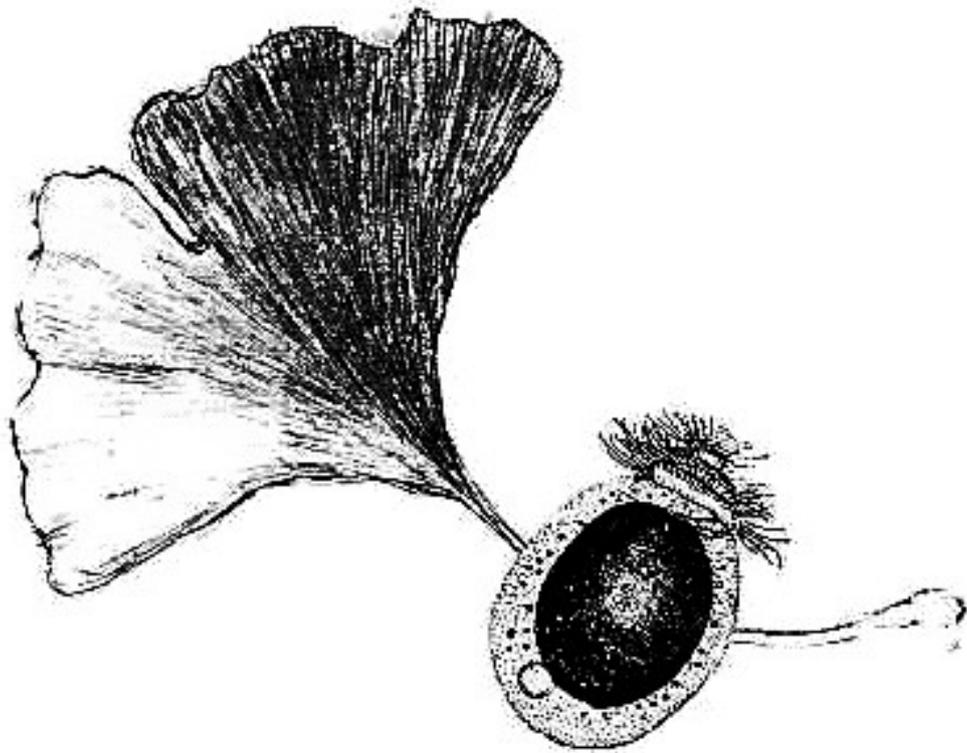


日本植物形態学会第 29 回大会 研究発表要旨集



2017年9月7日

東京理科大学

野田キャンパス

プログラム

◎ 総会及び日本植物形態学会3賞授賞式 (12:30～, 講義棟 1 階 K102 号室)

「学会賞」

宮川 勇 氏 (山口大・院・創成科学)

「平瀬賞」

Holliday junction resolvases mediate chloroplast nucleoid segregation. Science (2017) 356: 631-634

(代表受賞者: 小林 優介 氏, 京都大・院・理・生物科学, 現: 国立遺伝研・細胞遺伝・共生細胞進化)

Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae. Proc Natl Acad Sci USA (2016) 113: E7629-E763

(代表受賞者: 墨谷 暢子 氏, 慶應大・商・生物)

「奨励賞」

墨谷 暢子 氏 (慶應大・商・生物)

◎ 受賞記念講演会 (13:30～, 講義棟 1 階 K102 号室)

奨励賞／平瀬賞受賞記念講演: 13:30-14:00

単細胞藻類における細胞分裂と葉緑体分裂の協調機構／Chloroplast division checkpoint in eukaryotic algae.

墨谷 暢子 氏 (慶應大・商・生物)

平瀬賞受賞記念講演: 14:00-14:20

Holliday junction resolvases mediate chloroplast nucleoid segregation.

小林 優介 氏 (京都大・院・理・生物科学, 現: 国立遺伝研・細胞遺伝・共生細胞進化)

学会賞受賞記念講演: 14:20-15:00

酵母生活環におけるミトコンドリアとミトコンドリア核様体の動態およびミトコンドリア核様体の組織化

宮川 勇 氏 (山口大・院・創成科学)

◎ ポスター発表 (申し込み順, 貼付け 11:30～, 発表 15:00～17:45, 講義棟 2 階 K204, K203 号室)

※奇数番号のポスター発表者の方は 15:30～16:15、偶数番号のポスター発表者の方は 16:30～17:15 の間は、それぞれポスター前にて待機していただきますようお願いいたします。それ以外の時間帯はご自由にご交流ください。

◎ 懇親会

18:00-20:00, 東京理科大学第三食堂 2 階 教職員食堂にて。会費は一般 4,000 円, 学生 2,000 円です。

◎ シンポジウム・関連集会のお知らせ

翌日の 9 月 8 日(金)から開催される日本植物学会第 81 回大会において, 大矢禎一氏(東京大学)・大隅正子氏(IIRS)をオーガナイザーとするシンポジウム「究極のオルガネラ研究」が、本学会および IIRS(総合画像研究支援)共催シンポジウムとして開催されます(9 月 8 日 14:00～17:30)。こちらにも奮ってご参加下さい。

P-001

先端電子顕微鏡を用いてシゾンの細胞分裂過程を細胞丸ごとレベルで3Dモデル化する

岩根敦子^{1,2}

¹ 理研・QBiC・細胞場, ² 阪大・院・生命機能

細胞や組織内の重要なイベントを可視化するために、様々な顕微鏡が開発されている。その中で私は空間分解能が理論的には試料の厚さに影響を与えないFIB-SEMと三次元再構築法を用いて最小限度の細胞小器官を有し、ミトコンドリアを得、核膜で覆われた「核」をもつ、最古の真核生物であると考えられている単細胞性紅藻シズン細胞を細胞分裂過程のモデル生物として選び、細胞丸ごとレベルで超微細構造解析を行っている。本学会ではシズン並びにその組換え体を用い、細胞分裂過程における細胞内小器官の立体構造解析を光学顕微鏡による同一細胞のダイナミクスのデータを参考に、先端電子顕微鏡を用いて行った結果を報告したい。

P-002

シロイヌナズナ受精卵の極性化動態

植田美那子^{1,2}, 木全祐資¹, 加藤壮英³, 桧垣匠^{4,5}, 山田朋美^{1,2}, 栗原大輔^{2,6}, 森田(寺尾)美代^{3,7}, 馳澤盛一郎⁴, 東山哲也^{1,2,6}, 田坂昌生³

¹ 名古屋大・院・理, ² 名古屋大・WPI-ITbM, ³ 奈良先端大・バイオ, ⁴ 東京大・院・新領域創成, ⁵ 熊本大・国際先端, ⁶ 名古屋大・JST・ERATO, ⁷ 名古屋大・院・農

多細胞生物は複雑な構造をもつが、それらは全て受精卵という単一細胞に由来する。植物の卵細胞と受精卵は顕著な細胞極性を持ち、その不等分裂によって、異なる発生運命をもつ娘細胞を生じる。この方向性は成熟植物の頂端-基部軸に相当するが、受精卵が極性化して体軸形成に至る仕組みは現在でもほとんど分かっていない。

