

What's New

研究プロジェクト「ポプラ等樹木の完全長cDNA塩基配列情報の充実」の紹介

生物工学研究領域長

篠原 健司

「総合科学技術会議分野別推進戦略（ライフサイエンス分野）」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ます。そして、ヒト、シロイヌナズナ、イネなど様々な生物のゲノム研究プロジェクトが活発に推進されています。これらゲノム情報がもたらす成果は、基礎生物学の理解にとどまらず、新産業の創出や地球環境問題の解決などにも革新的な貢献をもたらすと予想されています。

平成16年9月に、樹木では初めてポプラゲノムの塩基配列の概要解読結果が公開されましたが、塩基配列の羅列にすぎないゲノムの構造解析だけでは十分とは言えません。つまり、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す。我が国では、世界に先駆けて、ヒト、マウス、シロイヌナズナ、イネなどの完全長cDNAライブラリーの作製と解析が行われています。完全長cDNAには、(1)完全長のタンパク質が合成できる、(2)遺伝子の発現を制御するプロモーター領域を正確に同定できる、(3)ゲノム解析に正確な情報が提供できる、といった利点があります。交付金プロジェクト「ポストゲノムとしてのポプラ完全長cDNAライブラリーコレクションの整備」（平成15～17年度）では、ポプラの完全長cDNAを約4,500種保有しました。また、樹木では初めてポプラの完全長cDNAの塩基配列情報を公表するとともに、理化学研究所バイオリソースセンターに寄託し、希望者へ完全長cDNAの配付を開始しています。さらに、国際ポプラゲノムコンソシアムからも依頼され、それらの塩基配列情報を提供しました。しかし、得られた完全長cDNAの総数は、ポプラゲノムの構造から推定された発現遺伝子数の一割程度にしかすぎず、さらなる完全長cDNAの収集と塩基配列情報の公開が期待されています。

一方、ポプラゲノムの塩基配列の概要解読結果が公開され、次のターゲットは裸子植物と考えられています。多くの植物学者は、裸子植物のゲノムの進化に興味をそそいでいますが、スギやマツなどの裸子植物の全ゲノムの解読には莫大な研究予算が必要であり、現状では極めて困難な状況にあります。スギのゲノムサイズはヒトの約3倍、ポプラの約20倍、マツの約1/2倍に当たり、裸子植物の中では最も小さく、スギは裸子植物のゲノム研究で有利な研究材料といえます。裸子植物では、完全長cDNAライブラリーの作製や解析は全く行われていません。裸子植物の新規遺伝子を探索するには、スギ完全長cDNAの大規模収集が近道です。

本研究課題では、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しています（図1）。そして、裸子植物の遺伝子の進化の解明や裸子植物特異的な遺伝子情報の収集を進め、特にスギの雄性不稔原因遺伝子や花成制御遺伝子等の解明につなげたいと考えています。ポプラに関しては、ゲノム情報との比較により、多数の遺伝子の正確な構造（プロモーター、エクソン、イントロン等）が明らかになるはずです。その結果、有用遺伝子の同定とその利用が促進でき、樹木の生命現象の解明や組換え樹木の作製が可能となります。さらに、スギやポプラの完全長cDNAの配布や情報提供を通じて、学術的及び応用科学的な国際貢献が図れると期待しています。

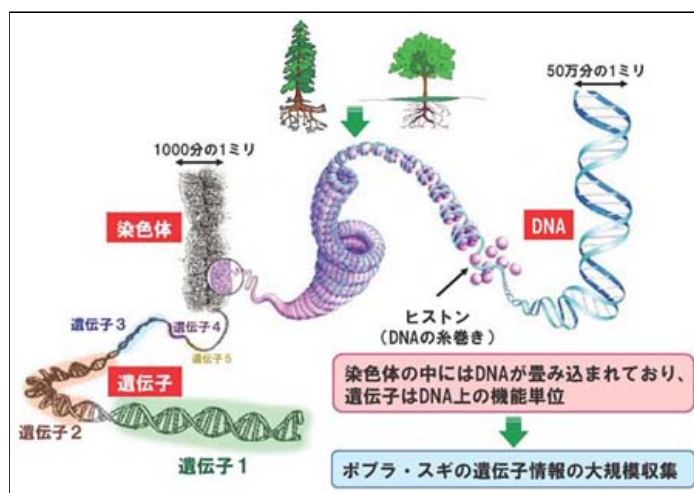


図1. ポプラ等樹木の完全長cDNA塩基配列情報の充実

※日本植物生理学会 (<http://www.jspp.org/>) 会員専用ページから引用し、加筆・修正した。