

系統生物研究センター 植物遺伝研究室

2011年(平成23年)5月現在の研究内容紹介

(教授：倉田のり／助教：久保貴彦／ポスドク：春島嘉章、Mathew Shenton、王子軒、太田垣駿吾、津田勝利、堀内陽子／大学院学生：D2平野真美、その他研究補助職員数名)

ラボホームページ <http://www.nig.ac.jp/labs/PlantGen/japanese/home-j.html>

研究内容： 植物遺伝研究室では、野生イネと栽培イネのゲノム多様性研究および比較ゲノム解析を進めています。次世代シーケンサーを用いた多数系統ゲノムの解析、および発現遺伝子大量解析と表現型との遺伝的相関解析をテーマとしています。ここから種の多様性や進化を紐解くと同時に、種や形質の分化に関わる遺伝子を同定するものです。この中で、栽培イネの垂種間交雑や野生イネとの種間交雑にみられる生殖的隔離障壁の分子メカニズムの解明も進めています。生殖細胞形成から初期胚発生過程における遺伝的プログラムの解明とゲノム分化、多様性解析をクロスオーバーさせ、複数のアプローチで取り組んでいます。イネ遺伝資源事業として、突然変異系統の選抜、野生イネ系統の特性解析などの研究、開発、分譲も行っています。

(1) 野生イネの比較ゲノム解析および進化解析

- 1 a) イネ近縁野生種のゲノム解読と栽培種を含めた比較ゲノム解析、野生種の環境適応機能に関わる多様性遺伝子の発掘と生理・機能解析
- 1 b) 下記(2)～(3)課題のターゲット遺伝子や現象を対象とした比較ゲノム解析と進化解析



(2) 生殖的隔離および雑種強勢にかかわる遺伝要因の同定と機能解析



- 2a) 生殖的隔離障壁のポジショナルクローニングと機能解析：
雑種接合体および配偶体における生殖隔離遺伝子の機能障害の分子解明と正常発生における機能の解析
- 2b) 種々の交雑雑種での隔離障壁および雑種強勢遺伝要因の分布、種類、頻度のゲノム解析
- 2c) これらの解析をふまえた種分化機構の要因解明

(3) イネ生殖過程と胚～シュート分化に関わる遺伝的プログラムの解明

- 3 a) マイクロアレイによる組織・発生ステージ特異的遺伝子の同定と発現解析、および発現ネットワーク解析
- 3 b) Tos17、MNU 誘発変異体を用いた生殖関連遺伝子ならびに胚発生遺伝子の機能解析
- 3 c) イネ KNOX ホメオボックス遺伝子を中心としたメリステム分化の制御機構の解明



(4) イネ遺伝資源保存事業と統合データベース「Oryzabase」の開発・構築

「Oryzabase」 <http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/>

(イネ遺伝資源小委員会・遺伝研/系統情報研究室と共同開発)

- イネの総合的データベースのコンテンツ開発
 - イネ発生ステージ、種々変異体系統のデータベース化、オントロジー/遺伝子命名などの関連情報付加、野生イネ形質の特性解析と情報収集、野生イネゲノム解析情報
- 右は Oryzabase ホームページの一部。



最近の業績

- Mizuta, Y., Harushima, Y., and Kurata, N. (2010). Rice pollen hybrid incompatibility caused by reciprocal gene loss of duplicated genes. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 107: 20417- 20422.
- Fujita, M., Horiuchi, Y., Ueda, Y., Mizuta, Y., Kubo, T., Yano, K., Yamaki, S., Tsuda, K., Nagata, T., Niihama, M., Kato, H., Kikuchi, S., Hamada, K., Mochizuki, T., Ishimizu, T., Iwai, H., Tsutsumi, N., and Kurata, N. (2010). Rice expression atlas in reproductive development. **Plant Cell Physiol.** 51: 2060-2081.
- Horiuchi, Y., Harushima, Y., Fujisawa, H., Mochizuki, T., Kawakita, M., Sakaguchi, T., and Kurata, N. (2010). A simple optimization can improve the performance of single feature polymorphism detection by Affymetrix expression arrays. **BMC Genomics** 11: 315.
- Kurata, N., Satoh, H., Kitano, H., Nagato, Y., Endo, T., Sato, K., Akashi, R., Ezura, H., Kusaba, M., Kobayashi, M., Nitasaka, E., Kasai, F., Yamazaki, Y., and Yoshimura, Y. (2010). NBRP, National Bioresource Project of Japan and plant bioresource management. **Breeding Science** 60: 461-468.
- Nonomura, K-I, Eiguchi, M., Nakano, M., Takashima, K., Komeda, N., Fukuchi, S., Miyazaki, S., Miyao, A., Hirochika, H., and Kurata, N. (2011). A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). **PLoS Genetics** (in press).
- Ito, Y., Kimura, F., Hirakata, K., Tsuda, K., Takasugi, T., Eiguchi, M., Nakagawa, K. and Kurata, N. (2011) Fatty acid elongase is required for shoot development in rice. **Plant J.** (in press).