

平成28年度 医療研究開発推進事業費補助金
成果報告書

I. 基本情報

事業名： (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名： (日本語) トマトバイオリソース中核拠点整備
(英語) Development of tomato bioresources in Japan

補助事業担当者 (日本語) 国立大学法人筑波大学 生命環境系・遺伝子実験センター 江面 浩
所属 役職 氏名： (英語) University of Tsukuba, Faculty of life and Environmental Sciences,
Genetic Rsearch Center, Hiroshi Ezura

実施期間： 平成27年4月1日 ～ 平成28年3月31日

分担研究 (日本語) トマトバイオリソース中核拠点整備 (DNA レベルリソース)
分担課題名： (英語) Development of tomato bioresources in Japan (DNA resources)

補助事業分担者 (日本語) 公立大学法人大阪府立大学 大学院生命環境科学研究科応用生命科学専攻
青木 考
所属 役職 氏名： (英語) Osaka Prefecture University, Graduate School of Life and Environmental Sciences,
Koh Aoki

II. 成果の概要 (総括成果報告)

【トマトリソースの重要性】

トマトはナス科のモデル植物である。ナス科に属する植物の染色体の基本数は12本で、他の植物に比べて単純であるが、形態的に見ると、草本性の種から木本性の種まで、生態的に見ると熱帯地域で生育する種から寒冷地域で生育する種まで、海岸部の低地に生育する種から高地に生育する種まで多様である。これらの多様性と環境適応能力を生み出す秘密はゲノム情報の中に含まれているはずであり、この原因を明らかにすることは生物学的に極めて重要な研究テーマである。そこで、ナス科の中で比較的ゲノムサイズの小さいトマトをモデル植物として用いてゲノム解読を行い、さらにその情報をもとに他のナス科植物との比較ゲノム研究を行い、ナス科植物の多様性進化と適応能力向上の秘密を明らかにする研究が国際コンソーシアム方式で実施されている。一方、トマトは世界で最も生産量の多い野菜である。近年の研究からその果実は多くの機能性成分を含むことが明らかになっており、人類の健康の維持・増進になくてはならない作物となっている。以上のようにトマトは基礎研究の対象としても開発研究の対象としても極めて重要な植物種であり、これらの研究開発で我が国が国際的にイニシアティブを発揮するには、世界最高水準のトマトバイオリソース整備が重要である。

【トマトリソースの標準化、品質の確保・高度化】

リソースの標準化として、Micro-Tom Japan (TOMJPF00001) の栽培を他の系統とは異なる隔離温室で栽培することにより純系を確保している。年2回のリソース栽培(増殖)において、全ての変異体の発芽数、開花日などの調査を行っている。さらに、変異体の表現型の調査は目視で行っており、表現型に変異が確認された個別変異体系統は他変異体の花粉による交配を防ぐために、別の場所で以後の栽培を行っており、個別変異体の純系確保のための栽培管理を行っている。これらの栽培に関するデータは全て変異体データベースTOMATOMAで公開しており、閲覧することができる体制が整えられている。国外からの分譲に関しては、栽培地調査を行い、相手国の基準に応じてリソースの提供を行っている。

収集した完全長cDNAクローンについては必ず3コピーを作製し、配布用に使用するコピーを適宜更新している。クローンをピックアップする際のコンタミネーションによる品質低下防止のために、ピアシングの際に飛び散りが無いプレートシールを使用している。配布に際しては、大腸菌ストックからプラスミド抽出し、端読みでクローンの確認をして送付している。

【トマトリソースの収集・保存・提供の実績およびリソースを利用した成果】

個体レベルのリソースは、収集数・保存数・提供数ともに当初の目標を達成しており、事業が順調に進んでいる。収集数・保存数は世界最大規模になりつつあるが、提供数は平成27年度までは国内外含め年間約300系統程度であった。特に国外への提供数の改善のため、国外のリソースとの連携強化、広報活動の強化(第3期累計88件(国内53件・国外35件)、展示・口頭・ポスター発表を含む)、NBRPシンポジウム(日本ナス科コンソーシアム(JSOL)年会と共同開催:2016年11月)の開催などを積極的に行い、国内外の提供数改善に努めた。その結果、平成28年度では、国外への分譲が大幅に改善された。世界6ヶ国(ノルウェー1件、スペイン1件、ポルトガル1件、ドイツ1件、韓国4件、中国2件)10件の分譲依頼があり、国外分譲353系統・国内分譲472系統と合わせて、合計825系統の提供を行い、リソースの国際化を推進した。ガンマ線変異誘発系統においては目標値を下回っているが、変異体獲得の効率が極端に悪いことから、平成24年度以降はEMS突然変異誘発系統の整備に重点を置くこととし、ガンマ線変異誘発系統は新規リソースの収集を停止し、保存・配布体制の維持に努めることとした組換えトマトの整備充実に関しては、T-DNAタグラインのT-DNA挿入隣接配列のデータを蓄積したため、種子の増殖が完了した系統から順次公開を開始した。第4期ではアクチベーションタグラインおよびFOXライン等の整備を実施し、データベースに隣接配列情報等を付加し配布を開始する。

DNAレベルのリソースは、中間評価において、提供数の改善を提言されており、その方策として、クローンの値段改定およびクローンセットの配布を試みたところ、平成26年度以降は提供目標を達成した。

さらに、第3期では、研究コミュニティから強い要望があった果実の代謝情報付加による変異体リソースの高付加価値化(変異体代謝情報を2015年6月に公開)およびMicro-Tom全ゲノムシーケンスをそれぞれ変異体データベースTOMATOMAおよび統合データベースTOMATOMICSを通じて公開したところ、両データベースの訪問者数およびアクセス数が飛躍的に増加した。この結果は研究コミュニティの要望を満たした結果であると考えられる。

NBRPトマトのリソースを利用した第3期累計論文数は108報(第2,3期累計論文数:142報)、IF \geq 3の論文は41報(第2,3期累計論文数:54報)であるが、平成28年度に参加機関以外の機関による論文数が過去最高を記録しており、第2,3期に分譲したリソースを用いた成果が発表され始めていると考えられ、今後更に増加する可能性が高い(平成28年度:参画機関12報、参画機関以外20報、IF \geq 3の論文13報)。そこで、第4期では、年間成果論文数25報以上を目指す。また、リソース利用成果が「2015年農林水産研究成果10大トピックス」に選定された。論文数の把握のために、ホームページでの告知や利用者へ年2回のメールやメーリングリストを用いて、成果報告を促している。

