

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 17 日現在

機関番号：21401

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26450007

研究課題名(和文) イネの穂の分枝パターンとメリステム構築を結ぶ遺伝的機構の解明

研究課題名(英文) Elucidation of genetic mechanisms connecting panicle patterning and inflorescence meristem organization.

研究代表者

永澤 信洋 (Nagasawa, Nobuhiro)

秋田県立大学・生物資源科学部・准教授

研究者番号：90599268

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：新しい穂の分枝の様式を決める遺伝子を単離するために、穂の分枝パターンに関する突然変異体の単離を試みた。数系統は新規の形質を示し、これまでに単離されていない新しい突然変異体を得ることが出来た。また、メリステム構築の代表的遺伝子として、サイトカイニン合成経の遺伝子の突然変異である log と、分枝パターンに関する突然変異体らとの間の2重劣性突然変異体の作成を行い、log moc の2重劣性突然変異体を作成した。またオーキシンの分布に apo2 遺伝子が影響を与えるかを探るために、オーキシンの分布を可視化できる apo2 系統を作成した。

研究成果の概要(英文)：We made attempts to isolate new inflorescence branching pattern mutants for isolation of new key genes controlling panicle architecture. Several mutants were selected for the new traits that have not been reported, which would illuminate mechanisms underlying pattern formation of rice panicle morphology. In the efforts to elucidate the mechanisms connecting between genes controlling panicle branching pattern and meristem organization, we constructed double mutants between lonely guy(log) and panicle patterning mutants. So far we have identified a population segregating both log and moc1 mutants, indicating analysis of mutants in the population lead to identification of log moc1, may elucidate the role of cytokinin in the moc1 controlling branching pathway. We also introduced DR5 driven DSRED gene into aberrant panicle organization2 (apo2) mutant to investigate the auxin accumulation pattern under apo2 background.

研究分野：イネの発生遺伝学

キーワード：穂 イネ 分枝パターン 分裂組織

1. 研究開始当初の背景

イネの穂の分枝機構に関して鍵となる遺伝子は多数同定されていたが、恐らくまだ総てが得られてはいない状況で、分裂組織の構築に関する遺伝子とどのように結びついているかはあまり研究されていない状況だった。

2. 研究の目的

穂の分枝パターンに関する新しい突然変異体の単離と同定、また分裂組織の維持などを制御すると考えられる遺伝子と分枝パターンを制御する遺伝子の関係を明らかにしていく。

3. 研究の方法

突然変異体の単離に関しては、化学変異剤をもちいてイネの受精卵に対して突然変異処理を行うことで M1 を作出し、さらに次世代を系統ごとに展開することで M2 を得、それらを目視でスクリーニングすることでおこなった。2 重劣性突然変異体の作出はヘテロの株を同定し、それらと交配することで F1 を作出し、F2 を同定することで行った。

4. 研究成果

新しい穂の分枝の様式を決める遺伝子を単離するために、穂の分枝パターンに関する突然変異体の単離を試みた。約 10 系統の突然変異体が、穂の分枝のパターンに関係する突然変異体として得られ、それらの中には形質から判断して、*lax*(1 系統)、*lax2*(2 系統)、*fzp*(1 系統)、*moc1*(2 系統)、*log*(2 系統) などと考えられる系統が得られた。これらのなかで、*log* と *moc1* に関しては候補の遺伝子の塩基配列を決定したところ突然変異が確認できた。しかし *lax2* に関しては 1 系統は優性または半優性の分離比を示す系統が得られ、*lax2* の塩基配列を部分的に解析したが、突然変異は見つからなかった。新しい優性の異なる遺伝子が原因となる、*lax2* 様の異常を示す系統である可能性がある。また新しく単離された突然変異体のうち数系統は新規の形質を示し、これまでに単離されていない新しい突然変異体と考えられる。例えば一次枝梗の数が穂の下部から減少するタイプの突然変異体としては、*moc1* があるが、*moc1* の場合には包葉状の器官の痕跡などを伴った節が見られるが、そういった器官が見られない系統で、しかも形質が穂の出る時期によって変化する系統など興味深い系統が得られている。また 2015 年には M1 世代の集団からこれまでに無い穂の構造を持った突然変異体を得られた(図 1)。この突然変異体はソマクロナールバリエーションと考えられ、写真 1 の左側の様な異様な穂が 1 本だけ得られ、同じ株の他の穂は正常であった。また不稔で種子も得られなかったため、維持出来ないと思われたが、図 1 の右側にみられるような異所的に出現した芽を植えると、

2016 年に大きな植物体を得ることが出来た。また種子稔性が無いことが大きな問題だったが、交配したところ種子を得ることができた。発見当初は穂発芽の系統であるように見えたが、内部の形態学的解析から、内穎と護穎の間、本来分裂組織の存在しない場所に茎頂分裂組織が分化し、初期には小穂のような包葉的な形態の葉状器官が最も外側に分化するが、内部はシュートの構造を持ち、なおかつ極めて早い段階から分けつ分裂組織を分化している(図 2) これまでに無い異常であることが分かった。



図 1 これまでに報告の無い突然変異体体の穂(左)、小穂の拡大写真(右)

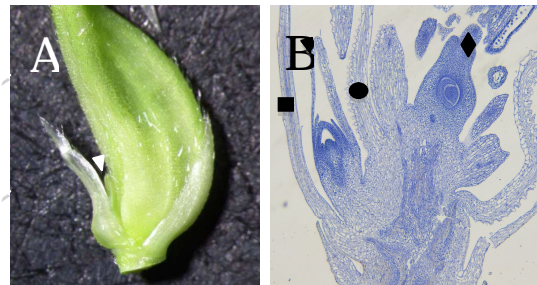


図 2. 図 1 の突然変異体の出穂前の若い小穂 (A)、(B)小穂の縦断面 (20X) 矢頭は異所的シュート、 \blacklozenge は護穎、 \bullet は内穎、 \blacktriangle 形は本来のめしべを示す。

さらに場合によっては異所的シュートにならず、小穂になる場合もあると説明のつく構造を持った小穂も見られた。今のところ異所的にメリステムが造られる時に穂のステージがまだ若いと小穂になり、遅いとシュートになるのではと考えている。この突然変異体を解析していくと穂の分裂組織の identity 決定が何時確定するのか解明できる可能性がある。

メリステム構築の代表的遺伝子として、サイトカイニン合成経の遺伝子の突然変異である *log* と、分枝パターンに関する突然変異体らとの間の 2 重劣性突然変異体の作成を試みた。*log* 突然変異体は近年得られたためと、サイトカイニン合成の遺伝子だ

ったこともあり、あまりパターン形成の突然変異がサイトカニンが分裂組織中で低下したことが突然変異体にどのような影響を与えるか明らかにされていない。2016年にF2世代を展開したところ、log突然変異体とmoc1突然変異体が両方とも分離してくる集団を得た。従ってlog mocの2重劣性突然変異体が作成できたと考えられるが、いまのところ明らかに2重劣性突然変異体であると考えられる個体が形質の上からは判別できていない。恐らく単純な所謂アディティブな形質を示さないためと考えられる。総ての個体は保存できなかったが、この集団からの多くのlogやmoc1様の突然変異体を保存しているため、遺伝子型を特定し、log log moc1+等を特定出来るので、log moc1が得られると考えている。またlogとlax、fzp、apo1、lax2、ClのF2集団もえられている。近年サイトカニンが葉序に影響を与えること等が報告されているため、穂の分枝パターンに関する突然変異の形質を強めるなどの影響見られることを期待している。

分裂組織中で働き、形態形成に重要な働きをしているシグナル分子としてオーキシンはとても重要な植物ホルモンであるが、各種のイネの穂の突然変異体の分裂組織でのオーキシンの挙動はあまり調べられていない。APO2遺伝子はアラビドプシスのLFY遺伝子のホモログであるが、イネのapo2突然変異体は穂の枝序がらせんから1/2に変化するなどの異常を示し、花序分裂組織内での新しい原器の位置に影響を及ぼす。このためオーキシンの分布にAPO2遺伝子が影響を与えるのではないかと考えられるので、オーキシンの分布を可視化できるapo2系統を作成した。

以上主要な成果を並べたが、ある程度重要な材料を揃えることが出来たと考えている。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 2件)

Kana Tsuboi, Tariq Shehzad, Junichi Yoneda, Shimpei Uraguchi, Yusuke Ito, Lin Shinsei, Shoji Morita, Hiroki Rai, Nobuhiro Nagasawa, Keiko Asari, Hiroko Suzuki, Rumiko Itoh, Tomoko Saito, Katsura Suzuki, Izumi Takano, Hidekazu Takahashi, Kenji Sakurai, Akio Watanabe, Hiromori Akagi,

Tsuyoshi Tokunaga, Masashi Itoh, Hiroyuki Hattori, Toru Fujiwara, Kazutoshi Okuno, Nobuhiro Tsutsumi and Namiko Satoh-Nagasawa (2017)

Genetic Analysis of Cadmium Accumulation in Shoots of Sorghum Landraces Crop Science 57:22-31 doi:10.2135/cropsci2016.01.0069 (査読有り)

Hiroko Sawada, Keita Tsukahara, Yoshihisa Kohno, Keitaro Suzuki, Nobuhiro Nagasawa, Masanori Tamaoki. (2016) Elevated Ozone Deteriorates Grain Quality of Japonica Rice cv. Koshihikari, Even if it Does Not Cause Yield Reduction. Rice 9:7 DOI 10.1186/s12284-016-0079-4 (査読有り)

[学会発表](計 6件)

梅根美佳、井上慎子、梅根一夫、寺内良平、永澤信洋、前川雅彦、伊藤正樹
イネの体細胞のDNA倍数性に影響を与える遺伝子の解析
日本分子生物学会 2014年11月25日 パシフィック横浜(神奈川県横浜市)

梅根美佳、井上慎子、梅根一夫、寺内良平、永澤信洋、前川雅彦、伊藤正樹
イネの体細胞のDNA倍数性に影響を与える遺伝子の解析
日本植物生理学会 2015年3月18日 東京農業大学(東京都世田谷区)

小林裕美、永澤信洋、佐藤豊、伊藤純一、Sakai Hajime、長戸康郎、桧原健一郎
イネ胚乳で発現するREDUCED EMBRYO 1(RE1), RE2は胚、胚乳比率を制御する。
日本育種学会 2015年3月22日 玉川大学(東京都町田市)

佐藤(永澤)奈美子、永澤信洋、長戸康郎
栄養成長を続ける新規イネ突然変異体の解析と原因遺伝子の解明
日本育種学会 2015年3月22日 玉川大学(東京都町田市)

佐藤(永澤)奈美子、永澤信洋、上田健二、長戸康郎、我彦廣悦
KOROPOKKUR 遺伝子は正常な細胞分裂と栄養成長期の相転換に必須である。

日本植物生理学会 2016 年 3 月 18 日 岩手大学
(岩手県盛岡市)

佐藤(永澤)奈美子、永澤信洋、上田健二、
長戸康郎、我彦廣悦

KOROPOKKUR 遺伝子はイネの細胞分裂及び栄
養成長期の相転換に必須である。

日本植物生理学会 2017 年 3 月 29 日 名古屋
大学(愛知県名古屋市)

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
出願年月日：
国内外の別：

取得状況(計 0 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
取得年月日：
国内外の別：

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1)研究代表者 永澤 信洋
(NAAGASAWA, Nobuhiro)
秋田県立大学・生物資源科学
部・准教授

研究者番号：90599268

(2)研究分担者 佐藤(永澤) 奈美子
(SATO-NAGASAWA Namiko)
秋田県立大学・生物資源科
学部・准教授

研究者番号：00535289

(3)連携研究者
()

研究者番号：

(4)研究協力者
()