

課題名：イネゲノム機能解析研究

—— イネゲノム解読成果を活用した画期的
新作物作出のための基盤技術の開発 ——

研究実施期間：平成15年度～平成19年度

農林水産省農林水産技術会議事務局

イネゲノム機能解析研究

— イネゲノム解読成果を活用した画期的新作物作出のための基盤技術の開発 —

研究開発のターゲット: 植物機能の最大活用に向けたイネ有用遺伝子の機能の解明

経済・社会での活用に関する具体的ビジョン: 地球的規模の食糧問題、環境悪化等の解決に向けた技術的対応は喫緊の課題で、植物の機能を最大限に活用することが、問題を解決する上で重要である。イネゲノム塩基配列解読成果を活用したイネゲノムの機能解析研究は、その基盤となる研究である。このため、コムギ、トウモロコシ等主要穀類も視野に入れた、各種形質の改良と新植物産業創出のための基盤研究を行うとともに、知的財産権を握り、我が国の競争力を高める

研究機関: 生物研、名古屋大、明治大、理研、農研機構、公立試等

参加が想定される産業界: 三菱化学、日立製作所、日本電気、JT等

研究の概要: 450億円／5年(15年度概算要求額 103億円)

●有用遺伝子単離・機能解明研究の再編・強化

○解析手法の高度化とともに、高品質なコメを作る遺伝子、機能性物質を作る遺伝子、病害虫に強い遺伝子、光合成能を高める遺伝子、不良環境に強い遺伝子等、重要形質関連遺伝子にターゲットを絞り単離・機能解析 遺伝子単離・特許化 100個以上(H16)、200個以上(H20)

コメ由来の機能性物質などの医薬品、食品利用の確立、新エネルギー資源、環境修復植物の開発、低アレルゲン等特定疾患専用品種の開発等、産業及び農業への貢献を目指す

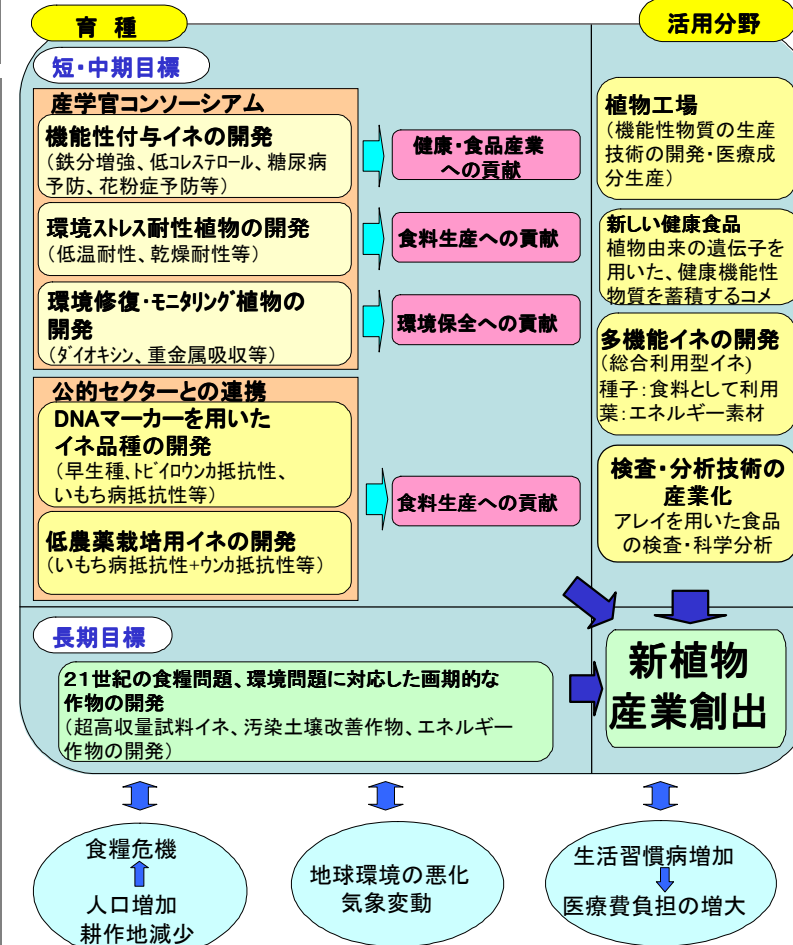
●育種・栽培技術の高度化(5年以内に一部実用化)

○高精度DNAマーカー育種システム開発・ゲノム機能シミュレーター開発
新品種開発期間を1/2に短縮

●研究基盤の整備(3年以内にリソースセンターを軌道に乗せる)

○イネゲノムリソースセンターの整備・イネゲノム塩基配列の完全解読
ゲノム情報と、完全長cDNAや遺伝子破壊系統等ゲノムリソースの整備と配布により国内外の植物生命科学研究の発展を促進

イネゲノム機能解析研究成果の活用目標



イネゲノム機能解析研究予算の構成

14年度(57億円)

15年度(103億円)

ポイント

有用遺伝子の単離及び機能解明

- ・遺伝子発現モニタリング手法を利用した単離及び機能解明(6) (終了)
- ・遺伝地図とミュータントパネルを利用した単離及び機能解明(5)
- ・タンパク質の構造解析を利用した単離及び機能解明(7)
- ・組換え体を用いた有用遺伝子の大規模解明と関連技術の開発(2)

重要形質関連遺伝子の機能解明
(17)

種間・属間比較研究
(17)

遺伝子の単離及び機能解明研究

- ・遺伝地図とミュータントパネル利用型(7)
- ・タンパク質の構造解析活用型(7)
- ・組換え体利用型(4)

ターゲットを絞った有用遺伝子探索

手法の高度化

DNAマーカーを用いた効率的な
育種システムの開発(6)

イネ・ゲノムシミュレーターの開発
(11)

全塩基配列の解明(Phase2)(20)

DNAマーカーを用いた効率的な
育種システムの開発(11)

イネ・ゲノムシミュレーターの開発
(18)

全塩基配列の解明(Phase3)(18)

完全長cDNAライブラリーの整備
(平成12年度補正予算で一括計上)

イネ・ゲノムリソースセンターの整備
(4)

育種システムの高度化

研究基盤の整備

イネゲノム機能解析研究の資金計画

(単位:億円)

有用遺伝子探索

	15年度	16年度	17年度	18年度	19年度	期間中計
重要形質関連遺伝子の機能解明(H15～)	17	17	17	17	17	85
種間・属間比較研究(H15～)	17	17	17	17	17	85
小 計	34	34	34	34	34	170
遺伝子の単離及び機能解明研究(H12～)	18	18	13	13	8	70
遺伝地図とミュータントパネル利用型(H12～)	7	7	8	8	8	38
タンパク質の構造解析利用型(H12～)	7	7	—	—	—	14
組換え体利用型(H14～)	4	4	5	5	—	18
イネ・ゲノムシミュレーターの開発(H13～)	17	9	12	4	7	49
DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発(H14～)	11	11	11	9	9	51
小 計	28	20	23	13	16	100
イネ・ゲノムリソースセンターの整備(H15～)	4	4	6	6	8	28
全塩基配列の解明(H12～)	18	16	16	16	16	82
小 計	22	20	22	22	24	110
合計	102	92	92	82	82	450

手法の高度化

育種システムの高度化

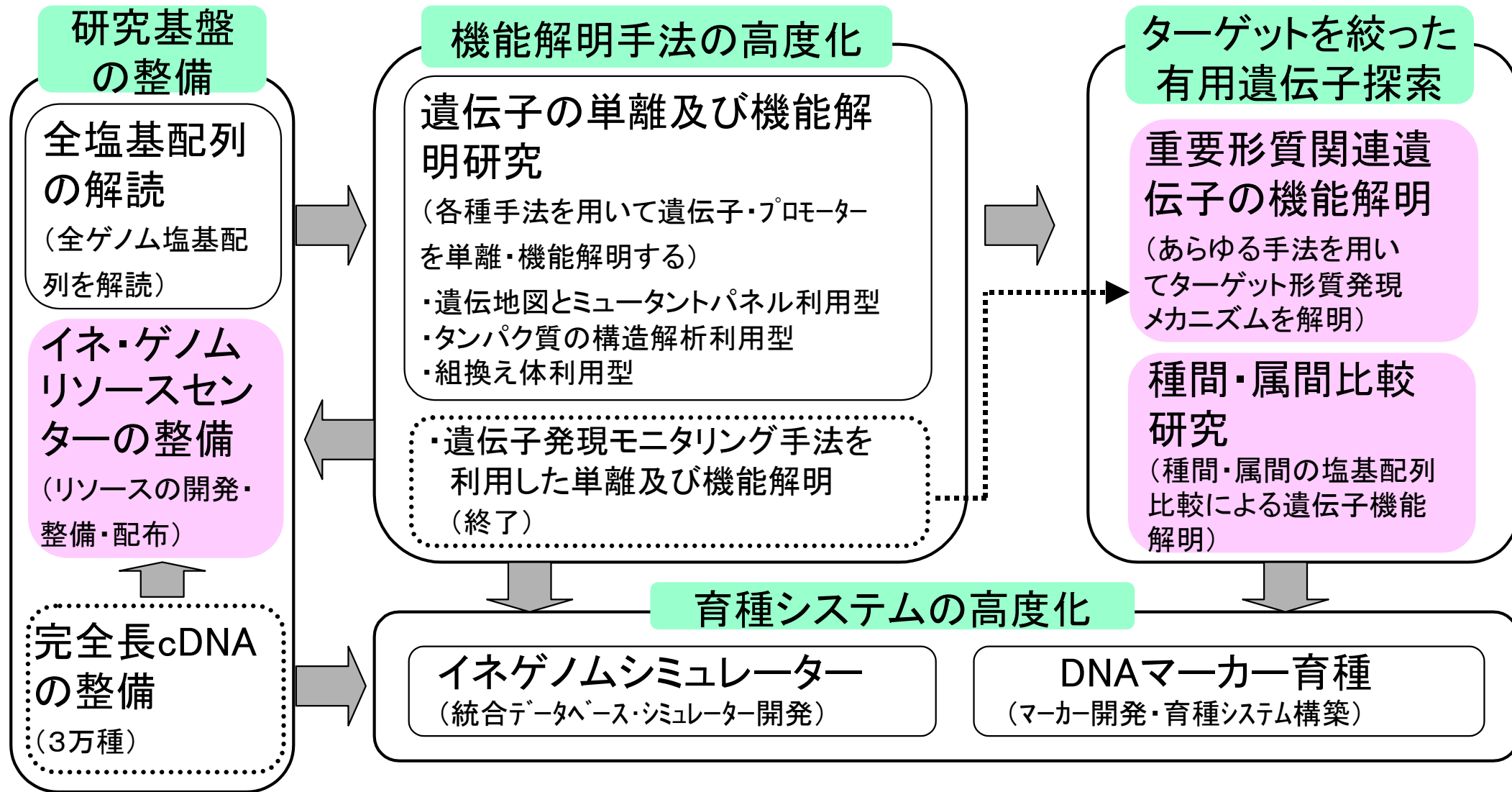
研究基盤の整備

◎地方自治体、民間の資金負担の考え方

・都道府県は、国の資金提供により「DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発」に参画するが、これにより開発されたマーカーを用い、自らの資金で品種開発を行う。資金規模は単年度3億円(@2千万円×15件)×5年間＝15億円と見込む。

・民間企業等は、農業生物資源研究所との共同研究契約に基づき、リソースセンターから提供される研究試料等を用い、自らの資金により有用遺伝子探索・品種開発を行う。資金規模は単年度15億円(@5千万円×30件)×5年間＝75億円と見込む。

イネゲノム機能解析研究の構成



- ・大学研究者を総括リーダーとし、その責任と権限の下、研究を推進
- ・公募により、産業界・大学等の優秀な研究者を結集(9/19公募開始)
- ・海外の研究機関(IRRI、CIMMYT)との連携を強化
- ・研究成果の産業界への移転を促進

研究推進体制図

評価委員
大石道夫氏((財)かずさDNA研究所長)
榊佳之氏(東大医科研教授)
杉山達夫氏(理研植物科学センター長)
(50音順、このほか大学、民間から29名)

委嘱

農林水産省

研究委託

研究成果

評価・助言

独立行政法人農業生物資源研究所(主査研究機関)

独立行政法人農業技術研究機構
(主査研究機関)

重要形質関連遺伝子の
機能解明
(H15～)

5重要形質設定・課題を公募
総括リーダー(予定)
松岡 信教授(名古屋大)
(主な参画予定研究機関等)
公募により決定

全塩基配列の解明
(H12～)

全4課題(うち独法1)
総括リーダー
佐々木卓治グループ長
(生物研)
(主な参加研究機関等)
STAFF研、理研

遺伝子の単離及
び機能解明研究

イネ・ゲノムシミュレ
ーターの開発(H13～)

全22課題(うち独法6)
総括リーダー
肥後健一グループ長(生物研)
(主な参加研究機関等)
東京大、京都大、名古屋市立大、
慶応義塾大、システムバイオロジー研
究機構、(株)日立製作所、(株)
富士総研、三菱スペースソフト(株)
ほか

