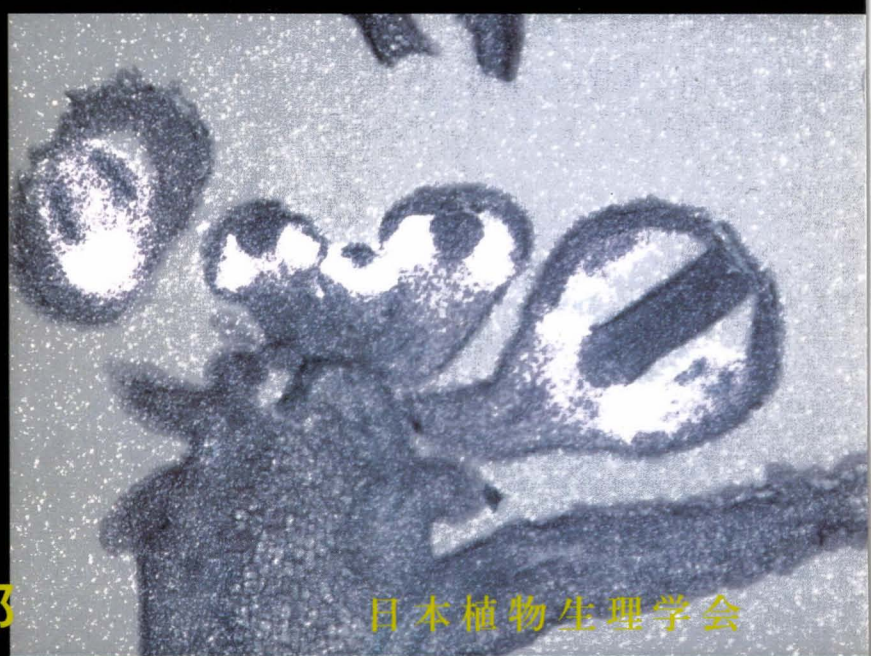
日本植物生理学会1997年度年会
および第37回シンポジウム

http://www.nacos.com/jspp

シンポジウム

Ⅰ．栄養シグナル応答と代謝制御
Ⅱ．アポプラストのダイナミズム
Ⅲ．高等植物胚発生の分子機構
Ⅳ．微量必須元素研究の最前線
Ⅴ．プラスチドと核のクロストーク
Ⅵ．Photooxidative Damage and Its Relaxation
Ⅶ．Frontier of Arabidopsis Research
Ⅷ．高等植物における光および病傷害ストレス応答の分子機構



1997年3月27, 28, 29日

京都大学　総合人間学部

日本植物生理学会

光合成・植物生理測定関連機器

LI-6400　携帯用光合成蒸散測定システム(オープン式)

- リーフチャンバー内を一定の環境条件（CO_2濃度、温度、湿度、光環境）に設定することが可能なオープンシステム設計により、光合成の環境動態反応が測定できます。
- 電子冷却によりチャンバー内の温度を自動制御できます。また、標準のガス交換パラメーター以外に、葉面湿度、葉面CO_2モルフラクション、Ball-Berryインデックス、RubP利用等の計算ソフトも内蔵されていますので、使用者が自由に変更追加することが可能です。
- グラフィックスモードにより、測定又は計算された変数をグラフ化できます。コンダクタンスやインターナルCO_2濃度の時間的変化をグラフ表示できます。
- LI-6200携帯用光合成蒸散測定装置（クローズド式）も同時に販売しております。

LI-6262　高分解能CO_2/H_2Oアナライザー

LI-6262 高分解能CO_2/H_2Oアナライザー

- 絶対値モード又は差動値モードにて、CO_2及びH_2O濃度が測定できます。
- 赤外線熱検出器は電子冷却素子により、−12℃に保たれていますので、出力は極めて安定しています。

CO_2分析計

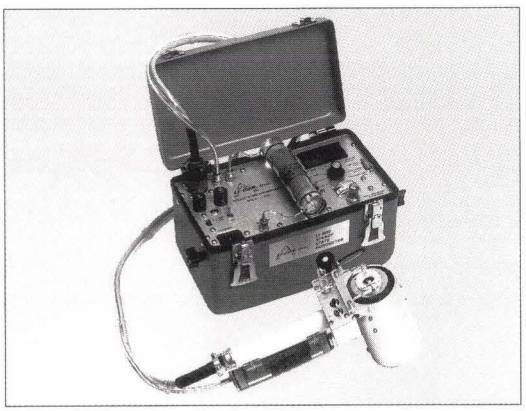
測定域	0〜3,000ppm又は±1,500ppm
精　度	±1ppm(350ppm、最大<3ppm) ±2ppm(1,000ppm、最大6ppm)

H_2O分析計

測定域	0〜150mbar又は0〜±75mbar又は40℃露点（ただし、サンプルセル及び接続ホースが露点温度以上にあること。）
精　度	読みの1％

サイズ：33.5L×13W×24Dcm　重量：3.5kg

LI-1600　スーパーポロメーター



- 測定中チャンバー内の湿度をコンピュータがステディーステート制御しますので測定時気孔の変化がありません。
- 葉を切り取らずに蒸散抵抗値、蒸散量を直読測定できる画期的な超精密自動蒸散計です。
- 測定室（チャンバー）の温度・湿度、葉面温度、乾燥空気流量、光量子量もデジタル表示します。
- 各種ポロメーターの基準計器です。

〈測　定　値〉

	範　囲
蒸散抵抗値	0.5〜100s/cm
気孔コンダクタンス	0.02〜2cm/s
気孔コンダクタンス	0.008〜0.8mmol/㎡/s
蒸散量	0.1〜50μg/㎠/s

※詳細カタログを用意しておりますのでご希望の節はご遠慮なくお申しつけ下さい。

盟和商事株式会社

大　阪：大阪市住吉区千躰２丁目４番２５号
〒558　TEL(06) 674-2222代　FAX(06) 674-2323
東　京：東京都新宿区新宿１　14　２(KI御苑前ビル)
〒160　TEL(03)5379-0051代　FAX(03)5379-0811
福　岡：福岡市博多区比恵町2　24(ロックシャローズ博多)
〒812　TEL(092)412-6622代　FAX(092)412-6633
仙　台：仙台市泉区泉中央１　37　2
〒981-31　TEL(022)218-0560代　FAX(022)218-0561

表紙に寄せて　小さなアブラナ科の雑草，*Arabidopsis thaliana* を高等植物のモデル系とした研究は，この10年に大きな成果をあげてきた。その和名，シロイヌナズナには喰べられない，役に立たない植物につけられるイヌの語を戴いているが，どうして植物研究の分野では大いに役立つことが示されたわけである。

中でも花の形態形成に関するABCモデルは特筆に値する成果といってよいだろう。写真はモデルの基礎となった花のホメオティック突然変異体で，上段は *pistillata* (B^-) 突然変異体，中段左から，*apetala2* (A^-) 突然変異体，野性型，*agamous* (C^-) 突然変異体の花である。下段左は2つのB遺伝子，*PISTILLATA* と *APETALA3* とを構成的に発現するトランスジェニック植物の花で，右は *PISTILLATA* 遺伝子を用いた *in situ* RNA ハイブリダイゼーションの結果である。これらの結果はABCモデルから予想される通りであった。

シロイヌナズナの利点はこのように遺伝学のみならず，分子生物学のツールが次々と開発されることで飛躍的に増大した。シロイヌナズナの全ゲノムを読むという国際プロジェクトも，今年から本格的にスタートした。これからの10年に，エポックメーキングな研究が日本植物生理学会員の中から生まれることが大いに期待されている。

（後藤弘爾，京都大学化学研究所）

日本植物生理学会1997年度年会

お　よ　び

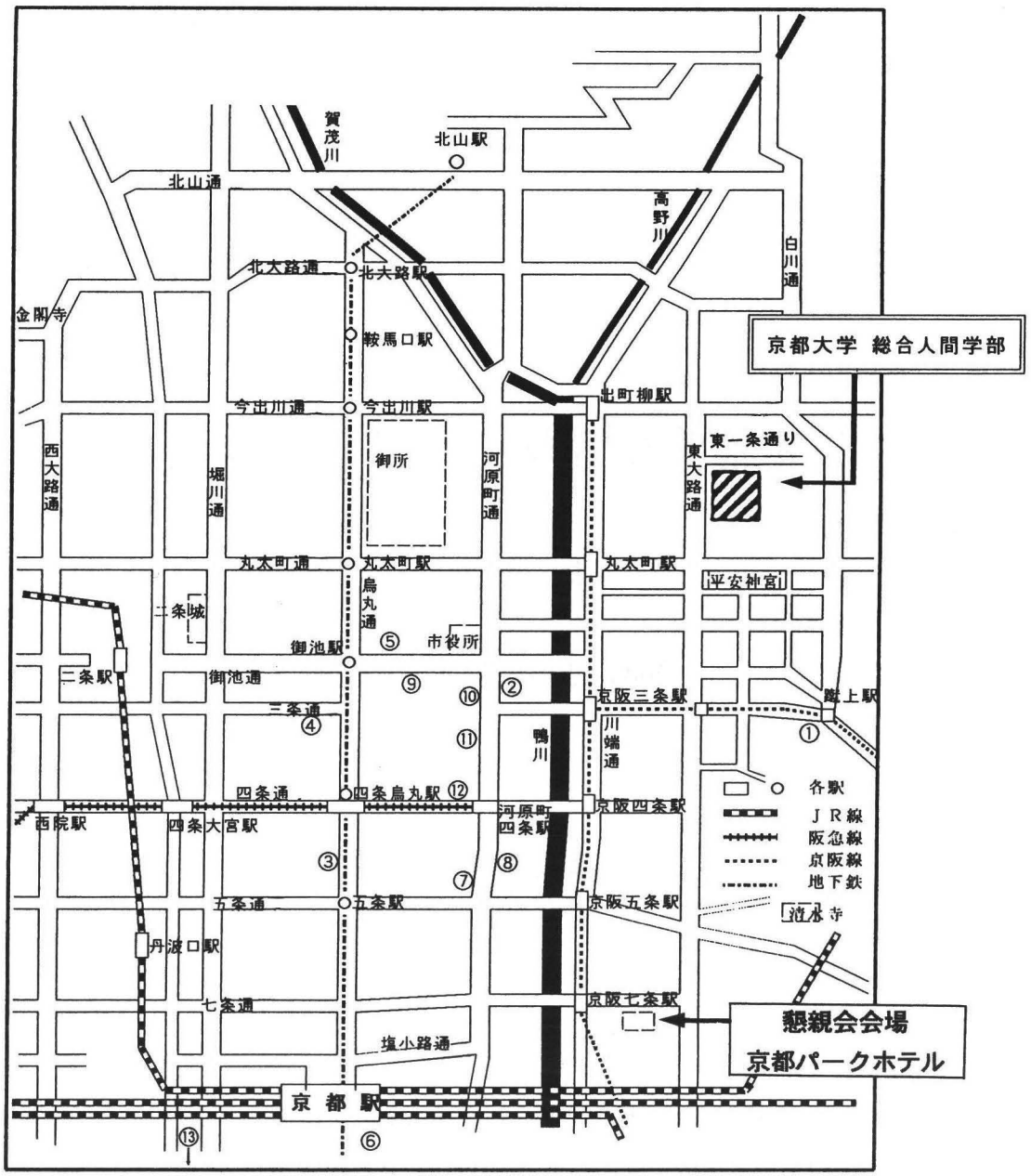
第37回シンポジウム

講演要旨集

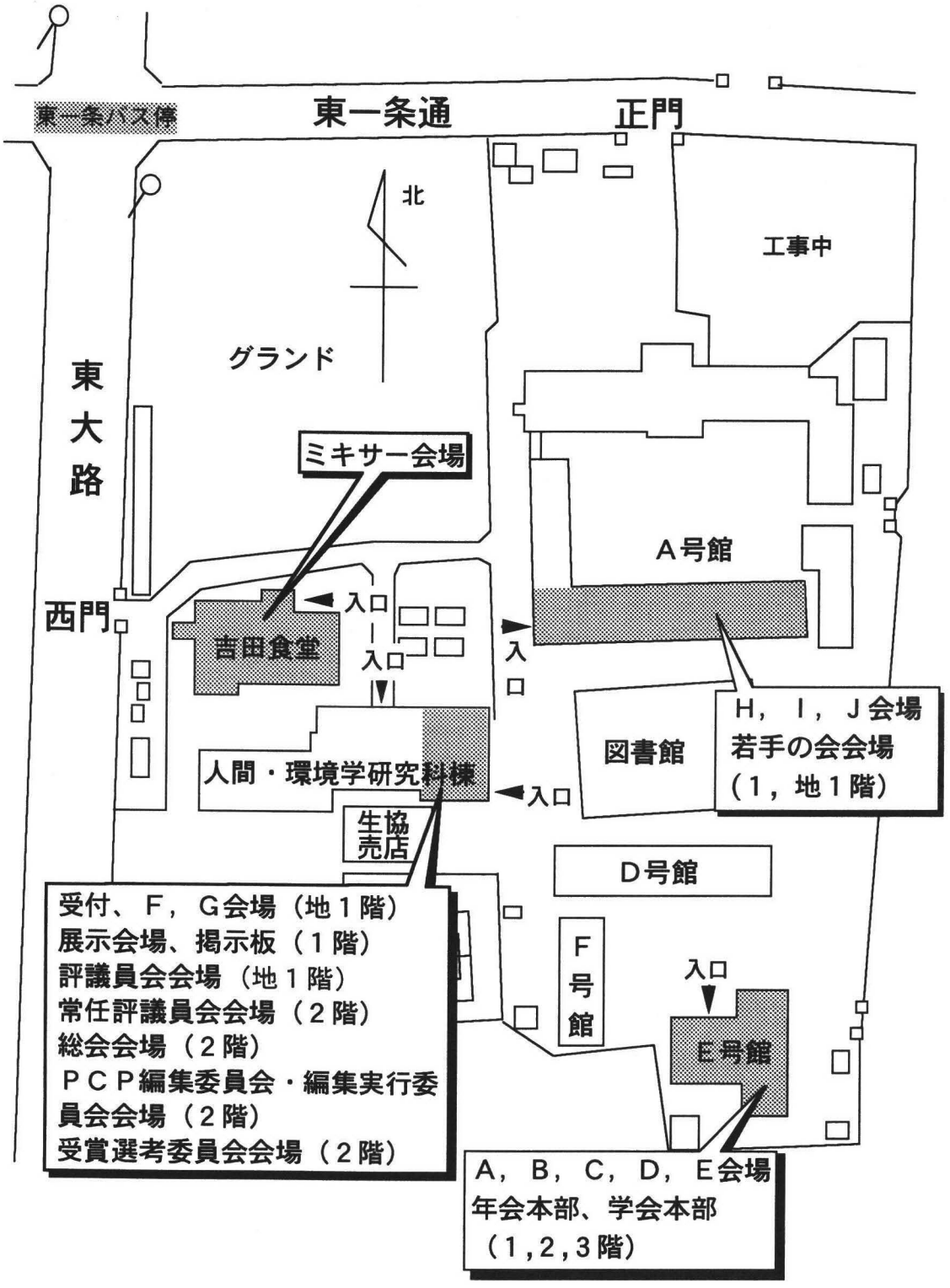
会期：1997年3月27日（木）～29日（土）

会場：京都大学総合人間学部

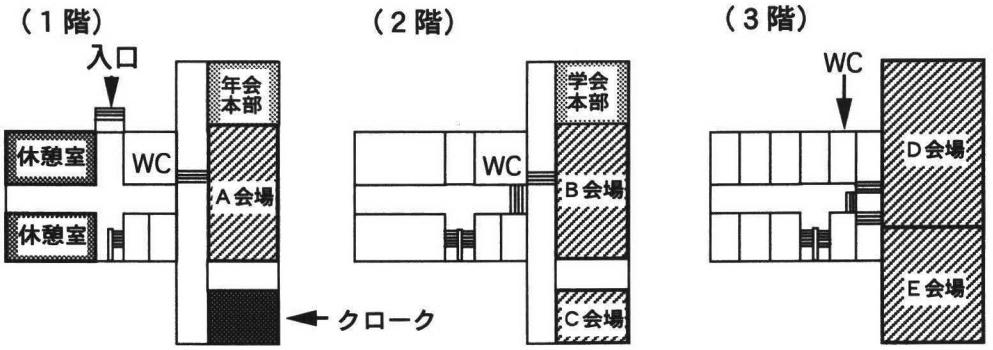
日本植物生理学会



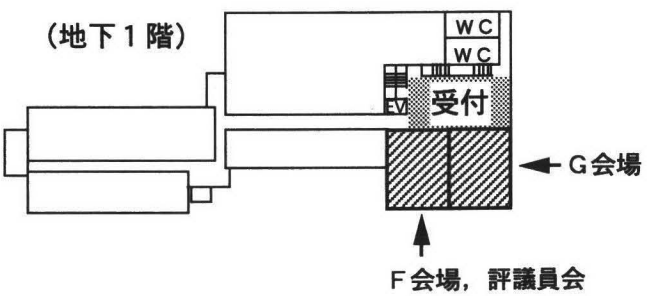
① 都　ホ　テ　ル
② 京都ロイヤルホテル
③ からすま京都ホテル
④ 三条烏丸ホテル
⑤ ハートンホテル京都
⑥ ホテル京阪京都
⑦ ホテルリッチ京都
⑧ ホテルサンルート京都
⑨ ホテルギンモンド
⑩ ホテルアルファ京都
⑪ サンホテル京都
⑫ 京都セントラルイン
⑬ 京都プラザホテル

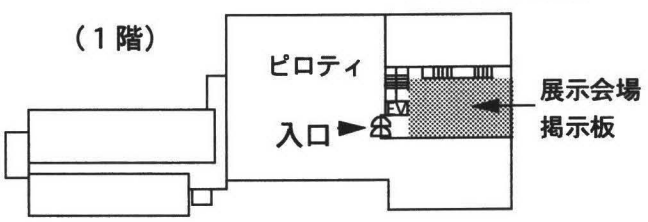

東一条バス停
東一条通
正門
北
工事中
グランド
東大路
ミキサー会場
A号館
西門
入口
吉田食堂
入口
入口
図書館
H，I，J会場
若手の会会場
（1，地1階）
人間・環境学研究科棟
入口
生協
売店
D号館
受付、F，G会場（地1階）
展示会場、掲示板（1階）
評議員会会場（地1階）
常任評議員会会場（2階）
総会会場（2階）
PCP編集委員会・編集実行委員会会場（2階）
受賞選考委員会会場（2階）
F号館
入口
E号館
A，B，C，D，E会場
年会本部、学会本部
（1，2，3階）

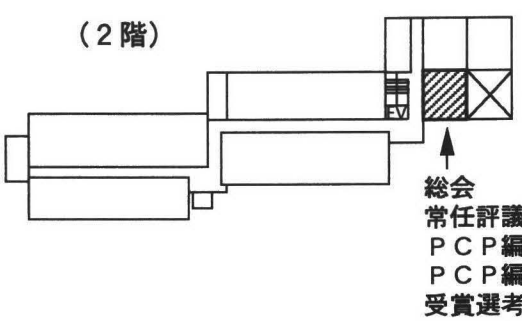
A，B，C，D，E会場・年会本部（総合人間学部E号館）



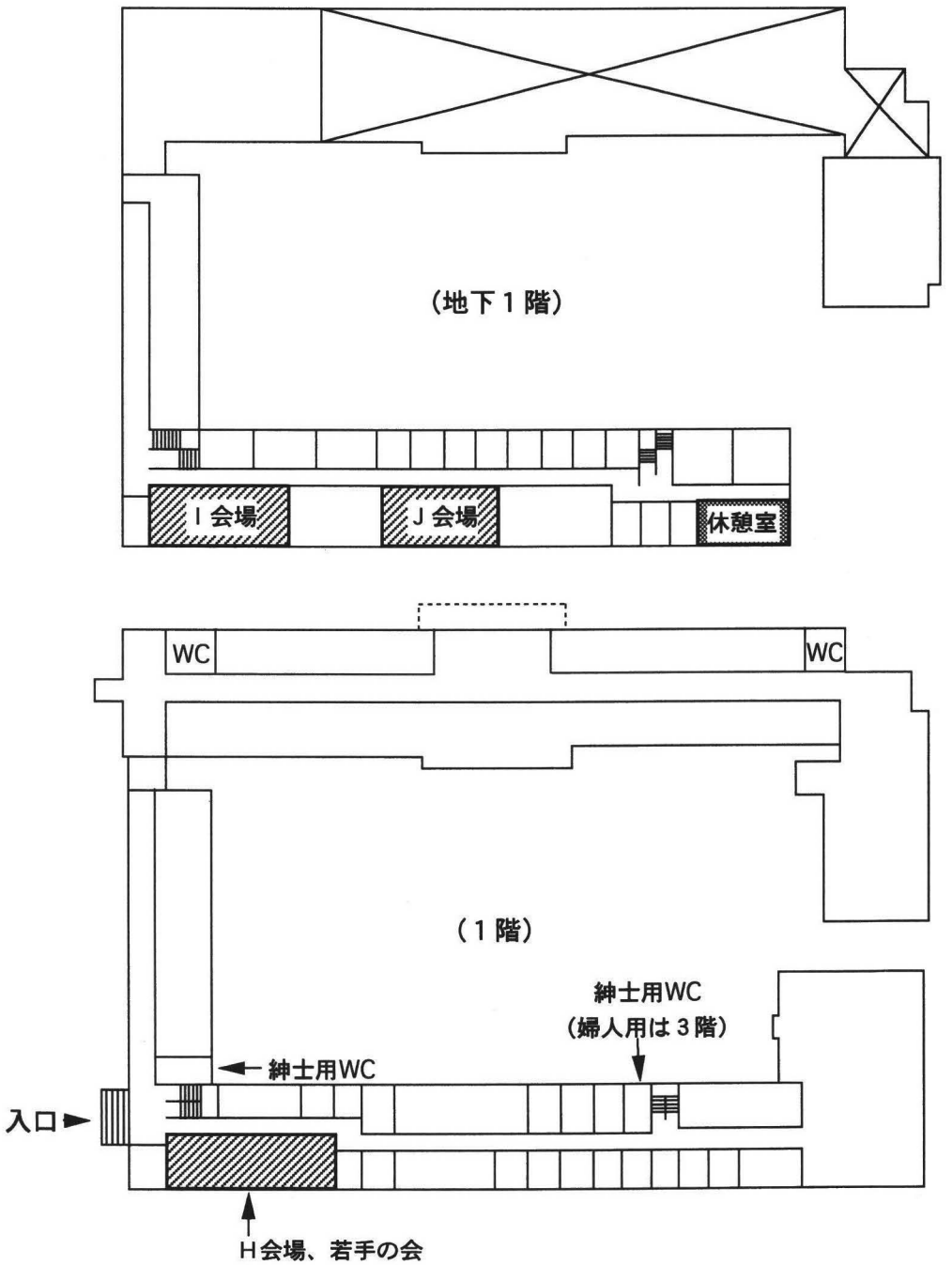
F，G会場・受付（人間・環境学研究科棟）







H，I，J会場（総合人間学部A号館）



□交通のご案内

1) 会場へのアクセス

年会会場の京都大学総合人間学部は，JR 京都駅（烏丸出口）から市バス206番で40分くらい「東一条」下車徒歩２分，または市バス17番，特17番で「百万遍」下車徒歩５分です。京阪電鉄ご利用の方は，「丸太町」または「出町柳」下車徒歩15分です。阪急電車は「河原町」，市営地下鉄は「丸太町」が最寄りですが，そこからはバス，タクシーが必要です。飛行機の場合，関西国際空港からはJR「はるか」で75分，伊丹空港からはリムジンバスで60分でJR 京都駅と連絡します。学内には，学外者用の駐車場がありません。車での入構はご遠慮下さい。

2) 懇親会会場（京都パークホテル）へ

奨励賞，論文賞受賞講演終了後，総合人間学部正門前から懇親会会場までバスを出します（定員300名）。

また，市バスでは，年会会場から206番（京都駅行き）で35分くらい「博物館前」下車，三十三間堂隣り，博物館の向かいです。市バスは非常に混み合うことが予想されますので，京阪「丸太町」または「出町柳」まで歩き（15分くらい），「七条」下車，東（川の反対側）へ徒歩５分，の方が確実です。

□参加登録受付

1) 27日午前8：30より大学院棟地下ロビーで参加登録の受付を始めます。

2) すでに参加申込をされている方は「予約参加受付」で講演要旨と名札をお受け取り下さい。

3) まだ，参加申込をされてない方（参加費を納入されてない方）は，「当日参加受付」で手続きをお取り下さい。

4) 会場内では常時，名札をご着用下さい。

□クローク（E 号館（E-12））

お預かりする時間帯は次の通りです。夜間は管理できませんので，必ずその日の中に荷物をお引きとり下さい。

3月27日　8：30～17：45（ミキサー時は閉鎖）

3月28日　8：00～17：15

3月29日　8：00～17：00

□講演発表される方へ

会則第４条２項により，年会の研究発表の講演者は本学会の会員に限ることと定められています。したがって，演者が本会に未加入の場合は，発表に先だって学会本部にて入会手続きをお取りいただくようお願いします。

1) **発表はすべて OHP によって行って頂くことになりました。35 mm スライドは使用できません。**

OHP 発表についての諸注意：

(1) A４ サイズを使用して下さい。画面は縦横どちらでも使用できます。会場後部の人にも文字が見えるよう画面全体をフルに利用したレイアウトをご考慮下さい。

(2) OHP の操作・進行は演者または共同研究者等のサポートによりお願いします。

(3) 同じものを繰り返し使用する場合は，発表をスムーズに行うため，その数だけシートをご用意下さい。

(4) 写真等ハーフトーンの OHP シートはインクジェットプリンターよりもカラーコピー機を使用した方がコントラストがきれいに仕上がるようです。

(5) OHP ランプはつけ放しにしますので，消さないで下さい。

2）一つ前の講演が始まるときには「次演者席」に着席して下さい。

3）一般講演は講演時間12分討論３分です。講演開始10分後に第１鈴，12分後に第２鈴（講演時間終了）の順に時間経過をお知らせします。座長の指示に従い，時間を厳守して下さい。

□年会参加者への連絡方法

1）会期中（26日～29日）年会本部へのお問い合わせや年会参加者への伝言には下記の電話またはFAXをお使い下さい。電話はレンタルですので，会期中以外はかけないで下さい。

TEL 080-800-0529　　FAX 075-753-6577

2）年会本部で受け取った伝言は大学院棟１階ロビー付近の「伝言板」に掲示します。会場内での呼び出しは致しません。

3）また，「伝言板」は年会参加者相互の連絡にも自由にご利用下さい。

□年会およびシンポジウムについてのお問い合わせ

３月26日までの年会およびシンポジウムについてのお問い合わせは下記にお願いします。できる限り電話ではなく，FAX，e-mailをご利用下さい。

〒611 宇治市五ヶ庄

京都大学食糧科学研究所　JSPP年会準備委員会　（委員長，浅田，総務，遠藤）

TEL/FAX 0774-31-8119　e-mail: endo@food2.food.kyoto-u.ac.jp

□関連会議

学会賞選考委員会	3月26日（大会前日）	14：00～15：00	大学院棟233演習室
編集実行委員会	3月26日（大会前日）	15：30～16：30	大学院棟233演習室
編集委員会	3月26日（大会前日）	17：00～21：00	大学院棟233演習室
常任評議委員会	3月27日	12：00～13：00	大学院棟233演習室
評議員会	3月27日	18：00～	大学院棟地下講義室（F会場）
総会	3月28日	12：00～13：00	大学院棟233演習室

□ミキサー

日　時：3月27日（木）　17：30～

場　所：京大生協・吉田食堂１階（総合人間学部キャンパス内）

無料ですのでご自由にご参加下さい。

□懇親会

日　時：3月28日（金）　18：30～

場　所：京都パークホテル

京都市東山区三十三間堂廻り町644-2　TEL 075-525-3111

□**関連集会**　　第1日　3月27日（木）午後6時～　H会場

「植物生理若い研究者の会」

オーガナイザー　中嶋信美（国立環境研）

18：00　はじめに
18：05　農業分野へ活かすためのブラシノライドの代謝に関する研究
古関（西川）直子（東京農工大・応用生物・学振特別研究員）
19：00　ジベレリン生合成酵素遺伝子の単離と発現解析
山口信次郎（理研・国際フロンティア）
19：55　おわりに
20：00　親睦会

当日　お弁当の予約を受け付けます。
講演要旨及びプログラムは「植物生理若い研究者の会ホームページ」
http://www.ipc.hiroshima-u.ac.jp/~naka000/
においても見ることができます。

□**「光合成測定」の本，差し上げます。**

D. Walker 著，和田野　晃訳「光合成測定」（原題 The Use of Oxygen Electrode and Fluorescence Probes in Simple Measurements of Photosynthesis）を旭光通商㈱より年会準備委員会に若干数ご寄付いただきました。

年会参加者に限りお分けいたしますので，ご希望の方は，**往復はがきで年会事務局までお申し込みください。締切は3月14日（金）必着です。返信はがきの宛名も必ずご記入下さい。**ご希望多数の場合は抽選の上，引換券を返送いたします。年会当日，受付にて本をお受け取りください。なお，郵送はいたしません。

□授賞式・受賞講演　　第2日　3月28日（金）16：00～17：00　D会場

〔授賞式〕

16：00　　選考経過報告
　　賞状授与

〔受賞講演〕

日本植物生理学会奨励賞

16：20　佐藤　忍（筑波大学・生物科学系）
　　ニンジン培養細胞系を用いた細胞壁機能の研究

日本植物生理学会論文賞

16：40　米　華玲（京都大学食糧科学研究所，現・中国科学院上海植物生理研究所）
　　シアノバクテリアでのNAD（P）Hデヒドロゲナーゼに依存する循環的電子伝達

　　—受賞論文—

　　1．Mi, H., T. Endo, U. Schreiber, T. Ogawa and K. Asada: NAD(P)H-Dehydrogenase-dependent cyclic electron flow around photosystem I in the cyanobacterium *Synechocystis* PCC 6803: A study of dark-starved cells and spheroplasts. *Plant Cell Physiol.* 35: 163–173（1994）

　　2．Mi, H., T. Endo, T. Ogawa and K. Asada: Thylakoid membrane-bound, NADPH-specific pyridine nucleotide dehydrogenase complex mediates cyclic electron transport in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803. *Plant Cell Physiol.* 36: 661–668（1995）

日程表

第1日（27日）
第2日（28日）
午前
午後
午前
会場
8:30
9:30
11:45
13:00
15:15
17:30
8:30
12:00
13:00
参加登録
ミキサー
総会
A
光合成細菌(1aA1-)
光化学系 I (1aA11-)
光合成細菌(1pA1-)
光化学系 I (1pA11-)
光化学系 I (2aA1-)
光化学系II (2aA10-)
B
CO2同化(1aB1-)
CO2同化(1pB1-)
光合成と環境
光合成と環境(2aB1-)
呼吸(2aB12)
C
タンパク質・酵素(1aC1-)
タンパク質・酵素(1pC1-)
窒素代謝・窒素固定(1pC11-)
窒素代謝・窒素固定(2aC1-)
オルガネラ分化(2aC9-)
D
情報伝達系(1aD1-)
情報伝達系(1pD1-)
情報伝達系(2aD1-)
E
プログラム形態形成(1aE1-)
プログラム形態形成(1pE1-)
加齢(2aE1-)
胚発生(2aE7-)
栄養生長・生殖生長(2aE11-)
F
形態形成—光(1aF1-)
形態形成—その他(1pF1-)
環境応答—光(1pF4-)
環境応答—光(2aF1-)
環境応答—温度(2aF10-)
G
環境応答—無機栄養(1aG1-)
環境応答—無機栄養(1pG1-)
環境応答—イオン(1pG10-)
環境応答—イオン(2aG1-)
H
ホルモン—オーキシン(1aH1-)
ホルモン—GA・エチレン・サイトカイニン(1pH1-)
ホルモン—その他(2aH1-)
I
細胞骨格(1aI1-)
細胞壁(1pI1-)
細胞壁(2aI1-)
生体膜(2aI8-)
J
種子形成(1aJ1-)
生殖・遺伝(1pJ1-)
脂質(1pJ14-)
遺伝子(2aJ1-)

日程表

第2日（28日）
午後
会場
13:00
16:00
17:00
18:30
懇親会
A
光化学系 II
(2pA1-)
B
シンポジウム I
栄養シグナル応答
(SI1-)
C
葉緑体成分のバイオ
ジェネシス(2pC1-)
D
シンポジウム II
アポプラストの
ダイナミズム
(SII1-)
授賞式
受賞講演
E
シンポジウム III
高等植物胚発生の
分子機構（SIII1-）
F
微生物・ウイルス
(2pF1-)
G
生物時計
(2pG1-)
H
シンポジウム IV
微量必須元素研究の
最前線(SIV1-)
I
J
第3日（29日）
午前
午後
8:30
12:00
13:00
17:00
光化学系 II(3aA1-)
電子伝達(3aA9-)
二次代謝
(3aB1-)
オルガネラ分化
(3aC1-)
細胞分化
(3aD1-)
重力(3aE1-)
細胞周期・細胞分裂
(3aE9-)
環境応答一温度
(3aF1-)
環境応答一水分・
浸透圧・傷害(3aG1-)
吸収・転流・蒸散
(3aG9-)
細胞内輸送・分泌
(3aH1-)
生体膜
(3aI1-)
遺伝子
(3aJ1-)
シンポジウム V
プラスチドと核の
クロストーク(SV1-)
シンポジウム VI
Photooxidative Damage
and Its Relaxation (SVI1-)
シンポジウム VII
Frontier of
Arabidopsis Research
(SVII1-)
シンポジウム VIII
高等植物における
光および病傷害ストレス
応答の分子機構(SVIII1-)

シンポジウム I　　第2日　3月28日（金）13：00〜15：45　B会場

「栄養シグナル応答と代謝制御」

基盤研究（B)「植物個体における光合成機能統御の分子基盤」共催

オーガナイザー　泉井　桂（京都大院・農）
中村研三（名古屋大・農）

13：00　はじめに—Overview　中村研三（名古屋大・農）

座長　泉井　桂（京都大・院・農）

13：05　SI-01　光合成と脂肪酸合成の同調機構
佐々木幸子（名古屋大・農）

13：30　SI-02　タバコ NPK5 プロテインキナーゼによる HMG-CoA reductase のリン酸化
村中俊哉[1]，大江田憲治[1]，町田泰則[2]
（[1]住友化学・生命研，[2]名古屋大院・理）

座長　中村研三（名古屋大・農）

13：55　SI-03　無機窒素源に応答した C4 光合成 PEP carboxylase 遺伝子の発現制御
杉山達夫，榊原　均，鈴木めぐみ，武井兼太郎（名古屋大・農）

14：20　SI-04　PEP carboxylase のリン酸化による活性調節
泉井　桂，畑　信吾，藪田尚弘，上野宜久，古本　強，
西條雄介，増田隆男（京都大院・農）

14：45　SI-05　Control of nitrate assimilation and sucrose metabolism by protein phosphorylation
Steven C. Huber (USDA/ARS, North Carolina State Univ.)

15：25　総合討論

シンポジウム II　　第2日　3月28日（金）13：00～15：45　D会場

Dynamism of Apoplast「アポプラストのダイナミズム」

オーガナイザー　桜井直樹（広島大学総合科学部）

13：00　Opening address

Naoki Sakurai (Hiroshima University)

13：10　SII–01　Apoplast vs. cell walls

Yoshio Masuda (Tezukayama College)

Chair; Takayuki Hoson (Osaka City University)

13：30　SII–02　Apoplastic xylanases and β-glucanases in cell wall metabolism in barley

M. Banik, M. Hrmova, A. J. Harvey, P. B. Høj, G. B. Fincher (University Adelaide)

Chair; Kazuhiko Nishitani (Kagashima University)

14：10　SII–03　Control of inorganic ion conditions in the apoplast

Tetsuro Mimura (Hitotsubashi University)

14：35　SII–04　Organic substances which flow in the xylem of *Cucurbitaceae* plants

Shinobu Satoh (University Tsukuba)

15：00　SII–05　Xyloglucan story in the apoplast

Takahisa Hayashi (Kyoto University)

15：25　General discussion

Masamitsu Wada (Tokyo Metropolitan University)

15：40　Closing address

Akira Watanabe (University Tokyo)

シンポジウム III　　第2日　3月28日（金）13：00〜15：50　E会場

「高等植物胚発生の分子機構」

オーガナイザー　藤澤久雄（京都大院・理）

13：00　はじめに　藤澤久雄（京都大院・理）

座長　田坂昌生（京都大院・理）

13：05　SIII-01　ニンジン不定胚形成過程で発現するホメオボックス遺伝子の構造と機能

福田裕穂，日渡祐二[1]，得字圭彦，出村　拓[1]，川原良一[2]
（東京大・理・植物園，[1]東北大・理，[2]理研・ジーンバンク）

13：45　SIII-02　イネ胚発生過程におけるホメオボックス遺伝子の発現

松岡　信，佐藤　豊，玉置雅紀，長戸康郎[1]
（名古屋大・分子応答研究セ，[1]東京大・農）

座長　福田裕穂（東京大・理・植物園）

14：25　SIII-03　シロイヌナズナの胚発生とその後の発生過程で見られる器官分離と内皮細胞の分化

田坂昌生，石田哲也，相田光宏，深城英弘，
藤澤久雄（京都大院・理）

15：05　SIII-04　動物の胚発生を制御する遺伝子群

佐藤矩行（京都大院・理）

15：45　総合討論

シンポジウム IV　　第2日　3月28日（金）13：00～15：45　H会場

「微量必須元素研究の最前線」

オーガナイザー　関谷次郎（京都大・農）
高橋正昭（大阪府大・農）

13：00　はじめに　関谷次郎（京都大・農）

座長　高橋正昭（大阪府大・農）

13：05　SIV-01　ホウ素は細胞壁で機能する
間藤　徹（京都大・農）

13：40　SIV-02　鉄獲得の分子機構
馬　建鋒，野本亨資[1]（岡山大・資生研，[1]サントリー生有研）

座長　関谷次郎（京都大・農）

14：15　SIV-03　マンガン欠乏に対する適応戦略
北野高寛，佐々木康二，尼子克己，高橋正昭（大阪府大・農）

14：50　SIV-04　微量要素研究への分子遺伝学的アプローチ
藤原　徹（東京大院・農・応生化）

15：25　総合討論　高橋正昭（大阪府大・農）

シンポジウム V　　第3日　3月29日（土）13：00～16：50　A会場

「プラスチドと核のクロストーク」

基盤研究（B)「植物個体における光合成機能統御の分子基盤」共催

オーガナイザー　豊島喜則（京都大院・人間・環境）
佐藤文彦（京都大・農）

13：00　はじめに　佐藤文彦（京都大・農）

座長　佐藤文彦　（京都大・農）

13：05　SV-01　オルガネラのダイナミックスの解明へ：オルガネラで“字”を描く顕微分子生物学で何ができるのか
黒岩　常祥，松永幸大，東山哲也，西村芳樹（東京大院・理）

13：35　SV-02　光と概日リズムによる葉緑体遺伝子の転写制御機構
豊島　喜則，椎名隆，中平洋一，角山雄一，馬場恭子，佐藤淳子
（京都大院・人間・環境）

14：05　SV-03　葉緑体 RNA ポリメラーゼのシグマ因子
田中　寛，高橋秀夫（東京大・分生研）

座長　杉田　護（名古屋大・遺伝子）

14：35　SV-04　DNA 結合タンパク質による葉緑体遺伝子の発現制御
佐藤　文彦，中野雄司[1]，村上真也，吉田茂男[1]，山田康之[2]
（京都大・農，[1]理研・植物機能，[2]奈良先端大）

15：05　SV-05　Regulation of chloroplast development and function
Wilhelm Gruissem (Univ. California, Berkeley)

座長　豊島　喜則（京都大院・人間・環境）

15：35　SV-06　翻訳過程における葉緑体遺伝子の発現制御機構

広瀬哲郎，杉田　護，杉浦昌弘（名古屋大・遺伝子）

16：05　SV-07　葉緑体と核を結ぶ情報伝達系の遺伝学的解析

望月　伸悦，Marci Surpin[1]，長谷あきら，Joanne Chory[1]
（東京大・遺伝子，[1]PBIO, Salk Inst.）

16：35　総合討論　豊島　喜則（京都大院・人間・環境）

シンポジウム VI　第3日　3月29日（土）13：00～17：00　B会場

「Photooxidaative Damage and its Relaxation」

Organizer: Kozi Asada (Kyoto University)

13：00　Opening address　Kozi Asada (Kyoto University)

13：10　Chairperson's remarks
Mitue Miyao-Tokutomi (Natl. Inst. Agrobiol. Resources)

13：20　SVI–01　Characterization of photo-tolerant mutants of a cyanobacterium obtained by *in vitro* mutagenesis of *psbA*
Kimiyuki Satoh (Okayama Univ., Natl, Inst. Basic Biol.)

14：00　SVI–02　Photoinhibition of PSI　Kintake Sonoike (Univ. Tokyo)

14：40　Chairperson's remarks　Go Takeba (Kyoto Pref. Univ.)

14：50　SVI–03　Role of catalase in protection from photoinhibition
Dirk Inzé[1], Sangpen Chamnongpol, Hilde Willekens, Luit Slooten[2],
Marc Van Montague, Wim Van Camp
(Univ. Gent, [1]INRA, [2]Vrije Univ.)

15：30　SVI–04　Dissipation of excess photon energy by photorespiration and photoreduction of oxygen
Kate Maxwell, Murray Badger, Barry Osmond
(RSBS, Australian Natl. Univ.)

16：10　Chairperson's remarks　Keishiro Wada (Kanazawa Univ.)

16：20　SVI–05　Thioredoxin: Photosynthesis, seed germination, technology
Bob. B. Buchanan (Univ. California, Berkeley)

シンポジウム VII　第3日　3月29日（土）13：00〜15：50　D会場

「Frontier of Arabidopsis Research」

オーガナイザー　岡田清孝（京都大・理）

13：00　はじめに　岡田清孝（京都大・理）

座長：後藤弘爾（京都大・化研）

13：05　SVII-01　「シロイヌナズナゲノムプロジェクトの現状とポストシーケンシングの展望」
田畑哲之（かずさ DNA 研）

13：35　SVII-02　「温度感受性突然変異体を利用した脱分化過程の解析」
杉山宗隆（東京大・理・植物園）

14：05　SVII-03　「ミトコンドリアと核のクロストーク：シロイヌナズナの例」
坂本　亘（岡山大・資生研）

座長：岡田清孝（京都大・理）

14：35　SVII-04　「花成誘導にかかわる遺伝子群」
荒木　崇（京都大院・理）

15：05　SVII-05　「T-DNA タギングによる花器官および配偶体形成過程の分子遺伝学的解析」
石黒澄衛，清水健太郎，影山奈津子，武田憲昌，酒井智子，伊藤寿朗，岡田清孝（京都大・理）

15：35　総合討論　後藤弘爾（京都大・化研）
岡田清孝（京都大・理）

シンポジウム VIII　第3日　3月29日　(土) 13：00～17：00　E会場

「高等植物における光および病傷害ストレス応答の分子機構」

オーガナイザー　岡　穆宏（京都大・化研）

座長　岡　穆宏（京都大・化研）

13：00　SVIII-01　フィトクロムの光依存的な核局在

長谷あきら（東京大・遺伝子）

13：40　SVIII-02　光形態形成を制御するタンパク質複合体の解析

松井　南，柘植知彦，堂前　直[1]，瀧尾擴士[1]，山本義治[2]，Daniel Chamowitz[2]，Xing-Wang Deng[2]（理研・フロンティア・分子機構，[1]理研・生体高分子解析，[2]Dept. Biol., Yale Univ.）

座長　松井　南（理研・フロンティア・分子機構）

14：20　SVIII-03　植物形態形成の環境応答におけるホメオドメインタンパク質の役割

青山卓史，佃真由美，大岸麻紀，岡　穆宏（京都大・化研）

15：00　SVIII-04　植物細胞壁：病原菌シグナルの認識と応答装置

白石友紀，山田哲治，一瀬勇規，木場章範（岡山大・農・植病・遺伝子）

座長　青山卓史（京都大・化研）

15：40　SVIII-05　病傷害ストレスとMAPキナーゼ

瀬尾茂美，仁木智哉，大坪憲弘，佐野　浩[1]，大橋祐子（農水省・生物研・分子遺伝，[1]奈良先端大）

16：20　SVIII-06　タバコ培養細胞におけるエリシターによる細胞死誘導機構

鈴木　馨[1]，矢野　明[1,2]，進士秀明[1]（[1]工技院・生命研，[2]東京大・分生研）

A 会場

第1日（3月27日）午前　A 会場　光合成細菌

9:30　1aA01　ペリプラズムにおけるアンフォールド DMSO レダクターゼを安定化するタンパク質
松崎雅広，岩崎美子，佐藤敏生（広島大・理・生物科学）

9:45　1aA02　光合成細菌の DMSO 還元系遺伝子の転写活性化に関与する *cis-* および *trans-* 因子
宇治家武史，山本勇，佐藤敏生（広島大・理・生物科学）

10:00　1aA03　緑色硫黄光合成細菌 *Chlorobium tepidum* の遺伝子ライブラリーによる紅色光合成細菌 *Rhodobacter capsulatus* 色素合成変異株の機能的相補
永井徹，C. E. Bauer[1]，井上和仁（神奈川大・理・応用生物，[1]Dept. Biol., Indiana Univ.）

10:15　1aA04　*Rhodovulum sulphidofilum* および *Roseobacter denitrificans* における光合成器官の酸素感受性発現調節タンパク（RegA, RegB）の一次構造の決定
松本有美[1]，永島賢治[1]，井上和仁[2]，C. Bauer[3]，嶋田敬三[1]，松浦克美[1]（[1]都立大・理・生物，[2]神奈川大・理・応用生物，[3]Dept. Biol., Indiana Univ.）

10:30　1aA05　H サブユニットを分離した光合成反応中心タンパク質の機能解析
金子武行[1]，中村史[2]，原正之[3]，白井誠[1]，浅田泰男[3]，三宅淳[2]（[1]茨城大・農・生物工学，[2]工技院・融合研，[3]工技院・生命研）

10:45　1aA06　乾燥状態での光合成反応中心の性質
原正之[1]，浅田泰男[1]，三宅淳[2]（[1]工技院・生命研，[2]工技院・融合研）

11:00　1aA07　Electron donors to photosynthetic reaction center in purple bacterium *Rubrivivax gelatinosus*
Artur Osyczka[1], Makoto Yoshida, Kenji V. P. Nagashima, Keizo Shimada, Katsumi Matsuura (Dept. Biol., Fac. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., [1]Inst. Mol. Biol., Jagiellonian Univ.)

