

平成22年 4月 12日現在

研究種目：基盤研究（C）
 研究期間：2007～2008
 課題番号：19570050
 研究課題名（和文） ジャスモン酸を介した光シグナリングによる植物の生長制御系の解析
 研究課題名（英文） Mechanisms of plant growth regulation by light signaling through jasmonate
 研究代表者
 市川 裕章（ICHIKAWA HIROAKI）
 独立行政法人 農業生物資源研究所 光環境応答研究ユニット 上級研究員
 研究者番号：30355755

研究成果の概要：

研究開始当初は機能が未知であったイネ由来遺伝子（*GPO1* と命名）を、イネで高発現するよう遺伝子操作をした。この *GPO1* 高発現イネは、植物がストレスを受けた時に作られるジャスモン酸という植物ホルモンに対する応答が鈍っており、茎や根の伸長促進、出穂の促進、種子胚乳のサイズの増大等の生長促進効果が現れた。*GPO1* 高発現イネの生長促進効果は、細胞が伸びるためではなく、細胞の分裂がより多く起こることに起因していた。

交付額

(金額単位：円)

| | 直接経費 | 間接経費 | 合計 |
|--------|-----------|-----------|-----------|
| 2007年度 | 3,100,000 | 930,000 | 4,030,000 |
| 2008年度 | 500,000 | 150,000 | 650,000 |
| 年度 | | | |
| 年度 | | | |
| 年度 | | | |
| 総計 | 3,600,000 | 1,080,000 | 4,680,000 |

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：基礎生物学 ・ 植物生理・分子

キーワード：環境応答

1. 研究開始当初の背景

光は植物の生長に必須の環境因子である。植物は様々な光環境（光質／波長、強度、方向、日周あるいは日長変動など）に適応した生育特性を示す。従って、植物の光環境応答機構の分子的理解の促進は、作物の生育環境に適した生長制御法の開発・改良、ソースやシンクの能力およびそれらの相互バランスの向上、多収性等に結びつくこと期待される。

植物の光応答に係る生育特性は、フィトクロム（PHY）やクリプトクロム（CRY）等の光受容体と、その下流に位置するシグナル因子群、すなわち植物ホルモンやGTP結合タンパク質、転写制御因子群など、さらにそれら

によって誘導または抑制される遺伝子群の機能発現の総和として表現型に反映されると考えられる。植物の光環境下での生育制御の分子機構は、近年のシロイヌナズナを中心とした分子遺伝学および分子生理学的アプローチにより、多数の知見が蓄積され、理解が深まっている。しかし、上述の様々な因子が複雑に絡み合うため、未知因子の単離・同定、機能解明やシグナリング過程の統合的理解にはさらに多くの時間と労力を要する。また最近、イネやトウモロコシでは植物の防御や発達に重要な役割を有するジャスモン酸（JA）が、病傷害のみならずPHYを介したシグナリングにおいても機能することがわ

かりつつあり、光シグナリングの機構はますます複雑な様相を呈している。

我々は、完全長 cDNA 過剰発現植物を利用した遺伝子機能解明・探索システム [FOX (Full-length cDNA Overexpressor gene) Hunting System] に基づき、イネ完全長 cDNA (FL-cDNA) を過剰発現する多数の FOX イネ系統の作出と解析を進めている。これまでに約 14,500 系統の再分化個体が得られ、うち 12,608 個体の導入 cDNA 解析から、7,000 余種の cDNA が同定されている。また、各 FOX イネ系統の表現型観察の結果、十数%の個体で何らかの可視的表現型が観察されている。その中から有意に生長が促進された系統 (AB323 および AG163) が出現し、さらに解析を進めたところ、稈や胚乳の生長増進や花成誘導の促進が認められた。同時期、清田と高野らが、イネ幼植物体への遠赤色光パルス照射によって迅速に発現が誘導される遺伝子群をイネ 22k マイクロアレイ解析から見出した。そのうちの 1 つが *FR29* と名付けた遺伝子で、その後の解析から *FR29* 遺伝子は AB323 および AG163 FOX イネ系統で過剰発現していた遺伝子と同一であることが判明した。イネ *FR29* 遺伝子は 187 アミノ酸からなるタンパク質をコードし、植物に特有の GATA 転写因子ファミリーに属するシロイヌナズナ ZIM (Zinc-finger protein expressed in Inflorescence Meristem) タンパク質 (Nishii *et al.* 2000) に見出される機能未知の ZIM モチーフを有する一方、Zinc-finger domain を欠いており、その機能を言及した例は当時、報告されていなかった。

