見出すことができたことから、今後は、細胞内自己分解がどの様に植物の環境適応に関与するのか分子レベルで明らかにするためのプロジェクトを立ち上げる。

環境応答における代謝酵素のプロテオーム解析

担当者：紀藤

利用効率の低い非発酵性炭素源での増殖能は酵母種間で大きく異なっており、そうした酵母種間では細胞内での存在量が多いタンパク質群で発現量に大きな違いがあることを見出した (*国際学会：27)。このことは細胞内のプロテオーム資源分配の最適化が細胞増殖能に影響する可能性を示唆している。そこで、その違いが利用効率の低い炭素源での生育に関与しているかを明らかにするために、増殖能の低い酵母のプロテオーム発現パターンを高い増殖能を示す酵母のものに改変し、利用効率の低い炭素源で高増殖能を示す酵母の作出を試みた。具体的には発現パターンを改変したいタン

タンパク質群の転写活性化因子を強発現または欠損した株を作製し、プロテオーム発現パターンと細胞増殖能を解析した。その結果、一部のプロテオーム発現パターンを高増殖能酵母と類似したパターンへと改変することに成功したが、期待した影響以外にもプロテオーム発現プロファイルが変動し、増殖能の向上はみられなかった (*国内学会 : 94, 99, 116, 117, 123)。その要因としてミトコンドリアでの代謝活性や活性酸素種への応答能の違いが考えられた。また、熱ストレス耐性に関わるタンパク質を同定するためストレス耐性能の異なる酵母種間で異なる発現パターンを示すタンパク質を同定し、遺伝子欠損株を用いた解析から熱ストレス耐性に関わる新たな分子を同定することに成功した (*国内学会 : 97, 101, 104)。

複数の遺伝子欠損や強発現を組み合わせることで、目的とするプロテオーム発現パターンの改変が実現できた。また熱ストレス耐性能に関わる特徴的なタンパク質機能の同定に加え、新たな熱ストレス耐性関連タンパク質を見出した。

細胞内で存在量の高いタンパク質の発現パターンを改変することには成功したが、実際の細胞増殖能の向上にはストレス応答やミトコンドリア代謝活性など更に多様なタンパク質群の操作が必要であり、高適応力を付加した細胞の作出には至らなかった。また、転写因子の遺伝子欠損によるオフターゲットに対する影響も多くみられ、今後の課題である。また、熱ストレス耐性能に関わる遺伝子候補を多数同定したが、その多くの評価が完結しておらず、今後はハイスループットな実験系が求められる。

プロテオーム資源分配を期待通りに変化させるために、関連する転写因子の発現量や活性を連続的に制御可能な実験系の構築を進める。また CRISPR/Cas9 システムを用いたランダム突然変異導入による高増殖能株のスクリーニングを行い、低利用効率の炭素源における高適応力酵母の作出を試みる。こうした細胞内プロテオーム発現パターンの大規模な改変にもとづいた細胞内資源分配の最適化による高増殖能酵母の作出は、物質生産の宿主として酵母を利用する際にも、今後その効率を改善するために有益なアプローチとなることが期待される。

細胞内タンパク質の発現パターンを資源分配の最適化という観点から改変するアプローチは、物質生産として宿主細胞を活用しようとする際に、その生産性の効率向上にも大きく貢献することが期待できる。また同定された熱ストレス関連タンパク質にもとづき、酵母の熱ストレス耐性能の新たな分子メカニズムが明らかにされれば、バイオエタノール産生など産業面での利用も可能になる。

植物の環境応答・ストレスモニタリング手法の開発

担当者：安保

環境ストレス応答時に植物根滲出物、特に感度よく分析可能な活性酸素種(ROS)ラジカル、蛍光物質に着目し、その滲出メカニズムと植物のストレスモニタリングを検討した。今回、スピントラップ剤 DEPMPO による ROS 由来炭素ラジカルの捕捉(*国内学会 : 134)、さらにニトロンラジカルによる蛍光消光の回復を原理とする蛍光プローブ

を用いて ROS ラジカルの検出が可能となった(*安保-2)。さらに根から滲出する蛍光物質(*国内学会：128)を水耕液の励起蛍光スペクトルを指標にストレス状況をモニタリングする可能性を検討したところ、塩ストレスと AI ストレスを区別できた(*国内学会：133, 137)。

水溶性蛍光プローブにより植物根培養液中の ROS ラジカルを間接的に高感度検出することが可能となった。このプローブは細胞外の ROS ラジカルを測定するため細胞毒性が低く、植物根を長時間に渡ってモニタリングすることが可能であった。

栽培現場での水耕液のストレスモニタリングでは複数のストレスが同時に負荷される可能性があり、実験室系の純粋なストレス条件のように容易に判別できるかという点が今後の検討課題である。今後、ストレスモニタリングが様々な作物種に応用利用可能であるのかについて検証していく必要がある。ROS のように植物根が共通に利用する化学種であればより多くの作物への応用が期待されるが、作物特異的に放出される蛍光物質の場合は利用が制限される。今後、複合的な評価法の確立を目指していく。

本研究から、水耕中の植物根を蛍光プローブとインキュベーションすることにより、植物の状態-具体的には根毛などの伸長活性をモニタリングすることが可能であった。作物管理の項目として応用利用できる可能性が示された。

植物免疫のシグナル認識に関わる受容体の構造・機能解析

担当者：賀来

植物は病原菌を含む微生物のもつ特有な分子パターン MAMPs (Microbe Associated

Molecular Patterns, または PAMPs ともいう) を、原形質膜上にあるパターン認識受容体 (PRR) を介して認識し、活性酸素や抗菌性タンパク質や抗菌性の低分子物質の生成及び細胞壁の強化などのさまざまな防御応答を起動する(図1)。

我々はイネ細胞において、菌類の細胞壁由来の代表的な MAMP であるキチン断片対応する 2 種類の

LysM (lysine motif) 型膜受容体 CEBiP (Chitin Elicitor Binding Protein) と OsCERK1 (Chitin elicitor receptor kinase 1) を同定した。GPI アンカー型タンパク質である CEBiP がキチン

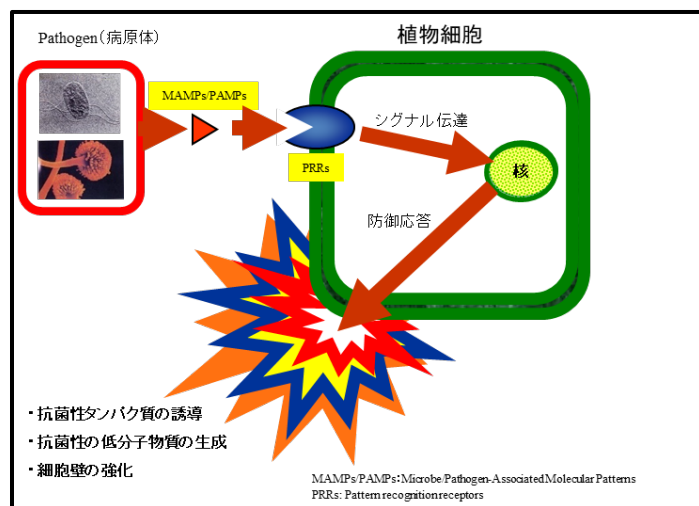


図1. 植物免疫応答の模式図

MAMP/PAMP: 微生物のもつ特有な分子パターン、PRR: パターン認識受容体

リガンド受容の主要な分子であり、一方、OsCERK1 はキチンに結合能力が低いあるいは持っていないがシグナル伝達に重要な受容体キナーゼ型分子である。我々は CEBiP が OsCERK1 と複合体を形成することによりキチン誘導型防御応答を誘導することを見出した(*賀来-2,3,4,5,6,10)。また、我々はこれまでイネ培養細胞を用いた解析から、ある鎖長以上のキチンオリゴ糖 (七量体や八量体) が nM オーダーという低濃度で防御応答を誘導すること、またキチンオリゴ糖の脱アセチル体ではこうした応答が大きく減少あるいは消失することを明らかにしてきた。しかし、キチンオリゴ糖がどのようにして受容体を活性化しているのか、また、なぜ特定のサイズ以上のキチンオリゴ糖が防御応答の誘導に必要なのかについては不明であった。我々は様々な実験を組み合わせることにより、イネキチン受容体である CEBiP が、キチンオリゴ糖との結合には、CEBiP の細胞外ドメインの中央部に位置する LysM (LysM1) がキチンの結合に重要であることを見いだした。この結果は、シロイヌナズナ AtCERK1 細胞外ドメインの X 線結晶構造に基づく CEBiP のモデリングとキチンオリゴ糖とのドッキングシュミレーションやその後報告された CEBiP の X 線構造解析によっても支持された。一方、このキチン結合領域を持つ LysM1 を含む CEBiP の細胞外断片を大腸菌で発現させ、キチンオリゴ糖との相互作用を STD (Saturation Transfer Difference)-NMR によってエピトープマッピング解析を行った結果、キチン八量体の両端を除く六個の N-アセチルグルコサミン残基のアセチル基が受容体タンパク質との結合に強く関与することが明らかにした。キチンはユニークな 2 回らせん構造をとっており、その N-アセチルグルコサミン残基のアセチル基の配向は隣接する糖残基とは逆向きになっている。これらの結果を考え合わせると、1 分子のキチンオリゴ糖に 2 分子の CEBiP が両側からサンドイッチ状に結合していることが示唆された。

このモデルをさらに立証するため、我々はグルコサミン残基と N-アセチル

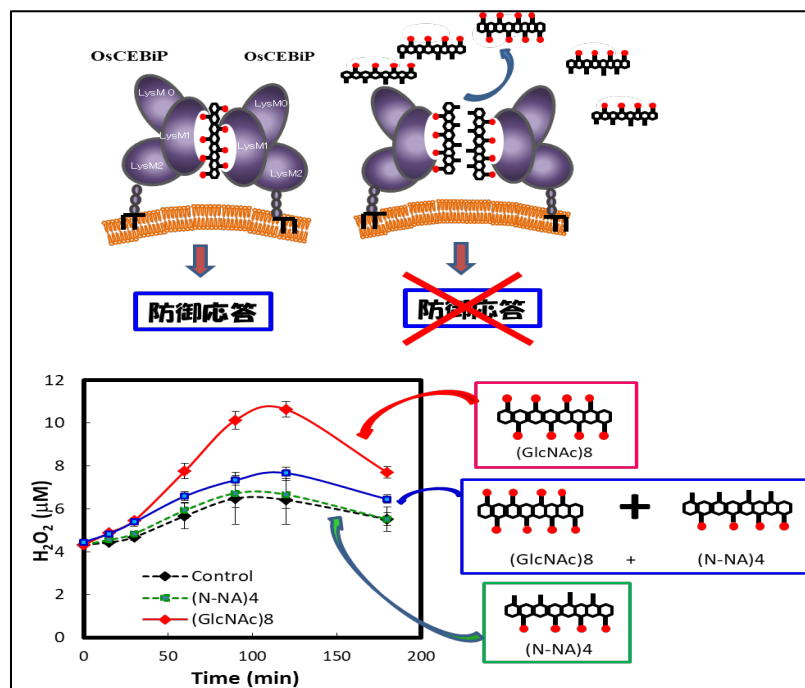


図 2. キチンオリゴ糖を介する CEBiP 複合体形成とその活性化機構

上段: CEBiP とキチン八量体(GlcNAc)₈ 及びユニークな八量体(N-NA)₄ との結合模式図

下段: 糖鎖八量体処理によるイネ培養細胞の活性酸素応答

ルグルコサミン残基が交互に β 1, 4 結合したユニークな八量体(N-NA)₄を用いた実験を行った (図2)。このオリゴ糖では、アセチル基が分子の片側のみに配向するため、上記のモデルでは CEBiP と相互作用しても 2 量体形成は誘導できないと考えられる。実際に(N-NA)₄は、CEBiP 細胞外ドメインの 2 量体形成を誘導せず、また、イネ培養細胞におけるキチン誘導型活性酸素の生成も誘導しなかった。さらに、(N-NA)₄は(GlcNAc)₈による活性酸素の生成を阻害した。これらの結果は、CEBiP のサンドイッチモデルをよく裏付けるものであった。また、このモデルでは、なぜ七量体や八量体といったサイズのキチンオリゴ糖が強い生物活性を示すのかが理解でき、実際にはこうした OsCEBiP の 2 量体形成が、受容体様キナーゼ OsCERK1 との受容体複合体形成とシグナル伝達起動につながると想定されるが、しかし、CEBiP がなぜ選択的に OsCERK1 と複合体を形成するのかについては、今後の課題として残されている(図3)。

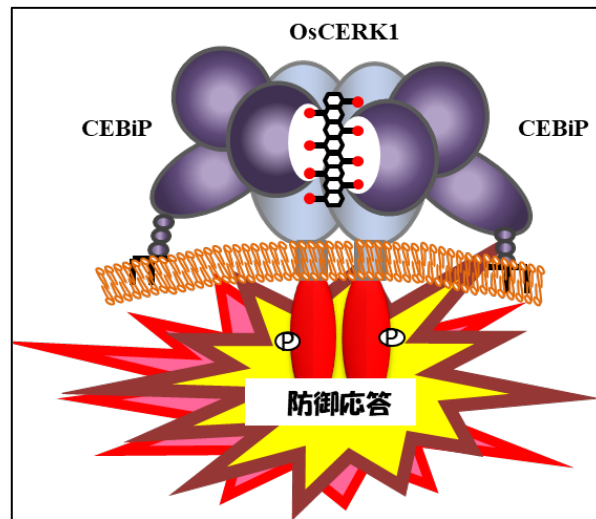


図3. イネ CEBiP-OsCERK1 複合体を介するキチン防御応答の模式図

また、我々はこれらのキチン受容体である OsCERK1 のより詳細な機能解析を行うために、相同組換え法による OsCERK1 のノックアウトしたイネ形質転換体 (*oscerk1*) を作製し、キチン誘導型応答について解析を行った。*oscerk1* を用いる解析により、キチンシグナル応答が完全に欠損するだけでなく、細菌の細胞壁由来の MAMP であるペプチドグリカン (PGN) に対する応答性も減少することを明らかにした。さらに最近この OsCERK1 の欠損変異体 (*oscerk1*) および *oscerk1* に OsCERK1 を再導入したイネ相補変異体に用いた実験から、OsCERK1 が細菌由来のリポ多糖 (LPS) に対する防御応答にも関与することを見出した(図4)。興味深いことに、この結果は、すでに報告されているシロイヌナズナの LPS 応答系に関わる受容体分子である B-レクチンを細胞外領域にもつ LORE とまったく異なる構造であった。またシロイヌナズナの細胞外領域に LysM をもつ分子のそれぞれに対応する欠損変異体を用いた実験から、シロイヌナズナにおいて LysM 分子は LPS を介する防御応答系に関与しないことを明らかにし、一方、イネでは LORE と類似性の高い構造を持つ LORE 様分子が LPS 応答には関わらな

いことを示した。これらの結果は、イネとシロイヌナズナとの植物間において、LPS 応答系において異なるシステムをもつだけでなく、動物の LPS 応答系とも異なる認識機構であることを示した(*賀来-11)。今後、LPS 結合タンパク質を探索し、イネにおける LPS の認識及びその応答機構の解明を目指す必要がある。

キチンを介する防御応答系の活性化には、受容体がキチンリガンドを認識・受容した情報を細胞内の伝達することである。そこで、シロイヌナズナ AtCERK1 受容体を中心に、受容体のキチンリガンドによる複合体の形成がどのように自己リン酸化を引き起こし、キチンシグナル応答を制御しているのか、その機構を明らかにすることを目的に解析を進めた。我々は大腸菌で発現させた AtCERK1 の細胞内領域のタンパク質を用いて、質量分析により 41 か所の自己リン酸化部位を同定した。さらにこれらのリン酸化部位をそれぞれアラニンやフェニルアラニン残基に置換した改変 AtCERK1 を *atcerk1* 欠損植物体に形質転換後、キチン処理時の防御応答の影響を評価した。その結果、キチン誘導型活性酸素の応答や防御応答遺伝子の誘導に深く関与する複数のアミノ酸残基を同定し、そのうちの 2 か所のスレオリン残基 (T479、T573) およびチロシン残基 (Y428) のリン酸化活性がキチン防御応答系に深く関与することを明らかにした。また我々は見いだしたスレオリン残基の一つは、これまで報告されていない MAMP 応答に関わる新規のアミノ酸

残基であることが明らかになった。

さらに、驚くべきことに我々は *oscerk1* が、イネの共生菌である菌根菌の侵入をも阻害し、OsCERK1 の菌根菌共生の関与を明らかにした(*賀来-3, 7,

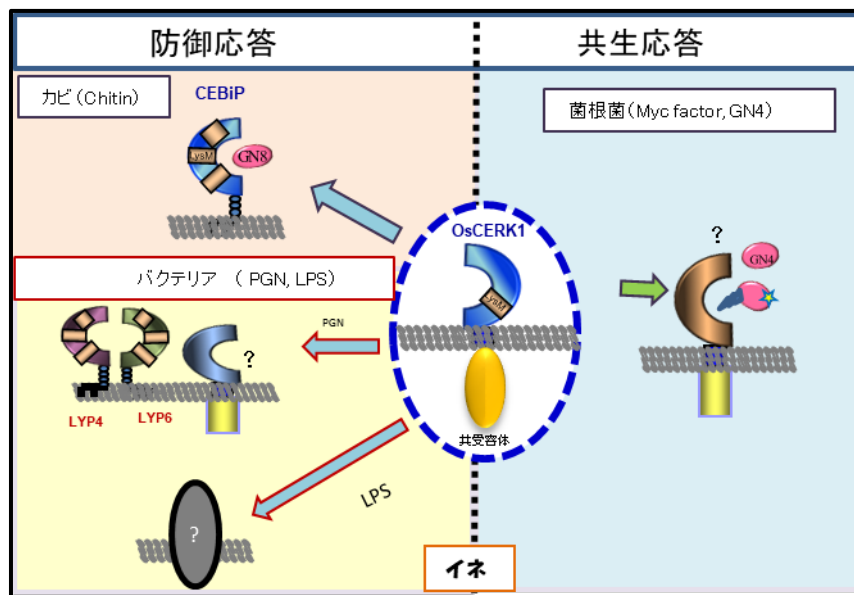


図 4. イネ OsCERK1 は、防御と菌根菌共生の両応答に関与している

8)。このことは、OsCERK1 は、真菌やバクテリアに対する防御応答系のみだけでなく、共生応答系においても機能する共受容体である可能性を示した。しかし、このような相反する防御と共生応答をどのように制御しているのかはまだ不明である。我々は OsCERK1 の共生応答に関わるパートナータンパク質の候補分子として OsNFR5 に着目し解析を行った。OsNFR5 は、ミヤコグサの根粒菌共生応答に関わる LjNFR1~LjNFR5 受容体複合体の LjNFR5 と高いアミノ酸配列の相同性を持ち、さらに NjNFR5 と同様に

キナーゼ活性が欠損していると推定された。我々は OsNFR5 及び細胞外領域に NjNFR5 を細胞内領域に OsNFR5 を連結させたキメラ分子をそれぞれ LjNFR5 欠損変異体に導入した形質転換体を作製し、根粒菌による根粒形成活性の有無について解析を行った。その結果、キメラ変異体は OsNFR5 のみを導入した変異体では見られない根粒形成活性を持っていることが明らかになり、OsNFR5 のキナーゼ部位には共生応答活性を持つことが示された。しかし、イネ OsNFR5 欠損変異体では、OsCERK1 欠損変異体と異なり、菌根菌に対する応答活性を示すことから、OsNFR5 はイネ菌根菌共生に関与しないことが示唆された。このことはイネの菌根菌共生システムでは、いままでの共生システムと異なり OsNFR5 以外の新たな未知の分子が関与することを示した。

本研究により、OsCERK1 は、同一の分子で相反する防御と共生応答に寄与することを明らかにした(図4)(*賀来-13, 14)。このことはそれぞれの応答メカニズムが明らかになることにより、高度防御応答機能付与及び新規な共生機能の付与した植物の開発の研究基盤となることが期待できる。

