日本植物生理学会2000年度年会
および第40回シンポジウム

2000年3月27日(月)－29日(水)

椙山女学園大学生活科学部

日本植物生理学会　http://www.nacos.com/jspp

表紙写真

タバコ属 (*Nicotiana*) 植物は66種が記載され、多くはアメリカ大陸とオーストラリアに生育している。栽培種のタバコ *N. tabacum* は異質4倍体で48本の染色体を持ち、祖先型の *N. Sylvetris* (2n=24) と *N. tomentosiformis* (2n=24) が合体して生じたとされる。タバコは商業作物であることから古くから、遺伝的、系統的、生理的特性が解析され、近年には細胞生物学や細胞操作のモデル植物として広く使われるようになった。さらに、アグロバクテリアによる形質転換法が確立され、宿主植物として最もよく用いられている。また、葉緑体の遺伝子破壊法や *in vitro* 発現系なども開発されており、植物生理学研究のモデル植物として大きな地位を占めている。タバコを用いて、BY-2 細胞株の確立など、世界に誇る成果が我が国から発信されている。表紙の写真は数少ない観賞用タバコの「星の姫」である（日本たばこ産業株式会社、葉たばこ研究所提供)。

日本植物生理学会2000年度年会

お　よ　び

第40回シンポジウム

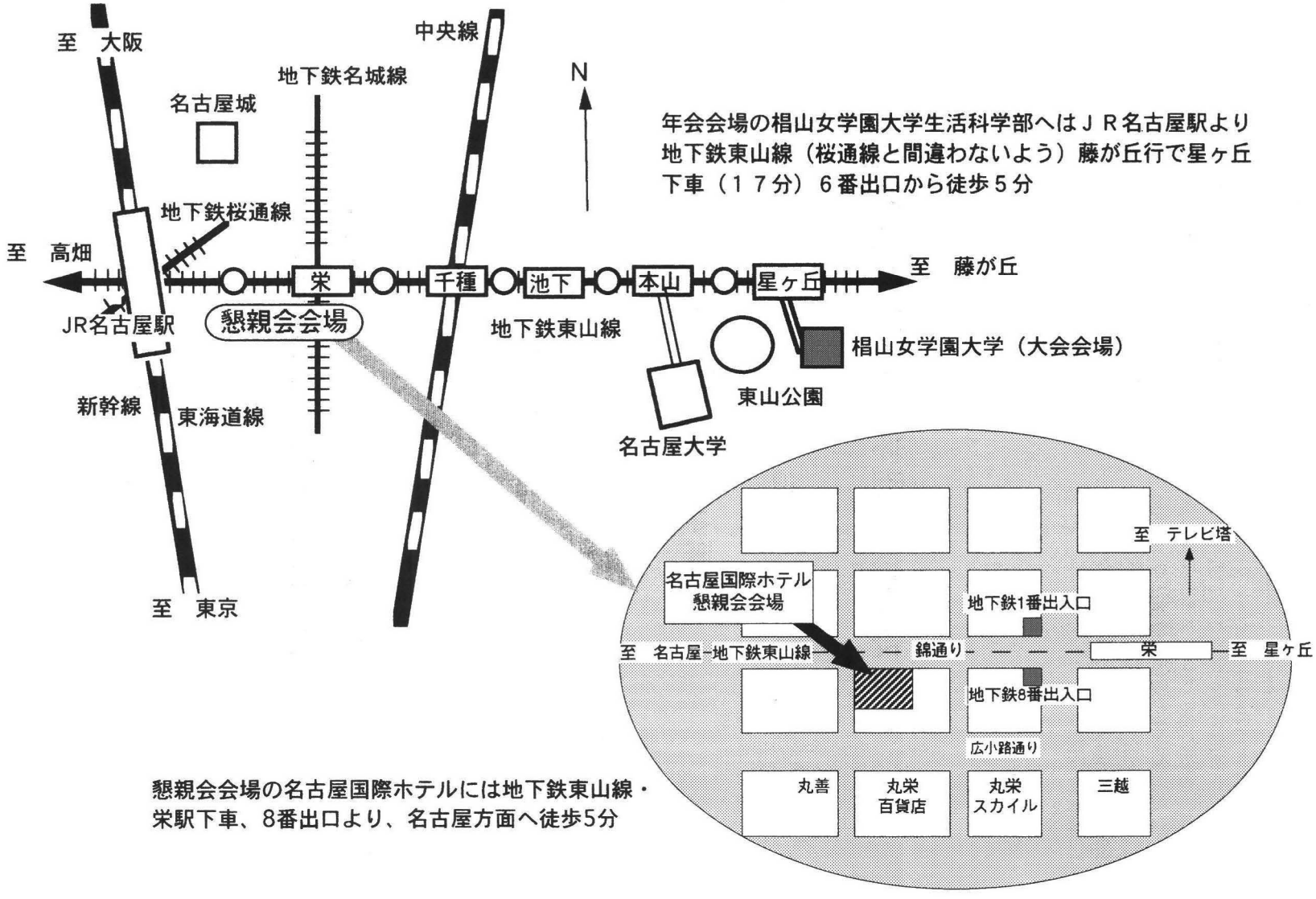
講演要旨集

会期：2000年3月27日(月)～29日(水)

会場：椙山女学園大学生活科学部

日本植物生理学会

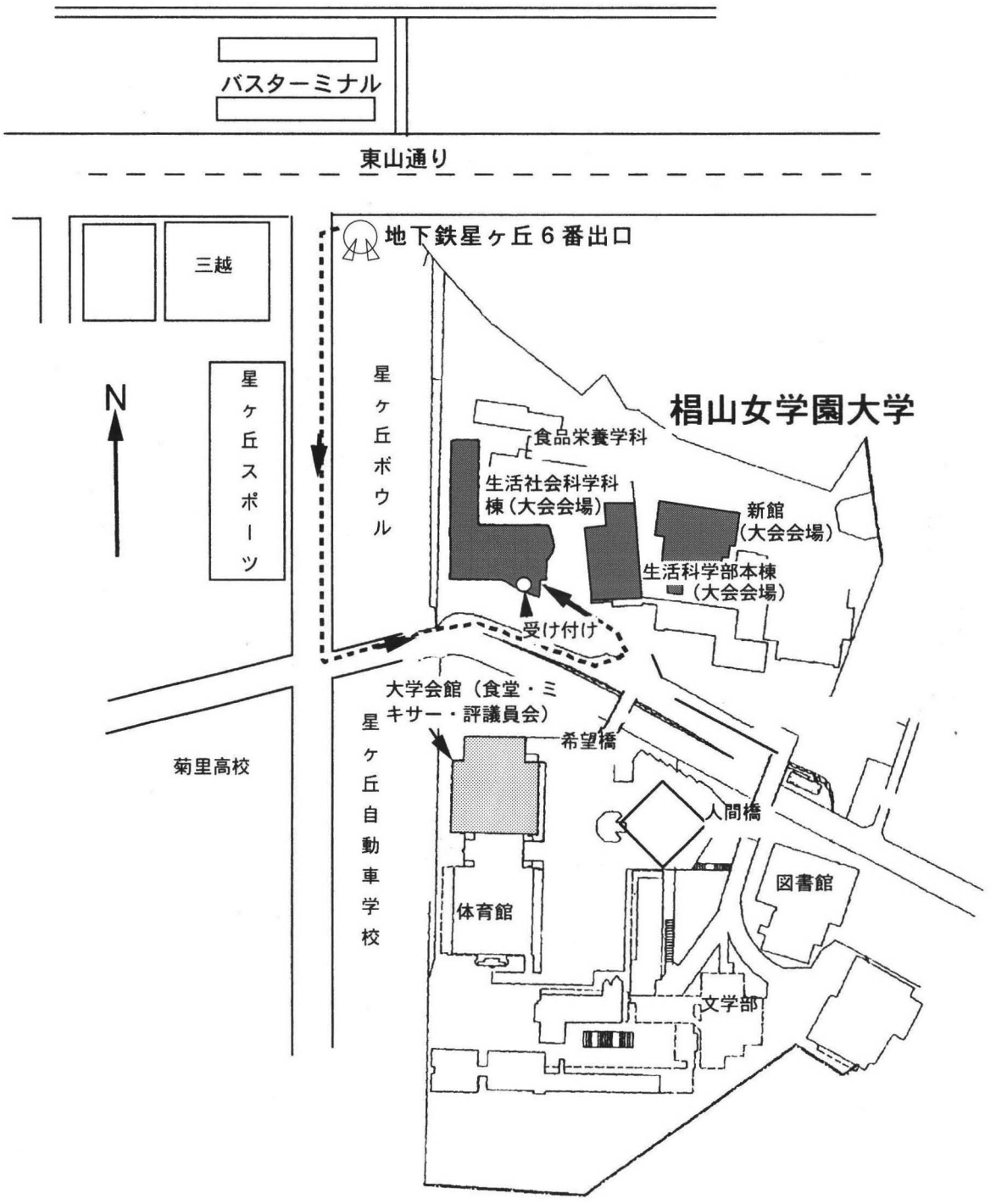
名古屋地下鉄路線図



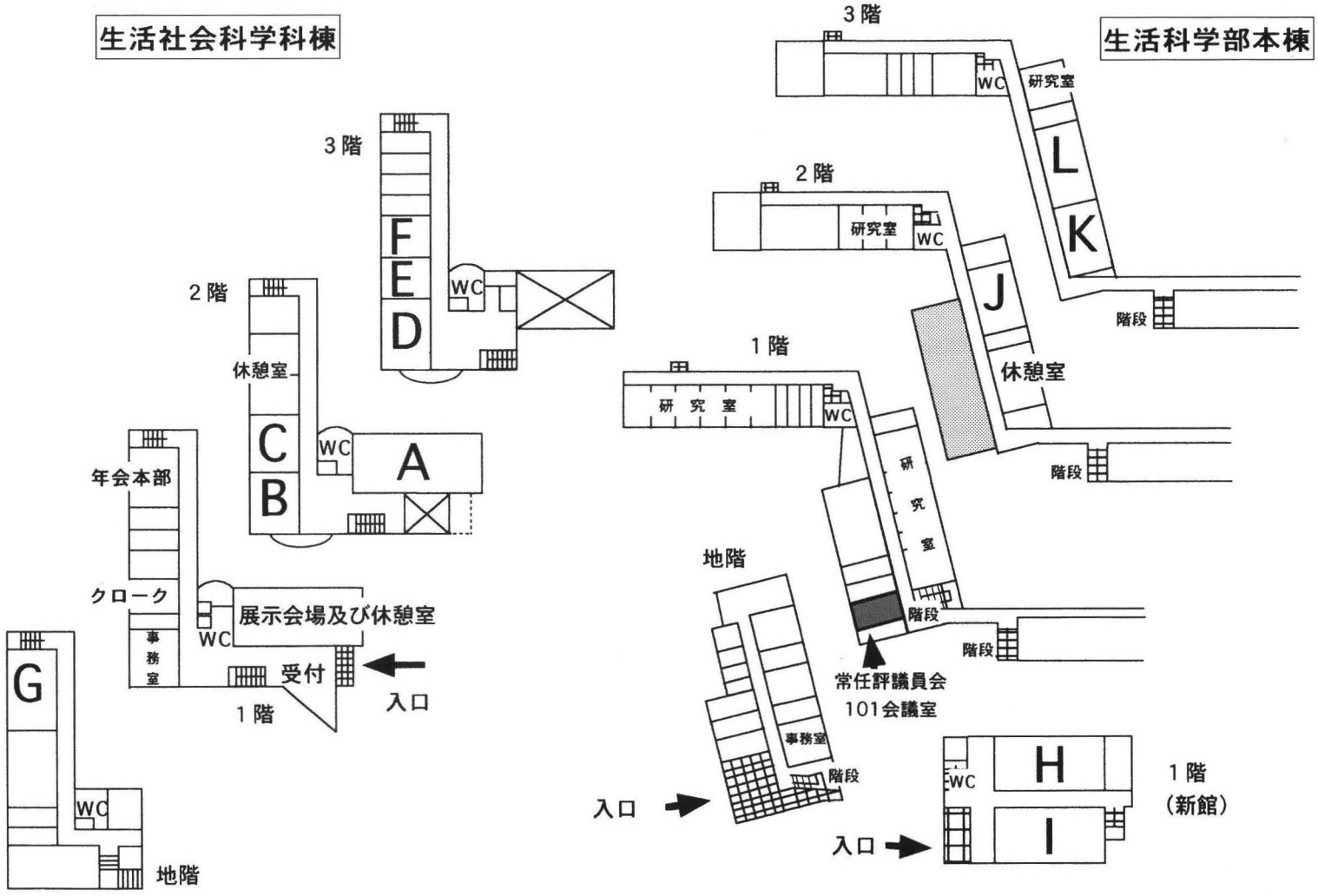
年会会場の椙山女学園大学生活科学部へはＪＲ名古屋駅より地下鉄東山線（桜通線と間違わないよう）藤が丘行で星ヶ丘下車（１７分）６番出口から徒歩５分

懇親会会場の名古屋国際ホテルには地下鉄東山線・栄駅下車、8番出口より、名古屋方面へ徒歩5分

星ヶ丘周辺および椙山女学園大学構内



会場配置図


生活社会科学科棟
3階
F
E
D
WC
2階
休憩室
C
B
WC
A
年会本部
クローク
事務室
WC
展示会場及び休憩室
受付
入口
1階
G
WC
地階
生活科学部本棟
3階
WC
研究室
L
K
2階
研究室
WC
J
休憩室
階段
1階
研究室
WC
研究室
階段
階段
常任評議員会
101会議室
地階
事務室
階段
入口
WC
H
I
入口
1階
(新館)

□交通のご案内

1）会場へのアクセス

年会会場の椙山女学園大学生活科学部は，ＪＲ名古屋駅から地下鉄東山線藤が丘行きに乗車し，約17分で「星ヶ丘」で下車，６番出口より徒歩５分です（名古屋地下鉄路線図および星ヶ丘周辺案内図を参照して下さい）。名古屋空港からは名古屋駅行きの空港バスを利用してＪＲ名古屋駅に行き，地下鉄を利用して下さい。学内には，学外者用の駐車場はありません。車での入構は御遠慮下さい。

2）懇親会会場（名古屋国際ホテル）へのアクセス

地下鉄東山線・栄駅下車，８番出口を出て（そこが錦通り）名古屋駅方向に徒歩５分。錦通り沿いにあります（名古屋地下鉄路線図参照）。

□参加登録受け付け

1）27日（月）午前８：30より，椙山女学園大学生活社会科学科棟１階にて参加登録の受け付けを始めます。例年，初日の午前９：30前後は受け付けが非常に込み合いますので，初日の早い時間の発表者の方は早めに受け付けを済ませて下さい。

2）予め参加申し込みをされている方は「予約参加受け付け」で講演要旨と名札を受け取って下さい。名札は講演会場用と懇親会用の２種類があります。

3）参加申し込みを済ませていない方（参加費を納入されていない方）は，「当日参加受け付け」で参加手続きをして下さい。

4）講演会場内では常時，講演会場用の名札をご着用下さい。また，懇親会場では懇親会用の名札をご着用下さい。

□クローク

生活社会科学科棟１階105号演習室がクロークです。クロークの受け付け時間は下の通りです。夜間は管理できませんので，必ずその日のうちに荷物を引き取るようにして下さい。

３月27日　８：30～18：30　　３月28日　８：30～18：30　　３月29日　８：30～17：00

□一般講演発表をされる方へ

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員に限ることと定められています。したがって，講演者が本会に未加入の場合は，発表に先立って学会本部にて入会手続きをとって下さい。

1）一般講演の発表はすべて OHP により行われます。35 mm スライドは使用できません。シンポジウムの発表は OHP，35 mm スライドともに使用することができます。

OHP 発表については，①A4 サイズを使用して下さい。画面は縦横いずれでも使用できます。②OHP の操作・進行は講演者または共同研究者のサポートによりお願いします。③講演時の指示棒は全会場に用意します。④OHP ランプは講演を終了しても消さないで下さい。

2）一つ前の講演の時には，「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鈴の順に時間経過を知らせます。座長の指示に従い，必ず時間を厳守して下さい。

□会期中（３月27日～29日）の年会本部への連絡方法

会期中（３月27日～29日）の年会本部へのご連絡やお問い合わせは下記の電話または Fax（植物生理学会あてと明記のこと）をお使い下さい。この電話回線はこの会期期間のみ使用可能で，これ以外の期間は利用できません。

Tel 052-781-1186　　内線 611　　Fax 052-782-7265

□**年会及びシンポジウムについてのお問い合わせ**

会期以前（3月26日まで）の年会およびシンポジウムのお問い合わせは，できる限り E-mail または Fax にてお願いします。

〒464-8602 名古屋市千種区不老町
名古屋大学大学院理学研究科，生命理学専攻
日本植物生理学会2000年度年会準備委員会　近藤孝男
Tel 052-789-2498　Fax 052-789-2963
E-mail: jsppnagoya@bio.nagoya-u.ac.jp

□**年会参加者への連絡方法**

年会参加者等への伝言は受付付近の「伝言板」に掲示します。会場内での呼び出し等は行いません。また，「伝言板」は年会参加者相互の連絡にも自由に利用して下さい。

□**関連会議**

学会賞選考委員会	3月26日（日）14：30～15：30	名古屋大学　理学部F館406号室
編集実行委員会	3月26日（日）16：00～17：00	名古屋大学　理学部F館406号室
編集委員会	3月26日（日）17：30～20：00	名古屋大学　理学部F館406号室
常任評議員会	3月27日（月）12：30～13：30	椙山女学園大学　生活科学部本棟101会議室
評議員会	3月27日（月）18：00～21：00	椙山女学園大学　大学会館3階大会議室（椙山女学園大学構内図を参照）
総会	3月28日（火）12：30～13：00	A会場

□**ミキサー**

日時：3月27日（月）18：00から
場所：椙山女学園大学，大学会館1階食堂（椙山女学園大学構内図を参照）
軽食とビールを用意しています（無料）。みなさんふるって参加して下さい。

□**懇親会**

日時：3月28日（火）18：30～
場所：名古屋国際ホテル
名古屋市中区錦3-23-3
Tel 052-961-3111
地下鉄東山線・栄駅下車，8番出口を出て（そこが錦通り）名古屋駅方向に徒歩5分。
錦通り沿い（地下鉄路線図，参照）。
懇親会会場では懇親会用の名札を着用して下さい。

□サテライトシンポジウム

「植物生体膜とシグナル伝達」
（第5回植物生体膜シンポジウム）

日時：2000年3月30～31日
会場：名古屋大学シンポジオン（名古屋大学東山キャンパス，豊田講堂裏）
地下鉄東山線本山駅から徒歩15分，または市バス（島田住宅または平針住宅行き）で5分，
名古屋大学前下車，徒歩3分

プログラム

3月30日（木）

9：00　受付
9：30　開会
9：40　植物組織の傷害・異物応答における局所的および全身的オキシダティブバースト
道家紀志（名古屋大学院・生命農学）
10：20　オリゴ糖エリシター受容体を介した細胞応答の調節機構　渋谷直人（農水省・生資研）
11：00　休憩
11：15　一般講演（4演題）
12：15　昼食
13：30　巨大化微生物細胞：新しいイオン輸送体アッセイ系の開発
矢部　勇（東京大・分生研）・黒田照夫（岡山大・遺伝子）
14：10　酵母の伸展活性化 Ca^{2+} チャネルの発見―植物科学へのシグナル
飯田秀利（東京学芸大・教育）
14：50　休憩
15：20　青色光による気孔開孔制御　島崎研一郎（九州大・理）
16：00　特別講演：The proton-pumping ATPase and malate transporters at tonoplast: Chimeric house-keeping enzymes or versatile “eco-enzymes” in environmental responses?
U. Lüttge (Darmstadt Univ. of Technology)
17：00　終了
17：30　懇親会（於：ユニバーサルクラブ）

3月31日

9：00　一般講演（8演題）
11：00　休憩
11：20　イネ三量体Gタンパク質の構造と機能解析　岩崎行玄（福井県大・生物資源）
12：00　植物の窒素検知とその情報伝達　杉山達夫・榊原　均（名古屋大・生命農学）
12：40　閉会

植物生体膜談話会主催による上記の第5回植物生体膜シンポジウムを日本植物生理学会2000年度年会のサテライトシンポジウムとして開催します。参加費は1,000円，懇親会費は6,000円です。当日会場で徴収させていただきます。シンポジウムおよび懇親会参加希望者は，3月10日（金）までに下記の連絡先までお知らせ下さい。

一般講演（12分講演＋3分討論）を募集しています。希望者は2月10日までに演者名，所属と演題を下記の連絡先までお知らせ下さい。なお，講演は植物生体膜談話会会員に限らせていただきますが，当日までに入会される方は会員とした扱わせていただきます。年会費は1,000円です。

第5回植物生体膜シンポジウム実行委員会
飯野盛利，大隅良典，岡崎芳次，加藤　潔，武藤尚志（委員長）
連絡先：武藤尚志　名古屋大学生物分子応答研究センター
Tel 052-789-5205　Fax 052-789-5206
E-mail: h44787a@nucc.cc.nagoya-u.ac.jp

「植物オルガネラ研究における新展開」
（第2回 植物オルガネラワークショップ）

日時：3月26日（日）10：30～17：00
会場：ホテル・ルブラ王山 B1 弥生の間
名古屋駅から地下鉄（東山線）で15分，「池下駅」下車，2番出口より徒歩3分

セッション1「オルガネラ形成への遺伝学的アプローチ」（10：35～11：50）
1．「葉緑体の形態形成に関わる遺伝子の解析」
島田裕士，太田啓之，増田建，高宮建一郎（東工大・生命理工）
2．「オルガネラ機能を制御する遺伝子の単離と解析―遺伝学的アプローチ―」
坂本亘（岡山大・資源生物科学研）
3．「フィトクロムによる光形態形成反応」　長谷あきら（京都大・院・理）
特別講演「植物オルガネラの機能転換を支える分子機構」　西村　幹夫（基生研）（13：00～13：50）
セッション2「オルガネラ機能の新側面」（14：00～15：25）
4．「嫌気条件下でのイネミトコンドリア型アルデヒド脱水素酵素（ALDH）の役割」
中園幹生（東京大，農学部）
5．「光呼吸と植物の生産性」　津山孝人，小林善親（九州大・院・生物資源環境科学）
6．「葉緑体光合成色素の合成と調節」　田中　歩（北海道大，低温研）
セッション3「オルガネラゲノムを探る」（15：35～16：50）
7．「テンサイから見た植物ミトコンドリアゲノム遺伝子構成の多様性」
久保友彦，三上哲夫（北海道大，農学部）
8．「コムギにおける核とミトコンドリアのクロストークによる雌雄性分化」
荻原保成（横浜市大・木原生研）
9．「葉緑体の RNA エディティング」　杉浦昌弘（名古屋大，遺伝子）

ミキサー：ホテル・ルブラ王山 2F 千成の間　17：30～19：30
世話人：射場厚（九州大・院・理）・小保方潤一（名古屋大・遺伝子）・河野重行（東京大・新領域）
連絡先：〒464-8602 名古屋市千種区不老町　名古屋大学遺伝子実験施設　小保方潤一
Tel/Fax 052-789-3081
E-mail: h44979a@nucc.cc.nagoya-u.ac.jp

上記のワークショップを日本植物生理学会2000年度年会のサテライトとして開催します。ワークショップへの参加は無料です。ミキサー参加者は，一般4,000円，学生2,000円を当日会場で徴収する予定です。ワークショップおよびミキサーへの参加希望者は，氏名，所属，連絡先（メールアドレス）を3月10日（金）までに上の連絡先までお知らせ下さい。当日参加も歓迎いたします。

□授賞式・受賞講演

2日目　　3月28日（火）16：00～17：20　A会場

〔授賞式〕

16：00　授賞経過報告
　　賞状授与

〔受賞講演〕

日本植物生理学会奨励賞

16：20　太田　にじ（埼玉大学理学部分子生物学科）
　　オルガネラの起源・進化と遺伝子発現に関する研究

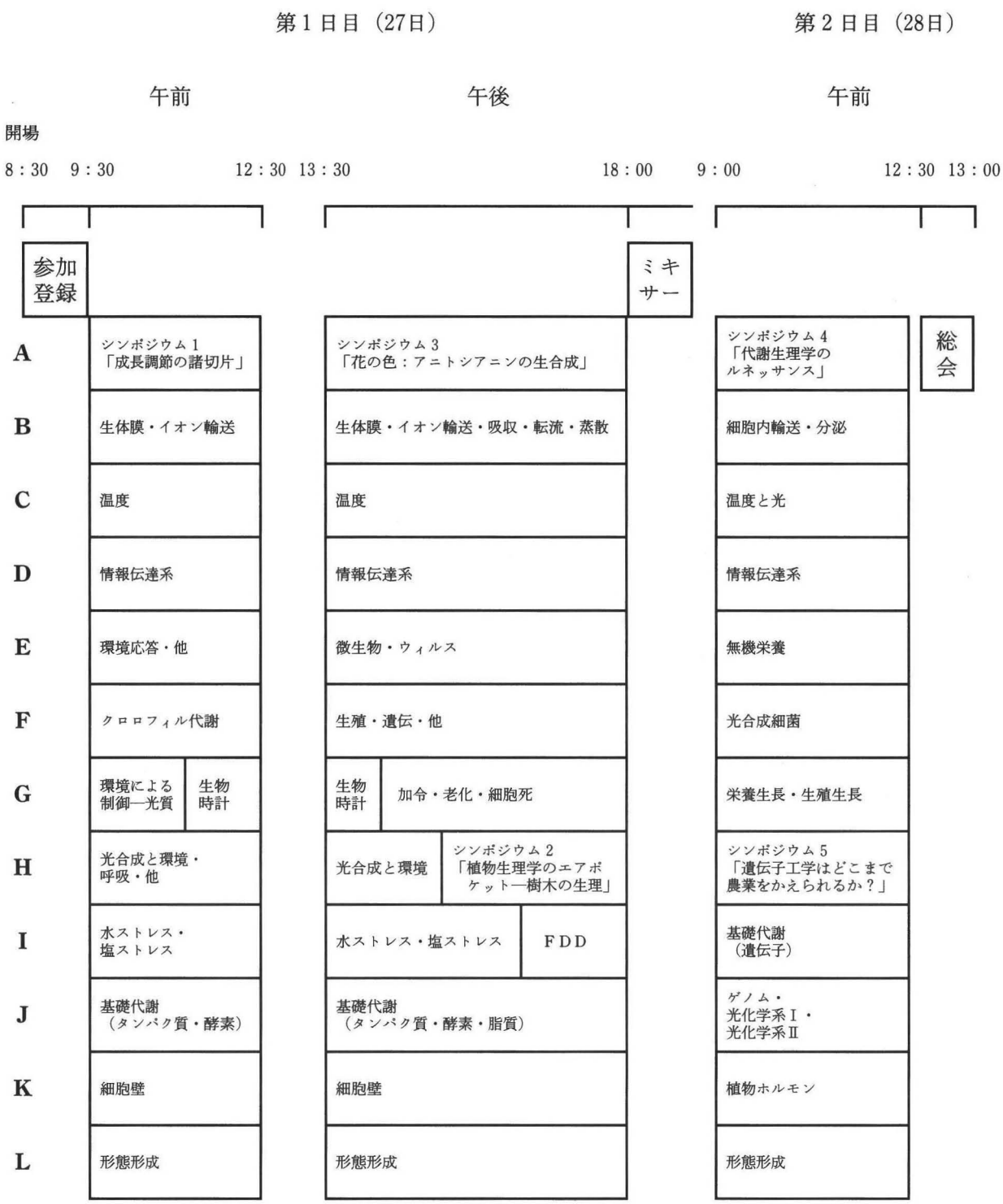
16：40　佐藤　浩之（東邦大学理学部生物分子科学科）
　　アブラナ科植物より得られる水溶性クロロフィルタンパク質に関する分子生物学的研究

日本植物生理学会論文賞

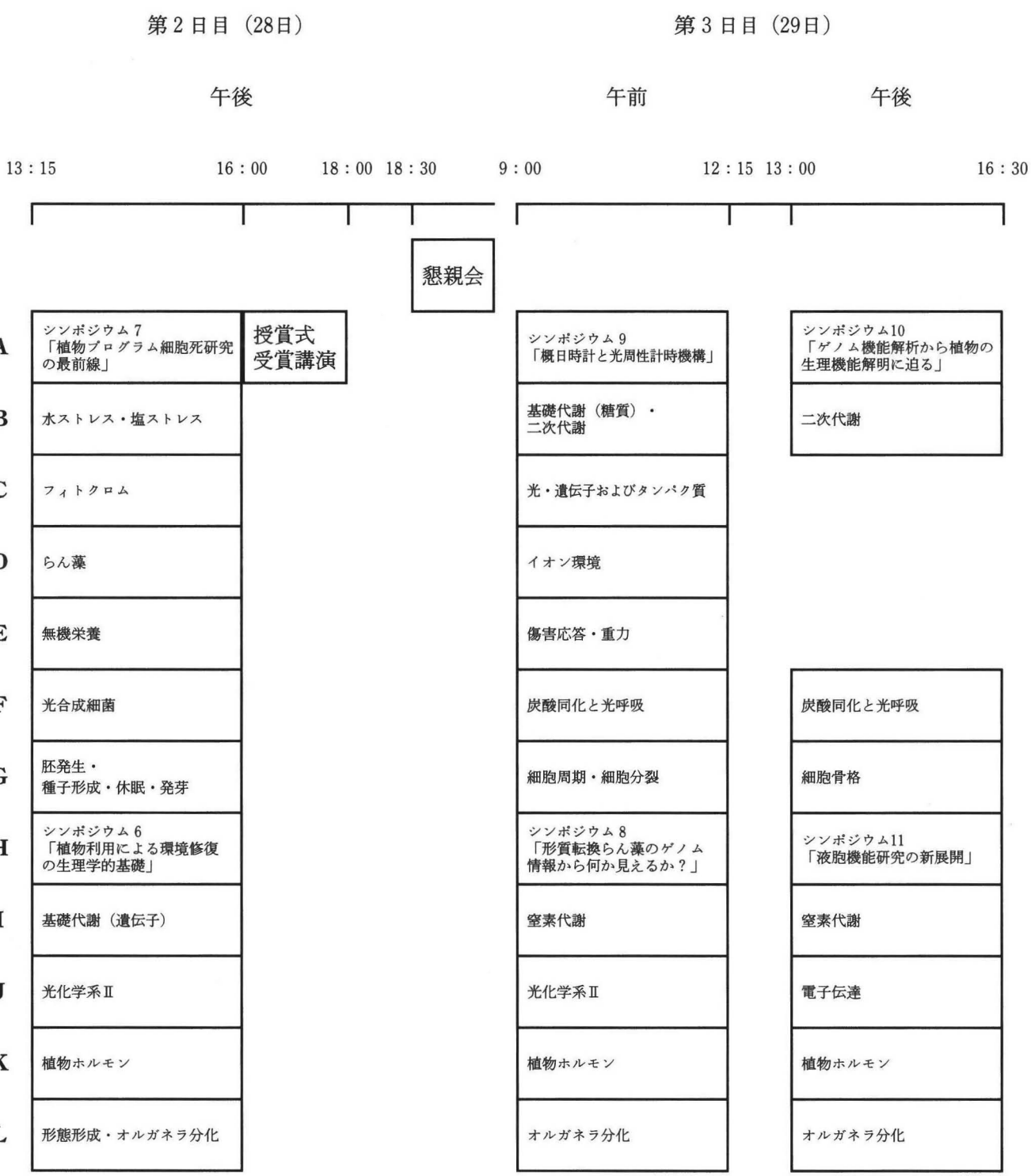
17：00　宮下　英明（海洋バイオテクノロジー研究所・釜石研究所）
　　クロロフィル *d* を主要光合成色素として有する新規酸素発生型光合成原核生物の色素組成

　　—受賞論文—
　　Hideaki Miyashita, Kyoko Adachi, Norihide Kurano, Hisato Ikemoto, Mitsuo Chihara and Shigetoh Miyachi:
　　Pigment composition of a novel oxygenic photosynthetic prokaryote containing chlorophyll *d* as the major chlorophyll.
　　Plant Cell Physiol. 38(3): 274–281 (1997)

日　程　表


第1日目（27日）
第2日目（28日）
午前
午後
午前
開場
8：30
9：30
12：30
13：30
18：00
9：00
12：30
13：00
参加登録
ミキサー
総会
A
シンポジウム1「成長調節の諸切片」
シンポジウム3「花の色：アニトシアニンの生合成」
シンポジウム4「代謝生理学のルネッサンス」
B
生体膜・イオン輸送
生体膜・イオン輸送・吸収・転流・蒸散
細胞内輸送・分泌
C
温度
温度
温度と光
D
情報伝達系
情報伝達系
情報伝達系
E
環境応答・他
微生物・ウィルス
無機栄養
F
クロロフィル代謝
生殖・遺伝・他
光合成細菌
G
環境による制御—光質
生物時計
生物時計
加令・老化・細胞死
栄養生長・生殖生長
H
光合成と環境・呼吸・他
光合成と環境
シンポジウム2「植物生理学のエアポケット—樹木の生理」
シンポジウム5「遺伝子工学はどこまで農業をかえられるか？」
I
水ストレス・塩ストレス
水ストレス・塩ストレス
FDD
基礎代謝（遺伝子）
J
基礎代謝（タンパク質・酵素）
基礎代謝（タンパク質・酵素・脂質）
ゲノム・光化学系Ⅰ・光化学系Ⅱ
K
細胞壁
細胞壁
植物ホルモン
L
形態形成
形態形成
形態形成

日　程　表


第２日目（28日）
第３日目（29日）
午後
午前
午後
13：15
16：00
18：00
18：30
9：00
12：15
13：00
16：30
懇親会
A
シンポジウム７「植物プログラム細胞死研究の最前線」
授賞式 受賞講演
シンポジウム９「概日時計と光周性計時機構」
シンポジウム10「ゲノム機能解析から植物の生理機能解明に迫る」
B
水ストレス・塩ストレス
基礎代謝（糖質）・二次代謝
二次代謝
C
フィトクロム
光・遺伝子およびタンパク質
D
らん藻
イオン環境
E
無機栄養
傷害応答・重力
F
光合成細菌
炭酸同化と光呼吸
炭酸同化と光呼吸
G
胚発生・種子形成・休眠・発芽
細胞周期・細胞分裂
細胞骨格
H
シンポジウム６「植物利用による環境修復の生理学的基礎」
シンポジウム８「形質転換らん藻のゲノム情報から何か見えるか？」
シンポジウム11「液胞機能研究の新展開」
I
基礎代謝（遺伝子）
窒素代謝
窒素代謝
J
光化学系Ⅱ
光化学系Ⅱ
電子伝達
K
植物ホルモン
植物ホルモン
植物ホルモン
L
形態形成・オルガネラ分化
オルガネラ分化
オルガネラ分化

シンポジウム1　　第1日　3月27日（月）9：30〜12：30　　A会場

「成長調節の諸切片」

オーガナイザー　加藤　潔（名古屋大・情報文化・院・人間情報）
飯野盛利（大阪市立大・院・付属植物園）

9：30　　はじめに　　加藤　潔（名古屋大・情報文化・院・人間情報）

座長　近藤矩朗（東京大・院・理系）

9：35　S1-1　自然光紫外線（near UV）に対する植物の応答反応
手塚修文，塩崎紀子，五條里保，橋本亜矢子
（名古屋大・院・人間情報）

10：00　S1-2　ウリ科植物の重力形態形成機構：重力によるネガテイブコントロールとオーキシン
高橋秀幸（東北大・遺伝生態研究センター）

座長　谷本英一（名古屋市立大・自然科学研究教育センター）

10：25　S1-3　ジベレリンによる草丈制御の分子機構―生理研究と分子遺伝学的研究の接点―
池田　亮，松倉千昭，山口淳二
（名古屋大・生物分子応答）

10：50　S1-4　サクラにおける茎の成長方向制御に関わる重力と植物ホルモンの作用
中村輝子（日本女子大・理・院）

座長　山本興太郎（北海道大・院・地球環境）

11：15　S1-5　オーキシン反応は単一のオーキシン受容体で説明できるか？
下村正二（農業生物資源研究所）

11：40　S1-6　幼茎の伸長成長における細胞壁伸展駆動力の調節
―電気生理学的解析から分子遺伝学的解析まで―
加藤　潔，高橋宏二，北村さやか，岡本朱根[1]
（名古屋大・情報文化・院・人間情報，[1]昭和薬科大・生物）

12：05　S1-7　成長調節の経時的諸切片　　飯野盛利（大阪市立大・院・付属植物園）

シンポジウム 2　　第 1 日　3 月27日（月）15：00～18：05　H 会場

「植物生理学のエアポケット―樹木の生理」

オーガナイザー　手塚修文（名古屋大・院・人間情報）
宝月岱造（東京大・アジア生物研究センター）

15：00　はじめに　手塚修文（名古屋大・院・人間情報）

座長　篠原健司（農水省・森林総研）

15：05　S2-1　酸性化ストレスに対する樹木の生理応答
竹中千里[1]，小川匡之[1]，手塚修文[2]
（[1]名古屋大・院・生命農学，[2]名古屋大・院・人間情報）

15：35　S2-2　森林樹木と菌類の共生系：外生菌根
宝月岱造（東京大・アジア生物研究センター）

座長　手塚修文（名古屋大・院・人間情報）

16：05　S2-3　熱帯樹木で見つかった新しい光応答現象―ガジュマルの生葉黄金化―
山崎秀雄（琉球大・理）

16：35　S2-4　ニホンナシの自家不和合反応の生理・生化学的解析
平塚　伸（三重大・生物資源）

座長　山本直樹（お茶の水大・理）

17：05　S2-5　マングローブ植物の耐塩性と代謝　芦原　坦（お茶の水大・理）

17：35　S2-6　樹木生理学から分子生物学へ―スギ花粉症対策への応用―
篠原健司，福井充枝，二村典宏，伊ヶ崎知弘，毛利　武，
丸山エミリオ，佐藤　亨，長尾精文，向井　譲[1]
（農水省・森林総研，[1]静岡大・農）

シンポジウム3　　第1日　3月27日（月）13：30〜16：30　A会場

「花の色：アントシアニンの生合成」

オーガナイザー　飯田　滋（基礎生物学研究所）

座長　小関良宏（東京農工大・工）

13：30　S3-1　花の色とアントシアニンの化学　斎藤規夫（明治学院大・一般教育）

13：55　S3-2　液胞内の生理と花色発現　吉田久美，近藤忠雄[1]
（椙山女学園大・生活科学，[1]名大・化測機セ）

14：20　S3-3　アサガオの花色に関わる自然突然変異
飯田　滋，星野　敦，森田裕将，稲垣善茂，
田中（深田）幸子（基礎生物学研究所）

座長　飯田　滋（基礎生物学研究所）

14：45　S3-4　カーネーションにおける花色発現　小関良宏（東京農工大・工）

15：10　S3-5　アントシアニン色素生合成における後期段階の生化学と分子生物学：
アントシアニジン合成酵素と新規配糖化酵素について
斉藤和季（千葉大・薬）

15：35　S3-6　青い花を作るための酵素の分子生物学・生化学・応用
田中良和（サントリー基礎研究所）

16：00　S3-7　遺伝子組換えによるトレニアの花色の改変　柴田道夫（野菜・茶業試・花き）

シンポジウム4　　第2日　3月28日（火）9：00～12：05　A会場

「代謝生理学のルネッサンス―バイオテクノロジーによる新たな展開」

オーガナイザー　徳富（宮尾）光恵（農水省・生物研）
松岡　信（名古屋大・生物分子応答）

9：00　はじめに　徳富（宮尾）光恵（農水省・生物研）

座長　杉山達夫（名古屋大・院・生命農）

9：10　S4-1　Metabolic Regulation of Nitrate and Sucrose Metabolism
Huber, S. C., Athwal, G. S., Winter, H.[1], and Toroser, D.
(USDA, NC State Univ., [1]Univ. Osnabruek)

9：50　S4-2　イネにおけるアンモニウム同化と転流窒素利用の分子機構：アンチセンス NADH 依存性グルタミン酸合成酵素 cDNA を導入したイネの解析
早川俊彦，山谷知行（東北大・院・応用生命科学）

座長　牧野　周（東北大・院・応用生命科学）

10：20　S4-3　光合成効率の改良によるソース器官の炭素代謝制御―ラン藻 FBP/SBPase の緑体への導入
宮川佳子，田茂井政宏，重岡　成（近畿大・農）

10：50　S4-4　代謝生理学のコペルニクス的転回―イネで C_4 光合成回路は機能するのか？
深山　浩，松岡　信[1]，徳富（宮尾）光恵
（農水省・生物研，[1]名古屋大・生物分子応答）

11：20　S4-5　Phosphoenolpyruvate carboxylase（PEPC）形質転換体イネでの PEPC による炭素フローの制御と低 pH 土壌ストレス耐性強化
大崎　満，宮尾光恵[1]，松岡　信[2]
（北海道大・院・農，[1]農水省・生物研，[2]名古屋大・生物分子応答）

11：50　総合討論

シンポジウム 5　　第 2 日　3 月28日（火）9：00〜12：00　H 会場

「遺伝子工学はどこまで農業をかえられるか？」

オーガナイザー　射場　厚（九州大・院・理）
古澤　巌（京都大・院・農）

9：00　はじめに　駒嶺　穆（進化生物研）

座長　射場　厚（九州大・院・理）

9：05　S5-1　大麦の塩ストレスに応答する遺伝子のカタログを作る
中村敏英，Jagendorf, A. T[1]., 施　衛明，上田晃弘，高倍鉄子
（名古屋大・院・生命農，[1]Sec. Plant Biol. Cornell Univ.）

9：30　S5-2　越冬性植物の寒冷環境ストレス応答における機能性タンパク質の多様性
竹澤大輔，荒川圭太，吉田静夫，藤川清三
（北海道大・低温研）

9：55　S5-3　トリエン脂肪酸と植物の温度適応　射場　厚（九州大・院・理）

座長　古澤　巌（京都大・院・農）

10：20　S5-4　病原菌認識と応答は植物細胞壁で起こる
木場章範[1]，豊田和弘，一瀬勇規，山田哲治，
白石友紀（岡山大・農，[1]岩手生工研）

10：45　S5-5　植物 RNA ウイルスの増殖をサポートする宿主因子の検索
石川雅之，山中拓哉，佐藤玲奈，内藤　哲
（北海道大・院・農）

11：10　S5-6　植物のオキシダティブバーストと感染防御ネットワークの誘導
道家紀志，朴　海準，吉岡博文，川北一人
（名古屋大・院・生命農）

座長　佐藤文彦（京都大・院・生命科学）

11：35　S5-7　Expression and Regulation of Antimicrobial Defense reactions in Chickpea.
Wolfgang Barz, [1]Yuki Ichinose
(Munster Univ. [1]Okayama Univ.)

シンポジウム 6　　第 2 日　3 月28日（火）13：30～15：30　H 会場

Plant Physiological Basis for Phytoremediation
「植物利用による環境修復の生理学的基礎」

Organizers: H. Morikawa (Hiroshima Univ.)

13：30　Introduction　H. Morikawa (Hiroshima Univ.)

Chairperson　H. Sano (Nara Institute of Science and Technology)

13：40　S6-1　Enviromental Mercury Detoxification and Removal by Transgenic Plants Expressing Bacterial mer Genes
C. L. Rugh.[1], S. P. Bizily[2], N. -J. Wang[2], A, C. P. Heaton[2], S. A. Merkle[2] and R. B. Meagher[2]
([1]Michigan State Univ. and [2]Univ. of Georgia)

14：10　S6-2　Novel Plant Peroxidase for Remediation of Haloorganics
L. Marton (Univ. of South Carolina)

Chairperson　L. Marton (Univ. of South Carolina)

14：40　S6-3　Transgenic Plants That Are Enriched with Cysteine Synthase Genes
H. Sano (Nara Institute of Science and Technology)

15：10　S6-4　Metabolism of the Nitrogen of Nitrogen Dioxide in Plants
H. Morikawa and M. Takahashi (Hiroshima Univ.)

シンポジウム7　　第2日　3月28日（火）13：30〜15：30　A会場

「植物プログラム細胞死研究の最前線」

オーガナイザー　福田裕穂（東京大・院・理・生物科学）

座長　福田裕穂（東京大・院・理・生物科学）

13：30　S7-1　ウイルス感染による過敏感細胞死と獲得抵抗性

大橋祐子[1,2]，瀬尾茂美[2]，光原一朗[1,2]，喬　景波[1]，三浦正幸[3]
（[1]農水省・農業生物資源研，[2]CREST/JST，[3]大阪大・医）

14：00　S7-2　低分子Gタンパク Rac による細胞死と耐病性のシグナリング

島本　功，小埜栄一郎，逸見　健司，Wong Hann Lin，
坂本　剛，川崎　努（奈良先端大・バイオサイエンス）

座長　島本　功（奈良先端大・バイオサイエンス）

14：30　S7-3　Involvement and Detection of Caspase-Like Proteases during Cell Death Induction by Plant Pathogens

Eric Lam, Dominique Pontier, and Olga del Pozo
(Biotech Center, Cook College, Rutgers, State Univ. of New Jersey)

15：00　S7-4　植物細胞分化に伴うプログラム細胞死

福田裕穂，井藤　純，田代　玄，表　賢珍，岡村好倫，
小原圭介，遠藤暁詩，山本　亮，栗山英夫，出村　拓
（東京大・院・理・生物科学）

シンポジウム8　第3日　3月29日（水）9：00～12：10　H会場

Functional Genomics: The Power of Completed Genome Sequences of Transformable Cyanobacteria
「形質転換らん藻のゲノム情報から何がみえるか？」

Organizers: Teruo Ogawa (Nagoya Univ.)
Masahiko Ikeuchi (Tokyo Univ.)

Chairperson: Teruo Ogawa (Nagoya Univ.)

9：00　S8-1　The Physiological Relevance of Cyanobacterial Respiration
Guenter Peschek (Univ. Vienna)

9：30　S8-2　A Membrane-Bound Rubredoxin is Required for Biogenesis of Photosystem I
Donald A. Bryant (Pennsylvania State Univ.)

10：00　S8-3　Genes That Regulate Functions of Photosystems in the Cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803.
Himadri Pakrasi, Elena Zak, Natalia Ivleva and Itzhak Ohad[1]
(Washington Univ. and [1]Hebrew Univ.)

10：30　S8-4　Genetic and Biochemical Analysis of Mesophilic and Thermophillic Cyanobacteria
Masahiko Ikeuchi (Tokyo Univ.)

Chairperson: Masahiko Ikeuchi (Tokyo Univ.)

10：50　S8-5　Chlorophyll Synthesis and Binding in Cyanobacteria
Xu, D. Vavilin, Q. He, C. Funk, and W. Vermaas
(Arizona State Univ.)

11：20　S8-6　The Significance of Three Different Cytochrome c Oxidases in the Cyanobacterium *Anabaena* sp. ATCC29413
G. Schmetterer, A. Valladares[1], S. Steinbach, M. Pacher, Muro-Pastor[1], D. Pils, E. Flores[1] and A. Herrero[1]
(Univ. Vienna and [1]Univ. Sevilla)

11：50　S8-7　Genome Analysis of a Filamentous Cyanobacterium, *Anabaena* sp. PCC7120
Takakazu Kaneko, Yasukazu Nakamura, Shigemi Sasamoto, C. Peter Wolk[1] and Satoshi Tabata
(Kazusa DNA Res. Inst. and [1]Michigan State Univ.)

シンポジウム9　　第3日　3月29日（水）9：00～12：00　A会場

「概日時計と光周性計時機構」

オーガナイザー　近藤孝男（名古屋大・院・理）

座長　近藤孝男（名古屋大・院・理）

9：00　S9-1　時計細胞における MAP キナーゼの日周変動と光入力系
深田吉孝（東京大・院・理・生化 CREST）

9：25　S9-2　シアノバクテリアの概日時計蛋白質 KaiABC, SasAの機能解析
岩崎秀雄，石浦正寛[1]，近藤孝男
（名古屋大・院・理，[1]名古屋大・遺伝子）

9：50　S9-3　A Gene Discovery Program for Circadian Funcitons in Arabidopsis
S. A. Kay（Scrips Institute, USA）

座長　荒木　崇（京都大・院・理）

10：40　S9-4　短日植物イネの光周性反応―光受容体と概日時計―
井澤　毅，及川鉄男，早間良輔，杉山展子，島本　功
（奈良先端大・バイオサイエンス）

11：05　S9-5　光周性花成誘導に関連する時計制御遺伝子の解析
小野道之，小野公代[1]，小口太一[1]，相田徳子[1]，
上田健治，鎌田　博[1]，井上正保
（秋田県立大・生工研，[1]筑波大・生物）

11：30　S9-6　シロイヌナズナの花芽分化の光周性誘導における GIGANTEA 遺伝子と CONSTANS 遺伝子の役割
尾之内均，Paula Suarez-Lopez, Karen Lee, Sarah Flowler[1],
Jo Putterill[1], and George Coupland
（John Innes Centre UK, [1]Auckland Univ., New Zealand）

シンポジウム10　　第3日　3月29日（水）13：30～16：30　A会場

「ゲノム機能解析から植物の生理機能解明に迫る」

オーガナイザー　篠崎一雄　（理研・ゲノム科学総合研）
小保方潤一（名古屋大・遺伝子）

13：30　はじめに　篠崎一雄　（理研・ゲノム科学総合研）

座長　篠崎一雄（理研・ゲノム科学総合研）

13：35　S10-1　ポストゲノムの15年
杉浦昌弘，杉田　護[1]，若杉達也[2]，広瀬哲郎
（名古屋大・遺伝子，[1]人間情報，[2]富山大・理）

14：05　S10-2　ポジショナルクローニング法によるイネ感光性関連 QTL の単離
矢野昌裕，高橋裕治[1]，片寄裕一，門奈理佐[1]，
芦刈基行，林　鴻宣，布施拓市，小島晶子，
山内歌子[1,2]，佐々木卓治
（農水省生物研，[1]農林水産先端研，[2]富山大・理）

14：35　休憩

座長　小保方潤一（名古屋大・遺伝子実験施設）

14：45　S10-3　シロイヌナズナゲノム解析に向けたリソースの整備
田畑哲之（かずさDNA研）

15：15　S10-4　植物細胞の分化決定に関わる遺伝子機能の解析
岡田清孝（京都大・院・理・植物）

15：45　S10-5　ゲノム科学的手法を用いたシロイヌナズナの遺伝子機能解析
篠崎一雄（理研・ゲノム科学総合研）

16：15　総合討論

シンポジウム11　　第3日　3月29日（水）13：30〜16：30　H 会場

「液胞機能研究の新展開」

オーガナイザー　大隅良典（基礎生物学研究所，総研大）
三村徹郎（一橋大・商）

13：30　はじめに　大隅良典（基礎生物学研究所，総研大）

座長　大隅良典（基礎生物学研究所，総研大）

13：40　S11-1　分裂酵母における液胞タンパク質輸送及び液胞形成機構
竹川　薫（香川大・農）

13：55　S11-2　The Tonoplast as an Oscillator in Biological Timing: Vacuolar Functions in the Non-Linear Dynamics of Endogenous Rhythmicity of Crassulacean Acid Metabolism (CAM)
Urlich. Luettge（ダルムシュタット工科大）

14：35　S11-3　種子貯蔵タンパク質の液胞への輸送のための2つの経路
嶋田知生，西村幹夫，西村いくこ[1]
（基生研・細胞生物，[1]京都大・院理・植物）

座長　三村徹郎（一橋大・商）

14：55　S11-4　液胞におけるタンパク質分解—酵母からの展開　野田健司（基礎生物学研究所）

15：15　S11-5　タバコ培養細胞の自食作用　森安裕二（静岡県立大・食品栄養科学）

15：30　S11-6　単細胞緑藻カサノリの液胞膜輸送系と細胞機能
池田己喜子（岡山県立大・保福部・栄養）

15：45　S11-7　Na^+/H^+ antiporter 遺伝子とアサガオ花弁の青色化
稲垣善茂[1]，田中（深田）幸子[1]，山口利男[1,2]，飯田　滋[1,2]
（[1]基礎生物学研究所，[2]総合研究大学院）

16：05　S11-8　シロイヌナズナにおける液胞膜タンパク質のカタログ化—ゲノム研究と液胞機能研究の橋渡しを目指して—
白武勝裕，気多澄江，前島正義，山木昭平
（名古屋大・院・生命農）

16：20　総合討論

一般講演プログラム

第1日　3月27日（月）

時間	A 会場	B 会場 生体膜・イオン輸送	C 会場 温度	D 会場 情報伝達系	E 会場 環境応答・他	F 会場 クロロフィル代謝
9：30	シンポジウム 1 「成長調節の諸切片」	1aB01 塩ストレス適応タバコ培養細胞から単離した原形質膜と液胞膜の脂肪酸及びステロールの分析 日野智之，田中忠幸，大熊英治，村田芳行，多田幹郎（岡山大・農）	1aC01 安定同位体標識法を併用した多次元 NMR 分光法によるラン藻 *Anabaena variabilis* M3 の RNA 結合タンパク質 RbpAl の溶液構造解析 村上智英，森田勇人，林秀則，佐藤直樹[1]（愛媛大学院・理工・物質理，[1]埼玉大・理・分子生物）	1aD01 タバコ ERF3 はユビキチン結合酵素と相互作用する 小山知嗣[1]，岡田　崇[1]，北島佐紀人[2]，高木　優[3]，進士秀明[3]，佐藤文彦[1,4]（[1]京大院・農，[2]RITE，[3]工技院・生命工学，[4]京大院・生命科学）	1aE01 ジャガイモ植物における Sesquiterpene Cyclase 遺伝子の単離 口村和男，山田直史，道家紀志，吉岡博文（名大・院生農）	1aF01 クロロフィル b 合成はクロロフィル a オキシゲナーゼの発現によって調節されているか？ 田中亮一，田中　歩（北大・低温研）
9：45		1aB02 ヤエナリ原形質膜の非対称構造に関する研究 武田裕一，笠毛邦弘（岡山大・資生研）	1aC02 低温誘導性遺伝子 *rbpA1* の転写調節の解析 圓山恭之進，佐藤直樹（埼玉大・理・分子生物）	1aD02 シロイヌナズナ DNA 傷害応答遺伝子の制御領域の解析 前田智秀，渡壁百合子，高瀬尚文，堀田康雄[1]，平塚和之（奈良先端大・バイオ，[1]岐阜国際バイオ研究所）	1aE02 NASBA を用いた RNA サブトラクション：特異的に存在する RNA の解析法 中原健二，吉田幸二[1]，北川良親（秋田県立大・生工研，[1]果樹試リンゴ）	1aF02 シアノバクテリアにおけるクロロフィル a オキシゲナーゼ（*CAO*）の発現とクロロフィル b の蓄積 佐藤壮一郎，田中亮一，三室　守[1]，池内昌彦[2]，田中　歩（北大・低温研，[1]山口大・理，[2]東大・教養・生物）
10：00		1aB03 $CaCO_3$ 及び $CaHPO_4$ の蒸留水と 100 mM KCl 水溶液中での，溶解度と pH 清沢桂太郎（大阪大院・基礎工学・生物工学）	1aC03 *Synechocystis* sp. PCC6803 における *rbp1* 及び *crh* 遺伝子の低温誘導的な発現制御に関わる低温シグナル伝達系の解析 兼崎　友[1]，三上浩司，鈴木石根，村田紀夫（基生研，[1]総研大・生命科学）	1aD03 シロイヌナズナのヒスチジンキナーゼ ATHK1 の変異遺伝子の解析 浦尾　剛，刑部祐里子，篠崎和子，篠崎一雄[1]（国際農林水産業研究センター，[1]理化学研究所ライフサイエンス筑波センター）	1aE03 植物における二本鎖 RNA 結合タンパク質の同定 相澤大輔，福原敏行（東京農工大・農・細胞分子）	1aF03 光合成細菌を利用した光非依存性プロトクロロフィリド還元酵素の精製とその性質 藤田祐一，Carl E. Bauer[1]（大阪大・蛋白研，[1]インディアナ大・生物）
10：15		1aB04 車軸藻の原形質連絡変化の電気的測定 緒方惟昭（産業医大・産業保健・第一生体情報）	1aC04 *Synechocystis* PCC6803 の低温シグナル検知に関わるヒスチジンキナーゼ Hik 33 の変異株の解析 鈴木石根，兼崎　友[1]，三上浩司，村田紀夫（基生研，[1]総研大）	1aD04 老化および乾燥ストレスにより誘導されるシロイヌナズナ *erd1* 遺伝子の発現解析 鳴坂義弘，中島一雄，Sean D Simpson，篠崎和子，篠崎一雄[1]（国際農研・生物資源，[1]理研・植物分子）	1aE04 汎用型 X-band ESR 装置を用いた植物の *in vivo ESR* 計測 白石卓夫[1]，青山正明[1,2]，大矢博昭[1,2]，鎌田　仁[2]（[1]科技団，[2]生物ラジカル研究所）	1aF04 シロイヌナズナにおける新規な NADPH-プロトクロロフィリド還元酵素アイソザイム（PORC）のクローニングおよび発現解析 大沢直毅，増田　建，栗井光一郎，房田直記，島田裕士，太田啓之，高宮建一郎（東工大・生命理工・生命科学）
10：30		1aB05 気孔孔辺細胞におけるフシコクシンによる原形質膜 H^+-ATPase の活性化 木下俊則，島崎研一郎（九州大・院理・生物科学）	1aC05 常温性ラン色細菌 *Synechocystis* sp. PCC6803 の生育の温度依存性 井上名津子，菓子野康浩，小池裕幸，佐藤和彦（姫路工業大・理・生命）	1aD05 シロイヌナズナの HPt 因子 AHP と相互作用する因子の検索 鈴木友美，桜井健介，上口智治，水野　猛（名大院・生命農）	1aE05 タバコ葉に存在する複数の Ca^{2+} 依存性プロテインキナーゼ 岩田由紀子[1]，小内　清[2]，小島久恵[1]，大藤雅章[2]，中村研三[1,2]（[1]名古屋大・生命農・生化，[2]基生研・発生生物）	1aF05 ダイコン子葉の 2 種類のクロロフィル分解酵素，フェオホルビダーゼの精製と性質 鈴木康予，鈴木千穂，塩井祐三（静岡大・理・生物地球）
10：45		1aB06 ソラマメ孔辺細胞において青色光により H^+-ATPase に結合する14-3-3蛋白質の分子種の決定 江見　崇，木下俊則，島崎研一郎（九州大・院理・生物科学）	1aC06 円石藻の生育温度マーカー分子の細胞内分布 山崎武央[1]，沢田　健[2]，白岩善博[3]（[1]新潟大・理・生，[2]筑波大・化学，[3]筑波大・生物）	1aD06 シロイヌナズナにおける His-Asp リン酸転移情報伝達機構因子群 ARRs の比較総合解析 今村　綾，鈴木友美，上口智治，水野　猛（名古屋大院・生命農）	1aE06 ニチニチソウ培養細胞の AOX と PAL のサリチル酸での発現誘導の比較 清田誠一郎，矢崎芳明，坂野勝啓（農水省・生物研）	1aF06 高等植物におけるクロロフィル代謝の主要なステップ 足立　勝[1,2]，山口登喜夫[3]，東　理恵[2]，倉田裕文[4]，高橋芳弘[1]，下川敬之[1]（[1]宮崎大・農，[2]宮崎医科大・生化学，[3]東京医科歯科大・遺伝生化，[4]九州農業試験場）

第1日　3月27日（月）

G 会場 環境による制御―光質・生物時計	H 会場 光合成と環境・呼吸・他	I 会場 水ストレス・塩ストレス	J 会場 基礎代謝（タンパク質・酵素）	K 会場 細胞壁	L 会場 形態形成	時 間
1aG01 RPT2：シロイヌナズナの光屈性シグナル伝達因子 酒井達也，岡田清孝（京都大院・理・植物）	1aH01 低温・光ストレスによって阻害された光化学系Ⅰ反応中心複合体の修復と分解 工藤英樹，園池公毅（東大新領域・先端生命）	1aI01 シロイヌナズナの rd29A 遺伝子プロモーターを導入したトランスジェニックイネの解析 吉羽洋周[1]，田中博美[1,2]，津村まゆみ[1]，関口文彦[2]，篠崎和子[3]，篠崎一雄[4]（[1]日立・中研・ライフサイエンス，[2]日本女子大学・理・生物，[3]国際農研，[4]理研・植物分子）	1aJ01 スポラミン前駆体の Pro36 への糖鎖付加に必要な領域 伊ヶ崎知弘，長谷川順子，中村研三，松岡　健（名大院・生命農・生化）	1aK01 ウキクサ（*Lemna* spp.）のホウ素結合多糖の性質と精製 桑木信輔，神山貴信，小林　優，間藤　徹，關谷次郎（京都大院・農・応用生命科学）	1aL01 セン類ヒメツリガネゴケ（*Physcomitrella patens* subsp. *patens*）のジーン・エンハンサートラップ系統の解析 日渡祐二[1,2]，梅田昌江[1,4]，西山智明[1,3]，長谷部光泰[1,2,4]（[1]基生研・種分化2，[2]総研大・生命科学，[3]東京大・院・理・生物科学，[4]PRESTO）	9：30
1aG02 転写因子 ATHB-2 の標的遺伝子の探索 大岸麻紀，岡　穆宏，青山卓史（京大・化研）	1aH02 コムギにおける温度順化：光化学系Ⅰ，Ⅱ間の電子伝達反応 山崎武信[1]，山根由裕，小池弘幸，佐藤和彦（姫工大・理・生命科学，[1]東邦大・理・生物）	1aI02 シロイヌナズナにおけるエクステンシン遺伝子（atExt2）の単離とそのファミリーの解析 吉羽洋周[1]，青木知佐子[1,2]，井内　聖[3]，楠城時彦[3]，関　原明[3]，関口文彦[2]，篠崎和子[4]，篠崎一雄[3]（[1]日立・中研・ライフサイエンス，[2]日本女子大・理・生物，[3]理研・植物分子，[4]国際農研）	1aJ02 イネ種子由来の α-マンノシダーゼの精製と特性について 岸本　正，中野恵康，渡部真由美，堀　秀隆，三ッ井敏明（新潟大・院・自然科学）	1aK02 ラムノガラクツロナンⅡ-ホウ素複合体に結合している金属イオンの結合サイト 石井　忠，松永俊朗[1]，小野裕嗣[2]（森林総研，[1]九農試，[2]食総研）	1aL02 レーザーマイクロダイセクションによるイネ胚乳組織分化期の特定細胞分離および発現遺伝子の確認 栗田昭宏，森　隆浩，森田重人，増村威宏，田中國介（京都府大・農）	9：45
1aG03 トランスポゾンタギングを用いた光形態形成突然変異 *cop 1* の抑制変異株の単離および解析 吉積　毅[1,2]，山本義浩[1]，島田浩章[2]，松井　南[1]（[1]理研・GSC・植物ゲノム・植物変異探索研究チーム，[2]東京理科大・基礎工学・生物工学）	1aH03 低温・高照度環境下で成育したイネ葉の光合成特性 大橋敬子，牧野　周，前忠彦（東北大院・農・応生科）	1aI03 プロリン処理したイネの耐塩性と Na^+ 吸収量の関係 五十嵐由美子[1]，吉羽洋周[2]，真田幸香[3]，和田敬四郎[3]，篠崎和子[4]，篠崎一雄[5]（[1]日立・ライフサイエンス推進事業部，[2]日立・中央研，[3]金沢大・理・生物，[4]農水国際農研，[5]理研・植物分子）	1aJ03 サツマイモ培養細胞のポリフェノールオキシダーゼプロセッシング酵素の諸性質と機能 吉田行孝，金沢孝治，橋本英之，田中一平，塩入秀成，小島峯雄，野末雅之（信州大・繊維・応生）	1aK03 半数体ブランバギニフォーリアの細胞接着ミュータント（*nolac*）ではペクチン側鎖のアラビナンが欠損していた 岩井宏暁，石井　忠[1]，佐藤　忍（筑波大・生物，[1]森林総研）	1aL03 シロイヌナズナの *ALE1* 遺伝子は胚乳の発生と表皮細胞分化に関与する 田中博和，尾之内均，渡辺大輔，塚谷裕一[1]，町田千代子，町田泰則（名大院・理・生命理，[1]基生研・生命環境科学）	10：00
1aG04 核タンパク質 CIP4 は光形態形成の正の制御因子である 山本義治，Xing-Wang Deng[1]，松井　南（理研 GSC，[1]Yale 大 MCOB）	1aH04 葉の老化速度の決定要因 西由香里，寺島一郎（大阪大・理・生物）	1aI04 シロイヌナズナにおける各種ポリアミンの水ストレス処理による変動と組織特異的分布 浦野　薫[1,3]，吉羽洋周[1]，五十嵐由美子[2]，内田憲孝[1]，関口文彦[3]，篠崎和子[4]，篠崎一雄[5]（[1]日立・中研・ライフサイエンス，[2]日立・ライフサイエンス推進事業部，[3]日本女子大・理・生物，[4]国際農研，[5]理研・植物分子）	1aJ04 アントシアニン生産性サツマイモ培養細胞の 24-kDa 液胞タンパク質（VP24）の一次構造と機能解析 徐　文新，守屋　慶，塩入秀成，小島峯雄，野末雅之（信州大・繊維・応生）	1aK04 キュウリ胚軸の切断面における組織癒合過程の形態学的解析 朝比奈雅志，岩井宏暁，佐藤　忍（筑波大・生物）	1aL04 表皮分化に関わるトウモロコシ *CRINKLY4* のシロイヌナズナにおけるホモログ *ATCR4* の単離と発現様式の解析 渡辺大輔，田中博和，町田千代子，町田泰則（名大院理・生命理）	10：15
1aG05 ミズワラビ（*Ceratopteris richardii*）前葉体における仮根形成時の不等分裂の光制御 村田　隆，菅井道三[1]（東京大・院総合文化・生命，[1]富山大・理・生物）	1aH05 常緑広葉樹の葉の光合成機能の成熟遅延 宮澤真一，寺島一郎（大阪大・理・生物）	1aI05 ストレス応答におけるシロイヌナズナ galactinol synthase 遺伝子の機能解析 太治輝昭[1,2]，大住千栄子[3]，関　原明[1]，井内　聖[1]，篠崎和子[4]，篠崎一雄[1]（[1]理研・植物分子，[2]筑波大・生物科学，[3]味の素㈱・中研，[4]農水省・国際農研・生物資源）	1aJ05 ヒマ種子液胞プロセシング酵素の成熟化機構の解析 平岩呂子[1,2]，水谷　健[3]，牧野由美子[3]，村上明男[3,4]，西村幹夫[1]，西村いくこ[1,5]（[1]基生研・細胞生物，[2]JT 生命誌研，[3]基生研・分析室，[4]神戸大・内海域セ，[5]京大院・理・植物）	1aK05 ポプラ培養細胞におけるセルロースの生分解機構 林　隆久，大宮泰徳（京大木研）	1aL05 タバコ培養細胞 BY-2 のアミロプラスト分化誘導にともなう分泌タンパク質の変化 西尾雅世，仁尾明日香，酒井　敦，齊藤知恵子[1]，宮沢　豊[2]，黒岩常祥[2]（奈良女子大・理・生物，[1]理研生体膜，[2]東大・院理・生物）	10：30
1aG06 西洋ワサビ毛状根に導入したフィトクロム遺伝子の過剰発現による光誘導不定芽形成に対する効果 齋藤　力，鈴木達哉，徳富　哲[1]，鎌田　博（筑波大生物，[1]大阪府立大・先端研）	1aH06 組み換え体イネ細胞質型デヒドロアスコルビン酸還元酵素の性質とそのタバコ葉緑体への導入 尼子克己[1]，石川綾美[1]，丑丸敬史[2]，森田重人[3]，増村威宏[3]，田中國介[3]，大岸泰香[1]，岸本律子[1]，合田　清[1]（[1]神戸学院大・栄養，[2]静岡大・理，[3]京都府大・農）	1aI06 The DREB family of genes in Rice, *Oryza satica* Joseph G. Dubouzet[1], Yoh Sakuma[1], Setsuko Miura[1], Emilyu G. Dubouzet[1], Kazuko Yamaguchi-Shinozaki[1], Kazuo Shinozaki[2]（[1]JIRCAS, [2]RIKEN）	1aJ06 インゲンマメのセネッセンス葉における液胞プロテイナーゼによるルビスコ分解 南川隆雄，豊岡公徳，岡本龍史，西村いくこ[1]，近藤真紀[2]，西村幹夫[2]（東京都立大院・理・生物科学，[1]京都大院・理・植物，[2]基生研，細胞生物）	1aK06 エンド-1,4-β-グルカナーゼを過剰発現させたアラビドプシスの解析 冨永るみ，酒井富久美，林　隆久（京都大・木研）	1aL06 bZIP 型転写因子 RSG のドミナントネガティブ型を発現する形質転換タバコを用いた表層微小管構築に関与するタンパク質の解析 石田さらみ，高橋陽介（東大院・理・生物科学）	10：45

第1日　3月27日（月）

時 間	A 会場	B 会場 生体膜・イオン輸送	C 会場 温度	D 会場 情報伝達系	E 会場 環境応答・他	F 会場 クロロフィル代謝
11：00	シンポジウム 1 「成長調節の諸切片」	1aB07 ショ糖による原形質膜プロトンポンプ活性の制御 葛西身延，葛西完治，鶴田幸雄，澤田信一（弘前大・農学生命・生物機能）	1aC07 クラミドモナスの光合成の高温適応：核と葉緑体ゲノムの相互作用 田中祐二，西山佳孝，村田紀夫（基生研，総研大・生命科学）	1aD07 シロイヌナズナにおける His-Asp リン酸リレー情報伝達：疑似レギュレーター因子群の機能解析 牧野聖也，今村　綾，木羽隆敏，谷口光隆，上口智治，杉山達夫，水野　猛（名古屋大院・生命農）	1aE07 シロイヌナズナの低シアノアラニン合成酵素変異体 山口　夕，中村達夫，佐野　浩（奈良先端大・遺伝子教育研究センター）	1aF07 ウンシュウミカン果実におけるクロロフィル代謝 倉田裕文，東　理恵[1]，高橋芳弘[2]，山元洋幸[2]，下川敬之[2]，足立　勝[1]（九州農業試験場，[1]宮崎医科大・生化学，[2]宮崎大・農）
11：15		1aB08 酵母細胞におけるイネ原形質膜 H^+-ATPase イソ酵素（OSA1, OSA2）の発現 柴坂三根夫，丑丸敬史[1]，笠毛邦弘（岡山大・資生研，[1]静岡大・理・生物）	1aC08 ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7002 の高温感受性変異株における変異遺伝子の解析 木村愛子，森田勇人，林秀則（愛媛大院・理工・環境科学）	1aD08 窒素栄養に応答したサイトカイニンの蓄積・輸送機構の解析 武井兼太郎，榊原　均，谷口光隆，杉山達夫（名古屋大院・生命農学）	1aE08 低線量放射線照射によるイネ初期生育の促進 宮原研三（農水省・生物研）	1aF08 ブロッコリー花蕾（*Brassica oleracea* L.）におけるクロロフィル代謝 高橋芳弘，古田宗宜，山元洋幸，倉田裕文[1]，東　理恵[2]，下川敬之，足立　勝[2]（宮崎大・農，[1]九州農業試験場，[2]宮崎医科大・生化学）
11：30		1aB09 エンドウ液胞膜 H^+-ATPase の E サブユニットアイソフォームとアイソタイプ酵素の存在 河村幸男，荒川圭太，前島正義[1]，吉田静夫（北大・低温研，[1]名大院・生命農）	1aC09 好冷性藻類および好冷性細菌からの熱ショックタンパク質遺伝子のクローニング 山内清司，森田勇人，林秀則，小亀一弘[1]，奥山英登志[2]（愛媛大院・理工・物質理，[1]北大・理・生物科，[2]北大・地球環境）	1aD09 トウモロコシの二成分情報伝達系因子 ZmRRI 遺伝子のシス領域と発現部位の解析 出路　篤，榊原　均，奥村真也，石田祐二[1]，山田茂裕[1]，小鞠敏彦[1]，久保友明[1]，杉山達夫（名古屋大院・生命農学，[1]ORYNOVA K.K.）	1aE09 アスコルビン酸合成に関与する遺伝子 *AtGLD1* の構造と発現解析 玉置雅紀，朴　素弘[1]，中嶋信美，久保明弘，青野光子，佐治　光（国立環境研究所，[1]ソウル市立大学）	1aF09 植物における Mg-デキレターゼの部分精製と酵素化学的性質 東　理恵，倉田裕文[1]，高橋芳弘[2]，下川敬之[2]，足立　勝（宮崎医科大・生化学，[1]九州農業試験場，[2]宮崎大・農）
11：45		1aB10 液胞膜に発現するシロイヌナズナ H^+-PPase 遺伝子の花粉特異的発現制御とその意義 光田展隆，江波和彦[1]，竹安邦夫[2]，佐藤雅彦[1]（京大院・人間・環境学，[1]京大総合人間，[2]京大院・生命科学）	1aC10 ランソウ低分子量熱ショックタンパク質の構成的発現 仲本　準，鈴木伸章，ロイサンジェット（埼玉大・理分子生物）	1aD10 トウモロコシにおける His-Asp リン酸リレー系情報伝達因子の単離と機能解析 榊原　均，太田行則，杉山達夫（名古屋大院・生命農学）	1aE10 アラビドプシス Rad51 ファミリータンパク質をコードする遺伝子群の解析 刑部敬史，清水武史，市川裕章，土岐精一（農林水産省・農業生物資源研究所）	1aF10 組織局在性の異なる 2 種類のキュウリ・フェロキラターゼの発現解析 鈴木琢雄，増田　建，井口八郎[1]，島田裕士，太田啓之，高宮建一郎（東工大・生命理工，[1]京大・院理・生物物理）
12：00		1aB11 イネ液胞膜 H^+-ピロホスファターゼにおけるアイソフォーム特異的発現 榊原祥清，小林秀行（農水省・食総研）	1aC11 新規な熱ショック遺伝子によるランソウ熱ショック応答の調節 石川南都子，仲本　準[1]（埼玉大院・理・分子生物，[1]埼玉大・理・分子生物）	1aD11 アラビドプシスにおける RNA ポリメラーゼⅠ遺伝子の窒素及びサイトカイニンに応答した発現の解析 木羽隆敏，高橋　徹，武井兼太郎，谷口光隆，榊原　均，杉山達夫（名古屋大院・生命農学）	1aE11 HPLC Detection of antibiotics in nectar and honey in and around the southern part of Tamil Nadu, India Jebakumar Solomon, R. D, Sathiesh Kumar, T.（Department of Molecular Microbiology, School of Biotechnology, Madurai Kamaraj University）	1aF11 新規植物白化誘導化合物 RWH-21 はタバコ培養細胞中に 13^2-Hydroxy-chlorophyll *a* の蓄積を誘導する 王　敬銘，浅見忠男[1]，吉田茂男[1]，室伏　旭（秋田県立大・生物資源，[1]理研）
12：15		1aB12 新規な液胞型ピロホスファターゼ—シロイヌナズナからのクローニングと機能解析 中西洋一，前島正義（名大院・生命農）	1aC12 高等植物の葉緑体局在型低分子量熱ショックタンパク質のラン藻における相同的機能発現 天野剛志，森田勇人，林秀則（愛媛大院・理工・物質理）	1aD12 サイトカイニン情報伝達系の負の制御因子と考えられる *CYTOKININ-HYPERSENSITIVE 1*（*CKH1*）遺伝子の単離 久保　稔，劉　耀光[1]，柴田大輔[1]，柿本辰男（阪大・院理・生命科学，[1]三井植物バイオ研）	1aE12 瀬戸内海で採取された有毒赤潮プランクトンの分子系統学的解析 平下貴司，門谷　茂，野村美加，一見和彦[1]，田島茂行（香川大・農，[1]東北水研）	

第1日　3月27日（月）

G 会場 環境による制御—光質・生物時計	H 会場 光合成と環境・呼吸・他	I 会場 水ストレス・塩ストレス	J 会場 基礎代謝（タンパク質・酵素）	K 会場 細胞壁	L 会場 形態形成	時 間
1aG07 西洋ワサビからの *PIF3* 遺伝子の単離と解析 鈴木達哉，齋藤　力，鎌田　博（筑波大・生物）	1aH07 ホウレンソウ葉緑体 dehydroascorbate reductase の精製とその構造活性相関 嶋岡泰世，三宅親弘，横田明穂（奈良先端大・バイオ）	1aI07 シロイヌナズナの完全長 cDNA マイクロアレイを用いた乾燥，低温ストレス応答性遺伝子および転写因子 DREB 1A の Target 遺伝子の解析 関　原明[1,2]，鳴坂真理[1]，安部　洋[3]，篠崎和子[3]，Piero Carninci[4]，林崎良英[4]，篠崎一雄[1,2]（[1]理研・植物分子生物，[2]理研・ゲノム科学総研セ・植物ゲノム，[3]農水省・国際農研・生物資源，[4]理研・ゲノム科学総研セ・遺伝子構造）	1aJ07 キュウリ緑葉プロテアーゼの活性調節機構——内在性特異的インヒビターによる活性調節—— 山内靖雄，江尻千徳，田中　浄（鳥取大・農・植物機能学）	1aK07 ポプラエンド-1, 4-β-グルカナーゼの分子細胞生物学的解析 大宮泰徳，酒井富久美，林　隆久（京大・木研）	1aL07 シロイヌナズナを用いた不定芽形成機構の分子遺伝学的研究 高部和男，相田光宏，石田哲也[1]，田坂昌生（奈良先端大・バイオ，[1]Monash 大・生物）	11：00
1aG08 春化したオオムギの茎頂分裂組織で特異的に発現誘導される遺伝子の解析 木藤新一郎，山岸紀子，江尻愼一郎（岩大・農・寒冷バイオ）	1aH08 光化学系Ⅱ集光装置制御因子 CP26 の遺伝子発現 皆川　純，中森　肇，小野高明（理研・光生物）	1aI08 アイスプラント PIP-アクアポリン遺伝子 *McMipA* プロモーターの組織特異性解析 山田茂裕，Hans J. Bohnert（オリノバ，Dept. of Biochem, Univ. of Arizona）	1aJ08 葉緑体に局在する CIp プロテアーゼ調節サブユニットの解析 中林一美，伊藤正樹，渡邉　昭（東京大・院・理系・生物科学）	1aK08 キシログルカン合成酵素の可溶化と精製 小西照子，三石　安[1]，酒井富久美，林　隆久（京大木研，[1]工技院・生命研）	1aL08 *CUC2* 遺伝子はカルスにおける茎頂分裂組織形成を促進する 大門靖史，石田哲也[2]，相田光宏[3]，田坂昌生[3]（[1]京大院・理・植物，[2]モナシュ大・生物，[3]奈良先端大・バイオ）	11：15
1aG09 アカパンカビ時計遺伝子，*wc-1* の新たな対立遺伝子変異株の解析 中堀　清，豊田勝也[1]，角　良則，小内　清[2]，中島秀明（岡山大・理・生物，[1]日水製薬，[2]基生研・発生生物学）	1aH09 アスコルビン酸生合成酵素 L-ガラクトノ-γ-ラクトン脱水素酵素は呼吸の電子伝達系と共役している 吉村和也[1]，藪田行哲[2]，重岡　成[1,2]（[1]近大院・応生命化，[2]近大・農・食栄）	1aI09 通性 CAM 植物・アイスプラントの葉で塩ストレスにより誘導される転写産物の EST 解析 是枝　晋[1]，Mary Ann Cushman，東江　栄[2]，Davina Bufford，Monica Fredrickson，Anamika Ray，Inna Akselrod，Darcey Landrith，Lana Stout，Joáo Maroco，John C. Cushman（オクラホマ州立大・分子生物，[1]埼玉大理・分子生物，[2]佐賀大・農・生物生産）	1aJ09 ゼンマイ胞子葉緑体に存在する 22-kDa 蛋白の性質 井上　弘，田村英生，蒲池浩之，中山耕造[1]（富山大理・生物圏環境，[1]信州大医・解剖）	1aK09 セルロース生合成におけるキシログルカンエンドトランスグルコシラーゼ 竹田　匠，酒井富久美，林　隆久（京都大・木研）	1aL09 シロイヌナズナの NAC box を持つ新しい遺伝子 *AtNAc1* は茎頂分裂組織の形成や器官の分離に関与している 高田　忍[1]，檜原健一郎[2]，石田哲也[3]，田坂昌生[2]（[1]京大院・理・植物，[2]奈良先端大・バイオ，[3]モナシュ大・バイオ）	11：30
1aG10 形質転換タバコにおける時計制御遺伝子 *GLP* の機能解析 小野公代，相田徳子，鎌田　博，小野道之[1]（筑波大生物，[1]秋田県立大・生工研）	1aH10 ザゼンソウの uncoupling protein の出芽酵母における発現系の構築と機能解析 伊藤菊一，上村松生（岩手大・農・寒冷バイオ）	1aI10 野生種と栽培種スイカでの光化学系Ⅱ量子収率と活性酸素消去酵素活性の乾燥ストレス応答 三宅親弘，横田明穂（奈良先端大）	1aJ10 ホウレンソウ Protoporphyrinigen oxidase-Ⅰの葉緑体への移行と局在部位の解析 渡辺尚英，蔡　晃植，岩野恵，高山誠司，吉田茂男[1]，磯貝　彰（奈良先端大・バイオ，[1]理化学研究所・植物機能）	1aK10 アボガド果実ポリガラクツロナーゼの精製とその性質 若林和幸，Donald J. Huber[1]（大阪市大院・理生物，[1]フロリダ大・園芸）	1aL10 シロイヌナズナ *FASCIATA* 遺伝子は *WUSCHEL* 遺伝子の発現制御に関わる 賀屋秀隆，田岡健一郎[1]，小林恭士，玉井宏紀，相田光宏[1]，田坂昌生[1]，飯　哲夫，岩渕雅樹[2]，荒木　崇（京都大院・理・植物，[1]奈良先端大・バイオ，[2]岡山生物科学総研）	11：45
1aG11 光周性花成誘導に関連する時計制御遺伝子（*AtC401*, *PnC401*）のプロモーター解析 小口太一，小野公代，相田徳子，福井晴隆，小野道之[1]，鎌田　博（筑波大・生物，[1]秋田県立大・生工研）	1aH11 *Thiobacillus novellus* チトクロム *c* オキシダーゼ：構造，機能，進化 林田伸吾，高山勝行，谷川　実，庄子和夫，石塚盛雄[1]，山中健生（日大・理工・物質応化，[1]中央大・理工・応化）		1aJ11 シロイヌナズナに存在する2種類の NADPH-シトクロム P450 還元酵素タンパクの細胞内局在性の解明 村井　淳，山下直輝，Rafael Prieto[1]，水谷正治[2]，橋本　隆[1]，太田大策（大阪府立大・農，[1]奈良先端大・バイオサイエンス，[2]京都大・化学研究所）	1aK11 イネ葯アラビノガラクタンプロテイン（AGP）とその分解活性の解析 川口健太郎，渋谷直人[1]（農水省・北海道農試，[1]農水省・生物研）	1aL11 シロイヌナズナの茎頂分裂組織の多数形成を引き起こす *ell1/fk* 変異株の表現型の解析 石井　暁[1]，Jyan-Chyun Jang[2]，相田光宏[1]，田坂昌生[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]オハイオ州立大）	12：00
1aG12 イネカタラーゼ遺伝子の発現解析：*CatA* の概日リズムの制御には5′上流領域以外の領域も必要である 岩本政雄，肥後ひろみ，肥後健一（農水省・生物研）	1aH12 NO（一酸化窒素）によるミトコンドリア酸化的リン酸化の阻害 下地　寿，大城優子，崎浜靖子，山崎秀雄（琉球大・理・海洋自然）			1aK12 凍結割断レプリカ上のロゼット TC の免疫標識 木村　聡，伊東隆夫，Walairat Laosinchai[1]，Xiaojiang Cui[1]，Randal Linder[1]，R. Malcolm Brown Jr[1]（京都大・木質科学研究所，[1]テキサス大生物科学）	1aL12 イネ穂の分枝パターンに関する2つの突然変異体，*lax* および *frizzy panicle 2* (*fzp2*) の解析 小松舞衣，前川雅彦[1]，経塚淳子，島本　功（奈良先端大・バイオ，[1]岡山大・資源生物研）	12：15

第1日　3月27日（月）

時 間	A 会場	B 会場 生体膜・イオン輸送	C 会場 温度	D 会場 情報伝達系	E 会場 微生物・ウィルス	F 会場 生殖・遺伝・他
13：30	シンポジウム 3 「花の色：アントシアニンの生合成」	1pB01 アサガオ花弁の青色化に関わる *Pr*(*Purple*) 遺伝子は Na^+/H^+ アンチポーター遺伝子をコードしていた 田中（深田）幸子[1]，稲垣善茂[1]，山口利男[2]，斎藤規男[3]，飯田　滋[1,2]（[1]基生研遺伝子第1，[2]総研大・生命科学，[3]明治学院大・一般教養）	1pC01 トマトミトコンドリア型 sHSP 遺伝子の生殖器官における発現様式 三宮一宰，鈴木克己，Liu Jian[1]，庄野真理子（国際農林水産業研究センター沖縄支所，[1]名古屋大・生物分子応答研究センター）	1pD01 電気的刺激によるイネ単一細胞内 Ca^{2+} 流入量の制御 小斎裕里，斉藤美佳子，松岡英明（東京農工大・工・生命工学）	1pE01 植物病原細菌 *Pseudomonas syringae* 各病原型の harpin の構造及び機能解析 田中　嶷，田口富美子，木下さゆり，中田秀毅，一瀬勇規，豊田和弘，白石友紀，山田哲治（岡山大・農）	1pF01 トレニア *in vitro* 重複受精系によって明らかにされた助細胞の機能 東山哲也，矢部志津，黒岩晴子，黒岩常祥（東大・院理・生物科学）
13：45		1pB02 アサガオゲノムには *Pr* 遺伝子以外にもそのホモログが存在していた 山口利男[1]，田中（深田）幸子[2]，稲垣善茂[2]，飯田滋[2]（[1]総研大・生命科学，[2]基生研・遺伝子第1）	1pC02 形質転換タバコを用いたミトコンドリア型 sHSP の機能解析 Liu Jian[1,2]，三宮一宰[1,3]，鈴木克己[3]，庄野真理子[3]（[1]生研機構，[2]名大院・生命農，[3]農水省・国際農研沖縄）	1pD02 タバコ光化学系 I 核遺伝子 *psaDb* の光応答性転写制御機構に与えるカルシウムの影響 中岡真之，小保方潤一（名大・遺伝子）	1pE02 イネ培養細胞は *Pseudomonas avenae* のフラジェリン分子を特異的に認識することによって抵抗性反応を誘導する 蔡　晃植，中島芳浩，吉田朋美，田中則子，高山誠司，磯貝　彰（奈良先端大・バイオ）	1pF02 Characterization of three pollen-specific zinc-finger transcription factors involved in the process of male meiosis in petunia Sanjay Kapoor, Hiroshi Takatsuji（農水省・生物研）
14：00		1pB03 植物 Shaker 型膜電位依存性 K^+ チャネル（KAT1）のトポロジー形成機構の解析 佐藤陽子[1]，阪口雅郎[2]，中村辰之介[3]，魚住信之[1,4]（[1]名大院・生命農，[2]九大院・医系・機能高分子，[3]千葉大・薬，[4]名大・生物分子応答研究センター）	1pC03 膜脂質を占めるトリエン脂肪酸含量の温度依存的な制御に関わる分子メカニズムの解析 松田　修，射場　厚（九大院・理・生物科学）	1pD03 The trans membrane mechanism of apoplast calmodulin effects on the pollen germination and tube growth Daye Sun, Legeng Ma(Hebei Normal Univ.)	1pE03 植物病原細菌 *Pseudomonas avenae* によって誘導されるイネ過敏感細胞死の機構解析 田中則子，金田隆志，海老瀬速雄，高山誠司，蔡　晃植，磯貝　彰（奈良先端大・バイオ）	1pF03 アサガオの *En*/*Spm* 系トランスポゾンの転移酵素遺伝子 *tnpD* の解析 各務　孝，飯田　滋（総研大・生命科学，基生研）
14：15		1pB04 イネ Cl チャンネル遺伝子の細胞内局在性 中村敦子，福田篤徳[1]，酒井慎吾，田中喜之[1]（筑波大・生物科学，[1]農水省・生物研）	1pC04 イネ cDNA マイクロアレイを用いたコムギ低温応答遺伝子の発現モニタリング 下坂悦生，半田裕一（農水省・北海道農試）	1pD04 イネ細胞におけるイノシトール1,4,5-三リン酸受容体様糖タンパクについて 岩渕　諭，渡辺仁子[1]，伊藤紀美子[1]，堀　秀隆，三ッ井敏明（新潟大学大学院・自然科学，[1]新潟大学・農）	1pE04 *Pseudomonas avenae* の非親和性菌株によって活性化される Caspase-like protease の解析 金田隆志，田中則子，高山誠司，蔡　晃植，磯貝　彰（奈良先端大・バイオ）	1pF04 Imprinting of the *MEDEA* polycomb gene in the Arabidopsis endosperm Tetsu Kinoshita, Ramin Yadegari, John J. Harada, Robert B. Goldberg, Robert L. Fischer(u. c. Berkeley, [1]u. c. Davis, [2]u. c. L. A.)
14：30		1pB05 葉肉細胞プロトプラストへの光依存性ビルビン酸取込み 小曽根睦，大西純一（埼玉大・理・分子生物）	1pC05 低温馴化過程でコムギ冠部に蓄積する mRNA の解析 米山　昌[1,2]，増田ゆかり[1]，島本義也[2]，今井亮三[1]（[1]農水省・北海道農試，[2]北大院・農・応生）	1pD05 シュートの重力屈性と胚発生に関与するシロイヌナズナ SGR2 は phospholipase A1 との相同性を示す 加藤壮英，田坂昌生[1]（京大院・理・植物，[1]奈良先端大・バイオ）	1pE05 ハクサイにおけるネコブ病（*Plasmodiophora brassicae*）に対する抵抗性反応 今西俊介，平井正志，釘貫靖久[1]（野菜・茶試・野菜育種・育種法，[1]野菜育種アブラナ科）	1pF05 花粉母細胞で発現する *SCARECROW* 様遺伝子の性状解析 諸橋賢吾，高瀬尚文，堀田康雄[1]，平塚和之（奈良先端大・バイオ，[1]岐阜国際バイオ研究所）
14：45		1pB06 らん藻 *Synechocystis* PCC 6803 において鉄輸送を担う3つの ORF 加藤大和，Arthur R. Grossman[1]，小川晃男（名大・生物分子応答研究セ，[1]カーネギー研）	1pC06 イネ幼苗期耐冷性と水チャンネル遺伝子の発現との関係 北川良親，李　楽攻，李　世訪，陶　艶（秋田県立大・生工研）	1pD06 シロイヌナズナ培養細胞における浸透圧ストレスに応答したホスホリパーゼ C 活性の一過的上昇 高橋征司[1,2]，片桐　健[1]，平山隆志[1]，篠崎一雄[1,2]（[1]理研・植物分子，[2]筑波大・生物化学）	1pE06 トマトモザイクウイルス（ToMV）の移行蛋白質に結合する植物側蛋白質遺伝子 *Bc2* の解析 松下保彦，出口雅一，宮川織恵，西口正通[1]，丹生谷博（東京農工大・遺伝子，[1]農業生物資源研究所）	1pF06 テッポウユリの雄性配偶体形成過程において発現する *LIM18* 遺伝子の解析 皆見政好，高瀬尚文，堀田康雄[1]，平塚和之（奈良先端大・バイオ，[1]岐阜国際バイオ研究所）

第1日　3月27日（月）

G 会場 生物時計・加令・老化・細胞死	H 会場 光合成と環境	I 会場 水ストレス・塩ストレス	J 会場 基礎代謝（タンパク質・酵素・脂質）	K 会場 細胞壁	L 会場 形態形成	時 間
1pG01 *Synechocystis* sp. PCC6803 の時計遺伝子に依存した従属栄養条件下での増殖 藤井賢一，Kis Mihaly，正元和盛[1]，岡本和久[2]，石浦正寛[2]，近藤孝男[2]，和田元（九大院・理・生物，[1]熊大・教育・生物，[2]名大院・理・生命理学）	1pH01 水ストレスによるレタス葉緑体 CuZu スーパーオキシドジスムターゼ失活機構の解析 堂前喜章，縄田栄治，金松澄雄[1]，真野純一[2]（京大院農，[1]南九州・園芸，[2]京大食糧科学研）	1pI01 ホウレンソウと大腸菌のベタインアルデヒドデヒドロゲナーゼの基質特異性と安定性からみた構造比較 松田信行，孟　玉玲[1]，日比野隆[2]，原　彰，船限　透，高倍昭洋[1]（名城大農・農化，[1]名城大・総合研，[2]名城大・理工・化学）	1pJ01 モノデヒドロアスコルビン酸レダクターゼによるフェノキシルラジカルの還元 崎浜靖子，真野純一[1]，佐野　智[2]，浅田浩二[3]，山崎秀雄（琉球大・海洋自然，[1]京都大・食糧科学研，[2]京都府大・農，[3]福山大・生物工学）	1pK01 乾燥ストレスや ABA に応答するイネ 1, 3-β-グルカナーゼ cDNA のクローニング 秋山　高，今井亮三，長谷川信[1]，山口亮太[1]，榊　剛[1]，渋谷直人[2]（農水省北海道農試，[1]北海道東海大学，[2]生物研）	1pL01 フィトクロムを介したイネ *COP1* 遺伝子の発現制御 稲垣言要，柘植知彦[1]，吉積　毅[2,3]，河本公威[1,4]，松木吏弓[5]，山本直樹[6]，松井　南[1,2]（農水省・生物研，[1]理研・フロンティア，[2]理研・ゲノム科学総合研究セ，[3]東京理大・基礎工，[4]北大・農，[5]電中研，[6]お茶の水大・理・生物）	13：30
1pG02 シアノバクテリアの概日リズム周期への光入力系に関わる突然変異体の解析 片山光徳，Susan S. Golden[1]（東大・総合文化・生命環境，[1]Dept. Biol. Texas A & M Univ.）	1pH02 クラミドモナスのグルタチオンペルオキシダーゼ様タンパク質の誘導へのセレンの関与 武田　徹，重岡　成（近畿大・農・食栄）	1pI02 マングローブのベタインアルデヒドデヒドロゲナーゼ遺伝子 孟　玉玲，松田信行[1]，日比野隆[2]，田中義人[2]，上原直子[3]，馬場繁幸[3]，川満芳信[3]，高倍鉄子[4]，和田敬四郎[5]，石井　忠[6]，原　彰[1]，高倍昭洋（名城大・総合研，[1]名城大・農・農化，[2]名城大・理工・化学，[3]琉球大農・熱帯，[4]名古屋大院・生命農・生物資源，[5]金沢大・理・生物，[6]森林総研生物機能）	1pJ02 トウモロコシ亜硫酸還元酵素の亜硫酸と亜硝酸に対する基質特異性の改変 中山雅登，長谷俊治（阪大・蛋白研）	1pK02 高脂率 AFLP を利用したイネのカマイラズ遺伝子（*bc-3*）のポジショナルクローニングの試み 神原久美子[1,2]，中村信吾[1]，児玉　治[2]，川崎信二[1]（[1]農水省・生物研，[2]茨城大・農・資源生物）	1pL02 細胞性粘菌の gp64 遺伝子のプロモーター解析 高岡直央，加藤敦之，福沢雅志[1]，斉藤玉緒，落合　廣（北海道大院・理・生物，[1]ダンディー大・生理解剖）	13：45
1pG03 種々の藍色細菌における *kai* 遺伝子クラスターの相同遺伝子 宇津巻竜也，中平洋一[1]，井上千晶[1]，C. P. Wolk[2]，井上頼直[3]，近藤孝男[1]，石浦正寛（名大・遺伝子，[1]名大院・理・生命理学，[2]ミシガン州立大，[3]理研）	1pH03 クラミドモナスの violaxanthin 変換に関与する遺伝子の解明 加藤　彰，Alia[1]，Tony H. H. Chen[2]，西山佳孝[1]，高市真一[3]，石崎公庸[4]，福澤秀哉[4]，村田紀夫[1]（筑波大・生物科学，[1]基生研・計時，[2]Dept. Horticul., Oregon State Univ.，[3]日本医科大生物，[4]京都大・生命科学）	1pI03 ベタイン合成の遺伝子工学（I）：コリンオキシダーゼ遺伝子を発現する形質転換植物 林　秀則，Alia[1]，坂本　敦[1]，村田紀夫[1]（愛媛大・理・物質理，[1]基生研）	1pJ03 ラン藻 *Synechocystis* sp. PCC6803 の運動と形質転換に関係する PilT タンパク質の生化学的解析 岡本　忍，大森正之（東京大院・総合文化・生命）	1pK03 ペクチンの生合成に関わるガラクツロン酸転移酵素 武内義弥，円谷陽一（埼玉大・理・分子生物）	1pL03 細胞膜タンパク質 gp64 は枝分かれを抑制する 舟本　聡，落合　廣，斉藤玉緒（北大院・理・生物科学）	14：00
1pG04 藍色細菌の時計遺伝子群に対するランダム突然変異の誘発とその解析 中平洋一，竹内しのぶ，石浦正寛[1]，近藤孝男（名大院・理・生命理学，[1]名大遺伝子・植物ゲノム）	1pH04 クロレラ CO_2 感受性変異体の細胞膜流動性のスピンラベル EPR による研究 山田修嗣，藤原美佳，松田祐介，河盛阿佐子（関学大理）	1pI04 ベタイン合成の遺伝子工学（II）：形質転換アラビドプシス種子の吸水及び発芽期におけるストレス耐性 坂本　敦，ALIA, Cai-Xia Hou, 村田紀夫，林　秀則[1]（基生研，[1]愛媛大・理・物質理学）	1pJ04 ヒメウキクサの GPI アンカーホスファターゼの細胞壁における存在様式について 錦織美和，長谷　昭[1]，奥山英登志（北海道大院・地球環境科学・環境分子生物，[1]北海道教育大・函館生物）	1pK04 アラビノキシランの合成に関わるキシロース転移酵素 黒山浩之，円谷陽一（埼玉大・理・分子生物）	1pL04 ヒートショックタギングによる T-DNA 挿入変異遺伝子の単離 高橋　卓，松原志緒，神宮史人，米田好文（北大院・理・生物科学）	14：15
1pG05 管状要素分化に伴うプログラム細胞死の観察 小原圭介，福田裕穂（東京大院・理・生物科学）	1pH05 PEP カルボキシラーゼの特異的リン酸化酵素の均一精製とチオレドキシンによる活性調節 佐瀬英俊[1]，上野宜久[2]，林　浩昭[3]，久堀　徹[4]，泉井　桂[1,5]（[1]京都大・院・農，[2]名大・院・理，[3]東京大・院・農，[4]東工大・資源研，[5]京都大・院・生命）	1pI05 Genetic engineering of betaine synthesis in plants（III）：stress tolerance of young and mature plants Cai-Xia Hou, Alia, Atsushi Sakamoto, Norio Murata, Hidenori Hayashi[1]（Nat. Inst. Basic Biol., [1]Dept. Chem., Fac. Sci. Ehime Univ.）	1pJ05 タバコ細胞壁酸性ホスファターゼの GPI アンカー分子の検出の試み 金子堯子，松田奈緒，松田明子[1]，岩森正男[2]（日本女子大・理・物質生物科学科，[1]日本女子大・院・理，[2]近畿大学・理工・化学）	1pK05 オオムギ幼葉鞘におけるエキソグルカナーゼ，エンド-1, 3：1, 4-グルカナーゼ，エンド-1, 4-グルカナーゼの発現 小竹敬久，中川直樹，桜井直樹（広島大学総合科学部）	1pL05 シロイヌナズナ ATHB-1 が支配する転写抑制ネットワーク 村本拓也[1]，佃真由美[1]，田畑哲之[2]，岡　穆宏[1]，青山卓史[1]（[1]京都大・化学研究所，[2]かずさ DNA 研究所）	14：30
1pG06 プログラム細胞死特異的遺伝子 *Zinnia Cysteine protease 4* の発現解析 表　賢珍，出村　拓，福田裕穂（東京大学院・理・生物科学）	1pH06 トリエン脂肪酸は植物の高温適応におけるキーファクターである 村上雄樹，津山孝人[1]，小林善親[1]，児玉浩明，荒田博行，射場　厚（九大院・理・生物，[1]九大院・農・林学）	1pI06 ベタイン合成の遺伝子工学（IV）：ストレス耐性の分子機構 村田紀夫，Alia, Cai-Xia Hou, 坂本　敦，林　秀則[1]（基生研，[1]愛媛大・理・物質理学）	1pJ06 ゼニゴケ（*Marchanitia polymorpha*）培養細胞のグリコシルホスファチジルイノシトール（GPI）アンカータンパク質 岡本貴史，加藤研治[1]，奥山英登志（北海道大院・地球環境科学，[1]塩野義製薬油日ラボラトリーズ）	1pK06 寄生根形成過程におけるエクスパンシン（EXP）およびキシログルカン・エンドトランスグリコシラーゼ（XET）の遺伝子発現 蓮沼明子，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）	1pL06 シロイヌナズナのホメオボックス遺伝子 *ATHB-10/GL2* の機能解析 大橋洋平，岡　穆宏，青山卓史（京都大・化研）	14：45

第1日　3月27日（月）

時間	A会場	B会場 生体膜・イオン輸送 吸収・転流・蒸散	C会場 温度	D会場 情報伝達系	E会場 微生物・ウィルス	F会場 生殖・遺伝・他
15：00	シンポジウム3 「花の色：アントシアニンの生合成」	1pB07 ヤエナリ Ca^{2+}/H^+ 対向輸送体の細胞内分布と発現特性 中西華代，前島正義（名大生命農・生化）	1pC07 イネ及びコムギ PEPC 遺伝子の低温下における発現及び酵素活性への低温の影響 佐藤希実，加藤　明（農水省・北農試）	1pD07 イネ篩管液中の RNA についての解析—イネ篩管液からの cDNA library の構築— 真野弘範[1]，林　浩昭[1]，藤原　徹[1,2]（[1]東大院・農，[2]PRESTO, JST）	1pE07 葉緑体 FtsH タンパク質の減少はタバコモザイクウイルス感染で誘導される過敏感反応を加速させる 瀬尾茂美，大橋祐子（農水省・農業生資研，JST・CREST）	1pF07 ユリ RecA 様組換えタンパク LIM15 の特徴付け 高瀬尚文，平塚和之，堀田康雄[1]（奈良先端大・バイオ，[1]岐阜県国際バイオ研究所）
15：15		1pB08 GFP との融合タンパク質系を用いた Ca^{2+}/H^+ 対向輸送体の細胞内局在部位の検討 佐々木真希[1]，土屋知寛[2]，中西華代[2]，前島正義[2]（[1]名大・農，[2]名大院・生命農）	1pC08 A novel component of MAP kinase cascade is responsive to cool stress in rice Wen Jiang-Qi，大野清春[1]，今井亮三（農水省・北農試，[1]農水省・生物研）	1pD08 未熟種子特異的プロティンキナーゼ SPK が抑制された形質転換イネの師管液の成分分析 小石原弘明，林　浩昭[1]，島田浩章（東京理科大・生物工，[1]東大・農）	1pE08 タバコ培養細胞においてエリシチンにより誘導される防御応答経路の解析 笹部美知子，竹内香純，Sophien Kamoun[1]，一瀬勇規，豊田和弘，白石友紀，山田哲治（岡山大・農，[1]Ohio State Univ.）	1pF08 光ピンセットにより1つの接合子から解明された片親葉緑体 DNA の能動的分解 西村芳樹[1]，三角修己[1]，東山哲也[1]，横田明穂[2]，黒岩常祥[1]（[1]東大・院・理・生物科学，[2]奈良先端大・バイオサイエンス）
15：30		1pB09 マングローブ Na^+/H^+ antiporter cDNA のクローニングと発現解析 田中善之[1]，福田篤徳[1]，中村敦子[2]，山田晃世[3]，斉藤丈夫[3]，小関良宏[4]，三村徹郎[5]（[1]生物研，[2]筑波大，[3]農工大院，[4]農工大，[5]一橋大）	1pC09 植物の Uncoupling Protein(UCP) について——アラビドプシスおよびイネ UCP の遺伝子構造，発現の比較から 渡辺明夫，平井篤志（東大院・農学生命科学）	1pD09 SPK による sucrose synthase のリン酸化の解析 小村雄飛，国枝典子，島田浩章（東京理科大・生物工）	1pE09 タバコ植物の病害ストレス誘導性遺伝子群の発現解析 竹本大吾，林　誠[1]，道家紀志，西村幹夫[2]，川北一人（名大院・生命農学・資源生物機能，[1]東北大院農・応用生命科学，[2]基生研・細胞生物）	1pF09 rDNA 非転写領域（NTS）の導入によるシロイヌナズナ相同組み換え能の活性化 浦和博子，日高真純，石黒澄衛[1]，岡田清孝[1]，堀内嵩（基生研，[1]京大・理・植物）
15：45		1pB10 耐塩性植物オオムギとオカヒジキに存在する Na^+/H^+ アンチポーター遺伝子の解析 福田篤徳，佐伯かおる，中村敦子[1]，田中喜之（農水省・生物研，[1]筑波大・生物科学）	1pC10 低温環境におけるコムギ *cox2* 遺伝子の転写解析 栗原志保，半田裕一（農水省・北海道農試）	1pD10 イネにおける OsCDPK7 を介した低温および塩・乾燥ストレスのシグナル伝達 西條雄介，木下奈都子[1]，畑　信吾[1]，経塚淳子[2]，島本　功[2]，泉井　桂[1]（京都大院・農・応用生物科学，[1]京都大院・生命科学，[2]奈良先端大・バイオ）	1pE10 TMV に応答する WRKY 転写制御因子の機能解析 小川幹弘，依田　寛，草野友延，佐野　浩（奈良先端大・遺伝子センター）	1pF10 ゼニゴケ性染色体間における反復配列の存在状態の差異 中山繁樹[1]，藤下まり子[1,2]，大山莞爾[3]（[1]農業生物研，[2]生研機構，[3]京都大院・生命科学）
16：00		1pB11 ダイコン細胞膜，液胞膜水チャネルの細胞特異的蓄積 須賀しのぶ，前島正義（名大院・生命農）	1pC11 季節的低温馴化でクワの ER に蓄積する WAP20 および WAP27 の cDNA を用いたノーザン解析 宇堀徳史，竹澤大輔，荒川圭太，藤川清三（北海道大低温研）	1pD11 イネにおける *Ac/Ds* 系を利用した OsCDPK7 ノックアウト植物の解析 木下奈都子，西條雄介[1]，経塚淳子[2]，島本　功[2]，泉井　桂（京大院・生命科学，[1]京大院・農・応用生物科学，[2]奈良先端大・バイオ）	1pE11 GENES CONTROLLING CYTOTOXICITY OF PN-AMPs, PLANT ANTIFUNGAL PROTEINS FROM SEEDS OF MORNING GLORY Dae-Jin YUN, Ja Choon KOO, Bo Young LEE, Ji Young LEE, Dong Jin SHIN, Moo Je CHO（Plant Molecular Biology and Biotechnology Research Center, Department of Molecular Biology, Gyeongsang National University）	1pF11 緑藻クラシドモナスにおけるガミートライシン遺伝子の構造解析：C 末端共通配列を持つ2つのメタロプロテアーゼ遺伝子の並列的存在 久保雄昭，齊藤達昭[1]，福澤秀哉[2]，松田吉弘（神戸大院・自然科学，[1]岡山理大・理・基礎理，[2]京都大院・生命科学）
16：15		1pB12 sGFP 融合タンパク質の BY-2 細胞での発現による細胞膜，液胞膜水チャネルの局在化機構の解析 土屋知寛，須賀しのぶ，前島正義（名大院・生命農）	1pC12 秋播コムギ・キチナーゼ遺伝子のハードニングによる発現誘導と酵素機能の解析 川上　顕，吉田みどり（農水省・北海道農試）	1pD12 ゼンマイ胞子の発芽初期過程におけるカルシウム依存的なタンパク質のリン酸化 蒲池浩之，渡辺一成，井上　弘（富山大・理・環境）	1pE12 クラミドモナスのレトロトランスポゾン様逆転写酵素遺伝子の単離と解析 嘉本泰裕，上甲孝志，桐沢恒一，山田　隆，宇佐美昭二（広大院・先端研・生命機能）	1pF12 緑藻 *Chlamydomonas reinhardtii* の新規な AGC 系（PKA 様）プロテインキナーゼの同定 川端　愛，南森隆司，松田吉弘，東　哲司，安田武司（神戸大院・自然科学）

