

**2017**

**Biotechnology Research Center  
Annual Report**

東京大学生物生産工学研究センター  
年報

**2017**



# 御挨拶



## 生物生産工学研究センター長

妹尾 啓史

Keishi SENOO

東京大学生物生産工学研究センター（Biotechnology Research Center: BRC）のセンター長に2013年4月1日に着任してから約5年半が経過いたしました。本センターの運営に関しまして、皆様の多大なご理解とご協力を頂きまして、誠に有難うございます。

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

ここに2017年度の年報をお届けします。本センターの目的である微生物・植物バイオテクノロジー研究の学内外でのハブ機能をより一層強化することを目指して、2017年度もセンターは3基幹部門（環境保全工学部門、細胞機能工学部門、植物機能工学部門）と1寄付研究部門（微生物機能代謝工学（協和発酵バイオ））の体制により、極めて活発な研究・教育・社会貢献活動を進めてまいりました。

また、2015年4月1日にスタートした3つの学外連携部門（環境生態工学、生合成工学、植物生産工学部門）においては今年度も6名の先生方（野村暢彦筑波大学教授、玉木秀幸産業技術総合研究所主任研究員、新家一男産業技術総合研究所研究グループ長、高橋俊二理化学研究所ユニットリーダー、石川雅之農業・食品産業総合研究機構ユニット長、木羽隆敏理化学研究所副チームリーダー）に委嘱教員をお願いして、より活発な研究・教育活動の展開にご尽力いただきました。

センター教員により、また、センターの学内共同利用により、2017年度も国際的にインパクトの高い数多くの研究が生み出されました。野尻秀昭教授が土木学会環境賞を、岡田憲典准教授が植物化学調節学会賞を、古園さおり特任准教授が農芸化学女性研究者賞を受賞したほか、多くの大学院生、研究員が学会等からの表彰を受けました。

4月には学生・院生が主体となって第6回生物生産工学研究センター研究発表会を開催しました。8月にはJSPS二国間交流事業として「ミネソタ大学ー東京大学微生物バイオテクノロジー日米合同セミナー」を米国ミネソタ大学BioTechnology Instituteにおいて開催しました。10月に第22回センターシンポジウム「重要作物における新世代植物バイオテクノロジー」を盛大に開催しました。11月に北陸合同バイオシンポジウムに参加しました。また、外国人研究者によるセンター主催研究講演会を数多く行いました。一方、ノルウェー科学技術大学生の訪問ならびに都立戸山高校ほか3校の高校生訪問を受け入れました。

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

## 目次

センター長からの御挨拶	1
研究・教育活動	
研究部門紹介	
環境保全工学部門	4
細胞機能工学部門	6
植物機能工学部門	8
微生物機能代謝工学（協和発酵バイオ）寄附部門	10
センター主催シンポジウム	12
センター研究発表会	13
報文	16
国内学会発表等	17
国際学会発表等	24
総説等	27
教員および学生の受賞	27
学位論文	27
センター主催学術講演会	28
海外からの来訪者	29
オープンキャンパス等の来訪者	29
共同利用成果	
報文	32
国内学会発表等	33
国際学会発表等	38
総説等	39
教員および学生の受賞	39
学位論文	39

生物生産工学研究センター  
研究・教育活動

● 研究部門紹介 ●

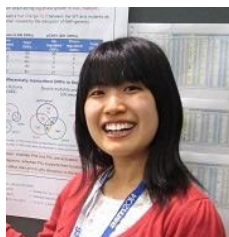
# 環境保全工学部門



教授 野尻 秀昭  
Hideaki NOJIRI



准教授 岡田 憲典  
Kazunori OKADA



助教 水口 (鈴木) 千穂  
Chiho Suzuki-Minakuchi

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

## ●環境中での汚染物質分解能を制御するプラスミド機能の解明

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

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

## ●細菌由来芳香環水酸化ジオキシゲナーゼの解析

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

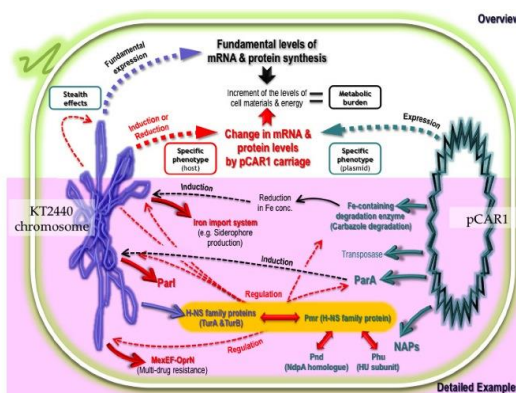


図1 カルバゾール分解プラスミド pCAR1 と宿主 *Pseudomonas putida* KT2440 株染色体の間の相互作用  
接合伝達で細胞内に取り込まれた pCAR1 からの遺伝子発現と、pCAR1 の存在が染色体の遺伝子発現量を変化させることが、“プラスミドの負荷 (metabolic burden)” の原因となる。また、これら特異的な遺伝子発現変動が、プラスミドを持った宿主細胞の形質を決定する事になる。これらの現象の一部は、pCAR1 から発現した核様体タンパク質が染色体由来のホモログとの相互作用を介して、染色体・プラスミド双方に作用することで引き起こされる。

*Pseudomonas* 属細胞内でどのような現象を引き起こすのかを、機構も含めて精査しています。実際、“pCAR1 を持つ”というシグナルは、プラスミド上の遺伝子に直接的に依存しない様々な現象を引き起こします。例えば、宿主染色体上の鉄取り込み関連遺伝子や多剤耐性トランスポーターなど多数の遺伝子の発現を誘導したり、また、宿主細胞の緊縮応答を遅らせたりすること（図1）が明らかになっています。さらに、これら現象の少なくとも一部は、プラスミド上にコードされている Pmr, Phu, Pnd といった核様体タンパク質と宿主のホモログとの間の相互作用を介して引き起こされるものであることが明らかになってきました（図1）。このような事実は、環境中で分解プラスミドが接合伝達した場合に宿主の形質が予想より多様化することを示しています。今後は、この知見を分解プラスミド自身やその宿主分解菌の制御に役立てることが重要です。

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

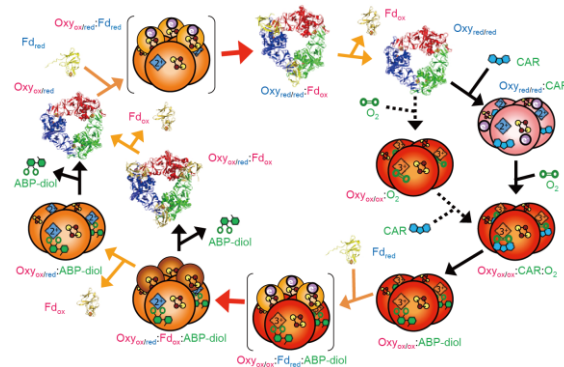


図2 CARDO の反応サイクル中の構造の解析  
Oxy の鉄硫黄クラスターと活性中心鉄の酸化還元状態を下付文字で順番に示す。同様に Fd の鉄硫黄クラスターの酸化還元状態を下付文字で示している。酸化状態は ox、還元状態は red で示す。

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

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

### ●植物における病害抵抗性発現機構の解明

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

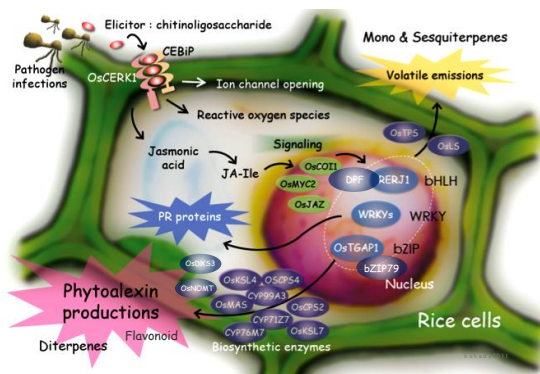


図3 イネにおける基礎的病害抵抗性の発現モデル

ファイトアレキシンをはじめとした Specialized metabolites の制御に関与する転写制御因子の情報が蓄積しつつある。活性化因子と抑制因子のバランスにより、環境変化にตอบสนองした緻密な制御を可能にしていると考えられる。

### ●抵抗性化合物ファイトアレキシンの生産制御機構とその進化

ジテルペン型のファイトアレキシン生産制御機構の解明に向けた研究では、TGA ファクターの一種である OsTGA1 がモミラクトン生合成だけでなく、2 番染色体に存在するファイトサン生合成遺伝子クラスターや上流の MEP 経路の遺伝子等の発現制御にも関与する、ジテルペン型ファイトアレキシン生合成全体を制御するマスター転写因子であることを示してきました。その過程で、ChIP-seq を用いた OsTGA1 のゲノム上の結合領域の網羅的な同定を行い、OsTGA1 による転写制御には、プロモーターへの直接的な結合による制御と、それ以外の領域に結合しクラスター内の全ての遺伝子の転写を活性化させるような未知の制御機構の存在が示唆されました。さらに、OsTGA1 と相互作用する OsbZIP79 の機能解析を進め、その転写因子が OsTGA1 とは逆にファイトアレキシン生産に対し抑制的に働くことを見出しました。すなわち、これら 2 つの転写因子は、物理的に相互作用しつつ、ファイトアレキシン生産のアクセラレーターとして機能していることが予想されます。現在、その詳細な分子機構の解明に向けた研究が続いています。また、東京農工大学と岡山理科大学との共同で、蕨類ハイゴケの生産するファイトアレキシンであるモミラクトンの生合成経路の解明に着手しました。イネ以外にモミラクトンを生産する生物は、今のところハイゴケのみであり、進化的にかけ離れたコケとイネが、どのようにモミラクトンの生合成能を獲得あるいは進化させてきたのかは大変興味深いところです。これまでに塩化銅ストレスによりモミラクトンの生産を誘導したハイゴケを用いて RNA-Seq を行い、モミラクトン合成の初発と最終段階を担うそれぞれの酵素遺伝子 (HpDTC1 と HpMAS1) の取得に成功しました。これらに遺伝子発現は、灰色カビ病の原因菌である *Botrytis cinerea* の感染によって誘導を受けることから、ハイゴケにおいてもモミラクトン生産は病害抵抗性を発揮するための防御システムとして働いている可能性があります。今後、これらの生合成遺伝子の発現制御に関わる因子を探索し、モミラクトン生産能と制御システムの進化について追究していきたいと考えています (図4)。

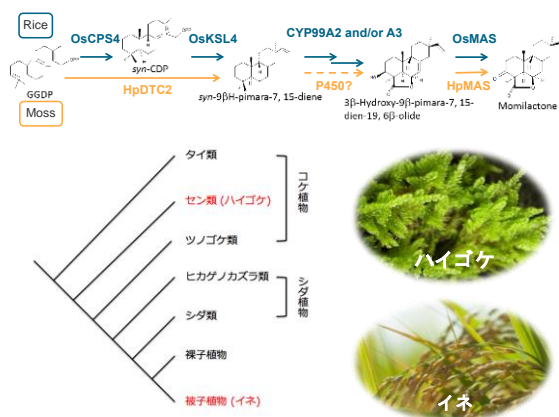


図4 蕨類ハイゴケとイネのモミラクトン生合成経路

ハイゴケのピマラジエン合成酵素 HpDTC1 は二段階の環化反応を担う二機能酵素である。最終段階を担うモミラクトン A 合成酵素 HpMAS はイネオロソログの OsMAS と同源性を持つ。現在、ハイゴケにおけるクラスターの存在や転写制御因子の分子進化についての解明を進めている。

# 細胞機能工学部門



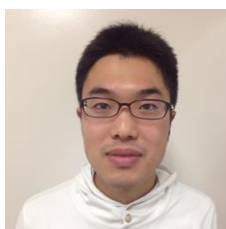
教授 西山 真  
Makoto NISHIYAMA



准教授 葛山 智久  
Tomohisa KUZUYAMA



助教 富田 武郎  
Takeo TOMITA



助教 白石 太郎  
Taro SHIRAISHI

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

## ●微生物におけるアミノ酸生成経路の進化および多様性に関する研究

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

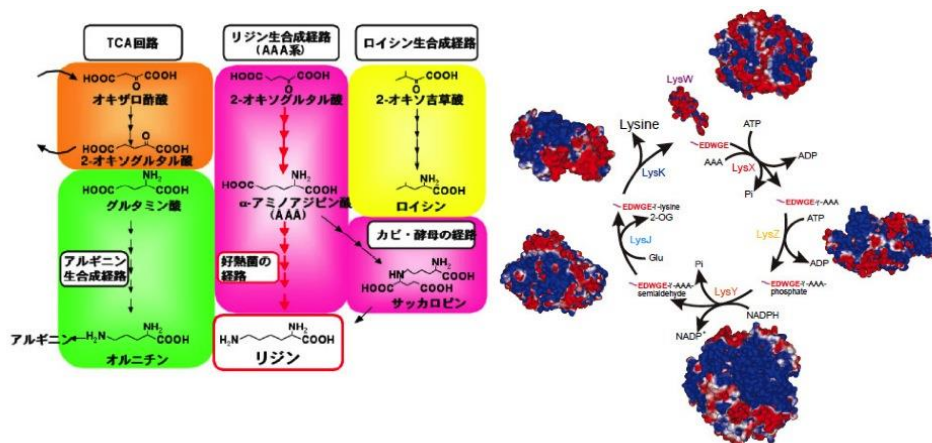


図1 リジン生合成経路と関連する代謝経路(左)、アミノ酸キャリアタンパク質を用いるAAAからリジンへの変換反応(右)

