

平成 27 年 6 月 10 日

報道機関 関係者各位

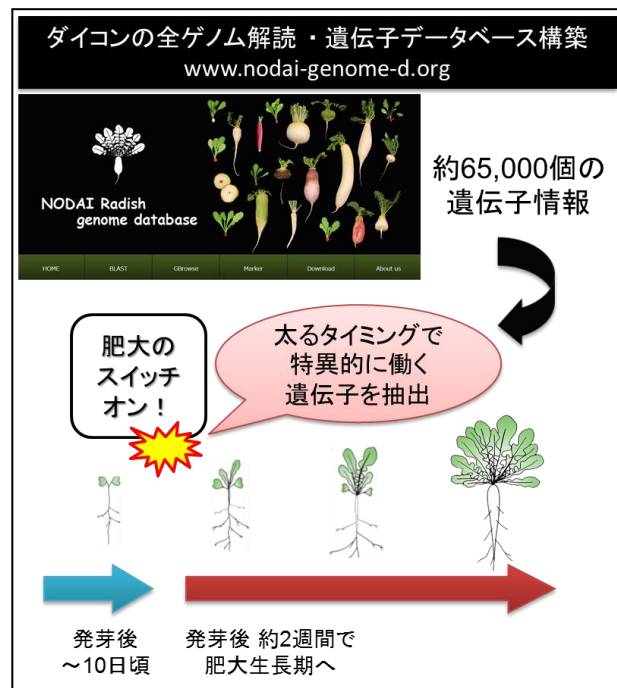
学校法人東京農業大学戦略室

「ダイコンが太る過程で働く遺伝子の全貌を解明」

—分子育種の基盤となるゲノムと遺伝子データベースを構築—

東京農業大学（学長：高野克己）農学部の三井裕樹准教授は、ダイコンの全ゲノム配列および遺伝子のデータベースを構築し、根が太る過程で働いている主要な遺伝子群を同定しました。本件は同大小松憲治助教、三菱スペース・ソフトウェア株式会社、国立研究開発法人農業生物資源研究所、株式会社サカタのタネ、農業環境技術研究所との共同研究グループによる成果です。この研究成果は 6 月 9 日（火）に英国の科学雑誌「Scientific Reports」（電子版）に掲載されました。

最も生産・流通量の多い青首総太系ダイコンの、純系系統をモデルとして、新型 DNA シーケンサーを用いて全ゲノム配列を解読し、分子遺伝学的研究の基盤となる約 65,000 個の遺伝子のデータベースを構築しました（右図）。このゲノム情報をもとに、ダイコンの様々な発達段階と各部位ごとに発現している全ての遺伝子を抽出し、根が太りだすタイミングや肥大を促す細胞分裂組織で特徴的に働く遺伝子群を同定することに成功しました。本研究の発見はダイコンの新品種開発への応用と、さらには植物の根（貯蔵器官）の発達の分子メカニズム解明への貢献が期待されます（詳細な研究内容については 2 ページ目を参照）。



○論文掲載情報○

英国の科学雑誌「Scientific Reports」（電子版）

公開日：6 月 9 日 (doi:10.1038/srep10835)

URL: <http://www.nature.com/srep/2015/150609/srep10835/full/srep10835.html#contrib-auth>

タイトル：The radish genome and comprehensive gene expression profile of tuberous root formation and development

全著者：Yuki Mitsui, Michihiko Shimomura, Kenji Komatsu, Nobukazu Namiki, Mari Shibata-Hatta, Misaki Imai, Yuichi Katayose, Yoshiyuki Mukai, Hiroyuki Kanamori, Kanako Kurita, Tsutomu Kagami, Akihito Wakatsuki, Hajime Ohyanagi, Hiroshi Ikawa, Nobuhiro Minaka, Kunihiro Nakagawa, Yu Shiwa, Takuji Sasaki

○研究に関するお問い合わせ

東京農業大学農学部

准教授 三井 裕樹（ミツイ ユウキ）

TEL / FAX: 046-270-6289

E-mail: y3mitsui@nodai.ac.jp

○リリースに関するお問い合わせ

学校法人東京農業大学戦略室 上田・園部

〒156-8502 世田谷区桜丘 1-1-1

TEL 03-5477-2300 / Fax 03-5477-2707

www.nodai.ac.jp

【研究の目的と背景】

アブラナ科の1年生草本であるダイコンは、世界中で栽培される重要な農作物である。東アジア、とりわけ日本におけるダイコンの生産・流通量は世界一であり、我が国では古来より数百を超える地域在来の品種群が育種されてきた。根の形態をはじめ色や味に多彩な形質をもつダイコンは、経済的価値のみならず、地域特有の文化的資源として高い価値を有している。しかし、これまでに分子遺伝学研究は限定的で、あまり進んでこなかった。今回、ダイコンの全ゲノム配列を解読し、根の発達段階で発現する全遺伝子を検出することで、“ダイコンをダイコンたらしめている”形態形成のしくみや生理機能の分子基盤に迫ることを目指した。

【研究内容と成果の意義】

まず、研究チームは複数機種の新型 DNA シーケンサーを用いた膨大なデータを組み合わせて、ダイコンのゲノム配列を高い精度で構築し、フリーアクセス可能なゲノムデータベースを立ち上げた (www.nodai-genome-d.org)。続いて、ダイコンの根は種子発芽直後の実生期を経て、発芽後約2週間で肥大生長に入ることから、生長ステージが切り替わるタイミングで発現する遺伝子を網羅的に検出する RNA-seq 解析を行い、肥大のスイッチやそれを継続させる遺伝子群を探索した。その結果、糖代謝関連の遺伝子群、なかでも光合成産物であるショ糖代謝にかかわる遺伝子経路の機能活性化が、肥大に主要な役割を果たしていること、それらの経路は一度スイッチが入ると高い活性が持続して肥大を進行させていくことが明らかとなった (図1)。さらに、発芽初期に葉で生産されたショ糖を輸送するための酵素をコードする遺伝子群が活性化した後、肥大期には根に運ばれたショ糖を代謝する特定の酵素遺伝子 (SUS1) が活性化し、急速にダイコンは太っていくことが推定された (図2)。本研究で得られたデータを基盤として、ダイコンの形態形成や生理機能の分子メカニズムの解明が一層進み、新しい品種の育成や在来品種の遺伝子資源としての活用など、応用的な研究開発への発展が期待される。

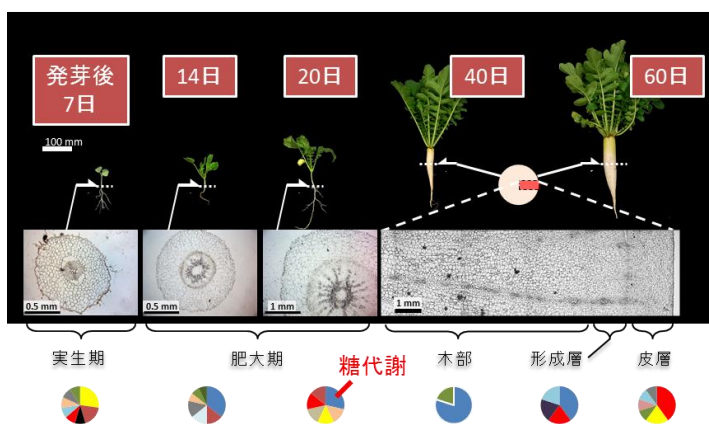


図1. ダイコンの発達段階と根の断面図。肥大期に入った根と、肥大組織(木部、形成層)では糖代謝にかかわる遺伝子群(円グラフの青)が特に活性化している。

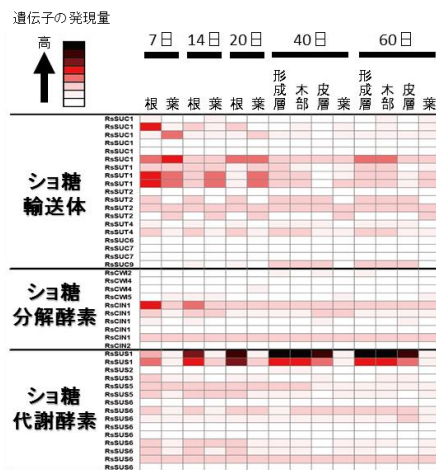


図2. 肥大生長にかかわるショ糖代謝系遺伝子の発現パターン。ショ糖代謝酵素 (SUS1) が根の肥大と強く関連している。