

戦略的創造研究推進事業

- C R E S Tプログラム -

研究領域「植物の機能と制御」

研究領域中間評価用資料

平成 1 7 年 3 月 1 6 日

1．戦略目標

「技術革新による活力に満ちた高齢化社会の実現」

21世紀は、世界各国で高齢化が進み、特に我が国においては世界に例を見ない速度で高齢化社会を迎えることが予測されている。このような状況はかつて経験したことがないものであり、高齢化社会にどのように対応していくかという問題は、人類の直面する大きな課題である。このような中、大胆な技術革新に取り組むことにより、21世紀に向け、豊かで活力のある高齢化社会を実現することが大変重要である。

このためには、高齢化社会に対応し個人の特徴に応じた革新的医療を実現することを目指して、オーダーメイド医療、再生医療等の実現に不可欠な発生・分化・再生のメカニズムを解明することや、豊かで健康な食生活と安心して暮らせる生活環境の実現を目指して、植物の持つ多様な機能を解明し、その機能を制御・利用すること等が必要である。

従って、戦略目標を、豊かで活力のある高齢化社会の構築を目指す「技術革新による活力に満ちた高齢化社会の実現」とする。

2．研究領域

「植物の機能と制御」(平成12年度発足)

植物の持つ多様な機能発現機構をマクロ的(生態学的)およびミクロ的(分子科学的)に、両面より解明することにより、その機能を人為的に制御する技術を早急に確立し、人類の生活基盤である食料、衣料、居住環境の安定的な提供、改善へと繋げる研究を対象としている。

具体的には、植物ゲノムの解析並びに遺伝情報の解明、植物と環境との相互作用や環境ストレス下での植物遺伝情報の発現、さらには分子育種や生理機能の制御等を通じて、食料生産の増大及び質の向上、創薬への応用、パルプや建築材、繊維等の工業製品、その他未利用植物資源の利用、地球環境の保全や災害防止などに至る様々な植物の利活用を目指している。

3．研究総括

鈴木 昭憲 (秋田県立大学 学長)

4. 採択課題・研究費

(単位:百万円)

採択年度	研究代表者	所属 役職	研 究 課 題	予定研究費
平成12年度	飯田 秀利	東京学芸大学 教授	植物の重力感知の分子機構	251
	経塚 淳子	東京大学 助教授	植物生殖成長のキーププロセスを統御する分子機構の解明	494
	近藤 孝男	名古屋大学 教授	光合成生物の生物時計 :その分子機構と環境適応	242
	斉藤 和季	千葉大学 教授	ポストゲノム科学を基盤とする植物同化代謝機能のダイナミクス解明	467
	武田 和義	岡山大学 教授	オオムギゲノム機能の開発と制御	504
	中村 保典	秋田県立大学 教授	デンプンメタボリックエンジニアリングの開発	233
	村田 稔	岡山大学 教授	植物における染色体機能要素の分子解析と人工染色体の構築	250
平成13年度	岡田 清孝	京都大学 教授	植物発生における細胞間シグナリング	340
	高林 純示	京都大学 教授	植物の害虫に対する誘導防衛の制御機構	215
	西澤 直子	東京大学 教授	植物の鉄栄養制御	385
	森川 弘道	広島大学 教授	植物が作る未解明窒素化合物の構造と作用	215
	若狭 暁	農研機構 作物研究所 研究室長	トリプトファン生合成系における一次・二次代謝の制御と利用	340
平成14年度	石川 雅之	農業生物資源研究所 チーム長	タバコモザイクウイルスの増殖機構	225
	川口正代司	東京大学 教授	共生ネットワークの分子基盤	225
	高木 優	産業技術総合研究所 チームリーダー	植物特異的な転写因子機能ネットワーク	450
	西村いくこ	京都大学 教授	種子蛋白質の量的・質的向上を目指した分子育種	225
	原 登志彦	北海道大学教授	寒冷圏における光ストレスと北方林の再生・維持機構	225
CREST-秋田サテライトラボ				334
総研究費				5,620

5．研究総括のねらい

今日、植物の研究が食糧問題、環境問題等の地球規模の問題に深くかかわることは広く認識されており、植物科学の研究に大きな社会的関心が寄せられている。その様な背景のもと、CREST「植物の機能と制御」研究領域は、植物の持つ多様な機能を解明するとともに、その機能を制御し、利用することを目指すものとして、平成12年度に発足した。具体的な研究目標としては、ゲノム解析並びに遺伝情報の解明の進展を基盤とした植物機能の解明、植物と環境との相互作用や環境ストレス下での植物遺伝情報の発現、さらには分子育種や生理機能の制御等を通じて、食料生産の増大及び質の向上、創薬への応用、未利用植物資源の利用、地球環境の保全や災害防止などに至る様々な面での植物の利活用をめざす研究等が想定されている。即ち、本研究領域は、将来の応用への出口を念頭において展開される「先端的な植物科学」の研究を推進するものとして設定し、研究課題を採択した。

6．選考方針および想定される採択課題成果の社会的貢献

多くの応募課題の中から、成果の社会的貢献を1)生産力(収量)向上、2)高付加価値植物質生産、3)環境保全、4)新技術の創成のカテゴリーに分類し採択プロジェクトを厳選した。具体的には、1)生産力(収量)向上に関しては、重力センサー遺伝子の発現による効率的な光合成能保持および亢進、花成・花序形成機構の解明とその制御、害虫：天敵：植物間の防衛機構の解明とその亢進、菌根菌共生機構の解明とその制御など。2)高付加価値植物質生産に関しては、新規デンプンの創製、トリプトファン高含有イネの作製および2次代謝経路の制御、高蛋白質含有種子作製、高铁含有植物の作製など。3)環境保全に関しては、NO_xなどの窒素代謝物の同定とその代謝経路制御によるファイトレメディエーション作物の作製、再生および持続可能な森林(北方林)管理技術の構築など。4)新技術の創成に関しては、プロテオームおよびメタボローム技術による同化・代謝機構の制御技術構築、ゲノム情報を利用した新しい交雑育種技術の構築、概日リズム機構の解明とその制御、多量の有用遺伝子導入を目指す人口染色体の構築、細胞間・器官間・組織間のシグナリング機構の解明と制御技術の構築、ウイルスの複製機構の解明と制御技術の構築、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遺伝子発現制御技術の構築など、合計17課題を採択した。

以下、具体的に採択課題成果の想定される社会的貢献を記す。

研究代表者	採択課題名	成果の想定される社会的貢献
飯田 秀利 (東京学芸大学教育学部 教授)	植物の重力感知の分子機構	生産力向上 (植物重力センサーとして、伸展活性化 Ca^{2+} 透過チャネル遺伝子が働くことの証明。ならびに制御機構を解明することで効率的に光受容形態を保持し、光合成能の維持・亢進を図る)
経塚 淳子 (東京大学大学院農学生命科学研究科 助教授)	植物生殖成長のキープロセスを統御する分子機構の解明	生産力向上 (花成と花序形成を制御する遺伝子群のフローを解明する。花成制御技術確立し、増収へと繋げる)
近藤 孝男 (名古屋大学大学院理学研究科 教授)	光合成生物の生物時計：その分子機構と環境適応	新技術の創出 (各種発現機構のスイッチ的役割) (概日リズム発現機構を解明する。その機構を各種代謝機構、形態形成機構などへリンクさせる制御技術確立することにより物質生産を制御する。)
斉藤 和季 (千葉大学大学院薬学研究院 教授)	ポストゲノム科学を基盤とする植物同化代謝機能のダイナミクス解明	新技術の創出 (同化・代謝機能亢進) (同化・代謝機構のフローをトランスクリプトーム・メタボロームとの融合技術を構築し解析する。)
武田 和義 (岡山大学資源生物科学研究所 教授)	オオムギゲノム機能の開発と制御	新技術の創出 (育種) (オオムギを材料にゲノムマップを作製し、ゲノム情報に基づく新しい交雑育種技術を構築する。)
中村 保典 (秋田県立大学生物資源科学部 教授)	デンプンメタボリックエンジニアリングの開発	高付加価値物質生産 (デンプン合成酵素遺伝子群を解明する。デンプンのクラスタリング機構を制御することにより、新規デンプンを創出する)
村田 稔 (岡山大学資源生物科学研究所 教授)	植物における染色体機能要素の分子的解析と人工染色体の構築	新技術の創出 (有用遺伝子導入) (有用遺伝子を多数、同時に導入可能な植物人工染色体を構築し、効率的な形質転換体作製技術確立する)
岡田 清孝 (京都大学大学院理学研究科 教授)	植物発生における細胞間シグナリング	新技術の創出 (形態改変) (細胞間、器官間、組織間の相互シグナリング機構を解明し、植物形態制御技術を)

		構築する)
高林 純示 (京都大学生態学研究センター 教授)	植物の害虫に対する誘導防衛の制御機構	生産力向上 (植物・害虫・天敵の相互作用を分子生物学的に解明する。植物の保有する防衛機構(天敵誘導)の亢進により、病虫害からの回避を図る)
西澤 直子 (東京大学大学院農学生命科学研究科 教授)	植物の鉄栄養制御	環境耐性・高付加物質生産 (アルカリ土壌耐性植物を創出するとともに、その技術を利用した高鉄含有イネを作出する。)
森川 弘道 (広島大学大学院理学研究科 教授)	植物が作る未解明窒素化合物の構造と作用	環境保全 (NOxなどから産生される未解明窒素化合物を同定するとともに代謝経路を解明し、ファイトレメディエーション技術へ繋げる)
若狭 暁 (独)農業・生物系特定産業技術研究機構作物研究所研究室長)	トリプトファン生合成系における一次・二次代謝の制御と利用	高付加価値物質生産 (高トリプトファン含有イネを創出するとともに、二次代謝経路(シキミ酸生合成経路)の制御技術を構築する。)
石川 雅之 (独)農業生物資源研究所生理機能研究グループ チーム長)	タバコモザイクウイルスの増殖機構	新技術の創成 (生産力向上・ウイルス性疾患創薬) (ウイルスの複製機構を解明する。その機構の制御技術を確立することにより植物ウイルス病、ヒトウイルス感染症の防御へと繋げる)
川口 正代司 (東京大学大学院理学系研究科 助教授)	共生ネットワークの分子基盤	生産力向上 (低環境負荷農業技術) (根粒菌、菌根菌と植物間の共生機構を解明する。その機構の効率的な利用により、窒素、リン酸の供給率向上を図る)
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)	植物特異的な転写因子機能ネットワーク	新技術の創成 (生産力向上・環境耐性・高付加物質生産・環境保全) (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各種有用遺伝子の制御技術を構築する。)
西村 いくこ (京都大学大学院理	種子蛋白質の量的・質的向上を目指した分子育	高付加価値物質生産 (種子蛋白質の集積と成熟化の機構を解

学研究科 教授)	種	明する。蛋白プロセッシング機構を制御することにより高蛋白含有種子を創出する)
原 登志彦 (北海道大学低温科学研究所 教授)	寒冷圏における光ストレスと北方林の再生・維持機構	環境保全 (北方林の再生・維持機構を解明する。その機構の効率的利用により再生時間のミニマイズ化、持続可能な森林管理技術を構築する)

7. 領域アドバイザー

領域アドバイザー	所 属	役 職	任 期	専門分野
高倍 鉄子	名古屋大学	教 授	平成12年4月～ 平成14年3月	生化学
若狭 暁	(独)農業・生物系特定産業技術研究機構作物研究所	研究室長	平成12年4月～ 平成13年3月	植物細胞工学
荒井 綜一	東京農業大学	教 授	平成12年4月～ 平成20年3月	食品科学
岩淵 雅樹	(独)農業生物資源研究所 岡山県生物科学総合研究所	理事長 所長	平成12年4月～ 平成20年3月	植物学
大宮 あけみ	(独)農業・生物系特定産業技術研究機構花き研究所	室 長	平成13年4月～ 平成20年3月	園芸学
佐藤 文彦	京都大学	教 授	平成12年4月～ 平成20年3月	植物生化学
三川 潮	富山県国際健康プラザ国際 伝統医学センター	所 長	平成12年4月～ 平成20年3月	薬学
西尾 敏彦	日本特産農産物協会	理事長	平成12年4月～ 平成20年3月	農学
松岡 信	名古屋大学	教 授	平成12年4月～ 平成20年3月	植物分子生物学
渡辺 知之	植物工学研究所	社 長	平成12年4月～ 平成20年3月	植物工学

上記領域アドバイザーの人選に関する考え方としては、前述の採択研究対象範囲の広さから、それぞれの分野の第一線で活躍の気鋭研究者、ならびに各分野を横断的、相対的に

総合判断できる者をアドバイザーとして起用、布陣させた。具体的には植物分子科学、植物生化学、植物細胞工学、園芸学、生化学を専門とする気鋭研究者ならびに食品科学、植物学、薬学、農学、植物工学など総合的な分野を専門とする者などである。

8．研究領域の運営

研究課題の採択方法については、前述の「研究総括のねらい」「選考方針および想定される採択課題成果の社会的貢献」の趣旨に沿って、書類選考および面接選考により決定した。具体的な採択方法については、書類選考は、1提案あたり2名のアドバイザーによる査読により選考の公平性を保ち、面接選考の候補提案を決定した。面接選考については、アドバイザー全員の評価結果をもとに合議により採択課題を決定した。

採択課題の進捗状況、直近の計画ならびに将来の方向性については、毎年「研究計画書」作成前に総括との打ち合わせを通し、およびアドバイザーを加えた領域会議により、適正に研究の流れを把握し、助言を与え推進してきた。

上記推進活動により、全17研究課題共通の業務として、1)遺伝子塩基配列の解読、2)形質転換体の作製、3)抗体作製および4)蛋白解析が浮上してきた。これら業務を各研究代表が個々に施設、機器類を揃えるには経費面だけではなく、効率面からも問題が多い。領域として上記業務の集中化による予算の効率的運用を検討し、「CREST-秋田植物分子科学サテライトラボラトリー」を研究代表総意のもと設立した。現在総員9名のスタッフで上記共通業務を運営しており、研究の進捗に合わせた、緩急の対応が可能となっている。

研究費の配分、追加配分については、年度初めに総括との研究計画打ち合わせを通し決定している。配分額については、タイムリーに付けなければ成果のインパクトも変わることから、今積極的に付けるべきか、時期を遅らすべきかを研究分野の動勢を勘案し決定している。

研究課題の進捗状況：推進・支援：変更については、各研究代表から入る情報をもとに、その都度指針を提案している。大きな推進・支援または変更については、中間評価会の場合となるが、アドバイザーの意見も入れた提案を各研究代表に伝え、その対処案：善処案を求めている。

また、領域関係者全員が、共通の土俵で、領域全体の進捗状況を的確に把握し、相互の疎通を図るために、毎年部外秘の「領域年報」を発行している。

知的財産保護の重要性を研究代表に認識して頂き、かつ契約により、その権利を保護する仕組みをご理解して頂くために、「契約書作製の指針 国内編・海外編」を刊行した。

領域の知的財産の保護、並びにそのライセンスは研究代表との密接な研究進捗連絡によって、確実に取得、実施してきた。平成16年12月末までに、197件の出

願完了し、5件のライセンス（延べ約70件の出願案件）実施中である。
以上述べてきたように、領域として限られた期間、予算の中で、研究効率を如何に上げ成果に結びつけるか、成果を如何に「戦略目標」の問題解決に結びつけるかを念頭に運営している。

9. 研究の経過

研究領域としては5年目を迎え中間点にある。これまでに多くの研究成果が報告されており、以下研究課題の目的および主な成果を以下に挙げる。

平成12年度採択

研究課題：植物の重力感知の分子機構

研究代表者：飯田秀利

植物は重力、接触、風、浸透圧などを感知し応答することによって、健全な植物体を形成し、穀物を豊かに実らせることができる。したがって、これらの機械刺激を感知するセンサーを特定し、その作用の分子機構を解明することは基礎科学としても応用科学としても極めて重要である。多くの研究者による研究から、そのセンサーの一つは細胞膜に存在する伸展活性化 Ca^{2+} チャンネル（別名、機械受容 Ca^{2+} チャンネル）であると考えられてきたが、長年その分子の実体は不明であった。

世界で初めてそれをコードするシロイヌナズナの遺伝子（*AtMID1A* と命名）を特定することに成功した。すなわち、次の4つの実験により、*AtMID1A* タンパク質が伸展活性化 Ca^{2+} チャンネルであることを証明した。(1) *AtMID1A* を高発現する酵母は Ca^{2+} を取り込む活性が高い。(2) *AtMID1A* を高発現するシロイヌナズナの葉肉細胞は膜の伸展に伴う Ca^{2+} 電流を多く流す。(3) *AtMID1A* を発現している動物細胞は、膜の伸展により細胞内 Ca^{2+} を流入させる。(4) *AtMID1A* をもたない変異株では、低浸透圧刺激による細胞内 Ca^{2+} 濃度の上昇が十分ではない。

また、*AtMID1A*-GFP 融合タンパク質は細胞膜に局在すること、*AtMID1A* を高発現する植物は高濃度の Ca^{2+} を含む培地では生育できず、逆に低濃度 Ca^{2+} を含む培地では野生株と同様に正常に生育できることなどを明らかにした。

さらに特筆すべきことに、*AtMID1A* をもたない変異株では、柔らかい培地から固い培地に根を侵入させることができないことを発見した。それと相まって、*AtMID1A*-GUS は根の感覚に重要な根端（特にコルメラ細胞）で発現していた。これらの発見は、*AtMID1A* が根の接触感知とその後の応答反応に重要であることを示唆するものである。一方、*AtMID1A* 遺伝子に類似の遺伝子をシロイヌナズナゲノムに見付け、*AtMID1B* と名付けてその遺伝子の単離と遺伝子欠損株の樹立を行なった。さらにイネとタバコにも類似遺伝子を見付け、それぞれ *OsMID1* と *NtMID1A* および *NtMID1B* と名付け、

解析中である。

上記の伸展活性化 Ca^{2+} チャネルの機能をより良く理解する目的で、それと類似の機能をもつ酵母の Mid1 について構造生物学的な研究を行い、推定上の膜貫通領域の重要性を明らかにした。また、イネにおいて OsMid1 と協調的にはたらくことが予想される推定上の電位依存性 Ca^{2+} チャネル OsTpc1 の単離と解析、およびシロイヌナズナの新規の機械受容陰イオンチャネルを特定することに成功した。

研究課題：植物生殖成長のキープロセスを統御する分子機構の解明

研究代表者：経塚淳子

いつ花を咲かせるかは植物の生存にとって非常に重要な問題であり、多数の遺伝子のネットワークにより精密に制御されている。生殖成長への移行が決定されると、茎頂分裂組織では花や花序作りのための新たな分化プログラムが開始する。本研究課題では植物が環境の変化を感知して花成にいたる情報伝達ネットワークの主要経路を明らかにする。さらに花や花序の形作りを決定する機構において中心的な機能を果たす遺伝子を単離しその機能を明らかにするとともに、得られた知見の産業への応用の可能性を検討している。

