



2008 年 3 月 13 日
独立行政法人理化学研究所
独立行政法人農業生物資源研究所

イネ完全長 cDNA の高発現シロイヌナズナ変異体データベースを公開 － 表現形質と導入遺伝子を併せて参照可能 －

本研究成果のポイント

- 作製した約 24,000 系統のシロイヌナズナ変異体のうち、約 18,000 系統の情報を公
- 変異体の表現形質と導入したイネ完全長 cDNA を併せて参照することも可能
- 形態的な特徴に加え不可視の項目を含んだ多岐にわたる表現形質を集約

独立行政法人理化学研究所（野依良治理事長）、独立行政法人農業生物資源研究所（石毛光雄理事長）は、岡山県生物科学総合研究所（岩渕雅樹所長）と共同で、イネ完全長 cDNA^{*1}をシロイヌナズナで高発現する系統的な機能付加変異植物体を作製し、その作製した植物体の表現形質を解析したデータベースを構築し、インターネット上に公開しました。これは、理研植物科学研究センター（篠崎一雄センター長）ゲノム情報統合化ユニットの櫻井哲也ユニットリーダー、植物ゲノム機能研究チームの松井南チームリーダー、農業生物資源研基盤研究領域の廣近洋彦領域長、岡山県生物科学総研遺伝子統御解析第2研究室の小田賢司室長らの研究グループによる共同研究の成果です。

3研究機関は共同で、2006年に文部科学省が科学技術振興調整費の課題に選定した「イネ完全長cDNAによる有用形質高速探索」を推進しています。世界に先駆けて多量に収集したイネ完全長cDNAを利用して、これらをシロイヌナズナ内で高発現するイネ完全長cDNA高発現（イネFOX）シロイヌナズナ植物体系統を作製し、有用な機能を持った遺伝子を高速に探索しています。今回公開したデータベースは、この研究過程で得られた表現形質解析結果を集約したものです。

「イネ完全長 cDNA による有用形質高速探索」で利用したイネ完全長 cDNA 群の中には、機能が未知な遺伝子も含まれており、本データベースを活用すると、それらの遺伝子が高発現することによる影響を直接観察することができます。観察対象の表現形質は多岐にわたり、ホルモン分析などの不可視の項目も含まれています。また、植物体の表現形質だけでなく、導入したイネ完全長 cDNA の情報も併せて参照が可能です。これは、シロイヌナズナに現れた影響とそれに関係する遺伝子の情報を得ることができることを意味し、非常に有用な情報資源であるといえます。本課題の推進のみならず、広く一般的な植物研究にも活用してもらうため、このデータベースを公開しました。現在、データベースでは、本課題で作製した約 24,000 系統のイネ FOX シロイヌナズナ変異体のうち、約 18,000 のイネ FOX シロイヌナズナ植物体についての観察情報を収録しており、その大規模な公開という点でも世界的にまれな活動となります。

このデータベースはウェブサイト（<http://ricefox.psc.riken.jp/login/>）で、2008 年 2 月 29 日より公開しています。

1. 背景

日本は、イネの研究、品種改良などで、インドなどの産出国と協力し、世界をリードしています。例えば、農業生物資源研では、種々の重要な形質を持つ変異体を、各地の農業試験場から抽出し、生物資源として蓄積してきました。2003 年には、イネの遺伝子本体というべき完全長 cDNA を世界に先駆けて多量に単離しました。一方、理研植物科学研究センター植物ゲノム機能研究チームの市川尚斉上級研究員らは、遺伝子機能探索の高速化を目的とした解析技術として、**Full-length cDNA over-expressor gene hunting system (FOX hunting system^{※2}: フォックスハンティングシステム)**を開発しました

(2006 年 12 月 27 日の研究成果

<http://www.riken.jp/r-world/research/results/2006/061227/index.html>)。この技術は、既に知られている (1) シロイヌナズナの世代時間の短さ (2) シロイヌナズナで開発している高形質転換効率 (3) 「機能獲得型」の遺伝子探索法を活用して、遺伝子の本体である完全長 cDNA を独立に個々のシロイヌナズナに導入し、高発現させることによって機能付加を引き起こすものです。

