

令和 3 年 6 月 16 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17H01884

研究課題名(和文) ゲノム動態解析に基づくブナ林の衰退兆候の評価法

研究課題名(英文) Genomic assessment of symptom on beech forest decline

研究代表者

齋藤 秀之 (Saito, Hideyuki)

北海道大学・農学研究院・講師

研究者番号：70312395

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,000,000円

研究成果の概要(和文)：ゲノム情報を利用した森林樹木の環境影響評価の開発研究の一環として、ブナを対象にドラフトゲノムの精緻化を行い、トランスクリプトーム解析とプロテオーム解析に基づいて衰退兆候の指標性遺伝子の探索を行った。全国ブナ天然林の現地調査の結果から、葉緑体16SリボソームRNAを候補遺伝子の一つとして選抜した。葉緑体リボソームは葉緑体における遺伝子発現の翻訳調節を司るため、その減少は光合成の環境応答性を鈍らせ、樹体が衰弱を始める初期段階に関係している可能性が考えられた。したがって、葉の葉緑体16SリボソームRNA量の変動は衰退兆候を検出するための指標性遺伝子として有望であると考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

森林衰退を未然に防ぐためには、樹木が衰弱する生理的兆候の早期発見が肝要である。本研究の学術的意義は、ブナ成木の衰退兆候の初期段階において葉の葉緑体リボソーム量の減少が恒常性維持機能の低下として関与している可能性を野外調査と環境操作実験から明らかにしたことである。この結果は、一見、緑豊かで健全に見えるブナ林の中に、生理的には環境ストレスに対する抵抗性が弱まり、気候変動に対して脆弱な状態にあるブナ林が存在していることを示唆する。この成果は、ブナ林衰退の早期発見に貢献する診断技術として新規に提案するもので、気候変動下の森林衰退リスク管理に役立てられると考えられる。

研究成果の概要(英文)：An early detection of physiological symptom before getting weaker of tree vigor is important to prevent forest decline. As part of a development research of environmental assessment technique of forest health using genomics, here we elaborate *Fagus crenata* draft genome and conducted the genome-wide survey of the symptom indicator by transcriptome and proteome analyses for *F. crenata* leaves. The investigation of natural beech forests across Japan resulted a selection of candidate gene, chloroplast ribosomal RNA. The quantitative change of ribosome generally affects the capacity of translational regulation in gene expression, probably affecting the physiological response to the environmental changes. We concluded the ribosomal RNA gene is a promising gene for assessing the symptom of forest decline.

研究分野：森林ゲノム生理生態学

キーワード：ブナ林 衰退兆候 ゲノム トランスクリプトーム プロテオーム 光合成 葉緑体リボソーム

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

気候変動や大気汚染による環境負荷など、外的環境要因が野生植物に与える影響は、これまで以上に多様かつ複雑になっている。とくに森林生態系では、環境負荷による森林樹木の衰退現象が顕在化して問題になっている。森林の保全管理と衰退現象での適応策など、これらの指針を得るためには、樹木の成長生理と環境の関係を正しく理解して評価する必要がある。

本課題の先行研究では、ゲノム網羅的な遺伝子発現パターンを用いた環境影響評価法を開発して、全国ブナ林の衰退現象と環境要因との関係性を評価する有望な技術として提案することができた。さらに全国ブナ林調査の結果の一部から、一見、健全に見えるブナ林においても比較的高い衰退度指数を示す林分の存在を明らかにした。この外観が健全にも関わらず衰退度指数が高いブナ林の環境条件を検討したところ、季節的な対流圏オゾン濃度の上昇が観測され、ブナ林衰退の兆候を示唆している可能性が考えられた。樹木が衰弱する生理的な兆候を検出することは、森林衰退現象を未然に回避するために不可欠な環境影響評価の技術である。このような経緯から、ゲノム情報を利用したブナ林の衰退兆候を評価するために技術開発に取り組むことになった。

