



TOHOKU
UNIVERSITY

東北大学 大学院生命科学研究科

**GRADUATE SCHOOL OF LIFE SCIENCES,
TOHOKU UNIVERSITY**

2017

研究科が目指すもの

東北大学大学院生命科学研究科は分子から個体、そして生態系レベルと幅広い生命科学分野を対象とした教育研究を目的として設立されました。

本研究科の教育プログラムは、学際的科目及び専門科目をバランス良く提供し、自然や生命現象を広い視野も持って正しく捉える能力を獲得することを目的としております。

豊かな学識と高度な研究教育プログラムでは、様々な分野との共同研究を行う機会も提供されます。これら分野横断的な共同研究は、生命科学分野における基盤的解明のみならず、今後新たに生じる社会的課題の解決にも発展することが期待されます。

これら高度な教育研究活動を通して、地球規模での環境保全や人類の健康・福祉に貢献する次世代のリーダーを育成することを目指します。

Educational Goal

The Graduate School of Life Sciences was established for the purpose of research and education in all aspects of life sciences, from the molecular level to individual and ecological levels.

The educational programs are aimed at acquisition of correct views on nature and life by providing a well-balanced and diverse education in life sciences.

The wide range of courses and research fields offered in the Graduate School of Life Sciences provides opportunities for collaborative study in various fields. It is expected that interdisciplinary collaborative studies will not only lead to the establishment of new science fields based on life sciences but also provide means to deal with and solve new problems that will arise in this century.

By providing such an educational and research environment, it is expected that the Graduate School of Life Sciences eagerly will nurture individuals who can apply the acquired intellect and means of new life sciences to sustain the global environment and improve human welfare.

Contents

01	研究科が目指すもの	Educational Goal
03	はじめに	Greeting from the Dean
05	組 織	Organization
07	リサーチハイライト	Research Highlights
10	平成28年度 教員受賞一覧	Awards
12	分子生命科学専攻	Department of Biomolecular Sciences
24	生命機能科学専攻	Department of Developmental Biology and Neurosciences
42	生態システム生命科学専攻	Department of Environmental Life Sciences
56	附属施設	Facilities
59	資 料	Data
61	キャンパスマップ	Campus map



東北大学
大学院生命科学研究科長

東谷 篤志

生命科学・ライフサイエンスは、生物学を中心とした基盤的な学問と、農学、医学、薬学、工学などの応用面からの学問との総合科学であり、21世紀は、まさにライフサイエンスの時代といわれています。DNAが遺伝子の本体であることが20世紀の中頃に発見されて以来、この十数年間で細菌からヒトに至る様々な生物種の全ゲノムDNA配列が次々に解読されてきました。さらに、生命現象の解析技術も日進月歩に級数的な進歩を遂げています。一方、人類はこれまでに経験したことのない地球規模での温暖化、環境破壊に伴う生物多様性の消失、高齢化に伴う課題など、新たに挑戦しなければならない問題が山積しています。

本研究科では、「生命倫理に基づいた新たな生命科学の教育と研究を実践することにより、幅広くバランスのとれた生命科学の基礎を身につけ、生命科学の新たな展開を支える指導的人材の育成」を教育の理念・目標に掲げています。高い倫理観を有し、新しい生命科学の知識と技術を修得し、産業界、大学・研究所、行政など様々な領域で、地球環境の保全と人類の福祉、幸福に貢献するグローバルリーダーの育成に取り組んでいます。研究においては、国内外からの大学院生とともにスタッフがー丸となって、新たな生命現象の原理や法則性を解明し、世界最高水準の成果を創出し広く社会に還流することで、豊かな人間生活の維持と向上への貢献に努めています。なかでも、設立当初から以下の4つの専攻横断的なプロジェクトを立ち上げて研究の推進に取り組んでいます。

- (1) 高次脳機能を支える神経基盤の構築と動態の研究
- (2) 生体シグナルとセンシングの分子、細胞、個体レベル統御機構の研究
- (3) 環境変動下における高次生命システムの創出・維持・保全の研究
- (4) 高次生命現象の統合的理解のためのゲノム、ポストゲノム研究

研究科は設立から16年が経過し、この間、卒業生は1,700名を超え、うち337名が博士学位を授与され、国内ならびに海外の大学・研究所、民間企業の研究所や企画・開発部署、行政機関等において、それぞれ大きく活躍しています。今後も、東北大学が目指す「人が集い、学び、創造する、世界に開かれた知の共同体“A fellowship of knowledge, open to the world, where people can gather, learn, and create”」の一端として、ライフサイエンスを共に学び世界に伍する研究に携わる若人に門戸を開いています。

平成29年4月1日

The life sciences are a collection of disciplines that combine the fundamentals of biology and its application in areas such as agricultural science, medicine, pharmacology, and engineering. The 21st century is considered as an era of life sciences. Ever since DNA was discovered to be the hereditary material in all life forms in the middle of 20th century, whole genome sequences of various organisms, from bacteria to humans, have been deciphered one after another in the past 15 years. In addition, analytical techniques to study biological phenomena have steadily undergone a series of advancements. However, new problems, such as global warming, loss of biodiversity due to environmental destruction, challenges associated with population aging, have piled up as new challenges ahead.

The philosophy and goal of this graduate school is, “to acquire a broad and balanced foundation for life sciences by practicing a new life science education and research methodology based on bioethics and developing efficient human resources to support new advances in life sciences.” We envision the development of global leaders with a high sense of ethics, who would contribute to the welfare of humanity and the conservation of global environment through work in various fields, such as industries, universities/research institutes, and administration by acquiring advanced knowledge and technology in the field of life sciences. The staff and the graduate students from Japan and abroad, perform research work collaboratively and contribute to the maintenance and improvement of prosperous human life by elucidating the principles and laws of new biological phenomena, thus making cutting-edge discoveries and transferring these back to the society. Above all, since inception, we have been working towards the promotion of research by launching four inter-disciplinary projects.

- (1) Research on the construction and dynamics of the neural networks that supports higher brain function
- (2) Research on the control mechanisms of biological signals and studying them at the molecular, cellular, and individual levels
- (3) Research on the creation, maintenance, and preservation of higher-order life systems under changing environments
- (4) Genomic and post-genomic research for a comprehensive understanding of higher-order biological phenomena

Since 16 years from its establishment, this graduate school has produced more than 1,700 alumni, including 337 PhD awardees, who are actively participating in research at domestic and international universities/research institutes, private sector research institutes/planning and development departments, administrative bodies, and so on. The Tohoku University aims to develop “A fellowship of knowledge, open to the world, where people can gather, learn, and create,” and as a part of it, we will continue to keep our doors open for young people to learn the life sciences and participate in world-class research.

April 1, 2017

組織

分子生命科学専攻			Department of Biomolecular Sciences		
生命有機情報科学講座			Division of Biomolecular Chemistry		
生命構造化学分野	Laboratory of Biostructural Chemistry	教授 助教	Professor Assistant Professor	佐々木 誠 岩崎浩太郎	Makoto Sasaki Kotaro Iwasaki
分子情報化学分野	Laboratory of Analytical Bioorganic Chemistry	教授 助教	Professor Assistant Professor	有本 博一 一刀かおり	Hirokazu Arimoto Kaori Itto
活性分子動態分野	Laboratory of Bioactive Molecules	教授 助教	Professor Assistant Professor	山口信次郎 増口 潔	Shinjiro Yamaguchi Kiyoshi Mashiguchi
応用生命分子解析分野	Laboratory of Applied Biological Molecular Science	教授 准教授	Professor Associate Professor	田中 良和 小川 智久	Yoshikazu Tanaka Tomohisa Ogawa
遺伝子システム学講座			Division of Molecular Biosystems		
細胞動態制御分野	Laboratory of Histogenetic Dynamics	教授 助教 助教(兼)	Professor Assistant Professor Assistant Professor	倉永英里奈 梅津 大輝	Erina Kuranaga Daiki Umetsu
分子細胞生物学分野	Laboratory of Molecular and Cellular Biology	教授 准教授	Professor Associate Professor	中嶋悠一朗 大橋 一正	Yuichiro Nakajima Kazumasa Ohashi
情報伝達分子解析分野	Laboratory of Molecular Cell Biology	教授 助教	Professor Assistant Professor	安元 研一 水野 健作	Ken-ichi Yasumoto Kensaku Mizuno
分子発生制御分野	Laboratory of Plant Developmental Biology	教授 助教	Professor Assistant Professor	永井 友朗 経塚 淳子	Tomooki Nagai Junko Kyoizuka
生体機能分子科学講座			Division of Chemical and Structural Biological Sciences		
生体機能分子設計分野	Laboratory of Design of Biomolecular Function	教授 准教授 助教	Professor Associate Professor Assistant Professor	稲葉 謙次 門倉 広	Kenji Inaba Hiroshi Kadokura
生体機能分子解析分野	Laboratory of Molecular Analysis of Biological Functions	教授 助教 助教	Professor Assistant Professor Assistant Professor	渡部 聡 高橋 聡	Satoshi Watanabe Satoshi Takahashi
生体機能分子制御分野	Laboratory of Biofunctional Chemistry and Nanobiotechnology	教授 准教授 助教	Professor Associate Professor Assistant Professor	鎌形 清人 小井川浩之	Kiyoto Kamagata Hiroyuki Oikawa
生体機能分子計測分野	Laboratory of Nano-Biophysics	教授 助教	Professor Assistant Professor	水上 進 松井 敏高	Shin Mizukami Toshitaka Matsui
		教授	Professor	小和田俊行 人事選考中	Kowada Toshiyuki

生命機能科学専攻			Department of Developmental Biology and Neurosciences		
細胞機能構築統御学講座			Division of Developmental Biology		
膜輸送機構解析分野	Laboratory of Membrane Trafficking Mechanisms	教授 助教	Professor Assistant Professor	福田 光則 藤田 尚信	Mitsunori Fukuda Naonobu Fujita
脳機能発達分野	Laboratory of Brain Development	教授 教授	Professor Professor	安部健太郎 西谷 和彦	Kentaro Abe Kazuhiko Nishitani
植物細胞壁機能分野	Laboratory of Plant Cell Wall Biology	講師 助教	Lecturer Assistant Professor	横山 隆亮 黒羽 剛	Ryusuke Yokoyama Takeshi Kuroha
発生ダイナミクス分野	Laboratory of Developmental Dynamics	教授 助教 助教(兼)	Professor Assistant Professor Assistant Professor	杉本亜砂子 久保田幸彦	Asako Sugimoto Yukihiko Kubota
器官形成分野	Laboratory of Organ Morphogenesis	教授 助教 助教(兼)	Professor Assistant Professor Assistant Professor	丹羽 伸介 田村 宏治	Shinsuke Niwa Koji Tamura
		教授	Professor	阿部 玄武 齋藤 大介	Gembu Abe Daisuke Saito
脳機能解析構築学講座			Division of Neuroscience		
脳機能遺伝分野	Laboratory of Neurogenetics	教授 准教授 助教	Professor Associate Professor Assistant Professor	山元 大輔 小金澤雅之	Daisuke Yamamoto Masayuki Koganessawa
脳機能解析分野	Laboratory of Molecular and Cellular Neuroscience	教授 講師	Professor Lecturer	佐藤 耕世 八尾 寛	Kosei Sato Hiromu Yawo
超回路脳機能分野	Laboratory of Super-network Brain Physiology	教授 助教(兼)	Professor Assistant Professor	石塚 徹 松井 広	Toru Ishizuka Ko Matsui
システム神経科学分野	Laboratory of Systems Neuroscience	教授 助教 助教(兼)	Professor Assistant Professor Assistant Professor	常松 友美 筒井健一郎	Tomomi Tsunematsu Ken-ichiro Tsutsui
神経行動学分野	Laboratory of Neurothology	教授 助教	Professor Assistant Professor	大原 慎也 小山 佳	Shinya Ohara Kei Oyama
		教授	Professor	谷本 拓 山方 恒宏	Hiromu Tanimoto Nobuhiro Yamagata
海洋生物学講座(附属浅虫海洋生物学教育研究センター)			Division of Developmental and Cell Biology		
発生生物学分野	Laboratory of Developmental Biology	教授 准教授 准教授	Professor Associate Professor Associate Professor	熊野 岳 経塚啓一郎	Gaku Kumano Keiichiro Kyoizuka
海洋生態行動学分野	Laboratory of Marine Ecological Behavior	助教 教授(兼)	Assistant Professor Professor	美濃川拓哉 中本 章貴	Takuya Minokawa Ayaki Nakamoto
		助教	Assistant Professor	占部城太郎 武田 哲	Jotaro Urabe Satoshi Takeda
分化制御学講座			Division of Genetic Ecology		
腫瘍生物学分野	Laboratory of Cancer Biology	教授 助教	Professor Assistant Professor	千葉奈津子 吉野 優樹	Natsuko Chiba Yuki Yoshino
分化再生制御分野	Laboratory of Germ Cell Development	教授 助教	Professor Assistant Professor	松居 靖久 林 陽平	Yasuhiro Matsui Yohei Hayashi
神経機能制御分野	Laboratory of Developmental Neurobiology	教授 助教 助教	Professor Assistant Professor Assistant Professor	小椋 利彦 久保 純	Toshihiko Ogura Atsushi Kubo
		教授	Professor	松本 健	Ken Matsumoto
協力教員			Cooperative faculties		
遺伝子導入分野	Laboratory of Experimental Immunology	教授	Professor	高井 俊行	Toshiyuki Takai

生態システム生命科学専攻			Department of Environmental Life Sciences		
環境遺伝生態学講座			Division of Genetic Ecology		
遺伝情報動態分野	Laboratory of Microbial Genetics and Genomics	教授 准教授	Professor Associate Professor	津田 雅孝 大坪 嘉行	Masataka Tsuda Yoshiyuki Otsubo
植物生殖遺伝分野	Laboratory of Plant Reproductive Genetics	教授 准教授	Professor Associate Professor	渡辺 正夫 菅野 明	Masao Watanabe Akira Kanno
ゲノム継承システム分野	Laboratory of Genomic Reproductive Biology	教授 准教授	Professor Associate Professor	東谷 篤志 日出間 純	Atsushi Higashitani Jun Hidema
		准教授 助教	Associate Professor Assistant Professor	佐藤 修正 寺西 美佳	Shusei Sato Mika Teranishi
		助教(兼) 助教(兼)	Assistant Professor Assistant Professor	泉 正範 大学 保一	Masanori Izumi Yasukazu Daigaku
		教授 准教授	Professor Associate Professor	南澤 究 三井 久幸	Kiwamu Minamisawa Hisayuki Mitsui
		助教 教授	Assistant Professor Professor	菅原 雅之 高橋 秀幸	Masayuki Sugawara Hideyuki Takahashi
宇宙環境適応生態分野	Laboratory of Space and Adaptation Biology	准教授 助教 助教(兼)	Associate Professor Assistant Professor Assistant Professor	藤井 伸治 小林 啓恵 児島 征司	Nobuharu Fujii Akie Kobayashi Seiji Kojima
進化生態科学講座			Division of Ecology and Evolutionary Biology		
生物多様性進化分野	Laboratory of Evolutionary Biology	教授 准教授 助教	Professor Associate Professor Assistant Professor	河田 雅圭 牧野 能士 丸山真一郎	Masakado Kawata Takashi Makino Shinichiro Maruyama
植物生態分野	Laboratory of Plant Ecology	教授 准教授 助教	Professor Associate Professor Assistant Professor	中静 透 酒井 聡樹 饗庭 正寛	Toru Nakashizuka Satoki Sakai Masahiro Aiba
群集生態分野	Laboratory of Community and Ecosystem Ecology	教授 助教	Professor Assistant Professor	占部城太郎 牧野 渡	Jotaro Urabe Wataru Makino
機能生態学分野	Laboratory of Functional Ecology	教授 助教	Professor Assistant Professor	彦坂 幸毅 小口 理一	Kouki Hikosaka Riichi Oguchi
植物多様性生物学講座			Division of Plant Evolutionary Biology		
植物系統分類学分野	Laboratory of Plant Taxonomy and Phylogenetics	教授 助教 助教	Professor Assistant Professor Assistant Professor	牧 雅之 米倉 浩司 大山 幹成	Masayuki Maki Koji Yonekura Motonari Ohyama
保全生物学講座			Division of Regional Ecosystem Studies		
保全生物学分野	Laboratory of Conservation Biology	教授 准教授	Professor Associate Professor	千葉 聡 鹿野 秀一	Satoshi Chiba Shuichi Shikano
ゲノム生態学講座			Division of Genomic Bionomics		
ゲノム構造機能分野	Laboratory of Genome Structure and Function	客員教授 客員教授 客員 准教授	Visiting Professor Visiting Professor Visiting Associate Professor Professor	柴田 大輔 長瀬 隆弘 平川 英樹	Daisuke Shibata Takahiro Nagase Hideki Hirakawa
微生物進化機能開発寄附講座			Division of Microbial Evolution and Function Research		
微生物進化機能開発寄附講座	Division of Microbial Evolution and Function Research	教授 助教 助教	Professor Assistant Professor Assistant Professor	永田 裕二 加藤 広海 佐藤優花里	Yuji Nagata Hiromi Kato Yukari Sato

附属浅虫海洋生物学研究教育センター	Asamushi Research Center for Marine Biology	センター長	Director	熊野 岳	Gaku Kumano
東北大学包括的脳科学研究センター	Comprehensive Center for Brain Science Research and Education, Tohoku University	センター長	Director	飯島 敏夫	Toshio Iijima
生態適応センター	Ecosystem Adaptability Center	センター長	Director	中静 透	Toru Nakashizuka

事 務 部	Administrative Office	事務長	Director	及川 良房	Yoshifusa Oikawa
				総務係	General Affairs Section
				教務係	Student Affairs Section
				会計係	General Accounting Section
				浅虫事務部	Asamusi Administrative Office

教員数 (H29.4.1現在)

基幹講座	連携講座
教 授	客 員 教 授
准 教 授	客員准教授
講 師	
助 教	協力教員
	教 授
協力講座	寄附講座
教 授	教 授
准 教 授	助 教
助 教	

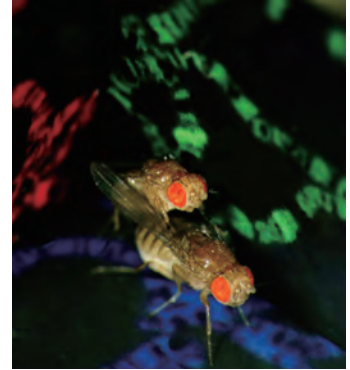
大学院生数 (H29.4.1現在)

前期・修士課程	
M1	100名
M2	108名
計	208名
後期・博士課程	
D1	23名
D2	29名
D3	31名
計	83名

交尾をしない"プラトニック変異体"はセロトニンが足りない-ショウジョウバエでの研究成果

求愛ばかりをして交尾をしないショウジョウバエの突然変異体「プラトニック」が交尾をしない謎の解明に成功した。この突然変異体ではスクリブラー(scribbler)と呼ばれる遺伝子が働かなくなっていることを突き止めた。スクリブラーは、体の形づくりを根幹で支える"骨形成因子(BMP)"の作用を仲介する因子の遺伝子で、ヒトにも存在している。スクリブラー遺伝子が働かないと、腹部の感覚と運動を司る神経節に存在している数個のセロトニンを合成する神経細胞が、成虫になる前に失われてしまうことがわかった。そこで、セロトニンの原料となるアミノ酸の一種(5-HTP)を、プラトニック突然変異体の雄が成虫になった後に食べさせたところ、プラトニック

の雄たちが交尾をするようになった。こうして、ヒトでは幸福感につながるとされる神経伝達物質、セロトニンが、ショウジョウバエでは交尾の実行に不可欠であることが明らかになった。



Why 'platonic' flies do not copulate

By studying the sexual behavior of a mutant strain of fruit fly called "platonic," Prof. Yamamoto and collaborators at the Tohoku University Graduate School of Life Sciences have identified a mechanism responsible for serotonin-mediated neural control of copulation.

Male and female *platonic*-mutant flies (*Drosophila*) actively interact, but do not copulate. The researchers discovered that the impairment of just one gene, known as *scribbler*, could render the *platonic* mutants unable to copulate. According to the study,

this gene is required during a fly's nymphal stage in order for eight essential nerve cells to survive. These nerve cells play an important role in the execution of the copulation motor program when the fly reaches adulthood. The *scribbler* gene produces a protein that aids the normal functioning of Bone Morphogenetic Proteins (BMPs), which are crucial for the development of a variety of tissues and sexual traits in many animal species.

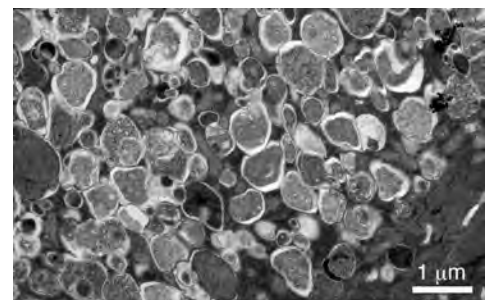
The researchers believe that their study can provide insights into the evolutionarily conserved mechanism of courtship and copulation, and possibly lead to the development of novel, more effective drugs.

Yilmazer Y B, Koganezawa M, Sato K, Xu J, Yamamoto D (2016) Serotonergic neuronal death and concomitant serotonin deficiency curb copulation ability of *Drosophila platonic* mutants. *Nature Communications* 7: Article number: 13792

オートファジーによる筋細胞の再構成

筋細胞は高度に分化した細胞であり、筋原繊維やT管などの特殊な細胞内構造を持つ。運動や加齢などの様々な要因により、筋細胞は傷害を受けており、傷害を受けた際にはT管などの膜構造体も作り直され、細胞の恒常性が保たれている。しかし、筋細胞内の構造体が再構成される仕組みは、これまで十分に解明されていなかった。本研究グループは、ショウジョウバエの変態期に腹部の筋細胞が再構成される新たな現象を発見した。解析から、筋細胞の再構成にオートファジーが重要であること、また、オートファゴソームとリソソームとの融合に関わる新分子としてRab2を同定した。筋細胞でRab2の働きを抑制すると、筋細胞内にオートファゴソームが異常に蓄積し、筋細胞の機能が失われた。本成果は、オートファジーがショウジョウ

ウバエの変態期に細胞死以外の機能を持つことを示した初めての報告であり、筋細胞再構成の理解に向けて良い解析モデルを提供すると期待される。



Differentiated muscle cells have highly organized structures, such as myofibrils and Transverse (T)-tubules, to allow for contraction. T-tubules make up a specialized membrane network involved in excitation-contraction coupling. Mechanisms must remodel the specialized structures, including T-tubules, with ongoing myofiber reorganization in response to muscle use, damage, atrophy, and aging. However, the extent and mechanisms of muscle remodeling remain largely unknown. We discovered that the entire excitation-contraction coupling system is dynamically remodeled during metamorphosis in fruit fly abdominal muscles. Genetic

screens identified an essential role for autophagy—the process by which degraded cytoplasmic contents are delivered through the cell membrane to lysosomes—in muscle remodeling, and an unexpected role for Rab2 in autophagosome-lysosome fusion. To our knowledge, this is the first report of a non-cell death role of autophagy in *Drosophila* metamorphosis. Studies of programmed muscle remodeling would provide new insights into muscle remodeling mechanisms as well as the regulation mechanisms of fundamental membrane trafficking pathways such as autophagy and endocytosis.

Fujita N, Huang W, Lin TH, Groulx JF, Jean S, Kuchitsu Y, Koyama-Honda I, Mizushima N, Fukuda M, Kiger AA (2017) Genetic screen in *Drosophila* muscle identifies autophagy-mediated T-tubule remodeling and a Rab2 role in autophagy. *eLife* 2017;6:e23367

3種の共存するトカゲを用いて異なる温度環境への適応分化に関わる遺伝群の検出

外温性脊椎動物は高温側への適応進化が制限されており、温暖化によって、トカゲの約20%が絶滅すると予測されている。キューバには、65種のアノールトカゲが生息し、樹木の異なる場所に分かれて生息すると同時に、森林内部(低温)、林縁部(中温)、開放環境(高温)という異なる温度環境に適応分化することで共存している。本研究では、それら異なる温度環境に生息する3種のアノールトカゲを用いて、網羅的遺伝子発現量解析を行った。その結果、3種共通に温度により発現量が変化する遺伝子として、概日リズムに関する遺伝子群が検出された。特に、*Nr1d1* 遺伝子は、低温環境に生息する種と高温環境に生息する種の間で異なる発現パターンを示した。こ

の遺伝子は、概日リズムと代謝や温度耐性の両方に影響することが知られており、一日の時間帯によって温度耐性を変化させて、温度差の激しい高温開放環境へ適応していることが示唆された。



Reptile thermal adaptation to high temperatures is often limited, and thus, lizards are considered to be vulnerable to climate warming. In Cuba, there are 65 species of *Anolis* lizards, and dozens of species can sympatrically coexist through divergent adaptation to different tree structural habitats. In addition, three sympatric species of *Anolis* lizards (*Anolis allogus*, *A. homolechis*, and *A. sagrei*) inhabit different thermal microhabitats, thereby providing an excellent opportunity to examine how they have adapted to different environmental temperatures. We conducted RNA-sequencing to detect differentially expressed genes (DEGs) at two different

temperatures among the three *Anolis* species. The results showed that gene ontology (GO) terms associated with circadian regulation were enriched in all three species. A gene associated with circadian regulation, *Nr1d1*, was detected as a DEG with opposite expression patterns between the cold-adapted *A. allogus* and the hot-adapted *A. sagrei*. Because the environmental temperature fluctuates more widely in open habitats than in forests throughout the day, circadian thermoregulation could also be important for adaptation to distinct thermal habitats.

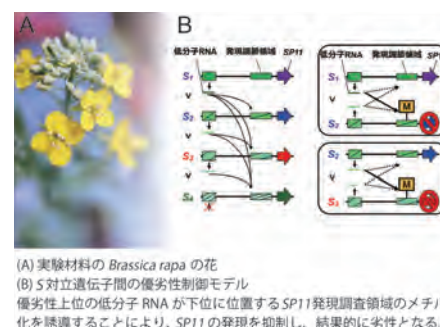
Akashi H D, Cádiz Díaz A, Shigenobu S, Makino T, Kawata M (2016) Differentially expressed genes associated with adaptation to different thermal environments in three sympatric Cuban *Anolis* lizards. *Molecular Ecology*;25(10) 2273-2285

対立遺伝子の組合せで優劣性が変化する分子メカニズムを低分子RNAが制御

～メンデルの「優性の法則」の謎を100年ぶりに解明～

両親由来の対立遺伝子形質のうち、片方のみが現れる現象をメンデルの「優性の法則」と呼ぶ。対立遺伝子の優劣性決定因子とその進化について長く議論を呼んでいたが、低分子RNAがその因子であることを植物生殖遺伝分野らの研究グループが世界で初めて解明した。これまで優劣性の原因は、変異による遺伝子機能欠失だとされてきた。しかし、同グループは *B. rapa* を材料とし、自家不和合性を制御する花粉側遺伝子 *SP11* の解析から、優性対立遺伝子由来の低分子RNAが下位対立遺伝子の発現調節領域をメチル化することを発見した。このことにより、下位対立遺伝子発現は抑制され、優性形質のみが現れるという分子機構であった。本成果により、4対立遺伝子が直線的優劣性関係の場合、対立遺伝子の組合せによ

り優劣性が変化する現象も説明できた。本成果が優劣性分子機構に新たな視点を与え、英科学誌 *Nature* の植物科学専門オンライン姉妹誌、*Nature Plants* に2016年12月23日付で掲載された。



In diploid organisms, phenotypic traits are determined by an allelic interaction (dominant relationship), called the "Law of Dominance" discovered by Gregor Mendel. Population geneticists began discussing the evolution of dominance modifiers approximately one hundred years ago. Most of the recessive alleles showed a loss-of-function mutation in the genes. In this study, Y. Takada and M. Watanabe of the Laboratory of Plant Reproductive Genetics and a collaborator discovered the linear dominance relationship (a novel molecular mechanism) between alleles of the *SP11* gene, which encodes the male S determinant of self-incompatibility in *B. rapa*.

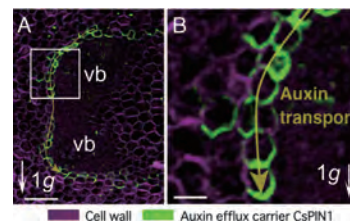
In the dominance relationship, small RNA (*Smi2*) from the flanking region of the dominant *SP11* allele repressed the gene expression of the recessive allele by epigenetically silencing *in trans*. As a result, the gene from the dominant allele was only expressed in the S heterozygote. This novel molecular model can explain the alteration of the dominance relationship by the S allele combination in S heterozygotes. According to geneticists, *Smi2* would be expected to act as a dominance modifier. This study provided a novel insight into the molecular mechanism of the "Law of Dominance," and was published in *Nature Plants* (Dec 23, 2016).

