

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 29 日現在

機関番号：12601

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2009～2014

課題番号：21114004

研究課題名（和文）窒素同化能力強化植物を用いたC/N相互作用に基づく高CO₂応答ネットワークの解析研究課題名（英文）Analysis of high CO₂ response on the metabolic network consisting of C and N metabolic pathways with wild-type and genetically modified Arabidopsis plants

研究代表者

柳澤 修一（Yanagisawa, Shuichi）

東京大学・生物生産工学研究センター・准教授

研究者番号：20222359

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 86,100,000円

研究成果の概要（和文）：窒素栄養環境の違いが高CO₂応答として引き起こされる代謝バランスの変化に、どのような影響を及ぼすかを明らかにすることを目的として、CO₂濃度、窒素栄養の種類と濃度、光強度が異なる多様な生育環境（合計で24条件）で栽培したシロイヌナズナを用いてメタボローム解析を実施した。これにより、アンモニウムが窒素源として存在していることが代謝バランスを改変する大きな要素であるが、個々の代謝物濃度におけるアンモニウムの効果に対して、CO₂濃度の上昇は違ったように作用することを明らかにした。また、窒素同化能力を改変したシロイヌナズナを用いて類似の解析も行った。

研究成果の概要（英文）：To investigate modulations in plant metabolism by the combined action of elevated atmospheric CO₂ concentration and other nutritional factors, we performed targeted metabolomic analysis using Arabidopsis plants grown under 24 different conditions where the CO₂ concentration, amounts and species of nitrogen source, and light intensity were modified. Our results indicate that both the biosynthesis of diverse metabolites and growth are promoted in proportion to the CO₂ concentration at a wide range of CO₂ level, although ammonium is a prominent factor determining metabolic status, while the CO₂ concentration is not. Ammonium-induced metabolic alterations were differently modified by high concentrations of CO₂, implying that increases in CO₂ concentration may differently influence plant metabolism depending on the nitrogen nutrient conditions. We also performed targeted metabolomic analysis with Arabidopsis plants whose ability for nitrogen assimilation was genetically modified.

研究分野：植物生化学

キーワード：高二酸化炭素 窒素同化 メタボローム解析

1. 研究開始当初の背景

植物は、光合成回路から供給される2オキソグルタル酸を用いて土壌中の無機態窒素を同化して、生長に必須な生体物質を合成している。このような生体物質にはクロロフィルや光合成機能に関わるタンパク質も含まれており、実際、植物は炭酸固定酵素であるリブローズ-1,5-二リン酸カルボキシラーゼ/オキシゲナーゼの合成のために同化した窒素を最も多く使用している。このことから、窒素同化量と光合成量の間には高い相関関係が存在しており、大気中のCO₂濃度の変化によって引き起こされる代謝バランスの変化に窒素栄養環境が影響を及ぼす可能性が考えられる。

2. 研究の目的

本研究課題では、代謝物の変動といった分子レベルでの解析によって窒素栄養環境の違いが植物の高CO₂応答にどのような影響を及ぼすかを明らかにすることを目的として行われた。このために、CO₂濃度、培地中の窒素栄養の種類と濃度、光強度のことなる様々な生育環境で栽培したシロイヌナズナのメタボローム解析を行った。また、得られたデータを用いたクラスター解析を行うことで、代謝物レベルでの高CO₂応答を精査した。さらには、窒素同化能力を改変した形質転換シロイヌナズナを用いて同様の解析を行い、窒素同化能力の違いが高CO₂応答に影響を及ぼすかどうかについても検討した。

3. 研究の方法

ムラシゲ・スクーク培地を2倍に希釈したもの(1/2MS培地)を基本培地とし、この培地中の窒素栄養の量を変えた培地を使用してシロイヌナズナを栽培した。すなわち、窒素栄養として、10 mM KNO₃を含むもの、20 mM KNO₃を含むもの、10 mM KNO₃と1mMあるいは10mMのコハク酸アンモニウムを含むものの4種類の培地を用いた。光条件は、50 μE m⁻²s⁻¹と200 μE m⁻²s⁻¹(いずれの場合も明暗周期なし)の2つとした。また、CO₂濃度は、成り行き濃度(400 ppm程度)、1200 ppm、3600 ppmの3種類を設定した。したがって、合計、24の生育条件で、シロイヌナズナの野生型株(ecotype Columbia)を16日間栽培して、地上部から代謝物を抽出し、定量した。また、窒素同化能力が強化された植物としてはDof1転写因子遺伝子を導入したシロイヌナズナを、窒素同化能力が低下した植物としてNLP転写活性化因子の機能を抑制したシロイヌナズナを用いた。

