様　式　Ｃ－１９、Ｆ－１９－１、Ｚ－１９　（共通）

科学研究費助成事業　　研究成果報告書

令和　６ 年　 ６ 月 １６ 日現在

機関番号：８２１１１
研究種目：基盤研究(C)（一般）
研究期間：2020～2023
課題番号：２０Ｋ０６０２４

研究課題名（和文）キクタニギクの自然開花期を決定する要因の遺伝学的解明

研究課題名（英文）Genetic factors determining the flowering time of Chrysanthemum seticuspe

研究代表者
住友　克彦（SUMITOMO, Katsuhiko）

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・野菜花き研究部門・上級研究員

研究者番号：７０３９１４０６

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費）　　2,300,000円

研究成果の概要（和文）：キクタニギクF2集団において自然開花期のQTLは3箇所検出された．第２連鎖群のQTLは短日応答性のQTLと一致した．第４連鎖群のQTLは短日応答性および高温開花性のQTLと一致した．第６連鎖群のQTLは長日開花性のQTLと一致した．キクタニギクの自然開花期に影響を及ぼす遺伝領域が，高温開花性，長日開花性，短日応答性に関する遺伝領域によって構成されていることは，キクタニギクの自然開花期を決める要因として，これら開花特性が強く関与することを示している．

研究成果の学術的意義や社会的意義
キク属２倍体野生種キクタニギクの開花期を決定する要因を遺伝学的に明らかにし，原因遺伝子が座乗する領域を絞り込んだ．得られた知見は，我が国の切り花産業の基幹となるキク（栽培ギク）の開花生理を解明し，高精度な開花調節技術を開発するための基礎知見となる．

研究成果の概要（英文）：Flowering time, heat torlerance of flowering, suboptimal long-day (13 hours daylenght) flowering, and reaction time were investigated and QTL analysis was conducted using the F2 population of Chrysanthemum seticuspe. Three QTL were detected in flowering time. The QTL of linkage group 2 (LG2) overlaped with the reaction time QTL. The QTL in LG4 overlaoed with QTL of reaction time and heat torlerance of flowering. The QTL of LG6 overlaped with the QTL for suboptimal long-day flowering. The fact that the genetic regions affecting the flowering time are composed of the genetic region of heat torlerance of flowering, suboptimal long-day flowering, and reaction time indicates that these factors are strongly involved in determining the flowering time.

研究分野：園芸学

キーワード：キク　開花　QTL解析　高温開花性　到花日数　日長応答性

※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
キクは花き産業において最も重要な品目である．キクの周年安定供給を確立するため，これまで開花のメカニズムが研究されてきたが，キクは同質六倍体であり遺伝解析や遺伝子同定が困難であった．近年，二倍体であり遺伝解析などが比較的容易である野生種のキクタニギクをキクのモデル植物として活用した試みがある．

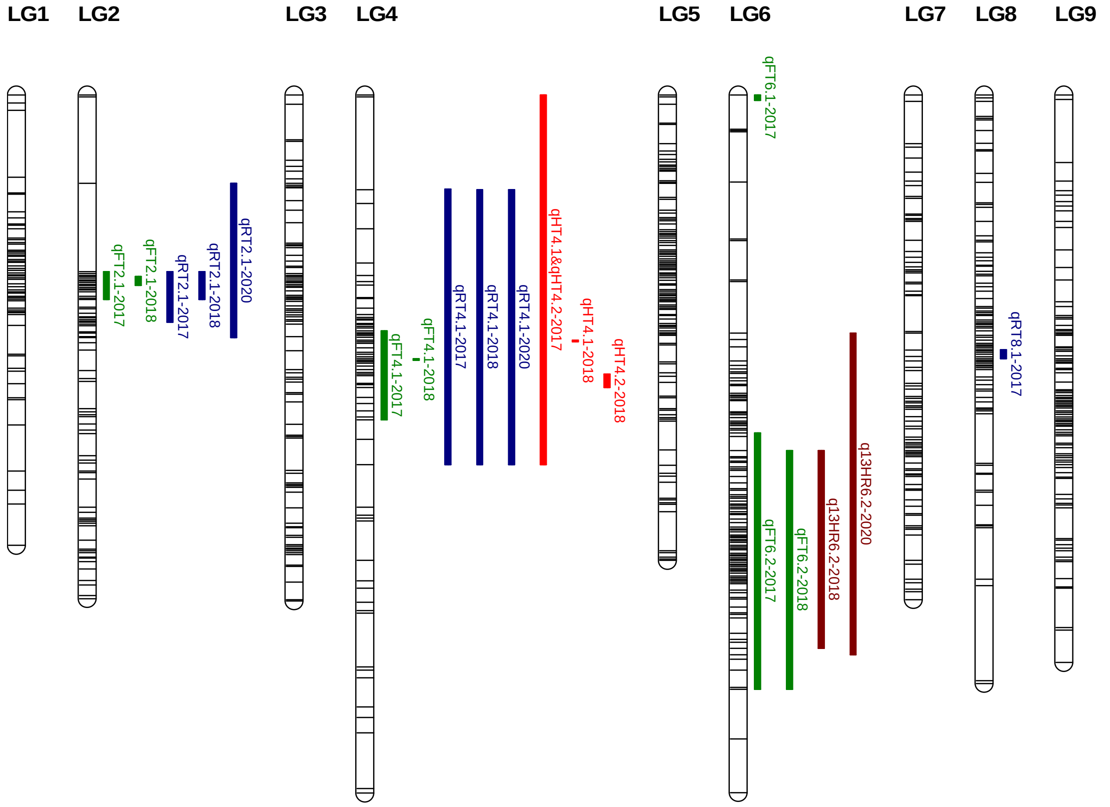
２．研究の目的
ここではキクタニギクを用いた遺伝学的な調査によって，自然開花期の決定要因を解明することに取り組む．すなわち，キクタニギクは自然条件下では秋に開花するが，その開花時期に影響を及ぼす日長や温度といった環境要因への応答を司る連鎖地図上の遺伝領域を明らかにし，その遺伝領域の情報から自然開花期への影響を解明する．

３．研究の方法
本研究は、C. seticuspe の自殖系統 SoS4-4 と XMRS10 の交配から生まれた F2 集団を対象とした。SoS4-4 は「NIFS-0」から自殖を４回行って開発された早咲き系統である。XMRS10 は「AEV02」から自殖を５回行って開発された遅咲き系統である（Nakano et al., 2019）。これらの F1 雑種１個体を自家受粉して F2 集団を作出した。
自然開花期（FT）は、露地栽培のなりゆき条件下で調査した。到花日数は、短日認識から開花までの日数である。到花日数は，日長が 11 時間以下の十分な短日刺激と開花促進に最適な温度（RTopt）のガラス室で調査した。高温下でのキクの開花遅延日数を調査した。調査は、温室内の換気が不十分で気温が上昇した夏に行った。17 時から 6 時まで遮光カーテンを閉めて 11 時間の SD 条件下で植物を生育させた。温室内の高温を維持するため、外気温が 22°C未満になった時点で温室の窓を閉めた。高温下での到花日数から RTopt を差し引いた残り（HT）を計算した。最適日長より少し長い 13 時間日長条件下で開花までの日数を調査し，RTopt を差し引いた残日数を 13 時間日長における開花遅延日数（13HR）として算出した。これら形質については，複数年にわたって調査した．
780 の SNP マーカーを用いて連鎖地図を構築し，FT, RTopt, HT,13HR の形質値を用いて QTL 解析を行った．塩基変異のアノテーションと機能的効果を予測するソフトウェア SnpEFF を用い，QTL 領域内において非同義（non-synonymous）な塩基変異をもち，FLOR-ID(Bouché et al., 2016)および Hirakawa et al.（2019）に記載された開花関連遺伝子を探索した．

４．研究成果
QTL 解析の結果，FT については LG2，4，6 に合計４つの有意な QTL が検出された（第１図）。これらの QTL のうち、qFT2.1、qFT4.1、qFT6.2 の 3 つは 2 年間にわたって繰り返し検出されたことから、これらの遺伝的領域は異なる年においても一貫して FT の決定に関与していることが示された。主要な効果を持つ QTL は qFT6.2 であった。RTopt を制御する 2 つの QTL、qRT2.1 と qRT4.1 が 3 か年にわたって同定された。qRT8.1 は１か年のみ検出された。2017 年に LG4 で HT に関する主要な QTL が検出された。この QTL の有意区間は広く、2 つのピークを含んでいたため、ピーク間の谷となる 45.4cM で qHT4.1 と qHT4.2 として 2 つに分割し、それぞれのピークとした。QTL 領域が分割され、2018 年には 2 つの QTL が検出された。各 QTL のピークは 2 年間でほぼ同じであった。13HR に関して, LG6 上において２年とも一貫して効果の高い主要 QTL、q13HR6.2 が検出された。2020 年には LG6 の左端にマイナーQTL である q13HR6.1 が検出された．FT に関する 3 つの QTL は，他の開花形質の QTL と重なっていた．すなわち，qFT2.1 と qRT2.1、qFT4.1 と qRT4.1 と qHT4.1、qFT6.2 と q13HR6.2 は QTL 領域が重なっていた。
本研究の主な目的は、キクタニギクにおける開花時期調節機構を解明することである。ここでは、開花期を制御するメカニズムは，遺伝学的に 3 つの開花構成要素に分解できることが示された。FT に関する主要な QTL と 13 時間光周期の下での開花能力に関する QTL は LG6 に共局在していた。これは、日長がキクタニギクにとってまだ最適でない 8 月（実験を行った農研機構野菜・花き研究部門がある茨城県つくば市では，8 月の日長は 1300-1359 時間である）に花芽分化の初期ステージが起こるが，その日長でも早く花芽分化できる能力が，開花期を決める主要な要因であったといえる．自然開花期の QTL である qFT2.1 と qFT4.1 は、それぞれ RTopt の QTL である qRT2.1 と qRT4.1 に共局在していた。RTopt は、最適な温度と光周期の条件下で開花するまでの日数であり、qRT2.1 と qRT4.1 は開花誘導条件に対する内在の応答性、すなわち、花成誘導から開花までの過程の速度の制御に関与する QTL である。そのうちの１つは qHT4.1 とも共局在していた。高温による開花遅延は、主に花序の分裂組織形成から小花の成長に至る頭状花の発達が阻害されることに起因する（Nakano et al., 2013）．qRT4.1 と qHT4.1 が共局在していたことは，キクタニギクの花成に関する内在の応答性のうちの１つは，高温下での開花誘導にも寄与している。キクタニギクの生殖成長の初期は、日長がまだ長く十分な短日条件ではなく、気温も高い

8 月に起こる。このような自然環境下でキクタニギクは光周期を開花の主要な手がかりとして、花成開始のタイミングを認識し，花成開始後は、少なくとも 2 つの内因性開花促進因子（そのうちの 1 つは高温開花性にも関与する）が開花を誘導することが示唆された。

開花制御遺伝子は、シロイヌナズナやイネなどのモデル種で QTL 研究により同定されている。近年、キクタニギクにおいても分子遺伝学的研究を推進するためのリソースや情報が整備されつつあることから、SnpEFF 解析によって QTL 領域における開花形質の候補遺伝子を見出そうとした。LG2，4，6 において 2 カ年ともに同定された自然開花期の QTL 領域の範囲は，それぞれ約 193Mbps，39Mbps，324Mbps であった．これら領域に含まれる遺伝子の中より，非同義（non-synonymous）な塩基変異をもつ開花関連遺伝子を探索したところ，それぞれ 3 個，9 個，25 個の候補遺伝子が見出された（遺伝子の詳細は論文執筆のため割愛）．これらの遺伝子が自然開花期の決定に関わっている可能性が高いと考えられた．



第 1 図．キクタニギク F2 集団における自然開花期および各開花特性に関する QTL マッピング．qFT（緑）は 2017 年および 2018 年に調査した自然開花期（FT）に関する QTL．qRT（青）は 2017 年，2018 年，2020 年に調査した到花日数に関する QTL．qHT（赤）は 2017 年および 2018 年に調査した高温による開花遅延日数に関与する QTL．q13HR（茶）は 2018 年および 2020 年に調査した 13 時間日長下における開花遅延日数に関する QTL．

5．主な発表論文等

〔雑誌論文〕　計0件

〔学会発表〕　計1件（うち招待講演　0件／うち国際学会　1件）

1．発表者名 SUMITOMO Katsuhiko, SHIRASAWA Kenta, HIRAKAWA Hideki, ISOBE Sachiko, YAGI Masafumi, NAKANO Yoshihiro, HISAMATSU Tamotsu
2．発表標題 Construction of a reference genetic linkage map for wild diploid Chrysanthemum seticuspe and QTL mapping for flowering time
3．学会等名 The 3rd Asian Horticultural Congress (AHC 2020)（国際学会）
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

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