

イネ転移因子の網羅的な発現解析と 品種内の遺伝構成への影響

植物育種科学講座 植物育種学分野
石黒 聖也

(背景と目的)

イネゲノムの解読の結果、多数の転移因子がゲノム内に散在することが明らかになった。イネゲノムには現在までに見つかった全種類の転移因子が存在する。ゲノムがストレスを受けると転移因子の活性化が引き起されると言われており、実際に転移因子が放射線照射、培養、障害、倍数体化などによって転移する事例が報告されている。遺伝子に比べ、ゲノム全体での転移因子の発現を網羅的に理解するマイクロアレイを用いた発現解析は進んでいない。

(方法)

本研究では、イネゲノム全体に散在する転移因子の発現を理解するため、日本晴のゲノムをもとに 31000 種類の転移因子を含む反復配列と 11000 種の遺伝子配列を搭載したマイクロアレイを作成し、体細胞の葉と生殖細胞の葯を用いて、網羅的解析を行った。材料には、ジャポニカイネの日本晴と T65 の異なる 2 系統を用いた。

(結果および考察)

イネゲノム全体に散在する反復配列の比率を反映させた、ほぼ全種類を網羅する約 31000 のプローブ群を設計し、遺伝子配列も合わせて 11000 搭載した合計 42000 の反復配列マイクロアレイを作成した。日本晴と T65 の 2 系統より、発育が盛んな穂ばらみ期にあたる葯と止め葉から RNA を抽出し、それぞれ 3 反復以上の独立したサンプリングを行った。抽出した RNA サンプルを標識し、マイクロアレイにハイブリダイズさせた結果、日本晴の葉および葯ではそれぞれ、27871 個、26408 個のプローブで発現が検出された。T65 では葉で 23518 個、葯で 20141 個のプローブで発現が検出された。T65 よりも日本晴で多くのプローブの発現が確認されたことは、プローブの配列設計が日本晴のデータベースに基づいているためである。遺伝子配列の発現は従来のマイクロアレイの報告に対し、妥当な結果であった。一方、反復配列は葉と葯で日本晴が、それぞれプローブ全体の 63%および 58%、T65 の場合 50%および 41%発現した。この結果から、反復配列でもマイクロアレイによって発現を検出することが可能であり、発現解析を行うことの出来る対象であるといえる。葉と葯の組織間で発現を比べると、反復配列および遺伝子配列ともにどちらの系統でも葯の方が多い。以上から葯ではゲノム全体での発現が高くなっているといえる。一方で、遺伝子配列に比べ反復配列は、組織による個々の因子の発現程度の違いが小さい傾向にあった。すなわち反復配列は、組織に関わらず安定して発現する因子が多いことを意味する。従ってストレス条件下で反復配列の葯での発現変動が、ゲノム全体のストレス反応の指標として利用できる可能性もある。