Yasuda S, Wada Y, Kakizaki T, Tarutani Y, Miura-Ueno E, Murase K, Fujii S, Hioki T, Shimoda T, Takada Y, Shiba H, Takasaki-Yasuda T, Suzuki G, Watanabe M, Seiji Takayama S (2016) A complex dominance hierarchy is controlled by polymorphism of small RNAs and their targets. *Nature Plants* 3, Article number: 16206

キュウリ芽生えの宇宙実験:重力応答がオーキシンの輸送・分布を調節するしくみを解明

キュウリの芽生えは、発芽時に「ペグ」と呼ばれる突起状の組織を横になった茎と根の境界域の下側につくり、それによって硬い種皮から抜け出します。このとき、芽生えは重力に反応して境界域の上側で植物ホルモンのオーキシンを減少させることによって、上側のペグ形成を抑制し、ひとつのペグを下側だけにつくります。重力応答が境界域の上側でオーキシンを減少させるしくみは未解明でしたが、本研究では、国際宇宙ステーションの微小重力環境と遠心機による人工重力を利用し、オーキシンの極性輸送を担うPINタンパク質(CsPIN1)が重力感受細胞の内皮に存在し、重力に反応して細胞の下側の細胞膜に局在化することを明らかにしました。この結果は、

重力応答によってオーキシンの輸送が内皮層を通り道として境界域の上側から下側に運ばれ、上側でオーキシンの濃度が減少し、ペグ形成が抑制されることを示し、植物の地上部器官の重力応答を理解する重要な手がかりとなりました。



キュウリの境界域の横断切片(左半分)でのオーキシンの極性輸送を担うPINタンパク質(CsPIN1)局在解析の結果(A)。BはAの白線四角部分の拡大図。維管束(vb)の周囲に重力感受細胞である内皮細胞が分化します。白矢印(1g)は人工重力の方向を、オレンジ色の矢印はオーキシンの輸送方向を示します。バー=100 μm (A); 25 μm (B)。

Cucumber seedlings develop a protuberance called a 'peg' on the lower side of the horizontally oriented transition zone between the hypocotyl and root just after seed germination. Gravity decreases the plant hormone, auxin, on the upper side of the transition zone, which results in the suppression of peg formation on the upper side. The mechanism for the gravity-regulated auxin redistribution was unknown prior to this study, but this research revealed that an auxin efflux carrier, CsPIN1, was re-localized to the bottom side of the

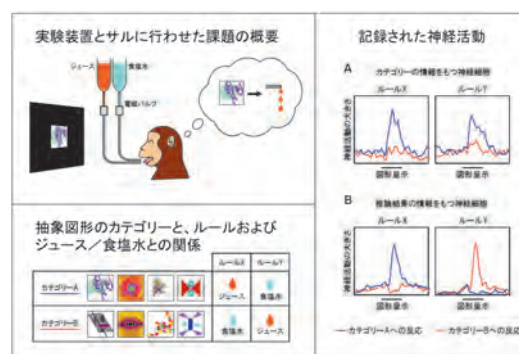
gravi-stimulated transition zone in gravi-sensing endodermal cells. This was done by germinating cucumber seeds in microgravity for 24 h and then exposing them to 1g-centrifugation in a direction crosswise to the seedling axis for 2 h. The results show that the endodermal cell layer becomes a canal by which auxin is laterally transported from the upper to the lower flank in the gravi-stimulated transition zone. Auxin level thus decreases on the upper side, causing suppression of peg formation in cucumber seedlings.

Yamazaki C, Fujii N, Miyazawa Y, Kamada M, Kasahara H, Osada I, Shimazu T, Fusejima Y, Higashibata A, Yamazaki T, Ishioka N, Takahashi H (2016) The gravity-induced re-localization of auxin efflux carrier CsPIN1 in cucumber seedlings: spaceflight experiments for immunohistochemical microscopy. *npj Microgravity* 2, Article number: 16030

カテゴリーを使って柔軟に判断する前頭連合野のはたらきを解明

私たちは身のまわりの環境にあふれる膨大な情報を、どのように整理して認識し、判断や行動のために使っているのだろうか? この問題に取り組むため、本研究では、ニホンザルに、呈示された視覚刺激からその後どのような飲み物が与えられるかを予測する推論課題を訓練したうえで、前頭連合野から神経活動を記録する実験を行った。その結果、前頭連合野の一部の神経細胞が、概念の一種であるカテゴリーやルール、またはそれらを使って予測した結果の情報を保持していることを見出した。これにより、脳がその基本戦略として、膨大な情報をカテゴリー化によって整理し、物事の関係性を分かりやすくしたうえで、思考や判断に使っているということが明らかになった。この成果により、抽象的概念の形成やそれを使った論理的思考にかかわる神経メカニズムの解明が大きく進むこ

とが期待されるとともに、抽象的な思考が不得意だとされるアスペルガー症候群などの発達障害の病態の理解や、新たな治療法の開発にもつながることが期待される。



How do we organize and retrieve extensive information from the environment and use it for behavioral selection? To address this question, we conducted a single-unit recording in the prefrontal cortex of monkeys performing an "inference task," wherein for every trial the monkey had to infer from an abstract figure the type of liquid (either fruit juice or saline) to be provided from a spout set in front of its mouth. We found that neurons in the prefrontal cortex code either the stimulus category, the relevant rule, or the inferred consequence derived from the logical integration of the category and rule

information. It was suggested that it is the basic strategy of the brain to organize enormous amount of information by categorization and use categories for logical thought processes such as inference. These findings are expected to facilitate not only the understanding of the neural mechanisms underlying the formation of abstract concepts and their uses but also the understanding of the pathology of developmental disorders such as Asperger syndrome, in which the patients have difficulty using abstract information and in their treatments.

Tsutsui KI, Hosokawa T, Yamada M, Iijima T (2016) Representation of functional category in the monkey prefrontal cortex and its rule-dependent use for behavioral selection. *Journal of Neuroscience*; 36(10) 3038-3048

平成28年度 教員受賞一覧

Awards

発生ダイナミクス分野	久保田幸彦 助教	2016 Asia-Pacific C. elegans Meeting, Beijing, China, Best Poster Award	2016年 6月
神経行動学分野	谷本 拓 教授	トムソン・ロイター 第4回リサーチフロントアワード	2016年 7月
脳情報処理分野	石井 宏憲 助教	第39回日本神経科学大会 第一回時実利彦記念 神経科学優秀博士研究賞	2016年 7月
宇宙環境適応生態分野	児島 征司 助教	2016年度日本農芸化学会 東北支部 奨励賞	2016年 9月
膜輸送機構解析分野	Paulina S. Mrozowska 助教	2016 FASEB Science Research Conference “GTPases in Trafficking, Autophagy and Disease” Travel award	2016年 9月
分子情報化学分野	有本 博一 教授	2016年度 矢上賞	2016年10月
分子発生制御分野	檜本 悟史 助教	東北植物学会奨励賞	2016年12月
活性分子動態分野	山口信次郎 教授	トムソン・ロイター Highly Cited Researchers 2016	2017年 1月
ゲノム継承システム分野	佐藤 修正 准教授	トムソン・ロイター Highly Cited Researchers 2016	2017年 1月
植物生殖遺伝分野	渡辺 正夫 教授	平成28年度「仙台市理科特別授業」への貢献で感謝状	2017年 2月
植物生殖遺伝分野	渡辺 正夫 教授	平成28年度「今治市理科特別授業」への貢献で感謝状	2017年 2月
宇宙環境適応生態分野	児島 征司 助教	B.B.B 論文賞	2017年 2月
活性分子動態分野	増口 潔 助教	日本植物生理学会 2017年度 PCP 論文賞	2017年 3月
活性分子動態分野	増口 潔 助教	2nd International Congress on Strigolactones, Torino, Italy, Syngenta Poster Award	2017年 3月



第4回リサーチフロントアワード 受賞式



Highly Cited Researchers 2016 受賞式



分子生命科学専攻

Department of Biomolecular Sciences

遺伝子科学、生化学、有機化学的アプローチを基盤として、DNA から生物活性分子にまたがるさまざまな機能分子の構造と、高次生命システム内での機能性および生体応答の関係を、多面的かつ系統的に解明するための教育研究をおこなう。本研究科におけるすべての研究の分子基盤を作り、高次生命システムを分子機能から統一的に理解する基盤とする。

The structures of molecules, small and large, through DNA to active polymers, are inherently related to their functions or biological responses in higher organisms. Our aims of research and education are to elucidate these relationships generally and systematically by the use of genomics, biochemistry and organic chemistry. It is important to understand fundamental molecule-based sciences in any of our research fields.

生命構造化学分野

キーワード /

海洋天然物、全合成、構造・機能解析



教授
佐々木 誠
Makoto Sasaki

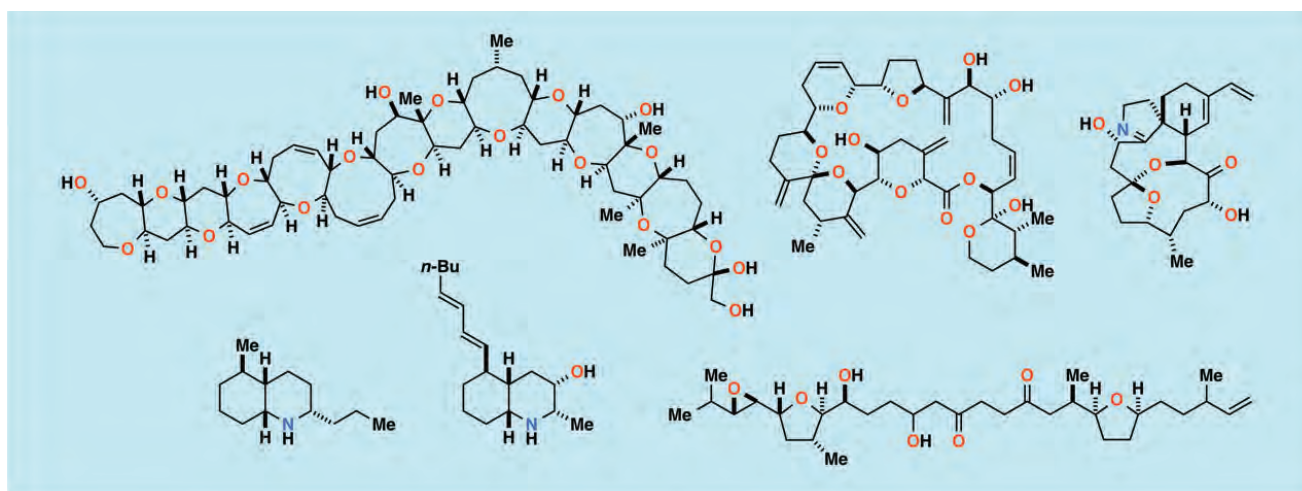


助教
岩崎 浩太郎
Kotaro Iwasaki

複雑な海洋天然物の全合成と構造および機能解析

生物の生産する二次代謝産物(天然物)は、歴史的に医薬品開発のリード化合物として重要な役割を果たしてきました。近年では、海洋生物から特異な化学構造を持ち、新たな作用メカニズムで強力な生物活性を示す天然物(海洋天然物)が数多く発見されています。これら海洋天然物は有機合成のチャレンジングな標的分子であるばかりでなく、新たな農薬の候補化合物やケミカルバイオロジー研究の分子プローブとして大きな期待が寄せられています。しかし、その多くは自然界から極微量しか得られないために、詳細な化合物

の評価や作用メカニズムの解析において化学合成(全合成)による物質供給の果たす役割は非常に重要になっています。また、機器分析の技術が目覚ましく発展した現在においても、複雑な天然物の立体配置の確認や決定において天然物合成の重要性は益々大きくなりつつあります。当分野では、重要な生物活性を示す複雑な海洋天然物と人工類縁体の全合成研究を基盤として、それらの構造および生物機能の解析を行い、生命科学研究・創薬科学への貢献を目指しています。



現在、全合成に取り組んでいる海洋天然物の例

Marine natural products have great potential for use as pharmaceutical agents, agrochemicals, and chemical probes for biological studies. Our research projects have focused on the total synthesis of complex marine natural products with potent biological activity. We are pursuing research projects in chemical biology, including the design and synthesis of artificial analogues of natural products to improve their biological activity, and to provide understanding of the mechanism of action for the naturally occurring molecules.

Natural products, secondary metabolites produced by organisms, have long been an important source of agrochemicals and potential therapeutic drugs for human diseases, and are well-known chemical probes for cell biology and physiology. More recently, due to their novel structure and potent biological activity, natural products of marine origin have interested many researchers in the life sciences, including synthetic chemists, biochemists, and pharmacologists. However, the inherent molecular complexity and low natural abundance of many of these compounds have precluded their supply for extensive biological studies. Therefore, total synthesis

of these compounds is required to provide a sustainable supply to further investigate and exploit their biological functions. Our research group focuses on the total synthesis of structurally complex marine natural products that have potent biological activity for their stereochemical analysis and extensive biological studies. Our efforts are also directed towards the design and synthesis of structurally simplified analogues that retain the original biological functions and might otherwise be inaccessible. These studies will enable the preparation of novel bio-functional molecules for ultimate use in the investigation of broader questions in biology or medicine.

キーワード /
ケミカルバイオロジー、抗生物質、オートファジー

分子情報化学分野



教授
有本 博一
Hirokazu Arimoto



助教
一ノ かわり
Kaori Itto

創薬を見据えたケミカルバイオロジー

社会的ニーズが高いにも関わらず開発が進まない抗菌薬の創薬に独自のアイデアを持って取り組んでいます。合理的な薬剤設計のために相手(細菌)をよく知る必要があり、特にグラム陽性菌細胞壁合成に注目して研究を進めています。

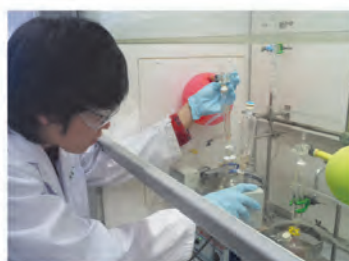
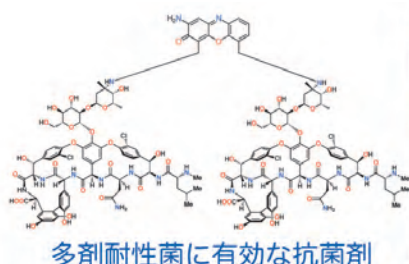
もう一つの研究の柱は、私たちの体内で生成するニトロ化合物:8-ニトロcGMPのケミカルバイオロジーです。感染症など組織が酸化ストレスにさらされると生じる分子で、オートファジー誘導など生体防御に深く関わることから、創薬の種として有望と考えています。

有機合成、創薬化学からケミカルバイオロジーまで幅広い領域を

カバーする刺激に満ちた研究室です。

○研究室教育の特徴と修得者の活躍

本学農学部を兼担しているため、出身者が2/3程度を占めています。他大学卒業者の出身学部は理工農薬など多様です。基盤となるのは有機化学であり研究室でもしっかり学びます。一方、研究面では細胞生物学や微生物学に関するテーマが多く、通常の有機化学研究室とは異なります。卒業生は、大学等研究機関、化学や製薬企業で活躍しています。



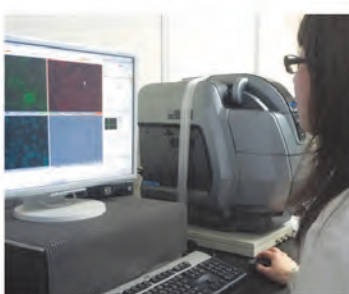
合成実験



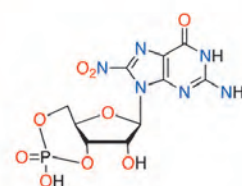
HPLCを用いた分析と精製



実験結果のディスカッション



培養細胞を用いるケミカルバイオロジー実験



生体防御に関わる
新しいcGMP誘導体

Chemical Biology for Drug Discovery

The Arimoto Group studies biologically active small molecules that contribute to human healthcare. Research in the lab is currently focused on three major areas: 1) regulatory mechanism of autophagy through nitric oxide signaling in an innate immune response to bacterial infection, 2) development of antibacterial

agents against vancomycin-resistant strains, and 3) organic synthesis of natural products. We utilize diverse chemical and biological techniques, including eukaryotic and bacterial cell cultures, biochemistry, molecular biology, organic synthesis, and nuclear magnetic resonance spectroscopy.

活性分子動態分野

キーワード /

植物ホルモン、生理活性物質、植物成長生理



教授

山口 信次郎
Shinjiro Yamaguchi

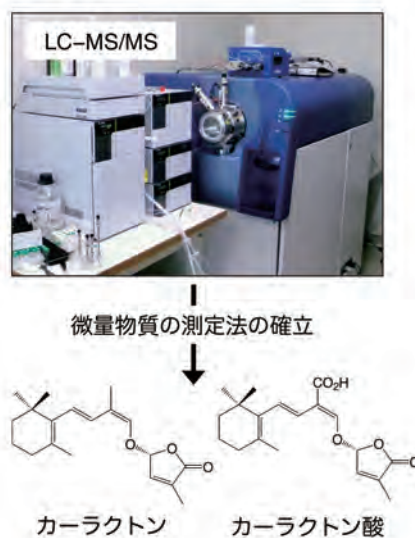
助教

増口 潔
Kiyoshi Mashiguchi

植物ホルモンがどのように作られ、運ばれて、働くのかという謎を解明します

植物ホルモンは、植物の中に極微量にしか存在しませんが、成長や分化に多大な影響を与える活性分子です。私たちは化学と生物学にまたがる多様な研究手法を組み合わせることによって、植物ホルモンの作用メカニズムを明らかにしています。当分野の主な研究対象は、私たちが2008年に発見した「ストリゴラクトン」と呼ばれる植物の枝分かれを制御するカロテノイド由来のホルモンです。ストリゴラクトンを作ることができなかつたり、ストリゴラクトンに応答できない突然変異体を材料に、ストリゴラクトンの生合成や輸送、受容・

信号伝達メカニズムを解析しています。また、新しいホルモンの発見を目指す研究にも、夢を持って意欲的に挑んでいます。微量な低分子である植物ホルモンが、環境の変化に応じて、植物の成長や形態を精巧かつダイナミックに制御するメカニズムは驚きに満ちあふれています。応用面でも、植物ホルモンの作用機構から得られる知見には、作物の枝分かれのコントロールなど、農業上の新しい戦略の開発に繋がる数多くのヒントが隠されています。



左：枝分かれ過剰なストリゴラクトンの欠損変異体と応答変異体 中：LC-MS/MS 分析によって最近発見した生合成中間体 右：未知ホルモンの例

Understanding the mechanisms of plant hormone production, movement, and function

Plant hormones are a group of bioactive compounds that, at very low concentrations, regulate almost all aspects of plant growth and development. Our laboratory uses interdisciplinary approaches (e.g., biochemistry, analytical chemistry, molecular biology, and genetics) to elucidate the mysteries of how these hormones are made (biosynthesis), move (transport), and work (perception and signal transduction) in plants. In 2008, we discovered a new class of carotenoid-derived hormones, called strigolactones (SLs), that regulate shoot branching. Since SLs were formerly known as rhizosphere signals for parasitism with parasitic plants and for symbiosis with arbuscular mycorrhizal fungi, understanding their underlying mechanism is advantageous for future agricultural

applications. We are currently analyzing novel enzymes involved in SL biosynthesis, the movement of SLs in the xylem, the biochemical function of a SL receptor, and new physiological functions of SLs. Moreover, we are conducting experiments to identify new plant hormones, as genetic evidence suggests that plants use unidentified bioactive molecules to regulate their development. Our research will clarify how a tiny amount of small molecules sophisticatedly controls the growth and development of plants in response to environmental changes.

キーワード /

疾患関連蛋白質, 立体構造解析, 蛋白質進化

応用生命分子解析分野



教授
田中 良和
Yoshikazu Tanaka



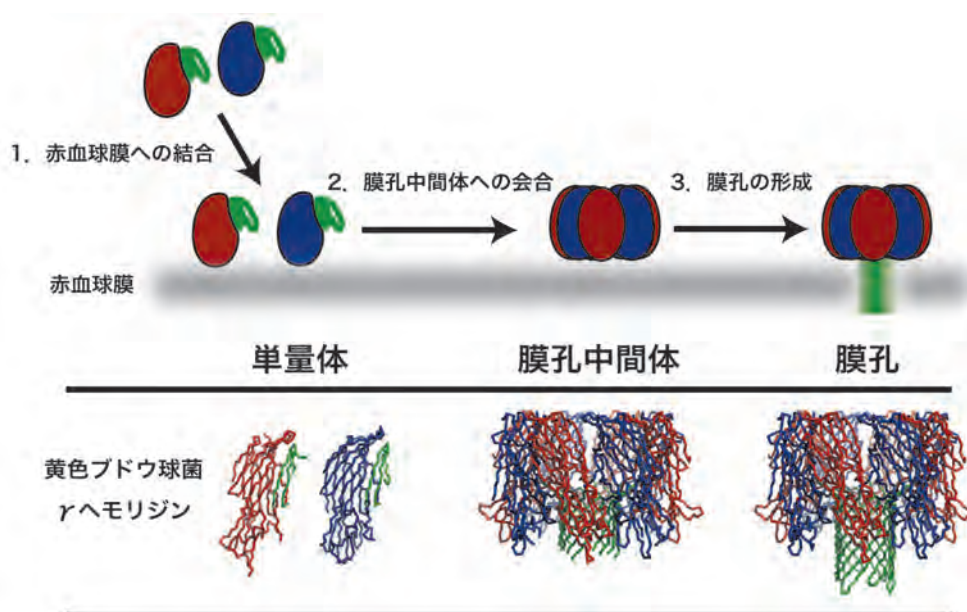
准教授
小川 智久
Tomohisa Ogawa

タンパク質を構造から理解し、その特性を応用する

本分野では、疾患に関連するタンパク質を中心とした様々なタンパク質に焦点を当て、その分子機構を、X線結晶構造解析や分光学的解析、熱力学的解析などの最先端の分子解析手法を用いて詳細に解明することを目指している。また、明らかになった分子特性を新規な高次機能素材のデザインへと応用することを目指した研究も行っている。主な研究課題を以下に示す。

(1) 病原性微生物の毒素タンパク質の分子機構の解明

- (2) 巨大タンパク質の内部空間を利用した構造解析手法の開発
- (3) 癌関連因子に結合する抗体の高機能化に向けた研究
- (4) ペノミクス解析: 多様な蛇毒タンパク質の構造・機能と進化機構の解明
- (5) レクチンの多様な機能と糖鎖生物学への応用
- (6) タンパク質によるバイオミネラリゼーション制御機構



構造解析で明らかにした黄色ブドウ球菌膜孔形成毒素の分子機構。単量体の毒素は、膜孔中間体へと会合した後、膜孔を形成して赤血球を破壊する。

Structural basis of proteins and its application

Our research aims to elucidate the molecular mechanisms of proteins, particularly those relating to diseases, from a structural viewpoint. We analyze proteins by an integration of X-ray crystallography, spectroscopic analysis, and thermodynamic analysis. Furthermore, we apply the revealed molecular characteristics to design novel functional materials. The following are current projects.

- (1) Study of the molecular mechanisms of toxic proteins in pathogenic microorganisms
- (2) Application of the structure determination method on a biomacromolecule, which is a huge protein complex possessing inner space

- (3) Structure-based development of an antibody that can recognize cancer-related factors
- (4) Venomics: a comprehensive analysis of the structure, function, and evolution of venom proteins
- (5) Functional analysis of lectin and its application to glycolbiology
- (6) Study of protein biomineralization regulatory mechanisms

細胞動態制御分野

キーワード /
組織形成、細胞移動、細胞死



教授

倉永 英里奈
Erina Kuranaga



助教

梅津 大輝
Daiki Umetsu



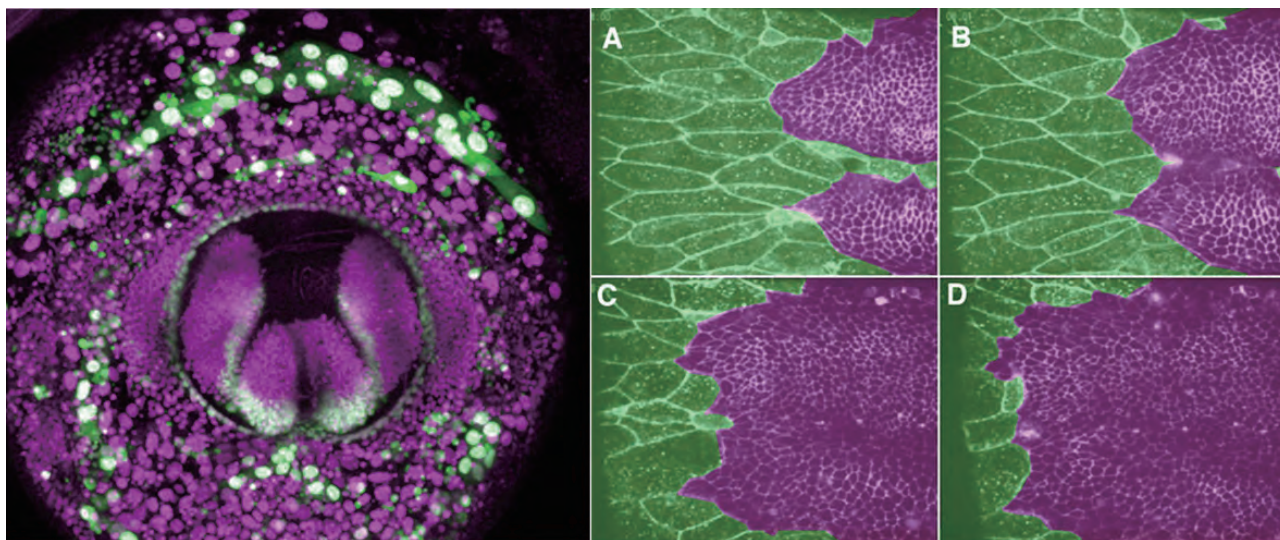
助教(兼)

中嶋 悠一郎
Yuichiro Nakajima

上皮組織を形づくる細胞たちのふるまいと維持のしくみを理解する

多細胞生物の発生過程にはたくさんの細胞が、増殖・分化・接着・移動・死などの個性的なイベントを積み重ねて個体発生を成立させています。このような多彩な細胞のふるまいは、発生の時間軸のなかで互いに相互作用することで組織形成を成し遂げると考えられますが、そのシステムを解明するためには生体内での時空間的な情報を考慮した実験的アプローチ、つまり生きた個体のなかで起こる現象をリアルタイムで捉えるライブイメージングの手法が有効です。本

研究室では、発生生物学の研究に有用でかつ遺伝学的知見が豊富なショウジョウバエをモデルとして選択し、組織形成が発生の時間軸に沿ってどのように制御されているのか、個体・細胞・分子レベルで明らかにします。特に、「移動」と「死」が関与するショウジョウバエ組織形成に注目し、in vivoイメージングと遺伝学、さらに数理モデリングを用いて、からだの形づくりと恒常性維持の仕組みを理解を目指します。



左：生きたハエ蛹の雄性外生殖器。全核(緑)と体節後部の核(赤)を可視化。 右：蛹期表皮再構築。成虫細胞(赤)が増殖し幼虫細胞(緑)が細胞死する。

Cellular behavior and homeostasis maintenance in epithelial morphogenesis

The development of multicellular organisms involves the collective effect of multiple events at the single-cell level, such as proliferation, differentiation, migration, and death. Programmed cell death, for example, is a process by which cells are selected for death at set times in development, allowing for the sculpting of tissue, and is used in the adult organism to maintain homeostasis by eliminating cells that have developed abnormalities. Cell death plays an important role in maintaining the cellular population, not only by eliminating unneeded cells at given sites and stages, but also in other functions, such as regulating the proliferation and migration of neighboring cells. Such cellular behaviors give rise to cell networks capable of organizing into tissues, the study of which

requires an experimental approach to spatiotemporal information in living systems, which can be obtained through the real-time live imaging of biological phenomena. To study the coordination of morphogenesis through live-imaging and genetic screens, we use the fruit fly, *Drosophila melanogaster*, as our primary research model, in order to take advantage of its utility in developmental studies and wealth of genetic data. Our research primarily focuses on the morphogenetic processes involved in cellular migration and cell death, such as the looping morphogenesis of fly male terminalia and the abdominal epidermis rearrangement, in order to understand the principles for morphogenetic dynamics.

キーワード /

細胞骨格、メカノセンシング、ストレス応答

分子細胞生物学分野



教授
大橋 一正
Kazumasa Ohashi



准教授
安元 研一
Kenichi Yasumoto

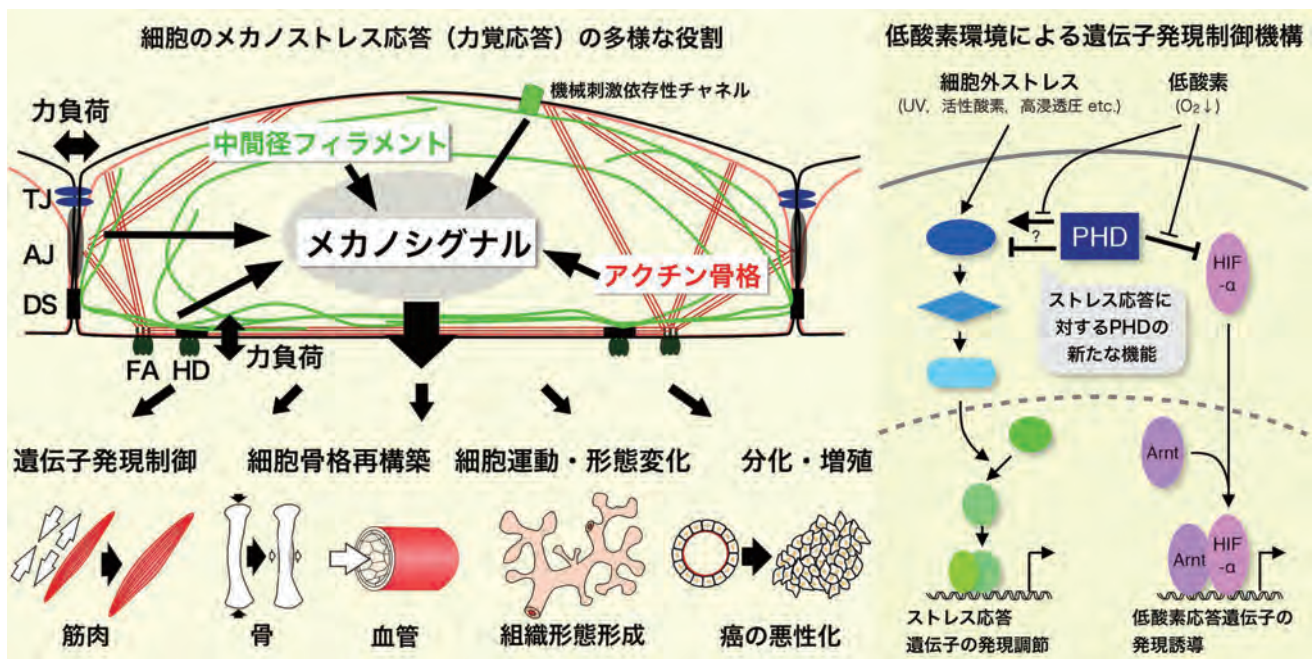
細胞の力覚応答による細胞骨格再構築とストレス応答の分子機構の解明

本研究室では、細胞の機械的な力負荷（メカノストレス）と低酸素に対する応答の分子機構について研究しています。筋肉や骨は力の負荷に対応するように構造が変化し、血管は、血流などの機械的刺激に反応して血圧の調節などの恒常性の維持に寄与しています。また、組織形態形成時の細胞集団の秩序ある振る舞いにおいても力の作用が重要な働きを持っています。また、細胞のエネルギー供給に関わるストレス応答は、細胞の生死を左右する重要なシステムです。

メカノストレス応答の研究では、細胞が機械的力をセンシングし、その力に応じた細胞骨格の再構築を行う分子機構の解明を行って

います。特に、アクチン骨格の再構築を制御する鍵となる分子である低分子量G蛋白質 Rho ファミリーのメカノストレスによる時空間的な活性化の制御について研究を行っています。

低酸素ストレスに適応するための遺伝子誘導機構においてプロリン水酸化酵素 PHD は低酸素誘導因子 HIF の活性を調節しており、細胞内の酸素センサーとして機能しています。我々は PHD が HIF とは異なるストレス応答経路を制御することを見出し、その分子機構を解析しています。



Molecular mechanisms responding to mechanical stress and energy stress

We are investigating the molecular mechanisms involved in the body's response to environmental stresses, including mechanical forces and energy stresses. It is well known that muscles and bones are properly maintained by exercise and other forces, and that blood vessels physiologically respond to shear stresses caused by blood flow. Furthermore, mechanical responses in epithelial cells are also involved in morphogenesis of epithelial tissues. Molecular mechanisms of cellular response to energy stresses, such as hypoxia and limitation of glucose, are important in the control of apoptosis.

In our study of mechanical responses, we are examining molecular mechanisms of the actin cytoskeleton and intermediate filament

reorganization following application of mechanical stresses. In particular, we focus on the spatio-temporal regulation activities of Rho small G proteins in the intermediate filaments.

Under hypoxic conditions, a large number of genes are induced by hypoxia inducible factors (HIFs) to facilitate adaptations to the low-oxygen environment. Prolyl hydroxylase domain-containing proteins (PHDs) regulate the amount of the HIFs in response to oxygen levels. Therefore, PHDs act as an oxygen sensor. Our recent research has identified novel roles of PHDs in the intracellular signaling pathway of stress responses. We focus on the crosstalk between hypoxia response and other signaling pathways.

情報伝達分子解析分野

キーワード /
細胞骨格、メカノセンシング、一次繊毛



教授
水野 健作
Kensaku Mizuno



助教
永井 友朗
Tomoaki Nagai

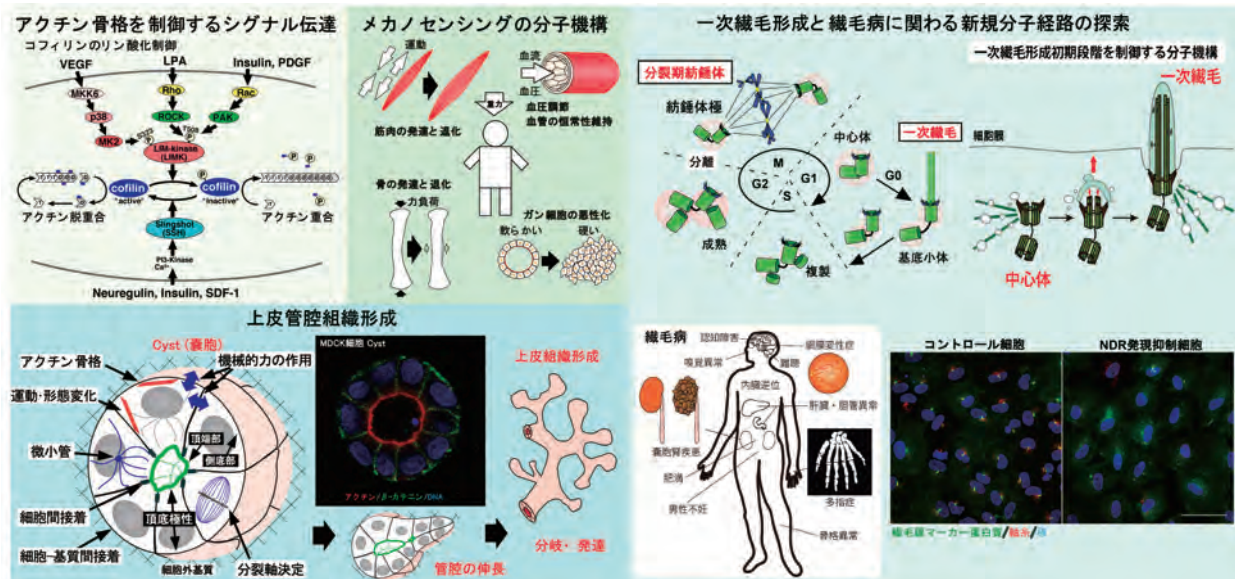
細胞骨格再構築、メカノセンシング、一次繊毛形成を制御するシグナル伝達機構

細胞骨格の再構築は、細胞運動、形態変化、増殖、分化など細胞の多様な活動を支える基本的な役割を担っており、癌化、免疫応答、器官形成、神経回路形成など高次生命現象にも深く関与している。本分野では、アクチン繊維など細胞骨格を制御するシグナル伝達機構の解明を基盤として、メカノセンシング、組織形態形成、一次繊毛形成などの分子機構の解明と、関連する疾患の理解に向けた研究を進めている。

<細胞のメカノセンシングの分子機構とその機能解析>細胞が張力などの機械的シグナルを受容し、応答する分子機構を解明し、細胞

の集団移動、自己組織化、上皮管腔組織形成や再生、癌化における役割を解明することを目指している。

<増殖抑制シグナル依存的な一次繊毛の形成機構>一次繊毛は、細胞増殖の停止に伴って形成され、細胞外シグナルを受容するセンサーとして機能するとともに、細胞の増殖や分化を制御している。その形成不全は網膜変性症・嚢胞腎など繊毛病と総称される疾患や癌の原因となる。本分野では、細胞の増殖抑制シグナル依存的な一次繊毛形成の分子機構及び繊毛形成不全による繊毛病や癌の発症機構の解明を目指している。



細胞骨格を制御するシグナル伝達機構を基盤として、細胞のメカノセンシング、組織形態形成、一次繊毛形成、疾患の分子機構を解明する

Signal transduction of actin remodeling, mechanosensing, and cilium formation

Reorganization of actin filaments and microtubules plays a fundamental role in cell migration, morphogenesis, proliferation, and differentiation, and is crucially involved in organogenesis, tumorigenesis, immune responses, and neural network formation. Based on our previous research on the signaling mechanisms involved in reorganization of actin filaments and microtubules, we are investigating the molecular mechanisms of mechanical signal transduction and primary cilium formation.

1) Studies on the mechanisms of mechanical signal transduction: We are investigating the mechanisms by which cells sense mechanical forces and transmit them to intracellular signal transduction systems (e.g. Rho activation) that lead to actin cytoskeletal remodeling. We are also studying the roles of

mechanical signal transduction in dynamic ordering in collective cell migration, epithelial tissue remodeling, tubule formation, and tumorigenesis.

2) Studies on the mechanisms of primary cilium formation: Primary cilia are microtubule-based, antenna-like sensory organelles that are essential for tissue development and homeostasis. Defects in ciliogenesis cause diverse genetic disorders, collectively called ciliopathies. Primary cilia are typically formed at the quiescent phase of the cell cycle. We are investigating the mechanisms of primary cilium formation, in particular, the signaling mechanisms of growth-arrest-signal-induced primary cilium formation, and the pathogenic mechanisms of ciliopathies.

キーワード /

植物のかたちづくり、メリステム、細胞の極性とパターン形成

分子発生制御分野



教授
経塚 淳子
Junko Kyoizuka



助教
橋本 悟史
Satoshi Naramoto

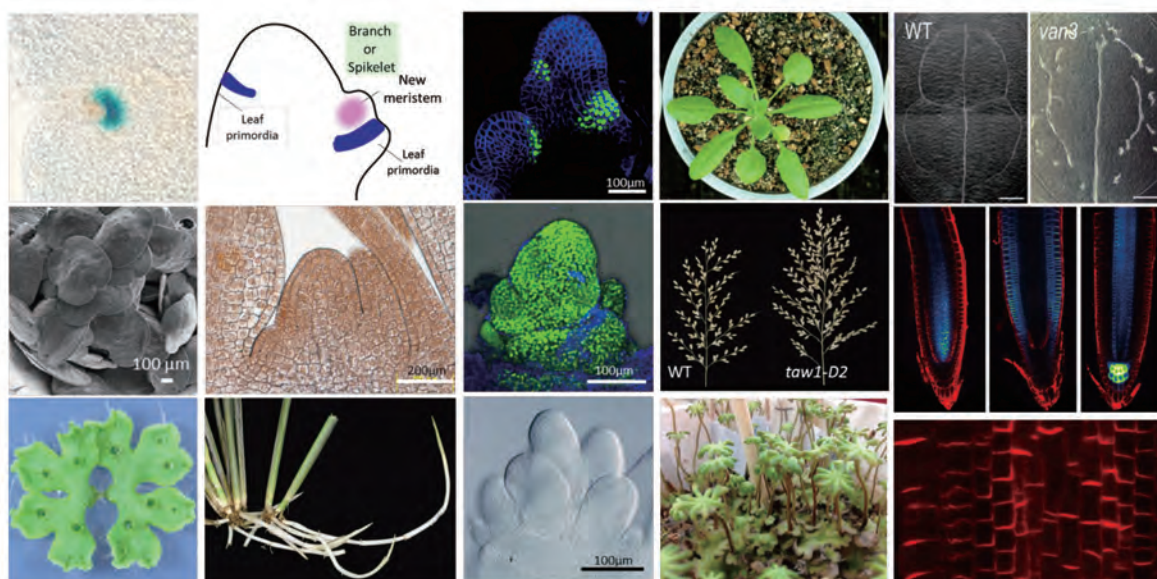
環境に適応した植物の形づくりのしくみを分子レベルで理解する

植物は、個体の成長や環境に合わせて成長プログラムを柔軟に切り替えながら、生涯にわたり形づくりを続けます。植物の形づくりのもとになるのはメリステムとよばれる植物の幹細胞であり、成長プログラムにしたがった器官形成が進行する場です。

分子発生制御分野では、成長プログラムの進行やその切り替えタイミングの制御を分子レベルで研究しています。特に、メリステムの性質が無限に成長できる段階から限られた成長へと切り替わるタイミングが形づくりに重要であると捉え、この切り替えを制御する遺伝子の解析を進めてきました。その結果、メリステムと器官の境界領

域が植物の成長プログラムにおいて重要であることがわかってきました。また、植物ホルモンによる細胞の極性とパターン形成の関係についても研究を進めています。

今後は、イネ・シロイヌナズナを用いてこれまでに明らかにしてきた遺伝子や成長プロセスの理解を深めるとともに、ゼニゴケを用い、その進化に迫りたいと考えています。また、植物が内外の環境情報を適切に処理し、それを成長プログラムに反映し、成長を統御するしくみを明らかにしたいと考えています。



フォトギャラリー（左から列ごとに）：ゼニゴケ。イネ（中央がメリステム）。遺伝子発現の可視化。研究に用いる植物。タンパク質の細胞内局在。

Understanding the molecular basis of plant architecture

The basic strategy of plant development is different from that of animals. Plants start their life from a simple structure and continue morphogenesis throughout their lifetime. The key to this lifecycle is the activity of stem cells in the meristem.

In principle, the meristem has an indeterminate activity and continues to produce next order meristems to establish an elaborate structure. However, each meristem eventually proceeds to a final determinate fate, the floral meristem, and becomes a flower for reproduction. Thus, the timing of the change from indeterminate to determinate phase is critical for plant architecture, in particular,

inflorescence structure, and for successful reproduction. The aim of our research is to understand the molecular basis of the regulation of timing of the meristem phase change.

We used the development of rice inflorescence as a model system and identified several genes that play critical roles in this process. Currently, we are making progress towards fully understanding the molecular and genetic roles of these critical regulators. We also use a bryophyte (*Marchantia polymorpha*) to reveal possible ancestral roles of the regulators and *Arabidopsis* to understand the diversification of their developmental functions.

生体機能分子設計分野

キーワード /

タンパク質品質管理、金属イオン恒常性維持、X線結晶構造解析



教授
稲葉 謙次
Kenji Inaba



准教授
門倉 広
Hiroshi Kadokura

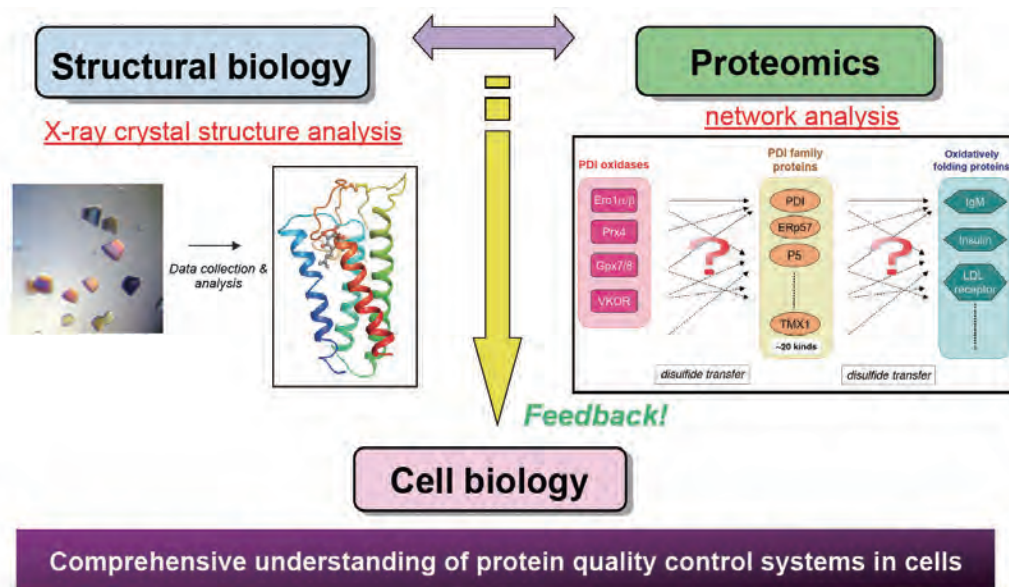


助教
渡部 聡
Satoshi Watanabe

細胞のタンパク質品質管理の仕組みを分子構造レベルで解き明かす

細胞内には、タンパク質の品質を管理するための巧妙な仕組みが備わっています。この仕組みにおいて、二つのシステインが酸化されることにより形成されるジスルフィド結合やカルシウムや亜鉛などの金属イオンの結合が非常に重要な役割を担うことが分かってきました。本研究室では、細胞が備えるレドックス恒常性および金属イオン恒常性維持のための仕組みについて、構造生物学・生化学・プロテオミ

クス・細胞生物学的手法を駆使し、徹底的に解明することを目指します。本研究課題を遂行することにより、細胞内で蓄積するミスfoldタンパク質が引き起こす種々の病態の分子レベルでの成因解明にもつながると期待されます。



細胞におけるタンパク質品質管理の仕組みを解明するためのアプローチ

Structural and mechanistic basis of cellular systems for protein quality control

Cells have evolved elaborate internal mechanisms for controlling the quality of proteins. It has recently been found that disulfide bond formation and metal ion binding play essential roles in these mechanisms. The Laboratory of Design of Biomolecular Function aims to utilize all the techniques of structural biology, biochemistry, proteomics, and cell biology to thoroughly investigate the systems

that promote proper folding of newly synthesized proteins and maintain the homeostasis of metal ions including calcium and zinc ions. It is expected that the achievement of this research will help elucidate molecular level mechanisms of various diseases caused by misfolded proteins accumulating in cells.

キーワード /

タンパク質の折り畳み、デザイン、発癌制御タンパク質 p53

生体機能分子解析分野



教授
高橋 聡
Satoshi Takahashi



助教
鎌形 清人
Kiyoto Kamagata



助教
小井川 浩之
Hiroyuki Oikawa

タンパク質の折り畳みや機能を解明し、さらに新規デザイン法の開発を目指します

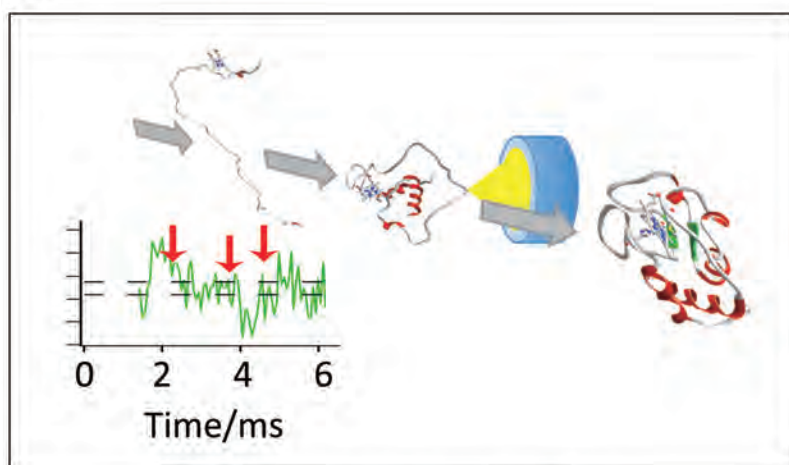
タンパク質は特定の形に折り畳むことで、さまざまな機能を果たします。タンパク質が折り畳む特性を理解することで、タンパク質の構造予測や設計などの応用が広がると予想されます。さらに、タンパク質がある形に折り畳む特性は、タンパク質合成、輸送、分解などの細胞内現象に深く関与します。

当研究分野では、独自の単分子蛍光観察法を開発し、タンパク質の形が変化した状態からどのように作られるのかを調べる研究を展開しています。特に、10マイクロ秒の時間分解能でタンパク質一分

子の運動を追跡する手法により、ユビキチンなどの小さいタンパク質が自発的に形状を作る過程の追跡や、分子シャペロンに助けられながらタンパク質が形を作る運動の解析を行っています。また、一分子が発する蛍光信号を基に分子を選り分ける装置を開発し、ファージディスプレイ法に応用することを目指しています。

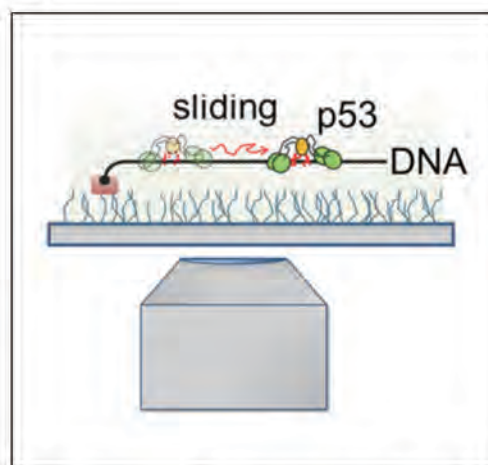
さらに、発ガン制御タンパク質であるp53が、DNAの上をスライドしながら標的配列に結合する過程を観察し、p53の機能を解明する研究も展開しています。

(a)



Folding dynamics of proteins

(b)



Functional dynamics of p53

タンパク質のフォールディングダイナミクス (a) と p53 の機能発現ダイナミクスの一分子観察実験

Dynamics of protein folding and functions, and a new strategy to design proteins

Proteins perform various functions after folding to their specific structures. Understanding of the principles of protein folding and function is expected to lead to a way of controlling protein functions, and to new strategies of designing proteins. In addition, the folding of proteins is closely related to cellular processes, such as protein biosynthesis, transport, and decomposition.

In our laboratory, we develop unique optical and spectroscopic methods of detecting fluorescence signals from single proteins, and investigate the dynamics of protein folding and functions. We constructed the single-molecule detection system that can follow fluorescence signals with time resolution of 10 μ s, and investigated

the autonomous folding dynamics of small proteins (e.g., ubiquitin), and the assisted folding dynamics of larger proteins (e.g., blue fluorescence protein), in the presence of molecular chaperon. In addition, we constructed the single-molecule sorting system that can select single molecules based on its fluorescence intensity, and are developing a protocol that can choose phages presenting proteins with proper fluorescence signals.

We developed a fluorescence microscopy that can visualize the sliding dynamics of a tumor suppressor, p53, along DNA, and are dissecting the functional dynamics of the important protein.

生体機能分子制御分野

キーワード /

ケミカルバイオロジー、バイオイメーjing、光機能性分子



教授

水上 進
Shin Mizukami

准教授

松井 敏高
Toshitaka Matsui

助教

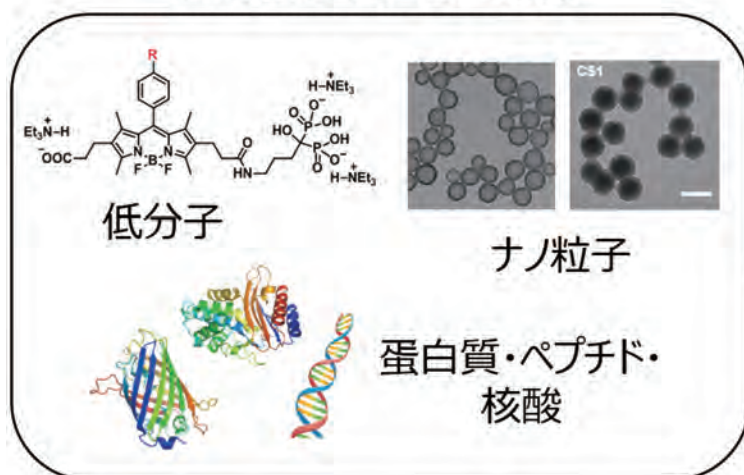
小和田 俊行
Toshiyuki Kowada

機能性分子を合理的に設計し、生体機能の観察・制御に応用する

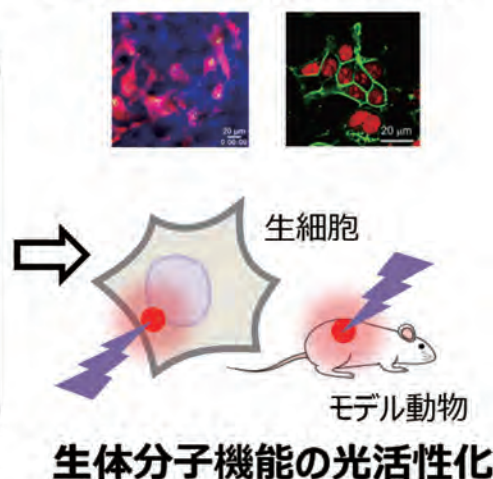
生体内では多くの細胞や分子が相互作用しながら、多様な機能を発現しています。単一細胞レベルでも、蛋白質・核酸・糖などの様々な分子が相互作用しています。それらの生体分子について正確に理解するには、それらの挙動や機能を他の生体分子との相互作用が保たれた状態、すなわち生きた状態で観察することが重要です。当分野では、有機化学・高分子化学・蛋白質化学等の技術に基づいて新たな機能性分子を設計・合成し、光を使った生体分子の可視化技術や機能制御技術を開発します。具体的には、酵素活性や細胞内シグ

ナル伝達などの生体機能を選択的に検出する蛍光プローブや、また光照射によって結合の切断や構造変化を引き起こすケージド化合物・フォトクロミック化合物を用いた酵素や受容体の活性制御技術の開発などを行います。これらの機能性分子を蛍光顕微鏡観察と組み合わせることにより、生きた状態における生体分子の機能や疾患機構の本質に迫りたいと考えています。このような化学に基づく生物学研究はケミカルバイオロジーと呼ばれ、目的に合わせた機能を持つオリジナル分子を独自に設計できるところが特長です。

機能性分子／材料設計



生体分子・機能の可視化



生体機能分子制御分野の研究概要図：化学に基づく機能性分子設計と医学・生物学への応用

Development of functional molecules to image and regulate biomolecules in living samples

In a living body, various cell types interact with many other molecules. In a single cell, various molecules such as proteins, nucleic acids, and sugars function by interacting with each other. To understand the precise biological functions occurring within a cell, it is important to investigate the activities or behaviors of these target molecules in living systems, where all of these interactions with other biomolecules are maintained. Using organic chemistry, macromolecular chemistry, and biochemistry, we design and synthesize functional molecules, apply them to image behaviors or activities of target biomolecules, and then regulate the functions of

these targets by utilizing light. For example, we develop fluorescent probes that detect specific biological activities such as enzyme activity. We also develop technology that uses photoregulation with caged or photochromic compounds to control enzyme or receptor functions. By combining these functional compounds with fluorescence microscopy, we aim to clarify essential mechanisms in life and diseases. This chemistry-based biological research is called chemical biology, and one of the exciting features of this research is that we can tailor functional molecules to a specific purpose.



生命機能科学専攻

Department of Developmental Biology and Neurosciences

細胞の各種機能が制御されつつ発揮される機構を解明し、高次生命システムとしての多様な多細胞体が形成される機構を研究する。さらに高次生命体に発達した情報の統合的処理を実現する脳の機能や、その形成機構を解明する。

We are studying the mechanisms how each multicellular organ or life of different type, in its shape or in its way of life, is developed from a single cell. We also focus on the subjects that how the brain is developed and how the higher function of the brain is realized in the higher animals.

<http://www.lifesci.tohoku.ac.jp/en/research/>

膜輸送機構解析分野

キーワード /

細胞生物学、メンブレントラフィック、低分子量 G タンパク質 Rab



教授

福田 光則

Mitsunori Fukuda



助教

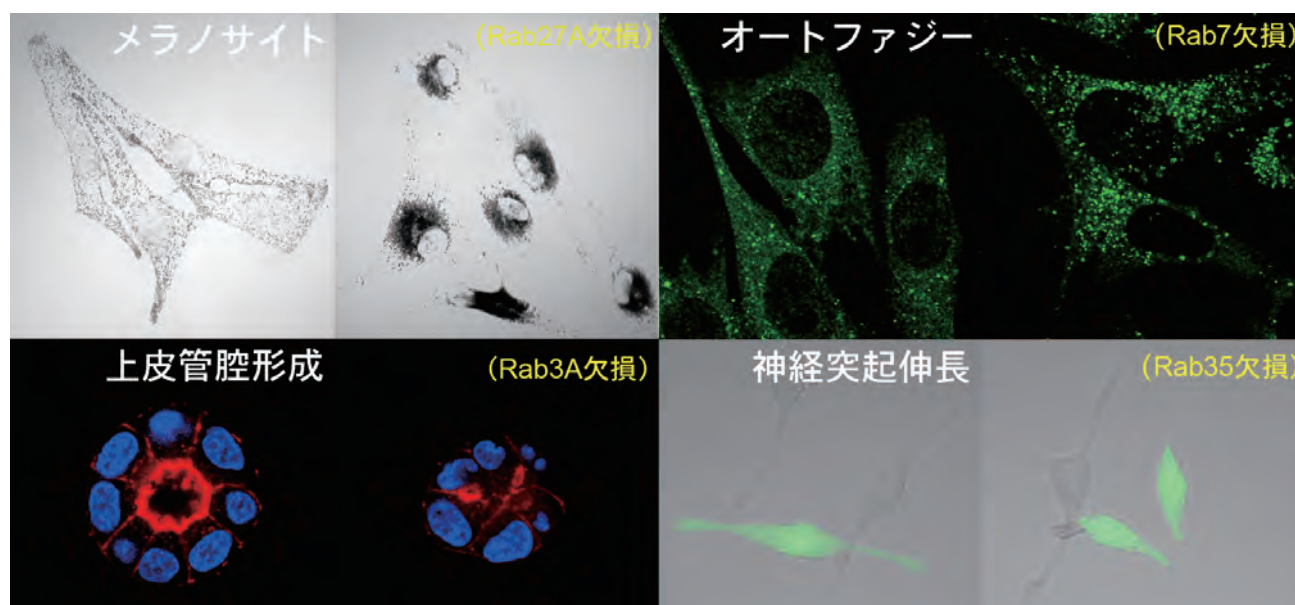
藤田 尚信

Naonobu Fujita

「メンブレントラフィック」の分子機構の解明から高次生命現象を理解する！

私達多細胞生物体の基本単位である細胞は、さらに様々な膜で包まれたオルガネラ(細胞内小器官)により構成されています。これらのオルガネラは独自の機能を持ちますが決して独立した存在ではなく、小胞や膜の輸送(いわゆる『メンブレントラフィック(膜輸送)』)を介して頻繁に情報交換を行っています。適切な膜交通が損なわれるとヒトは様々な病気を発症することから、膜輸送の分子メカニズムの解明は生物学・医学における重要な研究課題の一つです。膜輸送を円滑に行うためには「交通整理人」の存在が重要で、私達の研究

分野ではこの交通整理人役のタンパク質を同定し、その役割を明らかにすることにより、膜輸送の分子メカニズムの解明に取り組んでいます。具体的には、メンブレントラフィックの普遍的制御因子として知られる低分子量 G タンパク質 Rab に着目し、分子生物学、細胞生物学、生化学、分子イメージングなどの技術を駆使することにより、膜輸送の分子メカニズムを解明し、様々な高次生命現象(メラニン輸送による肌や毛髪の暗色化、神経突起伸長による神経ネットワークの形成など)を理解することを目指しています。



低分子量 G タンパク質 Rab が制御する多彩な生命現象(メラニン輸送、神経突起伸長、上皮細胞の極性形成、オートファジーなど)

Membrane traffic: from molecular mechanisms to high order functions

Cells, the building blocks of all multi-cellular organisms, contain a variety of membranous compartments (i.e., organelles). Although they have unique functions, organelles do not function independently, and frequently exchange information via "membrane trafficking," in which membrane-wrapped substances are transported between organelles. Since a variety of human diseases are often caused by a loss of proper membrane trafficking, understanding the molecular mechanisms of membrane trafficking is one of the most important research themes in biology and medical science. For membrane trafficking to occur smoothly, "traffic controllers" must be present within the cells. In our laboratory, we

investigate the role of Rab GTPases, one of the most important traffic controllers conserved in all eukaryotes, in membrane trafficking. We attempt to uncover the molecular mechanisms of membrane trafficking underlying various life phenomena (e.g., melanin transport in skin and hair pigmentation, neurite outgrowth in neural network formation, epithelial polarity formation, and autophagy) by using molecular biology, cellular biology, biochemistry, and molecular imaging techniques. Shedding light on their role will lead to an understanding of the molecular mechanisms of membrane trafficking in high order functions.

