

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 実績報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名	根粒共生系の総合的理解による、低窒素肥料農業を目指した基礎的研究
研究機関・ 部局・職名	農業生物資源研究所・植物科学研究領域植物共生機構研究ユニット・ユニット長
氏名	林 誠

1. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

2. 収支の状況

(単位:円)

	交付決定額	交付を受けた額	利息等収入額	収入額合計	執行額	未執行額	既返還額
直接経費	136,000,000	136,000,000	0	136,000,000	132,601,853	3,398,147	0
間接経費	40,800,000	40,800,000	0	40,800,000	40,800,000	0	0
合計	176,800,000	176,800,000	0	176,800,000	173,401,853	3,398,147	0

3. 執行額内訳

(単位:円)

費目	平成22年度	平成23年度	平成24年度	平成25年度	合計
物品費	130,000	14,022,664	28,526,225	6,561,183	49,240,072
旅費	0	901,670	899,060	1,042,690	2,843,420
謝金・人件費等	0	26,350,180	23,082,951	22,649,323	72,082,454
その他	0	97,871	4,382,737	3,955,299	8,435,907
直接経費計	130,000	41,372,385	56,890,973	34,208,495	132,601,853
間接経費計	39,000	14,374,800	15,103,800	11,282,400	40,800,000
合計	169,000	55,747,185	71,994,773	45,490,895	173,401,853

4. 主な購入物品(1品又は1組若しくは1式の価格が50万円以上のもの)

物品名	仕様・型・性能等	数量	単価 (単位:円)	金額 (単位:円)	納入 年月日	設置研究機関名
試薬1箱 BigDye Terminator v3	ABI 4337456 1000反応	1	978,075	978,075	2011/6/24	独立行政法人 農業生物資源研究所
人工気象器	日本医化器 械 LH-120S	2	756,000	1,512,000	2011/12/13	独立行政法人 農業生物資源研究所
試薬1式 BigDye Terminator v3	ABI 4337456	1	978,075	978,075	2012/1/11	独立行政法人 農業生物資源研究所
共焦点レーザースキャン顕微鏡システム	カールツァイス社 LSM710	1	24,937,500	24,937,500	2013/3/19	独立行政法人 農業生物資源研究所
試薬1式 合成DNA	オペロン DZ99 21,000mer	1	639,450	639,450	2013/8/5	独立行政法人 農業生物資源研究所

5. 研究成果の概要

根粒共生遺伝子の網羅的同定のために、46,000系統の遺伝子破壊系統(タグライン)を展開した。また、そこからおよそ170系統の根粒共生変異体候補を選抜し、次世代での表現型の遺伝を確認し、新規に開発した大規模挿入近傍配列決定方法により破壊遺伝子を同定した。

根粒形成を正に制御する共生シグナル中核因子CCaMKの詳細な分子メカニズムを解明し、またCCaMKと競合する負の制御因子を明らかにした。根粒形成の中核転写因子NINの詳細な機能を明らかにし、NINの下流で機能する複数の因子を同定し、それらの機能解析をおこなった。

組換え自殖系統を用いて重窒素希釈法により固定窒素寄与率を測定し、固定窒素寄与率を支配する量的遺伝子座を同定した。

課題番号	GS029
------	-------

先端研究助成基金助成金(最先端・次世代研究開発支援プログラム) 研究成果報告書

本様式の内容は一般に公表されます

研究課題名 (下段英語表記)	根粒共生系の総合的理解による、低窒素肥料農業を目指した基礎的研究
	Molecular basis of legume nodule symbiosis for low nitrogen fertilizer agriculture
研究機関・部局・ 職名 (下段英語表記)	農業生物資源研究所・植物科学研究領域植物共生機構研究ユニット・ユニット長
	Unit Head, Plant Symbiosis Research Unit, Division of Plant Sciences, National Institute of Agrobiological Sciences
氏名 (下段英語表記)	林 誠
	Hayashi, Makoto

研究成果の概要

(和文):

マメ科植物で見られる根粒菌との共生による根粒形成は、根粒における共生的窒素固定が窒素肥料施肥を潜在的に代替することから、持続的農業の実現に向けた重要な研究対象である。本研究では、以下に述べる3つの側面から根粒共生系の総合的理解を目的とした。すなわち、1. 網羅的遺伝子同定のリソースとしてのタグラインの大規模な整備、2. 根粒形成における主要因子の機能解析、および 3. 固定窒素寄与率を支配する遺伝子座の同定、である。結果として、46,000系統のタグラインを展開し、そこから共生変異系統を選抜し、原因遺伝子を同定した。さらに、根粒形成における主要転写因子 NIN の機能を明らかにした。また、固定窒素寄与率を支配する量的遺伝子座を同定した。これらのことから、根粒共生系の解明に向けた基盤が整備され、低窒素農業の実現に向けた知見が得られた。

(英文):

The root nodule symbiosis in legumes is important for sustainable agriculture because the symbiosis results in nitrogen fixation, which potentially replaces nitrogen fertilizers. Here in this project I aimed 3 subjects for my research: 1. Development of taglines in *Lotus japonicus* for

様式21

forward and reverse genetics, 2. Functional analysis of ‘hub factors’ that are involved in root nodule symbiosis, 3. Identification of QTL that determine nitrogen fixation. Consequently, I established more than 40,000 taglines, screened symbiotic mutants, and determined symbiosis genes. Also, I revealed that the transcription factor NIN is central to the establishment of nodule organogenesis. Further, I identified the QTL as a single locus. Results obtained here will promote understanding of root nodule symbiosis, which may lead to low nitrogen fertilizer agriculture in the future.

1. 執行金額 173,401,853 円

(うち、直接経費 132,601,853 円、 間接経費 40,800,000 円)

2. 研究実施期間 平成23年2月10日～平成26年3月31日

3. 研究目的

植物と根粒菌との相互作用はマメ科特有の現象であり、根粒内において、根粒菌は細胞内共生を維持しながら大気中の窒素を固定し、植物の生育に貢献している。土壌中の根粒菌は植物の根から滲出されるフラボノイドなどの低分子化合物を認識することで、リポキトオリゴ糖である Nod ファクター(NF)を分泌する。植物は NF を認識した後、一連のシグナル伝達経路を介して、根粒菌の感染および根粒器官形成に必要な遺伝子セットを発現させると考えられている。

これまでに、マメ科モデル植物ミヤコグサおよびタルウマゴヤシをもちいた分子遺伝学的解析により、特に根粒菌の認識機構である初期シグナル伝達に関わる遺伝子産物の多くが同定されてきた。NF の受容にはキチンを認識する LysM ドメインを有する受容体キナーゼである NFR1/NFR5 が関与している。下流の細胞内シグナル伝達経路には、菌根菌の感染における初期シグナル伝達にも重要な共通共生経路に属する8種のタンパク質が同定されている。このうち、我々が以前同定した CASTOR/POLLUX についてはイオンチャネルであることが明らかになっているものの、シグナル伝達系に関与する分子メカニズムは不明のままである。そこで、*castor* 変異の抑圧変異遺伝子を同定することで、CASTOR/POLLUX の機能を明らかにする。

根粒原基の誘導に関与する転写因子はこれまで3種が同定されている。NSP1/NSP2 は GRAS ファミリーに属する転写因子であり、相互作用の結果、協調して機能することが示唆されている。一方、NIN は複数のドメインを有する新規タンパク質であり、アミノ酸配列の相同性から転写因子の機能を有すると言われている。また、根粒原基の誘導には植物ホルモンであるサイトカイニンが必要であることが、サイトカイニン受容体である LHK1 の解析から明らかになっている。そこで、サイトカイニンのシグナル伝達系の根粒形成への関与、および NIN の機能解析とその下流因子の同定をおこなう。

根粒原基の誘導と並行して、根粒菌が表皮から根の内部に感染する際に必要な、感染系が形成される。感染系形成は根粒形成と密接に関連しており、遺伝子の機能欠損表現型からは感染

糸形成と根粒形成のどちらに直接的に関与しているのかの判断はできない。ERNはAP2結合ドメインを有するERFファミリーに属する転写因子である。NAP1/PIR1はアクチンの重合に関与するタンパク質である。CERBERUSはU-Boxドメインを有するタンパク質であり、タンパク質分解に関与すると考えられている。我々は最近、小胞輸送に関与すると考えられるCRINKLEを同定している。そこで、CRINKLEの相互作用因子の同定をおこなう。