第1日　3月27日（月）

G 会場 生物時計・加令・老化・細胞死	H 会場	I 会場 FDD	J 会場 基礎代謝（タンパク質・酵素・脂質）	K 会場 細胞壁	L 会場 形態形成	時 間
1pG07 ヒャクニチソウ管状要素分化における液胞崩壊の機構 栗山英夫，福田裕穂（東京大院・理・生物科学）	シンポジウム 2 「植物生理学のエアポケット―樹木の生理」	1pI07 Fluorescent differential display—a technical development— Kenko Uchida, Takamichi Muramatsu, Norihito Kuno, Masaki Furuya (Hitachi Advanced Research Laboratory)	1pJ07 ソラマメ孔辺細胞におけるプロテインホスファターゼ 2A 触媒サブユニット cDNA の単離 上野裕之，木下俊則，浅沼三和子，島崎研一郎（九州大・院理・生物科学）	1pK07 ギンドロ培養細胞におけるペクチンの分解に関与する酵素活性の変動 掛川弘一[1]，下川知子[1,2]（[1]農水省・森林総研，[2]科学技術振興事業団）	1pL07 ヒャクニチソウ維管束分化関連遺伝子の大量解析 出村　拓，田代　玄，鈴木慎介，矢崎潤史[1]，中村桂子[1]，岸本直己[2]，菊池尚志[2]，福田裕穂（東大院・理・生物科学，[1]STAFF 研，[2]農水省・生物研）	15：00
1pG08 細胞死抑制タンパク質を過剰発現させたタバコで観察される耐塩性等のストレス耐性 喬　景波[1]，後藤洋子[1]，光原一朗[1,2]，三浦正幸[3]，大橋祐子[1,2]（[1]農水省・農業生物資源研，[2]CREST/JST，[3]大阪大学・医学部）		1pI08 Roles of early-phytochrome-responsive gene encoding a novel myb-related protein in Arabidopsis Norihito Kuno[1], Tomoko Shinomura[1], Simon Geir Møller[2], Nam-Hai Chua[2], Masaki Furuya[1] ([1]Hitachi Advanced Research Laboratory, [2]The Rockefeller Univ.)	1pJ08 好熱性藍藻 *Synechococcus elongatus* FNR のクローニングとその特性 中嶋正人，立入愛子，斉藤康雄，和田敬四郎（金沢大理・生物）	1pK08 エンドウ（*Pisum sativum* L.）UDP-グルクロン酸デカルボキシラーゼの精製と cDNA クローニング 中川広宣，宮川　功，小林　優，間藤　徹，關谷次郎（京大院・農・応用生命科学・植物栄養）	1pL08 ヒャクニチソウ均一化 cDNA マイクロアレイを用いた管状要素分化特異的遺伝子の単離 田代　玄，出村　拓，鈴木慎介，矢崎潤史[1]，中村桂子[1]，岸本直己[2]，菊池尚志[2]，福田裕穂（東大院・理・生物科学，[1]STAFF 研，[2]農水省・生物研）	15：15
1pG09 葉の老化が遅くなるシロイヌナズナ変異体の単離と解析 吉田聡子，伊藤正樹，渡辺　昭（東京大・院・理系・生物科学）		1pI09 Fluorescent differential display as a tool for the isolation of early UV-B light induced genes Linda Loyall, Alexander Baumann, Kenko Uchida[1], Masaki Furuya[1], Hanns Frohnmeyer (Freiburg Univ, [1]日立基礎研)	1pJ09 キュウリの基質特異性の異なる 2 種の脂肪酸ヒドロペルオキシドリアーゼは異なった制御下にある 松井健二，宇治田知可，藤本昌平，梶原忠彦，Jack Wilkinson[1], Bill Hiatt[1], Vic Knaut[1]（山口大・農・応生化，[1]Calgene LLC）	1pK09 *Oryza sativa* 培養細胞酵素によるアラビノキシロオリゴ糖へのフェルラ酸転移 下川知子[1,2]，掛川引一[1]，吉田滋樹[3]，石井　忠[1]（[1]農水省・森林総研，[2]科学技術振興事業団，[3]筑波大・応用生物）	1pL09 フローサイトメトリーを用いたヒャクニチソウ単離葉肉細胞のソーティングとソート細胞の培養 伊藤康子[1]，一瀬勝紀[2]，吉田茂男[2]，福田裕穂[1]（[1]東京大院・理・生物科学，[2]理化学研究所・植物機能）	15：30
1pG10 シロイヌナズナ子葉の老化過程における細胞死と *At-DAD-1/-2* の発現変動 天笠英行，内藤継吾，シャミーマ・モンジュール，鈴木　寛（福井県立大・生物資源）		1pI10 Auxin-dependent regulation of an auxin response factor (ARF) from rice Frank Waller, Masaki Furuya[1], Peter Nick (Freiburg Univ., [1]日立基礎研)	1pJ10 クラミドモナスの CDP-diacylglycerol synthase cDNA の単離 佐藤典裕，都筑幹夫（東京薬大・生命科学）	1pK10 エンドウ細胞壁におけるキシログルカン架橋構造の解析 藤野猛史，曽根義昭[1]，三石　安[2]，伊東隆夫（京大木質科学研，[1]大阪市立大生活科学・食物栄養，[2]工技院・生命研）	1pL10 グルタチオンによるヒャクニチソウ管状要素分化の制御 逸見健司，坪井誠二[1]，岩渕雅樹，小川健一（岡山県生物科学総合研究所，[1]岡山大・薬）	15：45
1pG11 酵母の Bax 誘導性細胞死を抑制する植物 Bax inhibiter-1（BI-1）遺伝子の解析 川合真紀[1,2]，潘　玲[2]，内宮博文[2,1]（[1]原研・先端研，[2]東大・分生研）		1pI11 Isolation and characterization of two putative helix-loop-helix proteins that are induced by brassinosteroids Danielle Friedrichsen, Takamichi Muramatsu[1], Masaki Furuya[1], Joanne Chory (The Salk Institute, [1]日立基礎研)	1pJ11 シロイヌナズナにおける 3 つの MGDG 合成酵素遺伝子の発現および GFP を用いた局在部位の解析 栗井光一郎，Eric Maréchal[1], Maryse A. Block[1]，増田　建，島田裕士，Roland Douce[1], Jacques Joyard[1]，高宮建一郎，太田啓之（東工大・生命理工・生命科学，[1]CNRS/CEA）	1pK11 細胞壁グルカナーゼ活性に対するキチナーゼの影響 丸岡弘和，井上雅裕，B. R. Thomas[1], D. J. Nevins[1]（愛媛大・理・生地，[1]Univ. California Davis）	1pL11 ヒャクニチソウ管状要素分化過程での細胞外モノリグノール量の変動とリグニン化への影響 細川麻美，鈴木史朗[1]，梅澤俊明[1]，佐藤　康（愛媛大・理・生物地球，[1]京都大・木研）	16：00
1pG12 酵母の機能的スクリーニングによるシロイヌナズナ由来 Bax 遺伝子サプレッサーの同定 潘　玲[1]，余　荔華[1]，川合真紀[2,1]，内宮博文[1,2]（[1]東大・分生研，[2]原研・先端研）		1pI12 Fluorescent differential display as a tool to dissect flower development Charles P. Scutt, Masaki Furuya[1], Philip M. Gilmartin (University of Leeds, [1]日立基礎研)	1pJ12 キュウリ MGDG 合成酵素遺伝子の 5′ 上流域を結合したルシフェラーゼ遺伝子の光およびサイトカイニンに対する応答 金井大輔，山領和紀，栗井光一郎，増田　建，島田裕士，高宮建一郎，太田啓之（東工大・生命理工・生命科学）	1pK12 アスパラガスの胚形成時に分泌されるペルオキシダーゼのクローニング 竹田裕之[1]，甲村浩之，小竹敬久，中川直樹，桜井直樹（広島大・総合科学，[1]広島県立農業技術センター・生工研）	1pL12 葉の極性伸長制御遺伝子群の機能解析 金　炅泰[1]，塚谷裕一[1,2]（[1]岡崎国立共同研究機構基生研，[2]科技団「さきがけ研究21」）	16：15

第1日　3月27日（月）

時間	A 会場	B 会場 吸収・転流・蒸散	C 会場 温度	D 会場 情報伝達系	E 会場 微生物・ウィルス	F 会場 生殖・遺伝・他
16：30	シンポジウム 3 「花の色：アントシアニンの生合成」	1pB13 高等植物における α-トコフェロール膜間輸送 柴田　勝，芳賀　聡，小倉あゆみ（長岡高専・物質工学）	1pC13 コムギ *wpi6*，イネ *osr8*，及びオオムギ *blt101* のプロモーター領域の構造とストレス応答性の関係 小池倫也，川上　顕，大野清春[1]，今井亮之（北海道農業試験場，[1]農業生物資源研究所）	1pD13 ポプラ細胞質型プロテインキナーゼのクローニング 西口　満，角園敏郎（農水省・森林総研）	1pE13 イネの主要ファイトアレキシン，サクラネチンの合成酵素（naringenin 7-0-methyltransferase）遺伝子の単離とその性質 山野　隆[1,2]，Randeep Rakwal[1,2]，児玉　治[2]，川崎信二[1]（[1]農水省・農業生物資源研究所，[2]筑波大・農・資源生物科学）	1pF13 植物由来の廃棄物からの有用生理活性物質の探索——収穫後のトマト地上部に含まれる生長阻害物質 大野修二，富田-横谷香織[1]，鈴木利貞[2]，津布楽洋和[3]，小瀬村誠治[4]，山村庄亮[4]，長谷川宏司[2]（筑波大・生物資源，[1]筑波大・応生化，[2]筑波大・院・農，[3]カゴメ総研，[4]慶應・理工・化）
16：45		1pB14 タンパク質の細胞間移行について——CPC タンパク質とイネチオレドキシン h を用いた実験 守　智子[1]，越野泰裕[2]，林　浩昭[1]，岡田清孝[2]，藤原　徹[1,3]（[1]東大院・農・応生化，[2]京大院・理・植，[3]PRESTO, JST）	1pC14 コムギのフルクタン代謝関連遺伝子の酵素機能及びハードニング中の発現解析 川上　顕，吉田みどり（農水省・北海道農試）	1pD14 高等植物シロイヌナズナにおける新規な SNF1 関連プロテインキナーゼ遺伝子の同定と解析 河野友子，松岡大介，東　哲司，南森隆司，安田武司（神戸大院・自然科学）	1pE14 わさび由来の抗菌性タンパク質の精製と遺伝子のクローニング 木場章範，西原昌宏，大宮香織，山村三郎（㈱岩手生工研）	1pF14 シロイヌナズナの根における細胞増殖と伸長成長との制約関係を表す数理モデル 古谷将彦，杉山宗隆（東京大院・理・植物園）
17：00		1pB15 イネ維管束系を介した糖転流機構の解析 松倉千昭，廣瀬竜郎[1]，大杉　立[2]，山口淳二（名大生物分子応答研究セ，[1]北陸農試，[2]農水省生物研）	1pC15 コムギ低温誘導性遺伝子 *wcor14* の単離 大野良子[1]，Sergei Tsvetanov[1]，津田加奈子[1]，宅見薫雄[1]，森　直樹[1]，Atanas Atanassov[2]，中村千春[1]（[1]神戸大・自然科学，[2]IGE，ブルガリア）	1pD15 クラミドモナス MAP キナーゼ相同遺伝子の単離と解析 桐沢恒一，河本　伸，山田　隆，宇佐美昭二（広大院先端研・生命機能）		1pF15 微弱磁場環境下における植物の成長 富田-横谷香織，山下雅道[1]，柳澤政生[2]，箸本春樹[3]，中村輝子[4]，長谷川宏司[1]（筑波大・応生化，[1]宇宙研，[2]早稲田・理工，[3]東大・院総合文化，[4]日女大・理・物生）
17：15		1pB16 PETIS 法を用いたオオムギ，トマトにおける ^{52}Mn の吸収・移行・転流解析 中西啓仁[1]，清宮正一郎[1]，Bughio Naimatullah[1]，渡辺　智[2]，石岡典子[2]，長　明彦[2]，内田　博[3]，辻　淳憲[3]，松橋信平[2]，関根俊明[2]，橋本昭司[2]，森　敏[1]（[1]東大院・農学生命科学，[2]日本原子力研究所，[3]浜松ホトニクス）	1pC16 コムギ低温誘導性遺伝子 *Wrab* ファミリーの単離 津田加奈子，セルゲイツベタノフ，大野良子，宅見薫雄，森　直樹，中村千春（神戸大・自然科学）	1pD16 シロイヌナズナ ABA 依存性プロテインキナーゼの精製と生化学的解析 吉田理一郎[1]，市村和也[1]，溝口　剛[1]，篠崎和子[2]，篠崎一雄[1]（[1]理研・植物分子，[2]農水省・国際農研・生物資源）		1pF16 ルシフェラーゼ遺伝子を高発現させた植物におけるジーンサイレンシングの解析 光原一朗[1,2]，白澤直美[3]，中村茂雄[3]，岩井孝尚[1,2]，本蔵良三[3]，大橋祐子[1,2]（[1]農水省・農業生物資源研究所，[2]JST・CREST，[3]宮城県農業センター）
17：30		1pB17 PETIS（Positron Emitting Tracer Imaging System）法を用いた $^{13}NH_4^+$ のイネにおける吸収・移行・転流解析 清宮正一郎[1]，中西啓仁[1]，内田　博[2]，辻　淳憲[2]，原田典弘[2]，塚田秀夫[2]，松橋信平[3]，橋本昭司[3]，関根俊明[3]，森　敏[1]（[1]東大院・農学生命科学，[2]浜松ホトニクス，[3]日本原子力研究所）	1pC17 アブシジン酸誘導性タウマチン様タンパク質の機能解析 桑原慎子，荒川圭太，竹澤大輔，藤川清三（北大・低温研）	1pD17 プロテインキナーゼ WPK 4 と14-3-3タンパク質との結合様式の解析 池田佳久，草野友延，佐野　浩（奈良先端大・遺伝子教育研究センター）		
17：45		1pB18 トビイロウンカロ針を用いたイネ植物体の篩管への物質注入法（MUSI 法）の開発 藤巻　秀，藤原　徹，林　浩昭（東京大・農・応生化）	1pC18 小麦由来のパラクマル酸による氷核活性細菌の不活性化 大平万里，星野　保，吉田みどり，神　繁樹，津田　栄，扇谷　悟，石崎紘三（農水省・北海道農試）	1pD18 シロイヌナズナの分裂組織で発現する受容体型キナーゼ遺伝子 *IMK3* の機能解析 竹村美保，谷　英美，武田有史，長谷川雅一，根本恭子，横田明穂，河内孝之（奈良先端大・バイオサイエンス）		

第1日　3月27日（月）

G 会場 加令・老化・細胞死	H 会場	I 会場 FDD	J 会場 基礎代謝（タンパク質・酵素・脂質）	K 会場 細胞壁	L 会場 形態形成	時間
1pG13 タバコ *tbZ* 遺伝子は老化のプロセスと花芽で強く発現する bZIP 型転写活性化因子をコードする 梁　勝煥，Thomas Berberich[1]，佐野　浩，草野友延（奈良先端大・遺伝子教育研究センター，[1]Botanishes Institut, J. W. Goethe Univ.）	シンポジウム 2 「植物生理学のエアポケット―樹木の生理」	1pI13 Fluorescent differential display (FDD) Indentifies circadian clock regulated genes in Arabidopsis Steve A. Kay, Joel A. Kreps, 村松高道[1]，古谷雅樹[1]（The Scripps Research Institute, [1]日立基礎研）	1pJ13 エンドウアセチル CoA カルボキシラーゼの研究レドックスに応答する組換え酵素の発現 木崎暁子，蒲田浩一郎，永野幸生，井口ひろ，佐々木幸子（名大院・生命農学・生物情報制御）	1pK13 セルロース合成阻害に伴う BY-2 細胞の細胞壁多糖類，リグニン及び分泌多糖類の変化 高橋麻衣，佐合秀康，中川直樹，桜井直樹（広島大・総合科学）	1pL13 シロイヌナズナのロゼット葉形成に関わる遺伝子のクローニング 岡本繁久，鶴山勝也，田仲　究，中村考志[1]，松尾友明（鹿大農・生物，[1]京府大・人環）	16：30
1pG14 タバコ培養細胞における過敏感反応死の過程 天野豊己，平沢賢一，塩井祐三（静岡大・理・生物地球）			1pJ14 エンドウアセチル CoA カルボキシラーゼの研究レドックスによる活性調整に関わるシステイン残基の決定 真弓慶子，木崎暁子，佐々木幸子（名大・生命農学・生物情報）	1pK14 光によるアズキ上胚軸の伸長成長およびキシログルカン分解活性の調節 加来友美，若林和幸，神阪盛一郎，森　仁志[1]，保尊隆享（大阪市大・理・生物，[1]名古屋大院・生命農）	1pL14 シロイヌナズナの葉脈パターンに異常が見られる変異体の解析 小泉好司，松田和歌奈[1]，杉山宗隆[2]，福田裕穂（東大院・理・生物科学，[1]東大・理・生物，[2]東大院・理・植物園）	16：45
1pG15 ダイズの個体老化を誘導する内生因子 松野純子，喜久田嘉朗，幸田泰則（北大院・農・植物）			1pJ15 カボチャの器官発達過程におけるプラスチド型グリセロール-3-リン酸アシルトランスフェラーゼアイソザイムの役割について 杉浦雅子，槐亜希子，西田生郎（東大・院・理系・生物科学）	1pK15 3-D クリノスタットにおけるイネ幼葉鞘の自発的形態形成と細胞壁並びに微小管配列の変化 佐伯瑞枝，若林和幸，保尊隆享，神阪盛一郎（大阪市大・理・生物）	1pL15 イネの葉の形成過程における *OsPNH* 遺伝子の発現解析 西村明日香，松岡　信（名大・生物分子応答）	17：00
1pG16 コムギの穎及び穂軸に含まれる老化促進物質 幸田泰則，喜久田嘉郎（北海道大・院・農・植物）			1pJ16 シロイヌナズナのスフィンゴ脂質長鎖塩合成酵素 cDNA のクローニング 田村酬太郎，今井博之[1]（甲南大・院・自然科学，[1]甲南大・理・生物）	1pK16 重力刺激によるシロイヌナズナ胚軸の伸長成長およびキシログルカン代謝の調節 曽我康一，若林和幸，保尊隆享，神阪盛一郎（大阪市大院・理・生物）	1pL16 シロイヌナズナの葉の左右対称的形成に関わる *AS2* 遺伝子の分子遺伝学的解析 Endang Semiarti[1]，岩川秀和[1]，尾之内均[1]，塚谷裕一[2]，町田千代子[1]，町田泰則[1]（[1]名大院・理・生命理学，[2]基生研）	17：15
1pG17 オートムギ第一葉の老化に伴う細胞壁多糖類の変化 宮本健助，宇都宮真木，勇田友和，上田純一（大阪府立大・総合科学・自然環境）			1pJ17 シロイヌナズナのスフィンゴ脂質長鎖塩基キナーゼ cDNA のクローニング 西浦英樹，今井博之[1]（甲南大・院・自然科学，[1]甲南大・理・生物）	1pK17 細胞壁の臨界降伏張力 (y) を調節するタンパク質 yieldin の性質と組織内局在 中里（岡本）朱根[1]，高橋宏二[2]，仙波りつ子[3]，加藤　潔[2]（[1]昭和薬科大・生物，[2]名古屋大・情文・人情，[3]愛知県心身障害者コロニー）	1pL17 シロイヌナズナの葉の形態形成に関わる遺伝子群の発現様式の解析 上野宜久，北倉左恵子，岩川秀和，Endang Semiarti，町田千代子，藤田知道，町田泰則（名大院・理生命）	17：30
				1pK18 湿度と ph による細胞壁粘弾性の変化 谷本英一，山本良一[1]，藤井修平[1]，稲永　忍[2]（名市大・自然・科学セ，[1]帝塚山短大・食品，[2]鳥取大・乾地研）	1pL18 Agrobacterium tumefaciens T-DNA の *6b* 遺伝子は植物細胞の増殖を誘導し，葉の形態形成に影響を及ぼす 北倉左恵子，藤田知道，上野宜久，我彦宏悦[1]，町田泰則（名大院・理・形態統御，[1]秋田県大・生工研）	17：45

第2日　3月28日（火）

時間	A会場	B会場 細胞内輸送・分泌	C会場 温度と光	D会場 情報伝達系	E会場 無機栄養	F会場 光合成細菌
9：00	シンポジウム4 「代謝生理学のルネッサンス―バイオテクノロジーによる新たな展開」	2aB01 ケツルアズキ発芽種子における α-アミラーゼの細胞内輸送およびデンプン顆粒分解過程の解明 豊岡公徳，岡本龍史，南川隆雄（東京都立大院・理・生物科学）	2aC01 不凍（Antifreeze）活性測定法の比較 石川雅也，村本　彩，西尾直美（農水省・生物研）	2aD01 塩性植物アイスプラント及びシロイヌナズナにおけるタンパク質脱リン酸化酵素タイプ 2C(PP2C) 遺伝子の多様性 和泉俊介，宮崎さおり，大里広顕，福原敏行（東京農工大・農・細胞分子）	2aE01 フェリチンの発現を誘導する因子について 後藤文之，吉原利一，増田太郎，斉木　博（電中研・生物科学）	2aF01 クロロゾームを欠く新規好熱性繊維状光合成細菌 花田　智[1]，高市真一[2]，松浦克美[3]，中村和憲[1]（[1]工業技術院生命工学工業技術研究所，[2]日本医科大・生物，[3]東京都立大・理）
9：15		2aB02 タンパク質貯蔵に関与するイネ胚乳細胞粗面小胞体の機能分化と細胞内局在 武中壮祐[1]，島田武明[1]，牧野英志[1]，森田重人[1,2]，増村威宏[1,2]，田中國介[1,2]（[1]京府大・生資化・遺伝子工学，[2]京府農資センター基礎研究部）	2aC02 温度低下にともなう植物体のしおれの発生機構 村井麻理，石川淳子，塩谷康生，小沢　聖（東北農業試験場）	2aD02 シロイヌナズナの γ 線照射応答における Nucleoside Diphosphate Kinase シグナル伝達機構の解析 永田俊文[1]，等々力節子[2]，林　徹[2]，小松節子[3]，岡部　健[3]，杜澤　吉[3]，矢崎潤史[4]，中村桂子[4]，岸本直己[3]，森　昌樹[3]，菊池尚志[3]（[1]JST 長崎，[2]食総研，[3]生物研，[4]STAFF 研）	2aE02 外来フェリチン遺伝子導入タバコにおけるアスコルビン酸ペルオキシダーゼ遺伝子の転写活性について 吉原利一，後藤文之，増田太郎（電中研・生物科学）	2aF02 クロロソームを持たない新規緑色状細菌 HLO8 株におけるチトクロム光酸化 山田光則[1]，花田　智[2]，永島賢治[1]，嶋田敬三[1]，松浦克美[1]（[1]都立大・生物，[2]工技院・生命研）
9：30		2aB03 シロイヌナズナ緑葉ペルオキソシームに局在する 27-kDa タンパク質の細胞内輸送 加藤　朗[1]，目黒文晃[1]，川上健太郎[1]，真野昌二[2]，西村幹夫[2]（[1]新潟大・理・生物，[2]基生研・細胞生物）	2aC03 作物幼苗の低温感受性の日周変化 石川淳子，村井麻理，山口知哉，北川良親[1]，小池説夫（農水省・東北農試，[1]秋田県大・生工研）	2aD03 イネ，プロトプラストによる N-アセチルキトオリゴ糖エリシターの認識 南　栄一，西村宜之，渋谷直人（農業生物資源研究所）	2aE03 クラミドモナスにおいて低 CO_2 条件への順化に必要な調節遺伝子 CCM1 の単離 三浦謙治，石崎公庸，松枝昭治，九町健一，大山莞爾，福澤秀哉（京大院・生命科学）	2aF03 *Thermochromatium tepidum* 由来光合成反応中心と HiPIP の結晶構造 禾　晃和[1]，Insan Fathir[2]，小林正幸[2]，野澤庸則[2]，三木邦夫[1,3]（[1]京大・院理・化，[2]東北大・院工・生物工，[3]理研・播磨研）
9：45		2aB04 カボチャカタラーゼのペルオキシソーム移行シグナルの解析 寺内白梅薫，西由起子，江坂宗春，真野昌二[1]，西村幹夫[1]（広島大・生物生産，[1]基生研・細胞生物）	2aC04 ジャガイモ塊茎の低温貯蔵における増糖機構の解析 遠藤千絵，川口健太郎，森　元幸（農水省・北海道農試）	2aD04 エリシター応答性遺伝子のイネ植物体における発現様式 田部　茂，南　栄一，岡田光央，渋谷直人（農水省・農業生物資源研究所）	2aE04 緑藻クラミドモナス炭酸脱水酵素遺伝子 *CAH1* の 5′ 上流域に存在する CO_2 応答性シス配列と DNA 結合因子 九町健一，谷口都也，大山莞爾，福澤秀哉（京大院・生命科学）	2aF04 ヘリオバクテリアの光化学反応中心の電子供与体 大岡宏造，岩城雅代[1]，伊藤　繁[1]（阪大院・理・生物科学，[1]基生研）
10：00		2aB05 植物特異的な小胞輸送制御機構の解析 上田貴志[1]，山口雅利[2]，内宮博文[2]，中野明彦[1]（[1]理研生体膜，[2]東大・分生研）	2aC05 Analysis of the role of RcaE during complementary chromatic adaptation in the cyanobacterium *Fremyella diplosiphon* Kazuki Terauchi, Devid M. Kehoe（Dept. Biol., Indiana Univ.）	2aD05 イネ培養細胞のキチンエリシターによる活性酸素生成の制御機構の解析 山口武志，前原有美子，渋谷直人（農水省・農業生物資源研究所）	2aE05 ラン藻の炭酸水素イオン結合タンパク質 前田真一[1]，G. Dean Price[1]，Murray R. Badger[1]，榎本千賀，小俣達男（名古屋大院・生命農学，[1]オーストラリア国立大・生物科学研）	2aF05 好酸性好気性光合成細菌 *Acidiphilium rubrum* における光合成電位伝達系の解析 成田幸洋，永島賢治，松浦克美，嶋田敬三（都立大・生物）
10：15		2aB06 植物細胞における小胞輸送の制御――植物 Sar1 の優性阻害型変異を用いたアプローチ 竹内雅宜，佐藤　健，上田貴志，安部　弘，中野明彦（理研・生体膜）	2aC06 Trihelix 構造を有する新規遺伝子の性状解析 村田　純，高瀬尚文，平塚和之（奈良先端大・バイオ）	2aD06 アラビドプシス新規転写因子群 AtERF は，GCC ボックスに特異的な転写活性化能あるいは転写抑制能をもつ 髙木　優，太田　賢，Susan Y. Fujimoto，進士秀明（工技院・生命研・植物分子生物）	2aE06 炭素欠乏条件下におけるカルボキシソーム関連遺伝子の転写制御機構 原野よしみ，小俣達男（名古屋大院・生命農学）	2aF06 紅色細菌 *Rubrivivax gelatinosus* の光合成電子伝達における 2 つの可溶性チトクローム C_8 と HiPIP の役割 永島賢治，André Verméglio[1]（都立大・理生物，[1]CEA）

第2日　3月28日（火）

G 会場 栄養生長・生殖生長	H 会場	I 会場 基礎代謝（遺伝子）	J 会場 ゲノム・光化学系Ⅰ・光化学系Ⅱ	K 会場 植物ホルモン	L 会場 形態形成	時 間
2aG01 アサガオのフロリゲン様物質の分離，精製とその精製物の花芽誘導活性 篠崎眞輝，平岡和久（京大院・農・応用生物）	シンポジウム 5 「遺伝子工学はどこまで農業をかえられるか？」	2aI01 トウモロコシ葉緑体局在性リンゴ酸輸送体の分化 谷口光隆，杉山達夫（名古屋大院・生命農学）	2aJ01 シロイヌナズナゲノムプロジェクト　ゲノム塩基配列決定と全塩基配列再注釈の進行状況 中村保一，金子貴一，加藤友彦，佐藤修正，浅水恵理香，小谷博一，田畑哲之（かずさ DNA 研究所）	2aK01 春化処理したトルコギキョウにおけるジベレリンに対する反応性 岡真理子，田坂恭嗣，岩渕雅樹，三野真布（岡山県生物科学総合研究所）	2aL01 単細胞性緑藻・ミカヅキモ（*Closterium p-s-l* complex）における MADS gene の解析とその進化的考察 田辺陽一，長谷部光泰[1]，野崎久義[2]，伊藤元己[3]（千葉大院・自然科学，[1]基生研・種分化第二，[2]東大院理学研究科・生物科学，[3]千葉大・理・生物）	9：00
2aG02 アラビドプシス *TFL1* に相同な配列を有するリンゴ *MdTFL* の単離と発現解析 古藤田信博，和田雅人，加藤秀憲，増田哲男，副島淳一（農水省・果樹試・リンゴ支場）		2aI02 光に制御される新規原核型低分子量 GTP 結合タンパク質 *OsERA* 遺伝子の構造と機能 今井亮三，増田ゆかり，米山　昌（農水省・北農試・越冬ストレス）	2aJ02 シロイヌナズナ，ミヤコグサ，クラミドモナス，スサビノリの EST 解析 浅水恵理香[1]，中村保一[1]，佐藤修正[1]，福澤秀哉[2]，中嶋舞子[3]，田畑哲之[1]（[1]かずさ DNA 研究所，[2]京大・院・生科，[3]東海大・海洋研）	2aK02 春化処理したトルコギキョウのジベレリン合成酵素遺伝子の発現消長 三野真布，岡真理子，田坂恭嗣，岩渕雅樹（岡山県生物科学総合研究所）	2aL02 *OsMADS1* 遺伝子導入トルコギキョウに見られた形態変化の後代への遺伝について 西原昌宏，大宮香織，阿部善子，山村三郎（㈱岩手生物工学研究センター）	9：15
2aG03 リンゴ *LFY* ホモログ *AFL1*，*AFL2* の発現及び機能解析 和田雅人，古藤田信博，副島淳一，増田哲男（農水省果樹試・リンゴ支場）		2aI03 植物特有の Dof ドメイン型 DNA 結合タンパク質の結合様式 山本理恵，石塚朋子，江坂宗春（広島大・生物生産）	2aJ03 シロイヌナズナ DNA アレイの作製と遺伝子発現解析 柴田大輔，浅水恵理香，天谷正行，津金胤昭，桑田主税，深見正信，中村保一，金子貴一，田畑哲之（かずさ DNA 研）	2aK03 コムギの深播き耐性における第一節間の伸長成長のためのジベレリン応答 陳　　磊，東谷篤志，小松節子[1]，高橋秀幸（東北大遺生研，[1]農水省・生物研）	2aL03 がく片の発生に異常のある突然変異体の原因遺伝子，*PRESSED FLOWER* の単離と解析 松本任孝，岡田清孝（京都大院・理・植物）	9：30
2aG04 シロイヌナズナの *embryonic flower 2* 変異を相補するイネ遺伝子 柳井幸弘，吉田存方（三井化学・ライフサイエンス研究所）		2aI04 マメプロテアーゼインヒビター遺伝子のプロモーターに結合する新規ホメオドメインタンパク質 cDNA の単離と機能解析 枝　礼子，森永裕香子，嶋村幸一郎，坂田洋一，田中重雄，武長　宏（東京農大応用生物）	2aJ04 DNA アレイを用いたジャスモン酸応答性遺伝子群のゲノム規模での解析 佐々木結子，浅水恵理香[1]，柴田大輔[1]，中村保一[1]，金子貴一[1]，粟井光一郎，増田　建，島田裕士，高宮建一郎，太田啓之，田畑哲之[1]（東工大・生命理工・生命科学，[1]かずさ DNA 研究所）	2aK04 コウキクサの根における伸長成長のジベレリン制御 稲田さやか，新免輝男（姫路工大・理・生命）	2aL04 シロイヌナズナの MADS-box 遺伝子 *FRUITFULL* の機能解析 佐藤修正[1,2]，Cristina Ferrándiz[1]，Martin F. Yanofsky[1]（[1]Dept. Biol., UCSD，[2]かずさ DNA 研究所）	9：45
2aG05 シロイヌナズナ *EMBRYONIC FLOWER 2* 遺伝子の発現及びトランスジェニック植物を用いた機能解析 吉田存方，柳井幸弘，Lingjing Chen[1]，Z. Renee Sung[1]，高橋　滋（三井化学・ライフサイエンス研究所，[1]UC Berkeley）		2aI05 赤タマネギからの Alliinase 遺伝子プロモーター領域の単離と機能解析 上西愛子，山口由貴子[1]，野村　研，大矢武志，北宜裕（神奈川県農総研，[1]神奈川大・理）	2aJ05 シロイヌナズナの Functional Genomics——ジーン・エンハンサートラップ法による遺伝子発現の網羅的解析 加藤友彦，佐藤修正，田畑哲之（かずさ DNA 研）	2aK05 アズキ上胚軸切片の成長と糖代謝に対するジベレリンの作用 松田幸隆，井上雅裕（愛媛大・理・生地）	2aL05 *FT* と他の花成遅延変異に関する遺伝学的解析 小林恭士，賀屋秀隆，荒木　崇（京都大・理・植物）	10：00
2aG06 シロイヌナズナの花芽特異的ジンクフィンガータンパク質をコードする遺伝子 *ZIM* の機能解析 四方雅仁，西井晶子，藤田秀知，竹村美保，横田明穂，河内孝之（奈良先端大・バイオ）		2aI06 ABA を介した乾燥応答性遺伝子発現に関与するシロイヌナズナの bZIP 型転写因子 *AREB* の解析 降旗　敬[1]，宇野雄一[1,2]，安部　洋[1]，モハマド M. バルベーズ[1]，吉田理一郎[3]，篠崎和子[1]，篠崎一雄[3]（[1]農水省・国際農研・生物資源，[2]神戸大・農・植物資源，[3]理研・植物分子）	2aJ06 Efficient Agrobacterium-mediated genetic transformation by sucrose or salt pretreatment of cotyledons in *Panax ginseng* and *Daucus carota* Y. E. Choi, T. Kusano, H. Sano（Research and Education Center for Genetic Information, Nara Institute of Science and Technology）	2aK06 アズキ上胚軸成長に対する疑似微小重力と植物ホルモンの影響 井上雅裕，都築敬一郎，保尊隆享[1]（愛媛大・理・生地，[1]大阪市大・理・生物）	2aL06 シロイヌナズナ花序形態形成に関与する *CRM2* 遺伝子のポジショナルクローニング 鈴木光宏，高橋　卓，米田好文（北海道大・理・生物科学）	10：15

第2日　3月28日（火）

時　間	A 会場	B 会場 細胞内輸送・分泌	C 会場 温度と光	D 会場 情報伝達系	E 会場 無機栄養	F 会場 光合成細菌
10：30	シンポジウム 4 「代謝生理学のルネッサンス―バイオテクノロジーによる新たな展開」	2aB07 C 末端 KDEL 配列をもつ液胞プロライナーゼ（SH-EP）の細胞内輸送機構：タバコ BY_2 細胞を用いた解析 岡本龍史，豊岡公徳，南川隆雄（東京都立大院・理・生物）	2aC07 トウモロコシの転写因子 Dof1 のターゲット遺伝子と機能ドメインの解析 桝澤修一（東大院・総合文化・生命）	2aD07 植物間で保存された ERF3 転写抑制ドメインの機能解析 太田　賢，高木　優，進士秀明（工技院・生命研・植物分子生物）	2aE07 ラン藻 *Synechococcus* PCC 7942 における Fe(III)-EDTA 還元活性の明暗での変化について 辰己朋子，岩城俊雄，和田野晃（大阪府大・農・応生化）	2aF07 好気性光合成細菌 *Roseobacter denitrificans* のシトクロム c 酸化酵素の精製と性質 松田優治，渡邊あずさ，荒田博行（九大院・理・生物科学）
10：45		2aB08 糖鎖合成阻害剤ツニカマイシンに耐性を示すシロイヌナズナ 小泉　望，伊原（宇治野）徳子，Maarten J. Chrispeels[1]，佐野　浩（奈良共端大・遺伝子，[1]カリフォルニア大サンディエゴ校）	2aC08 フタバネゼニゴケ配偶体におけるプロトクロロフィリド還元酵素遺伝子の発現様式 江口幸栄子，上田玲子，小野莞爾，滝尾　進（熊本大理・生物科学）	2aD08 分岐鎖 α-ケト酸脱水素酵素の糖による発現調節 藤木友紀，伊藤正樹，渡辺　昭（東京大・院・理系・生物科学）	2aE08 *Synechocystis* sp. PCC6803 における硫黄欠乏に伴う転写産物量の変化 高橋由香里[1]，坂本文徳[2]，鈴木英治[3]（[1]茨城大・理・自然，[2]日本原子力研究所，[3]茨城大・理・環境）	2aF08 *Rhodobacter sphaeroides* f.sp. *denitrificans* の硝酸還元酵素遺伝子 *napKEFDABC* オペロンの転写制御 田畑教也，山本　勇，佐藤敏生（広島大・理・生物科学）
11：00		2aB09 液胞輸送レセプター PV72 と輸送シグナルの相互作用に関する研究 渡辺悦子[1,2]，嶋田知生[1,2]，黒柳美和[1]，林　潤[1]，西村いくこ[3]，西村幹夫[1,2]（[1]基生研，[2]総合研究大学院大，[3]京大院・理）	2aC09 苔類フタバネゼニゴケのプロトクロロフィリド還元酵素遺伝子の光による発現制御 鈴木崇紀，松崎雅広，山本　勇，滝尾　進[1]，佐藤敏生（広島大・理・生物科学，[1]熊本大・理・生物科学）	2aD09 糖センサーとしてのヘキソースキナーゼの解析 砂子智美，森田章義，山口淳二（名大・生物分子応答研究センター）	2aE09 $^{75}Se/^{35}S$–ダブルラベル法による円石藻のセレン蛋白質の解析 小幡年弘，岩本浩二，白岩善博（筑波大・生物）	2aF09 光合成細菌のペリプラズムに存在する新奇分子シャペロン様タンパク質 松崎雅広，山本　勇，佐藤敏生（広島大・理・生物科学）
11：15		2aB10 GUS–レポーター法による AtVAM3p の器官特異的発現パターンの解析 植村知博，光田展隆[1]，佐藤雅彦（京大・総人，[1]京大・人環）	2aC10 アカパンカビにおける NDP キナーゼを介した光信号伝達系の遺伝的解析 小倉康裕，吉田雄介，矢部尚登，蓮沼仰嗣（横浜市大木原生研・総合理学）	2aD10 植物体における糖シグナル応答性 $[Ca^{2+}]_{cyt}$ 上昇とその機構――エクオリン導入シロイヌナズナによる解析 古市卓也[1]，加藤　潔[2]，森　泉[3]，高橋宏二[2]，武藤尚志[1,3]（[1]名古屋大・院・生命農，[2]名古屋大・情報文化学部，[3]名古屋大・生物分子応答研究センター）	2aE10 C3 型 PEPC 遺伝子のリン酸欠乏による発現誘導 豊田健太郎[1]，佐藤文彦[1,2]（[1]京大院・農・応用生命，[2]京大院・生命・統合）	2aF10 紅色光合成細菌 *Allochromatium vinosum* における光捕集色素タンパク質（LH1）の遺伝子重複と発現 永島咲子，嶋田敬三，松浦克美，永島賢治（都立大・理・生物）
11：30		2aB11 ジャガイモ塊茎 20-kDa タンパク質前駆体の N 末端側プロペプチドと C 末端部分には異なった液胞輸送シグナルが存在する 小出康博[1]，松岡　健[1]，大藤雅章[2]，中村研三[1,2]（[1]名古屋大院・生命農学・生化，[2]基生研・発生生物）	2aC11 光依存的に胚軸伸長を抑制する優性突然変異体の解析 中澤美紀，三浦聖子，藤岡生子，矢部尚登[1]，蓮沼仰嗣[1]，松井　南（理研・植物ゲノム・変位探索，[1]横浜市大・木原生研）	2aD11 高等植物細胞に対するマストパランの影響 岩崎行玄，藤澤由紀子，旭　正（福井県立大・生物資源）	2aE11 葉緑体の亜硝酸取り込みに関与するトランスポータの性質と cDNA の単離 杉浦美羽，橘高隆一，畑山裕亮，高橋正昭（大阪府大農・応用生物化学）	2aF11 紅色細菌 *Roseateles depolymerans* と *Rubrivivax gelatinosus* の光合成器官発現調節に対する酸素濃度栄養条件の影響 陶山哲志[1]，重松　亨[1,2]，鈴木利彦[1]，常盤　豊[1]，金川貴博[1]，永島賢治[3]，花田　智[1]（[1]工技院・生命研，[2]熊本大・工・物質生命化，[3]都立大・理・生物）
11：45		2aB12 高等植物におけるオートファジーに関する解析 花岡秀樹[1,2]，野田健司[1,2]，白野由美子[3,4]，佐藤修正[5]，加藤友彦[5]，林　浩昭[6]，柴田大輪[3,5]，田畑哲之[5]，大隅良典[1,2]（[1]基生研，[2]総研大，[3]三井業際植物，[4]New Jersey 大，[5]かずさ DNA 研，[6]東大院・農・応生化）	2aC12 イネ葉緑体型アスコルビン酸ペルオキシダーゼの光に対する発現応答 森田重人[1,2]，小谷忠明[1]，上中弘典[1]，増村威宏[1,2]，田中國介[1,2]（[1]京都府大・農・生資化，[2]京都府農資センター）	2aD12 イネ 3 量体 G タンパク質の機能解析 藤澤由紀子，旭　正，岩崎行玄（福井県立大・生物資源）	2aE12 葉脈間クロロシスを示す NAAT 過剰発現タバコ 高橋美智子[1,2]，中河卓也[2]，根岸孝至[2]，寺田靖子[2]，中井　泉[3]，西澤直子[2]，吉村悦郎[2]，森　敏[1,2]（[1]CREST，[2]東大院・農，[3]東京理科大・理）	2aF12 紅色細菌 *Rhodovulum* における好気条件下での光合成遺伝子の発現 増田真二[1]，永島賢治[1]，嶋田敬三[1]，井上和仁[2]，Carl E. Bauer[3]，松浦克美[1]（[1]都立大・生物，[2]神奈川大応用生物，[3]インディアナ大・生物）

第2日　3月28日（火）

G 会場 栄養生長・生殖生長	H 会場	I 会場 基礎代謝（遺伝子）	J 会場 ゲノム・光化学系Ⅰ・光化学系Ⅱ	K 会場 植物ホルモン	L 会場 形態形成	時 間
2aG07 *CONSTANS* 遺伝子の過剰発現による早咲きを抑圧するシロイヌナズナ変異体の単離と解析 尾之内均，Alon Samach, Isabel Igeno, Clair Perilleux, Scott E. Gold[1], Martin F. Yanofsky[1], George Coupland（John Innes Centre, [1]Dept. Biol. and Center of Mol. Gen., Univ. of California at San Diego）	シンポジウム 5 「遺伝子工学はどこまで農業をかえられるか？」	2aI07 タバコ cysteine protease 遺伝子（NTCP-23）の発現解析 上田忠正，瀬尾茂美，大橋祐子，橋本純治（農水省・生物研／JST!nCREST）	2aJ07 リボソームに再構成された光化学系Ⅰ複合体のサーモライシンによる消化 佐々木毅，小谷俊之，唐澤智司，和田敬四郎，星名哲（金沢大・理・生物）	2aK07 イネ GA3β 水酸化酵素遺伝子の単離と解析 伊藤博紀[1]，上口（田中）美弥子[1]，北野英巳[2]，小林正智[3]，松岡　信[1]（[1]名古屋大・生物応答セ，[2]名大・農学部，[3]理研・ライフサイエンス）	2aL07 花弁とガクに特異的に発達異常を示す *sep1* 突然変異体の解析 長谷純宏，田中　淳，馬場智弘[1]，渡辺　宏（原研高崎，[1]JA ふくれん）	10：30
2aG08 シロイヌナズナの糖シグナリング変異株 *uns2* の解析 林　真吾[1,2]，古川靖子[1]，大藤雅章[1]，中村研三[1,2]（[1]基生研・発生生物，[2]名古屋大・生命農）		2aI08 ケツルアズキ芽ばえ子葉でのプロテイナーゼ活性発現とジベレリン 種山正登志，南川隆雄，山根久和[1]（東京都立大院・理・生物科学，[1]東京大・生物工学センター）	2aJ08 P700 濃縮粒子のアルカリ処理：P700 および A_0（A）のみを特異的に変性させる方法 池上　勇（帝京大・薬）	2aK08 イネ（*Oryza sativa* L.）のジベレリン 3β 水酸化酵素遺伝子 *OsGA3ox1* の機能 小林正智，伊藤博紀[1]，上口（田中）美弥子[1]，千徳直樹[1]，北野英巳[2]，松岡信[1]（理研・植物分子，[1]名大・生物応答センター，[2]名大・生命農学）	2aL08 花弁形成に異常の見られる *rabbit ears* 突然変異体の解析 武田征士，松本任孝，岡田清孝（京都大院・理・植物）	10：45
2aG09 オオムギを用いた生殖生長過程における遺伝子発現の全体像の解析の試み 東谷篤志，阪田　忠，高橋秀幸（東北大・遺生研）		2aI09 イネプロテアーゼ遺伝子 *Rep1* の発現には新規のジベレリン応答配列が関与する 須藤慶太，加藤英樹，南川隆雄（東京都立大院・理・生物科学）	2aJ09 植物と細菌のもつ光化学系1型反応中心の電子受容体クロロフィル a（A_0）と鉄硫黄センターの比較 伊藤　繁，岩城雅代，大岡宏造[1]，深見佳枝[1]（基生研，[1]阪大・理・生物）	2aK09 イネジベレリン 2β 水酸化酵素遺伝子の単離と機能解析 坂本知昭[1,2]，田切明美[2]，伊藤博紀[3]，松岡　信[3]，岩堀修一[1]，萱野暁明[2]，田中宥司[2]，小林正智[4]（[1]筑波大院・農，[2]生物研，[3]名大・生物分子応答，[4]理研・ライフサイエンス）	2aL09 ペチュニアの class B 遺伝子作用の分子メカニズムの解析 間山智子，土本　卓，大坪栄一（東大・分生研）	11：00
2aG10 酵母 *Saccharomyces cerevisiae* の第Ⅲ番染色体 DNA 長多型による接合能の低下 壺井基夫，山下泰然，有津俊史，小西一功，太才由紀子，久冨泰資（福山大・工生物工学）		2aI10 イネアスパラギニルエンドペプチダーゼ REP-2 遺伝子のクローニング 加藤英樹，須藤慶太，南川隆雄（東京都立大院・理・生物科学）	2aJ10 パルス EPR による光化学系Ⅱの電子伝達体配置：Q_A と Cyt b_{559} 河盛阿佐子[1]，東中資喜[1]，黒岩繁樹[2]，赤堀興造[3]（[1]関学大・理，[2]東大・総合文化，[3]広大・総合科学）	2aK10 bZIP 型転写因子 RSG の標的遺伝子の探索 深澤壽太郎[1]，山口五十麿[2]，神谷勇治[3]，高橋陽介[1]（[1]東大院・理，[2]東大・農，[3]理研）	2aL10 スギ（*Cryptomeria japonica*）の B 遺伝子の発現特性 福井充枝，Simon D. X. Chuong[1]，Nicole Ramesar-Fortner[1]，Edward C. Yeung[1]，笹本浜子，篠原健司（農水省・森林総研，[1]Dept. Biol. Sci., Univ. Calgary）	11：15
2aG11 テッポウユリの葯の減数分裂に同調した温度低下と気孔形成 北島佐紀人，高瀬尚文[1]，平塚和之[1]，堀田康雄[1]，富澤健一，横田明穂（RITE，[1]奈良先端第・バイオサイエンス）		2aI11 アラビドプシス，フルクトース-6-リン酸，2-キナーゼ／フルクトース-2，6-ビスホスファターゼ cDNA の単離と解析 古本　強，河津　維，寺本真紀，伊藤正樹，渡邊　昭（東大院・理・生物科学）	2aJ11 ギ酸処理による PSII 電子伝達阻害の EPR 研究 勝田延宏，河盛阿佐子，Yashar M. Feyziev[1]（関学大・理，[1]アゼルバイジャン科学アカデミー）	2aK11 14-3-3 タンパク質による bZIP 型転写因子 RSG の活性制御機構の解析 五十嵐大亮，深澤壽太郎，石田さらみ，高橋陽介（東大院・理・生物科学）	2aL11 タンパク質の細胞間移動によってアラビドプシス TFL1 の細胞間相互作用がもたらされる 本間　隆，合田和史，後藤弘爾（京都大・化研）	11：30
2aG12 高湿度条件下で稔性を回復するシロイヌナズナの雄性不稔突然変異体 VW294 の分子遺伝学的解析 山田美穂，石黒澄衛，影山奈津子，近藤真紀[1]，西村いくこ，岡田清孝（京大院理・植物，[1]基生研・細胞生物）		2aI12 シロイヌナズナのマソノース-6-リン酸イソメラーゼ cDNA の単離と解析 中川由香，藤木友紀，伊藤正樹，古本　強，渡邊　昭（東大・院理・生物科学）	2aJ12 光合成の光阻害における活性酸素の作用機構 西山佳孝[1]，山本　宏[2]，横田明穂[2,3]，村田紀夫[1]（[1]基生研，[2]RITE，[3]奈良先端大・バイオ）	2aK12 三量体 G タンパク質 α subunit の欠損したイネ *d1* 矮性変異体はジベレリン情報伝達が異常になっている 上口（田中）美弥子，藤沢由紀子[1]，小林正智[2]，北野英巳，岩崎行玄，松岡　信（名大・生物分子応答センター・生命農学，[1]福井県立大・生物資源，[2]理研）	2aL12 イネの心皮のホメオティック遺伝子 *DROOPING LEAF*(*DL*) の単離と解析 山口貴大[1]，川崎信二[2]，松岡　信[3]，長戸康郎[1]，平野博之[1]（[1]東大農学生命科学，[2]農業生物資源研究所，[3]名大・生物分子応答）	11：45

第2日　3月28日（火）

時間	A 会場	B 会場 細胞内輸送・分泌	C 会場 温度と光	D 会場 情報伝達系	E 会場 無機栄養	F 会場
12：00	シンポジウム 4 「代謝生理学のルネッサンス―バイオテクノロジーによる新たな展開」	2aB13 タバコ培養細胞がショ糖飢餓に応答して起こす2種類の自食作用 高塚千広，三好泰博[1]，森安裕二[1]（静岡県立大学・生活健康科学研究科，[1]食品栄養科学部）	2aC13 光と糖により発現が促進される新奇の受容体型キナーゼ遺伝子 中村賢志，田中慎一郎，望月伸悦，長谷あきら（京大理・植物）	2aD13 三量体 G タンパク質のαサブユニット欠損イネ培養細胞における N-アセチルキトオリゴ糖エリシター応答性 塚田幸治[1]，藤澤由紀子[2]，岩崎行玄[2]，南　栄一[1]，渋谷直人[1]（[1]農水省・農業生物資源研究所，[2]福井県立大生物資源）	2aE13 Al によるタバコ培養細胞の細胞内 Ca^{2+} と微小管の変動 Mayandi Sivaguru，山本洋子，松本英明（岡山大・資生研）	
12：30	総　会					

第2日　3月28日（火）

G 会場 栄養成長・生殖成長	H 会場	I 会場 基礎代謝（遺伝子）	J 会場 ゲノム・光化学系Ⅰ・光化学系Ⅱ	K 会場	L 会場	時 間
2aG13 カワヤナギにおけるベクテートリアーゼ遺伝子の発現特性 二村典宏，篠原健司（農水省・森林総研）	シンポジウム 5 「遺伝子工学はどこまで農業をかえられるか？」	2aI13 カラシナからのカドミウム耐性遺伝子のクローニング 宮元大輔，水野幸一，藤村達人（筑波大・農工系）	2aJ13 シアノバクテリア *Synechocystis* sp. PCC6803 の光化学系Ⅱサブユニット psbK 破壊株の強光阻害 岡田克彦，池内昌彦[1]，都筑幹夫（東京薬科大学・生命科学部，[1]東京大・教養・生物）			12：00
			2aJ14 系Ⅱ活性の強光阻害とその後の回復における PsbT の役割 大西紀和，高橋裕一郎（岡山大・理・生物）			12：15

第2日　3月28日（火）

時間	A会場	B会場 水ストレス・塩ストレス	C会場 フィトクロム	D会場 らん藻	E会場 無機栄養	F会場 光合成細菌
13：15	シンポジウム7 「植物プログラム細胞死研究の最前線」	2pB01 *Tillandsia ionantha*（air plant）の葉部における特異な水吸収能 大類太郎[1]，青木亜祐美[1]，貴家康尋[2]，坂田洋一[2]，武長　宏[1]，田中重雄[2]（[1]東京農大・農化，[2]同・バイオ）	2pC01 オオセキショウモ表皮細胞における細胞質顆粒のアジテイションのII型フィトクロムによる制御と細胞自律性 高木慎吾，峰雪芳宣[1]，古谷雅樹[2]（大阪大・院・理生物，[1]広島大・理・生物，[2]日立・基礎研究所）	2pD01 ラン藻 *Synechocystis* PCC 6803 のカロテノイド成分欠失株の性質 正元和盛，幡野景子，和田　元[1]（熊本大・教育・生物，[1]九大院・理・生物）	2pE01 CaMV35S-ニコチアナミン合成酵素遺伝子（*hwnas1*）を導入した形質転換イネおよびタバコ 樋口恭子[1,2]，高橋美智子[1,2]，川崎信二[3]，中西啓仁[1]，西澤直子[1]，森　敏[1,2]（[1]東大院・農学生命科学，[2]CREST，[3]生資研）	2pF01 NMR 分光による R[P, E] BChlc の B745 会合体の構造決定 原　一公，溝口　正，小山　泰（関西学院大・理・化学）
13：30		2pB02 浸透圧ストレスによる孔辺細胞内でのリンゴ酸蓄積促進とその生理学的役割 浅井尚子，中嶋信美[1]，玉置雅紀[1]，後藤　潔[2]，鎌田　博，近藤矩朗[3]（筑波大生物，[1]国立環境研，[2]聖徳大，[3]東大・院・理・生物）	2pC02 Photomorphogenic signal alters organ specific expression of *IAA3/SHY2* gene of Arabidopsis Byung Chul Kim[1], Moon Soo Soh[2], Sung Hyun Hong[2], Masaki Furuya[1], Hong Gil Nam[2]（[1]日立基礎研，[2]POSTECH）	2pD02 シアノバクテリア *Synechocystis* sp. PCC6803 における運動と形質転換に関与する遺伝子の機能解析 吉原静恵，耿　暁星，岡本　忍，由良　敬[1]，郷　通子[1]，大森正之，池内昌彦（東京・教養，[1]名大院・理）	2pE02 シロイヌナズナのニコチアナミン合成酵素（*AtNAS*）遺伝子の上流域解析 鈴木一矢[1,2]，樋口恭子[1,2]，中西啓仁[2]，西澤直子[2]，森　敏[1,2]（[1]CREST，[2]東京大院・農学生命科学）	2pF02 バクテリオクロロフィル c(BChl c) 会合体の構造転換：Qy 吸収帯シフトの計算・エネルギー計算からのアプローチ 溝口　正，原　一公，長江裕芳[1]，小山　泰（関西学院大・理，[1]神戸市外大）
13：45		2pB03 カタラーゼおよびベタイン合成遺伝子を導入した淡水性ラン藻の塩ストレス応答 加来伸夫，日比野隆[1]，石川　浩[1]，高倍鉄子[2]，高倍昭洋（名城大・総合研，[1]名城大・理工・化学，[2]名古屋大院・生命農・生物資）	2pC03 フィトクロム A を介する HIR の素過程にみられる光可逆的制御 篠村知子，内田憲孝，古谷雅樹（日立基礎研）	2pD03 運動性シアノバクテリア *Synechocystis* sp. PCC6803 における新規 Ser/Thr 型プロテインキナーゼ様遺伝子（*spkA*）の解析 亀井綾子，耿　暁星，折川紅美，池内昌彦（東大・教養・生物）	2pE03 クエン酸合成酵素過剰発現によるシロイヌナズナ有機酸放出能力の強化 小山博之，河村彩子，瀧田英司，木原智仁，柴田大輔[1]，原　徹夫（岐阜大・農，[1]かずさ DNA 研）	2pF03 *Rhodobacter sphaeroides* R 26.1 LH2 へのカロテノイドの再構成 古井陽介，張　建平，稲葉　徹，小山　泰（関西学院大・理・化学）
14：00		2pB04 耐塩性ラン藻 *Aphanothece halophytica* の分子シャペロン DnaK のフォールディング活性に対する塩および温度の効果 日比野隆，加来伸夫[1]，高倍鉄子[2]，吉川博文[3]，高倍昭洋[1]（名城大・理工，[1]名城大・総合研究所，[2]名古屋大院・生命農・生物資源，[3]東京農大・応用生物・バイオ）	2pC04 Photoinduced Intracellular Redistribution of Phytochrome A in vivo. 久田明子，半澤宏子，James L. Weller[1]，長谷あきら[2]，James B. Reid[1]，古谷雅樹（日立・基礎研，[1]University of Tasmania，[2]京都大）	2pD04 DNA チップを用いた Synechocystis sp. PCC6803 の強光誘導遺伝子群の解析 日原由香子，亀井綾子，池内昌彦（東大・教養・生物）	2pE04 トランスジェニックシロイヌナズナの種子における硫酸イオントランスポーター *AST68* の機能解析 栗津原元子[1,2]，高橋秀樹[1]，髙橋（渡部）晶子[1]，林　浩昭[2]，藤原　徹[2]，斉藤和季[1]（[1]千葉大・薬・薬用資源センター，[2]東京大・農応生化）	2pF04 紅色光合成細菌 *R. sphaeroides* G1C の LH2 アンテナ複合体における同位元素効果 稲葉　徹，張　建平，小山　泰（関西学院大・理・化学）
14：15		2pB05 耐塩性ラン藻 DnaK 遺伝子導入タバコの高温ストレス耐性 小日向務[1]，日比野隆[2]，田中義人[2]，鈴木茂敏[1]，高倍鉄子[3]，高倍昭洋[2,4]（[1]名城大・農，[2]理工，[3]名古屋大院・生命農・生物資源，[4]名城大・総合研究所）	2pC05 発色団テトラピロールの A～D 環各側鎖がフィトクロム B アポ蛋白質との結合および光可逆的吸収変化に及ぼす役割 半澤宏子，猪股勝彦[1]，木下英樹[1]，垣内貴司[1]，澤本大介[1]，太田敦子[1]，中村洋[1]，内田憲孝，和田敬四郎[1]，古谷雅樹（日立・基礎研，[1]金沢大院・自然科学）	2pD05 ラン色細菌のヒドロゲナーゼの遺伝子分布とその遺伝子破壊の水素生産に及ぼす影響 増川　一，中村賢介，持丸真里，桜井英博（早大・教生物）	2pE05 シロイヌナズナ高ホウ素要求性変異株の単離と解析 青木法明，林　浩昭，藤原　徹（東大院・農・応生化）	2pF05 Mechanism of carotenoid-to-bacteriochlorophyll energy transfer via the 2 Ag⁻ state in the LH2 complexes from purple bacteria Jian Ping Zhang, Yasutaka Watanabe, Yasushi Koyama（Fac. Sci., Kwansei Gakuin Univ.）
14：30		2pB06 アラビドプシスにおけるプロリン量と P5CS, ProDH 遺伝子発現量の昼夜変動 林　史夫，和田敬四郎（金沢大・理・生物）	2pC06 イネ芽ばえの光屈性：その性質と突然変異体の分離 飯野盛利，Ralf Neumann（大阪市大院・理・附属植物園）	2pD06 ラン藻 *Synechocystis* PCC 6803 における NADP デヒドロゲナーゼに依存する電子伝達の光誘導 米　華玲，田中義人[1]，日比野隆[1]，小川晃男[2]，堯倍昭洋[3]（上海植物生理研，[1]名城大・理工，[2]名大・生物分子応答センター，[3]名城大・総合研究所）	2pE06 シロイヌナズナ *bor1-1* 変異株におけるホウ素の根から地上部への移行について 野口享太郎，高野順平，林　浩昭，藤原　徹（東大院農・応生化）	2pF06 The carotenoid configuration in pigment-protein complexes of *Rhodobium marinum* as revealed by Raman spectroscopy Pu Qian, Yasushi Koyama（Fac. Sci., Kwansei Gakuin Univ.）

第2日　3月28日（火）

G 会場 胚発生・種子形成・休眠・発芽	H 会場	I 会場 基礎代謝（遺伝子）	J 会場 光化学系II	K 会場 植物ホルモン	L 会場 形態形成・オルガネラ分化	時 間
2pG01 ニンジンの LEC1 ホモローグの単離と不定胚・種子胚における発現解析 矢澤克美，高畑公紀，鎌田 博（筑波大・生物）	シンポジウム 6 「Plant Physiological Basis for Phytoremediation（植物利用による環境修復の生理学的基礎）」	2pI01 メチオニン添加に応答した Cystathionine γ-synthase mRNA の安定性の自己制御 千葉由佳子，木嶋文子，石川真理，内藤 哲（北大・院農・応用生命科学）	2pJ01 光化学系 2 酸素発生系 23 kDa タンパク質の N 末端部位の役割 伊福健太郎[1]，佐藤文彦[1,2]（[1]京大院・農・応生化，[2]京大院・生命・統合生命）	2pK01 イネの恒常的ジベレリン反応性突然変異体，*slender* rice の原因遺伝子 *SLR* は *GAI, RGA, Rht*-1 および *D* 8 と相同性遺伝子である 池田 亮，上口（田中）美弥子，園田 裕，北野英己，蓬原雄三[1]，松岡 信，山口淳二（名大・生物応答センター・生命農学，[1]名城大・農）	2pL01 Isolation and characterization of B-function genes from lily Akira Kanno[1], Heinz Saedler, Guenter Theissen（Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung, [1]Institute of Genetic Ecology, Tohoku Univ.）	13：15
2pG02 胚発生関連遺伝子の in situ hybridization 法による発現解析 高畑公紀，齋藤 力，矢澤克美，塩田 肇[1]，鎌田 博（筑波大・生物，[1]横浜市大・理）		2pI02 アラビドプシス $tRNA^{Met}$ (CUA) アンバー・サプレッサー——活性のイントロンに依存した増大 赤間一仁[1]，Volker Junker[2], Hildburg Beier[2]（[1]島根大・生物資源科学・生物科学，[2]Inst. fuer Biochemie, Wuerzburg Univ.）	2pJ02 系II複合体の生合成における Psbk タンパクの役割 杉本育代，高橋裕一郎（岡山大・理・生物）	2pK02 ジベレリン非感受性極矮性変異体の解析 山室千鶴子，上口（田中）美弥子，小林正智[1]，千徳直樹，北野英巳，松岡 信（名大・生物分子応答センター・生命農学，[1]理研）	2pL02 ネナシカズラ幼根のプログラム細胞死に関する研究 榊原真理奈，唐原一郎，山田恭司，若杉達也（富山大理・生物）	13：30
2pG03 最外細胞特異的イネホメオボックス遺伝子群の解析 伊藤百代，千徳直樹，西村明日香，松岡 信（名大・生物分子応答）		2pI03 葉緑体リボヌクレオプロテインのリン酸化と RNA 結合能 中村崇裕[1]，杉田 護[1,2]，杉浦昌弘[1]（[1]名大・遺伝子実験施設，[2]名大・人間情報）	2pJ03 光化学系II酸化側光阻害における酸素の関与について 逸見隆博，水澤直樹[1]，宮尾光恵[1]，山本 泰（岡山大・理・生物，[1]農水省・生物研）	2pK03 発根促進物質 N-(フェネチル) コハク酸アミドの生物学的活性と構造活性相関 副島 洋，林 善晴[1]，板垣美保子，江島孝光[1]，石井 耕，藤田稔夫（雪印種苗㈱技術研究所，[1]旭化成工業㈱延岡医薬工場，[2]EMIL プロジェクト）	2pL03 糖濃度依存的に側根形成不然を起こすシロイヌナズナ *rfc3* 突然変異体の解析と原因遺伝子単離の試み 堀口吾朗，児玉浩明，射場 厚（九州大・院・理・生物科学）	13：45
2pG04 胚形成異常を示すシロイヌナズナ globular arrest 1 変異体の解析 石川貴章，吉岡 泰，町田千代子，町田泰則（名大院理・生命理学）		2pI04 ラン藻 *Synechococcus* sp. における rbcS mRNA の翻訳メカニズムの解析 陸田径典[1]，杉田 護[1,2]，杉浦昌弘[1]（[1]名大・遺伝子，[2]名大・人間情報）	2pJ04 光化学系II反応中心蛋白質 D1 とシトクロム b_{559} α サブユニットとの架橋産物のストロマプロテアーゼによる分解 フェルジャニ アリ，安部紗央里，山本 泰（岡山大理・生物）	2pK04 IBA による発根誘導過程の初期に出現するインドールブチロラクトン 横山峰幸，山口祥子，吉田誠一，坂本 均[1]（資生堂基盤研究センター，[1]サカタのタネ・長後試験場）	2pL04 ダイズ根から分泌されるオリゴ糖及び多糖類の同定 Paul B. Timoriwu，桜井直樹（広島大・総合科学）	14：00
2pG05 ゴマ種子チアミン結合タンパク質の cDNA 渡辺克美，高橋英之，光永俊郎（近畿大院・農・応生化）		2pI05 In vitro 分子進化を用いた植物翻訳制御因子の解析 長尾一生[1]，小保方潤一[2]（[1]北大・地球環境，[2]名大遺伝子）	2pJ05 チラコイドルーメン中のプロテアーゼによる光損傷 D 1 タンパク質の分解 友川裕加，山本 泰（岡山大・理・生物）	2pK05 アラビドプシス動屈性変異株 *aux1-7* におけるクロモサポニンによる重力屈性の回復 Abidur Rahman，鶴見誠二[1]，Arifa Ahamed，後藤伸治[2]，尼川大作（神戸大自然科学，[1]神戸大・RI センター，[2]宮教大・生物）	2pL05 セルロース合成阻害剤に馴化した細胞の性質 中川直樹，桜井直樹（広島大・総合科学）	14：15
2pG06 高温で発芽する突然変異体の選抜と解析 川上直人，Loic Lepiniec[1]（明大・農，[1]INRA, Versailles）		2pI06 タバコ光化学系 I 遺伝子 *psaDb* の翻訳効率に影響を及ぼすシス領域の解析 宮本徹也，長尾一生[1]，小保方潤一（名大・遺伝子，[1]北大・地球環境）	2pJ06 in vivo での光化学系II D1 蛋白質分解経路の解析 水澤直樹[1,2]，徳富（宮尾）光恵[2]（[1]生研機構，[2]農水省・生物研）	2pK06 偏差成長欠損優性突然変異体 *msg2* の屈地性とオーキシン感受性の欠損には AXR1 が必要である 立松 圭，山本興太朗（北大・地球環境）	2pL06 タバコ培養細胞 BY-2 のプロトプラスト誘導系におけるデンプン合成に関わる遺伝子の発現機構の解析 宮沢 豊，酒井 敦[1]，河野重行[2]，黒岩常祥（東大院・理・生物科学，[1]奈良女子大・理・生物，[2]東大院・新領域・先端生命）	14：30

第2日　3月28日（火）

時間	A会場	B会場 水ストレス・塩ストレス	C会場 フィトクロム	D会場 らん藻	E会場 無機栄養	F会場 光合成細菌
14：45	シンポジウム7 「植物プログラム細胞死研究の最前線」	2pB07 ダイズのプロリン合成系に関する研究 梅澤泰史，水野幸一，藤村達人（筑波大・農工系）	2pC07 フィトクロム依存の光-成長反応が欠損したイネ突然変異体の分離と解析 Kamal K. Biswas, Ralf Neumann，飯野盛利（大阪市大院・理・附属植物園）	2pD07 ラン藻 *Synechocystis* sp. strain PCC6803 における機能の異なる複数のNAD(P)H デヒドロゲナーゼ 大河　浩，小川晃男（名大生物分子応答研究センター）	2pE07 硫黄欠乏下で蛍光強度が増す形質転換体とその利用 大鎌直子，林　浩昭，藤原　徹（東大院・農・応生化）	2pF07 カロテノイドの共鳴ラマン励起プロファイル；カロテノイドの光学禁制な $1Bu^-$ 状態の役割について 佐鳥徳武，小山　泰（関西学院大・理）
15：00		2pB08 葉緑体型グルタミン合成酵素遺伝子導入イネの高温・高塩耐性 田中義人，星田尚司[1]，林　康行[2]，田中　章[2]，日比野隆，高倍鉄子[3]，高倍昭洋[4]（名城大・理工，[1]山口大・工・応化工，[2]植物工学研究所，[3]名古屋大院・生命農・生物資源，[4]名城大・総合研究所）	2pC08 イネ幼葉鞘の回旋運動と光屈性に対するフィトクロムの作用 吉原　毅，飯野盛利（大阪市大院・利・附属植物園）	2pD08 *Synechocystis* sp. PCC6803 の未知遺伝子群の突然変異体の作製と機能解析 大塚雅子，菓子野康浩，小池裕幸，佐藤和彦（姫工大理・生命）	2pE08 オオムギ根からの鉄欠乏誘導性 lipoxygenase 遺伝子の単離 山口博隆[1,2]，中西啓仁[1]，西澤直子[1]，森　敏[1,2]（[1]東大大学院・農学生命科学，[2]CREST）	2pF08 紫外可視吸収分光，NMR 分光による光合成カロテノイドの基底状態の研究 定影祐樹，溝口　正，稲葉　徹，藤井律子，小山　泰（関西学院大・理）
15：15		2pB09 Cloning of salt-stress responsive genes from barley by differential display Akihiro Ueda, Toshihide Nakamura, Weiming Shi, Yasunori Muramoto, Yukio Narita, Mihoko Takahashi, Angelina M. Alvarez-Nakase, Tetsuko Takabe（Grad. Sch. Bioagri. Sci., Nagoya Univ.）	2pC09 二量体化領域に変異を導入したフィトクロム A の生理活性 小鍛冶敬生，望月伸悦，Seong Hee Booh[1]，Pill-Soon Song[1]，長谷あきら（京大・理・植物，[1]Dept. Chemistry, Univ. Nebraska）	2pD09 ラン藻（*Anabaena* sp. PCC 7120）ゲノムの構造解析 金子貴一，中村保一，笹本茂美，C. Peter Wolk，田畑哲之（かずさ DNA 研究所，[1]ミシガン州立大）	2pE09 トマト根に局在する germin 様タンパク質（LeGlp 1）の性質 高橋正昭，竹上貴史，藤本　直（大阪府大・農・応用生化）	2pF09 新規紅色光合成細菌 *Rhodobaca* のカロテノイドとその生合成経路 高市真一[1]，A. D. Milford[2]，M. T. Madigan[2]（[1]日本医大・生物，[2]Southern Illinois Univ.）
15：30		2pB10 オオムギの塩ストレス誘導型プロリントランスポーター遺伝子の単離 上田晃弘，施　衛明[1]，中村敏英[1]，高倍鉄子[1]（名古屋大・生物分子応答研究センター，[1]名古屋大院・生命農）	2pC10 ホウライシダにおける改変フィトクロム遺伝子の導入とその表現型の解析 河合博子[1]，鐘ヶ江健[1]，和田正三[1,2]（[1]都立大・院理生物科学，[2]基生研・情報制御）	2pD10 シアノバクテリア *Synechocystis* PCC6803 の細胞外 hemolysin 桑原朋彦，永井孝志，汝少国[1]，加藤　彰（筑波大生物科学，[1]青島海洋大学海洋生命）		2pF10 紅色光合成細菌 *Rubrivivax selatinosus* の phytoene 不飽和化酵素 CrtI の機能解析 原田二朗[1]，高市真一[2]，永島賢治[1]，松浦克美[1]，三沢典彦[3]，嶋田敬三[1]（[1]都立大理・生物，[2]日本医大・生物，[3]キリンビール・基盤研）
15：45			2pC11 イネ・フィトクロームA突然変異体の単離と解析 高野　誠[1]，鐘ヶ江弘美[1]，篠村知子[2]，廣近洋彦[1]，古谷雅樹[2]，（[1]農水省・生物研・分子遺伝，[2]日立製作所・基礎研）			
16：00	授賞式					
16：20	日本植物生理学会奨励賞 太田　にじ（埼玉大学理学部分子生物学科） オルガネラの起源・進化と遺伝子発現に関する研究					
16：40	日本植物生理学会奨励賞 佐藤　浩之（東邦大学理学部生物分子科学科） アブラナ科植物より得られる水溶性クロロフィルタンパク質に関する分子生物学的研究					
17：00	日本植物生理学会論文賞 宮下　英明（海洋バイオテクノロジー研究所・釜石研究所） クロロフィル *d* を主要光合成色素として有する新規酸素発生型光合成原核生物の色素組成					

第2日　3月28日（火）

G 会場 胚発生・種子形成・休眠・発芽	H 会場	I 会場 基礎代謝（遺伝子）	J 会場 光化学系Ⅱ	K 会場 植物ホルモン	L 会場 形態形成・オルガネラ分化	時 間
2pG07 オオムギのプロテインキナーゼ遺伝子 *HvPKABA1* の構造とその発現について 山内大輔，Rodolfo Zentella[1]，Tuan-hua D. Ho[1]（都立大・院・理・生物科学，[1]ワシントン大・生物）	シンポジウム 6 「Plant Physiological Basis for Phytoremediation（植物利用による環境修復の生理学的基礎）」	2pI07 トランジェントアッセイシステムを用いたタバコ *accD* 遺伝子の 5′ 隣接領域の解析 平田徳宏，射場　厚（九大院理・生物科学）	2pJ07 系Ⅱ反応中心タンパク D1 の C 末領域の酸素発生反応における機能 伊原大輔，岩崎（葉田野）郁，皆川　純[1]，小野高明[1]，高橋裕一郎（岡山大・理・生物，[1]理研・フォトダイナミックス研究センター）	2pK07 シロイヌナズナアブシジンアルデヒド酸化酵素の突然変異体（*aao3*）の解析 瀬尾光範，A. J. M. Peeters[1]，小岩井花恵，折谷隆之[2]，J. A. D. Zeevaart, M. Koornneef[1]，神谷勇治，小柴共一（都立大・理・生物科学，[1]Wageningen Agric Univ.，[2]東北大・農応用生命，[3]Michigon State Univ.，[4]理研）	2pL07 シロイヌナズナの葉緑体形態変異体（*abc2*）の解析 島田裕士，白野由美子[1]，柴田大輔[2]，海野和俊[3]，太田啓之，増田　建，高宮建一郎（東工大・生命理工，[1]The State University of New Jersey，[2]かずさ DNA 研究所，[3]帝京大・溝の口病院）	14：45
2pG08 イネ・発芽種子で発現する Dof タンパク質の類別とジベレリン酸応答性遺伝子発現への関与 鷲尾健司（北海道大・地球環境科学・環境分子生物学）		2pI08 藻類ミトコンドリア COXI 遺伝子中に見出された転移性 group II intron 江原　恵[1,2,3]，渡辺一生[1,3]，平岩呂子[3]，大濱　武[1,3]（[1]阪大院・理・生物科学，[2]神戸大・内海域セ，[3]JT 生命誌研究館）	2pJ08 D1 タンパク質のランダムなアミノ酸置換により光独立栄養性を失った *Synechocystis* sp. PCC6803 変異株の解析(I)——ランダムな変異の導入とニトロフラントイン処理による選別—— 山里明弘[1]，鎌田知江[1]，佐藤公行[1,2]（[1]岡山大院・自然科学，[2]岡山大・理・生物）	2pK08 シロイヌナズナアルデヒド酸化酵素遺伝子の T-DNA 挿入ラインの探索 青木裕晋，瀬尾光範，小柴共一（都立大・理・生物科学）	2pL08 シロイヌナズナにおけるトランスポゾンタッギングを用いた pale green 及び albino mutants の解析 本橋令子[1,2]，伊藤卓也[1]，永田典子[3]，吉田茂男[3]，篠崎和子[2]，篠崎一雄[1]（[1]理研植物分子生物，植物ゲノム機能，[2]農水省国際農研・生物資源，[3]理研・植物機能）	15：00
2pG09 イネの FUS3 ホモログ遺伝子の構造と機能について 加賀谷安章，小川勇一郎，藤井律江，服部束穂（三重大・遺伝子）		2pI09 変異導入した組み換えシロザ・クロロフィラーゼの解析 土屋　徹，太田啓之，島田裕士，増田　建，高宮建一郎（東工大・生命理工）	2pJ09 D1 タンパク質のランダムなアミノ酸置換により光独立栄養性を失った *Synechocystis* sp. PCC6803 変異株の解析(II)——光独立栄養性損失株の光化学系Ⅱの特性—— 鎌田知江[1]，山里明弘[1]，佐藤公行[1,2]（[1]岡山大院・自然科学，[2]岡山大・理・生物）	2pK09 アブシジン酸応答性遺伝子発現制御に関わる突然変異体の解析 山本（豊田）章子，井内和美，橋川美菜，服部束穂（三重大・遺伝子）	2pL09 イネ低温感受性葉緑体形成不全突然変異株 *virescent*（v_1, v_2, v_3）の精密マッピングおよび表現型の解析 杉本広樹，楠見健介，吉村　淳[1]，射場　厚（九州大院・理・生物科学，[1]九州大・院・生資環）	15：15
2pG10 ヒャクニチソウ種子発芽における活性酸素の役割 小川健一，田中良和，岩渕雅樹（岡山県生物科学総合研究所）		2pI10 劣性ストレプトマイシン耐性変異を利用したラン藻の遺伝子置換 高濱一貴，古閑　恵，松岡正佳，小川隆平（熊工大・応微工）	2pJ10 光化学系Ⅱ複合体結晶の性質 沈　建仁，神谷信夫（理研・播磨研）		2pL10 色素体から出ている管状構造は色素体間ネットワーク構造を形成する 有村慎一，平井篤志，堤伸浩（東大院・農学生命科学）	15：30

第3日　3月29日（水）

時間	A会場	B会場 基礎代謝（糖質）・二次代謝	C会場 光・遺伝子及びタンパク質	D会場 イオン環境	E会場 傷応答・重力	F会場 炭酸同化と光呼吸
9：00	シンポジウム9 「概日時計と光周性計時機構」	3aB01 イネ未熟種子で発現するOSKプロテインキナーゼの精製と標的タンパク質の探索 栗原　渉[1,2]，島田浩章[2]，高野　誠[1]（[1]農水・生物研分子遺伝，[2]東京理科大・基礎工・生物工）	3aC01 無毛かつアントシアニン高蓄積アラビドプシス突然変異体 *pig2* の単離と遺伝学および生理学的解析 市川裕章[1]，呉　麗華[1,2]，田中　淳[3]，田野茂光[3]，Jeremy Harbinson[4]，中村保典[1]，Cathie Martin[5]，宇垣正志[1,6]（[1]農水省・生物研，[2]生研機構，[3]原研・環境資源利用研究部，[4]，オランダATO-DLO，[5]英国John Innes Centre，[6]東大新領域）	3aD01 2pD10に変更	3aE01 エチレン合成系酵素の大気汚染物質による発現誘導 中嶋信美[1]，玉置雅紀[1]，裴　公英[2]，朴　素弘[2]，佐治　光[1]，青野光子[1]，久保明弘[1]，近藤矩朗[3]（[1]国立環境研，[2]ソウル市立大学，[3]東京大・院・理）	3aF01 樹木葉の光合成律速因子について 津山孝人，小林善親（九大院・植物資源科学）
9：15		3aB02 トウモロコシショ糖リン酸合成酵素の活性調節部位（Ser162）への変異導入とイネでの過剰発現 高橋咲子，小野清美，宇垣正志[1]，石丸　健，青木直大，大杉　立（農業生物資源研究所・生理機能部，[1]生物工学部）	3aC02 無毛かつアントシアニン高蓄積アラビドプシス突然変異体 *pig2* における *glabra2* 遺伝子座の分子遺伝子学的解析 呉　麗華[1,2]，宇垣正志[1,3]，田中　淳[4]，田野茂光[4]，Cathie Martin[5]，市川裕章[1]（[1]農水省・生物研，[2]生研機構，[3]東大・新領域，[4]原研・環境資源利用研究部，[5]John Innes Centre）	3aD02 多次元NMR分光法によるラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の重金属結合タンパク質 SmtA の溶液構造解析 溝尾昌也，森田勇人，林秀則，小佐田高史[1]，山崎俊夫[1]，京極好正[1]（愛媛大院・理工・物質，[1]阪大・蛋白研）	3aE02 傷エリシターにより誘導されるMyb様転写調節因子LBM1の発現調節機構およびLBM1を過剰発現する植物体の解析 杉本和彦，武田　真，廣近洋彦（農林水産省・農業生物資源研）	3aF02 ダイズのsource-sinkモデル植物を用いた高 CO_2 濃度の光合成能及び炭素代謝への影響 国仲真琴，渡辺晃樹，川村ひとみ，葛西身延，澤田信一（弘前大・農学生命・生物機能）
9：30		3aB03 枝作り酵素（BeIIb）遺伝子を導入したイネ *amylose-extender* 変異体の形質転換体の作製および解析 田中直樹，宇垣正志，川崎信二，佐藤　光[1]，中村保典（農水省・生物研，[1]九州大・農）	3aC03 シスエレメントDE1を介した光応答性遺伝子発現の制御 稲葉丈人，永野幸生，James B. Reid[1]，佐々木幸子（名大院・生命農学・生物情報制御，[1]タスマニア大・植物科学）	3aD03 点突然変異の導入によるラン藻 *Synechococcus* sp. PCC7942 の転写因子 SmtB の塩基配列認識機構の構造化学的解析 三浦　晃，森田勇人，小佐田高史[1]，山崎俊夫[1]，京極好正[1]，林　秀則（愛媛大院・理工・物質理，[1]阪大蛋白研）	3aE03 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：プロモーター解析．II 森上順子，猪口雅彦，近藤弘清（岡山理大・理・生物化学）	3aF03 ダイコンのシンク能の発達2．ダイコン／シュート比の小さな栽培種の場合 臼田秀明，H. Rouhier，出村　拓[1]，福田裕穂[1]（帝京大・医・化学，[1]東大院・生物）
9：45		3aB04 イソアミラーゼ遺伝子の発現制御による組み換えイネのアミロペクチン構造改変 藤田直子，久保亜希子[1,2]，小沢憲二郎[2]，高岩文雄[2]，原田久也[1]，中村保典[2]（秋田県大・生物資源，[1]千葉大・園芸，[2]生物研）	3aC04 高等植物に特有の新規DNA結合タンパク質の解析 古橋寛史，永野幸生，稲葉丈人，佐々木幸子（名大院生命農学・生物情報制御）	3aD04 蘚類ネジクチゴケの銅による二つの葉緑体SOD，Fe-SODとCuZn-SODの発現制御 塩野忠彦，中田　克，鈴木崇紀，山原俊昭，滝尾　進[1]，佐藤敏生（広島大・理生物科学，[1]熊本大・理・生物科学）	3aE04 タバコERF3遺伝子の傷応答発現の転写制御機構の解析 西内　巧，進士秀明，鈴木　馨（工技院・生命工学）	3aF04 トウモロコシPEPカルボキシラーゼ（PEPC）のリン酸化状態の特異的抗体による解析：種々のストレスの影響および日周変化 今成英司[1]，上野宜久[2]，榊原　均[3]，杉山達夫[3]，泉井　桂[1]（[1]京大院・生命，[2]名大院・理，[3]名大院・農）
10：00		3aB05 アセチル-CoAカルボキシラーゼとノラボノイド合成 小西智一[1]，中嶋信美[2]，我彦広悦[1]（[1]秋田県立大・生生工研，[2]国立環境研）	3aC05 GT-Factorは植物にのみ存在するDNA結合タンパク質か？ 永野幸生（名大院・生命農学・生物情報制御）	3aD05 アルミニウム耐性タバコ培養細胞を用いた脂質過酸化防御機構――蛋白質の2次元電気泳動法による解析―― 朝倉由香里，山本洋子，山田秀徳[1]，岡本庄司，松本英明（岡山大・資生研，[1]岡山大・工・生物機能）	3aE05 傷害により誘導されるタバコペルオキシダーゼ遺伝子の発現特性 佐々木克友[1,4]，平賀　勤[1,4]，伊藤浩之[1]，山川博幹[2,4]，光原一朗[3,4]，松井博和[1]，本間　守[1]，大橋祐子[3,4]（[1]北大院・農・応生科，[2]筑波大・生物，[3]農業生物資源研，[4]JST・CREST）	3aF05 イネ葉内で高発現したトウモロコシ・ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼの活性化状態 深山　浩，今成英司[1]，土田博子，泉井　桂[1]，松岡　信[2]，徳富（宮尾）光恵（農水省・生物研，[1]京大院・農，[2]名大・生物分子応答）
10：15		3aB06 植物はアブシジン酸を非メバロン酸経路で，糸状菌はメバロン酸経路で生合成する 平井伸博，葭田隆治[1]，大東　肇（京大院・農・応生科，[1]富山県立大・短大）	3aC06 クロレラのヘキソース取り込みの光阻害 神谷明男（帝京大・薬・化学）	3aD06 Alストレス誘導性遺伝子による耐性植物の構築 江崎文一，Richard C. Gardner[1]，江崎由香[1]，松本英明（岡山大・資生研，[1]オークランド大・ニュージーランド）	3aE06 傷害後のカボチャ中果皮組織におけるジャスモン酸の蓄積と，活性酸素群とは独立したエチレン産生への影響 渡邉敬浩，藤田広樹，酒井慎吾（筑波大・生物）	3aF06 Cloning and characterization of phosphoenolpyruvate carboxylase (PEPC) gene from thermophilic cyanobacterium *Synechococcus vulcanus* 陳　麗梅[1]，大宮琢磨[1]，畑　信吾[1,2]，井上頼直[3]，泉井　桂[1,2]（[1]京大院・農学，[2]京大院・生命科学，[3]理研光合成科学）

第3日　3月29日（水）

G 会場 細胞周期・細胞分裂	H 会場	I 会場 窒素代謝	J 会場 光化学系Ⅱ	K 会場 植物ホルモン	L 会場 オルガネラ分化	時 間
3aG01 シロイヌナズナ雄性不稔突然変異体 *solo dancers* における染色体の挙動と紡錘体について 安積良隆[1,2]，Yi Hu[2]，鈴木秀穂[1]，Hong Ma[2]（[1]神奈川大・理・応用生物，[2]Dept. of Biol., Life Sci. Consortium, Penn State Univ.）	シンポジウム 8 「Functional Genomics: The Power of Completed Genome Sequences of Transformable Cyanobacteria （形質転換らん藻のゲノム情報から何がみえるか？）」	3aI01 インゲン根粒菌によって形成されたミヤコグサ根粒の性状解析 馬場真里[1]，A.-B. M. Siddique[2]，河内　宏[2]，泉井　桂[1]，畑　信吾[1]（[1]京大院・生命科学，[2]農業生物資源研究所）	3aJ01 紅藻チアニジウムの酵素発生標品に存在する 20 kD の蛋白のクローニングと発現 太田尚孝，上野匡司，沈　建仁[1]，加茂政晴[2]，榎並　勲（東理大・理・生，[1]理研・播磨，[2]岩手医大・歯・口腔生化）	3aK01 サイトカイニン応答性を示す GDP/GTP 交換因子相同性遺伝子の構造と機能 木村琢磨[1,2]，瀧　紀幸[1,3]，金子委利子[1,3]，中野雄司[1]，吉田茂男[1]（[1]理研・植物機能，[2]埼玉大・理工，[3]明治大・農）	3aL01 不連続スクロース密度勾配遠心性によるタバコゴルジ体膜の分画 三上　暁，堀　秀隆，三ツ井敏明（新潟大・院・自然科学）	9：00
3aG02 ゲノムサイズとアクチン遺伝子の多重化・分子系統からみた原始緑藻ナノクロリス属の分裂様式の起源 山本真紀，野崎久義，河野重行[1]（東京大・院・理系生物科学，[1]東京大・院・新領域・先端生命）		3aI02 マメ科モデル植物ミヤコグサの形質転換 神沢あゆみ，川口正代司[1]，綾部真一，青木俊夫（日本大・生物資源・応用生物，[1]東京大院・総合文化）	3aJ02 地衣酸によるタバコ培養細胞の光合成電子伝達阻害 高萩敏和，遠藤　剛，伊福健太郎，山本好和[1]，木下靖浩[2]，竹下俊治[3]，佐藤文彦（京大院・生命科学，[1]秋田県立大・生物資源，[2]日本ペイント，[3]広大・学校教育）	3aK02 サイトカイニン生合成阻害剤の探索 瀧　紀幸[1,2]，木村琢磨[1,3]，金子委利子[1,2]，宮外麻周[1]，中野雄司[1]，浅見忠男[1]，内藤忠雄[2]，吉田茂男[1]（[1]理研植物機能，[2]明治大・農，[3]埼玉大・理工）	3aL02 真正粘菌ミトコンドリアゲノムの構造解析：ミトコンドリア遺伝子と機能未知の ORF について 高野博嘉，安部隆史[1]，桜井楽生[1]，河野重行[2]，佐々木成江[3]，黒岩常祥（熊大理・生物，[1]東大・院・理生物，[2]東大・院・新領域先端生命，[3]お茶大・理・生物）	9：15
3aG03 有糸分裂期におけるペプチド鎖伸長因子（EF1α）のタバコ培養細胞（BY-2）細胞内局在性 神田勝弘，小岩弘之[1]，江尻慎一郎（岩手大・農・寒冷バイオ，[1]岩手生工研）		3aI03 エンドウレグヘモグロビンアイソフォームの異質性 川島和也，菅沼教生，玉置雅紀，河内　宏[1]（愛知教育大・生命科学，[1]農水省・生物研）	3aJ03 プロテアーゼ処理した 33 kDa 蛋白のラン色細菌，紅藻，高等植物の系Ⅱへの再構成 藤利彰彦[1,2]，太田尚孝[1]，元木章裕[3]，平野昌彦[3]，佐藤公行[2]，榎並　勲[1]（[1]東理大・理，[2]岡大・自然科学，[3]東レリサーチセンター）	3aK03 内分泌撹乱物質 Bisphenol A のサイトカイニン様作用について 中村百合子，榎本かおり，西成典子[1]，手呂内伸之[1]（大妻女子大・社会情報・環境，[1]大妻女子大・教養・生物）	3aL03 マラリア原虫は藻類か，その分裂増殖機構からの解析 黒岩常祥，宮城島進也，高原　学，黒岩晴子，北　潔[1]，小島荘明[2]（東大・院理・生物科学，[1]東大・院医，[2]東大・医科研）	9：30
3aG04 タバコ馴化細胞2b13の増殖の特性 江口健太郎，西田生郎，H. Van Onckelen[1]，長田敏行（東大・理系・生物科学，[1]アートワープ大）		3aI04 ミヤコグサのグロビン遺伝子の解析と発現機構 鶴田智子，内海俊樹[1]，阿部美紀子[1]，鈴木章弘[1]，東　四郎[1]（鹿児島大院・理工・生命化学，[1]鹿児島大・理・生命化学）	3aJ04 紅藻の酸素発生系Ⅱ標品に存在する表在性 12 kD の蛋白の系Ⅱへの結合能と再活性化能に及ぼすプロテアーゼ処理の影響 奥村彰規，太田尚孝，井上康則[1]，榎並　勲（東理大理・生物，[1]東理大・理工応用生物）	3aK04 イネ幼植物における Brassinolide の細胞伸長促進機構 貴家康尋，田中重雄，武長　宏（東農大・応用生物）	3aL04 単細胞原始紅藻 *Cyanidioshyzon merolae* におけるミトコンドリア型・葉緑体型 FtsZ の解析 高原　学，宮城島進也，高野博嘉[1]，黒岩晴子，黒岩常祥，河野重行[2]（東大院理・生物科学，[1]熊本大・理・生物科学，[2]東大院・新領域・先端生命科学）	9：45
3aG05 植物に CDK のリン酸化による活性化カスケードは存在するか？ 梅田正明，松林聡子，内宮博文（東大・分生研）		3aI05 レンゲソウ根粒で発現する asparagine synthetase 遺伝子の取得と解析 笠井光治，藤江　誠，宇佐見昭二，山田　隆（広島大・工・発酵工学）	3aJ05 PSⅡ 酸化側電子移動への PsbL 関与の分子機構 土田祐平，岩田達也，豊島喜則（京大院・人間・環境）	3aK05 管状要素形態形成に先立ち内生ブラシノステロイド量は劇的に増加する 山本　亮，藤岡昭三[1]，出村　拓，高津戸秀[2]，吉田茂男[1]，福田裕穂（東大院理・生物科学，[1]理研・植物機能，[2]上越教育大・化学）	3aL05 色素体分裂装置の超微細構造と構成蛋白質の同定 宮城島進也，高原　学，黒岩晴子，黒岩常祥（東大院理・生物科学）	10：00
3aG06 イネのサイクリン H は CDK-活性化キナーゼの活性化因子である 山口雅利，梅田正明，内宮博文（東大・分生研）		3aI06 ダイズ根粒特異的ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ遺伝子のプロモーター解析 中川知己[1]，杉本琢真[1]，畑　信吾[1,2]，泉井　桂[1,2]，河内　宏[3]（[1]京都大院・農・応用生物，[2]京都大院・生命・分子代謝，[3]農水省・生物研）	3aJ06 好熱性シアノバクテリア *Synechococcus elongatus* の光化学系 2 サブユニットタンパク質 PsbX の機能解析 加藤　浩，池内昌彦（東大教養・生物）	3aK06 Levels of brassinosteroids are quite different between shoots and roots 横田孝雄[1]，野村崇人[2]，佐藤達郎[3]（[1]帝京大・バイオ，[2]東京農工大院・生物生産，[3]宇都宮大院・野生植物）	3aL06 タケ葉緑体 DNA の hot-spot 領域と *rbcL* 遺伝子の解析 坂本正弘，東　順一（京大院・農・地域環境）	10：15

第3日　3月29日（水）

時間	A会場	B会場 基礎代謝（糖質）・二次代謝	C会場 光・遺伝子及びタンパク質	D会場 イオン環境	E会場 傷応答・重力	F会場 炭酸同化と光呼吸
10：30	シンポジウム9 「概日時計と光周性計時機構」	3aB07 2, 4-D によるタバコ細胞のスコポレチン取り込みに対するジャスモン酸メチルの影響 田口悟朗[1]，吉沢孝太郎[2]，林田信明[2]，岡崎光雄[1,2] （[1]信州大・遺伝子，[2]信州大・繊維・応生）	3aC07 キュウリ葉における DNA 損傷光修復酵素の性質と光誘導 秦　恵，芸林　圭[1]，栗原邦子[1]，竹内裕一[1]（京都大・エネルギー理工研，[1]北海道東海大・工・生物工）	3aD07 タバコ培養細胞を用いたカルシウム溶液におけるアルミニウム毒性機構の解析ならびにアルミニウム耐性細胞株の分離 山本洋子，S. Rama Devi[1]，山口雪子[2]，松本英明（岡山大・資生研，[1]生研機構，[2]岡山女子短大）	3aE07 タバコの傷害ストレス初期応答遺伝子 C7 は浸透圧ストレスにも応答する 田村　尚，原光二郎，屋木美津恵，草野友延，佐野浩（奈良先端大・遺伝子教育研究センター）	3aF07 異なった CO_2 分圧下における Rubisco アンチセンスイネの個体レベルでの成育 牧野　周，原田理代，兼子健太郎，前　忠彦，島田多喜子[1]，山本直樹[2]（東北大院・農・応生化，[1]石川農短大，[2]生物研）
10：45		3aB08 ジャスモン酸，エチレン，及び *NIC* 遺伝子によるニコチンアルカロイド生合成遺伝子の協調的な発現制御 庄司　翼[1]，岩瀬忠行[1]，中村研三[2]，山田康之[1]，橋本　隆[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]，名大院・農）	3aC08 キュウリからの光回復酵素 cDNA クローンの単離と発現解析 高橋真哉，中嶋信美[1]，玉置雅紀[1]，近藤矩朗（東京大・院・理・生物科学，[1]国立環境研）	3aD08 ソバにおけるアルミニウム吸収と輸送形態の同定 馬　建鋒，平留俊太郎[1]（香川大・農，[1]農環研）	3aE08 Isolation of a gene, *NtWAF1*, encoding a protein that interacts with wound induced protein kinase (WIPK) from tobacco plants by yeast two hybrid system Yunkiam, YAP, Tomonobu Kusano, Hiroshi Sano（奈良先端大遺伝子教育研究センター）	3aF08 Rubisco アンチセンスイネにおける光ストレス回避機構について 牛尾亜由子，牧野　周，横田　聡，前　忠彦，島田多喜子[1]，山本直樹[2]（東北大院・農，[1]石川農短大，[2]農水省・生物研）
11：00		3aB09 チャのカフェインシンターゼのクローニングと発現解析 加藤美砂子，水野幸一[1]，藤村達人[1]，芦原　坦[2]（お茶の水大・院・人間文化，[1]筑波大・農工系，[2]お茶の水大・理・生物）	3aC09 イネ（*Oryza sativa* L.）の紫外線 UVB 誘導-DNA 損傷の光修復能誘導の光調節 熊谷　忠，山口弘子，成日慶，日出間純（東北大・遺生研）	3aD09 高等植物耐塩性機構において，液胞が果たす役割の再検討 堀田万利子，根本節子，三村徹郎（一橋大・生物）	3aE09 傷害誘導性レセプター型キナーゼをコードする *WRK1* 遺伝子の特性 伊藤直子，瀬尾茂美，大橋祐子（農水省・農業生資研/JST・CREST）	3aF09 単離葉緑体におけるストロマタンパク質の分解――活性酸素を介した Rubisco 及び GS の断片化機構の解析―― 石田宏幸，安澤大輔，国分紀元，牧野　周，前　忠彦（東北大院・農・応生科）
11：15		3aB10 コーヒー由来カフェインシンターゼのクローニング 水野幸一，加藤美砂子[1]，芦原　坦[2]，藤村達人（筑波大・農工系，[1]お茶の水大・院・人間文化，[2]お茶の水大・理・生物）	3aC10 紫外線 UVB がイネの葉緑体タンパク質（Rubisco, LHCⅡ）の合成と分解に及ぼす影響について 日出間純，竹内敦子，山口琢也，熊谷　忠（東北大・遺生研）	3aD10 アラビドプシス K^+ トランスポーターの塩ストレス下でのイオン吸収制御 長岡修一，高野哲夫（東大アジアセンター）	3aE10 サクラの茎成長における重力とジベレリンの作用 根岸容子，佐藤麻美[1]，船田　良[2]，山田晃弘[3]，中村輝子（日女大院・理，[1]日女大・理，[2]北大・農，[3]放送大）	3aF10 水陸両生植物 *Eleocharis baldwinii* における C3, C4 光合成酵素の細胞蓄積パターン 上野　修（農水省・生物研）
11：30		3aB11 タマネギ鱗茎の褐変にともなうケルセチンおよびその配糖体の代謝 高浜有明夫[1]，広田幸子[2]（[1]九州園大，[2]九州女子大）	3aC11 シロイヌナズナにおける葉緑体光定位運動の突然変異体の単離と解析 加川貴俊[1,2]，末次憲之[3]，及川和聡[3]，和田正三[3]（[1]科技団・さきがけ研究21，[2]基生研，[3]都立大・理・生物）	3aD11 マングローブの新規耐塩性強化因子「マングリン」の機能領域 山田晃世，齋藤丈夫，三村徹郎，小関良宏（東京農工大・工・生命工学科）	3aE11 疑似微小重力環境下における黄化アラスカエンドウの成長方向と植物ホルモン 丹羽美乃理[1]，長尾明子[2]，中村輝子[1]（[1]日本女子大院理，[2]筑波大・環境科学）	3aF11 アミノ酸置換による，フォールオーバー現象をはじめとするクラミドモナス RuBisCO の構造関性相関の解析 瀬端栄一[1,2]，富澤健一[2]，三宅親弘[1]，横田明穂[1,2]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]RITE・植物分子生理）
11：45		3aB12 芳香族を基質とするプレニルトランスフェラーゼのクローニングとその発現解析 國久美由紀，佐藤文彦，矢崎一史（京大院・生命・統合生命）	3aC12 シロイヌナズナの葉緑体光定位運動における弱光反応欠損突然変異体の解析 末次憲之[1]，加川貴俊[2,3]，和田正三[1,3]（[1]東京都立大院・理・生物科学，[2]科技団・さきがけ21研究，[3]基生研・情報制御）	3aD12 マングリン組み換え酵母，及び植物における耐塩性の発現 齋藤丈夫，山田晃世，三村徹郎[1]，小関良宏（農工大工・生命，[1]一橋大・商・生物）		3aF12 クラミドモナスの低光呼吸突然変異株とその性質(3) 鈴木健策（農水省・東北農試・生理生態研）

第3日　3月29日（水）

G 会場 細胞周期・細胞分裂	H 会場	I 会場 窒素代謝	J 会場 光化学系II	K 会場 植物ホルモン	L 会場 オルガネラ分化	時 間
3aG07 タバコ培養細胞における糸状菌エリシターによって誘導されるサイクリン遺伝子の発現抑制 鈴木　馨[1]，西内　巧[1,2]，進士秀明[1]（[1]工技院・生命研・[2]植物分子生物，[2]科学技術振興事業団）	シンポジウム 8 「Functional Genomics: The Power of Completed Genome Sequences of Transformable Cyanobacteria （形質転換らん藻のゲノム情報から何がみえるか？）」	3aI07 ウリカーゼII（nodulin-35）遺伝子の根粒非感染細胞特異的発現に関与する cis-element の解析 幾根健一，田島茂行[1]，河内　宏（農業生物資源研・窒素固定，[1]香川大・農）	3aJ07 酸素発生マンガンクラスターにおけるヒスチジン配位子の構造 野口　巧，井上頼直，Xiao-Song Tong[1]（理研・光合成科学，[1]DuPont de Nemours & Lo）	3aK07 Catabolism of brassinosteroids is enhanced in Arabidopsis mutant *chibi2* 佐藤達郎[1]，中村正展[2]，長谷あきら[2]，横田孝雄[3]（[1]宇都宮大院・野生植物，[2]京都大院・理・植物，[3]帝京大・バイオ）	3aL07 葉緑体核様体タンパク質 CND41 が Rubisco 分解に関わる可能性 村上真也[1]，茶谷大志[1]，近藤良彦[2]，加藤裕介[2]，中野雄司[3]，佐藤文彦[1,2]（[1]京大院・農・応生科，[2]京大院生命・総合生命，[3]理研・植分機能）	10：30
3aG08 B-type サイクリン遺伝子の M 期特異的発現を制御する myb 様転写因子 伊藤正樹[1,3]，荒木智史[2]，町田泰則[2]，John Doonan[3]，渡辺　昭[1]（[1]東京大・院・理系・生物科学，[2]名大院理・生命，[3]Dept. Cell Biol., John Innes Centre）		3aI08 *Rhodobacter capsulatus* の窒素固定に必須な Rnf 蛋白質複合体の性質 熊谷浩高，水戸千恵，佐伯和彦（阪大院・理・生物）	3aJ08 光合成光化学系II（PSII）コア複合体の単量体および二重体の単離とそれらの性質 山成敏広，野村勝司，赤堀興造（広島大・総合科）	3aK08 ブラシノステロイド生合成に関与する P450 酵素の解析 水谷正治，浅見忠夫[1]，藤岡昭三[1]，吉田茂男[1]，坂田完三（京大・化研，[1]理研植物機能）	3aL08 ブラスチド核様体における亜硫酸還元酵素の存在 佐藤直樹，長谷俊治[1]（埼玉大・理，[1]大阪大・蛋白研）	10：45
3aG09 NPK1 MAPKKK はタバコ細胞の細胞質分裂に必須である 西浜竜一，石川雅樹，荒木智史[1]，町田泰則（名大院理・生命理，[1]石原産業・中央研）		3aI09 オオムギ硝酸還元酵素遺伝子の発現制御：1．道管液の硝酸イオンの役割 末吉　邦，川地太兵，大竹憲邦，大山卓爾（新潟大・農・応生）	3aJ09 Ca^{2+} 結合部位への1価カチオン結合による光合成酸素発生系 Mn クラスターの性質の変化 小野高明，千葉憲之，Annette Rompel.（理研・PDC光生物）	3aK09 *BAS1* はブラシノステロイドのレベルを制御している 藤岡昭三，Michael M. Neff[1]，野口貴弘，瀬戸秀春，高津戸秀[2]，吉田茂男，Joanne Chory[1]（理研・植物機能，[1]The Salk Institute for Biological Studies and the Howerd Hughes Medical Institute，[2]上越教育大・化学）	3aL09 サイトカイニンによる黄化葉緑化の阻害 櫻田智也，佐藤直樹（埼玉大・理・分子生物）	11：00
3aG10 タバコ細胞周期の NPK1 プロテインキナーゼ（MAPKKK）の細胞内局在とその機能 石川雅樹[1]，西浜竜一[1]，荒木智史[2]，町田泰則[1]（[1]名大院・理・生命理，[2]石原産業・中央研）		3aI10 オオムギ硝酸還元酵素遺伝子の発現制御：2．アニオンチャネルの役割 川地太兵，大竹憲邦，末吉　邦，大山卓爾（新潟大・農・応生）	3aJ10 クラミドモナス D1 変異株を用いた光化学系II反応中心の解析 鞆　達也，小野高明，皆川　純（理研 PDC・光生物）	3aK10 シロイヌナズナ由来 obtusifoliol 14α-demethylase（CYP51）の cDNA クローニングと機能解析 久城真代，中野雄司[1]，佐藤　健[2]，山岸和敏[1]，藤岡昭三[1]，中野明彦[2]，海老塚豊，吉田茂男[1]（東大院・薬，[1]理研・植物機能，[2]理研・生体膜）	3aL10 PEND タンパク質の葉緑体輸送シグナルの解析 大木康人，佐藤直樹（埼玉大・理・分子生物）	11：15
3aG11 ドミナントネガティブ型 NPK1 プロテインキナーゼ（MAPKKK）を発現する形質転換タバコでの NPK1 の機能解析 荒木智史[1]，西原竜一，石川雅樹，町田泰則（[1]石原産業・中央研，名大院・理生命理）		3aI11 ホウレンソウ硝酸還元酵素タンパク質大量発現系の構築 白石斉聖，大野貴博，Wilbur H. Campbell[1]，杉本敏男，王子善清（神戸大・農植栄，[1]Dept. Biology, Michigan Tech. Univ.）	3aJ11 光合成の初期過程におけるホスファチジルグリセロールの機能に関する分子生物学的解析 萩尾美樹，佐藤典裕[1]，都筑幹夫[1]，正元和盛[2]，Zoltan Gombos，和田　元（九大院・理・生物，[1]東京薬科大・生命科学，[2]熊本大教育・生物）	3aK11 ブラシノステロイド6位酸化酵素のクローニングと機能解析——光によるブラシノステロイド生合成調節 嶋田幸久，宮内成真，永田典子，浅見忠男，藤岡昭三，吉田茂男（理研・植物機能）	3aL11 非光合成型色素体における複数の RNA ポリメラーゼの役割分担に関する解析 仁尾明日香，酒井　敦，黒岩常祥[1]（奈良女子大・理・生物，[1]東大・院理・生物）	11：30
3aG12 NPK1（MAPKKK）-NQK1（MAPKK）-NRK1（MAPK）から成る MAP キナーゼカスケードは，細胞周期 M 期に活性化される 征矢野敬[1]，西浜竜一[2]，荒木智史[3]，町田泰則[2]（[1]京大院・理・植物，[2]名大院・理・生命理，[3]石原産業・中央研）		3aI12 ホウレンソウの硝酸還元酵素不活性化タンパク質をコードする遺伝子の単離と発現解析 園田雅俊，井出博章，中山真也，佐藤隆英，中川弘毅（千葉大・園芸・生物生産）	3aJ12 クロロフィル d をもつ酸素発生型原核生物 *Acaryochloris marina*：光化学系II の反応中心 岩城雅代，伊藤　繁，岩崎郁子[1]，沈　建仁[2]，井上頼直[2]，宮下英明[3]，宮地重遠[3]（基生研，[1]秋田県立大・生工研，[2]理研，[3]海洋バイオ研）	3aK12 高選択的ブラシノステロイド生合成阻害剤の開発と阻害剤非感受性変異体の単離 浅見忠男，中野雄司，嶋田幸久，永田典子，松山知樹，関亦克彦[1]，米山弘一[1]，竹内安智[1]，吉田茂男（理研，[1]宇大・野生植物）	3aL12 *Nicotiana sylvestris* のファージタイプ RNA ポリメラーゼ遺伝子の構造と発現 小林勇気[1]，土器屋祐子[1]，杉浦昌弘[2]，杉田　護[1,2]（[1]名大・院人間情報，[2]名大・遺伝子実験施設）	11：45

第3日　3月29日（水）

時 間	A 会場	B 会場 二次代謝	C 会場 光・遺伝子及びタンパク質	D 会場 イオン環境	E 会場	F 会場 炭酸同化と光呼吸
12：00		3aB13 燕麦苗条のアミノアルデヒド脱水素酵素 ジェーンティ　レベッカ リビングストン，樽井　裕，吉田　泉，平澤栄次（大阪市大・院・理・生物）	3aC13 シロイヌナズナ芽生えにおけるオーキシンを介した遺伝子発現の光制御の解析 田中慎一郎，中村賢志，望月伸悦，長谷あきら（京都大・理・植物）	3aD13 マングローブの伸長因子のeEF-1A の NaCl に対する特異的性質 佐野えみ子，山田晃世，齋藤丈夫，三村徹郎[1]，小関良宏（農工大・工・生命，[1]一橋大・商・生物）		3aF13 Purification and Some Properities of Phosphoglycolate Phosphatase from *Chlamydomonas reinhardtii* Tarlan G. Mamedov, Kensaku Suzuki（農水省・東北農試・生理生態研）

第3日　3月29日（水）

G 会場 細胞周期・細胞分裂	H 会場	I 会場 窒素代謝	J 会場 光化学系Ⅱ	K 会場 植物ホルモン	L 会場 オルガネラ分化	時 間
3aG13 発芽過程におけるダイズフェリチンの蓄積と分解 増田太郎，後藤文之，吉原利一，斉木　博（電中研・生物科学）		3aI13 硝酸還元酵素による活性窒素種の生成 山崎秀雄，崎浜靖子（琉球大・理・海洋自然）	3aJ13 Chl*d* を主要な光合成色素として持つ原核藻類 *Acaryochloris marina* の蛍光特性 三室　守，宮下英明[1]，平山　香，宮地重遠[1]（山口大・理・自然情報科学，[1]海洋バイオ研）	3aK13 ジャスモン酸メチルエステルによって誘導される *Crassula lycopodioides* 溢泌物の化学組成 上田純一，宮本健助，宇都宮真木，Marian Saniewski[1]（大阪府立大・総合科学，[1]ポーランド国立果樹学・花卉学研究所）	3aL13 フラミドモナス葉緑体遺伝子（*rbcL*）の転写機構 葛西精太郎，二宮由佳，加藤　晃，新名惇彦（奈良先端大・バイオ）	12：00

第3日　3月29日（水）

時間	A 会場	B 会場 二次代謝	C 会場	D 会場	E 会場	F 会場 炭酸同化と光呼吸
13：00	シンポジウム10 「ゲノム機能解析から植物の生理機能解明に迫る」	3pB01 ダリアの花弁における UDP-G: アントシアニン 5-*O*-グルコシルトランスフェラーゼの部分精製と特性 緒方　潤，坂本卓也[1]，山口雅篤[2]，川信修治[3]，吉玉国二郎[1]（熊本大・院・自然科学，[1]熊本大・理・生物科学，[2]南九大・園芸・食工，[3]南九大・園芸・園芸）				3pF01 海洋性ケイ藻 *Phaeodactylum tricornutum* における，高 CO_2 環境から低 CO_2 環境への順化について 原　匠，松田祐介（関西学院大・理・化学）
13：15		3pB02 アジサイの花色変異機構の解明 吉田久美，外山友紀[1]，清水良泰[2]，藤森英治[3]，近藤忠雄[4]（椙山大・生活・食品栄養，[1]名大院・人間情報，[2]群馬・園芸試，[3]名大・廃棄処理，[4]名大・化測機セ）				3pF02 海洋性珪藻類 *Phaeodactylum tricornutum* におけるカーボニックアンヒドラーゼの解析および精製 平岡康隆，佐藤　暖，松田祐介（関西学院大・理・化学）
13：30		3pB03 赤タマネギにおける光によるアントシアニン合成系酵素の発現 中村貴義，大矢武志[1]，柳下良美[1]，藤代岳雄[1]，北宜裕[1]（神奈川大学・理学部，[1]神奈川農総研）				3pF03 緑藻 *Chlorella ellipsoidea* CO_2 不感受性変異体の高 CO_2 濃度への順応 落合輝彦，松田祐介（関西学院大・理・化学）
13：45		3pB04 ハツカダイコンのミロシナーゼの cDNA クローニング 原　正和，藤井陽子，佐々田ゆり，久保井徹（静岡大農・人環）				3pF04 緑藻クロレラの CO_2 反応性に関連して発現する遺伝子について 佐藤　暖，廣住吾郎，松田祐介（関西学院大・理・化学）
14：00		3pB05 ミヤコグサにおける縮合型タンニンの蓄積 青木俊夫，綾部真一（日本大・生物資源・応用生物）				3pF05 超高濃度 CO_2 条件下での光合成に及ぼす carbonic anhydrase の影響に関する超高濃度 CO_2 耐性及び非耐性微細藻における比較検討 佐藤　朗，蔵野憲秀，宮地重遠（海洋バイオテクノロジー研・釜石）
14：15		3pB06 シソ（*Perilla frutescens*）の limonene synthase 遺伝子の情報伝達物質による発現 松本　隆，落合徹子，鎌倉美紀，田渕　晃，唐沢傳英（信大農・応用生命科学）				3pF06 シアノバクテリアにおけるカーボニックアンヒドラーゼの活性発現に必要な C 末端領域の同定 鈴木英治，海老原夏紀，安野祥史（茨城大・理・環境）

第3日　3月29日（水）

G 会場 細胞骨格	H 会場	I 会場 窒素代謝	J 会場 電子伝達	K 会場 植物ホルモン	L 会場 オルガネラ分化	時 間
3pG01 Chavacterization of Arabidopsis mutants with left-handed spiral Siripong Thitamadee, Kazuko Tuchihara, Takashi Hashimoto (Grad. Schl. Biol. Sci., NAIST)	シンポジウム11 「液胞機能研究の新展開」	3pI01 亜硝酸還元酵素活性が大幅に抑制された形質転換植物における硝酸／亜硝酸還元(4) 高橋美佐，森川弘道（広島大・理・数理分子生命理学）	3pJ01 Cytochrome b_6f 複合体による Photosystem II での光エネルギー散逸機構制御の解明 宗景ゆり，竹田恵美[1]，遠藤 剛[2]，橋本 隆，鹿内利治（奈良先端大・バイオ，[1]大阪女子大・基理，[2]京大院・生命科学）	3pK01 シロイヌナズナの各器官に含まれるレビジモイドおよびその成長調節作用について 鍋谷 浩，後藤伸治，横谷-富田香織[1]，長谷川宏司[1]（宮城教育大・生物，[1]筑波大応用生物化学系）	3pL01 葉緑体形質転換による *psbA*, *psbD* プロモータの解析 石井 直，林 敬子[1]，森川一也，椎名 隆[2]，豊島喜則（京大院・人間・環境，[1]北陸農試，[2]京都府大・人間・環境）	13：00
3pG02 GFP 標識微小管を過剰発現させたシロイヌナズナに見られるねじれ形質の解析 直井国子，松山 崇，植田勝巳，橋本 隆（奈良先端大・バイオ）		3pI02 植物葉内に取り込まれた二酸化窒素から生成される新規化合物の解析 河村義史，張 藝潔，平田敏文，高橋美佐，森川弘道（広島大・理・数理分子生命理学）	3pJ02 トウモロコシの C_4 光合成細胞特異的に発現している Fd イソ蛋白質を導入した形質転換ラン藻の光化学系Ⅰ循環的電子伝達活性の差異の検証 有賀洋子，藤本寛樹，長谷俊治，遠藤 剛[1]，真野純一[2]，佐藤文彦[1]（阪大・蛋白研，[1]京大院・生命科学，[2]京大・食研）	3pK02 メロンの果実肥大における HMG-CoA レダクターゼの関与 小林俊弘，加藤澄恵，江面 浩（茨城生工研）	3pL02 葉緑体 *psbD* 光応答プロモーターの転写活性化領域に結合する新規蛋白質 TFPD のクローニングと解析 馬場恭子，中野雄司，山岸和敏，吉田茂男（理化学研究所）	13：15
3pG03 GFP を利用して生細胞内で分裂期の微小管の動態を観る 熊谷 史，植田勝巳[1]，馳澤盛一郎（東京大院・新領域・先端生命，[1]奈良女子大・生物科学）		3pI03 高等植物の二酸化窒素ガスの吸収に関与する遺伝子の探索 木須康智，河村義史，近藤功明，白野由美子[1]，柴田大輔[2]，林 浩昭[3]，其木茂則[4]，高橋美佐，森川弘道（広島大院・理・数理分子生命理学，[1]Waksman Institute, Rutgers Univ.，[2]かずさ DNA 研究所，[3]東京大院・農生科・応生化，[4]麻布大・環境保健・健康環境科学）	3pJ03 スギナ（*E. arvense*）フェレドキシンの大腸菌発現ベクターの作製 藤田しのぶ，松永茂晃，広瀬修一，有賀洋子，長谷俊治，手島圭三（阪大・蛋白研）	3pK03 キュウリの性表現型とエチレンレセプター様遺伝子発現のエチレン誘導性の関係 山崎聖司，藤井伸治，松浦誠司[1]，高橋秀幸（東北大院・農・遺生研，[1](株)トーホク）	3pL03 葉緑体シグマ因子 SigA のプロモータ認識領域（region4）に結合する新規タンパク質の同定 森川一也，椎名 隆[1]，豊島喜則（京大・院・人環，[1]京都府立大・人環）	13：30
3pG04 コケ減数分裂の分裂面挿入予定位置に出現する新奇微小管帯 嶋村正樹，出口博則，峰雪芳宣（広大・理・生物）		3pI04 形質転換イネを用いたサイトゾル型グルタミン合成酵素の機能解析 小笠原ひろみ，早川俊彦，林 浩昭[1]，山谷知行（[1]東京大院・農・生化，東北大院・農・応用生命科学）	3pJ04 トウモロコシの葉と根に器官特異的に分布する2種の Fd: $NADP^+$ 還元酵素の立体構造と機能特性の解析 栗栖源嗣[1]，楠木正巳[1]，恩田弥生[2]，有賀洋子[2]，長谷俊治[2]（阪大・蛋白研，[1]生体分子解析研究センター，[2]酵素反応部門）	3pK04 カキ果実における水分ストレスによって誘導されるエチレン生合成と軟化 中野龍平，久保康隆，播磨真志[1]，稲葉昭次（岡山大農，[1]和歌山果樹試）	3pL04 コムギ葉緑体 RNA ポリメラーゼシグマ因子の単離の検討 角山雄一，椎名 隆[1]，豊島喜則[2]（京大・RI センター，[1]京都府大・人間環境，[2]京大院・人間・環境）	13：45
3pG05 ヒメツリガネゴケにおける葉緑体光定位運動の解析—強光反応の運動機構 佐藤良勝，門田明雄，和田正三（都立大・理）		3pI05 ラン藻 *Plectonema boryanum* の2種類のグルタミン酸合成酵素の酵素学的特性と生理機能の解析 奥原宏明[1]，木田隆夫[2]，長谷俊治[1]（[1]阪大蛋白研，[2]味の素中央研）	3pJ05 緑色硫黄細菌 *Chlorobium tepidum* 反応中心と NAD(P) 光還元系に関する研究 瀬尾悌介，楠元範明，富岡 厚[1]，加茂政晴[2]，榎並 勲[3]，桜井英博（早大・教生物，[1]キリンビール製造，[2]岩手医科大・歯，[3]東京理科大・理）	3pK05 キュウリの茎頂部における発現が性表現と相関を示す遺伝子（ERAF17）の単離・解析 佐藤由夏，安藤杉尋[1]，蒲池伸一郎[1]，酒井慎吾[1]（筑波大・バイオシステム，[1]筑波大・生物）	3pL05 シロイヌナズナの色素体 RNA ポリメラーゼシグマ因子の解析 藤原 誠，永島明知，中里恵美，金丸研吾，田中 寛，高橋秀夫（東大・分生研）	14：00
3pG06 2, 3-butanedione monoxime による原形質流動の阻害機構 富永基樹，横田悦雄，園部誠司，新免輝男（姫工大・理・生命）		3pI06 日本型，インド型，ジャワ型イネの穎果における NADH 依存性グルタミン酸合成酵素含量及び活性の挙動とそのタンパク質含量に関する QTL 解析 小原実広，梶浦 真，佐藤雅志[1]，山谷知行（東北大院・農・応生科，[1]東北大遺生研）	3pJ06 ポリアクリルアミドゲルに固定化した光合成反応中心の電子伝達 原 正之[1,2]，J. Goc[3]，A Planner[3]，D. Frackowiak[3]，三宅 淳[2]（[1]工技院・生命研，[2]工技院・融合研，[3]ポーランド・ポズナニ工科大）	3pK06 ジベリンによるキュウリの雄花分化誘導時の ACC 合成酵素遺伝子（CS-ACS2, CS-ACS1G）の発現解析 蒲池伸一郎，水澤秀雄[1]，松浦誠司[1]，酒井慎吾（筑波大・生物，[1](株)トーホク）	3pL06 in vitro 転写系を利用したコムギ葉緑体シグマ因子 *SigA* の機能解析 華岡光正[1]，森川一也[1]，角山雄一[1,2]，椎名 隆[1,3]，豊島喜則[1]（[1]京大院・人・環，[2]京大・RI センター，[3]京都府立大・人環）	14：15

第3日　3月29日（水）

時間	A会場	B会場	C会場	D会場	E会場	F会場 炭酸同化と光呼吸
14：30	シンポジウム10 「ゲノム機能解析から植物の生理機能解明に迫る」					3pF07 ラン藻 *Synechococcus* PCC 7942 のカルボキシソーム形成に関わる遺伝子の完全除去とその形質転換体の性質 石田裕幸，井上則子，原納究，岩城俊雄，和田野晃（大阪府大・農・応用生物化学）
14：45						3pF08 ラン藻の光合成炭素還元系調節機構――CP12 の生理機能―― 田茂井政宏，山下麻衣子，小林大輔[1]，和田野晃[1]，重岡　成（近畿大・農，[1]阪府大・応生化）
15：00						3pF09 ラン藻 Fructose-1, 6-/sedoheptulose-1, 7-bisphosphatase 導入形質転換植物の光合成炭素還元系への影響 宮川佳子[1]，市原健志[1]，田茂井政宏[2]，重岡　成[1,2]（[1]近大・院・応生命化，[2]近大・農・食栄）

第3日　3月29日（水）

G 会場 細胞骨格	H 会場	I 会場 窒素代謝	J 会場 光化学系Ⅱ	K 会場 植物ホルモン	L 会場 オルガネラ分化	時 間
3pG07 トウモロコシにおける二種類のキシランの分布の違い 鈴木　潔，北村進一[1]，加藤陽治[2]，伊東隆夫（京都大・木研，[1]京都府大・農，[2]弘前大・教育）	シンポジウム11 「液胞機能研究の新展開」	3pI07 イネ根の中心柱におけるNADH-, Fd-依存性グルタミン酸合成酵素タンパク質の分布する細胞群の特定 石山敦貴，早川俊彦，山谷知行（東北大・院農・応用生命科学）	3pJ07 ジテルペンアルコールによる光合成電子伝達阻害 丸山明男，原口博行，浅田浩二（福山大・工）	3pK07 メロンのオーキシン誘導ACC合成酵素遺伝子の発現調節機構に関する研究 及川心吾，佐倉由里子，江面　浩[1]，平林哲夫[2]，中川弘毅，佐藤隆英（千葉大・園芸，[1]茨城生工研，[2]日本園研[2]）	3pL07 シロイヌナズナ葉緑体の分裂，分化過程における*minD* と *sigB* 遺伝子の役割 金丸研吾，藤原　誠，金美順，白野由美子[1]，柴田大輔[1]，島田裕士[2]，田中寛，高橋秀夫（東大・分生研，[1]三井葉際植物バイオ，[2]東工大・生物科学）	14：30
		3pI08 イネにおけるアスパラギン合成酵素の組織内分布 中野健太郎，早川俊彦，山谷知行（東北大・院農・応用生命科学）	3pJ08 葉緑体 ATP 合成酵素の活性調節領域を挿入した好熱菌 ATP 合成酵素 Dirk Bald, 野地博行，吉田賢石[1]，久堀　徹[1] (CREST Team 13, [1]東工大・資源研)	3pK08 リン酸化による ACC 合成酵素の活性制御機構の解析 立木美保，森　仁志（名古屋大・生命農・生物情報）		14：45
		3pI09 葉脈維管束において強く発現するシロイヌナズナのリジン感受性アスパラギン酸キナーゼ遺伝子 吉岡　泰，樽井俊介，町田泰則（名大院・理・生命理）				15：00

座長表

1aB1-1aB12	木下俊則、榊原祥清、島崎研一郎	2aG1-2aG13	石黒澄衛、篠崎眞輝、西村いく子
1pB1-1pB10	魚住信之、三村徹郎	2pG1-2pG10	町田千代子、山内大輔
1pB11-1pB18	山口淳二、前島正義	3aG1-3aG13	梅田正明、西浜竜一
2aB1-2aB13	加藤朗、中野明彦、松岡健	3pG1-3pG7	馳澤盛一朗、峰雪芳宣
2pB1-2pB10	鎌田博、田中義人	1aH1-!aH8	園池公毅、山崎秀雄
3aB1-3aB13	小西智一、高野誠、林田信明	1aH9-1aH12	重岡成
3pB1-3pB6	青木俊夫、吉田久美	1pH1-1pH6	泉井桂、真野純一
1aC1-1aC12	佐藤直樹、鈴木石根、仲本準	1aI1-1aI10	是枝晋、坂本敦、山田茂裕、
1pC1-1pC9	射場厚、今井亮三	1pI1-1pI6	林秀則、和田敬四郎
1pC10-1pC18	荒川圭太、庄野真理子	1pI7-1pI13	古谷雅樹、Steve A. Kay
2aC1-2aC13	蓮沼仰嗣、藤川清三、柳澤修一	2aI1-2aI13	江坂宗春、谷口光隆、水野幸一
2pC1-2pC10	高木慎吾、平塚和之	2pI1-2pI10	赤間一仁、内藤哲
3aC1-3aC13	熊谷忠、秦恵、中嶋信美、	3aI1-3aI13	川口正代司、高橋美佐
1aD1-1aD12	柿本辰男、南森隆司	3pI1-3pI9	末吉邦、早川俊彦
1pD1-1pD9	朽津和幸、永野幸生	1aJ1-1aJ11	桑原朋彦、野末雅之、三ツ井敏明
1pD10-1pD18	島田浩章、湯浅高志	1pJ1-1pJ17	太田啓之、佐藤典裕、長谷俊治、松井健二
2aD1-2aD13	岩崎行玄、高木優、南栄一	2aJ1-2aJ14	池内昌彦、池上勇、西山佳孝
2pD1-2pD9	鹿内利治、和田元	2pJ1-2pJ10	小野高明、高橋裕一郎
3aD1-3aD13	小関良宏、高倍昭洋、山本洋子	3aJ1-3aJ13	榎並勲、野口巧、山本泰
1aE1-1aE12	大藤雅章、坂野勝啓、吉岡博文	3pJ1-3pJ8	榊原均、久堀徹
1pE1-1pE14	宇佐美昭二、川北一人、蔡晃植	1aK1-1aK12	佐藤忍、林隆久、間藤徹
2aE1-2aE13	鈴木英治、福澤秀哉、和田野晃	1pK1-1pK18	渋谷直人、保尊隆亨、山田恭司
2pE1-2pE9	斎藤和季、高橋正昭	2aK1-2aK12	小林正智、高橋陽介、三野真布
3aE1-3aE11	青野光子、草野友延	2pK1-2pK9	小柴共一、山本興太朗
1aF1-1aF11	塩井祐三、田中歩、藤田祐一	3aK1-3aK13	浅見忠男、藤岡昭三、宮本健助
1pF1-1pF16	杉山宗隆、富田（横谷）香織、松田吉弘	3pK1-3pK8	佐藤隆英、森仁志
2aF1-2aF12	伊藤繁、松浦克美	1aL1-1aL12	石田さらみ、酒井敦、長谷部光泰
2pF1-2pF10	嶋田敬三、高市真一	1pL1-1pL9	出村拓、塚谷裕一
3aF1-3aF13	臼田秀明、鈴木健策、牧野周	1pL10-1pL18	青山卓史、松井南
3pF1-3pF9	白岩善博、松田祐介	2aL1-2aL12	荒木崇、後藤弘爾、佐藤修正
1aG1-1aG8	山本義治、中堀清	2pL1-2pL10	河野重行、若杉達也
1aG9-1aG12 1pG1-1pG4	井澤毅、小野道之	3aL1-3aL13	加藤晃、高野博嘉、中野雄司
1pG5-1pG17	内宮博文、幸田泰則、福田裕穂	3pL1-3pL7	椎名隆、田中寛

A-01

オルガネラの起源・進化と遺伝子発現に関する研究

太田　にじ　（埼玉大・理・分子生物）

植物には、ミトコンドリアと色素体という、独自の遺伝情報系を持つオルガネラが存在する。これらは、原核生物が原真核生物に細胞内共生をした結果成立したものであると考えられているが、その起源と進化の詳細は明らかではない。本研究では、(1) DNA 含量が真核生物で最少のものの一つ (2) 細胞分裂の様式が原始的 (3) 色素体核が色素体の中心に分布、などのことから、原始紅藻類に属する *Cyanidioschyzon merolae* を最も原始的な植物の一つであると考え、ミトコンドリアゲノム及び色素体ゲノムの全塩基配列の解析をった。

ミトコンドリアゲノムは、32 kbp の環状 DNA で、動物ミトコンドリアと同じく、イントロンは存在せず、遺伝子間領域も非常に短かった。一方、遺伝子組成は緑色植物のミトコンドリアと似ていた。即ち、動物ミトコンドリアには含まれないリボゾームタンパク質遺伝子やスクシニル酸デヒドロゲナーゼ遺伝子などをコードしていたのである。

色素体ゲノムは 150 kbp の環状 DNA で、逆位反復配列は存在しなかったがゲノムサイズは他の植物色素体とほぼ同じであった。3 個の rRNA 遺伝子の他に、31 個の tRNA と 212 個のタンパク質の遺伝子をコードしていた。この遺伝子の数は、緑色植物の色素体ゲノム遺伝子の約 2 倍に相当する。これらの中には、色素体遺伝子として初めて見いだされたものが 13 個含まれていた。中でも、ペプチドグリカンを構成するリボポリサッカライド合成に関与する酵素の遺伝子が存在することは、色素体が原核生物起源であることの決定的な証拠であると考えられる。

A-02

日本植物生理学会奨励賞

アブラナ科植物より得られる水溶性クロロフィルタンパク質に関する分子生物学的研究

佐藤浩之（東邦大・理・生物分子）

水溶性クロロフィルタンパク質 (Water-Soluble Chlorophyll Protein; WSCP) には、アカザ科やタデ科植物に見られる光変換性のものと、アブラナ科植物より得られる非光変換性のものが知られているが、それらの生理機能については未だ不明である。我々は前に、カリフラワーより得られる非光変換性WSCPのcDNAをクローニングし、その配列が既知の乾燥ストレス関連タンパク質に相同性を示す事、および実際にWSCPの発現量が乾燥ストレスにより著しく誘導されることを示した。また、WSCPの配列中には Künitz proteinase inhibitor の完全なモチーフ、ならびに集光性クロロフィルタンパク質に見られる(F/Y)DPLGL配列と類似のモチーフが存在する事を見い出した。さらに、recombinant WSCP を大腸菌中で発現させたところ、興味深い事に、この recombinant WSCP は単量体であったが、水溶液中でチラコイド膜からクロロフィル分子を受容し、四量体へと変化した。これらの事から、現在、WSCPが植物の乾燥ストレス時のクロロフィルの輸送や代謝に何らかの機能を有する可能性を考えている。

また、WSCPのゲノム遺伝子の解析の結果、カリフラワーのWSCP遺伝子には著しい多様性があり、少なくとも１０以上のisoprotein 遺伝子の存在が確認された。実際に、カリフラワー抽出液において複数種のWSCPを検出し、一部については、cDNAも得ている。アブラナ科植物より得られるWSCPに関して、現在までに得られている知見について報告する。

A-03

日本植物生理学会論文賞

クロロフィル *d* を主要光合成色素として有する新規酸素発生型光合成原核生物の色素組成

(Plant Cell Physiol. 38: 274-281)

宮下英明、[1]足立恭子、藏野憲秀、池本尚人、千原光雄、宮地重遠（海洋バイオ研・釜石, [1]海洋バイオ研・清水）

クロロフィル(Chl) *d* を主要な光合成色素とする新規な酸素発生型光合成原核生物を分離した。この生物の細胞懸濁液には，酸素発生型の光合成生物に特徴的な680nm 付近の赤色光吸収が見られず，714-718nm 付近をピークとする吸収が見られた。HPLC 色素分析により，この生物が Chl *d* を主要色素として有し，Chl *a* 含量は極少量であることがわかった。Chl *d* は各種溶媒中での吸収スペクトルおよび NMR, FABMS 分析により同定された。細胞には他に Chl *c* 様色素，ゼアキサンチン，α-カロテン，フィコビリンが含まれていた。細胞中の Chl *d* 含量は乾燥重量当たり 2%程度であるのに対して，Chl *a* は 0.1%以下であった。細胞中の Chl 比(*a*/*d*)は，培養条件によって変動し 0.03-0.09 程度であった。

光吸収スペクトルの特異性，Chl *a* 含量が極微量で Chl *d* 含量が多いことなどから，この生物には Chl *d* を利用する新たな初期光合成機構が存在するものと期待された。

S1-01

自然光紫外線(near UV)に対する植物の応答反応

手塚修文・塩崎紀子・五條理保・橋本亜矢子
（名古屋大院・人間情報・環境システム）

現存する生物は地球に到達している太陽光 (自然光) を浴びて生活している。地表面の自然光中の紫外線(290-400nm; 主としてnear UV)は植物の生理現象や生長に対して害作用を及ぼすと信じられがちである。しかし、自然光中の紫外線は害作用としてではなく、むしろ必須要因として作用していることを我々はこれまで報告している。現在、さらに高等植物の他にも葉状植物・緑藻類に対する自然光中の紫外線の作用を生理・生化学的に解析している。

植物体が受容した自然光〔可視光線 (400-800 nm)および紫外線 (290-400nm)〕は、紫外線無しの可視光線だけよりも、光合成系・炭素代謝系の活性化、マメ科植物における根粒形成・窒素固定能上昇、非マメ科植物の窒素代謝系の活性化、*Lemna* のフロンド生産(細胞分裂) の促進・ピリジンヌクレオチドのレベルやこの合成系の酵素活性の上昇、緑藻類の細胞分裂促進・酵素活性の上昇などの作用を示した。

要するに、地球に到達している自然光紫外線の波長域内の放射エネルギー量程度のnear UV は植物一般に対して細胞内での種々の代謝調節・生理作用の機能を阻害せず、むしろ活性化する。つまり、near UV は植物の生育制御や健康管理を行っているものと思われるので、これについて言及する。

S1-02

ウリ科植物の重力形態形成機構：重力によるネガティブコントロールとオーキシン

高橋秀幸　（東北大・遺生研）

ウリ科植物のペグは，下胚軸と根の境界部における皮層細胞の成長極性が変化して突起状に発達するものである。そのために重力感受によるオーキシンの偏差分布に原因する表層微小管の配向変化が起こると考えられる。このとき，重力感受によるオーキシンの再分布は，1 個のペグ形成を誘発するための閾値以上のオーキシン濃度を保証する。一方，宇宙実験の結果から，芽ばえは対称的に 2 個のペグを形成する能力を有するが，地上では重力感受によって 1 個のペグ形成が抑制されるものと考えられる。オーキシン制御遺伝子(*CS-IAA1*)の発現解析の結果は，この重力による形態形成のネガティブコントロールには，オーキシン濃度の低下を必要とすることを示している。ウリ科植物の芽ばえは，重力応答における種特異性のみならず，重力によるオーキシン輸送制御と成長極性制御における細胞骨格の機能を解明するためのモデル実験系として有用である。

S1-03

ジベレリンによる草丈制御の分子機構
-生理研究と分子遺伝学的研究の接点-

池田亮、松倉千昭、山口淳二（名大・生物応答セ）

植物の背丈の決定要因という観点よりジベレリン作用を捉え、生理研究と分子遺伝学的研究の両面からのアプローチについて報告する。

ジベレリン作用の代表例として、矮性イネ品種「短銀坊主」第２葉鞘の伸長現象がある。詳細な解析によって、この伸長現象が細胞伸長を主とすること、また細胞壁物性の変化、浸透溶質の増加、デンプン顆粒の分解等を伴う現象であることを明らかにした。（*Planta*, **205:** 145-152,1998)

恒常的ジベレリン感受性イネ変異体である"slender rice"を用いた詳細な解析を行った。この変異体の形質はあたかもジベレリンを添加したようなシュートの著しい伸長を示す。この原因遺伝子が、*GAI/RGA/RHT/D8* と相同であることを明らかにした。この遺伝子の機能と草丈との関係について概説する。

S1-04

サクラにおける茎の成長方向制御に関わる重力と植物ホルモンの影響

中村輝子（日本女子大・理・物生）

樹木の枝及び幹の成長方向は、一次伸長成長と二次肥大成長により制御されている。伸長成長については、すでに草本植物を用いて詳しい研究がなされている。一方、樹木の特色である二次肥大成長については、生理学的な解析が十分にはなされていない。これは樹木が生理学的実験の材料としては、ふさわしくないためであろう。しかし、樹木の二次肥大成長に興味を持ったので、サクラを用いて研究を行い、下記の結果を得た。１．しだれ性枝におけるジベレリン誘導あて材による、負の重力屈性の発現、２．３D-クライノスタットによる擬似微少重力環境下の通直性を失った茎における、二次木部発達低下。このような結果により、樹木の茎の成長方向制御に関わる二次木部発達に、重力と植物ホルモンが大きな影響を及ぼしていることが明らかになった。

S1-05

オーキシン反応は単一のオーキシン受容体で説明できるか？

下村正二（農業生物資源研究所）

オーキシンは細胞分裂や細胞成長そして分化誘導などの多岐にわたる調節作用を示す植物ホルモンとして知られている。しかしながら、このような異なるオーキシン反応が同じ受容体を介して行われているのか、それとも、それぞれの応答反応に特異的な受容体が存在しているのかについては明らかではない。そこで、私どもは、部位特異的変異を導入したオーキシン結合タンパク質１（ABP1）を発現する遺伝子組換え体を作成し、オーキシン応答を調べた所、細胞増殖における見かけのオーキシン感受性は変異により一桁上昇するが、オーキシンで誘導される細胞成長は強く抑制される結果を得た。この現象は、少なくとも２種類の互いに正反対の作用を示すオーキシン受容体が介在し、細胞のオーキシン応答を制御していることを示唆している。ABP1 はオーキシンで誘導される細胞分裂を抑制し、細胞成長を誘発する機能を担っていると思われ、ABP1 の組織分布パターンと整合性を示している。

S1-06

幼茎の伸長成長における細胞壁伸展駆動力の調節
—電気生理学的解析から分子遺伝学的解析まで—

加藤 潔、高橋宏二、北村さやか、[1]岡本朱根
（名古屋大学・人間情報学研究科、[1]昭和薬科大・生物）

幼茎の伸長成長は木部に於ける吸水と表皮細胞壁の伸展という物理的に異質な過程により律速される。このうち表皮細胞壁の定常相対伸展速度 v は壁展性 Φ と壁伸展の駆動力である実効膨圧（細胞内圧 P － 臨界壁降伏圧 Y）との積で表される。幼茎切片の生理状態の壁展性 Φ と実効膨圧（P － Y）はプレッシャージャンプ法により経時観測が可能で、P の測定を併用すると Φ だけでなく Y の動向も観測出来る。これらの方法により、オーキシン誘導の成長促進と酸成長を解析したところ、共に Φ の増大と Y の減少による実効膨圧の増大との相乗効果により壁伸展速度が増大することが判明した。浸透ストレスに対する成長の適応回復に至っては、調節されるのはもっぱら Y だけである。　グリセリン処理をした中空胚軸切片（GHC）を用いる in vitro の系でも pH 依存の ϕ と y の調節が再現出来、酸性化により ϕ が増大すると共に臨界降伏張力 y は減少した。分離精製した二種類のタンパク質は、熱失活させた GHC の ϕ と y の調節能をそれぞれ回復させた。そのうち y を調節するタンパク質（yieldin）については cDNA のクローニングと、recombinant protein の生成に成功し、recombinant yieldin は失活した GHC の y 調節能を回復させることも判明した。Yieldin は expanins とは機能的に全く異なるので、当然のことながら遺伝子も全く違い、anti-expansin 抗体とも cross しない。

S1-07

成長調節の経時的諸切片

飯野盛利（大阪市大院・理・付属植物園）

植物の成長は植物ホルモンなど多くの内的要因によって調節されている。また植物は、光などの環境要因を情報として読み取って成長を調節している。内的、外的要因に応答したシグナル伝達系は複雑なネットワークを形成して、高次な成長調節を達成していると考えられる。本講演では、そのような成長調節機構の一端を私たちの研究結果から探ってみる。まず、植物ホルモン（オーキシン、アブシジン酸）と光受容体（クリプトクロム、フィトクロム）による成長調節の初期過程には細胞膜を介したイオン輸送の制御が共通の機構として関与していること（従って、細胞膜のイオン輸送系がネットワークの重要な拠点になっていること）を、プロトプラストの体積変化を指標にした実験結果から考察する。次に、オーキシンの作用を例にして、長期的な成長調節がどのように達成されているかを考える。オーキシン濃度を人為的に変動させても、成長の変動は一過的にしか起こらない。この現象にはオーキシン代謝制御など、複雑な調節機構が関与していることが分かった。このような解析から、オーキシンは短期的な成長調節（及び屈性発現）のための内的要因であり、なおかつ長期的には、成長の恒常性を維持するための要因であることが明らかになってきた。組織特異性は複雑な成長調節機構を理解する上で重要な視点になる。このことを裏付ける実験結果も併せて紹介する。

S2-01

酸性化ストレスに対する樹木の生理応答

竹中千里、小川匡之（名古屋大院・生命農学）、
手塚修文（名古屋大院・人間情報）

化石燃料の燃焼によって大気中へ放出された NOx, SOx が、酸性降下物という形で、森林をはじめとする陸域環境を徐々に酸性化していることは周知の事実である。このような酸性化による森林衰退メカニズムの解明を目的として、生理生化学的な手法による解析をおこなっている。本研究では、樹木葉への酸性霧暴露、および根圏へのアルミニウムストレスが樹木の根および葉に及ぼす生理的活性の変動を調べた。ストレス負荷の指標として、活性酸素消去系酵素の活性、これら酵素の基質・生成物質のレベルおよびエチレン生成量を測定した。その結果、ヒノキ葉への pH４程度の硫酸酸性霧暴露では、エチレン生成は認められないが、活性酸素消去系酵素活性は増大した。酸性霧に含まれるギ酸・酢酸などの有機酸はさらに活性を増大させることが明らかとなった。また、根圏へのアルミニウムストレスが、暴露後１日という比較的短時間で葉の活性酸素消去系酵素活性を高めること、アスコルビン酸レベルが変動していること、また土壌酸性化のストレス指標とされている Ca/Al 比が樹木葉の酵素活性に影響を与えることを確認したので、これらについて言及する。

S2-02

森林樹木と菌類の共生系：外生菌根

宝月岱造（東京大・アジア生物研究センター）

森林では、様々な生物が相互に作用しながら生存している。樹木の根に見られる外生菌根は、樹木と菌類との相互作用によって形成される共生体である。外生菌根は、森林内の物質フローに重要な生態的役割を果たしていると想像されているが、十分解析されてはいない。生態的な現象の背後には、当然生理学的な現象が隠されている。外生菌根の場合、樹木は外生菌根菌に光合成産物を供給し、それに対して菌は、離れていたり不溶化していたりして根が吸収できないリン酸等の栄養塩類を吸収して菌根へと輸送し、それらを根に供給すると考えられている。私達は現在、この様な外生菌根をめぐる物質の流れの詳細を、RIを用いて解析している。今回は、RIを用いたトレーサー実験の結果を中心に、外生菌根の生理学について紹介したい。

S2-03

熱帯樹木で見つかった新しい光応答現象
ーガジュマルの生葉黄金化ー

山崎秀雄（琉球大・理・海洋自然）

沖縄は小笠原と共に亜熱帯気候に属し、多くの熱帯性植物の生育北限である。同時に海洋性島嶼環境のため、植物は常に塩、紫外線、高温、貧栄養等の強度の環境ストレスに曝されている。実際、多くの温帯起源の外来性植物は、野外では生育することができない。ガジュマル（榕樹、*Ficus microcarpa*）は奄美大島を生育北限とするクワ科イチジク属の熱帯性木本で、環境ストレスに対する抵抗性は非常に高い。オンゴンガジュマル(Golden Leaves)はガジュマルの栽培種で、沖縄や台湾では街路樹や生け垣に好んで用いられている。ガジュマルとは異なり、野外の強光環境下では生葉が黄金色を呈するのが特徴である。この黄金化現象には、光合成系の強光耐性能の低下が関与している。ここではオウゴンガジュマルの生葉黄金化現象を例に、生理学研究の対象としての熱帯植物の有用性と面白さを議論する。

S2-04

ニホンナシの自家不和合反応の生理・生化学的解析

平塚　伸（三重大・生物資源・園芸）

ニホンナシの自家不和合性は1遺伝子の複対立遺伝子系で制御されており、これまでに7個の複対立遺伝子が確認されている。近年、それぞれの遺伝子に対応するタンパク質（S タンパク質）が同定され、いずれのタンパク質も RNase 活性を示すことが明らかとなった。そこで我々は、これら S タンパク質をイオン交換クロマトグラフィーを用いて精製し、花粉管伸長に及ぼす影響を in vitro で調査した。

自家花粉管伸長は、培地中のタンパク質濃度の増加に伴ってより強く抑制された。'新水'（遺伝子型：S_4S_5）から調製した S タンパク質は、交配不和合性品種である'幸水'（S_4S_5）の花粉管を自家花粉と同様に抑制したが、和合品種の'長十郎'（S_2S_3）では抑制されなかった。一方、S タンパク質の RNase 活性を失活させると、抑制活性は消失した。これらの結果は、ニホンナシの S タンパク質が不和合花粉を拒絶するインヒビターとして働き、抑制活性を示すためにはその RNase 活性が必用であることを示している。

S2-05

マングローブ植物の耐塩性と代謝

芦原　坦　（お茶の水大・生物）

熱帯、亜熱帯の海岸沼沢地に生育しているマングローブ植物が、どのような機構で塩類を排除したり有効に利用しているのかを解明する目的で、特に耐塩性が高いと思われるヒルギダマシ(*Avicennia marina*)とマヤプシキ(*Sonneratia alba*)を実験材料として研究を行った。これらの植物では、植物体中（液胞）に塩を高濃度にためこんで、外界との浸透圧調節に利用している。ヒルギダマシの葉では、グリシンベタインが、根ではスタキオースが多量に蓄積され、マヤプシキでは、マンニトールが蓄積されていることがわかった。このうち、ヒルギダマシ葉では、細胞質でグリシンベタインを合成することにより、液胞との浸透圧調節を行っていると考えられる。マングローブのエネルギー代謝、炭水化物代謝に関与する酵素の活性は、塩により強く阻害され酵素自体は耐塩性ではない。一方、グリシンベタインは、高濃度で存在しても酵素活性を阻害しないが、酵素タンパク質の塩からの保護もしていなかった。ヒルギダマシ葉では、塩ストレスにより、コリンの分解系が著しく増加し、またグリシンベタインの合成活性が、増加した。これらの植物のエネルギー関連代謝（呼吸、糖代謝、プリン代謝）の特性についても述べる。

S2-06

樹木生理学から分子生物学へースギ花粉症対策への応用ー

篠原健司、福井充枝、二村典宏、伊ヶ崎知弘、毛利　武、丸山エミリオ、佐藤　亨、長尾精文（農水省・森林総研）
向井　譲（静大・農）

スギ花粉症患者の増加は日本の大きな社会問題の一つである。我々は、スギ花粉症対策として、スギの雄花及びアレルゲン生産量の抑制に関する研究を進めている。

スギの花芽分化はジベレリンにより誘導される。一方、ウニコナゾール-Pはこの花芽分化の誘導を抑制する。花芽分化は処理するジベレリン濃度にも影響を受け、低濃度で処理すると雄花の着生が、高濃度では雌花の着生が促進される。また、高温・長日条件では雄花が、低温・短日条件では雌花が多くなる。スギの主要アレルゲンとしては、ベクテートリアーゼ活性を持つCryj1と、ポリメチルガラクツロナーゼ活性を持つCryj2がある。Cryj1にはタペータム組織由来のものと花粉由来のものがある。一方、Cryj2は花粉由来である。そこで、スギの雄花で特異的に発現するMADS box遺伝子、花粉で発現するMADS box遺伝子やアレルゲン遺伝子を単離し、それらの発現特性を調べた。また、パーティクルガン法による遺伝子導入法も確立した。さらに、多芽体を経由した個体再生系を確立した。同時に、遺伝子操作に必須の不定胚を経由した個体再生技術にも一部成功している。効率の良い個体再生技術が確立されると、遺伝子操作によるスギの雄花及びアレルゲン生産量の抑制が可能となる。

S3-01

花の色とアントシアニンの化学

斎藤規夫(明治学院大学一般教育部)

花の色の主要素として anthocyanin 色素が知られており、橙色から青色までの幅広い花色を作りだしている。この花色の発現は anthocyanidin の OH 基化や配糖体化などの一義的な構造の違いだけで決定できない。色素の存在する細胞組織の液胞中に共存するフェノール性化合物や無機イオンなどとが色素分子と強弱種々の相互作用を生じることにより多彩な花色を形成すると考えられている。Anthocyanin により作り出されるこのような花色変異の要因については、１９３０年代から遺伝学、生化学、化学の領域からの研究がつずけられ、今日までに主要なものとして６つの要因が知られてきている。1) anthocyanin の構造、特に B-環の OH 基化、２）液胞の pH, 3) 自己会合作用、４）分子間 copigment 作用、５）分子内 copigment 作用、６）金属複合体形成などが知られ、anthocyanin の高次構造についての違いの研究が進められてきている。ここでは演者のこれまで関係した話題を中心に取りあげたい。

S3-02

液胞内の生理と花色発現

吉田久美、近藤忠雄[1]（椙山大・生活・食品栄養、[1]名大・化測機セ）

花色素アントシアニンは、通常花弁組織において表層細胞のみの液胞内に均一に溶解している。アントシアニンによる花色発現機構は、色素の化学構造研究により1980年以降急速に進展し、精密高次構造解析も実現した。その中で、色素は単分子ではなく、他の色素やフラボンなどと分子会合し、さらには、金属イオンと錯形成して超分子として存在し、安定化と多彩な色調が発現されることが明らかになってきた[1)]。しかし、液胞内における色素の動的解明を行ない、生理機能を明らかにするには、液胞中の存在形態を正確に明らかにしなければならない。我々は、細胞内微小pH電極を用いた花弁液胞pHの直接測定[2)]、プロトプラスト化した着色細胞を用いた顕微分光測定、ミクロHPLC分析による成分分析などの手法により、液胞内で起きている生理現象を明らかにして、生きた花弁における花色発現、花色変異機構の解明を目指している。アサガオとアジサイを中心に話題提供したい。

1) Kondo *et al. Angew. Chemi. Int. Ed. Engl.* 30, 17 (1991). Kondo *et al. Nature*, **358**, 515 (1992).
2) Yoshida *et al. Nature*, **373**, 291 (1995).

S3-03

アサガオの花色に関わる自然突然変異

飯田　滋、星野　敦、森田裕将、稲垣善茂、 田中（深田）幸子　（基生研・遺伝子第１）

東南アジア原産のアサガオは、江戸時代に園芸化されて多数の花や葉に関する自然突然変異体が分離され、昭和初期に詳細な古典遺伝学的解析が行われている。我々はアサガオの花の色や模様に関する自然突然変異として易変性（mutable）変異ばかりでなく、安定な自然突然変異についても検討したところ、江戸時代に分離された数種の変異の大部分が、トウモロコシのDNA型トランスポゾン*En/Spm*類縁の転移調節因子で、*Tpn1*ファミリーと名付けられた一群のトランスポゾンが花色発現に関わる遺伝子中に挿入している変異であることを明らかにできた。ここで得られたトランスポゾンは全て非自律性因子であって、アサガオゲノム内に存在する自律性因子の作用により転移脱離でき得るものと思われる。ここでは、これらトランスポゾンの挿入による易変性変異の生成やその安定化と、江戸時代に分離された園芸的に重要な自然突然変異体の作出について論じる。

S3-04

カーネーションにおける花色発現

小関良宏[1]（農工大院・工・生命工，基生研[1]）

カーネーションの花片の赤色もしくはピンク色はアントシアニンによるものである。これまでの研究から，カーネーションよりアントシアニン合成系の酵素である CHS, F3H, DFR および ANS に対する cDNA を得て，さらにこれらに対する遺伝子の promoter 領域をクローニングして，その塩基配列を決定した。その結果，F3H, DFR および ANS のプロモーター領域において myb の結合配列が共通して見られた。これに対し，CHS にはこれらの配列が見い出されなかった。

また，カーネーションは栄養繁殖性花卉であり，その花色は表皮系由来の L1 層細胞におけるアントシアニンの蓄積により決定されている。そこで，カーネーションの「枝変わり」によって生じた花色の異なる品種について，L1 層および L2 層細胞における塩基配列の変異とメチル化部位の変異について，各々の層の細胞を細胞工学的手法によって分離し，層ごとの細胞からゲノム DNA を抽出し，これに対してメチル化部位検出型 AFLP 法を用いて調べた。その結果，カーネーションゲノム DNA 中の約 30% がメチル化されていることが示され，枝変わり品種の間でゲノム DNA 全体の 1.3% のメチル化の変異が見られた。さらに，白色の枝変わり品種についてはこれらの変異の割合はさらに大きくなり，変異が加速度的に蓄積していることが見い出された。

S3-05

アントシアニン色素生合成における後期段階の生化学と分子生物学：アントシアニジン合成酵素と新規配糖化酵素について

斉藤和季（千葉大・薬・薬用資源センター）

アントシアニン生合成を触媒するほとんどの酵素については、その性質が調べられ酵素反応が解析されている。しかし、いくつかのステップについては不明な点が多かった。特に、生合成の後期段階については反応機構が明らかでなかったり、触媒する酵素の遺伝子クローンが得られていない。演者らは、シソのアントシアニン成分変種を用いて新規酵素遺伝子の単離と機能解析、成分変種特異的な遺伝子発現の制御について研究してきた。その結果、発色に関わる最初の反応を触媒するアントシアニジン合成酵素(ANS)は 2 －オキソグルタル酸依存的にロイコアントシアニジンの 2,3 位の脱水素反応を触媒する酸化酵素であることを実験的に明らかにした。また、この反応には ANS だけで必要十分であり、特異的な脱水酵素はなくても反応の進行することが示された。また、ディファレンシャルディスプレイによって、赤ジソから新規酵素であるアントシアニン 5-O-グルコース転移酵素(5-GT)cDNA を単離し、いくつかの植物種の 5-GT の異なった基質特異性を明らかにした。

S3-06

青い花を作るための酵素の分子生物学・生化学・応用

田中良和（サントリー・基礎研）

青ないし紫の花の多くは芳香族アシル基で修飾されたデルフィニジン型アントシアニンを含んでいる。デルフィニジンを合成するために必要なフラボノイド3'5'水酸化酵素は、フラボノイド3'水酸化酵素とともに、P450スーパーファミリーに属し、両酵素とも基質特異性が広い。また、両酵素の遺伝子は顕花植物が種分岐する以前にすでに分岐していたらしい。フラボノイド3'5'水酸化酵素遺伝子を導入することにより、天然にはないデルフィニジンを生産する紫色のカーネーションを開発した。アントシアニンアシル基転移酵素の遺伝子をクローン化した。この酵素も基質特異性の広い酵素で、アシル基転移酵素ファミリーに属する。

コピグメントも青い花を作る上で重要である。最近フラボン合成酵素IIの遺伝子を取得した1)。この酵素もP450ファミリーに属し、フラボノイドの2位の水酸化と脱水反応を触媒し、フラバノンからフラボンを生成した。

1) Akashi et al. (1999) PCP 40:1182-1186

S3-07

遺伝子組換えによるトレニアの花色の改変

柴田道夫（野菜茶試・花き部）

演者らは、ゴマノハグサ科に属し、夏の花壇用花きとして利用されているトレニアのアグロバクテリウム法による形質転換系を開発した。この系は花きの遺伝子組換え実験を行う上で、幾つかの長所を有している。ここでは、トレニアにカルコン合成酵素（ＣＨＳ）あるいはジヒドロフラボノール還元酵素（ＤＦＲ）遺伝子を、それぞれセンスあるいはアンチセンス方向に導入し、花色の改変を試みた。

アンチセンス方向導入個体では花冠全体の着色が淡くなったのに対し、センス方向導入個体では唇形部に比べて筒状部の着色が著しく抑制された遺伝子の導入方向により花色の改変のパターンが異なることが明らかになった。さらに、アンチセンスＤＦＲ遺伝子導入個体では、アンチセンスＣＨＳ遺伝子導入個体に比べて、花色が青みがかる現象が認められた。この色調の差は、アンチセンスＤＦＲ遺伝子の導入によりコピグメントと推定されるフラボンが蓄積し、コピグメンテーション効果が生じたことが原因であることが明らかになった。本手法は、より青い色への花色の改変に利用できるものと考えられた。

S4-01

Metabolic Regulation of Nitrate and Sucrose Metabolism

SC Huber, H Winter, D Toroser, and GS Athwal, USDA, NC State University, Raleigh, NC 27695-7631 (SCH, DT, GSA) and University of Osnabrueck, Osnabrueck, D-49069 Germany (HW)

Protein phosphorylation is emerging as an important mechanism controlling key enzymes of both primary C- and N-metabolism. **Sucrose-phosphate synthase** (SPS), which is involved in sucrose (Suc) biosynthesis, is phosphorylated on multiple sites that directly modulate activity in response to light/dark transitions and osmotic stress. SPS is also known to interact with 14-3-3 proteins in a phosphorylation-dependent manner, and results suggest the potential for a multienzyme complex with **UDPglucose pyrophosphorylase** with a 14-3-3 serving as a scaffold protein. In contrast, **sucrose synthase** (SuSy) is phosphorylated on a single major site (Ser15) that apparently affects enzyme localization rather than activity. Recent results suggest that SuSy is not simply free in the cytosol, but may also be associated with membranes and with the actin cytoskeleton depending on phosphorylation status. The localization of SuSy could affect partitioning of carbon among end products in sink organs. Lastly, **NADH:nitrate reductase** (NR) is well known to be inactivated in darkened leaves by phosphorylation (Ser543) followed by divalent cation (Me^{2+}) dependent binding of a 14-3-3 inhibitor protein. The 14-3-3s bind Me^{2+}, which cause a conformational change that we postulate opens the peptide ligand binding groove. Preliminary mutagenesis results implicate the helix 8/9 loop as a possible Me^{2+} binding site. Implications of these results for molecular genetic manipulation of metabolism will be discussed.

