

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 7日現在

機関番号：85301
 研究種目：若手研究（B）
 研究期間：2009 ～ 2011
 課題番号：21780038
 研究課題名（和文）モデル植物の知見を利用した土壌伝染性病害に対するハクサイの網羅的遺伝子発現解析
 研究課題名（英文）Transcriptome analysis of *Brassica rapa* in response to soil-borne pathogen infection using information gained from *Arabidopsis* research.
 研究代表者
 鳴坂 真理（NARUSAKA MARI）
 岡山県農林水産総合センター 生物科学研究所・研究員
 研究者番号：80376847

研究成果の概要（和文）：難防除である土壌伝染性病害の根こぶ病などの攻撃に対するハクサイの根部および地上部の防御応答を、モデル実験植物の情報を利用しつつ、代表者が整備したハクサイゲノムリソースと、これを用いたハクサイマイクロアレイ解析により明らかにした。また、根部における病害防御応答を中心に重要遺伝子およびマーカー遺伝子を得、その機能解析を行った。

研究成果の概要（英文）：To perform comparative sequence and transcriptome analyses between *Brassica rapa* and *Arabidopsis thaliana*, we prepared a *B. rapa* cDNA microarray using cDNA clones. The gene expression during infection with fungal pathogen *Plasmodiophora brassicae* and treatments with signaling molecules was analyzed using 10 K *B. rapa* and *Arabidopsis* cDNA microarrays. The expressed sequence tag (EST) and microarray data provide a valuable resource for functional genomics on the crops.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	1,500,000	450,000	1,950,000
2010年度	1,000,000	300,000	1,300,000
2011年度	1,000,000	300,000	1,300,000
年度			
年度			
総計	3,500,000	1,050,000	4,550,000

研究分野：農学

科研費の分科,細目：農学,植物病理学

キーワード：マイクロアレイ、植物、ストレス、植物免疫、土壌病害、シグナル伝達、ハクサイ、遺伝子発現解析

1. 研究開始当初の背景

根こぶ病、黄化病などの土壌伝染性病害に対するハクサイの防御応答機構については(1)主たる感染場面が土壌中であること、(2)ハクサイのゲノムリソースおよび解析ツールの整備が遅れており遺伝学的、分子生物学的アプローチが困難であること、(3)植物の根部における防御応答の知見が少ないことから解析が遅れている。代表者は難防除の土

壌伝染性病害を解析するために、モデル実験植物の情報を有効利用することを考え、本課題の立案に至った。以下に、ハクサイ研究の現状と背景を記述し、本課題の位置づけを述べる。

モデル実験植物のシロイヌナズナとハクサイは同じアブラナ科植物でありながら、その形状、ゲノムサイズが大きく異なる。ハクサイは欧米、韓国を中心にゲノムプロジェク

トが進められており、また我が国において DNA マーカーが整備されている作物である。これまでに、代表者はシロイヌナズナ完全長 cDNA ライブラリーの作製の中心的役割を担い、日本で初めてシロイヌナズナ完全長 cDNA マイクロアレイの作製に成功した。さらに代表者は平成 18 年度採択若手研究(B) (期間: 18-20 年度) により、「カスタムアレイ設計の方法論の確立」および「遺伝子診断法の確立」を達成し、シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた病害診断用マイクロアレイを構築した。また、世界に先駆けてハクサイの完全長 cDNA、および、EST ライブラリーを作製し、これらリソースを用いて 2K ハクサイマイクロアレイを構築した。本リソースとこれら方法論をもとにしたハクサイのマイクロアレイの構築や、病害防御機構の解明は、植物病理学分野の発展に多大な貢献をもたらすことが期待される。

