

評 価 関 係 資 料

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

1 研究目的

(1) 解決すべき問題点（ニーズ）及びその現在の状況

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が可能となってきている。本技術は遺伝子組み換えではない分子育種技術として、ポストゲノム研究の中でも出口に近く、大きな期待が寄せられている。

(2) 本プロジェクト研究課題が解決しようとしている事項

ゲノム解析研究が進展しているイネとダイズについて、育種事業におけるDNAマーカー選抜技術の実用化を図る。また、麦類、牧草、野菜、木本類の作物について、改良が急がれる目的形質の効率的選抜を可能とするDNAマーカーを開発する。特に、麦類では品質関連形質、牧草ではストレス耐性、野菜類では耐病性、木本類では品質、耐病性等について新規のDNAマーカーを開発し、育種の効率化に寄与する。

(3) 上位計画等

農林水産研究基本計画（平成17年3月農林水産技術会議決定）において、次世代の農林水産業を先導する革新的技術の研究開発、農林水産生物に飛躍的な機能向上をもたらすための生命現象の解明として明記されており、上位計画との関連は明確である。

2 研究目標とその実績値

(1) 研究目標

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SSR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SNPsマーカーを用いる育種技術の開発とその利用を行う。

(2) 研究実績

研究目標ごとの主要な研究実績は以下のとおりである。また、研究チームごとの成果等は別紙に示す。

イネでは、いもち病圃場抵抗性等について近接マーカーを開発するとともに、トビイロウンカ抵抗性、出穂性について、同質遺伝子系統群を選抜した。具体的には、いもち病に対する圃場抵抗性遺伝子として、陸稲戦捷由来の

Pi21、嘉平由来の圃場抵抗性 qBFR4-1、北海 188 号由来の Pi35(t)をマッピングしたほか、トビイロウンカの抵抗性遺伝子 bph11 をマーカー選抜により導入した同質遺伝子系統関東 I L 2 号を育成し、Bph10、 Bph16 の DNA マーカーを開発した。

さらに、インド型品種 Kasalath の出穂性 Q T L を高精度でマッピングし、コシヒカリの同質遺伝子系統群を開発した。課題終了後、平成 17 年度より「ゲノム育種プロ」で採択された。同質遺伝子系統の特性調査では、このうち極早生の関東 I L 1 号の品種登録について出願公表中であるほか、中生の関東 I L 3 号を今年出願予定、さらに 1 ~ 2 系統を平成 19 年度に出願予定である。また、複数の解析材料・手法を用いて、コシヒカリの良食味性を支配する Q T L を第 1 , 2 , 3 , 6 , 7 染色体上にマッピングした。

ダイズでは、重要な害虫であるハスモンヨトウに対する抵抗性を付与する 2 遺伝子の DNA マーカーを開発し、選抜法を確立したほか、マーカー選抜による戻し交配により、ダイズシスト線虫のレース 1 抵抗性の NIL (準同質遺伝子系統) 4 系統を育成した。

小麦では、穂発芽耐性に強く関与する QTL 近傍の PCR マーカーを開発し、戻し交雑系統を育成した。また、高製パン性に寄与する高分子グルテニン (5+10) サブユニット選抜用マーカー及び高アミロースコムギ選抜用マーカーを作製した。

野菜では、2 つのハクサイ根こぶ病抵抗性遺伝子座の選抜マーカーを開発し、強度抵抗性を効率的に実用品種へ導入する技術を確立した。

牧草では、ライグラス冠さび病抵抗性主働遺伝子 LmPc3 をホモで持つ系統を作成し、品種登録出願を行った。

果樹では、在来ニホンナシ品種「巾着」の黒星病抵抗性の遺伝子地図上の位置を特定するとともに、抵抗性を持つ個体を簡単に検出できる DNA マーカーを多数取得したほか、完全甘ガキ性を識別する DNA マーカーを開発し、選抜効率を従来 of 6 倍に高めた。

DNA マーカー選抜技術による新たな育成システムの構築では、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。これにより、育種集団内の有用な QTL を網羅的に探索し、目的形質に対して効果的な QTL の集積を図ることが可能となった。さらに、本手法による解析用のプログラムを開発し、平成 19 年度より普及予定である。

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が確立された。

さらに、病害虫抵抗性の評価において、病害虫の接種をせずに選抜・戻し交雑が可能となった。

高精度 DNA マーカーの作出のうち、イネについては、日本型品種間の SNP の検出に取り組み、1,000 を超える SNP を検出した。また、そこで得られた SNP 情報の公開データベースを作成し、SNP タイピングチップを試作した。

ダイズの SSR マーカー開発では、総数 1,149 マーカーが座乗する連鎖地図を作成した。

小麦では、ゲノムマッピングに利用可能な遺伝子由来の PCR ベースのマーカー 1,029 個を作成した。

ナスでは、ゲノム配列約 2,000 カ所から SSR マーカー 366 個および SNPs マーカー 161 個の SSR マーカーを連鎖地図上に位置づけた。

ナシとリンゴでは、合計約 500 種類の SSR マーカーの開発とマッピングを行った。

(3) 研究成果による経済・社会等への波及効果

本研究で多くの重要形質に関するDNAマーカー、効率的な育種システムが開発されており、育種事業を通じて大きな経済的効果が見込まれる。主なものは次のとおりである。

イネのマーカー選抜システムの開発と系統育成：

「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を開発した。これは収穫作業集中を回避し、経営規模拡大に資する技術として期待される。また、イネの最重要病害であり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や、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をマーカー選抜により導入した同質遺伝子系統を育成とDNAマーカーの開発等の成果は、「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が間近である。

コシヒカリの良食味性を支配する遺伝子座の全体像をほぼとらえた。近傍のDNAマーカーを用いて今後インド型イネにコシヒカリの良食味性を導入するような育種に利用する予定である。このイネ飯米高品質関連マーカーの開発は、実用的な成果として、今後の育種事業に与える影響は非常に大きい。

新規甘味種コムギSweet Wheatの開発：

DNAマーカー技術を用いて甘味コムギSweet Wheat（スイートウィート）の開発に成功した。食品加工への利用が高まれば世界的に大きな経済効果をもたらすと期待されており、大手製粉会社との製品開発研究にも着手している。

ナシの黒星病抵抗性品種の育成

従来のナシ品種には無かった黒星病抵抗性の系統が育成され、今後、農薬散布の削減に寄与することが期待されている。

DNAマーカー選抜によるハスモンヨトウ抵抗性ダイズ系統の育成：

温暖地における大豆作で加害が大きな問題になっているハスモンヨトウに対し、抵抗性品種あるいは育種母本としての利用が期待される。

ハクサイ根こぶ病抵抗性遺伝子座の選抜マーカー開発：

ハクサイの難防除土壌病害である根こぶ病のDNAマーカー選抜による強度抵抗性付与技術の確立については、多犯性病原菌株の蔓延による産地崩壊に対し、環境負荷の低い対処法として大きな期待が寄せられ、民間種苗会社との共同研究により実用F1品種育成に着手している。

3 プロジェクト研究実績

(1) 課題毎の期間、研究費等

技術開発項目	参画機関	平成14年度	15年度	16年度	17年度	18年度
総事業規模	2,250百万円	600百万円	474百万円	474百万円	351百万円	351百万円
(1)選抜マーカーの作出と新品種育成システムの開発	(独)農業・生物系特定産業技術研究機構 (独)農業生物資源研究所 (独)食品総合研究所	イネ、ダイズ、野菜等の有用形質の選抜に利用可能なDNAマーカーの作出				
		DNAマーカーを利用した体系的な新品種育成システム				

