



Title	Characterization of photoperiodic genes Ghd8 and Ghd7 on flowering time regulation in a mini-core collection of <i>Miscanthus sinensis</i> [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	郭, 志慧
Citation	北海道大学. 博士(環境科学) 甲第14602号
Issue Date	2021-06-30
Doc URL	http://hdl.handle.net/2115/82400
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	theses (doctoral - abstract and summary of review)
Additional Information	There are other files related to this item in HUSCAP. Check the above URL.
File Information	GUO_ZHIHUI_review.pdf (審査の要旨)



[Instructions for use](#)

学位論文審査の要旨

博士（環境科学）

氏名 GUO Zhihui（郭志慧）

審査委員	主査	教授	星野 洋一郎
	副査	教授	田中 亮一
	副査	教授	山田 敏彦（大学院国際食資源学院）
	副査	教授	金澤 章（大学院農学研究院）

学位論文題名

Characterization of photoperiodic genes *Ghd8* and *Ghd7* on flowering time regulation
in a mini-core collection of *Miscanthus sinensis*

（ミニコアコレクションを用いたススキにおける開花期制御に関する
日長遺伝子 *Ghd8* と *Ghd7* の特徴づけ）

イネ科ススキ属の代表的種であるススキ(*Miscanthus sinensis*)は高い環境適応性と低施肥条件下での高い収量性のため、バイオマス作物として注目されている。高いバイオマス生産には栽培地域で開花期の最適化が必要で、品質にも影響を与える。開花期の制御は、変異を拡大させるための種内交雑や属間交雑にも必要である。ススキの開花応答機構は複雑で、感温性だけでなく感光性によって支配されている。ススキは一般には短日 (SD) 植物に分類され、開花までの日数は光周期の影響を受けるが、その遺伝的機構はよくわかっていない。開花への周光性応答はイネ (*Oryza sativa*) でよく知られ、重要な開花調節遺伝子はイネ科植物内に進化的に保存されている。そこで、イネの 2 つの主働な開花遺伝子を選定して研究を行った。本研究の目的は、1) ススキ遺伝資源を網羅する系統からなるミニコアコレクションにおける 2 つの開花関連遺伝子の対立遺伝子および推定アミノ酸配列の多様性と地理的分布を特定する、2) 定量的リアルタイム PCR (qRT-PCR) によって遺伝子発現パターンを分析し、光周期に対するそれらの応答を他の開花関連候補遺伝子とともに分析し、遺伝子ネットワークを解明することにある。

イネの主要な量的形質遺伝子座の一つ *GRAIN YIELD, PLANT HEIGHT AND HEADING DATE 8* (*Ghd8*) をススキから単離した。2 つの同祖遺伝子座が特定され、13 番染色体にある *MsiGhd8A* と 7 番染色体にある *MsiGhd8B* で、古異質四倍体種であるススキのサブゲノムに 1 つずつ座乗していた。合計 46 の対立遺伝子と 28 の予測タンパク質配列型が検出された。系統の変異型と収集された緯度で関連がみられた。遺伝子発現解析により、*MsiGhd8* は長日 (LD) と SD の両方の条件下で発現し、*MsiGhd8B* は *MsiGhd8A* よりも有意に高い発現量を

示した。

イネ科植物特有な *GRAIN YIELD, PLANT HEIGHT AND HEADING DATE 7(Ghd7)* はススキにも保存されていた。1つの同祖遺伝子座 *MsiGhd7A* は A サブゲノムの 11 番染色体に座乗し、一方、複数の *MsiGhd7B* 遺伝子座が B サブゲノムの染色体 12 に座乗し、イントロンの反復領域で見いだされた。*MsiGhd8B* で同定された 1 つの推定機能喪失対立遺伝子は、最初のエクソンで 8 塩基が挿入され、フレームシフト変異と最終的なタンパク質の未成熟な終結をもたらし、CCT ドメインを完全に欠失していた。2 つの *MsiGhd7* 同祖遺伝子は LD で高く発現し、mRNA 転写レベルは LD 下の早朝に高かった。

MsiGhd8 の発現量は日中に、*HEADING DATE 1(MsiHd1)* は夜間にピークに達し、*MsiGHD8-HD1* 複合体が夜に形成および蓄積し、その後 LD 条件下で朝に *MsiGhd7* の転写を活性化する可能性が示唆された。この *MsiGHD8-HD1* 複合体は、SD 条件下で *FLOWERING LOCUS T (FT)* 様遺伝子 [*CENTRORADIALIS 8 (CN8)*, *CN12* および *CN15*] の発現を誘導する可能性も示唆された。*EARLY HEADING DATE 1 (Ehd1)* の上流遺伝子として機能する *MsiGhd7* は、LD で大きく抑制された。さらに、ススキの *FT* 遺伝子の mRNA 転写レベルは SD 条件下で大幅に活性化された。したがって、*Ehd1* はこれら 3 つの *FT* 遺伝子の上流遺伝子の 1 つである可能性が見いだされた。開花までの日数と各系統の遺伝子発現の比較から、*FT* 遺伝子がススキの開花への周光性に影響を与えることが明らかになった。一方、高緯度由来系統の場合、SD は、開花に対して上位性である休眠反応を誘発するシグナルである可能性が考えられた。以上、複数の開花候補遺伝子群の発現量解析から、LD および SD 条件下でススキの光周性による開花制御の遺伝子ネットワークが特徴づけられた。

本研究では、主要な日長遺伝子である *Ghd8* と *Ghd7* をススキから単離し、系統間の変異性の同定、短日・日長条件で遺伝子発現の違いを明らかにするとともに下流遺伝子である *FT* 遺伝子などとの関連性に言及し、開花制御に関する複雑な遺伝子ネットワークを部分的に明らかにしたことは極めて新規性が高い。解明された遺伝情報は、新品種開発には不可欠であり、バイオマス作物として昨今注目されているススキの品種改良への有益な研究知見が得られた。審査委員一同は、膨大な実験データから得られたこれらの成果を高く評価し、また、研究者として誠実かつ熱心であり、大学院博士課程における研鑽や修得単位などもあわせ、申請者が博士（環境科学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものと判定した。