

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 5 月 26 日現在

機関番号：13901

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2011～2015

課題番号：23113005

研究課題名（和文）遺伝子の重複・変異が生み出す新しい成長メカニズム

研究課題名（英文）Developmental mechanism for plant growth by gene duplications and mutations

研究代表者

松岡 信（MATSUOKA, Makoto）

名古屋大学・生物機能開発利用研究センター・教授

研究者番号：00270992

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 78,200,000 円

研究成果の概要（和文）：本研究においては、種子植物のジベレリン（GA）信号伝達系下流で機能するGAMYB転写因子がGAやその信号伝達経路を持たないコケ植物に存在し雄性器官形成に関わる、シダ植物の生殖時の個体間コミュニケーションを司る性フェロモンであるアンセリジオーゲン（An）とその受容システムは、種子植物に存在するGA合成系と受容系と極めて類似しており、それらを若干改変したシステムにより制御される、双子葉植物でも特に進化したシロイヌナズナが持つ3種類のGA受容体と5種類のGA抑制遺伝子の巧妙な調節系、に関して成果を得た。

研究成果の概要（英文）：In this project, we studied the evolution of gibberellin (GA) synthesis and its signaling system in the process of plant evolution, and revealed the following new insights. 1. Although *Physcomitrella patens* does not have GA or its perception system, it contains a member of GA signaling pathway, GAMYB, which functions as a transacting factor in GA signaling in flowering plants. GAMYB in moss is essential for development of male organ, antheridium, which is essentially same as its function in flowering plants. 2. *Lygodium japonicum*, a fern, produces derivatives of GA for antheridium development. We revealed that this plant developed a novel unique secretion/perception system of antheridiogen by modifying the GA synthesis pathway. 3. We revealed that *Arabidopsis*, a species of Brassicales, contains a unique and complex system for GA perception by different combinations with 3 GA receptors and 5 DELLA-GA suppressor proteins.

研究分野：作物遺伝育種

キーワード：育種学 遺伝学 遺伝子 植物

1. 研究開始当初の背景

これまでの我々やそれ以外の研究者の結果から、ジベレリン(GA)は陸上植物の進化の過程で、共通な受容・伝達システムを保持しながら、コケ・シダ・被子植物において、雄性器官の運命決定・発達、茎葉伸長、種子発芽など、様々な生命現象に関与するようになったと考えられている。このような植物進化の過程での GA 機能多様化として、GA 合成と受容関連遺伝子の重複・機能の多様化が重要な要因となったことが予想される。本研究は、植物進化の諸段階で様々な機能の分化に成功した GA 化合物と受容システムを解析することにより、ゲノム・遺伝子関連の一つのモデルケースが提供できると考え推進された。本計画研究に直接関係する開始当初の背景は以下の通りである。

(1) 高等植物(種子植物): GA は茎葉伸長、花芽形成、種子発芽など、様々な生理作用に関わる植物生長ホルモンであり、高等植物(種子植物)では複数種の活性型 GA 分子(GA1、GA4、GA7 等)が同定されている。活性型 GA の合成には、6 種の酵素が関与するが、特に最後の 2 段階の反応を触媒する酵素(GA20ox と GA3ox)は、数種類のアイソザイムが存在し GA 合成の組織・時期特異性を与えている。また高等植物の GA 受容は、以下の機構で行われることが以前の我々の研究により明らかにされている。すなわち、GA が存在しない場合、GA 反応(生長)は信号伝達系の抑制因子である DELLA タンパク質により抑制される。GA が存在する場合、受容体 GID1 は GA と結合し抑制因子 DELLA の分解を引き起こす。DELLA 分解により抑制されていた複数の転写因子(例えば GAMYB)の活性化を促し、GA 反応が開始する(生長開始)。

(2) シダ植物: シダのモデル植物であるセラジネラ(真性シダとは異なる)はすべての GA 合成酵素を持ち GA を合成できるが、種子植物と異なり、GA20ox と GA3ox は 1 種類しか存在しない(組織・時期特異性を有さない)。受容については GID1-DELLA システムは持つが、GID1 の GA 結合能力・特異性は種子植物の GID1 より大幅に低く、機能的には原始的性質を持つ。

