

関植物エピゲノム制御研究室

主任研究員 関 原明 (Ph.D.)



(0) 研究分野

分科会: 生物

キーワード: エピゲノム制御、ヒストン修飾、ヒストンバリエント、非翻訳型RNA、植物

(1) 研究背景と研究目標

当研究室は、エピゲノム制御ネットワークの解明に基づいて植物の生命現象を理解することを目指して研究を進めています。ヒストンの翻訳後修飾および非翻訳型RNAは、遺伝子の発現制御やクロマチンの構造変化・安定性などに重要な役割を持っています。モデル植物を用いてこれらの分子機構を明らかにして、植物の生長制御、環境適応など様々な生命機能における役割を理解しようとしています。

(2) 2019年度成果と今後の研究計画(中長期計画2025年度まで)

1. 塩ストレス応答に関わるヒストン脱アセチル化酵素(HDAC)が制御する遺伝子ネットワークの解明

ヒストン(非ヒストンタンパク質も含む)のアセチル化はヒストンアセチル基転移酵素(HAT)とHDACの2つの酵素のバランスにより調節されている。これら2つの酵素活性により調節されるアセチル化レベルは、遺伝子発現量と正の相関があることが知られており、環境ストレス応答の決定因子の一つである。すでに我々は、クラスIに分類されるHDA19とクラスII HDACの4重変異体が、塩や乾燥ストレスに対して、それぞれが耐性と感受性の表現型を示すことを明らかにしている。本研究では、互いが相反するストレス応答を制御する*hdac*変異体を利用して、それぞれのHDACが制御する遺伝子群の同定を目指してトランスクリプトーム解析を行った。特に、環境ストレスを受けた際に急速に生合成されるABA関連の遺伝子群の発現パターンが、それぞれの変異体を示す表現型と強い相関を示した。ABAの蓄積量を測定したところ、*hda19*や*hdac19*と4つのクラスII HDACを欠損した5重変異体で野生株と比べて有意なABA量の蓄積が見られた。逆に、クラスII HDAC 4重変異体では有意に減少していることが判明した。5重変異体のトランスクリプトーム解析から、*hda19*とクラスII HDAC間で階層的な遺伝子発現制御機構の存在が示唆されると共に、各HDACが固有に制御する遺伝子群が見出された(Ueda *et al.*, 2019)。

本研究で得られたトランスクリプトームやホルモノーム解析の結果は、今後計画している環境ストレス応答に関わるHDACタンパク質の活性を調節可能な化合物を探索する上で、有用な情報となった。今後は化合物探索を進め、環境ストレス応答や発生を化合物によって操作する手法の確立を目指す。

2. 被子植物におけるHDA6ホモログの細胞内局在

様々な細胞内小器官で働くことが知られているHDACタンパク質の細胞内局在を明らかにすることは、各HDACタンパク質の働きを理解する上で重要である。本研究では、シロイヌナズナにおいてヘテロクロマチン形成や乾燥ストレス耐性強化に関わることで知られているHDACであるHDA6と、イネとキャッサバにおけるそのホモログの細胞内局在についてGFP融合タンパク質による観察を行った。3生物種由来のHDA6(またはHDA6ホモログ)-GFP融合タンパク質はいずれも細胞核に局在したが、3種の間で細胞核内での局在に違いが見られた。シロイヌナズナHDA6-GFP融合タンパク質は染色体中心への偏在が確認されたが、他の2種に由来するHDA6ホモログ-GFP融合タンパク質の局在観察ではその偏在が見られなかった。また、細胞内のpHを観察するラインも確立し、酢酸処理条件におけるpH変動やHDA6-GFP融合タンパク質の動態も観察した。乾燥ストレス処理条件下において、HDA6-GFP融合タンパク質による斑点が増加しており、乾燥ストレス耐性におけるHDA6の関与が示唆された(Kurita *et al.*, J. Plant Res.)。

本研究により、HDA6ホモログ間でも種間で固有の機能を獲得している可能性が示唆され、キャッサバ等今後解析を進める植物種における固有のエピゲノム制御機構の同定が期待される。

今後のHDA6-GFP融合タンパク質の動態観察による詳細な研究は、HDA6を介した乾燥ストレス耐性を向上させる分子機構の解明に繋がるものと期待される。

3.中長期計画

上記の研究以外にも、ヒストン修飾酵素、ヒストンバリエント、機能性RNAを対象として、植物の生殖等を含む他の生活環における新規エピゲノム制御ネットワークの解明を目指していく。特に、未だ謎の多い、アセチル化とメチル化等の制御が拮抗する化学修飾や、同一の化学修飾でもヒストンバリエント（H2BとH3）を使い分けることで緻密に最適化しているとされる遺伝子発現制御機構の実態解明を目指す。

(3) 研究室メンバー

(2019年度)

(主任研究員)

関原明

(研究員)

松井章浩、上田実

(テクニカルスタッフ)

石田順子、高橋聡史、田中真帆

(4) 発表論文等

1. “Transcriptome analysis of the hierarchical response of HDAC proteins that respond in an antagonistic manner to salinity stress” Ueda, M., Matsui, A., Watanabe, S., Kobayashi, M., Saito, K., Tanaka, M., Ishida, J., Kusano, M., Seo, M. and Seki, M. *Front. Plant Sci.* (2019) 10: 1323.
2. “Intracellular localization of histone deacetylase HDA6 in plants” Kurita, K. #, Sakamoto, Y. #, Naruse, S., Matsunaga, T.M., Arata, H., Higashiyama, T., Habu, Y., Utsumi, Y., Utsumi, C., Tanaka, M., Takahashi, S., Kim, J.M., Seki, M., Sakamoto, T. and Matsunaga, S. *J. Plant Res.* (2019) 132:629-640.
3. “Long noncoding RNAs in *Brassica rapa* L. following vernalization” Shea, D., Nishida, N., Takada, S., Itabashi, E., Takahashi, S., Akter, A., Miyaji, N., Osabe, K., Mehraj, H., Shimizu, M., Seki, M., Kakizaki, T., Okazaki, K., Dennis, E. and Fujimoto, R. *Sci. Rep.* (2019) 9:9302.

Laboratory Homepage

https://www.riken.jp/research/labs/chief/plant_epigen_reg/index.html

<http://pgn.riken.jp/>