

令和 6 年 5 月 9 日現在

機関番号：82401

研究種目：基盤研究(S)

研究期間：2019～2023

課題番号：19H05652

研究課題名（和文）薬用資源植物の化学的多様性のゲノム起源

研究課題名（英文）Genomic origin of chemodiversity in medicinal plants

研究代表者

齊藤 和季 (Saito, Kazuki)

国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・センター長

研究者番号：00146705

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 154,600,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では「甘草」など重要な薬用植物等における薬用成分生産の統合ゲノム科学を推進し、植物の化学的多様性のゲノム起源を解明した。ウラル甘草について染色体スケールの高品質ゲノム解読に成功した。その結果、グリチルリチンなどサポニン生合成に関わる酵素遺伝子のほぼ全体が二つの染色体にクラスターとして存在していることが確認され、別の薬効成分であるイソフラボノイド生合成に関連する遺伝子クラスターも同定した。同様に他の薬用植物や重要成分生産についてもそのゲノム基盤を解明し、同時にメタボローム解析手法も高度化して成分の生産制御に応用する道を拓いた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究は、重要生薬「甘草」を中心として医薬学や医療分野において重要性が増加する薬用資源植物の統合ゲノム科学を進展させ、植物成分生産のゲノム起源の解明に大きく貢献できた。これらの成果は将来的に植物製剤によって国民の健康や健康寿命の延伸に資するものであり、同時に「植物はなぜ、どのように薬となる多様な化学成分を作るのか？」という根源的な問いにも解答を与え人類の知の地平線を広げる事にもつながる。さらに、グローバル・コモンズとしての植物とその遺伝子資源など生物多様性の保全と利用という重要な社会的意義をもち有する。

研究成果の概要（英文）：In this study, we promoted integrated genomic science to enhance medicinal compound production in important plants like licorice, uncovering the genomic origins of plant chemical diversity. We successfully decoded the high-quality genome of *Glycyrrhiza uralensis*, identifying gene clusters for saponin and isoflavonoid biosynthesis. This research lays the groundwork for understanding the genomic basis of medicinal plant production and advancing metabolomic analysis for controlling compound production.

研究分野：薬用資源科学

キーワード：薬用植物 ゲノム トランスクリプトーム メタボローム 甘草 植物二次代謝

様式 C-19、F-19-1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

現在、臨床現場で使われている医薬品の多くはもともと植物成分に由来する。また、今後の超高齢化社会の医療においても生薬など植物製剤への期待が大きい。これは潜在的に薬となる植物成分の種類の数(メタボローム構成要素、20万~100万化合物と推定)が、動物よりも圧倒的に勝り、その化学的多様性が大きいことに由来する。それは「動かない」という選択をした植物の生存戦略に依拠していると考えられる(研究代表者著「植物はなぜ薬を作るのか」文春新書 2017年)。そこで本研究では、いまだ未解明の薬用資源植物の化学的多様性のゲノム基盤を明らかにし、今後10~20年の薬用植物資源開発に新しい道を拓く。

2. 研究の目的

本研究の目的は、「重要薬用資源植物を中心に医薬学や医療分野において重要性が増加する薬用資源植物の統合ゲノム科学を推進し、根源的な問いである植物の化学的多様性のゲノム起源に解答を与えると同時に、ゲノム情報を用いてゲノム編集や合成生物学などによりそのゲノム多様性を有効利用する道筋を示す事」である。

特に、マメ科植物に属し漢方処方7割に配合されている最も使用頻度の高い最重要生薬の「甘草(カンゾウ)」の基原植物を中心として、その主要成分であるグリチルリチン(医薬品のみならず食品添加物(天然甘味料)として利用も極めて大きな重要天然化合物)等の生物活性成分の生産に関わる遺伝子やゲノム領域を同定する。

さらに、甘草以外の重要な薬用資源植物についても、同様にゲノム解析を行い薬用成分の生産に関与しているゲノム領域や遺伝子を推定する。また、概念実証として、多様な植物のゲノム情報を元にしてナス科の主要な二次代謝生産を制御する転写因子をゲノムレベルで解明し、当該遺伝子のゲノム編集による活性二次代謝産物の生産制御に展開する。同時に、成分生産のゲノム科学研究の基盤となる広範なメタボローム情報を収集して、メタボローム解析の手法も高度化し成分生産に関わる遺伝子やゲノム機能推定の礎を構築する。

3. 研究の方法

本研究に供する薬用資源植物材料の多くは主に北海道医療大学および千葉大学が提供した。甘草を初めとする重要薬用植物の新規ゲノム解析、トランスクリプトーム解析およびメタボローム解析、ネットワーク解析は主研究機関である理化学研究所が担当した。その後の二次代謝成分生産に関与する候補遺伝子やそのゲノム領域の機能同定と、それらの知見に基づくバイオテクノロジー展開は、全ての参画機関で行ったが、理化学研究所、千葉大学、大阪大学、富山大学が主たる役割を担った。また、植物からの広範なメタボローム情報の収集とメタボローム解析手法の高度化研究は理化学研究所に担った。

研究対象の植物としては、漢方処方において最も使用頻度の高い最重要生薬であるマメ科植物の甘草(カンゾウ)を主たる対象としたが、同様の手法を甘草以外の重要な薬用資源植物や一般に生物活性を有する植物二次代謝成分の生産研究にも適用し、(薬用)資源植物における二次代謝の統合ゲノム科学を推進した。

4. 研究成果

(1) ウラル甘草の高品質ゲノム配列決定と複数系統間のゲノムワイド変異情報取得

ウラル甘草(*Glycyrrhiza uralensis*) (染色体数:2n=16) について、国内にて育成している主成分グリチルリチン含量の異なる7系統(品種)のゲノムシーケンスデータを取得し、高品質ゲノム配列構築を完了した。この内、すでに本研究の開始前の2017年に研究代表者らによってドラフトゲノム配列のみを公表した高グリチルリチン含量の1系統については、その染色体スケールの高品質のゲノム配列と関連情報を論文発表した(2022年12月20日 理研からプレスリリース、日本語および英語 YouTube で成果公開)。

本研究では、長い配列を正確に解読できる PacBio HiFi シーケンス技術(1分子リアルタイムシーケンシング技術による DNA の塩基配列決定手法で、高速に精度の高い配列データを取得可能)と HiC ライブラリシーケンス(近接ライゲーションを用いてゲノム全体のクロマチン構造を捉える手法であり染色体を構築できる)により、8本の染色体から構成される全長429Mbからなる高精度の全ゲノム配列を得た。このゲノム配列は、配列上のギャップ(未解読部分)が全体で17個しか存在せず、4本の染色体ではギャップは存在しないか、1個しか存在しないという染色体スケールでほぼ完全に連結した高品質なものである(図1)。

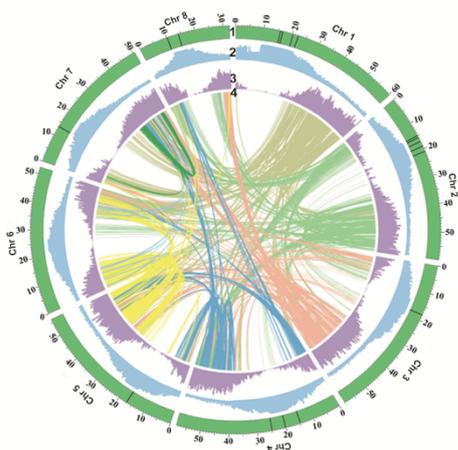


図1. 甘草の全ゲノム配列

1: 8本の染色体に割り当てた塩基配列(Mbp)とギャップ(黒線)。2: 繰り返し配列の頻度。3: 信頼性の高い予測遺伝子の分布。4: ゲノム内のシンテニー。

甘草ゲノムでは、ゲノム重複の進化的痕跡と考えられる染色体間でのシンテニーの存在が認められた。また、甘草と同じくマメ科に属するタルウマゴヤシや大豆のゲノムとは、それぞれ1:1および1:2(甘草:大豆)の種間シンテニーが認められた。さらに、甘草のゲノムは約5,900万年前に全ゲノム重複が起こり、その後、重複した遺伝子間での機能分化が生じたと考えられる。現在の甘草が有する多様な化学成分の生産機能の獲得には、この重複遺伝子の機能分化が大きく関与していると考えられる。

薬用植物の薬効成分など、いわゆる二次代謝産物の生合成に関わる複数の遺伝子がゲノム上でクラスターを形成している例が、最近になり多く報告されている。今回のウラル甘草ゲノム解読の結果、グリチルリチンやその関連サポニン生合成に関わる酵素遺伝子のほぼ全体が二つの染色体に存在することが見いだされた。図2に示すように、1番染色体上の3.58Mb領域と3番染色体上の狭いゲノム領域に多く局在している。さらに、サポニン類とは別の薬効成分であるイソフラボノイド生合成に関連する遺伝子クラスターも同定できた。

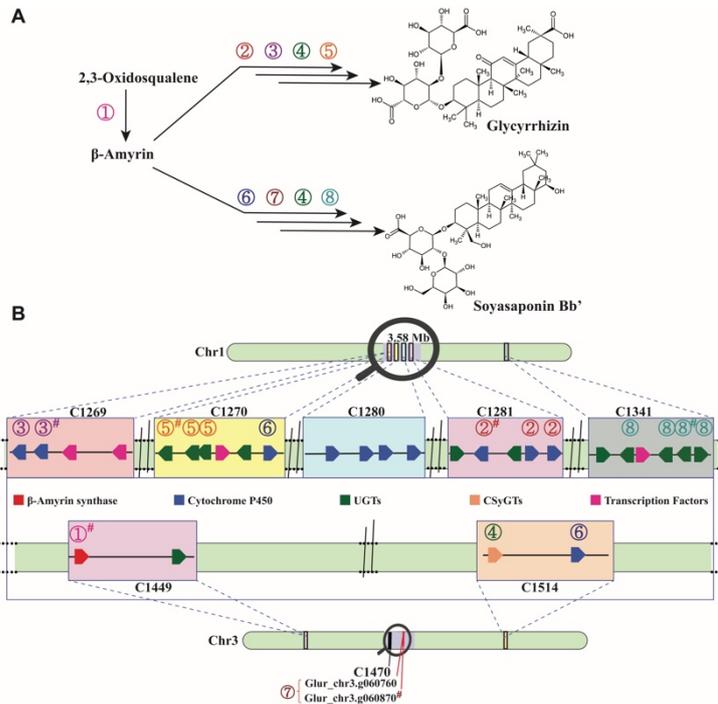


図2. サポニン生合成に関する遺伝子クラスター

(A) 甘草におけるサポニン生合成経路の概略

(B) サポニン生合成に関する主要な酵素遺伝子群と1番染色体および3番染色体における遺伝子クラスター。

①β-アミリン合成酵素、②CYP88D6、③CYP72A154、④セルロース合成酵素様配糖化酵素、⑤UGT73P12、⑥CYP93E3、⑦CYP72A566、⑧UGT73P13。#は機能同定された酵素遺伝子との交差的blast検索によるヒット。

(2) 主成分グリチルリチン含量の異なる他の甘草属植物種のゲノム解析とトランスクリプトーム解析

生薬「甘草」として用いられるグリチルリチンを含む種は上述のウラル甘草(日本薬局方収載)の他にスペイン甘草(*G. glabra*) (日本薬局方収載)、新疆甘草(*G. inflata*)が知られている。また、グリチルリチンを含まない種としてシナ甘草(*G. echinata*)やイヌ甘草(*G. pallidiflora*)、マケドニア甘草(*G. macedonica*)などが知られている。

そこで、北海道医療大学にて育成しているスペイン甘草(*G. glabra*)の一系統(品種)について、上記のアッセムブリ手法でほぼ染色体レベルに繋がった高品質のゲノム配列を決定できた。また、グリチルリチンを含まない種であるイヌ甘草についても同じ手法でゲノムおよびトランスクリプトーム解析等を進め、染色体スケールの超高品質ゲノム配列を構築した(投稿準備中)。

(3) 薬用資源植物のメタボローム解析から遺伝子・代謝成分の共起性ネットワーク

上記の甘草属植物について、トランスクリプトーム解析を行った複数組織について、液体クロマトグラフ-質量分析計(LC-Q-TOF-MS)によるノンターゲット・メタボローム解析を進めた。同時に、安定同位体を用いたメタボロームのアノテーション(質量分析ピークの注釈付け)手法をMS/MSイオンの共起性ネットワークなども用いて高度化した。また、イメージング質量分析の手法も開発し、薬用資源植物における特異的二次代謝産物の局在性解析に適用した。