11:15　1aA08　紅色光合成細菌 *Rubrivivax gelatinosus* の反応中心結合型チトクロム欠損株における成長速度回復現象
吉田真，Artur Osyczka[1]，永島賢治，嶋田敬三，松浦克美（都立大・理・生物，[1]Inst. Mol. Biol., Jagiellonian Univ.）

11:30　1aA09　好気性光合成細菌 *Methylobacterium* 属の光合成色素量の多様性と光合成反応中心タンパク質をコードする遺伝子に基づく系統関係の解析
川瀬芳恵，永島賢治，平石明[1]，松浦克美，嶋田敬三（都立大・理・生物，[1]豊橋技術科学大・エコロジー工学）

第1日（3月27日）午後　A 会場　光合成細菌・光合成系 I

13:00　1pA01　光合成細菌ヘリオバクテリアのカロテノイドの再同定：4, 4'-Diaponeurosporene
高市真一[1]，井上和仁[2]，赤池光博[2]，小林正美[3]，大岡宏造[4]，M. T. Madigan[5]（日本医大・生物，[2]神奈川大・理・応用生物，[3]筑波大・物質工学，[4]阪大・理・生物，[5]Southern Illinois Univ.）

13:15　1pA02　光合成細菌ヘリオバクテリアの光化学反応中心粒子の精製とその性質
篠崎忠治，赤池光博，楠元範明[1]，服部昭彦，桜井英博[1]，井上和仁（神奈川大・理・応用生物，[1]早稲田大・教育・生物）

13:30　1pA03　緑色イオウ細菌 *Chlorobium tepidum* におけるバクテリオクロロフィル C のフェオフィチン化と培養液中の Mg 量変化
時田誠二，嶋田敬三，松浦克美（都立大・理・生物）

13:45　1pA04　Zn-バクテリオクロロフィルをもつ細菌 *Acidiphilium rubrum* の光合成反応
岩城雅代，伊藤繁，平石明[1]，嶋田敬三[2]，小林正美[3]，高市真一[4]，若尾紀夫[5]（基生研，[1]豊橋技科大・エコロジー工，[2]都立大・理，[3]筑波大・物質工，[4]日医大・生，[5]岩手大・農）

14:00　1pA05　Zn-バクテリオクロロフィルを使う細菌の光合成色素タンパク
嶋田敬三，松浦克美，伊藤繁[1]，岩城雅代[1]，平石明[2]，高市真一[3]，小林正美[4]，若尾紀夫[5]（都立大・理・生物，[1]基生研，[2]豊橋技科大・エコロジー工学，[3]日医大・生物，[4]筑波大・物質工学系，[5]岩手大・農・応用生物）

A 会場

14:15 1pA06 Deduced amino acid sequences of photosynthetic proteins of aerobic photosynthetic bacterium, *Acidiphilium rubrum* and relatives
Kenji V. P. Nagashima, Katsumi Matsuura, Akira Hiraishi[1], Norio Wakao[2], Keizo Shimada (Dept. Biol., Fac. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., [1]Dept. Ecol. Eng., Toyohashi Univ. Tech., [2]Dept. Appl. Microbiol., Fac. Agr., Iwate Univ.)

14:30 1pA07 ラン藻 (*Synechocystis* sp. strain PCC6803) の全遺伝情報の解析
金子貴一, 小谷博一, 佐藤修正, 中村保一, 田中亜矢子, 浅水恵理香, 宮嶋伸行, 杉浦昌弘[1], 田畑哲之 (かずさ DNA 研, [1]名大・遺伝子)

14:45 1pA08 遺伝子タギングを利用したラン藻 *Plectonema boryanum* の変異導入系の開発と評価
道井貴子, 明石哲行[1], 藤田祐一, 高橋康弘 (阪大院・理・生物, [1]阪大・蛋白研)

15:00 休 憩

15:15 1pA-9 ラン藻の光依存性 H^+ 放出における CotA の役割
園田雅俊, 加藤彰, 加藤大和, 北野勝彦[1], 大河浩, 小川晃男 (名大・生物分子応答,[1] 名城大・農)

15:30 1pA10 ラン藻 *Synechocystis* PCC6803 における5つの *ndh*D 遺伝子の発現におよぼす低 CO_2 の影響
大河浩, 園田雅俊, 加藤大和, 小川晃男 (名大・生物分子応答)

15:45 1pA11 *Synechocystis* sp.PCC6803 の PsaK 遺伝子破壊株の作製及び表現型の解析
長谷川みき, 仲本準 (埼玉大・理・分子生物)

16:00 1pA12 好熱性ラン色細菌 *Synechococcus vulcanus* からの光化学系 I 反応中心複合体の新しい精製法
上江洲彰久, 江頭宏和, 菓子野康浩, 小池裕幸, 佐藤和彦 (姫路工業大・理・生命科学)

16:15 1pA13 光合成細菌ヘリオバクテリア *Heliobacillus mobilis* の遺伝子ライブラリーによる紅色光合成細菌 *Rhodobacter capsulatus* 色素合成変異株の機能的相補
村山英未, C. E. Bauer[1], 井上和仁 (神奈川大・理・応用生物, [1]Dept. Biol., Indiana Univ.)

16:30 1pA14 緑色イオウ細菌クロロビウムの反応中心：cyt *c*- P840 の電子伝達のおけるグリセロールの影響
大岡宏造, 岩城雅代[1], 伊藤繁[1] (阪大院・理・生物, [1]基生研)

16:45 1pA15 ヘリオバクテリア *H. modesticaldum* における P800 の二量体構造と近傍システイン残基との相互作用
野口功, 大岡宏造[1], 深見佳枝[1], 井上頼直 (理研・光合成科学, [1]阪大院・理・生物)

17:00 1pA16 ^{13}C-NMR, 分子間^{1}H-^{1}H NOE を用いたバクテリオクロロフィル c クロロゾーム類似高次会合体のモデリング
溝口正, 小山泰, 小椋賢治[1], 稲垣冬彦[1] (関西学院大・理・[1]都臨床研・生理活性)

17:15 1pA17 同位元素置換したクロロフィル a のラマンスペクトルの解析
佐島徳武, 小山泰 (関西学院大・理)

第 2 日 (3 月28日) 午前　A会場　光合成系 I ・光合成系 II

8:30 2aA01 The characterization of the excited state Raman spectra of the natural abundance bacteriopheophytin a and the ^{15}N-, ^{2}H- and ^{13}C-enriched species
Leenawaty Limantara, Shun Sakamoto, Yasushi Koyama (Fac. Sci., Kwansei Gakuin Univ.)

8:45 2aA02 All-*trans*-spheroidene の共鳴ラマン励起プロファイル
佐島徳武, 芝幹夫, 橋本秀樹[1], 小山泰 (関西学院大・理, [1]大阪市大・工・応用物理)

9:00 2aA03 ピコ秒過渡吸収分光法によるスフェロイデンの$2^1A_g^-$ 状態のエネルギー準位と溶媒効果の解析
池内充, 張建平, 小山泰 (関西学院大・理・化)

9:15 2aA04 P700 濃縮粒子のサブピコ秒レーザーフォトリシス：P700 の選択的励起による初期電荷分離過程の解析
熊崎茂一[1], 池上勇, 吉原経太郎[1] (帝京大・薬, [1]分子研)

9:30 2aA05 光化学系 I 反応中心キノンの結合部位とその反応
伊藤繁, 岩城雅代, [1]河盛阿佐子, [1]原英之, [2]S. A. Dzuba (基生研, [1]関西学院大・理・物理, [2]Russian Academy Sci.)

9:45 2aA06 カンキツとその近縁種の光化学系 I サブユニット遺伝子
清水徳朗, 高橋正宏[1], 檜山哲夫[1] (農水省・四国農試, [1]埼玉大・理・分子生物)

10:00 2aA07 系 I 複合体の蓄積に必須な葉緑体にコードされた Ycf4 タンパクは複合体の構成サブユニットか？
高橋裕一郎 (岡山大・理・生物)

A 会場

10:15 2aA08 光化学系Ⅰの 5kDa サブユニットについて
檜山哲夫，佐藤昭夫，高橋正宏，中澤康至，鈴木浩一，清水徳朗[1]（埼玉大・理・分子生物，[1]四国農試・果樹研）

10:30 2aA09 *pmgA* is involved in regulation of PSII/PSI stoichiometry at high light
Yukako Hihara, Masahiko Ikeuchi (Dept. Biol., Tokyo Univ.)

10:45 2aA10 アジド光処理による PSII の失活はアジディルラジカルではなくアジドイオンによる
高梨寿，真野純一，浅田浩二（京大・食研）

11:00 2aA11 光合成光化学系Ⅱ内環状電子移動における高電位型チトクロム b-559 と非ヘム鉄の役割
黒岩繁樹，手島圭三，赤堀興造（広島大・総合科学）

11:15 2aA12 光化学系Ⅱ電子伝達体の相対位置 Ⅰ．チロシンとプラストキノン Q_A
茂森和士，原英之，河盛阿佐子，赤堀興造[1]（関学大・理，広島大・総合科学）

11:30 2aA13 光化学系Ⅱの電子伝達体の相対距離 Ⅱ．P680 とプラストキノン Q_A など
河盛阿佐子[1]，原英之[1]，岩城雅代[2]，伊藤繁[2]，鞆達也[2]，佐藤公行[2]，赤堀興造[3]，Sergei A. Dzuba[4]（[1]関学大・理，[2]基生研，[3]広島大・総合科学，[4]ロシア科学アカデミー）

第 2 日（3 月28日）午後　A 会場　光合成系Ⅱ

13:00 2pA01 酸素発生光化学系Ⅱ複合体の結晶化：界面活性剤の影響
沈建仁[1,2]，青山浩[1,2]，井上頼直[1,2]，神谷信夫[2]（[1]理研・光合成科学，[2]理研・構造生物）

13:15 2pA02 膜断片中における光化学系Ⅱ複合体の電子顕微鏡法による構造解析
石川尚，中里勝芳[1]，真柳浩太，井上頼直（理研・光合成科学，[1]科技団・さきがけ）

13:30 2pA03 光化学系Ⅱ複合体の電子線三次元構造解析
中里勝芳，真柳浩太[1]，石川尚[1]，豊島近[2]，市村年昭[3]，井上頼直[1]（科技団・さきがけ，[1]理研・光合成科学，[2]東大・分生研，[3]工技院・生命研）

13:45 2pA04 変異導入による PS II 電子移動調節における PSII-L の機能解析
杉山立志，小澤真一郎，豊島喜則（京大院・人間・環境）

14:00 2pA05 光合成光化学系 II（PSII）酸化側での電子移動に対する PSII-L の役割
星田尚司，杉山立志，中野雄喜，豊島喜則（京大院・人間・環境）

14:15 2pA06 Photo-oxidation of Mn^{2+} by photosystem Ⅱ
Taka-aki Ono (Photosynthesis Lab., The Inst. Phys. Chem. Res.)

14:30 2pA07 Ca 除去 PS II 中に見られる新しい EPR 信号の検出
三野広幸，河盛阿佐子[1]，小野高明（理研・光合成科学，[1]関西学院大・理）

14:45 2pA08 葉緑体酸素発生系の光再活性化反応での Ca^{2+} イオン要求性の再検討とその作用機作の解析
山下巍，水澤直樹，山川昌康（筑波大・生物科学系）

15:00 2pA09 アミノ酸置換体を用いた光合成 Mn 安定化蛋白質の構造，機能の解析
元木章裕[1]，臼井美奈[1]，島津恒夫[1]，平野昌彦[1]，加藤栄[2]（[1]東レリサーチセンター，[2]東邦大・理・生物）

15:15 2pA10 紅藻チアニヂウムの酸素発生系Ⅱ標品に存在する3種の表在性蛋白（20kDa，12kDa 蛋白と cytc-550 の再構成）
菊地早苗，福田哲也，太田尚孝，沈建仁[1]，榎並勲（東理大・理・生物，[1]理研・光合成科学）

15:30 2pA11 紅藻チアニジウムの酸素発生標品に存在する表在性 12kDa 蛋白のクローニングと発現
奥村彰規，太田尚孝，沈建仁[1]，加茂政晴[2]，榎並勲（東理大・理・生物，[1]理研・光合成科学，[2]東理大・生命科学研）

15:45 2pA12 PSII 複合体との静電的結合に関与する表在性 33kDa 蛋白のリジン残基の同定
亀井綾子，沈建仁[1]，太田尚孝，堂前直[2]，瀧尾壙士[2]，井上頼直[1]，榎並勲（東理大・理・生物，[1]理研・光合成科学，[2]理研・生体分子解析）

A 会場

第3日（3月29日）午前　A 会場　光化学系Ⅱ・電子伝達

8:30　3aA01　表在性 18-kDa タンパク質の cDNA 配列中に予想される二次構造部位に対応するポリペプチド部位の役割
岩瀬啓一郎[1]，桑原朋彦[1,2]（[1]筑波大・バイオシステム，[2]筑波大・生物）

8:45　3aA02　ジチオスレイトール感受性四量体プロテアーゼの精製と性質
相澤幸子[1]，桑原朋彦[1,2]（[1]筑波大・バイオシステム，[2]筑波大・生物）

9:00　3aA03　光化学系Ⅱ膜を用いたビオラキサンチンデエポキシダーゼの反応系と Tween 20 の効果
長谷川実加[1]，高市真一[2]，桑原朋彦[1,3]（[1]筑波大・バイオシステム，[2] 日医大・生物，[3] 筑波大・生物）

9:15　3aA04　系Ⅱ反応中心タンパク D1 の C 末側のアミノ酸を置換したクラミドモナス形質転換体の解析
葉田野郁，佐藤公行，高橋裕一郎（岡山大・理・生物）

9:30　3aA05　*psbA* 遺伝子の random mutagenesis により得られた強光耐性ラン藻株の耐性機構の解析
皆川純，鳴坂義弘[1,2]，井上頼直，佐藤公行[1,2]（理研・光合成科学，[1]基生研・情報制御，[2]岡山大・理）

9:45　3aA06　大腸菌内で大量発現された酵素を用いた D1 タンパク質 C- 末プロセシングの生化学的・免疫学的解析
山本由弥子[1]，稲垣言要[2]，佐藤公行[1,2]（[1]岡山大・理・生物，[2]基生研）

10:00　3aA07　光化学系Ⅱの酸化側光阻害における D1 蛋白質分解過程の特徴
山本泰，中谷悦子，逸見隆博，山田水奈（岡山大・理・生物）

10:15　3aA08　光阻害にともなう光化学系Ⅱ反応中心蛋白質損傷の酸素要求性
徳富（宮尾）光恵，山本直樹（農水省・生物研）

10:30　3aA09　タバコ葉緑体 NAD(P)H デヒドロゲナーゼに依存する循環的電子伝達
遠藤剛，鹿内利治[1]，橋本隆[1]，山田康之[1]，横田明穂[1,2]，浅田浩二（京大・食研，[1]奈良先端大・バイオサイエンス，[2]RITE）

10:45　3aA10　ラン藻 *Synechocystis* PCC 6803 NAD(P)H dehydrogenase(NDH) の精製
松尾道憲，遠藤剛，浅田浩二（京大・食研）

11:00　3aA11　ランソウ *Synechocystis* PCC 6803 NAD(P)H デヒドロゲナーゼ (NDH) の HQNO による阻害
米華玲，遠藤剛[1]，松尾道憲[1]，小川晃男[2]，浅田浩二[1]（中国科学院上海植物生理研，[1]京大・食研，[2]名大・生物分子応答）

11:15　3aA12　タバコ葉緑体におけるミクロソーム型シトクロム P450 モノオキシゲナーゼと光合成電子伝達系との相互作用
杉浦美羽[1]，有馬大輔[1]，藪崎義康[2]，大川秀郎[1,3]（[1]神戸大・自然科学，[2]住友化学・生命研，[3]神戸大・農）

11:30　3aA13　葉緑体共役因子 CF_1 の γ, ε サブユニットの役割
久堀徹，本橋健，加藤康之，H. Strotmann[1]，天野豊己（東工大・資源化学研，[1]Heinrich-Heine Univ. 植物生化学研）

B 会場

第 1 日（3 月27日）午前　B 会場　CO_2同化

9:30　1aB01　C4 の source-sink モデル植物の sink-limit 条件における光合成代謝の制御機構に関する研究
澤田信一，越後仁，村木功，宮下三幸（弘前大・理・生物）

9:45　1aB02　インゲンの莢切除による葉の光合成の低下は，光合成機能タンパクの量の減少を伴なわない
仲野廣美，村松伸一，牧野周，前忠彦（東北大・農・応用化）

10:00　1aB03　アイスプラントの CAM 化に伴って葉緑体に誘導される G6P 輸送活性の性質
是枝晋，金井龍二（埼玉大・理・分子生物）

10:15　1aB04　CO_2 濃度のちがいによる好熱性ラン藻の光合成系の変化
宮入祥夫（工技院・生命工学研）

10:30　1aB05　光照射時にみられるラン藻 *Synechococcus* PCC7942 の細胞外への還元等量の放出
西野徹，姫野道夫，池田篤治[1]，佐藤良平，和田野晃（大阪府大・農・応用生化，[1] 京大・農・農化）

10:45　1aB06　マウスカーボニックアンヒドラーゼを葉肉細胞細胞質に発現する形質転換タバコの光合成特性について
地主建志[1]，岡部敬一郎[2]，石井龍一[1]（[1]東大・農・作物，[2]アドバンス・DDS R&D センター）

11:00　1aB07　クロレラの CO_2 適応に関与するカルボニックアンヒドラーゼ以外の要因
小岩麻里，Z. Ramazanov，白岩善博（新潟大・理・生物，Tech. Inst. Canary Islands）

11:15　1aB08　ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の *cmpABCD* 遺伝子群は HCO_3^- 輸送体をコードしている
岡村将人，Dean Price[1]，Murray Badger[1]，小川晃男[2]，小俣達男（名大・農・応用生物，[1]Mol. Plant Physiol., R. S. B. S., Australian Natl. Univ.，[2]名大・分子応答）

11:30　1aB09　遺伝子タギング法によるクラミドモナス高 CO_2 要求変異株の単離と解析
福澤秀哉，石崎公庸，松枝昭治，三浦謙治，井上達也，大山莞爾（京大・農・農化）

第 1 日（3 月27日）午後　B 会場　CO_2同化・光呼吸・光合成と環境

13:00　1pB01　Engineering of C4 photosynthesis genes in rice, a C3 plant, for increased photosynthetic efficiency
Maurice S.B.Ku[1], Mika Nomura[2], Sakiko Hirose[3], Seiichi Toki[3] and Makoto Matsuoka[2] ([1]Bot. Dept., Washington State Univ., [2]BioScience Center, Nagoya Univ., [3]Natl. Inst. Agric. Res.)

13:15　1pB02　*Eleocharis vivipara* における C3，C4 光合成特性の発現：PEP カルボキシラーゼ遺伝子の解析
東江栄[1, 2]，甲斐元士[1]，高辻博志[1]，上野修[1]（[1]農水省・生物研，[2]九大・農・学振特別研究員）

13:30　1pB03　窒素に応答した C4 ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ（PEPC）活性調節
出路篤，杉山達夫（名大・農・応用生物）

13:45　1pB04　ラン藻形質転換株 MT1 における *Chromatium vinosum* RuBisCo の発現が光合成に与える影響
小島佳代，原納究，姫野道夫，小林裕和[1]，和田野晃（大阪府大・農・応用生化，[1]静岡県大・食品栄科）

14:00　1pB05　生葉における Rubisco 活性の測定
津山孝人，柴田勝，小林善親（九大・農・林）

14:15　1pB06　イネ *rbcS* アンチセンス遺伝子導入による Rubisco 減少は，高 CO_2 環境における光合成の窒素利用効率の向上にむすびつくか？
牧野周[1]，島田多喜子[2]，宅見薫雄[2]，兼子健太郎[1]，松岡信[3]，島本功[4]，仲野広美[1]，徳富（宮尾）光恵[5]，前忠彦[1]，山本直樹[5]（[1]東北大・農，[2]石川農短大・農資研，[3]名大・分子応答，[4]奈良先端大・バイオサイエンス，[5]農水省・生物研）

14:30　1pB07　Inhibition of the activity of RuBiSCO by salts and its rescuing by RuBP and glycine betaine
Anwaruzzaman[1], Kazuki Ogawa[1,2], Tetsuko Takabe[3], Ken-Ichi Tomizawa[1], Akiho Yokota[1,2] ([1]RITE, [2]Dept. Biosci., Grad. Sch. Biol. Sci., NAIST, [3]Biosci. Cent., Nagoya Univ.)

14:45　1pB08　チラコイド膜 ΔpH によるリブロース1,5ビスリン酸（RuBP）カルボキシラーゼ／オキシゲナーゼ（RuBiSCO）のフォールオーバー調節
三宅親弘，横田明穂[1]（RITE，[1]奈良先端大）

15:00　休　憩

B 会場

15:15 1pB09 葉緑体形質転換法による RuBisCO 大サブユニット遺伝子の改変
富澤健一[1]，鹿内利治[2]，下出綾子[1]，Christine H. Foyer[3]，横田明穂[1,2]（[1]RITE，[2]奈良先端大・バイオサイエンス，[3]INRA）

15:30 1pB10 ホスホリブロキナーゼにより生成するリボース1,5-ビスリン酸
佐野智[1]，東順一[2]，柴田均[3]，横田明穂[1,4]（[1]RITE,[2] 京大・農・地球環境,[3] 島根大・生物資源科学,[4]奈良先端大・バイオサイエンス）

15:45 1pB11 光呼吸活性の低いクラミドモナス突然変異株
鈴木健策（東北農試・生理生態研）

16:00 1pB12 高 CO_2 耐性を持つ緑藻 *Chlorococcum littorale* と耐性を持たない *Stichococcus bacillaris* のシトクロム b6/f の光酸化還元変化
岩崎郁子，藏野憲秀，宮地重遠（海洋バイオテクノロジー研・釜石）

16:15 1pB13 イネ葉の光合成における長期水ストレスの影響
大橋敬子，牧野周，前忠彦（東北大・農・応生化）

16:30 1pB14 コムギ葉の老化過程と展開過程における弱光環境への光合成構成因子の応答と光合成
鈴木雄二，牧野周，前忠彦（東北大・農・応生化）

16:45 1pB15 亜硫酸の *Chlorella vulgaris* 光合成及び細胞内 ATP レベルに対する影響
降旗敬，持丸真里，関口憲二，石渡悟，藤原敬之，桜井英博（早稲田大・教育・生物）

17:00 1pB16 光化学系 I 複合体の Accessory subunit は，環境ストレスからランソウを防御する重要なサブユニットである
仲本準（埼玉大・理・分子生物）

17:15 1pB17 耐塩性シロイヌナズナ突然変異体における活性酸素耐性機構の解析
栂根一夫，小林京子，丹羽康夫，大場泰[1]，和田敬四郎[1]，小林裕和（静岡県立大・生活健康，[1]金沢大・理・生物）

第 2 日（3 月28日）午前　B 会場　光合成と環境・呼吸

8:30 2aB01 タバコ葉緑体型 CuZn- スーパーオキシドジスムターゼはスーパーオキシド生成部位（PSI）に局在してはじめて機能する
小川健一[1,2]，遠藤剛[2]，金松澄雄[3]，田中亮一[1]，石黒澄衛[1]，岡田清孝[1]，Dirk Inzé[4]，浅田浩二[2]（[1]京大・理・植物，[2]京大・食研，[3]南九州大・食品工，Univ. Gent）

8:45 2aB02 単細胞紅藻 *Galdieria partita* のアスコルビン酸ペルオキシダーゼの性質
上田雅美[1,2]，佐野智[2]，重岡成[3]，藏野憲秀[4]，宮地重遠[4]，河内孝之[1]，横田明穂[1,2]（[1]奈良先端大・バイオサイエンス，[2]RITE，[3]近畿大・農・食栄，[4]海洋バイオテクノロジー研・釜石）

9:00 2aB03 葉緑体に局在するチオレドキシンペルオキシダーゼ—葉緑体における新規な過酸化水素消去系—
山口勝司，西村幹夫（基生研・細胞生物）

9:15 2aB04 モノデヒドロアスコルビン酸 ESR 測定による葉緑体のアスコルビン酸ペルオキシダーゼ活性の評価
大野千晶，真野純一，浅田浩二（京大・食研）

9:30 2aB05 デヒドロアスコルビン酸を輸送形態とする葉緑体のアスコルビン酸濃縮機構
畑奈央子，尼子克己（大阪府大・農・応用生化）

9:45 2aB06 植物のζ（ゼータ）クリスタリン様タンパク質のジアミド還元酵素活性
真野純一，E. Babiychuk[1]，D. Inzé[1]，浅田浩二（京大・食研，[1]ゲント大・遺伝）

10:00 2aB07 好熱性ラン色細菌 *Synechococcus vulcanus* の低温感受性
久保英一，菓子野康浩，小池裕幸，佐藤和彦（姫工大・理・生命科学）

10:15 2aB08 好熱性シアノバクテリア *Synechococcus vulcanus* の低温・光で誘導される細胞凝集
平野篤，国頭俊爾，井上頼直[1]，池内昌彦[2]（東京電力・エネルギー環境研，[1]理研・光合成科学，[2]東大・教養・生物）

10:30 2aB09 ラン藻 *Synechococcus* のアデニル酸シクラーゼの遺伝子解析
佐々木さおり，片山光徳，大森正之（東大院・総合文化・生命環境）

B 会場

10:45 2aB10 A laboratory model for the rapid disappearance of cyanobacteria in natural blooms
Toshio Sakamoto, Donald Bryant (Dept. Biochem. Mol. Biol., Penn State Univ.)

11:00 2aB11 *Cyanophora paradoxa* cyanelle から分離した膜系とその性質
安冨佳奈子，菓子野康浩，佐藤和彦，小池裕幸（姫路工大・理・生命）

11:15 2aB12 シロイヌナズナのシアン耐性呼吸末端酸化酵素 alternative oxidase 遺伝子の構造と発現
中園幹生，最相大輔，堤伸信，平井篤志（東大・農学生命科学）

第3日（3月29日）午前 B 会場 二次代謝

8:30 3aB01 トレニアの花色の分子育種
鈴木賢一，薛恵民，田中良和，福井祐子，水谷正子，久住高章（サントリー基礎研）

8:45 3aB02 ニンジン培養細胞における代謝的分化および形態的分化に関わる *myb* 相同遺伝子の解析
秋元宏文，野澤彰[1]，飯田滋[2]，小関良宏（農工大・農・生命，[1]東大院・理，[2]基生研）

9:00 3aB03 ニンジン変異細胞系における転移因子 *Tdc* の挿入
伊藤佳央，小関良宏（農工大・農・生命）

9:15 3aB04 ヤグルマギク培養細胞からの FLS, ANS cDNA のクローニングとその解析
佐野知子，戸栗敏博[1]，武田幸作（東京学芸大・生物，[1]キリンビール基盤研）

9:30 3aB05 タバコ培養細胞の 2, 4-D で活性化される scopoletin glucosyltransferase の精製と諸性質
田口悟朗[1]，井村洋章[2]，前田佳男[2]，林田信明[2]，下坂誠[1]，岡崎光雄[1, 2]（[1]信州大・遺伝子実験施設，[2]信州大・繊維・応生）

9:45 3aB06 アベナのポリアミン分解経路
永山烈，平澤栄次（大阪市大・理・生物）

10:00 3aB07 形質転換植物のアルカロイド生合成能の改変
八谷輝，高本秀司，橋本隆，山田康之（奈良先端大・バイオ）

10:15 3aB08 イソキノリンアルカロイド生合成の分子育種（1）オウレン *O*-methyltransferase 遺伝子のタバコにおける発現
藤本秀基，佐藤文彦（京大・農・農化）

10:30 3aB09 オウレン培養細胞からのシトクローム P450 cDNA のクローニングと解析
田中勝，佐藤文彦（京大・農・農化）

10:45 3aB10 ジャスモン酸メチルによるムラサキ培養細胞の shikonin 生産に対する誘導効果
矢崎一史，武田賢太[1]，田端守[1]（京大・農・農化，[1]京大・薬・生薬）

11:00 3aB11 緑藻 *Botryococcus braunii* の炭化水素合成系遺伝子の探索
矢野伸一，河田悦和，小嶋洋之（工技院・大阪工技院）

11:15 3aB12 シアノバクテリアのポリヒドロキシ酪酸生合成制御
三宅正人，浅田泰男（工技院・生命研）

11:30 3aB13 光独立栄養的ポリエステル生産の代謝
浅田泰男[1]，高橋英之[2]，三宅正人[1]（[1]工技院・生命研，[2]地球環境産技研）

C 会場

第1日（3月27日）午前　C 会場　タンパク質・酵素

9:30　1aC01　ストレプトアビジンに特異的に結合するタンパク質（78kDa）の分離・精製と構造解析
高瀬徳子，川上馨，阿部俊之助（愛媛大・農・生資）

9:45　1aC02　アラスカエンドウより抽出したリボゾーム凝集活性タンパク質をコードする cDNA の解析
伊東庸子，安座間喜崇，Eric Davies[1]，阿部俊之助（愛媛大・農・生物資源，[1]ノース・カロライナ州立大・植物）

10:00　1aC03　ニンジン培養細胞におけるフィブロネクチン様タンパク質の存在について
我妻千尋，西本完，保田浩，増田宏志（帯広畜大・生物資源化学）

10:15　1aC04　アブシジン酸によって誘導される冬小麦培養細胞の分泌タンパク質に関する研究
桑原慎子，荒川圭太，吉田静夫（北大・低温研）

10:30　1aC05　二倍性コムギ（*Triticum monococcum*）における未熟種子の果皮，糊粉層，胚に存在するアミロース合成酵素としての 56kDa タンパク
藤田直子，平知明（大阪府立大・農・応用植物）

10:45　1aC06　葉緑体ストロマにおけるフェレドキシン鉄—硫黄クラスター形成機構の解析
西尾和晃，藤田祐一，中井正人，長谷俊治（阪大・蛋白研）

11:00　1aC07　真性粘菌フィザルム変形体酸性ホスファターゼの精製
鈴木陽子，加藤みゆき，金子堯子（日本女子大・理・物生）

11:15　1aC08　*Spirodela oligorrhiza* の GPI- アンカーをもつ phosphatase は purple acid phosphatase である
岡本貴史，中里洋，森田直樹[1]，Guy A. Thompson Jr.[2]，奥山英登志（北海道大院・地球環境科学，[1]工技院・北海道工技院，[2]テキサス大・植物）

11:30　1aC09　*Spirodela oligorrhiza*（ヒメウキクサ）の GPI- アンカーを持つ purple acid phosphatase の遺伝子について
錦織美和，鷲尾健司，岡本貴史，中里洋，Guy A. Thompson Jr.[1]，奥山英登志（北海道大・地球環境科学，[1]テキサス大・植物）

第1日（3月27日）午後　C 会場　タンパク質・酵素，窒素代謝・窒素固定

13:00　1pC01　ハス種子登熟期および発芽期における子葉プロテアーゼ活性の変動
鈴木みゆき，岡本龍史，南川隆雄（東京都立大・理・生物）

13:15　1pC02　ヒマワリ種子酸性プロテアーゼの精製
朴恵卿，小林秀行[1]，日下部功（筑波大・応生化，[1]農水省・食総研）

13:30　1pC03　イネの 20S プロテアソームの部分精製とサブユニットの同定
中澤美紀，伊藤健二，平野久（横浜市大・木原生研）

13:45　1pC04　ダイコン APS スルホトランスフェラーゼの精製と性質
荒武，關谷次郎（京大・農・農化）

14:00　1pC05　Study of S-adenosyl-L-methionine: L-methionine S-methyltransferase from green barley malt
Maria João Pimenta, Yvan Larondelle[1], Yuji Kamiya（Plant Hormone Function, Frontier Reseach Program, RIKEN, [1]Biochimie de la Nutrition, Univ. Catholique de Louvain）

14:15　1pC06　ジャガイモ塊茎における液胞膜 H^+-pump
遠藤千絵，箱山晋，前島正義[1]（農水省・北海道農試，[1]名大・農・生物化学）

14:30　1pC07　真核藻類 *Spirogyra* sp. の CuZn- スーパーオキシドジスムターゼの分子的性質
金松澄雄，小川健一[1]，浅田浩二[2]（南九州大・食品工，[1]京大・理・分子植物，[2]京大・食研）

14:45　1pC08　サツマイモ培養細胞におけるポリフェノールオキシダーゼの活性化機構とモノフェノール水酸化酵素活性
鈴木啓太，塩入秀成，小島峯雄，野末雅之（信州大・繊維・応用生物科学）

15:00　休　憩

15:15　1pC09　ピーマン果実脂肪酸ヒドロペルオキシドリアーゼ（CYP74B）のクローニングとその発現
松井健二，澁谷瑞義，長谷俊治[1]，梶原忠彦（山口大・農・応生化，[1]阪大・蛋白研）

C 会場

15:30 1pC10 講演取消

15:45 1pC11 ダイズ共生窒素固定根粒におけるホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼの発現様式
畑信吾，泉井桂，河内宏[1]（京大院・農，[1]生物研）

16:00 1pC12 ダイズにおける2つのウリカーゼ遺伝子発現
高根健一，河内宏[1]，田島茂行（香川大・生物資源科学，[1]農業生物資源研）

16:15 1pC13 エンドウ Fix^- 突然変異体 E135 に形成された根粒における窒素同化酵素の活性
菅沼教生，伊豆原巧，山本浩二，西村真綾，鳥山可菜子（愛知教育大・生命科学）

16:30 1pC14 In Situ ハイブリダイゼーション法を用いたアルファルファ根粒におけるアスパラギン酸アミノトランスフェラーゼおよびアスパラギンシンセターゼ遺伝子の発現解析
吉岡博文，Lifang Shi[1]，Gian Trepp[1]，Stephen J. Gantt[2]，Carroll P. Vance[1, 3]（名大・農・植物病理，[1]Dept. Argo. Plant Genet. Univ. Minnesota，[2]Dept. Plant Biol. Univ. Minnesota，[3]USDA, Univ. Minnesota）

16:45 1pC15 根粒形成遺伝子の *Agrobacterium tumefaciens* への転移と宿主域拡大
川村亮一，阿部美紀子，内海俊樹，東四郎（鹿児島大・理・生）

17:00 1pC16 従属栄養硝化細菌 *Alcaligenes faecalis* の硝化に関与する酵素
大野泰史，牧野直純，星野芳子，榎屋温，庄子和夫，山中健生（日大・理工・工化）

17:15 1pC17 *Rhodobacter capsulatus rnf* 遺伝子群は新規なエネルギー共役型酸化還元酵素をコードする：暗所での窒素固定における機能
佐伯和彦，熊谷浩高（阪大院・理・生物）

第2日（3月28日）午前　C 会場　窒素代謝・窒素固定，オルガネラ分化

8:30 2aC01 キャピラリー電気泳動法による植物葉中の NO_3^-，NO_2^- および NH_4^+ イオンレベルの解析
河村義史，高橋美佐，有村源一郎，諫山俊之，入船浩平，五島直樹，森川弘道（広島大・理・遺伝子科学）

8:45 2aC02 シロイヌナズナ植物葉における二酸化窒素ガス代謝機構の解析
有村源一郎，河村義史，入船浩平，五島直樹，森川弘道（広島大・理・遺伝子科学）

9:00 2aC03 アンチセンス NiRcDNA を導入したタバコ植物から生じる N_2O ガスの質量分析
五島直樹，陶守満美子，入船浩平，Michel Caboche[1]，森川弘道（広島大・理・遺伝子科学，[1]Laboratoire de Biologie Cellulaire, INRA）

9:15 2aC04 クロレラの硝酸取り込みに対する青色光効果―窒素源の検討
神谷明男（帝京大・薬・化学）

9:30 2aC05 ラン藻 *Plectonema boryanum* におけるグルタミン酸合成酵素アイソザイムの生理的役割
奥原宏明，松村智裕，藤田祐一，長谷俊治（阪大・蛋白研）

9:45 2aC06 トウモロコシ・グルタミン合成酵素遺伝子群の根における組織レベルでの発現部位の解析
加藤勇治，榊原均，杉山達夫（名大・農・応用生物）

10:00 2aC07 イネ発芽種子におけるアスパラギン合成酵素の発現
川地太兵，末吉邦[1]，杉本敏男[1]，王子善清[1]（神戸大・自然科学，[1]神戸大・農・生物環境制御）

10:15 2aC08 イネ aspartate kinase の大腸菌での発現
清田誠一郎，坂野勝啓（農水省・生物研）

10:30 2aC09 NH_4^+ 処理で増加するイネ幼植物根の NADH 依存性グルタミン酸合成酵素（NADH-GOGAT）タンパク質蓄積の経時的，空間的変化と細胞内局在性
石山敬貴，早川俊彦，Alyson K Tobin[1]，山谷知行（東北大・農・応生化，[1]St. Andrews大）

10:45 2aC10 イネ NADH 依存型グルタミン酸合成酵素ゲノム DNA の構造の解析
後藤聡，赤川巧，早川俊彦，山谷知行（東北大・農・応用生物化学）

11:00 2aC11 カボチャ脂肪酸β酸化系酵素の cDNA クローニングとその構造解析
林潤[1,2]，加藤朗[1]，林誠[1,2]，西村幹夫[1,2]（[1]基生研・細胞生物，[2]総合研究大学院大・生命科学）

11:15 2aC12 グリオキシソーム機能欠損突然変異体の単離と解析
林誠，鳥山可菜子，西村幹夫（基生研・細胞生物）

C 会場

第 2 日　（3 月28日）午後　　C 会場　葉緑体成分のバイオジェネシス

13:00　2pC01　イネ変異株の葉片に含まれるメナキノン類の同定
柴田勝[1]，津山孝人[1]，岩田伸夫[2]，小林善親[1]（[1]九大・農・林，[2]九大・農・育種）

13:15　2pC02　フェレドキシンのトマト果実組織内局在性
青木考，和田敬四郎（金沢大・理・生物）

13:30　2pC03　ラン藻における二つのプロトクロロフィリド還元酵素の機能分化
藤田祐一，高木英典，長谷俊治（阪大・蛋白研）

13:45　2pC04　“黄化”ラン藻の緑化過程の解析
加田茂樹，藤田祐一，長谷俊治（阪大・蛋白研）

14:00　2pC05　クラミドモナスのクロロフィル *b* 欠損株の解析
伊藤寿，吉田和市[1]，田中暢明，田中歩（京大・理・植物，[1]基生研・培養育成）

14:15　2pC06　らん藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 および *Plectonema boryanum* の Mg-キラターゼサブユニット *chlD* 遺伝子のクローニング
増田建，中山雅人，太田啓之，高宮建一郎（東工大・生命理工・生体機構）

14:30　2pC07　クラミドモナスクロロフィル b 欠損株（NL-105）でのクロロフィル分解
土井道生，岡山繁樹（九大・理・生物）

14:45　2pC08　大腸菌中で発現させたカリフラワー水溶性クロロフィル蛋白質の性質と mutagenesis による機能アミノ酸残基の解析
佐藤浩之，中山克己，岡田光正（東邦大・理・生物分子）

15:00　2pC09　ダイコンの水溶性クロロフィル蛋白質の精製・性質と初期的な X 線結晶学的研究
尻無清明，西尾直美，内田朗，佐藤浩之，大西勲（東邦大・理・生物分子）

15:15　2pC10　クラミドモナス葉緑体のチトクロム *b6f* 複合体及びチトクロム *c6* のバイオジェネシスに関与する核コード遺伝子：*CCS1*
Ola Sodeinde，井上香織，Beth Dreyfuss[1]，Sabeeha Merchant[1]（Dept. Biochem. Mol. Biol., Penn State Univ., [1]Dept. Chem. Biochem., UCLA）

第 3 日（3 月29日）午前　　C 会場　オルガネラ分化

8:30　3aC01　葉緑体核様体の分子構築
佐々木真紀子，佐藤直樹（東京学芸大・生命科学）

8:45　3aC02　プラスチド包膜 DNA 結合（PEND）タンパク質の精製
渡辺愛，佐藤直樹（東京学芸大・生命科学）

9:00　3aC03　プラスチド DNA 結合タンパク質 PD2 の解析
佐藤直樹，大嶋公久（東京学芸大・生命科学）

9:15　3aC04　エンドウの DNA 結合タンパク質 PD3 の解析
品田幸代，佐藤直樹（東京学芸大・生命科学）

9:30　3aC05　タバコ培養細胞原色素体 DNA 結合蛋白質の cDNA 解析
土屋明美，三浦順一郎，河野順帆，松岡英明，根本泰行（農工大・工・生命工）

9:45　3aC06　葉緑体核様体 DNA 結合性タンパク質 CND41 の機能解析—形質転換植物の培養細胞系を用いた解析
中野雄司[1]，木村啄磨[1,4]，村上真也[2]，山田康之[3]，佐藤文彦[2]，吉田茂男[1]（[1]理研・植物機能，[2]京大・農・農化，[3]奈良先端大・バイオ，[4]明治大・農）

10:00　3aC07　タバコ葉緑体核様体タンパク質 CND41 の精製とその生化学的性質
村上真也，茶谷大志，中野雄司[1]，佐藤文彦（京大・農・農化，[1]理研・植物機能）

10:15　3aC08　シロイヌナズナ葉緑体における一過性発現による遺伝子プロモーター強度の評価
吉本光希，境谷真男，磯野協一[1]，丹羽康夫，小林裕和（静岡県立大・生活健康科学，[1]RITE）

10:30　3aC09　シロイヌナズナのミトコンドリア突然変異体における特異的転写産物の解析
坂本亘，村田稔，本吉總男（岡山大・資生研）

C 会場

10:45　3aC10　液胞膜は膜融合に特殊化された領域をもつ？：*VAM* 遺伝子産物の細胞内局在性の検討
和田洋，中村徳弘（東大・総合文化・生命環境）

11:00　3aC11　The course of reproductive events in the chloroplast cycle of the chlorococcal alga *Scenedesmus quadricauda* as revealed by using inhibitors of DNA replication
Vilem Zachleder, Shigeyuki Kawano, Tsuneyoshi Kuroiwa (Dept. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., Tokyo Univ.)

