

個体統合解析研究チーム

Laboratory for Interdisciplinary Analysis of Plant Development

チームリーダー 和田 拓治
WADA, Takuji

当研究チームでは、高等植物の細胞分化の機構を理解するために、シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) の表皮細胞の分化を制御している遺伝子の作用機構の研究を行っている。シロイヌナズナの表皮細胞は根では根毛、葉ではトライコームや気孔といった器官に分化する。またアントシアニン色素も表皮細胞に蓄積する。

根では、非根毛細胞で翻訳された CAPRICE タンパク質が根毛細胞に細胞間移行し、*GLABRA2* 遺伝子の発現を抑制することによって根毛細胞の分化を促進する。この細胞間移行の機構と表皮細胞分化への関連づけを行うと同時に、MYB 遺伝子 bHLH 遺伝子を中心とした他の表皮細胞の分化因子の詳細な解析も行っている。

これらの実験結果を元にして、植物個体や器官の形成に関わる細胞間のシグナル伝達の機構や位置情報の性質を明らかにし、シロイヌナズナ以外の植物の多様な細胞の分化の研究にも応用させていきたいと考えている。

1. シロイヌナズナ CAPRICE タンパク質の細胞間移行に関する研究 (倉田, 石田, 野口, 服部, 和田)

シロイヌナズナの根の表皮細胞では根毛細胞、非根毛細胞の2種類の細胞が存在する。根毛形成を正に制御している CAPRICE (CPC) 遺伝子 (MYB 遺伝子をコードする) は、非根毛細胞で発現しているが、CPC と GFP の融合タンパク質を持った形質転換体の観察より、CPC タンパク質は非根毛細胞から根毛細胞に細胞間移行し、根毛形成を促進することが示唆された。また我々は HA-tag 付き CPC タンパク質を使った抗体染色によっても、CPC タンパク質が根毛細胞の核に局在することを確認した。

我々は CPC タンパク質内の、N 末端の9アミノ酸と Myb 領域内の4アミノ酸がこの細胞間移行に必要な領域であることを示した。また Myb 領域内の4アミノ酸は CPC タンパク質の核移行にも必要な領域であった。さらに4アミノ酸中の76番目のトリプトファン残基が特に細胞間移行に重要なアミノ酸残基であることが分かった。

また CPC 遺伝子を根の他の細胞で異所的に発現させたところ、CPC タンパク質は根毛細胞から非根毛細胞へも移行するが、中心柱から外側の細胞層へ移行することはできなかった。SHORT-ROOT (SHR) タンパク質は中心柱から内皮へ移行することが報告されているので、CPC タンパク質の細胞間移行の機構は SHR タンパク質の移行の機構とは異なったものであると考えられる。

現在、原形質連絡を介しての移行を示唆するデータもある。CPC タンパク質と相互作用し CPC タンパク質の移行に関わっている因子を酵母の Two-hybrid より分離し、FACTOR INTERACTING WITH CPC (FIC) と名付けた。FIC は選択的スプライシング選択的ポリ A 付加によって、2種類の転写産物をコードする (短い方を FIC α , 長い方を FIC β と名付けた)。CPC と結合するのは FIC α の遺伝子産物のみであり、FIC β のほうは CPC とは結合しない。FIC の突然変異体はまだ分離することができていないが、FICdsRNAi 株では根毛の形成に乱れが観察された。

また我々は FIC α が FIC β と結合することも発見した。つまり FIC α がコアタンパク質となり、FIC α -FIC β タンパク質複合体が CPC を非根毛細胞から根毛細胞に移行させていると考えている。これを示唆するデータとして、FIC の局在のデータがあり、FIC タンパク質は根の発生の初期では非根毛細胞だけに発現が確認されるが、発生が進むと根毛細胞でもタンパク質の局在が確認される。

