

## スギの器官別 EST 情報の統合

### 1. スギの品種改良の高速化に向けて

スギの遺伝的改良のために、林業上重要な成長や材質といった特性の把握にこれまで20~30年の生育期間が必要でしたが、ゲノム情報の活用によってこの育種に必要な期間を短縮することを目的として、スギの発現遺伝子の基盤情報を整備しました。

### 2. 異なる器官からのEST情報の収集

スギの成長や材質、雄花着花性に関係すると考えられる、頂端、針葉、根系、木部、雄花といったそれぞれの器官から時期別に試料を採取し、それらからRNAを抽出して、RNAから逆転写酵素によりcDNAを作成し、cDNAの塩基配列を解析しました。この塩基配列のことをESTと呼びますが、25年度までに52万収集しました。これは、世界的にゲノム育種が最も進んでいるテーダマツ等に匹敵する数です。各ESTの塩基配列の相同性に基づいて、元の遺伝子の長い塩基配列情報を再構築しました。これをIsotigといいますが、Isotigはほぼ「遺伝子」全長に近いイメージです。器官ごとのIsotig数は約5,000から約14,000となりました。

### 3. 器官別EST情報の統合

異なる器官で共通のあるいは特異的に発現している遺伝子を明らかにするため、器官別Isotigを統合しました。その結果Isotig数は約22,000に収束することが明らかになり(図)、発現遺伝子には、各器官で特異的に発現しているもの、複数の器官で発現しているもの等、様々なものが見られました。例えば、木部で特異的に発現している遺伝子は約5,600あり、これらは、木部特有の生物学的事象に関連するものと考えられ、材質形質に

関する遺伝子などは、この中にある可能性があります。一方、各器官で共通に発現している遺伝子が約2,600あり、これらは、樹木の生存に不可欠な代謝関連等の遺伝子であることが考えられます。さらに、発現遺伝子の塩基配列を異なる個体で比較することにより、Isotigから一塩基多型(SNP※)を同定し、SNPマーカーの開発に着手しました。

※任意の遺伝子における突然変異に由来する個体間での一塩基の違い(変異)

### 4. 統合した器官別EST情報の活用

統合された発現遺伝子の情報は、効率的なSNPマーカーの開発や遺伝子機能の解明、材形成や雄花形成といった生理プロセスの解明等に活用し、今後のマーカー選抜育種に向けた研究を加速する考えです。またこれら基盤となる情報を利用し、育種目標に適したDNAマーカーの選定、マーカーを指標とした優良個体の早期選抜技術の開発を進め、従来、長期間を要していた特性評価にかかる期間を短縮すること等によって、育種の高速化を推進していきます。

(育種部 育種第一課 高橋 誠)

約52万のEST→22,250 Isotig(平均長:1,469.62bp)

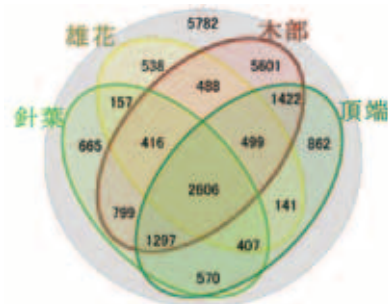


図 Isotigの器官特異性