

機能ゲノミクスを用いたエレオカリス(*Eleocharis vivipara*)における

## 光合成変換機構関連遺伝子の解析

吉田侃生・佐藤稜真・齋藤和幸・上野修・東江栄

(九州大学大学院生物資源環境科学府)

**Analysis of genes related to photosynthetic conversion mechanism in *Eleocharis vivipara* using functional genomics**

Naoki Yoshida, Ryoma Sato, Kazuyuki Saito, Osamu Ueno and Sakae Agarie

(Graduate School of Bioresource and Bioenvironmental Sciences, Kyushu University)

【背景】*Eleocharis vivipara*(以下, エレオカリス)は水中では C3 型, 気相では C4 型光合成を行う。光合成型の相互変換には植物ホルモンが関与している。水生型に対してアブシジン酸を処理すると, クランツ型葉構造を発達させ C4 型の生化学特性を示した。また陸生型にジベレリン(GA)を処理すると, C4 光合成酵素の活性は陸生型と同等であるが, 気相中で水生型の稈に似た組織を分化させる。このように両光合成型の発現調節機構を研究するモデル植物として有用である。しかし, 本植物のゲノムや遺伝子発現は十分に解明されていない。そこで本研究ではクランツ型葉構造の制御メカニズムの解明に向け, ショートリードに対応したアセンブラを用いたゲノムデータの構築, 及び陸生型に GA を処理した稈に発現する遺伝子を RNA-Seq を用いて網羅的に解析をした。

【材料および方法】エレオカリスの DNA は一部改良した CTAB 法で抽出した。de novo ゲノムアセンブリは佐藤ら(2022)に従った。RNA-seq に用いるエレオカリスは, 陸生型の地上部を地表面から約 2cm で切除し, 150  $\mu$  M GA を処理した。朝晩 2 回 GA を噴霧し, 対照区には蒸留水を噴霧した。先端に稈を新しく分化させる直前の植物体を採取した。RNA は CTAB 法と AGPC 法を組み合わせた抽出を行なった。次世代シーケンサー NovaSeq(illumina)を用いたペアエンドシーケンスを行い, 得られた 150bp 程度のリードを遺伝子発現解析に用いた。

【結果および考察】ゲノムアセンブルの結果, 総塩基長約 273Mb の 451596 本の新規ゲノム配列が得られた。トランスクリプトーム解析の結果, GA 処理により 3305 個の遺伝子の発現が有意に変動した。その内, 発現量が増加した遺伝子は 1217 個で, 逆に発現量が減少した遺伝子は 2087 個であった。発現変動遺伝子の中にはジベレリン応答性遺伝子 GID1C-like タンパクの他, クランツ形成に関与すると知られている SCAR 遺伝子が含まれていた。また, エンリッチメント解析の結果から, 遺伝子オントロジーで機能ごとに分類された 78 の遺伝子群の割合が GA によって変化しており, 特に細胞構成要素, 細胞レベルの代謝プロセスに関する機能が大きく変化することが明らかになった。講演では RT-PCR の結果も合わせ光合成変換に関わる遺伝子発現調節機構を考察する。