

高糖性ソルガムを育成するための遺伝子発現プロファイリング

国立研究開発法人農業生物資源研究所作物ゲノム研究ユニット・主任研究員 水野 浩志

■ 目的

ソルガムは日本の栽培環境に適した理想的なバイオエタノールや化学原料となる可能性を秘めている。その理由としては、ソルガムが茎部に糖(シュクロース)を蓄積することがあげられる。糖はエタノールへの変換が容易であり、この特徴はバイオエタノールを生産する上で他の植物には無い最大の利点である。しかしながら、その糖含量を決定する遺伝子については十分に明らかになっていない。

本研究では、ソルガムの糖含量に関わる突然変異体のトランスクリプトーム解析を実施し、高糖性に関わる遺伝子発現の特徴を明らかにする。本研究は将来的に高糖性ソルガムの育成につながると考えている。

■ 方法

ソルガム SIL-05 の中で、糖含量が比較的高い系統と低い系統を各3系統選抜する。それぞれの茎から RNA を抽出し、得られた RNA を cDNA に変換し、次世代型シーケンサー Illumina Hiseq2000 を用いて塩基配列を決定する。得られた各 100 塩基の塩基配列情報を、これまでにソルガムで唯一完全なゲノム配列が明らかになっている品種である BTx623 のゲノム上に Tophat プログラムを用いてマッピングする。更に Cufflinks プログラムで遺伝子モデルを構築し、Cuffdiff プログラムで遺伝子発現量を統計的に計算することで、高糖性と低糖性の系統で発現量が異なる遺伝子を網羅的に明らかにする。さらに塩基配列の相同性から遺伝子の機能を予測し、糖含量を決定する要因を考察する。

■ 結果および考察

糖含量が比較的高い系統と低い系統の各3系統のサンプルから約 2.2Gb ~ 3.4Gb の塩基配列情報を得た。得られた塩基配列情報をもとに遺伝子発現量を統計的に計算したところ、高糖性と低糖性で遺伝子の発現量が統計的に有為異なる遺伝子が 3073 あった。

発現量の異なる遺伝子について、相同性検索により機能予測をおこなった。その結果、代謝に関わる酵素タンパク質、物質輸送に関わるタンパク質、転写因子をコードする遺伝子に発現量の変化が見つかった。酵素タンパク質は直接に糖の生合成または分解に関連する可能性、また、物質輸送に関わるタンパク質は糖の組織間の効率的な移動に関係する可能性がある。転写因子は何らかの外的な変化をとらえて下流の多数の遺伝子発現を制御している可能性が考えられる。糖含量に関わる外的な要因の候補としては、日長や温度による出穂期の変化や乾燥へのストレス応答により遺伝子発現が変化する可能性が考えられる。したがって、今回の解析で見つかった発現量が異なる遺伝子が果たす機能は、糖の生合成のみならず、糖の輸送の効率、外的要因に応答した下流の遺伝子発現制御など様々であり、それらの相乗的な効果として最終的な糖含量が決まると考えた。

本研究におけるタンパク質の機能予測は、主にアラビドプシスまたはイネで相同性の高い遺伝子の機能をもとにした。しかしながら、アラビドプシスとイネはどちらもソルガムのような形で糖(シュクロース)を蓄積しないため、ソルガムでのみ特徴的に発現する遺伝子が含まれると考えている。

■ 結語

ソルガムは、糖を蓄積する茎部において、糖の生合成に関わる酵素、糖の輸送の効率に関わる輸送タンパク質、温度やストレスなど外的要因に応答した下流の遺伝子発現制御に関わる転写因子の遺伝子の発現量が高糖性と低糖性と異なる可能性があり、それらの相乗的な効果として糖含量が決まると考えた。