DNAマーカーによる効率的な
新品種育成システムの開発
(H14～)

全59課題(うち独法28)
総括リーダー
根本博室長(農研機構)
(主な参加研究機関等)
京都大、神戸大、九州大、
福井県農試、福岡県農総
試、北海道グリーンバイオ、
(株)植物ゲノムセンターほか

種間・属間比較研究
(H15～)

課題を公募
総括リーダー(予定)
佐々木卓治グループ長
(生物研)
(主な参画予定研究機関等)
公募により決定

イネ・ゲノムリソ
ースセンターの
整備(H15～)

生物研にセンター設置
総括リーダー(予定)
長村吉晃バンク長
(生物研)
(主な参画予定研究機
関等)
国立遺伝研、九州大ほ
か

遺伝地図法とミュータント
パネル利用型(H12～)

全60課題(うち独法28)
総括リーダー
廣近洋彦チーム長
(生物研)
(主な参加研究機関等)
北海道大、東北大、名古
屋大、奈良先端大、九州
大、三菱化学生命科学研、
(株)オリノバほか

タンパク質の構造解析利用
型(H12～)

全58課題(うち独法35)
総括リーダー
澁谷直人教授(明治大学)
(主な参加研究機関等)
東北大、筑波大、東京大、名古
屋大、京都大、大阪大蛋白研、
九州大、アプライドバイオシステムズジ
ャパン(株)、日本電気(株)基礎研、
(株)三菱総合研究所ほか

組換え体利用型(H14～)

全11課題(うち独法5)
総括リーダー
田中宥司チーム長
(生物研)
(主な参加研究機関等)
東北大、東京大、東京都
立大、京都府立大ほか

研究代表者のプロフィール

主査
中島 卓介 理事(生物研)
農学博士、60歳
(主な業績)
Curr. Genet. 21, 153-159, 1992
日本育種学会賞 1995

副主査
肥後 健一 グループ長(生物研)
理学博士、59歳
(主な業績)
Plant Science, 151, 39-46, 2000
Plant J., 18, 625-632, 1999
Theor. Appl. Genet., 97, 9-19, 1998

評価委員
大石 道夫 氏((財)かずさDNA研 所長)
榊 佳之 氏(東大医 科 研 教 授)
杉山 達夫 氏(理 研 植 物 科 学 セ ン ター 長)
(50音順、このほか大学、民間から29名)

委嘱

農林水産省

研究委託

研究成果

評価・助言

独立行政法人農業生物資源研究所(主査研究機関)

独立行政法人農業技術研究機構
(主査研究機関)

重要形質関連遺伝子の
機能解明(H15~)

総括リーダー(予定)
松岡 信 教授(名古屋大)
農学博士、46歳
(主な業績)
Nature, 416, 701-702, 2002
Plant Cell, 14, 57-70, 2002
Proc. Natl. Acad. Sci. USA,
98, 8909-8914, 2001
植物生理学会奨励賞 1995

全塩基配列の解明
(H12~)

総括リーダー
佐々木 卓治 グループ長(生物研)
理学博士、55歳
(主な業績)
Plant Cell, 14: 525-545, 2002
Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 98, 7922-
7927, 2001
Theor. Appl. Genet., 102, 793-800,
2001
日本育種学会賞 2003

遺伝子の単離及
び機能解明研究

イネ・ゲノムシミュレー
ターの開発(H13~)

総括リーダー
肥後 健一 グループ長
(生物研)
理学博士、59歳
(主な業績)
Plant Science, 151, 39-46, 2000
Plant J., 18, 625-632, 1999
Theor. Appl. Genet., 97, 9-19,
1998

DNAマーカーによる効率的な
新品種育成システムの開発
(H14~)

総括リーダー
根本 博室長(農研機構)
農学博士、44歳
(主な業績)
Breeding Science, 48, 321-324,
1998
Jpn. J. Tropical Agriculture,
42, 111-118, 1998

種間・属間比較研究
(H15~)

総括リーダー
佐々木 卓治 グループ長
(生物研)
理学博士、55歳
(主な業績)
Plant Cell, 14: 525-545, 2002
Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 98,
7922-7927, 2001
Theor. Appl. Genet., 102, 793-
800, 2001
日本育種学会賞 2003

イネ・ゲノムリソースセン
ターの整備(H15~)

総括リーダー(予定)
長村 吉晃 バンク長
(生物研)
農学博士、48歳
(主な業績)
Genome Research, 9, 825-829,
1999
Genetics, 148, 479-494, 1998
Plant Mol. Biol., 35, 79-87, 1997

遺伝地図法とミュータント
パネル利用型(H12~)

総括リーダー
廣近 洋彦 チーム長
(生物研)
理学博士、49歳
(主な業績)
Plant Cell, 13, 521-534, 2001
EMBO J., 15, 992-1002, 1999
科学技術長官賞 1999

タンパク質の構造解析利用
型(H12~)

総括リーダー
澁谷 直人 教授(明治大学)
学術博士、57歳
(主な業績)
Plant J., 30, 447-455, 2002
Plant Physiol., 126, 1-12, 2001
Plant Cell, 12, 817-826, 2000
文部科学大臣賞 2001

組換え体利用型(H14~)

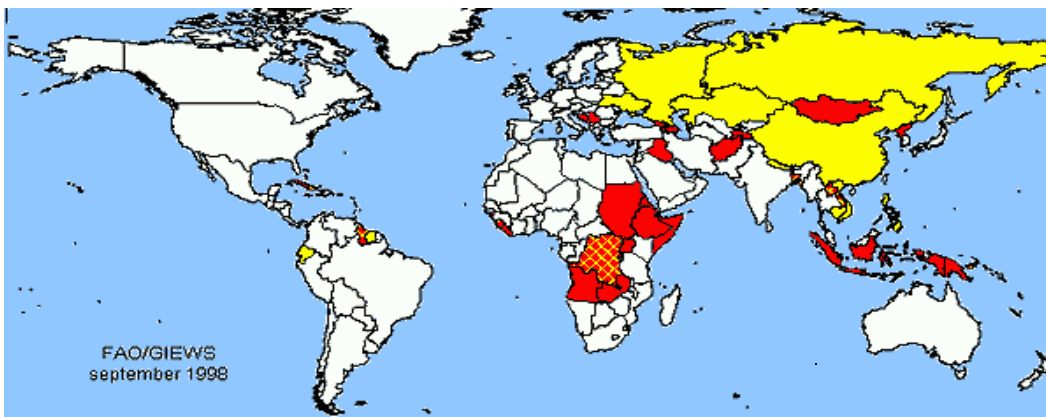
総括リーダー
田中 宥司 チーム長
(生物研)
農学博士、49歳
(主な業績)
Plant Journal, 30, 1-10, 2002
FEBS Letters, 507, 346-350,
2001
Plant Cell, 11, 1419-1431, 1999

研究の背景

- 人口増加: 61億人(2000年)→93億人(2050年)
(2000年国連予測)
- 栄養不足人口: 7.9億人(2000年FAO統計)
- 耕作不能面積の増大: 500万ha/年以上
(環境悪化、異常気象、温暖化、砂漠化等)

世界の食料不足国地図

(世界の食料不足国 1998年No.4)

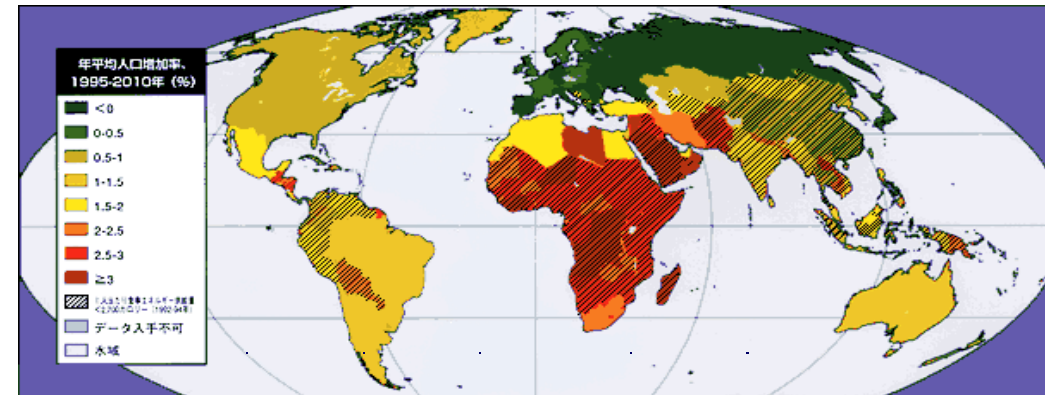


年平均人口増加率: 1995～2010年(%)

- 黄色: 今期不作が予測される国
- 赤色: 本流通年度、食料供給不足で特別援助を必要とする国
- オレンジ色(×): 不作と食料供給不足の起きている国

FAOホームページ<http://www.fao-kyokai.or.jp>より

人口増加



年平均人口増加率: 1995～2010年(%)

- 0以下
- 0～0.5
- 0.5～1
- 1～1.5
- 1.5～2
- 2～2.5
- 2.5～3
- 3以上
- データ入手不可
- 水域
- 1人当たり食事エネルギー供給量: 2,700カロリー以下(1992～94年)

FAOホームページ<http://www.fao-kyokai.or.jp>より

イネは、

- 世界最大の食糧資源・我が国の基幹作物
(世界の穀物生産の3割を占める)

- 穀類最小のゲノムサイズ(430Mb)
→単子葉植物の最良のモデル
(トウモロコシ:2,500Mb, コムギ:16,000Mb)

- 我が国が世界に先駆けて研究基盤を作成
(高密度遺伝地図、物理地図、部分長cDNA)

研究の目的・目標

目的

1. イネゲノム塩基配列を解読し、すべての遺伝子を含むゲノムの構造を明らかにして、植物生命科学研究の基盤を作る
2. 有用遺伝子を単離・機能解析し、ゲノムの機能を明らかにして、イネの各種形質の改良、植物工場などの産業利用につなげる

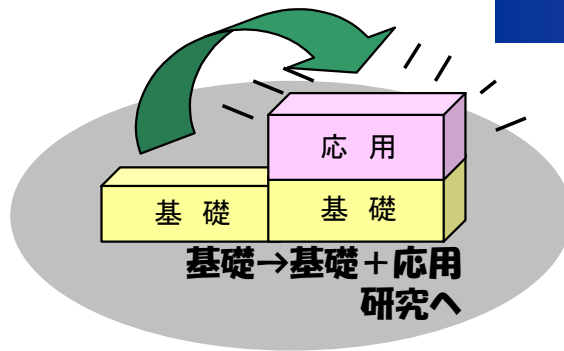
目標

1. 国際協力(IRGSP)により、2002年末までにゲノム塩基配列の重要部分の解読(フェーズ2)を終え、可能な限り早くイネゲノム全塩基配列を解読し、単子葉植物ゲノムのゴールデンリファレンスを完成する
2. 塩基配列情報、高精度遺伝子地図、完全長cDNA、レトロトランスポゾンによる遺伝子破壊系統、遺伝子置換系統等のゲノムリソースを整備しつつ、これらを用いて遺伝子を単離・機能解明する手法を開発し、有用遺伝子の機能を解明する
3. イネの重要形質に関わる多数の遺伝子を明らかにし、関与する遺伝子の機能や相互関係等を解析することにより、重要形質を発現するメカニズムの全容を明らかにする
4. ゲノム情報や栽培、育種情報等を統合したデータベースを構築するとともに、イネゲノム機能のシミュレーターを開発する
5. イネなどのゲノム情報を元に、品種間・属間ゲノム比較を行い、多様な表現型をもたらす遺伝機構の解明やイネでは認められない形質等に関わる遺伝情報を解明する

を

イネゲノム研究の今後

～ 基礎 → 基礎+応用研究の本格実施へ ～



応用・実用化に向けたゲノム研究

- ・重要形質関連遺伝子の機能解明
- ・イネ品種間・属間比較研究
- ・イネ・ゲノムシミュレーターの開発
- ・DNAマーカー育種システムの開発

高品質なお米を作る遺伝子

機能性物質を作る遺伝子

光合成機能を高める遺伝子

不良環境に強い遺伝子

病害虫に強い遺伝子

産学官連携を促進

特許を取得

有用遺伝子の機能を解明

産業への貢献

- ・植物工場による機能性物質(医薬・健康維持成分等)の生産
- ・新エネルギー資源、環境修復植物の開発
- ・検査分析技術の産業化

農業への貢献

- ・低蛋白、低アレルゲンなどの特定疾患専用品種等、画期的な新品种の開発
- ・ゲノム情報に基づく画期的な栽培体系の確立

植物生命科学の発展

- ・塩基配列完全解読情報の取得
(平成19年度末)
- ・有用遺伝子を100個以上解明
(平成16年度末)
200個以上解明
(平成20年度末)

大学・民間の研究勢力の結集!!
(研究責任者としての参画)

