

## 課題構想・概要

課題名 「イネゲノムアノテーションの推進」  
代表者名(所属機関名) 「佐々木卓治(農業生物資源研究所)」  
中核機関名 「独立行政法人農業生物資源研究所」

### 課題の目標・概要

#### 1. 目的

イネは世界で最も重要な食料の一つである。その遺伝情報を入手することは将来にわたりイネの収量を確保する育種の基礎となる。イネ全遺伝情報の源であるゲノム塩基配列は2002年末にその高精度概要が発表され、また2004年中には完全解読が終了する。この膨大な配列中のどの場所にどのような遺伝子が存在するのかを知ることは遺伝情報解読の第一歩である。この研究をアジア地域各国を中心とする世界中のイネゲノム研究者、植物研究者、情報科学研究者等で分担して行い、成果の精度を高めることを目的とする。

#### 2. 内容

既存の発現遺伝子情報をクラスター分類し、データベース化する。イネゲノム全塩基配列に対してソフトウェアの開発および改善をおこないつつ、クラスターから遺伝子配列を正確に当てはめる。更にこの結果を参照して、各遺伝子の転写開始点、選択的スプライシング、エキソン-イントロン境界点を正確に決める。これらの作業は日本主導の下、参加者が分担し、日本が提供する場に一堂に会して結果を合意する。

#### 4. 複数機関間連携の必要性

中核機関農業生物資源研究所はイネゲノム塩基配列決定とその情報管理を行っている。産業技術総合研究所生物情報解析研究センターはヒトゲノムのアノテーションで同様の会議開催の経験がある。国立遺伝学研究所生命情報・DDBJ研究センターは世界中で公開された全生物のゲノム情報を収集管理している。この3機関が連携することでイネゲノムアノテーション事業においてアジア地域各国等との連携の強化が可能になる。

#### 5. 推進委員会を構成する機関・組織等

上記3研究機関の役員および研究者、総計10名の推進委員会を設置する。

### 諸外国の現状等

#### 1. 現状

イネゲノム情報のアノテーションは今後厳しい競争が予測され、特に米国では既にプロジェクト課題化されている。

#### 2. 我が国の水準

イネ塩基配列情報および発現遺伝子情報はわが国がその大部分を生産し、管理している。アノテーション技術はヒトゲノムにおいて国際会議を主催するほど他国をリードしている。

