

日本－ブラジル 国際共同研究「バイオテクノロジー／バイオエネルギー」 2023 年度 年次報告書	
研究課題名（和文）	トマト果実成熟および離脱制御鍵因子の解析
研究課題名（英文）	Genetics and functional genomics studies toward improvement in fruit ripening and harvesting in tomato
日本側研究代表者氏名	王 寧
所属・役職	筑波大学 生命環境系・助教
研究期間	2023 年 4 月 1 日～ 2024 年 3 月 31 日

1. 日本側の研究実施体制

氏名	所属機関・部局・役職	役割
王寧	筑波大学・生命環境系・助教	研究総括・総括管理
江面浩	筑波大学・生命環境系・教授	遺伝資源の基盤構築
杉本貢一	筑波大学・生命環境系・助教	遺伝資源輸入・輸出管理

2. 日本側研究チームの研究目標及び計画概要

相手国の研究室に訪問し、情報共有と今後の進展について話し合う。果実離脱の分子制御機構の解明に向け原因遺伝子の単離を行う。トマト離層形成抑制変異体の原因遺伝子を同定し、染色体組換え個体をスクリーニングし、候補遺伝子の絞込みを行う予定。果実追熟分子機構の進化を解明するために、栽培種および野生種の鍵酵素遺伝子のプロモーター領域にレポーター遺伝子を組み込んで研究材料を作製する。

3. 日本側研究チームの実施概要

トマトの生産において、収穫作業は労働時間の半分以上を占めており、収穫機械を導入することで生産コストを大幅に削減できる。そのためには、果実離脱の分子機構を明らかにすることが重要である。将来的には、ゲノム編集などの新たな育種技術の活用を促進し、機械収穫に適した品種改良の展開を目指している。

マイクロトム野生型と新規離層形成を抑制する変異体を交雑させ、形質分離集団を用いてマップベース法で原因遺伝子を単離した。染色体組換え個体(2592 個体)をスクリーニングし、候補遺伝子領域を8番染色体の長腕に絞り込むことができた。次いで、全ゲノムリシーケンスのデータをより詳細に解析し、原因遺伝子がタンパク質にリン酸基を転移する酵素（プロテインキナーゼ）をコードしていることを明らかにした。*spl1* 変異体が、離層を形成しないだけでなく、果実の大きさ、種子数、種子の発芽率などの重要な特性も制御していることが分かった。特に、種子発芽は植物のライフサイクルの初期段階であり、作物の生産と収量に直接影響を与える。原因遺伝子として同定されているプロテインキナーゼについて機能解析を行ったところ、野生型（WT）と比較して変異体の胚珠および種子の胚乳におけるオーキシンレベルが顕著に上昇していることが明らかになった。過剰に蓄積したオーキシンは、種子休眠の鍵遺伝子である *ABSCISIC ACID INSENSITIVE 3 (ABI3)* および *ABI5* の遺伝子発現を抑制することで発芽制御を行っていることが明らかにした。他に、果実追熟分子機構の進化を解明するために、栽培種および野生種の鍵酵素遺伝子のプロモーター領域に GUS レポーター遺伝子を組み込んだ形質転換トマトを作成した。