
カットレタスの貯蔵に伴う遺伝子発現の網羅的解析

(国) 農研機構食品研究部門食品加工流通研究領域・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、カットレタスを材料として、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

包丁を用いて約5 mm幅に切断してカットレタスを調製し、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反復のRNAを等量混合して、次世代シーケンサーNovaSeq 6000を用いて、150 base ペアエンドシーケンサー(約1億リード/検体)解析を行った。

■ 結果および考察

リード配列の98.3~97.9%が45243遺伝子上にマッピングされた。貯蔵に伴って発現量が顕著に上昇する遺伝子として、リグニン形成、多糖類分解、エチレン応答、エチレン生合成、ポリフェノールオキシダーゼ、オートファジー関連遺伝子など1357遺伝子が得られた。一方、発現量が低下する遺伝子として、チトクロムP450酵素、クロロフィルa, b結合タンパク、脱水応答タンパク関連遺伝子など1366遺伝子が得られた。

酵素的褐変では、フェニルアラニンアンモニアリアーゼ、ラッカーゼ(ポリフェノールオキシダーゼ)、エチレン生成では、1-アミノシクロプロパン-1-カルボキシレートシンターゼ、クロロフィル代謝に関しては、クロロフィルa, bバインディングプロテインのアイソザイムの遺伝子発現変化が明らかになった。

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4つのクラスターに分類した。

KEGG Mapperを用いたパスウェイ解析を行い、エネルギー代謝、炭水化物代謝、その他の代謝に関連する酵素遺伝子の発現が特異的に上昇していることを代謝マップ上で可視化した。

■ 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多数の遺伝子が、カットレタスの貯蔵に伴って発現変動することが明らかになった。これらの遺伝子は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、カットレタスの客観的な鮮度評価法の開発につながるだけでなく、将来的にはカットレタスの加工・業務用好適品種の選定や、育種にまで応用が広がるものと期待された。