

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 5 月 17 日現在

機関番号：11301
 研究種目：基盤研究(A) (一般)
 研究期間：2013～2015
 課題番号：25252001
 研究課題名(和文) 遺伝子導入SIシロイヌナズナを利用した自家不和合性自他認識下流因子の網羅的解析

 研究課題名(英文) Comprehensive analysis of self-incompatibility downstream genes by using SI Arabidopsis

 研究代表者
 渡辺 正夫 (Watanabe, Masao)

 東北大学・生命科学研究科・教授

 研究者番号：90240522

 交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 34,100,000円

研究成果の概要(和文)：自家不和合性系統のQTL解析と乳頭細胞発現遺伝子の網羅的解析の統合で、下流因子候補、耐病性関連遺伝子を同定した。その遺伝子の破壊系統を作出中であり、自家不和合性と耐病性下流因子との共通性が見えつつある。SIシロイヌナズナ系統では、後代でのSI形質不安定性の原因を探索し、当初見出していた第2エキソン内の逆位配列に加え、プロモーター領域の転写活性の低下にもその原因があることを明らかにした。高速シーケンサーから得られた発現遺伝子断片の塩基配列情報を前処理、リファレンス・ゲノムマッピング処理で、ゲノムワイドな発現プロファイル情報を整備した。なお、本研究期間中にアウトリーチ活動を358件実施した。

研究成果の概要(英文)：In order to determine the SRK downstream candidate gene, QTL and comprehensive expression analysis in the self-compatible line were performed. As a candidate gene, we identified a gene having sequence similarity to resistance gene to pathogen. Now, we are establishing the disruptant lines for candidate gene. We will determine new SRK downstream gene. By using self-incompatible Arabidopsis thaliana line, main factor to self-compatibility was inversion in the second exon. In addition to this point, the second self-compatibility factor was lower activity of promoter sequence against to self-incompatible Arabidopsis relatives. Furthermore, we established genome-wide gene expression profile from the next generation sequencer data. These data will contribute to identify the SRK downstream candidate genes and other pollen-stigma interaction related genes. In addition to the experiments, we also performed the outreach activities to elementary school, high school students.

研究分野：植物分子育種学

キーワード：遺伝学 育種学 アブラナ科植物 自家不和合性 情報伝達 シロイヌナズナ アブラナ バイオインフォマティクス

1. 研究開始当初の背景

アブラナ科植物の自家不和合性は、1 遺伝子座 *S* 複対立遺伝子系で説明され、花粉側 *S* 因子として SP11、雌ずい側 *S* 因子として SRK が単離され、同一 *S* 対立遺伝子間で SP11-SRK が特異的に結合することによって、自家不和合性が誘起されることが示されていた。また、*S* 対立遺伝子間の優劣性は、柱頭側では SRK 自身、花粉側では優劣性 *S* 対立遺伝子由来の低分子 RNA が機能することが示され、*S* 遺伝子座が有する機能は、解明されつつあった。しかしながら、SRK の下流因子は MLPK、ARC1 などの因子が単離されているものの、それ以外については不明のままであり、その下流因子をどの様に単離し、SRK との相互作用を証明するかが、自家不和合性研究の主題になりつつあった。

2. 研究の目的

本研究では、申請者らが世界で初めて作出した内在自家不和合性遺伝子 SP11 の改変・導入による SI シロイヌナズナ系統、自然集団から単離した自家和合性 *Brassica rapa* 系統を解析し、*S* 遺伝子下流因子の単離・解析を行う。

3. 研究の方法

分子遺伝学、遺伝子導入、発現遺伝子の網羅的解析、*in silico* 解析等を融合して、研究を展開した。

4. 研究成果

(1) 自家和合性系統の a 系統の QTL 解析と柱頭・乳頭細胞で発現している遺伝子の網羅的解析を統合することにより、下流因子の候補として、耐病性関連遺伝子を同定した。現在、その遺伝子の破壊系統を作出中であり、自家不和合性と耐病性下流因子との共通性が見えつつある。また、自家和合性 b 系統の QTL 解析から、これまでの MLPK、ARC1、a 系統の候補遺伝子が座乗する染色体とは異なる位置に候補遺伝子を同定しており、数 100kb 内に候補遺伝子がある可能性を見出した。