病害抵抗性を崩壊させる変異の獲得機構の解明

担当者：大里

植物病原糸状菌であるイネいもち病菌(*大里-2, 8, 10)や赤かび病菌(*大里-11, 12, 13)がゲノムレベルでどのように変異を生じ、病原性を獲得して現在に至るのか、病原性獲得に関わる分子機構の解明を試みた。イネいもち病菌の非病原力遺伝子に焦点を当て、研究期間の前半では相同組換え検出系を用いてゲノムストレスと病原性変異に関する知見を収集した(*大里-2)。続いて、非病原力遺伝子の周辺に人工的な DNA 二本鎖切断を導入するために、糸状菌に最適化したゲノム編集技術の開発(*大里-3, 4, 5)を行った。研究期間の後半では、イネいもち病菌ゲノムに存在する非病原力遺伝子 AVR-Pita1 の近傍に DNA 二本鎖切断を導入したところ高頻度で病原性の変異が生じた。そこで、本菌の修復機構の特殊性を明らかにするためにいくつかの DNA 修復機構の制御因子の解析を行った。破壊株を用いた性状解析、病原性や DNA 組換え能に関わる解析を通じて、本菌の変異様式について解析した。以上、植物病原糸状菌のゲノムレベルにおける病原性獲得機構の一端を明らかにし、本菌における当該研究の基盤を形成することができた。

植物病原糸状菌において、非破壊で相同組換えを検出する実験系の構築に成功し、イネいもち病菌のゲノムストレスと病原性変異に関する研究が可能となった。糸状菌に最適化したゲノム編集技術の開発によって、非病原力遺伝子周辺のゲノムストレスを制御することで、病原性変異機構の解析を行うことができた。

イネいもち病菌の修復機構の特殊性について、DNA 修復機構の制御因子の解析を進めている。これらの制御因子について単独の効果評価をおこなったが、一部では全く変化がないものもある。今後は多重変異体を作製して、さらに研究を進める必要がある。

イネいもち病菌における病原性変異機構の研究を基盤として、その特殊性と普遍性を精査し比較することで、植物病原糸状菌の変異研究へと展開できる可能性がある。

植物ウイルスによる細胞壊死機構の解明と抵抗性付与基盤の確立

担当者：桑田、大里

タバコ条斑ウイルス (TSV) の外被タンパク質は宿主の壊死反応を抑制し、TSV ゲノム RNA の 3' UTR に結合してウイルスゲノムの翻訳を促進することで、壊死から無病徴への変化を誘導する(*桑田-8)を明らかにした。しかしながら、タバコ条斑ウイルスの外被タンパク質の壊死誘導の抑制に関わるドメインは同定できなかった。大里と連携して構築した糸状菌型 CRISPR/Cas システム(*桑田-2, 3)を改変して植物用 CRISPR/Cas システムを構築し、タバコモザイクウイルス抵抗性遺伝子 (N) をターゲットとしたゲノム編集により N 遺伝子を破壊することに成功した。そこで、ジャガイモ Y ウイルス (PVY) 抵抗性を付与する目的で PVY 感染に必要な宿主因子タバコ eIF4E1 遺伝子(*桑田-6)内にガイド RNA を設計してタバコを形質転換した。形質転換タバコ DNA を鋳型とした PCR と塩基配列解析により eIF4E1 遺伝子の破壊が確認され、自殖により劣性ホモ系統を得ることができ、PVY 耐性を示した。また、RNA 切断活性の報告がある C2c2(Cas13a)遺伝子を人工合成し、crRNA 発現カセットとともに植物発現ベクターに組み込んでタバコを形質転換した。C2c2 発現タバコはウイルス RNA の特異的切断と感染細胞における非特異的 RNA 切断による細胞死の両者によってウイルス抵抗性付与が可能となる。予備実験の結果では C2c2 によるウイルス耐性付与については現状の C2c2 発現量では困難であり、C2c2 高発現タバコの作出が必要となったが、様々な高発現技術により細胞内の RNA 分解酵素活性を増大できれば、細胞死による抵抗性付与の新技术が可能となると考えられる。

以上、新規な人工ヌクレアーゼを利用した植物ウイルス抵抗性付与の技術基盤を構築した。今後は、新規の 2 種類の人工ヌクレアーゼを利用したウイルス抵抗性付与技術を他の植物ウイルスにも応用する研究を進めて行く。植物ウイルスの複製に必須な植物側の宿主因子が同定されれば、ジャガイモ Y ウイルスで検証できた戦略で広範な植物ウイルス属で新たな抵抗性作物作出法としての実用化が期待される。

大規模オミックス解析による環境応答遺伝子の網羅的探索

担当者：矢野

環境応答に関わる植物オミックス・知識情報を網羅的に集約するために、ゲノムやトランスクリプトームなどの大規模な高速シーケンサー・データなどを解析した (*矢野-7, 14, 15, 17, 20, 21, 22, 24, 25)。NCBI SRA より取得した高速シーケンサー・データについて、実験条件をマニュアル・キュレーションを通して分類した。環境応答性に関わる遺伝子発現制御ネットワークを解明するために、ゲノム配列中の特異的なモチーフをもつ遺伝子探索に向けたアルゴリズム構築を実施した。同時に、植

物の環境応答機構についての知識情報を文献情報より網羅的・ハイスループットに収集するために、自然言語処理を用いたアプローチを整備・適用した。また、オーソログ解析、代謝パスウェイ解析、ジーン・オントロジー解析から得た遺伝子機能アノテーション情報を整備している。これらのオミックス・知識情報は、データベースのプロトタイプを構築することにより、有用な情報を簡便・迅速に抽出可能とした。

植物の環境応答に関わる遺伝子の生物学的機能を集約するための自然言語処理に基づく知識情報解析基盤を整備・活用した。植物環境応答知識ベースの整備に資する高精度な自然言語処理解析基盤は世界初である。

植物の環境応答に関わる知識ベース・プロトタイプの開発・整備において、セキュリティ・ホールが見い出された。我が国が整備するライフサイエンス・データベースは日本が最先端植物科学において世界をリードする上で不可欠な情報基盤であり、Web サイトへのサーバー攻撃によりサイトが閉鎖に追い込まれるリスクを回避するためのサポート体制が強く求められる。

環境応答に関わるオミックス・知識情報を提供するための Web データベースのプロトタイプは、今後、有用植物の遺伝子発現制御機構やシグナル伝達経路、代謝経路などの解明を加速化する。これらの独自情報を活用することにより、スマートセルを用いた物質生産技術開発を実施する。

(その他) 本プロジェクトで導入・整備した装置は、現在でも活用されており、今後とも研究の推進に大きく貢献すると確信している。

開発した自然言語処理技術と蓄積した知識情報は、学術論文だけではなく、多くのテキスト情報解析に転用でき、AI を用いた各種事業・研究の要素技術となる。

自己評価

全体の研究プロジェクトの進捗管理・自己点検・改善活動を確実にを行うため、研究代表者に加えて、2014年7月にプロジェクトマネージャーを設置し、当初は賀来、2015年度からは大里がその任に就いた。年度末にメンバー全員が出席して研究報告会を実施し、当該年度の進捗状況と成果、次年度に向けての計画等を発表し、質疑応答と意見交換を行った。年度初めには当該年度の研究推進に向けたミーティングを行い、日常的には随時開催されるセミナーやメール会議において相互の連携と点検作業を行った。これらの自己点検・評価活動により、各自の研究の軌道修正および推進が促進されるとともに、メンバー間の連携がより推進され、成果にも繋がった。

また、明治大学研究企画推進本部会議（研究支援事業に係わる専門部会）において、研究代表者が提出した①研究達成度・自己点検表、②私立大学戦略的研究基盤形成事業全体計画書・ロードマップについて毎年度確認・点検を受け、研究代表者とプロジェクトマネージャーは改善意見を次年度の研究推進にフィードバックした。また、進捗状況報告書の概要に関しては、同概要の趣旨が第三者に対し明確に伝わるよう、同専門部会で精査し、ブラッシュアップを行った。また、2017年度には本私立大学戦略的研究基盤形成事業に係る中間評価（研究進捗状況報告書）を提出し、研究企画推進本部会議からも研究推進に関わる評価を受けた。なお、これらの自己点検・評価は、私立大学戦略的研究基盤形成支援事業学内選考及び採択後の進捗管理体制に関する内規に基づいて行われており、具体的な取り組みについては本学のホームページ（<http://www.meiji.ac.jp/research/promote/index.html>）に掲載されている。

本プロジェクトで得られた成果は多数の論文として国際誌に掲載され、招待講演ならびに国内・国際学会で発表され、高い評価を受けている。実験・研究に携わった大学院生は多数に及び、その多くが専門を生かした研究開発職に就いて能力を発揮している。また、4名が博士号を取得し、PDも他機関に異動するなど、研究者の道を歩んでいる。さらに、助教の1人は平成31年度科学技術分野の文部科学大臣表彰、若手科学者賞を受賞するなど、後進の育成に高い効果が挙げられている。

プロジェクト全体で発表した査読付きの原著論文は42報に達し、このうち多くがインパクトファクターの高い国際誌に掲載されている。また、多くのメンバーが国内あるいは国際学会で招待講演に招かれており、これらは本プロジェクトが外部から高く評価されていることの表れと判断している。本プロジェクトによりメンバー間の連携がより有機的に展開されるようになっている。また、各メンバーの研究は大きく進展し、産学連携や研究費の獲得、国内外からの共同研究の申込などが活発化している。本事業の期間中に、植物環境応答に深く関わる若手教員が本学農学部へ2名赴任したことも、本基盤形成支援事業の成果の現れと考えている。

外部評価

プロジェクトの節目となる2016年度に開催した公開シンポジウムにおいて、外部の複数の有識者から、本プロジェクトは基礎・応用の両面において意義のあるものとの評価をいただいた。2018年度の本プロジェクト終了に当たり開催した公開シンポジウムでは、演者として招いた外部の有識者および出席して下さった外部の有識者から、明治大学農学部の植物環境応答研究は国内で存在感を増しており、プロジェクトとしても高い評価をいただいた。

プロジェクトのメンバーはいずれも国内学会、国際学会、シンポジウムにおいて発表しており、国内外の専門家と情報交換を行うとともに様々な質問や意見を受け、研究推進やプロジェクト内外との連携推進に反映させている。また、毎年複数の国外研究者が生田キャンパスを訪れ、メンバーと情報・意見交換を行い、各自の研究推進あるいは共同研究の推進に反映させている。国内を含め、このプロジェクトでセミナーをしていただいた主な外部講師の情報を下記に記す。

- ・野々垣裕之博士、アメリカ合衆国オレゴン州立大学園芸学部 「miRNA, siRNA, lncRNA and Chromatin Remodeling in Seeds」 2014年9月8日 生田キャンパス第一校舎6号館
- ・杉本貢一博士、京大大学生態学研究センター 「食害された植物から放散された匂い化合物が周囲の未被害植物に食害抵抗性を付与する」 2014年9月30日 生田キャンパス第一校舎2号館
- ・Frank Gubler 博士、オーストラリアCSIRO 「A Role for Jasmonates in the Release of Dormancy by Cold Stratification in Wheat」 2015年10月2日 理化学研究所横浜キャンパス（理研との共同開催）
- ・岡田憲典博士、東京大学生物生産工学研究センター 「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」 2017年6月21日 生田キャンパス第一校舎6号館
- ・Brad Day 博士、アメリカ合衆国ミシガン州立大学植物・土壌・微生物科学 「The Plant Guard Cell as a Paradigm for the Analysis of Immunity and Pathogen Virulence」 2017年9月19日 生田キャンパス第一校舎6号館

発表論文・講演等

○上述の研究成果に取り上げたものについては「*」を付した。

原著論文

- *川上-01) Yuichi Kashiwakura, Daisuke Kobayashi, Yusuke Jikumaru, Yumiko Takebayashi, Eiji Nambara, Mitsunori Seo, Yuji Kamiya, Tetsuo Kushiro, and Naoto Kawakami (2016) Highly sprouting tolerant wheat grain exhibits extreme dormancy and cold imbibition resistant accumulation of abscisic acid. *Plant & Cell Physiology*. doi:10.1093/pcp/pcw051, 2016年3月12日
- *川上-02) Takuma Shigeyama, Asuka Watanabe, Konatsu Tokuchi, Shigeo Toh, Naoki Sakurai, Naoto Shibuya and Naoto Kawakami (2016) α -Xylosidase plays essential roles in xyloglucan remodelling, maintenance of cell wall integrity, and seed germination in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany*. doi:10.1093/jxb/erw321, 2016年9月7日
- 久城-01) Shohei Takase, Yusuke Saga, Nozomi Kurihara, Shingo Naraki, Kenta Kuze, Genki Nakata, Takeshi Araki, Tetsuo Kushiro (2015) Control of the 1,2-rearrangement process by oxidosqualene cyclases during triterpene biosynthesis. *Org. Biomol. Chem.* 13, 7331-7336, 2015年7月14日
- 久城-02) Takeshi Araki, Yusuke Saga, Momo Marugami, Junnosuke Otaka, Hiroshi Araya, Kazuki Saito, Mami Yamazaki, Hideyuki Suzuki, Tetsuo Kushiro (2016) Onocerin biosynthesis requires two highly dedicated triterpene cyclases in a fern *Lycopodium clavatum*. *ChemBioChem* 17, 288-290, 2016年2月15日
- 久城-03) Yuichi Kashiwakura, Daisuke Kobayashi, Yusuke Jikumaru, Yumiko Takebayashi, Eiji Nambara, Mitsunori Seo, Yuji Kamiya, Tetsuo Kushiro, and Naoto Kawakami (2016) Highly sprouting tolerant wheat grain exhibits extreme dormancy and cold imbibition resistant accumulation of abscisic acid. *Plant & Cell Physiology*. doi:10.1093/pcp/pcw051, 2016年3月12日
- 久城-04) Yusuke Saga, Takeshi Araki, Hiroshi Araya, Kazuki Saito, Mami Yamazaki, Hideyuki Suzuki, Tetsuo Kushiro (2017) Identification of serratane synthase gene from the fern *Lycopodium clavatum*. *Org. Lett.* 19, 496-499. DOI: 10.1021/acs.orglett.6b03659, 2017年1月18日
- 久城-05) Shohei Takase, Rumi Kurokawa, Daisuke Arai, Kind Kanemoto Kanto, Tatsufumi Okin, Yoichi Nakao, Tetsuo Kushiro, Minoru Yoshida, Ken Matsumoto (2017) A quantitative shRNA screen identifies ATP1A1 as a gene that regulates cytotoxicity by aurilide B. *Sci Rep.* 7, 2002. DOI: 10.1021/acs.orglett.6b03659, 2017年5月17日
- 久城-06) Shohei Takase, Kota Kera, Yuya Hirao, Tsutomu Hosouchi, Yuki Kotake, Yoshiki Nagashima, Kazuto Mannen, Hideyuki Suzuki, Tetsuo Kushiro (2018) Identification of triterpene biosynthetic genes from *Momordica charantia* using RNA-seq analysis. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 83, 251-261, 2018年10月15日
- 吉本-01) Kohki Yoshimoto and Yoshinori Ohsumi (2018) Unveiling the Molecular Mechanisms of Plant Autophagy - From Autophagosomes to Vacuoles in Plants. *Plant & Cell Physiol.*, 2018年7月8日
- 吉本-02) Julien Di Berardino, Anne Marmagne, Adeline Berger, Kohki Yoshimoto, Gwendal Cuffe, Fabien Chardon, Celine Masclaux-Daubresse, Michele Reisdorf-Cren (2018) Autophagy Controls Resource Allocations and Protein Storage Accumulation in *Arabidopsis* Seeds. *J. Exp. Bot.*, 2018年2月23日
- *吉本-03) 「植物科学の最前線」 篠崎大樹、井上和也、吉本光希 日本植物学会 植物オートファジーの生理的意義 ～植物独自の機能の解明を目指して～, 9A, 3-10, 2018年9月4日
- 吉本-04) 「植物科学の最前線」 吉本光希 日本植物学会 植物オートファジー研究の第二の夜明け, 9A, 1-2, 2018年9月4日
- 紀藤-01) Yukinobu Isowa, Isao Sarashina, Kenshiro Oshima, Keiji Kito, Masahira Hattori, Kazuyoshi

- Endo (2015) Proteome analysis of shell matrix proteins in the brachiopod *Laqueus rubellus*. *Proteome Sci.* 13:21. doi: 10.1186/s12953-015-0077-2., 2015 年 8 月 15 日
- 紀藤-02) Keiji Kito, Haruka Ito, Takehiro Nohara, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Daisuke Takeda (2016) Yeast inter-species comparative proteomics reveals divergence in expression profiles and provides insights into proteome resource allocation and evolutionary roles of gene duplication. *Mol Cell Proteomics.* 15:218-235 doi: 10.1074/mcp.M115.051854., 2016 年 1 月 1 日
- 紀藤-03) Maruya Suzuki, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Masato Nakashima, Shohei Takahashi, Kenkichi Suto, Issei Yoshida, Saki Matsui, Natsumi Tsujimoto, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya. Autophosphorylation of specific threonine and tyrosine residues in Arabidopsis CERK1 is essential for the activation of chitin-induced immune signaling. *Plant Cell Physiol.* 57, 2312-2322. doi: 10.1093/pcp/pcw150. 2016 年 8 月 26 日
- 紀藤-04) Kito, K., Okada, M., Ishibashi, Y., Okada, S., Ito, T. A Strategy for Absolute Proteome Quantification with Mass Spectrometry by Hierarchical Use of Peptide-concatenated Standards. *Proteomics.* 16, 1457-1473. doi: 10.1002/pmic.201500414., 2016 年 4 月 28 日
- 紀藤-05) Okada, M., Kusunoki, S., Ishibashi, Y., Kito, K. Proteomics analysis for asymmetric inheritance of preexisting proteins between mother and daughter cells in budding yeast. *Genes Cells.* 22, 591-601. 2017, 2017 年 5 月 15 日
- 紀藤-06) Tsukada, T., Yoshida, S., Kito, K., Fujiwara, K., Yako, H., Horiguchi, K., Isowa, Y., Yashiro, T., Kato, T., Kato, Y. TGF signaling reinforces pericyte properties of the non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF. *Cell Tissue Res.* 371, 339-350. 2018, 2017 年 12 月 22 日
- 紀藤-07) Eguchi Y, Makanae K, Hasunuma T, Ishibashi Y, Kito K, Moriya H. Estimating the Protein Burden Limit of Yeast Cells by Measuring Expression Limits of Glycolytic Proteins. *Elife*, 7. pii: e34595. Aug. 10 2018. doi: 10.7554/eLife.34595., 2018 年 8 月 10 日
- 紀藤-08) Shimizu K, Kimura K, Isowa Y, Oshima K, Ishikawa M, Kagi H, Kito K, Hattori M, Chiba S, Endo K. Insights into the evolution of shells and love darts of land snails revealed from their matrix proteins. *Genome Biol. Evol.* 11, 380-397. 2019. doi: 10.1093/gbe/evy242., 2019 年 2 月 1 日
- 紀藤-09) Tsukada T, Isowa Y, Kito K, Yoshida S, Toneri S, Horiguchi K, Fujiwara K, Yashiro T, Kato T, Kato Y. Identification of TGF β -induced proteins in non-endocrine mouse pituitary cell line TtT/GF by SILAC-assisted quantitative mass spectrometry. *Cell Tissue Res.* In press. 2019 Jan 21. doi: 10.1007/s00441-018-02989-2., 2019 年 1 月 21 日
- 安保-01) 長谷部誉人, 広島千早紀, 東良太, 吉野将紀, 岡部勝美, 安保充 (2016) 非接触型電気伝度検出 CE を用いる薄膜水耕における循環水耕液中の主要無機イオンの定量, *分析化学*, 65, 283-288, 2016 年 03 月 16 日
- *安保-02) Yosuke Ito, Masamichi Yazawa, Syunsuke Kikuchi, Mitsuru Abo. A new application for the quantification of apoplastic redox radicals of plant roots using pre-fluorescent probe, *Biosci. Biotech. Biochem.*, 82, 2, 225-228, 2018, 2018 年 01 月 12 日
- 賀来-01) Tomonori Shinya, Koji Yamaguchi, Yoshitake Desaki, Kenta Yamada, Tomoko Narisawa, Yoshihiro Kobayashi, Kanako Maeda, Maruya Suzuki, Takumi Tanimoto, Jun Takeda, Masato Nakashima, Ryota Funama, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku, Tsutomu Kawasaki, Naoto Shibuya (2014) Selective regulation of the chitin-induced defense response by the Arabidopsis receptor-like cytoplasmic kinase PBL27, *The Plant Journal* 79, 56-66, 2014 年 07 月 01 日
- *賀来-02) Yusuke Kouzai, Susumu Mochizuki, Keisuke Nakajima, Yoshitake Desaki, Masahiro Hayafune, Hideo Miyazaki, Naoki Yokotani, Kenjirou Ozawa, Eiichi Minami, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, Yoko Nishizawa (2014) Targeted gene disruption of *OsCERK1* reveals its indispensable role in chitin perception and involvement in the peptidoglycan response and immunity in rice. *Mol. Plant-Microbe Int.*, 27, 975-982. doi/org/10.1094/MPMI-03-14-0068-R, 2014 年 08 月 08 日
- *賀来-03) Kana Miyata, Toshinori Kozaki, Yusuke Kouzai, Kenjirou Ozawa, Kazuo Ishii, Erika Asamizu, Yoshihiro Okabe, Yosuke Umehara, Ayano Miyamoto, Yoshihiro Kobae, Kohki Akiyama, Hanae Kaku, Yoko Nishizawa, Naoto Shibuya, Tomomi Nakagawa (2014) Bifunctional plant