キーワード /

発達、社会相互作用、可塑性

脳機能発達分野



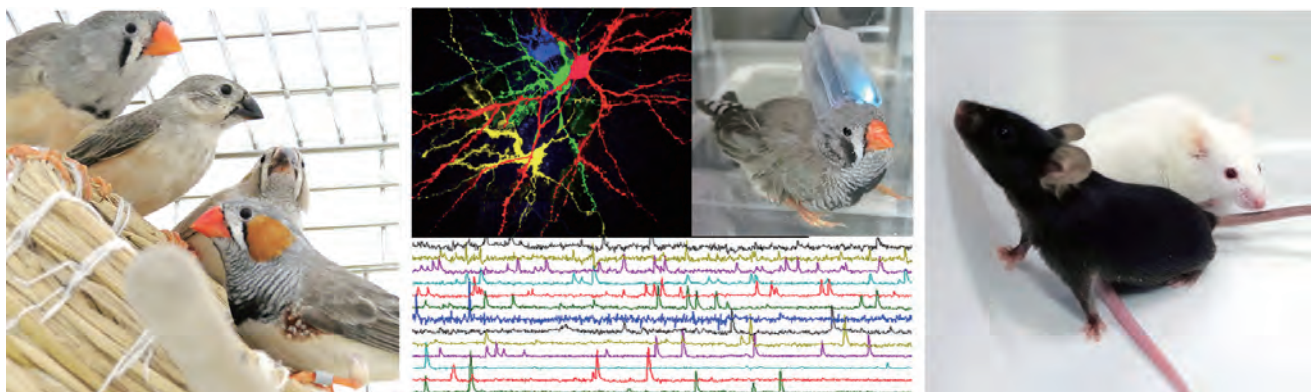
教授

安部 健太郎
Kentaro Abe

脳が変わる機構を明らかにし、その制御を目指す

人は社会や環境からの影響を受け成長し、また、常に変容し続けるものです。実際、我々動物の脳神経系は、ゲノム情報などの内因性の情報のみならず、生活環境や親・社会との相互作用などの外因性の情報も受けて形作られます。また、成体になっても、神経ネットワーク構造やその生理学的な機能が随時変化することが分かってきました。本分野では、鳴禽類が個体間音声コミュニケーション能力を生後発達させる機構や、げっ歯類における認知学習機構、病態時における脳機能の障害機構、培養細胞における遺伝子発現制御機構など

を現在、研究対象としています。研究手法としては、分子生物学的技術、細胞生物学、光遺伝学、脳内イメージング、動物行動解析技術を使用し、これらの技術を統合的に用いることで、脳が“変わる”機構を明らかにすることを研究の目的とします。将来的には、脳機能の根源的理解を深めるとともに、脳機能疾患に対する予防法・治療法の開発や、学習や健全な発育を促進するよりよい教育システムの確立を目指します。



左：キンカチョウの家族。中：脳内の神経細胞写真と脳内ライブイメージングによる社会相互作用中の神経活動記録。右：マウス

Understanding how our brain develops and changes.

Humans grow up under the influence of their environment and society and, even into adulthood, we are continuously changing in response to new information. Indeed, the nervous system of an animal is formed not only by intrinsic factors such as genomic information, but also by extrinsic factors such as environment, society, or parenting. It is now becoming clear that the structure and function of the brain's neural network plastically changes not only during development but also in adults. Our laboratory studies the mechanisms behind brain development and changes by examining the following systems: songbird vocal communication, rodent learning abilities, brain impairment under pathophysiological conditions, and gene transcription regulation in vivo. We use

experimental methods in the fields of molecular biology, cell biology, along with brain imaging and optogenetics to conduct behavioral analyses. We hope that our research will contribute to a better understanding of the basal mechanism of brain function and will serve as a foundation for the development of remedies for brain disorders. We also will strive to establish an optimal education system to improve the learning efficiency or to promote healthy growth and development of animals.

植物細胞壁機能分野

キーワード /

植物の発生メカニズムと生理機能、細胞壁の構築と情報処理、遺伝子発現と蛋白質機能



教授

西谷 和彦

Kazuhiko Nishitani



講師

横山 隆亮

Ryusuke Yokoyama



助教

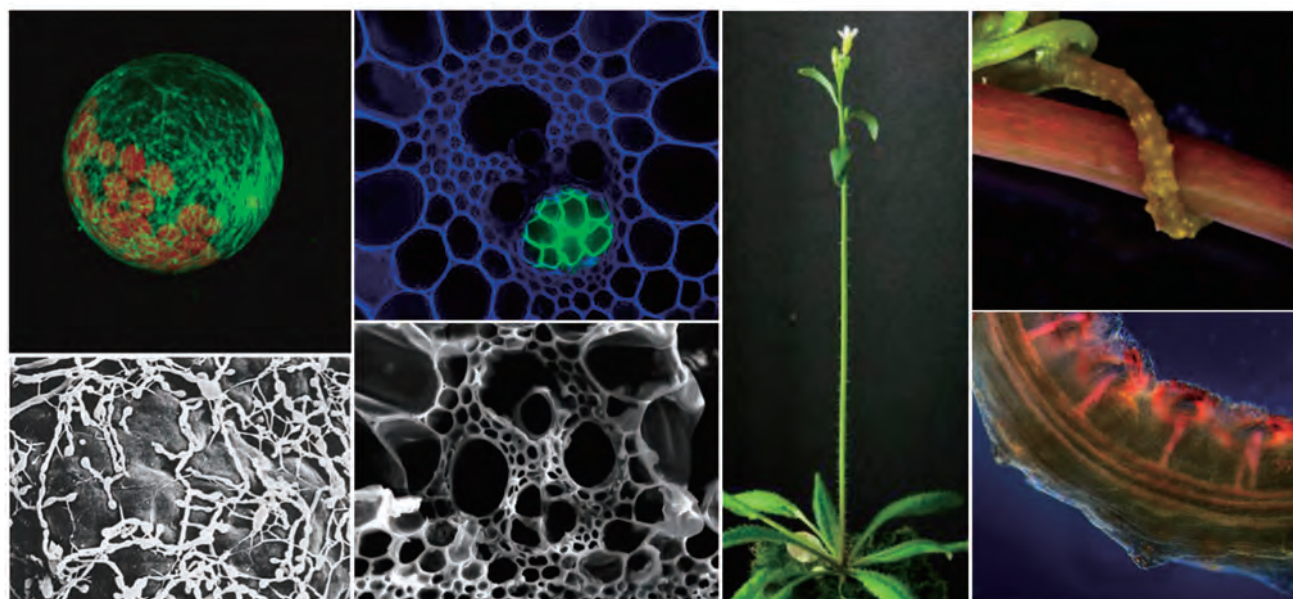
黒羽 剛

Takeshi Kuroha

植物の発生メカニズムと生存戦略を細胞壁の構築と情報処理という視点から解明する

植物細胞壁は植物の発生や成長の制御だけでなく、免疫応答や共生・寄生などの生物間相互作用、物理環境への応答など、陸上植物の生活環のさまざまな局面で必須の役割を果たしている。その構築や再編、機能発現には数千種の遺伝子とその産物が関与し、これらは、細胞壁関連遺伝子と呼ばれる。この中には我々が見いだしたエンド型キシログルカン転移酵素/加水分解酵素(XTH)遺伝子ファミリーも含まれる。我々の分野では、これら数千種の細胞壁関連遺伝子群を視野に入れ、オミックスの手法や遺伝学、生化学、細胞の

イメージングなどの手法を活用し、以下の研究を進めている。(1) XTHによるセルロース/キシログルカン網状構造のリモデリングの分子解剖(2) プロトプラストを用いた細胞壁新生の分子解剖(3) 茎寄生植物であるネナシカズラの寄生の分子機構と進化(4) 倍数性による細胞伸長促進における細胞壁の役割の解明(5) ウキイネの水中での速い細胞成長の誘導やイネの倒伏性などに関与する細胞壁関連の遺伝子の同定(6) ゼニゴケの細胞壁関連遺伝子の逆遺伝学的解析



左4パネル：植物のプロトプラストや組織の細胞壁をさまざまな方法で可視化したもの。中央パネル：シロイヌナズナ。右2パネル：ネナシカズラの寄生行動と寄生組織。

Cell walls: role in plant structure, development, and environmental response

Our research focuses on plant cell walls, which play crucial roles in responses to biotic and abiotic environmental signals (e.g., plant immune response, symbiotic and parasitic interactions with other organisms), as well as various aspects of plant growth and development. In terrestrial plants, several thousands of genes are involved in the construction, remodeling, and functioning of cell walls. These "cell wall related genes" include the xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (XTH) family of genes. We currently use a combination of techniques and tools (genomic and proteomic techniques, cellular imaging, carbohydrate biochemistry, and enzymology techniques) and a range of model species (*Arabidopsis*, rice, *Cuscuta*, and *Marchantia*), to identify and characterize genes and proteins that are responsible for individual processes in the

function of the cell wall. Current projects include: 1) Genetic and biochemical dissection of the role of XTH in the construction and remodeling of the cellulose/xyloglucan network in the primary cell wall of *Arabidopsis*; 2) Imaging approach to understanding cell wall regeneration in protoplasts derived from *Arabidopsis* and rice; 3) A genomic and transcriptomic approach to understanding the molecular mechanism and evolution of stem parasitism of *Cuscuta campestris*, a dodder plant; 4) Genetic approach to understanding the mechanism of cell expansion, as stimulated by high ploidy; Genetic approach to understanding the cell wall response to abiotic stresses; and 6) Reverse genetics of *Marchantia* cell-wall related genes.

キーワード /

個体発生における細胞動態制御、微小管動態、進化細胞生物学

発生ダイナミクス分野



教授
杉本 亜砂子
Asako Sugimoto



助教
久保田 幸彦
Yukihiro Kubota

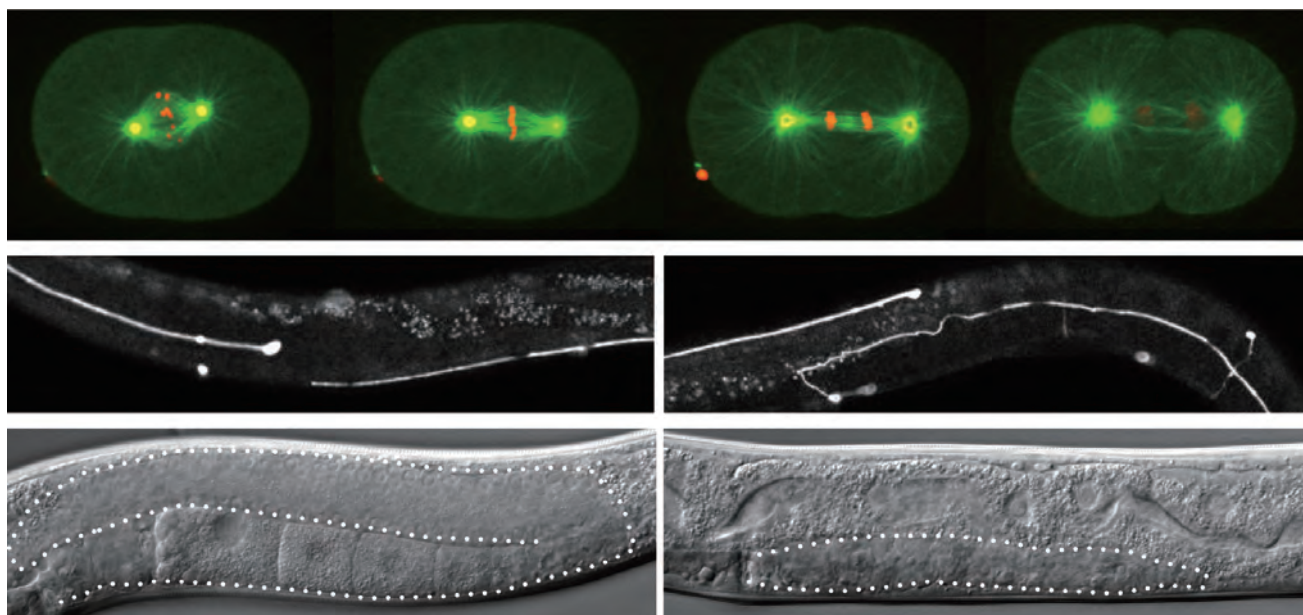


助教(兼)
丹羽 伸介
Shinsuke Niwa

発生過程における細胞動態の遺伝的制御メカニズム

細胞は分裂・変形・移動を繰り返しながら、それぞれのゲノムに書き込まれたプログラムにしたがって、生物個体の複雑なかたちを作り上げていきます。私たちは、このような細胞動態の制御メカニズムについて、線虫 *C. elegans* をモデル系として、遺伝子操作やライブイメージング技術を統合的に用いて解析しています。とくに、細胞骨格の一種である微小管の多彩な機能に着目し、細胞分裂や感覚神経の形態形成における微小管の役割とその時空間的制御メカニズム

の解明を進めています。また、生殖腺や腸管などの器官の形状・サイズの決定メカニズムや、生殖細胞形成過程など、個体発生における細胞集団の秩序だった変化が遺伝子レベルでどのように制御されているのかを明らかにしようとしています。さらに、*C. elegans* とその近縁種を用いて、ゲノムの変化が細胞動態にどのような影響をおよぼすのかを解明する『進化細胞生物学』という新たな分野の構築をめざしています。



上段：線虫受精卵の細胞分裂。中段：野生型(左)と微小管修飾因子変異体(右)の神経細胞軸索。下段：野生型(左)と生殖腺形態異常変異体(右)

Genetic regulation of cellular behaviors during animal development

During animal development, cells divide, change their shapes, and migrate to form a complex body structure. To study these dynamic cellular behaviors, we use the nematode, *Caenorhabditis elegans* as a model system. Using gene manipulation and live imaging techniques, we aim to understand how cellular dynamics are regulated genetically and molecularly. We currently focus on multiple microtubule functions, and analyze their temporal and spatial regulation during cell division and morphogenesis of sensory

neurons. Another topic of interest is how the shape and size of cells that comprise specific organs (e.g., gonads and intestine) are regulated coordinately during development. Finally, to understand how changes of the genome sequence lead to evolution of cellular dynamics, we aim to establish a new research field called "evolutionary cell biology", using *C. elegans* and other closely related nematodes.

器官形成分野

キーワード /

器官発生、器官再生、形態多様性形成



教授
田村 宏治
Koji Tamura



助教
阿部 玄武
Gembu Abe



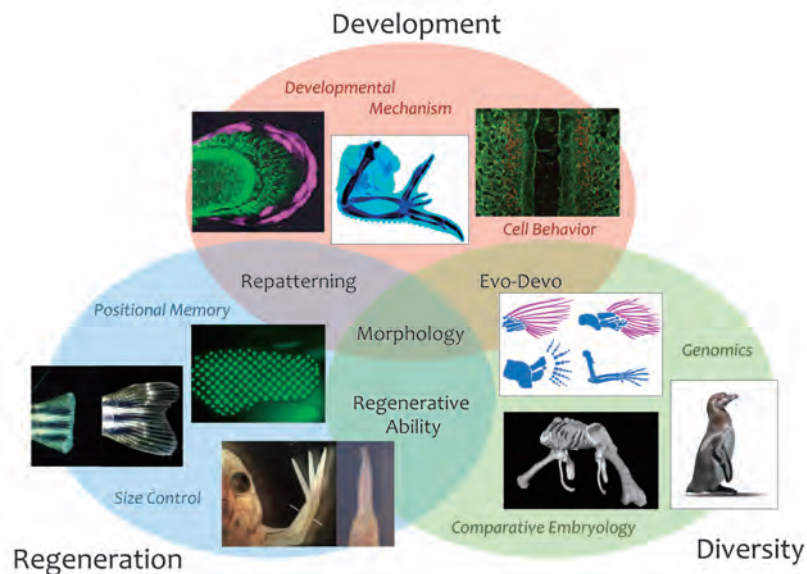
助教(兼)
齋藤 大介
Daisuke Saito

脊椎動物における形づくりの発生メカニズム

全ての生物には形があります。動物の場合、その形態の多くは発生過程で作られます。頭や四肢、尾といった外部形態や、脳や心臓、肝臓などの内部構造の形態も、すべて発生過程において胚(発生中の個体)に内在するプログラムによって作られるのです。遺伝情報として細胞が持つそのプログラムは、細胞の増殖や死、細胞分化や移動、そして組織化を制御し、細胞から作られる骨、筋肉、血管などの組織はさらに有機的に組み合わせ、高次構造である器官に適切な機能を与える形態を作り出します。私たちは脊椎動物の運動器官と生殖器官をモデルとして、発生プログラムがどうやって細胞の挙動を制御

し、複雑な形態を持った器官を作り出すのかを中心テーマとして、さまざまなアプローチの研究を行っています。

動物は種によってさまざまな形態を持っていますが、その多様性は発生プログラムの変形によって生み出されます。魚類・両生類・爬虫類・鳥類・哺乳類の動物を飼育し胚を取り、その発生プログラムを比較することで動物形態の多様性を生み出す発生プログラムの変形(遺伝子発現の変化や細胞の挙動の変化)を調べることも私たちのアプローチのひとつです。



Our research interest (Organ morphogenesis; organ development, diversity and regeneration)

Developmental mechanism of organ morphogenesis in vertebrates

Organ morphology is established during embryogenesis by the developmental mechanism that is controlled by the genetic program encoded in the genome. The mechanism causes cells to proliferate, die, differentiate, and make tissue, giving rise to organs that have functional morphology. Using vertebrate appendages (limbs/fins) and reproductive organs as our model systems, we investigate the developmental mechanisms that are responsible for organ morphogenesis.

Species-specific organ morphology (e.g., the number of digits in tetrapod limbs) is established by modification of the genetic program, and the resultant developmental mechanism, during evolution. To better understand the developmental aspects of the evolution of morphology, we use a variety of vertebrate embryos (e.g., zebrafish, Xenopus, newt, gecko, mouse, chicken, quail, and penguin) to investigate how animals modify the developmental mechanism for morphological traits.

キーワード /

行動遺伝子、本能回路、脳の種分化機構

脳機能遺伝分野



教授
山元 大輔
Daisuke Yamamoto



准教授
小金澤 雅之
Masayuki Koganesawa



助教
佐藤 耕世
Kosei Sato

動物の不思議な行動の謎を遺伝子と脳から解き明かす

キイロショウジョウバエのサトリ突然変異体は、フルートレスという名の遺伝子が働かなくなった結果、雄同士が求愛するものです。この遺伝子は脳の約2千個の細胞で働いていて、これらの数や形を雌雄で違ったものに作り上げます。変異体では雄の細胞が雌様に変化します。その分子機構の解明を目指しています。フルートレス遺伝子の働いている2千個の細胞のうち、特定のわずか数個を人工的に興奮させると、それだけで求愛が引き起こされます。そうした細胞をすべて特定し、求愛のための神経ネットワークの全貌を解明します。

また、別種では回路のどこがどう違っているのかを突き止める研究を行います。ショウジョウバエの求愛は純然たる本能と見なされていますが、私たちの最近の研究は、遺伝と環境の両者が影響しあってこの行動を作り上げることを示しています。サトリ変異体の雄をおとなになってすぐ隔離して育てると、同性への求愛が劇的に抑制されるのです。求愛の意志決定をするニューロンの興奮性が社会生活によって変化することがその背景にあることを既に把握しており、その詳細な仕組みの解明を現在進めています。

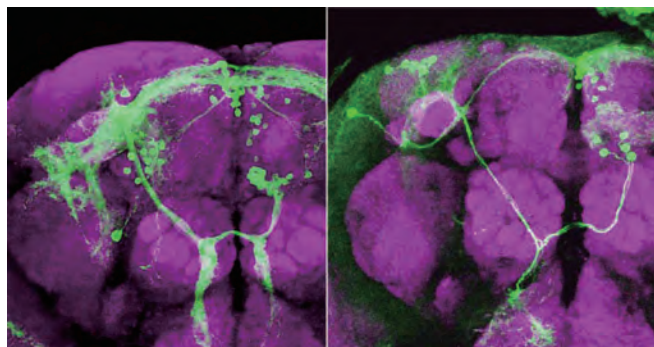


図1: キイロショウジョウバエのサトリ突然変異体の雄同士が求愛して輪になったところ。
図2: サトリ変異の原因遺伝子が作り出す神経細胞 (mAL と呼ばれる介在ニューロン群) の性差 (左が雄、右が雌)。

How do the genes and circuits shape animal behavior and how do they evolve?

This laboratory is devoted to the study of the molecular and cellular basis of innate behavior. Our favorite organism to study is the fruit fly *Drosophila*, which is highly amenable to genetic analysis. We succeeded in isolating a mutant strain, *satori*, the males of which engage in homosexual courtship. The *satori* mutants harbor a mutation in the gene *fruitless*, which encodes a set of transcription factors that are translated only in the male, not the female, neurons. We discovered that the presence or absence of Fruitless proteins determines the sex-based difference in the structure and survival of *fruitless*-expressing neurons. A specific set of male-specific neurons, once produced, respond to the key stimuli, and initiate male courtship. We are in the process of unraveling the entire circuitry

for courtship. During this process, we have obtained evidence that both genetic predisposition to homosexual preference and social factors are involved in determining male fly sexual orientation; *satori* mutant males kept in isolation show a striking reduction in male-male interactions. Our neural activity recordings have suggested that decision-making neurons in the brain must learn not to perform fruitless courtship attempts, and this process was impaired in the *satori* mutant. We will use optogenetic, electrophysiological, and molecular biological techniques to determine the mechanism by which the neurons are tuned to respond to appropriate courtship targets.

脳機能解析分野

キーワード /

オプトジェネティクス、Ca²⁺ イメージング、遺伝子工学

教授
八尾 寛
Hiromu Yawo

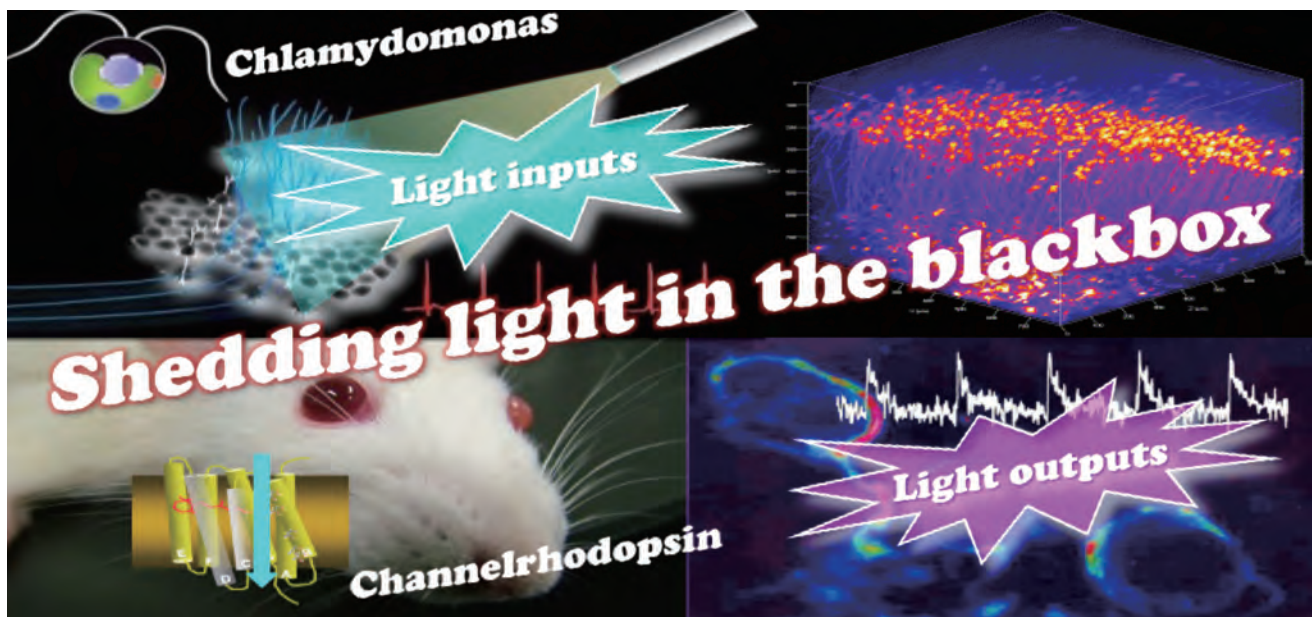


講師
石塚 徹
Toru Ishizuka

光で脳を制御し、光を用いて解明する

脳の働きは多様で複雑ですが、無秩序ではなく、ある基本原理があるに違いありません。本分野では、神経細胞のネットワークが形成され、「環境」や「経験」により変化するメカニズムを分子・細胞・回路のレベルで明らかにすることを目指しています。また、光と遺伝子を組み合わせて脳と情報をやり取りする光遺伝学(オプトジェネティクス)技術を先導しています。たとえば、緑藻類の1種のクラミドモナスの光受容チャネル(チャネルロドプシン)を神経細胞に発現させることにより、神経細胞の活動を光で制御できる技術を世界に先

駆けて開発しました。さらに、チャネルロドプシンの構造-機能関連研究から、新しい光遺伝学ツールを開発しています。遺伝子工学技術、光遺伝学、Ca²⁺ イメージング技術や電気生理学手法を駆使することにより、触覚パターンの脳内表現の解明や発達期ネットワーク形成ルールの分子メカニズムの解明などに取り組んでいます。これら基礎研究の成果を応用することで、光を使って脳と直接情報をやり取りするブレイン・マシン・インターフェース (BMI) 技術が生まれることでしょう。



Shedding light in the black box of neuroscience

The brain comprises many types of neurons that form a complex network. However, it is still unresolved how the network activities are integrated into the function of the brain. Using genetic engineering techniques, we have developed new optical methods that enable one to visualize the network activities, as well as to manipulate activities of individual neurons, in order to reveal how they are integrated in the network. For example, we developed the first technology in the world that is able to control the activity of nerve cells using light by genetically engineering the nerve cells to express channelrhodopsin, an algal photoreceptive molecule from *Chlamydomonas*. We have elucidated the structures that are involved in membrane expression, absorption wavelength, and

channel characteristics, and are currently researching the structure of channelrhodopsin. The neuronal network is dynamically regulated by its environment and by its own activity. We are elucidating the molecular mechanisms underlying nerve cell network changes caused by the environment and experiences during organisms' development and adulthood. Additionally, we aim to elucidate the neural expression of tactile patterns by using transgenic rats that are able to perceive light hitting their skin as a tactile sensation. By applying the results of such fundamental research, we will be able to produce Brain-Machine Interface (BMI) technology, which can communicate information directly to the brain using light.

キーワード /

シナプス伝達、グリア細胞、オプトジェネティクス

超回路脳機能分野



教授
松井 広
Ko Matsui



助教(兼)
常松 友美
Tomomi Tsunematsu

グリア機能を光で操り、こころの源を探す

脳を構成する細胞同士がどのように信号の受け渡しをしているのか、それを詳細に調べて行く先に、心の実態が見えてくると考えています。神経細胞の間では、シナプス伝達という形で、超高速な情報交換が行われています。ところが、脳をよく見てみると、神経とは異なるグリアという細胞があり、グリアのほうが、神経より数も多く容積も大きいのです。最近の私たちの研究から、グリアは神経の活動に細かく反応していることが分かりました。また、光を用いて細胞の活動を制御できる分子をグリアに発現させ、グリアを選択的に光刺激すると、

神経に情報が伝わることを示されました。マウスに麻酔薬を投与すると、神経の活動はほとんど影響を受けないのに、グリアの活動が強力に抑制されるという報告もあります。麻酔によって、選択的に失われるのは何か。意識です。心のもっとも重要な機能のひとつである意識に、グリアは影響しているのかもしれないのです。神経とグリアの間でも信号のやり取りがあり、神経・グリア・代謝回路をまたぐ超回路こそが、脳内情報処理に一層の柔軟性と複雑さを生んでいるという仮説に、私たちは挑戦しています。



個々の脳細胞間を行き交う信号を電気と光で計測し、生きているマウスの細胞活動を光ファイバーで操作する。超回路の信号を通して心の作用を見出す。

In search of the glial correlates of consciousness

Every scientific endeavor begins with observation. However, observation alone can only lead to a realization of correlation. Experimentation is required to understand the observed causal relationships. The brain is a complex multicellular organ. The human "mind" is likely created by communication between brain cells. This notion is derived from studies of correlation between cell activity and animal behavior. Recently, tools were developed that give scientists specific control of cell activity. For example, light-sensitive proteins found in microorganisms, such as channelrhodopsin-2 (ChR2), can now be genetically expressed in mammalian brain cells, which allows experimenters to optically control cell activity at will. We succeeded in generating a cohort of transgenic mice

with consistent expression of a highly light-sensitive ChR2 protein. In addition, manipulation of the activity of "non-excitable" glial cells *in vivo* has also become possible. Our experiments show that selective optogenetic stimulation of glia can lead to release of glutamate as a gliotransmitter, which induces synaptic plasticity and can accelerate cerebellar-modulated motor learning. This finding suggests that glia also participate in information processing in the brain, a function once thought to be solely mediated by neuronal activity. We are actively using these optogenetic tools to explore the causal relationship between brain activity and the functioning of the mind.

システム神経科学分野

キーワード /

高次脳機能、行動神経生理学、分子神経解剖学



教授
筒井 健一郎
Ken-ichiro Tsutsui



助教
大原 慎也
Shinya Ohara



助教(兼)
小山 佳
Kei Oyama

神経回路の構成と動態に基づく脳の動作原理の解明

脳の高次機能の理解は、21世紀科学の中心課題の一つである。われわれは、脳の動作原理を解明するためには、脳内の神経回路の構成と動態を理解することが重要であると考えており、神経科学の最新の方法を駆使しながら、その両面から研究をすすめている。

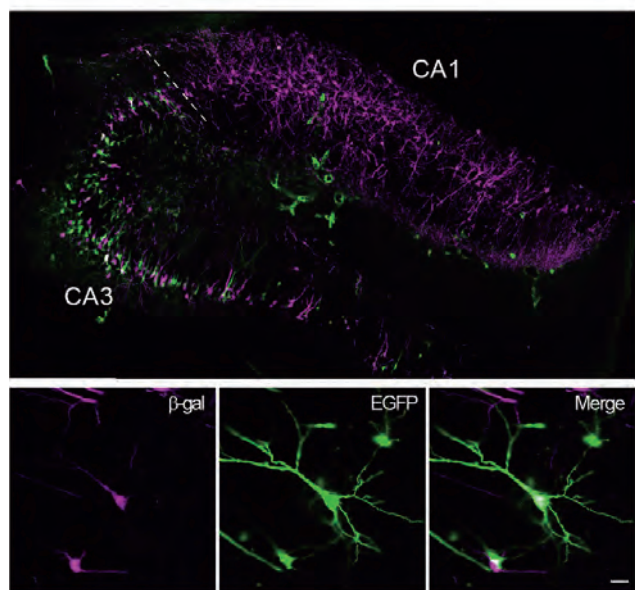
1)「脳の構成」の理解(分子神経解剖学)

高次脳機能を実現する脳の神経回路の構成を、細胞、局所神経回路、脳領域間回路のレベルで、マルチスケールに解析する。そのために、

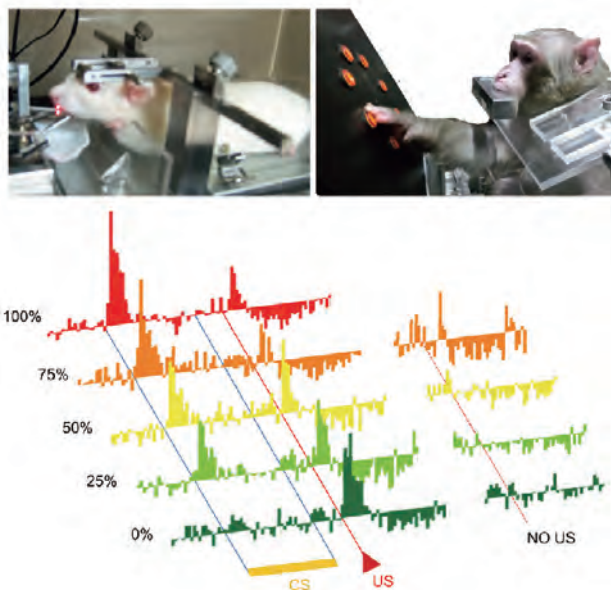
プラスミドベクターやウィルスベクターを用いた神経回路標識法や操作法など、最先端手法を自ら開発し、研究に用いている。

2)「脳の動態」の理解(行動神経生理学)

マルチニューロン活動記録、皮質表面電位、脳機能イメージングなどの脳活動の記録法と、薬物微量注入、経頭蓋磁気刺激などの脳活動の操作法を駆使しながら、脳の情報処理の動態を、細胞、局所神経回路、脳領域間回路のレベルで、マルチスケールに解析する。



左) 神経回路の構成の解析: ウィルスベクターを使った二重染色による神経回路解析



右) 神経回路の動態の解析: 課題遂行中の単一ニューロン活動記録

Understanding the structure and dynamics of the brain and mind

The understanding of higher brain function is the central theme of science in the 21st century. To unveil the mechanisms of higher brain function, we investigate the structure and function of the neural circuits and networks in the brain using state-of-the-art neuroscience research methods.

