

矢野 亮一

筑波大学生命環境系／農業・食品産業技術総合研究機構高度解析センター
助教／上級研究員

ハウス栽培環境におけるウリ科果実の糖度変動に関連するシンク・ソース
分子ネットワークの解明

§ 1. 研究成果の概要

本研究では、日本産高級マスクメロンの標準系統であり育種にも活用される「アールスメロン春系 3 号」を主な対象として、日々変化する温室環境における果実糖度の変動と、環境に応答して変化する遺伝子・代謝物の関連をバイオインフォマティクスの手法で明らかにすることを目的としている。これにより、異なる環境下でも安定して高糖度果実を生産するための基礎的知見や将来の優良品種育成に資する遺伝子機能情報を得ることを目的としている。また、取得あるいは解析した研究データを独自のデータベース web サイト「Melonet-DB (<https://melonet-db.dna.affrc.go.jp/>)」にて広く公開し、ゲノムや遺伝子機能情報に基づく育種と研究に貢献する。

2019 年度はそれまでに引き続き、①春系 3 号の全ゲノム解読、②Melonet-DB のアップデート、③ハウス環境下での果実糖度変動に関連したトランスクリプトーム解析、④メロン変異体ライブラリーを利用した調査と変異解析、に取り組んだ。①については、DNA 分子のロングリード・シーケンシングを可能にする Oxford Nanopore Technology (ONT) とそれをサポートするゲノム構造データを組み合わせることにより、春系 3 号メロンの 12 本の染色体ゲノム配列をギャップ数わずか 94 個の高精度で解読することに成功した。昨年度に取り組んだ ONT ベースの遺伝子予測法と合わせて 33,829 個の遺伝子セットを特定し、Melobet-DB にて情報公開した。②については、①のゲノム情報と合わせて Melonet-DB を全般的にアップデートした。③については、遺伝子発現データから果実糖度を予測するための手法を模索し、予測に使用するための候補遺伝子群を選定した。④については、筑波大学にて作出されたメロン変異体ライブラリーを用いた調査を行った。リシーケンス解析による変異解析を実施し、化学変異誘発処理によって実際にゲノム配列に変異が生じていることを確認した。