

令和 2 年 6 月 18 日現在

機関番号：63801

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K07810

研究課題名(和文)新規の有用フラボノイドを見つけるための仮想代謝マップの構築

研究課題名(英文)Construction of a virtual metabolic pathway map system for discovery of novel functional flavonoids

研究代表者

櫻井 望 (Sakurai, Nozomu)

国立遺伝学研究所・情報研究系・特任准教授

研究者番号：30392286

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：植物由来の代謝産物フラボノイド類は、抗酸化作用などの機能性を示すものが多い。これまでに、メタボローム技術とバイオインフォマティクス技術を用いて、網羅的なフラボノイドの検出(フラボノーム)を行うシステムを確立してきた。本課題では、有用なフラボノイドの探索が可能な情報基盤の確立を目的に、50種類以上の幅広い植物におけるフラボノームを比較できるウェブシステムを開発、公開し、これを用いて植物特徴的な新規フラボノイドの候補を複数見出した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

フラボノイド類は、抗酸化作用、抗がん作用など、機能性表示食品の関与成分としても注目されている。高感度な成分検出技術と情報科学技術を組み合わせることで、これまで報告されていなかったフラボノイドが、身近な野菜などにも数多く潜在する可能性を示してきた。本課題では、野菜や果物を含めた50を超える植物で、フラボノイド候補を網羅的に比較できるウェブシステムを構築・公開し、例えばレタス、きく、よもぎなどキク科に特異的に存在する物など、多数の新規フラボノイド候補を見つけた。このウェブシステムは、新たなフラボノイドの探索とその植物や遺伝資源の活用につながる新たなデータ基盤となる。

研究成果の概要(英文)：Flavonoids are plant-derived metabolites and many flavonoids showing bioactivities such as antioxidant activity. We have developed a system for comprehensive detection of flavonoids (flavonome) based on metabolomic and bioinformatic technologies. The aim of this study is at a development of a system for discovery of novel functional flavonoids. We developed databases which provide flavonomes obtained from more than 50 plants. Using the search functions of these databases we found candidate of novel flavonoids which accumulated in specific plant species.

研究分野：メタボロミクス

キーワード：メタボロミクス フラボノイド LC-MS データベース 食品 植物

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

植物由来の代謝成分フラボノイド類は、抗酸化作用、抗がん作用、ホルモン様作用などの生理活性を示すものが多く、機能性食品や医薬品への利用が期待されている。研究代表者らは、液体クロマトグラフィー-質量分析装置(LC-MS)を用いた網羅的な成分解析(メタボローム解析)の技術とバイオインフォマティクスの技術開発により、約7000種類のフラボノイドを高感度に判別できる解析基盤、FlavonoidSearchシステムを構築した(Akimoto N et. al. 2017)。FlavonoidSearchを用いることで、フラボノイドと推定される成分候補を網羅的に検出することが可能となり、フラボノイドの全体像(フラボノーム)を俯瞰できるようになった。そして、日常的に摂取している野菜であるパセリなどにおいても、これまでに報告のないフラボノイドが多数含まれている可能性が明らかとなった。このように、メタボローム解析技術とFlavonoidSearchを利用することで、新規のフラボノイドを探索することが可能な技術が整備された。

この技術を用い、多数の植物のフラボノームを比較することができれば、植物特異的なフラボノイドなどを選抜することが可能となり、有用なフラボノイド資源を積極的に探索するための情報基盤が構築できると考えられる。

2. 研究の目的

新規フラボノイドとその生合成遺伝資源を探索することができる情報基盤を構築することを目的とする。このため、以下を当初目標とした。

- (1)多様な植物のフラボノームを比較することを目的とし、様々な進化距離にある植物や野菜50種類以上でフラボノームを取得する。
- (2)植物ごとのフラボノームの特徴を比較することを目的とし、フラボノイドの推定生合成経路に検出された推定フラボノイドを描画した仮想代謝マップを構築し、ウェブデータベースとして公開する。
- (3)構築したシステムの有用性を示すことを目的とし、新規フラボノイド候補の構造決定を行うとともに、その生合成経路遺伝子の単離を試みる。

