HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Gene network and molecular diversity of a FLOWERING LOCUS T orthologue, FT5a, in the control of flowering and stem termination in soybean [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	竹島, 亮馬
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	甲第12707号
Issue Date	2017-03-23
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/65658
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Ryoma_Takeshima_review.pdf, 審査の要旨

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称　博士(農学)　氏名　竹島　亮馬

審査担当者			
	主 査	教　授	阿　部　　純
	副 査	教　授	貴　島　祐　治
	副 査	准教授	金　澤　　章
	副 査	講　師	山　田　哲　也

学位論文題名

Gene network and molecular diversity of a *FLOWERING LOCUS T* orthologue, *FT5a*, in the control of flowering and stem termination in soybean
(ダイズの開花および伸育性の制御における *FLOWERING LOCUS T* オルソログ *FT5a* の遺伝子ネットワークと分子的多様性)

本論文は図 24 および表 9 を含む 5 章からなる総頁数 93 の英語論文であり、別に参考論文 4 編が添えられている。

作物の適応性や収量性を向上させるには、開花や開花後の生殖生長を制御する分子機構の理解が欠かせない。ダイズの開花には、シロイヌナズナの *FLOWERING LOCUS T*（*FT*）遺伝子のオーソログである *FT2a* と *FT5a* が関与し、それらの転写量は、主として 4 つ熟期遺伝子座（*E1~E4*）の対立遺伝子組合せにより制御されている。しかし、これら 4 遺伝子座の変異だけでは、ダイズ品種間に存在する開花期の変異の全てを説明することはできない。また、これら FT 遺伝子の開花後の生殖生長に関する知見も非常に限られている。本研究では、早生ダイズ品種間の交雑で分離した早期開花性に関与する遺伝的機構と、*FT* 遺伝子の開花後の生殖生長における役割および開花関連遺伝子ネットワークを明らかにし、ダイズ *FT* オーソログの開花および伸育性の制御における役割を考察している。

1. 長日条件下において早期開花をもたらす分子機構の同定

早生ダイズ系統間の交雑後代で分離した開花早晩性について量的形質遺伝子座（QTL）解析を行い、長日条件下での早期開花に関与する QTL を J 連鎖群に見出した。ファインマッピングにより QTL 座乗領域を 107kb の領域まで狭域化した。領域内には 7 個の遺伝子が予測され、それらのうち *FT5a* が開花に関与する唯一の遺伝子であった。当該 QTL に関する準同質遺伝子系統（NIL）を用いた発現解析の結果、晩生型に比べて早生型の NIL で *FT5a* の転写量が高く、早期開花が *FT5a* の転写量の増加に起因することが強く示唆された。塩基配列解析の結果、コード領域は親系統間で同一であったが、

プロモーター領域および3′非翻訳領域に挿入・欠失多型を含む塩基多型が観察された。これらの結果から、見出されたQTLの分子機構は、*FT5a*の転写量に影響を与えるDNA多型であると結論付けた。さらに、世界のダイズ遺伝資源を対象にしたDNAマーカー解析ならびにSNP-calling解析を行い、早生型の対立遺伝子が稀な遺伝子であることを明らかにした。この早生遺伝子は、開花に最も大きな効果を有する*E1*の存在下でも早生化をもたらすことから、様々な遺伝背景における早生化を目指したダイズ育種への利用が期待できると結論付けた。

2. ダイズ *FT* オルソログの機能分化および遺伝子ネットワークの解析

*FT2a*と*FT5a*の発現は、フィトクロムA（E3およびE4）の制御下にある*E1*により抑制される。これら3遺伝子の経路が、ダイズの開花の光周期反応に大きな役割を担う。しかし、これらの遺伝子を含む開花遺伝子の発現ネットワークは明らかにされていない。本研究では、過剰発現個体を用いて、*E1*、*FT2a*および*FT5a*の下流で働く遺伝子ネットワークと*FT2a*および*FT5a*の開花後の生殖生長における役割を解析した。トランスクリプトーム解析から、*E1*の過剰発現が*FT2a*や*FT5a*だけではなく多くの開花遺伝子の転写量を変動させることを明らかにした。特に変動量の大きな遺伝子の発現様式を*FT2a*および*FT5a*の過剰発現個体で解析したところ、ほぼ全ての遺伝子が*FT2a*および*FT5a*またはいずれか片方の遺伝子の制御下にあることを明らかにした。さらに、*FT2a*と*FT5a*の過剰発現は、開花後の茎頂の伸育性に異なる効果をもたらし、*FT5a*の過剰発現は野生型の無限伸育性を強く抑制したが、*FT2a*にはそのような効果は認められなかった。茎頂における花芽およびシュート分裂組織決定遺伝子の発現解析から、無限伸育性遺伝子*Dt1*の発現様式が両*FT*遺伝子で異なり、*FT5a*の伸育性に及ぼす効果は*Dt1*の転写抑制によることを明らかにした。以上の結果から、*FT2a*と*FT5a*は開花誘導に関しては重複した機能を持つが、開花後の茎頂の相転換に関しては異なる機能を有すると結論付けた。

以上のように、竹島は、1）長日条件下における早期開花に関与する新規の遺伝的機構と2）*FT*遺伝子のダイズオーソログの開花後の伸育性の制御に関する機能分化と開花遺伝子ネットワークを明らかにした。これらの結果を基に、新規に見出された*FT5a*遺伝子のダイズ育種における有用性を考察している。これらの成果は、ダイズの適応性ならびに収量性の改良に関する新たな知見を与えた点で学術上高く評価できる。よって審査員一同は、竹島亮馬が博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものと認めた。