## ●微生物におけるアミノ酸シグナル伝達の生理的役割とその分子機構

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

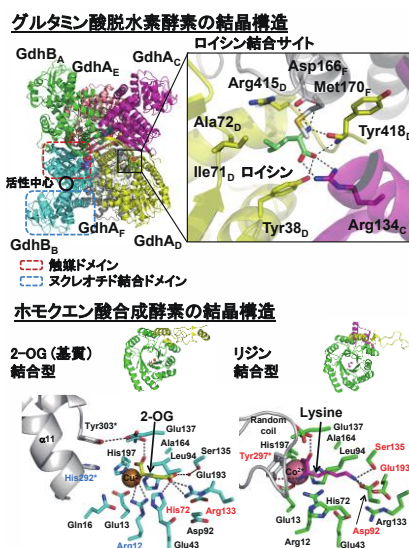


図2 当研究室で決定されたアミノ酸代謝酵素の結晶構造



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

### ●アミノ酸代謝酵素遺伝子の転写調節機構

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

### ●有用天然化合物合成マシナリーの解明とエンジニアリング

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

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

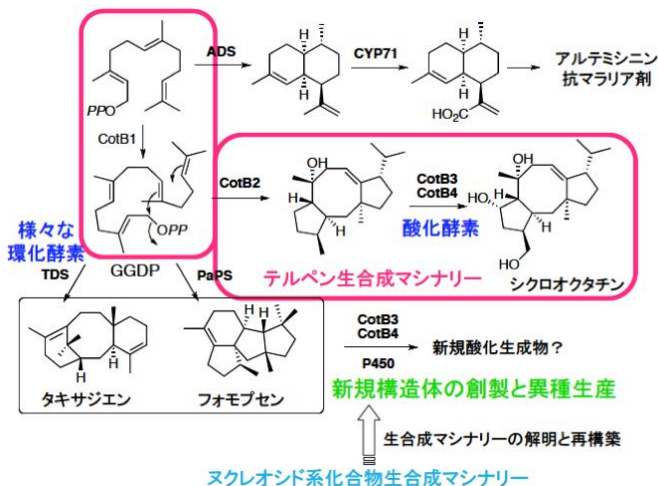
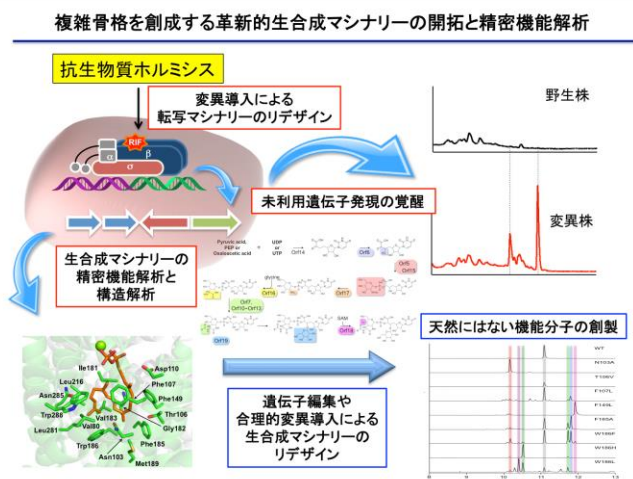


図3 有用天然化合物生合成マシナリー

### ●生合成マシナリーの覚醒による新規天然化合物の同定

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



# 植物機能工学部門



教授 柳澤 修一  
Shuichi YANAGISAWA



講師 青野 俊裕  
Toshihiro AONO



助教 櫻庭 康仁  
Yasuhiro SAKURABA

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

## ●高等植物における硝酸シグナル応答機構の解明

植物は土壌中の無機態窒素を吸収して同化し、アミノ酸、核酸、クロロフィルなど、さまざまな成長に必要な窒素原子を含む有機化合物を合成しています。同化された窒素量が植物の成長量、植物生産量を決める主要な因子の一つとなっており、植物の窒素利用効率を高めることが植物バイオテクノロジーの大きな目標の一つとなっています。多くの植物で主たる窒素源となっている無機態窒素は土壌中の硝酸イオンですが、植物に取り込まれた硝酸イオンはシグナル伝達物質としても機能し、遺伝子発現パターンや代謝バランスを変化させます。例えば、硝酸シグナルは、硝酸還元酵素や亜硝酸還元酵素といった同化経路の酵素をコードする遺伝子の発現を迅速に誘導して、窒素同化経路を活性化します。したがって、硝酸シグナルに応答した遺伝子発現の制御機構を明らかにすることは植物の窒素利用効率を高めるために極めて重要となっています。私たちの研究グループでは、硝酸シグナルに応答した遺伝子発現の制御機構を明らかにするために、モデル植物であるシロイヌナズナやイネを用いて解析を進めています。これまでに、亜硝酸還元酵素遺伝子のプロモーター解析によって硝酸シグナルに応答して転写を促進する配列 (nitrate-responsive element, NRE) を明らかにして、この NRE に作用する転写因子として NIN 様転写因子 (NLP) 群を同定しています。この転写因子群は、硝酸還元酵素遺伝子や亜硝酸輸送体遺伝子などの発現も直接的に制御していることを見出して、硝酸同化関連遺伝子の発現を一括して制御していることを明らかにしました (図 1)。このことから、NLP 転写因子群は窒素利用効率を向上させるために有益な転写因子であると考えられます。さらには、硝酸同化関連酵素遺伝子のみならず、他の制御タンパク質の遺伝子などの発現も制御しており、硝酸応答を司っている重要な転写因子群であることを明らかにしました。また、NLP 活性を抑制すると著しい生育不良が起こりますが、この生育不良は窒素同化能力の低下によってのみ引き起こされるわけではないことを示して、硝酸のシグナル分子としての役割が植物の成長を制御していることを実証しました。

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

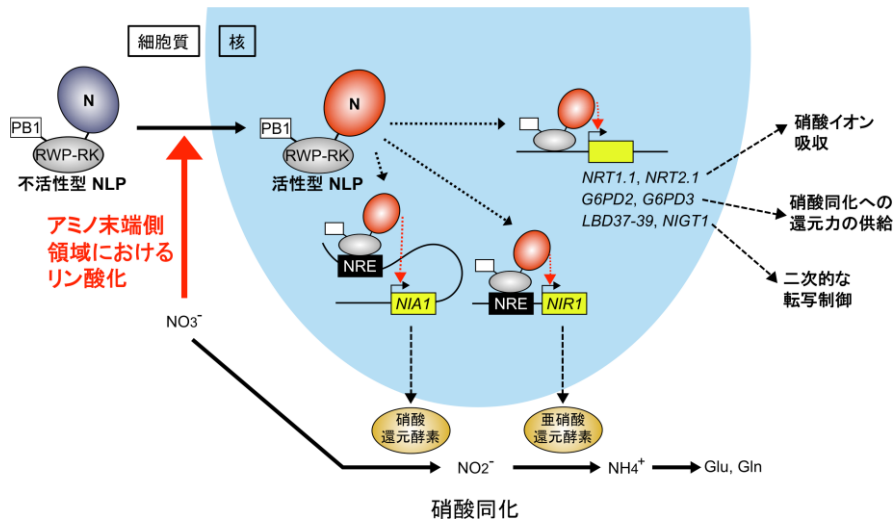


図 1 NLP 転写因子群による硝酸シグナル応答型の遺伝子発現の一括制御の概念図。硝酸シグナルをうけてリン酸化され活性化した NLP 転写因子は硝酸同化関連遺伝子の発現と制御タンパク質遺伝子の両方の発現を制御することにより、窒素応答の鍵因子として働いている。硝酸同化に関わる高親和性硝酸輸送体遺伝子 (NRT2.1)、硝酸還元酵素遺伝子 (NIA1)、亜硝酸輸送体、亜硝酸還元酵素遺伝子 (NIR1) など硝酸同化関連遺伝子の発現に加えて、転写因子をコードする遺伝子 (NIGT1 など) の発現も NLP によって直接、制御されている。

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

自然界において植物は多様な環境に適応しています。このことにより、同じ植物種でも生育環境に適応するために遺伝情報に多様性が生じている可能性があります。世界の各地から集められたシロイヌナズナの野生種とイネの栽培品種を用いて、栄養元素の取り込みの能力に関するフェノーム解析を行い、

シロイヌナズナの野生種間であるいはイネ品種間で栄養元素の取り込み能力に数倍の違いがあることを明らかにしました。さらに、このことを引き起こしている原因遺伝子の一つを同定することに成功しました。

### ●植物の高 CO<sub>2</sub> 応答のメタボローム解析

よく知られているように大気中の二酸化炭素濃度は上昇し続けています。このような二酸化炭素濃度の上昇が、植物の物質生産にどのような影響を及ぼすかを代謝物の包括的な解析によって明らかにしました。質量分析装置 (MS) とキャピラリー電気泳動法 (CE) を組み合わせた CE-MS 分析やイオンクロマトグラフィーを用いたメタボローム解析によって、さまざまな栄養環境、光環境における二酸化炭素濃度の違いが及ぼす影響を評価し、窒素栄養環境の相違によって植物の高 CO<sub>2</sub> 応答が異なることを明らかにしました。これにより、大気中の二酸化炭素濃度の上昇がもたらす植物生産への影響は、土地々々で異なる可能性を示しました。

### ●植物に特異的な Dof 転写因子の機能の解明

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

### ●植物における糖応答機構と核小体ストレスの解析

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

### ●マメ科植物-根粒菌共生に関する研究

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

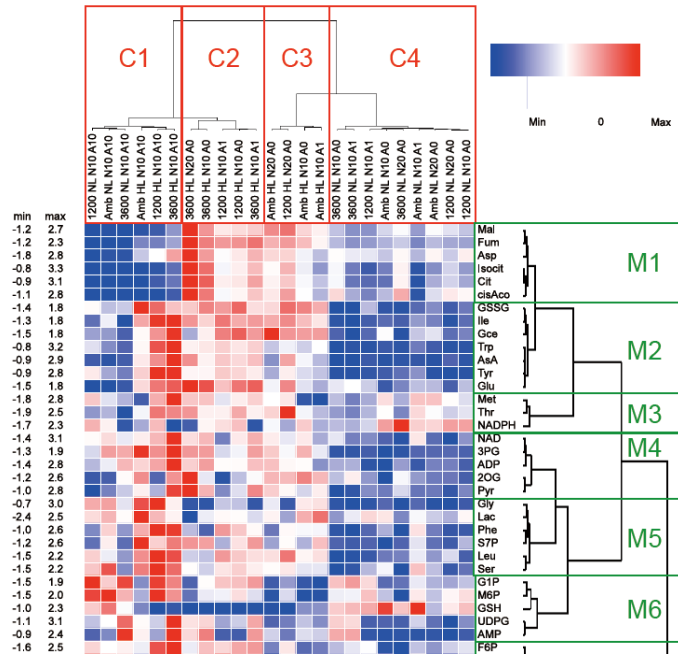


図2 多様な生育環境で栽培されたシロイヌナズナにおける個々の代謝物含量のクラスター解析の一部

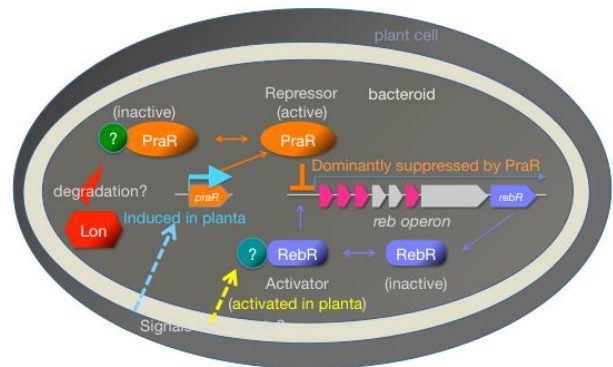


図3 *A. caulinodans* において想定される *reb* 遺伝子群の発現抑制機構

# 微生物機能代謝工学（協和発酵バイオ） 寄附部門



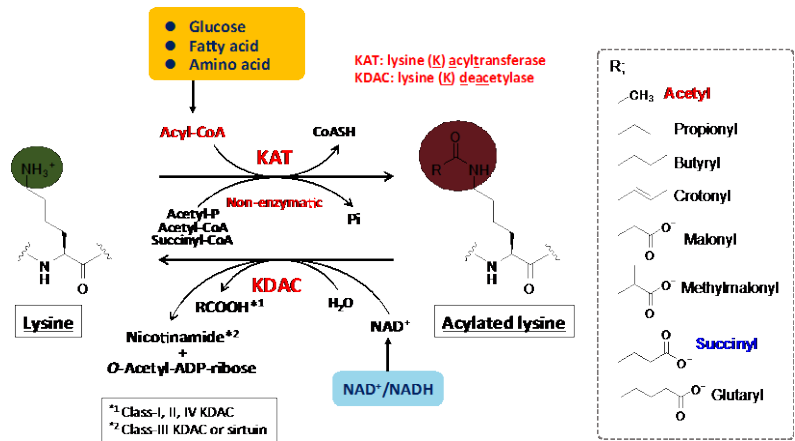
特任准教授  
古園 さおり  
Saori KOSONO



特任教授  
西山 真  
Makoto NISHIYAMA

微生物機能代謝工学部門は、2016年4月より協和発酵バイオ株式会社の寄附部門として第二期をスタートしました。近年、細菌からヒトまで生物に普遍的な翻訳後修飾として知られるようになった「タンパク質のアシル化修飾」に着目した研究を行っています。アシル化修飾はアシル CoA やアセチルリン酸のような代謝化合物を利用

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

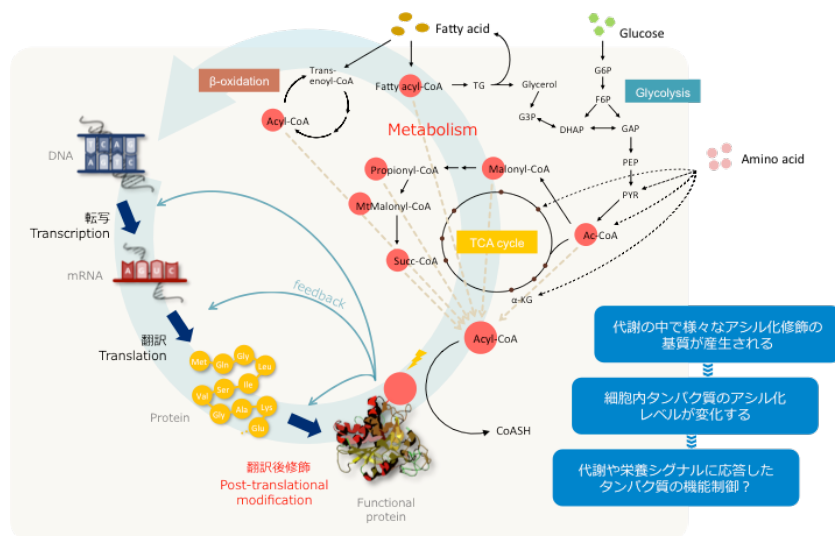


## ●コリネバクテリウム菌のグルタミン酸生産に関わるアシル化修飾の研究

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

## ●枯草菌をモデルとしたアシル化修飾の新規機能の発掘

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



代謝の中で様々なアシル化修飾の基質が産生される  
細胞内タンパク質のアシル化レベルが変化する  
代謝や栄養シグナルに応答したタンパク質の機能制御？



# 生物生産工学研究センターシンポジウム

## 重要作物における新世代植物バイオテクノロジー

生物生産工学研究センターでは、毎年、「生物資源・食料・環境問題の微生物・植物バイオテクノロジーの活用による解決」をキーワードにシンポジウムを開催している。2017年度は、東京大学農学生命科学研究科との共催により、10月11日に東京大学弥生講堂一条ホールに於いて「重要作物における新世代植物バイオテクノロジー」と題して開催された。植物科学研究の第一線で活躍されている6人の研究者を講師として迎え、若手研究者や学生も多数参加し、熱気に満ちた雰囲気の中活発な討論が行われた。他大学や企業からも多数参加頂き、参加者総数は114名と大変盛況な会となった。シンポジウムに引き続き、東京大学弥生講堂アネックスセイホクギャラリーにおいて懇談会が開催され、最後まで討論が行われた。



開催記念集合写真

会場の様子と懇親会

### プログラム

13:00 開会の辞 妹尾 啓史 (東京大学生物生産工学研究センター長)

13:05 挨拶 丹下 健 (東京大学大学院農学生命科学研究科長)