以上のMicro-Tom変異体を基盤としたバイオリソースの体系的整備を実施したことで、他のモデル植物では見られない「果実研究」という独自の方向性に貢献できている。近年のトマト研究においては、トマト果実に蓄積する機能性成分(GABA, リコペンなど)に注目が集まっているため、今後、保有するバイオリソースの機能性成分の情報を蓄積、公開することで、新しい研究分野が創出されることが期待される。

【Importance of tomato resource】

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is a model plant for Solanaceae family including potato, eggplant, pepper, tobacco, petunia and others. Some species containing to the Solanaceae family is basically 12 chromosomes, and it is simple compared with that of other species. But, the Solanaceae family shows a wide variety of morphological and physiological features, such as herbaceous or arbor crop, and tropical or boreal area, respectively. These diversity and adaptation capacity to environment are attributed to genome sequence of these species, and it is important research to elucidate cause of these features. Accordingly, tomato genome consortium has been performed genome sequencing by using tomato as a model plant in 2012, and has been performed comparative genomics based this sequence information. And a lot of scientists in worldwide have carried out many researches for elucidating some causes of the diversity and adaptation capacity to environment of Solanaceae family. On the other hands, tomato is important in scientific researches, and is also one of the most important crops in terms of production and economy, moreover, also in the nutritional science, tomato fruits contain many functional materials such as lycopene, gamma-amino butyric acid (GABA) and vitamins A and C. Accordingly, tomato is important crop in terms of basic and applicative investigations, and development of tomato bioresource at the top global standards, is necessary to demonstrate ours initiative on research competitions in the world.

【Standardization and quality control of tomato resource】

As standardization of tomato resource, to obtain pure line of Micro-Tom Japan (TOMJPF00001), this

line has been cultivated independently from mutant lines, other cultivars and wild species. In biannual cultivation for seeds propagation, we have recorded some traits of all mutant lines, such as germination rate, mutation rate, first flowering date, and etc., moreover, we have isolated individual mutant lines with visible phenotypes from mutant population, and all of the visible phenotyping date concerning fruit color, fruit shape, leaf morphology, and etc. have registered with the database 'TOMATOMA' (<http://tomatoma.nbrp.jp/>), and all users can use these dates through this database. About distribution to foreign countries, after acquiring a inspection certificate, we have provided the order seed under quarantine regulation of partner country.

As DNA resource, collected full-length cDNA clones have certainly produced 3 copies, and have preserved. To prevent quality loss of cDNA clone from contamination, we have used not-spattering plate seal when piercing of these clones. About provision of cDNA clone, we have provided to user after confirming sequence of each clone.

【Achievement utilized tomato resource】

As results of plant resource of NBRP-tomato resource, we achieved numerical targets on number of collection, preservation and provision. The collection and preservation numbers of tomato resource have become the world's largest numbers, however, the provision number of plant resource to users in Japan and foreign countries has not been enough about 300 lines until Apr. 2016. For improvement of that number to foreign countries, we performed to increase frequency of presentation and exhibition in international meeting, and enhanced cooperation with other tomato resource in the world. In particular, we convened NBRP-tomato international symposium as co-host with Japan Solanaceae consortium (JSOL) meeting on Nov. 2016. As results of these approaches, the provision number of tomato resource to foreign country was substantial improved from Apr. 2016 to Mar. 2017. There were 10 offers from 6 countries in the world (Norway, Spain, Portugal, Germany, South Korea, and China), and we provided total 825 lines in this term (Japan : other countries, 472 lines : 353 lines). To facilitate the quality of these mutant resources, we are also accumulating metabolic components of mutant fruits, and these dates have been available via TOMATOMA. In addition, we have recently launched provision of T-DNA tag lines based on Micro-Tom, and franking sequence information and the insertion location on Micro-Tom genome of these transgenic lines, can utilize through the TOMATOMA and 'TOMATOMICS' (<http://bioinf.mind.meiji.ac.jp/tomatomics/>), respectively.

On the other hand, as DNA resources, we also achieved numerical targets on number of collection, preservation and provision. The sequence information of Micro-Tom full-length cDNA and EST are available from database 'KaFTom' (<http://www.pgb.kazusa.or.jp/kaftom/>) and EST database 'MiBASE' (<http://www.pgb.kazusa.or.jp/mibase/>), respectively. A reference genome sequence of Micro-Tom is also available through 'TOMATOMICS'.

As results of systematic development of Micro-Tom resource, publication items utilized our resource until Mar. 2017 were total 108 reports, of which this item over IF 3 were 41 reports. Moreover, between Apr. 2016 and Mar. 2017, the publication items reached record high numbers (12 reports by the institutions joining NBRP-tomato, 19 reports by other institutions), and in future, we predict that this item numbers will more increase by result of the provision number from Apr. 2016 to Mar. 2017.

As above, our comprehensive tomato resources will help to facilitate breeding and functional genomics research of tomato.

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 2 件、国際誌 106 件)

平成 28 年度 (国内誌 2 件、国際誌 30 件)

【代表機関：国立大学法人筑波大学】

2017

有泉亨, 伊藤康博, 三浦謙治, 江面浩: ゲノム編集技術のトマトへの応用・Application of genome editing technologies to tomato. アグリバイオ創刊号 2017 年 1 月号

1. HAO, S., ARIIZUMI, T. and EZURA, H., *SEXUAL STERILITY* is essential for both male and female gametogenesis in tomato. *Plant and Cell Physiology*, 2017, 58(1), 22-34.
2. HANO, S., SHIBUYA, T., IMOTO, N., ITO, A., IMANISHI, S., ASO, H. and KANAYAMA, Y., Serotonin content in fresh and processed tomatoes and its accumulation during fruit development. *Scientia Horticulturae*, 2017, 214, 107-113.

3. KANAYAMA, Y., Sugar metabolism and fruit development in the tomato. *The Horticulture Journal*, 2017, OKD-IR01.
4. KUDO T., KAWAHARA Y., ARIIZUMI T., HOSHIKAWA K., EZURA H., ITOH T., YANO K., Omics databases for plant breeding, *育種学研究*, 2017, 19(1), 41-47.
5. NAGAKI, K., YAMAJI, N. and MURATA, M., ePro-ClearSee: a simple immunohistochemical method that does not require sectioning of plant samples. *Scientific Reports*, 2017, 7, 42203.
6. SHIMATANI, Z., KASHOJIYA, S., TAKAYAMA, M., TERADA, R., ARAZOE, T., ISHII, H., TERAMURA, H., YAMAMOTO, T., KOMATSU, H., MIURA, K., EZURA, H., NISHIDA, K., ARIIZUMI, T. and KONDO A., Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion. *Nature Biotechnology*, 2017, 35, 441–443.
7. TAKAYAMA, M., MATSUKURA, C., ARIIZUMI, T. and EZURA, H., Activating glutamate decarboxylase activity by removing the autoinhibitory domain leads to hyper γ -aminobutyric acid (GABA) accumulation in tomato fruit. *Plant Cell Reports*, 2017, 36(1), 103-116.
8. UETA, R., ABE, C., WATANABE, T., SUGANO, S.S., ISHIHARA, R., EZURA, H., OSAKABE, Y. and OSAKABE, K., Rapid breeding of parthenocarpic tomato plants using CRISPR/Cas9. *Scientific Reports*, 2017, 7(1), 507-017-00501-4.

