

## 先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 実績報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名	植物におけるエピゲノムを介した優劣性発現制御機構の解明
研究機関・ 部局・職名	茨城大学・理学部・准教授
氏名	柴 博史

1. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

2. 収支の状況

(単位:円)

	交付決定額	交付を受けた額	利息等収入額	収入額合計	執行額	未執行額	既返還額
直接経費	94,000,000	94,000,000	4,941	94,004,941	93,991,685	13,256	0
間接経費	28,200,000	28,200,000	0	28,200,000	28,200,000	0	0
合計	122,200,000	122,200,000	4,941	122,204,941	122,191,685	13,256	0

3. 執行額内訳

(単位:円)

費目	平成22年度	平成23年度	平成24年度	平成25年度	合計
物品費	5,460	10,699,517	51,564,456	22,120,797	84,390,230
旅費	0	256,800	309,990	122,020	688,810
謝金・人件費等	0	1,142,691	1,326,305	2,016,134	4,485,130
その他	0	30,080	181,455	4,215,980	4,427,515
直接経費計	5,460	12,129,088	53,382,206	28,474,931	93,991,685
間接経費計	30,000	3,610,364	16,600,036	7,959,600	28,200,000
合計	35,460	15,739,452	69,982,242	36,434,531	122,191,685

4. 主な購入物品(1品又は1組若しくは1式の価格が50万円以上のもの)

物品名	仕様・型・性能等	数量	単価 (単位:円)	金額 (単位:円)	納入 年月日	設置研究機関名
Large memory Serve用メモリ	(株)ナベインターナショナル製	1	2,679,600	2,679,600	2011/10/26	明治大学
RAID System 拡張JBOD system	(株)ナベインターナショナル製	1	2,318,400	2,318,400	2011/11/2	明治大学
オートクレーブ LSX-500	LSX-500	1	573,300	573,300	2012/7/9	茨城大学
遠心機	MX-307	1	766,500	766,500	2012/6/26	茨城大学
超低温フリーザー	MDF-U500VX-PJ	1	2,026,500	2,026,500	2012/7/20	茨城大学
アジレント 2100 ハイオアナライザー	5065-4413	1	3,229,800	3,229,800	2012/8/16	茨城大学
超純水製造装置	MilliQ Integral5	1	2,467,500	2,467,500	2012/7/19	茨城大学
ナドトップ	200C	1	1,934,100	1,934,100	2012/9/7	茨城大学
人工気象器	LPH-410SP	1	1,634,850	1,634,850	2012/7/30	茨城大学
オートクレーブ	LSX-500	1	573,300	573,300	2012/8/24	茨城大学
遠心機	MX-307	1	766,500	766,500	2012/8/24	茨城大学
ゲル撮影装置	AE-6933FXES-U	1	1,249,500	1,249,500	2012/8/29	茨城大学
ホシガキ 冷蔵庫	HR-120Z-ML 単相100V内容	1	740,250	740,250	2012/8/9	茨城大学
DNA断片化装置	Covaris アコースティックシグナライ	1	7,198,800	7,198,800	2012/9/26	茨城大学
DNAシーケンサー	3500-250-BAO	1	11,999,400	11,999,400	2012/11/9	茨城大学
LightCycler 480	インストール II 96TL	1	4,998,084	4,998,084	2012/10/16	茨城大学

