

平成 29 年 12 月 8 日

報道関係者各位

国立大学法人 筑波大学

マスクメロンの全遺伝子発現情報をデータベース化

—高品質メロンの開發生産に貢献—

研究成果のポイント

1. 我が国が誇る高級マスクメロン品種の全ゲノム発現遺伝子情報を公開しました。
2. 遺伝子機能情報に基づく品種デザインに必要なアプリケーションツールを開発しました。

国立大学法人筑波大学生命環境系 矢野 亮一助教、江面 浩教授(つくば機能植物イノベーション研究センター長)らは、我が国の高級マスクメロン品種「アールスフェボリット春系 3 号」について、全ゲノム発現遺伝子情報(トランスクリプトーム)を明らかにし、データベース化しました。

基礎的な科学研究の推進のみならず、遺伝子機能の理解に基づく品種デザインを推進するためには、情報集約・発信の中核となる web データベースが必要不可欠です。本研究では、メロンゲノムが持つ約 27,000 遺伝子の発現情報プロファイルを温室栽培環境において、あらゆる組織を網羅する形で収集しました。これらの研究成果を情報データベース化し、当該データベースから遺伝子機能解析を実施するためのアプリケーションツールを、独自の web サイト「Melonet-DB」において開発しました。今後、Meonet-DB は、世界各地の研究者がメロンゲノムに関する情報検索を行うハブ的な情報データベースとなることが期待できます。

本研究の成果は、12 月 4 日(英国時間)に Plant & Cell Physiology 誌オンライン版で先行公開されました。

*本研究の一部は、平成 29 年度科研費若手研究(B)(課題番号:17K17626「メトランスクリプトーム的手法による重要ウリ科作物の植物微生物相互作用の研究」及び、内閣府 戦略的イノベーション創造プログラム(SIP)「次世代農林水産業創造技術」(管理人:生研支援センター)によって実施されました。

研究の背景

近年、我が国が誇る高級マスクメロンは海外でも需要が高まっており、さらに有用な農業形質を付与することによる高品質化と栽培コスト削減が求められています。ゲノムと遺伝子に関する情報は、育種や品種デザインにおいてもっとも基礎的かつ必要不可欠な知見であり、データベースサイトの開発は国内の育種家や研究者に有用な知見をもたらすだけでなく、世界的な情報発信ハブとしてのプレゼンス確立に重要な意味を持ちます。今回、本研究グループは我が国の高級マスクメロン品種「アールスフェボリット春系 3 号」を対象として、全ゲノムの発現遺伝子情報を温室栽培環境において網羅的に収集し、データベース化してインターネット上で公開しました(Melonet-DB; <http://melonet-db.agbi.tsukuba.ac.jp/>)。また、当該データベースから遺伝子機能情報に関わる知見を抽出して解析するためのアプリケーションツールを開発しました。

研究内容と成果

本研究では、マスクメロンの全ゲノム発現遺伝子情報(トランスクリプトーム情報)^(*注¹)を網羅的に収集し、データベース化する目的で、実際の農業生産現場と同様のハウス栽培環境において高級マスクメロン品種「アールスフェボリット春系 3 号」を育成し、RNA-seq 解析^(*注²)を実施しました。葉、根、茎、果実部を含む全 30 の組織からトランスクリプトーム情報を取得し、共発現解析^(*注³)と呼ばれる情報解析手法によって、メロンの全 27,427 遺伝子を発現パターンに応じて分類することに成功しました。一般的に、高等植物のゲノムには DNA 配列が互いに類似した「ホモログ」と呼ばれる遺伝子群が存在しますが、育種や品種デザインでは、これらホモログの機能的相違あるいは類似性を見分けることが重要です。本研究では、取得したメロンのトランスクリプトーム情報と共発現情報を用いることで、複数のメロン・ホモログ遺伝子間の機能的な違いを、情報学的に分類できることを示しました。

さらに、独自の web データベースサイト「Melonet-DB (<http://melonet-db.agbi.tsukuba.ac.jp/>)」において、上述の遺伝子発現情報を解析するためのアプリケーションツールを開発しました(図 1, 2)。アプリケーションツールの公開によって、幅広い研究者・育種家が情報にアクセスできるだけでなく、メロン研究における世界的な中核データベースサイトとしての貢献が期待されます。

