

乾燥・低温ストレス環境下におけるイネの代謝関連遺伝子の転写制御の重要性

Integrated analysis of the effects of dehydration and cold on rice metabolites, phytohormones, and gene transcripts

植物は種々の環境ストレスに応答して遺伝子発現を調節している。親水性タンパク質 (LEA/Dehydrin)、解毒酵素、分子シャペロンなどをコードする遺伝子は代表的な乾燥及び低温ストレス誘導性遺伝子として報告されている。また、種々の代謝産物 (糖やアミノ酸等) や植物ホルモンも乾燥や低温ストレスによって蓄積量が増減する。この代謝産物の蓄積量の変化には多くの酵素遺伝子が関与することが示唆されていた。しかし、イネの乾燥や低温ストレス環境下において、酵素遺伝子群の分類や網羅的な遺伝子発現解析は行われていなかった。本研究では、イネの鍵酵素遺伝子候補の同定を目的として、乾燥及び低温ストレス環境下における一次代謝と植物ホルモン代謝に関する遺伝子を網羅的に解析する。

Land plants must mount suitable responses to overcome the adverse effects of water stress caused by either drought or low-temperature conditions. Among external stresses, water stress is one of the most important limitations to crop productivity. Discoveries of useful genes for molecular breeding using metabolomics and transcriptomics promise to facilitate the improvement of crop yields under water stress conditions. It is important to identify plant metabolites and transcripts that respond to water stress to determine the essential steps in molecular processes related to the effective adaptation of plants to stress conditions. Metabolomic and transcriptomic data have provided much information on the metabolite, phytohormone, and transcript networks that control plant growth and development.

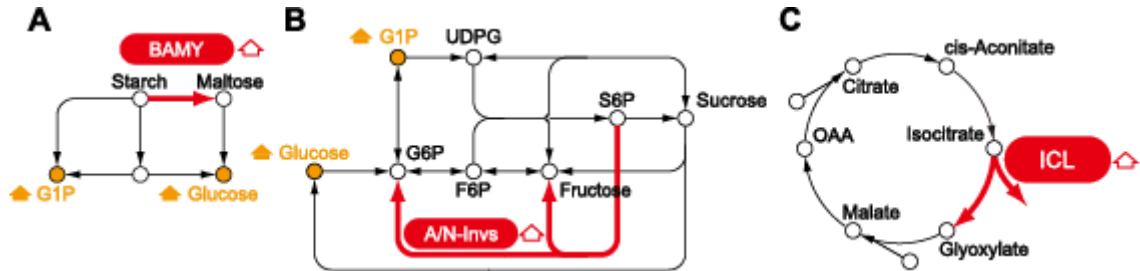


図1. 乾燥ストレス環境下におけるデンプン分解、スクロース代謝、グリオキシル酸回路の遺伝子発現と代謝産物の蓄積 (Fig. 1. Carbohydrate and amino acid metabolic pathways. A. Starch degradation. B. Sucrose metabolism. C. Glyoxylate cycle. BAMY, β-amylase; A/N-invs, alkaline/neutral invertase; ICL, isocitrate lyase) A 乾燥ストレス環境下でグルコースは顕著に増加し、βアミラーゼのmRNAの蓄積量も顕著に増加する。(The level of glucose was significantly higher in dehydration-treated plants than in untreated plants.) The level β-amylase transcript was significantly higher in dehydration-treated plants than in untreated plants.) B 乾燥ストレス環境下でインベルターゼ遺伝子のmRNAの蓄積量は顕著に増加する。(The level alkaline/neutral invertase transcript was significantly higher in dehydration-treated plants than in untreated plants.) C 乾燥ストレス環境下でイソクエン酸リアーゼ遺伝子のmRNAの蓄積量は顕著に増加する。(The level isocitrate lyase transcript was significantly higher in dehydration-treated plants than in untreated plants.)

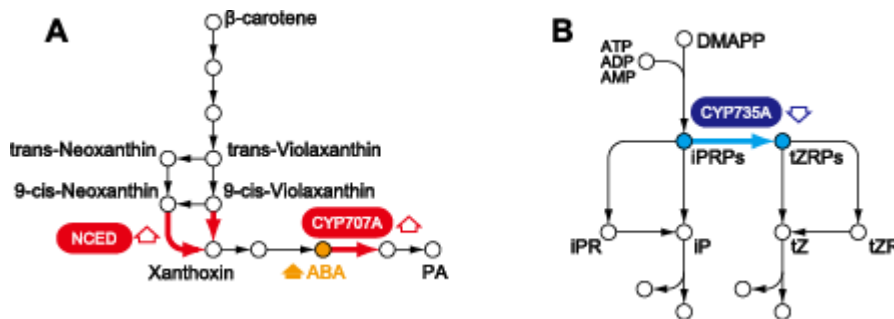


図2. 乾燥ストレス環境下におけるアブシジン酸合成経路とサイトカイニン合成経路の遺伝子発現と植物ホルモンの蓄積 (Fig. 2. Pathways for ABA and CK biosyntheses. A. ABA biosynthesis. B. CK biosynthesis. NCED, 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase) A 乾燥ストレス環境下でアブシジン酸は顕著に増加し、NCED遺伝子とCYP707A遺伝子のmRNAの蓄積量も顕著に増加する。(The level of ABA was significantly higher in dehydration-treated plants than in untreated plants. The levels NCED and CYP707A transcripts were significantly higher in dehydration-treated plants than in untreated plants.) B 乾燥ストレス環境下でCYP735A遺伝子のmRNAの蓄積量は顕著に減少する。(The level CYP735A transcript was significantly lower in dehydration-treated plants than in untreated plants.)

国立研究開発法人 国際農林水産業研究センター

〒305-8686 つくば市大わし1-1

<http://www.jircas.affrc.go.jp/index.sjis.html>

Japan International Research Center for Agricultural Sciences

1-1 Ohwashi, Tsukuba, Ibaraki, 305-8686

<http://www.jircas.affrc.go.jp/index.html>