これまでのイネ・ゲノム研究

世界に誇る研究成果

第1期:H3～9
第2期:H10～

世界に先駆け
基盤技術を
確立

・イネ塩基配列を解読
(平成14年中に重要部分の概略解読)

・完全長cDNAライブラリーを整備
(平成14年中に3万種収集)

・様々な研究手法を確立(マップベースクロニング、ミュータントパネル等)

(研究基盤の整備)

融合

遺伝子の単離・機能解明研究

- ・手法別研究による遺伝子機能の解明
(遺伝地図、ミュータントパネル、タンパク質解析等)

イネ塩基配列の完全解読を実施

イネ・ゲノムリソースセンターの整備

全塩基配列の解明

概要: 世界最大の食糧資源であり、穀類最小のゲノムサイズであるイネのゲノムの塩基配列の効率的な解明を行うため、精密な物理地図と発現遺伝子地図を作成し、それらをもとにイネの全塩基配列を解読することを目的とする。生物研／STAFF研が中心となって国際コンソーシアム(IRGSP)で進めている。

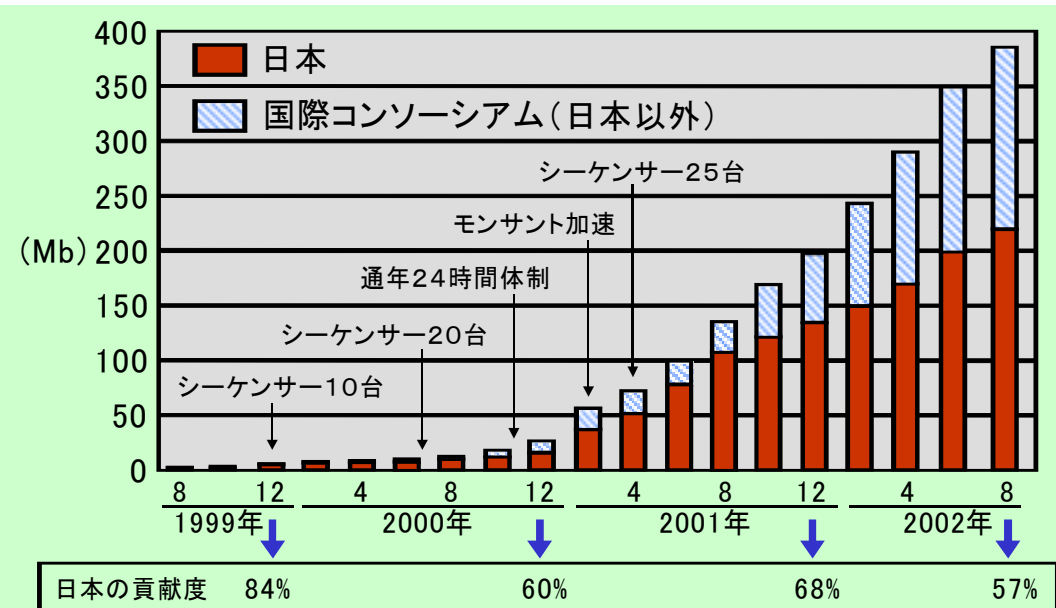
これまでの成果

- ・H14.9.15現在延べ399Mbを解読
- ・その内我が国は277Mb(53%)を分担
- ・H14年中にphase2レベルでの解読を終了する予定
- ・第1染色体発現遺伝子地図の作製

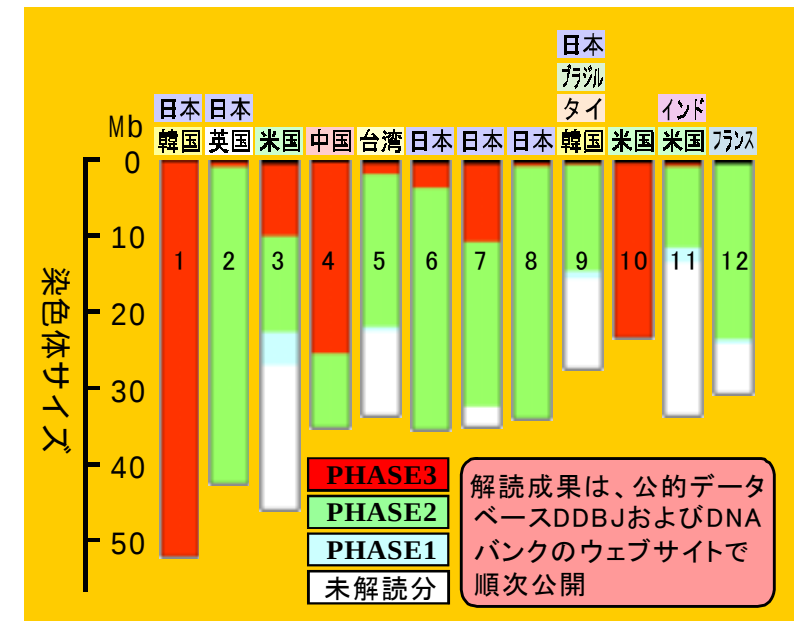
今後の目標

- ・phase2レベルからphase3レベルでの早期完全解読への移行(右下図 ■→■)
- ・テロメア・セントロメアの解析手法の高度化

- ・遺伝子機能解明のための基盤が確立される
- ・人類共通の財産であるイネの染色体全塩基配列情報が公開されることで、植物生命科学の発展に寄与する



現在のBAC解読コストは3.3円／塩基

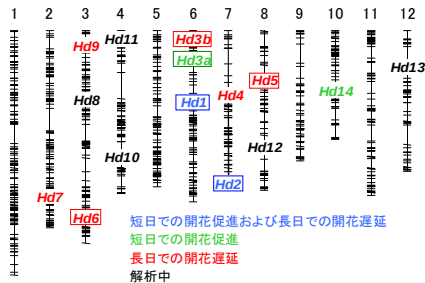


遺伝子の単離及び機能解明研究

遺伝地図法

これまでの成果

- ・わい性遺伝子 *D18* と *D61*
- ・脱粒性遺伝子 *qSH-1*
- ・日長感応性、葉緑体形成、穂の分枝遺伝子、貯蔵タンパク遺伝子など



概要: 精密な遺伝子地図とゲノム塩基配列を元にしたイネの量的形質 (QTL) のマップベースクローニングにより遺伝子単離を行う。

今後の目標

- ・いもち病圃場抵抗性遺伝子
- ・ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子、縞葉枯病抵抗性遺伝子
- ・耐冷性遺伝子
- ・品質、食味関連遺伝子

タンパク立体構造

これまでの成果

- ・プロテオーム解析で16,000個スポットを確認、2,634個の部分構造を決定
- ・再分化を制御するカルレティキュリンの機能解明
- ・ジスルフィドプロテオーム解析手法の確立
- ・エリシター処理により誘導されるタンパク質EL5の立体構造を解明
- ・細胞内局在予測システムの開発

概要: タンパク質レベルの新たな解析手法 (立体構造解析、構造・機能推定技術等) を導入することにより、効率的単離と機能解明を行う。

今後の目標

- ・構造・機能予測手法の精度向上、データベース構築
- ・完全長cDNA遺伝子産物の立体構造解析・機能解析
- ・タンパク質間相互作用の解明
- ・完全長cDNA情報と質量分析を用いたハイスループット手法の開発

20

ミュータントパネル

これまでの成果

- ・ミュータントパネル 5万系統作出
- ・半矮性、光形態形成異常など形態形成やストレス感受性などの原因遺伝子単離



半矮性

正常

概要: 内在性レトロトランスポゾンを用いて遺伝子の機能を破壊 (ノックアウト) することによって形態的・生理的変化 (草丈等) を生じた系統を作出し、破壊された遺伝子を単離、解析する。

今後の目標

- ・根の形態形成、シグナル伝達経路等の生命現象に係わる遺伝子の単離
- ・T-DNAタギング・アクティベーションタギングなどによる変異体飽和によってすべての遺伝子を標的にする突然変異系統の開発
- ・圃場での大規模解析

大規模機能解析

概要: 有用性が高いと期待される遺伝子について、その制御領域や完全長cDNAを導入した組換え体を多種類かつ多数作出し、機能解明を行う。同時に、組換え体作出や遺伝子機能解明に役立つ相同組み換え、RNAi、ジーンサイレンシングなどの現象の解明・応用にも取り組む。

これまでの成果

- ・相同組換え技術による遺伝子改変作物の作出・草型制御形質転換イネの作出

今後の目標

- ・超迅速形質転換法による組換え体の大規模作出
- ・高効率組換え体選抜技術の開発
- ・種々の組換え体作出技術の確立
- ・未知cDNAの機能解明
- ・PAIに配慮した組換え技術の開発

育種システムの高度化

DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発

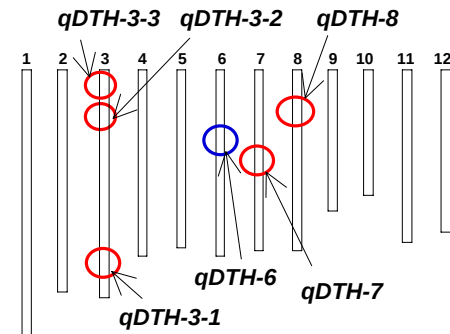
概要: イネ、麦類、大豆等の自殖性作物に加えて、果樹、野菜、牧草等の栄養繁殖性作物や他殖性作物について、DNAマーカーの開発を進める。従来の表現型による特性検定に替わるDNAマーカー選抜技術を組み込んだ省力的かつ効率的な育種事業である新品種育成システムの構築を進めることを目標とする。

これまでの成果

- ・コシヒカリ早生化水稻系統の育成(図1)
- ・いもち病抵抗性水稻系統の育成(図2)
- ・ダイズシストセンチュウ抵抗性育種方法の確立

今後の課題

- ・DNAマーカー育種によるさらなる新品種作出
- ・新規DNAマーカーの作出
- ・効率的品種育成システムの構築



- コシヒカリの対立遺伝子が晩生にする
- Kasalathの対立遺伝子が晩生にする



和系154号(NIL(qDTH-6))(左)とコシヒカリ(右)

図1: DNAマーカーを利用してコシヒカリの早生化あるいは晩生化を進め、出穂期以外はコシヒカリとほぼ同じ準同質遺伝子系統(NIL)を開発。平成15年からこれらの系統は水稻の奨励品種決定調査に供試される予定。

生物資源研究所 分子遺伝研究グループ 応用遺伝研究チーム
農業技術研究機構 作物研究所 稲研究部 稲育種研究室

イネ・ゲノムシミュレーターの開発

概要: イネゲノム研究から生み出される塩基配列データ、機能解析データ等のゲノム情報に加え、育種現場での特性データ等を再評価・数値化しデータベース化することにより相互に関連づけ統合する。これらをもとにコンピュータ上でイネ等農作物の品種改良実験を可能とするイネ・ゲノムシミュレーター(仮想実験システム)を開発し、イネの遺伝子ネットワークの理解と栽培技術・育種の高度化・迅速化を図る。

これまでの成果

- ・各種イネゲノムデータベースのプロトタイプ構築(遺伝子予測DB、プロテオームDB、トランスクリプトームDB、メチル化部位DB、品種特性DB、作物学DB、育種学DB)
- ・イネ出穂期予測の指標となる遺伝子候補の発見

今後の課題

- ・各種データベースの高度化と相互の関連づけ
- ・集団、個体、組織、細胞、オルガネラ、酵素反応、代謝など各レベルでのシミュレーションプログラム開発
- ・イネゲノムデータ作成のための技術開発(メタボロームDBなど)



図2: 「まなむすめ」の同質遺伝子系統のうちいもち病抵抗性遺伝子(Pib)を導入した系統「東北IL21号」は平成13年から、奨励品種決定調査に供試。他の系統も平成16年度には供試される予定。

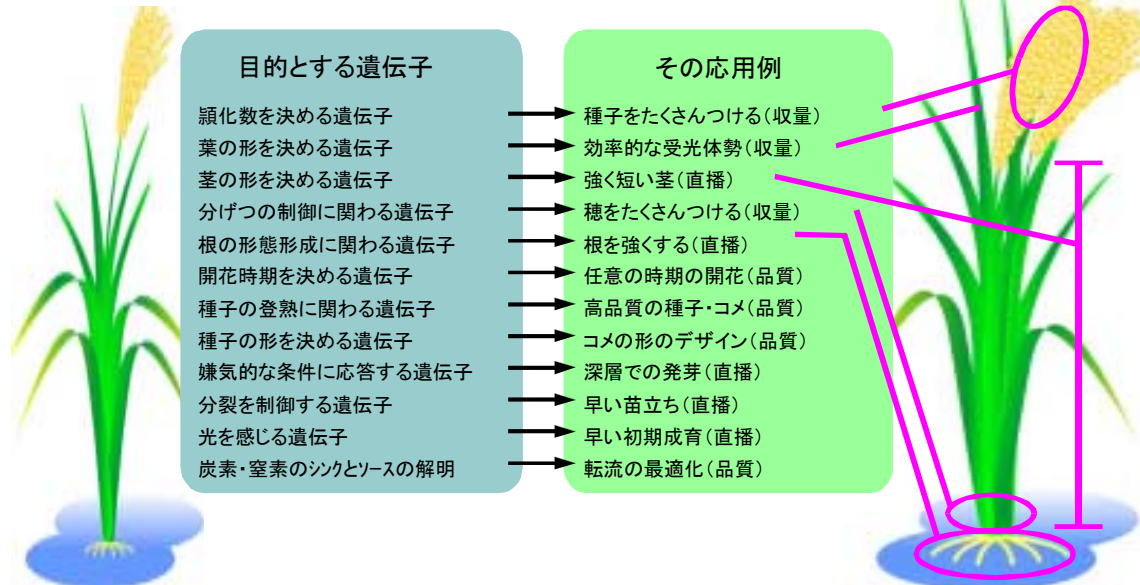
左「まなむすめ」: 葉いもちにより枯死している。
中・右「東北IL21号」: 葉いもちの発生が見られない。

