

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 9 月 18 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：2010～2014

課題番号：22119007

研究課題名（和文）深水条件下における節間伸長の分子機構

研究課題名（英文）Study of internode elongation in deepwater

研究代表者

芦莉 基行 (Ashikari, Motoyuki)

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：80324383

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 65,800,000 円

研究成果の概要（和文）：本研究では浮きイネの深水依存的な節間伸長の分子メカニズムの解明を進めた。遺伝学的な解析を行い、2つの遺伝子(SK3及びSK4)を同定することに成功した。SK3は機能未知の遺伝子であり、深水依存的に節の細胞分裂を行う組織で発現することが明らかになった。SK4はジベレリン(GA)の合成酵素遺伝子であり、浮きイネのSK4は一般的なイネに比べ高いGA合成活性を保持すること、また深水依存的にSK4の発現が誘導されることが判明した。浮きイネでは、深水に伴い節間伸長部位でSK3が細胞分裂を活性化し、SK4がGAを生産し細胞伸長を行うことで節間伸長を行うことが推測された。

研究成果の概要（英文）：Deepwater rice elongates its internodes in response to increasing water level to keep its leaves above the water surface and avoid anoxia. We investigated the molecular mechanism of internode elongation in deepwater rice. By genetic and physiological studies, we identified two genes (SK3 and SK4) which regulate internode elongation in deepwater rice. SK3 encodes unknown protein and it is highly expressed in the internode. SK4 encodes a gibberellic acid (GA) biosynthetic enzyme and it is also expressed in the internode. The GA biosynthetic activity of SK4 protein in deepwater rice was significantly higher than that of non-deepwater rice. The SK4 expression in the internode drives GA accumulation. We hypothesize that SK3 in the internode enhances cell division and SK4 driven GA accumulation, induces cell elongation. The respective function of SK3 and SK4 in the cell division and cell elongation may explain internode elongation in deepwater rice.

研究分野：植物育種

キーワード：浮きイネ 環境適応

1. 研究開始当初の背景

水は生物にとって生きていく上で不可欠な要素であり、特に移動することのできない植物にとって河川や湖畔などの水辺に生息することは水分の確保という意味では大変有利である。一方、このような地域に進出した植物は雨季の豪雨や長雨による洪水により深水になると溺死してしまうリスクを常に負わなければならない。一般的に、洪水には2つのタイプが存在する。1つは東南アジアのモンスーン地帯や南米の雨季に発生する長期間にもわたる大規模な洪水で、数mの深水になる(deepwater flood)。一方、冠水洪水(flash flood)と呼ばれる洪水は一時的な豪雨による2~4週間程度の短期間の洪水であり、水深も深水洪水前者に比べて数十cmと浅い。イネの中にはこのような異なる2つの洪水にそれぞれ適応したものが存在し、異なる2つの生存戦略を獲得したことが明らかとなっている(図1、永井 et al. 2011)。

これまで、イネの水ストレス耐性に関する研究では、イネの幼苗期に発生するFlash floodと呼ばれる1~2週間の短期間への深水耐性に関する研究が行われてきたが、イネの生育期間全般にわたるDeepwater flood長期間の洪水に対する水ストレス耐性のメカニズムについては、そのメカニズムがほとんど明らかにされていない。実際、東南アジア、西アフリカ、南米アマゾン川流域では雨季に河川が氾濫し毎年定期的に大規模かつ長期間に渡る大洪水が発生する。また近年では現在、地球環境の変化に伴い、砂漠化と多雨による洪水の両極端化が起こっており、2009年7月にはアマゾン川では過去200年で最高水位を記録するなど世界各地で洪水の問題は深刻化している。この洪水という過酷な環境に適応した浮きイネと呼ばれるイネがある。通常のイネ(1m程度)は深水になると呼吸が出来ず溺死する。一方、浮イネは浅水の条件では通常のイネと変わらず1m程度の草丈であるが、洪水などの急激な水位の上昇に対して1日20~25cmの急激な節間伸長を行い、葉の先端を水面に出すことで呼吸を確保し10m以上の深水でも生存できるよう進化した(図2)。

この浮イネが持つ深水に対する適応性(以降、この性質を浮イネ性と表記する。)の遺伝子を単離しその分子メカニズムを解明することは、一般的なイネが浅水でしか生存出来ないのに対し、どのようにして洪水に適応したかという、植物の環境適応性についての生物学的知見を与えてくれると期待される。また、東南アジアのデルタ地帯では、洪水に対応したイネ品種育成が進んでおらず、毎年多大な被害が出ている。多収性や耐病性等と浮きイネ性を保持したイネ品種の早急な作成が望まれており、本研究では、東南アジアにおける洪水多発地帯で栽培されているイネ品種の育成にも寄与できると期待される。これまでの浮きイネの深水条件下での節間伸長の研究は形態的・植物生理学的研究に終始し

ており(Kende et al. 1998, Plant Physiol.)、浮イネ性の分子遺伝学的研究はほとんど行われていない。その一因として浮イネ性が複数の遺伝子座に支配される量的形質であり、これまで量的形質に関する遺伝解析が困難であったことが挙げられる。2004年にイネゲノム配列が公開され、染色体任意の領域に分子マーカーが設計できるようになり、量的形質座解析(QTL解析)が現実的なものとなった。QTL解析は突然変異体による遺伝解析と異なり、興味ある形質を制御する効果の小さい遺伝子座でも複数同時に検出出来る点や、機能が重複した遺伝子でも捕捉できる点で有効な解析手法である。これまで、申請者は浮きイネの深水における節間伸長性のQTL解析を行い、第1、3及び12染色体に座乗する3つのQTLを検出した(Hattori et al. 2007 Breeding Science)。また、各QTLに関して準同質遺伝子系統(NIL: Nearly Isogenic Line)を作成し、それぞれのQTLの効果を明らかにした(Hattori et al. 2008 Breeding Science)。2009年度には第12染色体に座乗するQTLを同定し、植物ホルモンの1つであるエチレンの情報伝達遺伝子であることを明らかにした(Hattori et al. 2009)。

2. 研究の目的

地球上には多様な環境があり、中には、乾燥、冷害、塩害地域など生物の生物にとって過酷な環境も沢山存在する。しかし、生物はこれらの過酷な環境を克服する多様な機能を獲得し、厳しい環境にも適応している。昆虫や動物と異なり、移動することのできない植物は過酷な環境を受け止め、その環境に耐えうる様々な機能を獲得してきた。例えば、砂漠などの極度の乾燥地に適応したサボテンは、蒸散を極力避け、水分を保持する形態に進化し、海水と淡水が混じり合う汽水域に適応したマングローブは塩害を回避する機能を獲得した。このように、植物は地球上の様々な過酷環境に適応し、生物多様性(Biodiversity)を構築してきましたが、これはNatural variation(自然変異)の選択と淘汰の結果である。これまでに、生物の不良環境耐性の分子メカニズムは殆ど明らかにされていない。

本研究では、不良環境の中でも、水ストレスについて焦点を絞り、イネの多様性を用いて、水ストレス耐性についての分子メカニズムを明らかにすることを目的とする。具体的には浮きイネを含むイネ品種間の多様性や栽培種と近縁野生種との多様性を利用することにより、これまで変異体では検出・同定が困難であった水ストレス回避耐性を制御する遺伝子群を単離し、分子生物学的・生化学的手法を用いてその分子メカニズムを解明すると共に、それぞれの遺伝子の相互作用を明らかにすることで、植物の耐水性メカニズムを明らかにすることを目的とする。そのために、まずQTL解析により得られた本課題では、浮きイネ性を制御する新たなローカスを見いだすこと、また第1、および第3染色体

に座乗する QTL を同定し機能解析を行う。こと、また、この 3 つの QTL では浮きイネ性をすべて説明することはできないため（寄与率 70%）、制御に関わる新たな遺伝子座の同定に取り組む。これらの課題を達成したうえで、最終的にこれまでに同定された 3 つの QTL と本課題で同定する新たな QTL のネットワークを解析し、浮きイネの洪水耐性メカニズムを分子レベルで明らかにすることを目的としている。

3. 研究の方法

遺伝学的解析を行い、深水依存的な節間伸長を制御する染色体領域を検出し、その後、ポジショナルクローニング法を用いて遺伝子を同定する。同定した遺伝子については、分子生物学的・生化学的手法を用いて遺伝子の機能を明らかにする。以下具体的な研究手法を示す。