様式20

ハイオシエーカー 中型恒温振とう培養機	BR-43FL・MR	1	924,000	924,000	2012/10/16	茨城大学
クリーンベンチ	S-1301PV	1	787,500	787,500	2013/3/18	茨城大学
微量高速遠心機 一式	MX-307,アングルローター	1	973,717	973,717	2013/10/7	茨城大学
Veriti 96-Well サーマルサイクラ	Veriti200 0.2mL	1	926,100	926,100	2013/10/8	茨城大学
ソフトウェア	CLC GENOMICS WORKBENCH 1 ネットワーク永久的ライセンスF-CLC-	1	1,932,000	1,932,000	2013/11/13	茨城大学
顕微鏡デジタルカメラセット 一式	DP73、光源システムU-HGLGPS,GFP用ミラーユニットU=MGFPHQ,YFP用ミラーユニット、テーブルトップ型暗室	1	2,609,250	2,609,250	2013/11/25	茨城大学
デジタルマイクروسコープ 一式	VHX-700FSP1479,VHX-1020,VH-Z20W,VHX-S90F	1	4,998,000	4,998,000	2013/12/9	茨城大学
ハイオシエーカー 一式	BR-43FL・MR,STB-6070	1	955,185	955,185	2013/12/20	茨城大学
ピコピケットコントローラーHR 一式	I-CONTHR-03,MCF100	1	1,695,855	1,695,855	2014/1/24	茨城大学

5. 研究成果の概要

有性生殖によって生み出される子孫は、両親の持つ性質のいずれか一方のみを受け継ぐ場合が知られている。メンデルの「優性の法則」として知られる遺伝現象であるが、そのメカニズムは不明な点が多い。本研究では、対立遺伝子間の優劣に関わる新規ゲノムメチル化が、植物の他のアレル間の優劣性現象にも広く関与している可能性を考え、シロイヌナズナ種内雑種(F1雑種)を例にして、最新のゲノム解析技術を駆使して上記現象の網羅的探索を行った。

まず、シロイヌナズナの異なる2系統株を相互交配し、生育旺盛な雑種強勢が見られたF1雑種とその両親系統の実生を対象に、トランスクリプトーム、メチローム解析に供した。そして得られた結果の差違を網羅的解析技術の開発を行いつつ解析し、優劣性、インプリント、雑種強勢等に関与しうる遺伝子を明らかにした。またF1雑種およびその両親系統の実生由来のnoncoding RNAを用いたトランスクリプトーム解析により、上記優劣発現を示す遺伝子の中にトランス作用性の低分子RNAが関わっている可能性を示した。さらにトランスクリプトーム解析によってF1雑種特異的な発現変動を示す遺伝子群の存在を明らかにするとともに、その中でF1雑種特異的な発現亢進が見られたnon-coding RNAについて、強制的に発現させたシロイヌナズナ親系統株の作製を行い雑種強勢との関係を明らかにした。

## 先端研究助成基金助成金（最先端・次世代研究開発支援プログラム）

## 研究成果報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名 (下段英語表記)	植物におけるエピゲノムを介した優劣性発現制御機構の解明
	Functional analysis of the plant epigenome in dominance relationships between alleles
研究機関・部局・職名 (下段英語表記)	茨城大学・理学部・准教授
	Ibaraki University, College of Science, Associated professor
氏名 (下段英語表記)	柴 博史
	Hiroshi Shiba

## 研究成果の概要

(和文) :

シロイヌナズナの異なる2系統株を相互交配し、生育旺盛な雑種強勢が見られた種内雑種( $F_1$ 雑種)とその両親系統の実生を対象に、トランスクリプトーム、メチローム解析に供した。そして得られた結果の差違を網羅的解析技術の開発を行いつつ解析し、優劣性、インプリント、雑種強勢等に関与しうる遺伝子を明らかにした。また $F_1$ 雑種およびその両親系統の実生由来のnoncoding RNAを用いたトランスクリプトーム解析により、上記優劣発現を示す遺伝子の中にトランス作用性の低分子RNAが関わっている可能性を示した。これらの結果は、これまであまり明らかでなかった低分子RNAを介した優劣発現機構の解明につながる事が期待され、動植物を含めて広く遺伝子発現調節の研究に寄与すると考えられる。また重要農業形質である雑種強勢等の生命現象との関係を今後精査していくための新たな研究基盤を提供したと考えられる。

(英文) :

A diploid organism has two copies of each gene in the genome, one inherited from each parent. The expression of two inherited genes is sometimes biased by the effects known as dominance/recessive relationships, which determine the final

## 様式21

phenotype of the organism. To explore the mechanisms underlying these relationships, I have examined the molecular mechanism of dominant/recessive relationships between alleles in plants in terms of epigenetic regulations using whole genome approaches.

I sequenced the whole mRNA from seedlings of two *Arabidopsis* accessions and their F<sub>1</sub> progeny. Using differential expression analysis, I identified several up-regulated and down-regulated genes in F<sub>1</sub> hybrids. By using SNP data from two accessions, I also identified several dominantly expressed genes in F<sub>1</sub> hybrid, whereas each allele is equally expressed in parental lines. In addition, I found noncoding RNAs that may act in *trans* in heterologous genomes to regulate monoallelic gene expression in F<sub>1</sub> hybrid.

1. 執行金額 122,191,685 円  
(うち、直接経費 93,991,685 円、 間接経費 28,200,000 円)
2. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

### 3. 研究目的

有性生殖によって生み出される子孫は、両親の持つ性質のいずれか一方のみを受け継ぐ場合が知られている。メンデルの「優性の法則」として知られる遺伝現象であるが、そのメカニズムは不明な点が多い。本研究では、アブラナ科植物の自家不和合性研究で見つかった対立遺伝子間の優劣に関わるトランス作用性の低分子RNAや新規ゲノムメチル化が、植物の他のアレル間の優劣性現象にも広く関与している可能性を考え、生育旺盛なシロイヌナズナF<sub>1</sub>雑種とその親株についての網羅的エピゲノム解析を推進し、「優劣性」に関わる遺伝子群の情報を取得提供すると共に、「雑種強勢」などエピゲノム制御に関わる新たな生命現象の発掘を目指す。

### 4. 研究計画・方法

平成22-24年度にかけてシロイヌナズナ種内雑種を用いた優劣性発現機構の実態解明を行う。また平成23、24年度は、トランスクリプトーム、メチローム解析による種内雑種における優劣発現遺伝子を特定し、その中から重要形質関連遺伝子を探索する。平成25年度は、新規DNAメチル化およびmiRNAの生合成経路に関わる種々の遺伝子破壊株と形質導入植物の作成によってmiRNAを介した新規メチル化機構の解明を進めると共に、エピゲノム情報を人為的に改変する手法を提示する。また平成25年度は、上記トランスクリプトーム解析で明らかになったF<sub>1</sub>雑種特異的な発現亢進・抑制を示す遺伝子を形質転換する事で雑種強勢が制御出来るかどうか検証する。

5. 研究成果・波及効果

アブラナを含む多くの作物品種では、経験則に基づいた一代雑種を利用しており、代表者らが明らかにした低分子RNAによる対立遺伝子間の遺伝子発現制御も普遍的に存在すると考えられる。しかしながら、従来の網羅的エピゲノム解析は、純系のモデル生物を対象としたものに留まっており、対立遺伝子間での低分子RNA等を介したDNAメチル化制御の実態は、全く明らかにされていない。そこで、シロイヌナズナの異なる2系統株を相互交配し、生育旺盛な雑種強勢が見られた第一世代の雑種 (F<sub>1</sub>雑種) とその両親系統の実生を対象に、産生されるトランスクリプトーム、メチロームの差違を網羅的解析技術の開発を行いつつ解析し、優劣性、インプリント、雑種強勢等に関与しうる遺伝子を探索した。