2016

9. CORIGLIANO, M.G. and CLEMENTE, M., The Role of Plant 90-kDa Heat Shock Proteins in Plant Immunity. *Heat Shock Proteins and Plants*. Springer, 2016. pp. 149-167.
10. FERNANDEZ-MORENO, J.P., TZFADIA, O., FORMENT, J., PRESA, S., ROGACHEV, I., MEIR, S., ORZAEZ, D., AHARONI, A. and GRANELL, A., Characterization of a new pink-fruited tomato mutant results in the identification of a null allele of the *SIMYB12* transcription factor. *Plant Physiology*, 2016, 171(3), 1821-1836.
11. HIWASA-TANASE, K. and EZURA, H., Molecular breeding to create optimized crops: from genetic manipulation to potential applications in plant factories. *Frontiers in Plant Science*, 2016. 7.
12. HONJOH, K., IWAIZAKO, Y., LIN, Y., KIJIMA, N. and MIYAMOTO, T., Possibilities for Contamination of tomato fruit by *Listeria monocytogenes* during cultivation. *Food Science and Technology Research*, 2016, 22(3), 349-357.
13. IKEDA, H., SHIBUYA, T., NISHIYAMA, M., NAKATA, Y. and KANAYAMA, Y., Physiological mechanisms accounting for the lower incidence of blossom-end rot in tomato introgression line IL8-3 fruit. *The Horticulture Journal*, 2016, OKD-015.
14. IKEDA, H., SHIBUYA, T., IMANISHI, S., ASO, H., NISHIYAMA, M. and KANAYAMA, Y., Dynamic metabolic regulation by a chromosome segment from a wild relative during fruit development in a tomato introgression line, IL8-3. *Plant and Cell Physiology*, 2016. 57(6), 1257-1270.
15. KUDO, T., SASAKI, Y., TERASHIMA, S., MATSUDA-IMAI, N., TAKANO, T., SAITO, M., KANNO, M., OZAKI, S., SUWABE, K. and SUZUKI, G., Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes & Genetic Systems*, 2016, 91(2), 111-125.

16. KUMAR, A.P., MCKEOWN, P.C., BOUALEM, A., RYDER, P., BRYCHKOVA, G., BENDAHMANE, A., SARKAR, A., CHATTERJEE, M. and SPILLANE, C., TILLING by Sequencing (TbyS) for targeted genome mutagenesis in crops. *Molecular Breeding*, 2017, 37(2), 14.
17. KUNISHIMA, M., YAMAUCHI, Y., MIZUTANI, M., KUSE, M., TAKIKAWA, H. and SUGIMOTO, Y., Identification of (Z)-3:(E)-2-hexenal isomerases essential to the production of the leaf aldehyde in plants. *The Journal of Biological Chemistry*, 2016, 291(27), 14023-14033.
18. LEE, S., JUNG, P.E. and LEE, Y., Publicly-funded biobanks and networks in East Asia. *SpringerPlus*, 2016, 5(1), 1-11.
19. LU, Y., YASUDA, S., LI, X., FUKAO, Y., TOHGE, T., FERNIE, A.R., MATSUKURA, C., EZURA, H., SATO, T. and YAMAGUCHI, J., Characterization of ubiquitin ligase SIATL31 and proteomic analysis of 14-3-3 targets in tomato fruit tissue (*Solanum lycopersicum* L.). *Journal of Proteomics*, 2016, 143, 254-264.
20. MUELLER, L. and FERNANDEZ-POZO, N., Tomato Databases. *The Tomato Genome*. Springer, 2016, 245-255.
21. MÜLLER, F., XU, J., KRISTENSEN, L., WOLTERS-ARTS, M., DE GROOT, P.F., JANSMA, S.Y., MARIANI, C., PARK, S. and RIEU, I., High-temperature-induced defects in tomato (*Solanum lycopersicum*) anther and pollen development are associated with reduced expression of B-class floral patterning genes. *PLoS One*, 2016, 11(12), e0167614.
22. SASAKI, T., TSUCHIYA, Y., ARIYOSHI, M., NAKANO, R., USHIJIMA, K., KUBO, Y., MORI, I.C., HIGASHIIZUMI, E., GALIS, I. and YAMAMOTO, Y., Two members of the aluminum-activated malate transporter family, *SIALMT4* and *SIALMT5*, are expressed during fruit development, and the overexpression of *SIALMT5* alters organic acid contents in seeds in tomato (*Solanum lycopersicum*). *Plant and Cell Physiology*, 2016, 57(11), 2367-2379.
23. THAGUN, C., IMANISHI, S., KUDO, T., NAKABAYASHI, R., OHYAMA, K., MORI, T., KAWAMOTO, K., NAKAMURA, Y., KATAYAMA, M., NONAKA, S., MATSUKURA, C., YANO, K., EZURA, H., SAITO, K., HASHIMOTO, T. and SHOJI, T., Jasmonate-responsive ERF transcription factors regulate steroidal glycoalkaloid biosynthesis in tomato. *Plant and Cell Physiology*, 2016, 57(5), 961-975.
24. XU, J., WOLTERS-ARTS, M., MARIANI, C. and RIEU, I., Mild heat during early flower development results in pollen abortion at late stages. *Genetics and Physiology of Pollen Thermotolerance in Tomato*, 2016, pp. 31-58.
25. XU, J., DE GROOT, P., MARIANI, C. and RIEU, I., The involvement of reactive oxygen species in tomato pollen heat tolerance. *Genetics and Physiology of Pollen Thermotolerance in Tomato*, 2016, pp. 59-76.

【分担機関：公立大学法人大阪府立大学】

2017

27. KUDO, T., KOBAYASHI, M., TERASHIMA, S., KATAYAMA, M., OZAKI, S., KANNO, M., SAITO, M., YOKOYAMA, K., OHYANAGI, H., AOKI, K., KUBO, Y., and YANO, K., TOMATOMICS: A web database for integrated omics information in tomato. *Plant and Cell Physiology*, 2017, 58(1), e8-e8.

