

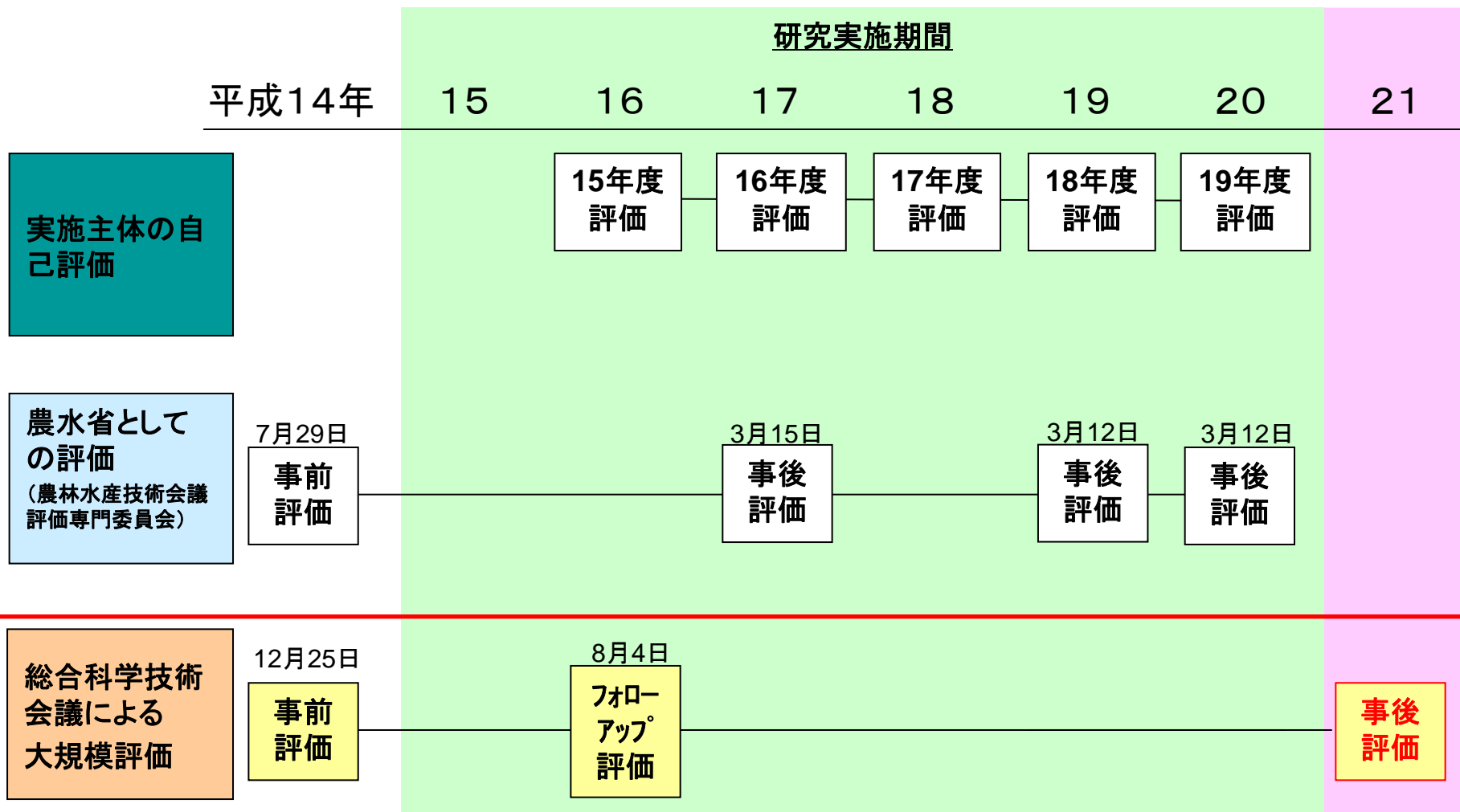
イネゲノム機能解析研究の概要について

農林水産技術会議事務局

平成21年1月19日

農林水産省

イネゲノム機能解析研究の評価

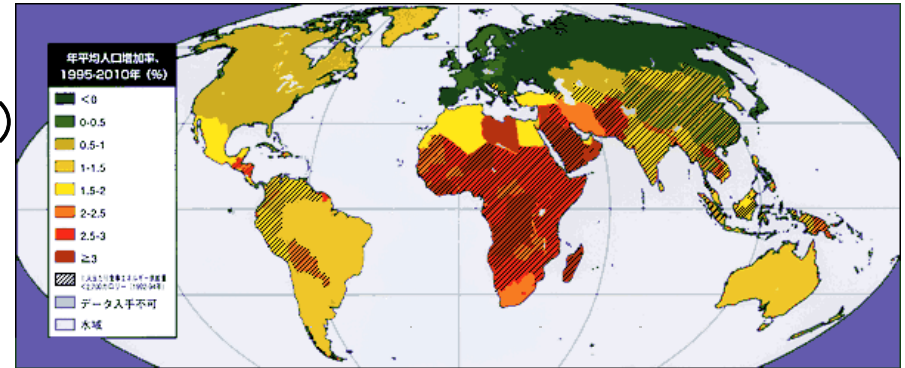


評価結果は研究計画に反映

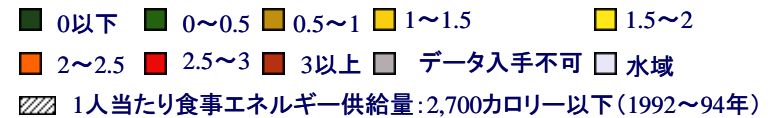
研究の背景

(本ページの数字はすべて平成14年12月当時のもの)

■人口増加



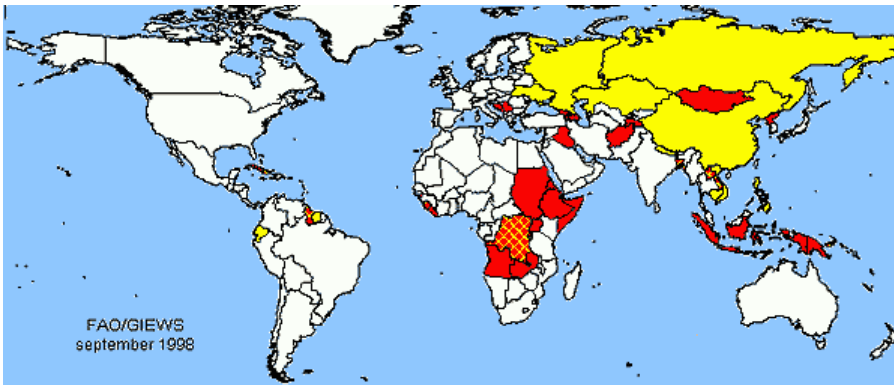
年平均人口増加率: 1995~2010年(%)



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

■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(%)



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)

イネゲノム機能解析研究が目指すもの

知的財産の強化と活用

高品質

- ・どこでも作れるおいしいお米
- ・より多くのバリエーション

安定生産

- ・冷害、干ばつに耐える
- ・よりたくさん
- ・倒れない

安心・安全

- ・農薬が少なくすむ
- ・健康機能性が高い

消費者ニーズ
への対応

需要拡大

国際戦略に
基づく貢献

生産性の向上

環境への配慮

イネをベースに他作物に展開

植物科学への貢献

豊かで安心できる国民生活の実現

イネゲノム機能解析研究予算の推移

単位：億円

基盤



応用

	15年度	16年度	17年度	18年度	19年度	期間中計
