

令和 3 年 6 月 10 日現在

機関番号：17102

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2019～2020

課題番号：19K22312

研究課題名（和文）ダイズの時空間的遺伝子発現から捉える有用遺伝子の量的評価

研究課題名（英文）Quantitative evaluation of important gene through the analysis of spatiotemporal gene expression in soybean

研究代表者

石橋 勇志（Ishibashi, yushi）

九州大学・農学研究院・准教授

研究者番号：50611571

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 5,000,000円

研究成果の概要（和文）：植物科学における遺伝子の効果の評価方法としては、形質転換体やゲノム編集技術を用いた研究によって盛んに行われているため、遺伝子の効果を一方向から、質的に評価した例が多く、研究結果が実際のフィールドレベルの農業と結び付きにくい現状にある。そこで今回、遺伝子発現の時空間的解析法を考案し、遺伝子を量的に評価し、遺伝子の新規機能を導き出すことに成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究成果である、遺伝子発現の時空間的解析法による遺伝子機能の再評価は、ダイズのみならず全ての農作物に応用可能であり、現在報告されている既知遺伝子について再調査するだけでも、新規機能を見出すことができる。さらに、本研究課題で明らかとなった、開花関連遺伝子のシンク器官形成への関与は、作物収量に直結する極めて重要な知見であり、今後本遺伝子を中心とした多収品種の育成が進められると考えられる。

研究成果の概要（英文）：In plant science, the effects of genes are often evaluated qualitatively from a single direction, as studies using transformants and genome editing technology have been widely used to evaluate gene effects, making it difficult to link research results to actual field-level agriculture. In this study, we devised a method for spatio-temporal analysis of gene expression, and succeeded in quantitatively evaluating genes and deriving novel functions of genes.

研究分野：作物学

キーワード：ダイズ 遺伝子発現 時空間的解析

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

作物の栽培環境は年々変化しており、特に土地利用型の作物は環境変動に合わせながら成長を続けなければならず、フィールド条件における環境応答の理解は、作物生産の重要な課題の一つである。これまで、植物における環境応答研究は、モデル植物を中心とした分子レベルでの研究が盛んに行われおり、さらに近年の急速なゲノム情報科学や分子生物学の理解により、農作物においても分子レベルの解析が次々と行われている。しかしながら、その分子生物学的な解析方法の多くが、ある葉(個葉)をサンプリングし、遺伝子発現を解析する事で、その植物体全体の生理状態を議論しているのが現状である。しかしながら、今後は収量性といった複雑形質をターゲットすることが予想され、単純な個葉の遺伝子発現だけでは、その遺伝子と植物個体の生理状態との関係性を議論する事は困難であると考えられる。そこで、遺伝子発現を生育ステージに合わせて個葉、個体、群落レベルで解析し、フィールドにおける植物個体の生理状態と遺伝子の効果を評価する必要があると考えた。

2. 研究の目的

ダイズにおいて、生育ステージ毎に葉位別の開花関連遺伝子の発現を確認したところ、生育ステージによって葉位毎の発現レベルに顕著な違いが確認された。この結果は、従来の解析法に則れば、下位葉の解析結果に着目した場合、栄養成長期(左)では遺伝子 A の効果が大きいことが議論され、生殖成長期(右)では遺伝子 A の効果が小さいことが議論される。つまり、この遺伝子 A の効果として正反対の結論を導いてしまう。そこで本申請では、生育ステージに合わせて植物体あたりの遺伝子発現量を算出後、特定の生育ステージに至る積算遺伝子発現を推定する事で、ダイズの生理状態における遺伝子の量的効果を見いだす事を目的とし、最終的には実際に栽培されている環境下における様々な有用遺伝子の効果を再評価(再発掘)することを目的としたい。

3. 研究の方法

本研究では、フィールド環境において栽培されたダイズ、ササゲ、イネを供試する。栽培は、1/5000a ワグネルポットあたり1個体とし、それぞれの植物の生育ステージ(例:ダイズのV4、R1、R5など)において、葉面積の測定と同時に、葉位毎に同面積のリーフディスクをまとめてサンプリングし、 -80°C 保存後、RNA抽出、cDNA合成を経てリアルタイムPCRにより遺伝子発現量定量する。解析する遺伝子は、これまでモデル植物で明らかとなっている膨大なデータを参照し、例えば、ダイズの開花に着目した場合、早晩性の異なる品種を供試し、栄養成長期間の個体あたりの *GmFTs* 発現量を測定後、開花日までの積算量を算出し開花までの日数(早晩性:質的形質)および花数(量的形質)との相関関係を調査する。

4. 研究成果

本研究では、時空間的遺伝子発現の作物学的研究への応用を図るため、数種の作物を対象に開花関連遺伝子について、個体レベルの遺伝子発現(空間的解析)と継時的遺伝子発現(時間的解析)の積算量を併せた評価を行い、遺伝子解析の時空間的発現解析の有用性を検討した。ダイズおよびササゲは初生葉展開時から開花日まで、イネは第3葉展開時から開花日までの期間に葉の継時的なサンプリングを行なった。開花日数、新鮮重、乾物重、並びに開花関連遺伝子の継時的および葉位別発現を調査し、遺伝子発現の積算値を算出した。継時的な遺伝子発現の変化と葉位別の遺伝子発現を調査した結果、全ての作物種において開花関連遺伝子の発現は開花時に最大値を示さないこと、また葉位別の遺伝子発現パターンが異なることが明らかとなった。特に、単子葉植物であるイネと双子葉植物であるダイズでは、垂直分布における遺伝子発現パターンに特徴がみられ、おそらくシンク器官のポジショニングが関わっていると考えられた。これらの結果から、作物の開花を評価する上で遺伝子発現の時空間的解析が有効であることが示唆された。

次年度は、対象作物をダイズに絞り、ダイズの開花関連遺伝子である *GmFT2a* および *GmFT5a* に着目し、その時空間的遺伝子発現量と表現型の関係について、詳細に検討した。開花期までの *GmFTs* 積算値を品種毎に算出し、花数および開花日との関係を調査した結果、*GmFT2a* 積算値と開花時の花数には有意な正の相関がみられた一方、*GmFT5a* 積算値は品種の開花日に関わらず一定となる傾向がみられ、3ヶ年の圃場試験において、*GmFTs* 積算値と開花形質には同様の相

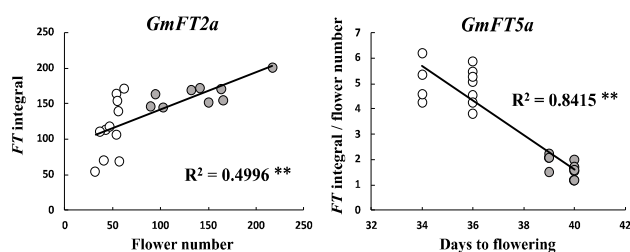


図. *GmFT2a* 積算値と花数、*GmFT5a* 積算値と開花日の相関

ず一定となる傾向がみられ、3ヶ年の圃場試験において、*GmFTs* 積算値と開花形質には同様の相

関関係が確認された。これらの結果は、*GmFT2a* が花数、*GmFT5a* が開花日をそれぞれ制御することを示すものであり、開花における両遺伝子の機能が異なることが示唆された。今後さらに、開花期以降のサンプルについても解析を進め、結莢との関係を明らかにしていく予定であり、ダイズと同じマメ科で結莢特性の異なる植物（ツルマメ、アズキ、ササゲ）の *FT* ホモログ遺伝子の時空間的な発現解析を行うことで、*FT* と結莢の関係についての理解も深めたいと考えている。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 6. Takatoshi Taniguchi, Naoki Murayama, Nobuyuki Ario, Andressa C.S. Nakagawa, Seiya Tanaka, Yuki Tomita, Mitsuo Hasegawa, Norimitsu Hamaoka, Mari Iwaya-Inoue, Yushi Ishibashi,	4. 巻 23
2. 論文標題 Photoperiod sensing of leaf regulates pod setting in soybean (<i>Glycine max</i> (L.) Merr.)	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Plant Production Science	6. 最初と最後の頁 360-365
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1080/1343943X.2019.1709512	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 堀川駿・田中征矢・谷口琢紀・黒瀬良太・関岡奈々・濱岡範光・石橋勇志
2. 発表標題 作物の時空間的遺伝子発現から捉える有用遺伝子の量的評価
3. 学会等名 日本作物学会
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	濱岡 範光 (Hamaoka Norimitsu) (40778669)	九州大学・農学研究院・助教 (17102)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------