

研究成果報告書

研究テーマ (和文) AB		イネの葯分化における活性酸素シグナルを介した転写・脂質代謝制御ネットワークの解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Signaling networks involving ROS, lipids and gene expressions during rice anther development			
研究氏 代表 者	カナ CC	姓)クルス	名)タカミツ	研究期間 B	2018~2021 年
	漢字 CB	来須	孝光	報告年度 YR	2021 年
	ローマ字 CZ	Kurusu	Takamitsu	研究機関名	公立諏訪東京理科大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		公立諏訪東京理科大学・准教授			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>植物の生殖器官の形成は、複雑な分化・発達機構を持つ。イネ葯は、内被・中間層・タペート層と多様な層を含んでいるが、分化機構の制御は未解明な部分が多い。本研究では、分化シグナルとしての活性酸素種 (ROS) に着目し、分化層内の ROS 動態と膜構造を含めた脂質成分との関連性、そして、レドックスシグナルによる遺伝子発現・脂質代謝、オートファジー制御機構の解明を目指した。</p> <p>葯特異的発現を示す ROS 生成酵素 OsRbohF の役割を調べるため、野生型 (WT)、欠損変異体 (<i>OsrbohF</i>) 葯の花粉成熟過程 (ステージ 8、9、10) における RNAseq 解析を行った結果、ABCG トランスポーターである MDR6 を含めた 446 個の発現変動遺伝子が同定された。ABCG 型トランスポーターは、花粉壁へのスポロポレニン輸送に関与しており、変異体の花粉発達不良の原因に、MDR6 等の発現異常の可能性が示唆された。</p> <p>次に、イネ葯の ROS 動態を NBT 染色等により検証した結果、変異体ではタペート層形成期 (ステージ 7) で、WT と比べて ROS 蓄積が低下していた。一方、タペート層分解のマスター転写因子である EAT1 変異体 (<i>eat1</i>) においては、ROS 蓄積は WT と同程度であった。<i>OsrbohF</i> では、タペート層の形成／形態異常が観察されており、OsRbohF を介した ROS シグナルは、タペート層分解ではなく、タペート層の形成・維持に寄与している可能性が示唆された。一方、タペート層分解過程で誘導されるオートファジーについては、WT と比較して、<i>eat1</i> と <i>OsrbohF</i> の両変異体で誘導能が低下していた。</p> <p>最後に、ROS シグナルと膜脂質成分との関連性については、WT と <i>OsrbohF</i> における脂質染色の違いは観察されたが、成分同定には至らなかった。本研究から、イネ葯発達におけるレドックスシグナルの重要性は明らかになった。今後はネットワークの具体的な制御因子の理解が課題である。</p>					
キーワード FA	タペート	葯分化	活性酸素	オートファジー	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	Impact of Autophagy on Gene Expression and Tapetal Programmed Cell Death During Pollen Development in Rice							
	著者名 <sup>GA</sup>	Hanamata et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Frontiers in Plant Science					
	ページ <sup>GF</sup>	e172	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	2	0	巻号 <sup>GD</sup>	11
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 EZ

In flowering plants including rice, anthers exhibit a three-layered structure composed of endothecium, middle layer and tapetum. Reactive Oxygen Species (ROS) accumulates in anthers at specific stages and plays an important role in tapetal PCD as well as anther development/differentiation. However, the relationship between the gene regulatory network, lipid metabolism and ROS accumulation during rice anther development is mostly unknown. We performed RNA-sequencing-based transcriptome analyses in combination with ROS imaging of rice anthers from ST7 to ST10 of the wild type and the mutant of a ROS producing-enzyme (ROS mutant) specifically expressed in anthers. Throughout the developmental stages of anthers, we identified 446 DEGs containing MDR6, which is an ABCG transporter. The state of ROS accumulation was also apparently changed and suppressed in the ROS mutant. Since ABCG transporter is involved in the transport of sporopollenin to the pollen wall, abnormal expression of MDR6 genes may be attributed to severe sporophytic male sterility and abnormal pollen wall structures of the ROS mutant. Moreover, the numbers of autophagosome-like structures were reduced in the tapetum of ROS mutant at stage 10 compared to that of control plants. These results suggest that redox signals contribute to anther development as well as promoting pollen maturation, and may be involved in the regulation of tapetal autophagy in rice.