

【基盤研究(S)】

生物系 (農学)

研究課題名 植物自家不和合性の分子機構と進化



東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授

たかやま せいじ
高山 誠司

研究課題番号：16H06380 研究者番号：70273836

研究分野：農芸化学、応用生物化学

キーワード：植物生化学、生殖、進化、自家不和合性

【研究の背景・目的】

多くの植物は自家不和合性という性質を有し、自殖(近親交配)を回避して種の遺伝的多様性を維持している。この自己識別は、*S*遺伝子座のハプロタイプ(S_1, S_2, \dots, S_n)にコードされた2種類の認識因子(花粉因子と雌ずい因子)の相互作用を介して行われている。我々は、アブラナ科およびナス科植物を対象に分子機構解明を進め、植物が「自己認識」と「非自己認識」という根本的に異なる自己識別機構を進化させてきたことを明らかにした(図1)。

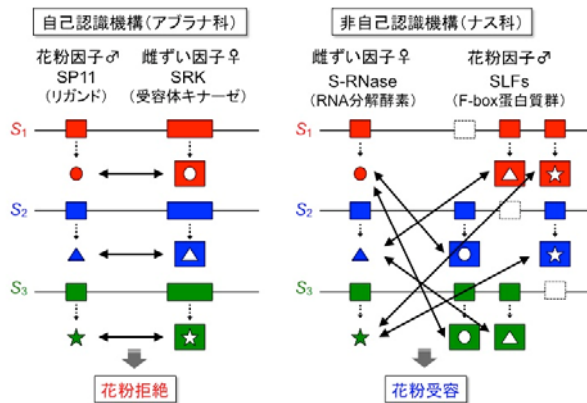


図1. 植物自家不和合性の基本原理

アブラナ科植物では、花粉因子および雌ずい因子がリガンド様蛋白質(SP11)と受容体キナーゼ(SRK)であり、同一*S*ハプロタイプ由来の両者が特異的に相互作用することで「自己」を認識し、雌ずい細胞内に不和合反応を誘起して自己花粉を拒絶していることが示されてきた。

一方、ナス科植物では、雌ずい因子はRNA分解酵素(S-RNase)であり、自己花粉のRNAを特異的に分解する「細胞毒」として機能するが、花粉因子のF-box蛋白質群(SLFs)が「非自己」S-RNaseを分担して無毒化することで非自己の花粉を特異的に受容していることが示されてきた。

本研究では、こうした発見により浮上した新たな未解決課題の中から、1)多数の分子の中から自己および非自己特異的な認識を可能とする認識因子の蛋白質構造上の分子基盤解明、2)自他認識から花粉拒絶あるいは受容に至るまでの分子機構解明、3)多様な自己識別機構を生み出してきた植物自家不和合性の進化経緯の解明、の3つの課題を取り上げ、研究期間内での解明を目指す。

【研究の方法】

1) 自己および非自己認識機構の蛋白質構造化学的解明では、これまでに成功していない認識因子SRK, S-RNase, SLFsの異種細胞での発現系の確立が鍵を握る。2) 自他認識から花粉拒絶あるいは受容に至るまでの分子機構解明では、アブラナ科植物においては雌ずい細胞内のCa²⁺の挙動解析、ナス科植物においては花粉管内でのS-RNaseの挙動解析が中心となる。3) 自家不和合性の進化過程の解明では、複数の植物種における*S*遺伝子座の構造の比較解析が中心的手法となる。

【期待される成果と意義】

本研究により、自家不和合性における自己識別の仕組みが蛋白質構造レベルで明らかとなり、自己・非自己の識別という生物の根幹を成す基本的仕組みの理解が深化すると期待できる。また、F-box蛋白質、受容体キナーゼは植物の2大ファミリー蛋白質であり、これらを介した情報感知・伝達機構の一端が明らかとなり、植物の様々な生命現象の理解に貢献することが期待できる。さらに、多様な自家不和合性の進化過程を解析することで、変動する環境を生き抜いてきた植物の生存戦略を理解し、環境保全等に向けた基盤情報を提供することができる。さらに、本研究における自家不和合性の基礎的理解は、汎用性のあるF₁種子生産法の確立など農業・育種上の技術開発に生かされる可能性が期待できる。

【当該研究課題と関連の深い論文・著書】

- Iwano M, Ito K, Fujii S, *et al.*, Calcium signalling mediates self-incompatibility response in the Brassicaceae. *Nature Plants* 1, 15128, 2015.
- Kubo K, Paape T, *et al.*, Gene duplication and genetic exchange drive the evolution of S-RNase-based self-incompatibility in *Petunia*. *Nature Plants* 1, 14005, 2015.

【研究期間と研究経費】

平成28年度-32年度 140,800千円

【ホームページ等】

<http://bsw3.naist.jp/takayama/>
a-taka@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp