

名古屋大学
遺伝子実験施設
2024



目次

施設長あいさつ	3
スタッフの紹介	4
施設について	5
研究紹介 遺伝子解析分野	6
遺伝子実験施設の教育・社会貢献	9
研究紹介 植物ゲノム解析分野	10
アクセス	15



施設長あいさつ



遺伝子実験施設長 多田安臣

前遺伝子実験施設長の木下俊則教授から引き継いで、2023年4月から施設長を務めております、遺伝子実験施設の多田安臣です。遺伝子実験施設は、1) 本学における組換えDNA実験の安全確保の中心となり、関連する大型設備を学内の共同利用に供すること、2) 遺伝子研究の中核拠点として植物固有の現象でかつ生物科学上のインパクトの高い重要な生命現象を念頭においた国際的に水準の高い遺伝子研究を推進することを目的として、昭和59年に創設されました。

1つ目の柱である共同利用機器・サービスについては、共通機器として大型高速遠心機のような汎用機器から次世代DNAシーケンサーのような先端機器まで多くの機器を擁し、学内外の研究者による利用を積極的に推進しています。また、近年低価格化の進む外注サービスにも負けない共同利用サービスを行うため、キャピラリーDNAシーケンサーサービスでは、遺伝子実験施設の教員らの努力により、低価格、早い結果通知、解析直前までのサンプル受付等、学内で解析を行うメリットを最大限に引き出すことで研究推進の加速に貢献しており、学内の60以上の研究室から、年間約3万サンプルの解析を行っています。加えて、昨今、生命科学分野では、より大量のシーケンス情報を提供する次世代DNAシーケンサーによる解析が不可欠となってきています。そこで遺伝子実験施設では、名古屋大学卓越大学院プログラム「トランスフォーマティブ化学生命融合研究大学院」と連携し、最新の次世代DNAシーケンサーIllumina NextSeq550を用いた共同利用サービスを2019年度より開始しました。これまでに学内の35以上の研究室から、2200サンプル以上の依頼解析を行っており、こちらも低価格、高精度、早い結果通知に努めています。

もう一つの柱である国際的に水準の高い遺伝子研究の中核拠点を担うという観点では、2014年4月から多田が遺伝子実験施設での研究活動を開始し、2018年4月には野元美佳講師が加わり植物の免疫応答に関与する遺伝子の機能についての研究を進めています。この研究過程で、安価で簡便かつ大規模なタンパク質合成を可能とする「新奇のin vitro タンパク質合成法」を独自に確立し、特許取得やNEDO・TCP2015 最優秀賞の受賞を経て、より多くの研究者に利用してもらうべく、学内での共同利用サービスが開始されました。また、野元講師はロレアルーユネスコ女性科学者日本奨励賞（2018年7月）やロレアルーユネスコ女性科学賞—国際新人賞（2019年3月）を受賞し、2022年からはさがしかけ研究員としても活躍しています。さらに、2020年4月からは打田直行教授が新たに着任し、その打田教授の研究グループには日本植物学会若手奨励賞（2019年9月）を受賞した肥後あすか助教も8月から加わりました。この新グループは植物の形づくりと成長に関わる遺伝子の機能について世界最先端の研究を推進していきます。加えて、2018年からは、元遺伝子実験施設助教授で、現在、理化学研究所・環境資源科学研究センター・特別顧問の篠崎一雄先生が遺伝子実験施設に特別教授として着任され、杉浦昌弘特別教授とともに、強力に先端遺伝子研究を推進しております。

現代において生命科学分野、特に遺伝子研究の重要性は益々高まっており、遺伝子実験施設は本学における遺伝子研究の中核拠点として、より多くの関連分野の研究者の研究推進に貢献したいと考えています。皆様の研究推進に役立つ施設となっているのか？ 利用しやすい施設となっているのか？ 遺伝子実験施設の教員一同、常に考えているところではありますが、多くの要望があると思いますので、皆様の声を是非お聞かせ下されば幸いです。

最後になりますが、遺伝子実験施設の重要性を理解し、ご支援くださっている名古屋大学や理学研究科の皆様がこの場を借りて深く感謝いたします。

2023年8月 遺伝子実験施設長 多田安臣

スタッフの紹介

施設長 教授 多田安臣

遺伝子解析分野

教授 打田 直行 植物個体内の多細胞秩序の構築・維持・変化の仕組み
助教 肥後 あすか 茎頂分裂組織から発信されるシグナルによる個体統御プロセスの解明

生命の設計図であるゲノムが迅速に解読できる時代が到来し、様々な生物種のゲノム解読が進んでいます。解読されたゲノムには、生命の部品である遺伝子が（種ごとに違いますが）数万以上存在していますが、この設計図を手にしてあらためて気づくことは、ゲノム全体をただ眺めていても、それら数万の遺伝子1つ1つの機能は分からない、という事実です。すなわち、ゲノム全体を俯瞰できる今こそ、1つ1つの遺伝子機能を解明する重要性が再認識されていると言えます。ただし、このゲノム解読時代に各遺伝子の機能を解明するにあたっては、以前とは異なる視点が必要です。それぞれの遺伝子に各々の役割があるとは言え、実際は各遺伝子ごとに他の多数の遺伝子と協調し連動しながら機能しています。全遺伝子を解析対象にできる今の時代には、個別の遺伝子機能を解析するにも、ゲノム全体を常に意識する観点が大事になります。

遺伝子解析分野では、植物を題材に、ゲノム全体を俯瞰できる時代ならではの手法を駆使して、未解明の現象における遺伝子機能の解明を進めています。

植物ゲノム解析分野

教授 多田 安臣 ストレス応答を制御する植物ホルモンシグナル
准教授 井原 邦夫 微生物ゲノム構造機能解析から生命システムを探る
助教 野元 美佳 環境シグナルによる植物免疫調節機構

ゲノム計画の進展により、シロイヌナズナ（2000年）やヒト（2001年）の全ゲノム配列が決定されました。個々の遺伝子を対象に研究する「遺伝子の時代」からゲノムに含まれる全遺伝子を念頭に置いて網羅的に研究する「ゲノムの時代」の幕開けです。植物分野でも、今後はゲノム情報を活用して「植物固有の重要な現象を解明する」時代になりました。「植物固有のゲノム構成の意義」や「植物ゲノムの起源と進化」、「核、葉緑体、ミトコンドリアの各ゲノム間の相互作用」などの未解明の重要課題にもせまることができます。またゲノム情報の品種改良などへの応用が進むことが期待されています。

研究内容は分子遺伝学を基盤として、ゲノム学の立場から植物の未解明の現象を分子レベルで解明することを目指しています。古細菌や藍色細菌などの原核生物や藻類、コケ、高等植物などの真核生物を生物材料に用いて研究を進めています。

招へい教員

神取 秀樹 客員教授（教授 名古屋工業大学）
長谷部 光泰 客員教授（教授 基礎生物学研究所）
今泉 貴登 客員教授（教授 ワシントン大学）
鈴木 孝征 客員教授（教授 中部大学）
杉浦 昌弘 （特別教授 名古屋大学）
篠崎 一雄 （特別教授 理化学研究所）

