



令和4年7月28日

冠水状態で植物の酸素取り込みが減少する「低酸素ストレス応答」のメカニズム解明につながる新たな候補遺伝子を発見

論文掲載

【本研究成果のポイント】

- 近年気候変動により大規模洪水が頻発するようになり、長時間冠水状態に置かれた作物が低酸素ストレスにさらされ、作物の収量減少の一因となっています。
- 公共データベース（公共 DB）からシロイヌナズナ（植物研究の代表的なモデル生物）およびイネにおける低酸素ストレス処理での遺伝子発現解析実験データを取得し、研究室で開発した独自の手法により、多数の実験で共通して低酸素ストレスに応答する遺伝子を発見しました。
- 発見した遺伝子群の中には、これまで植物の低酸素ストレス応答との関連が知られていない遺伝子も含まれており、今後より詳細な機能の解明が期待されます。

【概要】

広島大学大学院統合生命科学研究科の田村啓太研究員と坊農秀雅特任教授は、公共データベース（公共 DB）上の遺伝子発現解析実験データを統合的に再解析するメタ解析の手法を用いることによって、植物の低酸素ストレス応答に関連する新規候補遺伝子を発見しました。

植物は、洪水などにより冠水状態に置かれると、酸素の取り込みが減少する低酸素ストレスにさらされることが知られており、植物研究の代表的なモデル生物であるシロイヌナズナや、日本人に身近なイネを中心に研究が行われてきました。低酸素ストレスに関連する遺伝子はすでに多数報告されておりますが、既存の知識によらないデータ駆動型の研究を行うことで、さらに未知の遺伝子が見つかるのではないかと考えました。

当研究室では、公共 DB 上の遺伝子発現解析実験のデータを再解析するメタ解析の手法を開発しており、本研究にてシロイヌナズナとイネの低酸素ストレス処理のデータの再解析に適用することで、これまで低酸素ストレス応答との関連が知られていない新規候補遺伝子を同定しました。今回同定された候補遺伝子は、植物の低酸素ストレス応答の未知のメカニズムの解明につながるものと期待されます。

本研究成果は、スイスの出版社 Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI) の Life 誌に 2022 年 7 月 19 日に掲載されました。

<発表論文>

- 著者：田村 啓太¹⁾、坊農 秀雅²⁾、*
1：大学院統合生命科学研究科・研究員
2：大学院統合生命科学研究科・特任教授
*：Corresponding author（責任著者）
- 論文題目：Meta-Analysis of RNA Sequencing Data of Arabidopsis and Rice under Hypoxia
- 掲載雑誌：Life
- DOI： <https://doi.org/10.3390/life12071079>

【背景】

近年の気候変動により、乾燥や洪水といった水関連のストレスが植物に影響を及ぼす頻度が増えており、作物生産量を減少させる主要な要因の一つとなっています。洪水により植物の全部あるいは一部が水に浸かった状態が続くと、植物は生育に必要な酸素を十分に取り込むことができなくなり、低酸素ストレスを受けることとなります。

植物における低酸素ストレス応答に関連する遺伝子については、シロイヌナズナやイネといった植物を中心に研究が進められてきており、低酸素状態で安定化されるエチレン応答性転写因子^{*1}などの遺伝子が報告されてきております。一方、データ駆動型研究により複数の研究データを網羅的・統合的に解析することにより新規応答性遺伝子が発見されるのではないかと考え、当研究室で開発されてきた公共DB上の遺伝子発現解析実験（RNA-Seq^{*2}）のメタ解析の手法を用いて、シロイヌナズナおよびイネの低酸素ストレス処理実験のRNA-Seq解析のメタ解析を行いました。

【研究成果の内容】

本研究では、公共DBの検索を行い、シロイヌナズナで29、イネで26の低酸素ストレス処理区（冠水処理を含む）および対照区のRNA-Seqデータのペアを取得しました。そして、当研究室でこれまでにヒトのRNA-Seqデータのメタ解析等に用いられた解析手法を用いることで、多くの実験で繰り返し発現が上昇した遺伝子と発現が低下した遺伝子をランク付けしました。シロイヌナズナとイネでそれぞれ上位1%の発現上昇および低下遺伝子に着目し、イネの遺伝子をシロイヌナズナに対応付けることで、2種で共通して発現上昇する40遺伝子と、共通して発現低下する19の遺伝子を見出しました（図1）。

共通して発現上昇した40遺伝子の中には、一般に植物の病害応答に関与するWRKY型転写因子や、フラボノイドやリグニンなどの生合成に関与する遺伝子など、これまで植物の低酸素応答との関連が報告されていない遺伝子が含まれていました。

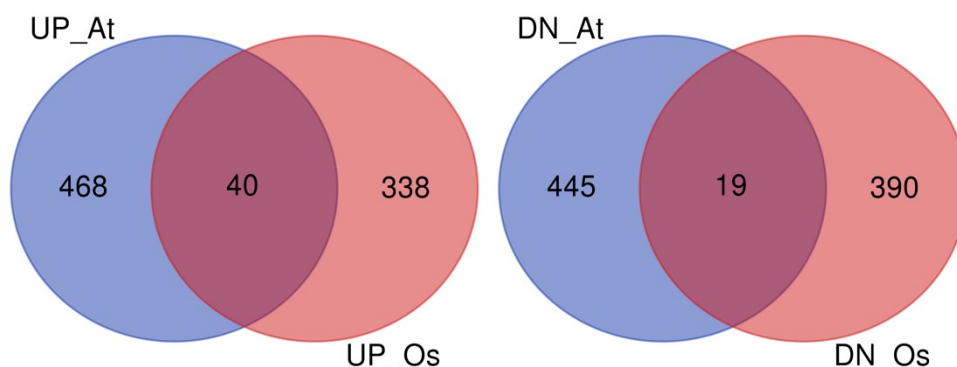
【今後の展開】

本研究で見いだされた植物低酸素ストレスの新規候補遺伝子は、植物における低酸素ストレス応答の未知のメカニズムの解明につながることを期待されます。また新規候補遺伝子の中から植物の低酸素ストレス耐性付与に有効な遺伝子が実験的に見つければ、将来的にゲノム編集技術などを活用することで、洪水に強い作物の作出に結びつくことが期待されます。

【参考資料】

図1 シロイヌナズナとイネで共通して発現変動した遺伝子の数

低酸素ストレス処理で発現が上昇した遺伝子数（左）および発現が低下した遺伝子数（右）。青色はシロイヌナズナ（At）の遺伝子数、赤色がイネ（Os）の遺伝子数で、重なった部分（発現上昇40遺伝子、発現低下19遺伝子）が共通して発現変動した遺伝子の数を表す。



【研究資金】

本研究は、科学技術振興機構（JST）が助成する共創の場形成支援プログラム（COI-NEXT）「Bio-Digital Transformation（バイオ DX）産学共創拠点」（JPMJPF2010）によって実施されました。

【語句説明】

※1 エチレン応答性転写因子：植物の転写因子の主要なグループの一つで、ほかの遺伝子の発現を制御するスイッチのような役割を担う

※2 RNA-Seq：次世代シーケンサーによるDNA配列解読によって、サンプル中のRNA量（遺伝子発現量）を測定する技術

【お問い合わせ先】

<研究に関すること>

大学院統合生命科学研究科 特任教授 坊農秀雅

Tel：082-424-4013

E-mail：bonohu@hiroshima-u.ac.jp

<報道に関すること>

広島大学広報室

Tel：082-424-4383

Email：koho@office.hiroshima-u.ac.jp

発信枚数：A4版 3枚（本票含む）