

2021年1月27日

報道関係者各位

国立大学法人筑波大学  
公益財団法人かずさDNA研究所  
大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所  
トキタ種苗株式会社

## トマト祖先種のゲノム情報を高精度に解読 ～品種改良に役立つ遺伝子同定の手がかりに～

トマトは世界で最も生産される野菜の一つであり、農業的かつ経済的に非常に重要な作物です。近年、特に健康志向の高まりや地球規模での気象変動により、より安定的に生産できる品種や、機能性成分がより含まれたトマト品種の開発が世界的に重要な課題となっています。形質を改良する育種の過程においては、様々な品種間、あるいは雑種の間で交雑を繰り返して、より優れた品種を作り上げますが、有用な形質を保有する遺伝資源との交雑が優れた品種を作り上げる鍵となります。

トマトの祖先種である *Solanum pimpinellifolium* と *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* は、いずれも現在栽培されているトマトとの交雑が可能です。これらの種は、環境ストレスへの耐性など、栽培種トマトにはない優れた形質を含んでおり、品種改良における有用遺伝子のドナーとなり得ますが、そのゲノム情報は、あまり明らかにされていませんでした。

そこで本研究チームは、長いDNAを解読する技術（ロングリードシーケンシング）を用いて、この二つの祖先種のゲノム情報を高精度に解読し、ゲノムにコードされる遺伝子情報を明らかにしました。本研究成果は、今後、有用な遺伝子を同定する手がかりとなり、トマトの品種改良に貢献すると期待されます。

### 研究代表者

筑波大学生命環境系

有泉 亨 准教授

かずさDNA研究所

白澤 健太 主任研究員

国立遺伝学研究所

豊田 敦 特任教授

トキタ種苗株式会社

松澤 佑馬 研究員

## 研究の背景

トマトは世界中で生産される重要な作物で、日本でも最も生産、消費される野菜の1つです。トマトには人々の健康維持に役立つとされる機能性成分が多く含まれていますが、近年の健康志向の高まりやニーズの多様化により、機能性成分をより多く含んだり、より甘くするなど、付加価値の高い品種の開発が望まれています。また、地球規模の環境変動に起因する様々な環境ストレスにより、作物生産が不安定になることが危惧されており、高品質かつ安定的に生産できる品種の開発が極めて重要になっています。

品種開発のためには、既存の品種と優れた形質を持つ個体とを交雑する必要があります。トマトの栽培種 (*Solanum lycopersicum*) のゲノム<sup>注1)</sup> 配列は、2012年に国際プロジェクトにより解読され、約3万4千個の遺伝子<sup>注2)</sup> が見つかっています。一方、トマトの祖先種である *Solanum pimpinellifolium* と *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* は、環境ストレスへの耐性などの優れた形質を持つことが知られており、このような野生種のゲノム配列も解読されるようになりましたが、その精度はそれほど高くありませんでした。

## 研究内容と成果

本研究チームは、長い DNA を解読する技術 (ロングリードシーケンシング<sup>注3)</sup>) を用いて、トマトの祖先と考えられている二つの野生種 (*Solanum pimpinellifolium* と *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*、図1) のゲノムに含まれる8億の塩基対を高精度に解読しました。解読した塩基対の数はゲノムの全長に匹敵し、塩基配列の連続性は、従来のトマト野生種のゲノム情報の1万倍以上に向上しました。これにより、染色体に匹敵するゲノム情報を完成させることができました。これらのゲノム配列は、すでに報告されている高精度トマトゲノムと配列が類似していることから、精度の高いゲノム情報が構築されたと言えます (図2)。

解読した二つのトマト野生種のゲノム配列から、それぞれ7万個を超える遺伝子が予測され、このうち約3万個の遺伝子は、実際にトマトの体内で働いていることが分かりました。また、トマト栽培種の遺伝子と比較したところ、6千個以上の遺伝子が *Solanum pimpinellifolium* のゲノム配列だけに、また、1万個以上の遺伝子が *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* のゲノム配列だけに含まれることが明らかになりました。

トマト栽培種に比べて、*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* は、塩害への耐性に加え、糖、有機酸、香気成分を豊富に含みます。本研究で見出した遺伝子の中から、このような性質を特徴づける遺伝子が見つければ、トマトの品種改良に貢献すると期待されます。

今回得られたゲノム情報は、国立遺伝学研究所が運営する DDBJ (<https://www.ddbj.nig.ac.jp>) のほか、ナス科ゲノムネットワークのデータベース (<https://solgenomics.net>) や、かずさ DNA 研究所が運営する Plant GARDEN データベース (<https://plantgarden.jp>) において公開しています。

## 今後の展開

*Solanum pimpinellifolium* と *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* は、いずれも栽培種にない遺伝子を有しており、様々な病気に対する耐性や環境ストレス耐性に関与する遺伝子、あるいは果実の高品質化に寄与する新しい遺伝子が存在している可能性があります。今後さらに、このゲノム情報を活用して、有用な遺伝子の同定に向けた研究を進めます。

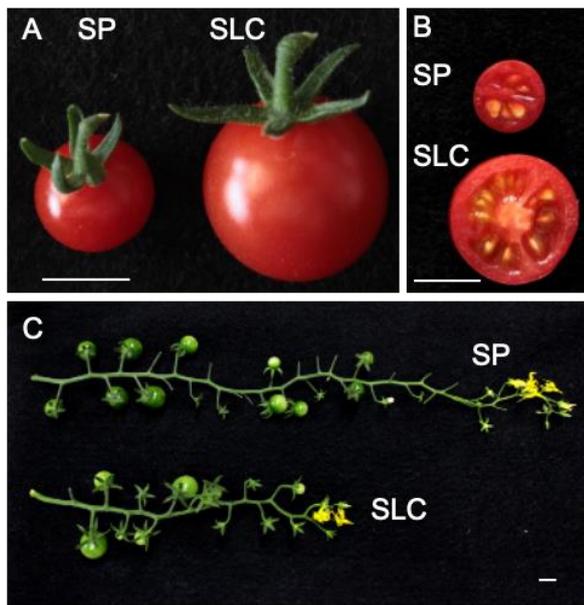


図1 本研究でゲノム配列を決定した二つのトマト祖先種（SP: *Solanum pimpinellifolium*, SLC: *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*）  
 (A) 成熟果実、(B) 成熟果実の横断面、(C) 花序の形態

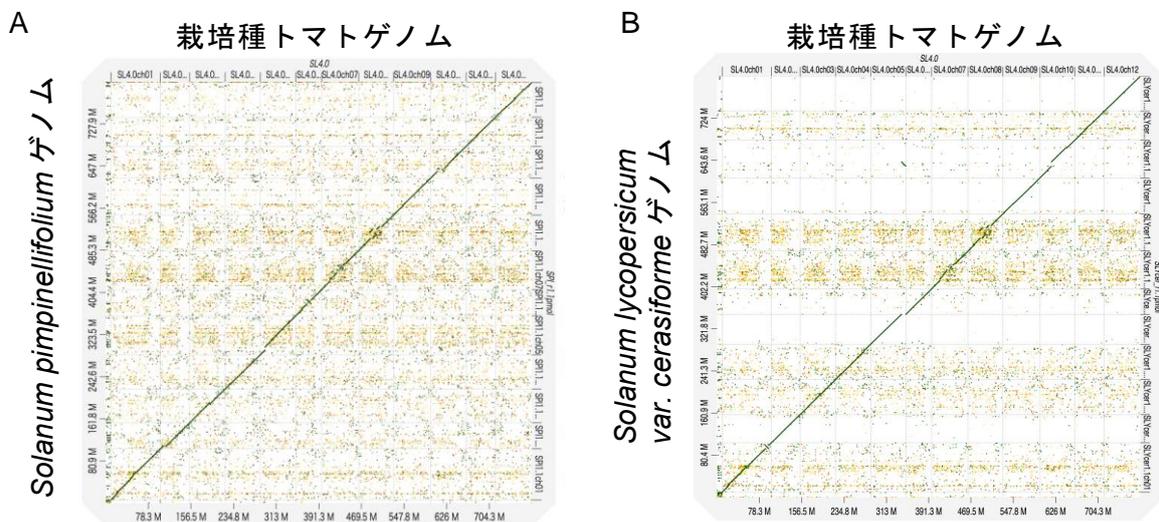


図2 決定したトマト祖先種のゲノム配列と栽培種トマトのゲノム配列の比較  
 両者のゲノムを整理させてゲノム構造の同一性を調べた図。直線に近づくほど、両者のゲノム構造が類似していることを示す。

## 用語解説

### 注1) ゲノム

生物をその生物たらしめるのに必須な、最小限の染色体のひとまとまり、または DNA 全体のこと。

### 注2) 遺伝子

親から子へと遺伝する、あるいは細胞から細胞へと伝えられる形質を決定する因子であり、生物の体を作り動かすのに必要なタンパク質などを作るための設計図のことで、その本体は DNA である。

### 注3) ロングリードシーケンシング

長い DNA 配列を解読する方法。従来のショートリードシーケンシングでは、平均 400~1000 塩基対の配列断片を数百万断片分並行して読み取ることによりゲノム配列を解読していた。対して、ロングリードシーケンシングは、1 万塩基対以上の長い配列を連続して読み取ることができ、繰り返し配列が多い、似た配列があるなど、複雑なゲノム構造をもつ生物（植物を含む）のゲノム配列を解読するのに適している。

## 研究資金

本研究は、イノベーション創出強化研究推進事業（30010A）、科研費・基盤 B（17H03761）、科研費・特別研究員奨励費（18J20505）、先進ゲノム支援（16H06279）のプロジェクトの一環として実施されました。

## 掲載論文

【題名】 *De novo genome assembly of two tomato ancestors, *Solanum pimpinellifolium* and *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*, by long-read sequencing.*

（ロングリードシーケンサーによる 2 つのトマト祖先種 *Solanum pimpinellifolium* と *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* のゲノム配列の構築）

【著者名】 Takei H, Shirasawa K, Kuwabara K, Toyoda A, Matsuzawa Y, Iioka S, Ariizumi T

【掲載誌】 DNA Research

【掲載日】 2021 年 1 月 20 日

【DOI】 10.1093/dnares/dsaa029

## 問い合わせ先

【研究に関すること】

有泉 亨（ありいずみ とおる）

筑波大学生命環境系 准教授

URL: <https://trios.tsukuba.ac.jp/researcher/0000001307>

【取材・報道に関すること】

筑波大学広報室

かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

国立遺伝学研究所 リサーチ・アドミニストレーター室 広報チーム

トキタ種苗株式会社 大和根研究農場  
松澤 佑馬