2. 研究の目的

これまで研究が難しかった土壤伝染性病害に対するハクサイの防御応答機構を解明するための先進的な試みとして、モデル実験植物シロイヌナズナとの比較を行いつつ、シロイヌナズナの利点を活用して研究を遂行する。ハクサイは根こぶ病、黄化病、軟腐病などの土壤伝染性病害や、ウイルス病、炭疽病など多くの病害に弱く、耐病性品種の育成に向けた有用遺伝子資源の探索と病害抵抗性の解明が切望されている。本課題では、特に難防除である土壤伝染性病害の根こぶ病、黄化病の攻撃に対するハクサイの地下部(根部)および地上部の防御応答をマイクロアレイ解析により明らかにし、防御応答に関わる重要遺伝子および、マーカー遺伝子を得、その機能解析をシロイヌナズナを用いて行う。モデル実験植物で得た知見を作物に生かすための具体的な戦略は以下の通りである。(1)シロイヌナズナでのマイクロアレイ作製の方法論をもとにハクサイのマイクロアレイを構築する。(2)土壤伝染性病原菌の攻撃に対するハクサイの応答をマイクロアレイにより解析する。(3)ハクサイの発現遺伝子についてシロイヌナズナの情報を利用して機能注釈を付与する。(4)シロイヌナズナのデータベースを利用し、ハクサイ遺伝子の発現プロファイルのクラスタリング解析による防御応答遺伝子の検索と防御シグナル経路を解明する。(5)ハクサイの有用遺伝子についてシロイヌナズナに導入して機能解析する。

本課題は基礎研究分野と応用研究分野の融合を図り、モデル実験植物から農作物への技術移管のモデルケースを提案することも重要な目的と位置づけている。

3. 研究の方法

(材料)アブラナ科作物ハクサイ (*Brassica rapa*) とアブラナ科のモデル実験植物シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) を用いる。ハクサイは複数の品種を用いる(無双、黄ごころ 85 など)

- ・ ハクサイ地上部 EST ライブラリー: 現在までに約 2,000 遺伝子を獲得した。
- ・ ハクサイ地下部 EST ライブラリー: 現在までに約 10,000 遺伝子を獲得した。
- ・ ハクサイ完全長 cDNA ライブラリー: 現在までに約 5,000 遺伝子を獲得した(完全長率 90%)。
- ・ (土壤伝染性病原菌) 根こぶ病菌 (*Plasmodiophora brassicae*)、黄化病菌 (*Verticillium dahliae*) を主に使用する。

(1)ハクサイ cDNA ライブラリーを用いたマイクロアレイの作製

モデル実験植物の方法論をもとにハクサイのマイクロアレイを構築する。スライドグラスにスポットする鋳型 DNA を、cDNA ライブラリーのクローンを用いて PCR により増幅し、8000(8K)以上のハクサイ地下部(根部)および地上部遺伝子を搭載した cDNA マイクロアレイを構築する。

(2)病害ストレス時の遺伝子発現データの集積とデータベースの構築

ハクサイに病害シグナル誘導物質であるサリチル酸、エテフォンおよびメチルジャスモン酸を処理、および、根こぶ病菌を接種し、地下部(根部)および地上部から RNA を抽出してマイクロアレイ解析を行いデータを集積する。本作業を複数のハクサイ品種を用いて行う。

(3)ハクサイの防御応答遺伝子の検索と防御シグナル経路を解明

シロイヌナズナのデータベースを利用し、ハクサイ遺伝子の発現プロファイルのクラスタリング解析による防御応答遺伝子の検索と防御シグナル経路を解明する。

(4)ハクサイとシロイヌナズナ間の発現遺伝子の比較ゲノムおよび機能ゲノム解析

代表者がこれまでに構築したシロイヌナズナアレイデータベースと本研究で得られたハクサイアレイデータベースを用いて遺伝子発現の比較解析を行う。まず、病害ストレス下におけるハクサイとシロイヌナズナ間のカウンターパートまたはオーソログ候補遺伝子の発現について比較解析を行い、有用遺伝子およびマーカー遺伝子を検索する。

(5)ハクサイにおける有用遺伝子の機能解析
病害シグナル誘導物質または土壤伝染性病原菌により誘導された遺伝子をシロイヌナズナに導入し、得られた T2 および T3 世代を用いて、形状、形態およびストレス応答性

の違いを詳細に解析する。特に、形質転換体の土壤伝染性病原菌に対する表現型を詳細に解析し、土壤伝染性病原菌の攻撃に対する植物の防御応答機構を明らかにするとともに、新規防除法を開発するための基礎データを得る。

4. 研究成果

(1) 難防除である土壤伝染性病害の根こぶ病、黄化病などの攻撃に対するハクサイの根部および地上部の防御応答を、モデル実験植物の情報を利用しつつ、代表者が整備したハクサイゲノムリソースと、これを用いたハクサイマイクロアレイ解析により明らかにし、根部における病害防御応答を中心に重要遺伝子および、マーカー遺伝子を得、その機能解析を行った。約 5,000 の完全長 cDNA クロームを含む 8K ハクサイ cDNA マイクロアレイを構築した。本アレイを用いて、サリチル酸ナトリウム、エテフォン、メチルジャスモン酸、BTH 処理に対する遺伝子発現解析を行い、病原菌に対するハクサイの主たる防御シグナル伝達経路であるサリチル酸 (SA)、エチレン (ET) およびジャスモン酸 (JA) 経路に位置するマーカー遺伝子および病害防御応答遺伝子を探索した。まず、ハクサイマイクロアレイ解析による遺伝子発現プロファイルとシロイヌナズナのデータの比較解析を行った。その結果、薬剤処理したシロイヌナズナとハクサイのグローバルな遺伝子発現プロファイルは類似していた。一方、個々のカウンターパート遺伝子においては、両者で同様な発現プロファイルを示すものと、異なる発現プロファイルを示すものが認められた。また、ハクサイのマーカー遺伝子として、SA 経路は *PR-1*、*BGL2*、*WRKY70*、*SIBA*、ET/JA 経路は *PDF1.2*、JA 経路は *COI1*、*VSP2*、*LOX2*、*AOS* 遺伝子が同定された。

(2) 次に、ハクサイ根 EST ライブラリーから抽出した 10K ハクサイ根マイクロアレイ (ユニークなクローンは 5K) を構築した。土壤伝染性病害である根こぶ病菌を接種したハクサイ抵抗性および感受性品種における根の遺伝子発現を解析した結果、3 倍以上の発現を示した遺伝子は抵抗性品種で 30 遺伝子、感受性品種で 21 遺伝子であった。また、感受性品種で発現する遺伝子のほとんどは抵抗性品種に含まれ、かつ、強く発現していた。

(3) モデル実験植物シロイヌナズナの地上部および地下部組織における遺伝子発現を網羅的に比較解析するため、各種ストレス処理を行った EST および完全長ライブラリーから cDNA クロームを得、cDNA マイクロアレイを作製した。まず、ハクサイ (京都 3 号) にスト

レス処理した EST ライブラリーから、独立した約 1800 の EST クローム、次いで、根こぶ病抵抗性のハクサイ (野茶研より分譲) にストレス処理して完全長 cDNA ライブラリーを構築し、約 2700 の独立したハクサイ完全長 cDNA クロームを獲得した。さらに、野菜茶業研究所で育成した根こぶ病抵抗性ハクサイ系統の播種後 25 日目の植物体にストレス処理し、根から抽出した RNA を用いて cDNA ライブラリーを作製して、独立した約 5300 クロームを取得した。以上から、独立した約 10000 の遺伝子を搭載した 10K ハクサイマイクロアレイを構築した。本アレイは根由来の遺伝子が半分を占めているのが特徴である。

(4) 8K および 10K ハクサイマイクロアレイマイクロアレイ解析を実施し、地上部および地下部において発現 (抑制) する遺伝子群を得、防御応答に関わる遺伝子群を解析した。また、マイクロアレイを用いてシロイヌナズナの地上部および地下部の SA および ET 応答性遺伝子を解析した結果、地上部において SA 経路のマーカー遺伝子として有名な *PR-1* 遺伝子、ET/JA 経路のマーカー遺伝子として有名な *PDF1.2* 遺伝子は SA またはエテフォン処理した植物の地下部での誘導が認められなかった。一方、*SIBA* 遺伝子は葉と根の両方で SA により発現誘導されることが明らかとなった。また、地下部特異的に SA または ET に応答する遺伝子群が明らかとなった。

(5) ハクサイにおける有用遺伝子の機能解析を目的として抵抗性誘導剤や菌の細胞壁成分をハクサイに処理し、8K または 10K ハクサイマイクロアレイ解析を実施して地上部および地下部において発現 (抑制) する遺伝子群を得、防御応答に関わる遺伝子群を解析した。その結果、抵抗性誘導剤処理についてはマイクロアレイに搭載した遺伝子の約 10% の発現プロファイルが変動した。特に、植物ホルモン誘導性遺伝子、ストレス誘導性遺伝子、糖代謝遺伝子が活性化された。一方で光合成関連遺伝子および蛋白質合成、代謝関連遺伝子は発現抑制された。菌の細胞壁成分については防御応答遺伝子の活性化が認められた。

(6) 根こぶ病を接種したハクサイの遺伝子発現解析により、シロイヌナズナの *PR-1* と相同性が高い *BrPR-1* を発見し、本遺伝子を根こぶ病に応答するマーカー遺伝子の候補として抽出できた。ハクサイの根こぶ病抵抗性系統への根こぶ病菌の接種により *BrPR-1* の発現誘導が認められたことから、根こぶ病に対する防御応答に SA 経路が関与する可能性が示唆された。これまで、絶対寄生菌の攻撃に対して植物は SA 経路を活性化して防御応

答し病原体の感染を防ぐと考えられている。根こぶ病は絶対寄生菌であることと、本知見により、根こぶ病の防除には宿主植物の SA 経路の活性化が重要であることが示唆された。また、ハクサイマイクロアレイ解析より、根こぶ病抵抗性系統の根および葉において発現誘導される遺伝子を同定した。これらは根こぶ病に対する抵抗性の誘導に何らかの関与をしている可能性がある。現在、これら遺伝子をシロイヌナズナに形質転換し、形状、形態およびストレス応答性の違いを詳細に解析している。特に、形質転換体の土壤伝染性病原菌に対する表現型を詳細に解析し、土壤伝染性病原菌の攻撃に対する植物の防御応答機構を明らかにする予定である。

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 10 件)

- ① Abe H., Narusaka Y., Sasaki I., Hatakeyama K., Shin-I S., Narusaka M., Fukami-Kobayashi K., Matsumoto S., Kobayashi M. Development of full-length cDNAs from Chinese cabbage (*Brassica rapa* subsp. *pekinensis*) and identification of marker genes for defence response. *DNA Research*, 18, 277-289 (2011) (査読有り), DOI: 10.1093/dnares/dsr018
- ② Narusaka M., Shiraishi T., Iwabuchi M., Narusaka Y. *ropD* gene expression as an indicator of bacterial pathogens in host plants. *Journal of General Plant Pathology*, 77:75-80 (2011) (査読有り), DOI: 10.1007/s10327-011-0298-x
- ③ Narusaka M., Shiraishi T., Iwabuchi M., Narusaka Y. The floral inoculating protocol: a simplified *Arabidopsis thaliana* transformation method modified from floral dipping. *Plant Biotechnology* 27, 349-351 (2010) (査読有り)
- ④ Narusaka M., Shiraishi T., Iwabuchi M., Narusaka Y. Monitoring fungal viability and development in plants infected with *Colletotrichum higginsianum* by quantitative reverse transcription-polymerase chain reaction. *Journal of General Plant Pathology*, 76:1-6 (2010) (査読有り), DOI: 10.1007/s10327-009-0211-z
- ⑤ 鳴坂義弘、鳴坂真理. プラントアクティベーターを利用したハクサイ炭疽病および黒斑病の防除の可能性. 植物防疫 3 月号, vol. 64, 156-161 (2010) (査読無し)
- ⑥ Nishimura N., Okamoto M., Narusaka M., Yasuda M., Nakashita H., Shinozaki K.,

Narusaka Y., Hirayama T. *ABA hypersensitive germination2-1* causes the activation of both abscisic acid and salicylic acid responses in *Arabidopsis*. *Plant and Cell Physiology* 50: 2112-2122 (2009) (査読有り), DOI: 10.1093/pcp/pcp146

⑦ Narusaka M., Kubo Y., Shiraishi T., Iwabuchi M., Narusaka Y. A dual resistance gene system prevents infection by three distinct pathogens. *Plant Signaling & Behavior* Oct;4(10), 954-955 (2009) (査読有り),

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/article/PMC2801359/?tool=pubmed>

⑧ Birker D., Heidrich K., Takahara H., Narusaka M., Deslandes L., Narusaka Y., Reymond M., Parker JE., O'Connell R. A locus conferring resistance to *Colletotrichum higginsianum* is shared by four geographically distinct *Arabidopsis* accessions. *The Plant Journal* 60, 602-613 (2009) (査読有り),

DOI: 10.1111/j.1365-313X.2009.03984.x

⑨ Narusaka M., Shirasu K., Noutoshi Y., Kubo Y., Shiraishi T., Iwabuchi M., Narusaka Y. *RRS1* and *RPS4* provide a dual *Resistance*-gene system against fungal and bacterial pathogens. *The Plant Journal* 60, 218-226 (2009) (査読有り),

