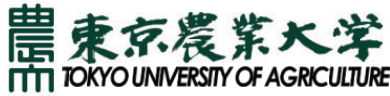


PRESS RELEASE



プレス解禁日時：日本時間6月23日（木）13時以降

報道機関 関係者各位

令和4年6月22日

ワックス量を調整して植物の乾燥・塩・高温耐性を 増強させる仕組みを発見（2報同時掲載） ～幅広い環境変動に適応する作物育種に期待～

本研究成果のポイント

- 植物の乾燥・塩・高温耐性に必須の遺伝子としてワックス合成遺伝子を同定
- ワックス量を調整する遺伝子を発見し、植物の乾燥・塩・高温耐性を向上させることに成功
- 温暖化によって頻発する干ばつや温度上昇など幅広い環境変動に適応する作物育種に期待

概要

地球温暖化の影響により世界中で干ばつ（乾燥）・塩害・日照り（高温）が多発しており、農業生産に甚大な被害が生じています。東京農業大学大学院 生命科学研究科の太治輝昭教授を中心とする研究グループ*1 は、1）乾燥・塩・高温耐性が損なわれるシロイヌナズナの突然変異体を用いて、植物の全身を覆うワックス合成がそれらのストレス耐性に必須であること、さらに、2）ワックス量を調整することで植物の乾燥・塩・高温耐性を増強可能な遺伝子を発見しました。この遺伝子は植物の様々な環境ストレス耐性を向上させることから、干ばつや温度上昇など幅広い環境変動に適応する作物育種への応用が期待されます。

*本研究は JSPS 科研費（学術変革領域（不均一環境と植物: 21H05668）、基盤 B: 19H03092）、および旭硝子財団の助成を受けたものです。

本成果1)、2)は、国際科学誌「Frontiers in Plant Science」(電子版)に2報同時掲載されます。

(プレス解禁日時：日本時間6月23日（木）13時以降)

*1 研究体制

東京農業大学大学院 生命科学研究科

太治輝昭 教授、坂田洋一 教授、四井いずみ 助教

東京農業大学大学院 農学研究科 博士前期課程

福田紀香 (当時)、梶野拓磨、山口将弘 (当時)、小山隆 (当時)、成島純平 (当時)

東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター

田中啓介 助教

東京農業大学 超微細形態解析室

矢口行雄 教授

産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門 植物機能制御研究グループ

大島良美 主任研究員、中村彰良 研究員

農研機構 遺伝資源研究センター

有賀裕剛 研究員

研究背景

近年、世界中で干ばつ・塩害・日照り（高温障害）が多発しており、農業生産に甚大な被害が生じています。これまでに多くの研究者が植物の環境ストレス耐性を向上させるための基礎研究、さらにはその成果を利用した作物育種に取り組んできたものの、未だに応用面で十分な成果が得られていません。その一因として、実際の圃場ではこれらの環境ストレスが複合的に生じるため、単一のストレス耐性増強では不十分であり、幅広い環境変動に適応させる育種戦略の必要性が考えられます。研究グループはこれまでに、数百のシロイヌナズナ野生系統*1を比較することで、水不足に耐性を示す野生系統を見出し、その水不足耐性の多様性を決定する遺伝子を同定しました (Ariga et al., 2017 Nature Plants_doi: 10.1038/nplants.2017.72.)。しかしながら水不足耐性を示す野生系統の耐性メカニズムは不明でした。

研究成果

今回、研究グループは水不足耐性を示す野生系統に突然変異処理を施し、水不足耐性が損なわれた突然変異株、*aod2* を単離しました。*aod2* 変異株は野生株と比較して、乾燥・塩・高温と幅広いストレス耐性が損なわれていました。その原因遺伝子を特定したところ、極長鎖脂肪酸*2合成に寄与するエノイル-CoA還元酵素をコードする *CER10* 遺伝子であることが分かりました。植物は乾燥や外部からの物理刺激から身を守るために、葉・根・茎をはじめとする植物体全身がクチクラワックス*3（以後、ワックス）で覆われています。*aod2* 変異株は野生株と比較してワックスが著しく減少していました。

一方、研究グループは数百の遺伝子を個別に過剰発現^{*4}させたシロイヌナズナのトランスジェニック植物系統より、水不足耐性が向上したトランスジェニック植物系統のスクリーニングを行いました。その結果、酸化還元酵素のシトクロム P450 をコードする *KLU* 遺伝子を過剰発現させた植物（以後、*KLU* 過剰発現株）が、乾燥・塩・高温耐性を著しく向上させることが分かりました。*KLU* 過剰発現株の葉が野生型と比較して明らかな光沢を示すことから、電子顕微鏡にて植物体表面のワックス構造を確認したところ、野生株と比較して高次のワックス構造を有していることが分かりました。ワックス構成成分である長鎖・極長鎖脂肪酸を定量した結果、野生株と比較して、*aod2* 変異株では減少し、逆に *KLU* 過剰発現株では増加していることが明らかとなりました。またタンパク質の三次元構造予測モデルより、*KLU* は長鎖脂肪酸を基質とし得ることが示唆されました。以上の結果より、植物の乾燥・塩・高温耐性にワックスが必須であること、さらに *KLU* 遺伝子の発現調節によりワックスを増加させて植物の乾燥・塩・高温耐性を増強できることが明らかとなりました。