- receptor, OsCERK1, regulates both chitin-triggered immunity and arbuscular mycorrhizal symbiosis in rice. *Plant Cell Physiol.* 55 (11), 1864-1872, 2014年9月17日
- *賀来-04) Tomonori Shinya, Tomomi Nakagawa, Hanae Kaku, Naoto Shibuya (2015) Chitin-mediated plant-fungal interactions: catching, hiding and handshaking. *Current Opinion in Plant Biology*, 26, 64-71, 2015年08月01日
- *賀来-05) 賀来華江、渋谷直人 (2015) キチンオリゴ糖は受容体のサンドイッチ型ダイマー形成を介して植物免疫を活性化する、*化学と生物*, 53,#11、726-728, 2015年10月20日
- *賀来-06) Hanae Kaku, Naoto Shibuya (2016) Molecular mechanisms of chitin recognition and immune signaling by LysM-receptors, *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 95, 60–65, 2016年2月8日
- *賀来-07) Kana Miyata, Masahiro Hayafune, Yoshihiro Kobae, Hanae Kaku, Yoko Nishizawa, Yoshiki Masuda, Naoto Shibuya, Tomomi Nakagawa (2016) Evaluation of the role of the LysM receptor-like kinase, OsNFR5/OsRLK2 for AM symbiosis in rice. *Plant Cell Physio.*, 2016 Nov;57(11):2283-2290, 2016年8月12日
- *賀来-08) Maruya Suzuki, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Masato Nakashima, Shohei Takahashi, Kenkichi Suto, Issei Yoshida, Saki Matsui, Natsumi Tsujimoto, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya (2016) Autophosphorylation of specific threonine and tyrosine residues in Arabidopsis CERK1 is essential for the activation of chitin-induced immune signaling. *Plant Cell Physiol.* 57(11):2312-2322, 2016年8月26日
- 賀来-09) Gennaro Carotenuto, Mireille Chabaud, Kana Miyata, Martina Capozzi, Naoya Takeda, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, Tomomi Nakagawa, David Barker, Andrea Genre, The rice LysM receptor-like kinase OsCERK1 is required for the perception of short-chain chitin oligomers in arbuscular mycorrhizal signaling, *New Phytologist*, In press, 2017年03月29日
- *賀来-10) Flavia Squeglia, Rita Berisio, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Defense against pathogens: structural insights into the mechanism of chitin induced activation of innate immunity, *Current Medicinal Chemistry*, 36, 3980-3986 (2017), 2017年11月01日
- *賀来-11) Yoshitake Desaki, Yusuke Kouzai, Yusuke Ninomiya, Ryosuke Iwase, Yumi Shimizu, Keito Seko, Antonio Molinaro, Eiichi Minami, Naoto Shibuya, Hanae Kaku*, Yoko Nishizawa* (2018) OsCERK1 plays a crucial role in the lipopolysaccharide-induced immune response of rice, *New Phytologist*, 217: 1042-1049 *Co-corresponding Authors, 2018年11月9日
- 賀来-12) Maruya Suzuki, Takumi Watanabe, Issei Yoshida, Hanae Kaku, Naoto Shibuya (2018) Autophosphorylation site Y428 is essential for the in vivo activation of CERK1. *Plant Signal. Behav.*, 13(2), e1435228, 2018年2月1日
- *賀来-13) Yoshitake Desaki, Kana Miyata, Maruya Suzuki, Naoto Shibuya, Hanae Kaku.: (2018) Plant immunity and symbiosis signaling mediated by LysM receptors, *Innate Immun.*, 24, 92-100, 2018年2月6日
- *賀来-14) Yoshitake Desaki, Masaki Kohari, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, (2019) MAMP-triggered plant immunity mediated by the LysM-receptor kinase CERK1, *J. Gen. Plant Pathol.*,85: 1-11, 2019年1月11日
- 大里-01) Hiroyuki Ichida, Xiaoying Sun, Suguru Imanaga, Yasuhiro Ito, Katsuyoshi Yoneyama, Shigeru Kuwata, Shuichi Ohsato (2014) Construction and characterization of a copy number-inducible fosmid library of *Xanthomonas oryzae* pathovar *oryzae* MAFF311018. *Gene* 546: 68-72, 2014年05月14日
- *大里-02) Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Kazuyuki Maeda, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2014) The effect of chemicals on somatic homologous recombination in the rice blast fungus: its possible application for detection of mycotoxins. *JSM Mycotoxins*, 64:141-146, 2014年05月15日
- *大里-03) Takayuki Arazoe, Tetsuo Ogawa, Kennosuke Miyoshi, Tohru Yamato, Shuichi Ohsato, Tesushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made TALEN system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI: 10.1002/bit.25559, 2015年02月05日
- *大里-04) Takayuki Arazoe, Kennosuke Miyoshi, Thoru Yamato, Tetsuo Ogawa, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made CRISPR/Cas system for highly efficient

- targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI 10.1002/bit.25662., 2015 年 07 月 14 日
- *大里-05) Osamu Mizutani, Takayuki Arazoe, Kenji Toshida, Risa Hayashi, Shuichi Ohsato, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata, Osamu Yamada (2017) Detailed analysis of targeted gene mutations caused by the Platinum-Fungal TALENs in *Aspergillus oryzae* RIB40 strain and a *ligD* disruptant. *Journal of Bioscience and Bioengineering* 123: 287-293, 2016 年 09 月 29 日
- 大里-06) Kazuyuki Maeda, Shuichi Ohsato (2017) Molecular genetic characterization of *Fusarium graminearum* genes identified as encoding a precocene II-binding protein. *JSM Mycotoxins* 67:1-3, 2017 年 01 月 13 日
- 大里-07) Maeda K., Nakajima Y., Motoyama T., Kondoh Y., Kawamura T., Kanamaru K., Ohsato S., Nishiuchi T., Yoshida M., Osada H., Kobayashi T., Kimura M. (2017) Identification of a trichothecene production inhibitor by chemical array and library screening using trichodiene synthase as a target protein. *Pestic. Biochem. Physiol.* 138:1-7, 2017 年 5 月 22 日
- *大里-08) Maeda K., Izawa M., Nakajima Y., Jin Q., Hirose T., Nakamura T., Koshino H., Kanamaru K., Ohsato S., Kamakura T., Kobayashi T., Yoshida M., Kimura M. (2017) Increased metabolite production by deletion of an HDA1-type histone deacetylase in the phytopathogenic fungi, *Magnaporthe oryzae* (*Pyricularia oryzae*) and *Fusarium asiaticum*. *Lett. Appl. Microbiol.* 65:446-452, 2017 年 10 月 10 日
- 大里-09) Liu H. Ito Y., Muraida N., Hayakawa Y., Itoyama K., Ohsato S, Marubashi W. (2017) Development of a method to produce chromosome lacking lines (CLLs) in *Nicotiana tabacum* L. "Red Russian. *American Journal of Plant Sciences* 8:2923-2943, 2017 年 11 月 9 日
- *大里-10) Tamaki M., Kobayashi F., Suehiro K., Ohsato S., Sato M. (2018) Germination and appressorium formation of *Pyricularia oryzae* Cavara can be inhibited by reduced concentration of Blasin®Flowable with carbon dioxide microbubbles. *Journal of Integrative Agriculture* 17: 2024–2030, 2018 年 04 月 20 日
- *大里-11) Maeda K., Ichikawa H., Nakajima Y., Motoyama T., Ohsato S., Kanamaru K., Kobayashi T., Nishiuchi T., Osada H., Kimura M. (2018) Identification and Characterization of Small Molecule Compounds That Modulate Trichothecene Production by *Fusarium graminearum*. *ACS Chem Biol.* 13:1260-1269, 2018 年 05 月 26 日
- *大里-12) Tanaka Y., Nakajima Y., Maeda K., Matsuyama M., Kanamaru K., Kobayashi T., Ohsato S., Kimura M. (2018) Inhibition of *Fusarium* trichothecene biosynthesis by yeast extract components extractable with ethyl acetate. *Int J Food Microbiol.* 289:24-29, 2018 年 08 月 27 日
- *大里-13) Shiobara T., Nakajima Y., Maeda K., Akasaka M., Kitou Y., Kanamaru K., Ohsato S., Kobayashi T., Nishiuchi T., Kimura M. (2018) Identification of amino acids negatively affecting *Fusarium* trichothecene biosynthesis. *Antonie Van Leeuwenhoek.* doi: 10.1007/s10482-018-1172-z, 2018 年 09 月 28 日
- 桑田-01) Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Kazuyuki Maeda, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2014) The effect of chemicals on somatic homologous recombination in the rice blast fungus: its possible application for detection of mycotoxins. *JSM Mycotoxins*, 64:141-146, 2014 年 05 月 15 日
- *桑田-02) Takayuki Arazoe, Tetsuo Ogawa, Kennosuke Miyoshi, Tohru Yamato, Shuichi Ohsato, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made TALEN system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI: 10.1002/bit.25559, 2015 年 02 月 05 日
- *桑田-03) Takayuki Arazoe, Kennosuke Miyoshi, Thoru Yamato, Tetsuo Ogawa, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata (2015) Tailor-made CRISPR/Cas system for highly efficient targeted gene replacement in the rice blast fungus. *Biotechnology and Bioengineering* DOI 10.1002/bit.25662., 2015 年 07 月 14 日
- 桑田-04) Yoshimitsu Takakura, Kozue Sofuku, Masako Tsunashima, Shigeru Kuwata (2015) Novel avidin-like proteins with low isoelectric points from shiitake mushroom (*Lentinula edodes*). *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 121: 420-423., 2015 年 09 月 05 日
- 桑田-05) Osamu Mizutani, Takayuki Arazoe, Kenji Toshida, Risa Hayashi, Shuichi Ohsato, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Shigeru Kuwata, Osamu Yamada (2017) Detailed analysis of

- targeted gene mutations caused by the Platinum-Fungal TALENs in *Aspergillus oryzae* RIB40 strain and a *ligD* disruptant. *Journal of Bioscience and Bioengineering* 123: 287-293, 2016 年 09 月 29 日
- *桑田-06) Kuwata Shigeru (2016) Plant viral translation strategies and disease resistance conferred by recessive host genes. *Journal General Plant Pathology* 82:318-322, 2016 年 10 月 25 日
- 桑田-07) 桑田茂 (2016) 植物ウイルスのタンパク質翻訳戦略と抵抗性について. *日本植物病理学会報* 82:149-152, 2016 年 10 月 25 日
- *桑田-08) Shigeru Kuwata (2018) Studies on the mechanisms of pathogenic changes of plant viruses. *Journal General Plant Pathology* 84:437-440, 2018 年 8 月 30 日
- 桑田-09) 桑田茂 (2018) 植物ウイルスの病原性変異機構に関する研究. *日本植物病理学会報* 84:139-142, 2018 年 9 月 6 日
- 矢野-01) Md Hassanur Rahman†, Erika Toda†, Masaaki Kobayashi, Toru Kudo, Shizuka Koshimizu, Mirei Takahara, Momoka Iwami, Yoriko Watanabe, Hiroyuki Sekimoto, Kentaro Yano, Takashi Okamoto* (2019) (†; Contributed equally to this study, *; Corresponding authors) Expression of genes from paternal alleles in rice zygotes and involvement of OsASGR-BBML1 in initiation of zygotic development. *Plant and Cell Physiology* (in press).
- 矢野-02) Yuichi Tada, Masami Hirai, Muneo Sato, Yuji Sawada, Soichi Ozaki, Shin Terashima, Mami Okamoto, Takamitsu Kurusu, Chisato Endo, Ryuichi Kawano, Hideki Nishimura, Maki Katsuhara, Kentaro Yano, Shiho Komatsubara (2018) Functional screening of salt tolerance genes from a halophyte *Sporobolus virginicus* and transcriptomic and metabolomic analysis of salt tolerant plants expressing glycine-rich RNA-binding protein. *Plant Science* 278:54-63 doi:10.1016/j.plantsci.2018.10.019 (January 1, 2019).
- 矢野-03) Toshiya Ando, Takeshi Matsuda, Kumiko Goto, Kimiko Hara, Akinori Ito, Junya Hirata, Joichiro Yatomi, Rei Kajitani, Miki Okuno, Katsushi Yamaguchi, Masaaki Kobayashi, Tomoyuki Takano, Yohei Minakuchi, Masahide Seki, Yutaka Suzuki, Kentaro Yano, Takehiko Itoh, Shuji Shigenobu, Atsushi Toyoda, and Teruyuki Niimi (2018) Repeated inversions within a pannier intron drive diversification of intraspecific colour patterns of ladybird beetles. *Nature Communications* 9(1):3843 doi:10.1038/s41467-018-06116-1 (September 21, 2018).
- 矢野-04) Saishu Yoshida, Naoto Nishimura, Hideaki Yurino, Masaaki Kobayashi, Kotaro Horiguchi, Kentaro Yano, Shin-ichi Hashimoto, Takako Kato, Yukio Kato (2018) Differentiation capacities of PS-clusters, adult pituitary stem/progenitor cell clusters located in the parenchymal-niche, of the rat anterior lobe. *PLOS ONE* 13(4):e0196029 doi:10.1371/journal.pone.0196029 (April 23, 2018).
- 矢野-05) Takatoshi Kiba, Jun Inaba, Toru Kudo, Nanae Ueda, Mineko Konishi, Nobutaka Mitsuda, Yuko Takiguchi, Youichi Kondou, Takeshi Yoshizumi, Masaru Ohme-Takagie, Minami Matsui, Kentaro Yano, Shuichi Yanagisawa, Hitoshi Sakakibara (2018) Direct repression of nitrogen-starvation responses by the *Arabidopsis* GARP-type transcription factor AtNIGT1 subfamily members. *The Plant Cell* 30(4):925-945 doi:10.1105/tpc.17.00810 (April 5, 2018).
- 矢野-06) William O. Asiche, Oscar W. Mitalo, Yuka Kasahara, Yasuaki Tosa, Eric G. Mworira, Willis O. Owino, Koichiro Ushijima, Ryohei Nakano, Kentaro Yano, Yasutaka Kubo (2018) Comparative transcriptome analysis reveals distinct ethylene-independent regulation of ripening in response to low temperature in kiwifruit. *BMC Plant Biol.* 18(1):47. doi:10.1186/s12870-018-1264-y. (March 21, 2018)
- *矢野-07) Saneyoshi Ueno†,*, Yukino Nakamura†, Masaaki Kobayashi, Shin Terashima, Wataru Ishizuka, Kentaro Uchiyama, Yoshihiko Tsumura, Kentaro Yano*, Susumu Goto (2018) (†; Contributed equally to this study, *; Corresponding authors) TodoFirGene: Developing transcriptome resources for genetic analysis of *Abies sachalinensis*. *Plant Cell Physiol.* 59(6):1276-1284. doi:10.1093/pcp/pcy058. (March 15, 2018)
- 矢野-08) Kohei Mishina, Kanako Kawaura, Yoko Kamiya, Yuki Kajita, Keiichi Mochida, Hiroshi Tarui, Michihira Tagami, Naoko Suzuki, Jun Kawai, Yukino Nakamura, Kentaro Yano, Yasunari Ogihara (2018) Transcriptome of homoeologous genes deduced from the full-length cDNA clones of common wheat, *Triticum aestivum* L. *J. Genet. Genomic Sci.* 2018 3: 007 doi:10.24966/GGS-2485/100007 (February 16, 2018).
- 矢野-09) Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Hideki Takanashi, Satomi Asano, Toru Kudo, Hiromi Kanegae, Atsushi J. Nagano, Hitoshi Tainaka, Tsuyosi Tokunaga, Takashi Sazuka, Hiroyoshi Iwata, Nobuhiro Tsutsumi, Kentaro Yano* (*; Corresponding authors) (2017) Heap: a highly

- sensitive and accurate SNP detection tool for low-coverage high-throughput sequencing data. *DNA Research* 24(4):397-405. doi: 10.1093/dnares/dsx012. (May 11, 2017).
- 矢野-04) Kakeru Watanabe, Wei Guo, Keigo Arai, Hiromi Kajiya-Kanegae, Hideki Takanashi, Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano, Tsuyoshi Tokunaga, Toru Fujiwara, Nobuhiro Tsutsuimi, Hiroyoshi Iwata (2017) High-throughput phenotyping of sorghum plant height using an unmanned aerial vehicle and its application to genomic prediction modelling. *Frontiers in Plant Science* 8 :421 doi:10.3389/fpls.2017.00421 (Epub: March 13, 2017)
- 矢野-11) Yaichi Kawakatsu, Hokuto Nakayama, Kaori Kaminoyama, Kaori Igarashi, Masaki Yasugi, Hiroshi Kudoh, Atsushi J. Nagano, Kentaro Yano, Nakao Kubo, Seisuke Kimura (2017) A GLABRA1 ortholog on LG A9 controls trichome number in the Japanese leafy vegetables Mizuna and Mibuna (*Brassica rapa* subsp. *nipposinica*): evidence from QTL analysis. *Journal of Plant Research* 130(3):539-550. doi:10.1007/s10265-017-0917-5 (Epub: March 3, 2017).
- 矢野-12) Chisato Endo, Naoki Yamamoto, Masaaki Kobayashi, Yukino Nakamura, Koji Yokoyama, Takamitsu Kurusu, Kentaro Yano, Yuichi Tada (2017) Development of simple sequence repeat markers in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus* and transferable genotyping across multiple grass genera/species/genotypes. *Euphytica* 213(2):56 doi:10.1007/s10681-017-1846-z (February 2017, Epub: February 3, 2017).
- 矢野-13) Toru Kudo, Shin Terashima, Yuno Takaki, Ken Tomita, Misa Saito, Maasa Kanno, Koji Yokoyama, and Kentaro Yano* (*; Corresponding authors) (2017) PlantExpress: A Database Integrating OryzaExpress and ArthaExpress for Single-species and Cross-species Gene Expression Network Analyses with Microarray-Based Transcriptome Data. *Plant & Cell Physiology* 58(1):e1 doi.org/10.1093/pcp/pcw208 (January 2017, Epub: January 27, 2017).
- *矢野-14) Toru Kudo†, Masaaki Kobayashi†, Shin Terashima, Minami Katayama, Soichi Ozaki, Maasa Kanno, Misa Saito, Koji Yokoyama, Hajime Ohyanagi, Koh Aoki, Yasutaka Kubo and Kentaro Yano* (†; Contributed equally to this study, *; Corresponding authors) (2017) TOMATOMICS: A Web Database for Integrated Omics Information in Tomato. *Plant & Cell Physiology* 58(1):e8 doi.org/10.1093/pcp/pcw207 (January 2017, Epub: January 27, 2017).
- *矢野-15) Yukino Nakamura, Toru Kudo, Shin Terashima, Misa Saito, Eiji Nambara, Kentaro Yano* (*; Corresponding authors) (2017) CATchUP: A web database for spatiotemporally regulated genes. *Plant & Cell Physiology* 58(1):e3. doi:10.1093/pcp/pcw199 (January 2017, Epub: December 23, 2016).
- 矢野-16) Tomohiro Suzuki, Naoki Yamamoto, Jae-Hoon Choi, Tomoyuki Takano, Yohei Sasaki, Yurika Terashima, Akinobu Ito, Hideo Dohra, Hirofumi Hirai, Yukino Nakamura, Kentaro Yano*, Hirokazu Kawagishi* (*; Corresponding authors) (2016) The biosynthetic pathway of 2-azahypoxanthine in fairy-ring forming fungus. *Scientific Reports* 6:39087. doi:10.1038/srep39087 (December 2016, Epub: December 19, 2016).
- *矢野-17) Toru Kudo, Yohei Sasaki, Shin Terashima, Noriko Matsuda-Imai, Tomoyuki Takano, Misa Saito, Maasa Kanno, Soichi Ozaki, Keita Suwabe, Go Suzuki, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Seiji Takayama, Kentaro Yano* (*. Authors for correspondence) (2016) Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes & Genetic Systems* 91(2):111-125. doi:10.1266/ggs.15-00065 (October 2016, Epub: April 1, 2016).
- 矢野-18) Shunsuke Maeda, Satomi Sakazono, Hiromi Masuko-Suzuki, Midori Taguchi, Kaori Yamamura, Kuniaki Nagano, Takashi Endo, Kenichi Saeki, Masaaki Osaka, Moe Nabemoto, Kana Ito, Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Mizuho Kawagishi, Kotomi Fujita, Hikaru Nanjo, Tomoe Shindo, Kentaro Yano, Go Suzuki, Keita Suwabe, and Masao Watanabe (2016) Comparative analysis of microRNA profiles of rice anthers between cool-sensitive and cool-tolerant cultivars under cool-temperature stress. *Genes & Genetic Systems* 91(2):97-109. doi:10.1266/ggs.15-00056 (October 2016, Epub: March 25, 2016).
- 矢野-19) Chonprakun Thagun, Shunsuke Imanishi, Toru Kudo, Ryo Nakabayashi, Kiyoshi Ohyama, Tetsuya Mori, Koichi Kawamoto, Yukino Nakamura, Minami Katayama, Satoko Nonaka, Chiaki Matsukura, Kentaro Yano, Hiroshi Ezura, Kazuki Saito, Takashi Hashimoto, and Tsubasa Shoji (2016) Jasmonate-responsive ERF transcription factors regulate steroidal glycoalkaloid biosynthesis in tomato. *Plant & Cell Physiology* 57(5):961-975 doi:10.1093/pcp/pcw067 (May 2016, Epub: April 15, 2016).
- *矢野-20) Naoki Yamamoto†, Toru Kudo†, Shoko Fujiwara†*, Yukiko Takatsuka, Yasutaka Hirokawa, Mikio Tsuzuki, Tomoyuki Takano, Masaaki Kobayashi, Kunihiko Suda, Erika Asamizu, Koji

- Yokoyama, Daisuke Shibata, Satoshi Tabata and Kentaro Yano* († These authors contributed equally to this work, *. Authors for correspondence) (2016) Pleurochrysome: A web-database of Pleurochrysis transcripts and orthologues among heterogeneous algae. *Plant & Cell Physiology* 57(1):e6 doi:10.1093/pcp/pcv195 (January 2016, Epub: January 7, 2016).
- *矢野-21) Yoshitsugu Hirose, Kunihiro Suda, Yao-Guang Liu, Shusei Sato, Yukino Nakamura, Koji Yokoyama, Naoki Yamamoto, Shigeru Hanano, Eiji Takita, Nozomu Sakurai, Hideyuki Suzuki, Yasukazu Nakamura, Takakazu Kaneko, Kentaro Yano, Satoshi Tabata and Daisuke Shibata (2015) The Arabidopsis TAC Position Viewer: a high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones aligned with the Arabidopsis thaliana Columbia-0 genome. *The Plant Journal* 83(6):1114-1122. doi: 10.1111/tj.12949 (8 September 2015, Epub: July 30, 2015) News .
- *矢野-22) Naoki Yamamoto†, Tomoyuki Takano†, Keisuke Tanaka, Taichiro Ishige, Shin Terashima, Chisato Endo, Takamitsu Kurusu, Shunsuke Yajima, Kentaro Yano*, Yuichi Tada* († These authors contributed equally to this work. *Corresponding authors) (2015) Comprehensive analysis of transcriptome response to salinity stress in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus*. *Frontiers in Plant Science* 6: 241 doi:10.3389/fpls.2015.00241 (21 April 2015, Epub: March 26, 2015).
- 矢野-23) Koichiro Aya, Masaaki Kobayashi, Junmu Tanaka, Hajime Ohyanagi, Takayuki Suzuki, Kenji Yano, Tomoyuki Takano, Kentaro Yano, Makoto Matsuoka (2015) De Novo Transcriptome Assembly of a Fern, *Lygodium japonicum*, and a Web Resource Database, Ljtrans DB. *Plant & Cell Physiology* 56(1):e5 doi:10.1093/pcp/pcu184 (January 2015, Epub: December 4, 2014).
- *矢野-24) Hajime Ohyanagi†, Tomoyuki Takano†, Shin Terashima†, Masaaki Kobayashi, Maasa Kanno, Kyoko Morimoto, Hiromi Kanegae, Yohei Sasaki, Misa Saito, Satomi Asano, Soichi Ozaki, Toru Kudo, Koji Yokoyama, Koichiro Aya, Keita Suwabe, Go Suzuki, Koh Aoki, Yasutaka Kubo, Masao Watanabe, Makoto Matsuoka, Kentaro Yano* († These authors contributed equally to this work. *Corresponding author) (2015) Plant Omics Data Center: An Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation. *Plant & Cell Physiology* 56(1):e9 doi:10.1093/pcp/pcu188 (January 2015, Epub: December 11, 2014).
- *矢野-25) Naoki Yamamoto†, Tomohiro Suzuki†, Masaaki Kobayashi, Hideo Dohra, Yohei Sasaki, Hirofumi Hirai, Koji Yokoyama, Hirokazu Kawagishi*, Kentaro Yano* († These authors contributed equally to this work. *Corresponding authors) (2014) A-WINGS: an integrated genome database for *Pleurocybella porrigens* (Angel's wing oyster mushroom, Sugihiratake). *BMC Research Notes* 7:866. doi:10.1186/1756-0500-7-866 (December 3, 2014).
- 矢野-26) Akira Nakatsuka, Tsuyoshi Nakagawa, Kentaro Yano, Ningjing Sun, Hiroaki Sakata, Kayoko Koyama, Nobuo Kobayashi, Tomoya Esumi, Hiroyuki Itamura (2014) Gene Expression of Pectic Polysaccharide Degrading Enzymes in On-tree Softened 'Hiratanenashi' Persimmon Fruit. *Food Preservation Science* 40(4):185-193. (July 31, 2014).
- 矢野-27) Haruyasu Hamada, Takamitsu Kurusu, Hiroshi Nokajima, Masahiro Kiyoduka, Kentaro Yano, Kazuyuki Kuchitsu (2014) Regulation of xylanase elicitor-induced expression of defense-related genes involved in phytoalexin biosynthesis by a cation channel OsTPC1 in suspension-cultured rice cells. *Plant Biotechnology* 31(4):329-334. doi:10.5511/plantbiotechnology.14.0805b (December 2014, Epub: November 15, 2014).

図書

1. 川上直人, アブシシン酸, 新しい植物ホルモンの科学第3版 浅見忠男・柿本辰男編 講談社 2016年11月21日
2. 川上直人, 種子休眠の分子メカニズム, 穂発芽研究会編, 穂発芽研究会20周年記念誌 2019年5月(予定)
3. 「植物学の百科事典」(監修・公益社団法人 日本植物学会) 共著(吉本光希ほか多数) 丸善出版 生理学:植物の老化, 480-481, 2016年06月30日
4. 「植物のさまざまな局面におけるオートファジーの生理機能」吉本光希、オートファジー～分子メカニズムの理解から病態の解明まで～(南山堂) pp.145-155, 2018年, 2018年01月01日

5. 「オートファジー ～分子メカニズムの理解から病態の解明まで～」共著（吉本光希ほか多数）南山堂 植物のさまざまな局面におけるオートファジーの生理機能, 145-154, 2018年01月01日
6. 賀来華江, 分担執筆, 植物の免疫と防御応答の分子機構 —免疫と防御応答に係る糖鎖—, 「植物細胞壁実験法」, (編者, 石井忠, 石水毅, 梅澤俊明, 加藤陽治, 岸本崇生, 小西照子, 松永俊朗), pp 376-379, 弘前大学出版社, 2016年02月26日
7. 桑田茂, 日比忠明, 大木理(監修), 「植物ウイルス大辞典」朝倉書店, 2015年11月25日
8. Toru Kudo, Shin Terashima, Yuno Takaki, Yukino Nakamura, Masaaki Kobayashi and Kentaro Yano* (*; Corresponding authors) (2017) Practical Utilization of OryzaExpress and Plant Omics Data Center Databases to Explore Gene Expression Networks in Oryza Sativa and Other Plant Species. Plant Genomics Databases. Editors: van Dijk, Aalt-Jan, Springer, pp.229-240.
9. Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2016) Databases for Solanaceae and Cucurbitaceae Research. Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops. Ezura H., Ariizumi T., Garcia-Mas J., Rose J. (Editors), Springer, pp.31-42. 2016年1月5日刊行
10. Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2015) Expression Analysis and Genome Annotations with RNA Sequencing. Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches. Sablok, G. et al. (Editors), Springer, pp.1-12. 2015年8月29日刊行
11. Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2015) Omics Analysis and Databases for Plant Science. Genomics (Chapter 13) Proteomics and Metabolomics in Nutraceuticals and Functional Foods, Second Edition. Debasis Bagchi, Anand Swaroop, Manashi Bagchi. (Editors), John Wiley & Sons, Ltd., Published Online, pp.150-159. 2015年8月14日刊行
12. Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2014) Omics databases and gene expression networks in plant sciences. Omics Technologies and Crop Improvement. Noureddine Benkeblia (Editor), CRC Press, pp.1-14. 2014年10月14日刊行

招待講演

1. Naoto Kawakami, Shigeo Toh and Asuka Watanabe, Regulation mechanism of phytohormone biosynthesis and seed germination at supraoptimal temperature (Oral, Invited), XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, 2014年10月28日
2. 川上直人、渡邊飛鳥、藤茂雄、Giltso Choi 「種子が温度を感知し、発芽を制御するメカニズム」 第2回バイオサーモロジーワークショップ（東京）2017年12月26日
3. 川上直人「種子の形成と発芽の制御 —発芽制御の仕組みを解明し気候変動に対応した作物生産を考える—」 関東種苗生産協議会1月例会（東京）2018年1月10日
4. Naoto Kawakami. How seeds regulate germination in response to temperature?. 東京農工大学小金井キャンパス 2018年12月7日
5. 川上直人. 発芽の季節はどう決まる？—種子が温度を感じて発芽を制御する仕組み—. 第150回Plant Science Seminar 北海道大学 2019年1月16日
6. 吉本光希, 「Adaptation of metabolism in autophagy-defective plants during environmental stresses」 第57回日本植物生理学会年会, Symposium “Metabolic Biochemistry meets Cell Biology” 岩手大学, 2016年3月18日
7. 吉本光希, 「植物ペキソファジー：機関特異的な植物ペルオキシソーム分解によるオルガネラ品質管理機構」 第39回日本植分子生物学会年会, シンポジウム“オルガネロファジー：オートファジーによるオルガネラ破壊の意義とメカニズム” パシフィコ横浜, 2016年11月30日
8. 吉本光希, 「アンモニウムストレスは2つのオートファジー過程に真逆の影響を与える」 日本植物学会第81回大会, シンポジウム“植物オートファジー研究の第二の夜明け” 東京理科大, 2017年9月9日
9. Kohki Yoshimoto, Daiki Shinozaki, Kazuya Inoue, Ekaterina A. Merkulova, Céline Masclaux-Daubresse, 「Physiological meaning of plant autophagy in response to environmental stresses」

- Bilateral Closure Symposium of GDRI Integrative Plant Biology Network Program "The developing plant in its environment", Lyon, 2017年10月24日
10. 吉本光希, 「植物の様々な局面におけるオートファジーの重要性」 日本アミノ酸学会 第12回学術大会, 明治大学, 2018年10月20日
 11. Kohki Yoshimoto 「Physiological meanings of plant autophagy in response to environmental stresses. Aiming to elucidate plant specific functions of autophagy」 XVI Latin American Plant Physiology Congress, Universidad Nacional de Cordoba, 2018年11月12日
 12. Kohki Yoshimoto 「Plant autophagy: an intracellular system for bulk and selective self-degradation」 Japan-Taiwan Plant Biology 2019, Nagoya University, 2019年3月15日
 13. Hanae Kaku & Naoto Shibuya, Molecular mechanisms of chitin recognition and immune signaling by LysM-receptors, 11th Japan-US seminar: Molecular contact points in host-pathogen co-evolution, ホテルクレメント高松, 2015年10月26-29日
 14. Yoshitake Desaki, Syohei Takahashi, Kohei yashima, Haruki Koizumi, Takaki Miura, Hiroko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku and Naoto Shibuya, Regulation of immune signaling by an E3 ubiquitin ligase that interacts with Arabidopsis CERK1, 11th Japan-US seminar: Molecular contact points in host-pathogen co-evolution, ホテルクレメント高松, 2015年10月26-29日
 15. 賀来華江, LysM 受容体を介した植物防御応答機構、植物ストレス科学研究シンポジウムー人類の未来のための植物科学ー、倉敷芸文館 アイシアター、2016年3月7,8日
 16. Kentaro Yano (2018) Plant Omics Databases: Plant Omics Data Center (PODC), CATchUP and TOMATOMICS The 15th Solanaceae Conference, September 30-October 4, 2018, Chiang Mai, Thailand.
 17. Shizuka Koshimizu, Aria Hisaoka, Misao Senbokuya, Yukino Nakamura, Misa Saito, Maasa Kanno, Eiji Nambara, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano (2018) Statistical Analyses, Text-Mining and Web Databases for Plant Science The PAG Asia Conference, Plant Omics Workshop, May 30-June 1, 2018, Conrad Seoul, South Korea.
 18. Toru Kudo, Yukino Nakamura, Masaaki Kobayashi, Kentaro Yano 「Current status of bio-databases for plant and Solanaceae research」, 第14回日本ナス科コンソーシアム年会, 日本大学生物資源科学部, 2017年9月12-13日
 19. Yukino Nakamura, Misa Saito, Maasa Kanno, Toru Kudo, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Eiji Nambara, Kentaro Yano (2017) Large-Scale Analyses for Genome, Transcriptome and Knowledgeome in Plant Science. The PAG Asia Conference, Gene Mapping by Segregation Workshop, May 29-31, 2017, Conrad Seoul, South Korea.
 20. Eiji Nambara, Masato Otani, Dawei Yan, Yohei Sasaki, Kentaro Yano (2017) Transcriptome Analysis on Growth Regulation in Dormant Organs of Arabidopsis. The PAG Asia Conference, Plant Omics Workshop, May 29-31, 2017, Conrad Seoul, South Korea.
 21. Kentaro Yano (2016) Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. East Asia Agricultural Genome Scientist Forum 2016, December 19-20, Busan, Korea.
 22. Kentaro Yano (2016) Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. Toronto University, November 1st 2016, Canada.
 23. Kentaro Yano, Shin Terashima, Yukino Nakamura, Toru Kudo, Maasa Kanno, Misa Saito, Satomi Asano, Koji Yokoyama, Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi (2016) Omics- and Knowledge-based approaches for new advances in the use of valuable genetic resources of crops. The PAG Asia Conference, Finding Function in Crop Genomes Workshop, June 6-8, 2016, Grand Copthorne Waterfront Hotel, Singapore.
 24. Kentaro Yano (2016) Systems biology for new advances in the use of valuable genetic resources of crops. Institute of Tropical Plant Sciences, March, 29th, 2016, National Cheng Kung University, Taiwan.
 25. 矢野健太郎, サントリーグローバルイノベーションセンター株式会社セミナー, 「植物有用遺伝資源探索のための大規模オミックス・知識情報を融合したシステムズ・バイオロジーの展開」, サントリーグローバルイノベーションセンター株式会社, 2016年11月29日
 26. 矢野健太郎, 岡山大学大学院環境生命科学研究科セミナー, 「植物有用遺伝資源の探索のためのオミックス情報解析基盤整備」, 岡山大学, 2016年8月5日
 27. 矢野健太郎, 「ゲノム解読とオミックス解析に基づく生命科学の新たな展開」, 大阪信愛女学院高等学校, 2016年6月16日

28. 矢野健太郎, 「社会人講演会」, 大阪信愛女学院中学校, 2016年6月16日
29. 矢野健太郎, 平成27年度園芸学会秋季大会 次世代シークエンサーの園芸学研究における利用(公開シンポジウム), 「次世代シークエンサーを利用した配列解読と遺伝子発現ネットワーク解析」, 徳島大学常三島キャンパス, 2015年9月26日 13:00-17:00
30. 矢野健太郎, 第12回日本ナス科コンソーシアム年会, 「Development of strategies for the seamless integration of large-scale omics and knowledge-based information」, 明治大学生田キャンパス, 2015年9月4-5日
31. 矢野健太郎, 「ゲノム解読とオミックス解析に基づく生命科学の新たな展開」, 大阪信愛女学院高等学校, 2014年12月18日
32. 矢野健太郎, 新学術「細胞壁機能」セミナー, 「有用植物遺伝資源の高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」, 奈良先端大学院大学・バイオサイエンス研究科, 2014年12月12日
33. 矢野健太郎, 京都産業大学・総合生命科学部 バイオフォーラム 2014, 「有用植物遺伝資源の高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」, 京都産業大学, 2014年12月11日
34. 矢野健太郎, 日本遺伝学会第86回大会(長浜大会), 「システムズ・バイオロジー研究に向けた大規模オミックス情報解析とWebデータベース」, 長浜バイオ大学, 2014年9月19日

シンポジウム

1. 吉本光希「アンモニウムストレスは2つのオートファジー過程に真逆の影響を与える」日本植物学会第81回大会シンポジウム, 2017年9月8日~10日, 東京理科大, 野田, 2017年09月09日
2. 吉本光希「セレクトィブオートファジーによる緑葉ペルオキシソームの品質管理」第59回日本植物生理学会年会シンポジウム, 2018年3月28日~30日, 札幌コンベンションセンター, 札幌, 2018年03月29日
3. 紀藤圭治, 日本プロテオーム学会2017年大会. シンポジウム「Basic Biology 1 (non-mammal)」オーガナイザー: 農業・食品産業技術総合研究機構・小松節子, 明治大学・紀藤圭治. 2017年07月27日
4. 賀来華江「植物 LysM 受容体を介するシグナル応答, 環境および非自己応答機構から読み解く植物の巧みな生存戦略」明治大学生田キャンパス, 2019年3月7日
5. 鈴木丸陽, 吉田一誠, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 出崎能丈, 紀藤圭治, 渋谷直人, 賀来華江「LysM 型受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化を介したシグナル伝達制御機構の解析」環境および非自己応答機構から読み解く植物の巧みな生存戦略, 明治大学生田キャンパス, 2019年3月7日

国際学会

1. Yukinori Yoshino, Arata Tanaka, Sonoko Gomibuchi, Kazutaka Akahori, Reo Sugiyama, Aoi Kamoshita and Naoto Kawakami, 「Analysis of Arabidopsis thermoinhibition resistant germination 2 that has defect in aleurone layer and epidermis (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日~29日, 東大・弥生講堂)
2. Masanori Kaji, Megumi Morita, Kaiki Shiozawa, Asuka Watanabe and Naoto Kawakami, 「A forward genetic approach for thermoinhibition of Arabidopsis seed germination (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日~29日, 東大・弥生講堂)
3. Asuka Watanabe, Takuma Shigeyama, Konatsu Tokuchi, Shigeo Toh, Naoto Kawakami, 「Function of α -xylosidase in xyloglucan oligosaccharide metabolism, cell wall loosening and seed germination (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワーク

- ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日～29日，東大・弥生講堂)
4. Takuya Iwamoto, Hitomi Ohtsuki and Naoto Kawakami, 「Dormancy and germination of Arabidopsis seeds and flavonoids in testa (Poster)」, XII France-Japan Workshop on Plant Science 2014 -Plant Responses to Environment, October 27-29, 2014, Yayoi Auditorium, The University of Tokyo, (第12回日仏植物科学ワークショップ「植物の環境応答」2014年10月27日～29日，東大・弥生講堂)
 5. Watanabe A, Shigeeyama T, Tokuchi K, Toh S, Kawakami N 「Function of α -xylosidase in xyloglucan metabolism, cell wall extensibility and seed germination (poster)」, The 26th International Conference on Arabidopsis Research, Paris, 5-9 July 2015
 6. Masanori Kaji, Shione Kawano, Megumi Morita, Kaiki Shiozawa and Naoto Kawakami, 「Selection of high temperature resistant germination mutants that have defect in abscisic acid regulation at high temperature (poster, selected for short presentation)」, The 26th International Conference on Arabidopsis Research, Paris, 5-9 July 2015 *2
 7. Naoto Kawakami, Masanori Kaji, Shione Kawano 「Selection of Arabidopsis germination mutants that have defect in the regulation of abscisic acid metabolism in response to high temperature」 (oral), 5th Workshop in the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination. Vancouver, 2016年6月1日
 8. Ryo Tojo, Masahiko Otani, Naoto Kawakami 「Contribution of MAP kinase cascade to seed dormancy of Arabidopsis」 5th Workshop in the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination. Vancouver, 2016年5月31日～6月3日
 9. Yuki Uchida, Kazutaka Akahori, Reo Sugiyama, Yukinori Yoshino, Michio Sato, Kiminori Toyooka, Naoto Kawakami 「Functional analysis of *TRG2A* gene which is involved in the development of endosperm aleurone in Arabidopsis seed」 5th Workshop in the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination. Vancouver, 2016年5月31日～6月3日
 10. Naoto Kawakami, Shota Higashi, Tomoki Kishigawa, Shizuka Kojo, Seiya Chikamatsu, Motoki Yamaguchi, Otowa Kameoka 「Selection and characterization of chemicals that modulate the effect of high temperature on abscisic acid and gibberellin action in Arabidopsis seeds」 22nd International Conference on Plant Growth Substances. Toronto, 2016年6月21日～25日
 11. Masanori Kaji, Shione Kawano, Naoto Kawakami 「Selection of Arabidopsis germination mutants that have defect in abscisic acid and gibberellin regulation at high temperature」 22nd International Conference on Plant Growth Substances. Toronto, 2016年6月21日～25日
 12. Naoto Kawakami, Yu-ichi Kashiwakura, Daisuke Kobayashi 「Highly sprouting tolerant wheat grain exhibits extreme dormancy and cold imbibition resistant accumulation of abscisic acid」 13th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals. Perth, Western Australia, 2016年9月18日～20日
 13. Hikaru Kato, Shinnosuke Saba, Masanori Kaji, Naoto Kawakami. Molecular mapping of gene loci that regulate expression of abscisic acid and gibberellin biosynthesis genes in response to temperature in Arabidopsis seeds. 6th International Symposium on Plant Dormancy, Kyoto, 23-26 October 2018
 14. Masahiko Otani, Ryo Tojo, Suzuha Omori, Kazuhiko Sugimoto, Naoto Kawakami. Functional analysis of MAP kinase cascade genes in dormancy of Arabidopsis seeds. 6th International Symposium on Plant Dormancy, Kyoto, 23-26 October 2018
 15. LiPeng Zheng, Masahiko Ohtani, Ryo Tojo, Kazuhiko Sugimoto, Naoto Kawakami. Genetic interaction of seed dormancy regulatory genes identified from different plant species in Arabidopsis. 6th International Symposium on Plant Dormancy, Kyoto, 23-26 October 2018
 16. Fu-His Tsai, Yuki Nakazawa, Asuka Watanabe, Erina Takayama, Shigeo Toh, Naoto Kawakami. Different Pathways Reregulate Germination of Arabidopsis Seeds in Response to High Temperature in the Light and in the Dark. 6th International Symposium on Plant Dormancy, Kyoto, 23-26 October 2018
 17. Yusuke Saga, Moeka Kawashima, Naoto Kawakami, Harushi Nakajima, Tetsuo Kushiro , 「Characterization of plant and fungal aaRS sequences in search for non-canonical functions. 10th International Symposium on Aminoacyl-tRNA Synthetases」, Barcelona, Spain, 2015年10月19日
 18. Tetsuo Kushiro, Yusuke Saga, Moeka Kawashima, Yohei Toyoda, Shiho Sakai, Naoto Kawakami, Harushi Nakajima, Takeshi Nakano, Miki Wada, Kei Endo, Koichi Ito, 「Studies on plant and fungal

- tRNA synthetases in search for non-canonical functions」, 26th tRNA Conference. Jeju, Korea, 2016年09月06日
19. Moeka Kawashima, Yusuke Saga, Shiho Sakai, Kaori Yamazaki, Naoto Kawakami, Miki Wada, Kei Endo, Koichi Ito, Takeshi Nakano, Tetsuo Kushiro. Arabidopsis histidyl-tRNA synthetase with an appended domain bestowed anthocyanin and lignin production upon overexpression in plants. IUBMB Focused Meeting on the Aminoacyl-tRNA Synthetases. Clearwater, Florida, USA, 2017年11月01日
 20. Tetsuo Kushiro, Yohei Toyoda, Yusuke Saga, Shunsuke Tatematsu, Miki Wada, Kei Endo, Koichi Ito. Functional analysis of plant double-length tyrosyl-tRNA synthetase from Arabidopsis thaliana. 27th tRNA conference. Strasbourg, France, 2018年9月24日
 21. Di Berardino J, Marmagne A, Berger A, Yoshimoto K, Cueff G, Chardon F, Masclaux-Daubresse C, Reisdorf-Cren M, Autophagy Controls Resource Allocations and Protein Storage Accumulation in Arabidopsis Seeds. J. Exp. Bot., 69, 1403-1414, 2018, 2018年02月23日
 22. * Keiji Kito, Haruka Ito, Takehiro Nohara, Mihoko Ohnishi, Daisuke, 「Conserved and diverse aspect of proteome profile across multiple yeast species」, 13th Human Proteome Organization World Congress in IFEMA, Madrid, Spain. Oct. 2014, 2014年10月07日
 23. Keiji Kito, Mitsuhiro Okada, Shunta Kusunoki, Yuko Ishibashi, 「A strategy for large-scale analysis of asymmetric inheritance of old-age proteins at cell division」, Human Proteome Organization 14th World Congress in East Building of the Vancouver Convention Centre, Vancouver, Canada. Sep 2015, 2015年09月27日
 24. Keiji Kito, Mitsuhiro Okada, Shunta Kusunoki, Satoshi Sugiyama, Yuko Ishibashi. Old-age proteins asymmetrically inherited in mother cells of budding yeast. 15th Human Proteome Organization World Congress in Taipei International Convention Center, Taipei, Taiwan. Sep. 2016., 2016年09月20日
 25. Maruya Suzuki, Kenkichi Suto, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Shohei Takahashi, Issei Yoshida, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya. Identification and functional analysis of autophosphorylation sites in Arabidopsis CERK1. XVII International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions, The Oregon Convention Center, アメリカ, ポートランド, 2016年7月17日-21日
 26. Yoshitake Desaki, Shohei Takahashi, Haruki Koizumi, Takaki Miura¹, Kohei Yashima, Yuko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku and Naoto Shibuya. An E3 ubiquitin ligase, PUB4, regulates immune signaling through the interaction with Arabidopsis CERK1. XVII International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions, The Oregon Convention Center, アメリカ, ポートランド, 2016年7月17日-21日
 27. * Yukinobu Isowa, Isao Sarashina, Keiji Kito, Kenshiro Oshima, Masahira Hattori, Takeshi Kawashima, Manabu Fujie, Noriyuki Satoh, Kazuyoshi Endo. Proteomic identification and comparative analysis of shell matrix proteins in brachiopods. 14th International Symposium on Biomineralization. Tsukuba, Japan, 2017年10月10日
 28. Ishikawa A, Shimizu K, Isowa Y, Takeuchi T, Kito K, Fujie M, Sunamura M, Satoh N, Endo K. A combined proteomic and transcriptomic analysis of shell matrix proteins in the pond snail *Lymnaea stagnalis*. The 5th International Palaeontological Congress (IPC5), Paris, France, 2018年7月9-13日
 29. Isowa Y, Kito K, Endo K. An Immunological Study of the Shell Matrix Protein ICP-1 in Brachiopods. 8th International Brachiopod Congress, Milan, Italy, 2018年9月11-14日
 30. Keiji Kito. A genetic approach toward mass spectrometry-based comprehensive and sensitive quantification of yeast proteome. 17th Human Proteome Organization World Congress, Orland, Florida, USA. 2018年9月30日-10月3日
 31. Miyashita, Shin-ichi; Mitsuhashi, Hiroaki; Fujii, Shin-ichiro; Abo, Mitsuru; Takatsu, Akiko; Inagaki, Kazumi, 「Characterization of nanoparticles uptake and adsorption by red microalgal cells using single particle ICP-MS」, EUROPEAN WINTER CONFERENCE ON PLASMA SPECTROCHEMISTRY 2017, Sankt Anton, Austria, 2017年02月19日
 32. Masahiro Hayafune, Yoshitake Desaki, Miyu Kayama, Takumi Tanimoto, Rita Berisio, Roberta Marchetti, Alba Silipo, Flavia Squeglia, Alessia Ruggiero, Ken Tokuyasu, Antonio Molinaro, Naoto Shibuya, Hanae Kaku. 「The structure-function relationships of rice chitin receptor CEBiP」, Networks in Immunity Workshop, カルフォルニア大学, デイビス, アメリカ, 2015年10月

26-29 日

33. Masahiro Hayafune, Yoshitake Desaki, Miyu Kayama, Rita Berisio, Roberta Marchetti, Alba Silipo, Flavia Squeglia, Alessia Ruggiero, Ken Tokuyasu, Antonio Molinaro, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, 「Rice chitin receptor CEBiP relies on a unique sandwich-type dimerization for its immune signaling」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, ロードス島, ギリシャ, 2014年07月06日
34. Yoshitake Desaki, Junichi Jumonji, Jun Takeda, Maruya Suzuki, Masato Nakashima, Shohei Takahashi, Kohei Yashima, Kenkichi Suto, Hanae Kaku and Naoto Shibuya 「Characterization of an Arabidopsis CERK1-interacting E3 ubiquitin ligase」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, ロードス島, ギリシャ, 2014年07月06日
35. Yoko Nishizawa, Yusuke Kouzai, Keisuke Nakajima, Kenjiro Ozawa, Masahiro Hayafune, Susumu Mochizuki, Hideo Miyazaki, Yoshitake Desaki, Eiichi Minami, Hanae Kaku, Naoto Shibuya 「EFFECTS OF HOMOLOGOUS RECOMBINATION-BASED DISRUPTION OF CEBIP OR OSCERK1 ON THE PERCEPTION OF CHITIN AND PEPTIDOGLYCAN, AND IMMUNITY」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, ロードス島, ギリシャ, 2014年07月06日
36. Yoshitake Desaki, Syohei Takahashi, Kohei yashima, Haruki Koizumi, Takaki Miura, Hiroko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku, Naoto Shibuya 「Regulation of immune signaling by an E3 ubiquitin ligase that interacts with Arabidopsis CERK1」, 11th Japan-US seminar: Molecular contact points in host-pathogen co-evolution, ホテルクレメント高松, 2015年10月26日
37. Yoshitake Desaki, Kohei Yashima, Masaki Kohari, Takashi Ueda, Hanae Kaku, Naoto Shibuya 「Membrane traffic components involved in MAMP-triggered callose accumulation in Arabidopsis」, 36th New Phytologist Symposium, “Cell biology at the plant-microbe interface” Eden Hotel Wolff, ミュンヘン, ドイツ, 2015年11月29日-12月1日
38. Maruya Suzuki, Kenkichi Suto, Masatoshi Shibuya, Hikaru Shimada, Noriko Motoyama, Shohei Takahashi, Issei Yoshida, Mihoko Ohnishi, Yuko Ishibashi, Zui Fujimoto, Yoshitake Desaki, Hanae Kaku, Keiji Kito, Naoto Shibuya, 「Identification and functional analysis of autophosphorylation sites in Arabidopsis CERK1」, XVII International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions, The Oregon Convention Center, ポートランド, アメリカ, 2016年7月17日-21日
39. Yoshitake Desaki, Shohei Takahashi, Haruki Koizumi, Takaki Miura, Kohei Yashima, Yuko Ishibashi, Keiji Kito, Mari Narusaka, Yoshihiro Narusaka, Hanae Kaku, Naoto Shibuya, 「An E3 ubiquitin ligase, PUB4, regulates immune signaling through the interaction with Arabidopsis CERK1」, XVII International Congress of Molecular Plant-Microbe Interactions, The Oregon Convention Center, ポートランド, アメリカ, 2016年7月17日-21日
40. Kana Miyata, Ayano Yumoto, Shun Hasegawa, Yoshitake Desaki, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, 「Characterization of rice LysM-RLKs involved in mycorrhizal symbiosis」, Taiwan-Japan Plant Biology 2017, 2017. 11.3-6, Academie Sinica, 台北, 台湾, 2017年11月03日-6日
41. Yoshitake Desaki, Yusuke Kouzai, Yusuke Ninomiya, Ryosuke Iwase, Yumi Shimizu, Keito Seko, Antonio Molinaro, Eiichi Minami, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Yoko Nishizawa, 「OsCERK1 regulates LPS-induced immune signaling in rice」, INTERNATIONAL PLANT MOLECULAR BIOLOGY 2018, Montpellier, France, 2018年8月5-10日
42. Hanae Kaku, Naoto Shibuya, 「Plant innate immune signaling mediated by LysM-receptors, Keystone Symposia-Innate Immune Receptors」. Roles in Immunology and Beyond-, 台湾, 台北, 2019年3月10日-14日
43. Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata, 「Highly efficient gene targeting in *Pyricularia oryzae* by Zinc Finger Nuclease」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 2014年07月07日
44. Takayuki Arazoe, Tohru Yamato, Ai Handa, Kennosuke Miyoshi, Shuichi Ohsato and Shigeru Kuwata, 「CRISPR/Cas9 system for genome editing in filamentous fungi」, 4th Japan-Korea Joint Symposium on Plant Pathology & KSPP Annual Meeting International Convention Center Jeju, Korea, 2017年09月12日

45. Kana Kiguchi, Toshiki Tanaka, Takayuki Arazoe, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Sigeru Kuwata, Shuichi Ohsato, Functional analysis of RecQ helicase MUSN in *Pyricularia oryzae*, Asian Conference on Plant Pathology, Korea, International Convention Center, Jeju (ICC Jeju), 2017 年 9 月 14 日
 46. Takayuki Arazoe, Shuichi Ohsato, Tsutomu Arie, Shigeru Kuwata, 「Highly efficient gene targeting in *Pyricularia oryzae* by Zinc Finger Nuclease」, XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 2014 年 07 月 07 日
 47. Takayuki Arazoe, Tohru Yamato, Ai Handa, Kennosuke Miyoshi, Shuichi Ohsato and Shigeru Kuwata, 「CRISPR/Cas9 system for genome editing in filamentous fungi」, 4th Japan-Korea Joint Symposium on Plant Pathology & KSPP Annual Meeting International Convention Center Jeju, Korea, 2017 年 09 月 12 日
 48. Kana Kiguchi, Toshiki Tanaka, Takayuki Arazoe, Tetsushi Sakuma, Takashi Yamamoto, Sigeru Kuwata, Shuichi Ohsato, Functional analysis of RecQ helicase MUSN in *Pyricularia oryzae*, Asian Conference on Plant Pathology, Korea, International Convention Center, Jeju (ICC Jeju), 2017 年 9 月 14 日
- ★ 他・矢野健太郎：国際学会発表 37 件

国内学会

1. 渡邊飛鳥, 藤茂雄, Soohwan Lim, Jeongmoo Park, 山口信次郎, 南原英司, 神谷勇治, Giltso Choi, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子において, 高温は PIL5 タンパク質の蓄積誘導を介して, 光発芽を抑制する」, 日本植物学会第 78 回大会 (川崎・生田) 2014 年 9 月 12 日
2. 赤堀一貴, 吉野幸則, 五味渕苑子, 杉山礼央, 鴨志田葵, 川上直人, 「種子の糊粉層形成に異常を持つシロイヌナズナの突然変異体 *trg2* の解析」, 日本植物学会第 78 回大会 (川崎・生田) 2014 年 9 月 13 日
3. 東翔太, 水内恭平, 近松誠也, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子発芽の高温阻害を攪乱する化合物の選抜とその作用解析」, 植物化学調節学会第 49 回大会 (京都) 2014 年 10 月 18 日
4. 岩本 拓也, 大槻 瞳, 川上 直人, 「シロイヌナズナ種子の休眠と種皮のカテキン-タンニン」, 植物化学調節学会第 49 回大会 (京都) 2014 年 10 月 18 日
5. 渡邊飛鳥, 藤茂雄, 川上直人, 「高温はフィトクロム結合タンパク質, PIL5 の作用誘導を介して植物ホルモン合成を制御し, 光発芽を抑制する」, 第 35 回種子生理生化学研究会年会 (新潟・岩室温泉) 2014 年 11 月 15 日
6. 渡邊飛鳥, 重山拓摩, 徳地小夏, 藤茂雄, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子発芽時の細胞伸長における α -キシロシダーゼの役割」, 第 56 回日本植物生理学会年会 (東京) 2015 年 3 月 16 日
7. 吉野幸則, 赤堀一貴, 杉山礼央, 鴨志田葵, 内田悠輝, 田中新太, 五味渕苑子, 佐藤道夫, 川上直人, 「胚乳最外層の消失と植物体の形態異常をもたらすシロイヌナズナ *trg2* 突然変異の解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会 (東京) 2015 年 3 月 17 日
8. 大沼夏樹, 川上直人, 「シロイヌナズナの胎生発芽突然変異体, YY10-4 の解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会 (東京) 2015 年 3 月 18 日
9. 川上直人, 「種子休眠の形成と維持・低下の分子機構」, 第 19 回穂発芽研究会 (帯広畜産大学) 2015 年 6 月 25 日
10. 杉山礼央, 吉野幸則, 赤堀一貴, 内田悠稀, 川上直人, 「アダプチン結合領域を持つ TRG2 タンパク質の機能解析 (ポスター)」, 日本植物学会第 79 回大会 (新潟) 2015 年 9 月 7 日
11. 東翔太, 岸川智紀, 小城静香, 近松誠也, 水内恭平, 大橋世弥, 那須雄太, 川上直人, 「種子発芽の温度反応性を攪乱する化合物の選抜と解析」, 第 36 回種子生理生化学研究会 (松本市美ヶ原温泉) 2015 年 11 月 7 日
12. 川島萌華, 佐賀裕亮, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索 (ポスター)」, 第 38 回日本分子生物学会年会 (神戸) 2015 年 12 月 2 日
13. 赤堀一貴, 杉山礼央, 内田悠稀, 吉野幸則, 佐藤道夫, 豊岡公德, 川上直人, 「種子の糊粉層の形成・維持に関わるシロイヌナズナの TRG2A タンパク質の解析 (口頭)」, 第 57 回日本植物生理学会年会 (岩手) 2016 年 3 月 18 日

14. 川島萌華, 佐賀裕亮, 伊藤耕一, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索 (ポスター)」, 第 57 回日本植物生理学会年会 (岩手) 2016 年 3 月 18 日
15. 岸川智紀, 山口源貴, 亀岡音羽, 小城静香, 近松誠也, 川上直人, 「シロイヌナズナ種子発芽において高温による発芽阻害効果を高める化合物の選抜と解析 (ポスター)」, 第 57 回日本植物生理学会年会 (岩手) 2016 年 3 月 18 日
16. 山口源貴, 亀岡音羽, 岸川智紀, 川上直人 「シロイヌナズナ種子におけるアブシジン酸合成を促進し、温度に依存して発芽を阻害する化合物の選抜と解析」 植物化学調節学会第 51 回大会 (高知) 2016 年 10 月 29 日 *4
17. 亀岡音羽, 山口源貴, 東翔太, 川上直人 「シロイヌナズナ種子発芽の高温阻害を緩和する化合物と植物ホルモン作用の関連」 植物化学調節学会第 51 回大会 (高知) 2016 年 10 月 30 日
18. 渡邊飛鳥, 中澤祐樹, 藤茂雄, Giltso Choi, 川上直人 「昼夜で異なる、温度による種子発芽の制御」 生命システムの熱科学 (岡崎) 2016 年 12 月 10 日~11 日
19. 中澤祐樹, 渡邊飛鳥, 藤茂雄, 川上直人 「温度による種子発芽の制御には、明暗で異なる因子が働く」 第 58 回日本植物生理学会年会 (鹿児島) 2017 年 3 月 16 日 *5
20. 川島萌華, 佐賀裕亮, 坂井志帆, 中野雄司, 川上直人, 久城哲夫 「シロイヌナズナ由来ヒスチジル tRNA 合成酵素の新規機能の探索」 第 58 回日本植物生理学会年会 (鹿児島) 2017 年 3 月 16 日
21. 鄭李鵬, 東城僚, 大谷真彦, 大森涼葉, 杉本和彦, 川上直人 「異なる種から同定された種子休眠制御遺伝子のシロイヌナズナにおける遺伝的相互作用」 第 58 回日本植物生理学会年会 (鹿児島) 2017 年 3 月 18 日
22. 長竹望, 得田隆之介, 小林正智, 井内聖, 川上直人 「シロイヌナズナ野生種が屋外と実験室で示す種子発芽形質の多様性」 日本植物学会第 81 回大会 (千葉・東京理科大) 2017 年 9 月 9 日
23. 比留間美里, 得田隆之介, 小林正智, 井内聖, 川上直人 「種子の発芽温度に着目したシロイヌナズナ野生種系統の選抜」 日本植物学会第 81 回大会 (千葉・東京理科大) 2017 年 9 月 9 日
24. 川上直人 「高温による種子発芽の抑制には、明所と暗所で異なる因子が働く」 第 38 回種子生理生化学研究会 (静岡) 2017 年 11 月 10 日
25. 川上直人, 鄭李鵬, 辻本壽 「コムギ MSD (多様なタルホコムギ由来の合成コムギ派生) 系統に見られる強い休眠性と低温発芽耐性」 第 21 回穂発芽研究会 (筑波) 2017 年 12 月 19 日
26. 渡邊飛鳥, 中澤祐樹, 高山恵莉菜, 池田光, 藤茂雄, 川上直人 「温度によるシロイヌナズナ種子発芽の制御には、明暗で異なる因子が働く」 第 2 回バイオサーモロジーワークショップ (東京) 2017 年 12 月 25 日
27. 加藤光, 佐波真之介, 鬼塚智大, 鍛政徳, 川上直人 「高温の受容から植物ホルモン合成に至る経路で働く発芽制御因子の探索」 第 2 回バイオサーモロジーワークショップ (東京) 2017 年 12 月 25 日
28. 山口源貴, 岸川智紀, 亀岡音羽, 川上直人 「種子発芽の温度反応を攪乱する化合物の選抜と解析」 第 2 回バイオサーモロジーワークショップ (東京) 2017 年 12 月 25 日
29. 長竹望, 比留間美里, 得田隆之介, 井内聖, 小林正智, 川上直人 「種子発芽の温度反応性が夏型を示すシロイヌナズナ野生種の選抜」 第 2 回バイオサーモロジーワークショップ (東京) 2017 年 12 月 25 日
30. 東城僚, 大森涼葉, 鄭李鵬, 大谷真彦, 杉本和彦, 川上直人 「種子休眠制御因子とタンパク質リン酸化カスケードの遺伝的相互作用」 第 59 回日本植物生理学会年会 (札幌) 2018 年 3 月 28 日
31. 佐波真之介, 加藤光, 鬼塚智大, 鍛政徳, 川上直人 「シロイヌナズナ種子において温度に応じたアブシジン酸合成酵素遺伝子の発現制御に関わる遺伝子座の同定」 第 59 回日本植物生理学会年会 (札幌) 2018 年 3 月 28 日
32. 高山恵莉菜, 吉本光希, 川上直人 「オートファジーは種子の発芽勢に重要である」 第 59 回日本植物生理学会年会 (札幌) 2018 年 3 月 30 日