DOI: 10.1111/j.1365-313X.2009.03949.x

⑩ Abe H., Shimoda T., Ohnishi J., Kugimiya S., Narusaka M., Seo S., Narusaka Y., Tsuda S., Kobayashi M. Jasmonate-dependent plant defense restricts thrips performance and preference. *BMC Plant Biology* 9: 97, 1-12 (2009) (査読有り),

DOI: 10.1186/1471-2229-9-97

[学会発表] (計 21 件)

① 新屋友規, 元山記子, 早船真広, 神谷光太, 谷本匠, 鳴坂真理, 鳴坂義弘, 賀来華江, 渋谷直人. シロイヌナズナのキチン認識における LysM 型受容体の役割. 第 53 回日本植物生理学会年会, 2012 年 3 月 16-18 日, 京都

② 山崎識知, 鳴坂真理, 岩淵雅樹, 鳴坂義弘. Floral inoculation 法によるシロイヌナズナ簡易形質転換法の開発. 第 53 回日本植物生理学会年会, 2012 年 3 月 16-18 日, 京都

③ 鳴坂真理, 白須賢, 久保康之, 白石友紀, 畠山勝徳, 平井正良, 河本晃一, 江面浩, 高野義孝, 岩淵雅樹, 鳴坂義弘. デュアル抵抗性蛋白質システムによる病原体認識機構の解明: *RPS4* と *RRS1* 遺伝子の作物への導入. 第 53 回日本植物生理学会年会, 2012 年 3 月 16-18 日, 京都