イネ・ゲノムリソースセンターの整備	0.9 (4)	0.9 (4)	0.9 (6)	0.8 (6)	0.4 (8)	3.9 (28)
全塩基配列の解明	7.2 (18)	7.2 (16)	—(16)	—(16)	—(16)	14.4 (82)
イネ・ゲノムシミュレーターの開発	3.2 (17)	2.5 (9)	—(12)	—(4)	—(7)	5.7 (49)
タンパク質の構造解析利用型	2.9 (7)	2.9 (7)	—(-)	—(-)	—(-)	5.8 (14)
重要形質関連遺伝子の機能解明	7.2 (17)	7.2 (17)	7.2 (17)	6.7 (17)	5.4 (17)	33.7 (85)
種間・属間比較研究	1.2 (17)	1.2 (17)	—(17)	—(17)	—(17)	2.4 (85)
多様性ゲノム解析研究	—	—	7.9	6.6	6.2	20.7
QTL (Quantitative Trait Locus) (量的形質遺伝子座) 遺伝子解析の推進	—	—	5.5	4.8	4.8	15.1
遺伝子地図とミュータントパネル利用型	3.1 (7)	3.1 (7)	2.4 (8)	2 (8)	1.4 (8)	12 (38)
組換え体利用型	1.5 (4)	1.5 (4)	1.5 (5)	1.2 (5)	—(-)	5.7 (18)
ゲノム育種技術の開発と実証	—	—	2.4	2.2	2.1	6.7
DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発	4.7 (11)	4.7 (11)	3.5 (11)	3 (9)	—(9)	15.9 (51)
合計	31.9 (102)	31.2 (92)	31.3 (92)	27.3 (82)	20.3 (82)	142 (450)

