

# ポストゲノム細胞生物学研究室

Division of Functional Cellular Biology

<http://www.tsurumi.yokohama-cu.ac.jp/funcbio/>

## 概要 Outline

多細胞生物は、外界からのシグナルを受け取り、シグナル伝達機構、転写因子の活性化を通じて、種々の生物学的機能を発揮します。植物は様々な外的なシグナルに応答して、植物界全体では20万種ともいわれる代謝産物を生産する能力を持っていますが、この化学的多様性は植物ゲノムに存在する遺伝子の多様性に起因するものです。当研究室では、ゲノミクス、トランスクリプトミクス、メタボロミクスを基盤とした機能ゲノム学的アプローチによって、フラボノイドを中心とした高等植物のもつ多様な代謝産物の生産機能の原理を解明しています。

## Staff

大学院客員准教授 榊原 圭子（さかきばら けいこ） / Keiko Yonekura-Sakakibara

名古屋大学農学部農芸化学科1990年卒業。1990-2000年、サントリー株式会社基礎研究所（現サントリーホールディングス株式会社植物科学研究所）研究員。2000年、大阪大学にて博士（理学）取得。2000年より理化学研究所植物科学研究センターに勤務。現在、植物科学研究センターメタボローム機能研究グループ研究員。2009年10月より横浜市立大学大学院客員准教授。

<メッセージ>私たちの研究室では、トランスクリプトミクス・メタボロミクスを基盤とした網羅的な遺伝子発現様式・代謝物蓄積様式の解析を通じて、高等植物の二次代謝を中心とした代謝の全体像の解明を目指しています。一緒に研究するメンバーを募集中です。



## 研究内容 Outline of Research

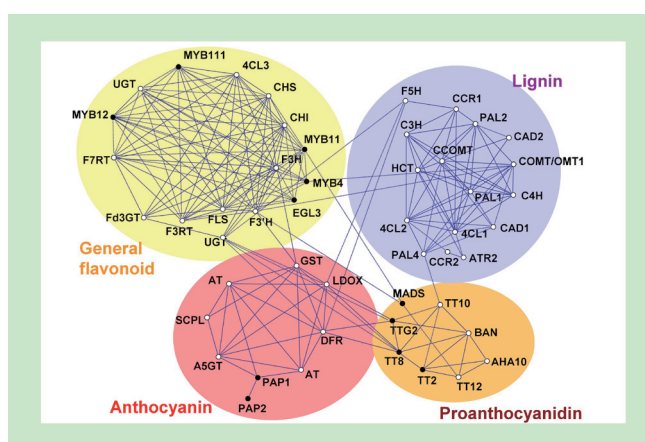
フラボノイドを中心とした高等植物の多様な物質生産機能の解明を通じて、植物の代謝および外界からのシグナル応答の全体像の理解を目指しています。そして、高等植物において二次代謝系の関連遺伝子群がどのように進化し、多様な機能を獲得してきたのか、二次代謝系が、どのような生理的生態学的役割を持つのかという事を明らかにしたいと考えています。

しかしながら、植物の二次代謝産物の多様性を裏打ちするかのよう、二次代謝に関わる遺伝子の多くは多重遺伝子族で、例えば、ファミリー1配糖化酵素遺伝子は、ゲノムサイズの小さいモデル植物のシロイヌナズナでさえ、100以上、イネやブドウでは200以上存在します。このため、配列情報のみから、それぞれの遺伝子機能を同定することは困難です。

そこで、我々は、ゲノミクス・トランスクリプトミクス・メタボロミクスを基盤とした遺伝子発現様式・代謝物蓄積様式の網羅的な解析によって、植物二次代謝に関わる新規遺伝子の機能同定、代謝ネットワークの解析を進めています。



モデル植物シロイヌナズナ



遺伝子共発現解析によるフラボノイド代謝系遺伝子の発現相関ネットワーク

## 業績 Latest Issue

- K. Yonekura-Sakakibara, K. Hanada. (2011) An evolutionary view of functional diversity in family 1 glycosyltransferases. *Plant J*, 66, 182-193.
- S. Kitamura, F. Matsuda, T. Tohge, K. Yonekura-Sakakibara, M. Yamazaki, K. Saito, I. Narumi (2010) Metabolic profiling and cytological analysis of proanthocyanidins in immature seeds of *Arabidopsis thaliana* flavonoid accumulation mutants. *Plant J.*, 62, 549-559
- F. Matsuda, M. Y. Hirai, E. Sasaki, K. Akiyama, K. Yonekura-Sakakibara, N. J. Provart, T. Sakurai, Y. Shimada, K. Saito (2010) *AtMetExpress* development: A phytochemical atlas of *Arabidopsis thaliana* development. *Plant Physiol.*, 152, 566-578
- K. Yonekura-Sakakibara, K. Saito. (2009) Functional genomics for plant natural product biosynthesis. *Natural Product Reports*, 26, 1466-1487.
- K. Yonekura-Sakakibara. (2009) Functional genomics of family 1 glycosyltransferases in *Arabidopsis*. *Plant Biotech.*, 26, 267-274.
- R. Nakabayashi, M. Kusano, M. Kobayashi, T. Tohge, K. Yonekura-Sakakibara, N. Kogure, M. Yamazaki, M. Kitajima, K. Saito, H. Takayama (2009) Metabolomics-oriented isolation and structure elucidation of 37 compounds including two anthocyanins from *Arabidopsis thaliana*. *Phytochemistry*, 70(8), 1017-1029
- F. Matsuda, K. Yonekura-Sakakibara, R. Niida, T. Kuromori, K. Shinozaki, K. Saito (2009) MS/MS spectral tag (MS2T)-based annotation of non-targeted profile of plant secondary Metabolites. *Plant J.*, 57(3), 555-577
- K. Yonekura-Sakakibara, T. Tohge, F. Matsuda, R. Nakabayashi, H. Takayama, R. Niida, A. Watanabe-Takahashi, E. Inoue, K. Saito. (2008) Comprehensive flavonol profiling and transcriptome coexpression analysis leading to decoding gene-metabolite correlations in *Arabidopsis*. *Plant Cell*, 20, 2160-2176.
- K. Saito, M. Y. Hirai, K. Yonekura-Sakakibara. (2008) Decoding genes by coexpression network and metabolomics - 'majority report by precogs'. *Trends Plant Sci.*, 13, 36-43.