研究代表者が研究期間2年目の6月に、当初のかずさDNA研究所から、国立遺伝学研究所へ移籍したことに伴い、代謝マップ作製および遺伝子単離等のウェット実験を担当する人材のリソースの確保が難しくなった。このため、上記目的を達成するため、(2)、(3)に関しては、研究代表者が単独で実施できるバイオインフォマティクス技術を使い、下記の実施内容に注力することとした。

- (2)個々の推定フラボノイドについて、植物種間でその存在、蓄積量を一覧比較できるシステムおよび、修飾基のバリエーションを検索できるシステムを開発して公開する。
- (3)構築したシステムを用い、植物特異性のある新規フラボノイドの候補を複数探索する。

3. 研究の方法

(1)フラボノームの取得

多数の植物材料を調達するため、第一に、食品として利用可能なものを利用した。日本食品標準成分表2015年版(七訂)(文部科学省)から選択し、同表に示された廃棄部位を除いたものを試料とした。穀類、いも及びでん粉類、豆類、種実類、野菜類、果実類、きのこ類、藻類、嗜好飲料類、調味料及び香辛料類として植物由来のものが含まれ、野菜類で57種、果実類で28種の植物を含む。系統および部位として多様な植物試料を確保するため、第二に、食品に該当しない以下の植物試料を用いた。パセリの根、イネの葉、シロイヌナズナ、ネギの根、はつか大根の葉、トマトの花、タバコBY-2細胞、イチヨウの葉、ヒメツリガネゴケ、ゼニゴケ、ミヤコグサ、ポプラの幼植物を用いた。これらは常法に従いかずさDNA研究所で栽培、培養、採取したもののほか、謝辞に示す先生方にご提供いただいた。

メタボローム解析は、Agilent 1100 LCシステム(アジレント社)、LTQ-FT(ThermoFisher Scientific社)を用いて実施した。フラボノイドは、生体内では糖やアシル基が結合した形で存在しており、これらの分子はLC-MS分析では、多段階MS分析におけるMS3を行うことで、非糖部(アグリコン)の開裂によるマススペクトルを得ることができる。そこで、イオントラップ型MS検出部において、強度の強い5個のイオンをMS2分析し、次いで強度の強い2個のイオンをMS3分析するデータ依存型のマススペクトルスキャンを行った。これに際し、LCによる成分分離を長時間低流速で行うグラジエント設定と、一度スキャンしたイオンを再度スキャンしないDynamic Exclusion設定の至適化を行った。

LC-MSの分析データを、研究代表者が開発したPowerGetBatchソフトウェアで解析し、得られたピークに紐づくMS2スペクトルおよびMS3スペクトルを選別したのち、これを

FlavonoidSearch により評価して、評価スコアを取得することで、フラボノーム情報を取得した。

(2)フラボノームを比較するシステムの開発

取得、解析したフラボノームデータは、研究代表者が開発した食品メタボロームレポジトリ (<http://metabolites.in/foods>)(Sakurai and Shibata 2017) および植物メタボロームレポジトリ (<http://metabolites.in/plants>) に格納した。これらのシステムは、バックエンドを Java、SpringBoot、MariaDB により開発し、フロントエンドを SpringBoot および JavaScript で開発した。RedHat Linux 64bit の Linux サーバー上で、Apache を HTTP サーバーとして運用されている。

(3)新規フラボノイド候補の探索

上記(2)で構築したウェブシステムの Application Programming Interface (API) を用い、Java プログラムを用いて、未知のフラボノイドの候補を選抜した。検出質量値を用いた既知化合物データベースへの検索では、データベースとして KEGG, KNApSAcK, HMDB, LIPID MAPS, metabolomics.jp のフラボノイドデータベースを用い、質量誤差 ± 5 ppm を適用した。得られたデータを Microsoft Excel で集計し、個々の候補成分について、手作業で、食品メタボロームレポジトリおよび植物メタボロームレポジトリによるデータ確認を行った。

4. 研究成果

(1)フラボノームの取得

多様な植物を確保するため、市販で入手可能な植物試料として食品を用いた。この中には、野菜類 57 種類と、果実類 28 種類を含む。さらに、幅広い進化距離のものや植物内での部位を比較する目的で、ヒメツリガネゴケ、ゼニゴケ、イヌカタヒバ、シロイヌナズナ、ミヤコグサ、イチヨウの葉、ポプラ幼植物などを含む、14 種 28 種類の植物試料を用いた。画一的な手法で LC-精密質量 MS 分析を行った後、データ依存的に一部のピークで取得された MS2, MS3 スペクトルについて、FlavonoidSearch による評価を行い、フラボノーム情報を取得した。食品類では ESI ポジティブモードの平均 4366 のピークが検出された。このうち 11.7%のピークに MS2 スペクトルを、2.4%のピークに MS3 スペクトルを取得した。食品以外の植物試料では、同様に、平均 4998 のピークをポジティブモードで検出し、そのうち 21.4%に MS2 を、4.6%に MS3 スペクトルを得た。食品以外での植物試料に MS2 および MS3 スペクトルの割合が高いのは、MS2 および MS3 スペクトルを得るための分析の繰り返し数を多くし、網羅性を広げたためと考えられる。このなかで、MS3 スペクトル持つピークのうち、フラボノイドアグリコンである可能性が高いピーク (FlavonoidSearch のスコアが 0.5 以上、以降 FS0.5 と略す) の割合を集計したところ、食品では、ブルーベリー (19%)、ウーロン茶 (18%)、つるむらさき茎葉 (18%)、ほうじ茶 (17%)、だいず (17%)、黒砂糖 (16%)、せん茶 (15%) などが高く、食品以外では、イネ葉 (31~18%)、ミヤコグサ地上部 (18%)、ポプラ幼植物 (14%) などで高かった。MS3 スペクトルは、強度が相対的に高いピークで取得される傾向があるため、発酵度合いを問わず茶類で割合が高かったことは、フラボノイド類が残り易い傾向があるのかもしれない。また、苔類のヒメツリガネゴケ、ゼニゴケ、シダ類のイヌカタヒバでは、FS0.5 のピークはほとんどなかったものの、FlavonoidSearch スコアが 0.3 以上 (FS0.3) のピークは MS3 中 2~6%存在した。コケ類やシダ類でもフラボノイドは知られていることから、このことは、これらの植物ではフラボノイド類が相対的に検出強度の高くないピークである可能性がある。一方、裸子植物のイチヨウの葉では FS0.5 のピークは MS3 スペクトル中 7%あった。またイチヨウは検出ピーク数が 1 万をこえており、多様な代謝産物を生合成している可能性が考えられる。

(2)データ基盤の構築

検出したピーク情報を、食品に関しては食品メタボロームレポジトリ (<http://metabolites.in/foods>、以降「食レポ」と略す)(Sakurai and Shibata, 2017)、食品以外の植物については植物メタボロームレポジトリ (<http://metabolites.in/plants>、以降「植レポ」と略す)に搭載し、公開した(図 1)。各サンプルのピーク一覧の中に、FlavonoidSearch にヒットスコアを示し、フラボノイドの可能性のあるピークを確認することができる。

試料間でのピークの比較を行うため、指定した精密質量値および溶出時間をもったピークを、全試料中から検索し、表形式で表示する機能を搭載した(図 2)。この表では、検出されたピークを特殊なアイコンで表示している(図 3)。このアイコンにより、溶出時間やピークの相対強度の他、MS2 スペクトルや MS3 スペクトルの情報を保持しているか、FS0.3 または FS0.5 であるかどうか、イオン種が[M+H]⁺([M]⁺含む)か以外の特殊なものか、質量値を既知の化合物デー

データベースで検索したときに該当する化合物があるかどうか、などを読み取ることができる。このアイコンを、大まかな溶出時間ごとに列に区切って表示することで、フラボノイドピークやその異性体ピークの試料間での存在やその数の違いなどを比較することができる。特に、フラボノイドの予測はMS2やMS3スペクトルが得られた強度の強い2割以下のピークでしか実施できていない。このような表形式にすることにより、MS2やMS3スペクトルが得られていないピークについても、その存在の可能性を比較することができ、フラボノイドの試料特異性を確認する上で有用である。

スペクトル検索機能では、類似したマススペクトルを持つピークを検索できる(図4)。アグリコン由来と推定されるマススペクトルを検索することにより、それをMS3で持つものであれば配糖体などの修飾体、MS2で持つものであれば、単体のアグリコンのピークであることが分かる。

このように、当初計画していた代謝マップとは異なる表現となったが、フラボノイドを含むピークに関して、試料間での比較を行えるようになった。スペクトル検索では、同じアグリコンに関して、修飾パターンが違うピークを検索できるようになり、特定の植物に特異的な修飾遺伝子の存在などを探索できるようになった。