11:15　3aC12　単細胞緑藻 *Chlamydomonas reinhardtii* の細胞分裂周期における葉緑体核（核様体）の構造／機能変化の解析
酒井敦[1]，鈴木玲奈[2]，三角修己[1]，東山哲也[1]，黒岩常祥[1]（[1]東大院・理・生物科学，[2]東医歯大・医）

11:30　3aC13　原始紅藻 *Cyanidioschyzon merolae* の色素体ゲノムの遺伝子クラスター
太田にじ，黒岩常祥[1]（早稲田大・人科，[1]東大院・理・生物科学）

D 会場

第1日（3月27日）午前　D 会場　情報伝達系

9:30　1aD01　講演取消

9:45　1aD02　タバコ細胞におけるエリシターに誘導される活性酸素生成と〔Ca^{2+}〕$_{cyt}$ 上昇
佐橋信哉[1]，河野智謙[1]，魚住信之[1,2]，武藤尚志[1,2]（[1]名大院・農，[2]生物分子応答）

10:00　1aD03　ポリアミンによるタバコ酸性 PR-1 遺伝子の発現誘導
山川博幹，鎌田博，大橋祐子[1]（筑波大・生物科学，[1]農水省・生物研・分子遺伝）

10:15　1aD04　イネ cell death 変異体の解析
高橋章，川崎努，佐藤光[1]，島本功（奈良先端大・バイオ，[1]九大・農）

10:30　1aD05　イネ培養細胞にエリシター活性を示すイモチ病菌 β- グルカン断片とその生物活性の特徴
山口武志，渋谷直人（農水省・生物研）

10:45　1aD06　イネにおける細胞質酸性化によるエリシター誘導性遺伝子の発現
賀道耀，南栄一，矢崎芳明[1]，坂野勝啓[1]，朽津和幸，渋谷直人（農水省・生物研・生物工学，[1]同・生理機能）

11:00　1aD07　イネ培養細胞原形質膜に存在する *N*- アセチルキトオリゴ糖エリシター結合蛋白質のビオチン化による部分精製
伊藤ユキ，賀来華江，渋谷直人（農水省・生物研）

11:15　1aD08　エンドウによる褐紋病菌サプレッサーの認識機構
杉浦徹也[1]，木場章範[1]，青柳雅昭[2]，加藤敏朗[3]，一瀬勇規[1]，山田哲治[1]，白石友紀[1]（[1]岡山大・農，[2]日製産業 SI センター，[3]新日鉄先端技研）

11:30　1aD09　Mastoparan による植物培養細胞応答機構の解析
澤木賢，石川敦司，岩崎行玄，旭正（福井県大・生物資源）

第1日　（3月27日）午後　D 会場　情報伝達系

13:00　1pD01　ゼンマイ胞子葉緑体における Ca^{2+} 依存性プロテインキナーゼ PK54 の性質
蒲池浩之，井上弘（富山大・理・環境）

13:15　1pD02　シロイヌナズナ *rd22* 遺伝子の乾燥誘導性のシス領域に結合する MYC 相同性タンパク質をコードする *rd22BP1* 遺伝子の機能解析
阿部洋[1,2]，篠崎和子[1]，浦尾剛[1]，岩崎俊介[3]，細川大二郎[2]，篠崎一雄[3]（[1]農水省・国際農研，[2]東京農工大・農，[3]理研・植物分子）

13:30　1pD03　Two-hybrid 法によるシロイヌナズナ・フォスフォリパーゼ C 結合因子の cDNA クローニングとその機能解析
三上浩司[1,2]，平山隆志[2]，篠崎和子[1,2]，篠崎一雄[2]（[1]農水省・国際農研・生物資源，[2]理研・植物分子）

13:45　1pD04　シロイヌナズナの PI 代謝関連酵素であるホスファチジン酸ホスファターゼ遺伝子の高塩濃度や低温による発現誘導
片桐健[1,2]，三上浩司[1,3]，篠崎和子[1,3]，篠崎一雄[1,2]（[1]理研・植物分子，[2]筑波大・生物科学，[3]国際農研・生資）

14:00　1pD05　高等植物におけるプロテインキナーゼ遺伝子の解析：MAPKK について
松岡大介，有賀逸人，出口真紀，南森隆司，深見泰夫[1]，王子善清[2]，吉川潮[3]（神戸大・自然科学研究科・生機化，[1]神戸大・遺伝子実験施設，[2]神戸大・農・環境制御，[3]神戸大・バイオシグナル）

14:15　1pD06　WIPK の障害応答初期過程における信号伝達機能
瀬尾茂美，大橋祐子（農水省・生物研・分子遺伝）

14:30　1pD07　講演取消

14:45　1pd08　シロイヌナズナ MAPKK 関連遺伝子の解析
市村和也[1,2]，溝口剛[2]，篠崎一雄[2]（[1]筑波大・生物科学，[2]理研・植物分子）

15:00　休　憩

D 会場

15:15 1pD09 シロイヌナズナ MAPKKK ATMEKKI と相互作用する因子の解析
溝口剛[1]，市村和也[1,2]，篠崎一雄[1,2]（[1]理研・植物分子，[2]筑波大・生物）

15:30 1pD10 ソラマメ孔辺細胞より単離したタンパク質リン酸化酵素 cDNA の構造及び機能解析
木下俊則，和田元，伊藤正明[1]，島崎研一郎（九大・理・生物，[1]三重大・医）

15:45 1pD11 栄養ストレスに応答するプロテインキナーゼの特徴
池田佳久[1]，鈴木信弘[2]，小泉望[1]，佐野浩[1]（[1]奈良先端大・遺伝子教育研究・植物細胞工学，[2]秋田県農業短大）

16:00 1pD12 マストパランによるタバコ培養細胞の〔Ca^{2+}〕$_{cyt}$ 上昇とプロテインキナーゼ活性化
高橋宏二[1]，武藤尚志[2]（[1]名大・情文・生物システム，[2]院農・生物分子応答）

16:15 1pD13 ジャガイモ塊茎タンパク質パタチンのリン酸化される可能性について
仙田香織，道家紀志，川北一人（名大・農・植物病理）

16:30 1pD14 イネゲノムに存在する複数の SNF1 様プロテインキナーゼ遺伝子
高野誠，鐘ヶ江（梶矢）弘美，船附秀行[1]，菊池尚志（農水省・生物研，[1]北農試）

16:45 1pD15 オオムギ硝酸還元酵素遺伝子発現の硝酸誘導に対する各種阻害剤の効果
末吉邦，光山貴志，杉本敏男，王子善清（神戸大・農・生物環境制御）

第 2 日（3 月28日）午前　D 会場　情報伝達系

8:30 2aD01 クラミドモナスは 'Green Yeast' となりうるか？：単細胞緑藻クラミドモナスの高効率形質転換系の開発
下河原浩介，藤原祥子[1]，Arthur Grossman[2]，臼田秀明（帝京大・医・化学，[1]東薬大・生命科学・環境応答，[2]Carnegie Inst., Dept. Plant. Biol.）

8:45 2aD02 ミトコンドリアと核のクロストーク：chloramphenicol-hypersensitive 酵母変異株の解析と chloramphenicol 処理で誘導される核遺伝子の解析
加藤祥拡，瓜谷真裕[1]，丑丸敬史（静岡大・理・生物，[1]静岡大・理・化学）

9:00 2aD03 シクロヘキシミドはトウモロコシ低温誘導性遺伝子の 1 群の発現レベルを高める
トーマス・ベルベリッヒ，原田真理子，草野友延（秋田県立農短大・生工研）

9:15 2aD04 DEAD-box 型ヘリカーゼが bZIP 型タンパク質の転写活性化ドメインと相互作用する
岡南政宏，飯哲夫，岩渕雅樹（京都大院・理・生物科学）

9:30 2aD05 アラビドプシス *HY5* 遺伝子を過剰に発現する形質転換体の解析
小山時隆，宇佐美竜二，合田和史，岡田清孝（京大・理・植物）

9:45 2aD06 光形態形成や根の形態形成に働くアラビドプシス *HY5* 遺伝子の発現
合田和史，小山時隆，岡田清孝（京都大・理・植物）

10:00 2aD07 シロイヌナズナのレスポンスレギュレーター遺伝子（*ARR*1, ARR2）の単離
酒井啓江，青山卓史，岡穆宏（京大・化研）

10:15 2aD08 トウモロコシのサイトカイニン誘導性遺伝子の単離と発現様式の解析
鈴木めぐみ，伊藤置夏，榊原均，杉山達夫（名大・農・応用生物科学）

10:30 2aD09 トウモロコシのサイトカイニン誘導性二成分系情報伝達因子 Cip1 遺伝子の構造と機能解析
榊原均，伊藤置夏，鈴木めぐみ，杉山達夫（名古屋大・農・応用生物科学）

10:45 2aD10 シロイヌナズナにおける二成分制御系シグナル伝達因子の検索
上口智治，鈴木友美，梅田裕之，花木直人，水野猛（名大・農）

11:00 2aD11 シロイヌナズナのハイブリッド型ヒスチジンキナーゼ ATHK1 のクローニング
浦尾剛，篠崎和子，平山隆志[1]，篠崎一雄[1]（農水省・国際農研・生物資源，[1]理研・植物分子生物）

第 3 日（3 月29日）午前　D 会場　細胞分化，環境応答／傷害

8:30 3aD01 ヒャクニチソウ培養細胞の管状要素分化過程でスーパーオキシドはリグニン合成時期に生成する
小川健一[1,3]，中島仁[2]，高部圭司[2]，岡田清孝[1]，浅田浩二[3]（[1]京大・理・植物，[2]京大・農，[3]京大・食研）

D 会場

8:45 3aD02 ヒャクニチソウ細胞の管状要素分化過程におけるアミノペプチダーゼおよびエンドペプチダーゼ活性の変動
南淳，平吹充[1]，福田裕穂[2]（鶴岡工業高専・物質工学，[1]鶴岡工業高専・工業化学，[2]東大・理・植物園）

9:00 3aD03 光合成核遺伝子 *RBCS* がカルスにおいて発現するシロイヌナズナ突然変異体の選抜と解析
鈴木朗範，富田英敬，丹羽康夫，小林裕和（静岡県立大・生活健康科学）

9:15 3aD04 トウモロコシ *cab-m1* 遺伝子の葉肉細胞特異的発現制御に関わるトランス因子の解析
椎名隆，法忍考子，豊島喜則（京大・人間・環境）

9:30 3aD05 ニンジンの不定胚の形態形成に影響を与えるタンパク質について
保田浩，増田宏志（帯広畜大・生物資源化学）

9:45 3aD06 Ri-プラスミド由来アグロピン合成酵素遺伝子プロモーターの傷害誘導性：情報伝達経路 I
征矢野敬，猪口雅彦，近藤弘清（岡山理大・理・生物化学）

10:00 3aD07 *Synechocystis* PCC6803 に依存する新規フルクトース-1,6-ビスホスファターゼの分子特性
村上晃子，田茂井政宏，武田徹，重岡成（近畿大・農・食栄）

10:15 3aD08 シロイヌナズナにおける2つの NADPH-P450 還元酵素の発現制御と遺伝子構造の解析
水谷正治，太田大策（日本チバガイギー国際科学研）

10:30 3aD09 プラスチド ω-3 脂肪酸不飽和化酵素遺伝子（*FAD7*）における傷害誘導機構の解析
西内巧，児玉浩明，射場厚（九大・理・生物）

10:45 3aD10 イネペルオキシダーゼ遺伝子5'上流領域の傷害応答性の解析
平賀勧，藤岡唯志[1]，伊藤浩之，後藤洋子[2]，村上高[2]，松井博和，本間守，大橋祐子[2]（北大・農・生機化，[1]和歌山県暖園セ，[2]農水省・生物研）

11:00 3aD11 GFP 遺伝子をレポーターとしたイネキチナーゼ遺伝子発現の解析
斉藤美佳子，大井晶夫，松岡英明，渋谷直人[1]，西沢洋子[1]（東京農工大・工・生命工学，[1]農水省・生物研）

11:15 3aD12 傷害応答の初期段階に関わる遺伝子
原光二郎，小泉望，佐野浩（奈良先端大・遺伝子教育研究・植物細胞工学）

11:30 3aD13 大腸菌カタラーゼ遺伝子を導入した形質転換タバコの環境ストレス耐性
武田徹，義村由紀子，田茂井政宏，鹿内利治[1]，三宅親弘[2]，佐野智[2]，富澤健一[2]，横田明穂[1]，重岡成（近畿大・農・食栄，[1]奈良先端大・バイオサイエンス，[2]RITE・植物分子生理）

11:45 3aD14 ラン藻でのグルタチオン過剰蓄積と酸化ストレス耐性の増強
杉中克昭，高本明子[1]，澤嘉弘[1]，柴田均[1]（鳥取連大・農，[1]島根大・生物資源・生命工学）

E 会場

第1日（3月27日）午前　E 会場　プログラム形態形成

9:30　1aE01　シロイヌナズナ気孔形成変異株の単離と解析
武内洋志，中川　強（島根大・遺伝子）

9:45　1aE02　花茎の伸長抑制を示すシロイヌナズナの突然変異体 *fiw*（fireworks）の解析
中村正展，望月伸悦，長谷あきら（東大・遺伝子）

10:00　1aE03　ねじれ変異遺伝子 *SPR*1 のクローニング
立元秀樹，古谷育代，鹿内利治，山田康之，橋本隆（奈良先端大・バイオ）

10:15　1aE04　シロイヌナズナの花茎・胚軸の重力屈性反応に内皮細胞層は必須である
深城英弘，Joanna Wysocka-Diller[1]，Philip N. Benfey[1]，劉耀光[2]，柴田大輔[2]，藤澤久雄，田坂昌生（京大院・理・生物・植物，[1]ニューヨーク大・生物，[2]三井業際植物バイオ研）

10:30　1aE05　シロイヌナズナの NADPH オキシダーゼ系 gp91-*phox* 相同遺伝子欠損変異株の解析
尾之内均，町田千代子[1]，町田泰則（名大院・理・生命理学，[1]キリンビール基盤研）

10:45　1aE06　NgORF13 遺伝子の不定根誘導および葉形態形成への影響
青木誠志郎，庄野邦彦（東京大学・総合文化・生命）

11:00　1aE07　ネナシカズラの寄生根形成過程における低分子量ヒートショックタンパク質遺伝子の発現制御
多田欣史，若杉達也[1]，古橋勝久，山田恭司[1]（新潟大・理・生物，[1]富山大・理・生物）

11:15　1aE08　γ線照射により誘導されるシロイヌナズナの形態変化 I ―アントシアニンの蓄積と毛の新規突出分化―
菊池尚志，[1]永田俊文，小松節子，[2]中嶋信美，[3]等々力節子，林　徹，森昌樹，鐘ヶ江（梶矢）弘美（農水省・生物研，[1]科学技術振興事業団，[2]国立環境研，[3]農水省・食総研）

11:30　1aE09　γ線照射により誘導されるシロイヌナズナの形態変化 II ―根，葉組織の異常形態形成―
永田俊文，等々力節子[1]，林　徹[1]，[2]小松節子，中嶋信美[3]，森　昌樹[2]，鐘ヶ江（梶矢）弘美[2]，菊池尚志[2]（JST・長崎，[1]農水省・食総研，[2]農水省・生資研，[3]国立環境研）

第1日（3月27日）午後　E 会場　プログラム形態形成

13:00　1pE01　タバコホメオボックス遺伝子の単離及び形質転換体を用いた解析
玉置雅紀，西村明日香，松岡　信（名大・生物分子応答）

13:15　1pE02　タバコホメオボックス遺伝子 *NTH*1 の解析
西村明日香[1]，玉置雅紀[1]，相田光宏[2]，藤澤久雄[2]，田坂昌生[2]，松岡　信[1]（[1]名大・生物分子応答，[2]京大院・理・生物・植物）

13:30　1pE03　イネホメオボックス遺伝子群の単離と発現解析
千徳直樹，佐藤　豊，松岡　信（名大・生物分子応答）

13:45　1pE04　イネホメオボックス遺伝子 *OSH*15 の形態形成における機能
佐藤　豊[1]，田切明美[2]，千徳直樹[1]，松岡　信[1]（[1]名大・生物分子応答，[2]農水省・生物研）

14:00　1pE05　分裂組織の構造・機能的維持に関わるシロイヌナズナ遺伝子のクローニング
賀屋秀隆，荒木　崇，岩渕雅樹（京大院・理・植物）

14:15　1pE06　講演取消

14:30　1pE07　有限花序と無限花序とを決める遺伝的メカニズムの解析
後藤弘爾，本間　隆，岡　穆宏（京大・化研）

14:45　1pE08　イネ *LEAFY* 遺伝子 *RLF*（*Rice LEAFY*）の単離と機能解析
小西左江子，井沢毅，経塚淳子，島本功（NAIST・バイオサイエンス）

15:00　休　憩

15:15　1pE09　イネの花の形態形成に関わる *RAP1*, *RAP2* の構造と機能
森田匡一，経塚淳子，島本功（奈良先端大・バイオサイエンス）

15:30　1pE10　シロイヌナズナ花芽形成遺伝子 *APETALA1* と直接相互作用しうるタンパク質の単離，解析
澤進一郎，溝口剛[1]，篠崎一雄[1]，町田泰則[2]，岡田清孝（京大・理・植物応答，[1]理研・植物分子生物，[2]名大・理・生物）

E 会場

15:45 1pE11 アラビドプシスの花のパターン形成における medial 方向と lateral 方向にかかわる突然変異 F185, F151 の解析
松本任孝，石黒澄衛，岡田清孝（京大・理・植物）

16:00 1pE12 花のホメオテイック遺伝子 *PISTILLATA* の花弁，雄ずい特異的な発現調節機構の解析
本間　隆，岡　穆宏，後藤弘爾（京大・化研）

16:15 1pE13 シロイヌナズナにおける *AGL6* 遺伝子の機能解析
中谷　美穂，荒木　崇，岩渕雅樹（京大院・理・植物）

16:30 1pE14 ジンクフィンガーを一個のみ含むペチュニアの転写調節因子の解析
中川仁，小林晃，菅野善明[1]，久保健一，高辻博志（農水省・生物研，[1]青森グリーンバイオ）

16:45 1pE15 葯の形成過程において連続的に発現する 7 つの新奇なジンクフィンガープロテインについて
小林晃，坂本綾子，久保健一，Pybka Zbigniew，菅野善明[1]，高辻博志（農水省・生物研，[1]青森グリーンバイオ）

17:00 1pE16 雌しべに発現する EPF タイプジンクフィンガープロテインの解析
久保健一[1]，菅野善明[2]，小林晃，中川仁，坂本綾子，Rybka Zbigniew，西野徳三，高辻博志（農水省・生物研，[1]東北大・院・工，[2]青森グリーンバイオ）

第 2 日（3 月28日）午前　E 会場　加齢・胚発生・栄養成長・生殖成長

8:30 2aE01 コムギ葉緑体における光照射下での Rubisco LSU の活性酸素による断片化
石田宏幸，清水佐知子，牧野周，前忠彦（東北大・農・応生化）

8:45 2aE02 タバコ培養細胞 BY-2 における自食作用のコンカナマイシン A による阻害
森安裕二（静岡県立大・食品栄養科学）

9:00 2aE03 タバコ（*Nicotiana tabacum* L. BelW3）葉のアポプラストでのクロロゲン酸様化合物の酸化還元レベルのアスコルビン酸による調節
高浜有明夫（九州歯科大・生物）

9:15 2aE04 *DAD*-1 は植物の細胞死抑制遺伝子か？
西村哲，井沢毅，島本功（奈良先端大・バイオサイエンス）

9:30 2aE05 動物の細胞死抑制遺伝子 *bcl-xL* および *ced*-9 を導入したタバコで観察される UV-B およびパラコート耐性
K. A. Malik，三浦正幸[1]，大橋祐子（農水省・生物研・分子遺伝，[1]筑波大・基礎医学・分子神経生物）

9:45 2aE06 動物由来の細胞死抑制遺伝子を導入したタバコ植物で観察される葉の形態異常
村上高，K. A. Malik，三浦正幸[1]，大橋祐子（農水省・生物研・分子遺伝，[1]筑波大・基礎医学・分子神経生物）

10:00 2aE07 ニンジン懸濁培養細胞におけるコンディショニングファクターの不定胚分化に対する作用
内田史小里，牧久恵，内倉直美，大菅康一[1]，萱野暁明[2]，田部井豊[2]，田中喜之[2]，鎌田博[3]，駒嶺穆（日本女子大・理・物質生物科学，[1]三菱重工・基盤技術研，[2]農水省・生物研，[3]筑波大・生物）

10:15 2aE08 不定胚分化初期に特異的に発現する CEM6 遺伝子の機能解析
阿佐美淳，山越薫，佐藤茂[1]，出村拓[2]，牧久恵，駒嶺穆（日本女子大・理・物生，[1]三井業際バイオ研，[2]東北大・理・生物）

10:30 2aE09 ホメオボックス遺伝子の導入によるニンジン不定胚および幼植物体の形態異常
得字圭彦[1]，日渡祐二[2]，川原良一[3]，福田裕穂[1]（[1]東大・理・植物園，[2]東北大院・理・生物，[3]理研・ジーンバンク）

10:45 2aE10 ニンジンの光合成関連遺伝子のクローニングと不定胚分化過程における発現解析
佐藤久美，出村拓，福田裕穂[1]（東北大院・理・生物，[1]東大・理・植物園）

11:00 2pE11 休眠腋芽における細胞周期制御因子の解析
志水佐江，森仁志（名大・農・生化学制御）

11:15 2aE12 休眠腋芽に特異的に発現する AD1 遺伝子の解析
円由香，森仁志（名大・農・生化学制御）

E 会場

11:30 2aE13 生長促進作用を持つ西洋ワサビ・ペルオキシダーゼ遺伝子のイネへの導入
北浦千枝子，小川秀之[1]，吉田和哉，新名惇彦（奈良先端大・バイオ，[1]阪大院・工）

第3日（3月29日）午前　E 会場　重力，細胞周期・細胞分裂

8:30 3aE01 オートムギ及びコムギ幼葉鞘における重力屈性：刺激角度依存性と autotropic straightening の関与
樽井裕，飯野盛利（大阪市大・理・植物園）

8:45 3aE02 疑似微小重力環境下におけるアラビドプシス花茎のオーキシン極性移動
岡真理子，宮本健助，上田純一，山本良一[1]，保尊隆享[2]，神阪盛一郎[2]（大阪府大・総合科学，[1]帝塚山短大・生物，[2]大阪市大・理）

9:00 3aE03 キュウリ芽生えの重力形態形成時における *ETR1* 類似遺伝子の発現
藤井伸治，高橋秀幸（東北大・遺生研）

9:15 3aE04 突然変異体エンドウ（*ageotropum*）の根の伸長と屈曲に対するカルシウムの作用
Charles L. Stinemetz，高橋秀幸，菅洋（東北大・遺生研）

9:30 3aE05 樹木シュートの姿勢制御因子としての表面成長応力—負重力屈性発現挙動の力学的モデル
山本浩之，吉田正人，奥山剛（名大・農・応用生物）

9:45 3aE06 エドヒガン系サクラの GA_3 処理枝における負の重力屈性と成長応力
吉田正人，山本浩之，奥山剛，中村輝子[1]（名大・農，[1]日女大・理）

10:00 3aE07 ザンセツシダレモモにおけるジベレリンによる負の重力屈性の発現
津島美穂，吉田正人[1]，中村輝子（日女大・理・物生，[1]名大・農）

10:15 3aE08 シダレヤナギにおけるジベレリン処理による負の重力屈性の誘導
森美穂，中村輝子（日女大・院・理）

10:30 3aE09 ヒャクニチソウ培養細胞の細胞分裂は活性酸素によって制御される
小川健一[1,3]，中島仁[2]，高部圭司[2]，岡田清孝[1]，浅田浩二[3]（[1]京大・理・植物，[2]京大・農，[3]京大・食研）

10:45 3aE10 植物ヒストン遺伝子のS期特異的転写制御に関わる Oct 配列の存在意義
田岡健一郎，賀屋秀隆，荒木崇，飯哲夫，岩渕雅樹（京大院・理・生物科学）

11:00 3aE11 イネの *cdc2* ホモログの細胞周期依存的な発現制御
梅田正明，梅田（原）千景，山口雅利，橋本純治[1]，内宮博文（東京大・分生研，[1] 農水省・生物研）

11:15 3aE12 B-type サイクリン遺伝子の M 期特異的発現に関わる制御機構
伊藤正樹，岩瀬政行，渡邊昭（東大院・理・生物科学）

11:30 3aE13 タバコの Rb cDNA の単離と発現解析
村上浩子，関根政実，新名惇彦（奈良先端大・バイオサイエンス）

11:45 3aE14 タバコ細胞の増殖制御：NPK1 プロテインキナーゼ（MAPKKK）と NAK1 キネシン様タンパク質の相互作用
石川雅樹，西浜竜一，坂野弘美，町田泰則（名大院・理・生命理）

F 会場

第1日（3月27日）午前　F 会場　形態形成／光

9:30　1aF01　日長感受性に関わる遺伝子 *CONSTANS* のイネ相同遺伝子の単離と解析
早間良輔，井澤毅，島本功（奈良先端大・バイオ）

9:45　1aF02　青色光及び赤色光によるトウモロコシ幼葉鞘の成長抑制
Mohammad Masud Parvez，若林和幸，保尊隆享，神阪盛一郎（大阪市大・理・生物）

10:00　1aF03　Blue light-induced shrinking of protoplasts from *Arabidopsis* hypocotyls and phytochrome-dependent expression of the blue light responsiveness
Xiaojing Wang, Moritoshi Iino (Botanical Gardens, Fac. Sci., Osaka City Univ.)

10:15　1aF04　西洋わさび毛状根からのフィトクロム遺伝子の単離と解析・Ⅱ：*PHYB, PHYE* の解析
齋藤力，原田宏，鎌田博（筑波大・生物）

10:30　1aF05　完全寄生植物ネナシカズラの色素体ゲノムにおける光合成関連遺伝子の構造と機能：*ndh* 遺伝子の欠失および偽遺伝子化
四方幸治，若杉達也，古橋勝久[1]，山田恭司（富山大・理・生物，[1]新潟大・理・生物）

10:45　1aF06　完全寄生植物ネナシカズラ（*Cuscuta japonica*）の芽生えの光応答特性（Ⅰ）：伸長生長およびクロロフィル合成の様式
山田恭司，多田欣史[1]，成沢雅広，若杉達也（富山大・理・生物，[1]新潟大・理・生物）

11:00　1aF07　完全寄生植物ネナシカズラ（*Cuscuta japonica*）の芽生えの光応答特性（Ⅱ）：光応答性遺伝子の発現パターン
若杉達也，柴田未知恵，成沢雅広，多田欣史[1]，山田恭司（富山大・理・生物，[1] 新潟大・理・生物）

11:15　1aF08　フシナシミドロ多核細胞の青色光照射域で誘発される核分裂と分枝
高橋文雄，菱沼佑[1]，片岡博尚（東北大・遺生研，[1]山形大・理・生物）

11:30　1aF09　植物根組織細胞の生理・形態学的研究（Ⅳ）培地中の水によるエンドウ根組織中の空隙形成率の変化
仁木　輝緒，梶隆（拓殖大・工・政経）

第1日（3月27日）午後　F 会場　形態形成／その他，環境／光

13:00　1pF01　眼点を欠損したプラシノ藻 *Mesostigma* が示す走光性の特徴（方向認識性，光感度，波長依存性）について
松永茂，渡辺哲，宮村新一，堀輝三（筑波大・生物科学）

13:15　1pF02　短日植物 *Ipomoea trifida* に見出された連続照明下で常に花芽形成するプロトクローン
関屋公子，尾崎葉子，丹羽勝，丸橋亘，横田国夫[1]（茨城大・農，[1]茨城生工研）

13:30　1pF03　分子内に二重結合を有する新規ポリアミン
藤原伸介，米山忠克[1]（四国農試・資源利用，[1]農業研究セ・栄養診断）

13:45　1pF04　スギ AGAMOUS homolog の雄花での特異的発現
福井充枝，二村典宏，向井譲，長尾精文，Y. Wang，篠原健司（農水省・森林総研）

14:00　1pF05　シロイヌナズナ Clp プロテアーゼの葉緑体の老化に関与する可能性について
中林一美，伊藤正樹，渡邊昭，篠崎一雄[1]（東大院・理・生物科学，[1]理研・植物分子）

14:15　1pF06　ホウレンソウ葉のマイクロボディ型アスコルビン酸ペルオキシダーゼの分子的性質と生理的意義
吉村和也，吉井真人，三浦登貴子，田茂井政宏，石川孝博[1]，武田徹，重岡成（近畿大・農・食栄，[1]和医大・生化）

14:30　1pF07　ホウレンソウ葉の葉緑体型アスコルビン酸ペルオキシダーゼアイソザイムはC末端領域の選択的スプライシングを受ける
吉村和也，藪田行哲，本田貴弘，田茂井政宏，石川孝博[1]，武田徹，重岡成（近畿大・農・食栄，[1]和医大・生化）

14:45　1pF08　イネごま葉枯病菌における光応答 cDNA の単離
木原淳一，熊谷忠（東北大・遺生研）

15:00　休　憩

15:15　1pF09　シロイヌナズナ *LONG HYPOCOPTYL 1* 遺伝子の機能解析
村本拓也，Howard M. Goodman[1]，横田明穂，河内孝之（奈良先端大・バイオ，[1]ハーバード医大）

F 会場

15:30 1pF10 単子葉植物イネにおける光形態形成に関与する *COP 1* 遺伝子の単離とその解析
柘植知彦，吉積毅[1]，Deng Xing-Wang[2]，松井南（理研・フロンティア・分子機構，[1]帯広畜産大・草地生産，[2]Dept. Biol. Yale Univ.）

15:45 1pF11 エンドウ芽生えの単離核におけるフィトクロムB及びAの検出とその光制御
長谷あきら（東大・遺伝子）

16:00 1pF12 ホウキモロコシのアントシアニン形成に関わるフィトクロムの二つの効果
七條千津子，恩田祥子，西村陽子[1]，久保田守[2]，渡辺正勝[2]，橋本徹[1]（神戸大・理・生物，[1]神戸女子大・家政，[2]基生研）

16:15 1pF13 赤色光，近赤外光によるシダ胞子の発芽誘導
飯沼知子，西脇陽子，岡本和久[1]，菅井道三（富山大・理・生物，[1]名大・理・生物）

16:30 1pF14 シダ植物の青色光受容色素タンパク質遺伝子の単離・解析
鐘ヶ江健，朴鉉淑，和田正三（都立大・理・生物）

16:45 1pF15 ホウキモロコシにおけるUV-B照射によるDNA損傷と回復—光回復酵素の誘導
秦恵，Eckard Wellmann[1]，橋本徹[2]（神戸大・理・生，[1]Freiburg Univ.，[2]神戸女子大・家政）

17:00 1pF16 イネの葉位，葉齢の変化に伴う，UV-B誘導DNA損傷とその修復能力の動態
日出間純，熊谷忠（東北大・遺生研）

17:15 1pF17 イネにおける紫外線UV-B誘導DNA損傷とその修復機能との関係について
姜恵淑，日出間純，Betsy M. Sutherland[1]，熊谷忠（東北大・遺生研，[1]Brookhaven Natl. Lab., Biol.）

第2日（3月28日）午前　F 会場　環境／光・温度

8:30 2aF1 植物におけるスクアレン合成酵素の構造と発現様式について
畑信吾，三宮一宰[1]，河内宏[2]，松岡信[1]，山本直樹[2]，泉井桂（京大院・農，[1]名大・生物分子応答，[2]農水省・生物研）

8:45 2aF2 光による葉緑体RNAポリメラーゼ認識シス配列の変化—光応答転写の一機構—
角山雄一，馬場恭子，中平洋一，米田章登，椎名隆，豊島喜則（京大院・人間・環境）

9:00 2aF3 イネ核局在性蛋白質受容体遺伝子の光応答的発現
庄子和博[1]，岩崎俊介[2]，内宮博文[3]，松木吏弓[4]，徳富（宮尾）光恵[4]，山本直樹[4]（[1]電中研，[2]新潟大・理，[3]東大・分生研，[4]農水省・生物研）

9:15 2aF4 トウモロコシのDof DNA結合タンパク質を介した光応答性組織特異的遺伝子発現調節機構
柳澤修一，Jen Sheen[1]（東大・総合文化・生命，[1]Massachusetts General Hospital）

9:30 2aF5 赤色酵母 *Rhodotorula minuta* におけるエルゴステロール代謝の光制御
中馬誠，興津敬之[1]，村田芳行，多田幹郎[1]（岡山大院・自然科学，[1]岡山大・農）

9:45 2aF6 暗所特異的に発現する分岐鎖 α-ケト酸脱水素酵素遺伝子の糖による発現制御
藤木友紀，伊藤正樹，渡邊昭（東大院・理・生物科学）

10:00 2aF7 青色光に依存したラン藻 *Synechocystis* PCC6803 の従属栄養条件下での増殖
和田元，奥村典子[1]，正元和盛[1]，渡辺正勝[2]（九大・理・生物，[1]熊大・教育・生物，[2]基生研）

10:15 2aF8 ラン藻 *Anabaena* における近赤外光照射による細胞内cAMPレベルの変化
大森正之，渡辺正勝[1]（東大院・総合文化・生命環境，[1]基生研・培養育成）

10:30 2aF9 近紫外光によるナスの生理作用の活性化
塩崎紀子，手塚修文（名大・人間情報・環境システム）

10:45 2aF10 *Anabaena variabilis* の RNA 結合タンパク質 RbpA1 の配列特異性
川上弘人，佐藤直樹（東学大・生命）

11:00 2aF11 シアノバクテリア *Anabaena variabilis* M3 株における RNA 結合タンパク質遺伝子群の解析
圓山恭之進，佐藤直樹[1]，太田にじ，飯野徹雄（早大・人科，[1]東学大・生命）

11:15 2aF12 低温で誘導される *rbpA1* 遺伝子の5'非翻訳領域に結合するタンパク質の解析
中村あや子，佐藤直樹（東京学芸大・生命科学）

F 会場

第 2 日（3 月28日）午後　F 会場　微生物・ウイルス

13:00　2pF01　植物の非宿主抵抗性発現における細胞骨格の重要性（1）
小林裕子，小林一成，久能均（三重大・生物資源・植病）

13:15　2pF02　プロベナゾールによるタバコおよびアラビドプシスの全身獲得抵抗性の誘導
吉岡啓子，仲下英雄，桐淵協子，山口勇（理研）

13:30　2pF03　植物の過敏感反応におけるエチレンの重要性
大坪憲弘，瀬尾茂美，仁木智哉，大橋祐子（農水省・生物研・分子遺伝）

13:45　2pF04　塩基性 PR タンパク質遺伝子の転写を司る EREBP 遺伝子のゲノム構造と発現の解析
北島佐紀人，高木優[1]，進士秀明[1]，佐藤文彦[2]（京大・RIセ，[1]工技院・生命工学研，[2]京大・農・農化）

14:00　2pF05　エンドウの防御応答における活性酸素の意義
稲田温子，藤井匡寛，木場章範，一瀬勇規，山田哲治，白石友紀（岡山大・農）

14:15　2pF06　エンドウの防御応答に対する合成モデルエリシターの影響
木場章範[1]，稲田温子[1]，竹田忠紘[2]，金光卓也[3]，一瀬勇規[1]，山田哲治[1]，白石友紀[1]（[1]岡山大・農，[2]共立薬大・薬，[3]名市大・薬）

14:30　2pF07　タバコ培養細胞を用いたキシラナーゼによる細胞死誘導機構の解析
矢野明[1,2]，鈴木馨[1]，内宮博文[2]，進士秀明[1]（[1]工技院・生命研・植物分子生物，[2]東大・分生研・細胞機能）

14:45　2pF08　ダイズ根粒に特異的な SUPERMAN ホモログについて
河内宏，程憲国[1]，田島茂行[1]，高辻博志（農水省・生物研，[1]香川大・農）

15:00　2pF09　根粒形成過程に異常を示す11系統のミヤコグサ *Lotus japonicus* 突然変異体
今泉（安楽）温子，川口正代司，小岩弘之[1]，赤尾勝一郎[2]，庄野邦彦（東大・生命環境，[1]岩手生物工学研，[2]農水省・生物研）

15:15　2pF10　酵母細胞における外来性蛋白質・ルシフェラーゼの発現の変化とストレス蛋白質の関与
海野けい子，保坂真穂，岸戸崇浩，岡田昌二，Susan Lindquist[1]（静岡県大・薬・放射，[1]シカゴ大・HHMI）

15:30　2pF11　遺伝子のポジショナルクローニングのための機能検定に必要な，長いゲノム断片によるイネの形質転換系の確立
秋山康紀[1]，中村信吾[1]，鈴木隆夫[1,2]，Iwona Wisniewska[1,3]，佐々木典子[1]，川崎信二[1]（[1]農水省・生物研，[2]サカタのタネ，[3]ポーランド植物育種研）

第 3 日（3 月29日）午前　F 会場　環境／温度

8:30　3aF01　ラン藻 *Synechocystis* sp. PCC6803 の脂肪酸不飽和化酵素遺伝子発現の低温誘導機構の解析
鈴木石根，Malay K. Ray，Dmitry A. Los，Michael Malakhov，村田紀夫（基生研）

8:45　3aF02　*Trans-* and *cis-* interactions in the temperature-dependent expression of destaturase genes
Michael Malakhov，Dmitry Los, Norio Murata (Natl. Inst. Basic Biology)

9:00　3aF03　ラン藻 *Synechococcus* PCC7002 に存在する 2 種類の GroEL ホモローグのシャペロン機能
嘉数江美子，福嶋葉月，林秀則（愛媛大・理・物質理学）

9:15　3aF04　*Synechococcus* sp. PCC7942 の新しい低分子量 HSP 遺伝子および *htpG* の解析
田中直樹，檜山哲夫，仲本準（埼玉大・理・分子生物）

9:30　3aF05　好熱性ランソウ *Synechococcus vulcanus* の低分子量 HSP の精製およびその遺伝子の解析
Sanjit K. Roy，田中直樹，檜山哲夫，仲本準（埼玉大・理・分子生物）

9:45　3aF06　クロレラ *lea* 遺伝指導入による形質転換タバコの作出
本城賢一，永石賀子，松本弘子，波多野昌二（九大・農・食糧化学工）

10:00　3aF07　タバコの葉緑体局在性低分子量熱ショックタンパク質の cDNA クローニング
李炳顯，山本直樹，徳富（宮尾）光恵（農水省・生物研）

F 会場

10:15　3aF08　カワヤナギ DnaJ homolog の発現特性
二村典宏，篠原健司（農水省・森林総研）

10:30　3aF09　マイナス温度に曝されたコムギで誘導されるハードニングの第2ステージとフラクタン代謝
吉田みどり，阿部二朗（農水省・北海道農試）

10:45　3aF10　*Anacystis nidulance* 由来アシル脂質デサチュラーゼ遺伝子を導入したタバコの耐冷性
藤井敏雄，西澤治，東瑞恵，関口桂子，戸栗敏博（キリンビール基盤技術研）

11:00　3aF11　低温馴化過程におけるオーチャードグラスのタンパク質組成の変動
荒川圭太，吉田静夫（北大・低温研）

11:15　3aF12　凍結による細胞質の酸性化とその要因
村井麻里，吉田静夫（北大・低温研）

11:30　3aF13　ABA により冬小麦懸濁培養細胞の細胞膜中に蓄積する 19-kDa 細胞膜タンパク質と耐凍性の関係
小池倫也，竹澤大輔，荒川圭太，吉田静夫（北大・低温研）

11:45　3aF14　温度ストレスにより誘導される遺伝子の Differential Display 法による検索
松尾友明，永山美香（鹿児島大・農・生環）

G 会場

第 1 日（3 月27日）午前　G 会場　環境応答／無機栄養

9:30　1aG01　鉄欠乏オオムギ根におけるムギネ酸生合成経路の研究Ⅵ：ニコチアナミンアミノ酸転移酵素の遺伝子配列と発現
高橋美智子，山口博隆，中西啓仁，西澤直子，森敏（東大・農学生命科学）

9:45　1aG02　酵母の鉄吸収変異株 *ctr1* の生長を回復させるオオムギの cDNA クローン
山口博隆，塩入孝之[1]，森敏（東大・農学生命科学，[1]名古屋市大・薬）

10:00　1aG03　鉄欠乏オオムギの根において特異的に発現するギ酸デヒドロゲナーゼ遺伝子の解析
鈴木一矢，板井玲子，鈴木宏一郎，中西啓仁，森敏（東大・農学生命科学）

10:15　1aG04　*Synechocystis* sp. PCC 6803 の CP43′ 及びフラボドキシン遺伝子破壊株の作製及び表現型の解析
鈴木豊子，仲本準（埼玉大・理・分子生物）

10:30　1aG05　ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC 7942 における硫酸透過酵素サブユニット遺伝子の発現調節
鈴木英治，青木三絵，内山久美子（茨城大・理・生物）

10:45　1aG06　低硫酸イオン環境におけるシロイヌナズナ硫黄同化系遺伝子群の発現応答
高橋秀樹，笹倉紀子，渡部晶子，奥山律子，斉藤和季（千葉大・薬・薬用資源）

11:00　1aG07　シロイヌナズナの硫黄同化経路に関わる遺伝子群の栄養条件による発現制御の解析
中村達夫，原田英美子，山口夕，小泉望，佐野浩（奈良先端大・遺伝子教育研究）

11:15　1aG08　トマト根においてマンガン欠乏により発現が誘導されるタンパク質
北野高寛，佐々木康二，尼子克己，高橋正昭（大阪府大・農・応用生化）

第 1 日（3 月27日）午後　G 会場　環境応答／無機栄養・イオン

13:00　1pG01　無酸素条件下でのニチニチソウ細胞のリン酸吸収
坂野勝啓，矢崎芳明，清田誠一郎（農水省・生物研）

13:15　1pG02　低リン栄養適応植物ルジグラスのタンパク質解析
増田泰三，米山忠克，片岡健治[1]，小松節子[2]（農研センター，[1]国際農研，[2]生物研）

13:30　1pG03　クエン酸放出型低リン酸耐性ニンジン培養細胞の糖代謝系の特性
小山博之，瀧田英司，原徹夫（岐阜大・農・植物細胞工学）

13:45　1pG04　ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の硝酸同化系オペロンの亜硝酸による活性化に関わる転写制御因子
愛知真木子，小俣達男（名大・農・応用生物科学）

14:00　1pG05　ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の *nirA* オペロンの転写制御に関わる *cis* element の解析
前田真一，川口由利子，大江孝明，小俣達男（名大・農・応用生物科学）

14:15　1pG06　ラン藻のシアナーゼ遺伝子の窒素による制御
原野よしみ，鈴木石根[1]，金子貴一[2]，小俣達男（名大・農・応用生物科学，[1]基生研，[2]かずさDNA研）

14:30　1pG07　ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の硝酸還元酵素活性はアンモニアの添加によって阻害される
小林正樹，小俣達男，Rocío Rodoríguez[1]，Catalina Lara[1]（名大・農・応用生物科学，[1]Inst. Bioquím. Vegetal y Fotosíntesis, Fac. Biol., Univ. Sevilla-CSIC）

14:45　1pG08　葉緑体包膜の亜硝酸輸送の分子機構
村田祐二，尼子克己，高橋正昭（大阪府大・農・応用生化）

15:00　休　憩

15:15　1pG09　亜硝酸トランスポーター形質転換によるタバコの窒素利用効率の変化
岡桂子，尼子克己，高橋正昭（大阪府大・農・応用生化）

15:30　1pG10　高濃度のカドミウムで培養したトマト細胞から検出されるフィトケラチン合成酵素の性質と機能
伊藤祥子，井上雅裕，遠山鴻，城尾昌範（愛媛大・理・生物）

15:45　1pG11　酵母 *Saccharomyces exiguus* の成長に対する重金属イオンと窒素源の影響
須合悦子，井上雅裕，遠山鴻，城尾昌範（愛媛大・理・生物）

16:00　1pG12　タバコ培養細胞におけるアルミニウムと鉄による細胞死の解析（Ⅰ）
池側広志，山本洋子，松本英明（岡山大・資生研）

G 会場

16:15 1pG13 タバコ培養細胞におけるアルミニウムと鉄による細胞死の解析（Ⅱ）
山本洋子，池側広志，山口雪子，蜂谷晶子，松本英明（岡山大・資生研）

16:30 1pG14 タバコ培養細胞におけるアルミニウム耐性へのグルタチオンの影響について
山口雪子，山本洋子，松本英明（岡山大・資生研）

16:45 1pG15 ハイドランジア葉中におけるアルミニウム結合物質の同定
馬建鋒，平舘俊太郎[1]，野本享資[2]，松本英明（岡山大・資生研，[1]農環研，[2]サントリー生有研）

17:00 1pG16 アルミニウム耐性機構としてのクエン酸の分泌
馬建鋒，鄭紹建，松本英明（岡山大・資生研）

17:15 1pG17 小麦におけるケイ酸によるアルミニウム害軽減効果の解析
岡本庄司，馬建鋒，松本英明（岡山大・資生研）

第2日 （3月28日）午前 G 会場 環境応答／イオン

8:30 2aG01 空色西洋アサガオの開花に伴う花色変化の機構解明
吉田久美，岡崎芳次[1]，加藤潔[2]，前島正義[3]，難波千営子[4]，西村幹夫[4]，亀田清，近藤忠雄[5]（椙山大・生活・食品栄養，[1] 大阪医大・生物，[2] 名大・人間情報，[3] 名大・農・生化，[4] 基生研・細胞生物，[5]名大・化測機セ）

8:45 2aG02 塩ストレス環境下でのオオムギ根における細胞内 pH とリン化合物の変動
旦原真木，矢崎芳明[1]，坂野勝啓[1]，河崎利夫[2]（岡山大・資生研，[1]農水省・生物資源研，[2]四條畷学園女子短大）

9:00 2aG03 塩耐性程度が異なる *Nicotiana* 属植物の水ポテンシャル変化と Na^+，K^+ イオンの蓄積特性
山田茂裕，小森俊之，Patricia N. Myers，今関英雅（日本たばこ産業・遺伝育種研）

9:15 2aG04 タバコ培養細胞における原形質膜内向き整流性K^+チャネルの塩ストレス適応
橋野比呂志，副田憲司，村田芳行[1]，多田幹郎（岡山大・農・細胞生理，[1]岡山大院・自然科学）

9:30 2aG05 ラン藻 *Synechocystis* sp. PCC 6803 の Na^+/H^+ アンチポーター
稲葉昌美，坂本敦[1]，村田紀夫[1]（総研大・生命科学，[1]基生研）

9:45 2aG06 グリシンベタインを蓄積できるようになったトランスジェニックイネのストレス耐性
坂本敦，Alia，村田紀夫（基生研）

10:00 2aG07 塩ストレス適応および非適応タバコ培養細胞内の遊離アミノ酸組成
副田憲司，大熊英治，福田三穂，村田芳行[1]，多田幹郎（岡山大・農・細胞生理，[1]岡山大院・自然科学）

10:15 2aG08 耐塩性タバコ培養細胞に特異的に蓄積するタンパク質の分析
神田愛，竹田恵美，井田和子（大阪女子大・基礎理）

10:30 2aG09 イネ（*Oryza sativa* L. cv. Sasanishiki）を用いた，塩ストレスによる光合成電子伝達活性の阻害機構の解析
田中義人[1]，岸谷幸枝[2]，高倍鉄子[3]，林泰行[4]，田中章[4]，高倍昭洋[1,5]（[1]名城大・理工・化学，[2]東北大・農，[3]名大・生物分子，[4]三菱化学・植物工学研，[5]名城大・総合研）

10:45 2aG10 ラン藻 *Synechocystis* sp. PCC 6803 野生株および *ndhB* 欠損変異株における塩ストレス条件下での電子伝達活性
田中義人[1]，日比野隆[1]，小川晃男[2]，高倍昭洋[1,3]（[1]名城大・理工・化学，[2]名大・生物分子応答，[3]名城大・総合研）

11:00 2aG11 耐塩性ラン藻 *Aphanothece halophytica* の分子シャペロン DnaK の性質
日比野隆[1]，石川浩[1]，高倍昭洋[1,2]（[1]名城大・理工，[2]名城大・総合研）

