

京都府立大学 植物ゲノム情報学研究室の研究成果が
国際学術誌「Plant Physiology」に掲載されました
大量データに基づいて植物のストレス応答遺伝子を可視化するアプリを開発

京都府立大学大学院 生命環境科学研究科 植物ゲノム情報学研究室の福島敦史教授らは、理化学研究所との共同研究でモデル植物シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) のストレス応答遺伝子を簡単に検索できるウェブアプリケーション AtSRGA (*Arabidopsis thaliana* Stress Responsive Gene Atlas)を開発しました。AtSRGA は、11 種類のストレス条件下(乾燥、低温、高温など)での各遺伝子のストレス応答性を数値化し、色でデータを示した図(ヒートマップ^{※1})を用いて可視化し、生物情報科学の専門的な知識がなくてもワンクリックで簡単に使えます。本アプリはストレス応答遺伝子を見つけるための便利な情報基盤の一つとして、植物科学や持続可能な農業の発展に寄与することが期待されます。本研究成果は、国際学術誌「Plant Physiology」(電子版)に 2025 年 3 月 20 日付にて掲載されました。

AtSRGA のウェブサイト <https://huggingface.co/spaces/fusk-kpu/AtSRGA>

【研究のポイント】

- モデル植物シロイヌナズナに対し、公共データベースから11種類のストレス条件下(乾燥、低温、高温、塩分、酸化、傷害など)に関する遺伝子発現データを2,000サンプル以上集めてAtSRGAを開発した。
- 遺伝子発現データをメタ解析(複数の研究データを統合する手法)^{※2}することで、多くの独立した研究を通し、あるストレスに応答して一貫して発現増加あるいは発現減少する遺伝子を可視化できた。
- 適用したメタ解析から算出された *Stress Response score* (SRscore)の信頼性は高く、既知のストレス応答遺伝子の同定のみならず、機能未知のストレス応答遺伝子の探索、評価にも使えることを明らかにした。
- AtSRGAは、シロイヌナズナのストレス応答遺伝子を探すための情報プラットフォームの一つとなり、持続可能な社会の実現に向けた植物科学の発展を支えるツールの一つとして貢献することが期待される。

【論文情報】

<雑誌名>

Plant Physiology*

*アメリカ植物生理学会(American Society of Plant Biologists/ASPB)の学会誌

<論文タイトル>

AtSRGA: A shiny application for retrieving and visualizing stress-responsive genes in *Arabidopsis thaliana*

<著者> Yusuke Fukuda, Kohei Kawaguchi, Atsushi Fukushima

<論文 URL>

DOI: 10.1093/plphys/kiaf105

【研究概要】

非生物ストレス(乾燥や塩分など)や生物ストレス(病原菌や害虫など)は植物の成長や収量に大きな影響を与えています。このようなストレスに対する植物の遺伝子の働きや仕組みを明らかにすることは、将来の品種改良や農業技術の発展にきわめて重要です。

本研究では、モデル植物シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) のストレス応答遺伝子を簡単に検索できるウェブアプリケーション AtSRGA (*Arabidopsis thaliana* Stress Responsive Gene Atlas)を開発しました。このアプリケーションは、11 種類のストレス条件(乾燥、低温、高温、塩分、酸化、傷害など)に関して、公共データベースから集めた 2,000 サンプルを越える大量かつ網羅的な遺伝子発現データをもとに開発しました。

AtSRGA では、メタ解析(複数の研究データを統合する手法)^{※2}によって遺伝子のストレス応答性を数値化し、ヒートマップ^{※1}で視覚的に表示します(図1)。さらに、ストレス応答遺伝子の比較分析や、複数のストレスに同時に応答する遺伝子の特定も簡単に行えます。また、生物情報科学の専門的な知識がなくてもワンクリックで簡単に使えるように設計されています。

このアプリを使って、低温ストレスに対して強く応答する未知の候補遺伝子を選別し、実験でその発現パターンを検証しました。その結果、候補遺伝子の発現はストレスに応じて著しく増加または減少していることが分かりました(図2)。このことは、AtSRGA がシロイヌナズナのストレス応答遺伝子を探すための便利な情報基盤として、植物科学や持続可能な農業の発展へ寄与することが期待できます。今後は、重金属、栄養欠乏、病原菌など様々なストレスに関するデータを収集し評価する、短期的なストレス応答の解析結果を格納する、といった機能拡張を進め、さらに主要農作物への応用を可能にしたいと考えています。

