

## 公募案内

### 岩手大学農学部附属寒冷バイオフィロンティア研究センター 学術研究員 募集

岩手大学農学部附属寒冷バイオフィロンティア研究センター（当センターは平成 20 年 4 月より、寒冷バイオシステム研究センターが改組されて発足する予定です）は、以下の要領で学術研究員（ポスドク）を 1 名公募します。

#### 1. 応募資格と研究分野

着任時に学位を有しており、当センター配属教員とともに以下に示すいずれかのプロジェクトを担当できる者。各プロジェクトの概要は、当センターホームページ（<http://news7a1.atm.iwate-u.ac.jp/%7Eicg-1/>）を参照するか、担当教員に直接照会してください。

- a) ジャンク DNA から転写される ノンコーディング RNA による生命の温度感知システムを利用した遺伝子発現制御系の開発（担当教員：斎藤 靖史）
- b) リンドウ越冬芽の休眠と耐寒性を支配するしくみ（担当教員：堤 賢一）
- c) イネ科作物における グルカン合成機構の解明（担当教員：木藤 新一郎）
- d) ザゼンソウ培養細胞系の樹立に関する研究（担当教員：伊藤 菊一）
- e) 植物の凍結耐性分子機構：低温馴化と凍結傷害（担当教員：上村 松生）
- f) Understanding the role of auxin in root meristem development by an omics approach（担当教員：Rahman, Abidur）

#### 2. 着任時期

平成 20 年 4 月 1 日

#### 3. 着任場所

岩手大学農学部附属寒冷バイオフィロンティア研究センター（盛岡市）

#### 4. 任期

1 年契約。最長 3 年まで更新が可能。

#### 5. 募集人員

1 名

#### 6. 待遇

国立大学法人岩手大学非常勤職員就業規則による。

#### 7. 応募書類

- 1) 履歴書（様式自由、メールアドレスを必ず書いてください）

- 2) 研究業績目録(原著論文、総説、著書、特許、その他参考事項に分けて記す)
- 3) 主要論文別刷(各1部)3編以内(コピー可)
- 4) これまでの研究の概要(A4用紙1枚以内)
- 5) 着任後の研究に対する抱負(A4用紙1枚以内)
- 6) 自己アピール(A4用紙1枚以内)
- 7) 応募者について問い合わせが可能な方の氏名・所属・連絡先(1~2名、メールアドレスも書いてください)

## 8. 応募締切

平成20年3月7日(必着) その時点で適任者がいなければ適任者が決まるまで。

## 9. 応募方法(郵送、又は、e mail)

郵送の場合、応募書類を入れた封筒に「学術研究員応募書類在中」と記し、送付してください。e mailの場合、件名を「学術研究員応募」と記載し、応募書類をpdfファイル形式で添付してください。

## 10. その他

- 1) 選考の途中でセミナーやインタビューをお願いすることもあります。
- 2) 応募書類はお返しいたしません。採否に関わらず結果をお知らせします。

## 11. 連絡先及び宛先

〒020-8550

盛岡市上田3-18-8

岩手大学農学部附属寒冷バイオシステム研究センター

木村 千寿(きむら ちず)

電話: 019-621-6240

FAX: 019-621-6243

電子メール: cryo@iwate-u.ac.jp

(a) 「ジャンクDNAから転写されるノンコーディングRNAによる生命の温度感知システムを利用した遺伝子発現制御系の開発」

高等真核生物のゲノムの95%以上は遺伝子をコードしていないジャンクDNAで占められている。ジャンクDNAはこれまで、その名が示すとおり機能をもたない「くずDNA」と思われてきた。しかし、網羅的転写産物解析から、これらのジャンクDNAのかなりの部分が転写され、ノンコーディングRNAとしてタンパク質をコードする以外の機能を有することがわかり始めてきた。ジャンクDNAから転写されるノンコーディングRNAには、いわゆるsmall RNAの前駆体となるものが多数存在している。すなわちmiRNAやその他近年次々と発見されてきているpiRNA, rasiRNA, nat-siRNA, ta-siRNAなどである。これらのsmall RNAは、RNAi機構を介して発生分化、ストレス応答などに関わる遺伝子発現制御に対して重大な影響を及ぼしていることが明らかになりつつある。これらのRNAi機構による遺伝子発現制御はジャンクDNAとともに、いままで見過ごされてきた制御系であり、セントラルドグマをも覆す解明すべき重要課題である。我々のこれまでの研究から、これらのsmall RNAのあるものによるノックダウン効果が温度変化に対して鋭敏に反応することを発見した。そこで、本研究では温度センサーとしてのRNAi機能の解明と、これを利用して、今までにないアプローチからの、温度に应答して遺伝子発現を制御する新機構の開発を目指す。

