

領域略称名：植物発生ロジック

領域番号：3503

平成27年度科学研究費補助金「新学術領域研究
(研究領域提案型)」に係る中間評価報告書

「植物発生ロジックの多元的開拓」

(領域設定期間)

平成25年度～平成29年度

平成27年6月

領域代表者 (東京大学・大学院理学研究科・教授・塚谷 裕一)

目 次

研究領域全体に係る事項

1. 研究領域の目的及び概要	5
2. 研究の進展状況	7
3. 審査結果の所見において指摘を受けた事項への対応状況	11
4. 主な研究成果（発明及び特許を含む）	13
5. 研究成果の公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開発表等）	17
6. 研究組織（公募研究を含む）と各研究項目の連携状況	23
7. 若手研究者の育成に関する取組状況	25
8. 研究費の使用状況（設備の有効活用、研究費の効果的使用を含む）	26
9. 総括班評価者による評価	27
10. 今後の研究領域の推進方策	30

研究組織

研究項目	課題番号 研究課題名	研究期間	代表者氏名	所属機関 部局 職	構成員数
X00	25113001 植物発生ロジックの多元的開拓	平成25年度～ 平成29年度	塚谷 裕一	東京大学・理学系研究科・教授	12
A01 計	25113002 葉の発生ロジックの多元的開拓	平成25年度～ 平成29年度	塚谷 裕一	東京大学・理学系研究科・教授	6
A01 計	25113003 根の成長・発生ロジックの解明	平成25年度～ 平成29年度	深城 英弘	神戸大学・理学研究科・教授	5
A01 計	25113004 維管束幹細胞形成ロジックの多元的研究	平成25年度～ 平成29年度	伊藤 恭子(大橋 恭子)	東京大学・理学系研究科・准教授	3
A01 計	25113005 有性生殖の実現を可能にする発生ロジックの多元的かつ総合的理解	平成25年度～ 平成29年度	荒木 崇	京都大学・生命科学研究科・教授	3
A01 計	25113006 細胞外シグナルと細胞内調節の相互作用による器官形成ロジックの多元的理解	平成25年度～ 平成29年度	柿本 辰男	大阪大学・理学系研究科・教授	5
A01 計	25113007 細胞運命の決定と機能発現を支えるパターン形成の制御ロジック	平成25年度～ 平成29年度	中島 敬二	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・教授	6
A01 計	25113008 花序と花の構築ロジックの解明	平成25年度～ 平成29年度	平野 博之	東京大学・理学系研究科・教授	2
A01 計	25113009 陸上植物進化を基軸とした発生ロジックの解明	平成25年度～ 平成29年度	河内 孝之	京都大学・生命科学研究科・教授	10
A01 計	25113010 植物個体発生を支える代謝ネットワークの解明	平成25年度～ 平成29年度	平井 優美	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・チームリーダー	8
計画研究 計 10 件					

A01 公	26113503 イネの葉における発生 制御機構の遺伝学的解 析	平成26年度～ 平成27年度	伊藤 純一	東京大学・農学生命科学研究科・准 教授	2
A01 公	26113504 植物の発生を支える microRNA ネットワー クの解明	平成26年度～ 平成27年度	濱田 隆宏	東京大学・総合文化研究科・助教	3
A01 公	26113505 木部細胞分化をモデル とした細胞内空間制御 機構の解析	平成26年度～ 平成27年度	小田 祥久	国立遺伝学研究所・准教授	2
A01 公	26113506 植物の組織形成を規定 するリン酸とピロリン 酸の濃度バランス	平成26年度～ 平成27年度	前島 正義	名古屋大学・生命農学研究科・教授	3
A01 公	26113507 植物表皮の幹細胞維持 と分化の制御ロジック に関わる内的因子と新 奇化合物の探索	平成26年度～ 平成27年度	鳥居 啓子	名古屋大学・トランスフォーマティ ブ生命分子研究所・客員教授	2
A01 公	26113508 新奇 ROS 応答転写因子 RFRT1 による根の伸長 制御メカニズム	平成26年度～ 平成27年度	塚越 啓央	名古屋大学・リーディング大学院 PhD 登龍門推進室／遺伝子実験施設・講 師	4
A01 公	26113509 植物の器官形成におけ る細胞分裂停止のロジ ック	平成26年度～ 平成27年度	伊藤 正樹	名古屋大学・生命農学研究科・准教 授	3
A01 公	26113510 概日リズムから解き明 かす植物の発生・分化の 基本原理	平成26年度～ 平成27年度	遠藤 求	京都大学・生命科学研究科・准教授	1
A01 公	26113511 花器官数の正確性と確 率性を調節する発生基 盤の数理解析	平成26年度～ 平成27年度	藤本 仰一	大阪大学・理学研究科・准教授	1
A01 公	26113512 茎頂分裂組織の相転換 制御ロジックの解明	平成26年度～ 平成27年度	田岡 健一郎	横浜市立大学・木原生物学研究所・ 特任助教	3

A01 公	26113513 オーキシン極性輸送に関する理論的・実験的研究	平成26年度～ 平成27年度	古谷 将彦	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・准教授	4
A01 公	26113514 一細胞遺伝子発現解析を用いたステム・ニッチ形成機構の解明	平成26年度～ 平成27年度	久保 稔	奈良先端科学技術大学院大学・研究推進機構・特任准教授	5
A01 公	26113515 根の成長プログラムの分子基盤の解明	平成26年度～ 平成27年度	高橋 直紀	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・助教	2
A01 公	26113516 植物発生におけるサーモスペルミンの機能の解明	平成26年度～ 平成27年度	高橋 卓	岡山大学・自然科学研究科・教授	3
A01 公	26113518 代謝物多様性獲得によって駆動された植物ボディプラン進化の解明	平成26年度～ 平成27年度	太田 大策	大阪府立大学・生命環境科学研究科・教授	2
A01 公	261135019 ETTIN 遺伝子を基軸とした葉形成制御における細胞分化と分裂のロジックス	平成26年度～ 平成27年度	小島 晶子	中部大学・応用生物学部・講師	5
A01 公	261135020 受容体ライブラリーを基盤とした植物リガンド・受容体ペアの探索	平成26年度～ 平成27年度	篠原 秀文	名古屋大学・理学研究科・助教	3
A01 公	261135021 植物発生・パターン形成に関する数理的研究	平成26年度～ 平成27年度	藤田 浩徳	基礎生物学研究所・研究員	6
公募研究 計 18 件					

研究領域全体に係る事項

1. 研究領域の目的及び概要（2 ページ程度）

研究領域の研究目的及び全体構想について、応募時に記述した内容を簡潔に記述してください。どのような点が「我が国の学術水準の向上・強化につながる研究領域」であるか、研究の学術的背景（応募領域の着想に至った経緯、応募時までの研究成果を進展させる場合にはその内容等）を中心に記述してください。

【領域の目標】植物の発生成長は、動物と異なるロジックで制御されている。植物の場合には幹細胞や分化細胞のアイデンティティが、細胞環境に応じた柔軟な転写ネットワークにより決まる。また転写因子やその調節因子、低分子 RNA も細胞・器官間を移動してシグナルとしてはたらく。また動物にはないロジックとして、光合成生物ならではの、同化産物や様々な代謝過程による発生成長の制御も明らかになってきている。しかし植物発生の理解の根幹をなす発生ロジックの多くは未解明・未開拓である。そこで本領域では、「植物発生ロジックの多元的開拓」という新しい視点から、植物の発生・成長プログラムの、その背景にある本質的機構の解明を目指し、多元的アプローチで取り組む。一言で言えばそれは、教科書に載る・書き替える新知見の追求である。

① 研究の学術的背景・経緯

植物の発生生物学は、1990 年ごろからシロイヌナズナの分子遺伝学を用いて国内外で急速に発展し、2000 年以降、イネの分子遺伝学の発展やモデル植物・作物のゲノムプロジェクトの相次ぐ完了により大きく進展した。特に日本においても、本計画の班員により植物ホルモンのジベレリンやサイトカイニンの受容体の発見、花成ホルモンであるフロリゲン (FT/Hd3a) タンパク質の同定とその作用機構の解明など、生物学の歴史に残る多くの発見がなされてきた。その結果、この十数年の間に、日本の植物発生生物学は、欧米の研究とともに世界をリードする地位を確保したと言える。これは平成 14-18 年度の特定期域研究「植物の軸と情報」に引き続き、平成 19-24 年度にわたってこの分野を推進してきた特定期域研究「植物メリステムと器官の発生を支える情報統御系（植物メリステム）」の成果の一つである。一方、昨今、地球規模での環境悪化に伴い、国内外で植物の成長やバイオマスの向上につながる応用を目指した大型プロジェクトが進んでいる。しかし、このような応用研究の成功は植物の発生・成長の本質の理解なくしてあり得ない。

では、『植物の発生・成長の本質』とは何か？動物の発生の場合、幹細胞や分化細胞のアイデンティティはエピジェネティック制御で強化された転写ネットワークにより固定されるのに対して、植物の幹細胞や分化細胞のアイデンティティは、細胞環境に応じた柔軟な転写ネットワークにより決まる。とくに植物は光合成生物であるため、代謝産物の蓄積状況に応じて発生を調節する。また近年、植物では転写因子やその調節因子、低分子 RNA も細胞・器官間を移動してシグナルとして働くことが明らかにされ、従来の予想以上に植物の発生は、動物の発生と大きく異なり柔軟かつ堅実に制御されていることがわかってきた。そこで本研究領域は、このような植物の本質的な発生ロジックを理解すべく、以下のような目的を掲げ新たな学術領域を提案した。

② 研究領域の目的

本研究領域では、植物の発生成長制御における本質的なロジック、すなわち発生生物学の教科書を書き替える・書き加える新発見の追求である。主な対象は、植物発生・成長の中心的問題である植物の幹細胞性を与える仕組み、器官発生における細胞の分化、増殖と配置の仕組み、成長相転換などである。これらを牽引する鍵遺伝子を徹底して見だし、その機能を解き明かす。また遺伝子冗長性が極めて低いゼニゴケを用いて、徹底した網羅的かつ入念な研究により、形態形成の本質的制御システムを見いだす。さらに代謝に注目して、発生・成長を調節する新奇シグナル分子を探索

し、新たに「代謝発生生物学」の分野を打ち立てる。

③研究領域の概要

以上の目標を効率的に達成するため、9つの研究グループからなる計画研究班に2年目から十数グループの公募研究班を加え、緊密な協力にもとづく研究空間を組むことで、**植物の発生ロジック**の解明を目指す。その基盤としての、計画研究班全体で構築する多元的な研究の場は、以下の5つの軸からなる。

- 1：植物の生命現象の階層性を意識した、「器官別の解析」という最も基盤となる次元。
- 2：情報伝達系因子や転写関連因子、ペプチド性細胞間シグナル分子、低分子RNAの解明という分子機能を意識した第2次元。
- 3：シロイヌナズナ（真正双子葉植物）からイネ（単子葉植物）やゼニゴケ（維管束のない陸上植物）へといった、別システムへの投射によって本質経路を抽出する第3次元。
- 4：発生現象を代謝のメタボローム解析から捉えるという第4次元。
- 5：複雑なネットワークから本質的な経路を抽出する数理解析という第5次元。

これらが立体的に組み合わさった研究の網の目を使って、**計画班自ら、世界をリードし未開拓の分野を切り開く**。それと共に、この網の目状の研究の場に、**優秀な若手を中心とした公募班研究**をそこへ組み合わせ、一丸となって、植物の発生の本質的なロジックを解き明かす。そこで総括班では、各班員の研究が円滑に進むように、メタボローム解析基盤や、シロイヌナズナ全転写因子ライブラリー構築などの研究支援体制・支援ツールを整えるとともに、**若手研究者の積極的な育成を進めつつ**、班会議や国際シンポジウム・ワークショップの開催など領域の活動を推進させるための運営を行なう。

④ 領域から期待される新しい研究の創造

本領域は植物の本質的な発生ロジックについて、対象とする発生現象が異なる9つの計画班と4つの支援体制の強い協力体制によって解き明かすことを目指している点で、国内外に類のない植物発生に関する研究グループを構築していく。この領域による多元的かつ開拓的な研究によって、植物発生戦略に留まらず、広く生物発生戦略の体系的理解に寄与することが期待される。また、本領域で得られる成果が、将来、生産環境農学分野の遺伝育種科学、作物生産科学、園芸科学、環境農学といった応用研究分野にも広くインパクトを与え、ひいては地球環境悪化や食料不足問題といった地球規模の問題解決に寄与することができれば、本領域研究の成功は非常に意義深いものとなるだろう。

特に「植物の発生現象理解に特化したメタボロミクス解析」すなわち、代謝と発生のクロストークに基づく機構については、全く新しい研究分野の創造が期待される。また、望月による数理生物学の視点から各班員の発生制御ネットワークに新たな本質的な経路が見出されることが期待できる。さらに、公募班には計画班ではカバーできない発生・成長現象を扱う班員も含まれることが期待され、それら公募班と計画班との連携を深めることにより、新たな共同研究による分野の創出を推進する。

2. 研究の進展状況〔設定目的に照らし、研究項目又は計画研究ごとに整理する〕（3ページ程度）

研究期間内に何をどこまで明らかにしようとし、現在までにどこまで研究が進展しているのか記述してください。また、応募時に研究領域として設定した研究の対象に照らして、どのように発展したかについて研究項目又は計画研究ごとに記述してください。

