

2006年7月27日
独立行政法人 理化学研究所

モデル植物の形態変化を写真付きデータベースで公開

- 全遺伝子の機能解明に向けたマイルストーン -

「ぺんぺん草」という名でも知られる「シロイヌナズナ」は、植物を研究するときにモデル植物としてよく用いられます。成長が早いので研究に使いやすいうえ、全遺伝子 26,000 個の遺伝暗号 (DNA 配列) もすでに解明されています。

理研植物科学研究センター植物ゲノム発現研究チームは、シロイヌナズナの全遺伝子のうち約 4,000 個の遺伝子一つ一つに人為的に変異を起こした「変異体」を用いて、植物体にどのように変化が生じるかを網羅的に観察しました。そして、その結果を分類し、約 200 枚の写真を含むデータベースとして公開しました。その中には花が開くことができない変異体など、新規に発見された変異体が多数含まれています。データベースは、ウェブから誰でも見ることができ、英語が少しわかる方なら専門家でなくても写真を楽しむことができます。

今回の研究は、モデル植物のシロイヌナズナを材料にした、全ての植物遺伝子の機能を解明するマイルストーンになります。また、網羅的に遺伝子に変異の入った変異体の観察データを写真としてデータベースにまとめられた例は他にありません。これを用いて詳細な研究がさらに進めば、植物がもつ様々な有用性へ関与する遺伝子の解明につながり、作物や農業分野への展開が期待されます。




(c)

RIKEN Arabidopsis Phenome Information Database: Search Results

Home Search Line list

Search results

Query: Seedling/albino

Line code: 11-1957-1 / Locus: At4g32260 / Distance from first ATG: 215		
Seedling	albino	
Line code: 11-2389-1 / Locus: At2g48120 / Distance from first ATG: 230		
Seedling	albino	
Line code: 11-6324-1 / Locus: At2g02300 / Distance from first ATG: 475		
Seedling	albino	

図：公開したデータベース
<http://rarge.gsc.riken.jp/phenome>
で検索結果の例

2006年7月27日
独立行政法人 理化学研究所

モデル植物の形態変化を写真付きデータベースで公開

-全遺伝子の機能解明に向けたマイルストーン-

◇ポイント◇

- ・約4,000個の遺伝子の一つ一つが働かなくなったシロイヌナズナの形態を観察
- ・専門家以外にも楽しめる約200枚の写真を含む変異体のデータベースを作製
- ・葉や花、種子など各器官で働く遺伝子が分かり、植物の全遺伝子の機能解明へ

独立行政法人理化学研究所（野依良治理事長）は、シロイヌナズナの約4,000個の遺伝子それぞれが変異したときに生じる植物体の形態変化を観察、分類し、約200枚の写真を含むデータベースとして公開しました。理研植物科学研究センター（篠崎一雄センター長）植物ゲノム発現研究チーム（篠崎一雄チームリーダー）の黒森崇研究員らによる研究成果です。

ある遺伝子が発現したときの生物の形態を調べることは、その遺伝子の働きを知る手段の一つです。植物の全遺伝子の働きを解明するために、現在、モデル植物であるシロイヌナズナの全遺伝子26,000個それぞれの変異体を用いた解析が全世界で進められています。

今回の研究では、約4,000個の遺伝子一つ一つに人為的に変異を起こしたシロイヌナズナの変異体を用い、植物体にどのように形態の変化が生じるかを網羅的に観察しました。目に見える変異が生じた植物体については写真を撮影し、約200枚の写真を含むデータベースとしてまとめました。データベースの中には、種子が大きくなるなど農業分野への応用につながる変異体や、花の開かない変異体など新規に発見された変異体も多数含まれています。

今回の研究は、全ての植物遺伝子の機能を解明するというゲノム機能解読研究のマイルストーンとなります。モデル植物のシロイヌナズナを材料にした系統的な形態観察により、全植物遺伝子の機能解明に資するデータベースを公開したことにもなります。また、網羅的に遺伝子に変異の入った変異体の観察データを写真としてデータベースにまとめられた例は他にはなく、新規なデータベースとして利用されることでより詳細な研究が進めば、植物がもつ様々な有用性へ関与する遺伝子の解明につながり、作物や農業分野への展開が期待されます。

