

小さなトマト「マイクロトム」の変化の軌跡 ～遺伝子型の比較と高精度全ゲノム解読から品種改良へ～

令和 6 年 7 月 19 日

かずさ DNA 研究所、筑波大学、大阪公立大学、国際農林水産業研究センターは共同で、小さなトマト「マイクロトム」の全ゲノムを高精度に解読しました。

マイクロトムは、アメリカで観賞用として開発されたトマトで、非常に小さく、種を播いてから 3～4 ヶ月で次の世代の種子を取ることができることから、研究用のモデル品種として使われています。



これまでの研究から、マイクロトムには遺伝的に異なるいくつかの系統があることが分かっていたましたが、世界に広がった経路や、表現型や遺伝子型の違いについての研究報告はありませんでした。そこでまず、アメリカ、フランス、ブラジルと日本の 3 つの研究機関から 6 系統のマイクロトム【写真】を集めて、かずさ DNA 研究所が維持してきたマイクロトムの全ゲノムを解読するとともに、6 系統の遺伝的な違いや、植物体の形や果実の大きさなどの違いを明らかにしました。【論文 (1)】。

さらに、筑波大学が維持してきたマイクロトムの全ゲノムを新たに解読しました。特に、このゲノム解析には、最新の DNA 分析技術を利用したため、従来の技術では読み取ることが難しかったゲノム領域の塩基配列を、ほぼ完全に読み取ることができました【論文 (2)】。

今回明らかになった高精度なゲノム情報を利用することで、トマトをはじめとする野菜類の新たな品種の育成や遺伝学の研究がより速く進むことが期待されます。筑波大学などが開発し、世界初のゲノム編集食品として販売されている高 GABA 含有トマト「シシリアンルーージュ・ハイギャバ」も、マイクロトムの研究成果から生み出されたトマトです。

研究成果は国際学術雑誌 *DNA Research* と *Plant Biotechnology* で、それぞれ 6 月 4 日（火）と 7 月 19 日（金）にオンライン公開されました。

論文 (1)

タイトル : Genomic variation across distribution of Micro-Tom, a model cultivar of tomato (*Solanum lycopersicum*)

著者 : Hideki Nagasaki, Kenta Shirasawa, Ken Hoshikawa, Sachiko Isobe, Hiroshi Ezura, Koh Aoki, Hideki Hirakawa

掲載誌 : *DNA Research*

DOI: 10.1093/dnares/dsae016

論文 (2)

タイトル : Near-complete genome assembly of tomato (*Solanum lycopersicum*) cultivar Micro-Tom

著者 : Kenta Shirasawa, Tohru Ariizumi

掲載誌 : *Plant Biotechnology*

DOI: 10.5511/plantbiotechnology.24.0522a

本研究は、(公財) かずさ DNA 研究所、イノベーション創出強化研究推進事業 JPJ007097、JSPS 科研費(22H02321、22H05172、22H05181) の研究助成を受けたものです。

1. 背景

マイクロトムは、植物体の高さ 20~30 cm くらいで果実の直径も 2~3 cm という、非常に小さな矮性トマト品種です。元々はアメリカで観賞用として開発されました。種子を播いてから次の世代の種子を得るまでの世代時間は 3~4 ヶ月程度で通常のトマト品種よりも短く、また室内や人工気象器の中でも栽培できます。このような特徴から、マイクロトムは今では研究用のモデル品種としてアメリカをはじめフランスやブラジルなど世界中で利用されています。日本でもナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) の取り組みで、筑波大学からマイクロトムの数千系統の変異体が公開され、トマトが持つ遺伝子機能や栽培特性、果実成分などの研究に利用されています。

これまでの研究から、マイクロトムには遺伝的に異なるいくつかの系統があることが分かっていますが、各系統が世界に広がった経路や、表現型や遺伝子型の違いについての研究報告はありませんでした。今回の研究では、マイクロトムの全ゲノム解析を通して、これらの疑問に対する答えを導くとともに、高精度全ゲノム情報を利用することで変異体が持つ DNA の突然変異を明らかにできることを示しました。

2. 研究成果の概要

【論文 (1)】

- トマト研究者からの聞き取りを行い、1980 年代にアメリカで開発されたマイクロトムが、1990 年代にイスラエルを通じてフランスやブラジルに渡った経路と、同年代にアメリカから日本に直接渡った経路があることが判明しました。
- かずさ DNA 研が保有するマイクロトムの全ゲノムを解読するとともに、アメリカ、フランス、ブラジル、および日本の 3 研究機関（かずさ DNA 研、筑波大、農研機構）が保有する 6 系統のマイクロトムの遺伝子型解析を行い、各系統に遺伝的な違いがあることを見出しました。
- 6 系統のマイクロトムを同一環境で栽培した結果、各系統間には植物体の枝分かれや果実の大きさ・数など、多くの表現型に違いがあることが分かりました。

【論文（2）】

- 筑波大が保有するマイクロトムの全ゲノムを解読しました。そして、これまでにゲノム解読が完了していたアメリカやフランスの系統や、論文 1 で解読したかずさ DNA 研究所の系統と比較することで、各系統に特徴的な塩基配列の違いを明らかにしました。
- 筑波大の系統の全ゲノム解読では、最新のロングリード DNA シークエンス分析技術を利用したことで、これまでのトマトのゲノム研究では解読しきれていなかった難解読領域の塩基配列をほぼ完全に解読することができました。
- 果実の大きさが大きくなる特徴をもつ 9 種類の変異体の全ゲノム解析から、果実の大きさを決定する遺伝子の候補を特定することができました。

3. 期待されること

マイクロトムを利用した研究が、高精度な全ゲノム情報に基づいて実施できるようになります。これまでトマトで明らかにされていなかった遺伝現象が説明できる可能性が広がり、トマトをはじめとする野菜類の育種や遺伝学の研究の加速化に貢献します。研究者にとっては、マイクロトムの実験材料の管理が効率化されるようになることで、自身が研究に利用しているマイクロトムの来歴を正確に把握できるようになる利点もあります。