これまでの予備実験で、*FR29/AB323-FOX* 系統を暗所で発芽させるとメソコチルが異常に伸長し、逆に幼葉鞘の伸長は抑えられた。この表現型は高野らが解析しているジャスモン酸 (JA) 生合成欠損変異体 *hebiba* に特徴的なものであるが、*hebiba* とは異なり、*FR29/AB323-FOX* 系統の変異形質は JA 投与によって相補されなかった。また JA 処理して数時間後のイネの 22k マイクロアレイ解析の結果、野生型 (日本晴) では JA 誘導性遺伝子群の発現が上昇していたのに対し、*FR29/AB323-FOX* 系統では変化が見られなかった。これらの結果から、*FR29/AB323-FOX* 系統は JA に非感受性を示す可能性が示唆された。従って *FR29* は JA の生合成系ではなく、シグナリング系に関与する負の制御因子であると想定した。さらに、イネでは JA 生合成が PHY を介した光シグナルによって誘導されることが判明しており、*FR29/AB323-FOX* 系統の解析により、JA を介した光シグナリング系およびその出口となる植物の形態形成や生長制御について有

用な知見が得られると期待される。

2. 研究の目的

FR29-FOX イネ系統の表現型が稈や胚乳の生長および花成誘導の促進をもたらすことをベースに、以下の 2 点に着目しつつ、研究を進める。

- (1) JA を介した光シグナリング系イネ *FR29* 遺伝子産物が植物の生長制御に果たす役割
- (2) *FR29* および同遺伝子ホモログの過剰発現がもたらす表現型の解析と、その利用法の開発

3. 研究の方法

(1) イネの生育と形質転換

鉢上げしたイネは、メタルハイドランプ照明下 [$<300 \mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$, 14 時間明期 (28°C)、10 時間暗期 (25°C)] で栽培した。

各種発現バイナリーベクターのイネへの導入は、Toki ら (2006) のアグロバクテリウムを介したイネ迅速形質転換法に準じた。

(2) イネ cDNA 合成、RT-PCR および発現マイクロアレイ解析

1st strand cDNA は反応液あたり 1 μg の全 RNA 試料にオリゴ dT プライマーまたは *GPO1* 特異的プライマーを加え、ExScript RT reagent Kit (タカラバイオ) を用いて合成した。半定量的 RT-PCR は、上記の 1st strand cDNA 試料に標的遺伝子特異的プライマー、PrimeSTAR HS DNA polymerase (タカラバイオ) を加えて行った。

マイクロアレイ解析は、土に移植して 11 週後のイネの第二節間および幼穂より単離した RNA 標品を用いた。Cy3 ラベルした *FR29/AB323-FOX* イネ cRNA (1 μg)、および Cy5 ラベルした空ベクター導入イネあるいは野生型イネの cRNAs (各 1 μg) の何れかをイネ Oligo-DNA マイクロアレイ (44K または 22K, Agilent Technologies) に添加し、ハイブリダイズしたシグナルの強度を、アレイスキャナーを用いてスキャンし、発現解析を行った。

(3) イネ組織の顕微鏡観察

胚乳細胞の観察には、開花して 10 日後の未熟種子を用いた。穎花を除去した種子を 5% アガロースに包埋し、マイクロスライサー (DKT-1000、堂阪イーエム社) を用いて 150 μm の厚さの組織切片を作製した。切片は calcofluor white で染色後、蛍光顕微鏡で細胞の大きさを観察した。

イネ節間組織は、出穂期のイネの稈よりカミソリで切り出し、FAA 溶液 (ホルマリン : 酢酸 : 50% エタノール, 5 : 5 : 90, v/v/v) に 16 時間浸漬後、50% エタノールに置換して脱気した。組織片は、50% エタノールに溶解した 1% サフラニン溶液で染色し (室温、30 分間)、30% エタノールで 10 分間洗浄した後、顕微鏡

