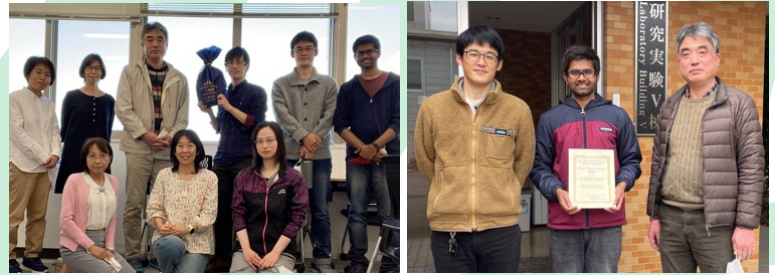


植物細胞遺伝研究室（野々村研究室）

メンバー

野々村 賢一
津田 勝利
TA, Huong
S., Harsha
酒井 万里江

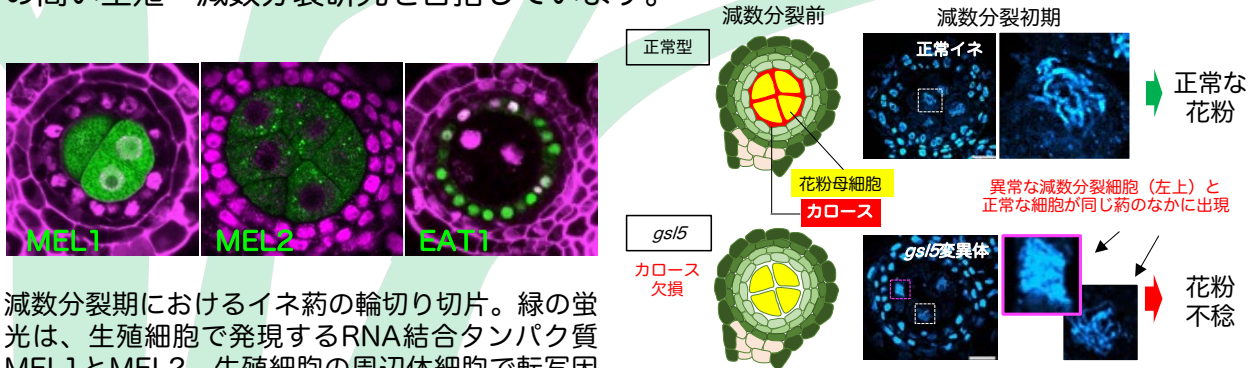
准教授
助教
ポスドク
総研大D5
総研大D1



私たちは、イネを主な材料として、植物の生殖・発生メカニズムの解明に向けた分子細胞遺伝研究を行っています。

研究（1）生殖細胞の分化・発生と減数分裂の分子機構

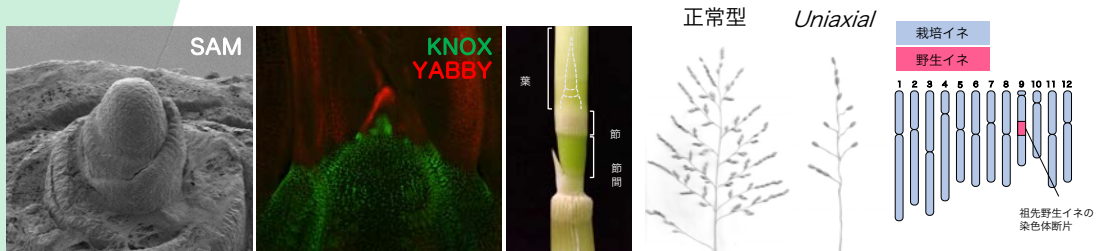
減数分裂は、相同組換えによりゲノムの多様性を創出して次世代に伝達するという、遺伝・育種の根幹をなす重要な現象です。イネの突然変異体の解析を通じて、独自性の高い生殖・減数分裂研究を目指しています。



減数分裂期におけるイネ葯の輪切り切片。緑の蛍光は、生殖細胞で発現するRNA結合タンパク質 MEL1と MEL2、生殖細胞の周辺体細胞で転写因子 EAT1 の発現部位を示す。このような発現を示すタンパク質群の分子機能を解析している。

研究（2）植物の形態形成機構と多様性の研究

植物の幹細胞組織（SAM）の振る舞いは永続的な器官形成に不可欠であるとともに、育種・適応戦略においても重要である。SAMの制御を通じて、植物の形態形成機構の普遍性と多様性を解明する。



葉・茎・花を生み出す幹細胞組織（SAM）。KNOX転写因子はSAMの維持を司るとともに、葉の制御因子であるYABBY転写因子との相互制御により節・節間からなる茎を生み出す。

野生イネがもつ穂分枝抑制因子 *Uniaxial*。遺伝解析やゲノム情報解析からその適応的意義を明らかにしたい。

生殖成長過程で茎の内部にできるイネの幼穂

研究(1)



研究(2)



主要な発表論文

- Somashekar H, Mimura M, Tsuda K, Nonomura KI. (2023) Rice GLUCAN SYNTHASE-LIKE5 promotes anther callose deposition to maintain meiosis initiation and progression. **Plant Physiology**, kiac488, <https://doi.org/10.1093/plphys/kiac488>.
- Tsuda K, Suzuki T, Mimura M, Nonomura KI. (2022) Comparison of constitutive promoter activities and development of maize ubiquitin promoter- and Gateway-based binary vectors for rice. **Plant Biotechnology** 39: 139-146.
- 小野聖二郎・野々村賢一 (2019) 植物において減数分裂期に高発現するphasiRNAの生産経路および機能. ライフサイエンス領域融合レビュー 8: e002, <http://leading.lifesciencedb.jp/8-e002>.
- Ono S, Liu H, Tsuda K, Fukai E, Tanaka K, Sasaki T, Nonomura KI. (2018) EAT1 transcription factor, a non-cell-autonomous regulator of pollen production, activates meiotic small RNA biogenesis in rice anther tapetum. **PLOS Genet.** 14 (2): e1007238.
- Tsuda K, Abraham-Juarez M, Maeno A, Dong Z, Aromdee D, Meeley R, Shiroishi T, Nonomura KI, Hake S. (2017) KNOTTED1 Cofactors, BLH12 and BLH14, Regulate Internode Patterning and Vein Anastomosis in Maize. **Plant Cell** 29:1105-1118.
- Liu H, Nonomura KI. (2016) A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. **J. Cell Sci.** 129: 3553-3561.
- Miyazaki S, Sato Y, Asano T, Nagamura Y, Nonomura KI. (2015) Rice MEL2, the RNA recognition motif (RRM) protein, binds in vitro to meiosis-expressed genes containing U-rich RNA consensus sequences in the 3'-UTR. **Plant Mol. Biol.** 89: 293-307.
- Komiya R, Ohyanagi H, Niihama M, Watanabe T, Nakano M, Kurata N, Nonomura KI. (2014) Rice Germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. **Plant J.** 78: 385-397.
- Tsuda K, Kurata N, Ohyanagi H, Hake S. (2014) Genome-wide study of KNOX regulatory network reveals brassinosteroid catabolic genes important for shoot meristem function in rice. **Plant Cell** 26: 3488-3500.
- Nonomura KI, Eiguchi M, Nakano M, Takashima K, Komeda N, Fukuchi S, Miyazaki S, et al. (2011) A novel RNA-recognition-motif protein is required for premeiotic G1/S-phase transition in rice (*Oryza sativa* L.). **PLOS Genet.** 7, e1001265 (PMID: 21253568).
- Nonomura KI, Morohoshi A, Nakano M, Eiguchi M, et al. (2007) A germ cell-specific gene of ARGONAUTE family is essential for the progression of premeiotic mitosis and meiosis during sporogenesis in rice. **Plant Cell** 19, 2583-2594.

興味のある方は気軽にご連絡ください！

http://nonomuralab-nig.sakura.ne.jp/NonoLab_HP/top_j.html

E-mail : knonomur@nig.ac.jp