

NBRP「コムギ」-複雑系ゲノム科学のモデル植物

<http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/>

世界三大作物のひとつであるパンコムギは倍数性を特徴として進化しました。*ゲノム*の概念を確立した記念碑的生物材料でもあります。日本では多様な遺伝資源の収集、染色体解析、オルガネラゲノム研究、EST解析などで世界をリードしてきました。

NBRP「コムギ」ではその実績を生かし、多様性とオリジナリティーに富んだ系統の維持・配布(系統リソース)、遺伝子解析ツールの提供(DNAリソース)を中心に活動しています。

プロジェクト実施体制



系統の整備

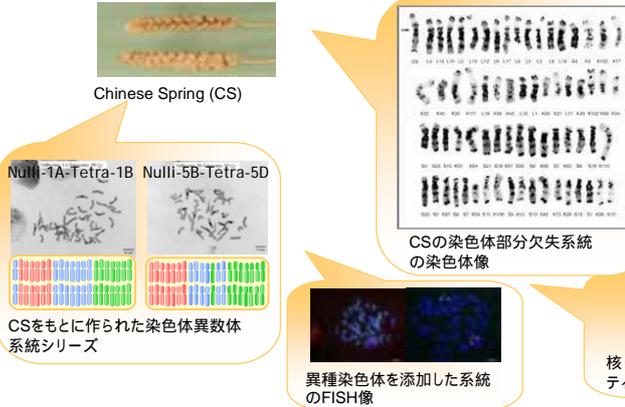
国内の機関で16,387系統が収集・保存されてきました。これらは、世界各地から採取した野生種、染色体異数系統シリーズ、異種染色体添加系統、細胞質置換系統などからなり、貴重なコレクションになっています。

野生種	4,686
在来品種、栽培品種	8,158
テスター・育種系統	135
突然変異系統	108
実験系統	55
同質遺伝子系統	55
染色体変異系統	1,685
複二倍体・倍数体	179
細胞質置換系統	1,232
その他	147
合計	16,387

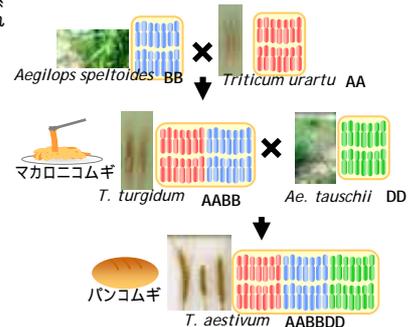


パンコムギの実験標準系統

パンコムギは3つのゲノム(A, B, D)からなる異質6倍体です。このユニークな特徴を生かし、実験標準系統Chinese Spring (CS)には、CSを遺伝的バックグラウンドとして作出された様々な実験系統があります。これらには不安定な系統も含まれるため、常に染色体の状態を確認して維持されており、リクエストに応じてリソースとして配布されています。また、DNAリソースのEST、完全長cDNA、マイクロアレイ、オルガネラゲノムもCSを基準に整備されています。



[異質倍数化による進化]



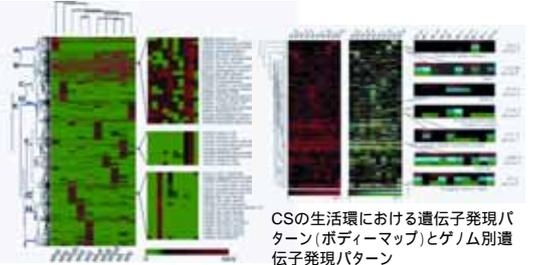
ESTの収集とデータベースの構築

これまでにパンコムギの42のcDNAライブラリーから544,780のESTを収集し、整備・解析を行いました。これらは、約30,000の独立遺伝子グループにまとめられるため、全発現遺伝子の80%以上を取得できたこととなります。リクエストに応じて、国内および国外(24件)に300クローン以上を配布しました。

