

## ポプラ完全長 cDNA\* 約 20,000 種類の収集に成功

生物工学研究領域 ストレス応答研究室 楠城 時彦、西口 満  
樹木分子生物研究室 二村 典宏、伊ヶ崎 知弘  
生物工学研究領域 領域長 篠原 健司

### 背景と目的

近年、樹木で初めてポプラゲノムの概要解読が報告され、樹木研究もポストゲノム時代を迎えました。染色体の形状やゲノムの塩基配列を解析する学問分野を「構造ゲノム学」と呼びます。一方、ゲノム情報をもとに実際の細胞内で機能する遺伝子を研究するのが「機能ゲノム学」です。樹木の生理機能の裏付けとなる遺伝子機能を効率的に解析するためには、機能ゲノム学的アプローチが有効です。ポプラは、ゲノム情報の整備や遺伝子組換え技術の確立などにより、モデル樹木としての地位も揺るぎないものになりました。私たちは、樹木の機能ゲノム学的研究の一環として、ポプラから完全長 cDNA を大規模に収集しました。

### 成 果

ポプラ（セイヨウハコヤナギ、*Populus nigra* var. *italica*）の葉、茎、根や花の各器官、また乾燥、高塩濃度や低温などの環境ストレス処理をした葉から調整した mRNA\* を鋳型にして、完全長 cDNA ライブラリー\* 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。110,000 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 19,841 種類の遺伝子を同定しました。（図 1）。この数値は、ポプラのゲノムの概要解読から推定される遺伝子数の約 40% に相当します。ポプラ完全長 cDNA の中には多数の重要な遺伝子が含まれていました。また、収集した遺伝子は 19 本の染色体上にほぼ均等に分布することも明らかになりました（図 2）。

このような完全長 cDNA の大規模収集は、樹木では

他に例を見ません。ポプラ完全長 cDNA は、樹木の構造ゲノム学だけでなく、機能ゲノム学における研究の進展に大きく貢献します。また、遺伝子組換えによる有用樹木の開発や、遺伝子マーカーとして用いることで環境耐性樹木の選抜などにも利用可能です。今後は、ポプラ完全長 cDNA をもとに DNA マイクロアレイ\* による発現遺伝子\* の網羅的解析を進め、樹木の様々な生理機能の解明に挑戦する予定です。そして、ポプラのバイオリソースの配布を通じて国際貢献に努め、樹木研究の発展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「ポプラ等樹木の完全長 cDNA 塩基配列情報の充実」による成果です。また、（独）理化学研究所植物科学研究センター（篠崎一雄センター長）との共同研究として推進しました。

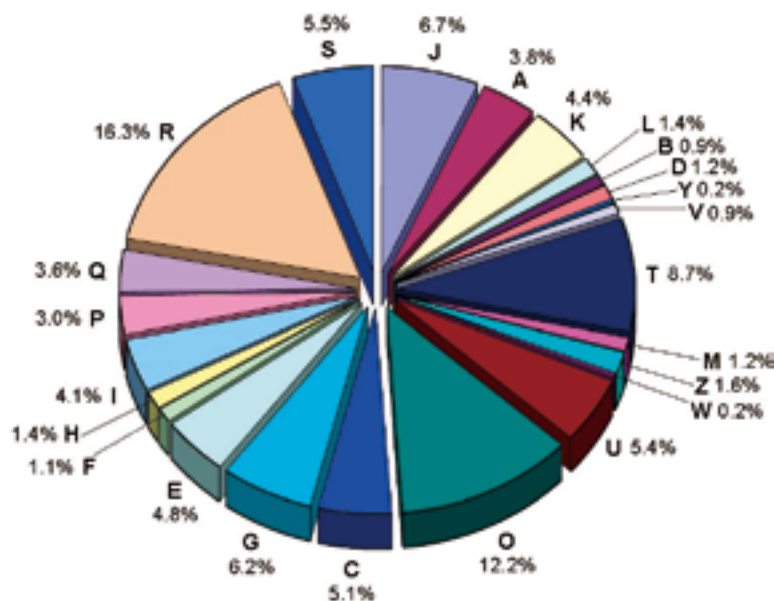


図1 ポプラ完全長 cDNA の機能分類

ポプラ完全長 cDNA 約 2 万種類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

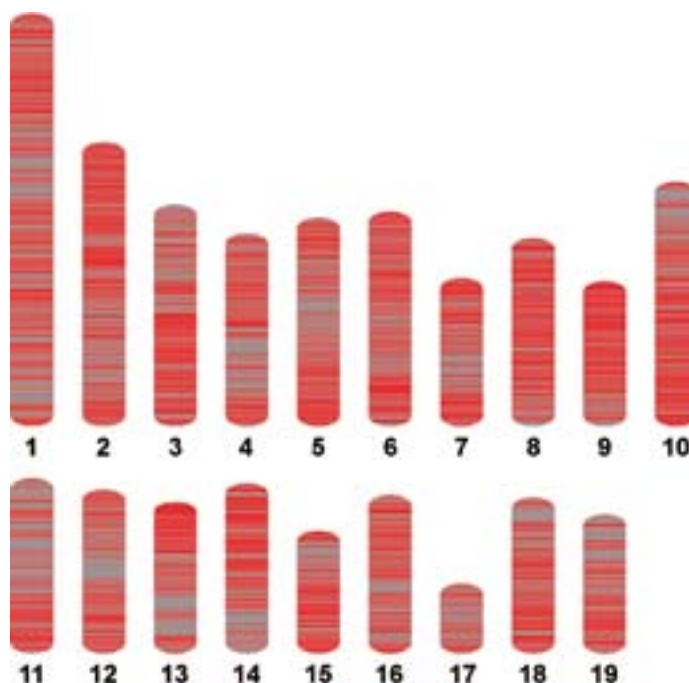


図2 ポプラ完全長 cDNA の染色体上での位置

ポプラのゲノム情報をもとに、私たちが収集したポプラ完全長 cDNA 約 2 万種類を染色体上にマッピングしました。棒状の図形は各染色体を示しています（染色体番号 1～19）。赤い部分がポプラ完全長 cDNA の位置を示しています。

\* については、巻末の用語解説をご覧ください。