CPC タンパク質の細胞間移行を制御する機構を明らかにするため、CPC:GFP 融合タンパク質の細胞間移行が阻害される変異株のスクリーニングを行った。速中性子線で変異原処理した集団から単離した株 (FN20-4) は根毛細胞列で GFP の蛍光が観察されず、また根毛が短いという表現型を示した。FN20-4 株では第1染色体と第5染色体の間で転座が起こり、第5染色体の一部が欠損していた。現在 FN20-4 株で変異が生じた遺伝子の内のどの遺伝子が CPC:GFP 融合タンパク質の細胞間移行を制御しているのか、同定を行っている。

これまでの研究では根の表皮細胞における細胞間移行を対象に行ったが、地上部のロゼット葉における CPC タンパク質の細胞間移行の検討を行った。エタノール発現誘導系により CPC と VENUS 蛍光タンパク質との融合タンパク質の局在性を観察したところ、葉の表皮において数十細胞にわたって蛍光を示す細胞群が点在することを確認した。このことは、遺伝学的に提唱されていた CPC のトライコーム形成における隣接する細胞のトライコームへの分化の抑制 (側方抑制) の分子実体を示していると考えられる。

2. シロイヌナズナの表皮細胞分化に関わる MYB 遺伝子の解析 (富永, 岩田, 和田)

CPC, TRIPTYCHON (TRY), ENHANCER OF TRY AND CPC1 (ETC1), ENHANCER OF TRY AND CPC2 (ETC2) 遺伝子は、これまでにシロイヌナズナの表皮細胞分化への関与が報告された R3 タイプの MYB 遺伝子である。我々はこれらに相同な CPC-LIKE MYB 3 (CPL3) 遺

伝子を加えた5つの遺伝子についての解析を進めている。*cpc* 突然変異体では根毛数が減少し *try* 突然変異体では葉のトライコームがクラスター状になることが知られている。*cpl3* 突然変異体では僅かな根毛数の減少が観察されたが、*etc1*, *etc2* 突然変異体では顕著な表現型は見られなかった。これらの突然変異体間で二重突然変異体、三重突然変異体を作成し、解析を進めたところ、*cpc etc1* 二重突然変異体では根毛数の減少、*cpc etc1* および *cpc cpl3* 二重突然変異体ではトライコーム数の増加、*try etc1 cpl3* 三重突然変異体ではトライコームのクラスターの増加、*cpc try cpl3* 三重突然変異体ではさらに大きなクラスターの形成が観察された。以上の結果から、一遺伝子の欠損では表現型が見られない遺伝子も含め、5つの *CPC* 相同遺伝子が根毛およびトライコームの形成において協調的に働いていることが示唆された。*ETC2* および *CPL3* 遺伝子は、気孔で強く発現しているが気孔の数的な変化は見られなかったため、これら遺伝子の役割についてさらに解析を進めている。

R2-R3 タイプの MYB 遺伝子であり根毛形成を負に制御している *WEREWOLF* (*WER*) 遺伝子の R3 領域と *CPC* 遺伝子の R3 領域の全部あるいは一部を入れ換えたキメラ遺伝子を作成し、それぞれの突然変異体へ導入する相補実験を行った。その結果、*CPC* の機能は *WER* (R3) と交換しても失われないが、*WER* の機能は僅かなアミノ酸置換でも失われることが明らかになった。

3. シロイヌナズナの表皮細胞で発現している bHLH 遺伝子の解析 (佐野, 長坂, 富永, 岩田, 和田)

シロイヌナズナの表皮細胞分化に関与する bHLH 遺伝子として、相互に似たアミノ酸配列を持つ *GL3*, *EGL3*, *AtMYC1* の3遺伝子の解析を進めている。これら3つの遺伝子は突然変異体や過剰発現体の表現型解析から、協調的に働いてトライコーム形成の促進と非根毛細胞列での根毛形成の抑制を行うと考えられる。一方、プロモーター GUS 植物や *in situ hybridization* の結果からは *GL3*, *EGL3*, *AtMYC1* は共に根毛細胞列で強く発現していることが分かった。こうした根毛細胞列での発現は、これらの遺伝子の持つ非根毛細胞での根毛形成の抑制という機能を説明し難いため、タンパク質レベルでの局在を GFP 融合タンパク質を用いて調べた。各遺伝子の GFP 融合タンパク質を自身のプロモーターによって発現させたところ、*AtMYC1:GFP* ではプロモーター GUS での結果と同様、根毛細胞列にのみ強い蛍光が見られたが、*GL3:GFP*, *EGL3:GFP* では核局在する蛍光が全ての表皮細胞で観察され、*GL3*, *EGL3* タンパク質が細胞間移行を行う可能性が示された。さらに同様の細胞間移行は、*AtMYC1* プロモーターを用いて *GL3:GFP* を発現させた場合でも確認された。また、3遺伝子の *TTG1* に対するタンパク質の結合能を酵母内で見たところ、*GL3* や *EGL3* ではタンパク質の全長で強い結合能が見られるのに対し、*AtMYC1* ではC端部分を使った場合以外は結合が見られなかった。以上より、同様の発現パターンを持ち協調的に表皮細胞分化に関与する bHLH 遺伝子である *GL3*, *EGL3*, *AtMYC1* は、タンパク質としてそれぞれ異なる性質を持つことが明らかとなってきた。

4. WRKY 領域を持った *TRANSPARENT TESTA*

GLABRA2 (*TTG2*) 遺伝子の解析 (石田, 服部, 和田)

TTG2 遺伝子は WRKY 転写因子をコードし、トライコームの発達や種皮でのタンニンの蓄積に働いている。*TTG2* 遺伝子はトライコーム、胚珠の珠皮の他に根の非根毛細胞列で発現している。*TTG2* 遺伝子のプロモーターには Myb タンパク質結合配列が複数存在し、そのうちの2つが *TTG2* 遺伝子の発現に重要であることをプロモーター解析より明らかにした。根の非根毛細胞列の分化、トライコーム形成、種皮でのタンニンの蓄積にそれぞれ *WER*, *GLABRA1*, *TRANSPARENT TESTA2* の *R2-R3 Myb* 遺伝子が働いている。酵母内でこれらの Myb タンパク質が上記の Myb タンパク質結合配列に結合したことから、*TTG2* 遺伝子は *R2-R3 Myb* 遺伝子によって直接正に制御されていることが示された。また *TTG2* 遺伝子の根での働きを明らかにするため、転写抑制領域をつないだキメラ *TTG2* (*TTG2:SRDX*) 遺伝子を発現する形質転換植物を作成した。*TTG2-SRDX* 形質転換植物はトライコームがなく、非根毛細胞列からも根毛が生じ、アントシアニンやタンニンの蓄積が見られなかった。根毛形成に関わる転写因子の発現を調べたところ、*GLABRA2* (*GL2*) 遺伝子の発現が抑えられていた。このことから、シロイヌナズナには *TTG2* 遺伝子と重複した機能を持つ未知の遺伝子があり、*TTG2* とこれらの遺伝子は *GL2* 遺伝子の発現を正に制御していることが示唆された。

5. ブドウ培養細胞におけるアントシアニン合成制御因子の研究 (郷原, 富永, 北浦*, 和田)

ブドウやイチゴの赤色の原因であるアントシアニン色素は表皮細胞に蓄積する。アントシアニン合成系の酵素の転写は、Myb 領域や bHLH 領域を持つ転写因子によって制御されていることがトウモロコシで報告されている。シロイヌナズナで解析を行っている表皮細胞分化制御因子がアントシアニン合成も制御していることを調べるために、ブドウ表皮細胞由来の培養細胞にパーティクルガンで遺伝子を導入する実験を行った。その結果、bHLH 領域を持ったトウモロコシの *R* 遺伝子とシロイヌナズナの *TRANSPARENT TESTA8* 遺伝子、*EGL3* 遺伝子、*GL3* 遺伝子がアントシアニン蓄積を高めることが分かった。さらに、赤色化を誘導する bHLH 遺伝子間では赤色化能に差があることが明らかになった。

