

戦略的創造研究推進事業 CREST  
研究領域「植物の機能と制御」

研究課題  
「植物特異的な転写因子機能ネットワーク」

研究終了報告書

研究期間 平成14年11月～平成20年3月

研究代表者：高木 優

(独立行政法人産業技術総合研究所

ゲノムファクトリー研究部門・研究グループ長)

## 1 研究実施の概要

植物は、光合成によって動物の生存に必須な酸素と食料を供給するばかりでなく、衣料、建材、種々の医薬品の原材料等、人類の生活を豊かにする様々な物質を供給してくれる。これらの植物の多様な機能は、ゲノムに存在する個々の遺伝子の発現の産物である。これら有用な物質をもたらす植物の機能をより効率的に利用するためには、個々の遺伝子の機能を知ることが必要である。特に、植物では転写レベルの制御が、遺伝子発現制御に中心的な役割を果たしており、これまでに幾つかの転写因子が形質変異に直接関与するマスター因子として作用することが示されている。また、転写因子は、植物種での保存性が高く、ゲノム情報が乏しい植物においても、その相同な遺伝子を単離しやすいという利点があり、シロイヌナズナあるいはイネなどのモデル植物における成果を反映しやすいという利点がある。これらのことから、個々の転写因子の機能解析、すなわち、転写因子が制御する形質と標的遺伝子群を解明することが、植物機能の作用機作の解明および植物機能の有効活用する上で有効な手段であり、ポストゲノムにおける最重要課題の一つと考えられている。

転写因子を含め、遺伝子の機能解析を行うためには、変異体の解析が最も端的な方法である。突然変異誘導物質や T-DNA の挿入等によって遺伝子を破壊し、その結果生じる欠損型の形質を解析すること(loss-of-function analysis)が、過剰発現等よりもより直接的に該当する遺伝子機能を反映できる。ところが、植物の遺伝子はゲノムの重複などによって生じた重複遺伝子が数多く存在し、特に転写因子遺伝子は、同じ DNA 結合ドメインを共有する因子が多いもので 100 個以上からなる大きなファミリーを形成し、遺伝破壊や相補的な RNA 導入等の従来の方法では、表現型が現れず、機能解析が容易ではないことが判ってきた。そこでこれら重複した機能を持つ転写因子群の機能解析を行うための新たな方法が求められていた。

我々の研究室では、エチレン応答性シスエレメントに結合する転写因子群の研究から、ERF3 と名付けた転写因子が、転写抑制機能を持つリプレッサーとして機能することを発見した。詳細に解析した結果、ERF3 のカルボシル基領域にある 6 アミノ酸からなるペプチドが、結合した転写因子をリプレッサーに機能変換する転写抑制ドメインとして作用することを見出した。これを ERF associated amphiphilic repression (EAR) モチーフと名付けた。その後、この EAR モチーフと同様な配列が SUPERMAN (SUP) 転写因子にも存在することを明らかにした。研究を進めた結果、このリプレッションドメインを植物由来の転写活性化因子に付与し植物体内で発現させると強力な転写抑制因子として機能することに判った。そこでこの転写抑制機能を利用し、SUP から単離し最適化した 12 アミノ酸からなるリプレッションドメイン(SRD)を任意の転写因子に融合し転写因子抑制因子に改変したキメラリプレッサーを植物体内で発現させた。その結果、キメラリプレッサーは、標的遺伝子の発現を内在性および機能重複した転写因子に優先して抑制し、結果として対象とする転写因子の欠損株と同様な表現型を高効率で誘導することが判った。この新規な遺伝子サイレンシングシステムを Chimeric repressor gene silencing technology (CREST 法) と名付けた。

CREST プロジェクトが始まった 2002 年では、単一遺伝子破壊株で表現系がみられる一部の転写因子を除き、ほとんどの転写因子の機能は不明であった。このキメラリプレッサーを利用した新規遺伝子サイレンシング法を用いることにより、従来の方法では困難であった重複遺伝子からなる転写因子の機能解明が可能になると考えられたため、まず双子葉植物のモデル実験植物であるシロイヌナズナにおいて、植物特異的な転写因子を中心にこれらの機能解析を CREST 法を用いて着手した。シロイヌナズナのゲノムには、約 2000 個の転写因子遺伝子が存在すると推察されており、その内、約 45%が植物特異的な転写因子である。これらの転写因子に SRD リプレッションドメインを付与し、そのキメラ遺伝子でシロイヌナズナを順次形質転換した。選抜した形質転換体 T2 世代で表現型解析(フェノーム)を行い、形態に変異が認められたものから順次詳細な解析を進めた。表現型の出たものについては、マイクロアレイ等を利用して転写因子によって制御される遺伝子のプロファイリング(トランスクリプトーム)を行った。これら個々の転写因子が制御する形質と遺伝子のデータを順次データベース化を行い、シロイヌナズナ転写因子機能ネットワークの解明を目指すプロジェクトを開始した。

転写因子機能解析を始めるため、インフォマティクス技術により同定したシロイヌナズナ全転写因子のデータベースを作成し、この情報をもとに全転写因子の完全長 cDNA クローン収集を行った。さらに cDNA が単離されていない約 700 個の転写因子の cDNA の単離を行い、400 個を新たに単

離した。また、転写因子遺伝子の発現様式を詳細に解析するため、シロイヌナズナ全転写因子遺伝子に対するオリゴアレイを設計し作製した。

収集したシロイヌナズナ転写因子 cDNA から植物特異的な転写因子である ERF ファミリー、NAC ファミリー、TCP ファミリーおよび一部の MYB ドメイン転写因子を選択し、これらの転写因子に SRDX リプレッションドメインを付与し、そのキメラ遺伝子でシロイヌナズナを順次形質転換した。選択した転写因子遺伝子に対する遺伝子破壊株である T-DNA タグラインのほとんどは表現型が出ないのに対し、キメラリプレッサーを発現する形質転換体では、高頻度で変異が誘導され、キメラリプレッサーを転写因子機能解析に用いる上での有効性が示された。これらの CRES-T システムを用いた解析から、機能未知であった転写因子群の機能を初めて明らかにすることができた。例えば、TCP 転写因子は、茎頂分裂組織を制御する遺伝子の発現を抑制し、植物が正常な形態を保つために必要なパターンニングを制御している因子であることを発見した。2007 年度に発表した TCP に関する成果は、THE PLANT CELL 誌のこれまでで最も読まれている論文 100 位内 (69 位) にランキングされ、この成果のインパクトの大きさが伺える。また、NAC 転写因子については、109 個シロイヌナズナに存在するが、形態形成からストレス応答まで多様な機能を担う転写因子ことが本 CREST 研究で明らかになった。その中で、NAC Secondary wall Thickening promoting factor (NST) と名付けた NST1, NST2, NST3 転写因子は、植物の二次木部の形成を制御するマスター因子であることを CRES-T 法から見出した。また、この転写因子を操作することにより、木質の糖化率を飛躍的に高めることが出来ることを見出した。この成果は、THE PLANT CELL 誌の表紙に選ばれた。

本プロジェクトは、双子葉のモデル植物であるシロイヌナズナばかりでなく、単子葉のモデルであるイネも研究対象とし、イネにおける機能未知の転写因子の機能解析を CRES-T 法を用いて行った。イネゲノムに存在する ERF/AP2/DREB, NAC, WRKY, bHLH, bZIP 転写因子群から、乾燥・塩害などに対するストレス応答、伸長生長などに関与しイネの特性向上に有益であると推定される転写因子遺伝子をマイクロアレイを用いた発現解析により選抜し、それらをキメラリプレッサーに変換して形質転換体の作製を行った。まずイネ AP3 オーソログである SPW1 に SRDX を付与したキメラ遺伝子をイネで発現させたところ、高頻度で SPW1 の欠損株の表現型である雄性不稔を誘導し、CRES-T システムがイネに於いても有効な解析方法であることを示した。

本研究の中心課題である転写機能ネットワークを解明するために必要な、転写因子の機能、相互のネットワークを明らかにするためには全ての転写因子を網羅するキメラリプレッサー発現体を作製することが望ましい。また、シロイヌナズナに対する全転写因子を網羅するようなキメラリプレッサー発現体を作製出来れば、それはライブラリーとしての有用なリソースになり、これを用いて特定の形質に関わる転写因子の探索に利用できると考えられる。そのため、本プロジェクトでは、個別の転写因子研究に加え、シロイヌナズナゲノムに存在する転写因子に対するキメラリプレッサー発現体の作製も着手し、有用形質の探索研究も進めている。

また、EAR モチーフを介した転写抑制機構の解明するため、生化学的、遺伝子学的、生理学的手法を駆使して研究を進めている。リプレッションドメインのコア配列である特に 6 アミノ酸からなるペプチドに結合する因子の単離を集中して行っている。

また、本プロジェクトでは、転写因子遺伝子を中心に、シロイヌナズナに関わるあらゆる遺伝子情報を検索、解析、保存するデータベースシステム (ゲットくん) の開発も行った。今後プロジェクトから得られた成果に基づき、転写因子機能に関する情報を公開することにより、植物研究の発展に貢献できうと考えている。

本 CRES-T システムは、機能未知な転写因子の機能解析に有効な方法ばかりでなく、能動的に遺伝子発現を抑制することから、様々な環境ストレスに対して耐性を付与すること、また、代謝経路工学にも利用でき代謝経路を操作することによって物質生産にも応用できる事も明らかになってきた。今後さらに転写因子の機能解析を進め転写機能ネットワークの解明を進めると共に、有用な機能を有する機能性植物の作出を行うことが可能であると考えられる。本研究によって、CRES-T 法といういわば画期的な遺伝子機能解析ツールが開発され、これまで解析が困難であった重複遺伝子の機能解析への道筋をつける事が出来たことは植物科学に於いても大きな発展であろう。さらに、このシステムを用いることにより、これまでの変異株には見られなかった形質を持つ植物体の作出が可能になると考えられ、有用形質を探索することにより、遺伝子操作を用いた新たな応用研究への展

開への可能性を提示できたと考えている。今後、さらに転写因子機能に関するデータを蓄積することにより、学術的な貢献と応用科学的に貢献できると考えている。

## 2 研究構想及び実施体制

### (1) 研究構想

《研究開始時に目指した目標や立案した5年間の研究計画・進め方の概要、およびその後の新展開から生まれた目標等を簡潔に記述してください。また、(2)の研究グループ毎の役割分担も具体的に記入してください。》

植物の多様な機能は、個々の遺伝子の発現調節によって制御されている。また、植物では転写レベルの制御が、遺伝子発現制御に中心的な役割を果たしていることが示されている。すなわち、転写因子が制御する形質と標的遺伝子群を解明することは、植物の機能制御と遺伝子発現制御との関係を明確にしていく上で有効な方法である。転写因子を含め遺伝子の機能解析を行うには、対象とする遺伝子の欠損株を解析することが端的な方法であるが、植物の転写因子遺伝子は、大きなファミリーを形成し重複遺伝子が数多く存在することから、遺伝破壊や相補的な RNA 導入等の従来の方法では、植物の転写因子の機能解析が容易ではない。そこで、本課題では、新たに開発した転写抑制因子を用いた遺伝子サイレンシングシステム (CRES-T 法) を用いて、シロイヌナズナ、イネにおいて個々の転写因子が制御する形質と遺伝子を明らかにし、転写因子の機能解析を行うことによって、転写因子機能ネットワークを解明することが本プロジェクトの目的である。また、応用的展開を見据えた木本植物における転写因子の操作についても研究を進める。

本研究は、以下の項目について5年計画で研究を行い、転写機能ネットワークの解明を目指す。

- シロイヌナズナドミナントネガティブ体の作製
- マイクロアレイによる標的遺伝子の解析
- 転写因子機能ネットワークの解析
- 転写抑制機構の解析
- イネ形質転換体の作製
- イネマイクロアレイによる標的遺伝子の解析
- ナズナ転写因子マイクロアレイの作製及び解析
- 有用遺伝子の探索実験
- 標的遺伝子の同定
- 転写因子機能ネットワークの構築

また、本課題は、以下の5研究グループからなる

シロイヌナズナ転写因子研究グループ

イネ転写因子研究グループ

遺伝子発現研究グループ

・有用遺伝子探索研究グループ

・木質制御研究グループ

\*有用遺伝子探索研究グループは、キメラリプレッサー発現体が形態の変化ばかりでなく、様々な環境シグナルに対しても変異を示すことが判ってきたため、耐ストレス性を付与するキメラリプレッサーを探索するため、平成17年度から新たに参加したグループである。また、木質制御研究グループは、本転写因子機能解析研究から明らかにした木部形成を制御する転写因子の応用開発研究を行う目的で平成18年度下半期から参加した研究グループである。ともに研究の進展に伴い発展的な展開を行うためのグループである。

各グループでの役割を下記に示す。

#### シロイヌナズナ転写因子研究グループ（高木 優）

**独立行政法人 産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究部門**

研究実施項目：シロイヌナズナ転写因子の機能解析

概要：開発した新規遺伝子サイレンシングシステム CRES-T 法を用い、シロイヌナズナをモデル植物として、植物特異的な転写因子を中心に機能解析をおこない、転写因子が制御する形質と制御する標的遺伝子を明らかにする。それらの結果を総合的に解析し、転写因子の機能ネットワークの解明を目指す。また、CRES-T 法で用いる転写抑制ドメインを介した転写抑制機構の解明を行う。植物の重要な形質に関与すると考えられる転写因子のキメラリプレッサーとそれらを発現する形質転換体の作製（秋田県立大学グループと共同）、シロイヌナズナの転写因子 cDNA のリソース化（理研グループと共同）、スクリーニングによる有用形質の探索、シロイヌナズナで明らかされた有用形質に対するイネの転写因子の解析（国際農研と共同）、を引き続いて行う。さらにネットワーク解析のため、免疫沈降法等を用いた標的遺伝子の探索研究およびその技術の確立を進め、表現型解析および発現プロファイリング解析が進んでいるキメラリプレッサー発現体を中心に転写因子ネットワークの解明を進める。

#### イネ転写因子研究グループ（篠崎 和子）

**独立行政法人 国際農林水産業研究センター 生物資源領域**

研究実施項目：イネの転写因子の機能解析

概要：単子葉のモデル実験植物であるイネについて、植物特異的な転写因子の機能解析をおこなう。イネの特性向上に有益であると考えられるストレス応答、形態形成などに関わる転写因子についてマイクロアレイ等を用いて調査し、完全長 cDNA を用いて作製したキメラ遺伝子を用いてドミナントネガティブ型と過剰発現型植物を作出する。その表現型の詳細な解析を行うことによって、イネ転写因子遺伝子の機能解析を進める。特に乾燥・塩・低温などの環境ストレス応答や形態形成に関与する転写因子遺伝子の形質転換体を中心に解析する。また、シロイヌナズナと比較してイネで特色が認められる転写因子遺伝子に集中して解析を進める。また、RNAi 法による発現抑制型形質転換体や Tos17 などの遺伝子破壊系統の表現型を観察し、ドミナントネガティブ型植物において観察された表現型と比較する。さらに、得られた形質転換体を利用してマイクロアレイ解析を行い、導入した転写因子遺伝子の下流遺伝子を明らかにする。明らかにされた下流遺伝子の中から直接の標的遺伝子を同定するため、DEX による誘導システムを用いた形質転換体を利用して解析を行う。イネの形質転換体の系で解析を行っている転写因子遺伝子やこれらの相同性遺伝子を用いてシロイヌナズナのドミナントネガティブ型植物や過剰発現型形質転換植物を用いて解析を行い、イネで得られた結果と比較することにより、双子葉植物と単子葉植物での転写因子の機能を比較するとともにリプレッサードメインの機能も比較する。イネは我が国にとって重要な作物であると同時に単子葉植物のモデル植物であり、得られた成果はさらに世界の食糧を支えるコムギやオオムギ、トウモロコシなどの穀物の分子育種に応用できる。特に、乾燥、塩害、低温、高温などのストレスに対する耐性の獲得や、伸長成長などの器官形成に関与すると推定される転写因子は、イネの特性向上に有益な遺伝子であると考えられる。

#### 遺伝子発現研究グループ（篠崎 一雄）

**独立行政法人理化学研究所植物ゲノム機能情報研究グループ、機能開発研究チームおよび植物分子**

## 生物学研究室

研究実施項目：マイクロアレイを用いた転写因子および標的遺伝子の解析

概要：植物特異的な転写因子の機能、および転写因子の標的遺伝子を含めた機能ネットワークを解析するために、主としてマイクロアレイ解析による転写因子のターゲット解析を行う。単離されていない転写因子の cDNA の収集を行い、シロイヌナズナでの転写因子のリソースの確立を目指す。また、転写因子の標的遺伝子を同定するため、シロイヌナズナ転写因子研究グループと共同して、タイリングアレイを用いた標的遺伝子の解析を進める。転写リプレッサー (SRDX) を用いた遺伝子サイレンシング技術 (CRES-T システム) に加え、ゲノム情報やインフォマティクス、マイクロアレイ技術などを利用して、植物特異的な転写因子が制御する形質およびそれらの標的遺伝子群を網羅的に解析することにより、それらの機能ネットワークの解明を行う。これまでにインフォマティクス技術により同定したシロイヌナズナ全転写因子のデータベースの作製を行う。本グループの網羅的解析により、さらに多くの転写因子制御経路を明らかになり、複雑な転写ネットワークの全貌解明に迫ることができると期待される。

## 有用遺伝子探索研究グループ (我彦 広悦)

秋田県立大学 生物資源科学部

研究題目：有用遺伝子探索研究

概要：シロイヌナズナ転写因子研究グループで作成したキメラリプレッサーの遺伝子を用いてシロイヌナズナの形質転換をシロイヌナズナ転写因子研究グループと共同しておこなう。作製した転換体のスクリーニングをおこない、形態形成、ストレス、代謝関連など、有用形質に関与する転写因子遺伝子の探索研究をおこなう。また、イネの有用形質に関連すると考えられる種子で特異的に発現する NAC 遺伝子の機能解析をイネにおいて行う。

## 木質制御研究グループ (出村 拓)

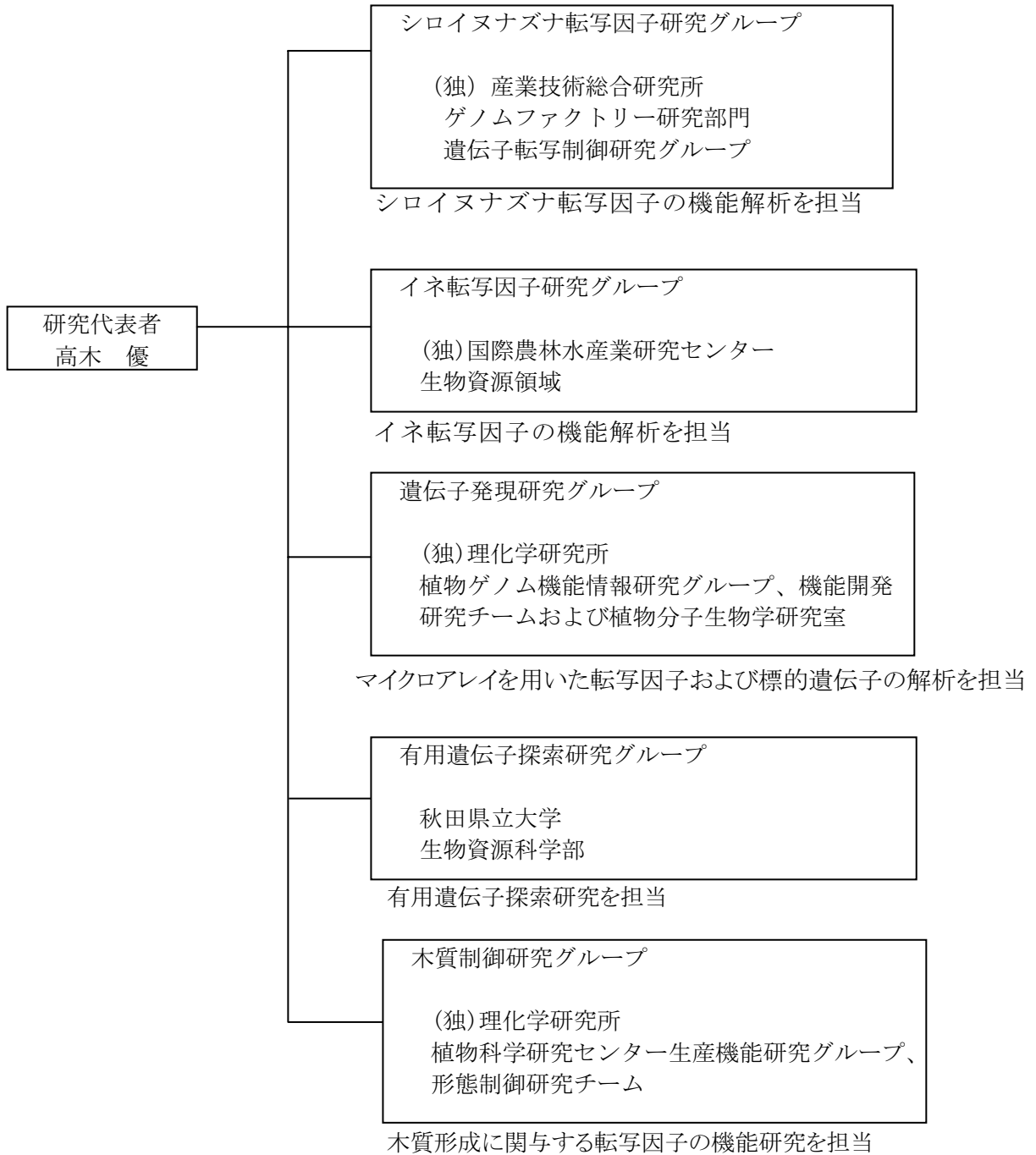
独立行政法人理化学研究所植物科学研究センター生産機能研究グループ、形態制御研究チーム

研究実施項目：木質形成に関与する転写因子の機能研究

概要：木質形成に関与する転写因子の機能研究を行うため、木本植物ポプラを用いて木質形成に関与すると予想される転写因子の機能解析を行う。ポプラ等樹木は実用化植物として極めて重要であり、本グループでの研究は今後の応用展開のために必要性が高い。

当研究課題は、シロイヌナズナ転写因子研究グループ、イネ転写因子研究グループ、遺伝子発現研究グループ、有用遺伝子探索研究グループ、および木質制御研究グループの 5 グループで植物転写因子の機能研究においてそれぞれ異なった課題を分担して研究を遂行する。

(2)実施体制



### 3 研究実施内容及び成果

#### 3.1 シロイヌナズナ転写因子の機能解析 ((独) 産業技術総合研究所ゲノムファクトリー研究部門 シロイヌナズナ転写因子研究グループ)

##### (1)研究実施内容及び成果

シロイヌナズナ転写因子研究グループでは、理研遺伝子発現研究グループが解析したシロイヌナズナゲノム情報に基づき転写因子 cDNA の収集を行った。理化学研究所バイオリソースセンターからシロイヌナズナ転写因子に対する完全長 cDNA を入手し、登録されていないものは、ABRC から EST を入手した。さらに未単離のものについては、理研グループと共同して cDNA ライブラリーからの単離を行った。その結果、シロイヌナズナゲノムに存在すると考えられている 2,000 個転写因子の内、1800 個の cDNA を入手することが出来た。これら収集した cDNA と CRES-T 法を用いてシロイヌナズナ転写因子の機能解析を進めた。

##### ①キメラリプレッサーのシロイヌナズナにおける作用

最初に、キメラリプレッサー(CRES-T システム)が該当する転写因子の欠損株と同様な表現型を誘導出来ること、および、重複遺伝子に対しても優勢で機能することを示すため、欠損株で表現型が出る事が報告されていた EIN3 転写因子に 12 アミノ酸からなる SRDX リプレッションドメインを付与し CaMV 35S プロモーターで誘導するキメラリプレッサー遺伝子(35S:EIN3SRDX)を作製し、シロイヌナズナを形質転換した。その結果、35S:EIN3SRDX 植物体は、変異体である *ein3* 株と同様にエチレンホルモン非感受性を示し、キメラリプレッサーが欠損株と同様な表現型を誘導できることを示した(図 1-1)。同様に欠損すると雄蕊と花弁の形成が抑制する AP3 遺伝子に対するキメラリプレッサー(35S:AP3SRDX)を発現させたところを制御 次に遺伝学的に機能重複が示されている CUC1 と CUC2 転写因子遺伝子に対する効果を調べるため、CUC1 キメラリプレッサー発現体を作製した。その結果これらの形質転換体は、CUC1 と CUC2 遺伝子の二重変異体にもみ現れる表現型と同様な子葉が融合する表現型を示した(図 1-3)。このことは、CRES-T 法が内在性の遺伝子ばかりでなく、機能重複した転写因子に対しても優先的に機能することを示す結果である。さらに、アントシアニン合成経路で転写活性化因子として機能する PAP1 転写因子、トリコーム発生に関わる MYB23 転写因子をキメラリプレッサーに機能変換し、発現させたところ PAP1 キメラリプレッサー発現体では、ストレスで誘導されるアントシアニンの生合成が抑制され、MYB23 キメラリプレッサー発現体は、高頻度でトリコームの発生が抑制され、それらの過剰発現体と逆の表現型を示すことが明らかになった(図 1-4, 5)。これらの転写因子に対する antisense 体は、表現型が出ないことから、重複遺伝子の存在が示唆された。



図1 シロイヌナズナにおけるキメラリプレッサーの作用

1-1: エチレン非感受性 EIN3SRDX 発現体。1-2: 右; 野性型、左; 35S:AP3SRDX 植物  
1-3: 左; 野性型、右; 35S:CUC1SRDX 植物、1-4: 3%ショ糖を含む培地での植物、右; 野性型、左; 35S:PAP1SRDX 植物、1-5: 右; 野性型、左; 35S:AtMYB23SRDX 植物



## 《CRES-T 法を用いた植物特異的な転写因子の機能解析》

収集したシロイヌナズナ転写因子 cDNA から、植物特異的な転写因子ファミリーである ERF, NAC, TCP, SPL ファミリーおよび一部の MADS ファミリーに属する転写因子に対するキメラリプレッサー遺伝子を作製し、それぞれキメラ遺伝子が発現する形質転換体を作製した。それらの内、NAC 転写因子群および TCP 転写因子群については、かなり詳細に解析が進んだ。これらの研究内容と成果成果を中心に、機能未知な転写因子の機能解析、およびその応用的アプローチ、転写抑制機構の研究、および転写機能ネットワーク解明のためのデータベース構築について述べる。

### ②NAC ファミリーの解析

NAC ドメイン転写因子は、植物特異的な転写因子であり、シロイヌナズナゲノムには 109 個存在する。NAC ファミリーの一つである *CUC* 遺伝子群が頂芽分裂組織を制御する因子であることが知られていたが、その他については、機能が不明であった。これら NAC ファミリーに属する転写因子に SRDX を融合させたキメラ遺伝子を発現する植物体を作製し、解析を行った。その結果、NAC Secondary wall Thickening promoting factor1(NST1), NST2 と名付けた転写因子に対するキメラリプレッサーを発現する植物では、葯の開裂が起こらないことが判った。この非開裂の現象について詳細に調べた結果、NST1 あるいは NST2 キメラリプレッサーを発現する植物体では、葯の二次壁肥厚が抑制され葯の開裂が阻害されることが明らかになった (図 2-1)。一方、これらの遺伝子を過剰発現させると異所的な二次壁肥厚が誘導された (図 2-2)。また、マイクロアレイを用いた遺伝子発現プロファイリングの解析から NST1 あるいは NST2 の過剰発現体では、セルロースおよびリグニン生合成関連遺伝子の発現が過剰に上昇していることを示し、これらの転写因子は、二次壁形成を正に制御する因子であることが示された。また、*nst1 nst2* 二重変異体では、同様に葯の開裂が阻害されることから NST1, NST2 は、重複した機能を持つ転写因子であることが判った。

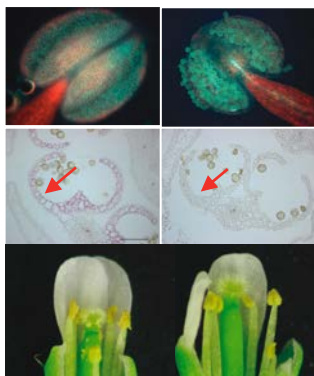


図 2-1 NST1 キメラリプレッサー発現体の葯における二次木部形成抑制。左：野性型、上；UV 照射下における葯。リグニンが網目状に形成される。中；葯の断面；リグニンは赤く染色。下；花器官；葯が開裂。左：NST1 キメラリプレッサー発現体。

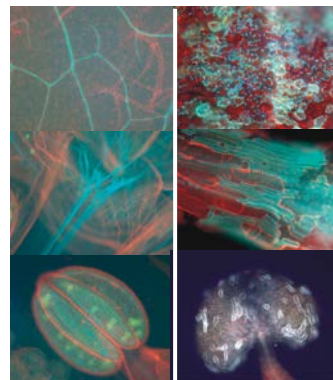


図 2-2 NST1 過剰発現による異所的な二次木部誘導。左：野性型、上；葉。中；がく。下；葯。左；NST1 過剰発現体

これらの遺伝子発現部位を調べたところ、*NST2* は葯に特異的に発現していたのに対し、*NST1* は、葯に加え花茎に於いても発現していた。*NST1* と同じサブファミリーに属する *NST3* 遺伝子の発現を調べたところ、茎や胚軸の二次木部で強く発現している事が判った。そこで *NST1 NST3* の二重遺伝子破壊株 (*nst1 nst3*) を作成したところ、これらの植物は、茎や胚軸における二次木部の形成が全く起こらないことが明らかになった (図 2-3)。一方、*NST1* あるいは *NST3* 単独の変異体では、このような表現型は、見られなかったことから *NST1* と *NST3* は、機能重複した遺伝子であることが示された。*nst1 nst3* 株は、二次壁の形成が抑制されていることから、花茎が直立出来ず、また、茎の強度も野生株に比べて著しく弱いことが明らかになった (図 2-4)。この表現形は *NST1* または *NST3* を含むゲノム断片を形質転換することでほぼ完全に回復し、得られた表現型が *NST1 NST3* 遺伝

子にあることを証明した。また、*nst1 nst3* 株ではセルロース、リグニンなどの二次壁構成成分の合成にかかわる酵素類の遺伝子発現が野生株に比べて著しく減少していた。これらのことから機能重複した NST1、NST3 は、茎や胚軸の二次木部形成を制御するきわめて重要な因子であることがわかった。*nst1 nst3* 株およびキメラリプレッサー発現体においては、花茎、胚軸における木部の形成が抑制されているが、導管の二次壁形成に対しては影響が無いことがわかり (図 2-3)、NST 転写因子は、導管以外の二次壁形成を制御していると考えられた。また、これらの植物の生育は野性型とほぼ変わらなかった。この成果は、The PLANT CELL 誌の表紙に採択された (図 2-5)。

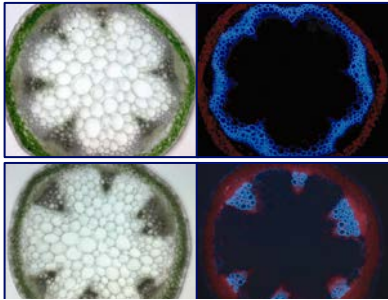


図 2-3 *nst1 nst3* 二重変異体における花茎における二次木部形成抑制。上段：野性型花茎横断切片。左；UV 照射下におけるリグニンの存在 (青い領域)。下段：*nst1 nst3* 二重変異体



図 2-4 二次木部形成の抑制により *nst1 nst3* 二重変異体の花茎が直立出来なくなる。左：野性型、右：*nst1 nst3* 株



図 2-5

鞘の二次壁肥厚を制御する因子について調べたところ、NST1と NST3が、鞘の開裂に必要な鞘のバルブ内皮層の二次壁形成を制御していることが明らかになった（図2-6）。これらのことから、葯の二次木部形成は、NST1とNST2によって制御され、茎と胚軸（木本では幹に相当する領域）および鞘における二次壁形成は、NST1とNST3により制御されていることが明になった。従ってNST転写因子は、維管束を除く植物の組織の二次壁の形成を制御するマスターレギュレーターであることが明らかになった（図2-7）。

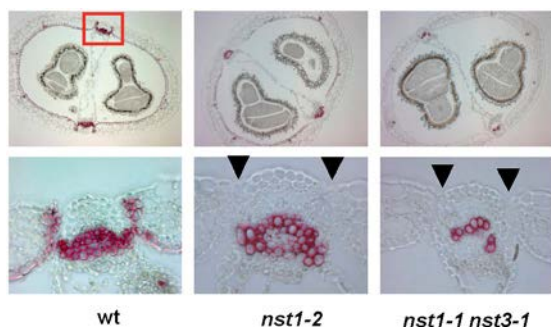


図2-6 NST 破壊株における果実鞘での二次壁形成の抑制.