花成に関しては *FT* 遺伝子の解析を中心に進めている。*FT* は花成において中心的な役割を果たす遺伝子であり、花成へのさまざまな信号を統御する。*FT* の下流で働く遺伝子として見出した *FD* は転写制御因子をコードしており、花序分裂組織で発現し、花芽分裂組織遺伝子や花序分裂組織遺伝子を標的遺伝子とする。一方、*FT* は葉で発現する。*FT* と *FD* が直接相互作用すること、*FT* が細胞間を移行することから、葉で作られた *FT* タンパク質が分裂組織に移動し花成を開始させるという作業仮説を立て、これを証明するための解析を行っている。*FT* タンパク質の細胞間移行については *FT* と同じグループに属する *TFL1* タンパク質について詳細な解析を行い、細胞間移行が機能に必須であることを見出し、細胞間移行を決定する 20 アミノ酸を同定した。さらに、*FT* の発現を抑制するクロマチン因子、*TFL2* を見出し、*TFL2* はクロマチン領域の遺伝子ではなく、*FT* や花のホメオティック遺伝子といったユークロマチン遺伝子を抑制していることを示した。

花序形成に関しては、イネをモデル植物として研究を進めている。これまでに花芽分化運命を決定する *FZP* 遺伝子を単離し解析した。さらに、穂の分枝形成において中心的な機能を果たす *LAX* 遺伝子を単離し、*LAX* が bHLH ドメインを持つ転写調節因子であることを明らかにした。現在、*LAX* の分子機能を解析中であり、この解析から植物の分枝形成に関する理解を深めることができると期待している。さらに、モデル植物の解析から得られた知見をもとに、ペチュニア、トレニアなどの観賞用園芸植物の分子育種にも取り組んでいる。

研究課題 光合成生物の生物時計：その分子機構と環境適応

研究代表者 近藤孝男

シアノバクテリアは生物時計を持つ最も簡単な原核生物であるが、シアノバクテリアの概日時計遺伝子として発見した *kai* 遺伝子の遺伝子発現制御機構を分子生物学的に、その産物蛋白質の機能を生化学的に解析した。

まず、概日時計の中心である KaiC 蛋白質がゲノム全体にわたって遺伝子発現を制御していることを発見し、さら大腸菌のプロモーターで *kai* 遺伝子を発現させ、概日リズムの再構成に成功した。

一方、Kai 蛋白質は夜間に大きな複合体を形成し、KaiC のリン酸化に顕著なリズムがあることを見いだした。また KaiA は KaiC のリン酸化を促進し、KaiB は脱リン酸化を促進することを確認し、24 時間周期の間で 3 つの Kai 蛋白質がリン酸化サイクルを共同して起こしていることを示し、最近この KaiC のリン酸化部位も特定した。さらに特記すべきことは、最近、暗期中で転写も翻訳も全く起こっていない状態でも、KaiC のリン酸化サイクルは 24 時間振動を継続することを示した。これはこれまで生物時計の基本構造とされていた時計遺伝子の発現制御を否定するもので、生物時計の原因は KaiC のリン酸化サイクルであることを示すものである。この発見はシアノバクテリアのみでなく概日時計の本質を理解する点で極めてインパクトの大きなものである。

なおこのプロジェクトでは明確な光周性反応をウキクサを使って花芽誘導の為の日長測定機構の解明も試みた。すでにパーティクルガン法による遺伝子導入で、生物発光による遺伝子発現のリアルタイムモニターを可能としたので、今後様々な解析が可能となった。

研究課題：ポストゲノム科学を基盤とする植物同化代謝機能のダイナミクス解明

研究代表者：斉藤和季

本研究では、急速にゲノム解析が進んでいるシロイヌナズナとイネを研究材料として、プロテオミクスやメタボロミクスなどのポストゲノム科学を基盤とした炭素・窒素・硫黄・リンの同化代謝間相互のダイナミクスを解明することを目的とする。特に、栄養ストレス下におけるシロイヌナズナのトランスクリプトームとメタボローム解析の結果を統合的にマップ上に投影する研究を進めた。

硫黄欠乏、窒素欠乏に対するグローバルな応答とグルコシノレートなどの特異代謝系の応答を示すことが出来た。硫黄同化系に関与する個別遺伝子については、シロイヌナズナの硫酸イオントランスポーター遺伝子、セリンアセチル転移酵素遺伝子の機能解析を進めた。これらの変異体や過剰発現体のトランスクリプトーム、メタボローム解析によって遺伝子・代謝産物ネットワークの理解を進めた。

窒素同化代謝については、イネのインブレットラインを用いて量的形質を決定している遺伝子座(QTL)の解析を進め、重要な QTL をマップするとともに、QTL 領域から原因遺伝子の単離を目指し、第 2 染色体 QTL 領域の高密度マッピングを進めると同時に

QTL 領域を含む染色体置換系統を作出し、約 40cM から約 1.8 cM までこの領域を狭めることに成功した。また、サイトゾル型グルタミン合成酵素遺伝子欠損株の解析を進めた。

リン酸代謝については、液胞膜リン酸輸送系同定のために進めていた液胞膜プロテオーム解析を終え、163 のタンパク質と多数の膜貫通タンパク質の同定に成功した。また、イノシトールリン酸化合物の代謝過程の解析を進めるために、複数の関連酵素のシロイヌナズナノックアウト株を作成した。さらにイオンクロマトグラムに電気化学検出法とチタニアカラムを組み合わせることで、糖リン酸の網羅的分析法を開発し、シロイヌナズナの糖リン酸分布の解析を進めた。また、遺伝子破壊株をもちいてイネの糖代謝に関与する 3 種類のヘキシキナーゼ遺伝子の機能解析を進めた。また、タンパク質の大量蓄積系を制御する遺伝子(群)を同定するとともに、植物細胞に任意のタンパク質を大量蓄積させる方法論の開発をめざして研究を進めた。さらに、小胞体由来の特異的なタンパク輸送小胞を失った突然変異株の解析とペルオキシソームタンパク輸送因子の網羅的 *in vivo* 機能解析を行った。

研究課題：オオムギゲノム機能の開発と制御

研究代表者：武田和義

オオムギはムギ類の栽培種における唯一の自殖性二倍体であり、遺伝学的に極めて優れたムギ類のモデルゲノムである。イネゲノムとの相同性を利用しながら、オオムギの有用な遺伝子構造を解析し制御すると共に、コムギ、ライムギ等近縁ゲノムのモデルとしての情報を提供するが本プロジェクトの目的である。このため、オオムギゲノム研究のためのリソース開発と国際的なオオムギゲノムセンター形成、これらを利用した実用的なオオムギゲノムの機能解析と育種による制御技術の開発を以下のように進めている。

遺伝子のカタログ化をするための cDNA 解析と遺伝子のマップおよび発現解析手法の開発においては、独自に開発した現在 14 万の遺伝子断片配列および国際コンソシアムによって作製された配列をもとにカタログ化を進めており、イネゲノム、コムギ EST との比較ゲノム情報を含めた遺伝子配列情報を検索するためのデータベースを開発・公開した。

また、オオムギ EST 配列の中で数千の一塩基多型を検出した。約 1 万個の非冗長的な配列を有する cDNA からプライマーを合成して約二千マーカーからなる EST マップを作成し、マップ上に数十種の有用形質を同定した。

さらに、このマップに基づいて有用形質をゲノム全体で選抜するために、cDNA の発現および SNP を検出する DNA アレイシステムを用いた遺伝子型選抜システムを開発している。

また、米国を中心とする国際コンソシアムで約 2 万 3 千個の遺伝子が検出可能な DNA オリゴアレイシステムを共同開発した。

独自に開発したゲノムライブラリーと遺伝子の選抜技術が完成し、高密度遺伝地図作製技術およびアグロバクテリウムを用いた形質転換技術と合わせて、いくつかの重要な遺伝子について精力的に強連鎖マーカーの検出および単離を進めている。

不良土壌環境に適応するためのストレス耐性に関する機能推定、産業利用上重要な醸造品質のタンパク質量分析技術を用いた遺伝子同定も進めている。

研究課題：デンプンメタボリックエンジニアリング

研究代表者：中村 保典

デンプンは食糧や食品の他、工業品素材として広く利用されているが、メタボリックエンジニアリングによる新規デンプンの創出は、新素材としてのデンプンの用途拡大に道を開くものである。植物のデンプン合成は、複数のアイソザイムを有する4クラスの酵素(ADPグルコースピロフォスフォリラーゼ AGPase、スターチシンターゼ SS、枝作り酵素 BE、枝切り酵素 DBE、ただし DBE にはイソアミラーゼ (ISA) とプルランナーゼ (PUL) の2タイプがある) から成る代謝ネットワークから構成され、極めて複雑なシステムであることから、遺伝子制御による新規デンプンの合成に成功した例はまだごく少数にとどまっている。

イネ胚乳を用いた本研究では、イネの突然変異体を単離・解析することによって、デンプンの主成分であるアミロペクチンの構造へ最も影響力を及ぼす酵素の機能や、アミロペクチン構造とデンプン物性との関連を解明することに成功した。この結果を踏まえ、2002年にアミロペクチン合成に関する新モデルを公表した。これは各アイソザイムの機能を付与した最初のモデルで、世界から広く反響が寄せられ、多くの文献に引用されている。また、本チームが使用しているジャポニカ型イネ組換え体は、デンプン合成システムの解析材料としても、新規デンプン素材を生産する生物材料としても、他の植物に比べすぐれていることを明らかにした。

次に *SSIIa* 遺伝子、*BEIIb* 遺伝子、*ISA1* 遺伝子が欠損したイネ変異体に、それぞれイネや他種の遺伝子を導入した組換え体を作成し、発現レベルを制御することによって、異なる構造と性質を有する新規デンプンを合成することに成功した。各遺伝子の制御によって生産されるデンプンの構造や物性はユニークなものであり、*SSIIa* 遺伝子制御によって日印コメデンプンの制御、*BEIIb* 遺伝子によって糊化特性の大幅な制御、*ISA1* 遺伝子によってデンプン結晶性の制御が広範囲で可能になった。これらの成果は、テーラーメイドデンプンの作成への道を開くものであり、他植物ではまだこれほど体系的に作成し、成功した例は報告されていない。

研究課題：植物における染色体機能要素の分子的解析と人工染色体の構築

研究代表者：村田稔

本プロジェクトの目的は、植物の染色体機能要素のうち、特にセントロメア(動原体)に

着目し、その分子構造をシロイヌナズナなどの植物種で詳細に解析するとともに、“分配”という染色体の機能がいかに維持されているか解明しようとするものである。さらには、これらの研究成果を基盤として、植物における人工染色体の構築を可能にしようとしている。

これまで、シロイヌナズナ、コムギおよびトレニアからセントロメアに局在する DNA 反復配列を単離し、その一次構造を明らかにした。

また、シロイヌナズナにおいては、ミニ染色体を発見、または創出し、それらのセントロメア構造を解析した。

さらに、このミニ染色体にマーカー遺伝子を導入することに成功し、ミニ染色体 4S を 1 対余分にもつ系統を育成した。

これら研究の過程で、外来のマーカー遺伝子をセントロメア領域に挿入し、強制的に発現させると、セントロメア領域のクロマチン構造が変化し、“分配”機能が不全となることがわかった。その結果、挿入されたセントロメア領域に起源する新たなミニ染色体が複数創出されたことから、この方法を発展させることにより、今後、人工染色体の基礎材料となるミニ染色体を数多く、容易に創出できる道が開けた。

この方法で得られた第 2 染色体短腕由来のミニ染色体 2S-D は、環状染色体ながら、2 Mb のサイズで、これまで知られている植物染色体のうちで最も小さい。この系統の後代では、サイズの異なる環状または直鎖状の染色体が現れると考えられ、1 Mb 以下のミニ染色体系統の創出が可能となった。

さらに、シロイヌナズナやコムギのセントロメアに局在する特異的タンパク質を数種特定し、それらに対して抗体を作製することにも成功した。これらの抗体を用いた間接免疫法から、ミニ染色体上のセントロメアの機能活性の有無を決定できるようになったため、人工染色体の創出とその機能を解析するすべてのツールが揃ったことになる。

平成 13 年度採択

研究課題：植物発生における細胞間シグナリング

研究代表者：岡田清孝

多細胞からなる植物の体が形成される過程においては、細胞間のシグナル伝達が重要な役割を担っている。本研究グループでは、(1) 植物器官形成における分裂組織と器官原基の間のシグナル伝達機構、(2) 器官の成長にともなう細胞分化に関わる細胞間のシグナル伝達機構、(3) 雄性和雌性の配偶体の形成と相互認識における細胞間のシグナル伝達機構について、細胞間シグナルの分子の実態の解明とシグナル伝達の機能解析をおこなっている。

植物器官の形成と成長に関わる細胞間シグナルについて解析するために、十数種の突然変異体を単離し、変異形質の解析・変異遺伝子のクローニング・発現パターンの解析・遺伝子機能の解析をおこなった。葉など側生器官の裏と表の領域化を支配する遺伝子群

については、発現のパターンを詳細に解析し、発生の初期段階では表皮領域と裏側領域が周縁部で重複していること、ついで重複領域において周辺部組織の形成に必要な遺伝子が発現すること、を見いだした。さらに、領域特異的な遺伝子発現に必要なプロモーター領域を同定した。

茎頂の分裂組織の維持や気孔の形成、および表皮細胞の分化にリガンド - レセプターの系が関わっていることをあきらかにし、関与するレセプター型タンパク質キナーゼを同定した。

受精時の配偶体の相互認識における細胞間のシグナル伝達機構について解析するために、トレニアを用いて顕微鏡下で花粉管が胚珠に向かって花粉管を伸ばし、受精する *in vitro* 実験系を確立した。この系を用いて、胚珠の中にある助細胞から花粉管をガイドする物質が分泌されること、花粉管が胚珠からのガイド分子に反応するためには、雌しべの組織を通過し、そこで「教育」される必要があることを見だし、ガイド分子の同定を進めている。

研究課題：植物の害虫に対する誘導防衛の制御機構

研究代表者：高林純示

植物は、害虫の食害をうけると、その害虫の天敵を呼び寄せる匂い成分を誘導的に生産、放出する。これは、植物の間接防衛戦略と考えることができる。またこの匂い成分を受容した健全な植物体でも、誘導防衛を始める。これは植物間のケミカルコミュニケーションである。本研究では、かかる植物の害虫誘導性の間接防衛機能および植物間コミュニケーションの解明のため、マメ科植物、イネ科植物を主に用いて研究を進めた。本プロジェクトは、「植物の害虫誘導性の間接防衛機能の解明」、「被害植物が生産するエリシターの解明」、「植物間コミュニケーションの分子機構の解明」、および「植物の匂い応答関連遺伝子探索」といった4つの切り口からなる。

「植物の害虫誘導性の間接防衛機能の解明」ならびに「被害植物が生産するエリシターの解明」に関しては、ハダニ由来の微生物が上記防衛の誘導に関与していることを見いだした。間接防衛の制御機構に関与するシグナル伝達系、テルペノイド合成酵素誘導に関する知見を得た。また、植物ホルモンの一つである ABA が植物由来のエリシターとして機能することが示唆された。

「植物間コミュニケーションの分子機構の解明」ならびに「植物の匂い応答関連遺伝子探索」では、シロイヌナズナ変異体を用いた受容体の解明と匂い応答遺伝子の解明を行い、植物間コミュニケーションの分子基盤に関する多くの新規知見を得た。また、カイコ蛾の性フェロモン受容体遺伝子を同定した。

研究課題：植物の鉄栄養制御

研究代表者：西澤直子

地球上の陸域には67%の不良土壌(石灰質アルカリ土壌、高塩類集積アルカリ土壌、強酸性土壌、重金属集積土壌)が存在する。なかでも全陸地の25%を占める石灰質アルカリ土壌では、植物は生育に必要な鉄を吸収できず、極めて農業生産性の低い不良土壌となっている。本研究では植物の鉄栄養を制御する機構を明らかにすることによって、石灰質アルカリ土壌耐性植物を創製し、食糧生産の増加と沙漠の緑化を目指す。さらに超高鉄含有米を創製し、世界人口の約半分、37億人といわれる貧血症の改善を目指す。最終的に消費者の懸念を払拭するために、これらの新機能植物からはすべてマーカー遺伝子を取り除く。

オオムギの鉄欠乏に応答する制御系の解明の一端として、鉄欠乏誘導性のハイドロキシムギネ酸合成酵素遺伝子(*Ids2*)のプロモーター領域において、2つの鉄欠乏応答性シスエレメント、IDE1、IDE2を同定した。これにより、鉄欠乏を感知して発現が誘導される遺伝子プロモーター領域に存在する鉄欠乏応答性シスエレメントを世界で最初に同定することに成功した。鉄に限らず、微量必須元素欠乏応答性のシスエレメントの同定としても初めての例であり、他国の研究グループに先がけたブレイクスルーとなった。

鉄の長距離輸送と種子中への蓄積に関与する「金属・ニコチアナミン」トランスポーターを生物界において初めて同定した。またニコチアナミンがすべての高等植物において金属イオンの体内輸送に必須の物質であることを明らかにした。これによりイネ種子中のミネラル成分含有量の制御が可能となった。

「新規大容量イネ用マーカーフリーベクター」の開発に成功し、形質転換植物からマーカー遺伝子を除去することを可能にした。

研究課題：植物が作る未解明窒素化合物の構造と作用

研究代表者氏名：森川 弘道

窒素はタンパク質の約16%を占める元素であり、生物にとって重要な元素である。植物に¹⁵Nラベルの二酸化窒素または硝酸を与え、全窒素(TN)、ケールダール窒素(RN)および無機窒素(IN)を測定すると、TNの約1/3は、RNでもなくINでもない未解明窒素(UNと呼ぶ)であることを発見した。予備的ではあるが、動物においても体内に取り込まれた窒素の一部はUNとなるとの証拠を得ている。UN化合物の構造や作用の解明は、生物における未知の新しい窒素代謝経路の解明への展開が期待される。

これまでに、二酸化窒素を与えたシロイヌナズナの抽出液中のUN化合物画分をクロマトグラフィーで分画後、¹H-NMR、¹H-¹H COSY、MASSなどで構造解析を試み、この植物葉に含まれるUN化合物のおおよそ50%の構造が決定された。その一つは、²-1,2,3-チアジアゾリン化合物であった。本化合物は全く未知の新規化合物であることが分かった。今後、生理作用、薬理作用などの解明が待たれる。

さらに、compound Bおよび4-nitro- β -caroteneの構造が決定された。また、NO₂暴露した植物ではタンパク質のニトロ化が生じることを見出した。これらUN化合物の存