4. 研究成果

まず、CE-MSによる代謝物測定の実験条件の検討をおこない、陽イオン性代謝物質だけでなく、主要な陰イオン性代謝物質のほぼすべてを利便性の高いフューズドシリカキャピラリーを用いて測定するための分析条件

を確立し、一次代謝物の効率的な包括的解析系を構築した。

この測定システムを用いて、異なる栄養環境で生育させた野生型のシロイヌナズナの解析を行った。栄養環境因子であるグロースチャンパー内の光強度とCO₂濃度及び培地中の無機態窒素濃度を変化させた生育条件で生育させ個々の代謝物の含量を比較した。その結果、強光かつ高CO₂環境下で育成させた場合には糖とTCA回路の有機酸の含量が増加すること、この生育条件で培地中にアンモニウムが存在していると蓄積していた有機酸はアミノ酸合成に消費される一方で糖の含有量はさらに上昇するがわかった(図1)。培地中の硝酸イオン濃度を高めても、このような現象は見られないことから、生育環境に存在する無機態窒素の種類により高CO₂応答が異なることが示された。

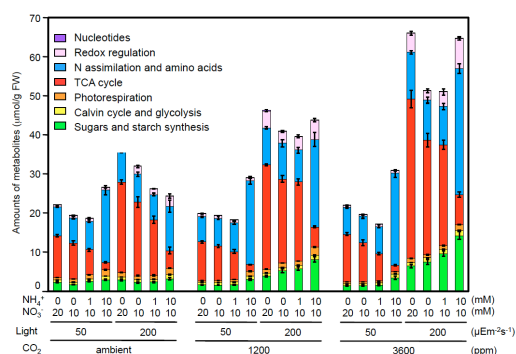


図1 異なる環境で生育させたシロイヌナズナ野生型株にける主要一次代謝物の含量。

そこで、植物体中の代謝バランスと環境因子との関係を明確にするためにクラスター解析を行った(図2)。その結果、アンモニウム濃度の高低が最も代謝バランスを変化させる因子であることが分かった。次に代謝バランスに大きな影響を及ぼす環境因子は光強度であった。一方で、高いCO₂濃度は光量が大きい時には著しい糖含量の上昇を引き起こすものの(図1)、代謝バランスに大きく影響を及ぼす因子ではないことが明らかとなった(図2)。しかしながら、窒素栄養条件の違いによって基づく代謝バランスの違いを強化する因子であると見られ、このことは、特に糖含量で著しく観察された(図1、図3)。しかしながら、一方で、他のアンモニウム効果に違った影響を及ぼす場合も存在していた。例えば、アルギニン含量は高濃度のアンモニウムの存在によって著しく上昇するが、このことにCO₂濃度の違いは影響しなかった。これらのことから、植物代謝の高CO₂応答を考える場合には、窒素栄養条件を考慮する必要があることが判明した。

次に、窒素同化能力の相違が高CO₂応答に影響するかを明らかにするために、窒素同化能力改変植物を用いたメタボローム解析を実施した。Dof1転写因子遺伝子導入により窒素同化のための炭素骨格の供給量を増大さ

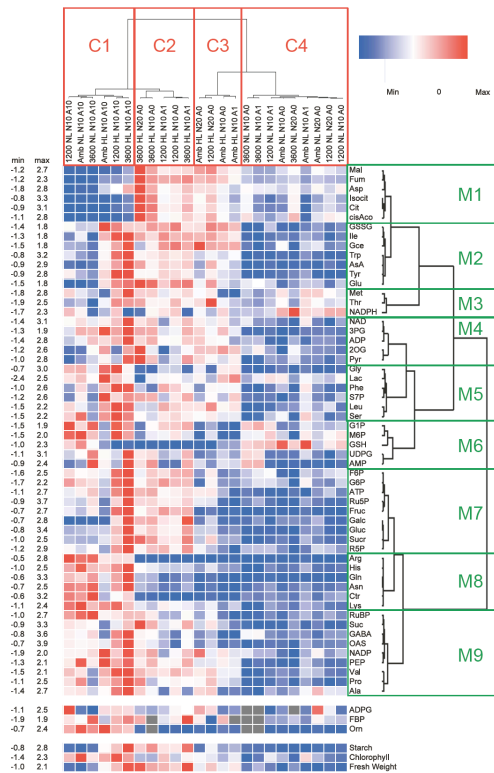


図2 代謝物プロファイリングに基づくクラスター解析。

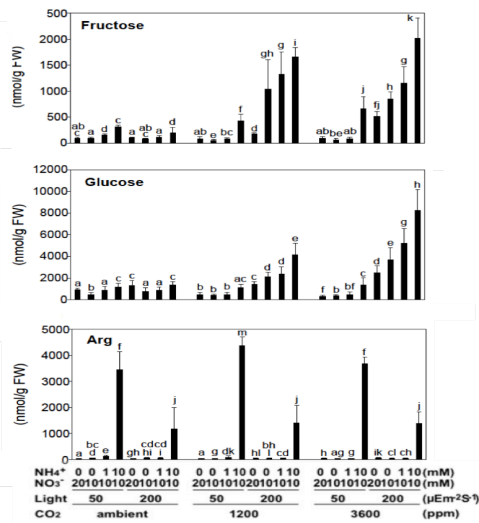


図3 異なる環境で栽培したシロイヌナズナのフルクトース、グルコース、アルギニン(Arg)の含量。

せることによりアンモニア同化能力を強化した形質転換シロイヌナズナを用いた解析から、Dof1の効果は光強度や無機態窒素の種類と濃度に大きく依存するがCO₂濃度にはさほど依存しないということが判明した。一方で、硝酸シグナル応答において中心的な役割を果たす転写活性化因子NLPを同定し、これの機能を阻害すると硝酸還元に関わる遺伝子とアンモニア同化に関わる遺伝子の発現のいずれもが大幅に減少することを見出したことから、NLP機能抑制株を窒素同化能力抑制植物としてメタボローム解析を行った。

その結果、高CO₂環境によってもたらされるバイオマスの上昇が野生型株に比べて、NLP機能抑制株では低下しており、また、野生型株では高CO₂環境下でバイオマスが上昇しても遊離アミノ酸の含量の低下が起こらないが、このNLP機能抑制株では起こることが判明した。したがって、窒素同化能力の違いを生み出すメカニズムに依存して、高CO₂環境が及ぼす影響が変わることが示唆された。

5. 主な発表論文等 (研究代表者に下線)

[雑誌論文] (計 19 件)

(雑誌公表論文は全て査読あり。)

1. Sato, S. and Yanagisawa, S. (2014) Characterization of metabolic states of *Arabidopsis thaliana* under diverse carbon and nitrogen nutrient conditions via targeted metabolomic analysis. *Plant Cell Physiol.* 55: 306-319. (doi: 10.1093/pcp/pct192)
2. Hachiya, T., Sugiura, D., Kojima, M., Sato, S., Yanagisawa, S., Sakakibara, H., Terashima, I. and Noguchi, K. (2014) High CO₂ triggers preferential root growth of *Arabidopsis thaliana* via two distinct systems at low pH and low N stresses. *Plant Cell Physiol.* 55: 269-280. (doi: 10.1093/pcp/pcu001)
3. Watanabe, C.K., Sato, S., Yanagisawa, S., Uesono, Y., Terashima, I. and Noguchi, K. (2014) Effects of elevated growth CO₂ on the levels of primary metabolites and transcripts of respiratory enzymes and their diurnal patterns in *Arabidopsis thaliana* shoots: possible relations to the respiratory rates. *Plant Cell Physiol.* 55: 341-357. (doi: 10.1093/pcp/pct185)
4. Maeda, S., Konishi, M., Yanagisawa, S. and Omata, T. (2014) Nitrite transport activity of a novel HPP family protein conserved in cyanobacteria and chloroplasts. *Plant Cell Physiol.* 55: 1311-1324. (doi: 10.1093/pcp/pcu075)
5. Yanagisawa, S. (2014) Transcription factors involved in controlling the expression of nitrate reductase genes in higher plants. *Plant Sci.* 229: 167-171. (doi:10.1016/j.plantsci.2014.09.006)
6. Terashima, I., Yanagisawa, S. and Sakakibara, H. (2014) Plant responses to CO₂: Background and perspectives. *Plant Cell Physiol.* 55: 237-240. (doi: 10.1093/pcp/pcu022)
7. Yanagisawa, S. (2013) Characterization of a nitrate-inducible transcriptional repressor NIGT1 provides new insights into DNA recognition by the GARP family proteins. *Plant Signal Behav.* 8: e24447. (doi: 10.4161/psb.24447)
8. Nishiyama, R., Tanoi, K., Yanagisawa, S.