S4-02

イネにおけるアンモニウム同化と転流窒素利用の分子機構：アンチセンスNADH依存性グルタミン酸合成酵素cDNAを導入したイネの解析

早川俊彦、山谷知行（東北大・大学院農学研究科・応用生命科学）

日本型イネの穂を構成する窒素の約80%は、老化器官から師管を通じて主にグルタミンやアスパラギンの形態で転流する窒素に由来する。イネの老化葉身では、維管束に局在するサイトソル型グルタミン合成酵素1 (GS1)が転流グルタミン合成に主に関与し、また、若い生長中の葉や登熟過程の穎果では、維管束に局在するNADH依存性グルタミン酸合成酵素(NADH-GOGAT)が転流グルタミンをグルタミン酸に変換する反応を主に担うことを検証してきた。一方、イネ幼植物根では、低濃度のNH_4^+供給後、NADH-GOGAT mRNAとタンパク質及び活性は急増する。特にNADH-GOGATタンパク質は、根の不透水性のカスパリン層の外側にある表皮と外皮で顕著に蓄積する。この結果は、イネ根でのNH_4^+同化において、NADH-GOGATが重要な機能を担うことを示唆する。

イネでのNH_4^+同化と転流窒素利用におけるNADH-GOGATの役割を直接的に検証するため、CaMV35Sプロモーターの制御下NADH-GOGAT cDNAの3'末側856bpをアンチセンス方向に発現させたイネ形質転換体を作製した。T1世代の幼植物根では、NH_4^+供給後のNADH-GOGAT mRNAとタンパク質の蓄積量が野生型と比較して減少し、かつ、これらの系統ではNH_4^+供給に伴い顕著な生育阻害が認められた。また、T1世代の未抽出葉身や登熟過程の穎果のNADH-GOGATタンパク質含量も顕著に減少し、特にT2種子の千粒重、種子当たりの全窒素含量が約30%減少した系統が認められた。現在、これらの形質転換体のより詳細な解析を行っている。また、イネサイトソル型GS1のアンチセンス形質転換イネ当代も得られており、これらの形質転換イネの解析結果をもとに、イネにおけるアンモニウム同化と転流窒素利用の分子機構に関して論議する。

S4-03

光合成効率の改良によるソース器官の炭素代謝制御 -ラン藻FBP/SBPaseの葉緑体への導入-

宮川 佳子、田茂井 政宏、重岡 成（近畿大・農）

植物は光合成炭素還元系（PCRサイクル）により大気中のCO_2を有機化して利用している。PCRサイクルを構成する酵素群の中で、fructose-1,6-bisphosphatase(FBPase)とsedoheptulose-1,7-bisphosphatase (SBPase)は、光還元力による活性調節を受ける律速酵素の1つと考えられている。最近我々は、ラン藻のFBP/SBPaseは1) FBPaseおよびSBPase活性を有し、2) 光還元力による活性調節を受けず、3) H_2O_2耐性を示し、4) 一次構造が高等植物の酵素とは全く異なる新規の酵素であることを明らかにした(*ABB* **334**, 27, 1996, *BBA* **1383**, 232, 1998, *BBB* **62**, 374, 1998, *PCP* **40**, 257, 1999)。そこで、高等植物のPCRサイクルを改変したときの光合成効率、代謝中間体およびソース／シンク器官の炭素代謝に及ぼす影響を検討するために、*Synechococcus* PCC 7942のFBP/SBPaseを葉緑体へ導入した形質転換タバコを作成した。形質転換体TFI-3は野生株と比較して背丈が高く、葉、茎、根のいずれも著しく発達していた。播種後10週目のTFI-3の光合成活性(CO_2固定能)は野生株の1.24倍に上昇し、サイクルの代謝中間体RuBP, PGA, DHAP, F6PおよびG6Pはいずれも増加していた。TFI-3の上葉（第3葉）ではヘキソースおよびシュクロース含量が、下葉および根ではデンプン含量が著しく増加していた。これらの知見より、FBP/SBPaseの導入によるソース／シンク器官の光合成効率や炭素代謝に及ぼす影響を考察する。

S4-04

代謝生理学のコペルニクス的転回 －イネでC4光合成回路は機能するのか？－

深山浩，松岡信[1]，徳富（宮尾）光恵
（農水省・生物研，[1]名大・生物分子応答）

C4植物は大きな葉緑体を多数含む発達した維管束鞘細胞を持っている．C4光合成回路の成立には，C4光合成酵素の発現のみならず，葉肉細胞と維管束鞘細胞の機能分化が不可欠と考えられている．一方，C3植物であるイネでは維管束鞘細胞は未発達であり，葉肉細胞のみで光合成を行っている．維管束鞘細胞の未発達なイネでC4光合成回路を駆動することは可能であろうか？

我々は既に，トウモロコシのC4光合成回路の構成に必要な3種類のC4光合成酵素，ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ，ピルビン酸リン酸ジキナーゼ，NADP-リンゴ酸酵素それぞれをイネ内でC4植物並に高発現させることに成功しており，遠からず3種類の酵素を併せ持つイネが作出できる段階に来ている．また，単独のC4光合成酵素の高発現で，イネの代謝が変化することがわかっている．本講演では，葉肉細胞のみでC4光合成を行う淡水性水生植物（SAM）での知見を参考に，C4イネ作出の可能性を考察する．**本研究の一部は生研機構基礎研究推進事業の支援で行われた．**

S4-05

Phospho*enol*pyruvate carboxylase (PEPC) 形質転換体イネでの PEPC による炭素フローの制御と低 pH 土壌ストレス耐性強化

大崎満・宮尾光恵[1]・松岡信[2]（北海道大学院・農・生物資源生産、[1] 農業生物資源研究所・光合成研究室、[2] 名古屋大学・生物分子応答研究センター）

光条件下で $^{14}CO_2$ を同化させるとダイズではイネに比べて、有機酸、アミノ酸、タンパク質に多く分配され、この代謝過程は sucrose phosphate synthase (SPS) や phospho*enol*pyruvate carboxylase (PEPC) の活性により制御されていた。C/N 比はトウモロコシの PEPC 遺伝子を導入した形質転換体イネで低下し、これは光合成産物が有機酸やアミノ酸に多く分配されるためであった。形質転換体イネは根から有機酸を多く分泌するので、低 pH 培地でのアルミニュウム耐性があり、低リン土壌でのリン吸収能が高かった。

S5-01

大麦の塩ストレスに応答する遺伝子のカタログを作る

中村敏英、Andre T. Jagendorf[1]、施衛明、上田晃弘、高倍鉄子（名古屋大院・生命農学、[1]Sec. Plant Bio., Cornell Univ.）

我々はこれまで、大麦のグリシンベタイン合成経路に関する研究を行って来た。グリシンベタインはコリンからベタインアルデヒドを経て２段階の反応で合成されるが、アカザ科で働くコリンモノオキシゲナーゼ（CMO）は、大麦では検出出来ない。また最終段階を触媒する酵素BADHの局在も葉緑体ではない。しかしながら大麦のグリシンベタインの合成には、光が必須である。大麦のグリシンベタインの合成を誘導する因子(活性酸素等）に関する研究を進めているので報告する。

また我々はDifferential Display法を用いて塩ストレスに応答する遺伝子群の単離とその解析を進めている。代表例としては、古い葉で発現するnuclease 1がある。本遺伝子の発現は若い葉では、ほとんど起こらない。従って古い葉の中にある核酸を分解して、若い葉の生存維持のために働くものと考えられる。他にペルオキシゾーム結合型アスコルビン酸ペルオキシダーゼ等をクローニングした。大麦において塩ストレス下で働く遺伝子群を概観することが出来る。

S5-02

越冬性植物の寒冷環境ストレス応答における機能性タンパク質の多様性

竹澤大輔，荒川圭太，吉田静夫，藤川清三（北海道大・低温研）

温帯以北に生育する多年生植物の多くは、秋から冬にかけて低温馴化し、真冬にはもっとも高い耐凍性を発揮する。凍結傷害は、細胞膜が凍結によって不可逆的な損傷を受けることが主因でおこると考えられているが、傷害の発生温度や発生様式は植物の種や器官、組織によって様々であることがCryo-SEMなどによる観察結果から明らかになった。越冬植物の持つ高い耐凍性の発現には、低温馴化過程において蓄積される様々なタンパク質が関与しており、それらの機能により細胞膜が直接あるいは間接的に保護されているものと思われる。冬期に高い耐凍性を発現する越冬性植物から、細胞膜、細胞壁、および小胞体（大部分は細胞膜直下に存在）画分を分離し、低温馴化特異的に誘導されてくるタンパク質を解析した。その結果、低分子量ヒートショックタンパク質、高親水性タンパク質や、タウマチン様タンパク質など、多様な機能性タンパク質の存在が明らかになった。

S5-03

トリエン脂肪酸と植物の高温適応

射場　厚（九大院・理・生物科学）

ジーンサイレンシングにより葉緑体局在型 ω-3 脂肪酸不飽和化酵素の活性を人為的に低下させた形質転換タバコを用いて、トリエン脂肪酸の含量と植物の高温適応能力との相関について解析した。このタバコの葉緑体膜脂質においてトリエン脂肪酸は極めて低いレベルに抑えられたが、減少分に相当するジエン脂肪酸が増加した。低温から通常の生育温度にかけて、形質転換タバコと野生株の生育に差は無かった。一方、野生株は４０℃以上の高温領域で光合成活性の著しい低下が見られたが、トリエン脂肪酸含量の低下した形質転換タバコでは、光合成活性の低下は顕著に緩和され、４５℃においては、光合成活性はむしろ増加した。また、このような高温（４７℃）では、野生株において高温による障害（短期間に生ずるネクローシス）が観察されたが、形質転換タバコでは、そのような高温による障害は見られなかった。比較的高温（３６℃）で長期生育（６０日以上）させた場合にも、両者に顕著な差が見られた。*Arabidopsis* の変異株を用いた解析や、高温処理の温度領域、処理時間などのファクターを総合的に検討すると、葉緑体膜脂質のトリエン脂肪酸含量の低減が種間の生理的特性によらず、普遍的に高温に対する適応能力を向上させると結論づけられた。

S5-04

病原菌認識と応答は植物細胞壁で起こる．木場章範[12]、豊田和弘[1]，一瀬勇規[1]，山田哲治[1]、白石友紀[1]（[1]岡山大・農・植物病理／遺伝子、[2]財団法人岩手生物工学研究センター）

これまで、植物細胞膜において外界からの異物の認識が起こるものと考えられてきた。しかし、エンドウ褐紋病をモデルに解析した結果、褐紋病菌エリシター（E）はエンドウ原形質膜のATPaseやPI代謝系を活性化し、サプレッサー(S)はそれらを抑制するものの特異的応答は認められなかった。そこで細胞膜より外側に存在する細胞壁の機能を解析した結果、ATPase (NTPase)や活性酸素生成系、さらにこれらとリンクした感染阻害物質生産系の存在が明かとなり、これらはEで活性化され、Sで宿主特異的に阻害されることが判明した。この結果は、細胞壁のATPaseや活性酸素生成系の近傍にE/Sの認識装置が存在することを示唆している。そこで、ATPaseを指標に受容体精製を試みたところ、分子量約60 kDa蛋白質にE/S が特異的に結合することが判明した。N末アミノ酸配列の解析で得られた情報からRT- PCRを行い、塩基配列を決定した結果、光応答性の核NTPaseと高いホモロジーが認められ、Apyraseの４保存領域の配列の存在も明らかになった。しかし、細胞壁ATPase及びcDNAからの翻訳産物の阻害剤感受性はApyraseや核NTPaseとは全く異なる。細胞壁ATPaseの翻訳産物には、E/Sが特異的に結合することも判明した。すなわち、細胞壁は植物の異物認識と応答における最前線の小器官と考えることができる。

S5-05

植物 RNA ウイルスの増殖をサポートする宿主因子の同定

石川　雅之、山中　拓哉、佐藤　玲奈、内藤　哲
（北大院・農・応用生命）

シロイヌナズナの劣性変異 *tom1* は一細胞内でのタバコモザイクウイルス (TMV) RNA の増幅を阻害する。従って対応する野生型遺伝子産物 TOM1 は TMV の効率のよい複製に必須であると考えられる。ポジショナルクローニングの結果、TOM1 は複数回貫通型膜蛋白質であることが判明し、TMV の複製蛋白質を膜に繋ぎ止める役割を担う可能性が考えられた。*tom1* には３つの独立なアリルがあり、いずれもが遺伝子産物の活性をほぼゼロにするような変異であったにもかかわらず、TMV の増殖はゼロにはならない。これは、TOM1 が TMV の増殖に必須でない、もしくはシロイヌナズナに *TOM1* と相同の機能をもつ遺伝子が存在するためと推測された。そこで、*tom1* 変異株をさらに変異誘起処理し、TMV の増殖がほぼゼロになる変異株を得た。その株は *tom1* に加え劣性変異 *tom3* をもっていた。*tom3* をマップしたところ、変異が存在しうる領域内に *TOM1* と相同な配列が存在することが判明した。変異株ゲノムの相当領域をシークエンスしたところ、遺伝子発現に重篤な影響を与えると予想されるナンセンス変異が見つかった。このことから、*TOM3* は TOM1 のホモログをコードし、*TOM1/TOM3* 機能は TMV の増殖に必須であると予想された。以上をふまえて、ウイルスの増殖に必須な宿主因子遺伝子の人為的不活化による高度ウイルス耐性植物作出の可能性を論じたい。

S5-06

植物のオキシダティブバーストと感染防御ネットワークの誘導.

道家紀志、朴　海準、吉岡博文、川北一人（名大院・生農）

植物組織・細胞は侵略微生物を認識し、直ちに活性酸素を生成し（オキシダティブバースト： OXB)、その下流で感染防御に関連する各種の生理・生化学的応答を開始し増幅する。ナス科植物を中心として、OXB とその機能に関連する実験結果を基に、次の項目にそって概説し、それらを基盤とする植物免疫誘導技術の開発と遺伝子工学との接点で議論した。１）感染・異物に対する組織、細胞、プロトプラストおよび分離原形質膜での OXB の発生様相、２）OXB の酵素系とその活性化機構、３）局部的 OXB が関連する下流の誘導的防御関連代謝とそれらの制御、４）局部的 OXB の全身的シグナル発信と全身的 OXB および獲得抵抗性の誘導、５）局部および全身的 OXB 誘導の情報伝達系の制御による植物の免疫強化

S5-07

EXPRESSION AND REGULATION OF ANTIMICROBIAL DEFENSE REACTIONS IN CHICKPEA

Wolfgang BARZ[1] and Yuki ICHINOSE[2]
[1]Plant Biochemistry, Münster Univ., Germany
[2]Grad. School Nat. Sci. Techn., Okayama Univ.

In chickpea cells induction of defense reactions (phytoalexins, various families of PR-proteins, cell wall modification) is preceded by oxidative burst, activation of ion fluxes and a protein kinase / phosphatase cycle. Transient changes of external pH-values and inactivation of the plasmamembrane H^+-ATPase have been observed.

A comprehensive search for genes affected by fungal infection of plants (by differential cDNA hybridization experiments) revealed massive rearrangement of cellular metabolism. Affected and identified genes belong to a) defense related pathways, b) signal transduction, c) gene expression, d) catabolic pathways and d) primary metabolism / photosynthesis. Selected examples will be discussed.

Financial support: Deutsch Forschungsgemeinschaft, Japanese Society of the Promotion of Science, Alexander-von-Humboldt-Stiftung.

S6-01

ENVIRONMENTAL MERCURY DETOXIFICATION AND REMOVAL BY TRANSGENIC PLANTS EXPRESSING BACTERIAL MER GENES

C.L. RUGH[1], S.P. BIZILY[2], N.-J. WANG[2], A.C.P. HEATON[2], S.A. MERKLE[3], R.B. MEAGHER[2], [1]Dept. of Crop and Soil Sciences, Michigan State University, [2]Dept. of Genetics and [3]School of Forest Resources, University of Georgia.

We employed a molecular genetic approach to transform plants with genes from the bacterial mercury resistance operon. Engineered plants were shown to effectively express the merA and merB genes (encoding mercuric reductase and organomercurial lyase, resp.). Transgenic plants grew on levels of mercurial compounds that were toxic to wildtype control plants. Mer-plants more efficiently removed highly toxic mercurials, including Hg(II) and MeHg, from growth media by conversion to elemental mercury vapor, a reduction in relative toxicity of several orders of magnitude. In preliminary experiments on mercury-contaminated soils, mer-plants had much higher survival and growth rates than wildtype plants. Additional research is ongoing to create plants with root-specific expression of mer genes. Such plants could be utilized to sequester the mercury in shoot tissues for later harvest and disposal from locations where Hg(0) release is unacceptable. These results indicate that phytoremediation could be an effective and ecologically compatible method for mercury cleanup.

S6-02

NOVEL PLANT PEROXIDASE FOR REMEDIATION OF HALOORGANICS

Laszlo MARTON, Department of Biological Sciences, University of South Carolina

Through industrial waste disposal, halogenated organics are widely spread in soil, groundwater, and air. Their relative stability and toxicity to vertebrates presents a severe environmental pollution problem. Toxicity increases by the degree of halogenation. In their biodegradation dehalogenation is the rate limiting step.

Recently an enzyme with a novel function: dehaloperoxidase (DHP) was discovered first in a polychate worm then in a perennial, monoculture forming salt marsh plant: Spartina alterniflora. This novel enzyme dehalogenated a broad range of halo organic compounds among them the paper pulp bleaching derived 2,4,6,trichlorophenol (TCP) and the industrial degreaser trichloroethene (TCE). The range of substrates includes chlorine bromine-, and fluorine substituted compounds with the halogen groups in orto-, meta-, or para-position. In intact plants the activity was very high in the roots, negligible activity was found in other plant parts. Callus cultures also express very high level of DHP activity, providing an excellent source of DHP. A cDNA library has also been constructed from these cultures. The isolation of the DHP gene is in progress using partial N-terminal protein sequences based degenerate probes. Totipotent tissue culture recipient systems for the transfer of this very promising remediator gene have also been developed from reed, giant reed, cattail and juncus species.

S6-03

TRANSGENIC TOBACCO PLANTS ENRICHED WITH CYSTEINE SYNTHASE: APPLICATION TO REMEDIATION OF ENVIRONMENTAL POLLUTANTS

Hiroshi SANO, Nara Institute of Science and Technology Nara 630-0101, Japan

Plants possess sulfur assimilation pathways, in which extracellular sulfate is taken up by sulfate transporters and successively reduced to cysteine through several enzymatic processing. Cysteine is enzymatically converted further to methionine, glutathiones, phytocheratins and other sulfur containing compounds, which are essential to maintaining plant life. The final step of cysteine synthesis is catalyzed by cysteine synthase (CS), which is generally considered to be one of the rate limiting factors in the sulfur assimilation process.

In order to strengthen the sulfur assimilation, which may make plants tolerant to the toxic level of sulfur compounds, we have constructed transgenic tobacco plants with CS genes. The resulting plants with high level of CS activity showed a resistance to sulfide gas. Surprisingly they were also resistant to the heavy metal, cadmium at as high concentration as 0.1 mM, under which the wild-type of control plants rapidly deceased. The molecular mechanism of such resistance is not clear yet, but it is conceivable that increased glutathione or its polymeric form, phytocheratin, has bound the metal resulting in detoxification.

These findings suggest a new method for remediation of air pollutants as well as toxic heavy metals using the transgenic plants with genes involved in sulfur assimilation pathways.

S6-04

METABOLISM OF THE NITROGEN OF NITROGEN DIOXIDE IN PLANTS

H. MORIKAWA, M. TAKAHASHI, Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science, Hiroshima University

Higher plants are reported to assimilate nitrogen dioxide (NO_2) into organic compounds such as amino acids. We have found that among 217 plant taxa including 50 wild herbaceous plants collected from roadsides, 60 cultivated herbaceous plants and 107 cultivated woody plants, the ability to assimilate nitrogen dioxide, in response to fumigation with ^{15}N-labeled NO_2, varies more than 600-fold. Cause(s) for this variation are not known yet. We also have found that the metabolism of nitrogen dioxide somewhat differs from that of nitrate in plant leaves. When *Arabidopsis thaliana* seedlings were fumigated with ^{15}N-labeled NO_2), reduced N was about 70-75% of total N while nitrate/nitrite N was 1-2 % of total N, and 25-30% of total N remained unidentified N. In plants fed ^{15}N-labeled KNO_3, the amount of total N coincided within experimental errors. Similar results were obtained with *Rhododendron mucronatum*. Further, the UN bearing compounds included nitro- and/or nitroso-ones. We have found that aseptically grown plants emit ^{15}N-labeled nitrous oxide in response to fumigation with ^{15}N-labeled NO_2 and nitrate. These results indicate that more basic plant physiological studies are needed to understand the potential of plants that are useful for remediation of global environment.

S7-01

ウイルス感染による過敏感細胞死と獲得抵抗性

大橋祐子[1,2], 瀬尾茂美[2], 光原一朗[1,2], 喬　景波[1], 三浦正幸[3]（[1]農水省・農業生物資源研、[2]CREST/JST, [3]大阪大学・医学部）

TMV 感染によるNNタバコ（TMV抵抗性遺伝子Nを有する）における病斑形成は一種のプログラム細胞死と考えられる。我々はこの過敏感細胞死が、動物の細胞死抑制タンパク質Bcl-xLやCed-9の過剰発現で抑制されることを、病斑形成に伴う電解質の漏出、防御タンパク質であるPRタンパク質の誘導、抗菌性物質スコポレチンの生成の様相などから見いだした。Bcl-xLは葉ではタンパク質当りミトコンドリアに多いが、培養細胞ではあらゆる分画から検出された。これらのタンパク質が多く含まれる培養細胞は生長が活発で、非形質転換植物由来の細胞に比べて、NaClに対する耐性を示した。形質転換タバコの自殖次世代の種子を寒天培地上に播種したり、芽生え植物を使ったりした結果、これらのタンパク質の発現量の多い系統ほど耐塩性を示すことが分かった。

S7-02

低分子GタンパクRacによる細胞死と耐病性のシグナリング

島本　功、小埜栄一郎、逸見健司、Wong Hann Lin、坂本剛、川崎　努、（奈良先端大・バイオ）

植物の病原体に対する過敏感細胞死を伴う一連の防御応答は、NADPHオキシダーゼを介した一過的な活性酸素の生産が引き金となって誘導されてくる。食細胞の系では低分子量GタンパクであるRacはNADPHオキシダーゼ活性の調節因子であることから植物の抵抗性における活性酸素種の生成においても重要な役割を果たしていることが推測される。

我々はイネからヒトのRacと高い相同性をもつ3種のOsRac遺伝子を単離した。これらの遺伝子の機能解析を行うために活性型とドミナントネガティブ型(DN)のRac遺伝子を構築し、イネ培養細胞で過剰発現させた。その結果、活性型Racは恒常的な活性酸素の生産および細胞死を引き起こし、DN型Racでその効果を抑制したことから、Racは細胞死の調節因子であると考えられた。そこで、植物体レベルでの抵抗性獲得におけるOsRacの機能解析を行うために活性型及びDN型のOsRac形質転換イネを作出した。その結果、活性型Rac形質転換体では活性酸素の生産が葉鞘で見られ、自発的な細胞死である疑似病斑と抵抗性反応時に見られる自家蛍光物質の蓄積が葉鞘及び葉身で確認された。また、形質転換体の中には親和性の病原菌に対して抵抗性を獲得した個体が確認された。一方、DN型OsRacは非親和性の病原菌に対する過敏感反応を抑制し、細胞死変異体の固有の疑似病斑形成を抑制した。以上のことから、OsRacは植物体において活性酸素生成及び細胞死を誘導するとともに抵抗性へのシグナル伝達に関与していることが示唆された。

S7-03

INVOLVEMENT AND DETECTION OF CASPASE-LIKE PROTEASES DURING CELL DEATH INDUCTION BY PLANT PATHOGENS

Eric Lam, Dominique Pontier and Olga del Pozo
Biotech Center, Foran Hall, Rutgers University, New Brunswick, NJ　08903, USA

Rapid cell death induction at the site of pathogen invasion is often observed during the activation of disease resistance in higher plants. From genetic and biochemical studies, it is clear that this hypersensitive response to pathogens is a form of programmed cell death and requires the active participation of plant enzymes. Using peptide inhibitors and transgenic expression of the baculovirus p35 gene in plants, we showed that caspases may be likely enzymes that are required for the induction of cell death in plants. Furthermore, the activation of defense genes by incompatible pathogens can be uncoupled from cell death using caspase-specific inhibitors. Induction of YVAD cleavage activity can be detected in tobacco extracts following induction of cell death by Tobacco Mosaic Virus. To track the caspase-like protease activity *in vivo*, we designed and constructed a novel detection system in order to monitor the presence of active caspases in transgenic plants. This protease detection method may provide a versatile tool for the study of protease regulation in various biological systems, especially ones involving a cascade of multiple proteases.

S7-04

植物細胞分化に伴うプログラム細胞死

福田裕穂、井藤　純、田代　玄、表　賢珍、岡村好倫、小原圭介、遠藤暁詩、山本　亮、栗山英夫、出村　拓（東京大・院理・生物科学）

道管・仮道管細胞は二次細胞壁を沈着させたのち、自己分解のプログラムを作動させ、内容物を分解して死ぬ。この過程は植物の典型的なプログラム細胞死の過程であり、私たちはこの機構の解析を通して植物細胞死機構の解明を目指している。これまでの電子顕微鏡観察と蛍光試薬を用いた細胞観察により、液胞崩壊が細胞死の鍵となっていることが明らかになった。そこで、細胞内容物分解のための種々の酵素及びその遺伝子の単離・解析を行った。その結果、ZCP4（システインプロテアーゼ）と ZEN1（S１ヌクレアーゼ）の mRNA が細胞死特異的に発現することが明らかになった。*ZEN1* をグルココルチコイド誘導系に組み込み、タバコ BY2 に導入し、その活性と局在性を解析した。その結果、ZEN1 は液胞に特異的に蓄積され、液胞内で活性を持つことが明らかになった。細胞死誘導機構に迫るべく、これら *ZCP4* と *ZEN1* の誘導因子の解析を行ったところ、新たに合成されるブラシノステロイドがその候補となることが明らかになった。これらの結果と細胞死過程の連続観察結果をもとに、液胞崩壊が key となる植物細胞死機構のモデルを提出する。

S8-01

THE PHYSIOLOGICAL RELEVANCE OF CYANO-BACTERIAL RESPIRATION

Guenter A. PESCHEK
Molecular Bioenergetics Group, Institute of Physical Chemistry, University of Vienna, Waehringerstrasse 42 and Althanstrasse 14, A-1090 Wien

The entire genomic sequence of Synechocystis sp. PCC6803 exhibits the potential of encoding three different terminal oxidases (see http://www.kazusa.or.jp/cyano). Only one of these, the aa3-type cytochrome-c oxidase, has been identified and characterized biochemically in cytoplasmic and thylakoid membranes from thirty-three strains and species of cyanobacteria in the author's laboratory since 1979. Conditions for the expression of the two other (quinol) oxidases in wild-type cyanobacteria have not yet been found. In view of most cyanobacteria being obligate or near-obligate phototrophs, nable to thrive well in darkness on any carbon source, it is suggested that a single functional respiratory oxidase might be enough to meet maintenance requirements in these organisms. Details of localization, structure, and function of the aa3-type cytochrome-c oxidase in cyanobacteria, interactions between photosynthesis and respiration, and the role of respiration for stress defence strategies, will be discussed in this presentation.

S8-02

A MEMBRANE-BOUND RUBREDOXIN IS REQUIRED FOR BIOGENESIS OF PHOTOSYSTEM I

Donald A. BRYANT, Dept. of Biochemistry and Molecular Biology, The Pennsylvania State University, University Park, PA, U. S. A. 16802

Cyanobacteria, eucaryotic algae and higher plants have a gene that encodes a membrane-localized rubredoxin (RubA). The *rubA* gene of the marine unicellular cyanobacterium *Synechococcus* sp. PCC 7002 was insertionally inactivated and the phenotype of the resultant mutant characterized. The *rubA* mutant strain was unable to grow photoautotrophically, and oxygen evolution with bicarbonate as the electron acceptor was not detectable. However, the rate of oxygen evolution with ferricyanide and dimethyl benzoquinone as acceptor was only slightly lass than for the wild-type strain. Trimeric Photosystem I complexes were isolated from the *rubA* mutant and were characterized biochemically and biophysically. These complexes are missing [4Fe-4S] cluster Fx and the three stromal accessory proteins PsaC, PsaD, and PsaE. Phylloquinone acceptor A_0 is present in the complexes, however, and electron transport to this acceptor is virtually identical to that for wild-type complexes. Complementation studies show that the mutant can be complemented with the full-length RubA protein from *Synechocystis* sp. PCC 6803 but that a truncated protein lacking the C-terminal membrane-localization domain can not complement the defect. The possible function of RubA in assembly of the Fx[4Fe-4S] cluster will be discussed.

S8-03

GENES THAT REGULATE FUNCTIONS OF PHOTO-SYSTEMS IN THE CYANOBACTERIUM *Synechocystis* sp. PCC 6803.

Himadri PAKRASI*, Elena ZAK*, Natalia IVLEVA* and Itzhak OHAD†, *Department of Biology, Washington University, St. Louis, MO 63130, USA; †Department of Biological Chemistry, Hebrew University, Jerusalem, 91904, Israel.

Photosystem I (PSI) and photosystem II (PSII) are two large pigment-protein complexes in the thylakoid membranes of oxygenic photosynthetic organisms. Genetic analysis has revealed that the *btpA* gene regulates the stability of PSI in *Synechocystis* 6803. The *btpA* gene product is an extrinsic thylakoid membrane protein exposed to the cytoplasm. We have recently found that the BtpA protein is required for the stability of the reaction center protein PsaA, and consequently the PSI complex, at low temperature. However, BtpA is not a structural component of the PSI apocomplex. We are also investigating the functional role of PsbJ, the smallest protein component of PSII. A PsbJ-less mutant strain can grow photoautotrophically. Interestingly, in this mutant, the rate of electron transfer from the acceptor quinone Q_A is significantly reduced, whereas the rates of decay of the S_2 and S_3 states (donor side) are enhanced. The possible function of the PsbJ protein in PSII will be discussed.

[Supported by funding from NIH, NSF and HFSP]

S8-04

GENETIC AND BIOCHEMICAL ANALYSIS OF MESOPHILIC AND THERMOPHILIC CYANO-BACTERIA

Masahiko IKEUCHI, Dept. Life Sci., Univ. Tokyo, Tokyo 153-8902

When complete genome of the transformable mesophilic cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803 was determined in 1996, a number of novel genes as well as hypothetical ORFs were predicted. Since then, gene analysis of many cyanobacteria was enormously accelerated. We will present an example of gene characterization (*pil*, *com*) by a series of targeted disruption, which abolished motility and /or competency. This strongly suggested that type IV pilus-related machinery is involved in light-responsive motility, competency and other functions of cyanobacteria. We will also provide evidences for that the experimental strain is often critical for genetic analysis of regulatory but non-essential gene functions such as *spkA* in the motility. However, it is still no so easy to isolate native proteins or protein complexes from the mesophilic *Synechocystis* because of their rather unstable properties. On the other hand, thermophilic cyanobacteria such as *Synechococcus elongatus*, of which growth optimum is near 60 °C, are suitable for biochemical and structural analysis of proteins. We recently succeeded in improvement of gene engineering in *S. elongatus* and will present our biochemical data of the *psbX*-disrupted photosystem II complex. In conclusion, it is essential and very powerful in systematic studies to combine both genetic, biochemical and biophysical analyses by using these mesophilic and thermophilic cyanobacteria.

S8-05

CHLOROPHYLL SYNTHESIS AND BINDING IN CYANOBACTERIA

H. XU, D. VAVILIN, Q. HE, C. FUNK, and W. VERMAAS;
Plant Biology Dept. / Photosynthesis Center, Arizona State University, Box 871601, Tempe, AZ 85287-1601, USA

Chlorophyll (Chl) synthesis is regulated tightly to minimize the accumulation of free Chl. In the light, Chl that is not adjacent to triplet quenchers (carotenoids) is toxic as it may react with oxygen leading to singlet oxygen. To probe the regulation of Chl synthesis and the possible existence of proteins that temporarily bind newly synthesized Chl, we have analyzed the genome of *Synechocystis* sp. PCC 6803 for proteins with similarity to known Chl-binding proteins. There are genes for five single-helix proteins that are similar to the first and third helix of LHC II of plants. These proteins were named SCPs (small cab-like proteins), and LHC II residues involved in Chl binding are conserved in the SCPs. Two of these SCPs affect Chl synthesis: In a mutant lacking either of these SCPs along with *chlL* (one of the genes needed to make Chl in darkness), the accumulation of Chl precursors in darkness and the rate of Chl synthesis upon illumination are altered. The current working hypothesis is that these SCPs sense the amount of available Chl and regulate chlorophyll synthesis accordingly.

S8-06

THE SIGNIFICANCE OF THREE DIFFERENT CYTOCHROME c OXIDASES IN THE CYANOBACTERIUM ANABAENA sp. ATCC29413

G.Schmetterer(1), A.Valladares(2), S.Steinbach(1), M.Pacher(1), A. Muro-Pastor(2), D.Pils(1), E.Flores(2), A.Herrero(2), (1)Inst.Physical Chemistry, UnivVienna, Wien, Austria (2)Inst.Bioquim.Veg. Fotosint., CSIC Univ.Sevilla, Spain

Anabaena ATCC29413 is one of the few cyanobacteria capable of differentiation of heterocysts that is also able to grow heterotrophically in the dark. We are interested in the espiration of this strain, because the respiratory chain(s) has(ve) long been suspected to be of essential importance in heterocyst differentiation.We studied the terminal oxidases of the respiratory chain of this strain. We found genes for at least threeterminal oxidases of the cytochrome aa3 type, one of which is essential for dark growth and strongly repressed under growth in N2. Another terminal oxidase is strongly induced when the cells are grown with N2 as the nitrogen source. Our aim is the identifcation of the function of each of the terminal oxidases under the different growth regimes.

S8-07

GENOME ANALYSIS OF A FILAMENTOUS CYANOBACTERIUM, *Anabaena* sp. PCC7120

Takakazu KANEKO, Yasukazu NAKAMURA, Shigemi SASAMOTO, C. Peter WOLK[1], and Satoshi TABATA; Kazusa DNA Res. Inst., Kisarazu 292-0812, [1]Michigan State Univ. MI 4824-1312 USA

Anabaena sp. PCC7120 is a filamentous cyanobacterium which has ability to carry out nitrogen fixation by differentiating specialized cells called heterocysts under a nitrogen-depleted condition. To understand the entire genetic system carried by this organism, we began sequencing of the entire genome of *Anabaena* sp. PCC7120. The genome size was estimated to be 6.4 Mb and occurrence of three large plasmids of 410 kb, 190 kb and 110 kb were reported. We adopted a whole genome shotgun method for the sequencing. The total cellular DNA was degraded by sonication or digestion with *Sau*3AI to various extent and fractions of selected sizes were cloned into either one of M13mp18, pUC18 or pRL838 vectors. Sequences of one or both strands of these clones were analyzed. As of December 1st 1999, a total of 61,000 raw sequence files have been accumulated. An overall genome coverage was 5.25, and 42 physical contigs were formed after assembly. Total length of the consensus sequences was 7,466,981 bp. Finishing is under way and the complete sequence will be obtained hopefully in 6 months. The draft sequences of the contigs will be made available to the community through CyanoBase before completion.

S9-01

時計細胞におけるMAPキナーゼ活性の日周変動と光入力系

深田 吉孝　（東大・院理・生物化学、CREST）

概日時計は自律的に約24時間の周期を刻むと共に、昼夜の明暗周期に同調できるという特徴を持つ。ニワトリの場合、松果体に概日時計機能が存在し、外界の光信号を松果体自身が受容して時計の位相を調節している。私共が同定したニワトリ松果体の光受容体ピノプシンはG蛋白質共役型受容体であり、光信号はG蛋白質を介して時計発振系を制御していると予想される。ニワトリ松果体には多種類のG蛋白質が存在するが、その中でGt1αとGi1αがピノプシンと同一部位に局在し、機能的にも共役している可能性が高い。この光信号が発振系に伝達される分子経路を知るため、光位相シフトにチロシンリン酸化が関与している可能性を検討した。その結果、松果体のMAPキナーゼが光刺激と共に脱リン酸化されること、さらにMAPキナーゼのリン酸化量が恒暗条件下において日周変動することを見出した。MAPキナーゼキナーゼ (MEK) に対する阻害剤PD98059を主観的夜に投与すると時計の位相シフトが観察されることから、MAPキナーゼカスケードは時刻発振機構に重要な役割を果たしていると考えられる。

S9-02

シアノバクテリアの概日時計蛋白質 KaiABC, SasAの機能解析

岩崎秀雄[1]，石浦正寛[2]，近藤孝男[1]
([1]名大院・理・生命理学，[2]名大・遺伝子)

我々は，分子遺伝学的解析の容易な*Synechococcus* sp. PCC 7942を用いて概日時計の解析に着手し(1, 2)，概日リズムの発現に必須な新規時計遺伝子群*kaiABC*を同定している(3)。概日リズムの発生には，*kai*遺伝子自身の発現リズム（自励振動）や，Kai蛋白質同士の相互作用が重要なことが示唆されている (3, 4)。しかし，安定な概日振動を実現するための生化学的基盤は殆ど不明である。

今回我々は，KaiC結合蛋白質として二成分情報伝達系のヒスチジン・キナーゼSasAを同定した。KaiCはSasAのセンサー領域と強く相互作用する。*sasA*遺伝子破壊株では，*kaiBC*の発現レベルが著しく低下し，概日リズムが大きく撹乱された。いっぽう，一過的な*sasA*の過剰発現は生物時計の位相変化をもたらし，さらに*sasA*の構成的過剰発現株では時計機能が完全に停止した。これらの知見は，KaiCがSasAの活性を制御するいっぽう，SasAが*kaiBC*の発現を調節することで安定な概日振動を実現していることを強く示唆している。

近年，二成分情報伝達系の存在とその生理機能が，原核生物だけでなく菌類，高等植物などでも広く認められるようになってきた。SasAは概日時計に関与することが明らかになった最初の二成分調節系因子であり，種を超えた生物時計機構の解明に新たな展開をもたらすものと期待される。

また，Kai蛋白質に関する新しい生化学的知見についても報告する予定である。

(1) Kondo *et al.* (1993) *PNAS* 90: 5672-
(2) Kondo *et al.* (1994) *Science* 266: 1233-
(3) Ishiura *et al.* (1998) *Science* 281: 1519-
(4) Iwasaki *et al.* (1999) *EMBO J.* 18:1137-

S9-03

A GENE DISCOVERY PROGRAM FOR CIRCADIAN FUNCITONS IN *ARABIDOPSIS*

Steve A. Kay, Department of Cell Biology, The Scripps Research Institute, 10550 North Torrey Pines Road, La Jolla, CA 92037; (2) TheDupont Company, P.O. Box 80402, Wilmington, DE 19880-0402

Our laboratory is interested in understanding the interactions between phototransduction pathways and the circadian clock in controlling plant growth and development. Using *cab*-luciferase transgenic lines as bioluminescent markers, we are undertaking several different approaches that will be discussed: 1) Identification and characterization of novel circadian rhythm mutants by screening for aberrant period length (*toc*) mutants. Two of these are currently being characterized in detail. 2) Genetic analysis of photoreceptor-clock interactions using a wide range of photoreceptor/phototransduction mutant backgrounds. 3) Genetic analysis of the role of the circadian clock in the photoperiodic control of flowering time. 4) Analysis of DNA-protein interactions mediating clock- and phytochrome-controlled gene transcription. 5) Identification of novel markers for clock regulation at different stages of development and in different tissues. We will discuss how these approaches have revealed a central role for the circadian clock in controlling a wide range of plant metabolic and developmental processes.

S9-04

短日植物イネの光周性反応-光受容体と概日時計-

井澤 毅、及川 鉄男、早間 良輔、杉山 展子、島本 功 （奈良先端大・バイオサイエンス）

植物は日長（もしくは、夜の長さ）を測定することで、花芽形成の光周性反応を起こすと考えられている。また、その反応性の違いより、短日植物と長日植物に大別される。我々は、短日植物であるイネをモデルとして、植物の持つ計時機構を分子レベルで解明したいと考えている。

これまでに、光周性反応を全く失ってしまった突然変異体 *se5* を解析し、その原因遺伝子がフィトクロームの発色団合成酵素の一つである heme oxygenase をコードしていることを明らかにした。さらに、*se5* での概日時計による遺伝子発現を RNase protection assay や *cab:luc* を用いて解析し、光周性と概日時計の関連について明らかにした。また、FDD 解析により *SE5* 遺伝子の影響を受ける遺伝子を多数同定したので、併せて報告する。

S9-05

光周性花成誘導に関連する時計制御遺伝子の解析

小野道之，小野公代[1]，小口太一[1]，相田徳子[1]，上田健治，鎌田博[1]，井上正保（秋田県立大・生工研，[1]筑波大・生物）

PnGLP1(*Pharbitis nil* germin-like protein 1)と*PnC401*は，短日植物アサガオ「品種、紫」において，光周性花成誘導暗期中に葉で特異的に発現量が増加する遺伝子として単離された時計制御遺伝子(clock-controlled gene)である。これらの機能は不詳であるが，光周性花成誘導機構への関与を示唆する発現様式を示し，*PnGLP1*では短日性タバコの形質転換植物で花成促進効果を持つ。*PnGLP1*と*PnC401*のmRNAは，暗期開始から10時間目と16時間目にそれぞれピークとなる概日リズムを示す。これらの遺伝子の発現制御機構を分子レベルで研究する目的で，長日植物シロイヌナズナのホモローグ，*AtGLP1*(=*AtGER1*)，*AtGLP2*(=*AtGER3*)，*AtC401*を単離して比較解析を行った。その結果，いくつかの点で対称的な発現様式を示すことが判った。即ち，アサガオの上記遺伝子が暗期の後半にピークを示し，その概日振動が恒暗条件で続くことに対して，シロイヌナズナの上記遺伝子は異なる時刻にピークを示し，概日振動が恒明条件で続く傾向を示した。これらの時計制御遺伝子の発現制御の違いは，短日植物と長日植物における日長反応性の違いに関係している可能性がある。現在，ルシフェラーゼをレポーター遺伝子としたプロモーター解析によって，短日性および長日性の発現様式に関係した因子の同定を試みている。

S9-06

シロイヌナズナの花芽分化の光周性誘導における *GIGANTEA* 遺伝子と *CONSTANS* 遺伝子の役割

尾之内均, Paula Suarez-Lopez, Karen Lee, Sarah Fowler*, Jo Putterill* and George Coupland（John Innes Centre, *School of biological Sciences, Auckland Univ.）

多くの植物種は、日長を季節を感知するためのシグナルとして利用し、花芽誘導を制御している。その機構に概日時計が関与していることが、植物生理学的研究および最近の分子遺伝学的研究によって示されてきた。シロイヌナズナの *GIGANTEA(GI)* 遺伝子と *CONSTANS (CO)* 遺伝子は、突然変異体と過剰発現体の表現型などから、日長による花芽誘導制御に関与する遺伝子であると考えられる。*GI* 遺伝子は膜貫通ドメインを持つタンパク質を、*CO* 遺伝子は転写因子様タンパク質をコードしており、両遺伝子ともに概日時計により発現が制御されている。突然変異体と過剰発現体を用いた遺伝学的解析により、*GI* は *CO* の上流で機能することが示された。また、遺伝子発現解析により、*GI* は *CO* 遺伝子の発現制御に関与することが示された。植物の花芽分化の光周性誘導のメカニズムにおいて、*GI* と *CO* および概日時計が果たす役割について、新たな実験結果を交えて考察する。

S10-01

ポストゲノムの１５年

杉浦昌弘, 杉田護[1], 若杉達也[2], 廣瀬哲郎（名大・遺伝子, [1]人間情報, [2]富山大・理）

ゲノム・プロジェクトの一例として、タバコ葉緑体ゲノム (160 kbp) の全配列が発表されて１５年になる。この間、タバコで Maliga によるジーン・ターゲッティングの開発と我々による *in vitro* 発現系の開発が成功して、ゲノム機能解明に新たな展開をみた。その結果、（１）未知 ORF 機能の同定は極めて困難で画一的には行かない、（２）転写物蓄積量が遺伝子発現を反映しない、（３）一転写単位に複数のプロモーターが存在する、（４）複数の RNA ポリメラーゼ種が存在する、（５）RNAエディティングにより DNA情報が変換する、および（６）複数の翻訳制御機　があり遺伝子発現に重要な比重をしめる、ことなどが明らかになった。

S10-02

ポジショナルクローニング法によるイネ感光性関連 QTL の単離

矢野昌裕, 片寄裕一, 高橋裕治[1], 門奈理佐[1], 芦苅基行, 林鴻宣, 布施拓市, 小島晶子[1], 山内歌子[1,2], 佐々木卓治（農水省生物研, [1]農林水産先端研, [2]富山大理）

イネの出穂期に関与する遺伝子座を QTL 解析法に基づき検出し、13 種類の関与遺伝子座をマッピングした。さらに戻し交雑を繰り返して、関与遺伝子座周辺の染色体のみ置換した系統（準同質遺伝子系統）を作出した。これらの系統を利用して、5 種類の遺伝子座が感光性に関与することを明らかにした。準同質遺伝子系統間の相互交配により関与遺伝子の集積系統を作出することによって、感光性遺伝子間の相互作用の存在を証明した。現在、遺伝学的解析により明らかにされた関与遺伝子をポジショナルクローニング法により単離・同定を進めており、これまでに 2 種類の感光性遺伝子の候補を同定した。ゲノム解析研究の進展にともない、特定の形質に関与する遺伝子の全体像、すなわち遺伝子の数や染色体上での位置をまずとらえた後に、個々の遺伝子の解析に取り組む新しい研究手法が実行可能となった。

S10-03

シロイヌナズナゲノム解析に向けたリソースの整備

田畑哲之（かずさDNA研究所）

シロイヌナズナの全ゲノム構造情報に基づく大規模な遺伝子機能、発現調節機構の解析に向け、さまざまなリソースの整備が進められている。これらのリソースは、幅広い目的に有効に利用されることが望ましく、これらについての情報交換や研究者間の協力体制をつくることは、緊急の課題であると考えられる。我々は、ゲノム構造情報の蓄積と提供を行うとともに、大規模遺伝子機能解析に向けたリソースを整備してきた。その内容としては、ゲノム構造情報、ゲノムデータベースArabidopsis Genome Displayer、EST情報、ゲノムDNA高密度遺伝子フィルター、cDNA高密度遺伝子フィルター、三井TACクローンの両末端配列情報、相補実験用新TACクローンのスクリーニングシステム、シロイヌナズナタグラインのスクリーニング系などをあげることができる。これらのリソースは、我々のみならず多くの植物研究者にとって利用価値の高いものであり、最大限に利用されることを期待している。

S10-04

植物細胞の分化決定に関わる遺伝子機能の解析

岡田清孝（京大院・理・植物）

植物の細胞分化の遺伝的制御機構を知るためには、シロイヌナズナなどのモデル植物を用いた分子遺伝学解析の手法－－形態や機能が異常になった突然変異体を単離し、変異遺伝子を単離して、構造と発現、および機能を解析する－－が一般的である。これまでに数十を超える遺伝子について解析が進められている。この研究アプローチにはいくつかの関門がある。第一の関門は（人と異なる）興味深い突然変異体を得ることである。シロイヌナズナでは、単一の遺伝子変異による形態変異突然変異体はほぼ取り尽くされた観があるので、既知の突然変異体から出発してエンハンサーまたはサプレッサー変異体を得たり、GFPなどをマーカーとしたトランスジェニック植物を用意して発現パターンが異常になった変異体を分離するなどの工夫が必要になってきた。突然変異体から変異遺伝子を得るまでの研究手法はほぼ同じで、ゲノムプロジェクトの進行のお蔭もあって数年前に比べると格段に容易になった。しかし、第２の関門は遺伝子を単離した後の機能解析の段階で、遺伝子ごとに異なった解析手法を用いる必要がある。我々の研究グループも様々に頭を絞っているが困難も多い。今回の発表では、いくつかの実例を紹介して、これからの植物遺伝子研究の方向について考えてみたい。

S10-05

ゲノム科学的手法を用いたシロイヌナズナの遺伝子機能解析

篠崎一雄
理化学研究所，１)ライフサイエンス筑波研究センター、植物分子生物学研究室、 ２）ゲノム科学総合研究センター、植物ゲノム機能情報研究グループ

モデル実験植物のシロイヌナズナのゲノムの塩基配列はかずさ DNA 研究所を含む国際的な共同研究により２０００年中頃には終了する予定であり、さらにイネに関しては日本の農林水産省を中心に国際的協力により２００５年以前にゲノムの塩基配列が決定される予定である。植物ゲノム構造解析の進展により植物遺伝子の機能に関して網羅的に解析できる時代がすぐそこまで来ている。

さらにシロイヌナズナを中心に遺伝子機能解析につながる種々の突然変異体も多数分離されている。また遺伝子破壊型の変異体の収集も精力的に進められており、逆遺伝学的手法により多くの遺伝子の個体レベルでの機能が明らかにされると考えられる。これらのゲノム機能情報をもとに多くの個体レベルでの多様な役割が明らかにされことが期待されている。本講演ではゲノム科学的なアプローチによる網羅的な遺伝子機能解析の現状と今後の展望について概説する。さらに本年１０月より開始した理化学研究所、ゲノム科学総合研究センター、植物ゲノム機能情報研究プロジェクトの概要を紹介する。

S11-01

分裂酵母における液胞タンパク質輸送及び液胞形成機構

竹川　薫（香川大・農・生命機能）

酵母の液胞は植物の液胞と同様に、加水分解酵素を液胞内に蓄積させ、細胞内のタンパク質分解の主要な機能を果たしている。さらに生育に必須なイオンなどを高濃度に蓄積させる貯蔵コンパートメントとして、また細胞に毒性を示す化合物などを隔離する解毒コンパートメントとして重要な役割も担っている。出芽酵母において液胞局在プロテアーゼであるCPYが誤って細胞表層へミスソートされる変異株の取得が試みられ、*VPS*遺伝子をはじめ多くの遺伝子がCPYの液胞への輸送に関与していることが明らかされた。一方、分裂酵母ではこれまで液胞タンパク質輸送機構に関する研究は非常に少ない。我々は分裂酵母の液胞に局在するCPYホモログ遺伝子をクローニングして、その液胞への輸送機構について解析を行ってきた。分裂酵母の液胞タンパク質輸送においてもホスファチジルイノシトール3-キナーゼをはじめ、多くの遺伝子が液胞輸送に関与していることがわかってきた。さらに分裂酵母においても細胞表層から液胞への輸送(エンドサイトーシス)経路や細胞質からの液胞への輸送(自食作用)などの経路も存在することが強く示唆された。今回は我々が解析を行っている分裂酵母における液胞への複数のタンパク質輸送経路とその機能について紹介したい。

S11-02

The Tonoplast as an Oscillator in Biological Timing: Vacuolar Functions in the Non-Linear Dynamics of Endogenous Rhythmicity of Crassulacean Acid Metabolism (CAM)

Urlich LÜTTGE, Institute of Botany, Darmstadt University of Technology, D-64287 Darmstadt, Germany

The metabolic cycle of CAM may oscillate endogenously for many circadian periods. At critical threshold levels the external control parameters light and temperature can reversibly drive CO_2-exchange time-series of the CAM-plant *Kalanchoë daigremontiana* from rhythmicity to arrhythmicity. We developed minimal models which reduce CAM-reactants to only three pools, viz. internal CO_2-concentration, malate levels in cytoplasm and vacuole, respectively, which are connected by input and output flows and via two feedback loops, viz. the malate inhibition of phosphoenolpyruvate carboxylase and the state of order (fluidity/rigidity) of the tonoplast membrane. Computer implementation based on coupled non-linear differential equations can precisely simulate experimental observations.

Empirical and theoretical evidence suggests a paramount role of vacuolar functions in regulation of the rhythm. Experimental evidence is that i) return of rhythmicity from arrhythmic behaviour is correlated with malate influx/efflux into/from the vacuole; ii) homeoviscous adaptation of tonoplast order determines the actual critical temperature levels for changes between rhythmicity/arrhythmicity; iii) the tonoplast-integral c-subunit of the V-ATPase shows rhythmicity of transcript levels. Theoretical evidence is that iv) the minimal model uses a beat oscillator which is vacuolar malate influx/efflux at the tonoplast, while phosphoenolpyruvate carboxylase phosphorylation/dephosphorylation is an epiphenomenon; v) thermodynamic membrane modelling shows that tonoplast can function as a beta oscillator within realistic thermodynamic limits compared to the behaviour of the tonoplast under osmotic changes given by vacuolar malate accumulation and remobilization in vivo. Synchronisation/resynchronisation of cells in a leaf determine rhythmicity/arrhythmicity so that biorhythmicity becomes a spatio/temporal phenomenon.