(3) コケ植物: コケ植物は 6 種類の合成酵素の内、前半の酵素は 2 次代謝用として存在するが、GA 合成に特化した最後の 2 種類の合成酵素遺伝子(GA20ox と GA3ox)は存在せず、GA を合成できない。受容体 GID1 も存在しないが、GID1 と構造が非常に類似している或る種のエステラーゼ酵素遺伝子(HSL と記述)は存在する。また、コケ植物の一種であるヒメツリガネゴケでは、前半の合成酵素に属する PpCPS/KS あるいは PpK0 の機能を遺伝学的・化学的に阻害した場合に原系体における細胞分化の進行に滞りが生じるが、これに対して外部から GA を投与しても形質の回復は認められないのに対して、PpK0 の代謝産物である ent-kaurenoic acid (KA) の投与で完全

な回復が認められる。このことは、高等植物あるいはシダ植物において通常認められる KA GA への代謝能をヒメツリガネゴケが持たない代わりに、GA 以外の物質を生合成し、分化制御に使っていることを意味する。

2. 研究の目的

上述した研究目標達成のために、本研究では以下の3つの課題を取り上げた。(1)コケにおけるGA信号伝達、特にGAMYB転写因子について(2)シダのアンセリジオーゲン(An)の合成と受容、(3)シロイヌナズナの高感受性GA受容体(AtGID1b)の解析。以下にこれらの課題の具体的な研究目標を記述する。

(1) これまでの研究により、植物進化の過程で最初に陸上に進出したコケ植物はGA分子やGA受容体は持たないが、種子植物におけるGA信号伝達因子であるGAMYB様遺伝子や種子植物に類似したGAMYB以降の信号伝達が存在し、コケの造精器形成に関与する可能性が推察されていた。そこで、本研究では、コケGAMYB様遺伝子が実際にどのような遺伝子群を介して造精器形成を誘導するかを明らかにし、コケの造精器形成過程と被子植物の花粉形成過程の相同(相違)性を解明することを目指した。ヒメツリガネゴケにおける新規GA様生理活性物質の追究に関しては活性本体の構造を解明して、植物にGAが存在する以前のCPS/KSおよびK0両酵素の存在理由を明らかにする。

(2) 小葉類であるセラジネラを含めたシダ植物は種子植物同様、GA分子や受容体を有するが、種子植物においてGAに特徴的な生理作用である個体の生長には関与しないと考えられている。一方、シダ植物においてもGA及びその誘導体・Anは生殖器官や造精器の誘導・発達に関与する。そこで、遺伝子の発現解析により、シダにおける造精器の誘導・発達に関与する遺伝子を抽出しその機能を同定することを試みた。

(3) 一部双子葉植物にのみ存在する高感受性 GA 受容体について、感受性が高くなった機構を調べるとともに、花粉形成や生長過程における機能を変異体や形質転換体の解析により理解する。これらの研究を通して、コケ・シダ・被子植物において雄性配偶子過程に共通的に発現する遺伝子をゲノムワイドに調査し、GA に制御される遺伝子の共通性を見出すとともに、そのシステムがどのように植物生長に使い回されたのかについて明らかにする。

3. 研究の方法

本研究は、進化の諸段階において「雄性器官の運命決定・発達」に関連して「種々のGAの合成と受容システムの解析」を目的として、上述した3つの項目に分けて研究を展開した。以下、これらの項目毎に方法を述べる。

(1) コケにおけるGA信号伝達の解析

コケGAMYB破壊株は通常の遺伝子相同組み換えにより行った。作製したGAMYB破壊株は造精器が誘導されない代わりに、造卵器が頻出する茎葉体が形成されたので、GAMYB破壊株と野生株からRNAを単離し、次世代シーケンサーを用いて塩基配列の大量解析を行った。このRNAシーケンスデータを元に、造精器誘導・形成に関わる遺伝子群をリスト化し、転写解析システムを利用してシダ・被子植物のGA信号伝達における雄性配偶体の誘導に関与する遺伝子の相同(相違)性について検討した。原始GA分子種の構造解明に関しては、ヒメツリガネゴケPpCPS/KSの機能欠損変異体を用いて、ent-kaurenoic acid (KA) を投与して異常状態となっていた分化応答を回復させ、その状態で体内に存在するKA代謝物を追跡した。追跡方法としては、溶媒抽出と固相精製を経たのち逆相HPLCを用いて分画して、上記生物検定手法を組合わせて生理活性を検出した。

