

「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 23 年度採択研究代表者

H26 年度
実績報告書

彦坂 幸毅

東北大学 大学院生命科学研究科
教授

将来の地球環境において最適な光合成・物質生産システムをもった強化植物の創出

§ 1. 研究実施体制

(1) 彦坂グループ

- ① 研究代表者:彦坂 幸毅 (東北大学大学院生命科学研究科、教授)
- ② 研究項目
 - ・シロイヌナズナの成長の高 CO₂ 応答のジェノタイプ間比較
 - ・ハツカダイコンの成長の高 CO₂ 応答の品種間比較
 - ・高 CO₂ で成長がよいシロイヌナズナ変異体の探索
 - ・高 CO₂ で成長がよいハツカダイコン変異体の探索

(2) 寺島グループ

- ① 主たる共同研究者:寺島 一郎 (東京大学大学院理学系研究科、教授)
- ② 研究項目
 - ・シンク力決定メカニズムの解析

(3) 花田グループ

- ① 主たる共同研究者:花田 耕介
(九州工業大学 若手研究者フロンティア研究アカデミー、准教授)
- ② 研究項目
 - ・高 CO₂ 適応植物の遺伝子解析の解析

(4) 森長グループ

- ① 主たる共同研究者:森長 真一 (日本大学 生物資源科学部、助教)

② 研究項目

- ・エコタイプ間比較による適応遺伝子探索

§ 2. 研究実施の概要

本研究の目的は将来の地球環境で収量が高い植物を創出することである。自然界に存在する変異(同一種内の遺伝的変異)を利用して有用な遺伝子を探索すること、誘発突然変異を用いて非遺伝子組み換え体の植物を創出することが特徴である。

シロイヌナズナについては、44 エコタイプを用いた成長比較実験と遺伝子の解析を行い、高CO₂環境での成長促進に貢献すると期待される遺伝子を44 同定した。これらの遺伝子について、過剰発現体、発現抑制体、あるいはその両方を作製した。これらの組換え体を高CO₂環境で育成し、野生型よりもよく成長するものを探索している。多数の系統を作製したためスクリーニングは現在も続行中であるが、3遺伝子について高CO₂での成長促進効果があることが見出された。うち1遺伝子については、異なる位置に遺伝子を導入した複数の個体で成長促進効果があることがわかり、高CO₂での成長促進効果をもつ遺伝子を発見したことが確実だと考えられる。これらの遺伝子の機能や形質への影響は今後精査する予定である。

非モデル生物であるハマダイコン、ハツカダイコンおよびハクサンハタザオでのドラフトゲノムを構築した。さらに、遺伝子領域を決定するために、RNA-seq 解析を行い、ゲノムで発現している転写領域を決定した。シロイヌナズナ、*Brassica rapa* で公開されている全 EST ライブラリーも集めた。さらに、シロイヌナズナの保存領域をそれぞれのドラフトゲノムで同定し、それらを情報を総合して、ドラフトゲノムに存在する遺伝子領域を決定し、それぞれの生物種でデータベースを作製した。

ハマダイコンを対象に、秋田から沖縄にかけて生育する野外集団を用いて、将来の地球環境下において最適となる形質と遺伝子についての解析を行ってきた。高温耐性実験の結果、集団内にある程度の個体間変異が存在しつつも、集団間では北方集団である秋田や新潟の個体では高温耐性が低く、一方で南方集団である和歌山では高温耐性が高いことがわかった。ゲノム解析により、約 68 万の一塩基多型(SNP)を検出した。高温耐性を担う候補遺伝子を探索するために、これらの表現型およびゲノムデータを用いて、集団構造を考慮した上でのゲノムワイド関連解析をおこなった。その結果、異なる集団間においても同じように高温耐性に寄与していると考えられる SNP を複数同定した。今後は、ハマダイコンとハツカダイコンの掛け合わせ個体を用いて、表現型と遺伝子型の相関解析から、同定した候補遺伝子についての機能解析を進める。

ダイコンの品種のうち、胚軸が赤く膨らむ所謂ハツカダイコン品種の「コメット」と、生育初期には胚軸がほとんど膨らまない葉ダイコン系の「ハダイコン(葉大根)」を胚軸上部で接ぎ木したものを栽培し、葉の気孔コンダクタンス、光合成活性、地上部と地下部の成長を精査した。穂がどちらであってもコメットの胚軸の肥大はおこったので、コメットの胚軸の肥大は胚軸自律的なものである。また、ハダイコン(穂)／コメット(台)とし、胚軸への糖転流量を増加させても、葉の光合成活性を促進することはなかった。栄養成長期での胚軸の肥大化は、光合成産物の葉への分配を抑制することで、地上部ひいては植物全体の成長を抑制していると考えられる。ここまでの成果を論文としてとりまとめ投稿した。