

植物の「視覚」における光情報コード化のしくみを解明
—農作物の重要形質を自在に操る新規技術開発に道—

概要

九州大学大学院農学研究院 松下 智直 准教授らの研究グループは、九州工業大学若手研究者フロンティア研究アカデミー 花田 耕介 准教授らの研究グループとの共同研究により、植物が光受容体を使って捉えた光情報をコード化し利用する際に、全遺伝子レベルでの mRNA (※1) の量的変化だけでなく、質的变化もほぼ同等に寄与することを、世界に先駆けて発見しました。

本研究成果は、2014年12月15日(月)午後3時(米国東部時間)に、米国科学アカデミー紀要『Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America : PNAS』にオンライン掲載される予定です。

背景

我々ヒトを含む動物は、目に存在するロドプシン (※2) などの光受容体を使って光を捉え、その情報を中枢神経系を介して脳に集めて処理し、視覚を生み出します。それに対し、目や中枢神経系を持たない植物も、動物と同様に、フィトクロム (※3) と呼ばれる光受容体を使って全身で光を捉え、その光情報を利用することで周辺の様子を把握し、様々なアクションを起こします。この植物の光に対する反応は、光情報利用という点において、動物の視覚に相当するものであると考えられます。

生命現象の多くは、その生物が持つ数万の遺伝子が、いつ、どこで、どれくらいの量で発現 (※4) するか、つまり mRNA の量的変化でほぼ説明できると考えられてきました。一方で、1つの遺伝子から配列の異なる複数の mRNA が合成される選択的スプライシング (※5) と呼ばれる現象も存在しますが、このような mRNA の質的变化が実際にどれほど重要かは、あまりよく分かっていませんでした。

九州大学の松下准教授らの研究グループでは、植物の「視覚」の要となる光受容体であるフィトクロムの働きについて研究しています。当該分野ではこれまでに、フィトクロムは植物体全体に存在し、光を受容して活性化すると、その情報に基づいて遺伝子の mRNA 量を変化させることで、光に応答した植物の様々なアクションを引き起こすということが明らかにされてきました。一方、九州工業大学の花田准教授らの研究グループは、大量な塩基配列データを用いて、植物の生理現象を制御する細胞内の情報について全遺伝子レベルで調べてきました。

本研究は、膨大な塩基配列データを扱う大規模情報解析と、その結果に基づく詳細な生理実験解析、この2つが融合することによって初めて成し遂げられた、次世代の研究成果です。

内容

研究グループは、次世代シーケンサー (※6) と呼ばれる最新の機器を使用して、植物細胞内に存在する mRNA の配列を 2,000 億塩基分 (全遺伝子配列の 2,000 倍以上) 決定し、フィトクロムの活性化に伴って mRNA の配列とその量がどのように変化するかを調べました。その結果、光を受容して活性化されたフィトクロムにより、従来の報告どおり、千を超える遺伝子の mRNA 量が大きく変化することが確認されたばかりでなく、それとは基本的に異なるほぼ同数の遺伝子において、選択的スプライシングによって mRNA の配列も変化することが分かりました。さらにこの解析結果を基に、フィトクロムの働きによって引き起こされた mRNA の配列変化が、実際に植物の生理現象を変化させることを実験的に明らかにしました。

以上の結果から、植物はフィトクロムという光受容体を用いて、周囲の光情報に基づき、遺伝子発現を量的に変化させるだけでなく、ほぼ同じ規模で質的にも変化させることで、これまで考えられていたより多くの生理現象を制御していることが明らかになりました。

■効果および今後の展開

フィトクロムが受容した光情報に応じて mRNA の質的变化を示す遺伝子は、量的変化を示す遺伝子とほぼ同等数存在し、しかもその多くについて、これまで光による発現制御の報告は一切ありませんでした。したがって、そこには植物の様々な生理現象を光によってコントロールする未知のメカニズムが多数存在していると考えられます。今後それらのメカニズムを解明していくことで、植物の様々な性質を光照射によって人為的に制御する新規技術を開発できるものと考えられます。

またフィトクロムは、穀物や野菜なども含め、全ての植物に存在し、さらにフィトクロムによって引き起こされる植物の反応は、発芽の誘導、茎の伸長の抑制、葉の拡大と緑化、花芽形成の抑制など、いずれも農作物の収量に直結する重要形質ばかりです。したがって、本研究によりフィトクロムによる光情報コード化の原理が解明されたことで、その原理を利用して任意塩基配列を持つ遺伝子を設計・合成することによって、上記の重要形質を自由自在に操り、農作物の収量を大幅に増大させることが可能になると期待されます。

【研究について】

本研究成果は、独立行政法人 科学技術振興機構 戦略的創造研究推進事業 CREST・さきがけ「二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と生産物活用のための基盤技術の創出」研究領域、および文部科学省科学研究費補助金 新学術領域研究「植物の環境感覚：刺激受容から細胞応答まで」研究領域の支援により得られました。

【用語解説】

(※1) mRNA (messenger RNA)

遺伝子の配列情報をもとにアミノ酸をつなぎ合わされてタンパク質が合成される過程で、遺伝情報を伝達する役割を果たす物質。まず遺伝子の配列情報がコピーされて mRNA が合成され、次に mRNA の配列をもとにタンパク質が合成される。伝令 RNA とも呼ばれる。

(※2) ロドプシン

動物の眼の網膜の細胞内に存在する、視覚を司る光受容体の 1 つ。タンパク質部分と色素部分から成る色素タンパク質である。

(※3) フィトクロム

植物の主要な光情報受容体で、赤色光を吸収すると活性化し、逆に遠赤色光を吸収すると不活性化されるという性質を持つ色素タンパク質。

(※4) (遺伝子の) 発現

遺伝子の機能が発揮されるためには、遺伝子の配列情報に基づいて RNA やタンパク質が合成される必要がある。その一連の過程を遺伝子発現と呼ぶ。具体的には、まず遺伝子の DNA 配列が mRNA 前駆体に写し取られ(転写)、次に mRNA 前駆体の中の不要な配列が取り除かれて mRNA が作られ(スプライシング)、最後に mRNA の配列情報を基にアミノ酸がつなぎ合わされてタンパク質が合成される(翻訳)。

(※5) 選択的スプライシング

遺伝子からタンパク質が合成される過程において、遺伝子の DNA 配列のコピーとして mRNA 前駆体が合成された後、mRNA 前駆体の中の異なる場所から不要な配列が取り除かれて、その結果配列の異なる複数種類の mRNA が生じる反応のこと。

(※6) 次世代シーケンサー

一度に莫大な数の DNA 分子の塩基配列を決定することができる機器。これを使うことにより、例えば細胞内に存在するあらゆる RNA 分子の配列を網羅的に調べることなどが可能となる。

【お問い合わせ】

九州大学 大学院農学研究院 准教授

松下 智直 (まつした ともなお)

電話 : 092-642-3371

FAX : 092-642-3371

Mail : mat@agr.kyushu-u.ac.jp

九州工業大学 若手フロンティア研究アカデミー 准教授

花田 耕介 (はなだ こうすけ)

電話 : 0948-29-7842

FAX : 0948-29-7801

Mail : kohanada@bio.kyutech.ac.jp