

令和 6 年 6 月 19 日現在

機関番号：82502

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2019～2023

課題番号：19K06622

研究課題名（和文）重イオンビームによる高頻度変異誘発の分子基盤の解明

研究課題名（英文）Clarification of molecular basis for high mutation frequency induced by heavy ion beams

研究代表者

石井 公太郎（Ishii, Kotaro）

国立研究開発法人量子科学技術研究開発機構・放射線医学研究所 計測・線量評価部・主任研究員

研究者番号：50632965

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,300,000円

研究成果の概要（和文）：重イオンビームは電離放射線の一種である。放射線が進行方向の単位長さ当りに周囲に与えるエネルギーを線エネルギー付与（LET：単位はkeV/ $\mu$ m）と呼ぶ。シロイヌナズナの乾燥種子ではLET = 30 keV/ $\mu$ mで変異率が最大値となり、290 keV/ $\mu$ mでは欠失や重複などの大規模な染色体再編成が誘発される。本研究では変異率の最大値や欠失サイズの規模の最大値における生物学的要因を調査した。変異率の最大値に関しては、DNA修復酵素の1つであるRPA1E遺伝子はその候補として挙げられた。また、ゲノム中の必須遺伝子の分布が欠失サイズの上限を決める要因であることがわかった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

重イオンビーム照射では、その物理学的パラメーターであるLETを選択することで、植物に誘発できる突然変異の種類と規模を選択することができる。塩基置換などの小さい変異であれば小さいLETを、多くの遺伝子を含む巨大欠失や染色体レベルでの再編成であれば大きなLETを選択すれば良い。一方で、突然変異は、傷つけられたDNAを生物が修復する過程で生じるため、照射技術のさらなる高度化のためには生物学的なパラメーターを解明する必要がある。本研究では、欠失サイズの制御には必須遺伝子の分布を考慮する必要があることを明らかにした。これは、欠失規模のさらなるテーラード化を可能にする発見と言える。

研究成果の概要（英文）：A heavy ion beam is a type of ionizing radiation. The energy imparted by the radiation to the surroundings per unit length in the direction of travel is referred to as linear energy transfer (LET; keV/ $\mu$ m). In Arabidopsis dry seed, the mutation rate reaches a maximum at LET = 30 keV/ $\mu$ m, and at 290 keV/ $\mu$ m, large-scale chromosome rearrangements such as deletions and duplications are induced. The objective of this study was to investigate the biological factors influencing the maximum mutation rate and the maximum size of deletions. Regarding the maximum mutation rate, the RPA1E gene, one of the DNA repair enzymes, has been identified as a potential candidate. The distribution of essential genes in the genome was also found to be a factor in determining the upper limit of deletion size.

研究分野：植物遺伝学

キーワード：重イオンビーム DNA修復 線エネルギー付与 植物

## 様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

重イオンビームは電離放射線の一種であり、主に植物や微生物への変異原として用いられている。変異率が高く、ターゲットとする形質以外への影響が少なく、表現型が多様という特長をもつ(文献)。重イオンビームの物理的特徴の1つが高い線エネルギー付与(LET:単位は $\text{keV}/\mu\text{m}$ )である。LETとは、放射線が進行方向の単位長さ当りに周囲に与えるエネルギーであり、X線のLETが $0.2 \text{ keV}/\mu\text{m}$ であるのに対し理研では $22.5 - 4,000 \text{ keV}/\mu\text{m}$ の範囲の重イオンビームを照射できる。クロマチン断片化についての生物学的効果比は $100 \text{ keV}/\mu\text{m}$ 程度で最大とされている(文献)。

シロイヌナズナ乾燥種子への照射実験で、LET =  $30 \text{ keV}/\mu\text{m}$  (LET30) で変異率が最大値をとることを発見した(文献)。その変異率はLET =  $22.5 \text{ keV}/\mu\text{m}$  (LET22.5) と比べて約2.5倍であり、LET =  $61.5 \text{ keV}/\mu\text{m}$  ではLET22.5と同等の低い値だった。一方、LET30とLET =  $290 \text{ keV}/\mu\text{m}$  (LET290)の重イオンビームを照射し、自殖させて3世代目で全ゲノム変異解析を行ったところ、LET290では100 bp以上の規模の欠失・挿入や大規模な変異が約4.4倍の頻度で生じていた(文献)。