今回の成果は、英国の科学雑誌『The Plant Journal』8月号に掲載されます。また、データベースは、ウェブサイト (<http://rarge.gsc.riken.jp/phenome>:英語のみ) で公開しています。

1. 背景

ある遺伝子が発現しなくなった時に生物の様子がどのように変化するかを調べることは、その遺伝子が生物のどこで何のために働いているか、ということの推測するための一つの手段です。例えば、ある遺伝子を変異させた植物体を作製したとき、

正常な葉ができなくなれば、その遺伝子は葉を作るために必要な遺伝子ということがわかります。

シロイヌナズナは、最もよく使用されている実験用のモデル植物種で、植物で最初にゲノムプロジェクトが進められました。世界中の植物研究者に利用されていることからシロイヌナズナでは様々な実験技術が進み、遺伝子に変異を起こした「変異体（ミュタント）」を大量に作製できるようになりました。現在では約 26,000 個あるといわれる遺伝子の一つ一つについての変異体を取得して分析することが可能になってきています。

現在、世界のシロイヌナズナ研究者たちは国を超えて協力しながら、シロイヌナズナの全ての遺伝子について解析しようと研究を進めています。研究チームは、このような全遺伝子機能解明に向けた研究の一翼を担うために、たくさんの遺伝子の変異体を作製し、その一つ一つの変異体を調べています。

2. 研究手法と成果

今回の研究では、植物における一つ一つの遺伝子が働かなくなった場合に植物体がどのような形態になるのかという観点から、各々の遺伝子に変異の入った植物体について、芽生えから各生育段階を通じて枯れるまでのライフサイクル全般に関して観察を行い、その結果をデータベースとして公開しました。

研究チームは、特定のDNA断片であるトランスポゾン^{*1}を、遺伝子領域に人為的に挿入することにより遺伝子に変異を起こしたシロイヌナズナの変異体を用い、その形態変化を観察しました。トランスポゾンはゲノム上にランダムに挿入されますが、挿入位置を解析し、遺伝子領域への挿入が確認された変異体について、A遺伝子が働かなくなった植物体はどのような形態になるのか、B遺伝子が働かなくなった植物体ではどのような形態になるのか、次にC遺伝子では……、というように、約 4,000 個の遺伝子それぞれについて、系統的な観察を行いました。

観察は主に先ず肉眼で行いました。目に見える形態異常が確認された場合は、デジタルカメラを用いてその植物体の写真を撮影しました。写真のデータを、幼苗、葉、茎、花、鞘、種子、全体の成長、枝分かれの 8 つのグループとそれに付随した更に詳細な 43 のサブカテゴリーに分類し、どのような形態異常が見られたかについて検索が可能な形式でデータベース (<http://rarge.gsc.riken.jp/phenome>) を作製しました (図 1)。各変異体についてどの遺伝子にトランスポゾンが挿入されているかについても示されています。

このデータベースには約 200 枚の画像データが含まれています。その中には、種子が大きくなるなど農業分野への応用につながる変異体や、花が開くことができない変異体など今回新規に発見された変異体も多数含まれています (図 2、図 3)。また、実際の写真を用いることで、「小さい」「細かい」など個人の主観による言葉の表現と実際の形態との関連付けに役立てることが出来ます。

今回の研究は、モデル植物のシロイヌナズナを材料にして、すべての植物遺伝子の機能を解明するマイルストーンとなるゲノム機能解読のための研究であり、葉や花、種子などの系統的な形態観察により植物遺伝子の機能を解明するためのデータベースを公開したことになります。また、今回のように網羅的に遺伝子に変異の入った変異体の観察データを写真としてデータベースにまとめられた例は他にはな

く、文字情報では伝えきれない形態変化や細部の様子をひと目で知ることができ、専門家の間においても様々な変異について正確な関連付けが可能になるため、新規なデータベースとして利用され、また国際協力へも発展する可能性があります。

3. 今後の期待

今回は最初の試みとして、人の目で確認できる形態の観察を中心に行いましたが、今後は機器を使わないと確認できない細かな違い、例えば顕微鏡を使わないと見つけられない細胞レベルの差や植物体内の物質組成の違いを見つけるなどのように観察の幅を広げていくことができます。