33. 山口源貴、菅野裕理、瀬尾光範、川上直人. 高温のアブシジン酸合成誘導作用を高める発芽抑制化合物の選抜と解析. 植物化学調節学会 札幌 2018年11月3-4日
34. 山口慧人、中尾優希、杉山礼央、川上直人. シロイヌナズナ種子の胚乳分化に関わるアダプチン結合タンパク質の機能解析. 第60回日本植物生理学会年会 名古屋 2019年3月13日
35. 丸山紘輝、重枝絢、森尻菜々美、長竹望、棚内美咲、清水諒、小林正智、井内聖、川上直人. シロイヌナズナ野生株に見られる発芽の温度応答の多様性とフェノロジー. 第60回日本植物生理学会年会 名古屋 2019年3月13日
36. 阿部晋、山上あゆみ、市川尚斉、松井南、長田裕之、久城哲夫、浅見忠男、中野雄司、「緑化制御機能をもつブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 の分子機能解析と相互作用因子の探索」、植物化学調節学会第49回大会, 2014年10月17日~19日, 2014年10月17日
37. 阿部晋、山上あゆみ、市川尚斉、松井南、長田裕之、久城哲夫、浅見忠男、中野雄司、「緑化調節を制御するブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 はクロロフィル合成の転写因子 GLK1,2 と相互作用する」、第56回日本植物生理学会年会, 2015年3月16日~18日, 2015年03月17日
38. 田中翔太、藤岡昭三、久城哲夫、長田裕之、浅見忠男、中野雄司、「新規植物カルス形成促進化合物 FPX と新規植物成長促進化合物 PPG の同定と生理作用解析」、第56回日本植物生理学会年会, 2015年03月18日
39. 佐賀祐亮、荒木健志、丸上萌々、荒谷博、斉藤和季、山崎真己、鈴木秀幸、久城哲夫、「ヒカゲノカズラ由来オノセリン合成に関与する環化酵素遺伝子の同定」、第33回日本植物細胞分子生物学会(東京)大会, 2015年08月10日
40. 田中翔太、藤岡昭三、久城哲夫、長田裕之、篠崎一雄、浅見忠男、中野雄司、「植物成長促進化合物 PPG の生理作用解析とターゲットタンパク質の探索」、植物化学調節学会第50回大会, 2015年10月23日
41. 川島萌華、佐賀祐亮、川上直人、久城哲夫、「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索」、第38回日本分子生物学会年会, 2015年12月02日
42. 川島萌華、佐賀祐亮、伊藤耕一、川上直人、久城哲夫、「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索」、第57回日本植物生理学会年会, 2016年03月18日
43. 田中翔太、藤岡昭三、久城哲夫、長田裕之、篠崎一雄、浅見忠男、中野雄司、「植物成長促進化合物 PPG 及び新規カルス誘導化合物 FPX のケミカルバイオロジー研究」、第57回日本植物生理学会年会, 2016年03月19日
44. 田中翔太、藤岡昭三、久城哲夫、長田裕之、篠崎一雄、浅見忠男、中野雄司、「新規化合物 FPX によるカルス誘導活性、植物成長促進活性およびブラシノステロイド情報伝達における分子機構」、日本農芸化学会 2016年度大会, 2016年03月28日
45. 佐賀祐亮、荒木健志、丸上萌々、大高潤之介、荒谷博、斉藤和季、山崎真己、鈴木秀幸、久城哲夫、「ヒカゲノカズラ由来オノセリンおよびセラタン型トリテルペンの合成遺伝子の同定」、日本農芸化学会 2016年度大会, 2016年03月28日
46. 豊田陽平、川島萌華、佐賀祐亮、和田美紀、伊藤耕一、久城哲夫、「シロイヌナズナ由来二量体型チロシル tRNA 合成酵素の機能解析」、日本農芸化学会 2016年度大会, 2016年03月28日
47. 川名誠、相馬史幸、小竹英一、都築和香子、長尾昭彦、川上直人、久城哲夫、「シロイヌナズナ由来カロテノイド異性化酵素の探索」、日本農芸化学会 2016年度大会, 2016年03月28日 *5
48. 丸上萌々、阿部晋、山上あゆみ、市川尚斉、松井南、久城哲夫、篠崎一雄、浅見忠男、中野雄司、「ブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 の概日リズム同調的な発現と緑化促進活性の解析」、植物化学調節学会第51回大会, 2016年10月29日
49. 竹野駿、田中翔太、山上あゆみ、嶋田せつこ、松井南、笥雄介、嶋田幸久、大谷美沙都、出村拓、久城哲夫、浅見忠男、篠崎一雄、中野雄司、「植物成長促進化合物 PPG の生理機能の解明とターゲットタンパク質の探索」、植物化学調節学会第51回大会, 2016年10月29日
50. 豊田陽平、川島萌華、佐賀祐亮、和田美紀、伊藤耕一、久城哲夫、「シロイヌナズナ由来二量体型チロシル tRNA 合成酵素の機能解析」、第39回日本分子生物学会年会, 2016年11月

30日

51. 川島萌華, 佐賀裕亮, 坂井志帆, 中野雄司, 川上直人, 久城哲夫, 「植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索」, 第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 12 月 02 日
52. 川島萌華, 佐賀裕亮, 坂井志帆, 中野雄司, 川上直人, 久城哲夫 「シロイヌナズナ由来ヒスチジル tRNA 合成酵素の新規機能の探索」 第 58 回日本植物生理学会年会 (鹿児島) 2017 年 3 月 16 日
53. 丸上萌々, 阿部晋, 山上あゆみ, 市川尚斉, 松井南, 久城哲夫, 篠崎一雄, 浅見忠男, 中野雄司, ブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 による葉緑体機能活性化機構の解析, 植物化学調節学会第 52 回大会, 2017 年 10 月 28 日
54. 田中雄一朗, 田口玲花, 山上あゆみ, 池田美穂, 光田展隆, 久城哲夫, 篠崎一雄, 浅見忠男, 高木優, 中野雄司, ブラシノステロイド情報伝達経路上の新規転写因子の CRES-T 法変異体群からの探索, 植物化学調節学会第 52 回大会, 2017 年 10 月 28 日
55. 竹野駿, 田中翔太, 山上あゆみ, 嶋田勢津子, 松井南, 寛雄介, 嶋田幸久, 久城哲夫, 浅見忠男, 篠崎一雄, 中野雄司, 新規植物成長促進化合物 PPG の生理機能の解明とターゲット候補タンパク質の機能解析, 植物化学調節学会第 52 回大会, 2017 年 10 月 28 日
56. 竹野駿, 田中翔太, 山上あゆみ, 嶋田勢津子, 松井南, 寛雄介, 嶋田幸久, 瀬上紹嗣, 近藤恭光, 堂前直, 久城哲夫, 前島正義, 浅見忠男, 長田裕之, 篠崎一雄, 中野雄司, 新規植物成長促進化合物 PPG の生理機能の解明とターゲット候補タンパク質の機能解析, 日本農芸化学会 2018 年度大会, 2018 年 03 月 16 日
57. 高瀬翔平, 近藤恭光, 鈴木健裕, 堂前直, 新家一男, 長田裕之, 久城哲夫, 松本健, 吉田稔, ゲノムワイド shRNA ライブラリースクリーニングによるアポトーシス誘導物質 JBIR-140 の標的経路の解析, 日本農芸化学会 2018 年度大会, 2018 年 03 月 17 日
58. 丸上萌々, 阿部晋, 山上あゆみ, 市川尚斉, 松井南, 久城哲夫, 篠崎一雄, 浅見忠男, 中野雄司, ブラシノステロイド情報伝達因子 BPG4 の転写因子 GLK1/2 制御機構と緑化促進活性の解析, 第 59 回日本植物生理学会年会, 2018 年 03 月 28 日
59. 竹野駿, 山上あゆみ, 嶋田勢津子, 松井南, 寛雄介, 嶋田幸久, 瀬上紹嗣, 近藤恭光, 堂前直, 久城哲夫, 前島正義, 浅見忠男, 長田裕之, 篠崎一雄, 中野雄司, 新規植物成長促進化合物 PPG の生理機能の解明とターゲット候補タンパク質の機能解析, 第 59 回日本植物生理学会年会, 2018 年 03 月 28 日
60. 田中雄一朗, 田口玲花, 山上あゆみ, 宮地朋子, 池田美穂, 光田展隆, 久城哲夫, 篠崎一雄, 浅見忠男, 高木優, 中野雄司, ブラシノステロイド情報伝達に関わる新規 bHLH 型転写因子の CRES-T 法とケミカルバイオロジー法の融合による探索, 第 59 回日本植物生理学会年会, 2018 年 03 月 28 日
61. 前川琴美, 田中翔太, 竹野駿, 山上あゆみ, 寛雄介, 嶋田幸久, 近藤恭光, 堂前直, 嶋田勢津子, 松井南, 久城哲夫, 長田裕之, 浅見忠男, 篠崎一雄, 中野雄司, 植物成長促進化合物 PPG による植物カルス形成制御機構の解明, 植物化学調節学会第 53 回大会, 2018 年 11 月 3 日
62. 藤田健司郎, 長谷川玲花, 山上あゆみ, 池田美穂, 光田展隆, 久城哲夫, 篠崎一雄, 高木優, 浅見忠男, 中野雄司, ブラシノステロイド情報伝達における新規転写因子 BMYs の Y2H 法による単離と機能解析, 植物化学調節学会第 53 回大会, 2018 年 11 月 3 日
63. 山崎夏穂莉, 坂井志帆, 佐賀裕亮, 中野雄司, 川上直人, 久城哲夫, 植物由来アミノアシル tRNA 合成酵素の二次機能の探索, 第 41 回日本分子生物学会年会, 2018 年 11 月 30 日
64. 藤田健司郎, 長谷川玲花, 山上あゆみ, 池田美穂, 光田展隆, 久城哲夫, 篠崎一雄, 高木優, 浅見忠男, 中野雄司, Arabidopsis transcription factors in BRs signaling by Yeast-two hybrid method, 第 60 回日本植物生理学会年会, 2019 年 3 月 13 日
65. 前川琴美, 田中翔太, 竹野駿, 山上あゆみ, 寛雄介, 嶋田幸久, 近藤恭光, 堂前直, 嶋田勢津子, 松井南, 久城哲夫, 長田裕之, 浅見忠男, 篠崎一雄, 中野雄司, 植物成長促進化合物 PPG による植物カルス形成制御機構の解明, 第 60 回日本植物生理学会年会, 2019 年 3 月 13 日
66. 桐野巴瑠, 吉本光希, 新屋良治, 「分子擬態一似せて騙す線虫の寄生戦略」, 第 62 回日本応用動物昆虫学会大会, 2018 年 3 月 25~27 日, 鹿児島大学, 鹿児島, 2018 年 03 月 26 日

67. 桐野巴瑠、吉本光希、新屋良治、「マツノザイセンチュウ分泌タンパク質の *in planta* 機能解析」、第 129 回日本森林学会大会、2018 年 3 月 26~29 日、高知大学、高知、2018 年 03 月 27 日
68. 井上和也、Loreto Naya、佐藤繭子、豊岡公德、吉本光希、「拮抗的オートファジーによる緑葉ペルオキシソームの分解機構」、第 59 回日本植物生理学会年会、2018 年 3 月 28 日~30 日、札幌コンベンションセンター、札幌、2018 年 03 月 28 日
69. 篠崎大樹、Ekaterina Merkulova、Loreto Naya、Celine Masclaux-Daubresse、吉本光希、「鉛欠乏応答における植物オートファジーの重要性」、第 59 回日本植物生理学会年会、2018 年 3 月 28 日~30 日、札幌コンベンションセンター、札幌、2018 年 03 月 29 日
70. 桐野巴瑠、吉本光希、新屋良治「分子擬態：マツノザイセンチュウの寄生戦略」本線虫学会定期大会（第 26 回大会）、熊本大学、2018 年 9 月 5 日
71. 篠崎大樹、Ekaterina Merkulova、Loreto Naya、Celine Masclaux-Daubresse、吉本光希「植物の亜鉛欠乏応答におけるオートファジーの役割」第 4 回植物の栄養研究会、京都大学、2018 年 9 月 8 日
72. 井上和也、Loreto Naya、佐藤繭子、豊岡公德、吉本光希「オートファジーによる緑葉ペルオキシソーム選択機構の解明」日本植物学会第 82 回大会、広島国際会議場、2018 年 9 月 14 日
73. 篠崎大樹、Ekaterina Merkulova、Loreto Naya、Celine Masclaux-Daubresse、吉本光希「植物の亜鉛欠乏応答におけるオートファジーの役割」日本植物学会第 82 回大会、広島国際会議場、2018 年 9 月 15 日
74. * 宇津木優樹、岩瀬哲、吉本光希「カルス形成におけるオートファジーの役割」第 60 回日本植物生理学会年会、名古屋大学、2019 年 3 月 13 日
75. 紀藤圭治、「定量解析からみた酵母種間におけるプロテオームの保存性と多様性」、日本プロテオーム学会 2014 年大会、2014 年 07 月 17 日
76. 古澤和俊、武田大祐、伊藤遼、大西美帆子、野原健弘、紀藤圭治、「分析を用いた酵母種間の比較プロテオミクス」、日本プロテオーム学会 2014 年大会、2014 年 07 月 17 日
77. 岡田充弘、佐藤慶、武田大祐、紀藤圭治、「出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の質量分析による網羅的解析」、日本プロテオーム学会 2014 年大会、2014 年 07 月 17 日
78. 古澤和俊、野原健弘、伊藤遼、大西美帆子、武田大祐、紀藤圭治。「酵母種間で代謝酵素群と重複遺伝子の発現プロファイルはどのくらい似ているか」、酵母遺伝学フォーラム第 47 回研究報告会、2014 年 09 月 01 日
79. 岡田充弘、佐藤慶、楠俊太、武田大祐、紀藤圭治、「出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の質量分析による網羅的解析」、第 37 回日本分子生物学会年会、2014 年 11 月 25 日
80. 古澤和俊、武田大祐、伊藤遼、大西美帆子、野原健弘、佐賀柁孝、矢島宙岳、紀藤圭治、「酵母種間におけるタンパク質発現プロファイルの比較解析」、第 37 回日本分子生物学会年会、2014 年 11 月 25 日
81. 古澤和俊、伊藤遼、野原健弘、矢島宙岳、石橋裕子、大西美帆子、武田大祐、紀藤圭治。「異なる炭素源や熱ストレス存在下での *S. cerevisiae* と *C. glabrata* のプロテオームの比較解析」、日本プロテオーム学会 2015 年大会、2015 年 07 月 23 日 *6
82. 矢島宙岳、尾松祐太、完戸麻里香、石橋裕子、伊藤遼、野原健弘、紀藤圭治。「PCS-MS 法による酵母種間における重複遺伝子発現量の比較解析」、日本プロテオーム学会 2015 年大会、2015 年 07 月 23 日
83. 鈴木丸陽、渋谷匡哉、島田日加瑠、須藤健吉、吉田一誠、中島正登、大西美帆子、石橋裕子、紀藤圭治、出崎能丈、賀来華江、渋谷直人。「キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析」、日本植物病理学会平成 27 年度植物感染生理談話会、2015 年 08 月 24 日
84. 小泉春樹、石橋裕子、紀藤圭治、出崎能丈、賀来華江、渋谷直人、「CERK1 によるリン酸化を介した PUB4 の機能制御」、日本植物病理学会平成 27 年度植物感染生理談話会、2015 年 08 月 24 日
85. 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治、「出芽酵母を用いたタンパク質不均等分配の網羅的解析」、酵母遺伝学フォーラム第 48 回研究報告会、2015 年 08 月 31 日
86. 古澤和俊、石橋裕子、武田大祐、紀藤圭治、「様々な生育条件下での *S. cerevisiae* と *C. glabrata*

- の比較プロテオーム解析」, 酵母遺伝学フォーラム第 48 回研究報告会, 2015 年 08 月 31 日
87. 岡田充弘, 楠俊太, 杉山知史, 石橋裕子, 紀藤圭治, 「出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 01 日
 88. 古澤和俊, 石橋裕子, 寺川瑛, 鳥居幸也, 紀藤圭治, 「*S. cerevisiae* と *C. glabrata* における熱ストレス耐性に関わるプロテオーム発現プロファイルの比較解析」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 01 日
 89. 矢島宙岳, 完戸麻里香, 石橋裕子, 伊藤遼, 野原健弘, 紀藤圭治, 「出芽酵母における遺伝子重複によるタンパク質発現量への影響」, 第 38 回日本分子生物学会年会, 2015 年 12 月 01 日
 90. 須藤健吉, 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の同定と機能解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016 年 03 月 18 日
 91. 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八島航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 第 57 回日本植物生理学会年会. , 2016 年 03 月 18 日
 92. 出崎能丈, 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八島航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会. , 2016 年 03 月 21 日
 93. 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化部位の機能解析」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 2016 年 03 月 21 日
 94. * 紀藤圭治. 酵母種間の比較プロテオミクス. 2016 年 7 月、日本プロテオーム学会 2016 年大会, 2016 年 07 月 28 日
 95. 紀藤圭治、岡田充弘. 質量分析と安定同位体を用いたタンパク質の量的および質的解析方法. 2016 年 9 月、日本遺伝学会第 88 回大会, 2016 年 09 月 07 日
 96. 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母の細胞分裂におけるタンパク質不均等分配のプロテオミクス解析. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
 97. * 古澤和俊、石橋裕子、鳥居幸也、紀藤圭治. 熱耐性に関わる新規タンパク質を特定するための酵母種間での比較プロテオミクス. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
 98. 杉山知史、岡田 充弘、楠俊太、陳思キ、紀藤圭治. 出芽酵母における老化タンパク質の分裂寿命への影響. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
 99. * 寺川瑛、畔上楓、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母におけるプロテオーム資源分配の最適化と細胞増殖能との関係. 2016 年 12 月、第 39 回日本分子生物学会年会, 2016 年 11 月 30 日
 100. 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治. 質量分析を用いた細胞分裂時におけるタンパク質不均等分配の網羅的解析. 2016 年 9 月、酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 2016 年 09 月 10 日
 101. * 古澤和俊、石橋裕子、鳥居幸也、紀藤圭治. 酵母種間での比較プロテオーム解析による熱耐性に関わるタンパク質の探索. 2016 年 9 月、酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 2016 年 09 月 10 日
 102. 寺川瑛、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母における代謝および翻訳へのプロテオーム資源分配と細胞増殖との関係. 2016 年 9 月、酵母遺伝学フォーラム第 49 回研究報告会, 2016 年 09 月 09 日
 103. 岡田充弘、楠俊太、杉山知史、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配のプロテオーム解析. 2016 年 7 月、日本プロテオーム学会 2016 年大会, 2016 年 07 月 29 日