●研究領域の設定目的

植物発生・成長の中心的問題である植物の幹細胞性を与える仕組み、器官発生における細胞の分化、増殖と配置の仕組み、成長相転換の仕組みなどを牽引する鍵遺伝子を徹底して見だし、その機能を解き明かす。また遺伝子冗長性が極めて低いゼニゴケを用いて、徹底した網羅的かつ入念な研究により、形態形成の本質的制御システムを見いだす。さらに代謝に注目して、発生・成長を調節する新奇シグナル分子を探索し、新たに「代謝発生生物学」の分野を打ち立てる。

●研究項目 A01 計画研究（9件）の進展状況

「器官別の解析」という最も基盤となる次元として、塚谷は葉という器官が1つのまとまりとして発生する本質的な経路・なりたちを解明している。藤田（公募班）らとの共同研究により、食虫植物ムラサキヘイシソウの、捕虫葉の形態形成の仕組みを明らかにした（Nature Commun. 2015）。器官レベルでの細胞増殖と細胞伸長を統御する仕組みを反映する現象・補償作用についてはシロイヌナズナ *fas1* 変異体、*fugu5* 変異体（公募班員・前島との共同研究）、また *KRP2* 過剰発現体における細胞異常肥大の分子背景がそれぞれ明らかになった（Plant Physiol. 2013 ほか）。また一方、葉のサイズを制御する RTFL ペプチドファミリーについては、陸上植物における著しい多様化をドメイン解析から明らかにし、シロイヌナズナとイネとの間で、過剰発現効果の違いを報告した。一方、ケシ科における葉原基の長軸への分化方向の多様性についても、従来推測されていたような単純な成長勾配では説明がつかないことを見だし、種ごとに異なるメカニズムで制御されている可能性を提唱した。また AN3 タンパク質が、葉の原基における表皮と内層との協調的な細胞分裂を制御しているという独自の発見（Curr. Biol. 2013）に続いて、花茎に関しても、表皮と内層との協調的成長に関する新知見も発表した（Plant Cell Physiol. 2014）。一方、根の成長・発生ロジックの解明を目指している深城は、側根形成の開始を制御する鍵転写因子 LBD16 の下流遺伝子群の解析を行い、TOLS1/MAKR4 が側根形成の開始を促進するのに対して、低分子ペプチド TOLS2 を介した PUCHI の発現誘導によって側根形成の頻度を負に調節する制御系を示唆した。また、オーキシンを介した側根形成開始と原基発生の遺伝子制御ネットワークについても新たなモデルを提唱した（Plant Cell 2015）。一方で、アブラナ科タネツケバナ属ミチタネツケバナの根の皮層形成をモデルとして、皮層の多層化機構の解明も同時に行い、これまでに根の皮層数が減少するミチタネツケバナ変異体を複数単離し、それらの原因遺伝子の一つがシロイヌナズナ放射パターン形成因子 SHR のホモログ遺伝子であることを見出した。

また、情報伝達系因子や転写関連因子、ペプチド性細胞間シグナル分子、低分子 RNA の解明という分子機能を意識した第2次元の研究として、伊藤（大橋）恭子は、植物幹細胞の形成メカニズムや幹細胞の持つ分子的特徴の解明を目指して、小田（公募班）らとシロイヌナズナ維管束幹細胞形成の鍵転写因子 LHW の機能解析を行った結果、LHW が TMO5-LIKE1 とヘテロダイマーを形成し、根端分裂組織の道管前駆細胞において、サイトカイニン合成の最終段階の酵素である *LOG3* および *LOG4* と、サイトカイニンのシグナル伝達を制御する因子である *AHP6* の発現を直接正に制御することで、維管束幹細胞の分裂を活性化することを示唆した（Curr. Biol. 2014）。

多細胞生物の発生現象を理解するには、細胞極性化と細胞アイデンティティーの決定の仕組みの理解が必須である。そこで柿本は、シロイヌナズナの細胞タイプを決定する転写因子をスクリーニングし、内鞘細胞、師部伴細胞、根冠などのアイデンティティー決定に作用する能力を持つ転写因

子を見出した。また、オーキシンの作用の多様性を理解するために、すべての Aux/IAA タンパク質について、すべての TIR1/AFB オーキシン受容体の組み合わせにおける Aux/IAA タンパク質分解のオーキシン感受性を調べた (Plant Cell Physiol. 2014)。また、浸透圧ストレスに応答した葉の幹細胞の数の調節機構を明らかにした (Plant Cell Physiol. 2014)。一方、位置情報に基づく細胞の運命決定や機能発現の機構に着目している中島は、根冠細胞の運命決定を制御するオーキシン応答転写因子 ARF6、ARF10 とその発現を負に制御するマイクロ RNA160 の解析を行い、根冠細胞の分化領域決定における巧みな制御系を明らかにした。また、根冠機能を制御する転写因子 SMB、BRN1、BRN2 の下流遺伝子として根冠細胞剥離に関わるペクチン分解酵素を見出した。栄養成長メリステムから生殖成長メリステムへの相転換の制御機構を明らかにしてきた荒木は、新規に同定した PHL が phyB および CO との三者複合体を介して、フロリゲン遺伝子 FT の転写制御に関わるというモデルを提唱した (PNAS 2013)。茎頂におけるフロリゲン複合体形成に関して、bZIP 転写因子 FD の C4 ドメインの T282 残基のリン酸化を実証し、リン酸化に関わるカルシウム依存キナーゼを同定するとともに (Sci. Rep. 2015)、フロリゲンの新規生理作用として腋芽形成促進を報告した (Plant Signaling Behav. 2014)。また、荒木は本領域での新たな試みとして、ゼニゴケの造精器を用いたトランスクリプトーム解析をおこない、精細胞分化の鍵となる制御因子の候補を含む 16 個の造精器特異的な転写因子を同定した。

平野は、単子葉植物のモデル生物であるイネ (*Oryza sativa*) の花序や花の発生メカニズムを明らかにする目的で研究を行った。特に、イネ TAB1 遺伝子が、生殖・栄養成長期ともに、腋芽メリステム形成に非常に重要な役割を果たしていることを明らかにした。TAB1 は、シロイヌナズナの幹細胞促進因子として重要な働きをしている WUS のオーソログであるが、イネでその働きが大きく異なっており、真正双子葉植物と単子葉植物との間で、発生ロジックに非常に大きな違いがあることを明らかにした (Plant Cell 2015)。

発生現象を代謝のメタボローム解析から捉えるという次元で、平井は本領域の特色であるメタボローム支援班として LC-MS を導入し非ターゲット分析系を立ち上げた。これと理研の既存技術であるワイドターゲット分析系、CE-MS による非ターゲット分析系を用いて、すでに班員と 7 件の共同研究を行なった。発生を制御する代謝経路の発見を目的とし、シロイヌナズナのチトクロム P450 機能破壊株を収集し、形態的表現型を定量解析した。また、分担者の望月は、複雑なネットワークから本質的な経路を抽出する数理解析研究を目指して、化学反応ネットワークの構造だけから酵素量の摂動に対するシステムの応答を定性的に予測する数理理論を構築した (J. Theor. Biol. 2015)。また、オーキシンパターン形成の多様性を、一般性の高い数理モデルを用いて解明した (J. Theor. Biol. 2015)。

また本領域研究が推進するモデル植物ゼニゴケ分子遺伝学基盤を構築している河内は、CRISPR/Cas によるゲノム編集法を開発した (Plant Cell Physiol. 2014)。ゼニゴケでは、オーキシンを介した転写制御系を単純なセットで保持するにも関わらず多様な応答を制御できることから、細胞ごとの応答能の違いが重要である可能性を示した (PLoS Genet. 2015)。それ以外にも、1 分子種の青色光受容体フォトロピンが葉緑体の集合、逃避、暗黒定位運動に機能すること (Plant Physiol. 2014)、赤色光受容体フィトクロムが再生および孢子からの発生過程に機能することを示した (J. Plant Res. 2015)。また、ゼニゴケの配偶体世代の生長相転換において、シロイヌナズナの GI および FKF のオルソログが機能することを示した (Nature Commun. 2014)。

●研究項目 A01 公募研究の進捗状況（公募研究 18 件）

公募研究では、本領域の研究目的に合致し、かつ計画研究では十分補えない研究課題、もしくは計画研究との発展的連携が期待される研究課題が採択され、研究が実施された。

伊藤純一は、イネの葉の発生に関わる複数の遺伝子について変異体を用いた機能解析を行い、*FIB* 遺伝子についてはオーキシン (Plant J. 2014)、*PLA* 遺伝子についてはジベレリンとの関係を明らかにした。また、塚谷 (計画班) と連携してイネ AN3 ホモログの *MKB3* 遺伝子の機能を明らかにした。同時に今後の解析に有用なイネの葉の発生過程をモニターできるマーカー遺伝子を同定した。細胞分裂を制御する *R1R2R3-Myb* 転写因子の機能に注目した伊藤正樹は、発生が進んだ器官における細胞分裂の停止には、転写抑制因子として働く *R1R2R3-Myb* による G2/M 期遺伝子群の転写抑制が重要であることを示した。また *R1R2R3-Myb* 転写活性化因子と抑制因子は異なるタンパク質複合体を形成し、それらは発生に伴ってダイナミックに構成因子を変化させていることを明らかにした。久保は、生きた植物組織の 1 細胞における遺伝子発現解析のために、マイクロキャピラリーを用いた細胞液の抽出と、それを用いた cDNA ライブラリー作成法を確立した。この手法により作成された cDNA ライブラリーでは、次世代シーケンサーを用いて一度に約 100 サンプルの同時処理と再現性の高い遺伝子発現解析が可能となった。遠藤は、植物の概日時計の役割を組織・細胞レベルで解析した結果、概日時計システムが組織ごとに異なる特性を持つこと、および位相・振幅・発現量・制御標的等が異なることを明らかとした (Nature 2014)。この研究は Nature News & Views でも取り上げられ大きな反響を呼んだ。さらに、細胞の運命決定における概日時計の役割を細胞レベルで明らかにするために、上述の久保と連携して行ったシロイヌナズナ 1 細胞レベルでのトランスクリプトーム解析から、細胞の運命決定には *LHY* と *CCA1* が必須であり、*BES1* や *E2F₆* などを通じて維管束への分化を制御している可能性を見出した。小田は、木部細胞における細胞骨格の空間配置を制御する新規因子を多数同定し、その中から新規の膜輸送制御経路を明らかにした。小島は、連携研究者の町田らと、葉の向背軸性確立にかかわる *ETTIN* の下流因子の解析を行い、サイトカイニン合成酵素遺伝子 *AtIPT3* と *CDK* 阻害タンパク質遺伝子 *KRP5* が *ETT* を介した葉の形成に関わることを明らかにした。篠原は、*CLV3* ペプチドが *CLV1* および *BAM1/2* と直接結合すること、*CLV2* や *RPK2* は *CLV3* ペプチドを直接結合できないことを示し、リガンド結合の視点から新たな *CLAVATA* 情報伝達経路を見出した (Plant J. 2015)。また、根の形成に必須なペプチドシグナルである *RGF* を直接結合する受容体キナーゼを 3 つ見出した。田岡は、日本がリードする花成ホルモン・フロリゲン研究者である。フロリゲン *Hd3a* に抑制的に働くと予想されるイネ *RCN* は茎の維管束から茎頂分裂組織に輸送されることを示した。また、*RCN* タンパク質が *Hd3a* と同様の複合体を形成することを生化学的に示唆した。植物が作るポリアミンの一種、サーモスペルミンに注目した高橋卓は、シロイヌナズナにおけるサーモスペルミンの機能として、オーキシンによる木部分化の誘導に対して、負のフィードバック制御を担っていることを示した (Front. Plant Sci. 2014)。また、複数のリボソーム変異からサーモスペルミンの作用標的が遺伝子の翻訳過程にあることを実証し (PLoS One 2015)、独創性の高い研究を進めている。根の成長に関連した研究は、高橋直紀と塚越がそれぞれ進めている。高橋直紀は、連携研究者の梅田とともに根端メリステムのサイズを制御する分子機構を明らかにするために、1) シロイヌナズナの根の移行領域で発現する B 型レスポンスレギュレータータンパク質分解制御、2) DNA 損傷ストレスに応答した根端メリステムサイズ制御におけるサイトカイニンの役割、3) ゼニゴケのレスポンスレギュレーターの生理的役割について明らかにした。塚越は、活性酸素種に素早く応答する転写因子 *RFRT1* の標的因子を見だし、それらの根の伸長にかかわる生物学的機能の解析を進めた。これらの標的因子は超長鎖脂肪酸輸送に関わり、根の細胞伸長の際細胞表層にスベリン様物質を蓄積することで細胞伸長を制御していると考えられる。鳥居は、植物表皮の気孔を生み出す幹細胞 (メ

