

篠崎植物分子生物学研究室

Plant Molecular Biology Laboratory

主任研究員 篠崎 一雄
SHINOZAKI, Kazuo

高等植物は食糧増産や環境保全, 更に薬用二次代謝産物, 生分解性プラスチックなどの有用物質の生産, エネルギー生産において重要な役割が期待されている。21 世紀の人口増加にともなう食糧危機や環境破壊, 石油資源の枯渇などの地球規模問題の解決のため植物系での遺伝子操作やバイオテクノロジーの発展が予測されている。一方, 基礎生物学の面においては植物系では光合成, 外部環境への適応, さらに分化の全能性, 独自の形態形成に見られるように動物の系とは明らかに異なった植物独自の生理的現象や制御機構が存在しており, それらに関わる遺伝子群の分子生物学的研究が精力的に進められている。

当研究室では植物系での外界からの種々の刺激(乾燥, 塩濃度, 温度, 光等)による細胞内でのシグナル伝達カスケード, および環境応答の遺伝情報発現制御ネットワーク, さらに植物ホルモン応答のシグナル伝達と遺伝子発現制御システムについて分子生物学的に解析することを目的としている。2000 年にゲノム全塩基配列が決定されたモデル植物シロイヌナズナを用いて機能ゲノム学的方法を用いて高等植物の成長, 分化に関わる植物遺伝子の個体レベルでの機能解析にも研究分野を広げている。さらに, 遺伝子の機能解析によって得られた有用遺伝子を用いて植物バイオテクノロジーへの応用をめざして, 企業や他研究機関との連携を深めている。

1. 環境ストレス応答における遺伝子発現制御 (篠崎(一), 関, 藤田(美) *¹, 太治 *¹, 梅沢 *², 水門 *¹, 篠崎(和) *¹, 佐藤(里) *¹, 浦野 *², 春日 *¹, 吉羽 *¹, 中島 *¹, 佐久間 *¹, 鳴坂(義) *¹, 鳴坂(真) *¹; 大野 *³, 亀井 *⁴, 石田, 中嶋, 槐, 飯田, 櫻井 (GSC ゲノム知識ベース研究開発チーム))

植物では外部環境の変化に应答し, かつ適応しており, さらに環境シグナルによって成長, 分化を行っている。多くの植物遺伝子は外部環境の変化によってその発現が制御されていることが明らかになった。本研究では環境ストレスとして乾燥, 低温, 高塩濃度を取り上げ, 乾燥, 低温, 塩などのストレスによって誘導される遺伝子群の機能と遺伝子の発現制御について分子レベルで明らかにすることを目的としている。また乾燥, 低温, 塩以外の環境ストレス, 例えば病原菌の感染や傷害などのストレスが遺伝子発現にどのような影響を与えるかも転写レベルで解析している。

約 7,000 種類のシロイヌナズナ完全長 cDNA をはりつけたマイクロアレイ (7K RAFL cDNA マイクロアレイ) やアジレント 22K オリゴマイクロアレイを用いて, 種々のストレスやホルモン処理, 種々の変異体やトランスジェニック植物などにおける遺伝子発現プロファイル解析を行った。以下に最近の研究の一例を紹介する。

塩生植物である *Thellungiella halophila* はシロイヌナズナの近似種で, *T. halophila* の遺伝子は塩基配列レベルでシロイヌナズナ遺伝子と 90-95%の相同性を有する。*T. halophila* の耐塩性のメカニズムを調べるために, 7K RAFL cDNA マイクロアレイを用いた発現解析を行った。その結果, *T. halophila* はシロイヌナズナに比べて, ストレス非存在下で塩などの Abiotic ストレスや Biotic ストレスにより誘導される遺伝子を高発現させていることが分かった。

アジレント 22K オリゴアレイなどを用いた低温馴化お

よび低温脱馴化過程での遺伝子発現プロファイル解析より, 低温馴化過程で発現誘導される遺伝子の多くは脱馴化過程で発現が減少すること, および脱馴化過程で発現誘導される遺伝子の多くは低温馴化過程では発現誘導されないことが分かった。また, ラフィノースの合成に関与するガラクトキノール合成酵素遺伝子 (AtGolS3) やマルトースの合成に関与する β -アミラーゼ遺伝子 (At4g17090) などが植物の耐凍性獲得に主要な役割を果たしていることが示唆された。

また, シロイヌナズナゲノムに存在すると予想される全ての転写因子, プロテインキナーゼ, F ボックス遺伝子を含むオリゴマイクロアレイ (転写因子 1,979 個; プロテインキナーゼ 1,060 個; F ボックス因子 551 個を含む) を作製した。この制御因子オリゴアレイを用いて, さまざまなストレス (乾燥, 低温, 塩, 重金属, 病原菌の感染など) やホルモン (ABA, エチレン, メチルジャスモン酸, サリチル酸など) 処理条件下での遺伝子発現プロファイル解析を行った。その結果, 乾燥 2 時間, 低温 2 時間, NaCl 2 時間, 重金属 (CuSO₄) 5 時間, *Pseudomonas* 感染 24 時間, ABA 2 時間, エチレン 5 時間, メチルジャスモン酸 5 時間, サリチル酸 5 時間処理により 3 倍以上発現誘導された転写因子を, それぞれ 43 個, 13 個, 49 個, 28 個, 19 個, 50 個, 21 個, 11 個, 77 個同定した。このようにストレスまたはホルモン誘導性の転写因子を多数同定でき, 我々が作製したシロイヌナズナの制御遺伝子オリゴアレイは, ストレスやホルモン誘導性の転写因子を同定する有効な方法であることが分かった。また, 同定された誘導性転写因子の中には, 各ストレスやホルモン処理により重複して誘導されるものも存在しており, 各ストレスやホルモンのシグナル伝達系のクロストークの存在が示唆された。

2. 植物系での外界刺激の細胞内シグナル伝達 (篠崎

(一), 片桐, 梅澤^{*2}, 平山, 関, 篠崎 (和) ^{*1}, 刑部^{*1}; 吉田 (GSC 植物ゲノム機能情報研究グループ))

植物では外界からの刺激やストレス (乾燥, 塩濃度, 光, 温度) によって種々の生理的あるいは遺伝子発現レベルでの変化が引き起こされる。動物や酵母の系ではシグナル伝達に関与するタンパク質が同定され, その cDNA や遺伝子が精力的にクローニングされている。植物でのシグナル伝達系を分子生物学的, 生化学的レベルで解析することを目標に, 環境応答に関わるシグナル伝達因子の遺伝子単離とトランスジェニック植物を用いた個体レベルでの遺伝子機能について解析を行っている。

アブシジン酸 (ABA) は種子休眠, 気孔の開閉, 浸透圧ストレス耐性に関わる植物ホルモンであるが, ABA により活性化されるシロイヌナズナ SnRK2 プロテインキナーゼファミリー (SRK2A~J) に注目した。その 1 つである SRK2C が高浸透圧によって強く活性化することが明らかとなり, 植物における乾燥ストレスのシグナル伝達に関与している可能性が想定された。そこで, SRK2C の過剰発現植物を作製し, その表現型を解析してみたところ, 過剰発現株の乾燥耐性が顕著に上昇することが確認された。さらに, SRK2C 過剰発現植物ではストレス応答に関わる遺伝子群が大量に発現していることが判明した。このことから, SRK2C 過剰発現植物では大量に存在する SRK2C によって乾燥ストレスのシグナルが増幅され, 植物が元来持っている耐性機構を積極的に動かすことによって耐性を獲得していることが示唆された。RK2C は通常条件では活性を持たないため, 通常の植物の育成には大きな影響を与えない。乾燥ストレス時には, SRK2C が活性化し下流の遺伝子発現を制御するようになるため, 通常時には OFF, 乾燥ストレス時には ON となる分子スイッチとしての側面を有すると考えられる。このことは栽培上有利な特徴であると考えられるため, 有用な農作物や園芸植物, 樹木への応用が期待される。SnRK2 ファミリーは高等植物に広く存在し, イネやダイズでも浸透圧によって活性化する SnRK2 が存在することが確認されているため, SnRK2 を介したシグナル伝達経路は高度に保存されている可能性がある。したがって, 本研究の成果は応用面においても訴求力が高いものであると考えている。

細胞膜は外界からのシグナルを受容する場と考えられ, それを構成しているリン脂質は, 外界からの種々のシグナルによって特異的に代謝されることが知られている。近年, 種子の発芽時に ABA のシグナルがリン脂質の 1 つであるホスファチジン酸 (PA) を介して伝達するという報告がなされ, 我々は発芽過程を制御する ABA のシグナル伝達系における PA の生理機能を遺伝子レベルで解明することを目的に本研究を進めている。昨年までに PA の代謝酵素リン酸化脂質ホスファターゼ (LPP) に注目し, 発芽過程に機能するシロイヌナズナの LPP2 が発芽時の ABA のシグナル伝達においてネガティブレギュレーターとして機能することを示した。本年度は, LPP2 のノックアウト変異体 (*lpp2*) が発芽時に PA を過剰な蓄積し, ABA 高感受性示すことから内生 ABA 量が蓄積していると予想し, 内生 ABA 量を測定した。その結果予想に反して, 発芽過程の *lpp2* では内生 ABA 量が野生型よりも減少していることが分かった。このことから *lpp2* が発芽時に ABA 高感受性なのは,

PA の蓄積により ABA のシグナルが過剰になるため内生 ABA 量を減少させるようなフィードバック制御がなされていると考えた。そこで種子発芽時に ABA の分解に機能する ABA8' 位水酸化酵素である CYP707 遺伝子の発現量を調べたところ *lpp2* において, 種子特異的な CYP707A2 遺伝子の発現が有意に誘導を受けていることが分かった。このように *lpp2* では内生 ABA 量が変動していることが分かったので, これまでに報告のある ABA シグナル伝達に関与する ABA 非感受性変異体の *abi3* および *abi4* と *lpp2* をそれぞれ交配して二重変異体を作製し, ABA に対する発芽時の感受性を調べた。その結果, *lpp2 abi3* 二重変異体は *abi3* が示す ABA 非感受性を減少させるが, *lpp2 abi4* は *abi4* 単独の変異体と顕著な差異が認められなかった。したがって, PA のシグナルは ABI4 を介している可能性が示唆された。このような *lpp2* 変異体の発芽時の遺伝子発現を野生型のそれと比較するために, マイクロアレイを用いて網羅的遺伝子発現解析を行った。現在, 発現変動した遺伝子について PA のシグナル伝達における検討を進めている。