第 1 染色体、3 染色体に座乗する浮きイネ QTL の同定と機能解析

これまでの研究で、浮きイネの深水依存的な節間伸長制御 QTL がイネ第 1 染色体および第 3 染色体に座乗することが明らかになっており、これらの QTL の同定を目指す。浮きイネ性 QTL の同定には、準同質遺伝子系統 (NIL: Nearly Isogenic Line) を作出し、それぞれの QTL のみが分離する雑種集団の存在が不可欠である。申請者はこれまでに、第 1 染色体および第 3 染色体に座乗する浮きイネ QTL について NIL および QTL のみが分離する雑種集団を既に作出済みである。そこで、第 1 染色体 QTL および第 3 染色体 QTL がそれぞれ分離する雑種集団、約 5,000 個体を展開し、幼苗期に遺伝子型を判別後、深水処理を行い表現型調査を行う。遺伝子型と表現型から連鎖解析を行い、第 1 染色体および第 3 染色体 QTL の詳細な染色体座乗位置を決定する。浮きイネの BAC ライブラリーから座乗領域を含むクローンを選抜後、塩基配列を決定するとともに遺伝子予測を行う。また非浮きイネ系統である日本型品種 T65 の塩基配列と比較して QTL の推定を行う。続いて、BAC クローンから推定した QTL 領域を、アグロバクテリウムを用いて非浮きイネの T65 に導入し、浮きイネ性が獲得出来たか表現型を調査する。また QTL の過剰発現体を作成し、表現型を調査する。さらに、アンチセンス法や RNAi 法を用いて遺伝子破壊システムを作成して第 1 染色体および第 3 染色体に座乗する浮きイネ性 QTL の同定を行う。また各 QTL のプロモーター-GUS を作出して遺伝子の発現場所や時期、ホルモン誘導性等を調査する。同定した QTL に関して遺伝子予測を行い、遺伝子予測に即して機能解析を行う。例えば、酵素や転写因子と予測された場合、酵素活性や転写活性の調査、その酵素の基質や転写因子のターゲット探索、細胞内局在性など分子生物学的手法を用いて機能解析を進める。また新規な遺伝子で合った場合や遺伝子予測が出来なかった場合は、マイクロアレイ、yeast-two-hybrid 法、ChIP-seq 解析など分子生物学的手法、生化学的手法を用いて遺伝子の機能を明らかにする。

新規 QTL の検出

これまでに、検出した 3 つの浮きイネ性 QTL を非浮きイネ T65 に交配で導入した QTL ピラミディング系統 (NIL1-3-12) を用いて作出し、浮きイネ性の能力検定を行った結果、3 つの浮きイネ性 QTL は浮きイネ性の 70% を説明することが明らかになった。この結果は 3 つの QTL 以外にも浮きイネ性の約 30% を説明する未同定の QTL が存在することを示唆している。これまでに、浮きイネ性を制御する新たな QTL を検出・同定するために、浮きイネ性 QTL ピラミディング系統 (NIL1-3-12) と浮きイネを交雑した F2 集団を作成している。この集団ではこれまでに検出した 3 つの浮きイネ性 QTL 領域は分離せず、それ以外の染色体のみが分離する系統となっており、これまでに検出した浮きイネ性 QTL の効果を排除した状態で新たな QTL を検出することができる。この集団 400 個体について全遺伝子型を決定後、深水依存的な節間伸長性を観察し QTL 解析を行い、これまでに検出できなかった、新規浮きイネ性 QTL を検出する。

浮きイネ性 QTL のネットワーク解析

浮きイネ性を制御する QTL に関して、それぞれ転写レベルでの相互作用、タンパク質相互作用について分子生物学的手法を用いて解析する。また、申請者はこれまでに検出した 3 つの QTL に関して、それぞれの NIL を作出している。またそれぞれの NIL を交雑して 3 つの QTL の内、2 つ QTL を導入した QTL ピラミディング系統、3 つの QTL を導入したピラミディング系統を作成済みである。これらの系統群を利用して、それぞれの QTL 存在下での遺伝子の発現レベルの調査、酵素活性、転写活性を調査し、浮きイネ性 QTL のネットワークを明らかにする。

浮きイネの洪水耐性の分子モデルの構築

これまでに明らかになった浮きイネ性 QTL の機能とネットワーク解析から、深水依存的な節間伸長メカニズムについて分子レベルでモデルを構築する。またそれぞれの QTL に関しては、イネ野生種における保持の有無について調査し、いつ、どの野生種が機能を獲得したかなど、進化的側面からもモデルを構築する。

