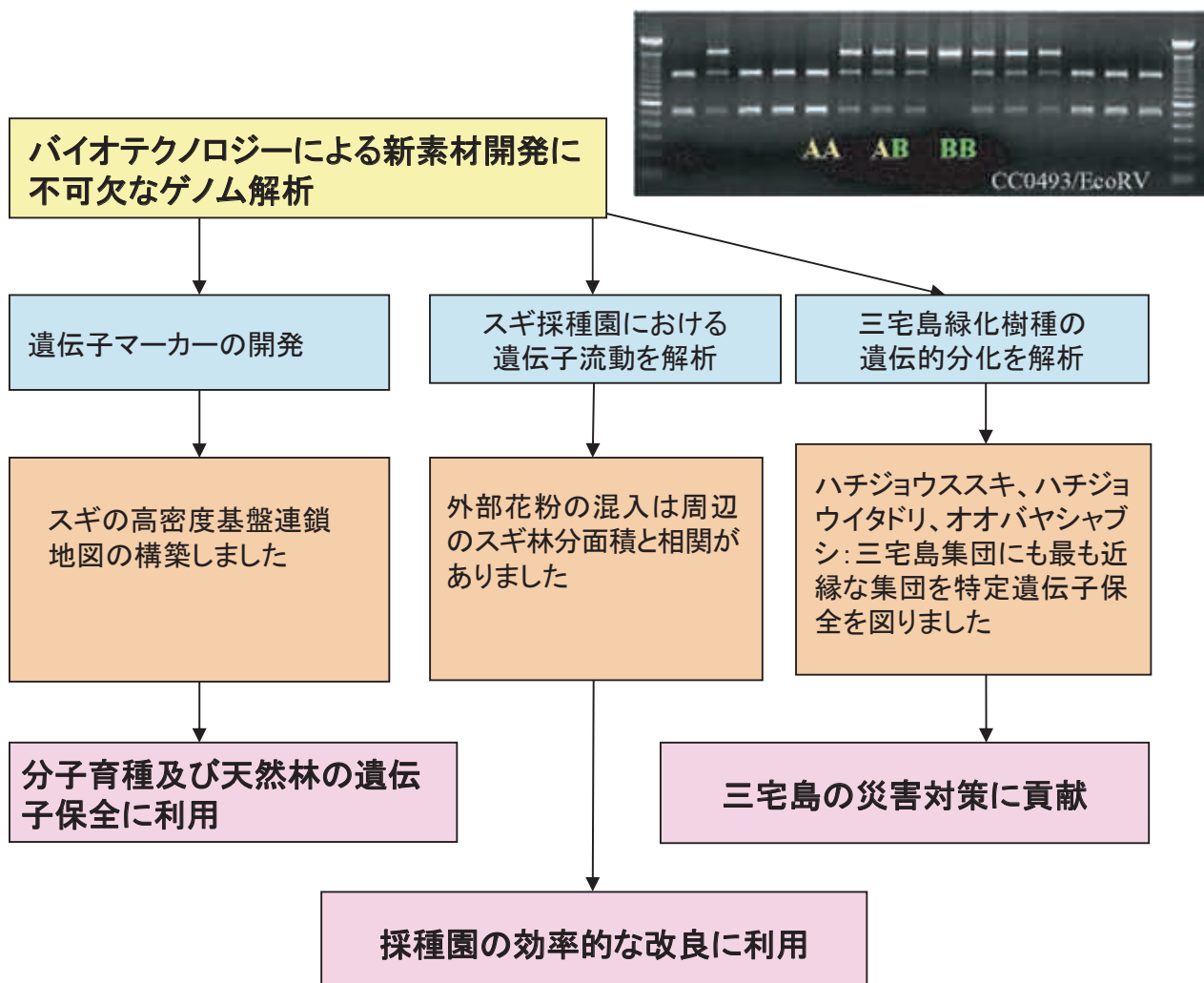


Ⅱ分野 生物機能の解明と新素材の開発に向けた研究 (ア) 森林生物のゲノム研究

背景と目的

生命科学の基礎研究であるゲノム研究から得られる膨大な遺伝情報は、有用遺伝子の探索・単離、遺伝子導入や効率的な遺伝子発現技術等の技術開発、生理活性物質等の有用物質を生産する遺伝子組換え生物の作出を図る上で不可欠です。そのため、安定した遺伝マーカーの開発を行うことにより、高密度連鎖地図の構築を行うとともに、採種園での遺伝子流動を明らかにすることをめざしました。



DNAマーカーの開発によりスギの高密度基盤連鎖地図を構築

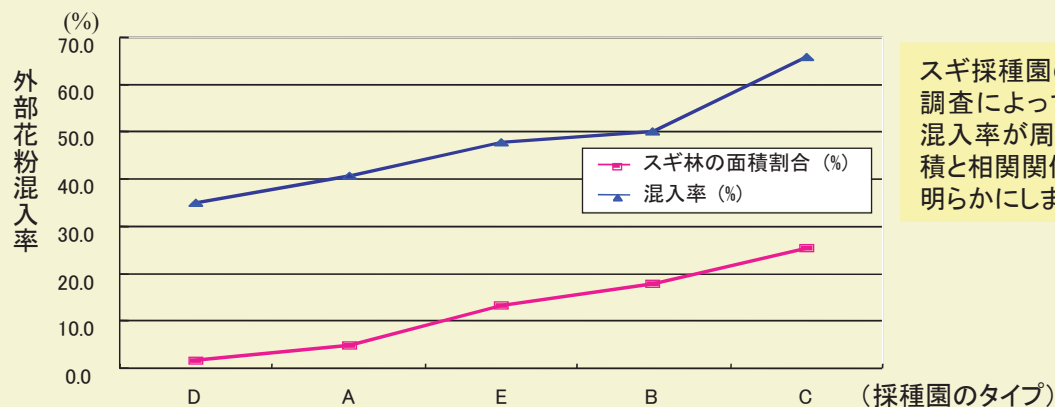
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11