別紙 主な研究成果

1. 近い将来普及に移せる成果、すでに普及が始まった成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	経済効果	普及の見込み、今後見込める展開、商品化の予定など
イネ	イネのトピロウカ抵抗性遺伝子のマッピングと実用稲品種の育成	稲のトピロウカは九州を中心に重要な害虫だが、これまで抵抗性の実用品種が無かった。そのため抵抗性遺伝子をマッピングするとともに、DNAマーカーを用いて諸形質に優れた実用品種を育成する。	関東IL2号(トピロウカ抵抗性bph11導入ヒノヒカリ)を育成し、さらにBph10、Bph16のDNAマーカーを開発した。	平成17年度の我が国のトピロウカの被害推定額は5.2億円である。	課題終了後、平成17年度より「ゲノム育種プロ」で採択された。その後bph11を有するヒノヒカリ同質遺伝子系統「関東IL2号」を平成18年度命名登録に出願する予定である。登録されれば日本初のトピロウカ抵抗性実用品種となる。佐賀県が有望視している。さらにBph10、Bph16や第4染色体上の相加的作用のあるQTLとの集積系統等を育成中で、2年以内に配付系統とする予定である。
イネ	「コシヒカリ」の作期分散を可能にする出穂性同質遺伝子系統群	「コシヒカリ」単作による収穫作業集中化回避のため、「コシヒカリ」と特性が同じで出穂期の異なる品種群を育成する。	インド型品種Kasalathの出穂性QTLを高精度でマッピングし、コシヒカリの同質遺伝子系統群を開発した。		課題終了後、平成17年度より「ゲノム育種プロ」で採択された。同質遺伝子系統の特性調査を行い、このうち極早生の関東IL1号を品種登録出願し、現在出願公表中。さらに中生の関東IL3号を今年出願予定。さらに1~2系統を平成19年度に出願予定である。
イネ	イネのいもち病圃場抵抗性のDNAマーカーの開発と実用稲品種の育成	安定した抵抗性とされるイネいもち病圃場抵抗性をマッピングするとともに、DNAマーカーを用いて諸形質に優れた実用品種を育成する。	圃場抵抗性遺伝子として、陸稲戦捷由来の <i>Pi21</i> 、嘉平由来の圃場抵抗性 <i>qBFR4-1</i> 、北海188号由来の <i>Pi35(t)</i> をマッピングした。	稲の最重要病害であり、被害額は年間数百億円に上る。	課題終了後、平成17年度より「ゲノム育種プロ」で採択された。DNAマーカー選抜により <i>Pi21</i> や <i>qBFR4-1</i> を持ち食味も優れた系統を育成した。3年程度で品種登録申請予定である。
イネ	イネの耐冷性のDNAマーカーの開発	検定に時間と労力のかかる障害型耐冷性をマッピングし、選抜マーカーを開発することにより、効率的な耐冷性品種育成を行う。	熱帯ジャボニカ品種Pakhe Dhanの持つ障害型耐冷性遺伝子(<i>qFLT-6</i>)を第6染色体上にファインマッピングした。		課題終了後、平成17年度より「ゲノム育種プロ」で、 <i>qFLT-6</i> の耐冷性をDNAマーカー選抜により導入した耐冷性集積系統を育成中である。

2. 基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
イネ	コシヒカリの良食味QTLの同定とDNAマーカーの開発	コシヒカリの良食味遺伝子の解析およびDNAマーカーによる選抜技術を開発する。	複数の解析材料・手法を用いて、コシヒカリの良食味性を支配するQTLを第1、2、3、6、7染色体上にマッピングした。	コシヒカリの良食味性を支配する遺伝子座の全体像をほぼとらえた。近傍のDNAマーカーを用いて今後インド型イネにコシヒカリの良食味性を導入するような育種に利用する。
イネ	極良食味米品種「おぼろづき」の良食味遺伝子の解析とDNAマーカー選抜技術の開発	コシヒカリと由来の異なる良食味遺伝子の解析とDNAマーカーによる選抜育種技術を開発する。	道産米の食味を顕著に向上させた品種「おぼろづき」の低アミロース性が新規の <i>Pi3</i> 遺伝子により支配されることを明らかにするとともに、選抜マーカーを開発した。	新規遺伝子と選抜マーカーについては特許出願した。すでに民間や県から許諾の問い合わせが来ており、許諾申請手続き中である。寒地・寒冷地の育成地で育種に用いられるとともに米のDNA鑑定に用いられる。
イネ	イネの陸稲由来縹葉枯病抵抗性に関するDNAマーカーの開発	温暖地の重要病害である縹葉枯病抵抗性について陸稲由来抵抗性遺伝子のDNAマーカーを開発する。	陸稲由来の縹葉枯病抵抗性遺伝子(<i>Stva</i> , <i>Stvb</i>)を各々第2、第11染色体上にマッピングした。	マーカーとしては今後育種の利用が拡大する。平成17年度より「ゲノム育種プロ」で本マーカーを使い「コシヒカリ」を遺伝的背景とする同質遺伝子系統、さらにいもち病抵抗性遺伝子 <i>Pi34</i> を集積した系統を育成中。3年程度で品種登録予定である。
イネ	イネいもち病真性抵抗性遺伝子の選抜マーカーの開発	イネいもち病真性抵抗性遺伝子のDNAマーカーを開発し、いもち病菌レースによる検定に替えて育種に利用する。	イネいもち病真性抵抗性遺伝子を持つ品種の育種や遺伝子型の調査に用いるため、いもち病真性抵抗性遺伝子(<i>Piz</i> 座、 <i>Pita</i> 座、 <i>Pik</i> 座、 <i>Pib</i> 座、 <i>Pit</i> 座)について5cM以内に狭み込むマーカーを作出した。	いもち病抵抗性の同質遺伝子系統などの育成や真性抵抗性遺伝子型の検定に用いられている。
イネ	野生稲の染色体断片置換系統群の開発	野生稲の持つ有用遺伝子を網羅的に解析し、かつ同質遺伝子系統を育成するための育種素材を開発する。	<i>O.rufipogon</i> (acc104814)の置換系統群を開発し諸形質の評価を行った。	開発した同質遺伝子系統群は、公開準備中である。本系統を用いて新たな耐病虫性などの形質がマッピングされるとともに、遺伝子単離や品種育成の母本として用いられる。

1. 近い将来普及に移せる成果、すでに普及が始まった成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	経済効果	普及の見込み、今後見込める展開、商品化の予定など
麦類	新規甘味種コムギSweet Wheatの開発	コムギの育種に利用できるDNAマーカー開発及び新規澱粉変異体コムギの開発	高製パン性に寄与する高分子グルテニン(5+10)サブユニット選抜用マーカー作製、高アミロースコムギ選抜用マーカーの作製及び同マーカーと既存の部分的モチコムギ選抜用マーカーを用いることにより甘味コムギSweet Wheat(スイートウィート、SW)の開発に成功	Sweet Wheatの食品加工における利用が高まれば世界的に大きな経済効果をもたらすと考えられる。既にSweet Wheatの用途等に関する国際特許申請済みであり、知財としての価値も高いと考えられる。	今回育成のSweet WheatはDNAマーカーセットとともに品種育成に利用され始めている。また製品開発研究も既に大手製粉会社と開始されている。

2. 基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
麦類	赤かび病マイコトキシン低蓄積性DNAマーカーの開発	ムギ類赤かび病に対して、病原菌への抵抗性とマイコトキシンの低蓄積性とは必ずしも一致せず、病害抵抗性とあわせて毒素低蓄積性の面からの選抜手段も求められていた。マイコトキシンの低蓄積性系統の選抜に有効なDNAマーカーの開発を目指した。	コムギ2D染色体短腕に見出された赤かび病抵抗性QTLの候補遺伝子として、MRPを見出した。MRPをDNAマーカーとして、抵抗性品種「蘇麦3号」と感受性品種「Gamenya」のDH集団を用い毒素蓄積量との関連を見たところ、主要抵抗性QTL座が蘇麦型、組み換え型、Gamenya型のいずれにおいても、MRPの遺伝子型がGamenya型を示す個体でマイコトキシン蓄積量が低い傾向が観察された。	世界的に、「蘇麦3号」の持つ赤かび病抵抗性を利用した抵抗性育種が進められているが、赤かび病被害の少ない蘇麦3号あるいは健全コムギ粒でも高濃度のマイコトキシン汚染が懸念されている。こうした際に、2D染色体短腕上のQTLに関してMRP遺伝子型をマーカーとして利用して非蘇麦型を選抜することで、より低い毒素蓄積性を実現することができる。
麦類	ゲノム判別および標的領域におけるPCRマーカー作製	ゲノムサイズが大きく6倍体であるコムギにおいて、ゲノム識別および標的領域のfine mappingに使えるDNAマーカーの開発は必要不可欠である。そこでイネゲノム情報を利用したシステムを構築しPCRマーカーを多数作製する。	イネゲノム情報とコムギEST情報を利用して、コムギ遺伝子の多型頻度が高いイントロン位置を予想し、その領域を中心に増幅するPCR用プライマーを半自動的に作製するシステムを構築した。さらにそのシステムを利用して、ゲノムマッピングに利用可能な遺伝子由来のPCRベースのマーカー1029個を作った。	作製されたマーカーは全て遺伝子由来であることから、機能が明らかとなればperfect markerとして利用できる可能性がある。さらに、イネとのシテニー比較によりQTLから標的領域を推測し、効率的にfine mappingを行うためのアンカーマーカーとなる。

