

次世代シーケンサーによる植物トランスクリプトーム解析

○高橋 宏暢¹, 兼目 裕充¹, 野路 征昭¹, 豊田 正夫¹, 浅川 義範¹, 岡田 岳人², 関田 節子², 田浦 太志³(¹徳島文理大薬, ²徳島文理大香川薬, ³九大院薬)

【目的】植物は多様な有用二次代謝産物を産生する。その有用代謝産物の生合成機構の解明に、次世代シーケンサーは強力なツールである。今回、数種の植物の有用二次代謝産物の生合成経路解明のため、次世代シーケンサーによる mRNA 解析を行った。これら植物種のゲノム解析はもちろん、十分な EST 解析もまだ行われていない。この新規 *de novo* トランスクリプトーム解析では、アセンブリが重要となる。今回、トランスクリプトームの解析に適したアセンブリソフトウェアの評価を試みることにした。

【方法・結果】3種の植物として、苔類オオケビラゴケ、生薬ミシマサイコ、抗アレルギー、抗 HIV 活性化合物を含有するエゾムラサキツツジを用いた。その mRNA の抽出を行い、イルミナ社 GAIIX による 1 レーン、100bp の長さでシーケンシングを行った。*De novo* アセンブリのソフトとして、ゲノムアセンブリで使用されている AbySS、Velvet、CLC Genomic Workbench、トランスクリプトームのアセンブルに最適化された OASES、Trinity、Rnntator の合計 6 種を使用した。アセンブルの評価として、得られた contig 数、contig の最大値、contig の N50 値、および BLAST 検索の結果を用いた。どの植物種においても、トランスクリプトームに最適化された 3 種のソフトウェアで、contig 数、contig の最大値、N50 の値において他のゲノムアセンブリのソフトより、良いデータを示した。また、BLAST 検索の 1 例として、シロイヌナズナにおける Cinnamate 4-hydroxylase (C4H) 酵素のアミノ酸配列 (At2g30490) をクエリーとして、各ソフトで得られた contig の tBLASTn 検索を行った。どの植物種においても、Rnnotator、OASES においてほぼ全長で C4H 酵素遺伝子の配列を得ることができた。