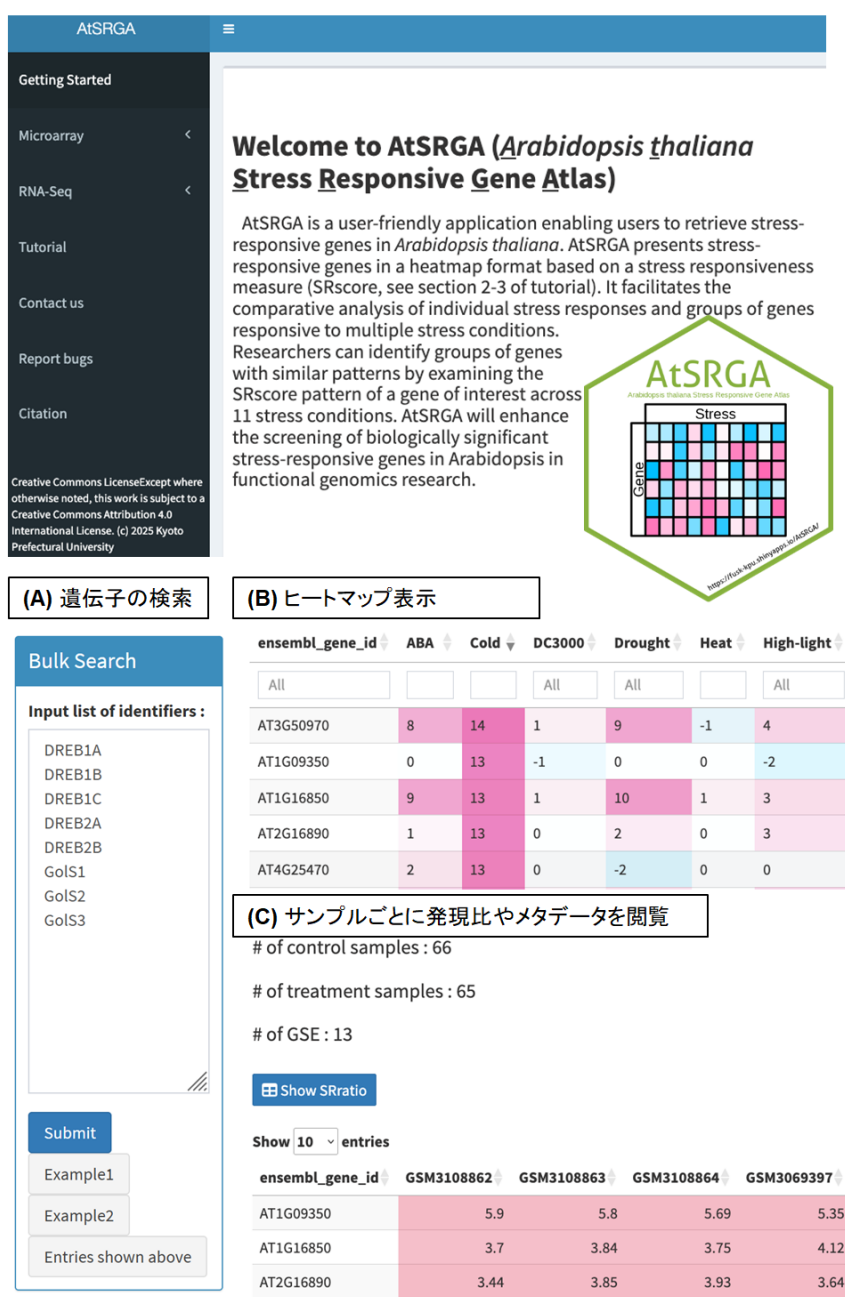


図1. AtSRGAの概要

(A) ユーザは検索ボックスにシロイヌナズナの遺伝子名(大文字・小文字を区別しない)を入力して、特定の遺伝子または遺伝子クラスターのSRscore(ストレス応答性の指標)^{※3}を調べることができる。(B) AtSRGAは、ストレス応答遺伝子の包括的なヒートマップ表示を提供し、個々のストレス応答や複数のストレスに応答する遺伝子群の比較解析を容易にする。各カラムのヘッダーに隣接する上下の矢印を操作することにより、ユーザはヒートマップ

内のSRscoreデータ行列を数値順またはアルファベット順に並べ替えて、着目すべき遺伝子を探索できる。図中では低温(Cold)ストレスに応答して強く発現増加する遺伝子の上位5つを表示しており、数値はSRscoreを表す。(C) AtSRGAでは、選択した遺伝子のSRratio(メタ解析で算出した統合的な発現比)^{※4}と実験データセットに関する情報(ストレス処理の内容や期間など)を記述したメタデータにアクセスすることもでき、発現変動が最も顕著な実験条件の同定が容易になる。その他、AtSRGAではテンプレートマッチング法^{※5}や遺伝子機能エンリッチメント解析^{※6}を行うこともできる。

