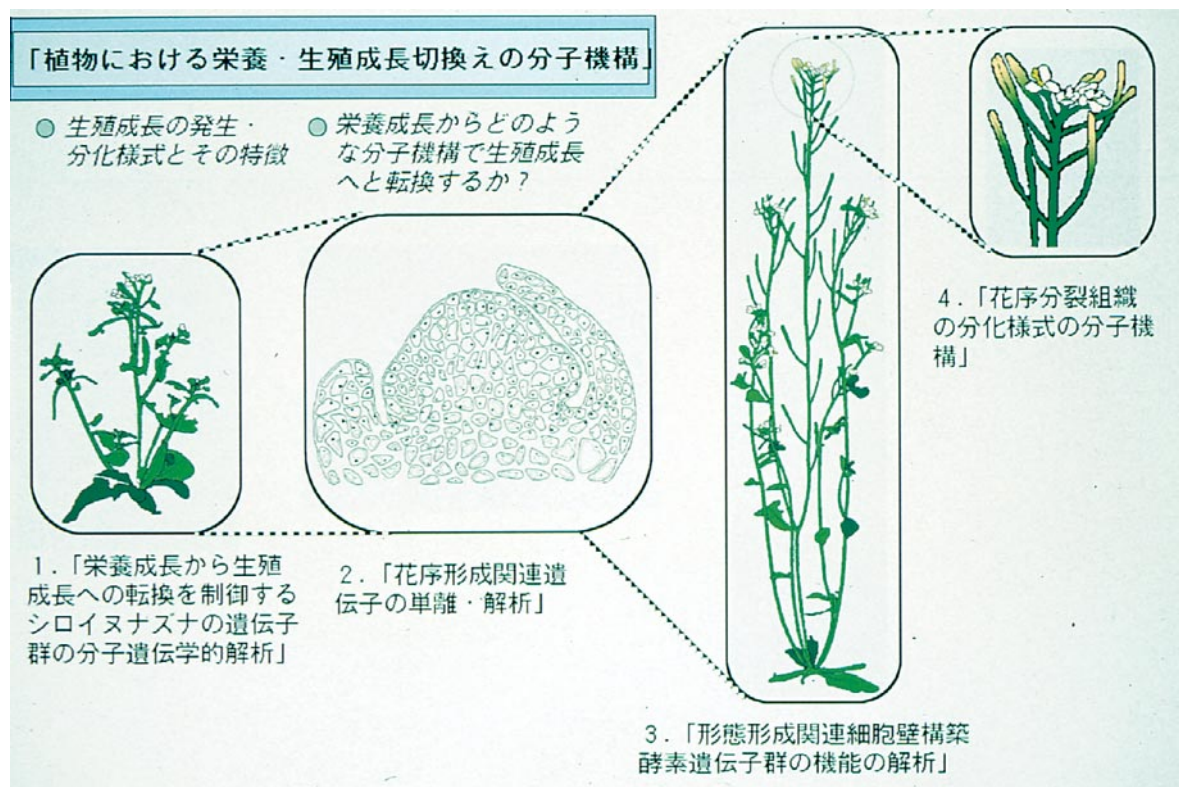


Study molecular switches for
the reproductive development in plants.
植物における栄養・生殖生長切換えの分子機構

プロジェクトリーダー 米 田 好 文

北海道大学 大学院理学研究科 教授



1. 研究の目的

シロイヌナズナの花芽形成過程を、頂端分裂組織において増殖型から生殖型への形態変化スイッチの素過程の変化に着目し、その指令に係わる遺伝子の探索・解析を通して形態変化過程を分子レベルで追究したい。本研究の進展により植物の生殖成長への変換のスイッチの研究へと肉薄し、生殖成長の人為的調節へと道を開く研究だと捉えている。

花序分裂細胞の形態的変化の細胞レベルでの記述、花序分裂組織で重要な機能を果たしていると考えられる LEAFY (LFY) 遺伝子、TERMINAL FLOWER1 (TFL1) 遺伝子の機能と発現調節について研究を進める。

続いて、花成制御に関与する遺伝子の発現・機能解析を中心に研究を進める。花成の制御系の進化という視点を新たに加え、花成の制御系の遺伝学的論理を FT 遺伝子を中心にして研究していく。

更に、XRP ファミリーの各メンバーの発現制御に係わる転写因子の探索を通して、成長様式の切り替え機構の解明を目指している。



2. 研究の内容

本研究では、分子遺伝学に最適なアブラナ科植物・シロイヌナズナを用いて発生分化機構研究を展開する。本植物の茎は生殖成長への転換後に出現する茎（即ち花茎）であるから生殖器官であると捉え、その発生分化過程を分子遺伝学的に解明する。大きく分けて二つの観点から、研究を展開する。まず、花茎・花芽形成のスイッチ過程の変化した突然変異体を解析して関与遺伝子の単離・解析を行う。更に、植物の形態形成は最終的には形を決める細胞壁の構築過程を経て達成されるから、細胞壁構築遺伝子群の発現解析（細胞学的及び突然変異の影響の視点から）を通じて発生分化過程の調節に迫る計画である。

クローン細胞解析が有効な手段と考え、予備実験を行っている。まず部位特異的組み換えを利用して、花序分裂組織の特定の細胞でマーカー遺伝子を発現させる。その後、器官分化が進んだ段階で、マーカー遺伝子を発現する細胞がどのような分布をするかを観察するという方法で、花序から花への発生過程で個々の細胞がどのような分化系譜をたどるかを記述している。植物細胞の場合、その細胞がおかれた位置や細胞間の相互作用が、細胞分化に重要な要因を与えているとする実験事実が最近集積してきており、この実験系を応用して、モザイク解析へと展開していく予定である。

TFL1遺伝子の機能についての解析を主に行った。無限花序を持つアラビドプシスやキンギョソウは、TFL1（アラビドプシス）およびそのhomologueであるCENTRORADIALIS（CEN、キンギョソウ）遺伝子の機能欠損によって、頂花を持つ有限花序になる。このことからTFL1/CEN遺伝子は花序茎頂の先端細胞を花序分裂組織として維持する機能を持ち、その機能が失われると花序分裂組織が花芽へと分化すると考えられる。クローニングされたTFL1/CEN遺伝子から予想されるアミノ酸配列は、部分的に哺乳類のフォスファチジルエタノールアミン結合蛋白質（PBP）などと類似の配列を共有しているが、実際にどのような機構で花序分裂組織の分化を制御しているかは全く不明である。

FT遺伝子産物は、シロイヌナズナおよびキンギョソウにおいて花序分裂組織の維持に関わっていると考えられているTFL1およびCEN遺伝子産物とその全長にわたって高い相同性を示した（FT遺伝子産物とTFL1遺伝子産物では、相同性が56.0%、保存性の置換を含めた相同・類似性が73.7%）。遺伝子構造（エクソンの数・長さ、イントロンの位置等）においても、FT遺伝子はTFL1遺伝子とよく似ていた。このような遺伝子・遺伝子産物の類似にも関わらず、FT遺伝子とTFL1遺伝子とは、機能喪失突然変異体の表現型が一見したところ反対になる（ft変異体では花成は遅延し、tfl1変異体では花成が早まる。一方、tfl1変異体では花序分裂組織が花芽分裂組織に転換してしまうが、ft変異体では最初に形成される花芽分裂組織は部分的に花序分裂組織化する）。さらに、TFL1遺伝子を過剰発現させた植物では、ft変異体の場合と同様に花成が遅延することが、本プロジェクトのサブリーダーの一人、後藤らのグループにより最近になって明らかになった。これらの知見から、FT遺伝子の花成制御における役割を解明するためには、TFL1遺伝子との関係を明らかにすることが必須と考えており、今後、研究を進める計画である。これまでに同定されているFT/TFL1/CEN遺伝子ファミリーの遺伝子群（われわれのFT、後藤らのNCHを含む7遺伝子）の系統解析の結果はFT遺伝子は被子植物の主要な系統の分岐が起こる以前に他の遺伝子から分岐したことを示唆している。このことは、花成の制御系と花序形態の制御系の進化的な関連を強く支持するものであり、花成制御機構の進化という視点からも興味ある知見をもたらすものと確信している。

3. 研究の体制

期 間：1996年10月～2001年3月

構 成：プロジェクトリーダー1名、コアメンバー3名、研究協力者8名（内日本学術振興会研究員1名）で構成されています。この他、下記の研究室に属する大学院学生が多数この研究に参加しています。

実施場所：この研究の主拠点は北海道大学ですが、他大学との協力方式でプロジェクトを進めています。北海道大学・大学院理学研究科・米田、東北大学・大学院理学研究科・西谷、京都大学・化学研究所・後藤、京都大学・大学院理学研究科・荒木、が緊密な連絡を取ってプロジェクトを進めています。