1. 近い将来普及に移せる成果、すでに普及が始まった成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	普及の見込み、今後見込める展開、商品化の予定など
ダイズ	DNAマーカー選抜によるダイズシストセンチュウ抵抗性系統の育成	抵抗性に関連する4遺伝子座の選抜精度のDNAマーカーによる向上と有望系統の選抜	マーカー選抜を用いた戻し交配により、レース1抵抗性の十系4系統を作出した。そのうち2系統に地方番号(十育番号)を付与する予定。	数年内に、マーカー選抜系統の品種化を目指している。
ダイズ	DNAマーカー選抜によるハスモンヨトウ抵抗性系統の育成	QTL解析で見出された抵抗性遺伝子座CCW-1およびCCW-2の効果の確認と有望系統の育成	2遺伝子によって抵抗性親の抵抗性の7~8割程度が説明できることが示された。また、戻し交配により選抜した抵抗性系統は抵抗性親に比べて農業関連形質が大幅に改善されていた。	抵抗性系統は品種あるいは育種母本としての利用が十分期待できる。
ダイズ	DNAマーカー選抜によるダイズわい化病媒介アブラムシ抵抗性系統の育成	抵抗性遺伝子座のDNAマーカーによる識別と抵抗性系統の選抜開発マーカーの適応性確認、マーカー選抜系統の生産力予備試験およびBC4F2由来系統の選抜	QTLおよびグラフ遺伝子型解析より抵抗性遺伝子座を確定し、DNAマーカー選抜によりダイズわい化病媒介アブラムシ抵抗性の系統を育成した。	戻し交配により作出した抵抗性系統については、北海道の基幹品種「トヨムスメ」のアブラムシ抵抗性置換品種として今後品種化が期待される。さらに、ウイルス抵抗性との複合によりダイズわい化病に対する多重抵抗性を備えた系統の育成が可能となる。

2. 基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
ダイズ	ダイズ種子の冠水抵抗性関連QTLの同定	種子発芽時の冠水抵抗性に関連するQTLの同定とその高精度連鎖解析	大きな効果を有する2つのQTLを見いだした。そのうち、種子の外観に関与しないqSt11の抵抗性型アレルをもつ場合は、持たない場合に比べて発芽率が30%程度向上することを明らかにした。	発芽率の向上は苗立ち数に直結することから、栽培安定化に大きな効果が期待される。
ダイズ	ダイズの耐冷性に関するDNAマーカーの同定	ダイズの収量性に関する耐冷性のQTLを検出し、それに連鎖するマーカーを明らかにする	品種「ハヤヒカリ」の耐冷性に関する遺伝子3つは、熱性遺伝子座近傍に位置し、その一つは褐毛遺伝子Tであることを明らかにし、品種「トヨハルカ」では、連鎖群A2に効果の大きな耐冷性遺伝子が座乗していることを明らかにした。	耐冷性育種の基礎的情報となり、また、育成した系統は育種素材として利用できる可能性がある

1. 近い将来普及に移せる成果、すでに普及が始まった成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	普及の見込み、今後見込める展開、商品化の予定など
飼料作物(高精度マーカー)	育種集団から直接QTLの相互作用が検出できる新解析方法「Genotype Matrix Mapping」	専用の解析集団を作出せず、育種集団を利用してダイレクトにQTLの検出と相互作用の解析を行う新しい解析法を開発する	新規に開発したGenotype Matrix Mapping(GMM)法は、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。本法により、育種集団内の有用なQTLを網羅的に探索し、目的形質に対して効果的なQTLの集積を図れる。	パッケージソフトウェアとしてフリーで公開予定(平成19年度予定)

2. 基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
飼料作物	デント種自殖系統とのF1の子実収量が改善されたフリント種自殖系統	在来フリント種はデント種との組合せ能力が高く、確実に茎葉多収になる一方、子実収量では多収になる頻度がやや低い。そこで、子実収量向上に有効なQTLをフリント種自殖系統に導入してF1の子実収量を効率よく多収にする育種法を確立する。	デント種自殖系統B73の粒列数のQTLを導入したフリント種自殖系統Na28の準同質遺伝子系統は粒列数が1~2増加し、デント種自殖系統とのF1の粒列数、子実収量も増加した。	B73のQTLと両端マーカーはフリント種の組合せ能力、デント/フリントF1の子実収量の改良に利用できる。Na28準同質遺伝子系統は親系統として、また、親系統育成のためのマーカー選抜で中間母本として利用できる。
飼料作物	冠さび病抵抗性ホモ系統の作出	冠さび病抵抗性遺伝子をホモで持つ系統が育成される。	冠さび病抵抗性主働遺伝子LmP3をホモで持つ系統を作成し、品種登録出願を行った	来年度、中間母本登録を行う予定である。今後、他の抵抗性主働遺伝子についてもホモ系統を作出する。冠さび病菌のレースを判別する材料として有用である。
飼料作物	冠さび病抵抗性ホモ系統の作出	新規の冠さび病抵抗性遺伝子が複数明らかとなり、それぞれの遺伝子ごとに連鎖地図が作成される。	連鎖解析によりイタリアンライグラス、ペレニアルライグラスそれぞれから、少なくとも3つの新規抵抗性遺伝子を同定した。	複数の連鎖群上に抵抗性遺伝子が座上しており、高度抵抗性品種作出に向けての遺伝子集積が行いやすいと考えられる。
飼料作物	トウモロコシ第8染色体上に座上する実用的早生性QTLの同定	トウモロコシ品種育成に利用できる早生性QTLを同定する。	収量性などに影響せずに関花期を3日早める効果をもつQTLをトウモロコシ第8染色体上に同定した。	このQTLを導入した準同質遺伝子系統を育種素材として活用を検討するとともに、そのほかの早生性QTLとのピラミディングによるさらなる早生化を試みる。
飼料作物	フェスクノリウム識別DNAマーカーの開発	ゲノム全体を満遍なくカバーする、メドウフェスクとペレニアルライグラスを識別するDNAマーカーの開発	イネのゲノム情報を利用し、ゲノム全体を満遍なくカバーすると考えられる100以上のメドウフェスクとペレニアルライグラスを識別する新規DNAマーカーを開発した。	開発したDNAマーカーを用い、フェスクノリウムの雑種を解析することで両属の有用形質に連鎖した育種に有用なマーカーの開発が期待できる。またフェスクノリウム雑種の育種あるいは種子増殖の過程において生じるゲノム構成の変化をDNAマーカーを用いてモニターする事ができる。

1. 近い将来普及に移せる成果、すでに普及が始まった成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	普及の見込み、今後見込める展開、商品化の予定など
野菜・茶	2つの異なる抵抗性遺伝子座の選抜マーカー化による強度ハクサイ根こぶ病抵抗性育種システムの確立	ハクサイ根こぶ病は難防除土壌病害であり、多発性の菌株が生じることによる抵抗性品種の罹病化による産地崩壊が各地で報告され、強度抵抗性を付与する技術が望まれていた。	ハクサイ根こぶ病抵抗性を付与する異なる2つの遺伝子を同定し、その極近傍に座乗する選抜マーカーを開発した。これを用いて、短期間に2つの遺伝子を集積した強度抵抗性系統を育成できることを示した。	H19年度より民間種苗会社と共同で、強度抵抗性を付与した実用F1品種の育成に着手し、5年後に、産地への普及を行う。
野菜・茶	クワシロカイガラムシ抵抗性個体を選抜できるDNAマーカーとその育種利用	木本性であり育種年限が長いチャの難防除害虫であるクワシロカイガラムシの抵抗性個体を迅速に選抜できるマーカーが望まれていた。	クワシロカイガラムシ抵抗性をもち、マーカー選抜が可能な育種素材系統である茶中間母本農4号、同農5号を育成した。	クワシロカイガラムシ抵抗性で製茶品質が「やぶきた」を越える系統を育成、品種化に向けて、19年に地方番号系統とする予定

2. 基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
野菜・茶	メロンの重要病虫害の選抜マーカーの開発	メロンの重要病虫害であるワタアブラムシ、えそ斑点病(MNSV)抵抗性、うどんこ病のマーカー選抜	ワタアブラムシ抵抗性、えそ斑点病(MNSV)抵抗性、うどんこ病抵抗性マーカーを開発し、これらを複合選抜できる育種システム構築のためのマーカー技術を整備した。	うどんこ病、つる割病、ワタアブラムシ抵抗性実用品種を3年で育成する。さらにMNSV抵抗性を付与した実用品種を5年で育成する。
野菜・茶	ナス科等野菜の高精度マーカー開発	ゲノム情報に乏しく、系統間多型頻度が低い各種の野菜において、低コストで効率のよいマーカー開発技術が必要であった。	網羅的ゲノム情報が乏しい作物において有効なSSR・SNPs等の高精度マーカーの安定・効率的な大量開発手法を確立。ハクサイおよびナスにおいて、300および1000以上のSSRマーカーを開発し、それぞれにおいて基本染色体数に収束した連鎖地図を作成、データベース化した。	ナス科ではゲノム解読が開始されたトマトを核として、ナス科全体へ波及する大量のマーカーリソースの基盤整備を進めるとともに、最も国内生産額の高い園芸作物であるトマトの安定多収性・高品質性のマーカー選抜技術開発に取り組み。

