

「二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と
生産物活用のための基盤技術の創出」
平成 25 年度採択研究代表者

H28 年度 実績報告書

芦苜 基行

名古屋大学生物機能開発利用研究センター
教授

作物の地下茎による栄養繁殖化に向けた基盤技術の開発

§ 1. 研究実施体制

(1)「芦苜」グループ

- ① 研究代表者: 芦苜 基行 (名古屋大学生物機能開発利用研究センター、教授)
- ② 研究項目: 地下茎形成・伸長メカニズムの遺伝・生理学的解析
 - ・高速遺伝子型判定システムの確立
 - ・地下茎形成の QTL 解析
 - ・地下茎形成必須領域の証明
 - ・地下茎形成関連遺伝子の発現ネットワーク解析
 - ・環境および植物ホルモン応答に関する研究
 - ・ロンギスタミナータ再分化の確立

(2)「経塚」グループ

- ① 主たる共同研究者: 経塚 淳子 (東北大学大学院生命科学研究科、教授)
- ② 研究項目: 地下茎からの分枝成長パターン決定機構の解析
 - ・地下茎成長様式の解明
 - ・腋芽関連遺伝子の発現解析
 - ・可視化マーカーによる地下茎腋芽の解析

(3)「山口」グループ

- ① 主たる共同研究者: 山口 信次郎 (東北大学大学院生命科学研究科、教授)
- ② 研究項目: 地下茎の形成・伸長におけるストリゴラクトンの役割の解明
 - ・ロンギスタミナータ各器官におけるストリゴラクトンおよび生合成中間体の分析

- ・ストリゴラクトン生合成酵素活性測定および遺伝子発現解析
- ・ストリゴラクトン投与実験

(4)「榊原」グループ

① 主たる共同研究者: 榊原 均 ((国研)理化学研究所環境資源科学研究センター、グループディレクター)

② 研究項目: 無機栄養による地下茎分枝成長の調節機構の研究

- ・栄養環境による地下茎分枝成長様式の解析
- ・栄養環境による地下茎分枝成長制御メカニズムの解明
- ・地下茎を介した個体間の栄養情報伝達機構の解明

§ 2. 研究実施の概要

これまでに地下茎形成に関わる遺伝子領域(QTL)を複数見いだしていた。これらの領域が実際に地下茎形成に必須かどうか、遺伝学的に検証するため、BC1F1 およびその自殖後代 BC1F2 の作出を行い、少数ではあるが地下茎を保持する個体が得られた。今後、これら地下茎を持つ BC1F1 および BC1F2 について、地下茎性と遺伝子型の連鎖解析を行うとともに戻し交配を進め、地下茎性 QTL の原因遺伝子同定を行う。また、これまで、本研究で供試しているロンギスタミナータのゲノム情報は部分的にしか公開されておらず、様々な遺伝解析に不具合を生じていた。そこで、独自にロンギスタミナータのゲノムシーケンスを行い、全長 350Mb の全ゲノム配列情報を構築することに成功した。また、これまでに、地下茎伸長に関わる候補遺伝子として機能未知の遺伝子 SK3 を見いだしていた。しかしながら、ロンギスタミナータ型 SK3 (ロンギ型 SK3) が実際に節間伸長を誘導するかは実証していなかった。そこで、ロンギ型 SK3 を通常の栽培イネで過剰発現させたところ、浮イネ型 SK3 過剰発現体と同様に栄養成長期の初期段階で節間伸長を誘導した。ロンギ型 SK3 は地下茎の腋芽で発現することで、地中での節間伸長を制御することが推察された。

昨年度までに、栽培イネを用いて *BLADE ON PETIOLE (BOP)* が葉鞘形成のマスター遺伝子であることを明らかにした。ロンギスタミナータの地下茎は、ほぼ葉鞘のみからなる特異な葉「鱗片葉」を形成する。鱗片葉形成に *BOP* が関与する可能性を考え、本年度は地下茎における *BOP* 遺伝子の発現パターンを *in situ* ハイブリダイゼーション法により調査した。その結果、*BOP* 遺伝子は地下茎の葉原基で発現が高いこと、そして地中では高い発現が維持される一方で、地上へ出てきたシュートでは発現が低下し、葉原基の限定部位にのみ検出できることが明らかとなった。これらの結果は、地下と地上における葉形成の違いと *BOP* 発現とが非常によく一致していることを示した。このことから、*BOP* の発現が地中と地上では違っており、その違いが地下茎特有の成長を可能にしていることが示唆される。また、*BOP* 発現を制御するメカニズムに迫ることが、地下茎を理解するための次なる研究対象と考えられた。また、幼若ステージの制御に関わるマイクロ RNA、miR156 が *BOP* 発現制御に関与する可能性を示唆するデータが得られた。

前年度までの研究により、ロンギスタミナータにおいて栽培イネの代表的なストリゴラクトン (4-deoxyorobanchol, orobanchol) が検出されない原因は、*MAX1* ホモログに相当するシトクロム P450 酵素遺伝子 (*CYP711A2* と *CYP711A3*) の欠損である可能性が示唆された。しかしながら、公開されている本領域のゲノム配列情報は不完全であった。本年度は芦荊グループが独自に行ったロンギスタミナータのゲノムシーケンスの情報が得られ、*CYP711A2* と *CYP711A3* が欠損していることが明らかになった。最近、トマトやシロイヌナズナの道管液中から、カーラクトン酸のモノヒドロキシ体が発見された。本年度の研究により、ロンギスタミナータにおいても同化合物が存在することが明らかになった。カーラクトン酸のモノヒドロキシ体はカーラクトン酸メチルとともに、ロンギスタミナータの分けつ抑制に関わる可能性が示唆された。

また、窒素栄養に着目し、地下茎を介した栄養繁殖株(ラメット)間の相互作用の解析を行った。本研究の遂行にあたり、一つの地下茎から発達したラメットのうち、同等の成長段階のラメットペアを地下茎ごと切り出して栽培する実験系を開発した。この実験系を用いて遺伝子の網羅的な発現

解析を行なったところ、ラメットのペアのうちの片方を高窒素条件、もう片方を低窒素条件で栽培すると、両方のラメットを高窒素条件または低窒素条件で栽培した場合と比べて、発現量が変化する遺伝子が複数見つかった。これらの中には同じ代謝系に関わる遺伝子群も含まれていたことから、栄養条件の異なるラメット間で何らかの情報が交換され、代謝的な応答が誘導されているものと考えられた。