

FBI
Science View

植物ミトコンドリアの品質管理経路を発見

2016年ノーベル生理学医学賞の受賞対象となった「オートファジー」はタンパク質などの細胞内成分の分解システムのこと、「自食作用」ともいう。このオートファジーが太陽光を利用して生きる植物が常にさらされている紫外線障害の耐性に関わることがこれまで明らかになっていた。しかし、オートファジーが紫外線耐性をどのように支えているか、その全容は未解明だった。

今回、理研を中心とする共同研究グループは、モデル植物のシロイスナズナを用いて、紫外線耐性におけるオートファジーの役割を詳細に解析した。その結果、紫外線障害を受けたオートファジー機能欠損株(atg7変異株)の葉では、細胞小器官のミトコンドリアの数が著しく増加することを見いだした。また、電子顕微鏡やマルチビーム走査型2光子顕微鏡を用いて、ミトコンドリアの形態を評価したところ、「マイトファジー」と呼ばれるオートファジー経路が、紫外線で機能不全となったミトコンドリアを除去するミトコンドリア品質管理を担うことを発見した。

本研究は、オートファジーによって細胞内の障害成分が取り除かれることが植物の紫外線耐性に重要であることを示したものである。今後、その詳しい仕組みを解明していくことで、過酷な自然環境や地球外環境などの下、強い太陽光障害に負けずに育つ植物の設計のための新たな方策を見いだすことにつながると期待できる。



■プロフィル

いづみ・まさのり 東北大学大学院農学研究科博士課程後期修了、博士（農学）。東北大学学際科学フロンティア研究所・助教等を経て、2020年10月より現職

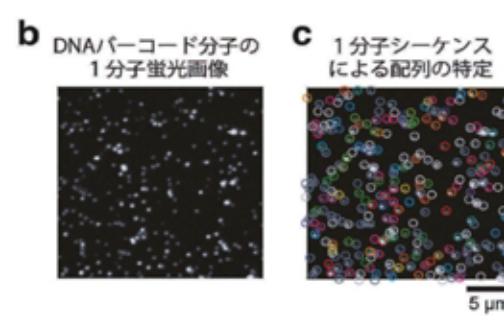
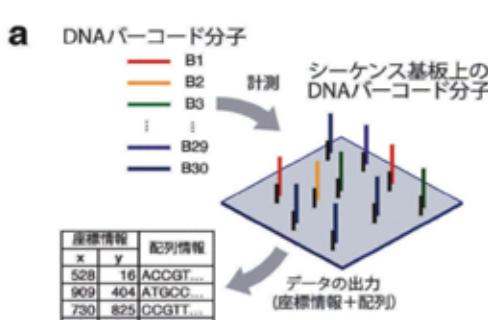
■コメント=細胞小器官がみせるダイナミックな変化の仕組みを解明し、その発見を基に植物の新しい利用可能性を開拓したい

DNAバーコードの1分子空間解析

これまで、次世代シーケンサーを使った遺伝子発現解析では遺伝子の量（数）を計測するだけだったが、「DNAバーコード分子」と呼ばれるそれぞれ異なる配列を持つDNA分子を、目的の核酸分子（DNAやRNA）の一つ一つに付加することで、細胞内での遺伝子の位置情報を同時に取得できるようになった。しかし、空間分解能が不十分だという難点があった。

今回、理研を中心とする同研究チームは、全反射蛍光顕微鏡と送液装置を組み合わせることで、DNAポリメラーゼによるDNAの複製反応を活用し、「1分子シーケンス反応」を実現する次世代シーケンサーを独自に構築し、DNAバーコード分子の情報（配列および位置）を1分子単位で取得することに成功した。この1分子シーケンス反応では、通常の複製反応で活用する天然のヌクレオチドではなく、特殊蛍光ヌクレオチドを代用することで、DNAポリメラーゼによる取り込み反応を1分子単位に可視化し、塩基配列を特定できる。

次世代シーケンサーとDNAバーコード分子による従来の遺伝子空間分布解析



理研、ユーチューブで「新型コロナウイルスとの戦い」を配信

理化学研究所（理研）はユーチューブの「RIKEN Channel」で、新型コロナウイルスに関する研究開発プロジェクトを紹介するシリーズ映像、「新型コロナウイルスとの戦い」の配信を開始した。1作目ではプロジェクトの全貌を、2作目では独自のアプローチで開発を進める化学合成ワクチンを紹介。

