

<2004年12月10日プレスリリース>

<http://www.nias.affrc.go.jp/pressrelease/2004/20041210.html>

イネゲノム塩基配列完全解読を達成

－食料問題解決のためのロゼッタストーン解読、農林水産大臣へ報告－

<当該研究成果のポイント>

1998年より開始されたイネゲノム塩基配列解読が本年12月に完全解読という形で完了しました。イネゲノム3億9千万塩基対のうち、現在の技術で解読できる領域3億7千万塩基対（全体の95%）について、解読精度99.99%と非常に高い精度で解読されました。今回の高精度解読は現時点で到達できる最高レベルのものであり、日本はこの国際プロジェクトの議長国として全体の55%を決定し、最も大きな貢献を果たしました。今回の完全解読で予測される遺伝子数は約4万個となり、2002年12月に行なわれた高精度概要配列解読時よりも少ない値となりました。

<期待される効果・今後の展開など>

今回完全解読された正確な塩基配列情報は基礎及び応用両面における今後のイネ研究の方法を大きく転換させることとなります。発現遺伝子解析情報とゲノム塩基配列情報を組み合わせることにより、遺伝子の存在個所の正確な位置決定が可能となります。このようなイネの遺伝子情報の充実によりこれまで以上に迅速かつ確実に目的とする遺伝子と形質の関係を明らかにすることが可能となります。育種利用においては正確な塩基配列情報から農業形質と関連するDNAマーカーの作成が容易となり、早期選抜の手法が確立でき、また、多数の品種や未利用資源の中からより好ましい形質と対応する塩基配列が明らかとなります。

イネは穀類で最小のゲノムサイズを持っており、塩基配列上の類似性（シンテニー）を利用し、ゲノムサイズが大きなムギ類、トウモロコシなどの主要穀類の解析にも今後大いに役立つことが期待されています。

<研究所名>（独）農業生物資源研究所

（社）農林水産先端技術研究所

<担当者名> 農業生物資源研究所 ゲノム研究グループ長 佐々木卓治

植物ゲノム研究チーム長 松本隆

農林水産先端技術研究所 研究第1部長 江口恭三

<連絡先> 農業生物資源研究所 企画調整部 情報広報課 下川幸一

電話 029-838-7004