4. 研究成果

イネ第 1 染色体に座乗する浮きイネ性 QTL 同定と機能解析

第 1 染色体に座乗する QTL を同定するために、高精度連鎖解析を行い、QTL 座乗領域を約 30 kb に特定した。またこの領域を包含する浮きイネの BAC クローンを選抜し、塩基配列の決定を行った。この領域にはジベレリン合成酵素遺伝子 GA20ox2 が座乗していた。発現解析の結果、深水依存的に GA20ox2 の発現が著しく上昇することが明らかになった。そこで、浮きイネの GA20ox2 酸化酵素遺伝子を浮きイネ準同質遺伝子系統 (NIL12) に導入したところ、深水依存的に節間伸長したことから、GA20ox2 が第 1 染色

体に座乗する浮きイネ性 QTL であると結論づけ、SK4 と命名した。また浮きイネの GA20ox2 は非浮きイネの GA20ox2 に比べ、GA53 から GA20 への触媒活性が約 25 倍高く、GA12 から GA9 への触媒活性が約 500 倍高いことが明らかになった。以上の結果より、浮きイネでは、深水依存的に活性の高いジベレリン合成酵素遺伝子 GA20ox2 酸化酵素遺伝子が節間特異的に発現することで GA が生産され、節間伸長を誘導していることが示唆された。

また、植物生理学的解析、分子生物学的解析を行い、浮きイネでは、深水依存的にエチレンが蓄積し、エチレン情報伝達因子である、OsEIL1a に GA20ox2 のプロモーターに結合し、GA20ox2 の発現を誘導することが明らかになった。

イネ第 3 染色体に座乗する浮きイネ性 QTL の同定と機能解析

浮きイネの実生を用いた GA 処理実験によって、GA に応答して浮きイネの節間特異的な伸長を制御する遺伝子の存在が示された。一般的なイネ品種 T65 と浮きイネ品種 Bhadua の RILs を用いた QTL 解析により、GA に応答した節間伸長を制御する主要な QTL を第 3、9 番染色体上に検出した。さらに、two-QTL スキャンによる QTL 間の相互作用解析の結果、第 3 染色体上の QTL は GA に応答した節間伸長の制御に中心的な役割を果たしていることが示唆された。

続いて、NIL12、NIL3-12 を用いて GA 処理を行い、外来性 GA 存在下における第 3 番染色体上 QTL の効果を調査した。その結果、NIL3-12 は NIL12 と比較して約 1 週間の早い期節間伸長を誘導した。そこで、NIL3-12 と NIL12 を交配し、自殖して作成した集団のうち第 12 番染色体上 QTL をホモに持ち、第 3 番染色体上 QTL の候補領域内の様々な箇所を組換えを起こした個体を使用して、GA 処理による早期の節間伸長の有無を指標にポジショナルクローニングを行った結果、機能未知の遺伝子 Snorkel3 (SK3) を単離した。SK3 の塩基配列比較を行った結果、浮きイネ C9285 型 SK3 (SK3 (C9)) と一般的なイネ T65 型 SK3 (SK3 (T65)) との間には CDS 内に 1 bp の挿入 / 欠失があり、異なるタンパク質が翻訳されることが予想された。NIL12 と NIL3-12 を GA 処理して TIL を比較した結果、NIL3-12 はより早期に節間伸長を誘導したことから、C9285 型の SK3 が GA に応答し、続いて節間伸長に寄与していることが明らかになった。SK3 のアミノ酸配列を NCBI の BLAST で検索し、他の植物種における SK3 様タンパク質の分子系統樹を作成した結果、SK3 は他の植物種にも広く保存されていることが予想された。また、SK3 は深水に応答した節間伸長を制御する QTL 解析によって検出された第 3 染色体上 QTL 領域に含まれていたため、GA 処理によるマッピングに使用した個体を深水処理してポジショナルクローニングを行い、SK3 が深水に応答した節間伸長を制御する第 3 染色体上 QTL の原因遺伝子かどうか検証した。その結果、GA 処理と同様に SK3 を原因遺伝