3. 植物ホルモンによる植物核遺伝子の発現制御機構の研究 (篠崎 (一), 篠崎 (和) ^{*1}, 藤田 (美) ^{*1}, 中島 ^{*1}, 高橋 ^{*3}; 吉田 (GSC 植物ゲノム機能情報研究グループ); 安部 (BRC 実験植物開発室))

植物ホルモンは植物の成長・分化, 環境ストレス適応に関わる重要なセカンドメッセンジャーとして機能することが知られている。近年の分子生物学の発達により, そのシグナル伝達ネットワークの詳細が急速に解明されている。個々の植物ホルモンは, それぞれ特異的な遺伝子の発現を誘導することが知られているが, 本研究では, 水分ストレス適応や種子の成熟・休眠に作用するアブシジン酸 (ABA), そして, 主に傷害や病害ストレス適応に作用するジャスモン酸 (JA) に注目し, それらの遺伝子発現に関わるシグナル因子の分子機構を解明することを目的としている。

ABA の遺伝子発現には, 多様な転写因子が介在することが知られているが, 本研究では, NAC 転写因子をコードする RD26 に注目している。RD26 は, 乾燥・塩ストレスのみではなく, ABA でも強く発現誘導されるが, この遺伝子の過剰発現体を用いたマイクロアレイ解析を行った結果, 多くの ABA 応答性遺伝子の発現が変動していることが明らかにされた。また, プロトプラストを用いた転写活性化実験により, RD26 がこれら ABA 応答性遺伝子のプロモーターを活性化することを示し, 植物 NAC 遺伝子の直接のターゲットを初めて実験的に明らかにした。

シロイヌナズナの ABA 非感受性変異体 *abi5* の原因遺伝子 (*ABI5*) は bZIP 型の転写因子として同定され, 主に種子および発芽初期で機能することが知られている。*ABI5* は AREB1 同様, ABRE をプロモーターに持つ遺伝子の発現を誘導するが, この遺伝子を過剰発現させても下流遺伝子の発現誘導が見られない。そこで, 翻訳後修飾, 特にタンパク質リン酸化の可能性を検討する目的で, SnRK2 プロテインキナーゼとの機能的な相互関係を調査した。シロイヌナズナに存在する 10 個の SnRK2 (*SRK2A*~*SRK2J*) 遺伝子の中で, 発現の部位やタイミングにおいて *ABI5* と同じ挙動を示すものをノザン解析で調査した結果, *SRK2B* と *SRK2I* がその候補となり得ることが明らかにされた。現在,

各 SnRK2 遺伝子の機能欠損変異体および過剰発現体を用いて、ABI5 シグナリングへの影響を検討している。

MYB および MYC 型転写因子もまた、ABA 特異的な遺伝子発現の誘導に関与することが明らかにされており、*AtMYB2*, *AtMYC2* の過剰発現体において実際に ABA 誘導性遺伝子の発現上昇や浸透圧ストレス耐性の獲得が認められた。また、これら 2 つの遺伝子は JA のシグナル伝達に強く作用することも確認され、非生物的・生物的ストレス双方に機能する可能性が示唆された。さらに、*AtMYC2* と相互作用する因子 *AtMYC2IP1* が単離・同定され、その過剰発現体では ABA, JA に対する感受性が変化していた。

MAP キナーゼ (MAPK) は、真核生物に広く保存されるタンパク質リン酸化酵素として知られており、植物においても環境ストレス応答および適応に強く関与することが報告されている。シロイヌナズナ MAPK の活性化因子 MAPKK の研究から、*AtMKK3* が JA で誘導される幾つかの遺伝子の発現に寄与することが示唆された。JA のシグナル伝達にタンパク質リン酸化に関わることは以前から知られていたが、実際に関与する因子は同定されておらず、新規性が高い。この *AtMKK3* を含めた解析が、今後の JA シグナル伝達の解明に大きく貢献するものと期待される。

4. シロイヌナズナの逆遺伝学的手法による形態形成、成長関連遺伝子の機能解析 (篠崎 (一), 伊藤, 斉藤, 平山, 関; 黒森, 明賀 (GSC 植物ゲノム機能情報研究グループ))

2000 年 12 月にシロイヌナズナゲノムの全塩基配列が決定されたことを受け、我々は遺伝子の機能を体系的に解析する Functional genomics を推進するため、T-DNA タギング法 (遺伝子破壊型タギング法および過剰発現型 T-DNA タギング法) およびトランスポゾン (*Ds*) タギング法による挿入変異体ライブラリーの作製を進めてきた。さらに次の段階として、これらの挿入変異体を用いてフェノーム (Phenome) 解析を進めている。フェノーム解析とはノックアウト、ノックダウン、過剰発現、異所的発現等植物の表現型をデータベース化し、遺伝子から機能情報を、機能からそれらに関連する遺伝子情報を引き出せるようにする一連のシステム構築に関連する解析のことである。

パイロット実験として、*Ds* をホモ接合体として持つ約 3,000 ラインを用いてフェノーム解析を行っている。可視的な形態異常を中心に、表現型分類と得られたライン数の集計を行った。強い表現型異常を示す 81 ラインについてさらに詳細に調べたところ、52 ラインが表現型と *Ds* 挿入が連鎖しており、かなりの割合で *Ds* が表現型異常の原因遺伝子をタグしていると期待できる結果を示した。

作製した T-DNA, *Ds* 挿入変異体から、雄性不稔、アルビノ、乾燥感受性、網目状葉変異体などが多数得られており、現在、機能解析を行っている。以下に研究の一例を紹介する。

乾燥に弱くなった変異体 *slh1* は、種子休眠性を欠如しており、また、自発的に病原体抵抗性反応を示すことが明らかとなった。現在、*Ds* でタグされていると思われる原因遺伝子 SLH1 の解析を進めている。

花粉発生機構の解明を目的に、雄性不稔変異体の 1 つ (*ms1-8*) の機能解析を進めている。この変異体は胞子体型変異体で、減数分裂後の小孢子およびタペート層に異常が

見られた。小孢子分離直後の花粉外壁の蓄積が認められず、成熟花粉が形成されなかった。*Ds* でタグされている原因遺伝子 (*MS1*) を単離したところ、Zn フィンガーモチーフと核移行シグナルを持つタンパク質をコードしており、転写制御遺伝子であることが示唆された。また、*MS1* mRNA はタペート層で四分子期に一過的に発現していることから、花粉外壁に必要な物質の生産または輸送を制御していることが示唆された。

葉緑体形成や光合成機能に関与する遺伝子に注目し、アルビノ変異体の探索および解析を行っている。9,425 *Ds* ラインから 87 アルビノ突然変異体を単離した。そのうち、*Ds* でタグされているラインは 39 ラインで、約 45% のタグ効率であった。これら遺伝子がコードするタンパク質には、プラストキノンのメチル化に関与するタンパク質、チラコイド内へ葉緑体タンパク質の輸送に関与するタンパク質、葉緑体の翻訳終結因子、リボゾーム結合因子、斑入り表現型を示す PSII コンポーネント、熱ショックタンパク質、ミトコンドリアのタンパク質輸送に関与する因子等が含まれている。

網目状葉 (reticulate) 変異体は、葉緑体形成が不完全な変異体で、*Ds* 挿入変異体ライブラリーから 2 種を単離した。一方はチロシン生合成酵素の 1 つ (TyrAAT2) が欠失したことによるもので、チロシン投与により形質が回復する。このとき、葉緑体も正常に成熟することから、葉緑体形成過程における葉緑体タンパク質の動態解析に応用できるものと期待している。

5. 植物ホルモン生合成、分解系の解析 (篠崎 (一), 梅澤 *2, 浦野 *2)

植物ホルモン ABA は、種子の成熟過程および植物が乾燥状態におかれたときにその量が増大し、種子の休眠性および植物の乾燥耐性獲得に関与している。さらに近年の分子遺伝学的研究によってネオザンチン開裂酵素 (NCED) が単離され、ABA 生合成の律速酵素であることが示されている。これまでの研究より、我々はシロイヌナズナの NCED 遺伝子ファミリーの解析を進め、乾燥ストレスによって発現が誘導される *AtNCED3* 遺伝子や、種子で発現している *AtNCED2* 遺伝子を同定した。*AtNCED3* を欠失した *nced3-1* 遺伝子の変異体の乾燥ストレス処理時の蒸散量を測定したところ、*nced3-1* 変異体は ABA 欠損株である *aba2-1* 変異体よりも野生型に近い値を示した。この結果は、*nced3-1* 変異体に含まれる程度の ABA 量でも気孔の閉鎖には十分であることを示唆している。さらに乾燥処理時における ABA 誘導性遺伝子の発現を調べたところ、*nced3-1* 変異体では *aba2-1* 変異体と同様に ABA 誘導性遺伝子の発現が見られなかった。したがって、気孔の閉鎖は ABA の新規な合成を介さないが、ABA 誘導性遺伝子の発現には新規の ABA 合成が必要であることが明らかとなった。

内生 ABA 量の調節には、生合成系だけではなく分解系も重要な働きをしている。最近、ABA 分解の第一段階を触媒する ABA8' 位水酸化酵素が CYP707A1~4 と呼ばれるチトクロム P450 であることが報告された。我々は、そのうちの 1 つである CYP707A3 が乾燥後の再吸水時に誘導されることを見だしていたことから、CYP707A3 の機能解析を進めた。CYP707A3 の過剰発現植物は ABA に対

する感受性が弱まり、乾燥ストレス耐性が顕著に低下する。また、*cyp707a3* 変異体は栄養生長時の ABA 感受性が増加し、乾燥ストレス耐性は有意に上昇していることが明らかとなった。これらのことから、CYP707A3 は栄養成長期の ABA 分解に関わっており、乾燥耐性に有意な影響を持つ酵素であることが示された。

*¹ 共同研究員, *² 協力研究員, *³ ジュニア・リサーチ・アソシエイト, *⁴ 基礎科学特別研究員

Plants have unique systems for signal transduction and gene expression during development which are different from those of animal systems, such as totipotency, plant-hormone-mediated regulation, responses against various environmental stresses and light regulation of gene expression. The Laboratory of Plant Molecular Biology studies gene structure and regulation of gene expression in higher plants. Researchers here are interested in plant nuclear genes involved in stress response and signal transduction.

