

無断転載禁止

生命システム科学コース 研究案内 (令和5年版)



北海道大学
大学院生命科学院

目 次

生命科学院「生命システム科学コース」について	1-2
------------------------	-----

各分野研究室紹介

I. 細胞高次機能科学分野	3
i. 藤田 知道教授・マルセル バイヤー助教	4-5
ii. 檜本 悟史准教授	6-7
iii. 綿引 雅昭准教授	8-9
II. 環境応答統御科学分野	10
i. 佐藤 長緒准教授・高木 純平助教	11-12
ii. 千葉 由佳子准教授	13-14
iii. 中野 亮平教授・島崎 智久助教	15-16
iv. 伊藤 秀臣准教授	17-18
III. 行動制御科学分野	19
i. 小川 宏人教授	20-21
ii. 和多 和宏教授	22-23
iii. 相馬 雅代准教授	24-25
iv. 竹内 勇一准教授	26-27
v. 田中 暢明准教授・西野 浩史助教・ ミヒヤエル シュライアー助教	28-29
vi. 常松 友美講師	30-31
IV. 生殖発生科学分野	32
i. 勝 義直教授	33-34
ii. 木村 敦教授・藤森 千加助教	35-36
iii. 黒岩 麻里教授・水島 秀成助教・吉田 郁也助教	37-38
iv. 荻原 克益准教授	39-40
v. 北田 一博准教授	41-42
vi. 小谷 友也准教授	43-44

生命科学院「生命システム科学コース」について

生命システム科学コースでは生命機能の基盤となる個々の分子や細胞の構造と機能の理解を基礎に、種々の生命機能を生み出すシステム原理を学びます。特に、細胞骨格や生体分子の挙動など、細胞の基本機能を保障する機構やそれらの進化、恒常性・環境応答・共生などの生体を維持する機能、行動・記憶・神経などの生体の統合と調整に関わる機能、及び生殖・発生・進化などの生命の連続性と多様性に関わる機能の原理を学習します。分子生物学や細胞生物学といった生命体の基礎構造や基本機能の解析に関わる分野、生理学や生殖発生生物学といったより高次の生命機能の解析に関わる分野、さらには系統進化学や生態学といった個体やその集合に関わる分野など、幅広い教育を受けた学生が、その包括性を維持しながらも、各分野におけるより深い生命機能の理解を目指します。本コースの教育分野として以下の4分野を設け、教育を展開します。

I. 細胞高次機能科学分野

形態、極性、増殖、分化といった多くの細胞機能が、複雑なシグナル伝達ネットワーク制御のもとで、受容体を含む膜タンパク質系やシグナル伝達系、細胞骨格系、細胞内小胞輸送系の働きによって支えられています。細胞やその集合体としての組織の挙動を理解するためには、個々の分子機能の理解に加え、それらがシステムとしてどのように動的に変化し、維持されているかという視点が重要です。本分野では、これらの問題について、陸上植物を中心に、モデル植物、非モデル植物を題材にして、分子遺伝学、細胞生物学、生理学及び進化学的視点から統合的に学びます。

担当教員：藤田知道、マルセル バイヤー、檜本悟史、綿引雅昭

II. 環境応答統御科学分野

生物は、厳しい環境の変化に対して細胞・組織・器官内の環境を変化させ、最終的には生物の形さえもが変化します。本分野では、植物の生存戦略に着目しながらこうした生物の内外環境応答機能を個体統合システムとして捉え、物質生産や花成に関わるエネルギー・物質変換機能分子の解明とその制御から RNA 分子機能を含めた転写後調節機能に至るまで、また常在微生物と植物の不均一な相互作用とその意義などを生理生化学やゲノム情報科学を基盤とした研究手法を中心に学習します。また、環境シグナル情報統御機構の具体例を示し、トランスポゾンによる染色体構造変化・遺伝子発現制御を介して細胞分裂・分化、発生を調節し、新たな環境に適応した器官・個体を再構築する過程についても学習します。

担当教員：佐藤長緒、高木 純平、千葉由佳子、中野亮平、島崎智久、伊藤秀臣

III. 行動制御科学分野

感覚統合、運動発現、意思決定、学習・記憶、睡眠などを含む動物行動の制御にかかわる神経系の働きは、個体レベルの行動と密接に関連します。動物行動の脳神経基盤を理解するためには、分子・遺伝子・ニューロン・神経回路・脳領域を包括する統合的な解析を、個体レベルの行動と関連づけながら進める必要があります。本分野では、最新の分子生物学、神経システム生理学、イメージング、光遺伝学的手法を用いた実験手法と解析結果を体系的に学ぶとともに、解析結果に基づく刺激や運動の神経表現や脳機能の発達や進化の過程を、その生命科学研究における意義とともに学習します。

担当教員：小川宏人、和多和宏、相馬雅代、竹内勇一、田中暢明、常松友美、
西野浩史、ミヒヤエル シュライアー

IV. 生殖発生科学分野

生殖細胞がどのような制御のもとで形成され、受精後、いかに新たな個体を作り出すかを解明することは、生命科学に課せられた基本命題の一つです。その応用は、人工受精、避妊、有用生物種の作出など、我々の生活に深く関係する種々の生殖操作に直結します。生殖発生生物学は、生命の連続性と多様性を保証する仕組みの探求という純粋科学的側面と、生殖・発生を人為的にコントロールする技術の開発という応用科学的側面を持ち、クローン動物や再生医療に代表されるように、社会的関心も高い学問分野です。本分野では、生殖細胞の形成と成熟の基本機構、発生における細胞分裂と細胞分化の制御機構を学習します。

担当教員：勝義直、木村敦、黒岩麻里、荻原克益、北田一博、小谷友也、水島秀成、
藤森千加、吉田郁也

I . 細胞高次機能科学分野

細胞高次機能科学分野（植物進化発生制御研究室）

藤田 知道・バイヤー マルセル

email: tfujita@sci.hokudai.ac.jp, tel: 011-706-2740, 理 5 号館 6 階（614 室）

<https://keitai1.sci.hokudai.ac.jp/>



自然は、植物は、なぜ美しいのでしょうか。またなぜ私たちは植物に癒されるのでしょうか。植物は、**私たち動物にはない羨ましい性質をたくさん持っています**。植物は**全能性**や**再生能力**に優れ、**無限成長**するにも関わらずなぜ**ガン**にならないのでしょうか。夏でも冬でも動かずになぜ**平気**なのでしょうか。植物の**適応能力の根源は何**なのでしょうか。植物が**もつ**このような**“能力”**を私たちに**応用**することができないのでしょうか。植物という生き物は、まだわからないことだらけです。植物という生き物は、私たち動物には理解できないことも多く、とても面白く、すごい生き物です。本研究室では、自分たちの手でこのような本質的な問い・夢に向かって**自由な発想で様々なアプローチにより研究を展開することが可能**です。

【植物研究の重要性】

植物は一次生産者として“宇宙船地球号”を支える私たちになくてはならない**パートナー**です。植物を知り、その能力をどのように活用するのかは、**私たち人類の運命を握っている**と言っても過言ではありません。植物は動物とは違う発生、進化、環境適応能力を有していますが、**まだ多くのことは未解明**です。当研究室では、**（１）植物に特有の発生・進化や環境適応の分子メカニズムを研究し、（２）植物がもつ優れた能力を少しでも多く発見し、（３）それらを活かし、社会への貢献することを目指し研究に取り組んでいます**。ぜひ皆さんのエネルギーをこのような謎の解明、問題の解決に傾けて欲しいと思っています。

本研究室では、とりわけ**陸上環境のパイオニア、コケ植物の能力とその利用**に着眼し、最先端の独創的な研究をみんなで力をあわせ、進めていきたいと思っています。ヒメツリガネゴケを中心に、ミズゴケやゼニゴケ、シロイヌナズナ、極限に耐える非モデルコケ植物、シロイヌナズナ以外の被子植物、藻類（シャジクモ藻、シアノバクテリア）を用いた研究も歓迎します。

大目標は、「**植物の成長と環境応答の両面から研究を進め、両者のクロストークを理解し、その有効な制御法の開発を目指す**」ことです。そしてこのような研究を通じて、連続悪環境下でもたくましく成長し続ける**“スーパー植物”**を創出したいと考えています。

植物の科学研究は、環境や食料問題など私たちが直面している地球規模のさまざまな社会問題の解決に直接役立ちます。このように人類や地球にとって大事な植物研究に、あなた自身のエネルギーを注ぎ、**科学や社会の発展に重要な貢献を私たち仲間とともに加速させましょう**。

以下主なテーマです。実際には相談しながら決めます。大学院研究を夢中で取り組み、いくつもの山を乗り越えていけば、自らの研究力、技術力そして社会人を伸ばすことができるはずです。それが自分自身のそしてみんなのよりよい将来へと繋がり、広がっていきます。ともに頑張りましょう。

【(A) 発生・形態形成からアプローチする植物成長制御の研究】

【① 植物細胞の増殖・分化、細胞運命制御の研究：細胞極性や不等分裂の分子機構、植物幹細胞の本質的理解へ】

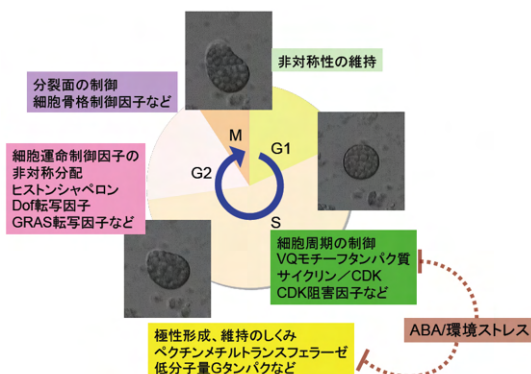
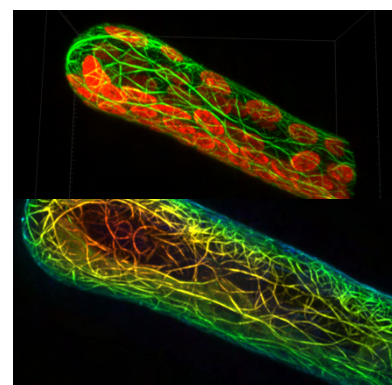
動物も植物もたった1つの受精卵を出発点とし、不等分裂により幹細胞を生み出し、増殖と分化を繰り返し成長します。私たちは、ヒメツリガネゴケやゼニゴケ、シロイヌナズナなどのモデル生物のメリットを最大限に生かし、この制御メカニズムを研究します。細胞極性や不等分裂、等分裂は**発生の根本原理の解明につながる研究**であり、その分子メカニズムや進化の理解を目指します。

すでに私たちは**ヒメツリガネゴケ幹細胞の不等分裂制御に関わる遺伝子のスクリーニング**を行い、**細胞極性や細胞運命、あるいは幹細胞の自己複製に関わる因子**等を見出しました。これら因子に着目し、分子遺伝学的手法、細胞生物学的手法、オミクス解析、システムバイオロジーなどを用い、**植物の細胞分裂や運命決定の分子機構の全体像の解明**を目指します。

【② 分化全能性の分子制御機構】

細胞の全能性とは、いったん分化した細胞がリプログラミングし、幹細胞化することだと考えられ、**細胞周期の停止、再開、脱分化**といった過程が、全能性の制御にも密接に関わっていると考えられます。植物細胞の増殖と分化の分子ネットワークを解明し、“山中4因子”を持たない**植物細胞が、なぜ動物細胞よりも全能性に優れているのか**を明らかにしたいと考えています。

本研究課題は、①の課題とともに、近い将来、**植物幹細胞の増殖・分化、運命の操作**などにより、**農学や医学などへの幅広い応用展開**を期待しています。



【③ 原形質連絡を介した植物の細胞間コミュニケーション】

植物は独自の細胞間コミュニケーションを行っています。その代表的なものは原形質連絡であり、**植物の体は原形質連絡により1つにつながっています**。この通路をRNAやタンパク質などのシグナル分子が往来し、細胞の成長や環境応答は制御されていると考えられていますが、その合成、分解、制御機構はまだブラックボックスです。私たちは、このような細胞間コミュニケーションを可視化し、定量解析できる実験系を独自に開発しました(右図)。この系を用い、**ライブセルイメージングと数理モデルを組み合わせ、細胞間コミュニケーションの分子制御機構を解明し、植物独自の情報伝達を明らかにし、“植物の感覚情報制御”に迫ります。**

【(B) 植物の環境適応・ストレス耐性のしくみの解明とその利用研究】

【④ 植物の発生・成長と環境ストレス応答のバランス制御(ホメオスタシス)の分子機構】

植物の成長とストレス耐性は一見裏腹です。**ストレス応答と成長の複雑な関係を解明し、両者を人為的にコントロールできれば、食料増産やバイオマス増大も実現できるはず**です。私たちはこの問題に挑戦しています。私たちは**ストレスホルモンであるアブシジン酸**が、幹細胞の不等分裂を抑制しストレス耐性の細胞を生み出す**等分裂**へと切り替えることに気づきました。このような**分裂様式の切替え**は、植物が環境の変化に適応して、自らの細胞運命を制御できる手段を示したものです。またメカニカル(機械的)ストレスや重力ストレスなどにも注目し、植物の成長量(バイオマス)を2割も増加できる方法を見出しました。この方法は全く新しく、なぜこのようなことが起こるのか、その分子基盤の解明を目指します。

またアブシジン酸と細胞周期、細胞極性のバランス制御に注目し、これまでに全く報告のない**成長促進現象**に注目し、**成長と環境応答のバランス制御を直接研究し、極限環境下でもよく育つ“スーパー植物”の開発を目指しています**。このために遺伝子ネットワークをゲノムワイドに解析し再構築する合成生物学的アプローチを用い、干ばつ地など不毛耕地の緑化を目指します。

【⑤ 驚異的な植物細胞能力の発見と応用: コケのストレス耐性細胞 Brood cell のしくみとその応用】

コケ植物は乾燥に弱いと多くの人は思っていると思います。しかし多くのコケ植物の細胞は、被子植物よりも優れた乾燥耐性能力を有しています。90%以上もの水分が失われても、細胞(Brood cell)は死ぬことなく復活し個体を再生します。**コケ植物は南極大陸に最も多く生存する植物群落であるなど地球上の様々な極限環境に最も適応した植物です。なぜコケ植物は極限環境に強いのか、その秘密を探索しています。**

【(C) 砂漠緑化、テラフォーミングの試み-宇宙や地球の極限ストレス環境下でもよく育つ植物開発に向けて(植物力の限界を探る)-】

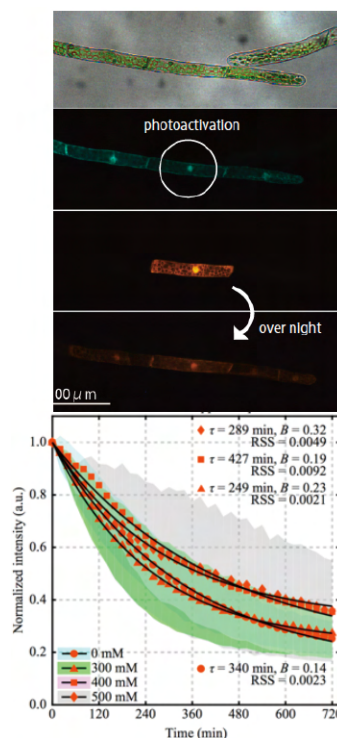
コケ植物はまた**自らが土となり、荒地に土壌を育む“バイオニア植物”**です。まるで国つくりの神のような生き物です。そこで、悪環境下(紫外線、高温、火星レゴリス、機械ストレス、貧栄養等)でも逞しく育つ「スーパーコケ植物」の開発を行い、**地球緑化とともに月、火星などの緑化も目指します**。現在、JAXAと「スペース・モス」および「Tanpopo」研究を進めており、すでに**4度の宇宙実験を実施しました**。こうした国際宇宙ステーションISSを利用した宇宙植物研究をさらに一緒に進めてくれる方も募集します。**月周回実験や火星模擬実験も目指します。一緒に人類の宇宙居住を目指したSpace Ecologyへの道を模索しませんか。**

【その他】

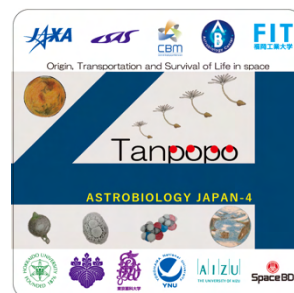
▶人口爆発による**食料危機**、人類の活動による**環境破壊**などを短時間でどのように解決するのか。**そのために植物の研究は非常に重要です。ぜひ皆さんのエネルギーを植物科学に注ぎ込み、科学的貢献を私たちとともにリードし実現していきましょう。**

▶本研究室は**檜本悟史准教授の研究室と共同研究を進めながら、植物の発生や環境応答、進化、宇宙科学、有用植物開発など幅広いテーマで研究を進めており、研究を通じて広い視野、深い洞察力を養うことができます**。また研究ノートの取り方、無菌培養技術、形質転換作成技術、分子生物学技術、生化学、イメージング、プレゼン技術、学術論文作成などを身につけてもらいます。

▶各国からの留学生も多く**いろんな国の仲間と友達になり、自然な流れの中で英語力や国際性が涵養され、将来の役に立ちます**。

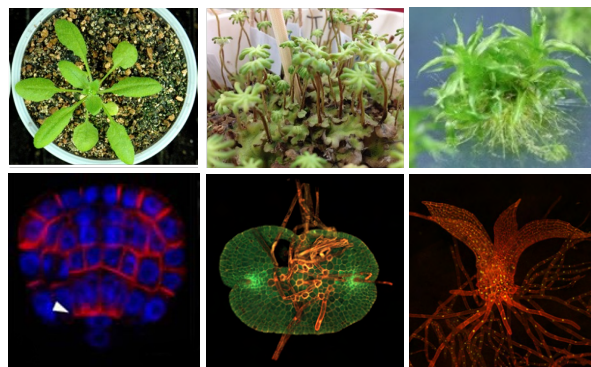


- 面白くかつ重要なことに力を合わせて夢中に挑みましょう! -



細胞高次機能科学 植物進化発生制御研究室 形態機能学 I a 梶本 悟史

研究室 理学部 5 号館 612 室
内線 3482
メール satoshi.naramoto@sci.hokudai.ac.jp
Website <https://keitai1.sci.hokudai.ac.jp>
Instagram @csf1_fujitaNaramoto_univ/



植物の発生原理の解明を目指す

発生生物学とは、多細胞生物がかたち作られていく仕組みを明らかにする学問です。とくに植物は、動物などの他の生物と比較して、独自の発生メカニズムを進化させてきました。具体的には、植物は、遺伝的プログラムに支配されながらも、常に環境シグナルに応答して、発生・成長を制御する特徴があります。そのため、体のかたちは多様性の宝庫であり、種ごとの差違にとどまらず、生育環境により生み出される差違により無限の可能性を実現しています。

植物の発生において鍵となる分子は、**オーキシン**という植物ホルモンと、その**排出トランスポーターPIN** タンパク質です。PIN の局在と活性の制御は、植物の体軸形成の分子基盤といえる働きをしており、局在制御には**小胞輸送（膜交通）**や**細胞骨格**、活性制御には**リン酸化シグナル伝達**などが関わることが知られています。しかし、局在と活性の制御は不可分であり、リン酸化により、活性と局在が連動して制御されるなど、時空間的に精緻に制御された分子システムを成していると考えられます。この分子システムは、未だ多くの謎が残されており、植物生理学の最重要課題となっています。

また、植物は、**光や重力、塩や栄養**などの**環境シグナル・環境ストレス**を感受し、形態形成の指標とします。感受された物理化学的シグナルがどのような仕組みを経て、生物学的反応に転換され、植物のからだが具現化されるのかという問題についても注目しています。また、これらの仕組みがどのような進化をとげ、現存の植物の形態的多様性を生み出したのかという進化生物学的問題についても取り組んでいます。

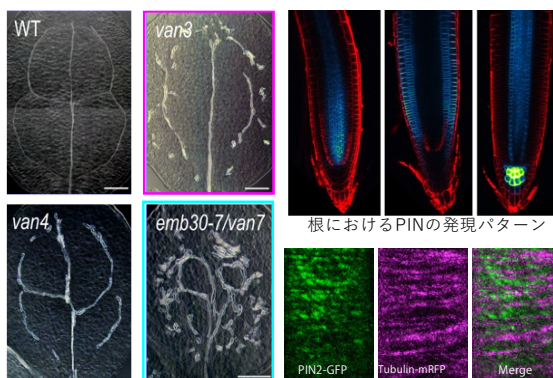
わたしたちは、超解像顕微鏡などをつかった**ライブセルイメージング**を中心として、細胞内の分子の分布・動態を観察したり、蛍光タンパク質などのツールを使って分子間相互作用などの生化学的反応を検出したりすることで、上記問題を解決しようと試みています。分子生物学的手法を基本として、定量生物学、情報生物学、数理モデルなどの新しい解析方法を交えた複合的研究を行います。当研究室では、シロイヌナズナ、ヒメツリガネゴケ、ゼニゴケ、リチャードミズワビを用いた実験を主として計画していますが、問題解決のために必要であれば、他生物種、培養細胞系、*in vitro*、*semi in vitro* 実験系を用いた研究も行いたいと考えています。

(A) 細胞極性・体軸形成の分子機構の解明

生体膜の構造を説明する流動モザイクモデルでは、特別な仕組みがない限り、細胞膜中の分子が同じ場所にとどまることはできません。PIN は細胞膜の特定エリアに安定的に局在しますが、どのような仕組みがあるのでしょうか？ かつて、この問いに対する答えとしては、

「リサイクリングモデル」と呼ばれる膜交通を中心とした仮説が提唱されていました。しかし、最近、わたしたちの研究により、この仮説は誤りで、逆に、多量体様の構造を形成して流動性を低下することが必要であることを発見しました。我々は、この新奇構造体を「PIN クラスタ」と名付け、現在研究を行っています。これまでに、この構造体は、PIN の局在とオーキシンの排出活性を同時に制御する反応の場となっていることを示唆する結果を得ま

細胞極性・体軸はどのように構築されるのか？



葉脈パターンが異常になる変異体 細胞膜上で形成されるPINクラスタ

した。今後、**生体膜の代謝、膜交通、細胞骨格**との関連も含めて解析を行い、PIN の局在メカニズム・体軸形成メカニズムを明らかにしたいと考えています。また、PIN クラスター形成が植物の生命現象の発現にどのように関わるのかについて、**葉脈パターン形成**との関係について解析を行います。

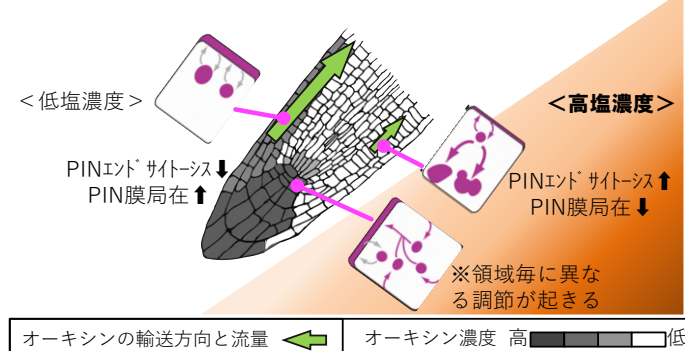
(B) 外部環境に応答して形態形成を行うメカニズムの解明

植物は、動物とは異なり動かないので、生育環境に大きな変化があったとき、そこから逃げる代わりに、体の形を変えて成長することで対応します。このような現象として、**重力屈性、光屈性、塩屈性**があります。**環境シグナル・環境ストレス**が受容されると、そのシグナルは、PIN の局在制御機構に作用し、発生・成長が制御されますが、具体的にどのような反応が起きているのかは不明です。

環境応答は、インプットの段階に注目すれば、光・重力、塩・栄養などの力学的・化学的シグナルが生物学的シグナルに変換される仕組みです。その分子メカニズムに加え、細胞内で発生した生物学的シグナルが、どのようにして体軸・細胞極性の制御といった、階層の異なる現象に統合されるのかを明らかにすることは、将来的な**ストレス耐性植物**の開発にも繋がっている極めて重要な研究です。

そこで、環境刺激が、細胞極性の制御に関わるPIN クラスターの形成や膜交通、細胞膜ドメイン形成に対して、どのような働きをしているのか、という問題に焦点を当て研究を行います。

植物は環境シグナルにどのように応答するのか？



(C) 植物形態の進化・多様化機構の解析

4 億 5 千万年前、初めて陸上に進出した時代の植物は、二分岐を繰り返すだけの単純な形をしていました。現在われわれの目の前には、複雑かつ多様な形態の葉や花、分枝パターンの植物が存在しています。この形態の変化・多様化の背後には、それに関わる分子基盤の進化があると考えられています。

我々が注目している体軸形成と細胞極性に関わる分子群は、植物の形態の進化・多様化において重要な役割を果たしてきたことが示唆されています。藻類から維管束植物の間には、これらの分子の有無や、機能的差異など、さまざまな違いが存在すると予想されます。その差違、すなわち、分子基盤の進化がどのようにして植物の形態の進化を引き起こしたのか？ について研究していきたいと考えています。

現在、**葉の形態・機能の進化の機構**に加え、**オーキシン極性輸送システムの進化のプロセス、形態多様化への役割**について、コケ植物など、非種子植物を用いた解析を行っています。また、今後は、植物と微生物の共生メカニズムの進化についても研究行いたいと考えています。

形態の進化・多様化はどのようにひきおこされたのか？



▶ 橋本研究室は、形態機能学 I 藤田研究室と連携して活動しています。卒研究生、大学院生は個別に受け入れています。居室・実験室を共有するほか、研究室セミナーを合同で行っています。

▶ 研究テーマは相談して決めています。自分で立案した計画も大歓迎ですので、気軽に相談して下さい。

▶ 生命現象の神秘に驚きを覚える瞬間と出会うことがあります。当研究室では、植物の発生という複雑な現象を分子レベルにまで分解して解析し、さらに進化の文脈でも捉えようとしています。このような幅広い視点で実験を行うなかで、生命現象の神秘と驚くべき合理性を目の当たりにするような感覚を味わってほしいと思っています。

▶ 卒業後は様々な分野で活躍できるよう、当研究室での活動を通じて、実践的な知の鍛錬の機会を提供したいと思っています。社会の荒波に漕ぎ出す直前の重要な時期に教員として接せられることをうれしく思い、細やかな指導を心がけています。

研究室：札幌市北区北 10 条西 8 丁目 理学部ゲノムダイナミクス西棟 GW-210

連絡先：電話：011-706-4473、電子メール：watahiki@sci.hokudai.ac.jp

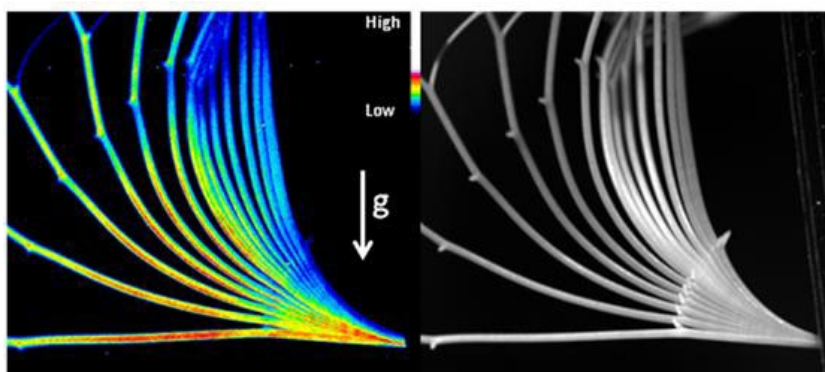
ホームページ：http://www.sci.hokudai.ac.jp/watahiki/mkwhp/index.html

● 研究内容：「植物の形づくり」からみた機能と進化的な解釈

同じ種でも環境が変われば形態も大きく変えてしまうのが植物の特徴です。その仕組みを明らかにすることは、学問的興味だけではなく産業上も重要な課題です。私達はオーキシン応答を中心に、形態形成に関連する遺伝子の機能を遺伝学的、細胞生物学的に解析しています。このような知見は将来、植物の形や大きさを改変することで産業に貢献すると考えられます。

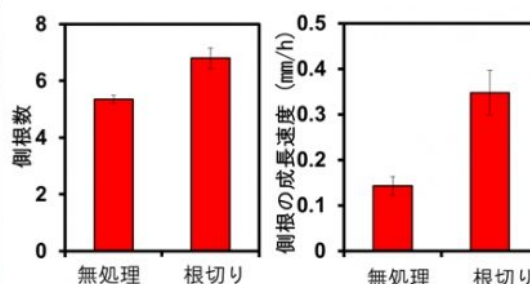
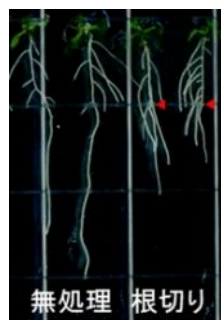
● 遺伝子発現を可視化する

植物は一見、動かないように見えますが、それは私達の時間感覚では感じられないだけで、記録映像を早回しで見ると、非常にダイナミックな動きをしていることに驚かされます。重力屈性等の屈性がその代表ですが、器官形成も時間軸と環境によって動きとして見るができます。私達は主にルシフェラーゼと緑色蛍光タンパク質を使って、これら植物のダイナミックな運動や器官形成を観察すると同時に、遺伝子やタンパク質の挙動を追跡し、それらデータを数理解析することで、植物の応答をシミュレーションできる環境を提供したいと考えています。



● 植物を見ない日はない

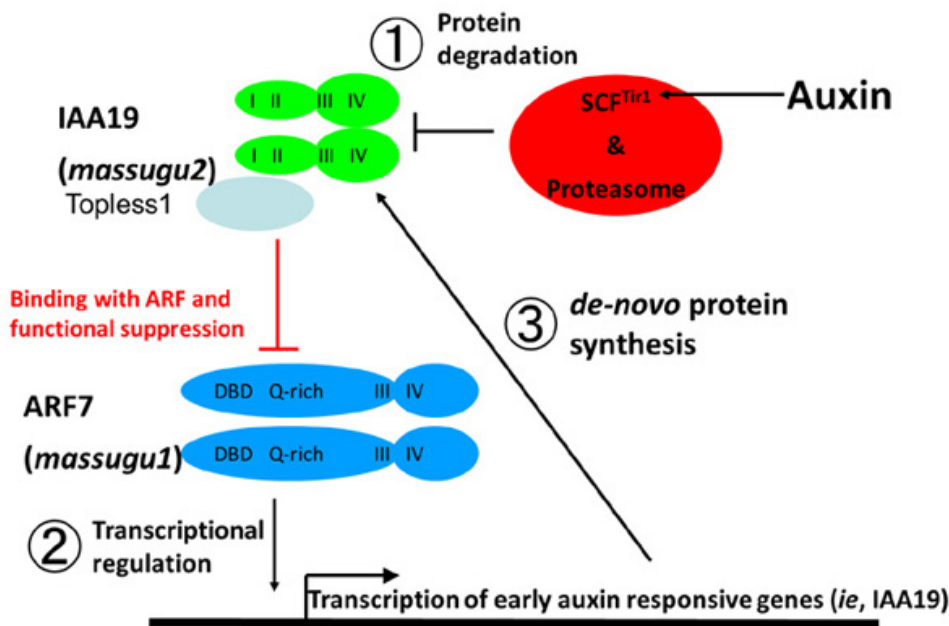
道ばたの草木を見た時、「たくましい」と感じたことはないでしょうか。当然、植物は「動かない」生き物であり、何らかの災厄から移動して逃れることはできません。草木はそのような災厄(ストレス)をその場で克服しつつ子孫を残しているわけで、私は畏怖を持って植物を見ています。「雑草は切っても切っても生えてくる」ということは一つの植物のたくましさでしょう。



これは頂芽優性と呼ばれる現象で、一番先端にある茎頂を失うと、その下で休眠している腋の茎頂が発達を開始し、新しい芽や葉が生えてくるのです。一方、庭仕事をされたことがある方は「雑草を抜いたのに、放置した場所でまだ生えている」ということを経験されたかもしれません。これはもう一つのたくましさであり、根が切断されても枯死する前に植物体が根を急速に再生させ、その場で固着生活を継続させた結果なのです。前述の頂芽優性については、18 世紀に進化論で有名なチャールズ・ダーウィンとその息子が最初に報告して以来、長年研究されてきました。近年、頂芽優性を制御しているのはストリゴラクトンという新しい植物ホルモンだということもわかってきました。一方、切断された根がいかにか再生してくるのかということについてはあまり研究がありませんでした。というのは土の中で目視できない根の傷害応答はあまり注目されず、根が再生するメカニズムについての研究はほとんどありませんでした。さらに根は自発的に枝分かれしていつも新たな根(側根)を作るので、自発的に作られる側根と傷害によって誘導される側根の区別が難しいことが、研究を困難にしていました。そこで私たちはこの問題に取り組み、傷害による植物根の再生過程に関わる因子が植物ホルモンのオーキシンであること、オーキシン合成の誘導、さらにオーキシンの極性輸送によって植物の根は再生することを明らかにしました。

● 「オーキシン応答の再編」の研究

オーキシン非感受性突然変異体, *massugu1* (*msg1*) と *massugu2* (*msg2*) は共に胚軸の重力応答が弱く、横に寝かせても「まっすぐ」成長します。*msg1* 変異は劣性変異であり、その原因遺伝子は ARF7 という転写因子をコードしていました。一方, *msg2* 変異は優性変異であり、原因遺伝子は AUX/IAA19 というオーキシンで誘導される遺伝子でした。*msg2* 変異が優性ということは突然変異によって何らかの機能を獲得したかのように考えられます。これはどのようなことなのでしょう？我々が研究している AUX/IAA19 のオーキシン応答は ARF7 という転写促進因子の機能阻害が解除されることで起こると考えています（下図中 Binding with ARF and functional suppression）。①Tir1/AFBs オーキシンレセプターと AUX/IAA19 タンパク質がオーキシン (indole-3-acetic acid) という低分子化合物を介して結合すると、AUX/IAA19 タンパク質がユビキチン化され、ユビキチン化された AUX/IAA タンパク質は速やかに分解されます。②すると AUX/IAA19 タンパク質で機能阻害を受けていた ARF7 転写促進因子が、ターゲット遺伝子群の発現を上昇させることができるようになります。③しかし、ARF7 転写促進因子のターゲット遺伝子群の中に AUX/IAA19 遺伝子が存在することで、新規の AUX/IAA19 タンパク質が作られ ARF7 転写促進因子の機能阻害を起こすようになります。つまり、オーキシン濃度依存的に AUX/IAA19 タンパク質の濃度が低下する仕組みでオーキシン濃度依存的に転写調節が行われていると予想しています（下図）。このモデルは時間の進行を考えなければ妥当だと考えられますが、実際オーキシンを投与した時の AUX/IAA19 遺伝子の発現は一過的でした。また最近の研究から、植物組織のオーキシン応答は基底状態と定常状態に分けられることがわかってきました。植物の形態形成はいくつもの段階を経ていること、それぞれのステップにオーキシンが関与していることが示されていることから、このような基底状態と定常状態の相互変換が形態形成に重要な役割を演じていると推測されます。私たちはこの基底状態と定常状態の相互変換を「オーキシン応答の再編」と命名し、その分子メカニズムを解明しています。



● 植物にきき手はあるか？—オーキシンと形態形成の対称性

シロイヌナズナの初期胚は球状胚期以降、長軸に対して左右対称に発生が進行し、子葉が形成されます。このような胚発生にはオーキシンの輸送とオーキシン応答が必要なのですが、ある遺伝子は左右対称ではなく、片方の原基だけで発現している場合があります。形態形成は対称なのに遺伝子発現に非対称性があるということは、それらを補完するシステムがあるということを示唆しています。胚発生過程は形態的に対称なので、遺伝子発現レベルでの非対称性に着目した研究例がなく新しい知見が望めます。



IAA19プロモーター: *axr2*を発現させたシロイヌナズナの芽生え（上、中）と胚（下）。IAA19プロモーターの活性が子葉形成時に均等に作用していないことを示す。

Ⅱ．環境応答統御科学分野

環境応答統御科学分野 佐藤長緒・高木純平

研究室： 理学部5号館7階(7-01 室, 7-10 室)

連絡先： Tel: 2742(内線), e-mail: t-satou@sci.hokudai.ac.jp(佐藤)

Tel: 3612(内線), e-mail: takagi.junpei@sci.hokudai.ac.jp(高木)

ホームページ： <https://www.sci.hokudai.ac.jp/CSF2-web/>

地表に固定したままの植物は、厳しい環境の変化に対して、細胞・組織内の微環境を変化させることで恒常性を維持しようとします。環境適応は、自立的な遺伝的プログラムだけでなく、様々な外部環境シグナルが統合された結果としておこる細胞活動の変動によって誘発されます。私達は植物の持つ優れた環境適応のしくみを分子レベルで解明することを目指した研究を行っています。**環境ストレスの中でも、特に植**



物の成長・生産性への影響が大きい「栄養ストレス」および「病原体ストレス」への適応戦略に注目し、それらを制御する分子メカニズムの解明を目指しています。植物体を用いた生理学的解析に加えて、植物の環境適応能力を支える**ミクロな生命現象（細胞内シグナル伝達・代謝）の実質を担うタンパク質機能（翻訳後修飾, 相互作用, 細胞内局在性等）**を先端的な手法で解析しています。上記の研究分野に優れたポテンシャルを示すモデル植物「シロイヌナズナ」を主要な研究材料とし、分子遺伝学や生理・生化学的解析、イメージング解析など多角的な研究を行っています。また、積極的な学会発表やセミナーを通して、学生のプレゼンテーション能力の向上にも力を入れて指導しています。



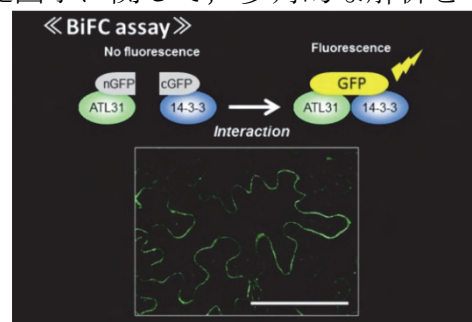
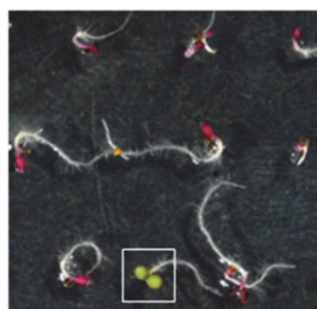
興味のある方は、お気軽にご連絡下さい。

研究内容

現在、下記3研究課題を中心に進めています。研究テーマは、学生さんと相談しながら決めていきます。一緒に、まだまだ謎の多い「植物の生き方」について解き明かしましょう！