ゲノム情報を利用したブナ林の衰退兆候の評価技術を開発するにあたり、ブナの正確なゲノム情報が必要であった。当該研究の開始当初、ブナのドラフトゲノムは完成していたが、当時のゲノムアセンブリの解析プログラムは次世代シーケンサーの short read と long read の両方に対して同時にアセンブリすることができなかった。またブナのような 2 倍体でヘテロ配列が多数あるゲノムのアセンブリに対しても十分な対応ができていなかった。これらのゲノムアセンブリの技術的な限界のために、ブナのドラフトゲノムには不正確な要素が多分に含まれていた。しかしながら、本課題を開始する時点においてゲノムアセンブリの技術は格段に進歩しており、さらに染色体レベルのアセンブリも可能な新奇技術も汎用化され、現存のブナゲノムの基礎データを利用して精緻化できる状況になっていた。したがって、ブナのドラフトゲノムの精緻化を図ることで、精度の高いブナ林の環境影響評価、特に衰退兆候の評価法の開発研究が進めることができるかと期待できた。

2. 研究の目的

本課題の目的は、(1)ブナを対象にドラフトゲノムの精緻化を行い、染色体レベルのドラフトゲノムを完成させること。(2)全国ブナ林を対象に、葉のトランスクリプトーム解析とプロテオーム解析によるゲノム網羅的なデータならびに生育環境データを関係づける環境ゲノム情報のインベントリを拡充し、ブナ成木の生理的な衰退兆候を指標する遺伝子の探索を行うこと。(3) (2)で選抜された衰退兆候を指標する候補遺伝子について、環境ストレスに対する発現特性および候補遺伝子の発現と光合成能力との関係を明らかにして、衰退兆候の指標性遺伝子としての妥当性を評価することである。以上から、ブナ林の衰退現象における樹木生理的な衰退兆候に関する評価法をゲノムの遺伝子発現情報に基づいて提案することである。

3. 研究の方法

(1) ブナゲノム情報の精緻化

ブナゲノムの刷新に用いた生リード配列は、先行プロジェクトで得られた次世代シーケンス解析の short read と long read に加えて、新たに取得した Hi-C read であった。供試木は、北海道黒松内町のブナ二次林に生育する成木で、開葉前に水切りした枝を採取して人工気象室内で生育して開葉をさせて供試葉とした。ゲノムサイズと倍数体の推定には GenomeScope と Smudgeplot を用いた。ゲノムアセンブリには Short read と Long read のハイブリッドアセンブリが可能な MaSuRCA (Ver. 3.3.2) を用いた。Hi-C なしのスキファオールディングには HaploMerger と Redundans を用い、ゲノム評価には Quast (Ver. 5.0.2) と BUSCO (ver. 4.0.6) を用いた。染色体レベルのスキファオールディングには ALLHiC (Ver. 0.9.13) を用い、ゲノム評価には Quast (Ver. 5.0.2) と BUSCO (ver. 5.0.0) を用いた。リピート解析には RepeatModeler (Ver. 1.0.11)、遺伝子予測には Breaker2 (Ver. 2.1.0)、アノテーションには Diamond (Ver. 0.9.35) と interproscan (ver. 5.34-73.0)、オーソログ推定には OrthFinder (ver. 2.3.3) を用いた。オルガネラゲノムのアセンブリには、NOVOPlasty を用い、遺伝推定には Geseq を用いた。

染色体レベルゲノムアセンブリのための基礎情報として染色体数と各染色体の相対サイズを測定した。材料にはブナ当年生実生の根端を用いた。染色体の観察には蛍光顕微鏡 (Leica CW-4000) を用いた。染色体の染色には DAPI を用いた。またブナの全ゲノム DNA および 18S-25S rDNA をプローブにした FISH 解析を行った。

(2) 環境ゲノムインベントリの構築

調査地は北海道黒松内添別、黒松内岳、狩場山、青森県八甲田山、山形県月山、宮城県青葉山、福島県只見町、俎板倉山、新潟県八海山、松之山、当間山、湯沢大峰、苗場山 900m、苗場山和田小屋、群馬県三国峠、谷川岳、みなかみ大峰、栃木県高原山、茨城県筑波山、神奈川県丹沢山系 (6 林分)、山梨県富士山、静岡県富士山 (4 林分)、天城山、中川根、京都府芦生、島根県澄水

