

ALCA-Next

「グリーンバイオテクノロジー」領域

2024 年度 年次報告書

2023 年度採択

[研究開発代表者名:藤原 すみれ]

[産業技術総合研究所生物プロセス研究部門 研究グループ長]

[研究開発課題名:新規シス配列同定技術による実用植物の育種革新]

主たる共同研究者:なし

実施期間 : 2024 年 4 月 1 日～2025 年 3 月 31 日

§1. 研究開発成果の概要

本研究では、植物の転写因子が結合するシス配列の網羅的かつ迅速な同定と、その中から適切な分子育種ターゲットを選定する技術を確立することで、シス配列の制御による分子育種技術を革新し、温室効果ガス排出量削減に広く貢献することを目指す。

2024年度は、本プロジェクトで開発中の新規シス配列同定技術の基盤整備と改良を実施した。当初は転写因子の結合候補配列を十分に得ることが出来ないことが課題となっていたが、ウェットおよびドライ解析の両面の条件検討を行うことで、得られる候補配列数を大幅に増やすことに成功した。従来の結合領域解析手法で良好な解析データが得られることが報告されている転写因子について本技術で解析したところ、従来法に匹敵する結合候補配列数が得られ、既知のシス配列がエンリッチされていることも確認できた。また、従来法では結合配列の解析が困難であった転写因子等についても結合候補配列を同定することができた。その中にはこれまで報告のない制御経路を示唆する物もあり、今後さらなる解析を進めることで学術的に重要な知見が得られ、温室効果ガス排出量削減に資する展開につながることを期待される。一方で、本手法では良好な結果が得られていない転写因子も存在しており、各転写因子や結合配列ごとに様々な要因が関与していると考えられることから、今後さらに解析対象の転写因子の種類を増やし、解析条件を各種検討することで、信頼性と汎用性の高い技術の確立を目指していく。

上記解析はシロイヌナズナの転写因子に対して実施しているが、この先の応用展開に向け、他の各種実用植物についても解析を開始した。解析対象とする転写因子のクローニングとコンストラクト作製、使用するライブラリーの調製などを進めた。また、その中で、これまで当該植物で未同定だった重要転写制御因子の単離と機能解析に成功した。

【代表的な原著論文情報】

なし