(2) 内在自家不和合性遺伝子 *SP11* を改変・導入した SI シロイヌナズナ系統について、後代での SI 形質不安定性の原因を探索し、当初見出していた第 2 エキソン内の逆位配列に加え、プロモーター領域の転写活性の低下にもその原因があることを明らかにした。これら 2 点を同時に修復することで、形質転換当代だけでなく後代でも SI 形質が安定することを明らかにした。このことにより、SI シロイヌナズナを SC 化して、下流因子を解析できる基盤を構築した。

しかしながら、この研究の過程で、諸外国の研究から *Brassica* 属植物の *S* 遺伝子下流因子と *Arabidopsis* 属植物の下流因子に共通性が見られない可能性が示され、シロイヌナズナの実験結果をアブラナに応用できないこ

とが判明したことから、SC 化による解析は一時、停止した。

(3) 生殖関連遺伝子を探索するために、網羅的なゲノム配列解析と遺伝子発現解析を実施した。高速シーケンサーから得られた発現遺伝子断片の塩基配列情報(RNA-seq)を前処理ならびにリファレンス・ゲノムへマッピング処理することから、ゲノムワイドな発現プロファイル情報を整備した。次に、花器において特異的に発現している遺伝子群を抽出するために、選抜アルゴリズムを構築し、アルゴリズムに基づき候補遺伝子を探索した。ここで、実験条件を的確に把握するために、取得した実験条件のテキスト情報(記述内容)をマニュアル・キュレーションにより精査した。得られた候補遺伝子に対して、ネットワーク解析を実施すると共に、遺伝子の生物学的機能を高精度に予測するために知識情報をネットワーク情報と融合した。この知識情報は、文献テキスト情報に対する自然言語処理とマニュアル・キュレーションを併用して抽出した。最終的に、SRK 下流因子の探索を高速化するために、得られた情報を格納・提供する Web データベースを構築した。

(4) こうした実験と平行して、CO₂ による自家不和合性打破関連因子、アブラナゲノムにおける遺伝子族の解析、MLPK を介した新規不和合性との下流因子の共通性なども解明した。

なお、本研究期間中にアウトリーチ活動を小中高校、一般市民向けに 358 件実施した。さらに、小中高生から受け取った 11,874 通の手紙、レポートに対して、返事を書いた。本研究に連動したアウトリーチ活動として、教員、保護者などから高い評価を得た。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 21 件)

Maeda, S., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Taguchi, M., Yamamura, K., Nagano, K., Endo, T., Saeki, K., Osaka, M., Nabemoto, M., Ito, K., Kudo, T., Kobayashi, M., Kawagishi, M., Fujita, K., Nanjo, H., Shindo, T., Yano, K., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. (2016) Comparative analysis of microRNA profiles of rice anthers between cool-sensitive and cool-tolerant cultivars under cool-temperature stress. *Genes Genet. Syst.* (in press, <http://gsj3.jp/GGS.html>, 査読有)

Kudo, T., Sasaki, Y., Terashima, S., Matsuda-Imai, N., Takano, T., Saito, M., Kanno, M., Ozaki, S., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Takayama, S., Yano, K. (2016) Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes Genet. Syst.* (in press,

<http://gsj3.jp/GGS.html>, 査読有)

Yamamoto, N., Kudo, T., Fujiwara, S., Takatsuka, Y., Hirokawa, Y., Tsuzuki, M., Takano, T., Kobayashi, M., Suda, K., Asamizu, E., Yokoyama, K., Shibata, D., Tabata, S., and Yano, K. (2016) Pleurochrysome: A web-database of Pleurochrysis transcripts and orthologues among heterogeneous algae. *Plant Cell Physiol.* 57:e6. (doi: 10.1093/pcp/pcv195, 査読有)

Aya, K., Kobayashi, M., Tanaka, J., Ohyanagi, H., Suzuki, T., Yano, K., Takano, T., Yano, K., Matsuoka, M. (2015) *De novo* transcriptome assembly of a fern, *Lygodium japonicum*, and a web resource database, Ljtrans DB. *Plant Cell Physiol.* 56:e5. (doi: 10.1093/pcp/pcu184, 査読有)

Yamamoto, N., Takano, T., Tanaka, K., Ishige, T., Terashima, S., Endo, C., Kurusu, T., Yajima, S., Yano, K., Tada, Y. (2015) Comprehensive analysis of transcriptome response to salinity stress in the halophytic turf grass *Sporobolus virginicus*. *Front Plant Sci.* 6: 241. (doi: 10.3389/fpls.2015.00241, 査読有)

Hirose, Y., Suda, K., Liu, Y.G., Sato, S., Nakamura, Y., Yokoyama, K., Yamamoto, N., Hanano, S., Takita, E., Sakurai, N., Suzuki, H., Nakamura, Y., Kaneko, T., Yano, K., Tabata, S. and Shibata, D. (2015) The *Arabidopsis* TAC Position Viewer: a high-resolution map of transformation-competent artificial chromosome (TAC) clones aligned with the *Arabidopsis thaliana* Columbia-0 genome. *Plant J.* 83:1114-1122. (doi: 10.1111/tj.12949, 査読有)

Ohyanagi, H., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Ozaki, S., Kudo, T., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Aoki, K., Kubo, Y., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yano, K. (2015) Plant omics data center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. *Plant Cell Physiol.* 56:e9. (doi: 10.1093/pcp/pcu188, 査読有)

Saha, G., Park, J.-I., Jung, H.-H., Ahmed, N. U., Chung, M.-Y., Hur, Y., Gu, Y.-G., Watanabe, M., and Nou, I.-S. (2015) Genome-wide identification and characterization of MADS-box family genes related to organ development and stress resistance in *Brassica rapa*. *BMC Genomics* 16: 178. (doi: 10.1186/s12864-015-1349-z, 査読有)

Lao, X., Suwabe, K., Niikura, S., Kakita, M., Iwano, M. and Takayama, S. (2014) Physiological and genetic analysis of CO₂-induced breakdown of self-incompatibility in *Brassica rapa*. *J. Exp. Bot.* 65: 939-951. (doi: 10.1093/jxb/ert438, 査読有)

Hamada, H., Kurusu, T., Nokajima, H., Kiyoduka, M., Yano, K., Kuchitsu, K. (2014)

Regulation of xylanase elicitor-induced expression of defense-related genes involved in phytoalexin biosynthesis by a cation channel OsTPC1 in suspension-cultured rice cells. *Plant Biotech.* 31:329-334. (doi:10.5511/plantbio technology.14.0805b, 査読有)

Nakatsuka, A., Nakagawa, T., Yano, K., Sun, N., Sakata, H., Koyama, K., Kobayashi, N., Esumi, T., Itamura, H. (2014) Gene expression of pectic polysaccharide degrading enzymes in on-tree softened 'Hiratanenashi' persimmon fruit. *Food Preserv. Sci.* 40:185-193. (査読有)

Yamamoto, N., Suzuki, T., Kobayashi, M., Dohra, H., Sasaki, Y., Hirai, H., Yokoyama, K., Kawagishi, H., Yano, K. (2014) A-WINGS: an integrated genome database for *Pleurocybella porrigens* (Angel's wing oyster mushroom, Sugihiratake). *BMC Res Notes.* 7:866. (doi: 10.1186/1756-0500-7-866, 査読有)

Park, J.-I., Ahmed, N. U., Jung, H.-J., Arasan, S. K., Chung, M.-Y., Cho, Y.-G., Watanabe, M., and Nou, I.-S. (2014) Characterization of LIM gene family and identification of stress resistance related genes of *Brassica rapa*. *BMC Genomics* 15: 641. (doi: 10.1186/1471-2164-15-641, 査読有)

Sakazono, S., Nagata, T., Matsuo, R., Kajihara, S., Watanabe, M., Ishimoto, M., Shimomura, S., Harada, K., Takahashi, R., and Mochizuki, T. (2014) Variation in root development response to flooding among 92 soybean lines during early growth stages. *Plant Prod. Sci.* 17: 228-236. (doi:10.1626/p.17.228, 査読有)

Liu, T., Kim, D.-W., Niitsu, M., Maeda, S., Watanabe, M., Kamio, Y., Berberich, T., and Kusano (2014) Polyamine oxidase 7, a terminal catabolism-type enzyme in *Oryza sativa*, and is specifically expressed in anthers. *Plant Cell Physiol.* 55: 1110-1122. (doi: 10.1093/pcp/pcu047, 査読有)

