

戦略的創造研究推進事業(ALCA)
技術領域(プロジェクト名)「バイオテクノロジー」

課題名「人工ヘテロシス技術による植物バイオマ
スの多次元増産」

終了報告書

研究開発期間 平成25年10月～平成31年3月

研究開発代表者:持田恵一
(理化学研究所環境資源科学研究セ
ンター、チームリーダー)

○報告書要約 (和文)

研究開発代表研究者 : 理化学研究所環境資源科学研究センター チームリーダー
持田 恵一

研究開発課題名 : 人工ヘテローシス技術による植物バイオマスの多次元増産

1. 研究開発の目的

種を超えた雑種形成による異種ゲノムの融合とゲノム倍数化は、植物ではしばしば形態的・生理的強勢を示す「雑種」を生む。強勢現象をもたらしている因子を特定することができれば、植物を強勢状態にすることで生産性を向上し、炭素資源としての有用形質を複数同時に付与することが可能となると期待できる。本研究では、異質倍数性植物のシステム生物学を展開し強勢現象に関わる遺伝子の同定を進め、植物の強勢状態を人為的に作り出す技術の開発を目指す。これにより、植物の生産性を向上することで、バイオ素材やバイオマスエネルギーのコスト削減や植物を介した二酸化炭素の資源化に貢献し、二酸化炭素の排出量を抑えた資源・エネルギー開発に貢献することを目的とする。

2. 研究開発の概要

(1)内容: 本研究では、植物の異質倍数体が示す環境適応性や植物体の大きさ等の植物バイオマスの生産性を向上させることを目指して研究を進める。特に、数学や情報科学と植物科学を融合したアプローチにより、異質倍数体種の有用形質に関わる遺伝子の推定を行うとともに、これらの遺伝子による有用形質の人為的な誘発や制御を検証し、植物の生産性を向上させる技術の開発に取り組む。

(2)成果: 温帯産の草本植物であるヤマカモジグサ属植物の異質倍数体種(*Brachypodium hybridum*)およびその祖先種(*B. stacei*)の全ゲノムを解読した。その全ゲノム情報に基づき、それぞれの祖先ゲノムにコードされる同祖遺伝子の発現を個別に調べることを可能にし、高温ストレス環境への適応性に関わると考えられる祖先ゲノム特異的な高温ストレスへの応答を明らかにした(Takahagi et al. GigaScience 2018)。また、異質倍数体種(*B. hybridum*)と祖先二倍体種の一つであるミナトカモジグサの時系列トランスクリプトームを明らかにするとともに、統計学者らで構成される九州大学グループと連携して、スパースモデリングによる遺伝子制御ネットワークを推定する手法(GroupSCAD 法)を開発した(Koda et al. Frontier. Plant Sci. 2017)。この GroupSCAD 法を用いて *B. hybridum* とミナトカモジグサの遺伝子制御ネットワークを推定し、倍数体種において特徴的なネットワークのハブとなる遺伝子を推定した。また、*B. hybridum* とその祖先種およびミナトカモジグサの同質倍数体の日周期トランスクリプトームを詳細に比較解析し、異質倍数体種における生じる同祖遺伝子の発現変動が、同祖ゲノム間のトランス制御によることを示唆した(Inoue and Takahagi et al. NAR Genomics and Bioinformatics 2020)。

(3)今後の展開: 本研究で確立した解析手法を、他の雑種植物からの有用遺伝子の探索等に応用する。特に、雑種が示す収量増加やストレス耐性に関わる遺伝子の同定をすすめて、植物の生産性の向上に資する研究を展開する。

○Report summary (English)

Principal investigator: Keiichi Mochida, RIKEN Center for Sustainable Resource Science Team Leader

R & D title: Multidimensional improvement of plant biomass productivity based on artificially induced heterosis technology

1. Purpose of R & D

Interspecific hybridization and subsequent genome duplication (allopolyploidization) generates hybrid species which can often show morphological and physiological vigor. Factors associated with such growth vigor observed in hybrid plants may enable us to improve plant productivity, and develop plants with multiple traits effective for carbon storage and utilization. Through systems biology-based approach in allopolyploid species to identify genetic factors associated with their vigorous traits, the research project aims to develop a technology to artificially generate plants with vigor traits. By improving plant productivity with genes from allopolyploid species, the research aims to contribute to reducing the cost of bio-resources such as bio-based materials and bio fuels, and resource and energy development by bio-based low carbon technologies.

2. Outline of R & D

(1) Contents: This research aims to develop technologies that improve plant biomass productivity such as plant size and environmental adaptation ability, which are often enhanced in allopolyploid plant species. Through our combinatorial approach of plant sciences and information science including mathematics, we try to identify useful genes associated with vigor of useful traits, and develop technologies to improve plant productivity through analyzing the function of the genes to identify the potential for artificial induction or regulation of vigor traits.

(2) Achievements: We deciphered a whole-genome sequence of an allopolyploid grass species, *Brachypodium hybridum* and one of its ancestors, *B. stacei* in *Brachypodium*, a genus of temperate grasses. With the genomic information of the *Brachypodium* plants, we provided information resources that enable us to examine homoeolog specific expression patterns in *B. hybridum*, and revealed its ancestral genome specific gene expression in response to heat stress conditions, which may presumably be associated with heat stress tolerance in *B. hybridum* (Takahagi et al. *GigaScience* 2018). Moreover, we performed comparative analyses of time-series transcriptome of a diploid ancestor, *B. distachyon* and the allopolyploid, *B. hybridum*, and developed a method to infer gene regulatory networks based on sparse modeling (GroupSCAD) through our collaboration with the Kyusyu Univ. group (Koda et al. *Front. Plant. Sci.* 2017). With the GroupSCAD method, we inferred GRNs in the diploid ancestor and the allopolyploid, and estimated hub genes which form particular networks in the allopolyploid compared with the diploid. Moreover, we analyzed the diurnal transcriptomes of the natural allopolyploid *B. hybridum* and its diploid progenitor species, *B. distachyon* and *B. stacei*, as well as an artificially induced *B. distachyon* autotetraploid, and suggested gene expression regulation by a trans-regulated feedback mechanism between homoeo-genomes in allopolyploids (Inoue and Takahagi et al. *NAR Genomics and Bioinformatics* 2020)

(3) Future developments: The methods developed in this study will be applied to explore useful genes from other hybrid plants and crops. Particularly, further identifying genes associated with better yield and stress tolerance in hybrid species, gene discovery from hybrids and allopolyploids will contribute to improve plant productivity toward low-carbon societies.