28. NAKAMURA, Y., KUDO, T., TERASHIMA, S., SAITO, M., NAMBARA, E. and YANO, K., CATchUP: A web database for spatiotemporally regulated genes. *Plant and Cell Physiology*, 2017, 58(1), e3-e3.
29. NAKAYA, A., ICHIHARA, H., ASAMIZU, E., SHIRASAWA, S., NAKAMURA, Y., TABATA, S. and HIRAKAWA, H., Plant Genome DataBase Japan (PGDBj). *Plant Genomics Databases: Methods and Protocols*, 2017, 45-77.

2016

30. GARCIA, V., BRES, C., JUST, D., FERNANDEZ, L., TAI, F.W.J., MAUXION, J., LE PASLIER, M., BÉRARD, A., BRUNEL, D. AOKI, K., ALESEEKH, S., FERMIE, AR., FREASER PD., ROTHAN C., Rapid identification of causal mutations in tomato EMS populations via mapping-by-sequencing. *Nature Protocols*, 2016, 11(12), 2401-2418.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表
第3期広報累計数 88 件 (国内 53 件、国外 35 件)

平成 28 年度

【代表機関：国立大学法人筑波大学】

1. Tomato Bioresources in Japan based on dwarf cultivar Micro-Tom, Poster, Ezura H, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Plant Biology Europe EPSO/FESPB 2016, Prague, Czech Republic 2016/6/26-30, 国外.
2. トマトモデル品種マイクロトムのリソース整備, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
3. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の発展, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 28 年度秋季大会, 名城大学, 2016/9/10-12, 国内.
4. Development of tomato Bioresources based on Micro-Tom as a model plant for fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, SOL2016, アメリカ, UC デイビス, 2016/9/12-16, 国外.
5. Tomato bioresources in Japan: Development of ‘Micro-Tom’ mutants and full-length cDNA, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内.
6. De novo assembly of genome sequence of the Micro-Tom standard line, Poster, Hirakawa H, Shirasawa K, Hoshikawa K, Aoki K, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内
7. 果実作物トマトのバイオリソース整備と変異体データベース TOMATOMA の活用, 招待講演, 有泉 亨, 星川 健, 四方 雅仁, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 育種学会平成 28 年度秋季大会, 鳥取大, 2016/9/24-25, 国内.
8. NBRP tomato: systematic development of Micro-Tom resources for tomato research community, 招待講

- 演, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
9. NBRP Tomato DNA Resources: update and application of Micro-Tom genome information, 招待講演, Aoki K, Chiba N, Hirakawa H, Shirasawa K, Nagasaki H, Isobe S, Yano K, Kubo Y, Kanayama Y, Hoshikawa K, Ariizumi T, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 10. NBRP tomato beyond 2016, 招待講演, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 11. Tomato Bioresources based on 'Micro-Tom' for facilitation of fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The Plant and Animal Genome (PAG) XXV Conference, San Diego, USA, 2017/1/14-18, 国外.
 12. マイクロトム変異体の活用によるトマト研究の革新, 招待講演, 有泉 亨, 星川 健, 江面 浩, 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 13. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の整備とその展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 29 年度春季大会, 日本大, 2017/3/19-20, 国内.
 14. マイクロトムを基盤としたトマト変異体集団整備の成果と将来展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 育種学会平成 29 年度春季大会, 名古屋大, 2017/3/28-30, 国内.

【分担機関：公立大学法人大阪府立大学】

1. Tomato Bioresources in Japan based on dwarf cultivar Micro-Tom, Poster, Ezura H, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Plant Biology Europe EPSO/FESPB 2016, Prague, Czech Republic 2016/6/26-30, 国外.
2. Vascular Connection between Parasitic Plant and Host Plant. Invited talk, Aoki K, Hozumi A, Ekawa M, Shimizu K, Yokoyama R, Nishitani K, The Fourth International Conference on Plant Vascular Biology, 2016, Shentzhen, China 2016/7/19-23, 国外.
3. トマトモデル品種マイクロトムのリソース整備, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
4. Improvement of the transformation method of root parasitic plant *Orobancha aegyptiaca*, 口頭, 江川 美菜子, 青木 考, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
5. An integrative tomato database TOMATOMICS: Current updates and perspective, 口頭, 工藤 徹, 片山 南, 寺島 伸, 斎藤 美沙, 菅野 真麻, 小林 正明, 浅野 あさみ, 青木 考, 矢野 健太郎, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
6. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の発展, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 28 年度秋季大会, 名城大学, 2016/9/10-12, 国内.
7. GENOMIC LOCI RESPONSIBLE FOR LOW-LIGHT FRUITING TRAIT OF MICRO-TOM, Poster, Chiba N, Shirasawa K, Aoki K, SOL2016, アメリカ, UC デイビス, 2016/9/12-16, 国外.
8. Development of tomato Bioresources based on Micro-Tom as a model plant for fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, SOL2016, ア

- メリカ, UC デイビス, 2016/9/12-16, 国外.
9. Tomato bioresources in Japan: Development of ‘Micro-Tom’ mutants and full-length cDNA, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内.
 10. De novo assembly of genome sequence of the Micro-Tom standard line, Poster, Hirakawa H, Shirasawa K, Hoshikawa K, Aoki K, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内
 11. NBRP tomato: systematic development of Micro-Tom resources for tomato research community, 招待講演, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 12. NBRP Tomato DNA Resources: update and application of Micro-Tom genome information, 招待講演, Aoki K, Chiba N, Hirakawa H, Shirasawa K, Nagasaki H, Isobe S, Yano K, Kubo Y, Kanayama Y, Hoshikawa K, Ariizumi T, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 13. Tomato Bioresources based on ‘Micro-Tom’ for facilitation of fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The Plant and Animal Genome (PAG) XXV Conference, San Diego, USA, 2017/1/14-18, 国外.
 14. OMATOMICS: A Web Database for Integrated Omics Information in Tomato, ポスター, 工藤 徹, 小林 正明, 寺島 伸, 片山 南, 尾崎 崇一, 斎藤 美沙, 菅野 真麻, 横山 紘一, 大柳 一, 青木 考, 矢野 健太郎, 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 15. Genome analysis to identify genes responsible for low light tolerance for fruiting in tomato, ポスター, 千葉 信明, 白澤 健太, 青木 考, 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 16. Symplasmic continuity between *Orobanche aegyptiaca* and the host, 口頭, 江川 美菜子, 青木 考, 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 17. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の整備とその展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 29 年度春季大会, 日本大, 2017/3/19-20, 国内.
 18. マイクロトムを基盤としたトマト変異体集団整備の成果と将来展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 育種学会平成 29 年度春季大会, 名古屋大, 2017/3/28-30, 国内.

