

<タイトル>

コムギのゲノム配列解読を達成
－新品種開発の基盤完成－

新たな育種技術

<当該研究成果のポイント>

コムギは、イネやトウモロコシとならぶ世界の三大穀物の一つであり、人類が消費するカロリーの約2割を担い、重要なタンパク源ともなっている。しかし、地球規模の環境変動や人口増加によって、今後40年間に60%以上の増収が必要と言われており、新たな品種の開発が急務となっている。効率的な品種改良のためにはゲノム情報を活用することが重要であるが、コムギゲノムは、異なる3つの祖先種からなる異質6倍体と複雑な上、そのサイズがヒトの5倍、イネの40倍と大きく、ゲノム解読を困難にしていた。

2005年に国際コンソーシアムIWGSCを結成し、コムギゲノム解読の国際共同研究を開始した。今回、コンソーシアムとしてコムギゲノムの94%をカバーする参照ゲノム配列（その種のゲノムを代表する塩基配列）の解読に成功し、コムギの21本の染色体上における遺伝子の位置関係を明らかにするとともに、コムギの様々な特徴を決定する107,891個の遺伝子を見出すことができた。

<期待される効果・今後の展開など>

解読されたコムギの参照ゲノム配列情報を活用することで、「環境の変動に強く、安定して生産できるコムギ品種」や「収穫量が飛躍的に高いコムギ品種」など、国内外でのコムギの新品種の開発が進むことが期待される。

農研機構では、参照ゲノム配列情報を用いて、縞萎縮病等の各種病害に対する抵抗性遺伝子や、製パン性等の品質を向上させる遺伝子の同定と機能解明を進めている。この成果の利用によりDNAマーカー開発やゲノム編集が促進され、高品質で安定生産が可能なコムギ品種の開発が容易になり、国産コムギの生産振興に寄与できる。

<研究機関名>

農研機構 次世代作物開発研究センター
京都大学大学院 農学研究科

<担当者>

農研機構 次世代作物開発研究センター 基盤研究領域
ユニット長 半田 裕一
主任研究員 小林 史典
京都大学大学院 農学研究科 准教授 那須田 周平

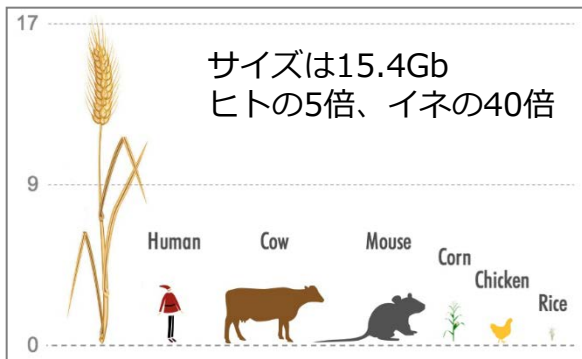
<連絡先>

農研機構 次世代作物開発研究センター 広報プランナー 大槻 寛
TEL : 029-838-8942

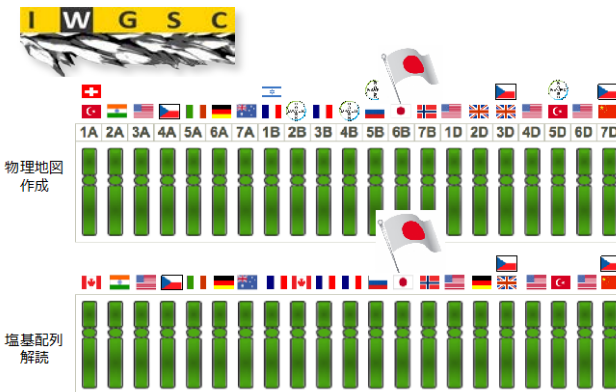
コムギのゲノム配列解読を達成 - 新品種開発の基盤完成 -

- コムギのゲノムの94%をカバーする14.5Gb（145億塩基対）の参照ゲノム配列（その種のゲノムを代表する塩基配列）の解読に成功。
- この参照ゲノム配列は、各染色体について一つながりの配列となっており、極めて高精度。
- 配列解析から、107,891個の遺伝子を特定。

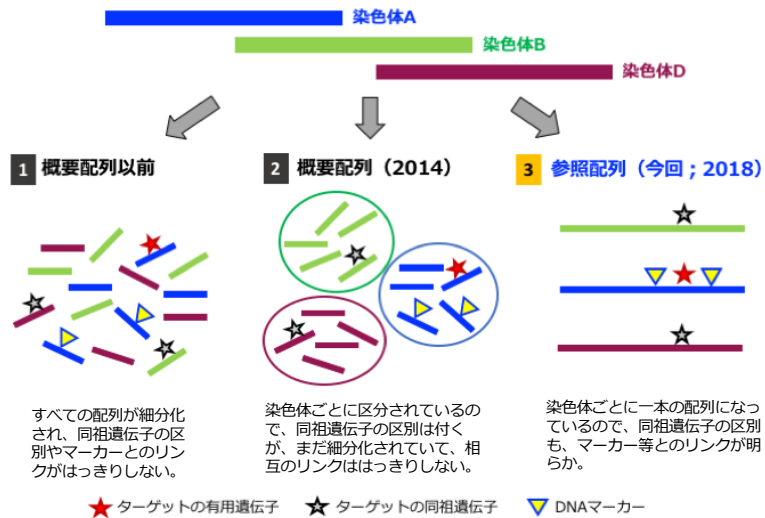
コムギ新品種開発の基盤情報として期待



コムギゲノムは巨大で複雑
(解読は困難であった)



国際コンソーシアムを結成。各国がコムギの21本の染色体を分担して解読



今回の参照ゲノム配列は極めて高精度
(参照ゲノム配列と概要配列との違い)

【導入により期待される効果】

「環境の変動に強く、安定して生産できる品種」や「収穫量が飛躍的に高い品種」など、国内外でのコムギの新品種の開発が進むことが期待される。