

東北大学 大学院 生命科学研究科
2018 GRADUATE SCHOOL OF LIFE SCIENCES,
TOHOKU UNIVERSITY

生命科学研究科とは

21世紀のライフサイエンスはめざましい発展を続けています。その一方で、私たちを取り巻く社会は、地球規模の温暖化、生物多様性の喪失、人口増加、急速な高齢化など、さまざまな問題に直面しています。生命科学研究科はライフサイエンスの研究・教育を推進することにより、これら諸問題の解決ならびに生命のさらなる探求に挑みます。

本研究科は、「こころと体を制御するしくみの解明をめざす、脳生命統御科学専攻 (Integrative Life Sciences)」、「環境変動下における細胞・生物個体から生態系までの維持機構の解明をめざす、生態発生適応科学専攻 (Ecological Developmental Adaptability Life Sciences)」、「分子が生命体内で働く仕組みから生命制御の方法を解明する、分子化学生物学専攻 (Molecular and Chemical Life Sciences)」の3つの専攻で構成されています。それぞれの専攻では、最先端の研究・教育を通して、ライフサイエンスに関する幅広い知識と研究力をもち、さまざまな方面で活躍できるグローバルリーダーを育成します。また、産業界において指導的立場で活躍する博士バイオ人材を育成するために、専攻横断的な「バイオ人材育成カリキュラム」が設けられています。

What is the Graduate School of Life Sciences?

21st century life sciences are continuing to experience remarkable development. On the other hand, the society we live in is facing a multitude of problems, including global warming, loss of biodiversity, increasing population, and a rapidly aging population. The Graduate School of Life Sciences, through promotion of research and education, strives to solve these problems and delve further into exploration of life.

This graduate school comprises 3 majors: Integrative Life Sciences: “aims to clarify the mechanisms that control the mind and body”, Ecological Developmental Adaptability Life Sciences: “aims to clarify the mechanisms that maintain life from cells and biological organisms to ecosystems in changing environments”, and Molecular and Chemical Life Sciences: “aims to clarify methods of controlling life based on the working mechanisms of molecules within living bodies”. In each of these majors, we cultivate global leaders with a broad range of knowledge and research skills in life sciences, who are active in various fields. We have also set up cross-sectoral research majoring in “curriculums to foster human resources in bioscience” to cultivate PhD graduates in the field of bioscience who will be active in leadership positions in the industry.

Contents

01	生命科学研究科とは	What is the Graduate School of Life Sciences?
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29年度 教員受賞一覧	Awards
12	脳生命統御科学専攻	Department of Integrative Life Sciences
26	生態発生適応科学専攻	Department of Ecological Developmental Adaptability Life Sciences
42	分子化学生物学専攻	Department of Molecular and Chemical Life Sciences
61	附属施設 および 研究センター	Facility and Research Center
63	資 料	Data
65	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

東北大学大学院生命科学研究科は、平成13年に旧来の学部大学院・研究所の枠を越えて、3専攻、計36分野からなる独立研究科として発足しました。分子から細胞、個体、環境から生態までのライフサイエンスにおける広範な領域を総合的に1か所で網羅し、広く国内外から多彩な大学院学生を受け入れ、研究教育を行ってきました。この間、本研究科が中心となって専攻横断的に取組んだ2つのGCOE拠点形成プログラム「脳神経科学を社会へ還流する教育研究拠点 脳科学GCOE」と「環境激変への生態系適応に向けた教育研究拠点 生態適応GCOE」が採択されるなど、研究教育で高い評価を受け実績を伸ばしてきました。卒業生は1,900名を超え、うち359名が博士学位を授与され、国内並びに海外の大学・研究所、民間企業、行政機関等において、それぞれ大いに活躍しています。

このように本研究科は、本学のライフサイエンスの中核的ハブ拠点として成長し、研究教育に大きな成果を上げてきましたが、従来の活動を単に継続するだけでは、その責務を十分に果たせない状況も生まれてきました。ライフサイエンス研究は、近年、飛躍的に発展し、多くの新たな生命の神秘の解明がなされてきましたが、これらは次なる未知の課題を提示し、専門性をより高度に高めた研究が求められています。さらに、温暖化、環境破壊に伴う生物多様性の喪失、急速な高齢化など、新たに全地球レベルで対応しなければならない課題が、21世紀に入って益々クローズアップされてきました。これらの状況の中で求められる人材は、今後の社会情勢のなかでクリエイティブな発想力が必要とされます。

しかしながら、設立当初の枠組みからなる体制では、「分子・細胞レベル」、「個体レベル」、「環境・生態系レベル」の3階層に分断された構成になっており、時代の要請に十分こたえる領域の枠組みになっていません。そこで、「生命現象の包括的・統合的な理解」と「人類の福祉への貢献」の両立を目指して、「脳生命統御科学」、「生態発生適応科学」、「分子化学生物学」の3つの専攻に改編しました。これら3領域は、生命科学の中心的な領域として進展する分野であると同時に、健康・医療、地球環境問題下における持続的社会の構築、農林水産・食糧問題という社会的、産業的ニーズに応えるものです。生命、環境、情報、及び研究に関する倫理教育を徹底し、自ら設定した課題をもとに高度な最先端の専門性を修得しながら、課題解決に至る教育研究の体系に改編しました。

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」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国内外の多彩な若人に門戸を開いています。

平成30年4月1日

The Tohoku University Graduate School of Life Sciences was inaugurated in 2001 as an independent graduate school that went beyond the traditional framework of faculty-based graduate programs and institutions, comprising 3 majors in a total of 36 different fields of research. The broad field of life sciences, ranging from molecules to cells, individuals, the environment to ecosystems, is integrated at a single location for research and education, with a diverse group of graduate students accepted from both Japanese and overseas universities. During this period, our research and education have been highly regarded and our students have excelled with achievements, with this graduate school forming the central focus of the adoption of two GCOE programs combining cross-sectoral subjects: the Tohoku Neuroscience GCOE Basic and Translational Research Center for Global Brain Science and the Tohoku Ecosystem Adaptability GCOE Research and Education for Ecosystem Adaptability. There are more than 1,900 graduates, 359 of whom have received doctorates, who are highly active in both Japanese and overseas universities and research institutes, private enterprise, and government organizations.

Thus, the graduate school has grown as a central hub for life sciences in this university, and has generated significant results for research and education. However, simply continuing our previous activities will not enable us to adequately fulfill our responsibilities. Life science research has developed dramatically in recent years and has elucidated many new mysteries of life, but these subsequently present previously unknown issues require expertise in increasingly highly sophisticated research. Furthermore, issues that must be dealt with at a global level, including global warming, loss of biodiversity associated with environmental destruction, and rapid aging of the society came increasingly into sharp focus as we entered the 21st century. The human resources required in this situation need creative imaginations to work in the social conditions of the future.

However, the system formed from the framework when the school was first established consists of a configuration divided into 3 levels: molecular and cellular level, individual level, and environmental, ecosystem level, but this framework no longer adequately responds to the needs of the time. This is the reason this school was reorganized into the 3 major fields of study: Integrative Life Sciences, Ecological Developmental Adaptability Life Sciences, and Molecular and Chemical Life Sciences, aiming to achieve compatibility between “comprehensive and integrated understanding of life phenomena” and “contribution to the welfare of humans”. These 3 major fields of study are advancing fields centered around life sciences, while simultaneously responding to social and industrial needs, including health and medicine, building a sustainable society while facing global environmental issues, and agriculture, forestry, fishery, and food problems. The curriculum was reorganized into a system of education research aiming to resolve problems while acquiring advanced cutting-edge expertise based on the challenges set by the school, with thorough provision of ethics education relating to life, environment, information, and research. Tohoku University will continue to open its doors to a diverse range of young people from Japan and overseas, to engage in world-ranking research while studying life sciences, as part of the goal of Tohoku University to be a “community of knowledge open to the world where people gather to learn and create”.

April 1, 2018

脳生命統御科学専攻			Integrative Life Sciences				
神経ネットワーク講座						Brain and Nervous System	
神経行動分野	Neuroethology	教 授	Professor	谷本 拓	Hiromu Tanimoto		
		准 教 授	Associate Professor	山方 恒宏	Nobuhiro Yamagata		
脳機能遺伝分野	Neurogenetics	教授(兼)	Professor	東谷 篤志	Atsushi Higashitani		
		客員教授	Visiting Professor	山元 大輔	Daisuke Yamamoto		
		准 教 授	Associate Professor	小金澤雅之	Masayuki Koganezawa		
脳機能発達分野	Brain Development	教 授	Professor	安部健太郎	Kentaro Abe		
脳神経システム分野	Systems Neuroscience	教 授	Professor	筒井健一郎	Ken-ichiro Tsutsui		
細胞ネットワーク講座						Cellular Network	
膜輸送機構解析分野	Membrane Trafficking Mechanisms	教 授	Professor	福田 光則	Mitsunori Fukuda		
		助 教	Assistant Professor	藤田 尚信	Naonobu Fujita		
発生ダイナミクス分野	Developmental Dynamics	教 授	Professor	杉本亜砂子	Asako Sugimoto		
		助 教	Assistant Professor	春田 奈美	Nami Haruta		
		助教(兼)	Assistant Professor	丹羽 伸介	Shinsuke Niwa		
超回路脳機能分野	Super-Network Brain Physiology	教 授	Professor	松井 広	Ko Matsui		
		講 師	Lecturer	石塚 徹	Toru Ishizuka		
		助教(兼)	Assistant Professor	常松 友美	Tomomi Tsunematsu		
分化制御ネットワーク講座						Developmental Regulation Network	
分化再生制御分野	Germ Cell Development	教 授	Professor	松居 靖久	Yasuhisa Matsui		
		助 教	Assistant Professor	林 陽平	Yohei Hayashi		
腫瘍生物学分野	Cancer Biology	教 授	Professor	千葉奈津子	Natsuko Chiba		
		助 教	Assistant Professor	吉野 優樹	Yuki Yoshino		
神経機能制御分野	Developmental Neurobiology	教 授	Professor	小椋 利彦	Toshihiko Ogura		
		助 教	Assistant Professor	久保 純	Atsushi Kubo		
		助 教	Assistant Professor	松本 健	Ken Matsumoto		
協力教員						Cooperative faculties	
神経発生生物学分野	Developmental Neuroscience	教 授	Professor	大隅 典子	Noriko Osumi		
分子腫瘍学分野	Molecular Oncology	教 授	Professor	田中 耕三	Kozo Tanaka		
遺伝子導入分野	Experimental Immunology	教 授	Professor	高井 俊行	Toshiyuki Takai		

生態発生適応科学専攻			Ecological Developmental Adaptability Life Sciences		
個体ダイナミクス講座			Biological Dynamics		
植物発生分野	Plant Development	教 授	Professor	経塚 淳子	Junko Kyojuka
		助 教	Assistant Professor	檀本 悟史	Satoshi Naramoto
組織形成分野	Histogenetic Dynamics	教 授	Professor	倉永英里奈	Erina Kuranaga
		助 教	Assistant Professor	梅津 大輝	Daiki Umetsu
		助教(兼)	Assistant Professor	中嶋悠一朗	Yuichiro Nakajima
環境応答分野	Plant Sensory and Developmental Biology	教 授	Professor	高橋 秀幸	Hideyuki Takahashi
		准 教 授	Associate Professor	藤井 伸治	Nobuharu Fujii
		助 教	Assistant Professor	小林 啓恵	Akie Kobayashi
		助教(兼)	Assistant Professor	児島 征司	Seiji Kojima
動物発生分野	Organ Morphogenesis	教 授	Professor	田村 宏治	Koji Tamura
		助 教	Assistant Professor	阿部 玄武	Gembu Abe
		助教(兼)	Assistant Professor	齋藤 大介	Daisuke Saito
植物細胞壁分野	Plant Cell Wall Biology	教 授	Professor	西谷 和彦	Kazuhiko Nishitani
		講 師	Lecturer	横山 隆亮	Ryusuke Yokoyama
		助 教	Assistant Professor	黒羽 剛	Takeshi Kuroha
生態ダイナミクス講座			Ecological Dynamics		
水圏生態分野	Aquatic Ecology	教 授	Professor	占部城太郎	Jotaro Urabe
		助 教	Assistant Professor	牧野 渡	Wataru Makino
機能生態分野	Functional Ecology	教 授	Professor	彦坂 幸毅	Kouki Hikosaka
		助 教	Assistant Professor	小口 理一	Riichi Oguchi
進化生物分野	Evolutionary Biology	教 授	Professor	河田 雅圭	Masakado Kawata
		准 教 授	Associate Professor	牧野 能士	Takashi Makino
		助 教	Assistant Professor	丸山真一朗	Shinichiro Maruyama
統合生態分野	Ecological Integration	教 授	Professor	近藤 倫生	Michio Kondoh
		准 教 授	Associate Professor	酒井 聡樹	Satoshi Sakai
		助 教	Assistant Professor	饗庭 正寛	Masahiro Aiba
多様性ダイナミクス講座			Biodiversity Dynamics		
植物進化多様性分野	Plant Diversity and Evolution	教 授	Professor	牧 雅之	Masayuki Maki
		助 教	Assistant Professor	米倉 浩司	Koji Yonekura
		助 教	Assistant Professor	大山 幹成	Motonari Ohyama
生物多様性保全分野	Conservation Biology	教 授	Professor	千葉 聡	Satoshi Chiba
		准 教 授	Associate Professor	鹿野 秀一	Shuichi Shikano
海洋生物多様性分野	Marine Biodiversity	教 授	Professor	熊野 岳	Gaku Kumano
		教授(兼)	Professor	占部城太郎	Jotaro Urabe
		准 教 授	Associate Professor	美濃川拓哉	Takuya Minokawa
		助 教	Assistant Professor	武田 哲	Satoshi Takeda
		助 教	Assistant Professor	中本 章貴	Ayaki Nakamoto
生態複合ダイナミクス講座			Eco-Socio Dynamics		
生態系機能分野	Ecosystem Functions	客員教授	Visiting Professor	中静 透	Toru Nakashizuka
協力教員			Cooperative faculties		
生命情報システム科学分野	Systems Bioinformatics	教 授	Professor	木下 賢吾	Kengo Kinoshita

分子化学生物学専攻			Molecular and Chemical Life Sciences			
ケミカルバイオロジー講座						Chemical Biology
分子情報化学分野	Analytical Bioorganic Chemistry	教 授	Professor	有本 博一	Hirokazu Arimoto	
		助 教	Assistant Professor	一刀かおり	Kaori Itto	
生命構造化学分野	Biostructural Chemistry	教 授	Professor	佐々木 誠	Makoto Sasaki	
活性分子動態分野	Bioactive Molecules	教 授	Professor	山口信次郎	Shinjiro Yamaguchi	
		助 教	Assistant Professor	増口 潔	Kiyoshi Mashiguchi	
分子細胞生物分野	Molecular and Cellular Biology	教 授	Professor	大橋 一正	Kazumasa Ohashi	
		准 教 授	Associate Professor	安元 研一	Ken-ichi Yasumoto	
		助 教	Assistant Professor	山下 和成	Kazunari Yamashita	
応用生命分子解析分野	Applied Biological Molecular Science	教 授	Professor	田中 良和	Yoshikazu Tanaka	
		准 教 授	Associate Professor	小川 智久	Tomohisa Ogawa	
		助 教	Assistant Professor	松井 崇	Takashi Matsui	
分子ネットワーク講座				Molecular and Network Genomics		
微生物遺伝分野	Microbial Genetics and Genomics	教 授	Professor	津田 雅孝	Masataka Tsuda	
		准 教 授	Associate Professor	大坪 嘉行	Yoshiyuki Otsubo	
微生物共生分野	Microbial Symbiosis	教 授	Professor	南澤 究	Kiwamu Minamisawa	
		准 教 授	Associate Professor	三井 久幸	Hisayuki Mitsui	
植物分子育種分野	Plant Molecular Breeding	助 教	Assistant Professor	菅原 雅之	Masayuki Sugawara	
		教 授	Professor	渡辺 正夫	Masao Watanabe	
分子遺伝生理分野	Molecular Genetics and Physiology	准 教 授	Associate Professor	菅野 明	Akira Kanno	
		教 授	Professor	東谷 篤志	Atsushi Higashitani	
		准 教 授	Associate Professor	日出間 純	Jun Hidema	
		准 教 授	Associate Professor	佐藤 修正	Shusei Sato	
		助 教	Assistant Professor	寺西 美佳	Mika Teranishi	
		助教(兼)	Assistant Professor	泉 正範	Masanori Izumi	
助教(兼)	Assistant Professor	大学 保一	Yasukazu Daigaku			
階層的構造ダイナミクス講座				Multilevel Biomolecular Structure and Dynamics		
生体分子ダイナミクス分野	Molecular Analysis of Biological Functions	教 授	Professor	高橋 聡	Satoshi Takahashi	
		助 教	Assistant Professor	鎌形 清人	Kiyoto Kamagata	
		助 教	Assistant Professor	小井川浩之	Hiroyuki Oikawa	
生体分子機能制御分野	Biofunctional Chemistry and Nanobiotechnology	教 授	Professor	水上 進	Shin Mizukami	
		准 教 授	Associate Professor	松井 敏高	Toshitaka Matsui	
生体分子構造分野	Structural Biology	助 教	Assistant Professor	小和田俊行	Toshiyuki Kowada	
		教 授	Professor	稲葉 謙次	Kenji Inaba	
		准 教 授	Associate Professor	門倉 広	Hiroshi Kadokura	
助 教	Assistant Professor	渡部 聡	Satoshi Watanabe			
微生物進化機能開発講座				Microbial Evolution and Function Research		
微生物進化機能開発寄附講座	Microbial Evolution and Function Research	教 授	Professor	永田 裕二	Yuji Nagata	
		講 師	Lecturer	矢野 大和	Hirokazu Yano	
		助 教	Assistant Professor	加藤 広海	Hiromi Kato	
		助 教	Assistant Professor	佐藤優花里	Yukari Sato	
ゲノム情報学講座				Genome Informatics		
オミックス・情報学分野	Omics and Informatics	客員教授	Visiting Professor	柴田 大輔	Daisuke Shibata	
		客員教授	Visiting Professor	長瀬 隆弘	Takahiro Nagase	
		客員准教授	Visting Associate Professor	平川 英樹	Hideki Hirakawa	
協力教員				Cooperative faculties		
天然物ケミカルバイオロジー分野	Chemical biology of Natural Product	教 授	Professor	上田 実	Minoru Ueda	
分子反応化学分野	Bioorganic Medicinal Chemistry	教 授	Professor	土井 隆行	Takayuki Doi	
レドックス制御分野	Redox Biology	教 授	Professor	本橋 ぼづみ	Hozumi Motohashi	
細胞機能分野	Cellular Function	教 授	Professor	中山 啓子	Keiko Nakayama	

附属施設

浅虫海洋生物学教育研究センター	Asamushi Research Center for Marine Biology	センター長	Director	熊野 岳	Gaku Kumano
-----------------	---	-------	----------	------	-------------

研究センター

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
------------------	--

事 務 部	総務係	General Affairs Section
	教務係	Student Affairs Section
	会計係	General Accounting Section
	浅虫事務部	Asamushi Administrative Office

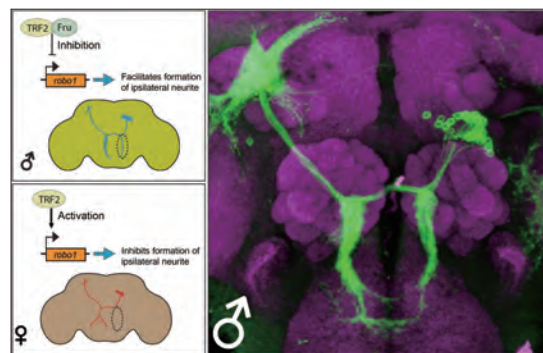
“女性脳”と“男性脳”を切り替える スイッチ遺伝子を発見

脳には性差があります。ショウジョウバエでは *fruitless* という名の遺伝子が脳の性差を作り出す上で大きな役割を果たしています。この遺伝子は雌では使われずに、雄でのみ、同名のタンパク質、Fruitlessを合成するのに使われます。このFruitlessタンパク質が作られると、神経細胞が一つの突起を伸ばして雄に特有の形をとるようになり、逆にFruitlessタンパク質が合成されないと、神経細胞はその突起を伸ばすことなく、雌に特有の形になります。Fruitlessタンパク質は、突起が伸びるのを邪魔する *robo1* という遺伝子を抑制するため、雄でだけ問題の突起が伸びるのです。今回の研究で、*robo1* 遺伝子のスイッチをオンにする TRF2 というタンパク質が、Fruitless に結合されると逆にスイッチをオフにする働きがわかりました。この

Women and men think differently. Scientists have successfully revealed sex differences in the brain circuitry between females and males, which may explain these psychological sex differences. Given that the blueprints for our body plan, including those for the brain, reside in our genome which is common to both sexes, how do brain sex differences arise? Chowdhury and colleagues show, using the fruit fly which has a simpler brain and genome, that just a single master regulator protein is sufficient to switch a feminizer gene ON in females and OFF in males, thereby producing the brain

Chowdhury ZS, Sato K, Yamamoto D (2017) The core-promoter factor TRF2 mediates a Fruitless action to masculinize neurobehavioral traits in *Drosophila*. *Nature Communications* 8, Article number: 1480

ように、TRF2こそが、脳の性の切替スイッチ分子だったのです。



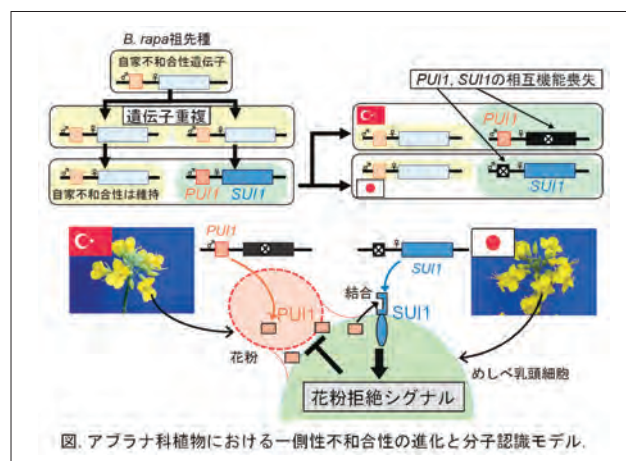
sex difference. The male-specific transcription factor Fruitless is a key regulator for sex-type specification of neurons in *Drosophila*. This paper shows that Fruitless converts the transcription factor TRF2 from an activator to a repressor upon binding to the promoter of its target gene, *robo1*, which feminizes the neurite shape when activated and masculinizes it when repressed. A mechanism analogous to this may be operating to switch alternative cell fates in a variety of developmental contexts, and thus may be of general importance in understanding organismal development.

離れた地域の植物間の生殖を妨げる新しい仕組みを解明 ～「遺伝子重複」が新たな他者認識システムを生み出す～

種内の遺伝的多様性を維持する仕組みとして、ダーウィンの時代から注目されていたのが、自己花粉を雌しべが認識して積極的に排除する「自家不和合性」現象である。一方で、他者を認識する種間不和合性も存在するがその現象は未解明であった。自家不和合性のアブラナ科植物において、同一種の異なる地域に由来する個体間で生じる不和合現象を支配する認識遺伝子セットを明らかにした。花粉側因子の低分子ペプチドPUI1はめしべ側因子の受容体型キナーゼSUI1と結合し不和合性を引き起こすと考えられた。他者を認識して受粉・受精を防ぐこの仕組みは、自己花粉の認識に関わる遺伝子セットの遺伝子重複と相互の機能喪失によって生じたと考えられた。本成果は異なる生育地域間に生み出される生殖障壁機構に新たな視点を与えるとして、英科学誌 *Nature* の植物科学専門オンライン姉妹誌 *Nature Plants* に2017年6月26日付で掲載された。

In order to maintain genetic diversity within hermaphroditic plant species, a self-incompatibility (SI) system, which recognizes and rejects a plant's self-pollen by its own pistil, has evolved. Charles Darwin, the pioneer of the theory of evolution, was also interested in this SI mechanism. A second mechanism, interspecific incompatibility (IsI), where pistils recognize and reject non-self-pollen, also exists. In Brassicaceae, the molecular mechanisms underlying IsI are unknown. In this study, Y. Takada and M. Watanabe of the Laboratory of Plant Reproductive Genetics, and collaborators,

Takada Y, Murase K, Shimosato-Asano H, Sato T, Nakanishi H, Suwabe K, Shimizu KK, Lim YP, Takayama S, Suzuki G, Watanabe M (2017) Duplicated pollen-pistil recognition loci control intraspecific unilateral incompatibility in *Brassica rapa*. *Nature Plants* 3, Article number: 17096



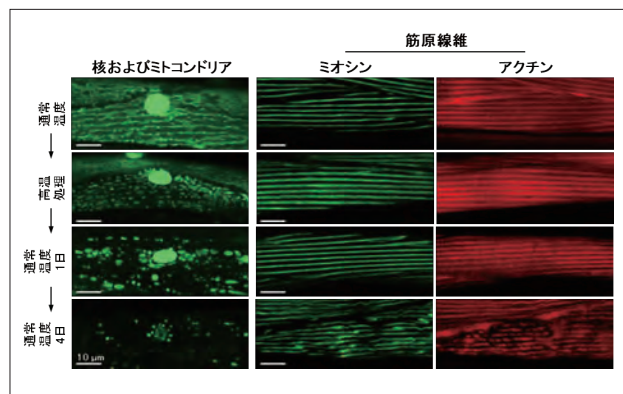
discovered the molecular mechanisms of unilateral incompatibility (UI), a non-self-recognition mechanism, using geographically isolated populations of *Brassica rapa*. UI was regulated by the interaction of PUI1 and SUI1. Interestingly, *PUI1* and *SUI1* are generated by gene duplication from the SI gene set. The direction of UI was explained by the reciprocal loss-of-function of *PUI1* and *SUI1* between Japan and Turkey. This study provides a novel insight into the molecular mechanisms underlying reproductive barriers that arise as a result of geographical isolation.

