

2020年6月19日
沖縄科学技術大学院大学（OIST）
科学技術振興機構（JST）

「未知のゲノム領域」が支えるお米の生殖 — 雄しべと雌しべの成長をコントロールするマイクロ RNA を発見 —

概要

沖縄科学技術大学院大学（OIST）サイエンス・テクノロジーグループの小宮怜奈 研究員のチームは、農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）、国立遺伝学研究所と共同で、極めて小さな RNA である「マイクロ RNA」分子が、植物の生殖期の雄しべや雌しべの発生に重要な働きを示すことを発見しました。

本研究のポイント：

- イネの雄しべと雌しべの発生に必要な生殖マイクロ RNA を発見しました。
- このマイクロ RNA は、二次的な小分子 RNA 群を雄しべで大量に生成することを促しました。
- これらの二次的な小分子 RNA には、配列的特徴があることを明らかにしました。

本研究成果は、食用作物であるイネにおいて生殖組織の発生の制御に関与することから、これらのマイクロ RNA や小分子 RNA を利用して、お米の生産性や安定した収量確保に貢献することが期待されます。

本研究成果は、2020年6月19日（日本時間）に英国科学雑誌 *Nature Communications* に掲載されます。

研究の背景と経緯

ヒトの細胞に格納されているゲノムの長さは2mにも及ぶとされていますが、そのゲノム中のタンパク質をコードする遺伝子領域は、わずか2%にも満たないといわれています。では、残り98%以上のゲノム領域は、何のためにあるのでしょうか。ゴミのように不要なものなのでしょうか。

近年、高等生物において、このゴミと思われていた、遺伝子が見つからない90%以上の領域から、ゲノムのコピー情報である RNA と呼ばれる転写産物が合成されていることが発見されました。これらの RNA は、タンパク質をコードしない領域に由来することからノンコーディング RNA と呼ばれ、小さく短いものから、長いものまでさまざまな RNA が見つかっています。しかし、この大量に生産されるノンコーディング RNA 群の機能の多くは、いまだ解明されていません。

本研究では、これまで遺伝子以外のゴミとされてきたゲノム領域に着目することにより、遺伝子解析では明らかにできなかった、農業に有用なイネの生殖形質や因子の発見を目指しました。

研究内容

本研究は、OISTサイエンス・テクノロジーグループの小宮怜奈 研究員のチームを中心に、同イメージングセクション、植物エピジェネティクスユニット、機器分析セクション、および、農研機構と国立遺伝学研究所が加わって進められました。チームは、生殖に有用な領域を同定するため、雄しべや雌しべの原基が作られる時期に生成される小さなノンコーディング RNA の一種、マイクロ RNA に着目しました。

1) 種子が実るのに、必要なゲノム編集イネの作出に成功

はじめに、雄しべや雌しべの発生時期に生成される生殖マイクロ RNA がコピーされるゲノム領域をゲノム編集技術で取り除いた変異イネを作成しました。この変異イネでは、正常なイネと比較し、雄しべの形が丸く小さくなりました（動画 1、2）。さらに、イネの交配実験により、この変異イネは、雄しべのみならず、雌しべの発生にも異常がみられ、1 日の日の長さが短くなる環境において、正常に実る種子の割合が著しく低くなることを明らかにしました（図 1 左）。これらの結果から、このマイクロ RNA が、イネの雄しべや雌しべの発生を制御し、生殖に重要な働きを示すことが示唆されました。

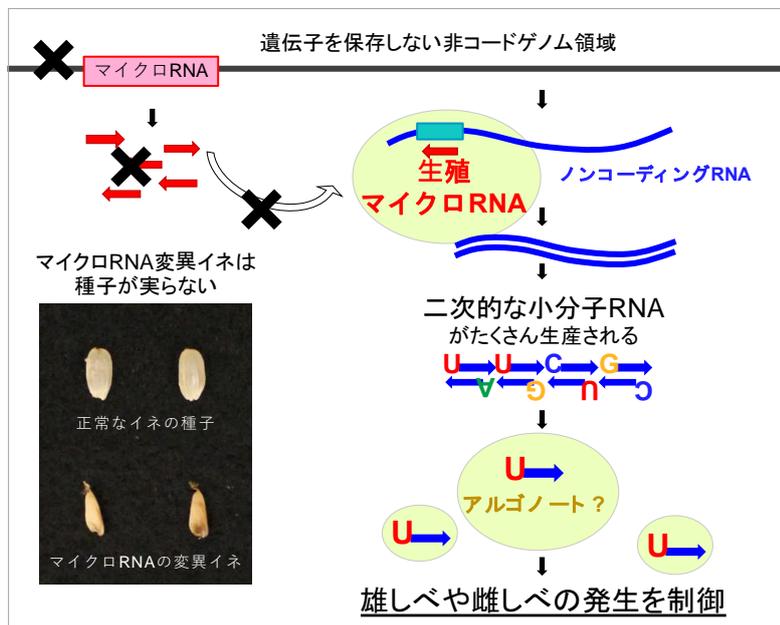


図1. 小さなノンコーディングRNAによるイネの生殖システムのモデル図.

