

農林水産省における事後評価結果

目 次

○ イネ・ゲノム全塩基配列の解明	1
○ タンパク質の構造解析利用型	15
○ イネ・ゲノムシミュレーターの開発	34
○ イネ・ゲノムの種間・属間比較研究	44
○ DNAマーカーによる効率的な新品種育成システムの開発	57
○ 組換え体利用型	68
○ イネ・ゲノムリソースセンターの整備	76
○ 遺伝地図及びミュータントパネルを利用したイネ遺伝子の単離 及び機能解明（遺伝子地図とミュータントパネル利用型）	76
○ イネの重要形質遺伝子の単離と機能解明 （重要形質関連遺伝子の機能解明）	76
○ イネの重要形質遺伝子（QTL）の単離と機能解析 （QTL遺伝子解析の推進）	76
○ 画期的な作物の作出（ゲノム育種技術の開発と実証）	76
○ イネ以外の作物への応用と生殖的隔離の解明 （多様性ゲノム解析研究）	76
○ 評価委員名簿	104

研究開発評価個票

研究課題名	植物（イネ）ゲノム研究 ゲノム研究基盤の整備 「イネ・ゲノムの全塩基配列の 解明」	研究期間	平成１０～ １６年度
事業費	１０５．６億円		
〔課題の概要〕 我が国農業において極めて重要な農作物であり、かつ、ゲノムサイズが主要穀類の中で最も小さいイネについて、世界に先んじてゲノムの全塩基配列を明らかにしていくとともに、農業上重要な遺伝子の特許化、画期的組換え農作物の開発等のための基盤の確立を図る。 具体的な研究内容として、 （１）イネ・ゲノムの効率的解析技術の開発 （２）イネ・ゲノムの全塩基配列の解読 （３）ゲノム情報の解明技術の開発 を行う。			
〔必要性〕 a. 成果の科学的、社会・経済的意義 イネゲノムの高精度塩基配列の情報は、イネ、イネ科穀類等の食物として役割が大きい植物全体の基本的な情報を提供するとともに、植物科学に計り知れない効果を及ぼすものであり、科学的、社会的・経済的意義は大きい。			
〔効率性〕 a. 投入した研究資源の妥当性 ９９．９９％以上の高精度配列をゲノム上の存在箇所の確定と併せて行ったことを考えると、投資の妥当性は高かった。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 我が国の主導の下、世界１０カ国・地域で構成する国際コンソーシアムで取り組み、予定より早く全塩基配列が解明されており、研究計画及び実施体制の妥当性は高かった。			
〔有効性〕 a. 研究目標の達成度 研究目標として掲げていた「イネゲノムの全塩基配列の解読」は、平成１６年１２月に完全解読を達成しており、目標を達成している。			

b. 研究成果の実績・インパクト

第1染色体塩基配列の解読結果を2002年に「nature」に発表する等、本研究成果は世界的に高く評価され、世界のイネ研究の進展に多大なインパクトを与えられられる。

d. 研究の波及可能性

イネは人類にとって最も重要な植物の一つであり、この成果は遺伝学上極めて重要な成果であると同時に、作物育種にとっても重要な情報を提供することが期待される成果であることから、その波及可能性は極めて高いと考えられる。

【評価結果】

客観的かつ透明な評価のために行った高い見識や高度の専門知識を有する外部専門家による総括的な評価の結果、予想以上の成果をあげたと評価されており、本研究は妥当であったと判断される。なお、本研究課程において明らかになった問題点を次期の研究開発に生かしてもらいたい。

《外部学識経験者の意見》

イネゲノム解読の最終段階をむかえ、日本が担当する染色体について残された領域の物理地図作成、配列読み取りを進め、平均97%の領域の配列を高精度で決定した。残りの部分は、クローン化が困難な高度な繰り返し配列と推定されるので、完全解読を達成したと評価される。

また、当初はいろいろな問題を抱えつつも、最終的にはここまで達成させられたことは非常に大きな成果と考える。しかし、それでも多くの問題点が浮き彫りになったことも事実であろう。それらを是非次期プロジェクトに活かし、更なる発展を期待する。

評 価 資 料

- 研究課題評価分科会による
中間評価結果
- 研究開発の概要資料
- 自己評価シート

プロジェクト研究の事後評価票

プロジェクト研究名		植物（イネ）ゲノム研究 ゲノム研究基盤の整備 「イネ・ゲノムの全塩基配列の解明」	
評価項目		項目毎の評価基準	特記事項
必要性	a. 成果の科学的、 社会・経済的意義	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	植物科学の、さらには食物と しての役割が大きい植物全体の 基本的な情報を提供している点 で、この成果の意義は多大であ る。
効率性	a. 投入した研究資 源の妥当性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	効率よく行われたと云える。
	b. 研究計画・実施 体制の妥当性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	このような大きなプロジェクトは、計画や体制が大きく成果 に影響するが、非常に上手く体 制が作られたと云える。
有効性	a. 研究の達成度	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	達成された。
	b. 研究成果の実績 ・インパクト	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	これからの課題であるが、多 大である。一部の成果について は、すでに大きな波及が認めら れる。
	c. 研究の波及可能 性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	植物科学が、これ以上に波及 が大きな研究はないと考えられ る。
総括評価		① 予想以上の成果をあげた。 ② 当初の目的をほぼ達成した。 ③ 目的の達成は不十分であった。	
総合コメント イネゲノム解読の最終段階をむかえ、日本が担当する染色体について残された領域 の物理地図作成、配列読み取りを進め、平均 97 % の領域の配列を高精度で決定した。 残りの部分は、クローン化が困難な高度な繰り返し配列と推定されるので、完全解読 を達成したと評価される。 また、当初はいろいろな問題を抱えつつも、最終的にはここまで達成させられたこ とは非常に大きな成果と考える。しかし、それでも多くの問題点が浮き彫りになった ことも事実であろう。それらを是非次期プロジェクトに活かし、更なる発展を期待す る。			

植物(イネ)ゲノム研究 ゲノム研究基盤の整備
「イネ・ゲノムの全塩基配列の解明」(事後評価)

1 予算額(単位:億円)

年 度	1 0	1 1	1 2	1 3	1 4	1 5	1 6	計
予算額	14.0	16.0	20.8	20.2	20.2	7.2	7.2	105.6

2 研究目的

(1) 解決すべき問題点及びその現在の状況

ゲノム研究は、農作物等が持つ農業上重要な遺伝子を系統的に多数単離するとともに、それらの遺伝子を目的の位置に導入し、的確に機能の発現を制御するための基盤となるものである。我が国が進めているイネ・ゲノム研究は、高密度な遺伝地図を完成し、cDNAを約4万個確保する等、世界的な競争の中で優位性を確保し高い評価を得ている。

しかしながら、欧米では我が国のイネ・ゲノム研究に対抗して、ムギ、トウモロコシのゲノム研究の一層の加速化を図っており、組換え農作物の開発に不可欠な遺伝子導入技術についてもその多くは欧米において特許化され、我が国の組換え農作物の実用化を図る上で重要な影響が出てきつつある。

(2) 本プロジェクト研究が解決しようとしている事項

我が国農業において極めて重要な農作物であり、かつ、ゲノムサイズが主要穀類の中で最も小さいイネについて、世界に先んじてゲノムの全塩基配列を明らかにしていくとともに、農業上重要な遺伝子の特許化、画期的組換え農作物の開発等のための基盤の確立を図る。

3 研究目標

イネ・ゲノム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10年間でイネの完全な設計図ともいべき全塩基配列を解読する。併せて、塩基配列から遺伝子を迅速に推定する技術を開発する。

4 研究の推進体制等

○主査(統括責任者)

独立行政法人 農業生物資源研究所 理事長 岩淵雅樹

○副主査

農業生物資源研究所 理事 肥後健一

○総括リーダー

農業生物資源研究所 ゲノム研究グループ長 佐々木卓治

○チームリーダー

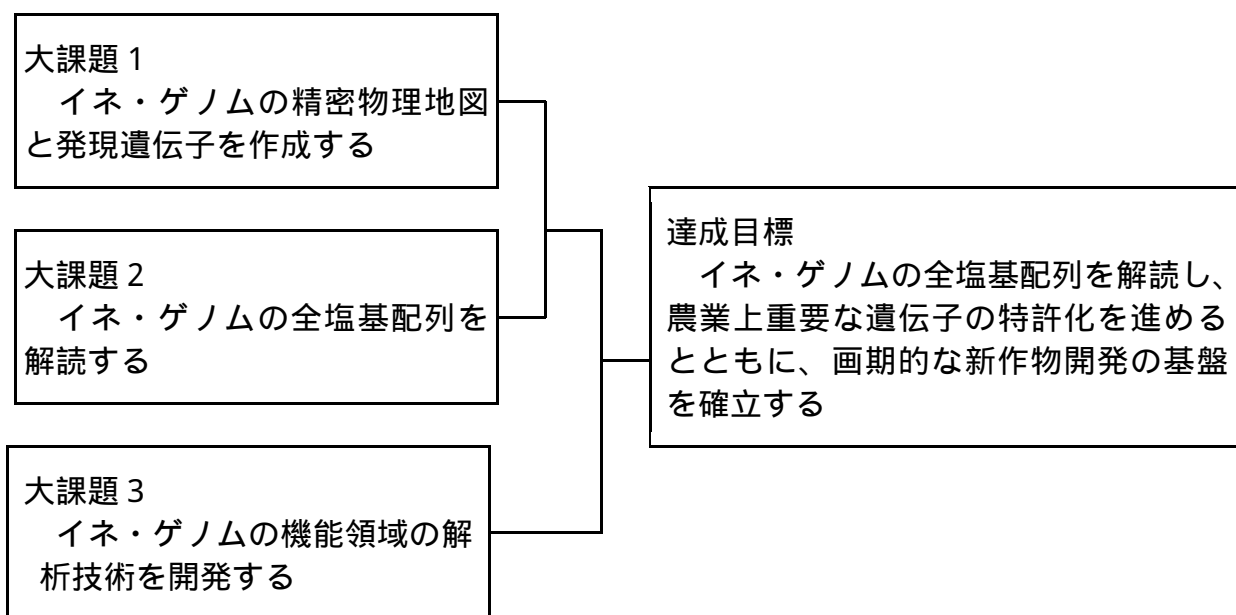
農業生物資源研究所 ゲノム研究グループ 植物ゲノム研究チーム長 松本 隆

5 年次計画

研 究 課 題	研 究 期 間									
	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
イネ・ゲノムの効率的解析技術の開発	←						→			
イネ・ゲノムの全塩基配列の解読	←						→			
ゲノム情報の解明技術の開発	←						→			

16年度で完全解読達成

6 フローチャート



7 研究内容及び現時点までの成果

(1) イネ・ゲノムの効率的解析技術の開発

1) イネゲノム精密物理地図の作成

本課題の目的は正確なイネ全塩基配列解読のために、染色体上の各領域に整列化されたPAC/BAC等ゲノムクローンの位置を示す地図を作成することである。最終的にイネ第1、2、6、7、8及び9の6本の染色体において、それぞれ解読可能領域の99%以上の領域をカバーするPAC/BACコンティグを作成した。さらにイネゲノム塩基配列の完全解読を目指し、染色体上の全ギャップ領域に対してPAC/BAC/fosmidクローンの選抜を行い、全ギャップ数を25までに減少させたほか、セントロメア領域、テロメア領域、リボゾームRNA遺伝子の一部noBACとフォスミドクローンの選抜にも成功した。最終的に、国際コンソーシアムが作成したイネ12本全染色体の物理地図に基づき、全ゲノムをカバーする最小セットのPAC/BAC/フォスミドクローンを3462個確定した。

2) 発現遺伝子地図の作成

本課題ではゲノムシーケンスの前提となるPAC・BACクローン物理地図を作成するための高密度マーカー作成の為に、発現遺伝子(EST)をPCRを用いてYAC物理地図上にマッピングした。RGPがこれまで解析したESTからグループ化の結果選抜した8500個のESTのマッピングを行い、イネゲノム上に6591のマーカーを有する発現遺伝子地図を完成し公開した。

3) 効率的なイネ全塩基配列解析用物理地図作成手法の開発

本課題は物理地図作成を効率化するために、新規の手法開発を主題とする。我が国が担当する6本の染色体において、1)Monsanto社が提供したBACクローン及びドラフト配列の利用、2)STC法によるCUGIのBACクロンの選抜方法の確立を行い、3)ギャップ領域を埋めることを目的に fosmidライブラリーのovergoプローブによるスクリーニングを行った。本課題により確立した技術は直ちに課題1101にて展開され、物理地図作成の迅速化に貢献した。

また、イネ近縁品種の間で比較ゲノム解析をゲノムワイドで行うためのin silico マッピングの有効性を検証するため、4)日本晴(Japonica)イネの高精度塩基配列に対してカサラス(indica)イネのBAC末端塩基配列をマッピングし、イネゲノムの86%,308Mbをカバーする全ゲノム物理地図を作成した。

(2) イネ・ゲノムの全塩基配列の解明

1) イネ・ゲノムの全塩基配列の解読

本課題はイネのゲノム塩基配列を正確かつ迅速に解読する目的で行われた。イネのゲノムサイズは約400Mbであることから、正確かつ迅速な解読には各解析ステップを効率的に組み立てる方法論が必要となる。わが国を中心とした国際コンソーシアムでは正確な物理地図に基づいたPAC/BACクローン単位でのショットガン解析を行った。本課題の全期間を通しての主たる成果は以下の通りである。

1. 前半では、高精度概要配列を得るために プラスミド調製用、シーケンス反応・精製用ロボットの導入による384サンプル同時処理による効率化、キャピラリーシーケンサー(ABI社製モデル3700)の連続運転による省力化と能率化半自動大量解析システムを構築し月当たり平均90-100 PAC/BAC クローン、長さにして9 Mb程度のフェーズ2 データを公開した。平成14年12月に小泉総理によるイネゲノム概要解読宣言がなされた。
2. 後半では、フィニッシングの効率の向上を目的として、低精度領域クロンの自動選抜、高次構造を破壊した鋳型DNA、トランスポゾン挿入法、Rolling circle型複製酵素による鋳型の効率的増幅、高次構造に強い酵素(Phi29 DNA polymerase)の利用によるシーケンスシステム、等の手法を採用し、これらの導入と経験の蓄積によって、月当たり平均80-90 PAC/BAC クローン、長さにして8Mb程度の完全解読配列を公開した。
3. 平成16年12月に国際コンソーシアムはイネゲノム配列解読370Mbの終了を宣言し、わが国は全体の55%に相当する領域のデータを公開した。
4. 特筆すべき事項としては高等植物では初めて第8染色体セントロメアコア及び両側に隣接する領域(約1.97Mb)について完全解読に成功したことが挙げられる。

(3) ゲノム情報の解明技術の開発

1) 機能領域の解析技術の開発

本課題は大量に生産される長大なゲノムDNA塩基配列のデータの中から効率的に機能遺伝子部分を検索して解析するために、イネcDNA配列データから抽出したコード領域、非翻訳領域の統計量をパラメータに用い、隠れマルコフモデルのフレームワークに基づいて蛋白質コード領域を予測するコンピュータプログラムシステムRiceHMMを開発しインターネットで公開すると共に、イネゲノム塩基配列のアノテーションに組み込んだ。

2) イネゲノムデータの効率的解析技術の開発

本課題の目的は、我が国を含む国際コンソーシアムによって解読されたゲノム塩基配列に対して迅速に情報処理を行うものである。1)NIAS DNAbankから公開されているイネゲノム全自動アノテーションシステムRiceGAASの高度化を行った。GAASは2004年12月現在4195クローン、延べ582Mb(重複を含む)を解析している。同サイトには現在まで70000件以上のアクセスがあり、特に国内のイネやイネ科の作物の研究者に広く信頼され利用されている。2)イネゲノムの成果を研究者が一覧するために開発された統合データベース・ブラウザー、INEは連鎖地図、物理地図、ゲノム塩基配列、遺伝子アノテーションまでを関連づけて表示しており、研究者の利便性に貢献している。3)1998年から行われた国際コンソーシアムの中央データベース、ウェブサイトとして機能している。また2004年国際コンソーシアムにおけるゲノム塩基配列解読(完全解読)が終了したことを受けて、迅速なゲノムレベルにおけるアノテーションを行い、TE(transposable element)が存在する領域に対してFgeneshによる遺伝子予測によって、約37,000の遺伝子が予測された。

3) ゲノム関連情報を用いたアノテーションの高精度化

本課題の目的は我が国が担当する6本の染色体のクローンを、自動アノテーションにアノテーターの判断を加えた修正を行い、公開することである。各種のイネ用のプログラムを導入し、アノテーションの基準を設定した。これらの一部は自動アノテーションにもフィードバックされ、精度向上に貢献した。完全長cDNA配列を込み込んだアノテーション系を完成させ、6本の染色体に整列化された完全解読1798クローンのアノテーションを完了し、公的データベース、INE及びRADから公開した。

8 研究成果による波及効果

イネゲノム全塩基配列の完全解読が達成されたことは、遺伝学ならびに植物の品種開発にとって極めて大きな意義をもつものである。これらの結果はすでに多くの研究者に活用され始め、利用する研究者は今後ますます増えていくものと予測されることから、将来的にはこの塩基配列情報を有効に活用した研究者が大きな成果をあげることが大いに期待される。

9 上位計画等

農林水産研究・技術開発戦略

農業分野の研究・技術開発戦略

ゲノム等先端研究・技術開発戦略

2 研究・技術開発の重点課題

(1) ゲノム生物学等を利用した生命科学研究の加速

ア ゲノム研究

(ア) ゲノムの構造解析とゲノム情報解析システムの開発

「画期的作物の開発や有用遺伝子の単離のためには、生物のゲノムに関する研究を深化させる必要があることから、高密度遺伝地図・物理地図の作成、ゲノムDNAの全塩基配列の解読、完全長cDNAクローンの解析を強力に推進する。

イネについては、シロイヌナズナの全塩基配列解読を踏まえつつ、シロイヌナズナでは得られにくい農業上有用な情報が多く期待されることから特に強力にゲノム解析を推進する。すでに約2,300個のDNAマーカーが座乗した高密度遺伝地図が作成されているが、おおむね4年後を目途にイネ・ゲノムの重要な部分の塩基配列の解読を進めるとともに、イネ由来完全長cDNAライブラリーを作成し、できるだけ多くの完全長cDNAの塩基配列を解読する」。

イネ・ゲノムの全塩基配列の解明 研究成果のまとめ

	原著論文	総説・書籍	web公開
1. イネ・ゲノムの効率的解析技術の開発 イネゲノム精密物理地図の作成	Wu, J., Mizuno, H., Hayashi-Tsugane, M., Ito, Y., Chidem, Y., Fujisawa, M., Katagiri, S., Saji, S., Yoshiki, S., Karasawa, W., Yoshihara, R., Hayashi, A., Kobatashi, H., Ito, K., Hamada, M., Okamoto, M., Ikeno, M., Ichikawa, Y., Katayose, Y., Yano, M., Matsumoto, T. & Sasaki, T. (2003) Physical Maps and Recombination Frequency of 6 Rice Chromosomes. Plant J. 36: 720-730 Baba, T., Katagiri, S., Tanoue, H., Tanaka, R., Chiden, Y., Saji, S., Hamada, M., Nakashima, M., Okamoto, M., Hayashi, M., Yoshiki, S., Karasawa, W., Honda, M., Ichikawa, Y., Arita, K., Ikeno, M., Ohta, T., Umehara, Y., Matsumoto, T., de Jong, P. J., Sasaki, T. (2000) Construction and Characterization of Rice Genomic Libraries: PAC Library of Japonica Variety, Nipponbare and BAC Library of Indica Variety, Kasalath. Bulletin of the NIAR, 14: 41-49	佐々木卓治、松本 隆 (2004) イネ ゲノミクス・プロテオミクスの新展開—生物情報の解析と応用—今中忠行 監修、第2章植物のゲノム解析第2節、303-314、出版：エヌ・ティー・エス 松本隆、片寄裕一、馬場知哉、山本公子、佐々木卓治 (2001) イネのゲノムシーケンス 植物細胞工学シリーズ14、植物のゲノム研究プロトコール：最新のゲノム情報とその利用法 (佐々木卓治、田畑哲之、島本功監修)、p.120-131、秀潤社 佐々木卓治、馬場知哉、山本公子、呉健忠、片寄裕一、坂田克己、松本隆、矢野昌裕 (2000) イネゲノム解析研究の進展と今後 育種学研究、2、35-41	A YAC-Based Rice Transcript Map Containing 6591 EST Sites, http://rgp.dna.affrc.go.jp/publicdata/estmap2001/index.html
発現遺伝子地図の作成	Wu, J., Maehara, T., Shimokawa, T., Yamamoto, S., Harada, C., Takazaki, Y., Ono, N., Mukai, Y., Koike, K., Yazaki, J., Fujii, F., Shomura, A., Ando, T., Kono, I., Waki, K., Yamamoto, K., Yano, M., Matsumoto, T. & Sasaki, T. (2002) A Comprehensive Rice Transcript Map Containing 6591 Expressed Sequence Tag Sites. Plant Cell 14: 525-535.	佐々木卓治 (2003) 国際イネゲノム全塩基配列解読プロジェクト (IRGSP)の足跡 蛋白質核酸酵素、48、645-651 佐々木卓治、田畑哲之 (2001) 植物ゲノム解析の意味するもの 植物細胞工学シリーズ14、植物のゲノム研究プロトコール：最新のゲノム情報とその利用法 (佐々木卓治、田畑哲之、島本功監修)、p.28-32、秀潤社	A YAC-Based Rice Transcript Map Containing 6591 EST Sites, http://rgp.dna.affrc.go.jp/publicdata/estmap2001/index.html

効率的なイネ全塩基配列解析用 物理地図作成手法の開発	Katagiri,S., Wu,J., Ito,Y., Karasawa,W., Shibata,M., Kanamori,H., Katayose,Y., Namiki,N., Matsumoto,T., & Sasaki,T. (2004) End Sequencing and Chromosomal in silico Mapping of BAC Clone Derived from an indica Rice Cultivar, Kasalath Breeding Science 54 : 273-279	佐々木卓治、山本公子、馬場知也、呉健忠、松本隆(2001) イネのゲノム解析—ゲノム塩基配列解析を中心に 蛋白質核酸酵素、46, 2499-2504 佐々木卓治(2000) イネゲノム解析の進展とその成果の活用 農業および園芸、75、1204-1210 佐々木卓治(2000) 急ピッチですすむイネゲノム全塩基配列解読 農林水産技術研究ジャーナル、23、9-15	End-sequencing and in silico mapping of BAC clones from an indica rice variety, Kasalath. http://rgp.dna.affrc.go.jp/publicdata/kasalathendmap/index.html Blast Search (Kasalath BAC-end Sequence) http://rgp.dna.affrc.go.jp/blast/runblast.html
2. イネ・ゲノムの全塩基配列の解読 イネ・ゲノムの全塩基配列の解読	Wu,J., Yamagata,H., Hayashi-Tsugane,M., Hijishita,S., Fujisawa,M., Shibata,M., Ito,Y., Nakamura,M., Sakaguchi,M., Yoshihara,R., Kobayashi,H., Ito,K., Karasawa,W., Yamamoto,M., Saji,S., Katagiri,S., Kanamori,H., Namiki,N., Katayose,Y., Matsumoto,T. & Sasaki,T. (2004) Composition and Structure of the Centromeric Region of Rice Chromosome 8, Plant Cell 16: 967-976 Sasaki,T., Matsumoto,T., Yamamoto,K., Sakata,K., Baba,T., Katayose,Y., Wu,J., Niimura,Y., Cheng,Z., Nagamura,Y., Antonio,B.A., Kanamori,H., Hosokawa,S., Masukawa,M., Arikawa,K., Chiden,Y., Hayashi,M., Okamoto,M., Ando,T., Aoki,H., Arita,K., Hamada,M., Harada,C., Hijishita,S., Honda,M., Ichikawa,Y., Idonuma,A., Iijima,M., Ikeda,M., Ikeno,M., Ito,S., Ito,T., Ito,Y., Ito,Y., Iwabuchi,A., Kamiya,K., Karasawa,W., Kaatagiri,S., Kikuta,A., Kobayashi,N., Kono,I., Machita,K., Maehara,T., Mizuno,H., Mizubayashi,T., Mukai,Y., Nagasaki,H., Nakashima,M., Nakase,Y., Nakemichi,Y., Nakamura,H., Namiki,N.	Sasaki,T. & Burr,B. (2000) International Rice Genome Sequencing Project: The Effort To Completely Sequence the Rice Genome. Current Opinion in Plant Biology, 3: 138-141 Sasaki,T. (2000) What is Expected in Rice Genomics Now and in the Future. New Frontiers of Science and Technology, pp.259-273, ed. By Leo Esaki, Universal Academy Press, Inc., Tokyo Sasaki,T. (2000) The Rice Genome Analysis: A New Paradigm of Genetics. Vortage fur Pflanzenzuchtung (100 Years of Genetics for Plant Breeding- Mendel, Meiosis, Marker) Heft 48, pp.264-277 Sasaki,T. (2001) The Progress in Rice Genomics. Euphytica, 118:103-111 Matsumoto,T., Wu,J., Baba,T., Katayose,Y., Yamamoto,K., Sakata,K., Yano,M. & Sasaki,T. (2001) Rice Genomics: Current Status of Genome Sequencing. 2001 Rice Biotechnology: Improving Yield, Stress, Tolerance and Grain Quality. (Novartis Foundation Symposium 236) Wiley, Chichester, pp.28-41 Sasaki,T., Matsumoto,T., Baba,T., Yamamoto,K., Wu,J.,	Genome Sequencing http://rgp.dna.affrc.go.jp/cgi-bin/statusdb/status.pl
3. ゲノム情報の解明技術の開発 機能領域の解析技術の開発			RiceHMM:Gene Prediction Program for Rice RGP http://rgp.dna.affrc.go.jp/RiceHMM/index.html

イネゲノムデータの効率的解析 技術の開発	Sakata,K., Antonio,B.A., Mukai,Y., Nagasaki,H., Sakai,Y., Makino,K. &Sasaki,T. (2000) INE: A Rice Genome Database with an Integrated Map View Nucleic Acids Res, 28: 97-102 Sakata,K., Nagamura,Y., Numa,H., Antonio,B.A., Nagasaki,H., Idonuma,A.Watanabe,W., Shimizu,Y., Horiuchi,I., Matsumoto,T., Sasaki,T. & Higo,K. (2002) RiceGAAS: an automated annotation system and database for rice genome sequence Nucleic Acids Res, 30: 98-102 Namiki,N., Antonio,B.A., Idonuma.A.,Masukawa,M., Shibata,M., Ito,Y.,Yamamoto,M., Ohta,I., Mukai,Y.,Naitoh,S., Katayose,Y., Matsumoto,T.,Nagamura,Y. & Sasaki,T. (2003) Rice Genome Annotation Pipeline System in RGP. Rice Genetics Newsletter 20: 119-121	Sasaki,T. (2001) The Rice genome Project in Japan. Dealing with Genetically Modified Crops, pp.102-109, ed.by Wilson,R.F.,Hou,C.T. & Hildebrand,D.F., AOCS Press, Champaign, Illinois Sasaki,T. & Sederof,R.R. (2003) Genome Studies and Molecular Genetics: The Rice Genome and Comparative Genomics of Higher Plants. Editorial Overview Current Opinion in Plant Biology, 6, 97-100 Sasaki,T. (2003) Rice Genome Analysis: Understanding the Genetic Secrets of the Rice Plant. Breeding Science. 53:281-289 Sasaki,T. & Antonio,B.A. (2004) Rice Genomes as AModel System for Cereals. (review) Cereal Genomics, pp.535-557, Gupta, P.K.& Varshney,R.K.(eds) Kluwer Academic Publishers	RiceGAAS(http://ricegaas.dna.affrc.go.jp/) INE http://rgp.dna.affrc.go.jp/giot/INE.html
ゲノム関連情報を用いたアノテーションの高精度化	Ito,Y., Arikawa,K., Antonio,B.A., Ohta,I., Naito,S., Mukai,Y., Shimano,A.,Masukawa,M., Shibata.M., Yamamoto,M., Ito,Y., Yokoyama,J., Sakai,Y., Sakata,K., Nagamura,Y., Namiki,N., Matsumoto,T., Higo,K. & Sasaki,T. (2005) Rice Annotation Database (RAD); A Contig-oriented Database for Map-based Rice Genomics. Nucleic Acids Research 33: D651-D655	Antonio,B.A., Sakata,K., & Sasaki,T. (2001) Bioinformatics and the Rice Genome (review). Rice Genetics IV (Proceedings of the Fourth International Rice Genetics Symposium 2000) pp.293-305, ed by Khush,G., Brar,D.S.& Hardy,B. Sasaki,T. (2004) Rice Genome Sequence Analysis and the Development of Rice Science. (review) Farming Japan 38: 18-24 佐々木卓治 (2003) イネゲノム全塩基配列解読による植物生命科学の新展開 実験医学、21、1598-1603 佐々木卓治 (2002) イネゲノム全塩基配列獲得とそこに隠された遺伝暗号の解読 プレインテクノニュース、92、1-6	アノテーションを INE http://rgp.dna.affrc.go.jp/giot/INE.html、RAD http://rad.dna.affrc.go.jp/より公開

プロジェクト研究の事後評価（自己評価）シート

〔作成年月日〕平成17年2月

事業名	植物（イネ）ゲノム研究 ゲノム研究基盤の整備 「イネ・ゲノムの全塩基配列の解明」	担当課	先端産業技術研究課
事業費	105.6億円		
事業の概要	(1)目的	我が国農業において極めて重要な農作物であり、かつ、ゲノムサイズが主要穀類の中で最も小さいイネについて、世界に先んじてゲノムの全塩基配列を明らかにしていくとともに、農業上重要な遺伝子の特許化、画期的組換え農作物の開発等のための基盤の確立を図る。	
	(2)内容	(1) イネ・ゲノムの効率的解析技術の開発 (2) イネ・ゲノムの全塩基配列の解読 (3) ゲノム情報の解明技術の開発	
	(3)研究実績	○国際コンソーシアムが成したイネ12本全染色体の物理地図に基づき、全ゲノムをカバーする最小セットのPAC/BAC/フォスミドクローンを3462個確定 ○イネゲノム上に6591のマーカーを有する発現遺伝子地図を完成し公開 ○イネゲノムの86%, 308Mbをカバーする全ゲノム物理地図を作成 ○平成16年12月に国際コンソーシアムはイネゲノム配列解読370Mbの終了を宣言し、わが国は全体の55%に相当する領域のデータを公開 ○高等植物では初めて第8染色体セントロメアコア及び両側に隣接する領域（約1.97Mb）について完全解読に成功 ○全長cDNA配列を込み込んだアノテーション系を完成させ、6本の染色体に整列化された完全解読1798クローンのアノテーションを完了し、公的データベース、INE及びRADから公開	
評価結果	必要性	a. 成果の科学的、社会・経済的意義 イネゲノムの高精度塩基配列の情報は、イネ、イネ科穀類、植物学に計り知れない効果を及びすものである。	
	効率性	a. 投入した研究資源の妥当性 99.99%以上の高精度配列をゲノム上の存在箇所の確定と併せて行ったことを考えると、妥当な投資であった。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 国際研究体制を組んで行った研究であり、不自由な面もあったと思われるが、それを差し引いても計画や実行体制は妥当であった。	
	有効性	a. 研究目標の達成度 ○達成目標 全塩基配列の解読	

塩基配列から遺伝子等を迅速に推定する技術を開発

○実績

平成16年12月に完全解読を達成。

完全長cDNA配列を積み込んだアノテーション系を完成させ、6本の染色体に整列化された完全解読1798クローンのアノテーションを完了し、公的データベース、INE及びRADから公開

b. 研究成果の実績・インパクト

第1染色体塩基配列の解読結果を2002年に「nature」に発表する等、本研究成果は世界的に高く評価され、世界のイネ研究の進展に多大なインパクトを与えた。

c. 研究の波及可能性

イネは人類にとって最も重要な植物の一つであり、この成果は遺伝学上極めて重要な成果であると同時に、作物育種にとっても重要な情報を提供することが期待される成果であることから、その波及可能性は計り知れない。

研究開発評価個票

研究課題名	植物（イネ）ゲノム研究 遺伝子の単離・機能解明研究 「タンパク質の構造解析利用型」	研究期間	平成１２～１６年 度
事業費	２２．３億円		
〔課題の概要〕 近年、急速に進展しつつあるタンパク質の網羅的解析や立体構造解析、あるいは構造・機能推定技術等に関する研究を一層推進し、こうしたタンパク質レベルの解析手法を新たに導入することにより、従来のＤＮＡレベルでの解析手法では見出せなかった機能性物質生合成関連遺伝子等有用遺伝子の効率的な単離と機能解明に関する研究を加速する。 具体的な研究内容として、 (１) タンパク質の構造・機能の網羅的解析と有用遺伝子の単離・機能解明 (２) タンパク質の立体構造と機能の相関解明 (３) タンパク質の立体構造と機能の予測手法の開発 (４) タンパク質立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明 を行う。			
〔必要性〕 a. 成果の科学的、社会・経済的意義 イネプロテオーム及び立体構造のデータベースの作成と公開、生物機能が注目される２０数個のタンパク質及び立体構造の解明、プロテオミクスを利用した遺伝子機能の解明、遺伝子機能予測手法の開発など、今後、植物生命科学とそれに基づくバイオテクノロジーのさまざまな局面で利用されることが期待される成果を生んでいることから、科学的及び社会的意義は大きい。			
〔効率性〕 a. 投入した研究資源の妥当性 研究体制の再編成を繰り返す中で、集中的な取り組みを強化することで効率的な研究資源の配分が図られた上で、イネプロテオームのデータベースの整備等の成果が得られており、投入した研究資源の妥当性は高いと考えられる。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 当初の計画には、イネゲノムにそぐわない大課題や分散的小課題の存在などの問題が見受けられたが、大幅な再編を繰り返すことによって大課題を適			

切に再編し、積極的に入れ替えを行っている。また、それに伴い、実施体制も整備され、プロジェクトの推進に貢献したことから、研究計画・実施体制は妥当であったと考えられる。

〔有効性〕

a. 研究目標の達成度

データベース（イネプロテオーム、立体構造データベース等）作成・公開のみならず、新規な解析技術への取り組みも行われ、当初の目的を達成できたものと判断される

b. 研究成果の実績・インパクト

研究成果は、国内外における関連分野の雑誌に多く掲載されており、十分な実績が認められる。また、イネプロテオーム、立体構造データベースなどをインターネット上で公開していることから、今後、この分野で活用されることが期待され、インパクトは大きい。

d. 研究の波及可能性

本プロジェクトに参画した研究者がプロテオーム研究の重要性を認識する機会となるとともに、本研究において開発された研究手法や成果は他の研究分野にも取り上げられることが期待され、今後の波及効果が期待できる。

【評価結果】

客観的かつ透明な評価のために行った高い見識や高度の専門知識を有する外部専門家による総括的な評価の結果、研究目的はほぼ達成しており、本研究は妥当であったと判断される。

今後、本プロジェクトで得られた成果が有効に活用されることを期待したい。

《外部学識経験者の意見》

プロジェクトが開始された時点において、参加者全てがプロテオーム解析に精通した研究者であったわけではないが、漸次、研究組織の整備とともに、設定されたゴールに向けて成果があげられるようになり、初期の目標を達成できたものと判断される。今後は、本プロジェクトで得られた成果を有効に活用されることが重要となろう。

評 価 資 料

- 研究課題評価分科会による
中間評価結果
- 研究開発の概要資料
- 自己評価シート

プロジェクト研究の事後評価票

プロジェクト研究名		植物（イネ）ゲノム研究 遺伝子の単離・機能解明研究 「タンパク質の構造解析利用型」	
評価項目		項目毎の評価基準	特記事項
必要性	a. 成果の科学的、 社会・経済的意義	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	イネプロテオームのデータベースを作成しあげた成果は評価に値する。プロジェクトの進捗と共に、目標達成に向けた取り組みも進み、当初の成果をあげたものと判断される。また、機能解明のための蛋白質間相互作用への取り組み、プロテオーム解析からプロテオミクス研究につなげることができたと言える。
	a. 投入した研究資源の妥当性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	イネプロテオームデータベースの作成に向けて、年次的な計画遂行にともなって、プロジェクトへの参加者、取り組みなどの整備により、ある程度、効率的な運用が行われたものと判断する。
効率性	b. 研究計画・実施体制の妥当性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	プロジェクトとしては、概ね妥当であったと判断される。個別には、研究計画の遂行とともに、実施体制も整備され、成果があげられるよう進められたと言える。また、プロジェクト研究に参加した研究者のレベルアップのもつながったものではないかと思われる。
	a. 研究の達成度	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	データベース作成のみならず、新規な解析技術への取り組みも行われ、当初の目的を達成できたものと判断される。
有効性	b. 研究成果の実績・インパクト	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	研究成果は、国内外における関連分野の雑誌に多く掲載され、関連分野の多くの研究者の目に留まるようになってきている。また、プロテオーム・データベースは、このプロジェクトの最も重要なものであるが、植物研究の基盤として活用されていくものと考えられる。
	c. 研究の波及可能性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	研究成果の実用利用とは別に、多くの植物、蛋白質科学、分子生物学の分野の研究者が、本プロジェクトに参加し、植物プロテオーム研究の重要性を認識するたいへん良い機会であったと考えられる。また、そこで上げられた研究手法や成果は、他の研究分野にもとりあげられるようになることが期待される。

総括評価	1 ② 3 予想以上の成果をあげた。 当初の目的をほぼ達成した。 目的の達成は不十分であった。
総合コメント プロジェクトが開始された時点において、参加者全てがプロテオーム解析に精通した研究者であったわけではないが、漸次、研究組織の整備とともに、設定されたゴールに向けて成果があげられるようになり、初期の目標を達成できたものと判断される。今後は、本プロジェクトで得られた成果を有効に活用されることが重要となろう。	

植物(イネ)ゲノム研究 遺伝子の単離・機能解明研究
「タンパク質の構造解析利用型」(事後評価)

1 予算額(単位:億円)

年 度	1 2	1 3	1 4	1 5	1 6	合計
予算額	4.8	4.9	6.8	2.9	2.9	22.3

2 研究目的

(1) 解決すべき問題点及びその現在の状況

これまで、DNAレベルの機能解析手法により有用遺伝子の単離及び機能解明を進めてきたとことであるが、タンパク質レベルの解析を遺伝子単離・機能解明に利用する上では、対象とし得るタンパク質の数や立体構造解析技術などに多くの制約があった。

(2) 本プロジェクト研究が解決しようとしている事項

近年、急速に進展しつつあるタンパク質の網羅的解析や立体構造解析、あるいは構造・機能推定技術等に関する研究を一層推進し、こうしたタンパク質レベルの解析手法を新たに導入することにより、従来のDNAレベルでの解析手法では見出せなかった機能性物質生合成関連遺伝子等有用遺伝子の効率的な単離と機能解明に関する研究を加速する。

3 研究目標

- (1) タンパク質の網羅的解析を活用した機能性物質生合成関連遺伝子等有用遺伝子の単離・機能解析及び特許化
- (2) タンパク質の立体構造形成機構の解明とタンパク質の立体構造制御技術の確立
- (3) タンパク質の立体構造と機能の相関の解明と機能予測手法の確立
- (4) タンパク質の立体構造に基づいて未知遺伝子の機能を解明する

4 研究の推進体制等

○主査(統括責任者)

独立行政法人 農業生物資源研究所 理事長 岩淵雅樹

○副主査

農業生物資源研究所 理事 肥後健一

○総括リーダー

明治大学農学部生命学科環境応答生物学研究室 教授 渋谷直人

○チームリーダー、サブリーダー

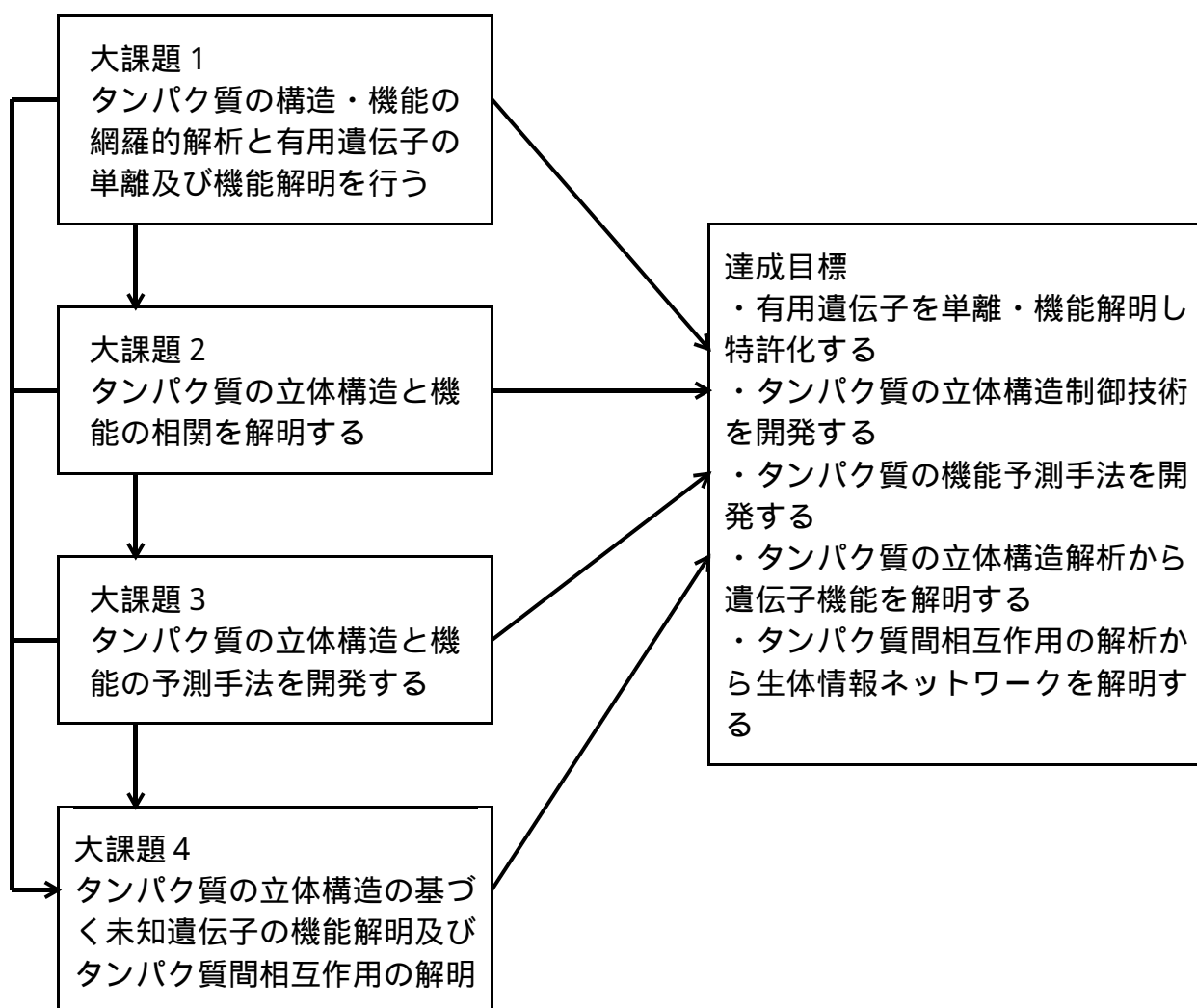
農業生物資源研究所 ゲノム研究グループ DNAバンク長 長村吉晃

生体高分子研究グループ 超分子機能研究チーム長 山崎俊正

5 年次計画

研 究 課 題	研 究 期 間				
	12	13	14	15	16
タンパク質の構造・機能の網羅的解析と有用遺伝子の単離・機能解明	←→				
タンパク質の立体構造と機能の相関解明	←→				
タンパク質の立体構造と機能の予測手法の開発	←→		←→	←→	←→
タンパク質立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明		←→		←→	←→

6 フローチャート



7 研究内容及び現時点までの成果

(1) イネプロテオームデータベース作製のためのイネタンパク質の網羅的構造解析
イネの生育時期・組織特異的、細胞内局在特異的に 23 種類の二次元電気泳動画像から、13,129 個のタンパク質を分離し、5,672 個のタンパク質のアミノ酸配列を決定した。WEB サイト公開、論文発表 10 件、さらに、ここで得られたタンパク質および抗体について「標識されたタンパク質・核酸の製造方法」として特許取得した。

(2) プロテオーム研究で利用可能な手法開発

未だ開発されていないプロテオミクス技術について開発することを目標に課題推進した。その結果、質量分析計を用いた糖タンパク質、リン酸化タンパク質の解析、タンパク質の C 末端アミノ酸配列の決定、ジスルフィド結合の解析、タンパク質間相互作用のハイスループット解析手法を開発した。論文発表 79 件、WEB サイト 2 件と特許出願 1 件の成果を得ている。特に、下記は画期的なものとして評価できる。

- 1) 新しい基盤（ダイヤモンド様炭素被膜基盤）を用いて、ハイスループットなタンパク質間相互作用解析技術の開発は、二次元電気泳動後、直接基盤にタンパク質を転写し、それぞれに相互作用するタンパク質を検出し、質量分析計を用いて構造解析する手法を開発した。
- 2) ジスルフィドプロテオーム解析技術の応用として、ジスルフィド結合タンパク質の特異的蛍光標識とプロテアーゼ耐性試験を組み合わせ、構造的な特徴からアレルゲン性を疑われるタンパク質を検出する技術を開発した。

(3) 機能性タンパク質の総括的解析とその機能解明

従来の遺伝子レベルの解析手法では見いだされなかった機能性タンパク質を検出し、遺伝子単離後、生体情報伝達ネットワークを考慮に入れ機能解明を行った。論文発表 132 件と特許出願 4 件の成果を得ている。特に下記は、プロテオーム解析手法を多いに利用し、成果に結びついている。

- 1) 根における環境応答タンパク質の解析研究では、ディファレンシャルプロテオミクス解析手法で、塩と乾燥で顕著にイネの根で誘導される新規タンパク質を検出した。その遺伝子導入形質転換イネ作出により、塩と乾燥ストレスに対する耐性を獲得していることを証明した。
- 2) 茎葉伸長等に関与する植物ホルモンに応答して変化するタンパク質の解析研究では、植物ホルモンのジベレリンで変動するタンパク質をディファレンシャルプロテオミクス解析手法で検出し、酵母のツーハイブリッド法や免役沈殿法で相互作用するタンパク質群を検出した。それら遺伝子導入形質転換イネ作出により、イネの茎葉伸長や根の生長に関与していることを証明した。

(4) 遺伝子・タンパク質の機能予測

- 1) アミノ酸配列から抽出した有意な情報を基に細胞内局在システム、SortPredを開発した。本ツールでタンパク質の移行すると予測される 5 部位、葉緑体、ミトコンドリア、核、細胞質、シグナルペプチドの同定が可能である。DN

AバンクのWebで公開している。

アミノ酸配列データベース (PROSITE, Pfam) の情報を収集し、データベース化したルールを基に機能予測システムを開発した。イネ及びシロイヌナズナの機能予測結果を公開した

(5) データベース作成

イネ等のタンパク質の立体構造情報 (ファクトデータ) 及び完全長 cDNA 配列情報から予測した立体構造情報 (予測データ) をまとめたタンパク質構造データベースを作成、公開した。

(6) タンパク質の立体構造予測

- 1) フラグメントアセンブリ方式のアブニシオ構造予測システムを開発した。
- 2) 200 残基以上のタンパク質でも予測が可能。

転写・翻訳に関連するOBフォールドをもつRNA結合タンパク質の予測手法を開発した。本システムによりイネ完全長 cDNA クローンから新規なRNA結合タンパク質が多数見いだされた。

(7) タンパク質立体構造に基づく遺伝子機能の解明

- 1) 植物生命科学または農業・産業において重要な機能ネットワークの中枢を担うと想定されるイネタンパク質を中心に 22 種のタンパク質およびタンパク質複合体の立体構造を決定した (X 線結晶回折法で 14 種、溶液 NMR 法で 8 種)。得られた構造に基づいて立体構造と分子機能の相関を検討した。
- 2) 3 種類の高発現・高可溶性の新規 Gateway 対応ベクターを開発し、植物タンパク質の立体構造解析を目指した高効率タンパク質精製法を確立した。
- 3) X 線結晶解析に適した良質のタンパク質結晶の成長に有効なレーザー核発生法と溶液攪拌法など新しい結晶化法を考案した。

原著論文：12, 総説・書籍：2, 学会発表：40, 特許：2

(8) 質量分析法を利用した親和性タンパク質同定法の開発

非変性二次元電気泳動を効率的に行うことができるプラスチック製ディスプレイカラムチューブを開発して実用新案を提出し、これを製品化した。本カラムは非変性電気泳動以外にもさまざまな電気泳動系に利用可能で、当該分野の研究推進に大きく寄与するものと期待される。

原著論文：3, 学会発表：4, 特許：1

(9) タンパク質間相互作用解析法を用いたシグナル伝達系ネットワークの解析

イネの光シグナル伝達系の主要な構成員と想定される遺伝子について酵母 two-hybrid 法による相互作用解析を行った。相互作用が観測された 13 の組合せのうち、5 組が新規な相互作用ペアであった。

学会発表：3

8 研究成果による波及効果

本プロジェクトで作成・公開されたデータベース (イネプロテオーム、立体構造デ

ータベース等)は、インターネット上で公開されており、イネ・植物研究者がタンパクレベルでの情報を利用して研究を進める上で役立つものと期待される。

9 上位計画等

農林水産研究・技術開発戦略

農業分野の研究・技術開発戦略

ゲノム等先端研究・技術開発戦略

2 研究・技術開発の重点課題

(1) ゲノム生物学等を利用した生命科学研究の加速

イ タンパク質の網羅的解析と構造生物学的解明

「高解像2次元電気泳動法の開発及びペプチドシーケンサー並びに質量分析計等を用いたタンパク質のアミノ酸配列解析技術が急速に高度化してきたことから、これらの手法を用いて、早期にイネ各組織の約3,000種のタンパク質解析を行うとともに、タンパク質データベースを構築する。

また、タンパク質の機能発現機構の解明や機能の改変技術の開発を行うため、X線や核磁気共鳴を利用したタンパク質構造解析技術を用いて、タンパク質の機能と構造に関する研究を強化し、早期に有用酵素等タンパク質を20~40種以上、さらにその後50~100種の構造を解析するとともに、タンパク質の構造と機能予測に関する計算科学的手法の基盤を早期に開発し、その後タンパク質の機能改変・デザイン技術を開発する。」

「タンパク質の構造解析利用型」 成果のまとめ

(P R 1 系および 4 系 4203-4210)

特許関係： 6 件

1. 矢野裕之、黒田秧(2003)「アレルギーの検出方法」PCT/JP03/08668
2. 大野清春・小松節子・高岩文雄、標識された核酸またはタンパク質の製造方法、特許第 640288号、平成 1 7 年 1 月 2 8 日
3. 小松節子・加来久敏・岩崎行玄・藤澤由紀子・梅村賢司・岩田道顕、イネ白葉枯病に対し耐性が高められたイネおよびその作出方法、特願2004-002882、平成 1 6 年 1 月 8 日
4. 小松節子・吉川学、薬特異的遺伝子および該遺伝子プロモーター並びにそれら利用、特願2003-133671、日本・米国・カナダ、平成 1 5 年 5 月 1 2 日
5. 小松節子・小柴共一・澤進一郎・橋本誠、ストレスに応答する根特異的遺伝子、特願 2002-144877、日本・米国・カナダ、平成 1 4 年 5 月 2 0 日
6. 小松節子・SHARMA Arun・橋本純治・坂口謙吾、低温ストレスに応答するCRTintP遺伝子およびその利用、特願2002-121275、日本・米国・カナダ、平成 1 4 年 4 月 2 3 日

Web サイト： 3 件

1. <http://www.protein.osaka-u.ac.jp/rcsfp/profiling/download.html>
2. <http://gene64.dna.affrc.go.jp/RPD>
3. <http://proteome.sci.yokohama-cu.ac.jp>

論文関係： 2 2 1 件 (原著論文 + 総説) 一部を下記に示す。

1. T.Nabetani, K.Miyazaki and A. Tsugita, Chemical specific cleavage of asparaginyl peptide bond with aqueous hydrazine vapors and its reaction with post-translational modification groups in proteins, *Res. Commun. Biochem. Cell Molec. Biol.* 4: 205-220. 2000.
2. K.Miyazaki and A.Tsugita, C-terminal sequencing method for peptide and proteins by the reaction with a vapor of perfluoric acid in acetic anhydride, *Proteomics* 4: 11-19, 2004.
3. A.Tsugita, K.Miyazaki, T.Nabetani, T.Nozaawa, K.Kamo and T.Kawakami, Application of chemical cleavage methods to analyze post-translational modification in proteins, *Proteomics* 1: 1082-1091, 2001
4. Y.Iwafune, H.kawasaki, H.Hirano, Identification of three phosphorylation sites in the alpha7 subunit of the yeast 20S proteasome in vivo using mass spectrometry . *Arch Biochem Biophys.* 431(1): 9-15. 2004
5. K.Hanada, H.Hirano, Interaction of a 43-kDa receptor-like protein with a 4-kDa hormone like peptide in soybean. *Biochemistry.* 43(38): 12105-12112. 2004
6. N.Islam, M.Lonsdale NM.Upadhyaya, TJ.Higgins, H.Hirano R.Akhurst, Protein extraction from mature rice leaves for two-dimensional gel electrophoresis and its application in proteome analysis. *Proteomics.* 4(7): 1903-1908. 2004.

- 7.C.Shang T.Shibahara, K.Hanada, Y.Iwafune, H.Hirano,. Mass spectrometric analysis of postranslational modifications of a carrot extracellular glycoprotein. *Biochemistry*. 43(20):6281-6292.2004.
- 8.T.Shibahara, H.Kawasaki, H.Hirano,. Mass spectrometric analysis of expression of ATPase subunits encoded by duplicated genes in the 19S regulatory particle of rice 26S proteasome. *Arch Biochem Biophys*. 421(1): 34-41. 20004
9. H.Miki-Hiroshige, Y.Yamanaka, S.Nakamura, S.Kurata, and H.Hirano,. Changes of protein profiles during pollen development in *Lilium longiflorum*., *Sex Plant Reprod*. 16: 209-214,2004.
10. H.Yano (2003) *Anal. Chem*. 75, 4682-4685.
11. H. Yano, S.Kuroda (2003) *Cereal. Chem*. 80, 172-174.
12. H. Yano et al. (2002) *Proteomics* 2, 1090-1096.
13. S.Komatsu, N.Tanaka (2005) Review - Rice Proteome analysis: A step toward functional analysis of the rice genome. *Proteomics* (on line)
14. S.Komatsu, F.Abbasi, E.Kobori, Y.Fujisawa, H.Kato, Y.Iwasaki (2005) Proteomic analysis of rice embryo: an appoeach for investigating Ga-protein regulated proteins. *Proteomics* (on line)
15. G.Yang, A.Inoue, T.Takasaki, H. Kaku, S.Akao, S.Komatsu (2005) A proteomics approach to analyze auxin-and zinc-responsive protein in rice. *J Proteome Research* (on line)
16. S.Komatsu (2005) Review - Rice Proteome Database: A step toward functional analysis of the rice genome. *Plant Molecular Biology* (on line)
17. H.Konishi, H.Yamane, M.Maeshima, S.Komatsu (2005) Characterization of fructose-bisphosphate aldolase regulated in rice seedling. *Plant Molecular Biology* (on line)
18. H.Konishi, H.Kitano, S.Komatsu (2005) Identification of rice root proteins regulated by gibberellin using proteome analysis. *Plant Cell Environment*, 28: 328-339
19. M.Khan, S.Yang, Y.Iwasaki, Y.Fujisawa, H.Fukuda, S.Komatsu (2005) A gibberellin-regulated protein is phosphorylated by Ca²⁺ -dependent protein kinase, which is downstream to the heterotrimeric G protein in rice root. *Plant Cell Environment* (on line)
20. T.Asano, N.Tanaka, N.Hayashi, S.Komatsu (2005) Genome-wide identification of the rice calcium-dependent protein kinase and its closely related kinase gene families: comprehensive analysis of the CDPKs gene family in rice. *Plant Cell Physiology*, 46: 356-366.
21. S.Komatsu, K. Kojima, K. Suzuki, K. Ozaki, K. Higo (2004) Rice Proteome Database based on two-dimensional polycrylamide gel electrophoresis: its status in 2003. *Nucleic Acids Researches*, 32: 388-392.
22. Y.Yanagawa, J.A.Sullivan, S.Komatsu, G.Gusmarioli, G.Suzuki, T.Ishibashi, Y.Saijo, V.Rubio, S.Kimura, X.W.Deng (2004) COP10 forms a complex with DDB1a DET1 and enhances ubiquitin E2 conjugating activity. *Genes and Development*, 18: 2172-2181.
23. F.Abbasi, S.Komatsu (2004) A proteomic approach to analyze salt-responsive proteins in rice leaf sheath. *Proteomics*, 4: 2072-2081.
24. A.Jan, G.Yang, H.Nakamura, H.Ichikawa, H.Kitano, M.Matsuoka, H.Matsumoto, S.Komatsu (2004) Characterization of xyloglucan endotransglucosylase gene that is up regulated by gibberellin in rice leaf sheath. *Plant Physiology*, 136: 3640-3681.

25. S.Komatsu, G.Yang, N.Hayashi, H.Kaku, K.Umemura, Y.Iwasaki (2004) Alterations by a defect in a rice G protein α subunit in probenazole and pathogen induced responses. *Plant, Cell and Environment*, 27: 947-957.
26. F.Abbashi, H. Onodera, H. Tanaka, S. Toki, S.Komatsu (2004) OsCDPK13, a calcium-dependent protein kinase gene from rice, is induced by cold and gibberellin in rice leaf sheath. *Plant Molecular Biology*, 55: 541-552.
27. A.Sharma, M.Isogai, T.Yamamoto, K.Sakaguchi, J.Hashimoto, S.Komatsu (2004) A novel interacting between calreticulin and ubiquitin-like nuclear protein in rice. *Plant Cell Physiology*, 45: 684-692.
28. M.Hashimoto, L.Kissleva, S.Sawa, T.Furukawa, S.Komatsu, T.Koshiha (2004) A novel rice PR10 protein, RSOs PR10, specifically induced in roots by biotic and abiotic stressors possibly via jasmonic acid signaling pathway. *Plant Cell Physiology*, 45(5): 550-559.
29. N.Tanaka, M.Fujita, H.Handa, S.Murayama, M.Uemura, Y.Kawamura, T.Mitsui, S.Mikami, Y.Tozawa, T.Yoshinaga, S.Komatsu (2004) Proteomics of the rice cell: systematic identification of the protein population in subcellular compartments. *Molecular Genetics Genomics*, 271: 566-576.
30. N.Tanaka, H.Konishi, M.Khan, S.Komatsu (2004) Proteome analysis of leaf sheath, root and suspension cultured cell and identification of the gibberellin regulated proteins. *Molecular Genetics Genomics*, 270: 485-496.
31. S.Komatsu, H.Konishi, S.Shen, G.Yang (2003) Review - Rice Proteomics : A step towards functional analysis of the rice genome. *Molecular Cellular Proteomics*, 2(1): 2-10.
32. M.Yoshikawa, G.Yang, K.Kawaguchi, S.Komatsu (2003) Expression of OsTUB isotype genes in rice. *Plant Cell Physiology*, 44(11): 1202-1207.
33. H.Konishi, K.Ishiguro, S.Komatsu (2001) A proteomics approach towards understanding blast fungus infection of rice grown under different levels of nitrogen fertilization. *Proteomics*, 1: 1162-1171.
34. A.Sharma, S.Komatsu (2002) Involvement of a Ca^{2+} -dependent protein kinases component downstream to the gibberellin-binding phosphoprotein, RuBisCO activase, in rice. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 290(2): 690-695.
35. S.Shen, M.Matsubae, T.Takao, N.Tanaka, S.Komatsu (2002) A preteomics analysis of leaf sheath from rice. *J. Biochem.*, 132: 613-620.
36. A.Sharma, M.Matsuota, H.Tanaka, S.Komatsu (2001) Antisense inhibition of a BRI1 receptor reveals additional protein kinase signaling components downstream to the perception of brassinosteroids in rice. *FEBS Letters*, 507: 346-350.
37. R.Rakwal, S.Komatsu (2000) Role for jasmonate in rice (*Oryza sativa* L.) self defense mechanism using proteome analysis. *Electrophoresis*, 21, 2492-2500.

(3 系)

原著論文

- 1) T. Ishida, T. Nishimura, M. Nozaki, T. Inoue, T. Terada, S. Nakamura, K. Shimizu: Development of an ab initio protein structure prediction system ABLE, Proceedings of the 14th International Conference on Genome Informatics (GIW 2003), pp.228-237 2003
- 2) K. Iwata, H. Nojiri, K. Shimizu, T. Yoshida, H. Habe, and T. Omori: Expression, purification, and characterization of 2'-aminobiphenyl-2,3-diol 1,2-dioxygenase from carbazole-degrader pseudomonas resinovorans strain CA10, Bioscience Biotechnology Biochemistry, 67, 300-307 2003
- 3) W. Kaneko, A. Nomoto, Y. Watanabe, K. Shimizu and S. Nakamura: Design and implementation of a parallel programming environment based on distributed shared arrays, Proceedings of the fifth International Symposium on High Performance Computing 2003
- 4) M. Yao, A. Ohsawa, S. Kikukawa, I. Tanaka, and M. Kimura: Crystal structure of hyperthermophilic archaeal initiation factor 5A: a homologue of eukaryotic initiation factor 5A(eIF5A). J. Biochem. 133: 75-81 2003
- 5) Y. Kouzuma, M. Mizoguchi, H. Takagi, H. Fukuhara, M. Tsukamoto, T. Numata, and M. Kimura: Reconstitution of archaeal ribonuclease P from RNA and four protein components., Biochem. Biophys. Res. Commun. 306: 666-673 2003
- 6) K. Iwasaki, S. Kikugawa, S. Kawamura, Y. Kouzuma, I. Tanaka, and M. Kimura: On the interaction of ribosomal protein L5 with 5S rRNA., Biosci. Biotechnol. Biochem. 66: 103-109 2002
- 7) T. Hayashi, M. Tahara, K. Iwasaki, Y. Kouzuma, and M. Kimura: Requirement for C-terminal extension to the RNA binding domain for efficient RNA binding by ribosomal protein L2., Biosci. Biotechnol. Biochem. 66:682-684 2002

その他 4 報

学会発表

- 1) Yukiko Fujiwara and Minoru Asogawa: "Prediction of Subcellular Localizations using Amino Acid Composition and Order", Genome Informatics, Vol.12, p.103-112, 2001.
- 2) 西村健, 中村周吾, 清水謙多郎: ab initio タンパク質立体構造予測の応用、日本生物物理学会第 41 回年会, B036 2003
- 3) 喜久川 真悟、竹原 英毅、木村 誠、久原 哲: OB-フォールドを持つ RNA 結合タンパク質の予測法, 日本分子生物学会 2003

その他 19 発表

< Web 公開 >

- 1) 麻生川稔、SortPred, <http://sortpred.dna.affrc.go.jp/SortPred/>, 2004
- 2) 荒木次郎、Comparative Proteome for Plant, [http://www.sequence.info/Comparative Plants/](http://www.sequence.info/Comparative%20Plants/), 2004

3) 長村吉晃, 山崎俊正, 加藤悦子

タンパク質構造データベース, <http://structure.rice.dna.affrc.go.jp/index>, 平成 15 年 6 月公開

(4 系)

原著論文

- 1) Kobayashi T, Mishima M, Akagi K, Sakai N, Katoh E, Takano M, Yamazaki T, Kojima C. ^1H , ^{15}N , and ^{13}C backbone and side-chain assignments of the rice phytochrome B PAS1 domain and backbone assignments of the PAS1-PAS2 domain. *J. Biomol. NMR* in press (2005).
- 2) Kezuak Y, Kitazaki K, Itoh Y, Watanabe J, Takaha O, Watanabe T, Nishizawa Y, Nonaka T. Crystallization and preliminary X-ray analysis of plant class I chitinase from rice. *Protein and Peptide Lett.* 11: 401-405 (2004).
- 3) Hirata A, Adachi M, Utsumi S, Mikami B. Engineering of the pH optimum of *Bacillus cereus* beta-amylase: conversion of the pH optimum from a bacterial type to a higher-plant type. *Biochemistry* 43: 12523-12531 (2004).
- 4) Kang Y-N, Adachi M, Utsumi S, Mikami B. The roles of Glu186 and Glu380 in the catalytic reaction of soybean beta-amylase. *J. Mol. Biol.* 339: 1129-1140 (2004).
- 5) Adachi H, Takano K, Matsumura H, Inoue T, Mori Y, Sasaki T. Protein crystal growth with a two-liquid system and stirring solution. *J. Synchrotron Radiat.* 11: 121-124 (2004).
- 6) Hirata A, Adachi M, Sekine A, Kang Y-N, Utsumi S, Mikami B. Structural and enzymatic analysis of soybean β -amylase mutants with increased pH optimum. *J. Biol. Chem.* 279: 7287-7295 (2004).
- 7) Izui K, Matsumura H, Furumoto T, Kai Y. Phosphoenolpyruvate carboxylase: Three-dimensional structure and molecular mechanisms. *Annu. Rev. Plant. Biol.* 55: 69-84 (2004).
- 8) Kang Y-N, Adachi M, Mikami B, Utsumi S. Change in the crystal packing of soybean beta-amylase mutants substituted at a few surface amino acid residues. *Protein Eng.* 16: 809-817 (2003).
- 9) Hosada K, Imamura A, Katoh E, Hatta T, Tachiki M, Yamada H, Mizuno T, Yamazaki T. Molecular structure of the GARP family of plant Myb-related DNA binding motifs of the *Arabidopsis* response regulator. *Plant Cell* 14: 2015-2029 (2002).
- 10) Fujimoto Z, Kobayashi O, Kaneko S, Momma M, Kobayshi H, Mizuno H. Crystallization and preliminary X-ray crystallographic studies of rice α -galactosidase. *Acta Crystallogr.* D58: 1374-1375 (2002).
- 11) Okano Y, Mizohata E, Xie Y, Matsumura H, Sugawara H, Inoue T, Yokota A, Kai Y. X-ray structure of *Galdieria* Rubisco complexed with one sulfate ion per active site. *FEBS Lett.* 527: 33-36 (2002).
- 12) Matsumura H, Xie Y, Shirakata S, Inoue T, Yoshinaga T, Ueno Y, Izui K, Kai Y. Crystal

structure of active state C4-form maize and quaternary complex of E. coli phosphoenolpyruvate carboxylases: Implication for the mechanisms of the carboxylation reaction and allosteric regulation. *Structure* 10: 1721-1730 (2002).

総説

- 1) 加藤静恵、加藤悦子、NMR を用いて植物タンパク質複合体形成のメカニズムを探る。科学と生物 42: 641-643 (2004).
- 2) Kai Y, Matsumura H, Izui K. Phosphoenolpyruvate carboxylase: Three-dimensional structure and molecular mechanisms. *Arch. Biochem. Biophys.* 414: 170-179 (2003).

特許

- 1) 加藤悦子、加藤静恵、角田由紀、赤木香予、南栄一、西澤洋子、ユブキチン依存型タンパク質分解系を利用した生体内タンパク質分解システム、およびそのシステムを利用したタンパク質の機能解明方法。特願 2004-24734, 2004-08-26.
- 2) 児嶋長次郎、小林俊達、三島正規、河野俊之、NMR 測定方法および該測定方法に用いるための構造物。特願 2002-304629 (2002).

学会発表

- 1) 児嶋長次郎、イネ・フィトクロム C 末端ドメインの立体構造と分子機能。第 46 回植物生理学会年会 (2005).
- 2) 山崎俊正、Reay Paul、鈴木倫太郎、酒井伸也、加藤悦子、高野誠、イネ赤色光受容体フィトクロム A の PAS1 度メインの溶液構造。第 43 回 NMR 討論会 (2004).
- 3) Kobayashi T, Tabata R, Mishima M, Akagi K, Sakai N, Katoh E, Takano M, Yamazaki T, Kojima C. Solution structure of rice phytochrome B nuclear localize signal domain. The XXI International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems (2004).
- 4) 加藤悦子、角田由紀、平野博之、植物転写因子 DL タンパク質の NMR による立体構造解析。第 27 回日本分子生物学会 (2004).
- 5) 角田由紀、加藤静恵、赤木香予、菊池孝司、酒井伸也、三浦準、加藤悦子、植物タンパク質の立体構造解析を目指した高効率タンパク質精製法の確立。第 27 回日本分子生物学会 (2004).
- 6) Kawaguchi Y, Kouno T, Komatsu S, Miura J, Katoh E, Yamazaki T, Mizuguchi M, Kawano K. Three-dimensional structure of rice calreticulin P-domain by NMR spectroscopy. The 1st Pacific-Rim International Conference on Protein Science (2004).
- 7) 久米田博之、小椋賢治、朝山宗彦、加藤静恵、加藤悦子、稲垣冬彦、イネ由来 NifU 類似タンパク質の立体構造解析。第 43 回 NMR 討論会 (2004).
- 8) 野中剛、吉田昭子、酒井伸也、加藤悦子、稲垣言要、山崎俊正、三木邦夫、イネ由来のヌクレオシド 2 リン酸キナーゼ 2 の X 線結晶構造解析。日本結晶学会年会 (2004).
- 9) 熊坂崇、酒井伸也、加藤悦子、上野剛、山本雅貴、矢野昌裕、井沢毅、山崎俊正、田中信夫、イネ開花関連蛋白質 FT-L6 の結晶構造。日本結晶学会年会 (2003).
- 10) 角田由紀、加藤静恵、赤木香予、酒井伸也、田代裕美子、三浦純、加藤悦子、Gateway

system を用いた迅速なイネ遺伝子のクローニング法。日本分子生物学会 (2002).

11) Yamazaki T, Katoh E, Mizuno H, Shibuya N. Structural genomics/proteomics project of rice in Japan. International Conference on Structural Genomics (2002).

その他 29 件

プロジェクト研究の事後評価（自己評価）シート

〔作成年月日〕平成17年2月

事業名	植物（イネ）ゲノム研究 遺伝子の単離・機能解明研究 「タンパク質の構造解析利用型」	担当課	先端産業技術研究課
事業費	22.3億円		
事業の概要	(1)目的	近年、急速に進展しつつあるタンパク質の網羅的解析や立体構造解析、あるいは構造・機能推定技術等に関する研究を一層推進し、こうしたタンパク質レベルの解析手法を新たに導入することにより、従来のDNAレベルでの解析手法では見出せなかった機能性物質生合成関連遺伝子等有用遺伝子の効率的な単離と機能解明に関する研究を加速する。	
	(2)内容	(1) タンパク質の構造・機能の網羅的解析と有用遺伝子の単離・機能解明 (2) タンパク質の立体構造と機能の相関解明 (3) タンパク質の立体構造と機能の予測手法の開発 (4) タンパク質立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明	
	(3)研究実績	○ 13,129 個のタンパク質を分離し、5,672 個のタンパク質のアミノ酸配列を決定 ○ タンパク質間相互作用のハイスループット解析手法を開発 ○ アミノ酸配列から抽出した有意な情報を基に細胞内局在システム、SortPredを開発 ○ イネ等のタンパク質の立体構造情報（ファクトデータ）及び完全長cDNA配列情報から予測した立体構造情報（予測データ）をまとめたタンパク質構造データベースを作成、公開 ○ 3種類の高発現・高可溶性の新規 Gateway 対応ベクターを開発し、植物タンパク質の立体構造解析を目指した高効率タンパク質精製法を確立フラグメントアセンブリ方式のアプニシオ構造予測システムを開発等の成果をあげている。	
評価結果	必要性	a. 成果の科学的、社会・経済的意義 本プロジェクトでは、イネプロテオーム及び立体構造の作成と公開、生物機能が注目される20数個のタンパク質及び立体構造の解明プロテオミクスを利用した遺伝子機能の解明、遺伝子機能予測手法の開発など、今後、植物生命科学とそれに基づくバイオテクノロジーのさまざまな局面で利用されることが期待される成果を生んでいる。また、本プロジェクトを通じて、植物研究者の間にプロテオーム解析技術が普及されたことや、構造生物学と連携して研究を進める機運を作ったことも今後の関連研究の発展において重要な貢献と考えられる。	
	効率性	a. 投入した研究資源の妥当性	

果	研究体制の再編成を繰り返す中でプロテオーム解析センターや立体構造解析用タンパク試料の一括供給体制の確立、あるいは構造解析チームの一体的な取り組みなど、集中的な取り組みを強化することで効率的な研究資源の配分が図られたことから、概ね妥当である。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 当初の計画には、イネゲノムにそぐわない大課題や分散的小課題の存在などの問題が見られたが、大幅な再編を繰り返すことによって大課題を適切に再編した。また、毎年度の推進評価会議において個別課題を厳しく評価し、積極的に入れ替えを行った。なお、効率的研究推進に資するための解析センターやタンパク質供給チームの設置、解析チームの一体的取り組みなど、種々の新しい取り組みが行われ、結果的にプロジェクトの推進に貢献したことから、適切であったと考えられる。
有効性	a. 研究目標の達成度 ○「タンパク質の立体構造と機能の予測手法の開発」では、タンパク質の細胞内局在を予測する手法、ab-initioタンパク質構造予測システム、RNA結合タンパク質の予測手法及びタンパク質情報データベース等の成果が得られており、当初の目標をほぼ達成した。 ○「タンパク質の立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明」において、立体構造解析に関しては25-30の構造解析が見込まれ、機能的に興味深いものが多く含まれている。また、プロテオーム分野においても新技術や遺伝子機能の解明に成果があがっており、ほぼ当初の目的を達成した。 b. 研究成果の実績・インパクト 多数の論文が発表され、イネプロテオーム、立体構造データベースなどもインターネットで公開していることから、イネ及び植物研究者の広く利用されることが期待される。また、機能解明につながった遺伝子に関しては、将来の品種改良などに利用されることが期待される。 c. 研究の波及可能性 本プロジェクトで作成し公開されたデータベースは、多くのイネ・植物研究者がタンパクレベルでの情報を利用して研究を進める上で役立つものである。また、育種や生理・生化学研究者と構造生物学研究者の連携モデルを示したことは、今後の関連分野の研究に新たな切り口を開くものと期待される。

研究開発評価個票

研究課題名	植物（イネ）ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究 「イネ・ゲノムシミュレーターの開発」	研究期間	平成 13 ～ 16 年度
事業費	29.1 億円		
〔課題の概要〕 イネ・ゲノム研究の塩基配列データ、機能解析データに加え、育種現場での特性データ等を相互に関連づけ統合し、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)の開発を目指す。			
〔必要性〕 a. 成果の科学的、社会・経済的意義 イネゲノム研究で蓄積された膨大なデータを体系化し、ゲノム情報の産業利用を実現させるためには必要な研究分野であり、また、世界的にも急速に発展し注目されているバイオインフォマティクス(生命情報学)分野でもあり、我が国が世界に先駆けて着手した科学的意義は大きい。			
〔効率性〕 a. 投入した研究資源の妥当性 研究内容とそれに必要な研究資源に関し、課題によっては過不足を生じたものもあったが、研究期間及び研究資源が削減された中で、イネ・ゲノムデータベースの整備において目的とした研究成果が得られている。これらの成果を金銭換算することは困難であるが、成果に対して投入した研究資源は概ね妥当と考えられる。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 データベースの構築に関しては、期待された成果が得られており、概ね研究計画は妥当であったと考えられる。 実施体制については、情報系企業や先端的な研究を進めている大学との協力分担に取り組んでおり、概ね妥当であった。ただし、生物系の研究者とシステムエンジニアとの一体化をもっと早く行うべきであった。			
〔有効性〕 a. 研究目標の達成度 達成目標として掲げていた、イネゲノム機能解析研究を促進するためのデ			

データベース構築及びソフトウェアの開発については各種イネ・ゲノムデータベース（遺伝子予測 DB、プロテオーム DB、育種学 DB 等）を構築しており、ほぼ目標を達成した。