理研、農業生物資源研、岡山県生物科学総研は、2006 年から科学技術振興調整費の課題「イネ完全長 cDNA による有用形質高速探索」(代表：理研植物科学研究センター植物ゲノム機能研究チーム松井南チームリーダー)において共同研究を展開しています。具体的には、日本が持つ豊富なイネ完全長 cDNA と遺伝子機能高速探索技術 FOX hunting system を活用し、イネ完全長 cDNA を導入したシロイヌナズナ変異体 (イネ FOX シロイヌナズナ変異体) を多く作製し、恒常的な遺伝子発現による機能付加とシロイヌナズナの短世代時間を利用して、今まで単離できなかった有用形質を高速に獲得することを目指しています。

これまでに世界中では、多くの植物の変異体で作製され、遺伝子機能に関する研究が進んでいます。そして、それらの情報がまとめられた変異体データベースが構築されています。しかし、これらのデータベースからは論文などで報告されたものの以外で、遺伝子機能を直接示す情報は、ほとんど参照できないのが現状です。

2. イネ FOX シロイヌナズナ変異体データベースについて

この共同研究活動で得られた情報を広く一般的な植物研究が活用できるよう整理し、イネ FOX シロイヌナズナ変異体データベース (図 1) を構築しました。その特徴は以下の通りです。

- (1) 現在、約 18,000 イネ FOX シロイヌナズナ変異体についての情報を参照できます。形態的 (可視的) 表現形質については、表現形質ごとに画像を参照することができます。
- (2) 変異体の表現形質は、形態的な特徴にとどまらず、ホルモン計測によるプロファイル、元素組成、色素蓄積、光合成活性、紫外線応答、ガスクロマトグラフィー飛行時間型/質量分析計 (GC-TOF/MS)^{※3}・フーリエ変換型近赤外分光光度計 (FT-NIR)^{※4}による代謝物フェノタイプピング、サリチル酸感受性、病原性

細菌への抵抗性、マイクロアレイ実験、高塩ストレス、高温ストレス、紫外線ストレスのような不可視的な形質に及びます。

- (3) これらの観察対象の表現形質すべてに対して、柔軟な検索機能を実装しています。複数の表現形質項目を選択し、and/or 検索することも可能です。
- (4) イネ完全長 cDNA (クローン、GenBank アクセション)、イネ遺伝子モデル (RAP-DB : <http://rapdb.dna.affrc.go.jp/> および TIGR : <http://www.tigr.org/tdb/e2k1/osa1/>) などの既存公共データベースの各種 ID、構造ドメイン (ドメイン名、IPR ID)、配列類似性 (BLAST) など、遺伝子側からの検索が可能です。上記表現形質項目と and/or 検索することも可能です。
- (5) 導入したイネ完全長 cDNA と、シロイヌナズナタンパク質との配列類似性による対応付け機能を、装備しています。シロイヌナズナ遺伝子モデル ID による検索が可能であり、シロイヌナズナ研究も支援します。

3. データベース公開 URL とアクセス方法

イネ FOX シロイヌナズナ変異体データベースは ウェブサイト <http://ricefox.psc.riken.jp/login/> に公開しています。

科学技術振興調整費は、日本の科学技術推進を目的とするため、当面のアクセスを日本の研究関係者、国内からのみに制限しました。データベースへアクセスするためには、同意書への承諾が必要です。同意書への承諾後、ユーザ ID とパスワードを発行します。詳細は、web サイト内の “To access Rice FOX Arabidopsis Mutant Database” に掲載しています。