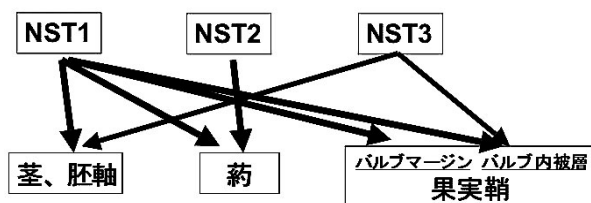


図2-7 NST 転写因子群は植物の様々な部位での二次壁(木質)形成を制御する

### ③TCP ファミリーの解析

TCP 転写因子は、植物特異的な転写因子ファミリーであり、シロイヌナズナには 28 個の遺伝子が存在する。これまでに 5 個の TCP 遺伝子を標的とするマイクロ RNA JAW を過剰発現させた形質転換体では、ロゼット葉が波打つ形状を示すことが報告されているが、それらの機能については、未知であった。これらの遺伝子に対する T-DNA タグラインは何れも明瞭な表現型が無く、TCP ファミリーは、重複した遺伝子から構成されていると考えられる。そこでファミリーの一つである TCP3 をリプレッサーに機能変換し、シロイヌナズナで発現させると、子葉の形態が著しく変化し、異所的な頂端分裂組織の形成を誘導することがわかった。また、植物体まで生長したものは、ロゼット葉が波打つ形状を示すことがわかった (図 3-1)。この異所的な頂端分裂組織を形成する形態変異は、分裂組織の形成に必要な境界領域特異的な遺伝子である *CUC1* 遺伝子の過剰発現体と似ていることから、TCP3 リプレッサー発現体における *CUC1* の発現を調査した。野生型植物では、*CUC1* は、頂端分裂組織の周辺の限定された領域でのみ発現している (図 3-1)。ところが TCP3 キメラリプレッサー発現体では、*CUC1* の発現領域が子葉に向かって拡散していることが明らかになった (図 3-1)。この発現領域が広がる現象は、*CUC1* 以外の境界領域特異的な遺伝子においても認められた。一方、*TCP3* の発現は miRJAW によって制御されており、過剰発現させても表現型に変異は出ない。そこで、*TCP3* のマイクロ RNA の標的配列を改変した m*TCP3* を過剰発現させたところ、境界領域特異的な遺伝子の発現が頂端分裂組織からなくなり、TCP3 キメラリプレッサー発現体とは逆の表現型となり、*cuc1 cuc2* 遺伝子二重変異体と同様に子葉が融合することがわかった (図 3)。これらのことから、TCP3 は *CUC* 遺伝子の発現を抑え、分裂組織の形成、ならびに器官形成を制御することが明らかになった。

*TCP3* は、アミノ酸の相同性から、他の 7 個の遺伝子とサブファミリーを構築している。TCP3 以外の 7 つの TCP である *TCP3*, *TCP10*, *TCP5*, *TCP24*, *TCP2*, *TCP13* と *TCP17* についてそれぞれキメラリプレッサーに変換し、植物に導入したところ、これら全てのキメラリプレッサーを発現する植物は、子葉に異所的なシュートを持ち、縁が湾曲する表現型を示した。また、*CUC* 遺伝子の異所発現が 8 つの TCP キメラリプレッサーで認められ、これらの結果から TCP3 を含むサブファミリーに属する 8 個の遺伝子は、同じ分子機能を持つことが示唆された。

これらの TCP 遺伝子の発現解析 (図 3-2) から、8 つの TCP 遺伝子は全て子葉、葉、根、蕾および未成熟さやで高発現していた。それぞれの遺伝子のプロモーター解析 (図 3-3) を行ったところ、*TCP3*, *TCP10* と *TCP5* は子葉で強い活性を示したが、*TCP24* と *TCP2* は葉と比較して子葉では弱い活性が認められた。一方、*TCP13* と *TCP17* のプロモーターは子葉の特に維管束に特異的に強い発現がみられた。これらの結果から 8 つの TCP 遺伝子が子葉で発現しているが、その発現様式は遺伝子ごとに若干異なり、機能分担が示唆された。

これら TCP 遺伝子の転写領域をプロモーター・リポーター遺伝子を用いて調べたところ、TCP3 遺伝子は、胚の維管束領域で発現していることが判った。さらに in situ Hybridization 法を用いた解析から、*TCP3* の mRNA は、胚の子葉部分に特に蓄積するが、茎頂分裂組織の領域では、発現が見られなかった。この結果は、TCP は、茎頂分裂組織の形成に関与する遺伝子のネガティブレギュレーターであることと一致している。すなわち、TCP 遺伝子は、茎頂分裂組織では、転写レベルと転写後のレベルで負の制御を受けることにより、*CUC* を含む、茎頂分裂組織特異的な遺伝子の発現を誘導していると考えられる。これは、TCP3 mRNA の制御に関与する miRJAW の発現領域と相関があることが示唆される。一方、TCP 転写因子は、*CUC* 遺伝子の発現を負に制御していることから、*CUC* 遺伝子の制御に関与している miR164 の発現を調べた。その結果、TCP3 キメラリプレッサーを発現している植物体では、miR164 の発現レベルが顕著に減少していることが認められ、TCP3 が miR164 の発現を介して *CUC* 遺伝子の発現抑制を行っていることが示された (図 3-4)。TCP 遺伝子は、*CUC* 遺伝子の転写レベルも制御していることから今後さらなる解析が必要である。

本解析から、TCP は、茎頂分裂組織形成に必要な遺伝子の発現を制御する因子であることが示され、この遺伝子が、茎頂分裂組織が形成される位置に決定ひいては植物のパターン形成に重要な役割を果たしていると考えられる。今後、この遺伝子群の作用機作を詳細に解析することによって、頂芽優勢を含め、植物の形を決める機構の解明に近づけることが出来ると考えられる。

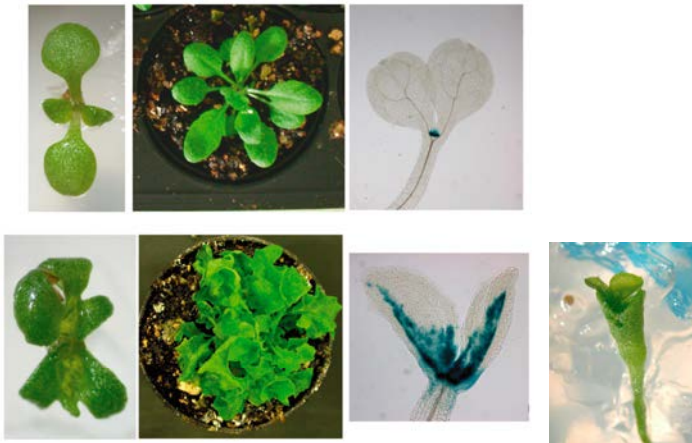


図3-1. TCP3キメラリプレッサーとmTCP3過剰発現によって誘導される表現型。  
 左上図：野生型。左から、子葉、ロゼット、CUC1発現部位。頂芽分裂組織が形成される周辺に限定的に発現する。左下図：TCP3キメラリプレッサー発現体。左から、異所的な頂芽分裂組織が形成された子葉、ギザギザの形態を持つロゼット葉、CUC1の子葉における異所的な発現。発現領域が子葉全体に拡散している。右図：mTCP3過剰発現体。子葉が融合している

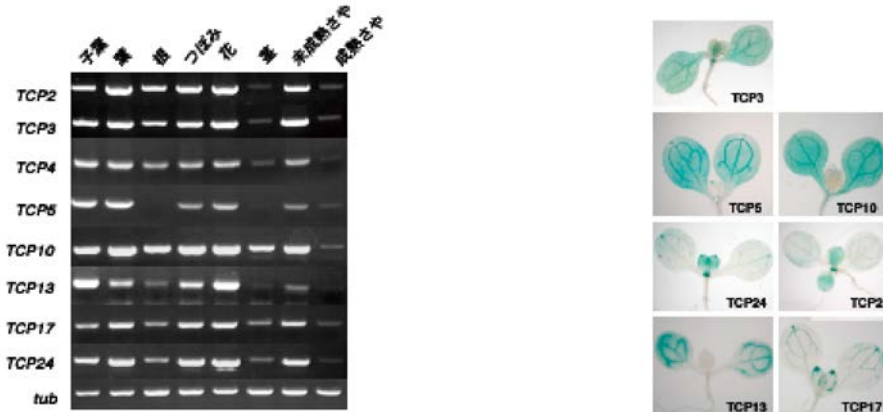


図3-2 RT-PCRによるTCP遺伝子の発現プロファイル。右は各TCP遺伝子で内部タンパク質を融合させ、プロモーター活性部位を解析

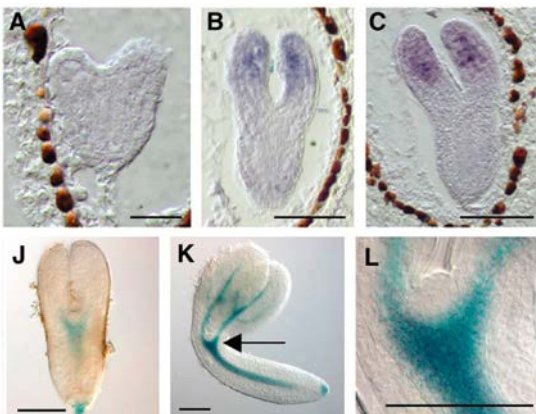


図3-4 In situ hybridization法によるTCP3遺伝子の発現様式(A-C)  
 TCP3プロモーター：GUS遺伝子を用いた、TCP3の転写様式の解析

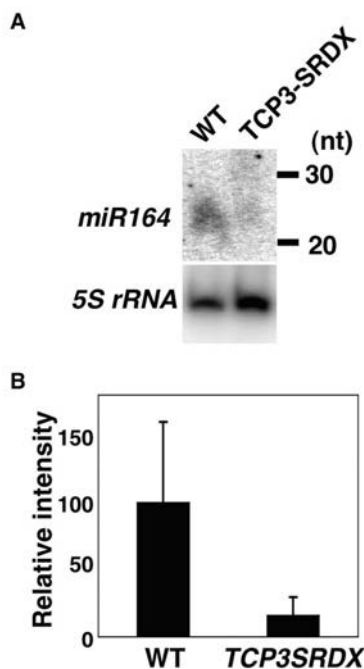


図3-5 TCP3 転写因子による miR164 の発現制御。TCP3SRDX を発現する植物体では、miR164 の RNA レベルが減少している (A:RNA blot, B:定量化グラフ)。

#### ④SBP-box 遺伝子の機能解析

SBP-box ファミリーは SBP ドメインを DNA 結合領域として持つ植物特異的な転写因子群である。シロイヌナズナでは 16 遺伝子 (SPL1~SPL16) がこのファミリーに属する。そのうちいくつかは花成・花器官形成に働く *APETALA1* (*API*) プロモーターへの結合が示されており、SBP-box 遺伝子の花における役割が示唆されている。また、16 遺伝子のうち 10 遺伝子が miR156 および miR157 の標的配列を持ち、これらの microRNA により制御を受けることが知られている。しかしながら、SBP-box 遺伝子の生物学的な役割はほとんど明らかにされていない。

野生型におけるシロイヌナズナ SBP-box 遺伝子の組織別発現解析を行ったところ、*SPL10*、*SPL11*、*SPL2* の発現パターンが、*API* ホモログであり一部重複した機能を持つ *FRUITFULL* (*FUL*) の発現パターンと似ていることが明らかになった。*FUL* は花成後の茎頂や心皮などで発現し、鞘や茎生葉の形成に働くことが知られている。*SPL10*、*SPL11*、*SPL2* はアミノ酸配列の相同性が高く、また各遺伝子に T-DNA が挿入した遺伝子破壊株では表現型が表れなかったことから、これらの遺伝子が重複した機能を持つことが示唆された。そこで、CRES-T 法を用いた解析を行った。*SPL10* に転写抑制ドメインを付加したキメラリプレッサー (*SPL10-SRDX*) を植物体内で過剰発現させると、頂芽優勢の欠失、矮小化、花序形態の異常、花器官および鞘の縮小化が見られた (図 4 A-D)。*35S:SPL10-SRDX* 植物体では *FUL* の発現が低下していたが、*API* の発現は野生型と差がなかった。次に、*SPL10* 過剰発現体を作成したが、形態に変化は見られなかった。しかし、*SPL10* は microRNA の標的となる配列を持つことから、その配列に変異を導入した *SPL10* (*mSPL10*) を過剰発現させた植物体を作成したところ、ロゼット葉の形態変化が見られた (図 4 E)。ロゼット葉は幼若期と成熟期で形態などの性質が異なるが、*35S:mSPL10* 植物体では成熟期が早期化するという表現型を示したことから、*SPL10* は栄養生長期での生長相の促進に働くと考えられた。幼若期では miR156 の発現量が高いことが知られており、miR156 は *SPL10* を制御することにより生長相を制御していることが示唆された。また *SPL10* は microRNA によりその機能を制限されていることが示唆された。

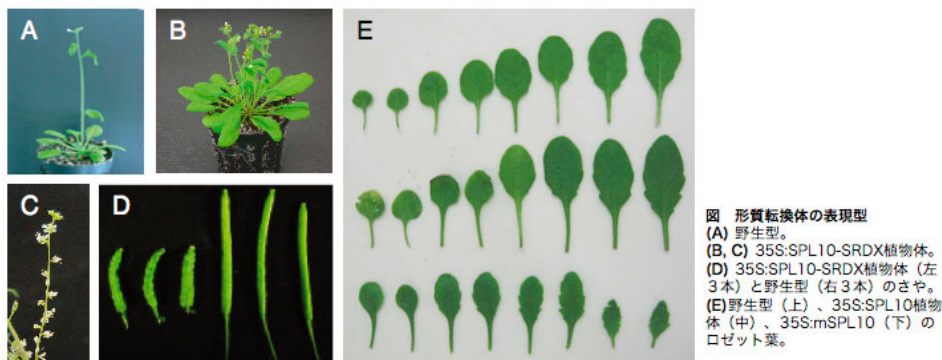


図 形質転換体の表現型  
 (A) 野生型。  
 (B, C) 35S:SPL10-SRDx植物体。  
 (D) 35S:SPL10-SRDx植物体 (左3本) と野生型 (右3本) のさや。  
 (E) 野生型 (上)、35S:SPL10植物体 (中)、35S:mSPL10 (下) のロゼット葉。

図 4

### ⑤応用展開

ほとんどの遺伝子欠損株の表現型が劣勢形質であるのに対し、CRES-T法によって誘導される表現型は優性形質である。そのため、農業上、産業上有用な植物を作出する上で、遺伝子破壊株では困難な様々な優位点がある。また CRES-T 法は、能動的に転写因子の標的遺伝子の発現を抑制することから、代謝経路を劇的に変化させ、これまでの変異体には見られなかった形質を有する植物体の作出の可能性がある。

#### 稔性の操作

雄しべ、花弁の発生を制御することが知られている *AP3* 遺伝子のキメラリプレッサーをシロイヌナズナで発現させると、高校効率でこの遺伝子の欠損株 (*ap3*) と同様に雄性不稔を誘導することが判った。また、雌しべ、雄しべの発生に必須な *AG* 遺伝子をキメラリプレッサーを発現させると高校効率で *ag* 変異体と同様に生殖器官の発生が完全に抑制され、八重咲きの表現型を示す事が判った。さらに、欠損することによって葯の開裂不全を誘導する MYB26 転写因子に対するキメラリプレッサーを発現させると、*myb26* 変異体と同様に葯の開裂が起こらず、雄性不稔を誘導する事を示した (図 5-1)。この場合、*AP3*、*AG* とは異なり花の形態には、影響を与えなかった。植物の稔性を操作することは、遺伝子組換え植物の拡散防止等、農業上大きな利点があり、特に雄性不稔は、効率的なヘテロシスの利用のために必須である。これらの形質は劣性では、利用する事が出来ないことから、雄性不稔株のほとんどは細胞質不稔である。しかし、細胞質不稔は、回復遺伝子の有無を含め、利用できる植物が限られている。CRES-T 法による稔性の操作は、優勢形質であり、また、シロイヌナズナの転写因子が利用できる可能性があることから、有用なツールとして利用できると考えられる。



図 5-1 キメラリプレッサーによる不稔植物の作出

左：AP3 キメラリプレッサー；中央：AG キメラリプレッサー；右：MYB26 キメラリプレッサー

左、野生型、右、キメラリプレッサー発現体。

#### 代謝関連転写因子の探索

代謝経路に関わる転写因子を探索するモデルとして、フラボノイド経路に関与する転写因子の探索研究を行った。フラボノイドは、植物の二次代謝物として産業上利用価値が高く、それを有効利用するためにも関連因子の探索が有効である。フラボノイド経路の産物であるタンニンによる種子の色を指標として、種子の色に変異を誘導するキメラリプレッサー発現体の探索を行った。個々の転写因子に対するキメラリプレッサー発現体の種子から、色の変化のある個体を探索した (図 5-2)。これらの色の変異を誘導する転写因子は、フラボノイド経路に関与していると考えられ、CRES-T 法

が、形態ばかりでなく、メタボリックエンジニアリングに利用できる可能性を示した。



図 5-2

### 有用形質の探索

これまでに数多くの低温等の環境ストレスに耐性を示す変異体、或いは種々の植物ホルモン非感受性の変異体が単離されている。これらのほとんどが欠損型の変異体であることから、キメラリプレッサーを発現する植物体の中に、ストレス耐性が付与された株が存在する可能性があると考えられる。そこで、作製した個々の転写因子に対するキメラリプレッサー発現体をスクリーニングすることによって、環境ストレスに対し、野性型とは異なる感受性を示す植物体の単離を試みた (図 5-3)。個別の T2 ラインの種子を 6% ショ糖を含む培地に播種したところ、野性型の種子は、全て発芽が阻害されたが、キメラリプレッサー発現体の中に耐性を示すものが現れた (図 5-4)。これらの植物からゲノム DNA を抽出し、PCR により形質転換した遺伝子を調べた。導入したキメラリプレッサー遺伝子を特定し、再現実験を行い、6% ショ糖に対して発芽耐性を付与するキメラリプレッサーの単離に成功した。これらのことから、キメラリプレッサーを用いることによって、農業上、産業上有用な形質を有する植物を作出出来る可能性を示した。

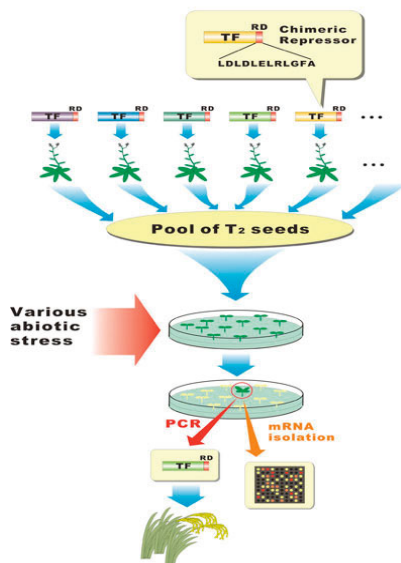


図 5-3 キメラリプレッサー発現体ライブラリーを用いた有用形質のスクリーニング。

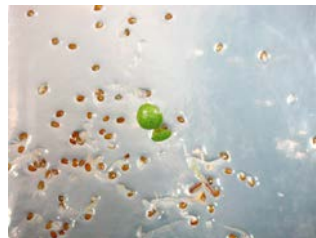


図 5-4 キメラリプレッサー発現体ライブラリーを用いた 6% ショ糖に対して耐性を有する植物体のスクリーニング



### ⑥EAR モチーフを介した転写抑制メカニズムの解明

CRES-T 法は、EAR モチーフと呼ばれる植物特異的な転写抑制ドメインを利用して標的遺伝子の発現を抑制する遺伝子サイレンシングシステムである。しかし、この EAR モチーフを介した転写抑制メカニズムについては未だ不明であり、EAR モチーフがどのようにして下流の標的遺伝子の発現を抑制しているのか、その具体的なメカニズムの解明は、CRES-T 法を利用する上で重要な課題となっている。転写抑制機構については、次の3つが考えられる。

- 1) クロマチン構造の変化
- 2) 基本転写因子の構築の阻害あるいは不活性化
- 3) 転写活性化因子の不活性化

EAR モチーフを介した転写抑制では、これまでの知見から活性化ドメインに対して特異性を示さないことから、3) の可能性は低いと考えられる。また、転写抑制は、一過性の発現システム（トランジェントアッセイ）においても作用し、一般的にトランジェントアッセイでは、リポーター遺伝子はクロマチン構造をとらないと考えられている事から、ヒストンの脱アセチル化等クロマチン構造には関与していないように思われる。そのことから、基本転写因子に対しての可能性が最も高いと考えられる（図6-1）。

これまでの知見により、EAR モチーフは6残基のみで強力な転写抑制活性を持つことが示されているが、この6残基のみの短いペプチド鎖が、酵素活性等を有し直接転写抑制に作用しているとは考え難いことから、EAR モチーフは、他の因子、つまりコリプレッサーと相互作用して転写抑制を担っていると推測される。そこで、このコリプレッサーを単離するために、酵母 two-hybrid システムを用いて EAR モチーフと相互作用する遺伝子のスクリーニングを行った。その結果、21 種類の候補遺伝子を単離した。これらの候補遺伝子の中で、スクリーニングの際に最も多く陽性コロニーが得られた因子である WD40 遺伝子についてさらに詳細に解析を行った。単離された WD40 遺伝子がコードするアミノ酸配列中には、LisH ドメイン、CTLH ドメイン、プロリンリッチ領域、WD リピートと呼ばれる機能ドメインが保存されているが、これらの機能ドメインのうち、N 末側に存在する CTLH ドメインが EAR モチーフとの結合に必要であることを明らかにした（図6-2）。また、植物が持つ遺伝子の中で CRES-T 法で用いている EAR モチーフとは異なる配列の EAR モチーフを持つ遺伝子を用いて単離された WD40 タンパク質との相互作用を確認した結果、単離された WD40 タンパク質はいずれの EAR モチーフとも結合したため、この WD40 遺伝子は EAR モチーフを介した転写抑制に共通して関与していることが考えられる。この WD40 遺伝子を Gal4DNA 結合ドメインと融合させ、シロイヌナズナの葉を用いた一過性レポーターアッセイを行ったところ、WD40 遺伝子自身は転写抑制活性を持たないことが示された（図6-3）。したがって、この WD40 がさらに転写に関わる他の因子と相互作用して転写を抑制している可能性が考えられ、現在、この WD40 とさらに相互作用する因子の単離を試みている。

これまでに発表されている論文によると、今回得られた WD40 タンパク質は転写調節、特にエピジェネティックなヒストンのアセチル化・脱アセチル化に関わる可能性が示唆されており、今後、本 WD40 遺伝子と EAR モチーフを介した転写抑制との関係を明らかにする必要があると考えている。

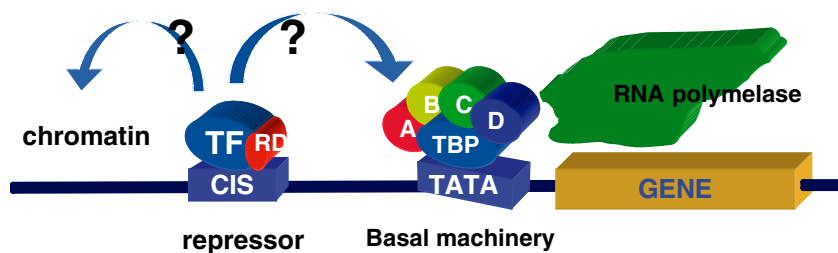


図6-1 推察される転写抑制機構



図6-2 酵母 two-hybrid システムを用い、WD40 タンパク質が EAR-モチーフに特異的に結合すること、および、その結合には WD40 タンパク質中の CTLH ドメインが重要であることを明らかにした。  
(mEAR は、EAR モチーフの配列に変異を入れて転写抑制活性を示さなくなった配列。)

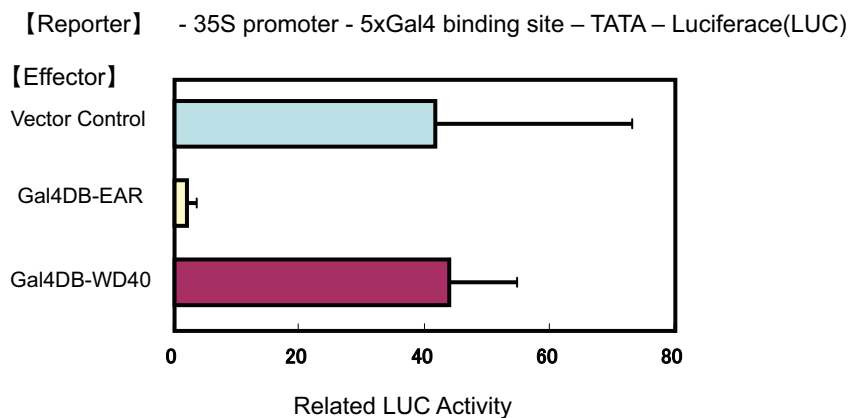


図6-3 シロイヌナズナの葉を用いた一過性レポーターアッセイ。EAR モチーフを Gal4DNA-binding domein(Gal4DB)に融合させた場合は、非常に強い転写抑制活性を示す。しかし、Gal4DB に WD40 遺伝子を融合させた場合は、レポーター遺伝子 (LUC) の転写に変化が見られなかった。

## ⑦植物転写因子機能ネットワークの解明のためのデータベースの構築

シロイヌナズナにおける転写機能ネットワーク解明のため、成果データを効率的に処理し、保存、解析、構築するためのデータベースの開発を行った。これまでに多様で多くのシロイヌナズナの遺伝情報に関するデータベースが構築され、公開されているが、転写因子の機能情報からなるデータベースは構築されていない。そこで、本プロジェクトの成果データと公開されている多様な遺伝子機能に関するデータを相互的に解析できるシステムを持つデータベース（ゲットくん：特許出願中）を開発した。

このデータベースは、シロイヌナズナの転写因子ばかりでなく、公開されている全てのゲノム情報、遺伝子配列情報および個々の遺伝子の発現プロファイル情報を含み、簡便に解析したい転写因子の情報が入手できる。また、CRE-T プロジェクトに関する情報、例えば、プライマーの配列情報、コンストラクトの設計情報、形質転換進行状況、およびそれらの表現型の解析、また、形質転換を用いた制御遺伝子の解析結果を随時アップデートしている。このシステムはデータベースとデータ解析機能が一体化されているのが一つの特徴であり、また、データベースとしても、一般に公開されている様々な情報リソースと研究室内の実験試料などのリソースの情報が統合されていることが特長である。収録されているデータはつねに最新に保たれるよう以下のように工夫されている。一般公開されているものは自動巡回により定期的に情報を取得してデータを更新するようになっている。また、研究室内の情報リソースは、実験者が行う作業等（システムを介して物品、試薬の発注を行ったり、シールラベルを印刷したりすること）によって半自動的に更新される。システムはサーバクライアント方式をとっており、ユーザーは各自のパソコンからウェブブラウザを利用してデータを閲覧、更新、解析することができる。収録されているデータは、一般に公開されているものでは配列情報、アノテーション情報、マイクロアレイ情報、文献情報、代謝パスウェイ情報などがある。研究室内の情報としては、プロジェクト進行状況、リプレッションドメインに関する情報、トランジェントアッセイに関する情報、種子情報、表現形情報、非公開のマイクロアレイ情報などがあげられる。また、これらを用いた解析機能としては、マイクロアレイデータの解析機能、アラインメント作成機能、分子系統樹作成機能、相同性検索機能、ホモログ探索機能、転写制御ネットワーク推定機能などがあげられる。実験者はこれらの機能を利用してより効率的に転写因子研究を進められるようになっている。

### 転写ネットワークの構築

主にマイクロアレイを用いたキメラリプレッサー発現体、過剰発現体など発現プロファイル解析から得られたデータを既に公開されている様々な公開データとを統合し、インフォマティクスを駆使して遺伝子ネットワークの図式化を進めている（図7-5）。今後、データの蓄積に伴ってさらに詳細な転写因子ネットワークが描けると考えられる。植物遺伝子機能ネットワークの構築によって植物の営みが分子レベルから解明され、学術的ならびに産業応用の点からも意義の高い研究成果が期待される。

<データベースゲットくんページ内容>

**AT2G17950 (HR2537) HD family phylogenetic tree**

<b>File DB</b>	AT2G17950 HG537
<b>General info</b>	TAIR DATA MIPS DATA
<b>Genomic seq</b>	TAIR seq viewer
<b>T-DNA tag line</b>	T-DNA Express
<b>mRNA</b>	Search ASP Search potential
<b>RNAi</b>	Search AGRKOLA
<b>External link</b>	<a href="#">Microarray data</a> <a href="#">ATTED data</a> <a href="#">NCBI GEO</a> <a href="#">NCBI GEO profile</a> <a href="#">NASC</a> <a href="#">NASCarray</a> <a href="#">SpotHistory</a> <a href="#">NASCarray</a> <a href="#">DigitalNorthern</a> <a href="#">GeneInvestigator</a> <a href="#">Gene Atlas</a> <a href="#">GeneChromatogram</a> <a href="#">Response Viewer</a> <a href="#">eFP Browser</a> <a href="#">Developmental Map</a> <a href="#">Abiotic Stress</a> <a href="#">ATGenExpress</a> <a href="#">Developmental Map</a> <a href="#">Abiotic Stress</a> <a href="#">Light Pathogen</a>
<b>Common name</b>	WUS, Van, PG46 <b>CDS length</b> 879
<b>Family</b>	HDX gene family, Homeobox Transcription Factor family
<b>Short Description</b>	WUS (WUSCHEL), DNA binding / transcription factor
<b>Annotation</b>	Homeobox gene controlling the stem cell pool. Expressed in the stem cell organizing center of meristems. Required to keep the stem cells in an undifferentiated state. Regulation of WUS transcription is a central checkpoint in stem cell control. The size of the WUS expression domain controls the size of the stem cell population through WUS indirectly activating the expression of CLAVATA3 (CLV3) in the stem cells and CLV3 repressing WUS transcription through AGAMOUS (AG) activity controls stem cell activity in the determinate floral meristem. Binds to TAAT element core motif.
	<a href="#">000584</a> (comp) nucleus <—evidence <a href="#">000700</a> (func) transcription factor activity <—evidence <a href="#">000568</a> (func) transcription regulator activity <—evidence

図7-1 遺伝子情報の表示

Gene Name	Gene Index	Probe	Delta rate
WUS	18,235	00100	1.7586
WUS	18,235	004100	1.7746
WUS	18,235	00037	1.9640
WUS	18,235	00014	4.4190
WUS	18,235	00078	1.8660

↑ファクター 検定の結果 (Click element in promoter gene listの報告) ↓

Gene Name	Gene Index	Probe	Delta rate
WUS	6,700	0001559	9.44150
WUS	10,061	0001061	1.8806
WUS	36,019	0002084	1.9789
WUS	18,235	00037	1.9640
WUS	17,213	001054	1.9170
WUS	18,150	001790	2.0867
WUS	18,255	002046	1.78
WUS	18,235	00038	1.9896
WUS	27,289	002491	1.8317
WUS	17,268	00062	1.8268
WUS	9,45	004036	2.74751

からわかるようにアップロードするものに異なります。  
 (1-100/880件) 次の100件へ 全部123456789

Line	Code name	Classification	Short description	status	instName Inst
1	AT2G17950	AP2-ERF	AP2 domain containing transcription factor family protein	TC (transcription factor)	25
2	AT2G17950	AP2-ERF	AP2 domain containing transcription factor family protein	TC (transcription factor)	25
3	AT2G17950	AP2-ERF	AP2 domain containing transcription factor family protein	TC (transcription factor)	25
4	AT2G17950	AP2-ERF	AT2G17950 RELATED TO AP2/ERF DNA binding / protein binding / transcription factor / transcriptional activator	TC (transcription factor)	25

図7-2 マイクロアレイデータの解析結果

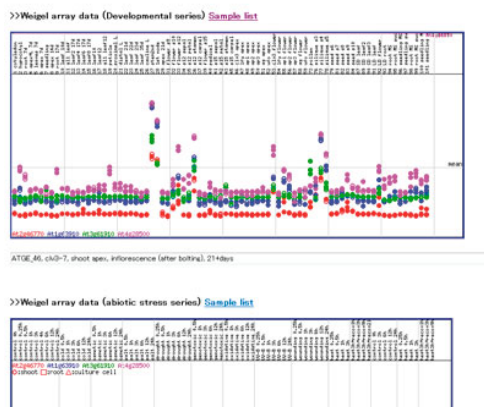


図 7-2 マイクロアレイデータの表示

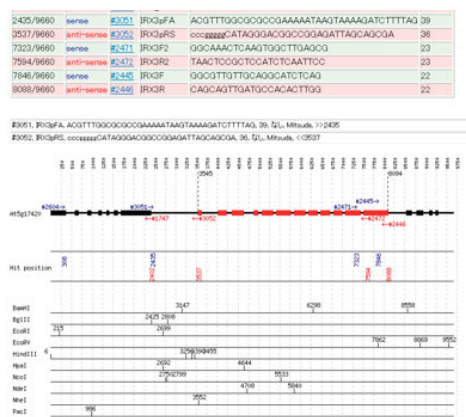


図 7-4 プライマー情報の表示

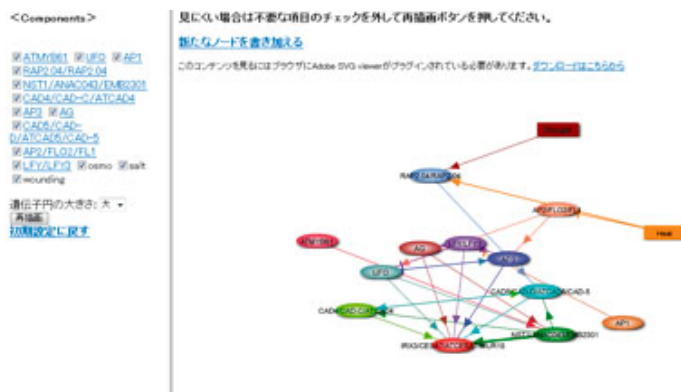


図 7-5 遺伝子ネットワークを可視化した例：IRX5(セルロース合成酵素) はNST1をはじめとする転写因子、また環境因子に制御されていることを示す。

## (2)研究成果の今後期待される効果

植物のあらゆる機能は、遺伝子発現の産物であり、この遺伝子の発現の第一段階を担っているのが転写因子である。このことから、植物に存在する全ての転写因子の機能が明らかにすれば、植物の全ての機能を制御出来る可能性がある。本研究プロジェクトの課題である「転写機能ネットワーク」の解明は、個々の転写因子が制御する形質と下流で制御される遺伝子を網羅的に解析し、そのルートマップを構築することを最終目的としている。今後この研究をさらに発展されることにより、制御したい形質に関わる因子の同定が可能になり、遺伝子発現調節機構の詳細が明らかになるばかりでなく、植物の形質の向上にも貢献する可能性が大変大きいと考えられる