1. 近い将来普及に移せる成果、すでに普及が始まった成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	経済効果	普及の見込み、今後見込める展開、商品化の予定など
果樹	ニホンナシ黒星病抵抗性に連鎖するDNAマーカー	ニホンナシ栽培において最も重要な病害である黒星病に抵抗性を持つ経済栽培品種はなく、在来品種「巾着」や異種からの移入が必要であった。	ニホンナシの栽培では、黒星病が最も重要な病害(病害)で、抵抗性を持つ栽培品種はない。在来ニホンナシ品種「巾着」の黒星病抵抗性の遺伝子地図上の位置を特定するとともに、抵抗性を持つ個体を簡単に検出できるDNAマーカーを多数取得した。	経済栽培ニホンナシ品種は、黒星病に罹り病性であるため、年間約15-20回の農業散布を必要としていた。病害抵抗性品種では約5-10回の農業散布を削減できる。	黒星病抵抗性に連鎖するマーカーを使って有望個体の選抜を進めており、新品種の育成が期待される。
果樹	カンキツの種なし性及びカンキツトリステザウイルス(CTV)抵抗性に連鎖するDNAマーカー	「無核紀州」由来の無核性、カラタチ由来のカンキツトリステザウイルス抵抗性が、最も重要な育種目標であった。	在来のカンキツ品種「無核紀州」は、種なし性(無核性)遺伝子を持っている。カンキツと近縁のカラタチは、世界的な重要病害であるカンキツトリステザウイルス(CTV)に対する抵抗性遺伝子を持っている。カンキツの遺伝子地図を作成して種なし性を第1連鎖群に、CTV抵抗性を第2連鎖群に位置づけ、それぞれのDNAマーカーを開発した。		種なし性の育種素材とCTV抵抗性の育種素材を交配し、後代で両方の特性の複合選抜を進めており、新品種の育成が期待される。
果樹	カキの甘ガキ性の識別マーカー	完全甘ガキ性は、カキの育種において最も重要な形質であるが、非常に出現頻度が低く効率的な育成が困難であった。	1,000を超える日本のカキ品種の中で、安定して甘ガキになるもの = 完全甘ガキ性の品種は、ごく少数しかない。この甘ガキ性は遺伝的に劣性であるため、実生集団の15-20%程度が甘ガキになる。完全甘ガキ性を識別するDNAマーカーを開発した。	「甘ガキ品種 × 渋ガキ品種」 × 甘ガキ品種の交雑後代のうち、15-20%程度の甘ガキである。6-7倍の選抜効果あり。	現在、交配で作出した約3,000個体について、DNAマーカーによる甘ガキの選抜を進めており、新品種の育成が期待される。

2. 基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
果樹	ナシとモモのSSR飽和連鎖地図作成	計画的なDNAマーカー育種・ゲノムデザイン育種を行うために、基盤となる飽和連鎖地図と多数の共優性DNAマーカーの開発が必要であった。	モモ × アーモンドの集団を用いて飽和連鎖地図を作成し、約450種類のSSRの座位あるいは座乗領域を決定した。ナシとリンゴで合計約500種類のSSRマーカーの開発とマッピングを行った。	SSR飽和連鎖地図は、耐病性、果実形質を始めとする複数の形質の同時選抜に利用可能である。また、アソシエーション解析(DNAマーカーと形質との連鎖分析)など新しいゲノム育種技術の開発に利用可能である。
果樹	判別分析によるモモの重要形質の連鎖マーカー取得	経済栽培モモ数十品種を用いて、ゲノム全域をカバーするSSRマーカーの遺伝子型を基に判別分析を行い、重要形質の座乗場所の同定と形質に連鎖するDNAマーカーの取得、および新しいマーカー育種システムの開発を行う。	判別分析により、モモの酸味、果肉色、花粉粘性、収穫期に関連するSSRマーカーをするとともに、実生集団を用いてこれらDNAマーカーが有効であることを実証した。	アソシエーション解析(DNAマーカーと形質との連鎖分析)の理論構築を進めることにより、新しいゲノム育種技術の開発が見込まれる。

基礎的・学術的な研究成果

チーム名	成果名	達成目標	成果の内容	成果に基づいた出口、新しい研究展開の見込み
高精度マーカー	Genotype Matrix Mapping法の開発	遺伝解析におけるアソシエーション解析では、遺伝子間相互作用を考慮されないことが問題であった。分散分析を利用して、相互作用を考慮した新しいアソシエーション解析法とそのプログラムを構築することが目的であった。	「Genotype Matrix Mapping(GMM)法」のアルゴリズムを開発した。アカクロウパーのテストデータに対して、GMMによる解析の結果、開花時期に関連する遺伝子領域(QTL)を見出すとともに、相互作用を示すと考えられる組み合わせを見出した。	遺伝解析集団を意図的に作出ことが困難な他殖性の作物種の有用遺伝子のマッピングにおいて、開発された解析プログラムは有効な手法となると期待される。
高精度マーカー	野菜のSSRマーカーの作出	野菜は種類が多く、それぞれの作目について、ゲノムワイドなDNAマーカーが充実していないことが原因となっており、有用形質の遺伝解析を妨げている。ナスにおいてゲノムワイドに位置するSSRマーカーを多数作出することが目標となった。	ナスのSSRマーカー作成をSTAFF研究所と共同して取り組み、約1000箇所のSSR領域を増幅するプライマーを作成するとともに連鎖地図に147個のSSRマーカーを位置つけた。さらにマーカー作成ばかりでなく、ライブラリー濃縮法の改善、SSRマーカー支援プログラムの開発、マーカー情報のデータベースなどの構築を行った。	ナスのSSRマーカー作出によって、単為結果性などの重要な形質の遺伝解析が進展すると期待される。作成されたデータベースは、すでに公開されており、野菜のDNAマーカー情報の提供に関して、大きく貢献している。また研究の過程で、作成された、ライブラリー構築法や解析プログラムは、既に他の野菜のマーカー作成に利用されている。今後も、野菜のみならず、広く植物の解析に利用されると期待される。
高精度マーカー	ダイズのSSRマーカーの作出	これまでに米国のUSDAが作出したSSRマーカーは、詳細な遺伝解析を行う上で、特定の領域に存在するマーカーが不足し、詳細な遺伝解析の実施を妨げている。ゲノムワイドに位置するSSRマーカーさらに多数蓄積することが目標となった。	ダイズのSSRマーカー開発において、この3年間で、約700種類のマーカーを増やし、マーカー総数1,149の連鎖地図を作成した。開発したマーカー情報のプロジェクト参加研究室への提供を行った。	作成されたマーカーは、既にダイズの有用形質に関連する遺伝子のマッピングに活用されている。今後も、遺伝解析には利用されると期待されるとともに、平成19年度から開始予定のゲノム塩基配列の解析においては、重要な解析基点として利用できると考えられる。
高精度マーカー	コムギのSSRマーカーの作出	ゲノムサイズが大きいコムギでは、これまでかなりの労力がマーカー開発に投じられたにもかかわらず、いまだに利用できるマーカー数が少ないことが、詳細な遺伝解析を妨げている。ゲノムワイドに位置するSSRマーカーさらに多数蓄積することが目標となった。	コムギのSSRマーカー作成に取り組み、既に公開されていたマーカー数に匹敵する新規SSRマーカーを作成した。それらのうち、250種類のプライマー情報については、DNAマーカープロジェクトのWebサイトから公開した。	コムギのマーカー開発はこれまで欧米によって主に進められていたが、今回、日本の研究機関を数多くのマーカーを作成したことによって、日本のコムギ研究における地位向上に貢献した。作成されたマーカーは、すでに遺伝解析に利用されているが、今後もマップベースクローニングなどに活用されると期待される。
高精度マーカー	イネのSNPマーカーの作出	イネのSNP(一塩基多型)に関しては、ゲノムワイドなスクリーニングが行われていない。特に日本の品種間の多型情報を不足していた。	イネの日本型品種間のSNPの検出に取り組み、多数のSNPを検出した。また、得られたSNP情報の公開データベースを作成した。SNPタイピングチップを試作した。	この課題において得られた大量のデータは、間違いなく今後の日本型品種間の遺伝解析に役に立つと考えられる。またSNP検出ばかりでなく、SNPタイピングチップを開発し、今後の応用への道筋をつけた。

