

4. 発表内容：

植物の水不足（水分欠乏）は、干ばつ地域や塩害土壌等の不良生育環境下で引き起こされるのみならず、日照りが長く続いた時や海水を被るなどの様々な生育環境下で引き起こされます。植物にとって水は光合成に必要であり種々の細胞活動の維持に必須であるため、水分欠乏ストレスは植物の生存を脅かす最も危険な環境ストレスの一つです。水分欠乏ストレスにさらされた植物細胞では、植物ホルモンである ABA が蓄積し、ストレス耐性能を付与する遺伝子群の転写が誘導されます。共同研究グループはこれまでに、ABA によって活性化するサブクラス III SnRK2 タンパク質キナーゼとその下流で機能する AREB 転写因子が、ABA を介した転写誘導において重要な役割を果たすことを明らかにしていました。SnRK2 タンパク質キナーゼは高等植物では複数種存在しており、それぞれの SnRK2 ファミリーが異なる機能を有していると考えられています。進化的に高等な種子植物では、水分欠乏ストレス時に ABA を介さずに活性化するサブクラス I SnRK2 タンパク質キナーゼが見出されていますが、それらがどのような分子的・生理的機能を果たしているのかは不明なままでした。

今回、共同研究グループは、共免疫沈降法と質量分析計を組み合わせた手法により、サブクラス I SnRK2 タンパク質キナーゼの相互作用因子の同定を試みました。その結果、mRNA の 5' キャップ構造の除去に関与する mRNA 脱キャップ複合体の構成因子である VARICOSE (VCS) がサブクラス I SnRK2 の新規な相互作用因子として同定されました。VCS は mRNA の脱キャップおよび mRNA 分解を制御しており、水分欠乏ストレス時に複数箇所でリン酸化修飾を受けることが明らかにされています。しかし、VCS のリン酸化を制御するタンパク質キナーゼおよびそのリン酸化の生理的な意義は不明なままでした。共同研究グループは、サブクラス I SnRK2 が水分欠乏ストレスに応答して VCS をリン酸化する主要なタンパク質キナーゼであることを見出しました。この結果から、サブクラス I SnRK2 は水分欠乏ストレス時に VCS のリン酸化を介して何らかの分子的・生理的応答を制御していることが予測されました。

さらに共同研究グループは、サブクラス I SnRK2 が水分欠乏ストレス時に VCS のリン酸化を介して mRNA 分解を制御し、mRNA 蓄積量を調節している可能性を検討しました。まず、サブクラス I SnRK2 遺伝子を欠損した *srk2abgh* 変異体と VCS 遺伝子の発現量を低下させた VCS ノックダウン植物体（注4）を用いてトランスクリプトーム解析（注5）をおこないました。すると、*srk2abgh* 変異体および VCS ノックダウン植物体において、水分欠乏ストレス時に発現量が減少する遺伝子群が野生型株と比較して高レベルで発現していることがわかりました。そこで、これらの植物体において mRNA 分解がどのように影響を受けているのかを解析した結果、水分欠乏ストレス時に発現量が減少する遺伝子群の mRNA の分解が阻害されていることが見出されました。以上より、水分欠乏ストレス時にサブクラス I SnRK2 が VCS のリン酸化を介して不要な mRNA の分解を活性化していることが明らかになりました。さらに、*srk2abgh* 変異体および VCS ノックダウン植物体はストレスのない正常な状態で生育させると野生株と同様に生育するのに対して、水分欠乏環境下で生育させると野生型株よりも顕著な生育阻害を示しました（図1）。これらの結果から、サブクラス I SnRK2 と VCS による mRNA 分解制御は、不要な mRNA の分解を促進することで植物の成長を促進する役割を果たしていると考えられました。

以上より、ABA 活性化型のサブクラス III SnRK2 はストレスによる転写誘導を活性化するのに対して、サブクラス I SnRK2 は VCS のリン酸化を介して、水分欠乏ストレス時に不要な mRNA の分解を活性化することで植物の成長を促進することが明らかになりました (図 2)。サブクラス I SnRK2 および VCS は種子植物で高度に保存されていることから、本研究で明らかとなったサブクラス I SnRK2 とその下流で働く VCS を介した mRNA の分解調節機構は、イネやダイズといった作物でも保存されていると考えられます。そのため、サブクラス I SnRK2 や VCS をターゲットにした分子育種やこれらの活性を調節する薬剤の開発等により、干ばつ等による水分欠乏ストレス時の成長や収量を向上させた作物の開発への応用が期待されます。

5. 発表雑誌：

雑誌名：「Nature Plants」 (オンライン版：1月6日午後4時)

論文タイトル：ABA-unresponsive SnRK2 protein kinases regulate mRNA decay under osmotic stress in plants

著者：Fumiyuki Soma[†], Junro Mogami[†], Takuya Yoshida, Midori Abekura, Fuminori Takahashi, Satoshi Kidokoro, Junya Mizoi, Kazuo Shinozaki, Kazuko Yamaguchi-Shinozaki*

([†]These authors contributed equally to this work.)

