

巻頭言

いよいよポプラの全塩基配列が解読される

研究管理官 田崎 清



ヒト、シロイヌナズナ、イネのゲノム情報（塩基配列情報）の解読が終了しました。そして、いよいよポプラがモデル樹木としてゲノム解読の対象となり、アメリカの研究者を中心にして2003年中にポプラの全塩基配列を解読するという計画が発表されました。しかし、林業においては針葉樹が世界的にも重要な樹種であり、初めて行われる樹木のゲノム解読も針葉樹を対象にするべきなのではと疑問に思われますが、これには理由があります。つまり解読する塩基配列の長さが問題になります。例えば、ヒトの全塩基配列の総延長は30億塩基対、イネは4.3億塩基対、そしてシロイヌナズナは1.25億塩基対ですが、ポプラの全塩基配列の総延長は5.5億塩基対であることから樹木はポプラで解読ということになりました。とはいえ、ポプラの全塩基配列を解読するにしても相当な資源（人、金、時間等）を投入しなければなし得ない計画ですが、現在の塩基配列の解読技術からすると予定通りに解読は完了すると思われる。そして、このようにして解読された塩基配列情報はデータベースとして公開される予定です。

それでは、これら塩基配列情報はどの役に立つのか、どのような研究に利用されるのかが問題になります。イネでは、遺伝子の機能を解明し、有用な遺伝子の単離を容易にすることで交配育種におけるマーカー作りや遺伝子組換えによる新素材の作出等に利用できるといわれています。ポプラの場合にもイネと同様な効果が期待できます。しかし、遺伝子の機能を解明するにしても塩基配列情報だけでは推測の域を出ません。そこで、ポスト・ゲノムシーケンス研究といわれる分野が重要になってきます。具体的には、ポプラが成長し、外界からのストレスに応答したりというような場面で働いている遺伝子の情報を網羅的に解析したり、塩基配列情報から遺伝子の配列を見つけて、この配列からどのようなタンパク質が作られるか確かめたり、遺伝子の機能を遺伝子組換えにより確認する等の研究を進めることが必要になります。そして、このような研究の成果は有用な遺伝子を利用した遺伝子組換えによる新素材の作出という出口に近い研究・開発につながっていくことが期待できます。

国際的にもポプラゲノム研究への日本の貢献が期待されていることから、森林総合研究所の生物機能開発分野はポプラにおけるポスト・ゲノムシーケンス研究を推進し、世界に向けて研究成果を発信できるよう努めてゆきます。

[\[巻頭言\]](#) [\[解説シリーズ\]](#) [\[報告1\]](#) [\[報告2\]](#) [\[おしらせ\]](#)

[\[所報トップページへ\]](#)