

平成 30 年 6 月 14 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2014～2017

課題番号：26281030

研究課題名(和文) ゲノム網羅的な発現遺伝子を指標にしたブナ林の環境影響評価

研究課題名(英文) Environmental impact assessments by genome-wide gene expression profile in Siebold's beech forests

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) 10,500,000円

研究成果の概要(和文)：森林生態系管理では複合的ストレス環境下で生育する樹木の環境影響を正しく評価する必要がある。本課題はブナ林を対象に、葉の遺伝子発現プロファイルに基づく環境影響評価に関する手法の開発を行った。ゲノム網羅的な発現遺伝子解析から樹勢の衰退と環境影響(酸化・高温・乾燥)を指標する遺伝子を選抜して主成分分析により指数化した。衰退指標は酸化影響と乾燥影響との間に有意な正の関係を示した。酸化影響は調査地のオゾン濃度と正の相関を示した。遺伝子ネットワーク解析はオゾンが遺伝子の機能不全をとともなう成長低下の原因であることを示した。以上から、遺伝子発現解析はブナ林の環境影響評価を行う有望な手法であると考えられた。

研究成果の概要(英文)：Forest ecosystem management requires accurate evaluation on environmental impacts on trees under multiple stressors and complex physiological processes. Here we studied a method of environmental impact assessments by genome-wide gene expression profile of leaf in Siebold's beech forests. Over hundreds number of indicator-genes for decline of tree vigor and impact of stressors; oxidation, high-temperature and drought were screened out, and their expression pattern were indexed by PCA. The increasing score of decline index was positively correlated with score of oxidation and/or drought. The oxidation index was positively correlated with tropospheric ozone across Japan. Bayesian networks analysis based on gene expression profile resulted in a causality inference in which high ozone caused low shoot growth with dysfunctional many genes activity in a beech forest. Our studies showed genomic approach provides a promising technique of environmental impact assessments on forest trees.

研究分野：森林生理生態学およびゲノム学

キーワード：環境影響評価 ブナ林 ゲノム 遺伝子発現

1. 研究開始当初の背景

気候変動や酸性降水による環境負荷など、外的環境要因が野生植物の成長に与える影響は、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。森林の保全部と衰退現象への対策など、これらの指針を得るためには、樹木の成長と環境との因果関係を正しく理解する必要がある。

樹木の環境応答や衰退に関するメカニズムは、先行研究により数多くが解明されてきた。また環境や生理学的パラメータの野外測定技術は飛躍的に向上し、詳細な野外研究が可能になった。しかし森林管理の現場の視点に立つと、野外の複合ストレス環境下において成長を阻害する内的・外的要因を特定するための簡便かつ高精度な環境影響評価の手段がない。そのため、現在でも旧来の視覚と状況証拠に頼るところが大きい。つまり、現場での診断技術が未熟なためにメカニズム研究の成果が生態系管理や対策に生かし切れていない現状がある。

1970年代以降、日本でも酸性雨や対流圏オゾンが衰退原因として検討されたが、気候変動(高温・降水量変動)など複合的なストレス環境変動下で主な原因を特定できなかった。この問題は臨床医学と同様の性質をもち、学術的ジレンマであった。そこで、当時には研究創始期であったゲノム情報を利用して、植物の成長と環境の関係を評価する技術の開発を樹木で目指すことになった。

ゲノム情報とは、ここでは mRNA 量の解析でわかる発現遺伝子を指す。一般に、環境の植物影響プロセスは、遺伝子から転写される mRNA を介して作用する。mRNA 量から得られるゲノム情報には、環境シグナルを感受・伝達する遺伝子や生理機能の調節を司る遺伝子など、生体内のあらゆる環境影響の情報が集約されている。他方、近年のゲノム解析技術の革新は、あらゆる生物で大量のゲノム解析を可能にした。この解析技術を用いて樹木の遺伝子発現情報を網羅的に解析して、そこから環境影響情報を的確に抽出・判読することができれば、樹木のゲノム診断技術が確立できると考えた。