1. 植物の栄養バランス感知と適応メカニズムの解明

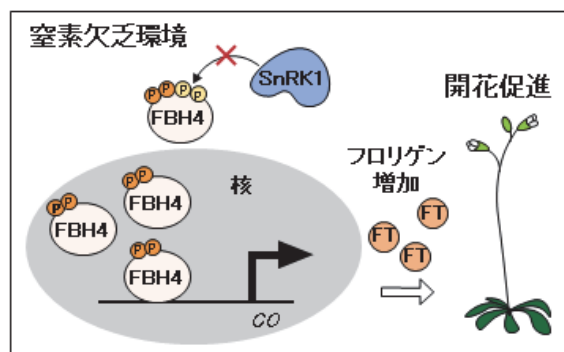
私達ヒトと同様に、細胞内の栄養バランスは植物にとっても重要です。特に、糖（炭素源，C）と窒素（N）のバランスは植物の成長に大きく作用します。私達は、**長年不明であった植物におけるC/N栄養バランスの感知と適応機構の解明に取り組んでいます**。地球規模で進行中の大気CO₂濃度の増加は、C/Nの乱れにもつながることが分かってきています。また、農業における化学肥料の適切な管理や使用量の低減という観点からもC/Nは重要なポイントになります。C/N応答変異体スクリーニングから得られた鍵因子に関して、多角的な解析を展開しています。特に、**タンパク質細胞内局在性やオルガネラ間の物質輸送制御によるC/Nストレス適応機構の解明**に挑んでいます。



【キーワード：ユビキチンリガーゼ，膜交通制御，ライブセルイメージング解析】

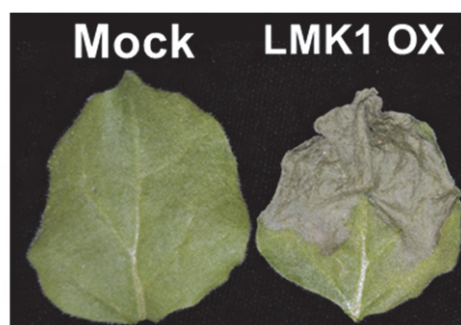
2. 栄養による開花タイミングの制御

栄養素は、細胞内シグナル伝達系を介して、植物のライフサイクル転換を制御します。最近私達は、FBH4という転写因子のリン酸化状態が、窒素栄養に応じた花成ホルモン“フロリゲン”合成や開花タイミング制御の分子スイッチとして重要なことを発見しました。現在、FBH4機能の詳細や上流リン酸化キナーゼの機能解明に挑んでいます。【キーワード：フロリゲン(FT)，転写因子FBH4，リン酸化】



3. 栄養に応じた植物免疫活性チューニング機構

植物免疫は農作物を病気から守る上で非常に重要です。その一方で、免疫応答は植物成長とトレードオフの関係にあるため、適切な活性に維持する必要があります。私達は、未だ不明な点が多い、**植物が自身の栄養状態に応じてどのように免疫活性を最適化するのか**、という疑問の解明に挑んでいます。



【キーワード：PAMPs 受容体，トレードオフ，プログラム細胞死】

その他：研究テーマに関しては、相談しながら、教育的にも研究面でも最も効果的な課題を設定し、それについて担当教員、関連分野の上級生との指導・ディスカッションを基に進めます。興味のある方は、気楽にご連絡下さい。

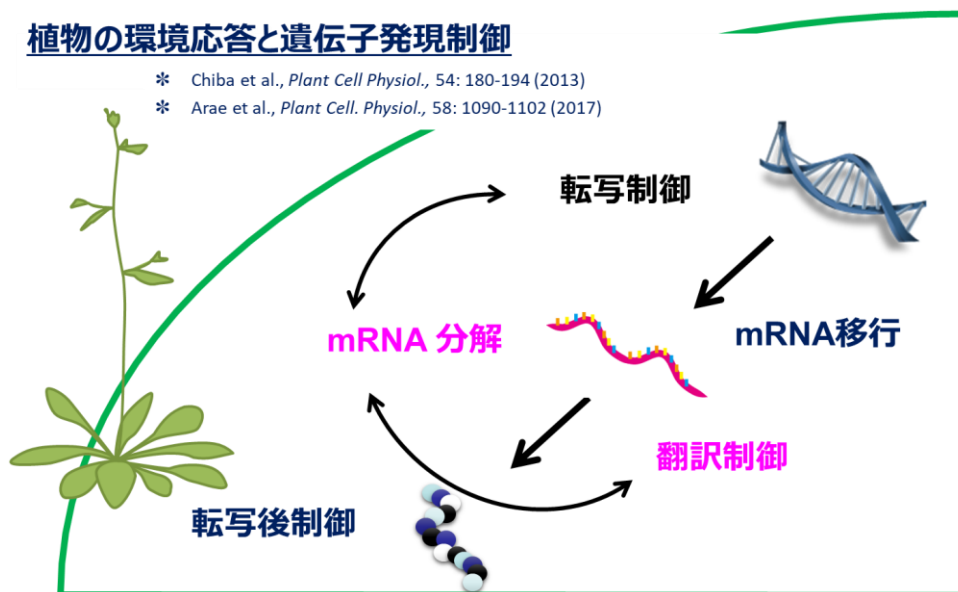
環境応答統御科学分野 千葉由佳子

研究室： 理学部 5 号館 7 階 (7-10 室)

連絡先： Tel: 011-706-2744 (内線 2744), e-mail: yukako@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ： <https://www.sci.hokudai.ac.jp/~yukako/>

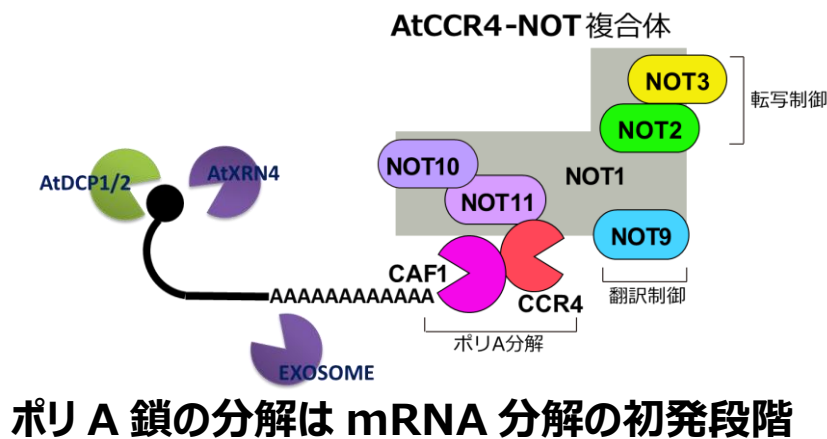
私たちは遺伝子発現制御に興味をもって研究を行っています。遺伝子発現制御の研究は古くからいろいろな生物種において行われています。転写制御の研究に始まって、この数十年のリボザイム・リボスイッチ・小分子 RNA などの機能性 RNA の発見に伴い、研究の焦点が転写後の制御へと広がっています。また、遺伝子発現制御の研究は、いまや各々の制御段階を個別に解析していた時代から、その各段階の制御がどのようにコーディネートされているのかを明らかにしようという動きに変わってきています。私たちの研究対象は植物です。植物は様々な環境ストレスの下で生育しており、移動という手段により回避することができない分、それらに迅速に対処しなければなりません。植物のもつ独自の環境応答機構に遺伝子発現制御、特に転写後制御がどのように関わっているのか、また複数の制御段階がどのように関連しているのかを分子レベルで明らかにすることを目指しています。



研究体制：千葉研究室は佐藤・高木研究室と共通の研究基盤プラットフォームを用いながら、個別に大学院生の受入、指導を行います。修士・博士課程の研究に関しては、相談しながら教育的にも研究面でも最も効果的な課題を設定し、それについて教員、関連分野の上級生との指導・ディスカッションを基に進めます。

◆ 遺伝子発現制御のマスターレギュレーターと考えられる CCR4-NOT 複合体の解析

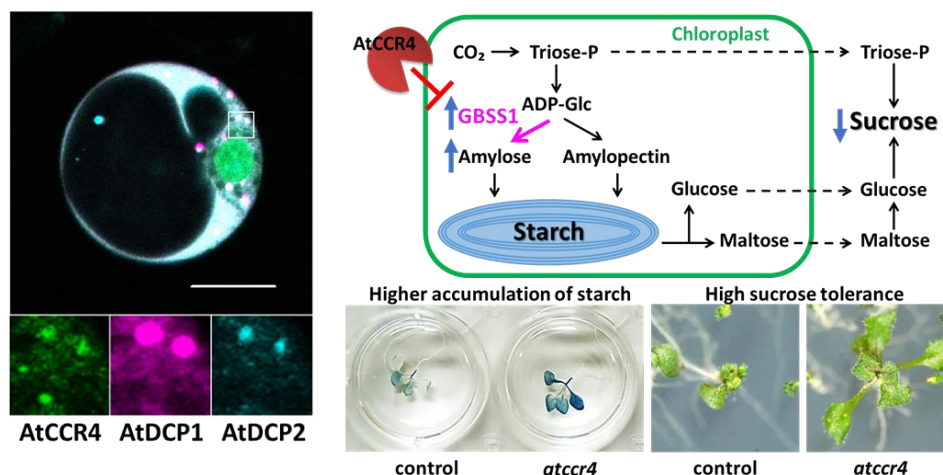
この複合体は NOT1 とよばれる足場タンパク質に、転写制御因子、ポリ A 分解酵素、翻訳制御因子などの遺伝子発現制御の様々な段階に働くタンパク質が相互作用していることから、真核生物における遺伝子発現制御のマスターレギュレーターとして注目を集めています。私たちはモデル植物であるシロイヌナズナにも AtCCR4-NOT 複合体が存在することを見出しています。植物の環境適応機構にこの CCR4-NOT 複合体がどのように関わるのかを生化学的および遺伝学的解析によって明らかにしていきます。



◆ mRNA のポリ A 鎖を介した転写後制御

ポリ A 鎖長は mRNA の分解速度やその翻訳効率に影響を与え得る、転写後制御にとって重要な要素です。私たちはこれまでに、CCR4-NOT 複合体に含まれるポリ A 分解酵素の逆遺伝学的解析を通して、ポリ A 鎖と翻訳制御の関わりを見出し、分子レベルの解析を進めています。ポリ A 分解酵素 AtCCR4 の変異体は、高濃度ショ糖耐性など様々な生育段階で多様な表現型を示します。それぞれの表現型に対応する標的遺伝子があり、AtCCR4 による標的遺伝子のポリ A 鎖長制御が生育にとって重要なシステムであると考えられます。

AtCCR4 は Processing body に局在



Suzuki et al., Plant Cell Physiol. 56: 863-874, 2015

GBSS1 遺伝子は AtCCR4 の標的遺伝子

興味のある方は、ぜひ研究室見学にお越しください！

環境応答統御科学分野 中野亮平（教授）・島崎智久（助教）

研究室： 理学部5号館7階 7-06号室

連絡先： Tel: 4923（中野内線）

Email: rtnakano@sci.hokudai.ac.jp（中野）

tomohisa.shimasaki@sci.hokudai.ac.jp（島崎）

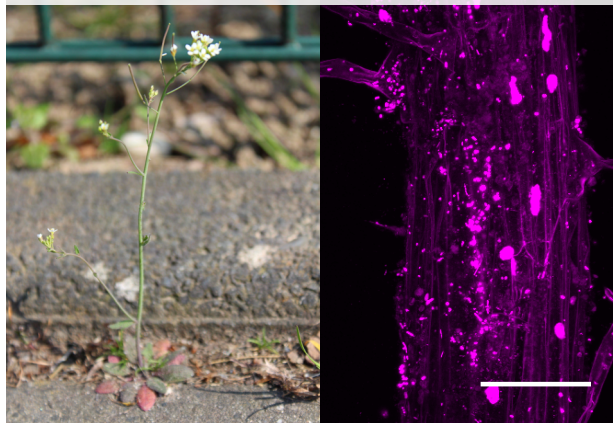
ホームページ： <https://rtnakanolab.com>



「自然環境での植物の真の生き様を知りたい。それも、分子生物学の言葉を使って」

これが私たち RTNakano Lab の研究の根本的なモチベーションです。この半世紀で分子生物学は飛躍的に発達し、さまざまな現象を分子レベルで明らかにしてきました。植物の発生やストレス応答、細胞内システム制御なども深い理解が進んでいますが、これらの研究の多くが無菌あるいは微生物が比較的少ないグロースチャンバー環境の植物を用いて進められてきたという経緯があります。その一方で、**実際の自然環境は微生物であふれかえっています**。特に植物が根を張る「土壌」という環境は極めて複雑な微生物生態系が構築されていて、そのなかで植物は「しっかり育て種をつける」と「病原菌などから身を守る」ことを両立しないといけません。時々刻々と変化していく環境条件（気温や光強度などの非生物ストレス／**abiotic stress**）に対応しながら、病原菌などの生物的ストレス（**biotic stress**）から身を守り、その上で次世代を生み出す能力（**reproductive fitness**）を最大化する。植物はどうやってこんな難しいことを実現しているのでしょうか。私たちは、植物の組織内外に定常的に（しかも病気を引き起こさずに！）存在する「**常在微生物**」がその鍵を握っていると考えています。

野外で育つシロイヌナズナ。その根を回収して微生物を蛍光色素で染色すると、大量の微生物が定着して植物マイクロバイオータを構築していることがわかる。



↑ ケレンの中野の自宅前にて撮影

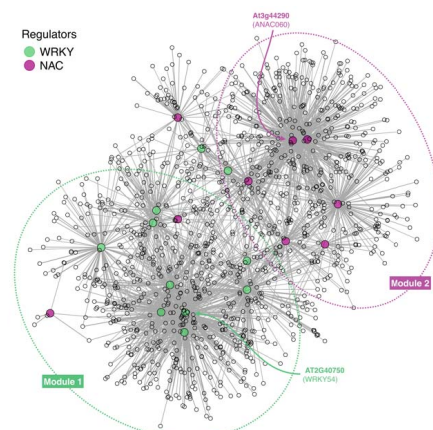
常在微生物によって構成される植物マイクロバイオータ （「腸内細菌叢」の植物バージョン！？）

ヒトの腸内が常在細菌で溢れかえっているように、植物の組織内外にも常在微生物が大量に定着しています。これらの常在微生物によって構築される微生物コミュニティの総体のことを「植物マイクロバイオータ」と呼びます¹。私たちは、これらの常在微生物が植物の根の発生や免疫応答に強く干渉することを解き明かしてきました²。他にもストレス応答や光合成など、植物のほとんどすべての生理現象が、常在微生物の影響下にあることがわかってきています。**マイクロバイオータはもはや植物の一部とも考えられ、常在微生物による植物生理への干渉の分子メカニズムを解き明かすことが、自然環境における植物の生き様の理解につながると考えています。**

【研究テーマ】

（1）マイクロバイオータの存在下で根の免疫と発生はどう制御されているのか？

植物の根の免疫や発生は互いに協調的に制御されていて、環境に応じてうまく両立できるようになっていると言われていますが、このアイデアも植物マイクロバイオータの存在下で理解していく必要があります。常在微生物（特にRhizobiales細菌）が根の発生や免疫に干渉する分子メカニズムを、大規模オミクス解析やインフォマティクスに分子遺伝学を組み合わせた統合的なアプローチで解き明かします³。



常在微生物への応答を制御する遺伝子発現制御ネットワーク。AI（マシンラーニング）による推定。

¹ 中野, 2016, 『共生微生物—生物と密接に関わるミクロな生命体』, 第14章「根圏微生物」化学同人

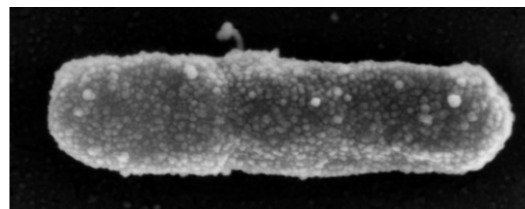
² Garrido-Oter*, Nakano*, Dombrowski* et al., 2018, Cell Host & Microbe. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2018.06.006>

³ Hucklenbroich et al., 2021, bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2021.05.25.444716>

(2) 植物とマイクロバイオータ微生物はどうコミュニケーションをとっているのか？

植物も微生物もさまざまな物質を分泌しています。植物は光合成で固定した炭素の2割ほどを根圏に分泌しているとすらいわれています。私たちは、根から分泌される二次代謝産物であるグルコシノレートやニコチン、サントパインが植物マイクロバイオータの構築に重要な役割を担うことを明らかにしてきました^{4,5}。常在細菌による根の生理への干渉にも分泌性物質が重要な役割を担うことを見出していて、「**分泌性因子が媒介するリモート相互作用**」の重要性に着目しています。

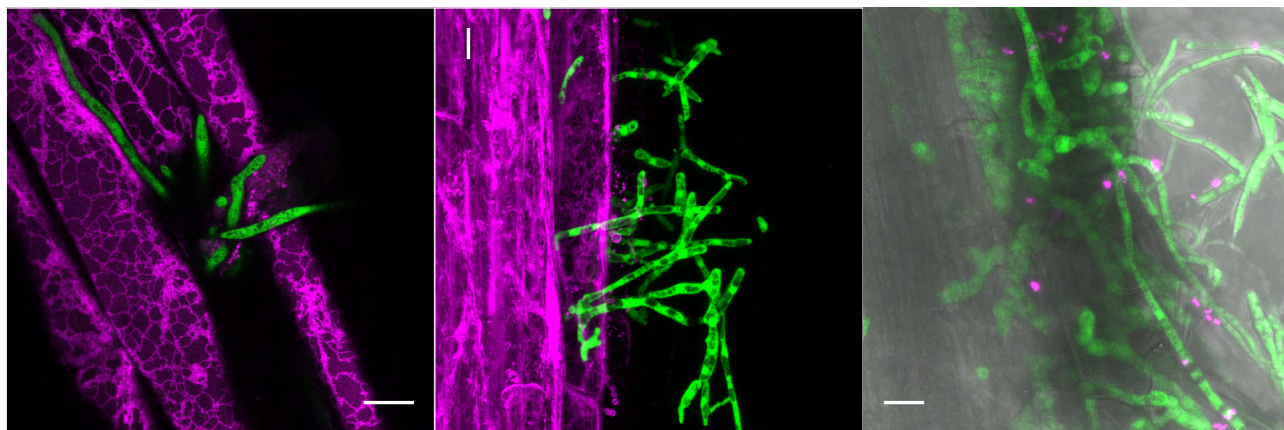
細菌はメンブレンベシクルと呼ばれる膜小胞を細胞外へと放出しています。メンブレンベシクル内外には核酸やタンパク質、化学物質などが含まれており、これら多様な生体分子の「運び屋」として生物間相互作用に寄与すると考えられています。私たちは、このメンブレンベシクルを中心とした細菌細胞外分子に着目し、その植物-マイクロバイオータ相互作用における機能解析を進めています。



シロイヌナズナ常在細菌の電子顕微鏡写真。大量の小胞が観察できる。

(3) 植物マイクロバイオータ相互作用の時空間ダイナミクスを解き明かす！！

多細胞生物である植物の組織は、たくさんの異なる種類の細胞の不均一な集合体です。それぞれの種類の細胞が、常在微生物に対してそれぞれに異なる応答をしていると想像しています。同じように、「植物マイクロバイオータ」という概念も、異なる種類の微生物が互いに重ならず混ざり合った不均一な集合体です。**不均一な植物細胞群と不均一な微生物細胞群**がどのように相互作用しているのか、その時空間ダイナミクスを解き明かすことが、柔軟で多様な相互作用のあり方を理解する鍵になると信じて疑いません。病原菌を弾き出しながらも共生菌や常在微生物を受け入れる、という一見矛盾した作業も、時空間的に異なる細胞群の役割分担を仮定すれば割とすんなり理解することができます。共焦点顕微鏡などを用いたライブイメージング解析を駆使したり、空間トランスクリプトーム解析やsingle-cell RNAseq解析などの最先端技術を組み合わせることで、「**不均一な相互作用**」を記述し、理解し、制御することを目指していきます。



シロイヌナズナの根（マゼンタ）に感染する共生菌 *Colletotrichum tofieldiae*（緑）。
たった一つの表皮細胞を局所的に標的にして根内に侵入していく様子が観てとれる。
感染細胞と非感染細胞の不均一性がうまれている。