クロマチン断片化のピークではないLETの範囲に植物の変異率のピークが存在し、また、わずか $7.5 \text{ keV}/\mu\text{m}$ の差で変異率が上昇する的原因として、何らかの生物学的応答の違いがLET30での重イオンビーム照射における変異率の上昇の原因となっていると考えた。そこで、LET25とLET30での重イオンビーム照射後の遺伝子発現を比較したところ、LET30照射区で、DNA修復に関与する*RPA1E*遺伝子が高発現することを発見した。さらに、*RPA1E*遺伝子のヌル変異体に対する重イオンビーム照射では、LET30での変異率上昇がみられなくなった。植物では、DSBが生じると相同組換え(HR: Homologous Recombination)と典型的な非相同末端結合(C-NHEJ: Canonical Non-Homologous End Joining)、代替的な非相同末端結合(A-NHEJ: Alternative NHEJ)による修復を行う。ここで、*RPA1E*遺伝子産物であるRPA複合体はDSB部位に結合する。RPA複合体がRAD51をリクルートしてRAD51フィラメントが形成されることでHRによる修復が起こる。哺乳類ではDSB部位に結合しているRPA複合体がDNA合成酵素の1つPoIによって除去されることにより、A-NHEJによる修復が起こることが報告されている(文献)。これらの情報を元に、*RPA1E*遺伝子の発現上昇により高変異率化が生じる仮説を以下のように立てた: LET30での照射では過剰なRPA複合体が生産されRAD51のリクルートを阻害する。するとPoIを介したA-NHEJによる修復が増進される。HRでは変異は生じないが、A-NHEJでは修復ミスにより変異が生じる。すなわち、過剰なRPA複合体によるRAD51の阻害により高頻度変異誘発が引き起こされる。

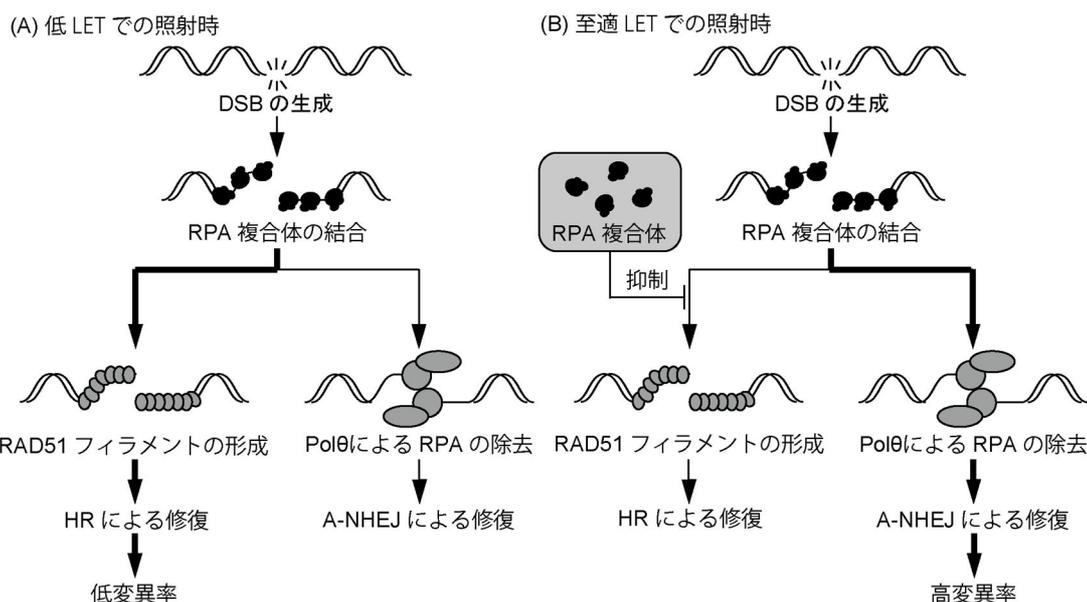


図1. 想定される至適LETにおける高頻度変異誘発のメカニズム

LET30とLET290の重イオンビームでの変異誘発の結果(文献)から、LETが高いほど誘発される欠失変異の大きさも大きくなることが予想される。しかし一方で遺伝可能な欠失変異の大きさには限度があると考えられる。第一に動原体や染色体末端を含むような欠失変異をもつ細胞は正常な細胞分裂が行えず、そのような欠失は後代に遺伝することはできない。また、ゲノム中には多くの必須遺伝子が存在する(文献)。これらは個体の形態形成や配偶子形成に関与し、遺伝子領域を含むような欠失変異はホモ接合型では遺伝できないと考えられる。しかし、これまでゲノムレベルで必須遺伝子と欠失変異の関係性について論じられたことはなかった。

### 2. 研究の目的

本研究は、一つにはシロイヌナズナにおいて LET30 での照射による高頻度変異誘発の生物学的原因を明らかにすることを目的とする。そのため、LET22.5 と LET30 での重イオンビーム照射による変異率の違いが、過剰な RPA タンパク質の発現による A-NHEJ による修復の促進によるという仮説を証明する。また、LET22.5 と LET30 での重イオンビーム照射で DSB 部位に結合する RPA1E や PoI タンパク質の量を比較する。

また、またもう一つは、欠失変異の大きさの上限を決定する生物学的要因を解明することを目的とする。そのために、LET = 100 keV/μm (LET100)・LET = 200 keV/μm (LET200)・LET290 の重イオンビームを照射したときの欠失変異の大きさを調査し、ゲノム中の必須遺伝子が関与するかを評価する。

### 3. 研究の方法

#### (1) 研究に用いた材料

シロイヌナズナの野生株(CoI-0)と RPA1E 遺伝子の T-DNA 挿入変異体を用いた。T-DNA 挿入変異体は英国ノッティンガム大学の Nottingham Arabidopsis Stock Centre (NASC)から入手した。変異がホモ接合型であることを PCR で確認し、自殖させて次世代の種子を得た。

#### (2) シロイヌナズナ RPA1E 遺伝子過剰発現変異体(RPA1E-ox)の作製

過剰発現プロモーター35S の下流に RPA1E 遺伝子を結合したコンストラクトを作製し、RPA1E 遺伝子のヌル変異体に形質転換した。形質転換個体を自殖させて 2 世代目、3 世代目を得て、抗生物質含有培地で育成した。コンストラクトには抗生物質抵抗性遺伝子も含まれているため、それぞれの世代での抗生物質抵抗性個体の比率を調べることで、35S::RPA1E 遺伝子を 1 コピーのみもつ系統を得た。qPCR により RPA1E の発現が安定して高いものを選抜して以後の実験に用いた。

#### (3) LET30 と LET22.5 の重イオンビーム照射で誘発される変異の解析

野生株と RPA1E-ox 変異体の乾燥種子に対して LET30 または LET22.5 の重イオンビームを 300 Gy 照射した。それぞれの照射区について照射当代の個体を自殖させて照射 2 世代目の個体を得た。個体からそれぞれゲノム DNA を抽出し、全ゲノムシーケンスを行い、変異解析パイプライン AMAP (文献 )を用いて全ゲノム解析を行った。

#### (4) RPA1E・PoI タンパク質の DSB 部位での結合量の測定

シロイヌナズナの PoI タンパク質と RPA1E タンパク質のペプチド抗体を作製した。当初は LET30 と LET22.5 の重イオンビームを乾燥種子に照射し、吸水 4 時間後にタンパク質を抽出することを想定していたが、貯蔵タンパク質の影響のため、播種後約 2 週間の幼苗に照射し、4 時間後にタンパク質を抽出してウエスタンブロットを行い、抗体を評価した。

#### (5) LET100/LET200/LET290 の重イオンビームで誘発される変異の解析

野生株の乾燥種子に対して LET100 または LET200、LET290 の重イオンビームをそれぞれ 150 Gy、75 Gy、50 Gy 照射した。自殖により各照射区 96 個体の照射 2 世代目(M<sub>2</sub>)を作製した。さらに 1 つの M<sub>2</sub>につき 2 つの 3 世代目(M<sub>3</sub>)を作製し、各 M<sub>3</sub> 系統 40 個体から DNA を抽出した。シロイヌナズナのタンデム重複遺伝子(TAG)3,469 遺伝子を検出するための DNA アレイを作製し、アレイ CGH により各 M<sub>3</sub> 系統の欠失を検出した。検出された欠失がホモ接合型で遺伝可能(ホモ欠失)か、ヘテロ接合型でしか遺伝不可能(ヘテロ欠失)かを調べるため、各 M<sub>3</sub> 系統 15 個体について PCR または 7 個体について qPCR を行った。大きなヘテロ欠失をもつ M<sub>3</sub> 系統については各系統 10-15 個体の DNA を抽出し、(3)と同様に AMAP により変異解析を行い、欠失変異の大きさを決定するとともに、染色体再編成のブレイクポイントを検出した。