### 3. 2 イネの転写因子の機能解析 (国際農林水産業研究センター イネ転写因子研究グループ)

#### (1) 研究実施内容及び成果

##### 【実施方法】

イネの ERF/AP2/DREB, NAC, WRKY, bHLH, bZIP 転写因子群から、乾燥・塩害などに対するストレス応答、伸長生長などに関与しイネの特性向上に有益であると推定される転写因子遺伝子をマイクロアレイ解析により選抜した。選抜したこれら遺伝子の中から、シロイヌナズナで得られている知見を利用して解析対象の候補遺伝子を絞り込んだ。

これら候補遺伝子の機能を明らかにするために、これら候補遺伝子の完全長 cDNA を用いて CRES-T システムによるドミナントネガティブ型植物用のコンストラクトを作製し、イネに形質転換した。一方で、単子葉と双子葉植物での機能の差異について比較解析を行うために、シロイヌナズナへの遺伝子導入も行った。研究開始当初はアクチンプロモーターを用いて過剰発現を行ったが、種々の遺伝子のプロモーター活性について検討した結果、イネ中で強いプロモーター活性を持つユビキチンプロモーターやストレス誘導性の lip9 プロモーターを用いることとした。また、導入に用いる転写因子遺伝子自身のプロモーターも用いる等、導入する転写因子に応じて変更した。

得られた CRES-T システムによるドミナントネガティブ型植物の表現型に関して、形態や各種のストレス耐性等について詳細に解析すると共に、マイクロアレイを用いて形質転換体中で発現が変化している遺伝子群を解析し下流遺伝子を同定した。また、CRES-T システムによるドミナントネガティブ型植物との比較として過剰発現植物体も同時に作製し同様の解析を行った。一方、一部の転写因子遺伝子に関しては、プロトプラストの系で転写因子としての活性を明らかにしたり、GFP や GUS 等のリポーター遺伝子を用いて発現場所を明らかにした。

また、これらイネの転写因子遺伝子同様に、シロイヌナズナの乾燥・塩害などに対するストレス応答に関与する転写因子遺伝子についても比較のため機能解析を行った。

##### 【実施内容】

**I. イネにおける CRES-T システムの有効性**；CRES-T システムによる解析手法が単子葉植物のモデル植物であるイネにおいても有効であることを確認するために、花の器官形成において雄蕊の雌蕊化という明瞭な表現型を示す *spw1* 変異体の原因遺伝子である転写因子 SPW1 を利用して解析を行った。SPW1 に RD を付加したキメラ遺伝子をイネに導入し表現型を解析した。

**II. イネのストレス応答性転写因子の選抜**；イネのマイクロアレイ解析により、乾燥、低温、高塩濃度ストレス応答性の ERF/AP2/DREB, NAC, WRKY 等の転写因子遺伝子群を選抜した。これら遺伝子の発現の変化をノーザンブロット解析、リアルタイム RT-PCR 解析により確認した。ノーザンブロット解析、リアルタイム RT-PCR 解析の結果とシロイヌナズナで得られている知見を利用して CRES-T システム解析対象の候補遺伝子を絞り込んだ。その結果、OsNAC(OsNAC2 および OsNAC6), OsDREB1F, OsPIF1 に着目することとした。

**III. OsNAC(OsNAC2 および OsNAC6)遺伝子の機能解析**；シロイヌナズナの CUC1 に相同性が高い OsNAC2 について CRES-T システムによるドミナントネガティブ型の形質転換植物を作製し表現型の解析を行った。イネを用いた OsNAC2 プロモーター-GUS 実験を行い、OsNAC2 の発現部位を明らかにした。乾燥、塩ストレス、低温誘導性が見られる OsNAC6 の過剰発現植物体を作製し表現型を解析した。イネを用いた OsNAC6 プロモーター-GUS 実験を行い、OsNAC6 の発現部位を明らかにした。酵母を用いた実験により OsNAC の転写活性化能を明らかにした。タマネギ表皮細胞に GFP 融合遺伝子を導入した実験により OsNAC の細胞内局在性を明らかにした。形質転換植物を用いてマイクロアレイ解析を行い下流遺伝子を同定した。

**IV. OsDREB1F 遺伝子の機能解析**；イネの ERF/AP2/DREB 型転写因子の一つである OsDREB1F 遺伝子を過剰発現したシロイヌナズナと OsDREB1F に RD を付加したキメラ遺伝子を導入したシロイヌナズナを作製し表現型を解析した。OsDREB1F を過剰発現したイネを作製し表現型の解析とマイクロアレイ解析による下流遺伝子の同定を行った。

**V. OsPIF1 遺伝子の機能解析**；イネの bHLH 型転写因子の一つである OsPIF1 について CRES-T システムによるドミナントネガティブ型の形質転換植物と過剰発現植物を作製し表現型の解析を

行った。イネを用いた OsPIF1 プロモーター-GUS 実験を行い、OsPIF1 の発現部位を明らかにした。イネプロトプラストを用いた実験により OsPIF1 の転写活性化能を明らかにした。タマネギ表皮細胞に GFP 融合遺伝子を導入した実験により OsPIF1 の細胞内局在性を明らかにした。

**VI. AREB1 遺伝子の機能解析**；イネなどの単子葉植物はもとより双子葉植物を通じて幅広く保存されているアブシジン酸 (ABA) 応答配列 (ABRE) に結合する bZIP 型転写因子 AREB1 の機能を明らかにするために、CRES-T システムによるドミナントネガティブ型の形質転換シロイヌナズナを作製し表現型の解析を行った。同時に、活性型 AREB1 過剰発現型シロイヌナズナを作製し表現型の比較解析を行った。

## 【成果】

**I. イネにおける CRES-T システムの有効性**；CRES-T システムによる解析法が単子葉植物のモデル植物であるイネにおいても有効であることを確認するために、花の器官形成において雄蕊の雌蕊化という明瞭な表現型を示す *spw1* 変異体の原因遺伝子である転写因子 SPW1 を利用して解析をおこなった。SPW1 に RD を付加したキメラ遺伝子をイネに導入したところ、得られた遺伝子導入イネの花には、*spw1* 変異体と同様の表現型である雄蕊の雌蕊化が見られた (図 1)。得られた 21 ライン中 14 ラインにおいては特に全ての花が形態学的に異常となった。遺伝子導入した SPW1 キメラリプレッサーの発現量と内在性の SPW1 の発現量を調べたところ、いずれも有意な発現量が検出されたことから、co-suppression による影響ではなく、トランスジーン発現によるものであることが明らかとなった。従って、この CRES-T システムによる解析方法は、シロイヌナズナだけでなくイネにおいても有効であることが明らかとなった。リプレッションドメインを利用した雄性不稔植物の作出に関して特許申請中である。

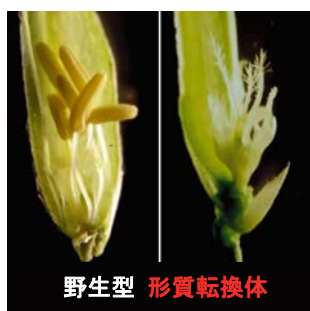


図 1. SPW1キメラリプレッサーを導入したイネの花の形態

**II. イネのストレス応答性転写因子の選抜**；乾燥、低温、高塩濃度ストレス応答性のイネ転写因子遺伝子群を選抜するためにイネのマイクロアレイ解析を行い、44 個、45 個、26 個の乾燥、低温、高塩濃度ストレス応答性転写因子遺伝子を見出した (表 1)。これら遺伝子の発現量の変化をノーザンブロット解析、リアルタイム RT-PCR 解析により確認した (図 2)。ノーザンブロット解析、リアルタイム RT-PCR 解析の結果とシロイヌナズナで得られている知見を利用して CRES-T システム解析対象の候補遺伝子を絞り込んだ。その結果、OsNAC(OsNAC2 および OsNAC6), OsDREB1F, OsPIF1 に着目することとした。

	高塩		乾燥		低温	
	up	down	up	down	up	down
AP2	4	1	6	1	11	0
NAC	6	0	8	0	10	0
WRKY	2	1	3	0	3	0
Myb	2	1	6	1	3	3
bHLH	1	0	2	2	3	0
Leu Zipper	2	0	2	0	1	0
HSF	3	0	5	0	2	0
RING	0	0	4	1	3	1
C3H1	1	0	1	0	2	0
G2H2	2	0	2	0	3	0

表 1. イネストレス応答性転写因子遺伝子の数 (マイクロアレイデータ) 3 倍以上発現量の変化の認められた遺伝子の数を示した。

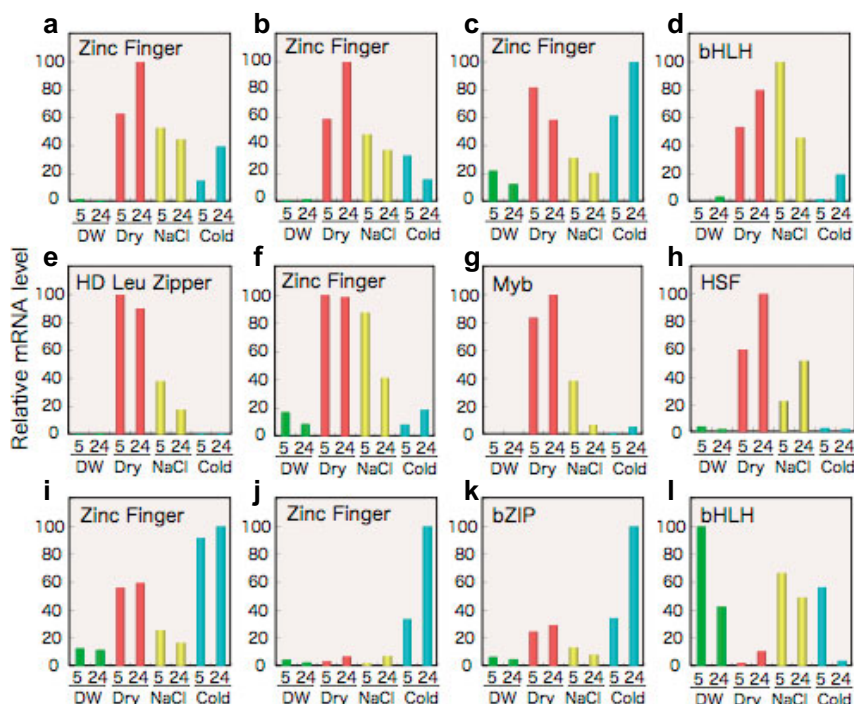


図2. ストレス応答性イネ転写因子遺伝子の発現量の変化 (リアルタイムRT-PCRによる解析) サンプルは各ストレス処理を5hまたは24h施したイネ幼植物体を用いた。a, b, c, dは乾燥、高塩、低温ストレス誘導性が、e, f, g, hは乾燥、高塩ストレス誘導性が、i, kは乾燥、低温ストレス誘導性が、jは低温ストレス誘導性が、lは乾燥、低温ストレスによる減少が認められる。

**III. OsNAC(OsNAC2 および OsNAC6)遺伝子の機能解析** ; 乾燥、塩ストレス、低温誘導性が見られる OsNAC6 と、シロイヌナズナの CUC1 に相同性が高い OsNAC2 について解析した。酵母を用いた実験から、いずれの OsNAC にも転写活性化能があること、タマネギ表皮細胞に GFP 融合遺伝子を導入する実験から、核に局在することが示された。OsNAC6 の発現解析から、メチルジャスモン酸に対しても応答が見られることが示され、生物的ストレスに対しても応答することが示唆された。イネを用いた OsNAC6 プロモーター-GUS 実験から、種子においても発現が強く、種子中でも機能していることが示唆された。OsNAC6 を過剰発現したシロイヌナズナでは植物体のサイズが小さくなり、glyoxalase 遺伝子をはじめ、多くのストレス誘導性遺伝子の発現レベルが上昇していた。OsNAC6 過剰発現イネでも生育阻害が見られ、多くのストレス誘導性遺伝子および生物的ストレスの誘導性遺伝子発現が上昇していた。シロイヌナズナへの RD 付加キメラ OsNAC6 遺伝子の導入を実施したが、全く形質転換体を得られず、致命的な影響があると考えられた。一方、OsNAC2 については、イネを用いた OsNAC2 プロモーター-GUS 実験から、胚において発現が強く、発芽後の芽生えにおいては弱いことが示され、OsNAC2 は胚において機能していることが示唆された。OsNAC2 を過剰発現したシロイヌナズナでは葉や茎の数が増加した。RD で機能を抑えたシロイヌナズナでは、子葉が融合したカップ状子葉 (cup-shaped cotyledon) と茎頂分裂組織の退化が観察され (図3)、CUC1 や CUC2 同様、子葉境界部の形成や分裂組織の維持の機能を持つことが示唆された。

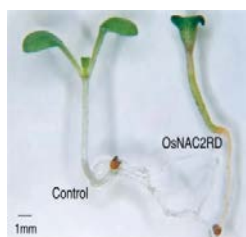


図3. OsNAC2キメラリプレッサーを導入したシロイヌナズナの表現型 子葉の融合が観察され、CUC様の機能を持つことが示された。

**IV. OsDREB1F 遺伝子の機能解析**；イネの OsDREB1F 遺伝子を過剰発現したシロイヌナズナでは DREB1E の標的遺伝子が過剰発現していた。RD を付加したキメラ遺伝子を導入したシロイヌナズナではこれらの遺伝子の発現が押さえられていた。凍結耐性試験においては、過剰発現体ではストレス耐性の向上が見られ、RD で機能を押さえた植物ではストレス耐性の減少が示された。一方、OsDREB1F をイネ中で過剰発現した植物では生育阻害が見られ、OsDREB1A 遺伝子とは異なる遺伝子群が標的となっていることがマイクロアレイ解析により示された。

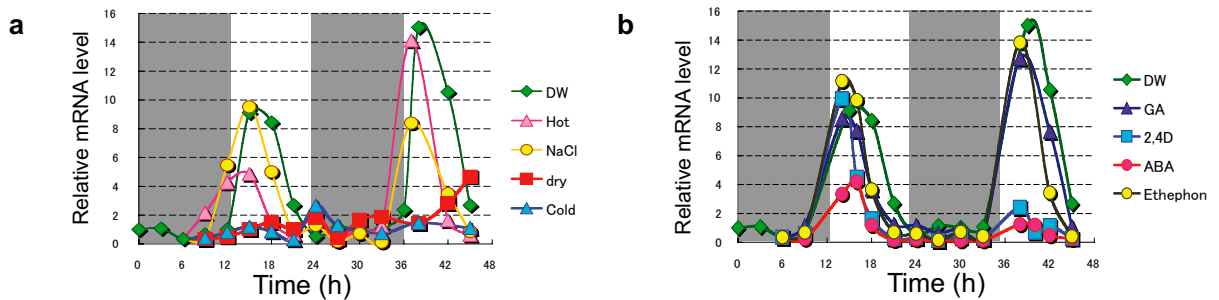


図4. OsPIF1 遺伝子の(a)乾燥、低温、高温、塩ストレス処理；(b) ABA、GA、2,4D、ethephon 処理による発現〔リアルタイム PCR〕 12 時間明暗サイクル下で発芽後 2 週間育てたイネ幼植物体を用いた。乾燥と低温ストレス処理によって明期における発現上昇が阻害された。GA による発現の影響は見られなかった。

**V. OsPIF1 遺伝子の機能解析**；OsPIF1 遺伝子の発現パターンを詳細にリアルタイム RT-PCR によって解析した結果、1) 非ストレス条件下では、暗期で低く明期で上昇する日周変動が見られること(図4)、2) 乾燥と低温ストレス処理によって明期における発現上昇が阻害されること(図4a)、3) ABA と 2,4D 処理によって明期における発現上昇が部分的に阻害されることが明らかとなった(図4b)。OsPIF1 遺伝子をシロイヌナズナに導入しその表現型を観察したところ、生育の促進(図5)と乾燥ストレス耐性の低下が見られた(図6)。一方、RD を利用した OsPIF1 機能欠損シロイヌナズナを作製し表現型を観察したところ、生育遅延(図5)と大幅な乾燥ストレス耐性の向上が認められた(図6)。OsPIF1 ドミナントネガティブ型イネの稈長は野生型と比べ短くなった(図7)。一方、過剰発現型イネの稈長は長くなった(図7)。これらの違いは節間の数ではなく上位の節間の長さの違いに因るものであった(図8, 9)。種子の形態について観察したところ、機能欠損イネの種子は有意に短粒化し、逆に過剰発現型イネの種子は長粒となった(図10)。成熟したイネの第1節間の differentiation zone に相当する部位の縦断面を観察した結果、機能欠損イネの柔細胞の大きさは野生型と比べ小さく、一方、過剰発現型イネの柔細胞の多くは大型化していた(図11)。プロモーター-GUS 解析の結果、節間の特定部位において強い発現が観察された(図12)。イネプロトプラストを用いたトランジェント解析により、OsPIF1 は光応答を正に制御している転写活性因子であることが明らかとなった(図13)。タマネギ表皮細胞を用いて OsPIF1 の細胞内局在性を解析した結果、核であることが明らかとなった(図14)。



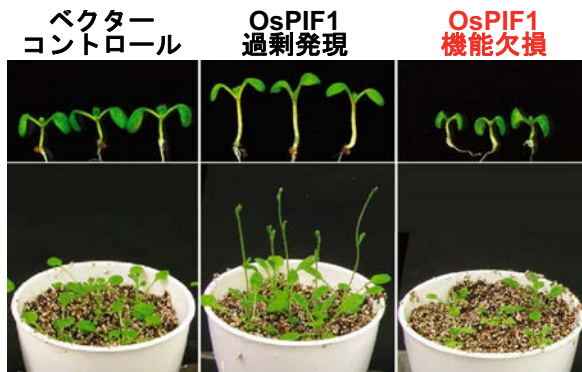


図5. 非ストレス条件下における OsPIF1 過剰発現シロイヌナズナ、OsPIF1 機能欠損シロイヌナズナの表現型

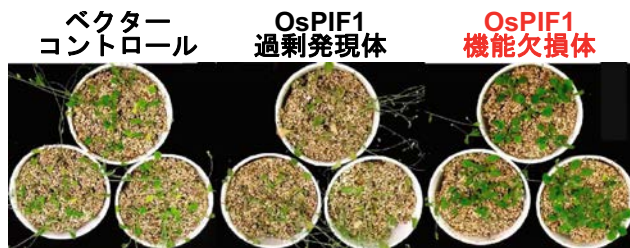


図6. 乾燥ストレス処理を9日間おこなった時のOsPIF1 過剰発現シロイヌナズナ、OsPIF1機能欠損シロイヌナズナの表現型



図7. 非ストレス条件下におけるOsPIF1過剰発現イネ、OsPIF1機能欠損イネの表現型 赤丸は穂の位置を示す



図8. OsPIF1過剰発現イネ、OsPIF1機能欠損イネの稈の形態。成熟したイネの葉鞘と葉身を取り除き、節の位置を確認した。赤矢印は節を示す。

- Panicle
- 1st internode
- 2nd internode
- 3rd internode
- 4th internode
- 5th internode

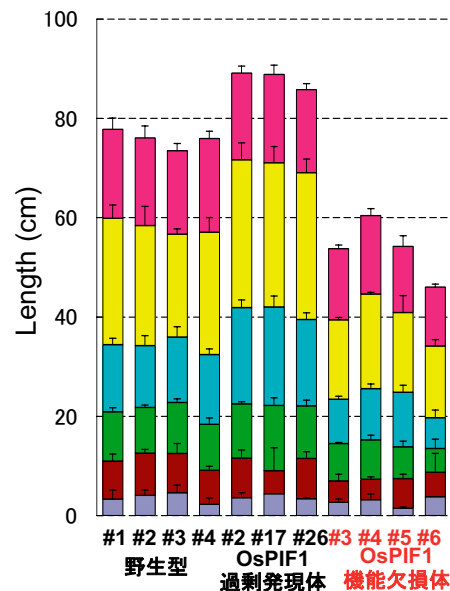


図9. OsPIF1過剰発現イネ、OsPIF1機能欠損イネの稈の長さ

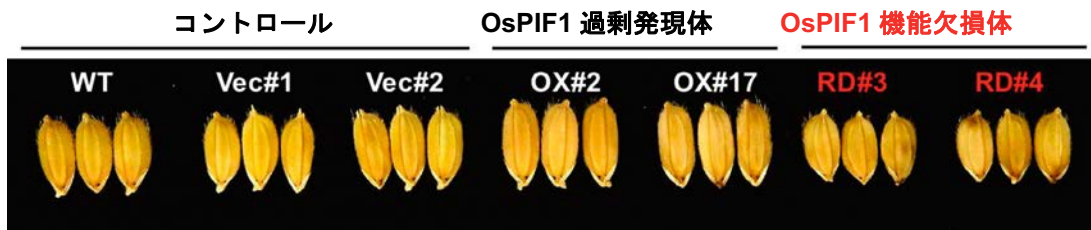


図10. OsPIF1過剰発現イネ，OsPIF1機能欠損イネの種子の形態  
 下の数値は粒の縦の長さを示す。コントロールと比べOsPIF1過剰発現体の粒の縦の長さは有意に長く ( $P < 0.001$ )、逆にOsPIF1機能欠損体は短粒型となった ( $P < 0.001$ )。

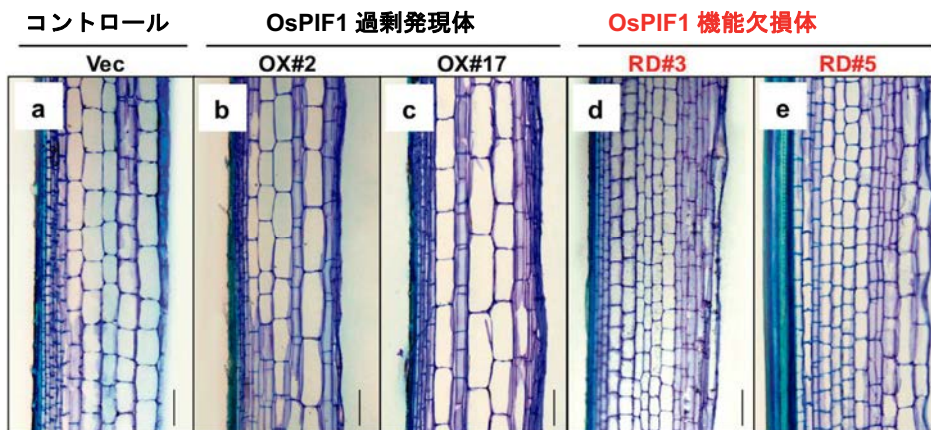


図11. OsPIF1過剰発現イネ，OsPIF1機能欠損イネの節間の縦断面。成熟したイネの第1節間の differentiation zone に相当する部位の縦断面を観察した。左側が表皮，右側の余白は髓腔に相当する。a : ベクターコントロール，b, c : OsPIF1過剰発現イネ，d, e : OsPIF1機能欠損イネ。

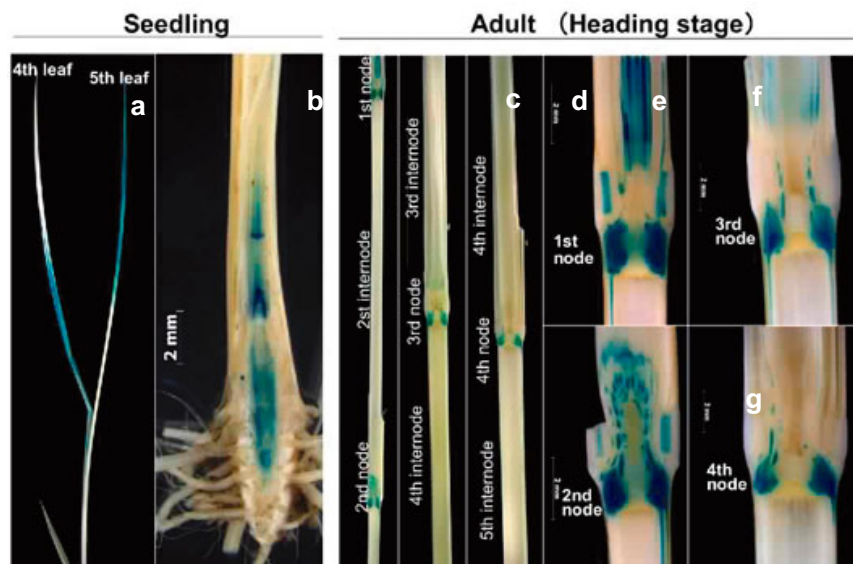


図12. プロモーターGUSを導入した形質転換イネによる解析  
 幼植物体においては葉身 (a) と茎の内部の基部に近い部分にシグナルが検出された (b)。出穂期では、節において非常に強いシグナルが検出された (c-i)。

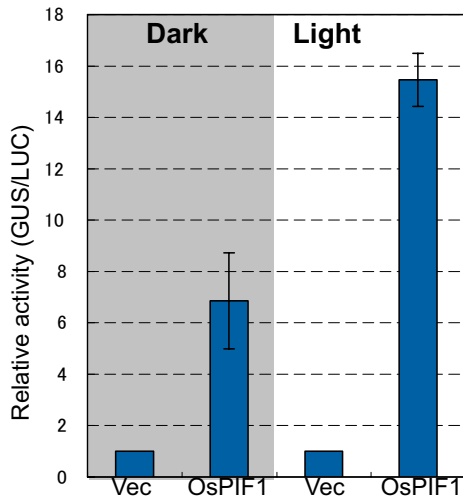


図 13. イネプロトプラストを用いたトランスアクリベーション解析  
OsPIF1 標的候補遺伝子のプロモーターを GUS に繋いでイネプロトプラスト中で OsPIF1 と共発現させ、培養後の GUS 活性を測定した。OsPIF1 の転写活性化能の光による影響を調べた。光によって OsPIF1 の転写活性化能は増大した。

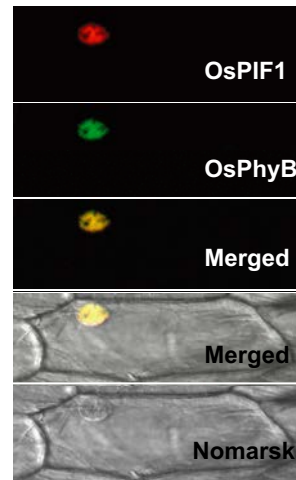


図 14. OsPIF1 の細胞内局在性  
タマネギ表皮細胞を用いてパーティクルガン法によってコンストラクトを導入した。導入後、共焦点レーザー顕微鏡によって観察した。

**VI. AREB1 遺伝子の機能解析**；活性型 AREB1 過剰発現型、および RD を用いたドミナントネガティブ型の形質転換シロイヌナズナを作製し表現型の解析を行った。その結果、コントロール植物と比較して、恒常的発現型では生長が遅延したのに対し、ドミナントネガティブ型では生長の促進が認められた。また、コントロール植物と比較して、恒常的発現型では ABA の感受性が増し、乾燥耐性能の向上がみられたのに対し、ドミナントネガティブ型ではその逆の表現型が認められ、RD の効果が示唆された (図 15)。これらの結果から、AREB1 は、ABA シグナル伝達系を介した乾燥ストレス応答において正の制御因子として重要な役割を果たしていることが示された (図 16)。

AREB1:RD 過剰発現植物 コントロー



活性型 AREB1 過剰発現植物

図 15. プレート上で 4 時間乾燥処理した後、再び水を入れて一晩おいた後の写真。活性型 AREB1 過剰発現植物は、生存しているのに対し、ドミナントネガティブ型植物(AREB1:RD 過剰発現植物)では、死滅した。

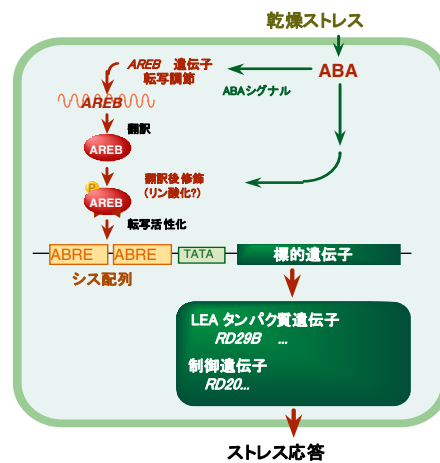


図 16. AREB1 を介した乾燥ストレス応答における ABA シグナル伝達系のモデル図。

## 【成果の位置づけや類似研究との比較】

**I. イネにおける CRES-T システムの有効性**；CRES-T システムの解析手法は、双子葉植物であるシロイヌナズナを用いて開発された方法であることから、単子葉植物であるイネにおいて有効であることを確認する必要があった。そこで、花の器官形成において雄蕊の雌蕊化という明瞭な表現型を示す *spw1* 変異体の原因遺伝子である転写因子 **SPW1** を利用して解析をおこなった。**SPW1** に **RD** を付加したキメラ遺伝子をイネに導入したところ、得られた遺伝子導入イネの花では、*spw1* 変異体と同様の表現型である雄蕊の雌蕊化が見られた。従って、リプレッションドメインを利用した **CRES-T** システムによる解析手法は、シロイヌナズナだけでなくイネにおいても有効であることが明らかとなった。

**II. イネのストレス応答性転写因子の選抜**；マイクロアレイ解析により、イネにおけるストレス応答性転写因子を網羅的に解析したことによって、イネのストレス応答機構において重要な役割を担っていることが推定される転写因子遺伝子群の全体像を明らかにすることに成功した。

**III. OsNAC(OsNAC2 および OsNAC6)遺伝子の機能解析**；NAC 遺伝子は植物の形態形成に関与する重要な転写因子として大きなファミリーを形成している。シロイヌナズナの NAC 遺伝子に関しては解析が進んでいるものの、イネの NAC 遺伝子の解析は限られている。本研究の **CRES-T** システムによる形質転換植物の表現型の解析では、明確な子葉における形態変化の表現型が出現した。この結果は、イネの NAC 遺伝子の機能を明らかにするための重要なデータであり、今後の解析に大いに役立つものである。

**IV. OsDREB1F 遺伝子の機能解析**；OsDREB1F 遺伝子は、植物に特異的な転写因子ファミリーの一つである AP2/ERF/DREB タイプの転写因子に属する。AP2/ERF/DREB 転写因子は、器官形成やストレス応答など多様な機能を示す。OsDREB1A 遺伝子についてはストレス応答時に多くの遺伝子を制御している重要な転写因子として解析が進められているが、本研究で着目した **OsDREB1F** 遺伝子に関しては機能が全く未知であった。**CRES-T** システムによる今回の解析によって、**OsDREB1F** は **OsDREB1A** とは異なる遺伝子を制御していることが明らかにされ、イネにおけるストレス応答機構を解明する上で重要な手がかりの一つが得られた。**DREB1** タイプの転写因子は、ストレス耐性能を向上させるのに非常に有効であることが詳細に調べられており、今回得られた解析結果は、ストレス耐性能を向上させたイネを開発する際の基礎的なデータとして重要な意味を持つものである。

**V. OsPIF1 遺伝子の機能解析**；PIF 遺伝子はフィトクロームに関連する光応答機構で働く重要な転写因子としてこれまでにシロイヌナズナにおいて盛んに研究が進められて来た。しかしながらイネにおいては、PIF 遺伝子の解析はほとんど行われていない。**CRES-T** システムによる今回の解析により、**OsPIF1** キメラリプレッサーを導入したシロイヌナズナ、イネにおいて明瞭な表現型を得ることに成功した。これまでのシロイヌナズナの PIF 遺伝子の解析では、胚軸の伸長に関与することが報告されていた。**OsPIF1** キメラリプレッサーを導入したイネは、シロイヌナズナではこれまで報告のなかった稈の長さの短い背丈の低い個体となった。**OsPIF1** の発現量の解析により、明期での発現誘導が乾燥ストレスによって抑制されることが示された。これらの結果は、**OsPIF1** が光応答機構とクロストークしてストレス応答時の植物体の大きさを決定している重要な遺伝子である可能性を示唆している。農作物であるイネにとって背丈は倒伏性を決める非常に重要な要素である。**CRES-T** システムによる今回の **OsPIF1** の解析により、背丈をコントロールしたストレス耐性イネの開発に役立つ基礎的な知見が得られた。

**VI. AREB1 遺伝子の機能解析**；ストレス応答経路の中でも ABA によって制御される経路は中心的な部分を担う重要な経路である。この ABA シグナル経路において重要な機能を果たしていることが推定された **AREB1** 遺伝子について **CRES-T** システムによる解析を行ったところ、**AREB1** キメラリプレッサーを導入したシロイヌナズナにおいて、成長の促進、ABA に対する感受性の低下、乾燥耐性能の低下という明瞭な表現型が得られた。一方、過剰発現型シロイヌナズナではこれらと逆の

表現型が認められた。これらの結果は、AREB1 が ABA シグナル伝達系を介した乾燥ストレス応答において正の制御因子として重要な役割を果たしていることを示す証拠であり、今回の CRES-T システムによる AREB1 遺伝子の解析は ABA シグナル経路の全容の解明に向けて大きく貢献するものとなった。

## (2) 研究成果の今後期待される効果

SPW1 転写因子を利用した解析によって、CRES-T システムはシロイヌナズナだけでなくイネにおいても有効であることを確認することができた。この成果は、CRES-T システムがイネの転写因子を研究する最も有用なツールの一つとして用いることが可能であることを意味している。植物個体の育成に時間と労力の要するイネにとって、1 回の形質転換のみによって表現型が解析できることは非常に魅力的である。従って、今後イネの転写因子の研究にこの CRES-T システムが高頻度に利用されることが想定される。また、この SPW1 キメラリプレッサーを導入したイネが不稔となったことから、農学上有益な雄性不稔作物の開発に今回の成果が展開されることが期待される。さらにこの成果は、CRES-T システムが、最も重要な穀物の一つであるイネに様々な有用形質を付与させることが可能であることを明白に示しており、今後この CRES-T システムによるイネの品種改良がますます盛んになることが予想される。

今回の CRES-T システムによって作製された OsPIF1 キメラリプレッサーを導入したシロイヌナズナの乾燥ストレス耐性が有意に向上したことは、今後のストレス耐性植物の開発にとって大いに役立つ一つの知見と言える。また、OsPIF1 キメラリプレッサーを導入したイネは稈の長さの短い背丈の低い個体となった。この短稈化の表現型はイネの倒伏抵抗性を向上させる有用な形質である。イネはいったん倒伏すれば収量の低下だけでなく、収穫作業が困難になり、品質の低下を招くため、倒伏抵抗性を向上させることは非常に重要である。今後この CRES-T システムによる OsPIF1 キメラリプレッサーを導入したイネを基盤として倒伏抵抗性を高めた品種の開発への展開が期待される。

### 3. 3 マイクロアレイを用いた転写因子および標的遺伝子の解析（理化学研究所 遺伝子発現研究グループ）

#### (1) 研究実施内容及び成果

遺伝子発現研究グループでは、転写リプレッサー (SRDX) を用いた遺伝子サイレンシング技術 (CRES-T システム) に加え、ゲノム情報やインフォマティクス、マイクロアレイ技術などを利用して、植物特異的及びストレス誘導性転写因子が制御する形質およびそれらの標的遺伝子群を網羅的に解析することにより、それらの機能ネットワークの解明を行うことを目的とした。

まず初めに、インフォマティクス技術により同定したシロイヌナズナ全転写因子のデータベースを作成し、この情報をもとに全転写因子の完全長 cDNA クローン収集や転写因子オリゴアレイを用いた発現解析を行った。次にこれらゲノムリソースを利用して、植物特異的転写因子やストレス誘導性転写因子の強発現型、ドミナントネガティブ型形質転換シロイヌナズナやノックアウト変異体の表現型解析、アレイ解析によるターゲット解析等を通じて、機能ネットワークを推定した。

ストレス誘導性の NAC タイプの転写因子である RD26 の解析では、この遺伝子が植物ホルモンアブシジン酸 (ABA) を介したストレス応答シグナル伝達経路において重要な役割を果たしていることを明らかにした。また、小胞体ストレスに関与すると考えられている bZIP 転写因子 bZIP60 が、塩ストレス耐性に関与することを明らかにした。さらに、植物特異的なファミリーを形成し、PHD タイプの核内因子である MS1 の解析では、この因子が転写因子として花粉及びタペート層形成を制御していることを明らかにした。

a) シロイヌナズナ転写因子データベースの作成および転写因子cDNAの収集：シロイヌナズナゲノムに存在する1978個の転写因子をPSI-Blastにより高精度・高感度に同定した。これらの全転写因子を扱う新しいデータベース RARTF (RIKEN Arabidopsis Transcription Factor database; <http://rarge.gsc.riken.jp/rartf/>) の作製、公開を行った (図 a-1)。また、1978個の転写因子のうち、リソースセンターなどからcDNAが入手できないものが700個存在したため、PCRによる単離作業を行い、約400個のcDNAの単離に成功した。うち15遺伝子に関して新規のスプライシング異性を発見した。

RARTF - RIKEN Arabidopsis thaliana Transcription Factor database

**[RARTF] : RIKEN Arabidopsis Transcription Factor database**

We detected 1978 transcription factors on the Arabidopsis thaliana genome based on PSI-BLAST searches. PSI-BLAST is powerful program to search protein families with high sensitivity and selectivity. In this page, various information of Arabidopsis thaliana transcription factor families are available: full-length cDNA sequences, Ds-tagged mutants, multiple sequences alignments of family members, phylogenetic trees, functional motifs, and so on. In addition, expression profiles of all transcription factor genes will be available in this page.