(4) 特定した遺伝子機能を同定と薬効成分の合成生物学的生産などへの応用

甘草のグリチルリチン生産に関する新規の遺伝子機能同定として、トリテルペン母核であるβ-アミリンの11位を酸化してグリチルリチン型(ケト型)に変換するか、非グリチルリチン型に変換するかを決定するCYP88Dファミリーの遺伝子機能を酵母による合成生物学的手法で同定した。グリチルリチンを生産する甘草種と生産しない甘草種からのCYP88Dファミリー酵素がこれらの変換反応の差異を決定し、グリチルリチン生産の有無に関わっていることが証明された。また、薬用資源植物の多くに含まれ特異な生物活性を有するネオリグナン化合物の生合成遺伝子群を、世界で初めて同定した。この成果は、甘草などの重要な薬用資源植物におけるネオリグナンなどのフェニルプロパノイド類生産の制御機構解明の基礎となる。

ナス科タバコの主要アルカロイドであるニコチン合成を制御するERF/AP2転写因子をゲノムレベルで解析し、当該遺伝子のゲノム編集欠失によって超低ニコチン含量のタバコを作出した。ついで、この転写因子ホモログを同じナス科のペチュニアからも同定し、これを一過的に過剰発現させることにより、ペチュニア属植物特有のステロイド化合物の蓄積を飛躍的に増大させることに成功した。これは、本研究で目指した多様な植物ゲノム解読からそれらの植物種の化学的多様性の根源となる因子を同定し、それらの因子を応用して活性成分の生産制御に繋げるという研究コンセプトを実現した重要な概念実証の成果として大きく評価できる。

(5) 甘草以外の重要薬用資源植物のゲノム配列決定と利用

甘草などの高精度ゲノムアッセムブリに用いた手法を敷衍して、同じマメ科植物の重要生薬「苦参」の基原植物であるクララ(*Sohora flavescens*)について、同様に染色体スケールの高品質なゲノム配列を決定できた。クララのトランスクリプトームはすでに部分的に発表済みであるが、さらに解析部位と取得データ量を増やして、より精緻なゲノム・トランスクリプトーム解析をメタボローム解析と統合している(投稿準備中)。さらに、甘草と同様にサポニンを薬効成分とするサンシュユ(山茱萸)(*Cornus officinalis*)や局方生薬アカメガシワ(*Mallotus japonicus*)についても、トランスクリプトームとメタボローム解析を行い、それらの共起性ネットワーク解析などによって、成分生産に関する候補遺伝子を同定した。

上記の植物二次代謝に関するゲノム機能科学の基盤となるメタボローム解析とピークアノテーション手法の高度化も行った。特に、様々な植物の多様な二次代謝産物のメタボロームアノテーションの基礎となるケモインフォマティクスのプラットフォームであるPlaSMA (Plant Specialized Metabolome Annotation) <<http://plasma.riken.jp/>>を高度化し、新たな解析プラットフォームを構築した(投稿準備中)。

(6) 研究成果の総括

以上、本研究は重要生薬「甘草」を中心として、医薬学や医療分野において重要性が増加する薬用資源植物の統合ゲノム科学を著しく進展させ、植物成分生産のゲノム起源の解明に大きく貢献できた。これらの成果は将来的に植物製剤によって国民の健康や健康寿命の延伸に資するものであり、同時に「植物はなぜ、どのように薬となる多様な化学成分を作るのか?」という根源的な問いにも答えられ、人類の知の地平線を広げる事にもつながる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計20件（うち査読付論文 20件 / うち国際共著 1件 / うちオープンアクセス 17件）

1. 著者名 Shoji Tsubasa, Sugawara Satoko, Mori Tetsuya, Kobayashi Makoto, Kusano Miyako, Saito Kazuki	4. 巻 2
2. 論文標題 Induced production of specialized steroids by transcriptional reprogramming in <i>Petunia hybrida</i>	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 PNAS Nexus	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pnasnexus/pgad326	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 Shoji Tsubasa, Hashimoto Takashi, Saito Kazuki	4. 巻 75
2. 論文標題 Genetic regulation and manipulation of nicotine biosynthesis in tobacco: strategies to eliminate addictive alkaloids	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Journal of Experimental Botany	6. 最初と最後の頁 1741 ~ 1753
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jxb/erad341	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 Amit Rai, 斉藤和季	4. 巻 81
2. 論文標題 甘草のゲノム解読から明らかになった薬効成分の生合成遺伝子クラスター	5. 発行年 2023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 310-311
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 Rai Amit, Hirakawa Hideki, Rai Megha, Shimizu Yohei, Shirasawa Kenta, Kikuchi Shinji, Seki Hikaru, Yamazaki Mami, Toyoda Atsushi, Isobe Sachiko, Muranaka Toshiya, Saito Kazuki	4. 巻 29
2. 論文標題 Chromosome-scale genome assembly of <i>Glycyrrhiza uralensis</i> revealed metabolic gene cluster centred specialized metabolites biosynthesis	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 dsac043
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsac043	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 Shoji Tsubasa, Moriyama Koki, Sierro Nicolas, Ouadi Sonia, Ivanov Nikolai V., Hashimoto Takashi, Saito Kazuki	4. 巻 111
2. 論文標題 Natural and induced variations in transcriptional regulator genes result in low nicotine phenotypes in tobacco	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 The Plant Journal	6. 最初と最後の頁 1768 ~ 1779
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/tbj.15923	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 該当する

