

令和5(2023)年度学術変革領域(A)

植物気候フィードバック

BVOC 気候調節



令和6年度 第1回領域会議・若手の会 ご案内・要旨集

日程：2024年3月4日(月)午後～6日(水)午前中迄

場所：シーガイアコンベンションセンター・シェラトングランデオーシャンリゾート

<https://www.plant-climate-feedback.com>



貸切バスをご利用の場合

！ 平日は空港からシーガイアまでの直行便はありません！
貸切バスをご利用ください。

貸切バス (大型) 宮崎交通・(中型) みやざき高山観光バス

宮崎空港 / バス乗降場所地図

往路



「コンベンションセンター1F 玄関前」で乗車して下さい

復路



3月6日会議終了後、シーガイア・コンベンションセンター1F 玄関前送迎バス発着所よりご乗車ください。

案内図はこちらからご覧下さい

電車とバスをご利用の場合

！ 平日は空港からシーガイアまでの直行便はありません！
JR宮崎駅西口2番乗り場からバスに乗り換えてください。

宮崎市内線 宮崎交通

「JR宮崎駅西口2番」から乗車して下さい

往路



路線番号

16 「シェラトングランデ」で降車して下さい

行先

宮崎駅 → 波島・雁ヶ音・波島経由江田神社・動物園・シーガイア

時刻表はこちら

路線番号

18 18-1 「シェラトングランデ」で降車して下さい

行先

宮崎駅～青葉町経由シーガイア、宮崎空港～シーガイア

時刻表はこちら

シーガイアリゾートエリアマップ



「シェラトングランデ」でバスを降車されたら、口頭発表会場の
コンベンションセンター 3F「海峰」まで直接お越し下さい。

詳しい地図はこちらをクリックするとご覧いただけます

各会場のご案内

口頭発表会場・特別セミナー／ 3月4日(月)～6日(水)

シーガイアコンベンションセンター／
3F「海峰」

「海峰」への行き方

ポスター会場／ 3月5日(火)

シーガイアコンベンションセンター／
3F「瑞洋」

「瑞洋」への行き方

フリーディスカッション会場／ 3月4日(月)・5日(火)

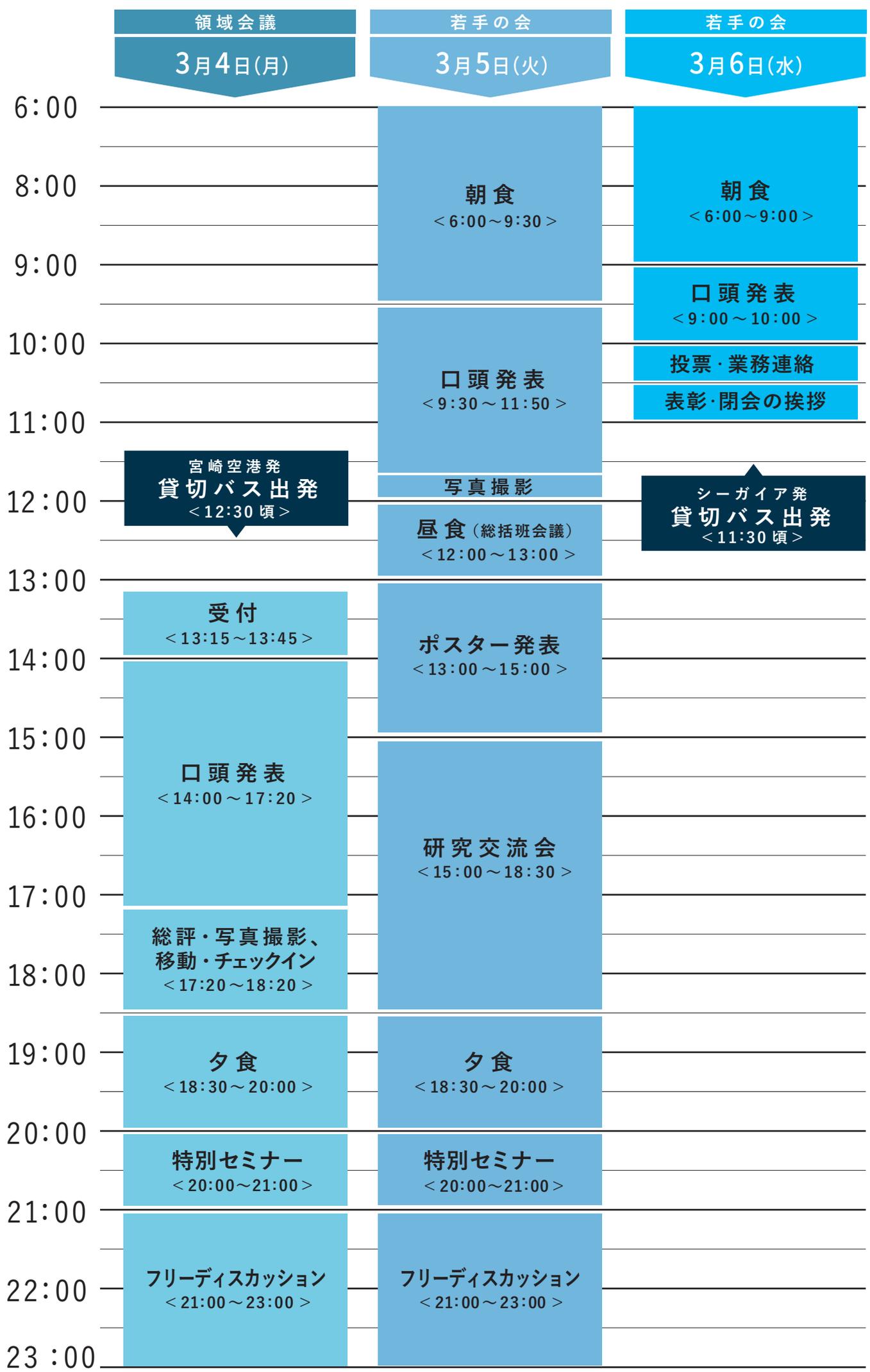
シェラトン・グランデ・オーシャンリゾート／
5F「マーズ」

「マーズ」への行き方

総括班会議会場／ 3月5日(火)

シーガイアコンベンションセンター／
4F「マール」

「マール」への行き方



13:15 - 13:45 受付

座長・須藤

Section 1

14:00 - 14:30

A01

佐竹班

Section 2

14:30 - 15:00

B02

塩尻班

15:00 - 15:10

休憩

座長・永野

Section 3

15:10 - 15:40

B01

関本班

Section 4

15:40 - 16:10

B03

須藤班

16:10 - 16:20

休憩

座長・陶山

Section 5

16:20 - 16:50

A03

山口班

Section 6

16:50 - 17:20

A02

永野班

17:20 - 17:50

総評・写真撮影

17:50 - 18:30

チェックインアナウンス・移動

18:30 - 20:00

夕食

コンベンションセンター
2F オーチャード

20:00 - 21:00

特別セミナー 1

コンベンションセンター
3F 海峰

21:00 - 23:00

フリー
ディスカッションオーシャンリゾート
5F マーズ

第2日目

3月5日(火) 若手の会 口頭発表

コンベンションセンター
3F 海峰

発表 7分 質疑応答 2分 移動 1分

座長・工藤

- 9:30 — 永野班 永壽 暖 (慶應義塾大学) … 1
「イネの遺伝子発現量予測におけるサンプリング条件の影響解析」
- 9:40 — 山口班 澤 ひかる (奈良先端科学技術大学院大学) … 2
「熱と低分子化合物による脱春化」
- 9:50 — 関本班 福山 大輔 (横浜市立大学) … 3
「衝突誘起解離質量分析を用いたモノテルペン酸化物の官能基解析」

座長・関谷

- 10:00 — 須藤班 何 彦峰 (名古屋大学) … 4
「The effects of lightning-produced NOx on terrestrial ecosystems」
- 10:10 — 佐竹班 社川 武徳 (九州大学) … 5
「受精遅延はマテバシイの春咲・秋咲の花間での受精の同調を促進する」
- 10:20 — 山口班 宮嶋 渚 (奈良先端科学技術大学院大学) … 6
「転写因子HSFA2のバリエントによる高温応答制御機構の解析」

10:30 — 10:40 休憩

座長・田島

- 10:40 — 永野班 李 俊男 (龍谷大学 (京都大学)) … 7
「花の表面微細構造が送粉者の閉じ込め/解放を制御する:ウマノスズクサにおける検討」
- 10:50 — 関本班 大江 沙紀 (横浜市立大学) … 8
「Vanillin 構造異性体の質量分析」
- 11:00 — 山口班 長森 愛純 (奈良先端科学技術大学院大学) … 9
「シロイヌナズナMYB 遺伝子による蜜腺発生制御機構の解明」

座長・前田

- 11:10 — 関本班 錦戸 悠斗 (横浜市立大学) … 10
「大気圧コロナ放電イオン化質量分析によるリンゴ発散香気成分のプロファイリング」
- 11:20 — 永野班 新屋 和花 (京都大学) … 11
「セリ科植物アシタバにおける三環性クマリン類代謝の解析」
- 11:30 — 塩尻班 辻井 悠希 (森林総合研究所) … 12
「機能間のリン分配から葉機能を予測する」
- 11:40 — 永野班 小坂 青空 (京都大学) … 13
「コナラ属植物のイソプレン生産・非生産機構の解明」

11:50 — 写真撮影

12:00 — 13:00 昼食 (総括班会議)

13:00～ ポスター番号が奇数の方

14:00～ ポスター番号が偶数の方

塩尻班	河崎 有希 (東北大学) 「ヨーロッパおよび日本の針葉樹林における枯死木の菌類群集と腐朽型の地理的分布」	… 1
塩尻班	田口 裕哉 (東北大学) 「邦産ビャクシン属ネズミサシ節種群の網羅的分子系統地理解析」	… 2
塩尻班	濱野 公輔 (東北大学) 「木材腐朽菌 <i>Phanerochaete velutina</i> における細胞間Caシグナル伝達の可視化」	… 3
塩尻班	濱津 幸大 (東北大学) 「植物標本及び森林土壌より抽出した植物 DNA の分析手法の検討」	… 4
塩尻班	千葉 あおい (東北大学) 「腐朽菌の多様性が木材分解速度に与える影響」	… 5
塩尻班	李 欣彤 (東北大学) 「Decomposition Characteristics of Typical Vegetation Litter in the Mount Segrila and its Influencing Factors」	… 6
関本班	永田 遥輝 (横浜市立大学) 「Ibuprofen とその類似体の負イオン質量分析」	… 7
山口班	藤原 有矢 (奈良先端科学技術大学院大学) 「シロイヌナズナの LRH1 による高温応答制御機構の解明」	… 8
永野班	三藤 陵根 (滋賀大学) 「野外環境下の植物の遺伝子発現予測のための気象モデルの活用」	… 9
永野班	松下 修平 (京都大学) 「ミカン科のテルペン・フェノール代謝を担うプレニル化酵素群の分子進化」	… 10
塩尻班	鍵谷 進乃介 (京都大学) 「Genetic Variation in the Riparian Foundation Tree Predicts Arthropod Community Structure in Wild」	… 11
塩尻班	土居 健央 (京都大学) 「植物の揮発性化学物質の多様性と緯度クライン」	… 12
永野班	市川 公康 (京都大学) 「ミカン科独自のクマリン生産機構の解明に向けたトランスクリプトーム解析」	… 13
永野班	富田 敦幹 (慶應義塾大学) 「サリチル酸 / ジャスモン酸 - 濃度依存的な植物の転写応答の解析」	… 14
山口班	本郷 達也 (奈良先端科学技術大学院大学) 「シロイヌナズナの HSFAファミリーによる高温応答制御機構の解明」	… 15
佐竹班	廣瀬 草太郎 (九州大学) 「BVOCを介した植物個体内・個体間シグナル伝達の進化条件」	… 16
山口班	宇津木 一陽 (奈良先端科学技術大学院大学) 「シロイヌナズナ野生系統における雑種強勢候補遺伝子欠損株の作製とその解析」	… 17
関本班	太田 有紀 (東京大学) 「針葉樹のための簡易な BVOCs 採取法とその応用」	… 18

