

篠崎連携研究グループ (機能開発研究チーム)

Shinozaki Research Collaborative Group



ラボラトリーヘッド 篠崎 一雄 (理博)
Kazuo SHINOZAKI, Ph.D.

ミッションと事業概要

当グループでは、温暖化、乾燥化の進む地球環境での安定した農業生産やバイオマス生産を目指し、栽培環境に関わらず生産性を向上させるための有用遺伝子の探索および機能解明を行っている。新規遺伝子の探索にはトランスクリプトームやメタボローム、プロテオーム解析技術などを活用し、逆遺伝学的方法で機能を明らかにしている。また、モデル植物の変異体リソースやゲノムリソースの整備に協力して研究開発を進めている。

This research group is discovering Arabidopsis genes of which functions are linked to quantitative improvements in plants and those with new functions for minimizing the effects of the environmental stresses to achieve maximum productivity. We are exploring new genes involved in improved productivity at the genome level using transcriptome, metabolome or proteome analyses, and are analyzing regulatory factors and signaling factors involved in the control of gene expression. This group has contributed to BRC by collection of Arabidopsis mutant lines and their phenotype analysis.



平成22年度の成果

Research and Development 2010-2011

(1) 環境ストレス応答に関わる制御因子、シグナル伝達因子の探索と解析および作物への応用

ABAは、植物の環境応答を制御する重要な植物ホルモンである。我々は、植物のABAシグナル伝達において、SnRK2(タンパク質リン酸化酵素)とPP2C(タンパク質脱リン酸化酵素)の複合体が中心的な制御モジュールとして機能することを明らかにした(図1)。さらに、SnRK2の下流でリン酸化される基質を探索するため、リン酸化蛋白質を大規模に解析する実験系を構築した。

メタボロミクスなどの網羅的手法によって乾燥ストレスに対するABA誘導性の遺伝子や、アミノ酸・糖・二次代謝産物などの機能解析を行った。また、ABA生合成および分解に関わる酵素遺伝子の発現制御機構に関する研究を進めた。

環境ストレス応答と病原体感染などの生物ストレス応答経路とのクロストークを明らかにするために、両ストレスで産生される活性酸素に注目して解析を行った。

傷害ストレス応答において、リン酸化タンパク質の一つとして知られるMAPキナーゼMPK8が、カルモジュリンによって活性化し、シグナル因子としての活性酸素を厳密に制御する機能をもつことを明らかにした。また、ストレスシグナルに関わる代表的なMAPキナーゼMPK6が、茎頂分裂制御シグナルにも関わることを明らかとした。

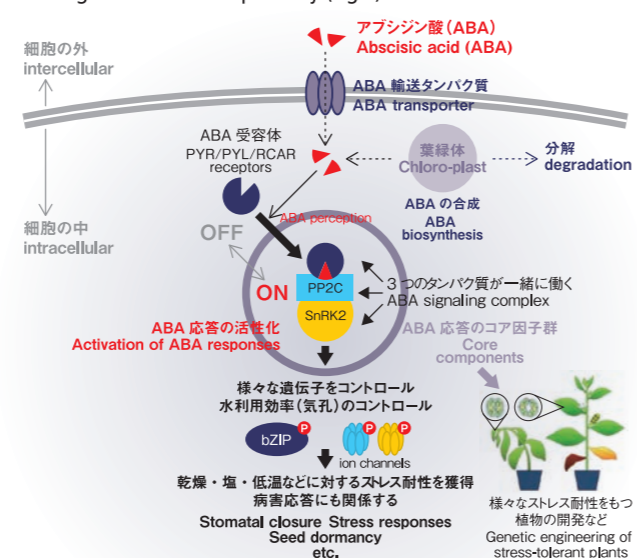
国際農林水産業研究センター、IRRI、CIAT、CIMMYT、EMBRAPAなど、国際的な農作物研究機関との共同研究に

より、環境ストレス耐性付与を示す有用遺伝子や、有用プロモーターをイネやコムギ、ダイズなどの作物品種に導入し、劣悪環境においても生育できるストレス耐性作物の開発を行っている。

化石資源に頼らないグリーンバイオテクノロジーの開発を目的として、草本のモデル作物となるブラキポディウム(図2)の研究基盤整備を行っている。重イオンビーム照射変異体の作出や完全長cDNA収集をはじめとしたリソース整備をBRCとの連携により行っている。

アブジジン酸(ABA)のシグナル伝達機構(図1)