104. * 古澤和俊、石橋裕子、鳥居幸也、紀藤圭治. 酵母種間でのプロテオーム比較解析による熱耐性に関わるタンパク質の探索. 2016年7月、日本プロテオーム学会2016年大会,2016年07月29日 *7
105. 寺川瑛、石橋裕子、紀藤圭治. 出芽酵母におけるプロテオーム資源分配最適化の細胞増殖能への影響. 2016年7月、日本プロテオーム学会2016年大会,2016年07月29日
106. 塚田岳大、吉田彩舟、紀藤圭治、藤原研、八子英司、堀口幸太郎、屋代隆、加藤たか子、加藤幸雄. 下垂体由来株化細胞 TtT/GF の分化能の検討と TGFβ の関与. 第41回日本比較内分泌学会大会,2016年12月09日
107. 吉田一誠、鈴木丸陽、須藤健吉、渋谷匡俊、島田日加瑠、元山記子、高橋昌平、大西美帆子、石橋裕子、出崎能丈、賀来華江、紀藤圭治、渋谷直人. キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析. 日本植物病理学会平成28年度植物感染生理談話会,シーベル須磨、神戸,2016年8月10-12日.
108. 松井紗樹、中島正登、三浦駿希、田中優太、大西美帆子、紀藤圭治、出崎能丈、賀来華江、渋谷直人. シロイヌナズナ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析. 日本植物病理学会平成28年度植物感染生理談話会,シーベル須磨、神戸,2016年8月10-12日.
109. 小泉春樹、三浦駿希、小針政輝、鈴木丸陽、澤進一郎、石橋裕子、紀藤圭治、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江. ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化を介してシグナル伝達を制御する. 第58回日本植物生理学会年会. 2017年3月16-18日
110. 出崎能丈、小泉春樹、松井紗樹、鈴木丸陽、三浦駿希、石橋裕子、紀藤圭治、渋谷直人、賀来華江. ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化修飾を受けて活性化する. 平成29年度日本植物病理学会大会、2017年04月26日
111. 磯和幸延、塚田岳大、吉田彩舟、舎人勢奈、紀藤圭治、堀口幸太郎、藤原研、屋代隆、加藤たか子、加藤幸雄. マウス下垂体由来の TtT/GF 細胞における TGFβ の作用 : SILAC 解析法を用いたタンパク質の網羅的な比較定量解析. 第32回日本下垂体研究会学術集会、2017年08月02日
112. 塚田岳大、磯和幸延、吉田彩舟、舎人勢奈、紀藤圭治、堀口幸太郎、藤原研、屋代隆、加藤たか子、加藤幸雄. TtT/GF 細胞における TGFβ の作用 : SILAC を用いた網羅的プロテオーム解析. 第44回日本神経内分泌学会学術集会、2017年10月21日
113. 杉山知史、紀藤圭治、岡田光弘、楠竣太、谷車亮、野谷大樹、六本木智裕. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配とその分裂寿命への影響. 2017年12月、第40回日本分子生物学会年会、2017年12月07日
114. 磯和幸延、更科功、紀藤圭治、大島健志朗、服部正平、川島武士、藤江学、佐藤矩行、遠藤一佳. 腕足動物における殻体タンパク質のプロテオーム解析、第40回日本分子生物学会年会、2017年12月07日
115. 磯和幸延、紀藤圭治、遠藤一佳. 腕足動物における殻体タンパク質 ICP-1 の免疫学的研究. 2018年2月、日本古生物学会第167回例会、2018年02月02日
116. * 紀藤圭治. 様々な技術融合によるプロテオームの量的および質的解析手法. 日本プロテオーム学会2018年大会 (MSP2018),ホテル阪急エキスポパーク,2018年5月17日.
117. * 田口広和、寺川瑛、紀藤圭治. 異なる炭素源におけるタンパク質発現量の変化とその細胞増殖能への影響. 日本プロテオーム学会2018年大会 (MSP2018),ホテル阪急エキスポパーク,2018年5月15-17日.
118. 野谷大樹、岡田充弘、紀藤圭治. 出芽酵母の短寿命株と野生株におけるタンパク質不均等分配の比較解析. 日本プロテオーム学会2018年大会 (MSP2018),ホテル阪急エキスポパーク,2018年5月15-17日.
119. 紀藤圭治. タグペプチドを用いたプロテオーム解析最適化酵母の作製. 酵母遺伝学フォーラム第51回研究報告会,九州大学医学部百年講堂,2018年9月12日.
120. 田口広和、紀藤圭治. 異なる炭素源におけるタンパク質発現量の変化とその細胞増殖能への影響. 酵母遺伝学フォーラム第51回研究報告会,九州大学医学部百年講堂,2018年9月10-11日.
121. 野谷大樹、岡田充弘、紀藤圭治. 出芽酵母の sir2 欠損株と野生株におけるタンパク質不均等分配の比較解析. 酵母遺伝学フォーラム第51回研究報告会,九州大学医学部百年講堂,2018

- 年 9 月 10-11 日.
122. 磯和幸延, 澤田均, 紀藤圭治, 遠藤一佳. 腕足動物における殻体タンパク質 ICP-1 の免疫学的研究. 第 13 回バイオミネラルイゼーションワークショップ, 千葉県, 東京大学大気海洋研 2 階講堂, 2018 年 11 月 9 日.
 123. * 田口広和, 紀藤圭治. 出芽酵母における機能グループごとのタンパク質発現量とその細胞増殖能への影響. 第 41 回日本分子生物学会年会, 神奈川県, パシフィコ横浜, 2018 年 11 月 28 日.
 124. 野谷大樹, 岡田充弘, 紀藤圭治. 出芽酵母におけるタンパク質不均等分配の包括的解析. 第 41 回日本分子生物学会年会, 神奈川県, パシフィコ横浜, 2018 年 11 月 28 日.
 125. 長谷部誉人, 東良太, 吉野将紀, 岡部勝美, 安保充, 「C4D 検出器を利用した NFT 型水耕液の簡易分析(その 2)」, 日本農芸化学会 2015 年度大会 (岡山), 2015 年 03 月 26 日
 126. 三橋弘明, 宮下振一, 藤井紳一郎, 安保充, 高津章子, 日置昭治, 稲垣和三, 「微細藻類における金属ナノ粒子の取り込み・吸着解析」, CSJ 化学フェスタ 2015 年度大会, 2015 年 10 月 15 日
 127. 三橋弘明, 宮下振一, 藤井 紳一郎, 安保充, 高津章子, 日置昭治, 稲垣和三, 「単一細胞元素分析による微細藻類と金属ナノ粒子の相互作用解析」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 29 日
 128. * 菊地俊介, 須山隆大, 城所美紀, 安保充, 「塩ストレス応答時の植物根蛍光滲出物の解析」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 30 日
 129. 江口朋宏, 長谷部誉人, 戸澤譲, 安保充, 「ストレス応答に関与する低分子リン酸化合物の分析法の開発」, 日本農芸化学会 2016 年度大会, 2016 年 03 月 30 日
 130. 長谷部誉人, 植山智紗, 吉野将紀, 岡部勝美, 安保充, 「C4D 検出器の現場分析への応用」, 日本農芸化学会 2017 年度大会, 2017 年 03 月 20 日
 131. 西片百合, 荒城新, 松崎雅広, 安保充, 「微生物資材の植物への作用機作の研究」, 日本農芸化学会 2017 年度大会, 2017 年 03 月 20 日
 132. 伊藤洋輔, 矢澤正道, 菊地俊介, 安保充, 蛍光プローブを用いた植物根細胞外酸化還元物質の選択的分析, 日本農芸化学会関東支部 2017 年度支部大会, 2017 年 09 月 02 日
 133. * 藤田洋志, 植松寛暁, 土田夏穂, 城所美紀, 菊地俊介, 安保充, 3D 励起蛍光スペクトルと主成分分析による水耕栽培植物の生育状態モニタリング, 日本農芸化学会関東支部 2017 年度支部大会, 2017 年 09 月 02 日
 134. * 伊藤洋輔, 江口朋宏, 安保充, 植物幼根における細胞外活性酸素種 (ROS) のスピントラッピング, CSJ 化学フェスタ 2017, 2017 年 10 月 18 日
 135. 須山隆大, 加藤愛, 安保充, 藤井紳一郎, キャピラリーゲル電気泳動による植物根細胞外マトリクス中の DNA 分析の検討, キャピラリー電気泳動シンポジウム(SCE2017) 、2017 年 11 月 29 日
 136. 伊藤洋輔, 矢澤正道, 菊地俊介, 安保充, 植物根細胞外 ROS とボーダー細胞を用いたストレス応答評価, 日本農芸化学会 2018 年度大会, 2018 年 03 月 16 日
 137. * 藤田洋志, 植松寛暁, 土田夏穂, 城所美紀, 菊地俊介, 安保充, 主成分分析と組み合わせた蛍光スペクトルによる植物生育状態モニタリング, 日本農芸化学会 2018 年度大会, 2018 年 03 月 16 日
 138. 須山隆大, 大坪未侑, 高橋契匠, 加藤愛, 藤井紳一郎, 安保充, 植物根端における細胞外マトリクス中の DNA 分析, 日本農芸化学会 2018 年度大会, 2018 年 03 月 16 日
 139. 内山優里恵, 李克, 西片百合, 長谷川雄大, 藤原徹, 安保充, シロイヌナズナにおける微生物資材の作用機作に関する研究, 日本農芸化学会関東支部 2018 年度支部大会, 2018 年 10 月 13 日
 140. 梅俊太郎, 植山智紗, 長谷部誉人, 蜷木朋子, 藤井紳一郎, 竹迫紘, 小沢聖, 安保充, キャピラリー電気泳動 (CE) -非接触型電気伝導度検出器 (C4D) を用いた土壌抽出液中の陰イオン分析の検討, 第 8 回 CSJ 化学フェスタ 2018, 2018 年 10 月 24 日
 141. 梅俊太郎, 植山智紗, 長谷部誉人, 蜷木朋子, 藤井紳一郎, 竹迫紘, 小沢聖, 安保充, CE-C4D を用いた土壌抽出液中のアニオン分析のための前処理法の検討, 日本農芸化学会 2019 年度大会, 2019 年 3 月 27 日

142. 内山優里恵, 中谷笑鈴, 李克, 西片百合, 長谷川 雄大, 藤原徹, 安保育, 微生物資材の金属吸収に対する作用機作, 日本農芸化学会 2019 年度大会, 2019 年 3 月 24 日
143. 野尻深優, 村上周一郎, 宮下振一, 藤井紳一郎, 稲垣和三, 安保育, 高性能ネブライザーを用いた殺菌デバイスの有効性の検証, 日本農芸化学会 2019 年度大会, 2019 年 3 月 27 日
144. 酒井秀太, 柳川省吾, 松本浩平, 手塚理紗子, 伊藤善一, 岡部勝美, 安保育, 循環水耕液中の銅イオンの濃度管理に関する考察, 日本農芸化学会 2019 年度大会, 2019 年 3 月 27 日
145. 出崎能丈, 十文字純一, 竹田潤, 鈴木丸陽, 中島正登, 高橋昌平, 八嶋航平, 須藤健吉, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼの機能解析」, 平成 26 年度植物病理学会, 札幌コンベンションセンター, 2014 年 6 月 2-4 日
146. 香西雄介, 中島敬介, 望月進, 宮崎秀夫, 出崎能丈, 青柳伸代, 賀来華江, 渋谷直人, 南栄一, 西澤洋子, 「OsCERK1 はイネのペプチドグリカン応答に関与する」, 平成 26 年度植物病理学会, 札幌コンベンションセンター, 2014 年 6 月 2-4 日
147. 白坂昂, 早船真広, 西澤洋子, Rita Berisio, 小沢憲二郎, 渋谷直人, 賀来華江, 「イキチン受容体 CEBiP の Ile122 残基に変異を導入したイネ細胞の防御応答解析」, 平成 26 年度植物感染生理談話会, 2014 年 08 月 06 日
148. 栗原渉, 高見澤大介, 早船真広, 渋谷直人, 賀来華江, 「GPI アンカー型受容体 CEBiP の機能を保持したタグ挿入位置の探索」, 平成 26 年度植物感染生理談話会, 作並温泉, 2014 年 8 月 6-8 日
149. 須藤健吉, 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 藤本瑞, 大西美帆子, 出崎能丈, 紀藤圭治, 賀来華江, 渋谷直人, 「大腸菌発現タンパク質を用いたシロイヌナズナキチン受容体キナーゼの機能解析」, 平成 26 年度植物感染生理談話会, 作並温泉, 2014 年 8 月 6-8 日
150. 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 中島正登, 鈴木丸陽, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の機能解析」 平成 26 年度植物感染生理談話会, 作並温泉, 2014 年 8 月 6-8 日
151. 出崎能丈, 十文字純一, 竹田潤, 鈴木丸陽, 中島正登, 高橋昌平, 八嶋航平, 須藤健吉, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼの機能解析」 平成 26 年度植物感染生理談話会, 作並温泉, 2014 年 8 月 6-8 日
152. 中島正登, 渋谷匡俊, 田中優太, 椎野聖大, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 3 月 16-18 日
153. 高橋昌平, 中島正登, 八嶋航平, 須藤健吉, 小泉春樹, 三浦駿希, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用因子する E3 ユビキチンリガーゼの機能解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 3 月 16-18 日
154. 渋谷匡俊, 須藤憲吉, 島田日加瑠, 鈴木丸陽, 中島正登, 辻本 奈都美, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ CERK1 の自己リン酸化はキナーゼの活性化と基質の特異的リン酸化を通じてキチン応答を制御する」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 3 月 16-18 日
155. 八嶋航平, 小針政輝, 住谷雄介, 上田貴志, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「植物免疫応答としてのカロース蓄積に関わる膜交通系因子の解析」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 3 月 16-18 日
156. 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 須藤健吉, 吉田一誠, 中島正登, 大西美帆子, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析」, 平成 27 年度植物感染生理談話会, 道後温泉, 2015 年 8 月 24-26 日
157. 高橋昌平, 三浦駿希, 八嶋航平, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼ PUB4 による免疫シグナリング制御」, 平成 27 年度植物感染生理談話会, 道後温泉, 2015 年 8 月 24-26 日
158. 小針政輝, 八嶋航平, 上田貴志, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「植物免疫応答としてのカロース蓄積に関わる膜交通系因子の解析」, 平成 27 年度植物感染生理談話会, 2015 年 08 月 24 日
159. 小泉春樹, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「CERK1 によるリン酸化

- を介した PUB4 の機能制御」, 平成 27 年度植物感染生理談話会, 道後温泉, 2015 年 8 月 24-26 日
160. 八嶋航平, 小針 政輝, 上田貴志, 西村いくこ, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズンの MAMP 応答性カロース蓄積に関与する膜交通系因子の解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 3 月 18-20 日
 161. 白坂昂, 栗原渉, 早船真広, 西澤洋子, 澁谷直人, 賀来華江, 「Structure - biological function relationship of rice chitin receptor CEBiP」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 3 月 18-20 日
 162. 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八嶋航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 3 月 18-20 日
 163. 須藤健吉, 鈴木丸陽, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ受容体キナーゼ CERK1 のリン酸化部位の同定と機能解析」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学, 2016 年 3 月 18-20 日
 164. 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 吉田一誠, 松井 紗樹, 中島正登, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナキチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化部位の機能解析」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山コンベンションセンター, 2016 年 03 月 21-23 日
 165. 出崎能丈, 高橋昌平, 小泉春樹, 三浦駿希, 八嶋航平, 石橋裕子, 紀藤圭治, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナのユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 との相互作用を介して免疫応答を制御する」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山コンベンションセンター, 2016 年 03 月 21-23 日
 166. 吉田一誠, 鈴木丸陽, 須藤健吉, 渋谷匡俊, 島田日加瑠, 元山記子, 高橋昌平, 大西美帆子, 石橋裕子, 出崎能丈, 賀来華江, 紀藤圭治, 渋谷直人, 「キチン受容体キナーゼ CERK1 の自己リン酸化による制御機構の解析」, 平成 28 年度植物感染生理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016 年 8 月 10 日-12 日
 167. 増田善樹, 栗原渉, 渡邊瞳, 関口吉則, 早船真広, 出崎能丈, 西澤洋子, 澁谷直人, 賀来華江, 「イネキチン受容体の動態解析へ向けた実験系構築」, 平成 28 年度植物感染生理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016 年 8 月 10 日-12 日
 168. 松井紗樹, 中島正登, 三浦駿希, 田中優太, 大西美帆子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「シロイヌナズナ CERK1 のユビキチン化部位の同定と機能解析」, 平成 28 年度植物感染生理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016 年 8 月 10 日-12 日
 169. 岩瀬良介, 島田日加瑠, 出崎能丈, 賀来華江, 渋谷直人, 「可溶性ペプチドグリカン断片の調製とそのエリクター活性評価」, 平成 28 年度植物感染生理談話会, シーベル須磨、神戸, 2016 年 8 月 10 日-12 日
 170. 賀来華江, Rita Berisio, Antonio Molinaro, 渋谷直人, 「キチンオリゴ糖による植物免疫受容体の活性化機構」, 第 35 回日本糖質学会年会, 高知市文化プラザ かるぽーと, 2016 年 9 月 1-3 日
 171. 小泉春樹, 三浦駿希, 小針政輝, 鈴木丸陽, 澤進一郎, 石橋裕子, 紀藤圭治, 出崎能丈, 渋谷直人, 賀来華江, 「ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化を介してシグナル伝達を制御する」, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学、郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 -18 日
 172. 鈴木丸陽, 渡邊巧, 出崎能丈, 渋谷直人, 賀来華江, 「シロイヌナズナ CERK1 の自己リン酸化部位 Y428 はキナーゼの活性化を通じてキチン応答を制御する」, 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島大学、郡元キャンパス, 2017 年 3 月 16 日-18 日
 173. 出崎能丈, 小泉春樹, 松井紗樹, 鈴木丸陽, 三浦駿希, 石橋裕子, 紀藤圭治, 渋谷直人, 賀来華江, ユビキチンリガーゼ PUB4 は CERK1 によるリン酸化修飾を受けて活性化する, 平成 29 年度日本植物病理学会大会, マリオス・アイーナ・岩手県民情報交流センター, 2017 年 04 月 26-28 日

