

研究タイトル：

DNA で解き明かす野生植物の現在・過去・未来



氏名：	南 淳 / MINAMI Atsushi	E-mail：	minami@tsuruoka-nct.ac.jp
職名：	准教授	学位：	博士(理学)
所属学会・協会：	日本森林学会、日本植物学会、日本生態学会		
キーワード：	クローナル植物、エピジェネティクス、分子生態学、植物生態学		
技術相談 提供可能技術：	<ul style="list-style-type: none"> 分子生物学実験(遺伝子クローニングなど) 分子遺伝学(分子マーカーの開発) 生物化学的分析(酵素活性、生体物質定量、タンパク質精製) 		

研究内容：クローナル植物、エピジェネティクスの分子生態学研究

急激な気候の変動が生態系の基盤をなす植物の集団にどのような影響をもたらすかを予測するためには、現存の植物集団が現在、どのように環境に適応あるいは順応しているのか、その植物集団がこれまでどのように変化してきたのか解明することが必要である。

(1)クローナル植物の集団遺伝学

クローナル植物は多数の機能上の個体(ラメット)が地下茎などで繋がってひとつの遺伝的な個体(ジェネット)が構成されている。クローナル植物は厳しい生態系で優勢であり、特に樹木性のクローナル植物はまた、長寿命であり、気候の変動を生き抜いてきたと考えられている。しかしながら、ジェネットレベルでの生態がわかっているクローナル植物は少ない。私は様々な森林の林床において優勢である、クローナル低木、ヤブコウジ *Ardisia japonica* の生態を研究している。これまでの研究では、次世代シーケンサーを利用したゲノム情報をもとに、個体識別に必要なマイクロサテライトマーカーを開発した。これを用いて、 $10m^2$ 規模～ $1000m^2$ 規模でジェネット分布を解析している。

(2)植物のエピジェネティックな変化による自然環境への順応と適応。

エピジェネティクスとは、DNA塩基配列の変化を伴わない、安定な表現型の変化(またはその研究)を指す。固着性であり、かつ遺伝的に同一ながら、空間的・時間的に不均一な環境に生息しているクローナル植物における、環境順応と適応におけるエピジェネティクスの役割を明らかにしたいと考えている。

(3)クローナル植物の過去を解き明かすDNAメチル化プロファイリング法の開発

同一ジェネットに属する機能上の個体(ラメット)の栄養繁殖上の親子関係を明らかにする方法はなかった。私は、エピジェネティクスの分子メカニズムのひとつである、ゲノム DNA のメチル化がクローン内であっても変異があり、ラメット間である程度引き継がれることを利用して、過去のクローナル植物の集団の形成過程を推定する、DNA メチル化プロファイリング法を開発している。

 15 陸の豊かさも
守ろう

 2 飢餓を
ゼロに

 13 気候変動に
具体的な対策を


提供可能な設備・機器：

名称・型番(メーカー)

サーマルサイクラー2(Takara, Applied Biosystem)	
フローサイトメーター(BD)	
リアルタイム PCR 装置(Takara)	
サンガー式 DNA シーケンサー(Applied Biosystem)	

Uncover the present, past, future of the plant with DNA analysis



Name	MINAMI Atsushi	E-mail	minami@tsuruoka-nct.ac.jp
Status	Associate Professor		
Affiliations	Japanese Forest Society, The Botanical Society of Japan, The Ecological Society of Japan		
Keywords	clonal plants, epigenetics, molecular ecology, plant ecology		
Technical Support Skills	<ul style="list-style-type: none"> • Biochemical analysis (enzyme, protein purification) • Molecular biology (gene cloning) • Molecular ecological method (DNA marker) 		

Research Contents **Study of DNA methylation in wild population of a clonal plant, Ardisia japonica.**

In order to predict how the rapid global climate change will affect the plant populations that underlie the ecosystems, it is necessary to elucidate how the existing plant populations are adapting or assimilating to the current environment, and have adapted to the past environment.

I. Population genetics of clonal plants.

In clonal plants, a large number of functional individuals (ramets) that are connected by rhizomes form a genetic individual (genet). Some clonal plants predominate in harsh ecosystems. Some clonal woody species have very long longevity and survive climate change. However, few clonal plants have known their life history at the genet level. We study the ecology of *Ardisia japonica*, a clonal shrub that predominates on the floors of various forests. In previous research, we have developed microsatellite markers for genet assignment, based on genomic information using next-generation sequencing. Using the markers, the distribution of genets is analyzed on a scale of 10 m² to 1000 m².

II Plant assimilation and adaptation to the natural environment using epigenetic changes in plants.

Epigenetics refers to stable phenotypic changes (or studies thereof) that do not involve changes in the DNA nucleotide sequence. Clonal plants are sessile and genetically identical.

We would like to know what is the role of epigenetic mechanisms of clonal plants in environmental assimilation and adaptation to spatially and temporally heterogeneous environments they live.

III. Development of DNA methylation profiling method to unravel the past of clonal plants

There was no way to clarify the vegetative pedigree of functional individuals (ramets) belonging to the same genet. Methylation status in each locus in genomic DNA are variable even in ramets of a genet and inherited to some extent between ramets. Utilizing this phenomenon, we are developing a the DNA methylation profiling method which deduce the vegetative pedigree of ramets in a genet.

Available Facilities and Equipment

Thermal cycler x2 (Takara, Applied Biosystem)	
Real Time PCR (Takara)	