注：()は当初計画額、 は総合科学技術会議によるフォローアップ評価での指摘を踏まえて事業終了

イネゲノム機能解析研究の達成状況

	プロジェクト名	具体的内容	達成状況
基盤整備	イネ・ゲノムリソースセンターの整備	ゲノム研究に必要な研究材料(遺伝子変異体や遺伝子を完全に含むDNA断片(完全長cDNAクローン等)の整備	○
	全塩基配列の解明	イネゲノムの全塩基配列を高精度で解読	○
基礎研究	イネ・ゲノムシミュレーターの開発	コンピューター上での農作物の品種改良実験を可能とするソフトウェア(イネ・ゲノムシミュレーター)の開発	中止*
	タンパク質の構造解析利用型	タンパク質の網羅的解析や立体構造解析	○
	重要形質関連遺伝子の機能解明	病害虫耐性や品質等農業上重要な形質に関連する遺伝子の 単離・機能解明	○
	種間・属間比較研究	イネゲノムの情報を利用した、主要作物(イネ科・マメ科)、果樹、林木の遺伝子の 単離・機能解明	中止*
	多様性ゲノム解析研究	農業形質に係るムギ類遺伝子の 単離・機能解明	○
	QTL遺伝子解析の推進	複数の遺伝子が関与する形質に関する遺伝子の 単離・機能解明	○
	遺伝子地図とミュータントパネル利用型	遺伝子破壊系統(ミュータントパネル)を利用した遺伝子の 単離・機能解明	○
	組換え体利用型	遺伝子組換え植物を利用した有用遺伝子の 単離・機能解明	○
応用研究	ゲノム育種技術の開発と実証	DNAマーカー及び遺伝子組換えを用いた効率的育種技術の開発	○
	DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発	効率的な育種を可能にするDNAマーカーの開発	○

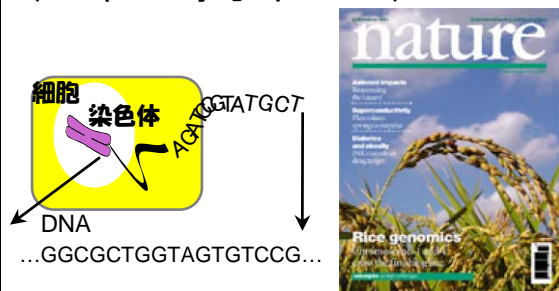
○:当初目標を概ね達成 * :総合科学技術会議によるフォローアップ評価での指摘を踏まえて事業終了

イネゲノム研究のこれまでの成果（基盤整備）

イネゲノム完全解読

約**3億7千万**の塩基配列を決定（**精度99.99%**）

（日本の寄与率55%）



イネゲノム塩基配列解読の結果をNature誌に発表(420:312-316,2002, 436:793-800,2005)

イネゲノム情報の高度化

- ・塩基配列情報(文字情報)
- ・変異系統情報(変異部位情報)
- ・遺伝地図情報(遺伝子あるいはDNAマーカーの位置情報)
- ・上記をWEB上で操作・検索可能なシステムとして構築

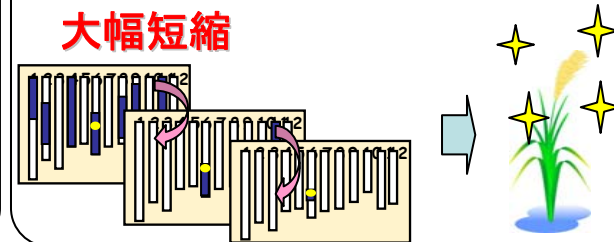
植物学研究の「海図」を整備

DNAマーカーの開発

DNAマーカー**約3万個**を開発

DNAマーカー育種技術の確立

- ・**幼苗段階で大規模選抜が可能に**
- ・**育種期間が10年から3年へと大幅短縮**



研究を加速させる材料の整備

- ・世界初のイネ遺伝子破壊系統（約50,000系統: 遺伝子の機能を破壊したイネ）
- ・世界初の大規模遺伝子過剰発現イネ系統（約8,000系統: 遺伝子の機能を強めたイネ）
- ・世界最大規模のイネ染色体部分置換系統（約1,000系統: 染色体の一部が入れ替わったイネ）

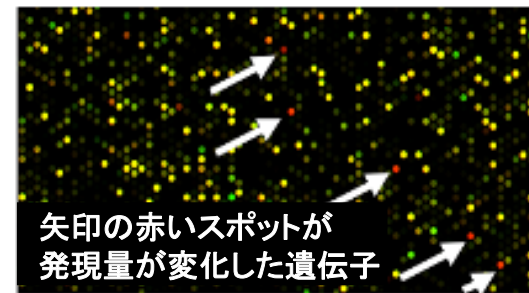
イネ遺伝子の単離・機能解明を加速

研究を加速させる技術の開発

- 遺伝子の機能解明や遺伝子組換え植物の作出等を加速するための**48の手法・プログラムについて特許取得・出願**（例: 最短期間でイネに遺伝子を導入する手法の開発 → 全日本や海外の研究者が利用）

- イネ・マイクロレイ（遺伝子発現解析キット）の開発**

イネのほぼすべての遺伝子の発現量を一度に解析することが可能に



矢印の赤いスポットが発現量に変化した遺伝子
マイクロレイ解析による発現量に変化した遺伝子の単離