1) Understanding the structure of the brain (molecular neuroanatomy): We investigate the structure of the brain that underlies higher brain function at a multi-scale level (cellular, local circuit, and inter-regional network). To achieve this, we develop and use novel research tools, such as visualization and manipulation of neural circuits based on circuit tracing using plasmid or virus vectors.

2) Understanding the dynamics of the brain (functional neurophysiology): We investigate the functional dynamics of the brain, such as temporal change in the neuronal representation of information, and information processing on the local circuit and inter-regional network level. To achieve this, we use various methods such as multiple unit recording, electrocorticogram (ECoG) recording, and brain imaging for monitoring neural activity, and drug microinjection and trans-cranial magnetic stimulation (TMS) for manipulating neural activity.

キーワード /

学習・記憶・報酬・罰、ドーパミン

神経行動学分野



教授
谷本 拓
Hiromu Tanimoto

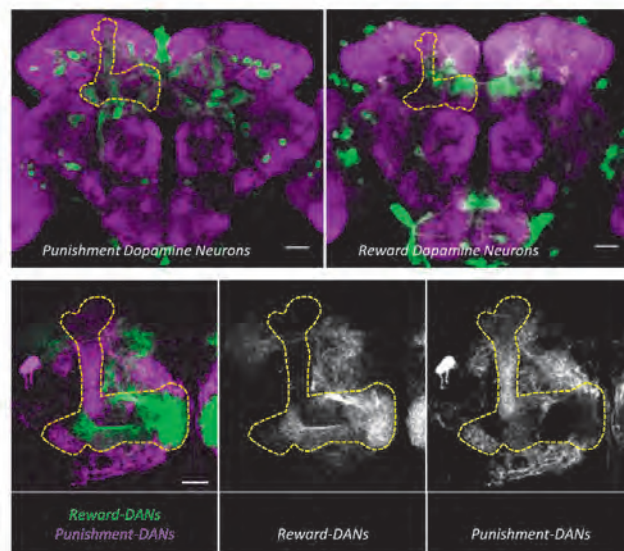
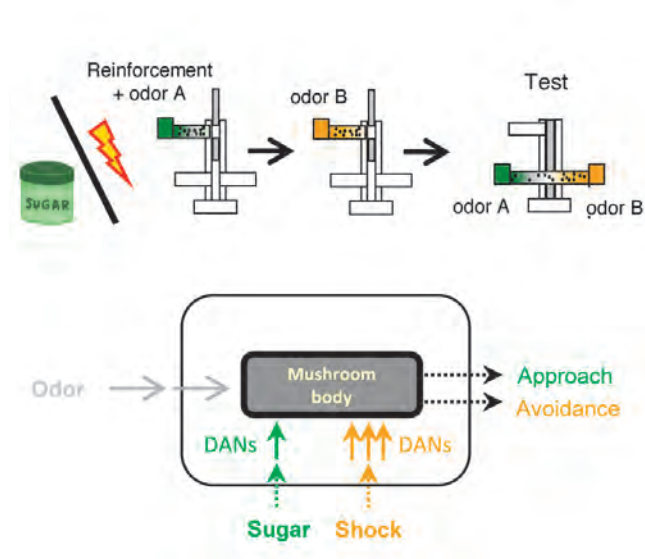


助教
山方 恒宏
Nobuhiro Yamagata

ショウジョウバエにおける記憶の神経回路と報酬・罰の伝達機構の解明

これまでに経験した感覚情報を統合し、学習した"記憶"に基づき適切な行動をとることは、動物界に広くみられる脳・神経系の本質的な機能の一つです。その複雑な過程の一端を担う脳機能が、2種の刺激を結びつける連合学習です。私たちの研究室では、この連合学習の神経基盤を個別のニューロンレベルで理解すべく、脳細胞数が比較的少なく、遺伝子工学によって細胞の機能操作が容易であるショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) を使って解析を進

めています。特に、報酬と罰がどのように脳内で処理されているのか、ドーパミン神経群に着目して解析しています。実験手法としては、行動学・組織形態学・遺伝子工学・画像解析を統合的に用いるほか、新たな行動解析のため、ソフト・ハードの両面からツール開発も行っています。また神経可塑性を生む、より起源的な神経基盤を見出すため、クラゲを用いた実験解析系も立ち上げています。



左上：嗅覚学習実験系 左下：連合中枢において、経験依存的に匂いの価値が変化する 右：罰と報酬を伝達するドーパミン神経群

Neural circuits for learning and memory in *Drosophila*

An associative learning, in which an animal links sensory experiences to salient life events such as encountering foods under starved condition, is one of our fundamental brain functions. The long-term goal of our lab is to understand the neural mechanism underlying this associative learning. Our current focus is to identify and functionally characterize the neural circuits for memory formation, consolidation and recall. To this end, we investigate

associative memories in the fruit fly, *Drosophila melanogaster*, by combining its powerful genetic tools, techniques of quantitative behavioral analyses, and high-resolution anatomical analyses of neurons. We also engage in the development of new techniques for behavioral analysis and the application of new genetic tools to push the boundaries of our analyses.

発生生物学分野

キーワード /

海産無脊椎動物、卵成熟 / 受精 / 胚発生、生物多様性



教授
熊野 岳
Gaku Kumano



准教授
経塚 啓一郎
Keiichiro Kyozuka



准教授
美濃川 拓哉
Takuya Minokawa

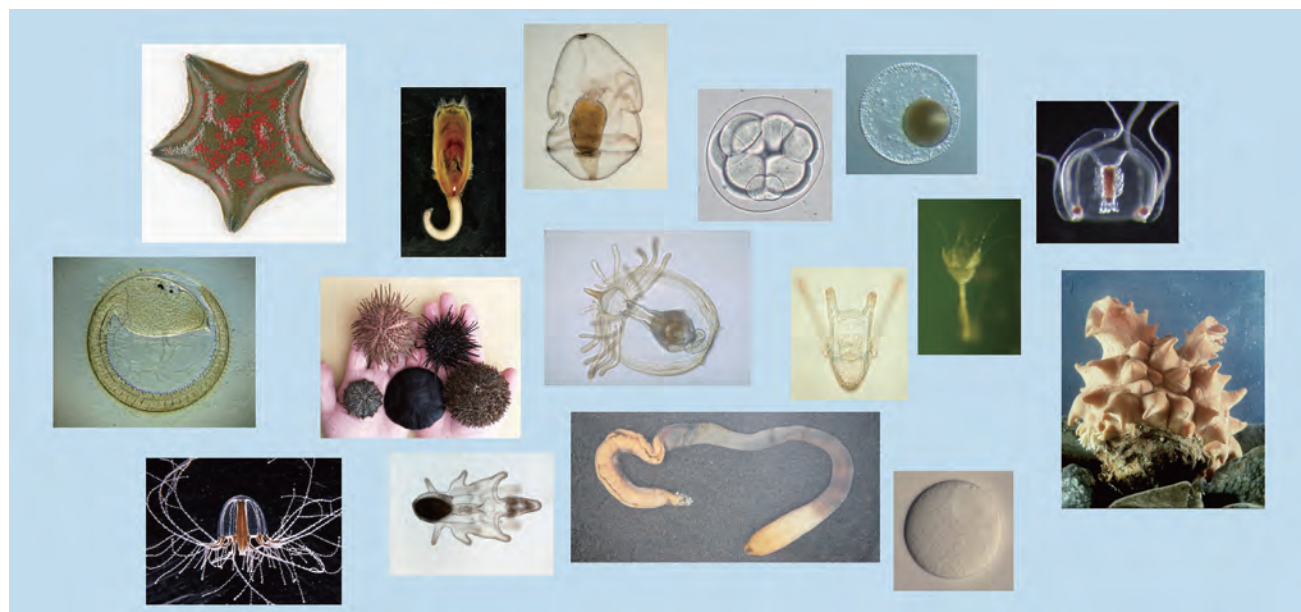


助教
中本 章貴
Ayaki Nakamoto

海産無脊椎動物の卵成熟・受精・初期発生・形態形成のメカニズムと進化を探索

全ての動物の共通祖先は海洋に生まれ、その後の動物の進化史の大部分を、海洋を舞台として展開してきた。現在も海産動物は豊かな多様性を維持しており、本分野では浅虫海洋生物学教育研究センターの周辺に生息する多様な海産無脊椎動物を研究対象として、卵成熟・受精・胚発生のメカニズムと種間での比較研究を行っている。具体的には、1) 様々な海産動物の卵成熟・受精機構にみられる共通性と多様性について、クラゲやヒトデやホヤなどを用いて、細胞及び分子レベルの両面から両機構の本質を理解するための解析をしてい

る。特に、光による卵成熟機構、精子侵入機構、受精時の卵活性化機構における細胞内シグナル伝達系に注目している。また、2) 初期発生過程における分裂による細胞数の増加と並行した細胞タイプの多様化や、細胞の運動による独特な体の形づくりについて、ホヤやウニなどを用いてこのドラマティックな過程の本質を理解するために研究を行っている。特に、ホヤ・ウニ胚で生殖細胞ができる仕組み、ウニ胚で骨格の基となる細胞ができる仕組み、ホヤ胚で尾ができる仕組みに注目しており、これらの進化機構にも着目している。



浅虫海洋生物学教育研究センター周辺の海産無脊椎動物：クラゲ、シャミセンガイ、ウニ、ヒトデ、ウミシダ、ギボシムシ、ホヤ

Analysis of developmental mechanisms in marine invertebrates

Our laboratory is one of the research units in the Asamushi Research Center for Marine Biology, located in the Mutsu bay area of northern Japan, which is known as one of the richest places for marine life in the Tohoku area. Benefitting from such a location, we study a variety of marine invertebrate species that are available in the local sea. We are interested in understanding the molecular and cellular mechanisms, as well as the evolutionary aspects of early development (oocyte maturation, fertilization, and embryogenesis) of these animals. Specific areas of our research are: 1) Molecular and cellular mechanisms of tail shaping during ascidian embryogenesis; 2) Evolutionary developmental analysis of germline segregation mechanisms in tunicate embryos; 3) Role of calcium signaling

during oocyte maturation and fertilization; 4) Characterization of the egg activating substance from spermatozoa; 5) Mechanisms of light-induced spawning and oocyte meiotic maturation in hydrozoan jellyfish; 6) Developmental and evolutionary analysis of embryogenesis based on the comparison between direct and indirect development in sea urchins; and 7) Structure and function of gene regulation networks. We are working on these areas using several techniques (e.g., micro-manipulation, molecular biology, live imaging), and we hope to discover many more surprising and beautiful developmental and evolutionary processes, as we are just beginning to understand these little-studied marine invertebrates.

キーワード /
海洋生態学、行動学、底生動物

海洋生態行動学分野



教授(兼)
占部 城太郎
Jotaro Urabe



助教
武田 哲
Satoshi Takeda

潮間帯は、生物の陸上適応過程を解明できる進化の実験室

生命が誕生し、進化の舞台となった海には現在も多様な生物が住んでおり、彼らが織りなす複雑な生物間相互作用は、更なる生物多様性を生み出しています。当分野の所在地、陸奥湾には対馬暖流と寒流(親潮)が流れ込み、特異な水理環境を生じ、複雑な生物相を成しています。この多様な海洋生物を対象に、環境、特に海流や潮汐リズムと生態分布、共生や被食―捕食などの生物間相互作用の解析をとおして、生物の適応放散や個体群の維持機構、生物群集の成立機構などについて研究を進めています。

例えば、転石海岸の潮間帯で見られる巻貝の外套腔内には、扁形

動物の1種カイヤドリヒラムシが住みついています。その宿主の利用様式や巻貝の生態的特性を調べたところ、カイヤドリヒラムシは潮間帯への進出に伴って寄生生活という特異な習性を獲得してきたことが明らかになりました。また、シロナマコガニと宿主シロナマコやキスズメガイと宿主巻貝などの共生関係を調べることで、これら生物の種分化機構が明らかになりつつあります。さらに、棘皮動物ハスノハカシパンや甲殻類ミナミコメツキガニなどを対象に、生物からシグナルとして出される化学物質の行動への影響を解析することで、これら生物の繁殖生態や個体群維持機構の解明を行っています。



住み込み連鎖解明の舞台となる二枚貝が優占する陸奥湾の潮間帯岩礁、オキナワハクセンシオマネキのオスの求愛行動、シロナマコとシロナマコガニ

Clarification of individual and social behavior in marine animals

Marine environments are populated by various animals, representing almost all phyla and ranging from the simplest to the most complex body plan. Our laboratory is located in Mutsu bay, where the Tsushima Warm Current and the Kuril Current flow. In Mutsu bay, tidal rhythm and physicochemical properties of the water change gradually, allowing various fauna and flora to develop. In this environment, we carry out ecological and behavioral studies. For example, ecological distribution in relation to environmental factors and interactions, such as symbiosis and predator-prey interactions. We are currently using marine animals as our model system to understand the development of individual and social behavior in

animals. In order to clarify the developmental process of symbiosis (a specialized form of social behavior related to interspecific interactions), we are studying a variety of symbiotic relationships, such as flatworms (*Stylochoplana pusilla*) and host snails (*Monodonta labio*), epizoic limpet (*Hipponix conicus*) and host snails, and pea crab (*Pinixa tumida*) and host sea cucumber (*Paracaudina chilensis*). In addition, we study the fiddler crab (genus *Uca*) and soldier crab (genus *Mictyris*), which show well-developed social behavior, and adaptation of their sensory organs (e.g., vision and acoustic senses) for life on land and in the sea.

腫瘍生物学分野

キーワード /

がん抑制遺伝子、中心体制御、DNA 修復、遺伝性腫瘍



教授

千葉 奈津子
Natsuko Chiba

助教

吉野 優樹
Yuki Yoshino

がん抑制遺伝子産物の機能の破綻による発がんメカニズムの解明

がん遺伝子、がん抑制遺伝子の遺伝子変異の蓄積は、がんを引き起こし、その悪性度を高める。BRCA1は、遺伝性乳がん・卵巣がん症候群の原因で、我々はBRCA1のがん抑制能に重要と考えられる、中心体制御能、DNA修復能について研究を行っている。

中心体は、分裂期に紡錘体極として機能し、染色体の均等な分配において重要な機能を果たし、この機能破綻は、染色体の欠失や過剰をもたらす、遺伝子異常の原因になる。我々は新規BRCA1結合分子OLA1を同定し、がん由来の変異体は中心体制御能に異常があ

り、OLA1が新たながん関連分子であることを示した。現在、OLA1とその関連分子の中心体制御機構をさらに詳細に解析している。

また、DNAは活性酸素などの内的要因や放射線や化学物質などの外的要因によって、絶え間なく損傷をうけており、DNA修復能の破綻は、遺伝子変異の蓄積を起こす。我々はさまざまなDNA損傷に対するBRCA1の分子応答を解析している。近年、DNA修復能と抗がん剤感受性との関連も注目されており、BRCA1やその関連分子を標的とした診断法や治療法の開発のための分子基盤の確立をめざしている。

BRCA1の機能の破綻による発がん

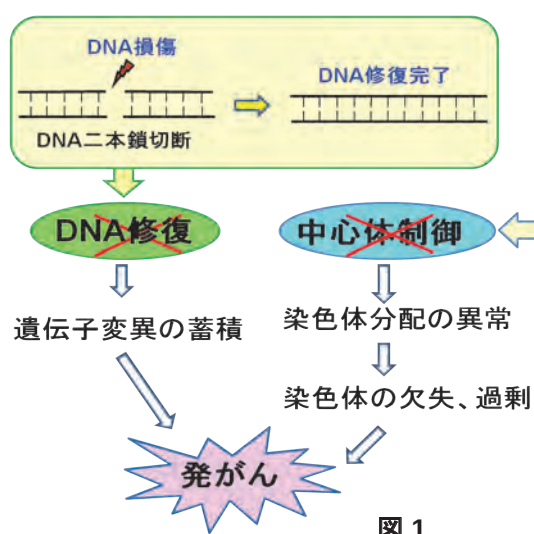


図 1

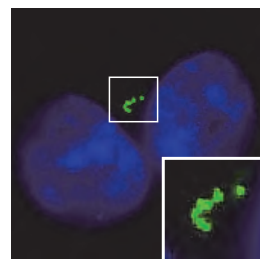
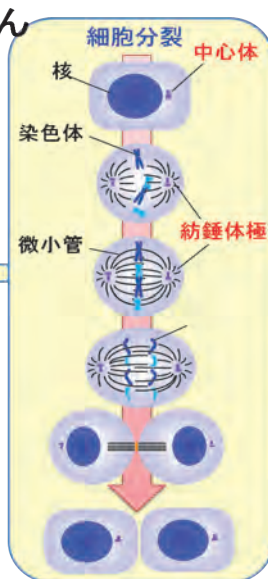


図 2

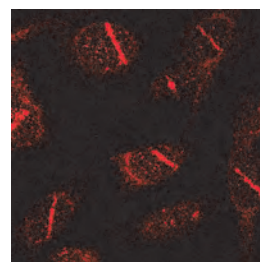


図 3

図1.BRCA1の機能の破綻による発がん 図2.OLA1の発現抑制による中心体と核の増加。図3.DNA 損傷部位へのBRCA1の集積。

Genome instability and carcinogenesis

Five to seven percent of all breast cancers are inherited, and the two most important breast cancer susceptibility genes, BRCA1 and BRCA2, were identified by linkage analysis of familial breast cancer. Mutations of BRCA1 and BRCA2 have been found in 25% of hereditary breast cancers. Recently, these breast cancers have been named Hereditary Breast and Ovarian Cancer Syndrome (HBOC). BRCA1 was widely reported in newspapers and TV after a famous American actor had a prophylactic mastectomy after being diagnosed as a BRCA1 mutation carrier. In addition to hereditary cancer, it has been reported that BRCA1 is involved in a subtype of sporadic breast cancer, triple-negative breast cancer, and in chemosensitivity to various cancers.

BRCA1 is involved in many cellular processes, including DNA repair and centrosome regulation. Defects in the regulatory mechanisms of centrosome and DNA repair result in defective mitoses, chromosome segregation errors, and the accumulation of DNA damage. These are significant sources of genome instability, a hallmark of cancer. Our research specifically focuses on the functions of BRCA1 in DNA repair and centrosome regulation. To analyze the functions of BRCA1 and its related proteins, we perform cytological analyses, analyses using genetically modified mice, and analyses of clinical specimens. This research will contribute to the further understanding of carcinogenesis and aid in developing novel cancer therapies.

キーワード /

始原生殖細胞、多能性幹細胞、エピジェネティクス

分化再生制御分野



教授
松居 靖久
Yasuhisa Matsui

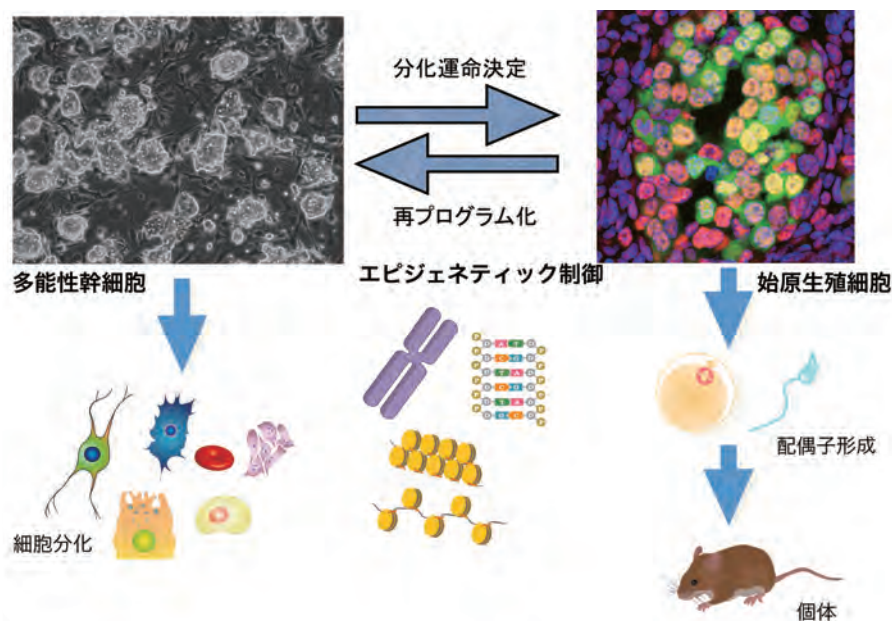


助教
林 陽平
Yohei Hayashi

次世代個体を作り出す生殖細胞と、全ての細胞に分化できる多能性細胞の謎に迫る

生殖細胞は受精を経て、生き物のからだを作っている全ての種類の細胞に分化することができ、さらに複雑な形態形成を起こしながら次世代個体をつくりだす不思議な能力を持つ細胞ですが、私たちは、この能力がどのようなメカニズムによって制御されているかに興味を持って研究を進めています。生殖細胞が分化する時には、核の中の遺伝子の働き方の制御に深く関わっているエピジェネティックな状態が、体細胞では起こらないような変化をしていることが明らかに、このような変化と生殖細胞の性質との関わりを明らかに

する研究を行っています。また哺乳動物では受精後、胚発生の初期段階で、まず分化多能性幹細胞が形成され、さまざまな細胞が分化します。受精卵は1個の細胞から個体全体を作れますが、多能性幹細胞は個体を作ることはできず、細胞としての性質は異なりますが、遺伝子発現等に類似点も多く見られ、これらの細胞が、どのような関係にあるのかも興味深い問題です。そこで、生殖細胞と多能性幹細胞が相互に直接的に変換する培養系を作り分子機構を探る研究を進めています。



分化多能性幹細胞と、個体発生全能性を持つ生殖細胞は、エピジェネティックな制御により相互変換が可能である

Uncovering the characteristics of germ cells and pluripotent stem cells

Our goal is to elucidate the molecular mechanisms of germ cell formation and of their subsequent development to transmit genetic and epigenetic information into successive generations. Germ cells undergo unique epigenetic changes during their differentiation, and we are interested in epigenetic regulation of germ cell development. We also focus on the relationship among germ cells, pluripotent stem cells, and cancer cells. Germ cells are differentiated from pluripotent stem cells in early embryos, but germ cells can be

easily reprogrammed into pluripotent stem cells in culture. This indicates that these cells are closely correlated with each other. In addition, germ cells and cancer cells commonly express a number of specific genes, though their functions are not fully understood. We therefore study molecular mechanisms regulating differences and common characteristics among germ cells, pluripotent stem cells, and cancer cells.

神経機能制御分野

キーワード /
力、恒常性維持、形態形成



教授
小椋 利彦
Toshihiko Ogura



助教
久保 純
Atsushi Kubo



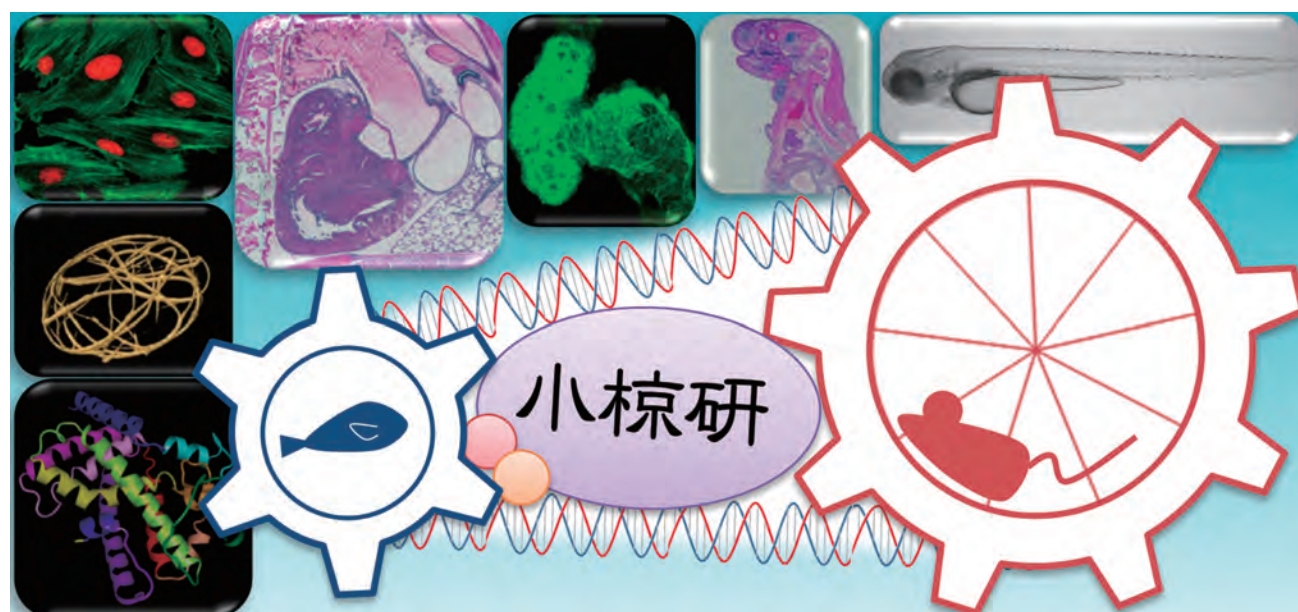
助教
松本 健
Ken Matsumoto

力をキーワードの生命現象を捉え直す

無重力下の宇宙飛行士の骨は急速に萎縮します。また、心臓は、常に血圧をモニターし、一定に保とうとします。このような現象では、重力、血圧という、力刺激が重要な役割を果たしています。また、運動すれば肥満が解消し、II型糖尿病が改善します。つまり、成体のエネルギー代謝も、運動に起因する力刺激によって調節されています。

では、細胞、組織、臓器は、どのように物理的な力刺激を感知し、

どのように生化学的反応に変換しているのでしょうか？ この問題は医学的に重要な意味を持っていますが、未だに未解明のまま残されています。私たちは、この問題を最重要課題と捉え、力を感知する分子メカニズムの解明から、医学への応用展開まで、幅広い研究を進めています。



メカノ（歯車）とチェーン（ゲノム）が両輪となって転写を制御する現象を、ゼブラフィッシュやマウスをモデル生物に研究しています。

Transcriptional control driven by the Mechano (wheel) and Genome (chain) is our major target of our research. Using zebrafish and mouse as model animals, we are exploring fundamental mechanisms of life.

Skeletal muscles and bones of astronauts atrophy under micro-gravity conditions in outer space. Our hearts monitor blood pressure and respond to it to maintain the circulatory homeostasis. In these biological phenomena, physical forces generated by gravity and heartbeat play critical regulatory roles. Exercise also prevents obesity and eventually cures type II diabetes, highlighting a tight link between exercise/force and energy metabolism. If this is the case, how do cells and tissues sense physical forces and respond to them by converting the physical inputs into

biochemical outputs? Despite the potentially high impact on medical science, the molecular mechanisms underlying these phenomena are largely unknown. We are exploring the molecular mechanisms of this system, namely, mechanotransduction, to find out new therapeutic methods and drug targets. We hope that our approach will pave the way to understanding the basic aspects of biological events and medical sciences.

