

科学研究費助成事業（基盤研究（S））公表用資料
〔平成29年度研究進捗評価用〕

平成26年度採択分
平成29年2月28日現在

自然条件下における生物同調現象

Biological synchronization in natural environments

課題番号：26221106

工藤 洋 (KUDOH HIROSHI)

京都大学・生態学研究センター・教授



研究の概要

自然環境下では、様々な生物が同調して活動する生物同調現象がみられる。本研究は、植物の季節同調を対象にその仕組みを研究する。一年草の生育が同調して終了する現象、植物が環境の長期傾向にのみ応答する現象に着目して研究を進めている。また、植物の遺伝子発現を網羅的に調べる手法を利用して、植物が感知している環境を推測する。

研究分野：生態学

キーワード：分子生態

1. 研究開始当初の背景

同調現象は、生物の複数個体間の同時応答である。自然条件下で観察され、交配のタイミングをそろえる現象において卓越している。植物が決まった季節に開花するのも、個体間の交配を可能にする同調現象である。地球環境の変化に対する生物の応答を予測することが急務となる中で、植物のフェノロジー（季節環境下での生物の活動タイミング）が決定されるメカニズムを理解することが生態学的・農学的要請となっていた。

2. 研究の目的

本課題では、「生物の同調現象」として植物応答を研究することにより、それにかかわるメカニズムの機能を自然条件下で理解することを目的とする。時系列トランスクリプトーム解析を元に3つの研究課題を実施する。

1. 新規に発見した‘生育終了’同調現象の制御因子を同定し、機能を解明する。
2. 複雑な自然状況下での遺伝子ネットワークの機能を理解する。
3. 遺伝子発現の応答をバイオマーカーとして利用し、環境を推定する。

3. 研究の方法

時系列トランスクリプトームデータに基づき、三つのアプローチで研究を展開する(図1)。

1. **因子同定**：‘生育終了’の同調をもたらしている鍵因子を同定する。分子遺伝学的アプローチで同定し、機能解析する。

2. **機能理解**：自然の複雑な状況における環境記憶の機能に焦点を当て、自然集団の時系列ヒストン修飾解析を実施する。申請者らが始めた分子フェノロジーアプローチである。
3. **応答利用**：トランスクリプトームで得られるデータのパラメータ数の優位性を活用して「遺伝子発現→環境」モデリングを行う。

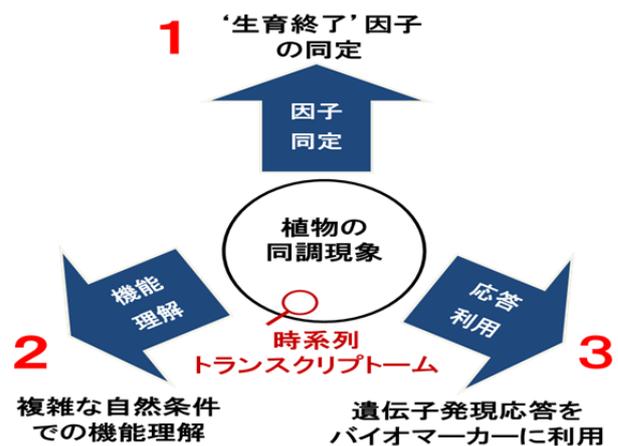


図1. 植物の同調に関する3つの研究

4. これまでの成果

自然条件下での生物同調現象を研究するためコンセプトの構築を行い、分子フェノロジー、季節同調を定義し、同調の定量法を考案した(図2, ①)。シロイヌナズナの野外栽培実験とハクサンハタザオの自然集団にお

いて同調現象を捕捉した(図2, ②)。前者では生育終了という新しい同調現象を発見した。後者においては開花応答・クロロフィル代謝・昆虫食害・植物ウイルス量などの季節同調を捕捉した。捕捉された生育終了、開花応答、ウイルス量の増加という同調現象について、③因子同定、④機能理解、⑤応答利用の3つのテーマで研究を進めている(図2)。

新しく発見した生育終了の同調については、屋外環境下で生育終了が遅延するミュータントをスクリーニングするための実験を実施し、26系統を得た。一部の系統について、ゲノムシーケンスを決め、生育終了に関わる遺伝子を探索している。

