

2023 年度年次報告書

植物分子の機能と制御

2021 年度採択研究代表者

大津 美奈

奈良先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科
助教

植物寄生性線虫の感染をモデルとして植物の細胞融合の謎に迫る

研究成果の概要

細胞壁のある植物細胞では、細胞融合は殆ど起こらない。しかし、驚くべきことに植物に寄生する線虫の一種であるシストセンチュウは、植物細胞に細胞融合を誘導し、巨大な多核の感染細胞「シンシチウム」を作らせる。本研究では、細胞融合過程のライブセル解析や感染細胞の単一細胞多元オミクス解析を組み合わせて、植物の細胞融合メカニズムの解明を目指す。2023 年度は、前年度に手法の確立を行なった感染細胞における核相別バルク RNAseq 解析を接種 1 日、3 日、および 5 日後のサンプルを用いて行なった。

クローバーシストセンチュウ感染および非感染の両方のミヤコグサ根から抽出した組織液をセルソーターに供し、2C、4C、および 8C 以上の核相のピークを示す画分をバルクで回収した。そして、得られたそれぞれのバルク核を用いて RNAseq 解析を行った。その結果、いずれの接種区においても、8C 以上の核相の核を含むサンプルにおいて、非接種である対照区と比較して、非常に多くの遺伝子の発現が上昇しており、これらの遺伝子にシストセンチュウの感染に大きく寄与する遺伝子が含まれることが示唆された。そこで、細胞融合が盛んに起こる接種 3 日及び 5 日後の 8C 以上の核相サンプルにおいて濃縮している遺伝子群の特徴を GO エンリッチメント解析により調べた。その結果、接種 3 日後の核相 8C 以上の核では、脂質修飾に関連する遺伝子群、そして接種 5 日後の核相 8C 以上の核では、DNA 複製や細胞壁制御関連遺伝子群の発現が上昇しており、先行研究や感染組織の観察の結果と同様の結果が得られた。以上のことから、本研究において確立した核相に着目したバルク核 RNAseq 解析では、感染細胞を簡便に濃縮できていると考えられる。今後は、発現上昇している遺伝子のうち、感染細胞で高発現している遺伝子を特定し、それら遺伝子の機能解析を進め、細胞融合の鍵分子の同定を目指す。