

会員の研究紹介コーナー

Ohtsu, K., Takahashi, H., Schnable, P.S. and Nakazono, M. (2007) Cell type-specific gene expression profiling in plants by using a combination of laser microdissection and high-throughput technologies. *Plant Cell Physiol.*, 48: 3-7. (Mini Review)

高等植物は機能の異なる数十種類の細胞より構成されている。個々の細胞・組織の役割について理解するためには、それらの細胞・組織を純粋に単離して、DNA, RNA, タンパク質, 代謝産物等を抽出し、解析する必要がある。しかし、これまでの遺伝子発現解析などの研究は、主に器官レベルで行われており、このような解析では、特定の細胞・組織で機能する遺伝子を見逃す可能性があった。ところが近年になって、標的細胞・組織のみを単離できるLaser Microdissection (LM)と、マイクロアレイ, serial analysis of gene expression (SAGE), 454-sequencingなどのhigh-throughput technologyとを組み合わせることで、これまで困難であった細胞・組織レベルでの精度の高い網羅的な遺伝子発現解析が容易になった。

この総説では、LMとマイクロアレイを組み合わせた解析を紹介した。そのなかに、トウモロコシの種子根及び側根形成に関わる*rootless with undetectable meristems 1 (rum1)*変異体およびその野生型の根から内鞘(pericycle)をLMで単離し、マイクロアレイ解析を行うことによって、両系統間で発現量の異なる遺伝子を同定した研究があった。

SAGEや454-sequencingはマイクロアレイと異なり、ゲノム情報があまり解明されていない生物種でも適用できる。特に454-sequencingは、4~4.5時間の分析で20万個以上のcDNAの塩基配列(100塩基平均)を解読できる優れた解析技術である。この総説では、トウモロコシの茎頂分裂組織(SAM)をLMで単離後、454-sequencingによって大量にcDNAの塩基配列を決定して、SAM特異的に発現する遺伝子を多数同定した研究を紹介した。

現在、私たちはイネ、トウモロコシの根から皮層または表皮・外皮をLMで単離し、マイクロアレイを行い、通気組織形成や根からの酸素漏出を防ぐバリア[barrier to radial oxygen loss (ROL)]の形成に関わる遺伝子の同定を試みている。この総説で紹介した手法を根の解析に適用することで、これまでの器官レベルでの解析では検出できなかった特定の細胞・組織で制御される新規の遺伝子機能の理解が期待される。

連絡先 〒113-8657 東京都文京区弥生1-1-1

東京大学・大学院農学生命科学研究科 植物分子遺伝学研究室

Fax: 03-5841-5183 E-mail: anakazo@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp