

ポプラの環境ストレス関連遺伝子の大規模収集に成功

生物工学研究領域 形質転換研究室 楠城 時彦
樹木分子生物研究室 二村 典宏、西口 満、伊ヶ崎知弘
領域長 篠原 健司

背景と目的

樹木の環境ストレス応答機構や耐性機構の解明は、乾燥地の緑化など環境の保全や修復のための基礎研究として重要な課題です。米国を中心とする研究グループは、平成 16 年 9 月に、木本植物で初めてポプラの全ゲノムの塩基配列を解読しました。その結果、ゲノム情報をもとに展開されるポストゲノム研究において、ポプラは有望な「モデル樹木」と位置付けられました。しかし、樹木の生理機能を分子レベルで理解するためには、単なる塩基配列の羅列にすぎないゲノム情報だけでは不十分であり、細胞内で機能する遺伝子群の収集と発現解析が必要となります。私たちは、樹木の環境ストレス応答機構や耐性機構の解明を目指して、細胞内で働く遺伝子を反映した cDNA をポプラから大量に収集しました。

成 果

完全長 cDNA ライブラリーの作製

乾燥、高塩濃度や低温などの環境ストレス処理をしたポプラ（セイヨウハコヤナギ、*Populus nigra* var. *italica*）の葉を用い、完全長 cDNA ライブラリー（図 1）を作製しました。完全長 cDNA は、遺伝子の機能解析や組換え体の作出にとって有用なバイオリソース（生物資源）です。これまでに植物界では、シロイヌナズナ、イネやヒメツリガネゴケなどの完全長 cDNA が収集されています。30,000 個以上のポプラ cDNA の塩基配列を解析した結果、様々な機能を持つ約 4,500 種の遺伝子を同定しました（図 2）。このような大規模な完全長 cDNA の収集は、樹木では世界で初めての報告です。

多様の環境ストレス関連遺伝子の収集

また、ポプラ cDNA の中には多数の環境ストレス関連遺伝子が含まれていました。ポプラ完全長 cDNA は、ポプラゲノムの正確な解析に有効な情報

をもたらすだけでなく、樹木のポストゲノム研究に大きく貢献します。さらに、本研究で得られたポプラの環境ストレス関連遺伝子群は、遺伝子組換えによる環境ストレス耐性樹木の開発や、遺伝子マーカーとして用いることで耐性樹木の選抜などにも利用可能です。

今後は、ポプラの遺伝子コレクションをさらに充実させ、樹木の環境ストレス応答機構や耐性機構を解明する予定です。また、環境ストレス耐性樹木の創出に挑戦し、持続的な地球環境の保全に貢献したいと考えています。