## (b) リンドウ越冬芽の休眠と耐寒性を支配するしくみ

越冬芽の休眠誘導のしくみ、耐寒性のしくみ、及び休眠誘導と耐寒性構築の連絡のしくみを研究する。休眠については細胞周期停止、特にG<sub>0</sub>への進入と維持の機構およびDNA複製開始制御の視点から、耐寒性についてはこれまでに同定した複数種の候補タンパク質・遺伝子の機能と発現調節の研究から進める。これらの研究は植物分野で研究があまり進んでいないものである。タンパク質解析に経験があり、意欲のある人を募集する。

### 参考論文

1. T. Hikage, Y. Saitoh, C. Tanaka Saito, H. Hagami, F. Satou, Y. Shimotai, Y. Nakano, Takahashi, Y. Takahata, and K. Tsutsumi. (2007)  
Structure and allele specific expression variation of novel alpha/beta hydrolase fold proteins in gentian plants. *Mol. Genet. Genomics* 278 (1), 95-104.
2. M. Takahashi, T. Hikage, T. Yamashita, Y. Saitoh, M. Endou and K. Tsutsumi (2006)  
Stress related proteins are specifically expressed under non stress conditions in the overwinter buds of the gentian plant *Gentiana triflora*. *Breeding Sci.*, 56 (3), 39-46.
3. H. Minami, J. Takahashi, A. Suto, Y. Saitoh, and K. Tsutsumi (2006)  
Binding of AIF-C, an Orc1 binding transcriptional regulator, enhances replicator activity of the rat aldolase B origin. *Mol. Cell. Biol.* 26 (23). 8770-8780.

### (c) イネ科作物における グルカン合成機構の解明

(1,3;1,4) -  $\beta$ -D-グルカン(以下 グルカンと略す)は、イネ科作物特異的に存在するヘミセルロースで、特にオオムギをはじめとするムギ類に多く含まれる。この グルカンはバイオマス資源として着目されているセルロースやデンプンと同様にグルコース単独の重合体であり、グルコース以外の糖で構成される他のヘミセルロースと比べると低コストでアルコール発酵させることができるという利点がある。植物の細胞壁におけるヘミセルロースの割合がセルロースとほぼ同等であることを踏まえると、ヘミセルロースに占める

グルカン含量を増加させることができれば、利用価値の高いバイオマス資源の供給に繋がると期待できる。例えば、イネの主要なヘミセルロースは利用率の低いアラビノキシランであるが、それを利用率の高い グルカンに置換することができれば、バイオマス資源としての価値が高い「稲わら」が供給できる。

私たちの研究グループでは、イネ科作物特異的タンパク質P23kを同定し (Kidou et al. 2006)、VIGS法による解析を通じて、その機能が グルカン合成に関与していることを示唆する結果を得ている(Oikawa et al. 2007)。よって、P23kの機能解析が グルカン合成機構の理解につながると考えている。今後は、Y2Hシステムや免疫沈降法によるP23k相互作用因子( グルカン合成機構に関わる新規関連遺伝子)の単離同定、

VIGS法により作成したP23k発現抑制システムの組織化学的・生化学的解析、形質転換オオムギの作成、等の研究を通じて、イネ科作物における グルカン合成機構の解明に望む計画である。

Kidou et al, (2006) Identification of a 23kDa protein (P23k) related to the sugar supply in germinating barley seeds. *Plant Biotechnology* 23:357-364.

