

「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

H29 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 (名古屋大学大学院生命農学研究科、教授)
- 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

アフリカ原産の野生イネ「ロンギスタミナータ」は、地下茎により旺盛な繁殖性を示す。本研究では、ロンギスタミナータの地下茎形成によるバイオマス増加機構を解明し、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を目指している。地下茎性に関する QTL 解析により、これまでに 10 個以上の QTL が検出されていた。そこで、これらの候補 QTLs の効果を検証するため、多数の BC1F2 集団を準備して表現型の調査を行ったが、明確な地下茎を発生した個体は観察できなかった。F2 世代では地下茎を保持した個体が多数観察できたにもかかわらず、BC1F2 世代では地下茎形成個体が現れなかったことから、地下茎形成には多くの QTL を同時に保持する必要があることが示唆された。また、これまでに明らかになった QTL の候補遺伝子については、日本晴や台中 65 号といった栽培品種に形質転換し、茎葉伸長を制御していることを明らかにしてきたが、地下茎形成を実際に制御しているかは不明のままであった。そこで、地下茎形成を行う系統に候補遺伝子を導入し、現在、地下茎形成と伸長の関与を調査中である。

また、地下茎の運命決定メカニズムに迫ることを目指し、地下茎の発生運命決定段階と考えられる初期ステージに焦点を絞ってトランスクリプトーム解析を行ない、ロンギスタミナータのゲノム情報をもとに地下茎の腋芽において高発現する遺伝子群を特定した。また、植物ホルモンであるオーキシン、アブシジン酸およびジャスモン酸に応答する遺伝子群が顕著に発現低下していることが明らかとなった。また、これらの遺伝子群は、腋芽休眠において発現誘導される特徴があり、地下茎の発生運命決定段階においては腋芽が休眠状態にならないことが示唆された。

これまで、ロンギスタミナータの根および根浸出液からは、ストリゴラクトンのうち 4-deoxyorobanchol (4DO) や orobanchol が検出できず、人工ストリゴラクトン (GR5) の外部投与により地下茎の伸長を抑制することが明らかとなっていた。そこで、ロンギスタミナータのゲノム配列を詳細に解析したところ、ロンギスタミナータで 4DO や orobanchol が検出できない原因は、栽培イネの CYP711A2 および CYP711A3 に相当するロンギスタミナータの酵素が 4DO 変換活性をもたないことであると判明した。

地下茎で連結された 2 つのラメット間における窒素栄養情報伝達機構について解析を行った。地下茎で連結された 2 つのラメットを異なる窒素栄養条件においた場合、低窒素に置かれた側のラメットから高窒素側に「窒素要求シグナル」ともいえる何らかの情報が伝えられ、それが高窒素側の根での窒素吸収や同化を促進していることが示唆された。

これまで GBS による効率的遺伝子型判定システムを構築してきたが、GBS による遺伝子型判定データには特有のエラーが含まれることが知られている。特に遠縁種間の交雑では、エラーの種類や頻度が増加すると予測された。そこで、実際のデータがもつエラーのパターンを詳細に解析し、それに即したエラー修正を行うプログラム「GBScleanR」を新たに開発した。また、ロンギスタミナータの全ゲノム配列を独自に解読して遺伝子予測をするとともに、これまでに構築したロンギスタミナータの各器官での発現解析を統合したゲノムブラウザを作成し公開した。