は、従来知られていない新しい窒素代謝経路が植物細胞に存在することを強く示唆するものである。

これまでに解明された UN 化合物の構造に鑑み、UN 化合物は、食品(飼料)の安全性(safety)、品質(quality)、味(taste)に関与する未知物質である可能性が高い。また、環境汚染(pollution)との関連も充分考えられる。

研究課題：トリプトファン生合成系における一次・二次代謝の制御と利用

研究代表者：若狭 暁

必須アミノ酸であるトリプトファン合成系の一次代謝および二次代謝産物合成を制御し、その利用法を開発することをめざして、遺伝子単離とその改変、これらを導入した形質転換体作製とその代謝プロファイルおよび特性解析、突然変異体を用いた新たな代謝ネットワークの解析を各グループが密接に連携して行なっている。

アントラニル酸合成酵素(AS)はトリプトファン生合成系の鍵酵素である。AS サブユニットのアミノ酸を置換し、トリプトファンによるフィードバック阻害を受けにくくした改変型酵素のイネ遺伝子(*OASA1D*)をイネ、パレイショ、ダイズ、シロイヌナズナに導入し、種子、植物体で高濃度にトリプトファンが蓄積することを確認した。

トリプトファンを蓄積する穀類は飼料として重要であるため、イネについてトリプトファン蓄積の安定性と環境に対する安全性評価試験を3年間に渡って行い、トリプトファン蓄積の安定性と、農業形質への影響を評価した。その結果、親品種と異なる特性がいくつか認められたものの、1系統では親品種に匹敵する農業特性を持つことを確認し、この改変遺伝子の実用的な利用価値を示すことができた。

このイネの芳香族化合物の代謝プロファイリングの結果、トリプトファン以外に大きく変動している化合物は認められなかったが、微量成分である植物ホルモン IAA が種子で2倍に増加していた。また、この遺伝子を導入した細胞はそのアナログである5-メチルトリプトファン(5 MT)に耐性を示すことを利用して形質転換体の選抜マーカーとして利用できることを示した。

代謝系の効率的な制御には酵素の改変が重要であることから、無細胞蛋白質合成システムを利用した改変酵素の作製とそのスクリーニング方法を開発した。その結果、イネ AS サブユニット遺伝子 *OASA2* を用いて、酵素活性が高くフィードバック阻害に感受性が低下した新たな改変酵素を作製できた。

新たな代謝ネットワークの解明のために、イネとシロイヌナズナで5 MT 抵抗性突然変異体の探索と解析を行なった。その結果、フェニルアラニンとトリプトファン、さらにフェニルプロパノイド生産性の高いイネ変異体の特性と原因遺伝子を明らかにした。

また、シロイヌナズナの変異体は正常な形態を示しながらインドールグルコシノレートが高濃度に蓄積することを明らかにした。これらの変異遺伝子の作用はこれまで知られておらず、今後、有用な二次代謝産物生産技術開発に利用できる。

研究課題：タバコモザイクウイルスの増殖機構

研究代表者：石川 雅之

ウイルスの増殖機構を理解し、ウイルス増殖の人為的コントロールあるいはウイルスの有効利用の基礎を構築するためには、ウイルスにコードされた因子のみならずウイルス増殖に関与する宿主因子も含めた解析が必要である。しかし、真核生物を宿主とするウイルスの増殖にどのような宿主因子が関与するのかは未だ十分に知られていない。本課題は、我々が新規に開発した脱液胞化タバコ BY-2 培養細胞抽出液をベースにした試験管内タバコモザイクウイルス (TMV) RNA 翻訳-複製系を用いて TMV RNA の複製機構を解析し、関与する宿主因子を同定することを目的とする。また、複製に密接に連携して起こると考えられる、RNA サイレンシングからの回避機構の解明も試みる。これまでに以下の成果を得た。

試験管内 TMV RNA 複製過程において膜表面に複製複合体が形成される前段階にあると考えられる複合体を発見し、現在その実体の解明を試みている。

タバコ BY-2 細胞において人為的に TMV 感染を誘導する方法を確立し、感染誘導細胞から複製複合体を大量に調製する方法を開発した。得られた複製複合体の活性は界面活性剤に高い感受性を示し、膜が複製複合体の活性発現、そして恐らくは構造維持に本質的に必要であることが示唆された。また、この系がタンパク質の大量発現系としても有効である可能性が示された。

RNA サイレンシング抑制に異常をもつ TMV 変異株の解析から、複製タンパク質が RNA サイレンシングのサプレッサーであることを明らかにした。さらに、複製タンパク質の細胞内局在の解析から、膜に結合していない複製タンパク質が RNA サイレンシングの抑制に関与することを示唆する結果を得た。

研究課題：共生ネットワークの分子基盤

研究代表者：川口正代司

植物と微生物の最も普遍的な共生は、アーバスキュラー菌根菌との共生である。菌根菌は菌糸を介して土壤中の無機リン酸などを宿主植物に供与する一方、宿主は菌根菌に光合成産物を供与し、独立して生きられない菌根菌の繁殖を助けている。宿主特異性を失った菌根菌は、また菌糸で種の異なる植物を繋ぎあわせることで地中にネットワークを形成し、これが生態系の基礎となっている。近年、根粒菌が分泌する Nod factor (リボキチンオリゴ糖) の受容系が破綻した根粒非着生変異体の中のおよそ半数は、菌根菌との共生系も破綻していることがわかってきた。

そこで我々は菌根菌・根粒菌の双方の共生にかかわる因子を明らかにするために、マメ科のモデル植物ミヤコグサから共生の成立しない変異体 Ljsym71 を単離し、その原因遺伝子のクローニングを試みた。その結果、プラスチド局在型推定イオンチャネル

CASTORを同定することに成功した。

また、CASTORに高い相同性のある遺伝子として POLLUXを見だし、それが菌根・根粒共生変異体 Ljsym86 の原因遺伝子であることも明らかにした。

CASTOR/POLLUX は植物とバクテリアに広く保存された新規チャンネルグループであり、共生の最初期に見られる細胞内カルシウムイオンの周期的な濃度変動の発生に必要であった。植物の起源となった共生相手であるプラスチドが、陸上植物の繁栄につながった菌根菌との共生に深く関与することは、今回の研究で初めて明らかになった知見である。

また、大阪府立大の秋山らのグループは、ミヤコグサの根滲出液から菌根菌の宿主認識シグナル物質である Branching Factor (BF)の精製を行った。その結果、約 9920 L の水耕液から得られた酢酸エチル可溶性物質画分より 6段階のカラム精製により 0.2ng で活性を示す BF を約 8 μ g 単離することに成功した。EI-MS、UV、および ¹H-NMR 解析により、BF の構造は初めて明らかにされようとしている。

研究課題：植物転写因子機能ネットワーク

研究代表者：高木 優

植物機能の高度利用技術を開発するためには、関係する遺伝子の機能解明が必要不可欠である。しかし、植物のゲノムは、重複遺伝子が数多く存在し、また、主要な穀物や園芸植物の中には、ゲノムが複二倍性から構成されているものが数多くあり、それ故、遺伝子破壊や相補的な RNA の導入などの従来の方法では、遺伝子の機能解明が困難であることがわかってきた。

このような植物遺伝子機能解明における重複遺伝子の困難さを克服するため、強力な転写抑制因子由来の機能性ペプチドを任意の転写因子に付加し、本来転写活性化因子であったものを強力なリプレッサーに機能変換して標的遺伝子の発現を抑制するという、キメラリプレッサーを用いた遺伝子サイレンシングシステム (CRES-T 法) を開発した。CRES-T 法は、手法の簡便性に加え高効率で作用する。またイネにおいても機能することから、双子葉植物ばかりでなく単子葉植物にも適用できる等の多くの利点がある。さらに、二次代謝系で働く転写因子に適用し、代謝産物を効率的に抑制したことから、二次代謝産物の制御に本手法が有効であることも示された。

今後、CRES-T 法を活用することで、遺伝子の重複性の点から今まで不明であった植物転写因子の機能解析や有用遺伝子の同定が飛躍的に進むことが予想される。また、種々の機能性植物の創生など、より実践的な研究成果も期待され、産業的、農学的应用分野においても貢献できる技術と考えられる。

研究課題：種子蛋白質の量的・質的向上を目指した分子育種

研究代表者：西村いくこ

分子育種の技術基盤として、植物が本来持っている“蛋白質の合成の場から蓄積の場への大量輸送・集積の分子機構”の解明が必須である。本研究課題では、植物の特性を理解し、それを十分に生かして量的向上と質的向上の両面から種子の高付加価値化を達成するための基盤作りを行うことを目指している。これまでに得られた成果は下記の通りである。

量的向上を目指した研究：

貯蔵蛋白質の細胞内輸送に関与する輸送小胞（PAC 小胞と命名）のプロテオームから得られた因子について in vitro と in vivo の機能解析を行った。その結果、この因子が、登熟期の種子細胞内の小胞体で合成された貯蔵タンパク質の前駆体を正しくタンパク質蓄積型液胞へ選別して輸送させるためのレセプターであることが判明し、AtVSR (Vacuolar Sorting Receptor of *Arabidopsis thaliana*)と命名した。貯蔵タンパク質がレセプター依存的に選別されて蓄積の場へ運ばれることを初めて示すことができた。貯蔵蛋白質の合成・集積の分子機構の全容解明につながるものと期待される。

質的向上を目指した研究：

多くの液胞の機能蛋白質は、小胞体でプロ型前駆体として合成され、液胞へ輸送された後に、限定的なペプチド結合の切断（プロセシング）を受けて成熟型に変換される。私は 1991 年に、液胞蛋白質の成熟化に関わる酵素を発見し、液胞プロセシング酵素 (VPE, Vacuolar Processing Enzyme) と命名していた。本研究課題では、種子型 VPE が種子蛋白質の正しいプロセシングに必須の因子であることを in situ で示した。

一方、植物はウィルスに感染した際にウィルスの増殖を防ぐために自ら細胞死を引き起こすことが知られているが、VPE がこの過敏細胞死を制御していることが明らかとなった。これらの成果は、VPE を鍵酵素とする液胞プロセシング系は種子タンパク質の機能発現や植物の生体防御を制御していることを示している。

研究課題： 寒冷圏における光ストレスと北方林の再生・維持機構

研究代表者： 原 登志彦

地球上の全森林面積の約 1/3 を占めている北方林は、地球温暖化の影響を強く受けることなど、近年その生態と環境の悪化が危惧されている森林である。また、21 世紀に人類が目指すべき循環型社会の構築には、環境調和型で持続可能な森林の管理が必要であるが、そのためには地球上で大面積を占める北方林の自然再生・維持機構の理解が必要不可欠である。しかし、疎林が多いことや「生り年」（数年に一度の一斉開花・結実）など北方林の生態学的現象には、未解明の問題が多く存在する。寒冷圏における低温や乾燥のストレスは北方林樹木が受ける光ストレスを増幅させ、植物組織中に有害な活性酸素を生じさせると考えられる。この活性酸素に対する植物の防御機構の研究はこれまでに多く行われている。これに対し我々は、この光ストレスが、北方林の自然再生・維持にとって重要である

北方林樹木のライフサイクル、すなわち（１）生り年、（２）幼木の生存・枯死、（３）常緑か落葉か、を制御しているという仮説を提出した。本研究課題では、これら生態学的プロセスの分子生物学的な解明を目指している。

開花に関わる光ストレス関連の重要物質としてグルタチオンとリノレン酸を同定した。特に、リノレン酸含量が少ない北方林樹木カラマツのクローンほどよく開花することを見出した。さらに７種の北方林樹木を用いてそれら物質の季節的挙動および気候変動と生り年の関係を明らかにしつつある。

植物の細胞死に関わる光ストレス関連の重要物質としてフェオフォルピド a オキシゲナーゼ(PAO)を同定した。そして北方林樹木イチイの幼木におけるその季節的挙動および気候変動と幼木の生存・枯死の関係を明らかにしつつある。

常緑樹の冬の光合成機能および落葉樹の落葉過程と光ストレスの関係を明らかにした。すなわち、冬季の常緑樹イチイは、葉緑体の集合、光合成系集光装置の縮小、過剰電子の空回りにより冬季の光ストレスを回避し、常緑が保たれていることが明らかとなった。しかし、落葉樹ミズナラではそのようなことは行わず、光ストレスの結果、老化が早まり落葉することが明らかとなった。

これらの成果を北方林の環境調和型で持続可能な管理（地球温暖化ガス CO₂ の吸収源の確保、環境保全、効率的かつ自然にやさしい森林経営）と地球環境変動の影響予測（気候 植生相互作用モデルの開発）に応用することを目指している。

10．総合所見

1）現時点での研究領域としての成果（課題選考、領域運営、中間・事後評価等を総合して）

課題の選考については、戦略目標である「技術革新による活力に満ちた高齢化社会の実現」を具現化すると同時に、地球規模で進行している食料問題、環境問題の解決手段の一つとして、植物の持つ多様な機能発現機構を解明することで、その機能のマキシマイズ化を図る制御機構を効率的に利用する技術の創成を目標に提案課題を選考した。

具現化の方針としては、１）生産力向上技術の構築、２）高付加価値物質生産植物の創製、３）環境保全技術の構築、４）新技術の創成の４つのカテゴリーを設定し、提案課題を選定した。

その結果、１）生産力向上関連は４件、２）高付加価値関連は４件、３）環境関連は２件、４）新技術は７件と偏りを生じ、バランスを欠いた面は否定できないが、植物の機能制御機構に直裁的に迫る案件を採択できたことでCRESTの特色が出せたと思う。

領域運営については、アドバイザーの陣容からも解るように、正に種々、多様な分野から本領域は構成されている。よって各課題の特徴を生かしつつ、研究の進捗状況、期待さ

れる成果などを勘案し、その分野の動向を見ながら、適切な助言、タイムリーな予算配分を実施してきた。その結果、多くの成果を時期を逸することなく発表、公開してきた。

各研究課題共通業務の集中化として、「CREST 秋田植物科学サテライトラボラトリー」を全研究代表の総意により領域発足2年目に開設した。各研究代表からの要請、利用状況に応じ機能、能力を拡充し、現在DNA塩基配列決定、形質転換体作製を主業務に展開している。また、抗体作製、蛋白解析については、Know How 的な要素が極めて大きいことから、それらについては解析技術を有する企業を起用し実施している。本サテライトの運営により、領域総予算の有効活用もさることながら、研究成果への貢献も大なるものがある。

研究およびその成果を自己のものとして護るための手段として、知的財産の保護、契約の重要性についても各研究者に広く認識をして頂いたと考えている。最近の研究代表からの出願、契約相談が多い。結果として、多くの特許出願(12月末迄197件)がなされ、実用性の高い(Death Valleyの浅い)案件はライセンスング実施。

中間評価については、12年度および13年度採択研究課題について実施した。評価の基本方針は、それぞれのカテゴリの目標に沿って、機能発現機構をどの程度、どのような方法論により解明しているか?、またその制御機構への応用は?、という点を中心に検討した。

また、課題の進捗状況によっては、さらに加速させる手段(チーム再編成;追加予算など)、研究計画の変更の必要性(チーム再編成など)などをサジェストし、次年度以降の研究計画に考慮して頂いている。

特記に値する成果は以下のとおり。

生産力(収量)向上

- * 経塚グループ(H.12年度採択)「植物生殖生長のキーププロセスを統御する分子機構の解明」:花序形成遺伝子、花成制御関連遺伝子を多数単離し、制御フローを纏めつつあり、実用化が期待される。
- * 川口正代司(H.14年度採択)「共生ネットワークの分子基盤」:植物-微生物間の共生関係を決定する蛋白質を決定した。共生関係を利用した低環境負荷農業への利用が期待される。

高付加価値物質生産

- * 中村保典(H.12年度採択)「デンプンメタボリックエンジニアリングの開発」:デンプン合成関連酵素遺伝子の単離とその活用により、デンプン構造を変えるエンジニアリングの基盤を築いた。品質改善、素材としての工業的利用が期待される。
- * 若狭 暁(H.13年度採択)「トリプトファン生合成系における一次・二次代謝

の制御と利用」：フィードバック阻害のかからない改変型遺伝子を創製し、形質転換体の作製から圃場確認まで、高トリプトファンイネ作製に関する総合的技術を完成。また、フィードバック制御領域の一塩基置換により二次代謝系が制御されることを実証。シキミ酸合成経路の制御技術の確立が期待される。

- * 西澤直子（H．13年度採択）「植物の鉄栄養制御」：ムギネ酸、ニコチアナミンを中心に、生合成系遺伝子フロー、鉄欠乏応答発現調節機構、トランスポーター系による取り込みと輸送の分子機構解明。実用化が期待される。

新技術の創成

- * 武田グループ（H．12年度採択）「オオムギゲノム機能の開発と制御」：ゲノム情報を利用したイネ科作物の交雑育種法を構築しつつあり、実用化が近い。
- * 斉藤和季（H．12年度採択）「ポストゲノム科学を基盤とする植物同化代謝機能のダイナミクス解明」：先駆的にトランスクリプトミクスとメタボロミクスとの統合的解析により遺伝子発現物質生産の流れとして実証。効率的な物質生産技術への展開が期待される。
- * 近藤グループ（H．12年度採択）「光合成植物の生物時計：その分子機構と環境適応」：従来の概念であった“時計遺伝子の転写翻訳フィードバック”を伴わない、時計蛋白質のリン酸化、脱リン酸化によるリズムを解明した。代謝系発動スイッチとしての応用が期待される。

2）本研究領域が存在したことによるメリット、基礎研究に対する功績、問題点等

本領域が存在したことによるメリットについては、

植物科学という大きな括りで見ると、個々人の研究で対応可能な時代から、総合的な研究体制で対応する時代へ突入しているといえる。具体的には、生命の実体である遺伝子の存在とそれをツールとして利用する技術を用い、遺伝子情報を基盤とした、分子生物学、生理学、生化学、形態学などが連携した、より広範囲な分野の専門家集団による研究体制が今後の研究には不可欠となっている。本領域発足の時はまさにその変遷期（個々の遺伝子議論から、そのフローとして事象を追求する）であったと考える。

また、研究の成果と知的財産の保護を同時並行的に進めるという世界の潮流が顕在化してきた時でもあり、それらを考慮すると、“時間軸”を見据えた成果知財保護を一体化した研究体制が求められる時でもあった。

このような状況に、また今後の変化に柔軟に対応でき、かつその支援体制を有する事業としては当時CRESTが先駆的な役割を果たしていたと考える。CRESTで本領域を運営することにより、上述のようにCRESTであるからこそ生まれた成果も多く、また、CRESTであるからこそ採択された課題もあると考えている。

基礎研究に対する功績については、

本領域は植物の持つ多様な機能を分子生物学的に解明するとともに、その機能を制御する系を確立、利用することを目指す研究を対象としていることから、基礎研究的な要素の強いプロジェクトである。

基礎研究から出てくる成果はあくまで新技術であり、新産業のシーズである。その新技術を新産業へと結びつけるのは応用研究が付加されて初めて可能となる。

前述のようにCRESTであるから生まれた成果は多い。

問題点については、

CRESTから出てきた新技術、新産業へのシーズが、実用化されるまでにはかなりのDeath Valleyがある。それを埋めるものとして「最適技術移転化事業」「発展研究事業」などをJSTは有している。

「最適技術移転化事業」に関し、領域によっては成果が産業に直結し易く、利用可能なところもあるが、本領域はやや遠い感が否めない。

むしろ「発展研究事業」が適当と考える。しかし採択されたとしても予算面での減額は疑問が残る。応用研究の縮小を余儀なくされる可能性が高いからである。

今後の潮流として、研究機関は法人化の方向に向かわざるを得ない。つまり、独立採算的な考え方を入れざるを得ない状況のもと（応用研究へのシフト）基礎研究から生まれる新技術を応用技術へと結びつける、橋渡しをする上述のような事業の充実がさらに求められると考える。

3) 研究領域単位で研究を遂行することの意義

既に述べたように、研究成果を確実に、タイムリーに生み出し、かつ権利化するには、個々の研究体制から総合的な研究体制を要する時代へと入っている。

また、変化する世の潮流に適合し目標に向かい推進するには、変化に対応可能な柔軟性のある体制、規模が必要である（クリティカル マス）。

現在の領域規模はまさしくその分岐点を越えた、変化に柔軟に対応できる規模と考える。これ以上小さいとCRESTのアドバンテージが不鮮明となる。反対にこれ以上大きくなると領域内の疎通にも問題を生じ、一体感の喪失にも繋がる。丁度良い規模ではと考える。

4) 感想、その他

戦略目標という大きな括りの中で、引きつづき世界をリードする課題を採択できたこと、および今研究体制を構築し開始しなければ、先進国の後塵を拝し、後れをとることにも成りかねない課題を採択できたことは喜ばしい。

また、採択された課題から多くの特筆すべき成果が生まれてきていることに、CREST事業の支援体制の強さを感じる。

一方、中・長期的な“生活基盤（食料、衣料、居住環境）構想”を国家的視野から鑑み

ると、現在の“一過性の擬似飽食時代”に囚われることなく着実に将来を見据えた欧米の取り組みに脅威すら感じる。人類が遺伝子を操作する技術を手に入れたときから、新たな局面を迎えている現実を直視せねばならない。

願わくは、日本の植物科学のプレステージを維持、発展させるための支援を引きつづきお願いしたい

領域評価用資料 添付資料（CRESTタイプ）

研究領域「植物の機能と制御」

1．応募件数・採択件数

採択年度	応募件数	面接件数	採択件数
平成 12 年度	8 0	1 2	7
平成 13 年度	5 4	1 0	5
平成 14 年度	4 4	9	5
採択数 計			1 7

2．主要業績

2 - 1 外部発表及び特許出願

採択年度	研究代表者	論文投稿		口頭発表		その他	外部発表 計	特許出 願件数
		国内	国際	国内	国際			
平成 12 年度	飯田 秀利	2	6	21	4	3	36	2
	経塚 淳子	1	28	53	28	2	112	9
	近藤 孝男	4	11	34	24	5	78	7
	斉藤 和季	20	110	187	56	39	412	12
	武田 和義	3	41	78	30	18	170	60
	中村 保典	2	34	30	32	14	112	21
	村田 稔	1	16	36	17	0	70	12
平成 13 年度	岡田 清孝	8	10	11	16	2	47	4
	高林 純示	3	8	21	18	6	56	5
	西澤 直子	0	24	62	33	1	97	9
	森川 弘道	2	29	56	14	7	108	7
	若狭 暁	0	10	33	6	2	51	9
平成 14 年度	石川 雅之	0	12	15	10	8	45	11
	川口 正代司	1	4	39	6	3	53	2
	高木 優	2	21	56	37	12	128	23
	西村 いくこ	2	16	17	23	0	58	4
	原 登志彦	1	21	46	24	2	94	2
合 計		52	378	795	378	124	1,727	197

2 - 2 代表的な発表論文

平成 12 年度採択

研究課題：植物の重力感知の分子機構

研究代表者：飯田秀利

(1) Tada, T., Ohmori, M., and Iida, H.

Molecular dissection of the hydrophobic segments H3 and H4 of the yeast Ca^{2+} channel component Mid1.

J. Biol. Chem. 278, 9647-9654 (2003).

我々が AtMid1A と AtMid1B と名付けたシロイヌナズナの伸展活性化カルシウムチャンネルに類似している出芽酵母の Mid1 について構造生物学的に研究した。

Mid1 には H3 と H4 と名付けた推定上の膜貫通領域がある。この領域はチャンネル活性に必須であること、およびその領域内に存在するそれぞれ 20 個および 23 個のアミノ酸残基のうち約半数がチャンネル活性に重要であることを明らかにした。この 2 つの領域に類似の領域は AtMid1A と AtMid1B にも存在するので、本研究成果は、両チャンネルタンパク質の構造と機能の関係を解明することに役立つ。

(2) Hashimoto, K., Saito, M., Matsuoka, H., Iida, K., and Iida, H.

Functional analysis of a rice putative voltage-dependent Ca^{2+} channel, OsTPC1, expressed in yeast cells lacking its homologous gene CCH1.

Plant Cell Physiol. 45, 496-500 (2004)

我々はシロイヌナズナの AtMID1A と AtMID1B 遺伝子に類似の遺伝子をイネにおいても発見し、OsMID1 と名付けた。この遺伝子産物は伸展活性化カルシウムチャンネルであることが予想され、その機能を解析中である。その解析の一環として、OsMid1 と協調してはたらくと予想される電位依存性カルシウムチャンネル (VDCC) 候補の遺伝子を単離することに成功し、OsTPC1 と名付けて機能解析を行なった。その結果、OsTpc1 タンパク質は二次構造上動物の VDCC に類似していること、および VDCC のブロッカーであるベラパミルによって阻害されることを明らかにした。これらの成果により、OsTpc1 がイネの VDCC であることが示唆され、AtMid1A と AtMid1B との機能的相互作用を遺伝学的および生化学的に解析する道が開かれた。

(3) Qi, Z., Kishigami, A., Nakagawa, Y., Iida, H., and Sokabe, M.

A mechanosensitive anion channel in *Arabidopsis thaliana* mesophyll cells. *Plant Cell Physiol.* 45, 1704-1708 (2004)

植物が発生や形態形成を行なうとき、細胞の肥大や伸長が起こる。この現象を調節することは正常な植物体を作るのに必須である。これまでの多くの研究者による研究から、細胞の肥大や伸長を感知する重要な分子の一つは細胞膜に存在する伸展活性化イオンチャンネル (別名機械受容チャンネル) であると予想されてきた。今回我々はそのチャンネルの一種である機械受容陰イオンチャンネルをシロイヌナズナの葉肉細胞に発見した。このチャンネル分子は細胞膜がへこんだと

きには開口せず、細胞膜が盛り上がったときにのみ開口した。つまり、このチャネルは、細胞の膨圧が増して肥大化するときや、細胞の一部が伸長するときにはたらくものと予想される。したがって、植物の形作りにこの機械受容陰イオンチャネルは関与しているものと考えられる。

研究課題：植物生殖成長のキーププロセスを統御する分子機構の解明

研究代表者：経塚淳子

- (1) eisuke Komatsu, Masahiko Maekawa, Shin Ujiie, Yuzuki Satake, Hironobu Okamoto, Ikuyo Furutani, Ko Shimamoto and Junko Kyozyuka
LAX and SPA - major regulators of shoot branching in rice.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100: 11765-11770 (2003)
LAX はイネの分枝形成に必須の遺伝子である。LAX は b H L H ドメインを持つ転写調節因子をコードしており、分枝形成時に新たに作られる分裂組織を取り囲んで発現する。
- (2) Mai Komatsu, Atsushi Chujo, Ko Shimamoto and Junko Kyozyuka
FRIZZY PANICLE is required to prevent the formation of axillary meristems and to establish floral meristem identity in rice spikelets.
Development 130: 3841-3850 (2003)
fzp 変異体では花芽が形成されず分枝が繰り返される。FZP 遺伝子を単離し、FZP が植物に特異的な転写促進因子であることを明らかにした。発現パターンの解析から、FZP は腋芽形成を抑制することによりイネの花芽分化を引き起こすという可能性が示唆された。
- (3) Takada, S., and Goto, K.
TERMINAL FLOWER2, an Arabidopsis Homolog of HETEROCHROMATIN PROTEIN1, Counteracts the Activation of FLOWERING LOCUS T by CONSTANS in the Vascular Tissues of Leaves to Regulate Flowering Time.
Plant Cell 15: 2856-2865 (2003)
早咲きになる突然変異体 tfl2 の解析から TFL2 はクロマチン因子であり、FT の発現を抑制することにより花成を制御していることを明らかにした。さらに TFL2 はヘテロクロマチンタンパク質のホモログであるにもかかわらず、ヘテロクロマチン領域の遺伝子ではなく、FT や花のホメオティック遺伝子といったユークロマチン遺伝子を抑制していることを示した。

研究課題 光合成生物の生物時計：その分子機構と環境適応

研究代表者 近藤孝男

(1) Kitayama Y., H. Iwasaki, T. Nishiwaki and T. Kondo.

KaiB functions as an attenuator of KaiC phosphorylation in the cyanobacterial circadian clock system.

EMBO J 22: 2127-2134, (2003)

シアノバクテリアの概日時計蛋白質の細胞内動態を解析し、KaiA が KaiC のリン酸化を促進し、その後 KaiB が複合体に加わり、脱リン酸化を進めることを明らかにした。3 つの Kai 蛋白質が KaiC のリン酸化サイクルを調整していることが明らかになった。

(2) Nakahira Y, Katayama M, Miyashita H, Kutsuna S, Hideo Iwasaki H, Oyama T, Kondo T.

Global gene repression by KaiC as a master process of prokaryotic circadian system.

Proc. Natl. Acad. Sci. (2004) 101:881-5.

KaiC の過剰発現により、すべての遺伝子の振動成分が完全に押さえられ、KaiC の遺伝子発現制御はゲノムワイドに起こっていることを示した。また大腸菌のプロモーターによる kaiBC の人工発現により、概日リズムが回復することを示し、kaiBC のプロモーターが必須ではないことを明らかにした。

(3) Tomita, J, Nakajima M, Kondo T and Iwasaki H.

No transcription-translation feedback in circadian rhythm of KaiC phosphorylation.

Science in press (2004)

暗期中で転写も翻訳も全く起こっていない状態でも、KaiC のリン酸化サイクルは 24 時間振動を継続することを示した。これはこれまで生物時計の基本構造とされていた時計遺伝子の発現制御を否定するもので、生物時計の原因は KaiC のリン酸化サイクルであることを示すものである。

研究課題：ポストゲノム科学を基盤とする植物同化代謝機能のダイナミクス解明

研究代表者：斉藤和季

(1) Patrik Jones, Tomofumi Manabe, Motoko Awazuhara and Kazuki Saito

A new member of plant CS-lyases ? A cystine lyase from *Arabidopsis thaliana*.

J. Biol. Chem., 278: 10291-10296 (2003)

イオウ代謝に関与する酵素cystine lyase についてシロイヌナズナから 遺伝

子をクローニングし、組換えタンパク質を用いてその生化学的性質を明らかにし、本酵素が新しいタイプの植物酵素であることを明らかにした。

- (2) Masami Yokota Hirai, Mitsuru Yano, Dayan B. Goodenowe, Shigehiko Kanaya, Tomoko Kimura, Motoko Awazuhara, Masanori Arita, Toru Fujiwara and Kazuki Saito

Integration of transcriptomics and metabolomics for understanding of global responses to nutritional stresses in *Arabidopsis thaliana*.

Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 101: 10205-10210 (2004)

トランスクリプトムとメタボロムの統合によりシロイヌナズナにおける栄養ストレスに対する全体的なレスポンス機構を明らかにした。

- (3) Helen Jenkins, Nigel Hardy, Manfred Beckmann, John Draper, Aileen R. Smith, Janet Taylor, Oliver Fiehn, Royston Goodacre, Raoul Bino, Robert Hall, Joachim Kopka, Geoffrey A. Lane, B. Markus Lange, Jang R. Liu, Pedro Mendes, Basil J. Nikolau, Stephen G. Oliver, Norman W. Paton, Ute Roessner-Tunali, Kazuki Saito, Jorn Smedsgaard, Lloyd W. Sumner, Trevor Wang, Sean Walsh, Eve Syrkin Wurtele, and Douglas B. Kell

A proposed framework for the description of plant metabolomics experiments and their results.

Nature Biotech., in press (2004)

植物メタボロミクス実験とその結果を記述するための国際的に共通なフレームワークを提唱した。

研究課題：オオムギゲノム機能の開発と制御

研究代表者：武田和義

- (1) K. Hori, T. Kobayashi, A. Shimizu, K. Sato, K. Takeda and S. Kawasaki.

Efficient construction of high-density linkage map and its application to QTL analysis in barley.

Theor. Appl. Genet. 107: 806-813. 2003.

高能率ゲノム走査法を利用してオオムギの高密度遺伝地図を作製する技術を開発した。この手法を用いて約6ヶ月で AFLP を中心とする 1,000 マーカーを超えるオオムギの連鎖地図を安価に作製することができた。さらに作製した地図を利用して量的遺伝子座の検出を行い、マーカーを利用した選抜技術や遺伝子単離に有効であることを確認した。

(2)Z. Zhao, J. Ma, K. Sato, K. Takeda.

Differential Al resistance and citrate secretion in barley (*Hordeum vulgare* L.).

Planta 217: 794-800. 2003.

酸性土壌障害の主な原因であるアルミニウムに対して、穀類の中でオオムギは最も感受性であるものの、品種間には明確な差異が認められる。この差異を耐性に差のあるオオムギ21品種で解析し、根からのクエン酸の放出が耐性を左右することを発見した。

(3)Kikuchi, S., Taketa, S., Ichii, M. and Kawasaki, S.

Efficient fine mapping of the naked caryopsis gene (*nud*) by HEGS (High efficiency genome scanning)/AFLP in barley.

Theoretical and Applied Genetics 108: 73-78. 2003.

オオムギ品種の皮裸性は作物の用途あるいは栽培化の過程を知る上で重要な形質である。この形質を支配する7H染色体の劣性遺伝子 *nud* を最終的に単離することを目的として、高能率ゲノム走査法を用いて強連鎖する遺伝マーカーを作製した。また、共分離マーカーを用いて世界各地の野生種ならびに栽培種における多型性の調査を行い、現在の裸麦は単一起源であると推定した。

研究課題：デンプンメタボリックエンジニアリング

研究代表者：中村 保典

(1) Nakamura Y.

Towards a better understanding of the metabolic system for amylopectin biosynthesis in plants: Rice endosperm as a model tissue.

Plant Cell Physiology 43: 718-725 (2002)

イネ胚乳デンプン合成代謝システムをモデルとして、変異体や組換え植物の解析を通じて解明された遺伝子機能に基づいて、アミロペクチンのクラスター構造の形成過程に各酵素がどのように関与するかを説明した新モデルを提唱した。各クラスの酵素について、複数存在するアイソザイムの機能を区別して明確に付与した最初のモデルで、“Two-step branching and improper branch clearing model”と命名した。クラスター構造の骨格がBEとSSの異なるアイソザイムの組み合わせによる相互反応（BEIとSSIIaの第1段階と、BEIIbとSSIIaの第2段階）によって形成され、DBEはクラスター内部の不適切な位置に形成される α -1,6結合を除去してクラスターの形を一定にするトリミング作用があるという基本コンセプトから成っている。本基本コンセプトはまったく新規な発想を含んでおり、植物のアミロペクチン合成モデルの代表的なモデル

ルの一つとして多くの文献に引用されている。

- (2) Naoki T, Fujita N, Nishi A, Satoh H, Hosaka Y, Ugaki M, Kawasaki S and Nakamura Y.

The structure of starch can be manipulated by changing the expression levels of starch branching enzyme IIb in rice endosperm.

Plant Biotechnology Journal 2: 507-516 (2002)

イネの BEIIb が欠損した amylose-extender (ae) 変異体に正常な BEIIb ゲノミック遺伝子を導入した形質転換体から BEIIb 発現レベルが低い系統 (ae 型)、野生型に近い系統 (補償型)、野生型よりも高い系統 (過剰発現型) に分けて 6 系統を選抜した。その結果、BEIIb 発現レベルに応じてアミロペクチンのクラスター構造が異なり、それに伴ってデンプンの結晶型や熱糊化特性が変動し、驚くべきことに、過剰発現型では、過剰に α -1,6 結合が形成されたためにクラスターの規則性が変形した、可溶性デンプンが形成された。これらの結果は、BEIIb が他の BE アイソザイム (BEI、BEIIa) には無い特異的な機能 (クラスターを構成する最も短い α -1,4 鎖を形成) を持ち、BEIIb レベルに応じてクラスター構造にバリエーションが生じることを示した。また、可溶性デンプンは保水性に富み工業品素材として有望であるが、BE 酵素の活性制御によって作成した例は今までまったく知られていない。

- (3) Kubo A, Rahman S, Utsumi Y, Li Z, Mukai Y, Yamamoto M, Ugaki M, Harada K, Satoh H, Konik-Rose C, Morell M and Nakamura Y.

Complementation of sugary-1 phenotype in rice endosperm with the wheat isoamylase1 gene supports a direct role of isoamylase1 in amylopectin biosynthesis.

Plant Physiology 137: 1-14 (2005)

DBE はアミロペクチンのクラスター構造を一定の形状に整えるトリミング作用があり、DBE が欠損する (sugary 変異と呼ばれる) と、アミロペクチンの代わりにクラスター構造を失ったフィトグリコーゲンができる。本論文では、イネ sugary-1 変異体にコムギ ISA1 ゲノミック遺伝子を導入した形質転換体を選抜し詳細に解析した結果、第一には、ISA1 の導入によってフィトグリコーゲンがデンプンに変換することから、ISA1 がアミロペクチンのクラスターの形成とデンプン粒の形成に必須であることを直接証明することに初めて成功した。第二には、ISA1 の発現レベルに応じてアミロペクチンの構造が変化し、それに伴って糊化特性が異なるデンプンが合成されることから、ISA1 遺伝子制御によるデンプン合成バイオ技術が有効であることを明らかにした。形質転換体のデンプンはイネのものとは微妙に異なっており、他種遺伝子の有効性も示すことができた。

研究課題： 植物における染色体機能要素の分子的解析と人工染色体の構築

研究代表者： 村田稔

(1) A centromeric tandem repeat family originating from a part of

Ty3/gypsy-retroelement in wheat and its relatives.

