

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		根粒原基形成を司る遺伝子の統合的解析			
研究テーマ (欧文) AZ		A comprehensive analysis of genes that are responsible for the formation of nodule primordia			
研究氏 代表 者	カタカナ CC	姓) スザキ	名) タクヤ	研究期間 B	2010 ~ 2011 年
	漢字 CB	寿崎	拓哉	報告年度 YR	2012 年
	ローマ字 CZ	SUZAKI	TAKUYA	研究機関名	基礎生物学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		基礎生物学研究所・助教			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>マメ科植物と根粒菌の共生器官である根粒の初期発生では、根粒菌の宿主植物の根毛への感染後、皮層の一部の細胞が脱分化し、その後の連続的な細胞分裂により根粒原基が形成される。根粒形成は根粒菌の感染と根粒の器官形成が同調的に起こる現象であることが知られているが、特に根粒の発生を制御する分子機構には未解明な点が多い。本研究はマメ科のモデル植物であるミヤコグサを用いて、根粒原基形成時において発現が変動する遺伝子のプロファイリングを行うことで、この発生過程に関与する新規遺伝子を網羅的に同定し根粒原基形成を制御する遺伝子ネットワークを明らかにすることを目的に研究を行った。</p> <p>本研究では、まず、根粒形成時に起こる分裂中の皮層細胞において発現変動する遺伝子を網羅的に同定するために、分裂中の皮層細胞が多く含まれている組織を効率的に収集する手法を開発した。得られた組織から cDNA ライブラリーを作成し、次世代シーケンサーを用いてそのシーケンスを行った。得られたトランスクリプトームを他の組織のトランスクリプトームと比較することにより、皮層細胞分裂時において発現が上昇する遺伝子群を特定した。この遺伝子群の中には、根粒の発生に関わる既知の遺伝子が含まれていることから、この実験系の有効性が実証されるとともに、新規の遺伝子を多数同定することにも成功した。</p> <p>さらに、本研究では根粒の初期発生を解析する上で有用なマーカーを作成することを目的に、植物ホルモンの1つであるオーキシンに着目した研究を並行して行った。具体的にはオーキシンのレポーターラインを用いた解析により、野生型や根粒形成に異常を示す種々の突然変異体の根粒形成過程における時空間的なオーキシンの分布パターンを調べる解析を行い、根粒の発生におけるオーキシンの作用点を明らかにした。</p>					
キーワード FA	根粒	共生	ミヤコグサ	オーキシン	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}	Positive and negative regulation of cortical cell division during root nodule development in <i>Lotus japonicus</i> is accompanied by auxin response							
	著者名 ^{GA}	Suzaki et al.	雑誌名 ^{GC}	Development					
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}	2	0	1	2	巻号 ^{GD}	in press
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	~	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

Legumes and rhizobia have a symbiotic relationship that allows the development of de novo organs called root nodules. The formation of the nodules involves rhizobial-induced dedifferentiation of some cortical cells in the root and initiation of a new developmental program to form nodule primordia. With respect to genetic control of nodulation, although a number of nodulation-related genes have been identified in *Lotus japonicus* and *Medicago truncatula*, the sites of action of the most genes appear to be rhizobial-infection process rather than nodule organogenesis. In this study, we conducted transcriptome analysis to comprehensively identify the genes that are involved in the formation of nodule primordia in *L. japonicus*. To this end, cDNA library prepared from proliferating cortical cells were sequenced by next-generation sequencer, resulting in the identification of the gene profiling specific to developmental process of nodulation. Additionally, in order to create effective molecular marker for an analysis of nodule development, we focused on the role of auxin in early nodule development. Although previous investigators have examined auxin involvement in nodulation, the present study not only provided much more detail of auxin accumulation patterns but also examined the possible interactions of the key factors with auxin by monitoring cortical cell division patterns to unambiguously identify the site of auxin action.