

課題番号: **GS013**  
助成額: 165百万円

グリーン・イノベーション

生物系

平成23年2月10日  
～平成26年3月31日

# 遺伝子発現の季節解析にもとづく植物気候応答の機能解明と予測技術開発

工藤 洋 京大大学生態学研究センター 教授  
Hiroshi Kudoh



専門分野  
分子生態学

キーワード  
分子生態 / 自然環境 / 環境応答 /  
トランスクリプトーム

WEBページ  
<http://www.ecology.kyoto-u.ac.jp/~kudoh/index.html>

## 研究背景

地球温暖化とともに世界各地で植物季節の乱れが報告され、農業生産の低下や生態系の崩壊が懸念される。これに対処するには、植物季節を予測・制御する従来の技術に、遺伝子の働きを測る最先端技術を導入する高度化が急務である。遺伝子発現の研究は主に実験室内で行われてきており、複雑な野外環境での研究は進んでいない。

## 研究目的 と特色

野外に生育する植物の遺伝子の働きを年間測定することで、複雑な環境変化のもとで植物季節が巧みに調節されている仕組みを明らかにすることを目的とした。最新技術の導入により遺伝子の働きの季節変化を網羅的に測定し（～20,000遺伝子について）、開花などにさきがけて起こる植物体内の変化をつかむのが特色である。

## 実績

代表論文: Evolutionary Biology: Exobiology and Evolutionary Mechanisms, 9, 195-215, (2013)  
新聞: 京都新聞朝刊「春の花、平均気温5度上昇で開花せず 京大などアブラナ科で予測」(2013年8月14日)

## 研究成果

### 野外における網羅的遺伝子発現解析を可能にした

最新の遺伝子発現定量技術(RNA-seq)を導入することにより、これまで限られた植物種でしか分析できなかった網羅的遺伝子発現を野外植物で解析可能とした。さらに、多検体の遺伝子発現を迅速に解析する方法に改良した(図1)。

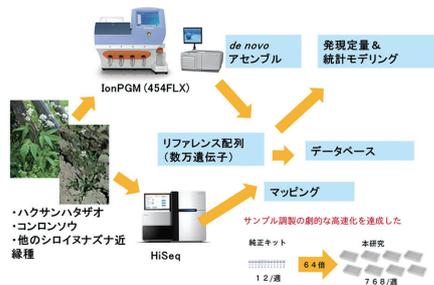


図1: 野外植物のハイスループットRNA-seq解析を確立した

### 2万遺伝子の2年間にわたる季節発現データが得られた

左記の技術により、自然集団や実験圃場の植物のほとんどの遺伝子について発現状態を調べることができるようになった(図2)。特筆すべきは、ハクサンハタザオの自然集団において、約2万の遺伝子について2年間にわたる季節変動のデータが得られたことである。この大規模データセットにより、多くの遺伝子について気象条件と遺伝子発現との関係をモデル化することができる。

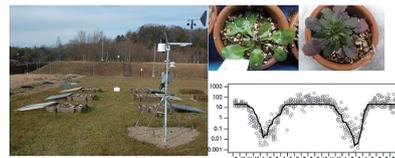


図2: 実験圃場(左)や自然集団から得られた植物(右: 左は積雪下、右は温暖化実験による無積雪下)を対象に遺伝子発現の季節変動が明らかになった(右下: 開花を制御する遺伝子の2年間の変動データ)

## 2030年の 応用展開

野外における植物応答の初期診断、地球環境変化の波及効果の予測、温暖化に対応した設計的育種の目標設定、植物工場での品種特異的栽培環境のデザインなど、植物の

遺伝子応答がかかわる様々な技術に貢献する。