しかしながら、イネゲノム解析研究の成果を品種改良等に役立てるためのシミュレーターなどの新しい情報科学的手法の開発については、総合科学技術会議の優先順位における指摘を踏まえた予算の大幅な削減により、平成 16 年度以降は開発を中止したことから、達成は不十分であった。

b. 研究成果の実績・インパクト

多数の論文・特許が出されているほか、整備された各種データベースがインターネット上で公開され、国内外の多くの研究者に利用されている。

さらに、本プロジェクトで開発された生育モニタリングシステムは商品化されおり、本研究成果のインパクトは大きい。

d. 研究の波及可能性

各種データベースは、広くインターネット上で公開されており、他の分野での研究への利用が期待される。今後は、外部のデータベースとのリンクや、プログラムの改良版作成等のサポート次第では大きな波及効果が期待される。

【評価結果】

客観的かつ透明な評価のために行った高い見識や高度の専門知識を有する外部専門家による総括的な評価の結果、予算や研究期間が削減されたなかで実行された研究課題の目的はほぼ達成したと評価されており、本研究の実施は概ね妥当であったと判断される。

なお、本研究は、ポストゲノム研究として意義の大きいものと考えられるが、外部者への理解が不足しており、十分な予算や研究期間が獲得できなかった。今後は、研究計画や成果をわかりやすく外部にアピールすることも重視してもらいたい。

《外部学識経験者の意見》

本プロジェクトは、世界に先駆けたシステムバイオロジープロジェクトとして多くの優秀な研究グループを動員してスタートしたにもかかわらず、きわめて初期における評価によって縮小・中断となった。

このような状況にありながら、本プロジェクトによっていくつかの優れたデータベースが作成される等、短期間に良い成果を挙げた。将来にわたって、これらを維持、改良していくべきことは言うまでもないが、そのためには、これらのデータベースの意義を理解し必要性を感じるコミュニティを形成し、ユーザーからの要望に添った形を作り上げていくことが重要である。

また、本プロジェクトは、ポストゲノム研究として大変意義の大きいもの

であるため、多くの科学者によく理解してもらえるように、各課題担当者は、このプロジェクトの計画や成果についてもっとアピールすべきであった。

評 価 資 料

- 研究課題評価分科会による
中間評価結果
- 研究開発の概要資料
- 自己評価シート

プロジェクト研究の事後評価票

プロジェクト研究名		植物（イネ）ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究 「イネ・ゲノムシミュレーターの開発」	
評価項目		項目毎の評価基準	特記事項
必要性	a. 成果の科学的、 社会・経済的意義	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	システムバイオロジーはポストゲノムの大きな研究分野として世界的に注目されており、本プロジェクトが世界に先駆けて着手したことの意義は大きい。
	a. 投入した研究資源の妥当性	A：高い Ⓑ：やや高い C：やや低い D：低い	研究内容とそれに要するハードウェア、人的資源が精査されていないため、課題より大きな過不足が生じていた。
有効性	b. 研究計画・実施体制の妥当性	A：高い Ⓑ：やや高い C：やや低い D：低い	生物系の研究者とシステムエンジニアとの一体化を当初からすべきであった。
	a. 研究の達成度	A：高い Ⓑ：やや高い C：やや低い D：低い	データベース関連は概してまずまずの達成度であるが、シミュレーション関連は、実験系、計算機系とも系の確立と同時に予算が削減されたため、達成度は低い。
	b. 研究成果の実績・インパクト	A：高い Ⓑ：やや高い C：やや低い D：低い	データベース関連は、今後のサポート次第で大きな波及効果をもちうる。
	c. 研究の波及可能性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	一部の研究は、他の分野へも応用可能。
総括評価		① 予想以上の成果をあげた。 ② 当初の目的をほぼ達成した。 ③ 目的の達成は不十分であった。	
総合コメント 本プロジェクトは、世界に先駆けたシステムバイオロジープロジェクトとして多くの優秀な研究グループを動員してスタートしたにもかかわらず、きわめて初期における評価によって縮小・中断となった。時代に逆行した判断であった。 このような状況にありながら、本プロジェクトによっていくつかの優れたデータベースが作成される等、短期間に良い成果を挙げた。将来にわたって、これらを維持、改良していくべきことは言うまでもないが、そのためには、これらのデータベースの意義を理解し必要性を感じるコミュニティを形成し、ユーザーからの要望に添った形を作り上げていくことが重要である。 また、本プロジェクトは、ポストゲノム研究として大変意義の大きいものであるため、多くの科学者によく理解してもらえるように、各課題担当者は、このプロジェクトの計画や成果についてもっとアピールすべきであった。			

植物(イネ)ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究
「イネ・ゲノムシミュレーターの開発」(事後評価)

1 予算額(単位:億円)

年 度	1 3	1 4	1 5	1 6	合計
予算額	12.4	11.0	3.2	2.5	29.1

2 研究目的

(1) 解決すべき問題点及びその現在の状況

イネ・ゲノム研究については、これまで日本が中心になって進めてきた結果、現在、世界をリードしているが、米国企業を含め、国際的に激しい研究競争が行われるようになってきている。平成12年度からはミレニアム・プロジェクトの一環として、イネ・ゲノム研究を加速化しているところであるが、生み出される膨大なゲノム情報を生命科学と情報科学を融合したバイオインフォマテックス(生命情報科学)技術により効率よく処理することによりイネの設計図を理解し、その活用を早期化・効率化を図る必要がある。

(2) 本プロジェクト研究が解決しようとしている事項

イネ・ゲノム研究の塩基配列データ、機能解析データに加え、育種現場での特性データ等を相互に関連づけ統合し、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)の開発を目指す。

3 研究目標

- (1) イネゲノム機能解析研究を促進するためのデータベース構築及びソフトウェアの開発
- (2) イネゲノム解析研究の成果を品種改良等に役立てるためのシミュレーターなどの新しい情報科学的手法の開発

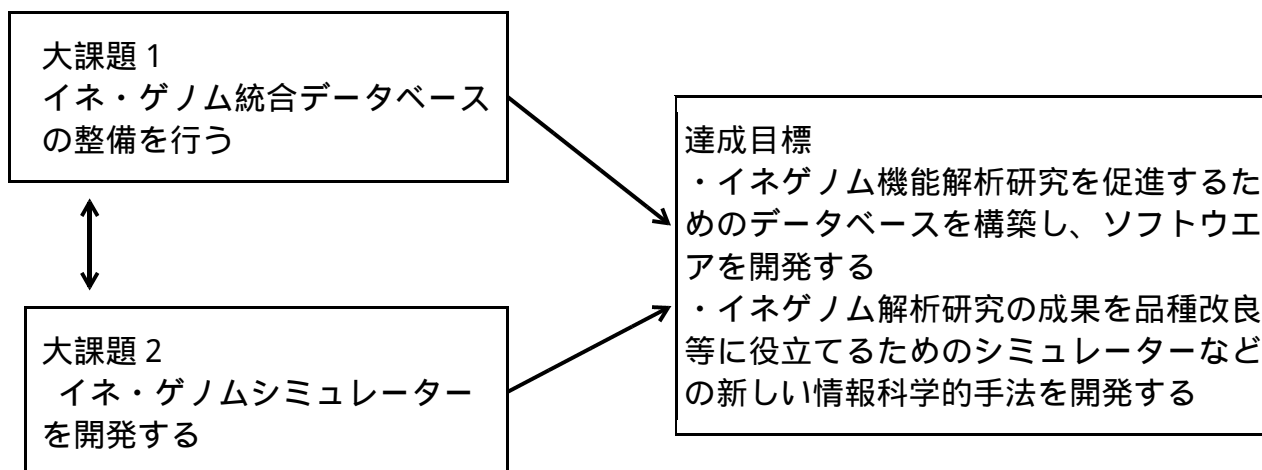
4 研究の推進体制等

- 主査(統括責任者)
- (独)農業生物資源研究所 理事長 岩淵雅樹
- 副主査・総括リーダー
- (独)農業生物資源研究所 理事 肥後健一
- チームリーダー
- 1系(独)農業生物資源研究所 ゲノム研究グループ DNAバンク長 長村吉晃
- 2系 三菱スペース・ソフトウェア(株)つくば事業部第三技術部担当部長 坂田克己

5 年次計画

研 究 課 題	研 究 期 間						
	13	14	15	16	17	18	19
イネ・ゲノム統合データベースの整備	←		→	←	→		
イネ・ゲノムシミュレーターの開発	←		→				

6 フローチャート



7 研究内容及び現時点までの成果

(1) イネ・ゲノム統合データベースの整備

塩基配列・機能解析・タンパク質構造解析等のゲノムデータ、育種現場での特性データ等を相互に関連づけた統合データベースを整備する。16年度までに、各種イネ・ゲノムデータベース（遺伝子予測DB、プロテオームDB、育種学DB等）をインターネット上で公開している。

(2) イネ・ゲノムシミュレーターの開発

生命科学技術と情報科学技術の融合により専用ソフトウェアを開発し、コンピュータ上でイネ等農作物内での遺伝子の機能を予測したり品種改良実験を行う仮想実験システムを開発する。15年度までにイネ葉細胞基本代謝系の全動的モデル等、シミュレーターの基盤を構築した。

8 研究成果による波及効果

近年のバイオインフォマティクス・システム生物学の進展はめざましいものがあり、ゲノム研究データと生理・栽培学データとの統合が図られれば、植物生命科学の発展に大きく寄与するものとなる。

また、生体シミュレーション技術の開発は、品種開発現場の取り組みを一変させるインパクトを持つ。

さらに、本プロジェクトでは、生育モニタリングシステム等の計測・分析技術開発にも取り組んでおり、外国製品が主流を占める当該機器市場において、国産技術のシェア拡大にも寄与することが期待できる。

9 上位計画等

農林水産研究基本目標

第 章 農林水産研究の重点化方向

2 農林水産技術の革新と創出を担う生命と環境の研究

3) 生命科学研究を支える基盤研究

ゲノム研究から生みだされる膨大な情報をゲノム機能の解明、遺伝子単離に効率的に結び付けるために、遺伝子機能予測プログラムの開発、関連する代謝・形態等のデータベースとの統合、コンピュータ上での生物機能解析等のバイオインフォマティクス研究を推進する

イネ・ゲノムシミュレーター 研究成果のまとめ

	課題番号	原著論文	総説・書籍	学会発表	特許	Web公開
1. イネ・ゲノム統合データベースの整備	1101	3		6		○
(1) データベース及び解析ツールは、完成しWebで公開	1102			5		○
● RiceHMM ((解析ツール)	1103			2	1	○
● イネゲノム遺伝子予測データベース、RAD	1104	3		22		
● ゲノム高度アノテーションシステム、Gfselector	1105	2		4		○
● イネ学データベース	1107					○
● 作物学データベース	1109			2		○
● イネ品種特性データベース	1110					○
● イネ発現データベース(マイクロアレイDB、SAGE-DB、RED)	1111			3		○
● イネ・プロテオームデータベース	1112	5		2	1	○
● イネゲノムDB統合検索システム、RicePipeline						
(2) イネ完全長cDNA配列の利活用						
・転写開始点付近に局在するマイクロサテライト情報						
・植物に特異的な転写開始点予測等イネゲノム情報から新発見が得られている。						
(3) 技術開発、解析システム 関連課題	1108	3	2	14	1	○
● 植物の成育モニタリングシステムが開発され、データベース化された画像がWebで公開されている。	1114	4	3	12		
● 新たな核外・核内移行シグナルペプチドが同定された。						
(4) 基盤技術開発 課題	1113			1		○
● シミュレーションに必要な表現言語等のソフトウェア基盤、代謝データベースのコンピュータ可読化等の技術基盤が整備された。	1106	26	17	93	1	○
● 遺伝子ネットワークの大規模推定用プログラム開発						
2. イネ・ゲノムシミュレーターの開発	2103		7	6		
(1) 細胞レベルのシミュレーションソフトウェアの開発						
・イネ葉細胞の基本モデルシステムを構築した。						
・大規模モデリングのソフトウェア基盤を整備した。						
(2) 個体レベル、集団レベルのシミュレーションソフトウェアの開発	2104			5		○
・アジア各地での栽培データに基づいた集団レベルでの生長動態モデルを構築した。	2105	1	1	2		○
	2106	11		12		○
(3) 技術開発、解析システム 関連課題	2101	35	4	92	1	○
・光合成関連遺伝子群に特化した解析システムを構築した。解析した光合成・葉緑体関連遺伝子群の情報提供を行うWeb(Chloroplast Net)を公開している。	2102	9	5	44		
・植物の細胞内代謝物質計測システムを開発した。イネの葉について88主要代謝物計測に成功した。	2107	3		7		
	2108			1	1	

プロジェクト研究の事後評価（自己評価）シート

〔作成年月日〕平成17年2月

事業名	植物（イネ）ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究 「イネ・ゲノムシミュレーターの 開発」	担当課	先端産業技術研究課
事業費	29.1億円		
事業 の 概 要	(1)目的	イネ・ゲノム研究の塩基配列データ、機能解析データに加え、育種現場での特性データ等を相互に関連づけ統合し、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）の開発を目指す。	
	(2)内容	(1)イネ・ゲノム統合データベースの整備 塩基配列・機能解析・タンパク質構造解析等のゲノムデータ、育種現場での特性データ等を相互に関連づけた統合データベースを構築する。 (2)イネ・ゲノムシミュレータの開発 生命科学技術と情報科学技術の融合により専用ソフトウェアを開発し、コンピュータ上でイネ等農作物内での遺伝子の機能を予測したり品種改良実験を行う仮想実験システムを開発する。	
	(3)研究実績	○各種イネ・ゲノムデータベース（遺伝子予測DB、プロテオームDB、育種学DB等）を構築し、インターネット上で公開 ○イネ葉細胞基本代謝系の全動的モデルを構築 ○イネ生育モニタリングシステムを開発等の成果をあげている。	
評価 結果	必要性	a. 成果の科学的、社会・経済的意義 ゲノムから圃場のイネまでをつなぐための各種データベース構築の試みは、前例が無くインパクトはあった。 また、植物での代謝シミュレーションや生育シミュレーションは世界初の試みであり、植物分野で先導的に取り組んでいることは評価できる。 なお、シミュレーションの開発には、既存のデータではなく新たにデータを取り直す必要もあることが判ったが、計測技術の開発が必須であることが明らかとなった。	
	効率性	a. 投入した研究資源の妥当性 システムエンジニア雇用やプログラム開発の一部外注のために多額の経費を要したが、作成されたデータベースやプログラムが公開され、多数の研究者に利用されることから妥当であった。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 情報系企業や先端的な研究を進めている大学との協力分担による実施体制で取り組んでいることから、実施体制は妥当である。 また、データベースの構築に関しては、期待していた成果が得られ	

	ていることから、研究計画は妥当であると考える。
有効性	a. 研究目標の達成度 ○ 達成目標 イネゲノム機能解析研究を促進するためのデータベース構築及びソフトウェアの開発 イネゲノム解析研究の成果を品種改良等に役立てるためのシミュレーターなどの新しい情報科学的手法の開発 ○ 実績 各種イネ・ゲノムデータベース（遺伝子予測DB、プロテオームDB、育種学DB等）を構築しており、ほぼ目標を達成した。 シミュレーターの開発に関しては、予算の大幅な削減及び総合科学技術会議の優先順位における指摘を踏まえ、平成16年度以降は開発を中止せざるを得なかったことから、達成は不十分であった。 b. 研究成果の実績・インパクト 多数の論文・特許が出されているほか、整備された各種データベースがインターネット上で公開され、国内外の多くの研究者に利用されている。 また、本プロジェクトで開発された生育モニタリングシステムは商品化された。 c. 研究の波及可能性 各種データベースは、広くインターネット上での利用が期待されることから、波及効果は大きい。今後は、外部のデータベースとのリンクや、プログラムの改良版作成の試みが始まると期待される。