このような検索機能等は、Application Programming Interface (API)と呼ばれる機能として提供した。APIを活用することで、コンピュータープログラムから大量の自動検索などを行うことができ、特定の条件を持つピークだけを検索するなどの、データマイニングをすることが可能となった。

食品メタボロームレポジトリ

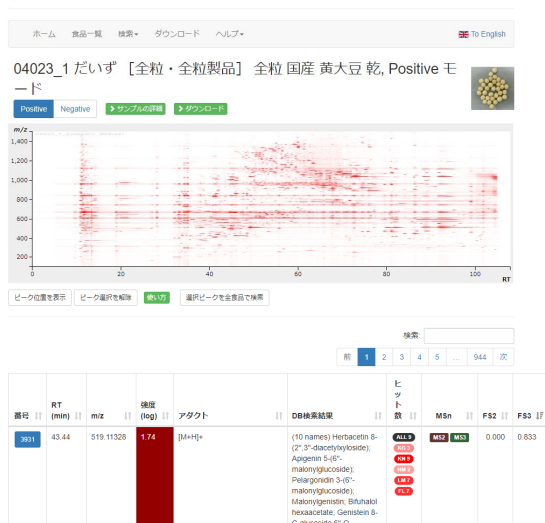


図1 食品メタボロームレポジトリ、ピーク一覧画面

プリカーサー検索 (MS1)

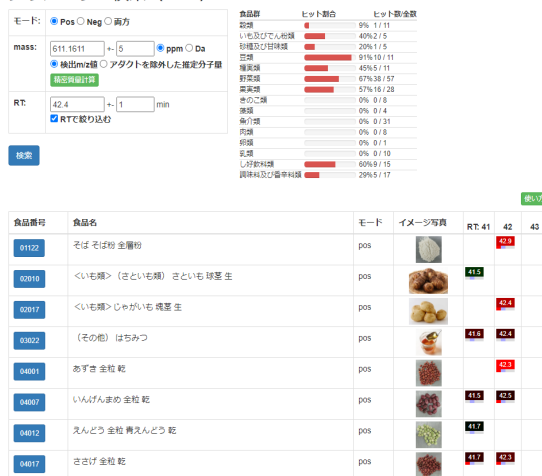


図2 プリカーサー検索機能における、同一ピークの試料間比較画面



図3 ピークを示すアイコン

スペクトル検索 (MS2/MS3)

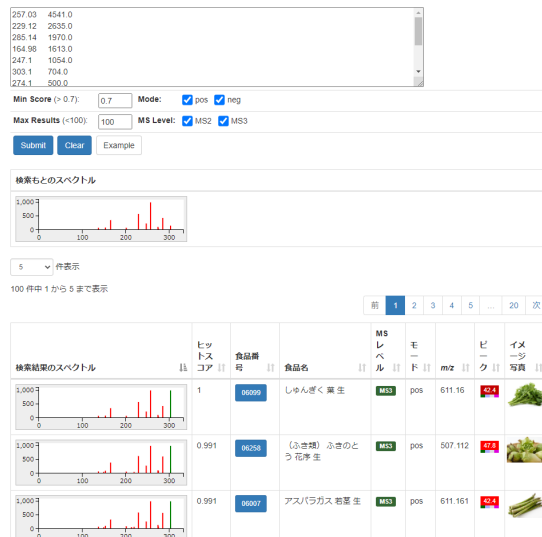


図4 スペクトル検索機能

(3)新規フラボノイド候補の探索

MS3 スペクトルが FS0.5 以上でフラボノイドと推定され、かつ、検出質量値が既知化合物データベースに該当しないものは、新規のフラボノイドの可能性が高い。そこで、このような条件に合致するものを、API で絞り込んだ。絞り込んだピークのうち、スペクトルの解釈を簡単にするため、もとのプリカーサーイオンが $[M+H]^+$ ($[M]^+$ を含む)と判定されているものに限ると、食レポでは 28 個、食レポでは 40 個のピークが見つかった。これらには、同じ植物種で重複しているピークなども存在する。このため、これらを目視で除外したところ、食レポで 20 個、植レポで 24 個のユニークなピークに絞ることができた。これらについて、食レポおよび植レポで詳細にデータを見てゆくことで、特殊な試料特異性や修飾基をもつフラボノイドの候補を複数挙げることができた。

データの確認の一例を示す。レタスに見つかった m/z が 727.1358 のピーク (ピーク A) の例では、MS2 で典型的な修飾基の脱離が見られており、その MS3 のスペクトルは、多くの植物由来ピークの MS2 スペクトルでもみられることから、アグリコン単体でも存在する主要なフラボノイドの可能性が高かった。アグリコン単体の精密質量は 303.0505 であり、クエルセチンまたはその異性体と考えられた。アグリコン単体の精密質量との差から修飾基の精密質量もわかり、ピーク A の修飾基は、既知のフラボノイドの修飾パターンの中では、Malonyl-Glucuronosyl-Glucosyl に該当した。そして最後に、ピーク A の試料特異性を検索すると、レタスの他に、きく、よもぎにのみ検出されていた。この試料局在性から、ピーク A がキク科特異的に蓄積するフラボノイドであることが示唆された。さらに、同質量の修飾基の脱離を、ニュートラルロス検索機能で調べると、同じ質量の脱離は他にほとんど見られず、キク科に特徴的な修飾である可能性も考えられた。

このような詳細な確認をすることで、そのほかにも次のようなフラボノイドの候補を見つけることができた。ぶどうに存在するメチオニンが修飾された可能性のあるフラボノイド、きくの黄色の花びらよりもピンクの花びらに多いキク科に特異的なフラボノイド、柑橘に特異的でプロリンを含む C5H9O2N に相当する修飾基がついたフラボノイド、ほうれんそう特異的なフラボノイドなどである。また、食レポと植レポを合わせることで、和三盆糖、黒糖、およびイネの葉に特異的に存在するフラボノイド候補が確認できた。和三盆糖、黒糖はいずれもイネ科のサトウキビを原料としているため、イネ特異的なフラボノイドである可能性が考えられた。

このように、植物および、植物を原料とした試料におけるフラボノームを比較することで、新規のフラボノイドの可能性のあるピークを多数検索することができ、構築したシステムの有用性が示された。

現在、これらの候補の中のいくつかについて、新規のフラボノイドであるかどうか、構造決定を含めて検証を行う準備を進めている。

<謝辞>

植物サンプルや食品サンプルをご提供いただいた以下の先生方に感謝いたします。飯島陽子 教授 (神奈川工科大学 栄養生命科学科): 紅茶、金子俊郎 教授、高島圭介 助教 (東北大学大学院 工学研究科): イチゴ、小島創一助教、菅野圭一博士 (東北大学): イネ (日本晴、コシヒカリ) 種子、長谷部光泰 教授、石川雅樹 助教 (基礎生物学研究所): ヒメツリガネゴケ、イヌカタヒバ、河内孝之 教授、西浜竜一 准教授、中井綾 様 (京都大学): ゼニゴケ、出村拓教授、佐野亮介博士 (奈良先端大学)、大谷美沙都 准教授、井原あゆみ 様 (東京大学)、須佐文子様 (理研 CSRS): ポプラ、榎本寛 室長、久郷和人 研究員博士 (かずさ DNA 研究所): タバコ BY-2 細胞と培地、タバコ BY-2 細胞は、文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクトを介して、理研 BRC からご提供いただきました。また、かずさ DNA 研究所の以下のスタッフに感謝いたします。LC-MS 分析: 須田邦裕 技術員、データ解析補助: 秋元奈弓 研究員、星久美 技術補佐員、大澤幸子 技術補佐員

<引用文献>

Akimoto N, Ara T, Nakajima D, Suda K, Ikeda C, Takahashi S, Muneto R, Yamada M, Suzuki H, Shibata D and Sakurai N (2017) FlavonoidSearch: A system for comprehensive flavonoid annotation by mass spectrometry. *Sci Rep* 7: 1243

Sakurai N and Shibata D (2017) Tools and databases for an integrated metabolite annotation environment for liquid chromatography-mass spectrometry-based untargeted metabolomics. *Carotenoid Science* 22: 16-22

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7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 2件）