キーワード /

免疫記憶のしくみ、アレルギー・自己免疫・がん、記憶を制御する

遺伝子導入分野

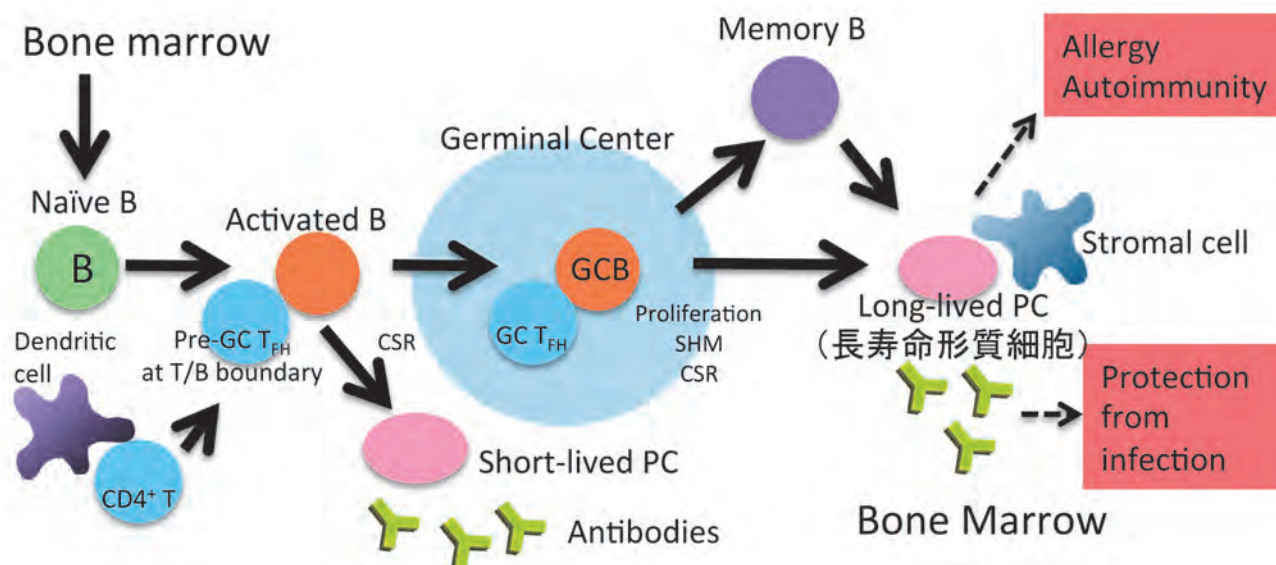


教授
高井 俊行
Toshiyuki Takai

免疫記憶の制御のしくみを解明して免疫病を克服する

免疫には「記憶」という優れた能力があります。二度、重い感染症に罹らずに済むこの「二度なし」現象を利用してワクチンという優れた手法を人類は創出しましたが、基盤となる免疫記憶の仕組みはまだ十分に解明されていません。免疫記憶は抗体を作る形質細胞(Plasma cells, PC)の中でも骨髄で維持される長寿命のPC(Long-lived plasma cells, LPC)が、骨髄環境に存在する他の多様な細胞、いわゆるストローマ細胞と相互作用することで維持していることが主な要素と考えられています。このストローマ細胞と

LPCの相互作用にはケモカイン受容体やサイトカイン受容体が重要であることが指摘されているものの、他の受容体や、なぜ長寿命となるのかの機序も不明確で、これら相互作用を調節する技術は存在せず、これからの課題です。アレルギーや自己免疫疾患の原因となる「不都合な」免疫記憶を抗原特異的に消去したり、高齢者の免疫記憶の劣化の予防、白血病細胞が骨髄に定着して慢性化したりすることを防ぐ技術開発に向け、私たちはLPCの長寿化の分子機構を受容体の観点から研究しています。

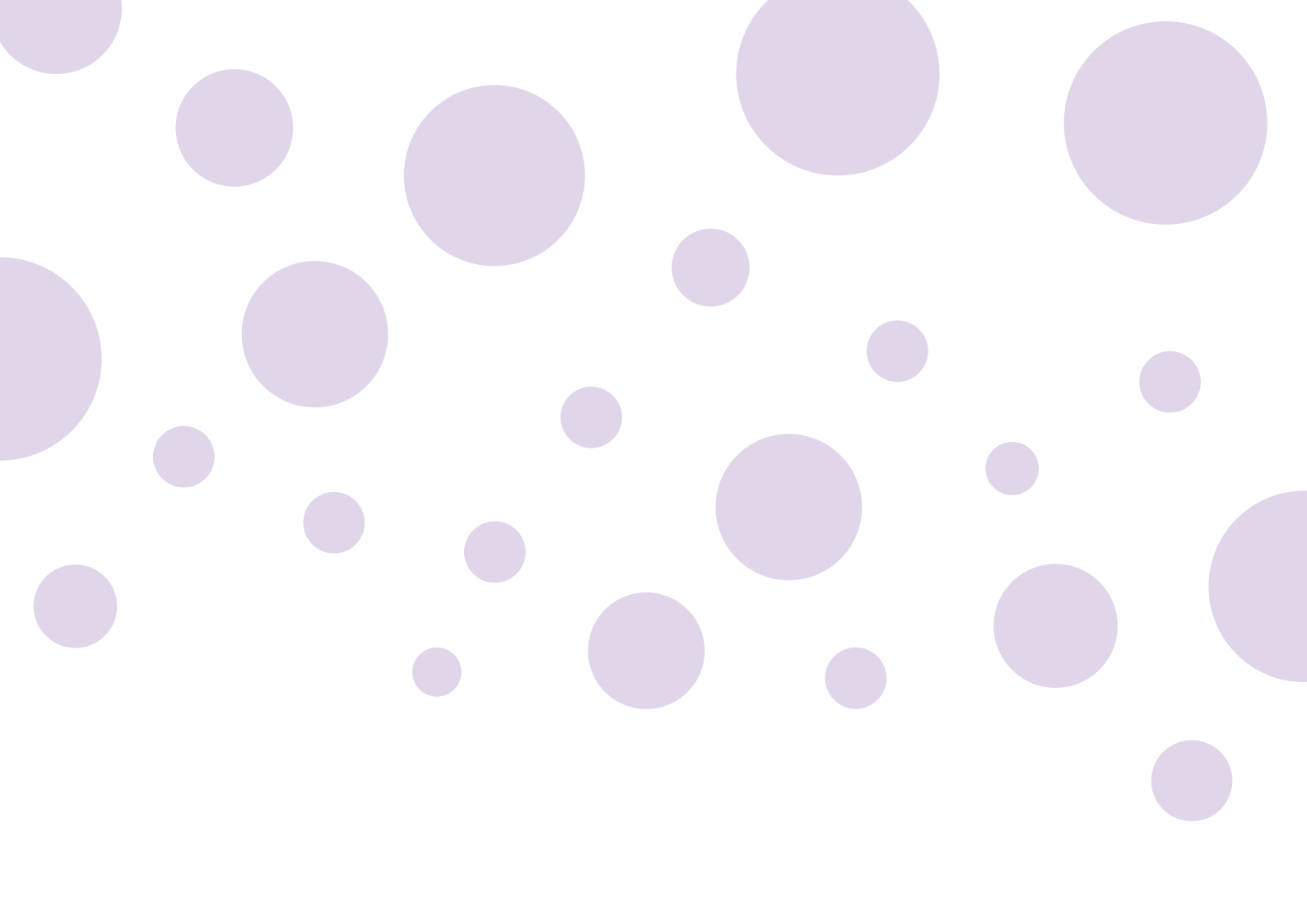


免疫記憶は骨髄に長期間にわたって定着して抗体産生する長寿命形質細胞が担う。長寿化のメカニズムを細胞と分子の視点から解明する。

Regulatory mechanism underlying immunological memory and its relation to disease

Immunological memory is one of the prominent characteristics of our immune system. Employing this phenomenon, humans have developed "vaccination" to avoid suffering from severe infectious diseases. However, we still do not know exactly how the memory is established and maintained at the molecular and cellular levels. Currently, the major component maintaining immunological memory is considered to be antibody producing long-lived plasma cells (LPC), which interact with stromal cells in specific tissues, such as bone marrow. Although this interaction is constituted by a few types of receptors, such as chemokines and cytokines,

involvement of other types of receptors and the mechanisms by which LPC live long is obscured. Therefore, we have not been able to regulate the longevity of LPC. Our laboratory is working to elucidate the molecular mechanism for longevity of LPC, particularly focusing on immune regulatory receptors, and this could lead to the development of strategies that enable antigen-specific deletion of harmful immunological memory (e.g., allergies, autoimmunity), augmentation of specific memory in elderly persons, and avoiding the chronic settling of leukemic cells in bone marrow.



生態システム生命科学

Department of Environmental Life Sciences

生命環境について、そのシステムの基本となる生物多様性の形成・維持機構を分子、細胞、個体、個体群の間の相互作用として研究するとともに、生態系を構成する多様な生物の遺伝的基礎と機能、それらに対する環境変動の影響を明らかにすることによって、生命環境の将来を予測し、それに基づいた生物と生命環境の制御、保全を可能にする。

For understanding of our living system, this department aims to study the genetic backgrounds and functions of diverse organisms in ecosystem as well as the mechanisms for the formation and sustenance of biological diversity, based on the interactions among molecules, cells, individuals, populations and changes in environmental conditions.

遺伝情報動態分野

キーワード /

環境微生物学、ゲノム微生物学、汚染環境浄化



教授
津田 雅孝
Masataka Tsuda

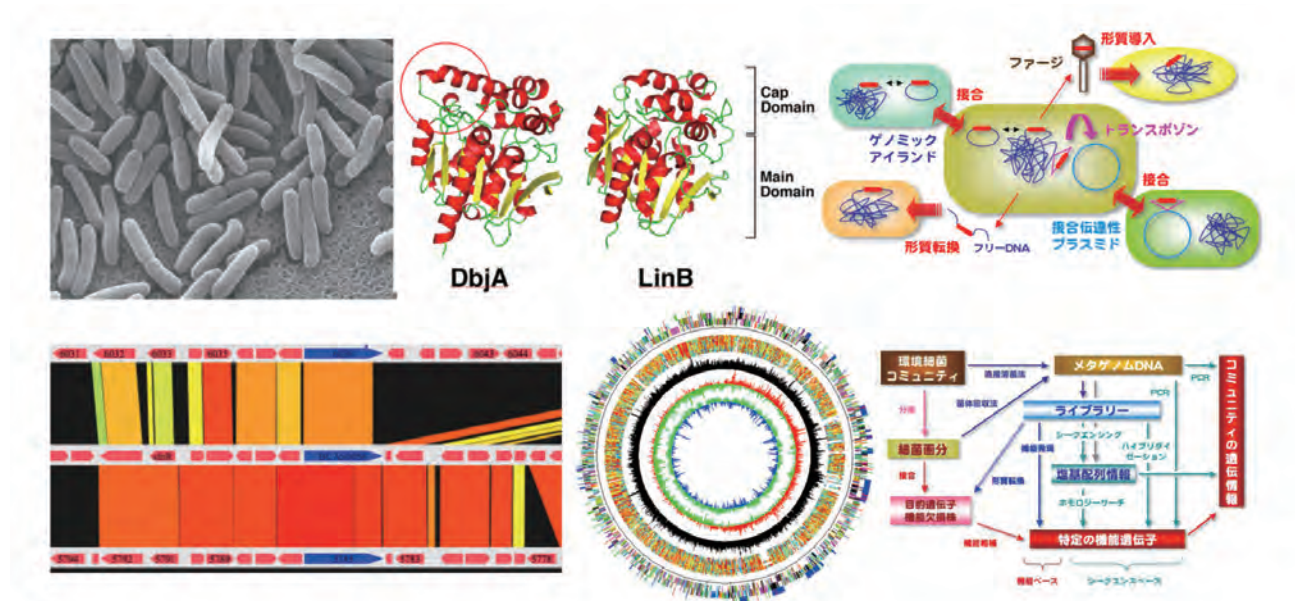


准教授
大坪 嘉行
Yoshiyuki Otsubo

難分解性化合物分解能を有する環境微生物の包括的研究

難分解性環境汚染物質分解能を有する種々の環境細菌を対象にして、微生物の環境適応・進化機構の解明、そして、微生物能力の開発と環境浄化への応用を最終目的としている。このために、分子遺伝学、分子生物学、ゲノム科学、分子生態学的手法を動員し、実験室系と自然生態系の両系で、環境との相互作用に伴う微生物遺伝情報の調和的発現制御ネットワークの把握と機構の解析、微生物遺伝情報の再編成や水平伝播などの把握と機構の解析、を実施している。実験室系では、環境汚染物質分解可能な各種細菌を用いて、(1) 当

該物質分解酵素の構造・機能相関や機能改良、(2) ゲノム比較による分解細菌群ゲノムの構成原理、(3) 分解酵素遺伝子のゲノムレベルでの発現制御、(4) 当該遺伝子の細胞内転移や細胞間水平伝播による分解能獲得、を研究している。複合生物系の自然環境での微生物の生きざまと物質分解を解明するために、本系での、(1) 細菌ゲノム全体の発現様式、(2) 細菌の分解機能の発現と進化、(3) 細菌集団の環境汚染物質への応答様式、(4) 細菌集団由来で新規性のある環境汚染物質分解酵素遺伝子、を研究している。



細菌細胞、分解酵素立体構造、細菌遺伝子の動態、自作ゲノム解析ソフトでの解析例、細菌ゲノム比較、自然生態系細菌集団の解析（左上から右下）

Microbiology of environmental microbes capable of degrading recalcitrant chemicals

Microorganisms and their communities play very important roles in sustaining and improving the environmental conditions that are beneficial to all other organisms, including humans. One such role is bioremediation of various chemical pollutants in the environment, and these chemicals in turn facilitate greatly the adaptation and evolution of environmental microbial cells as well as their communities. Our aim is to elucidate the mechanisms governing such adaptation and evolution of environmental microbes from the standpoints of molecular genetics, molecular biology, genomics, and molecular ecology. Particular emphasis is placed on the microbes capable of degrading various chemical pollutants. Our

major research topics are:

- 1) Molecular microbial genetics and molecular biology of the biodegradation of various environmental pollutants
- 2) Molecular microbial genetics, molecular biology, and molecular ecology of mobile genetic elements responsible for the degradation of various recalcitrant compounds
- 3) Structural and functional genomics of environmental bacterial strains
- 4) Integrative genomics of environmental bacterial strains, and their communities under laboratory and environmental conditions

キーワード /

分子育種、エピジェネティクス、進化発生

植物生殖遺伝分野



教授
渡辺 正夫
Masao Watanabe



准教授
菅野 明
Akira Kanno

植物の生殖形質に潜む遺伝子間・細胞間相互作用の包括的理解に向けて

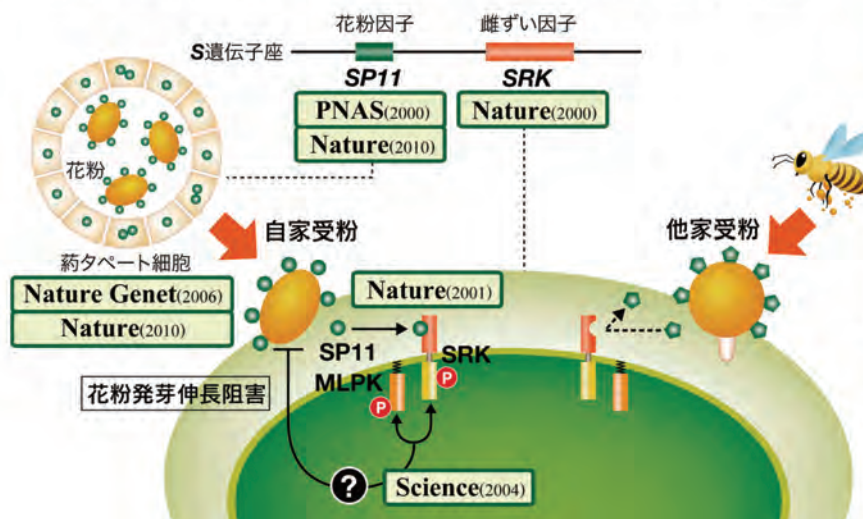
植物の有性生殖は、次世代を作ると同時に有害遺伝子を排除し、遺伝的多様性を高め、種の保存に重要である。生殖器官形成・成熟・受粉過程という生殖システムでは、多様な遺伝子間・細胞間相互作用が存在するが、その実態は不明な部分が多い。本分野では、アブラナ科植物の自家不和合性研究で世界をリードしてきたことをモデルとして、植物の生殖形質を制御する因子を包括的に単離・解析し、植物における生殖システム全体像の解明を目的とする。

自家不和合性は、雌雄S遺伝子表現型が一致した時、自己花粉が拒絶され、受精に至らない花粉と雌ずいの自他識別反応である。こ

れまで、S対立遺伝子間の優劣性発現機構、S遺伝子の下流遺伝子などを解明し、世界をリードした。今後、次世代シーケンサーとの融合で、自家不和合性・受粉反応の包括的理解を目指す。

一方、特殊な形の花被片(唇弁)を有するランや雌雄花を有する雌雄異株植物アスparaガスを用い、これらの花器官形成に関わる遺伝子群の単離・機能解析を行うとともに、網羅的遺伝子発現解析やゲノム解析を行うことにより、植物の花の多様性進化機構を分子レベルで解明する。

当分野が解明したアブラナ科自家不和合性分子機構



世界をリードしているアブラナ科植物自家不和合性の分子メカニズムとその結果を掲載した国際学術雑誌(左)と主たる研究材料の植物とその花(右)

Comprehensive understanding of the molecular mechanisms underlying plant reproductive traits

The flower is important for reproduction in angiosperms, and its shape is highly differentiated among plant species. The developmental programs for the male and female organ are substantially independent of each other and of the vegetative plant. We are greatly interested in discovering the underlying molecular mechanisms that control the development of the stamen and pistil, and the interaction between the pollen and pistil. In the Laboratory of Plant Reproductive Genetics, we are studying the molecular mechanisms of several reproductive traits in higher plants. One interesting topic is pollen-stigma interaction, especially self-incompatibility (SI) in Brassica species. Our work on SI is considered world-class research (ref 1 to 6). Other interesting topics are the molecular mechanism of floral diversification in non-

grass monocots (lily, tulip, and orchid) and sex determination of dioecious Asparagus species (ref 7 to 11).

<References>

- 1) Yasuda et al. (2016) Nature Plants. 3: 16206, 2) Tarutani et al. (2010) Nature 466: 983-986, 3) Tsuchimatsu et al. (2010) Nature 464: 1342-1346, 4) Watanabe (2008) Plant Cell Physiol. 49: 1404-1406, 5) Murase et al. (2004) Science 303: 1516-1519, 6) Takasaki et al. (2000) Nature 403: 913-916, 7) Ito et al. (2011) Euphytica 182: 285-294, 8) Kim et al. (2007) Plant Sci. 172: 319-326, 9) Song et al. (2006) Dev. Genes Evol. 216: 301-313, 10) Park et al. (2004) Plant Cell Physiol. 45: 325-332, 11) Kanno et al. (2003) Plant Mol. Biol. 52: 831-841.

ゲノム継承システム分野

キーワード /
環境、ゲノム科学、生物



教授
東谷 篤志
Atsushi Higashitani



准教授
日出間 純
Jun Hidema



准教授
佐藤 修正
Shusei Sato



助教
寺西 美佳
Mika Teranishi



助教(兼)
泉 正範
Masanori Izumi



助教(兼)
大学 保一
Yasukazu Daigaku

多様な環境因子が生物に及ぼす影響についてのゲノム科学研究

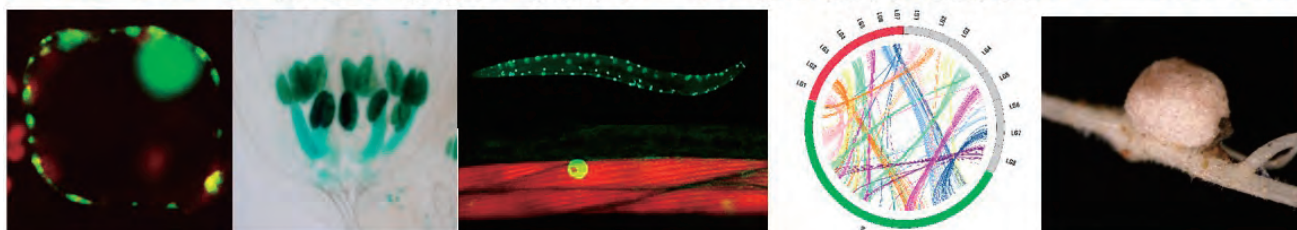
本分野では、多様な環境因子(温度、紫外線・強光、塩、放射線など)や生物間相互作用が及ぼす影響、適応応答と破綻に至る機構を、ゲノム情報を包括的に活用し、分子・細胞・個体レベルで基礎から応用に向けた研究を展開している。主な研究課題を以下に示す。

- (1) 植物花粉形成における高温ならびに低温障害
- (2) 植物の紫外線によるオルガネラ損傷の修復と紫外線耐性機構

- (3) 植物-微生物相互作用の分子基盤と塩ストレスの影響
- (4) 紫外線や放射線によるDNA損傷の修復と変異機構
- (5) 酵母と植物を用いたクロマチン動態とゲノム複製機構
- (6) オートファジーによる損傷オルガネラの分解機構
- (7) 神経筋シグナル伝達に及ぼすストレス応答機構



分子・細胞・個体レベルでの統合的解析



ゲノム継承システム分野研究概要図-分子・細胞・個体レベルでの統合的ゲノム科学研究

Genomic mechanisms underlying response and adaptation to various environments

Our research aims to elucidate the mechanisms underlying adaptation responses to global climate change. To achieve this, we are taking an integrative approach by working together on joint activities in areas such as molecular, cellular, physiological, genetic, and genomic biology.

In particular, we are currently focusing on the following subjects:

- 1) Molecular biology of plant reproductive development and its injury to environmental stress
- 2) Repair mechanisms of UVB-induced damage in organelles and UVB tolerant mechanisms in plants

- 3) Genome wide analysis of naturally occurring intra-species variation in physiology, environmental response, and plant-microbe interaction
- 4) Molecular mechanisms of repair and mutagenesis caused by UVB and ionizing radiation
- 5) Analysis of the role of chromatin dynamics in transcription and repair, and chromatin regulation mechanisms
- 6) Molecular mechanisms of chloroplast degradation by autophagy during stress responses in plants
- 7) Neuromuscular signaling in response to environmental stimuli

キーワード /

植物共生微生物科学 (根粒菌、エンドファイト)、農業バイオテクノロジー

地圏共生遺伝生態分野



教授
南澤 究
Kiwamu Minamisawa



准教授
三井 久幸
Hisayuki Mitsui

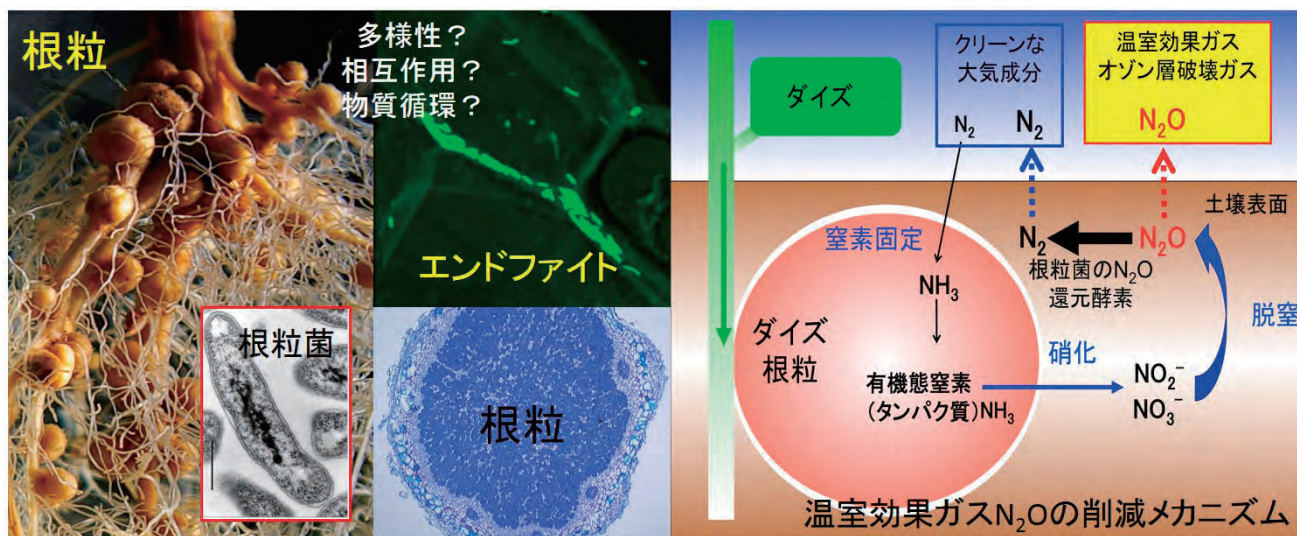


助教
菅原 雅之
Masayuki Sugawara

根粒菌・エンドファイトの植物共生相互作用と地球環境バイオテクノロジー

根粒菌はマメ科植物と共生窒素固定を行う土壌細菌で、窒素循環の上で大変重要な位置を占めています。本分野では、根粒菌の共生の仕組みと土壌・植物系における動態をゲノムレベルからフィールドレベルまで、基礎研究とともに環境バイオ研究まで行っているのが特色です。近年、根粒菌の脱窒能は根圏から放出される地球温暖化ガス (N_2O) 発生に深く関係しているという地球環境の研究を進めており、その中で、 N_2O を還元除去する酵素の新規制御系を見つけ

るとともに、自然のダイズ根粒菌を利用した地球温暖化を防止するための応用研究に発展させています。また、非マメ科植物の内生微生物 (エンドファイト) や根圏微生物についても、窒素レベルや宿主遺伝子とのダイナミックな生態の一端を明らかにしています。このような微生物は、自然界ではコミュニティとしての相互作用を通じて進化しており、ゲノム解析を駆使してその法則性を明らかにしつつあります。



根粒菌・エンドファイトと植物との共生 (左) と地球環境バイオテクノロジーの成功例 (右)

Plant-microbe interactions and biotechnology for the global environment

Rhizobia are soil bacteria that perform symbiotic nitrogen fixation with leguminous plants, thus playing a very important role in sustainable agriculture and the global nitrogen cycle. We use genomics, biochemistry, and field tests to research the molecular mechanisms of symbiotic nitrogen fixation of rhizobia. We also conduct environmental biotechnology research based on microbial dynamics in the rhizosphere, wherein greenhouse gases (N_2O and CH_4) are produced and extinguished. We focus on denitrification and C1 metabolism of free-living (brady) rhizobia, as the multifunctional aspects of the bacteria in the environment. One of our recent findings is the identification of a new regulatory system for expression of the *nosZ* gene, encoding N_2O reductase;

this discovery helped us to propose a new strategy to reduce soil N_2O emission. In addition, we are studying the dynamic ecology of the endophytic bacteria associated with non-legumes in response to variation in nitrogen levels and plant genotypes. Our recent discovery of nitrogen-fixing consortia in rice is impacting the concept of plant-microbe interactions and microbial communities in nature. Our goals include understanding the evolution and function of dynamic plant-associated microorganisms, and developing multidisciplinary sciences, including evolutionary genomics and environmental microbiology, for the purpose of sustainable agriculture and environmental conservation.

宇宙環境適応生態分野

キーワード /

植物の環境応答と形態形成、植物ホルモンによる成長制御、重力生物学と宇宙実験



教授

高橋 秀幸

Hideyuki Takahashi



准教授

藤井 伸治

Nobuharu Fujii



助教

小林 啓恵

Akie Kobayashi



助教(兼)

児島 征司

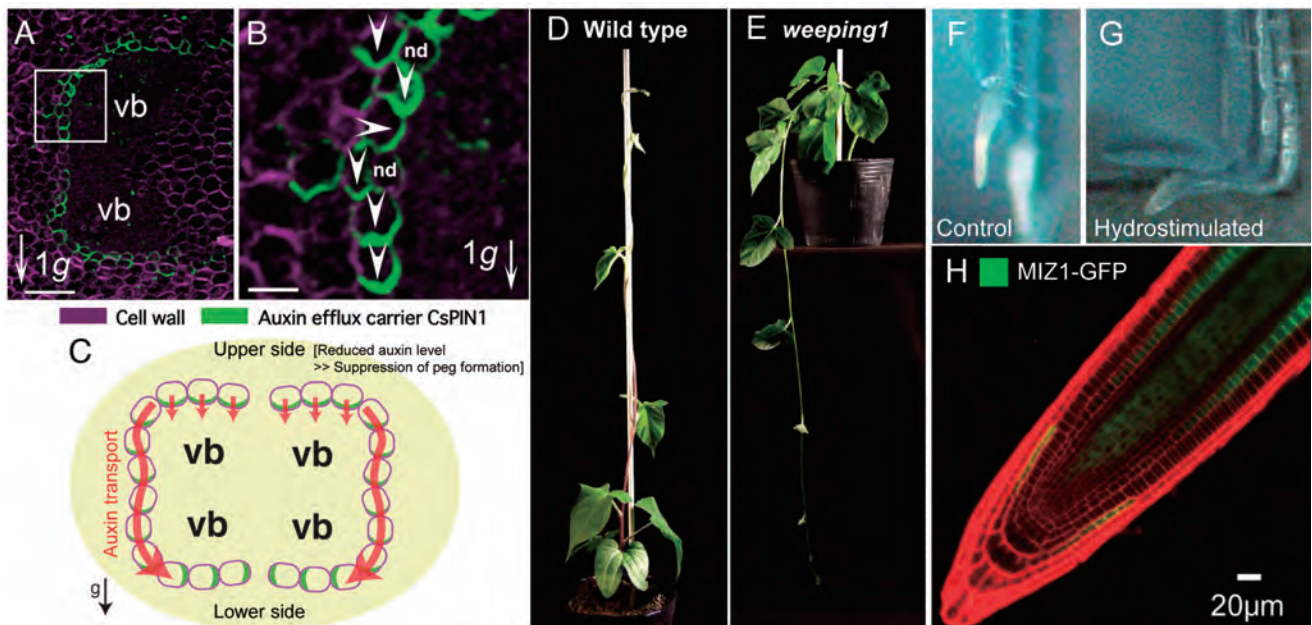
Seiji Kojima

植物の環境応答と形態形成を制御する分子機構

植物は固着性で、移動によって生活環境を変えることができませんが、水、重力、光、二酸化炭素などの外部環境に応答して成長や形態を制御し、遭遇する環境ストレスを回避・軽減する能力を持っています。たとえば、ウリ科植物の芽生えのペグ形成、茎や根の回旋転頭運動は重力応答依存的に生じ、成長に有利な環境に自らを誘導します。また、根は重力屈性だけでなく、水分勾配を感受して高水分側に成長する水分屈性を発現し、根の成長方向・根系形成を制御することによって効率的に養水分を獲得します。このような植物の環境

適応や生存に必要な遺伝子・タンパク質機能と植物ホルモン作用を理解するため、これまで私たちは植物の成長制御機構を生理学および分子遺伝学的に解析し、宇宙の微小重力下での検証実験も行っています。これらの私たちの研究は、地球の環境・食糧問題の解決だけでなく、人類の宇宙活動にも貢献します。

また最近、細菌や葉緑体の膜機能の解析を始めました。細菌の薬剤耐性や植物細胞内の物質輸送の理解を目指しています。



A-C: キュウリのオーキシン排出タンパク質 (CsPIN1) の重力応答性、D,E: アサガオの蔓巻と重力応答、F-H: 根の水分屈性とその制御分子

Mechanisms for plant response and adaptation to terrestrial environments

Owing to their sessile nature, plants are unable to move to a new habitat once established. However, terrestrial plants have evolved various unique mechanisms for mitigating environmental stresses or adapting to their surroundings. One of these strategies is the regulation of growth and development that occurs in response to environmental cues such as gravity, water, light, and CO₂. For example, cucurbitaceous plants develop a protuberance called peg, between the hypocotyl and the root, and plant growing organs exhibit a helical movement (circumnutation). We demonstrated that a graviresponse is involved in unilateral placement of the peg and circumnutation. Mechanistic models of peg development were verified under microgravity conditions in space. We also demonstrated the ability of plant roots to show hydrotropism in

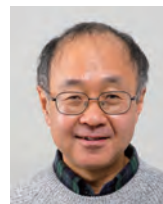
response to moisture gradients. Hydrotropism, together with gravitropism, plays an important role in regulating root growth orientation for efficiently obtaining water. We utilized molecular, physiological, genetic, and cytological analyses to understand the regulatory mechanisms underlying these plant responses. By these means, we identified the genes and molecules that are either important or essential for gravimorphogenesis and hydrotropism in plants.