研究開発評価個票

研究課題名	植物（イネ）ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究 「イネ・ゲノムの種間・属間比較 研究」	研究期間	平成 1 5 ~ 1 6 年度
事業費	2 . 4 億円		
〔 課題の概要 〕 ムギ類、イネ科牧草等イネ科作物を中心に、マメなどの主要作物、カンキツなどの果樹、スギなどの林木を対象とし、「日本晴」の遺伝地図、物理地図、発現遺伝子地図、塩基配列データ及び有用遺伝子に関するデータをもとに、各植物ゲノム構造ならびに遺伝機構を解明し、品種開発、栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける。			
〔 必要性 〕 a. 成果の科学的、社会・経済的意義 本プロジェクトで開発したイネゲノム情報の他作物への利用法は科学的意義が大きいだけでなく、野生イネやイネ以外の作物についても、イネゲノム情報を利用して、当該作物の改良に役立てることが可能となるため、今後の実用育種への応用を考えれば社会・経済的意義も大きい。			
〔 効率性 〕 a. 投入した研究資源の妥当性 このプロジェクトで対象とした植物数、研究内容から考えると研究資源は必ずしも十分ではなかったが、研究目的を明確に定め、焦点を絞ったことにより効率的な予算配分が行われており、投入した研究資源の妥当性は高いと考えられた。 b. 研究計画・実施体制の妥当性 当初の研究計画は過去の研究の流れに沿ったものであったことから妥当であるものの、革新性や独創性が不足する課題も見受けられたが、1年目の終了時に課題の見直しを行うなどにより、的確な研究管理が行われていた。また、各個別課題担当者と外部参画機関との施設利用等を含めた連携も適切に行われていた。以上のことから研究計画・実施体制は妥当であったと考えられる。			
〔 有効性 〕 a. 研究目標の達成度			

本プロジェクト研究については課題をイネ科作物に絞り込み、新たに平成17年度から開始するプロジェクト研究に組み込んで実施することとなったため、当初予定より早い2年で終了した。このため、ほとんどの課題で本プロジェクト研究が当初に目指した研究目標に達することができなかったが、2年間の研究開発としては、研究目標に沿った予想以上の成果が出ていると認められる。

b. 研究成果の実績・インパクト

短期間ではあるが、本プロジェクト全体では学会発表41件、原著論文13件、総説1件の発表を行い、SSR濃縮法に関する特許を1件出願しており、実績は高い。比較ゲノム研究の今後の方向性は出てきているので、今後、この分野にインパクトを与えることが期待できる。

c. 研究の波及可能性

ムギ、野生イネ、イネ科牧草、環境整備などで開発したイネゲノム情報の利用方法は、比較ゲノム研究、及びその成果を実用面で利用でき、大きな波及効果が期待される。なお、遠縁の植物について、本方法を適用することが難しいことが判明したことも大きな成果と考えてもらいたい。

【評価結果】

客観的かつ透明な評価のために行った高い見識や高度の専門知識を有する外部専門家による総括的な評価の結果、予算や研究期間が削減されるなかで、実行した研究課題の目的はほぼ達成したと評価されており、本プロジェクト研究の実施は妥当であったと考えられる。

なお、本研究開発で得られた成果については、イネ以外の作物についてのゲノム研究の進展に大きく貢献できると思われることから、次期プロジェクトへ発展させることが望まれる。

《外部学識経験者の意見》

イネゲノムを軸にした、多様性解析や比較ゲノムは今後の研究の最重要課題である。ただ、イネ以外の作物について解析システムや方法・技術が整備されていないので、完全長cDNA作製のシステム作り、cDNA配列情報を参考にした転写開始点上流1～2Kbの大規模な（genome-wideな）取得方法の確立、1～2MbのゲノムDNA配列決定による各植物種のゲノム構造の特徴の抽出と比較解析等に重点を置く必要がある。これらを出来るだけ多くの生物種で解析し、基礎データとして取得することにより、比較ゲノム学が可能となると考えられる。

2年（実質1年半）間でここまでやったことは評価できるが、目標には到達しておらず、次期プロジェクトに引き継がれる課題は更に進展を期待する。次期プロジェクトでは、カンキツ、スギに関する予算が確保されていないが、

それぞれ世界をリードする成果を上げているので、サポートすることを考えてほしい。また、STAFF 研には、是非イネ以外の完全長 cDNA ライブラリーの作成技術を確立してほしい。

本プロジェクトの実施は、イネ以外の作物についてのゲノム研究の進展に大きく貢献できたと思われる。この成果がさらに発展させられることを期待する。

評 価 資 料

- 研究課題評価分科会による
中間評価結果
- 研究開発の概要資料
- 自己評価シート

プロジェクト研究の事後評価票

プロジェクト研究名		植物（イネ）ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究 「イネ・ゲノムの種間・属間比較研究」	
評価項目		項目毎の評価基準	特記事項
必要性	a. 成果の科学的、 社会・経済的意義	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	野生イネおよび祖先イネを含 めて、イネ以外の作物につい ても、イネゲノム情報を利用し て、当該作物の改良に役立てよう という本プロジェクトの目的は、 それら作物の社会・経済的価値 の高さから、極めて的を得たも のである。
	a. 投入した研究資 源の妥当性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	いずれの課題も、目的を明確 にし、焦点を絞った内容となっ ており、効率的に実施されたと みられる。
有効性	b. 研究計画・実施 体制の妥当性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	1年目の終了時に課題の見直 しを行うなど、的確な研究管理 が行われた。また、各個別課題 担当者、STAFF 研担当者の連 携もうまくいった。
	a. 研究目標の達成 度	A：高い Ⓑ：やや高い C：やや低い D：低い	2年間という短い期間でありな がら、全体としては、予想以上の 多くの成果を残すことができた とみられる。
	b. 研究成果の実績 ・インパクト	A：高い Ⓑ：やや高い C：やや低い D：低い	短期間であったことを考慮す べきであろう。今後の方向性は 出てきていると思われる。
	c. 研究の波及可能 性	Ⓐ：高い B：やや高い C：やや低い D：低い	コムギ、野生イネとの比較ゲ ノム研究の有効性は一部示され たので、波及可能性はあると考 える。カンキツなど遠縁の植物 についてはかなり難しいことが わかってきたことも成果と考 えて良い。
総括評価		① 予想以上の成果をあげた。 ② 当初の目的をほぼ達成した。 ③ 目的の達成は不十分であった。	
総合コメント イネゲノムを軸にした、多様性解析や比較ゲノムは今後の研究の最重要課題である。 ただ、解析システムや方法・技術が整備されていないので、まずはこの点に重点をお く必要がある。たとえば、完全長 cDNA 作製のシステム作り。cDNA 配列情報を 参考にして、転写開始点上流 1～2 K b の大規模な（genome-wide な）取得方法の 確立。1～2 M b のゲノム DNA 配列決定による各植物種のゲノム構造の特徴の抽出 と比較解析。これは出来るだけ多くの生物種で解析を行い、基礎データとして取得し てこそ、比較ゲノム学が可能であろう。 2年（実質1年半）間でここまでやったことは評価できるが、目標には届いていな			

い。次期プロジェクトに引き継がれる課題は更に進展を期待する。カンキツ、スギについては、予算が確保されていないようだが、それぞれ世界をリードする成果を上げているのでグリーンテクノ計画の中でサポートすることを考えてほしい。また、STAFF 研には是非完全長 cDNA ライブラリーの作成技術確立してほしい。

本プロジェクトの実施は、イネ以外の作物についてのゲノム研究の進展に大きく貢献できたと思われる。この成果がさらに発展させられることを期待する。

植物(イネ)ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究
「イネ・ゲノムの種間・属間比較研究」(事後評価)

1 予算額(単位:億円)

年 度	1 5	1 6	合 計
予算額	1.2	1.2	2.4

2 研究目的

(1) 解決すべき問題点及びその現在の状況

平成14年末にイネゲノムの重要部分についての高精度塩基配列の解読が終了したことにより、今後これらの配列情報を利用して遺伝子の単離や機能解明が急速に進むことが期待される。この度解読した日本稲品種「日本晴」の塩基配列情報を参考にすれば、日本稲品種だけでなく、インディカ種、イネ属野生種、ムギ、トウモロコシ等のイネ科作物、さらには、人類にとって重要なすべての資源植物について、極めて効率よくまた精度高く遺伝子の単離や機能の解明を行うことができる。

(2) 本プロジェクト研究が解決しようとしている事項

「日本晴」塩基配列情報を活用し、広く農林水産植物の画期的品種の育成法や栽培法の開発を可能とするゲノム解析研究を目指すとともに食料、環境、健康問題に対応する実用品種の開発を最終目的とするものである。

3 研究目標

資源植物のゲノム構造や遺伝機構を解明し、有用品種の育成や、低コスト、省力、高品質栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける。

4 研究の推進体制等

○主査(統括責任者)

独立行政法人 農業生物資源研究所 理事長 岩淵雅樹

○副主査

農業生物資源研究所 理事 肥後健一

○運営委員兼総括リーダー

農林水産先端技術産業振興センター 農林水産先端技術研究所 所長 中川原捷洋

○運営委員

農業生物資源研究所 理事 肥後健一

農業・生物系特定産業技術研究機構 作物研究所 畑作物研究部長 小巻克巳
技術会議事務局 研究開発企画官 村上ゆり子

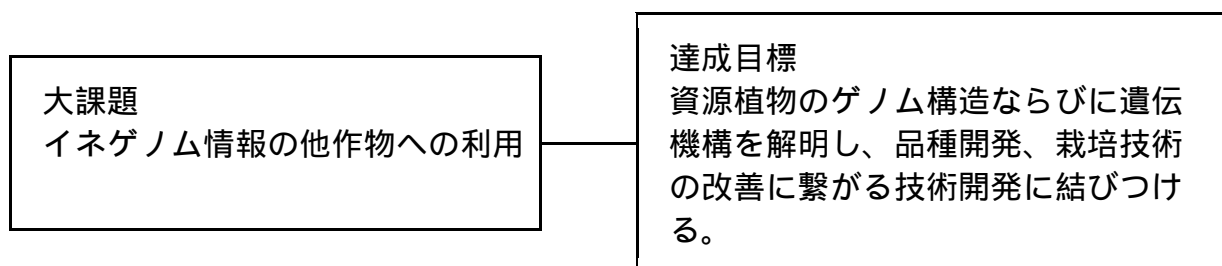
○チームリーダー

農林水産先端技術研究所 研究第1部長 江口恭三

5 年次計画

研 究 課 題	研 究 期 間				
	15	16	17	18	19
イネゲノム情報の他作物への利用	←	→			

6 フローチャート



7 研究内容及び現時点までの成果

- (1) ムギ類の課題では、コムギの赤かび病抵抗性QTL、オオムギの稔性回復遺伝子について、イネの相同領域の塩基配列情報を利用した領域の絞り込みを目指した。その結果、コムギについては新規マーカー8種を開発でき、このうちの1つは赤かび病抵抗性QTLに強連鎖していた。またオオムギについては新規マーカー4種を開発した。
- (2) イネ科牧草の課題では、イネのESTを利用したペレニアルライグラス遺伝地図の充実化を目指した。親個体のDNAに対しスクリーニングを行った結果、約20%で多型が確認され、イネESTがペレニアルライグラスのマーカーとして利用可能であることが示唆された。
- (3) マメ類の課題では、アズキについてSSRマーカーによる連鎖地図作成、栽培化関連形質解析を目指した。イネゲノムを有効に利用することはできなかったが、約400種類のSSR配列をマーカー化し、これらを利用して連鎖地図を作成した。QTL解析の結果、栽培化関連QTLを数十種類見いだした。
- (4) カンキツ、スギの課題では、イネ等他の植物とcDNA配列を比較することにより、各植物特有の有用遺伝子の探索を目指した。平成15年度はcDNAの端読み配列であるESTを、平成16年度は完全長cDNA配列を主に解析した。数万のEST配列、数十～数百の完全長cDNA配列による比較により、各植物に特有な遺伝子あるいはイネ等他の植物と共通の遺伝子等を見いだしてきている。
- (5) イネ野生種の課題では、AA、BB、CCゲノム種を対象とした。

AAゲノムの*O. meridionalis*、*O. glumaepatula*については染色体断片導入システムを利用した遺伝学的解析により、栽培化関連形質の一つである有芒遺伝子座の検出を目指した。研究の結果、新規遺伝子座数種類を同定した。また約5万クローンよりなる*O. glumaepatula* BACライブラリーを作成した。

同じくAAゲノムの*O. rufipogon*については、その完全長cDNA配列と「日本晴」完全長cDNA配列等との比較により野生イネ特異的遺伝子の探索を目指した。日本晴の完全長 cDNA と比較して変異を有する cDNA を約300クローン、アミノ酸配列の異なるクローンを 約50 個見いだしている。

BBゲノムの*O. punctata*、CCゲノムの*O. officinalis*については、AAゲノムである「日本晴」とのEST配列での比較、マイクロアレイによる発現比較により、各種特有の遺伝子の探索を目指した。約4,000クローンについてEST情報を取得し、「日本晴」と比較したところ、BBゲノムESTの約40%がAAゲノムと相同性を持たないこと等が見いだされた。またマイクロアレイ比較により、AAとBB・CCとで10倍以上発現に差がある遺伝子があること等が見いだされている。

- (6) 環境整備・手法開発の課題では、イネ「日本晴」配列情報の比較ゲノム研究への有効利用等を目指し、切れ目のない完全塩基配列(pseudomolecules)の作成、作成したpseudomoleculesと他植物配列とのin silico 比較、イネ「日本晴」ESTの利用、マーカー作成技術開発を行った。

5種類のイネ科植物(コムギ、オオムギ、トウモロコシ、ソルガム、ペレニアルライグラス)EST及び野生イネBB、CCゲノムESTと「日本晴」pseudomoleculesの比較では、多数のESTが「日本晴」ゲノム上にマッピングされ、各植物の遺伝子解析に有効な情報が得られた。「日本晴」ESTにより、AA~HHJJゲノムをカバーする野生イネ45系統に対しPCR反応を行った結果、EST配列の保存度の様子を明らかにすることができ、各種の類似性、特徴の解明に有効な情報が得られた。マーカー作成において広く利用されている単純反復配列(SSR)についてはその濃縮ライブラリー作成技術を開発した。

8 研究成果による波及効果

ムギ、野生イネ、イネ科牧草、環境整備などで開発したイネゲノム情報の利用方法は、比較ゲノム研究、及びその成果を実用面で利用できる大きな成果に結びつくことが期待できる。

なお、本プロジェクト研究の一部の課題については、平成17年度から新たに実施する「食料供給力向上のためのグリーンテクノ計画」の「多様性ゲノム解析研究」において、発展的に移行する予定である。

9 上位計画等

農林水産研究・技術開発戦略

農業分野の研究・技術開発戦略

ゲノム等先端研究・技術開発戦略

(2) 今後の研究・技術開発の推進方向

ア ゲノム生物学等を利用した生命科学研究の加速

平成13年2月には国際イネゲノム解読プロジェクトが機能解明に活用

し得る高精度でのイネゲノムの解読・公開を加速するアピールを発表した。

このような状況に鑑み、イネをはじめ農林水産関連生物のゲノム解析をさらに加速するとともに、遺伝子の単離・機能解明とその特許化、タンパク質の解析、光合成・発生分化・免疫等の生命現象の分子機構解明、ゲノム情報等に関するデータベースの構築と、これを包括的に解析するシステム開発についての研究を強力に推進する。