2. 研究の目的

本研究課題の目的は、ブナ林を対象に「環境」と「植物影響」の因果関係を評価できるゲノム診断技術を開発することである。具体的には、(1)ゲノム網羅的な遺伝子発現量の解析基盤となるブナゲノムの精緻化を行うこと、(2)ブナ林の自然環境下で生育する葉の発現遺伝子と環境要因のインベントリ(環境ゲノム情報)を構築すること、(3)環境影響評価のデータ解析方法を開発して、ブナ林の環境影響評価を試行すること、以上から、ブナ林の環境影響評価におけるゲノム診断技術の有効性について明らかにする。

3. 研究の方法

(1) ブナゲノム情報の精緻化

ブナゲノムの精緻化に用いた生リード配列は先行プロジェクトで得られたものであり、本研究では最新のアセンブルソフトならびに遺伝子推定ソフトを用いることでドラフトゲノムの刷新を図った。使用した塩基配列データは次の通りである。

Short read: Illumina 社

> Paired-end:

insert size: 200, 500, 800bp 合計約 40Gbp
: 550bp 合計約 30Gbp

> Mate-paired:

insert size: 2k, 5k, 10kbp

Long read: PacBio RSII 合計 4.8Gbp

全ゲノムのアセンブリの作業工程および使用したソフトウェア名を図 - 1 に示す。遺伝子推定と機能注釈は、Braker 1 と BUSCO を用いた。また併行して、オルガネラ DNA のアセンブルと遺伝子推定は NOVOPlasty を用いて解析した。

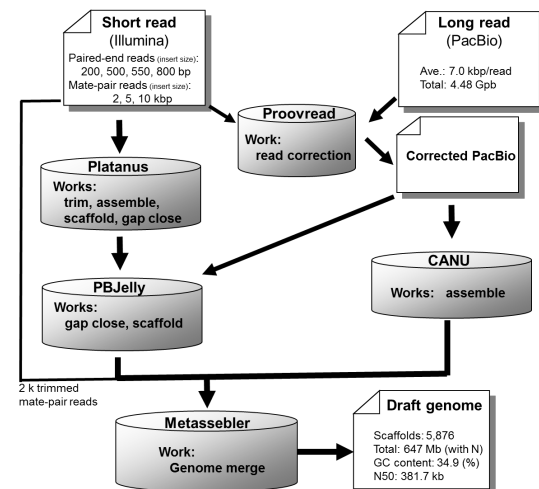


図 - 1 ゲノムアセンブリのワークフロー

(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、狩場山、福島県只見町、新潟県八海山、苗場山、丹沢山系(5林分)、富士山(4林分)、福岡県英彦山、背振山、鹿児島県紫尾山、以上の延べ 17 林分であった。このうち狩場山、丹沢山系檜洞丸、英彦山では同所的に生育する健全木と衰退木の比較調査も実施した。また先行研究において黒松内では DNA マイクロアレイ解析の経時変化、経日変化、経年変化(2011年~2016年、現在も継続中)の検討が行われ、黒松内はコアサイトとして位置づけた。

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。現地のオゾン濃度は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 ヶ月平均オゾン濃度として測定した。また最寄りでもオゾン濃度測定が行われている場合には、適宜、調査機関の協力を得てデ

ータを解析に利用させて頂いた。なお、只見と丹沢山系のデータについては、一部、「自然首都・只見」学術調査研究助成金ならびに神奈川県受託研究事業によって取得したデータを共用した。

遺伝子発現解析は、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。全 RNA 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 (ブナ専用のカスタムアレイ, 43,803 遺伝子, アジレント社) ならびに次世代シーケンサーによる RNA-seq 法 (HiSeq2000, イルミナ社) を用いた。

(3) データ解析方法の開発

環境指標性の遺伝子の選抜

環境指標性遺伝子として酸性影響、高温影響、乾燥影響の指標性遺伝子を用いたが、これらは先行研究のブナポット苗を用いた環境操作実験から選抜された遺伝子であった。

衰退指標性の遺伝子の選抜

衰退指標性の遺伝子は、狩場山、丹沢山系檜洞丸、英彦山のブナ林において同所的に生育していた衰退木と比較的健全な個体から採取した葉を用いて DNA マイクロアレイ解析を行い、衰退木で特異的に発現している遺伝子を衰退指標性遺伝子とした。

評価指標の指数化

環境影響と衰退度の指数化にあたっては、スピアマン順位和検定の相関係数ならびに主成分分析のスコアを用いて検討した。

環境影響評価

環境影響評価には、主成分分析のスコアの関係性を一般化線形モデルで解析する方法と、ベイズ理論に基づく遺伝子ネットワーク解析による因果推論によって行った。

一般化線形モデル解析では、全 DNA マイクロアレイのデータを用いて行った。

遺伝子ネットワーク解析では、事例研究として丹沢山系檜洞丸の健全木と衰退木を対象に行った。遺伝子ネットワークのモデルを構築するためにシロイヌナズナの公開データを用いた。ブナ、シロイヌナズナとも RNA-Seq リードを TopHat2 によってリファレンス配列にマッピングし、HTSeq を用いてリード数のカウントを行った。リファレンス配列にはブナドラフトゲノムとシロイヌナズナゲノム (TAIR 10) を使用した。リードのカウント数は TCC によって正規化された。ブナ健全木・衰退木の 2 群間における発現量変動遺伝子を抽出した。発現変動遺伝子の抽出には edgeR を使用した。多重比較に対応して、False Discovery Rate < 0.1 のものを発現変動遺伝子とした。選択的スプライシングによって同じ遺伝子から複数の mRNA が生成される。各遺伝子における代表的な配列を設定するため、ブナ発現変動遺伝子とシロイヌナ

ズナ遺伝子の各遺伝子配列において最長のタンパク質コード配列を選択した。遺伝子配列とシロイヌナズナ遺伝子配列間でアミノ酸配列の相同性検索 (blastp) をかけ合い、1 対 1 でベストヒットしたブナ発現変動遺伝子とシロイヌナズナ遺伝子をオルソログ関係にあるとした。なお、採取した葉が着生していた枝の当年枝長は、健全木で 3.6 ± 2.8 cm、衰退木で 1.0 ± 0.5 cm で、健全木と衰退木の樹勢の違いが反映されていた。

ブナ発現変動遺伝子を健全木と比較し衰退木において高発現なグループと低発現なグループに分割し、各グループにおいてオルソログなシロイヌナズナ遺伝子の機能を Gene Ontology に基いて参照した。GO term は Gene Ontology Consortium のデータベースによってアノテーションした。また、各グループにおいて有意に ($p < 0.05$) に多く含まれる機能をフィッシャーの正確確率検定によって抽出した。

オゾンを含む環境刺激からのシグナル伝達経路を推定するため、ブナ発現変動遺伝子とオルソログなシロイヌナズナ遺伝子の間の相互関係をベイジアンネットワークに基いて推定した。最適なベイジアンネットワークの推定にあたっては遺伝子発現量データの取扱を主として設計された BNFinder2 を用いた。推定アルゴリズムには当該ソフトに実装されている Bayesian-Dirichlet equivalence アルゴリズムを使用した。

4. 研究成果

(1) ブナのゲノム情報の精緻化

改良されたブナゲノムの統計量は次の通りであった。総塩基数: 648 Mbp (N 含む)、配列長平均: 110.2kbp、最長配列: 2.891Mbp であった。推定遺伝子数は、135,508 であった。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、シロイヌナズナ; 合計 6 種) とオルソログ関係を調べたところブナは 90.1% のオルソログ遺伝子を保有していることを確認することができ、ブナゲノムにおける遺伝子推定の結果は網羅性が高いことを裏付けた。さらに全ゲノムのオルソログ遺伝子に基づくゲノム進化系統解析を木本植物で行ったところ、既往の APG 分類を支持した。

葉緑体ゲノムの塩基配列長は 158,226bp、推定遺伝子数は 81 であり、さらに偽遺伝子 (ORF の途中にストップコドンを含む推定遺伝子) が 36 個あった。ミトコンドリアゲノムの塩基配列長は暫定で 314,684bp であり推定遺伝子数は 51 であった。

(2) 環境ゲノムデータのインベントリ構築

環境ゲノムデータとして、全国ブナ林 17 ヶ所から採取した延べ 102 個体分の DNA マイクロアレイ・データと RNA-seq データを 24 検体分について、ブナの環境ゲノム・インベントリとした。月平均オゾン濃度は、最低が

狩場山(2016年7月)の13.7 ppb、最高が背振山(2015年8月)の48.0 ppbであった。

(3) 環境影響評価

環境指標性遺伝子による環境影響評価

狩場山・丹沢檜洞丸・英彦山の健全木と衰退木の発現遺伝子プロファイルを用いて全遺伝子を対象としたクラスター分析を行ったところ、健全木と衰退木とでは明瞭な違いを検出しなかった。そこで各地域における健全木と衰退木を比較して発現量が異なる発現変動遺伝子を選抜し、さらに地域間で共通の発現変動遺伝子を選抜し(105個, 20倍, t-test, $p < 0.2$) 衰退指標性遺伝子とした。この衰退指標性遺伝子の発現量に基づくクラスター分析の結果、遺伝子発現パターンを示すクレードが健全木と衰退木で完全に分かれ、地域間ではクレードが分離しなかったため、衰退度の評価において地域性の偏りのない評価が行えると判断した。この衰退指標性遺伝子は、酸化影響、温度影響、乾燥影響を指標する遺伝子群との重複がわずかに7遺伝子であり、ブナ樹勢の衰退と環境影響を独立して評価できると考えられた。

各環境要因と衰退度の関係性を明らかにするために一般化線型モデルを用いて環境影響指数 PC1~PC3 と衰退度指数の関係性を解析した(表-1)。AICにより、衰退度は PC1(酸化影響指数)、PC2(温度影響指数)、PC3(乾燥影響指数)、PC1とPC3の交互作用、PC2とPC3の交互作用(衰退度指数 = $PC1 + PC2 + PC3 + PC1:PC3 + PC2:PC3$)によるモデル式が選択された。衰退度指数は PC1(酸化影響指数)と PC3(乾燥影響指数)の単独ならびに交互作用で有意な関係性が認められた。特に衰退度指数に対する酸化影響指数の正の影響が顕著に大きく、また乾燥影響指数の影響も正の関係性が認められた。酸化影響指数と乾燥影響指数の交互作用は負の関係性を持ち、酸化と乾燥の影響は各々が相殺する関係性を持つと考えられた。先行研究によってブナ林衰退とオゾン影響や乾燥影響が報告されている丹沢山系のブナ林に注目してみると、全国ブナ林の解析で検出された傾向と同様の傾向が見られ、丹沢山系のブナ林の衰退現象は酸化と乾燥の複合要因であり、特に酸化の単独要因による影響が多大であると考えられた。また乾燥要因もブナ林衰退の原因になっていると考えられた。これらの解析結果は既往の研究成果と一致するものであり、本解析方法の信憑性を示す結果であると考えられた。さらに、酸性と乾燥の交互作用は負の関係が有意であったが、これは乾燥による葉の気孔閉鎖がオゾンの葉内への取り込みを制限することで、オゾンの酸化影響による衰退作用を緩和したと考えられた。この点についても、ヨーロッパブナのポット苗による環境操作実験に関する先行研究結果と一致しており、本研究による解析結果の信憑性を一定程度裏付けていると考えられた。

表-1 一般化線形モデルによる解析結果

	係数	標準誤差	T値	P値
切片	0.4786	0.0197	24.178	< 2e-16 ***
PC1(酸化影響)	0.1378	0.0194	7.104	3.06e-09 ***
PC2(温度影響)	-0.0063	0.0212	-0.298	0.7672
PC3(乾燥影響)	0.0416	0.0186	2.233	0.0298 *
PC1:PC3(交互作用)	-0.0395	0.0185	-2.135	0.0374 *
PC2:PC3(交互作用)	-0.0299	0.0210	-1.423	0.1607

応答変数: 衰退度指数

説明変数: PC1スコア(酸化影響)

PC2スコア(温度影響)

PC3スコア(乾燥影響)

AICによるモデル選択:

衰退度指数 = $PC1 + PC2 + PC3 + PC1:PC2 + PC2:PC3$

遺伝子ネットワーク解析による因果推論

健全木と衰退木で発現量に有意差が認められた遺伝子(発現変動遺伝子)の数は415個であった。この415遺伝子のうち、衰退木で高発現であった遺伝子は186個、衰退木で低発現であった遺伝子は229個であった。発現変動遺伝子の数は室内実験系で得られるものと比べ少なかった。

ブナの発現変動遺伝子(415個)のうち、シロイヌナズナの遺伝子に対してオルソログなどで互いに相同性検索を行った結果、231個のブナ発現変動遺伝子と同数のシロイヌナズナ遺伝子に1対1のオルソログ関係が認められた。このうち、衰退木で高発現なグループには114個、衰退木で低発現なグループには117個の発現変動遺伝子が含まれた。各グループに含まれている遺伝子の機能分類をした結果、有意に多くの遺伝子にアノテーションされた機能を衰退現象に関連すると思われるものに限定して表-2に列記した。シグナル伝達に関係する、リン酸化反応、ストレス応答や各種ホルモン応答の機能の遺伝子が衰退木において低発現であった。

オゾン、熱、乾燥の各負荷要因とシロイヌナズナとオルソログなブナ発現変動遺伝子231遺伝子のシグナル伝達経路を推定した結果、シグナル伝達のネットワークに含まれた遺伝子数は227あり、502の伝達経路が推定された(図-2)。抽出したジャスモン酸に関係する遺伝子を含むシグナル伝達経路にはジャスモン酸の生合成に関わる、酸化・還元、脂肪酸合成、脂肪酸・アシル CoA 代謝などの機能を持つ遺伝子が見られた。上流遺伝子が高発現で up-regulate なシグナル伝達で結ばれる下流遺伝子が低発現な場合等をシグナル伝達障害とすると、そのような障害は伝達経路全体で確認された。特に、環境ストレス負荷から直接影響を受ける上流遺伝子群において、ストレスの負荷を前提とすると、オゾン、乾燥、熱ストレスの直下で、それぞれ12経路中7経路、5経路中3経路、25経路中17経路のシグナル伝達障害が見られた。

オゾン、熱、乾燥ストレスの負荷を前提とすると、ストレス負荷と上流遺伝子間のシグナル伝達経路において障害が見られた。ストレス負荷の有無が未知な前提条件では単にストレス負荷が無い場合シグナル伝達が

発生していない場合と ストレス負荷が有るが障害によってシグナル伝達が機能不全である場合の2通りの状況が考えられ、今回の解析では判別ができなかった。しかし、現地のオゾン濃度は植物に対してストレスとなるレベルであると考えられるので、オゾン負荷のシグナル伝達経路においては障害が起きている可能性が高いと考えられた。

シグナル伝達障害は特定の少数の経路だけではなく、シグナル伝達ネットワーク全体で発生しており、衰退に関わる遺伝子はそれらの複合的な障害と結びついていることが今回の解析から明らかになった。

シグナル伝達障害の原因としては 塩基配列の変異 過去の環境条件等のエピジェネティックな要因 種特異的なシグナル伝達経路の存在などが考えられたが、今回の解析方法はそれらを区別するものではなく、今後の解析では塩基配列の変異を含め、あるいはブナのゲノム情報に基づいたシグナル伝達経路の推定が今後の課題となった。

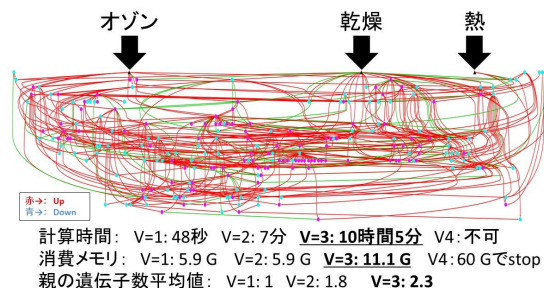


図 - 2 遺伝子発現データとベイズ因果推論に基づく有向遺伝子ネットワーク

(4) まとめ

ゲノム網羅的発現遺伝子を利用したブナ林の衰退指標と環境影響指標は各々に有効で、これらの因果関係についても統計学的な基準を用いて推論できることを明らかにした。

本研究では解析するコンピューターのスペックの制約で遺伝子数などに一定程度の制限を設けて行ったが、この制約は技術的に解決可能な問題であり、今後、より網羅性と精度の高い解析が行えることが期待できる。