(2) シダのAnの合成と受容の解析

GA誘導体であるAnはシダ植物の前葉体で機能し、造精器形成を誘導する。本研究ではカニクサを用いて実験を行った。カニクサ前葉体におけるAnの合成(分泌)と感受性の消長については、分泌能は、前葉体を横幅0.5 mm、1.0 mm、1.5 mm、2.0 mm、3.5 mm、5.0 mmになるまで生育させ、そのうち、同じ培地にAnへの感受性の高い原系体を代わりに移植して指標体とし、造精器の形成される原系体の個体を計数することにより算出した。一方、感受性については、Anを含んだ培地におのおのの生育ステージの個体を植え、造精器が形成される個体を計数することにより算出した。GA関連遺伝子の単離は、カニクサのライフサイクルの各ステージからRNAを単離し、高速シーケンサーを用いて塩基配列決定を決定し、既に解析が行われた小葉類セラジネラや種子植物のGA関連遺伝子と比較することにより行った。その結果、GA合成のすべての過程に関して、一つまたは複数個の遺伝子が単離されると共に、GA受容も、受容体GID1、DELLAタンパク質、GA関連F-boxタンパク質などをコードする遺伝子が単離された。これらの遺伝子について、各成長ステージにおける前葉体からRNAを単離し、成長過程における発現の消長を、高速シーケンサーにトランスクリプトーム解析や定量PCRにより解析した。AnがGID1-DELLA系により直接に受容されるかについては、カニクサGID1(Lj_GID1-1)およびDELLA(Lj_DELLA1)を用いた酵母ツーハイブリッドアッセイにより行った。

(3) シロイヌナズナの複数あるGA受容体とDELLAタンパク質相互作用の解析

シロイヌナズナはイネ(GID1 受容体及びDELLA それぞれ一種類)と異なり、3種類のGA受容体と5種のDELLAタンパク質を持ち、

その結果、15種類の異なった相互作用が可能である。主に酵母スリーハイブリッドアッセイにより、1種のDELLAに対して2種の異なるGID1を競合的に存在させ、2分子間の相互作用の優劣を酵母の生育状況から判定して情報を得た。

4. 研究成果

(1) コケにおけるGA信号伝達の解析

上述のように、ヒメツリガネゴケにおいては、活性型GA及びGA合成に関わる後期生合成酵素遺伝子やその受容に関わる遺伝子(例えばGA受容体・GID1、GA信号伝達抑制タンパク質であるDELLAなど)が存在しない。その一方、種子植物のGA信号伝達の下流で機能することが知られているGAMYB転写因子の類似遺伝子はヒメツリガネゴケにも存在しており、その機能も種子植物同様、生殖過程において雄性器官の発達に関与することがこれまでの研究により示唆されていた。実際、ヒメツリガネゴケの2つあるGAMYBを破壊した株は、各一つだけ破壊した場合は造精器が誘導が部分的に阻害され、両方を破壊した場合は造精器は全く形成されず、代わりに造卵器が頻出する茎葉体が形成されるといったホメオティックな変異が観察された。この結果は、GA信号伝達機構が確立する以前のコケの時代から既に、GAMYBは生殖過程に関与し雄性器官形成に関与していたとする、これまでの作業仮説を強く支持した。

そこで、ヒメツリガネゴケGAMYB破壊株と野生株からRNAを単離し、塩基配列の大量解析を行い、造精器誘導・形成の際に、GAMYB遺伝子の下流において機能する遺伝子群のリスト化を行った。その結果、ヒメツリガネゴケ茎葉体茎頂において、GAMYB破壊株と野生型株間で729個の発現変動遺伝子を見いだした。さらにこれらの発現変動遺伝子の5'上流域には、ヒメツリガネゴケGAMYBのDNA結合配列が高頻度に存在することを確認した。この発現変動遺伝子についてシロイヌナズナの生殖過程・特に雄性器官の発達に関わる遺伝子群との共通性を検討した結果、*ABORTED MICROSPORES (AMS)* や *MALE STERILITY1 (MS1)* と言ったシロイヌナズナの葯や花粉発達に必須とされる遺伝子のオーソログが複数含まれることを確認した。