この項目の研究は栽培植物等の他植物への応用となる研究であり、植物科学研究センターのセンター長ファンドにより行っている。またイチゴでのアントシアニン合成制御の研究は神奈川県農業総合研究所との共同研究として行っている。

6. シロイヌナズナのトランスポゾン挿入株のフェノーム解析 (湯口, 横内, 和田; 黒森, 平山, 篠崎 (GSC 植物ゲノム機能情報研究グループ))

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 (篠崎一雄グループディレクター) と、理研内のセンター間連携研究として、トウモロコシのトランスポゾンである Ds を挿入したシロイヌナズナの表現型を網羅的に解析している。解析したデータの一部は理研内で既に公表している。現在、理研外への公開に向けてデータベース構築中である。

Research in this laboratory focuses on the interactions of genes that control cellular differentiation, particularly those which affect differentiation of epidermal cells in *Arabidopsis thaliana*. In this species, root epidermal cells differentiate into root-hair cells or hairless cells. Leaf epidermal cells differentiate into trichomes, guard cells, or pavement cells, all of which can accumulate anthocyanin pigments.

One of the regulators of epidermal cell differentiation, the MYB gene *CAPRICE* (*CPC*), represses the expression of the homeodomain-leucine zipper gene *GLABRA2* (*GL2*) in root-hair cells. Analysis of *CPC::CPC:GFP* transgenic plants indicated that the CPC protein moves from hairless cells to root-hair cells nuclei. We expressed CPC ectopically using promoters specific for other cell-types, and demonstrated that CPC protein also moved from root-hair cells to hairless cells, but not from stele to epidermis. We identified a sequence in CPC protein which is responsible for cell-to-cell movement. Using yeast two-hybrid screening, we isolated CPC-interacting factors that likely regulate the cell-to-cell movement of CPC. One of the isolated factors, FACTOR INTERACTING WITH CPC (FIC), did not bind with a series of truncated/mutated CPC protein that are defective in cell-to-cell movement, suggesting that FIC is involved in CPC movement. FIC proteins were produced from each of two transcripts, designated *FICα* and *FICβ*, but only *FICα* encoded protein that actively bound to CPC. Using GFP fusion constructs, we found that both *FICα* and *FICβ* proteins were initially localized in hairless cells and gradually accumulated in hair cells. We are now constructing knock-down mutants using RNAi to better understand the role of FICs in root epidermis development.

To provide genetic tools that would help determine the mechanism (s) of cell-to-cell movement of CPC, we screened for mutants in which cell-to-cell movement of a *CPC:GFP* fusion protein was inhibited. In one candidate mutant, FN20-4, no GFP fluorescence was observed in root-hair cells and root hairs were abnormally short. In FN20-4, a chromosome translocation occurred between chromosome 1 and chromosome 5, and a part of chromosome 5 was deleted. We are analyzing which loci are involved in the cell-to-cell movement of CPC protein in FN20-4.

We found four CPC-like Myb sequences in the *Arabidopsis* genome (*TRY*, *ETC1*, *ETC2*, and *CPL3*). Like the *cpc* mutant, the number of root-hairs in *cpl3* was also slightly decreased. There was no change in root-hair numbers in either *etc1* or *etc2*. We constructed double and triple mutants to clarify the function of each gene. These results suggest that CPC-like R3 MYB genes cooperatively regulate several aspects of epidermal cell differentiation in *Arabidopsis*.

WEREWOLF (*WER*) encodes an R2-R3 type Myb protein, which is a repressor of root-hair formation. To understand the difference between activation and repression by MYB transcription factors in plants, we made chimeric constructs between CPC and WER. As a result, the WER R3 motif was able to substitute for the CPC R3 motif, but the CPC R3 motif did not substitute for the WER R3 motif.