座長：篠崎 和子 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

13:10 澤崎 達也 (愛媛大学プロテオサイエンスセンター)

「コムギ無細胞系を活用した植物チロシンキナーゼ TAGK の発見と新しいジベレリン応答制御機構の同定」

13:40 今井 亮三 (農業・食品産業技術総合研究機構)

「実用品種の壁を突破する in planta ゲノム編集技術の開発」

14:10 高山 弘太郎 (愛媛大学大学院農学研究科・植物工場研究センター)

「植物生体情報計測ロボットを用いたフェノタイピングの実用化」

14:40 休憩

座長：浅見 忠男 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

14:55 遠藤 真咲 (農業・食品産業技術総合研究機構)

「人工制限酵素の改良と高等植物への適用」

15:25 岡田 憲典 (東京大学生物生産工学研究センター)

「イネのケミカルディフェンス研究における新世代植物バイオテクノロジーの威力」

15:55 休憩

座長：藤原 徹 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

16:10 高原 学 (農業・食品産業技術総合研究機構)

「トウモロコシ国産自殖系統におけるゲノム編集の利用」

16:40 村中 俊哉 (大阪大学大学院工学研究科)

「ゲノム編集技術を用いたナス科作物の代謝改変ならびに育種素材開発に向けて」

17:10 閉会の辞 妹尾 啓史 (東京大学生物生産工学研究センター長)

# 第六回 生物生産工学研究センター 研究発表会

## 6th Seminar of Biotechnology Research Center

生物生産工学研究センターの学生・ポスドクがバイオテクノロジー分野における広い視野を持つことと切磋琢磨することを目指して、研究発表会が企画された。センターの研究室に加え、学外連携部門、応用生命化学・工学専攻の研究室からの学生、研究員、教員が4月24日に弥生講堂一条ホールに集まり、研究発表会が行われた。また二名の海外研究者を招待し、特別講演をして頂いた。会の運営や進行、発表は学生・ポスドクを主体として行われた。口頭発表とポスター発表は主に英語によって行われ、活発な議論がなされた。教員による公正な審査の結果、寺本和矢さんに優秀発表賞が授与され、Jingyun Jinさん、沖津孝幸さんに敢闘賞が授与された。

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

**Session 1 (Special lecture) Chair: Yoshiaki Ueda (PFB)**

**13:05 Professor Shengxiong Huang (Group of Natural Products Discovery and Biosynthesis, State Key Laboratory of Phytochemistry and Plant Resources in West China, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences)** Microbial natural products discovery and biosynthesis: Inspiration for new chemistry and drug discovery

**13:35 Associate Professor Shanquan Wang (School of Environmental Science and Engineering, Sun Yat-Sen University)** Genomics-directed isolation of PCB-respiring dehalococoides and characterization of the core microbial community

**14:05 Break**

**Session 2 Chair: Felipe Vejarano (EB)**

**14:20 Yoko Masuda (SS)** Predominant but previously-unseen prokaryotic drivers of reductive nitrogen transformation in paddy soils, unveiled by metatranscriptomics

**14:35 Maiko Yamamoto (AM)** Role of photoreceptor in photopigment production of aerobic phototrophic bacteria *Roseobacter denitrificans*

**14:50 Sun Zongping (EB)** Quantification of three H-NS family proteins encoded on chromosome of *Pseudomonas putida* KT2440 and on pCAR1 plasmid

**15:05 Muhammad Prima Putra (CB)** Biosynthesis of secondary metabolites mediated by type II amino-group carrier protein (AmCP) in streptomycetes

**15:20 Break**

**Session 3 Chair: Keiichi Murai (CB)**

**15:35 Kazuya Teramoto (CB)** Genome mining and functional analysis of terpene cyclases from fungal genome

**15:50 Jingyun Jin (CG)** Functional analysis of the AP2 complex in *Aspergillus nidulans*

**16:05 Takayuki Okitsu (PFB)** Functional analysis of the NLP family of transcription factors responsible for nitrate response in Arabidopsis

**16:20 Yumu Tabuchi (EB)** OsMYC2-DPF transcriptional cascade relevant for the stress inductive biosynthesis of diterpenoid phytoalexin in rice

**16:35 Break**

**16:50 Poster session**

**Hideo Ikeuchi (CB)** Studies on the biosynthesis of the peptidyl nucleoside antibiotic amipurimycin

**Kazumasa Ogura (AM)** Physiological study of heterodisulfide reductase in *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6

**Koshiro Kikuchi (CB)** Studies on the biosynthesis using amino group carrier protein in *Serratia* sp. ATCC 39006

**Natsuhito Watanabe (CG)** Functional analysis of genes encoding Sec14-family proteins in n-alkane-assimilating yeast *Yarrowia lipolytica*

**Miyu Teruya (EB)** Oxylin signature responsible for the inductive production of bioactive diterpenoids in the moss *Hypnum plumaeforme*

**Shinta Watanabe (AM)** Studies on the diversity of microbial flora in traditional pot fermentation of rice vinegar

**Enock Mpofo (EB)** Biodegradation of phenolic compounds by *Bacillus licheniformis* strain TAB7

**Moriaki Saito (PFB)** Nitrate signaling may activate de novo biosynthesis of NAD<sup>+</sup> in Arabidopsis

**Rikusui Yamada (MCB)** Mechanism of ribosome degradation induced by rapamycin in *Saccharomyces cerevisiae*

**Guo Pengcheng (PFB)** Glutamine repression of a nitrate transporter gene *NRT2.1* in Arabidopsis

**Ryo Nishiguchi (CB)** Transcriptional regulatory mechanism of oxidative stress response in *Thermus thermophilus* HB27

**Zhuo Mengna (PFB)** Functional role of Arabidopsis Dof2.1 transcription factor in ABA and MeJA signaling pathways

**Shiho Tomiyama (EB)** Conservation of putative cis-trans factors regulating the transcription from phytoalexin biosynthetic gene clusters in wild *Oryza* species

**Keika Iwamoto (MCB)** Generation of RNase T2-deficient mice as a research tool for functions of the conserved ribonuclease in mammals

**18:30 Reception**

**20:00 Closing remarks**

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





生物生産工学研究センター  
研究・教育活動

● 報文、学会発表等 ●

## ●報文

Nagano-Shoji M, Hamamoto Y, Mizuno Y, Yamada A, Kikuchi M, Shirouzu M, Umehara T, Yoshida M, Nishiyama M, Kosono S. (2017) Characterization of lysine acetylation of a phosphoenolpyruvate carboxylase involved in glutamate overproduction in *Corynebacterium glutamicum*. *Mol Microbiol.* 104:677-689

Tomita T, Yin L, Nakamura S, Kosono S, Kuzuyama T, Nishiyama M. (2017) Crystal structure of the 2-iminoglutarate-bound complex of glutamate dehydrogenase from *Corynebacterium glutamicum*. *FEBS Lett.* 591:1611-1622

Komine-Abe A, Nagano-Shoji M, Kubo S, Kawasaki H, Yoshida M, Nishiyama M, Kosono S. (2017) Effect of lysine succinylation on the regulation of 2-oxoglutarate dehydrogenase inhibitor, OdhI, involved in glutamate production in *Corynebacterium glutamicum*. *Biosci Biotechnol Biochem.* 81:2130-2138.

Sato H, Narita K, Minani A, Yamazaki M, Wang C, Suemune H, Nagano S, Tomita T, Oikawa H, Uchiyama M. (2018) Theoretical study of sesterfisherol biosynthesis: Computational prediction of key amino acid residue in terpene synthase. *Sci. Rep.* 8:2473

Tomita T, Kobayashi M, Karita Y, Yasuno Y, Shinada T, Nishiyama M, Kuzuyama T. (2017) Structure and mechanism of the monoterpene cyclolavandulyl diphosphate synthase that catalyzes consecutive condensation and cyclization. *Angew. Chem. Int. Ed. Engl.* 56:14913-14917

Cho SH, Kim SY, Tomita T, Shiraishi T, Park JS, Sato S, Kudo F, Eguchi T, Funa N, Nishiyama M, Kuzuyama T. (2017) Fosfomycin biosynthesis via transient cytidylylation of 2-hydroxyethylphosphonate by the bifunctional Fom1 enzyme. *ACS Chem. Biol.* 12:2209-2215

Sato S, Kudo F, Kim SY, Kuzuyama T, Eguchi T. (2017) Methylcobalamin-Dependent Radical SAM C-Methyltransferase Fom3 Recognizes Cytidylyl-2-hydroxyethylphosphonate and Catalyzes the Nonstereoselective C-Methylation in Fosfomycin Biosynthesis. *Biochemistry.* 56:3519-3522.

Fujita S, Cho SH, Yoshida A, Hasebe F, Tomita T, Kuzuyama T, Nishiyama M. (2017) Crystal structure of LysK, an enzyme catalyzing the last step of lysine biosynthesis in *Thermus thermophilus*, in complex with lysine: Insight into the mechanism for recognition of the amino-group carrier protein, LysW. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 491:409-415

Kudo K, Ozaki T, Shin-ya K, Nishiyama M, Kuzuyama T. (2017) Biosynthetic origin of the hydroxamic acid moiety of trichostatin A: Identification of unprecedented enzymatic machinery involved in hydroxyamine transfer. *J. Am. Chem. Soc.* 139:6799-6802

Tomita T, Yin L, Nakamura S, Kosono S, Kuzuyama T, Nishiyama M. (2017) Crystal structure of the 2-iminoglutarate-bound complex of glutamate dehydrogenase from *Corynebacterium glutamicum*. *FEBS Lett.* 591:1611-1622

Tomita T, Kim SY, Teramoto K, Meguro A, Ozaki T, Yoshida A, Motoyoshi Y, Mori N, Ishigami K, Watanebe H, Nishiyama M, Kuzuyama T. (2017) Structural insight into the CotB2-catalyzed cyclization of geranylgeranyl diphosphate to the diterpene cyclooctat-9-en-7-ol. *ACS Chem. Biol.* 12:1621-1628

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

Maeda Y, Mineko M, Kiba T, Sakuraba Y, Sawaki N, Kurai T, Ueda Y, Sakakibara H, Yanagisawa S. (2018) A NIGT1-centered transcriptional cascade regulates nitrate signalling and incorporates phosphorus starvation signals in *Arabidopsis*. *Nat. Commun.* 9: 1376

Kiba T, Inaba J, Kudo T, Ueda N, Konishi M, Mitsuda N, Takiguchi Y, Kondou Y, Yoshizumi T, Ohme-Takagi M, Matsui M, Yano K, Yanagisawa S, Sakakibara H. (2018) Repression of nitrogen-starvation responses by *Arabidopsis* GARP-type transcription factor AtNIGT1/HRS1 subfamily members. *Plant Cell.* 30: 925-945

Maekawa S, Ishida T, Yanagisawa S. (2018) Reduced expression of APUM24, encoding a novel rRNA processing factor, induces sugar-dependent nucleolar stress and altered sugar responses in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell.* 30:209-227

Siarot L, Toyazaki H, Hidaka M, Kurumisawa K, Hirakawa T, Morohashi K, Aono T. (2017) A novel regulatory pathway for K<sup>+</sup> uptake in the legume symbiont *Azorhizobium caulinodans* in which TrkJ represses the *kdpFABC* operon at high extracellular

K<sup>+</sup> concentrations, *Appl. Environ. Microbiol.* 83: e01197-17

Matsuoka J, Ishizuna F, Kurumisawa K, Morohashi K, Ogawa T, Hidaka M, Saito K, Ezawa T, Aono T. (2017) A putative TetR-type transcription factor AZC\_3265 from the legume symbiont *Azorhizobium caulinodans* represses the production of R-bodies that are toxic to eukaryotic cells. *Soil Sci. Plant Nutr.* 63: 452-459

Matsuoka J, Ishizuna F, Kurumisawa K, Morohashi K, Ogawa T, Hidaka M, Saito K, Ezawa T, Aono T. (2017) Stringent expression control of pathogenic R-body production in legume symbiont *Azorhizobium caulinodans*. *mBio.* 8:e00715-17

Liu KH, Niu Y, Konishi M, Wu Y, Du H, Chung, HS, Li L, Boudsocq M, McCormack M, Maekawa S, Ishida T, Zhang C, Shokat K, Yanagisawa S, Sheen J. (2017) Discovery of Nitrate-CPK-NLP signalling in central nutrient-growth networks. *Nature.* 545:311-316

Guo L, Qiu J, Ye C, Jin G, Mao L, Zhang H, Yang X, Peng Q, Wang Y, Jia L, Lin Z, Li G, Fu F, Liu C, Chen L, Shen E, Wang W, Wu S, Xia C, Zhang Y, Zhou X, Wang L, Wu L, Song W, Wang Y, Shu Q, Aoki D, Yumoto E, Yokota T, Miyamoto M, Okada K, Kim DC, Cai D, Zhang C, Lou Y, Qian Q, Yamaguchi H, Yamane H, Kong CH, Timko MP, Bai L, Fan L. (2017) Barnyardgrass (*Echinochloa crus-galli*) genome analysis provides insight into its adaptation and invasiveness as a weed. *Nature Communications.* 8(1):1031.

Yoshida Y, Miyamoto K, Yamane H, Nishizawa Y, Minami E, Nojiri H, Okada K. (2017) OsTGAP1 is responsible for JA-inducible diterpenoid phytoalexin biosynthesis in rice roots with biological impacts on allelopathic interaction. *Physiol Plant.* 161(4):532-544.

Valea I, Motegi A, Kawamura N, Shimizu T, Miyamoto K, Yamane H, Nojiri H, Okada K. (2017) Biological roles of the rice bHLH factor RERJ1 on stress responses via jasmonate signaling. *Acta Horticulture. Proc. of the II international Symposium on Pyrethrum.* 1169:133-137.

Ye Z, Nakagawa K, Natsume M, Nojiri H, Kawaide H, Okada K. (2017) "In planta functions of cytochrome P450 monooxygenase genes in the phytocassane biosynthetic gene cluster on rice chromosome 2. *Biosci. Biotech. Biochem.* 82(6):1021-1030.

Yamamoto T, Yoshida Y, Nakajima K, Tominaga M, Gyohda A, Suzuki, a Okamoto T, Nishimura T, Yokotani N, Minami E, Nishizawa Y, Miyamoto K, Yamane H, Okada K, Koshihara T. (2018) Antagonistic Regulation of RSOsPR10 Expression by Jasmonate/Ethylene and Salicylate Pathways is Mediated by OsERF87 Activator and OsWRKY76 Repressor, respectively, in Rice Roots. *Plant Direct.* 2(3) e00049

Sun Z, Vasileva D, Suzuki-Minakuchi C, Okada K, Luo F, Igarashi Y, Nojiri H. (2017) Growth phase-dependent expression profiles of three vital H-NS family proteins encoded on the chromosome of *Pseudomonas putida* KT2440 and on the pCAR1 plasmid. *BMC Microbiol.* 17(1):188

Wanapaisan P, Laothamteep N, Vejarano F, Chakraborty J, Shintani M, Muangchinda C, Morita T, Suzuki-Minakuchi C, Inoue K, Nojiri H, Pinyakong O. (2018) Synergistic degradation of pyrene by five culturable bacteria in a mangrove sediment-derived bacterial consortium. *J. Hazard Mater.* 342:561-570

Sakuda A, Suzuki-Minakuchi C, Matsui K, Takahashi Y, Okada K, Yamane H, Shintani M, Nojiri H. (2018) Divalent cations increase the conjugation efficiency of the incompatibility P-7 group plasmid pCAR1 among different *Pseudomonas* hosts. *Microbiology.* 164(1):20-27.