高温による筋細胞の崩壊メカニズムを解明 —線虫での成果—

熱中症は、近年の地球規模での温暖化に伴い深刻さを増し、早期処置が不十分で悪化した際は、骨格筋などの横紋筋融解症が生じ重篤に至る。本研究では、ヒト熱中症のモデル系として線虫を用いて、高温ストレスにより筋細胞が崩壊する過程で、①高温によりカルシウム濃度が過剰に上昇すること、②その結果、ミトコンドリアの断片化が生じ、③ミトコンドリアの機能が失われ、④筋原線維が崩壊することを明らかにした。また、筋細胞の収縮と弛緩を調節するカルシウム遊離チャネル（リアノジン受容体）の突然変異体ならびに、その活性を阻害する薬剤の投与で、高温によるカルシウムの濃度上昇を抑制すると、ミトコンドリアの断片化ならびに筋原線維の崩壊を抑えられることも証明した。

Acute onset of organ failure in heat stroke is triggered by rhabdomyolysis of skeletal muscle. To gain insight into heat-induced muscle breakdown, we investigated alterations in Ca^{2+} homeostasis and mitochondrial morphology in vivo in the body-wall muscles of *Caenorhabditis elegans* exposed to elevated temperature. Heat stress for 3 h at 35°C increased the concentration of free cytosolic Ca^{2+} , and led to mitochondrial fragmentation and subsequent dysfunction in the muscle cells. Similarly, mitochondrial fragmentation was increased by treatment with a calcium ionophore,

Momma K, Homma T, Isaka R, Sudevan S, Higashitani A (2017) Heat-induced calcium leakage causes mitochondrial damage in *Caenorhabditis elegans* body-wall muscles. *Genetics* 206, 1985-1994

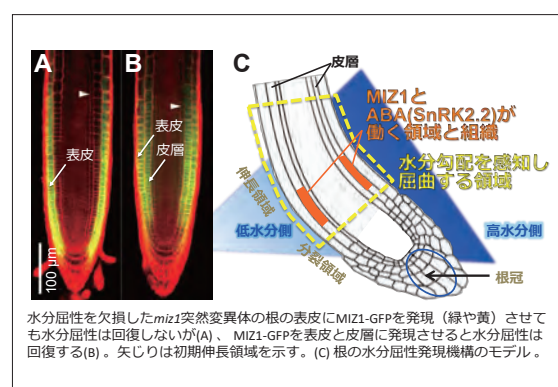


ionomycin. A ryanodine receptor mutant *unc-68*, linked to Ca^{2+} release from the sarcoplasmic reticulum (SR), could suppress the mitochondrial dysfunction, muscle degeneration, reduced mobility, and lifespan induced by heat stress. In addition, in a *daf-2* mutant, in which DAF-16/FoxO transcription factor is activated, resistance to calcium overload, mitochondrial fragmentation, and dysfunction was observed. These findings reveal that heat-induced Ca^{2+} accumulation causes mitochondrial damage and consequently induces muscle breakdown.

植物の根が水を求めて伸びる新規メカニズムを発見！

植物の根は、重力を感知して下側に伸びる（重力屈性）だけでなく、水分勾配を感知して高水分側に伸びる（水分屈性）能力を持っている。本研究は、レーザー照射によって根の先端部の根冠および分裂組織を破壊しても根の伸長に影響はなく、水分屈性が正常に発現することを明らかにした。さらに、植物ホルモンのアブシジン酸 (ABA) の働きを担うシグナル因子欠損の *snrk2.2 snrk2.3* 水分屈性低下変異体および *miz1* 水分屈性欠損変異体の根の様々な組織（細胞群）に、SnRK2.2あるいはMIZ1を発現させた結果、いずれも根の伸長領域の皮層で発現させたときに水分屈性が回復した。これらの結果は、ABAとMIZ1が伸長領域の皮層で働いて水分屈性を発現させること、また、水分勾配の感知と偏差成長（屈曲）のいずれも伸長領域でおこることを意味し、根冠とオーキシンを必要とする重力屈性とは

異なる、新しい屈性制御様式が見出された。



Plant roots show gravitropism and hydrotropism in response to gravity and moisture gradients, respectively. Columella cells in the root cap, and auxin re-distribution in the elongation zone, play critical roles in root gravitropism. Here, we show that Arabidopsis roots, in which the columella or entire root cap together with the meristem, were laser-ablated, displayed a normal hydrotropic response, although they had substantially reduced gravitropism. Next, using *snrk2.2 snrk2.3* and *miz1* mutants, we targeted expression of the ABA signaling kinase SnRK2.2 or the hydrotropism-specific MIZ1 protein to different

tissues such as the root cap, meristem, endodermis, cortex, and epidermis using various tissue-specific promoters. The hydrotropic response of these mutants was impaired or reduced, but completely rescued but only when SnRK2.2 or MIZ1 were expressed in the cortex of the transition and elongation zones. These data suggest that SnRK2.2 and MIZ1 function in the cortex, are required for the hydrotropic response, and that the elongation zone performs a dual function during the hydrotropic response, both sensing moisture gradients and subsequently undergoing differential growth.

Dietrich D*, Pang L*, Kobayashi A*, Fozard JA, Boudolf V, Bhosale R, Antoni R, Nguyen T, Hiratsuka S, Fujii N, Miyazawa Y, Bae TW, Wells DM, Owen MR, Band LR, Dyson RJ, Jensen OE, King JR, Tracy SR, Sturrock CJ, Mooney SJ, Roberts JA, Bhaleerao RP, Dinneny JR, Rodriguez PL, Nagatani A, Hosokawa Y, Baskin TI, Pridmore TP, Veylder LD, Takahashi H#, Bennett MJ# (2017) Root hydrotropism is controlled via a cortex-specific growth mechanism. *Nature Plants* 3, Article number: 17057 (*:co-first author, #:co-corresponding author)

鳥類の進化に関わった DNA 配列群を同定 —鳥エンハンサーの発見—

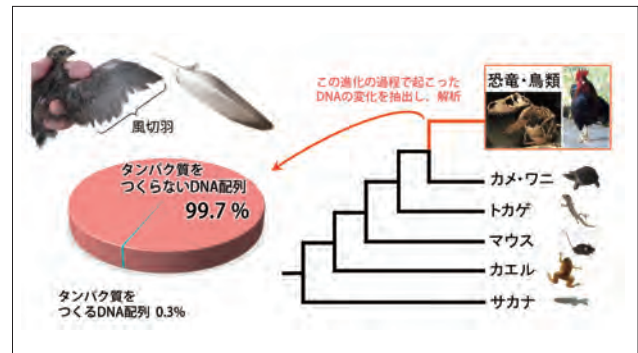
鳥が恐竜の一部から進化したことは確実視されているが、羽毛やクチバシなどの鳥らしい特徴をもつようになった仕組みは不明だった。田村宏治教授のグループと国際共同チームは、鳥へと進化する過程において、新しいタンパク質を作る配列（または遺伝子）の獲得はほとんどなく、鳥への進化には、むしろ遺伝子の使い方を変えたことが決定的な役割を果たしたことが明らかにした。研究チームが見つけたのは、スイッチをオンにする鳥特有の制御配列、すなわち鳥エンハンサーと言える。例えば、今回見つけた鳥エンハンサーの1つは、Sim1という遺伝子を、風切羽の作られる翼（前肢）で機能させていることが明らかになった。Sim1鳥エンハンサーはまだ恐竜がいた時代にすでに獲得されていた可能性が高く、風切羽と尾羽が同時に恐竜で進化していたというこれまでの知見と合わせて考えると、このよ

Studies of dinosaur fossils that show bird-like traits, such as feathers, light bones, air sacs, and three-digit forelimbs, have clarified the evolutionary kinship of birds and dinosaurs. However, identifying genomic DNA changes during this evolutionary transition has remained a challenge.

To identify avian-specific DNA sequences, Prof. Tamura's group and their collaborators analyzed the genomes of 48 avian species that represent the evolutionary history of modern birds, and compared them to other vertebrates. They identified millions of genomic regions named "avian-specific highly conserved elements" (ASHCEs),

Seki R*, Li C*, Fang Q, Hayashi S, Egawa S, Hu J, Xu L, Pan H, Kondo M, Sato T, Matsubara H, Kamiyama N, Kitajima K, Saito D, Liu Y, Gilbert MTP, Zhou Q, Xu X, Shiroishi T, Irie N#, Tamura K#, Zhang G# (2017) Functional roles of Aves class-specific cis-regulatory elements on macroevolution of bird-specific features. *Nature communications* 8, Article number: 14229 (*:co-first author, #:co-corresponding author)

うな鳥エンハンサーを使って恐竜も風切羽や尾羽を形成していた可能性がある。



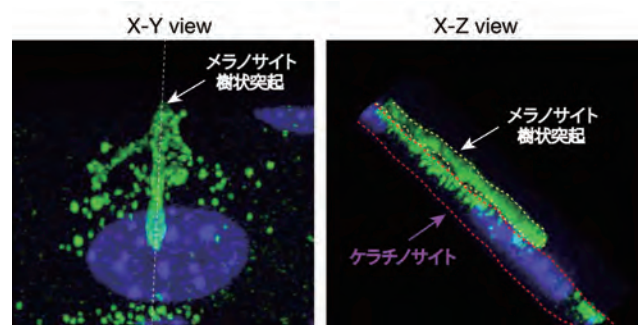
many of which appear to function as cis-regulatory elements in the evolution and development of bird-specific traits. For example, they showed that a gene known as Sim1, which contains an ASHCE, may be associated with the evolution of flight feathers. The ASHCE functions as an enhancer that regulates Sim1 gene expression in an avian-specific manner. Because ASHCEs in genes such as Sim1 may be largely unchanged by evolution since the dinosaur era, this suggests that ASHCEs were vital in developing bird-specific traits, and may have driven the transition of dinosaurs to birds.

メラニン色素を可視化する新規ツール・M-INK(エム-インク)の開発

有害な紫外線から私達の体を守るメラニン色素は、メラノサイトの内部に存在するメラノソームと呼ばれる特殊な小胞の中で合成されている。メラノサイト内で形成されたメラノソームは、隣接する皮膚を作る細胞・ケラチノサイトへと受け渡され、はじめて肌の暗色化が起こる。しかし、メラノサイトからケラチノサイトにどのような仕組みでメラノソームが運ばれているのかは、未だ謎に包まれている。解析が遅れている最大の理由として、ケラチノサイトに受け渡されたメラノソームを効率良く観察することが困難であったことが挙げられる。

今回私達は、ケラチノサイト内のメラノソームを可視化する新規ツール『M-INK』の開発に成功した。M-INKにより、ケラチノサイトに受け渡されたメラニン色素を3次元的に観察することが可能となり、ケ

ラチノサイトへのメラノソームの受け渡しの分子機構の解明や美白化粧品の開発が飛躍的に進むものと期待される。



In this study, we developed a novel melanosome-interacting Kif1c-tail (M-INK) probe, which can visualize melanosomes that have been incorporated into keratinocytes using fluorescence. Thus, M-INK staining makes it possible to reconstruct 3D images of melanosome-containing keratinocytes, and thereby precisely localize melanosomes in keratinocytes. We believe that this M-INK probe will be a useful tool to identify the melanosome transfer mechanism, as well as to develop new cosmetics for skin whitening.

平成29年度 教員受賞一覧

Awards

ゲノム継承システム分野	大学 保一 助教	平成29年度 科学技術分野の文部科学大臣表彰 若手科学者賞	2017年 4月
膜輸送機構解析分野	藤田 尚信 助教	第69回 日本細胞生物学会 若手優秀発表賞	2017年 6月
生物多様性進化分野	河田 雅圭 教授	平成29年度 日本進化学会学会賞	2017年 8月
生物多様性進化分野	河田 雅圭 教授	公益信託進化学振興木村資生基金 木村資生記念学術賞	2017年 8月
分子発生制御分野	檜本 悟史 助教	平成29年度 日本植物細胞分子生物学会 奨励賞	2017年 8月
分化再生制御分野	林 陽平 助教	第36回 池田理化再生医療研究奨励賞	2017年10月
保全生物学分野	千葉 聡 教授	第71回 毎日出版文化賞(自然科学部門)	2017年11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 2017	2017年12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 2017	2017年12月
植物生殖遺伝分野	渡辺 正夫 教授 高田 美信 技術職員	日本育種学会 第132回講演会 優秀発表賞	2017年12月
植物生殖遺伝分野	渡辺 正夫 教授	平成29年度 東北大学全学教育貢献賞	2018年 1月
遺伝情報動態分野	津田 雅孝 教授	(独)製品評価技術基盤機構 遺伝子組換え生物等収去・検出技術検討委員功労賞	2018年 2月
植物生殖遺伝分野	渡辺 正夫 教授	平成29年度「仙台市理科特別授業」への貢献で感謝状	2018年 2月
植物生殖遺伝分野	渡辺 正夫 教授	平成29年度 総長教育賞	2018年 3月

※平成29年度のため、改組前の分野名を記載しております。



平成29年度 日本進化学会学会賞の記念メダル
(河田雅圭教授受賞)



脳生命統御科学専攻

Department of Integrative Life Sciences

多細胞生物は、卵に由来する多くの細胞が基本単位となり、一つの個体を構成して機能を全うする生命体である。それぞれの細胞は、個体発生の過程で独自の役割を担うように分化・多様化し、互いに相互作用（ネットワークを形成）することが個体としての統合的機能の基盤にある。本専攻では、こころとからだをコントロールする「脳」を中心に、細胞集団が生命を統御する仕組みの解明を目指し、先端的技术を駆使した研究・教育を行う。

Multicellular organisms are the life forms wherein the basic unit comprises many cells derived from an egg to form and fulfill the function of a single individual. Each of the cells undergoes differentiation and diversification to fulfill independent roles during the process of ontogeny, and the mutual interaction of these cells (network formation) is the foundation of integrated function as an individual. We aim to clarify the mechanisms by which cell populations (e.g., neural networks) control life phenomena (e.g., brain functions), implementing research and education, making full use of cutting-edge technologies.

神経行動分野

キーワード /
学習・記憶、報酬・罰、ドーパミン



教授
谷本 拓
Hiromu Tanimoto

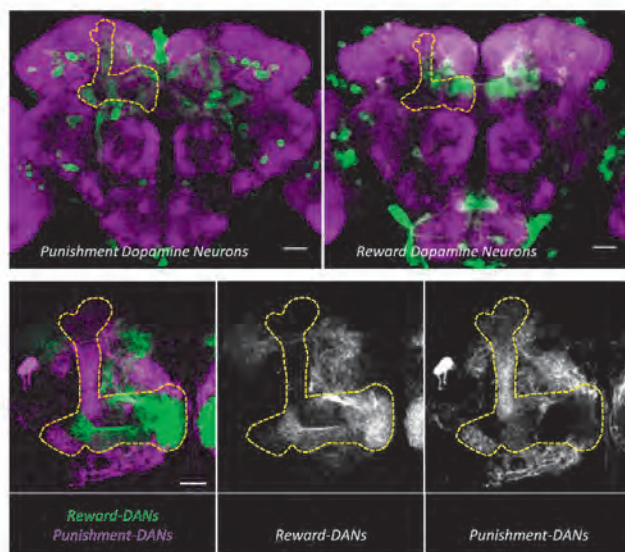
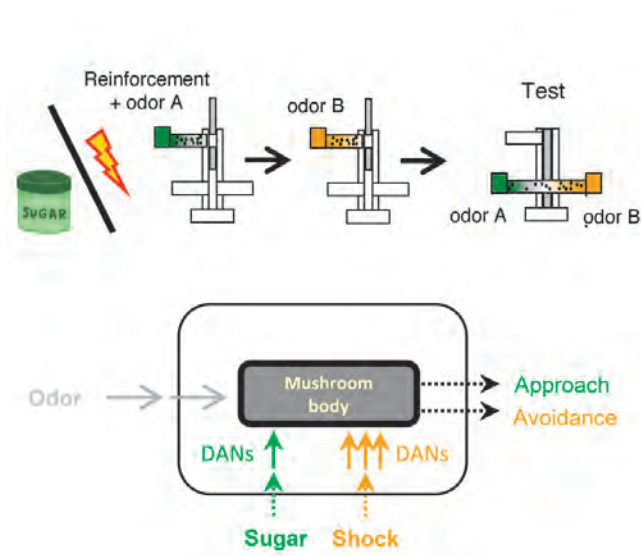


准教授
山方 恒宏
Nobuhiro Yamagata

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.

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(兼)
東谷 篤志
Atsushi Higashitani



客員教授
山元 大輔
Daisuke Yamamoto



准教授
小金澤 雅之
Masayuki Koganezawa

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てい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。

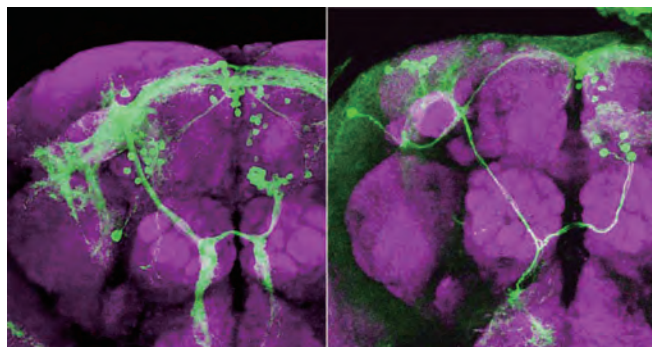


図1: キイロショウジョウバエのサトリ突然変異体の雄同士が求愛して輪になったところ。

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.

脳機能発達分野

キーワード /
発達、社会相互作用、可塑性



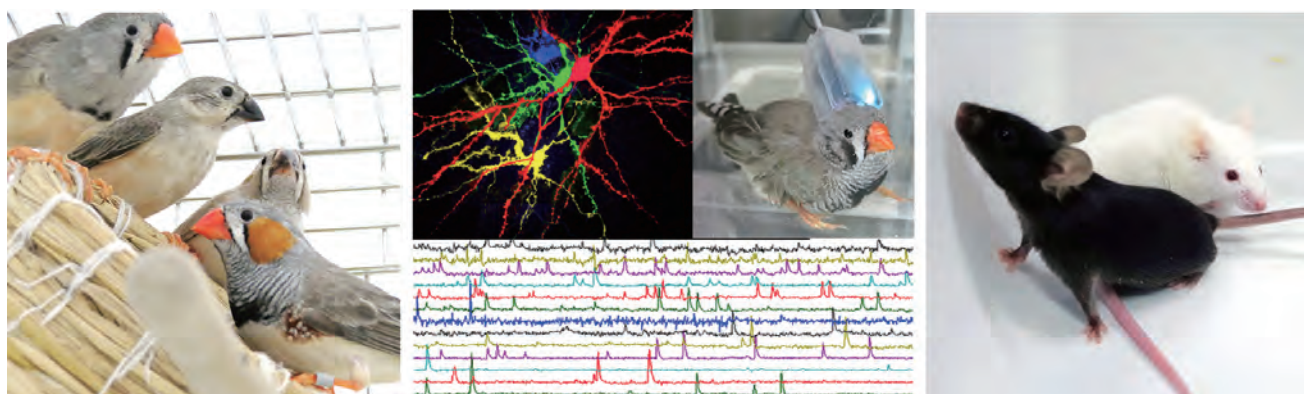
教授

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 impair-

ment 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.

キーワード /

高次脳機能、行動神経生理学、分子神経解剖学

脳神経システム分野



教授

筒井 健一郎
Ken-ichiro Tsutsui

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。

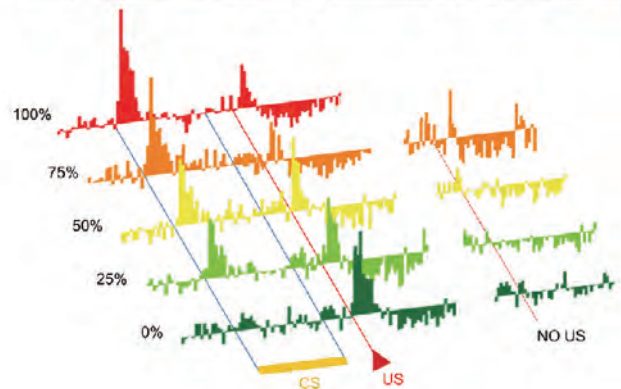
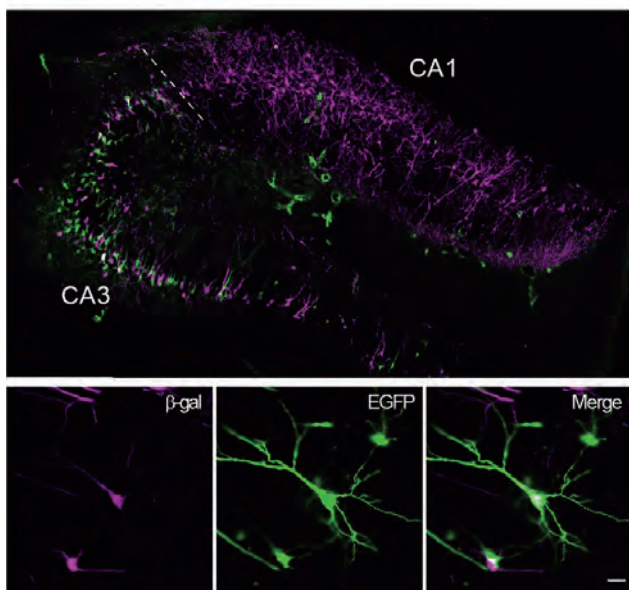
1) 「脳の構成」の理解 (分子神経解剖学)

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イ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: ウイ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 cir-

cuit 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.

