



植物による自発的な外来 DNA の取込み機構を明らかに

研究成果のポイント

- ・高等植物はゲノムの特定の部位を使って、細胞核に浮遊している DNA 断片を頻繁に取り込んでいた。
- ・イネのゲノム情報を解析し、取り込まれた外来 DNA とその集積部位を特定した。
- ・外来 DNA をゲノムに取り込むことで新規遺伝子が発生する等、進化に寄与した証拠を得た。

研究成果の概要

農学研究院の劉瑞芳研究員（植物育種学研究室）と情報科学研究科の小柳香奈子准教授（ゲノム情報科学研究室）らは、本来植物ゲノムにはないウイルス断片や由来の不明な DNA 配列が、イネの染色体 DNA を構成する塩基アデニン(A)とチミン(T)の連続した部位に多く集積していることを明らかにしました。外部からの DNA 断片が AT の連続する配列の中に入ることによって新規な遺伝子が生じるほか、既存の遺伝子が大きく再編成されてできたイネ固有の遺伝子も見出されました。本研究は、イネのゲノムが細胞核に浮遊している外来 DNA の配列を自発的に AT 連続配列の中に取り込み進化してきたことを示しました。

本研究は農林水産省の地球規模国際研究ネットワーク事業および日本学術振興会科学研究費などの助成を受けて実施され、その成果は The Plant Journal に掲載されました。

論文発表の概要

研究論文名 : Evolutionary force of AT-rich repeats to trap genomic and episomal DNAs into the rice genome: lessons from endogenous pararetrovirus (イネのゲノム中の A(アデニン)T(チミン)連続配列は種々の DNA を取り込む進化の原動力 : ゲノムに内在するパラレトロウイルスからの教示)
著者 : 劉瑞芳 (北海道大学大学院農学研究院), 小柳香奈子 (北海道大学大学院情報科学研究科), 陳孫祿 (北海道大学大学院農学院), 貴島祐治 (北海道大学大学院農学研究院)
公表雑誌 : The Plant Journal
日本時間 (現地時間) 2012 年 8 月 18 日 (土) (米国東部時間 8 月 18 日)

研究成果の概要

(背景)

イネやアブラナなどの高等植物は、外来遺伝子を自らのゲノム (DNA からなる生物の営みを司る遺伝情報の全体) へ取り込む能力が低いと考えられていました。一方で、ウイルス等の外部から侵入した DNA 配列がしばしば植物ゲノムで見つかり、それらがどのようにゲノムに入ったのか不明でした。

そのため、外来 DNA が植物ゲノムに挿入する仕組みを明らかにできれば、植物の進化の理解に貢献

するだけでなく、遺伝子組換えに対する考え方や方法に新たな展開を期待できます。今回、細胞の外から侵入したウイルス由来の DNA 断片を手掛かりに、植物ゲノムが自発的に外来 DNA を取り込んで進化してきたことを明らかにしました。

(研究手法)

イネゲノムには外部から侵入したと考えられるウイルス断片が約90箇所あり、その8割が両端にA（アデニン）とT（チミン）の繰り返し配列を持っていることがわかりました。イネは日本型とインド型の2種類に大別でき、2つのゲノムを比較すると、ATの繰り返し配列の中にDNA配列の違いが高頻度にてできます。本研究ではゲノム情報を読み解くバイオインフォマティクス[※]の手法を用いて、ATの繰り返し配列に着目、日本型とインド型のイネゲノムの比較から外来DNA配列を特定しました。

(研究成果)

本研究では、イネがゲノム中のAT繰り返し配列を使って、細胞核に浮遊するDNA断片を取り込むことを明らかにしました。AT繰り返し配列に取り込まれたDNA断片には、ウイルスのほか、反復配列、核や細胞質ゲノムを構成する配列および由来の不明なDNA等、様々な配列が含まれていました。このような挿入配列を調べた結果、新しい遺伝子の発生、既存の遺伝子の大幅な変更、異種の遺伝子の水平伝搬など進化にとって重要な現象に結びつく証拠を得ました。

(今後への期待)

