22　イネゲノムの解読データは、どのように利用されるのか？

1. 解決すべき課題

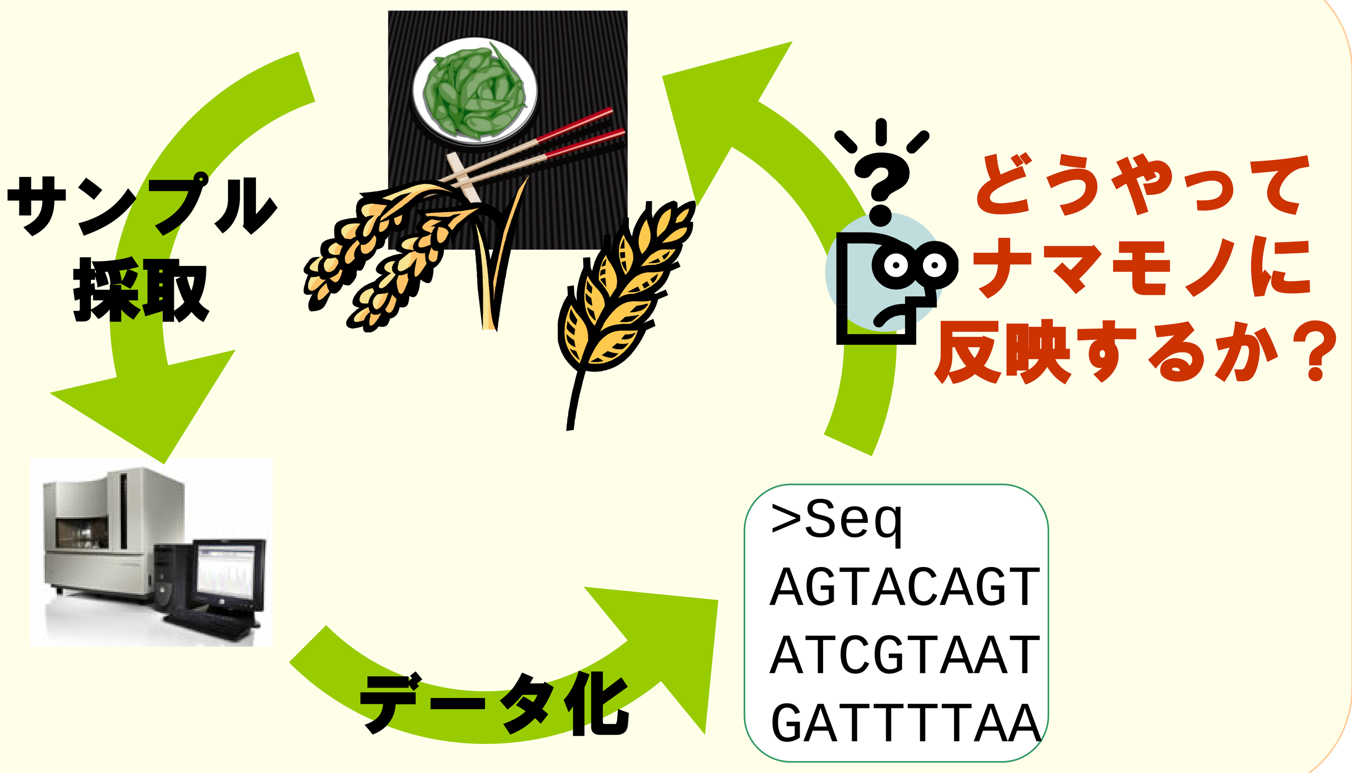
生物学の実験といえば、顕微鏡でサンプルを調べたり試験管を振ったり…そんな印象が強いかもしれません。これらに加えて、現代の生物学では、高精度高速の解析機器を使って