**「イネ・ゲノムの種間・属間比較研究」
研究成果(論文・特許等)一覧表**

形式	課題番号	件数	内 容
原著論文	1103	3	Matsushita, S., P. L. Sanchez, Sobrizal, K. Doi and A. Yoshimura (2003) Identification of new allele of awnness genes, An7 and An8, in rice using <i>Oryza glumaepatula</i> introgression lines. RGN20 他2件
	1104	1	T. Yamada et al. QTL analysis of morphological, developmental and winter hardiness-associated traits in perennial ryegrass (<i>Lolium perenne</i> L). Crop Science 44: (2004)
	1106	6	Shimada et. al. Molecular cloning and functional characterization of 4 monoterpene synthase genes from Citrus unshiu Marc. 2004. Plant Science 166: 49-58. 他5件
	1107	2	Tani, N., T. Takahashi, H. Iwata, Y. Mukai, T. Ujino-Ihara, A. Matsumoto, K. Yoshimura, H. Yoshimaru, M. Murai, K. Nagasaka and Y. Tsumura (2003) A consensus linkage map for sugi (<i>Cryptomeria japonica</i>) from two pedigrees, based on microsatellites and expressed sequence tags. Genetics 165: 1551-1568 他1件
	1109	1	Masood, M.S., T. Nishikawa, S. Fukuoka, P.K. Njenga, T. Tsudzuki and K. Kadowaki. The complete nucleotide sequence of wild rice (<i>Oryza nivara</i>) chloroplast genome: first genome wide comparative sequence analysis of wild and cultivated rice. Gene 340: 133-139. (2004)
	計	13	
総説	1104	1	山田敏彦 寒地型イネ科牧草の育種およびDNAマーカーの開発とQTL解析, 日本草地学会誌49: 57-63 (2003)
	計	1	
学会発表	1101	4	Handa H, Shibata M, Namiki N, Kanamori H, Xu DH and Ban T (2004) Mapping of the FHB QTL on the short arm of wheat chromosome 2D using the co-linearity between wheat 2D and rice chromosomes 4 and 7. Proceedings of the 2nd International Symposium on Fusarium head blight (Orlando, FL, USA). p73 他3件
	1102	1	Kurata, N., Miyabayashi, T., Eiguchi, M., Yamazaki, Y., Morishima, H. and Harushima, Y. Wild rice core collection and its use for the study of gene diversity. Intl. Genetic Resources Workshop on the Genus <i>Oryza</i> , pp21-23, Tsukuba, Sept. 2003
	1103	1	松下修司, 土井一行, 安井 秀, 吉村 淳 イネの野生種および栽培種における芒遺伝子座の検出とマッピング. 育種学研究 6 (別1): 220, 2004.
	1104	2	T. Yamada et al. Molecular characterization of low-temperature induced genes in perennial ryegrass (<i>Lolium perenne</i> L.) Molecular Breeding of Forage and Turf 2003, May 18-22, 2003, Dallas, Texas, USA 他1件
	1105	2	伊勢村武久・Ouk K. Han・小西左江子・安藤露・加賀秋人・友岡憲彦・Duncan A. Vaughan、アズキの栽培化関連形質に関するQTL解析, 日本育種学会、育種学雑誌、2004年 他1件
	1106	22	M. Omura and T. Shimizu. Recent status of citrus genome analysis in Japan. Plant and Animal Genome XIII. 2005 (U.S.A.) 他21件
	1107	1	伊原徳子、金森裕之、並木信和、山根弘子、向井謙、吉村研介、津村義彦、広義ヒノキ科及びマツ科針葉樹のESTを用いた比較解析、第116回日本森林学会大会(2005)
	1108	1	片桐ら、日本型イネNipponbareの全塩基配列を利用したインド型イネKasalath BACクローンの末端塩基配列のマッピング、第26回日本分子生物学会年会プログラム・講演要旨集、p675(2003)
	1109	6	Kadowaki K. Who was the mother of cultivated rice: differentiation of chloroplast genome structure among cultivated rice and ancestral wild species? World Rice Research Conference (Tsukuba, Japan). P.19. (2004). 他5件
	1102 1108	1	Kurata, N., Sano, Y., Eiguchi, M., Kanamori, H., Yamazaki, Y. Comparative genomics of expressed sequences between BB, CC and AA genomes in rice. The 2nd international Symposium of rice functional genomics. Tucson, Arizona USA, November 15-17, 2004
	計	41	
特許	1108	1	山根弘子、並木信和、金森裕之「単純反復配列(SSR)を持ったクローンの取得法」国際出願番号 PCT/JP2004/17938
	計	1	
webサイト	1106	1	http://www.fruit.affrc.go.jp/cgat/
	1107	1	http://www.ffpri.affrc.go.jp/labs/cjgenome/database/cjdata.html
	1108	2	http://rgp.dna.affrc.go.jp/blast/runblast.html 他1件
	計	4	

プロジェクト研究の事後評価（自己評価）シート

〔作成年月日〕平成17年2月

事業名	植物（イネ）ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究 「イネ・ゲノムの種間・属間比較研究」	担当課	先端産業技術研究課
事業費	2.4億円		
事業の概要	(1)目的	資源植物のゲノム構造や遺伝機構を解明し、有用品種の育成や、低コスト、省力、高品質栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける。	
	(2)内容	ムギ類、イネ科牧草等イネ科作物を中心に、マメなどの主要作物、カンキツなどの果樹、スギなどの林木を対象とし、「日本晴」の遺伝地図、物理地図、発現遺伝子地図、塩基配列データ及び有用遺伝子に関するデータをもとに、各植物ゲノム構造ならびに遺伝機構を解明し、品種開発、栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける。	
	(3)研究実績	○ムギ類の課題では、コムギについては新規マーカー8種を開発でき、このうちの1つは赤かび病抵抗性QTLに強連鎖していた。またオオムギについては新規マーカー4種を開発 ○環境整備・手法開発の課題では、切れ目のない完全塩基配列(pseudo molecule)の作成、作成したpseudomoleculesと他植物配列とのin silico 比較、イネ「日本晴」ESTの利用、マーカー作成技術を開発等の成果を上げている。	
評価結果	必要性	a.成果の科学的、社会・経済的意義 遺伝子の機能解明、比較ゲノム研究、育種技術の開発と実用育種などはイネゲノム塩基配列完全解読終了後の主要な研究方向であると考えられるており、これらの中でも比較ゲノム研究は研究方法が確立されておらず、手法開発が極めて重要な分野である。本プロジェクトで開発したイネゲノム情報の他作物への利用法は科学的にも重要なだけでなく、今後の実用育種への応用を考えれば社会・経済的意義も大きい。	
	効率性	a.投入した研究資源の妥当性 ゲノム研究には多くの研究資源が必要となり、このプロジェクトでは対象とした植物数、研究目的から考えると研究資源は必ずしも十分ではないが、効率的な予算配分により、一定の成果をあげたことから妥当である。 b.研究計画・実施体制の妥当性 各研究チームとも本プロジェクト開始以前にゲノム解析研究を行ってきており、多くの研究計画は過去の研究の流れに沿ったものであった。このため、研究計画は一般的なゲノム研究からすれば妥当なものが多いといえるが、斬新性や独創性が不足する課題もいくつかあった。しかし、運営委員会を組織し研究計画を検討するとともにSTAFF研究	

	所の設備・施設や人的資源を有効に活用できたことを考えれば、実施体制は概ね妥当であった。
有効性	a. 研究目標の達成度 プロジェクトが2年で終了したため、ほとんどの課題で当初の研究目標に達することができなかった。また、STAFF研究所との協力研究では材料調製の部分で手間取った課題がいくつかあり、研究の進捗が当初予定より大幅に遅れた。 b. 研究成果の実績・インパクト 現在までのところ研究成果の発表実績は、論文発表が13件、口頭発表が41件、特許出願が1件である。プロジェクト終了後も何件かの発表が追加される予定である。また、本プロジェクトで開発した比較ゲノム研究の手法は、この分野の研究に大きなインパクトを与えることが期待できる。 c. 研究の波及可能性 ムギ、野生イネ、イネ科牧草、環境整備などで開発したイネゲノム情報の利用方法は、比較ゲノム研究、及びその成果を実用面で利用できる大きな成果に結び付くことが期待でき、波及効果は極めて大きい。

評価個票

研究課題名	有用遺伝子活用のための植物(イネ)・動物ゲノム研究のうち「DNAマーカーによる効率的な新品種育成システムの開発」	研究期間	平成14～18年度
事業費	事業総額23億円		
[課題の概要] 従来の育種は交配から固定、表現型による選抜、検定を行い、品種となるまでに多くの時間や圃場面積、労働力が必要であった。こうした中、染色体上の特定の有用遺伝子の位置を示すことができる DNA マーカーを利用して有用遺伝子を持つ個体を直接選抜することにより、育種効率の飛躍的向上を目的として、本プロジェクトでは有用遺伝子の精度の高い DNA マーカーの作出を進めるとともに、これを活用した新品種育成システムの開発を行った。			
目 標	イネ、ダイズについて、目的形質の新規の DNA マーカーの作出を進めるとともに、目的形質遺伝子を導入した同質遺伝子系統を開発する。 麦類、野菜、牧草、果樹等において目的形質の実用的な DNA マーカーを開発する。 開発された効率的な DNA マーカー選抜技術を育種事業に組み込んだ新品種育成システムを構築する。 イネ、ダイズ、麦類、野菜等について、高精度 DNA マーカーとして近縁度の高い品種間でも利用可能な S S R マーカーや、1塩基配列に基づいた効率的な検出が可能な S N P s マーカーを用いる育種技術の開発とその利用を行う。		
[有効性] a. 研究目標の達成度 イネいもち病抵抗性、ダイズシスト線虫抵抗性、ダイズのハスモンヨトウ抵抗性等の病虫害抵抗性の DNA マーカーの開発を行うとともに、複雑形質であるイネの良食味性を支配する QTL 群を同定した。さらに、イネの出穂性、トビイロウンカ抵抗性、ダイズシスト線虫抵抗性等に関する同質遺伝子系統を開発・育成した。 小麦の高アミロースコムギ選抜用マーカー、ハクサイ根こぶ病抵抗性遺伝子座の選抜マーカー、ナシ黒星病抵抗性マーカー等、各品目で実用的な DNA マーカーを開発した。 専用の解析集団を作成しなくても量的形質遺伝子座(QTL)の相互作用が検出できる、マーカー育種法開発のための新解析法を確立した。また、これまで形質評価に年月を要した茶・果樹の育種において、マーカー利用による幼苗期の早期選抜法を確立。さらに、病虫害抵抗性の評価において、病虫害の接種をせずに選抜・戻し交雑が可能となった。 イネの日本型品種間の1,000を超える SNP を検出、公開データベースを作成、ダイズの SSR マーカーを多数開発、連鎖地図を作成等、各品目で SSR マーカーや SNPs マーカーの開発と利用による新育種システムを進めた。 以上のとおり、当初の目標を上回る成果が得られ、達成度は「高い」と判断される。			
b. 成果の実績・インパクト 本研究において実用化に向けた多くの有望系統が育成され、中でもイネの出穂性同質系統群、ライグラス冠さび病抵抗性系統については品種登録済み、あるいは出願中である。さらに、中間母本、新配布系統など、完成度の高い有望系統が育成さ			

れ、各分野の生産に貢献するものと期待される。

また、論文・総説112報、学会等での発表223件、特許申請13件、公開ウェブサイト4件(平成18年2月現在)がある。特許の中には「食味遺伝子の解析と選抜マーカー」のように、既に許諾申請手続き中のものもある。さらに、新規甘味種コムギ Sweet Wheat 等を開発、実用化し、新しい育種法の可能性を示した。

以上のように確実に実績を上げており、成果の実績・インパクトは「高い」と判断される。

一方、このようなゲノム研究の高い成果に対して、広報が必ずしも充分であったとはいえず、今後、広報活動を通して国民に対して、多くの成果を発信されることが望まれる。

c. 研究の波及可能性

本プロジェクトを通じて得られたマーカー連鎖地図、マーカー開発手法、データベースなどは、主要穀類およびそれ以外の作物も含む多くの農作物におけるマーカー育種技術開発の基礎となることが期待でき、育種事業に活用して優良な品種や育種素材の育成が大幅に促進されることが期待される。

特に、「コシヒカリ」の作期分散を可能とする出穂性同質遺伝子系統群の開発は、今後、収穫作業集中の回避、経営規模拡大に資する技術として期待される。また、被害額が年間数百億円に達するいもち病に対する圃場抵抗性遺伝子のマッピング、推定被害額50億円を越える主要害虫トビイロウンカの抵抗性遺伝子の同質遺伝子系統の育成と DNA マーカー開発等は、「ゲノム育種」プロジェクトに引き継がれ、育成系統の登録申請も間近である。

また、甘味コムギ Sweet Wheat (スイートウィート) の開発に成功しており、世界的に大きな経済効果をもたらすことが期待される。

さらに、ダイズでは、本研究の成果を活用してハスモンヨトウ抵抗性ダイズ系統の育成が期待されるほか、ハクサイでは根こぶ病の DNA マーカー選抜による強度抵抗性付与技術を活用して民間種苗会社との共同研究による実用 F1品種育成が開始されており、多犯性病原菌株の蔓延による産地崩壊への環境負荷の低い対処法として大きな期待が寄せられている。ナシの育種では、従来品種になかった黒星病抵抗性の系統が育成され、農薬散布の削減に寄与することが期待される。

以上のことから、研究の波及可能性は「高い」と判断される。

[効率性]

a. 投入した研究資源の妥当性

主要病害抵抗性の選抜マーカー開発や準同質遺伝子系統群の育成、多くの主要作物における基盤 DNA マーカー資源の大量開発などの成果が得られており、投入された資源の妥当性は「概ね妥当」と判断される。

b. 研究計画・実施体制の妥当性

毎年度、推進会議やチームリーダー会議などにより緊密な連携が取られ、研究の進捗状況を見極めつつ課題の見直しと点検・検討が行われてきた。研究の進捗と知見の蓄積に伴ってチーム体制を研究期間後半の2年間について品目別に見直し、チームリーダーの責任とリーダーシップを強化したことにより、全ての品目において科学的な知見の蓄積と同時に実用につながる成果も上げられている。

以上のことから、研究計画・実施体制の妥当性は「妥当」と判断される。

[必要性]

a. 成果の科学的、社会・経済的意義

ゲノム解析研究が進んでいるイネ・ダイズについては、主要品種の作期集中、難防除病害の蔓延などの問題に対して DNA マーカー選抜技術の実用化が図られ、その成果は出穂期の異なる良食味系統群の育成など具体的な成果につながった。また、麦類、牧草、野菜、木本類についても耐病性、品質関連の新形質などの主要目的形質の DNA マーカー選抜技術が確立され、その目的形質をもち総合的農業形質の優れた品種・系統の効率的育成手法が開発された。さらに、ゲノム解析研究が遅

れ情報資源に乏しい穀類、園芸作物、飼料作物の主要品目において、高精度な DNA マーカー開発手法が確立されるとともに、今後の技術開発の基盤となるマーカー資源の蓄積が大きく進捗した。

以上のことから、本成果の科学的意義、社会・経済的意義は「高い」と判断される。

【総括評価】

有効性、効率性、必要性の観点から総合的に評価を行った結果、本研究は「予想以上の成果を上げた」と判断される。