

## No. 2

国際連携によるモデル植物シロイヌナズナの丸ごとゲノム解析プロジェクト  
International Project for understanding whole genomic functions  
of a model plant, *Arabidopsis thaliana*

篠崎一雄

Kazuo Shinozaki

(理研、植物科学研究センター)

e-mail: sinozaki@rtc.riken.jp

シロイヌナズナ、イネなどのゲノムシーケンスの精密解読がそれぞれ2000年、2004年に終了し、さらにポプラ、モデルマメのミヤコグサなどのゲノムの概要解読が進んでいる。これらのゲノム情報を基礎に植物の光合成や代謝制御などの生理機能、独自の発生・分化のメカニズム、環境応答や適応メカニズム、多様性などをシステムとして理解する新たな植物研究が始まっている。また、応用を目指してトウモロコシ、トマト、ダイズなど種々の作物のゲノム解析が急速に進んでいる。モデル植物のゲノム機能解析で得られた知識を利用して作物や樹木に応用するバイオテクノロジーへの展開が期待されている。ゲノム機能解読の成果は将来、分子育種やバイオ燃料やバイオプラスチックなどの物質生産や環境保全に役立つことが期待されており、世界各国で活発な研究開発が進められている。

モデル植物のシロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) では2万6千個以上あると考えられるタンパクをコードする遺伝子以外に多くの新規機能を持った RNA 遺伝子が次々と発見されており、3万個以上あるとされる遺伝子の全ての機能を解析するための2010プロジェクトが国際的な協力で進められている。(http://www.arabidopsis.org/) シロイヌナズナのゲノム機能解析、発現解析のための多くの新規技術、変異体リソース、完全長 cDNA などが開発され、いわゆる OMICS をベースにしたゲノム機能研究が精力的に進められている。理化学研究所ではシロイヌナズナを用いて発現遺伝子の解析に関して完全長 cDNA の収集と解析、タイリングアレイを用いた転写領域と新規転写産物の同定などのトランスクリプトーム解析、トランスポゾンや T-DNA を用いた遺伝子破壊変異体、遺伝子過剰発現変異体の収集と表現型解析を進めてきた。現在、理研、植物科学研究センターではメタボローム解析プラットフォームを立ち上げており代謝産物の網羅的な解析と新規代謝ネットワークの発見を目指して研究を進めている。

(<http://www.psc.riken.go.jp/index.html>)

本講演ではシロイヌナズナを中心としたゲノム機能研究の展開と、比較ゲノム研究による作物、樹木への新たな研究の将来に関して展望し、植物のいろいろな生理機能に関するシステム的な理解を目指したゲノム機能研究に関して紹介する。さらに、私の研究グループで進めている乾燥や低温などの環境ストレス応答に関しての遺伝子発現ネットワークの解析、シグナル伝達系の解析、さらに代謝制御に関する研究を基に、植物の環境ストレス応答システムに関して紹介する。

### 参考文献：

Umezawa T et al. Current Opinion of Biotechnology 2006 17:113-22,

Yamaguchi-Shinozaki K and Shinozaki K, Trends Plant Science 2005 10:88-94.