#### (6) 変異と必須遺伝子のゲノムへのマッピング

シロイヌナズナの必須遺伝子についての既報(文献、 )から 811 個の必須遺伝子をリストアップし、ゲノム配列上へマッピングした。同様に、(5)で 94 系統の M<sub>3</sub> から検出された合計 149 個の欠失変異と、既報の 22 の変異系統で検出された欠失変異(文献、 、 )をゲノム配列上へマッピングした。さらに(5)で検出された染色体再編成のブレイクポイントと、既報の変異体の染色体再編成のブレイクポイント合計 532 箇所をゲノム配列上へマッピングした。

### 4. 研究成果

#### (1) LET30 と LET22.5 の重イオンビームで誘発される変異の違い

LET30 と LET22.5 の重イオンビームを照射した野生型の後代それぞれ 18 個体ずつ、RPA1E-ox 変異体の後代それぞれ 8 個体ずつの変異解析を行った。同定された変異は野生株では LET30 と LET22.5 で個体あたりそれぞれ 36.4 箇所と 31.6 箇所、RPA1E-ox 変異体で LET30 と LET22.5 で個体あたりそれぞれ 30.1 箇所と 32.1 箇所、それぞれの線量区で有意差はみられなかった。また、Chang ら(文献 )による分類指標をもとに、欠失のうち A-NHEJ により修復されたものの割合を調べたところ、野生株では LET30 で 34%、LET22.5 で 36%を占め、RPA1E-ox 変異体では LET30 で 17%、LET22.5 で 25%を占め、各線量区で有意差はみられなかった。LET30 と LET22.5 で観察された変異の差は A-NHEJ による修復の促進によるものではないことが示唆された。

しかし、変異のうち 100 bp 以上の規模の欠失・挿入や染色体再編成を大規模変異とすると、野生型において全ての変異箇所数に対する大規模変異の箇所数の割合は、LET30 で 5.5%、LET22.5 では 3.2%であり、LET30 では LET22.5 より高い割合で大規模変異が誘発されていた ( $p < 0.05$ 、カイ二乗検定)。一塩基置換や 100 bp 未満の規模の欠失・挿入といった小規模変異が遺伝子発現に影響をする場合でも、多くの場合は 1 遺伝子にのみ影響するのに対し、大規模変異は欠失や転座の規模に応じた数の遺伝子発現に影響を与えることが考えられる。LET30 での高頻度変異誘発に大規模変異の誘発されやすさが関与することが示唆された。

#### (2) RPA1E・PoI タンパク質の DSB 部位での結合量の測定

重イオンビーム照射で生じた DSB 部位における RPA1E タンパク質と PoI タンパク質の結合量を LET30 と LET22.5 で比較するため、それぞれのタンパク質を特異的に認識する抗体の作製を試みた。それぞれのタンパク質のペプチドを合成し、ペプチド抗体の作製を行った。当初は重イオンビームを乾燥種子に照射し、吸水させて 4 時間後にタンパク質を抽出してウエスタンブロットを行うことを想定していたが、種子に含まれる貯蔵タンパク質の影響を受ける可能性が明らかになったため、播種後約 2 週間の幼苗に対して重イオンビームを照射し、4 時間後にタンパク質を抽出してウエスタンブロットに用いることにした。RPA1E 抗体では目的分子量にシグナルを得ることができなかった。PoI 抗体では目的分子量にシグナルを得たが、バンドが複数得られたことから、現在、抗体のアフィニティー精製を行い、利用できるかを検討している。

#### (3) LET100/LET200/LET290 の重イオンビームで誘発される欠失の大きさ

LET100、LET200、LET290 の重イオンビームを照射した野生型の照射 3 世代目各 192 系統のうち、合計 94 系統から欠失変異が検出された。照射区ごとに欠失の長さを集計したところ、LET による長さの分布の違いはみられなかった。つまり、LET100 から LET290 の範囲では欠失の長さは変わらないことがわかった。