8. 用語解説：

(注1) タンパク質キナーゼ：アデノシン三リン酸 (ATP) をリン酸基の供与体として、基質となる他のタンパク質にリン酸基を転移する活性を持つタンパク質の総称。外界の刺激に応答した情報を細胞内のタンパク質因子に伝達する役割を担っている。

(注2) アブシシン酸 (ABA)：植物ホルモンの一種。植物が水分欠乏ストレスにさらされた時に生合成が活性化され、ストレス耐性に関与する遺伝子の発現を誘導したり、気孔閉鎖を誘導したりすることで、水分欠乏条件下での植物の生存を助ける働きを持つ。また、種子の成熟や休眠状態の制御も担っており、植物の生活環に渡って重要な役割を果たしている。

(注3) mRNA 脱キャップ複合体 (mRNA decapping complex)：mRNA の 5'末端に存在する 5'キャップ構造を除去する反応を担う複合体を指す。脱キャップ活性を有する DECAPPING2 (DCP2), DCP1, VARICOSE 等の因子から構成される。mRNA 脱キャップ複

合体によって脱キャップされた mRNA は、5'-3'エキソヌクレアーゼによって分解される。酵母の他、動物や植物など広く保存されている。

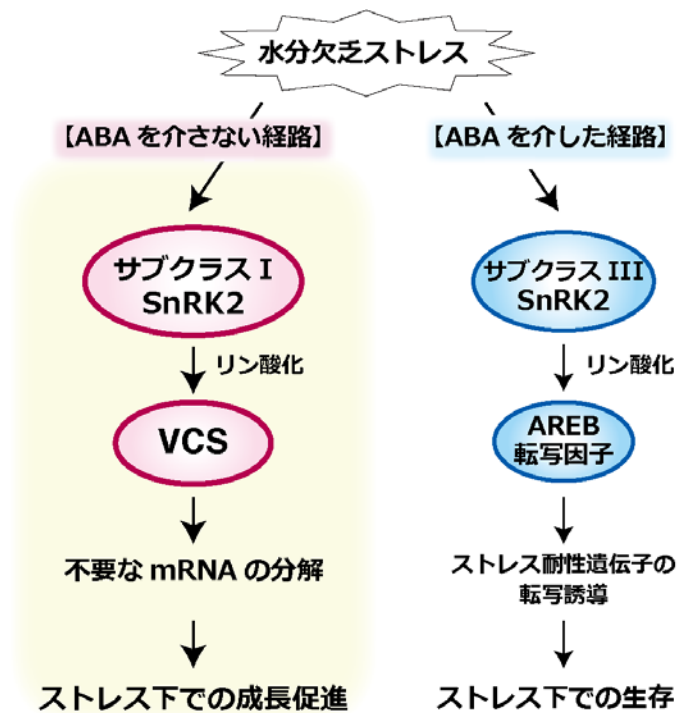
(注4) ノックダウン植物：特定の遺伝子の転写量 (mRNA) を減少させた植物体。細胞内で遺伝子発現を抑制させる効果を持つ短い RNA (人工マイクロ RNA) を発現させることによって作出した。

(注5) トランスクリプトーム解析：細胞内の全転写産物 (mRNA) を解析する実験方法。マイクロアレイ解析法や RNAseq 解析法が用いられている。ストレスに応答した細胞内における mRNA の増減を網羅的に知ることが出来る。

9. 添付資料：



(図 1) 水分欠乏ストレス環境下においてサブクラス I *SnRK2* 欠損変異体は生育阻害を示す。サブクラス I *SnRK2* 欠損変異体は通常生育条件下では野生型株と同様の生育表現型を示すが、水分欠乏ストレス環境下で生育させると、野生型株よりも顕著な生育阻害を示す。



(図 2) 水分欠乏ストレス環境下におけるサブクラス I SnRK2 とその下流で働く VCS を介した新規な遺伝子発現調節機構のモデル図。

水分欠乏ストレスにさらされた植物では、ABA 活性化型のサブクラス III SnRK2 を介した転写誘導に加えて、ABA 非応答性のサブクラス I SnRK2 およびその下流で機能する VCS を介して不要な mRNA の分解が活性化されることで、遺伝子発現が綿密に調節されている。サブクラス I SnRK2 を介した mRNA 分解経路は、水分欠乏ストレス下において植物の成長を促進していると考えられる。