

研究 成 果 報 告 書

研究テーマ (和文)	多様な環境変動に対して頑健性をもつ作物構築に向けた基盤研究		
研究テーマ (英文)	Fundamental research for improvement in robustness of crops against various environmental changes		
研究期間	2021年 ~ 2024 年		研究機関名 北海道大学
研究代表者	氏名	(漢字)	千葉 由佳子
		(カタカナ)	チバ ユカコ
		(英文)	CHIBA YUKAKO
	所属機関・職名		北海道大学大学院理学研究院・教授
共同研究者 (計 0 名) * 2 名をこえる場合は、【別紙追加用紙】(P3)に3人目以降を追記してください。	氏名	(漢字)	
		(カタカナ)	
		(英文)	
	所属機関・職名		
	氏名	(漢字)	
		(カタカナ)	
		(英文)	
所属機関・職名			
概要 (600 字～800 字程度にまとめてください。) 本研究では、植物の成長を阻害せずに多様な環境ストレスに耐性を付与する新たな分子基盤の解明を目的とし、mRNA のポリA分解を担う AtCCR4 に着目して解析を行った。申請時に示したように、<i>atccr4</i> ノックダウン変異株は乾燥・浸透圧・塩ストレス耐性およびバイオマス増加の表現型を示すが、本研究ではさらに病害ストレス応答における分子基盤の解明を進めた。<i>atccr4</i> ノックダウン変異株では、<i>PR1</i>～<i>5</i>、<i>SARD1</i>、<i>CBP60g</i>、<i>ICS1</i>、<i>EDS1</i>、<i>PAD4</i>、<i>NPR1</i>、<i>PBS3</i> など、特にサリチル酸経路に関わる多くの病害応答関連遺伝子の発現が上昇した。中でも、<i>PR3</i> と <i>PR5</i> のポリA鎖が変異株で長くなる傾向を示し、これらが AtCCR4 の直接的な標的であることが明らかとなった。<i>PR3</i> は既知の病原体誘導遺伝子であり、flg22 や ACC 処理により発現が上昇することが知られているが、今回、ポリA鎖の延長も同時に起こることを見出し、病原体侵入時には AtCCR4 による分解が抑制され、mRNA 安定性が高まる可能性があることを示した。また、RNAi 株では AtCCR4 の残存量が表現型に影響することから、CRISPR/Cas9 を用いて作製した複数の独立なヌル変異株を用いて再検証したところ、病害応答遺伝子の発現上昇、非生物的ストレス耐性、およびバイオマス増加といった表現型が再現された。さらに、イネやトマトを含む主要作物において AtCCR4 のオルソログを同定し、ゲノム編集技術を応用することで農学的利用が可能であることを示した。これらの成果は現在論文として投稿準備中であり、AtCCR4 によるポリA制御が、ストレス応答と成長促進の両立を可能にする有力な分子基盤となることが示された。			

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	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ページ	
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ページ	

英文抄録（100 語～200 語程度にまとめてください。）	
This study aimed to elucidate a novel molecular basis for conferring broad environmental stress tolerance to plants without growth inhibition, focusing on the poly(A) deadenylase AtCCR4. While <i>atccr4</i> knockdown mutants were previously shown to exhibit tolerance to drought, osmotic, and salt stress along with increased biomass, this research further uncovered their enhanced disease resistance. Expression of multiple salicylic acid pathway-related defense genes, including <i>PR1-5</i>, <i>SARD1</i>, <i>CBP60g</i>, <i>ICS1</i>, <i>EDS1</i>, <i>PAD4</i>, <i>NPR1</i>, and <i>PBS3</i>, was upregulated in the mutants. Notably, <i>PR3</i> and <i>PR5</i> mRNAs showed elongated poly(A) tails, indicating direct regulation by AtCCR4. <i>PR3</i> is known to be induced by flg22 and ACC, and we additionally found poly(A) tail lengthening upon such treatment, suggesting that AtCCR4 suppresses its expression under non-stress conditions. CRISPR/Cas9-generated null mutants recapitulated the stress tolerance and biomass phenotypes, supporting AtCCR4's pivotal role. Furthermore, orthologs of AtCCR4 were identified in major crops, highlighting the potential for agricultural application through genome editing. These findings reveal that AtCCR4-mediated poly(A) regulation underlies the coordination of stress responses and growth, providing a promising molecular strategy for sustainable crop improvement.	