

テンサイ Owen 型細胞質雄性不稔におけるミトコンドリア機能解析

植物育種科学講座 遺伝子制御学分野

松永 宗幸

細胞質雄性不稔性(CMS)は、一代雑種種子生産に用いられる育種上重要な農業形質である。CMS は、テンサイ、トウモロコシ、ペチュニア、ヒマワリなど多くの植物で報告される雄性配偶子の特異的退化現象であり、その原因はミトコンドリアにあるとされている。CMS 系統ミトコンドリアゲノムには正常系統には存在しない由来不明の ORF が存在し、その ORF のなかで転写翻訳に至ったものが CMS の原因遺伝子として考えられている。これまでに CMS の原因遺伝子として、トウモロコシ T 型 CMS の *T-urf13*(Dewey *et al.*1986) やペチュニアの *S-pcf* (Young and Hanson,1987)などが同定されてきたが、機能は未だ不明であるものが多い。

最も解析の進められているトウモロコシの *T-urf13* 翻訳産物は、ミトコンドリア内膜でホモオリゴマーを形成することが示されている。このオリゴマーは大腸菌で発現させた際に、ゴマ葉枯病の T 毒素と結合し膜に穴を開けることが示され、ミトコンドリア内膜では脱共役を起こすことが示唆されている。オグラダイコン CMS 原因遺伝子 *orf138* の翻訳産物も、ミトコンドリア内膜でオリゴマーを形成し、pore を形成することが示唆されている(Duroc *et al.*2005)が、それらが同じメカニズムでミトコンドリアに影響を与えているか否かはわからない。また、これまでに CMS 植物で示されている ATP/ADP 比の減少(Teixeira *et al.*2005; Berqman *et al.*2000) や ComplexV 活性の低下(Sabar *et al.*2003;Zhang *et al.*2007)といった現象に普遍性があるかどうかは検証されていない。

テンサイでは、正常系統と CMS 系統のミトコンドリアゲノムの全塩基配列が決定され(Kubo *et al.* .2000,Satoh *et al.*2004)詳細な発現解析が行われたところ、正常系統には存在しない *atp6* 遺伝子の N 末端身長領域 *preSatp6* が原因遺伝子であると考えられるに至った。*preSATP6* は、ミトコンドリア内膜に蓄積し、5~6 量体のホモオリゴマーを形成することが明らかにされている(Yamamoto *et al.*2005)。しかしながら、相同配列が他に存在せずアミノ酸配列上からその機能を類推することは出来ない。そこで本研究では、*preSATP6* の機能解析の一助として、ミトコンドリアの機能解析を行った。その結果、CMS 株のミトコンドリアに関する示唆的なデータを得た。