

＜ 2010年農林水産研究成果10大トピックス＞
農林水産技術会議事務局

＜タイトル＞

「コシヒカリ」の全ゲノム塩基配列解読
－ 日本のおコメの起源と変遷が明らかに －

＜当該研究成果のポイント＞

（独）農業生物資源研究所は、日本人にとって最も重要なイネ品種「コシヒカリ」の全ゲノム塩基配列を解読した。

近年急速に進展した遺伝子配列解読技術を用いて、コシヒカリの全ゲノム塩基配列を短期間で解読し、その配列を既に全ゲノム塩基配列が明らかとなっている日本晴と比較することにより、67,051か所の塩基配列の違い（一塩基多型:SNP）を発見した。これらの中から、ゲノム全体をカバーする1,907か所のSNPを選び、品種改良の歴史で重要な151の品種のゲノム構成を調査してコシヒカリのゲノムの起源を明らかにした。

本研究は、農林水産省委託プロジェクト研究「新農業展開ゲノムプロジェクト」で実施された。

＜期待される効果・今後の展開など＞

既にある日本晴の全ゲノム塩基配列に加えて、今回コシヒカリの全ゲノム塩基配列が明らかになったことで、私たちが普段食べているお米のDNA配列の違いを容易に識別可能となった。これにより、日本のイネにおける品種改良の歴史が遺伝子レベルで明らかとなり、今後の品種改良を効率的に進めるための重要な情報基盤になると考えられる。

＜研究所名＞

（独）農業生物資源研究所

＜担当者名＞

（独）農業生物資源研究所 QTLゲノム育種研究センター

主任研究員 山本敏央

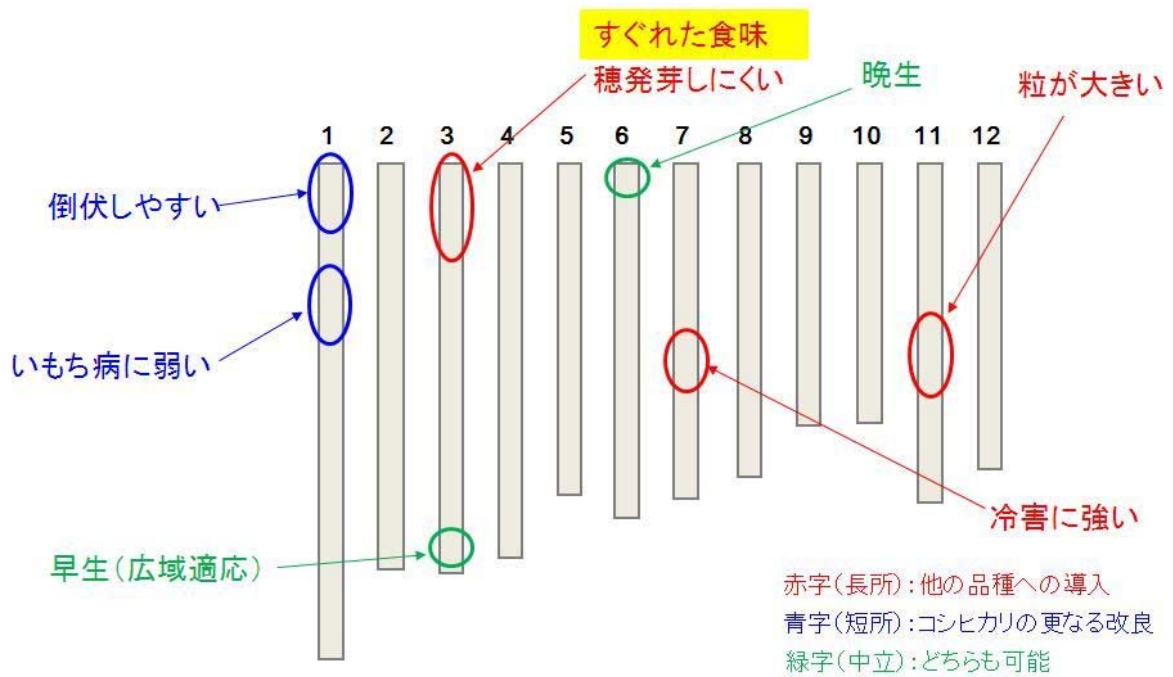
特別研究員 長崎英樹

＜連絡先＞

（独）農業生物資源研究所

研究主幹 川崎健次郎

TEL:029-838-8469



コシヒカリのゲノム配列を解読したことで、コシヒカリが持つ様々な性質を決めている遺伝子が染色体のどこに存在するかが明らかになった。