イネの葉の形態形成を制御する遺伝子の単離

雌しべが雄しべに変化するホメオティクな変異体

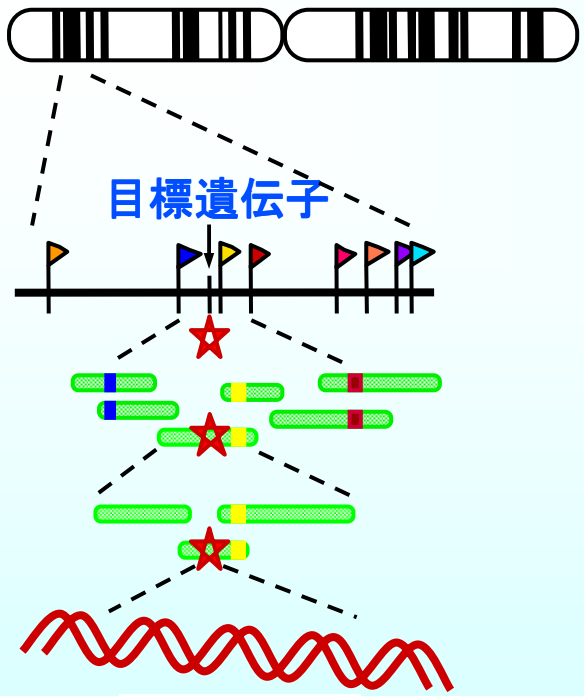
・単子葉植物の雌性生殖器官の発生は，
　双子葉植物とは異なる遺伝子によって支配されている．

・多様な花の形作りを制御する機構を探る進化発生学がここからスタート．

・DL 遺伝子をコントロールすることにより，より直立したイネをつくり，
　密植栽培による収量増加が期待される．

遺伝地図（マップベースクローニング）　矢野昌裕（生物研）

「実用化を視野に入れた研究開発」→下記のように実行　平成15年度成果:緑字



これまでに19種類の遺伝子を単離・同定

特許取得の加速化

高精度連鎖解析終了

Pb1（穂いもち抵抗性）、*Pi34*（いもち病圃場抵抗性）、*Du2*（胚乳低アミロース）、*Pita2*（いもち病真性抵抗性）

候補ゲノム領域を100kb以下に特定

qLTG-3-1（低温発芽性）

候補ゲノム領域を50kb以下に特定

Lk3（長粒）、*Grh2*（ツマグロヨコバイ抵抗性）、*Ga2*（花粉の受精能力）、*Grh3*（ツマグロヨコバイ抵抗性）、*S1*（不稔）、*Stvb-i*（縞葉枯病抵抗性）、*Ctb1*（耐冷性）

候補遺伝子特定

Pi21（いもち病圃場抵抗性）、*V1*（葉緑体形成）、*Du 1*（低アミロース）、*Glup3*（胚乳タンパク質の集積）

単離・同定

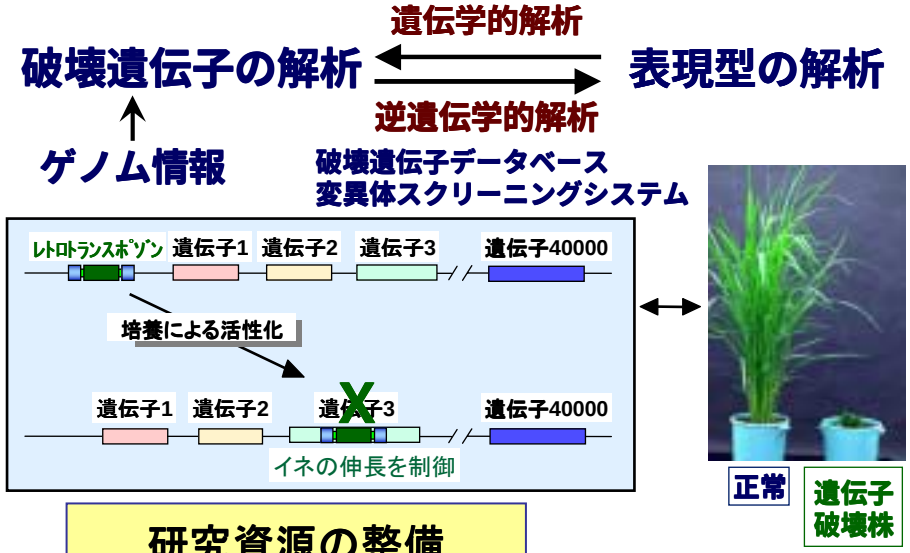
qSW-5（種子幅）、*Spk*（株開帳性）、*qUVR-10*（紫外線耐性）、*Shl2*（胚発生）、*Orl1*（胚発生）、*D11*（矮性）、*Crl1*（冠根形成）、*Cpt1*（屈光性）、*Fon1*（花器官数）、*Shl1*（胚発生）、*V2*（葉緑体形成）、*Rt*（根の形態形成）、*V3*（葉緑体形成）、*Are1*（胚発生）、*qSH-1*（脱粒性）、*Lax*（穂の分枝構造）、*Sho1*（胚発生）、*Lgc1*（低グルテリン）、*Alk*（アルカリ崩壊性）