山、愛媛県久万高原、高縄山、福岡県英彦山、背振山、宮崎県椎葉、鹿児島県紫尾山、以上の延べ 40 林分であった。このうち、7 林分はオルガネラゲノム解析による遺伝子構成に関する予備調査のみであった。調査地の気温と降水量は最寄りのアメダス情報を利用した。一部では現地のおゾン濃度に関して葉の採取時期にパッシブサンプラー(小川商会)と気温(Hobo, Onset 社製)の測定器を設置して約 1 ヶ月平均おゾン濃度として測定した。なお、上記のデータには先行プロジェクトによって取得したデータを共用した。

(3) トランスクリプトーム解析

トランスクリプトーム解析(mRNA 量)は、ブナ林の林冠木を供試木として陽樹冠から採取した個葉を材料として行った。凍結保存した葉から抽出した全 RNA を対象にゲノム網羅的なメッセンジャー RNA (mRNA) を定量した。オルガネラゲノムにコードされる遺伝子の発現解析においては、標的遺伝子のコピー数を定量して換算に用いた。全 RNA および全 DNA の抽出は cTAB 法で行った。ゲノム網羅的な遺伝子発現解析には DNA マイクロアレイ法(独自に開発したブナ専用のカスタムアレイ, 43,803 遺伝子, アジレント社製)ならびに次世代シーケンサーによる RNA-seq 法を用いた。個別の遺伝子の mRNA 量ならびに DNA コピー数の定量にはリアルタイム PCR 法(Roche 社製, ライトサイクラー)を用いた。

(4) プロテオーム解析

プロテオーム解析(タンパク質量)は、葉の可溶性画分を対象に、ペプチドマスフィンガーブリンティング法(Thermo Scientific 社)を用いて行った。定量の計算で用いる cDNA 配列にはブナ完全長 cDNA ライブラリーから取得した CDS 配列を用いた。さらに主要なタンパク質として葉緑体に局在して光合成の炭酸固定の鍵酵素であるルビスコタンパク質の定量を SDS-PAGE 法と CBB 染色により行った。また葉緑体に局在して翻訳調節を司る葉緑体リボソームの量的変動について、16S リボソーム RNA 量の定量(バイオアナライザー, アジレント社製)に基づいて検討した。

(5) 葉の形質

葉の形質として、光飽和光合成速度、窒素含有率、リン含有率を調べた。光飽和光合成速度は、同化箱を用いた通気法による光合成蒸散速度測定装置(LI6400, Licor 社製)を用いた。材料には切り枝を調製して供試葉とした。光合成速度の測定条件は、光合成有効波長域の光量子束密度が $1500 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ 、葉温が 25、葉面飽差が 0.5~1.0 kPa、CO₂濃度 400 ppm であった。葉の窒素含有率の測定には NC アナライザーを用いた。葉のリン含有率の測定は湿式灰化の後にバナドモリブデン酸法により分光学的に測定した。

4. 研究成果

(1) ブナのゲノム情報の精緻化

ブナの染色体数ならびに各染色体のサイズを明らかにするために、DAPI 染色による蛍光顕微鏡観察を行った。ブナの染色体の数は $2n = 24$ で、さらに 0~2 個の B-染色体を検出した(図-1)。既往研究と比べて $2n = 24$ についてはブナ属で共通であったが、B-染色体の存在は初めての発見であった。B-染色体の検証のため FISH 解析を行ったところ、B-染色体の存在が再確認され検証された。GenomeScope で推定されたゲノムサイズは 465 Mbp でリピート領域は 48.4%であった。Hi-C なしのブナゲノム(Ver.4)の統計量は次の通りであった。総塩基数: 419Mbp (N 含む)、コンティグ数: 800、最長コンティグ長: 5.30 Mbp、N50: 1.14 kbp であった。推定遺伝子数は、38,710 であった。Hi-C アセンブリにより、総塩基数 477.7 Mbp、12 本の染色体と 1 本の B-染色体を構築した。顕微鏡観察に基づく各染色体のサイズとゲノムアセンブリに基づく各染色体のサイズの関係は有意な正の相関を示し(Pearson's $r = 0.985$, 図-1)、染色体レベルのゲノムアセンブリの結果が妥当な精度であると考えられた。ブナゲノムで推定された遺伝子を他の生物種(ドイツトウヒ、アンボレラ、ブドウ、ポプラ、モモ、イネ、ヨーロッパシラカンバ、ヨーロッパナラ; 合計 8 種)とオルソログ関係を調べたところ、全オーソログ遺伝子の数は 14,995 個であり、全種で共通の遺伝子数が 5,293 個、ブナに固有な遺伝子が 52 個を検出した。全国ブナ林から 20 地域を選び各地域 1 個体のオルガネラのゲノム配列を決定して、オルガネラが保有する遺伝子を地域間で比較したところ、全ての地域の個体で保有する遺伝子の種類と数は共通であった。

(2) 衰退兆候を指標する遺伝子の探索

ブナ健全木と衰退木の葉のプロテオミクス解析から、夏季の衰退木で特異的に増加する可溶性タンパク質として 34 種を検出した。さらに RNA の定量解析から 16S リボソーム RNA 量の減少が衰退木で検出され、葉緑体リボソーム量が衰退木で減少していると考えられた。さらに全国のブナ林から採取した葉の 16S リボソーム RNA 量は、只見 2 林分、八海山、当間山、苗場山海抜 900m、谷川岳の 6 林分において、外観では健全な緑色を呈したにも関わらず生重あたりの 16S リボソーム RNA 量が他地域の健全木の約半分量で、丹沢山や筑波山など衰退林分の衰退木と比べて同等レベルであることがわかった。先行研究で検出されていた衰退木で発現量を変動させる遺伝子 105 個と合わせ、衰退兆候の生理機能面からの評価の有用性と測定面での簡便性を合

わせて検討した結果、16S リボソーム RNA を候補遺伝子として選抜することになった。

16S リボソーム RNA は葉緑体リボソームに組み込まれて葉緑体リボソームの活性部位として機能することが知られている。また葉緑体リボソームは、葉緑体ゲノムにコードされる遺伝子発現の翻訳調節を司り、その翻訳調節の役割から葉緑体の恒常性維持機能を担っていると考えられる。すなわち、16SrRNA 量を定量することは、葉緑体における遺伝子発現調節の全般を対象に恒常性維持機能の能力を評価できると考えられる。これらの理由から、16S リボソーム RNA 遺伝子はブナ葉の生理的な衰退兆候を指標する遺伝子として有望であると判断でき、ブナ葉の衰退兆候の指標性遺伝子の候補として選抜することにした。

(3) 葉緑体リボソーム量の環境応答

年変動

北海道黒松内にあるブナ二次林の健全な林冠木を対象に個体識別を行って 2012 年から 2018 年までの夏季の陽葉の葉緑体 16S リボソーム RNA 量を調べ、葉緑体リボソーム量の年変動について検討した。16S リボソーム RNA 量は 6 月から 8 月上旬の期間において季節変動を示さず、明瞭な年変動も示さなかった。したがって、夏期の葉緑体リボソーム量は調査年の気象条件の影響を受けにくいと考えられた。

台風後遺症によるブナ衰退林の実態調査

福岡県英彦山山頂付近のブナ天然林において、斜面方位に依存して台風後遺症で衰退した林分とその衰退林分と隣接する健全林分において葉緑体リボソーム量の比較調査を行った。樹冠に着生する葉の葉緑体 16S リボソーム RNA 量は、健全木に比べて衰退木で有意に少なかった。台風後遺症の主な原因は強風により生じた根切りに起因すると考えられている。したがって、葉緑体リボソーム量は樹勢の衰弱と関連しながら長期的な環境ストレスによって減少すると考えられた。

酸性水の散布実験

静岡県富士山ブナ天然林における樹冠（樹高約 20m）において、硫酸と硝酸により pH2.5 に調製した酸性水の散布による酸ストレス操作実験を行った。葉緑体 16S リボソーム RNA 量は、酸性水（pH2.5）の散布から 1 日後において減少した。この結果から、葉緑体リボソーム量は酸ストレスによって機敏に減少することが明らかになった。

開葉期のオゾン曝露実験

北海道大学札幌研究林内の林床に天然更新したブナを対象に、開葉期に枝を対象にしたオゾン曝露が 9 月の葉の葉緑体リボソーム量に与える影響を調べた。曝露時間は 3 時間/日で 4 日間であった。オゾン濃度の日平均値は 168~259 ppb であった。9 月の葉の葉緑体 16S リボソーム RNA 量はオゾン曝露により減少する傾向を示した（T-test, $P = 0.07$ ）。したがって、葉緑体リボソーム量は春季の高濃度オゾンによる酸化ストレスで減少することが示唆された。

ブナ苗木の根切り実験

ブナのポット苗を用いて根切り時期（調査前年の 12 月と調査当年の開芽 1 ヶ月前）が葉緑体リボソーム量に与える影響を調べた。葉緑体 16S リボソーム RNA 量は当年開芽前の根切りにより有意に減少した。また葉緑体ゲノムのリボソーム RNA 遺伝子領域の DNA メチル化が増加した。12 月は休眠期であったのに対して開芽 1 ヶ月前の時期は冬芽が既に細胞分裂を再開しており根の切断による障害誘導の影響が冬芽に現れてリボソームの DNA メチル化を誘導し、16S リボソーム RNA を抑制的に発現調節した結果、葉緑体リボソーム量が減少したと考えられた。

(4) 葉緑体リボソーム量と光飽和光合成速度の関係

北海道黒松内および筑波山のブナ天然林を対象に、陽樹冠の葉の葉緑体リボソーム量と光飽和光合成速度の関係を調べた。供試木の選木は健全木から衰退木まで外観に基づいて選び、黒松内で 9 個体、筑波山で 9 個体であった。1 個体からの供試葉の反復は 3 枚であった。黒松内では、葉緑体 16S リボソーム RNA 量と光飽和光合成速度の間に有意な正の相関が認められ、特に葉緑体 16S リボソーム RNA 量が減少すると光飽和光合成速度にバラツキが大きくなる傾向を示した（図-2）。一方で、筑波山では黒松内に比べて葉緑体 16S リボソーム RNA 量が全ての供試木で少なく、光飽和光合成速度が $2.7 \sim 12.1 \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ まで 5 倍ほどの大きな違いを示した。黒松内と筑波山のデータをまとめると、葉緑体 16S リボソーム RNA 量が減少するほど光飽和光合成速度のバラツキが低下方向に大きくなることが示された。この結果は、葉緑体リボソーム量の減少にともなう葉緑体の恒常性維持機能の低下に起因すると考えられた。すなわち、葉緑体リボソーム量が高いレベルで蓄積していると野外環境条件における様々なストレスに対して緊急応答する遺伝子により防御機能や修復機能を発揮することができ、高い光合成能力を維持することができると考えられるが、葉緑体リボソーム量が何らかの理由で減少すると環境ストレスに対して防御機能や修復機能の発現が鈍り、環境ストレスの大きさや頻度に応じて光合成能力が徐々に低下する可能性あると考えられた。これらの理由により、葉緑体リボソーム量の低下にともなって光飽和光合成速度の個体間のバラツキが大きくなったと考えられた。したがって、葉緑体リボソーム量の減少は、樹体が衰弱を始める初期段階に関する生理的な兆候として見なすことができると考えられた。

(5) まとめ

ブナ林の衰退兆候の指標性遺伝子として葉緑体 16S リボソーム RNA 遺伝子を選抜した。一般に、葉緑体 16S リボソームの定量値は葉緑体リボソーム量を反映するため、葉緑体リボソームがもつ翻訳調節の能力、延いては光合成の恒常性維持の機能量を評価できると考えられる。また森林の環境影響評価の実践的な観点からは、葉緑体 16S リボソーム RNA の定量には植物種に固有な塩基配列情報を必要とせず、抽出した全 RNA を対象にデジタル電気泳動によって定量できる簡便さも当該遺伝子の利点として挙げられる。本研究課題では、ブナ林冠に着生する葉において、葉緑体リボソーム量の減少にともなって光合成能力が低い葉の出現頻度が多くなっていた。この事実から、ブナ葉において恒常性維持機能の低下が光合成能力の低下を許す一因となっており、葉緑体リボソーム量の減少は様々な環境ストレスに対してブナ葉が脆弱な状態にあることを意味していると考えられた。これらの理由から、葉緑体 16S リボソーム RNA 遺伝子はブナ林衰退現象の生理的な兆候を指標する遺伝子として有望であると考えられた。

残された課題として、葉緑体リボソーム量が恒常性維持の機能量を偽相関ではなく真に表していることの検証が挙げられる。この課題を解決することで、葉の葉緑体 16S リボソーム RNA 量の変動がブナ林衰退現象の生理的な兆候の早期発見に役立つ診断指標として提案でき、気候変動下の森林衰退リスク管理に貢献できると考えられる。

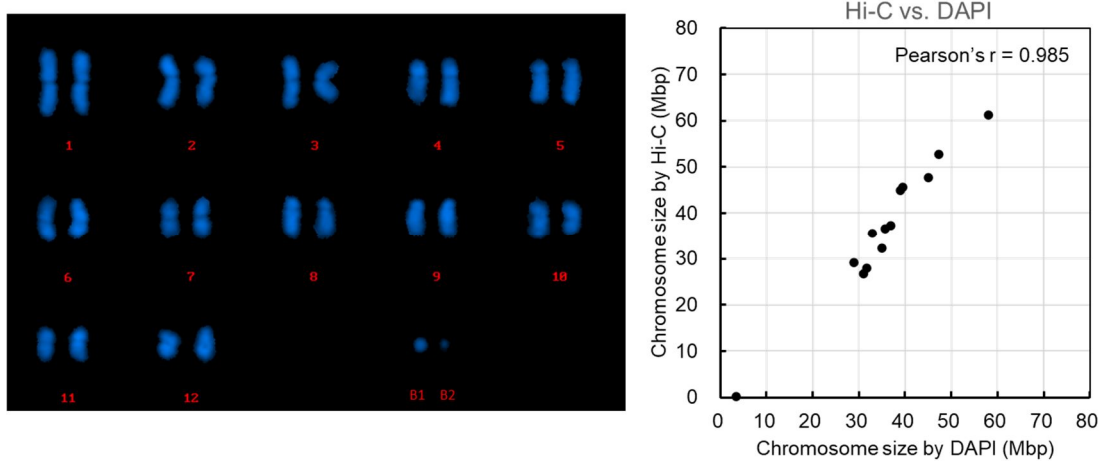


図-1 ブナ染色体のカリオグラム（左図）およびカリオグラムと Hi-C ゲノムアセンブリで得た染色体サイズの関係（右図）

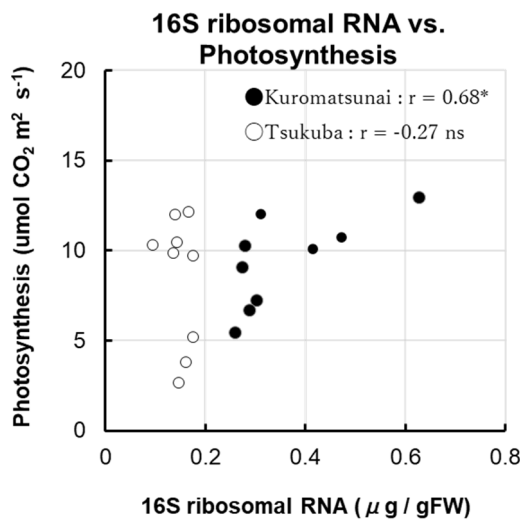


図-2 ブナ葉の光飽和光合成速度と 16S リボソーム RNA 量の関係
黒丸は黒松内ブナ林、白丸は筑波山ブナ林を示す。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 和田尚之・小野寺賢介・徳田佐和子・斎藤秀之・馬場俊希	4. 巻 68
2. 論文標題 北海道東部で発生したカラマツ集団枯損における病虫害発生と生理状態の関係	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 北方森林研究	6. 最初と最後の頁 31-34
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 馬場俊希・斎藤秀之・宮本敏澄・渋谷正人	4. 巻 68
2. 論文標題 カラマツの枝条形成における長枝化と花芽分化の関係	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 北方森林研究	6. 最初と最後の頁 53-56
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 斎藤秀之	4. 巻 61
2. 論文標題 樹木のエピジェネティクスに関する研究動向. - ゲノム網羅的なDNAメチル化解析について -	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 北海道の林木育種	6. 最初と最後の頁 37-40
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 和田尚之・小林徳久・斎藤秀之	4. 巻 66
2. 論文標題 施肥がもたらすブナの着花への効果	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 北方森林研究	6. 最初と最後の頁 67-68
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計17件（うち招待講演 2件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 斎藤秀之
2. 発表標題 機能ゲノム学的研究は森林樹木の環境応答の疑問にどこまで答えられるか？
3. 学会等名 樹木の生態に対するシンクベースの生理的機序からの探求-現象から解析手法まで（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 和田尚之・斎藤秀之
2. 発表標題 細胞分裂の季節変動からみた葉の形成
3. 学会等名 樹木の生態に対するシンクベースの生理的機序からの探求-現象から解析手法まで（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 斎藤秀之・神村章子
2. 発表標題 ブナ樹冠における葉の花成遺伝子の発現に及ぼす酸化ストレスの影響
3. 学会等名 第68回北方森林学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 和田尚之・小野寺賢介・斎藤秀之・馬場俊希・徳田佐和子
2. 発表標題 北海道東部で発生したカラマツ集団枯損における病虫害発生と生理状態の関係
3. 学会等名 第68回北方森林学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 馬場俊希・斎藤秀之・宮本敏澄・渋谷正人