宮城県古川農業試験場作物育種研究室
(農林水産省 大豆育種指定試験地)

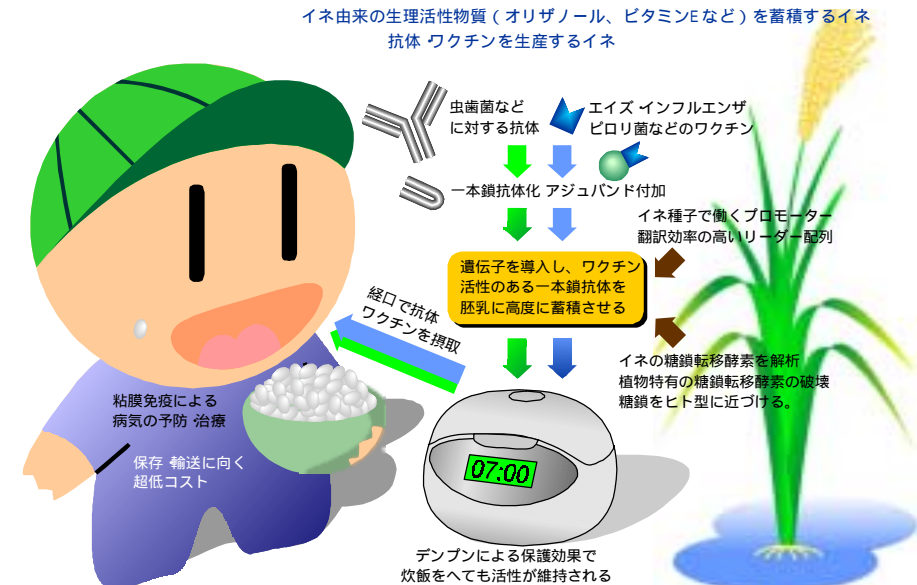
重要形質関連遺伝子の機能解明

イネ・ゲノム研究のアウトプットとして「生産性・品質の向上」「新機能付与」「環境保全」への貢献が期待されてる。そこで、あらゆるゲノム情報・手法を用いて重要形質の機能解明に取り組み、関連する遺伝子の単離のみならず、応用につなげられるだけのメカニズム全容の高度な理解やその応用をめざす。以下の様な5つの重点領域を設定し、集中化を図る。

①高品質なおコメを作る遺伝子の解明

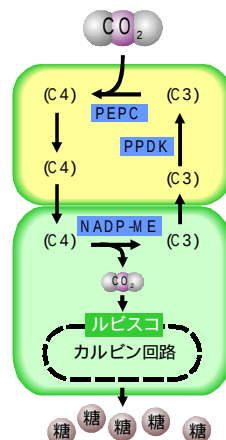


②機能性物質を作る遺伝子の解明



健康機能性物質や医療成分を種子中に集積させたイネや、有用酵素やプラスチックの原材料など工業目的に利用できるイネの開発に必要な遺伝子を単離・機能解明する。

③光合成能を高める遺伝子の解明



④不良環境に強い遺伝子の解明

乾燥、塩害、冷温など、環境ストレスによる不適作地域での栽培が可能な植物、あるいは環境浄化能を増強した植物開発を目指し、ストレス耐性に関する遺伝子を単離・機能解明する。

⑤病害虫に強い遺伝子の解明

農薬の低減による低コスト生産、環境負荷の軽減等に有効な病虫害耐性強化のために、主に病害虫に対するシグナル伝達経路に係わる遺伝子を単離・機能解明する。

種間・属間比較研究

イネ、トウモロコシ、コムギなどの穀物の中でイネは最も小さいゲノムをもつ(トウモロコシの1/6, コムギの1/40)。そのため、全世界の穀物の約3割がイネであるという重要性ばかりでなく、穀物のモデル植物としてイネへの集中的なゲノム研究が行われてきた。イネゲノム全塩基配列の重要部分が今年末に終了予定であることから、モデル植物としてのイネの研究をイネ品種間、インド稲、アフリカ稲、野性イネとの比較、さらには、イネ科植物であるコムギと比較研究へと展開する。

イネ・ゲノムの属間比較

イネとコムギの栽培特性に係わる遺伝子の単離とその相互利用

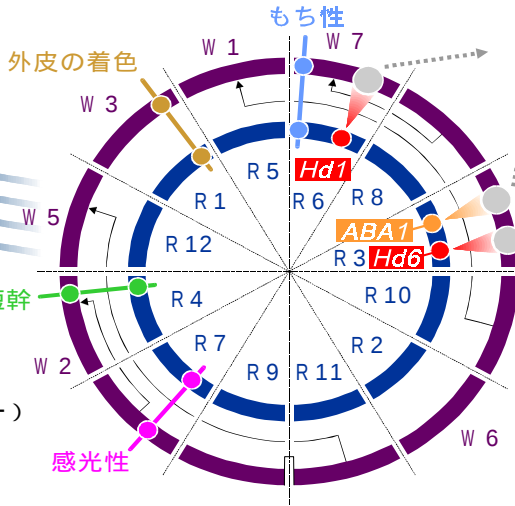
出穂期に係わる遺伝子 (Hd1, Hd6 など)
穂発芽耐性に係わる遺伝子 (ABA1 など)
イネから単離された有用遺伝子

遺伝子地図上の位置と塩基配列の類似性からコムギの遺伝子を単離する。
シンテニックローニング

イネとコムギの遺伝子を比較し、機能解明
機能の高い遺伝子を利用

冬作物の代表
長日で出穂
暑さに弱い
寒さに強い
湿気に弱い

○ イネのもつ優良な形質をコムギに
○ コムギのもつ優良な形質をイネに
品種改良に利用
穂発芽耐性 (コムギ最大の育種目標)
耐冷性 (コムギに特有)



日本晴
全塩基配列
夏作物の代表
短日で出穂
暑さに強い
寒さに弱い
湿気に強い

コムギとイネの
染色体レベルでの
類似性 (シンテニー)

感光性

短幹

イネ・ゲノムの品種間比較研究

コシヒカリのゲノム解析と品種間差を検出するマーカーの開発

「日本晴」の全塩基配列を元にした良食味品種の代表
「コシヒカリ」のゲノム塩基配列の決定

日本晴全塩基配列にBLAST検索で張りながら、
コシヒカリのホールゲノムショットガン

ゲノム構造の比較、IndelやSNPs (13万程度と予想)

200程度の品種の
(ナチュラルバリエーション)
農業形質のカタログ化

SNPマーカーの開発
Indelマーカーの開発
解析手法の確立

QTLを検出するための
コシヒカリ置換系統作出

SNPsとのアソシエーションスタディー

SNPマーカーによる遺伝子絞り込みと
SNPと形質のアソシエーションを併用
栽培・環境適応に関する遺伝子の単離

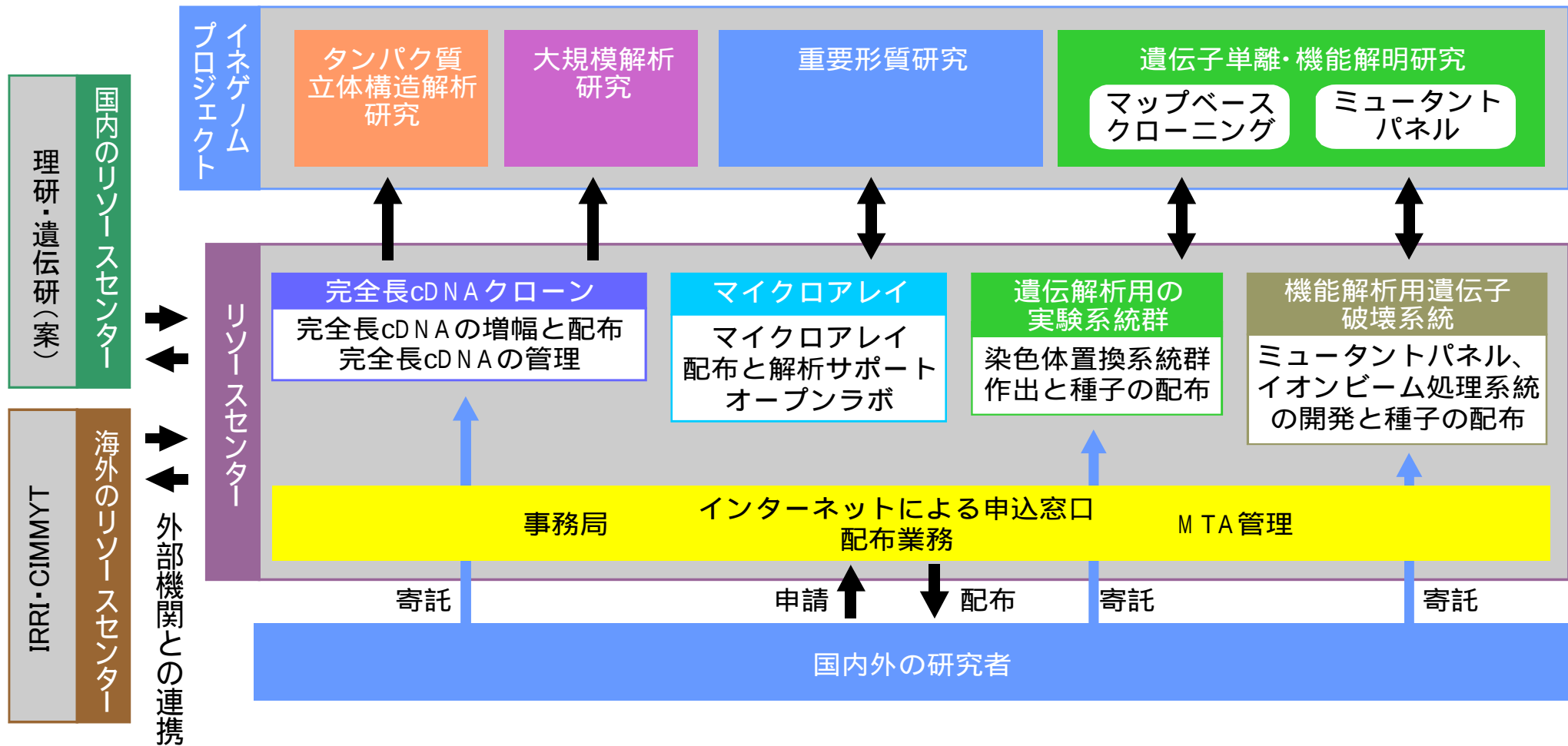
SNPマーカーによる
ポジショナルクローニング

良食味遺伝子 穂発芽耐性
耐冷性遺伝子 高温登熟性
コシヒカリの優良形質遺伝子の単離

具体的には、イネ品種間差を検出するSNPsマーカー開発と遺伝子単離、ゲノムレベルでの塩基配列の比較(右図)、品種間差の原因となっている遺伝子の単離、コムギとイネの間で見られる、染色体レベルでの遺伝子の並び方、方向性(シンテニー)を利用したコムギ有用遺伝子の単離(左図)、イネとコムギの遺伝子の比較などを行い、育種の過程で捨てられた強い耐病性遺伝子、環境ストレス耐性遺伝子の単離、コムギのもつ耐冷性、オオムギのもつ耐塩性に係わる遺伝子のシンテニーを利用した単離や日長感受性や穂発芽耐性などを比較することで、遺伝子機能解明や品種改良に利用する。

イネゲノムリソースセンターの整備（新設）

全塩基配列とともにイネゲノム研究の基盤と考えられるイネゲノムリソースを集中管理し、国内外の研究者の利用を促進し、ポストイネゲノム研究を加速する。さらに、絶えず国際的なレベルのリソースを提供するべく、新しいリソースの開発も行う。



イネゲノムリソースセンターを中核に、日本国内はもとより海外のリソースセンターと連携し、世界的なリソースネットワークの構築を目指す。さらに、企業との共同開発により完全長cDNAをベースとしたマイクロアレイの開発、事業化を目指す。

イネゲノム機能解析研究の意義(1)

