

## 科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成 24 年 5 月 31 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2009～2011

課題番号：21380002

研究課題名（和文） 高度環境ストレス耐性育種のための極限環境植物の遺伝子資源利用に関する研究

研究課題名（英文） Study on the utilization of genetic resources of plants under extreme environment for the breeding of highly tolerant plants against abiotic stresses

研究代表者

高野 哲夫（TAKANO TETSUO）

東京大学・アジア生物資源環境研究センター・准教授

研究者番号：30183057

研究成果の概要（和文）：極限環境に耐性を持つ野生植物、*Puccinellia tenuiflora*、*Chloris virgata*、オヒルギ、ソナレシバおよびヤトロファから、環境ストレス耐性に関連する遺伝子を単離し、機能解析を行った。またシロイヌナズナとイネに遺伝子を導入して形質転換植物のストレス耐性が向上する事を明らかにした。

研究成果の概要（英文）：Abiotic stress-related genes were isolated and characterized from the plant growing under extreme environment, such as *Puccinellia tenuiflora*, *Chloris virgata*, mangrove plant (*Bruguiera gymnorhiza*), *Sporobolus virginicus* and *Jatropha curcas*. Transgenic Arabidopsis and/or rice plants expressing those genes obtained improved tolerance to abiotic stresses.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	6,100,000	1,830,000	7,930,000
2010年度	5,500,000	1,650,000	7,150,000
2011年度	3,200,000	960,000	4,160,000
年度			
年度			
総計	14,800,000	4,440,000	19,240,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：育種学

キーワード：環境ストレス耐性、野生植物、耐塩性、極限環境植物

## 1. 研究開始当初の背景

さまざまな劣悪環境下で生育できる作物の育種が、食糧増産のために重要な課題となっている。また、森林破壊や砂漠化も深刻であり地球環境の保全や修復のためにも植物育種学が果たす役割は大きい。そうした中で耐乾性、耐塩性、耐酸・アルカリ性などの環境ストレス耐性育種は、利用可能な耕地の拡大や緑化・炭酸固定などに寄与する重要な技術として期待されている。それらの実現のためには、植物に高度なストレス耐性を付与する技術の開発が必要である。これまでに、シロイヌナズナや作物を主な材料とする研

究から、いくつかの耐塩性を高める遺伝子の同定がなされてきている。しかし、これらの遺伝子を利用したストレス耐性は比較的短期間のストレスには対応できるが、生育の全期間に渡って継続的、かつ高度のストレス条件におかれた場合に十分な生育量や生産量が確保できるような耐性は発揮されていない。従って、実用的なストレス耐性植物の分子育種のためには、より高度で持続性のある耐性機構の利用が望まれた。

## 2. 研究の目的

本研究では *Puccinellia tenuiflora*、

*Chloris virgata*、オヒルギに加えてソナレシバを研究材料として用いる。これらはすべて極限環境に耐性を持つ植物種である。既に作製してある遺伝子ライブラリーおよびこれから作製する遺伝子ライブラリーを活用して、酵母細胞とアグロバクテリウムを用いた環境ストレス耐性の機能性スクリーニングを行い、酵母とアグロバクテリウムにストレス耐性を付与する遺伝子を同定する。それらの遺伝子をシロイヌナズナやイネに導入して、形質転換植物体における効果を解析する。植物のストレス耐性を向上させる事が明らかになった遺伝子については、生理学的解析等により耐性機構を明らかにする。また、マイクロアレイを利用して、耐性形質転換植物の遺伝子発現について網羅的に解析し、導入遺伝子に関わる耐性機構の遺伝子ネットワークについても詳細に解析する。環境ストレス耐性を持つ形質転換体の交配により、複数の耐性遺伝子を集積し、その効果を明らかにする。これらの戦略により、シロイヌナズナやイネなどの中性植物の解析からは同定できない極限環境生物特有の環境ストレス耐性遺伝子を同定し、作物の分子育種への利用可能性を明らかにすることが本研究の目的である。