Recently, we also initiated a study of bacterial and chloroplast membrane function in order to understand the molecular basis of antibiotic resistance in bacteria and intracellular solute transport in plant cells.

キーワード /

進化学、生態学、生物多様性

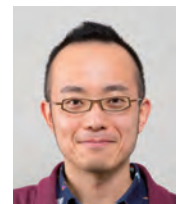
生物多様性進化分野



教授
河田 雅圭
Masakado Kawata



准教授
牧野 能士
Takashi Makino



助教
丸山 真一郎
Shinichiro Maruyama

生物多様性の進化をゲノムと生態から探る

なぜ多様な生物が進化し、維持されているのか？今後の環境変化にどう生物は反応・進化し、生物多様性はどうか変化するのか？当分野では、生物の進化メカニズムを、生物の持つゲノム構造と生態的あるいは環境要因から解明することをめざしています。ゲノム解析、分子レベルでの実験などミクロレベルと個体の行動、集団、生態系などマクロレベルを統合して新しい視点で生物進化や生態的現象の解

明をめざしています。特に、急速な進化や環境変動に対する適応力に寄与する遺伝的基盤の解明、外温性生物の温度適応や温暖化など気候変動に対する進化的応答の機構解明の他、遺伝子重複の進化と生物の適応力や疾病関連遺伝子の関係、生物の共生の進化の研究に取り組んでいます。また、それら基礎研究をもとに、生物多様性保全の応用研究も実施しています。



研究対象となっている動物たちの一部

From genomics to ecological approaches: understanding the evolutionary mechanisms of biodiversity

Our research explores why and how biodiversity has evolved and been maintained. In particular, we try to address why some organisms can evolve to adapt to various environments, while others cannot. Species that can adapt to various and changing environments might have some genetic and genomic basis conferring high evolvability. We utilize various approaches, from genomics to macroecology, to resolve these questions. In

particular, we try to understand the genetic basis for rapid evolution and the adaptive capacity to respond to environmental changes, thermal evolution of ectothermic organisms, evolutionary responses to recent climatic changes, relationships between gene duplication and diseases, and evolution of symbiosis. In addition, we try to provide biodiversity conservation measures that apply to evolutionary theories and mechanisms.

植物生態分野

キーワード /

植物と環境・生物との相互作用、植物の繁殖戦略、生物多様性



教授

中 静 透

Toru Nakashizuka



准教授

酒 井 聡 樹

Satoki Sakai



助教

饗 庭 正 寛

Masahiro Aiba

さまざまな植物が共存するしくみとその未来

自然界ではさまざまな植物が共存して生活しています。なぜ、こんなにもさまざまな植物が存在するのでしょうか？植物生態分野では植物を主な対象として、生態学的現象を支える個体および個体群の生態から進化生態学的意義、さらに生態系や生物群集全体の動きや機能に関する問題までを幅広く研究しています。

また、世界規模の気候変動が予測されており、これにより生態系や生物多様性にも様々な影響が起きると考えられています。本州北部では、気温の変化とともに積雪減少が予測されており、ブナ林や

亜高山帯針葉樹林、高山植物などにも影響が出ると考えられます。そこで樹木や高山植物の分布データを取得してそれを基に統計モデルを構築するなど、気候変動シナリオに基づく影響を予測する研究を行っています。主要な研究テーマは、1) 環境および生物との相互作用、2) 植物の繁殖戦略の進化、3) 森林生態系における生物多様性創出・維持機構、4) 生態系サービスの評価、5) 気候変動が生物多様性や生態系に与える影響などです。



マレーシアの熱帯雨林／北穂高のミヤマシオガマ／花弁を固定して開閉運動を止めたエゾリンドウの花に潜り込む送粉者

The changing interaction of plants and other organisms

We study terrestrial plants and ecosystems mainly by utilizing three ecological approaches: 1) interactions of an individual plant and a population with the physical environment and other organisms, 2) community and ecosystem analyses, and 3) evolutionary approach. Field studies are used to research the responses of plants to the environment and other organisms. Theoretical and field analyses are used to study the evolution of plant reproduction. The co-existence of multiple species in ecosystems and the mechanisms

of maintaining biodiversity are studied in temperate and tropical forests.

We are also interested in researching the global changes in ecosystems and biodiversity. These studies include evaluation of ecosystem services, and the effects of global climate change, human land use, and forest management on biodiversity and ecosystems.

キーワード /

生物間相互作用、遺伝及び種の多様性、群集の複雑性と安定性

群集生態分野



教授
占部 城太郎
Jotaro Urabe



助教
牧野 渡
Wataru Makino

生物は互いにどのような結びつきで暮らし、多様な生物群集を創出しているのだろうか？

生物は、生息場所や栄養資源を介して他の様々な生物と相互作用して生活し、群集を形成しています。しかし、良く似た生息地でも、群集を構成する生物種や個体群密度は異なっていることが稀ではありません。このような違いはなぜ生じるのでしょうか？群集生態分野では、野外調査、実験、数理モデルなどの手法を用い、動物の分散・定着過程や生理生態的特性、生物間相互作用や食物網構造を手がかりに、生物群集全体の集合規則や環境応答を明らかにする研究を行っています。

例えば、2011年の東日本大震災で津波被害を受けた多数の干潟

生物群集を対象にその再生過程を調べることで群集集合に果たす環境や生物分散の役割を解明しています。また、世代時間の短いミジンコなどプランクトンからなる生態系や、環境変化の大きい河川生態系を対象に、個体群や群集動態に果たす遺伝的多様性の役割や、群集の安定性に果たす種間関係を介した物質循環の役割を調べています。

これらの研究課題を通して、人間活動の高まりによる富栄養化や温暖化など、地域や地球規模の環境変化に対する生物群集の応答を解明していきたいと考えています。



複雑な生物群集を紐解き、群集集合の成り立ちを明らかにするため、野外調査とともに生態実験や数理モデルなどを組み合わせた研究を実施している。

How many species link to each other, and why are communities so different among habitats?

A community is composed of a variety of organisms that are linked to each other through the habitat space and trophic interactions. When we compare communities established in an environment, we often observe large variations among them. Why are the species composition and biodiversity so different among communities? In order to uncover the mechanisms creating, differentiating, and sustaining communities, as well as the role of genetic and species diversity, we study life history strategies of organisms, spatial and temporal dynamics of populations, and trophic interactions within communities through field works, laboratory experiments and theoretical modeling. For example, we are studying the recovery of tidal flat communities, largely disturbed by the tsunamis caused by the Great East

Japan earthquake in 2011, to examine the ecological importance of deterministic and stochastic processes in the community assembles. Using plankton and freshwater organisms with short generation times, we also study the roles of genetic and species diversity in populations and trophic dynamics, the role of biological interactions in community stability, and implications of ecological stoichiometry in ecosystem processes. Through these studies, we are trying to make projections on changes in various communities due to local environmental disturbance (e.g., eutrophication) and global issues (e.g., atmospheric CO₂ rising and warming), and to find a way to mitigate these changes.

機能生態学分野

キーワード /

植物の環境応答、光合成と物質生産、地球環境変化と植物



教授

彦坂 幸毅
Kouki Hikosaka

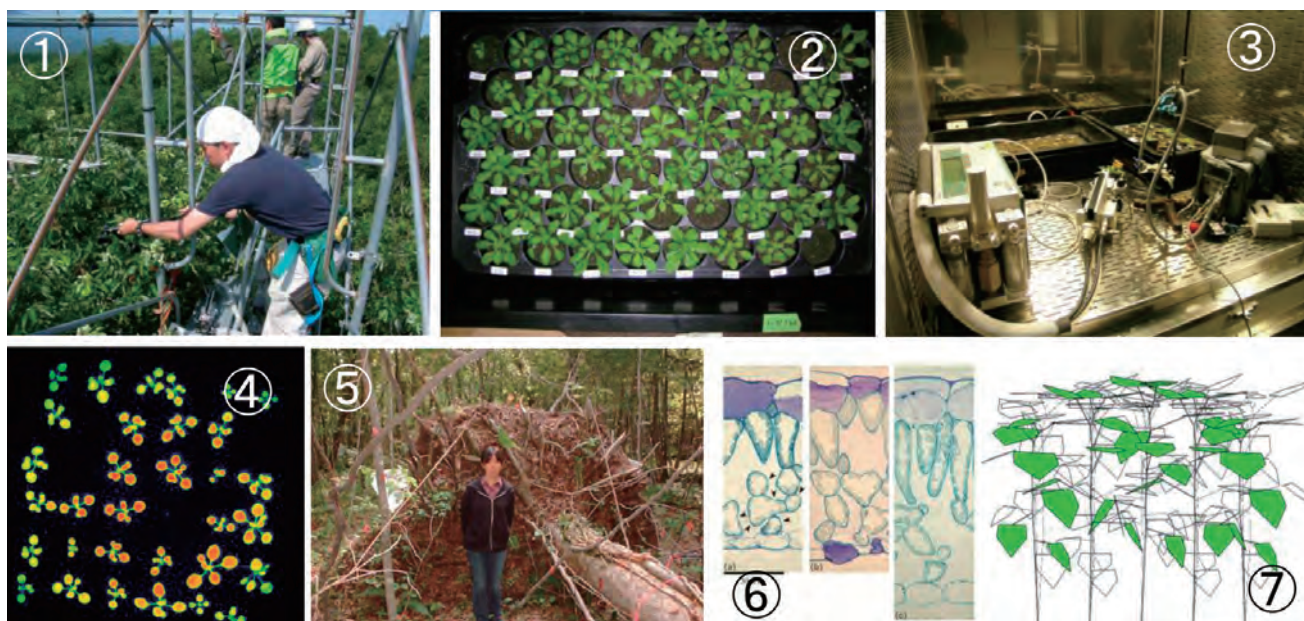
助教

小口 理一
Riichi Oguchi

分子から生態系まで:植物の機能を観測・解析・予測する

植物は、光合成によって有機物を合成し、自分自身の炭素骨格とエネルギーを作り出します。人間を含む全ての生物はそのエネルギー源を植物に頼っており、植物は生態系を支える基盤となっています。機能生態学分野では、光合成を中心に、ストレス耐性、成長、繁殖、物質生産、競争、共存などの様々な植物の機能について、分子レベルから生態系レベルまで様々なスケールで研究を行っています。「ある環境に適応するためにはどのような形質をもつことが必要なのか」、

「ある形質はどのような適応に役立っているのか」、「植物の生産を増加させるためには形質をどのように変化させればよいのか」といった疑問に取り組んでいます。近年は、CO₂上昇、温暖化、侵入といった地球環境問題にも取り組んでいます。植物の表現型解析のスペシャリストを目指すとともに、分子生物学・遺伝学・生物情報学・野外生態学・計算機科学・地球環境科学など様々な学問分野と密接に連携し、幅広い視点から植物の生理・生態を解明していきます。



①林冠での測定 ②世界各地のエコタイプ比較 ③光合成測定 ④蛍光によるスクリーニング ⑤人工ギャップ実験 ⑥葉の形態順化 ⑦3次元構造のシミュレーション

From molecule to ecosystem: observation, analysis, and prediction of plant functions

Plant photosynthesis is the source of energy and carbon skeleton for all organisms on the earth. The Laboratory of Functional Ecology investigates plant functions, such as photosynthesis, stress tolerance, growth, reproduction, biomass production, competition, and coexistence, from the molecular to the ecosystem level. We

address questions such as "what traits are necessary to adapt to a certain environment?" "what is the ecological significance of a certain trait?" and "what and how traits should be changed to improve biomass production?" In particular, we are interested in plant responses to global change.

キーワード /
多様性、進化、系統

植物系統分類学分野



教授
牧 雅之
Masayuki Maki



助教
米倉 浩司
Koji Yonekura



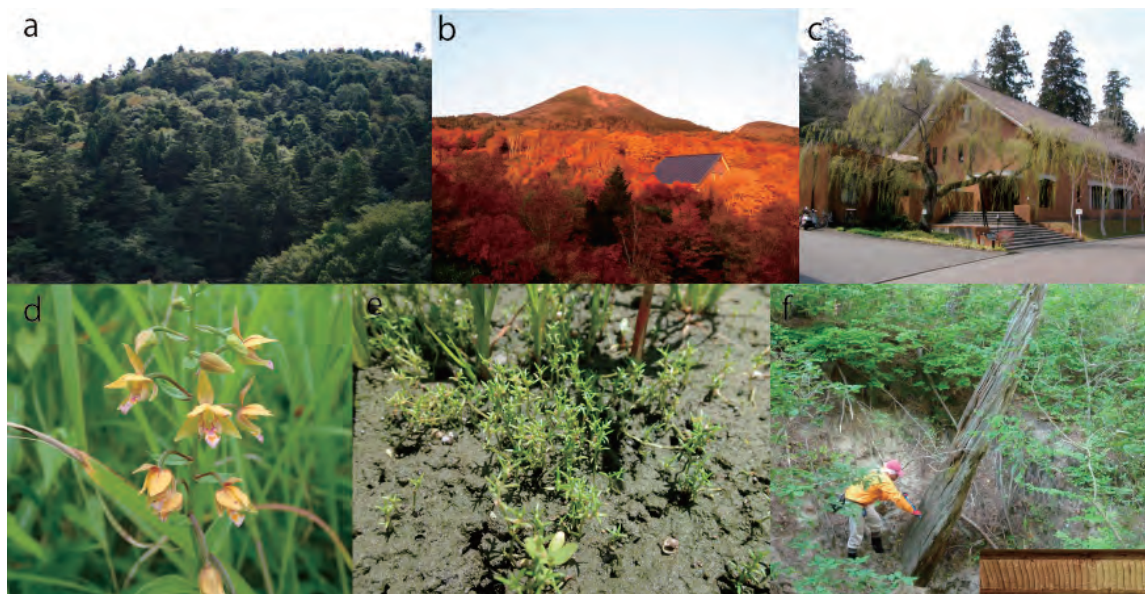
助教
大山 幹成
Motonari Ohyama

陸上植物の多様性・進化・保全に多角的にアプローチする

陸上植物はきわめて多様な進化を遂げている。現存の植物から得られるデータを用いて、過去に起きた進化や今まさに起きつつある進化について考察することは、植物の多様性を理解する上で重要な課題の一つである。当分野では、陸上植物種の系統関係の推定、形態や生態の多様性が生じるメカニズムの解明と科学的記載、日本の植物相を構成する種の過去の分布変遷や気候変動と陸上植物の構造の相関の解明を目指している。また、植物の多様性を理解するうえ

では、基礎的な情報の蓄積が欠かせない。植物園本園には日本でも有数の標本庫があり、研究に広く利用されている。また、同時に人間活動の活発化による野生植物の保全を目指した研究も行っている。

本研究室は、仙台市川内にある植物園本園と青森県八甲田山にある八甲田分園の2カ所のスタッフで構成され、恵まれたフィールドを活用して研究教育活動を行っている。



a: 本園のモミ林 (国天然記念物) b: 八甲田分園 c: 記念館 (標本庫) d: 温帯生草本カキラン e: 津波跡地の稀少植物 f: 猿が森ヒバ埋没林と年輪試料

Using multidisciplinary approaches to study diversity and evolution of plants

Land plants have highly diversified in every place on the earth. To analyze the mechanisms underlying the origin of plant diversity and to describe it from the viewpoint of natural history, we employ a multidisciplinary approach based on molecular phylogenetics, population genetics, morphology, taxonomy, and dendrochronology. In particular, we are currently focusing on population/species level genetic differentiation in wild Asian plants, phylogeny of some angiosperm groups, natural hybridization between Japanese plant species, coevolution of plants and animals/ fungi, plant taxonomical and floristic studies in East Asia, and estimation of past climate fluctuations using tree-ring dating.

We are also studying conservation biology of wild threatened plants in Japan and, based on our results, we are performing ex situ conservation of the plants at the Tohoku University Botanical Garden.

Our laboratory includes staff from the Tohoku University Botanical Garden in Kawauchi, Sendai and a branch garden in Mt. Hakkoda, Aomori. These two gardens are blessed with a natural richness, offering good opportunities for plant biology studies. On the Kawauchi campus, we have a large herbarium (Tsuda Memorial Herbarium) in which over 300,000 specimens, including approximately 100 Holotypes, are deposited.

保全生物学分野

キーワード /

生物多様性保全、生物間相互作用、進化



教授
千葉 聡
Satoshi Chiba



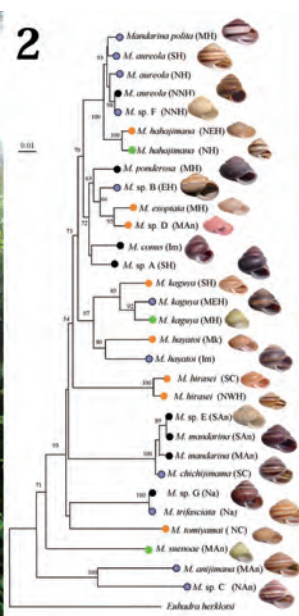
准教授
鹿野 秀一
Shuichi Shikano

生態、進化研究から、保全を目指す

なぜ生物に多様性が生まれ維持されているのか、それを理解することによって、生物の多様性と生態系がどんな価値と機能をもつかを知ることができます。そして生物進化と生態系の仕組みをより深く理解することは、生態系の未来を予測し、それを適切に維持するための方法を開発することにつながります。生態系と生物多様性の価値を明らかにし、それを守るための方法を開発し、適切な保全活動を進めることが、私たちの目標です。

海洋島や大陸内部の湖では、外部から隔離された閉鎖的な環境

条件のため、固有の生物が進化し、独自の生態系が成立しています。このような生物進化の自然の実験場として、特に小笠原諸島とバイカル湖の生物相に注目し、種分化や適応放散のプロセスを研究しています。また、安定同位体比による食物網解析、遺伝子解析など様々な手法を駆使し、湖沼、水田、塩性湖などの湿地生態系の研究に取り組んでいます。細菌からホスト-パラサイト系に至る生物群集の維持機構を明らかにし、湿地生態系の保全に取り組んでいます。



1. 小笠原諸島の森林生態系、2. 小笠原固有陸貝の反復適応放散、3. 内モンゴルの湿地調査、4. バイカル湖の調査と固有ヨコエビ

From evolution and ecology to conservation

How and why did biological diversity evolve as it has and how is that diversity maintained? By answering these questions, we can learn the value and the functions of biological diversity and ecosystems. Gaining a deeper understanding of the mechanisms of evolution and the functions of ecosystems will lead to the development of methods for predicting the future of ecosystems and for properly maintaining them. The goals of the Laboratory of Conservation Biology are to understand the value and the functions of biological diversity and ecosystems, to develop methods to protect these, and to advance appropriate conservation activities.

Our focus is on an endemic biota that has evolved within a closed system, including an oceanic island and inland lake. We investigate processes of speciation and radiation in this natural laboratory. We are researching food web structures, using stable isotopic analysis and genetic analyses, in wetland ecosystems, which include rice fields, inland saline lakes, and freshwater lakes. We have investigated how biological interactions maintain community composition, including host-parasites and bacterial communities, and we have contributed to the conservation of wetland ecosystems.

キーワード /

ゲノム構造解析、ポストゲノム研究、生命情報科学

ゲノム構造機能分野



客員教授
柴田 大輔
Daisuke Shibata



客員教授
長瀬 隆弘
Takahiro Nagase

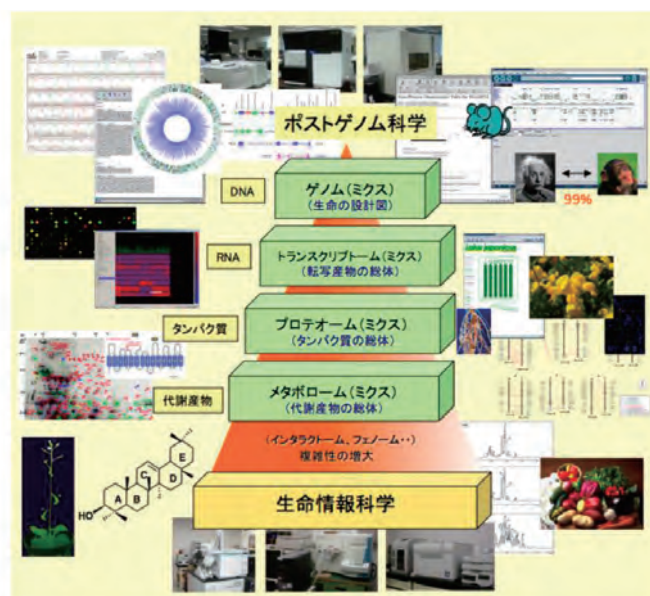


客員准教授
平川 英樹
Hideki Hirakawa

ゲノム構造解析とオミクス研究による生命現象の理解

本分野は、連携講座としてかずさDNA研究所内(千葉県木更津市)に設置されていますので、研究所が蓄積してきた豊富な研究資源の恩恵を受けることができます。私たちは、ヒト、マウス、シロイヌナズナ(モデル植物)、栽培作物や、根粒菌などの微生物を含む様々な生物のオミクス研究を行っています。また、ゲノムやトランスクリプトームに関する情報解析手法やデータベースの構築などバイオインフォマティクスを利用した研究や、工業的なバイオマス生産への応用的なオミクス研究も進めています。

具体的には、質量分析機器を用いて、生物が作り出す様々な成分(代謝産物)の種類、性質を区別することなく網羅的に分析を行うことや、次世代シーケンサーと呼ばれるDNA配列高速解析装置を用いて、環境中の土壌や海水などに含まれる微生物のメタゲノム配列データを取得することなどを行います。これらの解析により得られる膨大な情報をコンピュータで情報処理し、有効な成分や有用な遺伝子を見出すほか、農作物や微生物のゲノム解析を行いその全体像を理解しようとしています。



かずさDNA研究所(背景:千葉県木更津市)とゲノム情報Webページ(図左)、ポストゲノム科学における様々なオミクス研究(図右)

Utilizing genome analysis and post-genomic research to understand life phenomena

As our laboratory is located in the Kazusa DNA Research Institute (Kisarazu, Chiba), we are able to benefit from the wealth of research resources that the institute has accumulated. We have been working on omics studies of various living organisms, including humans, mice, *Arabidopsis thaliana* (model plant), crops, and bacteria (e.g., rhizobia). We have also been working on bioinformatics (e.g., assembly of genome and transcriptome sequences), database construction, and applied studies of omics for industrial biomass production.

We use mass spectrometry to exhaustively analyze various chemical substances produced by living organisms (metabolites) and a next-generation DNA sequencer to obtain meta-genome sequence data for bacteria occurring in soil, marine water, and other environments. We also process an enormous amount of information that has been obtained from the aforementioned analyses in order to get a holistic understanding of the crops and microbes, instead of simply finding out effective ingredients and useful genes.

微生物進化機能開発寄附講座

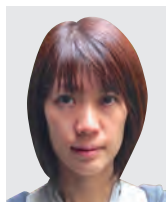
キーワード /
細菌、進化、環境浄化



教授
永田 裕二
Yuji Nagata



助教
加藤 広海
Hiromi Kato



助教
佐藤 優花里
Yukari Sato

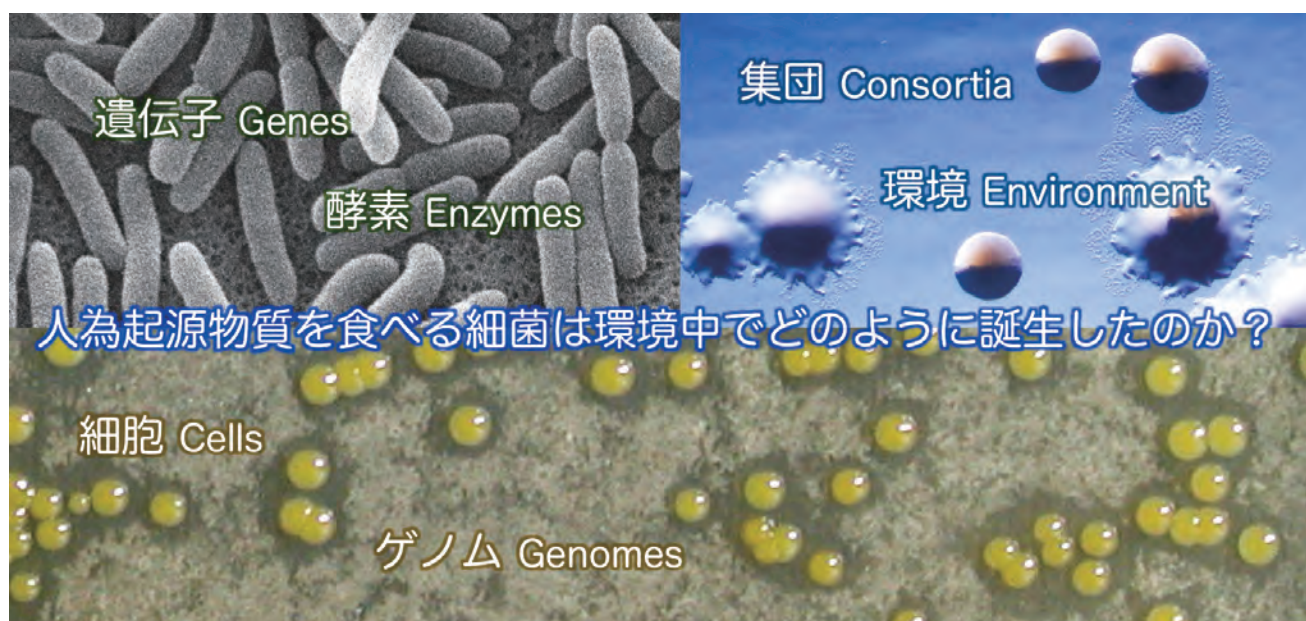
微生物の機能進化機構を理解し、微生物機能開発手法の確立と環境浄化への応用を目指す

環境中には人工的に化学合成した環境汚染物質をも食べてしまう細菌がいる。これまでの研究で、このような細菌がどのような遺伝子・酵素を使い、どのように細胞として分解能力を発揮しているのかが明らかにされてきた。しかし、このような細菌が環境中で比較的短期間で誕生した「過程」は未だ謎に包まれている。

本講座では、このような人為起源難分解性環境汚染物質分解細菌

菌を主な研究対象として、微生物(細菌)の機能進化機構を「遺伝子」・「酵素」・「細胞」・「ゲノム」・「集団」・「環境」の各レベルで理解し、得られる知見を元に、「微生物の未開拓機能開発手法」や「高度難分解性環境汚染物質の浄化法」など新技術の確立を目指す。

本講座は、公益財団法人発酵研究所(IFO)のサポートにより2016年10月に設立された。



人工の農薬を食べる細菌—細菌の機能進化を遺伝子・酵素・細胞・ゲノム・集団・環境の各レベルで理解し、その原理を新しい技術開発に応用

Microbial evolution mechanisms and their application to new technologies

There are bacteria in the environment that consume artificially synthesized recalcitrant environmental pollutants. Previous studies have revealed the types of genes and enzymes that are used by such bacteria and how they exert their degrading ability at the cellular level. However, little is known about the reproductive "process" of these bacteria, which appear relatively quickly in a contaminated environment.

In our laboratory, we will examine the functional evolution mechanisms of such bacteria at the levels of genes, enzymes, cells, genomes, consortia, and the environment. Based on the findings obtained, we aim to develop new technologies to use unexplored microbial functions to clean up recalcitrant environmental pollutants. This laboratory was established in October 2016 with the support of the Institute for Fermentation, Osaka (IFO).

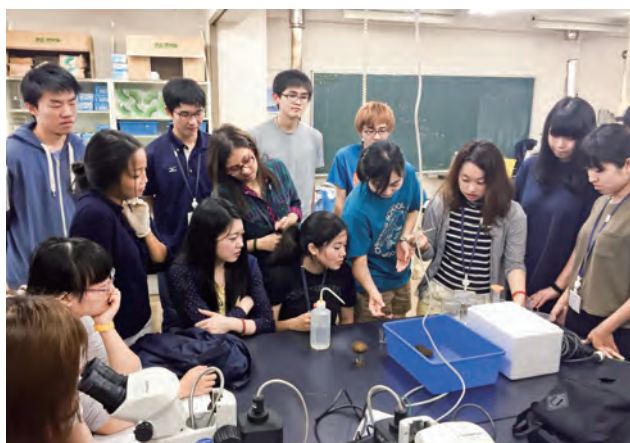
附属浅虫海洋生物学教育研究センター

浅虫海洋生物学教育研究センターは、仙台メインキャンパスから北へ約400キロ離れた青森市随一の温泉地である浅虫に立地する。前身の理学部付属浅虫臨海実験所は、海洋生物相の豊富なこの地に、大正13年(1924年)、東北帝国大学理学部の附属施設として設置され、以後約90年にわたり、独自の研究を推進し、かつ国内・世界各地からの研究者や学生を受け入れ、海洋生物学の研究と教育に貢献してきている。

現在センターでは、発生生物学分野と海洋生態行動学の2つのユニットに分かれて研究を行っており、発生生物学分野では、卵成熟、受精、胚発生、形態形成運動の各過程について、分子レベル・細胞レベルの解析に加え、これら過程の進化機構の解明を目指した研究を行っている。一方、海洋生態行動学分野では、海産無脊椎動物の環境への適応や種分化の過程などを明らかにしようとしている。現在、教授2(1は兼任)、准教授2、助教4の専任スタッフが、各専門分野で

の研究活動を精力的に行っている。

当センターは、暖流・寒流および北方内湾の豊かな生物環境にあり多様な生物が生息し、宿泊施設を含めた施設が充実していることもあり、平成23年度より文部科学省の教育関係共同利用拠点施設に認定されている。以来専任スタッフが海洋生物学教育の推進を図っている。毎年、本学理学部実習、全国公開臨海実習、本学基礎ゼミ、他大学実習、国際臨海実習、小中高生対象の実習を開催している他、国内外の研究施設から卒業論文、修士・博士論文作成の学生・院生の利用を広く受け入れている。センター利用者は研究者・学生を合わせて年間延べ約2,500名に至る。また、他大学・研究所の研究・教育施設、高等学校の研究・教育のために生物材料の供給もしており、その量・種類は我が国随一である。



Asamushi Research Center for Marine Biology

In 1924, the Asamushi Center was established as an extension facility of the Tohoku Imperial University's Biological Institute, in order to contribute to basic marine biology research and provide marine biology courses for students. It was established in the Asamushi hot spring resort, an area along Mutsu bay in the northern end of Japan's main island. This location was chosen by the founder, Prof. Hatai, from amongst several other candidates, as it was the richest place for marine life in the Tohoku area. With the benefit of such a location, many local marine invertebrate species (e.g., Hydrozoa, Brachiopoda, Mollusca, Crustacea, Echinodermata, Hemichordata, and Urochordata) have been used over the years for research and education. The center itself has experienced several changes since its establishment, including a large-scale renovation (1986–1987) of the research building, the dormitory, and the boathouse, as well as a renaming of the facility, with the latest renaming occurring in 2011 following its qualification by the Ministry of Education as a center of education. Through the years, reflecting Prof. Hatai's and others'

ambitions, intentions and desires, the center has accomplished numerous research achievements, welcomed a countless number of international and domestic researchers, and provided marine biology courses for students, from Tohoku University and other places (mainly from the Tohoku area).