- ④ 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 白須賢, 高野義孝, 白石友紀, 岩淵雅樹. デュアル抵抗性蛋白質システムによる病原体認識機構の解明: RPS4 と RRS1 蛋白質の構造と機能の解明 第 53 回日本植物生理学会年会, 2012 年 3 月 16-18 日, 京都
- ⑤ Yamasaki, S., Narusaka, M., Shiraiishi, T., Iwabuchi, M., Narusaka, Y. The floral inoculating protocol: a simplified *Arabidopsis thaliana* transformation method modified from floral dipping. 第 34 回日本分子生物学会年会, 2011 年 12 月 13-16 日, 横浜
- ⑥ Narusaka, M., Shirasu, K., Kubo, Y., Shiraiishi, T., Hatakeyama, K., Hirai, T., Kawamoto, K., Ezura, H., Mukaiharu, T., Iwabuchi, M., Narusaka, Y. A dual *Resistance*-gene system confers resistance against fungal and bacterial pathogens in transgenic *Brassica rapa*. 第 34 回日本分子生物学会年会, 2011 年 12 月 13-16 日, 横浜
- ⑦ Narusaka, Y., Narusaka, M., Shirasu, K., Kubo, Y., Shiraiishi, T., Iwabuchi, M. *RRS1* and *RPS4* provide a dual *Resistance*-gene system against fungal and bacterial pathogens. 第 34 回日本分子生物学会年会, 2011 年 12 月 13-16 日, 横浜
- ⑧ 安部洋, 佐々木一誠, 畠山勝徳, 鳴坂真理, 田村卓郎, 深海-小林薫, 鳴坂義弘, 小林正智. シロイヌナズナゲノム情報を用いたハクサイ cDNA リソース整備とデータベース開発. 日本育種学会平成 23 年度秋季大会, 2011 年 9 月 23 日, 福井
- ⑨ 鳴坂真理, 白須賢, 久保康之, 白石友紀, 畠山勝徳, 平井正良, Seung Won Kang, 河本晃一, 江面浩, 岩淵雅樹, 鳴坂義弘. デュアル *R*-遺伝子による病原体認識機構: *RPS4* と *RRS1* 遺伝子の作物への導入. 第 52 回日本植物生理学会年会, 2011 年 3 月 20-22 日, 仙台
- ⑩ 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 白石友紀, 岩淵雅樹. シロイヌナズナ簡易形質転換法の開発. 第 52 回日本植物生理学会年会, 2011 年 3 月 20-22 日, 仙台
- ⑪ 鳴坂真理, 鳴坂義弘. デュアル *R* 遺伝子システムの発見と分子育種への応用技術開発 シンポジウム「植物機能の包括的理解を目指して」 2011 年 2 月 28 日, 倉敷
- ⑫ Abe H., Sasaki I., Narusaka M., Hatakeyama K., Tamura T., Fukami-Kobayashi K., Narusaka Y., Kobayashi M. Development of Full-length cDNAs from *Brassica rapa* and expression analyses of *Brassica* immune responses. 21st International Conference on Arabidopsis Research, 2010 年 6 月 8 日, Yokohama
- ⑬ 安部洋, 佐々木一誠, 畠山勝徳, 鳴坂真理, 田村卓郎, 深海-小林薫, 鳴坂義弘, 小林正智. シロイヌナズナゲノム情報を用いたハクサイ cDNA リソース整備とデータベース開発. 日本育種学会平成 22 年度秋季大会, 2010 年 9 月 24 日, 秋田
- ⑭ 鳴坂真理, 白須賢, 久保康之, 豊田和広, 白石友紀, 岩淵雅樹, 鳴坂義弘. デュアル *R*-遺伝子システムによる病原菌認識機構の解明. 平成 22 年度日本植物病理学会大会, 2010 年 4 月 18-20 日, 京都
- ⑮ 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 白石友紀, 岩淵雅樹. 定量 RT-PCR 法による病原菌の簡易定量および生物活性評価法の開発. 平成 22 年度日本植物病理学会大会, 2010 年 4 月 18-20 日, 京都
- ⑯ 安部洋, 佐々木一誠, 畠山勝徳, 鳴坂真理, 深海-小林薫, 鳴坂義弘, 小林正智. シロイヌナズナゲノム情報を用いたハクサイ cDNA リソース整備とデータベース開発. 第 229 回日本作物学会講演会, 2010. 3. 30-31
- ⑰ 安部洋, 下田武志, 立石剣, 大西純, 釘宮聡一, 鳴坂真理, 瀬尾茂美, 鳴坂義弘, 津田新哉, 小林正智. 難防除微小害虫の食害に対するシロイヌナズナの防御応答. 第 51 回日本植物生理学会年会, 2010 年 3 月 18-21 日, 熊本
- ⑱ Hirayama T., Ushiyama S., Narusaka M., Nakashita H., Narusaka Y., Hayashi S. Analysis of suppressor mutants of a PARN deficient mutant, ABA hypersensitive germination2-1. 第 51 回日本植物生理学会年会, 2010 年 3 月 18-21 日, 熊本
- ⑲ 鳴坂真理, 白須賢, 久保康之, 白石友紀, 岩淵雅樹, 鳴坂義弘. 新説デュアル *R*-遺伝子システムによる病原体認識機構: *RPS4* と *RRS1* による異なる 3 種の病原体の認識. 第 51 回日本植物生理学会年会, 2010 年 3 月 18-21 日, 熊本
- ⑳ 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 白須賢, 能年義輝, 白石友紀, 久保康之, 岩淵雅樹. 新説デュアル *R*-遺伝子システムによる病原体認識機構: 2つの R 蛋白質による 3 種の病原体の攻撃の認識. 第 51 回日本植物生理学会年会, 2010 年 3 月 18-21 日, 熊本
- ㉑ 鳴坂真理, 白須賢, 能年義輝, 久保康之, 白石友紀, 岩淵雅樹, 鳴坂義弘. 新説デュアル *R*-遺伝子システムによる病原体認識機構: *RPS4* と *RRS1* による異なる 3 種の病原体の認識. 第 26 回岡山植物病理セミナー、2009 年 12 月 19 日, 倉敷

〔図書〕 (計 1 件)

- ① Narusaka Y., Narusaka M., Yamasaki S., Iwabuchi M. Methods to Transfer Foreign

Genes to Plants, *In Transgenic Plants - Advances and Limitations*, Yelda Ozden Çiftçi (Ed.), ISBN: 978-953-51-0181-9, InTech, pp.173-188, 総ページ数 478 ページ (2012)

[産業財産権]

○出願状況 (計 1 件)

①

名称：複数の病害に対して抵抗性を示す植物及びその作出法

発明者：鳴坂義弘、鳴坂真理、白須賢

権利者：岡山県、理化学研究所

種類：特許

番号：PCT/JP2009/063474

出願年月日：平成 21 年 7 月 29 日

国内外の別：国内および国外

[その他]

ホームページ

<http://www.kibi.ne.jp/~narusaka/index.html>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

鳴坂 真理 (NARUSAKA MARI)

岡山県農林水産総合センター 生物科学

研究所・研究員

研究者番号：80376847