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

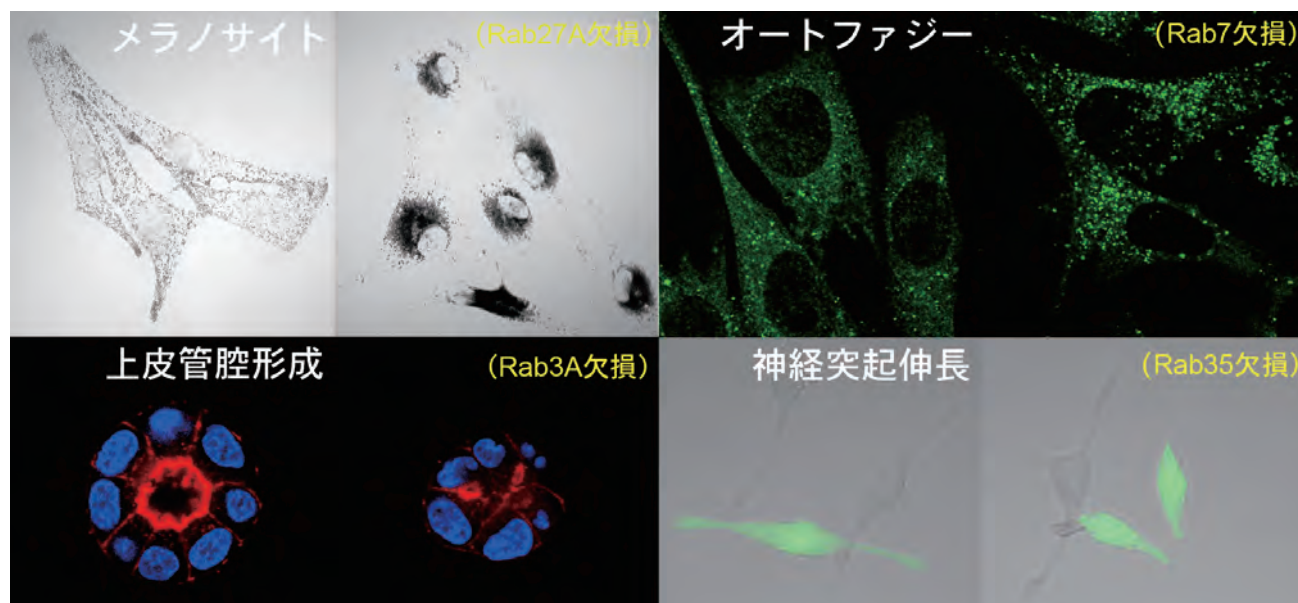
助教

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 /

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

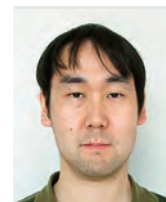
発生ダイナミクス分野



教授
杉本 亜砂子
Asako Sugimoto



助教
春田 奈美
Nami Haruta

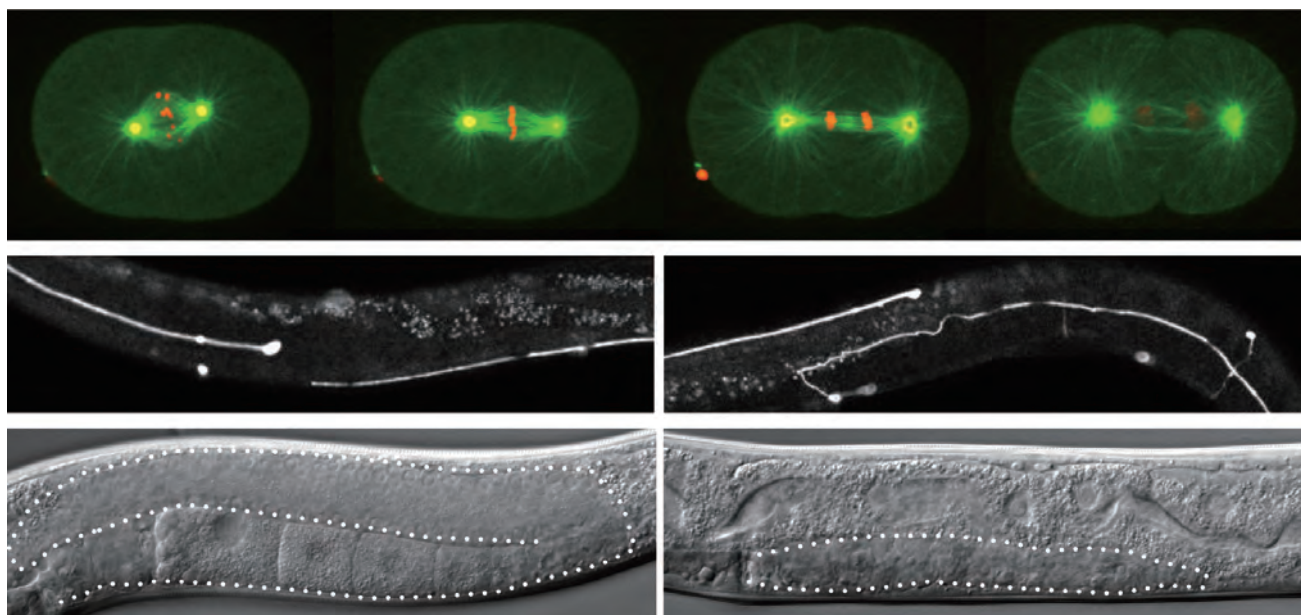


助教(兼)
丹羽 伸介
Shinsuke Niwa

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.

細胞小器官疾患学分野

キーワード /
細胞小器官、疾患、シグナル伝達



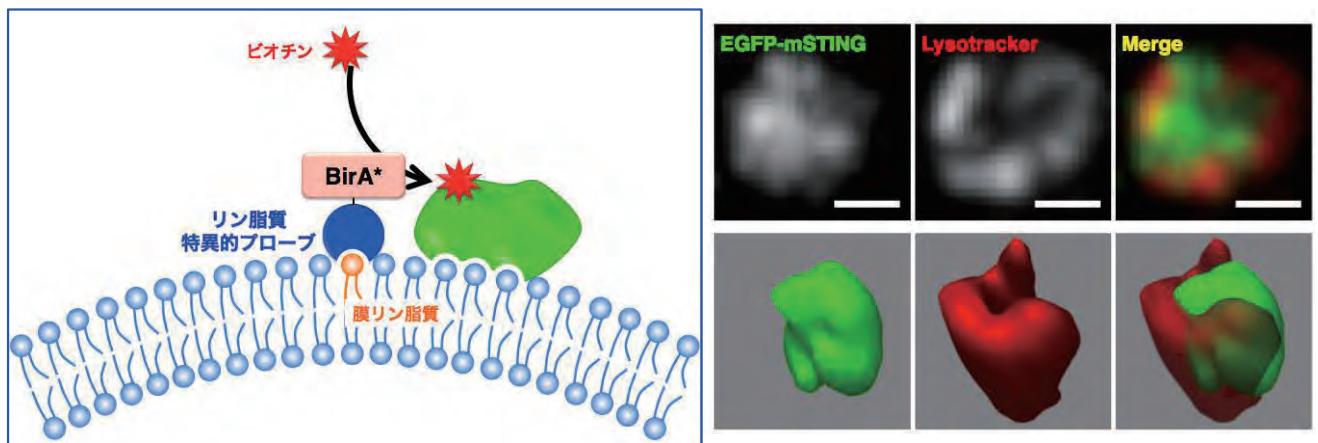
教授

田口 友彦
Tomohiko Taguchi

細胞小器官の連携を司る分子機構を理解し、その破綻に起因する疾患の治療を目指す

私たちの体を構成している真核細胞は、その内部に多種多様な細胞小器官(オルガネラ)を有しています。これら細胞小器官は、決してスタンドアローンな存在ではなく、膜小胞輸送や細胞質性分子のやり取りなどを介しながら密接に連携し、細胞の機能発現に関与しています。そして、より重要なことに、細胞小器官の連携の破綻は、個体レベルで様々な疾患の要因となることも明らかになってきました。本分野では、生化学・細胞生物学(オルガネライメージング)・分子生物

学的手法により、細胞小器官を構成する新規因子(タンパク質・脂質)を同定し、細胞小器官の機能および連携を制御する分子メカニズムを明らかにすることを目的としています。細胞小器官の連携には、細胞小器官の細胞質側に存在する分子の理解が特に重要であると考えられ、注目して解析をすすめます。これらの研究成果は、細胞小器官の機能連携の破綻に起因する疾患(がん・自己炎症性疾患など)の治療手段の開発に活用していきます。



左図:オルガネラ特異的膜脂質を利用した新規オルガネラ局在タンパク質同定法。右図:エンドソーム(緑)を飲み込もうとしているリソソーム(赤)。

Understanding how intracellular organelles are functionally integrated

Eukaryotic cells have a number of intracellular organelles with distinct functions. However, these organelles never function alone; they cooperatively regulate cellular homeostasis, proliferation, and differentiation, through a continuous exchange of soluble and membrane-bound molecules via membrane trafficking and/or membrane contact transfer. A failure in organelle cooperation often results in various human diseases. Our laboratory uses methods in biochemistry, cell biology (organelle imaging), and molecular biology to identify novel

organelle proteins and lipids. With these methods, we aim to unveil novel functions of organelles and the molecular mechanisms that regulate organelle cooperation. We especially focus on molecules that reside on the cytoplasmic face of the organelles; the face that forms physical contacts with other organelles. Our results will help develop new treatments for diseases such as cancer and autoinflammatory diseases that are caused by disrupted organelle cooperation.

超回路脳機能分野

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



教授
松井 広
Ko Matsui



講師
石塚 徹
Toru Ishizuka

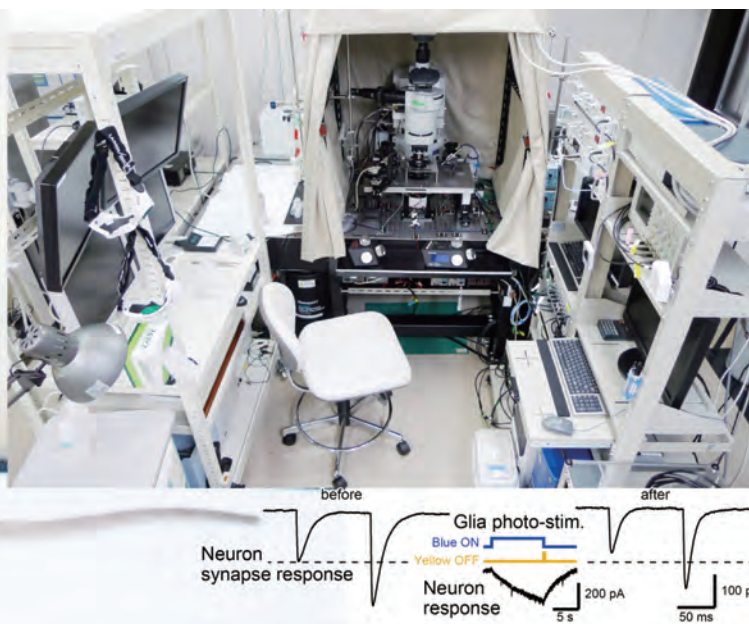


助教(兼)
常松 友美
Tomomi Tsunematsu

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-excitabile" 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 glio-transmitter, 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.

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

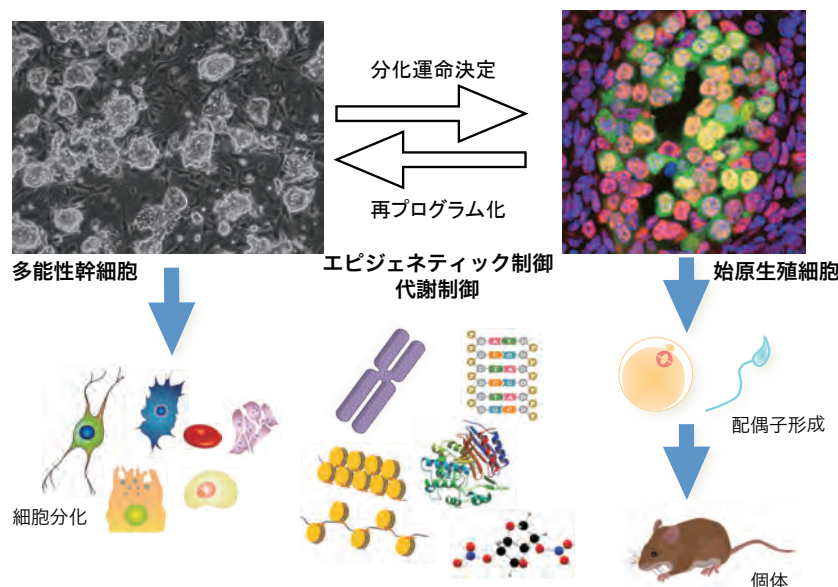


助教
林 陽平
Yohei Hayashi

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

生殖細胞は受精後に、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体全体をつくりだす不思議な能力を持つ細胞ですが、私たちは生殖細胞の持つこの能力が、どのような分子機構によって獲得されるのかに興味を持って研究を進めています。胎仔期の未分化な生殖細胞では、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や、代謝状態が体細胞とは大きく異なることが明らかになり、生殖細胞が分化し個体発生能を獲得する際の、それらの役

割を解明する研究を行っています。また受精卵は1個の細胞から個体全体を作れますが、哺乳動物の胚発生初期に現れる多能性幹細胞は、全ての細胞に分化できるものの個体を作ることはできません。一方、胎仔期の始原生殖細胞は培養下で比較的容易に多能性幹細胞に再プログラム化するので、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で分子機構を探る研究を進めています。



生殖細胞の形成と多能性幹細胞への再プログラム化にはエピジェネティック制御と代謝制御が重要な役割を果たしている

Uncovering the characteristics of germ cells and pluripotent stem cells

Our goal is to elucidate the molecular mechanisms of germ cell differentiation and development, and to uncover the mechanisms by which they transmit both genetic and epigenetic information to successive generations. We are especially interested in understanding the epigenetic and metabolic changes that germ cells undergo during their differentiation. We are also interested in the relationship between germ cells and pluripotent stem cells. Germ cells generate whole organisms after fertilization, whereas pluripotent stem cells are capable

of differentiating into all types of cells, but by themselves, they are incapable of differentiating into organisms. Because primordial germ cells can be easily reprogrammed into pluripotent stem cells in culture this indicates that these cells are distinct, but closely related to each other. We are, therefore, interested in the molecular mechanisms that regulate the differences and commonalities between germ cells and pluripotent stem cells.

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。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

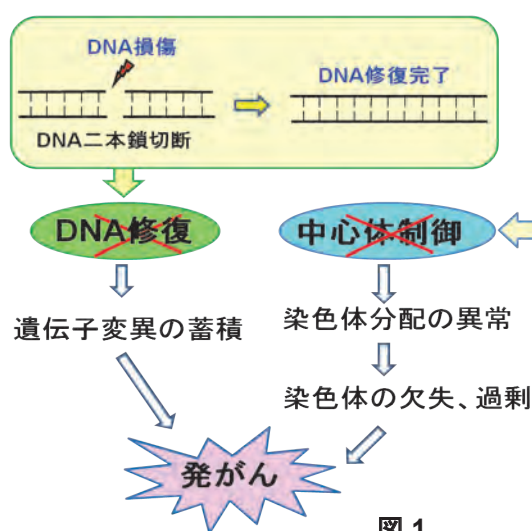


図 1

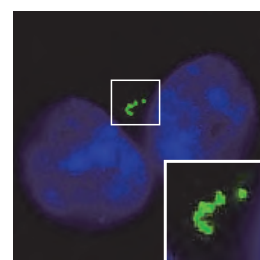
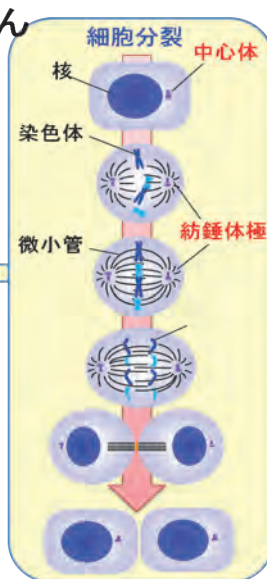


図 2

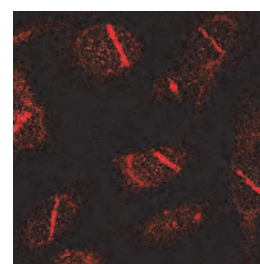


図 3

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 /
力、恒常性維持、形態形成

神経機能制御分野



教授
小椋 利彦
Toshihiko Ogura



助教
久保 純
Atsushi Kubo



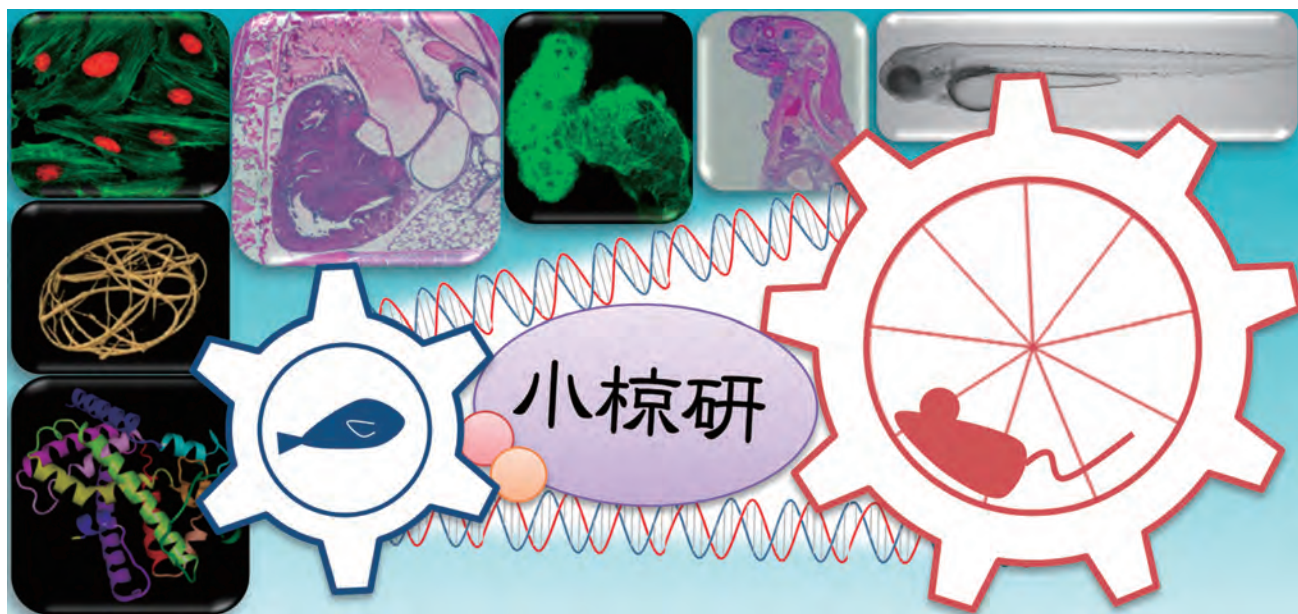
助教
松本 健
Ken Matsumoto

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、力を感じ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.

神経発生生物学分野

キーワード /

脳の発生発達メカニズム、発達障害モデル、次世代継承エピゲノム



教授
大隅 典子
Noriko Osumi

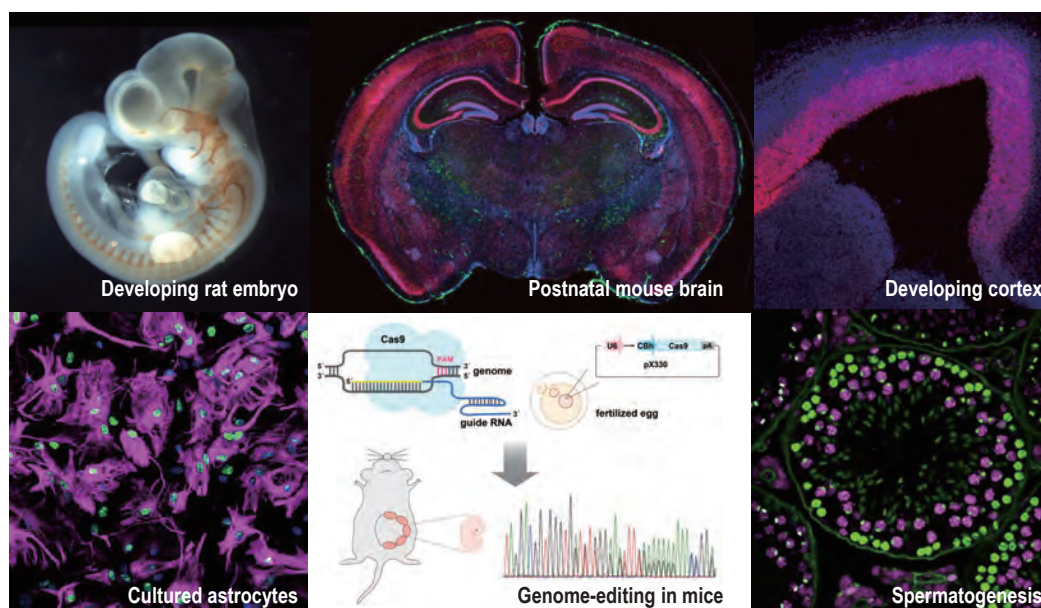
脳はどのように作られるか？ 精緻なメカニズムと、その綻びによる心の病

高次な神経機能を営む中枢である私たち哺乳類の脳は、どのようにしてできあがるのでしょうか？ その仕組みは複雑精緻で、とても魅力的です。当研究室では扱いやすい実験動物であるラットやマウスを用いて脳の発生発達や恒常性維持の分子メカニズムを探索しています。このようなメカニズムにほんの小さなバグが入ることによって、例えば自閉スペクトラム症のような神経発達障害が生じます。つまり、神経発生発達メカニズムの追求は、精神疾患の発症メカニズムの理解に繋がるのです。さらに神経発生のメカニズムのどのような変化が

哺乳類型の大きな大脳新皮質獲得をもたらしたのかについても興味を抱いています。

現在、進めているプロジェクトは、①哺乳類大脳新皮質構築における細胞内mRNA輸送メカニズム、②精子加齢のエピジェネティック変化と次世代脳構築・行動発露への影響、③神経幹細胞およびグリア系細胞における機能性脂質の役割です。

当研究室はNeuro Global 国際共同大学院プログラムに参画しており、留学生も多く、国際的な環境で学びたい方に適しています。



研究テーマ関連図

Brain Development and Neurogenesis Underlying Brain Evolution and Mental Illness

Our brain is the center that controls a vast array of nervous and mental functions, from sensory perception and motor control to learning and memory. A key question is: How is the brain formed during embryonic and postnatal development? Elucidation of the molecular mechanism for mammalian brain development is also key to understanding brain evolution and the cause of neurodevelopmental diseases such as autism. Our laboratory is focused on this fundamental and fascinating question, and uses state-of-the-art technologies such as genome editing, next generation sequencing, and super-resolution imaging. Our studies involve both mice and rats because they are easy to handle in the laboratory, and are suitable as disease models.

Ongoing projects in the laboratory include 1) elucidation of the mRNA transport machineries that exist within neural stem/progenitor cells during corticogenesis, 2) understanding the effects of epigenetic modification that occur as a result of sperm aging on brain development and subsequent behavioral traits inherited by offspring, and 3) examining the roles of functional fatty acids in the proliferation and differentiation of neural stem cells and glial cells.

Our laboratory is participating in the Neuro Global Graduate Program, and is ideally suited for students and young researchers who wish to be trained and raised in an international atmosphere with foreign students from all over the world.

キーワード /
細胞分裂、がん、老化

分子腫瘍学分野

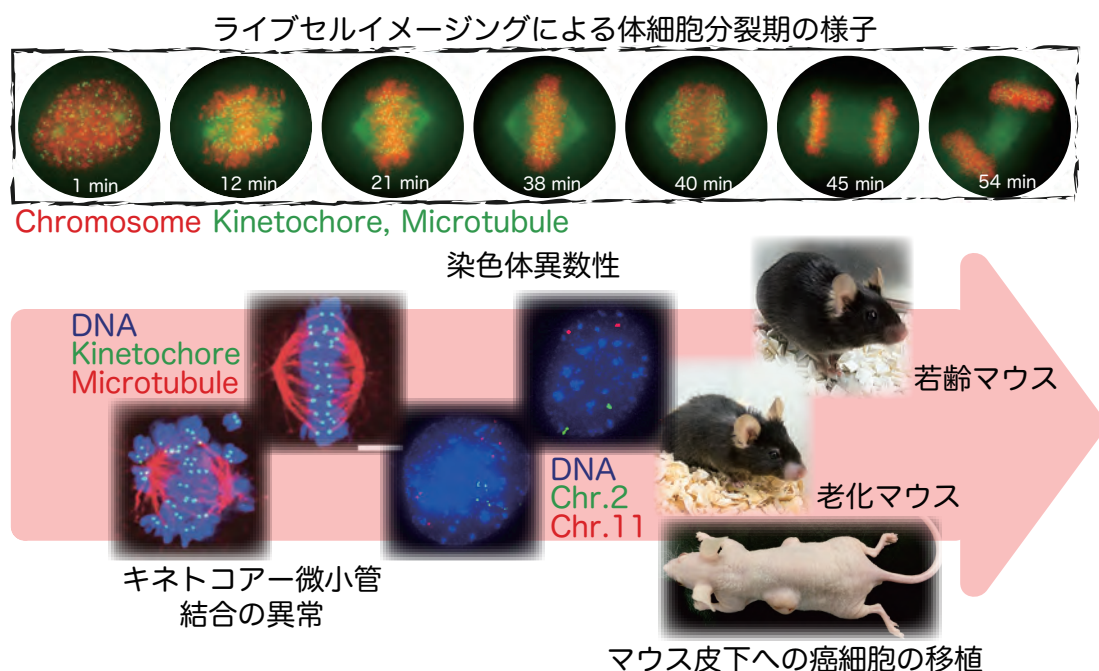


教授
田中 耕三
Kozo Tanaka

ゲノム不安定性が起こるしくみと、そのがんや老化との関連を解明する

私たちの体には60兆個の細胞がありますが、これは1個の受精卵が分裂を繰り返してできたものです。この1つ1つの細胞には、精巧なしくみによって遺伝情報が正確に伝えられています。一方多くのがんでは染色体の異常や遺伝子の変異が見られ、これは遺伝情報を正確に伝えるしくみの異常(ゲノム不安定性)によって起こります。ゲノム不安定性はアルツハイマー病などの疾患や老化の過程でも見られることが報告されていますが、そのはつきりしたしくみはわかっていま

せん。私たちはこのゲノム不安定性がどのようにして起こるのか、そしてそれがどのようにがんや老化と関連しているのかについて研究しています。培養細胞やマウスを用いて、ライブセルイメージング、生化学的解析、ゲノム・エピゲノム解析などの手法を駆使することによって、分子レベルから個体レベルまでの一貫した理解を目指します。そしてゲノムを安定に維持することによる疾患の予防や、ゲノム不安定性をターゲットとしたがん治療の開発につなげようとしています。



The Origin of Genomic Instability and its Relevance to Cancer and Aging

Our body comprises up to sixty trillion cells, all of which are derived from one fertilized egg. Each cell in our body faithfully inherits genetic information through the cooperation of a number of elaborate mechanisms. In contrast, most cancer cells show chromosomal abnormalities and genetic mutations, which are caused by genomic instability, a condition in which the mechanisms ensuring faithful transmission of genetic information are impaired. Genomic instability is also reported to be seen in Alzheimer's disease and aging, although the underlying

mechanisms are not fully understood. We are investigating how genomic instability occurs, and how it is related to cancer and aging. We are addressing these questions from the molecular to the organismal level using cultured cells and mice, and a variety of techniques including live cell imaging, biochemical analysis, and genomic and epigenetic analyses. Through these approaches, we are aiming to develop a strategy to prevent disease by increasing genome stability, and to develop cancer therapies by targeting genomic instability.