11:15 2aG12 火山灰土壌に自生するシロイヌナズナの酸性障害パターンの解析
戸田智美，小山博之，北村訓子，原徹夫（岐阜大・農・植物細胞工学）

11:30 2aG13 ホウレンソウ NiR cDNA を導入したトランスジェニック・シロイヌナズナ植物の二酸化窒素ガス同化の解析
高橋美佐，井田正二[1]，関原明，五島直樹，森川弘道（広島大・理・遺伝子科学，[1]京大・食研）

G 会場

第 2 日（3 月28日）午後　G 会場　生物時計

13:00　2pG01　藍色細菌の概日性リズムの周期を延ばすゲノム DNA 断片の解析
　　杳名伸介，近藤孝男，佐藤晋一，石浦正寛（名大・理・生物）
13:15　2pG02　光及び温度パルスによる藍色細菌の概日性リズムの位相変位
　　井上千晶，岡本和久，杳名伸介，石浦正寛，近藤孝男（名大・理・生命理学）
13:30　2pG03　藍色細菌 *Synechococcus* sp. PCC 7942 の生物時計遺伝子の相同遺伝子の探索
　　宇津巻竜也，近藤孝男，井上千晶，井上頼直[1]，石浦正寛（名大院・理・生命理学，[1]理研）
13:45　2pG04　藍色細菌の生物時計オペロンの発現解析
　　杳名伸介，近藤孝男，石浦正寛（名大院・理・生命理学）
14:00　2pG05　アカパンカビにおけるカルモジュリンアンタゴニスト感受性変異株，*cpz*-2，の表現型を抑制する変異株の分離
　　別府由紀，豊田勝也，小内清，中島秀明（岡山大・理・生物）
14:15　2pG06　アカパンカビのカルモジュリンアンタゴニスト感受性変異株，*cpz*-2，の温度感受性を抑制する遺伝子のクローニング
　　片桐敏，小内清，中島秀明（岡山大・理・生物）

第 3 日（3 月29日）午前　G 会場　環境応答／水分・浸透圧・傷害，吸収・転流・蒸散

8:30　3aG01　ニンジン gDcPAL 遺伝子の UV，エリシター，機械的刺激に対する応答
　　竹田淳子，小関良宏[1]（京大・農・農化，[1]東京農工大・工・生命工学）
8:45　3aG02　植物二次代謝産物による過酸化ストレス保護作用
　　原口博行，松原久子，信岡梢，福田愛弓（福山大・工）
9:00　3aG03　ゲラニオールは植物細胞にアポトーシスを引き起こす。
　　高嶋脩，泉俊輔，平田敏文（広島大・理・化学）
9:15　3aG04　イチジク果実の成熟に伴う水の動態変化の NMR による解析
　　隈元保子，井上眞理，渡辺剛史，石田信昭[1]，狩野広美[2]（九大・農・園芸，[1]農水省・食総研，[2]生物研）
9:30　3aG05　チューリップ組織の水の動態に対する低温処理の影響
　　渡辺剛史，井上眞理，隈元保子，石田信昭[1]，狩野広美[2]（九大・農・園芸，[1]農水省・食総研，[2]生物研）
9:45　3aG06　Glass transition temperatures in galactopinitol and other non-reducing sugars
　　Ching-Te Chien (Taiwan Forestry Res. Inst.)
10:00　3aG07　原生動物 *Euglena gracilis* の適合溶質トレハロース合成に関与するセカンドメセンジャー
　　竹中重雄，有本友香，谷亜矢，田村良行，増田渉[1]，宮武和孝，中野長久[1]（羽衣学園短大・食物，[1]大阪府大・応生化）
10:15　3aG08　エンドウ根の水分屈性におけるエンド型キシログルカン転移酵素（EXGT）遺伝子の発現
　　高野守，藤井伸治，西谷和彦[1]，平沢正[2]，高橋秀幸（東北大・遺生研，[1]鹿児島大・教養，[2]東京農工大・農）
10:30　3aG09　塩ストレスで誘導されるシロイヌナズナの Cys2/His2 型 Zn-finger 蛋白質遺伝子の解析
　　坂本秀樹，岡南政宏，荒木崇，飯哲夫，岩渕雅樹（京大院・理・植物）
10:45　3aG10　シロイヌナズナの乾燥・低温ストレスによる遺伝子発現を制御するシス因子 DRE に結合する蛋白質をコードする cDNA の単離
　　劉強，阿部洋，三浦節子，篠崎和子，篠崎一雄[1]（農水省・国際農研・生物資源，[1]理研・植物分子生物）
11:00　3aG11　シロイヌナズナのプロリンデヒドロゲナーゼ遺伝子 *erd*5 の発現解析
　　中島一雄，佐藤里絵，清末知宏[1]，篠崎和子，篠崎一雄[1]（農水省・国際農研・生物資源，[1]理研・植物分子生物）

G 会場

11:15　3aG12　イネ篩管液チオレドキシンh遺伝子の発現の部位特異性
石渡裕，根本圭介，藤原徹，林浩昭，茅野充男（東大院・農学生命科学）

11:30　3aG13　ヒマと小麦の器官と篩管液・導管液の$\delta^{13}C$値，$\delta^{15}N$値の関係
米山忠克[1,2]，増田泰三[1]，藤原英司[2]，L. L. Handley[3]（[1]農業研究センター，[2]筑波大・応生，[3]SCRI, UK）

H 会場

第1日（3月27日）午前　H 会場　ホルモン／オーキシン

9:30　1aH01　カボチャ下胚軸でのアポプラストとシンプラストのインドール酢酸濃度
鶴崎健一，増田康子[1]，櫻井直樹[1]（福山大・一般教育，[1]広島大・総合科学・自然環境）

9:45　1aH02　イネ液体培養のコンディションドメディウム添加による *Rhizoctonia solani* の IAA 産生の増大
古川聡子，庄野邦彦[1]（都立短大・化学，[1]東大・総合文化・生命）

10:00　1aH03　モモ茎頂部からの新たなオーキシン結合タンパク質の単離
菅谷純子，大宮あけみ，菊地幹之，林建樹（農水省・果樹試）

10:15　1aH04　ニンジンの不定胚形成過程におけるオーキシン誘導性遺伝子の単離と解析
北宮絵里，高橋陽介，長田敏行（東大院・理・生物）

10:30　1aH05　オーキシンによって誘導される *par* 遺伝子の転写制御機構の解析
酒井達也，高橋陽介，長田敏行（東大院・理・生物）

10:45　1aH06　オーキシン制御遺伝子 *arcA* の機能探索
石田さらみ，高橋陽介，Csaba Koncz[1]，長田敏行（東大院・理・生物，[1]マックス・プランク育種研）

11:00　1aH07　酵母におけるオーキシン制御遺伝子 *arcA* homologue の解析
石田さらみ，高橋陽介，長田敏行（東大院・理・生物）

11:15　1aH08　ニセアカシア内樹皮レクチン遺伝子プロモーターによる GUS 遺伝子のタバコにおける発現
吉田和正，毛利武，西口満，田崎清（農水省・森林総研）

第1日（3月27日）午後　H 会場　ホルモン／GA・エチレン・サイトカイニン

13:00　1pH01　イネ第二葉鞘を指標としたジベレリンによる葉鞘伸長促進現象の組織化学的解析
松倉千昭，伊藤伸一，根本圭介[1]，谷本英一[2]，山口淳二（名大・生物分子応答，[1]東大・農，[2]名市大・教養・生物）

13:15　1pH02　Characterization of light-regulated expression of a GA20-oxidase of pea
Yuji Kamiya, Tahar Ait-Ali, Shannon Frances, Richard E. Kendrick (Frontier Res. Program, RIKEN)

13:30　1pH03　アズキ上胚軸切片において GA_3 によって発現量の増加する遺伝子の単離
金田剛史，柿本辰男，柴田弘郎（阪大・理・生物）

13:45　1pH04　*OSH1* の過剰発現による内生 GA_1 量の減少は GA 20-oxidase の発現抑制を伴っている
草場新之助，村上（嘉納）ゆり子，松岡信[1]，坂本知昭[2]，山口五十麿[3]，福元將志（農水省・果樹試，[1]名大・分子応答，[2]筑波大・農，[3]東大・農）

14:00　1pH05　カウレン合成酵素 B はシロイヌナズナの *ga2* 突然変異体を相補する
山口信次郎，Tai-ping Sun[1]，神谷勇治（理研・フロンティア，[1]Dept. Bot., Duke Univ.）

14:15　1pH06　*ent*-Kaurene synthase A from *Cucurbita maxima* and its interaction with *ent*-kaurene synthase B
Maria W. Smith, Shinjiro Yamaguchi, Tahar Ait-Ali and Yuji Kamiya (Frontier Res. Program, RIKEN)

14:30　1pH07　イネ緑葉中のジベレリン結合蛋白質の細胞内局在と機能解析
小松節子，増田泰三[1]，海野和俊[2]，朴杓允[2]（農水省・生物研，[1]農研センター，[2]帝京大・医）

14:45　1pH08　蛍光標識化アブシジン酸・ジベレリンとオオムギアリューロン細胞プロトプラストの相互作用解析研究
浅見忠男，山本晋[1]，Maurizio Pulici，一瀬勝紀，瀬戸秀春，中野雄司，Masumi Robertson[2]，安藤哲[1]，室伏旭[3]，吉田茂男（理研・植物機能，[1]東農工大・BASE，[2]CSIRO，[3]東大・応生化）

15:00　休　憩

15:15　1pH09　チューリップにおけるガム物質生成に対するジャスモン酸メチルエステルの効果:特にエチレン生成との関係
Marian Saniewski，宮本健助[1]，上田純一[1]（ポーランド果樹・花卉学研，[1]大阪府大・総合科学）

15:30　1pH10　エチレンによる浮稲節間の伸長促進と蒸散の関係
東哲司[1]，原愛[2]，山村教子[2]，内田直次[1,2]，安田武司[1,2]（[1]神戸大・自然科学，[2]神戸大・農）

H 会場

15:45 1pH11 黄化ヤエナリ胚軸から精製されたエチレン生成阻害タンパク質の全長 cDNA のクローニング及びその発現分析
陳暖，酒井慎吾（筑波大・生物科学）

16:00 1pH12 クロモサポニンⅠによるレタス根の成長促進作用におけるエチレンの関与
鶴見誠二，石沢公明[1]，（神戸大・自然科学，[1]東北大院・理・生物）

16:15 1pH13 メロン果実のエチレン生成機構の解析
加藤俊彦[1]，大谷珠代[2]，川合啓介[1]，平林哲夫[3]，中川弘毅[1]，佐藤隆英[1,2]（[1]千葉大・園芸，[2]千葉大院・自然科学，[3]日本園研）

16:30 1pH14 RT-PCR を用いたメロン葉の ACC 合成酵素遺伝子および ACC 酸化酵素遺伝子の発現解析
古川一，尾崎武司，今堀義洋，和田光生，小田雅行（大阪府大・農・応用植物科学）

16:45 1pH15 ACC 合成酵素アイソザイムの解析
立木美保，森仁志（名大・農・生化学制御）

17:00 1pH16 サイトカイニン処理後短時間で発現が抑制される bHLH タンパク質をコードする遺伝子の解析
遠山知子，寺本陽彦[1]，岡田清孝，竹葉剛[1]（京大・理・植物，[1]京都府大・生活科学・応用生物）

第 2 日（3 月28日）午前　H 会場　ホルモン／その他

8:30 2aH01 Isolation of *Chalamydomonas* mutant impaired at the intervening step in abscisic acid biosynthesis
Alia, Akira Kato, Shinichi Takaichi[1], Tony H. H. Chen[2], Norio Murata (Natl. Inst. Basic. Biol., Okazaki, [1]Biol. Lab., Nippon Medical School, [2]Dept. Hort., Oregon State Univ.)

8:45 2aH02 クラミドモナスにおける violaxanthin の異性化に関与する遺伝子の探索
加藤　彰，Alia, Tony Chen[1]，村田紀夫（基生研，[1]オレゴン州立大・園芸）

9:00 2aH03 ジャスモン酸前駆体類とそれらの類縁化合物の生理活性
幸田泰則，喜久田嘉郎，戸嶋浩明[1]，市原耿民[1]（北大・農・作物生理，[1]生物有機）

9:15 2aH04 単細胞緑藻ドナリエラにおけるジャスモン酸の存在と生理的役割
藤井修平，山本良一，宮本健助[1]，上田純一[1]（帝塚山短大，[1]大阪府大・総合科学）

9:30 2aH05 タバコ培養細胞におけるフェニルアラニンアンモニアリアーゼの誘導と遺伝子解析
Manisha Sharan[1]，権田恵一[1]，情家高史[1]，田口悟朗[2]，林田信明[1]，下坂誠[2]，岡崎光男[1,2]（[1]信州大・繊維・応生，[2]信州大・遺伝子）

9:45 2aH06 エンドウのブラシノステロイド生合成変異体 *lkb* はステロール生合成に欠陥がある
野村崇人，高津戸秀[1]，横田孝雄[2]（宇都宮大・農・生物生産，[1]上越教育大・自然系，[2]帝京大・理工・バイオ）

10:00 2aH07 カボチャ下胚軸におけるブラシノライドの伸長促進作用の機構解明
上村千晶，富永るみ，桜井直樹（広島大・総合科学）

10:15 2aH08 アスパラガス花芽化学誘導における EFP（Early Flowering Protein）の解析
Dennis Yeo[1]，阿部知子，安部弘，桜井成，吉田茂男（理研，[1]埼玉大）

10:30 2aH09 ストレスでつくられる花成誘導因子の構造決定
横山峰幸，山口祥子，猪股慎二，小松一男[1]，吉田誠一[1]，阪本興彦，小島清隆[2]，貝原純子[3]，滝本敦[3]（資生堂・薬剤研，[1]安分セ，[2]R&D室，[3]京都生物研）

10:45 2aH10 新規植物成長調節物質 Dr6 の作用機構に関する研究
中嶋直子，平舘俊太郎（農環研）

11:00 2aH11 ペチュニアのグルタミン酸脱炭酸酵素のアンチセンス遺伝子導入による機能解析
平畠壮規[1,3]，馬場晶子[1]，Gideon Baum[2]，Hillel Fromm[2]，半田高[3]，高柳謙二[3]，高辻博志[1]（[1]農水省・生物研，[2]Weizmann Insti. Sci.，[3]筑波大・農）

H 会場

第3日（3月29日）午前　H 会場　細胞内輸送・分泌

8:30　3aH01　完全合成改変 green floresent protein (GFP) 遺伝子を用いた高等植物におけるタンパク質細胞内局在部位の解析
平野貴謙，清水正則，小林裕和，丹波康夫（静岡県大・生活健康科学）

8:45　3aH02　精製前駆体を用いた葉緑体への蛋白質輸送の競争阻害実験
広橋利哉，中井正人，藤田祐一，長谷俊治（阪大・蛋白研）

9:00　3aH03　酵母の小胞体欠損株を用いた遺伝学的手法によるシロイヌナズナの遺伝子のクローニング
松田憲之，中野明彦（東大院・理・生物科学）

9:15　3aH04　小胞体—ゴルジ体間輸送に必須な Sar1 GTPase— 植物 *SAR1* 遺伝子の優性致死型変異による効果
竹内雅宜，中野明彦（東大院・理・生物科学）

9:30　3aH05　Ara4 GTPase とその相互作用因子の酵母を用いた解析
上田貴志，松田憲之[1]，穴井豊昭[2]，塚谷裕一，内宮博文，中野明彦[1]（東大・分生研，[1]東大・理・生物科学，[2]筑波大・応用生物）

9:45　3aH06　酵母のオートファジーに必須な *APG9* 遺伝子産物の局在の解析
徳永税，田上不比人[1]，野田健司，大隅萬里子[1]，大隅良典（基生研・エネルギー変換，[1]帝京大・バイオ）

10:00　3aH07　液胞システインエンドペプチダーゼ中間体の N 末端アミノ酸配列決定及びタバコ培養細胞への導入
柚木篤史，岡本龍史，南川隆雄（都立大・理・生物）

10:15　3aH08　液胞システインエンドペプチダーゼ (SH-EP) における KDEL 配列を含む C 末端プロペプチドの翻訳後プロセシング
宮腰信，岡本龍史，南川隆雄（都立大・理・生物）

10:30　3aH09　タバコ培養細胞の分泌タンパク質
奥島葉子，小泉望，佐野浩（奈良先端・遺伝子セ・植物細胞工学）

10:45　3aH10　登熟カボチャ子葉のデンスベシクルに見られるタンパク質 DV100 の解析
山田健志[1,2]，嶋田知生[1]，Luz Marina Melgarejo[1,3]，近藤真紀[1]，西村いくこ[1,2]，西村幹夫[1,2]（[1]基生研・細胞生物，[2]総研大・生命科学，[3]コロンビア国立大）

11:00　3aH11　マイクロボディ蛋白質の膜透過機構～オリゴマー蛋白質を輸送する経路の存在
加藤朗，林誠，西村幹夫（基生研・細胞生物）

I 会場

第1日（3月27日）午前　I 会場　細胞骨格

9:30　1aI01　表層微小管構築における 65kDa MAP の機能
曽根恒星，近野洋，木村宗己，山本周史[1]，園部誠司，新免輝男（姫工大・理・生命，[1]阪大・理）

9:45　1aI02　タバコ培養細胞 BY-2 における微小管付随タンパク質の同定
五十嵐久子，園部誠司，新免輝男（姫工大・理・生命）

10:00　1aI03　表層微小管―細胞膜の相互作用に関与するタンパク質の同定
園部誠司，本村宗己，五十嵐久子，新免輝男（姫工大・理・生命）

10:15　1aI04　タバコキネシン様蛋白質 TBK5 及び TBK10 の機能解析
松井啓祐，浅田哲弘，柴岡弘郎（大阪大．理・生物）

10:30　1aI05　ニンジンおよびタバコにおけるβチューブリン・アイソタイプの構成と特徴
岡村昭治，南薗帝，岡原孝一，飯田孝幸，片岡智晃（富山医薬大・薬）

10:45　1aI06　高等植物細胞の核からの微小管形成を担うタンパク質について
中山貴照，水野孝一（阪大院・理・生物）

11:00　1aI07　アズキ上胚軸切片の伸長に及ぼすオカダ酸の効果
横井崇秀，柴岡弘郎（阪大・理・生物）

11:15　1aI08　独特の減数分裂様式（一列に四分割する）を示すヒメジャゴケの分裂面挿入機構
嶋村正樹，出口博則，峰雪芳宣（広島大・理）

第1日（3月27日）午後　I 会場　細胞壁

13:00　1pI01　気孔開閉の日周変化に伴う孔辺細胞の微小管の変化
福田めぐみ，中山享子[1]，浅井尚子[1]，中嶋信美[2]，馳澤盛一郎，近藤矩朗（東大・理・生物，[1]筑波大・生物，[2]国立環境研・地域）

13:15　1pI02　イネの brittle culm（鎌要らず）遺伝子の RFLP マッピング
中村信吾，川崎信二（農水省・生物研）

13:30　1pI03　樹幹の傾斜刺激によるあて材形成初期に発現する遺伝子の cDNA 解析
馬場啓一，日尾野隆[1]，伊藤隆夫，伊藤一弥[1]（京大・木質研，[1]王子製紙・森林資源研）

13:45　1pI04　細胞壁合成に関与する温度感受性突然変異体
加藤友彦，佐藤茂，高部圭司[1]，柴田大輔（三井植物バイオ研，[1]京大・農・林産工学）

14:00　1pI05　エンドウ上胚軸におけるエンド-1,4-β- グルカナーゼ，エンドキシログルカントランスフェラーゼおよびエクスパンシンについて
竹田匠，酒井富久美，林隆久（京大・木研）

14:15　1pI06　タバコ培養細胞 BY-2 から単離したエンド型キシログルカン転移酵素（EXGT-N1）
長瀬悟，岡本繁久，富田英津子[1]，西谷和彦（鹿児島大・教養，[1]連合大学院・農）

14:30　1pI07　組み換えシュクロース合成酵素の性質
中井朋則，外内尚人[1]，土田隆康[1]，森仁志[2]，酒井富久美，林隆久（京大・木質研，[1] バイオポリマー・リサーチ，[2]名大・農）

14:45　1pI08　管状要素分化に特異的なペルオキシダーゼ遺伝子 ZPO-C の解析
佐藤康，福田裕穂[1]（愛媛大・理・生物地球，[1]東大・理・植物園）

15:00　休　憩

15:15　1pI09　ポプラエンド-1,4-β-グルカナーゼのゲノム DNA クローニング
大宮泰徳，今宿芳郎[1]，青山卓史[1]，岡穆宏[1]，中井朋則，酒井富久美，林隆久（京大・木質研，[1]京大・化研）

15:30　1pI10　キュウリ根導管液タンパク質 cDNA のクローニングと発現解析
作田千代子，佐藤忍（筑波大・生物）

15:45　1pI11　イネ科植物細胞壁結合型のエキソおよびエンドグルカナーゼの精製と同定
小竹敬久，中川直樹，桜井直樹（広島大・総合科学）

I 会場

16:00 1pI12 イネ発芽種子からのβ-グルコシダーゼの精製とその性質
秋山高（農水省・北海道農試）

16:15 1pI13 ナス科植物細胞壁キシログルカンのキシログルカナーゼ加水分解法による構造解析
小西照子，三石安[1]，加藤陽治（弘前大・教育，[1]工技院・生命研）

16:30 1pI14 トウモロコシ幼葉鞘細胞壁からの UV 吸収物質の酵素的遊離
宮本健助，Schopfer Peter[1]（大阪府大・総合科学，[1]Freiburg大）

16:45 1pI15 トモロコシ芽生えの成長に伴う細胞壁分解活性の量的質的変化
井上雅裕，ネビンス・ドナルド（愛媛大・理・生物，カリフォルニア大デイビス校）

第2日（3月28日）午前　I 会場　細胞壁・生体膜

8:30 2aI01 Yariv フェニルグリコシドによるゼニゴケプロトプラストの安定化と分裂促進
菅原康剛（埼玉大・理・生体制御）

8:45 2aI02 細胞壁伸展性のクリープ解析：（2）根，胚軸，葉鞘の伸長生長と粘弾性パラメータの相互比較
谷本英一，山本良一[1]，山口淳二[2]，松倉千昭[2]（名古屋市大・自然科学・生体分子，[1]帝塚山短大・食品，[2]名大・生物応答）

9:00 2aI03 オーキシン及び酸によって誘導される細胞壁の力学的性質の変化
田口俊久，勝見允行（国際基督大・生物）

9:15 2aI04 エンドウ上胚軸の伸長と細胞壁構造の変化
藤野猛史，伊東隆夫（京大・木質研）

9:30 2aI05 イネ莉に存在するアラビノガラクタンプロテイン及び関連オリゴ糖の解析
川口健太郎，賀来華江[1]，刈屋國男，箱山晋，渋谷直人[1]（農水省・北海道農試，[1]農水省・生物研）

9:45 2aI06 ギンドロ培養細胞におけるホウ素の細胞内分布
掛川弘一，金子哲[1]，石井忠，松永俊朗[2]（農水省・森林総研，[1]農水省・食総研，[2]農水省・農環研）

10:00 2aI07 ダイコン可溶性画分から単離したホウ酸-ラムノガラクツロナン-II複合体
金子哲，松永俊朗[1]，石井忠[2]（農水省・食総研，[1]農水省・農環研，[2]農水省・森林総研）

10:15 2aI08 ホウ酸-ラムノガラクツロナン-II複合体中のホウ酸の結合糖残基
石井忠，松永俊朗[1]，掛川弘一（農水省・森林総研，[1]農水省・農環研）

10:30 2aI09 ホウ酸-ラムノガラクツロナンII複合体に対する抗体を用いた免疫電顕
高崎美紀，河口清香，小林優，間藤徹，關谷次郎，高部圭司[1]（京大・農・農化，[1] 京大・農・林産）

10:45 2aI10 ダイコン細胞壁におけるペクチン質多糖とカルシウム・ホウ素の相互作用
小林優，淺香智之，間藤徹，關谷次郎（京大・農・農化）

11:00 2aI11 イネ培養細胞液胞膜の脂質組成およびプロトンポンプ活性におよぼす冷温ストレスの影響
中村善行，山口峰生[1]，小林秀行，笠毛邦弘[2]（農水省・食総研，[1]筑波大・生物，[2]農水省・生物研）

11:15 2aI12 カサノリ液胞膜の H^+ 輸送性ピロフォスファターゼの一次構造について
池田己喜子，渡辺洋子，田中喜之[1]，前島正義[2]（岡山県大・栄養，[1]農水省・生物研，[2]名大・農・生化）

11:30 2aI13 ミッチェルの化学浸透説，及びバクテリアの鞭毛回転に関する H^+ 一駆動力説に対する幾つかの素朴な疑問
清沢桂太郎（阪大・基礎工・生物工学）

第3日（3月29日）午前　I 会場　生体膜

8:30 3aI01 キクイモ細胞膜の2種類の H^+ -ATPase ポリペプチドと C 末端ドメインの免疫ブロット分析
長谷昭，上岡華代[1]（北海道教育大・函館・生物，[1]名大・農・生化）

8:45 3aI02 塩ストレス適応および非適応タバコ培養細胞の原形質膜 H^+ -ATPase の酵素反応特性
Dyan Iswantini，菅井真人，角谷忠昭，村田芳行[1]（京大・農，[1]岡山大・農）

9:00 3aI03 マカラスムギ根の細胞膜 H^+ -ATPase 活性の Ca^{2+} による可逆的制御
三浦光雄，木下俊則，島崎研一郎（九大・理・生物）

I 会場

9:15 3aI04 シャジクモ節間細胞に電気刺激を与えた時の初期イオン電流の解析— Ba^{2+} に感受性を示す成分
大川和秋，筒井泉雄[1]，野坂修一[2]（阪大院・理・生物科学，[1]岡崎生理研・生体膜，[2]賀医大・麻酔）

9:30 3aI05 シャジクモ類における機械刺激受容機構Ⅳ．電圧固定法の適用
新免輝男（姫路工大・理・生命）

9:45 3aI06 車軸藻細胞のリン酸輸送；単離節間細胞におけるリン酸輸送系の誘導とその機構
三村徹郎，R. J. Reid[1]，F. A. Smith[1]（一橋大・生物，[1]Dept. Botany, Univ. Adelaide）

10:00 3aI07 植物ミトコンドリアにおけるリン酸輸送タンパク質の cDNA クローニング
高畠令王奈，畑信吾，河内宏[1]，泉井桂（京大院・農，[1]農水省・生物研）

10:15 3aI08 シロイヌナズナ無機リン酸トランスポーター遺伝子の過剰発現によるタバコ培養細胞リン酸吸収の増大
光川典宏，奥村暁，白野由美子，佐藤茂，柴田大輔（三井植物バイオ研）

10:30 3aI09 *Arabidopsis* K^+ トランスポータのクローニング
魚住信之[1,2]，Eugene J. Kim[3]，山口剛生[2]，Francisco Rubio[3]，坪井昭夫[4]，武藤尚志[1,2]，Julian I. Schroeder（[1]名大・生物分子応答，[2]名大院・農，[3]Dept. Biol., Ctr. Mol. Genet., UC, San Diego, [4]基生研）

10:45 3aI10 葉緑体包膜に局在する電子伝達と K^+ 輸送の関連
村田善則，尼子克己，高橋正昭（大阪府大・農・応用生化）

11:00 3aI11 植物液胞膜カルシウム能動輸送系の生化学的解析
上岡華代，田中喜之[1]，前島正義（名大・農・生化，[1]農水省・生物研）

11:15 3aI12 ダイコン細胞質膜水チャネルの一次構造解析と液胞型分子との比較
須賀しのぶ，樋口達治，前島正義（名大・農・生化）

J 会場

第1日（3月27日）午前　J 会場　種子形成

9:30　1aJ01　The metabolism of carbohydrates in cereal seeds under anoxia
Pierdomenico Perata[1,2], Junji Yamaguchi[2], Lorenzo Guglielminetti[1], Elena Loreti[1] and Amedeo Alpi[1]（[1]Dipartimento Biologia delle Piante Agrarie, Univ. di Pisa, [2]Nagoya Univ., Bioscience Center）

9:45　1aJ02　ゴマ種子のチアミン結合タンパク質の性質
渡辺克美，筑紫久美，清水まゆみ，足立崇，吉田豊和，光永俊郎（近畿大・農・食栄）

10:00　1aJ03　シロイヌナズナ LEC1 遺伝子の胚発生における役割
大藤雅章[1,2]，Tami Lotan[2], Kelly Matsudaira Yee[2], Maliryn A. L. West[2], Jay Danao[2], Russel Ro[2], J. Lynn Zimmerman[3], Robert L. Fischer[4], Robert B. Goldberg[5] and John J. Harada[2]（[1]基生研・発生生物，[2]Univ. California, Davis，[3]Univ. Maryland Boltimore County, [4]Univ. California, Berkeley, [5]Univ. California, Los Angels）

10:15　1aJ04　シロイヌナズナを用いた種子発芽の遺伝学的解析
南原英司，早間良輔，土屋雄一朗，内藤哲（北大・農・応用生命）

10:30　1aJ05　OSMYB5 とインテグリン遺伝子プロモーター中の AACA モチーフとの相互作用について
鈴木章弘，広瀬咲子，鷲田治彦，呉伝銀，土岐精一，高岩文雄（農業生物資源研・生物工学）

10:45　1aJ06　イネ・ジベレリン酸誘導性遺伝子の転写調節領域の解析とそれに作用するタンパク質因子の検索
鷲尾健司（北大・地球環境・環境分子生物）

11:00　1aJ07　糖センサーとイネ胚におけるα-アミラーゼ遺伝子の転写抑制
梅村孝明[2]，Pierdomenico Perata[1]，蓬原雄三[2]，山口淳二[1]（[1]名大・生物応答セ，[2]名城大・農）

11:15　1aJ08　イネ発芽種子システインプロテアーゼの遺伝子構造と発現制御
加藤英樹，新谷愛，南川隆雄（都立大・理・生物）

11:30　1aJ09　イネ未熟種子特異的プロテインキナーゼ遺伝子の機能解析
浅野敬幸[1]，川崎務[2,3]，多田雄一[3]，島田浩章[1]（[1]東京理大・基礎工・生物工，[2]三井植物バイオ研，[3]奈良先端大・バイオ）

11:45　1aJ10　転写因子 VP1 と相互作用するタンパク質のクローン化
保浦徳昇，服部束穂（三重大・遺伝子）

第1日（3月27日）午後　J 会場　生殖・遺伝，脂質

13:00　1pJ01　アブラナ科植物の自家不和合性に関与する花粉側認識物質の探索
原実，高山誠司，蔡晃植，日向康吉[1]，磯貝彰（奈良先端大・バイオ，[1]東北大・農）

13:15　1pJ02　蛍光色素 SYBR Green を用いた花柱内の花粉管観察方法の開発
東山哲也，黒岩晴子[1]，河野重行，黒岩常祥（東大院・理・生物科学，[1]共立女子短大・文）

13:30　1pJ03　雄性配偶体形成過程において発現する *LIM*8 遺伝子に関する研究
上藤洋敬，高瀬尚文，平塚和之，堀田康雄（奈良先端大・バイオサイエンス）

13:45　1pJ04　ユリ花粉母細胞において減数分裂期に発現する *LIM*13 遺伝子産物の解析
尾形信一，平塚理恵[1]，皆見政好，高瀬尚文，平塚和之，堀田康雄（奈良先端大・バイオサイエンス，[1]慈恵医大・生物）

14:00　1pJ05　ユリの減数分裂期に発現が誘導される *LIM*18 遺伝子の機能解析
皆見政好，平塚理恵[1]，高瀬尚文，平塚和之，堀田康雄（奈良先端大・バイオサイエンス，[1]慈恵医大・生物）

14:15　1pJ06　吹掛け絞りアサガオの *CHI* 遺伝子中に挿入した *En/Spm* 類縁のトランスポゾン *Tpn*2
星野敦[1,2]，飯田滋[1]（[1]基生研，[2]総研大・生命科学）

14:30　1pJ07　AFLP-based mRNA fingerprinting 法および differential display 法によるマルバアサガオ花弁のキメラ斑形成に関わる遺伝子の探索
土生芳樹[1]，田中（深田）幸子[1]，久富恵世[1,2]，飯田滋[1]（[1]基生研，[2]総研大）

J 会場

14:45 1pJ08 トランスジェニックイネのジーン・サイレンシング；アンチセンス RNA の関与
森野和子，Odd-Arne Olsen[1]，経塚淳子，島本功（NAIST・バイオサイエンス，[2]Agric. Univ. Norway）

15:00 休　憩

15:15 1pJ09 トランスジェニックトルコギキョウ植物の育成とその解析—外来遺伝子の後代への遺伝について—
西原昌宏，星伸枝，阿部善子，山村三郎（岩手生物工学研）

15:30 1pJ10 日本産 Ti プラスミドゲノムの構造解析（3）：制限酵素地図の構築と遺伝子マッピング
鈴木克周，大田伸之，服部嘉行，裏地美杉，前田康昇，加藤明[1]，吉田和夫（広島大・理・生物科学，[1]北海道農試）

15:45 1pJ11 日本産 Ti プラスミドゲノムの構造解析（4）：T-DNA 領域の構造解析
大田伸之，鈴木克周，服部嘉行，裏地美杉，前田康昇，加藤明[1]，吉田和夫（広島大・理・生物科学，[1]北海道農試）

16:00 1pJ12 日本産 Ti プラスミドゲノムの構造解析（5）：vir 遺伝子領域の解析
服部嘉行，大田伸之，裏地美杉，前田康昇，加藤明[1]，鈴木克周，吉田和夫（広島大・理・生物科学，[1]北海道農試）

16:45 1pJ13 クラミドモナス DNA メチルトランスフェラーゼの精製と特徴づけ
中野由佳，小泉望，佐野浩（奈良先端大・遺伝子教育研究・植物細胞工学）

17:00 1pJ14 キュウリ MGDG synthase に対する抗体を用いたホウレンソウ MGDG synthase の解析
北川史二郎，下嶋美恵，太田啓之，増田建，高宮健一郎（東工大・生命理工・生体機構）

17:15 1pJ15 葉緑体膜の主要糖脂質合成酵素，MGDG Synthase のシロイヌナズナでのクローニング
粟井光一郎，太田啓之，下嶋美恵，増田建，高宮健一郎（東工大・生命理工・生体機構）

17:30 1pJ16 高発現プロモーターを用いたミクロソーム ω-3 デサチュラーゼ遺伝子（*NtFAD3*）のタバコにおける過剰発現
濱田達朗，児玉浩明，的場厚（九大・理・生物）

17:45 1pJ17 アシル-脂質型，アシル-CoA 型 Δ9 不飽和酵素と相同性のあるタンパク質遺伝子のクローニング
水谷正子，田中良和，芦刈俊彦，久住高章，村田紀夫[1]（サントリー基礎研，[1]基生研）

第 2 日（3 月28日）午前　J 会場　遺伝子

8:30 2aJ01 シロイヌナズナの MAR 結合タンパク質の同定と解析
茂田一郎，飯哲夫，岩渕雅樹（京大院・理・生物科学）

8:45 2aJ02 シロイヌナズナのゲノム解析プロジェクトⅠ．物理地図の作製と塩基配列決定法
佐藤修正，小谷博一，中村保一，浅水恵理香，金子貴一，宮嶋伸行，田畑哲之（かずさDNA研）

9:00 2aJ03 シロイヌナズナのゲノム解析プロジェクトⅡ．ゲノム情報解析と解析データ公開システムの開発
中村保一，宮嶋伸行，佐藤修正，小谷博一，金子貴一，浅水恵理香，田畑哲之（かずさ DNA 研）

9:15 2aJ04 cDNA セレクション法によるシロイヌナズナ第 5 染色体由来の YAC クローン 5F11 DNA 上の発現遺伝子の同定およびトランスポゾンタギング法による遺伝子の機能解析
関原明，伊藤卓也，林田信明[1]，加藤紳子，柴田大輔[2]，篠崎一雄（理研・植物分子生物，[1]信州大・繊維，[2]三井業際植物バイオ研）

9:30 2aJ05 アラビドプシス・ゲノムの特定領域に存在する遺伝子群へのトランスポゾン挿入変異体の系統的作出方法の確立へ向けて
伊藤卓也，関原明，林田信明[1]，加藤紳子，柴田大輔[2]，篠崎一雄（理研・植物分子生物，[1]信州大・繊維，[2]三井業際植物バイオ研）

9:45 2aJ06 シロイヌナズナサイクロフィリンの機能解析
斉藤武[1]，芦田裕之[1]，田中克典[2]，川向誠[2]，松田英幸[2]，中川強[1]（島根大・[1]遺伝子，[2] 生物資源科学）

10:00 2aJ07 シロイヌナズナにおけるプロリルイソメラーゼ遺伝子の発現調節
多田隈圭，斉藤武，芦田裕之，田中克典[1]，川向誠[1]，松田英幸[1]，中川強（島根大・遺伝子，[1]島根大・生物資源科学）

J 会場

10:15 2aJ08 アラビドプシスのヒスチジン生合成系の第2及び第3段階を触媒する複機能酵素遺伝子の単離と構造解析
藤森功，太田大策（日本チバガイギー国際科学研）

10:30 2aJ09 植物ズブチリシンの遺伝子クローニングと構造解析
上杉眞紀，坂和憲，山形裕士（神戸大・農・生物機能化学）

10:45 2aJ10 遊離メチオニンを過剰に蓄積するシロイヌナズナ突然変異体（*mto*1-1）の解析Ⅰ．メチオニン生合成関連遺伝子発現の解析
千葉由佳子，木嶋文子，山本紋子，南原英司，内藤哲（北大・農・応用生命）

11:00 2aJ11 遊離メチオニンを過剰蓄積するシロイヌナズナ突然変異体（*mto*1-1） の解析Ⅱ．メチオニン蓄積パターンの解析
太田垣聡，南原英司，内藤哲（北大・農・応用生命）

11:15 2aJ12 waxy 遺伝子のスプライシングに関するシスとトランスの因子
一色正之，森野和子，中島みどり[1]，井沢毅，佐藤光[2]，島本功（NAIST・バイオサイエンス，[1]植工研，[2]九大・農）

11:30 2aJ13 高次の遺伝子構造を介した *Gln*1；1 promoter の活性制御機構の解析
渡辺明夫[1,2]，渡邊昭[1]（[1]東大院・生物科学，[2]名大・農・生化学制御）

第3日（3月29日）午前　J 会場　遺伝子

8:30 3aJ01 トマトのフルクトキナーゼ cDNA のクローニングと mRNA の糖による誘導及び果実内局在
金山喜則，Alan B. Bennett[1]（東北大・農・園芸，[1]カリフォルニア大・デービス校）

8:45 3aJ02 シロイヌナズナのフルクトース-6-フォスフェート 2-キナーゼ／フルクトース-2,6-ビスフォスファターゼ（F6P, 2-kinase/F2,6BPase）をコードする cDNA の単離
寺本真紀，稲田のりこ，伊藤正樹，渡邊昭（東大院・理・生物科学）

9:00 3aJ03 シロイヌナズナ葉緑体光合成遺伝子の組織特異的発現に関与するσ因子遺伝子の解析
磯野協一[1]，清水正則[2]，横田明穂[1,3]，小林裕和[2]（[1]RITE・植物分子生理，[2] 静県大・生活健康科学，[3]奈良先端大・バイオ）

9:15 3aJ04 タバコ *psaDb* リーダーは小麦胚芽抽出液中でも翻訳エンハンサーとして作用する
大瀧みちる，小保方潤一（北大・地球環境科学）

9:30 3aJ05 ラン藻 *Synechocystis* PCC6803の *psb D/C* 遺伝子のプロモーター領域に結合する転写調節因子の同定
森田勇人，林秀則（愛媛大・理・物質理学）

9:45 3aJ06 *Synechococcus* PCC7942 のグルタチオン合成酵素遺伝子破壊株の表現型
奥村典子，正元和盛，和田元[1]（熊本大・教育・生物，[1]九大・理・生物）

10:00 3aJ07 イネ dehydroascorbate reductase 遺伝子のクローニングと解析
浦野純一，丑丸敬史（静岡大・理・生物）

10:15 3aJ08 フタバネゼニゴケの CuZn-スーパーオキシドジスムターゼ遺伝子の構造と銅による発現調節
田中克幸，滝尾進，山本勇，佐藤敏生（広島大・理・生物科学）

10:30 3aJ09 非光合成細胞・組織に発現するフェレドキシン -$NADP^+$ レダクターゼ（FNR）遺伝子：イネ胚とタバコ培養細胞の FNR cDNA クローニング
井田正二，青木秀之，熊田アンリオバディア，土山直美，増村威宏[1]，田中國介[1]（京大・食研，[1]京府大・農・農化）

10:45 3aJ10 トウモロコシ根で硝酸によって誘導されるフェレドキシン遺伝子のクローニング
松村智裕，榊原均[1]，杉山達夫[1]，長谷俊治（阪大・蛋白研，[1]名大・農・応生科）

11:00 3aJ11 形質転換トウモロコシを用いた PEPC およびPPDK 遺伝子の発現解析
伊澤桂，谷口光隆，Maurice S. B. Ku[1]，Jenq-Horng Lin [2]，斉藤秀章[3]，石田祐二[3]，大田象三[3]，小鞠敏彦[3]，松岡信[4]，杉山達夫（名大・農，[1]Washington St. Univ.，[2]Nat. Chung-Hsing Univ.，[3]日本たばこ・遺伝育種研，[4]名大・生物分子応答）

11:15 3aJ12 トウモロコシ C_4 型ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ遺伝子の細胞特異的転写調節因子の検索
谷口光隆，杉山達夫（名大・農・応用生物科学）

J 会場

11:30　3aJ13　トウモロコシ幼葉鞘のアルデヒド酸化酵素遺伝子の解析

関本弘之，瀬尾光範[1]，瀧尾擴士[2]，神谷勇治，小柴共一[1]（理研・FRP，[1]都立大・理・生物，[2]理研・生体分子）

11:45　3aJ14　タバコ亜硫酸還元酵素 cDNA のクローニングとその発現様式

米倉圭子，田中良和，芦刈俊彦，久住高章，長谷俊治[1]（サントリー基礎研，[1]阪大・蛋白研）

座 長 表

		A会場	B会場	C会場	D会場	E会場	F会場	G会場	H会場	I会場	J会場
第1日	午前	1aA01-09 嶋田敬三 佐藤敏生	1aB01-09 小川晃男 前　忠彦	1aC01-09 奥山英登志 阿部俊之助	1aD01-09 大橋祐子 渋谷直人	1aE01-09 菊地尚志 橋本　隆	1aF01-09 山田恭司 神阪盛一郎	1aG01-08 馬　建鋒 関谷次郎	1aH01-08 桜井直樹 庄野邦彦	1aI01-08 園部誠司 峰雪芳宣 水野孝一	1aJ01-10 山口淳二 渡辺克美
	午後	1pA01-08 伊藤　繁 小山　泰	1pB01-08 横田明穂 宮地重遠	1pC01-10 山木昭平 松井健二	1pD01-08 篠崎一雄 佐野　浩	1pE01-08 後藤弘爾 松岡　信	1pF01-08 松井　南 河内孝之	1pG01-09 三村徹郎 坂野勝啓	1pH01-08 酒井慎吾 森　仁志	1pI01-08 福田裕穂 保尊隆享	1pJ01-08 服部束穂 飯田　滋
	後	1pA09-17 池上　勇 松浦克美	1pB09-17 和田敬四郎 和田野晃	1pC11-17 山中健生 河内　宏	1pD09-15 小泉　望 篠崎和子	1pE09-16 荒木　崇 経塚淳子	1pF09-17 菅井道三 長谷あきら	1pG10-17 森　敏 藤原　徹	1pH09-16 神谷勇治 上田純一	1pI09-15 西谷和彦 石井　忠	1pJ09-17 吉田和夫 西田生郎
第2日	午前	2aA01-06 三宅　淳 河盛阿佐子	2aB01-06 桜井英博 重岡　成	2aC01-08 末吉　邦 五島直樹	2aD01-11 杉山達夫 青山卓史	2aE01-06 新名惇彦 出村　拓	2aF01-08 渡辺　昭 波多野昌二	2aG01-08 高倍昭洋 且原真木	2aH01-11 吉田茂男 横田孝雄 幸田泰則	2aI01-07 伊東隆夫 加藤陽治	2aJ09-17 柴田大輔 田畑哲之
	午前	2aA07-13 佐藤公行 高橋裕一郎	2aB07-12 池内昌彦 小池裕幸	2aC09-12 小俣達男		2aE07-13 鎌田　博 町田泰則	2aF09-12 渡辺正勝	2aG09-13 山谷知行		2aI08-13 佐藤　忍 前島正義	2aJ07-13 南原英司 山形裕士
	午後	2pA01-06 加藤　栄 小野高明		2pC01-10 藤田祐一 高宮建一郎			2pF01-11 鈴木　馨 山田哲治	2pG01-06 中島秀明 石浦正寛			
	後	2pA07-12 井上頼直 榎並　勲									
第3日	午前	3aA01-06 宮尾光恵 山本　泰	3aB01-07 小関良宏 島田浩章	3aC01-08 黒岩常祥 佐藤直樹	3aD01-14 丹羽康夫 射場　厚	3aE01-08 中村輝子 飯野盛利	3aF01-06 仲本　準 村田紀夫	3aG01-09 岡崎芳次 山本洋子	3aH01-11 西村幹夫 和田　洋 大隅良典	3aI01-06 笠毛邦弘 菊山宗弘	3aJ01-07 小林裕和 林　秀則
	午前	3aA07-13 小林善親 桑原朋彦	3aB08-13 矢野伸一 矢崎一史	3aC09-13 根本泰行		3aE09-14 伊藤正樹 梅田正明	3aF07-14 吉田静夫 山本直樹	3aG10-13 高橋正昭		3aI07-12 新免輝男 池田己喜子	3aJ08-14 長谷俊治 太田啓之

