

編 集 後 記

この度のイネゲノム全塩基配列の完全解読達成は、植物のゲノム研究にとって一時代を画する大きな出来事であると言える。ここに完成したイネゲノムの塩基配列情報は、今後とも部分的に修正されたり、補足されたりするであろうが、これから植物ゲノム塩基配列の基準としていろいろな場面で末永く利用されていくことであろう。

これらの情報を基盤とした遺伝子の単離、機能解明などの研究開発はすでに進行し、遺伝子組換え、DNA マーカー育種などの品種開発が始まろうとしている。これからはゲノム塩基配列情報の利用技術の開発が重要となり、塩基配列情報から効率よく遺伝子が単離できる技術や遺伝子の機能を調べることができる技術、イネ以外の植物ゲノム解析への利用技術の開発等を進めていかねばならない。

イネゲノム塩基配列は PAC/BAC 単位でフェーズ 2 になり次第公的データベースに登録し、公開しているので、すでに研究対象とされてきた遺伝子に関しては公開から時を置かずに配列情報が利用されている場合も多いと考えられる。したがって、遺伝子単離と機能解明に関してはすでに利用技術が検討されており、その成果も徐々に報告されるようになっている。

イネ以外の農林水産植物では、担当している研究グループの規模がイネに較べると小さいため、遺伝地図、EST の作製、塩基配列の解読などゲノムの基盤的な研究が必ずしも十分には進んでいない。そこで、これらの作物に関しては、今後ゲノム研究の基盤を構築していくことが重要課題となる。しかし、これらの作物すべてについてイネと同様にゲノムの基盤研究、発展的研究、応用研究と完全な形で進めていくことは不可能である。イネをモデルとして他の農林水産植物のゲノム解析研究を効率的に進めていくためには、まず、第 1 に作物の中で何が優先的にゲノム研究の必要があるのかを見定め、重要と考えられるものから研究を進めていくこと、第 2 にはイネの情報など既に集積されたデータや研究結果を有效地に利用していくことの 2 点を十分考慮して研究を進めていく必要があろう。

ここに完成したイネの全塩基配列情報が、関連して達成した多くの地図情報および対応する DNA クローンとともに広く活用され、植物研究、品種開発に貢献していくことを心から念じる次第である。

平成 16 年 1 月
イネゲノム塩基配列解読の歩み
－完全解読を終えて－
編 集 委 員 会