Genetics 164(2):665-72

コムギの近縁種から、コムギのセントロメア領域に特異的な縦列型反復配列が単離された。この配列がTy3/gypsy型のレトロエレメントの一部に由来していることは、セントロメアの起源を理解する上で重要な発見である。

(2) Differential localization of the centromere-specific proteins in the major centromeric satellite of *Arabidopsis thaliana*.

Journal of Cell Science 117: 2963-2970

シロイヌナズナのセントロメア領域に局在する反復配列 180-bp ファミリーとセントロメア特異的タンパク質の局在を、間接免疫染色と FISH 法から調べた。その結果、一部の 180-bp クラスターのみがセントロメアタンパク質 (HTR12, AtCENP-C) を集めうることが明らかとなった。

(3) Tandemly repeated DNA sequences and centromeric chromosomal regions of *Arabidopsis* species.

Chromosome Research 11(3):241-253.

セントロメアに共通の機能にもかかわらず、セントロメア DNA の塩基配列にはほとんど保存性がない。このパラドックスをシロイヌナズナとその近縁種のセントロメア DNA を解析することによって解き明かそうとした。

平成 13 年度採択

研究課題：植物発生における細胞間シグナリング

研究代表者：岡田清孝

(1) Keiro Watanabe and Kiyotaka Okada

Two discrete cis elements control the abaxial side-specific expression of the FILAMENTOUS FLOWER gene in *Arabidopsis*.

Plant Cell 15, 2592-2603 (2003)

本論文では、葉の裏側領域の形成に必要なFIL遺伝子が裏側組織でのみ発現する機構を解析し、プロモーター内に二つのシス制御領域が必要十分であることを示した。

(2) Elena D. Shpak, Chris T. Berthiaume, Emi J. Hill, and Keiko U. Torii

Synergistic interaction of three ERECTA-family receptor-like kinases controls Arabidopsis organ growth and flower.

Development 131: 1491-1501 (2004).

本論文では、茎頂の分裂組織の維持や気孔の形成に3種類のレセプター型タンパク質キナーゼが関与していることを示した。

- (3) T. Higashiyama, S. Yabe, N. Sasaki, Y. Nishimura, S. Miyagishima, H. Kuroiwa, T. Kuroiwa

Pollen tube attraction by the synergid cell.

Science 293, 1480-1483 (2001)

本論文では、顕微鏡下で花粉管が胚珠に向かって伸長する実験系を確立し、助細胞から花粉管をガイドする物質が分泌されることを示した。

研究課題：植物の害虫に対する誘導防衛の制御機構

研究代表者：高林純示

- (1) Jenny Faldt, Gen-ichiro Arimura, Jonathan Gershenzon, Junji Takabayashi and Jorg Bohlmann

Function identification of AtTPS03 as (E)- α -ocimene synthase: A new monoterpene synthase catalyzing jasmonate- and wound-induced volatile formation in Arabidopsis thaliana

Planta (2003 年) 216 巻: p.745-751

本論文では、シロイヌナズナがモンシロチョウ幼虫やコナガ幼虫の食害にตอบสนองして誘導的に生産する天敵誘引物質の主成分である(E)- α -ocimeneの生合成酵素の機能的クローニングを行った。同定された酵素は(E)- α -ocimene synthaseを94%、(Z)- α -ocimene synthaseを4%、myrceneを2%の比率で生産した。本酵素は機械的傷やジャスモン酸処理で誘導された。

- (2) Gen-ichiro Arimura, Rika Ozawa, Sohich Kugimiya, Junji Takabayashi and Jorg Bohlmann

Herbivore-induced defense response in a model legume. Two-spotted spider mites induced emission of (E)- α -ocimene and transcript accumulation of (E)- α -ocimene synthase in Lotus japonicus.

Plant Physiology (2004) 135 巻: p.1976-1983

本論文では、マメ科モデル植物であるミヤコグサが持つ(E)- α -ocimeneの生合成酵素の機能的クローニングを行った。同定された酵素は(E)- α -ocimeneを98%、(Z)- α -ocimeneを2%の比率で生産する(E)- α -ocimene特異的な合成酵素であった。

また、この酵素は害虫であるナミハダニの食害で誘導され、(E)- α -ocimene の放出が認められた。一方、機械的傷、アラメシチン処理では誘導されるものの、顕著な放出が認められなかった。これらの結果は、(E)- α -ocimene のナミハダニ特異的な生産、放出と一致した。

- (3) Takeshi Sakurai, Takao Nakagawa, Hidefumi Mitsuno, Hajime Mori, Yasuhisa Endo, Shintarou Tanoue, Yuji Yasukochi, Kazushige Touhara & Takaaki Nishioka
Identification and functional characterization of a sex pheromone receptor in the silkworm *Bombyx mori*

Proceedings of the National Academy of Sciences USA, Vol. 101, No. 47, pp.16653-16658, November 23, 2004.

メスの蛾が出す性フェロモンは、高い選択性と感度を備えた同種のオス蛾の触角にある嗅覚感受子によって受容される。カイコガのボンピコールは最初に見つけられた性フェロモンである。嗅覚受容体遺伝子の1つである BmOR-1 は Z 性染色体上に座乗し、8つのエクソン構造をとり、カイコガのオス触角にある性フェロモン受容神経細胞で、蛹後期から成虫にかけて発現していた。遺伝子 BmOR-1 と BmGaq を共発現したアフリカツメガエルの胚はボンピコールだけに応答し、G 蛋白質が介在する内向き電流が流れた。また、遺伝子 BmOR-1 で組替えたウイルスに感染させたメス蛾の触角はボンピコールによって電位を生じたが、ボンピカルには応答しなかった。以上の実験結果から、オス特異的な G 蛋白質共役型嗅覚受容体 BmOR-1 をボンピコール受容体と同定した。

研究課題：植物の鉄栄養制御

研究代表者：西澤直子

- (1) Koike S, Inoue H, Mizuno D, Takahashi M, Nakanishi H, Mori S, Nishizawa N K.
OsYSL2 is a rice metal-nicotianamine transporter that is regulated by iron and expressed in the phloem.
Plant Journal, 39: 415-424 (2004)

必須金属栄養素の体内移行に関与するトランスポーター、OsYSL2 をイネから単離した。OsYSL はイネにおいて18個のメンバーからなるファミリーを形成していた。OsYSL2 の遺伝子発現は鉄栄養によって制御されていた。OsYSL2 は「鉄・ニコチナミン」と「マンガン・ニコチアナミン」を輸送し、鉄とマンガンの体内長距離輸送と種子中への蓄積に関与することが示された。OsYSL2 は、生物界において初めて同定された「金属・ニコチアナミン」のトランスポーターである。

- (2) Kobayashi T, Nakayama Y, Nakanishi-Itai R, Nakanishi H, Yoshihara T, Mori

S, Nishizawa N K.

Identification of novel cis-acting elements, IDE1 and IDE2, of the barley IDS2 gene promoter conferring iron-deficiency-inducible, root-specific expression in heterogeneous tobacco plants.

Plant Journal, 36:780-793. (2003)

鉄欠乏誘導性のオオムギのハイドロキシムギネ酸合成酵素遺伝子 (Ids2) のプロモーター領域において、2つの鉄欠乏応答性シスエレメント、IDE1、IDE2を同定した。これにより、鉄欠乏を感知して発現が誘導される遺伝子のプロモーター領域に存在する鉄欠乏応答性シスエレメントを世界で最初に同定することに成功した。鉄に限らず、微量必須元素欠乏応答性のシスエレメントの同定としても他国の研究グループに先がけた初めての例である。また、IDE1と相溶性のある配列がオオムギ、イネ、シロイヌナズナで報告されている多くの鉄欠乏誘導性遺伝子のプロモーターに存在することが明らかになり、鉄欠乏誘導性のシスエレメントが多くの遺伝子や植物種において、鉄栄養の制御に関わる因子として保存されている可能性が示された。

- (3) Takahashi M, Terada Y, Nakai I, Nakanishi H, Yoshimura H, Mori S, Nishizawa N K.

The Role of Nicotianamine in the Intracellular Delivery of Metals and Plant Reproductive Development.

Plant Cell, 15: 1263-1280. (2003)

ニコチアナミンアミノ基転移酵素を過剰発現させることにより内生ニコチアナミン欠損となった形質転換タバコを用いて、イネ科以外の植物ではニコチアナミンが鉄、亜鉛、マンガンなどの金属栄養素の体内輸送において必須であること、従って植物の成長過程のすべてにおいて、特に正常な花の形成や種子の稔実に不可欠の物質であることを明らかにした。また、ニコチアナミンが、金属を必要とする各種のタンパク質への細胞内金属輸送にも関与する可能性、とくに亜鉛を必要とする転写因子群の機能制御を通して遺伝子発現の制御に関わっている可能性を示した。

研究課題：植物が作る未解明窒素化合物の構造と作用

研究代表者氏名：森川 弘道

- (1) Formation of unidentified nitrogen in plants: an implication for a novel nitrogen metabolism.

Planta 219, 14-22 (2004)

植物が作る未解明窒素 (UN) について系統的に報告した初めての論文である。本

論文において、シロイヌナズナなど10種以上の植物の葉に二酸化窒素を与える
と、植物葉内に取り込まれた二酸化窒素由来の窒素の最大三分の一がUNとなるこ
とを報告した。また、UN化合物の生成メカニズムについて活性窒素(NOやペルオ
キシナイトライト)による細胞内成分のニトロ、ニトロソ化の考えを提案した。

(2) Attempted reduction of 1,2,3-thiadiazole-4-carboxylates with samarium/iodine
in methanol. Unexpected ring enlargement to 1,2,5-trithiepan-4,6
-dicarboxylates.

Org. Biomol. Chem. 2, 2870-2873 (2004)

森川らは、シロイヌナズナ葉における有力なUN化合物としてチアジアゾリン誘導体
を同定した。(未発表)本論文は、このチアジアゾリン化合物が文献検索では検索さ
れない新規化合物であることから、その有機合成について研究した結果を報告した
ものである。チアジアゾリン誘導体の全合成は未だ成功していないが、その過程で
新規な硫黄環状化合物の合成法を見出した。

(3) Three distinct Arabidopsis hemoglobins exhibit peroxidase-like activity and
differentially mediate nitrite-dependent protein nitration.

FEBS Lett. 572, 27-32 (2004)

生物においてヘモグロビンは酸素の運搬において重要な役割を持つことは言うま
でもないが、植物には酸素運搬には直接関与しないと考えられる非共生型ヘモグロ
ビン遺伝子ファミリーが知られている。本論文は、その内の1つ(AtGLB1)が亜硝酸
を硝酸に酸化するペルオキシダーゼ様活性をもつことをリコンビナント・テクノロ
ジーを使って初めて示したものである。本論文の結果から、AtGLB1が植物体内で亜
硝酸イオンを二酸化窒素に酸化しUN化合物生成酵素の一つであることが示唆され
た。

研究課題：トリプトファン生合成系における一次・二次代謝の制御と利用

研究代表者：若狭 暁

(1) Kanno, T., K. Kasai, Y. Ikejiri-Kanno, K. Wakasa & Y. Tozawa.

In vitro reconstitution of rice anthranilate synthase: distinct functional
properties of the subunits OASA1 and OASA2.

Plant Molecular Biology 54:11-23 (2004)

トリプトファン合成系の鍵酵素であるアントラニル酸合成酵素の、サブユニット
遺伝子はイネではそれぞれ2個存在する。これらを単離し、コムギ胚芽無細胞タンパ

ク質合成システムを用いてこれらの酵素を合成し機能を解析した。その結果、高い酵素活性には と が会合する必要があること、サブユニット OASA1 および OASA2 の酵素特性に差のあることを明らかにした。すなわち、遺伝子発現レベルの低い OASA1 は OASA2 よりも高い酵素活性を持ち、トリプトファンによるフィードバック阻害に感受性が低い。このことから、2つのアイソザイムの役割を推定した。

(2) Yamada, T., Y. Tozawa, Y. Ohkawa & K. Wakasa.

Use of a feedback-insensitive subunit of anthranilate synthase as a selectable marker for transformation of rice and potato.

Molecular Breeding 14: 363-373(2004)

イネのアントラニル酸合成酵素 サブユニットの改変型 (OASA1D) はトリプトファンによるフィードバック阻害に感受性が低下していることから、この改変型酵素遺伝子を発現する細胞はトリプトファンアナログである 5 - メチル採りプロファン (5MT) に抵抗性となる。この特性を利用して、単子葉植物であるイネと双子葉植物であるバレイショにおいて、従来の抗生物質抵抗性遺伝子と同等の効率で形質転換体の選抜マーカーとして利用できることを証明した。

(3) Kasai, K., T. Kanno, K. Wakasa, Y. Endo, & Y. Tozawa.

Guanosine tetra- and pentaphosphate synthetase activity in chloroplasts of a higher plant: association with 70S ribosomes and inhibition by tetracycline.

Nucleic Acids Res. 32: 5732-5741(2004)

RNA ポリメラーゼに結合してその機能を調整する guanosine tetra- and pentaphosphate ((p)ppGpp) は、バクテリアで遺伝子発現の変化をもたらす。ppGpp を介した転写と翻訳の厳密なコントロールはバクテリア細胞における環境変化に適応した代謝変動を可能にする。アミノ酸などの合成部位である高等植物の葉緑体はバクテリアタイプの転写翻訳システムを持つことから、エンドウマメを用いて、転写活性のある葉緑体に ppGpp 合成酵素が内在すること、ペプチド合成はテトラサイクリンで阻害されることからこの酵素活性は 70S リボソームに依存するバクテリアタイプであることを示した。

平成 14 年度採択

研究課題：タバコモザイクウイルスの増殖機構

研究代表者：石川 雅之

(1) Yayoi Tsujimoto, Takuro Numaga, Kiyoshi Ohshima, Masa-aki Yano, Ryuji Ohsawa,

Derek B. Goto, Satoshi Naito and Masayuki Ishikawa. (2003)

Arabidopsis TOBAMOVIRUS MULTIPLICATION (TOM) 2 locus encodes a transmembrane

protein that interacts with TOM1.

EMBO J. 22 (2): 335-343.

タバコモザイクウイルス (TMV) の RNA 複製に必要な宿主 (シロイヌナズナ) 遺伝子 TOM2A を同定した。TOM2A は、TMV RNA の複製に必要な宿主膜タンパク質 TOM1 と相互作用する、4 回貫通型膜タンパク質をコードすることが示唆された。

- (2) Yuka Hagiwara, Keisuke Komoda, Takuya Yamanaka, Atsushi Tamai, Tetsuo Meshi, Ryo Funada, Tomohiro Tsuchiya, Satoshi Naito and Masayuki Ishikawa. (2003) Subcellular localization of host and viral proteins associated with tobamovirus RNA replication.

EMBO J. 22 (2): 344-353.

TOM1 および TOM2A タンパク質が TMV RNA の複製にいかに関与するかを検討するため、TOM1, TOM2A タンパク質、TMV にコードされた複製タンパク質および RNA 合成活性の細胞内での局在を調べた。緑色蛍光タンパク質を用いた観察と、細胞分画法を組み合わせ、これらのタンパク質と RNA 合成活性のそれぞれ少なくとも一部が液胞膜上に共局在することを明らかにした。TOM1, 複製タンパク質、RNA 合成活性は、液胞膜に加えて、より浮遊密度の大きい膜画分にも存在した。これらの知見から、少なくとも TOM1 は TMV の複製複合体が膜上に形成される際の足場として重要な役割を果たすことが示唆された。

- (3) Keisuke Komoda, Satoshi Naito, and Masayuki Ishikawa (2004).

Replication of plant RNA virus genomes in a cell-free extract of evacuated plant protoplasts.

Proc. Natl. Acad. Sci. USA 101 (7), 1863-1867.

TMV を含む真核生物プラスミド RNA ウイルスの RNA 複製は膜上に形成される複製複合体で起こり、試験管内でその形成過程を再現することはできなかった。本論文で我々は、タバコ BY-2 培養細胞プロトプラストより脱液胞化を経て、生体膜を含む無細胞翻訳系を構築した。この系で TMV を含む植物 RNA ウイルスゲノムを翻訳し、RNA 合成基質を加えると、生体内とほぼ同様のパターンのウイルス RNA 合成が起きた。この系は、RNA ウイルスの複製機構を解析する上で有用と考えられる。

研究課題：共生ネットワークの分子基盤

研究代表者：川口正代司

- (1) Plastid proteins crucial for symbiotic fungal and bacterial entry into plant roots.

Nature Advanced On Line, 22 December 2004

菌根菌・根粒菌の双方の共生にかかわる遺伝子 CASTOR と POLLUX を同定し、それらの新規イオンチャンネルが共生初期に観察されるカルシウムスパイクの発生に必要で、かつプラスチドに局在すること明らかにした。

- (2) Lotus burttii takes a position of the third corner in the Lotus molecular genetics triangle.

DNA Research (2004, 採録決定)

パキスタン由来のミヤコグサ Lotus burttii を日本に自生するミヤコグサの分子遺伝学的解析に導入し、マメのゲノム解析基盤を強化した。

- (3) crinkle, a novel symbiotic mutant that affects the infection thread growth and alters the root hair, trichome, and seed development in Lotus japonicus. Plant Physiol. 131:1054-1063 (2003).

ミヤコグサ共生変異体 crinkle は感染糸形成が表皮と皮層細胞の間で停止していた。さらに、根毛、トライコーム、稔性にも異常が見られ、共生のみではなく、植物の発生一般にかかわる重要な遺伝子に変異があることを明らかにした。

研究課題：植物転写因子機能ネットワーク

研究代表者：高木 優

- (1) Hiratsu, K., Matsui, K., Koyama, T. and Ohme-Takagi, M.

Dominant repression of target genes by chimereic repressors that include the EAR Motif, a repression domain, in Arabidopsis.

The Plant Journal 34,733-739.(2003)

EAR-motif は、植物特異的な転写抑制ドメインである。これを付与された転写因子は、強力なリプレッサーに機能変換される。このリプレッサーは、標的遺伝子の発現を内在性ばかりでなく機能重複した転写因子に優先して標的遺伝子の発現を抑制する

- (2) Hiratsu, K., Mitsuda, N., Matsui, K. and Ohme-Takagi, M.

