

# Genome-wide identification of genes associated with enhanced carbon secretion in cluster roots of *Lupinus albus* L

## Plant & Cell Physiology, pcaf127

Kiyotoshi Hanashiro, Sho Nishida, Takuo Enomoto, Yong-Gen Yin<sup>5</sup>, Nobuo Suzui, Yuta Miyoshi, Yusaku Noda<sup>5</sup>, Kazuyuki Enomoto, Naoki Kawachi, Yusuke Unno, Hayato Maruyama, Akiko Maruo, Ayane Kan, Takuro Shinano and Jun Wasaki

<https://doi.org/10.1093/pcp/pcaf127>

低リン環境に適応した植物は、リン酸を利用しやすくするために有機酸や酸性ホスファターゼを分泌する「クラスター根」をつくる。ホワイトルーピンでは、PETIS 解析によりクラスター根ごとに炭素分泌量が大きく異なることが分かっていました。本研究では、PETIS と RNA-Seq を組み合わせて、分泌量の多い根と少ない根の遺伝子発現を比較しました。その結果、分泌量と相関する遺伝子として 564 個（正の相関）と 135 個（負の相関）が見つかった。特に、リンゴ酸やクエン酸の分泌に関わる可能性のある遺伝子（アルミニウム活性化リンゴ酸輸送体や MATE 輸送体）や、分泌型ホスファターゼ遺伝子が高発現していた。また、大部分のリン酸輸送体遺伝子は一定だが、PHO1;6H のみ高分泌根で強く発現していた。これらの結果から、ホワイトルーピンがリン不足に適応する際の Pi（リン酸）吸収に積極的に関わる候補遺伝子が明らかになった。