

北海道大学学術成果コレクション

HUSCAP レター

学術成果コレクション (HUSCAP) は、北海道大学の研究者や大学院生などが著した学術論文、学会発表資料、教育資料などを電子ファイルで保存し、WEB で公開するものです。誰でも、無料で読むことができます。

私の研究

山田 敏彦

北方生物圏フィールド科学センター教授

牧草育種とDNAマーカー開発

5年前に北大に赴任するまでは、農水省所轄試験場で約25年育種研究に従事し、牧草・芝草の品種を10以上育成した。育種事業では、試験圃場で作物個体を栽培してその特性を評価し、その中から優良な個体を選抜して交配を行う。この操作を何回か繰り返して系統が育成され、さらに系統の能力を評価して、既存品種より優れていると判定された場合に新品種として登録される。そのため、事業開始から品種の育成までには、10年以上かかる。

植物においても、イネ全ゲノム配列解読をはじめとして、ゲノム情報が整備されてきている。作物の特性評価・選抜に何年も要していた従来の育種に対して、短期間に効率的な選抜ができるDNAマーカー選抜が期待され、私もこの技術開発に関わった。

イネと牧草ゲノムの比較

1994年に、幸運なことに、農水省のプロジェクト研究に、イネゲノムの情報を牧草のDNAマーカー開発に利用する研究課題で参画できた。当時、農水省の研究予算でイネゲノムプロジェクトが立ち上げられ、塩基



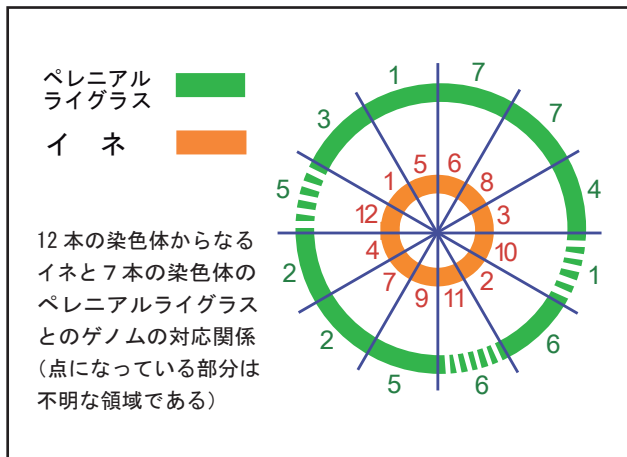


図1：イネと牧草（ペレニアルライグラス）ゲノムの比較

配列の解読、DNA マーカーの作成などが行われていた。イネはゲノム量が小さいために解析しやすく、また、日本人にとっては最も重要な作物であることからこの国家的プロジェクトに予算がついた。

イネは12本の染色体基本数からなる。DNA マーカーは、塩基配列の品種間多型情報を染色体地図上に位置づけたものである。イネではDNA マーカーが数多く蓄積されていたが、いくつかのイネDNA マーカーは牧草の染色体地図上にも位置づけることができた。つまり、イネと私が育種研究対象にしていたペレニアルライグラスは、同じイネ科植物で、ゲノムの相同性が高く、イネのゲノム情報が牧草のゲノム解析に利用できることがわかった。その結果、図1にあるように、イネの12本の染色体とペレニアルライグラスの7本の染色体との対応関係が明らかになった。これらの研究を比較ゲノムといい、豊富に蓄積されたイネのゲノム情報から、他作物で利用できるDNA マーカーが開発できるようになった。

欧米の研究者はこのことに注目し、私たち地方試験場のグループも国際コンソーシアムに参画することができた。また、国際シンポジウムも生まれ、2007年の第5回大会は、私が大会委員長として札幌で開催することができ、内外から150名の参加があり盛況であった（写真1）。

次の研究ーバイオマス資源植物の開発

近年、食料との競合を避ける意味で、セルロース系バイオマス資源が、将来のバイオエタノール製造原料として、注目されている。セルロースからグルコースまでに分解する糖化は、最も重要な過程であるが、その効率をあげることは、ちょうど牧草における家畜の消化性を向上させることと同じである。牧草研究者は長年消化性の改良に関する研究をしてくているので、これまでの研究知見が活かせることから、多くの研究者は、原料の糖化効率向上のための研究を開始している。

私も、バイオマス資源植物であるススキの糖化効率向上のための分子育種研究をNEDOの研究開発事業で立ち上げた。これまでの牧草の国際研究ネットワークを十分に活用しながら研究を進めている。



写真1：第5回飼料作物および芝草の分子育種に関する国際シンポジウム（2007年7月、札幌市）

山田敏彦（やまだ としひこ）

寒地型イネ科牧草の育種およびDNA マーカーの開発とQTL 解析
日本草地学会誌 49：57-63 (2003)

HUSCAPで本文を読むことができます。