Identification of the minimal repression domain of SUPERMAN shows that the DLELRL hexapeptide is both necessary and sufficient for repression of transcription in Arabidopsis

Biochemical and Biophysical Research Communications 321(2004)172-178

SUPERMAN の C 末端に存在する転写抑制ドメインの最小ユニットの同定をおこなった。その結果、6 アミノ酸である DLELRL で転写抑制機能をもつことが明らかになった。

- (3) Matsui, K., Tanaka, H. and Ohme-Takagi, M. Suppression of the biosynthesis of proanthocyanidin in Arabidopsis by a chimeric PAP1 repressor. Plant Biotech. J. 2, 487-493. (2004)
フラボノイド合成系を制御する PAP1 転写因子をリプレッサーに機能変換し、タンニンの生合成の抑制をおこなうことに成功した。

研究課題：種子蛋白質の量的・質的向上を目指した分子育種

研究代表者：西村いくこ

- (1) Hatsugai, N., M. Kuroyanagi, K. Yamada, T. Meshi, S. Tsuda, M. Kondo, M. Nishimura and I. Hara-Nishimura.
A plant vacuolar protease, VPE, mediates virus-induced hypersensitive cell death. Science, 305, 855-858, 2004.
液胞プロセシング酵素 (VPE; Vacuolar Processing Enzyme) が、ウイルス感染による過敏感細胞死を引き起こす鍵酵素であることを証明した。VPE 遺伝子をノックダウンするとウイルス感染した組織で細胞死が抑制されることから、VPE は植物の生体防御を制御する因子ととらえることができる。ウイルスを感染と同時に素早く封じ込める植物の創出の可能性を示唆する報告。
- (2) Shimada, T., K. Fuji, K. Tamura, M. Kondo, M. Nishimura and I. Hara-Nishimura.
Vacuolar sorting receptor for seed storage proteins in Arabidopsis thaliana. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 100, 16095-16100, 2003.
種子の細胞内では大量の貯蔵蛋白質が合成され蛋白質蓄積型液胞へ運ばれるが、その細胞内輸送の分子機構は全く不明で、これに関わる因子も同定されていなかった。本論文では、貯蔵蛋白質を合成の場から蓄積の場 (液胞) へ正しく運ぶための因子を初めて同定し、液胞選別輸送レセプター (VSR; Vacuolar Sorting Receptor) と命名した。貯蔵蛋白質の細胞内輸送がレセプター依存的であることの初めての証明となった。
- (3) Shimada, T., K. Yamada, M. Kataoka, S. Nakaune, Y. Koumoto, M. Kuroyanagi, S. Tabata, T. Kato, K. Shinozaki, M. Seki, M. Kobayashi, M. Kondo, M. Nishimura and I. Hara-Nishimura.
Vacuolar processing enzymes are essential for proper processing of seed storage

proteins in *Arabidopsis thaliana*.

J. Biol. Chem., 278, 32292-32299, 2003

様々な種子蛋白質が不活性な前駆体として液胞へ運ばれるが、これらの前駆体蛋白質を成熟型に変換するための分子機構を解析し、種子型 VPE が種子蛋白質の正確な成熟化に必須であることを in situ で証明した。

研究課題： 寒冷圏における光ストレスと北方林の再生・維持機構

研究代表者： 原 登志彦

- (1) Watanabe T, Yokozawa M, Emori S, Takata K, Sumida A & Hara T (2004)

Developing the multilayered integrated numerical model of surface physics-growing plants interaction, MINoSGI.

Global Change Biology 10: 963-982.

植物の繁殖（森林の生り年など）、幼木の生存戦略、展葉・落葉過程、植物の個体間競争など、植物の生理・生態過程と気象との相互作用を記述するモデルを開発した。これまでのモデルに無い詳しい植物生理過程と植物個体間の競争を取り入れた点が新しい点である。このモデル MINoSGI を用いれば、気候変動と植生変動の相互作用を同時に記述することが可能であり、今後の地球環境変動の影響予測と環境保全に役立てることができる。

- (2) Nagata N, Tanaka R, Satoh S & Tanaka A (2005) Identification of avinyl reductase gene for chlorophyll synthesis in *Arabidopsis thaliana* and implications for the evolution of *Prochlorococcus* species.

Plant Cell 17: in press.

唯一不明であった植物のクロロフィル合成遺伝子、divinyl protochlorophyllide 8-vinyl reductase (DVR) の同定に初めて成功した。これによって植物のクロロフィル合成系の全遺伝子が決定された。また、DVR 遺伝子を欠損した植物は divinyl chlorophyll を蓄積するが、この植物は強光下で短時間のうちに枯死することが明らかになった。これは、北方林の光ストレス・光傷害の研究、特に幼木の生存戦略の解明に貴重な材料を提供することになる。また、本研究によって、地球規模の炭素循環に決定的に重要な役割を担っている海洋微生物、*Prochlorococcus* の進化の過程も明らかにできた。

- (3) Yanagida M, Mino M, Iwabuchi M & Ogawa K (2004) Reduced glutathione is a novel regulator of the vernalization-induced bolting in the rosette plant *Eustoma grandiflorum*.

Plant and Cell Physiology 45: 129-137.

春化（一定期間の低温を経験させること）による植物のロゼットの打破には、低温刺激（酸化刺激）によるグルタチオン合成の活性化が必要であり、グルタチオンさえ投与すれば低温刺激無しにロゼット打破を起こすことができることを明らかにした。この結果は、北方林の生り年（森林全体の一斉開花・結実）の解明に貴重な材料を提供することになる。

受賞等

平成16年12月現在

受賞者名	賞の名称	授与者名	受賞日（時期）
荒木 崇	日本植物生理学会奨励賞	日本植物生理学会	2002.
岩崎秀雄	井上研究奨励賞	井上科学振興財団	2001.2
岩崎秀雄	日本時間生物学会学術奨励賞	日本時間生物学会	2003.9
野路征昭	日本植物細胞分子生物学会奨励賞	日本植物細胞分子生物学会	2002.7
池田 亮	根研究会学術奨励賞	根研究会	2002.10
武田 真	日本育種学会奨励賞	日本育種学会	2003.4
武田和義	日本農学賞・読売農学賞	日本農学会	2004.4
高橋美佐	日本植物細胞分子生物学会奨励賞	日本植物細胞分子生物学会	2003.8
西澤直子	日本植物生理学会論文賞	日本植物生理学会	2003
高橋美智子	日本土壌肥料学会奨励賞	日本土壌肥料学会	2004
高木 優	化学・バイオつくば賞	（財）化学・バイオつくば財団	2004.5

4. シンポジウム等

平成17年3月現在

シンポジウム名	日時	場所	入場者数	特記事項
領域合同会議	2001.05.15	岡山大学	32（研究代表：総括：アドバイザー：本部：研究事	研究課題および年度計画説明会

			務所)	オオムギ遺伝資源見学
領域合同会議	2002.05.07	秋田県立大学	39 (研究代表：総括：アドバイザー：本部：研究事務局)	研究課題および年度計画説明会 CREST-秋田植物科学サテライトラボラトリー見学
研究領域「植物の機能と制御」第1回公開シンポジウム	2003.11.5	品川コクヨホール	240	ポスター展示数(78) 領域特許展示
研究領域「植物の機能と制御」第2回公開シンポジウム	2004.10.26	品川コクヨホール	250	ポスター展示数(113) 領域特許展示 企業ブース

5. その他の重要事項(新聞・雑誌・テレビ等)

主要報道紙は以下のとおり。その他地方紙は省略。

平成12年度採択

*経塚チーム

- 1)「発見 イネの花咲かす遺伝子」朝日新聞(2003年7月7日)
- 2)「トウモロコシの形・大きさ 決める遺伝子を発見」日経産業新聞(2004年12月3日)

*近藤チーム

- 1)「一日周期でリズム刻む」日刊工業新聞(2004年11月19日)
- 2)「体内時計仕組み解明」日本経済新聞(2004年11月19日)
- 3)「体内時計解明に前進」読売新聞(2004年11月19日)

*斉藤チーム

- 1)「科学」地球を救う植物力、「人知を超えた多様性を活用」新薬開発」朝日新聞

(平成16年3月31日)

- 2)「omics」 The Scientist Daily News Integrating plant (平成16年6月15日)
- 3)「メタボローム 千葉大、植物の代謝物解析と遺伝子発現解析から未知遺伝子機能推定に成功」日経バイオテク・オンライン(2004年6月21日号)
- 4)「植物二次代謝の分子制御」かずさアークからの情報発信 ライブラリーかずさアーク No.161; 日独国際セミナー

*武田チーム

- 1)「オオムギ3品種間に遺伝子の違い1000カ所」毎日新聞(平成14年1月30日)
- 2)「一塩基多型オオムギで1000種発見」日経産業新聞(平成14年1月30日)
- 3)「オオムギのSNPを大量発見」日本工業新聞(平成14年1月30日)
- 4)「オオムギのスニップ野生種で約1千個」日刊工業新聞(平成14年1月30日)
- 5)「オオムギ遺伝子のSNPを大量検出」化学工業日報(平成14年1月30日)
- 6)「岡山大学がオオムギのSNP分析を加速」日経バイオビジネス(平成14年3月15日)
- 7)「オオムギ遺伝子に存在する一塩基多型を約4,000個発見」ブレインテクノニュース No.92, 生物系特定産業技術研究推進機構(平成14年7月15日)
- 8)「サッポロ,オオムギ・ゲノムの共同研究プロジェクトに参画,品質改良などへ」日経バイオテクオンライン(平成15年5月22日)
- 9)「ビールの味が落ちないオオムギ」朝日新聞(平成15年4月2日)
- 10)「ビールの鮮度長持ち」日刊工業新聞(平成15年8月20日)
- 11)「岡山大、ムギ育種用ツールの提供でベンチャーを設立へ」日経バイオテクオンラインおよび日経バイオテク(平成16年11月)
- 12)「より迅速で精密な品種開発へゲノム時代で変わる穀物育種」日経バイオビジネス(平成16年11月号)

*中村チーム

- 1)「秋田県立大学など、イネのデンプン合成変異株を単離,新機能デンプン開発へ」日経バイオテク(2001年10月15日)
- 2)「でんぷん成分,特徴を解明,コメの食味調節可能に,秋田県立大学が129品種分析」日経産業新聞(2002年11月5日)

*岡田チーム

- 1)「めしべの誘惑」毎日新聞(2001年8月24日)

- 2) 「植物の受精方法を解明」読売新聞(2001年8月27日)
- 3) 「受精導く雌しべの誘惑」朝日新聞(2001年8月29日)
- 4) 「未来を創る科学者たち： 神秘の瞬間に立ち会う ? 世界初 植物の受精映像 ? 」第45回科学技術映像祭 ポピュラーサイエンス部門入選(J S T)

*高林チーム

- 1) 「性フェロモン受容体の遺伝子を特定した」NHK 総合テレビ(2004年11月16日)
- 2) 「カイコ蛾性フェロモン受容体を発見」朝日新聞(2004年11月16日)
- 3) 「カイコ蛾性フェロモン受容体を発見」読売新聞(2004年11月16日)
- 4) 「カイコ蛾性フェロモン受容体を発見」毎日新聞(2004年11月16日)
- 5) 「カイコ蛾性フェロモン受容体を発見」日経新聞(2004年11月16日)
- 6) 「カイコ蛾性フェロモン受容体を発見」産経新聞(2004年11月16日)

*森川チーム

- 1) 「森川チームの研究室紹介」日刊工業新聞(2002年10月)

*若狭チーム

- 1) 「トリプトファン高含有組み換えイネ屋外試験」化学工業日報(2004年4月)
- 2) 「遺伝子組み換えイネの栽培実験」毎日新聞(2004年4月29日)

*石川チーム

- 1) 「植物 RNA ウイルスゲノムの試験管内複製」日経産業新聞(2004年2月)
- 2) 「植物 RNA ウイルスゲノムの試験管内複製」日刊工業新聞(2004年2月)

*高木チーム

- 1) 「植物遺伝子の働き 簡単に抑制、産総研機能解明に弾み」日本経済新聞
(2003.10.3)
- 2) 「化学・バイオつくば賞、産業技術総研の2人に - - 化学・バイオつくば財団」
毎日新聞、5.19.2004
- 3) 「化学・バイオつくば賞 宮岸真、高木優の両氏が受賞」読売新聞(2004. 5.19)
- 4) 「同一機能の複数遺伝子 発現を効率抑制 産総研 植物転写因子を改変」日刊
工業新聞(2004.6.30)

*西村チーム

- 1)「ウィルス感染による細胞死を制御する液胞プロセシング酵素」NHK 総合テレビ (2004年8月6日)
- 2)「ウィルス感染による細胞死を制御する液胞プロセシング酵素」朝日新聞(2004)
- 3)「ウィルス感染による細胞死を制御する液胞プロセシング酵素」毎日新聞(2004)
- 4)「ウィルス感染による細胞死を制御する液胞プロセシング酵素」読売新聞(2004)
- 5)「ウィルス感染による細胞死を制御する液胞プロセシング酵素」日経新聞(2004)
- 6)「種子貯蔵蛋白質の輸送レセプター」日経新聞(2003.12)

***原チーム**

- 1)「「生り年」の仕組み解明 森林計画に応用も」日経新聞(2004.1.9)
- 2)「北方林成長調査 冬に活性酸素多く生成 葉緑体も細胞中心部に移動 北大など解明 温暖化防止に効果」毎日新聞(2004年5月17日)
- 3)「クローズアップ現代:ソメイヨシノを救え」NHK 総合テレビ(2004年4月22日)

6. その他の添付資料

- 1) 第1回領域年報発刊(2001.8)
- 2) 第2回領域年報発刊(2002.8)
- 3) 第3回領域年報発刊(2003.8)
- 4) 第4回領域年報発刊(2004.8)

7. 中間評価結果

1) 平成12年度採択課題

1.研究課題名:植物の重力感知の分子機構

2.研究代表者名:飯田秀利

3.研究概要

植物における重力感知の分子機構を解明するために、重力センサーの可能性のある伸展活性化 Ca^{2+} 透過チャネルの候補遺伝子をシロイヌナズナから既に単離している。本研究ではこの遺伝子を用いて、(1)この遺伝子の産物が確かに伸展活性化 Ca^{2+} 透過チャネルであることの証明、(2)この遺伝子の欠損株における重力感知能の解析、(3)この遺伝子産物の器官内および細胞内における分布および発現様式の解析などを行う。本研究を通し、有用作物の成長促進、光合成効率の増加など、応用面への可能性を検討する。

4. 中間評価結果

4- 1. 研究の進捗状況と今後の見込み

シロイヌナズナのカルシウムチャンネル活性を持つ遺伝子 AtMID1a および AtMID1b、のクローニングおよびその破壊株の単離が出来たことは評価できる。今後、これらを用いて MID 遺伝子が本当に重力屈性に関与するかについての実験を行うことが可能になった。

本研究期間の前半は、シロイヌナズナのカルシウムチャンネルのクローニングに当てる必要があったので、これまでの展開は当初予定されていたとおりである。望むべくは、今少し早い展開を期待していた。

4- 2. 研究成果の現状と今後の見込み

これまではシロイヌナズナおよびイネなどのカルシウムチャンネルのクローニングに勢力を集中してきたこともあり、成果が順調に出てきたとは言いがたい。しかし、既にカルシウムチャンネル遺伝子の機能破壊株も得られていることから、今後の成果については期待したい。

今後の成果はひとえに、高等植物のカルシウムチャンネルが重量屈性に関与しているか否かにかかっている。その結果如何であり、予想が当たれば大きい成果を得ることになり、予想が外れればその成果は非常に限定されたものになりかねない。

4- 3. 今後の研究に向けて

本研究は今後の展開が極めて重要である。MID1 が研究代表者の想定している重力屈性に本当に関与しているか否かについて、生理学的・生化学的に検証を行う必要がある。また、代表者の想像していない現象にも関与している可能性も考えて、今後出てくる生理的実験結果に予断を交えず臨機応変に対応する必要があると思われる。

4- 4. 戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から 展望を結論づけることは困難であるが、重力感知機構が解明されることにより より効率的な植物の成長、光合成能の向上に寄与することが期待される

4- 5. 総合的評価

本研究課題は研究代表者が想定している「高等植物のカルシウムチャンネルが重量屈性に関与している」という前提に基づき成立している。この想定が真実ならば、本研究課題は新規性の極めて高いユニークな、大きな科学的成果を挙げることになるが、想定が真実とは異なるならば（そして高等植物のカルシウ

ムチャンネルの機能が意義深い生命現象と関連付けられないのなら)本研究から有効な成果を得ることは期待できない。現時点では、このどちらかについて誰も結論することはできないが、リスクだけれど大きな成果も期待できるプロジェクトである。

いくつかある「植物の機能と制御」領域の中に、一部分このような基礎研究を含むことの意義は小さくないと思われる。

1.研究課題名 植物生殖成長のキープロセスを統御する分子機構の解明

2.研究代表者名 経塚淳子

3.研究概要

いつ花を咲かせるかは植物の生存にとって重要な問題であるとともに、食料の供給の観点からも極めて重要である。生殖成長への移行が決定されると、茎頂分裂組織では花や花序作りのための新たな分化プログラムが開始する。本研究課題では植物が環境の変化を感知して花成にいたる情報伝達ネットワークの主要経路を明らかにする。さらに花や花序の形作りを決定する機構において中心的な機能を果たす遺伝子を単離しその機能を明らかにするとともに、得られた知見の産業への応用の可能性を検討する。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

本課題では、花器官の形成機構に関して幅広く研究しており、イネおよびアラビドプシスの両者において新しい知見が数多く得られている。とくに花成制御関連遺伝子、花・花序形成遺伝子など数多くの主要遺伝子を単離しており、予想以上の成果、進展をみせている。また、花序茎頂の発生・分化と維持に主要な役割をもつ TFL1 の細胞間移行シグナル機能を有するペプチドを特定するとともに、細胞間移行による遺伝子発現制御の可能性を示すなど興味深い知見も得られ、今後の展開が期待される。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

花器官や花序の形成に関する遺伝子制御ネットワークに関して新しい知見が数多く得られている。イネでは、花序形成に関与する遺伝子として LAX、FZP といった新しい遺伝子を単離し、アラビドプシスの花成に関与する遺伝子として FT の下流で働く新しい遺伝子 (FD) を見いだした。さらにこれらの遺伝子の情報伝達ネットワークにおける役割について解析が進み、FD の制御標的遺伝子 (FUL、AP1、CAL) を複数発見することに成功した。

また、アラビドプシスの TFL1 の細胞間移行シグナルとして 21 個のアミノ酸

配列を特定するとともに、細胞間移動による遺伝子発現制御の可能性を示した。これらの知見は、花器官の形成機構に限定されない一般的に通用する機構の解明にまで発展する可能性があり、今後の展開が多いに期待される。

4- 3.今後の研究に向けて

本研究により FT が花成ホルモンの有力な候補として浮かび上がってきたことは特筆に値する。今後、FT に関する研究は、花成の重要な情報伝達機構の解明に繋がるものと考えられる。また、イネの花序形成に関わる LAX、FZP 遺伝子が単離出来たことからイネの穂重型、穂数型など品種分化の機構解明への貢献も期待できる。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から イネの花序形成に主要な役割を果たす LAX、FZP 遺伝子が単離され、花成の重要なシグナルとして細胞間移行する FT タンパクが特定されたことから 実際の作物育種への利用を含めて食料増産への寄与のみならず、イネの品種分化の機構解明など科学的な貢献も期待される

4- 5.総合的評価

植物生殖成長を制御する分子機構の解明に関する研究としては、最先端の成果を着実に上げてきている。イネという主要作物の花序形成にかかわる重要な役割を果たす新規な遺伝子 LAX、FZP を単離するとともに、花成経路統合遺伝子 FT の下流で働く FD 遺伝子ならびにその制御標的遺伝子 FUL、AP1、CAL をシロイヌナズナから単離するなど、精力的な研究がなされている。また、花成の重要なシグナルとして細胞間移行する FT タンパクが特定されたことから、本当に、その FT タンパクが花成ホルモンの実体なのか、今後の成果に期待すること大である。

1.研究課題名 :光合成生物の生物時計 :その分子機構と環境適応

2.研究代表者名 : 近藤孝男

3.研究概要

生物時計 (概日時計) は、生物が昼夜交替する地球環境に積極的に適応するための時間プログラム装置として、あらゆる生物で機能しており、現在、その分子機構が急速に解明されつつある。

本研究では、これまでに開発した最も解析の容易なシアノバクテリアを使って、世界に先駆け概日時計の振動発生機構を解明し、さらにその成果を利用し高等植物の概日時計の解明をめざす。生命の基本機構である生物時計の解明を通し、

広く医学、農学分野への応用を探る。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

研究発足時からこの分野では、世界のトップグループであり、その後も着実に Kai を中心にした生物時計の分子機構を解明しており、研究は順調に推移している。特に、KaiA, B, C の相互作用、KaiC のリン酸化の制御、Kai 複合体の日周性、KaiC による包括的な遺伝子発現などの解明に関し重要な成果を上げており、今後の展開が期待される。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

KaiA,B,Cの相互作用を明らかにするとともに、Kai時計が染色体構造の変換を通して全遺伝子の包括的な発現制御に係わっているとの新しい知見が多くえられている。

Kai の機能解析、生化学研究は今後さらに進むと期待されるが、同時にこれだけで時計の全体像を説明できるのかという疑問や、研究がシアノバクテリア中心であり、ウキクサでの形質転換系の開発が遅れていることの指摘もあり今後の課題でもある。

なお、In vitro系での再構成の展開、リン酸化された KaiC の分解の解析が必要とのコメントは参考にしてほしい。

4- 3.今後の研究に向けて

Kaiタンパク質の機能、特に、KaiCの生化学的研究手法による解析（例えば、リン酸化による分解）とKaiCによる遺伝子制御の実証が重要である。さらには、シアノバクテリアの成果の他の生物への展開、特に高等植物における計時機構解明に展開することを期待したい。

一方、時計の作動に伴う細胞内変化の全体像を微にいい細にいい明らかにすることが今後重要と考えられる。そのためには、今後ゲノミクス、およびプロテオミクスによる網羅的解析を併用する必要がある、構造生物学的解析には、他のチームとの連携も必要と考えられる。なお、本研究では、興味深い装置、システム（異なる発光遺伝子を含む複数の遺伝子構築物を同一生細胞内で同時発現させる方法およびその発現測定システム）が開発されており、それらの利用が興味深い。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、KaiC蛋白質によるゲノム全域にわたる包括的遺伝

子発現制御メカニズムがさらに詳細に解明されると予想される。これらの知見は、植物の保有する様々な機能を効率的に、人為的に作動させる鍵を提供するものと期待され、応用面のみならず科学的な貢献も期待される。

4- 5.総合的評価

これまでの研究進捗、実績から比較的高い成果が期待できると判断する。ただ、どこまで、概日時計の本質に迫ることが可能であるのか？また、その一般性に対する疑問／不安が付きまとっている。こうした不安を払拭して、時計の本質、振子の実体に迫ってほしい。

以下に、いくつかのコメントを記述する。KaiA,B,Cによる時計の機構を解明する上で、時間的な因子、例えば、turnover を考慮する必要があると考えられる。例えば、KaiC のカタボリズムに関与する因子の同定が必要と思われる。また、合成と分解の kinetics における平衡定数が温度その他の環境因子の変化に無関係であり、常に2-4時間で一周するプロセスが維持される機構が解明されれば素晴らしい。

Kai タンパク質の高次構造の解明、暗条件での時計タンパク質複合体の形成、kaiC のリン酸化のリズム、KaiC の機能メカニズムが解明されることを期待している。Kai が包括的な遺伝子発現制御に関与しているという知見は素晴らしいが、その周期のもととなるメカニズムが裏にあるのではないかと考えられる。これらの分子機構の解明を希望している。

1.研究課題名 ポストゲノム科学を基盤とする植物同化代謝機能のダイナミクス解明

2.研究代表者名 斉藤和季

3.研究概要

本研究では、急速にゲノム解析が進んでいるシロイヌナズナとイネを研究材料として、トランスクリプトミクスやメタボロミクスなどのポストゲノム科学を基盤とした炭素・窒素・硫黄・リンの同化代謝間相互のダイナミクスを解明することを目的とする。具体的には、トランスクリプトミクスやタンパク質レベルでのダイナミクスに加え、遺伝子機能とその代謝物パターンの変化を一対一対応させるメタボロミクス研究に重点をおき、代謝の分子ネットワーク解明を目指す。これらの研究によって、植物の生産性と品質の向上に係わる分子基盤を、植物代謝機能と制御の局面から確立することを最終目標とする。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

窒素・硫黄欠乏に対する応答を、組織別、培養条件別にトランスクリプトミク

スとメタボロミクス解析を統合的に行うことにより、その効果の主要因を解明しており評価できる。研究代表者の硫黄同化経路研究の進捗は妥当であるが、分担者の関連研究評価については必ずしも一致していない。全体の構成が大きすぎることもあり、分担テーマの絞り込みが必要である。また機能性物質生産に関与する遺伝子をとる方法論にブラッシュアップするなど、応用への道筋も明らかにする必要がある。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

硫黄同化代謝間のダイナミクスに関しては、シロイヌナズナを材料に、硫黄同化経路と転写因子 PAP1 についてメタボロミクス、トランスクリプトミクスを統合的に解析しており、多くの興味ある知見を得ている。また応用面では、システイン合成酵素遺伝子とセリンアセチル転移酵素遺伝子の過剰発現により、環境耐性高機能（含硫黄環境汚染物質、重金属類など）が獲得されることを示し、形質転換植物によるフィトレメディエーションの可能性も出てきている。国際的にメタボロミクスは競争が激化しているなかで、硫黄・窒素におけるメタボロミクスの分野では先導しており重要な貢献を果たしていると考えられ、今後の展開が期待される。

4- 3.今後の研究に向けて

モデル実験系としての解析は良いが、今後実用化に向け、どのようにその技術を応用・展開するのか、また対象とする植物組織、細胞の違いのみならず植物の生活環における発達段階、時期の違いによっては、結果も異なることが想定される。そのことを考慮しながら研究を進めて欲しい。今後インフォーマティクスとの融合が出来れば新たな研究分野として発展が期待できるが、今のところ研究対象となるのは、これまでに予想されたメタボライトに限られている。また広範な研究分野を統合的に進めるとして、他のグループとどのように連携しているのかを、より明確にしていける必要がある。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、トランスクリプトミクスとメタボロミクスとの統合的解析により、遺伝子発現・物質生産の流れを、点ではなく連続的に理解できることを示した意義は極めて高い。今後それら技術を応用し、いかに効率的な物質生産へと結びつけるかが重要であり進展に期待する。

4- 5.総合的評価

先駆的にメタボロミクスを駆使し、遺伝子機能ネットワークとの関連性を深める方向の解析手法を活用した研究で、そのインパクトは大きく、新しい研究分

野が構築される期待はある。国際的に競争激化のメタボロミクス研究において、硫黄・窒素同化代謝で先導的な役割を果たしており、その貢献は特筆すべきものである。ただ植物科学においてメタボロミクス研究の果たす役割、将来性については評価する基準が未だ確立されていないのが現状であり、ミクロレベルの解析がマクロレベルの解析にどのような関連していくのか今後解明すべき点も多い。またアウトプットについても、どのように成果を応用していくかも明らかにしていく必要がある。

1.研究課題名 :オオムギゲノム機能の開発と制御

2.研究代表者名 :武田和義

3.研究概要

オオムギゲノムに存在する遺伝子を包括的に解析する DNA マイクロアレイ技術および巨大 DNA ライブラリーを用いた遺伝子単離システムを開発する。これらを用いた遺伝子機能の解析と遺伝子差異を遺伝子情報データベースとして構築する。さらに、ゲノム解析センターを形成して、オオムギ遺伝資源から有用な遺伝子を効率よく制御して実用品種を開発する。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

当初の計画以上に研究は進捗しており、望ましい成果を継続的に発表してきている。とくに14万件のEST配列を得、ファインマッピングの段階にあり、オオムギゲノムリソースの構築は順調に進んでいる。さらにEST配列の公開、BACクローンの整備、SNPの特許化等極めて着実に成果を積み上げている。また過去の研究や遺伝資源の蓄積を活かしオオムギ育種に有用なゲノム情報を効率よく取得しており、発現プロファイル解析に応用するとともに染色体地図を用いた有用形質と遺伝子群の解析など、実際の応用面への活用も計画されており、成果が期待される。成果は国際的にも高く評価され、マイクロアレイ開発のベースとなる膨大なEST配列などを提供し、国際オオムギコンソーシアムで中心的役割を果たしており、今後もその先導的な役割が期待される。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

データベースの公開、マイクロアレイの標準化等国際協調が進行している中で、国際的にリーダーシップがとれる位置を得ており、その貢献度は高く評価されている。またこれまでの成果をもとに、醸造特性など重要な育種目標が企業と共有出来てきており、実用場面での展開も期待される。

これまでのゲノム解析およびオオムギ高密度転写産物地図（EST地図）解析が

らオオムギゲノムとイネゲノムとの差（イネゲノム配列 RiceGAAS、イネ完全長配列におけるゲノム配列相同性比較、遺伝子翻訳開始領域の GC 含有率比較など）およびコムギゲノムとの類似性（オオムギ EST マーカーの二倍性コムギ連鎖地図へのマッピング）が明らかとなり、個々の植物種におけるゲノム研究の方向性が示唆されつつある。また、データベースの公開や SNP の発表でオオムギ育種への実用化も促進されるものと期待され、科学的、応用面での波及効果は大きいと考える。

4- 3. 今後の研究に向けて

協調と競合の両側面を持つ国際コンソーシアムのなかでリーダーシップがとれてきており、当面この方向で進めることが国際的貢献を果たすこととなり、良しとすべきである。

醸造特性など、ある程度の絞った育種目標を明確にして実用化（育種材料の提供と品種開発）でも世界をリードする進め方が出来るかどうか、将来の課題であろう。

また、これまでに得た知見を基に、ゲノム上の遺伝子配列順に配置したアレイ上の遺伝子発現読み取りをバーチャル的に表示するシステム、グラフ遺伝子型表示システム、量的遺伝子座検出システムなど新技術創成の試みは、新しいゲノム科学の構築へと繋がる可能性が高く、大いに期待されるところである。

4- 4. 戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、オオムギゲノムの特徴、ゲノムと有用形質との関連性は明らかになると予想される。今後、有用形質に係わる遺伝子群の全容が特定され、それらは穀物として最も重要なイネ科の育種技術の進展に大きく寄与するとともに実用オオムギ品種の作出も期待される。

4- 5. 総合的評価

オオムギ育種という産業利用のインフラが欧米に比較して弱いこの分野で、基礎技術開発において欧米と対等に渡り合うことの意味がどのように評価されるべきなのかが本研究課題評価のポイントである。CREST であるからこそ出来る研究ともいえよう。

実用化を考慮に入れたオオムギゲノム研究として短期間に多くの成果を出しており、情報公開により国際コンソーシアムにおいてリーダーシップが取れていることを含め、高く評価され则认为。また、新しいゲノム技術の構築にも着手しており、イネ科作物の育種技術への貢献も含め今後の展開に期待する。

一方、本研究は期間限定のプロジェクトであり、この期間終了後どのようにこ

の成果を生かして応用・産業利用につなげていくのか、その負担は誰がするのかは大きな課題となる。

1.研究課題名:デンプンメタボリックエンジニアリングの開発

2.研究代表者名:中村保典

3.研究概要

高等植物の高度に制御されたデンプンの合成代謝システムを明らかにするために、イネ胚乳をモデルとして、主要酵素がアミロペクチンのタンデムクラスター構造の決定にどのように寄与するかを重点において解析する。さらにそれら酵素遺伝子を組み込んだイネ形質転換体のアミロペクチンを解析して、アミロペクチンの分子構造とデンプン結晶構造やデンプンの物性との関係を明らかにし、新規デンプンを創出する系を確立する。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

イネデンプン合成変異体のラインアップ作出とアイソザイム解析の進展により、デンプンメタボリックエンジニアリングの基盤は出来つつあり、研究の展開は順調に推移している。遺伝子導入することによりデンプンの分子構造を変換できることを示した意義は大きい。

エンジニアリングとしての応用の方向性は未知数であるが、今後2年間で何を目標に応用化を図るのか絞り込みが必要であろう。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

イネの研究は順調に伸展している。とくに、SSI1a遺伝子はアミロペクチンのクラスター内部の短鎖伸長反応に関与し、ジャポニカ型、インデカ型へ分かれる原因遺伝子であり、かつ糊化特性に関与していることを遺伝子導入イネで証明。また、BEI1b遺伝子は発現量に応じデンプン物性、結晶型を変換させ、多様なデンプンを作ることが可能であることを示した意義は大きい。一方、シアノバクテリア、藻類のポリグルカンの研究の意義は理解できるが、その研究成果をイネ研究へ利用することが可能か、早急に見極めを付ける必要がある。

4- 3.今後の研究に向けて

イネを材料にすることでオリジナリティの高い研究が展開できており、また、成果も順調に出ている。今後デンプンメタボリックエンジニアリングの基盤はさらに充実され、デンプン合成代謝機構の全貌が明らかになることを期待する。ただし、エンジニアリングとしての応用の方向性については、未だ定まっては

おらず未知数であるが、工業的素材としてのデンプンの可能性は広く、各種デンプンの新たな用途開発を期待する。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、遺伝子導入することにより、デンプンの分子構造を変換できることを、SSIIa, BEIIb, コムギISA1遺伝子などを用いて明らかにしてきたことから、実際の作物育種への利用を含めて食料増産への寄与のみならず、工業的素材としての利用など、新規デンプンの広範な応用場面の展開が期待される

4- 5.総合的評価

本研究はデンプンのメタボリックエンジニアリング（代謝工学）への挑戦であって、この3年間、デンプン合成関係の酵素の遺伝子の解析と活用によってデンプンの構造変化の基盤を築いた。その点では高く評価される。今後の2年間では、研究のターゲットをしばり込み、「変化」から「改良」とくに計画的改良を目指して欲しい。

そのためには「エンジニアリング」から「デザイン」への意識改革が必要であり、産業界などが何を求めているかの情報を取得する必要もある。デンプンというものはあくまでも実用的素材・食材だからである。

1.研究課題名 植物における染色体機能要素の分子的解析と人工染色体の構築

2.研究代表者名 村田 稔

3.研究概要

植物の染色体は、3つの機能要素（セントロメア、テロメア、複製起点）によって維持されている。

本研究では、植物染色体の機能構造を解析するため、最も重要な機能要素であるセントロメア（動原体）のDNA構造と結合タンパク質の相互作用を解析し、“分配”という機能がどのように制御されているかを解明する。さらには、新たな巨大DNAクローニングベクターとなる“植物人工染色体”の開発をめざすとともに、効率的な作物品種改良を可能にする多数有用遺伝子同時導入への応用を図る。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

シロイヌナズナの子ニ染色体の構造を解析し、セントロメアに局在する反復配列を決定するとともに、BACベクターに180bpクラスターを導入し、人工染色体のもととなる分子の作成に着手するに到っている。また、セントロメアに結

合する蛋白質も数種同定している。

これまでの研究展開は一応評価に値すると思うが、本研究期間内での当初の目標達成は困難なことが予想される。今後は、到達できるゴールを明確にし、計画を絞り込む必要がある。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

シロイヌナズナ第4染色体のセントロメアの180bp repeat 構造を解明し、そのrDNA領域を含んだミニ染色体ベクター化が出来る可能性を示したことは特筆できる。また、セントロメアに局在するタンパク質を数種同定しておりさらにミニ染色体を保持する系統の育成にも成功し、着実な成果を上げている。

しかし今後、人工染色体を実用化するまでには解決されなければならない問題が山積されておりこれまでの進捗状況からみて、残り2年間で本プロジェクトの目標を達成することは困難が予想され、研究の絞り込みの時期に来ていると考える。

4- 3.今後の研究に向けて

植物人工染色体開発に役立つ基礎・基盤研究は重要であり、本研究をさらに押し進めるなかで有益な知見の蓄積を期待したい。また、解析手法を高度化することで、研究内容の深みをつけることも大切である。

シロイヌナズナの第4染色体の180bp repeat と結合するタンパク質数種を外国研究者との協力で同定し、それによって人工染色体構築に向けた突破口が出来たことは評価に値するが、今後研究のスピード化を図るには国内の他の研究グループの協力も必要であろう。一方、スゲ類のdiffused centromere についての研究成果があまり芳しくないことが気になる。残り2年間で到達できるゴールを明確にし、研究の絞り込みが必要な時期に来ていると考える。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、人工染色体を実用化するまでには今後解決されなければならない問題が山積されているが、シロイヌナズナの第4染色体短腕のrDNA領域を含むミニ染色体ベクター化が出来る可能性を示したことは特筆に値する。実際の作物育種への応用の道を拓く礎が出来つつあり、科学的な貢献も期待したい。

4- 5.総合的評価

本研究プロジェクトが最終目標とする植物人工染色体の開発は、植物科学の基礎と応用研究の中でも、とりわけ植物バイオテクノロジーの分野において極めて重要な課題である。しかしながら、本研究の現在の進捗状況から判断して、

期間内で目標が達成されることは困難な情勢にある。本プロジェクトは当初からある程度リスクを持っていたが、それを実施する意義が十分ありと判断して採択されたものである。このような技術開発研究は、何処かで誰かがしなければならぬものであり、現在までのところ、一応の成果は出ていると判断される。今後は、期間内に少しでも目標達成に向けて一層の努力をされることを期待する。

2) 平成13年度採択課題

1.研究課題名 植物発生における細胞間シグナリング

2.研究代表者名: 岡田 清孝

3.研究概要

植物の分裂組織から器官が形成される過程や受精に至る過程において重要な役割を担っている「細胞間シグナル伝達機構」に注目し、シグナルの分子の実体や受容・伝達の分子機構を明らかにする。これにより、植物の形態と機能の多様な変化を支配する遺伝機構が明らかになり、植物形態と機能をより効率的で安全に変える人工的な制御の方法を見いだすことができると期待される。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

