



岐阜大学機関リポジトリ

Gifu University Institutional Repository

シロイヌナズナの統合ゲノムワイド関連解析による
植物の酸性土壌適応戦略に関する研究

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2021-06-04 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 中野, 友貴 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12099/79376

氏 名 (本国籍)	中野 友貴 (福井県)
学位の種類	博士 (農学)
学位記番号	農博甲第734号
学位授与年月日	令和2年3月31日
研究科及び専攻	連合農学研究科 生物資源科学専攻
研究指導を受けた大学	岐阜大学
学位論文題目	シロイヌナズナの統合ゲノムワイド関連解析による 植物の酸性土壌適応戦略に関する研究
審査委員会	主査 岐阜大学 教授 小山 博之 副査 岐阜大学 准教授 小林 佑理子 副査 静岡大学 准教授 一家 崇志 副査 岐阜大学 教授 山本 義治

論文の内容の要旨

酸性問題土壌は世界に広く分布し、植物生産を著しく阻害するため、その土壌環境ストレス耐性機構は重要な農業形質である。酸性土壌では、可溶化するアルミニウムイオン (Al^{3+}) に加えて過剰なプロトン (H^+) がストレスとなる。本研究では、様々な土壌環境に生育適応するシロイヌナズナの野生系統群を用いたゲノムワイド関連解析から、 Al および H^+ ストレスに対する耐性について、異なる遺伝的構造および原因遺伝子を明らかにし、考察したものである。

1. シロイヌナズナ野生系統を用いた Al および低 pH 耐性のゲノムワイド関連解析
 エコタイプ約 200 系統の Al 及び低 pH (H^+) 耐性を水耕系での相対根長を用いて評価した。遺伝構造解析から、主な Al 耐性は生息地が異なる各分集団内で共通の変異、低 pH 耐性は集団間で共通の変異により獲得されたことが示唆された。一方、GWAS と Genomic-prediction 解析から変異の約 70% を説明できる 100 以上の SNP を同定した。さらに、 Al 耐性は低 pH 耐性に比べて GWAS で検出できないレア変異が寄与していることが推定された。関連 SNP 近傍の遺伝子群の GO 解析や遺伝子発現ネットワーク解析からも両者は異なる遺伝的構造であり、各耐性特異的な生理的プロセスにより得られていることが示された。さらに遺伝子破壊株の網羅的解析からは、耐性に影響をおよぼす既知耐性遺伝子に加え、新規遺伝子群の同定に成功した。その中でも発現量多型を示したリンゴ酸トランスポーター遺伝子 *AtALMT1* や酸化還元関連遺伝子は、プロモーター多型が Al 耐性バリエーションに寄与することを明らかにした。

2. Al 耐性遺伝子の遺伝子発現量多型の解析

先に明らかにしたように、遺伝子発現量多型は耐性バリエーションと関連することがある。そこで、28 系統のトランスクリプトームデータを RNA Sequence で獲得し、30 の Al 耐性遺伝子の発現量と Al 耐性の関連解析を行った。その結果、中央アジア地域の分集団において、クエン酸トランスポーター *AtMATE* 遺伝子の発現量が Al 耐性と高い正の相関を示した。そのため分集団を用いた *AtMATE* 発現量 GWAS により擬陽性を低下させ、シス領域と発現量の強い関連性を検出できた。*AtMATE* プロモーター領域へのトランスポゾンの挿入が低発現量の原因であることを明らかにした。その遺伝子型系統が生息する中央アジアは、比較的アルカリ土壌であり Al ストレスによる影響は大きくないため、根圏 Al の無毒化は *AtALMT1* が担い *AtMATE* 機能は退化した可能性が考えられた。これらの有機酸輸送体遺伝子などのプロモーター領域の変異による Al 耐性獲得は、作物でも確認されており、シス因子の変異による遺伝子発現調節は耐性機構に重要な役割を果たしていると考えられた。

審査結果の要旨

申請者中野友貴氏は、シロイヌナズナの野生集団（アクセッション）を用い、酸性土壌ストレス耐性に関してトランスクリプトーム解析を統合させたゲノムワイド関連解析を行なった。その結果、植物の酸性土壌適応に関わる新規遺伝子群や遺伝的構造を明らかにした。そこでは、耐性バリエーションの生じる遺伝的原因や、主要ストレスである Al ストレスと酸ストレスに対する耐性の遺伝的特徴や差異を明らかにした。これらの知見は、これは学術的に価値のある発見である一方、育種等に応用することで世界の農耕地で問題となっている酸性土壌での持続可能な農業生産に寄与する重要なものであることを認める。

基礎となる学術論文

- 1) Nakano, Y. and Kobayashi Y.: Genome-wide Association Studies of Agronomic Traits Consisting of Field- and Molecular-based Phenotypes. *Reviews in Agricultural Science*, in press
- 2) Nakano, Y., Kusunoki, K., Hoekenga, O., Tanaka, K., Iuchi, S., Sakata, Y., Kobayashi, M., Yamamoto, Y.Y., Koyama, H. and Kobayashi Y.: Genome-wide association study and genomic prediction elucidate the distinct genetic architecture of aluminum and proton tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Frontiers in Plant Science*, in press

既発表学術論文

- 1) Kobayashi, Y., Sadhukhan, A., Tazib, T., Nakano, Y., Kusunoki, K., Kamara M., Chaffai, R., Iuchi, S., Sahoo, L., Kobayashi, M., Hoekenga O. and Koyama H.: Joint

- genetic and network analyses identify loci associated with root growth under NaCl stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant, Cell & Environment*, 39(4), 918-934, 2016.
- 2) Kusunoki, K., Nakano, Y., Tanaka, K., Sakata, Y., Koyama H. and Kobayashi Y.: Transcriptomic variation among six *Arabidopsis thaliana* accessions identified several novel genes controlling aluminium tolerance. *Plant, Cell & Environment*. 40(2), 249-263, 2017.
 - 3) Sadhukhan, A., Kobayashi, Y., Nakano, Y., Iuchi, S., Kobayashi, M., Sahoo, L. and Koyama H.: Genome-wide Association Study Reveals that the Aquaporin NIP1;1 Contributes to Variation in Hydrogen Peroxide Sensitivity in *Arabidopsis thaliana*. *Molecular Plant*. 10(8), 1082-1094, 2017.