遺伝子導入分野

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

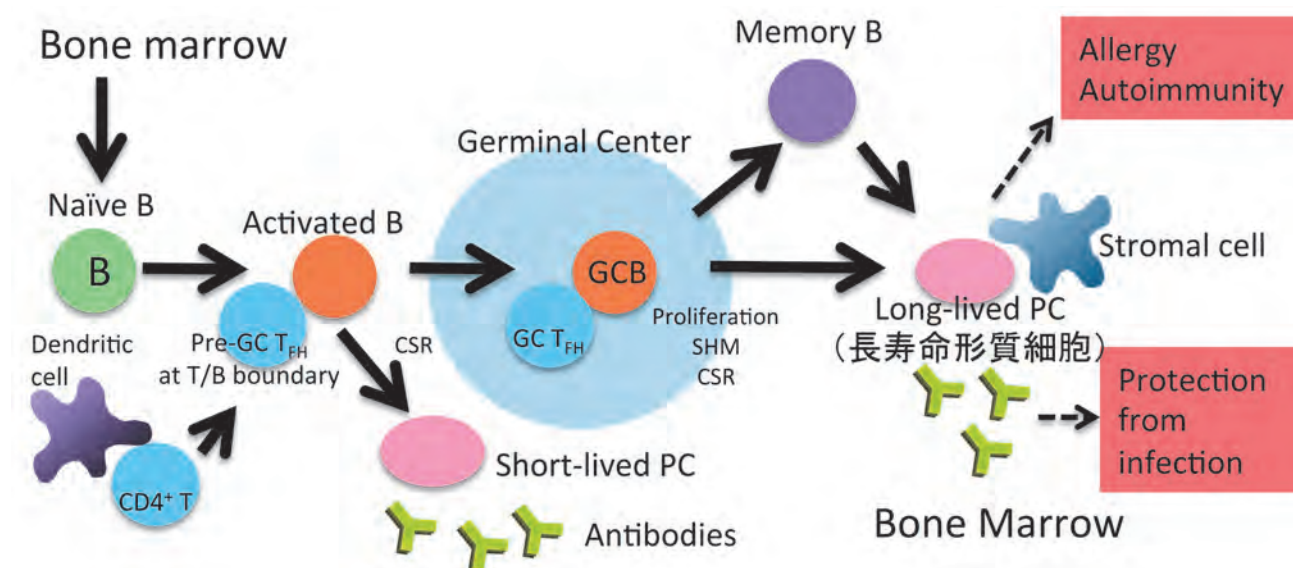


教授
高井 俊行
Toshiyuki Takai

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。

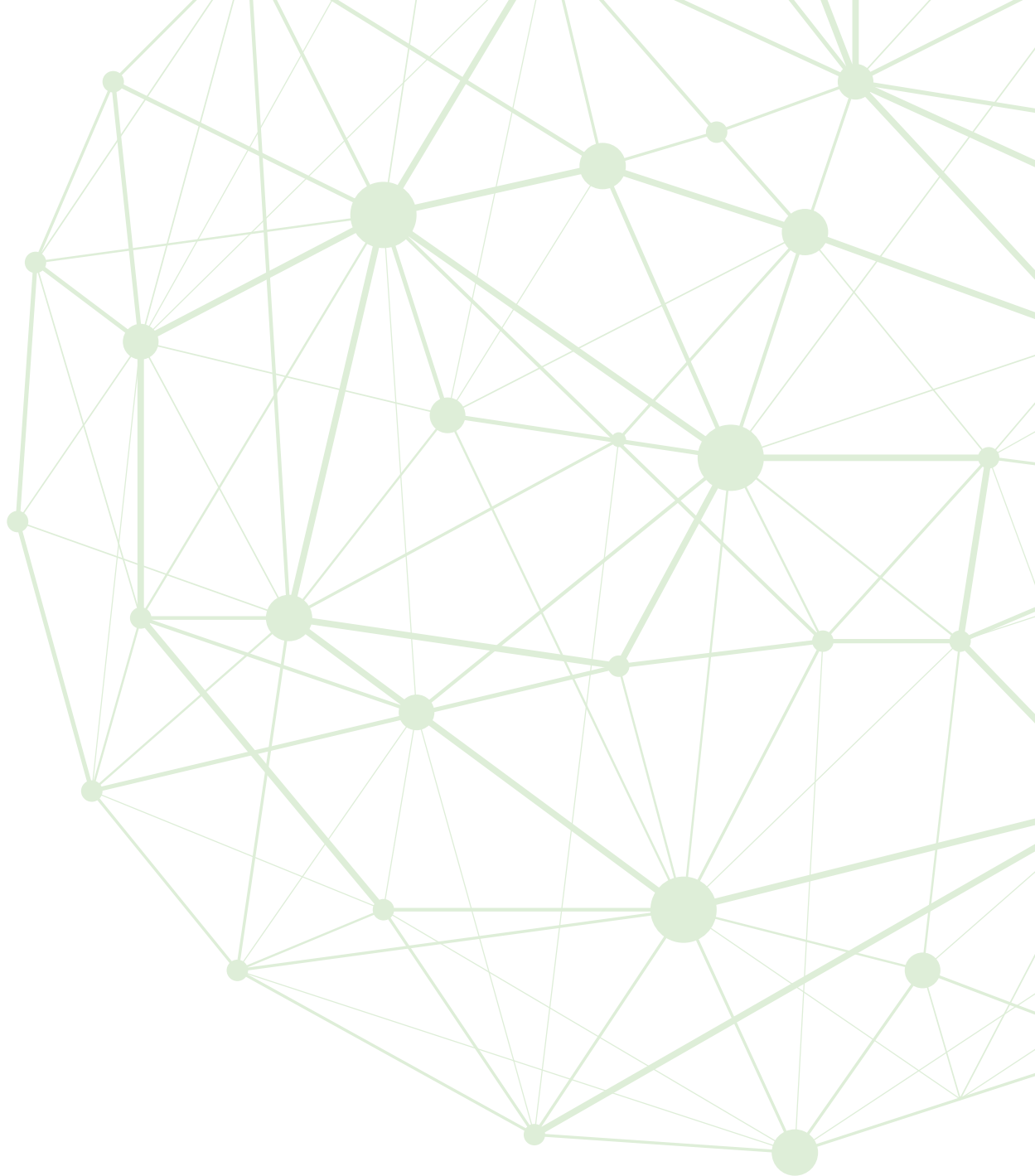


免疫記憶は骨髄に長期間にわたって定着して抗体産生する長寿命形質細胞が担う。長寿化のメカニズムを細胞と分子の視点から解明する。

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.



生態発生適応科学専攻

Department of Ecological Developmental Adaptability Life Sciences

遺伝子から個体、集団・生態系へ至る生命現象の階層を通じた生物の環境応答やその背後にある適応のメカニズムを研究することで、生物の発生・生活様式、それらを生み出して来た進化機構、生物間相互作用の役割や生態系への人間活動の影響を解明する。また、これにより得られる横断的な知見と理解を生かした教育と人材育成を行う。

The aim of this major is to clarify the generation and mode of life of organisms, the evolution mechanisms that have created these organisms, the role of biological interactions, and the effect of human activity on ecosystems by researching the environmental response of the organisms and the background adaptation mechanisms, through the layers of life phenomena from genes to individuals, groups, and ecosystems. We also aim to educate and foster graduates who fully utilize the cross-sectoral knowledge and understanding obtained through this study.

植物発生分野

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



教授
経塚 淳子
Junko Kyoizuka



助教
楠本 悟史
Satoshi Naramoto

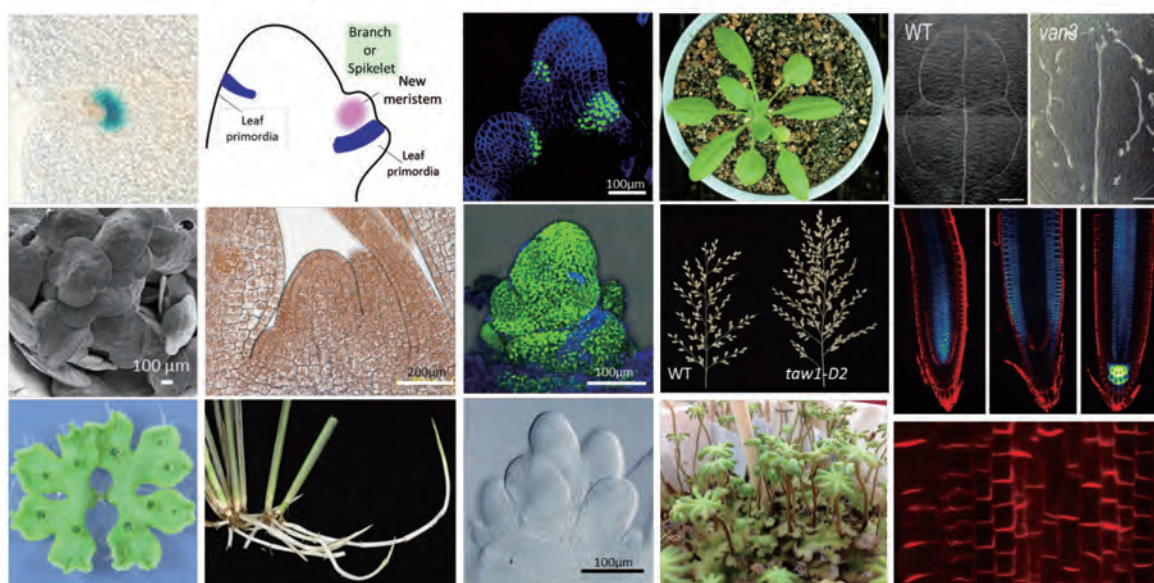
環境に適応した植物の形づくりのしくみを分子レベルで理解する

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のタイミングの制御が形づくりに重要であると捉え、イネ穂の枝分かれパターン、葉の基部・頂端軸の決定、地下茎の成長、コケの幹細胞などを研究対象として、この切り替えを制御する遺伝子の解析を進め

ています。また、植物ホルモンによる成長の調節や、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、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、植物が生存戦略として進化させた成長の可塑性やしなやかさのしくみを分子レベルで解明することをめざしています。地球上の酸素、食物、燃料の大元は植物によって作り出されます。私たちの研究は、発生・分化・成長の謎に迫るだけでなく、地球環境の保全や食糧問題の解決にもつながるものです。



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。

Towards an Understanding of the Molecular Basis of Plant Architecture

The basic strategy underlying 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 located 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 the indeterminate to the determinate phase is critical for plant architecture, in particular, for inflo-

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

We use rice inflorescence development as a model system and have identified several genes that play critical roles in this process. Currently we are on the way to fully understanding the molecular and genetic roles of these critical regulators. Furthermore, we use the bryophyte *Marchantia polymorpha*, to reveal possible ancestral roles for these regulators, as well as *Arabidopsis*, to understand their diverse roles in development.

キーワード /

組織形成、細胞移動、細胞死

組織形成分野



教授
倉永 英里奈
Erina Kuranaga



助教
梅津 大輝
Daiki Umetsu

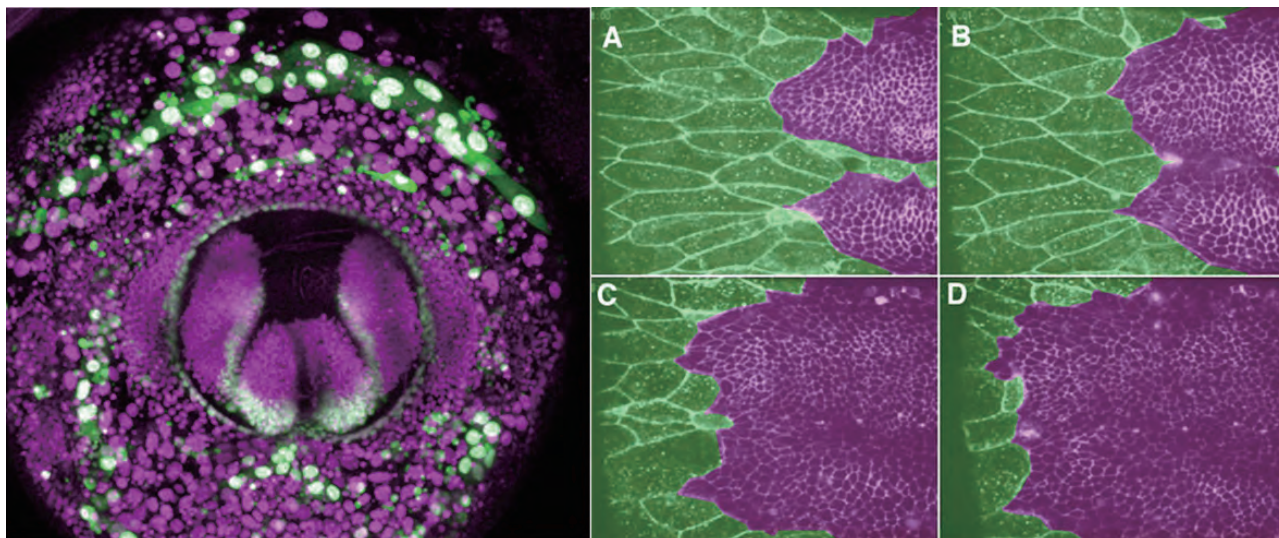


助教(兼)
中嶋 悠一郎
Yuichiro Nakajima

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の理解を目指します。



左：生きたハエ蛹の雄性外生殖器。全核(紫)と体節後部の核(緑)を可視化。 右：蛹期表皮再構築。成虫細胞(紫)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.

環境応答分野

キーワード /

植物の環境応答、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



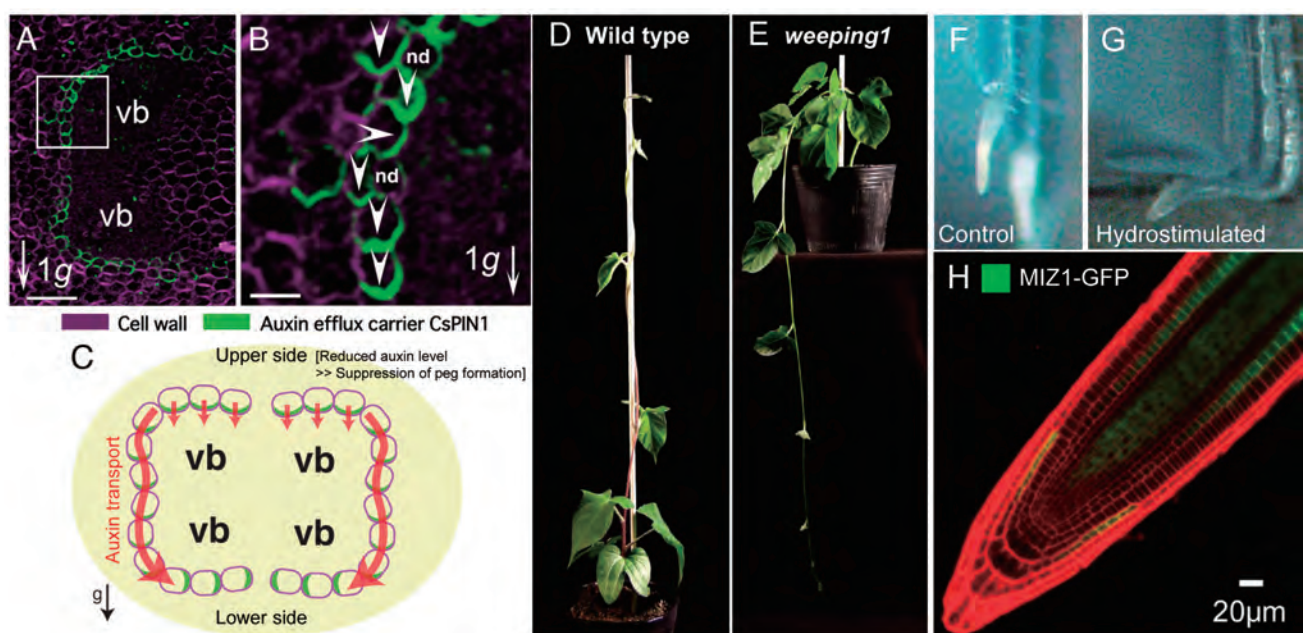
助教(兼)
児島 征司
Seiji Kojima

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。しかし、植物は水、重力、光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、水分勾配を感じ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。さらにウリ科植物の花の性分

化は、日長や温度によって影響されます。このような植物の環境応答に必要な遺伝子・タンパク質機能と植物ホルモン作用を理解するために、これまで私たちは植物の成長制御機構を生理学のおよび分子遺伝学的に解析するとともに、宇宙の微小重力下での検証実験も行っています。これらの研究は、植物の環境応答能力の解明だけでなく、地球の環境・食糧問題の解決や人類の宇宙活動にも貢献します。

さらに最近、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 of Plant Responses 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 unique abilities to mitigate environmental stresses and adapt to their surroundings. Our research is aimed at understanding the relationship between plant growth and development, and environmental cues such as gravity, water, and light. Important findings include 1) that the gravi-response is involved in the unilateral placement of peg formation in cucumber seedlings, and in the circumnutation of shoots and roots in various plant species, 2) that plant roots show hydrotropism in response to moisture gradients, which, together with gravitropism, plays an important role in regulating root growth orientation in order to efficiently obtain water, and 3) that feminization of cucumber flowers

under short-day conditions occurs due to diurnal ethylene production mediated by the expression of ACC synthase genes. We use molecular, physiological, genetic, and cytological analyses to understand these regulatory plant response mechanisms. We also conduct spaceflight experiments to test hypotheses developed to explain the effect of gravity on plant growth, and to understand the effect of microgravity on plant development.

We have also recently initiated a study of bacterial and chloroplast membrane function in order to understand the molecular basis of bacterial antibiotic resistance and intracellular solute transport in plant cells, respectively.

キーワード /

器官発生、器官再生、形態多様性形成

動物発生分野



教授
田村 宏治
Koji Tamura



助教
阿部 玄武
Gembu Abe



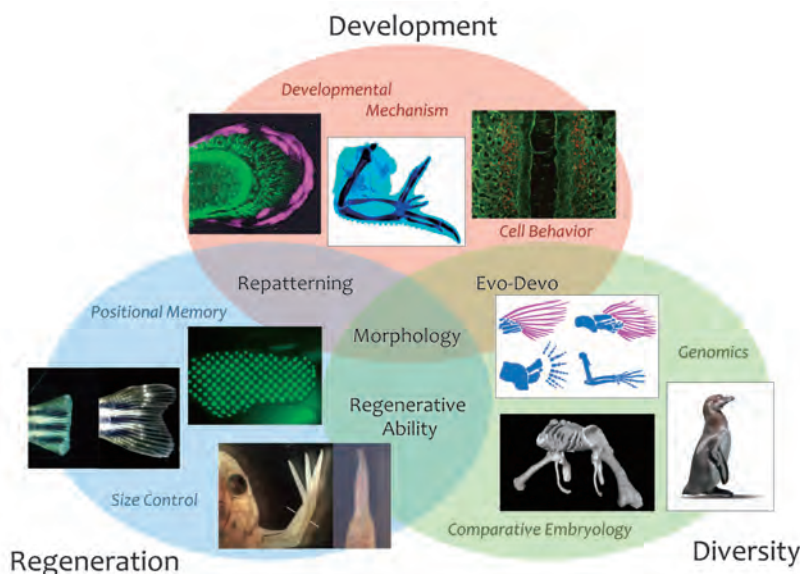
助教(兼)
齋藤 大介
Daisuke Saito

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.

植物細胞壁分野

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

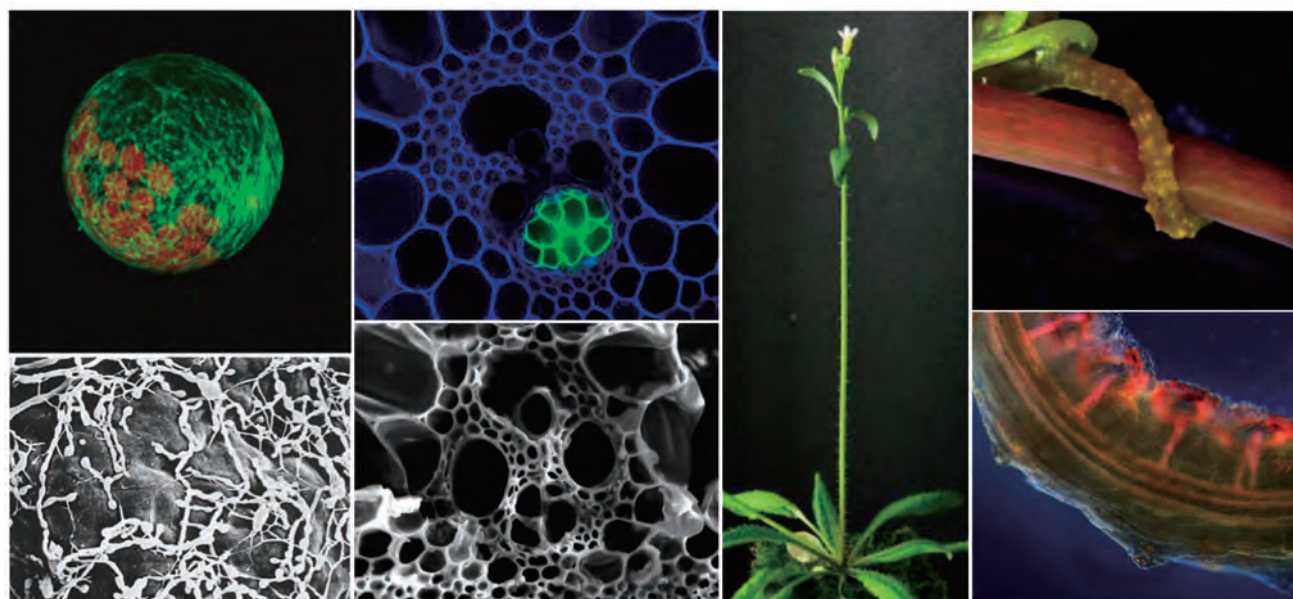


助教
黒羽 剛
Takeshi Kuroha

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 /

湖沼・河川・沿岸生態系、生物間相互作用と環境応答、
生活史特性と生態化学量

水圏生態分野



教授
占部 城太郎
Jotaro Urabe



助教
牧野 渡
Wataru Makino

水圏生態系の生物はどのように暮らし、多様な生物群集を創出しているのだろうか？

水という媒質の中で生活する水生生物は、陸上とは異なるユニークな生活史を持っています。また、人間活動に伴う絶滅種の多くが淡水生物であるように、水生生物や水圏生態系は近年の人間活動に伴う環境変化には特に脆弱です。このような問題を視野に入れながら、水圏生態分野では、湖沼・河川・沿岸域を対象に、野外調査、実験、数理モデルなどの手法を用い、水生生物の生理生態的特性や分散・定着過程、生物間相互作用や食物網構造を明らかにすることで、水圏の食物網や生態系の環境応答を理解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、世代時間の短い藻類やミジンコなどプランクトンからなる湖沼生態系や、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、群集応答に果たす生態化学量や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、富栄養化や温暖化など、地球環境変化に対する水生生物や水圏生態系の応答を解明していきたいと考えています。



水生生物の生活を紐解くことで、群集の成り立ちや生態系応答の理解を目指している。このために、野外調査や生態実験を組み合わせた研究を行っている。

How Species are Linked, and Why Communities Differ Among Aquatic Habitats

Communities in lakes, rivers, and coastal areas are composed of a variety of species, which are linked to each other through space and trophic interactions. When we compare communities in these aquatic habitats, it is not unusual to observe large variations. Why are the species compositions so different even among similar aquatic habitats? To uncover the mechanisms responsible for creating different aquatic communities, and to understand the function of genetic and species diversity in these mechanisms, we study the life history strategies of aquatic species, the spatial and temporal dynamics of populations, and trophic interactions through field works, laboratory experiments, and theoretical modelings. Currently, we are studying the recovery processes of tidal flat com-

munities disturbed by tsunamis, caused by the Great East Japan Earthquake, to examine the ecological importance of deterministic and stochastic factors in community assembly. Using planktonic organisms with short generation times, we also study the roles of genetic and species diversity in populations and in trophic dynamics, the function of biological interaction in community stability, and the role of ecological stoichiometry in shaping ecosystems. With these studies, we are examining how aquatic communities are changed by local environmental disturbances, such as eutrophication, as well as global changes, such as increased atmospheric CO₂ and temperature, to find a way to mitigate these changes.