4. 今後の期待

多くのイネ FOX シロイヌナズナ変異体の形質情報だけでなく、導入したイネ完全長 cDNA 情報も併せて参照できることは、植物体に現れた影響とそれに関係する遺伝子の情報を得ることができることを意味します。また、約 18,000 系統もの大規模な公開は世界的にもまれで、日本の植物の遺伝子機能研究を推進するための非常に有用な情報資源となります。

今後は、情報更新とともに、検索機能、検索結果の改良と新規解析ツールの実装を行う予定で、さらに有用なデータベースにしていきます。

<報道担当・問い合わせ先>

(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 ゲノム情報統合化ユニット

ユニットリーダー 櫻井 哲也(さくらい てつや)

TEL : 045-503-9488 FAX : 045-503-9489

横浜研究推進部 企画課

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

<補足説明>

※1 完全長 cDNA

cDNA とは、ゲノム DNA の中から不要な配列を除き、タンパク質をコードする配列のみに整理された遺伝情報物質である mRNA (メッセンジャーRNA) を鋳型にして作られた DNA のこと。完全長 cDNA は、断片 cDNA と異なり、タンパク質を合成するための設計情報をすべて有しているため、タンパク質を合成することができる。

※2 FOX hunting system

フォックスハンティングシステム。Full-length cDNA over-expressor gene hunting system の略称で、宿主生物に目的生物の完全長 cDNA を導入、高発現させた形質転換体を作製し、ある特定の条件で選別し、最終的にその個体から導入した遺伝子を取り出すというゲノムワイドな有用遺伝子探索技術。FOX hunting のフローについては 2006 年 12 月 27 日の研究成果 (<http://www.riken.jp/r-world/research/results/2006/061227/index.html>) を参照。

※3 ガスクロマトグラフィー飛行時間型/質量分析計(GC-TOF/MS)

揮発性物質の分離・分析法であるガスクロマトグラフィー (GC ; gas chromatography) に、検出器として飛行時間型質量分析計 (TOF/MS) を組み合わせた装置。GC により分離された成分は、イオン化部 (本装置では電子イオン化法=EI ; electron ionization を採用) でイオン化する。TOF/MS では、このイオンを真空中で運動させ、電磁気力を用いてイオンを質量電荷比 (m/z) に応じて検出する。低コストで、短時間に高感度かつ大量の代謝産物データを、再現性よく測定することが可能。

※4 フーリエ変換型近赤外分光光度計 (FT-NIR)

測定対象に近赤外線を照射し、吸収された度合いの変化によって成分を算出する。近赤外線は中赤外と可視の波長の間位置し、中赤外線、遠赤外線より吸収が極めて小さいため、試料を非破壊で観測できる特徴がある。

The figure displays four screenshots of the RiceFOX database interface, which is a platform for rice full-length cDNA over-expressed *Arabidopsis* mutant database.

- Top Left:** The main homepage of RiceFOX. It features a header with the logo and title. Below the header, there are sections for "Quick Search", "Advanced Search", and "To obtain seeds in databases". A central image shows rice plants. The "The Objective of our research" section explains the project's goals and methods.
- Top Right:** The "Advanced Search" interface. It includes a "Keyword" field (e.g., WRKY bind), a "Line ID" field (e.g., K00333 K10002 K33106), and a "Phenotype" section with checkboxes for various traits like Morphology, Growth, Plant height, Flowering, etc.
- Bottom Left:** A search result page for the keyword "K00333". It lists several entries with their respective phenotypes, such as "Root to leaf shape: small", "Number: small", "Stem shape: thin", etc. The page also includes a "Microarray" section and a "cDNA" section.
- Bottom Right:** A detailed view of a specific entry, "K00333". It shows the "Phenotype" section with a list of traits and their values, such as "Root to leaf shape: small", "Number: small", "Stem shape: thin", etc. It also includes a "Microarray" section and a "cDNA" section.

図1 イネ FOX シロイヌナズナ変異体データベースの画面例

(右上) データベーストップ画面、(左上) 検索画面、(右下) 検索結果一覧画面、(左下) イネ FOX シロイヌナズナ変異体詳細情報画面。