S11-03

種子貯蔵タンパク質の液胞への輸送のための２つの経路

嶋田知生，西村幹夫，西村いくこ[1]
（基生研・細胞生物，[1]京大院・理・植物）

種子貯蔵タンパク質は粗面小胞体で合成されタンパク質蓄積型液胞へ輸送される．最近，私達はカボチャ種子タンパク質の液胞への輸送に２つの経路が存在することを見出した．第一は輸送レセプターPV72依存的な経路である[1)]．2Sアルブミンの輸送は，PV72がNLPSモチーフを輸送シグナルとして認識して行われていると考えられる．葉などの栄養器官でも同様の経路の存在が確認されており，この経路は酵母の液胞タンパク質の輸送経路に類似のものである．第二の経路は，PAC (precursor accumulating) 小胞と名付けた新規のオルガネラ依存的なのもで，粗面小胞体からゴルジ体をバイパスして液胞へ至る経路である[2)]．この経路は種子細胞に特徴的であり，アグリゲーション輸送と呼ばれる輸送形態の一種と考えられる．既知の輸送レセプターには依存しないと思われるが，その分子機構については不明である．植物における液胞タンパク質の輸送機構について議論したい．

1) Shimada, T. et al. (1997) Plant Cell Physiol. 38, 1414-1420.
2) Hara-Nishimura, I. et al. (1998) Plant Cell 10, 825-836.

S11-04

液胞におけるタンパク質分解 - 酵母からの展開

野田健司（基礎生物学研究所、総合研究大学院大学）

液胞はその多面的な役割の一つとして、タンパク質分解を担っている。オートファジー（自食作用）は、液胞における細胞質構成成分の分解過程であり、細胞質構成成分はオートファゴソームと呼ばれる膜構造体が形成される過程でその内部に取り込まれ、それが液胞へ輸送され分解される。我々は、出芽酵母をモデルとしてオートファジーの分子機構を解析している。

オートファジーにおける輸送過程を定量化する目的で、オートファジーの進行をアルカリ性ホスファターゼ酵素活性に反映させるアッセイ系を確立した。この系を用いTorキナーゼがオートファジーの誘導を担うことを明らかにした。また、このホスファターゼ酵素活性を誘導できないオートファジー欠損株を単離し、*APG9* 遺伝子をクローニングした。その遺伝子産物の解析結果について報告する。

さらに植物ライフサイクルにおけるオートファジーの生理的意義を解明することを目的とし、酵母オートファジーに必須な遺伝子のシロイヌナズナにおけるホモログに注目した研究を開始している。

S11-05

タバコ培養細胞の自食作用

森安裕二　（静岡県立大・食品栄養科学部・食品）

私たちは，タバコ培養細胞を用いて，ショ糖飢餓処理に伴う自食作用の解析をしてきた。　完全培地で培養している細胞を，ショ糖を欠いた培地に移すと，細胞内タンパク質の分解が亢進する。　このタンパク質分解は，システインプロテアーゼ阻害剤によって阻害される。　このとき，核の周りの細胞質には，多数の膜小胞が蓄積する。　これらの膜小胞は，直径が1－6マイクロメーターであり，小胞内には，電子密度の高い顆粒が1－数個，存在する（これらのうちのいくつかは，ミトコンドリアの分解産物であると思われる）。これらの膜小胞は，酸性コンパートメントのマーカーであるキナクリンを取り込むことから，酸性のオルガネラである。　また，酵素組織化学染色の結果から，これらの膜小胞には，リソソームのマーカー酵素である酸性ホスファターゼが局在することがわかった。　さらに，パーコールを用いた平衡密度勾配遠心法により単離した膜小胞には，プロテアーゼが局在することがわかった。　以上の結果は，これらの膜小胞は，植物のリソソームであることを示唆している。　すなわち，植物には，液胞とは別に，リソソームという分解コンパートメントを持つ可能性が高い。

S11-06

単細胞緑藻カサノリの液胞膜輸送系と細胞機能

池田己喜子（岡山県大・保福部・栄養）

カサノリは巨大な単細胞の海水中で生育する緑藻類に属する。我々はすでに，高等植物液胞膜と同様に，この生物体の液胞膜には二つのプロトンポンプ，V-ATPase 及び H^+ 輸送性ピロフォスファターゼ (V-PPase) が存在することを生化学的及び cDNA-クローニングにより証明した。V-PPase については，酵母での発現系を確立し，発現蛋白質を精製し，その性質が native PPase と類似することを明らかにした。V-ATPase，proteolipid サブユニットの６種の isoform をコードする cDNA クローンの TAA/TAG を CAA/CAG に変換した後，酵母発現ベクターに組み込んだ。現在，酵母 *vma3* 欠損株での発現，機能の complementation を検討している。更に，ABC transporter の sulfate permease, *cysA* gene（全長），maltose permease, *malK* gene（断片）及び poly-amine transporter の ATP-binding subunit の遺伝子断片を得ており，液胞機能との関連を追求している。ノーザン解析の結果からも，これらはいずれも bacterial periplasmic permease（3 - 4 subunits から構成）タイプの ABC transporter に属すると推定される。

S11-07

Na^+/H^+ antiporter 遺伝子とアサガオ花弁の青色化

稲垣善茂*、田中（深田）幸子[1]、山口利男[2]、飯田滋[1,2]（[1]基生研・遺伝子第１、[2]総研大・生命科学）

野性型の青色花アサガオの蕾は赤紫色で開花に伴って青色に変化する。この変化は開花に伴って液胞内 pHが上昇するためと考えられている。紫色地に青色のセクターの花を咲かせる*Purple*（*Pr*）遺伝子の易変性変異体 *pr-m*（*purple-mutable*）と青色花をつける復帰変異体 *Pr-r*（*Purple-revertant*）の色素の成分構成は変わってはいないので、*Pr*遺伝子の機能は開花に伴う液胞 pHの上昇に関与するものと思われる。我々は易変性変異体*pr-m* とその復帰変異体 *Pr-r* を用いて *Pr* 遺伝子の同定を行った。その結果、アサガオの*Pr* 遺伝子はアラビドプシスの液胞のNa^+/H^+ アンチポーターと高い相同性をもち、酵母液胞のNa^+/H^+ アンチポーター変異体の機能を相補することが明らかになった。アサガオの*Pr* 遺伝子の構造と機能に関して得られた知見をもとに、アサガオの花色の青色化と花弁細胞の液胞ｐＨについて考察する。

S11-08

シロイヌナズナにおける液胞膜タンパク質のカタログ化
- ゲノム研究と液胞機能研究の橋渡しを目指して -

白武勝裕, 気多澄江, 前島正義, 山木昭平（名古屋大・院・生命農学）

シロイヌナズナの全ゲノム塩基配列の決定が2000年中には完了する。ポストゲノム研究の一つとして、ゲノムDNAと発現タンパク質を対応させるプロテオーム解析が進められているが、その中でそれぞれのタンパク質を局在するオルガネラごとに分類してカタログ化することも細胞機能を明らかにする上で重要と考えられる。

液胞は、植物の様々な生理現象に関与するダイナミックなオルガネラとして最近注目を集めているが、大部分の液胞の膜タンパク質の機能は特定されていない。このため、液胞膜タンパク質のカタログ化は、液胞機能を理解する上で基盤となる重要な課題だと言える。

本研究では、シロイヌナズナから液胞膜を単離し、そのタンパク質を二次元電気泳動で展開して、それぞれのスポットのペプチド情報とゲノム情報を対応させることにより、液胞膜タンパク質をカタログ化することを目標としている。今回の発表では、液胞膜の単離とタンパク質の二次元電気泳動といったこれまでのカタログ化の進行状況と、今後の方向性について発表する。

1aB01

塩ストレス適応タバコ培養細胞から単離した原形質膜と液胞膜の脂肪酸及びステロールの分析

日野智之、田中忠幸、大熊英治、村田芳行、多田幹郎 (岡山大・農)

一般に高等植物は、塩ストレスにさらされると原形質膜構成脂肪酸組成が変化し、不飽和脂肪酸/飽和脂肪酸が小さくなることが知られているが、耐塩性発現機構については明らかにされていない。本実験では、塩ストレス適応と膜脂質の関係についての知見を得るために、100 mM 及び 200 mM の塩濃度下で継代培養されているタバコ培養細胞(適応細胞)と非適応細胞について、原形質膜及び液胞膜の脂肪酸及びステロールの組成を分析した。

非適応細胞、100 mM 及び 200 mM 適応細胞、並びに 100 mM 及び 200 mM の NaCl 存在下で 3 週間培養した細胞の原形質膜の脂肪酸組成に有意な差はなく、不飽和脂肪酸/飽和脂肪酸の比はほぼ等しかった(1.8〜2.3)。またステロール分析の結果、いずれの細胞においてもシトステロールが主成分であるが、良好な生育が認められた細胞で約 7 割であったのに対し、他の細胞では約 5 割と低かった。尚、他の植物において塩ストレスにさらされたときに平面型/非平面型の比が減少することが言われているが、本実験においても同様の結果が得られた。

上記細胞から単離した液胞膜の脂肪酸組成は、原形質膜と異なり飽和脂肪酸の占める割合が高かったが、著しい変化は認められず、不飽和脂肪酸/飽和脂肪酸の比はほぼ一定であった(0.3〜0.9)。またステロール分析の結果、シトステロールは塩ストレスにさらされたときに原形質膜とは異なり逆に増加傾向にあったが、平面型/非平面型の比における有意な差はみられなかった。

1aB02

ヤエナリ原形質膜の非対称構造に関する研究

武田裕一、笠毛邦弘 (岡山大・資生研)

生体膜はその構成成分である膜脂質と膜タンパクが非対称的に配置されることにより膜機能が発現し、それにより生命活動が円滑に営まれているものと考えらる。

前回我々はヤエナリ胚軸より水性二層分配で単離した Rightside-out 原形質膜小胞を構成するリン脂質の膜を介する分配をブタ膵液ホスフォリパーゼ A_2 で解析したところ、ホスホリパーゼ A_2 ではアクセスできないリン脂質が約 40% 存在することを報告した (日本植物学会第 63 回大会、秋田)。

その後、このリン脂質は殆どが膜内層に局在するリン脂質であることが、膜非透過性シフト試薬 $PrCl_3$ を用いた ^{31}P-NMR 実験により明らかにされた。

ホスホリパーゼ A_2 のアクセシビリティは膜蛋白質の表在ペプチドの立体構造により大きく制限されていると考えられたため、ヤエナリ原形質膜の表裏で表在ペプチドの量的な非対称性が存在することを明らかにすることにした。そのため、原形質膜の全表在ペプチドの非対称性をトリプシン処理により解析してみた。その結果、Rightside-out 原形質膜小胞ではトリプシンにより膜タンパクが殆ど分解されなかった。一方、0.025%の Triton X100 を加えたところ、30-40% の膜タンパクが分解された。これらの結果により、原形質膜の表側には表在ペプチドが内側に比べて極めて少ないことが示唆された。

1aB03

$CaCO_3$、及び$CaHPO_4$の蒸留水と100 mM KCl水溶液中での、溶解度とpH

清沢桂太郎 (大阪大院・基礎工・生物工学)

シャジク藻節間細胞細胞壁上のカルシウムバンドの主成分は、$CaCO_3$と思われるが、$CaHPO_4$も共存する (清沢、1999年度植物学会年会)。演者はこれらの難溶性Ca^{2+}化合物の蒸留水中、及び100 mM KCl中での溶解度を、Ca^{2+}電極で測定しその結果を発表した。その内容は、$CaCO_3$に関して言えば、測定値はかなりばらつくというものであった。この結果は定性的には、海洋化学者の測定結果と一致するが、問題がなかったわけではない。第一点は、5昼夜連続攪拌すると、スターラーが僅かであるが、恒温室の温度25℃より高くなった。温度は絶対温度で効いてくるので、無視出来ると考えたが、その僅かに高くなった温度は、大気中のCO_2との平衡状態にも影響を与えていた可能性がある。第二点は、$CaCO_3$を溶解度以上に与えると、懸濁液となり、懸濁状の$CaCO_3$が電荷を帯びていた場合、それが電極電位に影響を与えないと言う保証はなかった。今回は、攪拌は2昼夜とし、その後2昼夜攪拌を止め、25℃に放置した後、沈殿した$CaCO_3$が出来るだけ混じらないようにして、得られた上澄みの$[Ca^{2+}]$濃度とpHを測定した。$CaHPO_4$に関しても同様の測定をした。

1aB04

車軸藻の原形質連絡変化の電気的測定

緒方惟昭 (産業医大、産業保健、第一生体情報)

車軸藻の二連節間細胞 (節間細胞A／節細胞N／節間細胞B) の長軸方向に沿って二重水膜電極 (Ogata;1998, 1999) を走査することにより、液胞部分 (vacuole) 及び細胞間原形質連絡 (plasmodesma) の時間的変化を電気的に測定した. 解析には生体膜に関する電気的等価回路 [並列電気抵抗 (Rm : plasmodesma), 電気容量 (Cm 二層の細胞膜、plasmodesmata 以外の成分)、直列電気抵抗 (Rs : 細胞質、液胞、液胞膜成分)] を適用した. 20℃に於ける安定状態で、Rm, Cm, Rsはそれぞれ$30 \pm 5 \times 10^{-3}\ \Omega\ m^2$、$1.5 \pm 0.25 \times 10^{-1}\ F\ m^{-2}$、$9 \pm 0.1 \times 10^{-3}\ \Omega\ m^2$ であった. 生理的範囲での温度上昇で、Rmは一過的に減少し、Cmは一過的に増加した. このときの温度係数 Q_{10} は2.5 〜3.0 であった. これらの変化が一過的であることから、plasmodesma のgating活性が生理的レベルで制御を受けていることが分かる. 一方、Rsの温度依存性は100mM KCl 溶液を用いたanalogueとほぼ等価であった. 細胞Aの膨圧を変え、細胞間に水の移動を伴う圧力負荷をかけると、大きな減衰振動 (周期数10分、持続時間は数時間) の後、Rmは増加傾向を示し Cmは減少傾向を示した. 今、の高分子 (MW; 〜3 kd) を含めた物質の透過に対する制御器官として注目されるplasmodesma の有効直径及び有効長をそれぞれ 6×10^{-8}m, 2×10^{-6}m , 実質すべてを細胞質が占めると仮定すると、plasmodesma の数は、A／N接合部当たり10^4 になった. これは、電子顕微鏡により与えられた結果 (Spanswick & Co-sterton 1967) を支持するものである.

1aB05

気孔孔辺細胞におけるフシコクシンによる原形質膜 H^+-ATPaseの活性化

木下俊則、島崎研一郎（九州大・院理・生物科学）

カビ毒素フシコクシン（FC）は孔辺細胞原形質膜 H^+ポンプを不可逆的に活性化し、気孔開孔を引き起こすことが知られている。しかしながら、FCによるH^+ポンプ活性化機構は不明の点が多い。そこで我々はH^+ポンプの実体とされる原形質膜H^+- ATPaseに注目し、その活性およびリン酸化レベルに対するFCの影響をソラマメ孔辺細胞プロトプラストを用いて調べた。その結果、H^+- ATPaseのATP加水分解活性はFC添加により上昇し、活性の時間変化はFCに依存したH^+放出と一致していた。また、FCによりH^+-ATPaseのC末端のセリンおよびスレオニン残基がリン酸化され、リン酸化されたC末端には14-3-3蛋白質が結合していることが明らかとなった。さらに、FCはリン酸化C末端と14-3-3蛋白質の複合体を安定化し、この複合体はアルカリホスファターゼによるC末端の脱リン酸化を阻害することも明らかとなった。以上の結果より、FCにより活性化されるH^+ポンプの実体は原形質膜H^+-ATPaseであり、FCはリン酸化H^+- ATPaseと14-3-3蛋白質の複合体を細胞内に蓄積することにより、不可逆的な活性化を引き起こしているものと思われる。既に明らかとなっている青色光による原形質膜H^+-ATPaseの活性化との違いについても考察する。

1aB06

ソラマメ孔辺細胞において青色光により H^+-ATPaseに結合する14-3-3蛋白質の分子種の決定

江見崇、木下俊則、島崎研一郎（九州大・院理・生物科学）

青色光によるH^+-ATPaseの活性化には、C末端のリン酸化が必要であり、そのリン酸化されたC末端には14-3-3蛋白質が結合する。しかし、青色光によりH^+-ATPaseへ結合する14-3-3蛋白質の分子種は明らかではない。本研究では、この14-3-3蛋白質の分子種の決定を行った。ソラマメ孔辺細胞中の14-3-3蛋白質のcDNAクローニングを行い、*vf14-3-3a, vf14-3-3b, vf14-3-3c*そして*vf14-3-3d*が存在することを明らかにした。ノーザン解析により、孔辺細胞では*vf14-3-3a*が大量に発現していることが分かった。また、大腸菌で発現させたvf14-3-3aは、H^+-ATPaseと結合している14-3-3蛋白質と同じ分子量を示した。さらに、CNBr処理によりこれらの蛋白質を断片化すると、H^+-ATPaseと結合している14-3-3蛋白質はvf14-3-3aと同一のパターンを示した。これらの結果から、vf14-3-3aがH^+-ATPaseと結合していると結論した。

1aB07

ショ糖による原形質膜プロトンポンプ活性の制御

葛西身延, 葛西完治, 鶴田幸雄, 澤田信一（弘前大・農学生命・生物機能）

我々は以前にライ麦の葉から単離した原形質膜小胞を用いて高濃度のショ糖がプロトンポンプ活性を低下させること、又その低下はポンプのC末端自己抑制領域を除去するtrypsin処理によって軽減されることを報告した。今回は自己抑制領域に間接的に結合しその効力を緩和するfusicoccin (FC)を用いて、同様なショ糖によるプロトンポンプ活性低下の軽減が起こるかを調べた。

原形質膜小胞のプロトンポンプ活性は以前に報告したようにほとんどATPase活性に影響を及ぼさない1 M glycerol存在下とATPase活性を大きく低下させる1 M sucrose存在下で測定された。FC未処理の葉から単離された原形質膜小胞のsucrose存在下におけるポンプ活性はglycerol存在下における活性のおよそ30 %であった。一方、この割合は、FC処理された葉からの原形質膜小胞を用いた場合にはおよそ75 %になった。この結果は、高濃度のショ糖によって引き起こされる原形質膜プロトンポンプ活性の低下にC末端自己抑制領域が大きく関わることをさらに強く示唆する。

1aB08

酵母細胞におけるイネ原形質膜 H^+-ATPase イソ酵素(OSA1, OSA2)の発現

柴坂三根夫、丑丸敬史[1]、笠毛邦弘（岡山大・資生研、[1]静岡大・理学部）

酵母自身の原形質膜 H^+-ATPase(PMA1)の発現をシャットオフした酵母細胞において植物由来の原形質膜H^+-ATPaseを発現させることは本酵素の構造と機能の解析に有力な方法である。本酵素は遺伝子の塩基配列の相同性解析から多くの種においてゲノムに複数のイソ酵素がコードされていることが知られているが、これらのイソ酵素が生体において本来の活性を持つことが実証されている例は多くない。これまでの我々の研究によるとイネの本酵素mRNAはOSA2転写産物が主でOSA1転写産物は非常に低レベルであることが分かっている。そこで、この2つのイソ酵素がH^+-ATPase活性を持つかどうか、酵母細胞に組み込んで調べた。その結果、OSA1翻訳産物は、OSA2と異なり、活性がないか非常に低い可能性があることが分かった。

1aB09

エンドウ液胞膜H^+-ATPaseのEサブユニットアイソフォームとアイソタイプ酵素の存在

河村　幸男、荒川　圭太、前島　正義[1]、吉田　静夫
（北大・低温研、[1]名大院・生命農）

これまで、熱帯・亜熱帯性植物の低温傷害が液胞膜H^+-ATPase (V-ATPase)の低温失活と関わっている事を示してきた。しかし、低温失活機構のみならず本酵素の構造や性質についても不明な点が多いため、本研究では本酵素の生化学的解析を行った。V-ATPaseは親水性のV_1と膜部位のV_0より成り立つ。更に、A~Hサブユニットで構成さるV_1は、触媒部位を有するA_3B_3複合体とそこで得られたエネルギーをV_0に伝える軸部位(C～Hサブユニット)に分けられる。マメ科植物のヤエナリ（低温感受性）とエンドウ（低温耐性）の本酵素のサブユニットを比較すると、30～40kDa領域の構成が著しく異なる事が明らかとなった。このサブユニット構成の違いが本酵素の低温感受性に影響を及ぼす可能性が考えられた。部分アミノ酸配列の分析により、エンドウV-ATPaseの40kDaと37kDaサブユニットはそれぞれEサブユニットのアイソフォームであることが示された。エンドウ上胚軸よりEサブユニットのアイソフォームのみが異なる２つのアイソタイプ酵素を得た。それぞれのアイソタイプは異なるATP加水分解活性を持つため、EサブユニットはV-ATPaseのATP加水分解機能に関連していると推定された。[J. Biol. Chem.　印刷中]

1aB10

液胞膜に発現するシロイヌナズナH^+-PPase遺伝子の花粉特異的発現制御とその意義

光田展隆，江波和彦[1]，竹安邦夫[2]，佐藤雅彦[1]（京大院・人間・環境学，[1]京大・総合人間，[2]京大院・生命科学）

高等植物の液胞膜には2種類のH^+ポンプ（H^+-ATPaseとH^+-PPase）が存在している。これらはH^+を液胞内に能動的に輸送し、液胞の内外にH^+の濃度勾配を形成する。このうちH^+-PPase遺伝子は多様な環境要因などによって発現が制御されると考えられているが、今回レポーター遺伝子を導入した数種類の遺伝子組み換え植物の解析等によりH^+-PPase遺伝子に関して以下のような知見を得た。

①約1.4kbのプロモーター領域は植物体のほぼ全組織で発現を誘導するが、約0.4kbまで短くすると花粉でしか発現を誘導しない。現在、この花粉特異的発現に関与するDNA領域を約30塩基内にまで同定している。

②さらにこの0.4kbのプロモーター領域を利用してアンチセンス法により花粉特異的にH^+-PPase遺伝子の発現を抑制すると、雄性不稔となる個体が複数得られた。このことは少なくとも花粉の成熟過程においてH^+-PPaseが重要な役割を担っていることを示唆するものであるが、現在どの段階で花粉の発達が停止しているか調査中である。

また、最近シロイヌナズナのゲノムプロジェクトにより全く新しいタイプのPPaseが見つかっているが、これについてもその発現状況を現在調査中である。

1aB11

イネ液胞膜H^+-ピロホスファターゼにおけるアイソフォーム特異的発現

榊原祥清、小林秀行（農水省・食総研）

我々はこれまでに、イネcDNAおよびゲノミッククライブラリーより、４種類の液胞膜H^+-ピロホスファターゼ（V-PPase）遺伝子を単離している。これらのアイソフォーム間の機能の差異について検討するため、各アイソフォームの3'-非翻訳領域をプローブに用いて、ノーザンハイブリダイゼーションにより、各*OVP*遺伝子の発現解析を行った。イネ幼苗では、*OVP1*、*OVP2*、*OVP5* が葉条、根の両者において発現していたのに対し、*OVP3* は根においてのみ発現が検出された。また、塩ストレスに対する各V-PPaseアイソフォームの応答を検討するため、50mMおよび100mM NaClを添加した培地で１年間以上継代培養を行ったイネ細胞における発現を調べたところ、NaCl添加培地で培養し続けた細胞において*OVP3*の発現誘導が見られた。 *OVP3* の 5'-上流域には ABA responsive cis-element (ABRE) と相同的な配列があり、*OVP3* のABA処理による発現量の増加がノーザン解析により確かめられた。これらの結果は、*OVP1*、*OVP2*、*OVP5*は植物内で構成的に発現しているのに対し、*OVP3*は組織特異的に、もしくはストレスに応答して機能している可能性を示唆している。

1aB12

新規な液胞型ピロホスファターゼ ～ シロイヌナズナからのクローニングと機能解析

中西洋一、前島正義（名大院・生命農）

液胞型 H^+- ピロホスファターゼ（H^+-PPase）は液胞の酸性化に関わるプロトンポンプとして知られている。ところが最近H^+-PPaseに類似したAVPL1遺伝子がゲノムプロジェクトにより見出された。AVPL1pの機能を解明するためcDNAクローニングと組み換えタンパク質の機能解析を行った。

ゲノム情報をもとにPCRを行い目的のcDNAを得た。AVPL1pは802アミノ酸からなりシロイヌナズナAVP3pを含む既知の植物H^+-PPaseとは34-35%の同一性を示した。AVPL1 cDNA を酵母で発現させたところ H^+-PPase と同様に F^- 非感受性のピロリン酸加水分解活性が見られた。しかし、K^+ や Triton X-100 でわずかしか活性化されないことに加えピロリン酸に依存した H^+ 輸送活性が検出できない点が大きく異なっていた。以上のことからAVPL1p は液胞型 PPase であるが H^+-PPase とは違う生理的機能を持つと考えられる。

1pB01

アサガオ花弁の青色化に関わる*Pr* (*Purple*) 遺伝子は Na^+/H^+アンチポーター遺伝子をコードしていた

田中（深田）幸子[1]、稲垣善茂[1]、山口利男[2]、斎藤規男[3]、飯田滋[1,2]　([1]基生研・遺伝子第１、[2]総研大・生命科学、[3]明治学院大・一般教養)

野性型の青色花アサガオの蕾は赤紫色で開花に伴って青色に変化する。この変化は開花に伴って液胞内 pH が上昇するためと考えられている。紫色地に青色のセクターの花を咲かせる*Pr* (*Purple*) 遺伝子の易変性変異体 *pr-m (purple-mutable)* と青色花をつける復帰変異体 *Pr-r (Purple-revertant)* の色素の成分構成は変わってはいないので、*Pr* 遺伝子の機能は開花に伴う液胞 pH の上昇に関与するものと思われる。我々は、易変性変異体 *pr-m* のアサガオから単離されたトランスポゾン *Tpn1* の類縁因子の挿入によるものと予測し、簡便トランスポゾンディスプレイ法を用いて *Pr* 遺伝子の cDNA を同定・単離した。この*Pr* 遺伝子はアラビドプシスとイネの 液胞型 Na^+/H^+ アンチポーターと高い相同性をもち、さらに酵母液胞の Na^+/H^+ アンチポーター変異体の機能を相補することも明らかにした。

1pB02

アサガオゲノムには *Pr* 遺伝子以外にもそのホモログが存在していた

山口利男[1]、田中（深田）幸子[2]、稲垣善茂[2]、飯田滋[1,2] ([1]総研大・生命科学、[2]基生研・遺伝子第1)

我々は紫色地に青色のセクターの花を咲かせる*Pr* (*Purple*) 遺伝子の易変性変異体 *pr-m* (*purple-mutable*)と青色花をつけるその復帰変異体 *Pr-r* (*Purple-revertant*) との解析から、アサガオの青色化を支配する *Pr* 遺伝子の本体が、Na^+/H^+ antiporter であることを明らかにした。この*Pr* 遺伝子をプローブに用いたサザン解析の結果、ゲノム中に *Pr* 遺伝子が２コピー存在することが示唆された。そこで、我々は *Pr* 遺伝子ホモログを単離し、塩基配列を決定した。その結果*Pr* 遺伝子は 15 個のエクソン が存在していたのに対し、ホモログではエクソン6-8 領域の欠失を含め遺伝子配列中の数カ所に欠失や挿入が見いだされた。今後はこれをもとに *Pr* 遺伝子特異的なプローブを作成してノザン解析を行い、*Pr* 遺伝子及びそのホモログの発現様式を明らかにし、その役割への理解を深めていきたい。

1pB03

植物 Shaker 型膜電位依存性 K^+チャネル(KAT1)のトポロジー形成機構の解析

佐藤陽子[1]、阪口雅郎[2]、中村辰之介[3]、魚住信之[1,4] ([1] 名大院・生命農、[2] 九大院・医系・機能高分子、[3] 千葉大・薬、[4]名大・生物分子応答研究センター)

植物の Shaker 型膜電位依存性 K^+チャネル(KAT1)は、６回膜貫通構造を形成するが、各膜貫通部位(S1-S6)が膜内に組込まれる機構は明らかにされていない。本研究では、KAT1 の小胞体への組込み機構を解析することで、膜貫通部位に存在し voltage sensor を形成すると推定されている親水性残基の役割が、他の膜貫通部位の組込みに重要であるか、それとも、イオン透過の際のチャネル活性（機能）において重要な残基であるかを知ることを目的とした。

各膜貫通部位の膜への組込み特性の解析により、親水性の高い S4 だけでなく比較的疎水性の高い S3 も単独では膜内に組み込まれないことが分かった。また、単独では膜に挿入されない膜貫通部位は、他の膜貫通部位との相互作用によって通常のトポロジーをとることが示唆された。

1pB04

イネ Cl チャンネル遺伝子の細胞内局在性

中村敦子、福田篤徳[1]、酒井慎吾、田中喜之[1] (筑波大　生物科学、農水省　生物研[1])

植物においてアニオンチャンネルは気孔の開閉に代表されるようなシグナル伝達系の一端を担っているなど、細胞の様々な生理作用に深く関わり、アニオンを輸送する輸送体は重要な働きを担っている。イネでは Cl^-が塩ストレス下で蓄積される主要なアニオンであり、その取り込みに Cl チャンネルが働くと考えられる。そこでイネにおける Cl チャンネルの構造と機能を解析した。

我々は既知の Cl チャンネルと高い相同性を示す２種類の Cl チャンネル遺伝子 (OsCLC-1,-2)を単離し、解析を行っている。OsCLC 遺伝子に共通する領域および、OsCLC-2 に特異的な部位に対応するペプチド抗体を作成し(OsCLCAb,)、イネ芽ばえの根と葉における全膜画分、細胞質膜画分、液胞膜画分における Cl チャンネルの局在について解析を行った。OsCLC-2 Specific Ab を用いて免疫ブロットを行ったところ、根の液胞膜において 85kDa の位置に強いシグナルが検出された。この結果は推定アミノ酸配列の分子量およびこの遺伝子の組織特異的発現パターンとも一致する。この結果から、OsCLC-2 は根の液胞膜に局在すると考えられる。

1pB05

葉肉細胞プロトプラストへの光依存性ピルビン酸取込み

小曽根睦，大西純一（埼玉大・理・分子生物）

オオムギ(C_3植物)およびソルガム(C_4植物)の葉肉細胞プロトプラストにシリコンオイル層濾過遠心法を適用して，有機酸取り込みを測定した。

pH 7でアスコルビン酸，グルタミン酸及びピルビン酸では光による取り込み促進がみられたが，リンゴ酸の取り込みは光によって阻害された。ピルビン酸の取り込み速度は，ソルガムよりオオムギが30倍速く，pHを7から5へ下げると増加した。また、SH-修飾試薬(NEM)，リジン修飾試薬(NBD-Cl)及びピルビン酸アナログ(UK5099)により阻害され，ピルビン酸濃度 0.01-2 mM で飽和キネティックスを示した(K_m＝0.30 mM, V_{max}＝0.87 μmol/mg Chl·h)。

これらの結果から，葉肉細胞の細胞膜にピルビン酸輸送体の存在が示唆される。さらに，この輸送活性の基質特異性を検討し，*Mesembryanthemum crystallinum* の C_3型と CAM 型の細胞，および C_4植物の葉肉細胞と維管束鞘細胞でのピルビン酸取り込みを比較する。

1pB06

らん藻 *Synechocystis* PCC6803 において鉄輸送を担う3つの ORF

加藤大和、[1]Arthur R. Grossman、小川晃男
（名大・生物分子応答研究セ、[1]カーネギー研）

我々は 前回、らん藻 *Synechocystis* PCC6803 において、Δ*sll1878* 株が鉄フリー培地上で生育できず、細胞内への鉄輸送活性が低下していることを報告した。今回は Δ*sll1878* 株に加えて Δ*slr0327 (hitB)* 株、Δ*slr1392 (feoB)* 株について鉄フリー培地上での生育と鉄輸送活性を調べた。

Δ*slr0327* 株は生育、鉄の取り込み共にΔ*sll1878* 株と全く同様であった。一方、Δ*slr1392* 株は鉄フリー培地上で野生株と同程度の生育を示し、Fe^{3+} イオンの取り込み能も正常であった。Fe^{2+} イオンの取り込み能については、Δ*slr0327*、Δ*sll1878* 両株で野生株並みであったが、Δ*slr1392* 株では取り込み活性が顕著に低下していた。以上の結果から、らん藻 *Synechocystis* PCC6803 は Fe^{3+} イオンと Fe^{2+} イオンの両方を輸送することができ、それぞれについて異なる遺伝子群を働かせて効率的に環境に適応する能力を持つものと考えられる。本発表では各 ORF の mRNA レベルでの発現パターンも併せて報告する。

1pB07

ヤエナリ Ca^{2+}/H^+ 対向輸送体の細胞内分布と発現特性

中西華代、前島正義（名大・生命農・生化）

Ca^{2+}/H^+対向輸送体は植物では液胞膜と細胞膜に存在すると考えられ、膜を介した pH 勾配を利用して Ca^{2+}を細胞質から液胞内や細胞外に能動輸送する。この対向輸送体の生理機能を明らかにするために、細胞内分布の詳細と器官レベルでの発現部位を検討した。

対向輸送体を酵母で発現させ、これを精製して特異性の高い抗体を調製した。ヤエナリ胚軸の粗ミクロソーム画分をショ糖密度勾配遠心で分離し、抗体を用いて免疫ブロットを行った。対向輸送体の分布は液胞膜に加えて少し密度の高い部分にも検出された。液胞膜に加えてゴルジ膜など他の膜系にも存在すると推定される。

一方、ヤエナリ実生各器官から RNA 及び液胞膜を調製し発現レベルを比較した。対向輸送体タンパク質は上胚軸や子葉の液胞膜に多く、根や本葉では少なかった。タンパク質とmRNA レベルの発現パターンは一致し、発現量は主に転写レベルで調節されていると考えられる。

1pB08

GFPとの融合タンパク質系を用いたCa^{2+}/H^+対向輸送体の細胞内局在部位の検討

佐々木真希[1]、土屋知寛、中西華代、前島正義
（[1]名大農，名大院生命農）

細胞膜と液胞膜にはCa^{2+}/H^+対向輸送活性があると報告されている。Ca^{2+}/H^+対向輸送体は膜内外のH^+勾配を利用してCa^{2+}を能動輸送する分子である。ヤエナリ液胞膜では十分に高いCa^{2+}/H^+対向輸送活性が確認されており、対応するcDNAも得ている*。本研究ではこの遺伝子の翻訳産物が液胞膜のみに局在するのか、あるいは他の膜系にも存在するのかを検討することを目的とした。ここでは細胞の状態のままで局在を明確にする方法を採用した。sGFPをCa^{2+}/H^+対向輸送体(VCAX)のN末あるいはC末に付けた融合タンパク質をタバコBY-2細胞で35Sプロモーターを用いて過剰発現させた。組み換えBY-2中のsGFPの蛍光を共焦点レーザー顕微鏡で観察したところ、N末にsGFPを結合させた場合にのみ液胞膜に局在している像を得た。C末に結合したものは蛍光は観察されなかった。したがって、cDNA翻訳産物は主として液胞膜に局在すると結論した。なお、ゴルジ体と思われる構造にも蛍光シグナルが観察される例があったので、あわせて議論する。

*Eur.J.Biochem.(1999) 262:417-425

1pB09

マングローブ Na^+/H^+ antiporter cDNA のクローニングと発現解析

田中喜之、福田篤徳、[1]中村敦子、[2]山田晃世、[2]齋藤丈夫、[2]小関良宏、[3]三村徹郎（農水省・生物研、[1]筑波大・生物科学、[2]農工大院・工・生命工、[3]一橋大・生物）

高塩濃度環境におかれた植物細胞は、細胞質の Na+ を細胞外に排出あるいは液胞に輸送することによりイオンストレスを回避している。液胞へは、H^+濃度勾配を利用した対向輸送系（Na^+/H^+ antiporter）により輸送されると考えられている。耐塩性に関わるこの遺伝子(NHX)が、最近イネなどから単離された。塩生植物マングローブ *Bruguiera sexangula* の懸濁培養細胞では、 50mMNaCl 処理では液胞内の Na+濃度が高いレベルで保たれるが、150mM では一過的に上昇するが、徐々に減少し無処理のレベルに戻る。このイオン輸送の機構を明らかにするため BsNHX cDNA のクローニングを行った。ｵﾙｶﾞﾈﾗ型／細胞膜型 Na^+/H^+ antiporter において保存された領域からプローブを合成し PCR を行い、約 700bp の断片を得た。その配列は、他の NHX cDNA と高い相同性を示した。この断片をプローブにして全鎖長 cDNA をスクリーニングした。

1pB10

耐塩性植物オオムギとオカヒジキに存在する Na^+/H^+ アンチポーター遺伝子の解析

福田篤徳、佐伯かおる、中村敦子[1]、田中喜之
（農水省・生物研,[1]筑波大・生物科学）

Na^+/H^+アンチポーターは、生体膜を介したpH勾配をエネルギー源として利用して細胞質に存在する Na^+ を液胞内に輸送するため、植物の耐塩性に重要な働きをしていると考えられている。近年、出芽酵母で得られた Na^+/H^+アンチポーター遺伝子（*NHX1*）とホモロジーのあるクローンが、イネなどの植物からいくつかクローニングされているが、まだその数は少ない。

本研究では、耐塩性の高いオオムギ、及び塩生植物オカヒジキから Na^+/H^+アンチポーター遺伝子をクローニングし、全塩基配列を決定した。それぞれの全長は、2,564、2,509 塩基対、コードしているタンパク質は 538、559 アミノ酸であった。本発表では、これらの遺伝子と耐塩性の低いイネのアンチポーター遺伝子との比較や塩ストレス下での発現変化の違いを報告する。

1pB11

ダイコン細胞膜、液胞膜水チャネルの細胞特異的蓄積

須賀しのぶ、前島正義（名大院・生命農）

植物の細胞膜と液胞膜には各々固有の水チャネルが存在する。これまでにダイコン(*Raphanus sativus*)では細胞膜水チャネル(PAQ1, PAQ2)と液胞膜水チャネル（VM23）に対する特異抗体を得ている。今回、細胞膜と液胞膜水チャネルに対する抗体を利用し、器官・組織・細胞特異的蓄積を検討した。

ダイコンの成熟前さや・種子についてタンパク質蓄積量を器官別に解析したところ、いずれの分子種もさやで多く蓄積してたが、種子ではPAQ1をのぞき蓄積が見られなかった。次にtissu print法によりダイコン塊根と葉柄について解析を行ったところ、塊根において細胞膜型と液胞膜型は異なる蓄積パターンを示した。細胞膜型は特に形成層輪において蓄積していた。葉柄においては両水チャネルともに維管束組織で多く蓄積していた。さらに詳細な情報を得るために、免疫組織化学的手法を用いて、ダイコン塊根・葉柄、ダイコン実生根・胚軸について解析を行った。細胞膜、液胞膜水チャネルともに葉柄の維管束組織、実生の根、胚軸の内鞘、内皮で多く蓄積していた。ダイコン塊根ではtissu print法による解析結果と同様に細胞膜型と液胞膜型ではその蓄積パターンが異なり、細胞膜型は形成層輪において特に多く蓄積していた。これらの結果から細胞膜、液胞膜両水チャネルの機能について考察したい。

1pB12

sGFP融合タンパク質のBY-2細胞での発現による細胞膜、液胞膜水チャネルの局在化機構の解析

土屋知寛、須賀しのぶ、前島正義(名大院・生命農)

植物細胞には細胞膜と液胞膜に固有の水チャネルが存在する。本研究ではダイコンから単離した細胞膜(PAQ1)と液胞膜(γ-VM23)の水チャネルを材料として細胞内局在化機構の解析を目指した。sGFPを各々の水チャネルのN末、あるいはC末に付けた融合タンパク質をタバコBY-2細胞で35Sプロモーターを用いて過剰発現させた。その結果を共焦点レーザー顕微鏡で観察したところ、PAQ1は細胞膜H^+-ATPaseと同一膜上に検出され、γ-VM23はFM4-64で染まる膜（液胞膜）上に検出された。粗膜画分をショ糖密度勾配遠心で分画した結果と合わせて報告する。さらに、PAQ1とγ-VM23の末端配列を欠失したクローンおよび各々の前半部と後半部を組み合わせたキメラクローンを作成した。これらのクローンとsGFPとの融合遺伝子もBY-2細胞へ導入し、観察を行った。これらの結果をもとに細胞膜、液胞膜タンパク質の局在化に必要な情報について述べる。

1pB13

高等植物におけるα-トコフェロール膜間輸送

柴田勝, 芳賀聡, 小倉あゆみ(長岡高専・物質工学)

葉緑体は、包膜(外膜), チラコイド膜(内膜)および水溶性のストロマ(膜間)から構成されている。チラコイド膜にはα-コフェロール(α-Toc) が多量に存在しているが、その合成は包膜で行われており、チラコイド膜にはその生合成に関与する酵素は存在していない。α-Toc は脂溶性であり単独では包膜からチラコイド膜に移動することができないことから、葉緑体にはα-Toc の包膜・チラコイド膜間輸送系の存在が考えられる。これらのことから、α-Toc 含有リポソームから単離チラコイド膜へのα-Toc 移動速度を測定することにより、葉緑体内のα-Toc 膜間輸送について調べた。ただし、リポソームを用いた *in vitro* 膜間輸送では、2種のα-Toc 移動現象①特異的移動(α-Toc のみ移動)および②非特異的移動(膜同士の物理的接触により起こる膜内物質の移動)が同時に起こることから、これらを明確に区別して測定しなければならない。葉緑体内ではα-Toc の膜間移動は膜同士の物理的接触により引き起こされるものではないことから、葉緑体内のα-Toc 膜間輸送を調べるには特異的移動のみの測定が必要となる。このことから、リポソームを蛍光色素(cholesteryl 1-pyrene butyrate)でラベルすることにより特異的なα-Toc 移動の測定を行った。リポソーム・チラコイド膜間のα-Toc 移動を調べた結果、α-Toc 膜間移動量は反応時間と共に増加していた。リポソームからチラコイド膜へのα-Toc 移動量は、ストロマタンパク質の添加量と比例しており、また、タンパクの熱変性、プロテアーゼ処理により移動活性が消失したから、膜間輸送はストロマタンパク質(α-tocopherol transfer protein(s); TTP)により行われていることが示唆された。

1pB14

タンパク質の細胞間移行について—CPCタンパク質とイネチオレドキシンhを用いた実験

守智子[1]、越野泰裕[2]、林浩昭[1]、岡田清孝[2]、藤原徹[1,3] ([1]東大院・農・応生化、[2]京大院・理・植、[3]PRESTO,JST)

細胞間移行能を持つといわれる植物内在性のタンパク質がいくつか知られている。そのうちの一つとしてイネチオレドキシンh (TRXh) はタバコ葉肉細胞へのインジェクションにより細胞間移行を示すことが報告されている(Ishiwatari et al.,1998)。

CPC (*CAPRICE*)遺伝子はシロイヌナズナの根の表皮細胞、非根毛形成細胞で発現する。しかし、CPC-GFP融合タンパク質を発現する形質転換体ではGFPの蛍光が根の表皮細胞全体で観察された。このことからCPCタンパク質が細胞間を移行していることが示唆された。

大腸菌で発現したCPC-GFP及びTRXh-GFP融合タンパク質をタバコ葉肉細胞にマイクロインジェクションした。GFPは20～30%の頻度で細胞間を移行したのに対し、TRXh-GFPは約50%、CPC-GFPは約75%の頻度で細胞間を移行した。以上のことからCPCタンパク質にはTRXhと同様に細胞間移行能があることが示唆された。

1pB15

イネ維管束系を介した糖転流機構の解析

松倉千昭、廣瀬竜郎[1]、大杉立[2]、山口淳二 (名大・生物分子応答研究セ、[1]北陸農試、[2]農水省生物研)

維管束系を介した同化産物 (糖) の適切な輸送と再分配は植物の正常な生長に不可欠であるが、維管束系自体の機能も含め転流の詳細な動態や制御様式には依然不明な点が多く残されている。

演者等はイネの維管束系に注目して解析を進め、これまでに (1) イネスクローストランスポーター・*OsSUT1*が篩部伴細胞に特異的に発現し転写レベルで光と糖自体の制御を受けること (2) 維管束系の形成パターンが属するクラスにより異なり、横走維管束形成が葉鞘通気腔の形成過程に密接に関与していること、等を明らかにしてきた。

今回はスクロース合成酵素、スクロースリン酸合成酵素等の糖代謝系遺伝子について*in situ* 解析を行い、両者の維管束内における発現分布を明らかにした。　また、最近SUT遺伝子が植物個体内に多コピー維持され複合的な制御を受けている可能性が示唆されていることから、*OsSUT1*についてもより詳細な組織特異性の検定を行ったので併せて報告する。これらの結果を併せた上でイネにおける維管束を介した糖転流の動態をより詳細に把握することを試みる。

1pB16

PETIS法を用いたオオムギ，トマトにおける^{52}Mnの吸収・移行・転流解析

中西啓仁[1], 清宮正一郎[1], Bughio Naimatullah[1], 渡辺 智[2], 石岡典子[2], 長 明彦[2], 内田 博[3], 辻 淳憲[3], 松橋信平[2], 関根俊明[2], 橋本昭司[2], 森 敏[1]
(1 東大院・農学生命科学, 2 日本原子力研究所, 3 浜松ホトニクス)

^{nat}Cr(p, xn)^{52}Mnにより生成したポジトロン放出核種^{52}Mnを用いて，オオムギ，トマトにおけるMnの吸収・移行をPETIS (positron emitting tracer imaging system)法で可視的にかつ経時的に観察した．根から吸収された^{52}Mnは植物体全体へと移行した．コントロールオオムギでは最新葉，最大展開葉，根と葉の付け根部分であるdiscrimination center (d.c.)が強く標識された．^{52}Mnが根から吸収され，d.c.へ移行するのに40分を要した．また，ここから葉での上部への移行速度は約0.2cm/分であった．葉の先端から吸収させた^{52}Mnは約1cm/分で下方移行し，まず，d.c.へ蓄積され，ここから根，最新葉，最大展開葉へと移行した．マンガン欠乏オオムギの場合には，d.c.が非常に強く標識され，吸収された^{52}Mnのほとんどは根と最新葉に蓄積し，古い葉への移行は少なかった．マンガン過剰オオムギでは^{52}Mnの吸収・移行はほとんど観察されなかった．トマトにおいても地上部全体への移行がみられ，特に成長中の若い葉に多くの^{52}Mnが移行した．鉄が十分にある条件でも鉄欠乏クロロシスを示すトマトのニコチアナミン欠損変異株クロロネバにおいても^{52}Mnの移行を経時的に観察し，野生型との移行の差について検討した．

1pB17

PETIS (Positron Emitting Tracer Imaging System) 法を用いた $^{13}NH_4^+$ のイネにおける吸収・移行・転流解析

清宮正一郎[1]，中西啓仁[1]，内田博[2]，辻淳憲[2]，原田典弘[2]，塚田秀夫[2]，松橋信平[3]，橋本昭司[3]，関根俊明[3]，森敏[1]（1東大院・農学生命科学，2浜松ホトニクス，3日本原子力研究所）

イネにポジトロン放出核種 ^{13}N（半減期：9.96）標識 $^{13}NH_4^+$ を経根又は経葉投与しPETIS法を用いて，非破壊でリアルタイム計測を行った．経根投与で最も強く標識される部位は、DC (discrimination center) であった．地上部では最新葉と次に新しい葉（活動中心葉）が強く標識された．暗条件ではDCへの移行量が40％に減少した．わずか2時間のN欠乏処理でDCへの移行が143％に促進された．NO_3^- の36時間前処理により250％に促進された．MSO (methionine sulphoximine) による30分処理により7％に減少した．活動中心葉の先端からの $^{13}NH_4^+$ の投与では，標識化合物の転流がほとんど見られなかった．これらの結果の意味について考察する．

1pB18

トビイロウンカ口針を用いたイネ植物体の篩管への物質注入法（MUSI法）の開発

藤巻秀、藤原徹、林浩昭（東大院・農・応生化）

近年、マイクロインジェクション法により高等植物の篩管に蛍光物質を注入した例がいくつか報告されている。しかし、篩管は非常に細く（イネの場合で直径およそ１０ミクロン以下)、また表皮以下何層もの厚く堅い細胞壁を持つ細胞の下を通っているために、これらの上部組織を取り除くか篩部組織を切り出した後に、顕微鏡下でガラス針を挿入しなければならなかった。今回我々は、組織を切り出したりすることなく、イネの吸汁害虫であるトビイロウンカの口針を用いてイネの篩管に物質を導入する方法（MUSI 法）を開発したので報告する。また、本法により、分子量の異なる２種類の蛍光物質の混合溶液を一本の篩管に導入したところ、分子量の違いに応じた分布の違いが観察されたので、併せて報告する。

2aB01

ケツルアズキ発芽種子におけるα-アミラーゼの細胞内輸送およびデンプン顆粒分解過程の解明

豊岡公徳，岡本龍史，南川隆雄（東京都立大院･理･生物）

α-アミラーゼはケツルアズキ種子発芽期に子葉細胞中で発現し，細胞内に蓄積している貯蔵デンプンの分解に関与する。双子葉植物と単子葉植物の種子構造の違いから，双子葉植物の子葉細胞におけるα-アミラーゼの細胞内輸送経路およびデンプン顆粒の分解機構は単子葉植物種子のそれと大きく異なることが推定される。ケツルアズキ種子の胚軸を吸水後に切除し，子葉のみをインキュベートすると（Detached cotyledon: DC)，子葉中のα-アミラーゼの発現量が増加するにもかかわらず，貯蔵デンプン量はほとんど減少しないことが報告されている。この DC および胚軸を切除せずに通常に生育させた子葉(Attahed cotyledon: AC) について，それぞれの子葉細胞中におけるα-アミラーゼの細胞内輸送経路を免疫組織化学的手法により調べ，さらにそれら子葉細胞内の構造変化を比較した。その結果，AC･DC ともにα-アミラーゼはゴルジ体を経由してタンパク質貯蔵型液胞（PSV）へ輸送されることが観察された。そして，AC においては PSV から変換した分解型液胞（LV）にデンプン顆粒が取り込まれることが観察されたが，DC においては PSV の LV への変換およびデンプン顆粒の取り込みは観察されなかった。以上のことから，ケツルアズキ発芽種子のデンプン顆粒の分解過程には，α-アミラーゼが PSV へ輸送され，その PSV が LV へ変換しデンプン顆粒を取り込むことが必須であると推定される。

2aB02

タンパク質貯蔵に関与するイネ胚乳細胞粗面小胞体の分化と細胞内局在

武中壮祐･島田武明･牧野英志･森田重人*･増村威宏*･田中国介*(京府大･生資化･遺伝子 *兼 京府農資センター)

イネ種子の胚乳細胞には機能の異なる2種類の小胞体（ER)、すなわちタンパク質貯蔵型小胞体(PB-ER)および通常型小胞体(C-ER)が存在する。今回我々は走査電顕を用いてこれらの ER の形態および細胞内分布について観察を行った。イネ胚乳細胞における ER の分布は透過電顕観察から、C-ER が細胞中に広範に分布しており、C-ER 各所の末端が肥大して PB-ER を生じると推定されていた。しかし今回の走査電顕観察により、PB-ER と C-ER は細胞内の異なる領域に存在していること、C-ER は層状構造をとるが PB-ER は網目状に分化しており、プロテイン･ボディを網目構造内に含むことが明らかとなった。この構造から、PB-ER の形成には微小管を含む細胞骨格等との相互作用が推定され、PB-ER が高度に分化した構造である事が示唆される。また PB-ER と C-ER は比重が異なるため、遠心分画が可能である。細胞破砕後に回収した遠心画分について生化学的、組織化学的、形態学的に検討を加えた。その結果についても併せて報告する。

2aB03

シロイヌナズナ緑葉ペルオキシソームに局在する27-kDaタンパク質の細胞内輸送

加藤朗，目黒文晃、川上健太郎，真野昌二[1]，西村幹夫[1]（新潟大・理・生物，[1]基生研・細胞生物）

[目的] ペルオキシソームタンパク質の多くは輸送シグナルとしてC末端にPTS1(peroxisomal targeting signal 1)を，もしくはN末端にPTS2を有している。シロイヌナズナの緑葉ペルオキシソームに局在する27-kDaタンパク質は，高分子量前駆体として合成され，そのN末端延長配列内にはPTS2の保存配列が見い出されるが，C末端にもPTS1と相同なアミノ酸配列をもつユニークなタンパク質である。発表者らはこの27-kDaタンパク質の細胞内輸送機構を明らかにすることを目的として，以下のような解析を試みた。

[方法と結果] 27-kDaタンパク質のN末端側43アミノ酸およびC末端側10アミノ酸とGFP (green fluorescent protein) との融合タンパク質 を発現するTi-プラスミドベクターをそれぞれ構築した。これらをパーティクルデリバリーシステムによってシロイヌナズナのロゼット葉に導入し，一過的に発現，蓄積するGFP融合タンパク質の細胞内局在を共焦点レーザースキャン顕微鏡により検討した。その結果、N末端-GFP融合タンパク質はペルオキシソームに局在すること、GFP-C末端融合タンパク質は細胞質にとどまることが観察された。現在これらの結果を形質転換シロイヌナズナにおいても検証中である。

2aB04

カボチャカタラーゼのペルオキシソーム移行シグナルの解析

寺内白梅薫、西由起子、江坂宗春、真野昌二[1]、西村幹夫[1]

(広島大・生物生産、[1]基生研・細胞生物)

カタラーゼはペルオキシソームタンパク質の一つである。多くのペルオキシソームタンパク質は C 末端にある SKL モチーフが移行シグナル(PTS1)として機能し、ペルオキシソームへ輸送される。カタラーゼについては、C 末端より数アミノ酸上流に SKL モチーフ様の配列が認められるが、移行シグナルとして機能しているかどうかは不明である。

本研究では、カボチャカタラーゼ(Cat1)の輸送シグナルについて検討した。Cat1cDNA またはその一部を欠失した遺伝子と GFP との融合遺伝子をタバコ培養細胞(BY-2)に導入し、融合タンパク質の細胞内局在を観察することにより、輸送シグナルの同定を試みた。その結果、C 末端 9 アミノ酸(SKL モチーフ様配列を含む)はペルオキシソームへの移行に必須でないことが示された。さらに、C 末端側-9 位から-32 位の間に移行シグナルとして機能する配列が存在する可能性が示された。現在、C 末端 17、21、25 アミノ酸欠失タンパク質や、C 末端側 50、150 アミノ酸を付加した融合タンパク質がペルオキシソームへ移行するかどうか検討中である。

2aB05

植物特異的な小胞輸送制御機構の解析

上田貴志，山口雅利[1]，内宮博文[1]，中野明彦（理研・生体膜，[1]東大・分生研）

小胞輸送は，全ての真核生物に存在する細胞内物質輸送システムであり，その分子機構は，酵母から高等動植物にいたるまで非常によく保存されている．それらの中でも，Rab/Ypt GTPase は，小胞と標的膜の融合制御のための分子スイッチとして，構造，機能ともに高度に保存された分子であると考えられてきた．我々は，このRab/Ypt GTPaseにおいて，植物特異的な新規Subfamilyが存在することを見出し，その解析を行っている．シロイヌナズナ由来のAra6は，ヒトRab5Cと最も高い相同性を示すが，すべてのRabに保存されているC末端の脂質修飾ドメインを持たず，N末端にミリストイル化，及びパルミトイル化のコンセンサス配列を持つ．このことから，Ara6は，その機能，制御機構ともに他のRabとは異なっていると推測され，高等植物が小胞輸送制御のために独自に進化させた分子種であると考えられる．本大会では，細胞分画，及びGFPとの融合タンパク質を用いた解析等により，Ara6がエンドサイトーシス経路において機能すること，その局在が結合するヌクレオチドにより変化すること等を明らかにしたので報告する．

2aB06

植物細胞における小胞輸送の制御

ー植物 Sar1 の優性阻害型変異を用いたアプローチ

竹内雅宜，佐藤　健，上田貴志，安部　弘，中野明彦（理研・生体膜）

私たちは，植物細胞における小胞輸送の意義を明らかにするために，植物の Sar1 GTPase をツールとして用いた研究を進めてきた．Sar1 は，酵母において，小胞体からの輸送小胞の形成を制御する必須因子であることが証明されている．植物 Sar1 の優性阻害型変異を条件的に発現させ，植物細胞における小胞輸送を人為的に制御する系の構築をめざしてきた．これまで，酵母細胞における植物Sar1の機能解析を行い，Sar1 機能は酵母と植物で高度に保存されていること，また植物 Sar1 の優性阻害型変異を酵母で発現させた場合に，小胞体からゴルジ体へのタンパク質輸送に損傷を引き起こすことなどを明らかにしてきた．

今回，植物培養細胞において植物 Sar1 の優性阻害型変異を一時的に発現させ，ゴルジ体の膜タンパク質を小胞体に局在化させることに成功した．これは，ゴルジ体膜タンパク質のリサイクリングが小胞体ーゴルジ体輸送の阻害によって損傷を受けたことを示唆している．

2aB07

C 末端 KDEL 配列をもつ液胞プロテイナーゼ（SH-EP）の細胞内輸送機構：タバコ BY2 細胞を用いた解析

岡本龍史，豊岡公徳，南川隆雄（東京都立大院・理・生物科学）

液胞プロテイナーゼ SH-EP はケツルアズキ発芽子葉中で発現し、貯蔵タンパク質の分解を担っている。このプロテイナーゼは液胞に局在するにもかかわらず、同一ポリペプチド上に小胞体残留シグナルとして知られる C 末端 KDEL 配列をもつ。この KDEL 配列は SH-EP を前駆体として小胞体に一時的に蓄積する機能をもつと推定されており（Okamoto et al., 1999）、さらには子葉細胞の免疫組織化学的解析により、プロ型 SH-EP が小胞体の一部に集積したのち、直径 200-500 nm の小胞（KDEL-tailed cysteine proteinase accumulating-vesicle, KV）により大量のプロ型 SH-EP がゴルジ体を介さず液胞に直接運ばれることが明らかにされた（Toyooka et al., submitted）。今回は KDEL 配列の KV 形成への関与を調べるために、KDEL 配列をもたない SH-EP（KDEL-）と SH-EP（KDEL+）をそれぞれタバコ BY2 細胞において発現させ、それらの細胞内輸送経路をパルスチェイス、細胞内分画および免疫ブロット法を用いて解析した。SH-EP（KDEL+）は子葉細胞と同様にプロ型 SH-EP が小胞体に一時的に蓄積したのち液胞へと輸送されたが、SH-EP（KDEL-）では小胞体での一時的蓄積はみられず、SH-EP は培地中に分泌され、さらに一部は液胞へも輸送されていた。これらの結果から、KDEL 配列が KV の形成に重要な役割をもつことが推定された。現在、免疫組織化学的手法を用いて、BY2 細胞内における SH-EP（KDEL+, KDEL-）の細胞内輸送経路の詳細な観察を試みている。

Okamoto et al., (1999) J. Biol. Chem. 274: 11390-11398.