This laboratory uses *Arabidopsis thaliana*, a model plant in molecular biology, as a plant material. Ever since its establishment in 1989, this laboratory has directed its research activities towards (i) control of gene expression by plant hormones and environmental stresses, (ii) functional analysis of plant genes involved in signal transduction, (iii) functional analysis of *Arabidopsis* genes involved in development.

1. Regulation of gene expression by environmental stress

We have studied the expression profiles of *Arabidopsis* genes under various stress and hormone treatment conditions, in various plant tissues, and in various mutants and transgenic plants using 7K RAFL cDNA microarray and Agilent 22K oligomicroarray.

We applied the 7K RAFL cDNA microarray to reveal the differences in the regulation of salt tolerance mechanisms between *Arabidopsis* and a halophyte, salt cress (*Thellungiella halophila*). The expression profiling studies showed that a large number of known abiotic- and biotic-stress inducible genes were expressed in salt cress at high levels even in the absence of stress. Under normal growth conditions, salt cress accumulated proline at much higher levels than did *Arabidopsis*, and this corresponds to a higher expression of AtP5CS, a key enzyme of proline biosynthesis, in salt cress.

We also prepared *Arabidopsis* regulatory gene oligo microarray containing 1979 transcription factor genes, 1060 protein kinase genes and 551 F box protein genes. Using the regulatory gene oligo microarray, 43, 13, 49, 28, 19, 50, 21, 11 and 77 genes, respectively, were identified as drought-, cold-, high-salinity-, CuSO₄-, pathogen (*Pseudomonas*) stress-, ABA, ethylene-, MeJA (methyl jasmonic acid)-, and SA (salicylic acid)-inducible transcription factor genes. The expression profiling studies indicated the existence of crosstalk between these signal transduction pathways.

2. Molecular analysis of signal transduction in plants

Protein phosphorylation/dephosphorylation are major signaling events induced by osmotic stress in higher plants. We showed that a SNF1-related protein kinase 2 (SnRK2), SRK2C, is an osmotic-stress-activated protein kinase in

Arabidopsis thaliana that can significantly impact drought tolerance of *Arabidopsis* plants. Knockout mutants of SRK2C exhibited drought hypersensitivity in their roots, suggesting that SRK2C is a positive regulator of drought tolerance in *Arabidopsis* roots. Microarray analysis revealed that their drought tolerance coincided with up-regulation of many stress-responsive genes, for example, RD29A, COR15A, and DREB1A/CBF3. From these results, we concluded that SRK2C is capable of mediating signals initiated during drought stress, resulting in appropriate gene expression. Our present study reveals new insights around signal output from osmotic-stress-activated SnRK2 protein kinase as well as supporting feasibility of manipulating SnRK2 toward improving plant osmotic-stress tolerance.

Phosphatidic acid (PA) functions as a lipid signaling molecule in plants. Physiological analysis showed that PA triggers early signal transduction events that lead to responses to abscisic acid (ABA) during seed germination. We measured PA production during seed germination and found increased PA levels during early germination. To investigate the role of PA during seed germination, we focused on the PA catabolic enzyme lipid phosphate phosphatase (LPP). LPP catalyzes the sequential conversion of diacylglycerol pyrophosphate (DGPP) to PA and PA to DAG. Two *AtLPP2* T-DNA insertional mutants (*lpp2-1* and *lpp2-2*) showed hypersensitivity to ABA and significant PA accumulation during germination. Furthermore, double-mutant analysis showed that *ABA-insensitive 4* (*ABI4*) is epistatic to *AtLPP2* but *ABA-insensitive 3* (*ABI3*) is not. These results suggest that PA is involved in ABA signaling and that *AtLPP2* functions as a negative regulator upstream of *ABI4*, which encodes an AP2-type transcription factor, in ABA signaling during germination.

3. Role of plant hormones in gene expression and plant development

Plant hormones play important roles in plant growth, development and also in the adaptation to various environmental stresses. Each hormone induces own specific gene expressions through activating a number of transcription factors. In this study, we have focused on the factors that specifically involved in the regulation of Abscisic acid (ABA)- and Jasmonic acid (JA)-inducible genes.

Over-expression of NAC-, MYB- and MYC-type transcription factors significantly promoted the expression of ABA-inducible genes in *Arabidopsis* plants. MYB and MYC were also shown to targeted to the regulation of JA-inducible genes. We have identified novel factor that interact with *Arabidopsis* MYC. Recently, we have found that one of the *Arabidopsis* MAPKK gene may positively controlling the expression of JA-inducible genes.

ABI5 is known as one of the bZIP transcription factors and function during seed maturation and early germination stages that must be needed for ABA signaling. We are focusing on SnRK2 as a candidate for ABI5-activating protein kinase.

4. Analysis of *Arabidopsis* genome function

To promote functional genomics, which analyze gene functions systematically, we have constructed a large collection of insertion mutants by using T-DNA and transposon (Ds). As a next step, we are promoting 'phenome analysis', which constructs a database connecting phenotypes and all of the genes.

By screening the mutant collection, various phenotypic

mutants including male sterility, albino, drought sensitive and reticulate, have been obtained. We are now analyzing these mutants.

5. Molecular analysis of plant hormone biosynthesis

The phytohormone abscisic acid (ABA) has two major roles which are known as plant's response to environmental stress and acquisition of seed dormancy. We have previously shown that the AtNCED3 is a drought-inducible gene, and AtNCED2 is expressed in silique during seed maturation and embryo in seeds. We analyzed the function of ABA in vegetative plants using AtNCED3 knockout mutant (*nced3-1*). Under drought stress, stomata were closed in wild type and *nced3-1*, but it kept opening in *aba2-1*. ABA-inducible genes were expressed in wild type, but not in the *nced3-1* or *aba2-1*. These results indicated that *de novo* ABA biosynthesis was not required for stomatal closure, but it was required for the expression of ABA inducible genes.

As well as ABA biosynthesis, ABA metabolism has important roles to regulate endogenous ABA level in plants. Recently, a cytochrome P450 subfamily, named as CYP707A1-4, was identified as ABA 8'-hydroxylase genes. We found that CYP707A3 is highly induced during rehydration process after drought conditions. We prepared transgenic plants overexpressing CYP707A3, and found that the transgenic plants exhibited reduced ABA sensitivity and drought tolerance. In contrast, *cyp707a3* knockout mutants exhibited strong ABA sensitivity at vegetative stage and higher drought tolerance than wild-type. We concluded that CYP707A3 is one of ABA metabolic enzymes in vegetative tissues of Arabidopsis, and it can participate with drought tolerance.

Staff

Head

Dr. Kazuo SHINOZAKI

Members

Dr. Takashi HIRAYAMA
Dr. Motoaki SEKI
Dr. Tamio SAITOH
Dr. Takuya ITO
Dr. Takeshi KATAGIRI
Dr. Teruaki TAJI ^{*1}
Dr. Yoshiteru NOTOSHI ^{*2}
Dr. Taishi UMEZAWA ^{*2}
Dr. Kaoru URANO ^{*2}

^{*1} Special Postdoctoral Researcher

^{*2} Contract Researcher

in collaboration with

Dr. Hiroshi ABE (Exper. Plant Div., BRC)
Mr. Kenji AKIYAMA (Genomic Knowl. Base Res. Team, GSC)
Ms. Akiko ENJU (Plant Funct. Genomics Res. Group,

GSC)

Ms. Yuko IMURA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Ms. Junko ISHIDA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Dr. Satoshi IUCHI (Exper. Plant Div., BRC)

Dr. Ayako KAMEI (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Ms. Asako KAMIYA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Dr. Masatomo KOBAYASHI (Exper. Plant Div., BRC)

Dr. Toshihiro KOBAYASHI (Exper. Plant Div., BRC)

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

Dr. Fumiyoshi MYOUGA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Ms. Maiko NAKAJIMA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Mr. Tetsuya SAKURAI (Genomic Knowl. Base Res. Team, GSC)

Mr. Masakazu SATOU (Genomic Knowl. Base Res. Team, GSC)

Dr. Riichiro YOSHIDA (Plant Funct. Genomics Res. Group, GSC)

Visiting Members

Dr. Nguyen Van DONG (JIRCAS)

Dr. Miki FUJITA (CREST)

Dr. Yasunari FUJITA (JIRCAS)

Dr. Takashi FURIHATA (JIRCAS)

Dr. Yoshiyuki IMURA (JIRCAS)

Dr. Yusuke ITO (JIRCAS)

Dr. Mie KASUGA (JIRCAS)

Dr. Kouji KATSURA (JIRCAS)

Ms. Hiroko KOBAYASHI (Science Service, Inc.)

Dr. Kyonoshin MARUYAMA (JIRCAS)

Dr. Tsuyoshi MIZOGUCHI (Gene Res. Cen., Univ. Tsukuba)

Ms. Saho MIZUKADO (CREST)

Dr. Kazuo NAKASHIMA (JIRCAS)

Dr. Tokihiko NANJO (Forestry and Forest Products Res. Inst.)

Ms. Mari NARUSAKA (Kobe Univ.)

Dr. Yoshihiro NARUSAKA (Kobe Univ.)

