

イネの交雑によるトランスポゾン転移酵素遺伝子の発現変動に関する研究

植物育種科学講座 植物育種学分野
高須温子

【背景と目的】

トランスポゾンは原核生物から真核生物に至るあらゆる生物種に普遍的に存在する。トランスポゾンの転移による突然変異率は生物種によって異なる。特に、高等植物ではトランスポゾンが原因となって発生する変異の割合が高いといわれ、テオシントからトウモロコシへの進化は、トランスポゾンの爆発的な増幅によって説明される。他の事例も含め、どのように転移がコントロールされ、種分化に至ったかは不明である。一つの可能性として異なる構造を有するゲノム間の会合が引き金となって生じることは大いに検証すべき問題と思われる。本研究では、類縁度の異なる系統との交雑 F1 においてイネに内在するトランスポゾンがいかなる挙動を示すのかを調べることを目的に、イネと近縁種のゲノム内に存在する転移酵素遺伝子の解析を実施した。交雑によるトランスポゾンの影響を様々な転移酵素遺伝子の転写量差異という観点から理解することは、トランスポゾンによって発生した遺伝変異を育種学的に意義づける上で重要である。

【方法】

本研究では、イネにおいて転移活性をもち得ると報告されている 5 種類のトランスポゾン転移酵素遺伝子をイネ日本晴データベースから探索し、イネおよび近縁野生種 9 種 30 系統においてそれらの分布および構造を調査した。その後、類縁度を異にする様々な系統と日本晴の雑種を作成し、体細胞（葉）および雄性生殖細胞（葯）から抽出した RNA を用いて、*Ping* 転移酵素遺伝子の定量を行い、転写量を比較した。

【結果と考察】

本研究結果は、栽培種で見いだされた 5 種類のトランスポゾンの自律性因子が栽培イネや近縁野生種ゲノムにおいても保持されていることを示した。日本晴とそれらの間に塩基変異に伴うアミノ酸置換は多数検出された。しかし、転移酵素の触媒ドメインとして重要な DDE (DDD) モチーフ周辺では系統間でアミノ酸配列が高く保存されていることが明らかになった。調査した 5 種類のトランスポゾンの中で *Ping* は限られた系統にしか存在せず、しかも日本晴ではその座乗位置が一箇所しかない。転移活性が抑えられている日本晴を交雑親として様々な系統との F1 において、*Ping* の転移活性を調査することによって、交雑によるトランスポゾンへの影響を明確にできると判断した。日本晴を片親にして相反交雑した F1 の体細胞（葉）では、いずれの組合せも *Ping* 転写量は日本晴よりも低く、相対定量値 1 を超える F1 の組合せは見いだされなかった。一方、葯では調査した F1 の 15 組合せのうち 11 組合せが相対定量値 1 以上を示し、体細胞（葉）に比べて顕著に高い値を示す F1 が多く検出された。また、葯では相反交雑間で *Ping* 転写量に差異がある組合せが見いだされた。

本研究から、交雑 F1 の葯では体細胞組織の葉と比較して *Ping* の発現量に大きく変化が生じることを明らかにした。雑種における生殖器官特異的なトランスポゾンの活性化は、植物においても異種ゲノム間の会合を妨げる機構の一つかもしれない。交雑育種を主流としてきたイネの品種改良において、これらの結果がイネ品種改良に重要な知見を与えるものと期待したい。