**Transcription factor table:**

ID	Family	Members	ID	Family	Members	ID	Family	Members	ID	Family	Members
TF_1	MYB superfamily	238	TF_14	Trihelix	31	TF_27	EIL	6	TF_64	TGA3	8
TF_2	AP2/EREBP	145	TF_15	HSF	27	TF_28	LFY	3	TF_65	Pti4	12
TF_3	bHLH	157	TF_16	TCP	24	TF_29	Other	27	TF_66	Pti5	14
TF_4	NAC	108	TF_17	ARF	119	TF_35	PAIRED(w/o HB)	88	TF_67	Pti6	14
TF_5	C2H2(Zn)	177	TF_18	C3H-type 1(Zn)	38	TF_48	Swi4/Swi6	1	TF_68	ERF	14
TF_6	HB	101	TF_19	C3H-type 2(Zn)	10	TF_55	Aux/AA	49	TF_69	PHD-finger	10
TF_7	MADS	106	TF_20	SBP	17	TF_56	HMG-box	15	TF_72	VIP3	1
TF_8	bZIP	75	TF_21	Nir-like	14	TF_57	ARID	6	TF_73	LIM-domain	6
TF_9	WRKY(Zn)	72	TF_22	ABI3/NF1	112	TF_58	JUMONJI	15	TF_74	AT-hook	3
TF_10	GARP	57	TF_23	TUB	11	TF_59	PcG, E(z) class	33	TF_75	Str2	2
TF_11	C2C2(Zn)	126	TF_24	E2F/DP	8	TF_60	PcG, Esc class	3	TF_other		40
TF_12	CCAAT	37	TF_25	CP2(ZN)	11	TF_62	CBF5	2	TF_GTF		13
TF_13	GRAS	32	TF_26	Atf1-like	80	TF_63	SW13	11			

**Total (non-redundant) number of transcription factors:**  
Families classification is based on Reichmann J.L. et al. (2002) Arabidopsis transcription factors: genome-wide comparative analysis among eukaryotes.

**Other contents or tools:**

図 a-1 シロイヌナズナ転写因子データベース公開サイトRARTF

b) シロイヌナズナ制御因子オリゴアレイを用いた転写因子の遺伝子発現プロファイル解析：(1) の転写因子情報を基に全転写因子オリゴアレイを作製した。これに加えて、完全長 cDNA マイクロ

アレイ、アジレントゲノムアレイを用いて、種々のストレス、ホルモン処理また植物組織における発現プロファイル解析を行った。これまでに 30 種類のストレス（乾燥、低温、塩など）やホルモン（ABA, ジャスモン酸、サリチル酸など）に応答する転写因子を同定した。乾燥 2 時間、低温 2 時間、塩 2 時間、ABA 2 時間、メチルジャスモン酸 5 時間、サリチル酸 5 時間処理により 3 倍以上発現誘導される転写因子をそれぞれ 45 個、13 個、49 個、50 個、11 個、77 個同定した。

c) シロイヌナズナのストレス誘導性転写因子 WRKY40 の機能ネットワーク解析：

マイクロアレイを用いた解析の結果、WRKY40 遺伝子は、乾燥・塩・低温などのストレスやサリチル酸・メチルジャスモン酸・アブシジン酸などのホルモン、*Alternaria brassicicola* や *Pseudomonas syringae* などの病原菌の感染などにより発現誘導されることを明らかにした。そこで WRKY40 遺伝子の過剰発現植物を作製し、その表現型解析を行ったところ、過剰発現植物は *Pseudomonas syringae* 病原菌の感染に対して抵抗性を示した（図 c-1）。また、過剰発現植物のマイクロアレイ解析により、パーオキシダーゼ、リポキシナーゼなどの病害応答に関連する遺伝子の発現が上昇していることを示した。これらの結果から、WRKY40 は耐病性のシグナル伝達経路において機能する転写因子であることが示唆された。



図 c-1. WRKY40 過剰発現トランスジェニック植物（Line No. 12, No. 18）は、*Pseudomonas syringae* pv. *maculicola* に抵抗性を示した。

d) シロイヌナズナのストレス誘導性 NAC 転写因子の機能ネットワーク解析

乾燥応答性遺伝子として単離された *RD26* は NAC ドメインを含むタンパク質をコードしている。まず、我々は *RD26*:GFP 融合タンパク質の局在観察や酵母を用いた転写活性化実験を行い、この *RD26* タンパク質が核移行能を持つ転写制御因子として機能することを明らかにした。次に、*RD26* の過剰発現型、および、ドミナントネガティブ (SRDX) 型トランスジェニックシロイヌナズナを作製し、その表現型を観察した結果、過剰発現植物では葉柄が短く、葉身がまるい、ストレス下で生育した野生型に似た形態を示した。これとは逆に、*RD26*-SRDX 型植物では、葉柄の伸長、葉身の縮小など、*RD26* 過剰発現植物と逆の形態的特徴を示した（図 d-1A）。さらに、*RD26* 過剰発現植物は ABA に高感受性を示すのに対して、*RD26*-SRDX 植物は ABA に対する感受性が低下していた（図 d-1B）。これらのトランスジェニック植物を用いたマイクロアレイ解析により、*RD26* 過剰発現植物ではストレスおよび ABA 応答性遺伝子が恒常的に蓄積していたのに対し、*RD26*-SRDX 植物ではそれら遺伝子の発現誘導が抑制されていることを示した。さらに、プロトプラストの一過的発現系を用いて、*RD26* がアレイ解析で同定した下流遺伝子の一つ、*GLY* 遺伝子のプロモーターを直接活性化させることを示した（図 d-2）。以上の結果から、*RD26* が ABA を介したストレスシグナル伝達経路において重要な役割を果たしていることを明らかにした。また、*RD26* 下流遺伝子は、病原体感染や酸化ストレスなどの生物的ストレスや老化などでも発現誘導されること、*RD26* 自身もこれら生物的ストレスに応答することから、*RD26* が非生物ストレスシグナルと、感染などの生物的ストレスシグナルのクロスリンクに深く関わっていることが示唆された。

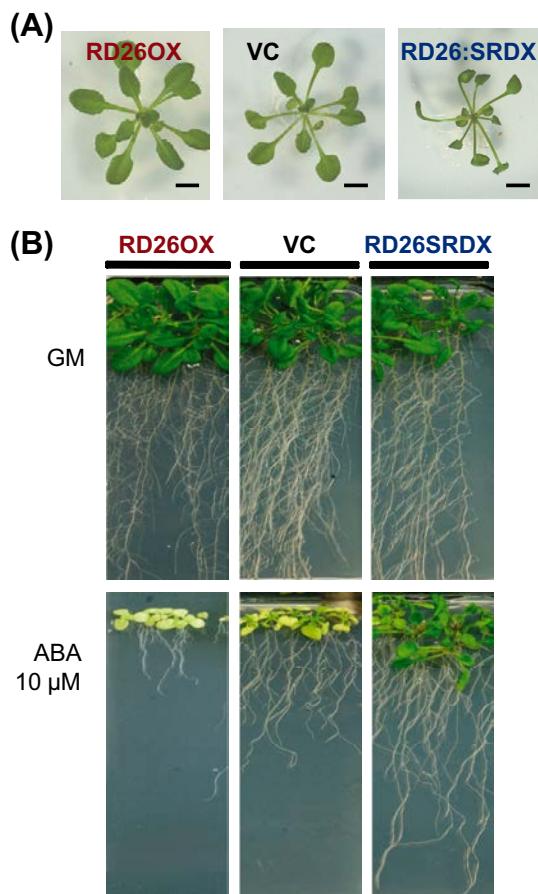


図 d-1 RD26 形質転換体の表現型

(A) RD26 形質転換体の形態変化. (B) RD26 形質転換体の ABA 応答性. RD26OX: RD26 過剰発現体、VC: ベクターコントロール、RD26:SRDX: RD26 ドミナントネガティブ変異体、Bar=0.5 cm

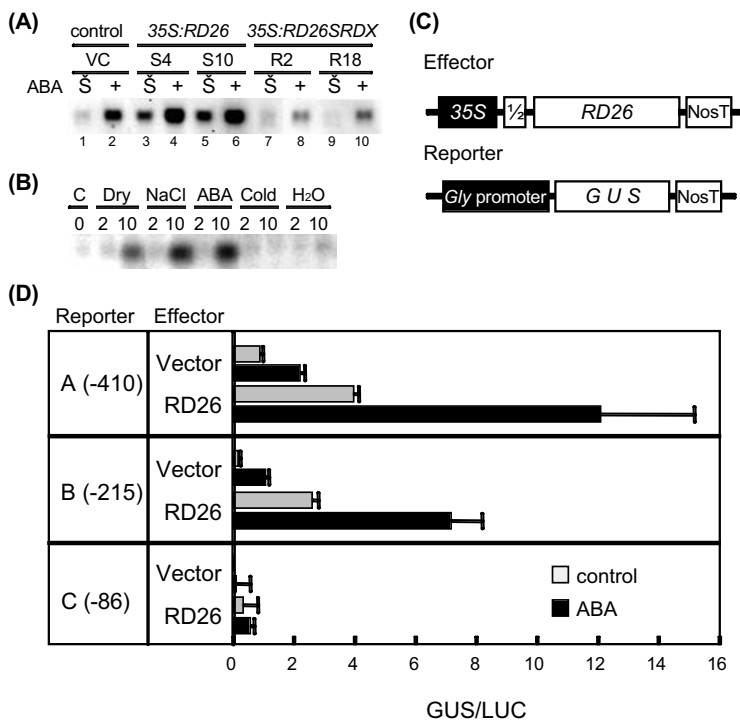


図 d-2 プロトプラストを用いた RD26 下流遺伝子 GLY プロモーターの転写活性化解析

(A) RD26 形質転換植物における GLY 遺伝子の発現解析. (B) 野生型植物における GLY 遺伝子のストレス応答. (C) プロトプラスト一過発現解析に用いたコンストラクト. (D) 3 種の長さの GLY プロモーター (それぞれ ATG 上流 410, 215, 86 bs) を用いた転写活性化解析. RD26 存在下で 410 および 215 bs のプロモーターが活性化された. ABA 存在下でさらに強い転写活性が観察された。



e) シロイヌナズナのストレス誘導性 bZIP 型転写因子の機能ネットワーク解析

マイクロアレイ解析などにより同定した41のストレス応答性転写因子のcDNAを混合し、過剰発現体ライブラリーを作製した。得られた形質転換体のプールから塩ストレス耐性を示すラインをスクリーニングし、耐性を獲得したbZIP型転写因子***bZIP60***を高発現する植物を複数得た。これらの***bZIP60***過剰発現ラインは、後代においても塩ストレスに対して優位な耐性を示した(図e-1) マイクロアレイ解析の結果、この植物中では、乾燥や塩などに応答する遺伝子群の発現が上昇していることが明らかになり、***bZIP60***が塩ストレス応答において重要な役割を果たすことが示された。

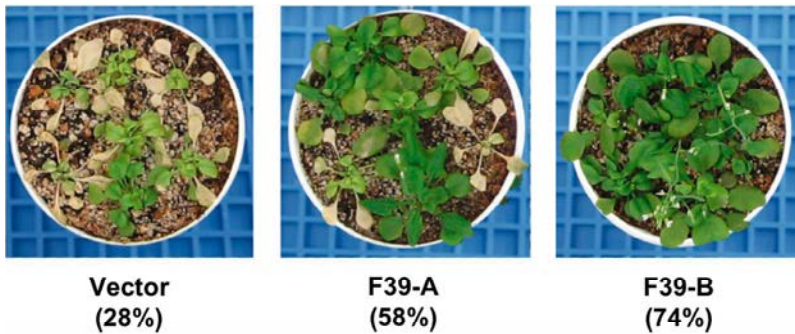


図 e-1 *bZIP60* 過剰発現体の塩ストレス耐性試験

播種後4週間のベクターコントロール(Vector)および *bZIP60* 過剰発現植物(F39A, B)を、250 mM NaCl 溶液に10日間浸した後、水に戻し、数日間育成した時の生存率を( )内に示した。

f) シロイヌナズナの植物特異的 MS1 核内因子の機能ネットワーク解析

シロイヌナズナの PHD タイプ MALE STERILITY1 (MS1) ホモログは、植物特異的なファミリーを形成する。そのうちの一つである MS1 は核移行シグナルを持つことから転写因子としての機能が推定されていた。MS1 が転写因子かどうか明らかにするため、遺伝子サイレンス技術(CRES-T法)を用いた解析を行った。*MS1* cDNA と転写抑制ドメイン(*SRDX*)との融合コンストラクト(*MS1-SRDX*)の形質転換シロイヌナズナが *ms1* 突然変異体様表現型を示したことから、MS1 は転写因子として機能することが示唆された(図f-1)。

*ms1* 突然変異体、*MS1-SRDX* 形質転換体は、花粉エキシン構造不全、花粉サイトゾル・タペート層の発生異常という表現型を示した(図f-1)。これら結果から、MS1 が転写因子として花粉及びタペート層形成を制御していることが明らかとなった。

次に MS1 が制御する遺伝子群を同定するために、最初に公開アレイデータを用いて、野生型では発現が見られるが、*ms1* 変異体では発現が減少する 95 遺伝子を同定した。これらには、エキシンを形成するスポロポレニンポリマーの合成系遺伝子と推定される遺伝子群が含まれていた。これら遺伝子群について、グルココルチコイド誘導系を用いて更に詳細に解析したところ、*MYB99* 遺伝子が *MS1* の直接のターゲットであることが示唆された(図f-2)。これら解析から、*MS1* の関与する転写因子ネットワークモデルを構築した(図f-3)。

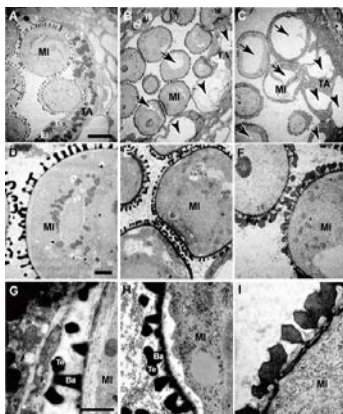


図 f-1 野生型、*MS1-SRDX* 形質転換体、*ms1* 突然変異体の TEM 解析。(A, D, G) 野生型。(B, E, H) *MS1-SRDX* 形質転換体。(C, F, I) *ms1* 突然変異体。*MS1-SRDX* 形質転換体、*ms1* 突然変異体では小孢子、タペート層の空胞化が見られ、野生型で見られるタペート層特異的オルガネラ(タペートゾーム、エライオプラスト)形成が阻害される。また、*MS1-SRDX* 形質転換体では野生型と比べてエキシン構造(bacula, tectum)が小さく、*ms1* 突然変異体ではエキシンに特徴的な構造が全く見られない。矢印は小孢子粒の空胞化、矢尻はタペート層の空胞化を示す。TA: タペート層。MI: 小孢子。Ts: タペートゾーム。El: エライオプラスト。Te: tectum。Ba: bacula。

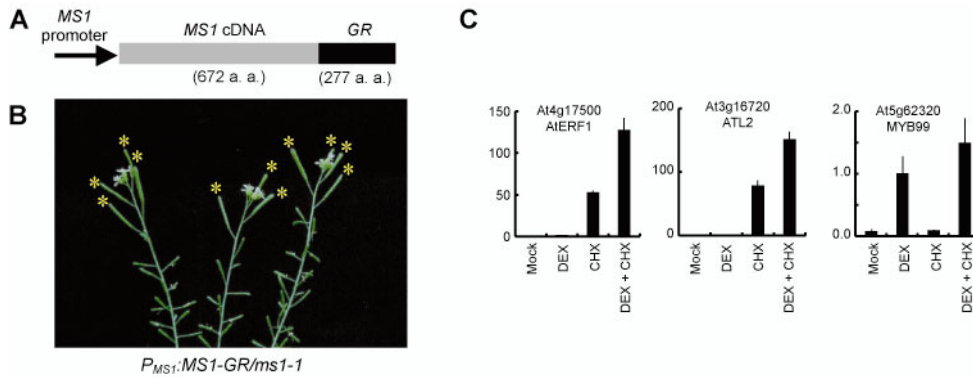


図 f-2 グルココルチコイド誘導系と *MYB99* 遺伝子のタンパク質合成阻害剤(CHX)存在下でのグルココルチコイド(DEX)誘導。

(A) 形質転換したグルココルチコイド誘導系コンストラクト。(B) A で示したコンストラクトを *ms1* 変異体に形質転換した植物体。DEX 添加により稔性が回復した(\*印で示す)。(C) *MYB99* 遺伝子の CHX 存在下での DEX 誘導。*AtERF1*, *ATL2* はタンパク質合成阻害により mRNA が蓄積する遺伝子。CHX 処理によりこれら遺伝子が誘導されたことから、本実験系で CHX が機能していることを示す。*MYB99* 遺伝子は CHX 存在下でも DEX 誘導されることから、mRNA 発現に新規タンパク質合成は必要ない。

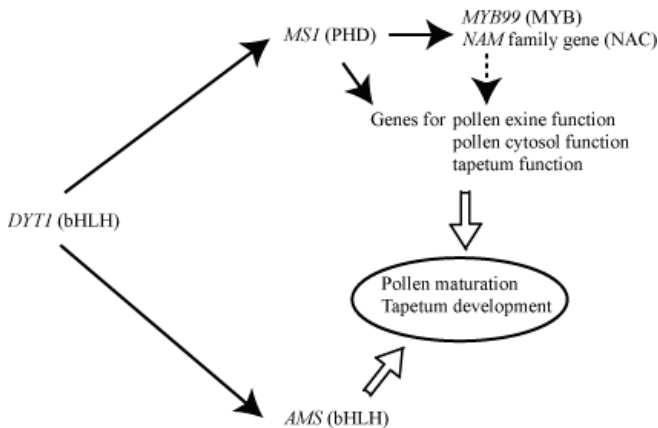


図 f-3 *MS1* の関与する転写因子ネットワークモデル。

*Myc* 型 *DYT1*, *AMS* はそれぞれ減数分裂直前、減数分裂後のタペート層で発現し、各遺伝子変異により雄性不稔形質を示す遺伝子である。*dyt1* 変異体では *MS1*, *AMS* 遺伝子発現が見られないことから、*DYT1* は *MS1*, *AMS* の上流に位置することが既に明らかである。我々の解析から、*MS1* の下流に *MYB99*, NAC 型転写因子が位置していることが明らかとなった。

## (2) 研究成果の今後期待される効果

本研究で、ストレス誘導性 WRKY, NAC, bZIP 因子、植物特異的 MS1 因子の機能ネットワーク解析により下流遺伝子群の網羅的単離を行うことができた。また、各種ストレス誘導性転写因子群も多数同定した。今後、本グループの網羅的解析により、さらに多くの転写因子制御経路が明らかになり、複雑な転写ネットワークの全貌解明に迫ることができると期待される。シロイヌナズナで明らかになった転写ネットワークを応用して、乾燥・低温・高温等、環境耐性作物作出への利用が期待される。

### 3.4 シロイヌナズナキメラリプレッサー形質転換体を用いた有用遺伝子の探索研究（秋田県立大 大学生物資源科学部 有用遺伝子探索グループ）

#### (1) 研究実施内容及び成果

転写因子の機能、相互のネットワークを明らかにするためには多数の遺伝子のそれぞれについてキメラリプレッサーを作製、植物体へ導入してその影響を調べる必要がある。端的には、全ての転写因子を網羅することが望ましい。また、シロイヌナズナに対する全転写因子を網羅するようなキメラリプレッサー発現体が作製出れば、それはライブラリーとしての有用なリソースになり、これを用いて特定の形質に関わる転写因子の探索に利用できると考えられる。当該研究グループは、このライブラリーが今後の植物研究への貢献度が大変高いと考えられることから、まず、キメラリプレッサー発現形質転換シロイヌナズナ植物体を網羅的に作製する。得られた組換え植物のライブラリーからスクリーニングを行い、形態形成、ストレス、代謝関連など、有用形質に関与する転写因子遺伝子の探索研究を行う。また、有用作物としてイネの転写因子遺伝子 NAC の研究を行う。

シロイヌナズナ転写因子グループで作製されたキメラリプレッサー型転写因子遺伝子を順次にシロイヌナズナに導入し第一世代の種子を得、検定を行った。ランダムに抽出した 20 系統について導入頻度を調べた結果、種子 200  $\mu$ l 当たり平均 70 (6~171) の遺伝子導入種子が得られ、安定した形質転換頻度が得られた。平均して約 3 分の 1 の系統に可視で確認できる形態変化が見られた。及んだ形質は子葉の形態、胚軸の有無や長さ、根毛の形態など、多様であった。このように高頻度に変異型表現型が得られたことは有用形質全般に渡り変化が起きている可能性が高く、網羅的なライブラリーとして信頼性が高いことが示唆される。形態変化を伴わないものについては、特殊な環境下で変異型を示す系統も含まれていると考えられる。これまで 1100 以上のキメラ遺伝子導入を終えた。個別遺伝子導入に加え、導入の効率化を目指すためにバルク法という新しい方法も試みた。これは個別の遺伝子を持つアグロバクテリウム 40 種類（すなわち 40 遺伝子）を同菌数混合し、一度の感染によって遺伝子導入を行うものである。多くの種子について遺伝子別に解析しなければならないが、一度に多数の遺伝子を導入できる利点がある。大部分の T1 世代の系統について安定した頻度で遺伝子導入がされていることが明らかになり、バルク法も形質転換を作製する上で有効な方法であることを示した。

一方、本研究の目的の一つとして研究成果を有用作物に広げることが考えられる。NAC 転写因子ファミリーは老化、ストレス応答、分化など多様な生理作用に関与する。我々はイネ葉の老化に伴って発現する NAC 遺伝子を分離し、*Osy37* と名付けた。キメラリプレッサー型に変換しイネに導入し、その影響を調査中である。また、*Osy37* 遺伝子を大腸菌発現ベクターにクローニングし、高発現させ、部分精製を行った。本遺伝子が制御する標的遺伝子の分離、シス領域の同定、および標的遺伝子の発現を共同して制御する別の因子について探索を進めている。

#### (2) 研究成果の今後期待される効果

網羅的に得られた形質転換体から T2 世代を育成し、有用形質を探索する。具体的には 1. ストレス耐性については高塩、重金属 (Cd, Al)、高温、乾燥、低温、など。2. 植物ホルモンについてはジャスモン酸、エチレン、ブラシノステロイド、オーキシン、サイトカイニン、ABA、に対して耐性。3. 一般的な形態変化については重力屈性、葉の背腹性、などが変化したもの。4. 栄養に対する応答変化では高糖濃度耐性などが考えられる。地球環境の悪化に伴い、植物科学は重要性を増している。本研究の発展によりファイトレミディエーション、バイオエタノールを目指した有用性植物作製に道を開く事も可能であると考えられる。

### 3.5 木質制御関連転写因子研究（独立行政法人理化学研究所植物科学研究センター生産機能研究グループ、木質制御研究グループ）

#### (1)研究実施内容及び成果

CRES-T 研究から、NAC 転写因子である NST が二次木部形成を制御し、この遺伝子を不活性化するかあるいは対応するキメラリプレッサーを発現させることによって、木部形成が抑制され、糖化率の高い木質成分を有する植物体が作出出来ることをシロイヌナズナ植物で明らかにした。このことは、今後木質を用いた効率的なバイオエタノール生産の貢献できると考えられる。しかし、NST 遺伝子の作用は、木本植物においては、まだ調べられていない。本研究グループは、木本のモデル植物であるポプラを用い、二次木部形成にマスター因子として機能する NST 転写因子の機能について調べ、効率的なバイオエタノール生産開発研究に対する基盤研究を行う。

これまでにシロイヌナズナで同定した植物の木質形成を制御する NST 転写因子に対するポプラのホモログを単離し、その RNAi コンストラクトおよびキメラリプレッサーを作成し、それぞれでポプラの形質転換を進めている。本グループは、平成 18 年 12 月から参加している。シロイヌナズナで植物の木質形成に関与することが示された転写因子 (NST1、NST3) のポプラでの機能を解析するために、平成 18 年度に形質転換を行ったポプラの育成と増殖を進めた。これまでに以下のラインについてシュートまたはカルスが得られた。

35S:PtrNST1 : カルス7 ライン

35S:PtrNST1SRDX : カルス5 ライン

35S:PtrNST2 : シュート9

35S:PtrNST2SRDX : シュート5

PtrNST1pro:PtrNST1SRDX : カルス10 ライン

PtrNST2pro:PtrNST2SRDX : シュート2、カルス6 ライン

また、シロイヌナズナで植物の木質形成に関与する他の転写因子 (VND1-VND7) のポプラホモログのプロモーター領域とコーディング領域を単離し、ポプラでの機能解析を開始した。

#### (2)研究成果の今後期待される効果

木本に於いても、リグニン含量が減少し、糖化率の高い木質を有する植物体を得ることが出来れば、今後バイオエタノール開発研究に大いに貢献できると考えられる。

#### 4 研究参加者

##### 1) シロイヌナズナ転写因子研究グループ(シロイヌナズナ転写因子の機能解析研究)

氏名	所属	役職	研究項目	参加時期
高木 優	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	研究グループ長・ 主幹研究員	総括、指導	平成 14 年 11 月～平成 20 年 3 月
平津 圭一郎	(独)産業技術総合研究所 ジーンファンクション研 究センター	主任研究員	転写抑制機構	平成 14 年 11 月～平成 17 年 12 月
小山 知嗣	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST 研究員	ナズナ転写因子	平成 14 年 11 月～平成 18 年 9 月
光田 展隆	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST 研究員  研究員	ナズナ転写因子	平成 15 年 4 月 ～平成 18 年 9 月平成 18 年 10 月～平成 20 年 3 月
四方 雅仁	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST 研究員	ナズナ転写因子	平成 17 年 4 月 ～平成 19 年 3 月
梅村 佳美	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST 研究員	ナズナ転写因子	平成 18 年 4 月 ～平成 20 年 3 月
瀧口 裕子	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST 技術員	ナズナ転写因子	平成 16 年 4 月 ～平成 20 年 3 月
松井 恭子	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST 技術員	ナズナ転写因子	平成 15 年 4 月 ～平成 16 年 10 月
山口 邦枝	(独)産業技術総合研究所 ジーンファンクション研 究センター	研究補助員	ナズナ育成・管理	平成 14 年 11 月～平成 18 年 3 月
串田 明子	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	研究補助員  CREST 研究補助員	遺伝子単離と導入	平成 15 年 4 月 ～平成 15 年 12 月 平成 16 年 1 月 ～平成 17 年 3 月
川南 宣子	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	研究補助員	ナズナ育成・管理	平成 15 年 8 月 ～平成 18 年 9 月
金田 尚子	(独)産業技術総合研究所 ゲノムファクトリー研究 部門	CREST チーム事務 員	事務	平成 14 年 11 月～平成 20 年 3 月

2) イネ転写因子研究グループ(イネの転写因子の機能解析)

氏名	所属	役職	研究項目	参加時期
篠崎 和子	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	特定研究主査	統括、指導	平成14年11月～平成20年3月
伊藤 裕介	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	研究員	遺伝子導入と機能解析	平成14年11月～平成19年10月
圓山 恭之進	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	研究員	データベースサーチ、アレイデータ解析	平成14年11月～平成20年3月
戸高 大輔	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	特別研究員	遺伝子導入と機能解析	平成17年4月～平成19年3月
桂 幸次	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	重点研究支援協力員	遺伝子単離と導入	平成14年11月～平成17年3月
佐藤 里絵	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	CREST 研究員	遺伝子導入と機能解析、プロモーターの検討	平成16年4月～平成18年5月
大河原 依久子	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	CREST 技術員	遺伝子導入イネの作製	平成14年11月～平成18年3月
豊島 真実	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	CREST 研究補助員	データベースサーチ、アレイデータ解析	平成15年4月～平成20年3月
吉原 今日子	国際農林水産業研究センター・生物資源領域	CREST 研究補助員	遺伝子構造解析、アレイ解析	平成16年4月～平成20年3月

3) 遺伝子発現研究グループ(マイクロアレイを用いた転写因子及び標的遺伝子の解析の研究)

氏名	所属	役職	研究項目	参加時期
篠崎 一雄	理化学研究所 植物分子生物学研究室 植物科学研究センター	主任研究員  センター長	総括、指導	平成14年11月～平成17年3月 平成17年4月～平成20年3月
伊藤 卓也	理化学研究所 植物分子生物学研究室	先任研究員	トランスジェニック	平成14年11月～平成20年3月
関 原明	理化学研究所 植物科学研究センター・植物ゲ	チームリーダー	マイクロアレイ	平成14年11月～平成20年

	ノム機能研究グループ			3月
片桐 健	理化学研究所 植物分子生物学研究室	研究員	トランスジェニック	平成14年11月～平成19年3月
藤田 美紀	理化学研究所 植物分子生物学研究室  CREST  植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	リサーチアソシエイト  CREST 研究員  研究員	トランスジェニック	平成14年11月～平成15年3月 平成15年4月～平成18年3月 平成18年4月～平成20年3月
水門 佐保	理化学研究所 植物分子生物学研究室  CREST  植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	テクニカルスタッフ  CREST 技術員  テクニカルスタッフ	トランスジェニック	平成14年11月～平成15年3月 平成15年4月～平成18年3月 平成18年4月～平成20年3月
石田 順子	理化学研究所 植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	テクニカルスタッフ	マイクロアレイ	平成14年11月～平成20年3月
櫻井 哲也	理化学研究所 植物科学研究センター・メタボローム基盤研究グループ	ユニットリーダー	インフォマティクス	平成14年11月～平成20年3月
亀井 綾子	理化学研究所 植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	基礎科学特別研究員	トランスジェニック	平成15年4月～平成16年3月
金 鍾明	理化学研究所 植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	研究員	マイクロアレイ	平成17年4月～平成20年3月
諸澤 妙子	理化学研究所 植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	テクニカルスタッフ	インフォマティクス	平成17年4月～平成20年3月
松井 章浩	理化学研究所 植物科学研究センター・植物ゲノム機能研究グループ	リサーチアソシエイト	マイクロアレイ	平成17年10月～平成20年3月

#### 4) 有用遺伝子探索研究グループ (有用遺伝子探索研究)

氏名	所属	役職	研究項目	参加時期
我彦 広悦	秋田県立大学大学院生物資源科学研究科	教授	有用遺伝子探索グループ総括	平成16年9月～平成20年3月
ペルジオ フラン	秋田県立大学大学院生物	研究員	トランスジェニ	平成16年9月～

シスコ Jr.	資源科学研究科		ック植物作製	平成 17 年 3 月
田村 昌弘	秋田県立大学大学院生物 資源科学研究科	研究補助員	トランスジェニ ック植物作製	平成 16 年 9 月～ 平成 17 年 3 月
澤田 隆之	秋田県立大学大学院生物 資源科学研究科	研究補助員	トランスジェニ ック植物作製	平成 16 年 9 月～ 平成 20 年 3 月
石田 小百合	秋田県立大学大学院生物 資源科学研究科	研究補助員	トランスジェニ ック植物作製	平成 17 年 4 月～ 平成 20 年 3 月

5) 木質制御研究グループ（木質形成に関与する転写因子の機能研究）

氏名	所属	役職	研究項目	参加時期
出村 拓	理化学研究所 植物科学研究センター生 産機能研究グループ	チームリーダー	総括、指導	平成 18 年 12 月 ～平成 20 年 3 月
西窪 伸之	理化学研究所 植物科学研究センター生 産機能研究グループ	研究員	トランスジェニ ック、機能解析	平成 18 年 12 月 ～平成 20 年 3 月
山口 雅利	理化学研究所 植物科学研究センター生 産機能研究グループ	研究員	トランスジェニ ック、機能解析	平成 18 年 12 月 ～平成 20 年 3 月

5 招聘した研究者等

氏名 所属・役職	招聘の目的	滞在先	滞在期間
Joseph R. Ecker ソーク研究所・教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.14-17
Robert Fischer カリフォルニア大学・教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.14-18
Erich Grotewold オハイオ州立大学・助教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.12-17
Soo Young Kim Kumho Life and Environmental Science 研究所・教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.15-18
Cathie R. Martin ジョンイネスセンター・助教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.14-17
Peter McCourt トロント大学・教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.11-17
Pamela Green デラウェア大学・教授	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.14-18
James Zhang メンデルバイオ社・主任研究員	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.15-19
Loïc Lepiniec JPB 研究所・プロジェクトリーダー	CREST-JST 国際シン ポジウムにて講演	オークラホテル エポカル	H17.11.12-19



## 6 成果発表等

(1)原著論文発表 (国際誌 40 件、国内誌 0 件)

Abe H, Urao T, Ito T, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

*Arabidopsis* AtMYC2 (bHLH) and AtMYB2 (MYB) function as transcriptional activators in abscisic acid signaling.