リステモイド) 維持と分化の制御に関わる内的因子と新奇化合物の探索を、合成有機化学者と共同で進め、気孔の数を増やす化合物を発見している。

本領域の特色の一つである「数理解析による植物発生の理解」を推進する班員として、数理生物学者の藤田と藤本が公募研究としてそれぞれユニークな研究を進めた。藤田は、気孔系譜細胞の分化制御ダイナミクスの数理モデルを実験結果に基づいて構築し、数値シミュレーションにより様々な条件でのパターンを再現した。また、パターン密度を推測する理論的手法を開発し、気孔パターン形成に適用し、モデルの満たす条件を導いた。これらの結果より、気孔パターン形成は反応拡散パターンで理解できることが示された。一方、藤本は、花器官が双子葉植物特有の4数性と5数性を持つための発生ロジック (PLoS Comp. Biol. 2015) と、花器官配置の対称性を調節する発生ロジックを数理モデルから予測した。前者はナデシコ科やアブラナ科、後者はオオバコ科等の花器官配置の発生過程を再現した。花器官数の確率的なばらつきについて多くの種に共通する法則を発見した。オーキシン極性輸送メカニズム研究で世界をリードする古谷は、彼らが提唱するオーキシン極性輸送モデルについて、上記の藤田と連携して数理モデルを構築してコンピューターシミュレーションを行ったところ、方向性をもったオーキシン輸送が再現され、モデルの有効性が示された。また、モデルの仮定となっている細胞内オーキシンの不等分布を実証するため、細胞内オーキシンを検出するFRETバイオセンサーの構築を試み、オーキシン依存的にFRET効率が変化するバイオセンサーを作成することに成功した。これは今後、有効なバイオセンサーとなると期待される。

発生と代謝の関係については、太田と前島がそれぞれ異なる視点から独自の課題を推進している。太田は、植物発生におけるステロール代謝の役割に注目して、C24エチルステロール欠損変異体の解析から、C24エチルステロールが膜脂質の高次配列構造、細胞分裂、細胞膜からのPIN2リサイクリングなど、オーキシン関連機能を含む正常な細胞機能に必要なことを示した。一方、前島は、酵素機能を損なわず、人為的影響を排除した方法で液胞膜H⁺-ピロホスファターゼを可視化して、細胞分裂後から伸長成長の過程における液胞ダイナミクス、すなわち小液胞から中央巨大液胞への変換と、その過程での膜構造変化とtrans-vacuolar strandの可変性を明らかにした (Plant Cell 2014)。

3. 審査結果の所見において指摘を受けた事項への対応状況（2 ページ程度）

審査結果の所見において指摘を受けた事項があった場合には、当該コメント及びそれへの対応策等を記述してください。

当初所見：本研究領域は、日本がリードする植物発生生物学が、世界のフロントに到達したとの認識の上に立ち、発生・成長の本質部分のロジックに焦点をあて、発生過程の制御機構を明らかにしようとする独創性・新規性のある提案である。特定領域研究「植物メリステムと器官の発生を支える情報統御系」（平成 19～24 年度）の成果の上に立脚し、更に未来を展望したスケールの大きな領域研究で着実な成果が期待できる。また、研究目的の妥当性は高く、植物発生学分野で我が国の指導的な地位を強固にするために必要であるだけでなく、植物バイオマスなどの応用研究にも一定の波及効果を及ぼす可能性がある。

研究組織は、5つの階層からなる計画研究に、実験系のみならず数理モデル系の研究者も参画する体制になっている。加えて、研究支援やリソースの共有、他の領域との連携も計画されており、高く評価できる。また、領域代表者の広い視野に立ったマネジメントも期待できる。公募研究では優れた若手研究者を厳選して本研究領域のハブを形成しようとしており、領域全体の推進が期待できる。

一方で、領域内の有機的な繋がりを一層促進するための工夫や、数理解析と各計画研究との連携の強化が望まれる。また、次世代シーケンスを活用したグループの必要性や、数理解析の層を厚くする必要性も検討すべきだと思われる。

領域としての対応：領域としては、以上に掲げられた3つの課題（領域内の有機的なつながりを一層促進するための工夫、数理解析と各研究計画との連携の強化および数理解析の層を厚くする必要性、そして次世代シーケンスを活用したグループの必要性）に対し、それぞれ以下のような工夫・強化をとり、さらに一層の領域の体制強化を図っている。

●領域内の有機的なつながりを一層促進するための工夫

本領域の1つの特徴は、支援班が提供する新たなツールおよび研究手法である。そこでこれらを、領域内をまたがる有機的なつながりの柱とするため、多くの取り組みをおこなってきた。

まず転写因子ライブラリーの構築については、シロイヌナズナの転写因子のリストを洗い直し、不足分のライブラリーへの追加を進めた。この間に班員からの要望を集め、それに基づき yeast two hybrid (Y2H) や Y1H 用ベクターなど実際に使い勝手の良い形での構築を進め、利用可能になった段階から、希望に応じ班員への配布を始めている。利用実績としては、すでに Y1H/Y2H 関連の分与先 6 班をはじめ、アグロバクター系統、ベクター、形質転換体など、のべ 286 件に及んだ。

メタボロミクスについては、全くこれまで手をつけたことのない班員が大多数であったことから、年 1 回の合宿形式による勉強会を開き、理研・平井を中心とするメタボロチームとの技術面のすりあわせを進めた（第 1 回参加者 29 名・演題 10、第 2 回参加者 32 名・演題 14）。その結果、5つの班の 7 班員の間でメタボロミクスへの取り組みが進んでおり、第 2 回目の今年度時点で既に成果が出始めるに至っている。数理生物学についても、公募班から陣容を拡大し、同様の講習の取り組みを進めている。

ゼニゴケについても、ゼニゴケ研究の有利な点を周知する機会を増やすべく、26 年度には国際ゼニゴケワークショップを 26 年 12 月 8 日-10 日に神戸大学で開催し、175 名（海外 21 名を含む）の参加者を得た。基調講演に研究者（海外 2 名、国内 2 名）を招聘し、基調講演を含めて 48 題の口頭発表と 76 題のポスター発表とを得た。またゼニゴケ研究をはじめめる研究者に向けて領域対象の技術講習会（51 名が参加、16 の演題）、や随時講習を行ない、新たな参入を推進した。支援額は平成 25 年度 1,000,000

円、26年度3,000,000円である。標準系統や形質転換ベクターの提供は領域内17名の研究者におよび、支援数は14に至っている（計画班8のうち5、公募班18のうち9）。また25-26年度で次世代シーケンス解析は2年で200サンプル余りの結果を得た。27年度にはゼニゴケゲノムが論文公開される予定である。

また何よりも次世代を担う若手の横のつながりこそが、将来に亘って領域内の有機的なつながりを実現のあるものとするという考えから、合宿形式による研究発表・交流の場として若手の会を年1回開き、相互の共同研究を推奨してきた（初年度第1回は70名、2年次第2回は89名の参加）。

●数理解析と各研究計画との連携の強化・数理解析の層を厚くする必要性

この点については、採択前の面接においてもご指摘の多かった点であったため、公募班の選定に当たって特に留意し、総括班に予定した望月の他に、望月とは数理生物学のスタイルの異なる方々を揃えることとした。大阪大学の藤本と基礎生物学研究所の藤田である。お二人には早速、班員との共同研究も開始して頂き、また数理生物学の勉強会も開催することで連携強化を図っている。その成果として既に、Nature Communicationをはじめ、数理生物学を用いた解析成果が上がり、複数の成果の公刊に至っている。

●次世代シーケンスを活用したグループの必要性

これに関しては、折しも代表者の所属する東京大学理学部2号館で次世代シーケンサーの導入が始まったことから、その整備に加わり、植物の微量サンプルを用いた次世代シーケンスの条件検討を進めてきた。特にヒメツリガネゴケ胚を使ったRNA-seqをモデルケースとして、quartz-seqとSMART seqのライブラリー作成法を比較した。その結果として確立した最適条件を用い、quartz-seqでライブラリー作成に成功したシロイヌナズナ托葉、ツノゴケの生殖器、コマチゴケの生殖器の解析例を、希望者に技術講習した。

また同時に18名の班員が次世代シーケンスを用いた研究計画を23件推進しており、すでに公募班伊藤班員による Kobayashi et al., EMBO J. in press などの論文公刊にも至っている。またゼニゴケ支援においても、河内を主体として、次世代シーケンサーを活用した遺伝子発現解析支援を進めた。特に次世代シーケンサーのライブラリー作成に関する試薬は高コストであり、また小口の使用者にはロスも大きい。そこで、新学術領域の支援活動として、ライブラリー調製のノウハウを共有し、試薬を有効に活用する体制を構築した。具体的には、RNAの品質確認段階からライブラリーのサンプル識別バーコード管理、調製を行った。次世代シーケンスは外部との連携で行い、シーケンサーのランニングコストは計画班員・公募班員の受益者負担とした。次世代シーケンスの解析は京都大学の大型計算機センターの機器を活用して解析補助を行った。実験データの解析を加速するため、26年度には並列処理可能な高性能ワークステーションを導入し、ゲノム情報を用いた解析、特に分子系統樹作成に要する時間を短縮した。25-26年度で次世代シーケンス解析は2年で200サンプル余りの結果を得た。

4. 主な研究成果（発明及び特許を含む）[研究項目ごとに計画研究・公募研究の順に整理する]

（3 ページ程度）

本研究課題（公募研究を含む）により得られた研究成果（発明及び特許を含む）について、新しいものから順に発表年次をさかのぼり、図表などを用いて研究項目ごとに計画研究・公募研究の順に整理し、具体的に記述してください。なお、領域内の共同研究等による研究成果についてはその旨を記述してください。

■ 研究領域として設定した研究の対象において、どのような研究成果が出たか

研究領域の主要な成果として、植物発生・成長の中心的問題である植物の幹細胞性を与える仕組みに関しては、根の維管束幹細胞の形成について新知見を得た（伊藤（大橋）恭子、小田の共同研究、*Curr. Biol.* 2014）。また器官発生における細胞の分化、増殖と配置の仕組みの観点では、食虫植物の捕虫葉の形態形成の仕組みの謎を解明した（塚谷、藤田の共同研究、*Nature Commun.* 2015）。また、成長相転換の仕組みについて、フロリゲン遺伝子 FT の転写制御に関わる新たなモデルを提唱した（荒木、PNAS 2013）。新たなモデル生物であるゼニゴケを用いた成果として、ゼニゴケ配偶体世代の生長相転換では、シロイヌナズナの GI および FKF のオルソログが機能することを明らかにした（河内、*Nature Commun.* 2014）。植物の概日時計システムが組織ごとに異なる特性を持つこと、および位相・振幅・発現量・制御標的等が異なることを明らかとした（遠藤、荒木の共同研究、*Nature* 2014）。以下に記すように、領域全体として、代謝や数理解析などを取り入れた異分野の班員間の共同研究が実施されはじめ、徐々に成果が得られている。

■ 計画研究課題の研究成果（9 課題）

【塚谷】多細胞系統御系を軸とした葉形態形成の全体像の解明をめざし、葉が 1 つのまとまりとして発生する本質的な経路・なりたちを解明している。まず藤田（公募班）らとの共同研究により、食虫植物ムラサキヘイシソウの捕虫葉の袋状の形態形成の仕組みを解析した。この袋状の形態形成については、背腹性に関わる遺伝子群の *in situ* 解析から、従来推測されていた仮説、すなわち背腹性パターンの部分的による杯状化・嚢状化ではないことが見いだされた。すなわちムラサキヘイシソウのツボ型の葉の形成は、背腹性制御の変化によらない全く新しい仕組みに依っていることがわかり、さらなる解析から、むしろ局所的な細胞分裂面の変化によって袋状化していることを明らかとした（*Nature Commun.* 2015）。また、被子植物の葉の多様性に注目した観点からは、現時点でのエボデボ的知見を総説にまとめた（*Curr. Opin. Plant Biol.* 2014）。器官レベルでの細胞増殖と細胞伸長を統御する仕組みを反映する現象・補償作用についてはシロイヌナズナ *fas1* 変異体、*fugu5* 変異体（公募班員・前島との共同研究）（*Plant Physiol.* 2013; *Plant Cell Physiol.* 2013; *Plant Signal Behav.* 2013）、また *KRP2* 過剰発現による細胞体積の異常肥大は、*DET3* の機能に依存していることを明らかにすることができた。さらに、補償作用に伴うオルガネラ数制御について、従来の制御系の理解では説明の難しい新知見を得た（*BMC Plant Biol.* 2013）。また一方、葉のサイズを制御する RTFL ペプチドファミリーについては、陸上植物における著しい多様化をドメイン解析から明らかにし、シロイヌナズナとイネとの間で、過剰発現効果の違いを報告した（*J. Plant Res.* 2015）。一方、ケシ科における葉原基の長軸への分化方向の多様性についても、従来推測されていたような単純な成長勾配では説明がつかないことを見だし、種ごとに異なるメカニズムで制御されている可能性を提唱した（*Amer. J. Bot.* 2013; *Planta* 2014）。さらに、細胞層間のバランス制御の重要性について、独自の知見（*Curr. Biol.* 2013）を拡張させ、前島（公募班）との共同研究から、花茎における表皮の役割について新たな知見を見出した（*Plant Cell Physiol.* 2014; *Plant Signal Behav.* 2015）

【伊藤（大橋）恭子】植物幹細胞の形成メカニズムや幹細胞の持つ分子的特徴の解明を目指して、小田（公募班）らとの共同研究により維管束幹細胞形成の鍵転写因子 LHW の機能解析を行った結果、LHW が TMO5-LIKE1 とヘテロダイマーを形成し、根端分裂組織の道管前駆細胞において、サイト