1. 著者名 Shoji Tsubasa, Saito Kazuki	4. 巻 11
2. 論文標題 A Jasmonate-Responsive ERF Transcription Factor Regulates Steroidal Glycoalkaloid Biosynthesis Genes in Eggplant	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Plants	6. 最初と最後の頁 3336 ~ 3336
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/plants11233336	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 Rai Megha, Rai Amit, Mori Tetsuya, Nakabayashi Ryo, Yamamoto Manami, Nakamura Michimi, Suzuki Hideyuki, Saito Kazuki, Yamazaki Mami	4. 巻 22
2. 論文標題 Gene-Metabolite Network Analysis Revealed Tissue-Specific Accumulation of Therapeutic Metabolites in <i>Mallotus japonicus</i>	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 International Journal of Molecular Sciences	6. 最初と最後の頁 8835 ~ 8835
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/ijms22168835	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 Shoji Tsubasa, Umemoto Naoyuki, Saito Kazuki	4. 巻 -
2. 論文標題 Genetic divergence in transcriptional regulators of defense metabolism: insight into plant domestication and improvement	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Plant Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11103-021-01159-3	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 Rai Amit, Hirakawa Hideki, Nakabayashi Ryo, Kikuchi Shinji, Hayashi Koki, Rai Megha, Tsugawa Hiroshi, Nakaya Taiki, Mori Tetsuya, Nagasaki Hideki, Fukushi Runa, Kusuya Yoko, Takahashi Hiroki, Uchiyama Hiroshi, Toyoda Atsushi, Hikosaka Shoko, Goto Eiji, Saito Kazuki, Yamazaki Mami	4. 巻 12
2. 論文標題 Chromosome-level genome assembly of <i>Ophiorrhiza pumila</i> reveals the evolution of camptothecin biosynthesis	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 405
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-020-20508-2	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 Fanani Much Z, Sawai Satoru, Seki Hikaru, Ishimori Masato, Ohyama Kiyoshi, Fukushima Ery O, Sudo Hiroshi, Saito Kazuki, Muranaka Toshiya	4. 巻 -
2. 論文標題 Allylic Hydroxylation Activity Is a Source of Saponin Chemodiversity in the Genus <i>Glycyrrhiza</i>	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Plant and Cell Physiology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pcp/pcaa173	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 Yonekura-Sakakibara Keiko, Yamamura Masaomi, Matsuda Fumio, Ono Eiichiro, Nakabayashi Ryo, Sugawara Satoko, Mori Tetsuya, Tobimatsu Yuki, Umezawa Toshiaki, Saito Kazuki	4. 巻 33
2. 論文標題 Seed-coat protective neolignans are produced by the dirigent protein AtDP1 and the laccase AtLAC5 in <i>Arabidopsis</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 The Plant Cell	6. 最初と最後の頁 129-152
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/plcell/koaa014	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 Rai Amit, Rai Megha, Kamochi Hidetaka, Mori Tetsuya, Nakabayashi Ryo, Nakamura Michimi, Suzuki Hideyuki, Saito Kazuki, Yamazaki Mami	4. 巻 27
2. 論文標題 Multiomics-based characterization of specialized metabolites biosynthesis in <i>Cornus Officinalis</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsaa009	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 Nakabayashi Ryo, Mori Tetsuya, Takeda Noriko, Toyooka Kiminori, Sudo Hiroshi, Tsugawa Hiroshi, Saito Kazuki	4. 巻 92
2. 論文標題 Metabolomics with 15N Labeling for Characterizing Missing Monoterpene Indole Alkaloids in Plants	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Analytical Chemistry	6. 最初と最後の頁 5670 ~ 5675
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acs.analchem.9b03860	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 Saito Kazuki	4. 巻 11
2. 論文標題 Editorial: The Origin of Plant Chemodiversity - Conceptual and Empirical Insights	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Frontiers in Plant Science	6. 最初と最後の頁 890
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fpls.2020.00890	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 3件 / うち国際学会 4件)

