

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		植物のマスター転写因子から探る孔辺細胞と異形細胞の分化メカニズム			
研究テーマ (欧文) AZ		Differentiation of guard cells and idioblast myrosin cells by downstream targets of the master transcription factor FAMA			
研究氏 代表 者	カナ CC	姓)シラカワ	名)マコト	研究期間 B	2017 ~ 2018 年
	漢字 CB	白川	—	報告年度 YR	2018 年
	ローマ字 CZ	Shirakawa	Makoto	研究機関名	奈良先端科学技術大学院大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		奈良先端科学技術大学院大学・助教			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>ワサビに代表される揮発性の辛味成分は、ヒトにとっては食物の風味である一方、植物にとっては草食性昆虫や細菌に対する忌避物質として働く。この忌避物質イソチオシアネートの生産に必須の細胞がミロシン細胞である。本研究者はこれまで、ミロシン細胞分化のマスター転写因子 FAMA の解析に取り組んできた。本研究では、FAMA の上流と下流で働く因子の機能解析を通して、ミロシン細胞の特異性を決定している分子メカニズムの解明を目的とした。FAMA の下流で機能していると予想された 2 つの転写因子についてレポーターラインを作製し発現領域を調べた。どちらの因子も確かにミロシン細胞で発現しており、加えてそのミロシン細胞における発現には FAMA が必要不可欠であることを明らかにした。さらに、T-DNA 挿入変異体、および CRISPR/Cas9 による変異体を確立した。1 つの変異体では、ミロシナーゼの蓄積量が減少している可能性が示唆された。次に、FAMA とその下流因子の発現特異性を決める分子メカニズムとして、エピジェネティック制御が考えられた。そこで、所属研究室でコレクションしているエピゲノム修飾の変異体において、ミロシン細胞分化とミロシナーゼの蓄積量を網羅的に解析した。現在のところ、二つの因子がそれぞれ、異なる FAMA 下流因子の発現制御をしているという興味深い結果を得た。今後は、上記の因子の解析をイメージング・生化学的手法により進め、詳細な分子メカニズムが明らかになると期待される。</p>					
キーワード FA	植物生理学	シロイヌナズナ	転写因子	ミロシン細胞	

(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}								
	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}	
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

Myrosinase-glucosinolate system is a critical defense strategy for Brassicales plants. Myrosinases are accumulated in specialized idioblasts called 'myrosin cells'. In the model plants, *Arabidopsis thaliana*, myrosin cells are differentiated from ground meristem cells by bHLH type transcription factors 'FAMA-SCREAMS'. To identify up-/down-stream factors of FAMA, we examined roles of two downstream transcription factors and histone modifications enzymes. We found two transcription factors are specifically expressed in myrosin cells and their expressions depend on FAMA. We established T-DNA insertion mutants and KO mutants by CRISPR/Cas9 technology. A mutant showed slight downregulation of a myrosinase. Next, we observed phenotypes including both myrosin cell differentiation and accumulation of myrosinases in mutants of histone modification enzymes. We found that one mutant showed reduced differentiation of myrosin cells and another mutant showed lower levels of a myrosinase, TGG1, than wild-type. These results suggested that histone modifications enzymes serve the determination of transcriptional specificity. Future works will shed light on a whole transcriptional map and transcriptional specificity in myrosin cells.