ABA signal transduction pathway (Fig.1)



我々は、世界的な主要作物の一つであるダイズの研究リソースを整備する必要性に鑑みて、ダイズ完全長cDNAの大規模なコレクション(約四万)を作製し、また米国のダイズゲノムプロジェクトに参画して成果を挙げた。

シロイヌナズナの遺伝子破壊変異体の表現型解析、遺伝子解析を進めており、変異体リソースの質の高度化に貢献した。さらに、シロイヌナズナ新規転写因子cDNAの収集と利用を進めた。

Abscisic acid (ABA) is one of major phytohormones, and it has a pivotal role in plants' responses to environmental conditions. We focused on protein phosphorylation as a major signaling system, and demonstrated that the major ABA signaling pathway consists of four components including ABA, ABA receptors, type 2C protein phosphatases (PP2C) and SNF1-related protein kinase 2 (SnRK2) (Fig.1). Currently we are analyzing protein phosphorylation networks in ABA signaling using a LC-MS-based phosphoproteomic approach.

To analyze plant responses to abiotic stress, we analyzed functions of stress-inducible genes and metabolites in drought stress responses. Among them, we focused on genes involved in ABA biosynthesis and metabolism. We used transcriptomics and metabolomics to determine the signaling networks in abiotic stress response.

Under natural circumstances, plants are exposed to multiple environmental stresses including biotic- and abiotic-stresses simultaneously. Both stresses often cause accumulation of reactive oxygen species (ROS), leading to the development of oxidative stresses. To understand the crosstalk in stress signaling, we focused on analysis of oxidative stress response.

We revealed that a plant specific MAPK is activated through mechanical wounding, and this activation requires direct binding of CaMs without phosphorylation. The novel MAPK pathway maintains essential part of ROS homeostasis. We also revealed that stress-related MAPK cascade functions as downstream factor of CLV receptors, and affect SAM morphogenesis.

To develop stress tolerant crops, we are introducing stress-resistant genes into wheat, rice, and soybean varieties and trying field evaluation of stress tolerances in collaboration with international institutes such as IRRI, CIAT, CIMMYT, and EMBRAPA.

There is a pressing need to develop the new green biotechnology by using model grass plant, *Brachypodium distachyon* (Fig.2), as a substitute for fossil fuel. In this fiscal year, we started to generate the mutants, collected and sequenced full-length cDNA of *Brachypodium* for development of resource and infrastructure through cooperation with BRC.

Soybean is one of the most important crop plants for seed protein and oil content, and for its capacity to fix atmospheric nitrogen through symbioses with soil-borne microorganisms. We contributed to the soybean whole-genome project by collection and sequencing of 40,000 full-length cDNA clones from soybean. Using Arabidopsis tagged mutant lines, this team contributed to

BRC by systematic analysis of mutant phenotypes. Arabidopsis cDNAs for novel transcription factors were collected for their functional analysis.



モデル植物ブラキポディウム(左)とシロイヌナズナ(右)(図2)
Brachypodium distachyon (left) and *Arabidopsis thaliana* (right) (Fig.2)

職員とメンバー構成

Members

- グループディレクター [Group Director]
篠崎 一雄 Kazuo SHINOZAKI, Ph.D.
- 研究員 [Research Scientist]
梅澤 泰史 Taishi UMEZAWA, Ph.D.
藤田 美紀 Miki FUJITA, Ph.D.
浦野 薫 Kaoru URANO, Ph.D.
高橋 史憲 Fuminori TAKAHASHI, Ph.D. (バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team)
伊藤 卓也 Takuya ITO, Ph.D. (ケミカルバイオロジー研究基盤施設化合物ライブラリー評価研究チーム Chemical Library Validation Team)
- 特別研究員 [Special Research Scientist]
Babak BEHNAM, Ph.D.
- ジュニアリサーチアソシエイト [Junior Research Associate]
溝口 昌秀 Masahide MIZOGUCHI
- テクニカルスタッフII (特任職員) [Technical Staff II]
水門 佐保 Sabo MIZUKADO
小林 裕子 Hiroko KOBAYASHI (バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team)
- アシスタント [Assistant]
正代 初代 Hatsuyo SHODAI 小澤 久美子 Kumiko OZAWA (植物科学研究センター PSC) (バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team)
- パートタイマー [Part Timer]
衛藤 美智江 Michie ETO (バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team)
松尾 久美子 Kumiko MATSUO (バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team)