機能生態分野

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



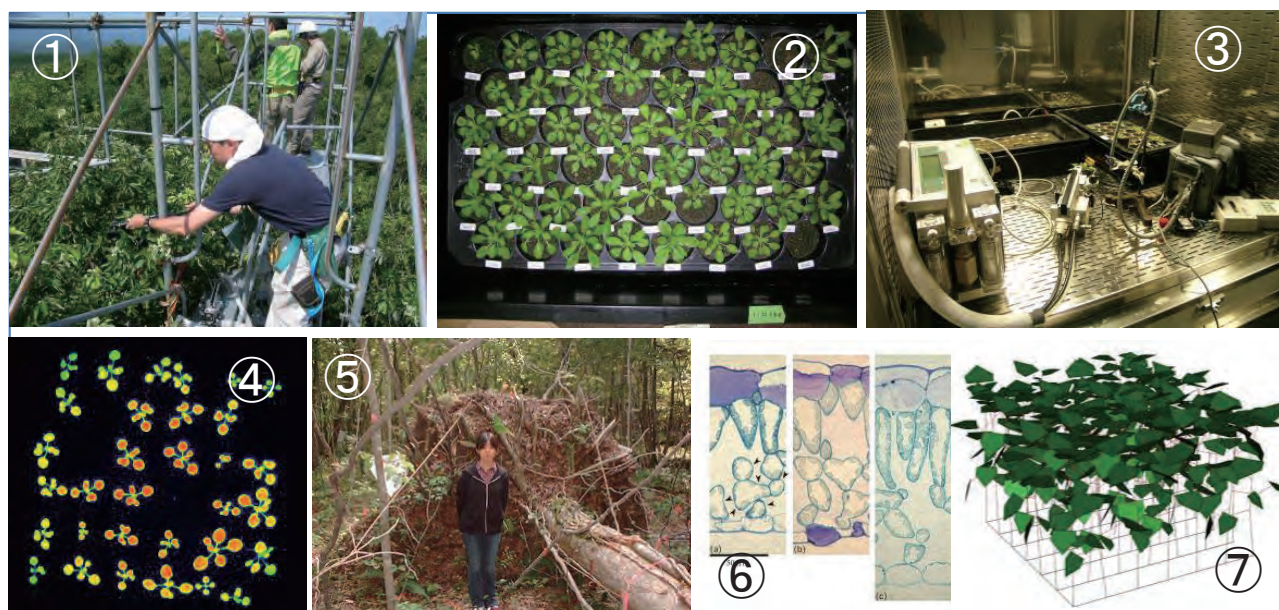
助教
小口 理一
Riichi Oguchi

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 /
進化学、生態学、生物多様性

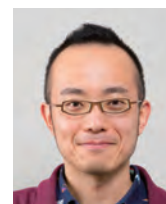
進化生物分野



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、維持されているのでしょうか?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でしょうか?当分野では、ゲノム解析、分子レベルでの実験などのミクロレベルと、個体の行動、集団、生態系などのマクロレベルを統合した新しい視点で、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的要因から解明することを目指しています。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 Ecology: Uncovering the Evolutionary Mechanisms of Biodiversity

Our research explores how and why biodiversity has evolved and is maintained. In particular, we focus on why some organisms can evolve to adapt to various environments while others cannot. Species that can adapt to various changing environments might have some genetic and genomic basis that confer high evolvability. Various approaches, from genomics to macroecology, are used to address these questions. In particular, we are trying to understand the genetic

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

統合生態分野

キーワード /
生態系の構造と動態、生物の適応進化、
データ駆動型生態学



教授
近藤 倫生
Michio Kondoh



准教授
酒井 聡樹
Satoki Sakai



助教
饗庭 正寛
Masahiro Aiba

生態系を特徴付ける多様性・複雑性・適応進化を統合的に理解する

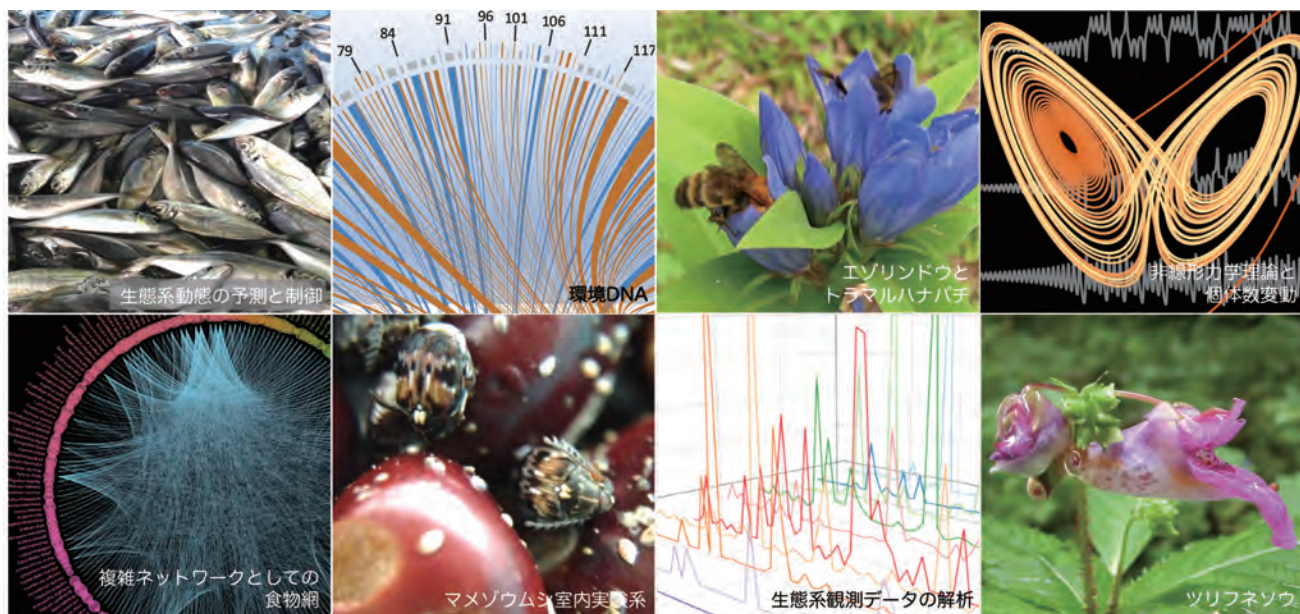
地球上の生命を支える生態系は、無数の生物・非生物要素が相互作用して駆動する巨大な複雑系です。この生態系の主役である生物は、長い進化の歴史の中でその姿や性質、他種との関係性を変化させ、驚くべき多様化を遂げました。

生態系の様々なレベル(個体群・群集・生態系)にみられる見事な調和や機能、規則性・不規則性、頑強性・脆さはどのように生じたのでしょうか。また、この生態系はいかにして地球上に誕生し、維持されてきたのでしょうか。

統合生態分野では、野外・室内での調査実験、数理・統計モデル、

Empirical Dynamic Modeling等のデータ解析など、様々な手法を組み合わせることで、生態学的現象の本質を捉え、その背後に隠された共通原理を解明することを目指します。

研究課題は、(1) 複雑生態系の構造や動態の理解、(2) 大規模生態系データ(環境DNA調査・形質データベース等)に基づくデータ駆動型生態学の創設、(3) 花の各器官への資源投資戦略・訪花昆虫の誘引戦略・種子生産戦略など植物の繁殖戦略に関わる適応進化、(4) 生態系変動予測・制御・設計のための技術開発など多岐に渡ります。



生物の個体、集団、そして生態系に至るさまざまなスケールに現れる調和や秩序、複雑な動態に、私たちはどこまで迫れるのでしょうか。

Eco-complexity and Adaptation: Toward an Integrative Understanding of Ecosystems

The ecosystem is extremely large and complex. A number of diverse organisms, and various non-living components, interact with each other through complicated dynamics to generate the different organizational levels of population, community, and ecosystem. Furthermore, living organisms, the essential components of ecosystem, are not static, but their morphology, behaviors, and interactions continuously change over time driven by evolutionary processes. Many fundamental questions remain to be answered: How and why are organisms so diverse? What are the roles of evolutionary and ecological processes in the emergence and persistence of ecological systems? What keeps the ecosystem functional in nature? How can we cope with the "balance of nature"? In our laboratory, multiple approaches are used to understand eco-

logical systems, including observations or experiments in the field or laboratory, data analysis using mathematical or statistical tools, and conceptual modeling.

Our interests encompass a breadth of different areas in basic and applied ecology, such as (1) understanding the structure and dynamics of ecosystems, (2) establishing a data-driven ecology model based on large data sets (e.g. environmental DNA (eDNA) data, ecological databases), (3) understanding the evolution of plant reproductive strategies (floral sexual allocation, coevolution of flower visitors, and seed production) and (4) developing a theoretical framework for forecasting and controlling ecological dynamics.

キーワード /
多様性、進化、系統

植物進化多様性分野



教授
牧 雅之
Masayuki Maki



助教
米倉 浩司
Koji Yonekura



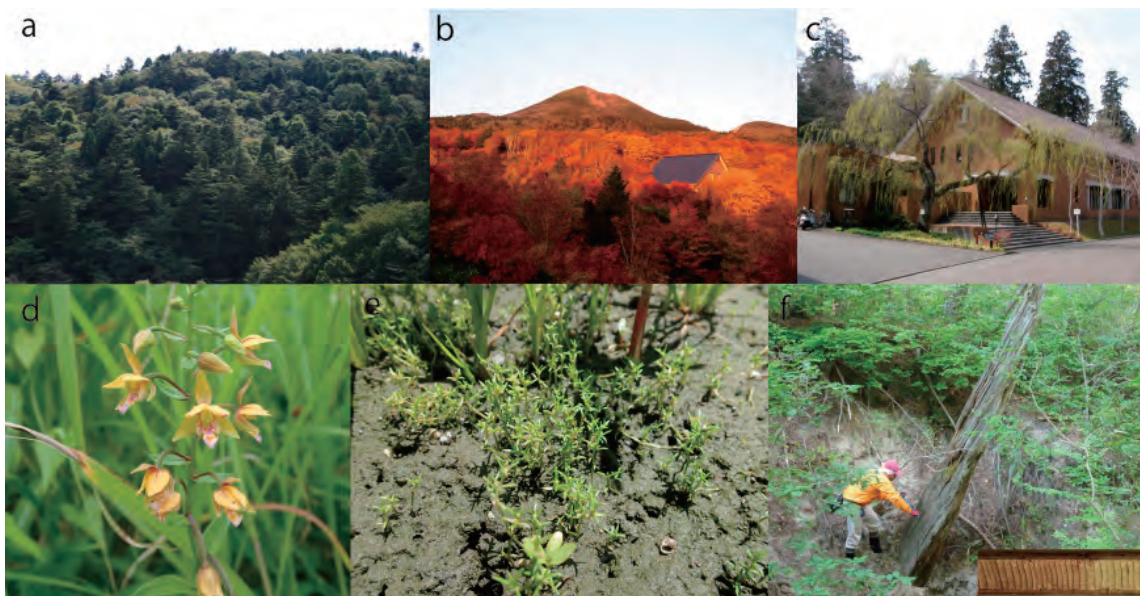
助教
大山 幹成
Motonari Ohyama

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てい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: 狼が森に埋没林と年輪試料

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.

生物多様性保全分野

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



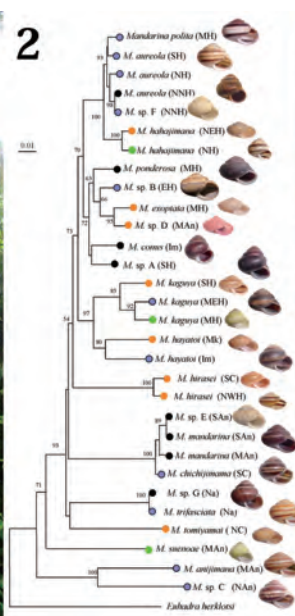
准教授
鹿野 秀一
Shuichi Shikano

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 /

海産無脊椎動物、海洋生態学／行動学、
胚発生／形態形成

海洋生物多様性分野



教授
熊野 岳
Gaku Kumano



教授(兼)
占部 城太郎
Jotaro Urabe



准教授
美濃川 拓哉
Takuya Minokawa



助教
武田 哲
Satoshi Takeda



助教
中本 章貴
Ayaki Nakamoto

海洋生物の胚発生機構や個体群維持機構を明らかにし、生物多様性の進化を理解する。

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。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洋生物を研究対象として、個体発生メカニズムの遺伝子・分子・細胞レベルの研究から、個体群の維持機構、生物群集の成立機構に至るまで幅広い研究を行っており、海洋生物の多様性を多角的に理解することを目指しています。

具体的には、1)クラゲやウニ、ホヤなどの海産無脊椎動物を用いて、初期発生過程における分裂による細胞数の増加と平行した細胞

タイプ多様化や、細胞の運動による独特な体の形づくりについて、そのドラマティックな過程の本質を理解するための研究を行っています。また、海産動物の生殖細胞が出来る仕組み、ウニ胚で骨格の基となる細胞が出来る仕組みとこれらの進化機構についても研究しています。2)潮間帯で見られる巻貝とそれに寄生する扁形動物カイヤドリヒラムシの生態的特性や、シロナマコガニと宿主シロナマコの共生関係を調べることで適応放散機構や種分化機構を明らかにする研究を行っています。



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 Embryonic Development and Population Maintenance in Marine Animals

Marine environments are populated by various animals, that represent almost all phyla and range from the simplest to the most complex body plan. Our laboratory is located in the Mutsu bay area in the north of Japan, which is known to have the richest variety of marine life in the Tohoku area. Benefitting from such a location, we study a variety of local marine animals. We are interested in a broad range of topics in marine biodiversity, including molecular and cellular mechanisms and evolutionary aspects of early embryonic development, as well as ecological distribution in relation to environmental factors and interactions such as symbiosis and predator-prey interactions. Specific areas of our research are: 1) the molecular and cellular mecha-

nisms of morphogenesis of tail shaping in the ascidian embryo, and tentacle branching in the jelly fish; 2) an evolutionary developmental analysis of germline segregation mechanisms in tunicate embryos; 3) developmental and evolutionary analysis of embryogenesis based on a comparison between direct and indirect development in sea urchins; 4) an ecological and behavioral study of symbiotic relationships, such as between the flatworm *Stylochoplana pusilla* and its host, the snail *Monodonta labio*, and the pea crab *Pinixa tumida* and its host, the sea cucumber *Paracaudina chilensis*. These studies will provide novel and surprising insights in understanding the many different aspects of marine biodiversity.

生態系機能分野

キーワード /
環境変動、生物多様性、生態系サービス



客員教授
中 静 透
Toru Nakashizuka

人間の活動が生態系を変化させている

生態系は生物の集団が環境との相互作用のなかで形成され、さまざまな構造と機能をもっています。一方、気候変動や人間活動の影響を受けて、その機能とともに、人間に対しての役割も変化しています。生態系機能分野では陸上生態系を主な対象として、生物多様性や群集構造などの形成や変化のメカニズム、さらにはそうした変化が生態系全体や生態系を利用する人間に与える影響までを幅広く研究しています。

近年、人間活動による土地利用や気候などの大きな変化によっ

て、生物多様性の劣化や生態系の分布変化が大きな問題となっています。そこで、生態系を構成する生物の分布や個体数の増減メカニズム、生物間相互作用などを基礎的研究として、さらに環境変動が与える影響や生態系サービスと生物多様性の関係を研究しています。主要な研究テーマは、1) 陸上生態系の構造と機能、2) 気候変化が生物多様性・生態系に与える影響、3) 生態系サービスの評価と変化要因、4) 森林の管理と野生生物などです。



上昇しつつある森林限界。



シカの食害によって変化する森林。

How Human Activity Affects Ecosystems and Biodiversity

Ecosystems are formed by the interaction of biological community and environment and have wide variations in both structure and function. Recently, changes in climate and land-use have greatly affected the ecosystem and biological diversity, and therefore changed the relationship between ecosystems and human beings. We study the structure and function of ecosystems by analyzing the

distribution, structure, and function of ecosystems and their changes. In particular, we are focused on exploring 1) the structure and function of terrestrial ecosystems, 2) the impact of climate change on ecosystems and their biodiversity, 3) ecosystem services, and 4) forest dynamics and wildlife.

キーワード /
ゲノム、タンパク質、個別化医療

生命情報システム科学

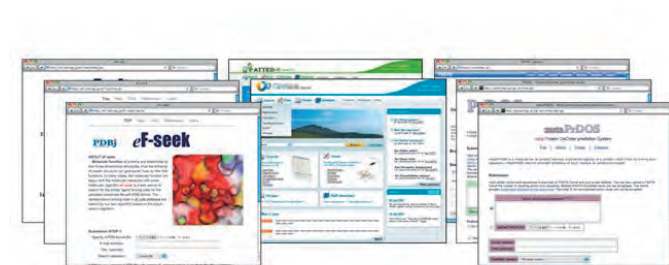


教授
木下 賢吾
Kengo Kinoshita

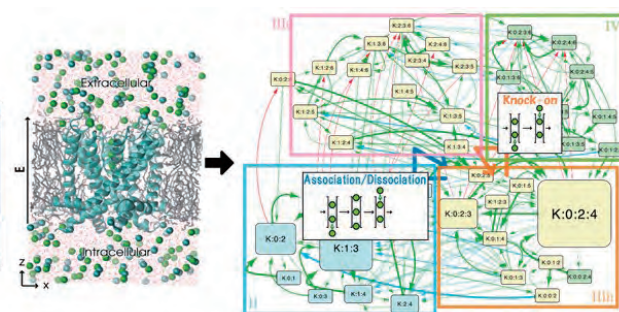
多様なデータをシステムの理解へつなげる生命情報科学

測定技術の飛躍的發展により、近年、生物の様々な階層において高分解能、高精度、大容量のデータが得られるようになりました。数万人規模のゲノム解析が世界各地で進み、遺伝子の発現情報やタンパク質の構造・機能の情報も急激に蓄積しています。また、分子レベルの情報のみならず、脳神経系の活動記録や器官の発達についての画像情報など、細胞・組織・臓器レベルの情報も増加し続けています。このような多様な特性をもつビッグデータから最大限の知識を引き出すためには、それぞれのデータの特徴や解析目的に応じたテーラー

メイドの解析を行うことが求められます。実験データからは生命基盤となるシステムの仮説を導出し、次の実験計画を導きます。臨床データからは個別医療のための診断を目指します。実験データと臨床データをつなげるバイオバンクの整備が進んでいる現在、生命情報ビッグデータを扱う生命情報学の役割は極めて重要であり、私たちは情報科学の力を使って生命システムの理解に迫り、また個々人がより健康に過ごすことができるように役立てていきたいと考えています。



増加し続ける生命情報を解析する様々な手法を開発し、生命システムの解明を目指す





分子化学生物学専攻

Department of Molecular and Chemical Life Sciences

低分子化合物から核酸やタンパク質を含めた高分子化合物が、生体内で作用する機序を明らかにすることにより、生命現象の本質的な理解に迫る。化学と生物学の融合的な研究アプローチを積極的に取り入れる。得られた分子レベルでの基礎的な知見を利用して、生命現象を健全にコントロールする方法論の開発を目指す研究・教育を行う。

The aim of this major is to approach essential understanding of life phenomena by clarifying the mechanisms at work in living bodies ranging from low-molecular-weight compounds to highly polymerized compounds such as nucleic acids and proteins. This major proactively incorporates an interdisciplinary approach combining chemistry and biology. We conduct research and impart education aiming to develop a methodology to enable healthy control of life phenomena, using fundamental knowledge obtained at the molecular level.

分子情報化学分野

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



教授

有本 博一
Hirokazu Arimoto

助教

一刀 かおり
Kaori Ito

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製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ます。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。

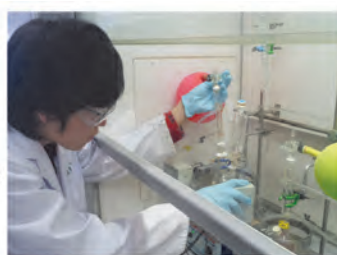
もう一つの研究の柱は、私たちの体内で生成するニトロ化合物:8-ニトロcGMPのケミカルバイオロジーです。感染症など組織が酸化ストレスにさらされると生じる分子で、オートファジー誘導など生体防御に深く関わることから、創薬の種として有望と考えています。

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

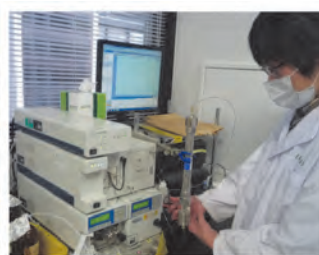
カバーする刺激に満ちた研究室です。

○研究室内教育の特徴と修了者の活躍

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。



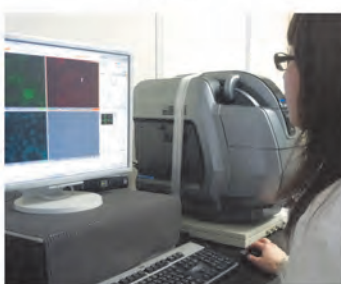
合成実験



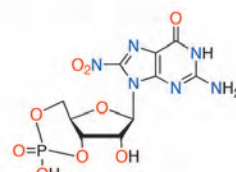
HPLCを用いた分析と精製



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 vanco-

mycin-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.

キーワード /
海洋天然物、全合成、構造・機能解析

生命構造化学分野

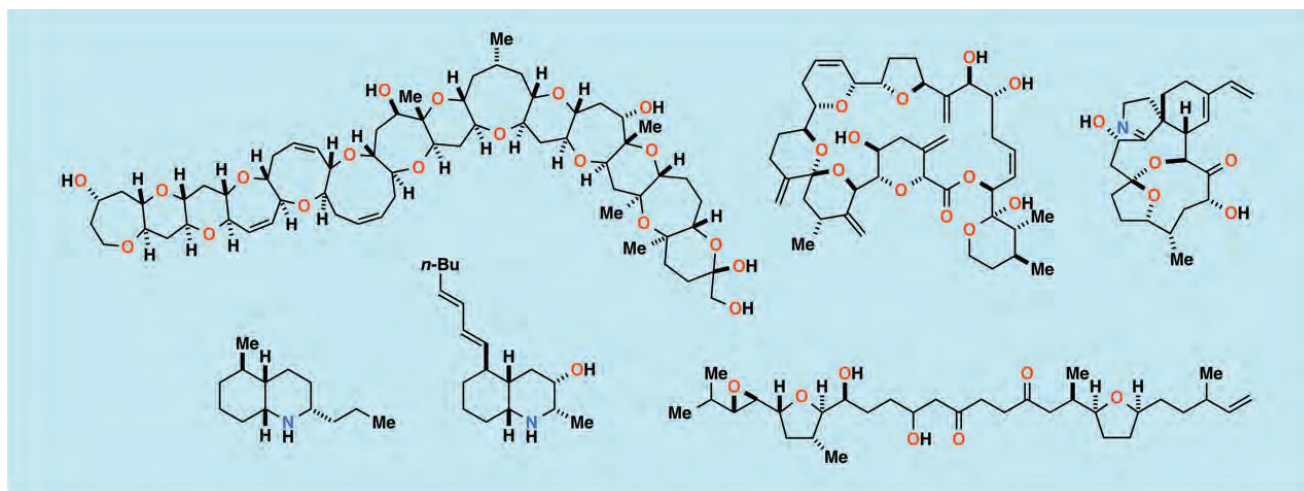


教授
佐々木 誠
Makoto Sasaki

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、新たな医薬品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.