カイニン合成の最終段階の酵素である *LOG3* および *LOG4* と、サイトカイニンのシグナル伝達を制御する因子である *AHP6* の発現を直接正に制御することで、維管束幹細胞の分裂を活性化することを示唆した (Curr. Biol. 2014)。また、維管束の発生開始に関する総説を発表した (Physiol. Plant 2014)。

【深城】 側根形成の開始を制御する鍵転写因子 *LBD16* の下流遺伝子群の解析を行い、*TOLS1/MAKR4* が側根形成の開始を促進するのに対して、低分子ペプチド *TOLS2* を介した *PUCHI* の発現誘導によって側根形成の頻度を負に調節する制御系を示唆した。また、オーキシンを介した側根形成開始と原基発生の遺伝子制御ネットワークについても新たなモデルを提唱するとともに (Plant Cell 2015)、側根形成開始における概日時計の関与について示した (Nature Commun. 2015)。一方で、アブラナ科タネツケバナ属ミチタネツケバナの根の皮層形成をモデルとして、皮層の多層化機構の解明も同時に行い、これまでに根の皮層数が減少するミチタネツケバナ変異体を複数単離し、それらの原因遺伝子の一つがシロイヌナズナ放射パターン形成因子 *SHR* のホモログ遺伝子であることを見出した。

【柿本】 オーキシンの作用の多様性を理解するために、すべての Aux/IAA タンパク質について、すべての TIR1/AFB オーキシン受容体の組み合わせにおける Aux/IAA タンパク質分解のオーキシン感受性を調べた (Plant Cell Physiol. 2014a)。また、浸透圧ストレスに応答した葉の幹細胞の数の調節機構を明らかにした (Plant Cell Physiol. 2014b)。

【中島】 根冠細胞の運命決定を制御するオーキシン応答転写因子 *ARF6*、*ARF10* とその発現を負に制御するマイクロ RNA160 の解析を行い、根冠細胞の分化領域決定における巧みな制御系を明らかにした。また、根冠機能を制御する転写因子 *SMB*、*BRN1*、*BRN2* の下流遺伝子として根冠細胞剥離に関わるペクチン分解酵素を見出した。さらに、海外グループとの共同研究により、トリプトファンに依存したオーキシンの生合成が木部分化に必要であることを示した (Development 2014)。

【荒木】 新規に同定した *PHL* が *phyB* および *CO* との三者複合体を介して、フロリゲン遺伝子 *FT* の転写制御に関わるモデルを提唱した (PNAS 2013)。また、茎頂におけるフロリゲン複合体形成に関して、*bZIP* 転写因子 *FD* の C4 ドメインの T282 残基のリン酸化を実証し、リン酸化に関わるカルシウム依存キナーゼを同定した (Sci. Rep. 2015)。さらに、フロリゲンの新規生理作用として腋芽形成促進を報告した (Plant Signal Behav. 2014)。

【平野】 単子葉植物のモデル生物であるイネ (*Oryza sativa*) の花序や花の発生メカニズムを明らかにする目的で、シロイヌナズナの幹細胞促進因子として重要な働きをしている *WUS* のオーソログであるイネ *TABI* 遺伝子が、生殖・栄養成長期ともに、腋芽メリステム形成に非常に重要な役割を果たしていることを明らかにした (Plant Cell 2015)。この研究は真正双子葉植物と単子葉植物との間で、発生ロジックに非常に大きな違いがあることを明らかにした。

【平井】 本領域の特色であるメタボローム支援班として LC-MS を導入し非ターゲット分析系を立ち上げた。これと理研の既存技術であるワイドターゲット分析系、CE-MS による非ターゲット分析系を用いて、複数の班員と共同研究を行なった。シロイヌナズナ液胞型 H⁺-ピロフォスファターゼ *AVP1* の機能破壊株である *fugu5* 変異体の実生では、Ferjani との共同研究により、細胞質中のピロリン酸の過剰蓄積によってトリアシルグリセロールからの糖新生が阻害されることで従属栄養成長が阻害されることを示した。また、研究分担者の望月は、化学反応ネットワークの構造だけから酵素量の摂動に対するシステムの応答を定性的に予測する数理理論を構築した (J. Theor. Biol. 2015)。また、オーキシンパターン形成の多様性を、一般性の高い数理モデルを用いて解明した (J. Theor. Biol. 2015)。

【河内】 本領域研究が推進するモデル植物ゼニゴケ分子遺伝学基盤を構築している、CRISPR/Cas に

よるゲノム編集法を開発した (Plant Cell Physiol. 2014)。ゼニゴケでは、オーキシンを介した転写制御系を単純なセットで保持するにも関わらず多様な応答を制御できることから、細胞ごとの応答性の違いが重要である可能性を示した (PLoS Genet. 2015)。それ以外にも、1 分子種の青色光受容体フォトトロピンが葉緑体の集合、逃避、暗黒定位運動に機能すること (Plant Physiol. 2014)、赤色光受容体フィトクロムが再生および胞子からの発生過程に機能することを示した (J. Plant Res. 2015)。また、ゼニゴケの配偶体世代の生長相転換において、シロイヌナズナの GI および FKF のオルソログが機能することを示した (Nature Commun. 2014)。

■ 公募研究課題の研究成果 (18 課題)

【伊藤純一】イネの葉の発生に関わる複数の遺伝子について変異体を用いた機能解析を行い、*FIB* 遺伝子についてはオーキシシン (Plant J. 2014)、*PLA* 遺伝子についてはジベレリンとの関係を明らかにした。また、塚谷 (計画班) と連携してイネ AN3 ホモログの *MKB3* 遺伝子の機能を明らかにした。同時に今後の解析に有用なイネの葉の発生過程をモニターできるマーカー遺伝子を同定した。

【伊藤正樹】発生が進んだ器官における細胞分裂の停止には、転写抑制因子として働く *R1R2R3-Myb* による G2/M 期遺伝子群の転写抑制が重要であること、また *R1R2R3-Myb* 転写活性化因子と抑制因子は異なるタンパク質複合体を形成し、それらは発生に伴ってダイナミックに構成因子を変化させていることを明らかにした。

【久保】生きた植物組織の 1 細胞における遺伝子発現解析のために、マイクロキャピラリーを用いた細胞液の抽出と、それを用いた cDNA ライブラリー作成法を確立した。この手法により作成された cDNA ライブラリーでは、次世代シーケンサーを用いて一度に約 100 サンプルの同時処理と再現性の高い遺伝子発現解析が可能となった。

【遠藤】植物の概日時計の役割を組織・細胞レベルで解析した結果、概日時計システムが組織ごとに異なる特性を持つこと、および位相・振幅・発現量・制御標的等が異なることを明らかとした (Nature 2014)。この研究は Nature News & Views でも取り上げられ大きな反響を呼んだ。さらに、細胞の運命決定における概日時計の役割を細胞レベルで明らかにするために、上述の久保と連携して行ったシロイヌナズナ 1 細胞レベルでのトランスクリプトーム解析から、細胞の運命決定には *LHY* と *CCA1* が必須であり、*BES1* や *E2Fc* などを通じて維管束への分化を制御している可能性を見出した。

【小田】木部細胞における細胞骨格の空間配置を制御する新規因子を多数同定し、その中から新規の膜輸送制御経路を明らかにした。

【小島】連携研究者の町田らと、葉の向背軸性確立にかかわる *ETTIN* の下流因子の解析を行い、サイトカイニン合成酵素遺伝子 *AtIPT3* と *CDK* 阻害タンパク質遺伝子 *KRP5* が *ETT* を介した葉の形成に関わることを明らかにした。

【篠原】茎頂分裂組織の維持に働く *CLV3* ペプチドが *CLV1* および *BAM1/2* と直接結合すること、*CLV2* や *RPK2* は *CLV3* ペプチドを直接結合できないことを示し、リガンド結合の視点から新たな *CLAVATA* 情報伝達経路を見出した (Plant J. 2015)。また、根形成に必須なペプチドシグナルである *RGF* を直接結合する受容体キナーゼを 3 つ見出した。

【田岡】花成制御を司るフロリゲン *Hd3a* に抑制的に働くと予想されるイネ *RCN* が、茎の維管束から茎頂分裂組織に輸送されることを示した。また、*RCN* タンパク質が *Hd3a* と同様の複合体を形成することを生化学的に示唆した。

【高橋卓】植物が作るポリアミンの一種、サーモスペルミンに注目した研究を進めた。シロイヌナズナのサーモスペルミンは、オーキシシンによる木部分化の誘導に対して負のフィードバック制御を担っ

ていることを示した (*Front. Plant Sci.* 2014)。また、複数のリボソーム変異からサーモスペルミンの作用標的が遺伝子の翻訳過程にあることを実証した (*PLoS One* 2015)。

【高橋直紀】根端メリステムのサイズを制御する分子機構を明らかにするために、シロイヌナズナの根の移行領域で発現する B 型レスポンスレギュレータータンパク質分解制御、DNA 損傷ストレスに応答した根端メリステムサイズ制御におけるサイトカイニンの役割、および、ゼニゴケのレスポンスレギュレーターの生理的役割について、連携研究者の梅田とともに明らかにした。

【塚越】活性酸素種に素早く応答するシロイヌナズナ転写因子 RFRT1 の標的因子を見だし、それらの機能解析を進めた。これらの標的因子は超長鎖脂肪酸輸送に関わり、根の細胞伸長の際細胞表層にスベリン様物質を蓄積することで細胞伸長を制御していると考えられる。

【鳥居】植物表皮の気孔を生み出す幹細胞 (メリステモイド) 維持と分化の制御に関わる内的因子と新奇化合物の探索を、合成有機化学者と共同で進め、気孔の数を増やす化合物を発見した。

【藤田】気孔系譜細胞の分化制御ダイナミクスの数理モデルを実験結果に基づいて構築し、数値シミュレーションにより様々な条件でのパターンを再現した。また、パターン密度を推測する理論的手法を開発し、気孔パターン形成に適用し、モデルの満たす条件を導いた。これらの結果より、気孔パターン形成は反応拡散パターンで理解できることが示された (鳥居との連携)。

【藤本】花器官が双子葉植物特有の 4 数性と 5 数性を持つための発生ロジック (*PLoS Comp. Biol.* 2015) と、花器官配置の対称性を調節する発生ロジックを数理モデルから予測した。前者はナデシコ科やアブラナ科、後者はオオバコ科等の花器官配置の発生過程を再現した。花器官数の確率的なばらつきについて多くの種に共通する法則を発見した。

【古谷】これまでに提唱したオーキシン極性輸送モデルについて、上記の藤田と連携して数理モデルを構築してコンピューターシミュレーションを行ったところ、方向性をもったオーキシン輸送が再現され、モデルの有効性が示された。また、モデルを実証するため、細胞内オーキシンを検出する FRET バイオセンサーの構築を試み、オーキシン依存的に FRET 効率が変化するバイオセンサーを作成することに成功した。

【太田】植物発生におけるステロール代謝の役割に注目して、C24 エチルステロール欠損変異体の解析から、C24 エチルステロールが膜脂質の高次配列構造、細胞分裂、細胞膜からの PIN2 リサイクリングなど、オーキシン関連機能を含む正常な細胞機能に必要なことを示した。

【前島】は、酵素機能を損なわず、人為的影響を排除した方法で液胞膜 H⁺-ピロホスファターゼを可視化して、細胞分裂後から伸長成長の過程における液胞ダイナミクス、すなわち小液胞から中央巨大液胞への変換と、その過程での膜構造変化と trans-vacuolar strand の可変性を明らかにした (*Plant Cell* 2014)。

5. 研究成果の公表の状況（主な論文等一覧、ホームページ、公開發表等）（5 ページ程度）

本研究課題（公募研究を含む）により得られた研究成果の公表の状況（主な論文、書籍、ホームページ、主催シンポジウム等の状況）について具体的に記述してください。論文の場合、新しいものから順に発表年次をさかのぼり、研究項目ごとに計画研究・公募研究の順に記載し、研究代表者には二重下線、研究分担者には一重下線、連携研究者には点線の下線を付し、corresponding author には左に*印を付してください。また、一般向けのアウトリーチ活動を行った場合はその内容についても記述してください。また、別添の「(2) 発表論文」の融合研究論文として整理した論文については、冒頭に◎を付してください。

- 本領域の計画研究課題 9 件と公募研究課題 18 件による研究成果および、その公表の場である研究集会の開催状況を以下の表にまとめる。

成果の公表状況概要(H27年6月1日現在実績)		
原著論文 総数	153	(%)
原著論文 IF10 以上の論文数と比率	15	9.8
原著論文 IF9 以上の論文数と比率	34	22.2
原著論文 IF4 以上の論文数と比率	85	55.5
原著論文 IF2 以上の論文数と比率	127	83.0
共同研究の成果による論文出版件数	15	
雑誌表紙掲載	4	
英文書籍(Chapter)	10	
和文書籍(雑誌を含む)	12	
国際学会における招待講演	25	

- 本領域の活動と成果は、ホームページ <http://logics.plantdev.biol.s.u-tokyo.ac.jp/> にて公開している。
- 主催シンポジウム：3 件（キックオフミーティング 2013.10.1、第 55 回日本植物生理学会「植物発生ロジックの多元的開拓」2014.3.19、日本植物学会第 78 回大会「発生ロジックをもたらす分子群」2014.9.13）
- 共催シンポジウム：3 件（奈良先端大・植物科学グローバルトップ教育推進プログラム 2013.11.28、2014.11.18、第 47 回日本発生生物学会 2014.5.30）
- 国際シンポジウム・共催：2 件（国際ゼニゴケワークショップ・神戸 2014.12.8-12.10、国際シンポジウム HORIZON IN PLANT BIOLOGY・ドイツ・ケルン 2014.11.24-11.26）

- 主な論文、書籍、アウトリーチ活動

(1) 計画研究

【塚谷裕一、堀口吾朗、Ferjani Ali、坂本卓也、松永幸大、榎原恵子】論文 19 本、書籍 2 件、報道 4 件、受賞 3 件（第 22 回松下幸之助葉の万博記念奨励賞—塚谷、第 18 回植物形態学会平瀬賞—Ferjani）

Hisanaga T, Kawade K, *Tsukaya H (2015) Compensation: a key to clarifying the organ-level regulation of lateral organ size in plants. *J. Exp. Bot.* 66: 1055-1063.

