

遺伝のしくみを知りたいですか？  
 生物の多様性に興味がありますか？  
 未解明の分子機構にチャレンジしたいですか？  
 植物は好きですか？

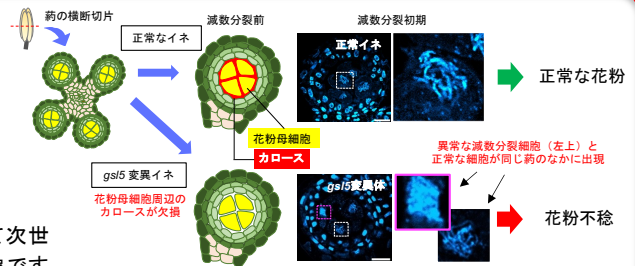
背景の写真は、紡錘体を抗体染色したイネの減数分裂細胞

やる気のあるあなたのお越しをお待ちしています。

植物(イネ)の生殖・発生研究

(1) 生殖細胞の分化・発生と  
減数分裂の分子機構

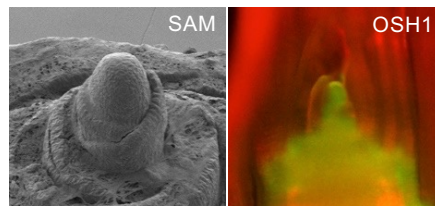
減数分裂は、相同組換えによりゲノムの多様性を創出して次世代に伝達するという、遺伝・育種の根幹をなす重要な現象です。イネの突然変異体の解析を通じて、独自性の高い生殖・減数分裂研究を目指しています。



植物特有の高分子多糖類カロースの薬への蓄積が、減数分裂移行・進行に重要な役割を果たすことを証明。

(2) 幹細胞の維持・分化の分子機構

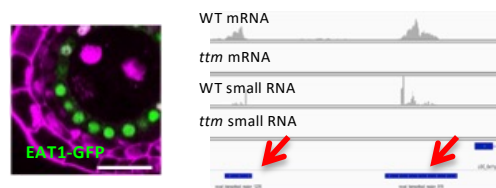
植物は動物と異なり、一生を通じて葉・茎・花などの器官形成を行います。この半永続的な器官形成を可能にしている分子メカニズムに、遺伝学・生化学・ゲノミクスを用いて迫ります。



植物の葉・茎・花を生み出す幹細胞組織(SAM)。転写因子 OSH1はSAMの分化制御・維持を司る。

現象を個体・細胞・分子レベルで解析

フィールド調査から顕微鏡、次世代シーケンス解析、プロテオミクスなど、幅広い手法を駆使して植物生殖・発生の謎に迫ります。

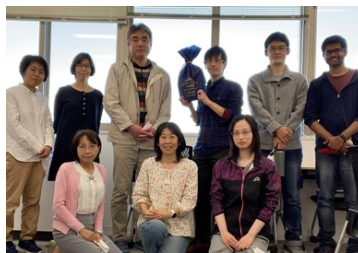


右) 薬のタベート細胞核で特異的に発現するEAT1転写因子(緑)。  
 左) EAT1依存的に転写される新規small RNA前駆体遺伝子座(赤矢印)の発見。

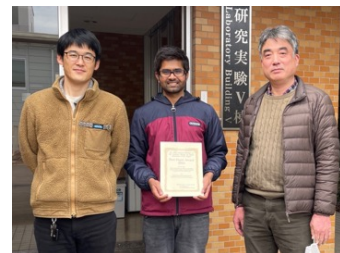
研究室の風景



2019研究室忘年会



ポスドク三村さん栄転祝い  
&送別会

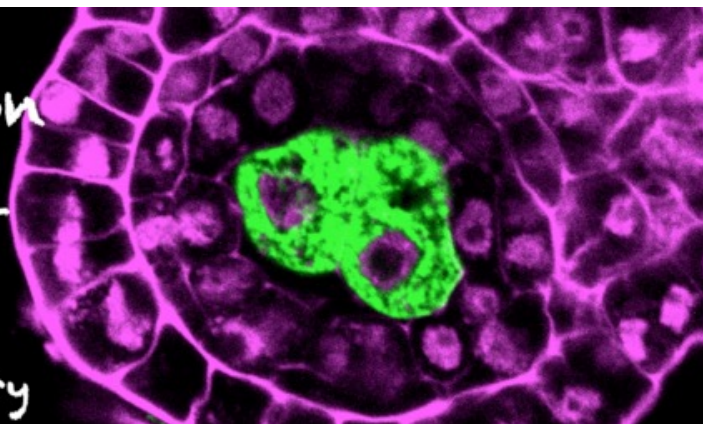


総研大生Harsha 日本遺伝学会第  
93回大会 Best Papers賞授賞記念

# Plant Reproduction

- Beyond the generation -

Nonomura Laboratory



## 主要な研究成果

- Somashekar H, Mimura M, Tsuda K, Nonomura KI. (2022) 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.

[http://nonomuralab-nig.sakura.ne.jp/NonoLab\\_HP/top\\_j.html](http://nonomuralab-nig.sakura.ne.jp/NonoLab_HP/top_j.html)

E-mail: [knonomur@nig.ac.jp](mailto:knonomur@nig.ac.jp)