第2日目

3月5日(火) 若手の会

15:00 - 18:30 研究交流会

18:30 - 20:00 夕食

コンベンションセンター
2F オーチャード

20:00 - 21:00 特別セミナー 2

コンベンションセンター
3F 海峰

21:00 - 23:00 フリーディスカッション

オーシャンリゾート
5F マーズ

- 第2日目終了 -

第3日目

3月6日(水) 若手の会 口頭発表

コンベンションセンター
3F 海峰

発表 7分 質疑応答 2分 移動 1分

座長・福山

9:00 - 佐竹班 工藤 秀一 (九州大学)
「ブナ科樹木の比較発現解析で明らかにする季節的な発現同調のメカニズム」 ... 1

9:10 - 須藤班 関谷 高志 (海洋研究開発機構)
「地球システムモデルを用いた気候-BVOC-大気化学フィードバックの評価」 ... 2

座長・新屋

9:20 - 佐竹班 萩原 幹花 (九州大学)
「樹木における植物間コミュニケーション - 森林レベルへの挑戦 -」 ... 3

9:30 - 佐竹班 田島 直幸 (かずさDNA研究所)
「日本固有種のブナ科のゲノム解析」 ... 4

9:40 - 永野班 前田 太郎 (慶應義塾大学)
「盗葉緑体現象により、他種生物中で維持される葉緑体代謝経路」 ... 5

9:50 - 優秀ポスター発表賞・優秀口頭発表賞受賞者発表
閉会の挨拶・事務連絡

11:30 - 貸切バス出発

こちらをクリックするとフォームページが表示され投票ができます

優秀口頭発表賞・優秀ポスター発表賞の投票はこちらから

この投票システムは Google フォームを利用しているため、予め Google のアカウントでログインしていただく必要があります。皆様のご理解とご協力をお願いいたします。



こちらからもアクセスできます

A01 植物フェノロジーを支配する遺伝子制御機構

研究代表者：佐竹 暁子

研究分担者：永濱 藍・谷 尚樹・磯部 祥子・平川 英樹

研究協力者：中村 彰宏・小杉 緑子・楠見 淳子・野下 浩司・佐々木 江理子

< 研究目的 >

地球上には長い冬をもつ高緯度地域から年中温暖な熱帯地域まで多様な環境が存在し、各地域に生息する植物の活動が地球環境に影響を及ぼしている。現在、地球温暖化によって植物の季節活動（フェノロジー）に深刻な影響が生じている。温暖化に対して植物がどこまで順応可能か？この問いに答えるために、本研究では森林生態系の優占樹種を対象に緯度縦断的な網羅的遺伝子発現（分子フェノロジー）の観測を実施し、植物の順応限界を遺伝子レベルで推定することを目的とする。

< 研究結果・進捗 >

1) ブナ科を対象としたゲノム構造と BVOC 生合成遺伝子の比較

ブナ科は過去数千万年の間に多様化した森林生態系の優占種であり、世界に1000種以上存在する。そのうち、コナラ属の落葉樹種はイソプレンやその他テルペン類を多く放出することが明らかとなっているが、BVOC 生合成に関与する遺伝子数・ゲノム上の位置、そして種間相違についてはわかっていない。コナラ属アラカシ (*Quercus glauca*)、マテバシイ属マテバシイ (*Lithocarpus edulis*)、ヨーロッパナラ (*Q. rober*) とヨーロッパブナ (*Fagus sylvatica*) のゲノム構造を比較したところ、コナラ属とマテバシイ属では高い保存性が示されたがブナ属においては染色体の再編成が生じ他属とは大きくゲノム構造が異なることが明らかとなった。テルペン合成酵素 (TPS) 遺伝子を対象に分析を進めた結果、アラカシとマテバシイでそれぞれ67、50 遺伝子が同定され、シロイヌナズナ (32) やトマト (34) と比較すると多くの TPS 遺伝子が存在することがわかった。特に、セスキテルペン生合成に関与する TPS-bファミリーの遺伝子において、顕著な多様化がみられた。両種において同定されたイソプレン合成酵素遺伝子 (ISPS) には、活性に重要役割を果たす箇所に変異が生じていることが明らかとなった。

2) フェノロジーを支配する遺伝子発現情報（分子フェノロジー）の取得・分析

TPS 遺伝子を含んだ全遺伝子を対象に、ブナ科10種、フタバガキ科3種において緯度縦断的な分子フェノロジーデータを取得中である。本発表では、福岡県照葉樹林のコナラ属 (アラカシ、アカガシ)、マテバシイ属 (マテバシイ、シリブカガシ) を対象にした2年分の分子フェノロジーデータを紹介する。各種1コピー存在するオルソログ (全遺伝子の約50%) を対象にした葉・芽・花組織の分子フェノロジーは、種間より組織間の相違が顕著であり特に葉は芽・花とは大きく異なる発現プロファイルを示したが、芽と花では冬の遺伝子発現プロファイルは系統の離れた種間で高く保存されていた。BVOC 生合成に関与する遺伝子群の季節的発現動態についても紹介する。

3) ブナ科6種の新規ゲノム解読

コナラ、アカガシ、ミズナラ、シリブカガシ、スダジイ、カクミガシのゲノム解読を実施した。各種のゲノム配列 (Hifiリード) を取得し、Hifiasmによりアセンブルを行った。得られたコンティグ配列を公開されているアベマキゲノム配列上に整列化し、各種において染色体レベルのスキファールド配列を得た。配列の構造を比較したところ、カクミガシのゲノム配列は他の5種と最も異なっていることが明らかとなった。現在構築したゲノム配列に対し遺伝子予測を実施している。

< 将来の展望 >

次年度は、熱帯季節林、熱帯雨林を調査地とした分子フェノロジーデータを充実させ、高緯度地域から年中温暖な熱帯地域まで多様な環境下で示す植物の応答を比較分析する。また、領域内連携をさらに進め、BVOC 放出フェノロジー、BVOC 生合成遺伝子の分子フェノロジー、そしてヒストン修飾等エピゲノム情報を統合した分析に着手したい。

< 領域に提供・共同研究が可能な実験・解析技術の紹介 >

- 1) ゲノム解析・遺伝解析・系統解析
- 2) 科博温室利用・熱帯調査地の活用
- 3) 数理モデリング

B02 生物間相互作用による BVOC の改変

研究代表者：塩尻 かおり

研究分担者：山尾僚・韓慶民・陶山佳久・松岡俊将

< 研究目的 >

森林の BVOC の季節変動と食害による変動を明らかにすることと、BVOC を介した生物間相互作用の実態、特に、森林構成樹木種内・種間のコミュニケーションを半野外・自然林において明らかにすることを目的とする。

< 研究結果・進捗 >

1) 調査地の設定

白神山地（ミズナラ林）・川渡フィールドセンター（ブナ林）・苗場山（ブナ林）の3箇所を調査地と設定し、各調査地において毎木調査を行なった。また、タワー設置場所を決定した。川渡においては、調査地内の全ブナ成木を対象として個体間の遺伝的近縁性データを取得し、コミュニケーションの強さとの関係を解析するための基盤データを構築した。



2) 昆虫群集の把握とその手法開発

苗場調査地の2箇所、1100m試験地では樹冠基部、900m試験地では樹冠基部と上部に衝突版昆虫トラップを設置し昆虫の発生活消長を定期的に調査した。その結果、標高または樹冠の垂直位置によって昆虫の種類及び個数が異なることが明らかになった。現在、より簡便な昆虫群集法を開発すべく、衝突版トラップに張る水溶液からの環境 DNA 分析や、昆虫個体 DNA からの個体数・種数把握の検討を行なっている。

3) 地下と地上コミュニケーション圃場調査（クヌギ・アラカシ）

隣接個体の被害情報の伝達方法を明らかにするため、アラカシ・クヌギの苗を用いて、地上・地下のコミュニケーションを調べている。苗木を2つ同じプランターに植え、地上・地下のコミュニケーションを行えるもの、地上のコミュニケーションのみ、地下のみ、両方行えない、の処理を行なった。葉の質・葉の被害度・土壌微生物の変化を調べており、現在、解析中である。



4) 苗木を使ったコミュニケーション実験

ミズナラ、ホオノキなど9種の樹木の苗木を用いて、葉に物理的障害を与えて発生する VOCs による同種内の情報伝達を検証した。その結果、情報伝達の程度は樹種によって大きく異なっており、野外での個体群密度が高い樹種ほど VOCs による情報伝達が顕著である傾向が見られた。

< 将来の展望 >

2024年度は、各調査地において、BVOC の季節変動・昆虫群集の季節変動を調べる。また、各調査地の2個体付近（2025年度に葉の切除処理する個体・コントロール個体）にイングロースコアを挿入し、microbiome の構成を継続的に調べる。定期的な葉のサンプリングを行い、佐竹班に提供する。圃場実験においては、同様の実験をミズナラも対象に行う。また、被害個体と Microbiome を介した隣接個体との関係をより明らかにするため、ブナ・アラカシ・ミズナラにおいて、無菌処理した苗を作る予定である。

< 領域に提供・共同研究が可能な実験・解析技術の紹介 >

- ・2024年度からこれら各調査地に林冠タワーが設置されるので、タワーをつかった林冠アクセスが必要な研究が可能。
- ・あらゆる生物種を対象に種間・集団間・個体間の遺伝的近縁性や系統関係を高精度に分析できる手法の提供が可能。

B01 多成分BVOCのリアルタイム計測

研究代表者：関本 奏子

研究分担者：斉藤 拓也

< 研究目的 >

植物から大気中に放出されるBVOCは、気候変動や生物間相互作用を介して地球生態系に多大な影響を及ぼすことが知られているが、それらの放出特性の理解は乏しい。そこで本研究では、多成分のBVOCの濃度について、長期かつ高時空間モニタリングデータを世界に先駆けて取得する。これを実現するために、研究代表者と分担者が独自に開発してきた計測法を改良・協働し、多成分BVOCを「その場で・一斉に・リアルタイムに・異性体を区別しながら・定量計測」していく。

< 研究結果・進捗 >

今年度は、来年度に実施する並列チャンバー実験（永野班と共同）と森林サイトでの観測の予備実験として、科学博物館・筑波実験植物園および植物チャンバーを用いたテスト計測を行った。

1) 科博・筑波実験植物園でのBVOC計測

領域で注目するBVOCの1つであるイソプレンが、どの樹種から放出されるのかを知るために、筑波実験植物園にあるブナ科・フタバガキ科の計11種に由来するBVOCをPTR-MSによって計測した。その結果、シリブカガシ、ミズナラ、ミヤマナラからイソプレンの放出が顕著に見られた。