観察に供した。

(4) イネ種子を次亜塩素酸ナトリウムで殺菌後、滅菌水入りプレートに置床し、4°C、暗黒下で2日間処理した。異なる濃度の無菌ジャスモン酸メチル(MeJA)水溶液に浮かべたプラスチックメッシュ上に滅菌種子を置床し、各種濃度のMeJA添加水溶液中で、暗黒あるいは遠赤色光の連続照射下で5日間、イネを発芽および生育させ、メソコチルおよび子葉鞘の長さを測定した。上記と同様のやり方で、MeJA無添加、暗黒下で5日間水耕栽培中のイネに、450 μM MeJA(終濃度)を加え、5時間処理した。その後、液体窒素でイネを凍結し、全RNA画分の単離、およびマイクロアレイ解析に供した。

4. 研究成果

(1) *FR29* FL-cDNA の構成的過剰発現によるイネの生長促進

FR29 (Acc. No. AK067971) の過剰発現はイネの生育を促進することから、*FR29* を **Growth Promotion by Overexpression 1 (GPO1)** と呼称した。なお、本課題終了後、中国の研究グループ [He et al. (2009)] は AK067971 タンパク質を *OsTIFY11b* と名付けた。*GPO1/OsTIFY11b* は ZIM モチーフに加え、Yanら (2007) により **Jasmonate-associated (Jas)** と呼ばれるドメイン (我々が本研究の申請書中に記載した CCT 様ドメインに該当) を有する (Fig. 1A)。

FR29/GPO1-FOX コンストラクト (Fig. 1B) を導入したイネ系統では節間長 (Fig. 1C) や根長 (Fig. 1D) が増加していた。また *FR29/GPO1-FOX* イネの出穂日は野生型に比べて約1週間早まり、穂数の増加と胚乳肥大が見られた。一方、同イネの穂と止葉の長さは野生型より短くなる傾向が見られたものの (Fig. 1E)、バイオマス (各個体の乾燥重量) は約17%増加した。

(2) *FR29/GPO1* アンチセンス発現イネに生じた生育阻害

FR29/GPO1 の発現レベルが野生型の約20%に低下した2系統 (AN2とAN8, Fig. 2B) では、他の比較的近縁の4種の *TIFY* ファミリー遺伝子の発現は不変であった。AN2とAN8系統の幼苗はシュートと根の双方で生育阻害が見られた。また、両系統では穀粒サイズの低下 (Fig. 2C)、出穂日の8日間 (AN2) から11日間 (AN8) の遅延 (Fig. 2D)、稈の伸長阻害 (Fig. 2E)、穂長が野生型の72~79%になり (Fig. 2F)、種子のサイズや稔性も低下していた。以上より、*FR29/GPO1* の過剰発現はイネの生育を促し、アンチセンス発現は遅らせるという相反する特性を示すことが判明した。

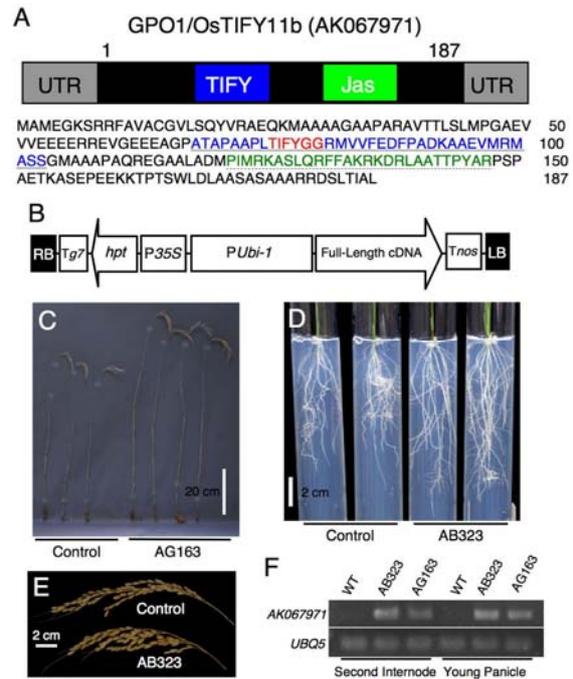


Fig. 1. Phenotypes of *GPO1-FOX* rice lines.