#### (4) ゲノム中の必須遺伝子の分布がホモ欠失の大きさに影響する

(3) で検出された各欠失を PCR と qPCR によりホモ欠失とヘテロ欠失に分類した。LET によらずそれぞれの欠失の長さの分布を比較したところ、ヘテロ欠失の平均長はホモ欠失の平均長よりも有意に大きかった (図 1、 $p < 0.01$ : Wilcoxon rank-sum test)。この現象の原因として、欠失に含まれる必須遺伝子の影響が予想された。そこで、シロイヌナズナの既知の必須遺伝子 811 個について、隣接する必須遺伝子間の距離の分布を、理論上のホモ欠失の最大値と定義してホモ欠失の分布と比較したところ、必須遺伝子間の距離の平均長はホモ欠失の平均長よりも有意に大きかった (図 1、 $p < 0.01$ : Wilcoxon rank-sum test)。これらのことからゲノム中の必須遺伝子の分布がホモ欠失の大きさに影響を及ぼすことが示唆された。

#### (5) ゲノム中の必須遺伝子の分布と誘発変異の分布の比較

(3) で検出された各欠失に加え、これまでに報告された 22 系統の変異体の欠失変異を加えての 94 個のホモ欠失

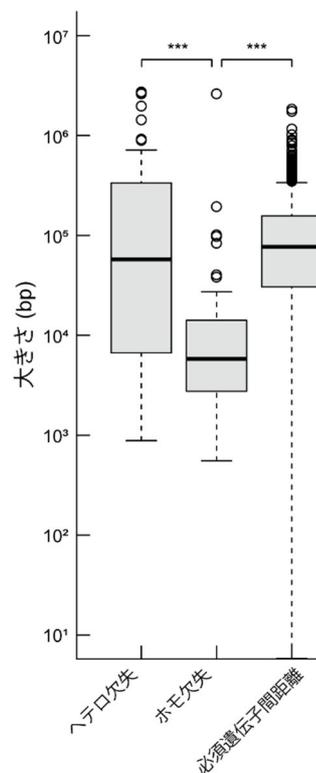


図 2. ヘテロ欠失、ホモ欠失、必須遺伝子間の距離の大きさの分布の箱ひげ図 \*\*\*:  $P < 0.01$  (Wilcoxon rank-sum test) Ishii et al. (2024) Front. Plant Sci. 15 より引用。

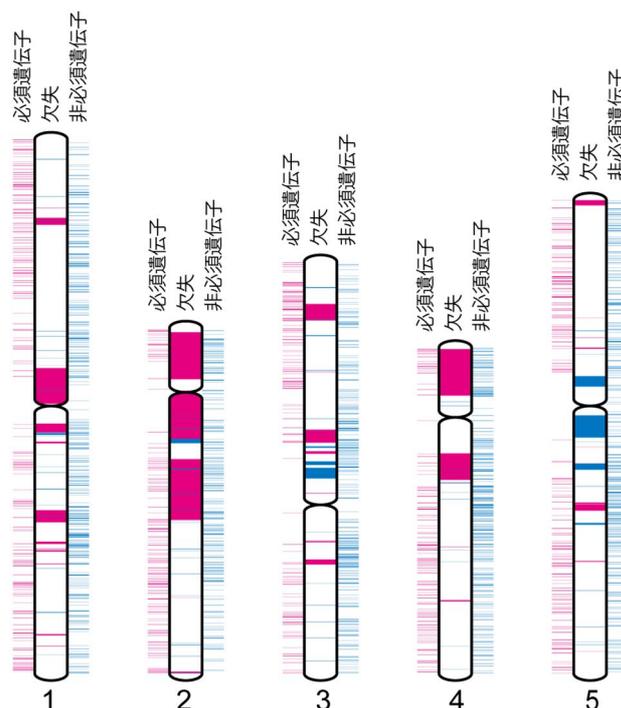


図 3. 遺伝子と欠失変異の分布 染色体を白い楕円で示す。染色体下部の数字は染色体番号を示す。必須遺伝子と非必須遺伝子の位置をそれぞれ赤と青の線で染色体の外側に示す。ヘテロ欠失とホモ欠失の位置をそれぞれ赤と青の四角で染色体の内側に示す。Bar = 10 Mbp. Ishii et al. (2024) Front. Plant Sci. 15 より引用。

と 55 個のヘテロ欠失とした。ゲノム中のそれぞれの欠失の分布と必須遺伝子の分布、さらにシロイヌナズナのエコタイプ間で変異のある 1,740 個の遺伝子を非必須遺伝子と定義してその分布を比較した (図 2)。ホモ欠失とヘテロ欠失のそれぞれ 10%と 6.6%で非必須遺伝子の領域が重複していた。その一方で、ホモ欠失には必須遺伝子の領域と重複するものが 1 個もなかったのに対し、ヘテロ欠失の 2.2%で必須遺伝子の領域が重複していた。これらのことから必須遺伝子の分布が欠失の大きさの上限に影響することが示唆された。