1. 著者名 櫻井望	4. 巻 19
2. 論文標題 食品成分のメタボローム解析と未知成分同定のための“食品メタボロームレポジトリ”の提案	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 オレオサイエンス	6. 最初と最後の頁 59-65
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 櫻井望、秋元奈弓	4. 巻 76
2. 論文標題 フラボノイドを判別する網羅的メタボローム解析技術	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 バイオサイエンスとインダストリー	6. 最初と最後の頁 226-227
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 Sakurai N, Shibata D	4. 巻 印刷中
2. 論文標題 Tools and databases for an integrated metabolite annotation environment for liquid chromatography-mass spectrometry-based untargeted metabolomics	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Carotenoid Science	6. 最初と最後の頁 印刷中
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 Akimoto N, Ara T, Nakajima D, Suda K, Ikeda C, Takahashi S, Muneto R, Yamada M, Suzuki H, Shibata D and Sakurai N	4. 巻 7
2. 論文標題 FlavonoidSearch: A system for comprehensive flavonoid annotation by mass spectrometry	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Sci Rep	6. 最初と最後の頁 1243
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-017-01390-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 飯島陽子, 櫻井望	4. 巻 52
2. 論文標題 メタボロミクスによる食品の質的評価技術の進展	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 食品と開発	6. 最初と最後の頁 4-7
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 櫻井望	4. 巻 477
2. 論文標題 食品に含まれる有用成分の研究 ~メタボローム解析を通じた代謝経路の推定と有用成分の可能性について~	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 明日の食品産業	6. 最初と最後の頁 30-39
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 Sakurai N, Narise T, Sim JS, Lee CM, Ikeda C, Akimoto N and Kanaya S	4. 巻 34
2. 論文標題 UC2 search: Using unique connectivity of uncharged compounds for metabolite annotation by database searching in mass spectrometry-based metabolomics	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 698-700
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btx649	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計16件(うち招待講演 15件/うち国際学会 3件)

1. 発表者名 Sakurai N
2. 発表標題 Databases for metabolomics-assisted life science
3. 学会等名 2018 KSBS-BG21-GSP Joint Symposiums (招待講演)(国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 掴もう！ メタボロームデータをもっと活用するためのコツ
3. 学会等名 第51回植物バイオシンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 ケミカルセンサー開発によるメタボロームの高度利用
3. 学会等名 植物の栄養研究会 第4回研究交流会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 食品に含まれる有用成分の研究
3. 学会等名 新食品会 第2回例会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 抱合体、フラボノイドの網羅的解析手法の紹介とその応用
3. 学会等名 CBI学会2018年大会（株）ツムラ スポンサーセッション（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 ノンターゲットメタボロミクスの向上に向けて
3. 学会等名 第10回LC/MSワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 有用成分の探索による産業開拓へ向けたメタボローム解析の応用
3. 学会等名 GEF産学共創パートナーシップ第3回研究会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 食品に含まれる有用成分の研究
3. 学会等名 第27回異物異臭勉強会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 キー化合物を探索するためのメタボロームデータベース
3. 学会等名 理研シンポジウム「植物の代謝制御と化学生物学の新展開」（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 櫻井 望
2. 発表標題 食品メタボロームレポジトリ：注目成分を決める新たな基盤
3. 学会等名 日本農芸化学会2019年度大会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sakurai N, Suda K, Shibata D
2. 発表標題 Metabolite annotations in plants and foods for human health
3. 学会等名 Korea Metabolomics Society 5th Annual Meeting（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 櫻井望、須田邦裕
2. 発表標題 食品メタボロームデータベースの構築
3. 学会等名 日本食品科学工学会 第64回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Sakurai N, Suda K
2. 発表標題 Lipids in Food Metabolome
3. 学会等名 The Asian Conference on Oleo Science 2017（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 櫻井望
2. 発表標題 フラボノイドのスペクトル理論ライブラリ構築と評価
3. 学会等名 第11回メタボロームシンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 櫻井望
2. 発表標題 ケミカルワールドをどうとらえるか
3. 学会等名 仙台プラズマフォーラム (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Sakurai N
2. 発表標題 Developments of databases and tools for metabolomics
3. 学会等名 1981st Biological Symposium in National Institute of Genetics (招待講演)
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>下記のデータベースを構築した</p> <p>食品メタボロームレポジトリ http://metabolites.in/foods</p> <p>植物メタボロームレポジトリ http://metabolites.in/plants</p>

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
--	---------------------------	-----------------------	----