Sakata, T., Oda, S., Tsunaga, Y., Kawagishi-Kobayashi, M., Aya, K., Saeki, K., Endo, T., Nagano, K., Kojima, M., Sakakibara, H., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Higashitani, A. (2014) Reduction of gibberellin by low temperature disrupts pollen development in rice. *Plant Physiol.* 164: 2011-2019. (doi: 10.1104/pp.113.234401, 査読有)

Sudo, K., Park, J.-I., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Osaka, M., Kawagishi, M., Fujita, K., Maruoka, M., Nanjo, H., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. (2013) Demonstration *in vivo* of the role of *Arabidopsis* PLIM2 actin-binding proteins during pollination. *Genes Genet. Syst.* 88: 279-287. (doi: 10.1266/ggs.88.279, 査読有)

Osaka, M., Matsuda, T., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Maeda, S., Sewaki, M., Sone, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K. K., Yano, K., Lim, Y.-P., Suzuki, G., Suwabe, K., Watanabe, M.

(2013) Cell type-specific transcriptome of Brassicaceae stigmatic papilla cells from a combination of laser microdissection and RNA sequencing. *Plant Cell Physiol.* 54: 1894-1904. (doi: 10.1093/pcp/pct133, 査読有)

Sakazono, S., Hiramatsu, M., Watanabe, M., and Okubo, H. (2013) Development and characterization of micro satellite markers for *Lilium longiflorum* Thunb. (Liliaceae). *Appl. Plant Sci.* 1: 1300014. (doi: 10.3732/apps.1300014, 査読有)

Hiroi, K., Sone, M., Sakazono, S., Osaka, M., Masuko-Suzuki, H., Matsuda, T., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. (2013) Time-lapse imaging of self- and cross-pollination in *Brassica rapa* L. *Annals Bot.* 112: 115-122. (doi: 10.1093/aob/mct102, 査読有)

²¹Takada, Y., Sato, T., Suzuki, G., Shiba, H., Takayama, S., and Watanabe, M. (2013) Involvement of MLPK pathway in intra-species unilateral incompatibility regulated by a single locus with stigma and pollen factors. *Genes, Genomes, Genetics* 3: 719-726. (doi: 10.1534/g3.113.005892, 査読有)

〔学会発表〕(計 27 件)

工藤徹, 佐々木陽平, 寺島伸, 松田(今井)典子, 高野知之, 齋藤美沙, 菅野真麻, 諏訪部圭太, 鈴木剛, 渡辺正夫, 松岡誠, 高山誠司, 矢野健太郎 「シロイヌナズナおよび作物植物の RNA-seq データを用いた遺伝子発現解析用リファレンス遺伝子の探索」, 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手大学(岩手県盛岡市), 2016 年 3 月 18 日-20 日.

Kudo, T., Sasaki, Y., Terashima, S., Matsuda, N., Takano, T., Saito, M., Kanno, M., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Takayama, S., Yano, K., Identification of Reference Genes for Quantitative Expression Analysis Using Large-scale RNA-seq Data of *Arabidopsis thaliana* and Model Crop Plants. International Plant and Animal Genome XXIV, January 9-13, 2016, San Diego, CA, USA.

Watanabe, M. (2016) History of self-incompatibility research in *Brassica* species-especially Tohoku University Hinata's laboratory works-. Topic seminar in GSP on Sunchon University, Sunchon, Korea, 2016/01/04. (invited).

和田七夕子, 安田晋輔, 柿崎智博, 三浦栄子, 樽谷芳明, 高田美信, 鈴木剛, 渡辺正夫, 高山誠司 (2015) アブラナ科植物において低分子 RNA とその標的配列の多様性により複雑な階層的優劣性が制御される. 第 38 回日本分子生物学会年会, 神戸コンベンションセンター(兵庫県神戸市), 2015/12/01-04.

Matsushima, M., Morimoto, H., Hikota, Y., Okumura, K., Yano, K., Shimizu, K.K., Takayama, S., Suzuki, G., Watanabe, M. and Suwabe, K. (2015) Revival of self-

incompatibility in *Arabidopsis thaliana*. 26th International Conference on Arabidopsis Research, Paris (France), 2015/7/5-9.