(A) The predicted amino acid sequence of *GPO1* protein encoded by AK067971. Amino acids underlined indicate a putative TIFY domain, and those with a dotted underline indicate a putative Jas domain. Red letters indicate a TIFY motif. (B) Schematic structure of T-DNA region in the pRiceFOX plasmid. P35S, CaMV 35S promoter; *PUBi-1*, maize *Ubiquitin-1* promoter; *Tg7* and *Tnos*, polyadenylation signals from *gene 7* and *nopaline synthase (nos)* gene from *Agrobacterium* T-DNA, respectively; *hpt*, *hygromycin resistance* gene; LB, left border; RB, right border. Arrows: Directions of transcription. (C) Internode elongation: T_0 plants from a vector control and AG163 lines were observed at the harvest stage. (D) Root lengths: WT and AB323 (T_2) plants were grown for 12 days after sowing on MS Medium. (E) Panicle lengths: WT and AB323 (T_1) plants were compared after harvest. (F) Semi-quantitative RT-PCR analysis of AB323 (T_2) and AG163 (T_2) of the *FOX*-transgenic and WT plants. Upper panel shows the transcript levels of AK067971 cDNA. Lower panel indicates those of *UBQ5* used as an internal control.

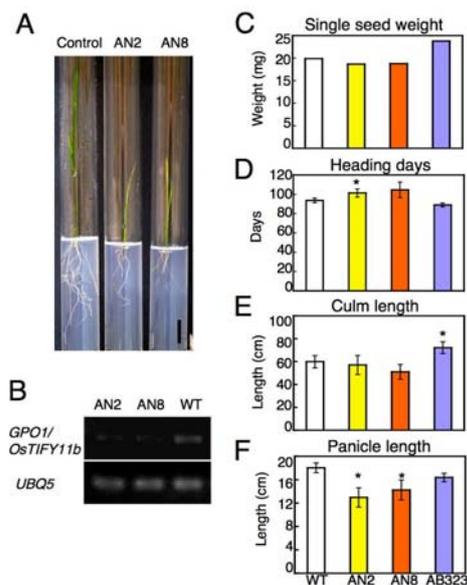


Fig. 2. Antisense constructs for *GPO1* (AK067971). The pRiceFOX plasmid was used. (A) Seedlings of

GPOI-antisense lines. Plants were germinated and grown for 12 days on MS medium containing hygromycin (30 mg l⁻¹). (B) Semi-quantitative RT-PCR analysis of AN2 (T₂) and AN8 (T₂) antisense lines and WT plants. 1st-strand cDNAs were prepared from 4th leaves of individual plants two weeks after potting and the transcript levels of *GPOI* were examined. Lower panel indicates those of *UBQ5* used as an internal control. (C-F) The plants were grown for 20 weeks after transfer to soil. WT (n = 3); AN2 and AN8: *GPOI*-antisense lines (n = 5); AB323: *GPOI*-FOX lines (n = 3). (C) Single seed weights, (D) heading days, (E) culm lengths, (F) panicle lengths were examined. Values are mean ± SD. The single seed weights were indicated as averages in all the seeds from the individual lines. Scale bar in A: 20 cm. *Asterisks indicate significant difference compared to WT plants at the 5% level as determined by the *t*-test.

(3) *FR29/GPOI* 過剰発現による細胞分裂の促進

上述の *FR29/GPOI*-FOX イネの生長促進が、細胞伸長によるものか、それとも細胞分裂の促進（細胞数の増加）に起因するかを調べるため、組織を顕微鏡で観察した。まず開花 10 日後の胚乳細胞を *FR29/GPOI*-FOX イネ (AB323 系統) と野生型とで比較したところ、細胞の大きさに有意差は見出されなかった。一方、中央部の同面積のエリア (楕円で表示) の細胞数を比べると、*FR29/GPOI*-FOX イネは野生型の 1.23 倍であった (Fig. 3A)。また、*FR29/GPOI*-FOX イネで比較的伸長が顕著である第二節間の細胞を観察すると、1 mm 当たりの細胞数は、*FR29/GPOI*-FOX イネで 11.0、野生型では 11.5 でほぼ同等であった (Fig. 3B)。野生型イネの第二節間が 12.2 ± 0.40 cm あるのに対し、*FR29/GPOI*-FOX イネでは 17.1 ± 0.17 cm (野生型の 1.34 倍) であることから、*FR29/GPOI*-FOX イネの生育促進は、各組織の細胞の伸長ではなく、分裂の促進に起因することが明らかになった。