To analyze the involvement of bHLH genes in epidermal cell differentiation, we investigated *GL3* and its two homo-

logues, *EGL3* and *AtMYC1*, and found that they cooperatively regulate trichome initiation positively and root hair formation negatively. *In situ* RNA hybridization showed that the *GL3*, *EGL3*, and *AtMYC1* genes were preferentially expressed in root-hair cell files, which is consistent with expression in promoter::GUS plants. These mRNA expression patterns, however, could not simply account for their function as negative regulators of root hair initiation, so we examined the localization of the three bHLH proteins through the use of GFP fusion proteins. Under the control of its own promoter, *AtMYC1:GFP* fluorescence was observed mainly in the cytoplasm of root-hair cells, similar to the results with promoter::GUS; whereas *GL3:GFP* and *EGL3:GFP* fluorescence was observed clearly in the nuclei of both root-hair and hairless cells. This result suggested that both *GL3* and *EGL3* proteins move from root hair cells to hairless cells.

We also examined the binding characteristics of the three bHLH genes with TTG1. Yeast interaction assays revealed that *GL3* and *EGL3* interacted strongly with TTG1, but *AtMYC1* did not. These results indicate that *AtMYC1*, *GL3*, and *EGL3*, which have similar mRNA expression patterns and cooperatively regulate epidermal cell differentiation, have quite different protein properties.

The *ttg2* mutant has defects in trichome development and seed coat tannin accumulation. *TTG2* is expressed in trichomes, seeds coats and hairless cells of developing roots. There are several putative Myb binding sites in the *TTG2* promoter. We analyzed transgenic plants carrying a deletion series of the *TTG2* promoter::GUS and found that two Myb binding sites were important for regulation of *TTG2* expression. *WER*, *GLABRA1* and *TRANSPARENT TESTA2* encode R2-R3 Myb proteins and regulate differentiation of hairless cells of roots, trichome formation and tannin accumulation in seed coats, respectively. A yeast one-hybrid assay showed that these R2-R3 Myb proteins bind the Myb binding sites of *TTG2*, indicating that Myb proteins directly regulate *TTG2* expression. We constructed *pTTG2::TTG2:SRDX* transgenic plants to clarify the role of TTG2 in roots. The *TTG2:SRDX* chimeric protein is thought to act as dominant repressor. In *pTTG2::TTG2:SRDX* transgenic plants, *GL2* expression was repressed in roots. The plants were glabrous, developed ectopic root hairs and had defects in anthocyanin and tannin accumulation. These results suggested that there are genes redundant to *TTG2* in *Arabidopsis* and that *TTG2* and these as yet cryptic genes regulate *GL2* expression positively.

In collaboration with the Plant Functional Genomics Research Group at RIKEN Genomic Sciences Center, we produced a comprehensive description of the phenotype of the Ds transposon-tagging lines. Our goal is to develop a more complete understanding of epidermal cell differentiation in *Arabidopsis* by characterizing the mechanisms of intercellular signal transduction and the role cell position plays in determining cell fate. We hope that the results of our research will provide insights into the diverse ways in which cellular differentiation is carried out by plants, and will pay dividends in the improvement in the growth of crops, including yield enhancement, or the ability to grow under conditions of environmental stress.

Research Subjects

1. Analysis of cell-to-cell movement of CAPRICE (CPC)
2. Analysis of CPC-type MYB genes in *Arabidopsis*

3. Characterization of epidermis-specific bHLH genes of *Arabidopsis*
4. Molecular genetic analysis of *TRANSPARENT TESTA GLABRA2*
5. Regulatory factors for anthocyanin biosynthesis in grape cell culture
6. Phenotypic analysis of Ds transposon-tagging lines in *Arabidopsis*

Staff

Laboratory Head

Dr. Takuji WADA

Research Scientist

Dr. Tetsuya KURATA

Dr. Ryosuke SANO

Dr. Rumi TOMINAGA

Dr. Tetsuya ISHIDA

Technical Staff

Ms. Mineko IWATA

Ms. Ryoko NAGASAKA

Mr. Masahiro YUGUCHI

Mr. Takuro YOKOUCHI

Ms. Sayoko HATTORI

Mr. Masahiro NOGUCHI

Mr. Takeshi GOHARA

Assistant

Ms. Tomoko YOSHIMITSU

in collaboration with

Dr. Takanari ICHIKAWA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Dr. Minami MATSUI (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Dr. Takashi KUROMORI (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Dr. Takashi HIRAYAMA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Dr. Kazuo SHINOZAKI (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Visiting Members

Mr. Takeo KITAURA (Kanagawa Pref. Agric. Res. Inst.)

