



名古屋大学
NAGOYA UNIVERSITY



京都大学
KYOTO UNIVERSITY



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



公益財団法人
かずさDNA研究所

配布先: 文部科学記者会、科学記者会、名古屋教育記者会、京都大学記者クラブ、千葉県政記者会、
千葉民間放送テレビ記者クラブ、木更津記者クラブ

2024 年 12 月 12 日

報道機関 各位

ベンサミアナタバコの遺伝子発現データベースを構築 実験モデル植物の遺伝子解析ツールをウェブで提供

【本研究のポイント】

- ・重要な実験植物であるベンサミアナタバコの網羅的な遺伝子発現データベースを構築した。
- ・遺伝子発現ブラウザ、データ解析ツールを含むデータベースサイトを公開した。

【研究概要】

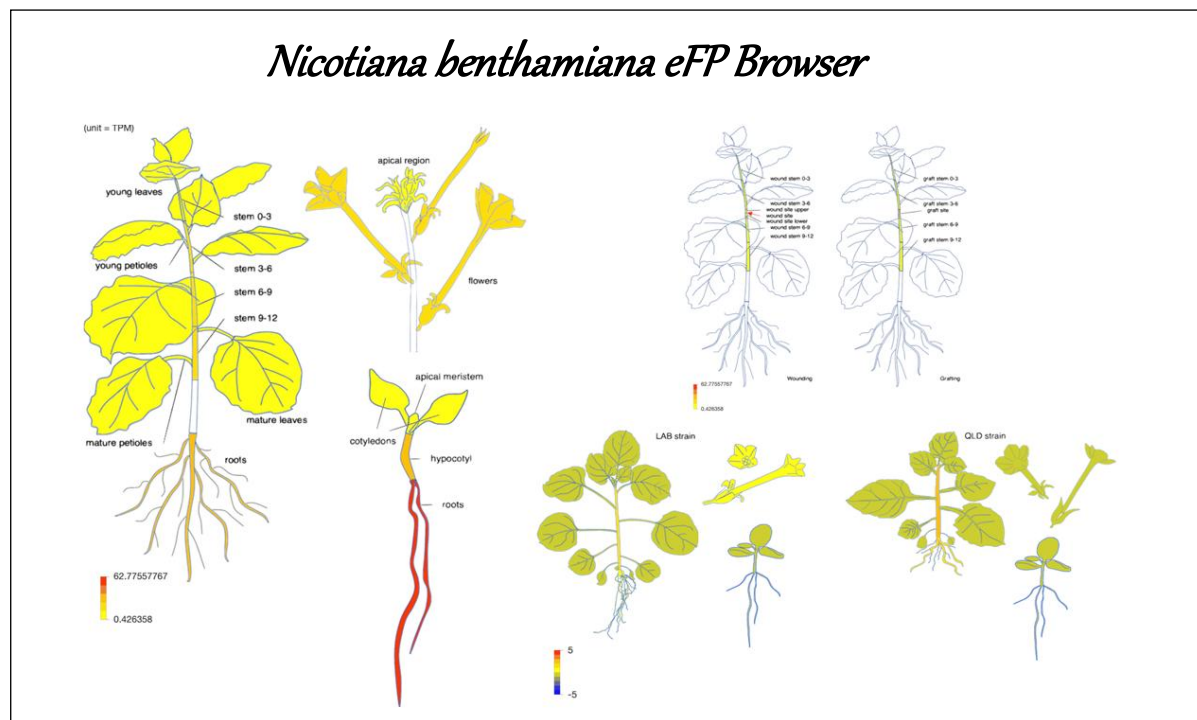
名古屋大学生物機能開発利用研究センターの黒谷 賢一 特任准教授と野田口 理孝 特任教授(兼 京都大学大学院理学研究科 教授)らの研究グループは、情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所大量遺伝情報研究室の中村 保一 教授、公益財団法人かずさ DNA 研究所植物ゲノム・遺伝学研究室の磯部 祥子 特別客員研究員(現・東京大学 教授)と共同で、生物間相互作用のモデル植物であるベンサミアナタバコ (*Nicotiana benthamiana*)の網羅的遺伝子発現プロファイルデータベースを構築しました。

ベンサミアナタバコは、以前より植物ウイルス等の病害応答の研究に広く使われているにもかかわらず、長らくそのゲノム配列の全貌は明らかになっていませんでしたが、全ゲノム配列の解読を同研究グループが 2023 年に報告しています(P4 の※2023 年の報告 URL 参照)。

全ゲノム配列を明らかにしたため、ゲノムにコードされた全遺伝子の発現プロファイルを正確に調べることが可能となりました。

本研究では、ベンサミアナタバコの様々な生育ステージ、植物の部位ごとに網羅的な遺伝子発現状態を次世代シーケンサーを用いて調べ、遺伝子ごとの発現プロファイルをグラフィカルに閲覧可能な遺伝子発現ブラウザ(eFP ブラウザ)を構築しました。また、遺伝子の系統解析や、発現プロファイルに基づくクラスター解析などの遺伝子データ解析プラットフォームを提供することで、ベンサミアナタバコを用いた遺伝子研究を加速し、植物科学の今後の発展がますます期待されます。

本研究成果は、ベンサミアナゲノム解析の国際コンソーシアムとも協力し、2024 年 12 月 3 日付、国際学術雑誌「The Plant Journal」に掲載されました。



【研究背景と内容】

ベンサミアナタバコ(*Nicotiana benthamiana*、図1、以下「*N. benthamiana*」)を含むタバコ属植物は、ジャガイモ、トマト、ナス、ピーマン、パチュニアなど、世界中で広く栽培されている作物が多く含まれるナス科に属しています。また *N. benthamiana* は、植物科学において最も広く用いられている実験モデル植物の 1 つです。多様な植物病害、特に植物ウイルス病に対して感受性が高い(病気にかかりやすい)ため、植物病理学においては古くから研究対象となってきました。



図1ベンサミアナタバコ

一方、これまでの研究により、*N. benthamiana* は植物の接木において高い接着力を持っており、植物ではこれまで実現が不可能であるとされていた、異なる科に属する植物間の接木(異科接木)が可能であることが示されました。これらのことから、*N. benthamiana* は植物と植物間、植物と他の生物間の相互認識や相互作用の研究モデルとして期待されます。しかしながら、複雑な倍数性構造のため、断片的な遺伝子配列情報のみが公開されて以来、長らくゲノム全体の配列情報は明らかになっていませんでした。

同研究グループでは 2023 年にこの *N. benthamiana* の詳細な全ゲノム配列の解読に成功し、57,583 個の遺伝子に機能的注釈を付与しました。その後、複数の研究グループにより同様なゲノム解読の報告がなされています。

今回、オーストラリアの研究グループと共同で染色体構造の比較を実施し、19 組の染色体に再構築しました(図2)。また、得られたゲノム情報をもとに全遺伝子の発現プロファイル解析を実施しました。

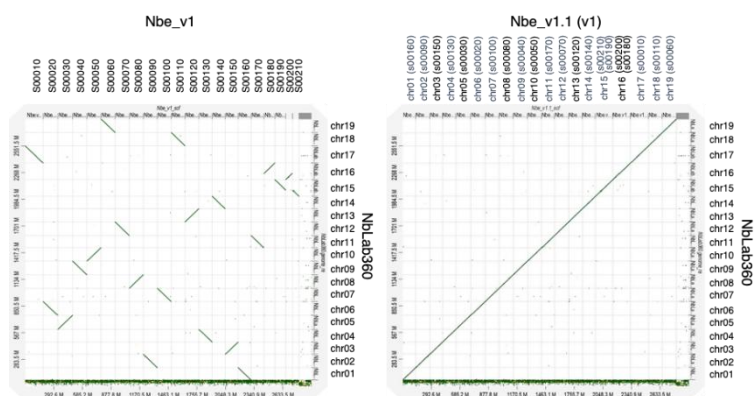


図2染色体の再構築

左: 再構築前、右: 19 組の染色体として再構築後

N. benthamiana 植物の様々な部位、生育ステージ、さらに土壌細菌を感染させた植物からサンプルを取って RNA を抽出し、網羅的なトランスクリプトーム解析を次世代シーケンサーを用いた RNA-seq^{注1)} によって実施し、得られた結果をグラフィカルな発現地図として表示するデータベース・ブラウザとして構築しました(図3)。

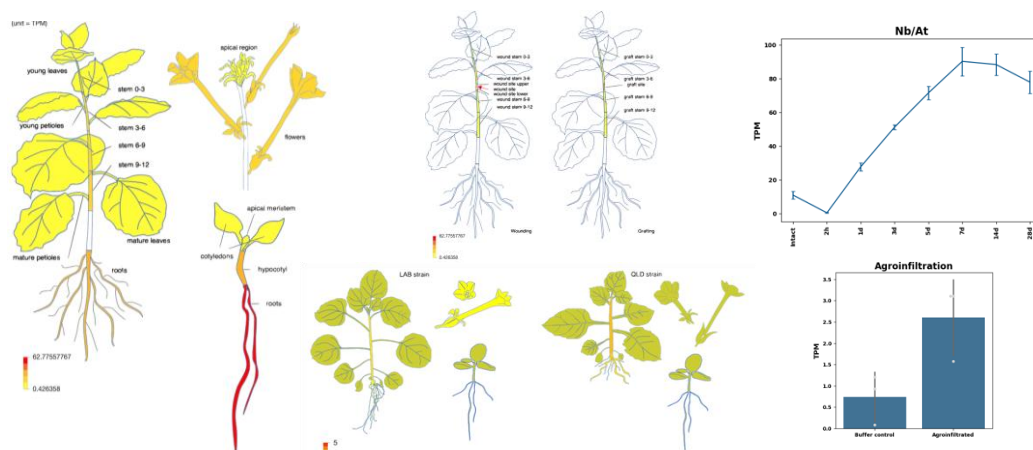


図 3 遺伝子発現ブラウザ

左: 成熟植物・花・未熟植物、中上: 茎の傷処理、接木処理後、中下: 系統間の差異
右上: 接木時系列発現、右下: 土壌細菌感染による遺伝子発現の変化

さらに、ゲノムデータを中心としてデータベースと解析ツール群を連携して使用できる環境をウェブサービスとして提供しました(<https://nbenthamiana.jp>)。

【成果の意義】

本研究により重要な実験植物である *N. benthamiana* のゲノム配列データベース、遺伝子の包括的な発現プロファイルの参照と、遺伝学的解析ツールをシームレスに利用することが可能になりました。これにより *N. benthamiana* を用いた遺伝学的解析、分子生物学的研究の促進が期待されます。

この研究は、科学研究費助成事業(22K06181、21H00368、21H05657、20H03273)、科学技術振興機構(JPMJPR194G、JPMJGX23B0)、新エネルギー・産業技術総合開発機構(JPNP20004)の支援のもとで行われたものです。

※2023 年の報告:

・2023 年 2 月 10 日付

「ベンサミアナタバコ的全ゲノム配列を解析」

<https://www.nagoya-u.ac.jp/researchinfo/result/2023/02/post-454.html>

【用語説明】

注 1)RNA-seq:

生体から抽出した RNA から逆転写酵素で cDNA を合成し、次世代シーケンサーを用いて配列を読み取って、ゲノム配列にマッピングすることで全遺伝子の発現量を網羅的に定量する技術。

【論文情報】

雑誌名:the Plant Journal

論文タイトル:Establishing a comprehensive web-based analysis platform for *Nicotiana benthamiana* genome and transcriptome

(ゲノムとトランスクリプトームのデータベースと遺伝子解析プラットフォームの構築)

著者:Ken-ichi Kurotani[†], Hideki Hirakawa, Kenta Shirasawa, Koya Tagiri, Moe Mori, Abdelaziz Ramadan, Yasunori Ichihashi, Takamasa Suzuki, Yasuhiro Tanizawa, Jiyuan An, Christopher Winefield, Peter M. Waterhouse, Kenji Miura, Yasukazu Nakamura, Sachiko Isobe, Michitaka Notaguchi[†]

(黒谷賢一[†]、平川英樹、白澤健太、田桐昂也、森萌恵、Abdelaziz Ramadan、市橋泰範、鈴木孝征、谷澤靖洋、Jiyuan An、Christopher Winefield、Peter M.

Waterhouse、三浦謙治、中村保一、磯部祥子、野田口理孝[†])[†]共同責任著者

DOI: doi.org/10.1111/tpj.17178

URL: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.17178>