2aB08

糖鎖合成阻害剤ツニカマイシンに耐性を示すシロイヌナズナ

小泉望、伊原（宇治野）徳子、Maarten J. Chrispeels1、佐野浩（奈良先端大・遺伝子、1カリフォルニア大サンディエゴ校）

ツニカマイシンはN結合型糖鎖合成の初期反応を触媒するUDP-GlcNAc:dolichol phosphate GlcNAc-1-P transferase (GPT)を特異的に阻害することで細胞毒性を示す。ツニカマイシンによる小胞体でのタンパク質糖鎖付加の阻害でタンパク質のフォールディングに支障が生ずるとBiPを初めとする小胞体シャペロンが誘導される。この現象はunfolded protein reponse（UPR)と呼ばれる。我々はシロイヌナズナからGPTのcDNAを単離し、シロイヌナズナにおいて過剰発現させた。トランスジェニック植物は野生型の10倍以上のGPT活性を有し、野生型シロイヌナズナが生育できない濃度（0.3 μg/ml）のツニカマイシンに抵抗性を示した。ツニカマイシン存在下でもトランスジェニック植物は糖タンパク質を合成し、野生型でBiPが誘導される濃度のツニカマイシン処理ではBiPの誘導は見られなかった。GPT遺伝子を選択マーカーとして用いることでトランスジェニックシロイヌナズナをツニカマイシン含有培地で選抜することが可能であった。

2aB09

液胞輸送レセプター PV72 と輸送シグナルの相互作用に関する研究

渡辺悦子[1,2]、嶋田知生[1,2]、黒柳美和[1]、林潤[1]、西村いくこ[3]、西村幹夫[1,2]（[1]基生研・細胞生物、[2]総合研究大学院大学・生命科学、[3]京大院・理・生物）

目的）これまでに我々は、ER から液胞へと貯蔵タンパク質の前駆体を運ぶ PAC 小胞（Precursor-accumulating vesicles）に液胞輸送レセプター PV72 を見いだした（1）。PV72 と液胞輸送シグナルとの結合及び解離メカニズムを解明するため、PV72 のルーメンドメインを大量発現するための系を構築し、得られた組換えタンパク質（rPV72）と貯蔵タンパク質 2S アルブミンの結合、解離様式を解析した。

結果）PV72 のルーメンドメインをコードする cDNA を組み込んだバキュロウイルス用発現ベクター pBPV72 を構築し、昆虫細胞に感染するウイルスを作製した。ウイルスを細胞に感染させ経時変化を調べたところ、感染後 36 時間目に可溶性画分に rPV72 が最も多く発現していた。この粗抽出液中の rPV72 は 2S アルブミンの液胞輸送シグナルに対する結合能力を示した。そこで、この条件下で培養した細胞から rPV72を精製し、BIAcore（タンパク質相互作用解析装置）を用いて rPV72 の生化学的解析を行った。rPV72 は 2S アルブミン由来の液胞輸送シグナルとして機能するペプチドに結合し、その変異ペプチドには結合しなかった。従って、rPV72 は野生型PV72 と同様の性質を持つと考えられた。一方、PV72 のルーメンドメインにはカルシウム結合 EGF 様モチーフがあるが、EDTA でカルシウムを除くと、rPV72 はペプチドに結合しなくなった。この結果からカルシウムが、PV72 の輸送シグナルへの結合及び解離を制御している可能性が示唆された。

1)Shimada T. et al. Plant Cell Physiol. 38: 1414-1420 (1997)

2aB10

GUS-レポーター法による AtVAM3p の器官特異的発現パターンの解析

植村知博、光田展隆、佐藤雅彦（京大・総合人間、京大院・人間環境）

高等植物の液胞は二次代謝産物の貯蔵・不要物の分解・浸透圧の調節・細胞内充填機能などの機能をもっている。しかし、液胞が形成される分子メカニズムは明らかではない。我々は出芽酵母における液胞形成遺伝子と考えられる *VAM3* の変異株を相補できる遺伝子として *AtVAM3* をシロイヌナズナより単離した。今回、我々は *AtVAM3* が７つのエキソンと６つのイントロンから構成されていることを明らかにした。また、*AtVAM3* と相同性が一番高い *AtPLP* も同様に７つのエキソンと６つのイントロンからなっていることも明らかにした。続いて、①*AtVAM3* のプロモーター領域１９００bp+GUS-レポーター遺伝子② *AtVAM3* のプロモーター領域１２００bp+GUS-レポーター遺伝子③*AtVAM3* のプロモーター領域６００bp+GUS-レポーター遺伝子のコンストラクトをそれぞれ作成しそれらを導入した遺伝子組み換え植物を作出した。GUS-レポーター解析の結果、根では先端の伸長領域を除いた成熟した細胞で強い発現がみられた。また、葉の鋸歯や花糸での発現が強いことも分かった。①・②・③それぞれの植物でのレポーター遺伝子の発現パターンは同じであった。よって、６００bp のプロモーター領域内に *AtVAM3* の発現に必要なエレメントがあると考えられる。

2aB11

ジャガイモ塊茎20-kDaタンパク質前駆体のN末端側プロペプチドとC末端部分には異なった液胞輸送シグナルが存在する

小出康博[1]，松岡　健[1]，大藤雅章[2]，中村研三[1,2]
([1]名古屋大院・生命農・生化，[2]基生研・発生生物)

ジャガイモ塊茎には見かけの分子量20-kDa付近を示すKunitz型トリプシンインヒビターファミリーが存在する。その中の1つPT20前駆体は、サツマイモの液胞タンパク質スポラミン(SPO)の液胞輸送シグナル(VSS)であるN末端側プロペプチド(NTPP)中のNPIRL配列と類似したNPINL配列をNTPP中に、またC末端側にNPLDV配列をもつ。PT20前駆体のNTPPを含むN末端側33アミノ酸とPT20前駆体のNPLDV配列を含むC末端側13アミノ酸をそれぞれ、液胞輸送シグナルを欠失させたΔproスポラミンのN末端側もしくはC末端側に繋げたnPT20-SPO及びSPO-PT20c遺伝子を作成して、タバコ培養細胞BY-2で発現させた。その結果、いずれの前駆体の場合にもSPOは液胞画分に検出された。細胞のwortmannin処理と前駆体のC末端へのGly残基の付加はオオムギ・レクチンのC末端プロペプチド(CTPP)依存性液胞輸送を阻害するのに対し、NPIRL型VSSはwortmanninや前駆体C末端へのGly付加によって影響されない。SPO-PT20cの液胞輸送はnPT20-SPOの場合とは異なり、wortmanninとC末端へのGly付加によって液胞輸送が阻害され、またPT20のC末端のSFKQVQ配列がCTPP型VSSとして機能することが分かった。以上結果より、PT20前駆体にはNTPP中のNPIRL型VSSとC末端のCTPP型VSSの異なった種類のVSSが存在することが明らかとなった。

2aB12

高等植物におけるオートファジーに関する解析

花岡秀樹[1,2]、野田健司[1,2]、白野由美子[3,4]、佐藤修正[5]、加藤友彦[5]、林浩昭[6]、柴田大輔[3,5]、田畑哲之[5]、大隅良典[1,2]
([1]基生研,[2]総研大,[3]三井業際植物,[4]New Jersey大,[5]かずさDNA研,[6]東大院・農・応生化)

オートファジー（自食作用）とは、栄養饑餓に伴い、細胞が細胞質成分を液胞等へ輸送、分解するという真核生物に普遍的に存在する現象である。酵母を用いた解析から、その分子機構が明らかになりつつある。

我々はこれまでにオートファジーに関わると予想されるシロイヌナズナのcDNAを7つ単離した。そして、高等植物におけるオートファジーの生理的機能を探るために各遺伝子のT-DNA挿入破壊株をスクリーニングした。結果、現在までに3つの破壊候補株を得た。これらの植物を糖濃度の異なる培地で生育させた結果や、各遺伝子の解析の進行状況について報告する。

また、各植物個体でのオートファジー能を定量的に評価できる系の確立を目的として、培養細胞レベルでの研究も行っている。現在、野生型培養細胞を糖欠乏にさらした際の形態的、生理的変化とオートファジーとの関わりについて検討中である。

2aB13

タバコ培養細胞がショ糖飢餓に応答して起こす2種類の自食作用

高塚千広，三好泰博[1]，森安裕二[1]（静岡県立大学・生活健康科学研究科，食品栄養科学部[1]）

タバコ培養細胞(BY-2)を，ショ糖飢餓処理すると，細胞内のタンパク質分解が亢進する。このタンパク質分解を，プロテアーゼ阻害剤によって阻害すると，自食作用を担っていると考えられるオートリソソーム(AL)が核周辺に蓄積する。本研究では，細胞をショ糖飢餓処理後，時間をずらして阻害剤を投与し，その後のAL蓄積を観察することにより，AL形成の時間を正確に求めようと試みた。その結果，ALは，ショ糖飢餓処理後，約10から19時間の間に，一過的に現れることがわかった。さらに，ALが消滅した後もタンパク質分解は継続し，同時に，細胞質の未分解物と思われる顆粒が，液胞内で増加することがわかった。よって，ショ糖飢餓に伴うタンパク質分解には，ALを介した自食作用と，ALを介さず液胞が直接関与する自食作用という，2種類の自食作用が寄与する可能性が示唆された。

2pB01

Tillandsia ionantha (air plant) の葉部における特異な水吸収能

大類太郎[1]、青木亜祐美[1]、貴家康尋[2]、坂田洋一[2]、武長宏[1]、田中重雄[2]（[1]東京農大・農化、[2]同・バイオ）

着生植物である *Tillandsia ionantha* の葉部は，通常の植物とは異なり大量の水を吸収することができる．本植物の特異な水吸収能は，塩化第2水銀により抑制されたが，β-メルカプトエタノール処理により回復した．この結果は，水チャンネルとして知られているアクアポリンが，*T. ionantha* 葉の水吸収能に関与していることを示唆している．そこで，我々はRT-PCR法を用いて，本植物から細胞膜アクアポリンと相同性のある3種の新規cDNAクローン(*TiPIP1a*, *TiPIP1b*, *TiPIP2a*)を単離した．すべてのクローンのmRNA発現レベルは，植物体を水に浸積することによって急速な増加を示した．興味深いことに，*TiPIP1a* のmRNA発現レベルは水蒸気にさらすことによっても増加した．

2pB02

浸透圧ストレスによる孔辺細胞内でのリンゴ酸蓄積促進とその生理学的役割

浅井尚子, 中嶋信美[1], 玉置雅紀[1], 後藤潔[2], 鎌田博, 近藤矩朗[3]
(筑波大・生物, [1]国立環境研, [2]聖徳大, [3]東大・院・理・生物)

気孔は大気との接点にあるため、特に大気の乾燥時には孔辺細胞は乾燥に曝される。したがって、孔辺細胞は乾燥に対して何らかの防御反応を持っていると考えられるが、そのしくみについては研究されていない。そこで本研究では孔辺細胞の乾燥に対する抵抗性のしくみについて調べた。ソラマメ(*Vicia faba* L.)の葉の裏側表皮を0.4 Mマンニトール水溶液に浸潤することにより、孔辺細胞に浸透圧ストレスを与え乾燥の代わりとした。孔辺細胞では、光依存的にリンゴ酸蓄積が起こるが、浸透圧ストレスはさらにその蓄積を促進した(1)。ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ(PEPC)の特異的阻害剤 DCDP処理によってリンゴ酸蓄積は阻害された(2)。また、$^{14}CO_2$からリンゴ酸への ^{14}C の取込みは浸透圧ストレス下で上昇した。これらの結果から、PEPC を介した合成経路でのリンゴ酸の蓄積が浸透圧ストレスにより上昇することが示された。ウエスタンブロット解析を行ったところ、孔辺細胞の PEPC のタンパク量が浸透圧ストレスで上昇することが明らかになった。また、孔辺細胞にDCDP処理を行うと気孔開度が低下したことから、リンゴ酸蓄積が孔辺細胞内の浸透圧上昇に寄与していることが示唆される。

(1) Asai et al. (1999) *Plant Cell Physiol.* 40: 843-849.
(2) Asai et al. (2000) *Plant Cell Physiol.* (in press).

2pB03

カタラーゼおよびベタイン合成遺伝子を導入した淡水性ラン藻の塩ストレス応答

加来伸夫、日比野隆[1]、石川浩[1]、高倍鉄子[2]、高倍昭洋（名城大・総合研、[1]名城大・理工・化学、[2]名古屋大院・生命農・生物資源）

植物が高塩濃度下でも生育するためには、ベタインのような適合溶質の蓄積、Na^+の細胞外への汲み出し、または液胞への蓄積が重要である。同時に、塩ストレスによるCO_2取込み速度の低下は、電子伝達鎖の過剰な還元を招き、活性酸素の生成をもたらすことが考えられる。塩ストレスがもたらす酸化ストレスの寄与について検討するために、淡水性ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC 7942にカタラーゼおよびベタイン合成遺伝子を導入した。光強度が30 μE m^{-2} s^{-1} で培養したときは、カタラーゼ（*kat*E）およびベタイン合成（*bet*）遺伝子を導入した形質転換体は、高塩濃度下において、コントロール株よりも早い生育速度を示した。光強度が100 μE m^{-2} s^{-1} のときは、*kat*E遺伝子を導入した形質転換体は、高塩濃度下において、コントロール株よりも早い生育速度を示したが、*bet*遺伝子を導入した形質転換体は効果がなかった。これらの結果について報告する。

2pB04

耐塩性ラン藻 *Aphanothece halophytica* の分子シャペロンDnaKのフォールデイング活性に対する塩および温度の効果

日比野隆、加来伸夫[1]、高倍鉄子[2]、吉川博文[3]、高倍昭洋[1]（名城大・理工、[1]名城大・総合研究所、[2]名古屋大院・生命農・生物資源、[4]東京農大・応用生物・バイオ）

耐塩性ラン藻 *Aphanothece halophytica* は幅広い塩濃度(0.25～2.0 M NaCl)で生育可能なラン藻である。このラン藻の *dnaK* 遺伝子は、他の生物種のDnaK 蛋白質と比較すると、C末端領域のアミノ酸が約100個長い。そこで、*A. halophytica* の *dnaK* 遺伝子を大腸菌で大量発現させ精製した。精製したDnaK蛋白質は、淡水性ラン藻のDnaKとは異なり、高濃度のNaCl存在下においても、高いATP分解活性や、蛋白質フォールデイング活性を示した。*A. halophytica*のC末端領域を欠損させた変異体のATP分解活性は、高塩濃度下でも高い活性を示したが、蛋白質フォールデイング活性は著しく低下した。次に、*A. halophytica* の *dnaK* 遺伝子を大腸菌および淡水性ラン藻 *Synechococcus* sp. PCC 7942で発現させ、これら生物の高温およ高塩耐性を、生育速度、電子伝達活性等の測定により調べた。これらの結果について報告する。

2pB05

耐塩性ラン藻DnaK遺伝子導入タバコの高温ストレス耐性

小日向務、日比野隆[1]、田中義人[1]、鈴木茂敏、高倍鉄子[2]、高倍昭洋[3]（名城大・農・農学、[1]名城大・理工・化学、[2]名古屋大院・生命農・生物資源、[3]名城大・総合研）

分子シャペロンは、細胞内の様々な蛋白質の生合成反応（折れたたみ・会合・輸送・凝集）に関与している蛋白質であるが、同時に、生物が様々な環境ストレス（高温・低温・強光・乾燥）などにさらされたとき、細胞内の蛋白質が変性・失活するのを保護する作用があると考えられている。そこでDnaK蛋白質を過剰発現させたタバコを用いて高温ストレス耐性が付与されるかどうか検討した。*Aphanothece halophytica* の*dnaK* 遺伝子をCaMV35Sプロモーターの制御下で発現するようにした形質転換タバコを用いた。この形質転換タバコの、高温ストレス下における、発芽率、生育速度、CO_2固定速度、光合成電子伝達速度、蛋白質含量の変動について検討した。これらの結果について報告する。

2pB06

アラビドプシスにおけるプロリン量とP5CS、ProDH遺伝子発現量の昼夜変動

林史夫、和田敬四郎（金沢大・理・生物）

これまで塩ストレス下の植物において、プロリンの明期での蓄積、暗期での減少が観察されることを報告してきた。今回、アラビドプシスを用いて、このプロリン量の増減にP5CS、ProDH遺伝子発現量、酵素タンパク質量の変動が関係するか検討した。アラビドプシスでは非ストレス下でもある程度のプロリン量の蓄積が観察され、塩ストレスによりさらなる蓄積が観察された。ストレスの有無に関わらずプロリン量、各遺伝子発現量、酵素タンパク質量の昼夜変動は観察され、プロリン蓄積量はこれら遺伝子の発現量に関係があることが示唆された。また、連続明期下、連続暗期下で生育させた非ストレス植物体ではこれらの変動は観察されなかった。さらに、連続明期下ではP5CSタンパク質の大幅な蓄積、ProDHタンパク質の減少が観察されたにもかかわらず、プロリン量の蓄積は観察されなかった。このことはプロリンの蓄積はP5CS、ProDHの遺伝子発現量、タンパク質量に依存しないことを示し、活性発現のための異なる因子の存在を示唆した。

2pB07

ダイズのプロリン合成系に関する研究

梅澤泰史，水野幸一，藤村達人（筑波大・農工系）

プロリンは、植物における適合溶質の一つとしてよく知られている物質である。様々な植物で塩ストレスや乾燥ストレスに反応してプロリンが増加することが示されており、ストレス耐性に対して重要な役割を果たしていると考えられている。ダイズにおいても、乾燥および塩ストレスを受けるとプロリン含量が増加することが知られている。ところが、我々が耐塩性の異なる7品種のダイズを用いて、プロリン含量と耐塩性との関係を調べたところ、全く相関が認められなかった。このことから、ダイズのプロリン合成系がストレス応答性でない可能性が考えられる。そこで、ダイズのプロリン合成系のストレスに対する応答を調べる必要があると考え、まずプロリン合成系の酵素遺伝子のクローニングを試みた。植物におけるプロリンの生合成経路には、Δ^1-pyrroline-5-carboxylate synthetase（P5CS）によって触媒されるグルタミン酸経路と、δ-ornithine aminotransferase（δ-OAT）によって触媒されるオルニチン経路が存在し、どちらの経路でも最終的に Δ^1-pyrroline-5-carboxylate reductase（P5CR）の働きでプロリンが合成される。まずダイズの全RNAを抽出し、RT-PCRによってP5CS、δ-OATおよびP5CRの部分断片を単離した。P5CRはすでにダイズで単離され、全長が決定されている。P5CSについてはモスビーン由来のものと比較してアミノ酸レベルで85%、δ-OATは62.6%の相同性をもつ断片が得られた。上記で得られた断片をプローブとしてノーザン解析を行い、耐塩性品種Leeの塩ストレス下における遺伝子発現を調べたが、プロリン合成系の酵素遺伝子はいずれも誘導されていなかった。したがって、Leeのプロリン合成系はストレス応答性でない可能性が高い。今後は、Leeに比べてプロリンを多量に蓄積する品種についても解析を行い、ダイズのプロリン合成のメカニズムひいては耐塩性の戦略について明らかにしたいと考えている。

2pB08

葉緑体型グルタミン合成酵素遺伝子導入イネの高温・高塩耐性

田中義人、星田尚司[1]、林康行[2]、田中章[2]、日比野隆、高倍鉄子[3]、高倍昭洋[4]（名城大・理工、[1]山口大・工・応化工、[2]植物工学研究所、[3]名古屋大院・生命農・生物資源、[4]名城大・総合研究所）

植物は塩や乾燥などのストレスに曝されると蒸散を抑制するために気孔を閉じる。このことは、同時にCO_2の取り込みをも妨げ、過剰なエネルギーにより活性酸素種が生成し、植物に損傷を与える。ところで、光呼吸経路で生成するCO_2やホスホグリセリン酸がカルビン・ベンソンサイクルの基質であることから、光呼吸が活性酸素生成を抑制することが考えられる。このことを、実際に検討するために、光呼吸活性を増強した形質転換植物を作成した。すなわち、葉緑体型グルタミン合成（GS2）遺伝子をイネに導入した。形質転換体にはGS2の発現量が増加しているもの（G39-2）やほとんど失ったもの（G241-12）が得られた。G39-2の光呼吸活性はコントロールの約1.5倍であった。これら植物体に塩ストレスを与えたときの生育速度、電子伝達活性を調べた。また、形質転換体の高温ストレス下における生育速度、電子伝達活性について検討を行った。これらの結果について報告する。

2pB09

CLONING OF SALT-STRESS RESPONSIVE GENES FROM BARLEY BY DIFFERENTIAL DISPLAY

Akihiro UEDA, Toshihide NAKAMURA, Weiming SHI, Yasunori MURAMOTO, Yukio NARITA, Mihoko TAKAHASHI, Angelina M. ALVAREZ-NAKASE, Tetsuko TAKABE
Grad. Sch. Bioagri. Sci., Nagoya Univ., Nagoya 464-8601

In order to fully understand plant salt tolerant mechanism, a large scale screening of salt stress responsive genes was carried out by using differential display. Totally 480 RAPD primer species were used to screen out the candidates from both roots and leaves of barley (*Hordeum vulgare* cv. Haruna-nijo) under short-term (NaCl 200 mM 30 minutes) or long term salt stress (NaCl 300 mM 2 days). Up to date, around 300 clones have been isolated and sequenced from short-term salt stressed plants and 500 clones from long-term plants. So far, the isolated candidates can be divided into : salt stress related genes such as osmoprotectant synthesis related or signal transduction like P5CS, proline transporter, serine/threonine specific protein kinase; the genes whose relation to salt stress is still unclear such as ATP-RNA helicase, nuclease, transketolase. A large part of the isolated candidates are function unknown genes such as putative protein or no-hitting ones. Isolation of full length genes and their further analysis is in progress.

2pB10

オオムギの塩ストレス誘導型プロリントランスポーター遺伝子の単離

上田晃弘，施衛明[1]，中村敏英[1]、高倍鉄子[1]
（名古屋大・生物分子応答研究センター，[1]名古屋大院・生命農）

我々はオオムギを用いて、塩ストレス下で誘導される遺伝子をディファレンシャルディスプレイ法によって探索した。その結果、アラビドプシスとトマトで報告されているプロリントランスポーター遺伝子（*AtProT*, *LeProT*）と相同性の高い PCR 産物（約 1.3kbp）を得た。これをプローブとして cDNA ライブラリーから単離したクローンは全長 2,160bp であり、450 アミノ酸からなる 1 つの ORF を有していた。このアミノ酸配列はそれぞれ *AtProT2* と 60%, *LeProT3* と 55%の相同性を有しており、プロリントランスポーターをコードしている遺伝子であると考えられた。プロリンは適合溶質として働くことが知られており、本研究で得られたプロリントランスポーターは塩ストレス下でのプロリン輸送に関わっていることが推察された。

3aB01

イネ未熟種子で発現する OSK プロテインキナーゼの精製と標的タンパク質の探索

栗原渉[1,2]、島田浩章[2]、高野誠[1]（[1]農水・生物研・分子遺伝、[2]東京理科大・基礎工・生物工）

OSK は SNF1 と高い相同性を示すプロテインキナーゼファミリー（SnRK1）に属する。イネには 3 種類の OSK 遺伝子が存在し、塩基配列の相同性及び発現部位の特異性から、2 つのグループに分類される。このうち一方のグループは、イネ未熟種子の胚乳において特異的に発現していることが分かったため、胚乳におけるデンプンの蓄積に関わっていることが示唆されていた。そこで私たちは、OSK の標的となるタンパク質を同定することで、未熟種子における OSK の役割を明らかにしようと考えた。

私たちはイネ未熟種子の粗抽出液から、SAMS ペプチド（SnRK1 に特異的な基質）のリン酸化活性を指標にし、3 種類の陰イオン交換クロマトグラフィーによって約 100 倍にまで OSK タンパク質を精製することができた。一方、イネ未熟種子の mRNA を用いて、スクリーニング用の発現ライブラリーを作製した。そして精製された OSK タンパク質を用いて、固相リン酸化スクリーニング法により発現ライブラリーを検索した。

3aB02

トウモロコシショ糖リン酸合成酵素の活性調節部位（Ser162）への変異導入とイネでの過剰発現

高橋咲子，小野清美，宇垣正志[1]，石丸健，青木直大，大杉立（農業生物資源研究所・生理機能部，[1]生物工学部）

ショ糖リン酸合成酵素(SPS; EC 2.4.14)はショ糖合成のキーエンザイムであり、特定のセリン残基の可逆的なリン酸化を含め複雑な活性調節を受けている。SPS は暗条件下でリン酸化・不活性化され、基質やアロステリックエフェクターへの親和性を変化させる。またいくつかの形質転換植物において、過剰発現させた SPS タンパク質が明条件下でも不活性化されることが観察されている。

トウモロコシ SPS の活性調節部位 Ser162 を Ala に置換し、改変トウモロコシ SPS 遺伝子および対照用の非改変トウモロコシ SPS 遺伝子をイネで過剰発現させた。非改変トウモロコシ SPS を発現する形質転換イネは、明条件下で SPS 最大活性の増加に伴い SPS の不活性化を示した。一方、改変トウモロコシ SPS を発現する形質転換イネにおいてはこのような SPS の不活性化はみられず、さらに暗条件下での SPS の不活性化も起こらなかった。これらの結果より、トウモロコシ SPS の Ser162 が SPS の暗条件下での不活性化、および過剰発現により引き起こされる不活性化の両方に関わることが示唆された。

3aB03

枝作り酵素(BEIIb)遺伝子を導入したイネ *amylose-extender* 変異体の形質転換体の作製および解析

田中直樹、宇垣正志、川崎信二、佐藤光[1]、中村保典
(農水省・生物研、[1]九州大・農)

アミロペクチンは、分子内にクラスターと呼ばれる独特な側鎖構造を形成し、デンプンの物性を左右する。我々は、イネデンプンの物性を改変するために、形質転換系を利用し、イネのデンプン変異体にデンプン合成関連酵素遺伝子を導入し、アミロペクチンの構造を変化させる実験系を確立することを試みた。

アミロペクチンのクラスターの形成には、枝作り酵素(BE)が重要な役割を果たすことから、その発現を制御すればアミロペクチン構造を変化させることが期待できる。本研究では、イネ胚乳の BEIIb アイソフォームの変異体 *amylose-extender* (*ae*)に BEIIb 遺伝子を導入した。まず、イネ(キタアケ)ゲノム DNA ライブラリーから、BEIIb 遺伝子全領域をコードする DNA 断片を単離し、これを、*Agrobacterium* を介して、*ae* (EM-10)に導入した。その結果得られた複数の形質転換体の T1 種子について、胚乳の BE 活性を Native-PAGE/活性染色により調べたところ、BEIIb 活性が回復した種子を確認した。さらに、T1 種子のアミロペクチンの鎖長分布を解析したところ、EM-10 の鎖長分布とは異なり、EM-10 の親株(金南風)の鎖長分布に近い分布を示した。本研究で用いた実験系で、変異体のアミロペクチン構造を変化させ得ることが示された。そこで、BEIIb 遺伝子の発現を制御することによって、新しいタイプのアミロペクチンを生合成する可能性について検討する。

3aB04

イソアミラーゼ遺伝子の発現制御による組み換えイネのアミロペクチン構造改変

藤田直子、久保亜希子[1,2]，小沢憲二郎[2]，高岩文雄[2]，原田久也[1]，中村保典[2]（秋田県大・生物資源，[1]千葉大・園芸，[2]生物研）

我々はこれまで，イネ*sugary-1*突然変異体の解析から，枝切り酵素(DBE)の一つであるイソアミラーゼ(ISA)が，もう一つのDBEであるプルラナーゼ(PUL)とともにアミロペクチンの生合成過程で不可欠であると報告してきた（Nakamura et al., 1996, 1997, Kubo et al., 1999）．本研究では，ISA遺伝子をアンチセンスに形質転換したイネを作成し，アミロペクチンの鎖長分布が変化しているものを選抜することにより，形質が安定したT_3種子を得ることに成功した．選抜した形質転換イネの特徴を以下に示す．1) キャピラリー電気泳動で調べたアミロペクチンの鎖長分布は，コントロールに比べて重合度(DP)5~12およびDP24~37の鎖長のものが増加し，DP13~23およびDP38以上の鎖長のものが減少していた．2) Native-PAGE/DBE活性染色法で測定したISA活性は，コントロールの20~30%に低下していた．また，ウエスタンブロッティング分析の結果，ISAタンパク質の量が激減していた．一方，*sugary-1*突然変異体でみられたようなPUL活性の低下はみられなかった．3) RVA(Rapid visco analyzer) でデンプンの粘度測定を行ったところ，コントロールに比べて糊化開始温度が5~10度低かった．本結果から，イソアミラーゼ遺伝子の発現制御によって，イネのアミロペクチン構造を改変し，新規デンプンを作成する可能性が示された．

3aB05

アセチル-CoA カルボキシラーゼとフラボノイド合成

小西智一、1 中嶋信美、我彦広悦（秋田県立大・生物資源・生工研、1 国立環境研・地域）

細胞質ゾル型アセチル CoA カルボキシラーゼ（ACCase）はフラボノイド合成の調節酵素であると考えられる。この酵素遺伝子の発現調節を調べるため、シロイヌナズナに紫外線を照射してフラボノイド合成を誘導し、その間の ACCase の酵素量と mRNA の変動とを、フラボノイドの変動と比較した。この経路の調節に関する考察とともに紹介する。

3aB06

植物はアブシジン酸を非メバロン酸経路で、糸状菌はメバロン酸経路で生合成する

平井伸博、葭田隆治、[1] 大東 肇（京大院農・応生科、[1]富山県立大短大部）

アブシジン酸（ABA）は、植物ではカロチノイドを経て生合成されると考えられている。このことは ABA が 2-*C*-methyl-D-erythritol を前駆体として非メバロン酸経路で生合成されることを示唆している。一方、糸状菌は ABA をメバロン酸を前駆体とするセスキテルペノイド経路によって直接生合成するとされている。両者の ABA 生合成前駆体の違いを明らかにすることを目的として、[1-^{13}C]-D-glucose を用いて ABA の ^{13}C 標識化実験を行った。

ABA 生産糸状菌（*Botrytis cinerea* と *Cercospora pini-densiflorae*）およびユリノキ若枝にそれぞれ[1-^{13}C]-D-glucose を投与し、単離した化合物の ^{13}C 標識位置を ^{13}CNMR スペクトルによって調べた。その結果、*B. cinerea* と *C. pini-densiflorae* の ABA は、2, 4, 6, 1', 3', 5', 7', 8', 9' 位の ^{13}C シグナルがそれぞれ約 15 倍と約 27 倍増強されていた。これに対してユリノキの ABA では、1, 5, 6, 4', 7', 9' 位の ^{13}C シグナルが約 22 倍に増強されていた。ユリノキのβ-carotene も ABA と同じ位置のシグナルが増強されていた。これらの結果より、糸状菌ではメバロン酸経路で直接 ABA を生合成するのに対して、ユリノキの ABA は非メバロン酸経路によってカロチノイドを経て生合成されることが確実となった。

3aB07

2，4-Dによるタバコ細胞のスコポレチン取り込みに対するジャスモン酸メチルの影響

田口悟朗[1]、吉沢孝太郎[2]、林田信明[2]、岡崎光雄[1,2]（[1]信州大・遺伝子、[2]信州大・繊維・応生）

【目的】タバコ培養細胞 Bright Yellow T-13 はクマリンの一種であるスコポレチン生産能を持ち、ホルモンフリーで生育する。これまでに、この細胞に 2,4-D 投与すると、スコポレチン取り込みが惹起され液胞内にスコポリンとして蓄積されることを明らかにした。この 2,4-D の作用について明らかにするため、各種植物ホルモンとの相互作用について検討した。【結果及び考察】オーキシンを含むいくつかの植物ホルモンを作用させたところ、高濃度を必要としたものの、オーキシン類の他、サリチル酸にも 2,4-D 同様の作用が認められた。また、それぞれの植物ホルモンを 2,4-D と同時に作用させたところ、ジャスモン酸メチルと、高濃度でカイネチンが阻害的に作用した。ジャスモン酸メチルには、スコポレチンの生合成を促進し細胞外への放出を促進する作用があることがこれまでに明らかになっている。そこで、ＰＡＬの特異的阻害剤である 2-aminooxy-3-phenylpropionic acid (AOPP) を投与してスコポレチンの生合成を阻害したところ、この場合でもジャスモン酸メチルは 2,4-D の取り込み促進効果に対して阻害的に作用した。このことは、ジャスモン酸メチルが生合成の促進とは別の機構でこの取り込み現象に作用することを示唆している。

3aB08

ジャスモン酸、エチレン、及び*NIC*遺伝子によるニコチンアルカロイド生合成遺伝子の協調的な発現制御

庄司　翼[1]、岩瀬忠行[1]、中村研三[2]、山田康之[1]、橋本　隆[1]
（奈良先端大バイオ[1]、名大院農[2]）

ニコチンはタバコの根で生合成されるアルカロイドである。ニコチン生合成の低下したタバコ*nic*変異体において複数のニコチン生合成酵素遺伝子（PMT,ODC,QPT)と機能未知の還元酵素遺伝子(A622)の発現が低下していた。これらの遺伝子は傷害ホルモンであるジャスモン酸により協調的に誘導された。また、ジャスモン酸応答はエチレンが共存すると阻害された。このエチレンによる阻害は他のジャスモン酸応答性遺伝子では観察されなかった。従って、*nic*変異体はニコチン生合成などに特異的なジャスモン酸応答反応に異常があると推察された。

*NIC*遺伝子が関与する遺伝子発現制御機構を解明する目的で、3種の*PMT*遺伝子および*A622*遺伝子の5'-上流領域をGUSに連結したレポーター遺伝子（pPMT::GUSおよびpA622::GUS）の発現を解析した。*Nicotiana sylvestris*において全てのレポーター遺伝子の発現組織特異性およびジャスモン酸応答性は類似したものであった。また、*nic*変異体におけるレポーター遺伝子の発現についても報告する。

3aB09

チャのカフェインシンターゼのクローニングと発現解析

加藤 美砂子、水野 幸一[1]、藤村 達人[1]、芦原 坦[2]　（お茶の水大・院・人間文化、[1]筑波大・農工系、[2]お茶の水大・理・生物）

チャ葉のカフェイン（1，3，7-トリメチルキサンチン）の生合成の最終段階に作用する*N*-メチルトランスフェラーゼはカフェイン生合成の鍵酵素である。我々は*N*-1位および*N*-3位にメチル基を導入する*N*-メチルトランスフェラーゼを特定し、この酵素（カフェインシンターゼ(CS)）の遺伝子をコードするcDNAをRT-PCRと5'-RACEにより単離した。得られた1,410bpのcDNA断片(TCS1)がコードするタンパク質の推定分子量は、39.9kDaであり、CSのSDS-PAGEから推定される分子量(41kDa)とほぼ一致した。大腸菌を用いたTCS1の発現系を構築し、組換え型酵素の基質特異性を調べたところ、チャ葉のCSの基質特異性と同じ傾向を示した。さらにチャ葉cDNAライブラリーについてTCS1をプローブとしてスクリーニングを行ったところ、最終的に2種類のCSのcDNA(TCS1とTCS2)が得られた。TCS1とTCS2がコードするタンパク質は分子量がほぼ同じであり、アミノ酸配列の相同性は89.1%であった。葉の発達・成熟過程でのTCS遺伝子の発現量は若い葉ほど高く、葉の成長にともない急激に減少していた。

3aB10

コーヒー由来カフェインシンターゼのクローニング

水野幸一，加藤美砂子[1]，芦原　坦[2]，藤村達人（筑波大・農工系，[1]お茶の水大・院・人間文化，[2]お茶の水大・理・生物）

我々は、チャよりカフェイン(1,3,7-トリメチルキサンチン)の生合成の最終段階で*N*-1位および*N*-3位にメチル基を導入する*N*-メチルトランスフェラーゼ（カフェインシンターゼ）を精製し、それをコードしているcDNAを単離した。今回は、チャのカフェインシンターゼ(CS)であるTCS1およびTCS2のアミノ酸配列をもとにして、コーヒーにおいて相当する遺伝子の単離を試みたので報告する。

TCS1およびTCS2のアミノ酸配列で保存されている領域をもとに合成したオリゴヌクレオチドを用いて、コーヒーの若葉より調製した全RNAを鋳型としてRT-PCRを行った。得られたcDNA断片についてさらにいくつかのオリゴヌクレオチドを合成し、5'-RACE法および3'-RACE法にて最終的に2種類のcDNA(CCS1およびCCS2)を単離した。CCS1とCCS2がコードするタンパク質の推定分子量はそれぞれ41.8および42.7kDaであり、チャ葉CS(41kDa)の分子量と近似していた。またCCS1およびCCS2の間のアミノ酸配列の相同性は85%程度であり、TCS1とTCS2の間の相同性(約90%)と類似していた。しかし、CCSとTCSの間では40%程度であった。TCSと同様に、基質である*S*-アデノシルメチオニンの結合部位を形成していると考えられる配列が保存されていた。現在大腸菌での発現系を確立しタンパク質レベルでの解析を進めている。

3aB11

タマネギ鱗茎の褐変にともなうケルセチンおよびその配糖体の代謝

高浜有明夫（九州歯大）、広田幸子（九州女子大）

タマネギ鱗茎を形成している鱗葉は加齢あるいは貯蔵にともなって褐変していく。また、タマネギ鱗茎にはケルセチン配糖体が多量に含まれている。そこで、この褐変はケルセチンあるいはその配糖体の酸化によるものであると予想した。

タマネギ鱗茎の外側の鱗葉は三つの部分、すなわち、新鮮領域(領域A)、乾燥途中の領域(領域B)それに乾燥した褐色領域(領域C)に分けられる。ケルセチン配糖体は領域A,Bに多量に含まれていたが、ケルセチンは領域Cに多く、他の領域にはほとんど含まれていなかった。この結果は、ケルセチンは領域BとCの境界域で合成されていることを示している。タマネギ鱗葉のペルオキシダーゼ(POX)は電気泳動的には一種であった。このPOX活性は領域A,Bでは高く、ケルセチンをその配糖体より数十倍の速度で酸化できた。ケルセチンの酸化産物は領域Cに存在していた。これらのことは領域BとCの境界域でケルセチンがPOXによって酸化されていることを示している。領域Bの抽出液と単離したPOXは過酸化水素を添加しなくてもケルセチンを酸化でき、その酸化SOD、カタラーゼそれにKCNで抑制された。これらの結果はPOXによるケルセチンの酸化の過程でスーパーオキシドラジカル、過酸化水素が生成していることを示している。

3aB12

芳香族を基質とするプレニルトランスフェラーゼのクローニングとその発現解析

國久美由紀、佐藤文彦、矢崎一史
（京大院・生命・統合生命）

高等植物の二次代謝産物には、プレニルフラボノイドやプレニルクマリンなど、シキミ酸経路に由来する芳香族化合物がさらにプレニル化される複合経路で生合成されるものが多い。しかし、芳香族化合物を基質としてプレニル化する、プレニルトランスフェラーゼに関する分子レベルでの報告は極めて少ない。演者らは二次代謝系プレニル化酵素の分子生物学的解明を目的として、4-hydroxybenzoic acid(4HB):prenyltransferase(PT) のクローニングを試みた。

モデルとして用いたムラサキ培養細胞のシコニン生合成経路には、4HB を基質とするプレニル化酵素 geranyltransferase(GT) があり、その発現は光や窒素源等、様々な調節因子の影響を受ける。この酵素をクローニングするため、ミトコンドリアのユビキノン生合成に関わるPT のアミノ酸配列を元に nested PCR を行い、2 種類の cDNA を得た。これらは、酵母の PT と 35%（部分的に 50 %）のアミノ酸同一性を有しており、ムラサキ細胞内では GT の活性同様、いずれも暗黒下でのみ発現していることをノーザン解析により明らかとした。

3aB13

燕麦苗条のアミノアルデヒド脱水素酵素

ジェーンティ レベッカ リビングストン、樽井裕、吉田泉、平澤栄次（大阪市大・院・理・生物）

植物中のポリアミンはアミノアルデヒドを経てアミノ酸に代謝される。この分解経路において、アミノプロピオンアルデヒドとアミノブチルアルデヒドはアミノアルデヒド脱水素酵素によりそれぞれβーアラニンとＧＡＢＡに酸化される。一方、浸透圧保護物質として知られるベタインはコリンからベタインアルデヒドを経て合成される。この生合成経路において、ベタインアルデヒドはベタイン脱水素酵素により酸化される。

近年、遺伝子組換えにより発現させたベタイン脱水素酵素がアミノアルデヒド脱水素酵素活性を示すことが報告された（１）。今回、演者らは燕麦苗条よりアミノアルデヒド脱水素酵素を精製し、その基質特異性を調べた。精製過程においてヒドロキシアパタイトカラムクロマトからのアミノアルデヒド脱水素酵素画分にはベタイン脱水素酵素活性を示したが、最終の５’－ＡＭＰセファロースカラムクロマトにより精製した酵素標品にはベタイン脱水素酵素活性はほとんど検出されなかった。

1. Claudine et al. Plant Physiol. 113:1457 (1997)

3pB01

ダリアの花弁における UDP-G：アントシアニン５-*O*-グルコシルトランスフェラーゼの部分精製と特性

緒方 潤,坂本卓也[1],山口雅篤[2],川信修治[3],吉玉国二郎[1]（熊本大・院・自然科学,[1]熊本大・理・生物科学,[2]南九大・園芸・食工,[3]南九大・園芸・園芸）

ダリア（*Dahlia variabilis*）の赤色などの花弁には、マロン酸でアシル化された３,５-ジグルコシドタイプのアントシアニンが主色素として含まれている。

今回、我々はアントシアニンの５位を配糖体化する酵素(5GT)について部分精製を行いその特性について調べた。本酵素は約 90 倍に精製され、ゲル濾過カラムクロマトグラフィーにより分子量は約 53-kDa と推定された。最適ｐＨは Cyanidin 3-*O*-glucoside（Cy3G)を基質に用いた時、8.0 であった。Ca、Mg イオンによって活性が促進され、Cu,Hg,Zn イオンによって強い阻害が見られた。また、NEM,PCMB によっても強い阻害が見られた。糖供与体としては UDP-G のみを基質とし、ADP-G、UDP-galactose は基質とならなかった。糖受容体としてはダリアが本来有していない Delphinidin 型のアントシアニンに対しても 28 %（Cy3G を 100 として)の活性を有していた。また、３位のグルコースがマロニル化された Cyanidin 3-*O*-malonylglucoside に対しても 140 %の活性を示した。

3pB02

アジサイの花色変異機構の解明

吉田久美、外山友紀[1]、清水良泰[2]、藤森英治[3]、近藤忠雄[4]（椙山大・生活・食品栄養、[1]名大院・人間情報、[2]群馬・園芸試、[3]名大・廃棄処理、[4]名大・化測機セ）

極めて微妙な条件で色が変わり、土壌のアルミニウムイオンの関与が示唆されているものの、その本質が不明である、アジサイ(*Hydorangea macrophylla*)萼片の花色変異機構の解明を行なった。赤、紫、青色の萼片のプロトプラスト化により着色細胞を得て、顕微分光法による測色、ミクロHPLCによる有機成分分析、ICPMSによるAl^{3+}の定量、微小電極による液胞pH測定を行なった。色素アントシアニンはいずれもデルフィニジン３-グルコシドであったが、赤色細胞ではクロロゲン酸が多く、青色細胞ではイソクロロゲン酸などの５-アシル化キナ酸が多いこと、さらには、青色でAl^{3+}が顕著に多いことが明らかとなった。液胞pHは、赤色は3.2、青色は4.1と青色で有意に高かった。この条件で*in vitro* で色素の再構築を行ったところ、各々の萼片の色を再現できた。以上から、アジサイの花色変異が、成分の変化と液胞pH変化の両方によることが明らかにできた。

3pB03

赤タマネギにおける光によるアントシアニン合成系酵素の発現

中村貴義, [1]大矢武志, [1]柳下良美, [1]藤代岳雄, [1]北宜裕
（神奈川大学・理学部, [1]神奈川農総研）

赤タマネギの鱗茎部のアントシアニン系色素の発現機構について研究を行ってきたが、前報で葉に光が当たることでアントシアニンが発現すること、アントシアニン合成のキーエンザイムであるchalconesynthase（CHS）の遺伝子の発現はこれに対応していることを示した。

そこで、本研究ではアントシアニンの蓄積と、CHSとは別のアントシアニン合成酵素の発現調節を検討する目的で、dihydroflavonol 4 reductase(DFR)、chalcone isomerase(CHI)および anthocyanidinsynthase(ANS)遺伝子の部分cDNA断片をRT-PCRを用いてクローニングし、この断片をプローブに用いて Northern Hybridaizationを行った。その結果、これらの遺伝子はCHSのときと同様、葉に光が当たることで鱗茎部で同調して誘導されることが明らかになった。

3pB04

ハツカダイコンのミロシナーゼのcDNAクローニング

原　正和, 藤井陽子, 佐々田ゆり, 久保井徹（静岡大・農・人環）

ミロシナーゼ・グルコシノレートシステムは、主にアブラナ科植物にみられる生体防御機構である。ダイコンの生体防御、昆虫の誘因、食味（辛味）に本システムは重要な影響を与えるとされる。われわれは、ハツカダイコン（*Raphanus sativus*）のミロシナーゼ・グルコシノレートシステムの仕組みを分子レベルで解明するための第一歩として、ミロシナーゼcDNAのクローニングを試みた。

ハツカダイコンの6日目のめばえからmRNAを抽出し、アラビドプシス、ナタネ、ホワイトマスタードのミロシナーゼクローンの保存配列から作成した3種のプライマーを用いてRT-PCRを行った。得られたミロシナーゼ断片をプローブにcDNAライブラリーをスクリーニングしたところ、よく似た2種類のミロシナーゼクローン（アミノ酸相同性92.9%）を得た。両クローンとも、ナタネとホワイトマスタードのミロシナーゼB型と類似しており、ナタネのA、C型、アラビドプシス型とは類似性が低かった。現在、植物の各部位におけるミロシナーゼ活性／グルコシノレート含量のバランスとミロシナーゼmRNAの発現について調査中である。

3pB05

ミヤコグサにおける縮合型タンニンの蓄積

青木俊夫, 綾部真一（日本大・生物資源・応用生物）

縮合型タンニン（プロアントシアニジン）は，アントシアニン生合成の中間体であるフラバン-3,4-ジオールとその誘導体フラバン-3-オールが重合して生成し，果実やワインの成分として抗酸化作用・抗変異原作用が知られている．これを適度に含む牧草のセイヨウミヤコグサは家畜の鼓腸症を防止する飼料として重視されている．本研究では，その変種でマメ科のモデル植物であるミヤコグサ（*Lotus japonicus*）を用いて縮合型タンニンの蓄積と化学的性質について調べた．

寒天培地で幼植物を育てたところ，窒素分を含まないB&D培地を用いた場合ではシュート，根ともに縮合型タンニンが蓄積した．培地に10mM硝酸カリウムを添加すると縮合型タンニンの蓄積は顕著に抑制された．窒素飢餓とともにリン酸飢餓にさらすと蓄積はさらに促進されたが，リン酸飢餓単独では強い効果はみられなかった．

茎の縮合型タンニンを塩酸－ブタノールで処理して得られたアントシアニジンを分析した結果，B環が3',4'-ジヒドロキシ型のフラバン-3-オール（カテキン等）の他に3',4',5'-トリヒドロキシ型（ガロカテキン等）が重合していることが明らかとなった．後者の型のアントシアニンは見出されていないことから，縮合型タンニンの生合成ではB環の水酸化はアントシアニン生合成の場合とは別々に行われていることが示唆された．

3pB06

シソ(*Perilla frutescens*)のlimonene synthase遺伝子の情報伝達物質による発現

松本　隆、落合徹子、鎌倉美紀、田淵　晃、唐沢傳英
（信大農、応用生命科学）

シソ（*Perilla frutescens*）のlimonene synthase (LC) は、geranyl pyrophosphateからlimoneneを合成する酵素であり、生成物のlimoneneおよびその代謝生成物のperillaldehydeは、シソ精油の主成分である。精油合成系に位置するこのLC遺伝子の発現が、傷害応答の情報伝達系の影響下にあるか否かを調べる目的で実験を行なった。

まずシソ成葉からカルスを誘導した後，液体培地で継代し，定常期まで振とう培養を行なうことで，懸濁培養細胞を得た．この懸濁培養細胞にメチルジャスモン酸，サリチル酸，キトサンなどの情報伝達関連化合物を種々の濃度で添加し，経時的に培養細胞から total RNAを抽出し，RT-PCRを行った．LC遺伝子のmRNAの発現量およびphenylalanine ammonialyase(PAL)遺伝子のmRNAの発現量の解析をデンシトグラフを用いて行った．

その結果，メチルジャスモン酸，サリチル酸およびキトサンいづれの存在下に於ても，LC遺伝子のmRNAの発現量が，PAL遺伝子の場合と同様に誘導的に増加した．可能性として、シソのLC遺伝子の発現は傷害応答の情報伝達系と直接的あるいは間接的に関わっていることが示唆された。