同様に本研究の全ゲノム変異解析で検出された染色体再編成のブレイクポイントとこれまでに報告されたブレイクポイント 532 箇所と必須遺伝子の分布を比較したところ、光合成独立栄養生育条件で必須である *NARA5* 遺伝子以外で必須遺伝子領域と重複するブレイクポイントはみられず、必須遺伝子の分布が染色体再編成の遺伝にも関与することが示唆された。

以上より、LET30 と LET22.5 での重イオンビーム照射での誘発変異の比較では、*RPA1E* 遺伝子の過剰発現による A-NHEJ での修復の促進は確認されなかった。一方で、全変異に対する大規模変異の割合が LET30 で高かったことから高頻度変異誘発に大規模変異が寄与することが示唆された。その背後にある分子的基盤については今後の研究課題である。また、欠失変異の大きさは LET の上昇とともに大きくなるものの、ゲノム中に分布する必須遺伝子の分布によって上限が制限されることが示唆された。このため LET100 から LET290 の間では欠失の大きさに差は生じないことがわかった。

#### <引用文献>

Abe, T., Ichida, H., Hayashi, Y., Morita, R., Shirakawa, Y., Ishii, K., Sato T., Saito H., Okumoto Y. (2021). "Ion beam mutagenesis - an innovative and effective method for plant breeding and gene discovery" in Mutation breeding, genetic diversity and crop adaptation to climate change, eds. Sivasankar, S., Ellis, T. H. N., Jankuloski, L., Ingelbrecht, I. (CABI, Oxfordshire, UK), 411–423.

Suzuki M., Kase Y., Kanai T., Yatagai F., Watanabe M. (1997) LET dependence of cell death and chromatin-break induction in normal human cells irradiated by neon-ion beams, Int. J. Radiat. Biol. 72(5):497-503

Kazama Y, Hirano T, Saito H, Liu Y, Ohbu S, Hayashi Y, Abe T. (2011) Characterization of highly efficient heavy-ion mutagenesis in *Arabidopsis thaliana*, BMC Plant Biol 11:161.

Kazama Y., Ishii K., Hirano T., Wakana T., Yamada Y., Ohbu S., Abe T. (2017) Different mutational function of low- and high-linear energy transfer heavy-ion irradiation demonstrated by whole-genome resequencing of *Arabidopsis* mutants, Plant J. 92(6):1020–1030.

Mateos-Gomez P.A., Kent T., Deng S.K., McDevitt S., Kashkina E., Hoang T.M. Pomerantz R.T. Sfeir A. (2017) The helicase domain of Polθ counteracts RPA to promote alt-NHEJ, Nat. Struct. Mol. Biol. 24(12):1116-1126.

Lloyd J.P., Seddon A.E., Moghe G.D., Simenc M.C., Shiu S. (2015) Characteristics of plant essential genes allow for within- and between-species prediction of lethal mutant phenotypes. Plant Cell 27:2133–2147.

Meinke D.W. (2019) Genome-wide identification of *EMBRYO-DEFECTIVE* (*EMB*) genes required for growth and development in *Arabidopsis*. New Phytol. 226:306–325.

Ishii K., Kazama Y., Hirano T., Hamada M., Ono Y., Yamada M., Abe T. (2016) AMAP: A pipeline for whole-genome mutation detection in *Arabidopsis thaliana*, G3: Genes Genet. Sys. 91:229–233.

Hirano T., Kazama Y., Ishii K., Ohbu S., Shirakawa Y., Abe T. (2015). Comprehensive identification of mutations induced by heavy-ion beam irradiation in *Arabidopsis thaliana*. Plant J. 82:93–104.

Hase Y., Satoh K., Seito H., Oono Y. (2020). Genetic consequences of acute/chronic gamma and carbon ion irradiation of *Arabidopsis thaliana*. Front. Plant Sci. 11.

Sanjaya A., Kazama Y., Ishii K., Muramatsu R., Kanamaru K., Ohbu S., et al. (2021) An argon-ion-induced pale green mutant of *Arabidopsis* exhibiting rapid disassembly of mesophyll chloroplast grana. Plants 10:848.