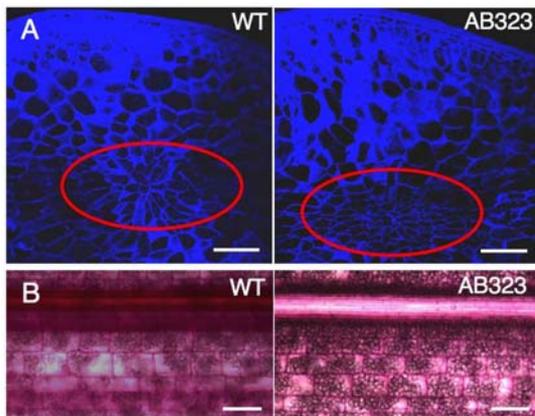


Fig. 3. Endosperm and internode cells from *GPOI*-FOX rice plants.

(A) Endosperm cells (10 days after flowering) of WT and AB323 *GPOI*-FOX (T₂) plants. Tissues were stained with calcofluor. Each red oval indicates center of the endosperm. (B) Cells in the 2nd internodes from WT and AB323 (T₂) plants. Tissues were fixed in a formaldehyde:alcohol:acetic acid (FAA) solution, and stained with safranin. Scale bars in the panel A show 500 μm, and those in B 100 μm.

(4) *FR29/GPOI*-FOX イネにおける細胞周期関連遺伝子の発現上昇

FR29/GPOI-FOX イネでは細胞分裂の促進が起こっていることから、それに応じて細胞周期関連遺伝子の発現が変動していることが予想された。

伸長中の第二節間および幼穂における遺伝子の発現プロファイルをイネ 22K および 44K 発現マイクロアレイ解析によって調べた。その結果、*FR29/GPOI*-FOX イネでは A 型 (G1/S 期特異的) および B 型 (G2/M 期)、D 型 (G1/S あるいは G2/M 期) に属する多数のサイクリン遺伝子の発現が上昇していた (Table 1)。また S 期マーカーの PCNA の発現も約 3 倍に達しており、細胞分裂の促進は細胞周期の活性化と連動していた。

Table 1. Cyclin genes upregulated in internodes and panicles of *GPOI*-FOX transgenic rice plants.

| RAP locus ID | cDNA Accession Number | Cyclin | Fold Change (<i>GPOI</i> -transgenic/Control) | | |
|--------------|-----------------------|----------------|--|-----------|-----------|
| | | | 44K Array | 22K Array | 22K Array |
| | | | Internode | Internode | Panicle |
| Oso6g0726800 | AK070518 | CycB2;2 | 4.44 | 2.64 | 2.58 |
| Oso1g0805600 | AK111939 | CycB1;1 | 3.87 | 3.14 | 3.33 |
| Oso4g0563700 | AK070211 | CycB2;1 | 3.54 | 2.55 | 1.64 |
| Oso2g0805200 | AK071591 | PCNA* (Cyclin) | 3.46 | 2.26 | 3.05 |
| Oso6g0217900 | AK103765 | CycD2;2 | 2.85 | 1.67 | 3.92 |
| Oso1g0502300 | AK106653 | CycA2;1 | 2.14 | 1.65 | 1.69 |
| Oso1g0233500 | AK063476 | CycA1;1 | 2.08 | 2.09 | 1.54 |
| Oso8g0479300 | AK070025 | CycD4;2 | 1.63 | 2.29 | 1.36 |
| Oso1g0588800 | AK064396 | CycD5;1 | 1.53 | 2.46 | 2.81 |
| Oso7g0620800 | AK063671 | CycD2;1 | 1.53 | 1.81 | 1.29 |

* PCNA: Proliferating cell nuclear antigen

Cyclin-related genes that were differentially expressed in internodes and panicles of *GPOI*-transgenic plants [AB323 line (T₂ generation) for 44K, and AB323 (T₁) for 22K oligo expression arrays], compared to those of control plants [WT plants for 44K, and vector control plants (T₁) for 22K] are shown with fold changes in the microarray experiments (Fold-change values >1.5 in 44K microarray are listed).

(5) *FR29/GPOI* 遺伝子の発現特性

野生型イネの栄養生長期および生殖生長期における *FR29/GPOI* 遺伝子発現の組織特異性を半定量的 RT-PCR 法により解析した。各組織における *FR29/GPOI* の発現レベルは、比較的高い発現レベルを有するハウスキープ遺伝子の一種である *UBQ5* 遺伝子と同等あるいはそれ以上であった (Fig. 4A)。イネの各組織間では、根端と花器官における発現が最も高く、その次に第二節間および茎頂分裂組織が続いた (Fig. 4A)。

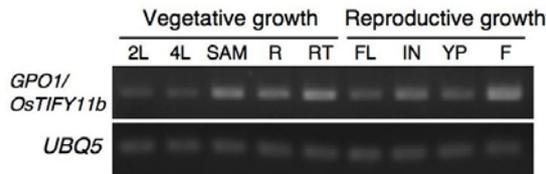


Fig. 4. Expression patterns of *GPO1* genes in different tissues.

Semi-quantitative RT-PCR analysis of *GPO1* gene in WT rice. Plants were grown for 5 weeks (vegetative growth stage) or 11 weeks (reproductive growth stage) after transfer of germinated seedlings on MS medium to soil. Upper panel shows the transcript levels of *GPO1* gene (28 PCR cycles). Lower panel represents those of *UBQ5* used for loading adjustment (28 PCR cycles). 2L, 2nd leaf; 4L, 4th leaf; SAM, shoot apical meristem; R, root; RT, root tip; FL, flag leaf; IN, 2nd internode; YP, young panicle; F, flower.

(6) *In situ* hybridization を用いた *FR29/GPO1* 遺伝子発現の組織特異性解析

FR29/GPO1 転写産物は花粉形成後期の葯で顕著に蓄積していた (Fig. 5A)。また、上述の RT-PCR の結果 (Fig. 4) を裏付けるように、栄養生長期の根端 (Fig. 5B) や生殖生長期の節 (Fig. 5C) でも *FR29* mRNA が検出された。

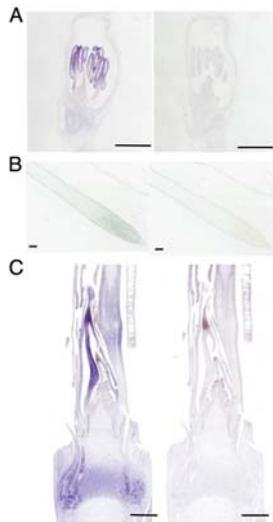


Fig. 5. *In situ* RNA hybridization of *GPO1/OsTIFY11b*. Hybridization with antisense (left) or sense (right) probe. (A) Sections were prepared from floret primordium at 73 days after transfer to soil. (B) Sections from plants at 35 days after transfer to soil. (C) Sections from secondary rachis-branch at 67 days after transfer to soil. Scale bars: 200 μm in panels B and C, and 500 μm in D.

(7) *FR29/GPO1* タンパク質の細胞内局在性

GPO1 タンパク質の細胞内局在性を調べるため、*GPO1::GFP* 融合遺伝子を構築し、イネに導入した。根端組織の蛍光顕微鏡観察の結果、緑色の GFP 蛍光は核に局在していることが判明した (Fig. 6A~F)。

(8) JA シグナリング系における *FR29/GPO1* の役割

FR29/GPO1-FOX イネおよび野生型イネの JA に対する感受性を比較するため、各種濃度の MeJA 水溶液中で、暗黒あるいは遠赤色光の

連続照射下で 5 日間、イネを発芽および生育させた。その結果、野生型イネでは 1 μM 以上の MeJA 存在下でメソコチルおよび子葉鞘の生育阻害が生じた。一方、*FR29/GPO1-FOX* イネでは 10 μM まで目立った生育阻害が見られなかった (Fig. 7A, B)。

