

## 研究タイトル：

# 植物は環境変化にどのように対応するか？



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、

キーワード： 植物、プログラム細胞死、メタカスパーゼ、エピジェネティクス、環境

**技術相談  
提供可能技術：**

- ・ 生物化学的分析(酵素活性、生体物質定量、タンパク質精製)
- ・ 分子生物学実験(遺伝子クローニングなど)
- ・ 植物組織培養、細胞培養

**研究内容： 植物のプログラム細胞死、エピジェネティクスと環境ストレス・環境への適応の研究**

植物は高温、低温、乾燥などの非生物学的ストレス、被食や微生物の感染などの生物学的ストレスに常にさらされている。固着性である植物がこのようなストレスにどのように対応しているのかを分子レベルで明らかにしたい。環境変化やストレスへの短期的な細胞レベルの反応のひとつであるプログラム細胞死と、それらへの長期的な集団レベルでの適応手段であるエピジェネティクスについて研究している。

**(1) 植物のプログラム細胞死におけるメタカスパーゼの役割**

多細胞生物を構成する細胞が、自ら積極的に死んでいく現象をプログラム細胞死(PCD)という。植物にとってプログラム細胞死は成長分化、形態形成、生体防御、恒常性に欠かすことのできないプロセスである。例えば、ある種の植物はある種の微生物が侵入すると、感染部の細胞がすみやかに死に、微生物の全身への拡散を防ぐ。逆に植物のPCDを利用して侵入するように進化した微生物もいる。このPCDの分子メカニズムを明らかにすることは、植物の免疫性、生産性を向上させる技術につながると考えられる。

特にメタカスパーゼに着目して研究を行っている。メタカスパーゼは植物や菌類が持つタンパク質分解酵素であり、動物のPCDであるアポトーシスの制御の中心となっているカスパーゼに相当すると予想されているが、植物体内での機能はまだよくわかっていない。シロイヌナズナのメタカスパーゼ遺伝子欠損突然変異体を用いて、PCDにおけるメタカスパーゼ遺伝子の機能を解析している。また、大腸菌への組み換えタンパク質や植物体由来のメタカスパーゼ酵素分子を生化学的に解析している。

**(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。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メチル化は遺伝子発現の変化をもたらすことにより表現型を変化させると考えられている。様々な環境ストレスを受けた動植物においてDNAメチル化の変化が起こる事例が報告されている。したがって、環境の変化がDNAメチル化の変化をもたらし、それが遺伝子発現の変化をもたらす、より環境に適応した表現型を示すという仕組みが提唱されている。しかしながら、野外の植物集団でこのような仕組みが働いている実証例はまだ2,3に過ぎない。

ある種の植物は多数の機能上の個体(ラメット)が地下茎や地表のストロンで繋がってひとつの真の個体が構成されており、クローナル植物という。クローナル植物のラメットはヒトの一卵生双生児のようにDNA塩基配列が同一であるのでエピジェネティクス研究に好適である。また、クローナル植物の環境適応においては、エピジェネティクスが重要な役割を担っているのではないかと考えられる。本研究ではクローナル植物の野外集団におけるDNAメチル化の変化と継承、それらと環境、遺伝子発現との関係について明らかにすることを目標としている。落葉広葉樹林の林床に群落を作る矮性の低木であるヤブコウジ *Ardisia japonica* を研究材料として解析を進めている。


**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)	

## Ecological Epigenetics in Wild Plant Population.



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

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

Epigenetics refer to (the studies on) stable heritable changes in phenotypes that are not associated with changes in DNA sequence. Genomic DNA methylation, one of the molecular mechanisms of epigenetics, is thought to change the phenotype by bringing about a change in gene expression. The goal of this research is to clarify the change and inheritance of DNA methylation in the natural population of clonal plants and their relationship with the environmental variation and gene expression.

Plants that consist of functional individuals (ramet) linked by rhizomes and stolons, are called clonal plants. The ramets of the clonal plant is suitable for epigenetics studies because their DNA sequence is identical as in the case of human monozygotic twins. Moreover, epigenetics is supposed to play an important role in environmental adaptation of clonal plants. As a model for long-lived clonal plants, we study the DNA methylation profiles of *Ardisia japonica*, an evergreen dwarf shrub inhabits in the forest floor.

### Available Facilities and Equipment

Thermal cycler x2 (Takara, Applied Biosystem)	
Flow cytometer (facs, BD)	
Chemiluminescence photography apparatus (Biorad)	