Vasileva D, Suzuki-Minakuchi C, Kosono S, Yoshida M, Okada K, Nojiri H. (2018) Proteome and acylome analyses of the functional interaction network between the carbazole-degradative plasmid pCAR1 and host *Pseudomonas putida* KT2440. *Environ. Microbiol. Rep.* 10(3):299-309

## ●国内学会発表等

■第17回東京大学生命科学シンポジウム 2017年4月15日 東京大学

Studies on the Biosynthesis of the Peptidyl Nucleoside Antibiotic Amipurimycin ペプチジルヌクレオシド系抗生物質 Amipurimycin の生合成に関する研究

池内秀雄, 白石太郎, 新家一男, 西山真, 葛山智久

*Serratia* sp. ATCC 39006 においてアミノ基キャリアタンパク質を介して生合成される化合物の探索とその生合成経路の解明

菊池恆志郎, 富田武郎, 葛山智久, 西山真

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

*Pseudomonas resinovorans* CA10dm4 株はプラスミド保持に伴う負荷に非感受性なのか?  
河野響, 上田朋美, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

■北海道大学工学研究院 2017 年度応用化学特別講義 2017 年 7 月 25 日 北海道  
テルペノイド生合成機構に関する研究  
葛山智久

■生合成リデザイン第一回若手シンポジウム 2017 年 8 月 26 日-27 日 群馬  
生合成研究の昔と今,そして未来  
葛山智久

原核生物由来テルペン合成酵素の探索と解析  
村井恵一, 新家一男, 西山真, 葛山智久

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

■環境微生物系学会合同大会 2017 2017 年 8 月 29 日-31 日 東北大学  
出し抜く: プラスミドというハンディキャップとその乗り越え方  
水口千穂

細菌はプラスミド保持に伴う負荷をどのように回避しているのか?  
上田朋美, 河野響, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

細菌集団中でのプラスミドの受容菌選択に影響を与える因子の探索  
作田郁子, 水口千穂, 小曾根郁子, 橋本絢子, 小松護, 新家一男, 池田治生, 森内良太, 道羅英夫, 新谷政己, 岡田憲典, 野尻秀昭

Transcriptomic analysis of aerobic and anaerobic benzene degradative genes of *Azoarcus* sp. DN11  
DEVANADERA A, SUZUKI-MINAKUCHI C, KASAI K, TAKAHATA Y, OKADA K, NOJIRI H

Complete genome analysis of diverse carbazole-degrading bacteria  
Vejarano Felipe, Suzuki-Minakuchi Chiho, Ohtsubo Yoshiyuki, Tsuda Masataka, Okada Kazunori, Nojiri Hideaki

pCAR1 由来カルバゾール分解系遺伝子群の一細胞での発現解析  
山本夏実, 高比良早紀, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

好気・微好気・嫌気条件下におけるプラスミドの接合伝達性と宿主域の解析  
柳谷洸輔, 井上謙吾, 水口千穂, 野尻秀昭, 大熊盛也, 金原和秀, 新谷政己

■第 449 回ビタミン B 研究協議会 2017 年 9 月 1 日 島根  
新規ビオチン生合成酵素の発見と機能解析  
西山真

■第 3 回 植物の栄養研究会 2017 年 9 月 1 日-2 日 東京  
Ca<sup>2+</sup>シグナリングを介した硝酸シグナル伝達メカニズム  
小西美穂子

■日本農芸化学会関東支部 2017 年度大会 2017 年 9 月 2 日 茨城  
ヒストン脱アセチル化酵素阻害剤トリコスタチン A の生合成機構の解明  
工藤慧, 新家一男, 西山真, 葛山智久

イネ由来のジテルペン化合物モミラクトンはどのように分裂酵母の生育を抑制しているのか  
富田啓介, 松尾安浩, 川向誠, 八代田陽子, 吉田稔, 野尻秀昭, 岡田憲典

イネにおけるジテルペン型ファイトアレキシン生産を制御する転写因子 DPF の誘導機構と機能解析

田淵雄夢, 堤涼, 根本圭一郎, 澤崎達也, 森昌樹, 宮本皓司, 山根久和, 光田展隆, 野尻秀昭, 岡田 憲典

野生イネにおけるジテルペノイド生合成遺伝子クラスターの発現制御を担うシス - トランス因子の探索  
富山詩歩, 川原玲香, 小塩海平, 宮本皓司, 山根久和, 野尻秀昭, 岡田憲典

蘇類ハイゴケのモミラクトン生産制御に関与するオキシリピン

照屋美優, 藤原薫, 宮本皓司, 山根久和, 新屋友規, Ivan Galis, 白石太郎, 葛山智久, 林謙一郎, 野尻秀昭, 岡田憲典

■日本土壌肥料学会 2017 年度仙台大会 2017 年 9 月 5 日-7 日 宮城  
根の形態形成への糖誘導性リボソーム生合成関連因子 OLI2 の関与  
前川修吾, 柳澤修一

フィトクロムを介した赤色光シグナルによるリン酸獲得機構の制御  
櫻庭康仁, 馬淵敦士, 射場厚, 柳澤修一

シロイヌナズナの硝酸応答を担う NLP 転写因子群の機能解析  
沖津孝幸, 小西美稲子, 柳澤修一

P 欠乏による硝酸イオン吸収抑制の分子機構  
小西美稲子, 前田佳栄, 木羽隆敏, 柳澤修一

栄養素の取り込みを指標としたイネの窒素・リン飢餓応答性の品種間差の解析  
植田佳明, 宮尾 (徳富) 光恵, 柳澤修一

シロイヌナズナ高親和性硝酸イオン輸送体 NRT2.1 遺伝子のグルタミンによる発現抑制  
郭鵬程, 小西美稲子, 柳澤修一

硝酸シグナルによるシロイヌナズナ NAD<sup>+</sup>生合成制御の可能性の検討  
斉藤守秋, 小西美稲子, 柳澤修一

Physiological roles of the nitrate-responsive gene encoded Dof2.1 transcription factor in Arabidopsis  
Meng-na Zhuo, Yasuhito Sakuraba, and Shuichi Yanagisawa

■日本放線菌学会 2017 年度大会 2017 年 9 月 7 日-8 日 長野  
*Corynebacterium glutamicum* のグルタミン酸生産に関わるメタボロンの探索と解析  
山崎史, 村井恵一, 吉田稔, 西山真, 古園さおり

プレニルインドール化合物 carquinostatin A の生合成研究  
小林正弥, 新家一男, 西山真, 葛山智久

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

カブラザマイシン生合成に関与する特異なメチル基転移酵素の機能解析  
白石太郎, 五十嵐雅之, 西山真, 葛山智久

放線菌におけるアミノ基キャリアタンパク質を介して生合成される非タンパク性アミノ酸の修飾機構に関する研究  
黒澤董, 松田研一, 長谷部文人, 葛山智久, 西山真

Studies on secondary metabolic pathway mediated by type II amino-group carrier protein (AmCP) in *Streptomyces* sp.  
Muhammad Prima Putra, Kazuhiro Naito, Kenichi Matsuda, Takeo Tomita, Kazuo Shin-ya, Tomohisa Kuzuyama, Makoto Nishiyama

■日本植物学会第 81 回大会 2017 年 9 月 8 日-10 日 千葉  
シロイヌナズナに対するセスバニア根粒菌の感染様式  
棚澤啓吾, 諸橋賢吾, 青野俊裕

■第 69 回日本生物工学会大会 シンポジウム「生合成再設計の深化で挑む複雑骨格機能分子の創出」2017 年 9 月 13 日 千葉  
放線菌由来天然化合物の骨格形成機構の解明

葛山智久

■イソプレノイド研究会 2017年9月15日 千葉  
原核生物由来テルペン合成酵素の探索と解析  
村井恵一, 新家一男, 西山真, 葛山智久

化学防御物質を利用した植物の巧みな生存戦略とその進化  
岡田憲典, 野尻秀昭, 川出洋, Jie Qiu, Chuyu Ye, Longjiang Fan, 宮本皓司, 山根久和, 豊増知伸, 林謙一郎

■鳥取大学大学院工学研究科, 大学院特別講義 2017年9月26日 鳥取  
放線菌由来環状天然化合物の骨格形成機構  
葛山智久

■理研セミナー 2017年9月 埼玉  
Exploring the impact of protein acylation in Bacteria  
古園さおり

■東京理科大学 公開セミナー 2017年10月3日 東京  
微生物由来の生合成酵素の構造機能解析  
~酵素の機能改変による有用物質生産へ向けて~  
富田武郎

■日本農芸化学会中部支部 第180回例会 2017年10月7日 愛知  
好気・微好気・嫌気条件下におけるプラスミドの接合伝達性と宿主域の解析  
越智健太郎, 柳谷洗輔, 井上謙吾, 水口千穂, 野尻秀昭, 大熊盛也, 金原和秀, 新谷政己

■植物化学調節学会 第52回大会 2017年10月27日-29日 鹿児島  
植物がつくりだす化学防御物質モミラクトンの分裂酵母に対する生育抑制効果  
富田啓介, 松尾安浩, 川向誠, 八代田陽子, 吉田稔, 三橋渉, 野尻秀昭, 岡田憲典

藓類ハイゴケにおける化学防御物質モミラクトンの生産制御をになうオキシリピンの探索  
照屋美優, 藤原薫, 宮本皓司, 山根久和, 新屋友規, Ivan Galis, 林謙一郎, 野尻秀昭, 岡田憲典

イネにおけるファイトアレキシン生産に関与するCOI1ホモログの同定  
伊藤響, 稲垣秀生, 福本有貴, 矢島彩花, Xi Chen, 下里美由紀, ハセツト絵美, 畠山幸大, 平栗優子, 宮本皓司, 石塚祐伸, 湯本絵美, 横田孝雄, 酒澤智子, 岡田憲典, 山根久和

イネにおけるジテルペン型ファイトアレキシン生産の光制御  
相良朋宏, 阿部昌太, 館夏美, 吉永修平, 宮本皓司, 石塚祐伸, 南栄一, 西澤洋子, 湯本絵美, 横田孝雄, 朝比奈雅志, 岡田憲典, 篠村知子, 稲垣言要, 高野誠, 山根久和

イネの病害抵抗性におけるサイトカイニンとジャスモン酸の関与  
石塚祐伸, 宮本皓司, 南栄一, 西澤洋子, 湯本絵美, 柴田恭美, 酒澤智子, 横田孝雄, 朝比奈雅志, 飯野盛利, 岡田憲典, 山根久和

イネの転写因子DPFのストレス誘導的ジテルペン型ファイトアレキシン生合成等への関与の解析  
石川一輝, 山村千紜, 田淵雄夢, 前田哲, 岡田憲典, 鎌倉高志, 森昌樹

ジテルペン型ファイトアレキシン生合成の制御機構と進化に関する研究  
岡田憲典 (学会賞受賞講演)

■第10回 北陸合同バイオシンポジウム 2017年11月10日-11日 富山  
*Corynebacterium glutamicum* 由来 PDH-ODH 超複合体のサブユニットの動態解析  
衣川寛知, 小峰理乃, 西山真, 古園さおり

高度好熱菌における代謝酵素のアシル化修飾による調節機構  
吉田彩子

原核生物由来テルペン合成酵素の探索と解析  
村井恵一

超好熱・好酸性古細菌 *Sulfolobus acidocaldarius* のリジン生合成におけるフィードバック阻害機構の解明  
鈴木智大

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

Studies on the modifications of non-proteinogenic amino acid biosynthesized via amino-group carrier protein  
黒澤董

イネにおける栄養応答の遺伝的多様性について  
植田佳明, 宮尾光恵, 柳澤修一

Glutamine-induced Repression of a High-affinity Nitrate Transporter Gene Promoter in *Arabidopsis*  
郭鵬程, 小西美穂子, 柳澤修一

硝酸シグナルによるシロイヌナズナ NAD<sup>+</sup> 生合成制御の可能性の検討  
斉藤守秋, 小西美穂子, 柳澤修一

Physiological roles of Dof2.1 transcription factor in *Arabidopsis thaliana*  
Mengna Zhuo, Yasuhito Sakuraba, and Shuichi Yanagisawa

植物における生合成遺伝子クラスターの進化  
岡田憲典

植物がつくりだす化学防御物質モミラクトンの作用機序に関する研究  
富田啓介, 松尾安浩, 川向誠, 八代田陽子, 吉田稔, 三橋渉, 野尻秀昭, 岡田憲典

Determination of the complete genome sequences of carbazole-degrading bacteria from diverse environments  
Vejarano Felipe, 水口千穂, 大坪嘉行, 津田雅孝, 岡田憲典, 野尻秀昭

■極限環境生物学会 2017 年度年会 2017 年 11 月 11 日-12 日 つくばセンター 茨城  
Substrate-Binding and Product Formation in the Terminal Oxygenase Component during Catalytic Cycle of Carbazole 1, 9a-Dioxygenase  
Yixia Wang, Jun Matsuzawa, Joydeep Chakraborty, Zui Fujimoto, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

プラスミド RP4 保持に伴う生育負荷の分子メカニズムの解明  
渡辺菜月, 杉山大介, 水口千穂, 高橋裕里香, 兼崎友, 岡田憲典, 野尻秀昭

■第 11 回メタボロームシンポジウム ランチョンセミナー 2017 年 11 月 13 日 大阪  
葛山智久

■関西大学先端科学技術推進機構 研究部門別発表会 2017 年 11 月 14 日 大阪  
放線菌のテルペノイド生合成機構に関する研究  
葛山智久

■第 16 回微生物研究会 2017 年 11 月 18 日 東京工業大学  
プラスミド上の芳香族化合物分解遺伝子群の一細胞での発現解析  
山本夏実, 高比良早紀, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

Electron transfer from ferredoxin to  $\alpha\beta\gamma$ -type oxygenase component in Rieske non-heme iron oxygenase  
蔡弼丞, 小竹立郎, 松澤淳, Joydeep Chakraborty, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

Substrate-Binding and Product Formation in the Terminal Oxygenase Component during Catalytic Cycle of Carbazole 1, 9a-Dioxygenase  
Yixia Wang, Jun Matsuzawa, Joydeep Chakraborty, Zui Fujimoto, Chiho Suzuki-Minakuchi, Kazunori Okada, Hideaki Nojiri