A-01

日本植物生理学会奨励賞
ニンジン細胞培養系を用いた細胞壁機能の研究
佐藤　忍（筑波大・生物）

我々は、均質な細胞集団が得られ形態形成現象の解明に優れたニンジンの細胞培養系を用いて、細胞壁が細胞・組織間相互作用を通してどの様に発生現象と関わっているかを明らかにすることを目的に以下の研究を行った。

1）ペクチン多糖の構造と細胞間接着

細胞間の接着性が弱くなり形態形成能力を失った細胞株等を用いた細胞壁多糖の構造解析の結果、ペクチンの中性糖側鎖の構造（Ara, Gal, Xyl）と細胞間接着性の間に相関が見出され、ポリガラクチュロン酸主鎖以外の多糖が細胞間の接着や形態形成現象に関与している可能性が示唆された。

2）分泌タンパク質の種子中における機能

培養細胞の培地中に分泌される諸タンパク質の解析の結果、カルスの培地中には、塩や界面活性剤で可溶化されないゲル状の物質として存在する新奇な分泌性の不溶性プロテアーゼインヒビターが存在し、植物体では、種子中の胚内と、胚と胚乳の間隙に分泌されて胚を取り囲むように存在し、種子発芽時に合成されるシステインプロテアーゼから胚を守っている可能性が示唆された。

A-02

日本植物生理学会論文賞
シアノバクテリアでのNAD(P)Hデヒドロゲナーゼ依存の光化学系I循環的電子伝達系
米華玲、遠藤剛[1]、Schreiber, U.[2]、小川晃男[3]、浅田浩二[1]
（上海植物生理研、[1]京大・食研、[2]Univ. Würzburg、[3]名大・生物分子応答研）

シアノバクテリア，葉緑体はミトコンドリア呼吸鎖のNADHデヒドロゲナーゼ(NDH)サブユニットに相同性を示す*ndh*遺伝子群をもっている。大気CO_2濃度で生育できないシアノバクテリア変異株の一つが*ndh*遺伝子を欠損していたことから、CO_2濃縮へのNDHの関与が示唆されたが、その分子機構は不明であった。*Synechocystis* PCC 6803の*ndh*欠損の変異株を用い、NDHが呼吸電子伝達だけではなく、光化学系I (PSI)循環的電子伝達を触媒することをPSI反応中心P700の酸化還元、クロロフィル蛍光などの測定により、細胞、Spheroplastさらにチラコイド膜レベルで証明した。このNDH依存のPSI循環的電子伝達系はSpheroplastにNADP$^+$、チラコイド膜にフェレドシンとNADP$^+$の添加によって再構成でき、シアノバクテリアNDHの生化学的性質を初めて明らかにした。これによってPSI循環的電子伝達反応がシアノバクテリアのCO_2濃縮に関与していることが明らかとなった。さらに高等植物葉緑体でのNDH-依存の循環的電子伝達反応についても触れる。

S I-01

光合成と脂肪酸合成の同調機構

佐々木幸子（名古屋大・農・生化学制御）

植物の脂肪酸合成は明暗で調節されているが、その仕組みが明らかになったので、報告する。植物ではプラスチドで脂肪酸が合成されるので、Buchananにより見つけられたプラスチド特有の調節機構ーそれは光化学系Iから発生する電子を用いて、フェレドキシン、チオレドキシンを経てシグナルを伝達し、触媒活性に必要なS－S結合を開裂して酵素を活性化する機構ーが関与していると推定されたので、これを証明する実験をした。脂肪酸合成を調節し、最初の反応を行う鍵酵素ーアセチルCoAカルボキシラーゼは光照射で活性化されるので、この酵素について調べた。単離したこの酵素はS－S結合の還元により活性化され、またシグナルトランスデューサーであるチオレドキシンで活性化されたので、上記の様式で調節されると推定された。さらにこの酵素はpH, Mg^{+2}の変化の影響を受け、光照射時のストロマの生理的条件下で最大活性を示した。これらの結果より、脂肪酸合成は光合成に連動した変化（ストロマのpH, Mg^{+2}, 酸化/還元電位）により制御されると推定された。炭酸ガスを固定する還元的ペントースリン酸経路の鍵酵素はこれらの機構で調節されるので、植物は光合成と脂肪酸合成をこのようにして協調させているのだろう。

S I-02

タバコ NPK5 プロテインキナーゼによる HMG-CoA reductase のリン酸化

村中俊哉、大江田憲治、町田泰則[1]
（住友化学・生命研、[1]名大院・理学研究科）

植物における酢酸—メバロン酸経路の代謝産物には、細胞の分化、増殖に係わる各種の植物ホルモンや、有用二次代謝産物が数多く含まれている。HMG-CoA reductase (HMGR)は、酢酸—メバロン酸経路における鍵酵素であり、転写、翻訳、翻訳後の各ステップでさまざまな制御を受けることが知られている。

我々が、植物の生長・増殖に係わるプロテインキナーゼを単離する試みの過程でタバコからクローニングした cDNA(cNPK5)は、 HMGR をリン酸する酵素、すなわち、HMGR kinase をコードしていることがわかった。NPK5 と構造的に類似したプロテインキナーゼをコードする cDNA は、アラビドプシス、ジャガイモ、イネ、ライムギなど多くの植物種からクローニングされている。

本講演では、NPK5 プロテインキナーゼによるHMGR のリン酸化実験、形質転換植物の解析結果などを報告するとともに、動物、酵母における NPK5 と類似したプロテインキナーゼとの機能差異について考察する。

S I-03

無機窒素源に応答したC4光合成PEP carboxylase遺伝子の発現制御

杉山達夫・榊原　均・鈴木めぐみ・武井兼太郎
（名古屋大・農学部）

***C4Ppc1*の発現は無機窒素源によって制御される。この制御において、無機窒素源は内部シグナルと考えられる２つのシグナル、すなわち、サイトカイニン(Cytk)とグルタミン(Gln)、に転換され、これらはそれぞれ *C4Ppc1*の転写と転写後の段階を正に制御する。**

この講演では、演者の研究室で同定、発見された遺伝子とその発現制御解析の結果を中心に、窒素栄養に応答したGlnの生成機構並びにCytkによる *C4Ppc1*の転写制御の機構を考察する。前者については、亜硝酸の還元に必要なシロヘム合成に関わる *S*-adenosyl-L-methionine dependent uroporphyrinogen III methyltransferase 遺伝子の発現を踏まえ、硝酸還元及びンモニ同化に関わるグルタミン合成酵素遺伝子族の窒素による遺伝子発現の制御機構を述べる。後者については、Cytkの無機窒素源に応答する根での蓄積制御並びにバクテリア型二成分情報伝達系の response-regulator であるCheY遺伝子族のホモログとして最近同定された Cytk-inducible protein 1の発現を中心にして、無機窒素源による *C4Ppc1*発現制御のトウモロコシ個体レベルの情報伝達機構にも言及する。

S I-04

PEP Carboxylase のリン酸化による活性調節

泉井桂、畑信吾、薮田尚弘、上野宜久、古本強、西條雄介、増田隆男（京都大学大学院・農学研究科・植物生理）

本酵素(PEPC)はC4およびCAM光合成の初期炭酸固定のみならず、アミノ酸などの生合成、窒素源の同化、共生根粒菌への炭素源の供給、気孔の開閉など多彩な生理的役割をもち、種々のアイソザイムが存在する。PEPCはリン酸化を受けると、主としてリンゴ酸のフィードバック阻害能が低下し、生理的条件下での活性が上昇する。今回は、植物PEPCにおけるこの調節機構の普遍性を概観し、その分子機構の解明にむけての研究の現状を、われわれの知見を含めて紹介する。リン酸化部位はN-末端近傍にあり（トウモロコシC4型PEPCではSer15）、そのSer残基を酸性のAspに置換した組換え体酵素はリン酸化型と同様の性質を示す。Ser周辺のアミノ酸配列はすべての植物PEPCにおいて保存されている。C4型PEPCは、明条件下でリン酸化を受ける。このリン酸化に与る酵素（PK）としてはCa^{2+}非依存性のものが知られているが、われわれは依存性のもの(CDPK)も関与する可能性について種々の検討を行っている。この過程で見いだしたCDPKおよびこれに類似するがCa^{2+}非依存性の酵素(CRK)についても述べる。

S I-05

CONTROL OF NITRATE ASSIMILATION AND SUCROSE METABOLISM BY PROTEIN PHOSPHORYLATION

Steven C. Huber; USDA/ARS, North Carolina State Univ., Raleigh, NC 27695-7631, USA

It appears that reversible protein phosphorylation may play a central role in the regulation of important plant processes such as sucrose metabolism and nitrate assimilation. In many cases, the requisite protein kinases are strictly Ca^{2+}-dependent and thus there is a potential role for cytosolic [Ca^{2+}] in the control of plant C/N-metabolism. Our results indicate that protein phosphorylation regulates sucrose synthesis, via control of sucrose-phosphate synthase (SPS), and nitrate assimilation via control of NADH:nitrate reductase (NR), in mature leaves. In addition, very recent results suggest that sucrose degradation catalysed by sucrose synthase (SuSy) in sink tissues may also be controlled by this mechanism. Specific aspects of the regulation of SPS, NR and SuSy will be discussed.

S II-01

Apoplast vs. Cell Walls

Yoshio MASUDA; Tezukayama College, Nara 631

Long after the pioneering study of Hugo de Vries (1874) on the role of the cell wall in growth, A.N.J. Heyn (1930) and H. Söding (1931) discovered in *Avena* a change in the mechanical property of the cell wall in response to applied hormones. Biochemical studies on changes in polysaccharide components as the background of mechanical properties commenced after the World War II, owing to the development of analytical methods of sugars, i.e. chromatographies. We have done an extensive study on the cell wall changes caused by hormones in terms of mechanical properties since 1970 and of the composition of matrix polysaccharides since 1975. In the 19th century, the cell wall, often called "Zellhaut (cell skin)," was simply considered a part of the cellular structure. In fact, cell walls are of different kinds such as "organ walls," walls of parenchyma or of vascular bundles. The concept "apoplast" was proposed by E. Münch in 1930 for a tissue compartment including the celll wall and intercellular space, allowing water to pass through roots, not via protoplasmic components (symplast). However, for the future studeis on cell walls, the use of the term "apoplast" could be advantageous.

S II-02

Apoplastic Xylanases and β-Glucanases in Cell Wall Metabolism in Barley

M. BANIK, M. HRMOVA, A. J. HARVEY, P. B. HØJ and G. B. FINCHER; Dept. of Plant Science, University of Adelaide, Waite Campus, Glen Osmond, S. A. 5064, Australia.

Cell walls of barley endosperm are characterized by high levels of arabinoxylan and (1→3, 1→4)-β-glucans. Following germination, walls of the starchy endosperm are completely degraded and this ensures that hydrolytic enzymes secreted from the aleurone or scutellum can gain free access to their starch and storage protein substrates. The enzymes that degrade cell walls are secreted into the apoplastic space surrounding aleurone or scutellar cells. Two endo-β-glucanases are synthesized *de novo* in the germinated grain and release oligoglucosides from (1→3, 1→4)-β-glucans. The oligomers can be hydrolysed to glucose by exo-β-glucanase or by β-glucosidases. There is increasing evidence that the endo-β-glucanases evolved from the pathogenesis-related (1→3)-β-glucanases. Arabinoxylan depolymerization is mediated by the concerted action of (1→4)-β-xylanases, α-arabinofuranosidases and possibly β-xylosidases, all of which are synthesized in the germinated barley grain. The primary structure of a (1→4)-β-xylanase has been defined from cDNA and genomic clones. Expression of the xylanase appears to be confined to the aleurone layer; no enzyme or gene transcripts can be detected in vegetative tissues. Gibberellic acid induces transcription of both the xylanase and α-arabinofuranosidase genes, but there are clear temporal differences in the secretion of the enzymes.

S II-03

CONTROL OF INOROGANIC ION CONDITIONS IN THE APOPLAST.

Tetsuro MIMURA; Biological Labolatory, Hitotsubashi University

Metabolism of inorganic ions in plant cells has been widely investigated. Progress of molecular biology clarified molecular basis of membrane transport proteins for some ions. However, it is not yet possible to explain the ionic situation of each compartment. Apoplast is one of the most important compartment of intra-plant systems as the circumstances of the cytoplasm. Recently we started an analysis of the inorganic posphate (Pi) status in barley leaves and found that the apoplastic Pi level was also regulated by combination of the transport systems of both the plasma membrane and the tonoplast. In the present study, I discuss the factors involving in the inorganic ion conditions of the apoplast.

SII-04

ORGANIC SUBSTANCES WHICH FLOW IN THE XYLEM OF *Cucurbitaceae* PLANTS

Shinobu SATOH; Inst. Biol. Sci., Univ. Tsukuba, Tsukuba 305

Vascular tissues play roles in the coordination of plant development by connecting organs. Xylem sap fills the cell wall of above-ground organs as extracellular fluid and the substances in the sap are thought to be mainly derived from the substances secreted from the cells of the central cylinder of root. We are analyzing the substances in xylem sap of *Cucurbitaceae* plants to elucidate the roles of the root in the development of above-ground organs.

1) Xylem sap of squash contained inositol, a range of proteins and polysaccharides such as pectin. The activities which promote or inhibit the greening of etiolated cucumber cotyledons (MW3000 or 1400), and promote and inhibit adventitious root formation were also detected in the sap.

2) For the elucidation of the functions of the xylem sap proteins, we screened a cDNA library made from cucumber root with antiserum raised against total xylem sap of cucumber. Four groups of clones including glycine-rich protein were obtained.

SII-05

XYLOGLUCAN STORY IN THE APOPLAST

Takahisa Hayashi
Wood Research Institute, Kyoto University, Gokasho, Uji, Kyoto 611, Japan

A macromolecular complex composed of xyloglucan and cellulose occurs in the apoplast and contributes rigidity to the walls of the growing plant cell. There is evidence that auxin induces cell elongation associated with a certain level of xyloglucan solubilization in the apoplastic space of pea stems. Auxin-induced endo-1,4-β-glucanase could be responsible for the solubilization in the stems, whereas no xyloglucan-specific endo-1,4-β-glucanase (xyloglucanase) activity has been found in suspension-cultured poplar cells and auxin does not increase the activity of xyloglucan-related enzymes such as XET or EXT.

Hydrolysis of β-glucan complex with poplar cellulose-specific endo-1,4-β-glucanase (cellulase) caused the solubilization of both xyloglucan and cellulose as well as the new reducing terminals around the cellulose microfibils. These findings suggest that the cellulase attacks the random and amorphous regions of cellulose microfibrils, where xyloglucans may be interwoven. In poplar cells, addition of auxin further increased the level of cellulase activity, accompanied by the further solubilization of xyloglucan in the culture medium.

SIII-01

ニンジン不定胚形成過程で発現するホメオボックス遺伝子の構造と機能

福田裕穂、日渡祐二[1]、得字圭彦、出村　拓[1]、川原良一[2]（東大・理・植物園、[1]東北大・理・生物、[2]理研・ジーンバンク）

私たちは、ニンジン不定胚形成の分子機構解明に向けて、ニンジンから6種類のホメオボックス遺伝子のcDNA(CHB1-CHB6) を単離した。単離された遺伝子はいずれも、ホメオドメインとともに、ロイシンジッパーをもち、二量体として働くことが予想された。これらの遺伝子の不定胚での発現をin situ hybridization により調べたところ、CHB1 mRNAは心臓型胚および魚雷型胚で、茎頂と根端の将来の分裂組織領域に局在することが示された。また、CHB3-CHB5 mRNAはいずれも、不定胚形成過程を通じて、最内層の皮層細胞に局在していた。しかしながら、CHB4, CHB5 mRNAは魚雷型胚から発現するのに対して、CHB3 mRNA はすでに球状胚から発現している、また、CHB4 mRNAは胚軸でのみ発現するのに対して、CHB3とCHB5 mRNAは胚軸と根の両方で発現するというように、その空間的、時間的発現に差がみられた。一方、CHB6 mRNAは前形成層と思われる領域に局在していた。このように各CHB mRNAは、不定胚組織分化過程で特有の発現パターンを示した。次に、CHB遺伝子の機能を知る手がかりを得るために、これらのホメオボックス遺伝子をアンチセンス、センス方向につないだ遺伝子を不定胚に導入した。その結果、組織形成に異常が見られる遺伝子導入体が得られた。これらの結果を合わせて、胚の組織形成過程におけるホメオボックス遺伝子の役割について考察したい。

SIII-02

イネ胚発生過程におけるホメオボックス遺伝子の発現

松岡　信、佐藤　豊、玉置　雅紀、長戸康郎[1]　（名大・分子応答研究セ、[1]東大・農）

ホメオボックス遺伝子はホメオドメインと呼ばれるDNA結合ドメインをコードする遺伝子で、動物においては胚発生時のパターン形成に重要な役割を果たしていることが知られている。最近、植物においてもホメオボックス遺伝子の存在が報告され、植物の胚発生時においても、ホメオボックス遺伝子が重要な役割を担っていることが想像されている。しかし、現在の所、このことを積極的に支持する実験結果はほとんど得られていない。そこで、植物の胚発生時におけるホメオボックス遺伝子の機能を検討する目的で、イネのホメオボックス遺伝子*OSH1*の胚発生時における発現パターンを、野生型イネおよび、胚発生過程に変異を起こしたイネを用い*in situ* ハイブリダイゼーション法により検討した。その結果、*OSH1*は器官分化が起こる以前の胚発生初期から、将来茎頂が形成されるべき部位に局所的な発現を示した。また、茎頂が分化できない変異株の内で*OSH1*の発現パターンに変化を来した物が存在した。これらの結果は、*OSH1*が器官分化以前の胚発生初期段階で、茎頂分化領域の決定に関わっていることを示唆している。

SIII-03

シロイヌナズナの胚発生とその後の発生過程で見られる器官分離と内皮細胞の分化

田坂昌生、石田哲也、相田光宏、深城英弘、藤澤久雄（京大大学院・理・生物・植物）

植物の体作りは基本的に茎と根を上下に貫く軸とそれに直交する放射相称な軸に規定されて各器官・組織が分化することでおこなわれ、そして、この２つの軸は胚発生の過程で確立すると考えられている。しかし、これらの軸が確立する過程はもとより、植物の発生を通じて各器官・組織が分化する過程で働く調節機構の分子メカニズムについてほとんど解っていない。我々は、２つの子葉が融合し１つのカップ型の子葉になる*cuc*突然変異体をシロイヌナズナから単離した。そして、この表現型が独立な*CUC1*遺伝子と*CUC2*遺伝子の２重変異によって引き起こされたことを明らかにした。*CUC2*遺伝子をトランスポゾンタギングにより単離したところ、この遺伝子は植物に広く存在する新しい遺伝子ファミリーの一員であることが解った。それぞれの遺伝子の単一並びに２重突然変異体の解析から、（１）これらの遺伝子はどちらも胚発生過程で２枚の子葉が分離して形成される過程に作用すること、（２）頂芽分裂組織の分化に関係すること、（３）花における４枚のがくや６本の雄しべが分離して形成される過程に関与することが示唆された。そこでこれらの知見を基にこれらの遺伝子の働きを中心に器官の形成と分離に関して考察を行なう。さらに、我々はシュートの重力屈性に関係する*SGR*遺伝子群の解析も行なっているが、そのうち*SGR1*遺伝子は胚発生過程で胚軸の内皮細胞の分化に関係し、芽生えた後の根と花茎においても同じく内皮細胞の分化に関係することが解った。そして、内皮細胞の分化に関係する別の遺伝子の存在も確認された。これは放射相称な軸に沿った特定の組織の分化に関係する遺伝子群の存在を意味しており、この点に関しても考察する。

SIII-04

動物の胚発生を制御する遺伝子群

佐藤矩行（京大・院・理・動物）

ホメオボックス遺伝子などのクローニングを契機に動物の胚発生に関与する遺伝子とその作用機構に関する理解が飛躍的に進んでいる。ホメオティック遺伝子群は確かに動物胚の前後軸にそった部域化に重要な役割を果たしているが、最近なってその働きが動物によって必ずしも同一でないことが示されている。またこの遺伝子群が動物の初期発生における前後・背腹などの体軸の確立に働いているという証拠もない。したがって、単なるアナロジーから、植物の胚発生そくホメオボックス遺伝子の働きと考えることは必ずしも的を得たものとも思われない。

ここでは、動物の初期発生において、前後・背腹・左右などの基本的な体軸の形成に関わると思われる遺伝子群を、ショウジョウバエ、C．エレガンス、カエルなどいくつかの動物を例に説明する。卵に予め存在する母性因子の働き、転写因子による転写制御のカスケード、成長促進因子を介した細胞間相互作用などの重要性をクローズアップする。植物の胚発生の分子機構の考察の助けになれば幸いである。

SIV-01

ホウ素は細胞壁で機能する

間藤　徹　（京都大・農・植栄）

ホウ素（Ｂ）は1923年に高等植物の必須元素であると確認されその機能について多くの仮説が提案されてきた。機能を知るためにまずＢの局在部位を検討した。細胞中には水溶性Ｂと細胞壁結合Ｂがある。プロトプラストや11B-NMRを用いた検討から，前者はすべてホウ酸の形で細胞壁内に存在し細胞質には存在しないことを示した。ついで細胞壁の酵素加水分解物中にホウ素会合糖鎖を検索しラムノガラクツロナンII(RG-II)として知られてきたペクチン質多糖のみがＢと会合していることを示した。この複合体はホウ酸2分子がRG-II単量体2本を架橋していた。これはホウ酸ジエステル共有結合がペクチン質糖鎖をRG-II領域で架橋し，ペクチン糖鎖ネットワークを形成していることを示している。この複合体の抗体を用いて免疫電顕を行ったところRG-IIエピトープは根のすべての細胞に存在し，細胞壁中では一次壁の原形質側に多く検出された。中葉には検出されなかった。培養細胞はゲルマニウム酸がホウ酸に代替するが，ゲルマニウム酸によってもRG-II二量体が形成されることからホウ素によるRG-II複合体形成，ペクチン糖鎖ネットワーク形成がその必須作用であると結論した。

SIV-02

鉄獲得の分子機構

馬　建鋒、野本享資[1]（岡山大・資生研、[1]サントリー生有研）

植物は土壌中の難溶性鉄を獲得するために、様々な戦略を持っていることが近年明らかになってきた。現在、鉄の獲得様式の違いによりStrategy IとStrategy IIに分けられている。双子葉植物やイネ科以外の単子葉植物はStrategy I、イネ科植物はStrategy IIとされているが、両者の主な違いは鉄可溶化と吸収の様式にあると思われる。Strategy I植物は主に根圏のpHを低下させることや還元剤の放出によって鉄を可溶化するが、Strategy II植物は根から鉄キレート物質ムギネ酸類を分泌することによって鉄を可溶化する。また、Strategy I植物は鉄を吸収する際に、原形質膜上において３価鉄から２価鉄への還元を行うが、Strategy II植物はこのような還元過程を経ず、ムギネ酸類－鉄錯体のまま通過するとされている。今回はStrategy IIを中心に、ムギネ酸類が鉄獲得にける役割をムギネ酸類の生合成経路とムギネ酸類－鉄錯体の吸収特性を通して考察する。

SⅣ-03

マンガン欠乏に対する適応戦略

北野高寛、佐々木康二、尼子克己、高橋正昭（大阪府大・農・応用生化）

MnはFeに次いで要求量の多い植物の微量必須元素である。欠乏させると光合成の酸素発生やストレス対応の欠損を導く。我々は、Mnが欠乏した時に発現が誘導されるタンパク質や遺伝子の解析により欠乏に対する植物の適応からMnの吸収や移行を明らかにすることを目的として研究を行ってきた。本報告では、発現が誘導されるタンパク質から明らかになった養分欠乏に対する適応の巧妙な戦略を紹介する。

一定期間完全培養液で栽培したトマトを、Mnのみを欠く培養液で更に10日間栽培した。その間に根のMn含量は殆ど0になり欠乏症状を示し始めた。根を試料とし、形質膜タンパク質からアフィニティークロマトによりMn欠乏で誘導される金属結合ペプチドを単離し、また、RNAを鋳型としてRT-PCRを行い、Mn欠乏と正常植物のディファレンシャルディスプレイからMn欠乏植物に特異的なcDNAのクローニングを行った。その結果、Mn欠乏によって発現の誘導されるタンパク質の中に、これまで土壌微生物との接着に必要なタンパク質として報告されているタンパク質が見いだされる等、不利な環境における植物のこれまで知られていなかった適応が明らかとなった。

SⅣ-04

微量要素研究への分子遺伝学的アプローチ

藤原　徹　（東大院・農・応生化）

植物の必須元素の生理機能の解析は，以下に述べる２つの事柄についての知見を得ることが目的である。第一は，元素の植物での吸収移行過程と分布および存在状態を明らかにすることであり，次に，その要素が植物においてどのような素反応に関わっているかを明らかにすることである。必須元素の役割をこれらの両面から明らかにするためには，分子遺伝学的な研究手法を，生理，生化学的研究と連動させながら，取り入れることが有効であると考えられる。演者らの研究グループでは，このような観点から植物の栄養生理に関する研究を行っているが，微量要素に関する研究としては，シロイヌナズナを材料にホウ素栄養に関わる変異株と，重金属に関わると考えられるメタロチオネイン遺伝子の解析を行ってきている。本発表ではこれらの研究の最近の結果を報告する。

SⅤ-01

オルガネラのダイナミックスの解明へ：オルガネラで”字”を描く顕微分子生物学でなにができるか

黒岩常祥、松永幸大、東山哲也、西村芳樹　（東大院・理・生物科学）

我々は、UVレーザーと光ピンセットの顕微操作法により、1個の細胞より特定のプラスチドやミトコンドリアを単離したり、単離した１－１００個のミトコンドリアからPCRによってmtDNAの特定な領域や遺伝子の増幅を試みた。研究材料として、細胞核や細胞質の断片とミトコンドリアが容易に区別できる、ミトコンドリア核が明瞭な粘菌（*Physarumpolycephalum*）を先ず用いた。オルガネラの集団から特定のオルガネラだけを選択する方法として二つ考えられる。第一は、PCRで解析したいオルガネラだけを残すように、他の部分をUVレーザーで焼き切る方法である。第二は、特定のオルガネラだけをIRレーザーによる光ピンセット法で選択的に移動・分離する方法である。先ず前者の方法で、特定なミトコンドリアのmtDNAの特異部位や遺伝子の増幅を試みた。しかしスライドガラス上でUVレーザーによりミトコンドリアが完全に破壊されたように見えても、DNA分子の断片は僅かに残っており、PCR増幅にかかってしまった。そこで、後者の方法にかえた。顕微鏡下でIRレーザーを使ってミトコンドリアを移動し、分離したミトコンドリアを使って ”MT”と”Y”という字を描いた。これを”ミトコンドリア工芸”あるいは”オルガネラ工芸”と名付けた。次に選択した1−100個のミトコンドリアから PCRを使ってmtDNAの特定領域の増幅を試みた。その結果、選択的に分離した9個のミトコンドリアから特定領域をPCR増幅することができた。最近、西村らは、1個のプラスチドやミトコンドリアを分離する技術を改良し、4個のミトコンドリアから特定の遺伝子（CoxI）を増幅させることに成功している。この方法の開発により、細胞内の１個のプラスチドの発生分化といった現象を分子生物学的に顕微鏡下で解析することができるようになった。このような生物学を”顕微（操作）分子生物学”と名付け、その今後の展望を述べる。

SⅤ-02

光と概日リズムによる葉緑体遺伝子の転写制御機構

豊島喜則, 椎名隆, 中平洋一, 角山雄一, 馬場恭子, 佐藤淳子（京都大学大学院・人間・環境学研究科）

葉緑体コードの遺伝子の発現は、核による様々なレベルでの制御を受けている。葉緑体の*psb*D遺伝子の転写活性は光によって可逆的に調節されているが、この応答も核の制御下にあることがわかっている。*psb*Dプロモーターは-35領域が変異した特異な構造をとっており、この点が光による制御をほとんど受けず典型的な原核型プロモーターの特徴を有している*psb*Aプロモーターと異なっている。ここでは、in vitro転写によるプロモーター構造の比較解析から明かになった知見を基に、葉緑体遺伝子の転写の光応答に関する新しい機構を提唱する。

*psb*D遺伝子の転写には、-35領域の上流に存在する転写増強配列が必要であるが、この配列は光による転写制御には直接関わっていないことがわかった。一方、*psb*Aプロモーターの-35配列を破壊すると、転写の光応答性が見られるようになり、逆に*psb*Dプロモーターの-35領域をコンセンサスな配列に変えると、光応答性が消失することが明らかになった。この結果は、RNAポリメラーゼのプロモーター配列認識特性が、光によって可逆的に変化することを示すものであり、σ因子などの核コードの因子がその制御に深く関わっていることが考えられる。また、*psb*D遺伝子の転写は、概日リズムによっても制御されており、その機構を光による制御との関連において考察する。

SV-03

葉緑体RNAポリメラーゼのシグマ因子

田中　寛、高橋秀夫（東大・分生研）

葉緑体は進化的に、シアノバクテリア様の光合成細菌が真核細胞内に共生して生じたという説が有力である。実際、葉緑体DNAには真正細菌のRNAポリメラーゼサブユニットの相同遺伝子群がコードされており、これら遺伝子産物が集合して転写装置を構成すると考えられる。しかし、真正細菌のRNAポリメラーゼにおいて、プロモーター認識の特異性を決める転写開始因子" シグマ" に対応する遺伝子は葉緑体DNA上には見いだされない。従ってRNAポリメラーゼサブユニットのうち、転写特異性を決めるシグマ因子遺伝子が核に移行することで、核と葉緑体の遺伝子発現を協調させているというモデルが考えられてきた。それにもかかわらず、シグマ因子の実体は全く不明であった。

我々は近年、真正細菌のシグマ因子間の保存配列を用いた相同性検索により、原始的な単細胞の紅藻*Cyanidium caldarium* RK-1からシグマ因子遺伝子(*sigA*)のクローン化に成功した。*sigA*は核DNAにコードされるが、遺伝子産物は葉緑体内に局在している。また、遺伝子産物はシグマ因子活性を持つことが生化学的に示された。従って、*sigA*は核にコードされる葉緑体RNAポリメラーゼシグマ因子であることが証明された（＊）。さらに我々は最近、*C.caldarium* RK-1がさらに2種の葉緑体シグマ因子遺伝子(*sigB*および*sigC*)を持ち、これらの遺伝子が光条件によって*sigA*とdifferentialな制御を受けていることを示した。従って、真正細菌で見られるようなシグマ因子のHeterogeneityによる遺伝子発現の制御が、葉緑体でも生じている可能性が強く示唆された。

（＊）Science 272, 1932-1935 (1996).

SV-04

DNA結合タンパク質による葉緑体遺伝子の発現制御

佐藤文彦、中野雄司[1]、村上真也、吉田茂男[1]、山田康之[2]（京大・農・農化、[1]理研・植物機能、[2]奈良先端大・バイオ）

植物細胞に特有の細胞内小器官である色素体の分化を制御する因子については長く不明のままであった。我々は培養条件を制御することにより容易に色素体分化を制御でき、かつ高い色素体分裂活性を示すタバコ緑色培養細胞を材料に色素体核様体の実体と色素体機能分化における役割を明らかにすることを試みている。ここでは我々がタバコ緑色培養細胞葉緑体核様体より単離した41kDのDNA結合性タンパク質の特徴と本タンパク質が葉緑体遺伝子発現の負の制御因子として機能している可能性について紹介する。

SV-05

REGULATION OF CHLOROPLAST DEVELOPMENT AND FUNCTION

Wilhelm GRUISSEM, Dept. of Plant and Microbial Biology, University of California, Berkeley, CA 94720

Chloroplast development involves significant control of gene expression at the transcriptional and post-transcriptional levels. Recent studies have shown that regulated mRNA stability is especially important during the light-dependent development of chloroplasts and activation of photosynthesis. Our research has focused on the 3'-end has a key role in generating functional mRNA and in regulating the decay of this mRNA. We discovered that 3' stem-loop structures act in concert with nucleases and regulatory proteins to direct correct processing or degradation of the mRNA. The nucleases are assembled into a high molecular weight (HMW) complex that is similar in function to the recently reported *E.coli* RNA 'degradosome'. In chloroplasts, however, the HMW nuclease complex is regulated by novel, nuclear-encoded ancillary CS-type RNA-binding proteins. Once a stable mRNA has been formed, its decay is determined by RNA-binding proteins that regulate the endonucleolytic removal of the stabilizing 3' stem-loop followed by polyadenylation and accelerated degradation. Thus, in plant cells, polyadenylation of cytoplasmic and plastid mRNAs operates in parallel, but with different consequences for the metabolism of the respective mRNAs. (Supported by the U.S. National Science Foundation)

SV-06

翻訳過程における葉緑体遺伝子の発現制御機構

廣瀬哲郎，杉田護，杉浦昌弘　（名大・遺伝子）

高等植物の葉緑体形成過程において翻訳は葉緑体遺伝子発現の重要な制御段階である。葉緑体の基本翻訳因子の構造は原核生物のものと類似しているが、ユニークな翻訳制御機構が存在する。例えば多くの葉緑体mRNAにはShine-Dalgarno (SD)様配列が5'非翻訳領域上の決まった位置に存在しておらず、また全く存在しない場合もある。また*psbA* mRNAの翻訳は光や発生のステージによって大きくコントロールされている。さらに翻訳と同一の空間内で起こる様々なRNAプロセシングが翻訳に影響を与えていることなどである。こうした葉緑体翻訳制御の詳細な分子機構を解明する目的で我々は葉緑体抽出液を用いた*in vitro*翻訳系を初めて開発した。この系では２０種以上の葉緑体光合成関連遺伝子やハウスキーピング遺伝子転写産物が正確に翻訳されることが確認されており、この系は様々な翻訳制御の分子機構を解明する上で極めて有用であると考えられる。まず我々は*in vitro*翻訳系を用いて３種類の光合成関連遺伝子mRNAの翻訳に関わるシス/トランス因子の解析を行った。その結果数種類の新たなシス配列とその配列に相互作用するトランス因子が正確な翻訳開始のために必要であることを見いだした。さらにRNAプロセシングが翻訳に与える影響について光合成関連遺伝子群のmRNAを用いて解析を行い、RNAプロセシングが翻訳効率の決定するうえで重要であることを見いだした。これら葉緑体特有の翻訳制御機構の重要性について議論する。

SV-07

葉緑体と核を結ぶ情報伝達系の遺伝学的解析

望月伸悦、Marci Surpin[1]、長谷あきら、Joanne Chory[1]（東大・遺伝子、[1]PBIO, Salk Inst., USA）

高等植物において葉緑体の分化を阻害し、葉緑体遺伝子の発現を低下させると、核コードの光合成関連遺伝子の発現が抑制されることは以前から知られており、葉緑体から伝達され、核の光合成関連遺伝子を協調的に発現する機構があると考えられてきた。このような葉緑体から核への情報伝達系の実体を解明する目的で、葉緑体の分化を阻害しても、核コードの*CAB*遺伝子の発現抑制が部分的に解除されたアラビドプシスの突然変異体を単離した（*gun1-gun6*）。*GUN*遺伝子の相互関係について遺伝学的解析を進めたところ、*gun1 gun4*及び*gun1 gun5*二重変異体は相加的な表現型の増強を示すが、*gun4 gun5*はそれぞれの単一変異体と同レベルの表現型であることから、GUN情報伝達系には少なくとも２つの経路が存在すると考えられる。さらに、三重変異体及び他の*gun*変異との遺伝解析から、GUN情報伝達系のモデルを示したい。また、*GUN1*、*GUN4*及び*GUN5*遺伝子のポジショナルクローニングの進行状況についても併せて報告する。

SVI-01

CHARACTERIZATION OF PHOTO-TOLERANT MUTANTS OF A CYANOBACTERIUM OBTAINED BY *IN VITRO* RANDOM MUTAGENESIS OF *psbA*

Kimiyuki SATOH; Dept. Biol., Fac. Sci., Okayama Univ., Okayama 700 & NIBB, Okazaki 444, Japan

Photosynthetic pigments of *Synechocystis* sp. PCC 6803 become bleached under higher photon flux densities of visible light, *e.g.*, at 320 μmole photons·m^{-2}·s^{-1}. We have created 18 mutants of the cyanobacterium, which are resistant to the photobleaching, by an *in vitro* random mutagenesis of *psbA2* gene (Narusaka et al., 1995). One to five amino acid substitutions were found in each mutant in the targeted 178 amino acid-region on the D1 protein, which covers nearly one-half of the carboxyl part of the protein. The amino acid substitutions in these mutants were distributed in clusters in some specific regions on the protein, *i.e.*, the PEST-like sequence and its vicinity, the region between amphipathic DE-helix and beginning of transmembrane E-helix (260-277) and the carboxyl-terminal extrusion from E-helix. However, even when mutations were restricted to the PEST-like sequence and its vicinity, for example, the rate of degradation of D1 protein was not appreciably affected. On the other hand, the analyses of fluorescence emission spectra and thermoluminescence profiles, as well as of photochemical activities, suggested that enhanced dissipation of energy at the level of excitation transfer and/or electron transport, rather than the damage-repair cycle of D1 protein, is primarily responsible for the observed photo-tolerance.

SVI-02

PHOTOINHIBITION OF PSI

Kintake SONOIKE; Dept. Biol. Sci., Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo, Bunkyo-ku, Hongo, Tokyo 113, Japan

Quite contrary to the usual belief, PSI is selectively photoinhibited by the light-chilling treatment of chilling-sensitive plants or by weak light treatment of thylakoid membranes [Plant Cell Physiol. 37, 239-247 (1996)]. PSI is readily photoinhibited in leaves of *Cucumis sativus* at low temperatures by weak illumination with almost no damage on PSII. The photoinhibitory process in the reaction center of PSI goes through three steps, the inactivation of the acceptor side, the degradation of the reaction center subunit and the destruction of the reaction center chlorophyll, P-700. The inactivation of the acceptor side is caused by the destruction of iron-sulfur centers which serve as electron acceptor in PSI. Selective photoinhibition of PSI can also be induced in isolated thylakoid membranes *in vitro*. Selective degradation of *psa*B gene product is accompanying with the photoinhibition of PSI, and both the degradation and the inhibition are suppressed by the presence of scavengers of reactive oxygen species. Thus, we are hypothesizing that some protecting mechanisms for PSI, possibly scavenging system for reactive oxygen species, are the chilling sensitive components in chilling sensitive plants. Reactive species of oxygen, accumulated at the loss of such protecting mechanisms, may be the cause of destruction and degradation of PSI.

SVI-03

ROLE OF CATALASE IN PROTECTION FROM PHOTOINHIBITION

[1]Dirk Inzé, Sangpen Chamnongpol, Hilde Willekens, [2]Luit Slooten, Marc Van Montagu and Wim Van Camp
Laboratorium voor Genetica and [1]Laboratoire associé de l'Institut National de la Recherche Agronomique (France), 35 K.L. Ledeganckstraat, B-9000 Gent, Belgium; [2]Dienst Biofysica, Vrije Universiteit Brussel, B-1050 Brussel, Belgium

The major interest of our laboratory is to understand how plants limit the damage caused by oxidative stress. In tobacco, three catalase isoforms differentially expressed during plant development and in response to environmental stress conditions were identified. In order to define the role of catalases in removing H_2O_2, we have constructed transgenic tobacco lines with reduced catalase activity (< 10% residual activity). When grown under low light (< 150 μmol/m^2S), these plants showed no discernible phenotype and had photosynthetic activities and PSII efficiencies similar to control plants. However, lines severely reduced in catalase activity developed with necrotic lesions when exposed to higher light intensities (250 μmol/m^2S). The cause of this deterioration was identified as photorespiratory H_2O_2 because leaf necrosis could be prevented by treating Cat-deficient plants with high CO_2. Necrotic leaves showed no increase in H_2O_2 levels, but the ascorbate glutathione cycle for H_2O_2 removal was severely compromised. Oxidised glutathione accumulated to high levels, suggesting a shortage of reducing power in Cat-deficient plants. Our data suggest that Cat-activity is a major H_2O_2 sink. In accordance with such a role, we found that leaf discs of Cat-deficient plants are much less efficient in removing extracellular H_2O_2 than controls. The importance of catalase was substantiated further by showing that Cat-deficient plants are more sensitive to H_2O_2, 3-aminotriazol, ozone and salt stress.

SVI-04

DISSIPATION OF EXCESS PHOTON ENERGY BY PHOTORESPIRATION AND PHOTOREDUCTION OF OXYGEN

Kate MAXWELL, Murray BADGER and Barry OSMOND; Photobioenergetics and Molecular Plant Physiology Groups, Res. School Biol. Sci. Institute of Advanced Studies, Australian National University. Box 475, Canberra 2601, Australia

Light dependent O_2 uptake has been re-evaluated during photosynthesis at CO_2 saturation in leaves of C_3 and CAM plants under a variety of conditions, using a new, closed gas exchange system attached to a mass spectrometer equipped with a pulse modulation fluorimeter. Our results show that, at most, the Mehler reaction O_2 uptake can account for 10% of photosynthetic O_2 evolution at CO_2 saturation in C3 plants, whereas oxygenase uptake at CO_2 and O_2 compensation is often 50% of the maximum rate of CO_2 saturated, photosynthesis. This transition is associated with an increase in nonphotochemical quenching (NPQ) and decline in PSII efficiency. However, at CO_2 saturation during deacidification in a malic enzyme CAM plant (Phase III), rates of light dependent O_2 uptake may exceed 30% of O_2 evolution (confirming observations of Thomas et al, *Plant Physiol Biochem* 1987, 25, 998-103). This high rate may involve the Mehler reaction and/or light-stimulated mitochondrial respiration of malic acid. In these plants at least, O_2 and CO_2 are alternative electron acceptors, supporting high PSII efficiency and maintaining low NPQ. The high capacity for electron transport to O_2 at CO_2 saturation in these plants persists into phase IV, yet when O_2 and CO_2 compensation is attained, gas exchange in these CAM plants is indistinguishable from C_3 plants.

SVI-05

THIOREDOXIN: PHOTOSYNTHESIS, SEED GERMINATION, TECHNOLOGY

Bob B. Buchanan, Dept. Plant & Microbial Biol., Univ. California, Berkeley, CA 94720

Although considered an enzyme substrate for 15 years after its discovery, research in the ensuing two decades has revealed that the main function of thioredoxin (Trx) lies in regulation. First found for photosynthesis, the regulatory role of Trx now extends to a range of other plant processes: seed germination, self-incompatibility, cell division, translation. In recent years, our laboratory has concentrated on the role of Trx in the mobilization of proteins of cereal endosperm. These studies have revealed changes in (1) redox, (2) hormonal responses, (3) enzyme activity and (4) enzyme inhibitors consistent with a role for Trx as an early signal in germination and seedling development. Extensions of these studies have led to the potential application of thioredoxin. Work in progress indicates that thioredoxin may be used to improve foods through, among other changes, lowering allergenicity and increasing digestibility. Studies by several groups have uncovered the potential use of thioredoxin as a marker in diagnosing and monitoring human diseases, neutralizing venom neurotoxins and improving the success of organ transplants. When viewing the field as a whole, it seems that we stand on the threshold of advances in our understanding thioredoxin that could improve the lives of all of us.

