

シイタケの全ゲノム情報の公開

シイタケは、世界ではツクリタケ（マッシュルーム）に次いで生産量が多く、私たちの食生活に欠かせないきのこです。また、日本では最も重要な栽培きのこであり、その生産は中山間地域での農林家の収益確保と定着に大変役立ってきました。しかし、安価な輸入シイタケの急増等により、中山間地域では収益の悪化を招きました。このため、生産者の収益確保や国内外の消費拡大を目指した新品種の開発や産地偽装の防止などに向けた技術革新が求められています。当所では、シイタケの全ゲノム情報の解読を世界に先駆けて行ってきました。そこで、こうした問題の解決に貢献するため、収集した全ゲノム情報をデータベースとして公開します。

シイタケゲノムデータベースの概要

森林総合研究所は、東京工業大学と共同研究を進め、世界に先駆けて日本で最も重要な栽培きのこであるシイタケの全ゲノム情報を解読しました。このゲノム情報には13,089個の遺伝子が含まれ、各遺伝子の塩基配列情報を決定しました。今回、これまでに収集したシイタケの全ゲノム情報を当所の森林生物遺伝子データベース（ForestGEN: <http://forestgen.affrc.go.jp/ja/index.html>）より公開いたします（図1，2，3）。

シイタケゲノムデータベースでは、「blast」と「search」の2つの検索の入口を設けています。「blast」はBLAST検索画面につながり、DNA塩基配列やアミノ酸配列情報を入力し検索すると、その配列と相同性の高いシイタケのDNA塩基配列、遺伝子、アミノ酸配列等を調べることができます。また、「search」はシイタケの遺伝子の転写産物（transcript）の検索画面につながり、遺伝子の転写産物の機能や構造の特徴等について詳細な情報を調べることができます。

成果の活用

森林総合研究所は、シイタケのゲノム情報を利用して、シイタケの子実体形成を自在にコントロールし、生産現場や品種開発で役立つ技術開発を推進しています。また、このゲノム情報は、シイタケの品種育成者に与えられる権利の保護、原産国偽装の問題、食品としての安全性などに対応する行政や現場が要望するDNAマーカーの開発に利用できます。一例を挙げますと、輸入シイタケの一部が、日本の特定の登録品種や栽培品種と同一であり、日本の品種が持ち出された可能性があることを明らかにしています。さらに、品種判別に優れたDNAマーカーを開発することで、このような問題に対しより正確な情報を提供することができます。

