

環境変動を生き抜くために種子が獲得した環境記憶を明らかに！！**“種子の記憶”を利用した、地球環境変動下における新しい食料生産技術の構築へ****ポイント**

- ① 環境変動下で生産される種子のその後の成長については不明であった
- ② 登熟環境^{*1}が種子内へ記憶されるメカニズムを解明し、環境ストレス耐性や収量性向上に
与えることを発見
- ③ 環境記憶種子を利用した新たな食料生産が期待される

概要

近年、地球温暖化により登熟期の高温が頻発し、イネの収量・品質低下が課題となっており、これは「令和の米騒動」の要因の一つとされています。一方で、登熟期の環境が、次世代植物の発育や農業形質にまで影響するのか、また影響する場合その分子メカニズムは十分にわかっていませんでした。とくに、環境情報が次世代に伝わる実態を圃場レベルの形質まで結びつけた議論は、食料生産現場において重要課題となっていました。

本研究は、イネの登熟期の高温が、種子に DNA メチル化^{*2}を介した“エピジェネティック^{*3}記憶”を形成し、その記憶が後代の遺伝子発現と農業形質（収量を含む）を変えするという新たな仕組みを解明しました。

九州大学大学院農学研究院の Suriyasak Chetphilin 助教および石橋勇志教授らの研究グループは、イネの登熟期に適温区と高温区で成熟させた種子を育成し、種子の DNA メチル化状態と、その種子から育った後代作物の遺伝子発現および農業形質を調査しました。

その結果、高温で成熟した種子では多数の DNA メチル化差領域が検出され、後代作物において多数の遺伝子が発現変動していました。さらに後代作物は、分げつ数の増加、高い気孔密度、早期出穂、早朝開花といった形質変化を示し、高温ストレス耐性を有することが明らかとなりました。また、圃場試験により、高温登熟種子由来の後代作物は、収量が約 10%高いことを確認しました。加えて、同形質に関わる候補遺伝子について、プロモーター領域^{*4}の DNA メチル化変化と遺伝子発現変化が整合すること、さらに、種子で生じた DNA メチル化が後代作物の器官でも維持されることも併せて確認されました。

本成果は、気候変動下で増大する高温ストレスに対し、“種子のエピゲノム記憶”を利用して後代の農業形質を有利に導くという新しい方向性を提示します。遺伝子配列を改変せずとも、種子形成期の環境設計によって形質を調整できる可能性があり、将来的には地球環境適応型の栽培設計、採種・育苗工程の最適化、収量安定化技術への応用が期待されます。

本研究成果は国際学術雑誌「Plant Physiology」に 2026 年 4 月 22 日（水）にオンライン掲載されました。

研究者からひとこと：

地球環境変動による食料生産の不安定化は世界的な共通課題であり、食料の安定生産技術の構築は待ったなしの状況です。今回明らかとなった環境により制御されたエピゲノム種子は、植物の環境適応戦略の一つとして考えられますが、遺伝子を組み換えることなく、従来作物が持っているポテンシャルを最大化できる点で、すべての農作物に適応できる可能性があります。日本発の「エピゲノム種子」から世界の食料生産課題に挑戦します。（石橋勇志）



【研究の背景と経緯】

地球温暖化に伴う高温ストレスは、主要作物の収量低下を招く要因であり、とりわけイネでは登熟期の高温が、白未熟粒^{※5}の増加など品質・収量の低下を引き起こすことが知られ、「令和の米騒動」も記憶に新しいところです。一方で、動くことができない農作物は、その場の環境に適応しながら、子孫（種子）を残しますが、登熟期に高温環境で形成された種子が、次世代（その種子から育つ植物）の生育・生理・農業形質にどのような影響を与えるかについては、十分に解明されていませんでした。植物では、親世代が受けた環境ストレスの情報が、子孫世代の応答性に影響し得る「環境ストレスメモリー」が報告されており、その分子基盤として DNA メチル化などのエピジェネティック修飾が注目されています。本研究グループはこれまで、登熟期の高温が種子の DNA メチル化を変化させ、発芽や後続の生理に影響する可能性を示してきました。そこで本研究では、登熟期の高温による“種子のエピゲノム記憶”が、次世代の形質（環境ストレス耐性など）と子実収量にまで波及するのかを、ゲノムワイド解析と圃場評価を組み合わせて検証しました。

【研究の内容と成果】

本研究では、イネ品種「日本晴」を用い、開花後の登熟期間を対照区（CS）または高温区（HDS）で成熟させた種子を作製し、種子の DNA メチローム解析（WGBS）、次世代作物のトランスクリプトーム解析（RNA-seq）、農業形質および圃場での収量調査を実施しました。WGBS により、HDS 種子では全体として DNA メチル化が約 1~1.5%上昇し、HDS/CS 間で 457 の差次的メチル化領域（DMR）を同定しました。DMR は主に遺伝子のプロモーター領域およびトランスポゾンに分布し、GO 解析^{※6}では酸化還元応答（ROS 代謝、過酸化水素分解、抗酸化活性など）に関連する遺伝子群が濃縮しました。同一の自然条件下で育成した次世代作物の葉における RNA-seq 解析から、2,848 の発現変動遺伝子を検出しました。光合成関連、植物ホルモン応答、環境ストレス応答、抗酸化関連遺伝子などが大きく変動していました。表現型としては、HDS 由来個体は、草丈が低く分げつが多い、気孔密度が高い、出穂が早いことに加え、日周の小花開花時刻が約 1 時間早まることが示され、特に早朝開花性は、高温ストレスによる子実不稔を回避する重要な形質です。