SVII-01

シロイヌナズナゲノムプロジェクトの現状とポストシークエンシングの展望

田畑哲之　（かずさDNA研究所）

1996年8月、シロイヌナズナゲノムシークエンシングが、日米欧の国際協調プロジェクトとしてスタートした。5つの研究グループが合意内容に基づき重複のないよう定められた領域を分担し、全体として当面1.2 Mb/month （1年に約15 Mb）のペースで塩基配列が決定される。配列データは、P1またはBAC のクローン単位で相同性検索、コーディング領域予測等の結果と共に各グループのWWWページ、AtDB、および国際DNA データベース上で滞りなく公開される予定である。計画が予定通り進めば、遅くとも8年以内にはシロイヌナズナ全ゲノムの塩基配列が明らかになる。大量のゲノム塩基配列情報が今後のシロイヌナズナの生物学を変えてゆくであろうことは疑う余地がない。現在行われている遺伝子探索、機能解析の方法ははるかに効率化されることが予想され、また全く新しい方法論も開発されてしかるべきであろう。来るべき状況を正確に把握し、それに対する準備をいかに早い時期から迅速にしかも適切に進めておくかが、日本のシロイヌナズナ研究の将来にとって重要なポイントとなるかもしれない。

SVII-02

温度感受性突然変異体を利用した脱分化過程の解析

杉山宗隆（東京大・理・植物園）

植物細胞の脱分化においては、分化した細胞で隠されていた増殖能や（他の細胞種への）分化能が再び顕在化してくる。この過程の詳細を知ることは植物の分化の基本的な仕組みを理解することにもつながると期待される。これまでに私たちは、器官再分化を指標としたスクリーニングにより、シロイヌナズナの温度感受性突然変異体を6種（*srd1~3, rrd1, 2, 4*）単離しているが、この中には脱分化段階に関連すると思われるものも含まれている。これらの変異体を用いた解析結果に基づいて、脱分化過程における増殖能・分化能の変遷、増殖能と根分化能との関係、組織による分化能・増殖能の違い、*SRD2*と*CDC2a*発現と増殖能との関連、などについて考察したい。

SVII-03

ミトコンドリアと核のクロストーク：シロイヌナズナの例

坂本　亘（岡山大・資生研）

ミトコンドリアは呼吸をつかさどる細胞内小器官であるが、それだけでなく様々な物質合成を行うコンパートメントとしての役割も合わせ持っている。正常なミトコンドリア機能の保持には、核とミトコンドリアの遺伝子が協調的に発現される必要があり、協調性に異常をきたすと、おそらく植物の生長や発生に様々な変化を及ぼすと考えられる。例えば、形態形成のある時期（発芽や雌雄器官の形成など）においては、通常よりも多くのエネルギーが必要とされるため、もしもミトコンドリアの呼吸活性が何らかの変異によって低下すると、これらの器官分化に影響を及ぼすと思われる。我々は、このようなミトコンドリアと核のクロストークを担う遺伝子について、シロイヌナズナを用いて解析している。今回はこれらの例として、(1) シロイヌナズナで「斑入り」を起こす突然変異*chloroplast mutator (chm)* とミトコンドリアゲノムの再構成との関係、及び(2)ミトコンドリアのチトクロームオキシダーゼタンパク質複合体の形成に関与する制御遺伝子*(Atoxa1, Atabc1)* について考察する。

SVII-04

花成誘導にかかわる遺伝子群

荒木　崇（京大・大学院・理学研究科・植物学系）

花芽形態形成過程の遺伝学的制御機構に関する理解は近年大きく進展した。この過程の最初の過程である花芽分裂組織のアイデンティティーの決定に関与する遺伝子が最近になって相次いでクローン化され、詳細に解析されている。その結果、これらの遺伝子の直接ないしは間接の制御因子としての花成遺伝子の理解の必要性の認識が高まりつつある。

シロイヌナズナでは１０以上の花成遺伝子が「花成遅延突然変異」として同定され、遺伝学的・生理学的に研究されてきた。そのうちのいくつかの遺伝子は、最近クローン化され、解析されている。

われわれは、新しい花成遅延突然変異の単離と当該遺伝子のクローン化を目的として、Columbia野生株および*ap1-13*変異を親株としたＴ－ＤＮＡタグ・ラインの作出と突然変異体のスクリーニングを進めてきた。これまでに約１０００ラインをスクリーニングし、Ｔ－ＤＮＡ挿入変異による花成遅延変異体を２系統得ている。これらの系統を中心に、これまでに得た花成遅延変異体の解析について報告する。

SVII-05

T-DNA タギングによる花器官および配偶体形成過程の分子遺伝学的解析

石黒澄衛、清水健太郎、影山奈津子、武田憲昌、酒井智子、伊藤寿朗、岡田清孝(京都大・理・植物)

突然変異体のスクリーニングを行っていると、比較的高い頻度で不稔性の変異体に出会う。これは、花器官の発達や雄性・雌性配偶体の形成には数多くの遺伝子が機能していることを意味すると考えられる。そこで我々は、花器官（特に雄しべと雌しべ）および配偶体の形成のどの過程でどのような遺伝子が機能しているかを体系的に解析することを目的に、シロイヌナズナの T-DNA タギングライブラリから、突然変異体の単離と遺伝子のクローニングを試みた。これまでに約 1,000 系統の T-DNA タギングライブラリをスクリーニングし、12　個の不稔性変異体を単離した。このうち *ms53A* は開花後も葯の裂開が起こらない変異体で、花粉の成熟も不完全であった。*MS53A*　遺伝子はリパーゼをコードしており、この遺伝子が葯の裂開すなわち口辺細胞の細胞死にどのように関係しているか解析を進めている。このほか、胚嚢の発達に異常がみられる変異体 *gm* や、雌しべが太くなり心皮の数が増加する変異体 *L12* に関して解析を進めている。

SVIII-01

フィトクロムの光依存的な核局在

長谷あきら（東大・遺伝子）

フィトクロム（Phy）は様々な光応答反応の受容体として働く水溶性色素蛋白質である。Phy にはPhyA、PhyB など複数の分子種があるが、最近の研究により PhyA と PhyB の作用機構が大きく異なることがわかった（Shinomura et al., 1996）。そこで比較的研究の遅れている PhyB について、レポーター酵素（GUS）との融合蛋白質の細胞内分布を遺伝子導入シロイヌナズナで調べたところ、核への局在が観察された。また、シロイヌナズナの成熟葉より単離した核で PhyB が検出された。さらに、植物体を暗所に移すと核分画の PhyB 量が減少した。以上の結果は、PhyB が光依存的に核に局在することを示唆している（Sakamoto & Nagatani, 1996）。さらに我々は、エンドウ芽生えでも同様の光制御が見られることを確かめた。以上の結果をもとに、PhyB の核局在の生理学的意義について議論する。

SVIII-02

光形態形成を制御するタンパク質複合体の解析

松井　南、柘植知彦、堂前　直[1]、瀧尾　穣士[1]、山本義治[2]、Daniel Chamowitz[2]、Xing-Wang Deng[2]
（理研・フロンテイア・分子機構、[1]理研・生体高分子解析室、[2]Dept. Of Biol. Yale Univ.）

我々は、光による形態形成を統括的に制御するタンパク質複合体と考えられる、COP1 complex およびCOP9 complex について解析を行っている。COP1 タンパク質に結合するタンパク質をFar-western 法によって幾つか単離して機能解析を行っている。そのうちの幾つかは転写の活性化因子ではないかということが示唆された。

COP9 complex は明所で560kDa、暗所で 700kDa の複合体を形成していることがわかっている。この complex は*det1/cop9* 同様の表現形質を持つ *cop8* や *fus6(cop11)*変異株では形成が阻害されていることがわかり、COP8 やFUS6 タンパク質がこの complex の構成成分であると考えらている。我々は、COP9 complex のすべての成分のペプチド配列決定を行い、その結果この complex のp50とP52 のバンドが実際 FUS6 タンパク質であることを同定した。
また*cop9* 変異株ではCOP1 タンパク質の光による分配がおこらないことから *cop9* 複合体とCOP1 タンパク質は、直接または間接的に何らかの相互作用をしていると考えられる。
現在得られている知見をもとに光形態形成について議論する。

SVIII-03

植物形態形成の環境応答におけるホメオドメインタンパク質の役割

青山卓史、佃真由美、大岸麻紀、岡　穆宏(京大・化研)

植物の形態は個体発生のプログラムにより規定されているだけでなく、環境からの刺激によっても大きく影響を受ける。この多元的な要因の統御における制御機構を理解するため、シロイヌナズナのAthbファミリーに属する転写因子Athb-1およびAthb-2に焦点をあて、それらが中心となる転写制御ネットワークと環境刺激応答および形態形成との係わりを形質転換植物の系を用いて調べた。

人為的に転写活性化能を調節できる改変Athb-1を発現する形質転換シロイヌナズナでは、活性化能の誘導によって、明所では子葉および本葉の短軸方向の伸長阻害が、暗所では光形態形成様の変化がおこる。また同様の改変Athb-2を用いた実験においては、明所、暗所ともに胚軸の伸長阻害および水平方向への肥大成長が見られた。これらの結果から、Athb-1およびAthb-2は植物形態形成の制御に関与する転写因子であることが示唆された。一方、*Athb-2* を含むいくつかの*Athb*遺伝子では、赤外光などの特異的な環境刺激に応答して転写誘導がおこることがわかってきた。これらの事実から、Athbタンパク質群は環境刺激応答と形態形成の間を橋渡しする制御因子ではないかと考えられる。

SVIII-04

植物細胞壁　病原菌シグナルの認識と応答装置

白石友紀、山田哲治、一瀬勇規、木場章範
（岡山大・農・植病・遺伝子）

植物原形質膜は病原菌シグナルの受容・認識の場として広く信じられている。実際に、複数の植物でエリシター結合タンパク質の存在が報告され、分離と解析が精力的に進められている。原形質膜に存在するポリホスホイノシチド代謝系やATP ase活性は病原菌の生産するエリシターやサプレッサーに応答するものの、種特異的サプレッサーに対するin vitroでの応答に特異性は見いだせなかった。このような知見から、演者らは細胞壁機能に注目して解析を進めた。現在までに、植物細胞壁には病原菌シグナルに結合する結合タンパク質が存在すること、病原菌シグナルに応答するNTPase(ATPase)活性と活性酸素生成系が存在すること、さらに、これらの活性はサプレッサーに種特異的に制御されるという結果を得た。また、細胞壁には活性酸素生成系と連動する感染阻害物質の生成系が存在し、独自の防御機構を備えることも明らかとなった。このように、病原菌シグナルに対する植物細胞壁のin vitroにおける応答は、組織レベルにおける防御応答や感染誘導の特異性と完全に一致した。現在、植物細胞壁には病原菌シグナルによって作動する分子スイッチ(防御応答へのシグナル伝達系の出発点)が存在し、細胞壁こそが病原菌と植物の特異性を決定する場であるとの作業仮説に基づいて解析を進めている。

SVIII-05

病傷害ストレスとMAPキナーゼ

瀬尾茂美、仁木智哉、大坪憲弘、佐野浩[1]、大橋祐子
（農水省・生物研・分子遺伝部、[1]奈良先端大）

我々は、病斑形成の初期に特異的に発現し、傷害によりその転写産物が１分以内に増加するMAPキナーゼ(WIPK)をタバコより単離した。この遺伝子の発現はジャスモン酸(JA)によって活性化されるが、サリチル酸やABAによっては影響を受けない。WIPKの機能を調べるため過剰発現を目的とした組換えタバコを作成したところ、以下の特性をもつ２種の組換え体が得られた。１）この植物を傷つけても内在性のWIPKの発現を含め、正常な傷応答すなわちJA信号伝達経路が全く働かない個体、２）導入されたWIPK遺伝子およびJA信号伝達経路が恒常的に働く個体。WIPKはタンパク質レベルでは恒常的に検出される。また、野生型タバコでは、WIPKは傷を受けてから一過的にリン酸化による活性化を受けるが、この活性化WIPKは、1)の個体では傷に影響されず恒常的に非常に少量が、2)の個体では恒常的に多量が検出された。これらの結果は、活性化されたWIPKがJA信号伝達系を活性化していることを示す。転写レベルでの素早い傷応答とタンパク質レベルでの活性化の関係が興味深い。

SVIII-06

タバコ培養細胞におけるエリシターによる細胞死誘導機構

鈴木　馨[1]，矢野　明[1、2]，進士　秀明[1]（[1]工技院・生命研、[2]東大・分生研）

植物は病原体の進入に際して抗菌物質の生産、防御遺伝子発現、過敏感反応死等の防御応答によって対抗する能力を有している。このような防御応答の分子機構を解明するためにタバコ培養細胞を用いてエリシターシグナル伝達系の解析を行っている。我々は、タバコ葉において品種特異的に過敏感反応様の応答を引き起こすことが知られている糸状菌由来のタンパク質性エリシターをタバコ培養細胞に処理することによって、活性酸素の発生、防御遺伝子発現といった典型的な防御応答とともに細胞質及び核の収縮を引き起こし、最終的に細胞死を誘導することを見いだした。過敏感反応死は植物細胞内にプログラムされた機構によって制御される積極的な過程であると考えられており、このタバコ培養細胞におけるエリシターによる細胞死の誘導はその分子機構の解明のための有効なモデル実験系になると考えられる。この細胞死の誘導にはCa^{2+}の流入、ある種のプロテアーゼ及びプロテインキナーゼ活性を必要とすることが示唆された。さらに細胞死の進行に先立ってエリシター応答性47-kDプロテイン・キナーゼの活性化が起こることを見いだし、過敏感反応死のシグナル伝達系において重要な役割を担う可能性が考えられた。

1aA01

ペリプラズムにおけるアンフォールドDMSOレダクターゼを安定化するタンパク質

松崎雅広、岩崎美子、佐藤敏生（広島大・理・生物科学）

脱窒光合成細菌 *Rhodobacter sphaeroides* f. sp. *denitrificans* の dimethyl sulfoxide (DMSO) **呼吸の末端還元酵素であるDMSOレダクターゼは、ペリプラズムに局在するタンパク質であり、補欠分子族として分子内に1分子のモリブデンコファクター (Mo-co) をもつ。**

DMSOレダクターゼを、塩酸で処理し、Mo-coを解離させるとDMSOレダクターゼはアンフォールドし、アグリゲーションを起こす。そこに大腸菌の分子シャペロンであるGroELを添加すると、アグリゲーションが抑制された。また、同様の効果が、光合成細菌のペリプラズム画分にも観察されたことから、ペリプラズムにアンフォールドしたタンパク質を安定化する因子が存在することが示唆された。そこで、この安定化因子の精製を試み、その一つの候補となるタンパク質を分離した。このタンパク質は、N末端アミノ酸配列より、大腸菌のジペプタイドトランスポートタンパク質(DppA) と相同性があることが示された。

1aA02

光合成細菌のDMSO還元系遺伝子の転写活性化に関与する*cis*-および*trans*-因子

宇治家武史　山本勇　佐藤敏生　（広島大・理・生物科学）

光合成細菌*Rhodobacter sphaeroides* f. sp. *denitrificans* のDMSO還元系遺伝子*dmsCBA* と二成分転写制御系のレスポンスレギュレーターの遺伝子*dmsR*に挟まれたDNA領域に四つの同じ方向に並ぶ繰り返し配列、5'-CXGTTXACATを見いだした。さらに今回、新たに*dmsR*変異株UJT311を単離し、*dmsR*遺伝子産物とヌクレオチドの繰り返し配列の*dmsCBA*転写における役割を検討した。野生株では四つの繰り返しモチーフを持つDNAプローブと結合するタンパク質がゲルシフト法で検出された。UJT311株は、光合成で増殖したが、DMSOよるDMSO還元酵素の誘導合成ができず、*dmsC*プロモーター領域に結合するタンパク質も持っていなかった。UJT311株を*dmsR*遺伝子で形質転換すると、DMSO還元酵素の合成とDNA結合活性が回復した。従って、*dmsR*産物がDNAプローブの繰り返しモチーフを認識し結合してDMSOによる誘導の際に働く*dmsCBA*の転写活性化因子であると考えられる。

1aA03

緑色硫黄光合成細菌*Chlorobium tepidum*の遺伝子ライブラリーによる紅色光合成細菌*Rhodobacter capsulatus*色素合成変異株の機能的相補

永井徹、C.E.Bauer[1]、井上和仁（神奈川大・理・応用生物、[1]Dept. Biol., Indiana Univ.）

緑色硫黄光合成細菌*C.tepidum*は鉄硫黄型の光化学反応中心を持ち、光捕集系としてバクテリオクロロフィル(Bchl)*c*を含むクロロソームを持つ。

今回、ベクターにpJRD215、宿主に大腸菌XL1-Blue MR/pDPT51を用いて作製した*C.tepidum*の染色体DNAライブラリーと*R.capsulatus* 色素合成変異株ZY4(*bchM*::Km), DB171(*bchF*::Km), DB304(*bchG*::Km)をそれぞれ接合させ、光合成機能を相補させることができたので報告する。相補された株はBchl*a*合成能を示し、B800-850色素蛋白複合体を形成した。興味深いことには*bchG* 相補株では培養液が緑色を呈し、670nm付近に吸収極大を示す色素が細胞抽出液中に認められた。アセトン／メタノール(7:2)溶媒で色素を抽出したところ、664nm付近に吸収極大を示し、これは*C.tepidum*から抽出されたBchl*c*の極大と一致した。また、Bchl*a*の吸収極大も溶媒中で野生型の*R.capsulatus*から抽出した場合(769nm)より約8nm短波長側にシフトした。

1aA04

***Rhodovulum sulphidofilum* および *Roseobacter denitrificans* における光合成器官の酸素感受性発現調節タンパク（RegA、RegB）の一次構造の決定**

松本有美[1]、永島賢治[1]、井上和仁[1]、C.Bauer[1]、嶋田敬三[1]、松浦克美[1]（[1]都立大・理・生物、[1]神奈川大・理・応用生物、[1]Dept. Biol., Indiana Univ.）

紅色光合成細菌は、多くの種で酸素の有無により光合成器官の合成が制御される。*Rodobacter capsulatus* 、*Rodobacter sphaeroides* を用いた研究により、センサーキナーゼである RegB とレスポンスレギュレーターである RegA が、光合成器官をコードしている遺伝子を制御していることが判ってきた。

しかし、この2種とも酸素存在下での光合成器官の発現制御パターンが似ている。今回、前記の *Rodobacter* とは発現制御パターンが異なる *Rhodovulum sulphidofilum*、*Roseobacter denitrificans* において、新たに *regA*、*regB* 様の遺伝子の配列を決定した。

***Rb.capsulatus* の *regA* との相同性は、それぞれ、90%以上と非常に高く、また同様のオペロン構造を形成していることから、機能も同様であると推測される。一方、*regB* は、センサーおよびリン酸化活性部位があると報告されているC末端側でも高い相同性を示すとともに、部分的にかなり保存されていない配列があった。配列の比較から、まだ不明の *regB* の酸素センサー部位と機能を解明の手がかりが得られる。**

1aA05

Hサブユニットを分離した光合成反応中心タンパク質の機能解析

金子武行[1]、中村史[2]、原正之[3]、白井誠[1]、浅田泰男[3]三宅淳[2]（[1]茨城大・農・生物工学、[2]工技院・融合研、[3]工技院・生命研）

光合成細菌*Rhodopseudomonas viridis*の光合成反応中心タンパク質(RC)からアルキルエーテル型の界面活性剤を用いてHサブユニットを分離したRC^Hを得ることに成功している。RC^Hではユビキノンが容易に脱離すると考えられる。本研究ではRC^Hへのユビキノンの脱離と導入を行った。ユビキノンを導入したRC^Hと野生型RCについてバクテリオクロロフィル2量体($BChl_2$)、結合型チトクロム*c*の酸化還元電位を測定した。

酸化還元滴定の結果、RC^HにおいてQ_b部位からユビキノンを脱離した場合、$BChl_2$の酸化還元電位中点(E_m)は、RCの$BChl_2$のE_m値に比べて約40mV低電位側に移動した。しかし、Q_b部位にユビキノンを導入させることにより、$BChl_2$のE_m値は野生型の値に復元することが確認された。

以上の結果より$BChl_2$の酸化還元電位の移動はユビキノンの脱落に起因することが示唆された。

1aA06

乾燥状態での光合成反応中心の性質

原正之[1]、浅田泰男[1]、三宅淳[2]（[1]通産省・工技院・生命工学工業技術研究所、[2]同省、産業技術融合領域研究所）

光合成細菌*Rhodopseudomonas viridis*の光合成反応中心蛋白質を厚さ１ｍｍのポリアクリルアミドゲルに固定化し、ゲルを１ｍＭフェリシアン化カリウムを含む１０ｍＭトリス塩酸緩衝液（pH8.2）でインキュベートした後、真空乾燥した。乾燥ゲルに抱埋された光合成反応中心蛋白質の分子内での電子伝達反応をキセノンランプを用いた閃光分光法で測定した。

バクテリオクロロフィル２量体、結合型チトクロム中のヘム、キノンなどの酸化還元中心の間の電子伝達反応は試料の酸化還元状態（Eh）に応じて水溶液中でも乾燥ゲル中でも起きる。光酸化されたバクテリオクロロフィル２量体の再酸化反応は水溶液中では２成分の指数関数的減衰として観察されたが乾燥ゲル中では早い減衰成分が消失し１成分であった。

以上の結果より、このアクリルアミドゲル抱埋・乾燥という方法により、各酸化還元中心の酸化・還元状態を固定することができるが、エネルギーレベル等は少し変化している可能性があるということが解った。

参考文献： M.Hara, Y. Asada and J. Miyake (1996) Mat. Sci. Eng. C, in press.　三宅淳、上野貴生、原正之 (1996) 蛋白質・核酸・酵素、41巻、 2050-2054ページ

1aA07

ELECTRON DONORS TO PHOTOSYNTHETIC REACTION CENTER IN PURPLE BACTERIUM *Rubrivivax gelatinosus*

Artur OSYCZKA[1], MakotoYOSHIDA, Kenji V.P. NAGASHIMA, Keizo SHIMADA, Katsumi MATSUURA; Dept. Biol, Fac. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., Minamiohsawa 1-1, Hachioji, Tokyo 192-03, [1] permanent address: Inst. of Mol. Biol., Jagiellonian Univ., al. Mickiewicza 3, 31-120 Kraków, Poland

We analyzed the electron transfer reaction from soluble electron carrier proteins to the photosynthetic reaction center (RC) mutationally devoid of the bound cytochrome subunit in C244 mutant of *R.gelatinosus*. High Potential Iron- Sulfur Protein (HiPIP, E_m = 330 mV) and Low Potential Cytochrome *c*-551 (E_m = 50 mV) were found to participate in the direct reduction of the photo-oxidized bacteriochlorophyll dimer in mutated RC complexes suggesting dispensable role of the bound cytochrome in photosynthesis. Both proteins were also able to intereact with the cytochrome subunit bound to RCs present in wild type IL144 cells, indicating the possibility that in this species two alternative electron transfer pathways to RC are present.

We are constructing a genetical system to introduce point mutations on the surface of the cytochrome tetraheme subunit to localize the binding sites for its soluble physiological partners and identify the hemes, which directly accept electrons from soluble electron donors.

1aA08

紅色光合成細菌*Rubrivivax gelatinosus*の反応中心結合型チトクロム欠損株における成長速度回復現象

吉田 真、Artur Osyczka[1]、永島 賢治、嶋田 敬三、松浦 克美（都立大・理・生物、[1]Inst. of Mol. Biol., Jagiellonian Univ.）

紅色光合成細菌の反応中心複合体には結合チトクロムサブユニットが存在し、バクテリオクロロフィル二量体への直接の電子供与体となっている。光酸化後の結合チトクロムは水溶性電子伝達蛋白質によって再還元される。この蛋白質としては数種のチトクロム*c*と共に高電位鉄イオウ蛋白質（HiPIP）が知られている。紅色光合成細菌の中には結合チトクロムを欠くものがおり、このチトクロムの存在意義を不明確にしている。これらの種では電子が水溶性蛋白質から直接バクテリオクロロフィル二量体に供与される。

紅色光合成細菌*Rubrivivax gelatinosus*において結合チトクロムを欠損した株を作成し、光合成による成長の速度を測定したところ、野生株の半分程度の速度の成長が観察された。この変異株の水溶性蛋白質の組成を調べたところ、HiPIP の含有量が顕著に上昇していた。これは遺伝子欠損に伴う細菌細胞内の生理的バランス変化に誘発されたものと考えられる。しかし、この欠損株の中から野生株に匹敵する成長速度を示すものが現れた。これを調べると、HiPIP の含有量が野生株のそれと匹敵するまでに減少しており、何らかの理由によりHiPIP 発現量が再調整されたものと考えられた。水溶性チトクロム*c*の含有量はいずれの場合にも変化が見られなかった。この結果はHiPIP が結合チトクロムを欠損した反応中心に対する電子供与体として効率的でないという我々の観察と一致する。

1aA09

好気性光合成細菌*Methylobacterium*属の光合成色素量の多様性と光合成反応中心タンパク質をコードする遺伝子に基づく系統関係の解析

○川瀬芳恵、永島賢治、平石明[1]、松浦克美、嶋田敬三
（都立大・理・生物、[1]豊橋技術科学大・エコロジー工学）

Woeseらにより提唱された16SrRNA に基づく分子系統学の進展等により細菌界の系統関係が明らかになってきた。光合成細菌と非光合成細菌との間に系統的な差は無く両者が混在する。紅色光合成細菌群ではいずれも同様な構造の反応中心を持つことから、少なくともこの細菌群中の非光合成細菌は祖先型の持っていた光合成機能を欠失したものであると考えられる。このような光合成から非光合成へのエネルギー獲得様式の変化は遺伝子レベルで解明する必要がある。

本研究では光合成色素の合成能はあるが光合成的には生育できない*Methylobacteruim*を用いた。16SrRNAの塩基配列,表現型情報ともに非常に類似しているしているにもかかわらず光合成色素の合成量に顕著な差が見られた10株に関して色素合成量の差の調査と光合成反応中心タンパク質をコードしている遺伝子配列の決定及び系統解析を行なった。その結果、色素合成量の多少に関わらず、全ての株の光合成反応中心タンパク遺伝子は機能しうる形で保存されていた。また遺伝子間の進化距離(相同率90.4～99.9%)は細菌自体の進化距離によく一致していた。このことは構造遺伝子が変わらずに発現調節領域の変化が色素量の変動に関与していることを示唆する。

1pA01

光合成細菌ヘリオバクテリアのカロテノイドの再同定：4,4'-Diaponeurosporene

○高市真一[1]，井上和仁[2]，赤池光博[2]，小林正美[3]，大岡宏造[4]，M. T. Madigan[5]　([1]日本医大・生物，[2]神奈川大・理・応用生物，[3]筑波大・物質工学，[4]大阪大・理・生物，[5]Southern Illinois Univ.)

光合成細菌ヘリオバクテリアは1983年以降，土壌より３属５種が発見された．カロテノイド色素は十分な分析に基づかずに neurosporene と報告されていた．

今回，全種についてカロテノイドを分析し，炭素数30の 4,4'-Diaponeurosporene を主成分として持つことが判明した．さらに微量成分として不飽和度の異なる Diapolycopene なども存在していた．

光合成生物では Diapocarotene の存在は知られていなかった．またこのカロテンは Neurosporene と同じ数の共役二重結合を持つので，カロテノイドとしての機能面では他の光合成細菌と差異はないと思われる．しかし炭素数が10短いため色素蛋白複合体中での存在様式に興味がもたれる．

1pA02

光合成細菌ヘリオバクテリアの光化学反応中心粒子の精製とその性質

篠崎忠治、赤池光博、楠元範明[1]、服部昭彦、桜井英博[1]、井上和仁（神奈川大・理・応用生物、[1]早稲田大・教育・生物）

鉄硫黄型反応中心を持つヘリオバクテリアからはまだ活性の高い標品の精製が報告されていない。我々は*H.mobilis* から界面活性剤Triton X-100を用いて光化学反応中心粒子を可溶化後、ショ糖密度勾配超遠心によって精製したが、この標品は光還元される鉄硫黄センターを結合している。また膜標品では閃光により光酸化された Cyt C_{553} が約 $t_{1/2}$=20ms で再還元されるが、Triton 粒子では閃光により光酸化されたCyt は観察されない。Triton粒子で445nm付近に正の差吸収を示す成分 (P798+?) は、約$t_{1/2}$=200msでdecayした。ショ糖密度勾配超遠心後、さらにDEAE BiogelAカラムクロマトグラフィーによって精製を進めると、3Fe-4S型と思われる鉄硫黄センターがESRによって検出された。現在ヒドロキシアパタイトカラクロマトグラフィーによる精製について検討を行っている。

1pA03

緑色ｲｵｳ細菌 *CHLOROBIUM TEPIDUM* における ﾊﾞｸﾃﾘｵｸﾛﾛﾌｨﾙC のﾌｪｵﾌｨﾁﾝ化と培養液中の Mg 量変化

時田誠二、嶋田敬三、松浦克美　(都立大・理・生物)

緑色ｲｵｳ細菌 *Chlorobium tepidum* を high light, 46℃条件下で培養を行うと約２週間で培養液は緑色から濃茶色に変わる。これは集光器官ｸﾛﾛｿｰﾑ内でﾊﾞｸﾃﾘｵｸﾛﾛﾌｨﾙ *c* のﾌｪｵﾌｨﾁﾝ化が起きることによることを先に報告した。この機構を探る目的で培養液の吸収スペクトルおよびpH を測定し、さらに培養液、細胞質ならびにｸﾛﾛｿｰﾑ内のそれぞれのＭｇ量を測定した。　この結果、培養液中のpH の変化はﾊﾞｸﾃﾘｵｸﾛﾛﾌｨﾙ *c* のﾌｪｵﾌｨﾁﾝ化には関係ないことが示唆された。一方、培養液中のＭｇ量は、ﾊﾞｸﾃﾘｵｸﾛﾛﾌｨﾙ c のﾌｪｵﾌｨﾁﾝ化に対応して変化することがわかった。　すなわちﾊﾞｸﾃﾘｵｸﾛﾛﾌｨﾙ *c* を離れたMg はｸﾛﾛｿｰﾑ膜を通り、細胞質を経由して培養液に移動していることが示唆された。単離したｸﾛﾛｿｰﾑにおいてもけんたく液中の Mg 濃度が減少するとﾌｪｵﾌｨﾁﾝ化の速度が増加したことから、何らかの要因で細胞質内の Mg 濃度が減少することが生細胞でのﾌｪｵﾌｨﾁﾝ化に関与していると考えられる。

1pA04

Zn-バクテリオクロロフィルをもつ細菌 *Acidiphilium rubrum* の光合成反応

岩城雅代, 伊藤繁, 平石明[1], 嶋田敬三[2], 小林正美[3], 高市真一[4], 若尾紀夫[5] (基生研, [1]豊橋技科大 エコロジー工, [2]都立大 理, [3]筑波大 物質工, [4]日医大 生, [5]岩手大 農)

我々は好気性好酸性細菌 *Acidiphilium (Ac.)* 属が、Znを配位したバクテリオクロロフィル(BChl)をもつことを発見した。*Ac.rubrum*は暗所、30℃、pH3.5で有機栄養培地で培養し、超音波処理で膜標品を調製した。HPLC、質量分析、レーザ分光を行った。

*Ac. rubrum*のは紅色細菌型の反応中心とLH1を持つ。Zn-BChl *a*の吸収ピークは、Mg-Bchl に比べて5〜15 nm短波長シフトしている。細胞では13 : 2 : 1のZn-BChl *a* : Mg-BChl *a* : BPhe *a* 組成比を示し、膜標品や反応中心標品ではMg-BChlが消失した。

閃光照射後の過渡吸収スペクトルは電子供与体スペシャルペアの酸化とアクセサリーBChlの電場シフトを示した。これらのピークも短波長にずれておりZn-BChlに光活性があることが判明した。光強度依存性の測定から、LH1中のZn-BChlから反応中心に効率よく励起エネルギーが移動していることもわかった。 <参考> Wakao et al. *Plant Cell Physiol.* (1996) *37* : 889-893.

1pA05

Zn-バクテリオクロロフィルを使う細菌の光合成色素タンパク

嶋田敬三[1], 松浦克美[1], 伊藤 繁[2], 岩城雅代[2], 平石 明[3], 高市真一[4], 小林正美[5], 若尾紀夫[6]
([1]都立大・理・生物, [2]基生研, [3]豊橋技科大・エコロジー工学, [4]日医大・生物, [5]筑波大・物質工学系, [6]岩手大・農・応用生物)

我々は好酸性細菌 *Acidiphilium rubrum* の持つバクテリオクロロフィル様色素がマグネシウムの代わりに亜鉛を中心金属とする Zn-バクテリオクロロフィル(Zn-BChl)であり、この色素が光合成活性に利用されていることを示した[(1)]。本研究ではこの菌の色素タンパクの単離を試みその性質を調べた。

膜分画からＬＤＡＯ処理、凍結融解、電気泳動により反応中心および光捕集タンパクＬＨ１と思われる色素複合体を得た。いずれも対応する紅色光合成細菌の色素タンパクに全体的に似た吸収スペクトルを示すが、BChl aのものに対応する近赤外部のピークはすべて有意に短波長シフトしていた。反応中心分画の吸収スペクトルは膜標品の光照射による吸収変化と良い対応を示した。有機溶媒中での Zn-BChlの吸収ピークは Mg-BChlのものより約７nm短波長シフトしているが、タンパク中での吸収ピークはほぼ同程度あるいはより大きなシフトであった。また、ＬＨ１と思われる色素タンパクはＳＤＳ処理により 810nmにピークが移動した。これは通常の紅色光合成細菌のＬＨ１から得られるサブユニットフォーム(B820)に対応する Zn-BChlタイプＬＨ１のサブユニットフォームと思われた。

以上の結果は各色素タンパク中における Zn-BChlの存在状態は基本的に通常の紅色光合成細菌の対応するタンパク中の Mg-BChlのものと同様であることを示唆すると思われる。

(1)Wakao et al. (1996) Plant Cell Physiol. 37:889-893

1pA06

Zn-バクテリオクロロフィルを使う好気性細菌 *Acidiphilium* 属の光合成タンパクの一次構造

永島賢治、松浦克美、平石明[1]、若尾紀夫[2]、嶋田敬三
(都立大・理・生物、[1]豊橋技術科学大・エコロジー工学、[1]岩手大・農・応用生物)

Acidiphilium 属の光合成細菌に見られる光合成タンパクは Mg の代わりに Zn が配位したバクテリオクロロフィル分子を結合している。PCR 法によって *Acidiphilium rubrum* およびその近縁種の光捕集タンパクと反応中心タンパクをコードする遺伝子をクローニングし、決定した塩基配列から推定されたアミノ酸配列を他の光合成細菌の Mg タイプの反応中心と比較した。他の細菌において保存性の高いLサブユニットの 168 番目の His および 172 番目の疎水性アミノ酸が、*Acidiphilium* ではそれぞれ Glu および Met であった。これらのアミノ酸を *Rhodobacter sphaeroides* の反応中心の立体構造に当てはめると、スペシャルペアの極めて近傍に位置する。また、光捕集タンパクにおいてもバクテリオクロロフィルの近傍に位置すると予想される Asn が、*Acidiphilium* においては電荷を持つ Asp であった。これらのアミノ酸は Zn-バクテリオクロロフィルの安定化に重要な働きをしている可能性がある。

1pA07

ラン藻 (*Synechocystis* sp. strain PCC6803) の全遺伝情報の解析

金子貴一、小谷博一、佐藤修正、中村保一、田中亜矢子、浅水恵理香、宮嶋伸行、杉浦昌弘[1]、田畑哲之（かずさDNA研、[1]名大・遺伝子）

単細胞性ラン藻 *Synechocystis* sp. strain PCC6803ゲノムの全塩基配列、3,573,470bp の決定については、昨年度本大会で報告した。今回は、塩基配列をもとに行ったPCC6803ゲノムに含まれる全遺伝情報の解析結果を報告する。

1) PCC6803ゲノム上に3,166の蛋白質遺伝子を推定した。類似性検索の結果、55%はすでにその機能が報告されているか、他生物の蛋白質遺伝子に類似性を示した。このうち、類似性により機能を推測できる44%を15の機能別カテゴリーに分類した。

2) 構造RNAは2組の完全に同一配列のrRNA遺伝子群と41種類42コピーのtRNA遺伝子を同定した。

3) プラスチドゲノムと比較した結果、機能不明なものも含めて、類似の遺伝子が多数見つかった。

PCC6803ゲノムの配列データ、解析データは、ラン藻データベース（CyanoBase）として、インターネット上で1996年9月から一般公開されている[http://www.kazusa.or.jp.cyanobase/]。

1pA08

遺伝子タギングを利用したラン藻 *Plectonema boryanum* の変異導入系の開発と評価

道井貴子、明石哲行[1]、藤田祐一[1]、高橋康弘　（阪大・院・理・生物、[1]阪大・蛋白研）

ラン藻 *Plectonema boryanum* は、完全暗所でも従属栄養的に生育でき、電気穿孔法による形質転換が可能なため、種々の生理機能に対する遺伝学的解析に適している。我々は、ラン藻細胞内で複製しないプラスミド(pTAF10：*neo* 遺伝子とΩ断片を含む pUC12 誘導体)を用いた、タギングによる変異導入系の開発を進めており、予備的な実験として既知の *chlL-chlN* オペロンの破壊について詳細な解析を行った。

chlL（光非依存性プロトクロロフィリド還元酵素サブユニット）遺伝子の後半部分ををpTAF10に繋いで細胞内に導入し、得られた変異体１０種はいずれも暗所生育下でクロロフィル量の低下とプロトクロロフィリドの蓄積という、*chlL*、*chlN* の遺伝子破壊株と同じ形質が見られた。Southern 解析を行ったところ、プラスミドが染色体の *chlL* 領域に１つまたは２つ組み込まれていた。また、変異体から調製した全DNA画分を用いて大腸菌を形質転換すると、プラスミドを大腸菌に回収することが可能であり、得られたプラスミドはラン藻に導入したものと同一であることを確認した。このことから、ラン藻細胞内に導入されたプラスミドは染色体上の相同領域に組込まれた状態で複製されるものの、一部は再組換えにより染色体から放出され、遊離した状態で存在する可能性が示唆される。

P. boryanum DNA の *Sau*3A 部分分解物を pTAF10 に繋いで細胞内に導入し、暗所での生育が遅くなる変異体を選別した。上記予備実験の場合と同様に、変異体からプラスミドを大腸菌に回収することが可能であり、得られたプラスミドについては、*P. boryanum* の野生株に再導入することにより形質との対応を確認した。現在、プラスミドに挿入された *Sau*3A 断片ならびに、inverse PCR によって得られた染色体上の周辺部分の構造について解析を進めている。

1pA09

ラン藻の光依存性 H^+ 放出における CotA の役割

園田雅俊、加藤彰、加藤大和、北野勝彦[1]、大河浩、小川晃男（名大・生物分子応答研究センター、[1]名城大・農）

*cotA*は植物に普遍的に存在する*cemA*遺伝子と相同性を持つ*Synechocystis* PCC6803の遺伝子で、光依存性H^+放出に関与している（昨年度本大会で報告）。*cotA*遺伝子は翻訳開始点として２つの可能性が存在するが、*cotA*欠損変異株（M29）へ長さの異なる2種類のDNAを挿入したところ、440アミノ酸をコードするDNAを含む領域が機能を相補した。従って、*cotA*は高等植物のCemA（229-231アミノ酸）より大きい蛋白質をコードする事が明らかになった。一方、*Synechococcus* PCC7942から単離した*cotA*遺伝子は、421アミノ酸から成るタンパク質をコードしていた。これらの結果、CotA/CemAには高等植物の短いタイプとラン藻、ゼニゴケ、クラミドモナスの長いタイプがある事が明らかとなった。抗CotA抗体を用いたウエスタン解析により CotAはチラコイド膜と細胞膜に局在していることが判った。さらに、阻害剤やM29以外の変異株を用いてH^+放出機構について解析をした結果、DCMUおよびCCCPはH^+放出を阻害し、PSI欠損変異株も光依存性H^+放出を示す事が判った。従ってPSIはこの反応に必須ではなく、H^+放出機構の駆動にATPが関与していると考えられる。しかし、CotAにはATP結合領域が存在せず、単独でH^+輸送体として機能している可能性は低く、別の蛋白質と複合体を形成していると考えられる。

1pA10

ラン藻 *Synechocystis* PCC6803における５つの*ndhD*遺伝子の発現におよぼす低CO_2の影響

大河浩、園田雅俊、加藤大和、小川晃男(名大・生物分子応答研究センター)

ラン藻の無機炭酸輸送系はＮＡＤ(Ｐ)Ｈdehydrogenaseを含む光化学反応系Ｉ循環電子伝達の関与が明らかにされている。一方、NAD(P)Hdehydrogenaseのサブユニットである*ndhB*遺伝子は低CO_2濃度下で強く発現が誘導され、*ndhB*欠損変異株は細胞内に無機炭酸を濃縮することができないことが明らかにされている。最近*Synechocystis* PCC6803の全ゲノム配列が決められ、12種類の*ndh*遺伝子の存在が明らかにされた。これらの*ndh*遺伝子群の内*ndhD*、*ndhF*遺伝子についてはそれぞれ、５および４コピー存在し、機能的役割の分担がなされているのではないかと推測される。我々はこれらの*ndhD*遺伝子の機能的な役割を解析することを試みた。ラン藻を高CO_2濃度条件下から低CO_2濃度条件下へ移し、*ndhD*遺伝子の発現パターンを調べたところ、低CO_2濃度で発現が誘導されるもの、恒常的に発現しているものとがあり、遺伝子によってその発現様式が異なっていた。現在、それぞれの*ndhD*遺伝子を不活性化させた変異株を作製し、その機能の解析を進めつつある。

1pA11

Synechocystis sp. PCC 6803 のPsaK 遺伝子破壊株の作製及び表現型の解析

長谷川みき、仲本準 (埼玉大・理・分子生物)

光化学系Ｉ色素タンパク質複合体 (PS I) は、10 種以上のポリペプチド (ランソウではＧ及びＨを除くＡからＭのサブユニット) から構成されていると考えられている。これらのサブユニットの機能を明らかにするために、特定のサブユニットの遺伝子を不活性化した変異株が作製されてきた。

本研究において、我々は機能が全く解明されていない PsaK サブユニット遺伝子をジーンターゲティング法により破壊した変異株を初めて単離した。この 変異株は、光独立栄養条件下における生育は可能であったが、菌体のクロロフィル量が顕著に減少していた。変異株からチラコイド膜を単離し、タンパク質の組成を調べたところ、43 kDa タンパク質が顕著に減少していた。

1pA12

好熱性ラン色細菌*Synechococcus vulcanus*からの光化学系Ⅰ反応中心複合体の新しい精製法

上江洲彰久、江頭宏和、菓子野康浩、小池裕幸、佐藤和彦
(姫路工業大・理・生命科学)

これまで幾つかの研究室で、好熱性ラン色細菌の光化学系Ⅰ反応中心複合体が精製され、その結晶化も行われてきた。しかしそれらの精製された複合体標品は、その調製、精製過程において、強力な界面活性剤処理やカラム等での長時間の処理により幾つかのサブユニットを失っており、必ずしもタンパク質組成が健全であるとは言えなかった。

我々は、好熱性ラン色細菌*Synechococcus vulcanus*より、結晶化法を含む温和な手段により高い活性と健全なタンパク質組成を保持した光化学系Ⅰ反応中心複合体を精製したので、その結果について報告する。

SDS-PAGE分析の結果、結晶化された光化学系Ⅰ複合体はラン色細菌で知られている12種全ての光化学系Ⅰ複合体ポリペプチドを保持していることが分かった。

1pA13

光合成細菌ヘリオバクテリア*Heliobacillus mobilis*の遺伝子ライブラリーによる紅色光合成細菌*Rhodobacter capsulatus*色素合成変異株の機能的相補

村山英未、C. E. Bauer[1]、井上和仁（神奈川大・理・応用生物、[1]Dept. Biol., Indiana Univ.）

光合成細菌ヘリオバクテリアは主要な光合成色素としてBacteriochlorophyll(Bchl)gを持ち、また、その光化学反応中心は鉄硫黄型に属する。今回、ヘリオバクテリア*H. mobilis*の染色体DNAライブラリーによって紅色光合成細菌*R.capsulatus*色素合成変異株ZY5(*bchL*::Km), JDB(*bchN*::Km), JDA(*bchB*::Km), DB391(*bchP*::Km), DB350(*bchI*::Km), ZY6(*bchH*::Km)を機能的に相補させることができたので報告する。

光合成的に相補された*R.capsulatus*株は光照射下でBchl*a*合成能を示し、B800-850色素蛋白複合体を形成した。相補株よりプラスミドを取り出し*R.capsulatus*色素合成変異株に再導入したところZY5(*bchL*::Km), JDB(*bchN*::Km), JDA(*bchB*::Km)相補株から取り出したプラスミドはいずれも*bchL*, *bchN*, *bchB*をそれぞれ相補した。また、*bch*B相補株を暗所で培養したところBchl*a*の合成は見られず626nm付近に何らかの色素中間代謝産物と思われる吸収極大が認めらた。これらの結果は少なくとも*bchB*を相補させたプラスミドにはヘリオバクテリア由来の光依存性Pchlide還元酵素が存在している可能性を示している。

1pA14

緑色イオウ細菌クロロビウムの反応中心：cyt *c* → P840 の電子伝達におけるグリセロールの影響

大岡宏造、岩城雅代[1]、伊藤繁[1]
（阪大・院・理・生物、[1]基生研）

緑色イオウ細菌の反応中心は，構造・機能の上で光化学系Ⅰ 反応中心との類似性が指摘されている。しかし一方においてそのタンパク質はホモダイマー構造をとることが推測され、従来のヘテロダイマー型反応中心との違いが注目されている。我々は *Chlorobium tepidum* から5本のサブユニット（コア：65 kDa、FMO：41 kDa、F_A/F_B：31 kDa、cyt *c*：22 kDa、18 kDa タンパク）から構成される安定な複合体標品を単離・精製し、分光特性と電子移動について調べてきた。この際、低温（77 K）では cyt *c* から P840 への電子伝達が阻害されることを見い出した（昨年度本大会）。しかしながらこの阻害は、温度を 273 K まで上げていっても回復しなかった。今回、cyt *c* → P840 の反応特性について解析することにした。

反応混液中のグリセロール濃度を上げていくと徐々に cyt *c* → P840 の電子伝達速度は減少することがわかった。すなわち温度 22 °C において、0% グリセロールでの速度の半減期は 0.15 ms であったが、60% にすると 80 ms に変化した。またこのグリセロールによる影響は、全く可逆的であった。本来 cyt *c* は膜結合型であるにもかかわらず、cyt *c* → P840 の電子伝達速度はヘムタンパク質部分の構造的"ゆらぎ"に大きく依存することが示唆された。

1pA15

ヘリオバクテリア*H. modesticaldum*におけるP800の二量体構造と近傍システイン残基との相互作用

野口　巧、大岡宏造[1]、深見佳枝[1]、井上頼直（理研・光合成科学、[1]阪大・院・理・生物）

ヘリオバクテリアの反応中心蛋白質はFe-S型に属し、緑色硫黄細菌と同様にホモダイマー構造を持つと考えられている。一次電子供与体P800はバクテリオクロロフィル*g*分子よりなるが、その構造や反応は未だ明らかとなっていない。そこで本研究では、P800の光酸化の際のフーリエ変換赤外(FTIR)差スペクトルを測定し、その構造や相互作用について調べた。

*Heliobacterium modesticaldum*の膜標品にベンジルビオロゲンを電子受容体として加え、220KでP800の光誘起FTIR差スペクトル($P800^+/P800$)を測定した。得られたスペクトルには、2100cm^{-1}付近に二量体クロロフィル特有の幅の広い電子吸収帯が観測され、P800が他の型の反応中心のPと同様に二量体構造をとっていることが確かめられた。しかし、バンド位置や形の違いから、それは紅色細菌や緑色硫黄細菌のPとはやや異なる二量体構造であることが示唆された。また、2550/2560cm^{-1}にはシステイン残基由来のSH伸縮振動が観測され、P800のごく近傍にシステイン残基が存在し、恐らく水素結合を介してP800と相互作用していることが示された。

1pA16

^{13}C-NMR，分子間^{1}H-^{1}H NOEを用いたバクテリオクロロフィル *c* クロロゾーム類似高次会合体のモデリング

溝口　正，小山　泰，小椋賢治[1]，稲垣冬彦[1] (関西学院大・理，[1]都臨床研・生理活性)

緑色光合成細菌は，クロロゾームと呼ばれる特徴的なアンテナ複合体を持っており，タンパクの関与無しに直接的な色素-色素間での相互作用によりBChl *c*高次会合体が形成されている．現在クロロゾーム内での色素分子の配向状態に関して，① 野沢らの"Antiparallel-chain model"と② Holzwarthらの"Parallel-chain model"の間で活発な議論がなされている．今回モデル系として，S[I, E] BChl *c*をジクロロメタン/四塩化炭素(=1:3)混合溶液中に分散し，クロロゾーム類似高次会合体を形成させた．

[1] この溶液にメタノールを滴下し，会合体を連続的に単量体へと解体していき，各段階での^{13}C-NMR測定を行った．これら一連のNMRスペクトルに対して，隣接マクロサイクルの環電流効果を反映する^{13}C-化学シフトに着目し会合体構造の決定を試みた．得られた結果は，"Parallel-chain model"を支持するものであった．

[2] 次に，^{13}C同位元素置換BChl *c*と非置換BChl *c*を1:1の割合で混合した試料を用い3次元 F1 ^{13}C-edited F3 ^{13}C-filtered HSQC-NOESYスペクトルを測定した．この手法の適用により選択的に分子間NOEシグナルのみを検出することが可能となり，8^1⇔7Me, 8^1⇔8^2Me, 18⇔20Me,7Me⇔20Me, 18Me⇔20Me, 10⇔8^1, 10⇔8^2Me, 8^2Me⇔7Me間での分子間^{1}H-^{1}H NOEシグナルの検出に成功した．この分子間NOE相関と^{1}H-, ^{13}C-化学シフトの環電流効果の両方を説明するBChl *c*高次会合体のモデルの提出を試みる．

1pA17

同位元素置換したクロロフィル*a* のラマンスペクトルの解析

佐島　徳武、小山　泰（関西学院大・理）

クロロフィルの励起状態の構造は、光合成初期過程における電子伝達やカロテノイドへのエネルギー散逸に重要な役割を担っていると考えられる。去年の年会では、^{15}N-Chl *a*、^{13}C-Chl *a*のラマンスペクトルから、NA-Chl *a*のラマンスペクトルの経験的な帰属と、この帰属に基づいた三重項・一重項状態の構造の違いについて発表した。今回、^{2}H-Chl *a*、^{2}H・^{15}N-Chl *a*、^{2}H・^{15}N・^{13}C-Chl *a* のラマンスペクトルをさらに測定し、より正確な帰属を行おうとした。

^{2}H-、^{2}H・^{15}N-、^{2}H・^{15}N・^{13}C-Chl *a* はクロレラ工業㈱より購入した（1部はサンプルとしていただいた）ものをシリカゲルのHPLCでさらに精製した。ラマンスペクトルの測定に関しては、去年の年会要旨に示したとおりである。

Petke達[1]の*ab initio* 分子軌道計算の結果によると、マクロサイクル上の結合次数の大きさは、C_b-C_b > C_a-C_m > C_a-N > C_a-C_bの順で変化し、この結果をもとにして経験的帰属を行った。現在、同位元素シフトに基づき、基底状態について基準振動計算を進めているが、結合次数の大きさはPetke達[1]のものと傾向が似ていることがわかった。励起状態についても基準振動計算を行うことにより、各結合に対する力の定数から励起状態の構造について触れる予定である。

1) J. D. Petke, G. M. Maggiora, L. L. Shipman. and R. E. Christoffersen, J. Mol. Spectrosc., 73, (1978), 311-331.