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

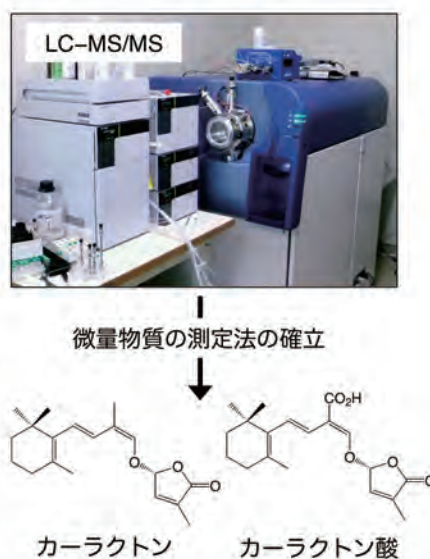
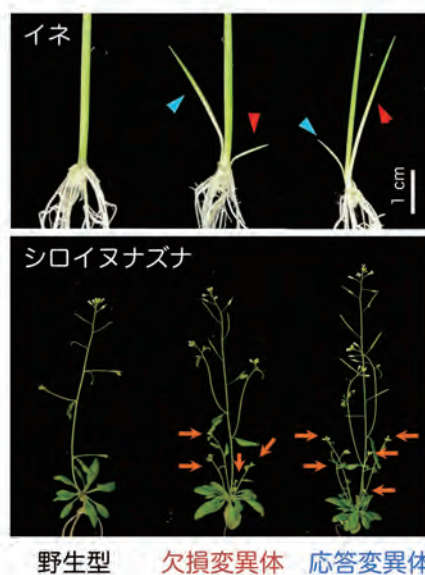
助教

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 /

細胞骨格、メカノセンシング、ストレス応答

分子細胞生物分野



教授
大橋 一正
Kazumasa Ohashi



准教授
安元 研一
Kenichi Yasumoto



助教
山下 和成
Kazunari Yamashita

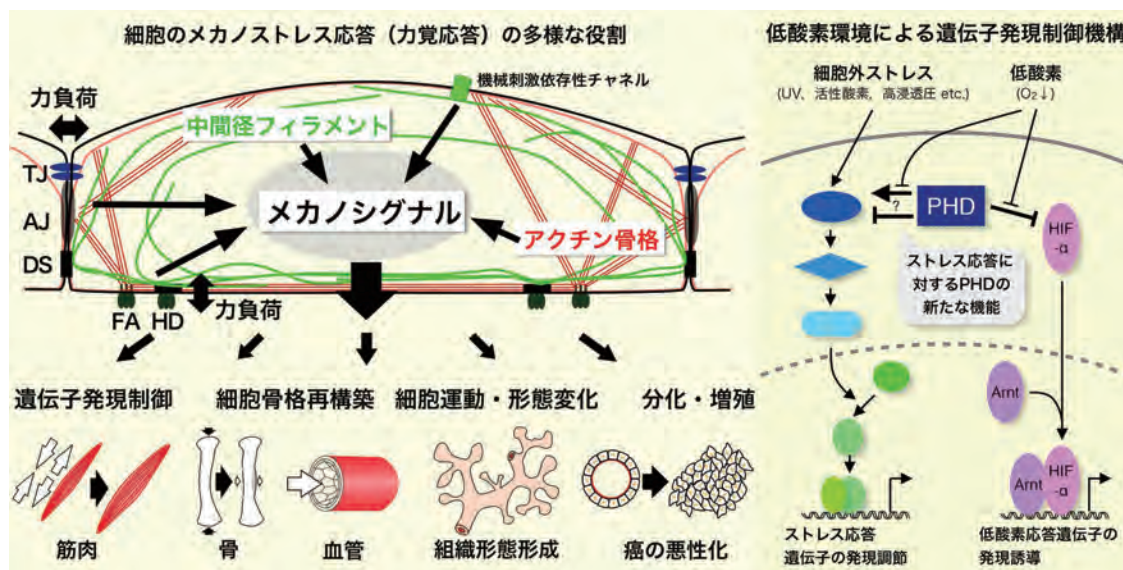
細胞の力覚応答による細胞骨格再構築とストレス応答の分子機構の解明

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応答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。



細胞接着や細胞骨格を介した機械的力（メカノストレス）の組織、細胞に対する多様な作用と低酸素ストレスに対する細胞応答の分子機構を解明する

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 reor-

ganization 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.

応用生命分子解析分野

キーワード /

疾患関連蛋白質, 立体構造解析, 蛋白質進化



教授
田中 良和
Yoshikazu Tanaka



准教授
小川 智久
Tomohisa Ogawa

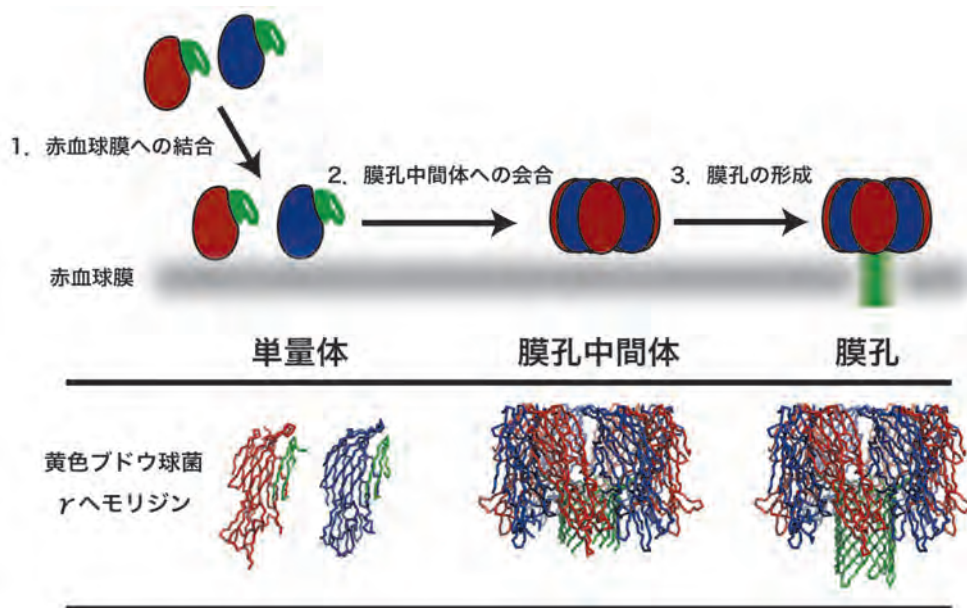


助教
松井 崇
Takashi Matsui

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-relating 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

キーワード /

環境微生物学、ゲノム微生物学、汚染環境浄化

微生物遺伝分野



教授
津田 雅孝
Masataka Tsuda

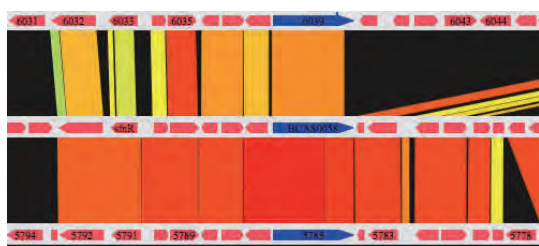
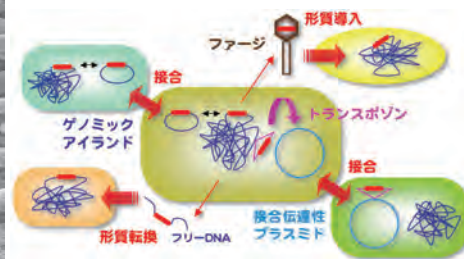
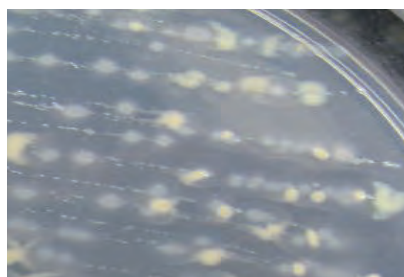


准教授
大坪 嘉行
Yoshiyuki Otsubo

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、(1)微生物の環境適応・進化機構の解明、そして、(2)微生物能力の開発と環境浄化への応用を最終的目的としている。このために、分子遺伝学、分子生物学、ゲノム科学、分子生態学の手法を動員し、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。



微生物共生分野

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

教授
南澤 究
Kiwamu Minamisawa



准教授
三井 久幸
Hisayuki Mitsui

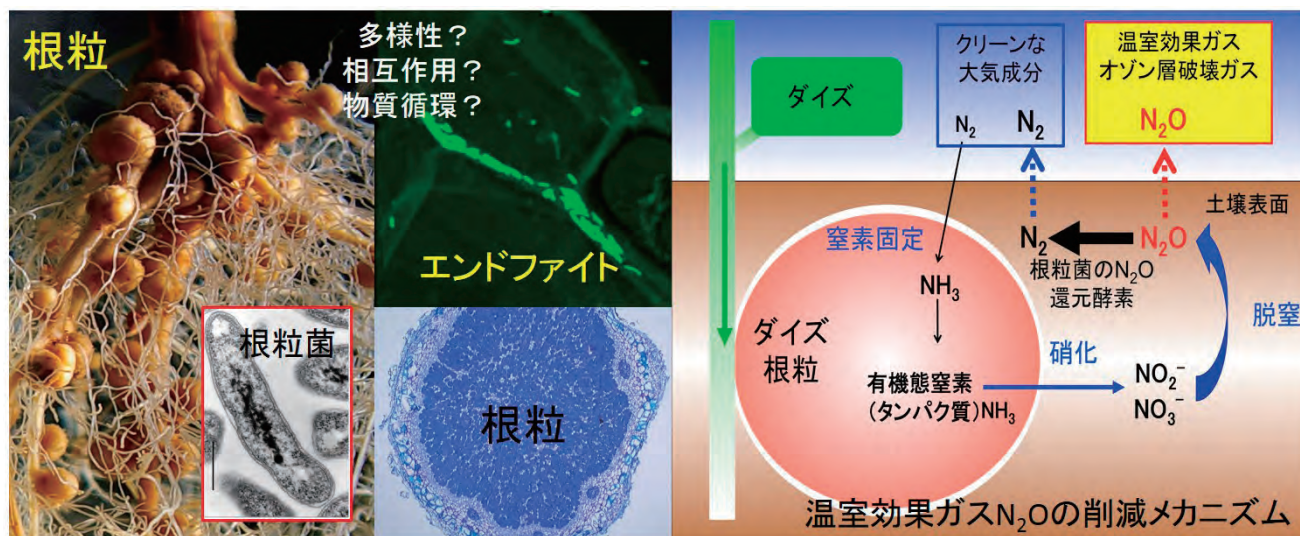


助教
菅原 雅之
Masayuki Sugawara

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 multi-disciplinary sciences, including evolutionary genomics and environmental microbiology, for the purpose of sustainable agriculture and environmental conservation.

キーワード /

細胞間コミュニケーション、エピジェネティクス、
進化発生

植物分子育種分野

教授
渡辺 正夫
Masao Watanabe准教授
菅野 明
Akira Kanno

植物ゲノムに刻まれた形態形成・生殖過程の統御鍵遺伝子の理解から分子育種を目指して

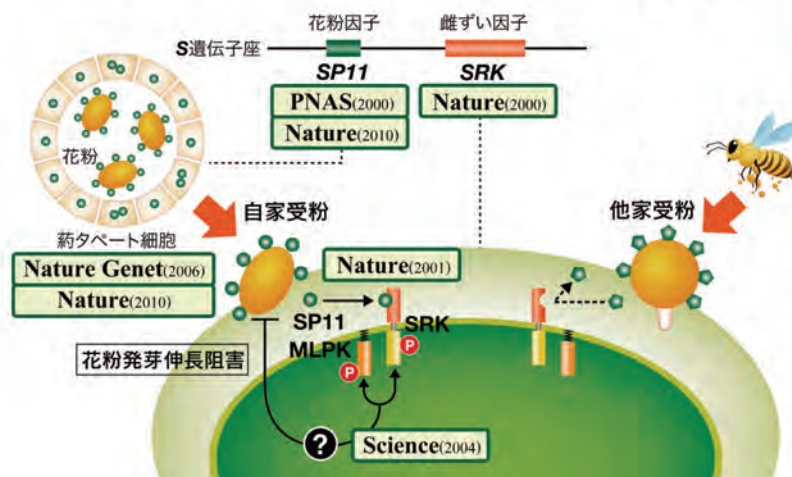
植物のゲノムには、形態形成から生殖形質を統御する細胞間相互作用因子・環境適応因子が刻まれているが、その機能原理の実態は不明な部分が多い。本分野では、先端ゲノム・情報科学などとの領域融合的研究により、統御鍵因子の機能原理を探索する。解明できた鍵因子の分子・遺伝子改変を通じ、植物における環境適応機構、形態形成・生殖形質の鍵因子間ネットワークを理解し、それに基づく分子育種を試みる。

細胞間相互作用因子、生殖形質のモデルであるアブラナ科植物の自家不和合性は、雌雄S遺伝子表現型が一致した時、自己花粉が

拒絶される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から分子育種を目指す。

一方、特殊な形の花被片(唇弁)を有するランや雌雄性を有する雌雄異株アスパラガスを用い、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、花被形態や雌雄性分化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研究成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花(右)

Comprehensive Understanding Complex Traits for the Molecular Breeding in Plants

To date, the genome editing is possible in angiosperms. In order to use this tool, it is necessary to comprehensively understand the complex traits behind plant morphogenesis and reproduction. We are interested in discovering the underlying molecular mechanisms that control these complex traits. In the Laboratory of Plant Molecular Breeding, we are studying the molecular mechanisms of the genes encoding key factors for these complex traits by interdisciplinary methods. Ultimately, we aim to carry out molecular breeding for these targeted complex traits in higher plants.

One area of focus is pollen-stigma interaction, especially self-incompatibility (SI) in *Brassica* species. Our work on SI has been extensively published in excellent journals (ref 1 to 6). Other areas of interest are

the molecular mechanisms of floral diversification in non-grass monocots (lily, tulip, orchid, etc.) and sex determination of the dioecious *Asparagus* species including garden asparagus (ref 7 to 11).

References: 1) Takada et al. (2017) *Nature Plants* 3: 17096, 2) Yasuda et al. (2016) *Nature Plants* 3: 16206, 3) Tarutani et al. (2010) *Nature* 466: 983-986, 4) Tsuchimatsu et al. (2010) *Nature* 464: 1342-1346, 5) Murase et al. (2004) *Science* 303: 1516-1519, 6) Takasaki et al. (2000) *Nature* 403: 913-916, 7) Harkess et al. (2017) *Nat. Commun.* 8: 1279, 8) Abdelrahman et al. (2017) *Sci. Rep.* 7: 2608, 9) Murase et al. (2017) *Gene Cells* 22: 115-123, 10) Otani et al. (2016) *Sci. Rep.* 6: 24549, 11) Kanno et al. (2014) *Euphytica* 197: 39-46.

分子遺伝生理分野

キーワード /
環境ストレス応答、適応戦略、ゲノム



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

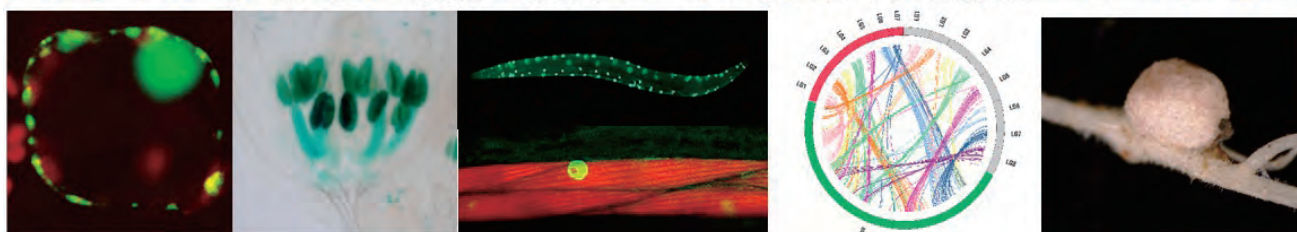
多様な環境因子が生体に及ぼす影響についての分子遺伝生理学的研究

多様な環境因子(温度、紫外線・強光、塩、重力・静水圧など)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。分子遺伝学的、生理学的な解析研究を中心に、分野内での活発な共同研究や討論を大切に研究教育を実施している。主な研究課題を以下に示す。

- (1) 線虫Cエレガンスを用いた筋細胞のストレス適応応答と破綻
- (2) 植物花粉形成における高温ならびに低温障害
- (3) 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
- (4) 紫外線や放射線によるDNA損傷の修復機構
- (5) 植物—微生物相互作用の分子基盤
- (6) 遺伝因子と環境因子による表現型制御
- (7) オートファジーによる損傷オルガネラの分解機構
- (8) 酵母からヒト培養細胞を用いたクロマチン動態とゲノム複製機構



分子・細胞・個体レベルでの統合的解析



分子遺伝生理分野研究概要図—様々な生物種を用いた分子・細胞・個体レベルでの統合的研究

Genomic Mechanisms Underlying Response and Adaptation to Various Environments

Our research aims to elucidate the mechanisms underlying adaptive responses to diverse environmental stimuli. We perform integrative research using a combination of approaches: molecular, cellular, physiological, genetic, and genomic. Within the laboratory, graduate school students will engage in collaborative experiments and discussion.

Our laboratory currently focusses on the following areas:

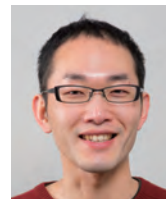
- (1) The molecular mechanisms of muscle breakdown using *C. elegans*.
- (2) Plant reproductive development and its injury in response to environmental stress.
- (3) Repair mechanisms of UVB-induced damage in organelles and UVB-tolerance mechanisms in plants.
- (4) Molecular mechanisms of DNA damage repair caused by UVB and ionizing radiation in plants.
- (5) Molecular basis of plant-microbe interactions.
- (6) Phenotypic plasticity controlled by genetic and environmental factors in plants.
- (7) Molecular mechanisms of plant organelle degradation by autophagy in response to environmental stress.
- (8) Dynamics of genome DNA replication in eukaryotes from yeast to mammals.

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

生体分子ダイナミクス分野



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

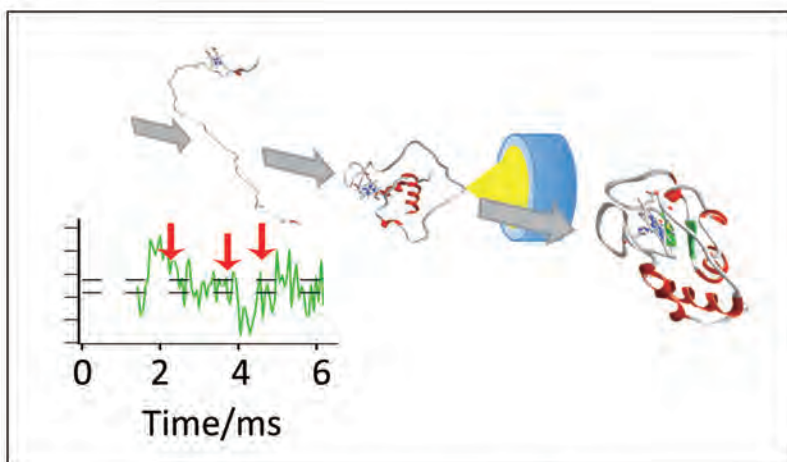
タンパク質は特定の形に折り畳むことで、さまざまな機能を果たします。タンパク質が折り畳む特性を理解することで、タンパク質の構造予測や設計などの応用が広がると予想されます。さらに、タンパク質がある形に折り畳む特性は、タンパク質合成、輸送、分解などの細胞内現象に深く関与します。

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。

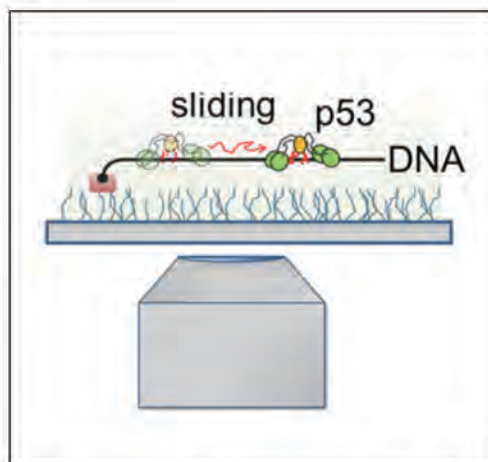
さらに、発ガン制御タンパク質であるp53が、DNAの上をスライドしながら標的配列に結合する過程を観察し、p53の機能を解明する研究も展開しています。

(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単分子観察実験

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 auto-

mous 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.

生体分子機能制御分野

キーワード /
ケミカルバイオロジー、バイオイメージング、
光機能性分子



教授
水上 進
Shin Mizukami



准教授
松井 敏高
Toshitaka Matsui



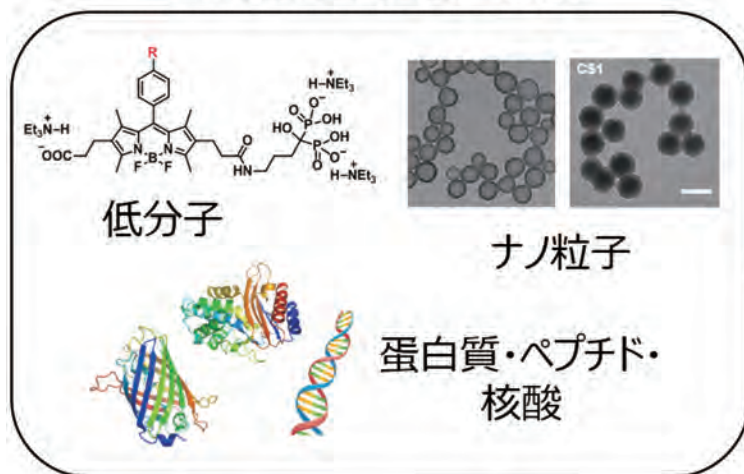
助教
小和田 俊行
Toshiyuki Kowada

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

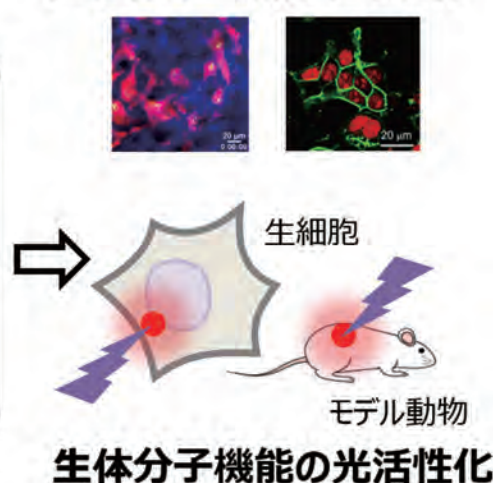
生体内では多くの細胞や分子が相互作用しながら、多様な機能を発現しています。単一細胞レベルでも、蛋白質・核酸・糖などの様々な分子が相互作用しています。それらの生体分子について正確に理解するには、それらの挙動や機能を他の生体分子との相互作用が保たれた状態、すなわち生きた状態で観察することが重要です。当分野では、有機化学・高分子化学・蛋白質化学等の技術に基づいて新たな機能性分子を設計・合成し、光を使った生体分子の可視化技術や機能制御技術を開発します。具体的には、酵素活性や細胞内シグ

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ことが特長です。

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

Our body comprises up to sixty trillion cells, all of which are derived from one fertilized egg. Each cell in our body faithfully inherits genetic information through the cooperation of a number of elaborate mechanisms. In contrast, most cancer cells show chromosomal abnormalities and genetic mutations, which are caused by genomic instability, a condition in which the mechanisms ensuring faithful transmission of genetic information are impaired. Genomic instability is also reported to be seen in Alzheimer's disease and aging, although the underlying

mechanisms are not fully understood. We are investigating how genomic instability occurs, and how it is related to cancer and aging. We are addressing these questions from the molecular to the organismal level using cultured cells and mice, and a variety of techniques including live cell imaging, biochemical analysis, and genomic and epigenetic analyses. Through these approaches, we are aiming to develop a strategy to prevent disease by increasing genome stability, and to develop cancer therapies by targeting genomic instability.

