

要旨

植物のバイオマスを決定する要因に枝分かれ(イネ科植物では分げつ)がある。枝分かれは、腋芽(分げつ芽)の形成とそれに続く伸長の2段階で制御される。植物は、周囲の環境に応答した遺伝子発現とタンパク質合成、そしてオーキシン、サイトカイニン、ストリゴラクトンなどの植物ホルモンの相互作用により分げつ芽の伸長を制御するものと考えられている。例えば、伸長抑制にはたらく転写調節因子 *FCI*(*OsTBI*)は、これら3種の植物ホルモンの下流で統合因子としてはたらくことが知られている (Minakuchi et al., 2010)。これらの分げつ伸長経路の解明には、イネの枝分かれの多い多分げつ突然変異体が利用されてきた (Umehara et al., 2010)。我々の研究グループでは、枝分かれの少なくなったイネの少分げつ突然変異体を利用して分げつ伸長経路の理解を深めたいと考えている。これまでに、50系統あまりの少分げつ突然変異体を選抜し、このうち、遺伝子分析と対立性検定により6種類の劣性遺伝子 *rcn1* から *rcn6* を報告した (高牟礼ら 1999)。二重変異体の解析から、少なくともこれら6種の遺伝子が、ストリゴラクトンおよび統合因子 *FCI* を介した経路とは独立にはたらくことがわかった (Yasuno et al., 2007; Ariyaratne et al., 2009; 未発表)。*rcn1* は、ABCタンパク質サブグループGに属する *OsABCG5* をコードし、このサブグループで最初に報告されたショウジョウバエの白眼突然変異体の原因遺伝子である *white* タンパク質 (P10090) と 39.9%の類似性を示した (Yasuno et al., 2009)。ABCGタンパク質はショウジョウバエにおいて色素前駆体のグアニンとトリプトファンの輸送に関わっており (Mackenzie et al., 1999)、ヒトでは高シトステロール血症の原因遺伝子 *ABCG5* と *ABCG8* が、植物性シトステロールの輸送(排出)に関わっている (Heimerl et al., 2002)。*RCN1* は、展開前の若い葉で高発現しており、分げつ芽の伸長に欠かせないタンパク質と考えらる。現在、*RCN1* の細胞内における局在と輸送基質の特定を進め、分げつ伸長の制御機構の解明に取り組んでいる。他の5種の *rcn* 遺伝子についても、原因遺伝子の単離を目指して候補ゲノム領域の詳細地図を解析中である。また最近、解析を始めた残りの40系統あまりの *rcn* 変異体については、*rcn1* ~ *rcn6* との対立性検定を進めており、新たな分げつ伸長をコントロールする遺伝子の発見に利用できることを期待している。遺伝子の単離に加え、将来は、低温などの栽培環境にどのように関連して分げつ芽の伸長が制御されているのかも興味深い。