2aA01

THE CHARACTERIZATION OF THE EXCITED-STATE RAMAN SPECTRA OF THE NATURAL ABUNDANCE BACTERIOPHEOPHYTIN *a* AND THE ^{15}N-, ^{2}H- AND ^{13}C-ENRICHED SPECIES

Leenawaty LIMANTARA, Shun SAKAMOTO, Yasushi KOYAMA; Fac. Sci., Kwansei Gakuin Univ., Nishinomiya 662

The T_1 and S_1 Raman spectra of natural abundance (NA-) BPhe *a* and ^{15}N-, ^{2}H- and ^{13}C-enriched BPhe *a* were measured and the Raman lines were characterized in each state. Comparison of the characterized Raman lines showed the following: (1) Upon excitation ($S_0 \rightarrow T_1$, $S_0 \rightarrow S_1$) of the macrocycle, decrease in the bond order takes place in the $C_{a'}$–C_m bond having the highest bond order, whereas increase in the bond order takes place in the C_a–N bond having the lowest bond order. (2) In contrast to the Raman spectra of BChl *a*, there is no change in frequency of the ring-breathing vibration of the T_1 and S_1 Raman spectra of BPhe *a*. This phenomenon may due to the absence of the magnesium atom in the central of macrocycle which affects the changes in the bond orders of the conjugated macrocycle upon excitations. All other typical characterization of this pigment will also be described in detail.

2aA02

All-*trans*-spheroidene の共鳴ラマン励起プロファイル

佐鳥徳武、芝　幹夫、橋本秀樹[1]、小山　泰（関西学院大学・理、[1]大阪市大・工・応用物理）

＜序＞　カロテノイドからクロロフィルへのエネルギー伝達については基底状態（A_g^-状態）からの双極子遷移に対して許容なB_u^+状態と、禁制な$2A_g^-$状態の二つの一重項励起状態が関与している。$2A_g^-$状態からのエネルギー伝達を考える上で、この状態のエネルギーの決定は不可欠である。All-*trans*-spheroideneの$2A_g^-$準位エネルギー決定に関しては、すでに蛍光および蛍光励起分光を用いた研究が報告されているが[1]、不純物に由来する準位を観測しているのではないかとの指摘があり最終結論を得るには到っていない。そこで今回は、共鳴ラマン励起プロファイルを測定することにより$2A_g^-$準位エネルギーの決定を試みた。

＜実験＞　光合成細菌*R.sphaeroides* 2.4.1からspheroideneを抽出、単離、精製した。クライオスタット中に試料を設置し、液体窒素温度下でパルスYAGレーザー励起色素レーザーの14200～17600 cm^{-1}のエネルギーを持つ光でプローブすることによりラマンスペクトルを測定した。ラマン散乱の検出は標準光源により感度補正したダイオードアレイ検出器を用いた。ν^4補正したν_1（C=C伸縮振動）ラマン線の強度をプローブ光のエネルギーに対してプロットすることにより共鳴ラマン励起プロファイルを作成した。

＜結果＞　15700および17200 cm^{-1}付近に、$2A_g^- \leftarrow A_g^-$遷移に由来すると考えられる振動構造を伴った共鳴励起プロファイルの観測に成功した。今後、CCD検出器を用いて測定波長を近赤外域まで伸長し、0←0遷移エネルギーの決定を試みる。

1) Y. Watanabe et al., Chem. Phys. Lett., 206 (1993) 62-68.

2aA03

ピコ秒過渡吸収分光法によるスフェロイデンの $2^1A_g^-$ 状態のエネルギー準位と溶媒効果の解析

池内 充, 張 建平, 小山 泰（関西学院大・理・化）

数種の炭化水素に溶解した全トランススフェロイデンの、ピコ秒時間分解 $S_n \leftarrow S_1(2^1A_g^-)$ 吸収スペクトルを測定した。この遷移エネルギーの溶媒の分極率への依存性は、基底状態の紫外可視吸収分光によって決定した $2^1B_u^+$ 状態の分極率依存性と非常によく似ていた。このことは、S_n 状態が $2^1B_u^+$ 状態であるということを強く示唆している。n-ヘキサンの場合では、スフェロイデンの過渡吸収スペクトルは、$18870cm^{-1}$(530nm)に強いピークを持ち、またそのピークの高エネルギー側に肩を示した。我々は、それらをそれぞれ $2^1B_u^+(0) \leftarrow 2^1A_g^-(1)$ 遷移および $2^1B_u^+(0) \leftarrow 2^1A_g^-(0)$ 遷移と帰属した。一方、基底状態の $2^1B_u^+ \leftarrow 1^1A_g^-$ 遷移の吸収は、$35990cm^{-1}$ (278.5nm)で最大となる。これを $2^1B_u^+$ 状態の第一振動準位とし、振動準位間のエネルギー差を $1400cm^{-1}$ とすると、$2^1B_u^+(0) \leftarrow 1^1A_g^-(0)$ 遷移は $34590cm^{-1}$ となるので、$2^1A_g^-$ 状態のエネルギー準位は $14320cm^{-1}$ になる。また $2^1A_g^-$ 状態のエネルギーが溶媒の分極率にほとんど依存しないことも見出した。以上の結果を、カロテノイド・(バクテリオ)クロロフィル間の一重項エネルギー伝達機構と関連して議論する。

2aA04

P700濃縮粒子のｻﾌﾞﾋﾟｺ秒ﾚｰｻﾞｰﾌｫﾄﾘｼｽ：P700の選択的励起による初期電荷分離過程の解析

熊崎茂一[1]、池上勇、吉原経太郎[1]（帝京大・薬、[1]分子研）

P700当たりｱﾝﾃﾅｸﾛﾛﾌｨﾙが約12分子しか存在しない標品に、701nmの偏光した色素ﾚｰｻﾞｰﾊﾟﾙｽ(0.6ps、76MHz)を照射して、P700を選択的に励起したときにｻﾌﾞﾋﾟｺ秒領域で起こるｹｲ光(750(±2)nm)の偏光解消の速度とｹｲ光寿命を up-conversion法によって測定した。

1．偏光ﾊﾟﾙｽによって誘起されたｹｲ光の偏光解消の速度は約1psであることが示された。この結果、P700から周りのｱﾝﾃﾅｸﾛﾛﾌｨﾙへ励起ｴﾈﾙｷﾞｰが逆流すること、およびP700とｱﾝﾃﾅｸﾛﾛﾌｨﾙの間で1psの速度で励起ｴﾈﾙｷﾞｰが平衡化されることが示された。

2．ｹｲ光強度は2.2ps(35%)、15ps(55%)および>1ns(10%)の速度で減衰した。2.2 psおよび15psで減衰する成分はP700とA_0間での電荷分離に伴う励起ｴﾈﾙｷﾞｰの消失を反映していると考えられるので、この標品では電荷分離の速度は励起ｴﾈﾙｷﾞｰの移動速度に比べてかなり遅いことが示された。2.2 psの成分はP700と最も緊密に結合したｱﾝﾃﾅｸﾛﾛﾌｨﾙ上にある励起ｴﾈﾙｷﾞｰによって引き起こされる電荷分離であり、15psの成分はP700とあまり緊密でないｱﾝﾃﾅｸﾛﾛﾌｨﾙ間にも励起ｴﾈﾙｷﾞｰが平衡化されたときの電荷分離を反映すると推定される。

2aA05

光化学系Ⅰ反応中心キノンの結合部位とその反応

伊藤繁 岩城雅代[1]河盛阿佐子[1]原英之[2]S.A.Dzuba
（基生研，[1]関西学院大 理 物理，[2]Russian Academy Sci.）

ホウレンソウ光化学系（PS）１反応中心の電子受容体フィロキノンをエーテル抽出した後、合成キノン類を再構成し、その結合位置と反応を検討した。位置はパルスESRで測定し、反応はレーザ分光で測定した。スピンエコーESRでレーザ照射後1μ秒での P700+ Q- ラジカル対を測定し、スピン間の双極子相互作用を見積った。この結果、本来のフィロキノンと合成キノン（diBr-ナフトキノン、OH-アンスラキノン等）では P700+と Q-間の（中心間）距離として２５Aを得た。これより、合成キノンがフィロキノン結合部位へほぼ完全に再構成されている事が示された。一方、分子サイズのやや大きいテトラニトロフルオレノン（F）では約１A短い距離が得られ、レーザ分光で測定された P700+ F-間での電荷再結合速度が P700+ Q- 間より約2倍の速さであることに裏付けを与えた。これらの距離は光化学系Ⅱ反応中心で同様な方法で見積られたプラストキノンや、置換 DBMIB- と P680+間の距離、あるいは紅色細菌反応中心での UQ- と P860+ 間の中心間距離より約 2A短い。これよりX線結晶回折ではまだ決まっていない PSI複合体内のキノン位置を推定した。（参考）A. Dzuba et al. Phys.Chem.Let. (1996) in press

2aA06

カンキツとその近縁種の光化学系１サブユニット遺伝子

清水徳朗, 高橋正宏[1], 檜山哲夫[1]（農水省・四国農試, [1]埼玉大・理・分子生物）

光化学系 1 複合体(PSI)の PsaD, PsaE サブユニットは高等植物では核の *psaD*, *psaE* 遺伝子にコードされ，PsaC と PsaA・PsaB サブユニット間の安定な会合に必要と考えられているが，その役割には不明な点も多い。これらサブユニットの機能を解明するため，2 倍体で形質転換も可能なカンキツおよびその近縁種であるカラタチより *psaD*, *psaE* の cDNA クローンを単離してその構造を解析した。

ネーブルオレンジ（*Citrus sinensis* Osbeck），ポンカン（*Citrus reticulata* Blanco），および近縁のカラタチ（*Poncirus trifoliata* Rafin.）の cDNA ライブラリをスクリーニングした結果，3 品種いずれからも 2 種類の *psaD*（*psaDa, psaDb* と命名）と 1種類の *psaE* クローンが得られた。予想アミノ酸配列は *psaDa/psaDb*, *psaE* ともにネーブルオレンジとポンカン間で完全に一致し，またカラタチ由来のものとではそれぞれ6，1，1残基に置換が見出された。それぞれの予想分子量は *psaDa*: 23,157Da, *psaDb*: 22,887Da, *psaE*: 15,201Da（いずれもネーブルオレンジ／ポンカン由来のクローンでの推定値）で，配列中には各サブユニットの N-末端アミノ酸配列と完全に一致する配列が見出された。成熟型のアミノ酸配列は既に報告されている高等植物のものとよく一致した。またサザン分析より，これらの遺伝子はカンキツ品種間でよく保存されていると考えられた。

2aA07

系Ⅰ複合体の蓄積に必須な葉緑体にコードされたYcf4タンパクは複合体の構成サブユニットか？

高橋裕一郎（岡山大・理・生物）

葉緑体ゲノムの保存された読み取り枠*ycf4*は見かけの分子量21Kのタンパクをコードし，それを失活させた緑藻クラミドモナスの形質転換体は系Ⅰ複合体を蓄積できない．野生株から精製した系Ⅰ複合体標品には少量のYcf4タンパクが検出さたが，これまでに報告されている系Ⅰ複合体標品にはこのタンパクの存在は報告されていない．

そこで野生株のチラコイド膜を界面活性剤で可溶化しショ糖密度勾配超遠心法で分離した画分を分析したところ，Ycf4タンパクはLHCIIが分離される密度の低い画分と系Ⅰより密度の高い画分に検出された．したがって，Ycf4タンパクは系Ⅰ複合体の構成サブユニットではないと考えられる．またチラコイド膜を架橋剤のDS6で処理すると，40K付近に３本の架橋産物と考えれるシグナルが検出された．これらの結果から，Ycf4タンパクは独自のたんぱく質複合体を構成してチラコイド膜に存在することが示唆された．

2aA08

光化学系Ⅰの5kDaサブユニットについて

檜山哲夫，佐藤昭夫，高橋正宏，中澤康至，鈴木浩一，清水徳朗[1]（埼玉大・理・分子生物，[1]四国農試・果樹研）

我々は前回の発表でこれまで光化学系 II（PSII）のサブユニットとしてデータバンクなどに登録されてきた5kDaタンパク質について，これが反応中心複合体（CPI，巨大サブユニットのみで構成）に強固に結合していることから，光化学系I（PSI）のサブユニットと考えたほうがよいと提案した。その後この5kDaサブユニットが，ホウレンソウとダイコンの他に，チンゲンサイ，コムギ，パセリ，シュンギク，ヨウシュヤマゴボウ，オレンジなどのいずれもPSI画分に存在することを見出した。またホウレンソウ葉緑体をジギトニンによる温和な処理で得られたPSI画分（D144）や，界面活性剤を使わずに分画したヨウシュヤマゴボウのストロマチラコイド画分（PSIのみからなる）に多く局在することも分かった。これらの結果から5kDaタンパク質はやはりPSIIではなくPSIのサブユニットと考える方が妥当であると結論し，とりあえずPsaYと命名することを提案する。

2aA09

*pmgA*は光化学系2/系1量比の調節に関与する

日原由香子、池内昌彦（東大・教養・生物）

我々は先に、シアノバクテリア*Synechocystis* sp. PCC 6803から、光独立栄養条件、特に強光条件下では野生株より良い生育を示すが、光混合栄養条件下では生育阻害を受ける変異株（WL株）を見いだし、その変異遺伝子（*pmgA*）のクローニングと遺伝子破壊株の作製を行なった（1996年度植物学会）。本大会ではそれらの表現型をさらに詳細に解析した結果について報告する。

系2と系1の量比を表す低温蛍光のF695/F725比は、弱光（20 $\mu Em^{-2}s^{-1}$）での培養では野生株、WL株とも0.5～0.6であった。強光（300 $\mu Em^{-2}s^{-1}$）に移すと、野生株は1.0と大きく系2/系1量比を変動させたが、WL株は0.7と変動が少なかった。*pmgA*破壊株はWL株と同様な傾向を示した。さらに電子伝達活性を測定すると、野生株では弱光から強光に移すと系2活性/系1活性比が高くなるのに対し、WL株、*pmgA*破壊株では培養条件にかかわらずほぼ一定値を示した。

以上の結果から、野生株では強光下で相対的に系1を減少させるような適応があり、*pmgA*遺伝子産物がこの調節機構に関与していることが示唆された。

2aA10

アジド光処理によるPSⅡの失活はアジディルラジカルではなくアジドイオンによる

高梨　寿，真野純一，浅田浩二（京都大・食研）

Tris処理したPSII膜にNaN_3と電子受容体存在下で光照射（Azide-光処理）すると、電子伝達($Yz \rightarrow Q_A$)が阻害される。このときN_3^-イオンがPSII酸化側のYz^+ラジカルにより$3\times10^3\ M^{-1}s^{-1}$で酸化され、$N_3^{\cdot}$ラジカルが生成する［1996年度 植物生理学会年会］。$N_3^{\cdot}$ラジカルとN_3^-イオンのどちらが阻害分子種であるか明らかにするために、Azide-光処理によるPSII活性の阻害速度と$N_3^{\cdot}$ラジカル光生成速度に対するN_3^-イオン濃度の効果を調べた。阻害速度はNaN_3濃度に比例して40 mMまで直線的に増大した。一方、DMPO-スピントラップESR法またはNaN_3を電子供与体としたDCIPの光還元速度より求めた$N_3^{\cdot}$ラジカル生成速度は20 mM NaN_3で飽和し、阻害速度とは比例しなかった。従って、阻害分子種は$N_3^{\cdot}$ラジカルではなく、N_3^-イオンである。阻害にはPSIIのターンオーバーが必要であることから、N_3^-イオンは光酸化又は光還元されたPSII成分と反応し、電子伝達の阻害を引き起こすと考えられる。

2aA11

光合成光化学系Ⅱ内環状電子移動における高電位型チトクロムb-559と非ヘム鉄の役割

黒岩繁樹、手島圭三、赤堀興造（広島大学・総合科学）

PSⅡ中で電荷分離により生じた電荷を再結合させるPSⅡ内環状電子移動は反応性の高いラジカルを消去しPSⅡ光阻害反応に防御的に働いていると予想される。 本研究では分光学的測定を容易にするため、PSⅡの集光性蛋白質を大部分除去し、さらに、Tris処理を行い、水分解系を失活させ光阻害環境を形成させた試料(TrisRC)とTrisRCよりFe^{2+}を除去した試料(-Fe^{2+}-TrisRC)とZn^{2+}置換した試料(Zn^{2+}-TrisRC)を調製した。 レーザーフラッシュフォトリシス法による測定で人工電子供与体Mn^{2+}を加え、通常の直線状電子移動のみ起こる条件にすると消滅する半減期100～200 μsの成分を$P680^+$再還元過程とQ_A再酸化過程でともに観測した。これらの100～200 μsの成分はともに酸化還元電位依存性（E_m = 420～470 mV）を示し、高電位側で増加した。これはCyt b-559の高電位型の酸化還元電位とほぼ対応した。 また、それぞれの100～200 μs成分の量はTrisRCが-Fe^{2+}-TrisRCとZn^{2+}-TrisRCの約2倍であり、pH 6.4を変化の中点として、高いpHでは増加した。 このときTrisRCは-Fe^{2+}-TrisRCとZn^{2+}-TrisRCの約2倍のpH変化を示した。これらの事実からPSⅡ内環状電子移動と高電位型Cyt b-559及び非ヘム鉄との関わりについて考察する。

2aA12

光化学系Ⅱ電子伝達体の相対位置
Ⅰ.チロシンとプラストキノンQ_A

茂森和士，原英之，河盛阿佐子，*赤堀興造
（関学大・理，*広大・ 総合科学）

CN処理を施したPSIIは非ヘム鉄(Fe^{2+})のスピンがS=0になるため,Q_A^-のEPR信号をg=2.0045の位置に観測できる。この試料を253Kで20秒間光照射した後77Kに急凍する事によりY_Z^+とQ_A^-を同時にトラップできた。また,273Kで8分間光照射後3分間暗置した後77Kに急凍する事によりY_D^+とQ_A^-を同時にトラップできた。

これらの試料を用いて'2+1' sequence Electron Spin Echo (ESE)の測定を行った。'2+1' ESE法は,電子スピン間の双極子相互作用を直接検出し,スピン間の距離を決定することが可能である。これより,Q_A-Y_Z及びQ_A-Y_D間の距離を各々37Å, 38Åと決定した。これらの結果は,Koulougliotis, D. et al. (1995) の非ヘム鉄からY_Z及びY_D間の距離 (37±5Å)に近い値である。

当日は、これまでに求められた光化学系Ⅱ電子伝達体の相対位置の結果と交えて議論する。

2aA13

光化学系Ⅱの電子伝達体の相対距離:
Ⅱ．Ｐ６８０とプラストキノンQ_Aなど

[1]河盛阿佐子，[1]原英之，[2]岩城雅代，[2]伊藤繁，
[2]鞆達也，[2]佐藤公行，[3]赤堀興造，[4] Sergei A.Dzuba.
[1]関学大理，[2]基礎生物研，[3]広大総合，[4]ロシア科学アカデミー

レーザー照射直後の電荷分離で$P680^+Q_A^-$ラジカル対のスピン偏極した信号が９０度位相でチロシンDの信号に邪魔されずに観測できる. ここでは前述のシアン処理によりノンヘム鉄を反磁性としたものの他, 鉄を亜鉛に置換したもの, 単離した反応中心蛋白にＤＢＩＭＢを再構成した３種のＰＳⅡについてＥＳＥＥＭ(電子スピンエコー振幅変調）を観測し，そのフーリエ変換より双極子相互作用を決定し，次式

$$h\nu = \mu_A\mu_B/r^3(3\cos^2\theta - 1) \qquad (1)$$

より距離試料に依存して２６－２９Ａの範囲で決定した. 水分解系からの距離についても紹介する

2pA01

酸素発生光化学系Ⅱ複合体の結晶化：界面活性剤の影響

沈　建仁[1,2]、青山　浩[1,2]、井上頼直[1,2]、神谷信夫[2]　([1]理研・光合成科学、[2]理研・構造生物)

イネより精製した酸素発生光化学系Ⅱ粒子は、ドデシルマルトシドを界面活性剤としたときに結晶化するが、その結晶の分解能が低く、結晶のパッキングにらせん対称性があり構造解析には適していない。そこでドデシルマルトシドを他の各種界面活性剤に置き換え結晶化を試みた。その結果、デシルマルトシドや、Deoxy Bigchap, CYMAL-3, Zwittergent 3-12を用いたことにより結晶が得られた。この内、デシルマルトシドにより生成した結晶はサイズが0.2 x 0.2 x 0.05 cmの六角板状のものと針状のものがあり、ドデシルマルトシドにより得られた結晶と似ている。これら結晶の性質をＸ線を用いて検討中である。また、結晶化用標品の純度や精製方法についても再検討しており、その結果を合わせて報告する。

2pA02

膜断片中における光化学系II複合体の電子顕微鏡法による構造解析

石川尚、中里勝芳[1]、真柳浩太、井上頼直（理研・光合成科学、[1]科技団・さきがけ）

チラコイド膜中における光化学系 II の配置と構造について調べるために、ホウレンソウ由来の光化学系II膜断片を、可溶化することなく電子顕微鏡法により観察し、構造解析を行った。

光化学系 II 複合体の構造については複数のグループによって電子顕微鏡法を用いた構造解析が行われている。Boekema 等は可溶化された光化学系II複合体が二量体を形成していることを報告している。一方、Holzenburg等は二次元結晶中で光化学系II複合体が単量体として存在していると主張している。しかし、天然のチラコイド膜中で光化学系II複合体が単量体なのか二量体を形成しているのかは現在のところ結論が出ていない。

われわれは、より天然のチラコイド膜に近い系として BBY 型の光化学系II膜断片を用い、電子顕微鏡像から構造解析を行った。構造解析の手法としては単一粒子解析法（ single particle analysis ）及び膜断片中で光化学系II複合体が再配列した二次元結晶のフーリエ法による解析を用いた。解析の結果、 BBY 型の膜断片中では光化学系II複合体は主に2つのドメインからなるように見えた。また、粒子の大きさはおよそ8 - 10 nm であった。年会では Boekema 等が報告した二量体とわれわれの構造解析との比較を行う予定である。

2pA03

光化学系II複合体の電子線三次元構造解析

中里勝芳、真柳浩太[1]、石川 尚[1]、豊島 近[2]、市村年昭[3]、井上頼直[1]（科技団・さきがけ、[1]理研・光合成科学、[2]東大・分生研、[3]工技院・生命研）

ホウレンソウ由来の光化学系II複合体（CP47, D1, D2, cyt.*b*559, *psb*I 蛋白）を二次元結晶化し[1)]、この複合体の三次元構造を電子線三次元構造解析により明らかにした。負染色した二次元結晶を０°から６０°までほぼ１０°間隔で傾斜させて像を撮影し、画像解析により、光化学系II複合体の立体構造を分解能２０Åで明らかにした。本複合体の高さ（膜面に垂直方向の最大長）と膜面方向の最大長はともに約８０Åであった。負染色試料のため、主に膜面から突出している部分の構造に関する知見が得られた。ルーメン側とストロマ側に突出した部分の構造はかなり異なり、いずれか一方が膜面から２５～３０Å程度突出しているのに対して、他方はほとんど膜に埋もれていることが明らかになった（狭い範囲ではあるが１０～１５Å程度突出している部分がある)。CP47, D1, D2, cyt.*b*559, *psb*I 蛋白から構築された系II複合体のルーメン側には、CP47の大きなE-ループ（約２０kDa)やD1及びD2の膜外ヘリックスがあることが知られており、膜面からルーメン側に出ているポリペプチド鎖の総分子量はストロマ側の２倍以上になる。従って、膜面から３０Å弱突出している方がルーメン側、他方がストロマに対応すると考えられる。これらの結果は原子間力顕微鏡による二次元結晶表面の観察結果とほぼ一致した。系II複合体内でのD1/D2ヘテロダイマーとCP47の位置について報告する予定である。

1） K. Nakazato, et al. (1996) J.Mol. Biol. 257, 225-232.

2pA04

変異導入によるPS II電子移動調節におけるPSII-Lの機能解析

杉山立志、小澤真一郎、豊島喜則
（京都大学大学院、人間・環境学研究科）

PSII複合体構成タンパク質の1つである*psbL*にコードされたPSII-Lタンパク質はPSIIの電子移動調節に関与している。

本研究では、大腸菌を用いた大量発現系によって一連のPSII-L変異体を作製し、それらを PSII-Lを除去した反応中心複合体に再構成することにより、PSIIの電子移動に関与するPSII-L上のアミノ酸残基の同定を行い、次のような結果を得た。なおPSII-LはC末端側に1本の膜貫通αヘリックス配列を持っている。

①N末端の親水性の15残基まで欠失させても、野生型のPSII-Lと同じ電子移動活性(ET活性)を示した。
②推定されるαヘリックスのN末端に近い-SLY-を-LLL-に置換した置換体ではET活性がいくぶん低下した。
③C末端の7残基-FSNYFFNを-LLLYFFN;-FSNLLLN;および-FSNYFFLに置換した置換体ではET活性がほとんど失われた。
④C末端のAsnをAspに置換した置換体ではET活性が完全に失われた。

これらの結果はPSII-LのC末端側が電子移動に直接関与していることを示唆している。

2pA05

光合成光化学II（PSII）酸化側での電子移動に対するPSII-Lの役割

星田尚司、杉山立志、中野雄喜、豊島喜則
（京都大学大学院、人間・環境学研究科）

変異を導入したPSII-Lを用いた再構成実験から、PSII-LのC末端領域がPSII電子移動に関与していることが明らかになった。この領域はPSII複合体中ではP680の酸化側に位置すると考えられ、PSII-LがPSIIの酸化側での電子移動に関与している可能性を示唆している。そこでこの可能性を直接調べる目的でEPR によりsignal IIに対するPSII-Lの効果を再構成法により調べた。

Q_Aへの電子移動活性を持つPSIIコア複合体に、$Fe(CN)_6^{3-}$存在下、定常光照射を行うとZ+、D+に起因する signal II が観測されるが、PSIIコア複合体から PSII-L を取り除くと、signal II の生成は消失した。この複合体にPSII-Lを再構成すると、Q_Aキノンの有無に関わらずsignal II が再び現れた。この結果からPSII-LがZ→P680+の電子移動過程に直接関与していることが明らかとなった。変異を導入したPSII-L再構成実験の結果とあわせてPSII酸化側電子移動に対するPSII-Lの役割について考察する。

2pA06

光化学系Ⅱによる２価Ｍｎイオンの酸化反応

小野高明（理研・光合成科学）

光合成酸素発生は光化学系Ⅱ酸化側に存在するＭｎの４原子クラスターにより触媒されるが、Ｍｎクラスターの結合部位、構造、反応機作は未知の部分が多い。Ｍｎクラスターは光活性化反応により、光化学系蛋白質複合体が完成した後に光化学系Ⅱに組み込まれる。光活性化では、光化学系Ⅱに結合した２価のＭｎ：Ｍｎ(II) が酸化型のＹ$_Z^+$により酸化される。Ｍｎ(II) はＭｎクラスターの結合部位、又はその近傍に結合しているはずであり、Ｍｎ(II) の酸化反応の解析よりＭｎクラスターに関する情報を得ることが可能と考えられる。そこで、Ｍｎ(II) の閃光による酸化反応を蛍光収量の変化により測定した。トリス処理、$CaCl_2$ /NH_2OH 処理系Ⅱ膜標品ではＭｎ(II)の酸化反応は光化学系Ⅱ当たり１原子のＭｎで飽和し、Ｋｍは0.3μＭであった。この結果は、系Ⅱ当たり４個存在すると考えられるＭｎ(II)の結合部位が等価ではなく、Ｍｎ(II)酸化部位の親和性が他の結合部位と比較して高く、この部位に結合したＭｎ(II)のみが閃光で酸化されることを示している。一方、表在性３３kDa蛋白質を結合したNH_2OH 処理系Ⅱ膜標品ではＭｎ(II)に対する親和性が著しく低くなっており、Ｍｎ(II)は酸化部位以外にまず結合し、これらの部位が飽和した後、酸化部位に結合すると考えられた。表在性３３kDa蛋白質はＭｎクラスターの安定化に関与している。本結果は、Ｍｎ(II)の酸化部位への結合の親和性が、３３kDa蛋白質の結合により変化することを示したもので、Ｍｎクラスターに対する安定化作用を考える上で興味深い現象である。

2pA07

Ｃａ除去PS Ⅱ中に見られる新しいEPR信号の検出

三野広幸、河盛阿佐子[1]、小野高明
（理研，光合成科学、[1]関西学院大、理）

高等植物の光合成初期過程を担う光化学系Ⅱ蛋白質複合体は水を分解し、酸素を発生する機能をもつ。酸素発生は光化学系Ⅱに含まれるマンガン４核からなるクラスターによって行われるが、その構造はほとんど明らかになっていない。Caを除去した光化学系Ⅱ試料は酸素発生が阻害され、S_2状態では変形マルチライン信号が検出できる。　更に、Ca除去試料に光を照射すると変形マルチライン信号が消失し、ｇ＝２付近にS_3と呼ばれる信号が観測される。

今回、我々は低磁場 (g~15)に新たな信号を発見し、Ｓ＝２と同定した。　さらに、配向膜中でのスペクトル位置の磁場の方向依存性の解析から信号種の分子軸が膜面方向のあることがわかった。　起源としては同種核の Mn-Mn 対または単核 Mn(III)が考えられる。

2pA08

葉緑体酸素発生系の光再活性化反応でのCa^{2+}イオン要求性の再検討と、その作用機作の解析

山下　魏、水澤直樹、山川昌康（筑波大・生物科学系）

トリス処理葉緑体酸素発生系の光再活性化反応では、Mn^{2+}添加が欠かせないが、Ca^{2+}要求性は調製した葉緑体毎に変わり一貫性がない。　特に、ホウレンソウの幼若で小さな葉から調製した葉緑体では、Ca^{2+}を加えなくても再活性化ができた。　一方、葉緑体中Ca^{2+}含量は、幼若葉の葉緑体の方が成熟葉の葉緑体より少ない逆の測定結果が得られた。　また、光化学系Ⅱ粒子の光再活性化反応では、Ca^{2+}を再活性化反応後に加えるだけでよい事が報告されている。

最近、トリス処理と低張液処理とアルコール処理を組合わせ調製した処理葉緑体は、強いCa^{2+}要求性を示すと共に、０．５ＭＣａCl_2を含む液での前処理でCa^{2+}が葉緑体に弱く結合保存される事が分かった。Ca^{2+}前処理葉緑体は、幼若葉のトリス処理葉緑体と同様、Ca^{2+}無添加の光再活性化反応で酸素発生能が回復した。　強いCa^{2+}要求性を示す葉緑体では、クロロフィル蛍光の誘導がCa^{2+}で促進され、強光下の光化学系Ｉの酸素吸収反応がCa^{2+}で抑制された。
これらの反応と酸素発生能回復の関連を調べ報告する。

2pA09

アミノ酸置換体を用いた光合成Mn安定化蛋白質の構造、機能の解析

元木章裕[1]、臼井美奈[1]、島津恒夫[1]、平野昌彦[1]、加藤栄[2]
（[1]東レリサーチセンター、[2]東邦大・理・生物）

我々は、好熱性シアノバクテリア*Synechococcus elongatus*を用い、水分解反応に重要な役割を果たしているMn安定化蛋白質(MSP)の構造および機能部位について研究を進めている。昨年度の本大会では、プロテアーゼに感受性の高い領域（Val148～Gly163）について部位特異的アミノ酸置換体を作製し、活性に与える影響を調べた。本研究では、これらの置換体について結合能と活性の相関についてさらに詳細に検討したので報告する。

MSPのVal148～Gly163領域中には、正電荷を持ったアミノ酸３種類（Arg152, Lys160, Arg162）と負電荷を持ったアミノ酸１種類（Asp158）が存在し、PSⅡとの結合および活性の安定化に関与しているものと推定される。これらのアミノ酸を中性アミノ酸に置換した変異体（R152Q,　K160Q,　R162Q, D158N）は、PSⅡに対する顕著な特異的結合能の低下を示した。このことは、これらのアミノ酸が蛋白質表面に存在し、PSⅡとの結合に関与していることを示している。次に電荷を保持した置換体（R152K, K160R, R162K, D158E）を作製し結合能を調べたところ、D158Eのみ結合能を回復し水分解活性も天然型に匹敵したが、他の変異体は依然として結合能が低下したままであった。このことから、Asp158の負電荷はPSⅡとの結合に重要であるが、Arg152, Lys160, Arg162は正の電荷だけでなく側鎖の構造も結合に重要であることが判明した。

本研究は通産省産業科学技術研究制度の一環として新エネルギー・産業技術総合開発機構からの委託を受けて実施した。

2pA10

紅藻チアニヂウムの酸素発生系II標品に存在する3種の表在性蛋白（20 kDa、12 kDa蛋白とcyt c-550）の再構成

菊地早苗、福田哲也、太田尚孝、沈　建仁[1]、榎並　勲
（東理大・理・生物、[1]理研・光合成科学）

最近、我々は好酸性紅藻チアニヂウムから酸素発生系II標品を単離精製し、その標品に表在性蛋白として、33 kDa蛋白の他に、20kDa、12kDa蛋白とcyt c-550の3種の蛋白が結合している事を報告した [Enami et al. (1995) B.B.A. 1232, 208-216]。本研究では、これら3種の表在性蛋白の再構成実験を行った。各表在性蛋白は酸素発生標品の$CaCl_2$抽出液をイオン交換カラムにかけ精製した。酸素発生標品を1 M $CaCl_2$処理する事により4種の表在性蛋白を遊離させた標品に精製した各表在性蛋白を再構成した。その結果、最大の酸素発生活性の回復には、33 kDa蛋白の他に3種の全表在性蛋白の再結合が必要であった。この事は、紅藻で初めて発見された20 kDa蛋白も酸素発生に必須な表在性蛋白である事を示している。33 kDa蛋白も含め4種の表在性蛋白のいろいろな組み合わせでの再構成実験から得られた再結合能と再活性化能の結果から、これら表在性蛋白の機能について討論する予定である。

2pA11

紅藻チアニジウムの酸素発生標品に存在する表在性12 kDa蛋白のクローニングと発現

奥村彰規、太田尚孝、沈建仁[1]、加茂政晴[2]、榎並勲　（東理大・理・生物、[1]理研・光合成科学、[2]東理大・生命科学研究所）

我々は、紅藻チアニジウムから単離した精製酸素発生系Ⅱ標品に、4種の表在性蛋白（33 kDa, チトクローム *c*550, 12 kDaおよび20 kDa）が結合している事をすでに報告した [Enami *et al.* （1995） *B.B.A.* 1232, 208 - 216]。本研究では、これら表在性蛋白の中の12 kDa蛋白をクローニングし、その全塩基配列を決定するとともに、その遺伝子の大腸菌による大量発現に成功したので報告する。12 kDa蛋白は純化した酸素発生系Ⅱ標品を$CaCl_2$処理し、4種の表在性蛋白を遊離したのち、イオン交換カラムにより精製した。精製した12 kDa蛋白のN末端アミノ酸配列を決定し、その配列からミックスプライマーを合成し、λベクターに組み込んだcDNAをテンプレートにPCRを行い、コードするDNA断片を得た。得られた配列から再度プライマーを合成し、λベクタープライマーとPCRを行うことにより、5'- 側および3'- 側までのフラグメントを得、全配列を決定した。得られたクローンは62個のアミノ酸残基よりなるリーダー配列と93個のアミノ酸残基からなるマチュアな蛋白（分子量=10513）をコードしていることが明らかになった。このアミノ酸配列をスイスプロットデータベースに対しホモロジーサーチしたところ、*Phormidium* の9 kDa蛋白と44.6%、*Synechocystis* の12 kDa蛋白と36.6%の相同性を示した。またpET-15bを用いて、この蛋白を大腸菌に大量発現させることに成功した。発現した蛋白をメタルキレートカラムを用いて精製したところ、この発現蛋白も$CaCl_2$処理した系Ⅱ標品に再結合し、酸素発生を活性化することが明らかとなった。

2pA12

PS II 複合体との静電的結合に関与する表在性33 kDa蛋白のリジン残基の同定

亀井綾子、沈　建仁[1]、太田尚孝、堂前　直[2]、瀧尾壌士[2]、井上頼直[1]、榎並　勲（東理大・理・生物、[1]理研・光合成科学、[2]理研・生体分子解析室）

我々は、これまで、表在性33 kDa蛋白の負電荷ではなく正電荷がPS II膜蛋白との静電結合に重要である事を報告してきた。本研究では、33kDa蛋白のどのリジン残基が膜蛋白との静電結合に関与しているか明らかにする目的で、溶液中にfreeに存在する33kDa蛋白と膜蛋白に結合した状態の33kDa蛋白のリジン残基をN-succinimidyl propionate (NSP) で修飾し、NSP修飾されたリジン残基をprotease処理した後のTOFマススペクトルによる質量分析により決定した。その結果、溶液中でfreeに存在する時にのみNSP修飾される33kDa蛋白のリジン残基を含むドメインは、1E-4K、66K-76K、130K、159K、186K、230K-236Kである事が判明した。これらの結果とＴＮＢＳあるいはN-hydroxysuccinimidobiotin修飾で得られたこれまでの結果とを総合して、PS II膜蛋白と相互作用している33 kDa蛋白のリジン残基 について討論する。

3aA01

表在性18-kDaタンパク質のcDNA配列中に予想される二次構造部位に対応するポリペプチド部位の役割

岩瀬啓一郎[1]，　桑原朋彦[1,2]（[1]筑波大・バイオシステム，　[2]筑波大・生物）

光化学系Ⅱの表在性18-kDaタンパク質はチラコイド膜のプロリルエンドプロテイナーゼ(PEPnase)によってPro12-Leu13結合を特異的に分解される。この切断部位に対応するcDNAの部位にはstem and loop構造が予測され、その部位が変異を受けにくく重要な部位であることが示唆された。そこで我々は、stem and loop構造形成部位によってコードされるポリペプチド部位の役割を調べるために、PCR-mutagenesis法によりcDNAの二次構造を除き、変異タンパク質を作成した。

変異の導入により18-kDaタンパク質のPro11-Gly16部分が欠如した。現在、変異によってチラコイド膜への再結合能やPEPnase感受性がどのように変化するか調べている。

3aA02

ジチオスレイトール感受性四量体プロテアーゼの精製と性質

相澤幸子[1]、桑原朋彦[1,2]（[1]筑波大・バイオシステム、[2]筑波大・生物）

これまでの研究[1]により、我々はホウレンソウの光化学系II膜から単離されたジチオスレイトール感受性四量体プロテアーゼ(DSTP)がポリフェノールオキシダーゼ（PPO）と同一物であることを示唆した。PPOはチラコイド内腔に局在するが、その生理的な機能は不明である。

DSTPは抗体カラムを用いたアフィニティークロマトグラフィーによって精製された。ゲルろ過クロマトグラフィーによって、四量体および単量体のDSTPが分離された。単量体の銅含量を測定したところ、タンパク質1分子あたり0.4 原子の銅が検出された。アミノ酸配列からは2 Cu/proteinと予想されるので、測定結果は精製途中に銅が遊離したことを示唆する。DSTPは光化学系IIの表在性23-kDaタンパク質を20-kDa断片に分解するが、この活性は嫌気条件下（グルコースオキシダーゼとグルコースによる）で完全に抑制された。このことは、タンパク質分解に酸素が重要な役割を果たしていることを示唆している。

[1] Kuwabara, T. FEBS Lett. 371, 195-198 (1995)

3aA03

光化学系II膜を用いたビオラキサンチンデエポキシダーゼの反応系とTween 20の効果

長谷川実加[1]、高市真一[2]、桑原朋彦[1,3]、（[1]筑波大・バイオシステム、[2]日医大・生物、[3]筑波大・生物、）

ビオラキサンチンデエポキシダーゼ(VDE)はビオラキサンチン(Vio)を脱エポキシ化し、アンテラキサンチンを経て、ゼアキサンチン(Zea)に変換する。Zeaはクロロフィルの過剰なエネルギーを熱として消散し、光合成の光阻害を防ぐ。

これまでVDEの活性は、Vioと脂質の混合物を基質として測定されてきた。我々は、光化学系II膜を基質としたよりネイティブな系による新しい反応系を開発した。これまでの測定法では、界面活性剤はVDE活性を阻害すると考えられており、事実、0.005% Tween 20は40%の阻害をもたらした。これに対し光化学系II膜との反応系ではTween20は、VDE反応中のエイジングを抑制し、VDEを安定化させることが示唆された。旧測定法で見られたTween20によるみかけの阻害は、Vioと脂質によって形成される基質の高次構造をTween20が破壊するためと考えられる。

3aA04

系II反応中心タンパクD1のC末側のアミノ酸を置換したクラミドモナス形質転換体の解析

葉田野郁，佐藤公行，高橋裕一郎（岡山大・理・生物）

系II反応中心タンパクD1のC末側のアミノ酸配列は高度に保存され，機能上重要な役割を果たしていると考えられている．我々はすでにクラミドモナスのD1のN末から343と344番目のLeuとAlaをPheとSer（L343FA344S）に，344番目のAlaをPro（A344P）に置換した形質転換体を作出し，それらの光感受性が高くなったことを見出した．そこで，強光照射がこれらの形質転換体にどのような影響を与えるかを調べた．強光下では，L343FA344Sの系II活性は速やかに失われた．系IIタンパクも野生型より速く減少し，D1とCP43の半減期はそれぞれ約20分と90分であった．一方，A344Pでは系IIタンパクの減少はさらに促進され，CP43タンパクは40－50分で半減した．また，どちらの形質転換体でも，系Iのタンパクの減少は見られず，強光照射による影響は系IIに特異的であった．D1は，光照射下で急速に代謝回転するタンパク質である．したがって，この光感受性の分子機構を，両形質転換体の系IIタンパクの分解と系IIの活性を関連させて考察する予定である．