子として単離した。このことは、SK3 が深水に応答した節間伸長を制御する第 3 染色体上 QTL の原因遺伝子である可能性を示唆した。

続いて、SK3 について様々な機能解析を行った。定量的 PCR による発現解析により、深水処理によって SK3 (C9) の発現が顕著に上昇することが明らかになった。この結果は pSK3 :: GUS 形質転換体を用いた発現調査においても支持された。SK3-ox、SK3-RNAi 形質転換体の表現型の調査によって、SK3 (C9) の発現上昇は早期節間伸長に必要であるがそれだけでは十分でなく、GA の存在下で SK3 が機能することで早期節間伸長が誘導されることが示唆された。また、ミナトカモジグサにおける SK3-ox 形質転換体は、GA を未処理の個体においてももしなくても顕著な節間伸長が観察された。また SK3-RNAi 形質転換体は TIL の低下が観察された。このことは、SK3 様の遺伝子が他のイネ科植物においても広く保存されており、さらに GA に応答した節間伸長に關与していることが示唆された。

深水依存的な節間伸長を制御する新規 QTL の検出

これまでの研究で浮きイネの深水依存的な節間伸長を司る QTL をイネ第 1、3、12 染色体の 3 カ所見だし、交配と分子間力マーカー選抜を用いて非浮きイネ品種 T65 にこれら 3 つの QTL 領域を導入した QTL 集積系統 NIL1-3-12 を作出した。この NIL1-3-12 は深水依存的に節間伸長を行うが、その効果は約 70%程度で、浮きイネ系統 C9285 の節間伸長性には及ばないことから、この 3 つの QTL では全ての浮きイネ性を説明できないことが明らかとなった。そこで NIL1-3-12 ではと浮きイネ深水反応性の違いを解析し、NIL1-3-12 では浮きイネ (C9285) に比べ特に初期生育中の深水反応性が劣ることが判明した。そこで、NIL1-3-12 と浮きイネ (C9285) を交雑し F2 集団を作出後、深水時の初期生育に關する QTL 解析を行い、新たに第 2、第 4 染色体に 2 つの QTL を検出した。この 2 つの QTL を第 1、3、12 染色体 QTL と同時に保持した個体は、深水状態でより節間伸長を誘導することが明らかになった (Nagai et al. . Breeding Science 2012)。

浮きイネの洪水耐性のネットワーク解析

これまでに同定された第 12 染色体 QTL (SK1、SK2 遺伝子) の分子メカニズムの解明を進めた。SK1、SK2 遺伝子のプロモーターに GUS を連結したコンストラクトを導入した植物を用いて SK1、SK2 遺伝子の発現を解析したところ、SK1 及び SK2 は節および葉鞘の基部で発現していることが明らかになった。また浮きイネを GA 阻害であるユニコナゾール存在下で深水処理しても節間伸長が起らなかった。そこで、浮きイネの深水依存的な節間伸長に GA が關与しているか遺伝学的手法を用いてさらに検証を行った。日本型イネの染色体背景に浮きイネの節間伸長を制御する 3 つのメジャー QTL を集積したピラミディング系統 (NIL1-3-12) を用いて、生理学的お

よび遺伝学的調査を行った。まず、NIL1-3-12を深水処理したところ、優位に節間伸長を誘導しましたが、深水条件でGA合成阻害剤を添加した場合、節間伸長の誘導は見られなかった。また、さらに浅水条件下でGAを処理すると節間伸長が見られた。これらの結果は浮きイネの節間伸長にGAが必要であることを示唆した。続いて、NIL1-3-12とGA合成変異体及びGA情報伝達変異体を交雑した後代より、浮きイネの節間伸長に必要な3つのメジャーQTLとGA合成および情報伝達の変異遺伝子を集積した系統群を作り出し深水条件での反応を観察した。NIL1-3-12では劇的な節間伸長が見られた観察されましたが、この遺伝的背景にGA合成もしくは情報伝達の変異子に変異を保持すると全く伸長が誘導されなかった。以上の結果から、浮きイネの深水依存的な節間伸長にはGAが不可欠であること結論した。

本研究では浮きイネの深水依存的な節間伸長の分子メカニズムの解明を進めた。遺伝学的な解析を行い、2つの遺伝子(SK3及びSK4)を同定することに成功した。SK3は機能未知の遺伝子であり、深水依存的に節の細胞分裂を行う組織で発現することが明らかになった。SK4はジベレリン(GA)の合成酵素遺伝子であり、浮きイネのSK4は一般的なイネに比べ高いGA合成活性を保持すること、また深水依存的にSK4の発現が誘導されることが判明した。浮きイネでは、深水に伴い節間伸長部位でSK3が細胞分裂を活性化し、SK4がGAを生産し細胞伸長を行うことで節間伸長を行うことが推測された。

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 12件)