本研究の個別ごとの課題に関しては世界レベルの成果を上げつつあり、植物の形作りにおけるそれぞれの局面についてその分子機構に踏み込んだ研究を展開している。この点に関しては高く評価できる。一方、これらの個別課題間の相互連携に関しては不十分であり、研究全体として植物発生過程における細胞間シグナルのメカニズムにどのような新知見を提供できるかが現時点で見えてきているといえない。

一方、プロジェクト期間中間の段階で、これまでの手法に加え新規な手法・展開を付け加えた(リアルタイムイメージング手法)ことにより、分子遺伝学的手法に加えて細胞生物学または組織生物学的展開が可能となり、植物細胞間シグナル伝達を具体的にイメージ出来る期待がふくらんだ。今後、これらの新手法が既に業績が出ている研究に新しい展開をもたらすことを強く期待したい。また、シグナル伝達物質として期待される

低分子リガンドの単離・解析に向けての試みについても、成功すれば大きな発見につながることを予想され、期待が持てる。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

元々、高いレベルの研究を展開していたグループを集めており、その意味では、

期待通りの成果を生んでいると評価できる。しかし、このプロジェクトを立ち上げたことにより、これまでの展開を上回るような画期的な成果は未だ形を見えていない。

これまでもそうであったように、今後も各グループが行ってきた研究はその個別分野において世界をリードするレベルを維持して展開されると予想出来るが、先にも述べたように、今回一つの領域としてまとまって研究を進展しているわけであるから、その中から新しい局面の展開を期待したい。

4- 3.今後の研究に向けて

競争の激しい当該分野で、高いレベルの国際誌に多くの論文を発表し続けており、質量ともに国内外のトップレベルの研究を行っていると評価できる。一方、現時点ではこれらの研究が個別各論的に進展されているくらいがあり、将来、この研究領域を組織化したことにより、これまでの研究では達成できなかった新しいコンセプトが提示されることを期待したい。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、葉、花などの軸を中心とする個々の植物の形作りにおける分子機構が解明されている。今後それぞれ個々の局面がどのように相互連携（細胞間シグナル）を確立しながら器官を形成してゆくのか進展に期待する。これまでの分子生物学的手法に加え R I リアルタイム解析手法により、シグナル物質の分布、挙動を追跡する試みは、分子生物学と細胞生物学および組織生物学をリンクさせる新分野構築への礎となるものと考えられ、基礎科学的な貢献が期待される。

4- 5.総合的評価

細胞間シグナル伝達に関わる低分子リガンドの探索に関しては、リスクが伴う一方、もし成功すれば大きな成果が期待できる。同様に、シグナル伝達物質の細胞間移動のリアルタイムイメージングについて新規手法の確立と同時に、本手法によりこれまで未解決であったいくつかのシグナル伝達に関わる機構が解明されることが期待できる。今後、これらの新手法の確立・応用こそが本プロジェクトの成功の鍵を握ると考えられる。

1.研究課題名 植物の害虫に対する誘導防衛の制御機構

2.研究代表者名：高林 純示

3.研究概要

我々は、害虫の食害を受けた植物が、その害虫の天敵を呼び寄せる匂いを救援

信号として出す現象、及びこの匂いを受容した健全な株でも、誘導防衛を始める現象(植物間コミュニケーション)を明らかにしてきた。そこで本研究では、この匂い物質生産の分子メカニズムと、健全株での匂い受容メカニズムを明らかにする。天敵誘引物質生産に関する新たな植物の機能が解明され、天敵を効率よく利用する害虫管理技術の創出が期待される。

4. 中間評価結果

4- 1. 研究の進捗状況と今後の見込み

植物が天敵を呼び寄せる機構を分子レベルで解明しようとする試みは順調に進行している。天敵を誘引する各種揮発性物質の同定、害虫の生産するエリシターが微生物由来であること、植物由来のエリシターとして植物ホルモンの一つであるABAの関与が示されたこと、昆虫カイコガの性フェロモン受容体の同定など、一連の解明によりそのメカニズムが明らかにされつつある。

食害によるシグナル誘引物質が、ハダニに共生している酵母により分泌されていることの発見は、植物の誘導的間接防衛をこれまでの植物 - 植食者 - 補食者の三者系から微生物が加わった4者系で捉え直す必要性を提案することとなった。また、カイコガの性フェロモン受容体をクローニングできたことは、自然科学の進展に大きく貢献したと言えるが、この発見が植物の匂い受容体とどのように関わってくるのか、今後の進展に注目したい。

4 - 2 . 研究成果の現状と今後の見込み

植物の揮発性物質生産による防衛機構に関して、多くの新しい知見が得られている。エリシターに関しては、害虫の生産するエリシターが共生微生物由来であることを明らかにし、また植物由来のエリシターとしてABAが関与している可能性を示した。匂い受容体に関しても、植物の匂い受容体の特定には至っていないが、昆虫カイコガの性フェロモン受容体の同定に成功している。また、シロイヌナズナの系を立ち上げ、匂い応答におけるシグナル伝達系、特にジャスモン酸信号伝達系の関与や異種植物による立ち聞き現象を示すことを明らかにし、匂い物質生産とその受容体の解明に迫っている。

ハダニ由来のエリシターや植物が生産する食害誘導性シグナル物質、シグナル受容と膜流動性との関係等に関してはまだ不明確な部分が多く、今後の研究に期待したい。また昆虫の臭覚受容体とのホモロジーから植物の匂い受容体を単離することができるかどうかは、シロイヌナズナで取り組んでいる匂い応答変異体の解析に期待したい。

4- 3. 今後の研究に向けて

植物の匂い受容体や被害植物が生産するエリシターに関してはまだ報告が無く、高林グループが世界に先駆けて明らかにするものと期待される。既に ABA がエリシターとして働いている可能性が示唆されている。また、シロイヌナズナの匂い応答に関する変異体の作出に成功すれば、匂い受容体の単離等、新たな展開が期待できる。

一方、実験室レベルで得られた知見が複雑多岐にわたる自然の生態系においてどのように係わるのか解明すべき点も多い。たとえば、植物の立ち聞き現象は異種の植物でも起こるのか、特定の匂いに対して天敵以外の昆虫はどのような反応を示すのかなど、植物側および昆虫側のスペクトルについても明らかにして欲しい。また、植物は食害を受けると、天敵特異的な揮散性物質を生産するのではなく、数種類の揮散性物質の混合比の差で天敵を呼んでいるとすれば、その混合比が大気中に拡散されていく過程でどう変化し、天敵はどこまでそれを感知できるのかなど、応用を考える場合、考慮すべき点は多い。

4- 4.戦略目標に向けての展望

これまでの成果から、植物-植物間、植物-昆虫間の化学物質によるクロストークの全容が、点から連続的な線へと繋がりをを見せてきている。今後、それら関係をより詳細に解明することにより、効率的な作物生産、作物保護技術の確立に繋がることが期待される。

4- 5.総合的評価

植物が匂い生産により天敵を呼び寄せるという現象は20年ほど前に発見された。進化学的にも生態学的にも非常に興味深い現象であるとともに、実用面においても省農薬による害虫防除技術の開発に繋がる研究でもある。植物-害虫-天敵間の相互作用を分子レベルで解明しようとする試みは極めて独創的でオリジナリティの高い研究である。

極微量にしか存在しないエリシターの同定、存在するかどうか不明な植物の匂い受容体の単離など、多くの困難な課題に挑戦しているプロジェクトである。そのため未解明の部分が多く残されているが、解決の糸口は見つかっており、プロジェクト期間中に多くの成果が得られるものと期待される。

1. 研究課題名：植物の鉄栄養制御

2. 研究代表者名：西澤 直子

3. 研究概要

全陸地の25%を占める石灰質アルカリ土壌では、植物は生育に必要な鉄を吸収できず、極めて農業生産性の低い不良土壌となっている。本研究では植物の鉄

栄養を制御する機構を明らかにすることによって、石灰質アルカリ土壌耐性植物を創製し、食糧の増産と砂漠の緑化を目指す。さらに超高鉄含有米を創製し、約3.7億人といわれる貧血症の改善を目指すとともに、これらの新機能植物からはすべてマーカー遺伝子を取り除く。

4. 中間評価結果

4- 1. 研究の進捗状況と今後の見込み

イネの鉄欠乏に対する耐性メカニズムを多面的に解析し、高いレベルの研究を行っており、研究の展開は順調に推移している。特に、鉄欠乏応答性シス配列の同定、ニコチアナミンを介した金属イオンの体内輸送機構の解明、さらに、鉄ニコチアナミントランスポーターの単離と解析など、順調に進展させている。基礎だけではなく、応用(出口)研究についても新たな展開をえている。特に、ニコチアナミンを介した金属イオンの吸収、あるいは、その生理機能の解析により、ニコチアナミンの生理的重要性が明らかとなってきた。また、ニコチアナミン高生産植物による重金属のファイトレメディエーションへの展開の可能性が明らかになりつつある。一方、ニコチアナミンがレニン-アンジオテンシン系を阻害するという発見から、機能性食品としての展開の可能性も示唆されている。

4- 2. 研究成果の現状と今後の見込み

ニコチアナミンを介した鉄(金属イオン) の取込みと輸送に関して、新規な知見が得られていること、また、ニコチアナミン高生産植物における重金属イオンの吸収によるファイトレメディエーションの可能性、ニコチアナミンの機能性食品としての利用の可能性が新たに解明されるなど、確実に成果が達成されている。ただ、論文発表は、より高いインパクトのある雑誌への発表を期待したい。

基礎ならびに応用の両面において、成果が期待できる。具体的には、シス配列に加え、転写因子とトランスポーターの解析を進めることによる金属応答の分子機構の理解の深化が期待できること、ニコチアナミンを介した植物体における金属のホメオスタシスの分子機構の解明が期待できること、ニコチアナミンの機能性食品としての可能性、ならびに、ニコチアナミン高生産植物におけるCdなど重金属イオンの濃縮によるファイトレメディエーションへの展開が期待される。なお、ムギネ酸の分泌系の同定によるさらなる鉄欠乏耐性の向上、大豆など畑作物の形質転換などは、今後の課題である。

4- 3. 今後の研究に向けて

世界に先駆け、鉄（金属イオン）に応答するシス配列を同定し、鉄・ニコチアナミントランスポーターを同定するなど、ムギネ酸研究から、ニコチアナミン合成・生理研究へと新規性・質の高い研究を展開している。

ムギネ酸、ニコチアナミンの鉄コンプレックス生成・解離のメカニズム（ダイナミックス）、結合の kinetics、特に、結合定数の測定は重要である。また、圃場実験、畑作物の形質転換は、本基盤技術に基づいた鉄欠乏耐性植物の実用化を考えるうえで重要である。これらの検討は困難かもしれないが、進めてほしい。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、鉄欠乏耐性植物の育成による食糧増産への寄与のみならず、高鉄含有植物（とくにイネ）の育成、Cd等重金属浄化植物の育成、ニコチアナミン含有機能性食品の開発など、広範な応用場面への展開が多いに期待できる。

4- 5.総合的評価

ムギネ酸、ニコチアナミンを中心に、その生合成系、鉄欠乏応答発現調節機構、トランスポーター系による取込みと輸送の分子機構など、幅広い基礎研究を展開するとともに、鉄欠乏耐性作物の育成、Cd等重金属浄化植物の育成、機能性食品の開発など、多様な応用への期待が持てる成果を達成している画期的な研究である。総合的に高く評価できる。

1.研究課題名 植物が作る未解明窒素化合物の構造と作用

2.研究代表者名：森川 弘道

3.研究概要

代表者は植物に吸収された窒素酸化物や硝酸由来の窒素の約三割が、未解明のメタボライト（UN化合物と呼ぶ）に変換されることを発見した。本研究は、この化合物の構造、生成・分解機構、生理作用を解明し、生物における窒素代謝の新しいパラダイムの提起を目指す。これにより、一酸化窒素（NO）などの活性窒素分子種的作用や硝酸過剰傷害の分子機構が解明され、他方、植物の環境修復機能や生産性の向上が期待される。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

未解明窒素化合物の存在を確認したことの意義は大きい。量的に未解明窒素化合物（UN化合物）の約50%を占めると考えられる3種のUN化合物の構造を決定するとともに、その生理作用も明らかにしつつあり、研究の展開は順調

に推移している。また残りの大部分を占めるUN化合物の部分精製も進み、推定構造(チアジアゾリン系化合物)を提案するなど、精力的に研究を進めている。今後は現在同定中の化合物の構造決定が急務である。

これまで構造解明された化合物群の中で、大部分を占めるUN化合物(ニトロソ系化合物)の植物体での生成反応を推測すると、酵素反応ではない(求核反応)可能性が高く、今後その生理作用との関連性に興味をもたれる。一方ヘテロ環化合物に関しては、酵素反応による生成と考えられることから、新たな代謝系が解明される可能性が高い。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

今回同定された化合物群の中で、大部分を占めるUN化合物(ニトロソ系化合物)の構造が決定されたことの意義は大きい。その生理活性的意義(植物ならびに動物)の解明については今後期待されるところである。また、残りの大部分を占めるUN化合物(チアジアゾリン系化合物)の構造決定は困難性が予測されるが、新しい代謝系の提案へと導く可能性が高いことから期待は大きい。またNO_x被爆植物の生長促進作用の発見は極めて興味深く、今後そのメカニズムの解明が待たれる。

4- 3.今後の研究に向けて

このような視点からの研究は今までに無く、オリジナリティの高い研究であり、まさに新しい分野を展開しつつあると言える。そのためにも、まずUN化合物の全容を解明することが望まれる。

今後、これらUN化合物の生理活性、既知代謝系との関わり、動物との関連性など解明すべき点は多いが、本研究期間内で到達できるゴールを明確にし、ある程度絞り込む必要があると考える。

4- 4.戦略目標に向けての展望

本研究のこれまでの成果から、これまでその存在すら知られていない未解明窒素化合物の存在を明らかにし、その約50%を占める化合物の構造決定を示し、かつ残りの大部分を占めるUN化合物の推定構造を提案したことは特筆に値する。今後、それら化合物群の全容の特定、その生理作用、既知代謝系への関わりなど明らかにされることにより、新しい窒素科学の展開が期待される。

4- 5.総合的評価

昔から多くの研究者により追求・解明されてきた窒素科学の分野で、未解明窒素化合物の存在ならびにその構造を明らかにしたことの評価は高い。またNO_x

被爆植物の生長促進作用の発見も極めて興味深く、今後詳細なメカニズムの解明が待たれる。

UN化合物群の全容解明、その生理作用、既知代謝系との関連、動物との関わりなど今後解明すべき点が多いが、本研究期間内で到達できるゴールを明確にし、ある程度絞り込む必要があると考える。

1.研究課題名:トリプトファン生合成系における一次・二次代謝の制御と利用

2.研究代表者名:若狭 暁

3.研究概要

植物トリプトファン生合成系はトリプトファンと二次代謝産物を合成する。本合成系の鍵酵素であるアントラニル酸合成酵素 サブユニットを改変し、タンパク質と植物体レベル機能を解析する。形質転換作物の代謝産物を解析するとともに、多様な変異体を獲得して、条件により誘導されるトリプトファン合成系ネットワークの解析を行う。これらにより、実用的で安全な高トリプトファン作物が作製され、有用な二次代謝産物の合成制御法開発への展開が期待される。

4.中間評価結果

4- 1.研究の進捗状況と今後の見込み

イネアントラニル酸合成酵素 サブユニット改変型遺伝子 (OASA 1D)による高トリプトファン形質転換体イネを作製し、温室レベルから圃場レベルまでその高生産性を確認し、かつトリプトファン以外の成分についてのプロファイリング評価、安全性評価、マーカーフリー化などについても総合的に検討し、実用化に向けて着実に成果を出している。圃場評価において、種子稔性、発芽率低下が認められたことは残念であるが、プロモーターの改変など、今後の検討に期待したい。

また、一連のトリプトファン合成経路の中で、そのアナログである 5-メチルトリプトファン(5MT) 耐性変異株の原因遺伝子をクローニングし、フィードバック領域の一塩基置換により耐性化が起こることを解明した。また、5MT耐性化により、インドールグリコシノレート フェニールプロパノイド代謝物が蓄積することを見出すとともに、関連遺伝子 (OASA2)の特定部位のアミノ酸変換により、活性が制御される酵素機能改変技術を提案するなど、二次代謝制御への可能性を示したことは評価に値する。今後の展開に期待する。

4- 2.研究成果の現状と今後の見込み

高トリプトファン形質転換イネの作製から圃場評価まで一貫した検討を行い、かつ実用化に向けた総合的な評価を実施したことの意義は高い。GM植物の実用化検証の

実施例として重要である。今後実用的利用の検証において、コスト計算も重要となる。またプレフェン酸デヒドラターゼ遺伝子変異体の解析により、5MT耐性が増加することおよびフェニールプロパノイド合成の上昇が誘起されることを見出し、一次・二次代謝のネットワークの新しいRegulation Pointを明らかにした意義は大きい。新しい変異株の解析によりRegulationの解明とその利用が期待される。

4- 3. 今後の研究に向けて

高トリプトファン作物の創成という観点からは、企業との競合とならないものを感じられるが、フィードバック阻害の解除という有力なtoolをもっており、優位にある。イネにおける総合的な技術確立を期待する。

また、プレフェン酸デヒドラターゼ遺伝子変異株の解析により芳香族アミノ酸合成、二次代謝系の新しいネットワークが解明されつつあり、その代謝系制御の可能性を示したことの意義は高く評価できる。今後の進展に期待する。

4- 4. 戦略目標に向けての展望

これまでの成果から、高トリプトファン形質転換イネの実用化に向けた総合的な技術が構築されたことから、他作物での高付加価値化への応用が期待される。

またトリプトファンを事例とした一塩基置換による酵素遺伝子改変により、二次代謝系が制御されることを実証し、かつ関連酵素遺伝子改変方法を確立したことから、今後シキミ酸合成経路の制御技術確立への足掛かりができつつある。酵素科学分野への貢献が期待される。

4- 5. 総合的評価

イネアントラニル酸合成酵素 サブユニット改変型遺伝子(OASA1D)を導入した形質転換作物の作製から圃場試験まで実施した高トリプトファンイネの総合的技術開発およびその実用性検証は、日本発のGM作物の実実施例として重要である。

また5MT耐性イネ変異体の解析から、フィードバック制御領域の一塩基置換により耐性化が起こることを解明し、かつ耐性化により二次代謝物、インドールグリコシノレート類、フェニールプロパノイド化合物が蓄積することを見出し、二次代謝系制御の可能性を示したことは評価される。一方、活性的には弱いOASA2遺伝子の特定部位を網羅的に他アミノ酸置換することにより、その機能を制御することが可能となることを実証し、PCRと無細胞蛋白質合成技術を組み合わせた新しい蛋白質機能改変法を確立したことは、今後酵素科学における新分野の方向性を提示するとともに、そのインパクトは大きい。

今後論文等の成果の取り纏めと公表がよりなされることが望まれる。