Chang H.H.Y., Pannunzio N.R., Adachi N., Lieber M.R. (2017) Non-homologous DNA end joining and alternative pathways to double-strand break repair, Nat. Rev. Mol. Cell Biol. 18:495–506.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3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 3件）

1. 著者名 Ishii Kotaro, Kazama Yusuke, Hirano Tomonari, Fawcett Jeffrey A., Sato Muneo, Hirai Masami, Yokota, Sakai Fujiko, Shirakawa Yuki, Ohbu Sumie, Abe Tomoko	4. 巻 15
2. 論文標題 Genomic view of heavy-ion-induced deletions associated with distribution of essential genes in Arabidopsis thaliana	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Frontiers in Plant Science	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） 10.3389/fpls.2024.1352564	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 Nhat Vuong Quoc, Kazama Yusuke, Ishii Kotaro, Ohbu Sumie, Kunitake Hisato, Abe Tomoko, Hirano Tomonari	4. 巻 10
2. 論文標題 Double Mutant Analysis with the Large Flower Mutant, ohbana1, to Explore the Regulatory Network Controlling the Flower and Seed Sizes in Arabidopsis thaliana	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Plants	6. 最初と最後の頁 1881 ~ 1881
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/plants10091881	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 Sanjaya Alvin, Kazama Yusuke, Ishii Kotaro, Muramatsu Ryohsuke, Kanamaru Kengo, Ohbu Sumie, Abe Tomoko, Fujiwara Makoto T.	4. 巻 10
2. 論文標題 An Argon-Ion-Induced Pale Green Mutant of Arabidopsis Exhibiting Rapid Disassembly of Mesophyll Chloroplast Grana	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Plants	6. 最初と最後の頁 848 ~ 848
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/plants10050848	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24件（うち招待講演 4件/うち国際学会 2件）