1. 発表者名 庄司翼
2. 発表標題 植物二次代謝の転写因子：代謝制御の万能因子はあるのか？
3. 学会等名 第40回日本植物バイオテクノロジー学会 (千葉) 大会 (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 吉本尚子, 王吉農, 鈴木秀幸, 中嶋なな子, 北島満里子, 高山廣光, 齊藤和季, 山崎真巳
2. 発表標題 ヒガンバナ科植物 <i>Tulbaghia violacea</i> の機能性含硫成分マラスミンの生合成に関わるS-酸化酵素の同定
3. 学会等名 日本生薬学会第69回年会 (宮城)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Mareshige Kojoma
2. 発表標題 Cultivation study for Shikon (Lithospermum erythrorhizon), purple dye and traditional medicine
3. 学会等名 31st International Horticultural Congress (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Kazuki Saito
2. 発表標題 Phytochemical genomics - from Arabidopsis and beyond...
3. 学会等名 Kyoto University ERATO International Symposium: Chemistry and Plant Biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 山崎真巳、ライ アミット、北村智、齊藤和季
2. 発表標題 カンプトテシン生合成解明を目指した統合オミクス科学
3. 学会等名 日本薬学会 第141年会 (広島)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 榎原圭子、山村正臣、松田史生、小笠栄一郎、中林 亮、菅原聡子、森 哲哉、飛松裕基、梅澤俊明、齊藤和季
2. 発表標題 ディリジェントタンパク質AtDP1 とラッカーゼAtLAC5 はシロイヌナズナの種子特異的ネオリグナンの生合成に関わる
3. 学会等名 第62回日本植物生理学会 (島根)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 中林 亮、武田（神谷）紀子、森 哲哉、葦澤 崇、豊岡公德、斉藤和季
2. 発表標題 液体クロマトグラフィータンデム質量分析とイメージング質量分析を用いたマルチメタボロミクスによる根浸出性代謝物の空間的蓄積様式 の特定
3. 学会等名 第62回日本植物生理学会（島根）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Amit Rai , Yohei Shimizu , Hideki Hirakawa , Mami Yamazaki , Kazuki Saito
2. 発表標題 Genome Assembly and Characterization of Medicinal Plant Sophora Flavescens
3. 学会等名 Plant and Animal Genome Conference XXVIII; San Diego, USA (国際学会)
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Kazuki Saito	4. 発行年 2020年
2. 出版社 Frontiers Media SA	5. 総ページ数 -
3. 書名 The Origin of Plant Chemodiversity - Conceptual and Empirical Insights	

〔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	榊原 圭子 (Sakakibara Keiko) (20360555)	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究セン ター・上級研究員 (82401)	

6. 研究組織（つづき）

	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	中林 亮 (Nakabayashi Ryo) (30586160)	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・研究員 (82401)	
研究分担者	東 泰弘 (Higashi Yasuhiro) (90634577)	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・研究員 (82401)	削除：2021年1月20日
研究分担者	R a i A m i t (Rai Amit) (60760535)	国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・研究員 (82401)	
研究分担者	山崎 真巳 (Yamazaki Mami) (70222370)	千葉大学・大学院薬学研究院・教授 (12501)	
研究分担者	吉本 尚子 (Yoshimoto Naoko) (10415333)	千葉大学・大学院薬学研究院・講師 (12501)	
研究分担者	高上馬 希重 (Kojoma Mareshige) (80342781)	北海道医療大学・薬学部・准教授 (30110)	
研究分担者	庄司 翼 (Shoji Tsubasa) (40343272)	富山大学・学術研究部薬学・和漢系・教授 (13201)	
研究分担者	関 光 (Seki Hikaru) (30392004)	大阪大学・大学院工学研究科・准教授 (14401)	

6. 研究組織（つづき）

	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	村中 俊哉 (Muranaka Toshiya) (60342862)	大阪大学・大学院工学研究科・教授 (14401)	

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