施設について

施設サービス

キャピラリーシーケンスサービス
次世代シーケンスサービス
無細胞タンパク質合成サービス

共通利用機器類

次世代 DNA シークエンサー

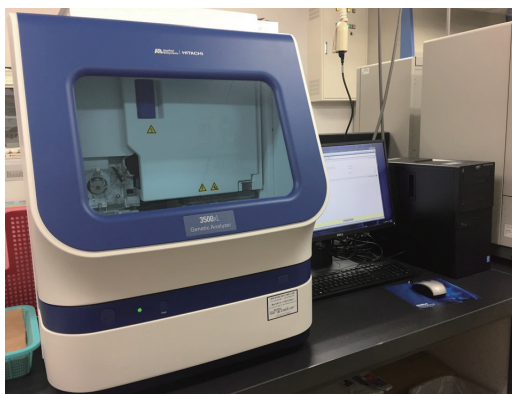
DNA シークエンサー（2 台）
リアルタイム PCR システム
DNA マイクロアレイ解析装置
マルチラベルリーダー
イメージアナライザー
マイクロプレートリーダー
超高感度化学発光撮影装置
マイクロチップ電気泳動システム
超音波破碎装置
細胞破碎装置
遺伝子導入装置
蛍光分光光度計
円二色性分光光度計
二次元クロロフィル蛍光測定器
超遠心機
大型遠心機
大型振とう培養器

Illumina 社 MiSeq
Illumina 社 NextSeq550
Applied Biosystems 社 Genetic Analyzer 3500xL
Applied Biosystems 社 StepOnePlus
Axon Instrument 社 GenePix4000
PerkinElmer 社 2030ARVO X4
GE Healthcare 社 Typhoon FLA9000
MOLECULAR DEVICES 社 SpectraMax M5e
ATTO 社 LuminoGraphIII
Agilent Technologies 社 2100 バイオアナライザ
Covaris 社 Model S2
BioNeb
BioRad 社 GenePulser
日立社 F4010
日本分光社 J700
F Photon Systems Instruments 社 EMFluorCam800MF
日立社 SCP55H、ローター ;P28S
クボタ社 7780II ほか
TAITEC 社 BR-180LF ほか

年間行事

6 月 名大祭研究室公開
公開講座
共同利用講習会（上半期）
8 月 Jr. サイエンス教室
8 月 大学説明会・施設公開
10 月 共同利用講習会（下半期）
11 月 全国遺伝子実験施設連絡会議
12 月 公開セミナー
2 月 卒業研究発表会、学位発表会

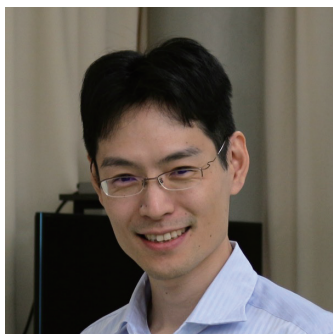
＊ 遺伝子実験施設の利用を希望される方は「遺伝子実験施設利用申請書」を提出し、承認を得た上で利用して下さい。



キャピラリー DNA シークエンサー
ABI PRISM 3500xl Genetic Analyzer



次世代シーケンサー
Illumina 社 NextSeq550



植物個体内の多細胞秩序の構築・維持・変化の仕組み 細胞間コミュニケーションと個体統御システム

打田 直行 教授

1999年3月 東京大学 薬学部 薬学科 卒業、2004年3月 東京大学大学院 薬学系研究科 機能薬学専攻 博士後期課程 修了・博士（薬学）、2004年4月 カリフォルニア大学デービス校・博士研究員、2007年9月 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科・博士研究員、2008年9月 奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科・助教、2013年4月 名古屋大学 トランスフォーマティブ生命分子研究所・特任准教授、2020年4月より現職。

研究内容

多細胞生物の個体内では、多種多様な細胞群が互いに連絡を取り合い協調して活動しています。その結果、多細胞の集合体である個体の形が巧みに作られたり、環境の変化に個体として柔軟に対応したりすることができます。私たちの研究室では、それら細胞群の秩序がいかに作られ維持されるのか、また、その秩序が状況に応じていかに変化するのか、に興味を持ち、それらの制御のために作動する仕組みの解明を目指しています。とりわけ、芽生えた場所の変わりゆく環境の中で柔軟に生き抜くための様々な戦略を進化の中で獲得してきた植物を題材に、多細胞秩序のために細胞間で伝達される様々な情報の分子実体の追求や、その情報伝達のメカニズムの解明、関連する遺伝子群の機能解析、に取り組んでいます。また、それら情報分子群の働きの人為的な改変も進めています。さらに、独自に発見した従来にない作用を持つ人工化合物を活用して多細胞秩序の新制御点を発掘する試みも行っています。

1) 多細胞秩序の構築・維持・変化の調節のために、細胞間で伝達される情報の分子実体に迫る

- ・未解明の役割を担う情報分子群の探索
- ・その作用発揮メカニズムの解明

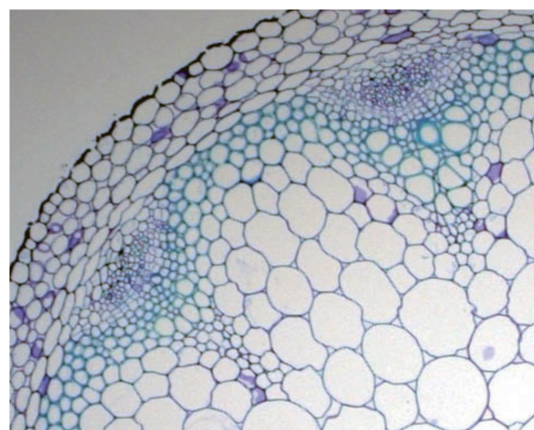
2) 情報分子群の作用や能力の改変や操作を通じて、多細胞秩序をより深く理解する

- ・情報分子群の人為的な改変や操作
- ・ケミカルバイオロジー（生物学と化学の融合手法）の活用

3) 従来にない作用を持つ化合物を活用して、多細胞秩序の新制御点を発掘する

- ・興味深い活性を持つ新規化合物の探索とその作用メカニズムの解明
- ・同定した独自化合物を用いた生体機能の人為的操作

他にも、過去になかった新しい視点やコンセプト、最先端の遺伝子解析技術を果敢に導入することで、多細胞秩序の理解に新局面を導くことを目指しています。



シロイヌナズナの茎の輪切り切片写真。植物の体は、大きさも機能も異なる様々な細胞群が、秩序よく配置され協調して働くことで成り立っている。



正常なシロイヌナズナ（左）と、細胞間の協調を担う仕組みに異常を持つ変異体の1例（右）。この例では、多細胞間で保たれるはずの秩序が崩れたために、個体が急速に老化し、朽果れていく。

