

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やバイオマス増産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 to BioResource Center through 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 and biomass production.

平成27年度の成果

Research and Development 2015-2016

(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ジン酸 (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* 遺伝子の乾燥誘導性に重要な役割を持つトランス因子を同定するために植物の変異体プールを用いた探索を行い、単離された候補因子の解析を進めた。
- ストレス応答性 *NAC* 転写因子群 (*SNAC-As*) が ABA を介した老化促進に関わることを明らかにした (Takasaki et al., *Plant J.* 2015) (図)。
- 乾燥ストレスや ABA 応答におけるリン酸化シグナル伝達の役割を明らかにするために、ABA シグナルを制御するリン酸化タンパク質 *SnRK2* に着目し、リン酸化プロテオーム解析を用いて、基質となる下流因子群の同定を進めた。
- 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、環境ストレス応答の品種間多様性を比較し、耐性に関わる因子の探索を進めた。

(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 understand the regulation mechanisms of ABA level during stress response, we analyzed the candidate trans-acting factors and signaling molecules involved in the induction of *NCED3* in response to dehydration stress.
- We clarified that *SNAC-As*, *A subfamily of stress-responsive NAC*, transcription factors mediate ABA-inducible leaf senescence (Takasaki et al., *Plant J.* 2015) (Figure).

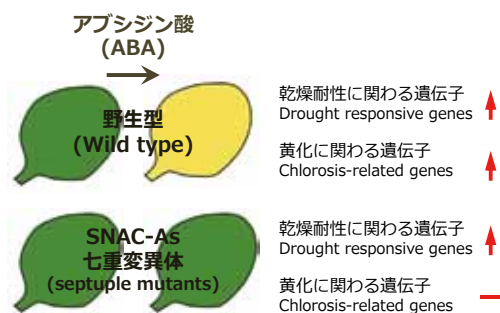


図 ABA処理による葉の黄化誘導実験とSNAC-As 7重変異体における遺伝子発現
Figure Comparison of ABA-induced leaf senescence and gene expression between wt and SNAC-A mutant

- To elucidate protein phosphorylation networks in drought stress and ABA signaling, we focused the ABA-mediated SnRK2 protein kinases, and analyzed the substrates of SnRK2 with phosphor-proteomics approach.
- To understand environmental stress response, we analyzed natural variation of resistance to environmental stresses 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、水利用率効率向上を目指した植物評価系の開発を行っている。

- シロイヌナズナにおいて単離された有用因子をイネに導入することで、非ストレス条件下における生育や収量に悪影響を与えずに高温ストレス耐性が向上することを明らかにした (Sato et al., Plant Biotechnol J, 2016)。
- 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。
- 植物の乾燥ストレス応答および水利用率効率を詳細に解析するため、植物の水環境を精密にコントロールし画像解析を自動で行う表現型解析システムの開発を進めた。
- 維管束組織で機能する ABA 輸送体が水利用率効率向上に寄与することを明らかにした。
- オーストラリア Phenomics Facility の 1 つである The Plant Accelerator と共同研究を行った。南オーストラリアの商業品種コムギを用いて、マイルドな塩ストレスに対する表現型解析と網羅的な遺伝子発現解析を行い、バイオマス増加やストレス耐性に関わる原因遺伝子を同定した (Takahashi et al., PloS One, 2015)。また、草本バイオマスやコムギ研究のモデル植物となるブラキポディウムの形質転換技術の構築を、BRC 実験植物開発室と共同で行った。

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

- We developed the heat stress-tolerant rice without growth retardation and yield reduction using a transcriptional regulator identified in Arabidopsis thaliana (Sato et al., Plant Biotechnol J, 2016).
- 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.

- We developed an automatic system for evaluating plant growth responses to a wide range of environmental conditions.
- We demonstrated that the ABA transporter genes contribute improvement of water use efficiency.
- We collaborated with The Plant Accelerator, one of the Australian phenomics facilities, and analyzed south Australian commercial bread wheats. Integration analysis with phenotyping and transcriptome revealed the important genes which improves the plant biomass and stress resistance under mild salinity conditions (Takahashi et al., PloS One, 2015). In addition, Brachypodium distachyon is a new model grass plants of wheat for the promotion of green biotechnology. We generated transformation technology of Brachypodium in collaboration with Experimental Plant Division in BRC.

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]
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)
七夕 高也 Takanari TANABATA, Ph.D.
刑部 祐里子 Yuriko OSAKABE, Ph.D.
- 特別研究員 [Special Research Scientist]
佐藤 輝 Hikaru SATO, Ph.D.
- テクニカルスタッフ II [Technical Staff II]
水門 佐保 Saho MIZUKADO (特任職員)
小林 裕子 Hiroko KOBAYASHI (特任職員)
(バイオマス研究基盤チーム Biomass Research Platform Team)
菊池 沙安 Saya KIKUCHI
- アシスタント [Assistant]
正代 初代 Hatsuyo SHODAI
(環境資源科学研究所センター CSRS)
小澤 久美子 Kumiko OZAWA (特任職員)
(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)