Guo P, Yoshimura A, Ishikawa N, Yamaguchi T, Guo Y, *Tsukaya H (2015) Comparative analysis of the RTFL peptide family on the control of plant organogenesis. *J. Plant Res.* 128: 497-510.

◎Fukushima K, Fujita H, Yamaguchi T, Masayoshi K, Tsukaya H, *Hasebe M (2015) Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *Sarracenia purpurea*. *Nature Commun.* 6: 6450.

*Tsukaya H (2014) Comparative leaf development in angiosperms. *Curr. Opin. Plant Biol.* 17: 103-109.

◎Maeda S, Gunji S, Hanai K, Hirano T, Kazama Y, Ohbayashi I, Abe T, Sawa S, Tsukaya H, *Ferjani A (2014) The conflict between cell proliferation and expansion primarily affects stem organogenesis in Arabidopsis. *Plant Cell Physiol.* 55: 1994-2007. (当該号 Cover)

Hisanaga T, Ferjani A, Horiguchi G, Ishikawa N, Fujikura U, Kubo M, Demura T, Fukuda H, Ishida T, Sugimoto K, *Tsukaya H (2013) ATM-dependent DNA damage response acts as an upstream trigger for compensation in fasciated during Arabidopsis leaf development. *Plant Physiol.* 162: 831-841.

アウトリーチ 12 件：東京大学理学部ホームカミングデー「はっぱ博士のなるほど講演」2013.10.19、日本植物学会公開講演会「ボルネオ島の多様な植物：フィールドでの探索の実際」2014.9、NHK『視点・論点』出演

3 件 (2014.4.15、2014.10.27、2015.4.20)、文化放送「サイエンスキッズ」出演(2015.1.31、2015.2.7)、NHK ラジオ「ラジオあさいちばん」出演 2014.5.15、TOKYO FM「いのちの森 voice of forest」出演 2015.2.15、他 2 件

【深城英弘、工藤洋、三村徹郎、郷達明、豊倉浩一】論文 31 本、書籍 4 件

Voß U, Wilson MH, Kenobi K, Gould PD, Robertson FC, Peer WA, Lucas M, Swarup K, Casimiro I, Holman TJ, Wells DM, Péret B, Goh T, Fukaki H, Hodgman TC, Laplace L, Halliday KJ, Ljung K, Murphy AG, Hall AJ, Webb AAR, *Bennett MJ (2015) Lateral root organ initiation re-phases the circadian clock in *Arabidopsis thaliana*. *Nature Commun.* (in press)

Lavenus J, Goh T, Guyomarc'h S, Hill K, Lucas M, Voss U, Kenobi K, Wilson M, Farcot E, Hagen G, Guilfoyle TJ, Fukaki H, *Laplace L, *Bennett MJ (2015) Inference of the Arabidopsis lateral root gene regulatory network reveals a bifurcation mechanism that defines primordia flanking and central zones. *Plant Cell* (online) pii: tpc.114.132993.

*Ushio M, Yaasaki E, Takusu H, Nagano AJ, Fujinaga S, Honjo MN, Ikemoto M, Sakai S, Kudoh H (2015) Microbial communities on flower surfaces act as signatures of pollinator visitation. *Sci. Rep.* 5: 8695.

Cabrera, J, Díaz-Manzano, FE, Sanchez, M, Rosso, MN, Melillo, T, Goh T, Fukaki H, Cabello, S, Hofmann, J, Fenoll, C, *Escobar, C. (2014) Xylem pole pericycle cells are crucial for gall and giant cell development during Arabidopsis and root-knot nematodes interaction, providing molecular links to lateral root formation. *New Phytologists* 203: 632-645.

*Satake A, Kawagoe T, Sabiri Y, Chiba Y, Sakurai G, Kudoh H (2013) Forecasting flowering phenology under climate warming by modelling the regulatory dynamics of flowering-time genes. *Nature Commun.* 4: 2303.

【伊藤恭子、福田裕穂、近藤侑貴】論文 27 本、書籍 3 件、報道 1 件 受賞 3 件 (平成 26 年度文部科学大臣若手研究者賞-伊藤、第 10 回日本植物学会奨励賞-伊藤、第 11 回日本植物学会学術賞-福田)

©*Ohashi-Ito K, Saegusa M, Iwamoto K, Oda Y, Katayama H, Kojima M, Sakakibara H, *Fukuda H (2014) A bHLH complex activates vascular cell division via cytokinin action in root apical meristem. *Curr Biol.* 24: 2053-2058.

*Ohashi-Ito K, *Fukuda H (2014) Xylem. *Curr Biol.* 24: R1149.

*Kondo Y, Ito T, Nakagami H, Hirakawa Y, Saito M, Tamaki T, Shirasu K, *Fukuda H (2014) Plant GSK3 proteins regulate xylem cell differentiation downstream of TDIF-TDR signalling. *Nat. Commun.* 5: 3504.

*Ohashi-Ito K, *Fukuda H (2014) Initiation of vascular development. *Physiol Plant* 151: 142-146.

*Oda Y, Fukuda H (2013) Rho of Plant GTPase signaling regulates the behavior of Arabidopsis Kinesin-13A to establish secondary cell wall patterns. *Plant Cell* 25: 4439-4450.

アウトリーチ：第 26 回東京大学理学部公開講演会「理学の秩序」にて講演、インターネット中継有、2015.4.26

【荒木崇、大和勝幸、丹羽優喜、遠藤求】論文 12 本、報道 3 件

Kawamoto N, Sasabe M, Endo M, Machida Y, *Araki T (2015) Calcium-dependent protein kinases responsible for the phosphorylation of a bZIP transcription factor FD crucial for the florigen complex formation. *Sci. Rep.* 5: 8341.

*Endo M, Shimizu H, Nohales MA, Araki T, Kay SA (2014) Tissue-specific clocks in Arabidopsis show asymmetric coupling. *Nature* 515: 419-422.

Endo M*, Kudo D, Koto T, Shimizu H, *Araki T (2014) Light-dependent destabilization of PHL in Arabidopsis. *Plant Signal. Behav.* 9: e28118.

Niwa M, Endo M, *Araki T (2013) Florigen is involved in axillary bud development at multiple stages in Arabidopsis. *Plant Signal. Behav.* 8: e27167.

*Endo M, Tanigawa Y, Murakami T, *Araki T, *Nagatani A (2013) PHYTOCHROME-DEPENDENT LATE-FLOWERING accelerates flowering through physical interactions with phytochrome B and CONSTANS. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 110: 18017-18022.

アウトリーチ：エフエム京都「SUNNYSIDE BALCONY」出演 2014.8.20、高校生講義（大阪教育大学附属高等学校天王寺校舎・タイ Princess Chulabhorn Science High School）2014.12.15

【柿本辰男、松井南、大島良美、光田展隆、藤本仰一】論文 8 本、受賞 3 件（2014 年度日本植物生理学会奨励賞-光田、第 32 回日本植物細胞分子生物学会技術賞-松井、平成 26 年度日本農芸化学会 BBB 論文賞-松井）

Müller D, Waldie T, Miyawaki K, To J, Melnyk C, Kieber J, Kakimoto T, *Leyser O; (2015) Cytokinin is required for escape but not release from auxin mediated apical dominance. *Plant J.* 82: 874-886.

Kumari A, Jewaria P, Bergmann D, *Kakimoto T (2014) Arabidopsis Reduces Growth Under Osmotic Stress by Decreasing SPEECHLESS Protein. *Plant Cell Physiol.* 55: 2037-2046.

*Tanaka H, Nodzyński T, Kitakura S, Feraru MI, Sasabe M, Ishikawa T, Kleine-Vehn J, Kakimoto T, Friml J. (2014) BEX1/ARF1A1C is Required for BFA-Sensitive Recycling of PIN Auxin Transporters and Auxin-Mediated Development in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol.* 55: 737-749.

Shimizu-Mitao Y, *Kakimoto T (2014) Auxin Sensitivities of All Arabidopsis Aux/IAAs for Degradation in the Presence of Every TIR1/AFB. *Plant Cell Physiol.* 55: 1450-1459.

*Tanaka H, Kitakura S, Rakusová H, Uemura T, Feraru MI, De Rycke R, Robert S, Kakimoto T, *Friml J. (2013) Cell polarity and patterning by PIN trafficking through early endosomal compartments in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Genet.* 9: e1003540.

【中島敬二、宮島俊介、橋本隆、久永哲也、古田かおり、厚井聡】論文 15 本

Tatematsu K, Toyokura K, Miyashima S, Nakajima K, *Okada K (2015) A molecular mechanism that confines the activity pattern of miR165 in Arabidopsis leaf primordia. *Plant J.* 82:596-608.

Zhou Y, Honda M, Zhu H, Zhang Z, Guo X, Li T, Li Z, Peng X, Nakajima K, *Duan L, *Zhang X (2015) Spatiotemporal Sequestration of miR165/166 by Arabidopsis Argonaute10 Promotes Shoot Apical Meristem Maintenance. *Cell Rep.* 10: 1819–1827.

Hisanaga T, Miyashima S, *Nakajima K (2014) Small RNAs as positional signal for pattern formation. *Curr Opin. Plant Biol.* 21:37-42.

Ursache R, Miyashima S, Chen Q, Vatén A, Nakajima K, Carlsbecker A, *Zhao Y, *Helariutta Y, *Dettmer J. (2014) Tryptophan-dependent auxin biosynthesis is required for HD-ZIP III-mediated xylem patterning. *Development* 141:1250-1259.

Furuta KM, Yadav SR, Lehesranta S, Belevich I, Miyashima S, Heo JO, Vatén A, Lindgren O, De Rybel B, Van Isterdael G, Somervuo P, Lichtenberger R, Rocha R, Thitamadee S, Tähtiharju S, Auvinen P, Beeckman T, *Jokitalo E, *Helariutta Y. (2014) Plant development. Arabidopsis NAC45/86 direct sieve element morphogenesis culminating in enucleation. *Science* 345: 933-937.

【平野博之、佐藤豊】論文 7 本、著書 2 件、受賞 3 件（第 11 回日本学術振興会賞-佐藤）

Tanaka W, Ohmori Y, Ushijima T, Matsusaka H, Matsushita T, Kumamaru T, Kawano S, *Hirano H-Y (2015) Axillary meristem formation in rice requires the WUSCHEL ortholog TILLERS ABSENT1. *Plant Cell* 27: 1173-1184.

Toriba T, *Hirano H-Y (2014) The DROOPING LEAF and OsETTIN2 genes promote awn development in rice. *Plant J.* 77: 616-626.

Sato D-S, Ohmori Y, Nagashim H, Toriba T, *Hirano H-Y (2014) A role for TRIANGULAR HULL1 in fine-tuning spikelet morphogenesis in rice. *Genes Genet.Syst.* 89: 61-69.

Ohmori Y, Yasui Y, *Hirano H-Y (2014). Overexpression analysis suggests that FON2-LIKE CLE PROTEIN1 is involved in rice leaf development. *Genes Genet. Syst.* 89: 87-91.

Ishiwata A, Ozawa M, Nagasaki H, Kato M, Noda Y, Yamaguchi T, Nosaka M, Shimizu-Sato S, Nagasaki A, Maekawa M, Hirano H-Y, *Sato Y (2013) Two WUSCHEL-related homeobox genes, narrow leaf2 and narrow leaf3, control leaf width in rice. *Plant Cell Physiol.* 54: 779-792.

【河内孝之、嶋村正樹、西浜竜一、山岡尚平、末次憲之、石崎公庸、中村保一、菅野茂夫、刑部敬史、中上弘史】論文 18 本、報道 2 件、受賞 2 件（平成 26 年度日本植物生理学会奨励賞-石崎、平成 26 年度日本農芸化学会 BBB 論文賞-河内）

Eklund DM, Ishizaki K, Flores-Sandoval E, Kikuchi S, Takebayashi Y, Tsukamoto S, Hirakawa Y, Kato H, Kouno M, Bhalerao RP, Lagercrantz U, Kasahara H, Kohchi T, *Bowman JL (2015) Auxin Produced by the Indole-3-Pyruvic Acid Pathway Regulates Development and Gemmae Dormancy in the Liverwort *Marchantia polymorpha*. *Plant Cell* (online) tpc.15.00065.