これら結果は、コケ植物と種子植物の雄性生殖器官形成にはGAMYBが必須であり、両者の孢子発達・造精器形成における分子機構は酷似していることを強く示唆した。そこで、これらのヒメツリガネゴケ造精器形成過程においてGAMYBの下流で機能すると同時に、シロイヌナズナの葯や花粉発達に必須とされる遺伝子が、両植物に於いて共通的に機能していることを確認するために、コケにおいて機能破壊株を作出した。これらの遺伝子はヒメツリガネゴケゲノムに於いて3以上のコピー数を有しており、全遺伝

子のノックアウト個体について現在も作成中であり、ノックアウト個体作出後順次解析を進める予定である。

原始GA分子種の構造解明については、活性本体への生合成が止まったため異常形質を示すコケ変異体を用いて精製画分の生物検定を実施し、ent-kaurenoic acid (KA)からの代謝物を含むと考えられる活性画分を検出した。この活性画分およびその前後の対照画分を用いて、当初は誘導体化を経てGC/MS分析に供したがおそらく検出の感度に満たず注目すべきピークを検出できなかった。そこで、投与に用いたKAを対象として、その脂溶性の高さゆえこれまで利用が難しいとされてきたLC/MS/MSを用いた検出・定量系の開発を行った。LC/MS/MSのイオン化法ESIはGC/MSで常套的に用いられるイオン化法EIと違い、KA分子のフラグメンテーションを生じさせにくい。この点をMRM条件の設定に利用することにより、LC/MS/MSを用いたKAの検出および定量分析が可能となった。この新しい技術を用いて再度、ent-kaurenoic acid (KA) 代謝物を含む活性画分と近傍の画分を対象としてMS解析を実施したところ、活性画分から活性強度に対応して増減するピークを見出した。現在、その物質の構造情報を得るべく、NMR解析に足る物質量の確保を急いでいる。

(2) シダのAnの合成と受容の解析
カニクサ前葉体におけるAnの合成（分泌）と感受性の消長を調べた。その結果、分泌は1.5 mm以上の個体に始まり3.5 mm以上の個体は十分なAnを分泌した。感受性は1.0 mm以下の個体は高い感受性をもつが3.5 mm以上の個体は感受性を失った。これらの結果は、Anの合成・分泌と感受性が成長過程で逆平行な関係にあることを示した。カニクサAnであるGA9-Meは、活性型GA (GA4) と同

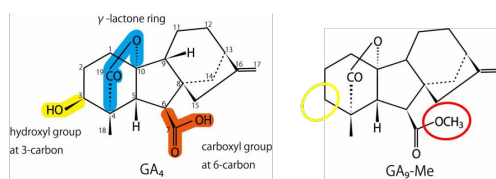


図1、活性型GA (GA₄) とアンセリジオーゲン (GA₉-Me) の構造比較
アンセリジオーゲンには、3位水酸基がない。
アンセリジオーゲンは6位カルボキシル基がカルボキシメチルになっている。

じent-ジベレラン骨格を持つが、活性型GAに必須のC3位の水酸基がなく、C6位のカルボキシル基はメチルエステル化されている (図1)。

活性型GAおよびAnによる造精器の形成の誘導活性について比較した結果、どちらも造精器形成能をもつが、その活性はGA9-MeがGA4より10倍以上高いことがわかった。さらに、GA合成阻害剤であるウニコナゾールにより造精器形成は抑制されるが、GA4やGA9-Meを同時に添加すると、造精器形成抑制は起こらず、造卵器形成が抑制された。これらの結果からAnの生合成はGA生合成経