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

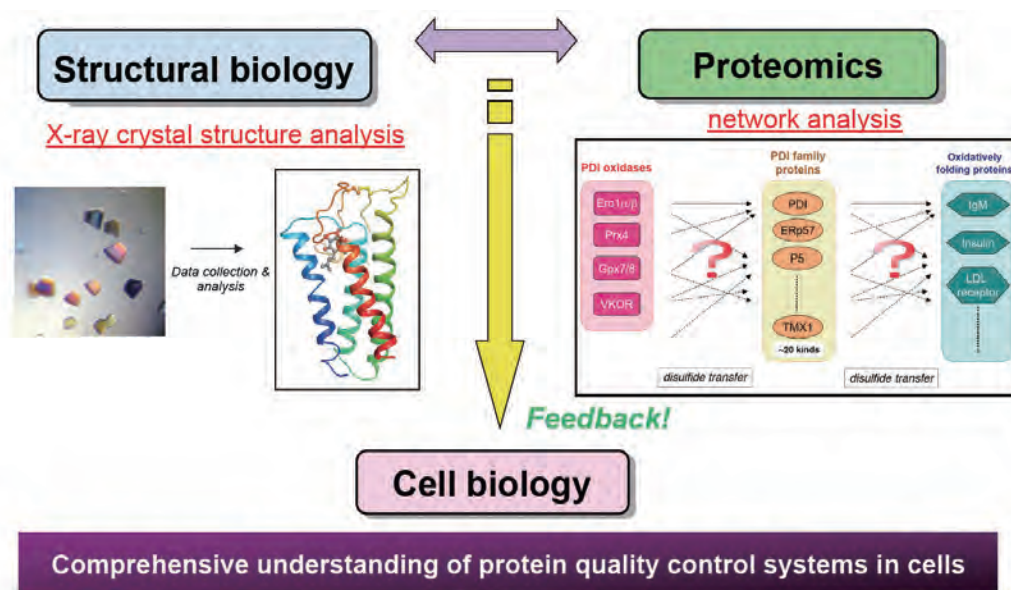
生体分子構造分野

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フォールド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.

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



講師
矢野 大和
Hirokazu Yano



助教
加藤 広海
Hiromi Kato



助教
佐藤 優花里
Yukari Sato

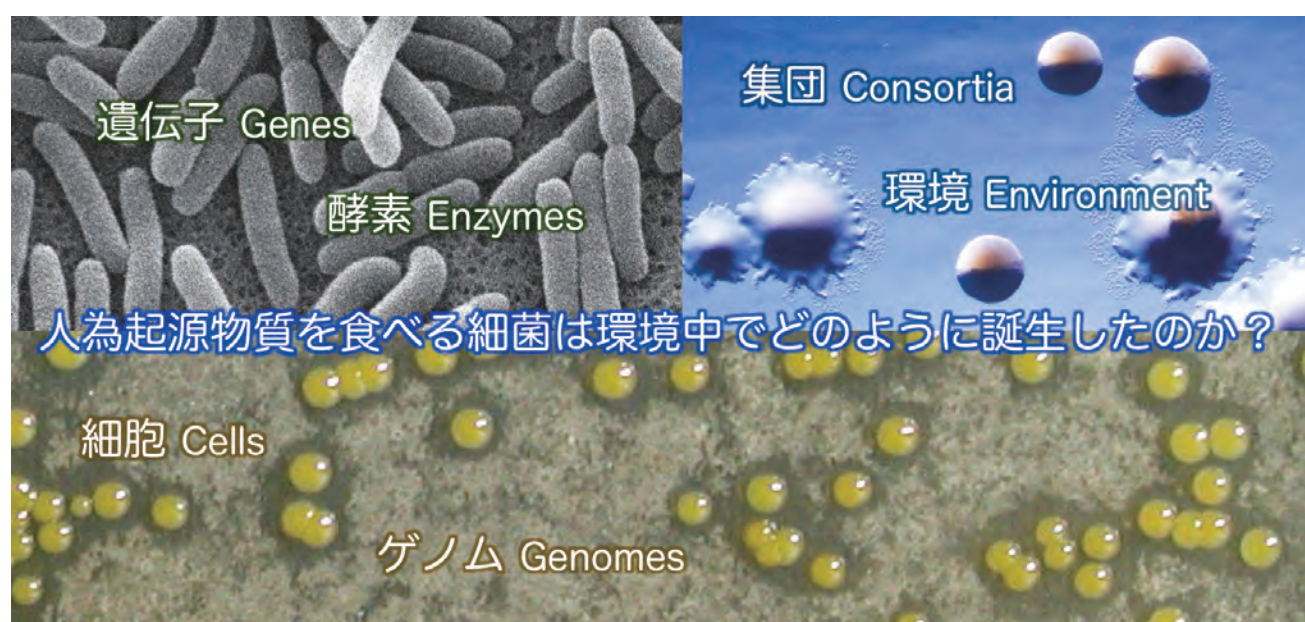
微生物の進化機構を理解し、微生物機能開発手法の確立と環境浄化への応用を目指す

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

Some bacteria can consume artificially synthesized environmental pollutants. Previous studies have revealed the genes and enzymes that are used by such bacteria, and how they exert their pollutant degrading ability at the cellular level. However, little is known about the evolutionary "process" that these bacteria undergo, which appears to occur relatively quickly in a contaminated environment. In our laboratory, we address the evolutionary mechanisms behind

the emergence of such pollutant-metabolizing bacteria at the gene, enzyme, cell, genome, consortia, and environmental levels. Based on the findings, we aim to develop new technologies that use the previously 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).

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

オミックス・情報学分野



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ッ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ッ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ッ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ックス研究(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.

天然物ケミカルバイオロジー分野

キーワード /
天然物有機化学、ケミカルバイオロジー、
植物科学



教授
上田 実
Minoru Ueda

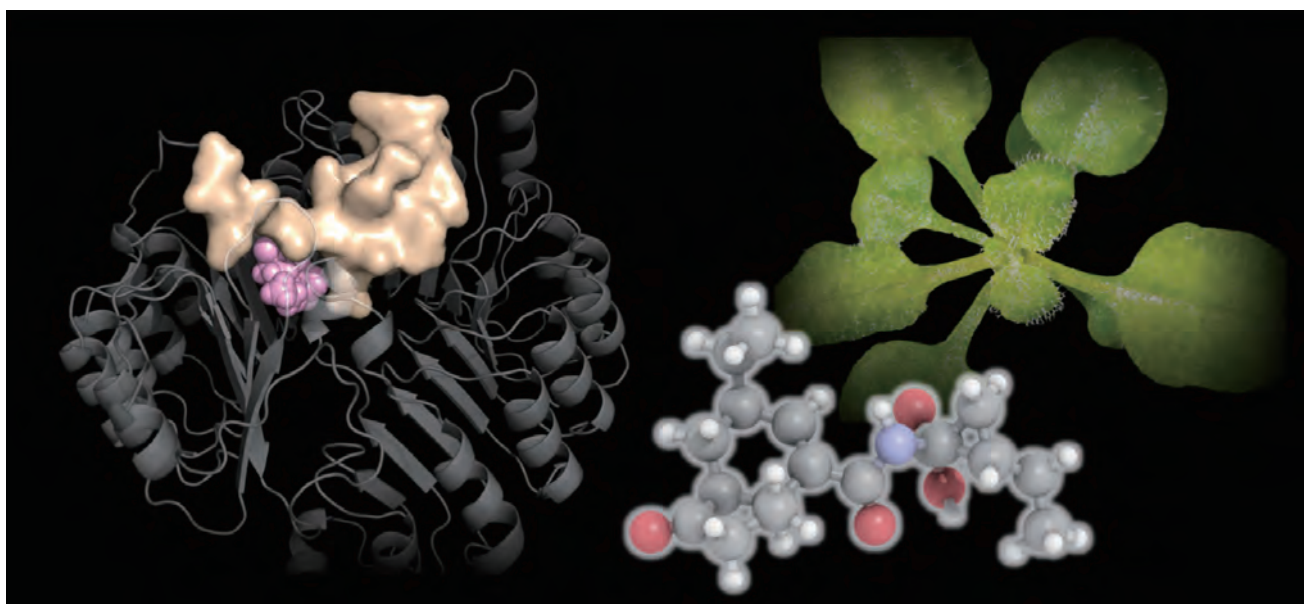
天然有機化合物を用いる植物ケミカルバイオロジー

天然有機化合物の化学的研究やそれを用いるケミカルバイオロジー研究は、近年大きく発展した研究分野である。かつては天然物の特異な構造とその合成が研究の中心であったが、最近は天然物のユニークな生物活性を利用する研究が盛んである。当研究室では、天然物のもつ生物活性を人工的にチューニングする化学生物学的研究、および、ひとつの生物現象に天然物有機化学と生物学からアプローチするChemistry&Biologyの2つの研究を主として行っている。以下に研究例を挙げる。

1) 植物ホルモンの構造ミミックをツールとし、その立体異性体を

ベースとした論理的分子設計指針に基づいて活性チューニングを行うことで、特定の受容体ホモログに選択的に結合する人工リガンドを開発する。

2) 生物時計(昨年度ノーベル生理学医学賞)は、マメ科植物の就眠運動から発見された。就眠運動は、進化論のダーウィン以来、多くの研究者の研究意欲を刺激したが、未だその機構は未解明である。我々は、ひとつの生物現象に、ChemistryとBiologyの2つの側面からアプローチすることで、その解明を目指している。



植物ホルモン活性を持つ天然物とその受容体

Chemical Biology Inspired by Natural Products

Natural products are very useful tools in chemical biology research. Our research group has a strong interest in the following two topics in plant chemical biology: 1) tuning the biological function of natural products using stereo chemical isomers, and 2) chemical and biological studies on the circadian rhythmic behavior of plants, a phe-

nomenon referred to as nyctinasty. Using these two independent approaches, both from the chemical aspect and the biological aspect, will provide significant advances in understanding of this intriguing phenomenon.

キーワード /

天然物合成、生物活性化合物の設計と合成、
分子プローブ合成

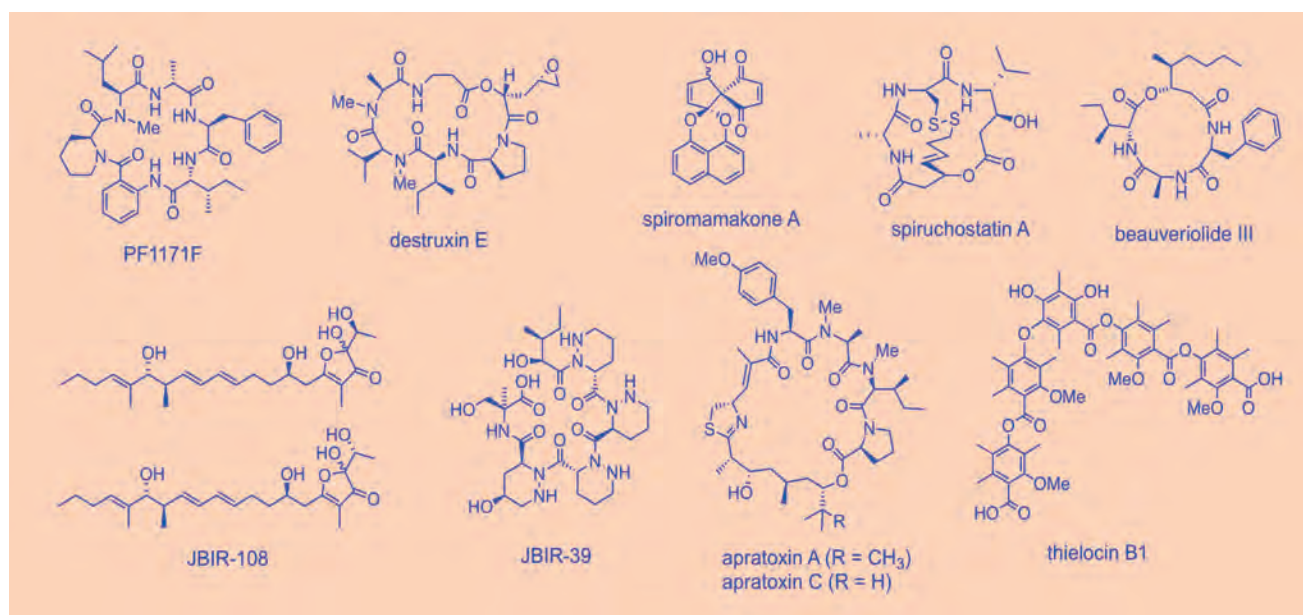
分子反応化学分野

教授
土井 隆行
Takayuki Doi

生物活性天然物の骨格を基に多様な類縁体を合成する

天然物は多種多様な構造から多彩な生物活性を生み出す化合物の宝庫である。それらの骨格を基に多様な化合物を合成できる合成法を確立し、様々な類縁体を効率良く合成することで、高活性、高選択性化合物の探索のみならず、構造活性相関を指標にした分子標的探索のためのプローブ合成、ファルマコフォア解析など、特に化合物の三次元構造に着目した創薬基盤研究を展開している。具体的には、遷移金属触媒反応開発による新規ヘテロ環骨格構築法の開発研究、ユニークな骨格をもつ生物活性天然物の全合成、類縁体

合成、生物活性評価、物性評価、構造活性相関、立体配座解析などの研究を行っている。また、有機合成を効率化するため、フロー合成の研究にも力を入れている。フロー合成法ではフローする時間を長くすることで同一条件で反応のスケールアップが可能になること、効率よい冷却あるいは加熱が可能なこと、反応時間を秒単位で制御できることから従来のバッチ法とは異なる特徴がある。合成中間体を十分量供給できるようなフロー合成法の開発研究に取り組んでいる。



Synthesis of Biological Active Natural Product Derivatives

Natural products are very attractive chemical sources in the discovery of potentially bioactive compounds that have unique structures. Based on the three-dimensional structure of the natural products, it is important to develop methods for the synthesis of a variety of natural product analogues, in order to develop more potent and/or more selective compounds, elucidate structure activity relationships, synthesize molecular probes to elucidate their mode of action, and for analysis of their pharmacophores.

In this laboratory, we study a novel transition-metal catalyzed cy-

clization reaction that can lead to the formation of heterocyclic rings. Using this approach, we can achieve the total synthesis of natural products which have novel structures and unique biological activities. Following this, we are able to synthesize analogues, evaluate their biological and physiological properties, determine the structure-activity relationships, and perform a conformational analysis to identify the active conformation. In addition, we use flow synthesis to efficiently prepare key synthetic intermediates.

レドックス制御分野

キーワード /
KEAP1-NRF2制御系、イオウ代謝、
加齢関連疾患



教授

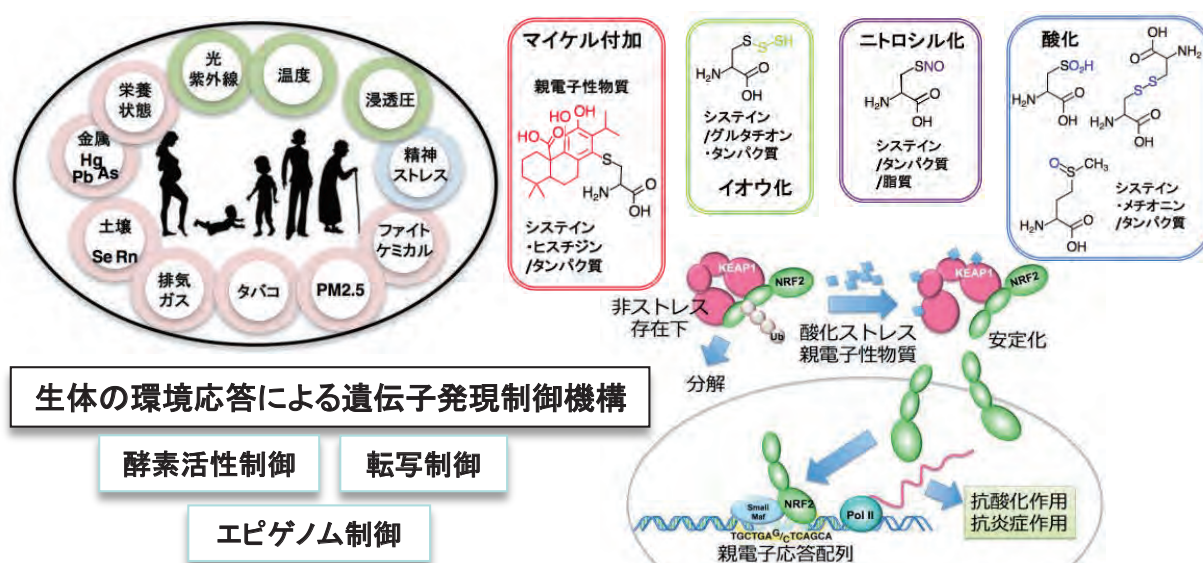
本橋 ほづみ
Hozumi Motohashi

生体の環境応答による遺伝子発現制御機構

すべての生物は環境との相互作用の中でその生命を維持している。多くの環境要因は、生体の酸化還元反応に影響し、生体分子の変化をもたらす。生体における酸化還元反応で重要な役割を果たしているのがイオウ原子である。KEAP1-NRF2制御系は、イオウ原子の反応性を利用したレドックスセンサー分子であるKEAP1と、イオウ代謝のマスター制御因子であるNRF2から構成される重要な生体防御機構である。私達分野では、加齢に伴い発症頻度が増加するがんや慢性炎症などの疾患の予防・治療に貢献すべく、KEAP1-NRF2

制御系を主軸として、生体のレドックス制御における新しい基本原理の発見を目指して研究を展開している。主な研究課題を以下に示す。

- (1) レドックス応答性転写因子NRF2による遺伝子発現制御
- (2) レドックス・インバランスがもたらす個体老化の分子機構
- (3) 運動がもたらすレドックス応答と抗老化作用の分子機構
- (4) NRF2依存性がんにおけるイオウ代謝とがん悪性化機構
- (5) NRF2によるミトコンドリア機能制御とエネルギー代謝



生命をとりまく環境因子とそれによって惹起される生体分子の修飾(上)。KEAP1-NRF2制御系による環境ストレス応答(右下)。

Regulation of Gene Expression in Response to Environmental Stresses

Organisms maintain their lives in the presence of constant interactions with their environments. Accordingly, environmental exposures are critical determinants of aging processes. Most environmental factors trigger redox disturbances leading to protein carbonylation, lipid peroxidation, and thiol oxidation. Sulfur is involved in many of the non-enzymatic reactions that are caused by environmental stresses. The KEAP1-NRF2 system is a sulfur-employing defense mechanism; KEAP1 is a sulfur-based redox sensor, and NRF2 is a sulfur-regulating effector. Our laboratory focusses on the KEAP1-NRF2 system and explores new principles in redox regulation underlying the pathogenesis of aging-related diseases. Our ultimate goal is to contribute to the achievement of healthy aging. Current projects in our lab are as follows.

- (1) Identifying the transcriptional regulatory mechanisms used by the redox-responsive transcription factor NRF2.
- (2) Exploring the molecular mechanisms of organismal aging induced by redox imbalance.
- (3) Understanding the molecular mechanisms of the response to exercise and its anti-aging effects.
- (4) Exploring the role of sulfur metabolism and cancer malignancy driven by NRF2.
- (5) Exploring the regulatory mechanisms of mitochondrial function and energy metabolism controlled by NRF2.

キーワード /

細胞増殖制御、発がん機構、タンパク質分解

細胞機能分野



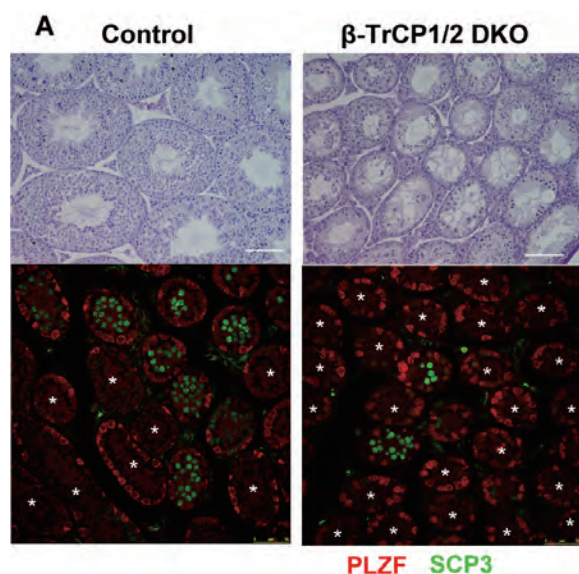
教授
中山 啓子
Keiko Nakayama

遺伝子機能・細胞機能の理解から疾患発症機構と病態の解明へ

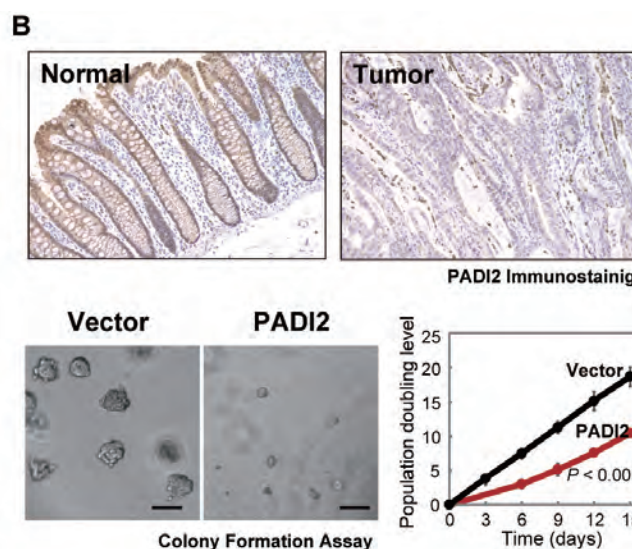
私たち多細胞生物は、一つの受精卵から次々と分裂を繰り返した細胞集団からなっています。そして、それぞれの細胞は、同じゲノムを持ちながらも異なった機能を発揮するように分化することで、生物個体として生存しています。様々な環境要因と遺伝的な要因によって、正常な分化を遂げることができなかった時や、環境要因に適切な応答ができなかった結果が、疾患・病気であると言えるでしょう。

私たちの分野では、細胞の増殖や分化に関わる分子や発がんに関わる分子を探索し、それらの分子の機能を明らかにすることを目指しています。具体的には二つの方向からアプローチをしています。

第一は、細胞の増殖や分化・疾患の発症に関わることが予想されている分子について、その機能を明らかにするものです。第二は、ヒト疾患(特にがん腫)サンプルを対象に網羅的な解析を行い、そこから新しい疾患関連分子や疾患関連の分子ネットワークの発見を目指すものです。いずれのアプローチにおいても、生化学や細胞生物学的な解析方法を駆使して分子機構を明らかにすると同時に、マウスをモデル動物として個体内でその機能が発揮されていることを検証しています。



ユビキチンリガーゼ β -TrCP 欠損マウスは精子形成不全となる。



PADI2は大腸がんでは発現が低下しており、過剰発現すると増殖遅延する。

From Gene Function and Cellular Function to Elucidation of Pathophysiology

We, as multicellular organisms, are composed of a cell population that originated from one fertilized egg. Our cells share the same genome, but differentiate into different cell types, and together constitute the individual. Diseases, or disorders, arise as a consequences of failure in differentiation by various genetic or environmental factors, or as an abnormal response to them.

In our laboratory, we explore molecules related to cell proliferation, differentiation, and oncogenesis, and are attempting to elucidate their molecular function. We approach these questions from two different directions. First, we focus on molecules which are expected to

function in cellular proliferation, differentiation, or pathogenesis, and study their molecular mechanisms to understand their role in the cell or in the body. Second, we comprehensively analyze human tissue samples, especially human cancer samples, in order to identify new disease-related genes or disease-related molecular networks. As it is often difficult to show a causal relationship between gene expression and phenotype, we use multiple biochemical and cell biology approaches to understand the biological system in a physiological, or a pathological situation, including the use of in vivo studies using disease-models in mice.