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「組換え体利用型研究」	研究期間	平成14～18年度
事業費	事業総額7億円		
<p>[課題の概要]</p> <p>効率的な遺伝子導入技術、組換え体の選抜系等の開発を行うとともに、イネ完全長cDNAライブラリーを利用して対象遺伝子及びその転写制御領域（プロモーター）を導入した大量の組換え体を作成し、多数のイネ遺伝子とプロモーターの機能解明を包括的に実施する手法を確立する。</p> <p>本プロジェクトによって確立された基盤技術をグリーンテクノ計画の他の応用・実用化プロジェクトへ提供し、遺伝子の機能解明と将来の画期的新品種の創出に資する。</p>			
目 標	組換え体を用いた有用遺伝子の大規模機能解明 組換え体作出関連技術の開発		
<p>[有効性]</p> <p>a. 研究目標の達成度</p> <p>イネの完全長 cDNA やゲノム塩基配列等の情報を活用し、約130種類のイネ遺伝子プロモーターの特性を遺伝子組換えイネを大規模作出することにより解析し、目的遺伝子の産物を葉にのみ蓄積させることが可能である葉特異的プロモーターなど17種類を単離、解析した。また、レーザーマイクロダイセクション法にスーパー SAGE 及びマイクロアレイ解析を組み合わせ子葉鞘の裂開部位や発芽初期の子葉鞘で特異的に発現する遺伝子群をそれぞれ数十種類ずつ同定した。</p> <p>さらに、イネの完全長 cDNA の機能解明のため、FOX Hunting 系をイネに適用し、約12,000個体以上の FOX イネ系統を作成し、各系統に導入された cDNA の特定や表現型解析を順次進め、FOX イネ系統データベースを構築し、新たな遺伝子解析手法を開発した。FOX Hunting 系の利用はシロイヌナズナで報告があるが、イネでは初めてであり、従来法（アクティベーションタギング法）に比べて10倍以上効率よく遺伝子機能解析が可能であることが明らかにされた。</p> <p>（注）FOX Hunting System : Full-length cDNA Over-eXpressor gene Hunting System の略称で、多数の完全長 cDNA をランダムに過剰発現する多様な形質転換体を、ある特定の基準や条件の下に選別し、選抜個体に組み込まれた有用遺伝子の同定や機能解明を行うという、ゲノムワイドな有用遺伝子探索技術。</p> <p>効率的な組換え体作出のため、DNA 相同組換えを介した遺伝子ターゲティング法の適用により、イネの特定遺伝子を必要最小限に改変することに成功したものの、技術の確立までは至らなかった。しかし、世界的にも極めて難易度が高く成功自体が評価されるものである。</p> <p>組換え体を大量作出することによるプロモーターの単離や新たな遺伝子機能解明手法の開発、効率的遺伝子組換え手法である相同組換えに成功したことから、本研究目標の達成度は「やや高い」と判断される。</p> <p>なお、2年目での予算大幅削減による基盤技術構築への特化、さらには、中間評価による4年目以降の FOX Hunting 系の大規模作出とデータベース構築への重点化を踏まえると、限られた体制と予算の範囲内で、十分に当初目的を達成したと言える。</p> <p>b. 成果の実績・インパクト</p> <p>研究実施期間中に、原著論文発表数58報、花粉特異的プロモーター、培養初期イネ種子の迅速形質転換法等について、合計特許出願数13件の成果を挙げてい</p>			

る。本研究において、効率的遺伝子組換え技術、新規解析手法を確立したことから、当初目標に対する成果を確実にあげており、今後も広い分野での成果が期待でき成果の実績・インパクトは「高い」と判断される。

本研究によって得られたプロモーターや解析手法、DBなどは、グリーンテクノ計画の関係者内（独法、大学など有力機関が多く参画）へ公開し、遺伝子機能解明や育種へ応用が図られている。なお、これらのデータは、体制が整い次第、順次一般へも公開している。

c. 研究の波及可能性

本研究において、新たなイネ遺伝子機能解明手法が確立され、過剰発現により生育促進や多収性に関する cDNA を得た。これまでの手法では解析困難であった遺伝子の機能解明が可能となったことを実証した。また、組織特異的プロモーターを解明し、例えば、葉特異的発現プロモーターなどにより、目的遺伝子の産物を葉にのみ蓄積させることが可能となった。

一方、相同組換えによる遺伝子組換え手法の開発は、安全性評価の観点からも、重要であり、実用化を見据えた遺伝子組換え作物開発の観点からも有用性は高い。

これらの基盤技術を、グリーンテクノ計画における遺伝子の機能解明や新品種の育成に貢献することが期待される。この方法は、ゲノム解析の進められている他作物への適用も可能であり、イネはモデル植物として位置付けられることから基礎研究のみならず、イネを始めとする重要穀類の品種改良に貢献できると期待される。

また、基礎研究の観点からも、シロイヌナズナなどのデータベースとの比較ゲノム研究に新たな手法と情報を提供することにより、研究の飛躍的な加速が期待されることから、研究の波及可能性は「やや高い」と判断される。

迅速かつ大量にイネ FOX 系統を作出し、独法、大学など有力機関が多く参画するグリーンテクノ計画関係者へ提供していることから、今後も成果が期待できる。一方、事業終了にあたり、今後とも作出した系統を維持・管理してリソースとして多くの研究者へ活用してもらう方策を打ち立てることが重要な課題となる。

[効率性]

a. 投入した研究資源の妥当性

本研究の成果は、基盤的な研究成果であることから、費用対効果を厳密に分析することは困難である。しかし、組換え体を用いた有用遺伝子の大規模機能解明と関連技術の開発は、遺伝子特許の取得を加速化するとともに、ゲノム育種技術の確立に必要な不可欠であることから、我が国の知的財産権の強化、育種技術の革新に大きく寄与するものと考えられるため、投入した研究資源の妥当性は「概ね妥当」と判断される。

b. 研究計画・実施体制の妥当性

本研究は、手法の開発や効率化を図る基盤的なプロジェクトであるため、高い技術を有する（独）農業生物資源研究所及び基盤的な知見を有する大学の研究者の参画によって実施してきた。

また、本プロジェクトは、グリーンテクノ計画の一環として、基盤部分を担い、イネ遺伝子機能解明手法、組換え体作出関連技術や機能の同定された完全長 cDNA を、「イネゲノム機能解析研究（重要形質プロジェクト）」及び「ゲノム育種の開発と実証」に提供することとし、遺伝子の機能解明や育種への応用を図っている。

各プロジェクト及び参画機関との連携を図っていることから、研究計画・実施体制の妥当性については、「概ね妥当」と判断される。

[必要性]

a. 成果の科学的、社会・経済的意義

本施策の実施により、遺伝子の機能解明手法が高度化され、農業上有用な遺伝子の探索の効率化が図られる。また、本施策を通じて得られた遺伝子を育種へ応用することによって、我が国の食料自給率の向上、食料の安全・安心の確保、将来に予

測される食料危機の問題に対処が図られる。

以上のことから、本研究の成果の科学的、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「当初の目的をほぼ達成した」と判断される。

評 価 関 係 資 料

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
組換え体利用型研究

1 研究目的

(1) 解決すべき問題点（ニーズ）及びその現在の状況

我が国は、基幹作物であるイネのゲノム研究を精力的に推進し、これまでにイネゲノムの全塩基配列解読完了や有用な標的遺伝子の単離を成功させてきた。ゲノム解読技術や遺伝子のマップベースクローニング手法の確立、遺伝子機能解明のための研究材料の作出等、本ゲノム研究分野においては、世界最高レベルにある。特に、ゲノム解析ツールにおいては、イネ完全長クローンのセット、Tos17突然変異系統群及び染色体部分置換系統群等の遺伝解析材料等の有用な研究材料を保持している。

これらの貴重な研究基盤を応用し、新品種の開発へつなげるために、農業上重要な遺伝子の機能解明を行い、目的とする遺伝子を導入し、画期的な新品種を作出する必要がある。このための重要なツールとして、新規遺伝子解析手法や効率的な遺伝子組換え技術の確立を図り、安全性や実用性に配慮した研究を実施する必要がある。

(2) 本プロジェクト研究課題が解決しようとしている事項

本研究は、基盤研究であり、研究成果がダイレクトに問題解決に結びつくわけではないが、新たな遺伝子解析手法の確立によって、イネの重要な遺伝子の機能解明、単離のみならず、一連の遺伝子間の相互作用等を明らかにすることにより、農業や他産業での実用化が図られる。

また、効率的な遺伝子組換え手法の確立により、国民のニーズの高まりつつある健康機能性を付与したイネなど、付加価値の高い農作物の作出を行う事が出来るようになる。

本プロジェクトでの基盤成果を確実にグリーンテクノ計画内での育種や遺伝子機能解析を担うプロジェクトへ受け渡すことによってゲノム研究全体の加速化が図られる。

(3) 上位計画等

農林水産研究基本計画（平成17年3月農林水産技術会議決定）において、次世代の農林水産業を先導する革新的技術の研究開発、農林水産生物に飛躍的な機能向上をもたらすための生命現象の解明として明記されており、上位計画との関連は明確である。

2 研究目標とその実績値

(1) 研究目標

組換え体を用いた有用遺伝子の大規模機能解明
組換え体作出関連技術の開発

(2) 研究実績値

イネの完全長cDNA、ゲノム塩基配列情報を活用し、多数の遺伝子組換えイネ

を作出し、組織特異的プロモーターなど、新規プロモーター10件の特許出願を行った。

また、培養初期イネ種子の迅速形質転換法を確立（特許出願）しているほか、除草剤耐性型のイネ由来アセト乳酸合成酵素（ALS）遺伝子の選抜マーカー遺伝子としての利用（特許出願：上記のプロモーター特許のうち、ALSプロモーターとして含まれる）と、同遺伝子ターゲティング系を開発し、効率よい選抜技術を開発している。

さらに、これまでの手法では包括的機能解明が困難であった多数のイネ完全長cDNA群について、FOX Hunting系をイネに適用し、12,000系統余りのFOXイネを作出するとともに、表現型および導入遺伝子のデータベース構築を行い、ゲノム研究を推進するための基盤構築に大きく貢献した。さらに、これらのFOXイネシステムを利用して、バイオマスを増加させたり、耐病性を増強させる遺伝子等の有用遺伝子の単離に成功した。また、イネにおいて有効なRNAi系やレーザーマイクロダイセクション法を確立し、遺伝子解析手法の充実を図った。

DNA相同組換えを利用した遺伝子改変に成功し、実用化を視野に入れた遺伝子組換え作物の開発が可能となった。これにより、機能性を付与した食品の開発において、一層世界の研究をリードしていくことが期待される。

（3）研究成果による経済・社会等への波及効果

遺伝子機能解析手法と、組換え手法の高度化により、高品質化、画期的な収量増、種々の病虫害に対する抵抗性付与、乾燥・塩害等による物理的ストレスに対する抵抗性付与、など画期的品種の育成や、消費者ニーズにあった機能性農作物の作出等による国民へ与えるインパクトは大きく、社会への波及効果も十分に期待される。

3 プロジェクト研究実績（研究内容、成果等）

（1）課題毎の期間、研究費等

組換え体を用いたイネ有用遺伝子のプロモーターおよび機能に関する解析
（平成14～18年）

実施機関：（独）農業生物資源研究所、東京大学、岩手大学、電力中央研究所
研究費：約639百万円（5年間）

研究内容：対象遺伝子を特定の組織で特異的あるいは誘導的に発現させるべく、そのような特性を有するプロモーター配列の単離、解析、権利化を行う。他の手法では包括的機能解析が困難な数万の遺伝子について、その完全長cDNA群を過剰発現する組換え体を大量に作出し、遺伝子の機能解明を効率的かつゲノムワイドに行う。また、遺伝子組換え手法の迅速化や高度化を実現させ、有用組換え体作出の効率化や安全性向上を図る。

イネ組換え体作出関連技術の開発（平成14～16年）

実施機関：（独）農業生物資源研究所、東北大学、京都府立大学等
研究費：約58百万円（3年間）

研究内容：組換え体を効率よく作出するための遺伝子導入技術、組換え体の選抜技術の開発を行う。

(2) 研究の推進体制

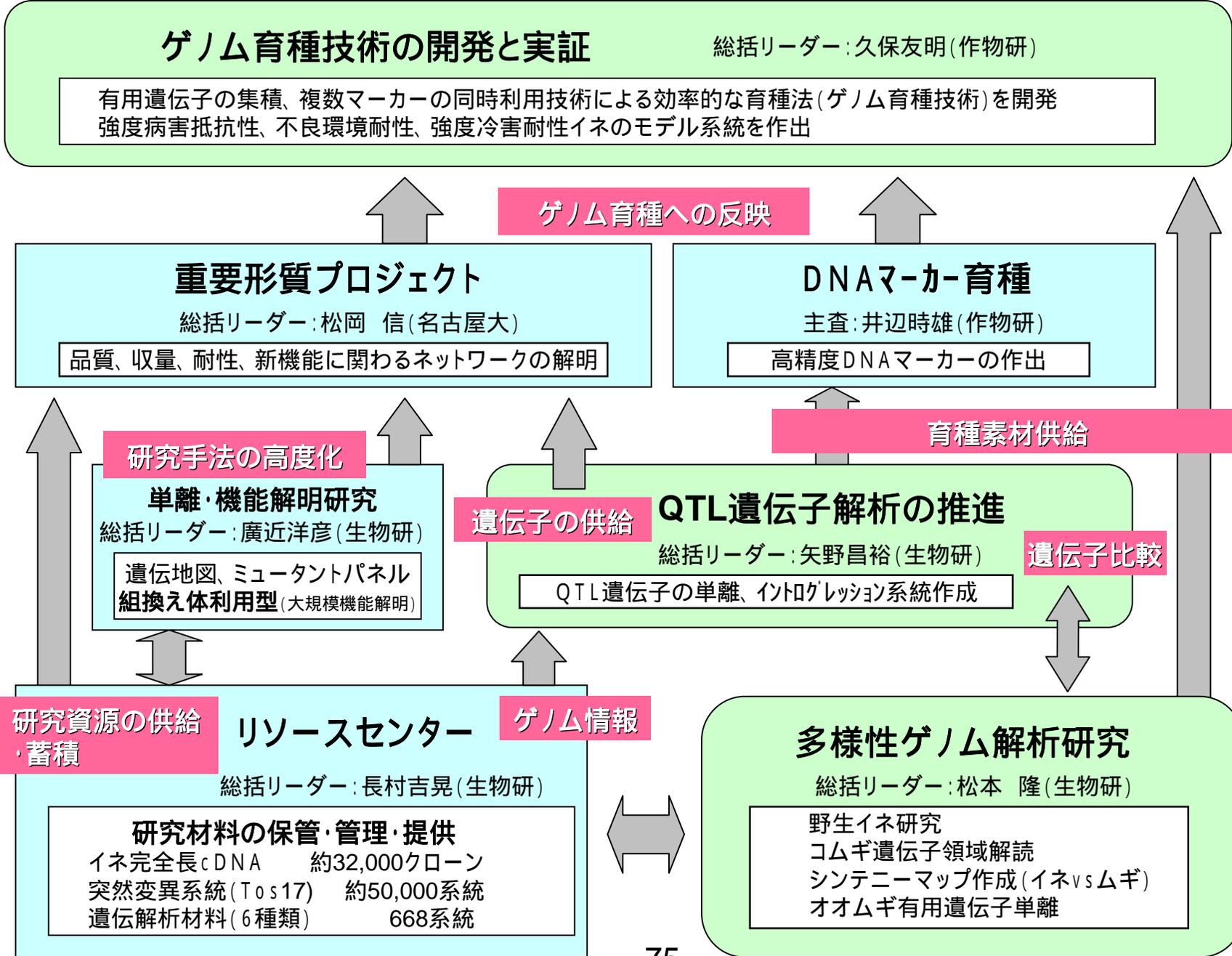
(独) 農業生物資源研究所の統括のもと、効率的な遺伝子組換え手法の確立や組換え体を用いた遺伝子機能の包括的解明システムの開発などを実施。本研究所で確立した基盤技術を活用することで、遺伝子の機能解明手法が効率化かつ高度化され、有用遺伝子の機能解明とその育種への利用を加速化する。

これらの、研究成果は、グリーンテクノ計画の応用・実用化プロジェクトに提供され、プロジェクト相互間の連携を図って実施している。

4 その他参考資料

グリーンテクノ計画推進体制図

グリーンテクノ計画推進体制図



実用化

基礎応用

基盤

評価個票

<p>研究課題名</p>	<p>「有用遺伝子活用のための植物(イネ)ゲノム研究」及び「ゲノム育種による効率的品種育成技術の開発」</p>	<p>担当課名</p>	<p>農林水産技術会議事務局 先端産業技術研究課</p>
<p>事業費</p>	<p>事業総額 105 億円</p>	<p>研究期間</p>	<p>平成 10 ～ 19 年度</p>
<p>〔課題の概要〕</p> <p>イネ・ゲノム研究では、わが国を中心とした国際コンソーシアムにおいて、平成 16 年にイネゲノム塩基配列完全解読を達成したところであるが、塩基配列が次第に明らかになっていく過程において、塩基配列解読情報に基づき生命現象の解明や、産業利用等につながる有用遺伝子の単離、機能解明をめぐる国際的な競争が激化し始めていた。</p> <p>このような中、我が国においても、これまで培われたイネゲノム研究における優位性を活かし、イネやイネ科の作物である麦類について、遺伝子レベルでの機能解明を進めるとともに、ゲノム情報を活用した画期的な育種技術の開発を行うこととしたものである。</p>			
<p>目 標</p>	<p><プロジェクト全体のアウトカム目標></p> <p>新品種開発につながる有用遺伝子の単離・機能解明とゲノム情報を活用した画期的な育種技術(ゲノム育種)の開発を行う。</p> <hr/> <p><研究目標></p> <p>(1) イネ・ゲノムリソースセンターの整備 (H15 ～)</p> <p>イネの全塩基配列情報とともに、cDNA クローン、遺伝子変異体などゲノム研究に必要な研究材料及び情報を整備するとともにこれらの提供体制を整備する。</p> <p>(2) 遺伝子の単離と機能解明</p> <p>(1) により提供された研究材料や情報を活用して以下のとおり農業上重要な遺伝子の単離と機能解析を行う。</p> <p>①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 (H10 ～)</p> <p>遺伝地図利用技術の開発並びに、イネ内在のトランスポゾン「Tos17」を利用したミュータントパネル(遺伝子破壊系統)の整備及びこれらを利用したイネ遺伝子の単離と機能解明。</p> <p>②イネの重要形質遺伝子の単離と機能解明 (H15 ～)</p> <p>高品質なコメを作る遺伝子の解明、機能性物質を作る遺伝子の解明、光合成能を高める遺伝子の解明、不良環境に強い遺伝子の解明、病害虫に強い遺伝子の解明の 5 形質の関連遺伝子の単離と機能解明。</p> <p>③イネの量的形質遺伝子(QTL)の単離と機能解析 (H17 ～)</p> <p>複数の遺伝子が関係する複雑な形質である QTL 解析方法の構築及び当該手法を用いた遺伝子の単離と機能解明。</p> <p>(3) 画期的な作物の開発 (H17 ～)</p> <p>(2) で得られた成果を活用し、DNA マーカー育種技術や遺伝子組換え技術等を活用して高度耐虫性や耐低温性など先導的なモデル系統を作出する。</p>		