Kato H, Ishizaki K, Kouno M, Shirakawa M, Bowman J L, Nishihama R, *Kohchi T (2015) Auxin-mediated transcriptional system with a minimal set of components is critical for morphogenesis through the life cycle in *Marchantia polymorpha*. *PLoS Genetics* 11:e1005084.

Kubota A, Kita S, Ishizaki K, Nishihama R, Yamato KT, *Kohchi T (2014) Co-option of a photoperiodic growth-phase transition system during land plant evolution. *Nature Commun.* 5: 3668.

Komatsu A, Terai M, Ishizaki K, Suetsugu N, Tsuboi H, Nishihama R, Yamato KT, Wada M, *Kohchi T (2014) Phototropin encoded by a single-copy gene mediates chloroplast photorelocation movements in the liverwort *Marchantia polymorpha* L. *Plant Physiol.* 166: 411-427.

Shirakawa M, Ueda H, Shimada T, Kohchi T, *Hara-Nishimura I (2014) Myosin cell development is regulated by endocytosis machinery and PIN1 polarity in leaf primordia of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* 26: 4462-4482.

Ishizaki K, Mizutani M, Shimamura M, Masuda A, Nishihama R, *Kohchi T (2013) Essential role of the E3 ubiquitin ligase NOPPERABO1 in schizogenous intercellular space formation in the liverwort *Marchantia polymorpha*. *Plant Cell* 25: 4075-4084.

アウトリーチ：市民参加シンポジウム・未来を拓く植物バイオのチカラにて講演、2014.3.28

【平井優美、望月敦史、及川彰、澤田有司、Vergara Luis Fredd、李一蒙、川出健介、境祐二】論文 9 本、受賞 5 件（第 11 回日本学術振興会賞-望月、第 18 回植物形態学会平瀬賞-川出）

Hayakawa Y, Tachikawa M, *Mochizuki A (2015) Mathematical study for the mechanism of vascular and spot patterns by auxin and PIN dynamics in plant development. *J. Theor. Biol.* 365: 12-22.

*Mochizuki A, Fiedler B (2015) Sensitivity of chemical reaction networks: a structural approach. 1. Examples and the carbon metabolic network. *J. Theor. Biol.* 367: 189-202.

Kusuda H, Koga W, Kusano M, Oikawa A, Saito K, Hirai MY, *Yoshida KT (2015) Ectopic expression of myo-inositol 3-phosphate synthase induces a wide range of metabolic changes and confers salt tolerance in rice. *Plant Science* 232: 49-56.

©*Sato Y, Kawagoe T, Sawada Y, Hirai MY, Kudoh H (2014) Frequency-dependent herbivory by a leaf beetle, *Phaedon brassicae*, on hairy and glabrous plants of *Arabidopsis halleri* subsp *gemmaifera*. *Evolutionary Ecology* 28: 545-559.

*Kawade K, Horiguchi G, Ishikawa N, Hirai MY, Tsukaya H (2013) Promotion of chloroplast proliferation upon enhanced post-mitotic cell expansion in leaves. *BMC Plant Biol.* 13: 143.

(2) 公募研究

【伊藤純一】論文 2 本、受賞 1 件（日本育種学会奨励賞-桧原健一郎）

Yoshikawa T, Ito M, Sumikura T, Nakayama A, Nishimura T, Kitano H, Yamaguchi I, Koshihara T, Hibarā K, Nagato Y,

*Itoh J (2014) The rice FISH BONE gene encodes a tryptophan aminotransferase, which affects pleiotropic auxin-related processes. *Plant J.* 78: 927–936.

【伊藤正樹】論文 5 本

Kobayashi K, Suzuki T, Iwata E, Nakamichi N, Suzuki T, Chen P, Ohtani M, Ishida T, Hosoya H, Müller S, Leviczky T, Pettkó-Szandtner A, Darula Z, Iwamoto A, Nomoto M, Tada Y, Higashiyama T, Demura T, Doonan JH, Hauser MT, Sugimoto K, Umeda M, Magyar Z, Bögre L, *Ito M (2015) Transcriptional repression by MYB3R proteins regulates plant organ growth. *EMBO J.* in press

*Maruyama D, Völz R, Takeuchi H, Mori T, Igawa T, Kurihara D, Kawashima T, Ueda M, Ito M, Umeda M, Nishikawa S, Groß-Hardt R, Higashiyama T (2015) Rapid elimination of the persistent synergid through a cell-fusion for polytubey block. *Cell* 161:907-918.

【遠藤求】論文 5 本、報道 8 件、受賞 2 件（第 12 回日本植物学会奨励賞他）

*Endo M, Shimizu H, Nohales AM, Araki T, Kay SA (2014) Tissue-specific clocks in Arabidopsis show asymmetric coupling. *Nature* 515: 419-422、紹介記事 : Leaf veins share the time of day. *Nature News & Views* 515, 352-353.
アウトリーチ : Nature Asia 日本語要約の作成、日本自然保護協会会報誌「自然保護」3/4 月号に寄稿

【小田祥久】論文 5 本、著書 1 本、受賞 1 件（第 12 回日本植物学会奨励賞）

*Oda Y (2015) Cortical microtubule rearrangements and cell wall patterning. *Front Plant Sci.* 6: 236.

*Oda Y, Iida Y, Nagashima Y, Sugiyama Y, Fukuda H (2015). Novel Coiled-Coil Proteins Regulate Exocyst Association with Cortical Microtubules in Xylem Cells via the Conserved Oligomeric Golgi-Complex 2 Protein. *Plant Cell Physiol.* 56: 277-286.

【小島晶子】論文 1 本

*Machida C, Nakagawa A, Kojima S, Takahashi T, Machida Y (2015) The complex of ASYMMETRIC LEAVES (AS) proteins plays a central role in antagonistic interactions of genes for leaf polarity specification in Arabidopsis. *WIREs Devel. Biol.* (in press)

【篠原秀文】論文 3 本、報道 5 件、受賞 1 件（第 22 回日本植物生理学会 PCP 論文賞）

Tabata R, Sumida K, Yoshii T, Ohyama K, Shinohara H, *Matsubayashi Y (2014) Perception of root-derived peptides by shoot LRR-RKs mediates systemic N-demand signaling. *Science* 346: 343-346.

*Shinohara H, Matsubayashi Y (2015) Reevaluation of the CLV3-receptor interaction in the shoot apical meristem: dissection of the CLV3 signaling pathway from a direct ligand-binding point of view. *Plant J.* 82: 328-336.

【田岡健一郎】論文 1 本

*Tsuji H, Tachibana C, Tamaki S, Taoka K, Kyozuka J, Shimamoto K (2015) Hd3a promotes lateral branching in rice. *Plant J.* 82: 256-266.

【高橋卓】論文 3 本、書籍 1 件

©Tong W, Yoshimoto K, Kakehi JI, Motose H, Niitsu M, *Takahashi T (2014) Thermospermine modulates expression of auxin-related genes in Arabidopsis. *Front. Plant Sci.* 5: 94.

Kakehi JI, Kawano E, Yoshimoto K, Cai Q, Imai A, *Takahashi T (2015) Mutations in ribosomal proteins, RPL4 and RACK1, suppress the phenotype of a thermospermine-deficient mutant of Arabidopsis thaliana. *PLoS One* 10: e0117309.

【高橋直紀】論文 9 本、書籍 2 件、報道 1 件

Takahashi N, *Umeda M (2014) Cytokinins promote onset of endoreplication by controlling cell cycle machinery. *Plant Signal Behav.* 9: e29396.

Yi D, Kamei CLA, Cools T, Vanderauwera S, Takahashi N, Okushima Y, Eekhout T, Yoshiyama KO, Larkin J, Van den

Daele H, Conklin P, Britt A, Umeda M, *De Veylder L. (2014) The Arabidopsis thaliana SIAMESE-RELATED cyclin-dependent kinase inhibitors SMR5 and SMR7 control the DNA damage checkpoint in response to reactive oxygen species. *Plant Cell* 26: 296-309.

【鳥居啓子】論文 2 本、受賞 3 件（第 31 回井上學術賞、2015 年アメリカ植物生物学会フェロー受賞、第 35 回猿橋賞）

*Cui H, Kong D, Wei P, Hao Y, Torii KU, Lee JS, Li J (2014) SPINDLY, ERECTA, and its ligand STOMAGEN have a role in redox-mediated cortex proliferation in the Arabidopsis root. *Mol Plant*. 7: 1727-1739.

Aguilar-Martínez JA, Uchida N, Townsley B, West DA, Yanez A, Lynn N, Kimura S, *Sinha N (2015) Transcriptional, post-transcriptional and post-translational regulation of STM gene expression in Arabidopsis determine gene function in the shoot apex. *Plant Physiol.*, 167: 424-442.

【濱田隆宏】論文 4 本

Motomura K, Le Q TN, Hamada T, Kutsuna N, Mano S, Nishimura M, *Watanabe Y. (2015) Diffuse DCP2 Accumulates In DCP1 foci Under Heat Stress In *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Physiol*. 56:107-115.

◎Hamada T, Ueda H, Kawase T, *Hara-Nishimura I (2014) Microtubules Contribute to Tubule Elongation and Anchoring of Endoplasmic Reticulum, Resulting in High Network Complexity in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiol*. 166:1869-1876.

【藤田浩徳】論文 4 本、報道 8 件

◎*Fujita H, Aoki S, Kawaguchi M (2014) Evolutionary dynamics of nitrogen fixation in the Legume–Rhizobia symbiosis. *PLoS ONE* 9: e93670.

◎Fukushima K, Fujita H, Yamaguchi T, Kawaguchi M, Tsukaya H, *Hasebe M (2015) Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *Sarracenia purpurea*. *Nat. Commun.* 6:6450.

【藤本仰一】論文 2 本

◎*Kitazawa MS, *Fujimoto K (2015) A dynamical phyllotaxis model to determine floral organ number. *PLoS Comput Biol*. 11: e1004145.

◎Kitazawa MS, *Fujimoto K (2014) A developmental basis for stochasticity in floral organ numbers. *Front. Plant Sci*. 5:545.

アウトリーチ：高校出張講義、私立開智高等学校、数学から理解する身近な現象—生物や社会を例に—2014.7.12

【古谷将彦】論文 2 本、受賞 1 件（第 11 回梅園賞）

*Hayashi K, Nakamura S, Fukunaga S, Nishimura T, Jenness MK, Murphy AS, Motose H, Nozaki H, Furutani M, Aoyama T (2014) Auxin transport sites are visualized in planta using fluorescent auxin analogs. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 111: 11557-11562.

【前島正義】論文 8 本、書籍 1 件、受賞 2 件（日本生化学会中部支部奨励賞、日本農芸化学会中部支部学術奨励賞）

◎Segami S, Makino S, Miyake A, Asaoka M, *Maeshima M (2014) Dynamics of vacuoles and H⁺-pyrophosphatase visualized by monomeric green fluorescent protein in Arabidopsis: Artifactual bulbs and native intravacuolar spherical structures. *Plant Cell* 26: 3416-3434.

Tanaka N, Fujiwara T, Tomioka R, Krämer U, *Kawachi M, *Maeshima M (2015) The histidine-rich loop of Arabidopsis vacuolar membrane zinc transporter AtMTP1 is involved in sensing cytosolic level of zinc. *Plant Cell Physiol*. 56: 510-519.

