

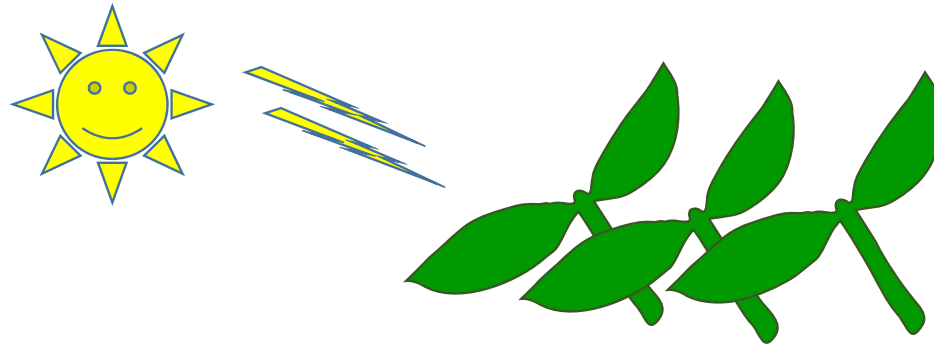
日陰の葉を守る一人二役の遺伝子

はじめに

最近、副業をもつサラリーマンが話題になったりしています。植物でも、光に応答し2通りのタンパク質をつくる遺伝子が報告されました。
遺伝子の副業は、まだ教科書にはない画期的なしくみです。

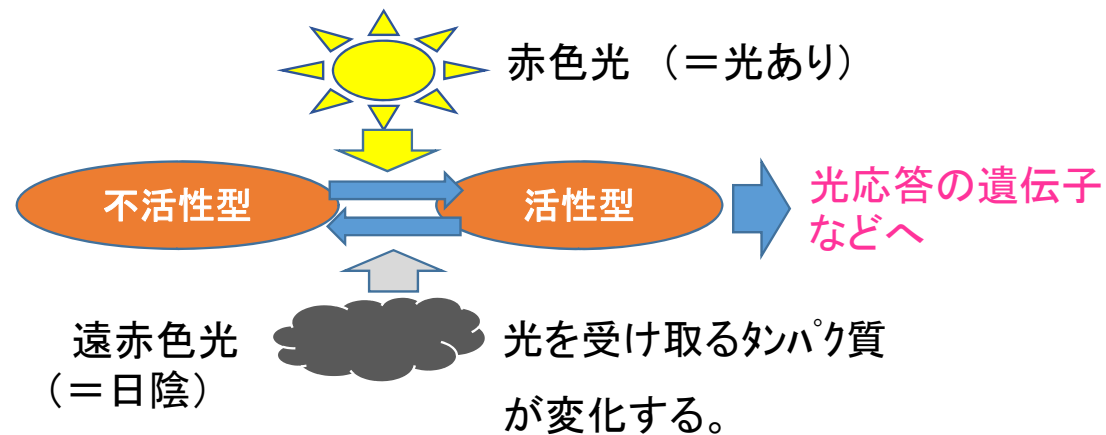
光と遺伝子

種子の発芽や芽生えの緑化、花芽形成など、植物は光を受けてさまざまな応答をします。このような光応答は、光を受けると変化する色素タンパク質が遺伝子の働きを制御して起こります。



色素タンパク質は3種類ありますが、よく知られているのはフィトクロムです。フィトクロムは、赤色光を受けると分子がいわゆる活性型に変化し、植物を光応答へと促します。一方遠赤色光を受けると、フィトクロムは不活性型に変化し、植物に日陰と感ずるような反応を促します。

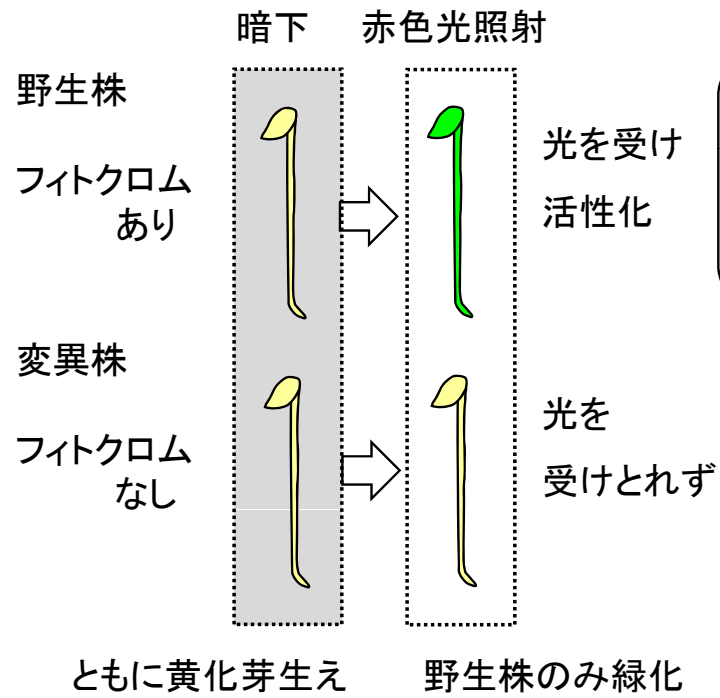
フィトクロム自身も遺伝子によりつくられ、数種類あり、それぞれ役割分担しています。



