



# コケ植物を使って有性生殖のしくみを解く

Keywords: 性決定・分化、受精、ゲノム、ゲノム編集、基部陸上植物、ゼニゴケ

## ● 研究概要

生殖とは、生物が生命を継続させるためのしくみです。生殖を理解することは生物そのものの理解だけではなく、食糧やバイオマスの生産といった応用にも直結しています。私たちはコケ植物ゼニゴケおよびゲノム関連技術を用いて雌雄が決まるしくみや、受精のしくみを研究しています。



所属 生物工学科  
細胞工学研究室  
教授  
氏名 大和 勝幸  
YAMATO, Katsuyuki T.

URL:<http://www.waka.kindai.ac.jp/tea/biotech/lab/lab7.html>

## ● 研究テーマ

### ・精子が卵に接近するしくみ

一般に、運動性をもつ精子は自力で泳いで卵に到達する。これは、卵あるいは卵近傍の細胞や組織が精子誘引物質を放出し、精子はその濃度勾配を感知して卵に向かうよう遊泳方向を調節しているためと考えられる。カタウレイボヤなど、一部の生物種では精子誘引物質が同定され、誘引に必要な遺伝子やタンパク質も見つかっているが、精子が精子誘引物質の濃度勾配に応じて応答するしくみ、鞭毛運動の制御についてはほとんど明らかにされていない(論文1)。

我々は、動物と同様に運動性をもつ精子によって受精するゼニゴケ(図1)を用い、そのモデル生物としてのアドバンテージ(材料調達の容易さ、豊富なゲノム情報、遺伝子操作の容易さなど)を活かして解析を行っている(論文2,3)。関連して、ゼニゴケ精子の超低温保存に成功しており、これは植物の精子として世界で初めての報告である(論文4)。

### ・性染色体のなりたちとはたらき

ゼニゴケは雌雄異株(図1)であり、性染色体をもつ。近年、国際共同研究によってゼニゴケゲノムの全塩基配列が明らかにされ、雌雄それぞれの性染色体の情報も明らかにされた(論文2)。ゼニゴケ性染色体の進化プロセスを理解することは、染色体一般の進化についても重要な知見を与える。また、塩基配列情報の比較解析およびゲノム編集技術により、ゼニゴケにおける性決定および性分化を制御する遺伝子の探索・解析も行っている(論文5)。

### ・マイクロインジェクションによる植物細胞のゲノム改変

ゲノム編集技術の発展には目覚ましいものがあり、植物でも急速にその利用が広まるとともに改良が進められている。植物の場合、ゲノム編集に必要な遺伝子をゲノムに組み込む方法が現在の主流であり、編集部位以外にも遺伝的な差異が生じる。これを回避するため、動物のようにマイクロインジェクションを用いたゲノム編集系を開発している(図2)。これまでにゼニゴケ細胞を用いた実験で特定の遺伝子を破壊すること(ノックアウト)に成功している。現在、ゲノムの特定部位への遺伝子挿入(ノックイン)および有用植物への応用を試みている。

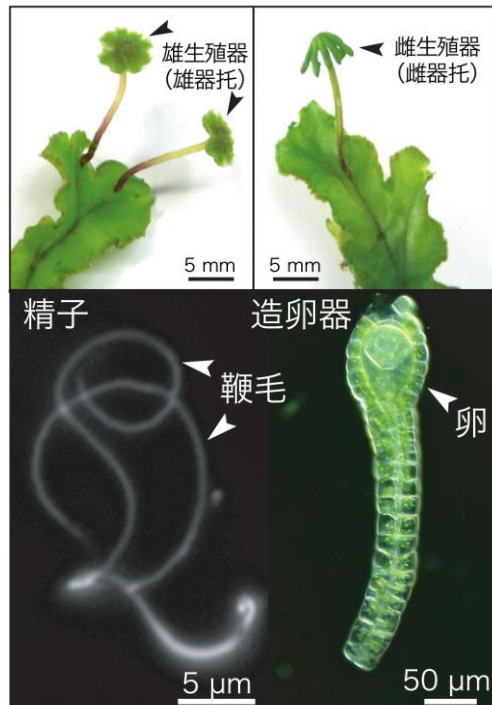


図1. ゼニゴケの雄株・雌株、精子と卵

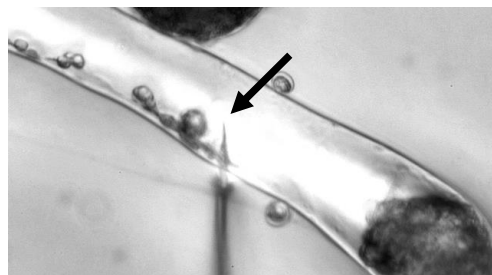


図2. ゼニゴケ細胞への穿刺(矢印)

## ● 論文・特許等

### 【論文】

1. Yamato and Kuchitsu "Fusion" in fertilization: interdisciplinary collaboration among plant and animal scientists. *Journal of Plant Research*, Vol. 130(3), pp. 433-441 (2017)
2. Bowman, Kohchi, Yamato et al. Insights into Land Plant Evolution Garnered from the *Marchantia polymorpha* Genome. *Cell*, Vol. 171(2), pp. 287-304 (2017)
3. Ishizaki et al. Molecular genetic tools and techniques for *Marchantia polymorpha* Research. *Plant and Cell Physiology*, Vol. 57(2), pp. 300-306 (2015)
4. Togawa et al. Cryopreservation of *Marchantia polymorpha* spermatozoa. *Journal of Plant Research*, doi:10.1007/s10265-018-1059-0 (2018)
5. Yamaoka, et al. Generative cell specification requires transcription factors evolutionarily conserved in land plants. *Current Biology*, Vol. 28(3), pp. 479-486 (2018)