C. tofieldiae（緑）と常在細菌R129_E（マゼンタ）を共接種したシロイヌナズナの根。同じ根でも異なる細胞は異なる組み合わせの微生物と相互作用していることがわかる。

【その他】

中野・島崎グループは令和5年度から新設されたフレッシュな研究室です。中野は学位取得後ドイツ・ケルンのマックスプランク植物育種学研究所で10年間の研究生活を送り、植物マイクロバイオータ研究の最先端の技術と知見を学んできました。帰国して北海道大学で新しい研究室を立ち上げるにあたり、今まさに新しい研究を開拓せんとしているところで、このワクワクする旅路を一緒に切り拓いてくれる仲間を大募集しています。やりたいことは山ほどあるので、テーマは選びたい放題です。もちろん自分自身で好きにテーマを設定してくれても構いません（むしろ大歓迎）。修士まで、あるいは博士まで、卒業する時に「未来に役立つなにか」を掴んでいけるように、自分のライフプランにあったプロジェクトと一緒に設計していきましょう。中野・島崎グループは、すべての学生さんが、しっかりと研究に向き合い自律的に取り組むことで、あらゆるキャリアパスに役立つ様々な能力を身につけて、アカデミアに限らず産でも官でも学でも、自らが望む素晴らしい人生に旅立つためのスプリングボードになれることを目指していきます！まずは一度研究室を覗きにきてください！電話でもメールでもtwitterでもinstagramでも、いつでも連絡お待ちしています。

⁴ Basak et al., 2022, bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2022.07.06.498822>

⁵ Shimasaki et al., 2021, mBio. <https://doi.org/10.1128/mBio.00846-21>

環境応答統御科学分野 伊藤秀臣 准教授

研究室：理学部5号館 7階（7-07室）

連絡先：Tel: 4469（内線）

e-mail:hito@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ: https://www.sci.hokudai.ac.jp/Cellfunction_Structure3/

本研究室では、陸上植物のシロイヌナズナを主な実験材料として、ゲノム構造の変遷機構・遺伝子の発現調節機構に関する研究を行い、植物の環境適応機構の解明を進めています。RNA分子の関わる遺伝子発現制御機構や、動く遺伝子トランスポゾンがゲノム構造や遺伝子発現に与える影響について、環境ストレス応答との関連性に焦点をあてた研究を行っています。これらの研究を通して、植物の巧みな生存戦略について理解しようとしています。

【着眼点】

トランスポゾンの転移はゲノム進化の要因となりますが、宿主ゲノムにとっては有害となる場合が多いため現在までに報告されているほとんどのトランスポゾン配列は DNAのメチル化やヒストン修飾により活性が抑制されています。しかしながら自然界ではそれらのトランスポゾン配列は多くの生物種のゲノム内に広く拡散しており、いつどのようにして拡散したのかという疑問に対する明確な答えは得られていません。近年、さまざまな種において遺伝子の内部や近傍に挿入されたトランスポゾンが、その遺伝子の発現を変化させることが報告されてきました。このことからトランスポゾンはゲノム構造や遺伝子発現を変化させることで生物種の進化の大きな原動力となってきたと考えられます。言い換えれば、環境ストレスによって活性化されたトランスポゾン配列がゲノム構造の変化、遺伝子発現の変化をもたらし、その結果環境適応能力を獲得した個体を生み出してきたと考えられます。

この仮説を検証するため植物においてストレス条件下で活性化するようなトランスポゾンとそれを制御する遺伝子に焦点を当て研究しています。実際に環境ストレスにより活性化されるトランスポゾンがゲノム構造の変化、遺伝子発現の変化をもたらし、その結果ストレス耐性のある個体が得られればトランスポゾンが植物の環境適応に重要な役割を果たしているということを実証できると考えています。

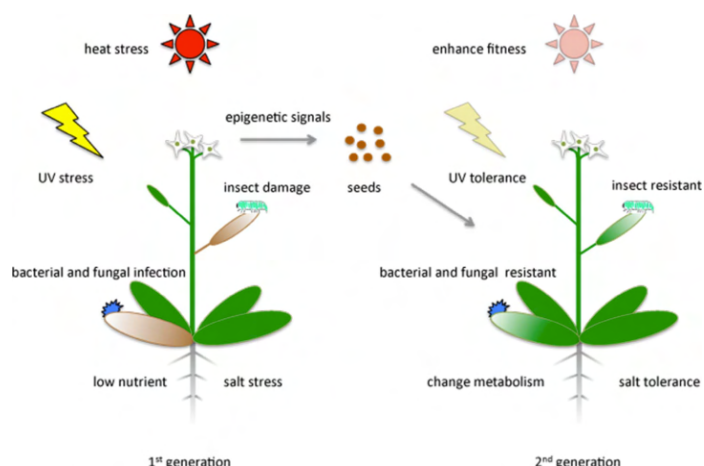
環境因子 (ストレス)



【研究内容】

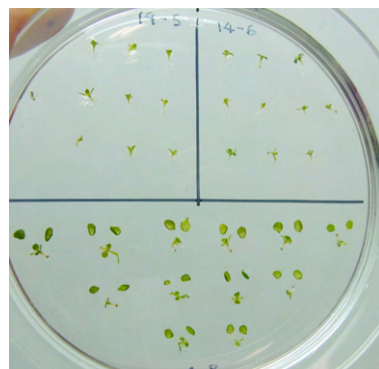
1、トランスポゾンのストレスメモリとエピジェネティックな制御

植物は、後代にストレス記憶を継承する例が報告されています。私たちの研究室では、シロイヌナズナで同定された高温ストレスで活性化するトランスポゾン「ONSEN」に着目して研究を行っています。ONSENは高温ストレスで活性化し転写が始まります。一度高温ストレスにさらされた植物はストレスを受けたという記憶を後代に伝えることができるのでしょうか？その答えを得るために ONSEN を指標にストレス記憶に関する研究を行っています。



2、カルスを介した高頻度トランスポゾン転移誘導技術の開発

私たちは、シロイヌナズナやアブラナ科の植物を用いて植物ホルモンバランスを調節することで、人工的に植物組織を脱分化誘導しカルスを介した ONSEN の転移誘導に成功しました。しかしながら、その転移頻度は低く、ONSEN の転移誘導を用いた品種改良技術の確立を困難にしている一つの要因となっています。そこで、未分化細胞であるカルスにおいて、ストレス条件やストレス処理のタイミングを工夫し、転移頻度の向上を試みています。



3、環境ストレス耐性植物の作成

先行研究より、ONSEN をゲノム上のさまざまな位置に転移させた集団を作成しました。この転移集団（変異体の集まり）の中から環境ストレス耐性を獲得した、言わば厳しい環境に強いシロイヌナズナの選抜を試みています。モデル植物であるシロイヌナズナだけではなく、アブラナ科植物やイネ、マメ科の植物などの育種上重要な作物にも応用した研究を行っています。

【その他】

私たちは、週に1回、研究の進捗状況を発表する機会を設けており、全員が集まって議論することで、他のメンバーからアドバイスを受けることができます。研究テーマは、本人の興味と研究室の研究目的のマッチングからベストなものを選んでいただきます。また、隔週で論文の読み合わせを行っています。私たちの研究に関連する興味深い研究を共有することで、自分たちの研究のヒントになる知見を常時アップデートしています。植物の持つ巧みな生存戦略に興味のある方、とにかく植物に触れ



ていたいという方は、遠慮なく研究室に来てみてください。（複数人での見学も可です。）

Ⅲ. 行動制御科学分野

行動制御科学分野 小川研究室

研究室所在地：理学部5号館10階（10-14室）

連絡先：Tel: 3525（内線），e-mail: hogawa@sci.hokudai.ac.jp

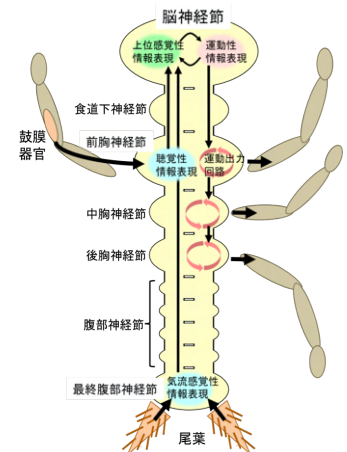
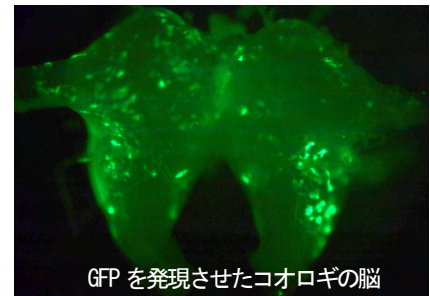
ホームページ：https://www.sci.hokudai.ac.jp/~hogawa/

研究内容：

＜本研究の目指すもの＞

動物は脳神経系で外部環境を感覚入力に基づいて知覚し、どのように行動するかを判断（意思決定）して実行します。ごく単純な反射運動を除けば、ある行動について刺激の受容から中枢での情報処理、運動制御にいたる神経機構を完全に解明した研究はほとんどありません。私たちの研究室では、コオロギの空気流刺激で誘発される回避行動をモデルとして、“入り口から出口まで”の神経回路とその情報処理内容の完全記述を目指しています。

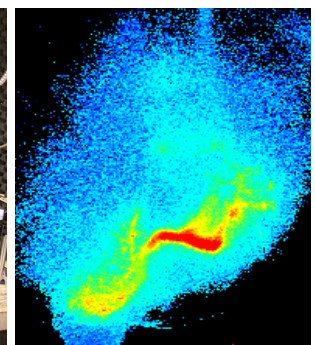
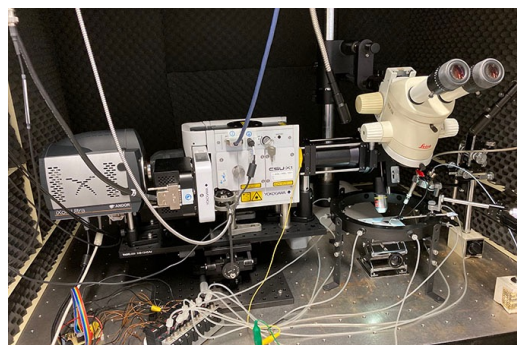
気流感覚器官（尾葉）



コオロギ神経系における気流感覚と聴覚刺激の情報の流れ

＜研究手法＞

研究手法には、主にトレッドミルや高速度カメラを用いた定量的行動計測と電気生理学と光学計測（イメージング）による生理学計測を用います。特にイメージングは、1個のニューロンの局所領域の活動を可視化したり、脳内の神経活動の時空間パターンを解析したりするのに非常に強力なツールです。この2つの手法を柱として、



スピンドスク共焦点顕微鏡（左）と気流応答性ニューロンのカルシウム応答（右）

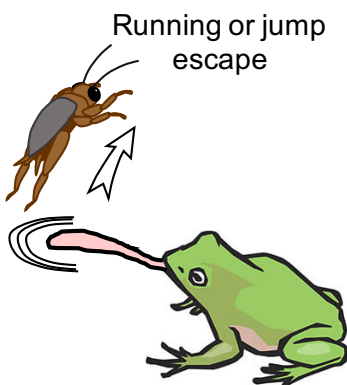
刺激や環境を人為的に操作したときの行動と神経活動を調べ、脳神経システムの情報処理機構と計算アルゴリズムの解明を試みています。さらに機械学習による神経活動のデコーディング解析にも取り組んでいます。

＜現在の主な研究テーマ＞

1. コオロギ逃避戦略における行動選択の意思決定機構の解明

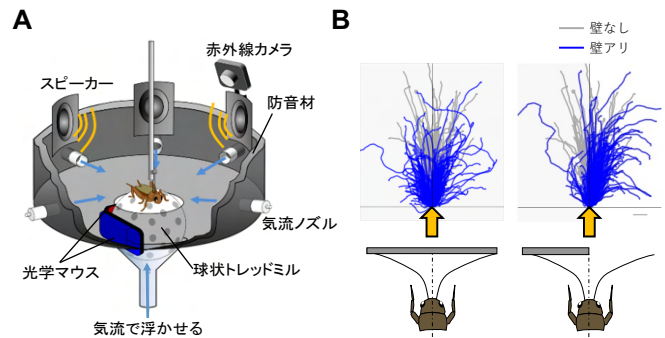
コオロギは気流刺激に対して、走って遠ざかるだけでなく、ジャンプしたり、その場で動かなくなったりなど、いろいろな逃避行動を示します。我々は特に

“Running”と“Jump”のよる逃避行動が、それぞれどのような利点があるのかを調べました。その結果、Jumpは速さや逃げる距離では有利ですが、2回目の刺激に対して応答できないことを発見しました（Sato et al., 2019, 2022）。これは逃避行動が単なる反射ではなく、刺激に応じて適切に選択されていることを意味しています。現在、それぞれの行動時の下行性神経活動を記録し、逃避行動選択の意思決定機構についての解析を進めています。



2. 異種感覚統合による気流逃避行動変化の解析

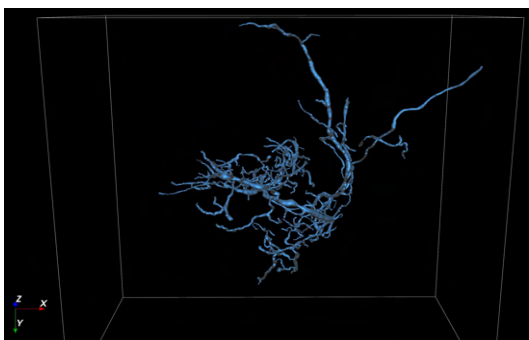
動物は周囲の状況によって生得的な行動を適応的に変化させます。それには状況に関する様々な感覚入力を統合する過程が必要となります。これまでに我々は、高周波音を聴かせてから気流刺激を与えると、逃避歩行運動の移動方向や反応閾値が変化することを報告しました (Fukutomi et al., 2015, 2017; Lu et al., under revision)。さらに最近、触角による障害物の検出も逃避する方向に影響することを発見しました (Ifere et al., 2022)。このような異種感覚統合による行動修飾のメカニズムを探るため、異種感覚組合せ刺激に対する行動を計測するとともに、脳内でこの行動修飾に関連するニューロンを探索しています。



ボール型トレッドミルシステム (A) と後方からの気流刺激で引き起こされた逃避運動の軌跡 (B)。グレーのトレースは障害物がない場合、青は前方に壁が存在する場合。

3. 運動状態に依存した気流逃避行動の変化の解析

外部環境だけでなく、動物は自らの運動状態に依存して知覚や行動を変化させます。最近我々は、歩行中の動物を非拘束のまま同じ位置に保持する新しいトレッドミルシステム“無限平面装置”を用いて、歩行中のコオロギは気流刺激に対して一旦停止してから逃避行動を示すことを発見しました。現在、歩行中のコオロギから胸部神経節内ニューロンの細胞内記録を行って、その神経メカニズムの解析を進めています (Kiuchi et al., submitted)。



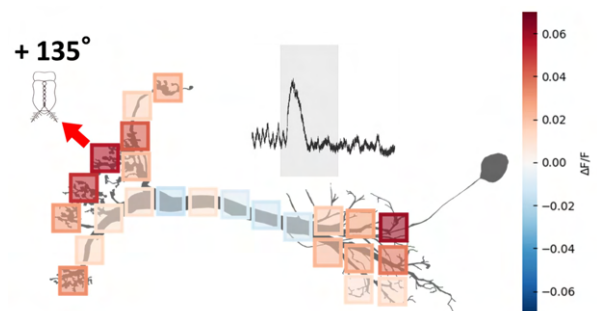
気流応答性脳内介在ニューロン

4. コオロギ脳内神経回路における気流方向情報処理と運動制御に関する研究

コオロギは尾部に一对の尾葉と呼ばれる気流感覚器官を持ち、気流を受容する感覚毛からの入力是最終腹部神経節内の巨大介在ニューロン群 (GIs) によって処理されます。GIs は1次感覚ニューロンから気流の方向や強度の情報を抽出して脳などの上位中枢に伝達すると考えられています。本研究室では脳内の介在ニューロンから細胞内電位記録を行い、GIからの気流刺激情報を受け、逃避行動を制御する神経回路を明らかにしようとしています。

5. 気流応答性ノンスパイキング局所介在ニューロンの細胞内情報処理機構の解明

神経細胞は信号出力に活動電位を用いますが、中には活動電位を発生せず緩電位変化を用いるノンスパイキングニューロンも存在します。哺乳類とは異なり、昆虫等の節足動物は中枢神経系にもノンスパイキングニューロンを用いています。ノンスパイキングニューロンの特徴は、細胞内で局所的な信号処理を行うことですが、実際にどのように感覚情報が局所的に処理されているか分かっていませんでした。本研究室ではin vivo カルシウムイメージング法を用いて、気流応答性ノンスパイキング介在ニューロンの細胞内局所応答を可視化し、気流情報がどのように局所処理されるのかを解明しています。(Shirahata et al., in preparation)



細胞体側後方からの気流刺激に対するノンスパイキング介在ニューロンの緩電位 (黒トレース) およびカルシウム応答

メッセージ

“脳”は複雑で謎に満ちた生命科学の最後のフロンティアです。この分野に独自の視点と最新のアプローチで挑んでいく意欲をもち、難しい課題にも粘り強く取り組む開拓精神 (フロンティアスピリット) にあふれる方を待っています!

行動神経生物学 和多研究室

教授 和多 和宏

研究室：理学部 5 号館 9 階 (9-10 室)

連絡先： e-mail: wada@sci.hokudai.ac.jp, 研究室 URL <http://www.wada-lab.org>

研究内容：

歌学習を行う鳴禽類ソングバードを動物モデルとして用い、『発声学習発達の個体差・種差・進化の分子メカニズム』の研究を行っています。

私の研究室では発声学習・音声コミュニケーション生成の行動神経メカニズムに着目して研究を進めています。どのようにしてこれらの学習行動の個体差が現れるのか？どのようにして種特異的な学習行動が進化してきたのか？等の『個の確立』が遺伝要因と環境要因のもとでどのように発達してくるのを明らかにしたいと考えています。

親鳥の囀りパターンを学習する Songbird (ソングバード：鳴禽類) を動物モデルとして用いて研究を行っています。鳥類と哺乳類の間では、神経回路・遺伝子配列レベルで多くの相同性が存在します。当研究室では、脳内の遺伝子発現やその分子機能を探る神経分子生物学・動物行動を観察する行動解析、そして一細胞シーケンス技術を用いた比較ゲノム解析学等、様々な方法を用いて研究を進めています。

ヒトの言語習得とソングバードの囀り学習の間には、神経動物行動学的に高い共通性があります。共に感覚運動学習 (Sensorimotor learning) を根幹とする発声学習によって成立しています。他個体から音声パターンを聞き、その聞き取った音を、鋳型として脳内に記憶する。次に実際に声を出して、聴覚を介したフィードバックにより自分の音声を修正していく。これを繰り返すことによって、

徐々に記憶した音声パターンへ近づいていくのです[図 1]。また近年、鳥類と哺乳類の間で、神経回路・遺伝子配列レベルで多くの相同性が存在することが明らかになってきています。ソングバードを動物モデルとして得られた知見は、ヒトの言語習得における脳内分子基盤の理解へと還元できることを意味します。

「声を出す」その行為そのものによって脳では物質レベルで何が変わっているのか？

私たち人間も、野外にいる小鳥たちも、ごく自然に「声」を出しています。自ら「声を出す」という能動的行動は、他個体とのコミュニケーションや発声学習 (言語学習も含む) にとって非常に重要な意味をもちます。実は普段私達が何気なくしている「声を出す」行為そのものが、脳・神経細胞に物質レベルで大きな影響を与えていると考えられます。事実これまで

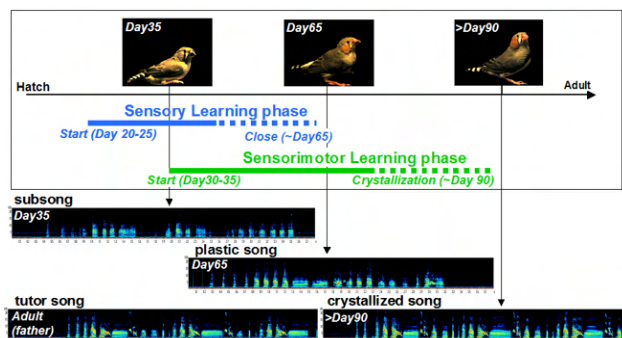


図 1: ソングバードの発声学習とその学習臨界期
孵化後 100 日間に、父親の歌パターンを学習していく。

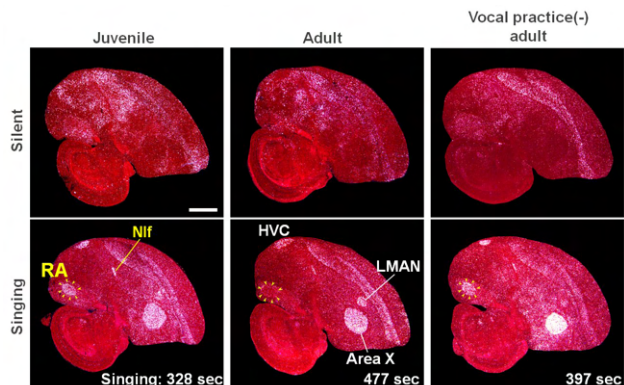


図 2: 発声学習臨界期中の発声練習の有無による脳内神経活動

に数百以上におよぶ神経可塑性やエピジェネティクス制御に関わる遺伝子群が、小鳥がさえずる都度に新しく脳内で発現誘導されていることを明らかにしてきました[前項 図 2]。

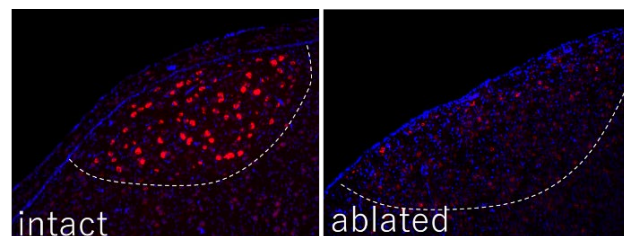
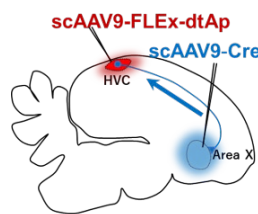


図 3: ウイルス発現システムを用いた遺伝子操作による運動前野から大脳基底核への投射ニューロン選択的除去実験の実例

さらなる解析によって、学習臨界期間「中」と「後」とで発現誘導率が異なる遺伝子群の同定にも成功しています。「声を出す」という行動そのものは若鳥(juvenile)も成鳥(adult)も同じように行いますが、遺伝子発現レベルで発声学習に果たす役割が大きく異なると考えられます。最近では特にエピジェネティクス制御に着目し、ウイルス発現システム[図 3]やシングルセル遺伝子発現解析[図 4]による脳内遺伝子発現解析などの研究を進めています。

独自の新しい研究領域の開拓を目指して

当研究室では、独自の新規研究領域を開拓すべく、まだ多くの研究者が手をつけていない『学習行動進化の神経生物学的研究』[図 5]や言語障害や吃音（どもり）などの医学応用を視野にいたした『ソングバードを用いた音声コミュニケーション障害の神経回路研究』等、様々な研究プロジェクトも現在進行中です。

近年留学生の在籍によって、当研究室の国際化が進んでいます。英語を日常的に使えるようになります。また、研究に用いる動物の飼育・繁殖は自ら行う必要がありますので、これらの点に関して留意した研究ができることを前提にしています。

世界を相手に、自分が知りたいことに食欲に、そして果敢に挑んでいくための研究を行う場にしていきたいと考えています。一生懸命にやれる人、やってみようと思う人。「何のために、研究するのか？」これにしっかりとした考えをもつ人。どうぞ、扉が開いています。

当研究室での研究を希望される方は、なるべく早い段階で一度は研究室訪問を行ってください。また、当研究室 URL (<http://www.wada-lab.org>)に推薦図書を掲載していますので、何冊かは読まれることをお勧めします。

参考論文 (すべて当研究室で PhD を取得した学生の論文です)

Wang H et al., PLoS Biology 17: e3000476 (2019)

Sánchez-Valpuesta M et al., PNAS 116: 22833-22843 (2019)

Hayase S et al., PLoS Biology 16: e2006537 (2018)

Mori C, Wada K Journal of Neuroscience 35: 878-889 (2015)

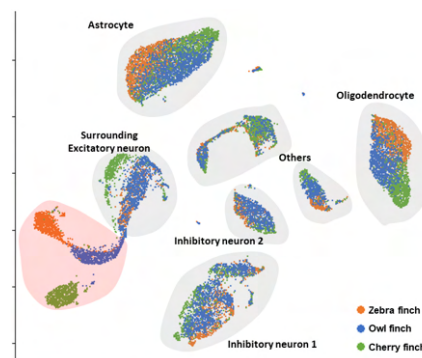


図 4: Single-cell RNA-seq の実例
歌神経核を構成する神経細胞（興奮・抑制性）、グリア細胞等における 1 細胞ごとの遺伝子発現情報を得ることで「いつ、どの細胞で、どのような遺伝子の発現変化」が起こっているか分かる。

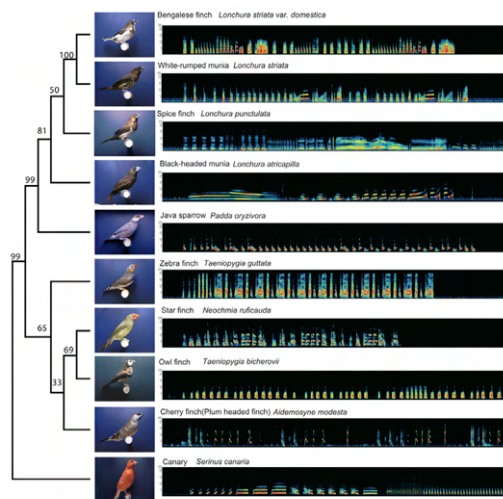


図 5: 鳴禽類ソングバード近縁種の種特異的な歌パターン
脳内歌神経核及び神経回路は、近縁種間で保存されているのにも関わらず、ゲノム領域のどこが変化し、脳内遺伝子発現に影響を与え、種特異的な歌を学習できるようになったのか、全く分かっていない。

行動制御科学分野 相馬 雅代

研究室：理学部 5 号館 9 階（912 号室）

連絡先：Tel：011-706-2995（内線 2995），e-mail：masayo.soma@sci.hokudai.ac.jp

研究内容：

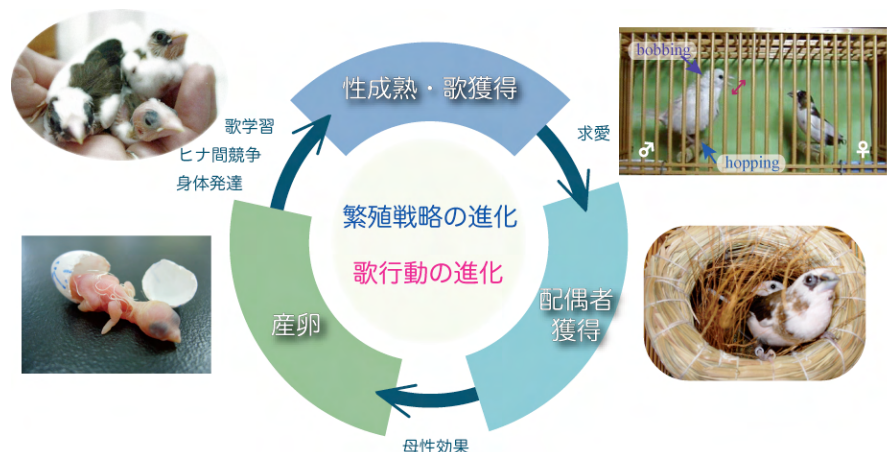
本研究室では鳥類を対象に，親子関係・兄弟関係・つがい関係などさまざまな社会関係に着目し，個体の生活史全体を視野に入れながら，多様な社会行動や繁殖行動，生活史形質の獲得過程，意味，そして機能を検討することで，その進化について包括的な理解を目指しています．具体的には，主に鳴禽類（スズメ目カエデチョウ科）を対象に，飼育下で繁殖実験や行動実験を行い，行動生態学，比較認知科学，進化生態学の見地から検討を行っています．

<行動へのアプローチ>

動物が，なぜ多様な形態や行動を呈するのか？ この疑問を解くには，大きく分けて二つのアプローチがあります．一つは，当該の形質がどのようなメカニズムによって発現されているか追究する方法，二つ目は，その特徴がどのような機能を果たしているかを解明する方法です．この両者のどちらを抜きにしても，動物行動の「なぜ」を解き明かすことはできませんが，本研究室では，とりわけ後者の観点に軸足を置いています．

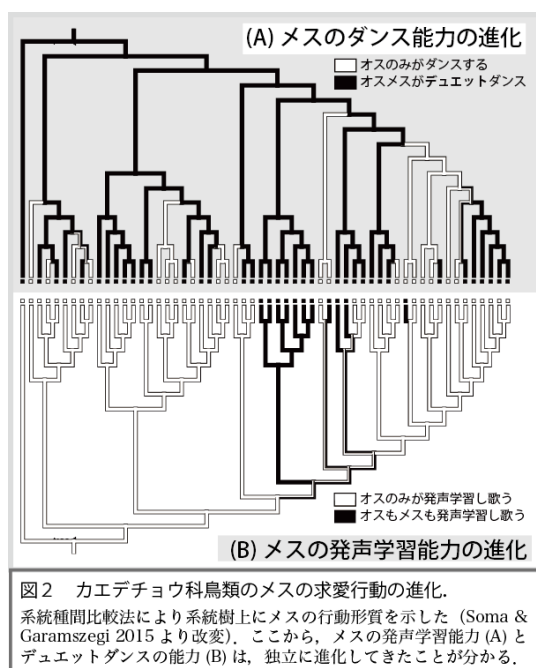
なぜ鳥なのか？—鳥類の生活史特性，社会性，そしてそのコミュニケーション能力は，動物行動の多様性を考える上で極めて興味深い題材です（図 1）．たとえば身近な世界に目を転じてみた時，なぜ私たちは特定の人を好きになり伴侶とするのでしょうか？ 恋人にはどのようにアプローチしますか？ もうける子の数はどのように決まりますか？ 息子と娘どちらが欲しいですか？ このような一見素朴にも見える問いを鳥類の生態と行動に当てはめ，生物科学の命題としてチャレンジしています．

図 1. ジュウシマツの生活史環とその各段階でみられる行動．鳥類は一夫一妻制の繁殖システムがひろく見られる分類群であり，親子間・兄弟間・つがい間の関係性が，各行動に影響している．さらにこのことは，繁殖や求愛ディスプレイなどを含むさまざまな行動の進化と結びついている．



行動の進化を考える際には、その遺伝的基盤だけでなく、発達要因に起因する可塑性や学習・経験といった側面に着目することも重要です。たとえば、私たちの言語は生得的な認知基盤によって支えられていますが、何語をどのように話すかといったことは、出生後の生育環境に大きく作用されます。同様に、鳴禽類の歌行動も発声学習に依存しており、個体間の求愛行動の多様性とその帰結としての繁殖成功を考える際には、誰から学ぶのかという社会学習の側面は、欠くことができない視点といえるでしょう。

これまで鳴禽類の求愛行動は、とりわけ歌が代表的な性淘汰形質のひとつにかぞえられ、華やかな羽装などと同様オスの表現型ばかりが注目されがちでした。しかし、私たちのこれまでの研究から、歌以外にもダンス（身振り運動）による視聴覚信号が雌雄間コミュニケーションに重要であること、さらに、これらの行動は雌雄間で相互的に交わされ、つがいの絆の形成と維持に寄与していることが明らかになりつつあります（図2参照）。



参考：

- ・『行動生態学』第8章（共立出版）
- ・Soma & Garamszegi (2015) *Frontiers in Ecology and Evolution*
- ・Soma & Mori (2015) *Plos One*
- ・Ota, Gahr & Soma (2015) *Scientific Reports*

<研究トピックス例>

- ・歌学習への社会的影響
- ・求愛ディスプレイにおける身体動作リズムの生成要因
- ・兄弟間競争と発達
- ・卵を介した母性効果と発達
- ・ジュウシマツの性的体サイズ二型の逆転
- ・文鳥の嘴にみられる性的二型（図3）
- ・カエデチョウ科鳥類ヒナの Gape pattern と餌ねだり



図3. 文鳥のつがい

行動制御科学分野 竹内研究室

竹内勇一

理学部 5 号館 9 階 913 室

e-mail: ytake@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ:

<http://www.neuroecology-takeuchi.com>

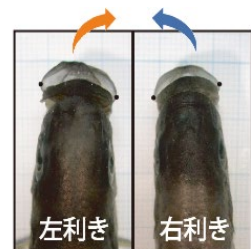
Tel: 4448 (内線)



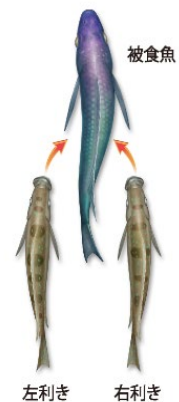
研究内容: 脳神経系の適応進化を解き明かす

生き物の姿かたちや行動はとても多様です。しかも、同じ種にもかかわらず、様々なタイプがいます。なかでも私は、動物の右利きと左利きを司るメカニズムについて研究をしています。利きとは「体はほぼ左右対称ながら、速さ/強さ/正確さが求められる運動で片側を用いる」と定義されます。最もなじみ深いのは、ヒトの利き手でしょう。しかし、右利きと左利きの脳神経系の違いや、利きの発達過程、どのような遺伝子や分子に調節されるか、進化的にいつ成立したかなど、いまだに本質的な謎が残されています。ヒトの利き手研究の弱みは、実験的な解析に乏しいことにあります。

利きと脳の関係に注目してみると、右手は左脳で、左手は右脳で主に制御されていることから、右利きと左利きの間で脳が異なると考えられます。ただし、ヒトの脳には 1,000 億個以上のニューロンが存在するため、神経活動と利きの関係性解明はいまだ困難です。そこで私は、利きと脳回路の解析が可能な動物で実験的に調べることが、謎を解く突破口になると考えました。



実は体の片側を優位に使う様子は、魚類から哺乳類まで様々な動物で報告されています。私は、アフリカのタンガニイカ湖に生息する、利きが明確な魚類 *Perissodus microlepis* に着目してきました。彼らはほかの魚のウロコをはぎ取って食べることから「鱗食魚」と呼ばれています。



鱗食魚は口の形態に著しい左右差がみられ、右下顎骨が発達して口が左に開くものを「右利き」、その逆を「左利き」と呼び、野外では 1 : 1 の比率で共存しています (図 1)。この形

図1. 鱗食魚の利きと捕食行動の関係。口部形態と襲撃方向に対応関係がある。

態の左右差は遺伝形質とされ、卵黄をもつ仔魚から認められます。加えて、左利きは獲物の左体側のウロコを、右利きは右体側のウロコのみを食べるという、形態と行動の対応関係が見出されています。

これまでの鱗食魚の研究は野外調査が中心だったので、利きを定量的に解析するため、鱗食魚の実験系の確立に尽力しました。すなわち、鱗食魚を輸入して大量飼育システムを構築し、水槽内で捕食行動を再現、世界に先駆けて人工繁殖に成功して、卵から成魚まで全ての発達段階で実験できるようになりました。

研究成果として、①ハイスピードカメラを用いた高速度撮影により、鱗食行動は5つの運動成分でなりたつことが分かりました(図2)。特に利きとして重要な、襲撃方向を決める左右への選択、および胴の屈曲における運動能力の左右差を見出し、この屈曲運動が後脳にある神経細胞で駆動されると示唆されました(図3)。つぎに、②人工繁殖個体を用いた行動実験から、この屈曲運動の左右差は先天的に現れ、鱗食を始める幼魚までの経験が、襲撃方向の利きの強化と確立に必須であることを示しました。また、③種間比較から、形態と行動の左右性の強さは食性と進化時間に影響を受けることを明らかにし、さらに④RNA-seq と qPCR によるゲノム解析を行い、利きに関わらず、左脳もしくは右脳に特有の発現を示す遺伝子群を同定しました。

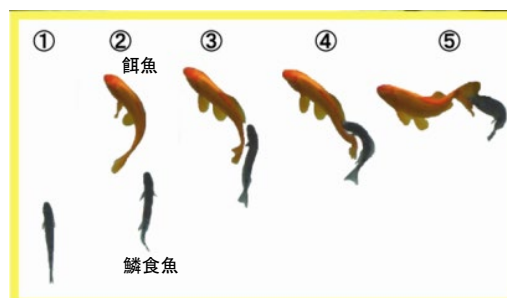


図 2. 鱗食魚(右利き)の捕食行動の行動成分と時間経過。③では左眼でしか相手を見ることができないため、利き眼があると想定される。

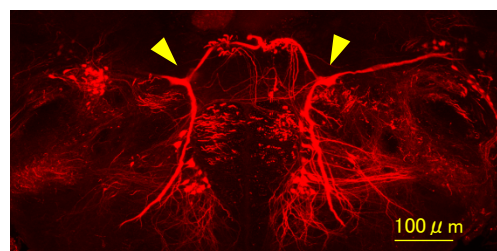


図 3. 鱗食魚の脳を透明化、神経細胞を染色してスキャンした後脳・神経細胞の写真。矢頭がマウスナー細胞。

今後の研究では、利きの神経機構・可塑性・分子遺伝基盤といった、さらなる利きの謎に迫ります(図4)。神経科学、ゲノミクス、生態学の3分野を動員して、ヒトの利き手につながる動物界の利き制御システムの構築原理を理解することを目指します。

これまでに様々な脊椎動物・無脊椎動物で研究してきました。サカナに限らず面白い動物で研究してみたい学生は歓迎します。すこしでも興味がわきましたら、気軽にご連絡下さい。

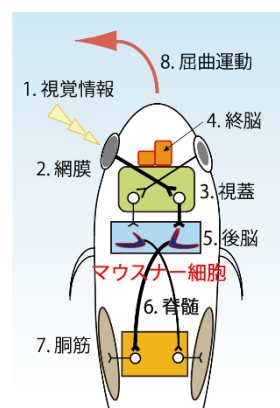


図 4. 鱗食魚の M 細胞入力系の回路モデル(右利き)。入力から出力までの情報伝達の流れを示す。

行動制御科学分野

田中暢明（准教授）・Michael Schleyer（助教）・西野浩史（助教） 研

田中 暢明

理学部 5 号館 1012 号室

011-706-2749

nktanaka@sci.hokudai.ac.jp

<https://www.sci.hokudai.ac.jp/grp/tanaka/lab/index>

Michael Schleyer（シュライアー）

理学部 5 号館 903 号室

011-706-3555

m.schleyer@oia.hokudai.ac.jp

<https://www.schleyerlab.com/>

西野 浩史

総合研究棟 2 号館 4 階 205 号室

011-706-2596

nishino@es.hokudai.ac.jp

<http://www.es.hokudai.ac.jp/labo/nishino/>

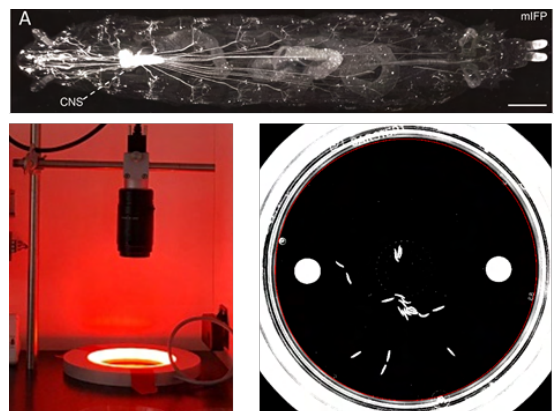
研究テーマ 1 「感覚情報処理や運動制御に関わる神経機構の研究」（担当 田中）

ショウジョウバエ、および、ヒメイカをもちいて、感覚情報処理や運動・行動制御に関わる神経機構を研究しています。ショウジョウバエに関しては、遺伝学的手法と、行動実験や生理実験（電気生理学的手法やカルシウム・イメージング法）、光学・電子顕微鏡観察技術を組み合わせて、個々の神経の感覚応答やシナプス連絡を調べ、動物が外界の環境を認識して、それに適した行動をひきおこす神経機構や、ホメオスタシスを維持する機構を調べています。ヒメイカに関しては、腕の運動制御や視覚情報処理の機構を明らかにしたいと考えています。



研究テーマ 2 「脳はどうやって過去・現在・未来を統合するか」（担当 Schleyer）

Using the fruit fly larva as model organism, our research is about what one could call “Insect psychology” – we try to understand how a simple brain decides what to do. How are decisions influenced by memories of the past and by the present situation? How specifically do they modulate future behaviour? And what are the neuronal mechanisms underlying these processes? To answer these questions, we use a combination of optogenetical manipulation of single neurons, video-tracking of behaviour, and machine-learning approaches. Recently, we focus on the dopamine system that has similar functions for learning and locomotion in invertebrates and vertebrates, including humans. We characterise which individual dopamine neuron has which function in learning, decision-making, and behaviour.

