

---

## カット青果物の貯蔵に伴う遺伝子発現の網羅的解析

農業・食品産業技術総合研究機構食品研究部門・食品流通システムユニット・ユニット長 永田 雅靖

---

### ■ 目的

カット青果物の中で起きている代謝変化の全体像を明らかにするため、カットキャベツを材料として、カット加工後の遺伝子発現変化を、次世代シーケンサーを用いて網羅的解析を行い、新たな品質保持技術の開発に必要な基礎的知見を得ることを目的として実験を行った。

### ■ 方法

フードプロセッサーを用いて、カットキャベツを調製し、10°Cで貯蔵した。貯蔵0日、1日、2日、4日のサンプルからRNAを抽出した。各3品種、3反復のRNAを等量混合して、次世代シーケンサーによるRNA-seq解析を行った。

### ■ 結果および考察

リード配列の85.0～86.5%が44387遺伝子上にマッピングされた。全遺伝子の貯蔵0日から貯蔵4日に至る発現の変化を比較した。

貯蔵に伴って発現量が顕著に上昇する遺伝子として、endoglucanase、proteinase、pathogenesis-related protein、ethylene-responsive transcription factorなど238遺伝子が得られた。一方、発現量が低下する遺伝子として、lipid-transfer protein、sugar transporter、MYB transcription factorなど78遺伝子が得られた。

酵素的褐変では、phenylalanine ammonia-lyase、laccase、エチレン生成では、1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase、1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidaseのアイソザイムの変動を明らかにした。

FPKMが1以上である遺伝子について、DAVIDによるGene ontology解析を行い、Biological Processでは、ubiquitinに関連したタンパク質分解、Cellular Componentsでは、mitochondrion、Molecular Functionでは、proton-transporting ATPase activityが特異的な変動を示した。

MeVを使って、Hierarchical Clusteringのアルゴリズムおよび、Cluster Affinity Search Technique (CAST)アルゴリズムでの解析を行い、遺伝子発現の変化を5つのクラスターに分類した。

### ■ 結語

今回得られた結果により、従来には知られていなかった遺伝群が、カットキャベツの貯蔵に伴って発現変動することが明らかになるとともに、多数の遺伝子が特異的な発現パターンを示すことから、鮮度マーカー遺伝子として使用できる可能性が示され、今後のカット野菜の鮮度保持技術開発研究の基礎となる貴重なデータが得られた。