Dr. Yuriko OSAKABE (JIRCAS)

Ms. Kumiko OZAWA (Science Service, Inc.)

Dr. Yoh SAKUMA (JIRCAS)

Dr. Rie SATOH (JIRCAS)

Ms. Hatsuyo SHOUDAI (Science Service, Inc.)

Mr. Fuminori TAKAHASHI (Grad. Sch. Life, Environ, Sci., Univ. Tsukuba)

Dr. Seiji TAKAHASHI (Div. Adv. Syst., Univ. Tohoku)

Dr. Daisuke TODAKA (JIRCAS)

Dr. Lam-Son TRAN (JIRCAS)

Dr. Matsuo UEMURA (Div. Biosys. Bioresour. Tech-

nol., Univ. Iwate)

Dr. Kazuko YAMAGUCHI-SHINOZAKI (JIRCAS)

Trainees

Mr. Takashi ITO (Grad. Sch. Agric. Life Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Masayuki KAKIMOTO (Grad. Sch. Agric. Life Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Satoshi KIDOKORO (Grad. Sch. Agric. Life Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Shinji MIZUNO (Fac. Horticult., Chiba Univ.)

Mr. Hiroshi SASAKI (Grad. Sch. Agric. Sci., Iwate Univ.)

誌 上 発 表 Publications

[雑誌]

(原著論文) *印は査読制度がある論文

- Hong Z., Bednarek S. Y., Blumwald E., Hwang I., Jurgens G., Menzel D., Osteryoung K. W., Raikhel N. V., Shinozaki K., Tsutsumi N., and Verma D. P.: "A unified nomenclature for *Arabidopsis* dynamin-related large GTPases based on homology and possible functions", *Plant Mol. Biol.* **53**, 261–265 (2003). *
- Hang S., Kitahata N., Saito T., Kobayashi M., Shinozaki K., Yoshida S., and Asami T.: "A new lead compound for abscisic acid biosynthesis inhibitors targeting 9-*cis*-epoxycarotenoid dioxygenase", *Bioorg. Med. Chem. Lett.* **14**, 3033–3036 (2004). *
- Nagashima A., Hanaoka M., Motohashi R., Seki M., Shinozaki K., Kanamaru K., Takahashi H., and Tanaka K.: "DNA microarray analysis of plastid gene expression in an *Arabidopsis* mutant deficient in a plastid transcription factor sigma, SIG2", *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **68**, 694–704 (2004). *
- Ogihara Y., Mochida K., Kawaura K., Murai K., Seki M., Kamiya A., Shinozaki K., Carninci P., Hayashizaki Y., Shin-I T., Kohara Y., and Yamazaki Y.: "Construction of a full-length cDNA library from young spikelets of hexaploid wheat and its characterization by large-scale sequencing of expressed sequence tags", *Genes Genet. Syst.* **79**, 227–232 (2004). *
- Harada H., Kuromori T., Hirayama T., Shinozaki K., and Leigh R. A.: "Quantitative trait loci analysis of nitrate storage in *Arabidopsis* leading to an investigation of the contribution of the anion channel gene, *AtCLC-c*, to variation in nitrate levels", *J. Exp. Bot.* **55**, 2005–2014 (2004). *
- Yasuhara M., Mitsui S., Hirano H., Takanabe R., Tokioka Y., Ihara N., Komatsu A., Seki M., Shinozaki K., and Kiyosue T.: "Identification of ASK and clock-associated proteins as molecular partners of LKP2 (LOV kelch protein 2) in *Arabidopsis*", *J. Exp. Bot.* **55**, 2015–2027 (2004). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tatemo M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Nunokawa E., Ishizuka Y., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: "A novel zinc-binding motif revealed by solution structures of DNA-binding domains of *Arabidopsis* SBP-family transcription factors", *J. Mol. Biol.* **337**, 49–63 (2004). *
- Teige M., Scheikl E., Eulgem T., Doczi R., Ichimura K., Shinozaki K., Dangel J. L., and Hirt H.: "The MKK2 pathway mediates cold and salt stress signaling in *Arabidopsis*", *Mol. Cell* **15**, 141–152 (2004). *
- Narusaka Y., Narusaka M., Park P., Kubo Y., Hirayama T., Seki M., Shiraishi T., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Satou M., Kobayashi M., and Shinozaki K.: "*RCH1*, a locus in *Arabidopsis* that confers resistance to the hemibiotrophic fungal pathogen *Colletotrichum higginsianum*", *Mol. Plant-Microbe Interact.* **17**, 749–762 (2004). *
- Hunt L., Otterhag L., Lee J. C., Lasheen T., Hunt J., Seki M., Shinozaki K., Sommarin M., Gilmour D. J., Pical C., and Gray J. E.: "Gene-specific expression and calcium activation of *Arabidopsis thaliana* phospholipase C isoforms", *New Phytologist* **162**, 643–654 (2004). *
- Iida K., Seki M., Sakurai T., Satou M., Akiyama K., Toyoda T., Konagaya A., and Shinozaki K.: "Genome-wide analysis of alternative pre-mRNA splicing in *Arabidopsis thaliana* based on full-length cDNA sequences", *Nucleic Acids Res.* **32**, 5096–5103 (2004). *
- Tran L., Nakashima K., Sakuma Y., Simpson S. D., Fujita Y., Maruyama K., Fujita M., Seki M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: "Isolation and functional analysis of *Arabidopsis* stress-inducible NAC transcription factors that bind to a drought-responsive *cis*-element in the *early responsive to dehydration stress 1* promoter", *Plant Cell* **16**, 2481–2498 (2004). *
- Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Tomo Y., Hayami N., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: "Solution structure of the B3 DNA binding domain of the *Arabidopsis* cold-responsive transcription factor RAV1", *Plant Cell* **16**, 3448–3459 (2004). *
- Satoh R., Fujita Y., Nakashima K., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: "A novel subgroup of bZIP proteins functions as transcriptional activators in hypoosmolarity-responsive expression of the *proDH* gene in *Arabidopsis*", *Plant Cell Physiol.* **45**, 309–317 (2004). *
- Kasuga M., Miura S., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: "A combination of the *Arabidopsis* DREB1A gene and stress-inducible *rd29A* promoter improved drought- and low-temperature stress tolerance in tobacco by gene transfer", *Plant Cell Physiol.* **45**, 346–350 (2004). *
- Fujishige N., Nishimura N., Iuchi S., Kunii T., Shinozaki

- K., and Hirayama T.: “A novel *Arabidopsis* gene required for ethanol tolerance is conserved among plants and archaea”, *Plant Cell Physiol.* **45**, 659–666 (2004). *
- Hirayama T., Fujishige N., Kunii T., Nishimura N., Iuchi S., and Shinozaki K.: “A novel ethanol-hypersensitive mutant of *Arabidopsis*”, *Plant Cell Physiol.* **45**, 703–711 (2004). *
- Qin F., Sakuma Y., Li J., Liu Q., Li Y., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Cloning and functional analysis of a novel DREB1/CBF transcription factor involved in cold-responsive gene expression in *Zea mays* L.”, *Plant Cell Physiol.* **45**, 1042–1052 (2004). *
- Kikuchi J., Shinozaki K., and Hirayama T.: “Stable isotope labeling of *Arabidopsis thaliana* for an NMR-Based metabolomics approach”, *Plant Cell Physiol.* **45**, 1099–1104 (2004). *
- Nishimura N., Yoshida T., Murayama M., Asami T., Shinozaki K., and Hirayama T.: “Isolation and characterization of novel mutants affecting the abscisic acid sensitivity of *Arabidopsis* germination and seedling growth”, *Plant Cell Physiol.* **45**, 1485–1499 (2004). *
- Kuromori T., Hirayama T., Kiyosue Y., Takabe H., Mizukado S., Sakurai T., Akiyama K., Kamiya A., Ito T., and Shinozaki K.: “A collection of 11800 single-copy *Ds* transposon insertion lines in *Arabidopsis*”, *Plant J.* **37**, 897–905 (2004). *
- Suzuki T., Inagaki S., Nakajima S., Akashi T., Ohto M., Kobayashi M., Seki M., Shinozaki K., Katoh T., Tabata S., Nakamura K., and Morikami A.: “A novel *Arabidopsis* gene *TONSOKU* is required for proper cell arrangement in root and shoot apical meristems”, *Plant J.* **38**, 673–684 (2004). *
- Maruyama K., Sakuma Y., Kasuga M., Ito Y., Seki M., Goda H., Shimada Y., Yoshida S., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Identification of cold-inducible downstream genes of the *Arabidopsis* DREB1A/CBF3 transcriptional factor using two microarray systems”, *Plant J.* **38**, 982–993 (2004). *
- Fujita M., Fujita Y., Maruyama K., Seki M., Hiratsu K., Ohme-Takagi M., Tran L., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: “A dehydration-induced NAC protein, RD26, is involved in a novel ABA-dependent stress-signaling pathway”, *Plant J.* **39**, 863–876 (2004). *
- Narusaka Y., Narusaka M., Seki M., Umezawa T., Ishida J., Nakajima M., Enju A., and Shinozaki K.: “Crosstalk in the responses to abiotic and biotic stresses in *Arabidopsis*: Analysis of gene expression in *cytochrome P450* gene superfamily by cDNA microarray”, *Plant Mol. Biol.* **55**, 327–342 (2004). *
- Takahashi S., Seki M., Ishida J., Satou M., Sakurai T., Narusaka M., Kamiya A., Nakajima M., Enju A., Akiyama K., and Shinozaki K.: “Monitoring the expression profiles of genes induced by hyperosmotic, high salinity, and oxidative stress and abscisic acid treatment in *Arabidopsis* cell culture using a full-length cDNA microarray”, *Plant Mol. Biol.* **56**, 29–55 (2004). *
- Hang S., Kitahata N., Sekimata K., Saito T., Kobayashi M., Nakashima K., Yamaguchi-Shinozaki K., Shinozaki K., Yoshida S., and Asami T.: “A novel inhibitor of 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase in abscisic acid biosynthesis in higher plants”, *Plant Physiol.* **135**, 1574–1582 (2004). *
- Taji T., Seki M., Satou M., Sakurai T., Kobayashi M., Ishiyama K., Narusaka Y., Narusaka M., Zhu J., and Shinozaki K.: “Comparative genomics in salt tolerance between *Arabidopsis* and *Arabidopsis*-related halophyte salt cress using *Arabidopsis* microarray”, *Plant Physiol.* **135**, 1697–1709 (2004). *
- Sakamoto H., Maruyama K., Sakuma Y., Meshi T., Iwabuchi M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “*Arabidopsis* Cys2/His2-type zinc-finger proteins function as transcription repressors under drought, cold, and high-salinity stress conditions”, *Plant Physiol.* **136**, 2734–2746 (2004). *
- Higuchi M., Pischke M. S., Maehoenen A. P., Miyawaki K., Hashimoto Y., Seki M., Kobayashi M., Shinozaki K., Katoh T., Tabata S., Helariutta Y., Sussman M. R., and Kakimoto T.: “*In planta* functions of the *Arabidopsis* cytokinin receptor family”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 8821–8826 (2004). *
- Umezawa T., Yoshida R., Maruyama K., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: “SRK2C, a SNF1-related protein kinase 2, improves drought tolerance by controlling stress-responsive gene expression in *Arabidopsis thaliana*”, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **101**, 17306–17311 (2004). *
- Sakurai T., Satou M., Akiyama K., Iida K., Seki M., Kuromori T., Ito T., Konagaya A., Toyoda T., and Shinozaki K.: “RARGE: a large-scale database of RIKEN *Arabidopsis* resources ranging from transcriptome to phenome”, *Nucleic Acids Res.* **33**, D647–D650 (2005). *
- Pantoja-Uceda D., Lopez-Mendez B., Koshiba S., Inoue M., Kigawa T., Terada T., Shirouzu M., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., Yokoyama S., and Guentert P.: “Solution structure of the rhodanese homology domain At4g01050(175-295) from *Arabidopsis thaliana*”, *Protein Sci.* **14**, 224–230 (2005). *
- (総説)
- 平山隆志: “エチレンのシグナル伝達”, 細胞工学別冊: 植物細胞工学シリーズ 20「植物ホルモンのシグナル伝達」, pp. 151–163 (2004).
- 刑部祐里子, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “乾燥ストレスとアブシジン酸シグナル伝達機構”, 植物の生長調節 **39**, 158–166 (2004).
- 中島一雄, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄: “植物の環境ストレスに対する応答”, 植物感染生理談話会論文集, No. 40, pp. 101–110 (2004).
- 楠城時彦, 篠崎一雄, 篠原健司: “ゲノム科学的手法を用いた樹木の環境ストレス応答機構の解明”, 日本林学会誌 **86**,