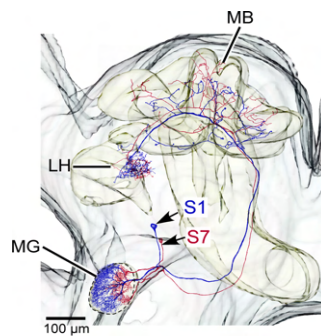


研究テーマ3 「昆虫の感覚情報処理機構の解明-基礎から応用まで」(担当 西野)

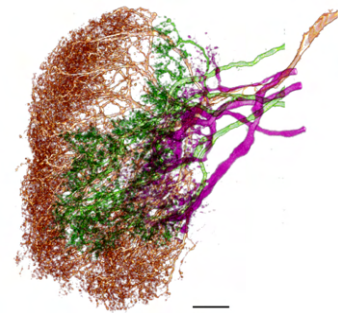
我々と同じ物理世界を生き抜くために昆虫も五感(視覚、触覚、聴覚、味覚、嗅覚)を持っています。昆虫の神経系は脊椎動物の神経系と比べると単純ですが、そのウエイトの多くを感覚情報処理に置くことで、高感度・高速の情報処理を実現しています。西野研は昆虫の中でもとくに非モデル昆虫(ゴキブリ、コオロギ、ミツバチ、アリ、カメムシなど)を対象とした神経行動学的研究を進めています。学際研究や産学連携研究を推進する部局に在籍しているため、行動生態や工学分野との連携、企業とフェロモンや光を利用した環境低負荷型の害虫防除の共同研究も進めています。具体的には昆虫の振動・聴覚センサーの構造や機能をマイクロセンサーに応用する研究、特定の光波長を用いた飛来虫の防除、ゴキブリの集合フェロモンのリガンドの特定、などです。研究テーマは沢山あります。具体的な研究内容や手法については、ホームページおよびYouTube チャンネル (<https://www.youtube.com/channel/UCyPUBf6ysfnljNjdt-ebPxQ>) をご覧下さい。現在最も力を入れている研究テーマは以下の通りです。

(1) 匂いのかたちを処理する神経の機能

空気中を漂う匂いには明瞭な濃度勾配は存在せず、匂い分子の塊が離散的に存在しています。遮蔽物に富む環境に適応しているゴキブリをモデルとして複雑な匂いの空間分布を介在ニューロンがどう処理するのかを明らかにしようとしています(上図)。

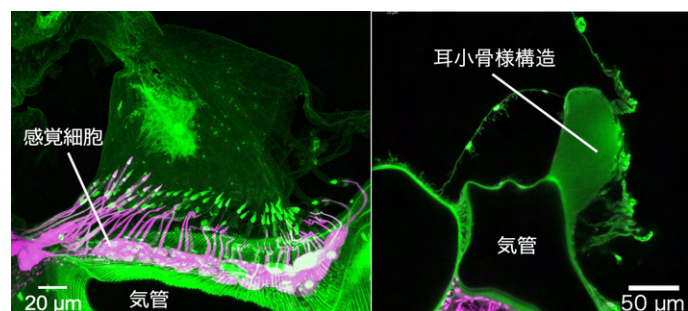


触角の特定領域の性フェロモン刺激に応答するニューロン(左)。これらのニューロンは大系球体の一部に局限した樹状突起を持つ(右)。



(2) 嗅覚並行処理経路の機能的意義

多くの動物で嗅覚情報は2つの並行神経経路によって高次中枢に運ばれることが知られています。ゴキブリの介在ニューロンは大きいため、各々の並行経路を構成する単一の神経細胞からの記録・染色により、この機能に迫ろうとしています。



コオロギの聴覚器(左)と耳小骨様構造(右)。

(3) コオロギ聴覚器の発達

コオロギの前肢にある鼓膜器官の形状、材料は我々の耳とは大きく異なりますが、その動作原理は似ています。聴覚器の耳小骨に相当する部分は成虫脱皮後に自己組織化的に形成されます。この構造形成のしくみを調べたいと思っています(下図)。

行動制御科学分野 常松研究室

研究室：理学部 5 号館 9 階（911 室）

連絡先：011-706-2615 tsune@sci.hokudai.ac.jp

【研究目的】

なぜ、どのように夢を見るのか？を神経科学者の立場から明らかにすること

【背景】

私たちの睡眠ステージはレム睡眠とノンレム睡眠からなります。ノンレム睡眠中は神経活動が抑制され、脳が休息します。一方、レム睡眠中は神経活動が覚醒時と同程度まで活性化し、夢を見ます。なぜ、どのように夢を見るのでしょうか？神経科学者にとって未解決の難問です。なぜなら、遺伝子操作等による夢見神経回路への介入が可能なマウスでは意思疎通が出来ず、夢を見たかどうか分からないからです（図 1A）。私たちの研究室では、マウスが夢を見ていることを証明し、さらに夢見神経メカニズム、夢見の生理的役割を解明することを目的に掲げ、本目的達成にチャレンジします。

そのためにはマウスが夢を見ているかどうか、が鍵となります。1970 年代から夢を脳内で作り出すと予想されてきた Ponto-geniculo-occipital (PGO) 波という脳波があります（図 1B）。半世紀以上もの間、マウスには存在しないと言われてきた PGO 波の記録に、最近私たちが世界で初めて成功しました（Tsunematsu et al., eLife 2020）

（図 1C）。マウスが夢を見ていることを強く示唆する結果です。私たちは PGO 波に着目して、夢見研究を行います。

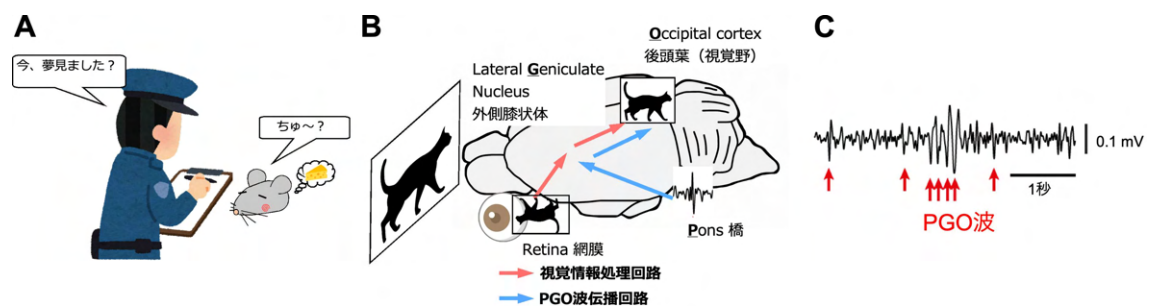


図1 研究の背景

A) 夢を見たかどうか聞いても答えてくれないマウス

B) PGO波伝播回路（水色）。視覚情報処理回路（ピンク）と回路が類似していることから、PGO波は睡眠中の画像イメージ、つまり夢を作り出していると予想されてきた。

C) 世界で初めて計測に成功したマウスPGO波

【研究手法】

様々な遺伝子改変マウスを用いて、in vivo での研究を行います。

大規模細胞外記録：1000 個以上の記録電極を持つプローブ（図 2A）をマウスの脳内に刺入し、多数（うまく行けば数百個）の神経活動を同時に記録します。睡眠覚醒に伴う、神経活動の変化を記録できます。

光イメージング：細胞内のイオン濃度などの変化を蛍光変化を指標として計測します。脳の深部からは刺入した光ファイバーを介して計測するファイバーフォトメトリー法、脳の表面からはマクロズーム顕微鏡（図 2B）を用いて記録します。

光遺伝学的手法：光で駆動するタンパク質を特定の神経細胞に発現させて、光によって神経活動を活性化あるいは抑制します（図 2C）。神経活動を人為的に制御することで、動物の行動、例えば睡眠を操作することが可能です。夢も操作できるようになるかも知れません。

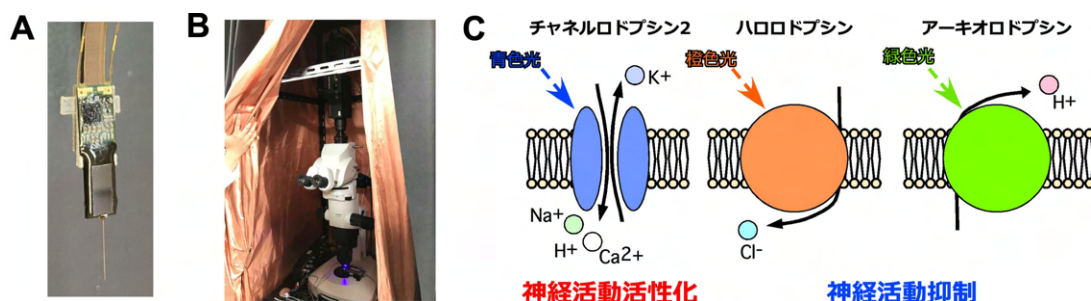


図2 用いる研究手法

- A) 大規模細胞外記録用プローブ。先端の針のような部分に1000個以上の記録電極が搭載されている。
B) 光イメージング用のマクロズーム顕微鏡。
C) 光遺伝学的手法による神経活動制御。

発現させる光駆動タンパク質により神経活動の活性化、あるいは抑制が出来る。

【研究内容】

PGO 波や夢の研究をしている研究室は世界的にも類を見ません。どんな研究をしても新しいです。やりたい研究がたくさんあります。

- ・ディープラーニングを用いたマウス夢見証明
- ・夢見神経回路の解明
- ・夢見の生理的役割解明（特に記憶に着目）

【その他】

「研究の目的を正しく深く理解すること」を大切にしています。目的の理解は、良い問い、本質や全体像の理解、自分がどれだけ面白い研究をしているのかというモチベーションに繋がります。それと、ラボメンバー同士の思いやりとリスペクトも大切です。夢を持って一緒に夢の研究を行ってくれる方、お待ちしております。

参考記事：<https://www.terumozaidan.or.jp/labo/interview/76/index.html>

IV. 生殖発生科学分野

生殖発生科学分野 勝 義直

研究室：理学部5号館10階（10-08室、10-06室、10-05室）

連絡先：Tel：4908（内線）、e-mail:ykatsu@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ：<https://www.repdev-katsu.jp/>

研究内容：

生物進化の過程でどのように内分泌による生命活動の制御機構が出現・成立したのでしょうか。私たちの研究室ではその全体像の解明を目指す「進化内分泌学・比較内分泌学」の研究を進めています。動物は生殖器官で卵と精子を作り子孫を残します。この生殖器官の発生、性の分化、生殖行動にはエストロゲン（女性ホルモン）やアンドロゲン（男性ホルモン）などの性ホルモンが重要な役割を担っています。さらに生体の恒常性維持やストレス応答などには副腎皮質から分泌される糖質および鉱質コルチコイドと呼ばれるタイプのホルモンが関連しています。これらはどれも脂溶性低分子のステロイドホルモンであり、核内受容体のファミリーであるステロイドホルモン受容体と結合して生理作用を発揮しています。ステロイドホルモン受容体は、ある特定の遺伝子配列を認識しホルモン依存的に転写を制御する転写因子です。私たちの研究室では、様々な生物種からホルモン受容体遺伝子のクローニングを行ない、「進化上いつからステロイドホルモン受容体が出現したのか？」という生命現象の根本に関わる研究を進めています。また、積極的に国内外の研究者と共同研究を実施しながら研究を進めています。

（1）ステロイドホルモン受容体の分子進化

ステロイドホルモンは、ヒトを含めた多くの動物の発生、生殖、性の分化、恒常性の維持、ストレス応答、免疫応答など、生命活動の維持に関する重要な役割を担っています。しかし、その受容体は進化上いつから出現したのか、高等脊椎動物と無脊椎動物での機能は同じなのか、などという生物学的・生理学的に重要な事象については不明な点が多いです。私たちの研究室では、分子生物学的な手法を用いて生物進化のカギとなる軟骨魚類や無顎類、さらに最も脊椎動物に近い無脊椎動物のナメクジウオなどを用いたステロイドホルモン受容体の遺伝子単離、機能解析を行なっています。最近では、肉鰭類であるハイギョやシーラカンスに焦点を当てた研究を進めています。

〔性ステロイド受容体〕

性ホルモンの受容体であるエストロゲン受容体は、生殖関係だけではなく骨形成や心血管系、脂質代謝など多彩な生物作用を発揮します。またプロゲステロン受容体は生殖腺の成長や排卵など主に生殖関係の作用を持ちます。私たちのグループはハイギョなどの古代魚や無顎類、さらに軟骨魚類から性ステロイド受容体を単離し、リガンド依存的な転写能力を調べ、その系統樹を作成しました。そして、これまでに無脊椎動物であるナメクジウオの段階で高等脊椎動物のエストロゲン受容体遺伝子の祖先型が出現した事を明らかにしました。また、軟骨魚類のプロゲステロン受容体の詳細な解析を行い、ヒトのプロゲステロン受容体との違いやリガンド特異性など詳細に調べた報告をしています。さらに、最近ではハイギョからプロゲステロン受容体や男性ホルモンの受容体であるアンドロゲン受容体の単離に成功しています。今後は、ホルモン感受性などを調べ、さらに生体内での機能の詳細な解析をする予定です（Endocrinology, 149: 6300-6310, 2008, Endocrinology, 151: 639-648, 2010, Gen Comp Endocrinol, 236: 105-114, 2016, J Steroid Biochem Mol Biol,

[副腎ステロイド受容体]

副腎ステロイド受容体は、副腎で生合成される糖質コルチコイドや電解質コルチコイドに対する受容体です。生体内のほとんどすべての組織に発現しており、様々な生理機能を担っています。私たちのグループは、これまで解析されてこなかった爬虫類のコルチコイド受容体の遺伝子単離に成功し、ステロイドに対する応答性を詳細に解析しました。また、哺乳類、鳥類、爬虫類、両生類のコルチコイド受容体の種特異性を詳しく調べることでより種による差を見出しています。さらに古代魚からコルチコイド受容体の単離を行い、ホルモン応答性を調べています。また、軟骨魚類のコルチコイド受容体の解析を進めており、受容体の分子進化の理解につながる成果がでています。現在、肉鰭類であるハイギョやシーラカンスのコルチコイド受容体の解析を進めており、受容体の分子進化のさらなる理解につながることを期待されます (J Steroid Biochem Mol Biol, 154: 112-119, 2015; J Steroid Biochem Mol Biol, 105845, 2021; J Steroid Biochem Mol Biol, 106024, 2022; Steroids, 113: 38-45, 2016; Science Signaling, 10, eaao1520, 2018; Science Signaling, 12, eaar2668, 2019; PLoS one 17: e0272219, 2022 など)。



メッセージ

私たちの研究室では、生物進化、内分泌、ステロイドホルモン、ステロイドホルモン受容体、生殖、環境ホルモンをキーワードとして研究を進めています。研究者として大切なことは、1) 研究に必要な内容を把握するための能力、2) 仕事に対する真剣な姿勢、3) 自分で考え自分で行動出来る能力です。私たちは、真に生物学に興味を持つ人物と一緒に仕事をすることを望んでいます。

木村 敦 (教授)

理学部 5 号館 10 階 1009 室、内線番号：4452

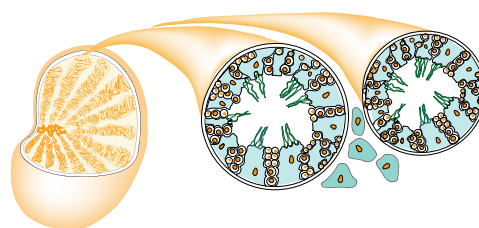
電子メール：akimura@sci.hokudai.ac.jp

藤森 千加 (助教)

理学部 5 号館 10 階 1006 室、内線番号：4458

電子メール：c-fujimori@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ：https://www.sci.hokudai.ac.jp/~akimura/Molecular/Welcome.APK.html

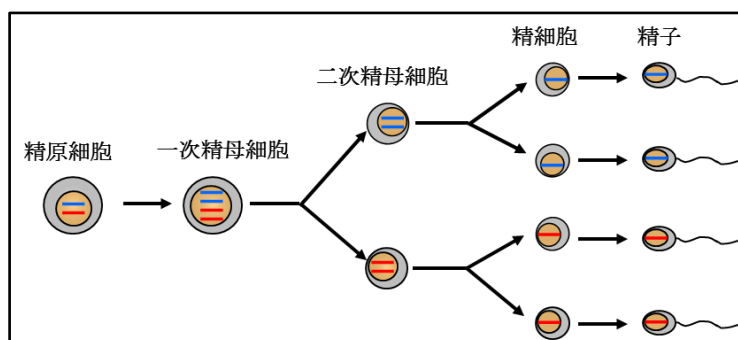


Testis illustrated by R.Y.