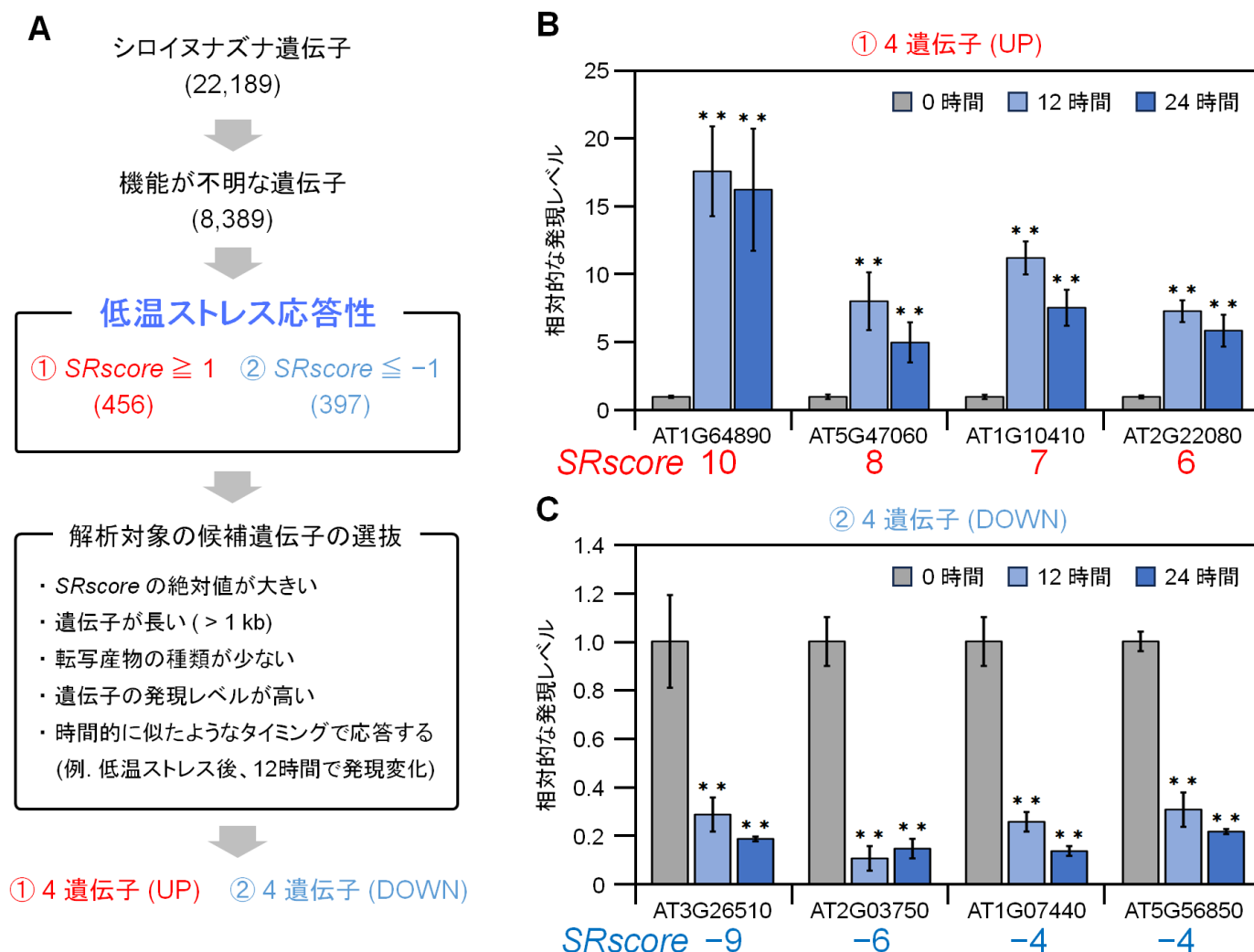


図2. RT-qPCR^{※7}による未知の低温ストレス応答遺伝子の発現解析

(A) RT-qPCRによる未知遺伝子の発現解析のための遺伝子選択手順。はじめに、シロイヌナズナゲノム注釈において機能が未知であった8,389遺伝子を対象に、本研究で算出したSRscoreを用いて選択した。 $|SRscore| \geq 1$ の閾値を用い、456個の発現増加遺伝子と397個の発現減少遺伝子に絞り込んだ。最終的には、解析対象の候補遺伝子を図中のボックス内の5つの基準で選択した。

(BおよびC) 低温ストレス処理後、選択された発現増加(B)または発現減少(C)された未知遺伝子の転写レベルをRT-qPCRで経時的に調べた。各値は、未処理サンプルの相対発現量を1としたときのストレス誘導性発現の程度を表す。RT-qPCRで得られた定量値は4回の独立した反復実験から算出した。エラーバーは3回の生物学的反復の標準偏差を示す。統計的有意性はスチューデントのt検定を用いて決定した(** $p < 0.05$)。また、それぞれの遺伝子に対するSRscoreをグラフ下に表示した。

