

## 参考資料

### 研究の背景と経緯

作物のゲノム情報（全塩基配列）や遺伝子情報（塩基配列や機能）は、農業上有用な遺伝子を特定し、品種改良を進めていく上で大変重要です。このようなことから、イネやコムギ、トウモロコシ等についてはこれらの把握が進められてきました。オオムギはこれらに次ぐ年間1億5千万トンの生産量を持ち、食料としてだけでなく、ビールの原料や飼料としても利用される重要な穀物ですが、イネの約13倍という大きなゲノムサイズを持つため、ゲノムや遺伝子の全体像の把握は進んでいませんでした。

### 研究の内容・意義

オオムギ品種「はるな二条」を様々な条件下で栽培し、17万個以上の完全長 cDNA を収集しました。その中から重複しているものを除いた 24,783 個を選抜し、その塩基配列を決定しました。また、これらの塩基配列について、様々な生物の遺伝子情報を収集したデータベースと照合することにより、85%のオオムギ遺伝子の機能を予測することができました。これらの結果は、**データベース The barley full length cDNA database** (<http://barleyflc.dna.affrc.go.jp/hvdb/index.html>) として3月17日に公開しました（**図1**）。なお、今年には国際オオムギゲノム配列コンソーシアム（生物研と岡山大学が参加）がオオムギ品種「Morex」のゲノム配列の概要を決定しています。「はるな二条」の遺伝子情報は、「Morex」のゲノム配列上における遺伝子の位置や構造の推定に利用されました。

また、得られたオオムギの遺伝子情報と、既に公開されているイネ、トウモロコシ、ソルガム及び野生のイネ科植物であるミナトカモジグサの遺伝子情報とを比較したところ、オオムギの87%の遺伝子が4つの作物種と共通でした。一方、オオムギ独自の遺伝子も1,699個見つかると、これらの遺伝子がオオムギの特徴を決定していると予想されました。

### 今後の予定・期待

今回、私たちの研究によって、オオムギでは世界で初めて、遺伝子の配列や機能およびゲノム情報が明らかになりました。ムギ類間ではゲノムや遺伝子情報の共通性が高いと考えられますので、今回の研究成果は、オオムギだけでなく、今後のムギ類全般の遺伝子機能解明の研究や品種改良への利用が期待されます。また、現在、国際コムギゲノム配列決定コンソーシアム（生物研が参加）がコムギゲノムの解読を進めています。オオムギの情報は、コムギの遺伝子やゲノムの全体像の解明に役立つものと考えられます。

### 発表論文

Takashi Matsumoto, Tsuyoshi Tanaka, Hiroaki Sakai, Naoki Amano, Hiroyuki Kanamori, Kanako Kurita, Ari Kikuta, Kozue Kamiya, Mayu Yamamoto, Hiroshi Ikawa, Nobuyuki Fujii, Kiyosumi Hori, Takeshi Itoh and Kazuhiro Sato  
**Comprehensive Sequence Analysis of 24,783 Barley Full length cDNAs derived from Twelve Clone Libraries**  
Plant Physiology 156 : 20-28 (2011)

Klaus F. X. Mayer, Mihaela Martis, Pete E. Hedley, Hana Šimková, Hui Liu, Jenny A. Morris, Burkhard Steuernagel, Stefan Taudien, Stephan Roessner, Heidrun Gundlach, Marie Klaus F. X. Mayer, Mihaela Martis, Pete E. Hedley, Hana Šimková, Hui Liu, Jenny A. Morris, Burkhard Steuernagel, Stefan Taudien, Stephan Roessner, Heidrun Gundlach, Marie Kubaláková, Pavla Suchánková, Florent Murat, Marius Felder, Thomas Nussbaumer, Andreas Graner, Jerome Salse, Takashi Endo, Hiroaki Sakai, Tsuyoshi Tanaka, Takeshi Itoh, Kazuhiro Sato, Matthias Platzer, Takashi Matsumoto, Uwe Scholz, Jaroslav Doležel, Robbie Waugh, and Nils Stein  
**Unlocking the Barley Genome by Chromosomal and Comparative Genomics**  
The Plant Cell 23: 1249–1263 (2011)

## 用語の解説

### 1) 完全長 cDNA

cDNA は、相補的 DNA (complementary DNA) の略。細胞の中でタンパク質を合成する過程において、DNA のうち遺伝子として働く部分だけを写し取ったメッセンジャー RNA を鋳型にして人工的に合成した DNA のこと。発現している遺伝子の全長をカバーしているものを特に完全長 cDNA と呼びます。

Barley full length cDNA Database

Welcome

The National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS) has been developed the full-length cDNA libraries from a malting barley (Haruna Nijo, two-rowed). The 5' and 3' ends of 175,000 clones are sequenced, and a searchable database has been constructed

Species: All species    Free words:    Sort by: Hit Score    Search

→ [Go To BLAST Search](#)    → [Go To Gene Expression Search](#)

Topics

- 2011/03/17 The barley full length cDNA database was released.
- 2011/03/17 The manuscript for the barley full length cDNA database was accepted in [The Plant Physiology](#).
- 2011/03/17 The manuscript for the Genome Zipper analysis of barley genome was accepted in [The Plant Cell](#).

Contents

- [Project Summary](#)
- [Clustering method](#)
- [Credit](#)
- [Contact & Clone request](#)
- [Disclaimer](#)

Copyright (c) National Institute of Agrobiological Sciences All Rights Reserved

図1 オオムギ完全長 cDNA データベースのトップページ

(ホームページアドレス <http://barleyflc.dna.affrc.go.jp/hvdb/index.html>)