

(2) 「オオムギの遺伝子情報の開発と制御」プロジェクト(研究代表者：武田和義教授)について

科学技術振興事業団 戦略的創造研究推進事業 (CREST)

研究領域「植物の機能と制御」H12年度採択

研究期間：平成12年11月～平成18年3月

研究代表者(所属)：武田和義(岡山大学資源生物科学研究所)

研究分担者(所属)：馬 建鋒, 且原眞木, 杉本学, 佐藤和広, 最相大輔(岡山大学資源生物科学研究所), 武田 真(香川大学農学部), 掛田克行(三重大学生物資源学部), 山崎由紀子(国立遺伝学研究所), 斉藤彰(九州沖縄農業研究センター), 川崎信二, 小松田隆夫(農業生物資源研究所), 高橋秀和(秋田県立大学生物資源学部), 伊藤一敏(サッポロビール(株)バイオリソース開発研究所)

研究の背景と目的

オオムギは主要な農作物のひとつであり、一万年の栽培の歴史を経て種々のストレス耐性や農業形質などに大きな変異を生じてきた。オオムギは主要穀物の中では自殖性二倍体で染色体数も $n = 7$ と少なく、ムギ類のモデルプラントとして注目されている。本プロジェクトでは「ゲノム解析」そのものをターゲットにするのではなく作物の生産性やストレス耐性の解析を視野に入れた研究を展開したいと考えた。研究代表者の所属する大麦・野生植物資源研究センターでは野生種や貴重な突然変異系統を含む1万以上のオオムギ品種を保有し、オオムギ遺伝研究の世界的な拠点の一つとして系統進化、遺伝解析などに成果を挙げており、その過程で集積された情報と材料を活用すれば世界の水準に互して一定の成果を収めることが可能な情勢にあると考えた。研究の実施に当たってはオオムギのゲノム解析に必要となる大規模な実験系の開発を中心に進めた。

研究成果

遺伝子のカタログ化をするための cDNA 解析と遺伝子のマップおよび発現解析手法の開発においては、独自に開発した14万の遺伝子断片配列および国際コンソシアムによって作製された配列をもとにカタログ化を進め、イネゲノム、コムギ EST との比較ゲノム情報を含めた遺伝子配列情報を検索するためのデータベースを開発・公開した。オオムギ EST 配列の中で数千の一塩基多型を検出し、約1万個の非冗長的な配列を有する cDNA からプライマーを合成して約3千マーカーからなる世界最高密度の遺伝子地図を作成し、マップ上に数十の有用形質を同定した。さらに、このマップに基づいて有用形質をゲノム全体で選抜するために、cDNA の発現および SNP を検出する DNA アレイシステムを用いた遺伝子型選抜システムを開発した。また、米国を中心とする国際コンソシアムで約2万3千個の遺伝子が検出可能な DNA オリゴアレイシステムを共同開発した。独自に開発したゲノムライブラリーと遺伝子の選抜技術が完成し、高密度遺伝地図作製技術およびアグロバクテリウムを用いた形質転換技術と合わせて、いくつかの重要な遺伝子について精力的に強連鎖マーカーの検出および単離を進めた。また、不良土壌環境に適応するためのストレス耐性に関する機能推定、産業利用上重要な醸造品質のタンパク質量分析技術を用いた遺伝子同定も進めた。

以上のオオムギ研究は国際的にも高く評価されている。また、ビール会社等との協力による商品育種への応用や、研究成果から58件の国際出願を含めた特許を出願しており、これに基づいて大学発ベンチャー企業を設立するなど、産業的にも顕著な成果が得られた。