



Title	職場・業務紹介 応用生命科学科植物育種学講座
Author(s)	長野, 宏則
Citation	北海道大学農学部技術部研究・技術報告, 4, 19-20
Issue Date	1997-03
Doc URL	<a href="http://hdl.handle.net/2115/35337">http://hdl.handle.net/2115/35337</a>
Type	bulletin (article)
File Information	4_p19-20.pdf



[Instructions for use](#)

## 応用生命科学科 植物育種学講座 長野 宏則

人類が野生植物を栽培化し、作物としての改良を始めてから少なくとも一万年以上が経過したと言われていています。私たちの祖先は生活に利用する上で少しでも有利な性質を持つ植物を意識的に選んで栽培する努力を繰り返してきました。当初経験的なものから行われていた優良品種の選抜は、メンデルの遺伝の法則の再発見によって、科学的かつ計画的な植物育種として発展してきました。さらに近年にみられる分子生物学の進展にともない、遺伝子の本体がDNA（デオキシリボ核酸）であることが明らかにされると、遺伝子を分子のレベルで扱うことのできる新しい育種学のスタイルが生み出されてきました。私が所属する植物育種学講座では、このような時代の流れを反映し、これまでイネで観察されてきた形態的・細胞学的あるいは病理学的な遺伝現象を個体レベルから分子レベルに還元し、その機構を解明することを行っています。教官四名、事務官および技官、そして院生・学生14名の計20名で講座は構成されています。各人の研究テーマは、各指導教官により植物育種学の範疇で多岐にわたりますが、紙面の都合上、今回は私がこの一年関わってきた研究内容に絞って紹介したいと思います。

平成5年の大冷害で農作物が大打撃を受け、日本の代表的作物であるイネまでもが不作に見舞われ、外国米が緊急に輸入されたのはまだ記憶に新しいところですが、輸入された外国米の多くは日本人の口に合わないパサパサして粘りけのないインディカ米と呼ばれるお米でした。コシヒカリやササニシキに見られるように多くの日本人が好むお米は、炊くとネバネバした性質になるジャポニカ米です。このパサパサ、ネバネバという性質は一体どこからくるのか皆さんはご存じでしょうか。これらの性質を決定する大きな要因は、デンプンの一成分であるアミロースによっています。アミロースはその分子構造が枝分かれしない直鎖状のデンプンで、この含量が高くなるほどパサパサ感が増します。このアミロースの合成を司る遺伝子がW<sub>x</sub>遺伝子と呼ばれるもので、これは植物育種学講座の一研究対象ともなっている遺伝子です。インディカ米ではこのW<sub>x</sub>遺伝子の活性が高く、アミロースを豊富に合成してパサパサのお米になります。一方、ネバネバした性質を持つジャポニカ米はW<sub>x</sub>遺伝子に軽い欠陥があり、アミロースの合成がインディカ米に比べ、やや劣っています。それではW<sub>x</sub>遺伝子の機能が完全に失われると、そのお米はどうなるでしょうか。そのお米はアミロースを失い、代わりにアミロペクチンと呼ばれるデンプンのみでできたいわゆるモチ米になります。以上のように、W<sub>x</sub>遺伝子に生じた変化はお米の品質に直接的に影響を与えるため、その解析、特に分子レベルでの解析に多大な重要性がもたれています。

ある遺伝子を分子レベルで解析しようとするとき、まず行われるのが遺伝子のクローニングと呼ばれる作業です。クローニングとは、ある遺伝子の全体あるいは一部を大量に増殖させることで、その後の遺伝子解析を容易にします。W<sub>x</sub>遺伝子は、そのクローニングが数年前に報告されていますが、私たちの研究室ではこのW<sub>x</sub>遺伝子領域のクローニング範囲をさらに広げ、W<sub>x</sub>遺伝子の大きさを仮に1ユニットとした場合、そのおよそ40倍の範囲にわたるDNA領域をカバーする8個のクローンを得ることができました。この8個のクローンのままではその後の遺伝子解析に用いるにはクローンのサイズが大きく扱いづらいので、現在このクローンをさらに細分化し、300個の分断化クローンを作製しました（サブクローン化）。私の知る限り、一つの遺伝子について

ここまで広い領域をクローン化した事例は他に見られません。得られた300個のクローンのシリーズは今後様々な目的に用いることが可能です。一つにはこのクローン化された領域を多数のイネ品種で比較することにより、その類縁関係や進化における栽培イネの起源といったものに対する知見が得られるものと期待できます。近年著しい発展をみせるバイオテクノロジー技術のおかげで、数年前とでさえ格段に簡便で迅速なDNA解析が可能になりました。植物育種とは、換言すれば植物遺伝子に対する望ましい方向への書き換えあるいは組み換えとも言えますが、現在プロの育種家が新しい品種を作出しようとしても、10年から20年の長い年月が必要です。しかしながら、生物の設計図と呼ばれるDNAを解析し、その構造や遺伝のしくみ、あるいは遺伝子相互の関係を明らかにすることは、その育種年限をはるかに短縮することができる日が近い将来あるかもしれません。いずれにせよ、様々な可能性を秘めたDNAを研究対象にする今の職場には、新しい時代の植物育種の未来を期待させ、同時に私の研究意欲を駆り立てるものがあります。