

<2010年農林水産研究成果10大ピックアップ>

農林水産技術会議事務局

<タイトル>

主要マメ科作物ダイズのゲノム解析に貢献

ー有用作物ダイズの学術研究や品種改良の効率化に期待ー

<当該研究成果のポイント>

(独)理化学研究所と米国の13の研究機関で構成するダイズゲノム解読プロジェクトにおいて、ダイズのゲノム塩基配列が世界で初めて解読された。ダイズの全ゲノムは11億1千万塩基対からなり、今回の解読によりその約85% (9億5千万塩基対) に当たる部分が解読され、46,430個の遺伝子が同定された。本プロジェクトにおいて、(独)理化学研究所は、完全長cDNA情報を基に多くの遺伝子の同定に大きな貢献をした。

<期待される効果・今後の展開など>

マメ科のモデル植物であるミヤコグサとタルウマゴヤシにおいて、ゲノム塩基配列の解読が終了あるいは進行しているが、ダイズはこれらよりもゲノムサイズがさらに大きい。ダイズは世界的に重要な作物の一つで、種子中に多量のタンパク質と油脂を多く含み、多様な食品に利用されるなど食生活に不可欠の作物である。今回、ダイズのゲノム塩基配列が解読されたことで、収量性、耐病性などの農業上の有用形質だけでなく、タンパク質や油脂、イソフラボンなどの有用成分や加工品質に関わる遺伝子の解明につながるとともに、ダイズの品種改良の効率化が進むことが期待される。

<研究所名>

(独)理化学研究所

<担当者名>

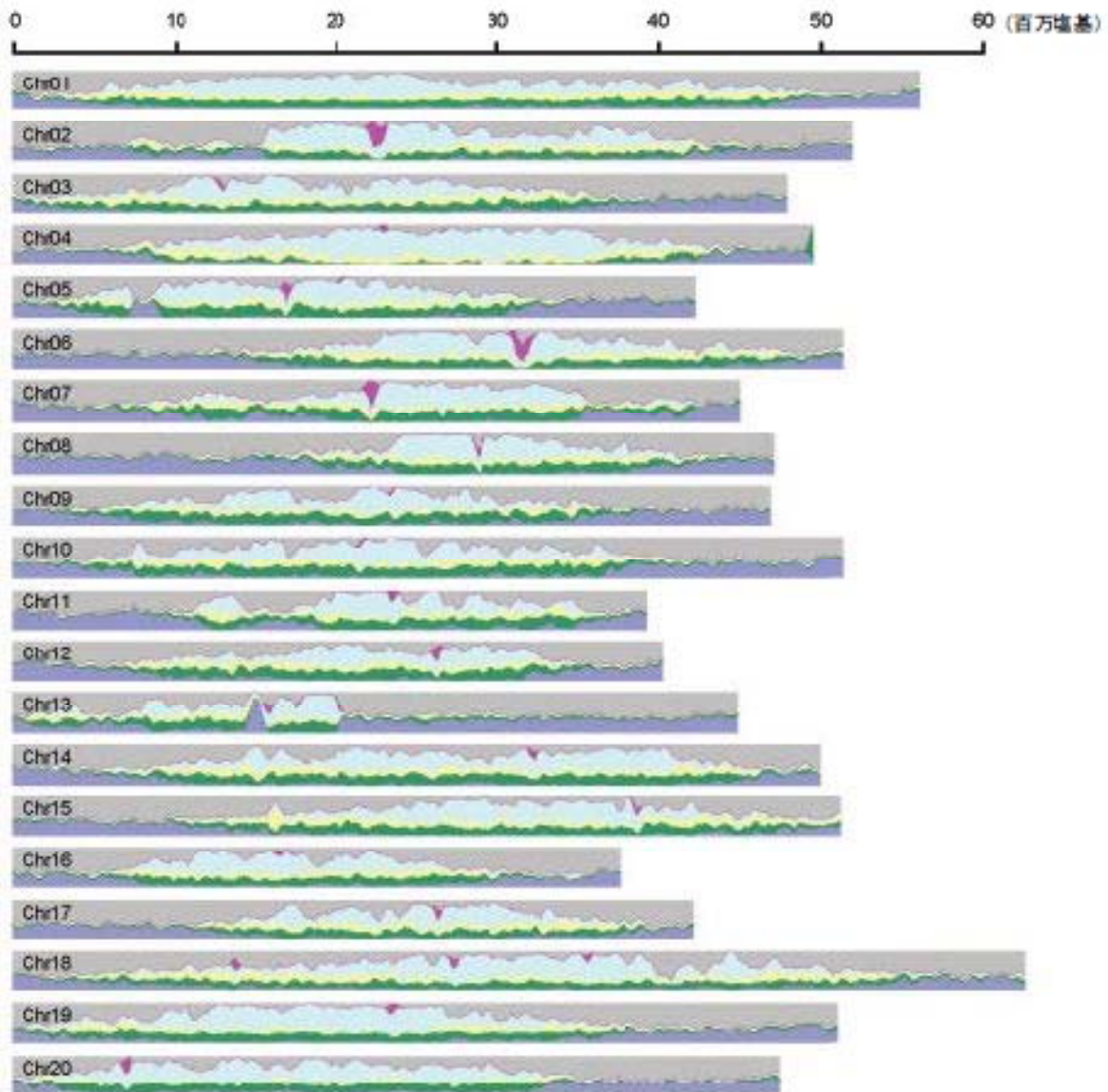
(独)理化学研究所 植物科学研究センター

ゲノム情報統合化ユニット長 櫻井哲也

機能開発研究チーム 梅澤泰史

<連絡先>

(独)理化学研究所 広報室 TEL: 048-467-9272



ダイズゲノムの概観

ゲノム DNA の主たる構成を示したもの。(青) 遺伝子配列、(緑) DNA トランスポゾン配列、(黄) コピヤ型レトロトランスポゾン配列、(水色) ジブシー型レトロトランスポゾン配列、(ピンク) セントロメアの繰り返し配列、(グレー) そのほかの配列。今回のゲノム塩基配列解読では、単にゲノム塩基配列を決定しただけでなく、解読部分の多くを 20 対ある染色体ごとに整列することに成功した。