1. 発表者名 生駒拓也, 西嶋遼, 池田美穂, Nagalla Asanga Deshappriya, 阿部知子, 風間裕介
2. 発表標題 シロイヌナズナの染色体で遺伝子量補償は起こるのか
3. 学会等名 日本育種学会第145回講演会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 石井公太郎, 風間裕介, 平野智也, Jeffrey A. Fawcett, 酒井富士子, 白川侑希, 大部澄江, 阿部知子
2. 発表標題 重イオンビームで誘発される欠失変異と必須遺伝子のシロイヌナズナゲノム上での分布に関する俯瞰的解析
3. 学会等名 日本遺伝学会第95回大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 生駒拓也, 池田美穂, 西嶋遼, 阿部知子, 風間裕介
2. 発表標題 シロイヌナズナの染色体で遺伝子量補正は起きるのか
3. 学会等名 日本遺伝学会第95回大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 石井公太郎, 浅野円花, 阿部知子, 河野重行
2. 発表標題 クロレラゲノム配列の更新と重イオンビーム誘導変異体の染色体再編成の解析
3. 学会等名 日本植物学会第86回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 石井公太郎, 風間裕介, 平野智也, Jeffrey A. Fawcett, 白川侑希, 大部澄江, 阿部知子
2. 発表標題 全ゲノム変異解析による重イオンビーム誘発変異のLET・線量依存性
3. 学会等名 理研シンポジウム「重イオンビーム育種による持続可能な社会や特産品生産の実現」(招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 生駒拓也, サンジャヤ アルピン, 池田美穂, 西嶋遼, 村井耕二, 阿部知子, 風間裕介
2. 発表標題 シロイヌナズナ染色体における遺伝子量補正の調査
3. 学会等名 第94回日本遺伝学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 杉田和陽, サンジャヤ アルピン, 西嶋遼, 田中裕之, 伊藤武彦, 村井耕二, 阿部知子, 風間裕介
2. 発表標題 シロイヌナズナの新規染色体部分的重複変異体における遺伝子発現変動とクロマチン動態
3. 学会等名 第94回日本遺伝学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 上田純平, 風間裕介, 阿部知子, 村井耕二
2. 発表標題 時計遺伝子WPCL1の欠失による一粒系コムギ早生変異体の早生性を抑制するイオンビーム変異体late-heading 1の解析
3. 学会等名 日本育種学会第141回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 黛隆宏, 松田彩花, 畑下昌範, 高城啓一, 阿部知子, 村井耕二, 風間裕介
2. 発表標題 重イオンビームを用いた園芸植物トレニアの花形変異体の作出
3. 学会等名 北陸植物学会第12回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 生駒拓也, サンジャヤ アルピン, 池田美穂, 西嶋遼, 阿部知子, 風間裕介
2. 発表標題 シロイヌナズナで遺伝子量補正は起きるのか
3. 学会等名 北陸植物学会第12回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 杉田和陽, サンジャヤ アルピン, 西嶋遼, 田中裕之, 伊藤武彦, 阿部知子, 風間裕介
2. 発表標題 染色体再編成が植物ゲノムに及ぼす影響
3. 学会等名 北陸植物学会第12回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 風間裕介
2. 発表標題 重イオンビーム誘発欠失変異を用いた植物性染色体の研究
3. 学会等名 若狭湾エネルギー研究センター第24回研究報告会(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Yusuke Kazama and Tomoko Abe
2. 発表標題 Effect of Linear Energy Transfer in the heavy-ion mutagenesis and breeding
3. 学会等名 The 32nd annual meeting of MRS-J (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Takahiro Mayuzumi, Ayaka Matsuta, Masanori Hatashita, Keiichi Takagi, Tomoko Abe, Koji Murai, and Yusuke Kazama
2. 発表標題 Heavy-Ion Beams with High Linear Energy Transfer frequently produces morphological mutants in the M1 generation of an ornamental plant <i>Torenia fournieri</i>
3. 学会等名 The 32nd annual meeting of MRS-J (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 黛隆宏, 松田彩花, 畑下昌範, 高城啓一, 阿部知子, 村井耕二, 風間裕介
2. 発表標題 重イオンビームを用いたトレニア変異系統の作出
3. 学会等名 日本育種学会第140回講演会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 石井 公太郎, 風間 裕介, 平野 智也, Jeffrey A. Fawcett, 酒井 富士子, 白川 侑希, 大部 澄江, 阿部 知子
2. 発表標題 重イオンビームで誘発される欠失変異と必須遺伝子のシロイヌナズナゲノム上での分布に関する俯瞰的解析
3. 学会等名 日本育種学会第141回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 杉田和陽、Sanjaya Alvin、西嶋遼、村井耕二、阿部知子、風間裕介
2. 発表標題 シロイヌナズナの新規染色体再編成変異体で見られたダイナミックな 形態変化
3. 学会等名 日本育種学会第141回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 石井公太郎、風間裕介、浅野円花、竹下毅、阿部知子、河野重行.
2. 発表標題 クロレラの内部倍数性とAr・Feイオンビーム照射による染色体の分断化と再構成
3. 学会等名 日本藻類学会第45回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 野村文希、風間裕介、阿部知子、村井耕二.
2. 発表標題 イオンビーム照射により作出されたPpd-1欠失「農林61号」変異系統の解析
3. 学会等名 第15回ムギ類研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 橋本佳澄、西浦愛子、風間裕介、市田裕之、阿部知子、村井耕二.
2. 発表標題 重イオンビーム照射によって作出された超極早生コムギ変異体*extra early-flowering 4 * (*exe4*) の花成関連遺伝子の発現解析
3. 学会等名 第15回ムギ類研究会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 風間裕介.
2. 発表標題 重イオンビームで拓く染色体再編成のサイエンス
3. 学会等名 北陸植物学会 令和2年度大会(招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 石井公太郎、風間裕介、浅野円花、阿部知子、河野重行.
2. 発表標題 Ar・Feイオンビーム照射によって生じるクロレラ染色体の断片化と染色体再編成
3. 学会等名 日本育種学会第138回講演会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 南壮二郎、渡邊遙、大部澄江、阿部知子、風間裕介.
2. 発表標題 ゲノム編集を用いたシロイヌナズナへの染色体再編成の導入
3. 学会等名 日本育種学会第138回講演会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 南壮二郎、渡邊遙、大部澄江、阿部知子、風間裕介.
2. 発表標題 ゲノム編集を用いたシロイヌナズナへの巨大逆位の導入
3. 学会等名 日本遺伝学会第92回大会
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

必須遺伝子は必須だった - 染色体に「塗り絵」することで変異が遺伝する条件を解明 -  
[https://www.riken.jp/press/2024/20240417\\_3/index.html](https://www.riken.jp/press/2024/20240417_3/index.html)  
 Frontiers in Plant Science誌に発表した論文Genomic view of heavy-ion-induced deletions associated with distribution of essential genes in Arabidopsis thalianaについてプレスリリースを行った。

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	風間 裕介  (Kazama Yusuke)  (80442945)	福井県立大学・生物資源学部・教授    (23401)	

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