プラスミド RP4 保持に伴う生育負荷の分子メカニズムの解明  
渡辺菜月, 杉山大介, 水口千穂, 高橋裕里香, 兼崎友, 岡田憲典, 野尻秀昭

■慶応大学先端研究セミナー 2017 年 11 月 19 日 山形

タンパク質アシル化修飾：微生物の代謝や生理に与えるインパクトを探して  
古園さおり

■Conbio2017 (第40回日本分子生物学会年会) 2017年12月6日-9日 兵庫  
シロイヌナズナの新奇リボソーム RNA プロセッシング関連因子 APUM24 の発現量低下は糖濃度依存的に核小体ストレスを引き起こす  
前川修吾, 石田哲也, 柳澤修一

■第7回 植物のRNA研究ネットワークシンポジウム 2017年12月14日-15日 静岡  
シロイヌナズナのリボソーム RNA 合成因子 APUM24 の発現抑制株では糖条件依存的に核小体ストレスが生じて生育が抑制される  
前川修吾, 石田哲也, 柳澤修一

■科学研究費補助金 新学術領域研究 (研究領域提案型) 生物合成系の再設計による複雑骨格機能分子の革新的創成科学 第3回公開シンポジウム 2017年12月16日 東京  
複雑骨格を創成する革新的生合成マシナリーの開拓と精密機能解析  
葛山智久

■第6回日本生物工学会東日本支部コロキウム 2018年3月2日 筑波大学東京キャンパス 東京  
テルペン合成酵素の機能改変とグルタミン酸脱水素酵素の調節機構  
富田武郎

■加藤記念バイオサイエンス振興財団研究助成贈呈式特別講演 2018年3月2日  
外来遺伝子の不感受性から考える細菌の生き様と進化  
野尻秀昭

■第34回資源植物科学シンポジウム 第10回植物ストレス科学研究シンポジウム 2018年3月5日-6日 岡山  
植物が持つ多様な栄養環境適応のための巧妙な仕組み  
柳澤修一

■第12回日本ゲノム微生物学会年会 2018年3月5日-7日 京都  
*Pseudomonas* 属細菌由来 H-NS ファミリータンパク質による核様体構造の形成に関する解析  
角埜裕基, 水口千穂, 尾花望, 竹下典男, 野村暢彦, 岡田憲典, 野尻秀昭

Carriage modalities of the carbazole-degrading gene clusters among nine bacterial strains  
Vejarano Felipe, 水口千穂, 新谷政己, 大坪嘉行, 津田雅孝, 岡田憲典, 野尻秀昭

■日本農芸化学会 2018年度大会 2018年3月15日-18日 愛知  
*Corynebacterium glutamicum* におけるタンパク質アシル化修飾研究の現状と展望  
古園さおり

枯草菌 EF-Tu のアシル化修飾制御機構の解析  
近藤直子, 鈴木祥太, 吉田稔, 西山真, 古園さおり

*Corynebacterium glutamicum* 中央代謝酵素間におけるメタボロン形成の探索と解析  
山崎史, 村井恵一, 吉田稔, 西山真, 古園さおり

*Corynebacterium glutamicum* 由来 PDH-ODH 超複合体のサブユニット構造解析  
衣川寛知, 小峰理乃, 西山真, 古園さおり

原核生物由来テルペン合成酵素の探索と解析  
村井恵一, 新家一男, 西山真, 葛山智久

*Trichoderma* 属糸状菌由来 Brasilane 型セスキテルペン合成酵素の機能解析  
寺本和矢, 野中健一, 塩見和朗, 西山真, 葛山智久

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

新規 thioviridamide 類縁体の創出と生合成酵素の機能解析



工藤慧, 小岩井花恵, 新家一男, 池田治生, 西山真, 葛山智久

フェナジノマイシン生合成におけるテルペン環化酵素の同定と機能解析  
加藤輝仁, 中尾智世, 白石太郎, 西山真, 葛山智久

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

プレニルインドール化合物 carquinostatin A の生合成研究  
小林正弥, 新家一男, 西山真, 葛山智久

ficellomycin 生合成におけるアザビシクロ環の修飾機構に関する研究  
黒澤董, 松田研一, 長谷部文人, 富田武郎, 葛山智久, 西山真

シアノバクテリアのピオチン生合成における新規なタイプの脱水素酵素の発見と機能解析  
榊溪, 大石恵太, 清水哲, 小林一幾, 富田武郎, 田中寛, 葛山智久, 西山真

*Thermus thermophilus* の有する新規セリン生合成酵素の同定と性状解析  
千葉洋子, 島村繁, 吉田彩子, 西山真, 高井研

超好熱・好酸性古細菌 *Sulfolobus acidocaldarius* のホモクエン酸合成酵素の構造・機能及びフィードバック阻害機構の  
解析  
鈴木智大, 富田武郎, 葛山智久, 西山真

Studies on Secondary Metabolic Pathway Mediated by Type II Amino-group Carrier Protein in *Streptomyces* sp.  
Muhammad Prima PUTRA, Kenichi Matsuda, Takeo Tomita, Kazuo Shin-ya, Tomohisa Kuzuyama, Makoto Nishiyama

蘚類におけるジャスモン酸類の探索と生理活性の追究  
照屋美優, 藤原薫, 宮本皓司, 山根久和, 新屋友規, Ivan Galis, 林謙一郎, 宮崎翔, 中嶋正敏, 野尻秀昭, 岡田憲典

イネのストレス誘導型プレニルニリン酸合成酵素の発現制御機構  
和田美樹, 富山詩歩, 田淵雄夢, 吉田悠里, 宮本皓司, 山根久和, 森昌樹, 野尻秀昭, 岡田憲典

様々な生物種の生育を抑制するジテルペノイド化合物モミラクトンの作用機序解析  
富田啓介, 松尾安浩, 川向誠, 八代田陽子, 吉田稔, 三橋渉, 野尻秀昭, 岡田憲典

プラスミド RP4 保持に伴う *Pseudomonas putida* KT2440 株の fitness 低下メカニズムの解明  
渡辺菜月, 水口千穂, 兼崎友, 岡田憲典, 野尻秀昭

IncP-7 群プラスミドの接合伝達成立における二価カチオンの作用機序の解析  
作田郁子, 水口千穂, 松井一泰, 高橋裕里香, 岡田憲典, 山根久和, 新谷政己, 野尻秀昭

Electron transfer from ferredoxin and  $\alpha\beta\beta$ -type oxygenase component of Rieske non-heme iron oxygenase  
Pi-Cheng TSAI, Joydeep CHAKRABORTY, Chiho SUZUKI-MINAKUCHI, Kazunori OKADA, Hideaki NOJIRI

Proteome and acylome analyses of the modification landscape created by the functional interaction between plasmid  
pCAR1 and host *Pseudomonas putida* KT2440  
Delyana Vasileva, Chiho Suzuki-Minakuchi, Saori Kosono

Molecular insights into the genesis and evolution of aromatic hydrocarbon catabolic pathway in *Thermus oshimai* JL-2  
Joydeep CHAKRABORTY, Mickael GEGOUT, Chiho SUZUKI-MINAKUCHI, Kazunori OKADA, Hideaki NOJIRI

pCAR1 由来カルバゾール分解系遺伝子群の発現は一細胞レベルでばらついているか？  
山本夏実, 高比良早紀, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

Biotransformation of phenolic compounds by *Bacillus licheniformis* strain TAB7  
Enock MPOFU, Chiho SUZUKI-MINAKUCHI, Felipe VEJARANO, Joydeep CHAKRABORTY, Toshiaki KIMURA,  
Kazunori OKADA, Hideaki NOJIRI

プラスミド保持に伴う負荷を細菌はどう軽減化するのか？

河野響, 上田朋美, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

*Pseudomonas resinovorans* CA10dm4 株は汎用ベクターにも非感受性なのか?

上田朋美, 河野響, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

核様体タンパク質の一種 NdpA ホモログの相同組換え頻度に及ぼす影響の解析

佐道陽弘, 角埜裕基, 水口千穂, 岡田憲典, 野尻秀昭

好気・微好気・嫌気条件下におけるプラスミドの接合伝達性と宿主域の解析

柳谷洗輔, 越智健太郎, 仲田裕貴, 井上謙吾, 水口千穂, 野尻秀昭, 大熊盛也, 金原和秀, 新谷政己

■第 59 回日本植物生理学会年会 2018 年 3 月 28 日-30 日 北海道

栄養成長におけるシロイヌナズナ NIN-Like Protein 2 の役割

沖津孝幸, 小西美稲子, 柳澤修一

シロイヌナズナ *APUM24* の発現低下は糖依存的にリボソーム RNA プロセッシング異常を誘導してリボソームストレスを生じる

前川修吾, 石田哲也, 柳澤修一

The role of *Arabidopsis* Dof2.1 transcription factor in the MeJA signaling pathway

Mengna Zhuo, Yasuhito Sakuraba, Shuichi Yanagisawa

硝酸シグナル伝達の熱ストレス応答に及ぼす影響

櫻庭康仁, 柳澤修一

Nitrate may regulate *de novo* NAD<sup>+</sup> biosynthesis

斉藤守秋, 小西美稲子, 柳澤修一

シロイヌナズナ NIGT1 転写因子群の coiled-coil ドメインはリンシグナル伝達の制御に重要である

Yoshiaki Ueda, Takatoshi Kiba, Shuichi Yanagisawa

シロイヌナズナエコタイプにおける窒素欠乏応答の多様性解析

馬淵敦士, 門田慧奈, 渡瀬光瑠, 高橋將, 櫻庭康仁, 柁宜淳太郎, 柳澤修一, 射場厚

Glutamine-induced Repression of a High-affinity Nitrate Transporter Gene Promoter in *Arabidopsis*

Pengcheng Guo, Mineko Konishi, Shuichi Yanagisawa

Early response pathway decision after wounding in the JA signalling mediated pathway by the bHLH factor RERJ1

Ioana Valea, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

## ●国際学会発表等

■Global Engage's 4th Plant Genomics & Gene Editing Asia Congress, April 10-11, 2017, Hong Kong

Phenome analysis of natural genetic variations with *Arabidopsis* ecotypes and rice cultivars: Visualization of different nutrient uptake ability

Shuichi Yanagisawa

■The 2nd A3 Foresight Symposium on "Chemical & Synthetic Biology of Natural Products", May 22-24, 2017, Jeju, Korea

Novel polyketides discovered via activation of cryptic genes from *Streptomyces*

Wei Li Thong

Elucidation of Multistep Reaction Cascade Catalyzed by the Diterpene Cyclase CotB2

Kazuya Teramoto, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Biosynthetic Origin of the Hydroxamic Acid Moiety of Trichostatin A: Identification of Unprecedented Enzymatic Machinery Involved in Hydroxylamine Transfer

Kei Kudo, Taro Ozaki, Kazuo Shin-ya, Makoto Nishiyama and Tomohisa Kuzuyama

Structural Studies on the Biosynthesis of Cyclolavandulyl Skeleton Catalyzed by an Unprecedented Terpene Synthase

Masaya Kobayashi, Takeo Tomita, Makoto Nishiyama, and Tomohisa Kuzuyama

■The 18th International Symposium on the Biology of Actinomycetes (ISBA18), May 23-27, 2017, Jeju, Korea  
Elucidation of Multistep Reaction Cascade Catalyzed by the Diterpene Cyclase CotB2  
Kazuya Teramoto, Makoto Nishiyama, Tomohisa Kuzuyama

Biosynthetic Origin of the Hydroxamic Acid Moiety of Trichostatin A: Identification of Unprecedented Enzymatic Machinery Involved in Hydroxylamine Transfer  
Kei Kudo, Taro Ozaki, Kazuo Shin-ya, Makoto Nishiyama and Tomohisa Kuzuyama

Novel Polyketides Discovered via Activation of Cryptic Genes from *Streptomyces*  
Wei li Thong, Kazuo Shin-ya, Makoto Nishiyama and Tomohisa Kuzuyama

Structural Studies on the Biosynthesis of Cyclolavandulyl Skeleton Catalyzed by an Unprecedented Terpene Synthase  
Masaya Kobayashi, Takeo Tomita, Makoto Nishiyama, and Tomohisa Kuzuyama

Investigating Biosynthetic of the Antituberculous Agent Caprazamycin  
Taro Shiraishi, Makoto Nishiyama, and Tomohisa Kuzuyama

■9th US-Japan Seminar on Natural Product Biosynthesis, May 31, 2017, California, USA  
Secondary metabolite biosynthesis mediated by amino-group carrier protein in *Streptomyces*  
Makoto Nishiyama

Mechanistic and structural insights into terpene cyclization reactions  
Tomohisa Kuzuyama

■ASM Microbe 2017, June 1-5, 2017, New Orleans, USA  
Proteomic Characterization of the Functional Interaction between the Carbazole-Degradative Plasmid pCAR1 and Host *Pseudomonas putida* KT2440  
D. Vasileva, C. Suzuki-Minakuchi, S. Kosono, K. Okada and H. Nojiri

Recipient selectivity in conjugation using multiple recipient candidates  
A. Sakuda, C. Suzuki-Minakuchi, K. Okada, H. Nojiri

■19<sup>th</sup> International Conference on *Bacilli* & Gram-Positive Bacteria, Jun 11-15, 2017, Berlin, Germany  
Exploration of the impact of protein acylation in elongation factor Tu in *Bacillus subtilis*  
Saori Kosono, Shota Suzuki, Naoko Kondo, and Makoto Nishiyama

■TERPNET 2017, June 16-20, 2017, Dalian, China  
Evolutionary insights into regulatory mechanisms of the phytoalexin biosynthetic gene cluster in rice  
Shiho Tomiyama, Ryouka Miki-Kawahawa, Kaihei Koshio, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Longjiang Fan, Hideaki Nnojiri, Kazunori Okada

■International Conference of Arabidopsis Research 2017, Jun 19-23, 2017, United States  
Comparative analysis of distinct responses of Arabidopsis natural variations to N deficiency  
Atsushi Mabuchi, Keina Monda, Sho Takahashi, Yasuhito Sakuraba, Juntaro Negi, Shuichi Yanagisawa, Koh Iba

■US-Japan Joint Seminar on Microbial Biotechnology, 2017, August 7-11, Minneapolis, USA  
Exploring the impact of protein acylation on the biology of *Corynebacterium glutamicum*: focused on L-glutamate overproduction  
Saori Kosono

Conjugative plasmid, a key agent determining bacterial behavior in nature  
Hideaki Nojiri

Secondary metabolite biosynthesis mediated by amino-group carrier protein in *Streptomyces*  
Makoto Nishiyama

■International Plant Nutrient Colloquium 2017, August 21-24, 2017, Denmark  
Nutrient uptake-based assessment of genetic variation of nitrogen and phosphorus response in rice  
Yoshiaki Ueda, Shuichi Yanagisawa

■Asian Forum on Environmental Microbiology, September 1, 2017, Sendai, Japan

How do bacteria begin aromatic compound degradation?

