

イネの分げつ伸長遺伝子 *Rcn1* の機能解析

山城 信 広

畜産学研究科畜産環境科学専攻作物科学講座（修士課程1年）

1. 目 的

イネ科植物の腋芽は、栄養成長期では分げつ芽に発達し、生殖成長期では1次枝梗、2次枝梗、そして穎花に発達する。従って、腋芽の形成とその発達は、収量に関わる重要な農業形質である。本研究室では、イネの分げつ伸長を正に制御するタンパク質をコードする遺伝子 *Rcn1* を同定してきた。*Rcn1* 遺伝子は分げつ芽の葉原基で発現し、遺伝子コード領域内の一アミノ酸置換が生じた *rcn1* 変異体では、著しく分げつ芽の伸長が抑制されて少分げつとなる (Yasuno 2006)。これに加えて、*rcn1* 変異体では、生殖成長期の腋芽の集合体である穂もコンパクトになる (図1)。本研究では、穂の形態形成に *Rcn1* 遺伝子が機能するのかを検討する目的で、イネの幼穂を含めて各組織における発現を解析した。

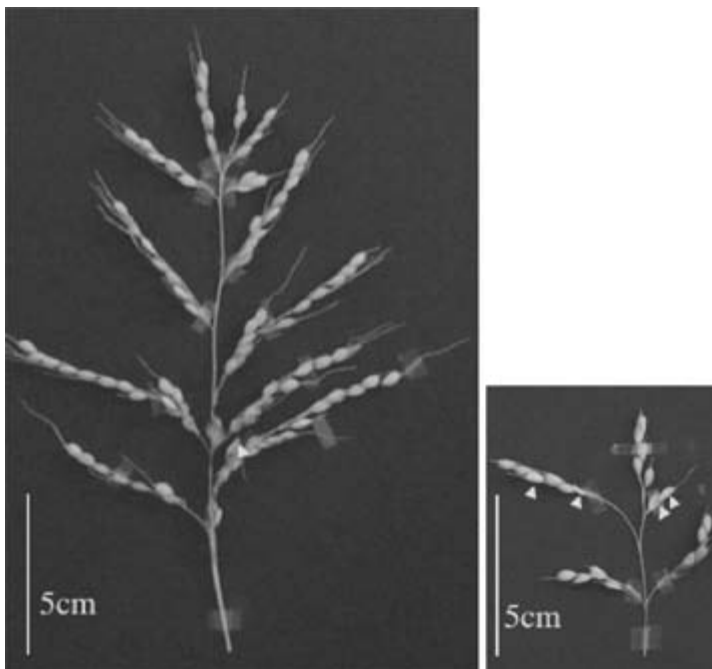


図1. イネ (*Oryza sativa* L.) 品種しおかり (左) と *rcn1* 変異体 (右) の登熟後の主茎の穂の形態。「しおかり」と比較して *rcn1* 変異体では、1次枝梗数、2次枝梗数、穎花数ともに著しく減少している。

2. 材料と方法

植物材料にはイネ (*Oryza sativa* L.) 品種「しおかり」を用いた。30℃で24時間 MQ 水を吸水させ催芽させた後、28℃の16時間明期、24℃の8時間暗期に設定した人工気象器内にて MQ 水で7日間、続いて MS 培地に移し、第5葉展開時までエアレーションしながら水耕栽培し、各個体を第1葉 (L1)、第2葉 (L2)、第3葉 (L3)、第4葉 (L4)、第5葉 (L5)、5 cm 未満の第1節1次分げつ (T)、シュートの基部2 cm (J)、根端から2 cm まで (RA)、根端から2 cm と4 cm の間 (RB)、根端から4 cm と基部までの残りの根 (RC) の計10部位にわけ、さらに同条件で栽培して3~5 cm の幼穂 (P) をサンプリングした。1 反復あたり5 個体分の各組織をまとめ、解析は2 反復実施した。各サンプルから RNA を抽出し、DNase 処理した RNA を鋳型とし Super Script III と Oligp (dT) 20 Primer を用いて cDNA を合成した。合成した cDNA を用いて、リアルタイム PCR (Real-Time PCR System7300) を用いた TaqMan 法により *Rcn1* とインターナルコントロールの *Act1* の遺伝子発現量を定量した。