研究協力者

萩原伸也（理化学研究所 環境資源科学研究センター）、木村成介（京都産業大学 総合生命科学部 生命資源環境学科）、鳥居啓子（テキサス大学オースチン校・ハワードヒューズ医学研究所・名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所）、高橋宏二・西村浩平（名古屋大学 理学研究科 生命理学専攻）、大石俊輔・桑田啓子・佐藤綾人（名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所）

e-mail: uchinao@gene.nagoya-u.ac.jp

TEL: 052-789-3080

Room No. F308

最近の主要な参考論文

1. Murao M, et al. (2023) A Small Compound, HYGIC, Promotes Hypocotyl Growth Through Ectopic Ethylene Response. *Plant Cell Physiol.*, 64, 1167-1177
2. Negoro S, et al. (2023) EPFL peptide signaling ensures robust self-pollination success under cool temperature stress by aligning the length of the stamen and pistil. *Plant Cell Environ.*, 46, 451-463
3. Nakashima Y, et al. (2023) Identification of a pluripotency-inducing small compound, PLU, that induces callus formation via Heat Shock Protein 90-mediated activation of auxin signaling. *Front. Plant Sci.*, 14, 1099587.
4. Kimura Y, et al. (2018) ERECTA-family genes coordinate stem cell functions between the epidermal and internal layers of the shoot apical meristem. *Development*, 145, dev156380.
5. Uchida N, et al. (2018) Chemical hijacking of auxin signaling with an engineered auxin-TIR1 pair. *Nature Chem. Biol.*, 14, 299-305.
6. Hirakawa Y, et al. (2017) Cryptic bioactivity capacitated by synthetic hybrid plant peptides. *Nature Commun.*, 8, 14318.
7. Ikematsu S, et al. (2017) ERECTA-family receptor kinase genes redundantly prevent premature progression of secondary growth in the Arabidopsis hypocotyl. *New Phytol.*, 213, 1697-1709.
8. Tameshige T, et al. (2016) A secreted peptide and its receptors shape the auxin response pattern and leaf margin morphogenesis. *Curr. Biol.*, 26, 2478-2485.
9. Uchida N, et al. (2013) Regulation of plant vascular stem cells by endodermis-derived EPFL-family peptide hormones and phloem-expressed ERECTA-family receptor kinases. *J. Exp. Bot.*, 64, 5335-5343.
10. Uchida N, et al. (2013) ERECTA-family receptor kinases regulate stem cell homeostasis via buffering its cytokinin responsiveness in the shoot apical meristem. *Plant Cell Physiol.*, 54, 343-351.
11. Uchida N, et al. (2012) Regulation of inflorescence architecture by intertissue layer ligand-receptor communication between endodermis and phloem. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 109, 6337-6342.

最近の主要な総説

1. 打田 直行 (2024) 植物に分化多能性カルスの形成を誘導する新規低分子化合物の発見, 植物の生長調節, 59, 24-29
2. 打田 直行 (2023) 自家受粉で重要な「おしべ」と「めしべ」の長さをそろえるペプチドホルモン, バイオサイエンスとインダストリー, 81, 324-325.
3. Uchida N, et al. (2019) Stem cells within the shoot apical meristem: Identity, arrangement and communication. *Cell. Mol. Life Sci.* 76, 1067-1080.
4. 高橋 宏二など (2019) オーキシン応答の自在操作を実現する人工ホルモン・受容体ペアの創成～植物ホルモン応答の自在操作に向けた新展開～, 化学と生物, 57, 80-87.
5. Hirakawa Y, et al. (2017) Mechanisms and strategies shaping plant peptide hormones. *Plant Cell Physiol.*, 8, 1313-1318.5.
6. Tameshige T, et al. (2017) Stem development through vascular tissues: EPFL-ERECTA family signaling that bounces in and out of phloem. *J. Exp. Bot.*, 68, 45-53.
7. Tameshige T, et al. (2015) Cell walls as a stage for intercellular communication regulating shoot meristem development. *Front. Plant Sci.*, 6, 324.
8. 打田 直行 (2013) 植物が茎を伸ばす仕組みで働くスイッチの発見 ～植物の背丈を人為的に操る技術につながるか?～, 化学と生物, 51, 588-589.

最近の主要なプレスリリース

1. 植物の断片に個体再生能力を与える化合物を発見 ～希少種の保全、農作物のクローン増殖などの活用に期待～ (2023 年 3 月 22 日)
2. おしべとめしべの長さをそろえて自家受粉を成功させるための仕組みを発見 (2022 年 12 月 7 日)
3. 有機化学と合成生物学を駆使して植物ホルモンの作用をハイジャック (2018 年 1 月 23 日)
4. 植物の気孔を増やす化合物の合成に成功 (2017 年 9 月 21 日)
5. 植物のかたちを決める新しい鍵物質をつくる ～ゲノム配列を利用した多機能性人工ペプチドホルモンの創出～ (2017 年 2 月 1 日)



茎頂分裂組織から発信されるシグナルによる個体統御プロセスの解明

肥後 あすか 助教

2011 年 3 月 京都大学 農学部 卒業。2016 年 3 月 京都大学大学院 生命科学研究科 博士後期課程 修了、博士（生命科学）。2016 年 4 月～2017 年 3 月 京都大学 生命科学研究科・研究員、2017 年 4 月～2020 年 7 月 横浜市立大学・研究員、2020 年 8 月～2021 年 3 月 名古屋大学 ITbM/ 遺伝子実験施設・特任助教、2021 年 4 月～2023 年 5 月 名古屋大学高等研究院 / 遺伝子実験施設・YLC 特任助教。2023 年 6 月より現職。2019 年 9 月 日本植物学会 若手奨励賞 受賞。
e-mail: higo.asuka@gene.nagoya-u.ac.jp
Room Number: F302

茎頂分裂組織から発信されるシグナル分子の探索と機能解析

多細胞生物では、器官間での情報伝達により個体全体の成長が協調的に制御される必要がある。植物の地上部のすべてを生み出す幹細胞を維持する茎頂分裂組織は、葉や根などが周囲の環境変化を感知して発信するシグナル分子を受容する組織として主に考えられてきた。しかし、これまでの研究からは、茎頂分裂組織は、他の器官からのシグナルによって制御されるだけの受動的な組織ではなく、逆に、既存の器官に対してシグナルを積極的に発信して植物体全体の成長を統合的に制御する組織でもある可能性も見え始めている。そこで、茎頂分裂組織から他の器官へ発信される未同定のシグナル分子の探索を行い、その機能解析を行うことで、この新しい個体統御システムの分子メカニズムの詳細を追求する。

個体の老化の制御機構の解析

有性生殖は次世代にゲノムを正常に伝えるための重要な過程であるが、一年生植物では、花成（生殖ステージへの移行）は個体としての終息に向けた老化の進行と表裏一体である。花成から老化して枯死する間には、有性生殖のための一連の現象である花器官形成・受精・種子形成が順に起こるため、老化と有性生殖の進行は個体全体で厳密に制御される必要がある。この一連のプロセスの解析を進め、その統御の分子メカニズムの解明を目指したい。

