

イネゲノム研究の副次的な効果

研究のオールジャパン体制の構築

- イネゲノム研究を世界的にリードしてきた農業生物資源研究所を中核機関に、研究独法、大学、民間企業の勢力を結集
- 都道府県の公設試を参画させ、現場ですぐ使える技術を開発

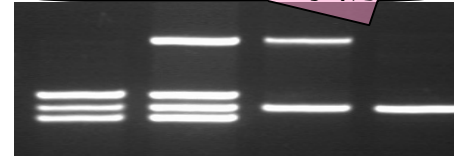


役割分担の明確化

品種判別技術の開発・普及

DNAのバンドパターンの違いによる品種識別 → ゲノム活用技術の国民理解の増進

偽装表示の予防



コシヒカリ ひとめぼれ あきたこまち ササニシキ

DNA品種判別対象品	
穀類	コメ、コムギ、オオムギ、ハダカムギ
豆類	アズキ、シロインゲンマメ
いも類	コンニャクイモ
野菜類	イチゴ、ナス、ハクサイ、トウガラシ
果実類	梨、桃、柑橘、サクランボ他
肉類	牛、鶏
魚介類	マグロ属魚類

人材育成

将来の植物研究を担う人材の育成

日本学術振興会賞を受賞した植物学者7人のうち3人が本プロジェクト関係者(平成16-19年)



若手研究者の人材育成

知的財産の確保

- 重要な成果の知財を確保しつつ、国内外に情報を公開
- 我が国の優位性を確保しつつ、植物科学研究の進展に貢献



知財化の重要性の認識増大

支援専門チームの有効性

- 支援専門チームを組織し、予算を手当て
- 適時的確な研究支援により、問題解決



技術者集団による研究の加速化

Ⅱ. 個別課題の実施状況及び 目標の達成状況

- 1 イネ・ゲノムリソースセンターの整備 (H15-19)

目的

イネゲノム研究により得られたゲノム情報や研究材料を国内外の多くの研究者・研究コミュニティーに提供するためのシステムを整備する。提供事業を通してイネ及び関連する植物の基礎及び応用科学の一層の進展を図る。

目標

1. 研究材料(イネ完全長cDNA、Tos17変異体系統群、遺伝解析材料)及び情報の一括管理による利便性の向上を図り、研究機関等への円滑な供給体制の確立
2. 材料情報の整理・解析により、高度かつ高精度の情報を持つ研究材料および情報の管理・提供

- 2 イネ・ゲノムリソースセンターの整備 (H15-19)

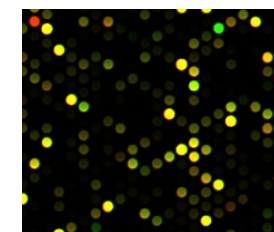
成果

1. 研究材料の整備
 - ・ イネ完全長cDNA約3万5千クローン
 - ・ Tos17変異体約5万系統
 - ・ 遺伝解析材料(染色体置換系統等)10種類
2. 研究材料の提供体制の整備
 - ・ 研究材料の在庫管理システムの構築
 - ・ 分譲依頼システム(Web申し込み)の作成
3. マイクロアレイ利用技術の開発
 - ・ マイクロアレイ解析システムの立ち上げと解析支援
 - ・ オープンラボ公開



研究材料分譲システム

イネ 4 K× 4 アレイの作成



2色法によるマイクロアレイ解析

赤: コントロールより発現が上昇した遺伝子
緑: コントロールより発現が低下した遺伝子

目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成(当初予定していた以上の成果)

理由: ゲノム研究に必要な研究材料及び情報の整備を行う
当初の目標を達成したのみならず、他のプロジェクト
研究やその他の植物ゲノム研究の材料として供され
たため。

- 1 イネ・ゲノムの全塩基配列の解明 (H15-16)

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物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。

目標

1. イネ・ゲノムの効率的解析技術を開発
2. イネ・ゲノムの全塩基配列を解読
3. イネ・ゲノム塩基配列情報の解明技術を開発

- 2 イネ・ゲノムの全塩基配列の解明 (H15-16)

成果

1. イネ・ゲノムの効率的解析技術を開発
 - ・ イネ・ゲノム上に発現遺伝子地図を完成 (6,591マーカー)
2. イネ・ゲノムの全塩基配列を解読
 - ・ 平成16年に完全解読を完了
(370Mbを99.99%の精度で解読、日本は全体の55%を担当)
(成果はNature誌Articleなどに掲載)
3. イネ・ゲノム塩基配列情報の解明技術を開発
 - ・ 完全長cDNA情報を組み込んだアノテーションを完成させ、公的データベースから公開



目標の達成状況とその理由

目標を達成

理由 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いるため。



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)

- 1 イネ・ゲノムシュミレーターの開発 (H15-16)

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、コンピューター上でイネ等農作物の品種改良実験を可能とするイネ・ゲノムシュミレーター（仮想実験システム）の開発を目指す。

目標

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ベース、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・ゲノムシュミレーター の開発
生命科学技术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、コンピューター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