

きむら せいすけ
木村 成介

生命科学部 教授
博士(理学)／東京理科大学

ホームページ URL
<https://www.seisukekimura.com>

主な研究業績

1. Kaoru Okamoto Yoshiyama, Naoki Aoshima, Naoki Takahashi, Tomoaki Sakamoto, Kei Hiruma, Yusuke Saijo, Jun Hidema, Masaaki Umeda, Seisuke Kimura: SUPPRESSOR OF GAMMA RESPONSE1 acts as a regulator coordinating crosstalk between DNA damage response and immune response. *Plant Molecular Biology* 103:321-340 (2020)
2. Tomoko Hirano, Seisuke Kimura, Tomoaki Sakamoto, Ayaka Okamoto, Takumi Nakayama, Yoshihito Suzuki, Issei Ohshima, Masa H. Sato, Reprogramming of the developmental program of *Rhus javanica* during initial stage of gall induction by *Schlechtendalia chinensis*. *Frontiers in Plant Science* 11: 471-1-13 (2020)
3. Rumi Amano, Hokuto Nakayama, Risa Momoi, Emi Omata, Shizuka Gunji, Yumiko Takebayashi, Mikiko Kojima, Shuka Ikematsu, Momoko Ikeuchi, Akira Iwase, Tomoaki Sakamoto, Hiroyuki Kasahara, Hitoshi Sakakibara, Ali Ferjani and Seisuke Kimura: Molecular Basis for Natural Vegetative Propagation via Regeneration in North American Lake Cress, *Rorippa aquatica* (Brassicaceae). *Plant and Cell Physiology* 61: 353-369 (2020)
4. Seiji Takeda, Makiko Yoza, Taisuke Amano, Issei Ohshima, Tomoko Hirano, Masa H. Sato, Tomoaki Sakamoto, Seisuke Kimura: Comparative transcriptome analysis of galls from four different host plants suggests the molecular mechanism of gall development. *PLOS ONE* 14: e0223686-1-19 (2019)
5. Gaojie Li, Shiqi Hu, Hongwei Hou and Seisuke Kimura: Heterophylly: Phenotypic Plasticity of Leaf Shape in Aquatic and Amphibious Plants. *Plants* 8: 420-1-13 (2019)
6. Hokuto Nakayama, Tomoaki Sakamoto, Yuki Okegawa, Kaori Kaminoyama, Manabu Fujie, Yasunori Ichihashi, Tetsuya Kurata, Ken Motohashi, Ihsan Al-Shehbaz, Neelima Sinha, Seisuke Kimura: Comparative transcriptomics with self-organizing map reveals cryptic photosynthetic differences between two accessions in North American Lake cress. *Scientific Reports* 8: 3302 (2018)
7. Naoyuki Uchida, Koji Takahashi, Rie Iwasaki, Ryotaro Yamada, Masahiko Yoshimura, Takaho A. Endo, Seisuke Kimura, Hua Zhang, Mika Nomoto, Yasuomi Tada, Toshinori Kinoshita, Kenichiro Itami, Shinya Hagihara, Keiko U. Tori: Chemical hijacking of auxin signaling with an engineered auxin-TIR1 pair. *Nature Chemical Biology* 14: 299-305 (2018)
8. Kaoru Okamoto Yoshiyama, Kaori Kaminoyama, Tomoaki Sakamoto, Seisuke Kimura: Increased phosphorylation of Ser-Gln sites on SUPPRESSOR OF GAMMA RESPONSE1 strengthens the DNA damage response in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Cell* 29: 3255-3268 (2017)

研究テーマ Research theme

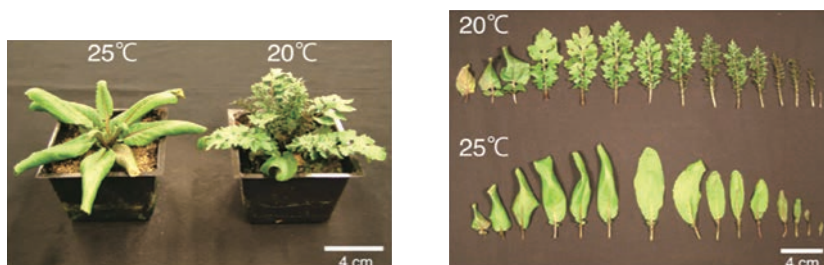
統合オミックス解析による生態進化発生学研究の推進

概要 Overview

地球上の多彩な生物が見せる驚くべき「形の多様性」は古くから多くの人々を惹きつけてきました。この多様性が生じるしくみを、「発生」「進化」「環境」という3つの異なる観点から総合的に理解しようとするのが「生態進化発生学(エコ-エボ-デボ)」です。木村研究室では、植物の生態進化発生学研究を推進することで、植物と環境の関係を明らかにするとともに、環境ストレス耐性植物の作出などを目指しています。

生物の形などの形質は、ゲノムに書き込まれた情報が階層的に制御されることで発現します。形の多様性が生じるしくみを理解するためには、ゲノム、エピゲノム、トランスクリプトーム、プロテオームなど各階層のオミックス情報を統合的に解析する必要があります(統合オミックス解析)。そこで、木村研究室では次世代シーケンサーやバイオインフォマティクス解析サーバーを設置し、また、オミックス研究で十分な実績を持つ教員が連携することで、統合オミックス解析を推進する体制を整えています。

木村研究室では、さまざまな研究を進めていますが、例えば水陸両生植物の *Rorippa aquatica* の示す葉の形態の表現型可塑性について研究しています。北米に分布する *R. aquatica* は、生育環境に応じて葉の形態を大きく変化させます。このような葉形の変化は、水の抵抗を軽減したり、効率良く光合成を行なうために役立っていると考えられ、発生と環境の相互作用を理解し、生態進化発生学研究を推進するための最良のモデルとなります。木村研究室では、ゲノム解析やトランスクリプトーム解析により、葉の形態の表現型可塑性のメカニズムを明らかにしようとしています。植物が環境変化をどのように感受して応答しているかを明らかにすることができれば、地球温暖化などの環境変動に耐性がある植物の作出につながると期待できます。



生育温度の違いによる *R. aquatica* の葉形の変化

共同研究等へのニーズ Need for joint research

本研究室では、次世代シーケンスによるオミックス解析については十分なノウハウをもっており、国内外の研究機関と多くの共同研究をすすめています。ゲノム配列解析(DNA-seq)やトランスクリプトーム解析(RNA-seq)については、データ解析を含めて実施することができます。