最近の主要な参考論文

1. Higo A, Saihara N, Miura F, Higashi Y, Yamada M, Tamaki S, Ito T, Tarutani Y, Sakamoto T, Fujiwara M, Kurata T, Fukao Y, Moritoh S, Terada R, Kinoshita T, Ito T, Kakutani T, Shimamoto K, Tsuji H. (2020) DNA methylation is reconfigured at the onset of reproduction in rice shoot apical meristem. *Nature Communications*, 11: 4079. doi: 10.1038/s41467-020-17963-2.
2. Higo A, Kawashima T, Borg M, Zhao M, López-Vidriero I, Sakayama H, Montgomery SA, Sekimoto H, Hackenberg D, Shimamura M, Nishiyama T, Sakakibara K, Tomita Y, Togawa T, Kunimoto K, Osakabe A, Suzuki Y, Yamato KT, Ishizaki K, Nishihama R, Kohchi T, Franco-Zorrilla JM, Twell D, Berger F, Araki T. (2018) Transcription factor DUO1 generated by neofunctionalization is associated with evolution of sperm differentiation in plants. *Nature Communications*, 9 (1): 5283. doi: 10.1038/s41467-018-07728-3.
3. Bowman JL, Kohchi T, Yamato KT, Jenkins J, Shu S, ... Higo A, et al. (2017) Insights into land plant evolution garnered from the *Marchantia polymorpha* genome. *Cell*, 171 (2): 287-304.e15. doi: 10.1016/j.cell.2017.09.030.
4. Higo A, Niwa M, Yamato KT, Yamada L, Sawada H, Sakamoto T, Kurata T, Shirakawa M, Endo M, Shigenobu S, Yamaguchi K, Ishizaki K, Nishihama R, Kohchi T, Araki T. (2016) Transcriptional framework of male gametogenesis in the liverwort *Marchantia polymorpha* L. *Plant and Cell Physiology*, 57 (2): 325-338. doi: 10.1093/pcp/pcw005.

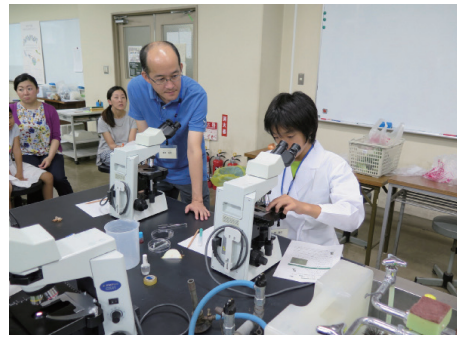
総説

1. Hisanaga T, Yamaoka S, Kawashima K, Higo A, Nakajima K, Araki T, Kohchi T, Berger F. (2019) Building new insights in plant gametogenesis from an evolutionary perspective. *Nature Plants*, 5 (7): 663-669. doi: 10.1038/s41477-019-0466-0.

遺伝子実験施設の教育・社会貢献

Jr. サイエンス教室

小中学生を対象にして、DNA や遺伝子についての簡単な実験を開催しています。2002 年から始まったこの教室も、今年で 22 回目を迎えます。2020 年度は新型コロナウイルスの影響で開催を見送りましたが、2021 度はオンラインにて開催しました。子どもたちには、生物体から DNA を取り出す作業の中で、知的な遊びの延長線上にある科学の楽しさを感じてもらえればと考えています。



2019 年 7 月

スーパーサイエンスハイスクール（SSH）事業活動

遺伝子やゲノムに対する情報や知識は、猛烈なスピードで蓄積している。一般社会での遺伝子やゲノムに対する倫理的な対応を考えた場合、高校生物の教科書の内容だけでは不十分である。遺伝子実験施設では、簡単な実験を通して、高校生あるいは高校教員に最先端の遺伝子解析手法を体験してもらい、遺伝子組換え技術を学ぶことで、遺伝子組換え作物の是非あるいは、人工授精、クローン作成、遺伝子診断などの問題に対して自分で考え、判断するための正しい知識を身につけてもらいたいと考え、SSH 事業などと連携して、年に数回の活動を行っています。

公開セミナー

遺伝子、ゲノム、進化等の研究は、自分自身にも密接に関係する問題でもあり、多くの人々が興味を抱いています。これらに関連するトピックスで、一流の研究者を招いて、一般の方にも分かりやすいセミナーを開催しています。2021 年度はオンラインで開催しました。

第21回 名古屋大学 遺伝子実験施設 公開セミナー

光合成を利用する動物、その巧みな生き方

～ミドリソウリムシ・サンゴ・ウミウシ～

令和4年
3月8日(火)
13:25・16:30
オンライン開催

13:30 児玉有紀 名古屋大学 学術研究院農生命科学系
「緑藻クロレラと共生する繊毛虫ミドリソウリムシ」

14:30 高橋俊一 琉球大学 熱帯生物圏研究センター
「サンゴの高温環境適応」

15:30 渡佐隆二 名古屋大学 文学部人間文化総合科学研究科
「動く葉っぱ」裏舌類ウミウシの切れ方と育て方

参加無料
要事前申し込み
こちらのアドレス、またはQRコードよりお申し込みください。
<https://forms.gle/m54xQ9xF2eeibSWS6>

問い合わせ先：名古屋大学遺伝子実験施設 事務局
TEL: 052-789-3086 e-mail: jimu@gene.nagoya-u.ac.jp

第22回 名古屋大学遺伝子実験施設 公開セミナー

光合成生物の環境感知

～接触応答の最先端～

令和4年12月20日(火) 13:00-16:30
会場：名古屋大学理学南館 坂田・平田ホール

野元美佳 名古屋大学 遺伝子実験施設
雨で危険を察知：葉の接触センサー細胞

吉村建二郎 芝浦工業大学 システム理工学部
単細胞生物は猪突猛進：
ぶつかるまで目の障害物にも気がつかない

真野弘明 基礎生物学研究所 生物進化研究部門
さわると動くオジギソウ：植物なのになぜ速い？

参加無料

問い合わせ先：名古屋大学遺伝子実験施設 事務局
TEL: 052-789-3086
Email: jimu@gene.nagoya-u.ac.jp

第23回 名古屋大学遺伝子実験施設 公開セミナー

シン・タンパク質生命科学

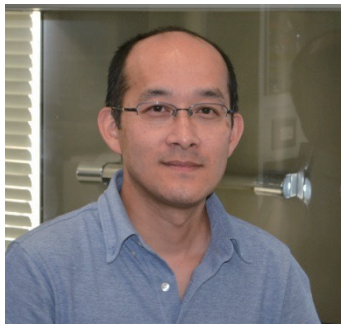
2023年12月27日(水) 14:00～17:00
会場：名古屋大学 オークマ工作機械工学館オークマホール

太田 元規 名古屋大学 情報学研究科
「拡大生命科学界の歩き方」

白井 剛 長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部
「すべての生体分子情報がオンラインされた世界での生物学」

由良 敬 お茶の水女子大学 基幹研究院
「Dark Enzymes Dark Proteinsに光りをあてるために」

問い合わせ先：名古屋大学遺伝子実験施設 事務局
TEL: 052-789-3086
Email: jimu@gene.nagoya-u.ac.jp



植物の免疫応答におけるシグナル伝達機構 ストレス応答を制御する植物ホルモンシグナル

多田 安臣 教授

1995 年 3 月 神戸大学農学部植物防疫学科 卒業。2000 年 3 月 神戸大学大学院自然科学研究科生命科学専攻博士後期課程 修了、農学博士。2000 年 4 月 神戸大学農学部特別研究員、2004 年 10 月 Duke 大学特別研究員、2009 年 4 月 香川大学総合生命科学研究センター准教授。2014 年 4 月から現職。

研究内容

免疫系は、多細胞生物の生存、恒常性維持において重要な役割を担っています。自然免疫はホ乳動物を始めとした生物に広く保存されている感染防御応答であり、植物は固着の生活を営むが故に、極めて高度に発達した制御機構を保有しています。私たちの研究室は、生物が普遍的に持つ免疫システムと、植物固有の防御機構を分子レベルで解明することを目的としています。これまでに、植物免疫を活性化する植物ホルモンであるサリチル酸の受容体同定や特徴付けを世界に先駆けて行いました。

レドックスシグナルと免疫応答

植物は、動物のような好中球やマクロファージなどの特殊化した免疫細胞を持っていませんが、病原菌感染部位において活性酸素種や活性窒素種による殺菌を行い、同時に病原体の封じ込めと消化を行います。放出される活性酸素種などは、細胞内或いは細胞間のシグナル伝達物質としても機能することが明らかになっていますが、これらの情報がどのように認識され、遺伝子発現システムの活性化に繋がるかは長く不明でした。私たちは、植物における鍵転写補助因子である NPR1 が、ガス状ラジカルである一酸化窒素を S- ニトロソ化と呼ばれるタンパク質翻訳後修飾を介して感知し、活性化することを示しました。これにより、世界で初めて酸化ストレスによる植物免疫制御システムの分子機構が明らかになりました。さらに、全く新奇な酸化ストレス認識システムとして、免疫活性化に伴って生じる細胞内酸化レベルを総合的に評価し、核へとその情報を伝達する分子機構の存在を明らかにしました。本システムは、多様な病原体の感染動態を一元的な情報へと変換する点で極めて合理的な防御戦略であり、植物のみならず他の生物にも存在する可能性が高いと考えています。

免疫系を中心としたグローバルネットワークの理解に向けて

植物免疫シグナルは、成長などの内生シグナル、乾燥、昆虫や温度ストレスなどの環境シグナルとのクロストークにより、互いに最適化することが示されています。例えば、昆虫が植物を加害するとジャスモン酸と呼ばれる植物ホルモンが合成され、植物免疫系は抑制されます。逆に、免疫系が活性化すると、ジャスモン酸シグナルは強く阻害されます。また植物免疫系の活性化は、病原菌の初期感染部位である根毛の形成を抑制し、感染リスクを減少させることを見出しました。私たちは、このような複数のシグナル伝達系が形成するグローバルシグナルネットワークを、植物免疫系を中心として理解することを目的にし、独自に開発したタンパク質合成技術とトランスクリプトーム解析により制御因子を網羅的に同定しています。私たちのタンパク質合成技術は、ゲノム情報が蓄積しつつある現在、ポストゲノム研究を推進する上で強力な技術基盤になることが期待されています。

最近のメディア報道

1. 植物は雨が降ると免疫活性化（科学新聞 2022 年 3 月 25 日）
2. 病害免疫高める物質が害虫抵抗性を抑制する仕組み 名大など解明（日本農業新聞 2022 年 1 月 7 日）

研究協力者

松下智直（京都大学 理学部）、豊田正嗣（埼玉大学 理学部）、別役重之（龍谷大学 農学部）、山本義治（岐阜大学 応用生物科学部）、Steven Spoel（University of Edinburgh）

e-mail: ytada@gene.nagoya-u.ac.jp

TEL: 052-789-2951 FAX: 052-747-6451

Room Number F511

最近の主要な参考論文

1. Matsumura M¹, Nomoto M^{1,2}, Itaya T, Aratani Y, Iwamoto M, Matsumura T, Hayashi Y, Mori T, Skelly MJ, Yamamoto YY, Kinoshita T, Izumi CM, Suzuki T, Betsuyaku S, Spoel SH, Toyota M, Tada Y². Mechanosensory trichome cells evoke a mechanical stimuli-induced immune response in *Arabidopsis thaliana*. *Nat Commun* 13(1):1216, doi: 10.1038/s41467-022-28813-8 (¹co-first authors, ²co-corresponding authors)
2. Nomoto M, Skelly MJ, Itaya T, Mori T, Suzuki T, Matsushita T, Tokizawa M, Kuwata K, Mori H, Yamamoto YY, Higashiyama T, Tsukagoshi H, Spoel SH, Tada Y (2021) Suppression of MYC transcription activators by the immune cofactor NPR1 fine-tunes plant immune responses. *Cell Rep* 37(11):110125. doi: 10.1016/j.celrep.2021.110125
3. Nomoto, M., and *Tada, Y. (2018) Cloning-free template DNA preparation for cell-free protein synthesis via two-step PCR utilizing versatile primer designs with short 3'-UTR. *Genes Cells*, 23(1):46-53. doi: 10.1111/gtc.12547.
4. Ushijima, T., Hanada, K., Gotoh, E., Yamori, W., Kodama, Y., Tanaka, H., Kusano, M., Fukushima, A., Tokizawa, M., Yamamoto, Y.Y., Tada Y., Suzuki, Y., Matsushita, T. (2017) Light Controls Protein Localization through Phytochrome-Mediated Alternative Promoter Selection. *Cell*, 30;171(6):1316-1325.e12. doi: 10.1016/j.cell.2017.10.018.
5. Fu ZQ, Yan S, Saleh A, Wang W, Ruble J, Oka N, Mohan R, Spoel SH, Tada Y, Zheng N, Dong X (2012): NPR3 and NPR4 are receptors for the immune signal salicylic acid in plants. *Nature*, 486:228-232.
6. Pajerowska-Mukhtar KM, Wang W, Tada Y, Oka N, Tucker CL, Fonseca JP, Dong X. (2012): The HSF-like transcription factor TBF1 is a major molecular switch for plant growth-to-defense transition. *Curr Biol*, 22:103-112.
7. Wang W, Barnaby JY, Tada Y, Li H, Tör M, Caldelari D, Lee D, Fu X, Dong X (2011): Timing of plant immune responses by a central circadian regulator. *Nature*, 470:110-115.
8. Spoel SH, Mou Z, Tada Y, Spivey NW, Genschik P, Dong X (2009): Proteasome-mediated turnover of the transcription coactivator NPR1 plays dual roles in regulating plant immunity. *Cell*, 137:860-872.
9. Tada Y, Spoel SH, Pajerowska-Mukhtar K, Mou Z, Song J, Wang C, Zuo J, Dong X (2008): Plant immunity requires conformational changes of NPR1 via S-nitrosylation and thioredoxins. *Science*, 321:952-956.