予想外の成果として、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が検出された。この結果はブナ林衰退の兆候を示す可能性があり、森林衰退の早期発見のための診断技術として研究開発の展開が考えられた。

以上から、ゲノム網羅的発現遺伝子を用いた環境影響評価法は、野外の植物影響評価を行う有望な技術であることが示された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計6件)

和田尚之・小林孝徳久・齋藤秀之(2018) 施肥がもたらすブナの着花への効果...北方森林研究66, 67-68. (査読有)

和田尚之・齋藤秀之・小林孝徳久・星野洋一郎(2017) 細胞分裂から見たブナ花成の制御時期. 北方森林研究65, 39-42. (査読有)

Shigenaga Y. Saito H. et al. (2016) Field Data Transmission System by Universal Mobile Telecommunication Network. In: Tropical peatland ecosystem (eds Ohsaki M., Tsuji N.), 479-489. Springer, Tokyo. (査読有)

和田尚之・齋藤秀之(2016) エピジェネティクスからみた林木の花成制御 - ブナの研究事例から - .北海道の林木育種59, 19-22. (査読無)

齋藤秀之(2015) 林木のゲノム解析による環境影響評価法(1)コンセプト. 北海道の林木育種, 58(2) 20-23. (査読無)

齋藤秀之(2014) 機能ゲノム解析による林木育種研究の新展開 - 着花制御の技術開発に向けて - . 北海道の林木育種, 57(1) 12-17. (査読無)

〔学会発表〕(計16件)

齋藤秀之・小林孝徳久・和田尚之・小倉淳・瀬々潤: 遺伝子ネットワーク解析によるブナ衰退現象の因果推論. 第128回日本森林学会, 鹿児島大学(鹿児島県・鹿児島市), 2017年3月26日~29日, F7 (口頭発表)

和田尚之・齋藤秀之・小林孝徳久・星野洋一郎: ブナ花成のエピジェネティック制御 DNA メチル化の決定時期と養分の影響. 第128回日本森林学会, 鹿児島大学(鹿児島県・鹿児島市), 2017年3月26日~29日, P1-232 (ポスター発表)

齋藤秀之: 只見ブナ林の大気汚染環境とブナのストレス診断. 平成28年度「自然首都・只見」学術調査研究助成事業研究成果発表会, 平成29年1月28日, 只見町朝日振興センター(福島県・只見町) (口頭発表)

齋藤秀之・高須賀太一・堀千明・神村章子・小林孝徳久・和田尚之・齋藤央嗣・谷脇徹・相原敬次・小倉淳・瀬々潤: 発現遺伝子のオミックス解析によるブナ成木の衰退度の評価法~トランスクリプトーム VS. プロテオーム~. 北方森林学会, 札幌コンベンションセンター(北海道・札幌市), 2016年11月10日, P14(ポスター発表)

小林孝徳久・齋藤秀之・齋藤央嗣・谷脇徹・相原敬次・小倉淳・瀬々潤・渋谷正人・小池孝良: RNA-seq に基づくブナ衰退木の葉の発現変動遺伝子解析. 北方森林学会, 札幌コンベンションセンター(北海道・札幌市), 2016年11月10日, P13 (ポスター発表)

和田尚之・齋藤秀之・小林孝徳久・星野

洋一郎：細胞分裂から見たブナ花成の制御時期。北方森林学会,札幌コンベンションセンター(北海道・札幌市),2016年11月10日,P17(ポスター発表)第65回北方森林学会大会学生ポスター賞

Wada H., Saito H.: Epigenetic regulation of floral initiation induced by nitrogen in a mast-flowering tree Siebold's beech (*Fagus crenata*). International Conference on Agricultural Biodiversity and Sustainability 2016, 22nd-24th Aug., Poster P13, Hokkaido Univ. Sapporo, Hokkaido.

