

植物の特異な自他識別機構を分子レベルで解明

奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科 植物科学領域 教授

高山誠司



研究の背景

植物の多くは、昆虫等により運ばれてくる花粉のうち、自己の花粉とは受精しない「自家不和合性」という性質を持っています。自殖（近親交配）を回避し、種の遺伝的多様性を維持していく上で極めて重要な性質ですが、植物がどのようにして自己と非自己の花粉を識別しているのか、その仕組みは長年の謎でした。1920年代に始まった遺伝学的解析により、一つの遺伝子座（S遺伝子座）のDNA配列パターン（Sハプロタイプ： S_1 , S_2 , ..., S_n ）の異同を利用して自己と非自己を識別していることが示されました。すなわち、花粉と雌ずい（柱頭）が同じSハプロタイプを持つ場合に「自己」、異なるSハプロタイプを持つ場合に「非自己」と判断していることが示唆されましたが、S遺伝子座の実体は不明のままでした。

研究の成果

我々は、まずアブラナ科植物を対象にS遺伝子座の解析を進め、花粉因子（受容体に結合するタンパク質：SP11）と雌ずい因子（SP11と結合する受容体型タンパク質：SRK）の両者をセットでコードする特殊な遺伝子座であることを明らかにしました（図1）。

SP11とSRKは、Sハプロタイプ毎に異なる配列を持つこと、同一Sハプロタイプ（＝自己）のSP11とSRKが特異的に相互作用することで、自家受粉を認識していることが明らかとなりました（図2；下里らPlant Cell 2007, 垣田らPlant Cell 2007）。例えば、受精時に、 S_1 ハプロタイプを持つ花粉が、 S_1 ハプロタイプを持つ雌ずいに受粉すると、花粉因子（ S_1 -SP11）により雌ずい因子（ S_1 -SRK）が活性化（自己リン酸化）されて不和合性反応が起き、花粉の発芽・伸長が阻害されます。

我々は、さらにナス科・バラ科植物のS遺伝子座の解析を進めました。これら植物では、面白いことに雌ずい因子はアブラナ科植物がもつ受容体型タンパク質SRKではなく、RNA分解酵素（S-RNase）であり、自己の花粉管のRNAを分解してしまう細胞毒として機能することが分かっていたが、花粉因子については不明でした。我々は、S遺伝子

座上に多数のF-boxタンパク質という、S-RNaseを無毒化するタンパク質群（SLF）がコードされていることを発見し、これらが花粉因子であることを明らかにしました。各雌ずい因子に連鎖した多数のSLFは、分担して自己とは異なるS-RNaseと結合し、解毒することで他家受粉時の花粉管の伸長を可能にしていることが明らかとなりました（図3；久保らScience 2010）。例えば、 S_1 ハプロタイプの花粉は、 S_1 -SLF1, S_1 -SLF2, ...など多数の花粉因子を持ちますが、これが非自己の雌ずい（ S_2 -RNase, S_3 -RNase, ...など）は、この多数の花粉因子のいずれかによって認識・無毒化されるので、花粉管はRNAを分解されることなく伸長を続け、無事に受精することができるわけです。

今後の展望

今回の研究により、「自己」認識と「非自己」認識という根本的に異なる自他識別の仕組みが明らかになりましたが、さらに多様な仕組みの存在が他の植物の研究から指摘されてきています。こうした多様な自家不和合性機構が進化してくる仕組み、また多様性の中にも共通するはずの普遍的原理を今後解明していく必要があると考えています。また、この自家不和合性のSハプロタイプについて研究する過程で、「優劣性」という古典的な遺伝学の現象が、低分子量RNAによりエピジェネティックに制御されている例を発見するなど（樽谷らNature 2010）、自他認識機構研究以外の新たな研究課題もみえてきています。

関連する科研費

平成18-19年度 基盤研究(B) 「アブラナ科植物の自家不和合性における膜アンカー型細胞質キナーゼMLPKの機能解析」

平成18-22年度 特定領域研究(計画研究) 「初期受粉過程における生殖障壁の分子解析」

平成21-23年度 基盤研究(A) 「アブラナ科植物およびナス科植物の自家不和合性の分子機構解明」

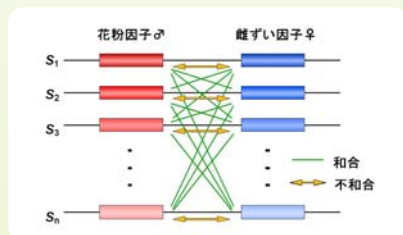


図1 自家不和合性を制御するS遺伝子座の構造



図2 アブラナ科植物の自家不和合性の分子機構モデル

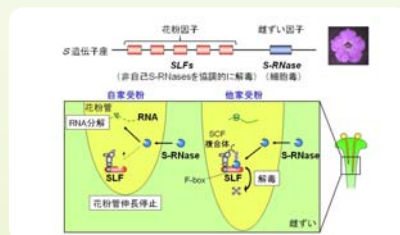


図3 ナス科・バラ科植物の自家不和合性の分子機構モデル

(記事制作協力:日本科学未来館科学コミュニケーター 水野壮)