サイエンスの視点

<穀物ゲノム研究基準の策定>

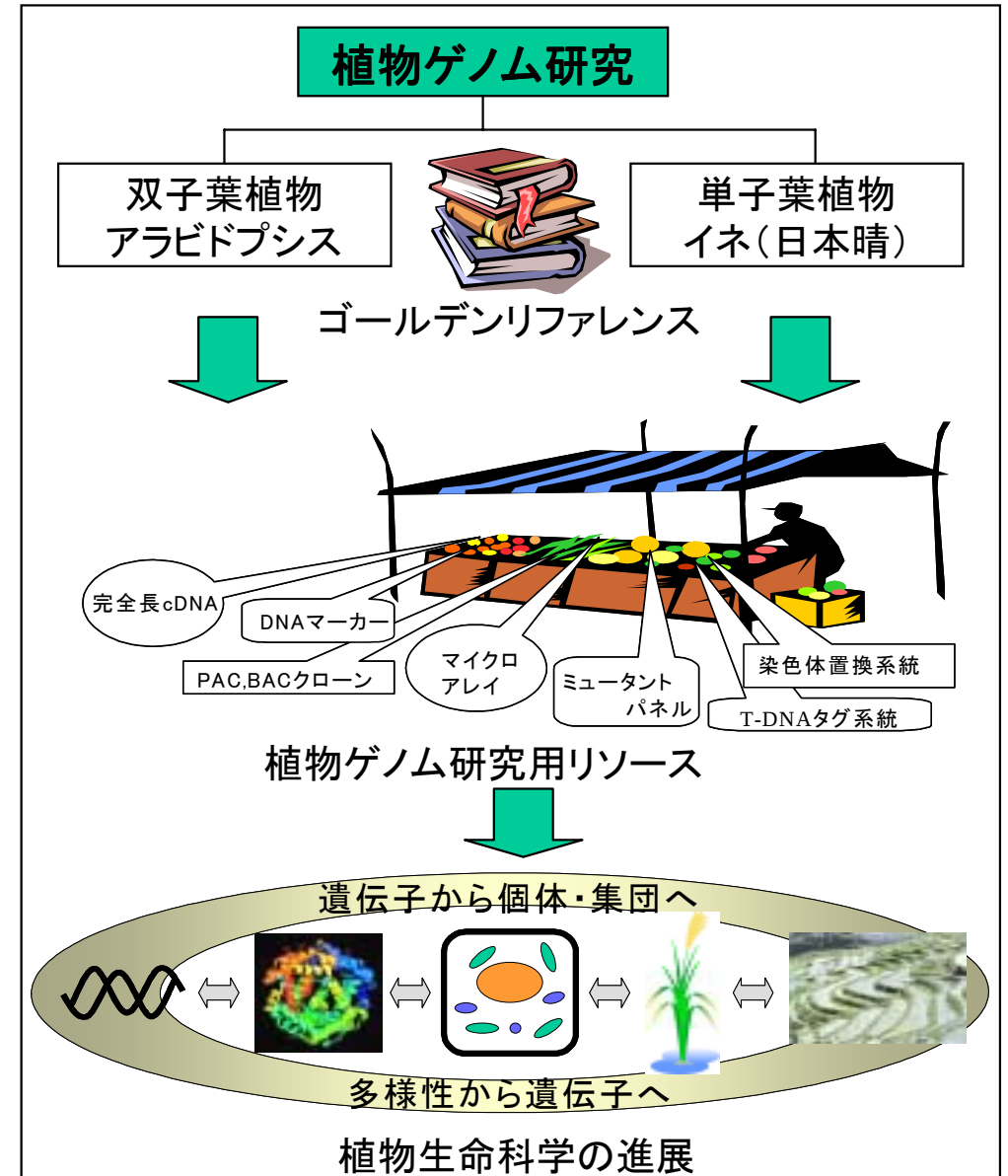
- ・イネのゲノムサイズは、穀類中最小(トウモロコシの1/6、コムギの1/40)。これら穀類では、遺伝子のみならず、染色体レベルでの遺伝子の並び方にも相同性がある。
- ・従って、イネの塩基配列を完全解読すれば、**穀物ゲノム研究の完全な辞書**となる。・また、双子葉類ゲノムの辞書であるアラビドプシスと比較することにより、**高等植物全てのゲノム研究が加速化**される。

<植物生命科学の進展>

- ・突然変異系統は、植物遺伝学・生理学上重要な実験素材。
- ・イネゲノム研究により続々得られるミュータントパネル、アクチベーションタグ系統は、変異を起こした遺伝子部分にマーカーがついた突然変異系統。また、BAC/PACクローン、完全長cDNA及びそのマイクロアレイなどは、穀物全般のゲノム研究に必須な素材。
- ・このほか、我が国の成果である遺伝地図やミュータントパネルを用いた遺伝子の単離・機能解明手法は、世界的に絶賛されており、これら手法の高度化・研究リソースの充実により、**植物生命科学の急速な進展が期待**できる。

<異分野融合の促進>

- ・イネゲノムシミュレーターの開発は、ゲノム研究、栽培・生理研究と情報科学を融合するものであり、農水省における唯一のバイオインフォマティクス研究として、**農学・情報科学の融合を促進**。



イネゲノム機能解析研究の意義(2)

社会的・経済的視点

<知的財産権の強化>

・世界的な遺伝子特許獲得競争が激化する中、イネのみならずコムギ等でも活用できる有用遺伝子の単離・機能解明を進め、平成16年度末までに100個を特許化することにより、我が国の**知的財産権が強化**。

<農業への貢献>

- ・新品種育成には多大な時間と資源の投入を要するが、DNAマーカー育種システム、イネ・ゲノムシミュレーターの開発により、**育種期間と労力の大幅短縮を実現**。
- ・ゲノム情報に基づく新しい栽培技術の確立により、**農業生産の低コスト化、環境負荷の低減を実現**。
- ・さらに、獲得した有用遺伝子を用い、機能性を高めた品種や世界の食料問題に対応したストレス耐性・高生産性品種など、**画期的新品種を作出**。

<産業への貢献>

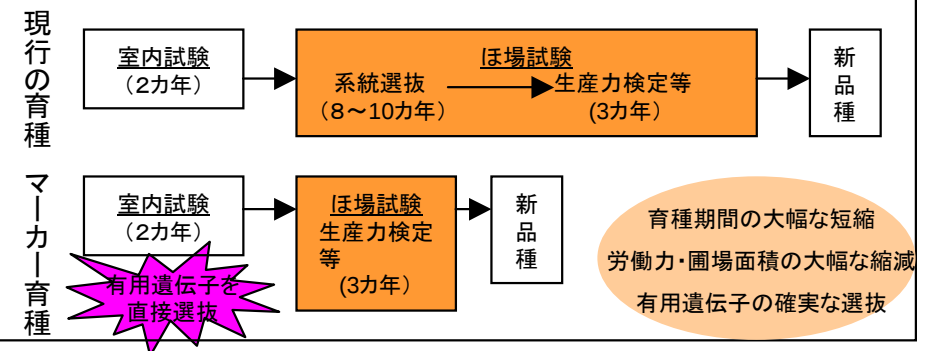
- ・イネゲノム情報をコンテンツとしたマイクロアレイによる研究支援業務の創出等による**バイオベンチャーの育成**。
- ・機能性を高めた品種を原料とする**医薬品、健康維持食品の開発**により、医薬品・食品産業に貢献。
- ・ゲノム情報に基づく品種識別が可能となり、**食の安全性が確保**されるほか、検査分析産業を創出。
- ・獲得した遺伝子を用い、画期的な環境修復植物・バイオマス原料作物を開発し、**環境ビジネスを活性化**。
- ・さらに、光合成などの植物生体反応系を模倣した**新工業生産システムの開発**が可能となり、循環型社会を実現。

イネゲノム研究による知的財産の獲得状況

・特許出願: **50件**(うち遺伝子機能特許: 36件)

16年度末までに100件、20年度末までに200件以上の遺伝子機能特許獲得が目標

DNAマーカー育種の効果



イネゲノム機能解析研究成果が生み出す市場(試算)

高機能性品種 : 4千億円/年

特定疾患対応品種: 2千億円/年

健康食品素材 : 1千億円/年

環境産業の市場・雇用の現状と展望(三菱総研)

	市場規模【億円】		雇用規模【人】	
	現 状 (概ね 1998年)	2010年	現 状	2010年
環境修復・環境創造	17,940	52,230	66,530	192,940
うち土壌浄化	30	240	30	220

世界におけるイネゲノム機能解析研究の位置づけ

世界への貢献

- ・ イネゲノム塩基配列解読に関しては、世界11カ国・地域から構成される国際コンソーシアムの中心として、約6割を解読(ヒトゲノム計画における日本の貢献は7%)をするなど、世界をリード(独自解読を発表した民間企業もデータを無償提供)。
- ・ シーケンス情報のみならず、遺伝地図情報を公開するなど、世界の植物ゲノム科学の発展に大きく貢献。
- ・ 今後の遺伝子機能解明研究においても、これまで蓄積してきた研究リソースを基に、CGIAR傘下のCIMMYTやIRRIとともにチャレンジプログラムを提唱するなど、国際的に研究を推進
- ・ イネゲノム研究の成果は、穀類の高収量化、安定栽培に活用され、世界(特にアジア諸国)の食料問題の解決に大きく寄与。

☆ロックフェラー財団声明(2002. 5. 7)

ー「イネゲノムの正確な配列解析における日本のリーダーシップと努力により、発展途上の国々の全域の食料安定供給性を高めることができるだろう」

我が国の戦略

- ・ 地球的規模での環境問題、食糧問題の解決は、人類が直面する喫緊の課題。
- ・ これまでのイネゲノム研究における世界の中心的役割及びイネ関連研究が総合的に世界のトップであるアドバンテージを活かし、「問題解決の鍵」を握ることにより、アジア諸国をはじめとし、世界における日本の求心力を向上。
- ・ また、世界の食料供給の安定を通じ、我が国の食料安全保障も確保することが可能。
- ・ さらに、イネのみならず、コムギ・トウモロコシの品種開発等にも利用可能な有用遺伝子の特許化し、その許諾権を握ることにより、生産力ではなく、技術力と知的財産により、世界をリード。

国際イネゲノムコンソーシアム

- ・ 1998年2月、塩基配列解読の基礎となる遺伝地図を作製した日本を中心に、米国、英国、フランス、中国、台湾、韓国、インド、カナダ、ブラジル、タイの11カ国・地域が参加し結成
- ・ 共通の品種日本晴を用い、12本の染色体を各国で分担し、99.99%の高精度で解読、順次公開することで合意
- ・ 毎年2回(うち1回は日本で)会合を開き、解読状況を把握、調整。日本開催時に合わせてシンポジウム開催
- ・ 2001年2月、解読の加速化を宣言。
- ・ 2001年6月、フェーズ2解読終了目標を2002年末に設定

プロジェクトの検討状況

イネゲノム研究有識者懇談会

外国企業のイネゲノム解読発表等を受け、平成13年5月～8月の間、イネゲノム研究の推進方向と方策を5回にわたり議論。

- ・塩基配列解読と完全長cDNAライブラリー整備の早期終了
- ・遺伝子機能解明等のポストゲノムシーケンス研究の加速化
- ・産学官の研究勢力の結集、研究成果の利活用の促進

等を内容とする提言（「イネゲノム研究加速化の方向と方策」）を取りまとめ、14年度以降のイネゲノム研究の道筋を示した。

イネゲノム研究有識者懇談会委員

岩柳 隆夫（日立製作所ライフサイエンス事業部CTO）
大塩 裕陸（㈱アグロス取締役営業部長）
貝沼 圭二（生物系特定産業技術研究機構理事）
◎榊 佳之（東京大学医科学研究所教授）
杉山 達夫（理化学研究所植物科学研究センター長）
中川原捷洋（農林水産先端技術研究所長）
中島 卓介（農業生物資源研究所理事）
平井 篤志（東京大学農学生命研究科教授）
丸山 清明（農業技術研究機構作物研究所所長）

植物ポストゲノムシーケンス研究のあり方検討会

イネゲノム研究有識者懇談会の提言を踏まえ、農水省所管独法の内部専門家、大学等の外部専門家等が参集し、産学官が結集したポストゲノムシーケンス研究の具体的方策と研究成果の利活用促進策等について検討を行った。

検討会では、これまで、手法別に網羅的に行ってきた遺伝子の単離・機能解明研究について、

- ・ **重要な形質に関連する遺伝子等、ターゲットを絞り込むこと**
- ・ **4つの手法別研究を重点化し、その高度化を図ること**

の必要性が確認された。また、完全長cDNAやミュータントパネル等、これまでの研究により蓄積された研究リソースについては、**一元的な管理の下、大学・民間等の研究者に幅広く提供することが必要であるとされた。**

