

平成23年2月2日

報道機関 関係者各位

学校法人東京農業大学広報部

日本型イネ品種「雄町」の全ゲノム解読

— 新品種作りに役立つ情報を提供 —

東京農業大学(世田谷区桜丘 1-1-1)生物資源ゲノム解析センターは、独立行政法人農業生物資源研究所との共同研究の結果、日本型イネ品種「雄町」の全ゲノム解読に成功しました。この結果コシヒカリ大粒化や、より美味しい酒米の新品種開発に役立つことが期待されます。

「雄町」とは…

「雄町」は、安政6年(1859年)に備前の国上道群高島村雄町(現在の岡山市中区雄町)で検出され、栽培が広がった日本の古い品種です。現在最も多く食されている「コシヒカリ」に比べて粒が大きく、中心部が白濁(心白)するなどの特徴があります。この特徴は酒造りに適しており、「雄町」を利用した清酒は高い評価を受けていましたが、害虫に弱く、倒れやすいなどの理由から一時は生産が減少していました。しかし、近年、酒米としての優秀さから、栽培面積が増えつつあります。また、「雄町」は酒米として利用されただけでなく、現代の品種を作るための親としても利用されてきました。「山田錦」や「五百万石」も「雄町」の血を引いています。このような背景を持つ「雄町」のゲノム配列には、酒米に特徴的な優れた性質と現代の品種に受け継がれている大切な情報が含まれていると考えられることから、そのゲノム配列から得られる情報は、今後新しい品種をつくる上で役立つと期待されます。

「雄町」ゲノム解析とその利点について

これまで、イネの全ゲノム配列解読は国際的なプロジェクトにより、6年の歳月をかけて行われてきました。今回、本センターでは、一度に大量のゲノム配列を解読できる新しいゲノム解析システム(次世代シーケンサー)を使って「雄町」の全ゲノム解析を行いました。「雄町」の配列を国際プロジェクトで明らかにされた「日本晴」配列と比較しました。その結果、2つの品種のゲノム配列間の違いを16万箇所以上見

出すことができました(添付資料参照)。これらは、遺伝子 DNA に基づいて新品種を作る際に非常に重要な目印である DNA マーカーとなります。これらの情報は、イネの粒の大きさやおいしさを司る遺伝子を見つけ、多数の品種間の類縁関係を明らかにすることに利用され、それによって、コシヒカリの大粒化や、より美味しい日本酒が造れるような新品種の開発に役立つと考えられます。

これらの結果は、詳細な情報を付加したデータベースとして、本センターのホームページ(<http://www.nodai-genome.org/index.html>)にて公開しました。また、今回の研究成果は、雑誌「Plant and Cell Physiology」のデータベース特集号(2011年2月)に掲載されます。

なお、この研究は東京農業大学が「文部科学省私立大学戦略的研究拠点形成支援事業」の支援を受け、独立行政法人農業生物資源研究所との共同研究として実施されました。

主な参加研究者

東京農業大学生物資源ゲノム解析センター

吉瀬(新井)祐子博士研究員、志波優研究員、吉川博文教授、若狭暁客員教授
農業生物資源研究所 QTL ゲノム育種研究センター

長崎英樹特別研究員、江花薫子主任研究員、矢野昌裕センター長

論文情報

“Discovery of Genome-wide DNA Polymorphisms in a Landrace Cultivar of Japonica Rice by Whole-genome Sequencing”

Plant and Cell Physiology (2011) in press.

本件、内容に関するお問い合わせ

東京農業大学生物資源ゲノム解析センター

吉瀬 y3kichis@nodai.ac.jp

若狭 k3wakasa@nodai.ac.jp

吉川 hiyoshik@nodai.ac.jp

●このリリースに関するお問い合わせ●

学校法人東京農業大学広報部 廣谷(ひろたに) 神本(かみもと)
〒156-8502 世田谷区桜丘 1-1-1 TEL03-5477-2300/Fax03-5477-2643
www.nodai.ac.jp