

2008年7月1日

独立行政法人 理化学研究所

麦類の遺伝子地図データベースを世界に公開

- 小麦・大麦遺伝子地図を統合した世界初のデータベース、麦類研究加速へ -

世界4大穀物と呼ばれる小麦、大麦、イネ、トウモロコシはすべてイネ科に属し、世界人口の増大に伴う食糧問題の解決のために重要な作物です。しかし、これらの作物が生育する耕作地は、拡大するどころか、疲弊傾向にあります。さらに、主用作物が環境負荷の小さいエネルギー材料としても注目され始め、食糧不足や価格の高騰がより深刻な事態となっています。劣環境に強いなど、有用形質にかかわる遺伝子を活用した品種改良に対する要望が高まってきています。

世界4大穀物の中でも特に、小麦と大麦は、同じ祖先ゲノムから派生したゲノムを持っています。染色体上の遺伝子の並び順や、遺伝子間の塩基配列類似性が高く、遺伝学的知見を比較するなどして、遺伝育種研究を強力に推進することが期待されています。

遺伝育種研究には、有用形質に関わる遺伝子のゲノム上の位置を見つけ出すQTL解析や、作物集団のDNA多型をゲノム全域にわたって解析する集団解析などが欠かせません。理研植物科学研究センターの機能開発研究グループは、遺伝学的解析によりゲノム上の位置情報が判明している2倍性小麦、大麦のすべての遺伝子、約3,500遺伝子の情報を収集、データベース化しました。さらに、イネゲノム情報との対応づけを行い、麦とイネの遺伝学的知見の統合的な利用を実現しました。このデータベースに整理された遺伝子マーカーのDNA配列情報を使うと、比較ゲノム学的手法が適用でき、麦類とイネゲノムの構造類似性領域の比較や、イネゲノム情報の麦研究への効果的な活用が可能となります。データベースは、世界中の研究者が活用できるように、2008年7月1日、インターネット上に公開します。

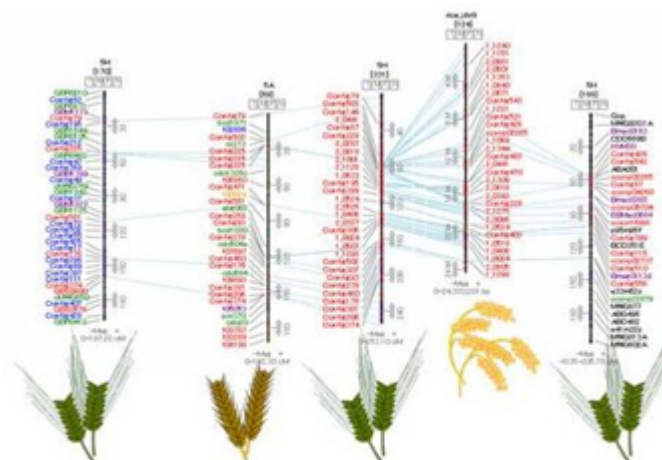


図 共通マーカーにもとづく遺伝子地図を統合した小麦と大麦。イネの比較も可能に。
(左から大麦、小麦、大麦、イネ、大麦の染色体の比較)

2008年7月1日
独立行政法人 理化学研究所

麦類の遺伝子地図データベースを世界に公開

- 小麦・大麦遺伝子地図を統合した世界初のデータベース、麦類研究加速へ -

◇ポイント◇

- ・ 麦類で遺伝学的にゲノム上の位置が判明している約 3500 遺伝子の情報を統合
- ・ 小麦-大麦-イネのゲノム構造情報が比較可能に
- ・ 麦類作物の遺伝育種研究に貢献

独立行政法人理化学研究所（野依良治理事長）は、小麦、大麦で遺伝学的解析によりゲノム上の位置情報が判明しているすべての遺伝子、約 3500 遺伝子の情報を統合したデータベースを構築し、2008年7月1日、インターネット上に公開します。これは、理研植物科学研究センター（篠崎一雄センター長）機能開発研究グループの持田恵一特別研究者らによる研究成果です。