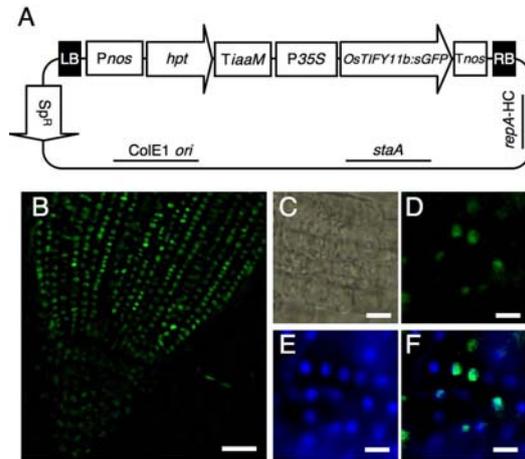


Fig. 6. Subcellular localization of GFP fused to *GPO1* protein in rice

(A) Schematic structure of the *GPO1::GFP* fusion plasmid. P35S, CaMV 35S promoter; *Pnos* and *Tnos*, *nopaline synthase (nos)* gene from the T-DNA; *hpt*, *hygromycin resistance* gene; *TiaaM*, Polyadenylation signal (Terminator) from *Agrobacterium iaaM* gene; LB, left border; RB, right border; *Sp^R*, Spectinomycin/streptomycin resistance gene from *Tn7*; *staA*, Region involved in plasmid stability from *Pseudomonas* plasmid pVS1; *repA-HC*, *Replication protein A* gene (High-copy type) and replication origin from pVS1 for plasmid maintenance in *Agrobacterium*; *ColE1 ori*, *ColE1* replication origin from pBR322. (B) GFP fluorescence of the *GPO1-GFP* fusion in root tip cells. (C) Visible image of root tip cells. (D) GFP fluorescence of the *GPO1-GFP* fusion. (E) DAPI fluorescence of the *GPO1-GFP* fusion. (F) The two picture images of D and E are merged. Scale bars: 20 μm in C; 10 μm in D-F.

暗黒下で 5 時間の 450 μM MeJA 処理を施したイネ幼苗における遺伝子発現の変化を 22K イネ発現アレイにて解析した。その結果、野生型イネにおける JA 応答性遺伝子の *RRJ1* と *RRJ2* は、MeJA 処理により顕著に上昇していたが、*FR29/GPO1-FOX* イネ (AB323 系統) では MeJA 処理後もほとんど変化が見られなかった (Fig. 7C)。なお、両イネ系統における JA 生合成系遺伝子 *AOS1* と *JAR1* の発現は、ともわずかに発現が上昇した (Fig. 7C)。

以上の一連の結果より、イネの *FR29/GPO1/OsTIFY11b* は細胞核に局在し、JA シグナリング系を負に制御する因子であること、さらに、*FR29/GPO1* は細胞分裂を促すことで、植物の生長を正に制御する機能を有することが明らかになった。

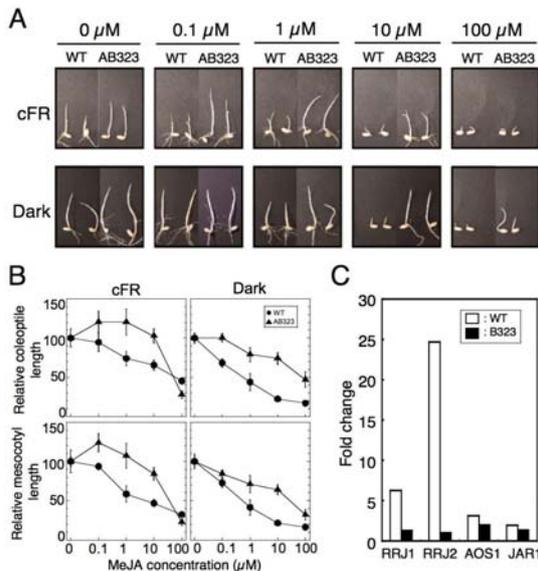


Fig. 7. Response of *GPO1*-FOX lines to Me-JA.

