

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 2 年 6 月 2 日現在

機関番号：12501

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2016～2019

課題番号：16K14826

研究課題名(和文)新規非S因子の同定・解析による自家不和合性機構全容の解明

研究課題名(英文) Identification and characterization of a novel non-S-specific factor required for self-incompatibility in Solanaceae

研究代表者

佐々 英徳 (SASSA, Hidenori)

千葉大学・大学院園芸学研究科・教授

研究者番号：50295507

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 2,900,000円

研究成果の概要(和文)：雌ずいが同じ個体の花粉を認識・拒絶する「自家不和合性」はS遺伝子が「自己か非自己か」の認識に関わっており、多くの研究がなされてきた。しかしS遺伝子ではなく、自他認識に直接関わらないが自家不和合性に必要な「非S因子」についての解明は進んでいない。本研究では新規の非S因子の発見とその役割の解明を目的とし、ナス科ペチュニアを材料に解析した。非S因子候補として見出された2H12の発現を抑制したペチュニアを作出したところ自家不和合性が失われており、2H12は新規の非S因子であることが確認された。今後さらに2H12の役割を解析することで、自家不和合性機構の理解に寄与する知見が得られると考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では新規の非S因子として2H12を発見した。今後2H12の機能を詳細に解析することで、自家不和合性機構の理解に寄与する重要な知見が得られると期待される。ナス科植物であるじゃがいもは遺伝的改良が進んでおらず、純系親同士との交配による一代雑種品種の作出が望まれているが、そのためには自家不和合性の打破が望まれる。しかしS遺伝子のゲノム編集による破壊で自家不和合性打破は可能だが、S遺伝子は非常に多様性が高く、ゲノム編集の標的には適さない。一方で2H12は保存的なので、ゲノム編集でじゃがいもの2H12を破壊することで自家不和合性じゃがいもの育成が可能になり、品種改良に寄与できる可能性がある。

研究成果の概要(英文)：Self/non-self recognition in self-incompatible plants is generally controlled by single multiallelic S locus. S locus genes have extensively been studied, however, knowledge on non-S-specific factors is limited. This study aimed to identify and characterize novel non-S-specific factor in a solanaceous plant Petunia. A good candidate for non-S-specific factor, 2H12, was identified. RNAi-mediated knock-down of 2H12 resulted in breakdown of self-incompatibility, suggesting that 2H12 is a novel non-S-specific factor.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：自家不和合性 ナス科 非S因子 S遺伝子座

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

配偶体型自家不和合性はナス科、バラ科などでは雌ずい側 S 因子 S-RNase と花粉側 S 因子 SLF/SFB が関わるということが明らかになってきた。しかし、S 遺伝子座以外の「自他認識」には直接関与しないが自家不和合性には必要な因子」、いわゆる非 S 因子についてはその存在は予想されているものの、自家不和合性機構にはいくつの非 S 因子が必要で、それらがどのように機能しているかについてはほとんど判っておらず、分子機構の全容の理解には程遠い状況であった。

2. 研究の目的

本研究では、ナス科・ペチュニアで我々が最近見出した新規の自家不和合性非 S 因子候補 2H12 (未発表) の機能解析と、さらなる非 S 因子の探索・機能解析を通じ、配偶体型自家不和合性機構の全容の解明と、その育種的利用への道を開くことを目的とする。

3. 研究の方法

独自に育成したペチュニア自家不和合性系統の解析から新規非 S 因子候補 2H12 (仮称) を見出し、予備的な機能解析の結果、自家不和合性に必要な因子であることを示唆する結果を得た。本研究では、2H12 の RNAi またはノックアウトによるさらなる機能解析を行い、2H12 の自家不和合性への関与の有無を明らかにする。

4. 研究成果

2H12 の RNAi ペチュニア個体を複数作出し、2H12 発現量と自家不和合性表現系を解析した。その結果、2H12 遺伝子発現が大幅に低下した個体も見られ、それらでは自家不和合性が失われていた。さらに、2H12 発現量の低下レベルと、自家不和合性崩壊程度には関連が見られた。従って、2H12 は自家不和合性に必要な新規の非 S 因子であることが示された。

2H12RNAi 個体と非形質転換体の中で S-RNase の蓄積量の違いを解析した。その結果、2H12RNAi 個体は S-RNase 蓄積量が非形質転換体と同程度であったことから、2H12 は S-RNase の蓄積量には影響を与えない形で自家不和合性に関わることが示唆された。

2H12 類似の遺伝子の自家不和合性への関与はこれまで知られていない。従って 2H12 の解析をさらに進めることで、自家不和合性機構の理解に寄与する新しい知見が得られることが期待

される。最近ナス科のジャガイモで、F1 育種に向けて S-RNase 遺伝子を破壊して自家和合性化し、純系作出の基盤とする論文が発表された。しかし S-RNase は植物で最も多型的な遺伝子で、S 遺伝子型の異なる品種ごとに S-RNase 遺伝子配列を決定しその配列に基づいてゲノム編集ベクターを構築する必要がある。本研究で見出された 2H12 は S 遺伝子座に座乗せず保存的であるので、ジャガイモの F1 育種法の基盤として、ゲノム編集による破壊の好適な標的となると考えられた。

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 1件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 (1)Nuntha, B., Kikuchi, S., Taychasinpitak, T., Sassa, H. and Koba, T.	4. 巻 82
2. 論文標題 High genomic affinity between <i>Torenia baillonii</i> and <i>Torenia fournieri</i> revealed by genome analysis using a triploid hybrid	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Cytologia	6. 最初と最後の頁 213-218
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1508/cytologia.82.213	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計0件

〔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
---------------------------	-----------------------	----