また今回は、約 4,000 個の遺伝子の各々の変異体について観察を行った結果をまとめましたが、シロイヌナズナの 26,000 個全ての遺伝子にまで拡張して同様の観察を行うことが可能です。全ての遺伝子についての観察データを揃えることで、植物のもつ遺伝子の各々の役割やまた遺伝子同士の関係性が分かってきます。

今回の研究結果から、いろいろな遺伝子が働かなくなることで植物の様々な形態変化を引き起こすことが分かりましたが、今後各遺伝子についてなぜその遺伝子が働かなくなることで形態変化を起こすのかについて詳細に研究を進めることで、植物がもつ様々な有用性への遺伝子の関与が分かることになり作物や農業分野への応用が期待できます。

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所

植物科学研究センター植物ゲノム発現研究チーム

センター長・チームリーダー 篠崎 一雄

Tel : 045-503-9578 / Fax : 045-503-9580

研究員 黒森 崇

Tel : 045-503-9625 / Fax : 045-503-9586

横浜研究推進部

溝部 鈴

Tel : 045-503-9117 / Fax : 045-503-9113

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室 報道担当

Tel : 048-467-9272 / Fax : 048-462-4715

Mail : koho@riken.jp

<補足説明>

※1 トランスポゾン

特定の塩基配列を持ちゲノム上を動く DNA 断片のこと。転移因子。研究チームは

トウモロコシの Ac/Ds と呼ばれる種類のトランスポゾンを利用してたくさんの挿入変異体を作製した。今回使用したトランスポゾンは、アメリカのマックリントック博士が 1940 年代に発見したものがもとになっており、同博士はこの現象の発見によりノーベル賞を受けている。


(a)

RIKEN Arabidopsis Phenome Information Database

[Home](#) [Search](#) [Line list](#)

About this database

RIKEN Arabidopsis Phenome Information Database (RAPID) is a searchable site of phenotypic data in transposon-insertional mutants.



We selected about 4,000 transposon insertion lines which have the Ds transposon in gene coding region, and observed visible phenotypes systematically depend on growth stage. Phenotypic descriptions were classified into eight primary and fifty secondary categories, then all recorded images can be searched by the line number or the phenotype categories. When the phenotypic categories you are interested in would be clicked, recorded images for the mutants corresponding to the categories would be listed up. Please Try it!

(b)

RIKEN Arabidopsis Phenome Information Database: Search Form

[Home](#) [Search](#) [Line list](#)

Search by line code

Enter the line code and Click "Search" button.

Line code:

(e.g. 15-1899-1)

Search by phenotype

Check the categories and Click "Search" button.

<input type="checkbox"/> Seedling	<input type="checkbox"/> albino
<input type="checkbox"/> Leaves	<input type="checkbox"/> pale green
<input type="checkbox"/> Flowering & Growth	<input type="checkbox"/> variegated leaves
	<input type="checkbox"/> rumpled leaves
	<input type="checkbox"/> abnormal shape
	<input type="checkbox"/> others
	<input type="checkbox"/> pale green
	<input type="checkbox"/> dark green
	<input type="checkbox"/> variegated leaves
	<input type="checkbox"/> hyponastic
	<input type="checkbox"/> rough surface
	<input type="checkbox"/> abnormal shape
	<input type="checkbox"/> short petiole
	<input type="checkbox"/> twisted petiole
	<input type="checkbox"/> others
	<input type="checkbox"/> early flowering
	<input type="checkbox"/> late flowering
	<input type="checkbox"/> dwarf/short

(c)

RIKEN Arabidopsis Phenome Information Database: Search Results

[Home](#) [Search](#) [Line list](#)

Search results

Query: Seedling/albino




Line code: 11-1957-1 / Locus: At4g32260 / Distance from first ATG: 215		
Seedling	albino	
Line code: 11-2389-1 / Locus: At2g48120 / Distance from first ATG: 230		
Seedling	albino	
Line code: 11-6324-1 / Locus: At2g02300 / Distance from first ATG: 475		
Seedling	albino	

図1 公開したデータベース

(a) トップページ (b) 検索画面の一部 (c) 検索結果の一例



図2 新規に見つかった表現型の一例

(a) (c) 正常に花が開かない変異体。矢印の部分が癒着していて花の裂開を妨げている。

(b) (d) 正常な花芽の発達。



図 3 表現型が観察された変異体の画像例