3aA05

*psbA*遺伝子のrandom mutagenesisにより得られた強光耐性ラン藻株の耐性機構の解析

皆川純、[1,2]鳴坂義弘、井上頼直、[1,2]佐藤公行
(理研・光合成科学、[1]基生研・情報制御、[2]岡山大・理)

ラン藻*Synechocystis* sp. PCC 6803株*psbAII*遺伝子の*in vitro* random mutagenesisにより、強光下でも光合成色素の退色が見られない“強光耐性株”が18株選抜された(Narusaka et al., 1995)。本研究では、これらの変異株について、D1-タンパク質上のアミノ酸置換の光化学系IIの機能への影響を物理化学的手法により解析し、その光耐性機構について考察した。変異株から調製されたチラコイド膜では、D1-タンパク質の強光照射による分解速度にほとんど差異は認められないが、細胞を用いて測定した熱発光特性には、QバンドとBバンドのピーク温度がシフトしている場合、Bバンドの4周期振動にダンピングが生じている場合など、株によって異なる変化が見られ、また、フラッシュ照射に応答する蛍光の解析では、対照株と比較してF0が増大した場合、β-センターの比率が増加した場合など、異なる表現型が確認された。ここでは、ランダムに生じた変異部位の領域上での多様性の知見を踏まえ、また、これまでに得られている電子伝達特性の変化やアンテナ系での励起エネルギー移動に見られる変化などを加味して、“強光耐性”の機構について考察する。

3aA06

大腸菌内で大量発現された酵素を用いた D1 タンパク質 C-末プロセシングの生化学的・免疫学的解析

山本由弥子[1]，稲垣言要[2]，佐藤公行[1,2]　([1] 岡山大・理・生物，[2] 基生研)

D1 タンパク質は，葉緑体内で前駆体として合成された後，核支配の酵素により C-末端延長部分の切断を受け成熟化する。この過程は，光化学系 II を特徴づける酸素発生の機能発現に不可欠であることは明らかであるが，一方で，この延長部分の存在理由や，その切断による機能発現の機構は，未だ不明のままである。我々は，この過程に関与する酵素（CtpA）を純化することにより同定し，その遺伝子の同定と塩基配列の決定を行うとともに，この酵素を大腸菌内で活性を持つ状態で大量に発現させる系の構築に成功した（山本ら，日本植物学会第６０回大会発表）。

本研究では，大腸菌から His-tag を利用して精製したホウレンソウ C-末端プロセシング酵素に対する特異抗体の作成に成功し，さらに，本酵素の活性を持たないとされる *Scenedesmus* LF-1 株のチラコイド膜上の前駆体 D1 タンパク質を基質にし，プロセシング活性を SDS-PAGE/Western 分析で測定する系を確立した。ついで，この系を用い，膜上での本酵素の生化学的・酵素学的解析を行った。

3aA07

光化学系IIの酸化側光阻害におけるD1蛋白質分解過程の特徴

山本　泰、中谷悦子、逸見隆博、山田水奈
（岡山大・理・生物）

ホウレンソウ光化学系II膜およびコアを 0.8M Tris (pH 9.0) または3mM hydroxylamine (pH 6.5)で処理し、光照射後、D1蛋白質の分解をSDS/urea-PAGEおよび Western/ECLで解析した。昨年の本大会で、hydroxylamine 処理した膜では、Tris 処理膜に比べてD1蛋白質の分解の程度が大きく、D1蛋白質の高分子側架橋産物が少ないことを報告したが、同じ傾向が、光化学系IIコアでも見られた。Hydroxylamine 処理標品には膜表在性蛋白質OEC33が存在しているので、OEC33がD1蛋白質の分解に対して促進的な作用をしていることが示唆される。OEC33が、D1蛋白質の分解の初期段階とその後の二次的な分解のどちらに関与するかなど、OEC33のD1蛋白質分解における具体的な役割を、D1蛋白質の部位特異的抗体を用いた分解産物の解析や、OEC33をTris 処理した膜に再構成するなどの方法で、現在検討している。光化学系IIの還元側阻害には酸素が必要であるが、酸化側阻害には $P680^+$ や $TyrZ^+$ などの酸化ラジカルの関与が考えられている。光化学系IIの酸化側光阻害における酸素の影響を調べたところ、嫌気条件でTris 処理光化学系II膜に光照射すると、D1蛋白質の分解が起こり難くなった。従って光化学系II酸化側阻害でのD1蛋白質分解にも酸素が関与しているといえる。

3aA08

光阻害にともなう光化学系II反応中心蛋白質損傷の酸素要求性

徳富（宮尾）光恵，　山本　直樹（農水省・生物研）

光化学系II（PSII）の光阻害は、PSII還元側が損傷を受けるacceptor-side photoinhibition（AS-PI）とPSII酸化側が損傷を受けるdonor-side photoinhibition（DS-PI）のふたつの異なる機構で進行する。AS-PIにおいては、PSIIの失活と反応中心蛋白質（D1, D2蛋白質）の損傷（切断と架橋）はともに活性酸素が関与する反応であり、酸素存在下でのみ進行する。一方DS-PIにおいては、反応中心内部に生成した酸化力の高いカチオンラジカルが失活と蛋白質の損傷を引き起こすと考えられており、蛋白質の損傷は酸素に依存しないとされている。

NH_2OH処理で酸素発生を失活させたPSII膜標品に光を照射すると（DS-PI）、D1, D2蛋白質が切断を受け、同時に様々な蛋白質架橋産物が形成された。窒素ガス還流下で光照射を行なうと、蛋白質の切断はほぼ完全に抑制され、また架橋反応も大きく抑えられた。このことは、AS-PIの場合と同様に、DS-PIによる蛋白質損傷も酸素に依存する反応であることを示している。活性酸素スカベンジャーの効果を調べた実験で、H_2O_2とO_2^-とがDS-PIにおける蛋白質損傷に関与する可能性が示唆された。

3aA09

タバコ葉緑体NAD(P)H デヒドロゲナーゼに依存する循環的電子伝達

遠藤　剛、鹿内利治[1]、橋本　隆[1]、山田康之[1]、横田明穂[1,2]、浅田浩二（京大・食研、[1]奈良先端大・バイオ、[2]Res. Inst. Innov. Tech. Earth (RITE)）

タバコ葉緑体のNAD(P)Hデヒドロゲナーゼ(NDH)は、チラコイド膜に存在し、還元型フェレドキシンからプラストキノンへの電子伝達を触媒していることを明らかにした。この活性は高濃度のアンチマイシンAおよびミトコンドリアNDHの阻害剤ロテノン、アミタール等で阻害された。これとは別に、低濃度のアンチマイシンAで阻害を受ける活性がみとめられたが、これは従来から知られるフェレドキシン・キノンレダクターゼ(FQR)によるものと考えられる。タバコ葉緑体NDHは、単離チラコイド膜では、NAD(P)H を電子供与体としない点でらん藻NDHと異なるが、これは、チラコイド膜の調製過程で、NAD(P)H 結合部位が失活または、欠落したものと考えられる。NDH　に依存する循環的電子伝達とFQR　に依存するものとの関係について現在検討している。

3aA10

ラン藻 *Synechocystis* PCC 6803 NAD(P)H dehydrogenase (NDH) の精製

松尾道憲、遠藤剛、浅田浩二（京都大・食研）

ラン藻のロテノン感受性NDHは呼吸鎖と光合成の循環的電子伝達系で機能し、電子伝達とプロトン勾配の形成を触媒している。しかし、NDHの分子的性質はまだ明らかではない。そこで、ラン藻 *Synechocystis* PCC 6803 を用いNDHを精製した。

菌体をフレンチプレス処理して得た抽出液について、NADPHを電子供与体、ニトロブルーテトラゾリウムを電子受容体とする活性染色を行った。低分子量の2本のバンドはそれぞれ *drgA* 遺伝子産物とFNRであり、高分子量のバンドがNDHであることが明らかとなった。

菌体の膜画分をCHAPSで可溶化し、陰イオン交換、ゲルろ過クロマトグラフィーによって分子サイズが311 kDaのNDHを精製した。プラストキノンを電子受容体としたときのNADPHに対するKm値は4.8 μMであり、NADHでは反応が進行しなかった。ウェスタンブロッティングで疎水性のNDH-A、NDH-Bサブユニットに対する抗体と反応しなかったことから、精製したNDHは疎水性サブコンプレックスから解離した親水性サブコンプレックスであると考えられる。

3aA11

ランソウ*Synechocystis* PCC 6803 NAD(P)Hデヒドロゲナーゼ(NDH)のHQNOによる阻害

米華玲、遠藤剛[1]、松尾道憲[1]、小川晃男[2]、浅田浩二[1]（中国科学院上海植物生理研、[1]京大・食研、[2]名大・生物分子応答研究センター）

ランソウ*Synechocystis* PCC 6803のPS I循環的電子伝達はチラコイド膜に結合するNDHによって触媒される[Mi et al. *PCP* 35: 163, (1994), 36: 661, (1995)]。今回、2-heptyl-4-hydroxyquinoline *N*-oxide (HQNO)がNDHを阻害することを見出したので報告する。

HQNOはミトコンドリアComplex Iの阻害剤であるCapsaicinと同様、光照射によって生ずる光還元当量のプラストキノン還元を反映する光照射終了後のクロロフィル蛍光上昇を抑制した。さらにHQNOはサイトゾルからプラストキノン（PQ）を経由するP700$^+$への電子伝達を阻害したが、H_2Oからmethyl viologenへの直線的電子伝達には影響しなかった。チラコイド膜から部分精製したNDHの活性（PQによるNADPHの酸化）はHQNOにより阻害された。以上の結果から、*Synechocystis* PCC 6803 のPSI循環的電子伝達を触媒するNDHはHQNOによって阻害されることを明らかにした。

3aA12

タバコ葉緑体におけるミクロソーム型シトクロムP450モノオキシゲナーゼと光合成電子伝達系との相互作用

杉浦美羽[1]、有馬大輔[1]、薮崎義康[2]、大川秀郎[1,3]（[1]神戸大・自然科学、[2]住友化学・生命研、[3]神戸大・農）

【目的】高等植物において、ミクロソーム型シトクロムP450 (P450) モノオキシゲナーゼはP450とNADPH-P450還元酵素（還元酵素）が電子伝達系を構成し、NADPHの電子を用いて分子状酸素を活性化して脂溶性基質に一原子酸素添加反応を触媒する。本酵素系の葉緑体における存在は報告されていない。そこで、ラット肝ミクロソームのP450およびその酵母還元酵素との融合酵素と光合成電子伝達系をカップリングさせて、光エネルギー依存性の高薬物代謝能を付与した形質転換植物の作出を試みた。

【方法および結果】CaMV 35S 或いはrbcSのプロモータの制御下で、RuBisCO小サブユニット (rbcS) の葉緑体輸送シグナルをラットCYP1A1 cDNAおよびCYP1A1と酵母還元酵素の融合遺伝子に連結してタバコで発現させた。形質転換タバコの葉緑体画分は光照射下、NADPH無添加の条件で、CYP1A1を発現したタバコはコントロールタバコの3～8倍の、融合酵素を発現したタバコは8～16倍の高いモノオキシゲナーゼ活性を示した。暗条件下、およびDCMUの添加によりこれらの活性はコントロールのレベルにまで低下した。また、形質転換タバコ植物体は除草剤クロロトルロンに耐性を示した。

一方、ラットCYP1A1を発現した酵母ミクロソームとホウレンソウのフェレドキシンおよびFNRとの *in vitro* 再構成実験において、本活性はNADPH + CYP1A1系に比べて、それにフェレドキシン、FNRあるいは両者を添加するとそれぞれ1.5倍、1.8倍、2.3倍の活性の上昇が認められた。また、これらの活性はCO処理によって阻害された。以上の結果、ミクロソーム型CYP1A1は光合成電子伝達系で生成したNADPH、FNR、あるいはフェレドキシンを介して電子を授受することによってモノオキシゲナーゼ活性を示したと推測される。

3aA13

葉緑体共役因子 CF_1 のγ, εサブユニットの役割

久堀 徹、本橋 健、加藤康之、STROTMANN, H.[1]、天野豊己（東工大・資源化学研究所、Heinrich-Heine Univ. 植物生化学研究所）

我々は、葉緑体共役因子 CF_1 のγ, εサブユニットの役割を分子レベルで解析することを目的として、まずこれらのサブユニットの大腸菌を用いた大量発現系を構築した。発現したサブユニットは、好熱菌PS3の TF_1 由来のα・βサブユニットとキメラ複合体を形成した。CF_1 のγサブユニットの性質に起因するこのキメラ複合体の性質について昨年の本学会で報告したが、今回はより効率よくキメラ複合体を得る系を構築し、この性質の詳細を調べた。キメラ複合体のATPaseの至適温度は、好熱菌由来の複合体（65度）に比べ10度前後低かった。好熱菌由来の複合体のATPase活性は、メタノールによってやや阻害されたが、キメラ複合体のそれは、CF_1 と同様に著しい促進が見られた。CF_1 由来のεサブユニットは、キメラ複合体のみを強く阻害した。このように、キメラ複合体は多くの点で CF_1 の性質を反映しており、今後 CF_1 のγおよびεサブユニットの調節機能の解析を進める上で、非常によい実験系であると思われる。

1aB01

C₄のsource-sinkモデル植物のsink-limit条件における光合成代謝の制御機構に関する研究

澤田信一、越後仁、村木功、宮下三幸（弘前大・理・生物）

アマランサス（Amaranthus cruentus)の葉の基部に発根させて、一枚の葉と根だけからなる単純なC₄のソース・シンク・モデル植物を開発した。

このモデル植物を連続明期条件下で、sink器官で消費されるよりも多くの光合成産物をsource器官で生産させると、光合成速度は低下し、sink-limit状態となった。そして、葉のsucroseとRuBP含量が増加したが、PGA含量は低下した。また、RuBPcase活性が低下した。この不活性化したRuBPcaseは、CO_2とMg^{2+}およびPiとMg^{2+}とのincubationによって、その活性を完全に回復した。Sink-limit状態のC₄モデル植物で得られた以上の結果は,ダイズの葉から作られたC3のモデル植物をsink-limit条件下に置いた場合に認められた結果と一致した。

Sink-limit条件では、C₄植物に固有のC₄回路の主要酵素であるPEPcarboxylaseの活性も低下した。

1aB02

インゲンの莢切除による葉の光合成の低下は、光合成機能タンパクの量の減少を伴なわない

仲野廣美、村松伸一、牧野 周、前 忠彦
(東北大・農・応生化)

シンク制限下での光合成低下の要因を探るために、インゲンの莢を切除し、葉の光合成への生理生化学的な影響を調べた。莢切除により、葉の光合成速度は著しく減少した。同時に、気孔の閉鎖に伴なう葉内 CO_2 分圧の低下も示された。さらに、葉内 CO_2 分圧= 15 Pa の光合成速度を調べると、莢切除区で対照(莢有)区に比べて減少しており、葉肉細胞内の光合成活性の低下が示唆された。しかし、Rubisco などの光合成機能因子の主要なタンパク量や酵素活性は、対照区よりも莢切除区で高く維持されていることがわかった。また、Rubisco と sucrose-phosphate synthase の活性化率は、それぞれ莢切除によりやや減少する傾向にあった。

従って、インゲンの莢切除による光合成の低下は、葉内外の CO_2 の拡散阻害や光合成機能因子の生体内での不活性化などによるもので、主要なタンパク質の量や活性の低下によるものではないと結論した。

1aB03

ｱｲｽﾌﾟﾗﾝﾄの CAM 化に伴って葉緑体に誘導されるG6P 輸送活性の性質

是枝 晋, 金井龍二 (埼玉大・理・分子生物)

CAM (crassulacean acid metabolism)では葉緑体内のﾃﾞﾝﾌﾟﾝの合成・分解が重要な役割を果たす。ｱｲｽﾌﾟﾗﾝﾄ(*Mesembryanthemum crystallinum*)では塩ｽﾄﾚｽによるCAM化の過程で、ﾃﾞﾝﾌﾟﾝ分解系及び解糖系のいくつかの酵素活性が誘導されることが知られている。

そこで我々は葉緑体から細胞質への代謝産物輸送を明らかにするため、C_3型及びCAM 型ｱｲｽﾌﾟﾗﾝﾄから無傷葉緑体を単離し、ｼﾘｺﾝｵｲﾙ層濾過遠心法により ^{14}C-ｸﾞﾙｺｰｽ及び ^{14}C-G6P (ｸﾞﾙｺｰｽ-6ﾘﾝ酸) の輸送活性を測定した。CAM 型葉緑体は暗所で G6P を活発に取込み、ｽﾄﾛﾏ中の濃度は 180 秒間で外液の 3 倍に達した。しかし、C_3型葉緑体の取込みは CAM 型の約 1/10 であった。また、^{14}C-ｸﾞﾙｺｰｽの輸送活性は C_3 型、CAM 型葉緑体共に低かった。CAM 型葉緑体への G6P 輸送の初速度は光照射により約 50%に阻害され、また、0.5 mM Pi により競争的に阻害された。一方、CAM 型葉緑体への ^{32}Pi の取込みも G6P により競争的に阻害され、その K_i = 6.2 mM は G6P 輸送の K_m = 0.44 mM の約 14 倍であった。これらのことは CAM 型ｱｲｽﾌﾟﾗﾝﾄ葉緑体で G6P と Pi を交換する輸送体が新たに誘導されていることを示唆する。

1aB04

CO_2濃度のちがいによる好熱性ラン藻の光合成系の変化

宮入祥夫（工技院・生命工学研）

好熱性ラン藻*Synechococcus elongatus*の高濃度CO_2下における生育の特性と光合成系の変化について報告する。前回までに、本ラン藻は空気中のCO_2濃度から80%までの広いCO_2濃度範囲で生育することが分かっており、CO_2による培地のpHの低下が生育速度の低下に関係することが示唆された。今まで100%CO_2下では生育しなかったが、菌体の接種量を増やすことにより100%CO_2下でも生育することが明らかになった。培養初期の培地のpHは菌体の接種量により変化しなかった。100%CO_2下で生育した細胞を少量植え継いで再び100%CO_2下で培養しても増殖せず適応性の獲得は認められなかった。また異なるCO_2濃度下で生育した細胞はその形態や光合成活性等に若干のちがいが見られた。

1aB05

光照射時にみられるラン藻*Synechocuccus* PCC7942の細胞外への還元等量の放出

西野　徹、姫野　道夫、[1]池田　篤治、佐藤　良平、和田野晃　(大阪府大・農・応用生化, [1]京大・農・農化)

ラン藻のCiトランスポーターは、主にPSIを介するサイクリックな電子伝達系によりエネルギーが供給されていると考えられているが、どのようにしてそのエネルギーが消費されているかは不明である。一方、池田等はラン藻がグルコネートを酸化する課程で還元等量を細胞外へ放出することを明らかにしている。この還元等量の放出と、Ciトランスポートがエネルギーを必要とすることに何らかの相関があると予測して本研究を行った。還元等量の放出の検出は、作用電極としてglassy carbon電極、カウンター電極としてPt電極、基準電極としてAg/AgCl電極を用い、3極ボルタンメトリックアナライザーにより行った。ラン藻は*Synechococcus* PCC7942を用い、電極とラン藻間の還元等量のキャリアーとして、フェリシアナイドを加えた。ラン藻細胞はglassy carbon電極に乗せ、濃縮し、透析膜でパッケージングした。0.5 mgChl/mlのラン藻10μlをパッケージングし、25 mM BTP-HCl (pH8.0)緩衝液で満たしたセル中で、光を照射すると数μAレベルの電流の発生が確認された。この電流が、光に依存したラン藻の還元等量の放出によることを、ラン藻の濃度、及びフェリシアナイドの濃度を変化させ確認した。光化学系の阻害剤の影響や、突然変異体の還元等量放出能についても検討した。

1aB06

マウスカーボニックアンヒドラーゼを葉肉細胞細胞質に発現する形質転換タバコの光合成特性について

地主建志[1]、岡部敬一郎[2]、石井龍一[1] ([1]東大、農、作物、[2]アドバンス、DDS R&D センター)

C3 植物の光合成速度の律速要因に CO_2 の拡散抵抗がある。本報告ではこの抵抗に対するカーボニックアンヒドラーゼ (以下 CA) の効果を調べた。マウス CA の遺伝子を発現する形質転換タバコでは、CA タンパクがその活性を保持したまま葉肉細胞細胞質に局在していることが認められた。形質転換株の光合成速度は、大気条件下では野生株との間に有為な差は認められなかった。しかしながら、CO_2 濃度が光合成速度をより強く律速するような条件、すなわち低 CO_2 濃度あるいは高 O_2 濃度下で形質転換株の光合成速度が高くなる傾向が見られた。特にマウスＣＡの発現レベルが高い植物体群では、野生株と比べ有意に高い値を示していた。さらに、形質転換株は野生株より有意に低い CO_2 補償点を示していた。

1aB07

クロレラのCO_2適応に関与するカルボニックアンヒドラーゼ以外の要因

小岩麻里、Z. Ramazanov、白岩善博 (新潟大・理・生物、Tech. Inst. Canary Islands, Spain)

微細藻類は生育時のCO_2濃度に応じてカルボニックアンヒドラーゼ(CA)やCO_2濃縮機構の活性を調節しその光合成特性を変化させ適応する。本研究では、CO_2濃度に影響されずconstitutiveにCAを合成する*Chlorella vulgaris* (Kosikov)を用いて、CO_2適応に関与するCA以外の要因について光合成CO_2固定のキネテイクスから解析した。その結果、低CO_2への適応に際しては、5 μM HCO_3^- (0.12 μM CO_2)を*Km*とし150 μmol (ml PCV)$^{-1}$ h^{-1}を*Vmax*とする因子(Low-*Km* factor)を新たに誘導することによりCO_2に対する親和性を増大させることおよびRubisco量を減少させることが明らかとなった。一方、高CO_2への適応に際しては、Rubisco量を増大させ最大光合成速度を増大させると同時にLow-*Km* factorの誘導を停止することが明らかとなった。

1aB08

ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の *cmpABCD* 遺伝子群は HCO_3^- 輸送体をコードしている

岡村将人、Dean Price[1]、Murray Badger[1]、小川晃男[2]、小俣達男 (名大・農応用生物科学、[1]Molec. Plant physiol., Res. Sch. Biol. Sci., Australian National Univ.、[2]名大・生物分子応答研究センター)

ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の *cmpABCD* 遺伝子群は、同じ株の硝酸イオン能動輸送体と相同の ABC 型輸送体をコードしている。*cmpA* の発現が炭素欠乏によって誘導されることから、我々は以前、この遺伝子が無機炭素 (CO_2 および HCO_3^- ; Ci と記す) の能動輸送に関与すると推定した。しかし、*cmpAB* の欠失変異株 (M42) が Ci 輸送活性を示すことからその機能は不明のままであった。今回我々は、20-50 ppm の低 CO_2 条件下で生育させた野生株と M42 の HCO_3^- 輸送活性を詳細に比較し、*cmp* 遺伝子群の機能について再検討を行った。M42 は低 CO_2 条件下で野生株と同等の生育を示したが、その HCO_3^- の取り込みの初速度は野生株の40-60%であった。またマススペクトル法で測定した光照射下の定常状態における HCO_3^- 取り込み速度も野生株の 60-70% であった。培地中の Na^+ の濃度が低い場合でも、野生株は最大活性の 30% 程度の HCO_3^- 取り込み活性を示したが、M42 は HCO_3^- をまったく取り込まなかった。以上の結果より、*cmpABCD* は低濃度の Na^+ 存在下で機能する HCO_3^- 能動輸送体をコードすることが明らかとなった。

1aB09

遺伝子タギング法によるクラミドモナス高CO_2要求変異株の単離と解析

福澤秀哉、石崎公庸、松枝昭治、三浦謙治、井上達也、大山莞爾（京大・農・農化）

低CO_2条件に適応する機構（無機炭素濃縮機構）に関わる遺伝子を単離同定するために、遺伝子タギング法を用いてクラミドモナスから高CO_2要求変異株を単離し、その生理学的性質を解析した。クラミドモナス核ゲノムにコードされる硝酸還元酵素遺伝子(*nit1*)を遺伝子タギングの指標として用い、高CO_2濃度(５%)要求性変異株のスクリーニングを行った。*nit1*遺伝子の挿入変異によって低CO_2濃度条件で増殖が野生株より遅くなった株を９株単離した。得られた変異株の中には、光合成の無機炭素に対する親和性が低下した株（$K_{1/2(Ci)}$値が低CO_2条件でも高CO_2条件と変化ない株）や、CA遺伝子に変異はないのに、その発現が低CO_2条件で全く誘導されない株も得られた。

1pB01

Engineering of C4 photosynthesis genes in rice, a C3 plant, for increased photosynthetic efficiency.

Maurice S.B.Ku[1], Mika Nomura[2], Sakiko Hirose[3], Seiichi Toki[3] and Makoto Matsuoka[2].
1 Botany Department, Washington State University.
2 BioScience Center, Nagoya University.
3 National Institute of Agricultural Resource

Our objectives of manipulating C4 photosynthesis genes in C3 plants, such as rice, are to increase their tolerance to environmental stress and to increase their photosynthetic efficiency. Using an *Agrobacterium* mediated transformation system, we have produced many transgenic rice plants harboring three C4 photosynthesis genes separately-phosphoenolpyruvate carboxylase, pyruvate, Pi dikinase and NADP-malic enzyme. Data on expression of these C4 photosynthesis genes in transgenic rice plants will be presented. In the long run, performance of transgenic plants with a high level of expression of these genes under various stress conditions will be evaluated. In addition, expression of these three genes will be integrated into the same plants through conventional hybridization in order to create a C4-like photosynthesis and thus increase their photosynthetic efficiency.

1pB02

Eleocharis viviparaにおけるＣ３、Ｃ４光合成特性の発現：PEPカルボキシラーゼ遺伝子の解析

東江　栄[1,2]・甲斐元士[1]・高辻博志[1]・上野　修[1]（[1]農水省生物研、[2]学振特別研究員・九大・農）

水陸両生植物、*Eleocharis viviparal*は、陸上ではＣ４型、水中ではＣ３型の光合成特性を示し、Ｃ３、Ｃ４光合成特性の発現制御機構を解析する上で興味深い植物である。ここでは、Ｃ４光合成酵素PEPカルボキシラーゼ(PEPC)の酵素学的および遺伝子発現についての解析結果を報告する。本植物の陸生型のPEPCは、PEPに対するKm値等、Ｃ３-Ｃ４中間的な酵素学的特性を持っていた。PEPCをコードしていると推定されるcDNA（*pep1*）を陸生型から単離し、構造解析を行ったところ、*pep1*にコードされるタンパク質は、Ｃ４植物のPEPC遺伝子よりむしろＣ３植物のそれと高い相同性を示した。器官別並びに生育条件を変えたときの*pep1*の発現レベルの比較では、水生型よりも陸生型の光合成組織（稈）で高く、また、陸生型を暗処理することにより低下することが明らかとなった。光合成組織における発現の違いは、水生型の同一個体中でも認められた。発現量は、気相に曝された稈で最も高く、水中で生育した稈では低下した。さらに、水生型のアブシジン酸処理によっても、水中で発現が誘導された。これらの結果は、*pep1*が酵素学的特性およびタンパク質構造は明確なC4とは異なるにもかかわらず、発現の環境条件に対する応答のパターンとしてはＣ４型であることを示唆している。

1pB03

窒素に応答したＣ４ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ（PEPC）活性調節

出路　篤、杉山　達夫（名古屋大・農・応用生物科学）

Ｃ４PEPCは光に応答したリン酸化によりその活性が高まると同時に、リンゴ酸に対する感受性が低下する。またこの酵素は窒素ストレスからの回復過程において優先的に蓄積されるが、窒素栄養状態の変化に迅速に対応するためには翻訳後のレベルでも制御されているのではないかと考えられる。本研究ではPEPC活性の翻訳後調節に与える窒素の影響について調べた。窒素欠乏トウモロコシに窒素を補填すると、暗所から明所への移行に伴うPEPCの活性化とリンゴ酸に対する感受性の低下が抑制された。連続光照射下においては窒素補填によりその活性が低下し、リンゴ酸に対する感受性が高まった。また、硝酸補填により葉の細胞中のリンゴ酸濃度が高まることが確認された。これらのことから、窒素ストレストウモロコシのＣ４PEPCは遺伝子発現レベルでは窒素により正の制御を受けるが、酵素活性レベルでは負の制御を受けることが明らかとなった。このことから窒素欠乏状態ではPEPCはリンゴ酸による阻害を受けにくいが、窒素補填によりその阻害は強くなるとの結論を得た。

1pB04

ラン藻形質転換株MT1における *Chromatium vinosum* RuBisCO の発現が光合成に与える影響

小島 佳代，原納 究，姫野 道夫，小林 裕和*
和田野 晃 （大阪府大・農・応用生化，*静岡県大・食品栄科）

ラン藻の炭素代謝の調節機構を明らかにするために、*Synechococcus* PCC7942 に $KmCO_2$ 値が低い紅色硫黄光合成細菌 *Chromatium vinosum* 由来の $KmCO_2$ 値が低いRuBisCO 遺伝子 (CVrbc) を、シャトルベクターを用いて導入した形質転換株MT1が得られた。この形質転換株における *C. vinosum* RuBisCO の発現について検討した。その結果、導入したプラスミドは安定に維持されていること、*C.vinosum* RuBisCO は *in vivo* で、活性を有する L8 S8 構造で cytosol に存在していることが明らかになった。

本研究では、CVrbcのプロモーター領域を改良することにより、MT1におけるCVrbcの発現量を向上させ、IPTG を用いて発現を誘導することによって、CVrbcの発現に伴う光合成の変化を検討することを試みた。その結果、CVrbcの発現には CVrbc のプロモーターが機能しており、プロモーターの上流領域が発現のために必須であることが明らかになった。現在、得られた形質転換株における CVrbc の発現に伴う光合成の変化について検討している。

1pB05

生葉におけるRubisco 活性の測定

津山孝人・柴田勝・小林善親（九大・農・林）

生葉の光合成において、チラコイド膜を流れる電子は炭酸固定のみならず、光呼吸やメーラー反応によっても消費される。しかし、光呼吸や酸素還元による電子消費はガス交換法により定量することはできない。我々は、クロロフィル蛍光とガス交換速度の同時測定を行うことにより、光合成炭酸固定や光呼吸、メーラー反応などに依存した電子の流束を測定する方法を開発した。この方法により、RuBP カルボキシラーゼによるCO_2吸収速度(Vc)およびRuBP オキシゲナーゼによるO_2消費速度(Vo)など、生葉におけるRubisco活性の測定が可能となった。キュウリ葉において、一定強度の光照射のもとで、気相中のCO_2濃度を変えながら電子の流束およびVc、Voを測定すると、CO_2濃度の上昇とともにVcの増加とVoの減少が起こることを見出した。

1pB06

イネ *rbcS* アンチセンス遺伝子導入による Rubisco 減少は、高 CO_2 環境における光合成の窒素利用効率の向上にむすびつくか？

牧野 周[1]、島田多喜子[2]、宅見薫雄[2]、兼子健太郎[1]、松岡 信[3]、島本 功[4]、仲野広美[1]、徳富-宮尾光恵[5]、前 忠彦[1]、山本 直樹[5] ([1]東北大・農、[2]石川農短大・農資研、[3]名大・分子応答、[4]奈良先端大・バイオ、[5]農水省・生物研)

Rubisco は、現在の大気 CO_2 分圧下(36 Pa)の光合成の律速因子の一つではあるが、高 CO_2 分圧下では、その存在量は、光合成全体のバランスにおいて、過剰となる。そこで、私達は、イネ *rbcS* アンチセンス遺伝子を導入した形質転換体イネを作成し、高 CO_2 環境下(100 Pa 以上)に対する Rubisco の適量化がその条件での光合成能の向上にむすびつくかどうかについて検討した。まず、100 Pa CO_2 での Wild-type の Rubisco の実効割合から、その条件における Rubisco の適量値を算出し、その Rubisco 含量を有するアンチセンス植物を選抜した。選抜された植物は、Wild-type 植物に対して、100-115 Pa CO_2 条件において、5%-15% 高い光合成能を示した。

1pB07

INHIBITION OF THE ACTIVITY OF RUBISCO BY SALTS AND ITS RESCUING BY RuBP AND GLYCINE BETAINE

ANWARUZZAMAN[1], Kazuki OGAWA [1,2], Tetsuko TAKABE[3], Ken-Ichi TOMIZAWA, Akiho YOKOTA[1,2]
([1]Plant Mol. Physiol. Lab., RITE, Kizu, Kyoto 619-02; [2]Dept. Biosci., Grad. Sch. Biol. Sci., NAIST, Ikoma 630-01; [3]Biosci. Cent., Nagoya Univ., Nagoya 464-01)

A number of reports have appeared on the effects of salts on photosynthesis in plants and algae. Photosystem II is one of the targets injured by salts. The activity of RuBisCO is also inhibited by high concentrations of salts, but the enzyme is rescued from salt inhibition by glycine betaine in cyanobacteria. However, the mechanism of inhibition of RuBisCO by salts is not known. Effect of salts on the activity of RuBisCO of higher plants has not yet been investigated.

In this study, we examined the effects of chloride salts of sodium and potassium on the activity of RuBisCO purified from spinach, using a spectrophotometer, to follow a decrease in the absorbance of RuBP at 280 nm with time. Activation of RuBisCO was not affected by salts. However, salts inhibited the activity of RuBisCO only in the initial phase of the reaction course. The inhibition was nullified completely in the prolonged reaction course as if the RuBP carboxylation itself rescued the enzyme from salt inhibition. When betaine was added in the presence of salts, there was no inhibition of RuBisCO activity. (Partly supported by The Kansai Electric Power Company Ltd.)

1pB08

チラコイド膜ΔpHによるリブロース1,5ビスリン酸(RuBP)カルボキシラーゼ/オキシゲナーゼ(RuBiSCO)の**フォールオーバー調節**

三宅親弘、横田明穂[1]（地球環境研RITE, [1]奈良先端大学院）

基質CO_2およびRuBP飽和下RuBiSCOは零時反応のキネティクスを示さず、反応の進行に伴い基質消費速度が低下する｛フォールオーバー(Fallover)と呼ばれる｝。我々は、廿日大根生葉での光照射後のRuBiSCOのキネティクスを経時的に調べ、RuBiSCO活性が低下する時間域でFallover率が異なることを見いだし、in vivoでのfallover調節機構を考察した。**材料および方法**：20%O_2および380 ppmCO_2通気下赤色光強度を1500 μE/m^2/s(HL)からDarkあるいは400 μE/m^2/s(ML)へ変える光処理を廿日大根生葉に行った。粗抽出液RuBiSCOによるRuBP消費の初速をVi, 反応開始10minでの消費速度をVfとし、1-Vf/ViをFallover率とした。廿日大根生葉のクロロフィル蛍光をPAM Chl-Fluorometerを用い測定した。**結果および考察**：光処理(HL=>Dark, HL=>ML)によりRuBiSCO活性は半減期2minで約50%低下した。一方、HL下50%を示すFallover率はDarkあるいはML遷移後1minで10%へ減少し、2min後50%へ回復した。Fallover率の減少時間域は、チラコイド膜ΔpH消失によるnon-photochemical quenchingの解消時間域と一致し、**in vivo**でRuBiSCO activaseがRuBiSCOのFalloverを調節していることが示唆された。（一部はPEC/MITIの支援で行われた）

1pB09

葉緑体形質転換法によるRuBisCO大サブユニット遺伝子の改変 富澤健一[1]、鹿内利治[2]、下出綾子[1]、Christine H。Foyer[3]、横田明穂[1、2]（[1]ＲＩＴＥ・植物分子生理、 [2]奈良先端大・バイオサイエンス、[3]ＩＮＲＡ）

Sp25はEMS処理により得られた、RuBisCO活性のないタバコ突然変異体である。このSp25のRuBisCO大サブユニット遺伝子（*rbcL*）の配列を野生型のものと比較したところ322番目のグリシンがセリンに変化していた。そこで、このアミノ酸置換がSp25に見られるRuBisCO活性喪失の原因であるか否かを明らかにするため、パーティクルガンによる葉緑体形質転換法により野生型*rbcL*の導入を行い、RuBisCO活性が回復するかどうかの検討を行った。導入に用いたＤＮＡは、野生型*rbcL*とその配列の下流にスペクチノマイシン耐性に関与する遺伝子を挿入したもので、Sp25の*rbcL*との相同組換を期待して構築した。形質転換体の選別はスペクチノマイシン耐性を指標に行ない、８系統の独立した耐性株を得た。このうち一系統を対象に、その葉の粗抽出液のRuBisCO活性を常法に従って検討したところ、Sp25の場合には見られない3ーフォスフォグリセリン酸の生成が確認された。このことは、この形質転換体はRuBisCO活性を持っていることを示すものである。以上の結果は、Sp25がRuBisCO活性を示さないのは322番目のグリシンがセリンに変化したことによるという仮説を強く支持するものである。(一部はPEC/MITIの支援で行われた)

1pB10

ホスホリブロキナーゼにより生成するリボース 1,5-ビスリン酸

佐野智[1]、東順一[2]、柴田均[3]、横田明穂[1,4]（[1] RITE・植物分子生理、[2]京都大・農・地域環境科学、[3]島根大・生物資源科学、[4]奈良先端大・バイオサイエンス）

ホスホリブロキナーゼ (PRK) は、光合成炭素還元 (PCR) 回路においてリブロース 5- リン酸 (Ru5P) をリン酸化し、リブロース 1,5- ビスリン酸 (RuBP) を生成する酵素として知られている。我々は、この酵素がリボース 5- リン酸 (R5P) もリン酸化し得ることを明らかにし、PCR 回路での新しい経路を予測した。

今回、ホウレンソウ PRK 精製標品を用いて、R5P からの反応の生成物を単離・精製した。生成物の NMR スペクトルは、RuBP のものとは全く異なっていた。このことは、R5P が PRK 精製標品に混入した R5P イソメラーゼの反応を経て、見かけ上リン酸化されている (R5P → Ru5P → RuBP) のではなく、直接リン酸化されていること示している。従来の PRK 反応は PCR 回路の中間代謝産物により阻害されるが、R5P リン酸化反応に対してもこれらの阻害は見られた。現在、R5P からの生成物リボース 1,5- ビスリン酸 (RBP) による、これらの反応阻害を検討中である。

この研究の一部は NEDO の委託を受けたものである。

1pB11

光呼吸活性の低いクラミドモナス突然変異株

鈴木健策（農水省・東北農試・生理生態研）

ホスホグリコール酸ホスファターゼ（PGPase）活性欠損突然変異株は生育に高いCO_2濃度が必要で、大気条件下では光があたると生育できない。これは光呼吸の最初の産物ホスホグリコール酸の蓄積により光合成が著しく阻害されるためと考えられる。クラミドモナスのPGPase活性欠損突然変異株である*pgp1*-18-7F（Suzuki *et al.* 1990）にさらに突然変異を起こさせ、大気条件下でもよく生育できる二重突然変異株を選抜したところ、高CO_2培養細胞の光合成のCO_2に対する親和性が、野性株より明らかに高い株が得られた（Suzuki 1995）。特に、7FR2E、7FR2F、7FR2Nの３株では大気条件にさらした時のホスホグリコール酸の蓄積速度が18-7F株の３分の１以下と低かった（鈴木 1996）。今回はこれらのPGPase活性欠損突然変異株において、光呼吸を抑えて大気条件下での生育を可能にした突然変異が何であるかを知る手がかりを得る目的で、ホスホグリコール酸の挙動を更に詳細に検討するとともに、ルビスコのCO_2/O_2相対特異性、およびカーボニックアンヒドラーゼ活性等について比較検討したので報告する。

1pB12

高CO_2耐性を持つ緑藻 *Chlorococcum littorale* と耐性を持たない*Stichococcus bacillaris* のシトクロム b_6 / f の光酸化還元変化

岩崎郁子, 藏野憲秀, 宮地重遠（（株）海洋バイオテクノロジー研究所, 釜石研究所）

高CO_2耐性を持つ緑藻 *C. littorale* は40%CO_2へ移行後、量子収率の低下が見られるがやがて回復する。一方耐性を持たない*S. bacillaris* は回復せずに死滅する。HPLCで求めた還元型Pool Plastoquinoneの割合は、*C. littorale* では約60%(空気)から90%以上(量子収率低下時)に増加した。この時期のチラコイド膜のPS II活性(DCIP光還元)は、低下しても70%残ることから、PS IIの光阻害の回避の機構が予想される。今回PS IとPS IIの間に存在するCytochrome b_6/ f の酸化還元状態を調べた。PAMシステムの高感度測定プローブ (ED-101US) を用い、系IIを励起する赤色光 (中心波長655nm)照射下で白色光Wを照射し、検出側に干渉フィルター(中心波長: 565nm, b_6; 554 nm, f)を用いて吸収変化を調べた。２つの緑藻は空気条件ではb_6、fが光還元されたが、40%CO_2移行後b_6、fどちらも光酸化され、DCMU添加でこれらの変化は消失した。しかしDBMIB添加では２種の緑藻は異なる挙動を示した。40%CO_2の*S. bacillaris* のfの光酸化は変わらなかったが、*C. littorale* のfは光還元されようになった。

本研究は新エネルギー・産業技術総合開発機構の委託研究『細菌・藻類等利用二酸化炭素固定化・有効利用技術研究開発』の一環としておこなわれたものである。

1pB13

イネ葉の光合成における長期水ストレスの影響

大橋　敬子、牧野　周、前　忠彦（東北大・農・応生化）

葉内水分含量が低下するような水ストレス下では、葉の水ポテンシャルの低下とともに光合成速度は低下する。比較的軽度な水ストレス下では気孔が閉じることにより光合成速度が低下し、さらに水ストレスが進行すると葉肉における光合成活性も低下することが知られている。しかしながら、植物がこのような水ストレス下に長期間（週から月）さらされた場合はどのような影響が現れるかそしてその環境へどのように適応していくかについては全くわかっていない。そこで私たちは、人工気象室内でイネ（ノトヒカリ）を水耕栽培し、第7葉抽出期から3週間、ポリエチレングリコール（23mM PEG4000）を用いて水耕液の水ポテンシャルを下げ、その条件での水ストレスが個葉の光合成に与える影響について調べた。**結果**　大気CO_2分圧下36（Pa）での光合成速度は水ストレス処理区で低下し、それに伴い気孔コンダクタンスおよび葉内CO_2分圧も低下した。しかし、葉内CO_2分圧の低下は測定された光合成速度の低下を説明するほどではなく、現実に葉内CO_2分圧20（Pa）での光合成速度（A_{20}）も低下していた。一方、CO_2飽和の光合成速度には両区で差がなく葉身全N含量、Rubisco含量においても差は認められなかった。従って、A_{20}の低下原因はRubiscoの活性化状態の低下等が考えられ、現在検討中である。

1pB14

コムギ葉の老化過程と展開過程における弱光環境への光合成構成因子の応答と光合成

鈴木雄二、牧野周、前忠彦（東北大・農・応生化）

コムギ葉の光合成構成因子の弱光環境への応答を老化過程と展開過程に分けて調べた。コムギは人工気象室内で光強度 450 μ mol quanta m^{-2} s^{-1} にて栽培し、第4葉完全展開後 2 日目から光強度がそのままの標準区と寒冷紗を用いて遮光処理(45 μ mol quanta m^{-2} s^{-1}) 区を設け栽培を継続した。老化過程の応答については第 4 葉、展開過程については第 6 葉の完全展開葉を材料として調べた。

老化過程における遮光処理は、タンパク態 N あたりの Chl 含量、Rubisco 含量に影響を及ぼさなかったが、CF_1 含量は弱光区で標準区に対し少なくなっていた。また、光飽和、高 CO_2 分圧下の光合成速度 (A_{sat}) は弱光区で標準区に対し低くなり、CF_1 含量に対する A_{sat} は1本の直線に回帰された。一方、弱光区で展開した第 6 葉は標準区で展開したものに対しタンパク態 N あたりの Chl 含量を増加させ、集光能力を高くするという応答を示した。

以上から、コムギ葉は弱光環境に対し老化過程と展開過程では異なった応答を示すという可能性が示唆された。

1pB15

亜硫酸の*Chlorella vulgaris*光合成及び細胞内ATPレベルに対する影響

降旗　敬，持丸真里，関口憲二，石渡　悟，藤原敬之，桜井英博(早稲田大、教育、生物)

われわれは*Chlorella*細胞による亜硫酸の取り込みは非解離型分子種H_2SO_3が濃度差依存的に細胞膜を単純拡散されることを示唆する結果を得た(日本植物学会第60回大会)。

*Chlorella*に亜硫酸を濃度および時間を変えて取り込ませたのち遠心で洗い、30分間強光照射した。残存する光合成活性を酸素電極及びPAMによって測定したところ、PS IIが障害を受けたことが判った。亜硫酸が単純拡散によって取り込まれるとすれば、「亜硫酸濃度」×「取り込み時間」の積は常に一定の阻害効果をもたらすことが期待されるが、実際は低濃度・長時間の方が高濃度・短時間のインキュベートよりも大きな阻害効果を示した。これは光合成阻害においては取り込まれた亜硫酸のサイトソルから葉緑体への移動が重要な意味を持つことを示唆する。また、亜硫酸取り込みに伴って細胞内ATPレベルが著しく低下した。