路に依存していると考えられた。

カニクサからGA生合成遺伝子、CPS、KS、KO、GA20ox、GA3ox、シグナル伝達遺伝子GID1、DELLA、GID2/SLY1の全長cDNAをクローニングした。若い前葉体にGA4やGA9-Meを投与するとDELLA1タンパク質が分解されること、GA4やGA9-Meを投与した発現解析から、Anは活性型GAと同様、GID1-DELLA系を介してGAシグナルを制御することが示唆された。種子植物やイヌカタヒバ同様、GA濃度依存的GID1とDELLA結合はカニクサでも観察されたが、AnではGID1-DELLA結合は観察されないことから、AnはGID1と結合せず、AnがGAに返還後GID1を介して造精器の形成を誘導していることを強く示唆した。

カニクサ前葉体発達過程におけるGA合成遺伝子発現を検討した結果、CPS/KS、KO、GAO、GA20oxは成熟した前葉体に高く発現し、反対にGA3ox1は成熟前葉体に比べ未熟前葉体では10~20倍の発現が観察された。また造精器誘導におけるC3位水酸基の必要性について、C3位水酸化酵素GA3oxの競合阻害剤であるプロヘキサジオンを用いて検証した

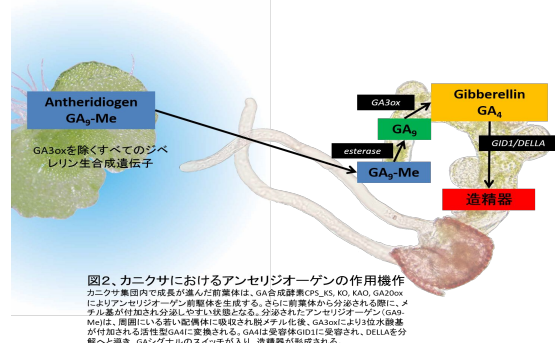


図2、カニクサにおけるアンセリジオーゲンの作用機作
カニクサ集団内で成長が進んだ前葉体は、GA合成酵素CPS、KS、KO、GAO、GA20oxによりアンセリジオーゲン前駆体を生成する。さらに前葉体から分泌される際に、メチル基が付加され分泌しやすい状態となる。分泌されたアンセリジオーゲン (GA₉-Me) は、周囲にいる若い配葉体に吸収されメチル基を、GA3oxにより水酸基が付加される活性型GAに変換される。GA4は発育GID1に発現され、DELLAを分解へと導き、GAシグナルのスイッチが入り、造精器が形成される。

結果、プロヘキサジオンはAnによる造精器形成を阻害する一方、活性型GAに対しては阻害を示さなかった。

以上の結果から、カニクサにおけるAnによる造精器誘導機構は以下のものであると結論した (図2)。集団内で早く成熟した前葉体ではGA3ox遺伝子を除くGA生合成遺伝子が発現しC3位の水酸基のないIGA9が合成される。また周囲の前葉体にこれを効率よく輸送するため、C6位カルボキシル基のメチルエステル化が行われAn (GA9-Me) となり、分泌型となって周辺水環境に放出される。このAnは集団において遅く発生した若い個体に取り込まれ、メチルエステラーゼによりC6位カルボキシル基のメチル基が外され、GA9が形成されGA3oxの作用によりC3位が水酸化され活性型ジベレリン (GA4) へと変換される。活性型GAはGID1-DELLA系とそれに付随するF-boxタンパク質により受容される。これによりGAシグナルがオンになり造精器の形成が起こる。この一連の系により集団における雌と雄の比が制御され、他家受精が維持される。

(3) シロイヌナズナの多様化したGA受容メカニズムの生理的意義に関する研究
シロイヌナズナは3種類のGA受容体AtGID1a、

b, cを持つ。これら3種のAtGID1とシロイヌナズナに存在する5種のDELLA因子との全15通り(3×5)の組合せで2分子間の結合の親和性を評価したところ、AtGID1bは他と異なる傾向を示し、他のGID1よりDELLA因子との親和性が強いことが分かった。そこで、この双子葉植物特異的に存在するGA高感受性GID1bの分子機構とその生理的意義の解明を中心に研究を進めた。GID1高感受性の分子機構に関しては、その感受性決定領域としてGID1のN末領域に存在するlid領域が主要因となりGA感受性の優劣が決まることを確認した。さらに、lid領域内に存在するアミノ酸残基の点変異効果の解析を行い、高感受性となる分子機構の詳細な解明を行った。これらの研究により、被子植物出現時に一度確立したGA受容体が、双子葉植物の進化過程でゲノムコピー数を増加させ、さらに一段高い感受性や新規な特異性を獲得する際にどこをターゲットにしたかについて解明することに成功し、複雑化する受容システムの分子的基盤の理解の一助となった。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計15件)