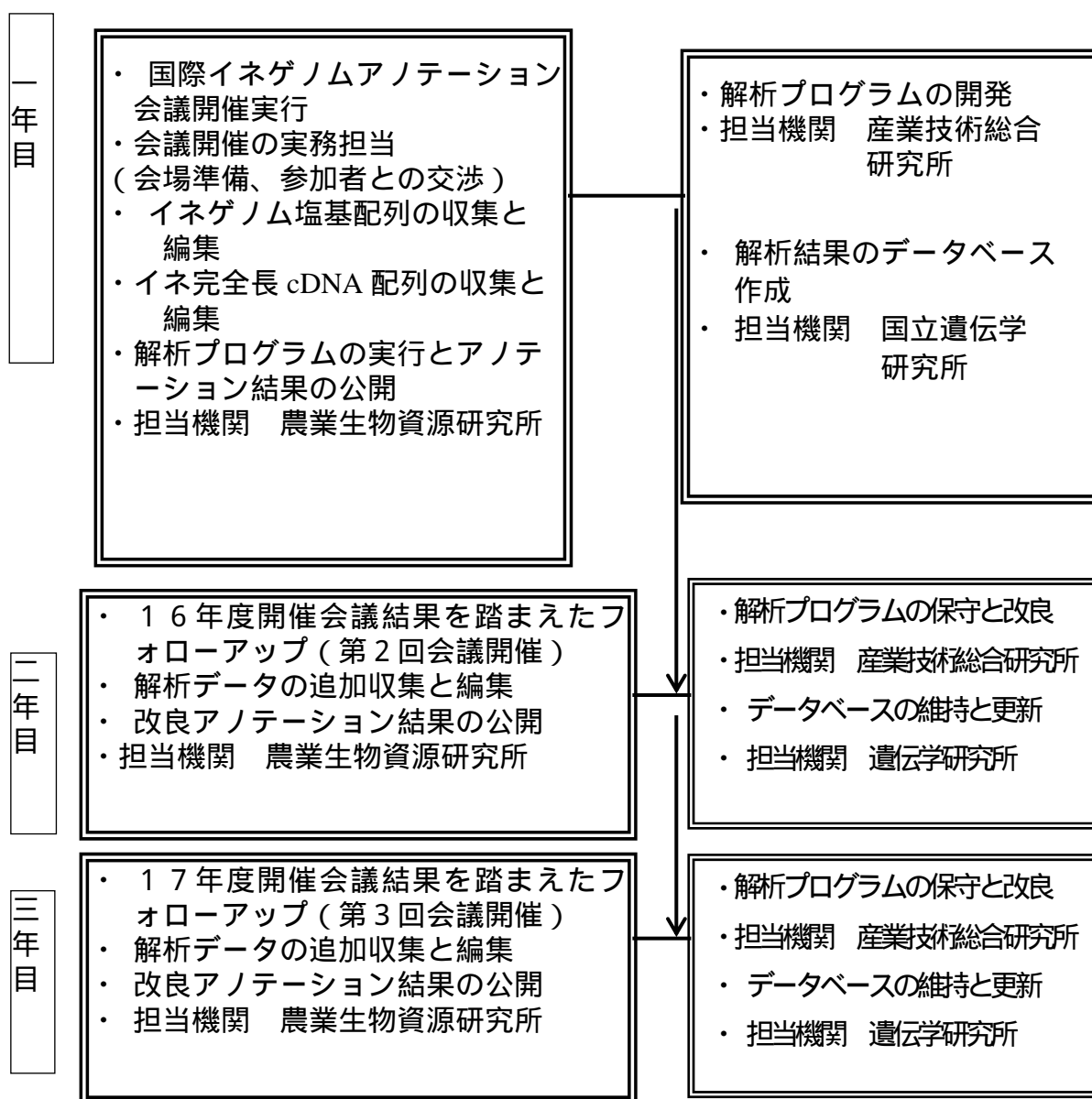
### 課題の実施により期待される効果

本課題を実施することによりイネゲノム塩基配列に存在する遺伝情報の正確な解読がわが国の主導で行え、塩基配列解読で国際プロジェクトの主導を行ったわが国のイネゲノム解析研究の主導性が継続できる。国際的にも、これまで多くの高品質データを生産したわが国に対する信頼度が更に高まる。

## 課題実施体制

課題名 「イネゲノムアノテーションの推進」  
 代表者名（所属機関名） 「佐々木卓治（農業生物資源研究所）」  
 中核機関名 「独立行政法人農業生物資源研究所」

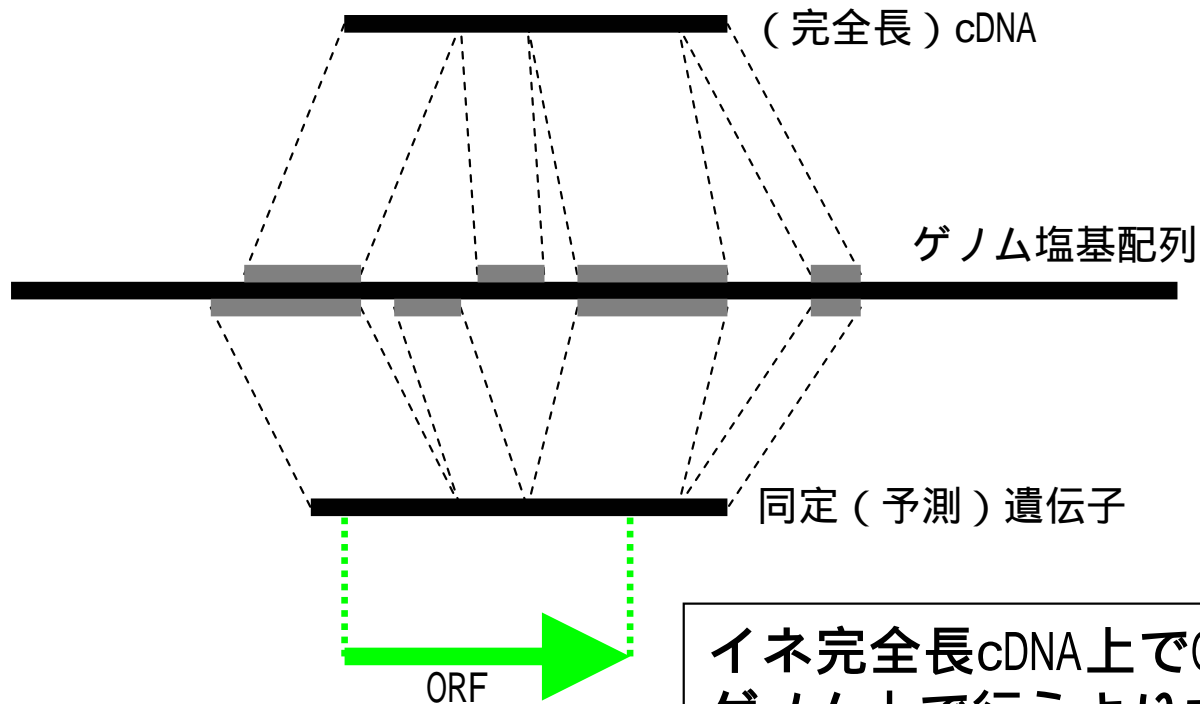
### 「イネゲノムアノテーションの推進」



#### 期待される効果

1. イネに存在する全遺伝子のゲノム上の存在箇所が正確に決定できる。
2. イネを共通の対象としてアジア諸国等とのパートナーシップの強化が期待できるとともに、国際イネ情報科学における日本の主導的立場が確立できる。

# イネゲノムアノテーション推進の概要



イネゲノム配列上に同種や異種の完全長cDNA、ESTをマッピングすることにより、遺伝子領域とその構造を精度良く同定する。

イネ完全長cDNA上でORFを同定もしくは予測する。ゲノム上で行うよりも容易で精度が高い。

国際会議によるアノテーション基準の合意形成

アノテーションの実行

国際的に統一された基準でのイネゲノムアノテーション結果  
(データベース化して公開)