69–73 (2004).

[単行本・Proc.]

(総説)

関原明, 佐藤将一, 石田順子, 櫻井哲也, 中嶋舞子, 秋山顕治, 梶亜希子, 飯田慶, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と遺伝子の機能・発現解析への応用”, ゲノミクス・プロテオミクスの新展開: 生物情報の解析と応用, 株式会社エヌ・ティー・エス, 東京, pp. 328–336 (2004).

(その他)

Shinozaki K. and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Plant response to stress: regulation of plant gene expression to drought”, Encyclopedia of Plant and Crop Science, Marcel Dekker, New York, pp. 999–1001 (2004).

□ 頭 発 表 Oral Presentations

(国際会議等)

Noutoshi Y., Ito T., and Shinozaki K.: “Arabidopsis sensitive to low humidity 1 mutant exhibits constitutive activation of defense responses and cell death”, NIAS-COE/PROBRAIN/TOKUTEI Joint Int. Symp. on Plant Immunity: Signaling to Acquired Resistance, Tsukuba, Mar. (2004).

Shinozaki K., Seki M., Kuromori T., Motohashi R., Ichikawa T., Matsui M., Maruyama K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Arabidopsis functional genomics to understand gene functions involved in abiotic stress responses and chloroplast development”, Crop Functional Genomics 2004, (Crop Functional Genomics Center and others), Jejudo, Korea, Apr. (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 phenome analysis of transposon-tagged lines in *Arabidopsis*”, URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).

Yamasaki K., Kigawa T., Inoue M., Tateno M., Yamasaki T., Yabuki T., Aoki M., Seki E., Matsuda T., Hayami N., Ishizuka Y., Terada T., Shirouzu M., Osanai T., Tanaka A., Seki M., Shinozaki K., and Yokoyama S.: “Structural genomics of plant-specific transcription factor DNA-binding domains”, URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).

Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satoh M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Mizukado S., Kamei A., Narusaka M., Narusaka Y., Yamaguchi-Shinozaki K., Ichikawa T., Matsui M., Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., Kawai J., Yamasaki K., Sawasaki T., Hayashizaki Y., Yokoyama S., Toyoda T., Endo Y., and Shinozaki K.: “*Arabidopsis* encyclopedia using full-length cDNAs and its application for FUNCTIONAL GENOMICS”, URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, Evry, France, May (2004).

Shinozaki K.: “*Arabidopsis* functional genomics in RIKEN

GSC: Collection of full-length cDNAs, and Ds- and activation-tagging lines for the functional analysis of genes involved in environmental responses, growth and development”, URGV-RIKEN Genome Sciences Center Meet, (RIKEN GSC and URGV), Evry, France, May (2004).

Fujita Y., Fujita M., Satoh R., Maruyama K., Parvez M. M., Seki M., Hiratsu K., Ohme-Takagi M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Activation of ABA-responsive gene expressions by drought and salt stresses”, Gordon Research Conf. on Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, June (2004).

Taji T., Seki M., Satou M., Sakurai T., Kobayashi M., Ishiyama K., Narusaka Y., Narusaka M., Zhu J., and Shinozaki K.: “Comparative genomics in salt tolerance between *Arabidopsis thaliana* and *Arabidopsis*-related halophyte, *Thellungiella halophila* using *Arabidopsis* microarray”, Gordon Research Conf. on Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, June (2004).

Ito Y., Katsura K., Maruyama K., Taji T., Kobayashi M., Seki M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Overexpression of the DREB/CBF gene family improves stress tolerance to drought, high salt and low temperature in rice”, Gordon Research Conf. on Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, June (2004).

Nakashima K., Fujita Y., Katsura K., Maruyama K., Seki M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Transcriptional regulation of ABA-responsive genes in seeds, germination stage plants, and vegetative growth stage plants”, Gordon Research Conf. on Salt and Water Stress in Plants, Hong Kong, China, June (2004).

Teige M., Scheikl E., Eulgem T., Doczi R., Ichimura K., Shinozaki K., Dangl J. L., and Hirt H.: “A MAP-kinase pathway for cold and salt signalling”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).

Myouga F., Motohashi R., Kuromori T., Nagata N., and Shinozaki K.: “Analysis of pale-green mutant *apg6* using *Ac/Ds* transposon system in *Arabidopsis*”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).

Abe H., Urao T., Seki M., Ito T., Kobayashi M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Arabidopsis MYC(bHLH) and MYB proteins function as transcriptional activators in abscisic acid signaling”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).

Katagiri T., Kobayashi M., and Shinozaki K.: “Functional analysis of phosphatidic acid in ABA signaling during germination”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).

Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satou M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Kamei A., Yamaguchi-Shinozaki K., Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., and Shinozaki K.: “Functional genomics

- using RIKEN Arabidopsis full-length cDNAs”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Higuchi M., Pischke M. S., Mahonen A. P., Miyawaki K., Hashimoto Y., Seki M., Kobayashi M., Shinozaki K., Kato T., Tabata S., Helariutta Y., Sussman M. R., and Kakimoto T.: “In planta functions of the Arabidopsis cytokinin receptor family”, 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).
- Hirayama T., Nishimura N., Yoshida T., Murayama M., Hayashi S., Kuromori T., Asami T., and Shinozaki K.: “Isolation of novel ABA-related mutants using ABA analogs”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Motohashi R., Myouga F., Higuchi M., Sonoike K., Nagata N., Ito T., Kuromori T., and Shinozaki K.: “Large-scale analysis of nuclear-encoded chloroplast proteins using Ac/Ds transposon system in Arabidopsis”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Tran L., Nakashima K., Sakuma Y., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Role of the zinc finger home domain (ZFHD) and NAC transcription factors in drought-inducible expression of the *erd1* gene”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Nakashima K., Fujita Y., Katsura K., Maruyama K., Seki M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Transcriptional regulation of ABA-responsive genes in seeds, germination stage plants, and vegetative growth stage plants”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Ishikawa Y., Abe K., Osakabe K., Endo M., Ito Y., Kuromori T., Shinozaki K., Ichikawa H., Kameya T., and Toki S.: “Two BRCA2-like genes are needed for homologous recombination repair in Arabidopsis”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Kikuchi J., Shinozaki K., and Hirayama T.: “Uniform stable isotope labeling of *Arabidopsis thaliana* opens heteronuclear multi-dimensional NMR-based metabolomics”, 15th Int. Conf. on Arabidopsis Research, Berlin, Germany, July (2004).
- Maruyama K., Kasuga M., Ohme-Takagi M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Characterization of cold-inducible downstream genes of the *Arabidopsis* DREB1A/CBF3 transcriptional factor”, 7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo, July (2004).
- Oono Y., Seki M., Satou M., Ishida J., Iida K., Sakurai T., Akiyama K., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: “Comparison of Arabidopsis gene expression profiles between recovery from low-temperature stress and rehydration from dehydration using microarray”, 7th International Plant Cold Hardiness Seminar, (JSPS and others), Sapporo, July (2004).
- Shinozaki K. and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Global analysis of gene networks to solve complex abiotic stress responses”, 7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo, July (2004).
- Yamaguchi-Shinozaki K., Maruyama K., Sakuma Y., Ito Y., Seki M., and Shinozaki K.: “Regulation of gene expression and signaling pathway under cold and drought stress condition”, 7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo, July (2004).
- Sasaki Y., Yoshida R., Shinozaki K., and Uemura M.: “Temporary increase in freezing tolerance of *Arabidopsis* T87 suspension cultured cells during cold acclimation”, 7th International Plant Cold Hardiness Seminar, Sapporo, July (2004).
- Asami T., Hang S., Kitahata N., Saito T., Kobayashi M., Nakashima K., Yamaguchi-Shinozaki K., Shinozaki K., and Yoshida S.: “Abscisic acid biosynthesis inhibitor targeting 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase”, 18th Int. Conf. on Plant Growth Substances (IPGSA Conf. 2004), (International Plant Growth Substance Association), Canberra, Australia, Sept. (2004).
- Higuchi M., Pischke M. P., Mahonen A. P., Miyawaki K., Hashimoto Y., Seki M., Kobayashi M., Shinozaki K., Katoh T., Tabata S., Sussman M. R., and Helariutta Y.: “Functions of the three cytokinin receptors in *Arabidopsis*”, 18th Int. Conf. on Plant Growth Substances (IPGSA Conf. 2004), Canberra, Australia, Sept. (2004).
- Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K., Seki M., Osakabe Y., Yoshida R., Maruyama K., Umezawa T., and Ito Y.: “Gene networks involved in drought and salinity stress responses”, 18th Int. Conf. on Plant Growth Substances (IPGSA Conf. 2004), Canberra, Australia, Sept. (2004).
- Yamaguchi-Shinozaki K. and Shinozaki K.: “Improving abiotic stress tolerance in crops”, 8th Int. Symp. on The Biosafety of Genetically Modified Organisms, Montpellier, France, Sept. (2004).
- Taji T. and Shinozaki K.: “Signaling pathways involved in plant responses to environmental stresses”, Thellungiella halophila, (BBSRC), Paris, France, Sept. (2004).
- Fujita M., Fujita Y., Maruyama K., Seki M., Hiratsu K., Ohme-Takagi M., Tran L., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: “A dehydration-induced NAC protein, RD26 is involved in a novel ABA-dependent stress-signaling pathway”, 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Sakuma Y., Maruyama K., Feng Q., Seki M., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: “Analysis of transgenic Arabidopsis plants overexpressing a constitutive

