

3Aa-1

イネ葉緑体リボソームRNA遺伝子の構造

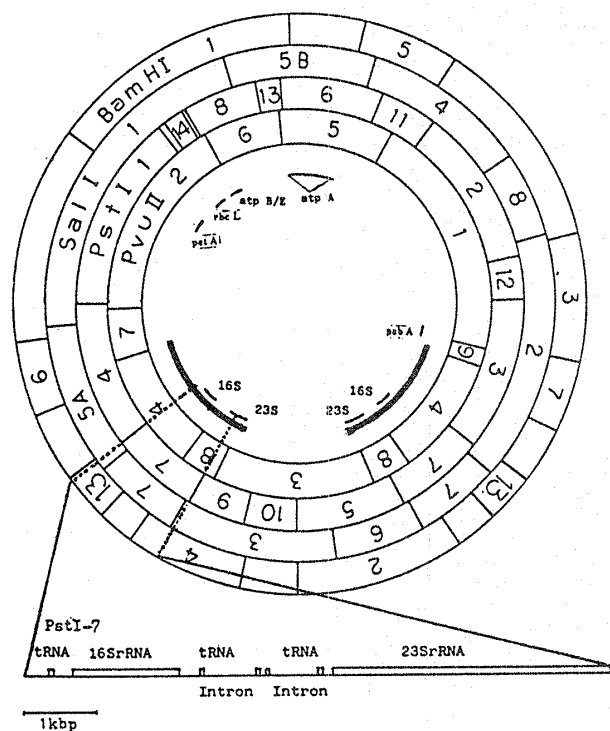
○ 梶原英之・平井篤志（名古屋大・農・生化制御）

葉緑体は植物の光合成に関与する重要なオルガネラであるが、近年の生化学的研究及び分子遺伝学的研究により、その遺伝子の構造と機能の全貌が急速に明らかにされつつある。葉緑体はミトコンドリアと同様に核-細胞質とは独立した遺伝情報発現機構を持ち、自分の遺伝情報を転写及び翻訳することが明らかにされている。葉緑体DNAは光合成に重要なカルビンサイクルのリブローラー、5-ニリン酸の大サブユニット（*rbcL*）や、光化学系のタンパク質等の遺伝子をコードしている。さらに上記遺伝子の発現に必要なRNAポリメラーゼ、リボソームタンパク質、リボソームRNA、それに必要とされる全てのtRNAをコードしていることがタバコ・ゼニゴケ等の研究で解明されている。

上記のタバコなどの他にも、重要作物であるホウレンソウやトウモロコシの葉緑体DNAの構造解析が進んでいるが、私達はイネの分子育種のための基礎研究として、その葉緑体DNAの構造解析を行っている。

イネ葉緑体DNAは約130kbの環状DNAで左図に物理地図を示してある。また全ての領域をカバーする制限酵素断片群はpBR322/pUC8にクローニングされている。私達は現在、遺伝情報発現系として重要な、16Sおよび23SrRNAを含む領域の構造解析を行っているのでそれを報告する。

リボソームDNAを含むPst-7の断片を制限酵素やDNase Iにより断片化しM13ファージにサブクローニングし、ジデオキシ法により塩基配列を調べた。その結果、イネにおいても図に示すように16SrRNAの上流にイントロンを持たないtRNA遺伝子、16Sと23S



のrRNA遺伝子の間にイントロンを持つ2種のtRNA遺伝子があり、他の植物と同様な遺伝子配列をしていることが明らかになった。