以上に羅列したように、これまでに変異系統からマッピングとポジショナルクローニングを利用して共生的窒素固定の成立に関与する20以上の遺伝子が同定されている。しかし共生遺伝子は全体で50以上あると見積もられ、したがって、その過半数は未同定である。ポジショナルクローニングは形質とマーカとの連鎖を確認しながら変異遺伝子を同定することから、時間と労力が必要である。短期間に共生遺伝子を網羅的に同定するためには、特定の配列を遺伝子に挿入し、その配列情報を利用して直接的に変異遺伝子を同定する方法が効率的である。このためには、大規模なタグライン集団を作出する必要がある。*LORE1*はミヤコグサ内在のレトロトランスポゾンであり、ミヤコグサゲノムに約10コピー存在する。我々は、そのうちの1コピーが、胚軸由来の培養細胞から再分化させた植物体において確率論的に転移することを明らかにした(Fukai et al. 2010)。活性化された*LORE1*は特に花粉で高頻度に転移するため、*LORE1*活性化状態の植物体から採種した次世代種子は、各種子がそれぞれ別の*LORE1*新規挿入をヘテロで持つ。このような配偶体的な転移様式により、*LORE1*を利用することにより、効率の良い遺伝子タギング系を確立できる。そこで、期間内におよそ40,000系統の*LORE1*新規挿入による大規模タグライン集団を確立し、そこから共生変異系統を選抜し、挿入配列を指標にした近傍挿入配列決定により破壊遺伝子を同定する。

以上のようにして、機能欠損変異系統から遺伝子を同定すると、その形質に必要な遺伝子は明らかとなるが、その形質の「程度」を左右している、いわゆる量的形質に関わる遺伝子は必ずしも明らかにはできない。共生的窒素固定の場合、重窒素希釈法で固定窒素寄与率を測定すると、マメ科作物の種間で20%から90%までの差が見られる。このような違いは遺伝的に決定されており、固定窒素寄与率を支配する量的遺伝子座(QTL)を同定することで、固定窒素寄与率の高い品種を作出することが可能になる。そこで、既に確立されている組換え自殖系統(RIL)を用いたQTL解析により固定窒素寄与率を支配する遺伝子座を同定することを目的とする。

4. 研究計画・方法

・タグライン集団の大規模整備

期間内におよそ40,000系統のタグライン集団を作出することを目標とした。この規模のタグライン集団を用いることでほぼ全ての共生遺伝子を網羅することが可能であると試算した。整備したタグラインを用いて共生変異系統を選抜し、そこからゲノムを抽出して*LORE1*の塩基配列を指標に挿入近傍配列を決定することで、共生に関わる遺伝子を決定した。

・根粒形成における主要因子の機能解析

上記の共生変異系統の選抜と共生遺伝子の同定と並行して、シグナル伝達経路におけるキナ

一ゼや転写因子、細胞内共生に関与するタンパク質など、共生成立を支配する主要因子について機能解析を進めた。

・固定窒素寄与率を支配する遺伝子座の同定

2種の野生系統 B-129 と MG-20 の間で確立された RIL 集団 90 系統を用い、重窒素希釈法により、系統間の固定窒素寄与率を測定し、寄与率を支配する遺伝子座を、SSLP マーカを用いて決定した。

5. 研究成果・波及効果

・研究成果

・タグライン集団の大規模整備

研究期間中に、当初の目標値を大幅に上回る総計 46,000 系統を展開した。ここから、およそ 170 系統の根粒共生変異体候補を選抜し、次世代での表現型の遺伝を確認し、挿入近傍配列を決定した。その結果、同定した全遺伝子における既知遺伝子の割合から共生遺伝子がおよそ 50 存在するという当初の想定が裏付けられ、このプログラムで開発した手法の有効性が示された。また、タグラインを利用した網羅的遺伝子同定方法について論文発表をおこない、リソースとして整備し、学会発表などで普及に努めた。さらに次世代シーケンサを用いた大規模挿入近傍配列決定法により、これまでに整備したおよそ 17,000 系統のタグラインを用いて、およそ 94,000 の破壊遺伝子を網羅的に同定した。挿入近傍配列決定方法をさらに改良した結果、検出感度が3倍程度に上昇した。

・根粒形成における主要因子の機能解析

根粒共生のシグナル伝達における転写因子 NIN について、*in vitro* および *in vivo* の転写活性を明らかにした。また、包括的発現解析データを用い、共生過程において *Nin* と共発現する遺伝子群を選抜し、さらに NIN の一過的機能発現誘導系を構築することで、NIN が直接転写制御していると想定される遺伝子を複数同定した。それら遺伝子のシス領域に、NIN が特異的に結合する配列が存在することを *in vitro* および *in vivo* における NIN の DNA 結合能により証明した。それら NIN が直接転写制御している遺伝子の根粒共生における機能を明らかにした。NIN の過剰発現により、根粒菌非感染下で根粒様構造が誘導されたことから、NIN が根粒形成において中心的な役割を果たしていることを証明した。これらの結果をまとめて論文で発表した。

NIN による転写発現ネットワークについては、*Nin* 発現誘導系を利用した ChIP-seq および RNA-Seq、ランダムプライマーを用いた SAAB (SELEX) による *in vitro* の結合配列同定により網羅的な下流遺伝子ターゲットを得た。その標的遺伝子群の中に根粒数を全身的に制御するペプチド遺伝子が含まれていたことからその制御機構を解析した。根粒数は宿主植物によって厳密に制御されているが、これまで根粒菌の感染によって根粒数が制御されるメカニズムは不明であった。今回、根におけるその制御の中核因子として NIN が同定されたことから、メカニズムの全貌が明らかとなった。

根粒共生におけるサイトカニンのシグナル伝達の関与について、ミヤコグサゲノムから8種のA-type Response Regulator(LRR)を同定し、その中でもLRR9-3が根粒菌共生シグナル受容特異的に誘導されることを明らかにした。また、プロモータ・レポータ解析によりLRR9-3が根粒原基特異的に誘導されることを見いだした。転写因子として機能するB-type RRをミヤコグサで網羅的に同定し、根粒形成における役割を解析した。

根粒形成のシグナル伝達経路で機能する*Castor*の機能喪失変異表現型を抑圧する復帰変異系統2系統において、次世代シーケンサを用いたゲノムのリシーケンスにより原因遺伝子を同定した。この抑圧変異によって同定した、根粒形成を負に制御する遺伝子については、その予測アミノ酸配列および遺伝的上位下位試験などから、共生シグナル伝達経路の中核因子、CCaMKと核内で競合していると考えられた。この遺伝子が欠損すると、根粒菌が感染しなくとも根粒形成が誘導されることを発見した。CCaMKの分子機構については重要な知見を明らかにし、2報の論文を発表した。

感染糸形成に必要なCRINKLEと相互作用するタンパク質を同定し、CRINKLEの細胞内における機能を推定した。蛍光タンパク質を融合したCRINKLEを細胞内に導入し、CRINKLEの細胞内局在を解析した結果、特異的な細胞内小器官に局在することが明らかとなった。

・固定窒素寄与率を支配する遺伝子座の同定

植物の窒素栄養獲得において共生的窒素固定がどの程度貢献しているかを明らかにし、またそれに関与する遺伝子を同定するために、重窒素希釈法を用いて、野生系統の固定窒素寄与率を測定した。その結果、系統によって寄与率の異なることが明らかとなり、量的遺伝子座の同定に有効であることが判明した。そこで、重窒素希釈法により固定窒素寄与率に差の見られた野生系統において、組換え自殖系統90系統における寄与率を測定した。マッピングの結果、固定窒素寄与率を支配する主要遺伝子座を同定した。

・波及効果

本研究で作出された大規模タグライン集団とその挿入近傍配列情報は、共生の研究のみならず、マメ科植物の様々な特質を対象とした研究のリソースとなりうる。例えば、子実のタンパク質含量の研究、マメ科植物特有の2次代謝物の研究においても、タグラインを用いれば分子遺伝学的研究が容易になる。確立したタグラインの一部は既にナショナルバイオリソースプロジェクトに寄託し、残りも順次寄託予定である。

植物と根粒菌との共生による大気窒素固定を利用することにより、窒素肥料施肥の大幅な削減が期待されるが、これは埋蔵資源の枯渇による化学肥料価格の高騰に対して有効であるばかりでなく、化学肥料の流出による環境汚染を回避した結果、環境低負荷型農業になり、耕地面積の減少を抑制し、持続型農業を実現するものであると期待される。また、埋蔵資源に依存しない農業形態により低炭素化が可能になり、地球温暖化を防止することで高温・乾燥による作物被害が減少する。本研究で得られた知見により、ダイズなどのマメ科作物以外の主要作物、すなわちイ

様式21

ネ、トウモロコシ、コムギなどに共生的窒素固定能を付与する技術の可能性が見えてきたことで、「低窒素肥料農業」の実現に一步近づいたと言える。

また、今回明らかになった固定窒素寄与率を支配する主要遺伝子座の情報をダイズなどマメ科作物に応用することで、限られた窒素肥料施肥で収量を担保する品種改良につながると期待される。

6. 研究発表等

<p>雑誌論文 計8件</p>	<p>(掲載済み一査読有り) 計6件 Hayashi T, Shimoda Y, Sato S, Tabata S, Imaizumi-Anraku H, Hayashi M. Rhizobial infection does not require the cortical expression of upstream common symbiosis genes responsible for the induction of Ca²⁺ spiking. <i>Plant J.</i> 77: 146-159 (2014). Fukai E, Stougaard J, Hayashi M. Activation of an endogenous retrotransposon associated with epigenetic changes in <i>Lotus japonicus</i>: A tool for functional genomics in legumes. <i>Plant Gen.</i> 10.3835/plantgenome2013.04.0009 (2013). Soyano T, Kouchi H, Hirota A, Hayashi M. NODULE INCEPTION directly targets <i>NF-Y</i> subunit genes to regulate essential processes of root nodule development in <i>Lotus japonicus</i>. <i>PLoS Genetics</i> 9: e1003352 (2013) Takeda N, Maekawa T, Hayashi M. Nuclear-localized and deregulated calcium- and calmodulin-dependent protein kinase activates rhizobial and mycorrhizal responses in <i>Lotus japonicus</i>. <i>Plant Cell</i> 24: 810-822 (2012) Shimoda Y, Han L, Yamazaki T, Suzuki R, Hayashi M, Imaizumi-Anraku H. Rhizobial and fungal symbioses show different requirements for calmodulin binding to calcium calmodulin-dependent protein kinase in <i>Lotus japonicus</i>. <i>Plant Cell</i> 24: 304-321 (2012) Fukai E, Soyano T, Umehara Y, Nakayama S, Hirakawa H, Tabata S, Sato S, Hayashi M. Establishment of a <i>Lotus japonicus</i> gene tagging population using the exon-targeting endogenous retrotransposon <i>LORE1</i>. <i>Plant Journal</i> 69: 720-730 (2012)</p> <p>(掲載済み一査読無し) 計2件 鈴木章弘、廣田敦子、林誠「感染・根粒形成と植物ホルモン」植物の生長調節 (2011) 46:112-119 下田宜司、韓路、林晃之、征矢野敬、横田圭祐、林誠、今泉(安楽)温子「マメ科植物と共生微生物の感染初期過程を制御する宿主植物遺伝子研究の現況」植物の生長調節 (2011) 46:94-102</p> <p>(未掲載) 計0件</p>
<p>会議発表 計54件</p>	<p>専門家向け 計54件 下田宜司、山谷紘子、佐伯和彦、眞板寛子、平川英樹、佐藤修正、西ヶ谷有輝、山崎俊正、河内宏、梅原洋佐、林誠「宿主変異体の窒素固定表現型を規定する根粒菌因子の同定」基礎生物学研究所、2013/9/7-9、植物微生物研究会 山崎明広、下田宜司、林誠「ミヤコグサの根粒着生に関与する Nod factor 受容体の新規相互作用因子の同定」基礎生物学研究所、2013/9/7-9、植物微生物研究会 宮原章、田中福代、林誠「ミヤコグサ組換え自殖系統を用いた固定窒素寄与率及び根粒共生に関わる量的形質遺伝子座のマッピング」基礎生物学研究所、2013/9/7-9、植物微生物研究会 横田圭祐、林誠「NSP1 は根粒・菌根共生において異なるシグナル伝達経路で機能する」基礎生物学研究所、2013/9/7-9、植物微生物研究会 Makoto Hayashi, Takashi Soyano “Transcriptional regulation by NIN for nodulation in legumes” Miyazaki, 2013/10/14-18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p>

	<p>Takashi Soyano, Makoto Hayashi, Masayoshi Kawaguchi “Lotus japonicus NIN is a bifunctional factor that regulates root nodule formation” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Teruyuki Hayashi, Yoshikazu Shimoda, Makoto Hayashi, Haruko Imaizumi-Anraku “Functional analysis of symbiotic genes by root epidermis-specific expression system in Lotus japonicus” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Keisuke Yokota, Makoto Hayashi “NSP1 acts in distinct pathways for root nodule and arbuscular mycorrhiza symbiosis” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Akihiro Yamazaki, Yoshikazu Shimoda, Makoto Hayashi “A novel interactor of nod factor receptor affects the nodulation phenotype of <i>Lotus japonicus</i>” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Tsuneo Hakoyama, Norio Sukanuma, Hiroshi Kouchi, Makoto Hayashi, Toru Fujiwara “Analysis of a host factor required for efficient symbiotic nitrogen fixation in model and crop plants –Functional analysis of <i>Lotus japonicus</i> SEN1 protein–”Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Masaki Hayashi, Sokichi Shiro, Hiroyuki Kanamori, Satomi Mori, Harumi Sasaki, Kazue Ito, Takashi Sayama, Miki Nishioka, Masakazu Takahashi, Masao Ishimoto, Yuichi Katayose, Akito Kaga, Kyuya Harada, Hiroshi Kouchi, Makoto Hayashi, Yuichi Saeki, Yosuke Umehara “Map-based cloning of Rj4 gene that controls a nodule symbiotic specificity in soybean” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Yoshikazu Shimoda, Hiroko Yamaya, Kazuhiko Saeki, Hiroko Maita, Hideaki Hirakawa, Shusei Sato, Yuki Nishigaya, Toshimasa Yamazaki, Hiroshi Kouchi, Yosuke Umehara, Makoto Hayashi “Exploring Mesorhizobium loti genes that determine strain-specific Fix- phenotype of <i>Lotus japonicus</i> mutant” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Atsuko Hirota, Makoto Hayashi “Crosstalk between nodulation and cytokinin signalings in nodule development of <i>Lotus japonicus</i>” Miyazaki, 2013/10/14–18, 18th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Makoto Hayashi “How nitrogen-fixing nodules were formed during evolution” RIKEN Yokoyama Campus, 2014/3/5–6, UK-Japan Workshop</p> <p>征矢野敬、平川英樹、佐藤修正、林誠、川口正代司「根粒原基を誘導するミヤコグサ NIN は CLE 遺伝子を標的として根粒形成を抑制する」富山大学、2014/3/18–20、日本植物生理学会</p> <p>矢野幸司、寿崎拓哉、梅原洋佐、佐藤修正、田畑哲之、河内宏、林誠、川口正代司、藤原徹「ミヤコグサの ARN1 は窒素濃度に応じた根の伸長を制御する」富山大学、2014/3/18–20、日本植物生理学会</p> <p>廣田敦子、林誠「マメ科植物ミヤコグサにおける根粒菌シグナルとサイトカイニンシグナルのクロストーク」富山大学、2014/3/18–20、日本植物生理学会</p> <p>深井英吾・サンダルニールス・吉川学・平川英樹・梅原洋佐・河内宏・佐藤修正・ストウゴートイェンス・廣近洋彦・林誠、ミヤコグサ遠縁交雑RIL集団におけるレトロトランスポゾンの活性化、東京農業大学、2013/3/27–28、日本育種学会</p>
--	---

<p>深井英吾・Sandal N・吉川学・平川英樹・梅原洋佐・河内宏・佐藤修正・Stougaard J・廣近洋彦・林誠、ミヤコグサの種間交雑 RIL 集団におけるレトロトランスポゾンの活性化、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>征矢野敬・林誠・川口正代司、皮層細胞分裂を誘導するミヤコグサNINはAON経路を介して根粒形成を抑制する、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>永江美和・武田直也・下田宜司・林誠・今泉(安楽)温子、CCaMK下流で発現する新規菌根菌応答遺伝子の同定と機能解析、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>征矢野敬・林誠、転写因子NINはNF-Yを介して根粒形成を制御する、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>横田圭祐・林誠、根粒・菌根共生におけるストリゴラクトンシグナル伝達経路の役割、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>矢野幸司・寿崎拓哉・梅原洋佐・佐藤修正・田畑哲之・河内宏・林誠・川口正代司・藤原徹、硝酸イオンによる根の形態変化を制御するミヤコグサARN1の解析、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>廣田敦子・林誠、マメ科植物ミヤコグサにおける根粒菌シグナルとサイトカイニンシグナルのクロストーク、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>箱山雅生・菅沼教生・河内宏・林誠・藤原徹、窒素固定能の発現に必須なミヤコグサSEN1タンパク質の機能解析、岡山大学、2013/3/21-23、日本植物生理学会</p> <p>下田宜司・佐藤修正・林誠、マメ科植物との共生窒素固定に関わる根粒菌因子の同定、福岡国際会議場、2012/12/11-14、日本分子生物学会</p> <p>Fukai E, Soyano T, Umehara Y, Nakayama S, Hirakawa H, Tabata S, Sato S, Hayashi M. Establishment of a <i>Lotus japonicus</i> gene tagging population using the endogenous retrotransposon <i>LORE1</i>. Hyderabad, India. 2012/10/2-7. VI International Conference on Legume Genetics and Genomics</p> <p>矢野幸司・梅原洋佐・菅沼教生・佐藤修正・田畑哲之・河内宏・林誠・藤原徹・川口正代司、ミヤコグサにおける <i>LjERN1</i> の機能解析、神戸大学、2012/9/25-27、植物微生物研究会</p> <p>征矢野敬・林誠・川口正代司、皮層細胞分裂を誘導する NIN を介した根粒着生数の負の制御機構、神戸大学、2012/9/25-27、植物微生物研究会</p> <p>十川蒼・山崎大樹・三好貴紘・林誠・横田圭祐・田島茂行・野村美加、ミヤコグサ SNARE 遺伝子 <i>Syn1</i> は根粒形成初期における重要ファクターである、神戸大学、2012/9/25-27、植物微生物研究会</p> <p>下田宜司・林誠・今泉(安楽)温子、マメ科植物 CCaMK の比較機能解析、神戸大学、2012/9/25-27、植物微生物研究会</p> <p>Hayashi M. Plant genes that have triggered evolution of root nodule symbiosis. Phuket, Thailand. 2012/10/28-31. The 2nd Asian Conference on Plant-Microbe Symbiosis and Nitrogen Fixation</p> <p>Yokota K, Soyano T, Hayashi M. NSP1 and NSP2 regulate strigolactone biosynthesis genes and</p>

<p>arbuscular mycorrhiza symbiosis in <i>Lotus japonicus</i>. Munich, Germany. 2012/9/2-5. 10th European Nitrogen Fixation Conference</p> <p>Hayashi M, Soyano T. Transcriptional regulation for nodulation in legumes. Kyoto, Japan. 2012/7/29-8/2. XV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions</p> <p>Takeda N, Maekawa T, Hayashi M, Parniske M, Kawaguchi M. Analysis of common symbiosis system reveals infection mechanism of arbuscular mycorrhizal fungi in <i>Lotus japonicus</i>. Kyoto, Japan. 2012/7/29-8/2. XV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions</p> <p>Imaizumi-Anraku H, Nagae M, Shimoda Y, Takeda N, Hayashi M. Identification of novel arbuscular mycorrhizal-specific genes regulated by gain-of-function CCaMK, a key regulator of endosymbiosis. Kyoto, Japan. 2012/7/29-8/2. XV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions</p> <p>Nomura M, Miyoshi T, Yamazaki H, Sogawa A, Chungopast S, Yokota K, Hayashi M, Tajima S. Study of vesicle trafficking in <i>Lotus japonicus</i> nodules. Kyoto, Japan. 2012/7/29-8/2. XV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions</p> <p>深井英吾、征矢野敬、梅原洋佐、中山しのぶ、平川英樹、田畑哲之、佐藤修正、林誠、内在性レトロトランスポゾン <i>LORE1</i> によるマメ科モデル植物ミヤコグサの大規模遺伝子タギング系の開発、宇都宮大学、2012/3/29-30、日本育種学会</p> <p>林誠、非マメ科植物への根粒形成能の付与について、京都産業大学、2012/3/16-18、日本植物生理学会</p> <p>深井英吾、征矢野敬、梅原洋佐、中山しのぶ、平川英樹、田畑哲之、佐藤修正、林誠、内在のレトロトランスポゾン <i>LORE1</i> を用いたミヤコグサの大規模遺伝子タギング系の開発、京都産業大学、2012/3/16-18、日本植物生理学会</p> <p>廣田敦子、林誠、ミヤコグサ根粒形成機構におけるサイトカイニンシグナルの働き、京都産業大学、2012/3/16-18、日本植物生理学会</p> <p>林晃之、下田宜司、林誠、今泉(安楽)温子、根粒菌の表皮および皮層感染過程におけるミヤコグサ共生遺伝子要求性の差異、京都産業大学、2012/3/16-18、日本植物生理学会</p> <p>永江美和、武田直也、下田宜司、林誠、今泉(安楽)温子、機能獲得型 CCaMK を利用した新規菌根菌応答遺伝子の同定、京都産業大学、2012/3/16-18、日本植物生理学会</p> <p>Sato S, Fukai E, Hirakawa H, Urbanski D.F, Malolepszy A, Gupta V, Andersen S.U, Stougaard J, Hayashi M, Tabata S. Improvement of information and material resources of <i>Lotus japonicus</i>. San Diego, USA, 2012/1/14-18, Plant & Animal Genome XX Conference</p> <p>Yokota K, Soyano T, Kouchi H, Hayashi M. Conservation of legume-rhizobium symbiosis genes in non-legume. Fremantle, Australia, 2011/11/27-12/1, 17th International Congress on Nitrogen Fixation</p> <p>Hayashi M. Transcriptional regulation of bacterial infection and nodule development in root nodule symbiosis. Pohang, Korea, 2011/9/26-27, The 3rd Korea-Japan Young Plant Scientist Symposium</p> <p>深井英吾、征矢野敬、梅原洋佐、中山しのぶ、岸田佳恵、平川英樹、田畑哲之、佐藤修正、林誠、内在のレトロトランスポゾン <i>LORE1</i> を用いたミヤコグサの大規模遺伝子タギング系、岡山大学、</p>
--