2. 発表標題 カラマツの枝条形成における長枝化と花芽分化の関係
3. 学会等名 第68回北方森林学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 樋口亮・斎藤秀之
2. 発表標題 ブナ衰退木の光合成関連遺伝子の発現調節
3. 学会等名 第131回日本森林学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 斎藤秀之・神村章子
2. 発表標題 ブナ樹冠の花成遺伝子の発現に及ぼす硫酸と硝酸の異なる影響
3. 学会等名 第131回日本森林学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 和田尚之・小野寺賢介・斎藤秀之・徳田佐和子
2. 発表標題 北海道で発生したカラマツ集団枯損における衰弱木の生理変化と遺伝子発現
3. 学会等名 第131回日本森林学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 樋口 亮・神村章子・斎藤秀之
2. 発表標題 ブナの葉緑体ゲノム全塩基配列の決定と構造解析
3. 学会等名 第67回北方森林学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 斎藤秀之・神村章子・樋口 亮・小倉淳
2. 発表標題 ブナの健全性指標におけるリボソームRNAの可能性
3. 学会等名 第67回北方森林学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 斎藤秀之
2. 発表標題 ブナ葉のリボソーム遺伝子発現におけるエピジェネティック制御
3. 学会等名 第130回日本森林学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 斎藤秀之・神村章子・小林孝徳久・山口高志・和田尚之・樋口亮・小倉淳・瀬々潤
2. 発表標題 遺伝子発現プロファイルに基づくブナ林の衰退兆候の検出
3. 学会等名 第129回日本森林学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 樋口 亮・大橋慧介・和田尚之・神村章子・高須賀太一・堀 千明・斎藤秀之
2. 発表標題 ブナ衰退木の葉のプロテオミクス解析
3. 学会等名 第129回日本森林学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 和田尚之・斎藤秀之
2. 発表標題 ブナ花成のエピジェネティクス - FTの発現誘導を司るDNAメチル化の役割 -
3. 学会等名 第129回日本森林学会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 斎藤秀之・小林徳久・神村章子・小倉淳・瀬々潤
2. 発表標題 ブナのドラフトゲノム
3. 学会等名 第66回北方森林学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 樋口 亮・斎藤秀之・和田尚之・小倉淳・瀬々潤・渋谷正人・小池孝良
2. 発表標題 ブナ過熟木の葉における遺伝子発現プロファイル
3. 学会等名 第66回北方森林学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 和田尚之・小林孝徳久・斎藤秀之
2. 発表標題 施肥がもたらすブナの着花への効果
3. 学会等名 第66回北方森林学会
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	小倉 淳 (Ogura Atsushi) (60465929)	長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部・教授 (34204)	
研究分担者	高須賀 太一 (Taichi Takasuka) (70748409)	北海道大学・農学研究院・准教授 (10101)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------