下線：QTL（量的形質遺伝子座）

DNAマーカーを指標としたQTL解析手法を確立し、世界的な評価を得る

ミュータントパネル　　廣近洋彦（生物研）

「実用化を視野に入れた研究開発」→下記のように実行



研究資源の整備

○5万種類の遺伝子破壊イネの作出
（Tos17による変異：
全遺伝子の40～50%を網羅）
○破壊遺伝子の塩基配列のデータベース化
（合計20,000件）
○PCRによる変異体スクリーニング
システム開発（5万系統が対象）
○表現型データベース
（合計40,000系統）
○アクティベーションタグド系統の作出
（合計12,000系統）

論文発表：**原著論文、18報**

遺伝子単離、機能解析

平成15年度成果:緑字

＊　特許出願した遺伝子
＊＊　特許出願予定

<形態形質を制御する遺伝子>
- Con1:減数分裂制御
- 根の形態形成を制御
- Narrow leaf: 葉の形態を抑制する＊
- OsEMF1:草型、草丈を制御する＊
- SG1:粒型を制御する＊
- Msp1:生殖細胞の分化制御
- PAIR1；PAIR2：減数分裂制御
- OsMPK2（MAPキナーゼ）:胚発生、メリステムの制御

<ストレス応答を制御する遺伝子>
- OsTPC1: 感染応答に関わるCaチャンネル
- RIM1（転写因子）:イネ萎縮病ウイルス抵抗性**
- OsRAC5:病害抵抗性
- RSS1:塩ストレス、低温ストレス耐性＊
- OsMPK1:乾燥、塩ストレス耐性
- OsPti1:病害抵抗性遺伝子の発現制御＊
- Lmm1:病害抵抗性遺伝子の発現制御＊

<生理機能を制御する遺伝子>
- OsRAN1: 開花時期を制御＊
- OsSigA:葉緑体遺伝子の発現制御
- OsBR60x:ブラシノステロイド生合成
- P450:ジベレリン生合成

<品質（玄米成分）に関与する遺伝子>
- SS1: デンプン合成＊

・トランスポゾンを負に制御する遺伝子（OsMET2a）

タンパク質の構造解析　　澁谷直人（明治大学）

「プロジェクトが積極的に推進されるべき」

プロテオーム解析

・イネ組織特異的・細胞内局在性タンパク質について、プロテオームデータベースを構築し公開した。

15年度の成果

タンパク質の機能解析

- ○ 根特異的ストレス応答性タンパク質(遺伝子)＊
- ○ 葯特異的タンパク質（遺伝子）＊
- ○ カルシウム結合タンパク質と相互作用するタンパク質群(遺伝子)
- ○ カルス化・発根化に関与するタンパク質（遺伝子）
- ○ いもち病抵抗性タンパク質
- ○ 耐冷性関連タンパク質

技術開発

- ○ アレルゲンタンパク質の検出方法＊
- ○ タンパク質間相互作用するタンパク質の検出方法＊
- ○ 質量分析計によるC末端アミノ酸配列の決定方法
- ○ ジスルフィド結合の検出方法

＊　15年度に特許出願した遺伝子および技術

立体構造解析

15年度の成果

選定蛋白質：41

構造ドメインの推定

ターゲット蛋白質：49

解析用蛋白質の調製方法を確立
（大腸菌／改良型Gateway System）
Cloned:171, Purified:19

X線結晶解析：16
3D Structure: 6

溶液NMR解析：4
3D Structure: 3

Rubisco/CABP複合体
Rubisco/NADPH複合体

NifU1(L154-S226)

イネ・ゲノムの種間・属間比較研究　中川原捷洋 (STAFF)

「属間比較研究を積極的に進めるべき
具体的な目標やその達成のための研究方法等の検討が必要」

研究成果（平成15年度）

コムギゲノム

赤かび病抵抗性QTL領域の絞り込み

コムギとイネとのシンテニー情報を利用した
標的領域の新規マーカーの開発

イネ野生種ゲノム

野生イネ特異的遺伝子の解明形態・生理形質制御機構の解明
予備的試験を行い、栽培イネと野生イネとで
発現差のある遺伝子が存在した

栽培種成立機構の解明
芒性遺伝子の解析を進め、日本晴BAC
1クローンに絞り込み

イネ科牧草ゲノム

高品質・高機能で環境ストレスに安定な
イネ科牧草の開発
イネESTについて、ペレニアルライグラスの
マーカーとしての利用可能性の示唆

アズキゲノム

栽培化によって変化した形質の解析

SSRマーカーによる遺伝地図の作製
約130種類のQTL

カンキツゲノム

カンキツ果実の機能性成分代謝、蓄積に関する遺伝子の単離・機能解明

15,000のESTシーケンス情報

スギゲノム

林木でのDNAマーカー育種技術の開発、有用遺伝子のSNP情報の取得、精英樹の直接選抜

12,000のESTシーケンス情報

環境整備

他植物のゲノム解析研究の発展並びに優良品種の育成等

イネ「日本晴」ゲノムのpseudomoleculeを作製と、イネ科の5種類の植物のESTについての *in silico* マッピング

DNAマーカーを用いた効率的選抜育種技術の開発　井辺時雄（農研機構）

「実用化を視野に入れた研究開発をすべし」 → 下記のように実行

イネの**耐冷性遺伝子**と**縞葉枯病抵抗性遺伝子**が詳細にマッピングされ、準同質遺伝子系統が選抜された。今後その遺伝子の機能の解析と育種利用が期待される。

■イネの障害型耐冷性遺伝子マーカーの開発

- 熱帯ジャポニカ型品種「Pakhe Dhan」の持つ耐冷性を第6染色体上にマッピング
- このQTLは低温処理時に稔実率を20%向上させる

平成15年冷害被害　2000億円

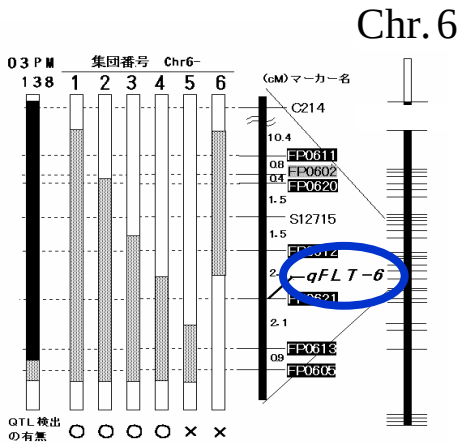
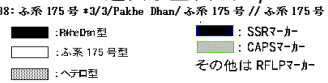


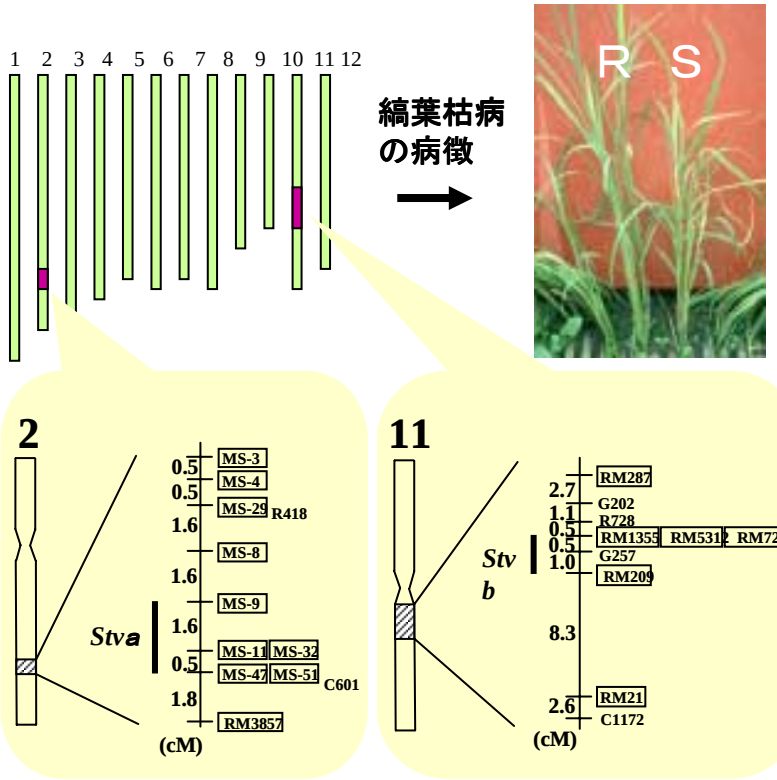
図1. 第6染色体のDNAマーカー連鎖地図とBC_4F_2個体、O3PM138の遺伝子型、及び *qFTL-6* の位置