我々は近年、モデル植物の一つであるシロイヌナズナにおいて、受精卵が不等分裂する動態をライブイメージングする系を確立した。その結果、核や液胞などのオルガネラがどのように極性化するかが明らかになりつつある。本発表では、この受精卵イメージングの進展について議論したい。

P-003

植物のヒストン修飾ライブイメージングの確立に向けて

栗田和貴^{1,2}, 坂本卓也¹, 八木慎宜¹, 木村宏³, 松永幸大¹

¹ 東理大・理工・応用生物科学, ² 埼玉県警・刑事部・科捜研, ³ 東工大・生命理工・生体システム

植物の環境ストレス時にはヒストン修飾が大きく変動することが知られている。ヒストン修飾変化の解析は生化学的方法や免疫染色を用いた方法が広く行われている。しかし、時間と共に変化するストレス応答は生細胞を経時的に解析する必要がある。そこで、ヒストン修飾を生細胞で可視化する技術の確立を目的とした。ヒストン修飾変化をライブセルイメージング解析するために、ヒストンH3K9アセチル化を認識する抗体をもとに作成した蛍光プローブを植物培養細胞に遺伝子導入した。その結果、細胞内の蛍光プローブはヒストン修飾を認識し核の内外を移行し、バイオセンサーとして利用できることが示唆された。さらに、環境ストレスを与えることでのヒストン修飾変動の検出に成功した。

P-004

核内倍加の確率論的な特性を組み込んだ細胞サイズ決定モデル

川出健介^{1,2,3}, 塚谷裕一^{1,4}

¹ 岡崎統合バイオ, ² 基生研, ³ 総研大, ⁴ 東大・院・理

組織内における細胞のサイズ分布は、個々の大きさが幅広く異なる場合であっても非常に再現性よく形成される。したがって、各細胞のサイズ決定と集団の定常状態をつなぐ仕組みがあるはずである。その理論的背景を明らかにするため、私たちは葉の表皮組織でみられる非正規的な細胞サイズ分布について調べた。本発表では、核内倍加の発生頻度や、核内倍加に応じて細胞サイズを決める要素を検討して構築した理論モデルを紹介する。それによる人工的な細胞サイズ分布と実験データを比較し、葉の表皮組織で見られる特徴的な細胞サイズ分布は、ランダムに起こる核内倍加と、指数関数的に増強される細胞肥大システムの組み合わせで説明できることを示す。

P-005

ミズナとミブナ (*Brassica rapa*) に見られる葉形変異の遺伝学的背景と育種の歴史の解明

川勝 弥一¹, 中山 北斗², 上ノ山 華織¹, 五十嵐 香理³, 矢野 健太郎³, 久保 中央⁴, 木村 成介¹

¹京産大 総合生命, ²UC Davis, ³明治大 農, ⁴京府大院 生命環境

京野菜であるミズナとミブナ (*Brassica rapa* L. subsp. *nipposinica*) は、互いに変種の関係であるが、ミズナは特徴的な鋸歯やローブを有する葉を持つ一方で、ミブナは丸い葉を持つ。この多様性の原因遺伝子を明らかにするために解析を行った結果、葉のローブの形成には *BrLMII* の、鋸歯の形成には *BrPIN3* のホモログが寄与している可能性が示唆された。

また、ミズナとミブナの育種の歴史について文献調査を行った結果、ミズナとカブ類とが交雑したことが、現在の丸い葉のミブナが誕生したきっかけであると考えられた。そこでカブ類についても遺伝子型の解析を行うことで、ミズナとミブナの多様化の歴史の解明を行った。

P-006

イネの花成初期メリステムをライブイメージングでみる

藤田尚子¹, 藤田亜希子¹, 今井順宙¹, 佐藤萌子¹, 佐藤良勝², 東山哲也^{2,3}, 辻寛之¹

¹横浜市立大・木原生研, ²名大・WPI・ITbM, ³名大・院・理

植物は環境条件等に応答して茎頂メリステムを栄養生長(葉の分化)から生殖生長(花の分化)へと転換させる。この葉から花への相転換は葉で合成された「フロリゲン」が茎頂メリステムに輸送されることで開始される。我々はこれまでに、メスで切り出した生のままのイネのメリステムにおける花成開始因子であるフロリゲン、その標的候補遺伝子 *OsMADS15*、さらに植物ホルモン等の分子動態の可視化に成功している。これまでの観察から、フロリゲンはメリステムの発生段階ごとに組織あるいは細胞内特異的な局在を示すことがわかった。そこでこれらイネの花成初期分子メカニズムをさらに追究するため、生きたままの花成初期メリステムのライブイメージング系の確立を目指している。本学会ではその進捗について報告したい。

P-007

バラのトゲパターンの発見とその発生の数理モデル

網藏和晃¹, 伊藤浩史²

¹東大・新領域・メディア情, ²九大・芸工

紀元前より栽培されるバラのトゲの発生機序に関して、分子生物学的な知見はもとより、生理学的な報告もあまりない。本発表では、バラのトゲの位置がランダムではなく特定のパターンに従って発生していることを初めて報告する。我々は、葉が茎を軸にして黄金角毎に螺旋状に発生するバラである Red Queen のトゲの位置を解析した結果、葉の位置を螺旋状に結んだ近似曲線から一定の角度ずれた位置にトゲが頻出することを発見した。さらに、バラの成長過程において葉の原基からトゲの発生を制御する因子が拡散していると仮定した数理モデルは、観察結果より得られたトゲの位置の分布を再現できた。本事例は、多細胞生物の形態が拡散性因子によって制御されている興味深い事例の一つである可能性がある。

P-008

clv3 det3 の花茎の肥大成長に伴う細胞伸長が亀裂を引き起こす

大江真央¹, 浅岡真理子¹, 郡司玄², 塚谷裕一^{3,4}, Ferjani Ali^{1,2}

¹東京学芸大・教育・生命, ²東京学芸大・院・連合, ³東大・院・理, ⁴岡崎統合バイオ

過度な細胞増殖を示す *clv3* と細胞の伸長が抑制される *det3-1* との二重変異体 *clv3 det3-1* では花茎に亀裂が生じる(Maeda *et al.*, 2014)。この亀裂に関して、現在までは限られた生育段階における解析にとどまっており、本研究では亀裂の発生に至るまでの過程を明らかにするために、伸長に伴う花茎の内部構造の変化を継時的に解析した。その結果、*clv3 det3-1* では亀裂が発生する生育段階で不均一な髄細胞の形状が観察されたが、発生初期段階では髄細胞の形態は正常であった。また、亀裂が生じる生育段階と髄細胞の形態変化のタイミングが概ね一致した。一方、全ての変異体の花茎において、伸長に伴って横断面積が有意に増大するのに対し、表皮細胞の数は変わらなかった。その中でも興味深いことに、*clv3 det3-1* では茎の肥大成長に伴って、表皮細胞が大きく引き伸ばされる傾向が見られた。以上のことから、花茎内部の髄細胞の異常な肥大成長によって引き延ばされた表皮細胞が局所的に耐えきれず、亀裂を生じると考えられる。

P-009

IBAに由来するIAAが*fugu5*における補償作用の細胞肥大を強化する

多部田弘光¹, 浅岡真理子¹, 高橋和希¹, 塚谷裕一^{2,3}, Ferjani Ali¹

¹東京学芸大・教育・生命,²東大・院・理,

³岡崎統合バイオ

液胞H⁺-PPaseの変異体である*fugu5*では細胞増殖能が低下するが、それを補うかのように過剰な細胞肥大(CCE: Compensated Cell Enlargement)が起こり、この現象を補償作用という。一方、*fugu5 ech2-1* 二重変異体ではCCEが抑制されたため、CCEに対するIBA由来のIAAの関与が示唆された(Katano *et al.*, 2016; Takahashi *et al.*, 2017)。ここで本研究では、CCEに対するIBAの役割を明らかにするために、新たに細胞膜IBA排出キャリアに欠損がある*penetration(pen)3-4*変異体を用いて*fugu5 pen3-4* 二重変異体を作出し、子葉における表現型を解析した。そして興味深いことに、*fugu5 pen3-4*では細胞サイズが*fugu5*と比較して約1.4倍に増加しCCEが強化されていたことが判明した。この結果は、IBAを基に合成されるオーキシンは*fugu5*におけるCCEに関与していることを明確に示している。また、IBA由来のIAA合成経路の欠損がCCEにどのように影響を与えるかを検証するために、*fugu5 ibr1-2 ibr3-1 ibr10-1* 四重変異体を現在解析中である。

P-010

孔辺細胞におけるPPiの蓄積は気孔の閉口の障害を引き起こす

浅岡真理子¹, 井上晋一郎², 郡司玄³, 木下俊則^{2,4}, 前島正義⁵, 塚谷裕一^{6,7}, Ferjani Ali^{1,3}

¹東京学芸大・教育・生命,²名大・院・理,³東京学芸大・院・連合,⁴名古屋大学WPI-ITbM,⁵名大・院・生命農,⁶東大・院・理,⁷岡崎統合バイオ

PPiは約200種類の生体反応で生成し、適切に除去されることで正常な細胞機能が保たれている。シロイヌナズナでは、液胞膜局在プロトン輸送型のH⁺-PPaseが主に細胞質のPPiの除去の役割を担う。その機能欠失変異体である*fugu5*ではPPiが過剰に蓄積し、発芽後の生育に異常をきたす。さらに近年、*fugu5*のアリルの*vhp1-1*では気孔の閉口が遅れることが報告された。そこで本研究では、PPiの蓄積が気孔の閉口の遅延に関与していると推測し、孔辺細胞で特異的発現する酵母可溶性PPase(*IPPI*)を導入した系統を作製した(*pGCL::IPPI*)。その結果、*pGCL::IPPI*導入系統においても*fugu5*同様に暗所における胚軸伸長の減少や孔辺細胞の異常な分布がみられたが、気孔の閉口は野生型並に回復することを見出した。この結果は、正常な気孔機能の発揮には孔辺細胞におけるPPi分解が必須であることを示唆している。

P-011

ピロリン酸の過剰な蓄積が葉の形態形成に細胞自律的に影響する

郡司玄¹, 高橋和希², 堀口吾朗^{3,4}, 塚谷裕一^{5,6}, Ferjani Ali^{1,2}

¹東京学芸大学院・連合・自然²東京学芸大・教育・

生命,³立教大・理・生命,⁴立教大・理・生命理学

センター,⁵東大・院・理,⁶岡崎統合バイオ

H⁺-PPaseの機能欠損株である*fugu5*では、細胞質内のPPiの過剰な蓄積によって糖新生が阻害され、子葉の柵状組織において補償作用が引き起こされる。一方で、*fugu5*の表皮細胞に着目すると、野生型と比較してジグソーパズル状の形態の単純化や気孔の発達異常が見られた。これら発生異常は*fugu5*背景でPPiの分解機能のみをもつ*IPPI*の導入株で完全に回復した。興味深いことに、シヨ糖の添加は*fugu5*の子葉の形状異常や補償作用を回復させるが、表皮細胞の形状を回復させなかった。そこで、表皮及び柵状組織それぞれに特異的なPPi分解能を導入した系統の作製を行った。解析の結果、表皮細胞においてPPi分解能を相補した場合にのみ表皮細胞の表現型が回復した。以上のことから、葉の形態形成においてPPiの過剰蓄積による影響は組織によって異なっており、細胞自律的な振る舞いを示すことが強く示唆された。

P-012

シロイヌナズナ茎頂組織を用いた体細胞胚発生の解析

角倉慧, 杉本薫, 松永幸大
東理大・院・応用生物科学

植物細胞の高い再生能力は広く知られるところであるが、それをもたらす分子機構は未解明である。体細胞胚形成(Somatic embryogenesis)は植物の高い再生能力を最も顕著に示す現象のひとつである。シロイヌナズナでは、未熟な種子胚からSEを形成する最も一般的に用いられている系に加えて、茎頂組織からSEを形成する系などが報告されている。茎頂を用いた系では、細胞の発生運命がシュートから胚へと大きく変化し、植物細胞の可塑性の高さが顕著に体现されている。本研究は、茎頂組織からのSE形成の機序を明らかにすることを目的として、SE形成過程の組織評価、遺伝子発現解析を行なっている。

P-013

シロイヌナズナの植物器官再生系に關与するヒストン脱アセチル化酵素の解析

天満春花¹, 杉本薫¹, 上田実², 鈴木孝征³, 関原明², 松永幸大¹

¹東理大・理工・応用生物科学, ²理研・CSRS, ³中部大・応用生物学・応用生物化学

植物の新規器官再生系では, 植物組織片を植物ホルモンであるオーキシンを多く含む培地に置くことで, カルスと呼ばれる多能性をもつ細胞塊が形成され, 続いてこのカルスを, 植物ホルモンのサイトカイニンを多く含む培地に置くことで, 葉・茎が新たに再生する. このように, 再生過程では細胞がダイナミックな分化転換を起こしているが, その分子機構は未だ多くが明らかにされていない. 本研究では, ゲノムワイドに遺伝子発現制御を行うエピジェネティック関連分子に焦点を当て, それらの再生における役割を解析した. 私たちは, ヒストン脱アセチル化酵素の一つの変異体が, shoot 再生率の低下, 緑化の促進という表現型を示すことを発見した.