3. 結 果

Act1 に対する *Rcn1* の相対的発現量を組織別に図2に示した。第1葉から第5葉、1次分げつ、分げつ芽を含む地上部2 cm などの地上部の栄養成長器官では、極わずかな発現がみられたにとどまった。根の全ての部位において他の組織と比較して高い発現がみられた。幼穂での発現量は、地上部の栄養成長器官と根のほぼ中間となった。

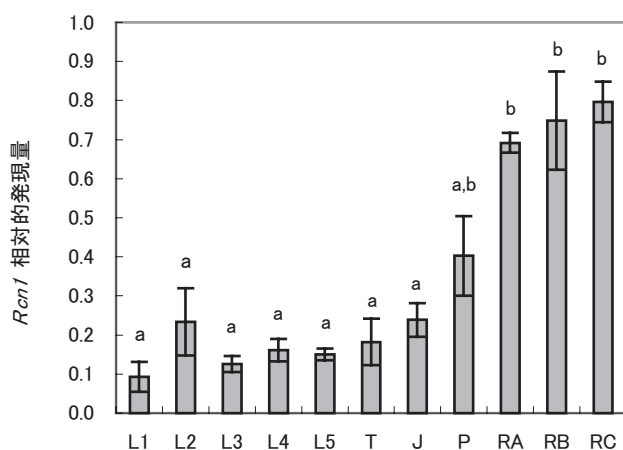


図2. 5葉齢におけるイネ (*Oryza sativa* L.) 品種「しおかり」の組織別 *Rcn1* 発現量の比較。値は、インターナルコントロールの *Act1* に対する *Rcn1* の相対的発現量で表した。L1は第1葉、L2は第2葉、L3は第3葉、L4は第4葉、L5は第5葉、Tは第1葉1次分げつ (5 cm 以下)、Jは基部2 cm 以内、Pは幼穂、RAは根端4 cm より上部、RBは根端2 cm から4 cm、RCは根端から2 cm 未満を示す。グラフの縦バーは平均偏差を示し、英文字は異文字間において5%以上の水準で有意な差があることを示す。

4. 考 察

腋芽は、栄養成長期間に形成される分けつと生殖成長期間に形成される穂の一次枝梗、二次枝梗、そして穎花（子実）に類別され、両生育期間の腋芽形成と伸長に共通な因子の制御経路の存在が仮説されている。本研究により *Rcn1* 遺伝子が幼穂でも発現することが示され、穂の形態形成に機能する可能性が示され、先の仮説を支持する遺伝子である可能性がある。*rcn1* 変異体では穂の発達も抑制されており（図1）、幼穂で検出された *Rcn1* の mRNA がこれらの形態形成にどのように作用するのかに興味を持たれる。これらの穂形質は、穂あたりの子実収量に影響し、その制御は分けつに加えて多収性を目指す上で重要な課題である。今後、*in situ* ハイブリダイゼーション法による mRNA の局在と穂の形態形成段階との関係を組織学的に証明する必要がある。一方で、伸長中の根における *Rcn1* の発現が、根端部 1 cm 内に限られることを Yasuno (2006) は報告したが、本研究では、部位特異性が示されなかった。本研究で得られた mRNA が根のどの細胞でどの程度発現しているのか、Yasuno (2006) の *in situ* ハイブリダイゼーションの結果と比較解析する必要がある。本研究で得られた、mRNA の組織別発現解析をベースとして、各組織における RCN1 タンパク質の機能解明に向けてのさらなる研究を進展させ、多収性の制御経路の理解と育種的应用を目指したい。

5. 謝 辞

本研究を実施するにあたり、ご支援いただいた財団法人帯広畜産大学後援会に厚く御礼申し上げます。

キーワード：イネ、少分けつ、*rcn1*