Ms. Miyuki KUBO (Kanagawa Pref. Agric. Res. Inst.)

Paponov I., Palme K., and Okada K.: "The *halted root* gene encoding the 26S proteasome subunit RPT2a is essential for the maintenance of *Arabidopsis* meristems", *Development* **131**, 2101–2111 (2004). *

Mochizuki S., Harada A., Tominaga S. I., Sugimoto-Shirasu K., Stacey N., Wada T., Ishiguro S., Okada K., and Sakai T.: "The *arabidopsis* WAVY GROWTH 2 protein modulates root bending in response to environmental stimuli", *Plant Cell* **17**, 537–547 (2005). *

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

Kuromori T., Wada T., Yuguchi M., Yokouchi T., Okada K., Kamiya A., Imura Y., Hirayama T., and Shinozaki K.: "Insertional mutagenesis by *Ac/Ds* transposon system and phenome analysis of transposon-tagged lines in *Arabidopsis*", URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).

Ishida T., Hattori S., Okada K., and Wada T.: "Analysis of *TRANSPARENT TESTA GLABRA2* involved in trichome differentiation", 15th Int. Conf. on *Arabidopsis* Research, Berlin, Germany, July (2004).

Kurata T., Noguchi M., Okada K., and Wada T.: "FIC, a factor interacting with CPC, as a putative partner for cell-to-cell movement", 15th Int. Conf. on *Arabidopsis* Research, Berlin, Germany, July (2004).

Kuromori T., Wada T., Yuguchi M., Yokouchi T., Okada K., Kamiya A., Imura Y., Hirayama T., and Shinozaki K.: "Insertional mutagenesis by *Ac/Ds* transposon system and a phenome analysis of transposon-tagged lines in *Arabidopsis*", 15th Int. Conf. on *Arabidopsis* Research, Berlin, Germany, July (2004).

Sano R., Nagasaka R., Inoue K., Shirano Y., Hayashi H., Shibata D., Sato S., Kato T., Tabata S., Okada K., and Wada T.: "Molecular genetic analysis of three bHLH genes involved in root hair and trichome differentiation", 15th Int. Conf. on *Arabidopsis* Research, Berlin, Germany, July (2004).

Kurata T., Noguchi M., Okada K., and Wada T.: "Mechanism and factor for cell-to-cell movement of positive regulator, CAPRICE, in root epidermal cell differentiation", 2004 FASEB Summer Research Conf. on Mechanisms in Plant Development, Saxtons River, USA, Aug. (2004).

Wada T., Kurata T., Sano R., Tominaga R., Ishida T., and Okada K.: "Analysis of cell-to-cell movement of regulatory factors in *Arabidopsis* epidermis", Plasmodesmata 2004: 5th Int. Conf., Pacific Grove, USA, Aug. (2004).

Kuromori T., Wada T., Yuguchi M., Yokouchi T., Okada K., Kamiya A., Imura Y., Hirayama T., and Shinozaki K.: "Systematic collection of homozygous transposon-tagged lines for phenome analysis in *Arabidopsis*", Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor, USA,

誌上発表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

Ueda M., Matsui K., Ishiguro S., Sano R., Wada T.,

- Dec. (2004).
(国内会議)
- 倉田哲也, 野口昌敬, 佐野亮輔, 岡田清孝, 和田拓治: “CPC タンパク質の細胞間移行に必要な 2 つのモチーフと相互作用因子について”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 西村泰介, 和田拓治, 岡田清孝: “Ettin (ETT) と Monopteros (MP) の upstream ORF は下流 ORF の発現を抑制する”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 和田拓治, 倉田哲也, 佐野亮輔, 富永るみ, 石田哲也, 岩田美根子, 木村泰裕, 岡田清孝: “シロイヌナズナの根の表皮細胞分化における制御因子の細胞間移行機構の解析”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 木村泰裕, 和田拓治, 橘達彦, 槻木竜二, 岡田清孝: “シロイヌナズナの根毛形成細胞分化に関わる CPC 遺伝子の発現制御解析”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 岩田美根子, 富永るみ, 佐野亮輔, 倉田哲也, 関原明, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの表皮細胞分化に関与する MYB 遺伝子の解析”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 横内卓郎, 湯口雅大, 黒森崇, 神谷麻子, 井村優子, 高部寛子, 平山隆志, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “トランスポゾンタグラインを用いたシロイヌナズナのフェノーム解析 (2)”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 久保深雪, 佐藤達雄, 仲下英雄, 吉田茂男, 和田拓治, 岡田清孝: “高温ストレスによるキュウリの病害抵抗性関連遺伝子の誘導”, 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 石田哲也, 服部紗代子, 岡田清孝, 和田拓治: “TTG2 遺伝子の発現制御の解析”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 郷原健, 富永るみ, 作田正明, 岡田清孝, 和田拓治: “bHLH 型転写因子によるブドウ懸濁培養細胞のアントシアニン蓄積誘導促進”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 佐野亮輔, 長坂亮子, 井上加代子, 白野由美子, 林浩昭, 柴田大輔, 佐藤修正, 加藤友彦, 田畑哲之, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの根毛・トライコーム形成に関わる 3 つの bHLH 遺伝子の解析”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 和田拓治: “シロイヌナズナの根毛細胞分化制御因子の解析”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 富永るみ, 岩田美根子, 佐野亮輔, 倉田哲也, 関原明, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの表皮細胞分化における MYB 遺伝子の役割分担”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 湯口雅大, 横内卓郎, 神谷麻子, 井村優子, 高部寛子, 平山隆志, 黒森崇, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “トランスポゾンタグラインを用いたシロイヌナズナのフェノーム解析”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 倉田哲也, 野口昌敬, 市川尚齊, 松井南, 関原明, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “完全長 cDNA を用いた各種プロモーターによるアクチベーションタギング法の検討”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 佐野亮輔, 長坂亮子, 井上加代子, 白野由美子, 林浩昭, 柴田大輔, 佐藤修正, 加藤友彦, 田畑哲之, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの根毛・トライコーム形成に関わる 3 つの bHLH 遺伝子の解析”, シロイヌナズナワークショップ 2004, 東京, 11 月 (2004).
- 富永るみ, 岩田美根子, 佐野亮輔, 倉田哲也, 関原明, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの表皮細胞分化に関わる CPC 相同遺伝子の解析”, シロイヌナズナワークショップ 2004, 東京, 11 月 (2004).
- 横内卓郎, 湯口雅大, 黒森崇, 神谷麻子, 井村優子, 高部寛子, 平山隆志, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “トランスポゾンタグラインを用いたシロイヌナズナのフェノーム解析”, シロイヌナズナワークショップ 2004, 東京, 11 月 (2004).
- 石田哲也, 服部紗代子, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナのトライコームの発生を制御する遺伝子 TTG2 の発現解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 佐野亮輔, 長坂亮子, 井上加代子, 白野由美子, 林浩昭, 柴田大輔, 佐藤修正, 加藤友彦, 田畑哲之, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの根毛形成に関わる 3 つの bHLH 遺伝子の分子遺伝学的解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 和田拓治, 倉田哲也, 佐野亮輔, 富永るみ, 石田哲也, 岡田清孝: “シロイヌナズナの根毛細胞分化制御因子の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 富永るみ, 岩田美根子, 佐野亮輔, 倉田哲也, 関原明, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “シロイヌナズナの表皮細胞分化における CPC 相同 MYB 遺伝子の働き”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 湯口雅大, 横内卓郎, 神谷麻子, 井村優子, 高部寛子, 平山隆志, 黒森崇, 篠崎一雄, 岡田清孝, 和田拓治: “トランスポゾンタグラインを用いたシロイヌナズナのフェノーム解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).