

|    |                 |                |
|----|-----------------|----------------|
| 解禁 | テレビ・ラジオ・インターネット | 平成24年5月31日午前2時 |
|    | 新聞・雑誌           | 平成24年5月31日朝刊   |

## トマトの全ゲノム解読に世界で初めて成功

—Nature 誌（5月31日号）に論文掲載—

平成24年5月30日

（公財）かずさDNA研究所

- 公益財団法人かずさDNA研究所は、トマトゲノムコンソーシアムの一員として、栽培トマトとその祖先種である *Solanum pimpinellifolium*（ソラナム ピンピネリフォリウム）の全ゲノムの解読に成功しました。トマトゲノムコンソーシアムはトマトのゲノム解読を目的とする14ヶ国、300名以上の科学者からなる国際コンソーシアムで、本研究グループはその中で主要な役割を果たしました。
- トマトは、ジャガイモ、ナス、ピーマンなど重要な作物を含むナス科植物の代表として古くから遺伝学の研究が行なわれてきました。これらナス科植物は、生産量や出荷額において世界で最も重要性が高い野菜とされています。そのため、トマトゲノムコンソーシアムへの関心は高く、多くの国や研究機関が参加しました。
- 今回の成果によって、トマトがもつ約35,000個の遺伝子のゲノム上の位置や構造が明らかになり、機能に関する多くの手がかりが得られました。これらの情報を活用することによって、耐病性、害虫耐性、乾燥耐性に優れた高収量トマトや、カロテン、リコペン、ポリフェノールなどの機能性物質に富む高機能性トマトの育成など、新たなトマト品種やナス科作物全般の育種が大きく加速することが期待されます。
- 本プロジェクトの成果となる論文は、Nature 誌（5月31日号）に掲載されます。

※本資料は、本日、経済産業記者会、経済産業省ペンクラブ、文部科学記者会、科学記者会、木更津記者クラブにおいて、投げ込みいたします。

## 1. 背景

ナス科植物は、トマト、ジャガイモ、ナス、ピーマン、タバコ、ペチュニアなどの多様な植物を含み、世界の広い地域で栽培されている。その用途は、食用、嗜好品、観賞用など多岐にわたる。また、学術的には、双子葉植物のなかで、ゲノム研究が先行しているアブラナ科やマメ科とは進化的に遠い関係にあり、植物の進化を考える上で重要な情報を提供する。

このように産業的、学術的に重要なナス科植物でゲノム研究を行うため、ナス科植物の中で比較的ゲノムが小さく、遺伝学的な研究の蓄積があるトマトが代表として選ばれた。そして、トマトのゲノム解読から得られた知見をもとに、他のナス科植物の研究を進めるといった動きが国際的に盛んに行われている。

トマトは、それ自身重要な作物であり、またナス科作物の代表としての重要性が高いことから、国際的な協力体制のもと2003年からゲノム解読が進められてきた。この国際共同プロジェクトには、米国、日本、韓国、英国など14カ国が参加し、全ゲノム中の高精度解読を目標に各グループが染色体地図作製、塩基配列分析、情報解析等の作業を分担した。

かずさDNA研究所はプロジェクトの初期から参画してDNAマーカーの開発、染色体地図の作製、塩基配列分析を担当し、日本の代表としてプロジェクトの成功に大きく貢献した。

本国際共同プロジェクトは、参加国の予算獲得の問題等の諸事情により進捗が当初目標よりも大幅に遅れたため、かずさDNA研究所が独自に分析したトマトゲノムの遺伝子領域の概要配列を2009年に公表した経緯があるが、今回の成果によってより完成度が高いデータが利用できるようになった。

## 2. 研究成果の意義

かずさDNA研究所は、トマト全ゲノム解読をめざす大型国際プロジェクトに参画し重要な貢献をしたことによって、本論文の筆頭著者として認められた。この成果は作物ゲノム解析における千葉県さらには日本のプレゼンスを世界に示すものである。

今回公開された情報を活用することにより、トマトがもつ有用な遺伝子の発見や機能研究が容易になる。また、トマトや、これとよく似たゲノムをもつナスやピーマンなどナス科作物全般において、耐病性、害虫耐性、乾燥耐性に優れた品種や、カロテン、リコペン、ポリフェノールなどの機能性物質に富む品種の育成が大きく加速することが期待される。