- Hattori, Y., Nagai, K. and Ashikari, M., Rice growth adapting to deepwater, *Curr. Opin. Plant Biol.*, 査読有, Vol. 14, 2010, 100-105
- Nagai, K., Hattori, Y. and Ashikari, M., Stunt or elongate? Two opposite strategies by which rice adapts to floods, *J Plant Res.*, 査読有, Vol. 123, 2010, 303-309
- Muto, Y., Segami, S., Hayashi, H., Sakurai, J., Murai-Hatano, M., Hattori, Y., Ashikari, M. and Maeshima, M., Vacuolar Proton Pumps and Aquaporins Involved in Rapid Internode Elongation of Deepwater Rice, *Biosc. Biotechnol. Biochem.*, 査読有, Vol. 75, 2011, 114-122
- Asano K, Yamasaki M, Takuno S, Miura K, Katagiri S, Ito T, Doi K, Wu J, Ebana K, Matsumoto T, Innan H, Kitano H, Ashikari, M., Matsuoka M, Artificial selection for a green revolution gene during japonica rice domestication., *PNAS*, 査読有, Vol. 108(27), 2011, 11034-1103
- Nagai, K., Hattori, Y. and Ashikari, M., イネの洪水における異なる2つの生存戦略 エチレン情報伝達を介した洪水耐性機構, *化学と生物*, 査読無, Vol. 49, 2011, 222-224

Nagai K., Kuroha T., Ayano M., Kurokawa Y., Shim R. A., Shim J. H., Yasui H, Yoshimura A. and Ashikari M., Two novel QTLs regulate internode elongation in deepwater rice during the early vegetative stage. *Breeding Science*, 査読有, Vol. 62, 2012, 178-185.

Furuta T., Uehara K., Shim R. A., Shim J. H., Ashikari M. and Takashi T. Development and evaluation of chromosome segment substitution lines (CSSLs) carrying chromosome segments derived from *Oryza rufipogon* in the genetic background of *Oryza sativa* L. *Breeding Science*, 査読有, Vol. 63(5), 2014, 468-475

Nagai K., Kondo Y., Kitaoka T., Noda T., Kuroha T., Shim R. A., Yasui H., Yoshimura A. and Ashikari M., QTL analysis of internode elongation in response to gibberellin in deepwater rice. *AOB plant*, 査読有, Vol. 6, 2014, 1-12.

Ayano M., Kani T., Kojima M, Sakakibara H., Kitaoka T., Kuroha T., Shim R. A., Kitano H., Nagai K. and Ashikari M., Gibberellin biosynthesis and signal transduction is essential for internode elongation in deepwater rice. *Plant, Cell and Environment*, 査読有, Vol. 37, 2014, 10: 2313-2324

Song X-J., Kuroha T., Ayano M., Furuta T., Nagai K., Komeda N., Segami S., Miura K., Ogawa D., Kamura T., Suzuki T., Higashiyama T., Yamasaki M., Mori H., Inukai Y., Wu J., Kitano H., Sakakibara H., Jacobsen SE and Ashikari M., Rare Allele of A Novel Histone H4 Acetyltransferase Enhances Grain Weight, Yield and Plant Biomass in rice, *PNAS*, 査読有, Vol. 112 (1) 76-81

Seki M., Feugier F. Song X-J., Ashikari M., Nakamura H., Ishiyama K., Yamaya T., Inari-Ikeda M., Kitano H. and Satake A. A Mathematical Model of Phloem Sucrose Transport as a New Tool for Designing Rice Panicle Structure for High Grain Yield. *Plant cell physiology*, 査読有, Vol. 56, 605-619(2015)

[学会発表](計 26件)

- 芦荻基行, How does deepwater rice from flood?, 新学術領域研究「植物突破力」国際シンポジウム, 2011年12月8日, 倉敷
- 黒羽剛、芦荻基行, Transcriptional regulation of Snorkel genes by ethylene signaling in deepwater rice., 新学術領域研究「植物突破力」国際シンポジウム, 2011年12月9日, 倉敷
- 黒川裕介、芦荻基行, Analysis of ethylene response in rice seedling., 新学術領域研究「植物突破力」国際シンポジウム, 2011年12月9日, 倉敷
- Ashikari, M., Ethylene regulates internode elongation in deepwater rice., *Ethylene 2012*, 2012年3月21日, Rotorua, New Zealand
- Nagai, K., Ashikari, M., SNORKEL genes that regulate deepwater response are directly targeted by EIL1 in deepwater rice., *Ethylene 2012*, 2012年3月21日, Rotorua, New Zealand
- 芦荻基行, ナチュラルバリエーションを利用して植