障害型の冷害を受け不稔を生じた稲

■イネの縞葉枯病抵抗性遺伝子マーカーの開発

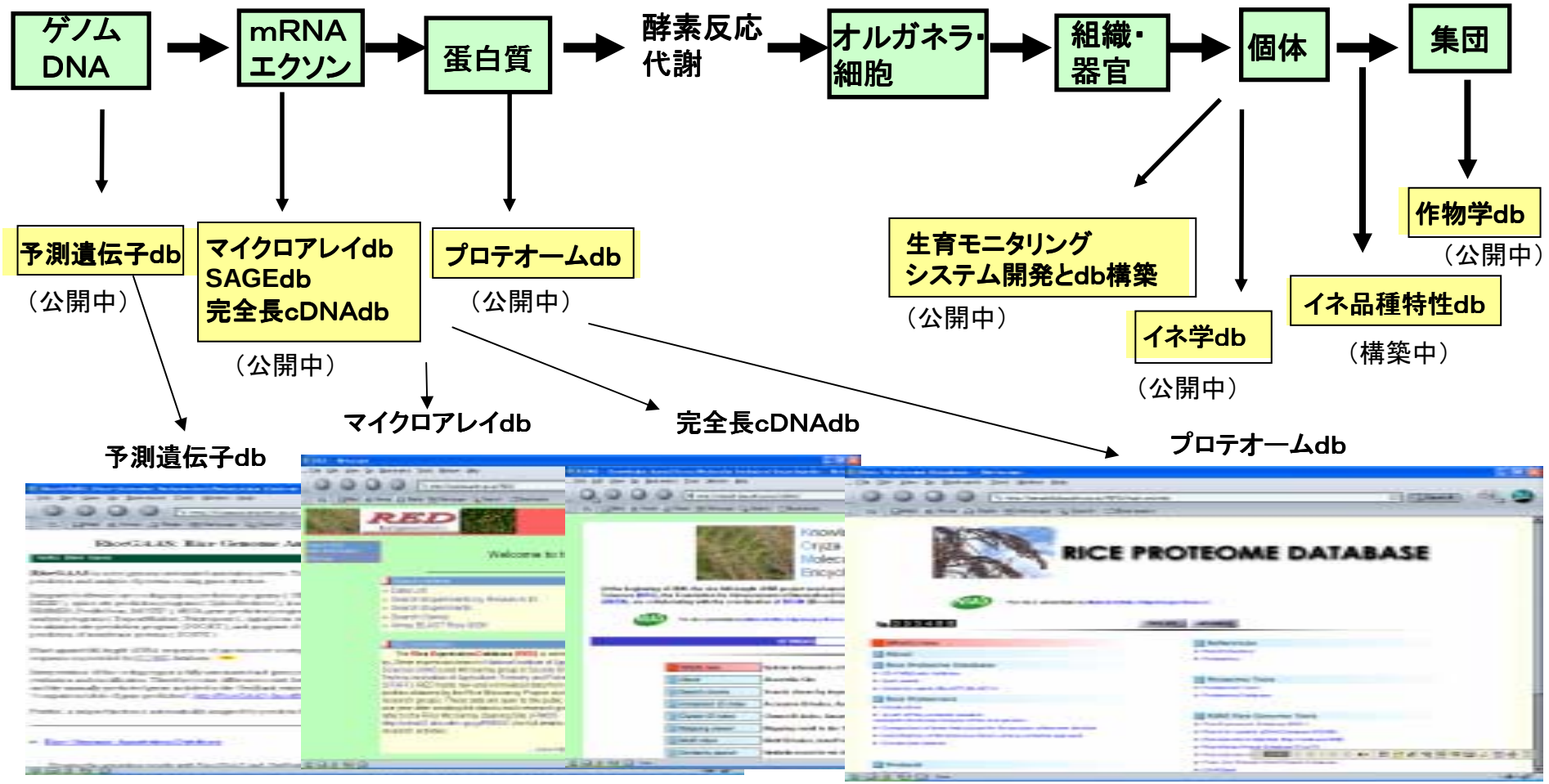
- 陸稲の持つ縞葉枯病抵抗性遺伝子を第2、第11染色体上にマッピング
- 近傍のSSRマーカーを使った育種を開始



