

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。

Our research group contributes to BioResource Center for the collection of full-length cDNAs from various plants and Arabidopsis mutant lines and 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25年度の成果

Research and Development 2013-2014

(1) 環境ストレス応答に関わる制御因子および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。

- 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 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。ABA 合成に関わる *NCED3* 遺伝子のプロモーターを解析することによって、乾燥誘導性に重要な役割を持つ因子を同定した (Babak et al. DNA Research 2013)。
- 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。
- 環境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 キナーゼおよびレセプター型キナーゼの解析を行った。リン酸化タンパク質を網羅的に同定するリン酸化プロテオーム解析を行い、植物ホルモン ABA のシグナル伝達において中心的な制御モジュールである SnRK2 (タンパク質リン酸化酵素) の基質や下流因子を同定した。また、SnRK2 が MAP キナーゼを制御していることを明らかにした (Umezawa et al. Science Signaling 2013)。

- 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。

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

Our research group 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.

- 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 and metabolism. We identified a cis-acting element involved in the induction of *NCED3* in response to dehydration stress (Babak et al. DNA Research 2013) .
- 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 substrates of the SnRK2 protein, a part of the central ABA signaling module, and found that SnRK2 regulates MAP kinase cascade in ABA signaling (Umezawa et al. Science Signaling 2013) .
- To understand transcriptional regulation of stress-responsive genes, we performed functional analyses of transcription factors involved in drought stress and/or ABA signaling.
- To understand oxidative stress response, we analyzed natural

variation of resistance to oxidative stress-related herbicide, methyl viologen (MV), in *Arabidopsis* accessions distributed by RIKEN BRC.

(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、環境ストレス耐性獲得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。開発した作物について圃場でのストレス耐性評価を行い、有用品種の候補を得た。また分子生物学的解析を合わせて行い、導入遺伝子が機能している事を明らかにした。
- 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、草本バイオマス研究や小麦研究のモデル植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。様々な組織やストレス処理を行ったブラキポディウムから、完全長cDNAを約9,000クローン収集し、データベース構築などリソース利用としての情報基盤を整備した(Mochida et al. PLoS One 2013)。また、形質転換技術の構築をBRCとの連携により行っている。

(2) Research for the application of the stress genes for molecular 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 the field evaluation of stress tolerances in collaboration with international institutes such as IRRI, CIAT, CIMMYT, and EMBRAPA.
- Development of resource of a model grass plant "Brachypodium" for biomass research and wheat breeding. It is necessary to develop a new model grass plant, *Brachypodium distachyon* (Figure), for the promotion of green biotechnology. In this fiscal year, we collected and sequenced full-length cDNA of *Brachypodium* for development of the resource and infrastructure through cooperation with BRC. We also generated mutant resources and transformation technology in collaboration 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

- ラボラトリーヘッド [Laboratory Head]
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)
セタ 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]
正代 初代 Hatsuyo SHODAI
(環境資源科学センター CSRS)
(特任職員)
小澤 久美子 Kumiko OZAWA
(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)