- active form of DREB2A, a transcription factor that is involved in dehydration- and salt-stress response", 2nd EPSO Conf., (European Plant Science Organisation), Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Kasuga M., Maruyama K., Sakuma Y., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: "Analysis of transgenic Arabidopsis plants overexpressing DREB1E, a transcription factor involved in stress responsive gene expression", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Nagata T., Sato-Nara K., Murai M., Nagasaka A., Yamashita H., Sun Q., Seki M., Shinozaki K., Maejima M., and Suzuki H.: "Aquaporin gene expressions are regulated by dark adaptation and far-red light illumination in roots of *Arabidopsis thaliana*", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italia, Oct. (2004).
- Satoh R., Fujita Y., Nakashima K., Shinozaki K., and Yamaguchi-Shinozaki K.: "Characterization of bZIP transcription factors involved in hypoosmolarity-responsive expression of the ProDH gene encoding proline dehydrogenase in Arabidopsis", 2nd EPSO Conf., (European Plant Science Organisation), Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Noutoshi Y., Ito T., Seki M., Nakashita H., Yoshida S., and Shinozaki K.: "Disruption of DNA-binding activity of WRKY domain in the *Arabidopsis* disease resistance protein SENSITIVE TO LOW HUMIDITY 1 causes low humidity-triggering constitutive activation of defense responses and hypersensitive cell death", 2nd EPSO Conf., (European Plant Science Organisation), Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Kamei A., Seki M., Fujita M., Toh T., and Shinozaki K.: "Functional analysis of a stress-inducible gene, WRKY40, in Arabidopsis", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Sawasaki T., Hasegawa Y., Morishita R., Seki M., Shinozaki K., and Endo Y.: "Genome-scale, biochemical annotation method of Arabidopsis protein kinases based on the wheat germ cell-free protein synthesis system", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K., Seki M., Osakabe Y., Yoshida R., Maruyama K., and Umezawa T.: "Global analysis of gene networks involved in abiotic stress responses and tolerance", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Taji T., Takeda M., Suzuki H., Saito K., Shibata D., Ishida J., Seki M., and Shinozaki K.: "Integration of transcriptomics and metabolomics in salt stress response of *Arabidopsis thaliana* and Arabidopsis-related halophyte, *Thellungiella halophila*", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Umezawa T., Yoshida R., Maruyama K., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: "SRK2C, a SnRK2 protein kinase that improves drought tolerance by controlling stress-responsive gene expression in Arabidopsis thaliana", 2nd EPSO Conf., (European Plant Science Organisation), Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Urano K., Hobo T., and Shinozaki K.: "*Arabidopsis* ADC genes involved in polyamine biosynthesis are essential for seed development", 2nd EPSO Conf., Ischia, Italy, Oct. (2004).
- Noutoshi Y., Ito T., Seki M., Nakashita H., Yoshida S., and Shinozaki K.: "Disruption of DNA-binding activity of WRKY domain in the *Arabidopsis* disease resistance protein SENSITIVE TO LOW HUMIDITY1 causes low humidity-triggering constitutive activation of defense responses and hypersensitive cell death", Workshop on Disease Resistance and Related Signalling Mechanisms in Plants, Madrid, Spain, Oct. (2004).
- Yoshitani N., Sato K., Saito K., Suzuki S., Hatanaka H., Seki M., Shinozaki K., Hirota H., and Yokoyama S.: "A structure-based strategy for discovery of small ligands binding to functionally unknown proteins: Combination of *in silico* screening and surface plasmon resonance measurements", 3rd Int. Conf. on Structural Genomics (ICSG 2004), (International Structural Genomics Organization and others), Washington DC, USA, Nov. (2004).
- Iida K., Seki M., Sakurai T., Satou M., Akiyama K., Toyoda T., Konagaya A., and Shinozaki K.: "Full-length cDNA based alternative splicing analysis in Arabidopsis", Symp. on Alternate Transcript Diversity, (European Bioinformatics Institute), Cambridgeshire, UK, Nov. (2004).
- Yamaguchi-Shinozaki K. and Shinozaki K.: "Improving drought and cold stress tolerance in transgenic rice", World Rice Research Conference 2004, Tsukuba, Nov. (2004).
- Oono Y., Seki M., Satou M., Iida K., Sakurai T., Akiyama K., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: "Arabidopsis functional genomics in the recovery process from drought and cold stress", Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor, USA, Dec. (2004).
- Seki M., Ishida J., Nakajima M., Enju A., Sakurai T., Iida K., Satou M., Akiyama K., Oono Y., Fujita M., Mizukado S., Kamei A., Narusaka M., Narusaka Y., Yamaguchi-Shinozaki K., Ecker J. R., Kobayashi M., Kohara Y., Sawasaki T., Hayashizaki Y., Yokoyama S., Toyoda T., Endo Y., and Shinozaki K.: "Functional genomics using RIKEN Arabidopsis Full-length (RAFL) cDNAs", Cold Spring Harbor Laboratory Meet. on Plant Genomes: From Sequence to Phenome, Cold Spring Harbor, USA, Dec. (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, Dec. (2004).

