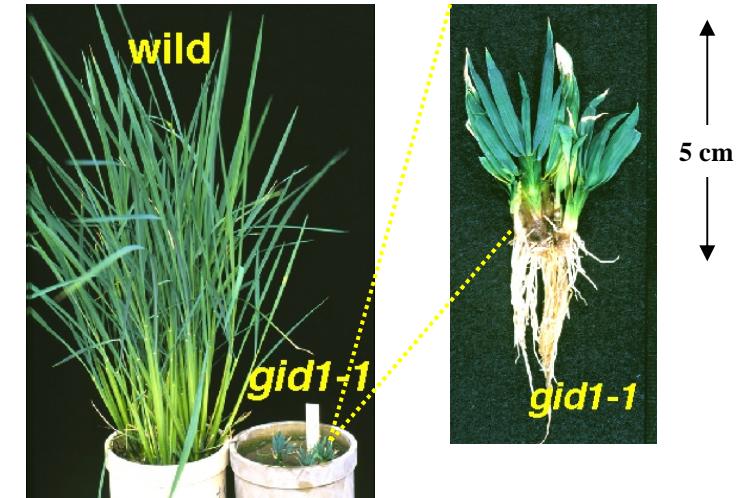


- 2 イネ・ゲノムの重要な形質関連遺伝子の機能解明 (H15-19)

成果

1. 高品質なコメ
 - ・イネの生長を制御するジベレリン受容体を世界で初めて発見
2. 機能性物質
 - ・経口ペプチドワクチン米、GABA強化米を開発
3. 光合成
 - ・イネで4種類のC4光合成酵素を高発現させると光合成が促進されることを証明
4. 病害虫
 - ・イネの耐病性で重要なOsRac1の作用機構の解明
 - ・イネの誘導抵抗性に関連するWRKY45の機能を解明
 - ・イネの耐病性を負に制御するOsPti1aの機能を解明
5. 不良環境
 - ・ケイ酸の吸収を制御する2つの遺伝子の単離・機能を解明
 - ・イネのOsDREB1A等が環境ストレス付与に重要なことを証明

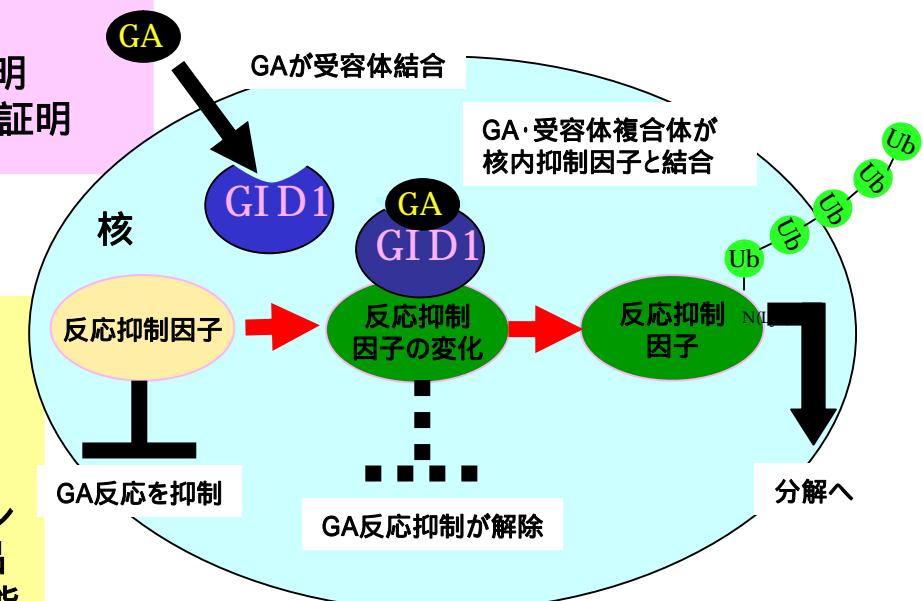


イネの生長を制御する植物ホルモンであるジベレリンに非感受性な変異体*gid1*の形態

目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成(当初想定された以上の成果)

理由:本研究では、世界最高水準の研究成果が上げられ (*Nature*、*Science* に10編、国際的な植物分野のトップ誌に100編以上掲載)、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种の開発に繋がり有用な形質に係る遺伝子の単離、機能解明がなされたため。



イネのジベレリン受容体Gid1の作用機構のモデル

- 1 イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 (H15-16)

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。

目標

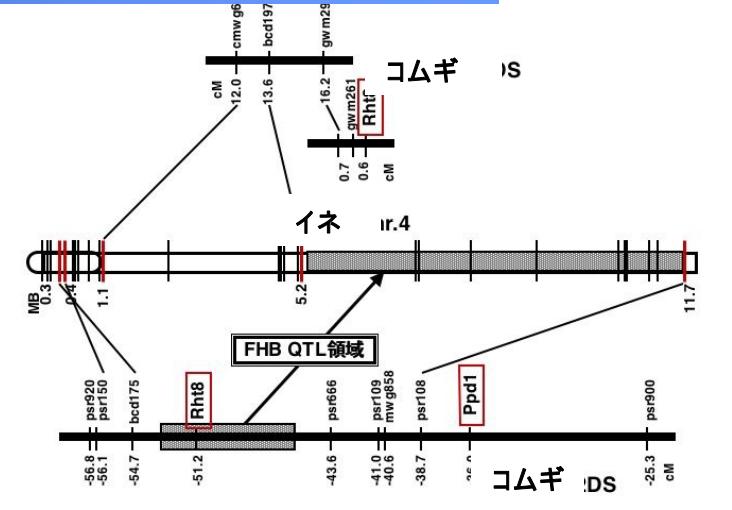
ムギ類、イネ科牧草等イネ科作物を中心に、マメなどの主要作物、カンキツなどの果樹、スギなどの林木を対象とし、「日本晴」の遺伝地図、物理地図、発現遺伝子地図、塩基配列データ及び有用遺伝子に関するデータをもとに、各植物ゲノム構造ならびに遺伝機構を解明し、品種開発、栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける

- 2 イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 (H15-16)

成果

1. 植物ゲノム構造ならびに遺伝機構の解明

- イネとのシンテニー(染色体上の遺伝子群の並びの類似性)を利用して、ムギ類で新規マーカーを効率的に開発(コムギで8種類、オオムギで4種類)
- アズキで遺伝地図の作成、QTLの同定
- 果樹、林木で完全長cDNAを解析し、各植物特有の遺伝子を見出した

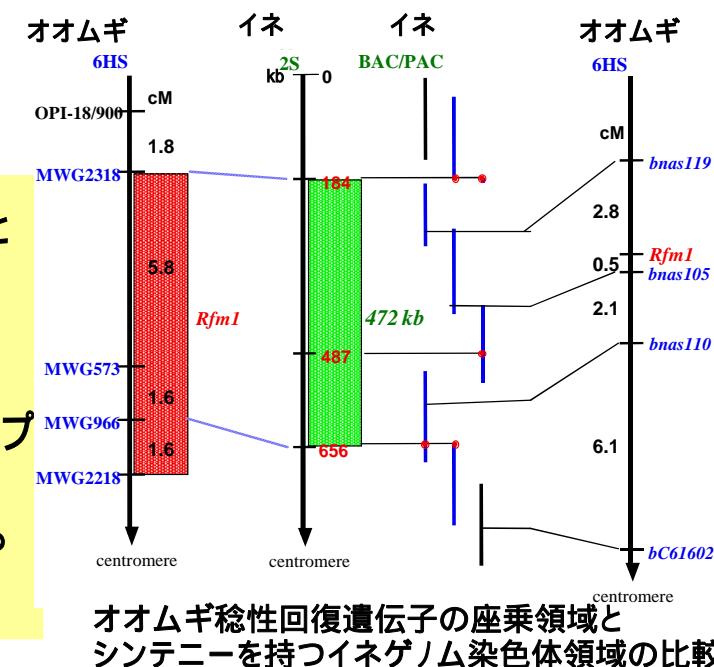


赤カビ病抵抗性を支配するコムギ2D染色体Rht8領域と
イネ第4染色体の相同領域

目標の達成状況とその理由

研究目標に達することはできなかった(但し、2年間の研究開発としては予想以上の成果が出ている)

理由: 品種間・種間比較研究については、計画された課題は緊急を要するものとは考えにくく、当初予定より早い2年で本プロジェクトを終了した(総合科学技術会議の指摘を踏まえ、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)。



オオムギ稔性回復遺伝子の座乗領域と
シンテニーを持つイネゲノム染色体領域の比較

目的

イネゲノムプロジェクトの成果を利用したムギ類の比較ゲノム解析によって、農業形質に係わるムギ類遺伝子の機能やネットワークを解明する。イネの生殖的隔離に係わる様々な機構を解明し、育種の材料となるイネのジーンプールを拡大する。

目標

1. 遺伝子配列情報比較を利用したムギ類の新規機能遺伝子の解明
2. イネ種分化・生殖的隔離機構の解明
3. ムギ類の重要形質の比較遺伝学的解明

成果

1. 遺伝子配列情報比較を利用したムギ類の新規機能遺伝子の解明
 - ・ オオムギの条性遺伝子、皮性・裸性を支配する遺伝子の単離
 - ・ イネの穂発芽性関連遺伝子の単離
2. イネ種分化・生殖的隔離機構の解明
 - ・ 雜種弱性遺伝子を単離
 - ・ 配偶子形成に関連する遺伝子の単離とその多様性の解明
3. ムギ類の重要形質の比較遺伝学的解明
 - ・ オオムギの完全長cDNAの塩基配列解読(2万5千クローン)
 - ・ 分子系統樹アノテーション表示システムを開発し、他作物のイネ・オーソログを同定(3,700遺伝子)



オオムギ *Vrs1*遺伝子による条性の制御

Nipponbareに
*Sdr4*を導入



穂発芽 難 易 難

日本型イネの穂発芽性はインド型由來の*Sdr4*遺伝子により抑制される

目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成

理由: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繋がる遺伝子(閉花性、条性等)が単離されるとともに、ジーンプールの拡大の足がかりになる生殖隔離の機能解明の基礎を築いたため。

目的

イネにおける複雑形質に関する遺伝子の単離手法をより効率化するために、研究基盤の充実を図る。またイネの複雑形質について、関与するQuantitative Trait Locus (QTL)の遺伝学的同定ならびに分子レベルでの単離・同定を推進する。

目標

1. 遺伝子機能解明のための研究基盤(イネ遺伝資源のカタログ化、遺伝解析用実験系統群の作出、完全長cDNAの拡充、変異遺伝子の効率的選抜手法の開発ならびに研究支援の中核形成など)を整備・提供
2. イネの複雑形質(生理形態形質、環境ストレス耐性、病虫害抵抗性)等に関する遺伝子の単離と機能解明