Hideaki Nojiri

■The 19<sup>th</sup> Japanese-German Workshop on Enzyme Technology, September 21, 2017, Rostoc, Germany

Amino-group carrier protein mediated amino acid biosynthesis

Makoto Nishiyama

■ISRFG 2017, September 26-29, 2017, Suwon, Korea

Conservation of inductive expression pattern of phytoalexins biosynthetic gene clusters in wild *Oryza* species

Shiho Tomiyama, Ryouka Kawahara-Miki, Kaihei Koshio, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

An evolutionary point of view of the biosynthetic gene clusters formation for phytoalexins in rice and related species.  
(selected talk)

Shiho Tomiyama, Ryouka Kawahara-Miki, Kaihei Koshio, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Jie Qiu, Longjiang Fan, Tomonobu Toyomasu, Nori Kurata, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

■1st China-Japan Joint Symposium on Natural Product Biosynthesis, October 2, 2017, Shanghai, China

Understanding biochemical mechanism in natural product biosynthesis

Tomohisa Kuzuyama

■New Trends in Enzyme and Microbial Science in the Translational Biology Era, October 18-20, 2017, Naples, Italy

Protein acylation involved in the regulation of biological function and metabolism in *Corynebacterium glutamicum*.

Substrate-recognition mechanism of ancestral-type enzyme

Makoto Nishiyama

Regulatory mechanism of glutamate dehydrogenase from *Thermus thermophilus*

Takeo Tomita

■Microbiology in the New Millennium: from Molecule to Communities, October 27-29, 2017, Kolkata, India

Catalytic Cycle of Ring-Hydroxylating Rieske Non-Heme Iron Oxygenase

Hideaki Nojiri

■Taiwan-Japan Plant Biology 2017, November 3-5, 2017, Taiwan

Nitrate may regulate *de novo* biosynthesis of NAD<sup>+</sup> in *Arabidopsis*

Moriaki Saito, Konishi Mineko, Shuichi Yanagisawa

Functional analysis of the NIN-like protein family for transcription factors responsible for nitrate response in *Arabidopsis*

Takayuki Okitsu, Mineko Konishi, Shuichi Yanagisawa

Glutamine-Induced Repression of a High-affinity Nitrate Transporter Gene Promoter in *Arabidopsis*

Pengcheng Guo, Mineko Konishi, Shuichi Yanagisawa

Novel rRNA processing factor APUM24 is key of nucleolar stress and sugar response in *Arabidopsis thaliana*

Shugo Maekawa, Tetsuya Ishida, Shuichi Yanagisawa

Identification of novel N/CO<sub>2</sub>-responsive genes by GWAS in *Arabidopsis thaliana*

Hikaru Watase, Atsushi Mabuchi, Keina Monda, Sho Takahashi, Yasuhito Sakuraba, Juntaro Negi, Shuichi Yanagisawa, Koh Iba

Evolutionary conservation of inductive expression mechanisms on the phytoalexin biosynthetic gene cluster in *Oryza* family.

Shiho Tomiyama, Ryouka Kawahara-Miki, Kaihei Koshio, Koji Miyamoto, Hisakazu Yamane, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

Oxylipin signatures associated with the biosynthesis of chemical defense compound momilactones in moss

Miyu Teruya, Kenichiro Hayashi, Tomonori Shinya, Ivan Galis, Hideaki Nojiri, Kazunori Okada

■East Asian Symposium on Senescence and Chronobiology in Plants, November 30-December 1, 2017, South Korea

The regulation of nutrient starvation-induced leaf senescence by light signaling

Yasuhito Sakuraba

■Egypt/Japan Seminar on Natural Products, March 22, 2018, Cairo, Egypt  
Understanding biochemical mechanism in natural product biosynthesis  
Tomohisa Kuzuyama

### ●総説等

Yoshida M, Kudo N, Kosono S, Ito A. (2017) Chemical and structural biology of protein lysine deacetylases. *Proc Jpn Acad, Ser B*.5:297–321.

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

Tomita T. (2017) Structure, function and regulation of enzymes involved in amino acid metabolism of bacteria and archaea. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 81:2050-2061.

寺本和矢, 葛山智久. (2017) 多段階反応を触媒するテルペン環化酵素の構造基盤を解明, *化学と生物*, 56, 13-14.

Maekawa S, and Yanagisawa S. (2018) Nucleolar stress and sugar response in plants, *Plant Signal. Behav.*, 13: e1442975

Sakuraba Y, and Yanagisawa S. (2018) Light signalling-induced regulation of nutrient acquisition and utilisation in plants. *Environmental sensing and plant development, Semin. Cell Dev. Biol.*, doi: 10.1016/j.semcdb.2017.12.014

Ueda Y, Konishi M, and Yanagisawa S. (2017) Molecular basis of the nitrogen response in plants, *Soil Sci. Plant Nutr.*, 63: 329-341

### ●教員および学生の受賞

古園さおり：日本農芸化学会 2018 年度農芸化学女性研究者賞

岡田憲典：第 33 回植物化学調節学会賞

工藤慧：日本農芸化学会関東支部 2017 年度大会 優秀発表賞（若手口頭発表部門）

野口智弘：日本放線菌学会 2017 年度大会 ポスター賞

河野響：第 17 回東京大学生命科学シンポジウムポスター賞

富田啓介：第 10 回北陸合同バイオシンポジウム優秀賞

山本夏実：第 16 回微生物研究会ポスター賞

河野響：平成 29 年度東京大学大学院農学生命科学研究科 研究科長賞

### ●学位論文

#### ■博士論文

工藤慧 天然化合物の構造多様性を生み出す特異な官能基導入機構に関する研究（指導教員 西山真）

小林正弥 放線菌の生産するプレニルインドール化合物の生合成機構に関する研究（指導教員 西山真）

寺本和矢 放線菌と真菌由来のテルペン合成酵素の探索と環化機構に関する研究（指導教員 西山真）

吉田悠里 イネの根における JA 誘導性のジテルペン型ファイトアレキシン生産制御機構に関する研究（指導教員 野尻秀昭）

イワナ ワレア Study on mediating factors of early wound responses via jasmonic acid signalling in rice（イネにおいてジャスモン酸を介した傷害ストレス初期応答を担う因子に関する研究）（指導教員 野尻秀昭）

ヴァシレヴァ デリアナ ペテヴァ Plasmid-host functional interaction network: global proteome dynamics and molecular analysis of H-NS family proteins（プラスミド・宿主間相互作用—プロテオーム動態および H-NS ファミリータンパク質の分子解析）（指導教員 野尻秀昭）

#### ■修士論文

池内秀雄 2-アミノプリン含有抗真菌化合物の生合成研究 (指導教員 西山真)

西口遼 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* におけるアミノ酸生合成酵素遺伝子の発現調節機構に関する研究 (指導教員 西山真)

山田鮎果 *Corynebacterium glutamicum* におけるホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ (PEPC) のアセチル化・脱アセチル化機構の解析 (指導教員 古園さおり)

藤原薫 蕨類ハイゴケのモミラクトン生合成遺伝子 HpMAS の酵素機能と転写誘導機構 (指導教員 野尻秀昭)

田淵雄夢 イネの転写因子 DPF を介したファイトアレキシン生産制御機構の解析 (指導教員 野尻秀昭)

富田啓介 抗菌活性を有するジテルペノイド化合物モミラクトンの分裂酵母に対する作用機序解析 (指導教員 野尻秀昭)

河野響 *Pseudomonas resinovorans* CA10dm4 株がプラスミド保持に対して非感受性であることの発見とその機構の解析 (指導教員 野尻秀昭)

渡辺菜月 プラスミド RP4 保持に伴う *Pseudomonas putida* KT2440 株の fitness 低下メカニズムの解明 (指導教員 野尻秀昭)

角埜裕基 プラスミド・宿主染色体由来 H-NS ファミリータンパク質による協調的な核様体形成機構の解析 (指導教員 野尻秀昭)

デバナデラ アレン アルシアガ Aerobic and anaerobic benzene degradation pathways of *Azoarcus* sp. DN11 (*Azoarcus* sp. DN11 株における好氣的・嫌氣的ベンゼン分解経路の解明) (指導教員 野尻秀昭)

#### ■卒業論文

青山美和子 トリコスタチン類縁体 JBIR-109, JBIR-110, JBIR-111 の生合成に関する研究 (指導教員 西山真)

有田匡伸 リジン生合成酵素とキャリアタンパク質の相互作用に関する構造生物学的研究 (指導教員 西山真)

加藤輝仁 特異なプレニル基転移の関与するメロテルペノイドの生合成に関する研究 (指導教員 西山真)

榊溪 好塩性古細菌およびシアノバクテリアに見出されたビオチン生合成ミッシングリンクの解析 (指導教員 西山真)

菅野又啓 イネと水田雑草コナギとの植物間コミュニケーションに介在する低分子化合物 (指導教員 野尻秀昭)

和田美樹 イネのストレス誘導型プレニル 2 リン酸合成酵素遺伝子の転写制御機構及び化学防御物質生産への寄与 (指導教員 野尻秀昭)

佐道陽弘 プラスミド pCAR1 と宿主 *Pseudomonas putida* KT2440 株染色体上にコードされる NdpA ホモログの機能解析 (指導教員 野尻秀昭)

#### ●センター主催学術講演会

Quantification of Bacterial and Archaeal *amoA* genes and microbial community structures in a drinking water distribution system.

Dr. Bae Sung Woo (National University of Singapore, Singapore) 2017 年 7 月 11 日

Antibiotics from Marine Microorganisms and their Functions in Marine Ecosystems

Professor Jeroen S. Dickschat (Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Germany) 2017 年 8 月 23 日

Physiology of aromatic compound assimilation with *Comamonas*.

Professor Shuang-Jiang Liu (Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, China) 2017 年 9 月 4 日

The adaptive evolution of pathway and gene expression for 2-chloronitrobenzene catabolism.

Professor Ning-Yi Zhou (State Key Laboratory of Microbial Metabolism & School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, China) 2017 年 9 月 4 日

葉酸生合成系を標的とする抗菌薬の相互作用のメカニズム

Dr. Yusuke Minato (The University of Minnesota, U.S.A.) 2017 年 11 月 20 日

Chemical Biology of the Plant Cell Wall

Professor Mads H. Clausen (Center for Nanomedicine and Theranostics & Department of Chemistry, Technical University of Denmark, Denmark) 2018年3月27日

Barley limit dextrinase and its endogenous inhibitor as model system for high affinity binding

Assistant Professor Marie Sofie Møller (Department of Biotechnology and Biomedicine, Technical University of Denmark, Denmark) 2018年3月27日

●海外からの来訪者

Professor Jeroen Dickschat (University of Bonn, Bonn, Germany) 2017年8月

Professor Wilfred Van der donk (University of Illinois Urbana-Champaign, Chicago, USA) 2017年11月

Dr. Shanquan Wang (Sun Yat-Sen University, China) 2017年4月

Dr. Sungwoo Bae (National University of Singapore, Singapore) 2017年7月

Dr. Seunguk Lee (National University of Singapore, Singapore) 2017年7月

Mickael Gegout (Universite D'auvergne, France) 2017年7月～12月

Professor Shuang-Jiang Liu (Chinese Academy of Science, China) 2017年9月

Professor Ning-Yi Zhou (Shanghai Jial Tong University, China) 2017年9月

Dr. Yusuke Minato (University of Minnesota, USA) 2017年11月

Professor Mads H. Clausen (Technical University of Denmark, Denmark) 2018年3月

Professor Marie Sofie Moller (Technical University of Denmark, Denmark) 2018年3月

●オープンキャンパス等の来訪者

The Norwegian University of Science and Technology 2017年4月5日 学生25名, 引率者1名

埼玉県立熊谷女子高等学校 2017年4月25日 学生5名, 引率者2名

都立戸山高等学校 2017年7月12日 学生50名, 引率者3名

富山県立魚津高等学校 2017年7月28日 学生31名, 引率者2名

富山県立富山高等学校 2017年8月1日 学生67名, 引率者4名





## 共同利用成果

- 報文、学会発表等 ●

## ●報文

Tezaki S, Iwama R, Kobayashi S, Shiwa Y, Yoshikawa H, Ohta A, Horiuchi H, Fukuda R. (2017)  $\Delta$ 12-Fatty acid desaturase is involved in growth at low temperature in yeast *Yarrowia lipolytica*. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 488: 165–170

Buchanan BB, Sirevag R, Fuchs G, Ivanovsky RN, Igarashi Y, Ishii M, Tabita FR, Berg IA. (2017) The Arnon-Buchanan cycle: a retrospective, 1966-2016. *Photosynth Res.*134:117-131.

Kameya M, Kanbe H, Igarashi Y, Arai H, Ishii M. (2017) Nitrate reductases in *Hydrogenobacter thermophilus* with evolutionarily ancient features: distinctive localization and electron transfer. *Mol Microbiol.* 106:129-141.

Kim K, Chiba Y, Kobayashi A, Arai H, Ishii M. (2017) Phosphoserine phosphatase is required for serine and one-carbon unit synthesis in *Hydrogenobacter thermophilus*. *J Bacteriol.* 199:e00409-17.

Kitadai N, Kameya M, Fujishima K. (2017) Origin of the reductive tricarboxylic acid (rTCA) cycle-type CO<sub>2</sub> fixation: a perspective. *Life.*;7:39.

Osamura T, Kawakami T, Kido R, Ishii M, Arai H. (2017) Specific expression and function of the A-type cytochrome c oxidase under starvation conditions in *Pseudomonas aeruginosa*. *PLoS One.* 12:e0177957.

Shomura Y, Taketa M, Nakashima H, Tai H, Nakagawa H, Ikeda Y, Ishii M, Igarashi Y, Nishihara H, Yoon K-S, Ogo S, Hirota S, Higuchi Y. (2017) Structural basis of the redox switches in the NAD<sup>+</sup>-reducing soluble [NiFe]-hydrogenase. *Science.* 357:928-932.

Terasaka E, Yamada K, Wang P-H, Hosokawa K, Yamagiwa R, Matsumoto K, Ishii S, Mori T, Yagi K, Sawai H, Arai H, Sugimoto H, Sugita Y, Shiro Y, Tosha T. (2017) Dynamics of nitric oxide controlled by protein complex in bacterial system. *Proc Natl Acad Sci USA.* 114:9888-9893.

Yamagiwa R, Kurahashi T, Takeda M, Adachi M, Nakamura H, Arai H, Shiro Y, Sawai H, Tosha T. (2018) *Pseudomonas aeruginosa* overexpression system of nitric oxide reductase for in vivo and in vitro mutational analyses. *Biochim Biophys Acta.* 1859:333-341.

Watanabe K, Guo W, Arai K, Takanashi H, Kajiya-Kanegae H, Kobayashi M, Yano K, Tokunaga T, Fujiwara T, Tsutsumi N, Iwata H. (2017) High-Throughput Phenotyping of Sorghum Plant Height Using an Unmanned Aerial Vehicle and Its Application to Genomic Prediction Modeling. *Front Plant Sci.* 28;8:421.

Sotta N. and Fujiwara T. (2017) Preparing thin cross sections of Arabidopsis roots without embedding. *BioTechniques*, 63: 281–283.

Sotta N, Duncan S, Tanaka M, Sato T, Marée A. F, Fujiwara T, Grieneisen V. A. (2017) Rapid transporter regulation prevents substrate flow traffic jams in boron transport. *eLife.* 6:e27038.

Uraguchi S, Tanaka N, Hofmann C, Abiko K, Ohkama-Ohtsu N, Weber M, Kamiya T, Sone Y, Nakamura R, Takanezawa Y, Kiyono M, Fujiwara T, Clemens S. (2017) Phytochelatin synthase has contrasting effects on cadmium and arsenic accumulation in rice grains. *Plant Cell Physiol.* pxc114.

Yang B, Onda Y, Ohmori Y, Sekimoto H, Fujiwara T, Wakiyama Y, Yoshimura K, Takahashi J, Sun X. (2017) Effect of topsoil removal and selective countermeasures on radiocesium accumulation in rice plants in Fukushima paddy field. *Sci Total Environ.* 5;603-604:49-56.

Duan G, Hakoyama T, Kamiya T, Miwa H, Lombardo F, Sato S, Tabata S, Chen Z, Watanabe T, Shinano T, Fujiwara T. LjMOT1, a high-affinity molybdate transporter from *Lotus japonicus*, is essential for molybdate uptake, but not for the delivery to nodules. (2017) *Plant J.* 90(6):1108-1119.

Nishida S, Kakei Y, Shimada Y, Fujiwara T. (2017) Genome-wide analysis of specific alterations in transcript structure and accumulation caused by nutrient deficiencies in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 91(4):740-753.

Watanabe K, Guo W, Arai K, Takanashi H, Kajiya-Kanegae H, Kobayashi M, Yano K, Tokunaga T, Fujiwara T, Tsutsumi N, Iwata H. High-Throughput Phenotyping of Sorghum Plant Height Using an Unmanned Aerial Vehicle and Its Application to Genomic Prediction Modeling. *Front. Plant Sci.* 28;8:421.

Li B, Kamiya T, Kalmbach L, Yamagami M, Yamaguchi K, Shuji S, Sawa S, Danku J.M.C, Salt D.E, Geldner N, Fujiwara T. (2017) Role of LOTR1 in nutrient transport through organization of spatial distribution of root endodermal barriers. *Curr. Biol.* 27:1-8

Tsuboi K, Shehzad T, Yoneda J, Uraguchi S, Ito Y, Shinsei L, Morita S, Rai H, Nagasawa N, Asari K, Suzuki H, Itoh R, Saito T, Suzuki K, Takano I, Takahashi H, Sakurai K, Watanabe A, Akagi H, Tokunaga T, Itoh M, Fujiwara T, Okuno K, Tsutsumi N, Satoh-Nagasawa N. (2017) Genetic Analysis of Cadmium Accumulation in Shoots of Sorghum Landraces. *Crop Sci.* 57:22-31

Abe K, Nakajima M, Yamashita T, Matsunaga H, Kamisuki S, Nihira T, Takahashi Y, Sugimoto N, Miyanaga A, Nakai H, Arakawa T, Fushinobu S, Taguchi H. (2017) Biochemical and structural analyses of a bacterial endo-beta-1,2-glucanase reveal a new glycoside hydrolase family. *J. Biol. Chem.* 292, 7487-7506.

Yamada C, Gotoh A, Sakanaka M, Hattie M, Stubbs KA, Katayama-Ikegami A, Hirose J, Kurihara S, Arakawa T, Kitaoka M, Okuda S, Katayama T, Fushinobu S. (2017) Molecular Insight into Evolution of Symbiosis between Breast-Fed Infants and a Member of the Human Gut Microbiome *Bifidobacterium longum*. *Cell. Chem. Biol.* 24, 515-524 e515.

Sato M, Liebschner D, Yamada Y, Matsugaki N, Arakawa T, Wills SS, Hattie M, Stubbs KA, Ito T, Senda T, Ashida H, Fushinobu S. (2017) The first crystal structure of a family 129 glycoside hydrolase from a probiotic bacterium reveals critical residues and metal cofactors. *J Biol Chem.* 292, 12126-12138.

Komiya D, Hori A, Ishida T, Igarashi K, Samejima M, Koseki T, Fushinobu S. (2017) Crystal Structure and Substrate Specificity Modification of Acetyl Xylan Esterase from *Aspergillus luchuensis*. *Appl. Environ. Microbiol.* 83.

Viborg AH, Katayama T, Arakawa T, Abou Hachem M, Lo Leggio L, Kitaoka M, Svensson B, Fushinobu S. (2017) Discovery of alpha-l-arabinopyranosidases from human gut microbiome expands the diversity within glycoside hydrolase family 42. *J. Biol. Chem.* 292, 21092-21101.

Matsuoka JI, Ishizuna F, Kurumisawa K, Morohashi K, Ogawa T, Hidaka M, Saito K, Ezawa T, Aono T. (2017) Stringent Expression Control of Pathogenic R-body Production in Legume Symbiont *Azorhizobium caulinodans*. *MBio.* 8, pii: e00715-17.

Siarot L, Toyazaki H, Hidaka M, Kurumisawa K, Hirakawa T, Morohashi K, Aono T. (2017) A Novel Regulatory Pathway for K<sup>+</sup> Uptake in the Legume Symbiont *Azorhizobium caulinodans* in Which TrkJ Represses the *kdpFABC* Operon at High Extracellular K<sup>+</sup> Concentrations. *Appl. Environ. Microbiol.* 83, pii: e01197-17.

Nosho K, Fukushima H, Asai T, Nishio M, Takamaru R, Kobayashi-Kirschvink KJ, Ogawa T, Hidaka M, Masaki H. (2018) cAMP-CRP acts as a key regulator for the viable but non-culturable state in *Escherichia coli*. *Microbiol.* 164, 410-419.

Hsu Y, Koizumi H, Otagiri M, Moriya S, Arioka M. (2018) Trp residue at subsite - 5 plays a critical role in the substrate binding of two protistan GH26 beta-mannanases from a termite hindgut. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 102:1737-1747.

Huynh HH, Ishii N, Matsuo I, Arioka M. (2018) A novel glucuronoyl esterase from *Aspergillus fumigatus*-the role of conserved Lys residue in the preference for 4-O-methyl glucuronoyl esters. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 102:2191-2201.

Lu Y, Ishikawa H, Kwon Y, Hu F, Miyakawa T, Tanokura M. (2018) Real-time monitoring of chemical changes in three kinds of fermented milk products during fermentation using quantitative difference nuclear magnetic resonance spectroscopy. *J. Agric. Food. Chem.* 66:1479-1487.

Ryu S, Koda M, Miyakawa T, Tanokura M. (2017) Quantitation of minor components in mango juice with band-selective excitation NMR spectroscopy. *J. Agric. Food. Chem.* 65:9547-9552.

Kodani Y, Miyakawa T, Komatsu T, Tanokura M. (2017) NMR-based metabolomics for simultaneously evaluating multiple determinants of primary beef quality in Japanese Black cattle. *Sci. Rep.* 7: 1297.

## ●国内学会発表等

### ■酵母遺伝学フォーラム第50回研究報告会

酵母 *Yarrowia lipolytica* の *n*-アルカンへの吸着と細胞形態に関する研究  
石丸千晶, 岩間亮, 堀内裕之, 福田良一

出芽酵母における Sec14 ファミリータンパク質による細胞内リン脂質輸送の解析  
水池彩, 小林新吾, 太田明德, 堀内裕之, 福田良一

小胞体からミトコンドリアへのステロールの輸送に関する研究  
田スチ, 堀内裕之, 福田良一

*n*-アルカン資化酵母 *Yarrowia lipolytica* の Sec14 ファミリータンパク質の機能解析  
渡邊夏仁, 水池彩, 堀内裕之, 福田良一

ラパマイシンに応答したリボソーム分解機構の解析  
山田陸翠, 赤川博文, 陣内凱, 島日佳理, 小川哲弘

### ■第17回糸状菌分子生物学コンファレンス

*Aspergillus nidulans* の形態形成におけるホスファチジルセリンデカルボキシラーゼの機能解析  
吉川阿佳里, 高城景子, 福田良一, 堀内裕之

Characterization of a glucuronoyl esterase (GE) from *Aspergillus fumigatus*: the role of Lys209 in the preference of 4-O-methyl group in the substrate

Hung Hiep Huynh, Nozomi Ishii, Ichiro Matsuo, and Manabu Arioka

■2017 年度生命科学系学会合同年次大会 (ConBio2017 : 第 40 回日本分子生物学会年会, 第 90 回日本生化学会大会)

Involvement of YISnf1p in the control of the hydrophobic substrate utilization and acetyl-CoA production in *Yarrowia lipolytica*  
Narisa Poonsub, Prapasiri Jantanee, Hiroyuki Horiuchi, Ryouichi Fukuda, Napapol Poopanitpan

ビフィズス菌由来のヒト糖鎖分解酵素の基質認識と触媒機構

伏信進矢, 山田千早, 佐藤真与, 後藤愛那, 荒川孝俊, 芦田久, 片山高嶺

*Xanthomonas* 属細菌由来 β-L-アラビノフラノシダーゼの結晶構造

澤野孝太, 丸山瞬, 荒川孝俊, 中村正幸, 石渡明弘, 伊藤幸成, 藤田清貴, 伏信進矢

■日本農芸化学会 2018 年度大会

酵母における小胞体からミトコンドリアへのステロールの輸送機構

田スチ, 太田明德, 堀内裕之, 福田良一

*Saccharomyces cerevisiae* における Sec14 ファミリータンパク質 Sfh1 によるホスファチジルセリンのオルガネラ間輸送機構の解析

水池彩, 小林新吾, 堀内裕之, 太田明德, 福田良一

n-アルカン資化性酵母 *Yarrowia lipolytica* の Sec14 ファミリータンパク質の機能解析

渡邊夏仁, 水池彩, 堀内裕之, 福田良一

新規 PKC 阻害剤 Z-705 の糸状菌特異性と既存 PKC 阻害剤との作用性比較解析

菅原亜寿美, 吉見啓, 庄司郁央, 中山真由美, 藤岡智則, 河合清, 萩原大祐, 片山琢也, 堀内裕之, 梅山秀明, 阿部敬悦

好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 が産生する硫黄粒子について

小倉一将, 亀谷将史, 新井博之, 石井正治

好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* OCh114 における LOV-HK の機能解析

山本麻衣子, 石井正治, 新井博之

伝統的純米壺造り黒酢醸造における熟成期の網羅的解析

渡辺紳太, 青柳智, 堀知行, 藤井暁, 長野正信, 亀谷将史, 新井博之, 石井正治

絶対独立栄養性細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 におけるアミノ酸取り込み

小林あずさ, 金克泰, 亀谷将史, 新井博之, 石井正治

緑膿菌の cbb3 型シトクロム c 酸化酵素の機能解析

木戸玲子, 石井正治, 新井博之

Aquificae-type のヒドロゲナーゼの機能解析

河野岳, 亀谷将史, 新井博之, 石井正治

*Comamonas testosteroni* TA441 の末端酸化酵素の発現制御

新井凌, 石井正治, 新井博之

Acetobacter 属細菌で複製可能なプロモーター検索ベクターの開発

中村匡, 石井正治, 新井博之

ヒト血清アルブミンの糖化を抑制するスパイス・ハーブの成分同定

小塚瑞己, ピピョー ナイン, 盧翌, 片山幸江, 鈴木道生, 永田宏次

Screening for infection inhibitors of human norovirus GII.17 from food ingredients

Li Li, Tomoki Shojima, Yi Lu, Yukie Katayama, Michio Suzuki, Hiroshi Kawakami, Koji Nagata

翻訳装置によるホウ素感知と輸送体発現制御 Boron sensing by translational machinery and regulation of transporter expression

三輪京子, 藤原徹

Pseudomonas putida との相互作用で変化する Klebsiella oxytoca の窒素固定能の動態の解析  
吉留大輔, 近藤佐紀, 日高真誠

普遍的リボヌクレアーゼ RNase T2 の哺乳動物における機能解析  
小川哲弘, 岩本京夏, 隅倉敦美, 内田萌菜, 藤井渉, チェンバーズ ジェームズ, 米澤智洋, 日高真誠, 角田茂

シロアリ腸内共生細菌由来 GH11 キシラナーゼの生産と機能解析  
北本真理奈, 徳田岳, 渡辺裕文, 有岡学

糸状菌分泌型ホスホリパーゼ A2 (PLA2) の持つ PLA1 活性と生理機能の解析  
笹原大志, 宮川拓也, 大塚淳, 吉野龍ノ介, 寺田透, 田之倉優, 有岡学

■第 18 回酵素応用シンポジウム

緑膿菌のストレス耐性に関わる *cbb3* 型シトクロム c 酸化酵素の機能解析  
新井博之

■酢酸菌研究会第 9 回研究集会, 酢酸菌で利用可能なプロモーター検索ベクターの開発  
中村匡, 石井正治, 新井博之

■第 69 回日本生物工学会大会

好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* の排出する香気成分と硫黄代謝についての研究  
中山宗一郎, 白須未香, 小倉一将, 新井博之, 東原和成, 石井正治

New molecular tools for selective determination of amino acids in biological samples  
亀谷将史

■平成 29 年度農学生命科学研究科研究交流会  
炭酸固定代謝から見る TCA 回路の進化的起源  
亀谷将史

■ELSI 6th International Symposium

Multifunctionality at the root of carbon fixation and reconstruction of the ancestral state  
亀谷将史

■第 32 回バイオテクノロジー懇談会

化学独立栄養微生物の生化学  
石井正治

■2017 ホウ素栄養研究会 大阪府立大学

ホウ素依存的なリボソーム停滞を介した NIP5;1 の発現制御機構  
田中真幸

ホウ素依存的な NIP5;1 の発現制御に異常のある変異株の解析  
五味寛子

Trial to examine possible regulation through AUG-UAA in yeast  
Mugi Tsednee

栄養応答におけるリボソームの動態解析  
福田寛史

ホウ素輸送体の細胞層特異的発現の効果  
福田牧葉

Effect of BOR3 on plant growth and boron distribution  
川田ゆかり

数理モデルによる BOR3 の役割の推定とホウ素過剰ストレスによる根の伸長抑制機構の解明

反田直之

A proposal of the analysis of the role of SKU5 in boron nutrition  
Saul Sotomayor Leyton

RNA splicing associated protein AQR1 is essential for excess-boron tolerance in Arabidopsis, Identification and Characterization of Arabidopsis low-boron tolerance SLBR mutant  
李克

■第 19 回日本 RNA 学会年会 富山

高濃度ホウ素存在下によって最小 open reading frame で停止したリボソームの生化学的解析  
田中真幸, 横山武司, 重松秀樹, 笠井光治, 竹本千重, 内藤哲

■日本土壌肥料学会 2017 年度仙台大会 東北大学

ハイパースペクトルカメラを用いた元素動態の可視化技術の確立  
神谷岳洋

窒素利用効率が改善されたイネ変異体の解析  
吉田紗貴

フィールドで栽培したダイズ成熟葉のイオノーム解析  
大森良弘

RNA splicing associated protein AQR1 is essential for excess-boron tolerance in Arabidopsis root  
Li Ke

A study of high Co and Ni mutant of rice isolated by ionome screening  
Kan Manman

SMU1 and SMU2 mediate MRS2-7 pre-mRNA splicing and are required for low Mg tolerance in Arabidopsis  
馮志航

イネ OsTTA は複数の金属輸送体を正に制御する, 金属吸収に必須な因子である  
田中伸裕

シロイヌナズナ CASP に相同な遺伝子に変異を持つイネ系統におけるアポプラスト障壁の解析  
立花悠斗

■第 3 回植物の栄養研究会 東京工業大学

栄養応答と翻訳制御  
藤原徹

カルモジュリン結合受容体様細胞質キナーゼを介したイネの栄養吸収機構の研究  
寺本翔太

ヒトメボレ EMS 変異集団を用いたイネ栄養屈性変異体のスクリーニング  
新井由紀

窒素欠乏条件におけるイネの開花促進機構の解明  
田中伸裕

Ionomic screening of EMS-mutagenized rice  
神谷岳洋

RNA splicing associated protein AQR1 is essential for excess-boron tolerance in Arabidopsis root  
李克

A study of high Co and Ni mutant of rice isolated by ionome screening  
閔慢慢

SMU1 and SMU2 mediate MRS2-7 pre-mRNA splicing and are required for low Mg adaptation in Arabidopsis  
馮志航

ダイズ成熟葉のイオノームによる生育環境および植物成長の予測  
大森良弘

ホウ素輸送体の組織特異的発現の効果  
福田牧葉

GWAS を利用した玄米中の元素濃度を制御する遺伝子の同定  
松本明日香

栄養応答におけるリボソームの動態  
福田寛史

窒素の利用効率が改善されたイネ変異体の解析  
吉田紗貴

栄養屈性の発見  
山崎清志

ホウ素過剰ストレスによる根の生育不良は NADPH oxidase RBOHC を介した成長制御である  
反田直之

BOR3 が植物の生育に及ぼす影響の観察  
川田ゆかり

網羅的遺伝子発現解析からみたイネアデノシンキナーゼ (OsADK1) の機能性  
奥村啓史

Function of suberin at lateral root emergence sites  
山口大地

■日本育種学会平成 29 年度秋季大会 岩手大学  
トランスクリプトームとイオノームによるイネ低硝酸吸収突然変異体の特徴解析  
寺本翔太, 大森良弘, 長谷川博, 藤原徹

■日本育種学会第 133 回講演会 九州大学  
イネ品種ハバタキの多収遺伝子座, Gn1a, SCM2, qSUP8 の窒素施肥に応じた収量構成要素への影響  
寺本翔太, 藤原徹

■第 59 回日本植物生理学会 北海道大学  
A study of high Co and Ni mutant of rice isolated by ionome screening  
Kan Manman

Possible boron-mediated regulation of translation through AUGUAA sequence in yeast  
Mugi Tsednee

Tissue specific expression of boron transporter reveals different roles of cell-types in overall boron transport  
福田牧葉

A 26S proteasome subunit RPT5A is essential for normal leaf development under zinc deficiency  
反田直之

SMU1 and SMU2 mediate MRS2-7 pre-mRNA splicing and are required for low Mg adaptation in Arabidopsis thaliana  
馮志航

シロイヌナズナのホウ素輸送体 NIP5;1 における AUGUAA 配列を介したホウ素依存的な mRNA 分解に伴った転写制御機構の可能性  
田中真幸

OsNLP4 is a key gene regulating growth under nitrate condition in rice

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

The mechanism of flowering promotion under nitrogen deficient condition in rice

Nobuhiro Tanaka and Toru Fujiwara

■日本応用糖質科学会近畿支部特別国際シンポジウム 大阪

Structure and function of novel enzymes from Bifidobacteria

Shinya Fushinobu

■第 160 回日本獣医学会学術集会

新規免疫異常疾患モデルとしての分泌型非特異的リボヌクレアーゼ欠損マウス

角田茂, 小川哲弘, 藤井渉, チェンバーズ ジェームズ, 岩本京夏, 秋津葵, 村山正承, 小川修平, 中山裕之, 岩倉洋一郎, 久和茂

■第 12 回遺伝子栄養学研究会学術集会

遺伝子改変マウスを用いた分泌型非特異的リボヌクレアーゼを介した核酸代謝による免疫恒常性維持機構の解析

角田茂, 小川哲弘, 藤井渉, チェンバーズ ジェームズ, 岩本京, 秋津葵, 村山正承, 小川修平, 中山裕之, 岩倉洋一郎, 久和茂

■第 64 回日本実験動物学会総会

分泌型非特異的リボヌクレアーゼ遺伝子欠損マウスは免疫異常を呈する

角田茂, 小川哲弘, 藤井渉, チェンバーズ ジェームズ, 餅井眞太郎, 平林美幸, 秋津葵, 村山正承, 中山裕之, 岩倉洋一郎, 久和茂

■第 16 回微生物研究会

「低温気が条件で誘導される VBNC 化」を起こさない大腸菌変異株の表現型の解析

西尾優宏, 小川哲弘, 正木春彦, 日高真誠

*Pseudomonas putida* KT2440 との共存で変化する窒素固定細菌 *Klebsiella oxytoca* NG13 の窒素固定動態の解析

吉留大輔, 近藤佐紀, 鶴沼廣太郎, 日高真誠

## ●国際学会発表等

■American Society for Cell Biology 2017 Annual Meeting

Evaluation of sterol transport from the endoplasmic reticulum to mitochondria in *Saccharomyces cerevisiae*

S. Tian, A. Ohta, H. Horiuchi, R. Fukuda

■EMBO Conference: Eukaryotic RNA turnover

Regulation of a plant mineral nutrient transporter expression through substrate-dependent mRNA degradation induced by ribosome stall at the AUG-Stop sequence in the 5' UTR of the Arabidopsis thaliana NIP5;1 transcript

Toru Fujiwara

■EMBO Conference: Protein Synthesis and Translational Control, Heidelberg, Germany

Ribosome stall at AUG-Stop -Regulation of boron dependent Arabidopsis thaliana NIP5;1 transcript accumulation through boron induced ribosome stall-

Toru Fujiwara

■南京土壤研究所シンポジウム China-Japan Symposium on Rhizosphere Cross-talk, 上海, 中国

Analysis of genes required for magnesium homeostasis through characterization of low-magnesium-sensitive Arabidopsis thaliana.

馮志航, 藤原徹

Genetic mapping and basic characterization of a rice mutant with low nitrate uptake ability

寺本翔太, 藤原徹

■12th Carbohydrate Bioengineering Symposium, Wien, Austria

Structure of LnbX lacto-N-biosidase from Bifidobacterium longum and its indispensability for growth on human milk oligosaccharides

Chihaya Yamada, Aina Goto, Mikiyasu Sakanaka, Junko Hirose, Shin Kurihara, Takatoshi Arakawa, Motomitsu Kitaoka, Takane Katayama and Shinya Fushinobu



■SLU special seminar Uppsala, Sweden

Structural basis for human milk oligosaccharide degradation by bifidobacteria: Symbiosis between breast-fed infants and beneficial gut microbes

Shinya Fushinobu

■The 5th International Life-Science Symposium for young scientists, 札幌

Fascinated by the diversity of enzymes

伏信進矢

●総説等

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

伏信進矢 (2017) 実用的オリゴ糖合成の可能性を秘めた糖質関連酵素の立体構造. *Int. J. Microgravity Sci. Appl.* 34, p340109.

山田千早, 片山高嶺, Mitchell Hattie, Keith A. Stubbs, 荒川孝俊, 伏信進矢 (2017) 新規ファミリーに属するピフィズ菌由来ラクト-N-ビオシダーゼの立体構造. *応用糖質科学*. 7, 63-68.

阿部紘一, 佐藤真与, 荒川孝俊, 伏信進矢 (2017) 新規な糖質分解酵素の立体構造を決定して分かったこと 平成28年度東京大学低温センター年報. 8, 26-31.

宮川 拓也, 田之倉 優 (2017) 和牛肉の肉質・熟成評価のための NMR メタボロミクス. 平成28年度低温センター年報. 46-49.

Fukuda R and Ohta A. Enzymes for aerobic degradation of alkanes in yeasts. (2018) In: Rojo F, editor. *Aerobic Utilization of Hydrocarbons, Oils and Lipids, Handbook of Hydrocarbon and Lipid Microbiology*. Basel: Springer; in press.

Fukuda R and Ohta A. Genetic features and regulation of n-alkane metabolism in yeasts. (2018) In: Rojo F, editor. *Aerobic Utilization of Hydrocarbons, Oils and Lipids, Handbook of Hydrocarbon and Lipid Microbiology*. Basel: Springer; in press.

●教員および学生の受賞

新井博之: 第18回酵素応用シンポジウム研究奨励賞

阿部紘一: 平成29年度東京大学大学院農学生命科学研究科研究科長賞

佐藤真与: 2017年度酪農科学シンポジウム若手優秀ポスター賞

●学位論文

■博士論文

水池彩 *Saccharomyces cerevisiae* におけるオルガネラ間リン脂質輸送機構の研究 (指導教員 堀内裕之)

田思琪 Study on interorganellar sterol transport in *Saccharomyces cerevisiae* (酵母におけるオルガネラ間ステロール輸送機構に関する研究) (指導教員 堀内裕之)

小倉一将 The metabolism of thiosulfate in *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 (*Hydrogenobacter thermophiles* TK-6 のチオ硫酸代謝) (指導教員 石井正治)

盧翌 Quantitative Analysis and Metabolic Profiling of Organic Compounds in Traditional Functional Foods by NMR Spectroscopy (NMRによる伝統的機能性食品の成分定量分析及びメタボリックプロファイリング) (指導教員 永田宏次)

二宮章洋 Studies on structures and physiological function of surugamides produced by marine *streptomycetes* (*Streptomyces* 属海洋放線菌が生産するスルガミド類の構造と生理機能に関する研究) (指導教員 松永茂樹)

阿部紘一  $\beta$ -1,2-グルカンの代謝に関わるタンパク質の構造生物学的研究 (指導教員 伏信進矢)

納庄一樹 細菌の寒天培地でのコロニー形成への脂肪酸の関与とその応用 (指導教員 日高真誠)

Huynh Hiep Hung Studies on the enzymatic properties and physiological functions of fungal glucuronoyl esterases (指導教員 吉田稔)

■修士論文

石丸千晶 二形性酵母 *Yarrowia lipolytica* における n-アルカンへの吸着と細胞形態制御に関する研究 (指導教員 堀内裕之)

吉川阿佳里 糸状菌 *Aspergillus nidulans* の菌糸生長・形態形成における膜リン脂質の役割に関する研究 (指導教員 堀内)

裕之)

原万里穂 酵母 *Yarrowia lipolytica* の n-アルカン代謝におけるリン脂質と脂質輸送タンパク質に関する研究 (指導教員 堀内裕之)

楊帆 糸状菌におけるプロテインキナーゼ C による二次代謝産物合成制御機構の解析 (指導教員 堀内裕之)

木戸玲子 緑膿菌のエネルギー代謝に関する遺伝子の機能解析 (指導教員 石井正治)

河野岳 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 の可溶性ヒドロゲナーゼに関する研究 (指導教員 石井正治)

小林あずさ *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 の独特な性質に関する研究 (指導教員 石井正治)

渡辺紳太 伝統的壺造り純米黒酢醸造における熟成期の菌叢解析 (指導教員 石井正治)

ピィ ピョーニン 精油中の抗糖化活性物質の特定およびその作用機構の解析 (指導教員 永田宏次)

黎黎 A novel method for screening food components with anti-norovirus GII.17 Kawasaki 308 activity (抗ノロウイルス GII.17 Kawasaki 308 活性を有する食品成分の新規スクリーニング法の確立) (指導教員 永田宏次)

新井由紀 栄養屈性関連遺伝子の探索と栄養屈性の生理的解析と環境影響評価 (指導教員 藤原徹)

Qiongyao Wu Identification of novel genes involved in low-Mg tolerance in *Arabidopsis thaliana* through analysis of low-Mg sensitive mutants (指導教員 藤原徹)

奥村啓史 イネの栄養応答におけるアデノシンキナーゼ (OsADK1) の機能に関する研究 (指導教員 藤原徹)

吉田紗貴 変異株解析とゲノムワイド関連解析を用いたイネの低栄養耐性に関する研究 (指導教員 藤原徹)

和田京子 アミン作動性受容体の結晶構造解析に向けた研究 (指導教員 伏信進矢)

佐藤優太 催涙因子合成酵素の構造・機能解析 (指導教員 伏信進矢)

田沼正成 ピルビン酸化ガラクトース含有糖鎖分解酵素の構造解析 (指導教員 伏信進矢)

岩本京夏 RNase T2 欠損に由来する免疫異常誘導機構の解析 (指導教員 日高真誠)

隅倉敦美 哺乳動物細胞における RNase T2 の生理機能解析 (指導教員 日高真誠)

吉留大輔 生物肥料としての機能解明に向けた *Klebsiella oxytoca* NG13 の窒素固定能の動態解析 (指導教員 日高真誠)

北本真理奈 シロアリ腸内共生微生物由来バイオマス分解酵素の生産と機能解析 (指導教員 吉田稔)

笹原大志 糸状菌由来分泌型ホスホリパーゼ A2 の機能解析 (指導教員 吉田稔)

#### ■卒業論文

石原太郎 *Yarrowia lipolytica* において n-アルカンによって転写誘導されるホスホリパーゼ A1 の生理機能に関する研究 (指導教員 堀内裕之)

大野木真行 麹菌 *Aspergillus oryzae* において菌糸の極性生長に影響を与える遺伝子の改変によるタンパク質高分泌株育種 (指導教員 堀内裕之)

水谷奈央子 酵母 *Saccharomyces cerevisiae* における細胞内ステロール輸送とその制御機構に関する研究 (指導教員 堀内裕之)

浅野泰英 好熱性水素細菌 *Hydrogenobacter thermophilus* TK-6 株における Fd1 還元反応の同定 (指導教員 石井正治)

関口礼都 好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* OCh114 株のエネルギー代謝調節に関する研究 (指導教員 石井正治)

坪浦諒子 *Pseudomonas aeruginosa* におけるシアン応答遺伝子群の機能解析 (指導教員 石井正治)

小塚瑞己 ヒト血清アルブミンの糖化を抑制する香辛料の成分同定 (指導教員 永田宏次)

川田ゆかり シロイヌナズナの根における BOR1 の二層発現及び bor5 変異株の観察を通じた BOR5 の機能の探索 (指導

教員 藤原徹)

中田真太郎 シロイヌナズナにおけるホウ素欠乏耐性変異株の解析およびホウ素過剰超感受性変異株の復帰変異株の解析  
(指導教員 藤原徹)

鵜沼廣太郎 *Klebsiella oxytoca* NG13 の窒素固定能に関する研究 (指導教員 日高真誠)

西晃平 ラパマイシンに応答した出芽酵母リボソームタンパク質の分解機構の解析 (指導教員 日高真誠)