

# ブタのゲノム解読に成功～品種改良を加速化～

- ・ 国際共同研究により、**ブタゲノムのおよそ90%について塩基配列の解読**を行いました。
- ・ さらに、わが国による**およそ15,000個の遺伝子解読等により、約25,000個と見られるブタ遺伝子の構造**についても明らかになりました。
- ・ これらのブタゲノム解析の成果は、**ブタの品種改良や高品質・安全な豚肉の生産、実験動物としてのブタの利用の促進**につながります。

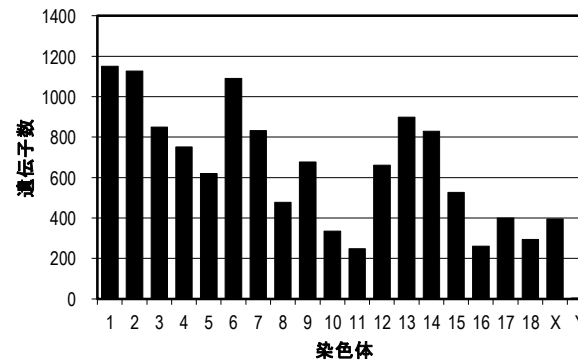


肉豚生産で重要な  
デュロック種ブタを  
対象に  
国際コンソーシアム  
によるゲノム解読

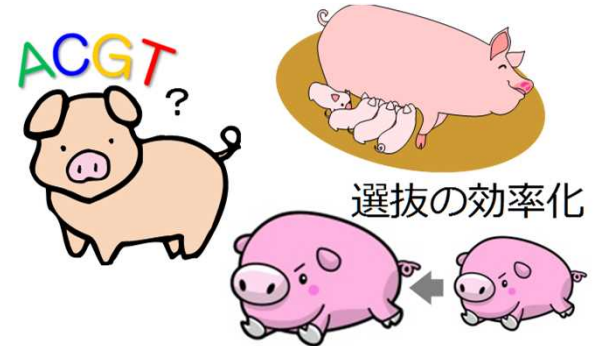
およそ2.8Gbのブタゲノム塩基配列の  
90% (25.2億塩基対) を精密解読



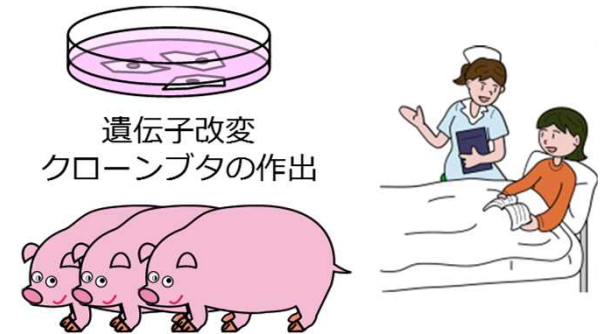
発現している  
(実際に使われている)  
遺伝子配列の解読



約25,000個の  
ブタ遺伝子構造が明らかに



ゲノム情報を用いたブタ品種改良の加速化  
高品質・安全な豚肉の生産に貢献



ブタの実験モデル動物としての利用  
医療用途等でも活用が視野に

☎ 詳しい情報を知りたい、という方はお気軽にご連絡ください。

(国研) 農研機構 生物機能利用研究部門 企画連携室

TEL : 028-838-7426

FAX : 028-838-7106

Email: nias-renkei@naro.affrc.go.jp