最近の主要な総説

1. Nomoto M, and Tada Y, Cell-Free Protein Synthesis of Plant Transcription Factors, *Methods Mol Biol*. 2018;1830:337-349. doi: 10.1007/978-1-4939-8657-6_20.
2. Miura K, Tada Y (2014): Regulation of water, salinity, and cold stress responses by salicylic acid. *Front Plant Sci*, doi: 10.3389/fpls.2014.00004.
3. 野元美佳、多田安臣（2013）：「サリチル酸受容体の発見」、*化学と生物* Vol51:728-729.



NPR1 は植物免疫に必須である

モデル植物であるシロイヌナズナの野生型植物と NPR1 遺伝子を欠損させた *npr1* 変異体に細菌を接種すると、*npr1* 変異体では細菌が増殖し、葉が黄化します。



微生物のゲノム構造機能解析から生命システムを探索

井原 邦夫 准教授

1989 年大阪大学大学院理学研究科卒、理学博士。同年名古屋大学理学部生物学教室助手、2000 年名古屋大学遺伝子実験施設助手、2009 年名古屋大学遺伝子実験施設助教。2012 年 6 月から現職。

微生物の持つ無限の可能性

微生物には、細菌などの原核生物に加えて、肉眼で観察できないサイズの真核生物（カビ、酵母の仲間）が含まれている。原核生物は、バクテリア（真正細菌）とアーキア（古細菌）という 2 つのドメイン（ドメインは、生物分類の最上位の階級）からなり、どちらも小さなサイズ（ $0.5 \sim 5 \mu\text{m}$ ）の単細胞生物である。真核性微生物は、単細胞生物であるケースが多いが、独特の生活環の特定のステージでは目に見える大きさの集合体（キノコ等）を形成する場合もある。比較的大きなサイズ（ $10 \sim 50 \mu\text{m}$ ）の細胞からなり、細胞内部を観察しやすい。これらの微生物、特に原核性微生物は、地球上の様々な環境（pH、温度、塩濃度等など）に適応して幅広く棲息しており、独特の生活環境に応じた遺伝子構成（システム）を発達させている。これらのシステムには、未知の代謝系が数多く含まれていて、新薬発見の宝庫である（でも、探し方がわからない）ことは、ペニシリン（1928 年）やイベルメクチン（1979 年）の例を上げれば十分であろう。また、人類が新たに作り出す化学物質（プラスチック）に対しても、その分解システムは既にどこかに存在しているのかもしれない。また、私達の体にも密接な関係を持ち、皮膚や腸内、口腔内の細菌叢をコントロールすることで、精神の安定を生み出したり、健康寿命を伸ばす可能性も出てきた。人類はこれまでの歴史の中で微生物の恩恵を受けてきたし、今も受け続けている。微生物には、まだまだ無限の可能性が秘められている。

ゲノム解析の技術開発

次世代シーケンサー（NGS）技術の急速な発展に伴って、遺伝子解析の時代はゲノム解析の時代へと変化しつつある。NGS の出現によって、これまで長い年月をかけて行う必要があったゲノム解析が短時間で解析できるようになった。生物の青写真がゲノムにあるとすれば、様々な表現系を示す生物のからくりは、ゲノム解析を通じて、少なくともその原因となる遺伝子まではつきとめることができる。しかし、変異はランダムに生じているため、表現型の原因と特定するためにはできるだけ沢山のゲノム解析を行う必要がある。そこで、効率的に大量の変異体を取得し、安価にライブラリーを作成する手法が必要になる。現在、トランスポゾン Tn5 を自前で作成して、ライブラリーを作成する手法で、5Mbp 程度の微生物ゲノムであれば、1 株 500 円程度でドラフトアセンブリ程度まで行うことが可能になっている。また、Tn5 が RNA/DNA のハイブリッドにも有効に機能する性質を利用して、トランスクリプトーム解析もできるだけ安価におこなうことで、色々な条件の RNAseq を大量に行う手法の開発も行っている。

ゲノム解析からシステム生物学へのアプローチ

ゲノム解析からすべての遺伝子が予測できたとしても、その遺伝子がどんな機能を持っているのかを推定することは難しい。現在は、遺伝子の多くは相同性検索によって見つかった類似タンパク質あるいは類似ドメインから推定されるアノテーションがつけられているが、新規微生物のおよそ 1/4 程度の遺伝子は全く相同性がないか、一部のドメインだけに相同性が見つかる場合が多い。これらの機能未知遺伝子の機能推定には、遺伝子破壊や遺伝子の過剰発現で表現型を観察するという手法が取られる事が多いが、観察すべき環境条件が多数あり、結果にたどり着くまでに相当な時間が必要となる。そこで、ランダム変異導入と NGS による全ゲノム解析手法を組み合わせ、変異部位が既知のゲノムを持った多数のライブラリーを作成し、それらのあるシステム（例えば運動）に着目してスクリーニングすることで、そのシステムに関わる遺伝子サイズを推定し、既知遺伝子との相関関係から機能未知遺伝子を探索するアプローチを試みている。

共同研究者

共同研究者：峯岸宏明准教授（東洋大学）、藤田祐一准教授（名古屋大学大学院生命農学研究科）、兒島孝明准教授（名城大学農学研究科）、槇互介准教授（名古屋大学大学院理学研究科物質化学専攻）、森郁恵教授（名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻）、饗場浩文教授（名古屋大学大学院薬学研究科）、魚住信之教授（東北大学大学院工学研究科）、菊川峰志准教授（北海道大学大学院薬学研究科）、神山勉名誉教授（名古屋大学大学院理学研究科物質化学専攻）、伊藤繁名誉教授（名古屋大学大学院理学研究科物質化学専攻）

e-mail: ihara@gene.nagoya-u.ac.jp

TEL: 052-789-4532 FAX: 052-789-3083

Room Number F102

作成したゲノム配列既知の変異体ライブラリーは、選択系を工夫することで、様々なシステムスクリーニングに利用できる。現在、好塩性好アルカリ性古細菌を対象として、ランダム変異ライブラリーを構築し、エネルギー変換システムに関する遺伝子の推定を行っている。（右図）

