

＜ 2005 年 10 大研究成果 ＞
農林水産技術会議事務局

＜タイトル＞

イネゲノム塩基配列国際コンソーシアムが 37, 000 個の遺伝子を解析
ー完全解読塩基配列を基に、イネゲノムの詳細な特徴が国際共同研究で明らかにー

＜当該研究成果のポイント＞

平成16年12月に我が国を中心とする国際イネゲノム配列解読コンソーシアム(IRGSP, 10の国と地域から構成)はイネ「日本晴」ゲノムの完全解読を達成し、島村農林水産大臣(当時)に報告しました。

我が国はイネの12本の染色体の内6本を担当し、全体で3億9千万からなる塩基対の配列のうち55%の解読に貢献しました。

解読終了後、コンソーシアムは完全解読されたゲノム配列を基にして、国際共同研究によって遺伝子の構造と機能、繰り返し配列や挿入配列と呼ばれる特殊な配列、他種生物のゲノムとの比較研究などイネゲノム構造の特徴を明らかにする解析を行い、その結果はネイチャー誌8月11日号に発表されました。

イネには37,544の遺伝子が検出され、全体の71%(26,837個)は、既に解析されたシロイヌナズナ(双子葉植物)の遺伝子と共通でしたが、8%(2,859個)は双子葉植物に似た遺伝子はなく、イネを含む単子葉植物に特徴的な遺伝子と思われます。

＜期待される効果・今後の展開など＞

今回イネゲノム構造の特徴解析に用いられた正確なイネゲノム塩基配列は既に公的データベースに公開されており、有用な遺伝子の単離、新品種育成、正確な品種識別等の応用面で大いに役に立っています。

まずゲノム塩基配列を利用して、目印になる配列(DNAマーカー配列)の存在箇所を正確にゲノム上に位置づけることができます。このマーカーを利用した遺伝解析によって多くの農業上有用な遺伝子の位置が同定され、さらに塩基配列を利用して遺伝子の構造が明らかになっています。

有用形質遺伝子の詳細な遺伝地図を基にしてDNAマーカーによる優良個体の選抜が可能になり、育種の効率化に役立っています。

これらに加えてゲノム塩基配列を利用した高精度な品種の識別が可能になり、私たちの食の安心・安全を守ることに貢献しています。

＜研究所名＞(独)農業生物資源研究所

＜担当者名＞理事 佐々木卓治

ゲノム研究グループ 植物ゲノム研究チーム長 松本 隆

＜連絡先＞

農業生物資源研究所 企画調整部 情報広報課長 長岡進一

TEL : 029-838-7004、FAX : 029-838-7044

共同研究者：農林水産先端技術産業振興センター 農林水産先端技術研究所
研究第一部長 江口 恭三