本研究は、交付金プロジェクト「ポプラ完全長 cDNA ライブラリーコレクションの整備」による成果です。

詳しくは、Nanjo et al. (2004) Plant and Cell Physiology 45(12):1738-1748 をご覧下さい。

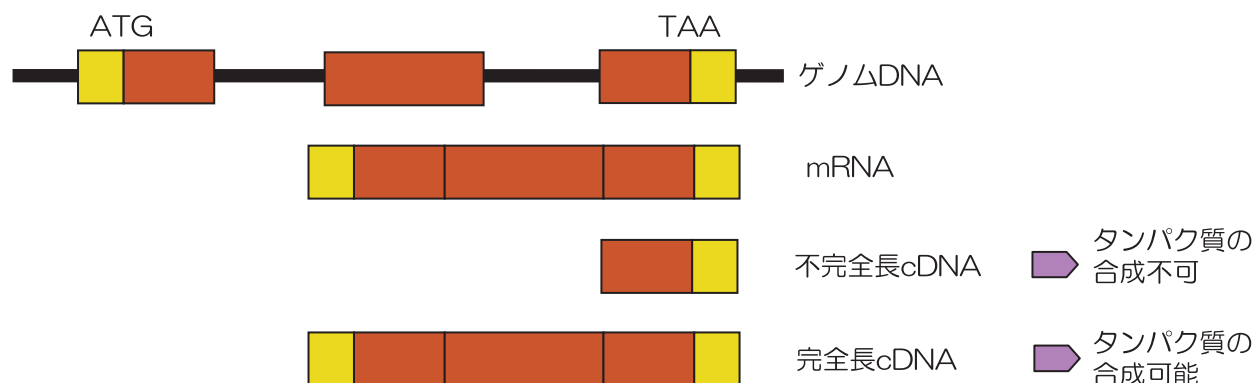


図1 完全長 cDNA の利点

cDNA とは、タンパク質の合成に必要な遺伝情報物質である mRNA（メッセンジャー RNA）を鋳型にして作られた DNA です。完全長 cDNA は、不完全長 cDNA と異なり、タンパク質合成に必要な全ての情報を保持し、完全長のタンパク質の合成、遺伝子のプロモーター領域の探索、ゲノム解析などに有効利用できます。完全長 cDNA ライブラリーは、完全長 cDNA を高効率で含むライブラリーです。

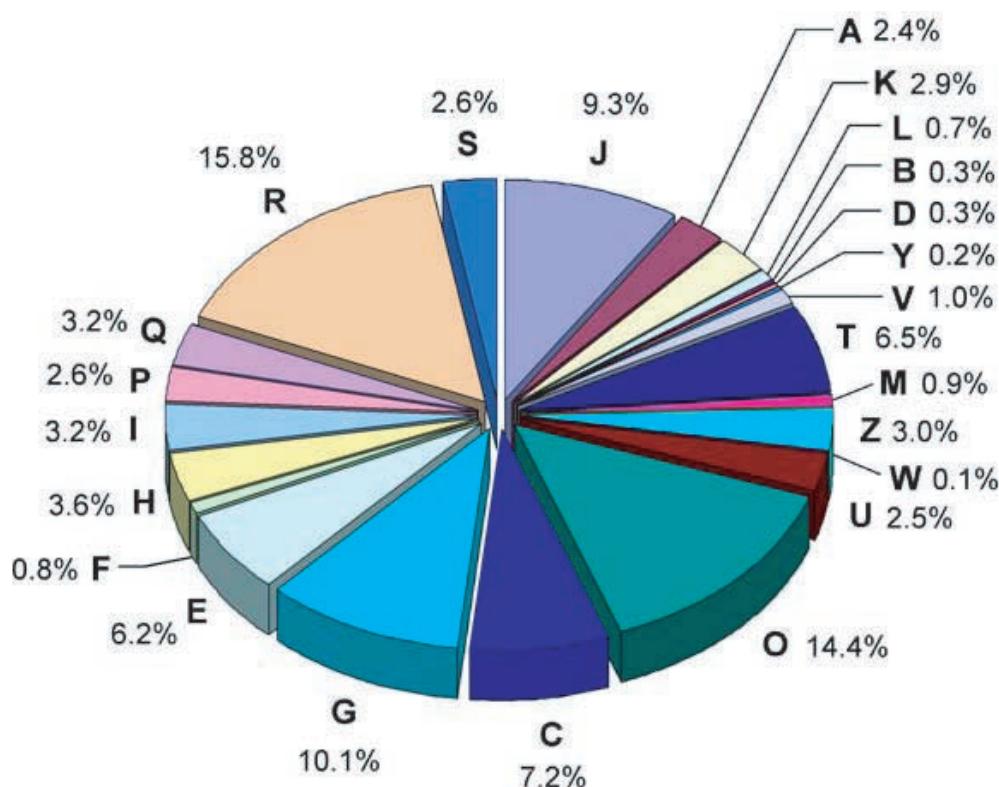


図2 ポプラ完全長 cDNA の機能分類

ポプラ完全長 cDNA をそれぞれの塩基配列がコードするタンパク質の機能によって分類しました。

J：タンパク質の翻訳，A：RNA のプロセッシングと修飾，K：転写，L：DNA の複製・組換え・修復，B：クロマチンの構造変換，D：細胞周期・細胞分裂の制御，Y：核構造，V：防御機構，T：シグナル伝達，M：細胞壁・細胞膜の合成，Z：細胞骨格，W：細胞外構造，U：細胞内輸送・分泌，O：タンパク質の翻訳後修飾・代謝，C：エネルギー生産・変換，G：炭水化物の輸送・代謝，E：アミノ酸の輸送・代謝，F：核酸の輸送・代謝，H：補酵素の輸送・代謝，I：脂質の輸送・代謝，P：無機イオンの輸送・代謝，Q：二次代謝産物の合成・輸送，R・S：不明