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

平成 28 年度

1. 植物展示、星川 健, 江面 浩, 国際植物の日, 筑波大, 2016/5/22, 国内.

(4) 特許出願

なし。

平成 28 年度 医療研究開発推進事業費補助金
成果報告書

I. 基本情報

事業名： (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名： (日本語) トマトバイオリソース中核拠点整備
(英語) Development of tomato bioresources in Japan

補助事業担当者 (日本語) 国立大学法人筑波大学 生命環境系・遺伝子実験センター 江面 浩
所属 役職 氏名： (英語) University of Tsukuba, Faculty of life and Environmental Sciences,
Genetic Rsearch Center, Hiroshi Ezura

実施期間： 平成 27 年 4 月 1 日 ～ 平成 28 年 3 月 31 日

分担研究 (日本語) トマトバイオリソース中核拠点整備 (DNA レベルリソース)
分担課題名： (英語) Development of tomato bioresources in Japan (DNA resources)

補助事業分担者 (日本語) 公立大学法人大阪府立大学 大学院生命環境科学研究科応用生命科学専攻
青木 考
所属 役職 氏名： (英語) Osaka Prefecture University, Graduate School of Life and Environmental Sciences,
Koh Aoki

II. 成果の概要 (総括成果報告)

補助事業代表者： 国立大学法人筑波大学 生命環境系・遺伝子実験センター 江面 浩 総括成果報告を参照。

【トマトリソースの重要性】

トマトはナス科のモデル植物である。ナス科に属する植物の染色体の基本数は12本で、他の植物に比べて単純であるが、形態的に見ると、草本性の種から木本性の種まで、生態的に見ると熱帯地域で生育する種から寒冷地域で生育する種まで、海岸部の低地に生育する種から高地に生育する種まで多様である。これらの多様性と環境適応能力を生み出す秘密はゲノム情報の中に含まれているはずであり、この原因を明らかにすることは生物学的に極めて重要な研究テーマである。そこで、ナス科の中で比較的ゲノムサイズの小さいトマトをモデル植物として用いてゲノム解読を行い、さらにその情報をもとに他のナス科植物との比較ゲノム研究を行い、ナス科植物の多様性進化と適応能力向上の秘密を明らかにする研究が国際コンソーシアム方式で実施されている。一方、トマトは世界で最も生産量の多い野菜である。近年の研究からその果実は多くの機能性成分を含むことが明らかになっており、人類の健康の維持・増進になくてはならない作物となっている。以上のようにトマトは基礎研究の対象としても開発研究の対象としても極めて重要な植物種であり、これらの研究開発で我が国が国際的にイニシアティブを発揮するには、世界最高水準

のトマトバイオリソース整備が重要である。

【トマトリソースの標準化、品質の確保・高度化】

リソースの標準化として、Micro-Tom Japan (TOMJPF00001) の栽培を他の系統とは異なる隔離温室で栽培することにより純系を確保している。年2回のリソース栽培（増殖）において、全ての変異体の発芽数、開花日などの調査を行っている。さらに、変異体の表現型の調査は目視で行っており、表現型に変異が確認された個別変異体系統は他変異体の花粉による交配を防ぐために、別の場所で以後の栽培を行っており、個別変異体の純系確保のための栽培管理を行っている。これらの栽培に関するデータは全て変異体データベースTOMATOMAで公開しており、閲覧することができる体制が整えられている。国外からの分譲に関しては、栽培地調査を行い、相手国の基準に応じてリソースの提供を行っている。

収集した完全長cDNAクローンについては必ず3コピーを作製し、配布用に使用するコピーを適宜更新している。クローンをピックアップする際のコンタミネーションによる品質低下防止のために、ピアシングの際に飛び散りが無いプレートシールを使用している。配布に際しては、大腸菌ストックからプラスミド抽出し、端読みでクローンの確認をして送付している。

【トマトリソースの収集・保存・提供の実績およびリソースを利用した成果】

大阪府立大学では、代表機関の筑波大学と協力してトマト完全長cDNAクローンの収集・保存・配布・利用促進、ならびに明治大学と協力してトマトDNAデータベースの整備を行なった。

初年度から最終年度までの当初目標数は、収集80,000クローン、保存627,312クローン、配布640クローンと設定し、最終年度において収集87,566クローン、保存619,746クローン、配布1,200クローンといずれも目標を上回った。新規完全長cDNAクローンを収集するために、平成25年度に筑波大学より雌蕊Full-length cDNA Over eXpression (FOX)ライブラリーを譲り受け、ここから既収集クローンと同一のものを省いたサブトラクションライブラリーを作製し、このサブトラクションライブラリーからランダムにクローン収集を実施した。

利用促進のために、Solanaceae Genomic Network (SGN) 等の国際会議、日本ナス科コンソーシアム会議、ならびに日本分子生物学会展示などで広報に努めた。またトマトゲノムの大規模解析論文等で報告された特定機能遺伝子群、例えば糖トランスポーターファミリー 29クローン、アクアポリンファミリー 28クローン、転写因子495クローンのセット化を行なった。国際トマトゲノムプロジェクトによってトマトゲノムが公開された後には、ゲノムから予測されたトマト遺伝子に対応するマイクロトム完全長cDNAクローン8,587クローンのセット化を行ない、ゲノムの遺伝子予測からクローンを検索してくるユーザーの要望に対応した。

データベースの整備においては、明治大学に対して協力を提供して、MiBASEとKaFTomの維持に加えて、新たな統合型データベースTOMATOMICSの整備を行なった。平成25年度にはゲノムブラウザーの整備、平成27年度にはゲノム予測遺伝子とマイクロトム完全長cDNAの対応関係表示開始などを行ない、ユーザーの使いやすい環境づくりに努めた。最終年度においてTOMATOMICSの累積アクセス数は530万アクセス、うち平成28年度でのアクセス数が380万アクセスとなっており、急激に伸びている。

また東北大学・金山教授と協力し、完全長cDNAクローン保存のバックアップ体制づくりを行ない、平成24年度に443,117クローンを東北大学に移送しバックアップを開始した。

【Importance of tomato resource】

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is a model plant for Solanaceae family including potato, eggplant, pepper, tobacco, petunia and others. Some species containing to the Solanaceae family is basically 12 chromosomes, and it is simple compared with that of other species. But, the Solanaceae family shows a wide variety of morphological and physiological features, such as herbaceous or arbor crop, and tropical or boreal area, respectively. These diversity and adaptation capacity to environment are attributed to genome sequence of these species, and it is important research to elucidate cause of these features. Accordingly, tomato genome consortium has been performed genome sequencing by using tomato as a model plant in 2012, and has been performed comparative genomics based this sequence information. And a lot of scientists in worldwide have carried out many researches for elucidating some causes of the diversity and adaptation capacity to environment of Solanaceae family. On the other hands, tomato is important in scientific researches, and is also one of the most important crops in terms of production and economy, moreover, also in the nutritional science, tomato fruits contain many functional materials such as lycopene, gamma-amino butyric acid (GABA) and vitamins A and C. Accordingly, tomato is important crop in terms of basic and applicative investigations, and development of tomato bioresource at the top global standards, is necessary to demonstrate ours initiative on research competitions in the world.