今後の展開

温室栽培環境におけるマスクメロンのトランスクリプトーム情報をさらに収集し、今回開発した Melonet-DB データベースに統合します。温度や気温、水分条件などの環境情報と果実糖度などの有用農業形質に加え、トランスクリプトーム情報などのオミックス情報を統合して情報解析することで、日々の環境変動に対するメロン植物体が環境に対して応答する仕組みと有用農業形質の遺伝的な制御機構を解明します。これにより、AI (人工知能) 温室などの高品質果実安定生産技術や効率的な品種デザイン(スマート育種)を実現するための科学的知見を提供します。

参考図

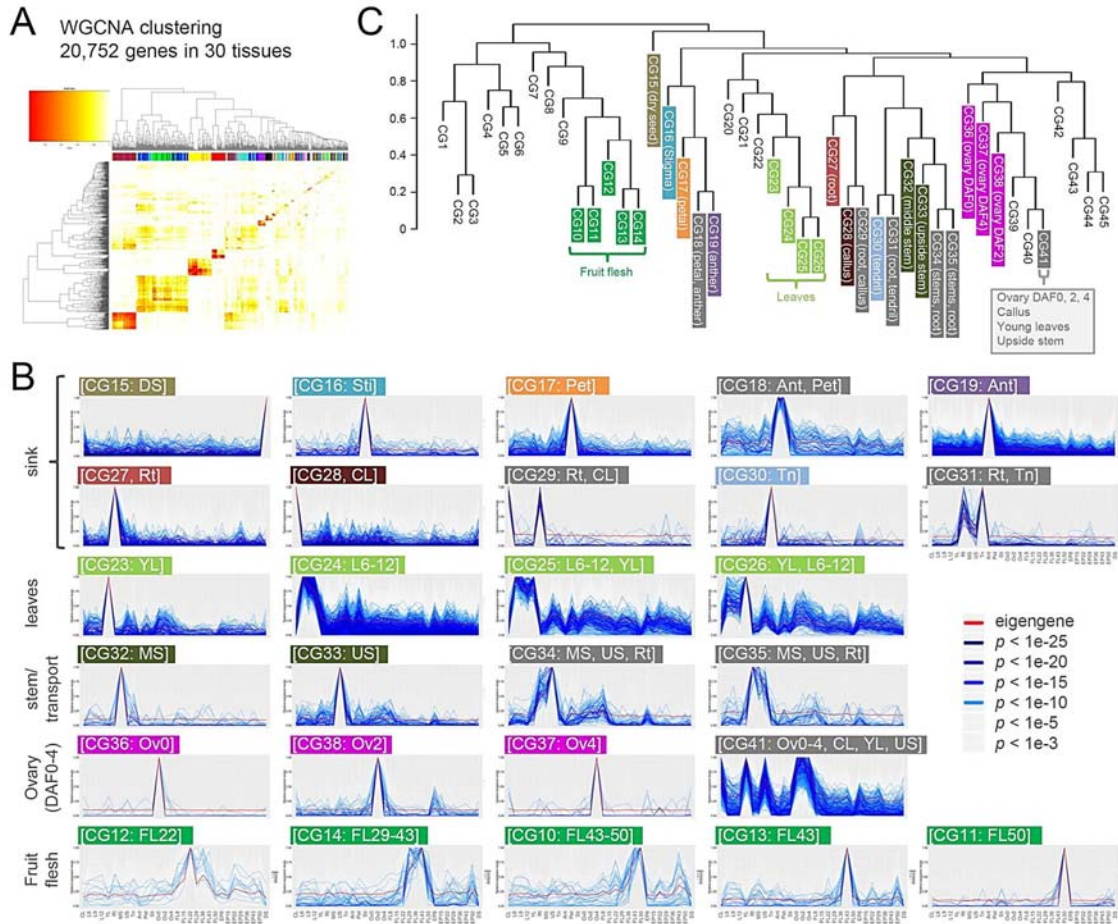


図 1. メロン組織別発現遺伝子情報(トランスクリプトーム情報)のクラスタリング結果

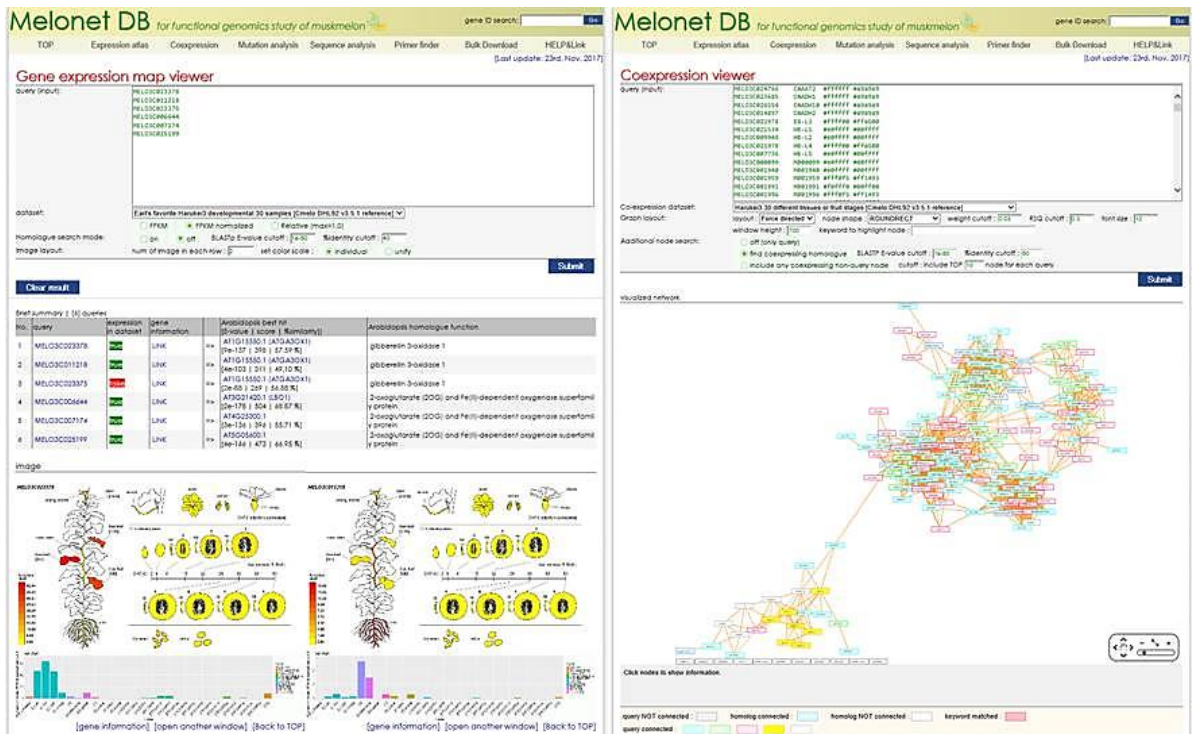


図 2. 新たに公開した発現遺伝子情報解析ツール「Gene expression map viewer」および「Coexpression viewer」

用語解説

注1) トランスクリプトーム解析 : ゲノムに含まれる全ての遺伝子の mRNA 蓄積量を一斉分析する手法

注2) RNA-seq 解析 : トランスクリプトーム解析のための実験手法の一つ。検体組織における mRNA 分子蓄積量を次世代シーケンサーと呼ばれる極めてハイスループットな DNA シーケンシング技術によって解析する。

注3) 共発現解析 : 遺伝子間の mRNA 蓄積パターン(発現パターン)を総当たりで回帰分析し、発現パターンが類似した遺伝子群をグルーピングするための情報解析手法。共発現解析で得られた相関係数情報をネットワーク図示すると、互いに関連し合う遺伝子群が把握できる。

掲載論文

【題名】 Melonet-DB, A Grand RNA-seq Gene Expression Atlas in Melon (*Cucumis melo* L.)
(メロンの発現遺伝子情報データベース「Melonet-DB」の開発)

【著者名】 Ryoichi Yano, Satoko Nonaka, Hiroshi Ezura

【掲載誌】 Plant and Cell Physiology
Doi: 10.1093/pcp/pcx193

問い合わせ先

矢野 亮一(やの りょういち)
筑波大学生命環境系 助教
〒305-8572 茨城県つくば市天王台1-1-1