

## 2Fa-10

ゲノム及びトランスクリプトーム解析を用いた

アイスプラントの好塩性機構を制御する翻訳・非翻訳領域の機能解明

Functional analysis of untranslated regions in the halophilism of the common ice plant using  
genomic and transcriptomics

佐藤稜真<sup>1</sup>, 党健<sup>1</sup>, 近藤侑梨<sup>1</sup>, John C. Cushman<sup>2</sup>, 東江栄<sup>3</sup>

<sup>1</sup>九州大・院・生物資源環境科学府, <sup>2</sup>ネバダ大・リノ校, <sup>3</sup>九州大・院農学

【背景】アイスプラント (*Mesembryanthemum crystallinum* L.) は、作物の生育を阻害する濃度の NaCl 存在下で成長が促進する好塩性を示す。本研究では、本種ゲノムの特徴及び好塩性の分子メカニズムを明らかにすることを目的とした。

【方法】本種 DNA からゲノムを構築し、その特徴を分析した。また、NaCl 存在下で培養した本種の懸濁培養細胞において発現量が変化する転写産物を同定し、機能並びに関連する代謝系を検討した。さらに、本種の遺伝子発現制御機構に対する長鎖非翻訳 RNA の機能を考察した。

【結果と考察】新規に構築した本種ゲノム配列の全長は約 283 Mb であり、高等植物に保存される遺伝子のうち 93.5% を有していた。ゲノム解析により、34223 種類に及ぶ遺伝子及び反復配列を含む非翻訳領域の特徴を明らかにした。その結果、アイスプラントにのみ存在する、ウイルス応答、原形質流動、及び O-アセチル基転移酵素活性等に関与する遺伝子を見出した。また、100 mM NaCl で 14 日間処理した細胞のトランスクリプトーム解析の結果、1138 個の遺伝子の発現が有意に変動した。そのうち、561 個の遺伝子 (*CYP72A219-like* 等) の発現量が増加し、577 個の遺伝子 (*HEXO2* 等) の発現量が低下した。エンリッチメント解析から、発現変動遺伝子に多く含まれる機能として、酸化ストレス応答、原形質膜、及び FAD 結合等に関連する機能が示された。さらに、発現変動した長鎖非翻訳 RNA のうち 14 個がプロリン脱水素酵素及びシグナルペプチド等をコードする 44 個の mRNA と結合し、標的の発現量を制御することが予測された。以上の結果から、アイスプラントは NaCl 存在下で成長を促進させる独自の機構を有することが示唆された。