

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		環境鈍感力という指標によるイネ品種の高温耐性の評価と品種育成への利用			
研究テーマ (欧文) AZ		Environmental insensitivity as a new indication of high-temperature resistant varieties in rice and its application to breeding			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓)キシマ	名)ユウジ	研究期間 B	2015 ~ 2017 年
	漢字 CB	貴島	祐治	報告年度 YR	2017 年
	ローマ字 CZ	Kishima	Yuji	研究機関名	北海道大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		貴島祐治 北海道大学大学院農学研究院・教授			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>環境ストレスに対するこれまでの植物研究は、ストレスに強く反応する遺伝子の働きに着目して、その耐性との関連性を研究してきた。一方、申請者はストレスに対する反応の鈍さにもストレスを避ける作用があると考え、イネを用いてストレスに対して敏感な系統と鈍感な系統の指標化を試みてきた。本研究では、イネの穂ばらみ期の高温による花粉稔性の低下をイネの11系統を用いて調査し、系統間に存在する差異を検出した。同時に6系統については、マイクロアレイ分析を用いて高温による発現の変化を捉え、生殖成長期における温度への反応性をみた。温帯 <i>japonica</i> 9系統 (日本晴、A58、コシヒカリ、きらら397、ササニシキ、ほしのゆめ、富国、金南風、アキヒカリ)、<i>indica</i> 1系統 (Kasalath)、熱帯 <i>japonica</i> 1系統 (Silewah) の計11系統を用いた。高温によって花粉稔性は、最低のKasalathの8.7%から最高きらら397の80.5%の間で異なった。きらら397、ほしのゆめは高温処理後の花粉稔性が70%よりも高く、ササニシキとKasalathは30%よりも低かった。高温処理した11系統の内、花粉稔性が異なるコシヒカリ、A58、日本晴、きらら397、ササニシキ、Kasalathの6系統を用いて、ゲノムワイドな発現変動が高温によって引き起こされるのかをマイクロアレイによって分析した。スクエッタープロットによる解析を行うと、Kasalathにおいて発現変動が大きく ($R^2 = 0.83$)、日本晴においては最も発現変動が小さかった ($R^2 = 0.89$)。6系統においてゲノムワイドな発現変化と花粉稔性の相関を見ると、$R=0.4$の相関係数を示し、環境鈍感力を指標化することに成功した。この指標は、遺伝子よりも反復配列で相関が高く、全体に発現変動が大きいほど花粉稔性が低くなる傾向があった。また、ヘテロクロマチン領域で高温ストレスによる一方向的な変化 (発現向上) が引き起こされている可能性が示唆された。ヘテロクロマチン以外の領域で見ると高温ストレスによる遺伝子発現の上昇のような一方向的な制御があるのではなく、ゲノムの様々な位置で異なる発現変化が起こっていることが示された。</p>					
キーワード FA	高温ストレス	イネ	マイクロアレイ分析	発現変動	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要^{EZ}

Plant research to date on environmental stress has focused on the action of genes that react strongly to stress and has studied the relationship with resistance. On the other hand, we have considered trying to index stress-sensitive and -insensitive lines by using rice, considering that there is an effect of avoiding stress in bluntness of response to stress. In this study, we investigated the decrease in pollen fertility due to elevated temperature at the booting stage using 11 lines of rice, and detected differences existing among the lines. At the same time, regarding the 6 strains, microarray analysis was used to capture the change in expression due to high temperature and the reactivity to temperature in the reproductive growth phase was observed. We used a total of 11 lines of temperate japonica 9 lines (Nipponbare, A 58, Koshihikari, Kirara 397, Sasanishiki, Hoshinoyume, Fukoku, Fukuno, Kinmaze, Akihikari), indica 1 line (Kasalath), tropical japonica 1 line (Silewah). Due to the high temperature pollen fertility varied from the lowest Kasalath of 8.7% to the highest Kirara 397 of 80.5%. Kirara 397, Hoshino Yume, pollen fertility after high temperature treatment was higher than 70%, Sasanishki and Kasalath were lower than 30%. Among 11 strains subjected to high temperature treatment, using microarrays, we analyzed whether genome-wide expression fluctuation is caused by high temperature using six strains of Koshihikari, A 58, Nipponbare, Kirara 397, Sasanishiki, and Kasalath, which differ in pollen fertility. When scatter plot analysis was performed, expression fluctuation was large in Kasalath ($R^2 = 0.83$), and the expression fluctuation was smallest in Nipponbare ($R^2 = 0.89$). Looking at the correlation between genome-wide expression change and pollen fertility in 6 lines, correlation coefficient of $R = 0.4$ was shown. There was a tendency that pollen fertility became lower as the overall expression variation was larger, that is regarded as environmental insensitivity. This correlation was higher in the repetitive sequence than in the gene. It was also suggested that unidirectional change (enhancement of expression) due to high temperature stress is caused in the heterochromatic region. In the region other than heterochromatin, there was not unidirectional control such as elevated gene expression due to high temperature stress, but it was shown that different expression changes occurred at various positions of the genome.