Oikawa et al, (2007) Virus-induced gene silencing of P23k in barley leaf reveals morphological changes involved in secondary wall formation. *Journal of Experimental Botany* 58:2617-2625.

#### (d) ザゼンソウ培養細胞系の樹立に関する研究

ザゼンソウは寒冷環境で発熱し、その体温を維持できる恒温植物である。本植物の発熱は、その肉穂花序において特異的に観察され、氷点下を含む外気温の変動にも関わらず、当該器官の体温はほぼ20 内外に保たれる。ザゼンソウは寒冷環境下で発熱する唯一の植物であり、また、肉穂花序における温度閾値が $\pm 0.03$  /minと極めて鋭敏な温度認識特性を有することから、その調節メカニズムには未知の温度センシング機構を含む熱制御システムが存在することが容易に予想できる。本研究においては、ザゼンソウ発熱組織由来の培養細胞系の樹立を目指した研究等を推進し、本植物の熱制御メカニズムをより深く理解することを目的とする。候補者は植物培養細胞に関する知識や経験を有することが望ましい。

#### (e) 植物の凍結耐性分子機構：低温馴化と凍結傷害

植物の寒冷環境下における耐性獲得と傷害発生には、細胞膜の挙動が最も重要な鍵を握っている (Uemura and Steponkus, 1999)。凍結に伴って生じる様々なストレスから細胞膜を防御するため、低温馴化過程では細胞膜の組成的・機能的改変が積極的に行われるとともに、細胞内に適合溶質(糖やアミノ酸など)が蓄積される。当研究グループでは、シロイヌナズナ等を実験材料に、低温馴化過程で合成あるいは増加する細胞膜タンパク質に注目し、それらを網羅的に同定する (Kawamura & Uemura, 2003) とともに、凍結耐性機構に関わる細胞膜タンパク質の機能を解析している (Tominaga et al, 2006; Uemura et al, 2006; Minami et al, submitted; Yamazaki et al, submitted)。さらに、細胞レベルでの低温受容とシグナル伝達機構を探ることを目的にして、培養細胞を用いた細胞周期と低温馴化能力の関係 (Sasaki et al, 2008) や多様な植物を用いた比較解析 (Nagao et al, in press) などとも合わせて進めている。今回は、1)シロイヌナズナやその近縁種を用いた細胞膜に関連した低温耐性獲得分子機構の解析、2)Omics 手法を用いた細胞膜タンパク質と寒冷応答機構の関係、3)低温馴化過程における細胞膜の改変分子機構、などについて当グループで研究を行うポスドクを募集する。これ以外に寒冷適応分子機構に関係するテーマ(細胞膜に関連していることが望ましい)の提案も歓迎する。

(f) Understanding the role of auxin in root meristem development by an omics approach

This proposal is focused on elucidating the components of the signaling pathway regulating the auxin mediated root meristem development and root growth by an omics approach. Previously it has been shown that exogenous application of very low concentrations of the native auxin Indole-3- acetic acid and its widely used chemical analogue 2,4-dichlorophenoxyacetic acid inhibited the root growth to the same extent but used mechanistically distinct pathways in regulating the process (Rahman et al., 2007). While 2,4-D exerts its effect largely by inhibiting the cell division in the meristem, IAA affected only the cell length leaving behind the meristem intact (Rahman et al., 2007), indicating that these two chemicals regulate distinct events during root meristem and cell development. Although a lot of efforts have been made to date to understand the root meristem developmental process through mutational study, our understanding is still at rudimentary level. This is largely due to the absolute necessity of the auxin for plant survival. Hence, mutational study has a little hope in elucidating the regulators in this pathway. To tease apart the regulators, a comparative study of these two chemicals both at transcriptional and translational levels has been proposed. From the comparative study two independent groups of gene/protein clusters are expected to be found: 1) genes/proteins that are involved in cell division and responsive to 2,4-D and 2) genes/proteins that are involved in cell elongation process and responsive to IAA. Finally by using a stringent perfect match system for transcriptome and proteome levels, the up regulated or down regulated genes/proteins will be identified to build a molecular network of regulators for both the root meristem and cell developmental processes.