

プロジェクト名：イネ *bc5* 変異体を用いた植物細胞壁形成機構の解明

代表者：山口 雅利（環境科学研究センター・准教授）

1 イネ *bc5* 変異体の原因遺伝子の探索

植物の細胞壁はセルロースやヘミセルロースなどの多糖やリグニンなど、いわゆるリグノセルロースと呼ばれる超高分子により構成されており、持続的で再生可能なバイオマスとして期待されている。リグノセルロース量を向上させた植物や樹木の作出は、バイオマスの増産につながる一方で、イネや小麦、トウモロコシなどの単子葉植物は、家畜飼料としての利用されており、リグノセルロース量を抑えた植物を作出することで消化率の高い飼料としての利用が期待される。このような実用的な形質を伴った植物体の選抜・作出には細胞壁の形成機構のしくみを理解することが非常に重要である。しかしながら、細胞壁形成には非常に多くの遺伝子が複雑に関与しており、形成機構の全容は十分に解明されていない。

イネカマイラズ(*bc*)変異体は、名前が示す通り物理的強度が低下した変異体シリーズとして単離されている。これらの変異体は細胞壁の量的、および質的な異常を示しており、細胞壁形成のしくみを理解するうえで、非常に有効な材料として利用されている。現在までに *bc15* 変異体まで報告されているが、そのうち、*bc2*、*bc4*、*bc5* 変異体は、未だ原因遺伝子が同定されていない。*bc5* 変異体は他のカマイラズ変異体をと異なり、節にのみ表現型を示すことから、原因遺伝子は単子葉植物特有の細胞壁形成機構に関与することが示唆されている。そこで、本研究では *bc5* 変異体の原因遺伝子の探索を行い、その機能を明らかにすることで、イネにおける植物細胞壁形成機構の解明を目的とした。



図：野生型（左）と *bc5* 変異体（右）

マップベース解析により、この変異はイネゲノム第2染色体の約 2.5 Mbp 中に含まれることが明らかとなり、その領域中には 90 種の遺伝子が存在することを突き止めている。まず、細胞壁合成に関連する遺伝子や転写因子を中心に DNA 配列を解読したところ、野生型である日本晴との塩基置換は認められなかった。また、他の遺伝子についても大規模な塩基配列解析を行ったところ、3つの遺伝子にアミノ酸配列の置換を引き起こす変異が存在することが明らかとなった。

今後は、これらの変異を持つ候補遺伝子について、相補性試験等を行うことで、*bc5* 変異体の原因遺伝子を同定する予定である。

2 イネ *bc4* 変異体の原因遺伝子の探索

上記の *bc5* 変異体同様 *bc4* 変異体もまた、原因遺伝子が特定されていない変異体である。先行研究により、この変異体の原因遺伝子は第6染色体上腕部約 300 kbp の領域に含まれていることを突き止めている。データベースより、この領域中には少なくとも 26 個の遺伝子がコードされていることが判明している。その中には、グルカン合成酵素遺伝子や、セルロース合成酵素様遺伝子が含まれていたことから、*bc4* 変異体の両遺伝子について塩基配列を解読した。その結果、少なくともエキソン領域やその近傍の領域には、野生種との塩基配列の違いは見られなかった。今後は、他の遺伝子についても塩基配列の解読を行う予定である。