- and Yoneyama, T. (2013) Quantification of zinc transport via the phloem to the grain in rice plants (*Oryza sativa* L.) at early grain-filling by a combination of mathematical modeling and ⁶⁵Zn tracing. *Soil Sci. Plant Nutr.* 59: 750-755. (DOI: 10.1080/00380768.2013.819774)
9. Suzuki, W., Konishi, M. and Yanagisawa, S. (2013) The evolutionary events necessary for the emergence of symbiotic nitrogen fixation in legumes may involve a loss of nitrate responsiveness of the NIN transcription factor. *Plant Signal Behav.* 8: e25975. (DOI: 10.4161/psb.25975)
 10. Konishi, M. and Yanagisawa, S. (2013) An NLP-binding site in the 3' flanking region of the nitrate reductase gene confers nitrate-inducible expression in Arabidopsis. *Soil Sci. Plant Nutr.* 59: 612-620. (DOI: 10.1080/00380768.2013.809602)
 11. Sawaki, N., Tsujimoto, R., Shigyo, M., Konishi, M., Toki, S., Fujiwara, T. and Yanagisawa, S. (2013) A nitrate-inducible GARP family gene encodes an auto-repressible transcriptional repressor in rice. *Plant Cell Physiol.* 54: 506-517. (doi: 10.1093/pcp/pct007)
 12. Konishi, M. and Yanagisawa, S. (2013) Arabidopsis NIN-like transcription factors play a central role in nitrate signalling. *Nature Commun.* 4:1617. (doi: 10.1038/ncomms2621)
 13. Negi, J., Moriwaki, K., Konishi, M., Yokoyama, R., Nakano, T., Kusumi, K., Hashimoto-Sugimoto, M., Schroeder, J.I., Nishitani, K., Yanagisawa, S. and Iba, K. (2013) A Dof transcription factor, SCAP1, is essential for the development of functional stomata in *Arabidopsis*. *Curr. Biol.* 23: 479-484. (doi: 10.1016/j.cub.2013.02.001)
 14. Sugiyama, T., Ishida, T., Tabei, N., T., Shigyo, M., Konishi M, Yoneyama, T. and Yanagisawa, S. (2012) Involvement of PpDof1 transcriptional repressor in the nutrient condition-dependent growth control of protonemal filaments in *Physcomitrella patens*. *J. Exp. Bot.* 63: 3185-3197. (doi: 10.1093/jxb/ers042)
 15. Hamamoto, K., Aki, T., Shigyo, M., Sato, S., Ishida, T., Yano, K., Yoneyama, T. and Yanagisawa, S. (2012) Proteomic characterization of the greening process in rice seedlings using the MS spectral intensity-based label free method. *J. Proteome Res.* 11: 331-347. (doi: 10.1021/pr200852q)
 16. Konishi, M. and Yanagisawa, S. (2011) Roles of the transcriptional regulation mediated by the nitrate-responsive *cis*-element in higher plants. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 411, 708-713. (doi: 10.1016/j.bbrc.2011.07.008)
 17. Sato, S. and Yanagisawa, S. (2010) Capillary electrophoresis-electrospray ionization-mass spectrometry for metabolite profiling of anionic compounds with fused-silica capillaries. *Metabolomics* 6: 529-540. (DOI: 10.1007/s11306-010-0223-x)
 18. Konishi, M. and Yanagisawa, S. (2011) The regulatory region controlling the nitrate-responsive expression of a nitrate reductase gene, *NIA1*, in Arabidopsis. *Plant Cell Physiol.* 52: 824-836. (doi: 10.1093/pcp/pcr033)
 19. Konishi, M. and Yanagisawa, S. (2010) Identification of the nitrate-responsive *cis*-element in the Arabidopsis *NIR1* promoter defines the presence of multiple *cis*-elements for nitrogen response. *Plant J.* 63: 269-282. (doi: 10.1111/j.1365-313X.2010.04239.x)
- [学会発表] (計 42 件)
1. 前川修吾、石田哲也、柳澤修一、「糖誘導性核小体局在タンパク質 NuGAP1/APUM24 のリボソーム生合成への関与の可能性」、第 56 回日本植物生理学会年会、2015 年 3 月、東京。
 2. 佐々木勇樹、安田盛貴、柳澤修一、佐藤長緒、山口淳二、「糖と窒素栄養応答に関与する核局在 BTB タンパク質の機能解析」、第 56 回日本植物生理学会年会、2015 年 3 月、東京。
 3. 森脇宏介、柁亘淳太郎、柳澤修一、射場厚、「気孔機能化に関わる SCAP1 遺伝子のプロモーター解析」、第 56 回日本植物生理学会年会、2015 年 3 月、東京。
 4. 柳澤修一 (2015) 「植物の硝酸応答の仕組み」、第 3 回ブラキポディウムワークショップ (特別講義)、川崎。
 5. 小西美稲子、鈴木渉、柳澤修一、「硝酸シグナル応答を制御する NIN/NLP ファミリータンパク質の転写促進活性と進化的考察」、日本植物学会第 78 回大会、2014 年 9 月、川崎。
 6. 小西美稲子、柳澤修一、「硝酸シグナル応答性転写因子による地上部と根の生長の制御」、日本土壌肥料学会 2014 年度東京大会、2014 年 9 月、東京。
 7. 佐々木勇樹、安田盛貴、柳澤修一、佐藤長緒、山口淳二、「C/N 栄養応答に関与する新規 14-3-3 タンパク質結合因子の機能解析」、第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会・シンポジウム、2014 年 8 月、盛岡。
 8. 前川修吾、石田哲也、柳澤修一、「胚発生に関与する糖誘導性核小体局在タンパク質 APUM24/NuGAP1 の機能解析」、第 32 回日本植物細胞分子生物学会 (盛岡) 大会・シンポジウム、2014 年 8 月、盛岡。

