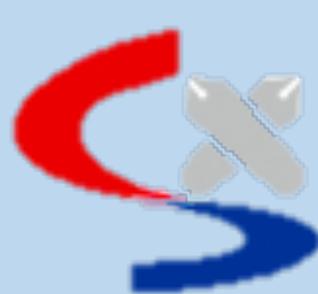


# シロイヌナズナの大規模トランスクリプトーム解析から 明らかになった濃度依存的な植物ホルモン間相互作用



○富田敦幹<sup>1,2</sup>, 前田太郎<sup>2,3</sup>, 森山(毛利)奈津美<sup>3</sup>, 野村康之<sup>3</sup>, 栗田悠子<sup>3</sup>, 鹿島誠<sup>4</sup>, 富田勝<sup>1,2</sup>, 別役重之<sup>5</sup>, 永野惇<sup>2,3,5</sup>

<sup>1</sup>慶應大・環境情報, <sup>2</sup>慶應大・先端生命研, <sup>3</sup>龍谷大・食農研, <sup>4</sup>青山学院大・理工学部, <sup>5</sup>龍谷大・農学部

Email: t20558at@sfc.keio.ac.jp

**概要 :** ジャスモン酸(JA)は虫害や傷害に対する応答を制御し, サリチル酸(SA)は寄生菌などに対する病害応答を制御する植物ホルモンである。本研究では、JA-SA濃度依存的な発現応答を明らかにする目的で、JAとSAを64通りの組み合わせ濃度(8×8条件, 768サンプル)で添加し、処理後2時間後と6時間後におけるシロイヌナズナ(*Arabidopsis thaliana*)の幼植物体計768サンプルのRNA-Seq解析を行った。その結果、特定の濃度組み合わせに特異的な応答を含む、多様な応答パターンを持つ遺伝子が存在することが見出された。また、JAまたはSAが高濃度に添加されたサンプルでは、もう一方の植物ホルモンの濃度にかかわらず、類似した応答を示すという興味深い現象を捉えた。JA経路とSA経路の相互作用は植物の防御応答制御に重要であり、外敵環境に合わせた防御反応の使い分けや、病原菌感染時の葉における過敏性細胞死へ寄与すると考えられている。近年の研究では、防御応答反応の制御においては、JAとSAの濃度の組み合わせが重要である可能性が示唆されていた。しかし、先行研究の多くは、JA・SA存在時/非存在時の定性的な比較に留まり、JA-SA濃度の定量的影響はほとんど明らかにされていなかった。今回の結果は、植物ホルモン応答やそれらの相互作用の理解において、ホルモン濃度の定量的な視点が重要であることを示している。今後は、発現情報や変異体により、JA-SA濃度依存性遺伝子の機能解析や上流の制御因子の絞り込みなどを行なう予定である。

