
トランスオミクスによるナス科植物の果実形成機構の解明

東京大学大学院農学生命科学研究科 生産環境生物学専攻・助教 石森 元幸

■ 目的

ナス科植物にはトマト・ナスなどが含まれ、世界で最も重要な果菜類である。特にナスは日本で古くから栽培されてきた歴史を持つが、近年は栽培面積や消費量が低下傾向にある。ナス科に属する多くの植物種間ではゲノム DNA 配列に関して保存的な領域が複数存在する。しかし、果菜として利用されるトマト・ピーマン・ナスの果実特性は様々な点において大きく異なっている。また、ナス科作物では同一種内においても多様な品種が栽培・利用されている。例えば、ナスでは長ナス・丸ナスのように果実形状や大きさに多様性が見られる。ナス品種間の果実形成の遺伝的差異についての知見は、近年ゲノムワイド関連解析などで報告されるようになってきたが、未だに十分とはいえない。本研究ではナス果実形成に関わるゲノム・トランスクリプトーム・メタボローム・フェノーム(果実形成などの表現型)などを統合的に解析するトランスオミクスの手法を用いて、最終的に遺伝的な果実形成機構と環境との交互作用を明らかにすることを目的とした。本年度はゲノムおよびフェノーム解析を中心に研究を進めることとした。

■ 方法

実験材料には国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・農業生物資源ジーンバンクより分譲された「世界のナス・コアコレクション」を使用した。育苗後、園芸用鉢に植え替え、以後はビニル温室もしくは野外で栽培を行った。鉢を置いた栽培テーブルの直上にタブレット端末を固定し、自作のアプリケーションを使用してインターバル撮影を行った。物体検出アルゴリズム YOLOv7 を使用して検出モデルの訓練を行った。植物体のトラッキングには StrongSORT を用いた。各個体の果実は採取後、新鮮重を電子秤にて計量した。果実形状の解析のためにデジタルカメラを固定した撮影ボックス内にて果実の撮影を行った。撮影した果実画像は OpenCV を使用して二値化した後、scikit-image パッケージを使用して果実輪郭の検出を行った。輪郭線の楕円フーリエ変換には Numpy パッケージを用いた。計算したフーリエ係数を適当な次数まで加算することで形状復元を行った。ゲノム塩基配列の解読には HiSeq X (Illumina) を使用する予定であり、ユーロフィンジェノミクス社に解析を委託した。GWAS にはプログラミング言語 R の RAINBOWR パッケージを使用した。マーカー遺伝子型情報は Miyatake et al. (2019) を使用した。

■ 結果および考察

生育中の植物体のインターバル撮影はビニル温室内で 2022 年 5 月より継続して行い、定植後 1 カ月以内の植物体では識別モデルで容易に個体別の検出が可能であった。本研究によりナスの初期成育量については人手による計測ではなく、撮影画像からの自動解析によるデータ取得の目的を立てることが出来た。実用的には密植栽培下でも計測可能な手法が求められており、対応策を検討していく。有望系統においては人為交配を行い、その両親系統を優先してゲノム解読を進めている。ナスの果実形状などには大きな系統間差異が認められ、撮影画像から楕円フーリエ変換により果実形状の特徴を定量することが出来た。今後は系統間の果実形状の遺伝的多様性を明らかにする必要がある。現在までに果実新鮮重などで GWAS を行っているが、既存の DNA マーカーに加えてよりマーカー数を増やす必要があり、次世代シーケンサーを使用したジェノタイピングを進めている。本研究では主にゲノム及びフェノームについて解析を進めてきたが、トランスクリプトーム・メタボローム・イオノームなど様々なオミクスデータを統合解析し、ナス科果実形成機構の一端に迫ることが期待される。

■ 結語

重要野菜を含むナス科果実の形成機構を明らかにするためにはトランスオミクスによる統合的アプローチが不可欠であり、ナス科植物におけるオミクスデータの取得および解析手法の開発を進めていく必要がある。