- Ecker J. R., Chen H., Sundarasan A., Borevitz J., Cheuk R., Kim C. J., Lim J., Ecker J. J., Mockler T., Shinn P., Meyers C., Karnes M., Koesema E., Ansari Y., Choy N., Yamada K., Dale J. M., Wu H. C., Liu S. X., Sakano H., Yu G., Chang C. H., Pham P., Hsuan V. W., Quach H. L., Jiang P. X., Lee J. M., Toriumi M., Chan M. M., Tang C. C., Onodera C. S., Deng J. M., Goldsmith A. D., Vaysberg M., Wallender E. K., Wong C., Yamamura Y., Yuan S., Banh J., Banno F., Palm C. J., Southwick A. M., Jones T., Nguyen M., Karlin-Newmann G., Lam B., Miranda M., Gurjal M., Hansen N. F., Bowser L., Wu T., Tripp M., Tamse R., Seki M., Sakurai T., Satou M., Akiyama K., Carninci P., Enju A., Hayashizaki Y., Iida K., Ishida J., Arakawa T., Kawai J., Kamiya A., Nakajima M., Narusaka M., Chan S., Zhang X., Shinozaki K., Jacobsen S., Davis R. W., and Theologis A.: "Genome-wide discovery of transcription units and functional elements in *Arabidopsis*", Keystone Symp. on Plant Cell Signaling: In vivo and Omics Approaches, Santa Fe, USA, Feb. (2005).
- Nishimura N., Kitahata N., Ishida J., Satou M., Seki M., Asami T., Shinozaki K., and Hirayama T.: "Molecular genetic analysis of novel ABA hypersensitive mutant, *ahb2*", Keystone Symp. on Plant Cell Signaling: In vivo and Omics Approaches, Santa Fe, USA, Feb. (2005).
- Umezawa T., Yoshida R., Maruyama K., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K.: "SRK2C, a SnRK2 protein kinase that improves drought tolerance by controlling stress-responsive gene expression in *Arabidopsis thaliana*", Keystone Symp. on Plant Cell Signaling: In vivo and Omics Approaches, Santa Fe, USA, Feb. (2005). (国内会議)
- 安部洋, 浦尾剛, 関原明, 伊藤卓也, 小林正智, 篠崎一雄, 篠崎(山口)和子: "ABA 情報伝達系で働くシロイヌナズナ MYC 相同性因子 RD22BP1 を中心とした転写制御機構の解析", 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).
- 浅見忠男, 韓善榮, 北畑信隆, 斎藤臣雄, 小林正智, 篠崎一雄, 中野雄司, 中島一雄, 篠崎(山口)和子, 吉田茂男: "アブシシン酸生合成阻害剤の開発と植物への効果", 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).
- 朽津和幸, 櫻井康博, 小笠原よう子, 来須孝光, 門田康弘, 中川祐子, 山中拓哉, 片桐健, 篠崎一雄, 飯田和子, 飯田秀利: "イネ・タバコの Ca^{2+} 透過性伸展活性化陽イオンチャンネル候補遺伝子の単離と機能解析", 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 梅原三貴久, 荻田信二郎, 笹本浜子, 越野広雪, 浅見忠男, 藤岡昭三, 吉田茂男, 鎌田博: "カラマツ (*Larix leptolepis* GORDON) における不定胚形成阻害因子の精製およびその同定", 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).
- 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 朴杓允, 久保康之, 平山隆志, 関原明, 白石友紀, 石田順子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 櫻井哲也, 佐藤将一, 小林正智, 篠崎一雄: "シロイヌナズナ-病原糸状菌相互作用における新しい植物感染実験システムの確立", 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).
- 中川祐子, 片桐健, 篠崎一雄, 威智, 岸上明生, 古市卓也, 辰巳仁志, 曾我部正博, 佐藤修正, 加藤友彦, 田畑哲之, 小島至, 飯田和子, 池田光伸, 山中拓哉, 飯田秀利: "シロイヌナズナの Ca^{2+} 透過性伸展活性化陽イオンチャンネル遺伝子の単離と機能解析", 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 阿部清美, 刑部敬史, 伊藤佑司, 市川裕章, 伊藤卓也, 篠崎一雄, 土岐精一: "シロイヌナズナにおける Rad51 パラログ, AtRad51C および AtXrcc2 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).
- 藤原すみれ, 小田篤, 田島武臣, Martin C., 大越友里, 黒森崇, 平山隆志, 楠城時彦, 篠崎一雄, 鎌田博, 溝口剛: "シロイヌナズナの概日リズム制御と光周性花成", 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).
- 三輪京子, 高野順平, 林浩昭, 米山忠克, 関原明, 篠崎一雄, 藤原徹: "シロイヌナズナホウ素トランスポーター BOR1 に相同な At3g62270 のホウ素輸送における役割", 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).
- 佐々木裕, 吉田理一郎, 篠崎一雄, 上村松夫: "シロイヌナズナ培養細胞の凍結耐性増大カイネティックスの解析", 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).
- 能年義輝, 伊藤卓也, 保浦徳昇, 篠崎一雄: "湿度感受性シロイヌナズナ変異体 *slh1* (*sensitive to low humidity1*) は病原体抵抗性反応と細胞死を恒常的に示す", 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).
- 片桐健, 篠崎一雄: "発芽時のアブシジン酸 (ABA) シグナル伝達系におけるホスファチジン酸 (PA) の機能解析", 日本植物生理学会 2004 年度年会および第 44 回シンポジウム, 八王子, 3 月 (2004).
- 石川優一, 阿部清美, 刑部敬史, 遠藤真咲, 伊藤祐司, 黒森崇, 篠崎一雄, 市川裕章, 亀谷寿昭, 土岐精一: "シロイヌナズナ *BRCA2* 欠損変異体の解析", 第 22 回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム, 秋田, 8 月 (2004).
- 峠隆之, 栗津原元子, 野路征昭, 山崎真巳, 関原明, 小林正智, 篠崎一雄, 斉藤和季: "シロイヌナズナアクティベーショングラインを用いたメタボロミクス:フラボノイド蓄積量の変化した変異株のスクリーニングと網羅的遺伝子発現解析および代謝物プロファイリング", 第 22 回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム, 秋田, 8 月 (2004).
- 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 関原明, 佐藤将一, 櫻井哲也, 小林正智, 篠崎一雄: "植物-病原微生物相互作用におけるトランスクリプトーム解析", 平成 16 年度植物感染生理談話会, 松島, 8 月 (2004).
- 中島一雄, 篠崎(山口)和子, 篠崎一雄: "植物の環境ストレスに対する応答", 平成 16 年度植物感染生理談話会, 松島, 8 月 (2004).

- 浅見忠男, 韓善榮, 北畑信隆, 斎藤臣雄, 小林正智, 中島一雄, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄, 吉田茂男: “カロテナイド開裂酵素を標的部とするアブシジン酸生合成阻害剤の創製”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 関原明, 石田順子, 中嶋舞子, 槐亜希子, 藤田美紀, 水門佐保, 亀井綾子, 大野陽子, 櫻井哲也, 佐藤将一, 秋山顕治, 飯田慶, 篠崎 (山口) 和子, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 鳴坂真理, Ecker J. R., Davis R. W., Theologis A., Carninci P., 河合純, 林崎良英, 横山茂之, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA エンサイクロペディアの作製と植物ゲノムの発現・機能解析への利用”, 日本植物学会第 68 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 関原明: “シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた植物ゲノムの発現・機能解析”, ナショナルバイオリソースプロジェクト シロイヌナズナ・シンポジウム, 東京, 9 月 (2004).
- 篠崎一雄: “植物研究の展望”, ナショナルバイオリソースプロジェクト シロイヌナズナ・シンポジウム, (理研), 東京, 9 月 (2004).
- 新井慶子, 川島望, 本橋令子, 山崎高紀, 篠崎一雄, 永田典子: “シロイヌナズナ斑入り変異体における 2 種類の葉緑体の細胞内分布”, 日本植物形態学会第 16 回大会, 藤沢, 9 月 (2004).
- 川島明子, 安田美智子, 浅見忠男, 梅澤泰史, 篠崎一雄, 瀬尾光範, 久城哲夫, 南原英司, 神谷勇治, 野尻秀昭, 山根久和, 吉田茂男, 仲下英雄: “ABA 内生量が全身獲得抵抗性に及ぼす影響の解析”, 植物化学調節学会第 39 回大会, 秋田, 10 月 (2004).
- 北畑信隆, 水谷正治, 斎藤茂樹, 関容基, 宮沢豊, 梅沢泰史, 嶋田幸久, 篠崎一雄, 平井伸博, 吉田茂男, 浅見忠男: “アブシジン酸代謝阻害剤の探索”, 植物化学調節学会第 39 回大会, 秋田, 10 月 (2004).
- 関原明: “シロイヌナズナ DNA マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析: 現状と今後の展望”, シロイヌナズナワークショップ 2004, (東京大学), 東京, 11 月 (2004).
- 明賀史純, 本橋令子, 黒森崇, 永田典子, 篠崎一雄: “シロイヌナズナにおけるトランスポゾン *Ac/Ds* を用いた pale-green 変異体 *apg6* の機能解析”, 大阪大学蛋白質研究所セミナー「葉緑体: 構築と分解のダイナミクス」, 吹田, 11 月 (2004).
- 本橋令子, 明賀史純, 佐藤将一, 篠崎一雄: “シロイヌナズナのタグラインを用いた核ゲノムコードの葉緑体タンパク質の網羅的解析”, 大阪大学蛋白質研究所セミナー「葉緑体: 構築と分解のダイナミクス」, 吹田, 11 月 (2004).
- 佐藤将一, 本橋令子, 及川彰, 太田大策, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 篠崎一雄: “葉緑体機能変異体のトランスクリプトミクス及びメタボロミクスに基づく網羅的解析”, 大阪大学蛋白質研究所セミナー「葉緑体: 構築と分解のダイナミクス」, 吹田, 11 月 (2004).
- 秦旭榮, 林文晶, 白水美香子, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上真, 矢吹孝, 青木雅昭, 関英子, 松田貴意, 廣田洋, 田仲昭子, 関原明, 篠崎一雄, 横山茂之: “Solution structure of a beta-grasp fold like domain At3g63000 from *Arabidopsis thaliana*”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 米山操, 行木信一, 柄尾尚哉, 小柴生造, 井上真, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 軀康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 関原明, 篠崎一雄, 木川隆則, 横山茂之: “シロイヌナズナ構造プロテオミクス: SWIB ドメインの立体構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 木川隆則, 武藤裕, 林文晶, 山崎和彦, 廣田洋, 山崎俊夫, Guentert P., 前田秀明, 好田真由美, 白水美香子, 田仲昭子, 林崎良英, 篠崎一雄, 小原收, 菅野純夫, 横山茂之: “高等動植物の構造プロテオミクス”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 富澤忠, 小柴生造, 井上真, 斎藤講平, 泉顕也, 根本暢明, 朝倉克夫, 高杉憲司, 木吉司, 好田真由美, 廣田洋, 白水美香子, 寺田貴帆, 青木雅昭, 軀康子, 関英子, 藤倉由紀子, 矢吹孝, 田仲昭子, 林崎良英, 関原明, 篠崎一雄, 木川隆則, 横山茂之: “高等動植物構造プロテオミクス: zf-AN1 ドメインの網羅的構造解析”, 第 43 回 NMR 討論会, (日本核磁気共鳴学会), 東京, 11 月 (2004).
- 中島麻里奈, 耳田直純, 島津樹一, 新関稔, 小野寺治子, 宮尾安藝雄, 廣近洋彦, 浦和博子, 堀内嵩, 黒森崇, 篠崎一雄, Horn B., 土岐精一, 市川裕章: “2 種のイネ *DMC1* 相同遺伝子 *OsDMC1A/B* の機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 刑部祐里子, 関原明, 圓山恭之進, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “ABA 誘導性受容体型キナーゼ RPK1 の ABA シグナル受容機構の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 明賀史純, 本橋令子, 黒森崇, 永田典子, 篠崎一雄: “Pale-green 表現型を示すシロイヌナズナ Hsp101 ホモログ変異体 *apg6* の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 降旗敬, 圓山恭之進, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “cZIP 型転写因子 AREB1 による遺伝子発現制御”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 高橋史憲, 市村和也, 吉田理一郎, 溝口剛, 圓山恭之進, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄: “シロイヌナズナにおける新規 MAP キナーゼカスケード MKK3-MPK6 の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 藤田泰成, 藤田美紀, 佐藤里絵, 圓山恭之進, Parvez M., 関原明, 平津圭一郎, 高木優, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “シロイヌナズナの ABA 誘導性転写因子 AREB1 の乾燥ストレス応答における役割”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 中川祐子, 片桐健, 篠崎一雄, 威智, 岸上明生, 古市卓也, 辰巳仁志, 曾我部正博, 佐藤修正, 加藤友彦, 田畑哲之, 小島至, 飯田和子, 池田光伸, 寺島明日香, 山中拓哉, 飯田秀利: “シロイヌナズナの Ca^{2+} 透過性伸展活性化陽イオンチャンネル候補 *AtMID1A* の接触刺激応答における機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 寺島明日香, 中川祐子, 片桐健, 篠崎一雄, 威智, 岸上明生, 古市卓也, 辰巳仁志, 曾我部正博, 佐藤修正, 加藤友彦, 田畑哲之, 小島至, 飯田和子, 池田光伸, 山中拓哉, 飯田秀利: “シロイヌナズナの Ca^{2+} 透過性伸展活性化陽イオンチャンネル候補 *AtMID1A* の発現と局在”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 阿部清美, 石川優一, 刑部敬史, 遠藤真咲, 伊藤祐司, 山之内

- 宏昭, 吉岡照高, 武弓利雄, 黒森崇, 篠崎一雄, 市川裕章, 亀谷寿昭, 土岐精一: “シロイヌナズナの *BRCA2* 遺伝子欠損変異体の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 佐藤里絵, 藤田泰成, 中島一雄, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “シロイヌナズナのプロリンデヒドロゲナーゼ遺伝子 *ProDH* の低浸透圧応答性発現制御に関与する bZIP 転写因子の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 浦野薫, 保浦徳昇, 篠崎一雄: “シロイヌナズナのポリアミン合成に関わる *ADC* 遺伝子の種子成熟過程における役割”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 春日美江, 圓山恭之進, 佐久間洋, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “シロイヌナズナの環境ストレス応答に関与する転写因子 DREB1A のホモログの機能解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 林晋平, 西村宜之, 村山真紀, 吉田知, 浅見忠男, 阿部広幸, 篠崎一雄, 平山隆志: “シロイヌナズナの新奇 ABA 関連突然変異体の分離とその解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 飯田慶, 関原明, 櫻井哲也, 佐藤将一, 秋山顕治, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた選択的スプライシングの解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 佐藤将一, 本橋令子, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 篠崎一雄: “マイクロアレイを用いた葉緑体機能変異体の解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 佐久間洋, 圓山恭之進, QIN F., 関原明, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “乾燥, 塩ストレス応答に関与する転写因子 DREB2A の活性型変異体過剰発現シロイヌナズナの解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 菊地淳, 篠崎一雄, 平山隆志: “均一安定同位体標識化高等植物の多次元 NMR メタボロミクス”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 山田美加, 森下泰全, 浦野薫, 塩崎紀子, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄, 吉羽洋周: “形質転換ベクターにおけるプロリン蓄積とストレス耐性”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 圓山恭之進, 竹田みぎわ, 鈴木秀幸, 齊藤和季, 柴田大輔, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “低温誘導性遺伝子を制御する転写因子 DREB1A の過剰発現植物体におけるトランスクリプトームおよびメタボロム解析”, 第 27 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2004).
- 飯田慶, 関原明, 櫻井哲也, 佐藤将一, 秋山顕治, 豊田哲郎, 小長谷明彦, 篠崎一雄: “シロイヌナズナにおける低温ストレス下での選択的スプライシングの様相の変化”, 第 42 回日本生物物理学会年会, 京都, 12 月 (2004).
- 梅澤泰史, 戸高大輔, Ahmed S., 関原明, 豊田敦, 十時泰, 水門佐保, 佐渡寛子, 春日美江, 中島一雄, 原田久也, 坪倉康隆, 穴井豊昭, 石本政男, 船附秀行, 寺石正義, 信濃卓郎, 榊佳之, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄: “ダイズ完全長 cDNA リソースの基盤整備”, ミヤコグサ・ダイズ: バイオリソースワークショップ 2004, (宮崎大学), 宮崎, 12 月 (2004).
- 篠崎一雄: “植物ゲノム機能解析の急展開と環境貢献への展望”, 東京テクノフォーラム 21 第 81 回研究交流会, 東京, 1 月 (2005).
- Nguyen Van D., 伊藤裕介, 中島一雄, Tran L., 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “Identification of a novel *cis*-acting element that functions in cold-stress-response in rice”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- Tran L., 中島一雄, 佐久間洋, 圓山恭之進, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “Isolation and functional analysis of *Arabidopsis* stress-inducible zinc finger homeodomain transcription factor ZFHD1: role of the ZFHD1 and NAC transcription factors in drought-inducible expression of the *early responsive to dehydration stress 1* gene”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 刑部祐里子, 関原明, 圓山恭之進, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “ABA 誘導性受容体タンパク質キナーゼ RPK1 の ABA シグナル受容機構の解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 平山隆志: “ABA 類縁体を用いた突然変異体の分離と解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 阿部広幸, 西村宜之, 篠崎一雄, 平山隆志: “ABI5 を指標とした ABA 応答の解析系の構築”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 関原明, 石田順子, 飯田慶, 中嶋舞子, 梶亜希子, 櫻井哲也, 亀井綾子, 大野陽子, 梅澤泰史, 藤田美紀, 水門佐保, 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 篠崎一雄: “Expression profiling using *Arabidopsis* whole-genome regulatory gene oligo DNA microarray”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 藤田美紀, 水門佐保, 関原明, 市川尚斉, 中澤美紀, 松井南, 篠崎一雄: “Fox Hunting System を利用したストレス応答性転写因子の機能解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄: “Gene regulatory network in drought and cold stress responses”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 大野陽子, 関原明, 佐藤将一, 飯田慶, 秋山顕治, 櫻井哲也, 藤田美紀, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄: “Monitoring expression profiles of *Arabidopsis* Genes in the process of cold acclimation and deacclimation using DNA microarrays”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 西村宜之, 北畑信隆, 関原明, 鳴坂義弘, 鳴坂真理, 黒森崇, 浅見忠男, 篠崎一雄, 平山隆志: “シロイヌナズナ ABA 高感受性変異体 *ahg2* の解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 吉田知, 西村宜之, 浅見忠男, 篠崎一雄, 平山隆志: “シロイヌナズナ ABA 高感受性変異体 *ahg3* の解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 梅澤泰史, 吉田理一郎, 篠崎一雄: “シロイヌナズナ SnRK2 プロテインキナーゼ SRK2C の高浸透圧および ABA による活性化機構の差異”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 中島一雄, 藤田泰成, 降旗敬, 吉田理一郎, 梅澤泰史, 桂幸次, 圓山恭之進, 関原明, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “シロイヌナズナにおける ABI3 と ABI5 の転写活性化能に関する解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).

- 圓山恭之進, 竹田みぎわ, 春日美江, 城所聡, 鈴木秀幸, 斎藤和季, 柴田大輔, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “シロイヌナズナにおける低温誘導性転写因子 DREB1A の過剰発現植物体におけるトランスクリプトームおよびメタボロム解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 佐藤里絵, 藤田泰成, 中島一雄, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “シロイヌナズナのプロリンデヒドロゲナーゼ遺伝子 *ProDH* の低浸透圧応答性発現制御に関与する bZIP 型転写因子 ATB2 サブグループの解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 秋山顕治, 櫻井哲也, 佐藤将一, 飯田慶, 関原明, 黒森崇, 伊藤卓也, 小長谷明彦, 豊田哲郎, 篠崎一雄: “シロイヌナズナゲノム統合データベース RARGE の機能拡張”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 柿本真之, 佐久間洋, 秦峰, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “トウモロコシの環境ストレス応答性転写因子 ZmDREB2A の機能解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 浦野薫, 圓山恭之進, 竹田みぎわ, 鈴木秀幸, 斎藤和季, 柴田大輔, 篠崎 (山口) 和子, 篠崎一雄: “メタボロミクスを用いたシロイヌナズナ乾燥ストレス応答機構の解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 降旗敬, 圓山恭之進, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “リン酸化を偽装した活性型 AREB1 の遺伝子発現制御”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 佐久間洋, 圓山恭之進, 秦峰, 関原明, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “乾燥, 塩ストレス応答に関与する転写因子 DREB2A の活性型を過剰発現したシロイヌナズナの解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 藤田泰成, 藤田美紀, 佐藤里絵, 圓山恭之進, Parvez M. M., 関原明, 平津圭一郎, 高木優, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “乾燥ストレス応答におけるシロイヌナズナの ABA 誘導性転写因子 AREB1 の役割”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 戸高大輔, 伊藤裕介, 高木優, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “乾燥ストレス条件下で発現が抑制されるイネの OsPIL5 遺伝子の機能解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 伊藤裕介, 桂幸次, 圓山恭之進, 太治輝昭, 関原明, 小林正智, 篠崎一雄, 篠崎 (山口) 和子: “形質転換イネを用いた *DREB* 遺伝子の機能解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 村山真紀, 篠崎一雄, 平山隆志: “新奇 ABA 非感受性変異体の探索”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 伊藤卓也, 高木優, 篠崎一雄: “転写抑制ドメインとタペート層特異的核内制御因子 MSI を用いた雄性不稔シロイヌナズナの作出法”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 明賀史純, 本橋令子, 飯泉治子, 秋山顕治, 篠崎一雄: “葉緑体タンパク質をコードする核遺伝子変異体の網羅的機能解析”, 第 46 回日本植物生理学会年会, 新潟, 3 月 (2005).
- 関原明: “シロイヌナズナ完全長 cDNA を用いた植物ゲノムの発現・機能解析”, 横浜市立大学木原生物学研究所セミナー「ポストゲノム時代の植物科学基礎からの応用へ」, 横浜, 3 月 (2005).
- 篠崎一雄: “理研植物科学研究センターの第 2 期プロジェクトの目指すもの”, 横浜市立大学木原生物学研究所セミナー「ポストゲノム時代の植物科学基礎からの応用へ」, 横浜, 3 月 (2005).