種内雑種実生におけるトランスクリプトーム、メチローム解析

Col-0 株、C24 株およびF<sub>1</sub>雑種の実生からpolyA RNAを抽出し、次世代シーケンサーでその遺伝子発現パターンを網羅的に解析した結果、それぞれ  $7.5 \times 10^7 \sim 1.4 \times 10^8$  のリードが得られ(表 1)、Col-0 株で 21, 737 遺伝子、C24 株で 22, 236 遺伝子、F<sub>1</sub>雑種で 22, 459 遺伝子が発現していた (図 1)。各系統のリード数をカウントして各遺伝子の発現強度として測定すると、Col-0 株あるいはC24 株で特異的な発現を示す遺伝子は (発現強度 5 倍以上の差がある遺伝子)、全発現遺伝子の約 2~3%を占めていた (Col-0 株で 410 遺伝子、C24 株で 672 遺伝子)。一方、F<sub>1</sub>雑種の発現は、90.9% (21, 750 遺伝子) がCol-0 株もしくはC24 株の両方あるいはいずれか一方で発現が見られ、1.9% (426 遺伝子) の遺伝子がF<sub>1</sub>雑種で特異的に発現していた。また 143 遺伝子については、F<sub>1</sub>雑種特異的な遺伝子発現抑制が見られた (図 1)。なおCol-0 とC24 を相互交配させて得られたF<sub>1</sub>雑種を比較したところ、96%以上の遺伝子が正逆交雑間で同等の発現を示していた (♀Col-0 × ♂C24 で 22, 459 遺伝子、♂Col-0 × ♀C24 で 22, 674 遺伝子の発現が見られ、両株間で共通して発現が見られたものは 21, 944 遺伝子)。

No. of seq tags	Col-0	C24	F <sub>1</sub> (♀ Col-0 × ♂ C24) (♀ C24 × ♂ Col-0)		met1
	PolyA RNA-seq	8.5 x 10 <sup>7</sup>	7.5 x 10 <sup>7</sup>	1.2 x 10 <sup>8</sup>	1.4 x 10 <sup>8</sup>
sRNA-seq	4.0 x 10 <sup>6</sup>	7.2 x 10 <sup>6</sup>	1.1 x 10 <sup>7</sup>	1.0 x 10 <sup>7</sup>	NE
Bisulfite-seq	8.5 x 10 <sup>7</sup>	7.5 x 10 <sup>7</sup>	1.2 x 10 <sup>8</sup>	NE	NE

表 1. Col、C24、F<sub>1</sub>およびmet1 変異株実生におけるRNA-seq、DNA-seqの結果

PolyA RNA-および sRNA-seq は 36bp/リード、Bisulfite-seq は 75bp/リードでシングルリードシーケンスを行った。

DNAメチル化の有無が、遺伝子発現に影響する事例がどれ位あるかを類推するために、維持型メチル化酵素MET1をコードする遺伝子を欠損した変異株 (*met1* 変異株; Col-0 株由来) の実生で発現する遺伝子を調べ、野生型との異同を見た (表 1)。その結果、*met1* 変異株では 23,710 遺伝子で発現が見られ、そのうち 1,007 遺伝子が *met1* 変異株で、1,156 遺伝子が Col-0 株で特異的に発現していた。この結果を基に C24 株で特異的な発現を示す遺伝子の中で、DNAメチル化が影響する可能性がある遺伝子を探索したところ、21.8% (481 遺伝子) が *met1* 変異株で特異的に発現していた遺伝子と一致した (図 2、発現強度 5 倍以上の差がある遺伝子)。

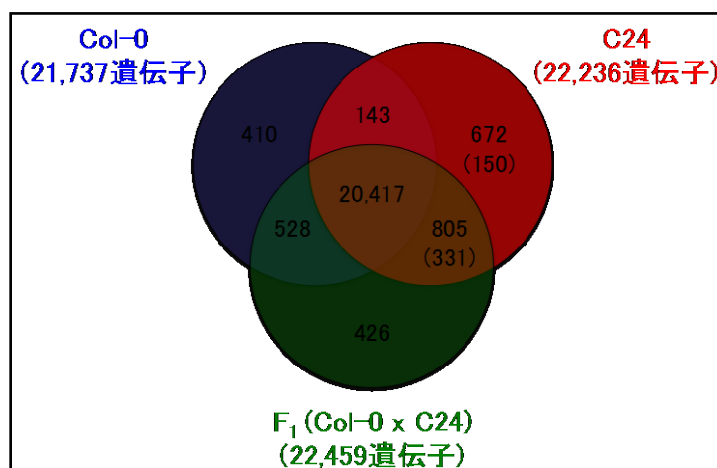


図 2. シロイヌナズナ Col-0, C24 系統および F<sub>1</sub> 雑種の遺伝子発現比較

TAIR10 でマッピング。RPKM > 0.1 だけを表示。5 > の発現変動が見られた遺伝子は別カテゴリーと見なす。( )内の数字は、*met1* 変異株 (Col-0 由来) から低分子 RNA を抽出し、次世代シーケンサーで発現が見られたものを示す。