Plant Cell. 15(1):63-78. Jan 2003

Simpson SD, Nakashima K, Narusaka Y, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Two different novel *cis*-acting elements of *erd1*, a *clpA* homologous *Arabidopsis* gene function in induction by dehydration stress and dark-induced senescence.

Plant J. 33(2):259-70. Jan 2003

Dubouzet JG, Sakuma Y, Ito Y, Kasuga M, Dubouzet EG, Miura S, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

*OsDREB* genes in rice, *Oryza sativa* L., encode transcription activators that function in drought-, high-salt- and cold-responsive gene expression.

Plant J. 33(4):751-63. Feb 2003

Narusaka Y, Nakashima K, Shinwari ZK, Sakuma Y, Furihata T, Abe H, Narusaka M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Interaction between two *cis*-acting elements, ABRE and DRE, in ABA-dependent expression of *Arabidopsis rd29A* gene in response to dehydration and high-salinity stresses.

Plant J. 34(2):137-48. Apr 2003

Hiratsu K, Matsui K, Koyama T, Ohme-Takagi M.

Dominant repression of target genes by chimeric repressors that include the EAR motif, a repression domain, in *Arabidopsis*.

Plant J. 2003 Jun;34(5):733-9

Oono Y, Seki M, Nanjo T, Narusaka M, Fujita M, Satoh R, Satou M, Sakurai T, Ishida J, Akiyama K, Iida K, Maruyama K, Satoh S, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K

Monitoring expression profiles of *Arabidopsis* gene expression during rehydration process after dehydration using *ca.* 7000 full-length cDNA microarray

Plant J. 34(6): 868-87 Jun 2003

Yamada K, Lim J, Dale J.M, Chen H, Shinn P, Palm C.J, Southwick A.M, Wu H.C, Kim C, Nguyen M, Pham P, Cheuk R, Karlin-Newmann G, Liu S.X, Lam B, Sakano H, Wu T, Yu G, Miranda M, Quach H.L, Tripp M, Chang C.H, Lee J.M, Toriumi M, Chan M.M.H, Tang C.C, Onodera C.S, Deng J.M, Akiyama K, Ansari Y, Arakawa T, Banh J, Banno F, Bowser L, Brooks S, Carninci P, Chao Q, Choy N, Enju A, Goldsmith A.D, Gurjal M, Hansen N.F, Hayashizaki Y, Johnson-Hopson C, Hsuan V.W, Iida K, Karnes M, Khan S, Koesema E, Ishida J, Jiang P.X, Jones T, Kawai J, Kamiya A, Meyers C, Nakajima M, Narusaka M, Seki M, Sakurai T, Satou M, Tamse R, Vaysberg M, Wallender E.K, Wong C, Yamamura Y, Yuan S, Shinozaki K, Davis R.W, Theologis A, Ecker J.R.

Empirical Analysis of Transcriptional Activity in the *Arabidopsis* Genome

Science. 302(5646):842-46. Oct 2003

Rabbani MA, Maruyama K, Abe H, Khan MA, Katsura K, Ito Y, Yoshiwara K, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Monitoring expression profiles of rice genes under cold, drought, and high-salinity stresses and abscisic acid application using cDNA microarray and RNA gel-blot analyses.

Plant Physiol. 133(4):1755-67. Dec 2003

Satoh R, Fujita Y, Nakashima K, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

A novel subgroup of bZIP proteins functions as transcriptional activators in hypoosmolarity-responsive expression of the *ProDH* gene in *Arabidopsis*.  
Plant Cell Physiol. 45(3):309-17. Mar 2004

Kasuga M, Miura S, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
A combination of the *Arabidopsis* DREB1A gene and stress-inducible *rd29A* promoter improved drought- and low-temperature stress tolerance in tobacco by gene transfer.  
Plant Cell Physiol. 45(3):346-50. Mar 2004

Maruyama K, Sakuma Y, Kasuga M, Ito Y, Seki M, Goda H, Shimada Y, Yoshida S, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Identification of cold-inducible downstream genes of the *Arabidopsis* DREB1A/CBF3 transcriptional factor using two microarray systems.  
Plant J. 38(6):982-93. Jun 2004

Taji T, Seki M, Satou M, Sakurai T, Kobayashi M, Ishiyama K, Narusaka Y, Narusaka M, Zhu J-K, Shinozaki K.  
Comparative genomics in salt tolerance between *Arabidopsis* and *Arabidopsis*-related halophyte salt cress using *Arabidopsis* Microarray  
Plant Physiol. 135(3):1697-709. Jul 2004

Hiratsu K, Mitsuda N, Matsui K, Ohme-Takagi M.  
Identification of the minimal repression domain of SUPERMAN shows that the DLELRL hexapeptide is both necessary and sufficient for repression of transcription in *Arabidopsis*.  
Biochem Biophys Res Commun. 2004 Aug 13;321(1):172-8. Erratum in: Biochem Biophys Res Commun. 2006 Aug 25;347(2):540.

Qin F, Sakuma Y, Li J, Liu Q, Li YQ, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Cloning and functional analysis of a novel DREB1/CBF transcription factor involved in cold-responsive gene expression in *Zea mays* L.  
Plant Cell Physiol. 45(8):1042-52. Aug 2004

Tran LSP, Nakashima K, Sakuma Y, Simpson SD, Fujita Y, Maruyama K, Fujita M, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Isolation and functional analysis of *Arabidopsis* stress-inducible NAC transcription factors that bind to a drought-responsive *cis*-element in the *early responsive to dehydration stress 1* promoter.  
Plant Cell. 16(9):2481-98. Sep 2004

Fujita M, Fujita Y, Maruyama K, Seki M, Hiratsu K, Ohme-Takagi M, Tran L-S. P, Yamaguchi-Shinozaki K, and Shinozaki K.  
A dehydration-induced NAC protein, RD26 is involved in ABA-dependent stress signaling pathway  
Plant J. 39(6):863-76. Sep 2004

Sakamoto H, Maruyama K, Sakuma Y, Meshi T, Iwabuchi M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
*Arabidopsis* Cys2/His2-type zinc-finger proteins function as transcription repressors under drought, cold, and high-salinity stress conditions.  
Plant Physiol. 136(1):2734-46. Sep 2004

Iida K, Seki M, Sakurai T, Satou M, Akiyama K, Toyoda T, Konagaya A, Shinozaki K.  
Genome-wide analysis of alternative pre-mRNA splicing in *Arabidopsis thaliana* based on full-length cDNA sequences  
Nuc. Acid. Res. 32(17):5096-103. Sep 2004

Matsui K, Tanaka H, Ohme-Takagi M.

Suppression of the biosynthesis of proanthocyanidin in Arabidopsis by a chimeric PAP1 repressor.  
Plant Biotechnol J. 2004 Nov;2(6):487-93

Matsui K, Hiratsu K, Koyama T, Tanaka H, Ohme-Takagi M.  
A chimeric AtMYB23 repressor induces hairy roots, elongation of leaves and stems, and inhibition of the deposition of mucilage on seed coats in Arabidopsis.  
Plant Cell Physiol. 2005 Jan;46(1):147-55. Epub 2005 Jan 24.

Tohge T, Matsui K, Ohme-Takagi M, Yamazaki M, Saito K.  
Enhanced radical scavenging activity of genetically modified Arabidopsis seeds.  
Biotechnol Lett. 2005 Mar;27(5):297-303.

Kamei A, Seki M, Umezawa T, Ishida J, Satou M, Akiyama K, Zhu J-K, Shinozaki K.  
Analysis of gene expression profiles in *Arabidopsis salt overly sensitive* mutants *sos2-1* and *sos3-1*  
Plant Cell Environ. 28(10):1267-75. Oct 2005

Uehara Y, Takahashi Y, Berberich T, Miyazaki A, Takahashi H, Matsui K, Ohme-Takagi M, Saitoh H, Terauchi R, Kusano T.  
Tobacco ZFT1, a transcriptional repressor with a Cys2/His2 type zinc finger motif that functions in spermine-signaling pathway.  
Plant Mol Biol. 2005 Oct;59(3):435-48

Mitsuda N, Seki M, Shinozaki K, Ohme-Takagi M.  
The NAC transcription factors NST1 and NST2 of Arabidopsis regulate secondary wall thickenings and are required for anther dehiscence.  
Plant Cell. 2005 Nov;17(11):2993-3006. Epub 2005 Oct 7.

Fujita Y, Fujita M, Satoh R, Maruyama K, Parvez MM, Seki M, Hiratsu K, Ohme-Takagi M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
AREB1 Is a transcription activator of novel ABRE-dependent ABA signaling that enhances drought stress tolerance in *Arabidopsis*.  
Plant Cell. 17(12):3470-88. Dec 2005

Ito Y, Katsura K, Maruyama K, Taji T, Kobayashi M, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Functional analysis of rice DREB1/CBF-type transcription factors involved in cold-responsive gene expression in transgenic rice.  
Plant Cell Physiol. 47(1):141-53. Jan 2006

Nakashima K, Fujita Y, Katsura K, Maruyama K, Narusaka Y, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Transcriptional regulation of ABI3- and ABA-responsive genes including *RD29B* and *RD29A* in seeds, germinating embryos, and seedlings of *Arabidopsis*.  
Plant Mol Biol. 60(1):51-68. Jan 2006

Furihata T, Maruyama K, Fujita Y, Umezawa T, Yoshida R, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Abscisic acid-dependent multisite phosphorylation regulates the activity of a transcription activator AREB1.  
Proc Natl Acad Sci USA. 103(6):1988-93. Feb 2006

Oono Y, Seki M, Satou M, Iida K, Akiyama K, Sakurai T, Fujita M, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Monitoring expression profiles of Arabidopsis genes during cold acclimation and deacclimation using DNA microarrays  
Funct. Integr. Genomics. 6(3):212-34. Feb 2006

Mitsuda N, Hiratsu K, Todaka D, Nakashima K, Yamaguchi-Shinozaki K, Ohme-Takagi M.

Efficient production of male and female sterile plants by expression of a chimeric repressor in *Arabidopsis* and rice.

Plant Biotechnol J. 2006 May;4(3):325-32

Sakuma Y, Maruyama K, Osakabe Y, Qin F, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Functional analysis of an *Arabidopsis* transcription factor, DREB2A, involved in drought-responsive gene expression.

Plant Cell 18(5):1292-309. May 2006

Sakuma Y, Maruyama K, Qin F, Osakabe Y, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Dual function of an *Arabidopsis* transcription factor DREB2A in water-stress-responsive and heat-stress-responsive gene expression.

Proc Natl Acad Sci USA. 103(49):18822-7. Dec 2006

Mitsuda N, Iwase A, Yamamoto H, Yoshida M, Seki M, Shinozaki K, Ohme-Takagi M.

NAC transcription factors, NST1 and NST3, are key regulators of the formation of secondary walls in woody tissues of *Arabidopsis*.

Plant Cell. 2007 Jan;19(1):270-80. Epub 2007 Jan 19

Tran LSP, Nakashima K, Sakuma Y, Osakabe Y, Qin F, Simpson SD, Maruyama K, Fujita Y, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Co-expression of the stress-inducible zinc finger homeodomain ZFHD1 and NAC transcription factors enhances expression of the *ERD1* gene in *Arabidopsis*.

Plant J. 49(1):46-63. Jan 2007

Koyama T, Furutani M., Tasaka M, Ohme-Takagi M

TCP transcription factors control the morphology of shoot lateral organs via negative regulation of the expression of boundary-specific genes in *Arabidopsis*.

Plant Cell. 2007 Feb;19(2):473-84. Epub 2007 Feb 16

Takahashi F, Yoshida R, Ichimura K, Mizoguchi T, Seo S, Yonezawa M, Maruyama K, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.

Dissecting the jasmonate signaling pathway by a novel MAP kinase cascade, MKK3-MPK6, in *Arabidopsis*

Plant Cell. 19(3):805-18. Mar 2007

Qin F, Kakimoto M, Sakuma Y, Maruyama K, Osakabe Y, Tran LS, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Regulation and functional analysis of *ZmDREB2A* in response to drought and heat stresses in *Zea mays* L.

Plant J. 50(1):54-69. Apr 2007

Nakashima K, Tran LS, Van Nguyen D, Fujita M, Maruyama K, Todaka D, Ito Y, Hayashi N, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.

Functional analysis of a NAC-type transcription factor OsNAC6 involved in abiotic and biotic stress-responsive gene expression in rice.

Plant J. 51:617-30. Aug 2007

Fujita M, Mizukado S, Fujita Y, Ichikawa T, Nakazawa M, Seki M, Matsui M, Yamaguchi-Shinozaki, and Kazuo Shinozaki K.

Identification of stress-tolerance-related transcription-factor genes via mini-scale full-length cDNA over-expressor (FOX) gene hunting system

Biochem. Biophys. Res. Commun. in press 2007

Ito T, Nagata N, Yoshiba Y, Ohme-Takagi M, Ma H, Shinozaki K.

The *Arabidopsis* *MALE STERILITY1* gene encoding a PHD-type transcription factor regulates pollen and tapetum development. Plant Cell. in press 2007

(2) その他の著作物 (国際誌 21 件 国内誌 22 件)

- Seki M, Kamei A, Satou M, Sakurai T, Fujita M, Oono Y, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Transcriptome analysis in abiotic stress conditions in higher plants  
Topics in Current Genetics. Hirt H. and Shinozaki K. eds. Springer. 14(2):271-95. 2003
- Seki M, Kamei A, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Molecular responses to drought, salinity and frost: common and different paths for plant protection  
Curr Opin Biotech. 14(2):194-99. Apr 2003
- Shinozaki K, Elizabeth S Dennis.  
Cell signaling and gene regulation. Global analyses of signal transduction and gene expression profiles  
Curr Opin Plant Biol. 6 (5):405-409. Oct 2003
- Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K, Seki M.  
Regulatory network of gene expression in the drought and cold stress responses  
Curr Opin Plant Biol. 6(5):410-17. Oct 2003
- Seki M, Satou M, Sakurai T, Akiyama K, Iida K, Ishida J, Nakajima M, Enju A, Narusaka M, Fujita M, Oono Y, Kamei A, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
RIKEN Arabidopsis full-length (RAFL) cDNA and its applications for expression profiling under abiotic stress conditions  
J Exp Bot. 55(395):213-23. Jan 2004
- Seki M, Satou M, Sakurai T, Akiyama K, Iida K, Ishida J, Nakajima M, Enju A, Narusaka M, Fujita M, Oono Y, Yamaguchi-Shinozaki K, Carninci P, Kawai J, Hayashizaki Y, and Shinozaki K.  
Full-length cDNAs for the discovery and annotation of genes in *Arabidopsis thaliana*  
Plant Functional Genomics. Edited by Dario Leister. Food Products Press, 3-22, 2005
- Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Organization of *cis*-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters.  
Trends Plant Sci. 10(2):88-94. Feb 2005
- Nakashima K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Regulons involved in osmotic- and cold-stress-responsive gene expression in plants.  
Physiologia Plantarum. 126(1):62-71. Jan 2006
- Shinozaki K. and Yamaguchi-Shinozaki K.  
Global analysis of gene networks to solve complex abiotic stress responses, Cold Hardiness in Plants; Molecular Genetics, Cell Biology and Physiology  
Proceeding of 7th International Plant Cold Hardiness Seminar in Sapporo Japan. Edited by T.H.H. Chen, M. Uemura and S. Fujikawa, CABI Publishing. 1-10. 2006
- Umezawa T, Fujita M, Fujita Y, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Engineering drought tolerance in plants: discovering and tailoring genes to unlock the future  
Curr Opin.Biotech. 17(2):113-22. Feb 2006
- Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Transcriptional regulatory networks in cellular responses and tolerance to dehydration and cold stresses.  
Annu Rev Plant Biol. 57:781-803. Jun 2006
- Fujita M, Fujita Y, Noutoshi Y, Takahashi F, Narusaka Y, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.  
Crosstalk between abiotic and biotic stress responses: a current view from the points of convergence in the stress signaling networks  
Curr Opin Plant Biol. 9(4):436-42. Aug 2006

Nakashima K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Molecular studies on stress-responsive gene expression in *Arabidopsis* and improvement of stress tolerance in crop plants by regulon biotechnology.  
Japan Agr Res Quarterly 39(4):221-229. Oct 2005

Yamaguchi-Shinozaki K, Sakuma Y, Ito Y, Shinozaki K.  
The DRE/DREB regulon of gene expression in *Arabidopsis* and rice in response to drought and cold stress.  
Ribaut JM. (ed) "Drought Adaptation in Cereals" The Haworth Press, New York, 583-598. 2006

Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Gene networks involved in drought stress response and tolerance  
J Exp Bot. 58(2):221-27. Jan 2007

Seki M, Umezawa T, Urano K, Shinozaki K.  
Regulatory metabolic networks in drought stress responses  
Curr Opin Plant Biol. 10(3):296-302. Jun 2007

Hirayama T. and Shinozaki K.  
Perception and transduction of abscisic acid signals: keys to the function of the versatile plant hormone ABA  
Trends in Plant Sci. 12(8):343-51. Jul 2007

Tran LSP, Nakashima K, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K.  
Plant gene networks in osmotic stress response: from genes to regulatory networks.  
Methods Enzymol. 428:109-28. *in press*

Seki M, Umezawa T, Kim J.M, Matsui A, To T, Shinozaki K.  
Transcriptome analysis of plant drought and salt stress response  
Advances in Molecular Breeding Toward Drought and Salt Tolerant Crops. Edited by Drs. M.A. Jenks, P.M. Hasegawa and S.M. Jain. Eds. Springer Publishing. *in press*.

Seki M, Kamiya A, Carninci P, Hayashizaki Y, Shinozaki K.  
Generation of full-length cDNA libraries from plant materials  
Methods in Molecular Biology-ESTs. Edited by Dr. John Parkinson. Humana Press Inc., NJ. *in press*.

Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K,  
Functional genomics for gene discovery in abiotic stress response and tolerance  
Proceedings of Rice Functional Genomics 5 at IRRI. *in press*.

篠崎和子  
植物の低温・乾燥ストレス応答と耐性獲得の分子機構.  
低温生物工学会誌 49(1):21-27. 2003年8月

関 原明、佐藤将一、石田順子、櫻井哲也、中嶋舞子、秋山顕治、槐 亜希子、飯田 慶、大野陽子、篠崎一雄  
シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた植物ゲノムの機能・発現解析  
蛋白質核酸酵素, 48 (14): 1890-98. 2003年

松井恭子、高木優  
植物転写因子の機能解析にむけた新規ジーンサイレンシング  
Medical Do 2004年2月

中島一雄、篠崎和子、篠崎一雄

植物の環境ストレスに対する応答.

植物感染生理談話会論文集 第40号「自他識別と応答のバイオフィロントニア」 101-110. 2004年8月

関 原明、佐藤将一、石田順子、櫻井哲也、中嶋舞子、秋山顕治、槐 亜希子、飯田 慶、篠崎一雄

シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への利用  
ゲノミクス・プロテオミクスの新展開、今中忠行 監修、株式会社 エヌ・ティー・エス、328-36.  
2004年

鳴坂義宏、鳴坂真理、関 原明、佐藤将一、櫻井哲也、小林正智、篠崎一雄

植物-病理微生物相互作用におけるトランスクリプトーム解析

日本感染生理談話会論文集「自他識別と応答のバイオフィロントニア」、日本植物病理学会、40: 101-10.  
2004年8月

篠崎和子、篠崎一雄

環境ストレス耐性獲得に関与する転写因子 DREB によって制御される代謝ネットワーク.

日本農芸化学会誌 78(10):981-983. 2004年10月

刑部祐里子、篠崎一雄、篠崎和子

乾燥ストレスとアブシジン酸シグナル伝達機構.

植物の生長調節 39(2):158-166. 2004年12月

中島一雄、篠崎和子、篠崎一雄

植物の環境ストレスに対する応答.

羽柴輝良編『新しい作物保護の展開-バイオサイエンスへのかけはし-』ソフトサイエンス社、  
294-302. 2005年2月

桂幸次、篠崎和子

乾燥ストレスに対する応答とその応用.

羽柴輝良編『新しい作物保護の展開-バイオサイエンスへのかけはし-』ソフトサイエンス社、  
302-304. 2005年2月

篠崎一雄、伊藤卓也、黒森崇、本橋令子

ゲノムの構成と発現

植物の生化学・分子生物学、Bob B. Buchanan, Wilhelm Gruissem, Russell L. Jones eds, 杉山  
達夫、岡田清孝、内藤 哲、中村研三、長谷俊治監修、福田裕穂、前島正義監訳、学会出版センタ  
ー、283-322. 2005年

大野陽子、関 原明、篠崎和子、篠崎一雄

植物の根に関する諸問題-環境ストレス及びその回復過程に働く遺伝子発現応答研究の現状 (1)  
乾燥ストレス-

業および園芸、80 (6): 692-701. 2005年

大野陽子、関 原明、篠崎和子、篠崎一雄

植物の根に関する諸問題-環境ストレス及びその回復過程に働く遺伝子発現応答研究の現状 (2)  
低温馴化と脱馴化-

農業および園芸、80 (7): 798-806. 2005年

刑部祐里子、篠崎和子  
植物の乾燥と高塩ストレス応答と体制の獲得.  
化学と生物 44(4):265-271. 2006年4月

刑部祐里子、篠崎和子  
植物の環境ストレス耐性機構の解明と分子育種への応用.  
植調 40(5):191-199. 2006年8月

戸高大輔、篠崎和子  
乾燥ストレスと低温ストレス応答.  
甲斐昌一・森川弘道(監修)『プラントミメティックスー植物に学ぶ』エヌ・ティー・エス 378-384.  
2006年8月

中島一雄、篠崎一雄、篠崎和子  
環境耐性作物開発のための制御因子の探索と分子育種への利用(1) レギュロンバイオテクノロジーを利用した環境ストレス耐性作物の開発の現状と展望.  
ブレイン テクノニュース 117:1-7. 2006年9月

藤田泰成、篠崎和子  
乾燥・塩ストレス.  
小柴共一、神谷勇治、勝見允行(編)『植物ホルモンの分子細胞生物学-成長・分化・環境応答の制御機構』講談社 233-246. 2006年9月

藤田泰成、篠崎和子  
植物ホルモンの情報伝達ネットワークを利用した乾燥耐性植物の開発.  
農林水産技術研究ジャーナル 30(3):31-34. 2007年3月

伊藤裕介、篠崎一雄、篠崎和子  
遺伝子組換え技術を用いた乾燥・高塩・低温ストレス耐性植物の作出.  
種生物学会編『農業と雑草の生態学 侵入植物から遺伝子組換え作物まで』197-217. 2007年3月

佐久間洋、篠崎和子  
水分・温度ストレスに応答した転写制御ネットワーク.  
蛋白質 核酸 酵素 52(6):543-549. 2007年5月

光田展隆、高木優  
木質形成を制御するキーファクター遺伝子の発見  
バイオインダストリー24巻10号50-58. 2007年10月

(3)学会発表(国際学会発表及び主要な国内学会発表)

①招待講演(国際会議 59件、国内会議 26件)

(国際会議)

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Kamiya A<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Narusaka M, Satou M<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Nanjo T<sup>2</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, and Shinozaki K<sup>1</sup>.



(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>3</sup>Genesis Research Inst., <sup>4</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Expression profiling using *Arabidopsis* full-length cDNAs under abiotic stress conditions.’

Plant Science Center Symposium II on Biosyntheses of Plant Hormones and Beyond, Wako, Nov. 18-19. 2002

Shinozaki K, Matsui M, Seki M, Kuromori T, Nakazawa M, Ichikawa T, Hirayama T, Ito T, Motohashi R, Sakurai T.

(RIKEN)

‘*Arabidopsis* functional genomics in RIKEN Genomic Science Center: Collection of full-length cDNAs and tagging lines, and their application for functional analysis of plant genes involved in abiotic stress.’

The 2002 Cold Spring Harbor Symposium on Comparative Plant Genomics, New York USA, Dec. 12-15. 2002

Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Global analysis of gene expression in response to cold, drought and high salinity: crosstalk in stress signaling.’

2003 Gordon Conference on Temperature Stress in Plants, Ventura USA, Jan. 26-3. 2003

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Kamiya A<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Narusaka M, Satou M<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Nanjo T<sup>3</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, and Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>3</sup>Genesis Research Inst., <sup>4</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Expression profiling using *Arabidopsis* full-length cDNAs under abiotic stress conditions.’

SEB 2003 on Comparative Biochemistry and Physiology, Southampton UK, Mar. 31-Apr.4. 2003

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>1</sup>, Kamiya A<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,2</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Mizukado S<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>3</sup>, Ecker J.R<sup>4</sup>, Davis R.W<sup>5</sup>, Theologis A<sup>6</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Sawasaki T<sup>1</sup>, Kim J.M<sup>1</sup>, Hasegawa Y<sup>1</sup>, Endo Y<sup>7</sup>, Yokoyama S<sup>1</sup>, and Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>3</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>4</sup>Salk Inst., <sup>5</sup>Stanford GTC., <sup>6</sup>PGEC, <sup>7</sup>Ehime Univ.)

‘*Arabidopsis* encyclopedia using full-length cDNAs and its application for functional genomics.’

RIKEN GSC International Symposium 2003 on New frontiers of plant functional genomics, May 28-29. 2003

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Urao T<sup>2</sup>, Yoshida R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Imura Y<sup>2</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Molecular responses to drought, high salinity and cold stress: difference and crosstalk in stress signaling.’

The 7<sup>th</sup> International Congress on Plant Molecular Biology, Barcelona Spain, Jun 23-28. 2003

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>, Osakabe Y<sup>1</sup>, Furihata T<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN)

‘Signal transduction pathways for the activation of ABA-responsive gene expression in drought-stress response.’

7th International Congress on Plant Molecular Biology, Barcelona, Spain, Jun 26, 2003

Shinozaki K

(RIKEN)

‘Gene expression and signal transduction in osmotic stress response.’

National Societies (NS) and FEPS Sponsored Meetings, Nice France, Jun 28-Jul 3. 2003

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences)

‘Regulation of gene expression and signal transduction in response to abiotic stress in plants.’

Temasek Life Sciences Laboratory Seminar, Singapore. Aug 11, 2003

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,2</sup>, Kamiya A<sup>1</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>3</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, and Shinozaki K<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>3</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Arabidopsis functional genomics for systematic analysis of abiotic stress responses’

Functional Genomics and Breeding Strategies for Cold Tolerance in Plants, Sapporo Japan, Aug 26-27. 2003

Shinozaki K<sup>1</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Kuromori T<sup>1</sup>, Motohashi R<sup>1</sup>, Matsui M<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, and Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Arabidopsis functional genomics: Collection of full-length cDNAs and Ds tagging lines for the functional analysis of genes involved in abiotic stress responses and chloroplast development.’

2003 International Symposium of Plant Functional Genomics, Taipei Taiwan, Nov. 17-19. 2003

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Iida K<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,2</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Mizukado S<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>3</sup>, Ecker J.R<sup>4</sup>, Davis R.W<sup>5</sup>, Theologis A<sup>6</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Yokoyama S<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>3</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>4</sup>Salk Inst., <sup>5</sup>Stanford GTC., <sup>6</sup>PGEC)

‘Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs and its application for functional genomics.’

2004 International Rice Genome Workshop, Tsukuba Japan, Feb 4-5. 2004

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Osakabe Y<sup>2</sup>, Yoshida R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Imura Y<sup>2</sup>, Taji T<sup>1</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,2</sup>, Satoh R<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Gene networks involved in dehydration and cold stress responses.’

Keystone Symposia on Plant Response to Abiotic Stress, Santa Fe, USA, Feb 19-24. 2004

Shinozaki K<sup>1</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Kuromori T<sup>1</sup>, Motohashi R<sup>2</sup>, Ichikawa T<sup>1</sup>, Matsui M<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>3</sup>, and Yamaguchi-Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Shizuoka Univ. <sup>3</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Arabidopsis functional genomics to understand gene functions involved in abiotic stress responses and chloroplast development.’

Crop Functional Genomics 2004, Jeju Korea, Apr 7-10. 2004

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,3</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Mizukado S<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Ichikawa T<sup>1</sup>, Matsui M<sup>1</sup>, Ecker J.R<sup>5</sup>, Davis R.W<sup>6</sup>, Theologis A<sup>7</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Yamasaki K<sup>1</sup>, Sawasaki T<sup>8</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Yokoyama S<sup>1</sup>, Toyoda T<sup>1</sup>, Endo Y<sup>8</sup>, and Shinozaki K<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>3</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>4</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>5</sup>Salk Inst, <sup>6</sup>Stanford GTC, <sup>7</sup>PGEC, <sup>8</sup>Ehime Univ.)

‘Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs and its application for FUNCTIONS GENOMICS.’

URGV-RIKEN Genome Sciences Center meeting, Evry France, May 7-8. 2004

Fujita Y<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2,3</sup>, Satoh R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Parvez MM<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Hiratsu K<sup>4</sup>, Ohme-Takagi M<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,5</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup>CREST, JST, <sup>4</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>5</sup>The University of Tokyo)

‘Activation of ABA-responsive gene expressions by drought and salt stresses.’

Gordon Research Conferences: Salt & Water Stress in Plants, Hong Kong, China, Jun 14, 2004

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Global analysis of gene networks to solve complex abiotic stress responses.’

7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo Japan, Jul 10-15, 2004

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Sakuma Y<sup>1</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Seki M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Regulation of gene expression and signaling pathway under cold and drought stress condition.’

7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo, Japan, Jul 11, 2004

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Osakabe Y<sup>2</sup>, Yoshida R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>, Ito Y<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Gene networks involved in drought and salinity stress responses.’

18<sup>th</sup> International Conference on Plant Growth Substances, Canberra Australia, Sep 20-24, 2004

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Improving abiotic stress tolerance in crops.’

8th International Symposium on the Biosafety of Genetically Modified Organisms, Montpellier, France, Sep 28, 2004

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Global analysis of gene networks involved in abiotic stress responses and tolerance.’

Second EPSO Conference, Ischia Italy, Oct. 10-14, 2004.

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Improving drought and cold tolerance in transgenic rice.’

World Rice Research Conference, Tsukuba, Japan, Nov 6, 2004

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo)

‘Cis-elements and transcription factors in cold and drought responsive gene expression.’

Gordon Research Conferences: Temperature Stress in Plants, Ventura, USA, Jan 31, 2005

Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Plant gene networks in osmotic stress response.’

2005 Gordon Research Conference on Cellular Osmoregulation: Sensors, Transducers and Regulators, Newport USA. Aug 7-12, 2005

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Regulatory network of gene expression in abiotic stress response and tolerance.’

10th International Congress of SABRAO, Tsukuba, Japan, Aug 23, 2005

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Osakabe Y<sup>2</sup>, Yoshida R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Gene networks involved in drought and cold stress responses.’

Plant GEMs Amsterdam 2005 on Plant Genomics European Meetings, Amsterdam The Netherlands, Sep 20-23, 2005

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Gene networks involved in drought stress responses and tolerance.’