【Standardization and quality control of tomato resource】

As standardization of tomato resource, to obtain pure line of Micro-Tom Japan (TOMJPF00001), this line has been cultivated independently from mutant lines, other cultivars and wild species. In biannual cultivation for seeds propagation, we have recorded some traits of all mutant lines, such as germination rate, mutation rate, first flowering date, and etc., moreover, we have isolated individual mutant lines with visible phenotypes from mutant population, and all of the visible phenotyping date concerning fruit color, fruit shape, leaf morphology, and etc. have

registered with the database 'TOMATOMA' (<http://tomatoma.nbrp.jp/>), and all users can use these dates through this database. About distribution to foreign countries, after acquiring a inspection certificate, we have provided the order seed under quarantine regulation of partner country.

As DNA resource, collected full-length cDNA clones have certainly produced 3 copies, and have preserved. To prevent quality loss of cDNA clone from contamination, we have used not-spattering plate seal when piercing of these clones. About provision of cDNA clone, we have provided to user after confirming sequence of each clone.

【Achievement utilized tomato resource】

Osaka Prefecture University collected, conserved and distributed tomato full-length cDNA clones, and promoted the use of them in cooperation with University of Tsukuba. Osaka Prefecture University improved the function and contents of tomato DNA databases in cooperation with Meiji University.

Osaka Prefecture University's initial goals are to collect 80,000 clones, to conserve 627,312 clones, to distribute 640 clones in the project period. We successfully achieved the initial goal by collecting 87,566 clones, conserving 619,746 clones, and distributing 1,200 clones. To collect novel full-length cDNA clones, we were provided with a Micro-Tom pistil Full-length cDNA Over eXpression (FOX) library by University of Tsukuba in 2013, and randomly collected full-length cDNA cloned.

To promote the use of full-length cDNAs, we provided public relations activity in International Conference on Solanaceae Genomics, Japan Solanaceae consortium annual meeting, and Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan. We prepared clone packages of sugar transporter-family genes (29 clones), aquaporin-family genes (28 clones), and transcription factor genes (495 clones). We also made a package of 8,587 full-length cDNAs corresponding to predicted genes according to ITAG 2.4 annotation of the tomato reference genome sequence (SL2.50).

To improve tomato DNA databases, we supported the activity of Meiji University in maintenance and update of MiBASE and KaFTom, and in establishing a new integrated database TOMATOMICS. In a TOMATOMICS platform, Meiji University implemented a genome browser in 2013, and started to provide information on the correspondence of our full-length cDNA sequences to gene sequences of ITAG2.4 annotation of the tomato reference genome sequence SL2.50 in 2015. These activities successfully established friendly web environment to users who found their genes of interest according to ITAG2.4 annotation first, and then looked for corresponding clones publicly available. This activity appeared to have direct effect on the number of database access, because cumulative number of accesses of TOMATOMICS increased remarkably after 2015. In 2016, TOMATOMICS accepted 3.8 million accesses which accounts for more than 70 % of total cumulative access of 5.3 million.

Osaka Prefecture University established a resource-backup framework in collaboration with Tohoku University. We sent 443,117 clones in 2012 to Tohoku University, and Tohoku University started backup storage.

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧（国内誌 2 件、国際誌 106 件）

平成 28 年度（国内誌 2 件、国際誌 30 件）

【代表機関：国立大学法人筑波大学】

2017

有泉亨, 伊藤康博, 三浦謙治, 江面浩: ゲノム編集技術のトマトへの応用・Application of genome editing technologies to tomato. アグリバイオ創刊号 2017 年 1 月号

1. HAO, S., ARIIZUMI, T. and EZURA, H., *SEXUAL STERILITY* is essential for both male and female gametogenesis in tomato. *Plant and Cell Physiology*, 2017, 58(1), 22-34.
2. HANO, S., SHIBUYA, T., IMOTO, N., ITO, A., IMANISHI, S., ASO, H. and KANAYAMA, Y., Serotonin content in fresh and processed tomatoes and its accumulation during fruit development. *Scientia Horticulturae*, 2017, 214, 107-113.
3. KANAYAMA, Y., Sugar metabolism and fruit development in the tomato. *The Horticulture Journal*, 2017, OKD-IR01.
4. KUDO T., KAWAHARA Y., ARIIZUMI T., HOSHIKAWA K., EZURA H., ITOH T., YANO K., Omics databases for plant breeding, *育種学研究*, 2017, 19(1), 41-47.

5. NAGAKI, K., YAMAJI, N. and MURATA, M., ePro-ClearSee: a simple immunohistochemical method that does not require sectioning of plant samples. *Scientific Reports*, 2017, 7, 42203.
6. SHIMATANI, Z., KASHOJIYA, S., TAKAYAMA, M., TERADA, R., ARAZOE, T., ISHII, H., TERAMURA, H., YAMAMOTO, T., KOMATSU, H., MIURA, K., EZURA, H., NISHIDA, K., ARIIZUMI, T. and KONDO A., Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion. *Nature Biotechnology*, 2017, 35, 441–443.
7. TAKAYAMA, M., MATSUKURA, C., ARIIZUMI, T. and EZURA, H., Activating glutamate decarboxylase activity by removing the autoinhibitory domain leads to hyper γ -aminobutyric acid (GABA) accumulation in tomato fruit. *Plant Cell Reports*, 2017, 36(1), 103-116.
8. UETA, R., ABE, C., WATANABE, T., SUGANO, S.S., ISHIHARA, R., EZURA, H., OSAKABE, Y. and OSAKABE, K., Rapid breeding of parthenocarpic tomato plants using CRISPR/Cas9. *Scientific Reports*, 2017, 7(1), 507-017-00501-4.

2016

9. CORIGLIANO, M.G. and CLEMENTE, M., The Role of Plant 90-kDa Heat Shock Proteins in Plant Immunity. *Heat Shock Proteins and Plants*. Springer, 2016. pp. 149-167.
10. FERNANDEZ-MORENO, J.P., TZFADIA, O., FORMENT, J., PRESA, S., ROGACHEV, I., MEIR, S., ORZAEZ, D., AHARONI, A. and GRANELL, A., Characterization of a new pink-fruited tomato mutant results in the identification of a null allele of the *SIMYB12* transcription factor. *Plant Physiology*, 2016, 171(3), 1821-1836.
11. HIWASA-TANASE, K. and EZURA, H., Molecular breeding to create optimized crops: from genetic manipulation to potential applications in plant factories. *Frontiers in Plant Science*, 2016. 7.
12. HONJOH, K., IWAIZAKO, Y., LIN, Y., KIJIMA, N. and MIYAMOTO, T., Possibilities for Contamination of tomato fruit by *Listeria monocytogenes* during cultivation. *Food Science and Technology Research*, 2016, 22(3), 349-357.
13. IKEDA, H., SHIBUYA, T., NISHIYAMA, M., NAKATA, Y. and KANAYAMA, Y., Physiological mechanisms accounting for the lower incidence of blossom-end rot in tomato introgression line IL8-3 fruit. *The Horticulture Journal*, 2016, OKD-015.
14. IKEDA, H., SHIBUYA, T., IMANISHI, S., ASO, H., NISHIYAMA, M. and KANAYAMA, Y., Dynamic metabolic regulation by a chromosome segment from a wild relative during fruit development in a tomato introgression line, IL8-3. *Plant and Cell Physiology*, 2016. 57(6), 1257-1270.
15. KUDO, T., SASAKI, Y., TERASHIMA, S., MATSUDA-IMAI, N., TAKANO, T., SAITO, M., KANNO, M., OZAKI, S., SUWABE, K. and SUZUKI, G., Identification of reference genes for quantitative expression analysis using large-scale RNA-seq data of *Arabidopsis thaliana* and model crop plants. *Genes & Genetic Systems*, 2016, 91(2), 111-125.
16. KUMAR, A.P., MCKEOWN, P.C., BOUALEM, A., RYDER, P., BRYCHKOVA, G., BENDAHMANE, A., SARKAR, A., CHATTERJEE, M. and SPILLANE, C., TILLING by Sequencing (TbyS) for targeted genome mutagenesis in crops. *Molecular Breeding*, 2017, 37(2), 14.
17. KUNISHIMA, M., YAMAUCHI, Y., MIZUTANI, M., KUSE, M., TAKIKAWA, H. and SUGIMOTO, Y., Identification of (Z)-3:(E)-2-hexenal isomerases essential to the production of the leaf aldehyde in plants. *The Journal of Biological Chemistry*, 2016, 291(27), 14023-14033.

18. LEE, S., JUNG, P.E. and LEE, Y., Publicly-funded biobanks and networks in East Asia. SpringerPlus, 2016, 5(1), 1-11.
19. LU, Y., YASUDA, S., LI, X., FUKAO, Y., TOHGE, T., FERNIE, A.R., MATSUKURA, C., EZURA, H., SATO, T. and YAMAGUCHI, J., Characterization of ubiquitin ligase SlATL31 and proteomic analysis of 14-3-3 targets in tomato fruit tissue (*Solanum lycopersicum* L.). Journal of Proteomics, 2016, 143, 254-264.
20. MUELLER, L. and FERNANDEZ-POZO, N., Tomato Databases. The Tomato Genome. Springer, 2016, 245-255.
21. MÜLLER, F., XU, J., KRISTENSEN, L., WOLTERS-ARTS, M., DE GROOT, P.F., JANSMA, S.Y., MARIANI, C., PARK, S. and RIEU, I., High-temperature-induced defects in tomato (*Solanum lycopersicum*) anther and pollen development are associated with reduced expression of B-class floral patterning genes. PloS One, 2016, 11(12), e0167614.
22. SASAKI, T., TSUCHIYA, Y., ARIYOSHI, M., NAKANO, R., USHIJIMA, K., KUBO, Y., MORI, I.C., HIGASHIIZUMI, E., GALIS, I. and YAMAMOTO, Y., Two members of the aluminum-activated malate transporter family, *SlALMT4* and *SlALMT5*, are expressed during fruit development, and the overexpression of *SlALMT5* alters organic acid contents in seeds in tomato (*Solanum lycopersicum*). Plant and Cell Physiology, 2016, 57(11), 2367-2379.
23. THAGUN, C., IMANISHI, S., KUDO, T., NAKABAYASHI, R., OHYAMA, K., MORI, T., KAWAMOTO, K., NAKAMURA, Y., KATAYAMA, M., NONAKA, S., MATSUKURA, C., YANO, K., EZURA, H., SAITO, K., HASHIMOTO, T. and SHOJI, T., Jasmonate-responsive ERF transcription factors regulate steroidal glycoalkaloid biosynthesis in tomato. Plant and Cell Physiology, 2016, 57(5), 961-975.
24. XU, J., WOLTERS-ARTS, M., MARIANI, C. and RIEU, I., Mild heat during early flower development results in pollen abortion at late stages. Genetics and Physiology of Pollen Thermotolerance in Tomato, 2016, pp. 31-58.
25. XU, J., DE GROOT, P., MARIANI, C. and RIEU, I., The involvement of reactive oxygen species in tomato pollen heat tolerance. Genetics and Physiology of Pollen Thermotolerance in Tomato, 2016, pp. 59-76.

【分担機関：公立大学法人大阪府立大学】

2017

KUDO, T., KOBAYASHI, M., TERASHIMA, S., KATAYAMA, M., OZAKI, S., KANNO, M., SAITO, M., YOKOYAMA, K., OHYANAGI, H., AOKI, K., KUBO, Y., and YANO, K., TOMATOMICS: A web database for integrated omics information in tomato. Plant and Cell Physiology, 2017, 58(1), e8-e8.

27. NAKAMURA, Y., KUDO, T., TERASHIMA, S., SAITO, M., NAMBARA, E. and YANO, K., CATCHUP: A web database for spatiotemporally regulated genes. Plant and Cell Physiology, 2017, 58(1), e3-e3.

28. NAKAYA, A., ICHIHARA, H., ASAMIZU, E., SHIRASAWA, S., NAKAMURA, Y., TABATA, S. and HIRAKAWA, H., Plant Genome DataBase Japan (PGDBj). Plant Genomics Databases: Methods and Protocols, 2017, 45-77.