また Col-0 株、C24 株および F<sub>1</sub> 雑種の実生で低分子 RNA を網羅的に解析した結果、 $4.0 \times 10^6 \sim 1.1 \times 10^7$  のリードを得た (表 1)。これらを miRNA データベース (miRBase, <http://www.mirbase.org/>) で検索したところ (Meyers et al., 2008)、シロイヌナズナの既知 miRNA の 70% 以上がヒットし、また大部分の遺伝子の CDS 領域で低分子 RNA が検出された (Col-0 株で 23,167 遺伝子、C24 株で 23,104 遺伝子)。さらにイントロンや遺伝子外領域でも多数の低分子 RNA の発現が見られた。さらに Col-0 株、C24 株および F<sub>1</sub> 雑種の実生由来のゲノム DNA を用いてバイサルファイトシーケンスを行い、それぞれ  $7.5 \times 10^7 \sim 1.2 \times 10^8$  のシーケンスタグを得た (表 1)。これらは Col-0 株、C24 株および F<sub>1</sub> 雑種に含まれる全 CG 部位の約 92%、74%、86% をカバーしていた (1CG 部位に 5 シーケンスタグ以上マッピングされている割合)。

### 種内雑種で片側アレル特異的発現を示す遺伝子の探索

F<sub>1</sub> 雑種で両アレル由来の遺伝子発現を区別するために、実験に用いた Col-0 および C24 株からゲノム DNA を抽出し、次世代シーケンサーで塩基配列をシーケンスした。そし

## 様式21

てシロイヌナズナデータベース {The Arabidopsis Information Resource (TAIR), <http://www.arabidopsis.org/>}に登録されているリファレンスゲノム (Col-0;TAIR10) にマッピングしてSNP部位を明らかにした。またSNPコールの際、ほ乳類及びイネ等のSNP解析で実績のあるSAMtoolsを用い (Li et al., 2009, Liu, et al., 2012, Li et al., 2012)、リードの各ポジションのquality valueを考慮し、かつ相補鎖を含む複数のリードがマップされる部位を選択するよう、パラメータ条件を設定することで、高精度にSNP情報を得ることに成功した。その結果、リファレンスゲノムとCol-0 あるいはC24 間でそれぞれ 466 箇所、486, 815 箇所のホモSNPを見出した。次にこのSNPsを用いてCol-0、C24 株およびF<sub>1</sub>雑種のシーケンスデータをマッピングしたところ、F<sub>1</sub>雑種でCol-0 アレル優性発現あるいはC24 アレル優性発現を示す遺伝子を複数見出した。また両親系統で同等の発現を示すものの、F<sub>1</sub>雑種では母親アレル特異的あるいは父親アレル特異的な発現を示す遺伝子を見出した。優劣発現を示す遺伝子に対しては、実生RNAを用いた定量PCRでもその発現を確認し、両親では同等に発現しているが、F<sub>1</sub>雑種では優劣発現を示す遺伝子を複数確認できた。

### 片側アレル特異的発現と低分子 RNA、DNA メチル化の関係

作成したCol-0、C24 およびF<sub>1</sub>雑種実生由来の低分子 RNAデータベースからF<sub>1</sub>雑種で片側アレル特異的発現を示す遺伝子の劣性側遺伝子 5' 上流域に相同な配列を探索したところ、Col-0 優性を示す遺伝子の 5' 上流域と相同な配列を有するCol-0 アレル由来の 24-merの配列を複数見出した。この優劣発現を示す遺伝子のゲノム領域には、250bp上流から翻訳開始点の間に 6 箇所のSNPが点在している。Col-0 由来のトランス性の低分子RNAとC24 アレルの標的配列の組み合わせを比較したところ、Col-0 アレルの標的配列の方がC24 アレルの標的配列と比較してギャップが存在した。なおシスに働く低分子RNAは、Col-0 あるいはC24 アレルとも存在しなかった。またこのトランス性の低分子RNAはCol-0 のみで発現し、C24 アレルには該当する配列が存在せず、発現もしていなかった。またそれ以外にも当該遺伝子の 5' 上流域周辺に相同性を示すCol-0 あるいはC24 アレル由来の低分子 RNAを複数明らかにした。しかし、F<sub>1</sub>雑種において 24-mer 低分子RNAのターゲット領域にメチル化は見られなかった。また他の片側アレル発現を示す遺伝子についても、F<sub>1</sub>雑種でDNAメチル化レベルが上昇する事例は見られなかった。