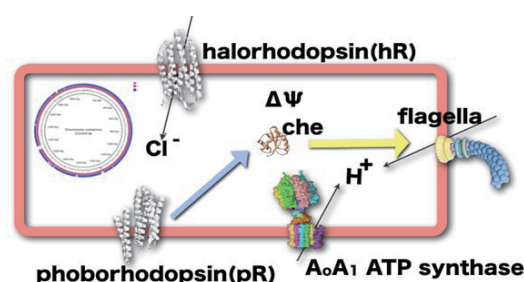


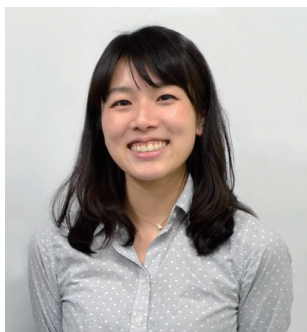
図 好アルカリ性好塩性古細菌の光反応システム

微生物ロドプシンの生物機能

高度好塩性古細菌 *Halobacterium salinarum* には、最初に見つかった光駆動性プロトンポンプ バクテリオロドプシン (bR) だけでなく、光駆動性の塩素イオンポンプ ハロロドプシン (hR) と二種類の光センサー センサリーロドプシン (sR)、フォボロドプシン (pR) が存在した。ゲノム時代に入って、この微生物ロドプシンの存在は、海洋性/バクテリアや藍藻、カビ、クラミドモナスなどに拡大し、多種多様な生物にパッチ状（全ての種が持つわけではない）に存在することがわかってきている。しかし、それぞれの生物における機能に関しては、ほとんどわかっていない。2 番めに発見された hR ですら、そのタンパク機能が光駆動性塩素イオンポンプと考えられているものの、生物学的機能に関しては一致した見解は無い。特に、hR に着目して藍藻や海洋性細菌、あるいは好塩性古細菌が持つ hR の生物機能に対して、個別遺伝子破壊手法によるアプローチを試みている。

最近の主要な参考論文

1. Uesaka K, Inaba K, Nishioka N, Kojima S, Homma M, Ihara K. Deciphering the genomes of motility-deficient mutants of *Vibrio alginolyticus* 138-2. *PeerJ*. 2024 Mar 18;12:e17126. doi: 10.7717/peerj.17126.
2. Maekawa Y, Matsui K, Okamoto K, Shimasaki T, Ohtsuka H, Tani M, Ihara K, Aiba H. Identification of plb1 mutation that extends longevity via activating Sty1MAPK in *Schizosaccharomyces pombe*. *Mol Genet Genomics*. 2024 Feb 29;299(1):20. doi: 10.1007/s00438-024-02107-8.
3. Toida K, Kushida W, Yamamoto H, Yamamoto K, Ishii K, Uesaka K, Kanaly RA, Kutsuna S, Ihara K, Fujita Y, Iwasaki H. The GGDEF protein Dgc2 suppresses both motility and biofilm formation in the filamentous cyanobacterium *Leptolyngbya boryana*. *Microbiol Spectr*. 2023 Sep 1;11(5):e0483722. doi: 10.1128/spectrum.04837-22.
4. Tanudjaja E, Hoshi N, Yamamoto K, Ihara K, Furuta T, Tsujii M, Ishimaru Y, Uozumi N. Two Trk/Ktr/HKT-type potassium transporters, TrkG and TrkH, perform distinct functions in *Escherichia coli* K-12. *J Biol Chem*. 2023 Feb;299(2):102846. doi: 10.1016/j.jbc.2022.102846.
5. Kouyama T, Ihara K. Existence of two substates in the O intermediate of the bacteriorhodopsin photocycle. *Biochim Biophys Acta Biomembr*. 2022 Oct 1;1864(10):183998. doi: 10.1016/j.bbamem.2022.183998.
6. Kouyama T, Ihara K. Two substates in the O intermediate of the light-driven proton pump archaerhodopsin-2. *Biochim Biophys Acta Biomembr*. 2022 Jul 1;1864(7):183919. doi: 10.1016/j.bbamem.2022.183919. 35304864.
7. Terashima H, Hori K, Ihara K, Homma M, Kojima S. Mutations in the stator protein PomA affect switching of rotational direction in bacterial flagellar motor. *Sci Rep*. 2022 Feb 22;12(1):2979. doi: 10.1038/s41598-022-06947-5.
8. Matsui K, Okamoto K, Hasegawa T, Ohtsuka H, Shimasaki T, Ihara K, Goto Y, Aoki K, Aiba H. Identification of ksg1 mutation showing long-lived phenotype in fission yeast. *Genes Cells*. 2021 Dec;26(12):967-978. doi: 10.1111/gtc.12897.
9. Takekawa N, Nishikino T, Yamashita T, Hori K, Onoue Y, Ihara K, Kojima S, Homma M, Imada K. A slight bending of an α -helix in FlhM creates a counterclockwise-locked structure of the flagellar motor in *Vibrio*. *J Biochem*. 2021 Dec 4;170(4):531-538. doi: 10.1093/jb/mvab074.



植物免疫と多様な環境要因が形成する情報伝達ネットワークの解明 トライコーム依存的な植物免疫における力学的特性の解明

野元 美佳 講師

2011年3月 香川大学農学部 卒業。2018年3月 名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻博士後期課程 修了、理学博士。2018年4月～2023年 助教。2023年4月より現職。

2018年7月 ロレアル-ユネスコ女性科学者 日本奨励賞、2019年3月 ロレアル-ユネスコ女性科学賞 国際新人賞、2024年1月 第12回名古屋大学石田賞、2024年4月 令和6年度科学技術分野の文部科学大臣表彰「若手科学者賞」受賞。

e-mail: nomoto@gene.nagoya-u.ac.jp

Room Number F511

植物ホルモン間のクロストーク制御機構

植物の免疫系は、概日リズムや日齢などの内的要因と、環境刺激といった外的要因に調節されることが知られています。一方、植物免疫も多様な環境応答に影響を与えており、情報伝達経路間の複雑なネットワークを形成しています。これまでに私たちは、植物免疫を制御する鍵転写補助因子の NPR1 が、環境応答機構とのネットワーク形成に重要であることを示しました。現在、NPR1 を中心としたシグナルネットワークを解明するために、シロイヌナズナ全転写因子を用いた網羅的な相互作用スクリーニングおよび、NPR1 標的転写因子が制御する環境シグナルの特徴付けを行っています。

機械刺激が誘導するトライコーム依存的な免疫システム

植物病原微生物の感染は、雨、風、昆虫などの環境要因が媒介することが知られています。特に雨は、糸状菌胞子の発芽、遊走子や細菌の感染成立に必須の要素ですが、最近、雨滴中に主要な植物病原菌が存在することが報告されており、雨が危険因子として認識されることが示唆されています。これまでに私たちは、植物は葉面上に存在する毛状突起のトライコームを介して雨粒などの力学的刺激を感知すると、植物免疫を活性化することを明らかにしました。植物は、トライコームへの機械刺激を警告シグナルとして捉え、感染に備えているのではないかと考えています。現在、トライコームの力学的特性や下流のシグナル伝達機構についての解析を行っています。

最近の主要な参考論文

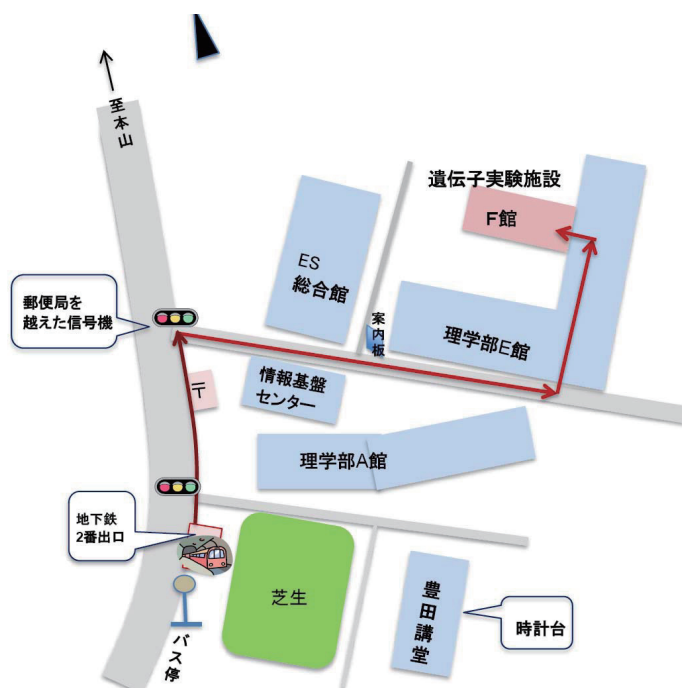
1. Matsumura M¹, Nomoto M^{1,2}, Itaya T, Aratani Y, Iwamoto M, Matsumura T, Hayashi Y, Mori T, Skelly MJ, Yamamoto YY, Kinoshita T, Izumi CM, Suzuki T, Betsuyaku S, Spoel SH, Toyota M, Tada Y². Mechanosensory trichome cells evoke a mechanical stimuli-induced immune response in *Arabidopsis thaliana*. *Nat Commun* 13(1):1216, doi: 10.1038/s41467-022-28813-8 (¹co-first authors, ²co-corresponding authors)
2. Nomoto M, Skelly MJ, Itaya T, Mori T, Suzuki T, Matsushita T, Tokizawa M, Kuwata K, Mori H, Yamamoto YY, Higashiyama T, Tsukagoshi H, Spoel SH, Tada Y (2021) Suppression of MYC transcription activators by the immune cofactor NPR1 fine-tunes plant immune responses. *Cell Rep* 37(11):110125. doi: 10.1016/j.celrep.2021.110125
3. Nomoto, M., Tada, Y. and Hironaka, T. (2019) In vitro protein-DNA binding assay (Alpha Screen Technology), *Bio-protocol*, 9(3). Doi:10.21769/BioProtoc.3155.
4. Furniss, J.J., Grey, H., Wang, Z., Nomoto, M., Jackson, L., Tada, Y. and Spoel, S.H. (2018) Proteasome-associated HECT-type ubiquitin ligase activity is required for plant immunity. *PLoS Pathog*, 14(11):e1007447. Doi:10.1371/journal.ppat. 1007447.
5. Mabuchi, K., Maki, H., Itaya, T., Suzuki, T., Nomoto, M., Sakaoka, S., Morikami, A., Higashiyama, T., Tada, Y., Busch, W. and Tsukagoshi, H. (2018) MYB30 links ROS signaling, root cell elongation, and plant immune responses. *PNAS*, 115(20):E4710-4719. Doi:10.1073/pnas. 1804233115.
6. Nomoto, M., and Tada, Y. (2018) Cloning-free template DNA preparation for cell-free protein synthesis via two-step PCR utilizing versatile primer designs with short 3'-UTR. *Genes Cells*, 23(1):46-53. doi: 10.1111/gtc.12547.

総説

1. Nomoto M, and Tada Y. (2018) Cell-Free Protein Synthesis of Plant Transcription Factors, *Methods Mol Biol*, 1830:337-349. doi: 10.1007/978-1-4939-8657-6_20.
2. 野元美佳、多田安臣 (2013) : 「サリチル酸受容体の発見」、*化学と生物* Vol51:728-729.

アクセス

名古屋大学遺伝子実験施設 道案内



バスか地下鉄を利用して名古屋大学駅で降りてください。
左の地図で、地下鉄2番出入口から赤いラインをたどって、理学部E館の東玄関に行く道順が分かりやすいです。
その後は、上の図で、E館の東玄関から入ってF館まで来てください。F館入り口前にもエレベーターが出来ました。

[フロア案内]

地階：松尾（FB02）共同利用

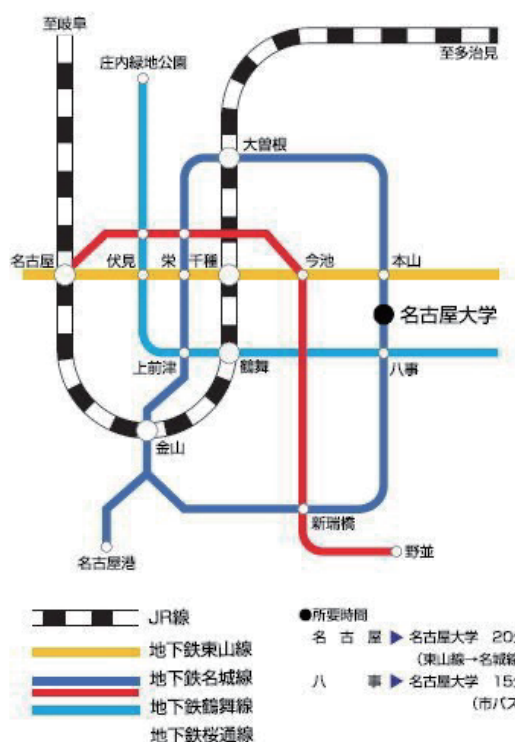
1階：施設受付（F111）杉浦（F110）、井原（F102）、共同利用

3階：打田（F308）、肥後（F302）

4階：次世代シーケンサー管理室（F402）、共同利用

5階：多田、野元（F511）

交通アクセスマップ



[JR 東海名古屋駅から地下鉄名古屋大学駅まで]

地下鉄東山線名古屋駅で藤ヶ丘行きに乗車し、本山駅で名城線（4番ホーム・右回り）に乗りかえ、次の名古屋大学駅で下車して、2番出入口からおいで下さい。2番出入口を出たらそのまま直進し、郵便局を過ぎて最初の信号機の自動車用ゲートのある交差点を右折して下さい。（上左図の赤色のライン）

[中部国際空港（セントレア）から地下鉄名古屋大学駅まで]

空港で名鉄常滑線に乗車し、金山駅で下車。地下鉄金山駅名城線（1番ホーム・左回り）に乗車し、名古屋大学駅で下車して、2番出入口からおいで下さい。

[県営名古屋空港から地下鉄名古屋大学駅まで]

空港で名古屋駅行きのバスに乗車してください（30分程度）。名古屋駅到着後は、上記を参照してください。

〒464-8602 名古屋市中千種区不老町 名古屋大学遺伝子実験施設

TEL：052-789-3086 FAX：052-789-3083

E-mail: webmaster@gene.nagoya-u.ac.jp

URL: <http://www.gene.nagoya-u.ac.jp>