(4) イネ以外の作物への応用と生殖的隔離の解明 (H17 ~)

イネゲノム研究で得られた知見をコムギ等イネ以外のイネ科植物にも応用し、農業上重要な遺伝子の単離、機能解明を行うとともに、イネの種間・亜種間等に起こる不稔現象によってジーンプールの活用が妨げられている生殖的隔離の機能を解明する。

1. 研究目標の達成度等

評価ランク

S

ゲノム研究を推進するためのリソース等の基盤整備が進められ、それらを活用した遺伝子の機能解明や単離等が促進されるとともに、解明が進んだ遺伝子機能を活用して画期的な品種の開発を行う技術基盤も確立された。

本研究は、将来の品種開発等実用研究に繋がる基礎基盤研究が中心であることから、研究成果の評価は、国内の先端的な植物科学者によるピアレビューの結果を踏まえることが適切と考えられるところ、各課題ごとのピアレビューにおいて、現在の植物科学の国際水準からみても極めて高いレベルの研究成果が得られ、一部においては、プロジェクト当初の期待を上回る成果が上がったと評価されている。

加えて、作物開発研究においても、平成 19 年度段階においては、モデル系統の作出がプロジェクト当初の目標であったところ、一部において新品種の開発にまで達したものもある。

このように、全体として、プロジェクト当初の期待を上回る、世界的にも高い評価を受ける研究成果が得られたと評価できる。

個別の研究目標ごとには、次のとおりである。

(1) 研究材料及び情報の整備と提供

遺伝子の単離、機能解明を効率的に推進するためには、土台となる研究解析材料（リソース）の整備が重要であることは言うまでもない。このような観点に基づき、イネの遺伝子数が約 3 万 2 千と推定されている中で、イネ完全長 cDNA 約 3 万 5 千クローン、Tos17 変異体 5 万系統と十分な数の研究素材を整備した。また、染色体部分置換系統など QTL 解析に必須の遺伝解析材料 10 種類を整備した。

また、これらの解析材料の配布体制を整備するとともに、データ処理により研究成果情報提供体制も整備し、5 年間でリクエスト 2,186 件、配布クローン数（または系統数）19,173 等であり、プロジェクト内外を問わず、国際的にこれらの成果が研究者に提供され、遺伝子の単離や機能解析等の研究材料として活用されるとともに、そのうち 1 割程度が論文となって世の中に発表されている。

このようにして整備された植物研究基盤は世界でも最高水準のものであり、韓国、中国、アメリカなどにおいても日本の開発手法を手本に整備を始めているところである。

以上のことから、イネゲノム研究の進展に大きく寄与したものと考えられ、ゲノム研究に必要な研究材料及び情報の整備と提供を行う当初の目的を達成したのみならず、以下の研究やその他の植物ゲノム研究の材料として供されたことにかんがみると、当初予定していた以上の成果があがったものと評価できる。

(2) 遺伝子の単離と機能解明

① 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、機能解明

遺伝地図及びミュータントパネル（遺伝子破壊系統群）を利用した農業上重要な遺伝子の効率的単離手法を確立するとともに、「いもち病ほ場抵抗性遺伝子 Pi21」等の量的形質遺伝子 4 個を含む 25 個の有用形質遺伝子の単離に成功した。中でも、組織培養で活性化するため、これを活用すれば遺伝子破壊系統を容易に作出できるイネ内在性のトランスポゾン「Tos17」を発見、活用したことは特筆される。

Tos17 変異体は、遺伝子組換え技術を利用したものでないことから、一般圃場でも利用できる世界で唯一の系統群であるため、実用品種の応用に当たって極めて有用なものと評価できる。この成果は、(1)の研究材料整備に受け渡され、世界でもトップクラスの破壊系統遺伝子情報を誇るミュータントパネル整備に繋がっている。

また、「いもち病圃場抵抗性遺伝子 Pi21」は、これまでに単離されていたいもち病抵抗性遺伝子よりも格段に抵抗性が強く、(3)の作物開発により系統作出にまでこぎつけているものである。

このように、本研究で得られた成果は科学的に高い評価を受けるとともに、本プロジェクトの他の研究のみならず、我が国のイネゲノム研究全体の進展に貢献するとともに、実用的な新品種開発にも繋がるものとして、当初予定されていた以上の成果が上がったものと評価できる。

②イネの重要形質関連遺伝子の単離と機能解明

イネの品質・収量、機能性、光合成、病虫害抵抗性、不良環境耐性の5つの機能に関連する遺伝子の単離、機能解明を進め、5年間で30個の遺伝子が単離同定された。また、本研究成果は、サイエンス、ネイチャーの2大学術誌に10編掲載されたほか、国際的な植物分野のトップ誌に100編以上掲載される(プラントセル誌掲載日本論文の3分の1が本研究成果)など、国際水準からみて、海外の最先端の研究者からも注目される極めて高い研究成果が上がったと評価される。

例えば、植物の生長を制御する植物ホルモン(ジベレリン)の作用に関わる複雑な構造を遺伝子レベルで解明し、サイエンス誌の「2005年 break through of the year」に選ばれ、「valuable step in improving crop」と評された。

また、様々なタンパクをコメ食用部など、植物の特定の箇所に発現させる応用研究が実用可能なレベルにまで進展したほか、ケイ素吸収に関連する遺伝子の単離(ケイ素を植物内に吸収する遺伝子と植物外へ排出する遺伝子の双方を特定)など、光合成以外の4つの機能において、それぞれ当初想定された以上の極めて有用な進展がみられた。光合成の機能については、プロジェクト当初は、特定の酵素を活性化させる1つ又は数個の遺伝子が単離されれば目的が達成されると考えられていたが、研究過程において、光合成能力の向上のためにはそれだけでは足りず、それ以外の酵素を含めた複雑な作用が働いていることが明らかになるなど、今後に関わる国際水準の新たな知見が得られた。

以上のように本研究では、世界最高水準の研究成果が上げられ、食料のみならず、環境・エネルギーなど今後の新たな農業の展開の可能性を開く新品種の開発に関わる有用な形質に係る遺伝子の単離、機能解明がなされ、当初想定された以上の成果が上がったものと評価できる。

③ QTL の単離と機能解析

これまで、複数の遺伝子が相互に関係しあって特定の形質を現す量的形質遺伝子(QTL)の単離、機能解明を行うことは極めて困難であったが、遺伝子破壊系統の充実((1)及び(2)①で整備)などの研究材料の整備に加えて、SNP(一塩基多型)タイピングアレイの開発などにより、平成17年度からQTL解析に取り組み始めた。平成21年度までの研究の予定であったが、平成19年度までに、QTL解析方法が確立されるとともに、約3000個のSNPデータを得、44kの完全長cDNAマイクロアレイを整備した。得られた基盤情報については(1)のリソースセンターに提供され、我が国のみならず世界の植物研究の材料として利活用された。また、良食味、環境ストレス耐性、病虫害抵抗性などの遺伝子の単離、機能解明がなされ、単離した遺伝子の情報をもとにDNAマーカーを作成した。

研究開始当初は、世界的に植物研究でQTL解析を本格的に行った事例がなかったことから、どの程度の成果がでるか疑問視する見方もあったことにかんがみる

と、予想以上の研究成果があがったと評価できる。

(3) 画期的な作物開発

(2) の研究成果など、これまでに得られた遺伝子機能の知見をもとに、平成 17 年度から具体的な作物開発に着手した。このうち、直ちに実用化に繋げることが期待されるものは DNA マーカー育種により、遺伝子組換え技術に依らなければ作出できないものについては遺伝子組換えにより開発を行い、モデル系統の作出を行うこととされた。

DNA マーカー育種においてはトビイロウンカ抵抗性の「BPH1 号」、コシヒカリ極早生「コシヒカリ関東 HD1 号」「同 2 号」を、従来育種に比べて大幅に育種期間を短縮して開発し、平成 19 年に品種登録出願をした。

また、いもち病圃場抵抗性遺伝子 Pi21 ((2) ①参照) を導入しつつ食味を保持した系統や、トビイロウンカ・ツマグロヨコバイ抵抗性 QTL を導入した系統など、従来育種では開発が不可能と目されていた系統を育成した。特に前者は過去数十年にわたり克服できなかったいもち病抵抗性形質と不良食味形質との強連鎖を断ち切った画期的なものと評価される。