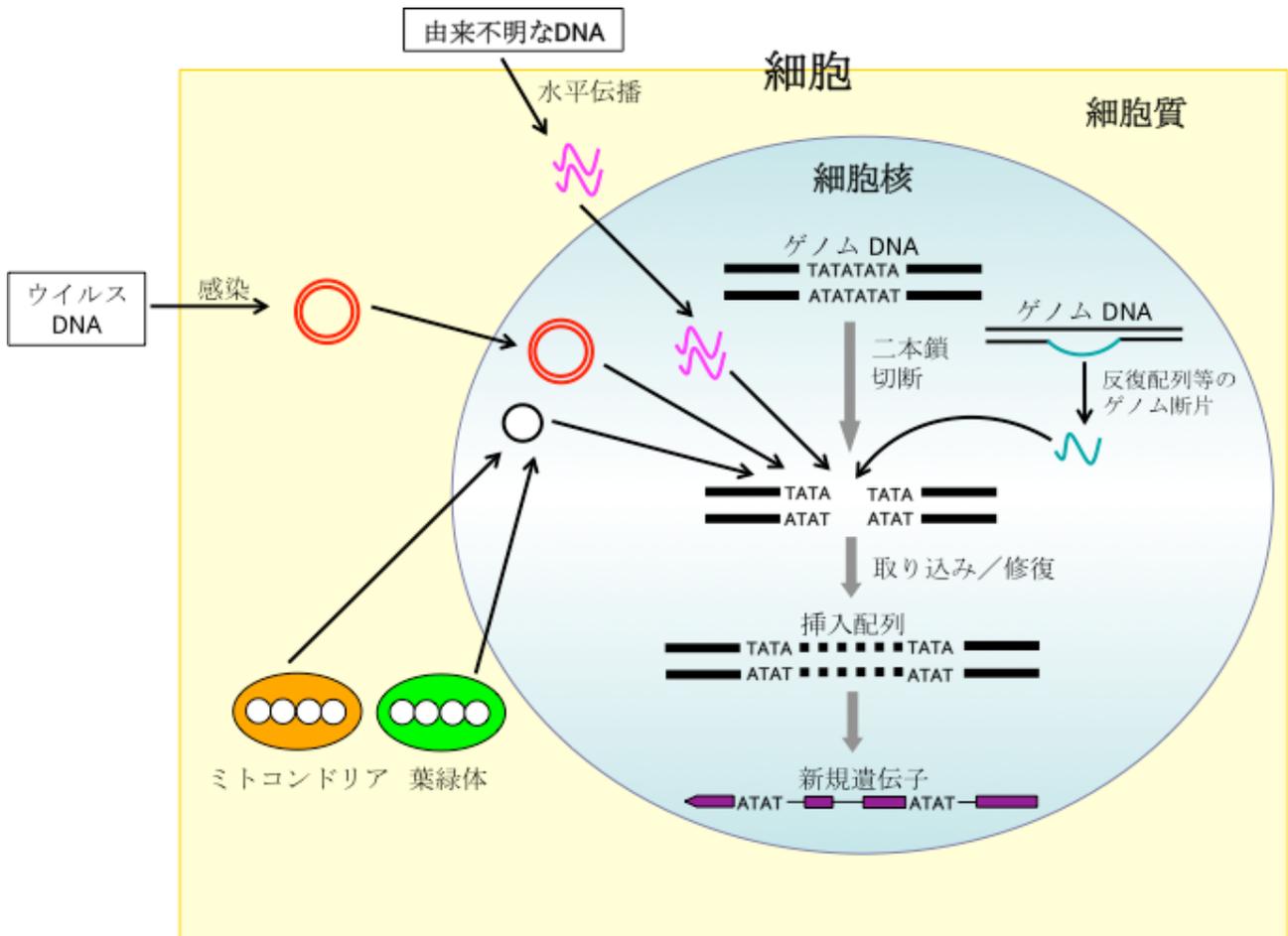
植物が様々なDNA断片を積極的にゲノムに組み込んできたという知見は、植物の種がどのように進化してきたのかを知る有力な手掛かりとなります。また、現在用いられている一般的な遺伝子組換え植物の作成方法では、ベクターと呼ばれる運び屋DNAに組換え酵素遺伝子を組み込んで行っています。しかし、本研究によりベクターを使わず、ゲノムにあるAT繰り返し配列を介した植物の取り込み機構を使って、外部からの遺伝子を安全かつ積極的にゲノムに導入することも期待できます。

お問い合わせ先

所属・職・氏名：北海道大学大学院農学研究院 教授 貴島 祐治（きしま ゆうじ）
TEL: 011-706-2439 FAX: 011-706-4934 E-mail: kishima@abs.agr.hokudai.ac.jp

用語解説

バイオインフォマティクス：遺伝子の情報やタンパク質の情報などをコンピューターによって解析する学問



「植物ゲノムの AT 繰り返し配列を利用した種々の DNA 断片の取り込み機構」

図の説明：細胞の外部から入ってきた DNA 断片や細胞内部に由来する DNA 断片が、細胞核のゲノム中の A（アデニン）T（チミン）の繰り返し配列に生じた切れ目（二本鎖切断）に取り込まれ、切れ目が修復されます。AT の繰り返し配列にはこうした挿入断片が高頻度で見出され、中には新規な遺伝子が発生するなど種の分化や進化にとって重要な変化が起きています。