

氏名(本籍)	なかのとしつぐ (茨城県)		
学位の種類	博士(農学)		
学位記番号	博甲第4152号		
学位授与年月日	平成18年7月25日		
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当		
審査研究科	生命環境科学研究科		
学位論文題目	Molecular and Phylogenetic Analyses of Plant Specific Transcription Factor Family, ERF (植物特異的転写因子ファミリー“ERFファミリー”の分子系統および機能に関する研究)		
主査	筑波大学教授	理学博士	藤村 達人
副査	筑波大学教授	農学博士	安部 征雄
副査	筑波大学教授	農学博士	宮崎 均
副査	筑波大学教授	農学博士	江面 浩

論文の内容の要旨

遺伝子の転写制御は、遺伝子ごとにDNA結合ドメインを持つ転写因子と転写因子が結合する制御配列(シスエレメント)の複雑な相互作用によって行われている。転写因子は、遺伝子発現を活性化あるいは、抑制することによって、発生、分化、代謝制御、環境応答など植物の生理機能を制御している。本研究は、植物特異的な転写因子ERFに注目して、生体防御にかかわるERFのタバコにおける転写制御機能の解析、および、シロイヌナズナとイネにおけるERFファミリーの包括的な解析、の大きく分けて2つの面からの研究である。

転写因子ERFは、およそ60アミノ酸からなるDNA結合ドメインを持ち、タバコのエチレン応答性のシスエレメント(GCC box)に結合するタンパク質として最初に同定され(ERF1, 2, 3, 4)、その後GCC boxを介した転写活性化因子(ERF2, 4)、転写抑制因子(ERF3)としての機能が明らかにされた。また、GCC boxがエリシター応答性シスエレメントとしても機能することが明らかにされ、ERF2がエリシターに応答したクラスI塩基性キチナーゼ遺伝子(GCC boxを持つ)の発現制御に関与することが示された。しかし、植物体で実際にクラスI塩基性キチナーゼ遺伝子(*CHN50*)の発現制御を行っているかどうかは、不明であった。そこで、この点を明らかにするための研究を行うとともに、ERF2の*ERF3*遺伝子(GCC boxを持つ)の発現制御への関与も解析した。これらの結果をもとに、タバコ植物におけるGCC boxを介した転写因子ERFによる遺伝子発現制御について考察した。これによって、複数のERFの複雑な相互作用によって、遺伝子発現が制御されていることが示された(第1章)。また、ERFファミリーの包括的かつ体系的な機能解析が重要であると考えられた。

全ゲノムが解読されているシロイヌナズナとイネのゲノム情報を調査し、全ERFファミリー遺伝子をバイオインフォマティクスを利用して同定し、分子系統解析を軸としたERFファミリーの解析をおこなった。シロイヌナズナのゲノムには、ERFファミリー遺伝子が120あまりも存在し、大きなファミリーを形成していることを明らかにした。また、個々の遺伝子の機能解析の報告があるものを参考にして、環境応答、

形態形成、代謝制御など ERF 遺伝子の機能が多岐にわたることを明らかにした。とはいえ、ファミリー全体からみれば、機能が明らかになった遺伝子は、一部であり、大半が機能未知である。今回の分子系統解析を軸とした ERF ファミリーの包括的解析による体系的な機能予測が学問的に大きな意義がある（第2章）。

シロイヌナズナを参考にしてイネにおいても ERF ファミリーの比較解析を行った。その結果、イネにおいても同様な ERF ファミリー遺伝子の分類ができた。それに加えて、イネの場合産業上有用な機能を有する遺伝子もこの中に含まれており、本研究の結果の一層の有用性が示された。さらに、独自に作製したシロイヌナズナの ERF ファミリー全遺伝子を搭載したマイクロアレイを作成して、包括的発言解析を行うことが可能なシステムを構築した。このツールが ERF ファミリー遺伝子の機能解析を効率的に進める上で有用であることを示した（第2章）。

本研究によって、ERF ファミリーの各遺伝子の機能解明のための基盤を確立するとともに ERF が関与する遺伝子発現制御の複雑な相互作用の解析に有用な情報が得られた。さらに、本研究の結果は、広く、例えば、木本植物のような機能解析および技術開発に時間と労力を要する植物種においても、ERF 遺伝子の機能が可能となり、それを利用した研究・技術開発を効率的に進めることにも貢献できる。

審査の結果の要旨

転写因子 ERF ファミリーの遺伝子に関する研究である。最初はタバコのエチレンに対する反応系で研究を進め、後半は主としてインフォーマティクスを利用して、アラビドプシスおよびイネのゲノム中に存在する全てのメンバーを探し出し、それらが 120 個にもおよぶ大きなファミリーそれら形成していることを明らかとして、またそれらの分類をおこない個々のグループに関する機能予測をおこなった。これらの成果は大半が未知の遺伝子群の機能を一括して予測する上で重要な知見をもたらし、学問上の大きな成果である。一方で、イネを用いた分析から、農業上有用な遺伝子いくつかは分類されたグループに属することが明らかとなり、育種などへの応用も大いに期待できる。

これらの研究結果はその科学的な新規性および農業利用の面で有用性が極めて高く、審査員が一致してその価値を認めた。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。