

篠崎連携研究グループ (機能開発研究グループ)

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

当グループは、モデル植物の変異体や完全長 cDNA などのリソース開発および変異体の形質評価系の開発を通じてバイオリソースセンターのリソース業務に貢献している。また、収集したリソースを活用し、メタボロームやプロテオームなどの網羅的解析によって得られた情報と統合することで、ストレス耐性などの植物の生産性に関わる有用因子の探索と機能解明を進めている。さらに、得られた有用因子を作物育種に応用することで環境・食料問題に取り組んでいる。

This research group contributes BioResource Center through collection of full-length cDNAs from various plants and Arabidopsis mutant lines, and through their phenotype analysis. In combination with transcriptome, metabolome or proteome analyses, we utilize the resources of the BRC to discover 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 also trying to apply the stress related genes for molecular breeding of drought tolerant crops.

平成23年度の成果

Research and Development 2012-2013

(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

本研究グループでは、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、環境ストレス応答に関連した遺伝子探索と機能解析を中心に以下の研究を行っている。

○BRCのリソースである野生型シロイヌナズナ系統を用いて、酸化ストレスを引き起こす除草剤に対する品種間多様性を比較し、耐性に関わる因子の探索を行った。この結果、除草剤の吸収に関わる輸送体遺伝子RMV1を発見し、さらにこの輸送体が、ストレス応答に重要な役割を果たすポリアミンの輸送体であることを明らかにした(Fujita et al. PNAS 2012)。

○植物は乾燥、塩、などの様々な環境ストレスに応答して、植物ホルモンを介したシグナル伝達と遺伝子発現を行い環境に適応している。我々は、特に環境応答制御に重要な役割を果たすアブシシン酸(ABA)に注目し、ABA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。また、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(Urano et al. Plant J. 2009)。

○ストレスシグナル伝達におけるリン酸化シグナルの役割を明らかにするために、リン酸化タンパク質であるSnRK2、

MAPキナーゼ(Takahashi et al. Mol Cell 2011)およびレセプター型キナーゼの解析を行った。ABAを介したシグナルの受容と伝達において中心的な制御モジュールの一部を構成するSnRK2(タンパク質リン酸化酵素)の基質を探索するために、リン酸化蛋白質を大規模に解析する実験系を構築し、これを用いてSnRK2の基質の候補を得た。

○環境ストレス応答における遺伝子発現制御機構を明らかにするために、ストレス応答性の転写因子に関する研究を進めた。また、細胞膜因子による浸透圧ストレス応答調節機構を明らかにするために、カリウムトランスポーターの浸透圧ストレス応答および生長における役割に関する解析を進めた。

(1) Exploration and analysis of regulatory factors and signaling factors in environmental stress responses

This research team aims to discover Arabidopsis genes whose 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.

○To understand oxidative stress response, we analyzed natural variation of resistance to oxidative stress-related herbicide in Arabidopsis accessions distributed by RIKEN BRC. As a result, we identified an herbicide transporter, RMV1, whose sequence polymorphism controls herbicide tolerance. Furthermore, we demonstrated that the RMV1 is involved in transport of polyamines, which play an important role in stress response.

○Abscisic acid (ABA) is one of the major phytohormones, and it has a pivotal role in plants' responses to environmental

conditions. To analyze plant responses to abiotic stress, we focused on genes involved in ABA biosynthesis, calcium signaling, and metabolism. We used transcriptomics and metabolomics to determine the signaling networks in abiotic stress response.

○To elucidate protein phosphorylation networks in stress signaling, we studied plant protein kinases including SnRK2, receptor-like kinases and MAP kinase families. Using a LC-MS-based phosphoproteomic approach, we searched substrate of the SnRK2 protein, a part of the central ABA signaling module.

○In response to environmental stress, dynamic alteration of gene expression is occurred. To understand transcriptional regulation of stress-responsive genes, we performed functional analyses of transcription factors involved in drought stress or ABA signaling. We also analyzed biological function of potassium transporters in osmotic stress and growth regulation.

(2) ストレス耐性遺伝子の作物への応用

本研究グループではこれまでに、環境ストレス耐性に関与する遺伝子を多く単離してきた。本研究では、これら有用遺伝子を利用して、ストレス耐性植物の実用化に向けた基盤整備を行っている。また、水利用効率向上を目指した植物評価系の開発を行っている。

○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。現在までに、作製した遺伝子導入作物の圃場での評価が始まり、有用品種の候補が得られている。

○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)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。

(2) Research for the application of our stress genes formolecular breeding of drought tolerant crops

○Development of environmental stress resistance crops: 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.

○Infrastructure development of resource for softbiomass via model grass plant "Brachypodium": There is a pressing need to develop the new green biotechnology by using model grass plant, *Brachypodium distachyon* (Fig), 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.



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

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]
刑部 祐里子 Yuriko OSAKABE, 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)
七塔 高也 Takanari TANABATA, Ph.D.

●特別研究員 [Special Research Scientist]
Babak BEHNAM, Ph.D.
高崎 寛則 Hironori TAKASAKI, Ph.D.

●テクニカルスタッフ II (特任職員) [Technical Staff II]
水門 佐保 Saho 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] (特任職員)
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)