生殖マイクロRNAは、長鎖ノンコーディングRNAを切断することにより、さらに、二次的な多種多様な小分子RNAの生成を促す。さらに、雄しべでは、この二次的な小分子RNAには、核酸を構成するアデニン (A)、ウラシル (U)、グアニン (G)、シトシン (C) のうち、ウラシルが多い特徴的な配列が見られ、雄しべのアルゴノートタンパク質と結合して、発生を制御している可能性が示唆される。

2) 雄しべの小さな RNA 群には特徴的な配列が見られる

次に、このマイクロ RNA が実際にどのような働きをしているのかを詳しく調べるために、次世代シーケンス技術を用いて、雄しべに存在する小さな RNA を定量しました。その結果、生殖マイクロ RNA が引き金となり、1000 種類を超える長いノンコーディング RNA 群を切断し、多種多様な二次的小分子 RNA 群の生成を促していることがわかりました。興味深いことに、二次的な小分子 RNA には、核酸を構成する 5 つの主な塩基のうちウラシルが特に多いなどの配列的特徴が見られました（図 1 右）。

また、タンパク質を定量・同定するプロテオーム解析により、生殖マイクロ RNA および小分子 RNA と結合するタンパク質の候補因子として、雄しべのアルゴノートタンパク質の同定に至りました。アルゴノートは、一般的に小さなノンコーディング RNA と結合して、遺伝子や転移因子などの発現調節を担うタンパク質であることから、本研究で同定した雄しべ特異的なアルゴノートタンパク質も、生殖マイクロ RNA や二次的な小分子 RNA と結合して、発現制御に関わっている可能性も考えられます。

このように、生殖マイクロ RNA に促されて生成される二次的な小分子 RNA 群の解析により、機能がなく不要とされていたノンコーディング領域の重要性と、そこから由来する RNA による植物の生殖システムが明らかとなりました。

今回の研究成果のインパクト・今後の展開

本成果では、マイクロ RNA が、生殖メカニズムの中で重要な機能を果たすことを明らかにし、これまで不要とされてきたゲノム領域の存在意義を示しました。このことで、動植物双方において RNA 研究の相乗的な発展が期待されます。

本論文の責任著者である小宮怜奈 研究員「今後、同定した多種多様な小分子 RNA 群や遺伝子をコードしないゲノム領域の中から生殖に重要な候補領域の絞り込みを進め、将来的には、これらの有用な形質や領域を、作物の生殖システムに利用し、安定的な収量確保や、食料問題に貢献したいと考えています」と述べています。また、「生殖は次世代に遺伝情報が引き継がれる重要な現象です。しかし、そのメカニズムは複雑で解明されていないことも多く、その実態はベールに包まれています。今後も、ノンコーディング RNA という新分野と融合し、魅惑的な生殖研究に邁進していきたいと思えます」と今後の抱負を語っています。

用語説明

RNA（リボ核酸）：RNA は、遺伝情報を担う DNA（デオキシリボ核酸）を鋳型として、その塩基配列が転写・合成されたものです。DNA の塩基がアデニン (A)、チミン (T)、グアニン (G)、シトシン (C) から構成されるのに対し、RNA はアデニン (A)、ウラシル (U)、グアニン (G)、シトシン (C) の 4 種からなります。

小さなノンコーディング RNA：小さなノンコーディング RNA は、20 塩基から 30 塩基ほどの長さの極めて短い RNA で、植物では大きく分けて (1) マイクロ RNA と、(2) RNA 干渉と称される転写の抑制に働く小分子 RNA に分類できます。

※本研究は、科学技術振興機構（JST） 戦略的創造研究推進事業 さきがけ（フィールドにおける植物の生命現象の制御に向けた次世代基盤技術の創出）、新学術領域（RNA タクソノミ）の支援を受けて行われました。

プレスリリース



本件お問い合わせ先

<研究について>

沖縄科学技術大学院大学

サイエンス・テクノロジーグループ 小宮怜奈（さがけ研究者兼任）

TEL: 098-966-1569 E-mail: reina.komiya[at]oist.jp

<JSTの事業に関すること>

科学技術振興機構

戦略研究推進部 保田睦子

TEL: 03-3512-3525 FAX: 03-3222-2064 E-mail: presto[at]jst.go.jp

<研究機関について>

沖縄科学技術大学院大学

コミュニケーション・広報ディビジョン メディアセクション 大久保知美

TEL: 098-982-3447（直通） E-mail: media[at]oist.jp

科学技術振興機構

広報課

TEL: 03-5214-8404 FAX: 03-5214-8432 E-mail: jstkoho[at]jst.go.jp