

「植物の機能と制御」  
平成12年度採択研究代表者

武田 和義

(岡山大学資源生物科学研究所 教授)

## 「オオムギゲノム機能の開発と制御」

### 1. 研究実施の概要

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進めている。その主なものは以下の通りである

- (1) 全遺伝子のカタログ化をするためのcDNAライブラリ開発とcDNAのシーケンス解析
- (2) オオムギ遺伝子の配列情報を整理・解析するためのデータベース
- (3) オオムギの有用遺伝子単離のための巨大DNAライブラリー開発
- (4) 有用遺伝子の単離および単離に向けた実験手法の開発
- (5) 形質転換系の確立

(1)のシーケンス解析に大きな成果がみられ、1月米国で開催された国際動植物ゲノム会議において国際的に高い評価を得た。この成果は(2)のデータベースにおいて整理・解析を進めている。(1)および(3)のライブラリー開発は現在精力的に研究を進めており、平成13年度後半には研究に利用可能な材料が開発できると考えている。(4)ではすでに単離された遺伝子もあるほか、単離にむけた地図作製、マーカー検出などを進めている、(5)については現在もっとも優れた技術を有するオーストラリアCSIROと共同研究することを先方から了承されたので、次年度研究分担者を派遣して技術開発を進める予定である。

### 2. 研究実施内容

#### (1) 岡山大学 センター形成グループ

国立遺伝学研究所との共同研究で進めているcDNAのシーケンス解析を約2万クローンについて両端から完了した。この結果について海外の主なオオムギゲノム研究グループと共同してオオムギ遺伝子のカタログ化を進め、マイクロアレイを作成するためのコンソシアムを形成することで合意した。さらに、情報システムグループと共同してオオムギESTデータベースを開発中であり、これを利用してEST中に存在するSNPを推定している。また、BAC特異遺伝子グループと協力してBACライブラリーの開発を進めている。これらのライブラリーを保存する設備や大型の備品の購入を進めており、13年度のはじめにはセンター体制の整備

がほぼ完了する予定である。また、機能開発解析グループ、物理地図生理機能グループ、ライブラリ開発グループに実験材料および情報を提供して研究の調整をはかっている。海外の研究拠点とは綿密に連絡を取り合って情報を収集するとともに、協力体制を整えている。

(2) 岡山大学 機能開発解析グループ

塩抵抗性オオムギと感受性オオムギの根にマンニトール、アブシジン酸、ジャスモン酸のストレスを与えて塩ストレス誘導遺伝子の発現量を検討し、塩ストレスによる誘導と各種ホルモンによる誘導の相関関係を明らかにした。

また、オオムギの塩ストレス耐性、乾燥ストレス耐性に関連する機能と遺伝子を見出すことを目指して、根の水輸送系とストレス誘導性細胞死に注目して研究を進めた。水輸送系についてはすでに報告した原形質膜型水チャンネルについて、抗体を作成してた。また細胞死誘導機能については、ある種のタンパク質分解酵素阻害剤が細胞死抑制に効果があることを明らかにした。

(3) 香川大学 物理地図生理機能グループ

米国クレムゾン大学で作成されたオオムギ品種'Morex'由来のBACライブラリーのサンプル(96クローン)を入手し、蛍光in situハイブリダイゼーション(FISH)用のプローブ作成に向けてBAC DNAの抽出条件を検討した。

多数のオオムギのミネラル成分を分析するために、密閉型マイクロウェーブ湿式分解装置を購入し、現在この装置による試料分解方法(HNO<sub>3</sub>-H<sub>2</sub>O-HF)と従来の分解法(硝酸分解)を比較検討している。アルミニウム耐性品種を用いて、アルミニウムによる根の伸長阻害と根端のアルミニウム集積量について感受性品種と比較している。アルミニウム耐性品種は根端のアルミニウム集積量が少く、オオムギのアルミニウム耐性機構として排除機構が働いていることが示唆された。

(4) 国立遺伝学研究所 情報システムグループ

オオムギ3系統(はるな二条、赤神力、野生オオムギH602)を用いて解析した2万クローンの配列データ(約4万件)のデータベース化に着手した。クラスタリングを行い、現在までに約1万5千のUnigeneを得た。

(5) 農水省九州農試 ライブラリ開発グループ

新規作成する完全長cDNAクローンをマッピングするため、オオムギ分子地図(木石港3x交A)中にあるRFLPマーカーの57JBC、29JBGクローンの塩基配列を解析している。

(6) 農水省生物研 BAC特異遺伝子グループ

(1) AFLPを用いたオオムギ小穂脱落性遺伝子連鎖マーカーの開発をおこなった。組み換え型自殖系統で2遺伝子型のバルクを作成し、多型を示したマー

カーについてさらに詳細なマッピングをおこない、最終的に3 cM以内に連鎖するマーカーを11個作成する事に成功した。また、センターグループと協力して高品質のBACライブラリーの開発を精力的に進めている。

3 . 主な研究成果の発表 ( 論文発表 )

M.Katsuhara, M.Shibasaka. Cell death and growth recovery of barley after transient salt stress. Journal of Plant Research 113:239-243( 2000 )