P-014

ボルボックス系列緑藻の多細胞化とダイナミン様タンパク質 DRP1 の局在変化

新垣陽子¹, 藤原崇之², 豊岡博子¹, 川船かおる^{1,3}, 宮城島進也², 野崎久義¹

¹東大・院理・生物科学, ²遺伝研・細胞遺伝, ³東工大・生命理工学院

多細胞性のボルボックス系列緑藻は, 連続した複数回の細胞質分裂の際に, 娘細胞どうしが架橋構造で接続することで多細胞体が形成されるが, 単細胞性の細胞質分裂との分子レベルの差異はわかっていない. 本研究では, 陸上植物の細胞質分裂にかかわるダイナミン様タンパク質 DRP1 に注目し, 本系列の単細胞性のクラミドモナスと多細胞性のテトラバエナ, ゴニウムの比較観察を実施した. DRP1 は第二分裂期のクラミドモナスでは主に第二分裂面に, テトラバエナ, ゴニウムでは第一, 第二分裂面の両方に局在し, 単細胞性と多細胞性の差がみられたことから, 本系列の多細胞化初期で細胞質分裂時の DRP1 局在が変化した可能性が示唆された.

P-015

Rorippa aquatica の栄養繁殖を制御する遺伝子群の探索

天野瑠美¹, 中山北斗², 桃井理沙¹, 郡司玄³, 竹林裕美子⁴, 桶川友季¹, 本橋健¹, 笠原博幸^{4,5}, Ali Ferjani^{3,6}, 木村成介¹

¹京産大・総合生命, ²カリフォルニア大学デービス校, ³東京学芸大・院・連合, ⁴理研 CSRS, ⁵東京農工大 GIR, ⁶東京学芸大・教育・生命

アブラナ科の *Rorippa aquatica* は, 自然条件下において, ちぎれた葉の断面から新しい個体を再生することで繁殖できる半水生植物である. この再生メカニズムを明らかにするため, *R. aquatica* の葉片を用いてトランスクリプトーム解析を行った. その結果, 葉の切断後数時間の間にオーキシン応答関連遺伝子群の発現が上昇することが明らかになった. 葉片を用いたオーキシン内生量等の各種解析からは, 葉片の先端部側から基部側に向けたオーキシン極性輸送が重要であることが示唆された. さらに, 葉片の光合成活性を測定すると, *R. aquatica* では *Arabidopsis thaliana* よりも長期間にわたり高い光合成活性を維持することがわかった. 本発表では, *R. aquatica* と *A. thaliana* との違いを中心に, *R. aquatica* の栄養繁殖のメカニズムについて議論したい.

P-016

Analysis of histone demethylase involved in acquisition of competency for *de novo* shoot regeneration

石原弘也¹, 杉本薫¹, 角倉慧¹, Paul Tarr², 乾弥生¹, 坂本卓也¹, 天満春花¹, 勝山雄喜¹, 佐々木卓^{3,4}, 鈴木孝征⁵, 稲垣宗一⁶, 関原明³, 角谷徹仁^{4,6}, Elliot Meyelowitz², 松永幸大¹

¹東京理科大・院・応用生物, ²Caltech・Biol, ³理研・CSRS, ⁴東京大・理・生物, ⁵中部大・応用生物, ⁶遺伝研

植物の組織片を適量の植物ホルモン存在下で培養すると, 植物体を構成するすべての組織に再分化可能な細胞塊(カルス)を形成することができる. 再分化能の獲得は, カルス形成時に行なわれていることがこれまで示唆されてきたが, その分子実体に関する報告は極めて少ない. 我々は, エピジェネティック因子変異体のスクリーニングにより, シュート形成率が著しく低下するヒストン脱メチル化酵素変異体を単離した. 網羅的遺伝子発現, ヒストン修飾解析の結果, 我々は, このヒストン脱メチル化酵素が, カルス形成時に H3K4me2 の脱メチル化をすることで, シュート誘導時の分化転換に影響を及ぼす遺伝子群の発現を制御していることを見出した.

P-017

葉の成長に多面的に関わるシロイヌナズナ *AN3* および *GRF* の発現制御機構の解析

佐藤晃圭¹, 皆吉彩¹, 池田奨¹, 塚谷裕一^{2,3}, 堀口吾朗^{1,4}

¹立教大・理・生命, ²東大・院・理, ³NINS・岡崎統合バイオ, ⁴立教大・理・生命理センター

シロイヌナズナの *AN3* と *GRF* は物理的に相互作用して働く転写制御因子である。*AN3* および *GRF* は葉の細胞増殖, 向背軸パターンニングに加え, シュートと根の正常な境界形成にも関わる多面的な役割を持っている。しかし *AN3* および *GRF* 自体の制御機構についてはほとんど不明である。その制御機構を解明するため *cis* 配列および *trans*-acting factor の探索と上流因子の欠損変異株候補の解析を行っている。今回 *GRF5* プロモーターと *AN3* プロモーターを上流から順次削り込んだ系統をそれぞれ作成し, プロモーター活性の発現変化を解析した。以上の解析結果について報告するとともに *AN3* および *GRF* の発現制御機構について議論したい。

P-018

シロイヌナズナのコヒーシ相互作用因子の探索と機能解析

鈴木喬善, 藤本聡, 松永幸大
東京理科大・理工・応用生物科学

コヒーシは2つの SMC サブユニット, kleisin サブユニット, HEAT repeat サブユニットから構成されるタンパク質複合体である。この構造は真核生物全体に広く保存されていることが知られている。コヒーシの代表的な機能として細胞分裂時における姉妹染色分体の接着が挙げられるが, 動物や酵母では他の因子と複合体を形成して転写制御や DNA 修復といった多様な機能を果たすことが明らかになってきている。そこで, 植物におけるコヒーシの新奇機能を明らかにするためにシロイヌナズナを用いてコヒーシ相互作用因子の探索を試みた。酵母ツーハイブリッド法によるスクリーニングの結果として, DNA ポリメラーゼサブユニットや DNA 修復関連因子などのいくつかの候補因子が得られた。これら候補因子が植物細胞内で実際に相互作用をしているかを BiFC 法や共免疫沈降法により確認した。

P-019

セントロメア配置制御の生物学的意義の探索

¹御子侑香, ¹坂本卓也, ¹山下朋恵, ^{1,2}坂本勇貴, ^{1,2}松永幸大

¹東理大・理工・応用生物科学, ²東理大・総研

シロイヌナズナの間期核ではセントロメアが散在する。我々はこれまでに, コンデンシン(Cnd)II やいくつかの核膜タンパク質がセントロメアの散在に必須であることを発見した。本研究では, 適切なセントロメア配置の生物学的意義の探索を試みた。まず Hi-C 法により染色体相互作用を解析したところ, Cnd II 変異体ではセントロメア近傍で変化が見られたが, 遺伝子発現と関わると考えられている染色体ドメイン構造は保たれていた。一方, Cnd II の欠損は DNA 損傷高感受性を引き起こすことが知られている。我々は異常なセントロメア配置を示す核膜タンパク質の変異体でも, DNA 損傷高感受性を示すことを発見した。以上より, シロイヌナズナにおいて適切なセントロメア配置と関連した染色体の高次構造が, ゲノム安定性に重要であることが示唆された。