植物の実の収量や、病気や劣環境への耐性などの形質に関連する遺伝子を見つけ、それを利用して作物育種を行う手法の開発は、世界的な食糧問題を克服するために、わが国のみならず世界中で大きな研究ターゲットとなっています。これは遺伝育種研究と呼ばれ、全ゲノムが解読できていない麦類をはじめとする作物では、それらの形質にかかわる遺伝子のゲノム上の位置を見つけ出すためにQTL解析^{*1}を行ったり、遺伝資源となる自然界の作物集団の多様性を明らかにするために、作物集団のDNA多型をゲノム全域にわたって解析する集団解析を行ったりしています。

QTL解析や集団解析には、遺伝子探索の目印としてゲノム全域を網羅するDNAマーカー^{*2}が必要です。研究グループは、世界的に主要な穀物である麦類での遺伝育種研究に幅広く活用できるDNAマーカーの情報基盤を構築するために、大麦と2倍性小麦^{*3}をターゲットに選び、遺伝学的にゲノム上の位置が決まっている機能遺伝子の情報を体系型に収集し、データベース化しました。その結果、種々の遺伝子クラスター情報が整理・対応づけられ、これらの遺伝子マーカー^{*4}のDNA配列情報を使って、比較ゲノム学的手法を適用することができるようになりました。さらに、アジア地域の主要穀物として遺伝子解析などが進んでいるイネゲノム情報との対応づけを行い、麦とイネの遺伝的知見の統合的な利用を実現しました。この統合データベースでは、大麦遺伝子地図同士、大麦-小麦遺伝子地図同士だけでなく、麦類とイネゲノムの構造類似性領域の比較や、イネゲノム情報の麦研究への効果的な活用が可能となります。このデータベースは、世界中の研究者が自由に検索できるように、理研が2008年3月から整備してきた「TriMEDB (Triticeae Mapped EST Database)」で2008年7月1日より公開します。今後、世界の麦類研究者に活用され、麦類の遺伝育種研究を加速すると期待されます。

本研究成果は、英国の科学雑誌『*BMC Plant Biology*』のオンライン版に6月30日、掲載されました。

1. 背景

世界人口が増加を続けている現在、食糧問題の解決のために、作物増産は非常に重要な課題です。しかし、気象環境の変化（降水地域、乾燥地域の拡大や温暖化）、土壌の劣化（酸化やアルカリ化、地下水位の低下、塩害）などにより、作物が良好に生育する適地が失われ続けています。さらに、昨今のバイオ燃料用穀物の栽培地域の拡大によって、食糧－エネルギーの需給バランスが崩れ、食糧問題はさらに深刻化しています。最近の穀物価格の世界的高騰は、これら穀物を取りまく諸問題の現れといえます。これらの問題を解決し、食糧の安定的な供給をめざすために、植物のゲノム情報を活用した遺伝育種研究を推進することが必要です。

小麦、大麦、イネ、トウモロコシはすべてイネ科に属し、世界4大穀物と呼ばれています。そのうち、小麦と大麦は、進化的に同じ祖先ゲノムから派生したゲノムを持ち、染色体上の遺伝子の並び順や、遺伝子間の塩基配列類似性が高いことが知られています。小麦と大麦間の遺伝学的知見を比較して、遺伝育種研究を推進していくためには、遺伝子マーカー情報の統合が求められていました。

2. 研究手法と成果

小麦や大麦といった麦類は、ゲノムの大きさがイネの約10倍程度と見積もられています。そのゲノムの大きさが障害となり、全塩基配列の解読、全遺伝子数の推定や遺伝子のゲノム上の位置を遺伝学的手法で網羅的に決めることが進んでいませんでした。これまで大麦または2倍性小麦の遺伝子地図は、ライプニッツ植物遺伝学・作物研究所（IPK、ドイツ）、スコットランド作物研究所（英国）、カリフォルニア大学（米国）、国立大学法人岡山大学資源生物科学研究所の4機関が独自に発表していました。しかし、それらの遺伝子地図に記載されていた遺伝子配列由来の遺伝子マーカーは、名前が一元化されていないうえ、重複もあり、横断的に検索できませんでした。そこで、研究グループは、cDNA^{*5}に由来する遺伝子マーカーに注目し、上述の4つの研究機関の了解を得て、公開されている遺伝子地図情報を収集し、統一データベース化しました。さらに、植物ゲノム研究で広く用いられている遺伝子クラスターデータベース^{*6}である、NCBI UniGene (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)（米国）、TIGR Gene Index (<http://www.jcvi.org/>)（米国）、Harvest (<http://harvest.ucr.edu/>)（米国）、PlantGDB (<http://www.plantgdb.org/>)（米国）の大麦および小麦の遺伝子配列情報を再検索し、遺伝子地図上の遺伝子マーカー配列に対応づけました。また、すでに全塩基配列の解読されている、イネゲノム・アノテーション・データベースであるRAP-DB^{*7}の情報にも、遺伝子マーカーの遺伝子配列を、対応づけました。このことにより、遺伝子マーカーを配列の同一性に基づいて分類することができ、さらに別の麦類遺伝子地図間で共通の遺伝子マーカーを選定することが可能となりました。これらの解析データを、一度にさまざまな角度で検索できるデータベースとして統合し、2008年7月1日、TriMEDB (<http://trimedb.psc.riken.jp/index.pl>) として、『*BMC Plant Biology*』への論文掲載にあわせて公開します。

小麦と大麦の遺伝子地図情報が比較、検索可能なデータベースが公開されるのは、世界で初めてのことであり、小麦と大麦それぞれの遺伝学的知見を統合した作物研究のための新しい情報基盤となります。今回、統合データベースを構築したことで、

遺伝学的にゲノム上の位置情報が判明している遺伝子マーカー3,472個について、ゲノム上の位置、各遺伝子クラスターデータベース上の配列、イネゲノム上の相同配列の位置とアノテーション情報が検索可能になりました（図1）。このデータベースを用いることで、遺伝子マーカー3,472個のうち種間で共通のものを見いだすことができ、麦類遺伝子地図間で共通する遺伝子マーカーを体系的に見いだすことに成功しました。これにより、大麦遺伝子地図同士、大麦-小麦遺伝子地図同士の比較が、さらには麦類とイネゲノムの構造類似性領域の比較が可能になりました（図2）。

3. 今後の期待

本データベースで公開する、大麦、小麦のゲノムを広く網羅する遺伝子マーカーの情報を活用すると、麦類でのQTL解析や、イネ科作物との比較ゲノム研究が進みます。それにより、麦類の農業上重要な遺伝子の同定や単離、それらの知見を活用したゲノム育種^{*8}が加速され、病気や劣環境に強い作物を生み出し、食糧問題の解決などに貢献することが期待できます。

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所

植物科学研究センター センター長

機能開発研究グループ

グループディレクター 篠崎 一雄 (しのざき かずお)

Tel : 045-503-9579 / Fax : 045-503-9580

特別研究員

持田 恵一 (もちだ けいいち)

Tel : 045-503-9572 / Fax : 045-503-9591

横浜研究推進部 企画課

Tel : 045-503-9117 / Fax : 045-503-9113

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室 報道担当

Tel : 048-467-9272 / Fax : 048-462-4715

Mail : koho@riken.jp

<補足説明>

※1 QTL 解析

作物の実の収量、ストレス耐性や病害抵抗性などといった農業上重要な形質のほとんどは、ゲノム上の複数の遺伝子と環境との相互作用で決定される。このような形質を量的形質 (Quantitative Trait) と呼び、そのような形質に関与する遺伝子のゲノム上の位置 (遺伝子座) を量的形質遺伝子座 (Quantitative Trait Locus ; QTL)

と呼ぶ。ゲノムを広くカバーする DNA マーカーと計測される形質との関連性を調べることで、ゲノム上のどこに対象とする形質に関与する QTL が存在するかを調べる解析方法。

※2 DNA マーカー

DNA 塩基配列が個体間や品種間で異なることを (DNA) 多型という。この DNA の多型を識別することで、ゲノム上の標識 (目印) としたもの。染色体上の遺伝子内あるいはその近傍の塩基配列の違いを識別することで、特定の遺伝子や染色体の領域が親から子へ受け継がれたかどうかを調べることができる。また、それぞれの DNA マーカーの親から子への受け継がれ方と形質の受け継がれ方の関連性がどの程度密接であるかを調べることで、形質に関連する染色体の位置を遺伝学的に同定できる。

※3 2 倍性小麦

一般的に小麦と呼ばれる種は、種類によって細胞の中のゲノムの種類や構成が異なる。例えば、パンやうどんの原料になるパンコムギ (普通系コムギ) は、1つの核内に3種類の異質ゲノム (A ゲノム・B ゲノム・D ゲノム) を母方・父方由来で2本持つ異質6倍性生物 (AABBDD) であり、パスタやマカロニの原料になるマカロニコムギは、A ゲノムと B ゲノムを持つ異質4倍性生物 (AABB) である。2倍性小麦は、1つの核の中にいずれか1種類のゲノムを持つ小麦 (AA または BB または DD)。TriMEDB では、A ゲノムを持つ2倍性小麦の情報を扱っている。小麦のゲノムを構成するそれぞれのゲノムは、大麦ゲノム (H ゲノム) と同じ祖先ゲノムから派生した関係にあり、小麦と大麦間で、進化的にみて対応する染色体上は、遺伝子の並びが類似している (図 2)。

※4 遺伝子マーカー

DNA マーカーのうち遺伝子領域の DNA 配列をもとに作成されたもの。ゲノムを構成する DNA 配列のうち、遺伝子領域の DNA 配列は種間での配列類似性がよく保存されている場合が多く、たとえば、大麦遺伝子の DNA 配列から作成した遺伝子マーカーの DNA 配列を使って小麦の遺伝子配列を探すことや、イネの相同遺伝子を探すことが可能になる。

※5 cDNA

相補的 DNA (complementary DNA) の略。ゲノム上の遺伝子領域の DNA は、mRNA に転写され、アミノ酸配列に翻訳され、アミノ酸配列が立体構造をとることで、タンパク質として細胞内で機能するが、mRNA をもとに、逆転写して作成される DNA のこと。細胞から抽出した mRNA から cDNA を作成し、その cDNA をクローニングしてライブラリ化し、そのライブラリ (cDNA ライブラリ) からランダムに選んだクローンの5'末端あるいは3'末端から数百塩基程度の配列を決定したものを EST (Expressed Sequence Tag: 発現遺伝子タグ) という。

※6 遺伝子クラスターデータベース

さまざまな生物で EST や cDNA 配列の収集が行われている。EST や cDNA の配列は、細胞内で発現している遺伝子の DNA 配列と同じであるため、それらのデータベースは生命科学研究で幅広く活用されている。EST は cDNA ライブラリから cDNA クローンをランダムに選ぶため、それらの DNA 配列情報は重複している。重複を除くために DNA 配列が同一のもの同士を 1 つにまとめた（クラスタリングした）データがいろいろな研究機関から公開されている。

※7 RAP-DB

(独)農業生物資源研究所、(独)産業技術総合研究所、大学共同利用機関法人情報・システム研究機構国立遺伝学研究所により共同開発され、2005 年に公開されたイネの高精度アノテーション情報を収録したデータベース (<http://rapdb.dna.affrc.go.jp/>)。完全長 cDNA の情報を活用して、イネゲノム上の遺伝子の位置や構造を高精度に予測している。

※8 ゲノム育種

作物や家畜などのゲノム DNA の配列や発現遺伝子の配列情報などの収集が進む中、それらゲノム情報に基づく選抜育種や、ゲノム情報を活用して、農業上重要な遺伝子を同定、単離し、そのような有用遺伝子を別種に導入する遺伝子組み換えによる育種のこと。

88 results for 7H.

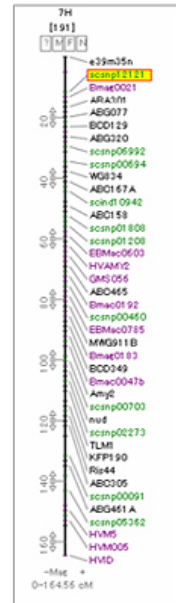
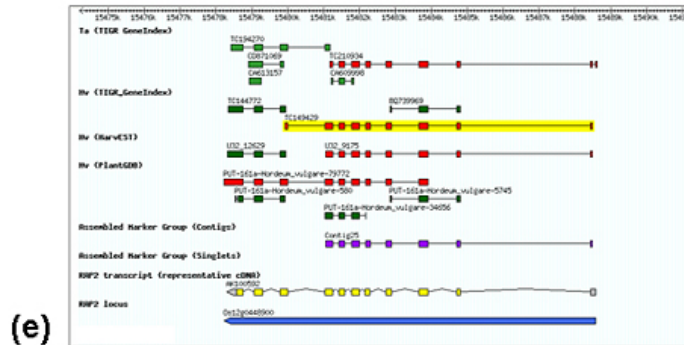
Orange character means sequences matched by primer search

Green character means sequences found by blast search

Marker Name	Feature Type	Map	Chromosome	Map Distance(cM)	View on CMap	Primer L	Primer R	Original Sequence
scsnp12121	scri_h21	Barley, Consensus SNP 2005	7H	11.28	CMap	CCCCCTCAATCGTTCAAGTTCTAC	ATCGGCTTCTCAATCCACAA	ABC12121
scsnp02493	scri_h21	Barley, Consensus SNP 2005	7H	13.02	CMap	CCCTCAGGTTTGTGGAC	TCATCTCGCCAAAGAACCAA	ABC02493
scsnp03141	scri_h21	Barley, Consensus SNP 2005	7H	13.03	CMap	ACAGCACCTGGCGACTTC	GTGCTGTCTCCTTGTGCTT	ABC03141

Hv TIGR	Link	Hv UniGene	Link	Hv HarvEST	Link	Hv PlantGDB	Link	Hv Sequence assembly
TC149429	GBrowse	gnlJG Hv#S12641705	GBrowse	U32_9175	GBrowse	PUT-161a-Hordeum_vulgare-79772	GBrowse	View
No sequences found	-	No sequences found	-	No sequences found	-	No sequences found	-	No assembly found
TC131825	GBrowse	No sequences found	-	U32_2132	GBrowse	PUT-161a-Hordeum_vulgare-201109813	GBrowse	View

Ta TIGR	Link	Ta UniGene	Link	Ta HarvEST	Link	Ta PlantGDB	Link	Ta Sequence Assembly
TC210934	GBrowse	No sequences found	-	No sequences found	-	PUT-153a-Triticum_aestivum-63893	GBrowse	View
TC191791	GBrowse	gnlJG Ta#S12923150	GBrowse	UMK_11530	GBrowse	PUT-153a-Triticum_aestivum-142254566	GBrowse	View
TC203016	GBrowse	gnlJG Ta#S16058272	GBrowse	UMK_14471	GBrowse	PUT-153a-Triticum_aestivum-1091254569	GBrowse	View



(f) (d)

図1 TriMEDBを用いて、遺伝子マーカーの検索を行った結果の画面例

大麦の7番染色体に座乗する遺伝子マーカーの検索結果。各遺伝子マーカーの染色体上の位置などの一般的な情報 (a) と大麦遺伝子クラスターデータベースの各配列との対応情報 (b)、小麦のそれらとの対応情報 (c) が一覧で得られるほか、それぞれのリンクをクリックすることで、イネゲノム上の発現遺伝子との対応づけから予測された遺伝子構造の予測情報 (e) や遺伝子クラスターデータベースから得られた配列を一本化した情報 (f)、染色体上のほかの DNA マーカーとの位置関係を示す図 (d) を閲覧できる。

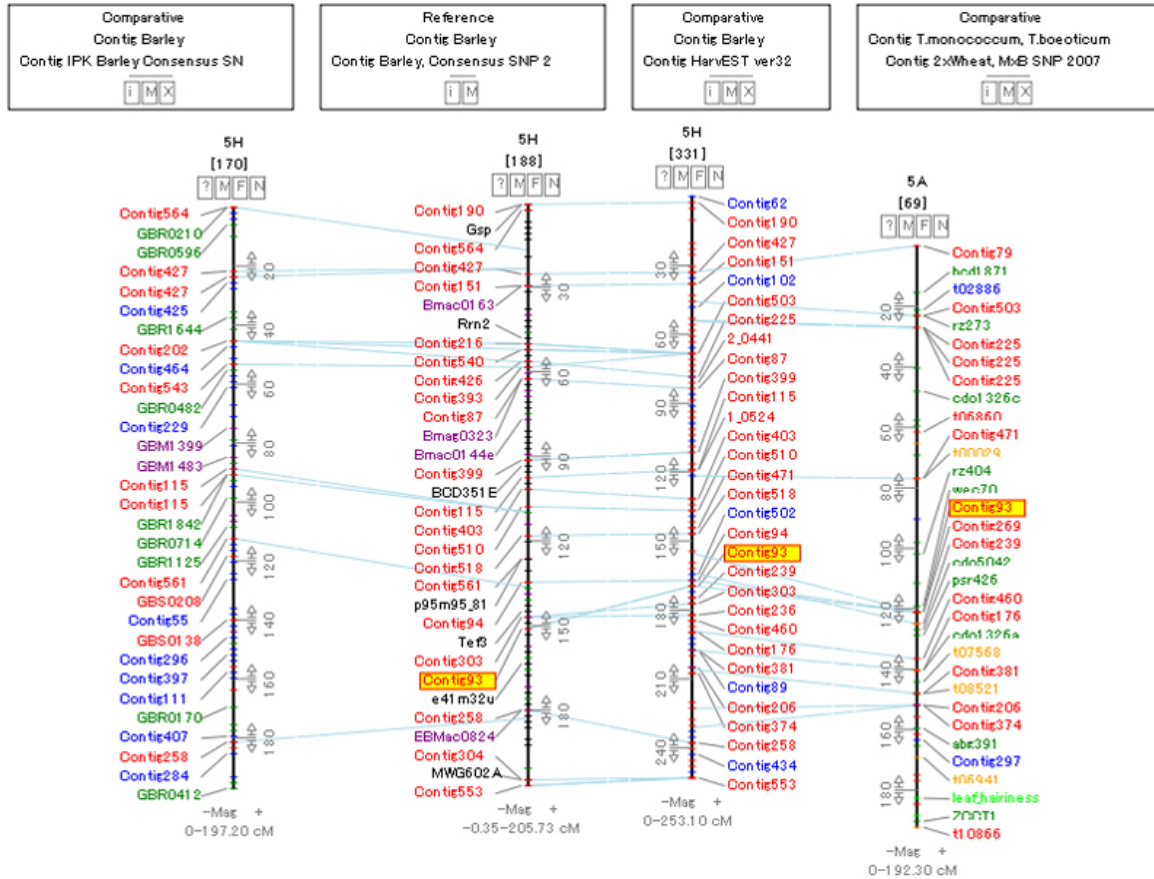


図2 TriMEDBを用いて、共通マーカーにもとづく遺伝子地図比較を行った画面例

左の3つの地図は、別々に作成された大麦の5番染色体(5H染色体)の遺伝子地図、右の1つは2倍性小麦の5番染色体(5A染色体)の遺伝子地図を示す。遺伝子地図間の青線は、共通遺伝子マーカーによる遺伝子地図の対応状況を示す。この機能を使うことで、小麦の遺伝学的知見を大麦で活用することや、その逆を行うことに役立つ。また、麦類の染色体上の特定の領域に遺伝子マーカーを集積したい場合に、その候補となる遺伝子マーカーを効率よく探すことに役立つ。