

研究課題別中間評価結果

1. 研究課題名: 植物特異的な転写因子機能ネットワーク

2. 研究代表者名: 高木 優

((独)産業技術総合研究所ジーンファンクション研究センター チームリーダー)

3. 研究概要

最近の全ゲノムの解析から、植物の遺伝子発現調節に果たす転写因子の重要性が示されているが、個々の転写因子の機能についてはほとんど明らかになっていない。本研究の目的は、キメラリプレッサーを用いた新規機能解析法により、植物特異的な転写因子が制御する形質および標的遺伝子を同定し、それらの機能ネットワークを解明することである。本研究の成果は、転写因子を用いたレギュロンバイオテクノロジーによる有用遺伝子的人為的制御、高機能性植物の創製など、バイオ産業への広範囲な応用が期待される。

4. 中間評価結果

4 - 1. 研究の進捗状況と今後の見込み

CRES-T解析システムを用いた転写因子の機能抑制系をシロイヌナズナのみならずイネでも立ち上げ、順調に変異体ライブラリーを整備してきている。また、2000以上あると考えられている転写因子遺伝子の機能を網羅的に解析しつつあり、発現解析のためのcDNA、データベースの作成、Chip-Chip解析など、先導的に研究を進めようとしている点は興味もたれる。

一方、CRES-T解析システムにおける転写因子機能抑制機構については未だ不明な点が多い。今後、解明へのロードマップに従って特定の転写因子に絞ったそれらのネットワークを、分子生物学的に解明することを期待している。

4 - 2. 研究成果の現状と今後の見込み

発表された論文の数は多いが、レベルは必ずしも高くは無い。今後独自性の高い成果を期待する。転写因子の機能抑制という点ではユニークな解析系といえる。つまりDominant negative 手法とRepression Domainを組み合わせた解析システムを構築したことが特色となっている。今のところこの系の信頼性を得るためのconfirmatory evidenceを多く集めているためか、新規性のある際立った成果は見られていない。

この解析系は一つのジーン・サイレンシング技術として評価できるが、dominant negativeによるのか、Repression Domainによるのか、あるいはその両方によるのかが現時点では不明確である。それを証明するためには、その分子機構を明らかにしないと科学技術としてのインパクトに欠けるものとなる。今後のロードマップは示されているので、この解析系を駆使して新規性の高い成果を期待する。

4 - 3 . 今後の研究に向けて

この解析系から得られた科学的知見が信憑性の高いことを願うものであるが、後で大きな落とし穴にはまらないためにもRNAiなどの解析系も併用してみることなどが大切であろう。そのような着実な研究の進め方をしてこそCRES-T法そのものが大きな成果になるのではないか。

転写因子の機能解明は進むと思われるが、転写因子のみで植物の機能のすべてが制御されるわけではなく、それぞれの機能を担う酵素遺伝子などの機能解析や非モデル植物の転写因子の機能解析などの展開の糸口がこの研究で得られることを期待する。

4 - 4 . 戦略目標に向けての展望

遺伝子発現制御による機能改変は植物機能改変の有力な方法である。機能ネットワークの解明をうまく応用研究へつなげていくことが必要である。このためには、本研究とは別な方向性を持った研究が行われるべきである。例えば、雄性不稔の実用的意義を考えるのであれば、育種の専門家の協力が望ましい。

4 - 5 . 総合的評価

全体的に評価できる。

転写ネットワーク解明の基盤を与えるものとして、今後の研究の展開に期待すること大である。ただし、対象が広すぎるので、プロジェクト期間内でどのように纏めるか考えておくことが必要である。