P-020

DNA 損傷耐性における26S プロテアソームサブユニットのリン酸化の解析

荒川雄太, 坂本卓也, 松永幸大
東京理科大・理工・応用生物科学

真核生物において多くの細胞プロセスが, 主要タンパク質分解系であるユビキチンプロテアソーム経路を介して調節される。この経路では, 26S プロテアソームがユビキチン化タンパク質を能動的に分解することが知られている。我々はこれまでにシロイヌナズナにおけるストレス応答において 26S プロテアソームの機能に焦点を当てて解析を行い, 26S プロテアソームのサブユニットである RPT5a が DNA 損傷応答に関与していることを示してきた。本発表では, DNA 損傷応答における RPT5a の機能がオーロラキナーゼによるリン酸化制御を受ける可能性について報告する。

P-021

PCNA1 に着目した細胞周期制御の解析

山岡珠子, 坂本卓也, 八木慎宜, 松永幸大
東京理科大・理工・応用生物科学

植物は様々な器官・組織から構成されている。これらの器官・組織を構成する細胞はそれぞれ固有の細胞周期を持つことが知られている。細胞周期の進行をリアルタイム観察することによって植物体における細胞周期の制御を詳細に解析できることが期待される。植物では既に細胞周期マーカーが報告されており、PCNA1 は細胞周期の進行に伴い核内局在が変化することで S 期に特化した細胞周期マーカーであることが知られている。一方で、S-G2 期マーカーである Cdt1a と M 期マーカーである CYCB1 を合わせた Cytrap という細胞周期ラインが報告されており、PCNA1 と Cytrap を組み合わせることにより全ての細胞周期が区別可能な細胞周期ラインの確立に成功した。

P-022

シロイヌナズナ DNA 損傷応答における相同組換え因子 RAD54 の動態解析

平川健, 松永幸大
東理大・院・理工・応用生物科学

DNA 損傷は突然変異の原因となるため速やかに修復される。DNA 損傷応答において、細胞核では修復因子が損傷部位に集積した結果ドット状の構造体(DNA 修復フォーサイ)が形成されるが、単細胞レベルでの知見がほとんどであり植物を含む個体レベルの解析例は少ない。

RAD54 は相同組換えに働くクロマチンリモデリング因子であり、植物では DNA 損傷応答でのクロマチン動態制御に関わる。シロイヌナズナ DNA 損傷応答における RAD54 の局在を調べた結果、RAD54 は細胞核において DNA 修復フォーサイを形成して、かつその形成には組織領域および細胞種特異性があることがわかった。修復フォーサイと核内構造体との関係解析も進めているので、併せて報告する。

P-023

植物における新奇核膜内膜タンパク質の探索

渡邊水音¹, 坂本勇貴², 松永幸大¹
¹ 東京理科大学・理工・応用生物科学, ² 東京理科大学・総研・イメージングフロンティア

核膜は、外膜と内膜の二重膜構造を成す。核膜内膜の内側では核ラミナが核膜を支えている。動物細胞ではラミンが核ラミナを形成し、ラミン B 受容体、SUN、エメリンなどの核膜内膜タンパク質と相互作用している。これらは核の形態維持や DNA 損傷修復応答、遺伝子発現制御に関わっている。一方植物では核膜内膜タンパク質はほとんど同定されていない。本研究は植物における新奇核膜内膜タンパク質の同定を目的とする。植物で核ラミナを形成する CRWN1 と相互作用するタンパク質を IP-MS により同定し、その中から膜貫通ドメインを持つ 41 個の核膜内膜タンパク質候補を選抜した。それぞれのタンパク質を蛍光タンパク質でラベルして観察したところ、複数のタンパク質が核膜に局在していた。

P-024

側根原基の形態形成に重要な細胞性質—数理モデルからの予想—

藤原基洋, 藤本仰一
大阪大学・院・理・生物科学

根の先端部には、根の成長に欠かせない根端分裂組織があり、その形状はドーム型を示す。根端分裂組織が形成できない変異体の側根原基の多くではドーム形状が崩れている。根が正常に成長するために、細胞性質を制御してドームを形成する必要がある。しかし、どの細胞性質の制御が重要かわかっていない。*Arabidopsis* の側根原基の形態形成において、ドーム形状がどう形成されるのか、数理モデルを用いて解析した結果、側根原基のドーム形状はカテナリー曲線を示すことがわかった。カテナリー曲線は、両端を固定して一方向に力がはたらくと形成される安定な形状で、側根原基においてもカテナリー曲線にみられる性質が重要だと予想する。

P-025

タバコ培養細胞 BY-2 の細胞死誘導過程における DNA 断片化へのタンパク質合成阻害の影響

岡崎多希子¹, 澤井優¹, 坂田実咲¹, 岩口伸一², 酒井敦²

¹奈良女子大学・院・人間文化, ²奈良女子大学・理

タバコ培養細胞 BY-2 では, クリプトゲイン(卵菌由来のエリシター)投与, 高濃度のニコチンアミド投与, 静置培養のいずれの方法によっても, 核 DNA のヌクレオソーム単位の断片化を伴う細胞死が 100 %の効率で誘導される. 本研究では, これら 3 種類の細胞死誘導過程について比較検討を行った. クリプトゲイン投与の場合には, シクロヘキシミド処理によりタンパク質合成を阻害すると細胞死や核 DNA の断片化が抑制されるが, 高濃度のニコチンアミド投与や静置培養の場合には, シクロヘキシミド処理しても細胞死や核 DNA の断片化は抑制されなかった. このことから, クリプトゲイン誘導性細胞死は *de novo* のタンパク質合成を必要とするという点で, その他 2 種類の細胞死とは実行プロセスが大きく異なると考えられる.

P-026

26S プロテアソーム変異体を用いた根の肥大化機構の解析

坂本 卓也, 松永 幸大
東理大・理工・応用生物

26S プロテアソームは真核生物に広く保存されるタンパク質分解装置であり, 植物の発生の様々な局面において重要な働きをしている. これまでに, 我々はシロイヌナズナの根端分裂組織の維持におけるプロテアソームの機能について解析を行ってきた. その中で, 偶然にも, いくつかのプロテアソーム変異株にオーキシン輸送阻害剤及び DNA 損傷試薬を同時処理することにより, 根端に糖の蓄積がみられる塊根様の組織が形成されることを発見した. そこで, 一般的な塊根植物の塊根形成の分子機構に迫れる可能性があると考え, この塊根形成現象を解析した結果, 一般的な塊根形成プロセスとプロテアソーム変異株での根端肥厚化におけるプロセスに共通点が見出されたので報告する.

