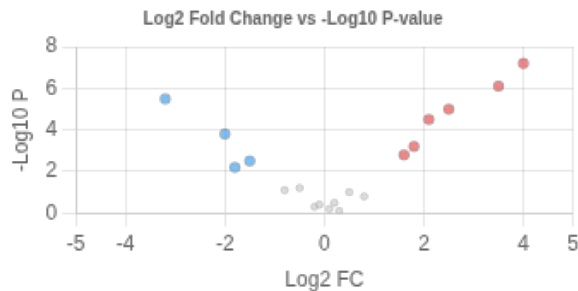


2025年度 研究成果報告 植物ストレス応答における転写因子の機能解析

2026年2月20日
〇〇大学 生命環境系 教授 佐藤 明子

【研究目的】 乾燥および塩ストレス下で特異的に誘導される新規転写因子 TF-X に着目し、その標的遺伝子群の網羅的同定と、植物個体における生理学的機能（耐性獲得メカニズム）を解明する。

1. 網羅的発現解析 (RNA-seq)



TF-X過剰発現体において、浸透圧応答遺伝子群（*LEA*, *P5CS*等）の発現が有意に上昇（FDR < 0.05, Log2FC > 1.5）。

2. 結合領域解析 (ChIP-seq)

ACGT box

プロモーター領域におけるTF-X結合ピークを検出。De novoモチーフ解析により、コア配列としてACGTモチーフを同定。

結合ターゲット遺伝子のGO解析では、「代謝プロセス」「浸透圧調整」に関連する項目のエンリッチメントを確認。

3. ストレス耐性評価

遺伝子型	生存率 (乾燥14日)	電解質漏出 (%)
WT (〇〇〇)	42.5%	65.2 ± 4.1
TF-X OX	60.8%	32.4 ± 3.5
tfx mutant	18.2%	88.1 ± 5.2

TF-X過剰発現体(OX)は乾燥処理後の生存率が野生型比で約18%向上。細胞膜傷害の指標である電解質漏出も有意に抑制された。

考察と今後の課題

【考察】 TF-XはACGTモチーフを介して浸透圧調整遺伝子群を直接制御するマスターレギュレーターとして機能し、細胞レベルでの保水力向上に寄与していると考えられる。

【課題】

- 相互作用因子の同定（質量分析・酵母two-hybrid法）
- 実用作物（コムギ・イネ）への導入とフィールド条件下での収量トレードオフ評価

謝辞

本研究はJSPS科研費 JP24K12345 (基盤B) および筑波大学学内プロジェクト「次世代食料」の助成を受けて実施されました。
実験協力：生命環境系 テクニカルスタッフ各位、共同研究者 〇〇博士