他にも、新型コロナウイルスについてイラストを使って分かりやすく解説した「教えて！新型コロナウイルス」（1～4話）やスーパーコンピュータ「富岳」を用いた研究の動画も配信している。



新型コロナウイルスとの戦い vol.2～化学合成ワクチンの開発～変異ウイルスに対応・副作用を回避～

RIKEN Channel : <https://www.youtube.com/user/rikenchannel>

●理化学研究所 環境資源科学研究センター

分子生命制御研究チーム
上級研究員 泉 正範

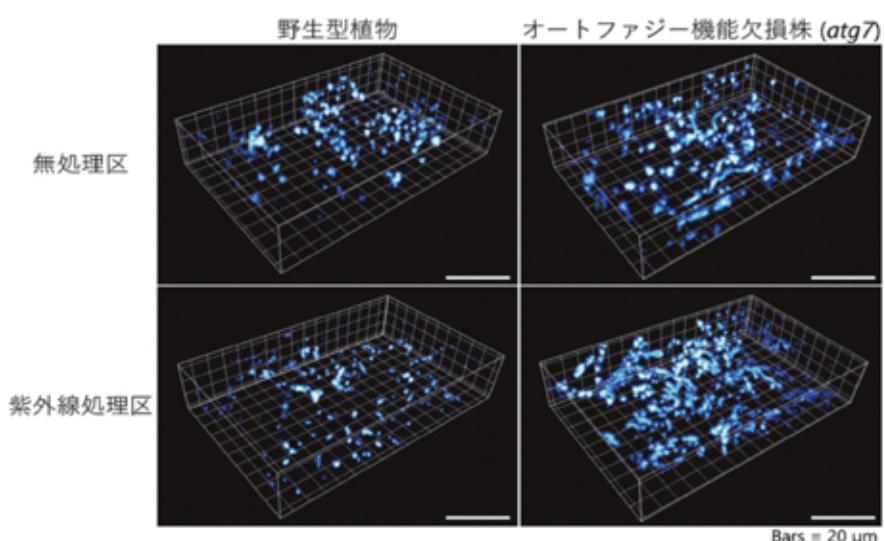


図 マルチビーム走査型2光子顕微鏡によるミトコンドリア観察

左列は野生型シロイスナズナ、右列はオートファジー機能が欠損したatg7変異株、上段は通常栽培区、下段は1時間の紫外線処理1日後で、それぞれ葉の細胞において蛍光タンパク質で可視化したミトコンドリアを観察した像。オートファジー機能欠損株では、紫外線処理後にミトコンドリアが増加している。

●理化学研究所 開拓研究本部

新宅マイクロ流体工学理研白眉研究チーム
研究員 小口 祐伴



■プロフィル

おぐち・ゆうすけ 早稲田大学大学院理工学研究科博士課程修了、博士（理学）。理化学研究所（基礎科学特別研究員）、東京大学大学院理学系研究科（特任助教）等を経て現職。2019年から科学技術振興機構（JST）さきがけ研究員として専任。

■コメント=複雑な生命現象を遺伝子という視点からシンプルに理解したい。

は、筋萎縮性側索硬化症（ALS）の脳組織切片やがん組織切片の解析に活用されている。本研究で開発した手法は、この遺伝子空間分布解析をより高精度にすることから、このような病理解明などの医学分野への貢献はもとより、遺伝子の局在性と機能の関連などの理解を深める基礎生物学への貢献も期待できる。

図 30種類のDNAバーコード分子の空間解析例

- a** DNAバーコード1分子空間解析の概略図。配列既知の30種類のDNAバーコード分子を用意し、独自に開発したシーケンサーに試料を投入する。シーケンサーにて、1分子単位に配列を解読する。ガラス基板上で位置情報を取得する。本研究で開発したDNA配列の決定精度は1文字あたり95%である。各々のDNA配列がどのバーコードに対応するか、配列探索アルゴリズムを用いて解析する。
- b** 特殊蛍光ヌクレオチドの取り込みにより可視化されたDNAバーコード分子の蛍光画像。黒い背景に対し、白の点状のものが1分子単位のDNAバーコードである。
- c** 1分子シーケンス反応による配列の特定。**b**の画像において、30種類のうちどのDNAバーコード分子か、識別できたものを丸で囲っている。色はDNAバーコード分子の種類を示す。