P-027

ASHH2 は光合成や糖代謝経路を介して植物再生を制御する

勝山雄喜¹, 杉本薫¹, 石原弘也¹, 角倉慧¹, 石橋和樹¹, 長谷川淳子¹, 乾弥生¹, 坂本卓也¹, 寺島一郎², 鈴木孝征⁴, 澤田有司³, 平井優美³, 関原明³, 松永幸大¹

¹東理大・理工・応生, ²東大・理学・生物科学, ³RIKEN・CSRS, ⁴中部大・応用生物

in vitro 植物再生実験系では, 特定の培養条件下で, 一度分化した細胞からカルスとよばれる多分化能をもつ細胞塊を誘導し, このカルスから, 根や地上部を再生する. 本研究では, ゲノムワイドに遺伝子発現制御を行なうエピジェネティック因子に注目し, その再生における役割を明らかにするために, ヒストン修飾酵素変異体を用いてスクリーニングを行った. その結果我々は, *ASHH2* の変異体では, 野生型と比較して, カルスの細胞増殖が抑制されることを発見した. さらに我々は, 遺伝子発現, ヒストン修飾, 代謝産物の網羅的解析と変異体解析等により, *ASHH2* がグルコース代謝および光/光合成経路を介して, カルスの細胞増殖やシュート再生効率を制御していることを示唆した.

P-028

ハイパースペクトルおよび凍結切断法によるヘマトコッカス細胞の色素とオイル顆粒の光応答動態解析

大田修平^{1,4}, 森田彩¹, 大貫慎輔¹, 平田愛子², 関田諭子³, 奥田一雄³, 大矢禎一¹, 河野重行^{1,5}

¹東京大・院・新領域, ²東京大・院・バイオイメージングセンター, ³高知大・院・黒潮圏, ⁴国環研, ⁵東京大・FC 推進機構・機能性バイオ PJ

緑藻ヘマトコッカスは, カロテノイドの一種アスタキサンチンを細胞中心部に蓄積した緑赤色シスト細胞を形成する. 緑赤色シスト細胞に強光を照射すると, アスタキサンチンが細胞質に拡散し, 約 10 分後には細胞壁直下に達する. 本研究では光照射に応答する各種色素の細胞内動態を調べるため, ハイパースペクトルカメラによるイメージング解析をおこなった. ハイパースペクトルカメラは高いスペクトル分解能をもち, 細胞内色素の分布や量を推定できる. 解析の結果, 各種色素のうち, アスタキサンチンのみが強光に応答して細胞質部分を移動した. また, 急速凍結切断法による TEM 観察では, 光照射後, 葉緑体の周辺部にリポイド顆粒 (LD) の増加が見られた. アスタキサンチンは, LD に溶解した状態で強光に応答し細胞質を移動することが確かめられた.

P-029

Dynamics of Microtubules and Nucleation Complexes in Plants

八木慎宜¹, 松永幸大¹, 橋本隆²
¹東京理科大・理工・応用生物, ²奈良先端大・バイオ

Microtubule (MT) is a conserved dynamic biopolymer, composed of α - and β -tubulin heterodimer subunits, and its de novo formation depends on γ -tubulin containing ring complexes (gTuRCs). In interphase cells of higher plants, MTs are located beneath plasma membrane at the cell cortex. These cortical MTs (cMTs) are initiated from the sides of pre-existing cMTs, either at a branching manner or in a parallel orientation. In Arabidopsis, although the antiparallel configuration, where two bundled MTs grow in the opposite directions, is favored, bundle-forming nucleation is reported biased to generate daughter MTs with the parallel configuration.

In this study, we performed simultaneous live imaging of cMTs and gTuRC dynamics in Arabidopsis cells. Our results indicate that an antiparallel orientation is preferred in bundle forming nucleation. We also found that gTuRC contributed MT dynamics regulation in addition to their essential roles in MT nucleation.

P-030

シロイヌナズナの組織によるシュート再生能の差異とその制御に関する因子の解析

豊田悠真¹, 杉本薫¹, 角倉慧¹, 関原明², 松永幸大¹
¹東理大・理工・応用生物科学, ²理研・CSRS

私は、植物の再生能が組織や器官によって異なることに注目し、植物の再生能の獲得、維持に関与する因子の探索、単離同定とその解析をすることを目的として研究を行なっている。

シロイヌナズナの器官再生系では、植物体の組織片を適当な培養条件で培養することで、多能性を持った細胞塊であるカルスを形成させ、カルス組織から新規に根や葉(シュート)を再生することができる。私は、あるヒストン脱メチル化酵素の変異体のシュート再生効率が、野生型と比較して、根においては抑制、葉においては促進されることを発見した。そして各組織の再生効率に影響を与える培養条件と再生過程における遺伝子マーカーの発現について比較解析を行った。

P-031

ゲノム編集技術で植物クロマチンを可視化する

藤本聡, 松永幸大
東理大・理工・応用生物科学

TALEN, CRISPR/CAS9 といったゲノム編集技術は DNA 配列特異的結合能とヌクレアーゼ活性を用いて、標的遺伝子を改変する。この DNA 配列特異的結合能と蛍光タンパク質を用いて核内で特異的な DNA 配列を可視化することが原理的には可能である。

これまでに TALE を用いてシロイヌナズナクロマチン反復配列を生細胞で可視化する TALE-FP 法を開発し、繰り返し配列の可視化に成功した。TALE-FP 法はシロイヌナズナだけではなく、他の植物でも適用が可能であった。さらに現在 TALE よりも構築が簡便で汎用性が高いと考えられる dCAS-FP の開発も進めており、その現状を報告する。

P-032

平面状群体を形成するゴニウム(緑藻綱, ボルボックス目)の胚発生の解析

山下翔大, 野崎久義
東京大学・院・理・生物科学

ボルボックス系列緑藻において、平面状群体から球状群体への進化はボルボックス科とアストレフォメネ属の 2 つの系統で独立に起こったとされており、それぞれ胚発生で異なる球状群体形成の細胞生物学的メカニズムを用いている。しかし、これらのメカニズムを平面状群体の祖先の段階でも持っていたかどうかは不明瞭であった。本研究では現存の平面状群体をつくる種であるゴニウムについて、光学顕微鏡タイムラプス撮影を中心とした胚発生の解析を行なった。ゴニウムではボルボックス科やアストレフォメネでみられる細胞生物学的メカニズムは観察されず、それらが球状群体の進化とともに新たに獲得されたものであることが示唆された。

P-033

X線マイクロCTによるシロイヌナズナ根系形態解析の試み

黒金智文¹, 松井亮², 玉置大介¹, 矢野幸子³, 谷垣文章³, 嶋津徹^{3,4}, 笠原春夫⁵, 山内大輔⁶, 上杉健太郎⁷, 星野真人⁷, 峰雪芳宣⁶, 神阪盛一郎¹, 唐原一郎¹
¹富山大・院・理工, ²富山大・理, ³宇宙航空研究開発機構, ⁴日本宇宙フォーラム, ⁵有人宇宙システム, ⁶兵県大・院・生命理学, ⁷高輝度光科学研究センター

シンクロtron放射光を用いた屈折コントラスト法でのX線マイクロCTにより, ロックウール中で生長させたシロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh., Ler 株) の根系全体の可視化を試みた. シロイヌナズナの根をロックウール中で成長させた後, 乾燥させた. 大型放射光施設 SPring-8 の BL20B2 ビームラインにおいて, 25 keV の X 線を用いて実効ピクセルサイズ 25.5 μm の投影像を取得しトモグラムの再構成した. その結果, ある程度根系の像が確認され, 主根の基部側から根系をトレースできることがわかってきた. 現在, 画像再構成時のフィルター条件を検討している. 本研究は JASRI 利用課題 2014A1265, 2014B1225, 2015B1556, 2016A1390 で行った.

P-034

シロイヌナズナ小型葉変異株 *oligocellula1* の抑圧変異株の探索

鈴木真里奈¹, 篠塚奈々絵¹, 塚谷裕一^{2,3}, 堀口吾朗^{1,4}
¹立教大・理・生命, ²東大・院・理, ³NINS・岡崎統合バイオ, ⁴立教大・理・生命理センター

シロイヌナズナの *oligocellula1* (*oli1*) は, 細胞数の減少を主要因とする小型葉突然変異株である. *oli1* の原因遺伝子は, ストレス応答性遺伝子の発現抑制に関わる *HIGH EXPRESSION OF OSMOTICALLY RESPONSIVE GENES15* (*HOS15*) と同一である. 我々は, *oli1* と *histone deacetylase9* (*hda9*) の遺伝学的解析から, これらの遺伝子が同一経路で働くことを見出している. *OLI1* 経路で働く細胞増殖制御に重要な因子を同定するため, *oli1* の抑圧変異株の探索を進めたところ, *oli1* よりも大型葉を形成する系統が幾つか得られた. 本大会では, これらの系統の表現型を報告する.

P-035

ゼニゴケの発生における AN3-GRF-BRM 複合体の役割の解析

齋藤美永子¹, 長野夏未¹, 塚谷裕一^{2,3}, 堀口吾朗¹
¹立教大・理・生命, ²東大・院・理, ³岡崎統合バイオ

シロイヌナズナでは植物特異的転写因子の一種 GROWTH-REGULATING FACTOR (GRF) とその補助因子 ANGUSTIFORIA3 (AN3) からなる複合体が ARAHMA (BRM) あるいは SPLAYED を含むクロマチンリモデリング複合体を標的遺伝子上に動員して転写制御を行う. 発生において, AN3-GRF-BRM 複合体はシュートの正常な分化に必要である. これらの因子はコケ植物にもホモログが存在しているが, 複合体形成能や発生における機能は不明である. そこで, これらゼニゴケホモログのタンパク質間相互作用, 細胞内局在性および機能欠損変異体において解析を進めており, その結果について報告する.

P-036

同位体イメージングを用いたポプラ葉内における光合成産物の追跡

竹内美由紀¹, 則定真利子², 磯貝明¹
¹東大・院・農, ²東大・アジアセンター

樹木における炭素の移動と木部への堆積の過程を明らかにすることを目的として, 安定同位体標識二酸化炭素 ($^{13}\text{CO}_2$) を用いたパルスラベリングと二次イオン質量分析法による同位体イメージングを行った. 光合成により $^{13}\text{CO}_2$ を取り込ませた葉では, 主にデンプン粒に存在する標識 ^{13}C の分布を可視化し観察することができた. $^{13}\text{CO}_2$ 投与後の時間経過にともなう葉内の標識 ^{13}C の分布の変化やデンプン粒形成, および投与時期の違いによる取り込みの差について検討を行った.

P-037

タマネギ根端分裂組織の分裂準備帯形成と核周期進行の部分的脱共役を薬剤で誘導した時の分裂準備帯形成過程の解析

大塚礼己, 中井朋則, 山内大輔, 峰雪芳宣
兵庫県大・院・生命理学

分裂準備帯 (PPB) は G2 期に細胞表層に幅の広い微小管とアクチンの帯として出現するが, 分裂前期の最後には幅の狭い微小管帯と二極性紡錘体が形成され, アクチンは PPB から排除される. タマネギ根端細胞では, 薬剤を使うことで S 期あるいは前期の適当な時期で核周期進行と PPB 形成を脱共役できる. 本研究では, 薬剤を使ってこの 2 つの時期で核周期進行を阻害した時, PPB 形成の過程はどの時点で進行可能か調べた. その結果, S 期で阻害した場合は, 幅の狭い微小管帯を持つ細胞が減少しているが, S 期阻害剤を洗浄して培養すると正常な PPB 形成が同調的に進行することがわかった. 前期の進行を阻害した場合は, 核は間期に戻るが, PPB の微小管帯とアクチン帯は正常に形成された. また, 二極性紡錘体の形成を開始する過程までは進行しなかった.

P-038

シロイヌナズナ ATG2 変異体における PI3P と ATG18a の局在解析

霜田圭祐¹, 早乙女真穂¹, 及川和聡², 真野昌二³, 西村幹夫³, 林八寿子¹

¹新潟大学大学院・自然科学, ²理研 CSRS, ³基生研・多様性生物

シロイヌナズナ ATG2 変異株の子葉細胞内には, 異常なペルオキシソームが蓄積しており, 子葉の発達過程におけるペキソファジーの重要性が示唆された (Shibata et. al, 2013). ペキソファジーの隔離膜形成には, 標的ペルオキシソームの認識機構や関連因子の移動, 集積, 及び, 因子間での結合等が重要である. 今回我々は, 隔離膜形成が進行せず, 前駆体形成段階で停止している ATG2 変異株を用いて, 酵母等で ATG2 や ATG9 と複合体を形成する ATG18, 及び, ATG18 が認識し結合するリン脂質の PI(3)P の局在を免疫電子顕微鏡法で解析した. 現在までに得られた結果からペキソファジーの隔離膜形成初期における関連因子の挙動を考察する.

P-039

幹細胞を欠く側根を形成するシロイヌナズナ *rfc3* の抑圧変異株の解析

長嶋友美¹, 大城克友¹, 岩瀬晃康¹, 中村栞理¹, 中田未友希², 堀口吾朗^{1,2}

¹立教大・理・生命, ²立教大・理・生命理センター

被子植物の側根は主根の内鞘細胞から生じる. 側根原基内では, 主根と同様の幹細胞ニッチが再生される. 我々は幹細胞群を欠く異常な側根を形成する *regulator of fatty acid composition 3 (rfc3)* を解析している. *rfc3* は原核型リボソームタンパク質 S6 ファミリーに属するプラスチド局在性タンパク質を欠損することから, プラスチドが側根の発生に重要な役割を持つ可能性が示唆される. しかし, *rfc3* の側根異常が引き起こされる過程はほとんど不明である. そこで本研究では, この過程に関与する新規因子を見出すため *rfc3* の表現型を抑圧する変異体を単離し, 表現型解析および原因遺伝子の同定を進めている.

P-040

葉緑体に局在する LysM ドメイン含有タンパク質のヒメツリガネゴケ遺伝子破壊ラインを用いた解析

橋元恵里奈¹, 松下祐美¹, 森仁志², 瀧尾進³, 武智克彰⁴, 高野博嘉^{4,5}

¹熊大・院・自然科学, ²名大・院・生命農学, ³熊大・水循環減災セ, ⁴熊大・院・先端科学, ⁵熊大・パルス研

細菌の細胞壁成分ペプチドグリカン (PG) は, 細菌に物理的強度を与え, 分裂時の隔壁形成にも関わる. 我々は蘚類ヒメツリガネゴケ葉緑体に PG が存在することを明らかにしている. 細菌で PG 合成の最終段階で働くペニシリン結合タンパク質 (PBP) は複合体を形成して機能する. ヒメツリガネゴケ (Pp) PBP と共免疫沈降するタンパク質群の中に, PG 結合能が報告されている LysM ドメインを含む PpLym1-1, PpLym1-2, PpLym2 を見出した. 現在, GFP 融合タンパク質を用いた細胞内局在解析と, 遺伝子破壊ラインの作成を進めている.

P-041

ムギ類赤かび病菌に対する植物の侵入抵抗性を評価するイメージング法の確立の試み

玉置大介¹, 西内巧²

¹富山大学・院・理工, ²金沢大学・学際・遺伝子

植物病原糸状菌であるムギ類赤かび病菌の植物体内への侵入機構およびこれに対する植物側の侵入抵抗性機構については不明な部分が多い。赤かび病菌は菌糸の侵入の際に付着器などの構造体を形成しないので、従来の観察法では植物体内への侵入を判別できない。本研究では、ムギ類赤かび病菌に罹病性であるシロイヌナズナをモデル系とし、菌糸の侵入・進展を定量的に評価できるイメージング法の確立を試みた。Alexa Fluor 488 コムギ胚芽凝集素により菌糸を蛍光染色し、透明化したサンプルを共焦点顕微鏡観察することで、菌糸の侵入や、葉内への伸展を可視化できた。また得られた像からモデルを作製し、植物体内の菌糸長の定量も可能となった。

P-042

コケで巨大葉緑体形質を示し、シロイヌナズナでアルビノの植物体となる *MurE* 遺伝子破壊ラインのカラマツ *MurE* も用いた種間相補解析

工藤裕美¹, 林晓飞², 瀧尾進³, 武智克彰⁴, 高野博嘉^{4,5}

¹熊大・院・自然科学, ²内蒙古大・生命科学, ³熊大・くまもと水循環減災センター, ⁴熊大・院・先端科学, ⁵熊大・パルス研

我々は、ヒメツリガネゴケに全10種のペプチドグリカン(PG)合成遺伝子群が保存されていること、それらの酵素により作られるPGによって葉緑体が覆われていることを明らかにしてきた。PG合成系遺伝子 *MurE* を破壊したコケでは葉緑体分裂障害が出る。一方、*MurE* のシロイヌナズナ T-DNA 遺伝子破壊ラインは葉緑体遺伝子の発現低下によりアルビノとなる。近年、ゲノム解析から裸子植物に *MurE* を含む全10種のPG遺伝子が見いだされた。我々はカラマツの *MurE* (*LgMurE*) 遺伝子を単離し、種間相補実験を行ったところ、*LgMurE* はシロイヌナズナの変異形質を相補できたが、ヒメツリガネゴケではできなかった。現在、*AtMurE* と *PpMurE* のキメラタンパク質による相補実験を進めている。

P-043

重イオンビーム照射クロレラ変異体:屋外培養での栄養塩飢餓によるオイル蓄積誘導

竹下毅¹, Ivan Nedyalkov Ivanov², Kateřina Bišová², Vilém Zachleder², 石井公太郎³, 風間裕介³, 阿部知子³, 河野重行¹

¹東京大・FC推進機構・機能性バイオPJ, ²チェコ科学アカデミー・微生物学研究所, ³理化学研究所・仁科加速器研究センター

パラクロレラ(*Parachlorella kessleri*)に炭素またはアルゴンの重イオンビームを照射して変異株を得た。そのひとつである変異株PK4を用いて屋内と屋外の2つの培養系でデンブンとオイルの蓄積動態と生産効率をルゴール染色とナイルレッド染色を用いて定量した。オイル蓄積を誘導するために培地を水で希釈したところ、PK4株はWT株に比べて培地希釈後に急激にオイルを蓄積した。屋外大量培養では、PK4株を薄層光バイオリアクター(150 L)で希釈法を用いて培養し、オイル含有率66%を達成した。このPK4株の遺伝子欠失部位を解析したところ、1か所の欠失と2か所の一塩基置換(SNPs)が見つかった。SNPsの一つではマンナン分解酵素遺伝子が欠失しているため、野生株とPK4株の細胞壁を電子顕微鏡で比較した。

P-044

遺伝子の核内配置制御を介した発現調節機構の解析

坂本勇貴¹, 高木慎吾², 松永幸大^{1,3}

¹東理大・総研・イメージングフロンティア, ²大阪大・院・理, ³東理大・理工・応用生物

シロイヌナズナにおいてCRWNタンパク質は核ラミナの主要構成要素であると考えられている。本研究ではCRWNが核内での遺伝子配置を制御することで遺伝子発現調節に関与する可能性を検証した。*crwn1/crwn4*において遺伝子発現解析を行うと、野生株に比べ銅輸送関連遺伝子群の発現量が減少していた。*crwn1/crwn4*を銅過剰培地で生育させると野生型に比べ銅輸送関連遺伝子群の発現が減少し、生体重量も減少することが示された。銅輸送関連遺伝子群の核内配置をFISH法により可視化すると、銅過剰条件下で核の周縁部に位置を変えることが明らかになり、その変化が*crwn1/crwn4*では見られなくなった。

P-045

顕微鏡観察を基盤にしたミトコンドリア分裂・融合動態のシングルセルオミクス解析

吉田大和, 谷口雄一
理研・QBiC・一細胞 U

細胞内共生を起源とするミトコンドリアは分裂によってのみ増殖するが, 高等動植物の細胞内では分裂だけでなく融合も行っており, 細胞内におけるミトコンドリアの数や動態は細胞毎に全く異なっている. これまで一細胞内で全ミトコンドリア分裂・融合遺伝子群の発現動態を解析することは不可能であったため, ほとんど明らかになっていなかった. 我々は最近, 一分子 mRNA FISH 法を基盤にした多階層シングルセルオミクス解析を確立した. この解析技術を用いて一細胞内における全ミトコンドリア分裂・融合遺伝子群の発現動態を mRNA 一分子レベルから定量解析を行った結果, ミトコンドリアの時空間的な動態と関連遺伝子群の発現には興味深い関係があることが分かってきた.