(A) Photographic images of WT and AB323 (T_2) plants. Plants were treated with various concentrations of Me-JA for 5 days after sowing. Upper panels show their growth in under cFR and lower panels show the growth in darkness. Lengths of mesocotyls and coleoptiles were measured. (B) Elongation of the mesocotyls and coleoptiles under various concentrations of Me-JA in cFR and darkness. Upper panels indicate coleoptile lengths, and lower panels indicate mesocotyl lengths. Black triangles: AB323 (T_2) plants, black circles: WT plants. (C) 22k oligo-DNA microarray analysis of AB323 (T_2) (black bars) and WT (white bars) plants. Plants were grown in darkness for 5 days after sowing, and then treated with 450 μ M Me-JA for 5 hr. Changes in relative transcript levels for genes involved in JA signaling and synthesis were compared between MeJA-treated and mock-treated plants.

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 1 件: まもなく投稿予定)

(1) Makoto Hakata, Masayuki Muramatsu, Yoshito Oka, Hidemitsu Nakamura, Kou Amano, Naoko Toki, Mariko Kajikawa, Akemi Tagiri, Yasushi Kawagoe, Seiichi Toki, Hiromoto Yamakawa, Yoshiaki Nagamura, Hirohiko Hirochika, Makoto Takano, and Hiroaki Ichikawa “GPO1, a negative regulator of jasmonate signaling, controls plant growth by regulating cell division” 2010 年 4 月投稿予定

[学会発表] (計 4 件)

(1) 羽方誠・中村英光・土岐尚子・梶川真理子・天野晃・岡田恵子・市川尚斉・関原明・篠崎一雄・松井南・田切明美・川越靖・土岐精一・宮尾安藝雄・長村吉晃・市川裕章・廣近洋彦

「FOX Hunting System を用いたイネ遺伝子の包括的機能解析と生育促進を示した FOX イネ系統の解析」日本育種学会第 112 回講演会 2007 年 9 月 23 日 (鶴岡)

(2) Hiroaki Ichikawa, Hidemitsu Nakamura, Makoto Hakata, Kou Amano, Akio Miyao, Naoko Toki, Jinhuan Pang, Mariko Kajikawa, Naokuni Higashi, Shigeko Ando, Seiichi Toki, Motoaki Seki, Takanari Ichikawa, Kazuo Shinozaki, Minami Matsui, Yoshiaki Nagamura, Hirohiko Hirochika
 “FOX hunting in rice: a genome-wide and gain-of-function analysis of rice genes using transgenic rice plants” The 5th International Symposium of Rice Functional Genomics (ISRFG) 2007 年 10 月 15 日 (つくば)

(3) 羽方誠・岡義人・中村英光・村松昌幸・清田誠一郎・天野晃・土岐尚子・梶川真理子・馬場晶子・田切明美・川越靖・土岐精一・市川尚斉・松井南・長村吉晃・廣近洋彦・高野誠・市川裕章

「イネ TIFY/ZIM モチーフタンパク質遺伝子の過剰発現によるイネの生長促進」第 49 回日本植物生理学会年会 2008 年 3 月 20 日 (札幌)

(4) 羽方誠・村松昌幸・岡義人・中村英光・梶川真理子・原奈穂・田切明美・黒田昌治・清田誠一郎・川越靖・土岐精一・長村吉晃・廣近洋彦・山川博幹・高野誠・市川裕章

「イネ TIFY/JAZ タンパク質遺伝子の過剰発現によるイネの生育促進および種子胚乳肥大」日本育種学会第 115 回講演会 2009 年 3 月 28 日 (つくば)

6. 研究組織

(1) 研究代表者

市川 裕章 (ICHIKAWA HIROAKI)
 独立行政法人 農業生物資源研究所・光環境
 応答研究ユニット・上級研究員
 研究者番号: 30355755

(2) 研究分担者

高野 誠 (TAKANO MAKOTO)
 独立行政法人 農業生物資源研究所・光環境
 応答研究ユニット・ユニット長
 研究者番号: 20355754
 (H20: 連携研究者)

清田 誠一郎 (KIYOTA SEIICHIRO)
 独立行政法人 農業生物資源研究所・光環境
 応答研究ユニット・主任研究員
 研究者番号: 90414903
 (H20: 連携研究者)