

様式 7-2

平成18年度 交付金プロジェクト研究課題 中間評価結果

課題名：ポプラ等樹木の完全長cDNA塩基配列情報の充実

主査氏名（所属）：篠原健司（生物工学）

担当部署：生物工学研究領域、森林遺伝研究領域

参画機関：

研究期間：平成18～20年度

1. 目的

「総合科学技術会議分野別推進戦略」や「バイオテクノロジー戦略大綱」では、ゲノム研究・ポストゲノム研究・バイオインフォマティクス（生物情報科学）研究の重要性を指摘している。遺伝子の構造や機能の確定にはゲノムの塩基配列情報だけでは不完全であり、ゲノム上の各遺伝子から発現するmRNA(cDNA)との構造比較が必要である。本研究では、スギ完全長cDNAライブラリーの作製と多数のcDNAの構造解析を進めるとともに、ポプラ完全長cDNA情報の充実に図り、ポストゲノム時代を迎えた樹木研究の進展に貢献することを目的とする。

2. 当年度研究成果の概要

発達段階の異なるスギの雄花から調製したmRNAを鋳型にして、発現遺伝子の重複が極めて少ないスギ完全長cDNAライブラリーを作製した。この完全長cDNAライブラリーは、平均鎖長の比較的長い優れた品質を保持している。乾燥、高塩濃度、低温、高温、アブシジン酸や過酸化水素等の各環境ストレス処理を行ったセイヨウハコヤナギ組織培養体及び野外で生育するセイヨウハコヤナギ成木の各器官から調製したmRNAを鋳型にし、ポプラ完全長cDNAライブラリーを作製した。この完全長cDNAライブラリーに含まれる約4万種類の完全長cDNAの末端塩基配列（EST）を解析した。これらのEST情報に既に公表した4,522種類のEST情報を合わせてクラスタリングを行い、合計19,841種類の完全長cDNAを収集した。この数値はポプラゲノムの概要解読から予測される発現遺伝子の総数の約40%に相当し、樹木のポストゲノム研究の進展に十分に貢献できるバイオリソースである。

3. 当年度の発表業績

- 1) 楠城時彦・櫻井哲也・十時泰・豊田敦・西口満・二村典宏・伊ヶ崎知弘・角友之・関原明・榊佳之・篠崎一雄・篠原健司、ポプラ完全長クローンの大規模収集、日本森林学会大会学術講演集、117、PE11、2006.4
- 2) Futamura N, Ujino-Ihara T, Nishiguchi M, Kanamori H, Yoshimura K, Sakaguchi M, Shinohara K, Characterization of expressed sequence tags from the pollen of *Cryptomeria japonica* 8th International Congress of Plant Molecular Biology, Book of Abstracts, 119, 2006.8
- 3) Futamura N, Ujino-Ihara T, Nishiguchi M, Kanamori H, Yoshimura K, Sakaguchi M, Shinohara K, Analysis of expressed sequence tags from *Cryptomeria japonica* pollen reveals novel pollen-specific transcripts, Tree Physiology, 26, 517-1528, 2006.12
- 4) 二村典宏・十時泰・豊田敦・西口満・伊ヶ崎知弘・楠城時彦・関原明・篠崎一雄・篠原健司、スギ雄花完全長cDNAの大規模収集、日本植物生理学会年会要旨集、48、2007.3
- 5) Futamura N, Kusunoki Y, Mukai Y, Shinohara K, Characterization of genes for a pollen allergen, Cry j 2, of *Cryptomeria japonica*, International Archives of Allergy and Immunology, 143, 59-68 2007.4 (in press)
- 6) Fujimura T, Futamura N, Midoro-Horiuti T, Togawa A, Yasueda H, Saito A, Shinohara K, Masuda K, Kurata K, Sakaguchi M, Isolation and characterization of native Cry j 3 from Japanese cedar (*Cryptomeria japonica*) pollen, Allergy, (in press)

4. 評価委員の氏名（所属）

小島克己（東京大学・アジア生物資源環境研究センター教授）

5. 評価結果の概要

良質なスギ雄花完全長 cDNA ライブラリーの作製と目標値を遙かに上回るポプラ完全長 cDNA の大規

模収集に成功し、予定以上の研究の成果が得られている。今後は、得られた約 20,000 種のポプラ完全長 cDNA の EST 情報を用い、発現遺伝子の網羅的解析が可能な DNA マイクロアレイの設計を進め、環境ストレス応答機構等樹木の生命現象の解明に役立てるよう研究計画を変更されたい。本研究の目的は、ポプラ完全長 cDNA 情報の充実だけでなく、スギ完全長 cDNA の構造解析を進め、ポストゲノム時代を迎えた樹木研究の進展に貢献することであり、研究計画の達成には十分な予算を配賦することが必要である。

6. 評価において改善を指摘された事項への対応

ポプラに関しては研究計画を変更し、次年度以降発現遺伝子の網羅的解析が可能な DNA マイクロアレイの設計を進める。研究計画の達成のため、十分な予算を配賦されるよう研究所へ要望する。