

## ■ はじめに

コメは世界人口の半数の主食であり、イネは世界で最も重要な穀物のひとつである。農業形質(収量、耐病性、ストレス耐性など)に関係する遺伝子の単離や機能解析、DNAマーカーなどを利用したゲノム育種が世界中で精力的に進められているが、イネ研究においてリファレンスゲノム配列や遺伝子機能に関する注釈(アノテーション情報)は最も重要な基盤情報である。また、生命活動の根幹である遺伝子が、いつ、どのようなところで働いているのかといったトランスクリプトーム情報(転写産物配列や遺伝子発現プロファイル)は、遺伝子機能を知るうえで重要である。われわれはイネのリファレンスゲノム配列と遺伝子アノテーション情報を提供するデータベース「RAP-DB」を構築し、2006年から公開している。また、最近では様々な栽培環境で生育するイネの遺伝子発現情報を提供するデータベース「TENOR」の公開も行なっている。10年間に渡り、世界中の研究者に情報を発信し続けている、これらのデータベースの紹介を通して、イネのオミックス(ゲノム、トランスクリプトーム)情報基盤の現状について紹介する。

## ■ 活動内容

### 1. 高精度リファレンスゲノム配列の構築

2004年に日本を中心とする国際イネゲノム解読プロジェクト(IRGSP)によって、*Oryza sativa* ssp. japonica cultivar Nipponbare(日本晴)のゲノムが完全解読された。そして、2013年には日米のグループが共同で、高精度なリファレンスゲノム配列(Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0)を作成し、公開した。

### 2. ゲノムアノテーションデータベース(RAP-DB)

全ゲノム解読の完了後、高精度な遺伝子アノテーションデータの作成を行ない、2006年にイネアノテーションプロジェクトデータベース(RAP-DB)を公開した。現在も新たに論文発表されるイネ遺伝子の情報を追加、更新しながら、世界中の研究者に最新のイネのゲノムアノテーション情報を提供している。

### 3. トランスクリプトームデータベース(TENOR)

超並列シーケンサーを用いたRNA-Seq解析によって、10種類の非生物学的ストレス(高塩、リン欠乏、乾燥、低温、浸水など)と2種類の植物ホルモ処理(アブシジン酸とジャスモン酸)を加えた栽培環境における全遺伝子の発現情報を取得し、データベース「TENOR(Transcriptome ENcyclopedia Of Rice)」から公開している。

## ■ 関連情報等

### 【参考文献】

Kawahara Y. *et al.* Improvement of the *Oryza sativa* Nipponbare reference genome using next generation sequence and optical map data. *Rice* 2013 Feb 6;6(1):4.

Sakai H. *et al.* Rice Annotation Project Database (RAP-DB): an integrative and interactive database for rice genomics. *Plant Cell Physiol.* 2013 Feb;54(2):e6.

Kawahara Y. *et al.* TENOR: Database for Comprehensive mRNA-Seq Experiments in Rice. *Plant Cell Physiol.* 2016 Jan;57(1):e7.

### 【公開データベース】

RAP-DB (<http://rapdb.dna.affrc.go.jp>)



TENOR (<http://tenor.dna.affrc.go.jp>)



代表発表者 川原 善浩 (かわはら よしひろ)

所属 農研機構

次世代作物開発研究センター

基盤研究領域

問合せ先 〒305-8517 茨城県つくば市観音台 2-1-2

TEL: 029-838-7065 FAX: 029-838-7065

y.kawahara@affrc.go.jp

■キーワード: (1) イネ  
(2) オミックス  
(3) データベース

### ■共同研究者:

伊藤 剛、岸川(広実) 朋子  
(農研機構 高度解析センター)

松本 隆

(農研機構 次世代作物開発研究センター)