Morimoto, H., Arakawa, C., Matsushima, M., Suzuki, G., Watanabe, M. and Suwabe, K. (2015) The pollen-expressed cysteine-rich peptide CR3 involves in pollen germination and pollen tube growth. 26th International Conference on Arabidopsis Research, Paris (France), 2015/7/5-9.

Watanabe, M. (2015) Self-incompatibility and genetic diversity of genus *Brassica*. The Japan-China workshop on the interdisciplinary researches about *Brassica* crops, Xi-An, China, 2015/07/02. (invited).

Terashima, S., Takano, T., Ohyanagi, H., Kubo, T., Kanno, M., Saito, M., Matsuda, N., Kobayashi, M., Ozaki, S., Sasaki, Y., Asano, S., Yokoyama, Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Yano, K. (2015) Plant Omics Data Center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. International Symposium of Correlative Gene System, "Establishing Next-Generation Genetics", Nara Kasugano International Forum (Nara, Japan), 2015/05/28-29.

Kudo, T., Takano, T., Ohyanagi, H., Terashima, S., Kanno, M., Saito, M., Matsuda, N., Kobayashi, M., Ozaki, S., Sasaki, Y., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yano, K. (2015) Data mining with Plant Omics Data Center reveals conserved gene expression networks of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes in different organs. International Symposium of Correlative Gene System, "Establishing Next-Generation Genetics", Nara Kasugano International Forum (Nara, Japan), 2015/05/28-29.

Kobayashi, M., Takano, T., Aya, K., Yano, K., Futagoishi, R., Niimi, T., Suwabe, K., Watanabe, M., Suzuki, G., Fujiwara, T., Matsuoka, M., Yano, K. (2015) Current solutions and pipelines for high-throughput sequencing data analysis. International Symposium of Correlative Gene System, "Establishing Next-Generation Genetics", Nara Kasugano International Forum (Nara, Japan), 2015/05/28-29.

Yasuda, S., Wada, Y., Kakizaki, T., Miura, E., Tarutani, Y., Shimoda, T., Takada, Y., Suzuki, G., Watanabe, M., and Takayama S. (2015) *Trans*-acting small RNA controlling the dominance hierarchy among self-incompatibility alleles in *Brassica rapa*. International Symposium of Correlative Gene System, "Establishing Next-Generation Genetics", Nara Kasugano International Forum (Nara, Japan), 2015/05/28-29.

Matsushima, M., Morimoto, H., Hikota, Y.,

Yano, K., Shimizu, K. K., Takayama, S., Suzuki, G., Watanabe, M., and Suwabe, K. (2015) Transcriptional changes during pollination in *Arabidopsis thaliana*. International Symposium of Correlative Gene System, "Establishing Next-Generation Genetics", Nara Kasugano International Forum (Nara, Japan), 2015/05/28-29.

Yasuda, S., Wada, Y., Kakizaki, T., Miura, E., Tarutani, Y., Takada, Y., Suzuki, G., Watanabe, M., and Takayama S. (2015) Allelic variants of small RNA control dominance hierarchy among self-incompatibility alleles in *Brassica rapa*. International Symposium of Correlative Gene System, "Establishing Next-Generation Genetics", Nara Kasugano International Forum (Nara, Japan), 2015/05/28-29. (invited).

松田智貴, 松嶋舞, 辺本萌, 大坂正明, 坂園聡美, 増子(鈴木)潤美, 曾根美佳子, 高橋宏和, 中園幹生, 岩野恵, 高山誠司, 清水健太郎, 奥村克純, 矢野健太郎, 鈴木剛, 渡辺正夫, 諏訪部圭太 (2015) LM-RNA-seq による受粉時のシロイヌナズナ雌性生殖組織の機能解析. 日本育種学会第 127 回講演会, 玉川大学(東京都町田市), 2015/03/21-22.

Matsuda, T., Matsushima, M., Nabemoto, M., Osaka, M., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Nakazono, M., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K. K., Yano, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Suwabe, K., Comparative transcriptome analysis between pre- and post-pollination in *Arabidopsis thaliana*. International Plant and Animal Genome XXIII, January 10-14, 2015, San Diego, CA, USA.

Takano, T., Terashima, S., Ohyanagi, H., Kanno, M., Sasaki, Y., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yano, K., Plant Omics Data Center (PODC) : The integrated web repository for intra- and interspecies gene expression networks. International Plant and Animal Genome XXIII, January 10-14, 2015, San Diego, CA, USA.

Matsushima, M., Ando, M., Matsuda, T., Nabemoto, M., Sone, M., Hiroi, K., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Yano, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Suwabe, K., Establishment of dynamic imaging of pollination in *Arabidopsis thaliana*. International Plant and Animal Genome XXIII, January 10-14, 2015, San Diego, CA, USA.

Kudo, T, Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Ozaki, S., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, Suwabe, K., Suzuki, G., Watanabe, M., Matsuoka, M., Ohyanagi, H., and Yano, K. (2015) Data mining in Plant Omics Data Center suggests conserved gene expression networks of molecular chaperone and protein disulfide isomerase genes in different organs - Plants. Plant and Animal Genome XXIII, Jan

10-13, San Diego, CA, USA.

Nabemoto, M., Ichinoseki, R., Sato, M., Tanno, C., Masuko-Suzuki, H., Sakazono, S., Suwabe, K., Suzuki, G., Ito, Y., Hidema, J., Takahashi, K., Ando, A., and Watanabe, M. (2015) The effect of helium plasma-treatment during pollination of Brassica species. Plant and Animal Genome XXIII, Jan 10-13, San Diego, CA, USA.

Yamamoto, N., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Ohyanagi, H., Sasaki, Y., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Saito, M., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Sugimoto, T., Masumura, T., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yano, K., Plant Omics Data Center (PODC): a knowledge-based transcriptomic database for exploring functional gene modules in plants. GIW / ISCB-Asia 2014, December 15-17, 2014, Tokyo International Exchange Center (Tokyo, Japan).

²¹ Ohyanagi, H., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., Kanegae, H., Ozaki, S., Kudo, T., Matsumura, H., Sasaki, Y., Saito, M., Asano, S., Yokoyama, K., Aya, K., Suwabe, K., Suzuki, G., Aoki, K., Kubo, Y., Watanabe, M., Matsuoka, M., Yano, K., CA Plot Viewer and Plant Omics Data Center: A GUI-based Tool for Gene Expression Network Construction and an Integrated Web Repository for Interspecies Gene Expression Networks with NLP-based Curation. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics, November 16-19, 2014, Tucson, AZ, USA.

²² Kawakatsu, Y., Kaminoyama, K., Igarashi, K., Nakayama, H., Kubo, N., Yano, K., Kimura, S., QTL analysis of leaf morphological traits in Japanese traditional leafy vegetables, Mizuna and Mibuna. 25th International Conference on Arabidopsis Research (ICAR) July 28-August 1, 2014, Vancouver, British Columbia, Canada.

²³ Suwabe, K. (2014) Cell type-specific RNA sequencing of papilla cell, a surface cell of pistil, by a combination of laser microdissection and next generation sequencing technologies. The 2nd Plant Genomics Congress, London, UK, 2014/5/12-13.

²⁴ Park, J.-I., Ahmed, N. U., Jung, H.-J., Kumar, T. S., Chung, M.-Y., Cho, Y.-G., Watanabe, M., Nou, I.-S. (2014) Characterization of LIM gene family and stress induced expression profile in *Brassica*. Plant and Animal Genome XXII, Jan 11-14, San Diego, CA, USA.

²⁵ Saha, G., Park, J.-I., Jung, H.-J., Ahmed, N. U., Chung, M.-Y., Watanabe, M., Nou, I.-S. (2014) MADS-box family genes: Genome-wide identification, characterization and expression profile using under stresses in *Brassica*. Plant and Animal Genome XXII, Jan 11-14, San Diego, CA, USA.

²⁶ Osaka, M., Matsuda, T., Sakazono, S., Masuko-Suzuki, H., Maeda, S., Sewaki, M., Sone,

M., Takahashi, H., Nakazono, M., Iwano, M., Takayama, S., Shimizu, K. K., Yano, K., Lim, Y.-P., Suzuki, G., Suwabe, K., and Watanabe, M. (2014) Cell type-specific transcriptome of cruciferous stigmatic papilla cells from a combination of laser microdissection and RNA sequencing. *Plant and Animal Genome XXII*, Jan 11-14, San Diego, CA, USA (invited speaker).
27 Suzuki, G., Takada, Y., and Watanabe, M. (2013) Incest avoidance applicable in hybrid seed production. *International Symposium on Diversifying Biological Resources. -Toward Food Security and Sustainable Society-*, Nov. 20-21, University of Tsukuba (Tsukuba, Japan) (invited speaker).

〔図書〕(計 15 件)

渡辺正夫 (2016) "植物の性", *In "植物学の百科事典"*, 丸善出版, (印刷中).

渡辺正夫 (2016) 読者の広場・サイエンスウィンドウカフェ「自分たちの歴史の中にヒントを見つけられるのでは」. *Science Window* 2016 年冬号 11: 38.

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., Yano, K. (2016) Databases for Solanaceae and Cucurbitaceae Research. *Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops*. Ezura H., Ariizumi T., Garcia-Mas J., Rose J. (Editors), Springer, pp.31-42.

工藤徹, 寺島伸, 矢野健太郎 (2015) 「統合オミックス情報解析と作物育種への利用」月刊バイオインダストリー, 2015 年 12 月号, p.10-16.

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., Yano, K. (2015) Expression Analysis and Genome Annotations with RNA Sequencing. *Advances in the Understanding of Biological Sciences Using Next Generation Sequencing (NGS) Approaches*. Sablok, G. et al. (Editors), Springer, pp.1-12.

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., Yano, K. (2015) Chapter 13 Omics Analysis and Databases for Plant Science. *Genomics, Proteomics and Metabolomics in Nutraceuticals and Functional Foods, Second Edition*. Debasis Bagchi, Anand Swaroop, Manashi Bagchi. (Editors), John Wiley & Sons, Ltd., Published Online, pp.150-159.

神沼英里, 望月孝子, 門田有希, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎 (2015) 「遺伝研スパコンとコマンドラインでの NGS データ使い倒し講座」 *育種学研究*, Vol.17, No.2, p.88-93. doi:10.1270/jsbbr.17.88.

諏訪部圭太 (2015) アブラナ科野菜における分子育種の基盤構築とその応用. *JATAFF ジャーナル* 3: 10-16.

Kobayashi, M., Ohyanagi, H., Yano, K. (2014) Omics databases and gene expression networks in plant sciences. *Omics Technologies and Crop Improvement*. Noureddine Benkeblia (Editor), CRC Press, pp.1-14.

小林正明, 大柳一, 矢野健太郎, 岩田洋佳

(2014) 「植物育種のためのオミックス・データ解析入門」 *育種学研究*, Vol.16, No.2, p.93-99. doi:10.1270/jsbbr.16.93.

渡辺正夫 (2013) 研究者が小中高生の理科教育にかかわるために-東北大・渡辺をモデルケースとして-. *化学と生物* 51: 263-266.

渡辺正夫 (2013) 東北大発・高大連携プログラム「科学者の卵養成講座」. *東北大学広報誌・まなびの杜* 63: 1.

渡辺正夫 (2013) 読者の声「実験が大切なのでは」. *Science Window* 2013 年春号 7: 38.

渡辺正夫, 高山誠司 (2013) "自家不和合性関連用語 6 項目", *In "岩波 生物学辞典 第 5 版"*, 岩波書店, pp2,192.

渡辺正夫 (2013) "プロのデザイナーさんが作ったポンチ絵は何かが違う!!!!!!", *In "科学者のためのビジュアルデザインハンドブック"*, 講談社サイエンティフィク, p32.

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.ige.tohoku.ac.jp/prg/watanabe/>

6 . 研究組織

(1) 研究代表者

渡辺 正夫 (WATANABE, MASAO)

東北大学・大学院生命科学研究所・教授
研究者番号：90240522

(2) 研究分担者

諏訪部 圭太 (SUWABE, KEITA)

三重大学・大学院生物資源学研究所・准教授
研究者番号：50451612

矢野 健太郎 (YANO, KANTARO)

明治大学・農学部・教授
研究者番号：00446543