これらの議論は、平成15年度予算要求に反映させた。

外部専門家

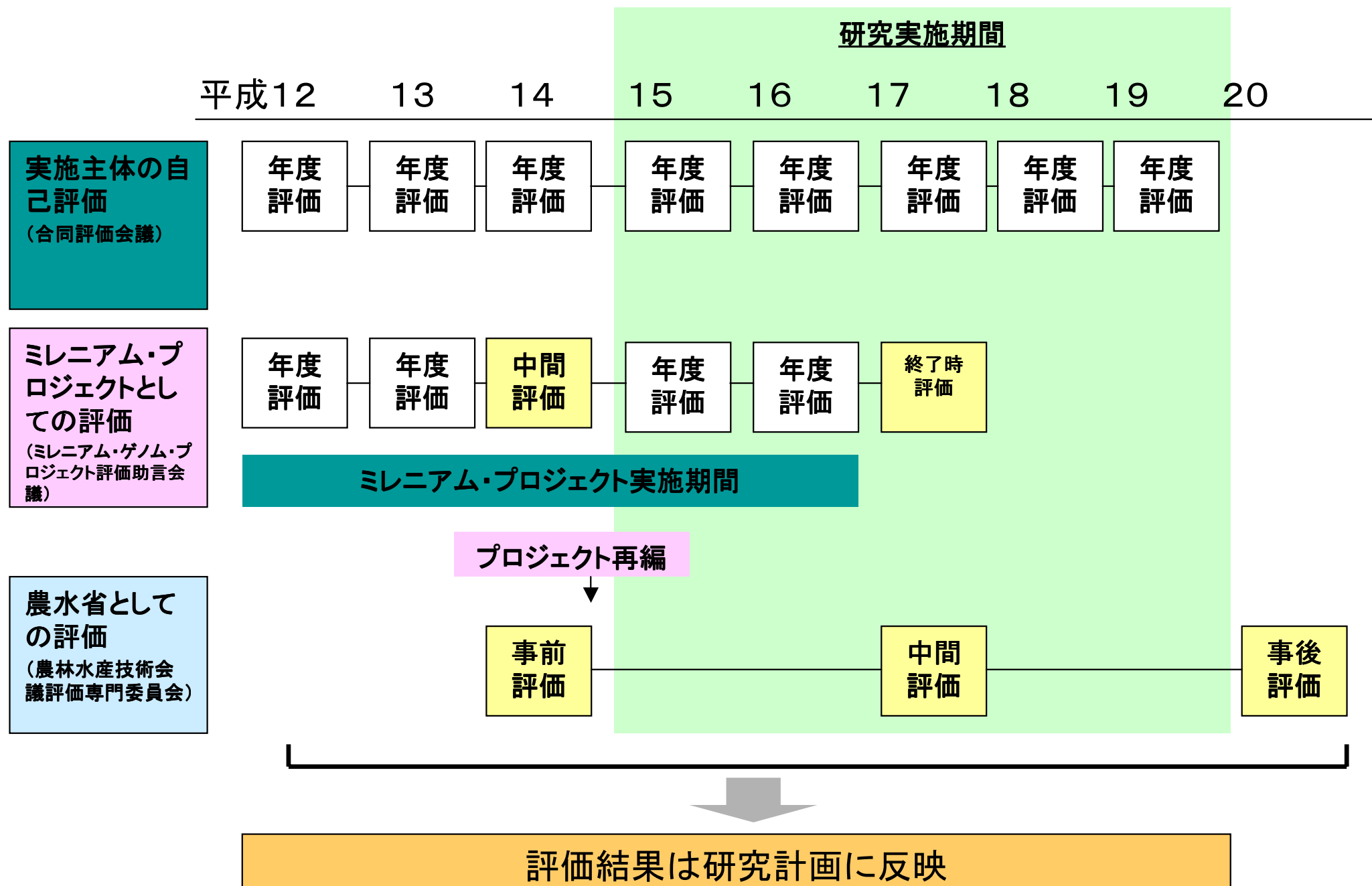
倉田 のり（国立遺伝学研究所系統生物研究センター 助教授）
島本 功（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授）
平野 博之（東京大学大学院農学生命科学研究科助教授）
松岡 信（名古屋大学生物分子応答センター教授）
吉村 淳（九州大学大学院農学研究科教授）

検討実績（開催日時）

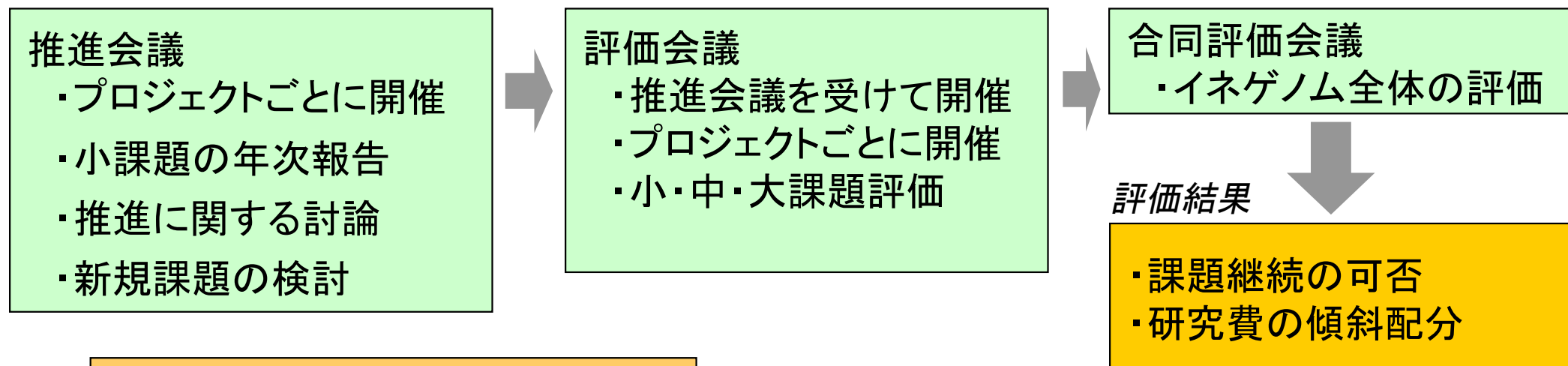
第1回 平成14年3月6日（水）
第2回 6月7日（金）
第3回 7月5日（金）

（年内に報告書を取りまとめ予定）

イネゲノム機能解析研究の評価



研究実施主体の自己評価



評価委員 (◎は評価委員長)

全塩基配列: ◎高浪 満(京大)、榊 佳之(東大)、田仲可昌(筑波大)、森 浩禎(奈良先端大)

ミュータントパネル: ◎内宮博文(東大)、岡田清孝(京大)、篠崎一雄(理研)

マイクロアレイ: ◎西村 暹(萬有製薬)、岩渕雅樹(岡山県生物科学研)、久原 哲(九大)、
米田好文(北大)

プロテオーム: ◎荒田洋治(理研)、下西康嗣(関西文理学園)、西川 建(遺伝研)、松澤 洋(青森大)

大規模解析: ◎日向康吉(東北大)、宇垣正志(東大)、鎌田 博(筑波大)、平井篤志(東大)

DNAマーカー: ◎武田元吉(玉川大)、金田忠吉(国際農林業協力協会)、渡辺和男(筑波大)

シミュレーター: ◎八尾 徹(理研)、田畑哲之(かずさDNA研)、西尾 剛(東北大)

全分野: 大石道夫(かずさDNA研)、大塩裕陸(日本グリーンアンドガーデン)、
杉山達夫(理研)、中村靖彦(明治大)、山田康之(奈良先端大)

13年度イネゲノム推進・評価会議の実績

推進・評価会議: 2月14日～25日(10日間)、合同評価会議: 2月26日

ミレニアム・ゲノム・プロジェクトとしての評価

ミレニアム・ゲノムプロジェクト評価助言会議

議長	井村 裕夫	総合科学技術会議議員
副議長	豊島 久真男	(財)住友病院 院長
	大石 道夫	(財)かずさDNA研究所 所長
	竹市 雅俊	理化学研究所発生・再生科学総合研究センター長
	寺田 雅昭	国立がんセンター名誉総長
	利根川 進	マサチューセッツ工科大学教授
	中西 重忠	京都大学大学院生命科学研究所教授
	中村 桂子	JT生命誌研究館 副館長
	西塚 泰美	神戸大学名誉教授(前学長)
	原田 宏	山形県農業研究研修センター総長
	藤野 政彦	武田薬品工業(株)代表取締役会長
	山野井 昭雄	味の素(株)技術特別顧問
オブザーバー	高久 史麿	自治医科大学長

◎ 内閣官房に設置され、「イネ・ゲノム」のほか、「ヒトゲノム多様性解析」、「疾患遺伝子」、「バイオ・インフォマティクス」、「発生・分化・再生」の5つのプロジェクトについての評価を行う。

◎ 会議は毎年度開催され、中間・終了時のみならず、各年度毎の研究進捗状況等についても評価を行う。

13年度に実施した評価結果の概要

イネゲノムの有用遺伝子解明に必要な塩基配列の解析、完全長cDNAライブラリーの整備を行い、これらの成果をもとに機能性物質生成関連遺伝子や病虫害抵抗性遺伝子などの有用遺伝子の単離・機能解明、育種の効率化・高度化を図っている。また、イネゲノム研究の成果等の最新の知見をもとに実現目標の達成に向けた実用化技術の開発を実施している。

社会的に非常に重要なプロジェクトであり、イネゲノム解読、cDNAライブラリー、機能解析は着々と進んでおり、一定の成果を上げているものと評価できる。しかしながら、外国企業が同一種イネゲノムのドラフトシーケンスが完成したとの報道もあり、もし、このデータが公表された場合には、その評価を行った上で、今後の本プロジェクトの方向性を検討していく際に考慮すべきである。

評価結果を踏まえた対処方針

- ・ 国際コンソーシアムにおいて、塩基配列の重要部分の解読時期を2年前倒しし、平成14年中に終了することを確認。
- ・ 今後は、イネゲノム研究有識者懇談会(座長:榎 佳之東大教授)が取りまとめた「イネゲノム研究加速化の方向と方策」を指針として研究を推進。

農林水産省が行う評価

農林水産技術会議

- ・評価結果の決定、公表

会長 甕 滋(地方競馬全国協会会長)

鈴木昭憲(秋田県立大学学長)、原田 宏(山形県農業研究研修センター総長)、佐々木恵彦(日本大学生物資源科学部教授)、北里 一郎(明治製菓株式会社 代表取締役社長)、佐藤栄佐久(福島県知事)、植田 和弘(京都大学教授)

評価専門委員会

- ・評価結果の取りまとめ
- ・報告書の作成

座長 鈴木昭憲(農林水産技術会議委員)

池上徹彦(会津大学長)、石黒幸雄(カゴメ㈱常務取締役)、岩間和人(北大農学研究科教授)、金濱耕基(東北大農学研究科教授)、木立真直(中央大商学部教授)、木村真人(名大生命農学研究科教授)、倉田のり(遺伝研助教授)、鈴木鐵也(北大水産科学研究科教授)、太刀川洋一(前群馬県農試場長)、林良博(東大農学生命研究科長)、三野徹(京大農学研究科教授)、吉田小夜子(農業者)

研究課題評価分科会

- ・外部専門家による研究項目毎の評価

◎外部専門家

内宮博文(東大)、平井篤志(名城大)、日向康吉(東北大)、榊佳之(東大)、大杉立(東大)、田仲可昌(筑波大)、八尾徹(理研)、田畑哲之(かずさDNA研)、西尾剛(東北大)、雑賀優(岩手大)、渡邊和男(筑波大)、田尾隆太郎(京大)、岡田清孝(京大)、篠崎一雄(理研)、島本功(奈良先端大)、荒田洋治(理研)、下西泰嗣(関西文理学院)、西川健(遺伝研)、松澤洋(青森大)、宇垣正志(東大)、鎌田博(筑波大)、武田和義(岡山大)、高浪満(かずさDNA研)、森浩禎(奈良先端大)

評価の流れ

事前評価

新規性・妥当性等の
検証

予算要求

事前評価結果を踏
まえて実施

中間評価

研究の進捗状況等
の評価

事後評価

研究終了時における
総括評価

プロジェクトの事前評価

評価の方法

「植物ポストゲノムシーケンス研究のあり方検討会」における議論等を踏まえ、14年度までのイネ・ゲノムプロジェクトの全体構成を見直すこととし、新規項目のみならず全ての研究項目について、政策効果を把握しつつ、以下の観点から事前評価を行った。

評価は、各研究項目毎に外部専門家(3~4名)の意見を聴取しつつ、農林水産技術会議(評価専門委員会)が行った。その結果、全ての研究項目において、研究計画を策定する段階で検討すべき個別の指摘事項はあったものの、「本研究に取り組むことは妥当」との評価結果が得られた(評価結果は農水省HPで公開中)。

評価の観点

必要性: 課題の新規性・創造性、産業研究としての重要性、社会的ニーズの有無
有効性: 目標の明確性・達成可能性(政策効果が得られるか)
効率性: 投入される研究資源の妥当性
優先性: 次年度に着手すべき緊急性(他の施策より優先すべきか)

政策効果の把握の手法

◎研究の科学的・社会的意義
◎目標設定、研究計画、実施体制の妥当性を把握するとともに、達成目標を設定することにより具体化

◎評価専門委員会委員

鈴木昭憲(秋田県立大学長)、池上徹彦(会津大学長)、石黒幸雄(カゴメ㈱常務取締役)、岩間和人(北大農学研究科教授)、金濱耕基(東北大農学研究科教授)、木立真直(中央大商学部教授)、木村真人(名大生命農学研究科教授)、倉田のり(遺伝研助教授)、鈴木鐵也(北大水産科学研究科教授)、太刀川洋一(前群馬県農試場長)、林良博(東大農学生命研究科長)、三野徹(京大農学研究科教授)、吉田小夜子(農業者)

◎外部専門家

内宮博文(東大)、平井篤志(名城大)、日向康吉(東北大)、榊佳之(東大)、大杉立(東大)、田仲可昌(筑波大)、八尾徹(理研)、田畑哲之(かずさDNA研)、西尾剛(東北大)、雑賀優(岩手大)、渡邊和男(筑波大)、田尾隆太郎(京大)、岡田清孝(京大)、篠崎一雄(理研)、島本功(奈良先端大)、荒田洋治(理研)、下西泰嗣(関西文理学園)、西川健(遺伝研)、松澤洋(青森大)、宇垣正志(東大)、鎌田博(筑波大)、武田和義(岡山大)、高浪満(かずさDNA研)、森浩禎(奈良先端大)

各研究項目の事前評価結果とその反映状況

- 全塩基配列の解明 - - - - - 7
- 遺伝子の単離及び機能解明研究
 - ・ 遺伝地図とミュータントパネル利用型 - - - - - 8
 - ・ タンパク質の構造解析利用型 - - - - - 9
 - ・ 組換え体利用型 - - - - - 10
- DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発 - 11
- イネ・ゲノムシミュレーターの開発 - - - - - 12
- 重要形質関連遺伝子の機能解明 - - - - - 13
- 種間・属間比較研究 - - - - - 14
- イネ・ゲノムリソースセンターの整備 - - - - - 15

－全塩基配列の解明(H12～19)－

達成目標

国際コンソーシアムの中心として、繰り返し配列等の難解読部分の効率的な解読手法を開発するとともに、我が国担当部分の塩基配列を完全解読する。

H15要求額: 1, 819(2, 014)百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3	委員4
新規性・創造性	A	A	A	D
産業研究としての重要性	A	A	A	A
社会的必要性	A	A	A	B
目標の明確性	A	A	A	C
達成可能性	A	A	A	B
緊急性	A	A	A	A
総括評価	1	1	1	2

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

- ・日本が世界にプレゼンスを示し、リーダーシップを発揮するため、本研究の成功を強く願う
- ・日本(国際コンソーシアム)の強みを明確にし、民間企業及び中国の取り組みとの差別化を図ることが必要

→ 民間企業及び中国の解読データは精度が低く、穀物ゲノム研究の基準とは成り得ない。世界の基準となり得る精度(99.99%)でのデータ公開を図るべく、国際コンソーシアムに無償提供された民間企業データを解析中。なお、中国(北京グループ)のインディカ米解読データについては、比較ゲノム研究において役立てることとする。

－ 遺伝地図とミュータントパネル利用型（H12～H19）－

達成目標

これまでの研究の進捗を踏まえ、ミュータントパネル作成に当たり、従来の手法では破壊できない遺伝子を破壊する新手法を開発し、有用遺伝子の機能解明・特許取得を加速化する

H15要求額: 731(470)百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3	委員4
新規性・創造性	A	B	A	B
産業研究としての重要性	B	A	A	A
社会的必要性	B	A	A	A
目標の明確性	B	B	A	B
達成可能性	A	B	A	B
緊急性	B	A	A	A
総括評価	2	1	1	－

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

- ・チームリーダーの主導権が確保できる体制で研究を進めるべき
- ・研究規模と目的に応じ、研究資金は弾力的に配分すべき

→ 平成13年度イネゲノムプロジェクト評価会議における評価に基づき、平成14年度は研究費の傾斜配分を実施した。今後はさらに、総括リーダー（農業生物資源研究所 廣近 洋彦遺伝子機能研究チーム長）の責任と権限のもと、具体的な研究課題・参画メンバー、資金配分計画等を決定する。

ータンパク質の構造解析利用型(H12～H16)ー

達成目標

- ①相同性のある立体構造を持つタンパク質等を検索することにより、その機能を特定する手法
 - ②既知のタンパク質と相互作用を示すタンパク質及びその関連遺伝子を特定する手法
- を確立し、有用遺伝子の機能解明・特許取得を加速化する

H15要求額: 700(678)百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3	委員4
新規性・創造性	B	A	C	A
産業研究としての重要性	A	B	B	B
社会的必要性	A	B	B	A
目標の明確性	B	A	B	A
達成可能性	B	B	C	B
緊急性	A	A	A	A
総括評価	1	1	2	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

・大学等との連携を図り、国内研究者を結集することが必要

→ 東北大、筑波大、東大等多数の大学研究者が参画する予定である他、アラビドプシス研究グループのタンパク質研究グループリーダー(理研: 横山茂之プロジェクトマネージャー)と本研究の総括リーダー(明治大学: 渋谷直人教授)との間で、情報及び意見の交換体制を構築。

・研究の効率化を図るため、研究成果をフィードバックさせることによりデータベースを充実すべき

→ 解析データは速やかにデータベースへフィードバックさせ、その後の解析に用いることとしている。

－組換え体利用型(H14～H18)－

達成目標

効率的な遺伝子組換え手法を確立するとともに、将来の実用化を想定し、これまでの研究により単離・機能解明された遺伝子を用い、組換え体を試験的に作出する

H15要求額: 359(200)百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3	委員4
新規性・創造性	B	A	B	C
産業研究としての重要性	A	A	A	A
社会的必要性	A	A	A	A
目標の明確性	B	B	A	B
達成可能性	A	B	B	B
緊急性	A	A	A	B
総括評価	1	1	1	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

・取り扱う遺伝子数及び各遺伝子毎に作出する組換え体数を示して欲しい

→ 今年度は、50個の遺伝子のプロモーターを解析中であり、各遺伝子について約10～20の組換え体を作出している。次年度は100遺伝子のプロモーター解析を予定しているが、本課題の遂行にあたっては、より多くの閉鎖系温室等の栽培施設が必要であるため、他機関との連携を検討中。

・研究遂行には、新たな人的資源の確保が必要である

→ 今年度の進捗状況に応じて、予算配分の重点化、人的資源の確保を進めることとする。

－DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発(H14～H19)－

達成目標

- ①イネ、ダイズ等の自殖性作物、牧草等の他殖性作物、栄養繁殖性作物についての有用形質選抜マーカーの開発
- ②選抜マーカー利用による計画的な交配、世代促進、検定、選抜方法等を総合的に体系化した新品種育成システムの開発
- ③少量サンプルで短時間に有用遺伝子の有無が判別できるSSRマーカーや近縁度の高い個体間でも利用可能なSNPsマーカーの作出

H15要求額: 1, 085(600)百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3
新規性・創造性	B	A	A
産業研究としての重要性	A	A	A
社会的必要性	B	B	A
目標の明確性	A	B	A
達成可能性	B	B	A
緊急性	A	A	A
総括評価	1	2	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

- ・本研究は我が国の農業発展に寄与するばかりでなく、基礎科学の分野でも利用価値が高い
- ・選抜マーカーは、優良形質だけでなく、劣悪形質を除くことにも用いるべき
 - 選抜マーカーの充実により優良形質の染色体領域を可能なかぎり狭く導入し、戻し交雑とマーカー選抜により劣悪形質を除去できる新品種育成システムを確立する。
- ・遺伝資源の評価とマーカー群の基盤整備が必要である
 - 遺伝資源として重要な野生種等の染色体断片置換系統の選抜により有用形質の評価を行う。また、SSRマーカー等の高精度DNAマーカーの充実を図り、遺伝地図の整備に努める。

ーイネ・ゲノムシミュレーターの開発(H13～H19)ー

達成目標

イネのゲノム研究、栽培・生理研究成果と情報科学手法の融合により、戦略的・効率的な品種改良に利用可能なイネ育種シミュレーターを開発し、育種にかかる年限の短縮、コスト削減を目指す。

H15要求額: 1, 759(1, 100)百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3
新規性・創造性	A	A	A
産業研究としての重要性	A	C	B
社会的必要性	A	C	B
目標の明確性	B	C	A
達成可能性	B	C	B
緊急性	A	B	A
総括評価	1	2	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

- ・医療分野等において急速に進んでいるシミュレータ開発の知見・技術を取り入れれば、期待以上の成果が得られるであろう
 - 課題担当の中には、この分野では世界のトップを走っている研究者もあり、医学分野等における知見技術も積極的に取り入れるようプロジェクトを推進していく。
- ・シミュレータ開発に要する基礎データの蓄積が不十分
 - 遺伝子発現解析に関してはSAGE法による解析を、代謝中間体の解析については計測技術の開発を、平成13年度から開始し、また、転写調節レベルの解析についてはin vitro virus法による解析を14年度から開始するなど、基礎データの蓄積に努めている。
- ・プロジェクト後半では、遺伝子変異の解析に力を入れること
 - プロジェクト後期には、いわゆるシステム生物学的解析が本格的に始まると予想している。たとえば、農業生物資源研究所が作成した約5万の遺伝子破壊イネ系統における遺伝子発現を、イネマイクロアレイ等を用いて系統的に解析する研究をプロジェクト後半に計画している。この解析から得られた膨大なデータから情報を抽出する技術の開発も重要である。

－重要形質関連遺伝子の機能解明(H15～19)－

達成目標

- ①品質関連遺伝子群
- ②機能性物質産生関連遺伝子群
- ③光合成関連遺伝子群
- ④病虫害耐性関連遺伝子群
- ⑤不良環境耐性遺伝子群

の機能及び相互作用を解明し、特許化を図る。

H15要求額: 1, 728百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3
新規性・創造性	B	B	B
産業研究としての重要性	B	A	A
社会的必要性	B	A	A
目標の明確性	—	A	A
達成可能性	B	B	B
緊急性	B	A	A
総括評価	2	1	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

・リーダーに大きな権限を与えること

→ 名古屋大学分子応答研究センター: 松岡 信教授を総括リーダーとし、その責任と権限のもと、具体的な研究課題・参画メンバー、資金配分計画等を決定。

・有名研究者への研究費の過度の集中を避けるべき

→ 松岡教授の意を踏まえ、研究参画メンバーは公募により求めることとし、提案書類にはエフォートを明記。また、若手研究者にも配慮した募集形式を採用。

ーイネ・ゲノムの種間・属間比較研究(H15～H19)ー

達成目標

「日本晴」の重要部分の塩基配列データを活用し、「日本晴」の塩基配列のみではわからない品種間、属間の特徴の差異が、塩基配列のうちの部分によるものであるかを明らかにすることにより、イネ・コムギ等の画期的な新品種開発、ストレス耐性の高い環境修復植物創出に必要な有用遺伝子を発掘する。

H15要求額: 1, 728百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3
新規性・創造性	B	B	A
産業研究としての重要性	A	B	A
社会的必要性	A	B	A
目標の明確性	B	B	A
達成可能性	A	B	A
緊急性	B	A	A
総括評価	1	1	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

外部専門家の主なコメントと対処方針

- ・イネゲノム研究におけるポストゲノムシーケンス時代のテーマとしてふさわしく、本研究が新分野を開拓するものと期待
- ・世界的な穀物の生産性向上の必要性に鑑みれば、ストレス耐性をターゲットに採り上げるべき
→ 農業生物資源研究所: 佐々木卓治ゲノム研究グループ長を総括リーダーとして、具体的なターゲットを設定。ストレス耐性については、ルフィポゴン種の耐暑性等を採り上げる予定。

ーイネ・ゲノムリソースセンターの整備（H15～H19）ー

達成目標

イネゲノム研究データと研究試料の一括管理による利便性の向上と大学・民間等への円滑な供給体制を確立する。

H15要求額:359百万円

評価項目	委員1	委員2	委員3
新規性・創造性	A	A	B
産業研究としての重要性	A	B	A
社会的必要性	B	C	A
目標の明確性	A	C	A
達成可能性	B	B	B
緊急性	A	A	A
総括評価	1	1	1