イネ・ゲノムシミュレータの開発　肥後健一(生物研)

「当面はバイオインフォーマティクスの基盤整備を重点的に推進すべき」
→ 下記実施

シミュレーション関連の4課題、データベース関連の1課題は14年度で中止。
他は研究費の傾斜配分。
14課題は15年度で3年間の研究を終了。データベース構築の3課題のみを16年度末まで実施。
16年度で本プロジェクト終了。バイオインフォーマティクスの基盤整備の再検討。



これらはすべて農業生物資源研究所からインターネット公開中

イネゲノム・プロジェクトの平成16年度の注目事項

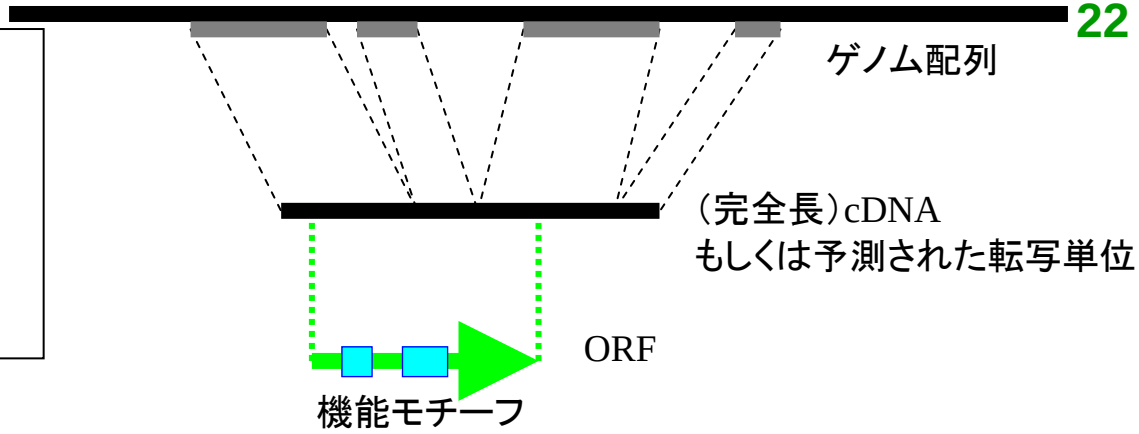
（1）イネ遺伝子アノテーションジャンボリー

農業生物資源研究所と国立遺伝学研究所が協力して12月につくば市で開催し、国際スタンダードとなるようなイネアノテーションデータベースを構築し、世界に向けて公開する。

（2）12月に、イネゲノム全塩基配列の完全解読終了

完全終了に向けて我が国担当分のみでなく国際コンソーシアム全体が完成させるように努力する。

ゲノムや完全長cDNAのアノテーションに関して、**産業技術総合研究所生物情報解析研究センター（BIRC）**や**国立遺伝学研究所生命情報DDBJ研究センター**は十分な実績があり、共同で本計画を遂行することで合意している。



国際会議によるアノテーション基準の合意形成

（生物研が主体となって国際チームを形成）

予測された
- **遺伝子構造**
- **機能**

（生物研・産総研でアノテーションシステム開発）

国際会議開催（2004年12月13～18日）
アノテーション実行

国際的に統一された基準でのイネ・アノテーション（データベース化して公開）

（生物研・DDBJでデータベース構築）

アノテーション結果を利用した研究発展
- 穀類ゲノム比較解析
- 非コード性RNAの実験解析　など