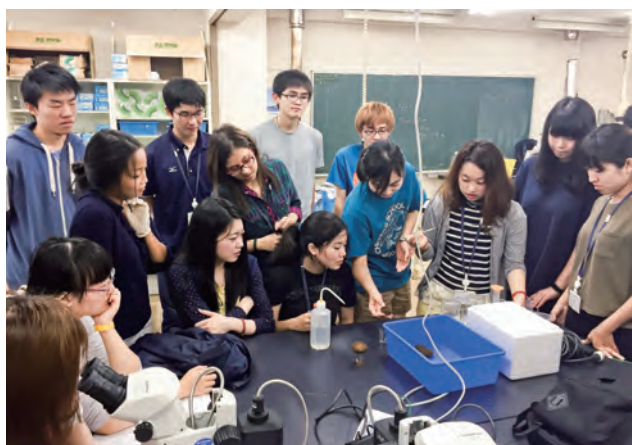
附属浅虫海洋生物学教育研究センター

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。前身の理学部附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、発生生物学ユニットは、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、海洋生態行動学ユニットでは、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1、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・2008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元する教育研究拠点」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充分发挥するため、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.

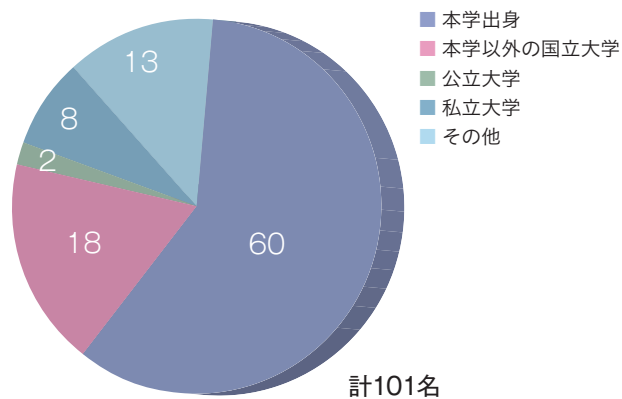
Activities at the Center aim to accomplish the following three major objectives:

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.

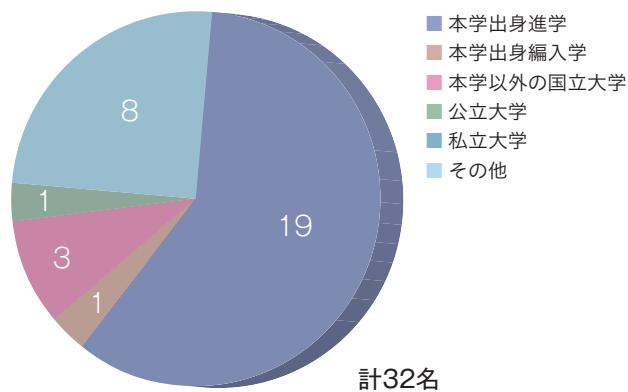
Through these initiatives, we strive to make significant contributions to the development of brain science in Japan.

入学者・進学者数 [平成29年度]

博士課程前期2年の課程

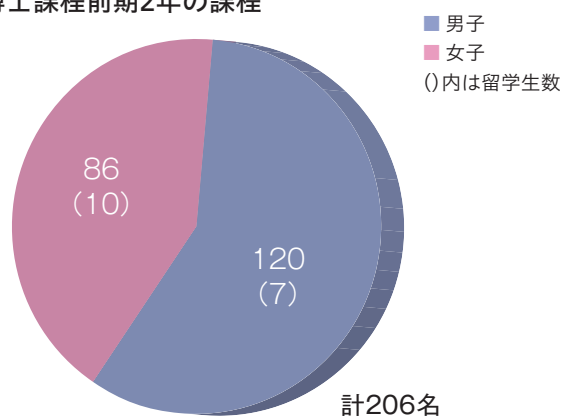


博士課程後期3年の課程

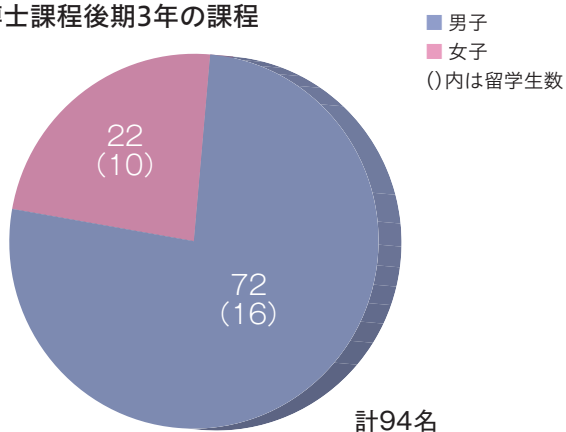


在学生男女別人数 [平成29年12月1日現在]

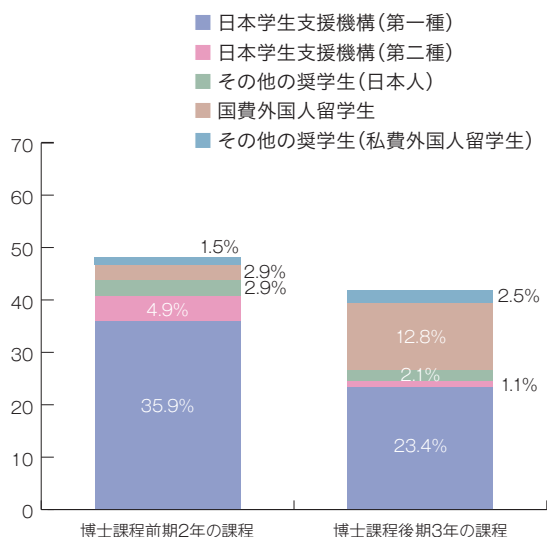
博士課程前期2年の課程



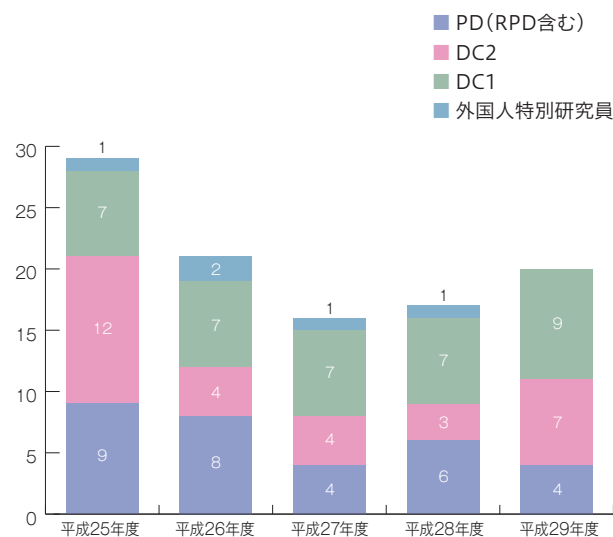
博士課程後期3年の課程



奨学生採用状況 [平成29年12月1日現在]

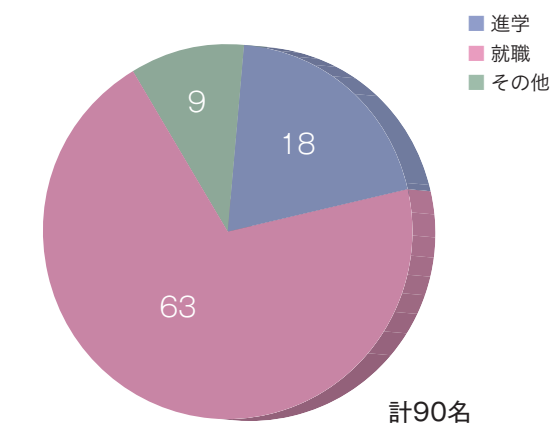


日本学術振興会特別研究員の受入状況



平成28年度修了者の進路状況 [平成29年5月現在]

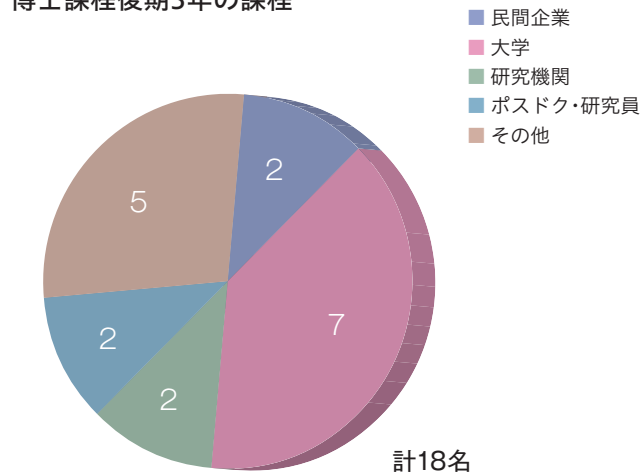
博士課程前期2年の課程



就職先内訳

製造業	33
情報通信業	9
卸売・小売業	2
金融・保険業	1
医療・福祉	3
農業・林業	1
教育・学習支援業	4
学術研究, 専門・技術サービス業	4
その他サービス業	3
公務	2
不動産系・物品賃貸業	1
運輸・郵便業	0
宿泊業・印刷サービス業	0
複合サービス事業	0
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]



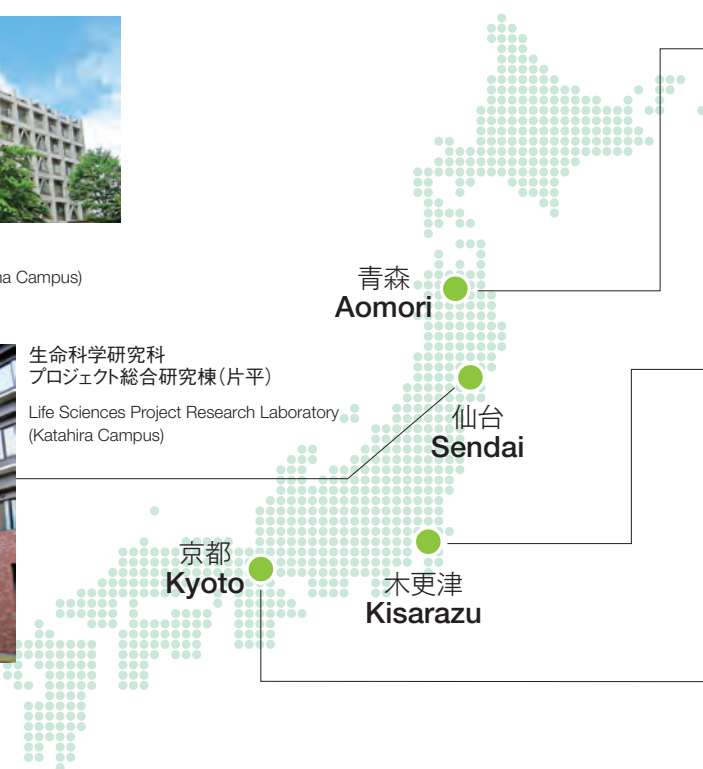
生物棟 (青葉山)

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

京都
Kyoto

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



総合地球環境学研究所
Research Institute for Humanity and Nature

キャンパス分布図 [仙台市内]

Campus distribution map [Sendai city]



片平キャンパス

Katahira Campus

所在地: 仙台市青葉区片平



青葉山キャンパス

Aobayama Campus

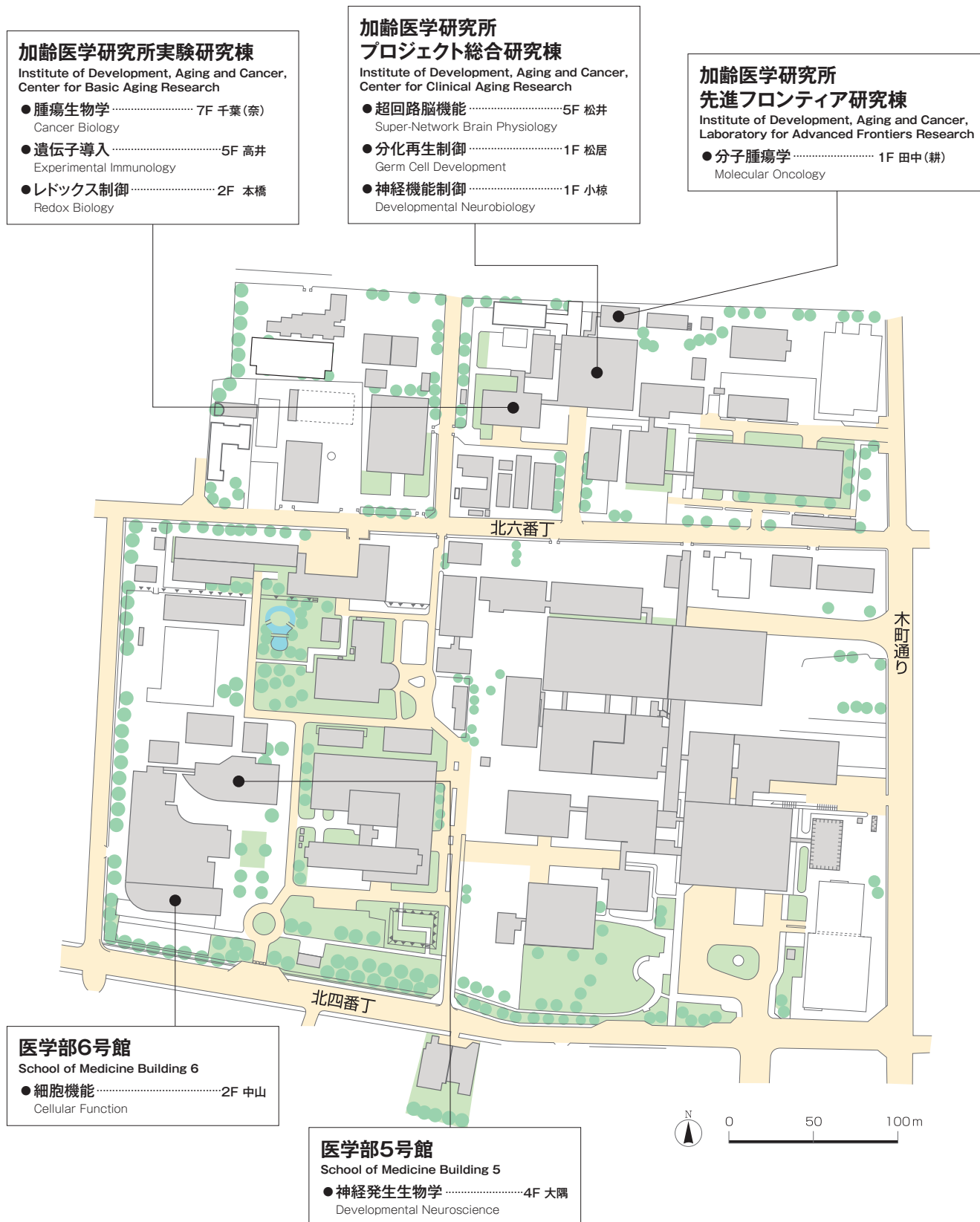
所在地：仙台市青葉区荒巻字青葉



星陵キャンパス

Seiryō Campus

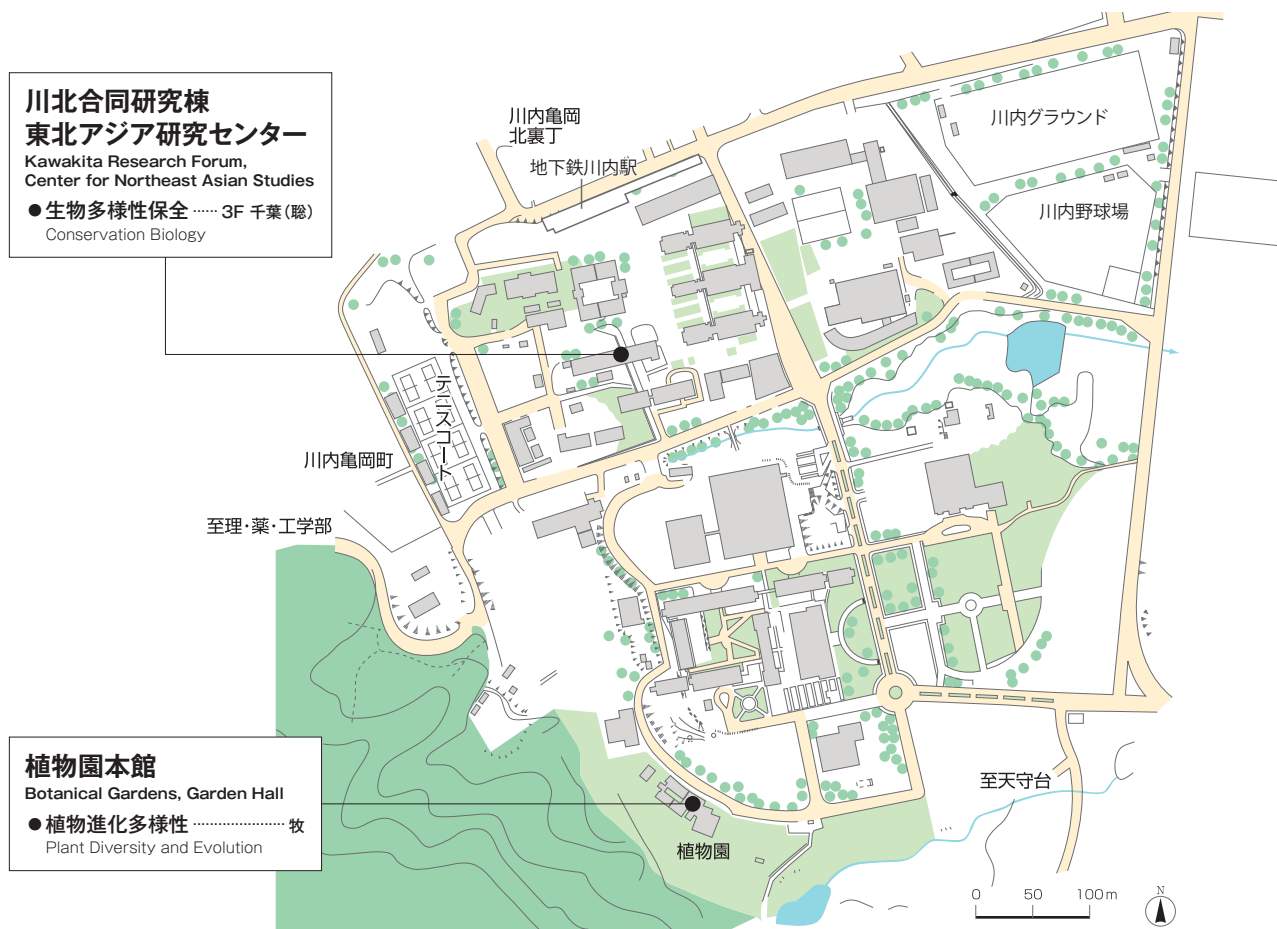
所在地: 仙台市青葉区星陵町



川内キャンパス

所在地: 仙台市青葉区川内

Kawauchi Campus

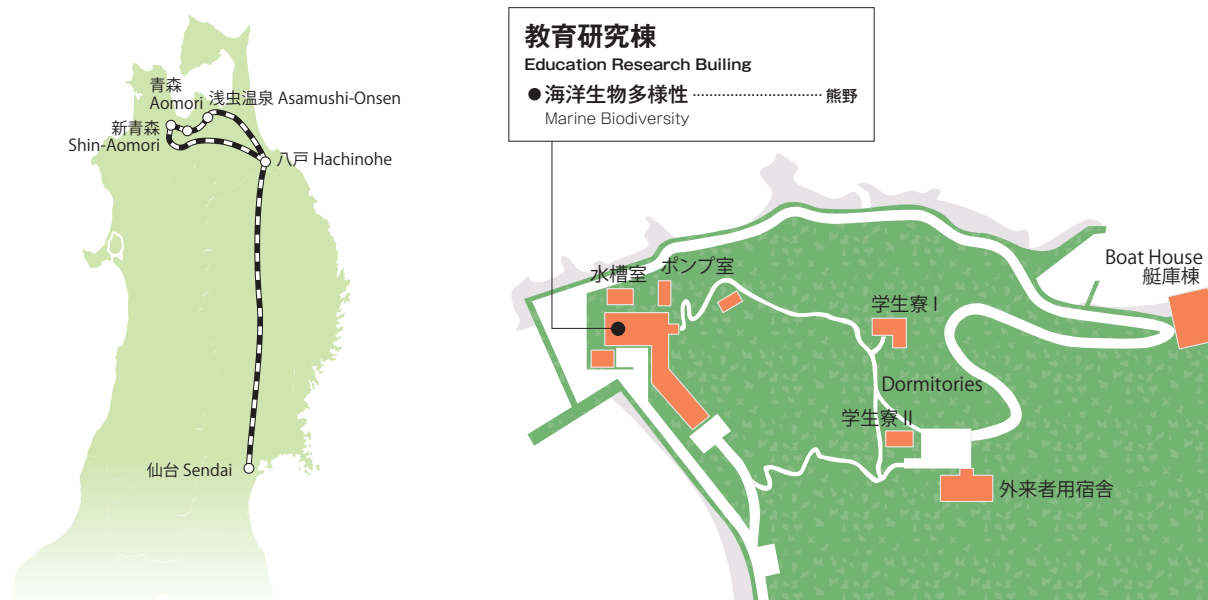


附属浅虫海洋生物学教育研究センター

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/>



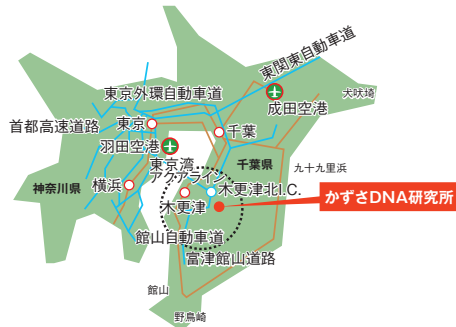
かずさDNA研究所

Kazusa DNA Research Institute

所在地: 千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7

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

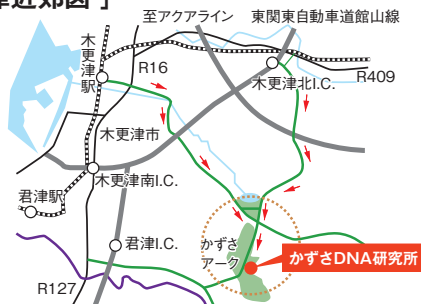
〔関東広域地図〕



〔周辺地図〕



〔木更津近郊図〕



総合地球環境学研究所

Research Institute for Humanity and Nature

所在地: 京都市北区上賀茂本山457番地4

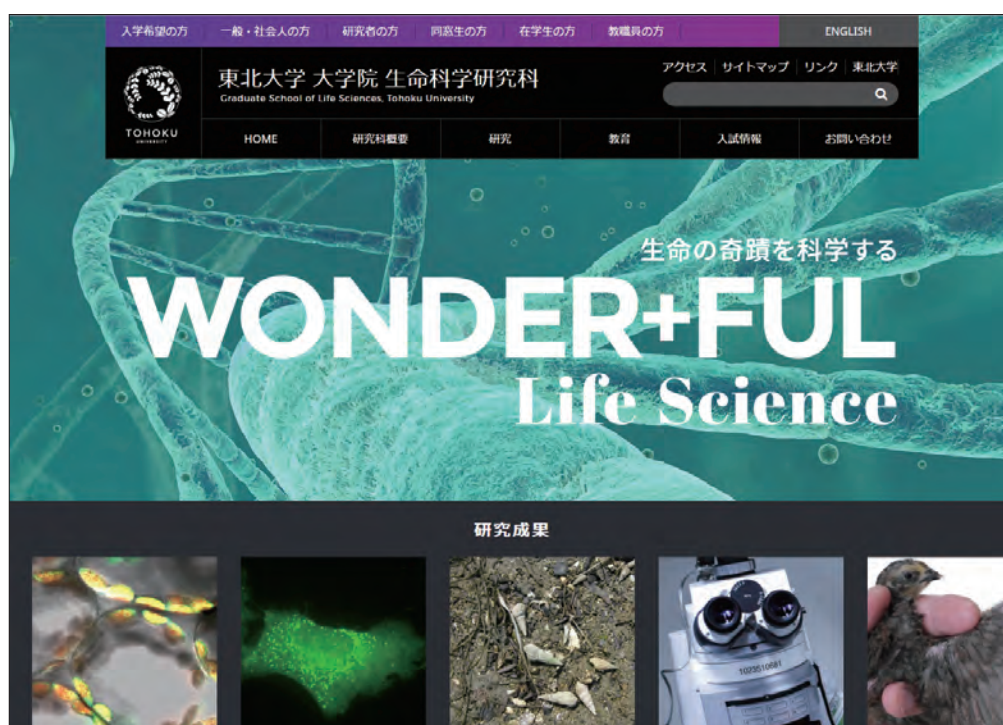
TEL 075-707-2100(代) <http://www.chikyu.ac.jp>

〔周辺地図〕



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。



<https://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/