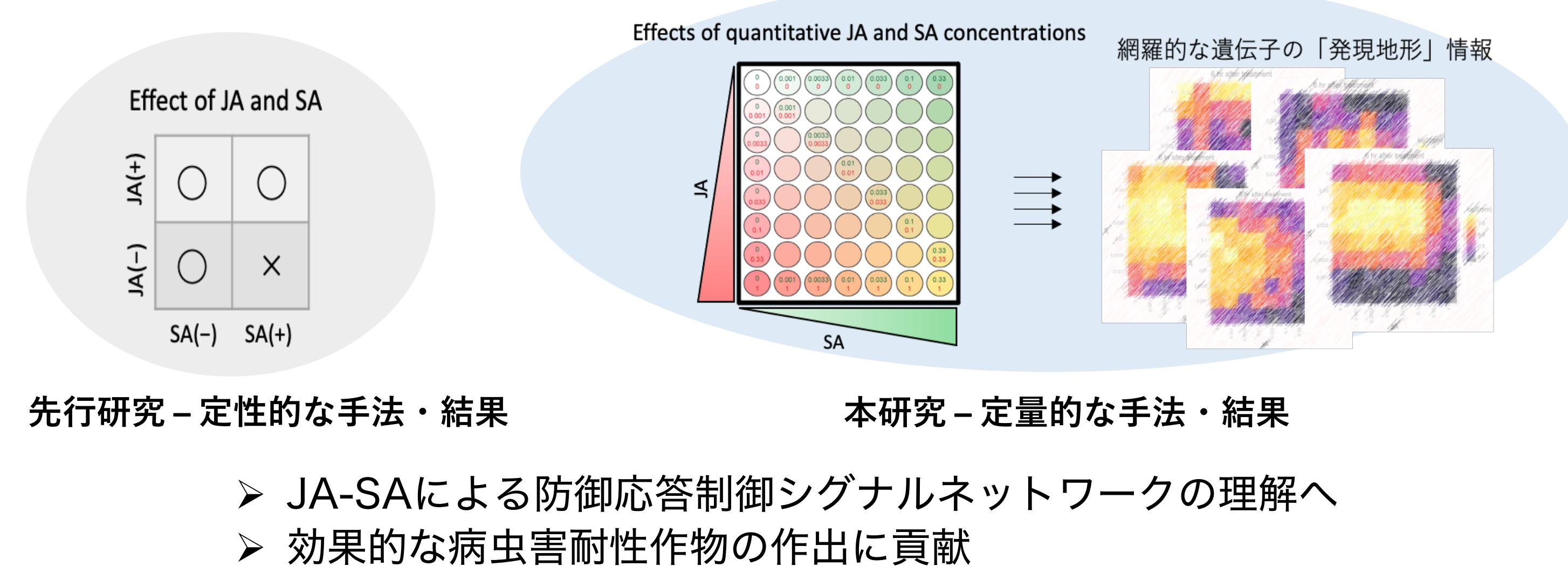
## 背景

### Jasmonic acid(JA)とSalicylic acid(SA)

- ジャスモン酸(JA)は壊死性病原体や、虫害による傷害に対する応答に関わる<sup>1</sup>
- サリチル酸(SA)は寄生菌の感染に対する応答(全身獲得抵抗性、過敏反応)に関わる<sup>2</sup>
- 植物は遭遇した外敵に合わせて防御反応を微調整している<sup>3</sup>
- 過敏反応部位の周辺細胞でSAとJAが同心円上に活性化<sup>4</sup>
- JAとSAの拮抗作用<sup>5</sup>は広く知られているが、JA-SA濃度の定量的影響は不明。

## 目的

“64つのJA-SA濃度条件下のシロイヌナズナのトランスクリプトーム解析により  
JA-SA濃度依存的な応答を明らかにする。”

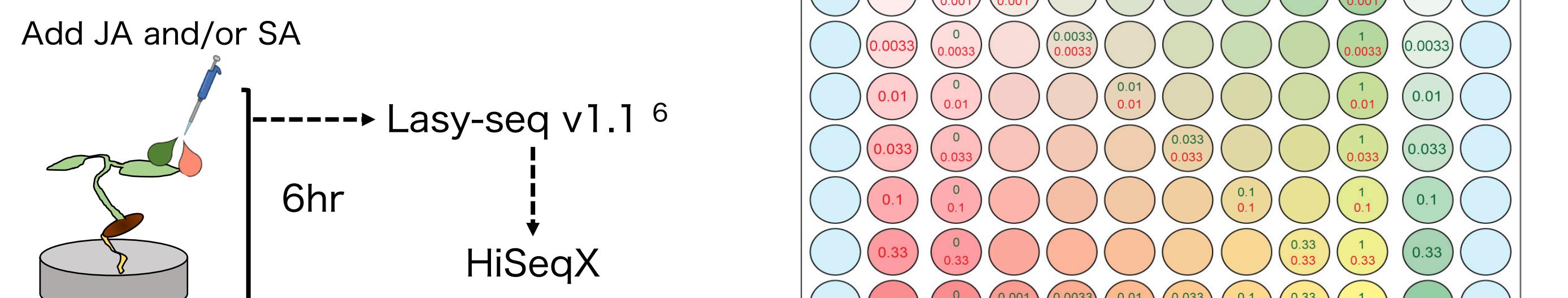


## まとめ

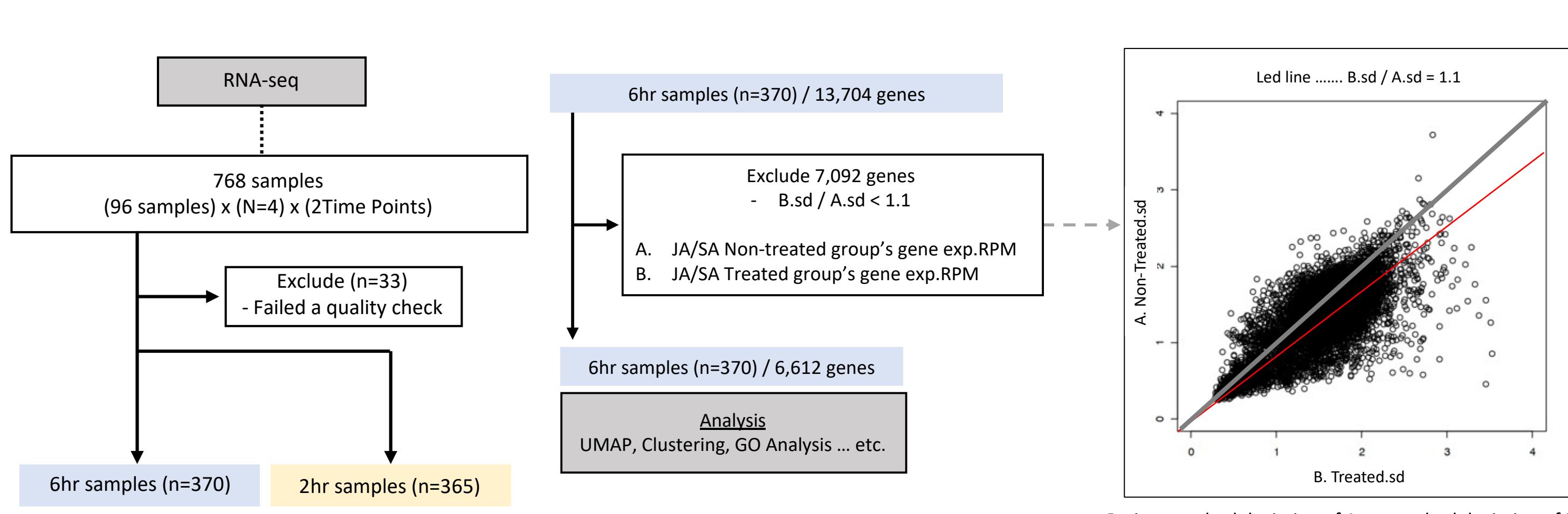
- 多様な発現パターンを示す遺伝子が存在することが示された
- 特定のJA/SA濃度に特異的に亢進される遺伝子の存在を確認
- JA-SA相互作用の理解には、定量的なホルモン濃度の視点が重要
- 高濃度のJA or SAはシロイヌナズナの応答を大きく変動させる
- 今後、遺伝子を発現地形ごと正確に分類→共通機能やシス配列をみる

