

アイズプラントのドラフトゲノムを用いた好塩性及び耐塩性関連因子の探索

佐藤稜真^{1*D1}・近藤侑梨^{1M1}・John C. Cushman²・東江栄³¹九州大学大学院生物資源環境科学府・²ネバダ大学リノ校・³九州大学大学院農学研究院)**Searches for the factors related to halophilism and salt tolerance
using draft genome of the common ice plant**Ryoma Sato^{1*D1}, Yuri Kondo^{1M1}, John C. Cushman², Sakae Agarie³¹ Graduate school of Bioresource and Bioenvironmental Sciences, Kyushu University,²Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Nevada, Reno,³Faculty of Agriculture, Kyushu university)

【背景】アイズプラント(*Mesembryanthemum crystallinum* L.)は、NaCl 存在下で生育を促進する好塩性機構、及び光合成型の変換を伴う耐塩性機構を解明するためのモデル植物として用いられているが、その詳細なゲノム情報は確立されていない。昨年度著者らは、次世代シーケンサーNovaSeq6000(Illumina 社)及びショートリードに対応したアセンブラであるALGA 等を用いて、高等植物に保存される遺伝子のうち 93.5%を有する本種のドラフトゲノムの構築に成功した(第 253 回作物学会講演会)。本研究では、種々のソフトウェアを用いて、本種ゲノムに含まれる反復配列、非翻訳領域、及び遺伝子領域を同定し、アイズプラントの好・耐塩性機構に関連する因子を推定した。

【材料及び方法】アイズプラントゲノムに含まれる反復配列の同定及びゲノム配列中の割合の算出には、RepeatModeler2(v2.0.2)、TEclass(v2.1.3)、及び RepeatMasker(v1.1.4)を用いた。転移 RNA(tRNA)の同定には、tRNAscan-SE 2.0(v2.0.9)を用いた。マイクロ RNA(miRNA)遺伝子座の同定には、infernal(v1.1.4)を用いた。本種ゲノムに含まれる遺伝子配列、翻訳配列(Coding sequences: CDS)、及びアミノ酸配列の同定には、BRAKER2(v1.1.4)のパイプラインを用いた。最後に、アミノ酸配列に含まれるドメインの検索には Hmmer(v3.1b2)等、及びアイズプラントに存在する遺伝子群の機能分類には DAVID(Released in 2021)を用いた。

【結果及び考察】アイズプラントのゲノム(286 Mb)における反復配列は全ゲノム配列における 38.8%(110.9 Mb)に及び、未分類の配列を除き最も多かった配列はウイルス配列に由来するレトロエレメントであった(78.0 Mb)。また、971 個の tRNA が同定され、イソロイシンを指定する tRNA が多く、トリプトファンを指定する tRNA が最も少なかった。計 100 個の miRNA 遺伝子座が同定され、核因子 γ サブユニット A(NF-YA)をコードする mRNA を始めとする 24 種類の mRNA が miRNA の標的として予測された。さらに、BRAKER2 によって、34,223 種類の遺伝子配列及び 35,702 種類の CDS 領域並びにアミノ酸配列が見いだされた。最後に、ドメイン検索の結果から、最も多いタンパク質ファミリーはキナーゼファミリー(PKinase)であり、細胞壁の生合成等に関与することが示唆された。また、機能分類の結果から、18 の遺伝子機能がアイズプラントに特異的に存在すると考えられた。本研究結果は、アイズプラントの好・耐塩性機構に対する新たな知見であり、塩害土壌でも生育が可能な新規耐塩性作物の開発に寄与することが期待される。