### 3. 研究の方法

#### 【*Puccinellia tenuiflora* 遺伝子の解析】

##### ①遺伝子の単離と機能解析

*Puccinellia tenuiflora* の幼植物体から RNA を抽出し、常法によりプラスミドベクターの cDNA ライブラリーを作製した。任意に選択した約 3000 クローンの塩基配列を決定した。その中で耐塩性と関連すると考えられる遺伝子について着目し、さらに詳細な解析を行った。特に各種の塩でストレス処理を行った *Puccinellia tenuiflora* 植物体内における遺伝子発現応答について明らかにした。また、遺伝子を植物形質転換用のベクターに組み込み、シロイヌナズナまたはイネに導入し、形質転換植物を育成した。形質転換体のストレス耐性について解析した。

##### ②*Puccinellia chinampoensis* の形質転換実験系の開発

*Puccinellia tenuiflora* の近縁種である *Puccinellia chinampoensis* の完熟種子からカルスを誘導した。カルスの培養条件、特に植物ホルモンの最適条件について詳細に検討した。またカルスからの植物体再分化のための条件、カルスへの遺伝子導入方法についても検討し、*Puccinellia chinampoensis* の形質転換実験系の確率を試みた。

#### 【*Chloris virgata* 遺伝子の解析】

##### cDNA ライブラリーの作製と EST 解析

*Chloris virgata* の幼植物体から RNA を抽出し、常法によりプラスミドベクターの cDNA

ライブラリーを作製した。任意に選択した約 3000 クローンの塩基配列を決定した。また、同定された遺伝子の特徴と検出頻度について統計的解析を行った。*Chloris virgata* の耐塩性機構に関連すると考える遺伝子を選び、ストレス条件下における遺伝子発現の特性について、詳細に解析した。

#### 【オヒルギの耐塩性遺伝子の解析】

##### ①塩応答性遺伝子

本研究の開始前に、マイクロアレイを利用した発現プロファイリングによってオヒルギの塩応答性遺伝子を選抜済みであった。本研究では、これらの塩応答性遺伝子を 35S プロモーターに接続してシロイヌナズナに導入し、得られた組換え植物について野生型 (WT) と比較して耐塩性検定を行い、耐塩性組換え系統を選抜した。

##### ②cDNA の網羅的機能スクリーニング

オヒルギ cDNA を発現するアグロバクテリウムライブラリーを構築し、耐塩性スクリーニングによって、アグロバクテリウムに耐塩性を付与する cDNA を同定した。さらに、それらをシロイヌナズナに導入して機能解析を行った。

##### ③プロテオーム解析

塩処理したオヒルギのプロテオーム解析によって同定した塩応答性タンパク質である FBP aldorase、osmotin を過剰発現するシロイヌナズナについて、野生型 (WT) と比較して耐塩性検定を行った。

##### ④耐塩性システムの解析

①～③の方法で得られた耐塩性組換え系統の耐塩性機構について解析するために、DREB1A などの 11 種の既知のストレス関連遺伝子の発現を RT-PCR 法で定量して、野生型と比較した。必要に応じてマイクロアレイによる詳細な発現解析を実施した。また、他のストレス耐性との関係を調べるために、重金属、活性酸素 (過酸化水素、パラコート) などに対する耐性検定も合わせて行った。

#### 【ソナレシバの耐塩性遺伝子の解析】

ソナレシバ cDNA の発現ライブラリーをアグロバクテリウムを宿主として作製した。このライブラリーを 300mM NaCl 培地でスクリーニングして耐塩性アグロバクテリウムを得た。それらのアグロバクテリウムをシロイヌナズナに感染させて組換え植物を得て、耐塩性検定を行った。

また、ソナレシバ cDNA の発現アグロバクテリウムライブラリーをシロイヌナズナに感染させて得られた種子から、抗生物質耐性植物を選抜することで、ソナレシバ cDNA を網羅的に発現するシロイヌナズナ系統を得た。これらの種子を 50 系統ずつ混合して、175mM NaCl を含む培地に播種して比較的生育の良好な個体を選抜した (一次スクリーニング)。さらに選抜個体の次世代において、

150mM NaCl を含む培地に播種して比較的生育の良好な系統を選抜した（二次スクリーニング）。また、次の世代でも同様に播種時期における三次スクリーニングを実施するとともに、塩を含まない培地に播種して5日目の芽生えを150mM NaCl を含む培地に移植して比較的生育の良好な系統を選抜する幼植物での耐塩性スクリーニングも実施した。

#### 【ヤトロファの耐乾性遺伝子の解析】

原計画にはないが、耐乾燥性の強いヤトロファから、サブトラクションPCR法により乾燥条件下で発現誘導される遺伝子のスクリーニングを行なった。

#### 4. 研究成果

##### 【*Puccinellia tenuiflora* 遺伝子の解析】

①細胞膜型および液胞膜型の H<sup>+</sup>/Na<sup>+</sup> アンチポーター遺伝子に関して

*Puccinellia tenuiflora* から細胞膜型

(*PutNHA*) および液胞膜型 (*PutNHX*) の H<sup>+</sup>/Na<sup>+</sup> アンチポーター遺伝子をクローニングし、それぞれの遺伝子の塩ストレス条件下における発現特性を明らかにした。細胞内の局在性は、GFP 融合タンパク質を発現させる事により確認した。またこれら2種類の遺伝子をイネ形質転換用のベクターに組み込み、アグロバクテリウムを介してイネ（品種：日本晴）に導入した。選抜の結果得られた形質転換イネの耐塩性について詳細に解析した結果、塩化ナトリウムおよび炭酸塩に対する耐性が、野生型と比較して明らかに強化された事を明らかにした。

②HKT タイプ・カリウムトランスポーター遺伝子に関して

*Puccinellia tenuiflora* から HKT タイプのカリウムトランスポーター (*PutHKT2;1*) をコードする遺伝子 (*PutHKT2;1*) を単離し、その機能についてイネの相同タンパク質 (*OsHKT2;1*) との比較を、酵母および形質転換シロイヌナズナを用いて行った。*PutHKT2;1* は *OsHKT2;1* よりもカリウム輸送能が高く、ナトリウムストレス条件化において植物体内のカリウム濃度を維持する事によって *Puccinellia tenuiflora* の耐塩性に関与する事が明らかになった。

③カリウムチャンネル遺伝子に関して

*Puccinellia tenuiflora* から電位非依存型の K<sup>+</sup> チャンネルをコードする遺伝子

(*PutAKT1*) を *P. tenuiflora* から単離し、解析した。*PutAKT1* は *Shaker* K<sup>+</sup> チャンネルファミリーの AKT-1 サブファミリーに属することがわかった。また *PutAKT1* は細胞膜に局在し、遺伝子発現は根で強く観察された。その遺伝子発現は K<sup>+</sup> 飢餓で誘導されるとともに、他の植物で見られるような高濃度 Na<sup>+</sup> による発現抑制を受けなかった。*PutAKT1* を高い発現する形質転換シロイヌナズナはより強い耐塩

性を持つ事がわかった。

また、KT1 タンパク質 (K<sup>+</sup> チャンネルの  $\alpha$ -サブユニット) と相互作用し、K<sup>+</sup> チャンネルの安定性等に関与する事が知られている  $\beta$ -サブユニットをコードする遺伝子を *P.*

*tenuiflora* およびイネから単離し (*KPutBI* および *KOBI*)、比較機能解析を行った。

④アスコルビン酸パーオキシダーゼと STE 遺伝子に関して

*Puccinellia tenuiflora* から、アスコルビン酸パーオキシダーゼ遺伝子 (*PutAPX*) および *PutSTE* 遺伝子を単離し、ストレス条件下における発現解析を行った。また、酵母とシロイヌナズナに導入し、これらの遺伝子を大量に発現させる事により、酵母およびシロイヌナズナの環境ストレス耐性が向上することを明らかにした。

⑤ *Puccinellia chinampoensis* の形質転換実験系の開発

*Puccinellia chinampoensis* の完熟種子からカルスを誘導した。培地に加えるホルモン等の種類と濃度に関して検討を加え、カルスの培養実験系を確立した。またカルスにアグロバクテリウムを感染させる事により外来遺伝子を遺伝的に導入する形質転換法を確立した。

##### 【*Chloris virgata* 遺伝子の解析】

*Chloris virgata* の cDNA ライブラリーを作製し、3168 クローンの塩基配列を決定することにより EST の解析を行った。得られた塩基配列情報に基づき 1893 遺伝子をデータベースに登録した。耐塩性との関連が報告されている遺伝子について遺伝子発現の解析を行った。また遺伝子の特徴や検出頻度から *Chloris virgata* の塩ストレスへの応答の特性について解析した。その結果、*C. virgata* の高いアルカリ塩耐性がストレス応答性遺伝子の恒常的な発現によって維持されていることが明らかになった。

##### 【オヒルギの耐塩性遺伝子の解析】

①塩応答性遺伝子

オヒルギの *ankyrin repeat protein 1* (*BgARPI*)、および Zinc Finger 型転写因子 (*BgZFI*) を導入した組換えシロイヌナズナでは耐塩性の向上が認められた。*BgARPI* 組換え体では、*osmotin* 遺伝子の発現が WT に比較して有意に上昇し、塩処理による K<sup>+</sup> 含量の減少が抑制されていることが示され、これらの特性の変化が耐塩性の向上に影響していると考えられた。*BgZFI* 組換え体についてマイクロアレイによる遺伝子発現プロファイルを行なった。非ストレス下の WT と *BgZFI* 組換え体の発現プロファイリングを行ない、Z 検定で有意水準 0.05 (両側検定) で有意差があり、かつ Ratio が 3 以上の変動を示した遺伝子を 7 種同定した。それらは、F-box family

protein, phosphate translocator-related, zinc finger family protein と 4 種の unknown protein をコードしていた。

また、*Al-induced protein* (*BgAIP*)、および *Blight-associated protein* を導入したシロイヌナズナでも耐塩性の向上が認められた。これらの系統のストレス関連遺伝子の発現を RT-PCR 法で定量して、野生型と比較したが際立った違いは認められなかった。そのため、マイクロアレイによる解析は行なわなかった。*BgAIP* を導入したシロイヌナズナは Zn、Cd、Cu、酸化ストレスに対する耐性も向上していた。*Blight-associated protein* を導入したシロイヌナズナは Zn、Cd、酸化ストレスに対する耐性も向上していた。

#### ② cDNA の網羅的機能スクリーニング

アグロバクテリウムに耐塩性を付与したオヒルギ遺伝子のうち、メタロチオネイン、および *BURP domain contained protein* 遺伝子を導入した組換え体で耐塩性の向上が認められた。

#### ③ プロテオーム解析

*FBP aldolase*, *osmotin* を導入したシロイヌナズナで耐塩性の向上が認められた。これらの系統のストレス関連遺伝子の発現を RT-PCR 法で定量して、野生型と比較したが際立った違いは認められなかった。そのため、マイクロアレイによる解析は行なわなかった。*osmotin* を導入した耐塩性シロイヌナズナは Ni、Cd、酸化ストレス耐性も向上していた。

#### 【ソナレシバの耐塩性遺伝子の解析】

ソナレシバ cDNA の発現ライブラリーをアグロバクテリウムを宿主として作製した。このライブラリーのタイターは  $2.11 \times 10^4$ 、平均 cDNA サイズは 0.73 kb、全長率は約 25% であった。このライブラリーを 300mM NaCl 培地でスクリーニングしたところ、8 クローンの耐塩性アグロバクテリウムが得られた。それらに含まれる cDNA の 1 つはソルガムの機能未知の遺伝子と相同性がある全長を含むクローン、3 種は部分配列、他の 4 種は既知の配列と相同性がなかった。これらの cDNA を導入したシロイヌナズナでは耐塩性の向上は認められなかった。

ソナレシバ cDNA を網羅的に導入したシロイヌナズナを約 1700 系統作成した。これら約 500 系統の種子を 50 系統ずつ混合して、175mM NaCl 培地で耐塩性一次スクリーニングを行ない、237 個体を選抜した。次に、二次スクリーニングで 22 系統、三次スクリーニングで有意に耐塩性を示す 5 系統を選抜した。これらの個体に導入されている cDNA は、chlorophyll a/b binding protein (2 系統)、chloroplast protein 12, photosystem I reaction center subunit IV, MT-like protein をコードしていた。

#### 【ヤトロファの耐乾性遺伝子の解析】

サブトラクション PCR 法により乾燥条件下で発現誘導されるヤトロファの遺伝子を 10 種単離した。RT-PCR による詳細な発現解析を行ったところ、これらのうち 4 種 ( JcDR5:phosphatase 2c, JcDR7:nudix hydrolase, JcDR9:translation initiation factor, JcDR10: mta/sah nucleosidase) が乾燥応答性を示した。JcDR10 の cDNA を導入したシロイヌナズナを作出したが、野生型と比較して 300mM マンニトールを含む高浸透圧培地において生育に差が認められなかった。

#### 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 13 件)

- ① Ardie SW, Xie L, Takahashi R, Liu S, Takano T. Cloning of a high-affinity K<sup>+</sup> transporter gene *PutHKT2;1* from *Puccinellia tenuiflora* and its functional comparison with *OsHKT2;1* from rice in yeast and *Arabidopsis*. J Exp Bot. 査読有 Vol. 60, 2009, 3491-3502. DOI:10.1093/jxb/erp184
- ② Ishida, T. A., Nara, K., Ma, S., Takano, T. and Liu, S. Ectomycorrhizal fungal community in alkaline-saline soil in northeastern China. Mycorrhiza. 査読有 Vol. 19, 2009, 329-335. DOI: 10.1007/s00572-008-0219-9
- ③ Liu H., Zhang X., Takano T., Liu S. Characterization of a *PutCAX1* gene from *Puccinellia tenuiflora* that confers Ca(2+) and Ba(2+) tolerance in yeast. Biochem Biophys Res Commun. 査読有 Vol. 383, 2009, 392-396. DOI: 10.1016/j.bbrc.2009.04.042
- ④ Nishiuchi S, Fujihara K, Liu S, Takano T. Analysis of expressed sequence tags from a NaHCO<sub>3</sub>-treated alkali-tolerant plant, *Chloris virgata*. Plant Physiology and Biochemistry. 査読有 Vol. 48, 2010, 247-255. DOI: 10.1016/j.plaphy.2010.01.024
- ⑤ Ardie S. W., Liu S., Takano T. Expression of the AKT1-type K<sup>+</sup> channel gene from *Puccinellia tenuiflora*, *PutAKT1*, enhances salt tolerance in *Arabidopsis*. Plant Cell Reports, 査読有, Vol. 29, 2010, 865-874. DOI: 10.1007/s00299-010-0872-2
- ⑥ Ardie S. W., Nishiuchi, S., Liu, S., Takano T. Ectopic Expression of the K<sup>+</sup> Channel b Subunits from *Puccinellia tenuiflora* (*KPutBI*) and Rice (*KOBI*)

- Alters K<sup>+</sup> homeostasis of Yeast and *Arabidopsis*. *Molecular Biotechnology*. 査読有, Vol.48, 2011, 76-86. DOI: 10.1007/s12033-010-9349-3
- ⑦Miyama M., Tada Y. Expression of *Bruguiera gymnorhiza* *BgARPI* enhances salt tolerance in transgenic *Arabidopsis* plants. *Euphytica*. 査読有, Vol.177, 2011, 383-392. DOI: 10.1007/s10681-010-0264-2
- ⑧Tsugama, D., Liu, S. and Takano, T. A rapid chemical method for lysing *Arabidopsis* cells for protein analysis. *Plant Methods*. 査読有, Vol.7, 2011, 22. DOI: 10.1186/1746-4811-7-22
- ⑨Zhang, M., Wang, L., Dong, L., Sun, B., Zhang, X., Takano, T. and Liu, S. Cloning and characterization of *PutSTE24* gene from *Puccinellia tenuiflora* which expressed in response to abiotic stresses. *Molecular Soil Biology*. 査読有, Vol.3, 2011, 9-14. DOI: 10.5376/msb.2011.02.0002
- ⑩Wang, T., Han, X., Zhao, M., Zhang, X., Takano, T. and Liu, S. Studies on construction of regeneration system and genetic transformation of *Puccinellia chinampoensis*. *Bioscience Methods*. 査読有, Vol.2, 2011 32-37. DOI: 10.5376/bm.2011.02.0005
- ⑪Guan, Q., Li, L., Takano, T., and Liu, S. Cloning of an ascorbate peroxidase gene from *Puccinellia tenuiflora* and its expression analysis. *Genomics and Applied Biology*. 査読有, Vol.2, 2011, 1-9. DOI: 10.5376/gab.2011.02.0001
- ⑫Shi, W., Takano, T. and Liu, S. Isolation and characterization of novel bacterial taxa from extreme alkali-saline soil. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 査読有, Vol.28, 2012, 2147-2157. DOI: 10.1007/s11274-012-1020-7
- ⑬Kobayashi, S., Abe, N., Yoshida, K.T., Liu, S. and Takano, T. Molecular cloning and characterization of plasma membrane and vacuolar-type Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporters of an alkaline-salt-tolerant monocot, *Puccinellia tenuiflora*. *J. Plant Research*. 査読有, 印刷中 DOI: 10.1007/s10265-012-0475-9
- [学会発表] (計 29 件)
- ①Ardie, S. W., Liu, S. Takano, T. Functional comparison of K<sup>+</sup> channel a and b subunit of rice and alkali grass: The role of K<sup>+</sup> channel a and b subunit interaction in K<sup>+</sup>-nutrition, 日本育種学会第 116 回講演会、2009 年 9/26 北海道大学 (札幌)
- ②西内俊策・藤原一優・柳参奎・高野哲夫 炭酸塩処理を施したイネ科野生植物 *Chloris virgata* の EST 解析、日本育種学会第 116 回講演会、2009 年 9/26 北海道大学 (札幌)
- ③西内俊策・柳参奎・高野哲夫 イネ科野生植物 *Chloris virgata* とイネ由来 Metallothionein1 形質転換シロイヌナズナにおける金属蓄積量の解析、日本育種学会第 116 回講演会、2009 年 9/26 北海道大学 (札幌)
- ④多田雄一・深山真史 オヒルギ遺伝子を導入した耐塩性シロイヌナズナの解析、日本育種学会第 116 回講演会、2009 年 9/25 北海道大学 (札幌)
- ⑤Tada, Y., Miyama, M., Ezawa, S. Identification of genes involved in salt tolerance of the mangrove plant *Bruguiera gymnorhiza*. *Plant Biology* 2009 年 7/20 ハワイ
- ⑥多田雄一・深山真史 オヒルギ遺伝子を導入した耐塩性シロイヌナズナの解析、第 32 回日本分子生物学会年会、2009 年 12/9 パシフィコ横浜
- ⑦玉城功・多田雄一 ソナレシバの耐塩性遺伝子の同定、第 32 回日本分子生物学会年会、2009 年 12/9 パシフィコ横浜
- ⑧多田雄一 オヒルギ遺伝子を導入したシロイヌナズナの耐塩性と耐重金属耐性、日本育種学会第 117 回講演会、2010 年 3/26 京都大学
- ⑨澤井五月・多田雄一 アグロバクテリウムを宿主とした耐塩性スクリーニングで選抜したオヒルギ遺伝子を導入したシロイヌナズナの解析、日本育種学会第 117 回講演会、2010 年 3/26 京都大学
- ⑩藤原一優・西内俊策・柳参奎・高野哲夫 イネ科暖地型牧草 *Chloris gayana* と近縁種 *Chloris virgata*、及びイネのアルカリ塩類耐性の比較、日本育種学会第 117 回講演会、2010 年 3/26 京都大学
- ⑪Tsugama, D., Liu, S. and Takano, T. Characterization of VIP1, a novel interacting partner of heterotrimeric G protein b subunit in *Arabidopsis*. 21st International Conference on *Arabidopsis* Research, 2010 年 6/7 パシフィコ横浜
- ⑫ Tada, Y., Nagase, Y. and Sawai, S. Identification of salt tolerance genes from the mangrove plant *Bruguiera gymnorhiza* by functional analysis in transgenic *Arabidopsis*. 21st

