

ダイズの感光性に関する開花遺伝子ネットワークの解明

生物資源科学科専攻 植物育種科学講座 植物遺伝資源学 竹島 亮馬

【緒言】

開花および登熟に関わる制御機構の理解は、子実作物の収量性や適応性を改良するために重要である。植物の開花は光周期、温度、齢およびジベレリンなど外的ならびに内的シグナルに対する応答により制御されている。ダイズは短日植物であるが、夏の日長が長い高緯度地域でも栽培される適応性の高い作物である。長日に適応したダイズ品種の多くは感光性が低下もしくは欠落しているが、この非感光性の分子遺伝学的な制御機構は十分に解明されていない。本研究は、新規の非感光性に関わる遺伝子を同定すること、ならびに、ダイズにおける開花遺伝子間の発現ネットワークを明らかにすることを目的とした。

【材料および方法】

従来の遺伝機構では説明されない新規の非感光性を有する中国早生品種を用い、その非感光性に関するQTL解析を行った。また、長日下で発現する開花遺伝子の網羅的な発現解析から、この系統で特徴的に発現する開花遺伝子を検出した。検出された遺伝子の光周期、温度および齢に対する反応を明らかにし、どのシグナルに応答して開花に関与するかを検討した。さらに、ダイズの重要な開花制御因子である *E1* の過剰発現形質転換個体を用いた発現解析を通して、これらの開花遺伝子と既知のダイズ開花遺伝子との発現ネットワークを検討した。

【結果および考察】

QTL解析から、3個のQTLが検出され、そのうちJ連鎖群で最も効果の大きなQTLが得られた。網羅的な開花遺伝子の発現量の比較では、シロイヌナズナやコムギ等で開花に関与することが知られている *FRUITFULL (FUL)* のダイズオルソログが感光性品種と比べて非感光性品種で高発現し、開花に関与することが示唆された。*FUL* 遺伝子は、ダイズゲノムには6コピー存在し、それらは組織別発現や生育ステージに伴う発現の推移から3グループに分類された。そのうち5コピーが開花誘導に関連した発現様式を示した。*FLOWERING LOCUS T (FT)* のダイズオルソログ *GmFT (2a* および *5a)* の発現を抑制する *E1* 遺伝子の過剰発現形質転換個体を用いた解析からも、これら5コピーの *FUL* 遺伝子が開花誘導に関与することが示され、さらに、これらの遺伝子は光周期に加えて、それとは異なるシグナルに応答した発現制御をうけることが明らかとなった。

【まとめ】

本研究の結果、ダイズの *FUL* オルソログは、光周期や齢の開花経路の制御下で、ダイズの開花誘導に関与することが示唆された。さらに、*E1* は *GmFT* の発現抑制だけではなく、*FUL* 遺伝子やその上流で作用する *SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO1* のオルソログの発現を抑制することが明らかとなった。これらの結果から、ダイズの開花に関する分子機構を、光周期のみならず齢や温度などのシグナル応答を考慮に入れた開花遺伝子のネットワークを基に理解する基礎ができた。