The Asamushi Center's current research projects can be mainly grouped into two areas: developmental biology and behavioral ecology. In the developmental biology unit, we are interested in understanding molecular and cellular mechanisms, as well as evolutionary aspects, of early development (e.g., egg maturation, fertilization, embryogenesis) of marine invertebrates. The behavioral ecology unit utilizes ecological and ethological studies to elucidate the processes of adaptation, speciation, and evolution concerning the transition to land of marine invertebrate species. Our strong belief is, and always has been, that the key to unraveling the mystery of life phenomenon and evolution lies in the sea, where life began, through the study of marine animals.

東北大学包括的脳科学研究・教育推進センター

東北大学は沢山の脳科学研究者を擁しております。研究の特徴は多彩で豊富な研究内容であり、いわゆる理系とか文系とかいう垣根を越えた広い視野から、多様な研究手法を使って脳のはたらきとその仕組みを探索しております。国際的に極めて高い評価の研究が行われ、その研究成果を世界に向けて発信し続けております。本学の脳研究のもう1つの特色は、各研究科・研究所で展開される基礎と応用研究は、大学病院における臨床研究とも連携して最先端研究を進めることが可能なことです。この総合大学の利点を活かして重層的、かつ機動的な研究展開が行われております。

東北大学包括的脳科学研究・教育推進センターはかかる特色を持つ東北大学の脳科学研究と人材育成を包括的に推進する組織として、2010年12月に大学院生命科学研究科内に設立されました。本センターは、2007年-20011年度に本学で実施された文部科学省のグローバルCOEプログラム課題「脳神経科学を社会へ還流する教育研究拠点」の理念も生かしつつ、医学・生命科学領域中心の脳科学研究者組織を、文学、理学、工学、農学、薬学研究科などに所属する研究者までもが集う全学規模のコミュニティに発展させたものであり、様々な学問の統合科学として進化しつつある新しい脳科学の研究と教育の実践を支援する組織です。

当センターの活動目的は以下の3点に要約されます。

- 1) 学部学生から大学院学生まで一貫して脳科学の知識を包括的に提供し、世界レベルで活躍できる人材

の育成を図り、研究社会や一般社会に送り出すこと。

- 2) 優れた研究者の集う本学のポテンシャルを十分発揮するため、研究科の枠を取り払った共同研究を推進し、同時に国際共同研究を推進すること。
- 3) 得られた先端研究の成果を、地域はもちろん、広く国内・外に発信し、社会に還元すること。

このようなセンターの取り組みを通して我が国全体の脳科学の発展にも大いに貢献することを目指しております。



Comprehensive Center for Brain Science Research and Education, Tohoku University

Tohoku University boasts of many brain science researchers who carry out excellent research activities in a wide variety of subjects. Research in these areas is conducted with diverse perspectives that go beyond the traditional walls of "science" and the "humanities" and use a wide range of research methods to understand the working and mechanisms of the brain. The results of this high level of international research are continually being disseminated globally. The Comprehensive Center for Brain Science Research and Education was established in December 2010 to promote the development of human resources and brain science research at Tohoku University by providing a stable educational structure and encouraging the pursuit of research by researchers, undergraduate and graduate students, and faculty members from a variety of schools and graduate schools within the university. Building on the philosophy of the Tohoku Neuroscience Global COE Program: "Basic & Translational Research Center for Global Brain Science," a global COE program from the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology implemented at Tohoku University from 2007 to 2011, the Center was established by an organization of brain science researchers, mainly from the medicine and life science fields. The Center has become a university-wide community of researchers

of different fields, including the humanities, the sciences, engineering, agriculture, and the pharmaceutical sciences.

Activities at the Center aim to accomplish the following three major objectives:

1. Consistently provide comprehensive knowledge of brain science to undergraduate and graduate students, promote the development of human resources, and send researchers and individuals capable of succeeding in the global arena into the research community and into society.
2. Fully maximize the potential of the university, which is host to many excellent researchers, and promote joint interdisciplinary research beyond departmental boundaries within the university as well as international collaborations with researchers outside the university.
3. Disseminate the results of advanced research to the community, as well as throughout Japan and abroad, and benefit society with the Center's achievements.

Through these initiatives, we strive to make significant contributions to the development of brain science in Japan.

生態適応センター

温暖化などの地球環境変化はもはや避けられず、今世紀には生態系が激変すると懸念されています。生態系は食糧供給や気候調節など様々な機能をもち人間社会に多大な恩恵をもたらしていますが、それら生態系サービスを維持するためには、従来の決定論的で自然克服型の技術だけでは不十分であり、生物や生態系が本来持っている適応力を利用した管理・保全対策が必要です。

生命科学研究所が中心となった文部科学省のグローバルCOEプログラム「環境激変への生態系適応に向けた教育研究」(2008－2012年度)では、我が国における生態学トップクラスの研究者の特色ある業績を活かして「生態系適応科学」という新分野が確立され、その先端的研究者および社会的・国際的にその実践を担う人材(生態系環境人材、Professional Ecosystem Manager、PEM)の育成が行われました。また、「環境機関コンソーシアム」を通して国際機関や企業、政府、自治体、NGOなどと連携して、保全活動、共同研究、

人材育成が行われました。

生態適応センターは、これらの活動を継続しさらに発展させるために2013年3月に生命科学研究所内に設立され、以下の取り組みを行っています。

1. 学位に加えて環境分野で実践的に活躍できる人材育成プログラムの継続。
2. 国際機関や企業、政府、自治体などと形成した環境機関コンソーシアムを維持し、これを通じた教育・共同研究とアウトリーチの推進。
3. 競争的研究資金を獲得し、分野融合的な研究を行うとともに、国際機関や海外の連携研究機関との共同研究の推進。

これらの取り組みを通して、分野融合的かつ国際的な研究の推進や、地球規模の環境変動に関わる国際的な社会貢献を目指しています。



図1:生態系適応科学の教科書。当センターウェブページからダウンロードできます。
(A textbook of ecosystem adaptability science. You can download it from the website of the Ecosystem Adaptability Center.)



図2:PEMプログラムの授業(Class of PEM program)



図3:東日本大震災後の生態系モニタリング
(Ecosystem monitoring after Great East Japan earthquake)

Ecosystem Adaptability Center

Growing concerns exist regarding violent ecosystem alterations that will result from inevitable environmental changes, such as global warming. In order to maintain healthy ecosystems and human ecosystem services there is a need to move beyond a deterministic, nature-conquering strategy and adopt new techniques in ecosystem management and conservation that utilize ecosystem adaptability to climate change.

In a Global COE (Center of Excellence) program, "Center for ecosystem management adapting to global change" (2008–2012), a new field called "ecosystem adaptability science" was established. In this field, top-class researchers collect and discuss a wide range of research results pertaining to ecosystem adaptability. This group fosters the education of researchers and environmental professionals that will practice ecosystem adaptability science both locally and globally (Professional Ecosystem Managers, PEMs). The group also established the Consortium of Environmental Organizations, which is comprised of individuals from industry, government, and academia as well as private citizens that will

participate in activities to make ecosystem adaptability science widely known and practiced in society.

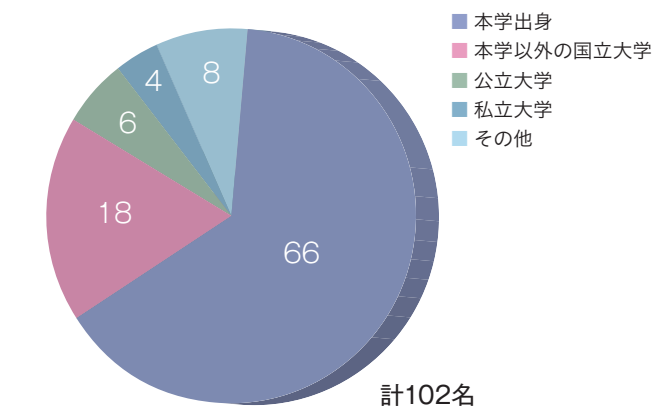
The Ecosystem Adaptability Center was established in the Graduate School of Life Science in March 2013 to undertake and advance the activities of the COE program. The Center will implement the following:

1. Provide an educational program to develop human resources who will implement nature conservation and environmental measures.
2. Maintain the Consortium of Environmental Organizations whose primary objective will be to promote education, collaborative research, and outreach activities.
3. Acquire competitive funding, conduct interdisciplinary research, and promote collaboration with foreign research institutions.

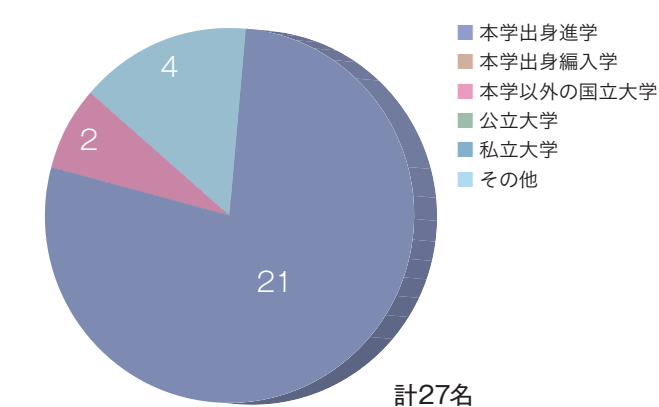
We aim to promote interdisciplinary and international research and to make an international social contribution in the face of global environmental changes.

入学者・進学者数 [平成28年度]

博士課程前期2年の課程

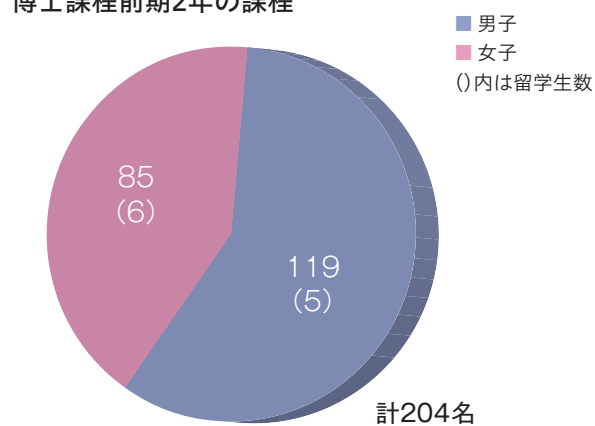


博士課程後期3年の課程

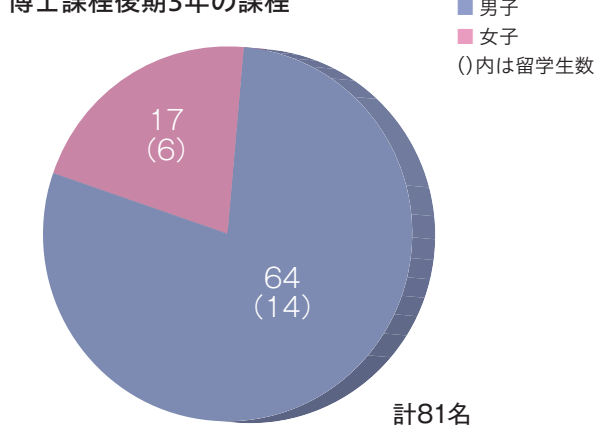


在学生男女別人数 [平成29年3月1日現在]

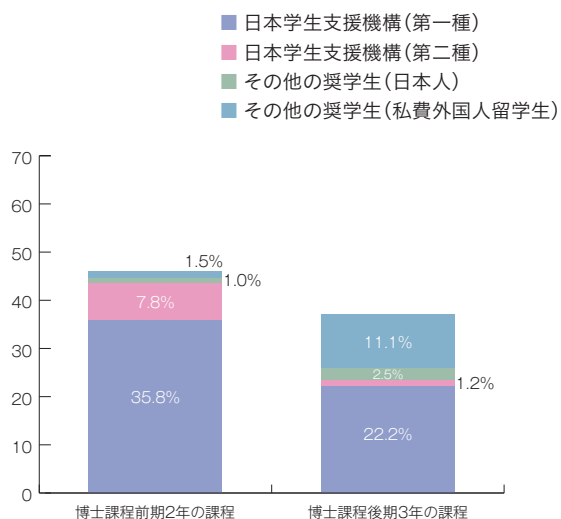
博士課程前期2年の課程



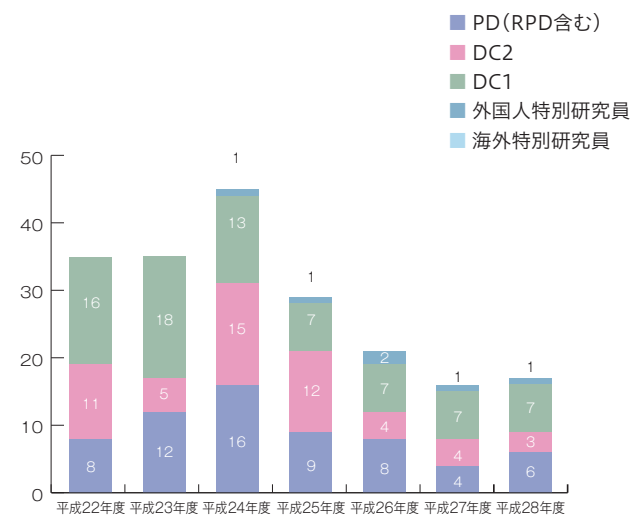
博士課程後期3年の課程



奨学生採用状況 [平成28年度]

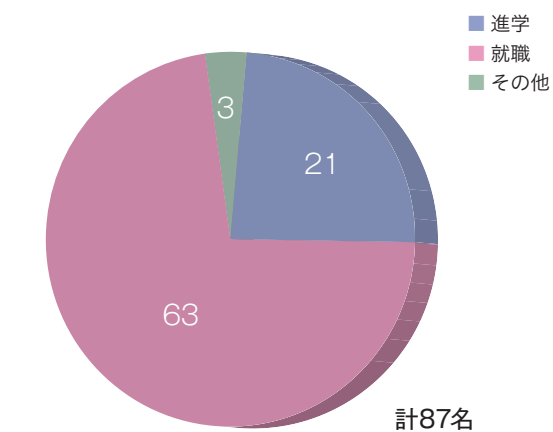


日本学術振興会特別研究員の受入状況



平成27年度修了者の進路状況 [平成28年5月1日現在]

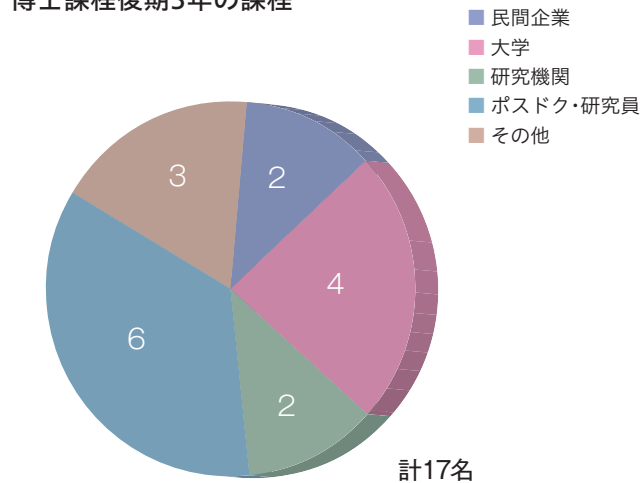
博士課程前期2年の課程



就職先内訳(内容検討)

製造業	28
情報通信業	8
卸売・小売業	4
金融・保険業	1
医療・福祉	1
教育・学習支援業	2
学術研究 専門・技術サービス業	9
その他サービス業	1
公務	4
不動産系・物品賃貸業	1
運輸・郵便業	1
宿泊業・印刷サービス業	1
複合サービス事業	2
計	63

博士課程後期3年の課程



キャンパス分布図 [国 内]

Campus map [Internal]



生物棟 (青葉山)
Biology Building (Aobayama Campus)



生命科学研究科
プロジェクト総合研究棟 (片平)
Life Sciences Project Research Laboratory
(Katahira Campus)



青森
Aomori
仙台
Sendai
木更津
Kisarazu



附属浅虫海洋生物学教育研究センター
Asamushi Research Center for Marine Biology



かずさDNA研究所
Kazusa DNA Research Institute

キャンパス分布図 [仙台市内]

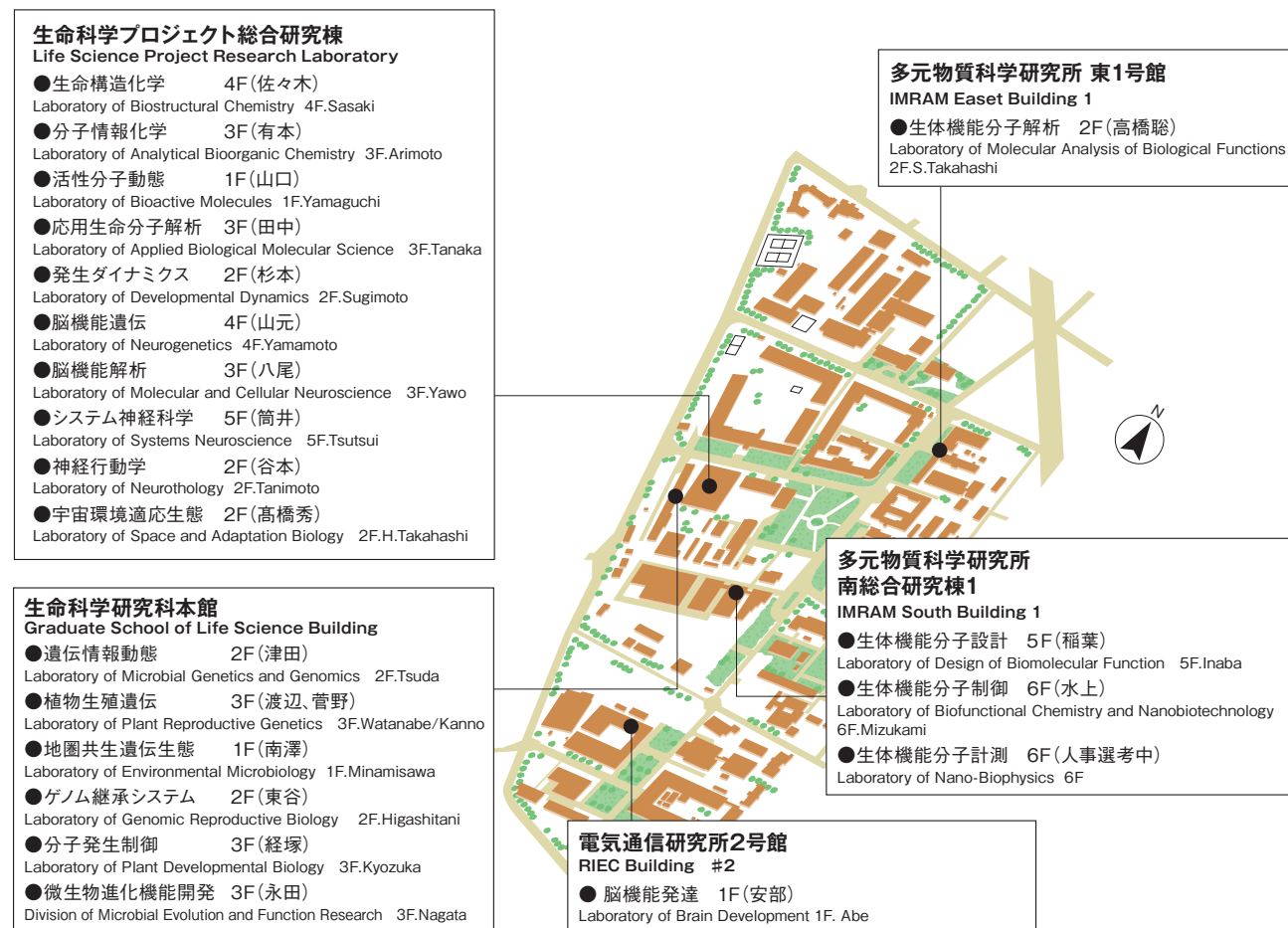
Campus distribution map [Sendai city]



片平キャンパス

所在地:仙台市青葉区片平

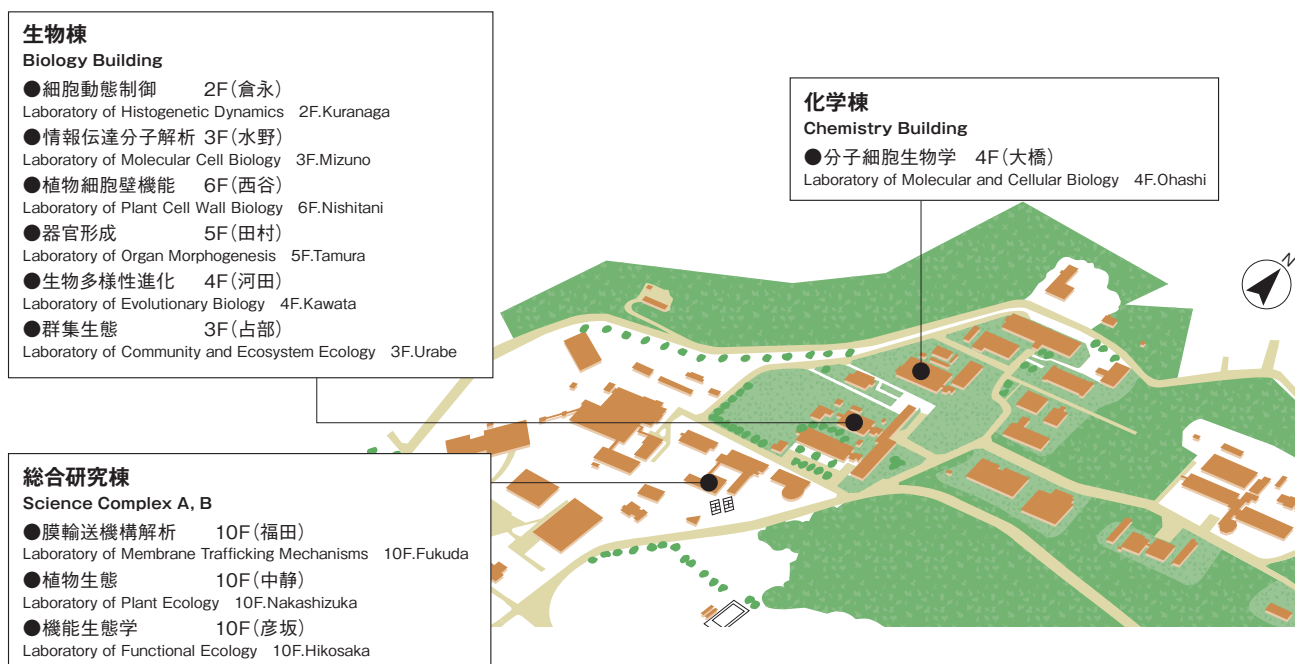
Katahira Campus



青葉山キャンパス

所在地:仙台市青葉区荒巻字青葉

Aobayama Campus



川内キャンパス

所在地: 仙台市青葉区川内

Kawauchi Campus

東北アジア研究センター
Center for Northeast Asian studies
●保全生物学 (千葉聡)
Laboratory of Conservation Biology Chiba

植物園
Botanical Gardens
●植物系統分類学 (牧)
Laboratory of Plant Taxonomy and Phylogenetics Maki



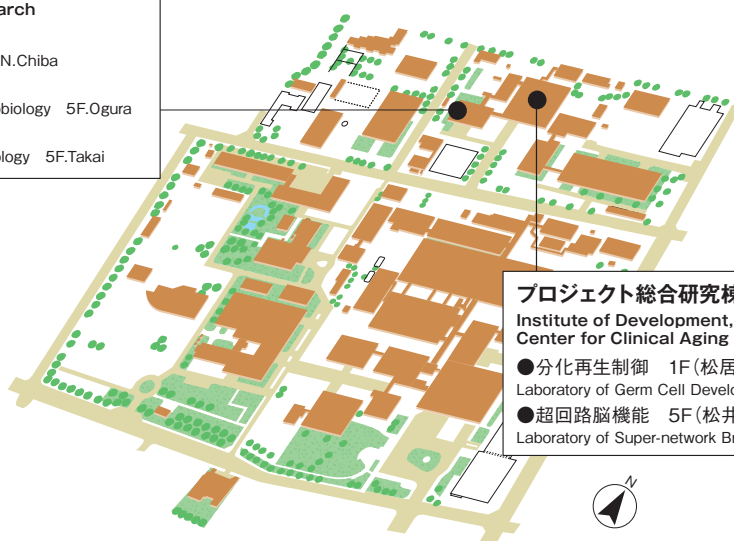
星陵キャンパス

所在地: 仙台市青葉区星陵町

Seiry Campus

加齢医学研究所研究棟
Institute of Development, Aging and Cancer,
Center for Basic Aging Research
●腫瘍生物学 7F(千葉奈)
Laboratory of Cancer Biology 7F.N.Chiba
●神経機能制御 5F(小椋)
Laboratory of Developmental Neurobiology 5F.Ogura
●遺伝子導入 5F(高井)
Laboratory of Experimental Immunology 5F.Takai

プロジェクト総合研究棟
Institute of Development, Aging and Cancer,
Center for Clinical Aging Research
●分化再生制御 1F(松居)
Laboratory of Germ Cell Development 1F.Matsui
●超回路脳機能 5F(松井)
Laboratory of Super-network Brain Physiology 5F.Matsui



附属浅虫海洋生物学教育研究センター

所在地：青森市浅虫坂本9番地

Asamushi Research Center for Marine Biology

TEL 017-752-3388 <http://www.biology.tohoku.ac.jp/lab-www/asamushi/>



かずさDNA研究所

所在地：千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7

Kazusa DNA Research Institute

TEL 0438-52-3900 <http://www.kazusa.or.jp/>

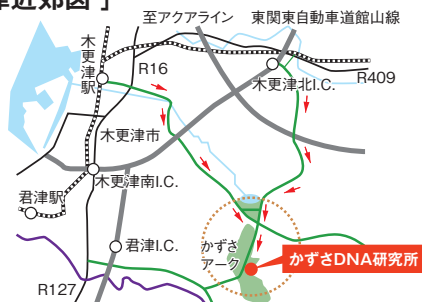
[関東広域地図]



[周辺地図]

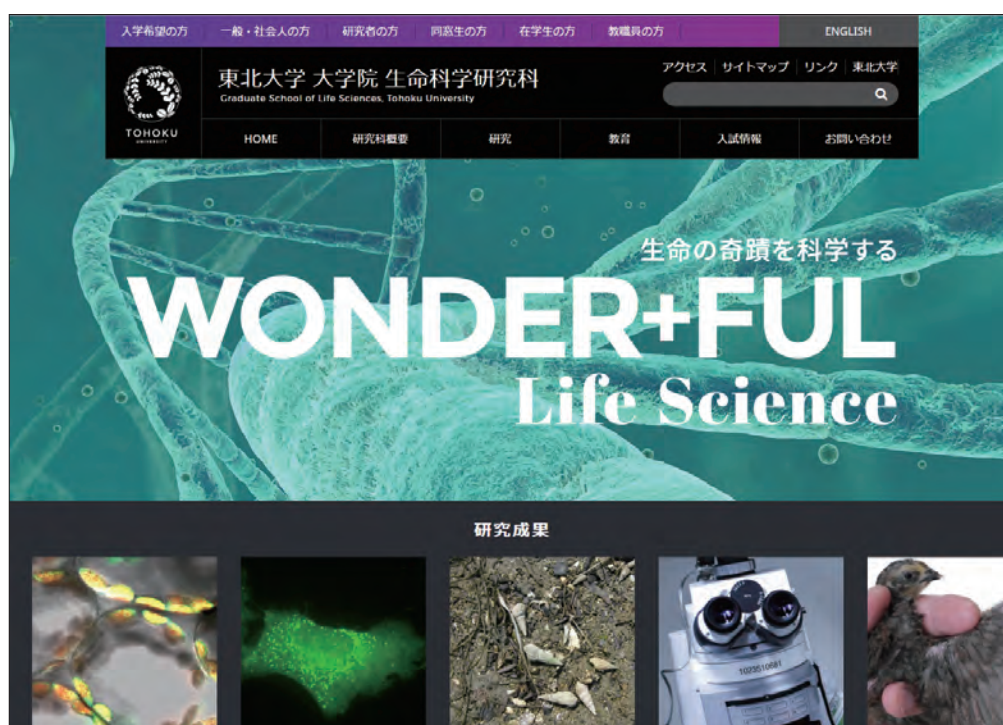


[木更津近郊図]



ウェブサイト

東北大学大学院生命科学研究科では、ウェブサイトにて情報を発信しております。
研究分野や入試の情報等、随時更新し、生命科学研究科の概要をまとめた動画も掲載しております。ぜひご覧ください。



<http://www.lifesci.tohoku.ac.jp/>



東北大学 大学院生命科学研究科

〒 980-8577 仙台市青葉区片平 2-1-1

TEL : 022-217-5702

FAX : 022-217-5704

URL : www.lifesci.tohoku.ac.jp/

