

## シロイヌナズナの機能ゲノム学及び、花粉成熟機構の解析

伊藤 卓也

生命システムの理解にゲノム基盤整備が必要不可欠であることは、現在広く認められている。高等植物では 2000 年 12 月にシロイヌナズナの全ゲノム塩基配列が解読され、機能ゲノム学がスタートした。今回、理研が貢献したトランスポゾン挿入変異体コレクションの作製を中心にシロイヌナズナが歩んだ道、並びに今後の展望を紹介する。また、この基盤の上に成立する個別研究として花粉成熟機構の解析を紹介する。

### 紹介論文

1) A resource of 5814 *Dissociation* transposon-tagged and sequence-indexed lines of *Arabidopsis* transposed from start loci on chromosome 5.

Ito, T. *et al.* and Shinozaki, K.\* *Plant Cell Physiol.* **46**, 1149-1153 (2005) (\*Corresponding author)

2) *Arabidopsis* *MALE STERILITY1* encodes a PHD-type transcription factor and regulates pollen and tapetum development.

Ito, T. *et al.*, Ma, H.\*, and Shinozaki K.\* *Plant Cell* **19**, 3549-3562 (2007) (\*Corresponding authors)

### 要旨

全遺伝子の個体レベルでの機能を統合的に理解するためには、各遺伝子が破壊されたシロイヌナズナ個体を作製する必要がある。著者らはトウモロコシの非自律性トランスポゾン(*Ds*)挿入により遺伝子を破壊する戦略を採用し、独立した約 18,000 *Ds* 挿入ラインを作製して挿入位置を同定した。このコレクションは、シロイヌナズナ全遺伝子 26,000 のうち約 1/4 を破壊している。これら挿入部位をデータベース化し、塩基配列・キーワードによる検索システムを構築した。シロイヌナズナでは、トランスポゾンや T-DNA を用いた挿入変異体作製が世界中で行われ、2008 年 4 月現在、利用可能なラインは約 380,000 ラインあり、統計上は全遺伝子への挿入変異体が存在することになる。著者らのコレクションは理研バイオリソースセンターから配布され植物科学コミュニティーから高い評価を受けている。

雄性不稔形質は応用技術に適用できる形質であることから、著者らは花粉成熟機構に関与する遺伝子の機能解析に取組み、上記 *Ds* コレクションから *male sterility1 (ms1)* 雄性不稔変異体を単離した。*MSI* 遺伝子は PHD フィンガー型転写因子をコードし、花粉壁、タペート層、花粉細胞質の多面的形質を制御していることが明らかとなった。一方トランスクリプトーム解析から、*MSI* 遺伝子が制御する機能未知遺伝子群を同定した。これら解析により、花粉壁を構成するスポロポレニン生合成系の候補遺伝子群を同定することができた。これら制御因子及び生合成因子の化合物ターゲットとしての可能性も言及する。