さらに、これらの形質に対応する遺伝子として、分げつ抑制因子、気孔分化抑制因子は低下し、出穂制御因子および開花制御因子は上昇するなど、形質変化と整合的な転写変動が確認されました。加えて、MeDIP-qPCR^{※7}により、HDS 種子では抑制因子のプロモーター領域が高メチル化、制御因子のプロモーター領域が低メチル化であることを確認し、これらのメチル化状態が、次世代の器官（根・幼苗・葉・鱗被）でも維持され、遺伝子発現変化と対応することが示されました。

すなわち、登熟期高温で形成された種子に生じた DNA メチル化が、次世代の発育・生理・繁殖形質を方向づける“種子のエピゲノム記憶”として機能する可能性が支持されました。

最後に、フィールドを用いた圃場試験では、HDS 由来個体の収量が CS より約 10%高く、収量構成要素として穂数の増加が主要因でした。

【今後の展開】

本研究は、登熟期高温が「その年の収量（生産性）」だけでなく、次世代の形質・収量にまで影響し得ることを、DNA メチローム解析・トランスクリプトーム解析・圃場収量を統合的にふまえて示しました。一方で、DNA メチル化の制御機構や、DMR と発現変動の対応関係を一般化するための規則性の解明は今後の課題です。今後は、品種間差や実用化を見据えたエピゲノム変動の安定性検証を進めることで、遺伝子改変に依存しない“種子のエピゲノム記憶”を活用した形質改善・安定生産技術への展開が期待されます。

なお、すでにイネ以外の農作物においても、本現象を確認しており、エピゲノム制御種子を利用した

新しい食料生産技術の構築が急がれます。

さらに、現在、野菜の種子（採種）は 90% 海外依存です。本技術を新たな種子品質保証技術へと転換することで、日本発の質の高い種子供給産業の創出へと繋げていきたいと考えています。

【用語解説】

(※1) 登熟環境

開花・受粉後、子実が成長・発達する期間の環境を示し、昨今の地球温暖化による高温登熟は水稻の子実品質や収量を著しく低下させることが知られている。

(※2) DNA メチル化

DNA 塩基のシトシン (C) にメチル基 ($-CH_3$) が付加された状態を示す。植物では主に CG、CHG、CHH (H = A/T/C) で生じ、遺伝子発現制御に関与する。一般に、プロモーター近傍の高/低メチル化は転写因子結合やクロマチン状態を介して遺伝子発現を制御する一方、環境ストレスなどによりメチル化パターンが再編成され、一定期間維持されることで“記憶”として働く場合がある。

(※3) エピジェネティック

DNA 塩基配列の変化を伴わずに、遺伝子の働き方を制御し、細胞・組織の状態や表現型に影響を及ぼす現象。代表的な分子基盤として、DNA メチル化、ヒストン修飾、クロマチンリモデリング、小分子 RNA (siRNA など) による転写/転写後制御などが挙げられる。

(※4) プロモーター領域

転写開始点 (TSS) 周辺に位置し、RNA ポリメラーゼ II のリクルートや転写開始頻度を規定する領域。一般に TSS 上流の一定範囲 (例: 数百 bp ~ 数 kb) を指し、転写因子結合配列、コアプロモーター要素などを含み遺伝子発現制御に関わる。

(※5) 白未熟粒

イネにおける登熟期の高温や環境ストレスにより、子実内のデンプン蓄積が不十分となり白濁した米粒。近年の高温により玄米品質を低下させる要因の一つである。

(※6) GO 解析 (Gene ontology 解析)

RNA-seq など抽出した有意に変動した遺伝子を、生物学的な機能で分けた遺伝子群 (GO terms) にグループ化し、機能を分類・評価する方法。

(※7) MeDIP-qPCR (Methylated DNA Immunoprecipitation qPCR)

5-メチルシトシン抗体を用いてメチル化された DNA 断片を分離し、qPCR で特定のゲノム領域のメチル化レベルを定量する手法。

【謝辞】

本研究は JSPS 科研費 (JP18J20784, JP20H02971, JP23K26889, JP24H02255)、JST 未来社会創造事業 (JPMJMI21E3) の助成を受けたものです。

【論文情報】

掲載誌: Plant Physiology

タイトル: Grain maturing temperature induces seed epi-memory via DNA methylation for subsequent development in rice.

著者名: Chetphilin Suriyasak, Yui Oyama, Ryusuke Kawaguchi, Ryo Matsumoto, Yuta Sawada, Wun-Jin Chen, Hue Thi Nang, Norimitsu Hamaoka, Yushi Ishibashi

D O I : 10.1093/plphys/kiag219

【お問合せ先】

<研究に関すること>

九州大学大学院 農学研究院 教授 石橋勇志（イシバシ ユウシ）

TEL：092-802-4556 FAX：092-802-4556

Mail：yushi@agr.kyushu-u.ac.jp

<報道に関すること>

九州大学 広報課

TEL：092-802-2130 FAX：092-802-2139

Mail：koho@jimu.kyushu-u.ac.jp

Kyushu
University **VISION 2030**
総合知で社会変革を牽引する大学へ