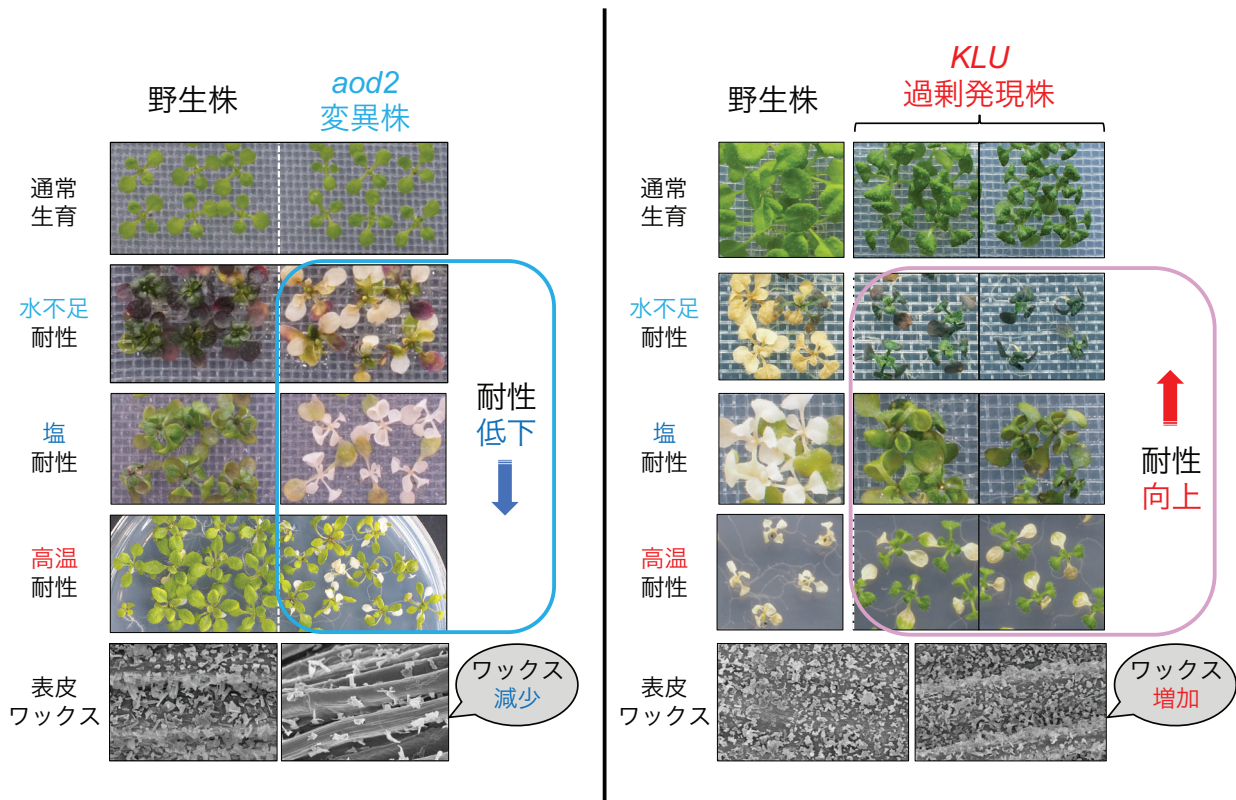


図1 *aod2* 変異株と *KLU* 過剰発現株の水不足・塩・高温耐性評価

左：*aod2* 変異株は、ワックスが減少するため、水不足・塩・高温耐性が野生株と比較して低下する。
 右：*KLU* 過剰発現株は、ワックスが増加するため、水不足・塩・高温耐性が野生株と比較して向上する。

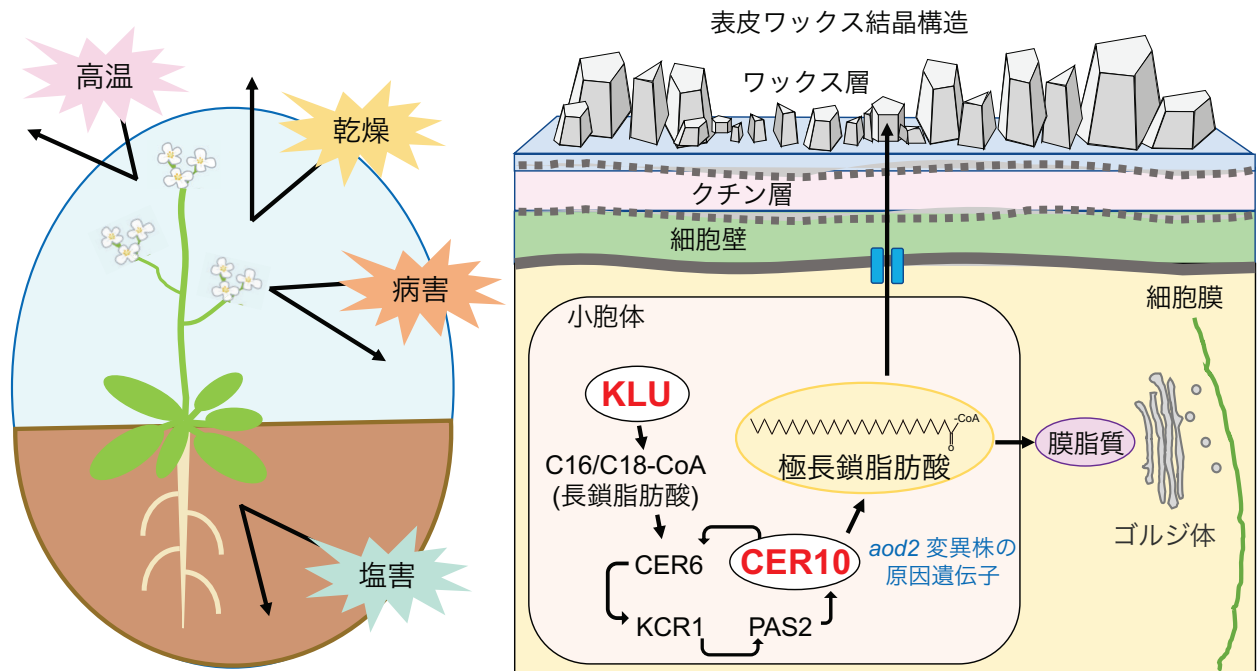


図2 今回明らかになったワックス量による水不足・塩・高温耐性メカニズム

水不足・塩・高温耐性が低下する *aod2* 変異株は、長鎖脂肪酸を極長鎖脂肪酸へ伸長させる *CER10* 遺伝子の欠損が原因であり、極長鎖脂肪酸が減少し、植物全身を覆うワックスが損なわれる。一方、水不足・塩・高温耐性が向上する *KLU* 過剰発現株は、長鎖および極長鎖脂肪酸が増加し、ワックス構造が顕著に発達する。このことから、植物を覆うワックスは、幅広い外界刺激に対するバリアの役割を果たすことが示唆された。

今後の展望

これまでにワックスが乾燥からの水分損失を防ぐことは知られていたものの、本研究により、塩・高温耐性にも寄与することが明らかとなりました。さらに *KLU* 過剰発現株については他のグループから様々な病原菌に抵抗を示すことが報告されています。*KLU* 過剰発現株は発現量によっては生育遅延を示すため、発現量の厳密なコントロールが求められますが、*KLU* 遺伝子の発現調節によって、幅広い環境変動に適応する作物育種への応用が期待されます。

【掲載論文情報1】

タイトル：*ECERIFERUM 10* encoding an enoyl-CoA reductase plays a crucial role in osmotolerance and cuticular wax loading in *Arabidopsis*

著者：Norika Fukuda, Yoshimi Oshima, Hiroataka Ariga, Takuma Kajino, Takashi Koyama, Yukio Yaguchi, Keisuke Tanaka, Izumi Yotsui, Yoichi Sakata and Teruaki Taji

掲載誌：Frontiers in Plant Science

doi: 10.3389/fpls.2022.898317

【掲載論文情報2】

タイトル：KLU/CYP78A5, a cytochrome P450 monooxygenase identified via FOX hunting, contributes to cuticle biosynthesis and improves various abiotic stress tolerances.

著者：Takuma Kajino, Masahiro Yamaguchi, Yoshimi Oshima, Akiyoshi Nakamura, Jumpei Narushima, Yukio Yaguchi, Izumi Yotsui, Yoichi Sakata, Teruaki Taji

掲載誌：Frontiers in Plant Science

doi: 10.3389/fpls.2022.904121

<補足説明>

*1 シロイヌナズナ野生系統

シロイヌナズナは研究材料として最も広く用いられるモデル植物であり、世界中に 2000 以上の野生系統が存在する。

*2 極長鎖脂肪酸

炭素鎖 20 以上の脂肪酸を指し、クチクラワックスや膜脂質などの構成成分。

*3 クチクラワックス (ワックス)

植物の葉・根・茎などの全身を覆うキューティクルとして、下層のクチンに富んだ領域とその上層にあるワックスに富んだ領域から構成されており、それらをクチクラワックス、ワックスと相称する。

*4 過剰発現

遺伝子の発現量を高めることを指し、植物ではカリフラワーモザイクウイルス由来の 35S プロモーターなどの下流に遺伝子を繋ぐことにより、恒常的な高発現を誘導する。