物の環境適応性を明らかにする試み, 日本植物学会第75回大会, 2011年9月17日, 東京

芦荻基行, 洪水を克服したイネの分子メカニズムの解明, 日本遺伝学会第83回大会, 2011年9月22日, 京都

芦荻基行, 深水条件下における節間伸長の分子機構, 日本植物生理学会第53回大会, 2012年3月16日, 京都

黒羽剛, 芦荻基行, 浮きイネの深水応答におけるエチレンとジベレリンの関係, 日本植物生理学会第54回大会, 2013年3月21~23日, 岡山

綾野まどか, 芦荻基行, 浮イネの節間伸長行政遺伝子SK1,SK2の組織特異的発現解析, 日本植物生理学会第54回大会, 2013年3月21~23日, 岡山

芦荻基行, Molecular Mechanism of Escape from Deepwater Stress in Rice, 2013 International Symposium on Agricultural Biotechnology, 2013年5月24日-25日, 台北、台湾

黒羽剛, Transcriptional regulation of gibberellin biosynthesis by ethylene signaling in the growth response of submerged deepwater rice, The 21st International Conference on Plant Growth Substances, 2013年6月18~22日, 上海・中国

芦荻基行, "Molecular cloning and functional analysis of SNORKEL3 in deepwater rice, The 11th International Conference on Plant Anaerobiosis, 2013年10月6日-11日, フィリピン・ロスバニョス

黒羽剛, Molecular mechanism of gibberellins biosynthesis in the internode elongation of submerged deepwater rice, The 11th International Conference on Plant Anaerobiosis, 2013年10月6日-11日, フィリピン・ロスバニョス

永井啓祐, Gibberellin-responsive gene regulates the lowest elongated internode in deepwater rice, The 11th International Conference on Plant Anaerobiosis, 2013年10月6日-11日, フィリピン・ロスバニョス

綾野まどか, Hormonal regulation mechanism about intercalary meristem activity, The 11th International Conference on Plant Anaerobiosis, 2013年10月6日-11日, フィリピン・ロスバニョス

黒川裕介, Analysis of ethylene response in rice seedlings, The 11th International Conference on Plant Anaerobiosis, 2013年10月6日-11日, フィリピン・ロスバニョス

芦荻基行, イネの深水ストレス回避機構の分子メカニズム, 日本植物生理学会第55回大会, 2014年3月18-20日, 富山

永井啓祐, イネにおけるジベレリン応答性に関するQTL解析, 日本育種学会第125回講演会, 2014年3月21-22日, 仙台

永井啓祐, 新規浮イネ制御遺伝子Snorkel3の機能解析, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2014, 2014年7月11-22日, 東京

⑳ 近藤悠真, 新規浮イネ制御因子Snorkel3による節間伸長の開始時期の制御, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2014, 2014年7月11-22日, 東京

㉑ 近藤悠真, 新規浮イネ制御因子Snorkel3による節間

伸長の開始時期の制御, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2014, 2014年7月11-22日, 東京

㉒ 黒羽剛, 浮イネにおけるエチレンを介したジベレリン合成制御機構, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2014, 2014年7月11-22日, 東京

㉓ 芦荻基行, 植物科学で食糧増産にチャレンジする, 日本植物生理学会第56回大会, 2015年3月16-18日, 東京

㉔ 永井啓祐, A novel gibberellin response gene triggers internode elongation in deepwater rice, 日本植物生理学会第56回大会, 2015年3月16-18日, 東京

㉕ 黒川裕介, イネ耐水性機構の解明, 日本育種学会, 2015年3月21-22日, 東京

〔図書〕(計1件)

Hattori, Y and Ashikari, M, 共立出版, 植物のシグナル伝達-分子と応答-, 2010, 126-132

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

名称:

発明者:

権利者:

種類:

番号:

出願年月日:

国内外の別:

取得状況(計0件)

名称:

発明者:

権利者:

種類:

番号:

出願年月日:

取得年月日:

国内外の別:

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究代表者

名古屋大学・生物機能開発利用研究センター・教授

芦荻基行 (ASHIKARI, Motoyuki)

研究者番号: 80321383

(2) 研究分担者

研究者番号:

(3) 連携研究者

()

研究者番号: