

**機能ゲノミクスを用いたアイスプラントの好塩性機構の解明
-非翻訳領域に着目した好塩性関連転写産物の網羅的解析-**

佐藤稜真^{1*M1}・党健^{1 M1}・近藤侑梨^{2 B4}・John C. Cushman³・齋藤和幸⁴・東江栄⁴
(¹九州大学大学院生物資源環境科学府・²九州大学農学部・³ネバダ大学リノ校・
⁴九州大学大学院農学研究院)

Elucidation of the halophilism of ice plant (*Mesembryanthemum crystallinum* L.) using functional genomics – non-coding regions-focused comprehensive analysis of halophilism-related transcripts

Ryoma Sato^{1*M2}, Jing Dang^{1 M1}, Yuri Kondo², John C. Cushman³, Kazuyuki Saito⁴, Sakae Agarie⁴
(¹ Graduate school of Bioresource and Bioenvironmental Sciences, Kyushu University,
²School of Agriculture, Kyushu University, ³Department of Biochemistry and Molecular Biology,
University of Nevada, Reno, ⁴Faculty of Agriculture, Kyushu university)

【背景】アイスプラント(*Mesembryanthemum crystallinum* L.)は、一般的な作物の生育を阻害する塩条件下で成長が促進する好塩性をもつ。本研究では、好塩性のメカニズムを明らかにすることを目的とし、NaCl 存在下で生育したアイスプラントの懸濁培養細胞における転写産物の網羅的解析を行った。NaCl によって発現量が変化する転写産物を同定し、相同性解析及びエンリッチメント解析によって発現差異遺伝子 (Differential Expression Genes: DEGs) の機能を検討した。さらに、NaCl により活性化する代謝系、シグナル伝達系、及び遺伝子発現調節機構の推定を試みた。

【材料及び方法】アイスプラントの胚軸由来カルスを懸濁培養した。100 mM NaCl で処理後 14 日目に細胞を回収して SDS-LiCl 法で RNA を抽出し、次世代シーケンサーNovaSeq(illumina)を用いて、150 bp 程度の短い塩基配列を取得した。解析に使用したソフトウェアは以下のとおりである。転写産物の *de novo* アセンブルには Trinity(v2.9.1)、発現量推定には bowtie2 並びに RSEM、また、発現量比較には DESeq2 (v1.34.0)を用いた。発現変動遺伝子の機能推定には diamond(v2.0.13)及び hmmscan(v3.1b2)を用い、検出頻度の高い機能の解析には、DAVID (<https://david-d.ncifcrf.gov/>)、及び活性化される代謝経路の予測には pathview(v1.34.0)を用いた。また、非翻訳転写産物の同定には CNIT (<http://cnit.noncode.org/CNIT/>)等を、また、発現変動した mRNA との結合部位の予測には LncTar(<http://www.cuilab.cn/lncTar>)を用いた。

【結果と考察】0 mM 及び 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することが明らかになった。NaCl 処理によって、リン酸トランスフェラーゼ等をコードする 561 個の遺伝子の発現量が増加した。一方、サイトカニン合成に関与する酵素等をコードする 577 個の遺伝子の発現量が低下した。また、エンリッチメント解析の結果から、遺伝子オントロジーで機能ごとに分類された 63 の遺伝子群の割合が NaCl によって変化しており、非生物ストレス応答、細胞壁生合成、及び酸化還元反応等に関わる反応が大きく変化していることが示された。