

審査の結果の要旨

氏名 于培

トウジンビエ（英名: pearl millet、学名: *Pennisetum glaucum* L.）は、イネ科チカラシバ属に属する一年生草本植物で、世界中で広く栽培される雑穀の一つである。アフリカやインドでは重要な食料および飼料であり、バイオマスが大きいことから近年はバイオエタノールの原料としても注目を集めている。トウジンビエは乾燥、高濃度塩、高温、貧栄養等の不良環境条件に極めて強い耐性を持つので、コムギやトウモロコシを栽培することができない地域で栽培されることが多く、ソルガムよりも高い環境ストレス耐性を示すことが知られている。従ってそのような非生物的ストレス耐性機構が解明できれば、他の作物にも適用可能であると考えられる。国際半乾燥熱帯作物研究所（ICRISAT）などを中心にトウジンビエ品種系統の保存や形質評価、育種が行われているが、ゲノムサイズが大きいこともあって（約 1.3×10^9 bp）、ゲノム情報の整備は遅れている。本研究では、非生物的ストレスに発現が応答するトウジンビエの遺伝子に着目し、トウジンビエの非生物的ストレス耐性機構を明らかにするための研究を行なった。

序章に続く第 2 章では、非生物的ストレスに応答して遺伝子発現が上昇することが先行研究で明らかになっている膜タンパク質である PgPM19 に着目し、非生物的ストレス耐性機構への関与について解析した。PgPM19 は細胞膜に局在することが確認され、乾燥ストレス、塩ストレス及び ABA 処理によって葉と根において遺伝子発現が著しく上昇することがわかった。PgPM19 遺伝子をシロイヌナズナに導入して高発現させた系統 (PgPM19_OE) では野生型と比較して塩ストレス耐性が向上した一方、PgPM19 の相同遺伝子を欠失したシロイヌナズナ変異体 (pm19L1) では塩ストレス耐性が劣化していた。RNA-seq 解析により PgPM19_OE、野生型及び pm19L1 における遺伝子発現について網羅的に解析したところ、ABA に関連する多くの遺伝子 (PYL6, SnRK1.7, DERBs, ERFs, ABIs, RAB18, RAB28, RD29A/B など) の発現が PgPM19_OE で野生型より減少していたため、PgPM19 が ABA のシグナル伝達に関与する可能性があることが示された。

第3章では、トウジンビエの small heat shock protein(sHSP)の一つである *PgsHsp17.6* の機能について解析した。*PgsHsp17.6* の遺伝子発現は高温処理により葉と根とで顕著に上昇し、低温処理により減少した。塩処理と乾燥処理によっても僅かな発現誘導が観察された。*PgsHsp17.6* を酵母細胞内で高発現させると、予想に反して酵母の高温耐性が減少することがわかった。また *PgsHsp17.6* 遺伝子の発現は 2 つのマイクロ RNA (*PgmiR171* および *PgmiR164c*) に制御されることが示唆された。

第4章では *SUQUAMOSA* promoter binding protein(SBPs)に関する網羅的な解析を行なった。SBPs は植物特異的な転写因子で、植物の生長や分化及びストレス応答に重要な役割を果たすことが知られている。SBP 領域の共通性からトウジンビエのゲノムに 18 の *SBPs* 遺伝子が同定された (*PgSBPs1-18*)。そのうち 14 遺伝子は染色体上に広く分布し、4 遺伝子が scaffold 上にあることがわかった。*PgSBPs* は系統樹的に 7 つのグループに分類され、それぞれのグループにはエクソン/イントロン構造や重要なモチーフの構成に共通性があった。グループ V とグループ VII の *PgSBPs* は、それぞれ *PgmiR156q* と *PgmiR529b* の標的となっていることが予想された。

以上のように本研究では、非生物学的ストレスにより発現が誘導されるトウジンビエの 2 つの遺伝子について詳細な解析を行い、これまで全く研究が行われてこなかったトウジンビエの *SBPs* について知見を得ることができた。これらの知見は、今後のトウジンビエの非生物学的ストレス耐性機構を明らかにするために重要である。

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、本論文は博士（農学）の学位請求論文として合格と認められる。