

課題番号：GS019
助成額：152百万円

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

C4型作物の分子育種へ向けたC4型光合成誘導システムの の解明

宗景 ゆり 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究所 助教
Yuri Munekage



専門分野
植物生理学

キーワード
植物分子育種／遺伝的多様性／色素体機能・光合成／環境応答／植物分子機能

WEBページ
<http://bsw3.naist.jp/yokota/>

研究背景

トウモロコシに代表されるようにC4型作物は、水分や窒素源の利用効率が高く、半乾燥地帯や高温地帯での生産性が非常に高いことが知られている。しかし、従来のようにC4型代謝酵素を遺伝子導入する方法では、C3型作物をC4化することはできず、C4化に関わる遺伝子の情報が求められていた。

研究目的

本研究では、同じ属内にC3型、C4型およびそれらの中間型の光合成様式をとる中間種が現存する植物を使って、C4型植物の進化過程を遺伝子レベルで解析し、C3型からC4型への進化に関わる遺伝子や、ゲノム変異を明らかにすることを目的とする。この変異型遺伝子を導入することにより、C3型植物のC4化を目指す。

実績

代表論文：New Phytologist, 199, 832-842, (2013)

研究成果

C4化に伴う循環型電子伝達活性上昇機構の解明

C4化の後期において、チラコイド膜構造の変化やタンパク質発現の上昇により、循環型電子伝達活性が亢進することを発見した。この結果、C3植物をC4化するためには代謝経路だけでなく、代謝を駆動するATPを供給するために電子伝達系の変更が必要であることが明らかになった。

トランスクリプトーム解析によるC4型化プロセスに関わる遺伝子の同定

次世代高速シーケンサーによるmRNAシーケンスを行い、約2万個の遺伝子配列を同定し、各種Flaveriaのトランスクリプトーム解析を行った。クラスター解析の結果、C4化に伴って発現量が増加する遺伝子発現制御因子を同定した。これらの因子はC4化に関わると期待できる。

Flaveria属植物種間のQTL(量的形質遺伝子座)解析

ゲノムサイズが近い中間型とC4様型の交配を行い、得られたF2個体を用いて、表現型と遺伝子型の連鎖解析を行った結果、C4様への進化に関わるゲノム変異は1つではないことが明らかになった。

2020年の 応用展開

現在、C3型であるイネをC4化する分子育種の国際プロジェクトが進められている。本研究によって、明らかになったC3型からC4化への進化プロセスおよび遺伝子情報は、今後

のC4化分子育種を実践していく上で重要な情報である。C3型作物のC4化が成功すれば高温や乾燥地帯での作物の生産性を向上させることができる。