フィトクロムと芽生えの実験

モデル植物であるシロイヌナズナ野生株を暗所で発芽させると、**黄化**した芽生えになります。そこに赤色光をあてるとフィトクロムが活性化し、光応答して**脱黄化**(緑化)します。フィトクロムをつくることができない変異株も暗所では黄化芽生えになりますが、フィトクロムがないため、赤色光をあてても緑化しません。

今回紹介する研究では、このようなフィトクロムによる黄化芽生えの光応答で働く遺伝子がターゲットになります。



シロイヌナズナ芽ばえの、
有名な実験です



働いている遺伝子の調査

遺伝子が働く際には、遺伝子毎にmRNAというDNAによく似た高分子が多数つくられ(転写され)、タンパク質がつけられます。

著者らは、まず野生株や変異株の黄化芽生えに赤色光をあて、全mRNAを抽出しました。そして最新の自動塩基配列解析機、つまり次世代シーケンサーを用い全ての塩基配列を明らかにし、データとしました。そのデータ内で、同じ遺伝子から転写された同様のmRNAをまとめる作業を行い、さらに野生株(脱黄化する)と変異株(脱黄化しない)で比較します。その結果、**脱黄化する際には1678個の遺伝子のmRNA量**が変化し、**1505個の遺伝子では、同じ遺伝子から異なるmRNAがつくられる**ことが明らかになりました(PNAS vol.111, pp18781-18786, 2014)。

異なる転写

遺伝子の最初の方には、RNA合成酵素が結合しmRNAなどを転写し始めるプロモーターと呼ばれる重要な領域があります。一般にプロモーターによって、mRNAの加工も決まると考えられています。

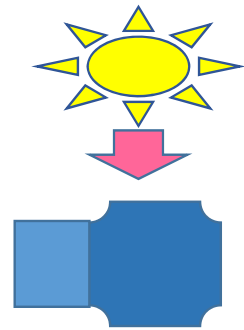
そこで次の研究では、その領域、特に転写の開始部分に注目しました。次世代シーケンサーを用い、同じ黄化芽生えの実験でフィットクロムにより発現する全mRNAの転写開始点を解析したのです。

その結果、2014個の遺伝子では転写開始点が2ヶ所あること、約400個のタンパク質は細胞内での存在場所がフィットクロムによる光応答で変化することがわかりました (Cell 171, pp1316-1325, 2017)。

遺伝子1つから2つのタンパク質へ

転写開始点が移動する遺伝子の中で、**グリセリン酸キナーゼ酵素**
遺伝子に関してはさらに詳しくわかりました。この酵素は葉緑体に存在し、光呼吸という現象で生じる2PG(2-ホスホグリセリン酸)という有害分子の**解毒反応をする酵素**です。この2PGは、植物を枯らすほど有毒だそうです。