評価項目 A: 高い、B: やや高い、C: やや低い、D: 低い

総括評価 1: 課題は重要であり内容は適切、2: 重要であるが内容の見直しが必要、3: 課題は不適切

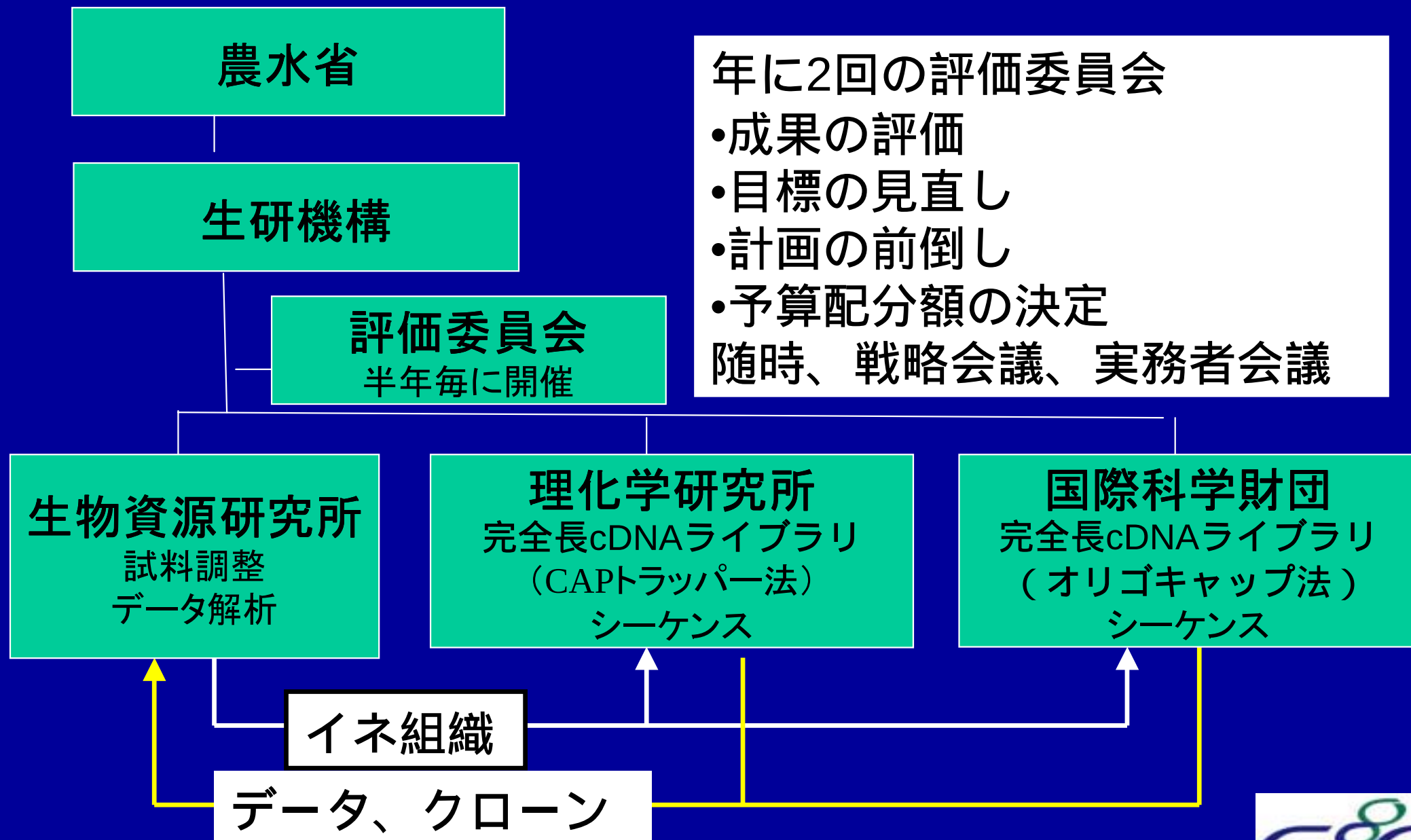
評価専門家の主なコメントと対処方針

- ・これまでのイネゲノム研究の進捗状況から見て、早期のリソースセンター設立が必要
→ 完全長cDNAを始め、これまでに蓄積されたリソースを15年度当初より配布する予定。
- ・多くの研究者に広く配布する体制を構築し、民間・大学を含めたオールジャパン体制を確立すべき
→ 民間・大学等の研究者に幅広く配付することとし、国内の植物ゲノム研究者を強力に支援。

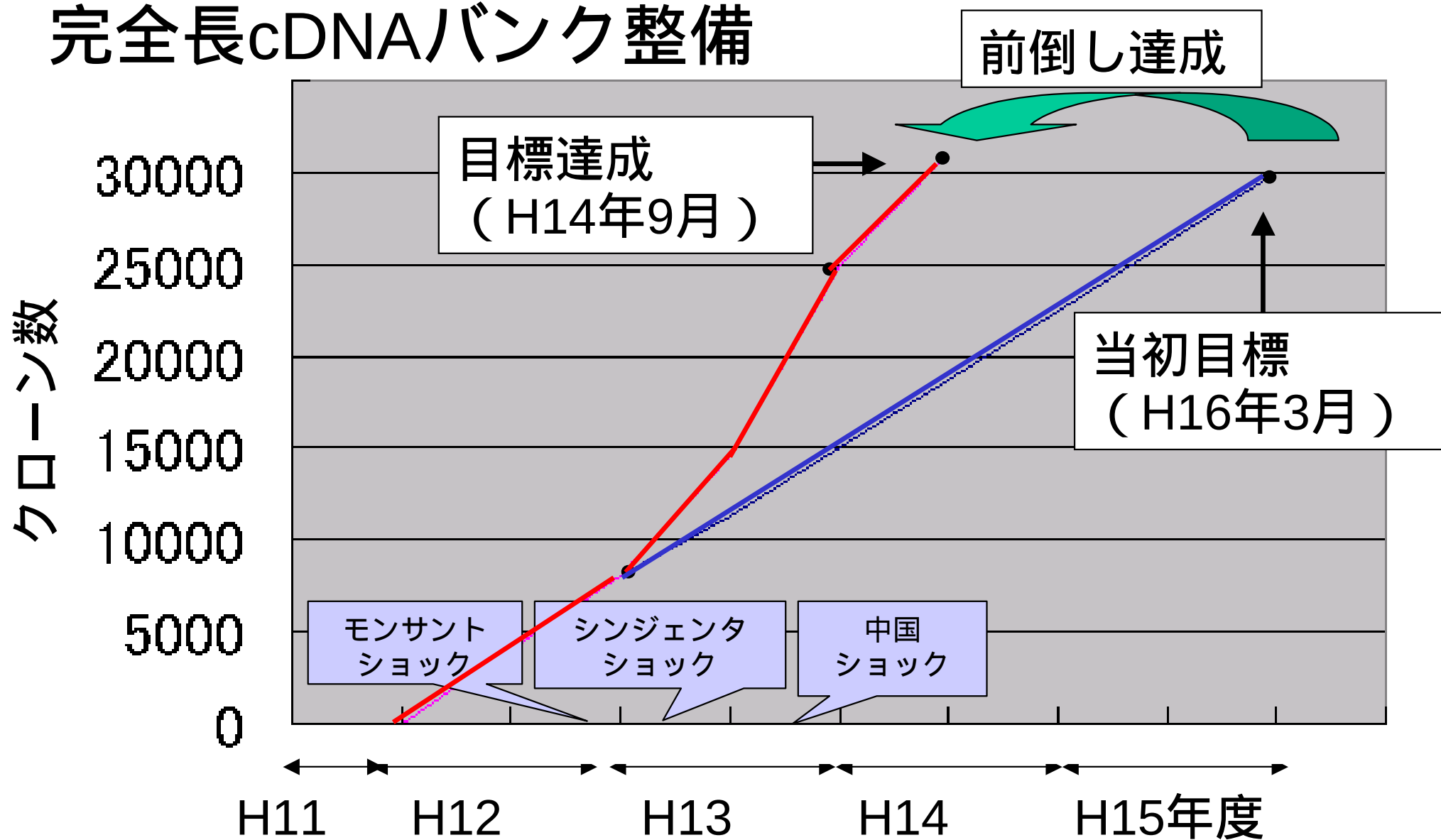
完全長cDNAバンク整備事業

- 3万種の完全長cDNAの収集
- 3万種の完全長cDNAの精密シーケンス
- リソースバンク(クローン、シーケンス)の作製

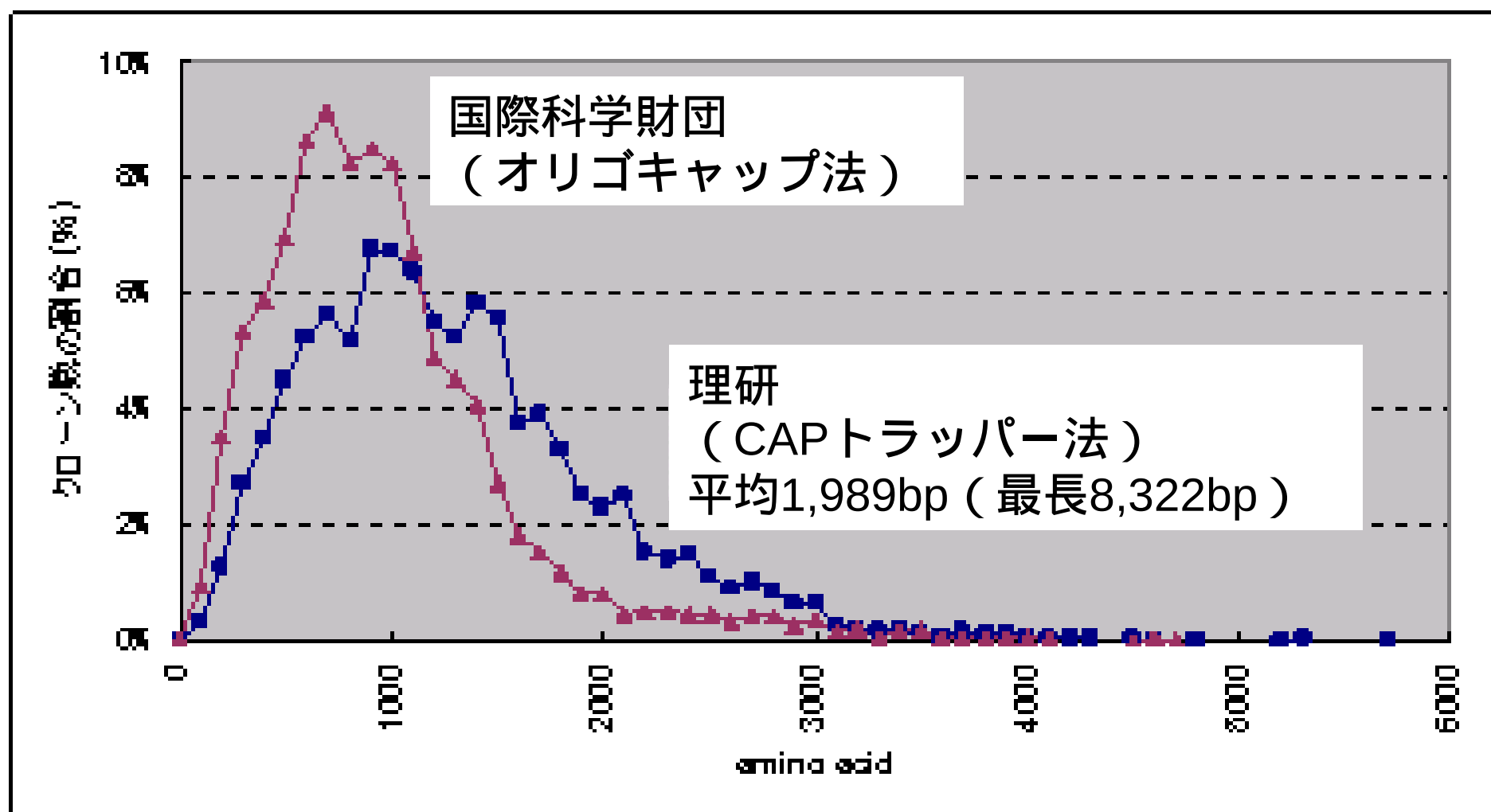
完全長cDNAバンク整備プロジェクト体制



完全長cDNAバンク整備



理研は長いcDNAも収集



成果

- 31,000完全長cDNAバンク(生物研にリソースセンター)
 - クローン
 - 精密シーケンス(99.99%)
 - アノテーション
 - R genes(耐性遺伝子)を含め、2万種以上の新規遺伝子
 - シーケンスの知的所有権(申請済み)
 - 包括的特許
 - 個別特許
- 日本は、世界最大の植物(イネ)完全長cDNAバンクをつくった
 - 次期プロジェクトに非常に有利な位置にある

完全長cDNAバンクの活用

ー機能解析研究ー

- ポジショナルキャンディデートアプローチができる
 - ー 日本が蓄積してきた、さまざまな形質をもつ品種(ミュータント)を利用してポジショナルキャンディデート法をやれば、有用形質を担う遺伝子を同定できる
- 大規模cDNAリソースを活用する技術が使える
 - ー 遺伝子発現解析(マイクロアレイ)や、タンパク相互作用解析をしていけば、遺伝子ネットワーク解析
- 完全長cDNAの導入により、新品種をつくることができる
- タンパクの3D構造を解析し、活性物質をデザインすることができる
- cDNAとゲノムを組み合わせれば、プロモーター解析ができる
- 不良環境(乾燥、低温、塩)に対する耐性遺伝子の同定
- 病害虫に強い品種の作出
- 機能性物質生産工場としての植物利用