The 2nd International Conference on Integrated Approaches to Sustain and Improve Plant Production Under Drought Stress, Rome Italy, Sep 24-28. 2005

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Osakabe Y<sup>1</sup>, Mizuno S<sup>1,3</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Seki M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> The University of Tokyo, <sup>3</sup> Chiba University, <sup>3</sup> RIKEN)

‘A leucine-rich repeat receptor like kinase involved in perception of ABA signal.’

Protein Phosphorylation in Plant Signaling 2005, Tsukuba, Japan, Oct 20, 2005

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Sawasaki T<sup>2</sup>, Endo Y<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,3</sup>, Morosawa T<sup>1</sup>, Kim J M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Iida K<sup>4</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>5</sup>, Narusaka Y<sup>5</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup> Ehime Univ, <sup>3</sup> Univ. of Tsukuba, <sup>4</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>5</sup>Tokyo Gakugei Univ)

‘Arabidopsis functional genomics of protein kinases and transcription factors.’

Protein Phosphorylation in plant Signaling 2005, Tsukuba Japan, Oct 20-21. 2005

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Functional analysis of plant transcription factors involved in abiotic stress response.’

CREST-JST International Symposium 2005: Functional Network of Transcription Factors in Plants, Tsukuba, Japan, Nov 16, 2005

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Morosawa T<sup>1</sup>, Kim J M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Oono Y<sup>1,3</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>4</sup>, Narusaka Y<sup>4</sup>, Toyoda T<sup>1</sup>, Mochizuki Y<sup>1</sup>, Hasegawa Y<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>5</sup>. Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup> Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>3</sup> Univ. of Tsukuba, <sup>4</sup> Tokyo Gakugei Univ, <sup>5</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Arabidopsis whole-genome expression profiling under abiotic stress conditions.’

CREST-JST International Symposium 2005 on Functional Network of Transcription Factors in Plants, Tsukuba Japan, Nov 16-17. 2005

Fujita M<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Ohme-Takagi M<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS <sup>3</sup>National Institute of Advanced industrial Science and Technology, AIST)

‘A dehydration-induced NAC protein, RD26 is involved in a novel ABA-dependent stress-signaling pathway.’

CREST-JST International Symposium 2005 on Functional Network of Transcription Factors in Plants, Tsukuba Japan, Nov 16-17. 2005

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Rice promoters for the generation of stress tolerant transgenic crops.’

5th International Rice Genetics Symposium and the 3rd International Rice Functional Genomics Symposium, Manila, Philippines, Nov. 21, 2005

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Functional genomics for gene discovery in abiotic stress response and tolerance.’

5th International Rice Genetics Symposium and 3rd International Rice Functional Genomics Symposium, Manila Philippines, Nov 19-23. 2005

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo)  
'CBF/DREB1 gene and applications for drought tolerance in plants.' Arthur M. Sackler Colloquia of the National Academy of Sciences: From Functional Genomics of Model Organisms to Crop Plants for Global Health, Washington, D.C., USA, Apr 4, 2006

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)  
'Signaling and transcription networks in drought stress response.'  
Keystone Symposia on Plant Responses to Abiotic Stress, Colorado USA, Apr 8-13. 2006

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)  
'Gene networks involved in drought stress responses and tolerance.'  
Bio Vision Alexandria 2006, Alexandria Egypt, Apr 26-29. 2006

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)  
'Molecular responses and tolerance to drought stress in higher plants.'  
The First International Conference on the Theory and Practices in Biological Water Saving, Beijing China, May 21-25. 2006

Seki M.

(RIKEN)  
'Arabidopsis whole-genome expression profiling under abiotic stress conditions.'  
MCD Biology Seminar, Ohio USA, May 22. 2006

Koyama, T.<sup>1</sup>, Pirrello, J.<sup>2</sup>, Narukawa, M.<sup>1</sup>, Bouzayen, M.<sup>2</sup>, Ohme-Takagi, M.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>National Institute of Polytechnic of Toulouse, ENSAT )  
'Identification of transcription factors that are involved in the ethylene-signaling pathway using the chimeric repressor gene silencing system.' 7th International Symposium on the Plant Hormone ETHYLENE, Italy, June 19, 2006

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>. (<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

'Regulatory gene networks in drought stress responses and tolerance.'  
Tropical Crop Biotechnology Conference 2006, Cairns Queensland Australia, Aug 16-19. 2006

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)  
'Regulatory networks in drought stress response and tolerance.'  
8th International Congress of Plant Molecular Biology, Adelaide Australia, Aug 20-25. 2006

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Morosawa T<sup>1</sup>, Matsui A<sup>1</sup>, Kim J.M<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, To T<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Go M<sup>1</sup>, Mochizuki Y<sup>1</sup>, Hasegawa Y<sup>1</sup>, Kaminuma E<sup>1</sup>, Toyoda T<sup>1</sup> Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology,)  
'Arabidopsis whole-genome expression profiling under abiotic stress conditions.'  
8th International Congress of Plant Molecular Biology, Adelaide Australia, Aug 20-25. 2006

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo)  
'Early signaling molecules in osmotic and ABA signaling networks.' Gordon Research Conferences: Salt & Water Stress In Plants, Oxford, UK, Sep 3, 2006

Seki M.

(RIKEN)

‘Arabidopsis whole-genome expression profiling under abiotic stress conditions.’

2006 Gordon Research Conference on Salt & Water Stress in Plants, Oxford UK, Sep 3-8. 2006

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> The University of Tokyo, <sup>3</sup> RIKEN Plant Science Center)

‘Regulatory networks of gene expression in environmental stress response.’ GARNet 2006: Plant Networks – How to Integrate your data, Bristol, UK, Sep 12, 2006

Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Functional genomics in RIKEN Plant Science Center for the improvement of plant productivity.’

PKU-CCAST-RIKEN Joint Symposium-Life Science Panel, Beijing China, Nov 10. 2006

Todaka D<sup>1</sup>, Nakashima K<sup>1</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Ohme-Takagi M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,4</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>3</sup> RIKEN Plant Science Center, <sup>4</sup> The University of Tokyo)

‘Functional analysis of the OsPIF1 gene down-regulated by drought stress in rice.’ ICGEB Meeting: Biotic and Abiotic Stress Responses in Plants, New Delhi, India, Dec 13, 2006

Qin F<sup>1</sup>, Sakuma Y<sup>2</sup>, Tran LSP<sup>1</sup>, Osakabe Y<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> The University of Tokyo, <sup>3</sup> RIKEN)

‘The function and regulation of an *Arabidopsis* transcription factor DREB2A in plant water deficit and high temperature stresses.’

Gordon Research Conferences: Temperature Stresses in Plants, Ventura, USA, Jan 22, 2007

Maruyama K<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Comprehensive analysis of transcriptome and metabolome under low-temperature and drought conditions.’

Gordon Research Conferences: Temperature Stresses in Plants, Ventura, USA, Jan 22, 2007

Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Functional genomics in drought stress responses.’

CINA-JAPAN Joint Workshop on Plant Molecular Breeding, Beijing China, Mar 12-13. 2007

Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Molecular biology and salinity stress responses and tolerance.’

BIOTEC-RIKEN Research Forum, Thailand, May 22-25. 2007

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>, Seki M<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup> RIKEN, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Regulatory gene network in drought and ABA response.’

18th International Conference on Arabidopsis Research., Beijing China, Jun 20-23. 2007

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> The University of Tokyo, <sup>3</sup> RIKEN)

‘Molecular breeding of stress-tolerant plants to drought, salt and cold.’

5th International Symposium on the Molecular Breeding of Forage and Turf, Sapporo, Japan, Jul 2, 2007

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup> RIKEN, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘Regulatory gene networks in drought and ABA responses.’  
IPGSA 19th Annual Meeting, Puerto Vallarta Mexico, Jul 21-25. 2007

Shinozaki K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>2</sup>.  
(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)  
‘Regulatory gene network in drought stress response.’  
2nd World Conference of Stress, Budapest Hungary, Aug 23-26. 2007

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.  
(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)  
‘Improving abiotic stress tolerance in crops.’  
Danforth Center Fall Symposium "Frontiers in Transgenesis", St. Louis, USA, Sep 27, 2007

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.  
(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)  
‘Regulatory networks of gene expression in abiotic stress responses in Arabidopsis and rice.’  
2007 International Symposium on Plant Stress and Metabolism & Annual Meeting of the KSABC,  
Gyeongju, Korea, Oct 11, 2007

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>.  
(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN)  
‘Improving transgenic tolerance to abiotic stresses including drought in rice.’  
5th International Symposium of Rice Functional Genomics, Tsukuba, Japan, Oct 16, 2007

(国内会議)

関 原明  
(理化学研究所)  
アラビドプシスの DNA マイクロアレイ  
日本光合成研究会第2回ワークショップ「光合成生物研究における DNA アレイの活用」、京都、2002  
年 12 月 7 日

関 原明、篠崎一雄  
(理化学研究所)  
シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への利用  
第 25 回日本分子生物学会年会、横浜、2002 年 12 月 11-14 日

篠崎和子<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>  
(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所)  
乾燥ストレスに対する植物の応答と適応機構  
第 25 回日本分子生物学会年会 シンポジウム「植物の環境適応ネットワーク：受容体から信号伝  
達まで」 横浜、2002 年 12 月 12 日

関 原明<sup>1</sup>、飯田 慶<sup>2</sup>、石田順子<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、櫻井哲也<sup>1</sup>、中嶋舞子<sup>1</sup>、梶 亜希子<sup>1</sup>、秋山顕  
治<sup>1</sup>、大野陽子<sup>1,3</sup>、藤田美紀<sup>1</sup>、水門佐保<sup>1</sup>、亀井綾子<sup>1</sup>、鳴坂真理<sup>4</sup>、篠崎和子<sup>5</sup>、カルニンチ ピ  
エロ<sup>1</sup>、河合 純<sup>1</sup>、林崎良英<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>長浜バイオ大学、<sup>3</sup>筑波大学、<sup>4</sup>東京学芸大学、<sup>5</sup>国際農林水産業研究センター)  
シロイヌナズナ上に存在する転写因子の網羅的発現・機能解析  
第 26 回日本分子生物学会年会、神戸 2003 年 12 月 10-13 日

伊藤裕介<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)  
環境耐性作物の作出：乾燥・塩・凍結に耐えるためのチューニング  
第 34 回種生物学会シンポジウム、滋賀、2002 年 12 月 15 日

関 原明  
(理化学研究所)  
シロイヌナズナにおける cDNA マイクロアレイ解析  
コムギ cDNA マイクロアレイワークショップ、横浜、2003 年 1 月 24-25 日

篠崎和子<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター)  
植物の乾燥・塩・低温ストレス応答と耐性獲得の分子機構  
第 24 回種子生理生化学研究会年会、栃木、2003 年 12 月 5 日

関 原明  
(理化学研究所)  
シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への利用  
第 5 回愛媛大学無細胞生命科学工学特別セミナー、愛媛、2004 年 2 月 27 日

篠崎一雄  
(理化学研究所)  
シロイヌナズナのゲノム機能解析の進展-全ての植物遺伝子の機能解読のむけて-  
日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27 日

篠崎和子<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>  
(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)  
乾燥ストレス応答における ABA による遺伝子発現制御とシグナル伝達機構のゲノム科学的解析  
日本植物生理学会 2004 年度年会及びシンポジウム、八王子、2004 年 3 月 29 日

篠崎和子<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>  
(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)  
環境ストレス耐性獲得に関与する転写因子 DREB によって制御される代謝ネットワーク  
日本農芸化学会 2004 年度大会、広島、2004 年 3 月 31 日

篠崎和子<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター)  
植物の環境ストレス応答と耐性の分子機構  
名古屋大学遺伝子実験施設シンポジウム、名古屋、2004 年 3 月 15 日

中島一雄<sup>1</sup>、篠崎和子<sup>1,2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>  
(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 東京大学、<sup>3</sup> 理化学研究所)  
植物の環境ストレスに対する応答  
日本植物病理学会 平成 16 年度植物感染生理談話会「自他識別と応答のバイオフィロントニア」、  
松島、2004 年 8 月 20 日

篠崎和子<sup>1,2</sup>  
(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 東京大学)  
マルチ環境ストレス耐性作物の開発  
明治大学農学部バイオベンチャープロジェクト公開シンポジウム「社会に生きるバイオテクノロジーを目指して」、神田、2004 年 11 月 20 日



篠崎和子<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 東京大学)

バイオテクノロジーによる環境ストレス耐性作物の開発

かずさ BT フォーラム 2004「ゲノム時代の新しい植物バイオテクノロジー—植物代謝産物を活用した実用化研究」、木更津、2004 年 11 月 17 日

篠崎和子<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 東京大学)

環境ストレス耐性作物の開発

平成 16 年度植物バイオテク研究会—実用化を目指した植物バイオテク研究の展開—、つくば、2005 年 1 月 21 日

篠崎一雄

(理化学研究所)

植物ゲノム機能解析の急展開と環境貢献への展望

東京テクノ・フォーラム 21、東京、2005 年 1 月 21 日

篠崎和子<sup>1,2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 東京大学、<sup>3</sup> 理化学研究所)

Gene regulatory network in drought and cold stress responses

第 46 回日本植物生理学会年会 シンポジウム 6 「Frontiers of environmental stress adaptation researches in plants」、新潟、2005 年 3 月 24 日

高木優

(産業技術総合研究所)

ドミナントリプレッサーを用いた植物転写因子の機能解析：機能性植物の創生に向けて

岩手大学農学部セミナー、岩手、2005 年 6 月 29 日

関 原明、篠崎一雄

(理化学研究所)

シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた植物ゲノム機能解析

理研シンポジウム「高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト」第 4 回連携研究会、和光、2005 年 8 月 5-7 日

小山知嗣

(産業技術総合研究所)

境界領域の形成を制御する転写因子 メリステムミーティング、愛知県岡崎市、2005 年 10 月 5 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、佐藤里絵<sup>1,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、佐山博子<sup>1,4</sup>、Mohammad M. Parvez<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>5</sup>、高木優<sup>5</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup> 東京大学、<sup>5</sup> 産業技術総合研究所)

CRES-T 法を用いたシロイヌナズナの bZIP 型転写因子の機能解析：乾燥ストレス耐性に関わる ABA シグナル伝達系における AREB1 の役割

第 47 回日本植物生理学会 年会シンポジウム：転写抑制因子を用いた遺伝子機能解析 (CRES-T 法) の展望、つくば、2006 年 3 月 21 日

関 原明

(理化学研究所)

シロイヌナズナタイリングアレイを用いた乾燥、低温、塩ストレス条件下での全ゲノムトランスクリプトーム解析

GeneChip フォーラム 2006、東京、2006 年 11 月 28 日、大阪、2006 年 11 月 30 日

篠崎和子<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 東京大学)

植物の環境耐性機構の解明とストレス耐性イネの開発

イネのバイオテクノロジー-成果と展望-、神戸、2007 年 3 月 9 日

関 原明、松井章裕、石田順子、諸澤妙子、金 鍾明、藤 泰子、中嶋舞子、川嶋真紀子、佐藤将一、栗原志夫、岡本昌憲、南原英司、神沼英里、遠藤高帆、望月芳樹、小林紀郎、豊田哲郎、篠崎一雄

(理化学研究所)

タイリングアレイ、454 シーケンサーを用いた乾燥・低温・塩ストレス・ABA 処理条件下でのシロイヌナズナ全ゲノムトランスクリプトーム解析

日本植物学会 71 回大会、野田、2007 年 9 月 6-9 日

小山知嗣、高木優

(産業技術総合研究所)

エチレンシグナル伝達経路を制御する因子の探索研究

日本育種学会第 112 回講演会、山形、2007 年 09 月 22 日

②口頭発表 (国際会議 11 件、国内会議 51 件)

(国際会議)

Koyama, T., Hiratsu, K., Matsui, K., Mitsuda, N., Ohme-Takagi, M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'Novel system for detection of gene networks involved in abiotic stress responses using dominant repressors' 2004 Key stone symposium, Santa Fe, U.S.A., Feb 19-24, 2004

Matsui, K.<sup>1</sup>, Hiratsu, K.<sup>1</sup>, Koyama, T.<sup>1</sup>, Tanaka, H.<sup>2</sup>, and Ohme-Takagi, M.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>University of Tsukuba )

'A novel system for gene silencing by dominant chimeric repressors' American Society of Plant Biology Meeting: Plant Biology 2003, Honolulu, Hawaii, July 25-30, 2003

Hiratsu, K, Matsui, K, Koyama, T. and Ohme-Takagi, M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'Dominant repression of target genes by chimeric repressors that include the EAR motif, a repression domain, in *Arabidopsis*.' The 7th International Congress on Plant Molecular Biology, Barcelona, Spain, Jun 23-28, 2003

Tomotsugu Koyama and Masaru Ohme-Takagi

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'Transcription factors involved in boundary formation' Functional Network of Transcription factors in Plants, November 16 and 17, 2005

Kyoko Matsui, Keiichiro Hiratsu, Akira Iwase and Masaru Ohme-Takagi.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'Regulation of the development of epidermal cells by functionally redundant MYB transcription factors' The annual meeting of the American society of plant biologists (Plant Biology 2005), Seattle, Washington USA, July 16 through July 20, 2005

Nobutaka Mitsuda<sup>1</sup>, Motoaki Seki<sup>2</sup>, Kazuo Shinozaki<sup>2</sup> and Masaru Ohme-Takagi<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>RIKEN)  
'Transcription factors regulating secondary wall thickenings' CREST-JST International Symposium 2005  
Functional Network of Transcription Factors in Plants, Ibaraki Tsukuba, November 16 and 17, 2005

Kyoko Matsui and Masaru Ohme-Takagi  
(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)  
'Suppression of flavonoid biosynthesis by the chimeric PAP1 repressor' CREST-JST International  
Symposium 2005 Functional Network of Transcription Factors in Plants, Ibaraki Tsukuba, November 16  
and 17, 2005

Iwase, A.<sup>1</sup>, Mitsuda, N.<sup>1</sup>, Sakurai, N.<sup>2</sup>, Kai, K.<sup>3</sup>, Ohta, D.<sup>3</sup>, Shibata, D.<sup>2</sup>, Ohme-Takagi M.<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>Kazusa DNA Research Institute,  
<sup>3</sup>Osaka Prefecture University)  
'Metabolome analysis of Arabidopsis defective in secondary wall formation.' Gordon Research Conference,  
Graduate Research Seminar, Plant, U.S.A., July 14, 2007

Ohme-Takagi, M., Mitsuda, N., Iwase, A.  
(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)  
'Transcription factors that regulate the phenylpropanoid pathway' Gordon Research Conference, Graduate  
Research Seminar, Plant, U.S.A., July 17, 2007

Mitsuda, N.<sup>1</sup>, Iwase, A.<sup>1</sup>, Yamamoto, H.<sup>2</sup>, Yoshida, M.<sup>2</sup>, Seki, M.<sup>3</sup>, Shinozaki, K.<sup>3</sup>, Ohme-Takagi M.<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>Nagoya University, <sup>3</sup>RIKEN)  
'NAC transcription factors, NST1, NST2 and NST3 regulate secondary wall formation in Arabidopsis.' The  
XIth Cell Wall Meeting, Denmark, Aug. 15, 2007

Ohme-Takagi M  
(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)  
'Functional analysis of Arabidopsis transcription factors using chimeric repressors'  
The 5th International Symposium of Rice Functional Genomics, Tsukuba, Oct. 15, 2007  
(国内会議)

小山知嗣<sup>1</sup>、佐藤文彦<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>京都大学大学院)  
「タバコ転写抑制因子 ERF3 のタンパク質安定性の制御の解析」  
日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

Tran LSP<sup>1</sup>, Nakashima K<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>1</sup>, Sakuma Y<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki  
K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所)  
「Functional analysis of the members of Arabidopsis NAC transcription factors controlling  
the expression of the ERD1 gene under drought stress」  
日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

佐久間洋<sup>1</sup>、秦峰<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所)  
「シロイヌナズナの乾燥、塩ストレス応答に関与する転写因子 DREB2A の活性型タンパク質を用いた機能解析」  
日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

伊藤裕介<sup>1</sup>、桂幸次<sup>1</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「DREB 遺伝子導入イネの機能解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

桂幸次<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、井内聖<sup>2</sup>、小林正智<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「アブシジン酸の生合成の鍵酵素をコードする AtNCED3 遺伝子を用いた形質転換イネの作出と解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、春日美江<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「完全長 cDNA マイクロアレイおよび DNA チップを用いた低温誘導性転写因子 DREB1A の標的遺伝子群の網羅的解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

井村喜之<sup>1</sup>、鳴坂義弘<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「低温誘導性遺伝子の発現を制御する転写因子 DREB1 をコードする遺伝子の発現機構の解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 27 日

中島一雄<sup>1</sup>、山本美恵<sup>1</sup>、大河原依久子<sup>1</sup>、M. M. Parvez<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「ABA 誘導性遺伝子 rd29B プロモーターを用いた ABA 関連変異体の単離と解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 28 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「シロイヌナズナの乾燥・塩ストレス応答性転写因子 AREB1 の機能解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 28 日

安部洋<sup>1</sup>、浦尾剛<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、伊藤卓也<sup>2</sup>、小林正智<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「シロイヌナズナ AtMYC2 及び AtMYB2 タンパク質の ABA シグナリングにおける研究」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、奈良、2003 年 3 月 29 日

小川太郎<sup>1</sup>、潘玲<sup>1</sup>、余荔華<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、川合真紀<sup>1</sup>、内宮博文<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 東京大学大学院、<sup>2</sup> 産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ転写因子 AtEBP は Bax による細胞死を抑える」

第 21 回日本植物細胞分子生物学大会、香川、2003 年 8 月 7 日

岩瀬哲<sup>1</sup>、青柳秀紀<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>、田中秀夫<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 産業技術総合研究所、<sup>2</sup> 筑波大学大学院)

「植物体の組織を直接培養する新規な有用物質生産法の開発」

平成 15 年度日本生物工学会、熊本、2003 年 9 月 17 日

平津圭一郎、松井 恭子、小山知嗣、光田展隆、高木優(産業技術総合研究所)

「リプレッサーを用いた植物転写因子の機能解析」

第 26 回日本分子生物学会、兵庫、2003 年 12 月 11 日

平津圭一郎、松井恭子、小山知嗣、光田展隆、高木優(産業技術総合研究所)

「植物特異的転写抑制ドメインを用いた新規植物転写因子機能解析の開発」

第 26 回日本分子生物学会、兵庫、2003 年 12 月 11 日

小山知嗣、平津圭一郎、高木優(産業技術総合研究所)

「CRES-T システムを用いた TCP 転写因子の機能解析」

第 45 回植物生理学会年会、東京、2004 年 3 月 27 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、春日美江<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 産業技術総合研究所、<sup>3</sup> 理化学研究所)

「低温誘導性転写因子 DREB1A の標的遺伝子の機能解析」

日本植物生理学会 2004 年度年会及びシンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27 日

桂幸次<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、井内聖<sup>2</sup>、小林正智<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「イネのネオザンチン開裂酵素(NCED)のクローニングと解析」

日本植物生理学会 2004 年度年会及びシンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27 日

Tran LSP<sup>1</sup>, Nakashima K<sup>1</sup>, Sakuma Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「Role of the zinc finger homeodomain (ZFHD) and NAC transcription factors in drought-inducible expression of the erd1 gene」

日本植物生理学会 2004 年度年会及びシンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27 日

小川太郎<sup>1</sup>、Li-Hua Yu<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、佐藤文彦<sup>3</sup>、川合真紀<sup>1</sup>、内宮博文<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 東京大学大学院、<sup>2</sup> 産業技術総合研究所、<sup>3</sup> 京都大学大学院)

「シロイヌナズナ転写因子 AtEBP の機能解析とストレス応答」

第 45 回植物生理学会年会、東京、2004 年 3 月 27 日

高木 優、光田展隆

(産業技術総合研究所)

「CRES-T 法による NAC 転写因子ファミリーの網羅的機能解析」

日本植物生理学会 2005 年度年会、新潟、2005 年 3 月 24 日

戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 産業技術総合研究所、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学)

「乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIL5 遺伝子の機能解析」

第 46 回日本植物生理学会年会、新潟、2005 年 3 月 25 日

伊藤裕介<sup>1</sup>、桂幸次<sup>1</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、太治輝明<sup>2</sup>、関原明<sup>2</sup>、小林正智<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 東京大学)

「形質転換イネを用いた DREB 遺伝子の機能解析」

第 46 回日本植物生理学会年会、新潟、2005 年 3 月 25 日

柿本真之<sup>1,2</sup>、佐久間洋<sup>2</sup>、秦峰<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup> 東京大学、<sup>2</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>3</sup> 理化学研究所)

「トウモロコシの環境ストレス応答性転写因子 ZmDREB2A の機能解析」

第 46 回日本植物生理学会年会、新潟、2005 年 3 月 25 日

関 原明

(理化学研究所)

「シロイヌナズナ完全長 cDNA による植物ゲノムの発現・機能解析」

国際バイオ EXPO、東京、2005 年 5 月 18-20 日

平津圭一郎<sup>1</sup>、光田展隆<sup>1</sup>、戸高大輔<sup>2</sup>、中島一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>国際農林水産業研究センター)

「キメラリプレッサーを用いたシロイヌナズナおよびイネの高効率不稔化技術の開発」

第 28 回日本分子生物学会年会、福岡、2005 年 12 月 8 日

中島一雄<sup>1</sup>、Lam-Son Phan Tran<sup>1</sup>、Nguyen Van Dong<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>東京大学)

「イネの NAC ファミリーに属するストレス誘導性 OsNAC6 の解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 20 日

関 原明<sup>1</sup>、石田順子<sup>1</sup>、諸澤妙子<sup>1</sup>、松井章浩<sup>1</sup>、金 鐘明<sup>1</sup>、中嶋舞子<sup>1</sup>、梶亜希子<sup>1</sup>、藤 泰子<sup>1</sup>、飯田 慶<sup>2</sup>、郷 通子<sup>1</sup>、望月芳樹<sup>1</sup>、長谷川義和<sup>1</sup>、豊田哲朗<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>長浜バイオ大学)

「シロイヌナズナ全ゲノムタイリングアレイを用いた乾燥、塩ストレス条件下でのトランスクリプトーム解析」

第 47 回日本植物生理学会年会および第 46 回シンポジウム、つくば、2006 年 3 月 3 月 19-21 日

高橋史憲<sup>1</sup>、吉田理一郎<sup>2</sup>、市村和也<sup>1</sup>、溝口 剛<sup>2</sup>、瀬尾茂美<sup>2</sup>、米澤成博<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>筑波大学、<sup>3</sup>国際農林水産業研究センター)

「ジャスモン酸シグナル伝達に関わるシロイヌナズナ新規 MAP キナーゼカスケード MKK3-MPK6 の機能解析」

第 47 回日本植物生理学会年会および第 46 回シンポジウム、つくば、2006 年 3 月 3 月 19-21 日

戸高大輔<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>産業技術総合研究所、<sup>3</sup>理化学研究所、<sup>4</sup>東京大学)

「乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIF1 遺伝子の機能解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 21 日

光田展隆<sup>1</sup>、岩瀬哲<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>理化学研究所)

「CRES-T 法による NAC 転写因子の網羅的機能解析とその発展研究」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 21 日

小山知嗣、高木優(産業技術総合研究所)

「TCP 転写因子は分裂組織の位置と器官の形を制御する」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 21 日

平津圭一郎、梅村佳美、高木優(産業技術総合研究所)

「転写抑制機能を用いた遺伝子サイレンシング法：植物転写因子の機能解析に向けて」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 21 日

大坪憲弘<sup>1</sup>、鳴海貴子<sup>1</sup>、間竜太郎<sup>1</sup>、光田展隆<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>  
(<sup>1</sup>花き研究所、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「誰も見たことのない花を創る—転写因子抑制社法を用いた新形質導入植物の作出について」  
第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 21 日

鳴海貴子<sup>1</sup>、間竜太郎<sup>1</sup>、小山知嗣<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>、大坪憲弘<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>花き研究所、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「キメラリプレッサー遺伝子(TCP3SRDX)を導入した形質転換トレニア 解析」  
第 24 回 日本植物細胞分子生物学会、つくば、2006 年 7 月 29 日

小山知嗣、高木優(産業技術総合研究所)

「TCP 転写因子による分裂組織形成の制御機構の解析」  
第 24 回日本植物細胞分子生物学会、つくば、2006 年 7 月 30 日

岩瀬哲<sup>1</sup>、光田展隆<sup>1</sup>、小山知嗣<sup>1</sup>、平津圭一郎<sup>1</sup>、新井剛史<sup>2</sup>、井上康則<sup>2</sup>、青柳秀紀<sup>3</sup>、田中秀夫<sup>3</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>東京理科大学、<sup>3</sup>筑波大学大学院)  
「植物細胞の脱分化に關与するシロイヌナズナ転写因子の機能解析とその応用」  
第 24 回日本植物細胞分子生物学会、つくば、2006 年 7 月 30 日

鳴海貴子<sup>1</sup>、間竜太郎<sup>1</sup>、小山知嗣<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>、大坪憲弘<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>花き研究所、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ由来の TCP3 キメラリプレッサー遺伝子がトレニアおよびキクに与える効果」  
園芸学会 18 年度秋季大会、長崎、2006 年 9 月 23 日

岩瀬哲<sup>1</sup>、光田展隆<sup>1</sup>、小山知嗣<sup>1</sup>、平津圭一郎<sup>2</sup>、新井剛史<sup>3</sup>、井上康則<sup>3</sup>、青柳秀紀<sup>4</sup>、田中秀夫<sup>4</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>防衛大学校、<sup>3</sup>東京理科大学、<sup>4</sup>筑波大学大学院)  
「植物細胞のカルス形成に關与するシロイヌナズナ転写因子の機能解析」  
第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 26 日

関 原明、松井章浩、金 鍾明、石田順子、中嶋舞子、諸澤妙子、川嶋真紀子、佐藤将一、藤 泰子、栗原志夫、神沼英里、遠藤高帆、望月芳樹、小林紀郎、豊田哲郎、篠崎一雄  
(理化学研究所)

「タイリングアレイ、454 シーケンサーを用いた乾燥・低温・塩ストレス・ABA 処理条件下での全ゲノムトランスクリプトーム解析」  
第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28-30 日

伊藤卓也<sup>1</sup>、永田典子<sup>2</sup>、吉羽洋周<sup>3</sup>、高木優<sup>4</sup>、Hong Ma<sup>5</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>日本大学、<sup>3</sup>日立中央研究所、<sup>4</sup>産業技術総合研究所、<sup>5</sup> Pennsylvania State University)「PHD フィンガー型転写因子をコードするシロイヌナズナ MS1 遺伝子は減数分裂後のタペート層と花粉形成を制御する」  
第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28-30 日

四方雅仁、高木優(産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ SBP-box 遺伝子 SPL10 の機能解析」  
第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28 日

池田美穂、高木優(産業技術総合研究所)

「WUSCHEL 遺伝子の機能ドメインの解析」

第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28 日

白川一<sup>1</sup>、上田晴子<sup>1</sup>、西山千晶<sup>1</sup>、嶋田知生<sup>1</sup>、光田展隆<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>、西村いくこ<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>京都大学大学院、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「CRES-T 法を用いたミロシン細胞分化に関わる転写因子の探索」

第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28 日

小山知嗣<sup>1</sup>、古谷将彦<sup>2</sup>、田坂昌生<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>奈良先端技術大学院大学)

「植物特異的な転写因子 TCP による分裂組織形成の制御」

第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28 日

近藤陽一<sup>1</sup>、吉積毅<sup>1</sup>、川島美香<sup>1</sup>、栗山朋子<sup>1</sup>、瀧口裕子<sup>2</sup>、光田展隆<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>、松井南<sup>1</sup>(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「機能誘導系を利用した新規転写因子過剰発現系統の作成と解析」

第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28 日

戸高大輔<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>産業技術総合研究所、<sup>3</sup>理化学研究所、<sup>4</sup>東京大学)

「乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIF1 遺伝子の機能解析」

第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28 日

中島一雄<sup>1</sup>、Lam-Son Phan Tran<sup>1</sup>、Dong Van Nguyen<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、林長生<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>農業生物資源研究所、<sup>4</sup>東京大学)

「イネの非生物学的ストレス・生物学的ストレス誘導性遺伝子発現に関わる NAC 型転写因子 OsNAC6 の機能解析」

第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 29 日

伊藤裕介<sup>1</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>東京大学)

「イネの DREB1/CBF ファミリー遺伝子の網羅的解析」

第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 30 日

高木優、光田展隆

(産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ転写因子機能情報の花き分子育種への応用」

日本植物細胞分子生物学会、千葉、2007 年 8 月 7 日

鳴海貴子<sup>1</sup>、間竜太郎<sup>1</sup>、仁木智哉<sup>1</sup>、西島隆明<sup>1</sup>、四方雅仁<sup>2</sup>、光田展隆<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>、大坪憲弘<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>花き研究所、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ由来のクラス C 遺伝子 (AG および SHP2) キメラリプレッサー遺伝子はトレニア花卉の維管束形成に影響を与える」

第 25 回日本植物細胞分子生物学会、千葉、2007 年 8 月 7 日

池田美穂、高木優

(産業技術総合研究所)



「WUS ファミリーに共通する転写抑制ドメインの解析」  
第 25 回日本植物細胞分子生物学会、千葉、2007 年 8 月 9 日

③ポスター発表 (国際会議 68 件、国内会議 66 件)  
(国際会議)

Ohme-Takagi, M., Hao, D-Y., Ooura, C., and Matsui, K.  
(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST )  
'Functional classification of the super family of ERF domain transcription factors in *Arabidopsis*.' 22<sup>nd</sup>  
Symposium in Plant Biology, University of California, Riverside, USA. Jan 15-18, 2003

Kasuga M<sup>1</sup>, Miura S<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN)  
'Overexpression of the *Arabidopsis DREB1A* gene for a stress-inducible transcription factor enhanced  
environmental stress tolerance in transgenic tobacco plants.'  
Gordon Research Conference: Temperature Stress in Plants, Ventura, USA, Jan 27-30, 2003

Maruyama K<sup>1</sup>, Kasuga M<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN)  
'Identification of target stress-inducible genes of Arabidopsis DREB1A/CBF3 transcription factor using  
two microarray systems.'  
Gordon Research Conference: Temperature Stress in Plants, Ventura, USA, Jan 27-30, 2003

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Narusaka M<sup>3</sup>,  
Kamiya A<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1, 4</sup>, Fujita M<sup>1, 5</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>5</sup>, Ecker J.R<sup>7</sup>, Davis R.W<sup>8</sup>,  
Theologis A<sup>9</sup>, Carnice P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Sawasaki T<sup>7</sup>, Kim J-M<sup>1</sup>, Hasegawa Y<sup>1</sup>, Endo Y<sup>7</sup>,  
Yokoyama S<sup>1</sup>, and Shinozaki K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>3</sup>Tokyo Gakugei Univ, <sup>4</sup>Univ. of Tsukuba,  
<sup>5</sup>CREST, <sup>6</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>7</sup>Salk Inst, <sup>8</sup>Stanford  
GTC, <sup>9</sup>PGEC, <sup>7</sup>Ehime Univ.)  
'Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs and application for functional genomics.'  
The 7<sup>th</sup> International Congress on Plant Molecular Biology, Barcelona, Jun 23-28. 2003

Nakashima K<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN)  
'Expression analysis of the ABA-responsive rd29B gene in Arabidopsis plants and isolation of Arabidopsis  
mutants altered in its expression.'  
Plant Biology 2003, Honolulu, USA, July 26-30, 2003

Sakuma Y<sup>1</sup>, Qin F<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN)  
'Functional analysis of the DREB2A protein, a transcription factor that is involved in dehydration- and  
salt-stress response in Arabidopsis.'  
Plant Biology 2003, Honolulu, USA, July 26-30, 2003

Kamei A, Umezawa T, Seki M, Zhu J-K, Shinozaki K.  
(RIKEN)  
'Analysis of gene expression profile in vegetative tissue of *Arabidopsis* salt overly sensitive mutants,  
*sos2-1* and *sos3-1*.'  
Plant Biology 2003, Honolulu Hawaii, July 25-30. 2003

Maruyama K<sup>1</sup>, Sakuma Y<sup>1</sup>, Kasuga M<sup>1</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Goda H<sup>2</sup>, Shimada Y<sup>2</sup>, Yoshida S<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>,  
Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN)  
'Identification of cold stress-inducible target genes of the Arabidopsis DREB1A/CBF3 transcription factor using two microarray systems.'  
2nd Plant-GEMs / 4th GARNet Meeting, York, UK, Sep 3-6, 2003

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Narusaka M<sup>3</sup>, Kamiya A<sup>1</sup>, Oono Y<sup>4</sup>, Fujita M<sup>1</sup>, Mizukado S<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>5</sup>, Ecker J.R<sup>6</sup>, Davis R.W<sup>7</sup>, Theologis A<sup>8</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Sawasaki T<sup>9</sup>, Endo Y<sup>9</sup>, Yokoyama S<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>3</sup>Tokyo Gakugei Univ. <sup>4</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>5</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>6</sup>Salk Inst, <sup>7</sup>Stanford GTC, <sup>8</sup>PGEC, <sup>9</sup>Ehime Univ.)

'Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs and its application for functional genomics.'  
The Second Plant-GEMs/ Fourth GARNet Meeting, York, UK, Sep 3-6. 2003.

Ito Y<sup>1</sup>, Katsura K<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Taji T<sup>2</sup>, Kobayashi M<sup>2</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

'Overexpression of the DREB/CBF gene family improves stress tolerance to drought, high salt and low temperature in rice.'

Gordon Research Conferences on Salt & Water Stress in Plants, Hong Kong, China, Jun 14-17, 2004

Nakashima K<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>1</sup>, Katsura K<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

'Transcriptional regulation of ABA-responsive genes in seeds, germination stage plants, and vegetative growth stage plants.'

Gordon Research Conferences on Salt & Water Stress in Plants, Hong Kong, China, Jun 14-17, 2004

Maruyama K<sup>1</sup>, Kasuga M<sup>1</sup>, Ohme-Takagi M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,4</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>3</sup> RIKEN, <sup>4</sup> The University of Tokyo)

'Characterization of cold-inducible downstream genes of the Arabidopsis DREB1A/CBF3 transcriptional factor.'

7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo, Japan, Jul 10-15, 2004

Koyama, T. , Hiratsu, K., Ohme-Takagi, M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'TCP transcription factors control cell division and differentiation in patterning of organ development.'  
International Conference on Arabidopsis Research 2004, , Berlin, Germany, Jul 11-14,2004

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, fujita M<sup>1,3</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Ecker J.R<sup>5</sup>, Davis R.W<sup>6</sup>, Theologis A<sup>7</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>3</sup>CREST, <sup>4</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>5</sup>Salk Inst, <sup>6</sup>Stanford GTC, <sup>7</sup>PGEC)

'functional genomics using RIKEN Arabidopsis full-length cDNAs.'

15<sup>th</sup> International Conference on Arabidopsis Research, Berlin Germany, Jul 11-14. 2004.

Oono Y<sup>1,2</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Satou M<sup>2</sup>, Ishida J<sup>2</sup>, Iida K<sup>3</sup>, Sakurai T<sup>2</sup>, Akiyama K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>4</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

'Comparison of Arabidopsis gene expression profiles between recovery from low-temperature stress and rehydration from dehydration using microarray.'

7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo Japan, Jul 10-15. 2004

Kasuga M<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Sakuma Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)  
'Analysis of transgenic Arabidopsis plants overexpressing DREB1E, a transcription factor involved in stress responsive gene expression.'

2nd EPSO Conference: Interactions in Plant Biology: cells, plants and communities, Ischia, Italy, Oct 10-14, 2004

Sakuma Y<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Qin F<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)  
'Analysis of transgenic Arabidopsis plants overexpressing a constitutive active form of DREB2A, a transcription factor that is involved in dehydration- and salt-stress response.'

2nd EPSO Conference: Interactions in Plant Biology: cells, plants and communities, Ischia, Italy, Oct 10-14, 2004

Satoh R<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>1</sup>, Nakashima K<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.  
(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)  
'Characterization of bZIP transcription factors involved in hypoosmolarity-responsive expression of the ProDH gene encoding proline dehydrogenase in Arabidopsis.'

2nd EPSO Conference: Interactions in Plant Biology: cells, plants and communities, Ischia, Italy, Oct 10-14, 2004

Fujita M<sup>1,2</sup>, Fujita Y<sup>3</sup>, Maruyama K<sup>3</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Hiratsu K<sup>4</sup>, Ohme-Takagi M<sup>2,4</sup>, Tran Phan L-M<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>CREST, <sup>3</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>4</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'A dehydration-induced NAC protein, RD26 is involved in a novel ABA-dependent stress-signaling pathway.'

Second EPSO Conference, Ischia Italy, Oct 10-14, 2004

Kamei A<sup>1</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Fujita M<sup>1,2</sup>, Toh T<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>CREST)

'Functional analysis of a stress-inducible gene, WRKY40, in Arabidopsis.'

Second EPSO Conference, Ischia Italy, Oct 10-14, 2004

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,3</sup>, Fujita M<sup>1,4</sup>, Mizukado S<sup>1,4</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>5</sup>, Narusaka Y<sup>5</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>6</sup>, Ecker J.R<sup>7</sup>, Kabayashi M<sup>1</sup>, Kohara Y<sup>8</sup>, Sawasaki T<sup>9</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Yokoyama S<sup>1</sup>, Toyoda T<sup>1</sup>, Endo Y<sup>9</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>3</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>4</sup>CREST, <sup>5</sup>Tokyo Gakugei Univ., <sup>6</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS, <sup>7</sup>Salk Inst, <sup>8</sup>NIG, <sup>9</sup>Ehime Univ.)

'Functional genomics using RIKEN Arabidopsis full-length (RAFL) cDNAs.'

The 2004 meeting on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor USA, Dec. 9-12, 2004.

Oono Y<sup>1,2</sup>, Seki M<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Iida K<sup>3</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.  
(<sup>1</sup>Univ. of Tsukuba, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, <sup>4</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

'Arabidopsis functional genomics in the recovery process from drought and cold stress.'

The 2004 meeting on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor USA, Dec. 9-12, 2004.

Ito T<sup>1</sup>, Ohme-Takagi M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>. (<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

'The *MSI* gene of *Arabidopsis* regulates pollen wall development.'

16<sup>th</sup> International Conference on Arabidopsis Research, Wisconsin USA, Jun. 15-19. 2005.

Nobutaka Mitsuda, Keiichiro Hiratsu, Masaru Ohme-Takagi

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Arabidopsis NAC transcription factors, NST1 and NST2, regulate secondary wall thickenings in anther endothecium: an implication of similar regulatory mechanism to the tracheary element differentiation.’ The annual meeting of the American society of plant biologists (Plant biology 2005) , Seattle, WA, USA. 17th July 2005

Kyoko Matsui, Keiichiro Hiratsu, Akira Iwase and Masaru Ohme-Takagi.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Regulation of the development of epidermal cells by functionally redundant MYB transcription factors.’ The annual meeting of the American society of plant biologists (Plant Biology 2005). Seattle, Washington USA, July 16 through July 20, 2005

Nakashima K<sup>1</sup>, Tran LSP<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Expression and functional analysis of stress-inducible NAC transcription factors in rice plants.’

Plant Biology 2005, Seattle, USA, Jul 16-20, 2005

Fujita Y<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Satoh R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Parvez MM<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Hiratsu K<sup>3</sup>, Ohme-Takagi M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,4</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>4</sup> The University of Tokyo)

‘AREB1, an ABA-induced transcription factor, plays a key role in drought stress response in Arabidopsis thaliana.’

10th International Congress of SABRAO, Tsukuba, Japan, Aug 22-23, 2005

Ito T<sup>1,2</sup>, Ito Y<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup> RIKEN)

‘Functional analysis of a rice transcription factor OsDREB1F involved in environmental stress-inducible gene expression.’

10th International Congress of SABRAO, Tsukuba, Japan, Aug 22-23, 2005

Nakashima K<sup>1</sup>, Tran LSP<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Molecular characterization of abiotic stress-inducible OsNAC6, a member of the rice NAC domain superfamily.’

10th International Congress of SABRAO, Tsukuba, Japan, Aug 22-23, 2005

Ito Y<sup>1</sup>, Katsura K<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Taji T<sup>2</sup>, Kobayashi M<sup>2</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Overexpression of the DREB1/CBF gene family improved stress tolerance to drought, high salt and low temperature in rice’

2nd International Conference on Integrated Approaches to Sustain and Improve Plant Production under Drought Stress, Rome, Italy, Sep 24-28, 2005

Fujita Y<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Satoh R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Parvez MM<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Hiratsu K<sup>3</sup>, Ohme-Takagi M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,4</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>4</sup> The University of Tokyo)

‘AREB1 regulates novel ABRE-dependent ABA-signaling that enhances drought stress tolerance during

the vegetative growth phase in *Arabidopsis thaliana*.’

Protein Phosphorylation in Plant Signaling 2005, Tsukuba, Japan, Oct 20-21, 2005

Todaka D<sup>1</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Ohme-Takagi M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,4</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>3</sup>RIKEN, <sup>4</sup>The University of Tokyo)

‘Functional analysis of OsPIF1 gene down-regulated by drought stress in rice.’

The 5th International Rice Genetics Symposium and the 3rd International Rice Functional Genomics Symposium, Manila, Philippines, Nov 21-22, 2005

Takuya Ito<sup>1</sup>, Noriko Nagata<sup>2</sup>, Masaru Ohme-Takagi<sup>3</sup>, Hong Ma<sup>4</sup>, Kazuo Shinozaki<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Japan Women’s Univ, <sup>3</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>4</sup>Pennsylvania State University.)

‘*Arabidopsis* MALE STERILITY1 gene encoding a PHD-type transcription factor regulates early microgametogenesis.’

16th Penn State Plant Physiology Symposium 2006, RNA Biology: Novel Insights from Plant Systems, May 18-20. 2006

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Morosawa T<sup>1</sup>, Matusi A<sup>1</sup>, Kim J.M<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, To T<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Go M<sup>1</sup>, Mochizuki Y<sup>1</sup>, Hasegawa Y<sup>1</sup>, Toyoda T<sup>1</sup>, Shinzoaki K.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Nagahama Institute of Bio-Science and Technology)

‘*Arabidopsis* whole-genome transcriptome analysis under abiotic stress conditions.’

16th Penn State Plant Physiology Symposium 2006, RNA Biology: Novel Insights from Plant Systems, May 18-20. 2006

Matsui, K., Ohme-Takagi M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Functional analysis of MYB transcription factors that are involved in flavonoid biosynthesis in *Arabidopsis*.’ 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, Kyoto, June 19,2006

Iwase,A.<sup>1</sup>, Mitsuda,N.<sup>1</sup>, Koyama.T.<sup>1</sup>, Hiratsu,K.<sup>1</sup>, Arai.T.<sup>2</sup>, Inoue,Y.<sup>2</sup>, Aoyagi,H.<sup>3</sup>, Tanaka,H.<sup>3</sup>, Ohme-Takagi, M<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>Tokyo University of Science, <sup>3</sup>University of Tsukuba )

‘Functional analyses of an *Arabidopsis* transcription factor that is in

involved in callus formation.’ 20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, Kyoto, June 20,2006

Umemura, Y., Hiratsu, K., Ohme-Takagi M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, )

‘Screening of the factors which interact with the plant specific repression domain’20th IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11th FAOBMB Congress, Kyoto, June 20,2006

Fujita Y<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Satoh R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Parvez MM<sup>1</sup>, Sayama H<sup>1,3</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Hiratsu K<sup>4</sup>, Ohme-Takagi M<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup>The University of Tokyo, <sup>4</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

‘AREB1 mediates novel ABRE-dependent ABA-signaling that enhances drought stress tolerance during the vegetative growth phase in *Arabidopsis thaliana*.’

20<sup>th</sup> IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11<sup>th</sup> FAOBMB Congress, Kyoto, Japan, Jun 18-23, 2006

Maruyama K<sup>1</sup>, Takeda M<sup>2</sup>, Urano K<sup>3</sup>, Kidokoro S<sup>4</sup>, Suzuki H<sup>2</sup>, Saito K<sup>2,5</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>,

Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,4</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> Kazusa DNA Research Institute, <sup>3</sup> RIKEN, <sup>4</sup>The University of Tokyo, <sup>5</sup>Chiba University)

‘Metabolome and transcriptome analyses of Arabidopsis plants overexpressing the DREB1A and DREB2A transcription factors’

20<sup>th</sup> IUBMB International Congress of Biochemistry and Molecular Biology and 11<sup>th</sup> FAOBMB Congress, Kyoto, Japan, Jun 18-23, 2006

Matsui, K., Ohme-Takagi, M

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Comprehensive analysis of MYB transcription factors that are involved in flavonoid biosynthesis in Arabidopsis.’ 8th International Congress of Plant Molecular Biology, Australia, Aug. 20, 2006

Fujita Y<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Satoh R<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Sayama H<sup>1,3</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Hiratsu K<sup>4</sup>, Ohme-Takagi M<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo, <sup>4</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

‘AREB1 mediates novel ABRE-dependent ABA-signaling that enhances drought stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*.’

Gordon Research Conferences: Salt & Water Stress in Plants, Oxford, UK, Sep 4-7, 2006

Nakashima K<sup>1</sup>, Tran L-S P<sup>1</sup>, Nguyen DV<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1,3</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Functional analysis of NAC-type transcription factor OsNAC6 involved in abiotic stress-responsive gene expression in rice.’

4th International Rice Functional Genomics Symposium, Montpellier, France, Oct 9-11, 2006

Shikata, M., Ohme-Takagi, M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Regulation of SPL10, a SBP-box transcription factor, by microRNAs in Arabidopsis.’ 24th Symposium in Plant Biology, USA, Jan. 2007

Koyama, T.<sup>1</sup>, Furutani, M.<sup>2</sup>, Tasaka, M.<sup>2</sup>, Ohme-Takagi, M.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>Nara Institute of Science and Technology)

‘TCP-dependent regulation of the expression of boundary specific genes requires for control of morphogenesis of shoot organs in Arabidopsis.’ 24th Symposium in Plant Biology, USA, Jan. 2007

Seki M, Matsui A, Kim J-M, Ishida J, Nakajima M, Morosawa T, Kawashima M, Satou M, Kim T, Kurihara Y, Kaminuma E, Endo T, Mochizuki Y, Kobayashi, Toyoda T. Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Arabidopsis whole-genome transcriptome analysis under drought, cold, high-salinity, and ABA treatment conditions using tiling array and 454 sequencing technology.’

24th Symposium in Plant Biology on Gene Silencing: The Biology of Small RNAs and the Epigenome, Riverside USA, Jan 18-20. 2007.

Ito Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup> RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Comprehensive analysis of 10 *DREB1/CBF* family genes in rice.’

Gordon Research Conferences: Temperature Stresses in Plants, Ventura, USA, Jan 22-25, 2007

Sakuma Y<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Osakabe Y<sup>1</sup>, Qin F<sup>1</sup>, Seki M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup> RIKEN)

‘Functional analysis of transcription factor DREB2A in acquisition of thermotolerance in *Arabidopsis*.’

Gordon Research Conferences: Temperature Stresses in Plants, Ventura, USA, Jan 22-25, 2007

Kidokoro S<sup>1,2</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Nakashima K<sup>2</sup>, Sakuma Y<sup>1</sup>, Imura Y<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup> RIKEN)

‘Transcriptional regulation of the DREB1C gene in response to low temperature.’

Gordon Research Conferences: Temperature Stresses in Plants, Ventura, USA, Jan 22-25, 2007

Seki M.

(RIKEN)

‘Arabidopsis whole-genome transcriptome analysis under abiotic stress conditions.’

UK-Japan workshop on plant genomics, Leeds UK, June 4, 2007

Matsui, K., Ohme-Takagi, M

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘A single MYB domain protein, AtMYBL2, acts as a negative regulator in flavonoid biosynthesis ’ 18TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARABIDOPSIS RESEARCH, China, June 20,2007

Shikata,M.,Koyama,T.,Mitsuda,N.,Matsui,K.,Umemura,Y.,Iwase,A.,Ikeda,M.,Ohme-Takagi, M

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Comprehensive functional analyses of Arabidopsis transcription factors using the chimeric repressor gene silencing technology (CRES-T) ’ 18TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARABIDOPSIS RESEARCH, China, June 20,2007

Iwase,A.<sup>1</sup>, Mitsuda,N.<sup>1</sup>, Koyama,T.<sup>1</sup>, Hiratsu, K.<sup>2</sup>, Arai, T.<sup>3</sup>,Inoue, Y.<sup>3</sup>,Ohme-Takagi M.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>National Defence Academy of Japan, <sup>3</sup>Tokyo University of Science)

‘Functional analyses of an Arabidopsis transcription factor involved in callus formation.’ 18TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARABIDOPSIS RESEARCH, China, June 20,2007

Ikeda,M.,Ohme-Takagi, M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Identification and analysis of functional domains of the bifunctional transcription factor, WUSCHEL.’ 18TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARABIDOPSIS RESEARCH, China, June 20,2007

Mitsuda,N.<sup>1</sup>, Iwase,A.<sup>1</sup>, Yamamoto,H.<sup>2</sup>, Yoshida M.<sup>2</sup>, Seki,M.<sup>3</sup>, Shinozaki,K.<sup>3</sup>, Ohme-Takagi M.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>Nagoya University, <sup>3</sup>RIKEN)

‘NAC transcription factors NST1, NST2 and NST3 are key regulators of secondary wall formation in Arabidopsis.’ 18<sup>TH</sup> INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARABIDOPSIS RESEARCH, China, June 20,2007

Koyama,T.<sup>1</sup>, Tasaka,M.<sup>2</sup>, Furutani.M.<sup>2</sup>,Ohme-Takagi M.<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>Nara Institute of Science and Technology)

‘TCP transcription factors control the morphology of shoot lateral organs via negative regulation of the expression of boundary-specific genes in Arabidopsis.’

18TH INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARABIDOPSIS RESEARCH, China, June 20,2007

Seki M., Matsui A., Kim J-M., Ishida J., Nakajima M., Morosawa T., Kawashima M., Satou M., Kim T., Kurihara Y., Kaminuma E., Endo T., Mochizuki Y., Kobayashi N., Toyoda T. Shinozaki K.

(RIKEN)

‘Arabidopsis whole-genome transcriptome analysis under drought, conditions using tiling array and 454 sequencing technology’,

18th International Conference on Arabidopsis Research, Beijing China, June 20-23, 2007

Takahashi F<sup>1</sup>, Yoshida R<sup>2</sup>, Ichimura K<sup>1</sup>, Mizoguchi T<sup>2</sup>, Yonezawa M<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup>RIKEN, <sup>2</sup>Univ of Tsukuba, <sup>3</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, JIRCAS)

‘The MAP kinase cascade MKK3-MPK6 is an important part of the jasmonate signal transduction pathway in Arabidopsis.’

18th International Conference on Arabidopsis Research, Beijing China, June 20-23. 2007

Umemura, Y.<sup>1</sup>, Hiratsu, K.<sup>2</sup>, Ohme-Takagi M<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST, <sup>2</sup>National Defence Academy of Japan )

‘Molecular mechanism of the transcriptional repression mediated by a plant specific transcriptional repression domain, EAR-motif, in Arabidopsis.’ Plant Biology and Botany 2007 joint congress , July 7,2007

Mitsuda,N., Koyama,T.,Matsui.K., Ohme-Takagi M.

(National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, AIST)

‘Functional analysis of Arabidopsis transcription factors using chimeric repressors’

the Ninth Danforth Center International Fall Symposium, St Louis,U.S.A, Sep 27,2007

Nakashima K<sup>1</sup>, Tran L-S P<sup>1</sup>, Nguyen DV<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1,3</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Hayashi N<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo, <sup>4</sup> National Institute of Agrobiological Sciences)

‘Functional analysis of a NAC-type transcription factor OsNAC6 involved in abiotic and biotic stress-responsive gene expression in rice.’

2007 International Symposium on Plant Stress and Metabolism & Annual Meeting of the KSABC, Gyeongju, Korea, Oct 12, 2007

Ito Y<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Comprehensive analysis of *DREB1/CBF* family genes in rice.’

2007 International Symposium on Plant Stress and Metabolism & Annual Meeting of the KSABC, Gyeongju, Korea, Oct 12, 2007

Matsukura S<sup>1</sup>, Yoshida T<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1</sup>, Ito Y<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Functional analysis of the *OsDREB2B* gene encoding a rice transcription factor involved in abiotic-stress-responsive gene expression.’

2007 International Symposium on Plant Stress and Metabolism & Annual Meeting of the KSABC, Gyeongju, Korea, Oct 12, 2007

Ito Y<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo)

‘Comprehensive analysis of *DREB1/CBF* family genes in rice.’

5th International Symposium of Rice Functional Genomics, Tsukuba, Japan, Oct 15, 2007

Matsukura S<sup>1</sup>, Yoshida T<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1</sup>, Ito Y<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup>RIKEN)

‘Regulation and functional analysis of the *OsDREB2B* gene encoding a transcription factor involved in abiotic-stress-responsive gene expression.’

5th International Symposium of Rice Functional Genomics, Tsukuba, Japan, Oct 15, 2007

Nakashima K<sup>1</sup>, Tran L-S P<sup>1</sup>, Nguyen DV<sup>1</sup>, Fujita M<sup>2</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Todaka D<sup>1,3</sup>, Ito Y<sup>1</sup>, Hayashi N<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,3</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>RIKEN, <sup>3</sup> The University of Tokyo, <sup>4</sup>



National Institute of Agrobiological Sciences)

‘Functional analysis of a NAC-type transcription factor OsNAC6 involved in abiotic and biotic stress-responsive gene expression in rice.’

5th International Symposium of Rice Functional Genomics, Tsukuba, Japan, Oct 16, 2007

Todaka D<sup>1</sup>, Nakashima K<sup>2</sup>, Ito Y<sup>2</sup>, Ohme-Takagi M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>4</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>4</sup>RIKEN)

‘Functional analysis of the *OsPIF1* gene downregulated by drought stress in rice.’

5th International Symposium of Rice Functional Genomics, Tsukuba, Japan, Oct 16, 2007

Todaka D<sup>1</sup>, Nakashima K<sup>2</sup>, Ito Y<sup>2</sup>, Ohme-Takagi M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>4</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> The University of Tokyo, <sup>2</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>3</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology, <sup>4</sup>RIKEN)

‘Functional analysis of the *OsPIF1* gene down-regulated by drought stress in rice.’

7<sup>th</sup> APSRC International Symposium: Abiotic Stress and Plant Growth and Development, Gwangju, Korea, Nov 8, 2007

Kanamori N<sup>1</sup>, Fujita Y<sup>1</sup>, Yoshida T<sup>2</sup>, Sayama H<sup>2</sup>, Fujita M<sup>3</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Hiratsu K<sup>4</sup>, Ohme-Takagi M<sup>4</sup>, Seki M<sup>3</sup>, Shinozaki K<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1,2</sup>.

(<sup>1</sup> Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>2</sup>The University of Tokyo, <sup>3</sup>RIKEN, <sup>4</sup> National Institute of Advanced Industrial Science and Technology)

‘Molecular characterization of AREB family transcription factors involved in ABA responsive gene expression in *Arabidopsis thaliana*.’

7<sup>th</sup> APSRC International Symposium: Abiotic Stress and Plant Growth and Development, Gwangju, Korea, Nov 8, 2007

(国内会議)

圓山恭之進<sup>1</sup>、春日美江<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、郷田秀樹<sup>2</sup>、嶋田幸久<sup>2</sup>、吉田茂男<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「完全長 cDNA マイクロアレイおよび DNA チップを用いた低温誘導性転写因子 DREB1A の標的遺伝子群の網羅的解析」

第 25 回日本分子生物学会年会、横浜、2002 年 12 月 11～14 日

Rabbani MA<sup>1</sup>, Abe H<sup>1</sup>, Saito F<sup>1</sup>, Maruyama K<sup>1</sup>, Yoshiwara K<sup>1</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>1</sup>.

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「Monitoring expression profiles of osmotic stress-inducible genes in rice (*Oryza sativa* L.) using cDNA microarray」

第 25 回日本分子生物学会年会、横浜、2002 年 12 月 11～14 日

大野陽子<sup>1,2</sup>、関原明<sup>2</sup>、嶋坂真理<sup>3</sup>、楠城時彦<sup>4</sup>、藤田美紀<sup>1,5</sup>、佐藤理絵<sup>6</sup>、佐藤将一<sup>2</sup>、櫻井哲也<sup>2</sup>、石田順子<sup>2</sup>、佐藤忍<sup>1</sup>、篠崎和子<sup>6</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 筑波大学、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 東京学芸大学、<sup>4</sup> 森林総合研、<sup>5</sup>CREST、<sup>6</sup> 国際農林水産業研究センター)

「シロイヌナズナ完全長 cDNA マイクロアレイを用いた、乾燥ストレスからの回復過程に関与する遺伝子の解析」

第 25 回日本分子生物学会年会、横浜、2002 年 12 月 11-14 日

嶋坂義弘<sup>1</sup>、嶋坂真理<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、石田順子<sup>2</sup>、中嶋舞子<sup>2</sup>、槐亜希子<sup>2</sup>、神谷麻子<sup>2</sup>、櫻井哲也<sup>2</sup>、

佐藤将一<sup>2</sup>、朴杓允<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>東京学芸大学、<sup>2</sup>理化学研究所)

「cDNA マイクロアレイによる病害および環境ストレスに対するシロイヌナズナ応答遺伝子群の網羅的解析」

第25回日本分子生物学会年会、横浜、2002年12月11-14日

籾 泰子<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、金 鐘明<sup>2</sup>、関 原明<sup>2</sup>、太田由己<sup>2</sup>、横山茂之<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>東京大学、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>CREST)

「乾燥・塩ストレス条件下で発現誘導される WRKY タイプ転写因子の機能解析」

第25回日本分子生物学会年会、横浜、2002年12月11-14日

関 原明<sup>1</sup>、石田順子<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、櫻井哲也<sup>1</sup>、中嶋舞子<sup>1</sup>、梶 亜希子<sup>1</sup>、神谷麻子<sup>1</sup>、秋山顕治<sup>1</sup>、飯田 慶<sup>2</sup>、鳴坂真理<sup>3</sup>、大野陽子<sup>1,4</sup>、藤田美紀<sup>1,5</sup>、水門佐保<sup>1,5</sup>、楠城時彦、梅澤泰史<sup>1</sup>、亀井綾子<sup>1</sup>、籾 泰子<sup>1</sup>、篠崎和子<sup>6</sup>、Joseph R. Ecker<sup>7</sup>、Ronald W. Davis<sup>8</sup>、Athanasios Theologis<sup>9</sup>、Piero carninci<sup>1</sup>、河合 純<sup>1</sup>、林崎良英<sup>1</sup>、澤崎達也<sup>10</sup>、金 鐘明<sup>1</sup>、長谷川嘉則<sup>1</sup>、遠藤弥重太<sup>10</sup>、横山茂之<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>長浜バイオ大学、<sup>3</sup>東京学芸大学、<sup>4</sup>筑波大学、<sup>5</sup>CREST、<sup>6</sup>森林総合研、<sup>7</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>8</sup>Salk Inst、<sup>9</sup>Stanford GTC、<sup>10</sup>愛媛大学)

「シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への利用」  
日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、東大阪、2003 年 3 月 27-29 日

亀井綾子<sup>1</sup>、梅澤泰史<sup>1</sup>、関 原明<sup>1</sup>、Jian-Kang Zhu<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>アリゾナ大学)

「シロイヌナズナ塩ストレス高感受性変異体 *sos2-1* および *sos3-1* の栄養生長期における遺伝子発現プロファイルの解析」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、東大阪、2003 年 3 月 27-29 日

Oono Y<sup>1,2</sup>、Seki M<sup>2</sup>、Nanjo T<sup>3</sup>、Narusaka M<sup>4</sup>、Fujita M<sup>2,5</sup>、Satoh R<sup>6</sup>、Satou M<sup>2</sup>、Sakurai T<sup>2</sup>、Ishida J<sup>2</sup>、Akiyama K<sup>2</sup>、Maruyama K<sup>6</sup>、Sato S、Yamaguchi-Shinozaki K<sup>6</sup>、Shinozaki K<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>筑波大学、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>森林総合研、<sup>4</sup>東京学芸大学、<sup>5</sup>CREST、<sup>6</sup>国際農林水産業研究センター)

「Monitoring expression profiles of Arabidopsis gene expression during rehydration process after dehydration using ca. 7000 full-length cDNA microarray」

日本植物生理学会 2003 年度年会および第 43 回シンポジウム、東大阪、2003 年 3 月 27-29 日

櫻井哲也<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、秋山顕治<sup>1</sup>、飯田 慶<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>長浜バイオ大学)

「シロイヌナズナデータベースサイト RARGE (RIKEN *Arabidopsis* Genome Encyclopedia)」

第26回日本分子生物学会年会、神戸、2003年3月27-29日

岩瀬哲<sup>1</sup>、石井秀樹<sup>2</sup>、青柳秀紀<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>、田中秀夫<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>筑波大学大学院)

「DNA マイクロアレイを用いた培養細胞と親植物との遺伝子発現様式の比較解析」

第26回日本分子生物学会、兵庫、2003年12月9日

圓山恭之進<sup>1</sup>、春日美江<sup>1</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター)

「オリゴアレイを用いた低温誘導性転写因子 DREB1A の標的遺伝子群の網羅的解析」

第26回日本分子生物学会年会、神戸、2003年12月10日

菅野正治<sup>1</sup>、上中宏典<sup>1</sup>、松井恭子<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup>、Rafael Catala<sup>1</sup>、Julio Salinas<sup>1</sup>、高辻博志<sup>1</sup> (<sup>1</sup>農業生物資源研究所、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「ペチュニア・ジンクフィンガー遺伝子 ZPT2-3 は乾燥ストレス応答に関与する」

第 26 回日本分子生物学会、神戸、2003 年 12 月 10 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>科学技術振興機構 (CREST))

「シロイヌナズナの ABA 誘導性転写因子 AREB1 の転写制御機構の解析」

第 26 回日本分子生物学会年会、神戸、2003 年 12 月 10 日

光田展隆、平津圭一郎、高木優 (産業技術総合研究所)

「CRES-T 法による植物特異的転写因子 NAC ファミリーの網羅的機能解析」

植物の機能と制御第 2 回公開シンポジウム、東京、2004 年 3 月 29 日

佐藤里絵<sup>1</sup>、藤田泰成<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所)

「シロイヌナズナ ProDH 遺伝子の低浸透圧応答性発現制御に関わる bZIP 転写因子の解析」

日本植物生理学会 2004 年度年会及びシンポジウム、八王子、2004 年 3 月 28-29 日

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Satou M<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Akiyama K<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Oono Y<sup>1,5</sup>, Fujita M<sup>1,3</sup>, Mizukado S<sup>1,3</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Narusaka M<sup>3</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>6</sup>, Ecker J.R.<sup>7</sup>, Davis R.W.<sup>8</sup>, Theologis A<sup>9</sup>, Carninci P<sup>1</sup>, Kawai J<sup>1</sup>, Hayashizaki Y<sup>1</sup>, Yokoyama S<sup>1</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>長浜バイオ大学、<sup>3</sup>CREST、<sup>4</sup>東京学芸大学、<sup>5</sup>筑波大学、<sup>6</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>7</sup>Salk Inst、<sup>8</sup>Stanford GTC、<sup>9</sup>PGEC、<sup>10</sup>愛媛大学)

「Arabidopsis encyclopedia using full-length cDNAs and its application for functional genomics」

日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27-29 日

藤田美紀<sup>1,2</sup>、藤田泰成<sup>3</sup>、関原明<sup>1</sup>、篠崎和子<sup>3</sup>、高木優<sup>4</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>CREST、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>4</sup>産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ乾燥誘導性 NAC 遺伝子 RD26 の機能解析」

日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27-29 日

Oono Y<sup>1,2</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Satou M<sup>2</sup>, Ishida J<sup>2</sup>, Iida K<sup>3</sup>, Sakurai T<sup>2</sup>, Akiyama K<sup>2</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>4</sup>, Shinozaki K<sup>2</sup>.

(<sup>1</sup>筑波大学、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>長浜バイオ大学、<sup>4</sup>国際農林水産業研究センター)

「Arabidopsis gene expression profiles during recovery process after low-temperature stress using microarray」

日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27-29 日

太治輝昭<sup>1</sup>、関原明<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、鳴坂義弘<sup>2</sup>、鳴坂真理<sup>2</sup>、小林正智<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>東京学芸大学)

「シロイヌナズナ cDNA マイクロアレイを用いた塩性植物 *Theilungiella halophila* のゲノム機能解析」

日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム、八王子、2004 年 3 月 27-29 日

関原明<sup>1</sup>、石田順子<sup>1</sup>、中嶋舞子<sup>1</sup>、槐 亜希子<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>1,2</sup>、水門佐保<sup>1,2</sup>、亀井綾子<sup>1</sup>、大野陽子<sup>1,3</sup>、櫻井哲也<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、秋山顕治<sup>1</sup>、飯田 慶<sup>4</sup>、篠崎和子<sup>5</sup>、豊田哲郎<sup>1</sup>、小長谷明彦<sup>1</sup>、

鳴坂真理<sup>6</sup>、Joseph R. Ecker<sup>7</sup>、Ronald W. Davis<sup>8</sup>、Athanasios Theologis<sup>9</sup>、Piero Carninci<sup>1</sup>、河合 純<sup>1</sup>、林崎良英<sup>1</sup>、横山茂之<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 理化学研究所、<sup>2</sup> CREST、<sup>3</sup> 筑波大学、<sup>4</sup> 長浜バイオ大学、<sup>5</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>6</sup> 東京学芸大学、<sup>7</sup> Salk Inst、<sup>8</sup> Stanford GTC、<sup>9</sup> PGEC、<sup>10</sup> 愛媛大学)

「シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と植物ゲノムの発現・機能解析への利用」

日本植物学会第 68 回大会、藤沢、2004 年 9 月 9-12 日

高木優、平津圭一郎、松井恭子(産業技術総合研究所)

「CRES-T 法を用いたアントシアニンおよびタンニン生合成系の抑制」

植物の機能と制御第 2 回公開シンポジウム、東京、2004 年 10 月 26 日

高木優、平津圭一郎、光田展隆(産業技術総合研究所)

「CRES-T 法による植物特異的転写因子 NAC ファミリーの網羅的機能解析」

植物の機能と制御第 2 回公開シンポジウム、東京、2004 年 10 月 26 日

高木優、平津圭一郎、小山知嗣(産業技術総合研究所)

「TCP 転写因子の器官形成における役割」

植物の機能と制御第 2 回公開シンポジウム、東京、2004 年 10 月 26 日

高木優、平津圭一郎、松井恭子、光田展隆

(産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナ転写抑制因子 SUPERMAN の最小転写抑制ドメインの同定」

第 27 回日本分子生物学会年会、神戸、2004 年 12 月 8 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、佐藤里絵<sup>1,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、Mohammad M. Parvez<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>4</sup>、高木優<sup>4</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,5</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup> 産業技術総合研究所、<sup>5</sup> 東京大学)

「シロイヌナズナの ABA 誘導性転写因子 AREB1 の乾燥ストレス応答における役割」

第 27 回日本分子生物学会年会、神戸、2004 年 12 月 8 日

佐藤里絵<sup>1,2</sup>、藤田泰成<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学)

「シロイヌナズナのプロリンデヒドロゲナーゼ遺伝子 ProDH の低浸透圧応答性発現制御に関与する bZIP 転写因子の解析」

第 27 回日本分子生物学会年会、神戸、2004 年 12 月 8 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、竹田みぎわ<sup>2</sup>、鈴木秀幸<sup>2</sup>、斉藤和季<sup>2,3</sup>、柴田大輔<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>4</sup>、篠崎和子<sup>1,5</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> かずさ DNA 研究所、<sup>3</sup> 千葉大学、<sup>4</sup> 理化学研究所、<sup>5</sup> 東京大学)

「低温誘導性遺伝子を制御する転写因子 DREB1A の過剰発現植物体におけるトランスクリプトムおよびメタボロム解析」

第 27 回日本分子生物学会年会、神戸、2004 年 12 月 8 日

飯田 慶<sup>1</sup>、関 原明<sup>2</sup>、櫻井哲也<sup>2</sup>、佐藤将一<sup>2</sup>、秋山顕治<sup>2</sup>、豊田哲郎<sup>2</sup>、小長谷明彦<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 長浜バイオ大学、<sup>2</sup> 理化学研究所)

「シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた選択的スプライシングの解析」

第 27 回日本分子生物学会年会、神戸、2004 年 12 月 8-11 日

高木 優、小山知嗣、平津圭一郎

(産業技術総合研究所)

「細胞の分裂と分化の制御を介した TCP 転写因子の器官形成への役割」

日本植物生理学会 2005 年度年会、新潟、2005 年 3 月 24 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、佐藤里絵<sup>1,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、Mohammad M. Parvez<sup>1</sup>、関 原明<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>4</sup>、高木 優<sup>4</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,5</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup> 産業技術総合研究所、<sup>5</sup> 東京大学)

「乾燥ストレス応答におけるシロイヌナズナの ABA 誘導性転写因子 AREB1 の役割」

第 46 回日本植物生理学会年会、新潟、2005 年 3 月 24-25 日

佐藤里絵<sup>1,2</sup>、藤田泰成<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学)

「シロイヌナズナのプロリンデヒドロゲナーゼ遺伝子 ProDH の低浸透圧応答性発現制御に関与する bZIP 型転写因子 ATB2 サブグループの解析」

第 46 回日本植物生理学会年会、新潟、2005 年 3 月 24-25 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、竹田みぎわ<sup>2</sup>、春日美江<sup>1</sup>、城所聡<sup>1,3</sup>、鈴木秀幸<sup>2</sup>、斉藤和季<sup>2,4</sup>、柴田大輔<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>5</sup>、篠崎和子<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> かずさ DNA 研究所、<sup>3</sup> 東京大学、<sup>4</sup> 千葉大学、<sup>5</sup> 理化学研究所)

「シロイヌナズナにおける低温誘導性転写因子 DREB1A の過剰発現植物体におけるトランスクリプトムおよびメタボロム解析」

第 46 回日本植物生理学会年会、新潟、2005 年 3 月 24-25 日

Seki M<sup>1</sup>, Ishida J<sup>1</sup>, Iida K<sup>2</sup>, Nakajima M<sup>1</sup>, Enju A<sup>1</sup>, Sakurai T<sup>1</sup>, Kamei A<sup>1</sup>, Oono Y<sup>1,3</sup>, Umezawa T<sup>1</sup>, Fujita M<sup>1,4</sup>, Mizukado S<sup>1,4</sup>, Narusaka Y<sup>5</sup>, Narusaka M<sup>5</sup>, Shinozaki K<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 理化学研究所、<sup>2</sup> 長浜バイオ大学、<sup>3</sup> 筑波大学、<sup>4</sup> CREST、<sup>5</sup> 東京学芸大学)

「Expression profiling using Arabidopsis whole-genome regulatory gene oligo DNA microarray」

日本植物生理学会 2005 年度年会および第 45 回シンポジウム、新潟、2005 年 3 月 24-26 日

伊藤卓也<sup>1</sup>、高木 優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 理化学研究所、<sup>2</sup> 産業技術総合研究所)

「転写抑制ドメインとタペート層特異的核内制御因子 MSI を用いた雄性不稔シロイヌナズナの作出法」

日本植物生理学会 2005 年度年会および第 45 回シンポジウム、新潟、2005 年 3 月 24-26 日

Oono Y<sup>1,2</sup>, Seki M<sup>2</sup>, Satou M<sup>2</sup>, Iida K<sup>3</sup>, Akiyama K<sup>2</sup>, Sakurai T<sup>2</sup>, Fujita M<sup>1,4</sup>, Yamaguchi-Shinozaki K<sup>5</sup>, Shinozaki K<sup>5</sup>

(<sup>1</sup> 筑波大学、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 長浜バイオ大学、<sup>4</sup> CREST、<sup>5</sup> 国際農林水産業研究センター)

「Monitoring expression profiles of Arabidopsis genes in the process of cold acclimation and deacclimation using DNA microarrays」

日本植物生理学会 2005 年度年会および第 45 回シンポジウム、新潟、2005 年 3 月 24-26 日

秋山頭治<sup>1</sup>、櫻井哲也<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、飯田 慶<sup>2</sup>、関 原明<sup>1</sup>、黒森 崇<sup>1</sup>、伊藤卓也<sup>1</sup>、小長谷明彦<sup>1</sup>、豊田哲郎<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 理化学研究所、<sup>2</sup> 長浜バイオ大学)

「シロイヌナズナゲノム統合データベース RAEGE の機能拡張」

日本植物生理学会 2005 年度年会および第 45 回シンポジウム、新潟、2005 年 3 月 24-26 日

太治輝昭<sup>1,2</sup>、竹田みぎわ<sup>3</sup>、森下宜彦<sup>3</sup>、鈴木秀幸<sup>3</sup>、斎藤和樹<sup>4</sup>、柴田大輔<sup>3</sup>、石田順子<sup>2</sup>、関原明<sup>2</sup>、田中重雄<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>東京農業大学、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>かずさ DNA 研究所、<sup>4</sup>千葉大学)

「モデル塩性植物 *Thellungiella halophila* のメタボロームおよびトランスクリプトーム解析」

日本植物生理学会 2005 年度年会および第 45 回シンポジウム、新潟、2005 年 3 月 24-26 日

小山知嗣、平津圭一郎、高木優

(産業技術総合研究所)

「TCP 転写因子は器官の滑らかな表面と縁をつくる」

植物の機能と制御第 3 回公開シンポジウム、東京、2005 年 9 月 27 日

松井恭子、平津圭一郎、岩瀬哲、高木優

(産業技術総合研究所)

「MYB 転写因子による表皮細胞分化の制御に関する研究」

植物の機能と制御第 3 回公開シンポジウム、東京、2005 年 9 月 27 日

中島一雄<sup>1</sup>、Lam-Son Phan Tran<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、平津圭一郎<sup>4</sup>、高木優<sup>4</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,5</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup>産業技術総合研究所、<sup>5</sup>東京大学)

「イネの植物特異的転写因子 NAC ファミリーの解析」

JST-CREST 研究領域「植物の機能と制御」第 3 回公開シンポジウム、東京、2005 年 9 月 27 日

戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>産業技術総合研究所、<sup>3</sup>理化学研究所、<sup>4</sup>東京大学)

「乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIF1 遺伝子の機能解析」

JST-CREST 研究領域「植物の機能と制御」第 3 回公開シンポジウム、東京、2005 年 9 月 27 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、佐藤里絵<sup>1,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、Mohammad M. Parvez<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>4</sup>、高木優<sup>4</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,5</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup>産業技術総合研究所、<sup>5</sup>東京大学)

「ABA 誘導性転写因子 AREB1 の乾燥ストレス応答における役割」

JST-CREST 研究領域「植物の機能と制御」第 3 回公開シンポジウム、東京、2005 年 9 月 27 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、佐藤里絵<sup>1,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、佐山博子<sup>1,4</sup>、Mohammad M. Parvez<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>5</sup>、高木優<sup>5</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>理化学研究所、<sup>3</sup>科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup>東京大学、<sup>5</sup>産業技術総合研究所)

「シロイヌナズナの乾燥ストレス応答における ABA 誘導性転写因子 AREB の役割」

第 28 回日本分子生物学会年会、福岡、2005 年 12 月 9 日

佐藤里絵<sup>1,2</sup>、藤田泰成<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>科学技術振興機構 (CREST)、<sup>3</sup>理化学研究所、<sup>4</sup>東京大学)

「シロイヌナズナ ProDH 遺伝子の低浸透圧応答性発現制御に関与する bZIP 転写因子 ATB2 サブグループの解析」

第 28 回日本分子生物学会年会、福岡、2005 年 12 月 9 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、竹田みぎわ<sup>2</sup>、浦野薫<sup>3</sup>、佐久間洋<sup>1</sup>、春日美江<sup>1</sup>、城所聡<sup>1,4</sup>、鈴木秀幸<sup>2</sup>、斉藤和季<sup>2,5</sup>、柴田大輔<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> かずさ DNA 研究所、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学、<sup>5</sup> 千葉大学)  
「シロイヌナズナにおける環境ストレス誘導性転写因子 DREB1A および DREB2A 過剰発現植物体を用いたトランスクリプトームおよびメタボローム解析」

第 28 回日本分子生物学会年会、福岡、2005 年 12 月 9 日

戸高大輔<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 産業技術総合研究所、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学)  
「乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIF1 遺伝子の機能解析」

第 28 回日本分子生物学会年会、福岡、2005 年 12 月 9 日

伊藤隆<sup>1,2</sup>、伊藤裕介<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>3</sup>、高木優<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>4</sup>、篠崎和子<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup> 東京大学、<sup>2</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>3</sup> 産業技術総合研究所、<sup>4</sup> 理化学研究所)  
「イネにおける環境ストレス誘導性遺伝子の発現に関わる転写因子 OsDREB1F の機能解析」

第 28 回日本分子生物学会年会、福岡、2005 年 12 月 9 日

光田展隆<sup>1</sup>、岩瀬哲<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 産業技術総合研究所、<sup>2</sup> 理化学研究所)  
「二次壁肥厚を制御する転写因子の機能解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 19 日

四方雅仁、高木優(産業技術総合研究所)

「キメラリプレッサーを用いたシロイヌナズナ SBP ファミリーの機能解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 19 日

池田美穂、高木優(産業技術総合研究所)

「CRES-T 法による新規 B3 ファミリー遺伝子の機能解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 19 日

藤田泰成<sup>1</sup>、藤田美紀<sup>2,3</sup>、佐藤里絵<sup>1,3</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、佐山博子<sup>1,4</sup>、Mohammad M. Parvez<sup>1</sup>、関原明<sup>2</sup>、平津圭一郎<sup>5</sup>、高木優<sup>5</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>4</sup> 東京大学、<sup>5</sup> 産業技術総合研究所)

「乾燥ストレス応答におけるシロイヌナズナの ABA 誘導性転写因子 AREB1 の発現制御機構の解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 19-21 日

佐藤里絵<sup>1,2</sup>、藤田泰成<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 科学技術振興機構 (CREST)、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学)  
「シロイヌナズナの低浸透圧応答性遺伝子 ProDH の発現制御に関する転写因子 ATB2 サブグループの解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 19-21 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、竹田みぎわ<sup>2</sup>、浦野薫<sup>3</sup>、佐久間洋<sup>1</sup>、城所聡<sup>1,4</sup>、鈴木秀幸<sup>2</sup>、斉藤和季<sup>2,5</sup>、柴田大輔<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> かずさ DNA 研究所、<sup>3</sup> 理化学研究所、<sup>4</sup> 東京大学、<sup>5</sup> 千葉大学)

「低温および乾燥環境下におけるシロイヌナズナのトランスクリプトームおよびメタボローム解析」

第 47 回日本植物生理学会年会、つくば、2006 年 3 月 19-21 日

四方雅仁、高木優(産業技術総合研究所)

「CRES-T 法を利用したシロイヌナズナ SBP-box ファミリーの機能解析」

「植物の機能と制御」第 5 回公開シンポジウム、つくば、2006 年 7 月 30 日

光田展隆<sup>1</sup>、岩瀬哲<sup>1</sup>、山本浩之<sup>2</sup>、吉田正人<sup>2</sup>、関原明<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>名古屋大学、<sup>3</sup>理化学研究所)

「二次壁肥厚を制御する転写因子の機能解析」

「植物の機能と制御」第 5 回公開シンポジウム、つくば、2006 年 7 月 30 日

小山知嗣、高木優(産業技術総合研究所)

「TCP 転写因子による分裂組織の形成制御」

「植物の機能と制御」第 5 回公開シンポジウム、つくば、2006 年 7 月 30 日

戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>1</sup>、中島一雄<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,4</sup>

(<sup>1</sup>国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup>産業技術総合研究所、<sup>3</sup>理化学研究所、<sup>4</sup>東京大学)

「乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIF1 遺伝子の機能解析」

「植物の機能と制御」第 5 回公開シンポジウム、つくば、2006 年 7 月 30 日

石田小百合<sup>1</sup>、澤田隆行<sup>1</sup>、我彦広悦<sup>1</sup>、高木優<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>秋田県立大学、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「網羅的な転写因子機能解析の試み」

「植物の機能と制御」第 5 回公開シンポジウム、つくば、2006 年 7 月 30 日

関原明<sup>1</sup>、松井章裕<sup>1</sup>、金鐘明<sup>1</sup>、石田順子<sup>1</sup>、諸澤妙子<sup>1</sup>、佐藤将一<sup>1</sup>、中嶋舞子<sup>1</sup>、川島真貴子<sup>1</sup>、藤泰子<sup>1,2</sup>、飯田慶<sup>3</sup>、郷通子<sup>3</sup>、望月芳樹<sup>1</sup>、神沼英里<sup>1</sup>、遠藤高帆<sup>1</sup>、豊田哲郎<sup>1</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>理化学研究所、<sup>2</sup>東京大学、<sup>3</sup>長浜バイオ大学)

「シロイヌナズナ全ゲノムタイリングアレイを用いた乾燥、低温、塩ストレス条件下でのトランスクリプトーム解析」

分子生物学会 2006 フォーラム「分子生物学の未来」、名古屋、2006 年 12 月 6-8 日

梅村佳美<sup>1</sup>、平津圭一郎<sup>2</sup>、高木優<sup>1</sup> (<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>防衛大学校)

「植物特異的な転写抑制ドメイン EAR モチーフを介した転写抑制機構の解析」

第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28 日

松井恭子、高木優(産業技術総合研究所)

「シングル MYB ドメイン転写因子、AtMYBL2 のフラボノイド生合成制御に関する研究」

第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28 日

水戸智美<sup>1</sup>、松井恭子<sup>2</sup>、高木優<sup>2</sup> (<sup>1</sup>株グリーンソニア、<sup>2</sup>産業技術総合研究所)

「セルフクローニング法に必要な植物由来の選抜マーカーの開発」

第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28 日

光田展隆<sup>1</sup>、岩瀬哲<sup>1</sup>、山本浩之<sup>2</sup>、吉田正人<sup>2</sup>、関原明<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、高木優<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>産業技術総合研究所、<sup>2</sup>名古屋大学、<sup>3</sup>理化学研究所)



「木質形成を制御する転写因子 NST1, NST2, NST3 の機能解析」  
第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28 日

藤田泰成<sup>1</sup>、佐山博子<sup>1,3</sup>、吉田拓也<sup>1,3</sup>、藤田美紀<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>1</sup>、平津圭一郎<sup>4</sup>、高木優<sup>4</sup>、篠崎一雄<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> 理化学研究所、<sup>3</sup> 東京大学、<sup>4</sup> 産業技術総合研究所)  
「シロイヌナズナのアブシジン酸による遺伝子発現に関与する bZIP 型転写因子 AREB ファミリーの機能解析」  
第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28-0 日

松倉智子<sup>1,2</sup>、吉田拓実<sup>1</sup>、戸高大輔<sup>1</sup>、伊藤裕介<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>3</sup>、篠崎和子<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup> 東京大学、<sup>2</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>3</sup> 理化学研究所)  
「イネの環境ストレス応答に関与する転写因子 OsDREB2B の機能解析」  
第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28-30 日

圓山恭之進<sup>1</sup>、竹田みぎわ<sup>2</sup>、櫻井望<sup>2</sup>、城所聡<sup>1,3</sup>、鈴木秀幸<sup>2</sup>、斉藤和季<sup>2,4</sup>、柴田大輔<sup>2</sup>、篠崎一雄<sup>5</sup>、篠崎和子<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup> 国際農林水産業研究センター、<sup>2</sup> かずさ DNA 研究所、<sup>3</sup> 東京大学、<sup>4</sup> 千葉大学、<sup>5</sup> 理化学研究所)  
「シロイヌナズナの低温及び乾燥ストレス下において DREB1A 及び DREB2A が制御する代謝関連遺伝子の解析」  
第 48 回日本植物生理学会、松山、2007 年 3 月 28-30 日

高橋史憲<sup>1</sup>、吉田理一郎<sup>2</sup>、市村和也<sup>1</sup>、溝口剛<sup>2</sup>、瀬尾茂美<sup>2</sup>、圓山恭之進<sup>2</sup>、篠崎和子<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 理化学研究所、<sup>2</sup> 筑波大学、<sup>3</sup> 国際農林水産業研究センター)  
「ジャスモン酸シグナル伝達に関わるシロイヌナズナ MAP キナーゼカスケード MKK3-MPK6 の機能解析」  
第 48 回植物生理学会年会及び第 47 回シンポジウム、松山、2007 年 3 月 28-30 日

#### (4) 特許出願

##### ① 国内出願 (25 件)

発明の名称：植物を宿主とする発現ベクターを構築するための構築用ベクター及びその利用方法  
発 明 者：高木 優、平津圭一郎、小山知嗣  
出 願 人：科学技術振興事業団、産業技術総合研究所  
出 願 日：平成 15 年 6 月 2 日  
出願番号：特願 2003-156920

発明の名称：転写因子を転写抑制因子に変換するペプチド及びこれをコードするポリヌクレオチド、並びにその利用  
発 明 者：高木 優、平津圭一郎、小山知嗣  
出 願 人：科学技術振興事業団、産業技術総合研究所  
出 願 日：平成 15 年 6 月 20 日  
出願番号：特願 2003-177066

発明の名称：タンニン含量が低減された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用  
発 明 者：高木 優、平津圭一郎、松井恭子

出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成15年12月24日  
出願番号：特願2003-427589

発明の名称：植物の雄性不稔体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用  
発明者：高木 優、平津圭一郎、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年1月7日  
出願番号：特願2004-002192

発明の名称：葉の形状が改変された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用  
発明者：高木 優、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年1月22日  
出願番号：特願2004-014843

発明の名称：植物を宿主とする発現ベクターを構築するための構築用ベクター及びその利用方法  
発明者：高木 優、平津圭一郎、小山知嗣  
出願人：科学技術振興事業団、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年1月23日  
出願番号：特願2004-016097

発明の名称：転写因子を転写抑制因子に変換するペプチド及びこれをコードするポリヌクレオチド、並びにその利用  
発明者：高木 優、平津圭一郎、小山知嗣  
出願人：科学技術振興事業団、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年1月23日  
出願番号：特願2004-016105

発明の名称：タンパク質複合体検出方法、およびタンパク質複合体検出キット  
発明者：高木 優、平津圭一郎、松井恭子  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年3月5日  
出願番号：特願2004-063236

発明の名称：蒴の裂開が抑制された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用  
発明者：高木 優、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年3月26日  
出願番号：特願2004-093796

発明の名称：花の形態が改変された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用  
発明者：高木 優、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年4月9日  
出願番号：特願2004-116249

発明の名称：花芽形成遅延植物体の生産方法、及びこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、平津圭一郎、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成 16 年 4 月 9 日  
出願番号：特願 2004-116247

発明の名称：葉の形態形成が制御された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成 16 年 6 月 28 日  
出願番号：特願 2004-190258

発明の名称：葉の形態が改変された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成 16 年 7 月 9 日  
出願番号：特願 2004-203843

発明の名称：蒴の裂開が抑制された植物体の生産方法 2 およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成 16 年 7 月 29 日  
出願番号：特願 2004-221592

発明の名称：八重咲き植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、平津圭一郎、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成 16 年 8 月 6 日  
出願番号：特願 2004-231544

発明の名称：単子葉植物の雄性不稔体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、平津圭一郎、篠崎和子、戸高大輔、中島一雄、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所、国際農林水産業研究センター  
出願日：平成 16 年 8 月 6 日  
出願番号：特願 2004-231551

発明の名称：遺伝子の転写抑制機能を有する新規ペプチドおよびこれをコードするポリヌクレオチド、並びにその利用

発明者：高木 優、平津圭一郎、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成 16 年 8 月 23 日  
出願番号：特願 2004-242593

発明の名称：雄性不稔形質転換植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、伊藤卓也、篠崎一雄、藤田美紀  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所、理化学研究所  
出願日：平成16年10月8日  
出願番号：特願2004-296240

発明の名称：オリゴヌクレオチドデータ管理装置、オリゴヌクレオチドデータ管理システム、オリゴヌクレオチド管理プログラムおよび記録媒体

発明者：高木 優、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年11月8日  
出願番号：特願2004-324356

発明の名称：タンニン含量が低減された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、平津圭一郎、松井恭子  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成16年12月24日  
出願番号：特願2004-374159

発明の名称：完全不稔性植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、平津圭一郎、光田展隆  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成17年3月31日  
出願番号：特願2005-102574

発明の名称：分化、脱分化が制御された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、小山知嗣、岩瀬哲  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成17年4月28日  
出願番号：特願2005-133405

発明の名称：鞘の開裂が抑制された植物体およびその生産方法、ならびこれらの利用

発明者：高木 優、光田展隆、岩瀬哲、平津圭一郎  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成18年2月28日  
出願番号：特願2006-053331

発明の名称：脱分化が誘導されるように改変された植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用

発明者：高木 優、岩瀬哲、小山知嗣  
出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所  
出願日：平成18年4月28日  
出願番号：特願2006-126920

発明の名称：有用形質を有する植物をスクリーニングするためのツール並びにその利用

発明者：高木 優、小山知嗣、平津圭一郎、松井恭子、安本徹

出願人：科学技術振興機構、産業技術総合研究所、株式会社グリーンソニア  
出願日：平成18年10月3日  
出願番号：特願2006-272035

## ②海外出願（3件）

発明の名称：不稔性植物体の生産方法およびこれを用いて得られる植物体、並びにその利用  
発明者：高木 優、平津圭一郎、光田展隆  
出願人：産業技術総合研究所、科学技術振興機構  
出願日：平成17年1月7日  
出願番号：特願PCT/JP02005/000155

発明の名称：タンパク質複合体検出方法、およびタンパク質複合体キット  
発明者：高木 優、平津圭一郎、松井恭子  
出願人：産業技術総合研究所、科学技術振興機構  
出願日：平成17年3月4日  
出願番号：特願PCT/JP02005/003797

発明の名称：有用形質を有する植物をスクリーニングするためのツールおよびその利用  
発明者：高木 優、平津圭一郎、松井恭子、小山知嗣、光田展隆、安本徹  
出願人：産業技術総合研究所、科学技術振興機構、株式会社グリーンソニア  
出願日：平成19年10月2日  
出願番号：特願PCT/JP02007/069265

## （5）受賞等

### ①受賞

1. 2003年2月 第14回つくば賞  
篠崎一雄(理化学研究所)、篠崎和子(国際農林水産業センター)共同受賞
2. 2004年5月 第12回 化学・バイオつくば賞  
「ドミナントリプレッサーを用いた遺伝子サイレンシングシステム開発」  
高木 優 (産業技術総合研究所)
3. 2005年9月 日本植物学会奨励賞  
関 原明 (理化学研究所)
4. 2006年4月 文部科学大臣表彰 科学技術賞  
篠崎一雄 (理化学研究所)
5. 2007年 5月 The 1<sup>st</sup> place of the most cited researchers in Plant & Animal Sciences  
篠崎一雄 (理化学研究所)

### ②新聞報道

2003年8月20日 「共同で高速機能同定」日本工業新聞

- 2003年12月5日 「イネ遺伝子効率解析」日刊工業新聞
- 2003年10月3日 「植物遺伝子の働き 簡単に抑制 産総研、機能解明に弾み」日本経済新聞
- 2003年10月31日 「遺伝子発現地図、理研が高密度を作製」日刊工業新聞
- 2003年10月31日 「高密度の遺伝子発現地図」化学工業日報
- 2003年10月31日 「遺伝子が働く場所9割をDBで公開」日経産業新聞
- 2003年10月31日 「遺伝子発現地図を作製、日本工業新聞」
- 2003年11月12日 「植物での世界最高密度の遺伝子発現地図を作製」教育学術新聞
- 2003年12月5日 「植物転写因子の機能解析 最新の知見発表・討論」科学新聞
- 2004年5月19日 「化学・バイオつくば賞、産業技術総研の2人にー化学・バイオつくば財団」毎日新聞
- 2004年5月19日 「化学・バイオつくば賞、宮岸真、高木優の両氏が受賞」読売新聞
- 2004年6月30日 「同一機能の複数遺伝子 発現を効率抑制 産総研 植物転写因子を改変」日刊工業新聞
- 2007年1月12日 「乾燥や高温にも強い植物できた」日本農業新聞
- 2007年1月12日 「組み換え技術で高温・乾燥に強く」日経産業新聞
- 2007年1月12日 「遺伝子組み換えナズナ 乾燥・高温でも生育」日本経済新聞
- 2007年1月12日 「高温・乾燥に耐性」日刊工業新聞
- 2007年3月5日 「木質形成遺伝子を発見」日本経済新聞
- 2007年3月13日 「雄しべ・雌しべ形成 優良品種生産へ効率抑制」日経産業新聞
- 2007年1月29日 「環境劣化・異常気象に強い耐性植物を開発」建設技術新聞
- 2007年3月13日 「雄しべ・雌しべ形成 優良品種生産へ効率抑制」日経産業新聞
- 2007年3月19日 「理化学研究所、植物の耐病・耐傷害メカニズムを操る新規のシグナル伝達経路を発見」日経経済新聞オンライン
- 2007年3月20日 「植物の耐病・耐傷害メカニズムを操る新規 MAPK 経路を発見」バイオテクノロジー ジャパン (オンライン)
- 2007年3月20日 「植物の耐病で制御経路発見」日刊工業新聞
- 2007年3月26日 「植物の耐病・耐傷害メカニズムを操る新たな経路を発見～病虫害・傷害耐性などストレスに強い植物の開発に期待～」社団法人 農林水産先端技術産業振興センターオンライン

#### (6) その他特記事項

##### 共同研究実施

トヨタ自動車(株) 平成16年4月～平成18年3月  
 研究内容：種子脂質成分に変異を誘導する転写因子の探索研究

##### 特許実施許諾

産総研ベンチャー(株) グリーンソニア

7 研究期間中の主な活動  
ワークショップ・シンポジウム等

年月日	名称	場所	参加人数	概要
2003年 12月11日	第26回日本分子生物学会年会シンポジウム	神戸ポートピアホテル	約200名	植物転写因子の機能ネットワーク
2003年 12月25日	チーム内研究報告会	産業技術総合研究所 会議室	約30名	研究の進捗状況報告と今後の計画検討
2004年 12月15日	チーム内研究報告会	産業技術総合研究所 会議室	約30名	研究の進捗状況報告と今後の計画検討
2005年11月 16日-17日	CREST-JST 国際シンポジウム Functional Network of Transcription Factors in Plants	つくば国際会議場エポカル	約350名	国内外から植物転写因子研究の著名な研究者を招聘し、植物科学の最新の知見を知り、情報交換する。
2006年3月 21日	日本植物生理学会シンポジウム 転写抑制因子を用いた遺伝子機能解析 (CREST-T法) の展望	筑波大学	約200名	植物では転写因子が機能と制御に中心的な働きを行っていることがわかってきた。本シンポジウムでは、新規な遺伝子サイレンシング法である CREST-T 法を用いた転写因子の機能、およびエピジェネティクについて最新的话题を提供し、植物の機能と制御の調整について議論する。
2006年11月 16日	チーム内研究報告会	理化学研究所 会議室	約30名	研究の進捗状況報告と今後の計画検討

## 8 結び

目標等から見た達成度：当初解析対象とした転写因子については、早い段階で全てについての形質転換体を作製した。それらの内明瞭な表現型が現れたものについては、マイクロアレイを用い下流で制御されている遺伝子群のプロファイルを行った。しかし、計画していた標的遺伝子の解析は、19年度になって行ったため、まだ結果と成果が出ていない。シロイヌナズナ全転写因子 cDNA の収集とそれらに対するキメラリプレッサー遺伝子および発現体の構築については、当初の計画にはなく、あらたに計画したものである。全体として、ネットワーク構築については、不完全な部分もあり、完全に達成できたとは言えないが、全般の成果（構築した遺伝子、形質転換体を含む）からみればおおむね達成したとあって良い。

得られた成果の意義等の自己評価：プロジェクト開始時には、開発した遺伝子サイレンシング法がどれだけ効果があるのか検証しながら行ってきた。しかし、途中からこのシステムが、機能未知の遺伝子解析に大変有効であることを確認できたことから、自信をもって研究を進めることができ、得られた成果は、全てパイオニア的な研究成果であると確信している。

今後の研究の展開：今後作製したキメラリプレッサー発現体をさらに解析すると同時に、多様な植物機能の制御を担う因子の探索研究をすすめる。最終目標は、全ての転写因子に関する機能ネットワークを解明し、路線図を作製することにある。

研究代表者としてのプロジェクト運営について（チーム全体の研究遂行、研究費の使い方、若手研究者の育成等）：プロジェクトの途中から、用いたシステムの有効性を確信し、多様な可能性が推察された。そのため、研究室内で興味、アイデアが次々と沸き起こり、それを収集するためどれを優勢すべきか、研究方向の決定迷いを生じた時期があったことは、今後の反省点である。

その他戦略的創造研究推進事業に対する意見、要望：  
CREST 研究を再度行いたい。