本実験では、地植えまたは鉢植えの各種樹木の枝葉をテフロンバッグで覆い、テフロンチューブを通じてPTR-MSで検出されるイソプレンのプロトン付加分子 ($C_5H_9^+$) のイオン強度が増加するかを観察することで、イソプレン放出の有無を定性的に判断した(図1)。1測定は30分程度で完了するため、ハイスループット分析に適していることが示された。また、樹木の鉛直方向の位置によってBVOC放出量が異なることや、35m程度の長いテフロンチューブを介してもPTR-MSにてBVOCを計測できることが確認でき、来年度から実施する森林サイトの観測に活かせる予備実験結果が得られた。

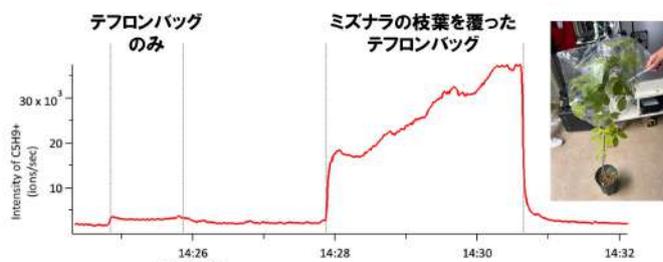


図1. ミズナラの葉に由来するイソプレンの計測。テフロンバッグのみに対して、ミズナラの枝葉を覆った場合にはイソプレンのイオン強度が高くなるため、ミズナラの葉からはイソプレンが放出されていると判定。

2) 植物チャンバーでのBVOC計測

永野研が所有する植物チャンバーにPTR-MSとダイナミックエンクロージャーシステムを接続し、光量を変化させた際のミズナラのイソプレン放出量を計測した。ミズナラの葉を覆ったテフロンバッグ内に一定の流量でVOCフリーの空気を流し続けた状態で光量を変えると、バッグ内のイソプレン量は変化するが、15-30分程度で平衡に達した(図2a)。

この平衡に達した濃度の平均を用いることで、光量とイソプレンの放出速度 ($\mu\text{g/g(DW)/h}$) の関係は図2bのように求められた。来年度のチャンバー測定では、このシステムにUnigoatGCを組み合わせて実施する予定である。

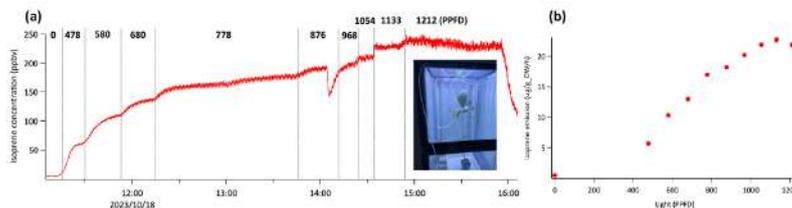


図2. ミズナラのイソプレン放出の光応答。(a) PTR-MSデータ、(b) 光量とイソプレン放出速度の関係。

< 将来の展望 >

今年度の予備実験結果を基に、2024年度は主に以下の実験を進める予定である。

- 龍谷大学にて、並列植物チャンバー・PTR-MS・Unigoat GC・ダイナミックエンクロージャーシステムを用い、イソプレンやモノテルペン、種々の含酸素有機化合物に対する環境応答関数の取得（永野班と共同）
- PTR-MSを用いた夏季の白神山地におけるBVOC観測

B03 BVOC を介した植物・気候相互作用のモデリングと将来予測

研究代表者：須藤 健悟

研究分担者：竹村 俊彦・入江 仁士・関谷 高志

研究協力者：伊藤 昭彦・宮崎 和幸

< 研究目的 >

本研究は、植物が大気に放出する揮発性有機化合物（BVOC）の実態・動態、および BVOC を介した植物と気候の相互作用を全球規模で解明・予測するものである。本課題では、大気化学・エアロゾル・気候モデル、陸域生態系モデル、衛星・地上リモートセンシング、および大気化学データ同化システムなど最新の研究手法を駆使し、他計画研究班の植物フェノロジー・BVOC 放出の観測と密に連携しながら多元的・包括的なモデリング・評価を行うことで、高精度な BVOC 発生量推定を実現させ、過去～現在～将来の BVOC 変動と、その気候変動における役割・相互作用に着目しながら、気候変動の定量的理解および予測精度を向上させる。

< 研究結果・進捗 >

1) 地上・衛星観測による多重検証

世界各地で観測・報告されているイソプレン、モノテルペン類などの BVOCs のフラックス・濃度のデータを収集・活用し、陸域生態系微量ガス交換モデル VISIT で計算される BVOCs 放出量、およびこの放出量を入力して CHASER で計算される BVOCs 濃度を検証し、領域ごとに傾向を整理した。また、中間生成物であるホルムアルデヒド (HCHO) の全球分布について、最新の衛星観測 (OMI、TROPOMI) データと比較することで、現状の BVOCs の放出量分布を領域ごとに検証した。

2) BVOCs 放出量推定モデルの開発・最適化

BVOCs 放出量の全球分布変動の推定を担う陸域生態系モデルについて、本課題のメインモデルである VISIT に加え、最新の IPCC/CMIP6 の地球システムモデル中の計算スキームも含めた相互検証 (1850-2014 年対象) を実施した。この結果、CMIP6 の各モデルにおいて、CO₂ 濃度上昇、気象変数 (気温・降水量) 変動、土地利用変化などが BVOCs 放出量の長期変動に直接的に関連していることがわかったが、各要因の寄与やネット (合計) の影響には、モデル間で顕著な差異があることが判明し、最新の CMIP 実験においても大きな不確定性が残存していることが定量的に提示された。

3) 気候影響・フィードバック評価

BVOCs 放出量・変動モデルが導入された CHASER・SPRINTARS を含む地球システムモデル (MIROC-ES2L-CHEM) によって、将来予測実験を開始した。現段階で採用したシナリオによる実験結果では、今世紀末までの平均地表気温の上昇 4°C に対し、BVOCs 変動による温室効果気体変動が約 +8.6 mW m⁻²/°C のフィードバックを及ぼすことが示された。

< 将来の展望 >

今後は、VISIT モデルの修正・改良を行いつつ、VISIT のオンライン計算を含んだ過去再現実験や将来予測実験を充実させ、BVOC 変動と気候変動との相互作用のさらなる理解を得る。また、HCHO 等の衛星観測データによる検証について、とくに経年変動に焦点をあてる。対流圏化学再解析データセットを導入を予定している、CHASER-DAS とホルムアルデヒド (CH₂O) の衛星観測を用いた BVOC 排出量逆推定の導入に着手する。

A03 BVOC放出とストレス耐性を連動させるエピゲノム分子基盤の解明

研究代表者：山口 暢俊

研究分担者：川勝 泰二・西尾 治幾

< 研究目的 >

植物の葉や花から放出される揮発性有機化合物 (BVOC) は、季節的には夏の暑い時期に放出される。この BVOC は気候に影響を及ぼすだけでなく、植物が夏に行う高温順応を促す。本研究では、BVOC が高温順応を促す分子メカニズムを、特にゲノム DNA の可逆的な化学修飾の仕組みであるエピゲノム情報に注目して明らかにすることを目的とする。

< 研究結果・進捗 >

1) イソプレン合成酵素を発現するシロイヌナズナの表現型の観察

BVOC の主な成分は、テルペン類とモノテルペン類である。テルペン類の中でも、イソプレンは大気中の全 BVOC の半分を占める。このイソプレンの放出は夏の日照が強く気温が高い時期に多い。さらにイソプレンは、植物にとって高温・強光・酸化ストレスに対する抵抗性物質として働くことがわかっている。はじめに、イソプレンを放出しないシロイヌナズナにユーカリのイソプレン合成遺伝子を発現させた植物 (*prbcS1A::ISPS*) を作出し、表現型を観察した。野生型の芽生えと比べて、*prbcS1A::ISPS* 植物では胚軸・葉柄が顕著に長くなり、植物個体は顕著に大きくなることがわかった。

この形質転換植物を用いて、高温に対する応答性を調べた。野生型では枯れてしまう高温ストレスを与えても、*prbcS1A::ISPS* 植物はほぼ正常可能であった。さらに、高温で2回処理をすることで順応する能力を調べても、野生型より *prbcS1A::ISPS* のほうが高温に順応しやすくなることがわかった。

2) イソプレン合成酵素を発現するシロイヌナズナを用いた遺伝子発現・エピゲノム解析

次に、野生型と *prbcS1A::ISPS* を用いて、永野班と連携して RNA-seq を行った。通常の生育条件で野生型と *prbcS1A::ISPS* の遺伝子発現を比較した場合、植物ホルモン・光応答・防御応答に関与するものが多く含まれていた。一方、高温ストレスを与えると、両者の間で高温応答遺伝子の発現が変わっていた。現在、同様の条件で ChIP-seq によって H3K27me3、H3K4me3、H3K9ac、H3K27ac、H3K36me3、RNA Pol II など複数のヒストン修飾の状態を調べている。

3) フィールドの植物や樹木を用いたエピゲノム解析 (西尾)

佐竹班と連携して、ソメイヨシノおよびアラカシのヒストン修飾の ChIP-seq 解析を進めている。現在のところ、テストサンプルを用いた H3 ChIP に関して概ね良好な結果が得られている。今後、各植物の時系列サンプルに対して、複数のヒストン修飾の ChIP-seq 解析を RNA-seq と並行して進める予定である。

< 将来の展望 >

prbcS1A::ISPS をツールとして用いて、イソプレンがエピゲノムにどのような影響を与えるかを様々なエピゲノム解析手法によって明らかにする。その後、そのメカニズムが他の植物種でも保存されるかを確かめていく。

< 領域に提供・共同研究が可能な実験・解析技術の紹介 >

遺伝子発現は特異的な配列を認識する転写因子によって制御され、DNA メチル化やヒストン修飾などのエピゲノムの影響を受ける。したがって生命現象における一連の分子メカニズム解明にはトランスクリプトーム解析に加えて転写因子による遺伝子発現制御ネットワークやエピゲノムの解析が不可欠である。転写因子がゲノムに結合する領域やエピゲノムの解析には ChIP-seq が使われるが、特異的抗体が必要であることに加えて、必要なサンプル量が多い、スループットが低いといった問題点がある。これらの問題点を補完するために我々はリコンビナント転写因子を用いて *in vitro* で転写因子の結合領域をゲノムワイドに同定する DAP-seq や、少ないサンプル量から簡便にヒストン修飾パターンを解析する CUT&RUN を導入しており、領域内で共同研究が可能である。DAP-seq の成功率は転写因子ファミリーに依存して約 40% で、1日 で最大 192 転写因子のライブラリー調製をルーチンで行なっている。CUT&RUN は自作 pAG-MNase を使用するため安価に、2日 で 12 サンプル x 8 種類のヒストン修飾のライブラリー調製が可能である。

A02 BVOC放出を駆動する環境応答関数の推定

研究代表者：永野 惇

研究分担者：矢崎 一史・棟方 涼介・岩山 幸治

研究協力者：福島 健児

< 研究目的 >

本研究では、BVOC合成・放出の環境応答関数の推定と、その多様性の分子基盤を明らかにすることを目的とする。そのために、光や温度を体系的に変えた条件でのBVOC放出速度の測定・モデル化、ブナ科樹木におけるBVOC合成・放出に関わる遺伝子の同定を行う。今年度は、多環境での体系的なBVOC放出速度の測定に向けた実験システムの構築と、対象樹種におけるイソプレン合成酵素遺伝子*IspS*の同定に取り組む。

イソプレンは、植物が大気中に放出するBVOCの約半分を占め、北半球における主要なイソプレン放出種の1つとなるのがブナ科コナラ属植物 (*Quercus*) である。興味深いことに、コナラ属を含めブナ科の中にはイソプレン非放出種も存在する。そこで本研究では、テルペン合成酵素 (TPS) ファミリーに着目し、コナラ (*Q. serrata*) のイソプレン合成酵素遺伝子 *IspS* の同定、及びイソプレン放出の種間多様性を生む分子機構の解明を目指した。

< 研究結果・進捗 >

1) 多環境での体系的な BVOC 放出速度の測定に向けた実験システムの構築

多環境での体系的な測定に向けて、大型グロースチャンバ10室からなる環境制御システムを整備した。うち5室は強光光源、CO₂制御を備えており、野外に近い光量で将来のCO₂濃度上昇環境を想定した実験も可能になった。また、関本班と共同でPTR-MSを用いて、ブナ科22種について、イソプレン、モノテルペンの放出の有無を調べた。ミズナラ、コナラなどでイソプレンの放出が検出され、先行研究で調べられている種に関しては概ね一致する結果が得られた。加えて、ダイナミックエンクロージャシステムを用いた計測のテストを行い、BVOCの放出速度の測定が可能であることを確認した。

2) コナラ属植物のイソプレン生産機構の解明

コナラ新芽の季節ごとのトランスクリプトームデータを基に、イソプレン放出量の季節変動とリンクした発現パターンを示し、かつ*IspS*活性に重要なアミノ酸残基が保存されている遺伝子を探索し、有力候補を1つ見出した。この遺伝子*QsIspS1*を大腸菌発現系及びベンサミアナタバコ発現系を用いて機能解析を行った結果、*QsIspS1*がイソプレン生成活性を有することを示した。

< 将来の展望 >

次年度は、関本班と共同で、環境制御システム、ダイナミックエンクロージャシステム、PTR-MS、GC-MSを組み合わせたシステムを実運用し、様々な光量、気温、日長、CO₂濃度を組み合わせた条件で放出速度の測定を行う。

コナラのトランスクリプトームから見出された他のTPS遺伝子についても機能解析を進める。また、佐竹班のゲノム解析により、イソプレン非放出種であるアラカシとマテバシイの*QsIspS1* オルソログにおいて*IspS*活性に重要とされるアミノ酸残基の1つに変異が確認された。そこで、この変異が酵素活性に及ぼす影響を*QsIspS*や非放出種由来オルソログに対する変異実験で評価する。

< 領域に提供・共同研究が可能な実験・解析技術の紹介 >

- 多数のサンプルのトランスクリプトーム解析
- 酵素や輸送体の生化学的解析
- 複数台のグロースチャンバを用いた多環境試験
- 変動環境を再現するグロースチャンバを用いた試験
- 形質転換体植物の育成施設 (京大生存圏研究所のDASHシステム)
- LC-MSを用いた低分子化合物の分析 (特にフェノール類)
- GC-MS (Shimadzu, Nexis GC-2030)を用いた植物揮発性成分の分析 (特にテルペン類)

永野班 イネの遺伝子発現量予測におけるサンプリング条件の影響解析

氏名：永壽 暖（慶應義塾大学）

植物の環境応答の理解には、植物が生息する野外環境下での遺伝子動態の解明が重要であるが、その研究例は極少数だった。永野班はこれまでに、気象データからイネの遺伝子発現量を予測するモデルを作成し、野外環境下での遺伝子発現を体系的に明らかにした（FIT model）。本研究では、遺伝子発現量予測におけるサンプリング条件の影響を明らかにする目的で、様々なサンプル数、気象条件下でサンプリングとモデルの学習を行うシミュレーションを実施した。シミュレーションは、サンプル数12, 36, 96, 240, 876でサンプリングを行う想定で、合計530条件でサンプリング条件を作成した。サンプリング時の気象条件は5種の日長と20種の昼夜温を組み合わせて作成した。サンプリング時の気象データとRNA-Seqを行った想定疑似発現データを使用して、モデル学習のシミュレーションを行った。結果、サンプル数の増加は予測精度を向上させる一方で、特定の条件下でのみ予測に成功 / 失敗する遺伝子群があった。今後、サンプリング条件の精査を通して、予測する遺伝子群に応じたサンプリング条件を構築する事を目指す。

山口班 熱と低分子化合物による脱春化

氏名：澤 ひかる（奈良先端科学技術大学院大学・M2）

多くの植物は、春化後に温暖な気候を経験することで花を咲かせる。春化後に短期の熱処理により春化状態をキャンセルすることを脱春化と呼ぶ。春化と脱春化はMADSボックス転写因子である花成抑制遺伝子 *FLOWERING LOCUS C (FLC)* の発現により制御されている。特に、*FLC*の発現抑制には抑制的ヒストンマークであるH3K27me3の修飾が重要である。所属研究室では、22°C常温下で脱春化を誘導できる低分子化合物(DVRs)が5つ同定されている。しかし、DVRsの効果と熱処理による脱春化の効果が比較検証されていなかった。本研究では熱とDVRsの併用処理を行い、単独処理と比較することで、熱とDVRが同一経路で働くことが示唆された。DVRsおよび熱処理による脱春化とその作用におけるヒストン修飾制御因子の役割について議論する。

関本班 衝突誘起解離質量分析を用いたモノテルペン酸化物の官能基解析

氏名：福山 大輔（横浜市立大学・D2）

植物の二次代謝産物として森林から大気中に放出されるモノテルペン(C₁₀H₁₆)は、大気中に存在するオゾンなどと酸化反応を起こし、分子量の増加に伴い揮発性が低下することで、環境問題を引き起こす大気汚染物質「二次有機エアロゾル(SOA)」の発生源となることが知られている(Ehn et al., *Nature*, 2014)。モノテルペン酸化物からSOAへの生成効率は、酸化物の更なる反応のしやすさ、すなわち酸化物の持つ官能基に依存する。またモノテルペン酸化物には多くの構造異性体が存在しているため(Camredon et al., *Atmos. Chem. Phys.*, 2010)、これらの構造が持つ官能基を網羅的に解析することが必要である。そこで本研究では、対象のイオンを解離させることで構造情報を得ることができる衝突誘起解離質量分析(CID-MS)を用いて、モノテルペン酸化物の官能基の定性分析を行った。まずは様々な官能基を持つ標準物質を用いて、CIDでの解離する中性種と官能基の関係性を検討した。さらにこれらの関係性を用いて、実際に酸化させたモノテルペン酸化物の官能基を解析した。

須藤班 The effects of lightning-produced NO_x on terrestrial ecosystems

氏名： 何彦峰（名古屋大学・研究員）

The lightning-produced NO_x (LNO_x; NO_x=NO+NO₂) will go through complex chemical reactions in the troposphere before they can be deposited onto the Earth surface to provide plant-available Nitrogen (N) nutrients. Current terrestrial-ecosystem models attempt to quantify concepts of ecological climatology, and they require inputs of N-deposition rates calculated by chemical transport models (a component of current climate models). This study evaluated the N-deposition rate prediction accuracy of current climate models using multiple observations in the hope that our results can benefit the improvement of N-deposition simulations. We also found that the 1960–2014 annual global N-deposition rate decreases by -8.94% (-5.13%~17.80% estimated if the reduction rate responds linearly to LNO_x emissions) in the absence of LNO_x emissions. In contrast, anthropogenic NO_x and NH₃ emissions contribute to around 60% of global N-deposition. Referring to previous studies, we suggest that LNO_x emissions may primarily affect the ecosystems in middle- to high-latitude land regions of the Northern Hemisphere and some low-latitude marine regions.

佐竹班 受精遅延はマテバシイの春咲・秋咲の花間での受精の同調を促進する

氏名： 社川 武徳（九州大学・B4）

被子植物では、受粉から受精までに数日以上の間を要する「受精遅延」が複数の分類群で知られている。その中でもブナ科では、受粉から受精に至るまで数週間で完了する種から1年以上もの期間を要する種が存在する。本研究では、受精遅延と配偶子の挙動・非生物的環境との関係性を調べるため、春と秋に開花が見られるマテバシイ (*Lithocarpus edulis*) の雌花を毎月採取し、その切片を作成することで花粉管伸長・胚珠発達の季節的変化を観察した。その結果、春咲・秋咲によらず花粉管は受粉後2ヶ月以内に柱頭下部の組織に達し伸長を停止させ、春咲の雌花では、一部の花粉管は開花翌年の5月に伸長を再開し、6月に胚嚢に到達することが明らかとなった。さらに、春咲・秋咲によらず開花翌年の2月から4月にかけて胚珠原基の分化、5月に胚嚢形成、6月に胚嚢の成熟が観察された。以上より、開花時期によらず受精を遅らせることで繁殖に不適な冬における花粉管伸長・胚珠発達を避け、その後の春咲・秋咲の雌花間で胚珠の発達段階を同調させ、受精に適した時期に受精を同調させることが示唆された。

山口班 転写因子 HSFA2 のバリエーションによる高温応答制御機構の解析

氏名： 宮嶋 渚（奈良先端科学技術大学院大学・M2）

植物は高温に対して耐性を持つことが知られている。モデル植物のシロイヌナズナにおいて、高温ストレスに応答した遺伝子発現を制御する上で中心的な役割を果たすのが、HEAT SHOCK TRANSCRIPTION FACTOR (HSF) と呼ばれる転写因子ファミリーである。高温ストレスによる植物の損傷を防ぐために、HSF は下流の遺伝子の転写を誘導し、高温ストレス耐性を付与する。私はこのファミリーの多くの因子がスプライシングによる制御で多様な転写因子が作られることを見出した。なかでも、高温応答で重要な役割を果たす HSFA2 に注目した。HSFA2 は DNA 結合ドメインをもつ HSFA2a と、それを持たない HSFA2b の2つのバリエーションがあることがわかっている。そのため、この HSFA2a と HSFA2b の機能をバリエーションごとに詳細に調べている。本発表では、HSFA2a と HSFA2b の構造、多量体、標的の違い、および過剰発現体の表現型の解析から、その違いを議論する。

永野班 花の表面微細構造が送粉者の閉じ込め / 解放を制御する：ウマノスズクサにおける検討

氏名：李 俊男（龍谷大学 / 京都大学・D4）

ウマノスズクサ属 (*Aristolochia*, Aristolochiaceae) は、雌性先熟の花を有し、送粉を成功させるために特定の双翅目グループをトラップすることが知られている。ウマノスズクサ亜属では、花冠の表面にある trichome の変化が送粉者の閉じ込め / 解放を制御していることが報告されている。しかし、近縁であるオオバウマノスズクサ亜属の *A. liukiensis* と *A. shimadae* の花にはこれらの trichome が欠如しており、本亜属の花のトラップ機構の有無およびそのメカニズムについては不明である。本研究では、これらの種において、花表面にみられる papillate cell の高さや花の送粉者を閉じ込める能力との間に有意な相関関係があることを示した。また、花から放出される揮発性有機化合物 (VOCs) の量と組成は雌期と雄期で類似していた。さらに、花蜜の分泌が確認されたが、その量は極めて少なかった。本発表では、これらの結果から送粉者の閉じ込め / 解放を制御する花形質について議論する。加えて、芳香をもつ多年生木本であるタイム (*Thymus vulgaris*) を材料に、テルペンの放出に関する内的、外的要因を検討する研究の進捗について報告する。

関本班 Vanillin 構造異性体の質量分析

氏名：大江 沙紀（横浜市立大学・M1）

生態系から大気中に放出される揮発性化合物の中には、特定の昆虫に対して忌避作用を示すものがあり、殺虫剤や昆虫忌避剤への応用が期待されている。この作用は化合物の立体構造に依存する。例えばバニラ豆などで生合成される vanillin は、ハエに対して特異的に忌避作用を示す。一方で、その構造異性体である o-vanillin はハエに対する忌避作用は小さいが、異なる昆虫（例えばゾウムシ）に対して忌避作用を示す。また、植物と昆虫間の相互作用を促す化合物は微量で、さらに作用時間が短いことから、微量物質の立体構造をリアルタイムで区別できる分析方法が必要となる。そこで本研究では、大気中の微量な揮発成分をリアルタイムに測定可能な大気圧コロナ放電イオン化質量分析 (APCDI-MS) 法を用いて、vanillin とその構造異性体 (isovanillin と o-vanillin) を例とし、立体構造の識別が可能か検討した。その結果、APCDI-MS で得られるフルスペクトルと CID スペクトルを組み合わせて解析することによって、揮発性化合物の構造異性体を識別できる可能性が示唆された。

山口班 シロイヌナズナ MYB 遺伝子による蜜腺発生制御機構の解明

氏名：長森 愛純（奈良先端科学技術大学院大学・M2）

蜜腺は、蜜を分泌する器官である。シロイヌナズナの蜜腺の形成に必須なのが、C2C2型の zinc finger ドメインと helix-loop-helix ドメインをもつ転写因子をコードする *CRABS CLAW* (*CRC*) 遺伝子である。この転写因子の結合をゲノムワイドに調べると、その直下には MYB 様転写因子である MYB57 の結合配列があることがわかった。このことは、CRC と MYB57 が複合体を形成して、下流の遺伝子を制御する可能性を示唆する。実際に、CRC と MYB の相互作用を調べると、タンパク質間相互作用をすることがわかった。この MYB 遺伝子も蜜腺で発現し、*myb* 多重変異体でも蜜腺が小さくなることを明らかにした。さらに、MYB57 の DNA に対する結合を調べ、CRC との共通の標的を比較することで、多数の共通標的を同定した。これらの結果から、CRC と MYB57 が共通の標的を制御して、蜜腺の形成を促すことが示唆された。

関本班 大気圧コロナ放電イオン化質量分析によるリンゴ発散香気成分のプロファイリング

氏名： 錦戸 悠斗（横浜市立大学・D1）

リンゴ果実の日持ち性を測る指標として果肉硬度や食味が注目されるが、貯蔵中には香りも変化する。食味に最適な時は、リンゴの発散香気成分（Volatile Organic Compounds; VOCs）のうちエステルが80%以上を占めるが、時間経過で含まれるVOCsが変化すると報告されている。しかし貯蔵中の香気成分の変化について、またその品種間の違いを詳細に調査した事例は少ない。本研究では、6品種のリンゴに対し、収穫直後と常温保存による日数経過による違いを、大気圧コロナ放電イオン化質量分析を用いて調べた。「1. 横浜市立大学到着直後の果実（2週間から1か月間冷蔵保管したリンゴ）、2. 果皮色に変色するまで常温で30日以上放置した果実」の2区を設定した。到着直後（1区）と褐変するまで常温放置したリンゴ（2区）を比較すると、ヘキサン酸ブチルと言った代表的なエステルが減少した。しかし、品種によって1区と2区であまりピーク強度が変化しなかったエステルも存在した。さらに、2区でしか見られないエタノールやブタン酸または2メチルプロパン酸も見られた。

永野班 セリ科植物アシタバにおける三環性クマリン類代謝の解析

氏名： 新屋 和花（京都大学・D1）

セリ科植物は、テルペノイドとフェノールという2つの主要な二次代謝経路に由来する三環性クマリン類を多く蓄積する。これらの代謝物は食害昆虫に対する化学防御を担っており、三環性クマリン類生産能はセリ科植物が天敵昆虫に対する適応の過程で強化されてきたことが示唆される。その化学構造の多様化には、プレニル化酵素による二環性クマリン骨格へのイソプレニル側鎖の転移反応とシトクロムP450による酸化反応などが貢献しているが、これらの酵素群の進化的な獲得過程については未解明の部分が多い。そこで本研究では、日本原産の食用・薬用のセリ科植物であるアシタバ（*Angelica keiskei*）を実験材料として、三環性クマリン類代謝に関わる酵素遺伝子の機能解析および分子系統解析を行った。アシタバの器官別トランスクリプトームデータを構築し、遺伝子発現解析によって、三環性クマリン類の代謝に関わる未知酵素遺伝子群を探索した。さらに、これらの遺伝子について出芽酵母発現系を用いた酵素機能解析や分子系統解析を行い、三環性クマリン類代謝に関する遺伝子群の分子進化について考察した。

塩尻班 機能間のリン分配から葉機能を予測する

氏名： 辻井 悠希（森林総合研究所・研究員）

リンは生物の必須元素だが、森林生態系内でしばしば不足している。樹木はリンを効率よく利用する様々な仕組みを持つので、その生理生態機構の解明は森林生態学の重要課題である。発表者は、樹木の機能間（光合成や貯蔵、繁殖など）のリン分配戦略に興味を持って研究を進めてきた。土壌リン欠乏が卓越する熱帯地域とオーストラリア大陸をモデルとして、樹木のリン分配戦略が生態系内のリン循環に与える影響を明らかにしてきた。

本発表では、最近力を入れている葉内リン分配（無機態、代謝態、脂質態、核酸態、残渣態の5成分のリン濃度と相対分配比）と葉機能（光合成速度や葉寿命など）の関係を解析した研究を簡単に紹介する。遺伝子発現解析を組み込んで研究を発展させたいと考えているので、ご意見を頂けると幸いです。

永野班 コナラ属植物のイソプレン生産・非生産機構の解明

氏名： 小坂 青空（京都大学・M1）

季節の変化に応じた開花や紅葉に代表されるように、植物は従来外環境に対して受動的であると考えられてきた。しかし植物の放出する揮発性有機物質(VOC)が大気環境に様々な影響を与えることが示され、植物から気象環境へのフィードバックが注目されるようになってきた。植物由来のVOCは全球レベルで年間 10^9 トン(炭素換算)にも及び、その組成を見るとヘミテルペンのイソプレンが約半分を占める。イソプレン合成酵素(IspS)の遺伝子は、放出種であるヤナギ科ヤマナラシ属やフトモモ科ユーカリ属などにおいて同定され、テルペン合成酵素ファミリーに属することが知られる。しかしブナ科コナラ属(*Quercus*)は、北半球における主要な放出系統でありながらIspSは未同定である。また興味深い事に、ブナ科植物にはイソプレン放出種と非放出種が存在するが、その分子機構は不明である。そこで本研究ではテルペン合成酵素ファミリーに着目し、イソプレン放出種であるコナラ(*Q. serrata*)のIspSを同定すること、及び*QsIspS*のブナ科植物間でのオルソログ比較により、イソプレン放出の種間多様性の解明を目指した。

佐竹班 ブナ科樹木の比較発現解析で明らかにする季節的な発現同調のメカニズム

氏名： 工藤 秀一（九州大学・M1）

季節的な環境下で植物は、開花結実や展葉など四季の変化に応じて様々な姿を見せる。このような現象はフェノロジーと呼ばれ成長や繁殖に重要な形質である一方で、植物がどのように環境シグナルを統合し、季節応答に関わる多数の遺伝子を同調的に制御しているのかは明らかになっていない。そこで本研究では、野外に生息するフェノロジーの異なる4種のブナ科樹木を対象に野外トランスクリプトームを行い、2年に渡る発現時系列データを葉・芽・花の組織からそれぞれ取得した。4種間で各遺伝子の発現パターンを比較することにより、多くの遺伝子で季節特異性や組織特異性が保存されていることが示された。特に芽では冬特有の遺伝子発現パターンが顕著に見られた。さらに周期性を示す遺伝子に着目すると、種を問わず多くのものが1年周期で夏または冬に同調的に発現することが明らかになった。加えてゲノム情報を用いた解析により、ゲノム上で近接した遺伝子による局所的な同調が見られ、ゲノム上の空間構造によって遺伝子発現の季節発現が統合的に制御されている可能性が示唆された。

須藤班 地球システムモデルを用いた気候-BVOC-大気化学フィードバックの評価

氏名： 関谷 高志（海洋研究開発機構・研究員）

気候変動に伴うBVOC放出量変化は、大気化学反応過程を介して温室効果気体(メタン、オゾン)や有機エアロゾルを変化させ、それらが再び気候に影響を及ぼすと考えられている。しかしながら、現実の地球では、このような気候-BVOC-大気化学フィードバック以外にも様々な要因が複雑に重なり合った結果が観測されるため、実測されたデータのみから全球規模の個々のフィードバックを評価することは困難であり、定量的なフィードバックの評価には気候変動と大気組成・植生の相互作用を陽に表現した地球システムモデルが不可欠である。本発表では日本で開発されている地球システムモデルMIROC-ES2L-CHEMによる気候-BVOC-大気化学フィードバックのうち、特に温室効果気体を通じたフィードバックの評価を試みた。その結果、21世紀末に地球の平均地上気温が4℃程度上昇することを想定したシナリオ下では、 $+8.6\text{mWm}^{-2}/\text{K}$ の正のフィードバックをもつと推定された。発表では、エアロゾルを通じたフィードバックとの比較、本課題で期待される地球システムモデルの改善ポイントについても議論する予定である。

佐竹班 樹木における植物間コミュニケーション — 森林レベルへの挑戦 —

氏名：萩原 幹花（九州大学・特別研究員）

複数の植物種において、ある個体が傷害や食害を受けると揮発性有機化合物（香り）を放出し、直接被害を受けていない同種の個体が、その香りを受容すると、病虫害に対する防衛力を向上させる例が報告されている。この現象は「香りを介した植物間コミュニケーション」と呼ばれている。これまで「香りを介した植物間コミュニケーション」は、主に草本において研究が進められてきた。しかしながら、樹木における研究、特に複雑な環境をもつ森林においては知見がほとんどない。本発表ではこれまで取り組んできた、冷温帯の優占種であるブナにおける植物間コミュニケーション研究を紹介し、これからの森林生態系への理解に必要な、植物間コミュニケーションの生理的側面、植物の防衛戦略と適応的意義、植物と昆虫・病原菌の間の相互作用を考察する。

佐竹班 日本固有種のブナ科のゲノム解析

氏名：田島 直幸（かずさDNA研究所・特任研究員）

ブナ科は多くの日本固有種が存在している。それらの種のゲノムを解読することで、それぞれの種でどのような遺伝子が共有されているかを調べたい。本研究では日本固有種のブナ科のうち6種についてゲノム配列（HiFiリード）を取得し、Hifiasmによりアセンブルを行なった。得られたコンティグ配列は既読のブナ科（アベマキ、ヨーロッパナラ）のゲノム配列に対して整列化を行なった。整列化した結果、6種全てについて既読のブナ科と同様に12本の染色体レベルのスキファールド配列といくつかの短いコンティグを得られた。

今後、得られたゲノム配列についてそれぞれ遺伝子予測を行い、比較ゲノム解析に用いる予定である。

永野班 盗葉緑体現象により、他種生物中で維持される葉緑体代謝経路

氏名：前田 太郎（慶應義塾大学・特任教授）

水環境には多彩な光合成生物が存在し、地球環境に多様な影響を与える。中でも、盗葉緑体現象という珍奇な現象は、その生態学的効果も、分子生物学的な機構も不明確である。本現象は、生来は葉緑体を持たない生物種が、後生的に、他の光合成生物から葉緑体だけを取り込み、光合成能力を獲得する現象である。本現象は、軟体動物、扁形動物、更に多数の単細胞性真核生物で発見され、生物界に広く分布している。我々は、軟体動物のゲノム解読から、本現象には遺伝子の水平伝播は生じておらず、葉緑体DNA以外には、光合成に必要な遺伝子が存在しない状態で光合成を数ヶ月間維持することを示した。さらに、プロテオーム解析から、葉緑体のドナーが産生した葉緑体局在タンパク質が多種残存し、本現象が他種生物由来のタンパク質の流用により可能になっていることが示唆された。本発表では、残存タンパク質と過去の同位体解析結果から、葉緑体中で維持されている代謝系と、その宿主への影響について議論する。

塩尻班 ヨーロッパおよび日本の針葉樹林における枯死木の菌類群集と腐朽型の地理的分布

氏名：河崎 有希（東北大学・M2）

森林における枯死木は陸域生態系の重要な炭素貯蔵庫であり、菌類による枯死木の分解過程は炭素循環に与える影響が大きい。菌類種により木質組織を構成するリグニンの分解能力は異なっており、分解を受けた枯死木はリグニンが分解された白色腐朽型と、ほとんど分解されない褐色腐朽型と呼ばれる腐朽型に類別される。本研究では、ヨーロッパ（6地点）と日本（9地点）の調査地から採取された枯死木を対象にDNAメタバーコーディングを用いた菌類群集構造の解析と化学分析による褐色腐朽型の程度の定量を行うことで、環境要因が菌類群集構造および腐朽型に与える影響を理解することを目的とした。ヨーロッパのドイツウヒ枯死木については、温暖な地域で褐色腐朽型の程度が大きくなる明瞭な勾配が示された。一方で、日本のスギ枯死木においては、暖期の降水量が褐色腐朽型の程度に正の効果を与える可能性が示唆された。本研究の結果は、気候変動が枯死木の腐朽型に与える影響は、菌類群集において優占的に分解を行う菌類種の環境への応答および基質となる枯死木の樹種により大きく異なる可能性を示すものであった。

塩尻班 邦産ビャクシン属ネズミサシ節種群の網羅的分子系統地理解析

氏名：田口 裕哉（東北大学・M2）

ヒノキ科ビャクシン属ネズミサシ節（*Juniperus* sect. *Juniperus*）は世界に14種があり、日本には4種7変種が分布するが分類群間の関係は示されておらず、分類の混同もしくは交雑に由来すると思われる中間的な形態の集団が各地に分布して分類学上の問題となっている。本研究では、本節の計80集団577個体を対象にMIG-seq法による遺伝的解析と形態測定を行い、系統地理関係と交雑の実態を明らかにすることを目的とした。その結果、以下のことが示された。

1) 小笠原諸島のシマムロは、変種関係とされる南西諸島のオキナワハイネズとは単系統群を形成せず、台湾産の種と単系統であった。2) オキナワハイネズは、北海道や本州に分布するハイネズと姉妹群となり、これらは葉の気孔帯の本数により区別された。3) ハイネズは、丘陵地に生育するネズミサシと、本州の沿岸部の一部で浸透性交雑を生じていた。4) 北海道・東北地方・中部地方の高山帯に分布するミヤマネズ群は、各地方ごとに遺伝的に分化した。このように、邦産ネズミサシ節の網羅的な系統地理解析により分類群や集団の位置づけや交雑の実態を明らかにできた。

塩尻班 木材腐朽菌 *Phanerochaete velutina* における細胞間Caシグナル伝達の可視化

氏名：濱野 公輔（東北大学・M1）

枯れ木などを分解する真菌である木材腐朽菌は最大で数百haに及ぶ菌糸ネットワークを形成すると推定されており、木材の分解に伴う土壌形成、二酸化炭素放出、土壌中の栄養分布に影響を与えている。そのような木材腐朽菌の菌糸において電位変化の伝達が生じており、電気化学的な長距離シグナル伝達が行われている可能性がある。植物や粘菌と同様にCa²⁺が電位変化を引き起こすシグナル分子であるという仮説のもと、本研究ではCa²⁺インジケーターを用いて、木材腐朽菌の菌糸ネットワークの行動観察におけるモデル生物である*Phanerochaete velutina*の細胞間Ca²⁺動態を観察するための遺伝子組換え体の構築を試みた。Ca²⁺インジケーターを導入するにあたり、適切なプロモーターを選択するため、DNAおよびRNA解析を行った。結果としてアクチンやGlyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase遺伝子が高い発現量を示しており、これらのプロモーターを利用することとした。また、プラスミドpPHT1に対してFast Cloning法による目的配列の組換えを計画し、それが有効であることを確認した。

塩尻班 植物標本及び森林土壌より抽出した植物 DNA の分析手法の検討

氏名：濱津 幸大（東北大学・B4）

植物標本や土壌堆積物試料には、過去から現在までに分布していた生物の DNA が含まれており、それらを分析することで生物分布情報の復元や過去から現在までの動態推定、多様性評価などを行うことが期待できる。こうした試料では、DNAの断片化や対象分類群以外の生物の DNA 混入などにより、対象種の目的配列を十分量取得することが困難であることが多く、効率的な分析手法は確立されてない。そこで本研究では、複数の植物標本から抽出した DNA と、異なる植生下の森林土壌から抽出した環境 DNA を対象に、複数の手法による植物 DNA の分析を行った。アンプリコンシーケンス法、ショットガンシーケンス法、ターゲットキャプチャー法の3つの手法を採用し、これらの手法間で対象種の目的配列の検出率や検出精度、データ量、必要コストなどの比較を行うことで、植物標本や土壌堆積物試料を対象とした効率的な植物 DNA 分析手法の検討を行った。

塩尻班 腐朽菌の多様性が木材分解速度に与える影響

氏名：千葉 あおい（東北大学・B4）

腐朽菌は枯死木の分解を通して生態系の炭素循環に関わっている。枯死木の中では様々な菌種同士の相互作用が起こっており、コロニーの境界面では競争にかかるコストや種間の相補的資源利用などの存在が知られている。そこで本研究では、腐朽菌の種数と相互作用頻度がそれぞれ木材分解速度にどのように影響するか調べた。カワラタケ・ネンドタケ・ツキヨタケ・クロコブタケを定着させたブナ角材16個を種数や相互作用面積を変えた様々なパターンで組み合わせて培養し、各角材の重量減少を計測した。得られたデータを GLMM で解析した結果、菌種によって違いはあるが、菌種数・他種との相互作用面積はいずれも分解を促進することが分かった。また、培養前の菌糸の体積や菌種数が同じでも、相互作用面積の違いや隣り合う菌種の違いによって競争の結果が異なることが分かった。今後は、温度や水分量といった培養条件を変えた培養実験や、4種より多い種数を用いた分解実験を今後追加で行うことで、腐朽菌の多様性と分解機能についての理解がさらに深まると考えられる。

塩尻班 Decomposition Characteristics of Typical Vegetation Litter in the Mount Segrila and its Influencing Factors

氏名：李 欣彤（東北大学・研究生）

The speed of litter decomposition restricts the rate of litter nutrient return to soil and the formation of soil organic matter, and affects the productivity, species composition and carbon sink dynamics of forest ecosystems. This study explores the impact of altitude, slopes and soil properties on the decomposition of typical alpine forest litter, focusing on *Rhododendron lapponicum* leaves.

After two years, the results show that litter decomposition on the east slope (sunny) increased with elevation, while there's no clear pattern on the west slope (shady). Litter decomposition rates correlated positively with soil nutrients, coarse sand and clay, while negatively correlating with fine and sand grains. To sum up, the physical and chemical properties of soil at different altitudes and slopes cause differences in degradation, especially soil mechanical composition, which may greatly affect the way of microbial and soil fauna using litter and soil nutrients.

関本班 Ibuprofenとその類似体の負イオン質量分析

氏名： 永田 遥輝（横浜市立大学・B4）

解熱鎮痛剤の成分であるイブプロフェンは、カルボキシル基を一つ有する芳香族化合物で、生体内ではイオン化していることが知られている。医薬品成分にはカルボキシル基を持つ化合物が多く存在する。そのため、イブプロフェンをイオン化させて構造や安定性について解析することを目的とし、本研究では大気圧コロナ放電イオン質量分析(APCDI-MS)法を用いて、イブプロフェンの脱プロトン分子に対して衝突誘起解離(CID)実験を行った。

イブプロフェンの脱プロトン分子から2つの水素原子とCO₂の脱離が起こり、C原子とH原子のみで構成されるプロダクトイオン(C₁₂H₁₅⁻)が検出された。質量分析の負イオンモードでは、極性の官能基や電気陰性度の大きい原子が計測対象となるため、C₁₂H₁₅⁻のような炭化水素の負イオンは検出されにくいイオンと考えられる。そこで、イブプロフェンの類似体(カルボキシル基を一つ有する芳香族)の脱プロトン分子に対してもCID実験を行い、どのような場合に炭化水素の負イオンが生成するのかを検討した。

山口班 シロイヌナズナのLRH1による高温応答制御機構の解明

氏名： 藤原 有矢（奈良先端科学技術大学院大学・M1）

植物は高温に対して耐性を持つことが知られている。モデル植物のシロイヌナズナにおいて、高温ストレスに応答した遺伝子発現を制御する上で中心的な役割を果たすのが、HEAT SHOCK TRANSCRIPTION FACTOR A2 (HSFA2)と呼ばれる転写因子である。HSFA2はDNA結合ドメインをもつHSFA2aと、それを持たないHSFA2bの2つのバリエーションがあることがわかっている。このうち、*HSFA2b* mRNAのバリエーションはスプライシング因子3bの構成因子であるLIGHT-SENSITIVE ROOT-HAIR DEVELOPMENT 1 (LRH1)によって作られるという予備的なデータを得ている。そのため、LRH1に依存して*HSFA2b*が作られるかどうかを、*Ihrl*変異体を用いたIso-seqやRT-qPCRを用いて調べている。本発表では、LRH1による*HSFA2b*のスプライシングの制御に加えて、HSFA2aとHSFA2bの構造や機能の違いについてもデータを示して議論する予定である。

永野班 野外環境下の植物の遺伝子発現予測のための気象モデルの活用

氏名： 三藤 陵根（滋賀大学・M1）

本研究の目的は深層学習を用いて野外環境下の植物の遺伝子発現予測を行うことである。その予測のためには、植物が生育する環境における気象予測が必要となる。そこでmicrosoftのClimaX[1]という気象モデルを特徴量抽出器として使用する。ClimaXは高い精度で画像認識を行うことができるVision Transformer (ViT)[2]を構造として持っている。気象データが数値であるにも関わらず、画像データとして扱い、気象データを同一の尺度で表すことで、基盤モデルとして気象予測をすることができる。ClimaXが獲得した気象の内部表現を、その環境における遺伝子発現予測に利用する。本発表では、ClimaXの構造とこれを遺伝子発現予測に用いる方法を紹介する。

[1] T.Nguyen *et al.* "ClimaX: A foundation model for weather and climate." *arXiv preprint* (2023).

[2] A.Dosovitskiy *et al.* "An Image is Worth 16x16 Words: Transformers for Image Recognition at Scale." *ICLR* (2021).

永野 班 ミカン科のテルペン・フェノール代謝を担うプレニル化酵素群の分子進化

氏名： 松下 修平（京都大学・M2）

植物は、フェノール骨格にイソプレノイド経路由来のプレニル側鎖が結合したプレニル化フェノール類を約1,000種生産する。その中には、生物共通に見られる一次代謝系化合物の他に、病害微生物や捕食者など生物的ストレスに対する化学防御として機能する二次代謝系のメンバーが存在する。後者には、ヒトに有用な薬理活性も報告されている。これらの機能の発現にはプレニル側鎖の存在が重要であり、植物においてプレニル基をフェノール骨格に転移させる鍵反応を触媒するのは、UbiAファミリーに属するプレニル化酵素(PT)である。これまで、二次代謝に関与する様々なUbiA型PT遺伝子が報告されてきたが、各植物系統において本酵素ファミリーがどのような分子進化過程を経て拡大したのか、ほとんど未解明である。そこで本研究では、UbiAファミリーの植物系統特異的な分子進化の解明を目的とした。様々なプレニル化フェノールを含むミカン科を実験材料として、トランスクリプトーム解析やミカン科特異的なUbiA遺伝子の単離・酵素機能解析、また分子系統樹解析を進め、本酵素ファミリーの分子進化を考察した。

塩尻 班 Genetic Variation in the Riparian Foundation Tree Predicts Arthropod Community Structure in Wild

氏名： 鍵谷 進乃介（京都大学・研究員）

Recently, researchers have recognized that genetic variation in foundation species influences community structure of associated organisms. The majority of these studies have employed a common garden approach. However, this approach might result in overestimating the importance of genetic variation for shaping associated communities due to excluding environmental and spatial variability. In this study, we examined to what extent genetic variation in a foundation tree explains the structure of arthropod communities in the field, comparing with spatial, temporal, and environmental factors. In continuous mixed forest, we investigated arthropod communities on mature alders. We found that arthropod communities varied with genetic distance of alders based on 1077 SNPs. A generalized dissimilarity model indicated that genetic distance was the most important factor to explain variation of arthropod communities. Among five functional groups, carnivore insects were well correlated with genetic distance of alders. This study supports that the genetic similarity rule would be primarily prominent in community assembly of plant-associated arthropods.

塩尻 班 植物の揮発性化学物質の多様性と緯度クライン

氏名： 土居 健央（京都大学・M1）

植物が放出する揮発性有機化合物(VOC)の種類数は種間で異なり、多くの種類のVOCを放出する種がいる一方で、少数のVOCしか放出しない種も存在する。しかし、植物のVOCの種類数の種間差をもたらす要因は未解明である。本研究では種の生育環境の違いが、VOCの多様性の違いを引き起こすと予測し、日本国内に広範に分布するカエデ属とブナ科樹種を対象として検証を行った。まず、カエデ属10種とブナ科17種の苗木を栽培し、室内で葉からVOCを捕集し、GC-MSを用いて含まれる化学物質を分析した。カエデ属とブナ科の分布データと各地点の気温、降水量データを組み合わせ、その種の生育地の環境条件の平均値を算出し、各種が放出するVOCの化学組成と生育環境の関係性を解析した。その結果、低緯度で高温湿潤な地域に生育する植物種ほど、葉から放出するVOCの種類数が多いパターンが検出された。この結果は、植物のVOCの多様性に緯度クラインがある可能性を示唆した。緯度クラインの形成要因は、気温や降水量と関係していると考えられる。

永野班 ミカン科独自のクマリン生産機構の解明に向けたトランスクリプトーム解析

氏名：市川 公康（京都大学・M1）

ミカン科は二次代謝産物の一種であるクマリン類を多種生産し、その中には病原菌や植食性昆虫など外敵に対する化学防御物質が含まれる。またクマリン類には、人の健康に対する機能性成分や、逆に毒性を示す化合物も存在するため、クマリン代謝は柑橘類の育種上のターゲットとして注目されている。しかしながら、ミカン科特異的なクマリン類の生合成については、一部の酵素遺伝子が同定されているのみであり、未だ多くの反応段階が不明である。また、ミカン科植物はクマリン類をテルペン系香気成分と共に、分泌腔と呼ばれる細胞間隙に蓄積するが、分泌腔への輸送機構や、生合成と輸送蓄積を制御する転写レベルの制御メカニズムも不明である。そこで本研究は、クマリン生産を担う分子機構の解明を目的とした。クマリン類は器官毎に蓄積量が大きく異なることから、まずグレープフルーツの器官別トランスクリプトーム解析を行い、クマリン代謝関連遺伝子群を探索した。生合成酵素の候補となる遺伝子については、出芽酵母による異種発現系を用いた酵素機能解析を行い、機能の同定を試みた。

永野班 サリチル酸 / ジャスモン酸 - 濃度依存的な植物の転写応答の解析

氏名：富田 敦幹（慶應義塾大学・B4）

サリチル酸 (SA) とジャスモン酸 (JA) は、植物の防御応答制御に重要な植物ホルモンであるが、先行研究の多くは処理 / 無処理植物の定性的比較に焦点を当てており、SA と JA の量的効果や、組み合わせの効果には不明な点が多い。本研究では、SA / JA の量的効果、組み合わせの効果を明らかにするため、シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) の幼植物体に対し、多様な SA / JA 濃度を処理した幼植物体の RNA-seq を実施した。8 濃度条件 (0 ~ 1mM) の SA / JA を組み合わせた 64 濃度条件で 6 時間処理し、384 サンプルのトランスクリプトーム解析を実施した。結果、各遺伝子の SA / JA 濃度に対する応答は、43 グループに大別された。Gene Ontology 解析により各グループに生物学的機能を対応付けることができ、グルコシノレートの種類によって生合成関連遺伝子が亢進される JA 濃度が 3 ~ 10 倍異なることなどが明らかになった。また、本データセットから SA または JA に濃度依存的かつ、もう一方の植物ホルモンに Independent な SA / JA 濃度を推定する遺伝子発現マーカーを作成した。

山口班 シロイヌナズナの HSFA ファミリーによる高温応答制御機構の解明

氏名：本郷 達也（奈良先端科学技術大学院大学・M2）

高温ストレス応答の転写制御機構において、中心的な役割を担うのが HEAT SHOCK FACTOR (HSF) と呼ばれる転写因子である。HSF は分子シャペロンをコードする *HEAT SHOCK PROTEIN (HSP)* の転写を促進することで、高温ストレス耐性を付与している。シロイヌナズナの HSF ファミリーは 21 遺伝子で構成され、A, B, C の 3 つのサブファミリーに細分化されている。A サブファミリーに属する 3 種の HSFA1 は高温応答のマスター制御因子として機能し、*HSP* や高温耐性の持続に重要な *HSFA2* や *HSFA3* の転写制御を行う。他にも異なる機能を持つ HSF が多数存在するが、その原因は分かってはいない。私は、*gHSFA-GFP* を用いた蛍光観察と ChIP-seq を行い、これらの共通点と相違点から HSF 転写因子の機能を探った。その結果、HSF は高温応答や発生、ユビキチン化などに関する遺伝子の発現を直接制御することを明らかにした。本発表では HSFA の共通点や相違点に注目して、最新の研究成果を報告する。

佐竹班 BVOC を介した植物個体内・個体間シグナル伝達の進化条件

氏名： 廣瀬 草太郎（九州大学・M1）

植物は、生物起源揮発性有機化合物（BVOC）を個体内・個体間でのシグナル伝達に利用することで、植食者に対する防御力を高め食害のリスクに対応できる一方で、BVOCの放出にはコストがかかる。BVOCシグナル伝達の進化条件を解明するために、BVOC放出戦略と非放出戦略からなる進化ゲームモデルを開発した。本モデルでは、植物の適応度に対するBVOCの影響を、2種類の効果で定義した。1つは、植物がコストをかけて自ら発したBVOCによって食害を軽減する個体内コミュニケーションである。もう1つは、他個体由来のBVOCに反応して、コストをかけずに食害の影響を変化させる個体間コミュニケーションである。解析の結果、個体内コミュニケーションの効果が高いとBVOC放出戦略の進化が促進されるが、個体間コミュニケーションの効果が高いと、BVOCの放出コストを負担せずに利益を得るチーターが有利となることが示された。また、シグナル伝達の空間的スケールが狭いほど、BVOC放出戦略が進化する可能性が高くなることも明らかになった。

山口班 シロイヌナズナ野生系統における雑種強勢候補遺伝子欠損株の作製とその解析

氏名： 宇津木 一陽（奈良先端科学技術大学院大学・M2）

雑種強勢とは、純系の親と比較して、異なる純系の親同士を交配して得られた雑種第一代（F1雑種）が両親よりも旺盛な生育を示す現象であり、育種に活用される。アブラナ科のモデル植物であるシロイヌナズナにおいても、種内系統における雑種強勢が明らかになっているが、その根底のメカニズムは不明である。当研究室では、シロイヌナズナの発達初期における雑種強勢機構の解明を目的に、155系統のF1雑種を用いたゲノムワイド関連解析（GWAS）をおこない、候補遺伝子 *GENE1* と *GENE5* を見出した。Col-0系統における二遺伝子の単一欠損株では、野生型と比較して播種後5日目の葉面積が有意に減少した。ゲノム編集により作出した野生系統における *GENE5* 欠損株についても、播種後5日目の葉面積および細胞数が有意に減少した。*GENE1*, *GENE5* は遺伝子発現制御を通して葉面積の大きさを決定すると考えられるため、これらにより制御される遺伝子をRNA-seqにより同定した。本発表では、得られた結果より予想される雑種強勢機構モデルを紹介する。

関本班 針葉樹のための簡易なBVOCs採取法とその応用

氏名： 太田 有紀（東京大学・M1, 国立環境研究所）、斉藤 拓也（国立環境研究所・東京大学）
甲山 哲生（東京大学）、陶山 佳久（東北大学）、津村 義彦（筑波大学）、日浦 勉（東京大学）

相当量のBVOCsを大気に放出する針葉樹は、特に中高緯度域において植物気候フィードバックの一端を担っている。針葉樹は葉にBVOCsを蓄積するため、サンプリングに際しては接触刺激によるBVOCsの過剰な放出を抑える必要があり、手順が煩雑であった。そこで本研究では、針葉樹のための簡易なBVOCs採取法を開発し、国内で広域的に優占する針葉樹であるスギに応用した。新たなBVOCsの採取法は、一般的なダイナミックエンクロージャー法に基づいており、枝を覆ったテフロンバッグをVOCフリーの空気でパージしながらサンプリングを行う。本手法では、折り畳んだバッグをあらかじめ枝の根元に取り付けておき、それを翌日以降に引き伸ばしてからBVOCsを採取する方法を用いた。これにより、接触刺激の影響を抑えた上でパージ工程を短時間化・簡略化することに成功した。

開発した手法を用いて、共通圃場に生育するスギを対象とした測定を行なった。GC/MS/FIDを用いた分析の結果、モノテルペン12種、セスキテルペン6種、ジテルペン2種が検出され、主要な化合物は α -pinene、sabinene、 β -farneseneであった。

若手の会
特別企画
3/4・5

シェラトン・グランデ・オーシャンリゾート
5F「マーズ」にて 20:00～21:00 開催

「若手キャリアパスの最前線！」

領域に参画している学生のみなさんを対象に、研究職を獲得された若手研究者の方を講演者とし、「若手キャリアパスの最前線」と称したキャリア支援を目的とした特別セミナーを企画しました。院生時代～これまでのキャリア形成について体験談を共有いただき、特に就職や学振についてなど、若手特有の心配事をどのように乗り越えてきたか、研究やフィールドをどのように開拓してきたのか、など学生のモデルケースとして参考になるのではないかと考えています。コロナ禍で、「情報共有が上手くできない」、「海外へ活躍の場を広げたいが周りにロールモデルがない」、など悩める学生のみなさん！諸先輩方の体験談を参考にキャリアアップを目指しましょう。

