

リン酸化プロテオミクスで切り拓く 植物の環境応答メカニズム

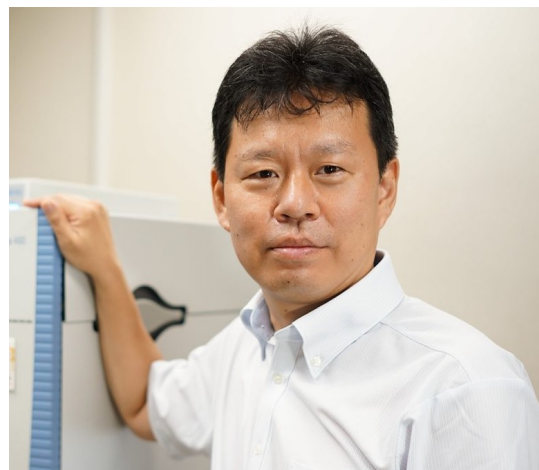
梅澤 泰史 博士

東京農工大学・教授

日時：2025年9月30日（火）

15:30 – 17:00

場所：理農館 SA329



植物は移動できないため、環境変動に適応する独自の応答機構を進化させてきた。我々は、乾燥や塩などの環境ストレス応答の分子機構に注目している。これらの応答の中心には植物ホルモンであるアブシシン酸（ABA）があり、そのシグナル伝達は受容体、タンパク質脱リン酸化酵素（PP2C）、およびタンパク質リン酸化酵素（SnRK2）の3つの主要因子によって制御される¹。我々はこれまでSnRK2に着目し、その下流で働くリン酸化ネットワークの解明を進めてきた²⁻⁶。リン酸化プロテオーム解析の導入により、孔辺細胞におけるABA誘導性リン酸化プロファイルを取得し、新規因子MAP4K1/2を同定した。MAP4K1/2はABA誘導性気孔閉鎖に関与する新たな制御因子である。また、SnRK2の相互作用因子として同定したRaf36が³、細胞膜プロトンポンプ（PM H⁺-ATPase）のリン酸化を制御することを見出した。興味深いことに、気孔のCO₂応答因子HT1はRaf36の近縁であり、同様にPM H⁺-ATPaseを制御することが明らかとなった。これらの成果により、光誘導性気孔開口の分子機構の一端が明らかとなった。本発表では、これらの最新の研究成果を紹介し、植物の環境応答シグナルネットワークの理解に向けた展望を議論したい。

【参考論文】

1. Umezawa et al. Plant Cell Physiol., 70: 377-406 (2010)
2. Umezawa et al. Sci. Signal., vol. 9, 10.1126/sciadv.adg6983 (2013)
3. Kamiyama et al. PNAS, 118:e2100073118. (2021)
4. Katagiri et al. Plant Cell Physiol., 65:259-268. (2024)
5. Li et al. Plant J., 118:1747-1759. (2024)
6. Kamiyama et al. PNAS, 121:e2419204121. (2025)

問合せ先：中道範人（nnaka@agr.nagoya-u.ac.jp）