

＜ 2007 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＞

イネの遺伝子数は約32,000と推定、うち、29,550の遺伝子の位置を決定し、情報を公開

＜当該研究成果のポイント＞

農業生物資源研究所は、産業技術総合研究所および情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所との3機関を中心とした国際共同プロジェクトRice Annotation Project（通称RAP）で、単子葉植物であるイネのゲノム全塩基配列上に存在する29,550の遺伝子の位置を決定し、これをもとにイネの遺伝子数は約32,000個と推定した。この数は、かつて約50,000個とも予想された数よりも小さく、ゲノムサイズがイネの約3分の1であるシロイヌナズナ（双子葉植物）の26,000～27,000個に比べても極端に大きなものでないことを示している。

また、イネゲノム上の遺伝子のうち28,540がタンパク質をつくる遺伝子である可能性を明らかにするとともに、それらのタンパク質の機能をコンピュータによる情報解析と専門家のデータ精査で推定した結果、19,969（およそ70%）の遺伝子の機能を説明することができた。これらの情報は、データベースとして公開している（<http://rapdb.dna.affrc.go.jp/> および <http://rapdb.lab.nig.ac.jp/>）。

国際共同プロジェクトは、文部科学省科学技術振興調整費の支援をえて実行された。

＜期待される効果・今後の展開など＞

イネのゲノム塩基配列については、2004年12月に全塩基配列の完全解読が終了しているが、ゲノム塩基配列自体は4種類の塩基ATGCの羅列に過ぎない。今後の研究を進めるためには、ゲノム塩基配列上のどこにどのような遺伝子があるかという生物学的情報を明らかにする必要がある。今回の成果は、今後のイネ育種など研究の促進に大きく貢献するものと期待される。

＜研究所名＞

（独）農業生物資源研究所
情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
（独）産業技術総合研究所

＜担当者名＞

（独）農業生物資源研究所 ゲノム情報研究ユニット ユニット長 伊藤 剛

＜連絡先＞

（独）農業生物資源研究所 広報室長 新野孝男 TEL 029-838-8469

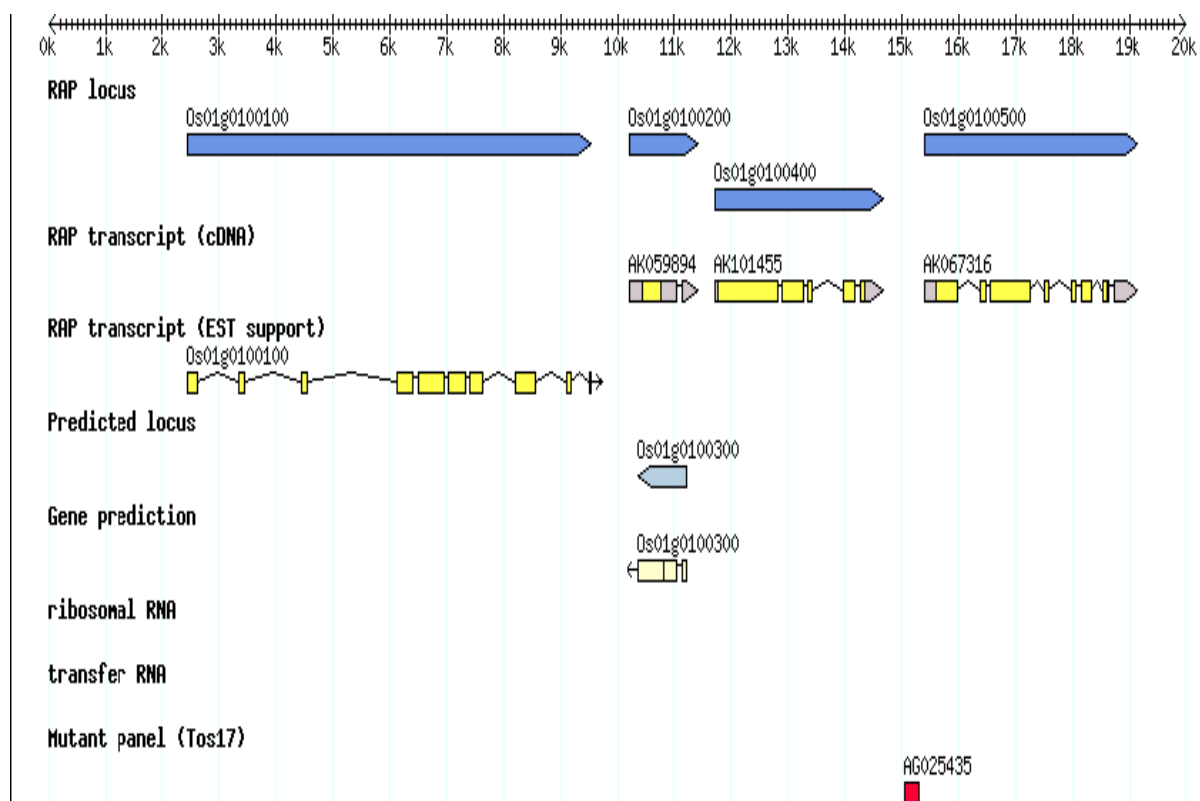


図 公開されているイネゲノム アノテーションの一部