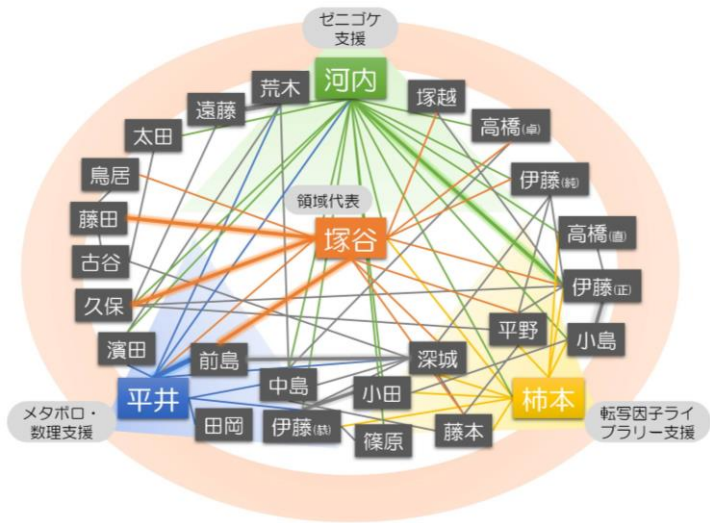
アウトリーチ：名古屋大学 HP 上 nature INDEX 2015、NU Research にて研究成果紹介

6. 研究組織（公募研究を含む）と各研究項目の連携状況（2 ページ程度）

領域内の計画研究及び公募研究を含んだ研究組織と領域において設定している各研究項目との関係を記述し、研究組織間の連携状況について組織図や図表などを用いて具体的かつ明確に記述してください。

●本領域の研究組織と連携の状況

本領域の計画研究 9 課題と公募研究 1 8 課題は、すべて同じ研究項目 A01 に含まれる。本領域の研究目的を果たすため総括班の支援体制を充実させ、計画研究および公募研究各課題の推進に生かすよう、領域内での支援班との連携・共同研究の可能性を積極的に促進した。また、班会議等で互いの研究計画・成果などの情報交換を密に行い、必要に応じて組織間の連携を促した。その結果、これまでに行われた共同研究の件数は 68 件（研究グループ間ベース）となった。また、今後共同研究を進める可能性も含めると、その件数は、80 件となった。



領域内の連携状況
領域内で行われている共同研究の実施状況を研究代表者間の線で示した。太線は論文発表に至った共同研究を示す。緑色・黄色・青色は、支援班による支援ベースの共同研究を示す。

●支援班の利用状況

支援体制のうち、メタボローム解析基盤を担当する平井との共同研究は、7 件が進行中であり（塚谷、荒木、伊藤（大橋）恭子、Ferjani Ali、大和、濱田、前島）、新たに 2 件（深城、中島）も計画中である。また、ゼニゴケ研究基盤の支援を受けた班員の数は 10 件（塚谷、伊藤（大橋）恭子、荒木、中島、太田、久保、篠原、小島、高橋卓、高橋直紀）と 3 分の 1 以上の課題でゼニゴケを研究材料に取り入れている。また、本領域が推進する植物の発生研究への数理解析の導入に関しては、既に複数の班員が、数理生物学者の望月、藤田、藤本と連携する研究を進めている（塚谷、松永、深城、郷、平野、長谷部、鳥居、古谷）。柿本、松井、大島らによるシロイヌナズナ全転写因子ライブラリーがほぼ完成したことで、これらの利用も増えつつある。

●計画研究課題を中心とした研究組織間の協力

塚谷（計画）は、藤田、久保、前島（公募）と、捕虫葉の形態形成、葉の発生における DNA 修復応答、葉の細胞伸長における液胞 V-ATPase 機能に関してそれぞれ共同研究を行い、3 報の論文を共著で出版した（Fukushima et al., 2013; Hisanaga et al., 2011; Ferjani et al., 2013）。また、平井（計画）と 4 倍体植物のメタボローム解析、平井の研究分担者・望月と数理解析、伊藤純一（公募）とイネ AN3 の機能解析を、それぞれ共同研究として進めている。深城（計画）は、古谷（公募）と側根形成開始におけるオーキシンを介した遺伝子発現調節機構について共同研究を進めている。伊藤（大橋）恭子は、小田（公募）と維管束細胞の分裂機構について共著論文を出版した（Ohashi-Ito et al., 2014）。荒木（計画）は、河内（計画）とゼニゴケのトランスクリプトーム解析を行い、精細胞形成のマスター遺伝子を同定している。また、遠藤（公募）と植物の概日時計システムについて共著論文を発表した（Endo et al., 2013）。中島（計画）は濱田（公募）の連携研究者・豊岡と透過電子顕微鏡解析を行っている。河内（計画）は、自身の研究課題を推進しつつ、ゼニゴケ支援体制の拠点として、他班員と 18 件の共同研究（塚谷、伊藤（大橋）恭子、柿本、中島、伊藤正樹、太田、小島、篠原、濱田ら）を進めている。平井（計

画)は、メタボローム拠点として、LC-MSを導入し非ターゲット分析系を立ち上げた。これと理研の既存技術であるワイドターゲット分析系、CE-MSによる非ターゲット分析系を用いて、塚谷、荒木、伊藤(大橋)恭子、Ferjani、大和、濱田、前島らと7件の共同研究を進めている。

● 公募研究課題を中心とした研究組織間の協力

遠藤(公募)は、久保(公募)がヒメツリガネゴケで行った「一細胞の遺伝子発現解析」をシロイヌナズナに応用し、共同研究を行っている。小田(公募)は、支援班の松井・大島が提供するシロイヌナズナ転写因子ライブラリーや関連する支援ツールを大規模に利用し、木部細胞の細胞骨格の空間配置を決定する新規因子を多数同定している。太田(公募)は、C24 エチルステロールの欠損とオーキシン関連機能の異常について、古谷(公募)と共同研究を開始した。伊藤正樹(公募)と高橋直紀(公募)の連携研究者・梅田は、ともに植物の細胞増殖制御研究の専門家として、互いの得意分野を活かした共同研究を行い、共著の論文を出版した(Maruyama et al., 2015)。数理生物学者の藤田(公募)は、上述した塚谷との共同研究の他、鳥居(公募)と気孔パターンニングについて、古谷(公募)とオーキシン輸送モデルについて、塚谷(計画)の連携研究者・松永と共同研究をしている。一方、藤本(公募)も、塚谷(計画)、深城(計画)、平野(計画)と、器官別の解析に数理解析を導入する計画を立てている。前島(計画)は、上述した塚谷との共同研究に加えて、液胞膜H⁺-ピロホスファターゼの機能解析に関連したメタボローム解析を平井(計画)と共同で行っている。

7. 若手研究者の育成に係る取組状況（1 ページ程度）

領域内の若手研究者の育成に係る取組状況について記述してください。

<若手研究者の育成>

本領域には 39 歳以下の若手研究者が、研究代表者として 8 名、分担・連携研究者として 20 名以上含まれている。さらに、研究協力者を含めた全研究者数 220 人に対して若手研究者は 109 人と全体の 50% を占めるほど若手研究者の比率が高くなっている。この高い若手研究者比率は、本領域が発足時から若手研究者の育成を念頭において活動してきたことによる。そのため、班会議、メタボロームをはじめとした支援班による研究会や若手ワークショップ等において、若手—若手研究者間、若手—シニア研究者間のコミュニティ形成が自然に、かつ非常に活発に行われる状況となっている。更なる若手研究者の支援を推進するために、以下の取り組みを行ってきた。

●若手ワークショップの開催

若手研究者のエンカレッジおよびコミュニティづくりを推進するために、若手のワークショップを年 1 回開催している（右写真）。寝食を共にする 2 泊 3 日の合宿形式をとり、学部学生・大学院生・ポスドクを中心とした口頭発表・ポスター発表を行っている。この会は、日中に行われた発表会での議論の続きが深夜にまで続くほどの盛り上がりを見せ、若手研究者の所属を超えた連携の推進や研究意欲の向上に大きな役割を果たしている。



●シンポジウムにおける若手研究者の支援

本領域の若手研究者を主な演者としたシンポジウムの開催（日本植物学会第 78 回大会、2014. 9）や、若手研究者の国際シンポジウムへの派遣支援（HORIZONS IN PLANT BIOLOGY、ドイツ、2014. 11）など、積極的に若手研究者に活躍の機会を提供する取り組みを行っている。



上：第一回若手ワークショップ
2013.11.30~12.2 生駒にて
下：第二回若手ワークショップ
2014.11.20~11.22 熱海にて

●大学院教育推進プログラムのサポート

奈良先端科学技術大学院大学が行っていた植物科学グローバルトップ教育推進プログラムへのサポートを通し、次世代の若手研究者育成に関わっている。シンポジウム「細胞を創る操る」、「植物の中をめぐる多様なシグナル分子」を共催として支援した（2013. 11、2014. 11）。

●新技術獲得のための勉強会および研究支援

メタボローム勉強会（2014. 2、2015. 2、右下写真）や、ゼニゴケ勉強会（2015. 5）を開催し、多くの若手研究者に新技術獲得の機会を提供した。これらの勉強会を通して相互に情報交換を行う素地ができたため、これらの勉強会が若手研究者間の密な連携・協力体制を形成する更なる契機となった。また、研究を円滑に進めるために各種ツール（全転写因子ライブラリー、メタボローム解析基盤、ゼニゴケ解析基盤、マイクロアレイ解析等）を総括班により整備し、利用可能にしている。

<若手研究者の受賞状況>

日本学術振興会賞（45 歳以下、2 名）、文部科学大臣表彰若手科学者賞（1 名）、植物生理学会奨励賞（3 名）、植物生理学会 PCP 論文賞（1 名）、植物学会奨励賞（3 名）、日本植物形態学会平瀬賞（2 名）、日本育種学会奨励賞（1 名）等を受賞しており、高い評価を得ている。

<若手研究者の昇進状況>

准教授・助教への昇進を含め常勤職への就職が 26 年度は 8 人と若手研究者が順調にキャリアアップしている。



第二回メタボローム勉強会
2015.2.14~2.16 鶴岡にて

8. 研究費の使用状況（設備の有効活用、研究費の効果的使用を含む）（1 ページ程度）

領域研究を行う上で設備等（研究領域内で共有する設備・装置の購入・開発・運用・実験資料・資材の提供など）の活用状況や研究費の効果的使用について総括班研究課題の活動状況と併せて記述してください。

● 領域内で共有する設備等の活用状況および総括班活動状況

本領域総括班には4つの研究支援体制がある。前半の2年間では総括班研究費を用いて以下の3つの支援体制において共有する設備の導入・実験材料の作出を行った。

【シロイヌナズナ転写因子ライブラリーの整備】（平成25年度 13,600,000円、26年度 2,000,000円）

発生生物学の研究においては転写因子が重要な位置を占める。「植物発生ロジック」領域においても、発生生物学上重要な転写因子の発見を目指している。また、転写因子の転写ネットワークや、転写因子の相互作用も重要となると考えられる。本研究領域では、これまでに理化学研究所と産業科学総合研究所により作成された転写因子ライブラリーを拡充することにより、転写因子個別ライブラリーを整備している。個別ライブラリーを持つことで、新しいステージの研究できるようになった。つまり、「なかば運に任せてスクリーニングする」から「すべての転写因子について白黒つけることができる」研究体制になった。具体的には、平成25年度予算で676個の遺伝子をクローン化してエントリークローンを拡充し（松井）、平成26年度予算で酵母1ハイブリッド/酵母2ハイブリッドに用いることができるライブラリーへと変換した（大島）。エントリークローンは様々な用途に用いることができ、理研BRCを通じて公開した。大島らは、酵母1ハイブリッド、2ハイブリッド法を洗練させ、ロボットを用いたハイスループットかつ信頼性の高い実験系を作り上げ、班員との共同研究をおこない、成果を上げている（Y1/2Hライブラリーの現在のクローン数1304、DNA結合転写因子の今後の拡充計画467クローン、co-factor 57クローンの拡充計画）。

【ゼニゴケ研究支援】（平成25年度 1,000,000円、26年度 3,000,000円）

ゼニゴケを用いた実験の導入支援と次世代シーケンサーを活用した遺伝子発現解析支援を行った。ゼニゴケ研究をはじめ研究者に随時講習を行い、標準系統や形質転換ベクターを提供した（領域内17名の研究者に提供）。次世代シーケンサーのライブラリー作成に関する試薬は高コストであり、また小口の使用者にはロスも大きい。そこで、本領域の支援活動として、ライブラリー調製のノウハウを共有し、試薬を有効に活用する体制を構築した。具体的には、RNAの品質確認段階からライブラリーのサンプル識別バーコード管理、調製を行った。次世代シーケンスは外部との連携で行い、シーケンサーのランニングコストは計画班員・公募班員の受益者負担とした。次世代シーケンスの解析は京都大学の大型計算機センターの機器を活用して解析補助を行った。実験データの解析を加速するため、平成26年度には並列処理可能な高性能ワークステーションを導入し、ゲノム情報を用いた解析、特に分子系統樹作成に要する時間を短縮した。平成25・26年度で次世代シーケンス解析は2年で200サンプル余りの結果を得た。さらに、ゼニゴケ研究者の交流を促進するため、平成26年度には国際ゼニゴケワークショップを開催した。平成26年12月8日・10日に神戸大学で開催し、175名（海外21名を含む）の参加者を得た。基調講演に研究者（海外2名、国内2名）を招聘した。基調講演を含めて48題の口頭発表と76題のポスター発表が行われ、密な情報交換や今後の共同研究の打ち合わせが行われた。本新学術領域を中心としたゼニゴケを用いた研究の加速が期待される。

【メタボローム解析支援】（平成25年度 50,000,000円、26年度 2,500,000円）

メタボローム解析支援のために、平成25年度末に液体クロマトグラフィー質量分析機を理研に導入し、平成26年度からは運転のための技術員を雇用している。これに加え、理研雇用の技術員による理研に既存の質量分析機2台を用いた分析を行なって、領域の研究を支援している。平成27年度からは領域代表が岡崎統合バイオの教授としてメタボロミクス発生学のプロジェクト研究を立ち上げた。

9. 総括班評価者による評価（2ページ程度）

総括班評価者による評価体制や研究領域に対する評価コメントを記述してください。

北海道大学・大学院・教授

内藤 哲

本新学術領域は、植物の発生、分化、成長を司る内在プログラムの本質たる「植物発生ロジック」を明らかにしようとするものであり、(1) 生命現象の階層性を念頭においての器官特異性、(2) 細胞内・細胞間因子の分子遺伝学、(3) シロイヌナズナから他のモデル植物系への敷衍、(4) メタボロミクスを基盤とした代謝と発生の連関、(5) 数理解析による基本制御ネットワークの抽出、の5つの「次元」から攻めることで、その目的を達成しようとしている。

この領域は、計画班員、公募班員とも、極めて活発に研究を行っており、研究期間前半の研究で、既に多くの論文発表がなされている。中でも、

Kubota et al., Co-option of a photoperiodic growth-phase transition system during land plant evolution. *Nat. Commun.* (2014),

