

森田(寺尾)美代

名古屋大学 生命農学研究科
教授

重力屈性における重力シグナリングの分子機構
～分子構造から個体応答まで～

§ 1. 研究実施体制

(1)「名大」グループ

- ① 研究代表者:森田(寺尾) 美代 (名古屋大学生命農学研究科、教授)
- ② 研究項目
 - ・ 重力シグナリング複合体を構成する因子の機能解析
 - ・ 重力シグナリング複合体の上下流で機能する新規因子の探索と機能解析
 - ・ 重力シグナリング機構解明のための生理学的・分子遺伝学的解析
 - ・ 重力屈性調節物質の創出に向けた重力シグナリング複合体形成阻害物質のスクリーニング

(2)「先端大」グループ

- ① 主たる共同研究者:平野 良憲 (奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科、助教)
- ② 研究項目
 - ・ 重力シグナリング複合体の構造解析
 - ・ 重力シグナリング機構解明のための生化学的・生物物理学的解析
 - ・ 重力屈性調節に向けた分子標的物質創出を指向した構造基盤研究

§ 2. 研究実施の概要

重力屈性は、植物が重力の方向を感受し、根を水分や栄養分が豊富な地中へ、地上部を光合成や生殖に有利な上方へと各器官を配置する重要な環境応答の一つである。また、植物の側生器官の空間配置によるプラントアーキテクチャ(枝振りや根の張り)を司る主要な要因でもある。我々は、重力感受細胞に含まれる比重の高い色素体アミロプラストの位置の変化が重力方向を受容する為に重要であることを示したが、アミロプラストの位置が感受細胞内でどのような信号に変換され、オーキシンの器官内偏差分布へと繋がるのか、という重力シグナリングの分子機構に関しては不明であった。我々はこの重力シグナリングの中核に関わる DLLs を見だし、その相互作用因子として4つの RLD ファミリータンパク質を単離した。本研究では、これらタンパク質複合体の構造学的解析と分子遺伝学的解析を組み合わせ、それらの分子機能や相互作用による機能制御の機構を解明するとともに、阻害剤の設計や探索を進めることにより、重力シグナリングの分子機構の理解と応用への道を開拓することを目指している。

本年度は、DLLs-RLD 相互作用の機能解析として RLD1~4 の植物体における発現及び生理機能の解析を行った。その結果、RLD1 と RLD4 が根の重力感受細胞に発現しており、変異体の表現型から重力屈性に関与することが示された。また、*rld 1 2 3 4* 四重変異体の表現型から、RLD は感受細胞以外でも機能し、総じてオーキシン輸送制御に関わる可能性が高いことが示唆された。Y2H スクリーニングにより、RLD 以外の DLLs 相互作用因子候補、DLLs 以外の RLD 相互作用因子候補を複数見出した。

DLLs-RLD 相互作用の構造解析として、相互作用に預かる各々の C 端の領域の分子間相互作用の実体を明らかにするため、DTL CDL-RLD2 BRX 結晶について立体構造の決定に成功した。また本年度は、DLLs-RLD 相互作用調節物質の探索に向けた取り組みとして、化合物スクリーニングに必要な CDL-BRX 間相互作用簡易検出系の確立を行った。

植物に対する生理活性物質のライブラリ(約 3600 化合物)を用いてスクリーニングを行い、相互作用の阻害効果を持つ候補化合物を 10 種見いだした。今後、CDL-BRX 複合体構造情報を、DLLs-RLD 調節物質の探索・創出に活用したい。

