

「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

関 原明

理化学研究所環境資源科学研究センター

チームリーダー

エピゲノム制御ネットワークの理解に基づく
環境ストレス適応力強化および有用バイオマス産生

§ 1. 研究実施体制

(1) 関グループ

- ① 研究代表者: 関 原明 ((国研)理化学研究所環境資源科学研究センター、チームリーダー)
- ② 研究項目
 - ・環境ストレス耐性に関与するシロイヌナズナのエピゲノム制御因子の同定および機能解析
 - ・エピゲノム操作や酢酸などの化合物の活用などによるストレス耐性植物作出法の開発

(2) 土生グループ

- ① 主たる共同研究者: 土生 芳樹 ((国研)農業・食品産業技術総合研究機構生物機能利用研究部門、ユニット長)
- ② 研究項目
 - ・ストレス耐性関連エピゲノム因子のイネホモログの機能解析
 - ・シロイヌナズナで見出されたストレス耐性植物作出法のイネでの検証

(3) 松永グループ

- ① 主たる共同研究者: 松永 幸大 (東京理科大学理工学部、教授)
- ② 研究項目
 - ・エピゲノム制御のイメージング定量解析
 - ・環境ストレス耐性植物の定量評価解析

§ 2. 研究実施の概要

環境ストレス適応におけるエピジェネティックな制御機構の解明を通して環境ストレス適応力や物質生産力に関与する新規な制御ネットワークを発見する事、さらにそのネットワークを活用することにより環境変化に強く有用バイオマスを産生する植物の創出法を開発する事を目的として以下の項目を実施した。

(1) 環境ストレス耐性に関与するシロイヌナズナのエピゲノム制御因子の同定および機能解析
これまでにヒストン脱アセチル化酵素(HDAC)阻害剤 11 個がシロイヌナズナにおいて塩ストレス耐性付与に有効であることを見出した。塩ストレス耐性付与の分子機構解明を目指して解析を進め、以下の知見を得た。1) *Ky-72* はファルネソン酸メチル化酵素をコードする *FAMT* 遺伝子の発現を誘導し、生成したファルネソン酸メチルは ABA 合成の促進、細胞壁におけるスベリン合成の誘導、塩の流入抑制により耐塩性を付与する可能性が示唆された。2) 幾つかの *HDAC* 遺伝子の変異体が塩ストレス耐性を示す。3) *SAHA* で処理したキャッサバ植物体において耐塩性が付与される。アレイ解析の結果、ABA や JA 応答性関連の遺伝子の発現が上昇していた。

(2) エピゲノム操作や酢酸などの化合物などの活用による環境ストレス耐性植物作出法の開発
酢酸による乾燥ストレス耐性付与の分子機構の解明を目指してシロイヌナズナを用いてさらに解析を進め、以下のデータを得た。1) C-14 標識酢酸の根からの吸収実験により、地上部植物体でヒストンのアセチル化のレベルが増加する。2) 酢酸で処理後 1 日目の地上部組織において JA の生合成が一過的に誘導されるが、ABA の量に変化は見られなかった。3) *COI1*(JA の受容体)遺伝子および *AOS*(アレンオキシド合成酵素、JA 生合成経路の酵素)遺伝子の変異体は野生株と比べて乾燥ストレスに対して感受性を示し、*COI1* 遺伝子の変異体に酢酸前処理しても乾燥ストレス感受性の表現型は相補されなかった。上記データから、酢酸処理により JA の生合成およびヒストンのアセチル化が誘導され、その後乾燥ストレスがかかると JA 応答経路遺伝子が活性化されて乾燥ストレス耐性が付与されることが明らかになった。

(3) イネにおけるストレス耐性関連エピゲノム制御因子の機能解析およびストレス耐性植物作出法の検証

シロイヌナズナでストレス耐性に関わる *AtHDA6* 遺伝子のイネホモログのうち、*AtHDA6* に最も近いイネ遺伝子 *OsHDA6a* の変異体は塩ストレスに感受性を示し、*OsHDA6a* が塩ストレス応答に必須の機能を持つことが示された。シロイヌナズナと異なり、イネでは酢酸処理によりジャスモン酸受容体の下流遺伝子が活性化され、蒸散量・光合成活性低下等を伴う生長抑制が誘導されることが示された。これにより、イネでは植物体の水分利用量低下を伴う乾燥耐性の表現型を示すが、解析の結果、水利用効率(water use efficiency)が高まっていることが明らかとなり、酢酸処理がイネの生長を抑えつつも少量の水を効率的に使う生長を誘導する可能性が示された。

(4) エピゲノム操作等によるストレス耐性植物のイメージング解析およびバイオマス定量評価解析

マウスで作成されたモノクローナル抗体の一部に蛍光タンパク質を結合させた細胞内抗体(ミントボディ)を、植物細胞で発現させることで、植物のエピジェネティクス変化を解析する手法の開発に成功した。このミントボディは生きた植物細胞内でヒストンのアセチル化リジン残基を正常に認識し、遺伝子の発現上昇時に見られるエピジェネティクス変化を追跡することができた。特に、植物細胞に低温や塩ストレスを与えたところ、ヒストンのアセチル化上昇をライブイメージングとして捉えることができた。

代表的な原著論文:

1. Patanun, O., Ueda, M., Itouga, M., Kato, Y., Utsumi, Y., Matsui, A., Tanaka, M., Utsumi, C., Sakakibara, H., Yoshida, M., Narangajavana, J., and Seki, M. (2017) The histone deacetylase inhibitor suberoylanilide hydroxamic acid alleviates salinity stress in cassava. *Front. Plant Sci.* 7:2039.
2. Ito, H., Kim, J.M., Matsunaga, W., Saze, H., Matsui, A., Endo, T.A., Harukawa, Y., Takagi, H., Hiroki, Y., Masuta, Y., Masuda, S., Ishida, J., Tanaka, M., Takahashi, S., Morosawa, T., Toyoda, T., Kakutani, T., Kato, A. and Seki, M. (2016) A Stress-activated transposon in *Arabidopsis* induces transgenerational abscisic acid insensitivity. *Scientific Reports* 6:23181.
3. Kurita, K., Sakamoto, T., Yagi, N., Sakomoto, Y., Ito, A., Nishino, N., Sako, K., Yoshida, M., Kimura, H., Seki, M. and Matsunaga, S. (2017) Live imaging of H3K9 acetylation in plant cells. *Scientific Reports* 7: 45894.