研究内容

1. 精子形成における多機能性ゲノムと long noncoding RNA

ゲノム配列が解読されて久しい現在ですが、ゲノムの大部分を占めるエクソン以外の配列が持つ機能はよくわかっていません。私たちは、そのようなゲノム配列が持つ機能を、特に生殖現象において明らかにしようと研究を行っています。現在のメインテーマは、**哺乳類の精子形成におけるゲノム機能**の解明です。精子形成は、精巣で有糸分裂して

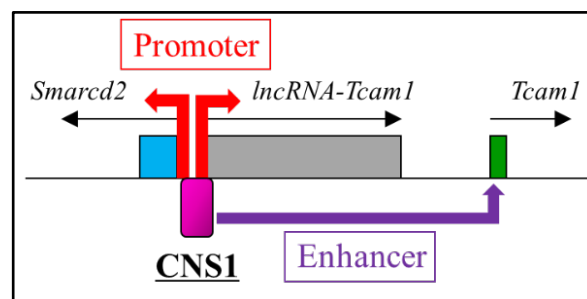


いる精原細胞の一部が減数分裂によって精細胞となった後、精子変態によって精子ができる一連の過程のことです。私たちは、この過程で**多機能性ゲノム**と **long noncoding RNA (lncRNA、長鎖非コード RNA)** が重要な機能を果たすことを明らかにしつつあります。

【多機能性ゲノム】

dual promoter-enhancer (DPE) はプロモーターとエンハンサーの機能を両方持つ多機能性のゲノム配列で、哺乳類では私たちが初めて発見しました (Kurihara *et al.*, *J. Mol. Biol.* **426**: 3069-3093, 2014)。

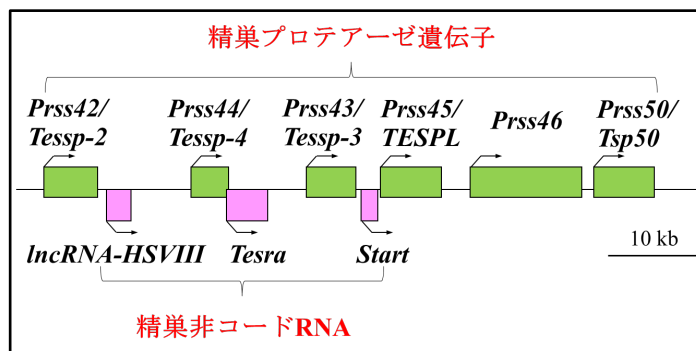
右図の **CNS1** が私たちの発見した DPE で、一次精母細胞においてプロモーターおよびエンハンサーとして合計 3 つの遺伝子/lncRNA の活性化に寄与します。



私たちはこの **CNS1** の作用メカニズムの詳細を解析すると同時に、精子形成で機能する DPE を網羅的に同定してそれらの性質を解明する研究も行っています。また、最近さらに別な多機能性ゲノム **dual enhancer-silencer** が精子形成に機能する可能性も明らかにしており (Bandara *et al.*, *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **534**: 1007-1012, 2021)、その解析も行っています。

【lncRNA】

lncRNA は翻訳されずに機能する 200 塩基以上の RNA のことで、近年の解析によって、哺乳類のほとんどすべての組織に存在することが明らかになり、その重要性が示されています。精巣はあらゆる組織の中でも特に多くの **lncRNA** を発現するのですが、その具体的な機能はよくわかっていません。私たちは精巣特異的遺伝子が 6 つ並んで存在するマウス *Prss/Tessp* 遺伝子座において 3 つの **lncRNA** を発見しました (上図)。このうち、*Tesra* については *Prss42/Tessp-2* 遺伝子を転写活性化することで減数分裂の進行を調節することが明らかになりました (Satoh *et al.*, *Biol.*

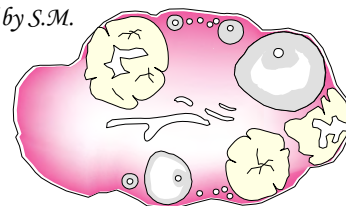


Reprod, **100**: 833-848, 2019)。また、*Start* は、ライディッヒ細胞においてテストステロンの合成を制御するとともに、精母細胞では *Prss43/Tessp-3* 遺伝子の転写活性化に寄与するという、多機能性の lncRNA であることが判明しました (Otsuka et al., *Front. Endocrinol.* **12**: 665874, 2021; Otsuka et al., *Plos One* **17**: e0273279, 2022)。私たちはこれら lncRNA の詳細な解析を続けることで、精巣 lncRNA の生理的意義を解明したいと考えています。

なお、これら精子形成におけるゲノム機能に関する私たちの成果をまとめた日本語の総説が、比較内分泌学 2018 年 5 月号に「**マウス精巣減数分裂過程の一次精母細胞における転写活性化機構**」(研究室ホームページよりリンクあり)、同じく 2021 年 5 月号に「**マウスの精巣における長鎖非コード RNA の作用と生理機能**」(問い合わせに応じてお送りできます)として載っています。当研究室に興味のある方は、まずこれらの総説を読むことをお勧めします。

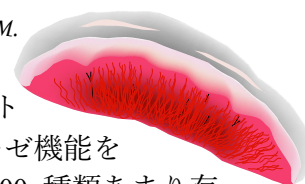
2. 卵巣における転写活性化～long noncoding RNA

Ovary illustrated by S.M.



私たちの研究室では卵巣を用いた研究も行っています。哺乳類の卵形成では、出産前の卵巣ですでに減数分裂が始まり、思春期にホルモンによる調節が行われることで卵が成熟して排卵に至ります。この時、脳下垂体からのホルモンに応答し、自らもホルモンを産生・分泌して卵形成を調節するのが、卵を取り囲む顆粒膜細胞です。私たちは、マウス顆粒膜細胞で高発現する複数の遺伝子をモデルとして、顆粒膜細胞における転写活性化メカニズムを明らかにしようとしています。これまでに組織特異性の異なる複数の遺伝子が **lncRNA** によって調節されることを明らかにしました (Matsubara et al., *J. Biochem.* **155**: 243-256, 2014; Mayama et al., *J. Reprod. Dev.* **66**: 435-444, 2020; Kimura et al., *Endocrinology* **158**: 4105-4121, 2017)。現在は、これら lncRNA の作用メカニズムやホルモン調節との関係を解析しているところです。

Placenta illustrated by S.M.



3. その他のプロジェクト

我々の研究キーワードに関する研究であれば、メインのプロジェクトとは別に行うことがあります。例えば、精巣と胎盤におけるプロテアーゼ機能を解析した成果があります。プロテアーゼ関連遺伝子は哺乳類ゲノムに 500 種類あまり存在するのですが、その機能は精巣と胎盤で十分に解析されていませんでした。我々は、特定のプロテアーゼが精子形成あるいは胎盤分化に役割を持つことを明らかにしました (Yoneda et al., *Biol. Reprod.*, **88**: 118, 2013; Maruyama et al., *Placenta* **53**: 8-15, 2017)。これ以外にも、さまざまなサブプロジェクトが進行中です。

研究のキーワード

遺伝子発現、転写活性化、エピジェネティクス、内分泌／ホルモン、long noncoding RNA、dual promoter-enhancer、ゲノム、精巣、精子形成、卵巣、胎盤分化、プロテアーゼ

これら以外のキーワードや各キーワードの説明、研究室で行っている実験手法などについてはホームページに掲載しています。

その他

当研究室では“**優れた研究者であると同時に科学以外においては常識的な人物**”をテーマにしています。特に“**時間を厳守すること**”と“**実習ではなく研究をするという高い意識を持つこと**”の2点については重点を置いています。したがって、これらが欠如している学生については当研究室でやっていくことが難しいということを留意してください。他大学から当研究室への進学を希望する学生には、これらの点ができる学生かを判断するためにいくつかの質問に答えていただくことにしています。

生殖発生科学分野 黒岩麻里(教授)・吉田郁也(助教)・ 水島秀成(助教)研究室

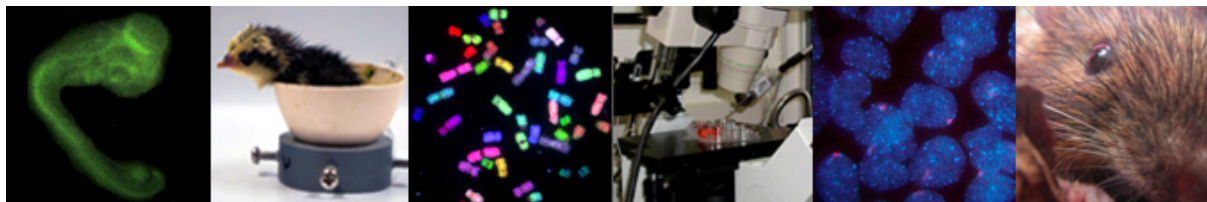
研究室：理学部 5 号館 11 階 1103 室, 1105 室, ゲノムダイナミクス研究センター西棟 2 階 209 室

連絡先：Tel:2752 (内線), e-mail: asatok@sci.hokudai.ac.jp (黒岩)

Tel:3589 (内線), e-mail: ikuya@sci.hokudai.ac.jp (吉田)

Tel:3522 (内線), e-mail: smizus@sci.hokudai.ac.jp (水島)

ホームページ: <https://sites.google.com/site/kuroiwagroup/>



研究内容

私たちの研究室では、哺乳類や鳥類を材料として、生殖に関する研究を行っています。

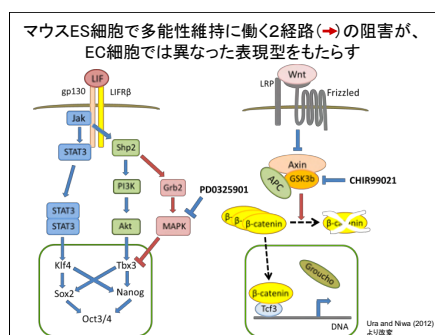
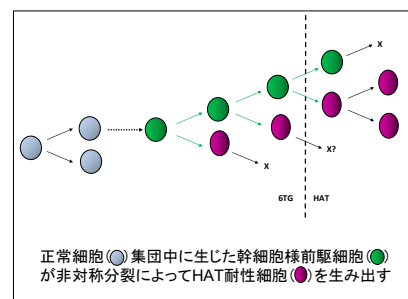
哺乳類の性決定と性染色体の研究

ヒトの性は、X 染色体を 2 本もつと女性に、X と Y 染色体を 1 本ずつもつと男性になります。また、Y 染色体上に性決定遺伝子である *SRY* 遺伝子をもつため、Y 染色体をもつと男性になります。この性決定の仕組みはヒトだけでなく、ほとんどの哺乳類(有胎盤類)に保存されています。この X と Y 染色体は、元々是一对の同じ染色体でした。ところが長い進化の年月を経て、Y 染色体はどんどん小さくなっていき、遺伝子も現在ではたったの 50 種類程度しか残っていません。私たちは哺乳類の Y 染色体や性決定メカニズムの進化の謎を解明するために、大変奇妙な染色体をもつトゲネズミを材料に研究を行っています。トゲネズミは南西諸島に生息する日本の在来固有種です。哺乳類でありながら Y 染色体をもたず、オスもメスも X 染色体を 1 本しかもちません。さらに、哺乳類の性決定遺伝子である、*SRY* 遺伝子ももっていません。私たちはこの不思議な染色体をもつトゲネズミを対象に、**性決定をどのように行っているのか？なぜ、どうやって Y 染色体が消えたのか？**を明らかにするために研究を行っています。



マウス胚性腫瘍 (EC) 細胞を用いた研究

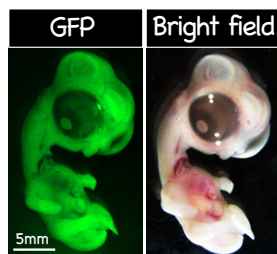
EC 細胞を用いて、以下の 3 つのテーマについて研究を行っています。①**EC 細胞における亜集団の形成機構**：EC 細胞株 MC12 では、細胞集団中に幹細胞様の前駆細胞が確率的に出現して非対称分裂をおこない、性質の異なる細胞が産生されることが明らかになっています。Wnt- β -Catenin 経路(下図右)の下流にある転写因子 *Esrrb* がこの現象に関与する可能性が示されていますので、更に前駆細胞の出現や非対称分裂との関わりについて研究を進めていきます。



②**細胞増殖能の低下と幹細胞性の獲得**：一方、LIF-STAT 経路での MAPK 阻害(=PI3K/AKT による増殖、生存シグナルの亢進、図左)は前駆細胞の出現率を著しく低下させました。腫瘍幹細胞はしばしば休眠状態を示すことから、増殖能の低下と幹細胞性の獲得との関連が想起されます。

MC12 をモデルとして PI3K/AKT 経路の機能低下と幹細胞様細胞の出現との関連について研究を進めます。また、様々な遺伝子改変を加えた MC12 を用いて③不活性 X 染色体ヘテロクロマチンの成立、維持、消去機構についても研究を進めていきます。

鳥類の性決定メカニズムの研究

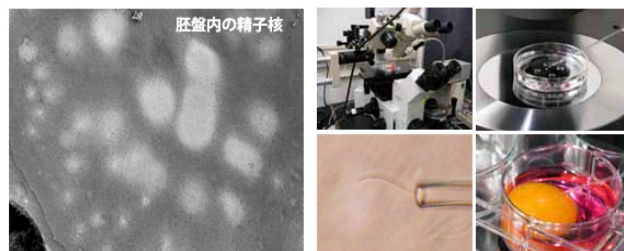


鳥は、性的二型（雌雄で異なる形質）が大変大きい動物です。クジャクに代表されるように、オスは色鮮やかで立派な羽根をもち、トサカや飾り羽根などの装飾を多く身に付けています。一方で、メスは比較的地味な装いをしています。また、オスは、求愛のためのダンスやラブソングを歌うなど、行動にも大きな性差があります。地球上にはおよそ 1 万種以上の鳥が生息しており、これら鳥類は多様性に富む性的二型をもっています。そして、その性差をもたらす最初のステップとなる、「性決定」

は鳥類において非常に良く保存されています。鳥類の性は、哺乳類と同様に、遺伝子とその遺伝子が存在する性染色体によって決まります。しかし、鳥類の性染色体の組み合わせは哺乳類と異なり、大きい Z 染色体を 2 本もつ (ZZ) とオスに、Z と小さい W 染色体を 1 本ずつもつ (ZW) とメスになります。この性染色体上に存在する遺伝子により、性が決定されることは、古くから知られていますが、鳥類では、その遺伝子がどのようなものなのかはわかっていません。また、**性決定遺伝子のみならず、性が決定された後に、どんな遺伝子がどのようににはたらくのか、詳しいメカニズムはほとんどが未解明のままです。**そこで私たちは、ニワトリやニホンウズラを対象に、CRISPR/Cas9 システムを利用したゲノム編集技術、レトロウィルスベクターを用いた遺伝子導入技術等を用いて、遺伝子のノックアウト、ノックダウン、過剰発現実験を行い、性決定に関わる遺伝子の機能解析を行っています。

鳥類の受精メカニズムの研究

脊椎動物には、1 個の卵に 1 個の精子が侵入する（単精受精）種と、複数の精子が侵入する（多精受精）種が存在します。卵内に侵入する精子数は異なりますが、両者ともに共通して、1 つの精子核が卵核と接合します。では**何故複数の精子が卵内に侵入しても、1 つの精子核のみが卵核と接合できるのでしょうか？また何故複数の精子が卵内に侵入する必要があるのでしょうか？**実は、それらのほとんどが未解明のままです。そこで私たちは、これらの課題解決のために、卵内への侵入精子数の多い（20-70 個）ことで知られるニワトリやウズラ卵を材料に研究を進めています。卵内への侵入精子数、時間を制御することができる鳥類体外人工授精技術を用いて、卵内オルガネラの反応を観察し、それらの反応に関わるイオンやタンパク質、遺伝子レベルでの機能解析を行っています。



このような**鳥類の多精受精メカニズムの全容解明は、選ばれた 1 つの精子核と卵核の両方に遺伝子改変をもたらすことが可能になるため、鳥類の性分化に関わる遺伝子機能の解析に役立ちます。**また鶏卵アレルギーを除去した卵の開発にも直結する技術であるため、鶏卵アナフェラキシーを示す患者さんをも救える大変重要な研究となります。

このような**鳥類の多精受精メカニズムの全容解明は、選ばれた 1 つの精子核と卵核の両方に遺伝子改変をもたらすことが可能になるため、鳥類の性分化に関わる遺伝子機能の解析に役立ちます。**また鶏卵アレルギーを除去した卵の開発にも直結する技術であるため、鶏卵アナフェラキシーを示す患者さんをも救える大変重要な研究となります。

その他 本研究室で行う実験手法は、DNA や RNA、タンパク質を扱う分子生物学実験、受精卵や胚を扱う生殖発生工学実験、染色体や細胞を扱う細胞遺伝学実験などです。また、次世代シーケンサーによるゲノム解析や RNA-seq 解析、データベースを用いた情報解析なども行います。「生殖」は生物が次世代をつくりだすために大変重要な生命現象です。その多くは謎に包まれています、苦労を重ねて真実の一端が垣間見えた時、得られる喜びはとても大きいのです。

生殖発生科学分野 荻原克益

研究室：理学部 5 号館 11 階 11-02 室

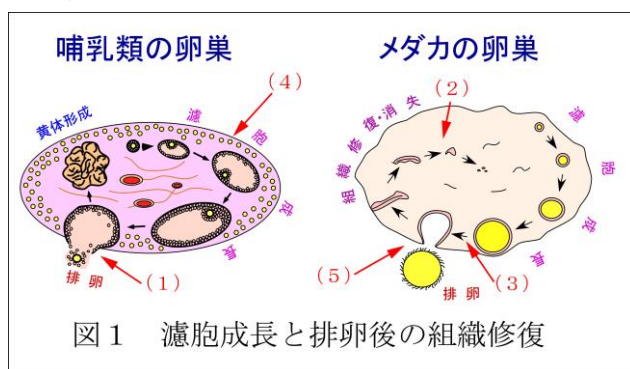
連絡先：Tel:2748（内線） E-mail: kogi@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ：<https://www.sci.hokudai.ac.jp/~kogi/Reproductive2/Welcome.html>

研究内容：

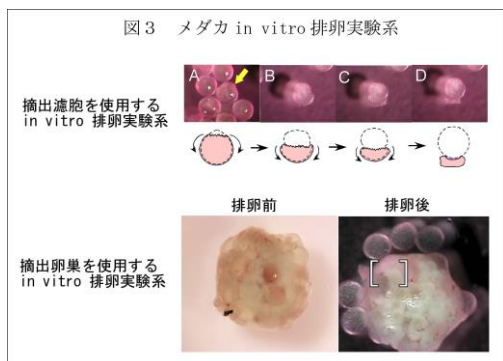
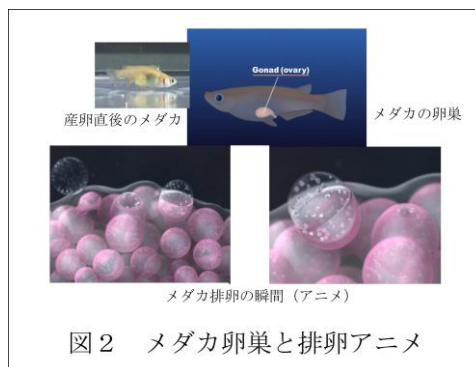
私たちの研究室では脊椎動物の生殖に関する研究を行っています。特に、卵巢の機能に関連する未解明の問題に取り組んでおり、現在は排卵に関連する研究課題に取り組んでいます。具体的には、以下のような研究が進行中です。

脊椎動物の卵巢では、卵は体細胞からなる濾胞細胞層に包まれて成長・成熟し、ついには排卵されます。排卵後の濾胞組織は、種によって速度は異なるものの、最終的には分解され消失します（図1）。このような一連のプロセスがどのような機構により進行するのかということについては、解明されていない点が多く残されています。



可欠な溶解酵素（排卵酵素）の同定と排卵実行のプロセスの概要が明らかになりました。脊椎動物で唯一排卵酵素の正体が明らかになったメダカを用いることにより、これまで解決困難であった未解明課題（排卵酵素が不明であったため解明できなかった課題）に取り組める基盤が整いました。そこで、現在はこちらに続く発展的研究および関連研究として、次のような課題の解決を目指しています。また、現在においても同定されていない哺乳類（マウス）の排卵酵素の同定や哺乳類濾胞選択機構の解明にも取り組んでいます。

私たちの研究室ではこれらの課題について、マウスおよびメダカ卵巢を用いて研究を行っています。メダカでは *in vitro* 排卵実験系という排卵研究に適した培養系を用いて研究を行うことが可能です。排卵を控えたメダカ卵巢全体、あるいは卵巢から摘出した濾胞を培養することで排卵を再現することができます（図2、3）。実際、この実験系を利用することによって、排卵に不