Ohashi-Ito, et al., A bHLH complex activates vascular cell division via cytokinin action in root apical meristem. *Current Biology* (2014),

Fukushima et al., Oriented cell division shapes carnivorous pitcher leaves of *Sarracenia purpurea*. *Nat. Commun.* (2015)

など、論文のタイトルからも分かる通り、この領域の特徴が出た論文が本領域の成果として有力雑誌に発表されていることは、領域として地に足をつけた研究が進行していることを物語っている。

班会議における成果発表では活発な議論がなされており、領域内の情報交換は十分に行なわれている。領域の目標を見据えることが出来ていないように思われる公募班員は、どの領域にでも居るが、この領域では私が気になった発表には、すかさず領域代表からの意見が出されていて、領域代表のリーダーシップが見て取れた。

組織面では、4つの研究支援班、即ち、(2)を強化するための「転写因子ライブラリ」、(3)についての「ゼニゴケ研究支援」、(4)についての「メタボローム解析」、(5)についての「数理解析」を設置している。班会議に合わせて「ゼニゴケ研究支援 講習会」や、毎年「メタボローム勉強会」を開催したり、合宿形式で「数理モデルの経験のある理論研究者と、実験研究者とのマッチングを進める勉強会」を計画するなど、積極的かつ実質的な研究支援を行なっている。

アウトリーチ活動の面では、この領域は他の多くの領域とは異なる際立った特徴がある。即ち、大学で開催する市民公開講演会やサイエンスカフェなどの既存システムに乗った形の活動よりむしろ、領域代表がテレビ・ラジオ等に出演して一般啓蒙活動を行うことが中心になっている。これにより、多くの国民に研究成果を分かり易く知らせることが出来ていると評価できる。

多くの領域でシンポジウム等の企画がなされるが、通例は国内での開催である。この領域では、ドイツ・ケルンで開催された基礎生物学研究所とマックスプランク植物育種学研究所との合同シンポジウムを共催して、領域から多くの発表者を参加させており、国際的な活動を重視していることは高く評価できる。

この領域は、領域代表者のリーダーシップが適切に発揮されており、期待以上の成果が出て来ていると言える。また、学会賞のみならず、猿橋賞や日本学術振興会賞の受賞者を輩出しており、強力な研究グループである。研究期間後半での更なる成果を期待している。

北海道大学・大学院・名誉教授

山本 興太郎

本領域研究は植物の発生研究で既に定評のある実績を持つ研究者によって組織されていて、現在、設定期間のほぼ半分を経過した時点で既に相当量の研究業績を挙げている。この現在の達成レベルを考えれば、設定期間終了後には十分な成果が期待できよう。班員が各自の研究領域の深化を目指すのは当然だが、いくつかの研究では新しいパラダイム誕生の予感もすることを特記しておきたい。河内のゼニゴケを使ったフィトクロム研究、古谷のオーキシン極性輸送研究、遠藤・久保の1細胞解析などがそれである。現代生物学では数理的アプローチが欠かせなくなったが、数理解析に関する班会議での熱心な議論はこの分野での高度の達成を、これも予感させるものだった。

京都大学・大学院・教授

阿形 清和

近年、日本の植物発生学は遺伝学を導入して急速に発展し、多くの世界レベルの知見を生み出している。そういった点において、本研究班は、新学術領域研究の中で、動物発生学と対をなす研究班として注目度の高い研究班を形成している。研究推進委員として、動物発生との交流を促進しているが、本研究班は内に籠ることなく積極的に外にうって出ている点を高く評価したい。具体的には、『植物の逆襲』と名うったワークショップを昨年の発生生物学会で企画したり、本年には動物と植物発生のジョイント・シンポジウムを開催したりと、植物発生研究のビジビリティは急速にあがっている。特に、進化経路が異なる、あるいは細胞の運動性の違いがあるにもかかわらず、発生の分子機構としては同じようなロジックを使っている点は多くの驚きをもたらし、植物と動物の研究交流の新たなムーブメントを作りつつある。さらに、①ゼニゴケを新規モデルとして独自に開発し、それをいろいろな研究シーンで班員が導入することで発生ロジックに対して進化的な考察を加えるようにしている点、②メタボロームや転写因子ネットワークという観点から発生ロジックを見直すということを班全体で行っている点、などユニークな試みも行っており、残り2年半後にもたらされる新しい知見に期待している。

千葉大学・大学院・教授、理化学研究所環境資源科学研究センター・教授

齊藤 和季

生物学の基本的な課題の1つに、植物の発生・成長を支える発生ロジックの解明がある。本領域では、植物の生命現象の根幹に関わる発生ロジックを解明し、ひいては発生生物学全体にわたる理解と研究スタイルとの双方にブレイクスルーをもたらすことを目標に、挑戦的な研究プロジェクトを立ち上げた。そのため9名の計画班班員が互いに協力し合う形での有機的連携研究を進め、以下の5つの多面的な解析を有機的・立体的に織りこんだ研究の場を形成した。これらは1. 植物の生命現象の階層性を意識した器官別の解析、2. 植物ホルモンや転写関連因子などの分子遺伝学、3. イネやゼニゴケという別システムへの投射、4. メタボロームを使った代謝と発生の接点、5. 複雑なネットワークから本質的な経路を抽出するための数理解析、である。特に、旧来の発生生物学では取り入れられていなかったメタボロミクスと数理解析を導入した点が高く評価され、今後の大きな進展が期待される。

このような、今までにないユニークで挑戦的な視点から研究は推進され、各種国際シンポジウムの開催、班員にはなじみの薄いメタボロミクス勉強会や若手ワークショップの開催など、精力的な活動がなされている。以上のように、本新学術領域研究は、領域代表である塚谷裕一東大教授の強い指導力により、植物発生学における挑戦的な分野を切り拓き、世界的なレベルでその発展の基礎を固めることに成

功しつつある。領域年限の後半に向かい、さらに従来にはない視点からの共同研究成果がさらに多く発表されることを期待したい。

理化学研究所・環境資源科学研究センター・センター長

篠崎 一雄

本領域の大目標の「植物発生ロジックの解明」に関して、植物の器官形成に関する制御因子として転写因子、ペプチド分子の機能解析の成果が上げられていることが学術的に高く評価できる。特に維管束幹細胞の形成、食虫植物の捕虫葉の形態形成、花形成に関するメリステムの相転換に関する大きな成果が得られた。本領域で特に推進している代謝と発生のクロストークに基づく器官形成機構については、メタボロミクス解析基盤が共同研究のコアとなって研究の展開を後押ししていると評価できる。発生制御ネットワーク解析に数理生物学を取り入れてモデリングも進展した。

さらに、シロイヌナズナやイネの研究に加えて、ゲノムが小さく遺伝子の少ないゼニゴケの実験系が整備されて器官形成に関わる制御遺伝子の機能の比較解析が大きく進展している。国際ゼニゴケワークショップの開催もこの分野の研究を加速させた。特にゲノム編集技術の進展は今後の発展に向けて大きな成果となっている。

人材養成に関しては、ワークショップや国際シンポジウムの開催は当該分野の若手の育成に大きく役立っている。さらに異分野との連携を進めて次世代のリーダーを育成することも重要であるので今後の工夫が必要である。

10. 今後の研究領域の推進方策（2ページ程度）

今後どのように領域研究を推進していく予定であるか、研究領域の推進方策について記述してください。また、領域研究を推進する上での問題点がある場合は、その問題点と今後の対応策についても記述してください。また、目標達成に向け、不足していると考えているスキルを有する研究者の公募研究での重点的な補充や国内外の研究者との連携による組織の強化についても記述してください。

● 計画研究課題と公募研究課題の推進と班員間の連携・共同研究の推進

研究は順調に進行していることから、基本的には現状のペースで研究を推進し、各研究者との連絡をさらに密にしつつ、領域研究を推進する。平成28年度からは、最後の二年間の公募班員が加わるので、本領域の目指す多面的な研究（器官別の解析、情報分子を基軸とした解析、メタボローム解析、数理解析など）をさらに極めるような共同研究体制を展開したいと考えている。班員間の情報交換・連携の機会を積極的に設けるため、後半は年に二回の班会議（研究計画発表会、研究成果発表会）を開催するだけでなく、若手ワークショップ、メタボローム勉強会、ゼニゴケ研究支援講習会、数理解析勉強会、国際シンポジウム・ワークショップなど開催する。さらに、今後の研究領域の推進方策を推進するため、支援班の活動を推進していく（以下に詳述）。

● 支援班の活動の推進と設備・リソースの有効利用の促進

本領域研究を推進するためこれまで整備してきた総括班における支援班の設備・リソースを班員内で有効に利用し、以下に記すように班員間の連携や共同研究を推進する。

【シロイヌナズナ転写因子ライブラリーの整備と利用】（担当：柿本・松井・大島）

多くの班員が転写因子を研究対象としており、また支援班の対応能力が高いことから、多くの共同研究を見込んでいる。これらに関係する班員が有効に利用することで、転写因子研究が飛躍的に進むと期待される。今後検討すべき点として、すべての転写因子を個別クローンとするとしていたが、実際には発現量が極端に低いなど、難しい遺伝子が未クローンとなっている。また、これまでは直接DNAに結合して転写制御すると予測されたタンパク質を転写因子としてクローン化してきたが、転写のco-factorについてもクローン化する。個別クローンの有効性が顕著であるので、転写因子以外についても、特定のクラスに絞って遺伝子の個別クローンを作成し、転写因子を含めたタンパク質機能ネットワークの研究を推進する可能性も検討する。

【ゼニゴケ研究支援】（担当：河内）

RNA-Seqやワークショップ開催といったこれまでの支援を継続する。班員の声に基づき、支援を加速・充実させる。これまでは、ゼニゴケ研究を開始する研究者が支援拠点の研究室に滞在して、ゼニゴケを研究材料に導入する手法を習得していた。平成27年度からは更に進んだレベルのトピックを中心に定期的に講習会を開催する。既に平成27年5月16日には、ゼニゴケの効率的なゲノム編集法と凍結保存法を中心とした講習会を行った。完全閉鎖系栽培法や保存精子による交配法も確立しつつある。最新の実験手法を中心に講習会は継続する。ゼニゴケはゲノム情報がまだ公開できておらず、さまざまな解析で得られたゲノム情報が統合されていない状況にあった。これらのデータを統合して、平成26年度にはゼニゴケゲノムが論文公開される予定である。さらに、新学術領域研究の取組が中心となって、遺伝学研究所にゼニゴケゲノムポータルサイト立ち上げを準備している。情報の集約と発信によって、ゼニゴケを用いた進化的な植物発生研究が加速すると期待される。

【メタボローム解析支援】（担当：平井）

代謝と発生の接点という次元での解析を推進するために毎年メタボローム勉強会を開催し、発生生物学研究者とメタボローム研究者との有機的連携を図っており、その成果は着実に上がってきている。一方で、メタボロームのデータマイニングは現状では必ずしも十分とは言えず、発生生物学の視点を持つ

てメタボロームデータに向き合うための技術講習、さらに数理解析を取り入れるための講習を、同勉強会で行なうことを計画している。また、細胞毎のメタボローム解析など、分析の空間解像度を上げるための技術開発を領域内外の研究者との連携により進めていく。

【数理解析支援】(担当：望月)

これまでの2年間で多くの班員が数理モデル化や数理解析を希望していることから、数理モデルの経験のある理論研究者と実験研究者とのマッチングを進める勉強会が必要と考え、平成27年度から希望班員関係者による「数理解析の勉強会」を開催する予定である。

【それ以外の支援】

上記の研究支援体制を推進するだけでなく、総括班としてシロイヌナズナ/イネ・マイクロアレイ受託解析も継続していくとともに、次世代シーケンサーによるRNA-seqの解析支援を行う。また、公募班員のなかでユニークな解析技術を確立している班員の技術を班員間で共有して、共同研究の幅を広げることも検討する。

● 研究成果の発信

これまで研究成果は、論文および領域ホームページ等で迅速に公開してきた。後半では論文による成果の発表だけでなく、国際研究集会を開催し、成果の一層の発信と浸透を図りたい。また、成果を一般に公開する機会として、平成29年度(本領域最終年度)に日本発生物学会が国立科学博物館において企画する予定の特別展(時期未定)に、植物の発生に関する展示部分を本領域が協力することになっており、こうしたアウトリーチ活動の中で、本領域の成果を積極的に発信する予定である。

● 若手研究者の育成

領域研究の発展は、領域内外の共同研究に支えられている。これを実際に推進する上で、若手研究者の育成は欠かせない。本領域の班員(研究代表者、研究分担者、連携研究者)は、比較的若手研究者の比率が高い。これまで日本の植物科学の研究レベルは国際的にも高く、この植物発生研究分野においても大きな貢献をしてきた。今後も大学院生やポスドク研究者等の研究協力者も含めて、植物発生のみならず植物科学、ひいては生物学分野を将来牽引する若手の育成を推進する。そのため、年に一度の若手ワークショップの開催や、メタボローム勉強会、ゼニゴケ研究支援講習会、数理解析勉強会、国際シンポジウム・ワークショップなどの開催を通して、若手研究者の発表や議論の機会を増やしていく。また、イメージング技術や統計解析技術など専門性の高い技術を持っている若手研究者には、新分野に積極的に入っていくことを促すようにしたい。