
トランスクリプトームおよびメタボローム解析による トマトの食味に關与する因子の探索

東京大学大学院農学生命科学研究科・特任教授 朝倉 富子

■ 目的

トマトを乾燥などのストレス条件下で栽培すると、一般のトマトよりも糖度の高く、旨味が増加した果実が作出されることが知られており、塩トマトやフルーツトマトなどとして親しまれている。これらのトマトは特に土壌の塩分濃度を上げることで、水分吸収量を下げ、乾燥ストレスを与える栽培方法がとられている。しかし、この乾燥ストレスにより引き起こされる果実の構成成分の変化がどのように糖度を上げ、旨味を増加させているのか、その分子生物学的アプローチは少ない。本研究ではDNAマイクロアレイを用いた遺伝子の網羅的解析により、果実中の成分変化を遺伝子レベルから説明することを試みた。

■ 方法・結果

高塩濃度下でストレスを与えて栽培したトマト(処理区)と、通常条件下で栽培したトマト(無処理区)をサンプルとして用いた。品種はマイクロトムを使用し、栽培には固形培地耕(ヤシ殻)を利用した養液栽培を用いて肥料濃度を管理した。ストレス処理として液肥(N:P:K:Mg:Ca=2:1:3.7:0.7)に飽和海水塩溶液を添加し、コントロール区では定植から収穫までEC1.2ds/m(デシジーメンズ毎メートル)の液肥のままで栽培した。塩ストレス処理区では70日目以降より飽和食塩水をEC4.0ds/mとなるように添加した。その後、生育状況を見ながら徐々に塩濃度を上昇させ、90日目にはECを8.0ds/mに設定した。給液量は両区とも1株当たり1回50mlを1日6回与えた。110日目にコントロール区と塩ストレス処理区それぞれの非着色果実を収穫し、DNAマイクロアレイ解析に供した。

得られたデータをDFWの正規化法によりクラスタリング解析すると、処理区と無処理区は別々のクラスターを形成する傾向が見られた。そこで、2群間の発現遺伝子をRank Products(RP)法にて比較した。RP法により得られた偽陽性率(FDR)0.05未満の変動遺伝子は、塩ストレスによって発現が上昇したものが225個、及び発現が低下したものが169個であった。これらの遺伝子群をNetaffyxおよびMiBASE Micro-Tom Databaseによりアノテーション解析を行った。さらに、シロイヌナズナなどを含む他の真核生物の遺伝子とトマトのgene chip上のプローブ配列についてホモロジー比較を行い、可能な限り各遺伝子の機能を予測した。次に、DAVIDを用いたGO enrichment analysisにて有意に発現が濃縮されたGOカテゴリーを抽出した。その結果、脂肪酸合成やアミノ酸合成関連遺伝子は塩ストレスによって発現上昇しており、一方で病害応答関連や光応答関連遺伝子群は発現減少している可能性が示唆された。

■ 結語

トマトを塩ストレス条件下で栽培することによって、果実中で発現変動する遺伝子として脂肪酸合成に関わる分子が新たに抽出された。