遺伝子組換え技術を利用した品種の育成においては、ノボキニンやβコングリシニンなど血清コレステロール低下機能や高血圧調整機能を持つ成分をコメ可食部に蓄積させたイネを作出したほか、高度複合病害抵抗性イネの作出に向け、病原菌感染時誘導性プロモーターを取得するなど、計画どおりに進捗している。

以上のように、モデル系統を超えて品種登録申請にまで達しているものがあるなど、本研究の終了期間である平成 21 年度の達成目標をすでに達成したものもあり、全体として研究開始当初の想定を上回る進捗状況と評価できる。

(4) イネ以外の作物への応用と生殖的隔離の解明

これまでのイネゲノム研究で得られた知見をオオムギなどイネ科植物にも活用して品種開発につながる遺伝子の単離を図るとともに、野生イネの持つ特色ある形質を活用する上での障壁となっている種間において生じる不稔など、生理的隔離の解明の研究に平成 17 年度から着手した。

平成 21 年度までの研究予定であったが、平成 19 年度までに麦類の赤かび病回避に結びつく閉花性遺伝子を単離するとともに、皮性・裸性を支配する遺伝子の単離に成功した。また、麦類の課題である穂発芽性や休眠性といった形質についても、イネにおいてゲノム領域を限定し、麦類への応用の足がかりを築いた。また、イネの生殖的隔離の解明については、候補遺伝子領域の同定に成功し、ジーンプールの拡大の足がかりとなる生殖隔離の機能解明の基礎を築いた。

以上のように、概ね研究開始当初の計画通りに研究が進捗しているほか、一部で 21 年度達成目標達したものもあると評価できる。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク

A

本プロジェクトは基礎的な研究が中心であり、研究成果が直接的に社会、経済に及ぼす効果を具体的に表すことは難しいが、その中でも、開発し品種登録出願した「関東 BPH1 号」、「コシヒカリ関東 HD 1 号」及び「関東 HD 2 号」については、都道府県での奨励品種決定調査試験に供試され、さらに生産者や民間種苗会社から利用許諾の申請がすでに 10 件以上寄せられている。トビイロウンカ耐虫性の「関東 BPH1 号」については、九州を中心にトビイロウンカの被害が大きくなっている（平成 17 年度におけるトビイロウンカによる被害額は約 57 億円）ことから、九州各県の有機栽培米生産地から作付け希望が寄せられている。また極早生・晩生の「コシヒカリ関東 HD 1 号」、「関東 HD 2 号」については、規模の拡大を可能にする作期分散に加え、温暖化対応策としての高温登熟回避を目的とした活用も期待されている。

また、本プロジェクトの成果は、むしろ今後の研究開発や実用品種の開発を加速的に進展させ得る基盤を構築したことが評価されるものであり、本プロジェクトで整備したイネ研究材料（イネ完全長 cDNA、Tos17 変異体系系統群、遺伝解析材料等）は、イネ研究者だけでなく、コムギ、トウモロコシ等のイネ科作物の研究者からも非常に多くのリクエストを受けており（年間約 450 件）植物ゲノム研究の進展に大きく貢献している。

加えて、プロジェクトの推進に若手研究者を起用し、日本学術振興会賞受賞者（直近 4 年での植物研究者の受賞者 5 人のうち 3 人が本プロジェクト関係者）を輩出するなど、将来の植物研究を担う人材育成の観点からも評価され得る。

以上のように、本プロジェクトは今後の画期的な実用品種の開発の道筋に科学的根拠を提供したものと評価されるが、具体的に社会、経済に大きく貢献する成果は今後の研究開発に委ねられるところである。

また、本プロジェクトの研究成果については、一般向けのパンフレットや CD を作成し、マスコミ、教育機関に配布するなどの情報提供、普及の努力はしてきたものの、その世界的な研究成果の割には国民に対する普及、浸透が十分図られたとは言えない面もあり、今後の一層の努力が期待される。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク

S

(1) 研究体制

本プロジェクトは、イネゲノム研究を世界的にリードしている(独)農業生物資源研究所が中核機関となり、All Japan 体制で研究を実施してきた。遺伝子単離、機能解明等の基礎基盤研究については、研究独法、大学や民間企業の遺伝・育種学や分子生物学の研究者にそれぞれ得意分野を担当させ、研究勢力を結集した。また、作物開発研究にあたっては、新技術のユーザーである都道府県の公設試をプロジェクトに参画させ、現場においてすぐに使える技術の開発と、開発した研究成果を速やかに普及させ得る体制を築いた。

(2) 進行管理

本プロジェクトにおいては、毎年、外部の研究者による評価委員会や運営委員会等において厳しく進捗状況の把握・審査を行い、順調に進んでいないと判断された課題については、中途であっても中止したり、研究進行過程で新たな乗り越えるべき壁が明らかとなった場合には、その都度プロジェクトリーダーやチームリーダー等から課題やアプローチなどについて適切な援助や研究指導が行われるなど、限られた研究資源を最大限活用すべく厳格な進行管理を行ってきたものと評価できる。

(3) グループ間での成果相互利用

また、本プロジェクトで得られた研究材料や情報、研究成果については、研究グループで共有し個々の研究課題の推進に活用した。具体的な相互利用の例は 1 で示したとおりであり、全体として 1 つのまとまったプロジェクトとしての研究成果を出しうる体制が作られたと評価できる。

(4) 研究支援

さらに特筆すべきものとして、各小課題ごとの研究者が研究上の障壁にぶつかったときに、問題の深みにはまらないよう本プロジェクトに参画した研究者相互の間で研究支援を行う体制を整えたことが挙げられる。

ライフサイエンスにおいては、研究進行状況によってある時期に集中的に人手が必要となったり、試料需要など資金を要する場合が生じるが、このような状況に対応すべく、フレキシブルに研究が実施できる特殊支援部隊を組織するとともに、これに必要な資金を確保し、適時的確な研究支援を行い、問題の解決を図ったことが多くの成

果に結びついたものと評価できる。

以上のように、本プロジェクトを進めるに当たって、適切な研究推進方法がとられたのみならず、プロジェクトとしての一体性を活かした、他のプロジェクト研究においてもモデルとなりうる研究体制が構築されたことものと評価できる。

4. 研究成果の意義

評価ランク

S

本プロジェクトにより、Tos17 を用いたミュータントパネルや完全長 cDNA クローンの整備など多くのイネゲノム関係リソースが作成され、世界に類を見ない、研究基盤及び情報提供体制が整備された。

また、QTL 解析手法の開発などリソースを活用して有用な遺伝子を単離、機能解析する最先端の画期的な技術も確立され、これらにより、農業上有用な遺伝子が多く単離・機能解析されるなど世界的にも高く評価される研究成果が得られた。

さらに、DNA マーカーの開発等により、新たに獲得した有用遺伝子を効果的に活用するための育種技術が確立された。

さらに、本プロジェクトにおいては将来の植物研究を担う若手研究者の育成も図られたことから、日本植物研究勢力の充実・強化に貢献した。

このように、基礎基盤研究を中心とした本プロジェクトにおいては、今後の植物研究や食料・環境・エネルギー問題の解決につながる実用品種の開発を、加速的に進展させ得る基盤が構築されたものと評価される。

また、本プロジェクトにおいて整備したリソースや単離した遺伝子等重要な成果については、知的財産権を確保した上で国内外に情報を公開し、我が国の優位性を確保しつつ植物研究の進展に大きく貢献した。このように、当該分野における日本のリーダーシップを遺憾なく発揮し、存在感を示すことが出来たと評価できる。

以上を総合的に判断すると、本プロジェクトの研究成果の意義は極めて高いと評価できる。

【総括評価】

評価ランク

S

本プロジェクト研究については、我が国のゲノム研究の基盤を構築するとともに、国際的にも極めて高いレベルの成果が得られており、予想以上の成果をあげたと判断される。

評 価 関 係 資 料

有用遺伝子活用のための植物（イネ）ゲノム研究及びゲノム育種による効率的品種育成技術の開発

1. 農林水産技術会議事務局

事業担当課長 先端産業技術研究課長 新井 毅
プログラムオフィサー 研究開発企画官 門脇 光一

2. プロジェクト研究運営委員等

(1) 外部専門家

相山女学園人間学研究センター 客員研究員 杉浦 昌弘
かずさDNA研究所副所長 田畑 哲之
国立大学法人筑波大学生命環境科学研究科 教授 奥野 員敏

(2) 関係行政部局

大臣官房企画評価課技術調整室
生産局農産振興課

3. 研究実施体制

プロジェクトリーダー

独立行政法人農業生物資源研究所 理事 佐々木卓治

チームリーダー

独立行政法人農業生物資源研究所ゲノムリソースセンター長 長村 吉晃

独立行政法人農業生物資源研究所基盤研究領域長 廣近 洋彦

国立大学法人名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 松岡 信

独立行政法人農業生物資源研究所QTLゲノム育種研究センター長 矢野 昌裕

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構

作物研究所研究管理官 岡本 正弘

独立行政法人農業生物資源研究所植物ゲノム研究ユニット長 松本 隆