174. 鈴木丸陽、渡邊巧、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江.LysM 型受容体様キナーゼ CERK1 の自己リン酸化部位 Y428 はキナーゼの活性化を通じてキチン応答を制御する, 平成 29 年度日本植物病理学会大会, マリオス・アイーナ・岩手県民情報交流センター, 2017 年 4 月 26-28 日
175. 小針政輝、八嶋航平、上田貴志、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江, 植物免疫応答としての MAMP 誘導性のカロース蓄積解析, 第 36 回日本糖質学会年会, 旭川市民文化会館, 2017 年 7 月 19-21 日
176. 吉見育哉、三浦駿希、大久保拓也、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江, シロイヌナズナ CERK1 と相互作用する E3 ユビキチンリガーゼ PUB4 の機能解析, 平成 29 年度植物感染生理談話会, 伊豆熱川温泉 熱川ハイツ, 2017 年 7 月 27-29 日
177. 長谷川駿、湯本彩乃、宮田佳奈、出崎能丈、澁谷直人、賀来華江, イネ CERK1 型分子欠損変異体を用いた共生応答の機能解析, 平成 29 年度植物感染生理談話会, 伊豆熱川温泉 熱川ハイツ, 2017 年 7 月 27-29 日
178. 木村郷子、小原崇司、中村敦子、住吉美奈子、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江、南栄一、佐藤忍、岩井宏暁, キシラン改変イネを用いたキシロオリゴ糖による病害応答機構の探索, 日本植物学会第 81 回大会, 東京理科大学 野田キャンパス, 2017 年 9 月 8-10 日
179. 出崎能丈、香西雄介、二宮悠輔、岩瀬良介、中島恵美、Antonio Molinaro、南栄一、渋谷直人、賀来華江、西澤洋子, イネのリボ多糖応答における OsCERK1 の重要性, 平成 30 年度日本植物病理学会大会, 神戸国際会議場, 2018 年 3 月 25-27 日
180. Ryosuke Iwase, Yoshitake Desaki, Yoshinori Sekiguti, Naoto Shibuya, Yoko Nishizawa, Hanae Kaku, Evaluation of the potential role of Arabidopsis LysM-RLPs/RLKs for LPS signaling. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018 年 3 月 28-30 日
181. Maruya Suzuki, Issei Yoshida, Suto Kenkichi, Desaki Yoshitake, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Functional analysis of the phosphorylation site S493 of CERK1, 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018 年 3 月 28-30 日
182. Saki Matsui, Masato Nakashima, Haruki Koizumi, Keiji Kito, Yoshitake Desaki, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Ubiquitination of Arabidopsis chitin elicitor receptor kinase CERK1, 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018 年 3 月 28-30 日
183. Kana Miyata, Shun Hasegawa, Yoshiki Masuda, Ayano Yumoto, Yoshitake Desaki, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Survey for rice LysM-RLKs involved in mycorrhizal symbiosis. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018 年 3 月 28-30 日
184. 亀卦川樹、越中谷賢治、杉田大夢、上田翔、賀来華江、向井有理、イネ科植物由来タンパク質における GPI 修飾機構に関連したシグナル配列の生物種間比較 第 59 回 日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018 年 3 月 28-30 日
185. Yoshitake Desaki, Yusuke Kouzai, Yusuke Ninomiya, Ryosuke Iwase, Yumi Shimizu, Keito Seko, Antonio Molinaro, Eiichi Minami, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Yoko Nishizawa, OsCERK1 plays a crucial role in the lipopolysaccharide-induced immune response of rice, 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌コンベンションセンター, 2018 年 3 月 28-30 日
186. 吉見育哉、大久保拓哉、三浦駿希、湯本絵美、丸山真吾、宮本皓司、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江、シロイヌナズナ CERK1 相互作用因子 PUB4 はキチンシグナル伝達を正に制御する、第 53 回 植物感染生理談話会、高知大学 農林海洋科学部, 高知, 2018 年 8 月 21 日-23 日
187. 小針政輝、大橋周平、陳徳興、渋谷直人、賀来華江、キチンエリシター高感受性カロース蓄積評価系の構築、第 53 回 植物感染生理談話会、高知大学 農林海洋科学部, 高知, 2018 年 8 月 21 日-23 日
188. 長谷川駿、佐藤圭、神谷光太、白坂昴、安帝姫、出崎能丈、澁谷直人、賀来華江、イネ LysM 型受容体様キナーゼ OsLysM-RLK10 の機能解析、第 53 回 植物感染生理談話会、高知大学 農林海洋科学部, 高知, 2018 年 8 月 21 日-23 日
189. 鈴木透、岩瀬良介、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江、イネ原形質膜上に存在する LPS 結合タンパク質の探索、第 53 回 植物感染生理談話会、高知大学 農林海洋科学部, 高知, 2018 年 8 月 21 日-23 日
190. 小針政輝、大橋周平、陳徳興、渋谷直人、賀来華江、キチン誘導性カロース蓄積の解析、環

境および非自己応答機構から読み解く植物の巧みな生存戦略、明治大学生田キャンパス
2019年3月7日

191. 吉見育哉、大久保拓哉、三浦駿希、湯本絵美、宮本皓司、出崎能丈、渋谷直人、賀来華江、シロイヌナズナ CERK1 相互作用因子 PUB4 の機能解析、環境および非自己応答機構から読み解く植物の巧みな生存戦略、明治大学生田キャンパス 2019年3月7日
192. 長谷川駿、高橋牧、丸山真吾、宮田佳奈、澁谷直人、賀来華江、菌根菌共生応答に関わるイネ LysM-RLK の解析、環境および非自己応答機構から読み解く植物の巧みな生存戦略、明治大学生田キャンパス 2019年3月7日
193. Yoshitake Desaki Shohei Takahashi, Saki Matsui, Ikuya Yoshimi, Masaki Kohari, Emi Yumoto, Koji Miyamoto, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, PUB4, a novel CERK1 interactor, positively regulate chitin-induced immune signaling, 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋大学, 2019年3月13-15日
194. Maruya Suzuki, Ryota Numazaki, Tomomi Nakagawa, Naoto Shibuya, Hanae Kaku, Interaction of cytoplasmic domains of LysM receptors is an important factor to determine the direction of downstream responses, defense or symbiosis, 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋大学, 2019年3月13-15日
195. 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの単離と機能解析」, 平成 26 年度日本植物病理学会, 2014年06月03日
196. 荒添貴之, 用之丸哲也, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「Platinum Gate TALEN システムを用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子ターゲティング」, 平成 26 年度日本植物病理学会, 2014年06月04日
197. 水谷治, 荒添貴之, 利田賢次, 林梨咲, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 山田修, 「TALEN を用いた麹菌 *Aspergillus oryzae* におけるゲノム編集」, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014年10月06日
198. 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 Platinum TALEN の作製とイネいもち病菌 (糸状菌) におけるゲノム編集」, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014年10月06日
199. 荒添貴之, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「植物病原糸状菌 (イネいもち病菌) のゲノム編集および変異機構解析に向けて」, 植物ゲノム編集ワークショップ, 2014年11月04日
200. 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「人工ヌクレアーゼ TALENs を用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子改変法」, 第 14 回 糸状菌分子生物コンファレンス, 2014年11月16日
201. 荒添貴之, 田中寿樹, 小川哲央, 三好健之介, 大和澄, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 中馬いづみ, 大里修一, 土佐幸雄, 桑田茂, 「DNA 二本鎖切断とその修復過程において生じるイネいもち病菌の病原性変異」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015年03月30日
202. 三好健之介, 荒添貴之, 大和澄, 小川哲央, 佐久間哲史, 山本卓, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型人工ヌクレアーゼ Platinum Fungal TALENs を用いたイネいもち病菌における新規遺伝子ノックインおよび塩基置換導入法」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015年03月30日
203. 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの機能解析」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015年03月30日
204. 松岡美里, 米山勝美, 桑田茂, 大里修一, 「芝草栽培土壌における糸状菌相の年間変動およびピシウム病による影響」, 日本芝草学会 春期大会, 神奈川県, 2015年06月21日
205. 飯田藍, 大和澄, 荒添貴之, 大里修一, 桑田茂, CRISPR/Cas9 システムを利用した相同組換えによる多重遺伝子同時改変の試み、平成 29 年度日本植物病理学会大会 岩手県民情報交流センター、盛岡市、2017年04月27日
206. 前田一行、田中佑弥、中嶋佑一、新海航輝、松井宏介、足立健太郎、安藤直子、木村真、大里修一、多様な A 型トリコテセン類を生産する NBRC 9955 株の再同定と培養特性の解析、日本マイコトキシシン学会第 80 回学術講演会、パルテノン多摩・小ホール、2017年7月7日
207. 國吉真史、田中寿樹、木口歌菜、高崎恵利花、荒添貴之、佐久間哲史、山本卓、桑田茂、大

- 里修一、イネいもち病菌における Dna2 遺伝子の破壊と性状解析、日本植物病理学会関東部会、横浜国立大学 教育文化ホール、2017 年 9 月 23 日
208. 富田健一、太田光祐、桑田茂、大里修一、膜透過性ペプチドを用いたイネいもち病菌への EGFP 送達と経路、日本植物病理学会関東部会、横浜国立大学 教育文化ホール、2017 年 9 月 23 日
209. 西橋潤、近藤聡、大音徳、太田邦史、桑田茂、大里修一、ゲノム改変技術によるサトウキビの育種について、日本植物病理学会九州部会、沖縄県立博物館・美術館、2017 年 11 月 8 日
210. 酒井皓大、三宅駿史、栗原美樹、近藤聡、村本伸彦、光川典宏、大音徳、太田邦史、桑田茂、大里修一、新規ゲノム改変育種技術を用いたイネ耐病性系統取得の試み、日本植物病理学会九州部会、沖縄県立博物館・美術館、2017 年 11 月 8 日
211. 松尾涼平、前田一行、加納寛也、桑田茂、大里修一、イネいもち病菌における菌糸融合検出系の構築に向けて、日本植物病理学会九州部会、沖縄県立博物館・美術館、2017 年 11 月 8 日
212. 木口歌菜、田中寿樹、國吉真史、荒添貴之、佐久間哲史、山本卓、桑田茂、大里修一、イネいもち病菌 RecQ helicase MUSN の DNA 修復機構への関与、第 17 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2017、佐賀市立東与賀文化ホール、2017 年 11 月 16 日
213. 松尾涼平、前田一行、桑田茂、大里修一、イネいもち病菌における菌糸融合検出系の検討と関連遺伝子の解析、第 17 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2017、佐賀市立東与賀文化ホール、2017 年 11 月 17 日
214. 前田一行、山下将、中嶋佑一、木村真、大里修一、ベントグラスから分離された芝草病原性フザリウム病菌の感染生理および生態に関する研究、2018 年度日本芝草学会春期大会、2018 年 6 月 10 日
215. 前田一行、田中佑弥、中嶋佑一、新海航輝、松井宏介、足立健太郎、安藤直子、木村真、大里修一、培養時に多様なアセチル化型トリコテセンを生産する NBRC 9955 株の遺伝的背景の解析、日本マイコトキシン学会第 81 回学術講演会、2018 年 8 月 24 日
216. 高野翔、木口歌菜、高崎恵利花、有江力、森山裕充、大里修一、小松健、イネいもち病菌の RNA サイレncing 関連遺伝子の MoCV1-A 感染への影響、第 18 回 糸状菌分子生物コンファレンス、2018 年 11 月 15 日
217. 木口歌菜、田中寿樹、荒添貴之、佐久間哲史、山本卓、桑田茂、大里修一、イネいもち病菌の相同組換え関連遺伝子破壊株における DNA リセクション反応検出系の構築に向けて、平成 30 年度日本植物病理学会九州部会、2018 年 11 月 7 日
218. 太田光祐、富田健一、前田一行、桑田茂、大里修一、二分子蛍光補完法を利用したイネいもち病菌における細胞膜透過ペプチド評価法の構築、平成 31 年度日本植物病理学会大会、2019 年 3 月 19 日
219. 前田一行、中山翔太、鄒馨逸、中嶋佑一、木村真、大里修一、組換えベントグラス病原性フザリウム病菌の蛍光観察と拮抗性種子随伴菌の分離、平成 31 年度日本植物病理学会大会、2019 年 3 月 20 日
220. 前田一行、富永直樹、兵藤壮一郎、杉浦涼介、服部明日希、松山桃子、大里修一、鎌倉高志、木村真、Analysis of expression pattern of trichothecene deacetyl esterase, Tri104, 日本農芸化学会 2019 年度大会、2019 年 3 月 25 日
221. 小川哲央、荒添貴之、佐久間哲史、山本卓、桑田茂、草野好司、大里修一、「イネいもち病菌の相同組換え修復機構における Srs2 DNA ヘリカーゼの役割」、第 15 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2015、東京都、2015 年 11 月 19 日
222. 荒添貴之、三好健之介、大和澄、小川哲央、大里修一、有江力、桑田茂、「糸状菌型 CRISPR/Cas システムを用いたイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」、第 15 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2015、東京都、2015 年 11 月 19 日
223. 末廣景亮、大里修一、池浦博美、川端鋭憲、玉置雅彦、「減農薬栽培法にむけたマイクロナノバブルの利用とイネいもち病菌の殺菌効果」、日本マイクロナノバブル学会 第 4 回学術総会、東京都、2015 年 12 月 13 日
224. 富田健一、竹村拓也、桑田茂、大里修一、「膜透過性ペプチドを用いたイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」、平成 28 年度日本植物病理学会大会、岡山県、2016 年 03 月 22 日

225. 大和澄, 荒添貴之, 三好健之介, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムの開発とイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016 年 03 月 22 日
226. 富田成美, 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復に関与する SRS2 複合体の相互作用領域」, 平成 28 年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016 年 09 月 30 日
227. 太田光祐, 富田健一, 桑田茂, 大里修一 「膜透過性ペプチド Penetratin とイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」平成 28 年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016 年 09 月 30 日
228. 田中寿樹, 國吉真史, 高崎恵利花, 小川哲央, 桑田茂, 大里修一, 「イネいもち病菌における RecQ helicase MUSN の DNA 損傷応答への関与」, 平成 28 年度日本植物病理学会九州部会, 佐賀県, 2016 年 11 月 09 日
229. 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの単離と機能解析」, 平成 26 年度日本植物病理学会, 2014 年 06 月 03 日
230. 荒添貴之, 用之丸哲也, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「Platinum Gate TALEN システムを用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子ターゲティング」, 平成 26 年度日本植物病理学会, 2014 年 06 月 04 日
231. 水谷治, 荒添貴之, 利田賢次, 林梨咲, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 山田修, 「TALEN を用いた麹菌 *Aspergillus oryzae* におけるゲノム編集」, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014 年 10 月 06 日
232. 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 Platinum TALEN の作製とイネいもち病菌 (糸状菌) におけるゲノム編集」, 第 4 回ゲノム編集研究会, 2014 年 10 月 06 日
233. 荒添貴之, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「植物病原糸状菌 (イネいもち病菌) のゲノム編集および変異機構解析に向けて」, 植物ゲノム編集ワークショップ, 2014 年 11 月 04 日
234. 荒添貴之, 小川哲央, 大里修一, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 桑田茂, 「人工ヌクレアーゼ TALENs を用いたイネいもち病菌における高効率遺伝子改変法」, 第 14 回 糸状菌分子生物コンファレンス, 2014 年 11 月 16 日
235. 荒添貴之, 田中寿樹, 小川哲央, 三好健之介, 大和澄, 佐久間哲史, 山本卓, 有江力, 中馬いづみ, 大里修一, 土佐幸雄, 桑田茂, 「DNA 二本鎖切断とその修復過程において生じるイネいもち病菌の病原性変異」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
236. 三好健之介, 荒添貴之, 大和澄, 小川哲央, 佐久間哲史, 山本卓, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型人工ヌクレアーゼ Platinum Fungal TALENs を用いたイネいもち病菌における新規遺伝子ノックインおよび塩基置換導入法」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
237. 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌 Srs2DNA ヘリカーゼの機能解析」, 日本植物病理学会創立 100 周年記念大会, 2015 年 03 月 30 日
238. 松岡美里, 米山勝美, 桑田茂, 大里修一, 「芝草栽培土壌における糸状菌相の年間変動およびピシウム病による影響」, 日本芝草学会 春期大会, 神奈川県, 2015 年 06 月 21 日
239. 小川哲央, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復機構における Srs2 DNA ヘリカーゼの役割」, 第 15 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2015, 東京都, 2015 年 11 月 19 日
240. 荒添貴之, 三好健之介, 大和澄, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂, 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムを用いたイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩基置換導入法」, 第 15 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2015, 東京都, 2015 年 11 月 19 日
241. 富田健一, 竹村拓也, 桑田茂, 大里修一, 「膜透過性ペプチドを用いたイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016 年 03 月 22 日
242. 大和澄, 荒添貴之, 三好健之介, 小川哲央, 大里修一, 有江力, 桑田茂 「糸状菌型 CRISPR/Cas システムの開発とイネいもち病菌における高効率標的遺伝子ノックアウト・ノックイン・塩

- 基置換導入法」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016 年 03 月 22 日
243. 川口祐司, 蛭間幸実, 牧真理子, 桑田茂, 「タバコ条斑ウイルス外被タンパク質のウイルスタンパク質発現に与える影響」, 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山県, 2016 年 03 月 23 日
244. 富田成美, 小川哲央, 荒添貴之, 桑田茂, 草野好司, 大里修一, 「イネいもち病菌の相同組換え修復に関与する SRS2 複合体の相互作用領域」, 平成 28 年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016 年 09 月 30 日
245. 太田光祐, 富田健一, 桑田茂, 大里修一, 「膜透過性ペプチド Penetratin とイネいもち病菌へのタンパク質の直接導入法」, 平成 28 年度日本植物病理学会関東部会, 神奈川県, 2016 年 09 月 30 日
246. 田中寿樹, 國吉真史, 高崎恵利花, 小川哲央, 桑田茂, 大里修一, 「イネいもち病菌における RecQ helicase MUSN の DNA 損傷応答への関与」, 平成 28 年度日本植物病理学会九州部会, 佐賀県, 2016 年 11 月 09 日
247. 飯田藍, 大和澄, 荒添貴之, 大里修一, 桑田茂, CRISPR/Cas9 システムを利用した相同組換えによる多重遺伝子同時改変の試み、平成 29 年度日本植物病理学会大会 岩手県民情報交流センター、盛岡市、2017 年 04 月 27 日
248. 國吉真史, 田中寿樹, 木口歌菜, 高崎恵利花, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 大里修一, イネいもち病菌における Dna2 遺伝子の破壊と性状解析、日本植物病理学会関東部会、横浜国立大学 教育文化ホール、2017 年 09 月 23 日
249. 富田健一, 太田光祐, 桑田茂, 大里修一, 膜透過性ペプチドを用いたイネいもち病菌への EGFP 送達と経路、日本植物病理学会関東部会、横浜国立大学 教育文化ホール、2017 年 9 月 23 日
250. 西橋潤, 近藤聡, 大音徳, 太田邦史, 桑田茂, 大里修一, ゲノム改変技術によるサトウキビの育種について、日本植物病理学会九州部会、沖縄県立博物館・美術館、2017 年 11 月 8 日
251. 酒井皓大, 三宅駿史, 栗原美樹, 近藤聡, 村本伸彦, 光川典宏, 大音徳, 太田邦史, 桑田茂, 大里修一, 新規ゲノム改変育種技術を用いたイネ耐病性系統取得の試み、日本植物病理学会九州部会、沖縄県立博物館・美術館、2017 年 11 月 8 日
252. 松尾涼平, 前田一行, 加納寛也, 桑田茂, 大里修一, イネいもち病菌における菌糸融合検出系の構築に向けて、日本植物病理学会九州部会、沖縄県立博物館・美術館、2017 年 11 月 8 日
253. 木口歌菜, 田中寿樹, 國吉真史, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 大里修一, イネいもち病菌 RecQ helicase MUSN の DNA 修復機構への関与、第 17 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2017、佐賀市立東与賀文化ホール 2017 年 11 月 16 日
254. 松尾涼平, 前田一行, 桑田茂, 大里修一, イネいもち病菌における菌糸融合検出系の検討と関連遺伝子の解析、第 17 回 糸状菌分子生物コンファレンス 2017、佐賀市立東与賀文化ホール、2017 年 11 月 17 日
255. 木口歌菜, 田中寿樹, 荒添貴之, 佐久間哲史, 山本卓, 桑田茂, 大里修一, イネいもち病菌の相同組換え関連遺伝子破壊株における DNA リセクション反応検出系の構築に向けて、平成 30 年度日本植物病理学会九州部会, 2018 年 11 月 7 日
256. 太田光祐, 富田健一, 前田一行, 桑田茂, 大里修一, 二分子蛍光補完法を利用したイネいもち病菌における細胞膜透過ペプチド評価法の構築、平成 31 年度日本植物病理学会大会, 2019 年 3 月 19 日

★ 他・矢野健太郎：国内学会発表 157 件

主催シンポジウム

- 1) シンポジウムタイトル：「動物生殖内分泌組織の機能制御と高度環境適応植物のデザインのための研究戦略」、私立大学戦略的研究基盤形成支援事業「大規模オミックスの活用による生殖内分泌組織の新たな機能制御法の確立」「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」合同シンポジウム
日時：2016年11月5日（土）13時00分～17時45分
会場：明治大学生田キャンパス 中央校舎メディアホール
講演者：13人
参加人数：121人

- 2) シンポジウムタイトル：「環境および非自己応答機構から読み解く植物の巧みな生存戦略」、私立大学戦略的研究基盤形成支援事業「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」シンポジウム
日時：2019年3月7日（木）13時00分～18時15分
会場：明治大学生田キャンパス 中央校舎メディアホール
招待講演者：4人、プロジェクト講演者：2人、プロジェクトショートトーク：3人
学生ポスター発表：23演題
参加人数：94人

国際学会の後援

- 国際学会タイトル：「6th International Symposium on Plant Dormancy」
主催：Plant Dormancy 2018 運営実行委員会（委員長：川上直人）
後援：私立大学戦略的研究基盤形成支援事業「環境応答機能の解明に基づく高度環境適応植物デザイン研究基盤の確立」等
日時：2018年10月23日～26日
会場：京都市、京都テルサ
招待講演者：8人、口頭発表：33人、ポスター発表：54演題
参加人数：134人、23ヶ国
本プロジェクトからの参加人数：10名（助教1名、大学院生7名を含む）
シンポジウムホームページ：<http://www.plant-dormancy2018.com>