### F<sub>1</sub>雑種特異的な発現亢進が見られたnoncoding RNAの解析

本研究では、Col-0 株、C24 株およびF<sub>1</sub>雑種の実生を用いたトランスクリプトーム解析より、F<sub>1</sub>雑種で特異的に発現するnoncoding RNA遺伝子群の存在も見出している。このnoncoding RNA群の中で、維持型DNAメチル化酵素MET1 欠損株 (*met1*) でも発現が確

## 様式21

認められたnoncoding RNAに着目し、その機能を明らかにすると共に雑種強勢との関係を調べた。上記遺伝子を含むゲノム領域をCaMV 35SプロモーターでC24系統に強制的に発現させた種子を用いて、形態観察を行った。播種後約2か月経過した時点で野生型と遺伝子組み換え植物体(T1植物)の表現型を比較した結果、ロゼッタ葉の枚数がC24系統に比べ明らかに増加していた。一方、花形成時期は、野生型と変わらず、F<sub>1</sub>雑種にみられる花形成の遅延は見られなかった。また野生株と同じ時期に採種する事もできた。更にT2植物を用いて、播種してから種子形成に至るまでのロゼッタ葉の枚数計測、生重量の測定、抽だい時期を経時的に調べたところ、発生初期においては、野生型と成長に差が見られなかったが、播種後5週間目以降においてT1植物と同様にロゼッタ葉の枚数増加が確認された。また、T1世代と同様に抽だい時期は、野生型と変わらず、F<sub>1</sub>雑種にみられる花成の遅延は見られなかった。

近年のゲノム解析技術の発達により種々の生物種でゲノム塩基配列解読が可能となり、これらの情報を用いた様々な形質発現調節機構の解明が進められている。また次世代シーケンサーの登場は、ゲノムレベルにおける転写産物の解析に加えて、DNAメチル化やヒストン修飾部位、低分子RNA等の網羅的解析を可能とした。これら網羅的かつ包括的データを組み合わせることで、従来ほとんど明らかでなかったグローバルな遺伝子発現調節機構の解明に結びつくものと期待されている。例えば雑種強勢における、複雑な対立遺伝子構成のなかでの遺伝子発現調節機構を解明するには、こうした方法論の醸成・深化が必要不可欠と考えた。

本研究課題は、研究代表者らが世界に先駆けて明らかにした対立遺伝子間の優劣性に低分子RNAを介したDNAメチル化が関わっていること(Shiba et al., Nature Genet., 2006, Tarutani et al., Nature, 2010)を踏まえたものとなっており、同様の事例は、ほとんど報告がない。そのため、優性側対立遺伝子由来の低分子RNAにより劣性側対立遺伝子の発現が抑制されるという優劣性モデルの普遍性を提唱することができたことは斬新かつ独創的であり、本研究が世界をリードする形になると考えられる。また当初の目的のほかに、F<sub>1</sub>雑種において特異的に発現する遺伝子群が多数存在することを示すことができ、その内の低分子RNAの一つについて構成的に発現させると、葉の生育が促進されるという興味深い知見を得ることができた。この結果は、雑種強勢の改変に結びつく可能性があり、育種的に重要な知見となり得る。また実生全体を使つての俯瞰的解析であるにも関わらず、多数の優劣性発現を示す遺伝子が見出されてきたことの意義は大きい。これは、単純に両親の遺伝子発現が足し算された結果ではなく、両親の組み合わせに応じて、対立遺伝子あるいはゲノム間のせめぎ合いの結果、引き起こされている興味深い現象と考えられる。