図、表、写真等

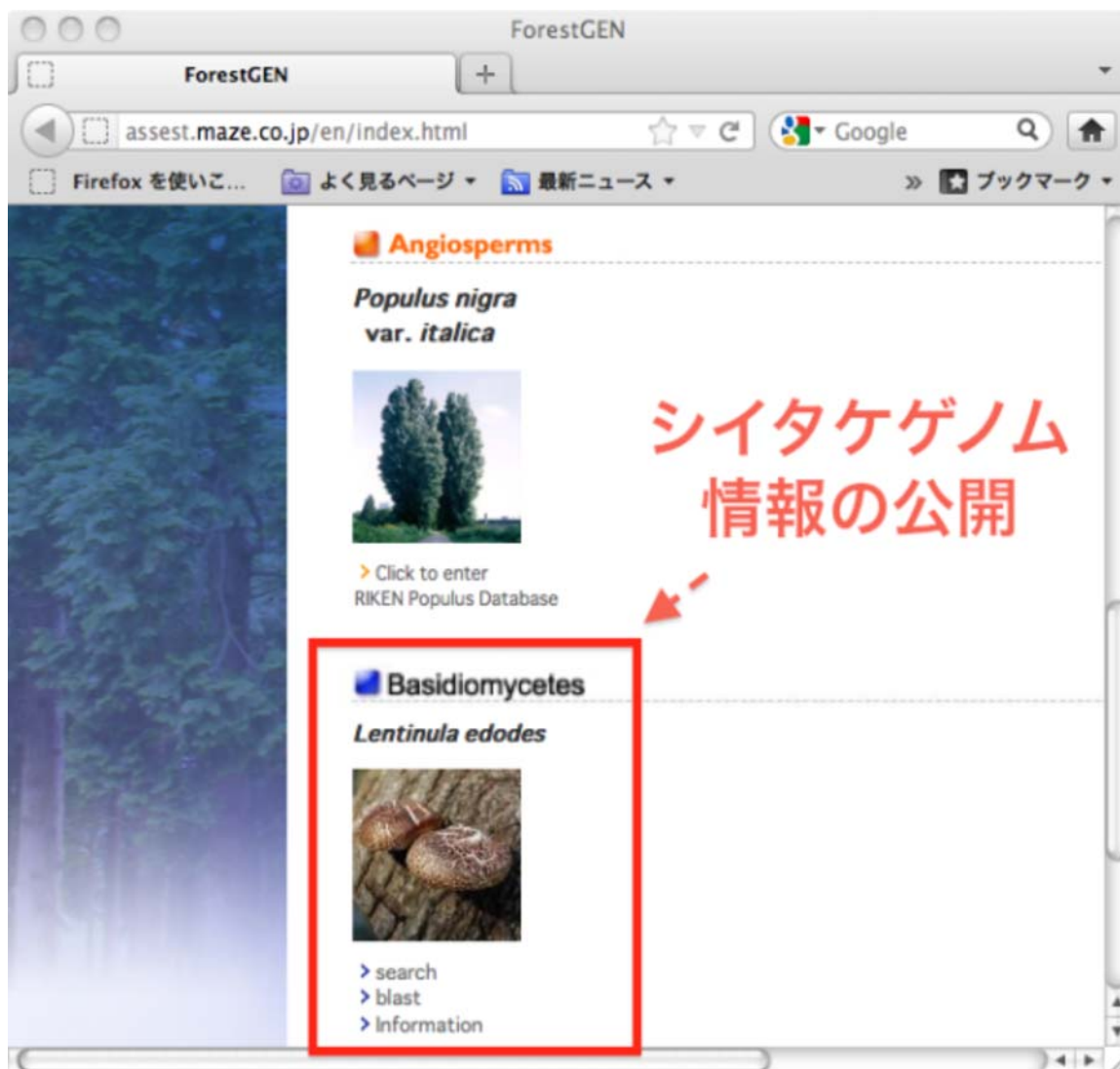


図1．シイタケゲノム情報の公開画面
(<http://forestgen.ffpri.affrc.go.jp/ja/index.html>)

BLAST Search Tool

Essential Options Submit Reset

BLAST program: ☐ blastn (Nucleotide x Nucleotide)
☐ blastx (Protein x Nucleotide)
☐ blastp (Protein x Protein)
☐ tblastn (Nucleotide x Protein)
☐ tblastx (Nucleotide x Nucleotide)

Database: ☐ Lentinula edodes Genome sequence
☐ AUGUSTUS01 (Predicted mRNA)
☐ AUGUSTUS01 (Predicted Protein) (Protein)
☐ NCBI nr-aa (Protein)

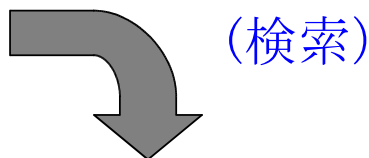
Query sequence: Clear query sequence
 ATAGGTACAATCAAGGCTACAGTATGCTAGGTACCAAAATAATTAGAGCTACTGCTAC
 AGGTAAAGATTTAACCAACATAAATCTATTAGCTGATCATAACGAAGTCGAGGAAGTTC
 TCGCACAGAAATAAAAAACGGTAAACAGGTTTATACCTAAAAATAGATTGTA
 ATTAATATTGAATCATTACAAAACTTCAGGCATGTTATACCCACCTAAAAATATTGA
 TGTATACAACTAAATACAAATAGATGAATTTCCAGGAAGAAAAATACAAAGGCAC
 TGAAGTATGCTCAGTCATAAATCTGAACTAATTCGATTCAAAAATTAATGTAAAA
 TTTATTATT

Search Options Submit Reset

Expectation value: 10
 Filter: ☒ Low complexity
 Matrix: BLOSUM62 ☐ ungapped alignment (not available with tblastx)
 Other advanced options:

Output Formatting Options Submit Reset

Show: ☒ NCBI-gi
 Alignment view: pairwise
 Number of: Descriptions 100 Alignments 50



blast

[2010]

Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schaffer, Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), -BLAST: a new generation of protein database search aids Res. 25:3389-3402.

CAAAGGCTACAGTATGCTAGGTACCAAAATAATTAGAGCTACTGC
 TTAACCAACATAAATCTATTAGCTGATCATAACGAAGTCGAGGAAG
 AGAACAAAATAAAAAACACGGTAAACAGGTTTTAATACCTAAAAAAT
 ATATTGAATCATTACAAAACTTCAGGCATGTTATACCCACCTAA
 AAATAAAATTGATGTTATACTAAATAATACAATAGATGAATATTCTCCAAGGAAGAA
 AAATACAAAAGGCACTGAGCTATGCTCAGTCATAAATCCTGAACTAATTCTGATTCCAA
 AAAATTTAAATGTAAAAATTTATTATT

(388 letters)

Database: Le_AUGUSTUS_CDS_aa
 13,089 sequences; 5,563,262 total letters

Searching.....done

Sequences producing significant alignments:

	Score (bits)	E Value
AUGUSTUS01_g1051.t1	28	1.0
AUGUSTUS01_g10329.t1	26	3.0
AUGUSTUS01_g6063.t1	25	6.7
AUGUSTUS01_g6085.t1	25	8.8
AUGUSTUS01_g2693.t1	25	8.8

[top](#)
[AUGUSTUS01_g1051.t1](#)
 Length = 316

Score = 27.7 bits (60), Expect = 1.0
 Identities = 18/71 (25%), Positives = 38/71 (53%), Gaps = 2/71 (2%)
 Frame = -2

Query: 375 LHFNFLESELVSGFMTEHSSVPVFVFFLGEYSSIVLFSCITSI--LFLGGYNMPEVFNVD 202
 L FN + + + ++ +S+ ++F S+I +TS+ L LGG + ++ D
 Sbjct: 134 LSFNLIRT--IPDSLRLTSLTTIYFVQNRISTITGLDYLTSLRSLGNGNRIRKIKENLD 191

Query: 201 SIFNLQSIFLG 169
 ++ NL+ ++LG
 Sbjct: 192 ALVNLEELWLG 202

図2. 「blast」 の検索画面と検索結果

図3. 「search」の検索画面と検索結果