9. 前川修吾、石田哲也、柳澤修一、「シロイヌナズナにおける糖誘導型 Pumilio タンパク質 APUM24 は胚発生と葉の形態形成の両方に関与する」、第 16 回日本 RNA 学会年会、2014 年 7 月、名古屋。
10. 吉岡 希、小西美穂子、石田哲也、柳澤修一、「硝酸誘導型転写因子 NLP による BT タンパク質遺伝子の発現誘導」、第 55 回日本植物生理学会 2014 年度年会、2014 年 3 月、富山。
11. 佐々木勇樹、安田盛貴、柳澤修一、佐藤長緒、山口淳二、「C/N 栄養応答に関与する新規ユビキチンリガーゼ BT タンパク質の機能解析」、第 55 回日本植物生理学会 2014 年度年会、2014 年 3 月、富山。
12. 石田哲也、柳澤修一、「グルコース応答性遺伝子 *AtNuGAPI* 由来の核タンパク質の胚発生への関与」、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月、富山。
13. 小西美穂子、鈴木渉、柳澤修一、「高等植物の硝酸応答を担う NLP 転写因子の機能ドメインの解析」、第 55 回日本植物生理学会年会、2014 年 3 月、富山。
14. 柳澤修一、小西美穂子、鈴木 渉、「植物の硝酸応答機構研究の新展開」、植物生理学会 2014 年度年会シンポジウム「植物の三大栄養素 (N-P-K) の感知と利用の新しい理解」、2014 年 3 月、富山。
15. Yanagisawa, S. "Members of the nin-like protein family are transcription factors governing nitrate-inducible gene expression", *Nitrogen 2013 (2nd International Symposium on the Nitrogen Nutrition of Plants)*, November 18-22, 2013, (Puerto Varas, Chile).
16. 野口 航、渡辺千尋、酒井英光、長谷川利弘、柳澤修一、寺島一郎、「つくば FACE サイトのイネの葉の呼吸系の高 CO₂ 応答」、日本植物学会第 77 回大会、2013 年 9 月、札幌。
17. 小西美穂子、鈴木 渉、柳澤修一、「NIN-like protein による硝酸誘導性遺伝子発現の制御」、日本土壌肥料学会 2013 年度名古屋大会、2013 年 9 月、名古屋。
18. 柘垣淳太郎、森脇宏介、小西美穂子、横山隆亮、中野利彬、楠見健介、橋本美海、西谷和彦、柳澤修一、射場 厚、「気孔にガス交換機能を付与する鍵転写因子 SCAP1」、第 31 回日本植物細胞分子生物学会大会、2013 年 9 月、札幌。
19. Mineko Konishi, Shuichi Yanagisawa, "The central role of NLP transcription factors in nitrate-inducible gene expression", *24th International Conference on Arabidopsis Research*, June 24-28, 2013, (Sydney, Australia).