- International Conference on Arabidopsis Research, 2010年6/7 パシフィコ横浜
- ⑬多田雄一・遠藤千里・長瀬優太・玉城功 オヒルギ・ソナレシバの耐塩性遺伝子スクリーニング、日本育種学会第118回講演会、2010年9/24 秋田県立大学
- ⑭ Zhang, X., Liu, S., Takano, T. A preliminary study on the succession of plant communities in alkaline grasslands. Seminar on JSPS AA Science Platform Program: Environmental Restoration and Sustainable Use of Problem Soils, 2010年10/13 南京農業大学 (中国)
- ⑮長瀬優太・多田雄一 オヒルギのオスモチン様遺伝子と病害応答性タンパク質様遺伝子を導入したシロイヌナズナの耐塩性、第33回日本分子生物学会年会、2010年12/8 神戸ポートアイランド
- ⑯遠藤千里・多田雄一 オヒルギのアルミニウム応答性たんぱく質類似遺伝子を導入したシロイヌナズナの耐塩性、第33回日本分子生物学会年会、2010年12/8 神戸ポートアイランド
- ⑰多田雄一・川野龍一 ソナレシバ cDNA を発現しているアグロバクテリウムとシロイヌナズナの機能スクリーニング、第33回日本分子生物学会年会、2010年12/8 神戸ポートアイランド
- ⑱津釜大侑・高野哲夫 化学処理によるシロイヌナズナの迅速細胞融解法、日本育種学会第120回講演会、2011年9/24 福井県立大学
- ⑲Li, X.J., Tsugama, D., Liu, S., Takano, T. The transgenic Arabidopsis over-expressing a salt stress induced chloride channel gene (OsCLC8) exhibit higher salt tolerance and longer hypocotyl, 日本育種学会第120回講演会、2011年9/24 福井県立大学
- ⑳小林紫緒・津釜大侑・高野哲夫 シロイヌナズナの U-box E3 ユビキチンリガーゼ PUB20、21 の発現パターンと局在の解析、日本育種学会第120回講演会、2011年9/23 福井県立大学
- ㉑Liu, H., Tsugama, D., Liu, S., Takano, T. Isolation and identification of novel partners interacted with Arabidopsis Type 2C protein phosphatase 52 (AtPP2C52) using yeast two-hybrid system, 日本育種学会第120回講演会、2011年9/23 福井県立大学
- ㉒津釜大侑・高野哲夫 シロイヌナズナの三量体Gタンパク質βサブユニット (AGB1) はブラシノステロイド信号伝達に関与する、日本育種学会第120回講演会、2011

- 年9/23 福井県立大学
- ㉓多田雄一・吉田雄磨・勝又友希 ヤトロファの乾燥応答性遺伝子の解析、日本育種学会第120回講演会、2011年9/23 福井県立大学
- ㉔津釜大侑・高野哲夫 AGB1 は BIN2 と相互作用してブラシノステロイド信号伝達を制御する、日本育種学会第121回講演会、2012年3/30 宇都宮大学
- ㉕大屋美知・高野哲夫 シロイヌナズナのスクロース合成酵素 (AtSUS) と環境ストレス耐性の関係、日本育種学会第121回講演会、2012年3/30 宇都宮大学
- ㉖Kansup Jeeraporn・津釜大侑・高野哲夫 シロイヌナズナの細胞内小胞輸送因子 AP-3  $\mu$  の解析、日本育種学会第121回講演会、2012年3/30 宇都宮大学
- ㉗川野龍一・多田雄一 ソナレシバの耐塩性遺伝子の探索、第34回日本分子生物学会年会、2012年12/14 パシフィコ横浜
- ㉘長瀬優太・多田雄一 オヒルギの塩応答性遺伝子と塩応答性タンパク質遺伝子を導入したシロイヌナズナの耐塩性、第34回日本分子生物学会年会、2012年12/14 パシフィコ横浜
- ㉙遠藤千里・多田雄一 オヒルギの塩応答性遺伝子を導入したシロイヌナズナの耐塩性、第34回日本分子生物学会年会、2012年12/14 パシフィコ横浜

[図書] (計 1件)

Tada, Y. Molecular mechanisms of salt tolerance in mangrove plants. In "Agricultural Research Updates. Vol. 1" Ed. by Hendricks B.P, pp75-101 Nova Science Publishers, Inc. New York, 2011

[産業財産権]

○出願状況 (計 0件)

○取得状況 (計 0件)

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

高野 哲夫 (TAKANO TETSUO)  
東京大学・アジア生物資源環境研究センター・准教授  
研究者番号: 30183057

### (2) 研究分担者

多田 雄一 (TADA YUICHI)  
東京工科大学・応用生物部・教授  
研究者番号: 80409789