2016

30. GARCIA, V., BRES, C., JUST, D., FERNANDEZ, L., TAI, F.W.J., MAUXION, J., LE PASLIER, M., BÉRARD, A., BRUNEL, D. AOKI, K., ALESEEKH, S., FERMIE, AR., FREASER PD., ROTHAN C., Rapid identification of causal mutations in tomato EMS populations via mapping-by-sequencing. Nature Protocols, 2016, 11(12), 2401-2418.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表
第3期広報累計数 88 件 (国内 53 件、国外 35 件)

平成 28 年度

【代表機関：国立大学法人筑波大学】

1. Tomato Bioresources in Japan based on dwarf cultivar Micro-Tom, Poster, Ezura H, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Plant Biology Europe EPSO/FESPB 2016, Prague, Czech Republic 2016/6/26-30, 国外.
2. トマトモデル品種マイクロトムのリソース整備, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
3. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の発展, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 28 年度秋季大会, 名城大学, 2016/9/10-12, 国内.
4. Development of tomato Bioresources based on Micro-Tom as a model plant for fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, SOL2016, アメリカ, UC デイビス, 2016/9/12-16, 国外.
5. Tomato bioresources in Japan: Development of ‘Micro-Tom’ mutants and full-length cDNA, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内.
6. De novo assembly of genome sequence of the Micro-Tom standard line, Poster, Hirakawa H, Shirasawa K, Hoshikawa K, Aoki K, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内
7. 果実作物トマトのバイオリソース整備と変異体データベース TOMATOMA の活用, 招待講演, 有泉 亨, 星川 健, 四方 雅仁, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 育種学会平成 28 年度秋季大会, 鳥取大, 2016/9/24-25, 国内.
8. NBRP tomato: systematic development of Micro-Tom resources for tomato research community, 招待講演, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
9. NBRP Tomato DNA Resources: update and application of Micro-Tom genome information, 招待講演, Aoki K, Chiba N, Hirakawa H, Shirasawa K, Nagasaki H, Isobe S, Yano K, Kubo Y, Kanayama Y, Hoshikawa K, Ariizumi T, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シン

- ポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
10. NBRP tomato beyond 2016, 招待講演, Ezura H, 第 12 回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 11. Tomato Bioresources based on 'Micro-Tom' for facilitation of fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The Plant and Animal Genome (PAG) XXV Conference, San Diego, USA, 2017/1/14-18, 国外.
 12. マイクロトム変異体の活用によるトマト研究の革新, 招待講演, 有泉 亨, 星川 健, 江面 浩, 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 13. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の整備とその展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 29 年度春季大会, 日本大, 2017/3/19-20, 国内.
 14. マイクロトムを基盤としたトマト変異体集団整備の成果と将来展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 育種学会平成 29 年度春季大会, 名古屋大, 2017/3/28-30, 国内.

【分担機関：公立大学法人大阪府立大学】

1. Tomato Bioresources in Japan based on dwarf cultivar Micro-Tom, Poster, Ezura H, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Plant Biology Europe EPSO/FESPB 2016, Prague, Czech Republic 2016/6/26-30, 国外.
2. Vascular Connection between Parasitic Plant and Host Plant. Invited talk, Aoki K, Hozumi A, Ekawa M, Shimizu K, Yokoyama R, Nishitani K, The Fourth International Conference on Plant Vascular Biology, 2016, Shentzhen, China 2016/7/19-23, 国外.
3. トマトモデル品種マイクロトムのリソース整備, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
4. Improvement of the transformation method of root parasitic plant *Orobanche aegyptiaca*, 口頭, 江川 美菜子, 青木 考, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
5. An integrative tomato database TOMATOMICS: Current updates and perspective, 口頭, 工藤 徹, 片山 南, 寺島 伸, 斎藤 美沙, 菅野 真麻, 小林 正明, 浅野 あさみ, 青木 考, 矢野 健太郎, 第 34 回日本植物細胞分子生物学会, 信州大, 2016/9/1-3, 国内.
6. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の発展, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成 28 年度秋季大会, 名城大学, 2016/9/10-12, 国内.
7. GENOMIC LOCI RESPONSIBLE FOR LOW-LIGHT FRUITING TRAIT OF MICRO-TOM, Poster, Chiba N, Shirasawa K, Aoki K, SOL2016, アメリカ, UC デイビス, 2016/9/12-16, 国外.
8. Development of tomato Bioresources based on Micro-Tom as a model plant for fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, SOL2016, アメリカ, UC デイビス, 2016/9/12-16, 国外.
9. Tomato bioresources in Japan: Development of 'Micro-Tom' mutants and full-length cDNA, Poster, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内.
10. De novo assembly of genome sequence of the Micro-Tom standard line, Poster, Hirakawa H, Shirasawa

- K, Hoshikawa K, Aoki K, The 8th ANRRC International Meeting, 京都大, 2016/9/20-22, 国内
11. NBRP tomato: systematic development of Micro-Tom resources for tomato research community, 招待講演, Hoshikawa K, Shikata M, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, 第12回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 12. NBRP Tomato DNA Resources: update and application of Micro-Tom genome information, 招待講演, Aoki K, Chiba N, Hirakawa H, Shirasawa K, Nagasaki H, Isobe S, Yano K, Kubo Y, Kanayama Y, Hoshikawa K, Ariizumi T, Ezura H, 第12回日本ナス科コンソーシアム(JSOL), NBRP-Tomato シンポジウム, ICU, 2016/11/25, 国内.
 13. Tomato Bioresources based on 'Micro-Tom' for facilitation of fruits biology, Poster, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Kanayama Y, Kubo Y, Aoki K, Ezura H, The Plant and Animal Genome (PAG) XXV Conference, San Diego, USA, 2017/1/14-18, 国外.
 14. OMATOMICS: A Web Database for Integrated Omics Information in Tomato, ポスター, 工藤 徹, 小林 正明, 寺島 伸, 片山 南, 尾崎 崇一, 斎藤 美沙, 菅野 真麻, 横山 紘一, 大柳 一, 青木 考, 矢野 健太郎, 第58回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 15. Genome analysis to identify genes responsible for low light tolerance for fruiting in tomato, ポスター, 千葉 信明, 白澤 健太, 青木 考, 第58回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 16. Symplasmic continuity between *Orobanche aegyptiaca* and the host, 口頭, 江川 美菜子, 青木 考, 第58回日本植物生理学会, 鹿児島大, 2017/3/16-17, 国内.
 17. トマトモデル品種マイクロトムの大規模変異集団の整備とその展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 園芸学会平成29年度春季大会, 日本大, 2017/3/19-20, 国内.
 18. マイクロトムを基盤としたトマト変異体集団整備の成果と将来展望, 口頭, 星川 健, 四方 雅仁, 有泉 亨, 福田 直也, 久保 康隆, 金山 喜則, 青木 考, 江面 浩, 育種学会平成29年度春季大会, 名古屋大, 2017/3/28-30, 国内.

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

平成28年度

1. 植物展示、星川 健, 江面 浩, 国際植物の日, 筑波大, 2016/5/22, 国内.

(4) 特許出願

なし。