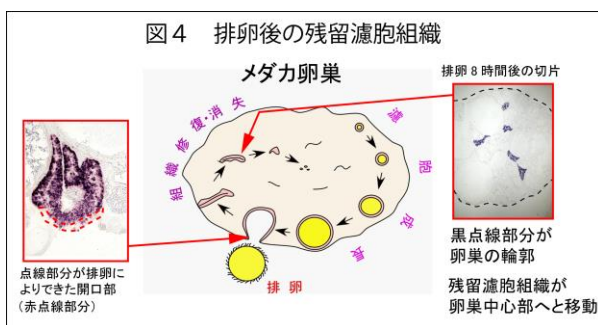


（1）哺乳類排卵酵素の同定（図1の（1））

卵巢から卵が放出される過程（排卵）では、卵巢を覆う固い外皮（濾胞壁）が局所的に溶解する反応が起こります。この濾胞壁溶解過程では、各種タンパク質分解酵素の関わるカスケード反応が作動することが不可欠であるとされています。しかし、残念ながらその全容は未だ明らかになっていません。近年、当研究室のメダカを用いた研究から、濾胞壁溶解を行うタンパク質分解酵素（排卵酵素）の同定に成功しました。こ

の発見には、魚類のみならず脊椎動物に共通の排卵機構を明らかにするうえで重要な情報が多く含まれていると考えています。現在、メダカの排卵酵素発見の情報を基に、未だ発見されていない哺乳類の排卵酵素を、マウスを用いて探索、同定することにチャレンジしています。

(2) 排卵後の組織修復 (図1の(2))



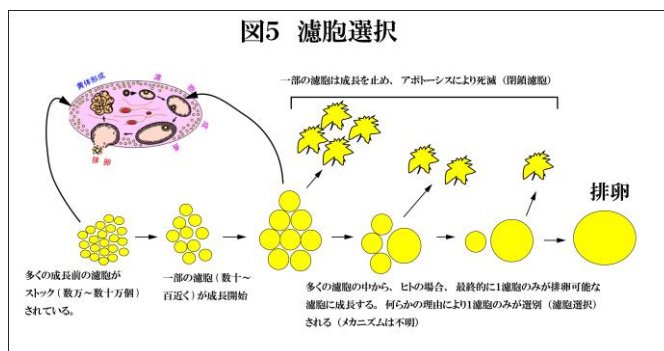
えられます。この迅速な組織修復のメカニズムを解明することが当研究室のテーマの一つとなっています。もし、この迅速な組織修復のメカニズムが解明できれば、例えば、手を切ったとか手術によってできた傷口などをより早く治すことが可能になるかもしれません。

(3) 排卵と卵成熟の間にコミュニケーションは存在するか? (図1の(3))

卵成熟した(受精能を獲得した)卵母細胞が排卵されることにより、受精が成立します。つまり、卵成熟と排卵の間には、何らかのコミュニケーションが存在すると予想されます。この研究課題では、卵成熟と排卵の間にどのようなコミュニケーションが存在するかを分子レベルで明らかにすることを目的に研究を進めています。

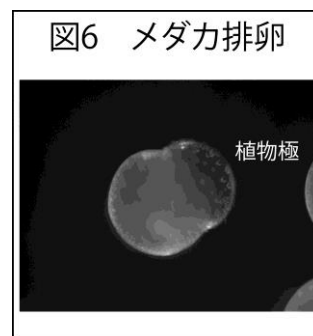
(4) 脊椎動物の濾胞選択機構の解明 (図1の(4))

より質の良い卵を次世代へと提供することは、卵巣の重要な役割の一つと考えられます。卵巣には、卵子のもととなる原始濾胞が多数(ヒトの場合、数千個~数万個)ストックされています。その中から、何個かの濾胞(ヒトの場合、数十個程度)が成長を開始し、最終的に何個かの卵(ヒトの場合、1個)が排卵されます(図5)。多くの濾胞の中から成長を開始する濾胞がどのようなメカニズムで選ばれるのか、また、成長を開始した濾胞の中からどのようなメカニズムで排卵する卵が選別されるのかを明らかにしたいと考えています。この濾胞選択メカニズムの研究は、如何にして質の良い卵を選別し、次世代へと提供しているかを理解する研究です。



(5) 排卵時におけるメダカ排卵酵素 MT2-MMP の局在

メダカ卵母細胞は植物極から排卵されます(図6)。排卵時に働くMT2-MMP(タンパク質分解酵素)が、この部分に穴をあけることで卵母細胞が卵巣外に出られるように考えています。そこで、MT2-MMP が排卵直前に植物極周辺に局在しているかどうかを調べる研究を行っています。



その他

私たちの研究室において日常的に使っている研究手法は、遺伝子のクローニングと解析(分子生物学)、遺伝子からのタンパク質作製(バイオテクノロジー)、タンパク質の精製と特異的抗体の作製、解析(生化学)、培養細胞や動物組織を用いた機能解析(細胞生物学)であり、現代生物学の研究に必須な多様な技法を駆使して研究を進めています。大学院学生は、上記のいずれかのテーマに取り組み、技術の習得と研究の進め方について学びます。将来の優れた研究者を育成することを目的として指導します。

生殖発生科学分野 北田一博

研究室：医学研究院・医歯学棟 7 階 112-3 室

連絡先：Tel:3582（内線）、e-mail: kkitada@sci.hokudai.ac.jp

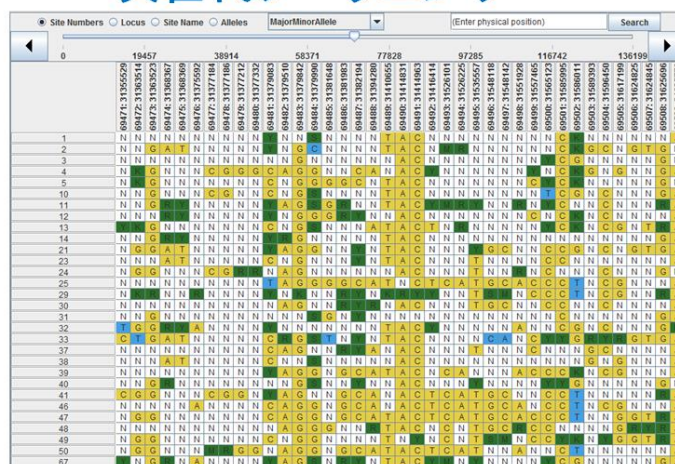
研究内容：

私たちの研究室では、ラットやマウスを用いた遺伝学研究と逆遺伝学研究をしています。

前者は、何らかの手法により興味あるミュータントを単離して、その表現型を徹底的に分析するとともに、原因遺伝子を同定するといった研究方法です。後者は逆に、興味ある遺伝子を先に単離して、そのノックアウトマウスやノックアウトラットの表現型を徹底的に分析するといった研究方法です。

近年、前者について、大きな進展がありました。次世代シーケンサーを使って全ゲノム配列を決定する値段が非常に安くなったのです。ヒトゲノムでは一昨年から8万円台でできるようになっていましたが、昨年からヒト以外の種でも8万円台でできるようになりました。表現型を徹底的に分析した後で、簡単に素早く原因遺伝子を同定できる時代に突入したということです。

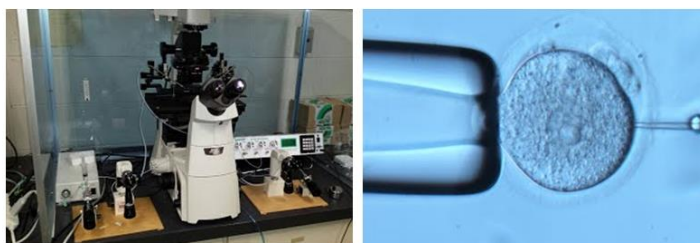
次世代シーケンサー



30頭のサラブレッド個体の約1割の塩基配列を決定

後者についても、大きな進展がありました。CRISPR/Cas9 システムを用いたゲノム編集です。これまでは ES 細胞を用いてノックアウトマウスを作出していたため、系統確立だけでも 2 年近くかかっていました。ですので、修士の 2 年間だけでは 1 つの遺伝子しか解析できませんでしたし、もし表現型が出なかった場合は気が滅入ったものです。しかし今では、いくつもの遺伝子を同時並行でつぶしていくということが、普通になりました。今年の学生は、一人で5つもの遺伝子をノックアウトしました。

マウス受精卵前核へのDNA注入



マイクロマニピレーターを使って、雄性前核にDNA溶液を注入する注入時、前核が風船のように膨らむのが解かる

皆さんは本当に幸せだと思います。次世代シーケンサーとゲノム編集という医学生物学研究を進めるうえで革命的なテクノロジーを使える時代に研究を開始できるのであります。

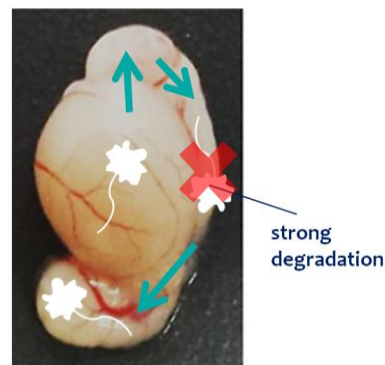
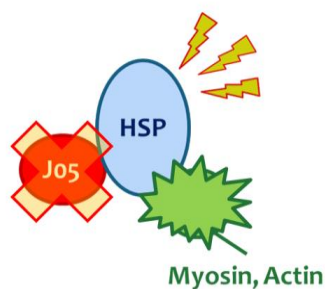
私たちの研究室では、現在、以下のような研究が進行中です。

(1) CRISPR/Cas9 システムによる脊椎動物特異的・配偶子形成期特異的な新規遺伝子の機能解析

ヒトを含む哺乳動物で生殖にかかわる遺伝子は、生命科学研究の隠れた宝庫です。

他の研究領域では、ほとんどすべての遺伝子について機能が調べられている場合がありますが、そのような状況と大いに違います。遺伝学研究ではミュータントが必要になりますが、生殖にかかわる遺伝子のミュータントは不妊になるので維持できない、もしくは困難というパラドックスがあったためです。このような場合、逆遺伝学が力を発揮します。酵母や無脊椎動物で存在せず、配偶子形成期に特異的に発現する遺伝子は多く、研究が手つかずのものもたくさんあります。

ノックアウトマウスから生殖関連の遺伝子機能を探索する

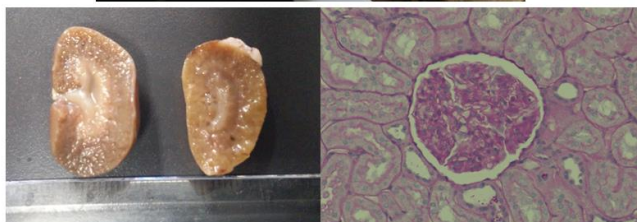


(2) 非肥満型 2 型糖尿病モデル SDT ラットの原因遺伝子探索

糖尿病は先進国では主要な慢性疾患で、ひとたび発症すると治癒せず、末期には失明や透析が必要となる腎障害が引き起こされます。したがって、様々な糖尿病の病因を特定して、新薬開発のためのターゲットを個供給することは、重要な研究対象となっています。

しかし、特に日本人に多くみられる 2 型糖尿病の遺伝学的な要因について、すべてが明らかにされているわけではありません。そこで、本邦で開発された非肥満型 2 型糖尿病モデルである SDT ラットを対象として、交配試験を実施し、複数ある原因遺伝子をゲノムマッピング (QTL 解析) するとともに、最終的には原因遺伝子の同定を行う予定です。古典的な遺伝解析手法ですが、次世代シーケンサー解析を使用することにより、労力・時間・費用を抑制させることができます。

非肥満型2型糖尿病モデルSDTラット



生殖発生科学分野 小谷 友也

研究室:理学部 5 号館 11 階(11-02 室、11-09 室)

連絡先:Tel: 011-706-4455, E-mail: tkotani@sci.hokudai.ac.jp

ホームページ : <http://rep-dev.s2.weblife.me>

研究内容:

すべての動物はたった一つの細胞、受精卵から発生を開始します。言い換えると、**受精卵には個体を形成するために必要なすべてが備わっています**。雌の配偶子の卵母細胞は卵形成過程において体積を増加すると同時に、mRNA や蛋白質を細胞質中に蓄積します。これら mRNA や蛋白質を母性因子と呼びます。母性因子は、卵形成と受精後に接合体性の遺伝子が発現するまでのすべての現象(図1における受精卵から中期胚胚転移までの期間)、さらにその後の多くの発生現象を制御する、非常に重要な因子です。ゼブラフィッシュを用いた変異体の研究から、**ある特定の母性因子を持たない受精卵は複数の体を持つ**

胚となること、また別の母性因子を持たない卵は動物極と植物極を生じず、全く体軸を持たない胚となることが明らかとなってきました。すなわち、母性因子の役割の解明は発生を理解する上で欠かせません。さらに、今までの発生の理解を超え、驚くべき役割を持つ母性因子もあります。しかしその反面、母性因子の解析は技術的に非常に困難で、未だに多くの謎が残されています。私たちの研究室は、母性因子を解析する新規の遺伝学的解析法やリアルタイム・イメージング法を確立してきました。当研究室が目指すものは、「母性因子がどのように卵母細胞に蓄積され、いつどのようにしてその役割を果たすのか」を明らかにすることです。この目的を達成するため、現在次のテーマで研究を進めています。

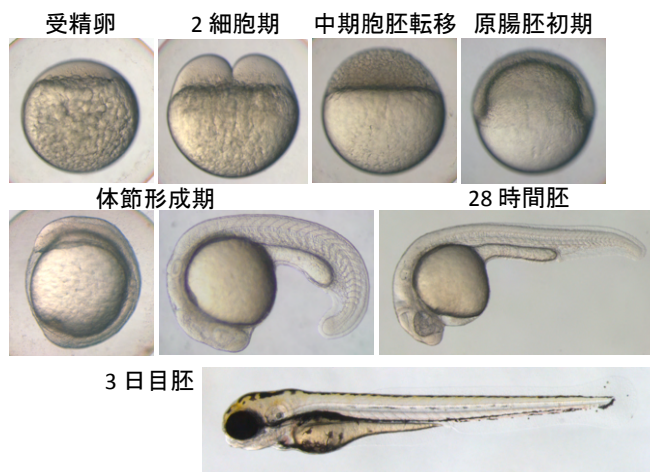


図1 小型熱帯魚のゼブラフィッシュにおける発生過程。
3日目胚では、ほぼすべての器官が形成されている。複雑な個体形成は、1つの細胞、受精卵から始まる。

(1) 遺伝子挿入による母性効果変異体の作製と、新規母性因子の同定

発生を制御する重要な分子機構は、ショウジョウバエにおける遺伝子挿入変異体の大規模スクリーニングによって次々と明らかにされてきました。ショウジョウバエで解明された分子機構は脊椎動物においても同様に重要な役割を持つものが多く、その研究の重要性が広く認識されてきました。しかし、脊椎動物の形態と内部組織・器官の仕組みはショウジョウバエとは大きく異なります。

脊椎動物の発生を理解するために、ゼブラフィッシュにおいて化学変異源を用いた大規模な変異体のスクリーニングが行われてきました。しかし、現在行われている変異体のスクリーニングによって脊椎動物の母性因子を研究する場合、膨大な労力と時間を要します。私たちの研究室では、**遺伝子挿入によって母性効果変異体を容易にスクリーニングし、その原因遺伝子を簡便に同定する方法を確立してきました**。その原理は、蛍光蛋白質をコードする遺伝子配列をゲノムに挿入し、母性因子の発現を受精卵で検出、ホモ2倍体のメスを作製することで遺伝子機能を破壊する(図2参照)、というものです。

現在、私たちはこの新規方法論によって、卵母細胞形成と発生に重要な役割を果たす新規母性因子を同定し、機能解析を行っています。

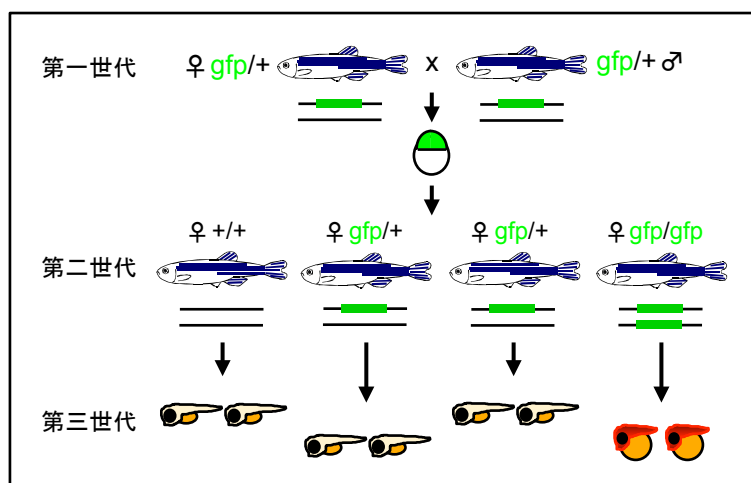


図2 遺伝子挿入による母性効果変異体の作製。GFPをコードする遺伝子をゲノムに挿入し、同じ挿入を持つ雄と雌を掛け合わせる(第一世代)。第二世代において、4分の1の個体が遺伝子挿入をホモに持つ(gfp/gfp)。遺伝子挿入が発生に必須の遺伝子機能を破壊した場合、第三世代のすべての稚魚が異常な発生を起こす。

(2) マウス卵母細胞を用いた卵形成と初期発生の研究

哺乳類においても、母性因子は卵形成と初期発生に重要です。しかしその解析は、(1)哺乳類の卵母細胞は魚類・両生類と比較し極めて小さく、一匹の個体を持つ数が少ない、(2)母性効果変異体の作製が容易ではない、(3)体内で受精と発生が進行することからほとんど進んでいません。私たちはマウスを用い、新規の技術確立することで哺乳類の卵形成と初期発生の仕組みの解明を目指しています。

現在までに私たちは、翻訳を抑制された mRNA が卵母細胞の細胞質で顆粒状の構造をとることを明らかにしました。この構造は、決められた時期に翻訳の抑制を解き、蛋白質を合成するため構築されると考えています。すなわち、この構造体に変化し、必要な時期に必要な蛋白質が翻訳され卵形成と初期発生は進行するという仮説です。実際に、本来と異なった時期に翻訳が起こり蛋白質が合成されると、卵形成は正常に進行しません(図3)。

現在、私たちは顕微鏡下での微量注入や、リアルタイム・イメージング法を駆使し、哺乳類における卵形成と初期発生を分子の「状態の変化・機能発揮のメカニズム」から理解することを目指しています。

その他:

本研究室では、既成の概念にとらわれず、生物がどのように高度な生命現象を可能にするのかの解明を目指します。そのためには、幅広い技術の獲得と継続して実験を繰り返すことが必要となります。

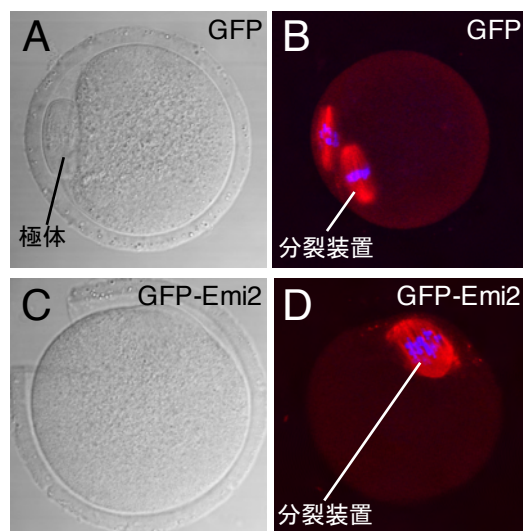


図3 (A)GFP を発現したマウス卵母細胞は、減数分裂を第二分裂中期まで進行し、成熟卵となる。(B)紡錘体と染色体の蛍光写真。(C)GFP-Emi2 を発現した卵母細胞は、第一分裂中期で分裂を停止する。(D)紡錘体と染色体。



**Graduate School
of Life Science**
Hokkaido University