### 3. 研究成果の概要

- 1) 先端ゲノム解読技術と高精度コンピューター技術を駆使して、栽培種トマト (Heinz 1706) のゲノム (約9億塩基対) の86%に相当する7.8億塩基対の高精度な塩基配列情報を解読した。そして、このうち97%に相当する7.6億塩基対の配列情報をトマトの12本の染色体上に位置付けることができた。
- 2) 解読した配列上に、約35,000個のタンパク質の遺伝子が見つかった。これらの遺伝子を、シロイヌナズナ、ブドウ、イネ、ジャガイモの遺伝子と比較した結果、このうち26,000遺伝子が4種の植物のいずれかと共通していた。これらの遺伝子は19,000グループに集約され、そのうち9,000グループは5種類の植物全てに共通に存在し、5,000グループはナス科植物であるトマトとジャガイモに特有のものであった。
- 3) トマトのゲノム配列とブドウのゲノム配列の詳細な比較解析を行った結果、ナス科の植物のゲノムが成立する過程でゲノムの3倍化が生じており、この3倍化の影響で果実の成長や成熟に関わる遺伝子の数や種類が増加したことが示された。
- 4) 栽培種トマトに加えて、野生種のトマト (*Solanum pimpinellifolium*) のゲノムについても解読を行い、7.4億塩基対の概要塩基配列を決定した。この概要配列と栽培種トマトのゲノム配列を比較することにより、トマトの栽培化に関わると考えられる遺伝子が明らかになった。

### 4. 将来の波及効果

- 1) 今回のトマトゲノムの解読により、トマトがもつ35,000の遺伝子の構造やゲノム上の位置、遺伝地図との対応関係が明らかになった。これによって、トマトの遺伝子とさまざまな形質との関係を明らかにする研究が飛躍的に進み、その情報を基にした育種が可能になる。その結果、耐病性、害虫耐性、乾燥耐性に優れた高収量トマトや、カロテン、リコペン、ポリフェノールなどの機能性物質に富む高機能性トマトの育成など、今後のニーズにあった新たなトマト品種やナス科作物全般の育種が大きく加速することが期待される。
- 2) 国内ではトマトの研究推進のため筑波大学を中核機関とする文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクト (URL: <http://tomato.nbrp.jp/>) により、トマトの植物体・遺伝子資源の整備が盛んに進められているが、今回公開されるゲノム配列情報はこれらの研究リソースの品種開発・成分研究への有効利用にも貢献することが期待できる。
- 3) 作物ゲノム研究における千葉県さらには日本のプレゼンスが高まることによって、有用遺伝子や作物分子育種に関する最新の情報が集積することが期待できる。

## 用語解説

### ナス科植物

ナス科植物は、約 100 属 2,500 種からなる大きなグループであり、形態的に見ると草本性の種から木本性の種まで、生態的に見ると熱帯地域で生育する種から寒冷地域で生育する種まで、海岸部の低地に生育する種から高地に生育する種まで非常に多様なものが含まれる。ナス科植物には、トマト、ジャガイモ、ナス、ピーマン、トウガラシなどの食用として栽培されている作物や、タバコのように嗜好品として栽培されているもの、ペチュニアなどの観賞用に栽培されているものなど幅広い作物が含まれており、世界の多くの地域で農業的価値が高いものが多い。また、ナス科が属しているキク亜綱には、コーヒー（アカネ科）、も含まれていて、遺伝子レベルでの共通性も認められており、ナス科植物のゲノム情報を活用できる作物として注目されている。

### トマト

トマトは全世界で広く栽培されている野菜であり、生産量は約 1 億 4,600 万トン(2010 年 FAO 統計)である。日本国内では生産量（収穫量）が約 69 万トン（平成 22 年産野菜生産出荷統計）、産出額は約 2,195 億円で野菜としては第 1 位（平成 22 年産産農業所得統計）であり、経済的にも重要な野菜である。また、千葉県では生産量が約 4.4 万トン、産出額は約 142 億円で全国第 5 位であり主要品目の一つである。近年の研究からその果実には多くの機能性成分を含むことが明らかになっており、健康の維持・増進に欠かせない作物となっている。

ゲノムは 2 倍体で大きさが約 9 億 5 千万塩基対であり、染色体の観察から、遺伝子はゲノム全体の 1/4 の領域に集まっていると見込まれている。遺伝学的な研究が古くから行われており、近年は機能性成分を中心とした代謝産物の研究が精力的に進められている。

### トマトゲノム解読国際共同プロジェクト

米国、日本、韓国、中国、英国、インド、オランダ、フランス、スペイン、イタリアの計 10 カ国が参加して 2003 年にスタートした国際共同プロジェクト。その後、アルゼンチン、ドイツ、ベルギー、イスラエルを加えて、現在計 14 カ国。当初は、約 9 億 5 千万塩基対のトマトの全ゲノムのうち遺伝子が密な領域約 2 億 5 千万塩基対を解読対象として、各グループが染色体ごとに分担し高精度な解読を目指したが、ゲノム解読技術の進歩を受けて、後に対象を全ゲノムに広げた。日本からは、（公財）かずさ DNA 研究所が参加した。得られた塩基配列データは、プロジェクトのホームページ（<http://solgenomics.net>）と国際 DNA データベースから順次公開されている。

（問い合わせ先）

（公財）かずさ DNA 研究所  
植物ゲノム研究部ゲノム解析技術研究室  
佐藤 修正  
企画管理部財務企画課 鵜飼 章  
TEL 0438-52-3900  
FAX 0438-52-3901