優劣性がトランス作用性の低分子RNAにより調節されていると推測される実例を見出した一方で、実生全体を使つたメチローム解析の結果からは24塩基の低分子RNAのター



## 様式21

ゲット領域にメチル化が見られなかった。この点については、DNAメチル化が局所的に起こっていることが予想されるため、トランス作用性の低分子RNAの発現が見られている組織からゲノムDNAを抽出してメチル化状態を観察することで十分解決できると考えている。また2度の異動に伴う研究環境の整備ならびに組換え実験手続きに時間がかかり形質転換体を用いた証明実験に遅れが生じているが、新たな優劣生発現遺伝子やインプリント遺伝子の発見、多数のF<sub>1</sub>雑種特異的発現遺伝子類の発見にも貢献し、雑種強勢等の生命現象との関係を今後精査していくための新たな研究基盤を提供したことから、目的は十分達成できたと考えている。

本研究成果によって雑種強勢の制御が出来れば、有用ハイブリッド作物の作出による生産機能向上やバイオマス改良につながる事が期待される。また遺伝子組換えを使わない新しい育種法の確立にもつながる事が期待される。さらにここで開発された次世代シーケンサー情報を用いた解析技術基盤は他の作物種に容易に展開することも可能であると考えている。

6. 研究発表等

<p>雑誌論文 計 4 件</p>	<p>(掲載済みー査読有り) 計 3 件</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. <u>Shiba, H.</u>, and Takayama, S., Epigenetic regulation of monoallelic gene expression. <i>Development Growth and Differentiation</i>, 54, 120-128, 2012.</li> <li>2. Iwano, M., Ngo, Q. A., Entani, T., <u>Shiba, H.</u>, Nagai, T., Miyawaki, A., Isogai, A., Grossniklaus, U., and Takayama S., Cytoplasmic Ca<sup>2+</sup> changes dynamically during the interaction of the pollen tube with synergid cells. <i>Development</i>, 139, 4202-4209, 2012.</li> <li>3. Takada, Y., Sato, T., Suzuki, G., <u>Shiba, H.</u>, Takayama, S., and Watanabe, M., Involvement of MLPK Pathway in Intraspecies Unilateral Incompatibility Regulated by a Single Locus with Stigma and Pollen Factors, <i>Genes Genomes Genetics</i>, 3, 719-726, 2013.</li> </ol> <p>(掲載済みー査読無し) 計 1 件 前川 雅彦, 金澤 章, 堤 伸浩, 木下 哲, 土生 芳樹, 柴 博史, 江面 浩, エピミュータジェネシスと次世代育種への展開, <i>育種学研究</i> 15, 42-50, 2013.</p> <p>(未掲載) 計 0 件</p>
<p>会議発表 計 11 件</p>	<p>専門家向け 計 10 件</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 柴 博史、樽谷芳明、三浦栄子、岩野 恵、柿崎智博、渡辺正夫、磯貝 彰、高山誠司エピゲノムを介した自家不和合性対立遺伝子間の優劣性発現制御、京都、2011/9/20、第 83 回日本遺伝学会</li> <li>2. Shiba, H., Tarutani, Y., Miura, E., Watanabe, M., Isogai, A., and Takayama, S., Epigenetic regulation of dominance relationships in Brassica self-incompatibility alleles、横浜、2011/12/13-1、第 34 回日本分子生物学会</li> <li>3. 柴 博史、植物におけるエピゲノムを介した優劣性発現制御機構の解明、大阪、2011/12/18、新学術領域研究「ゲノム支援」拡大班会議</li> <li>4. 柴 博史、網羅的ゲノム解析による種内雑種特異的な遺伝子発現制御機構の解明、葉山、2012/7/26-28、第 5 回生殖研究若手の会</li> <li>5. 柴 博史、日野 沙由理、桂 奈津美、五十嵐 香理、藤橋 大祐、堀内 映実、鈴木 穰、矢野 健太郎、磯貝 彰、高山 誠司、オミクス解析で明らかとなってきた種内雑種特異的な遺伝子発現制御、京都、2012/9/14-15、日本育種学会第 122 回講演会</li> <li>6. 柴 博史、三浦 栄子、樽谷 芳明、磯貝 彰、高山 誠司、植物におけるエピゲノムを介した優劣性発現制御機構の解明、土浦、2013/2/9、日本農芸化学会第 2 回関東支部例会</li> <li>7. 柴 博史、エピゲノムを介した対立遺伝子間の優劣性発現制御機構、土浦、2013/03/11、平成 24 年度茨城大学遺伝子実験施設公開シンポジウム「エピジェネクス研究最前線」(企画・立案に関与)</li> <li>8. 柴 博史、エピゲノムを介した対立遺伝子間の優劣性発現制御機構の解明、筑波大学セミナー、つくば、2013/7/18, 19</li> <li>9. 柴 博史、オミクス解析で明らかとなってきた種内雑種特異的な遺伝子発現制御の実体、明治大学・科学技術研究所シンポジウム「大規模オミックス情報解析がもたらす生命科学の新たな展開」、生田、2013/9/2</li> <li>10. Shiba, H. Nakagawara, M., Hino, S., Katsura, N., Yokoyama, K., Igarashi, K., Fujihashi, D., Horiuchi, E., Suzuki, Y., Yano, K.,</li> </ol>