Miyazaki, S., Toyoshima, H., Natsume, M., Nakajima, M., Kawaide, H. (2014) Blue-light irradiation up-regulates the ent-kaurene synthase gene and affects the avoidance response of protonemal growth in *Physcomitrella patens*. *Planta*. 240(1):117-24. doi: 10.1007/s00425-014-2068-4. 査読有

Miyazaki, S., Nakajima, M., Kawaide, H. (2015) Hormonal diterpenoids derived from *ent*-kaurenoic acid are involved in the avoidance response to blue-light in *Physcomitrella patens*. *Plant Signal Behav.* 10(2):e989046. doi: 10.4161/15592324. 査読有

Yano, K., Aya, K., Hirano, K., Ordonio, RL., Ueguchi-Tanaka, M., Matsuoka, M. (2015) Comprehensive Gene Expression Analysis of Rice Aleurone Cells: Probing the Existence of an Alternative Gibberellin Receptor(s). *Plant Physiol.* 2015 Feb;167(2):531-544. doi: 10.1104/pp.114.247940. 査読有

Aya, K., Kobayashi, M., Tanaka, J., Ohyanagi, H., Suzuki, T., Yano, K., Takano, T., Yano, K., Matsuoka, M. (2014) De Novo Transcriptome Assembly of a Fern, *Lygodium japonicum*, and a Web Resource Database, Ljtrans DB.

Plant Cell Physiol. 56(1):e5. doi: 10.1093/pcp/pcu184. 査読有

Tanaka, J., Yano, K., Aya, K., Hirano, K., Takehara, S., Koketsu, E., Ordonio, RL., Park, SH., Nakajima, M., Ueguchi-Tanaka, M., Matsuoka, M. (2014) Antheridiogen determines sex in ferns via a spatiotemporally split gibberellin synthesis pathway. *Science*. 2014 Oct 24;346(6208):469-473. doi: 10.1126/science.1259923. 査読有

Yoshida, H., Hirano, K., Sato, T., Mitsuda, N., Nomoto, M., Maeo, K., Koketsu, E., Mitani, R., Kawamura, M., Ishiguro, S., Tada, Y., Ohme-Takagi, M., Matsuoka, M., Ueguchi-Tanaka, M. (2014) DELLA protein functions as a transcriptional activator through the DNA binding of the indeterminate domain family proteins. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2014 May 27;111(21):7861-7866. doi: 10.1073/pnas.1321669111. 査読有

Sakata, T., Oda, S., Tsunaga, Y., Shomura, H., Kawagishi-Kobayashi, M., Aya, K., Saeki, K., Endo, T., Nagano, K., Kojima, M., Sakakibara, H., Watanabe, M., Matsuoka, M., and Higashitani, A. (2014) Reduction of Gibberellin by Low Temperature Disrupts Pollen Development in Rice. *Plant Physiol.* 2014 Apr;164(4):2011-2019. doi: 10.1104/pp.113.234401. 査読有

Aya, K., Hobo, T., Sato-Izawa, K., Ueguchi-Tanaka, M., Kitano, H., Matsuoka, M. (2014) A Novel AP2-type Transcription Factor, SMALL ORGAN SIZE1, Controls Organ Size Downstream of an Auxin Signaling Pathway. *Plant and Cell Physiology*. 55(5):897-912. doi: 10.1093/pcp/pcu023. 査読有

Hirano, K., Kondo, M., Aya, K., Miyao, A., Sato, Y., Antonio, BA., Namiki, N., Nagamura, Y., Matsuoka, M. (2013) Identification of transcription factors involved in rice secondary cell wall formation. *Plant Cell Physiol.* 54, (11) 1791-1802. 査読有

Hirano, K., Aya, K., Morinaka, Y., Nagamatsu, S., Sato, Y., Antonio, BA., Namiki, N., Nagamura, Y., Matsuoka, M. (2013) Survey of genes involved in

rice secondary cell wall formation through a co-expression network. *Plant Cell Physiol.* 54, (11)1803-1821. 査読有