有用樹種のスギで約500遺伝子のDNAマーカーを開発しました。開発したマーカーを用いてスギの基盤連鎖地図の構築を行い、花粉症の原因蛋白質の遺伝子であるCryj1及びCryj2を地図に位置付けることができました。

スギの基盤連鎖地図(略図)

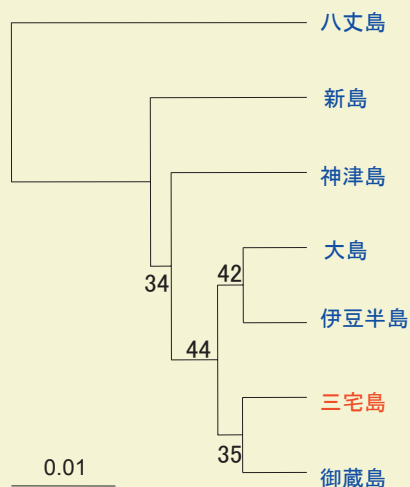
スギ採種園における遺伝子流動の実態を解明



スギ採種園の遺伝子流動調査によって外部花粉の混入率が周辺のスギ林面積と相関関係があることを明らかにしました。

採種園周辺半径10kmのスギ人工林面積が増加すると外部花粉混入率も増加しました。

三宅島緑化のための緑化植物の遺伝解析を行い、近縁な集団を特定



三宅島の災害対策として緑化樹種の遺伝的分化を核DNA及び葉緑体DNA多型を用いて解析した結果、ハチジョウススキ、ハチジョウイタドリ、オオバヤシャブシ3種について三宅島集団に最も近縁な集団を特定することができました。

三宅島の植生回復に
御蔵島から移植し利用

ハチジョウススキ集団の核DNA解析による遺伝的な関係