20. Takeshi Kuroha, Keisuke Nagai, Madoka Ayano, Shuichi Yanagisawa, Motoyuki Ashikari, "Transcriptional regulation of gibberellin biosynthesis by ethylene signaling in the growth response of submerged deepwater rice", *The 21st International Conference on Plant Growth Substances IPGSA2013*, June 18-22, 2013, (Shanghai, China).
21. 小西美穂子、柳澤修一、「NBP 転写因子による硝酸応答の制御」、第 54 回日本植物生理学会年会、2013 年 3 月、岡山。
22. Hachiya, T., Kojima, M., Sakakibara, H., Yanagisawa, S., Terashima, I, Noguchi, K., "Analysis of regulatory mechanism for root/shoot ratio in response to elevated CO₂ in *A. thaliana*", 第54回日本植物生理学会年会、2013年3月、岡山。
23. 渡辺千尋、杉浦大輔、溝上祐介、大條弘貴、酒井英光、長谷川利弘、柳澤修一、寺島一郎、野口航、「植物の葉の呼吸系の高CO₂応答 -FACEイネを用いた解析-」、第54回植物生理学会年会、2013年3月、岡山。
24. Takeshi Kuroha, Keisuke Nagai, Shuichi Yanagisawa, Motoyuki Ashikari, "Interaction between ethylene and gibberellin in the growth response of submerged deepwater rice", 第54回植物生理学会年会、2013年3月、岡山。
25. 柳澤修一、「イネ緑化過程の比較プロテオーム解析」、日本プロテオーム学会2012年大会シンポジウム「農学プロテオミクスの最前線」、2012年7月、東京。
26. Shuichi Yanagisawa and Mineko Konishi, "Molecular Mechanism Underlying Nitrate-responsive Gene Expression in Arabidopsis", 22nd IUBMB-37th FEBS Congress, 2012 年 9 月, (Sevilla, Spain).
27. Yanagisawa, S. "Biotechnological approaches to improve nitrogen use efficiency in plants". *Japan-China International Symposium on Biotechnology*, 2012 年 9 月, (Tokyo).
28. 佐藤 滋、柳澤修一、「シロイヌナズナの環境栄養応答に関する主要代謝経路のメタボローム測定データを用いた比較ネットワーク解析」、第53回植物生理学会年会、2012年3月、京都。
29. 森脇宏介、柘垣淳太郎、小西美穂子、柳澤修一、射場 厚、「気孔特異的転写因子CDI6の機能解析」、第53回植物生理学会年会、2012年3月、京都。
30. 佐脇直哉、辻本良真、執行美香保、藤原徹、柳澤修一、「イネの硝酸誘導型転写抑制因子OsRINの機能解析」、第53回植物生理学会年会、2012年3月、京都。
31. 柳澤修一、「シロイヌナズナの窒素応答」、日本学術振興会産学協力第160委員会第2回研究会「植物栄養代謝バランスの多方面からの理解」、2012年3月、福岡。
32. 小西美穂子、柳澤修一「高等植物の硝酸応答機構」、植物学会シンポジウムC/N

- バランスの研究を通して植物高CO₂応答を読み解く、2011年9月
33. 柳澤修一、「シロイヌナズナ高CO₂応答のメタボローム解析」、第84回日本生化学会大会シンポジウム「高CO₂な近未来環境で植物はどうなるか? —その解明のための生化学的アプローチ」、2011年9月、京都。
 34. 柳澤修一、「植物バイオマスと窒素同化」、日本植物細分子生物学会 2011 年度大会・シンポジウム「低炭素社会に向けた植物バイオマス研究の新展開」、2011 年 9 月、福岡。
 35. 佐藤 滋、柳澤修一、「高 CO₂ 条件下におけるシロイヌナズナ Dof1 形質転換体の栄養応答」、第 52 回植物生理学会年会、2011 年 3 月、仙台。
 36. Yanagisawa, S., Aki, T., Ishida, T., "Proteomics on a Nano Scale for Identification of Plant Regulatory Proteins with Distinctive Characteristics", *Plant Gene Discovery Technologies*, February 23-26, 2011, (Vienna, Austria).
 37. Yanagisawa, S., "Molecular Mechanism Underlying Nitrate-Responsive Gene Expression In Higher Plants", *Plant & Animal Genome XIX Conference, Engineering Nitrogen-Use Efficiency in Crop Plants Workshop*, January 15-19, 2011, (San Diego, USA).
 38. Shigeru Sato, Shuichi Yanagisawa, "Metabolic evaluation of the high CO₂ response in primary metabolism in shoots of *Arabidopsis* plants", 第 33 回日本分子生物学会年会・第 83 回日本生化学会大会 合同大会、2010 年 12 月、神戸。
 39. Yanagisawa, S. "Proteomic screening of plant regulatory proteins with distinctive characteristics", *The 2nd International Symposium "Frontier in Agriculture Proteome Research"*, November 18-19, 2010, (Tsukuba, Japan)
 40. 小西美穂子、柳澤修一、「シロイヌナズナ硝酸還元酵素遺伝子 *NIA1* の硝酸応答」、土壌肥料学会 2010 年度北海道大会、2010 年 9 月、札幌。
 41. Shigeru Sato, Shuichi Yanagisawa, "Metabolite profiling in primary metabolism based on capillary electrophoresis-mass spectrometry and anion exchange chromatography in plant extracts", 土壌肥料学会 2010 年度北海道大会、2010 年 9 月、札幌。
 42. Yanagisawa, S., "Molecular mechanisms underlying nitrate-responsive transcription", *1st International Symposium on the Nitrogen Nutrition of Plants*, July 26-30, 2010, (Inuyama, Japan).
 43. Mimura, T., Hirai, M., Yanagisawa, S., "Metabolome researches in plant metabolic regulation", *21st International Conference on Arabidopsis Research, Concurrent section "Systems biology and metabolism"*, June 6-10, 2010, (Yokohama, Japan).
 44. Yanagisawa, S., "An attempt to improve nitrogen utilization efficiency of crops: genetic modification with the Dof1 transcription factor", *Plant and Animal Genome XVIII Conference, Engineering Nitrogen-Use Efficiency in Crop Plants Workshop*, January 9-13, 2010, (San Diego, USA).
 45. 柳澤修一、「高等植物における窒素応答型遺伝子発現の分子機構」、日本作物学会講演会シンポジウム、2010 年 3 月、宇都宮。
 46. 秋利彦、柳澤修一、「ナノスケールでの植物プロテオミクス：新規シグナル応答因子の同定に向けた 3 つの応用例」、第 51 回日本植物生理学会シンポジウム、2010 年 3 月、熊本。
 47. 小西美穂子、柳澤修一、「シロイヌナズナ硝酸還元酵素遺伝子 *NIA1* の発現制御機構の解析」、第 51 回日本植物生理学会年会、2010 年 3 月、熊本。
 48. 佐藤 滋、柳澤修一、「CE-MS による代謝プロファイリング：陰イオン性代謝物質測定のための 2 つの分離モード」、第 51 回日本植物生理学会年会、2010 年 3 月、熊本。
 49. 石田哲也、秋利彦、柳澤修一、「進化的に保存された糖誘導型核タンパク質の同定と解析」、第 51 回日本植物生理学会年会、2010 年 3 月、熊本。
 50. 加藤裕樹、小西美穂子、米山忠克、柳澤修一、「植物の翻訳開始因子 eIF6 の機能解析」、第 51 回日本植物生理学会年会、2010 年 3 月、熊本。
 51. Takumi Sugiyama, Nobumitsu Tabei, Mikao Shigyo, Tadakatsu Yoneyama, Shuichi Yanagisawa, "Involvement of Dof transcription factors from the moss, *Physcomitrella patens*, in growth regulation", 第 32 回日本分子生物学会年会、2009 年 12 月、横浜。
- [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]
 なし
6. 研究組織
 (1) 研究代表者
 柳澤 修一 (YANAGISAWA, Shuichi)
 東京大学・生物生産工学研究センター・
 准教授
 研究者番号：20222359