様式21

	<p>Isogai, A., Takayama, S., Whole genome analysis for identification of gene expression changes in two Arabidopsis accessions and their reciprocal hybrids, International symposium on diversifying biological resources ~ Toward food security and sustainable society~, Tsukuba, 2013/11/20</p> <p>一般向け 計1件 第2回日中韓若手研究者ワークショップ「New Technology, New industries, New Development」{実施機関 文部科学省(日本), 科学技術部(中国), 教育科学技術省(韓国)}, 平成24年4月28日、上海西郊賓館(中国)、</p>
<p>図書 計1件</p>	<p>柴 博史：植物における small RNA を介した時期・組織特異的な対立遺伝子間の優劣性発現調節機構, 国際高等研究所 研究プロジェクト「細胞履歴に基づく植物の形態形成」報告書 (isbn978-4-906671-81-6), 81-88, 2011.</p>
<p>産業財産権 出願・取得状況 計0件</p>	<p>(取得済み) 計0件 (出願中) 計0件</p>
<p>Webページ (URL)</p>	<p>該当なし</p>
<p>国民との科学・技術対話の実施状況</p>	<p>&lt;出前授業・特別講義・その他&gt; (タイトル、日時、場所) 「エピジェネティックな遺伝子発現制御機構」、平成23年3月12日、奈良先端科学技術大学院大学、大学3,4年次生および高等専門学校専攻科学生、120名</p> <p>本研究課題に関係する最近の研究成果を紹介するとともに、その研究背景について分かりやすく解説した</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>● 「植物で見られる受粉の不思議」、平成24年3月12日、私立立命館高等学校、高校生、54名、</li> <li>● 「植物で見られる受粉の不思議」、平成24年7月28日、茨城大学、小・中・項・一般人、120名</li> <li>● 「植物の子孫を残すための戦略」、平成25年1月12日、茨城大学、高校生、300名</li> </ul> <p>本研究課題の背景となった植物の生殖機構についてわかりやすく解説した。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>● SSH支援事業の一環としての生徒への実習指導(水戸第二高等学校)、平成25年度、茨城大学、高校生、5名(+顧問1名)</li> </ul> <p>高校生の課題研究について実習指導、報告書作成の指導等を行った。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>● ジュニア農芸化学会2013、平成25年3月25日、東北大学、高校生、500名</li> <li>● ジュニア農芸化学会2014、平成26年3月28日、明治大学、高校生、500名</li> </ul>

様式21

	大会運営に従事した。
新聞・一般雑誌等 掲載 計0件	該当なし
その他	該当なし

7. その他特記事項

該当なし