講演者（敬称略）：

国立科学博物館 植物研究部 陸上植物研究グループ 研究員 永濱藍
演題「大学院生活を振り返って」

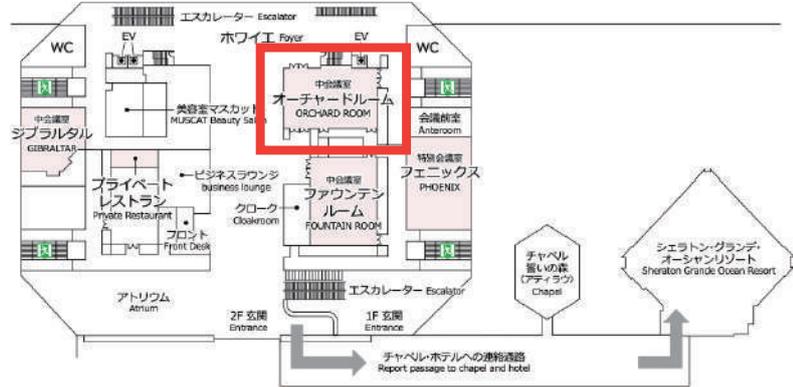
国立研究開発法人森林総合研究所 植物生態研究領域 研究員 辻井 悠希
演題「豪州でのポストクを経て」

横浜市立大学 大気環境質量分析研究室 准教授 関本奏子
演題「振り返ってみて今思うこと：犬も歩けば棒に当たってきた研究人生」

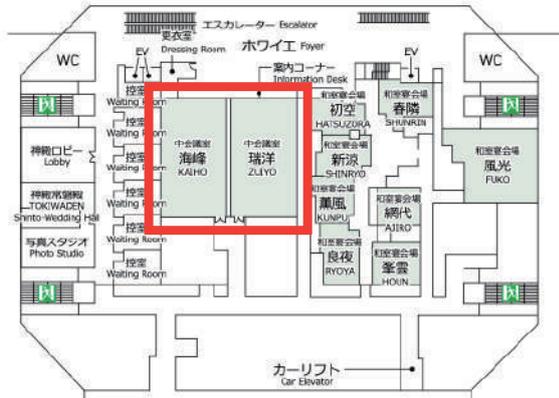
司会：萩原幹花

企画者：萩原幹花、辻井悠希、永濱藍

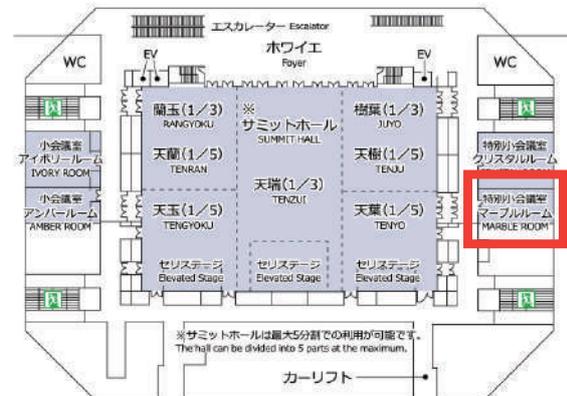
2nd Floor



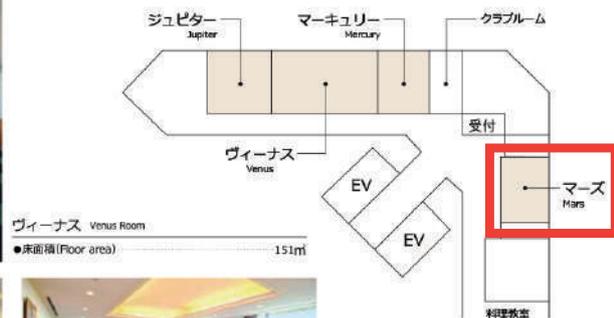
3rd Floor



4th Floor



5th Floor



ジュピター Jupiter Room



マーキュリー Mercury Room



マーズ Mars Room

到着後はコンベンションセンターへ直接お越しください。

またチェックイン・チェックアウトは各自お願いいたします。当日別途ご案内いたします。

「植物気候フィードバック」第1回領域会議・若手の会 参加者リスト

	班名	名前	ふりがな	所属先	職位等	メモ (宿泊メンバー)
評価委員・調査官	評価委員	秋元 肇	あきもと はじめ	アジア大気汚染研究センター	技術顧問	[シングル]
	評価委員	巖佐 庸	いわさ よう	九州大学	教授	[シングル]
	評価委員	高林 純示	たかばやしじゅんじ	京都大学	名誉教授	[シングル]
	評価委員	矢原 徹一	やはら てつかず	一般社団法人 九州オープンユニバーシティ	理事	[シングル]
	学術調査官	中條 壮大	なかじょう そうた	大阪公立大学	准教授	[シングル]
佐竹班	佐竹班	佐竹 暁子	さたけ あきこ	九州大学	教授	[シングル]
	佐竹班	平川 英樹	ひらかわ ひでき	かずさDNA研究所	主任研究員	[シングル]
	佐竹班	磯部 祥子	いそべさちこ	かずさDNA研究所	チーム長	[シングル]
	佐竹班	谷 尚樹	たに なおき	国際農研	主任研究員	[シングル]
	佐竹班	野下 浩司	のした こうじ	九州大学	助教	[シングル]
	佐竹班	永濱 藍	ながはま あい	国立科学博物館	研究員	[シングル]
	佐竹班	田島 直幸	たじまなおゆき	かずさDNA研究所	特任研究員	[シングル]
	佐竹班	岩倉 康樹	いわくら こうき	九州大学	学生 (M1)	[トリプル] 廣瀬・工藤
	佐竹班	工藤 秀一	くどう しゅういち	九州大学	学生 (M1)	[トリプル] 廣瀬・岩倉
	佐竹班	社川 武徳	しゃがわ たけのり	九州大学	学生 (B4)	[トリプル] 三藤・何
	佐竹班	萩原 幹花	はぎわら とみか	九州大学	研究員	[シングル]
佐竹班	廣瀬 草太郎	ひろせ そうたろう	九州大学	学生 (M1)	[トリプル] 工藤・岩倉	
永野班	永野班	永野 惇	ながの あつし	龍谷大学	教授	[シングル]
	永野班	矢崎 一史	やざき かずふみ	京都大学生存圏研究所	教授	[シングル]
	永野班	棟方 涼介	むなかたりょうすけ	京都大学生存圏研究所	助教	[シングル]
	永野班	岩山 幸治	いわやま こうじ	滋賀大学	准教授	[シングル]
	永野班	前田 太郎	まえだ たろう	慶應義塾大学	特任助教	[シングル]
	永野班	永壽 暖	えいじゅ だん		学生	[ツイン] 富田
	永野班	李 俊男	りしゅんなん	龍谷大学 (京都大学)	学生 (D4)	[シングル]
	永野班	小坂 青空	こいた そら	京都大学	学生 (M1)	[ツイン] 新屋
	永野班	新屋 和花	しんやのどか	京都大学	学生(D1)	[ツイン] 小坂
	永野班	富田 敦幹	とみた あつき	慶應義塾大学	学生 (B4)	[ツイン] 永壽
	永野班	三藤 陵根	みつじたかね	滋賀大学	学生 (M1)	[トリプル] 何・社川
永野班	松下 修平	まつした しゅうへい	京都大学	学生 (M2)	[ツイン] 市川	
永野班	市川 公康	いちかわ きみやす	京都大学	学生 (M1)	[ツイン] 松下	

山口班	山口班	山口 暢俊	やまぐち のぶとし	奈良先端科学技術大学院大学	准教授		[シングル]
	山口班	川勝 泰二	かわかつ たいじ	農研機構	上級研究員		[シングル]
	山口班	西尾 治幾	にしお はるき	滋賀大学	助教		[シングル]
	山口班	澤 ひかる	さわ ひかる	奈良先端科学技術大学院大学	学生 (M2)		[トリプル] 宮嶋・長森
	山口班	長森 愛純	ながもり あすみ	奈良先端科学技術大学院大学	学生 (M2)		[トリプル] 宮嶋・澤
	山口班	宮嶋 渚	みやじま なぎさ	奈良先端科学技術大学院大学	学生 (M2)		[トリプル] 澤・長森
	山口班	藤原 有矢	ふじわら ゆうや	奈良先端科学技術大学院大学	学生 (M1)		[トリプル] 宇津木・本郷
	山口班	宇津木 一陽	うつぎ かずあき	奈良先端科学技術大学院大学	学生 (M2)		[トリプル] 本郷・藤原
	山口班	本郷 達也	ほんごう たつや	奈良先端科学技術大学院大学	学生 (M2)		[トリプル] 宇津木・藤原
塩尻班	塩尻班	山尾 僚	やまお あきら	京都大学	教授		[シングル]
	塩尻班	陶山 佳久	すやま よしひさ	東北大学	教授		[トリプル] 田口・濱津
	塩尻班	韓 慶民	はん ちんみん	森林総合研究所	室長		[シングル]
	塩尻班	石川 直子	いしかわ なおこ	東北大学	特任准教授		[トリプル] 千葉・李
	塩尻班	深澤 遊	ふかさわ ゆう	東北大学	准教授		[トリプル] 河崎・濱野
	塩尻班	辻井 悠希	つじい ゆうき	森林総合研究所	研究員		[シングル]
	塩尻班	鍵谷 進乃介	かぎや しんのすけ	京都大学	研究員		[ツイン] 土居
	塩尻班	李 欣彤	りきんとう	東北大学	研究生		[トリプル] 石川・千葉
	塩尻班	河崎 有希	かわさき ゆうき	東北大学	学生 (M2)		[トリプル] 深澤・濱野
	塩尻班	田口 裕哉	たぐち ひろや	東北大学	学生 (M2)		[トリプル] 陶山・濱津
	塩尻班	濱野 公輔	はまの こうすけ	東北大学	学生 (M1)		[トリプル] 深澤・河崎
	塩尻班	濱津 幸大	はまつ こうだい	東北大学	学生 (B4)		[トリプル] 陶山・田口
	塩尻班	千葉 あおい	ちば あおい	東北大学	学生 (B4)		[トリプル] 石川・李
	塩尻班	土居 健央	どい たけお	京都大学	学生 (M1)		[ツイン] 鍵谷
関本班	関本班	関本 奏子	せきもと かなこ	横浜市立大学	准教授		[シングル]
	関本班	斉藤 拓也	さいとう たくや	国立環境研究所	主幹研究員		[シングル]
	関本班	福山 大輔	ふくやま だいすけ	横浜市立大学	学生 (D2)		[シングル]
	関本班	錦戸 悠斗	にしきど ゆうと	横浜市立大学	学生 (M1)		[ツイン] 永田
	関本班	大江 沙紀	おおえ さき	横浜市立大学	学生 (M1)		[シングル]
	関本班	永田 遥輝	ながた はるき	横浜市立大学	学生 (B4)		[ツイン] 錦戸
	関本班	太田 有紀	おおた ゆき	東京大学	学生 (M1)		[シングル]
須藤班	須藤班	須藤 健悟	すどう けんご	名古屋大学	教授		[シングル]
	須藤班	入江 仁士	いりえ ひとし	千葉大学	教授		[シングル]
	須藤班	関谷 高志	せきや たかし	海洋研究開発機構	研究員		[シングル]
	須藤班	何 彦峰	かげんほう	名古屋大学	研究員		[トリプル] 三藤・社川