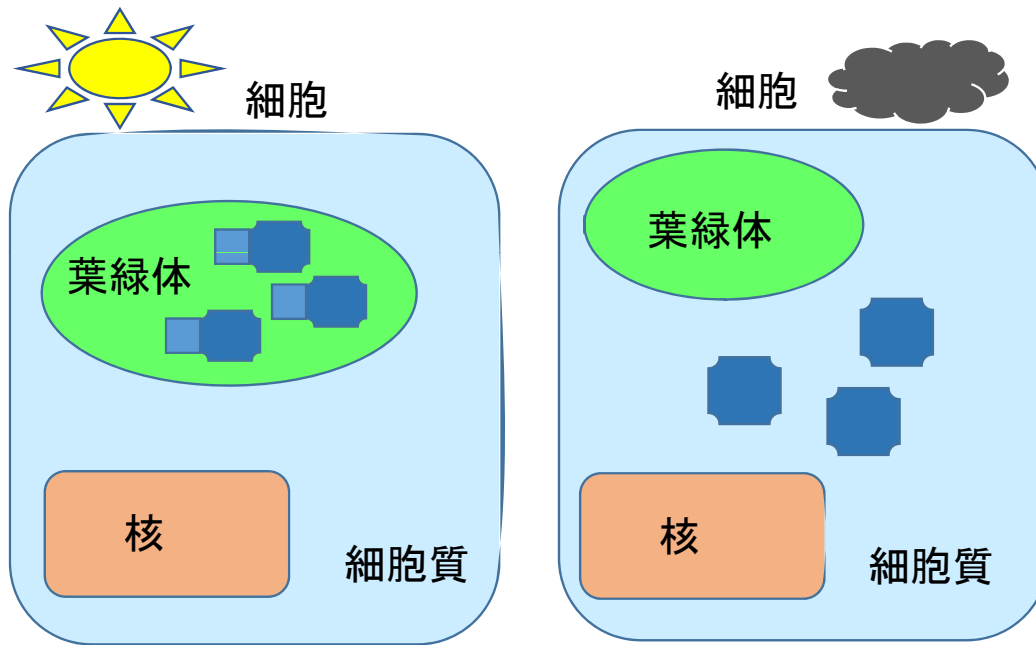
フィトクロムが赤色光を受けとらない、いわゆる日陰条件下では、グリセリン酸キナーゼ遺伝子の転写開始点がずれ、タンパク質の最初の方につくられないことがわかりました。



酵素タンパク質



酵素タンパク質

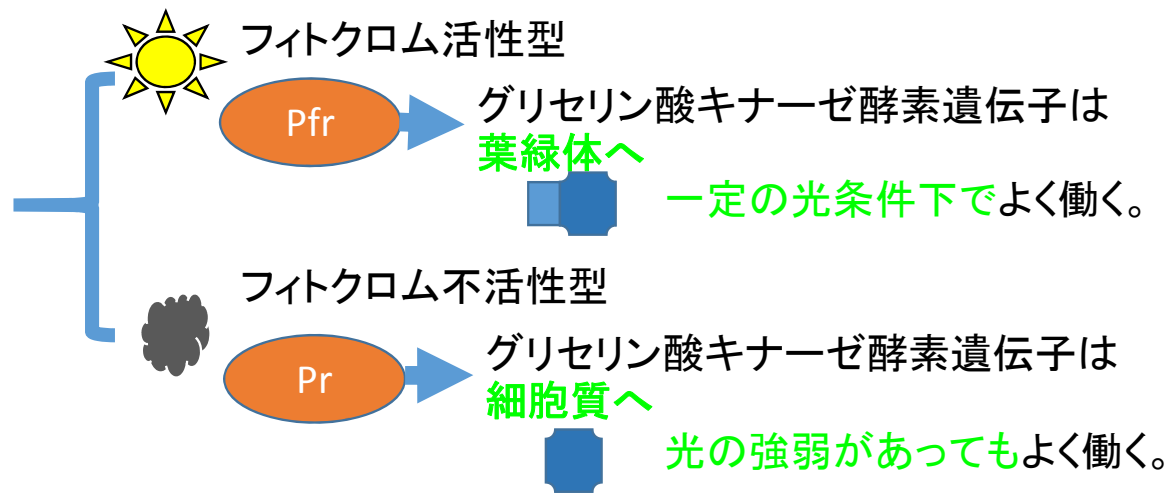


この削られた部分には、タンパク質が葉緑体へと運ばれるための配列がありました。そこが削られたタンパク質は葉緑体へはいかず、細胞質に存在するようになります。しかし酵素部分は残っており、細胞質で2PGを解毒することが示されました。

二つ目の役割

細胞質で解毒するならば、どのような意義があるのかを明らかにするため、グリセリン酸キナーゼが葉緑体、細胞質それぞれどちらかだけにある遺伝子組み換え体がつくられました。そして、一定の光が当たる場合は葉緑体での解毒でよいが、光の強弱がある場合は細胞質での解毒が必要であることがわかりました。

自然界では、他の葉の陰などになって別の葉が受ける光に強弱が生じることが多々あります。その陰になった葉では、光呼吸で生じる有害物質を細胞質で解毒していると考えられます。



今後

シロイヌナズナ的全ゲノム1億2500万塩基が解読された2000年から解析技術が進み、今や1回の稼働で数千億塩基を明らかにするという次世代シーケンスの時代となりました。今回の2017年の報告では278億塩基が解析され、新たな発現様式が示されました。次世代シーケンスが、これからみせてくれる遺伝子の姿が楽しみです。