

トマトの採種と果実生産の省力化に寄与するゲノム情報学的・分子生物学的研究
Molecular and genetic studies for labor-saving F₁ seed production and fruit production in
tomato (*S. lycopersicum*)

武井 瞳

筑波大学 生命環境科学研究科 生物圏資源科学専攻

トマト近縁野生種 *S. pimpinellifolium* ‘LA1670’ と栽培種 *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* ‘LA1673’ は、栽培種トマトの F₁ 採種の効率化に有用な稔性回復遺伝子を持つ。我々は、当該 2 系統の全ゲノム配列を解読し、遺伝子情報を紐付けた（論文 1）。一方、実験用トマト品種から得られた *spff* 変異体は、受粉なしで果実が肥大（単為結果）し、果実生産効率化への寄与が期待される。我々は、*spff* 変異体から単為結果の原因遺伝子を同定し、果実形成メカニズムの一端を解明した（論文 2）。今日の講演では、主に後者、単為結果をもたらす新規遺伝子の同定とメカニズム解明の成果について発表する。

【トマト近縁野生種 *S. pimpinellifolium* ‘LA1670’ と栽培種 *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* ‘LA1673’ の参照ゲノム構築】

トマト (*Solanum lycopersicum* var. *lycopersicum*) の F₁ 採種では、種子親の自殖種子の混入を防ぐための除雄作業が重労働であるという課題がある。細胞質雄性不稔 (Cytoplasmic male sterility、以下 CMS) は、ミトコンドリア由来のゲノム産物による雄性不稔であり、多くの作物で F₁ 採種時における除雄作業を省略可能にしている。一方、トマトにおいては CMS を利用した採種の効率化が実現していない。その主要因は稔性回復 (RF) 遺伝子が同定されていないためであった。参照ゲノムを利用できる栽培品種は RF 遺伝子を持たないのに対し、近縁野生種 *S. pimpinellifolium* ‘LA1670’ および、栽培種 *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* ‘LA1673’ は RF 遺伝子を保有する系統 (RF 系統) として報告されていた。しかし、RF 系統はゲノム情報が不明で、RF 遺伝子座も未同定であった。我々は、上述 2 つの RF 系統の高精度な参照ゲノム配列を構築した（論文 1）。まず、ロングリードシーケンサー PacBio Sequel とショートリードシーケンサー illumina で塩基配列情報を取得し、17 種類の組織サンプルを用いた RNA シーケンシング (RNA sequencing、以下 RNA-Seq と記す) 解析により遺伝子発現情報を取得して、2 つの RF 系統からそれぞれ 29,629 個、29,091 個の発現遺伝子を同定した。本研究の成果は、RF 遺伝子座や RF 遺伝子の同定に寄与することが期待される。

【単為結果をもたらす新規遺伝子とメカニズムの解明】

トマト生産では、果実形成を促すための受粉作業が重労働であるという課題があるが、受粉作業なしでの果実生産を可能にする「単為結果性」はメカニズムが完全には明らかにされていない（論文 3）。我々は、筑波大学で単離された新規の単

為結果性変異体トマト (*spff* 変異体) を用いて新たな原因遺伝子を同定し、単為結果が誘導されるメカニズムの一端を解明することを目的とした。illumina シーケンサーによる配列解読と RNA 干渉法により、受容体型キナーゼをコードする遺伝子 (以下、*SPFF* 遺伝子) の機能欠損が単為結果を誘導することを明らかにした。また、*in situ* hybridization 法を用いて、*SPFF* 遺伝子が花托の維管束で発現することを明らかにした。加えて、形態観察から *spff* 変異体が強い雄性不稔を示すことを、RNA-Seq 解析からは *spff* 変異体の未受粉の子房でジベレリンの合成を促す *SIGA20ox1* 遺伝子の mRNA 量が野生株と比べて高いことを、それぞれ明らかにした。以上の結果から、*SPFF* 遺伝子の機能欠損により花器官への物質輸送が滞ったことで、雄性器官の発達異常と生殖器官間でのシグナル伝達異常が発生し、それが子房内でのジベレリン合成ひいては単為結果を引き起こす、という新規の分子生物学的モデルを提唱した (論文 2)。

【本研究に関連した発表論文】

- 1) **Takei H**, Shirasawa K, Kuwabara K, Toyoda A, Matsuzawa Y, Iioka S, Ariizumi T, 2021, *De novo* genome assembly of two tomato ancestors, *Solanum pimpinellifolium* and *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*, by long-read sequencing, *DNA Research*, DOI: [10.1093/dnares/dsaa029](https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa029)
- 2) **Takei H**, Shinozaki Y, Yano R, Kashojiya S, Hernould M, Chevalier C, Ezura H, Ariizumi T, 2019, Loss-of-Function of a Tomato Receptor-Like Kinase Impairs Male Fertility and Induces Parthenocarpic Fruit Set, *Frontier in Plant Science*, 10:403
- 3) **武井 瞳**, 江面 健太郎, 江面 浩, 有泉 亨, トマトの生産安定化に寄与する単為結果の作用機序, 2017, 育種学研究, 19 巻 4 号 p. 137-144