Shigenaga Y., YoheiHamada, Saito H., Osaki M., Takahashi H., Kenkana W., Teguh R., Jaya A., and Setiadi B.: Field Data Transmission System, SESAME-II, by Universal Mobile Telecommunication Network. The 15th International Peat Congress (IPC). August 15th to 19th, 2016, Poster, Pullman Kuching Malaysia, Kuching Sarawak, Malaysia.

和田尚之・齋藤秀之・渋谷正人・小池孝良：ブナ花成のエピジェネティック制御 - 開葉時の養分とDNAメチル化の関係 - 第127回日本森林学会大会。2016年3月27日~30日,日本大学(神奈川県・藤沢市),P1-175 (ポスター発表)

齋藤秀之：ゲノムを基盤にした森林樹木の生理生態学。第127回日本森林学会大会。2016年3月27日~30日,日本大学(神奈川県・藤沢市),S4-2 (企画シンポジウム招待講演)

齋藤秀之・神村章子・小林吉徳久・高須賀太一・堀千明・杉村逸郎・和田尚之・山田幸靖・瀬々潤・小倉淳・清水健太郎・齋藤央嗣・谷脇徹・相原敬次：ゲノム網羅的な発現遺伝子を用いたブナ林の環境影響評価 - トランスクリプトーム解析とプロテオーム解析による衰退指標の探索 - 山地森林域の生物・環境モニタリング第10回ワークショップ,2016年3月14日~15日,新潟市万代市民会館(新潟県・新潟市)(招待講演)

齋藤秀之・神村章子・瀬々潤・小倉淳：酸性および酸化性ストレスがブナの葉の遺伝子発現パターンに与える影響。第126回日本森林学会大会。2015年3月27日~30日,北海道大学(北海道・札幌市)(口頭発表 F15)

小向愛・齋藤秀之・渋谷正人・小池孝良：ブナの花成におけるDNAメチル化によるエピジェネティック制御の可能性。第126回日本森林学会大会。2015年3月27日~30日,北海道大学(北海道・札幌市)(ポスター発表 P1B120)

齋藤秀之・神村章子・山田幸靖・瀬々潤・小倉淳・清水(稻継)理恵・清水健太郎・

齋藤央嗣・谷脇徹：ゲノム網羅的な発現遺伝子を用いたブナ林の環境影響評価法 - 丹沢ブナ林の事例 - 山地森林域の生物・環境モニタリング第9回ワークショップ,2015年3月10日-11日,神奈川大学(神奈川県・横浜市)(講演)

齋藤秀之・瀬々潤・小倉淳・齋藤央嗣・谷脇徹・中村佐知子・村中康秀・山口高志・野口泉：遺伝子の発現解析は林木のストレス診断に有効か? - ブナ林の事例から - 北方森林学会,Pa-22 2014年11月12日,札幌市コンベンションセンター(北海道・札幌市)(ポスター発表)

小向愛・齋藤秀之・渋谷正人・小池孝良：ブナのプロリゲン遺伝子のエピジェネティック制御の可能性。第62回北方森林学会,Pa-17 2014年11月12日,札幌市コンベンションセンター(北海道・札幌市)(ポスター発表)第62回北方森林学会大会学生ポスター賞

〔図書〕(計 0件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 0件)

取得状況(計 0件)

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究代表者

齋藤 秀之 (SAITO Hideyuki)

北海道大学・大学院農学研究院・講師

研究者番号：70312395

(2) 研究分担者

瀬々 潤 (SESE Jun)

国立研究開発法人産業技術総合研究所・人工知能研究センター・研究チーム長

研究者番号：40361539

小倉 淳 (OGURA Atsushi)

長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部・准教授

研究者番号：60465929

山口 高志 (YAMAGUCHI Takashi)

地方独立行政法人北海道立総合研究機構・環境科学研究センター・研究主任

研究者番号：90554525

(3) 研究協力者

野口 泉 (NOGUCHI Izumi)

齋藤 央嗣 (SAITO Hiroshi)

谷脇 徹 (TANIWAKI Tohru)

家合 浩明 (YAGO Hiroaki)

村中 康秀 (MURANAKA Yasuhide)

須田 隆一 (SUDA Kouichi)