

平成 21年 5月 15日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2006年度～2009年度

課題番号：18017021

研究課題名（和文） 植物に特徴的な倍数性ゲノム間相互作用に関する研究

研究課題名（英文） Studies on the genome interaction in polyploid plants

研究代表者

村井 耕二 (MURAI KOJI)

公立大学法人 福井県立大学・生物資源学部・教授

研究者番号：70261097

研究分野：植物発生遺伝学

科研費の分科・細目：特定領域研究・比較ゲノム

キーワード：倍数性、同祖遺伝子、発現調節、環境応答、ゲノム間相互作用、倍数性進化、花成制御、貯蔵タンパク質

1. 研究計画の概要

植物は倍数化により進化してきたことを特徴とする。パンコムギは祖先種が明らかとなっており、さらに、その多くが現存するため、倍数性進化の研究のモデルケースとして優れた材料である。パンコムギは倍数化する際、異種間の異なるゲノムを組み合わせた（異質倍数性：ゲノム構成 AABBDD）。これらのゲノムが内包する遺伝子セットは基本的に同じであると考えられるが、互いに分化している。倍数種のゲノム構成および遺伝子発現調節はそれぞれのゲノムの単なる足し算ではなく、高次な制御機構による相互作用が働いているに違いない。本研究は、パンコムギをモデルとして、倍数種が成立した結果生じたジェネティックおよびエピジェネティックな変化をゲノム科学的に解析することを目的とする。

2. 研究の進捗状況

(1) コムギ EST の大量解析：コムギの生活環境の代表的な組織、および生物的・非生物学的ストレスをかけた組織、都合 50 組織からそれぞれ cDNA ライブラリを構築し、65 万を超える cDNA クローンの両側から塩基を決定した。

(2) 生殖成長関連遺伝子 (MADS ボックス遺伝子) の同祖遺伝子発現機構の解析：コムギ EST データベースから抽出した MADS ボックス遺伝子 57 遺伝子中 18 遺伝子 (32%) について、3 つの同祖遺伝子が確認され、B, C, D, E クラスに属する遺伝子に関して、A, B, D ゲノムそれぞれの同祖遺伝子の発現パターンを

特徴付けた。さらに、クラス E 遺伝子については、同祖遺伝子におけるジェネティックおよびエピジェネティック発現制御機構を解明した。

(3) パンコムギの栽培化に関わる遺伝子の同祖遺伝子発現機構の解析：パンコムギの栽培化に決定的に重要であった Q 遺伝子の同祖遺伝子の構造と発現機構の解析を詳細に行った。

(4) 同祖遺伝子のゲノム別発現様式のバイオインフォマティクスの解析：比較的発現量の多い 5199 遺伝子の contig の相同性解析により、全体の約 58% の遺伝子が 3 種類のゲノムのうち、1 つのゲノムからのみ発現している、2 ゲノムから発現している、3 ゲノムとも発現している遺伝子の発現パターンと座乗染色体を推定した。

(5) 貯蔵タンパク質遺伝子座乗領域のゲノム構造解析：コムギ貯蔵タンパク質遺伝子は多重遺伝子族を構成する。貯蔵タンパク質遺伝子の一種であるグリアジン遺伝子の発現パターンを個々に解析するとともにプロモーター領域の解析を行っている。

(6) オリゴ DNA マイクロアレイを用いた環境ストレス処理に応答する遺伝子の体系的解析：EST データも基に作成した 38K アジレント社コムギオリゴ DNA マイクロアレイを用いて、塩処理に応答するコムギ遺伝子を網羅的に解析した。

3. 現在までの達成度

<区分>

②おおむね順調に進展している。

倍数性コムギにおける EST を網羅的に解析することができ、いくつかの遺伝子についてはゲノム間の制御機構が解明できた。

4. 今後の研究の推進方策
ゲノムワイドな解析を進める。

5. 代表的な研究成果
(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 10 件)

- ① Kawaaura, K., K. Mochida and Y. Ogiwara (2008) Genome-wide analysis for identification of salt-responsive genes in common wheat. 査読有り Functional & Integrative Genomics 8(3): 277-286.
- ② Shitsukawa, N., C. Tahira, K.-I. Kassai, C. Hirabayashi, T. Shimizu, S. Takumi, K. Mochida, K. Kawaaura, Y. Ogiwara and K. Murai (2007) Genetic and epigenetic alteration among three homoeologous genes of a class E MADS box gene in hexaploid wheat. 査読有り Plant Cell 19: 1723-1737.
- ③ Mochida, K., K. Kawaaura, E. Shimosaka, T. Shin-I, Y. Kohara, Y. Yamazaki and Y. Ogiwara (2006) Tissue expression map of comprehensive expressed sequence tags and its application to in silico screening of stress response genes in common wheat. 査読有り Molecular Genetics & Genomics 276: 304-312.

[学会発表] (計 30 件)

- ① Murai, K., and N. Shitsukawa (2008) Genomic shock induced genetic and epigenetic changes in homoeologs of class ABCDE MADS-box genes in hexaploid wheat. 11th International Wheat Genetic Symposium, 2008年8月26日, Brisbane

[図書] (計 1 件)

- ① 村井耕二編著、化学同人、発生生物学、2008年、177 ページ