本件に関するお問い合わせ

<研究内容に関するお問い合わせ>

京都府立大学生命環境科学研究科植物ゲノム情報学研究室 教授 福島敦史

e-mail: afukushima@kpu.ac.jp

tel: 075-703-5164

研究室ウェブサイト: <https://www.kpu-g.com/>

PRESS RELEASE 報道関係各位
＜プレスリリースに関するお問い合わせ＞
京都府立大学 企画・地域連携課
e-mail: kikaku@kpu.ac.jp
tel: 075-703-5147



理化学研究所



京都府立大学
Kyoto Prefectural University

理化学研究所 広報室 報道担当
e-mail: ex-press@ml.riken.jp
tel: 050-3495-0247

【用語説明】

※1 ヒートマップ

ヒートマップは、データを色の濃さや種類で表すグラフの一つ。数値の大きさを色で表現することで、データの違いやパターンをひと目でわかりやすくすることができる。AtSRGA では、ストレスの応答性の指標 *SRscore* が高いほど濃いピンク色に、*SRscore* が低いほど濃い水色にしている。

※2 メタ解析

複数の異なる研究で行われた遺伝子の働きに関するデータ(トランスクリプトームデータ)をまとめて調べること、新しい発見や考えを得るための方法。この方法では、さまざまな条件や環境で得られた遺伝子のデータを比べて統合し、特定のストレスに対して一貫して発現応答する遺伝子を見つけることができる。これにより、個々の研究だけではわからなかった広い視点での結論を導き出すことができる。

※3 *SRscore*

Stress Response score の略。*SRscore* (ストレス応答スコア) とは、ある遺伝子がストレスにどれだけ強く反応するかを示す数値である。多くの研究データを組み合わせ、「この遺伝子は本当にストレスに応答しているのか？」を表す指標の一つとして使える。統計的な信頼性が高く、ストレス耐性作物の育種、新たなストレス応答遺伝子の発見、環境適応メカニズムの解明などに貢献する。高い正の *SRscore* 値を持つ遺伝子は、多くの研究で一貫してストレスに応答して発現増加を示す遺伝子を表し、低い負の値を持つ遺伝子は、一貫して発現減少するものを表す(いずれも信頼性が高い)。

※4 *SRratio*

Stress Response ratio の略。ストレス応答性を定量化する *Stress Response score (SRscore)* の計算に必要な統計量であり、特定の遺伝子があるストレス条件下で通常条件と比べてどの程度発現変動を示すかを「発現比」として数値化したものである。

※5 テンプレートマッチング

理想的なストレス応答パターン(テンプレート)と実際の遺伝子を持つストレス応答パターンデータとを相関係数で比較し、各遺伝子をテンプレートへの一致度に基づいてランキング形式で抽出する。テンプレートはストレス条件下での *SRscore* パターンを意味し、テンプレートに一致する遺伝子(例、特定のストレス条件下で高発現または低発現する遺伝子)を抽出できる。正の相関および負の相関の遺伝子も識別可能で、幅広いパターン解析が可能である。

※6 機能エンリッチメント解析

英語で Functional Enrichment Analysis のこと(日本語ではうまい訳が無いのでカタカナ表記とした)。網羅的な遺伝子発現解析(=トランスクリプトーム解析)において、特定の遺伝子群が特定の biological process(生物プロセス)、molecular function(分子機能)、cellular component(細胞の構成要素)や metabolic pathway(代謝パスウェイ)に関連しているか否かを調べる統計手法である。この解析は、遺伝子発現データから得られる有意に変動した遺伝子リストの機能的な意味を理解し、データ解釈に役立つためよく用いられる。

※7 RT-qPCR

定量的逆転写 PCR 法(Reverse Transcription Quantitative Polymerase Chain Reaction, RT-qPCR)は RNA の量を正確に測定するための分子生物学的手法の一つである。PCR 法とは、増やしたい特定の遺伝子(標的遺伝子)を見つけ、その両端にくっつく短い DNA(プライマー)を設計し、このプライマーをもとに耐熱性の DNA 合成酵素を何度も働かせることで、標的遺伝子を大量にコピーする方法のこと。この PCR 法の中でも、特に遺伝子が増えて

PRESS RELEASE

報道関係各位



理化学研究所



京都府立大学
Kyoto Prefectural University

いく様子を専用の機械でリアルタイムに測定しながら解析する方法を qPCR または RT-PCR 法という。この方法は、病原体の検出や遺伝子の働きを調べるときに使われる。