

登熟期のダイズ子実における脂質貯蔵制御遺伝子の発現解析

○田島大地¹⁾・石橋勇志²⁾・湯浅高志²⁾・井上眞理²⁾

(¹⁾九州大院生資環, ²⁾九州大院農)

【目的】

ダイズ子実は比較的脂質含量が多い作物であり、日本国内におけるダイズ消費量の70%以上は油糧用として用いられている。更に、そのダイズ油は食用のみならず、バイオ燃料やインクなど環境に配慮した工業製品としても注目されており、ダイズ油には非常に高い経済的価値がある。しかし、ダイズ油における研究は脂肪酸の組成などの質に関するものがあるものの、ダイズ子実における脂質合成の調節メカニズムに関する研究は少ない。シロイヌナズナでは、種子成熟マスター因子の一つである *LEAFY COTYLEDON 2(LEC2)* の下流に存在し、子実特異的に光合成産物からの脂質合成を促進する *WRINKLED1(WRI1)* という遺伝子が報告されている。そこで本研究では、脂質合成を行う登熟期において、ダイズ *WRI1* ホモログをコードすると思われる遺伝子(*GmWRI-like*) や、その下流に存在する可能性のある脂質合成系遺伝子がどのように発現するかを解析した。

【材料および方法】

供試作物としてダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.) ‘フクユタカ’ を用い、栽培は九州大学貝塚圃場で、砂を充填し苦土石灰と豆化成をそれぞれ 5g ずつ施肥した 1/5000a ワグネルポットを用いて行った。開花は2010年8月28日、子実肥大始(R5)は9月25日、成熟(R8, dry seed)は11月16日であった。

RT-PCR を用いて候補遺伝子について R6 の各器官(子実・莢・葉)での発現プロファイル調べた。その後 RT-PCR を用いてそれぞれのステージにおける *GmWRI-like* と脂質合成系遺伝子の発現を半定量的に解析し、*GmWRI-like* については Real-time PCR を用いて定量的な解析を行った。

【結果および考察】

ダイズにおける *WRI1* 候補遺伝子(以下、

GmWRI-like) に特異的なプライマーを作製し、子実・莢・葉における遺伝子の発現を RT-PCR を用いて解析したところ、*GmWRI1-1, 2, 3* の3つの遺伝子が子実で特異的に発現していた。したがって、*GmWRI-like* も *AtWRI1* と同様に子実で貯蔵物質の蓄積の調節に関与している可能性が示唆された。

更に登熟期の子実の粒長・粒重および色を測定し、粒長を基準に R5, R5.5, R6, R6.5, dry seed の5つのステージに分けた。

各ステージにおける脂質合成関連遺伝子の発現を解析した。その結果、登熟前期である R5~R6 の間の発現が顕著に見られ、子実黄化し登熟するにつれて発現が見られなくなった。

各ステージにおける3つの *GmWRI-like* のうち、*GmWRI1-1* はその発現がほとんど確認されなかった。一方で、*GmWRI1-2* は登熟の後半で、*GmWRI1-3* は登熟の前半でその遺伝子の発現が高くなっていた (Fig. 1)。

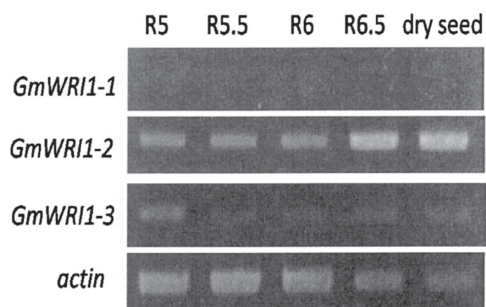


Fig. 1 ダイズの登熟過程における子実の *GmWRI1-like* の発現プロファイル

これらの結果から、*GmWRI1-3* は同様に登熟前期で遺伝子の発現が高くなっていた脂質合成系遺伝子の発現を制御している可能性が示唆され、ダイズ *WRI1* ホモログをコードしているのではないかと考えられる。