

論文内容の要旨

申請者氏名 高 橋 靖 幸

栽培イネの花成時期の多様化は稲作地域の拡大に貢献した重要な形質の一つである。本研究では、栽培イネにおける花成時期の多様性をもたらす分子機構を明らかにする事を目的とし、世界の様々な地域に由来した 64 品種のイネコアコレクションを用いて網羅的な花成関連遺伝子の発現解析およびシークエンス解析を行った。

コアコレクションの各品種の短日条件下での花成時期は品種間で播種後 45 日から 153 日目と非常に幅広い多様性が見られた。次に、花成時期と既知の花成関連遺伝子の発現量との関係について解析した結果、*Hd3a* 発現量と花成時期との間に相関関係 ($r = -0.681, p < 0.01$) があることが見出された。このことから、*Hd3a* 発現量の多様性をもたらす機構がイネ品種における花成時期の多様性をもたらしている主な原因であることが示唆された。そこでシークエンス解析により *Hd3a* の上流因子である *Ehd1* 及び *Hd1* の翻訳領域における塩基多型を調査したところ、*Hd1* においてタンパク質の活性に大きく影響を与える変異が複数見出された。この機能欠損型 *Hd1* アリルを持つ品種は機能的な *Hd1* アリルを有する品種よりも有意に低い *Hd3a* 発現量及び遅咲きの表現型を示すことから、*Hd1* における塩基多型がイネの花成時期の多様性をもたらす主な要因の一つであることが示唆された。さらに *Hd3a* プロモーターについてシークエンス解析を行ったところ、*Hd3a* プロモーターで見られた塩基多型により *Hd3a* 発現量に若干であるが有為な差が見られた。またもう一方、*Ehd1* 発現量と *Hd3a* 発現量の間に緩やかな正の相関関係 ($r = 0.462, p < 0.01$) があることを見出した。以上の結果から、*Hd3a* プロモーターにおける多型および *Ehd1* 発現量の多様性もまたイネの花成時期の多様性をもたらす要因の一つであることが示唆された。さらに栽培イネの花成時期の多様化に対するそれぞれの要因の寄与について、線形モデルを用いた統計的解析を行った。この結果、これら 3 つの要因で説明される花成時期の多様性の内、*Hd1* アリルによる寄与が 44.8 %であるのに対して *Hd3a* プロモーターおよび *Ehd1* 発現量の多様性による寄与はそれぞれ 16.7 %、38.5 %であった。さらに *Hd3a* 発現量の多様性に関しては、*Hd3a* プロモーターによる寄与が非常に大きい事が同様の解析から示された。

一方、シロイヌナズナを用いた花成時期の多様化における研究では低温感受による春化応答の変化に主な原因がある事が報告されている。本来、熱帯性の植物であるイネは光周性による花成誘導が主であり春化に対する応答を示さない。以上のことから、植物の生育地域の拡大および生育環境への適応において、それぞれの植物種では花成時期の多様化をもたらす際に異なった因子がターゲットとなった可能性が示された。

論文審査結果の要旨

申請者氏名 高 橋 靖 幸

本研究では栽培イネにおける花成時期の多様性をもたらす分子機構を明らかにする事を目的とし、世界の様々な地域に由来した 64 品種の栽培イネ（イネコアコレクション）を用いて網羅的な花成関連遺伝子の発現解析およびシーケンス解析を行った。この結果、*Hd3a* 発現量と花成日数の間に相関関係が見出された。これは、*Hd3a* が花成ホルモン(フロリゲン)の実体である事が強く示唆されている事から、フロリゲンの量が花成時期を決定する要因である事を示唆した興味深い結果であると考えられる。またこの花成時期および *Hd3a* 発現量の品種間での多様性は、*Hd1* においてタンパク質活性に影響を与える変異が数多く集中している事が主な原因である事を見出した。*Hd1* 翻訳領域においては 17 タイプものアリルが同定され、さらにこの内 9 タイプのアリルにおいて 5 種類の機能低下および欠損をもたらす変異が見出されている。この様に一つの種の遺伝子において多様な種類のタンパク質が作られる事は稀であり非常に興味深いと考えられる。一方で、同じイネ科の植物であるコムギやオオムギにおいても *Hd1* オーソログが報告されている。しかし、これら *TaHd1*、*HvHd1* については花成誘導における機能は未だほとんど解析されておらず、花成時期の多様化および栽培化に対する影響については知見が乏しい。栽培イネを用いて得られた知見は今後これらの穀物の花成時期の研究に役立つと期待される。また、このほかにも *Hd3a* プロモーター領域および *Ehd1* の発現量の多様性も花成時期の多様化に影響している事を示唆する結果を得ており、今後この原因について詳細な解析を行うことで、花成時期の多様化をもたらす分子機構をより詳細に明らかにする事が期待される。さらに、本研究では線形モデル解析を用いて、今回同定された要因における花成時期の多様化に対する寄与率の算出を試みた。このように寄与の大きさを数値化する試みは、花成時期多様化についての研究ではこれまでに前例が無く、非常に新規性の高い結果が得られたと考えられる。また、今回解析した品種の中には既知の花成誘導経路に当てはまらない品種も幾つか見出された。特に中国由来の Ryou Suisan Koumai 品種は、*Hd3a* 発現量が非常に低いのに対して *RFT1* が高発現している事で非常に早咲きの表現型を示している事を見出した。このような品種を詳細に解析することで、新規の花成誘導機構の知見を得る事が期待される。

以上のように、本論文は栽培イネにおける花成時期の多様性をもたらす分子機構の主要因を明らかもので、学術上、応用上貢献するところが少なくない。よって審査委員一同は、本論文が博士（バイオサイエンス）の学位論文として価値あるものと認めた。