

＜2012年 農林水産研究成果10大トピックス TOPIC5＞

農林水産技術会議事務局

＜タイトル＞

ブタのゲノム及び遺伝子配列の解読に成功
ーブタの品種改良の加速化に期待ー

＜当該研究成果のポイント＞

日本・米国等が参加するブタゲノムコンソーシアムは、ブタゲノムの塩基配列の90%以上（およそ25億塩基対）の解読を行い、およそ25,000個の遺伝子が存在することを明らかにした。

我が国はブタの18対の染色体のうち第6染色体及び第7染色体の一部の解読を担当したほか、様々な組織・器官で実際に働いている遺伝子およそ15,000個を特定した。

本研究は、農林水産省委託プロジェクト「動物ゲノムを活用した新市場創出のための技術開発」及び「有用遺伝子活用のための植物（イネ）・動物ゲノム研究プロジェクト」で実施された。

本成果は、英国の科学雑誌 Nature(2012年11月15号)に掲載された。

＜期待される効果・今後の展開など＞

今回のブタゲノム解読の成果を活用することにより、ブタの家畜化の解明、ゲノム情報を用いたブタの肉質・抗病性・繁殖性の改良の加速化、ブタの臓器移植等の医療用モデル動物としての利用や、医薬品等の試験用としての利用が期待される。

＜研究所名＞

(独) 農業生物資源研究所 (生物研)

(社) 農林水産・食品産業技術振興協会農林水産先端技術研究所 (JATAFF研)

＜担当者名＞

(独) 農業生物資源研究所家畜研究ユニット

上西 博英 TEL:029-838-8664

(社) 農林水産・食品産業技術振興協会農林水産先端技術研究所畜産研究部

両角 岳哉 TEL:029-838-2190

＜連絡先＞

(独) 農業生物資源研究所 広報室長

井濃内 順 TEL:029-838-8469

ブタのゲノム及び遺伝子配列の解読に成功

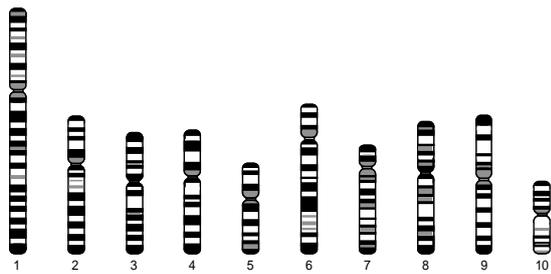
—ブタの品種改良の加速化に期待—



© L. Brian Stauffer

肉豚生産で重要なデュロック種ブタ個体を対象とした国際コンソーシアムによるゲノム解読

およそ28億塩基対の
ブタゲノム塩基配列の
90% (25.2億塩基対) を解読



日本グループ (生物研・JATAFF研)
は第6・第7染色体の
一部を担当 (全ゲノムの1.6%)

約15,000個の
発現遺伝子を特定
(生物研/JATAFF研の日本グループ)

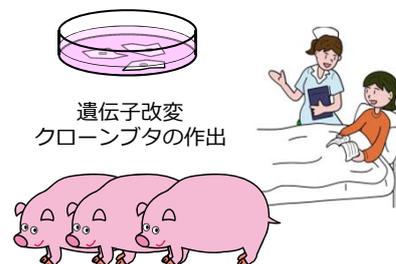
次世代シーケンサーを用いた
RNA塩基配列データ
(オランダ・デンマークのグループ)

ブタゲノム上のおよそ
25,000個の遺伝子を同定

ゲノム情報を用いた
ブタ品種改良の加速化



ブタの医療用モデル動物
としての利用



ブタの生物
学的特徴
や家畜化
の過程の
解明