Hirano, K., Kouketu, E., Katoh, H., Aya, K., Ueguchi-Tanaka, M., Matsuoka, M. (2012) The suppressive function of the rice DELLA protein SLR1 is dependent on its transcriptional activation activity. *Plant J.* 71, (3) 443-453. 査読有

Hirano, K., Aya, K., Matsuoka, M., Ueguchi-Tanaka, M. (2012) Molecular Determinants that Convert Hormone Sensitive Lipase into Gibberellin Receptor. *Protein Pept. Lett.* 19, (2) 180-185, 査読有

Aya, K., Suzuki, G., Suwabe, K., Hobo, T., Takahashi, H., Shiono, K., Yano, K., Tsutsumi, N., Nakazono, M., Nagamura, Y., Matsuoka, M., Watanabe, M. (2011) Comprehensive network analysis of anther-expressed genes in rice by the combination of 33 laser microdissection and 143 spatiotemporal microarrays. *PLoS One* 6, (10):e26162. , 査読有

Aya, K., Hiwatashi, Y., Kojima, M., Sakakibara, H., Ueguchi-Tanaka, M., asebe, M., Matsuoka, M. (2011) The Gibberellin perception system evolved to regulate a pre-existing GAMYB-mediated system during land plant evolution. *Nature Commun.* 2:544. doi: 10.1038/ncomms1552. , 査読有

〔学会発表〕(計 19 件)

吉田英樹、AP2-GRAS 複合体によるオーキシシン-ブラスノステロイドシグナルクロストークの解析、第57回日本植物生理学会年会、2016年3月18日-20日、岩手大学(盛岡市)

上口(田中)美弥子、Molecular function of phytohormone GAs in reproductive processes、第56回日本植物生理学会年会、2015年3月16日-18日、東京農業大学(東京)

宮崎翔、ヒメツリガネゴケ原系体で機能するジベレリン様分化制御物質の追究、第49回植物化学調節学会、2014年10月23日-25日、京都大学(京都)

安益公一郎、de novo アセンブリによる非モデルシダ植物の遺伝子発現データベ

ースの構築について、第55回日本植物生理学会年会、2014年3月18日-20日、富山大学(富山)

安益公一郎、新規共発現データベースによる転写因子スクリーニング-花粉壁形成を例に-、第54回日本植物生理学会年会、2013年3月21日-23日、岡山大学(岡山)

田中純夢、カニクサ造精器誘導の解析 (The analysis of the antheridium-inducing mechanism in *Lygodium Japonicum.*)、2013年3月21日-23日、第54回日本植物生理学会年会、岡山大学(岡山)

田中純夢、次世代シーケンサーを用いたカニクサ造精器誘導の解析、新学術領域若手の会、2012年11月01日、エクシブ琵琶湖(米原)

吉田英樹、イネの DELLA タンパク質 SLR1 は転写活性化因子として機能することにより GA 反応を抑制する、第 53 回日本植物生理学会年会、2012 年 3 月 16 日-18 日、京都産業大学(京都)

安益公一郎、植物の進化過程において、ジベレリン受容システムは既存の GAMYB を制御するために誕生した、第 53 回日本植物生理学会年会、2012 年 3 月 16 日-18 日、京都産業大学(京都)

Matsuoka M. Rice "GREEN REVOLUTION" gene was great benefit to mankind: modern breeding and domestication. 9th ISRFG (招待講演), 2011.11.8, Humanities and Social Science Building, Academia Sinica (Taipei, TAIWAN)

〔その他〕

2014 年 11 月 29 日、30 日に愛媛県立今治南高等学校でのアウトリーチ活動
「植物進化のどの時点で、ジベレリンが成長ホルモンとなったか」を高校生が主体となって取り組む研究グループの構築に関する検討を行った。

6. 研究組織

(1) 研究代表者

松岡 信 (MATSUOKA, Makoto)
名古屋大学・生物機能開発利用研究センター・教授
研究者番号: 00270992

(2) 研究分担者

中嶋 正敏 (MAKAJIMA, Masatoshi)
東京大学・生命農学研究科・准教授
研究者番号: 50237278