Library	系統	組織・処理	配列数	Library	系統	組織・処理	配列数
Wh_CS	CS	穂ばらみ期の穂	14,770	Wh_PCDA	CS	減数分裂の穂	9,205
Wh_SL	CS	種子DPA30	12,573	Wh_RDr	北系1354	乾燥実生の根	10,635
Wh_dL	CS	実生	10,069	Wh_SHC	北系1354	低温処理実生	10,658
Wh_e	CS	種子DPA11	11,282	Wh_SHDr	北系1354	乾燥実生の緑葉	9,887
Wh_f	CS	開花期の穂	12,300	Wh_V4816	Valuevskaya	16日間低温処理実生	9,768
Wh_h	CS	出穂期の穂	11,285	Wh_V4816	Valuevskaya	3日間低温処理実生	9,183
Wh_oh	CS	出穂期の雌しべ	10,349	Wh_VABA	Valuevskaya	ABA処理実生	9,042
Wh_j	CS	根	10,502	Wh_V5CB	Valuevskaya	改良B6培地で液体培養組織	10,806
Wh_yd	CS	開花分化期前期の幼穂	12,030	Wh_VVVD	Valuevskaya	灌水停止後5日実生	10,395
Wh_yf	CS	開花分化期後期の幼穂	11,072	Wh_VHS	Valuevskaya	Heat shock処理実生	9,102
Wh_sh	CS	緑葉	6,278	Wh_CAP	CS(split5A)	実生	9,396
Wh_CSEC	CS	カルス	10,216	Wh_SPL	SCR73(NIL)	実生	10,108
Wh_DP420	CS	種子DPA20	11,308	whal	Atlas66	根端	23,437
Wh_EM	北系1354	低温処理した休眠種子の胚	10,155	whasct	Scout66	根端	24,925
Wh_EMc	北系1354	低温処理した休眠種子の胚	10,210	whatal	Atlas66	A処理根端	25,246
Wh_EMI	北系1354	癒付け後吸水した休眠種子	10,217	whscial	Scout66	A処理根端	23,768
Wh_GCPC	d4B(CS)	減数分裂の穂	9,424	whthlis	Thatcher	赤かび病を感染させた実生	23,333
Wh_HGCP	mt4B(CS)	減数分裂の穂	9,008	whthkles	NIL(Tha.)	赤かび病を感染させた実生	22,954
Wh_KMP	ppd(CS)	全日長栽培の実生	11,354	whchan	Chancellor	うどんこ病を感染させた実生	23,125
Wh_KMV	CS	低温処理後全日長栽培の実生	10,742	whchul	NIL(Chan.)	うどんこ病を感染させた実生	23,474
Wh_MS	d3DL(CS)	種子DPA5	10,729				
Wh_OKCS	CS	種子DPA5	10,461				
				42ライブラリー合計			544,780

遺伝子の発現プロファイル

EST情報から*in silico*で遺伝子の発現解析が行えるシステムを開発しました。



完全長cDNAの収集

CSの完全長cDNAライブラリーを作製し、シーケンスを行っています。現在までに、非冗長な6,162クローンの完全配列を決定しました。



パンコムギオリゴDNAマイクロアレイの開発

EST情報からこれまでに2つのマイクロアレイを作製しました。これらは、独立な約32,000遺伝子を含みます。これまでに国内の研究者に配布し、約200解析が行われています。

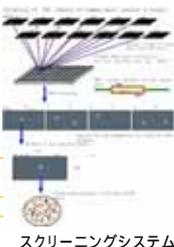


コムギ 22k アレイ (21,939 プローブ)	パンコムギ 生活環組織のEST 34,064 遺伝子グループ
コムギ 11k アレイ (12,794 プローブ)	パンコムギ ストレス処理組織特異的EST 12,794 遺伝子グループ

ゲノミックライブラリーの整備

CSの平均して50kb以上のDNA断片を含むTACライブラリーを整備し、PCRによるスクリーニングを受託しています。重要農薬形質のQTLを含む領域のシーケンスを行い、国際コムギマッピングプロジェクト(ITM)に貢献しています。

No. colonies	>50kb insert	Ave. size	Genome coverage
9.5 x 10 ⁵	78.4%	54.0kb	3.07



オルガネラゲノムの完全解読

日本の研究者チームが世界に先駆けてパンコムギCSの2つのオルガネラゲノム(葉緑体・ミトコンドリア)の全塩基配列を決定しました。KOMUGIではこれらの解析したデータを提供していきます。

