

審査の結果の要旨

氏名 工藤 まどか

本博士論文では、乾燥ストレス耐性遺伝子と成長促進遺伝子を共に過剰発現する形質転換シロイヌナズナの作製および解析を通じて、乾燥ストレス耐性植物の成長促進に挑戦した。導入する乾燥ストレス耐性遺伝子として、多くの作物に対して乾燥ストレス耐性を向上させることが報告されている *DREB1A* 転写因子遺伝子が用いられた。成長促進遺伝子に関しては乾燥ストレス下で発現が抑制される遺伝子に着目しており、*PIF* ファミリー転写因子遺伝子およびジベレリン合成酵素遺伝子 *GA5* が選定された。これらの遺伝子を組み合わせた二重過剰発現体について個体レベルの解析（乾燥ストレス耐性試験・成長解析）および分子レベルの解析（遺伝子発現解析・代謝物解析）を通じて、複数遺伝子の集積が植物に与える影響に関する基礎的知見が得られた。

第 1 章では、研究課題の重要性や新規性、二重過剰発現体の作製に用いた乾燥ストレス耐性遺伝子および成長促進遺伝子に関する先行研究についての情報が述べられている。第 2 章では、実験に用いた材料と方法について述べられた。

第 3 章では、乾燥ストレス耐性植物へ導入する成長促進遺伝子の探索について述べられた。野生型シロイヌナズナを用いた遺伝子発現解析を通じて、乾燥ストレス条件下において発現が抑制された *PIF* ファミリー転写因子遺伝子およびジベレリン合成酵素遺伝子 *GA5* が、成長促進遺伝子として選定された。

第 4 章では、*PIF* ファミリー遺伝子の導入による乾燥ストレス耐性植物の成長促進制御について述べられている。表現型解析の結果から、*PIF* ファミリー遺伝子の導入によって *DREB1A* 過剰発現体の胚軸や茎の伸長成長および花成誘導を促進できることが明らかにされた。さらに、*PIF DREB1A* 二重過剰発現体は乾燥ストレス耐性が向上したため、*PIF* ファミリー遺伝子の過剰発現は耐性の付与に負の影響を与えないことが示された。メタボローム解析、トランスクリプトーム解析によって、*PIF* ファミリー遺伝子と *DREB1A* は相加的に代謝

制御および遺伝子発現制御に影響を与えることが示された。以上の結果より、*PIF DREB1A* 二重過剰発現体は、基本的に両遺伝子の影響を相加的に受けた形質を示すことが明らかにされた。

第 5 章では、*GA5* の導入による乾燥ストレス耐性植物の成長促進制御について述べられている。*GA5* の導入により、*DREB1A* 過剰発現体の胚軸伸長やロゼット葉サイズの拡大、花成誘導が促進されることが明らかになった。*PIF* ファミリー遺伝子の導入では見られなかった *DREB1A* 過剰発現体のロゼット葉サイズの拡大を実現できたことは、*GA5* の利用における特筆すべき点である。さらに、*GA5 DREB1A* 二重過剰発現体は乾燥ストレス耐性が向上したため、*GA5* の過剰発現も耐性の向上に負の影響を与えないことが明らかにされた。メタボローム解析、トランスクリプトーム解析の結果からは、*GA5* と *DREB1A* は植物体内の代謝制御および遺伝子発現制御に対して相加的に影響を与えることが示された。

第 6 章では、総合討論および結論が述べられている。本博士論文において作製された二重過剰発現体は、乾燥ストレス耐性の向上と共に、胚軸や茎の伸長促進、ロゼット葉サイズの拡大、地上部サイズの増加、花成の早期化を示した。以上の結果により、成長促進遺伝子の導入によって、植物に元来備わっている乾燥ストレス耐性とバイオマス量のトレードオフの関係を打破できる可能性が見出された。二重過剰発現体の代謝物および遺伝子発現プロファイルの比較解析からは、成長促進遺伝子と *DREB1A* の共発現は、下流の遺伝子発現や代謝物量へ相加的な影響を与えることが明らかにされた。以上により、乾燥ストレス耐性遺伝子と成長促進遺伝子を導入した植物は、基本的に両者の影響を相加的に受けた形質となることが示された。

本博士論文によって得られた植物の成長制御に関する基礎的知見は、高バイオマス生産性の乾燥ストレス耐性植物の創出に資する。植物の分子育種における新たなアプローチの開発によって作物の生産性を向上させることにより、人口増加による食糧問題、化石燃料の枯渇に伴うエネルギー問題および温暖化の問題を、複合的に解決に導くための一助となることが期待される。

これらの研究成果は、学術上応用上寄与するところが少なくない。よって、審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。