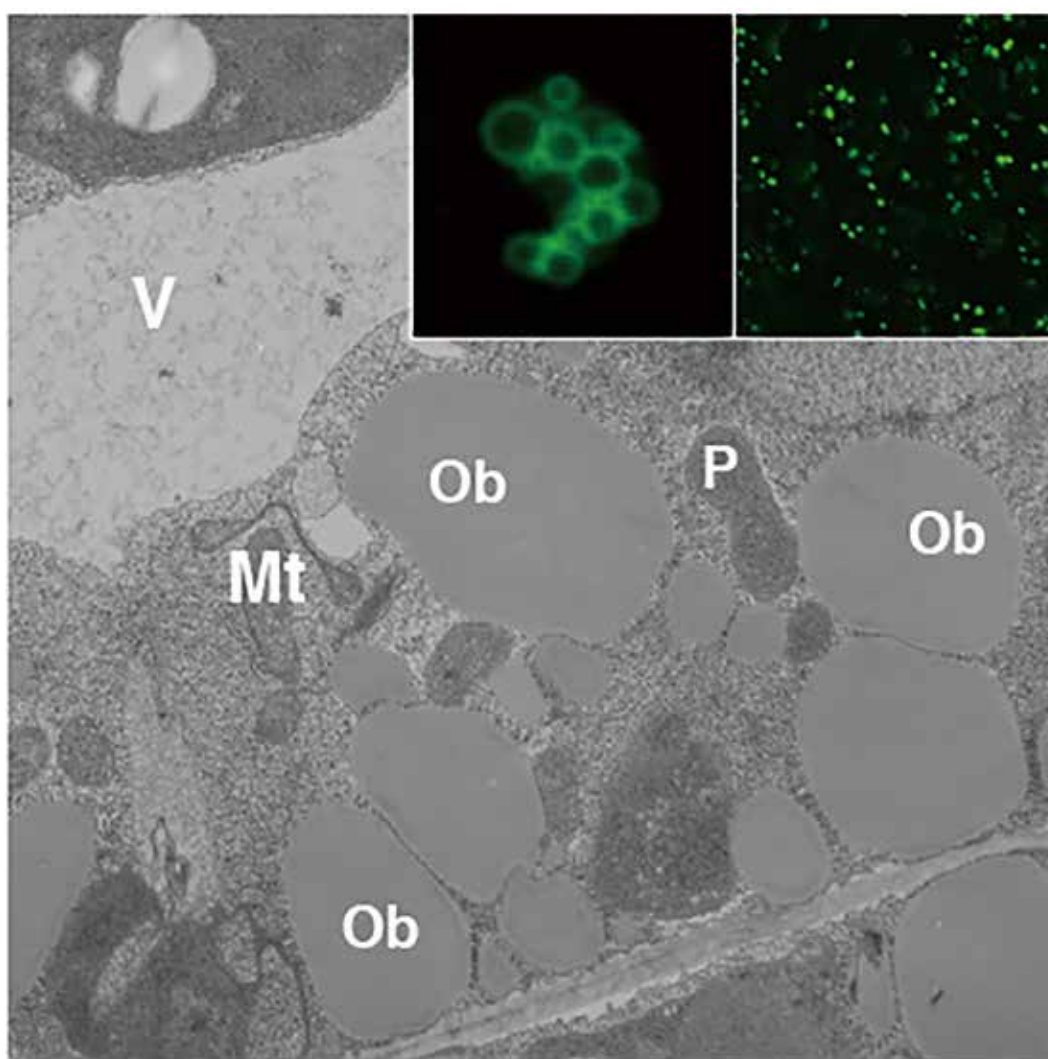


植物の高次機能を支えるオルガネラ形成と 機能発現の制御機構

種子が発芽して成長し、次世代のために種子を残し、やがて枯れるという植物の営みには、オルガネラ（細胞小器官）の機能と形態の変動が伴っている。オルガネラは、細胞の成長や分化、個体の生育環境に応答して、機能や数、形、大きさを柔軟に変化させる。こうした柔軟なオルガネラの機能発現や動的変動が、環境と一体化して生きている植物の高次機能を支えている。私たちは、分子から細胞、植物個体まで幅広いベルから、植物の高次機能を支えているオルガネラ形成や機能発現がどのように制御されているのか、その分子機構の解明を目指している。



Members

准教授
真野 昌二

NIBB リサーチフェロー
金井 雅武

特別訪問研究員
神垣 あかね

技術支援員
曳野 和美
永田 恭子

事務支援員
上田 千弦 (ABiS)
浅井 さな恵 (ABiS)
中山 朋美 (ABiS)

発芽後のシロイヌナズナ子葉の電子顕微鏡写真。挿入図は GFP で可視化されたオイルボディ膜（左）とペルオキシソーム（右）。Mt; ミトコンドリア、Ob; オイルボディ、P; ペルオキシソーム、V; 液胞。

植物ペルオキシソームの形成機構と機能発現

ペルオキシソームは、植物や動物、酵母など真核細胞に存在するオルガネラで、植物では脂肪酸代謝や光呼吸、ジャスモン酸の生合成、活性酸素種の除去など様々な機能を担っている。ペルオキシソームの機能が低下すると、種子の発芽不全、植物体の矮性化、配偶子認識異常など、植物の生育に影響を及ぼすことから、ペルオキシソームが、植物の一生を通じて重要な役割を果たしていることが明らかとなっているものの、その分子機構は解明されていない。ペルオキシソームが正常な機能を発揮するには、遺伝子発現やペルオキシソームへのタンパク質輸送に加え、他のオルガネラや細胞骨格との相互作用、ペルオキシソーム内部でのタンパク質分解およびペルオキシソーム自身の分解による品質管理機構が必要である(図1、文献4, 6, 7)。私たちは、ペルオキシソーム形成と機能発現の制御機構について研究している。