大量の「データ」を生産する

のが主流です。こういった「データ」をただ眺めているだけでは、専門研究者といえども何もできません。そこで、遺伝子レベルの研究では

「コンピューター」や「データベース」の利用

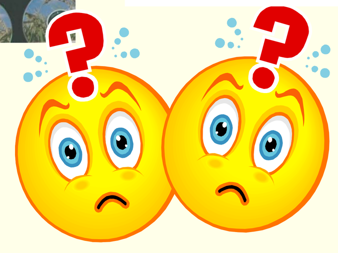
が必須になるのです！

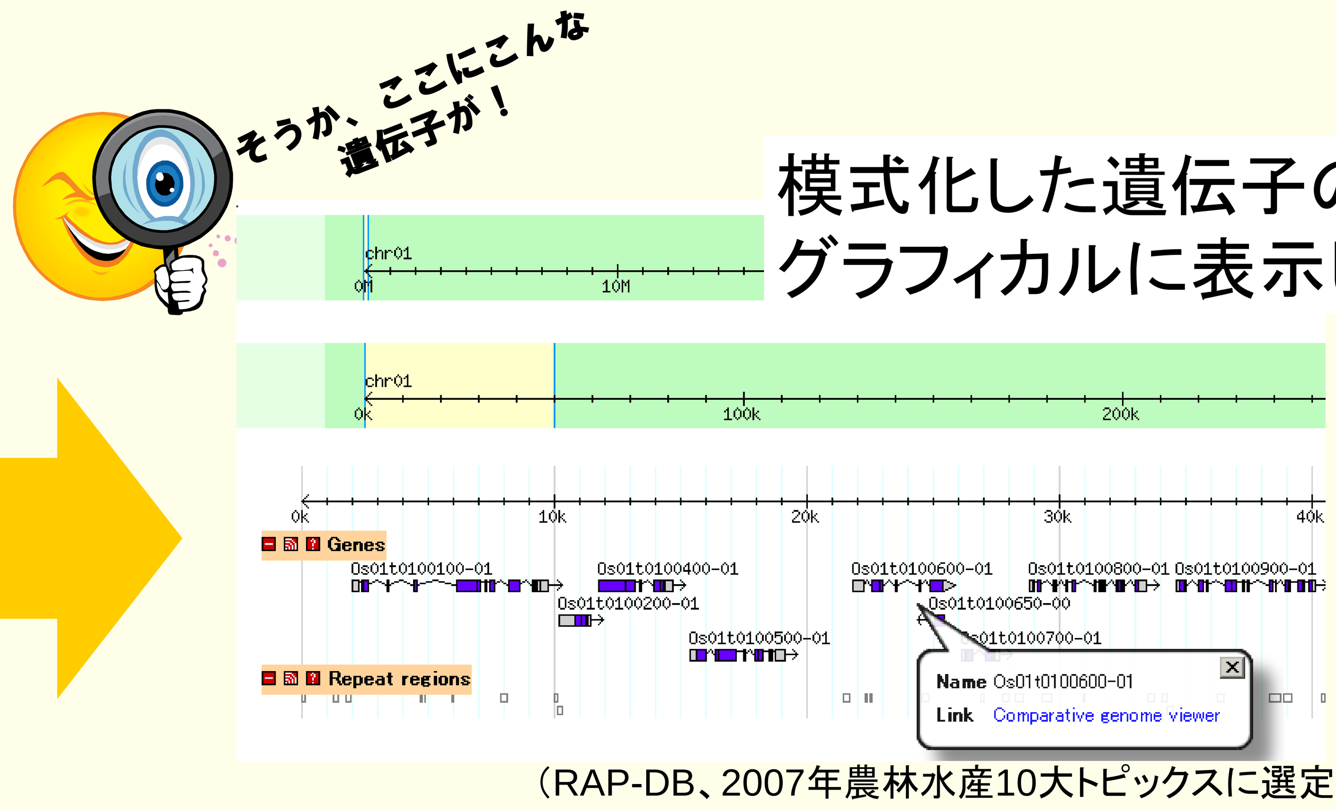


2. 研究成果の概要

2004年、イネのゲノム（全遺伝子）の情報を明らかにした

このCDにデータが…
しかしどうやって利用を？





模式化した遺伝子の様子をグラフィカルに表示します

（RAP-DB、2007年農林水産10大トピックスに選定）

コンピューターには大量の情報が格納されています。しかしそれはそのままでは利用できません。例えば、塩基配列解読装置というものが産出するのは、AGCTという4種類の文字が延々と連なったデータです。ここから<u>**何処にどんな有用な遺伝子が含まれているのか**</u>をコンピューターで計算して明らかにできます。

また、グーグルでウェブ情報を検索するように、<u>**遺伝子の情報を効率よく検索するツール**</u>を開発することで、研究は加速されます。私たちのデータベースでは、研究者にとって有用なデータやツールを簡単に使えるように、様々な工夫を凝らしています。

裏では、日々増大するデータを研究者が一生懸命解析し、データベースを構築しています。

こういったデータベースを活用して
はじめて現場でのイネ研究が開始できます

3. 成果の活用場面（出口のイメージ）

新型の超高速塩基配列解読装置

- データベースはあらゆる遺伝子研究を下支えする存在です。遺伝子の機能を推定したい…今、自分が調べている遺伝子はゲノムの何処にあるのだろう…他に同じ遺伝子を研究している人は…ひょっとしたら、ムギで同じ遺伝子を調べている人がいるのでは？そんな時、データベースにアクセスすれば、すぐに答えを得ることができます。
- さらに、生物学の解析装置は日進月歩、超高速でデータを算出する機械が次々に現れています。私たちは、ギガ（10の9乗）からテラ（10の12乗）クラスといわれるような大規模データに対応して情報を有用化できるよう、関連するプログラムやデータベースの開発を続けています。

課題担当者　伊藤　剛（農業生物資源研究所）
沼　寿隆（農業生物資源研究所）
田中　剛（農業生物資源研究所）