ハクサンハタザオの自然集団では、野外サンプルを対象とした免疫沈降実験法(Field ChIP)によるゲノムワイドなヒストン修飾解析を「花を咲かせるタイミングを決めている遺伝子領域」について実施し、環境の長期傾向に対する応答を解析した。さらにゲノムワイドな解析も実施し、環境の長期傾向に植物が応答するために働いている可能性がある遺伝子のリストを作成した。

ハクサンハタザオのトランスクリプトームと植物のウイルスを同時検出するRNA-Seq法を用いて、カブモザイクウイルス(TuMV)はしばしば宿主のmRNAと同等の量までも増殖することを明らかにした。そこで、遺伝子発現からウイルス量を推定するための解析を開始した。

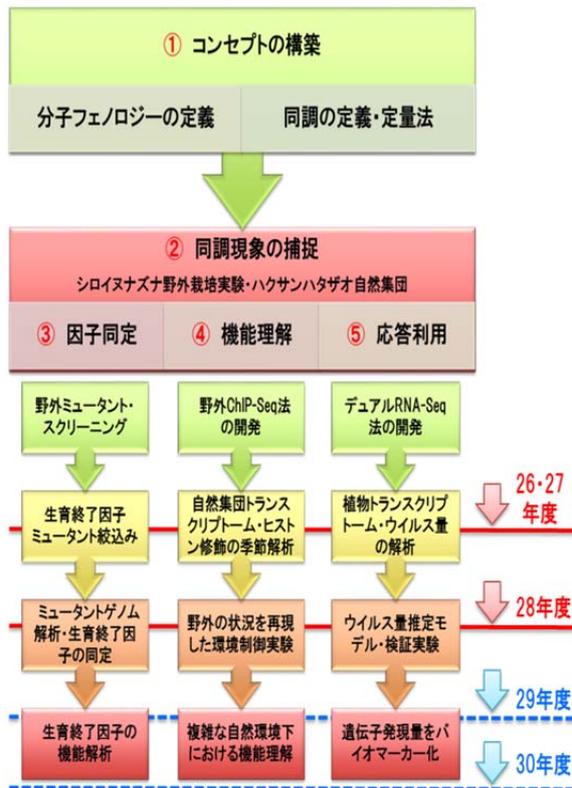


図2. 研究の進捗(赤)および予定(青)

5. 今後の計画

生育終了が遅延する系統を使って、その原因となる遺伝子を、交配実験、ゲノムシーケンス、トランスクリプトーム解析を組み合わせ、突き止める。また、環境の長期傾向に植物が応答するために働いている可能性がある遺伝子の機能を明らかにする。さらに、植物の遺伝子発現をバイオマーカーとして、植物体内の状態などを推定する。

これらのことを通じて、自然の変動する環境で、植物が同調して活動することをどのように可能にしているかを明らかにする。

6. これまでの発表論文等(受賞等も含む)

*Kudoh, H. (2016) Molecular phenology in plants: *in natura* systems biology for the comprehensive understanding of seasonal responses under natural environments. *New Phytologist* 210:399-412.

Kamitani, M., Nagano, A. J., Honjo, M. N., Kudoh, H. (2016) RNA-Seq reveals virus-virus and virus-plant interactions in nature. *FEMS Microbiology Ecology* 92: fiw176.

Sato, Y., Kudoh, H. (2016) Associational effects against a leaf beetle mediate a minority advantage in defense and growth between hairy and glabrous plants. *Evolutionary Ecology* 30: 137-154.

工藤洋 (2016) 植物の分子フェノロジー：季節を測る分子メカニズム. *化学と生物* 54: 548-554.

工藤洋・永野惇 (2015) 開花季節の調節における気温の記憶：気象と分子生物学からみた生物機能の頑健性. *生物時計の生態学*, 種生物学会編, 文一総合出版, 東京, pp. 151-168.

ホームページ等

京都大学 生態学研究センター

工藤研究室ホームページ

<http://www.ecology.kyoto-u.ac.jp/~kudoh/>