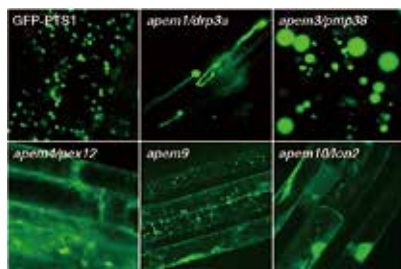


図1. シロイヌナズナのペルオキシソーム変異体

GFPによってペルオキシソームが可視化された形質転換シロイヌナズナ(GFP-PTS1)を親株として、GFPの蛍光パターンが異なる *apem* (aberrant peroxisome morphology) 変異体を単離した。*apem1* はペルオキシソームが長くなり、*apem3* では巨大化する。*apem4*, *apem9*, *apem10* はペルオキシソームへのタンパク質輸送が異常となる。これらの原因遺伝子を同定し、その遺伝子産物の機能解析を進めている。

種子における貯蔵物質の集積機構

種子は、多量の脂質やタンパク質、糖質を蓄積する。このうち、脂質は小胞体由来のオルガネラであるオイルボディに、タンパク質は液胞由来のオルガネラであるプロテインボディに蓄積する。植物は、この貯蔵物質を発芽や、発芽直後の生長のエネルギーとして利用する。この貯蔵物質の合成と蓄積機構の解明に取り組んでいる(図2、文献2, 5)。

植物用 Gateway vector の開発

Gateway 技術を利用した植物研究に有用な Destination vector を開発し、国内外の植物研究者に利用してもらっている(文献1, 3)。

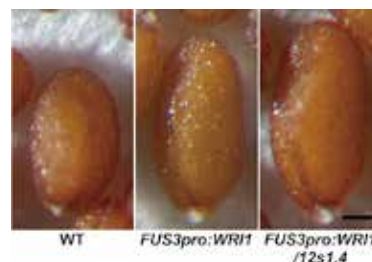


図2. 油脂合成期間を延長させたシロイヌナズナ種子

油脂合成に関わる *WRI1* 遺伝子を、*FUS3* プロモーター下で発現させることにより、油脂合成期間を延長させ、油脂含量を増加させることに成功した。この形質転換株の種子(中)は野生株(左)に比べ大きくなった。貯蔵タンパク質の蓄積を抑制した植物を用いると、さらに油脂含量が増加し、種子の大きさも亢進した(右)。バーは0.1 mm。

植物オルガネラ画像データベースの構築

植物オルガネラ研究の基盤整備として、The Plant Organelles Database 3 (PODB3) を運営している。PODB3 には、全国の植物研究者から提供された植物オルガネラの静止画や動画、電子顕微鏡写真、実験プロトコールが収集されている。さらに、一般の方向けのサイト「植物オルガネラワールド」も公開している。

参考文献

- Mano, S., Nishihama, R., Ishida, S., Hikino, K., Kondo, M., Nishimura, M., Yamato, T.K., Kohchi, K., and Nakagawa, T. (2018). Novel gateway binary vectors for rapid tripartite DNA assembly and promoter analysis with various reporters and tags in the liverwort *Marchantia polymorpha*. PLOS ONE 13, e0204964.
- Kanai, M., Mano, S., and Nishimura, M. (2017). An efficient method for the isolation of highly purified RNA from seeds for use in quantitative transcriptome analysis. J. Vis. Exp. 119, e55008.
- Kamigaki, A., Nito, K., Hikino, K., Goto-Yamada, S., Nishimura, M., Nakagawa, T., and Mano, S. (2016). Gateway vectors for simultaneous detection of multiple protein-protein interactions in plant cells using bimolecular fluorescence complementation. PLOS ONE 11, e0160717.
- Kimori, Y., Hikino, K., Nishimura, M., and Mano, S. (2016). Quantifying morphological features of actin cytoskeletal filaments in plant cells based on mathematical morphology. J. Theor. Biol. 389, 123-131.
- Kanai, M., Mano, S., Kondo, M., Hayashi, M., and Nishimura, M. (2016). Extension of oil biosynthesis during the mid-phase of seed development enhances oil content in Arabidopsis seeds. Plant Biotechnol. J. 14, 1241-1250.
- Oikawa, K., Matsunaga, S., Mano, S., Kondo, M., Yamada, K., Hayashi, M., Kagawa, T., Kadota, A., Sakamoto, W., Higashi, S., Watanabe, M., Mitsui, T., Shigemasa, A., Iino, T., Hosokawa, Y., and Nishimura, M. (2015). Physical interaction between peroxisomes and chloroplasts elucidated by in situ laser analysis. Nature Plants 1, 15035.
- Goto-Yamada, S., Mano, S., Nakamori, C., Kondo, M., Yamawaki, R., Kato, A., and Nishimura, M. (2014). Chaperone and protease functions of LON protease 2 modulate the peroxisomal transition and degradation with autophagy. Plant Cell Physiol. 55, 482-496.

准教授
真野 昌二