## 手法

### ホルモン処理とRNA-Seq



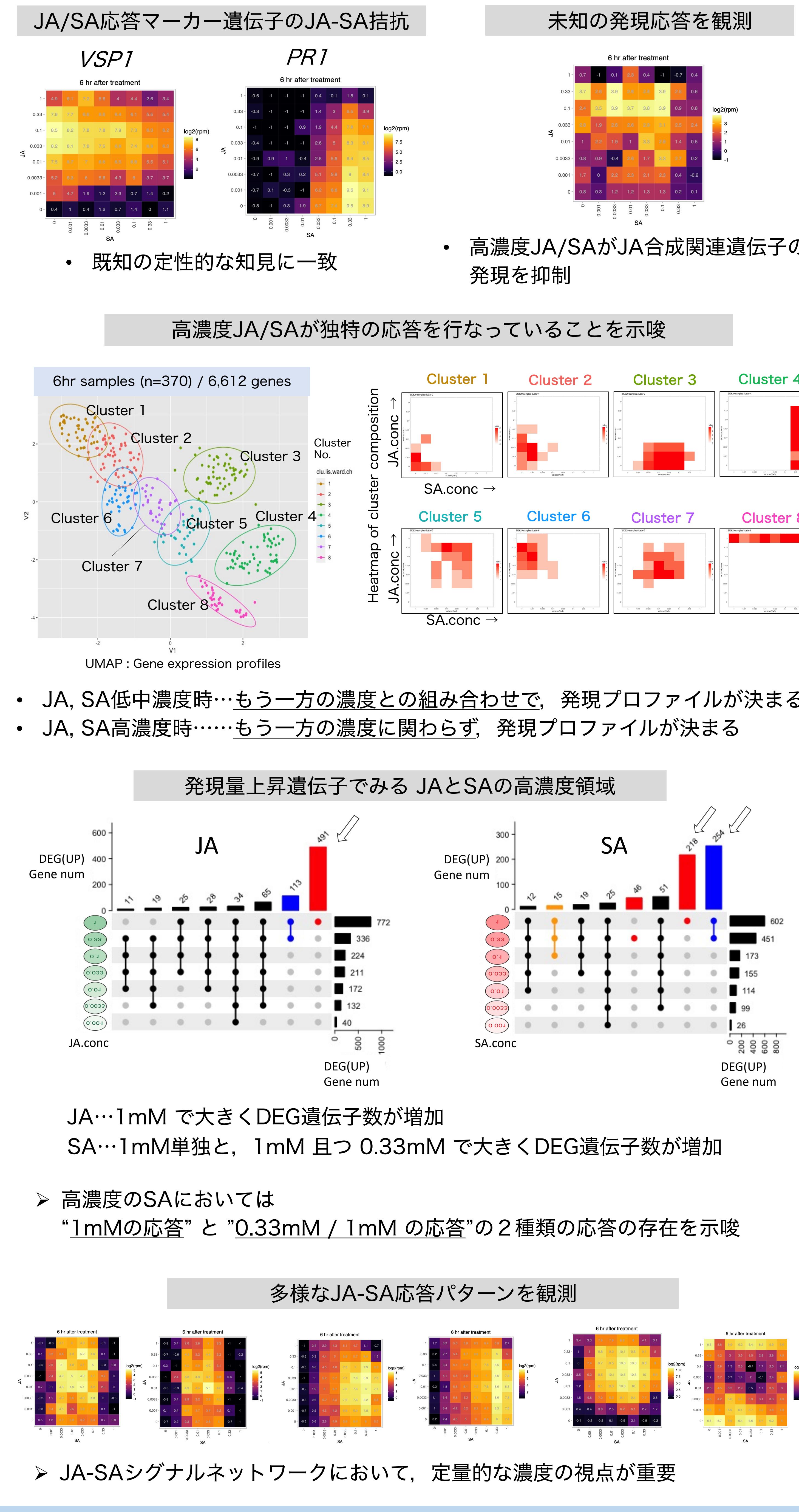
## フィルタリング



## 参考文献

1. W. W. Annu Rev Phytopathol. 2008;59:41–66.  
2. Maruri-López I, Aviles-Baltazar NY, Buchala A, Serrano M. Front Plant Sci. 2019;0:423.  
3. Reymond P, Farmer EE. Curr Opin Plant Biol. 1998;1:404–411.  
4. Betsuyaku S, Katou S, Takebayashi Y, Sakakibara H, Nomura N, Fukuda H. Plant Cell Physiol. 2018;59(1):8–16.  
5. Glazebrook J. Annu Rev Phytopathol. 2005;43:205–27.  
6. Kamitani M, Kashima M, Tezuka A, Nagano AJ. Sci Rep. 2019;9(1):1–14.

## 結果



## 今後の展望

- ★発現地形ごとに共通の機能やシス配列が存在するかを調べる  
遺伝子を発現地形ごと正確に分類 → Affinity Propagation によるクラスタリング

## 謝辞

本研究の一部は慶應大・教育奨励基金によった。 慶應大・教育奨励基金