	<p>2011/9/20-22、植物微生物研究会</p> <p>廣田敦子、林誠、ミヤコグサ根粒形成機構におけるサイトカニンシグナルの働き、岡山大学、2011/9/20-22、植物微生物研究会</p> <p>征矢野敬、林誠、根粒共生に特異的な転写因子 NIN の標的遺伝子は感染糸形成と皮層細胞分裂を制御する、岡山大学、2011/9/20-22、植物微生物研究会</p> <p>Hayashi M, Soyano T. Transcriptional regulation of bacterial infection and nodule development in root nodule symbiosis. Berlin, Germany, 2011/9/18-23, Deutsche Botanische Gesellschaft</p> <p>深井英吾、征矢野敬、中山しのぶ、梅原洋佐、岸田佳恵、平川英樹、田畑哲之、佐藤修正、林誠、ミヤコグサ・レトロトランスポゾン LORE1 転移系統を用いた大規模タギング-Flanking Sequence Tags (FSTs)の解析-、かずさDNA 研究所、2011/5/26-27、NBRP ミヤコグサ・ダイズ</p> <p>征矢野敬、深井英吾、梅原洋佐、林誠、ミヤコグサ・レトロトランスポゾン LORE1 転移系統を用いた大規模タギング-根粒共生変異体のスクリーニング-、かずさ DNA 研究所、2011/5/26-27、NBRP ミヤコグサ・ダイズ</p> <p>林誠、ミヤコグサ内生レトロトランスポゾンを利用した大規模タグラインの作出、かずさ DNA 研究所、2011/5/26-27、NBRP ミヤコグサ・ダイズ</p> <p>一般向け 計0件</p>
<p>図書</p> <p>計0件</p>	
<p>産業財産権 出願・取得 状況</p> <p>計0件</p>	<p>(取得済み) 計0件</p> <p>(出願中) 計0件</p>
<p>Webページ (URL)</p>	<p>研究の概要、生物研(農業生物資源研究所) http://www.nias.affrc.go.jp/researchactivities/25hayashi/ マメの大気中のチツ素利用を可能とする実行因子を同定、生物研(農業生物資源研究所) http://www.nias.affrc.go.jp/press/20130319/</p>
<p>国民との科学・技術対話の実施状況</p>	<p>NIAS オープンカレッジ「共生から見る植物-植物と微生物の相互作用-」、2013/11/14、主婦会館プラザエフ、一般、13 名、植物微生物共生の仕組みの解明とその応用についてスライドで解説した。</p> <p>平成 24 年度農業生物資源研究所一般公開サイエンスカフェ「共生は究極の肥料になるの? ~根粒の世界~」、2012/4/20、農業生物資源研究所、一般、20 名、根粒形成の仕組みをスライドと植物サンプルを使って一般向けに平易に解説した。</p> <p>くらしとバイオプラザ 21 TTC バイオカフェ「植物と微生物における共生の進化~根粒を環境に優しい農業に役立てるには?」、2012/5/18、東京テクニカルカレッジ、専門学校で学生と先生、25 名、窒素固定と農業の関係を解説した。</p> <p>筑波研究学園都市交流協議会サイエンス Q「共生は究極の肥料になるの? ~根粒の世界~」、2012/10/3(2012/11/5 ラヂオつくばで放送)、春日学園、中学 2 年生、7 名、ミヤコグサやダイズの</p>

様式21

	<p>根粒を実際に観察させながら、スライドを使わずに板書で説明した。</p> <p>NIAS オープンカレッジ「共生から見る植物-植物と微生物の相互作用-」、2012/11/29、主婦会館プラザエフ、一般、15名、植物微生物共生の仕組みの解明とその応用についてスライドで解説した。</p> <p>NIAS オープンカレッジ、2011/11/24、主婦会館プラザエフ、一般、7名、植物・微生物共生の仕組みの解明とその応用について解説した。</p>
新聞・一般雑誌等掲載計4件	<p>農業共済新聞、2013/4/10、p13、「根粒形成の鍵となるタンパク質「NIN」の機能解明、チッ素肥料減らした低環境負荷の農業実現へ」</p> <p>ニューカントリー6月号、p84-85、「農業を変えるサイエンス マメ科植物の根粒形成における実行タンパク質の解明」</p> <p>日経産業新聞、2013/3/26、p9、窒素利用のタンパク質、マメ科植物で発見、農業資源研</p> <p>日本農業新聞、2013/3/26、p20、根粒形成の仕組み解明、マメ科植物で生物資源研</p>
その他	

7. その他特記事項