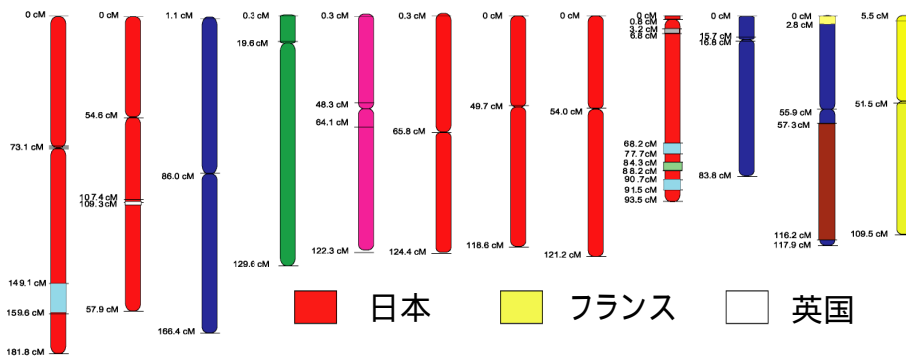


国際的な意義と効果

これまで「日本は基礎・基盤研究ただ乗り」という批判があった

イネゲノム塩基配列解読国際コンソーシアム

Chr 1 Chr 2 Chr 3 Chr 4 Chr 5 Chr 6 Chr 7 Chr 8 Chr 9 Chr 10 Chr 11 Chr 12



**日本の貢献
55%**

日本 (red) フランス (yellow) 英国 (white)
 米国 (blue) インド (brown) ブラジル (green)
 中国 (dark green) 韓国 (light blue)
 台湾 (pink) タイ (grey)

リソースセンターによるリソースの配布

(例)完全長cDNAの配布数

米国		1,159
英国		111
中国		3,699
韓国		1,854
インド		674
台湾		330
その他(18ヶ国)		826
海外計		8,653 (56%)
日本		6,924 (44%)
合計		15,577 (100%)

イネゲノムデータベースの構築

世界中から利用されるデータベースの構築

**データベースアクセス数:
10万件 / day**

世界レベルの高度な基礎・基盤研究の実施と植物研究の発展に貢献

国際的な貢献

研究の成果 (H19までの成果)

乾燥耐性遺伝子を単離

収量関連遺伝子を単離

病虫害抵抗性遺伝子を単離

⋮
⋮
⋮

など多数

成果の活用 (H20から研究実施中の課題)

耕作不適切地でも耕作が可能になる作物

食料生産量が飛躍的に増加する作物

農薬の使用が大幅に低減された作物

⋮
⋮
⋮

など多数

乾燥・冷害等の不良環境下においても栽培可能で、
安全でかつ高収量な農作物の開発

知的財産の確保



発展途上国への支援
世界の食料安定供給への寄与



評価専門調査会での質問事項 (平成20年1月19日開催)

評価専門調査会での質問

1 世界、特にアジアとの連携

- ・ 平成14年12月に**国際コンソーシアムは連携してイネゲノム概要解読を終了**。このあと平成15-16年まで完全解読に移るが**日本は世界各国特に韓国やブラジルのクローンの解読を引きついで染色体のゲノム配列を完成させた**。また解読作業終了後各国のデータを統合して、染色体毎にイネゲノム配列として公開した。この配列(pseudomolecule)が現在に至る世界中のイネゲノム解析の「標準配列」として利用されている。
- ・ 平成16年から**国際コンソーシアムの構成員が中心となってイネ機能ゲノムコンソーシアムが設立**。同会合は第1回は中国(H15)、第2回は米国(H16)、以降はフィリピン(H17)、フランス(H18)、日本(H19)、韓国(H20)、フィリピン(H21:予定)と主にアジア諸国において開催し、イネの機能解明につながるゲノムリソース、情報リソースの現状把握・共有・連携を行っている。



評価専門調査会での質問

2 国際的にどのように評価が進められたか

- ・ 多国籍企業(平成13年)、中国(平成14年)が日本を中心とした国際コンソーシアムに先立ってイネゲノムの塩基配列を決定し、公表した。しかし、**世界の研究者が利用しているのは、99.99%の高い精度である当該コンソーシアムが決定したものである。**
- ・ 評価委員には海外の研究者は加わっていなかったが、「イネゲノム塩基配列の完全解読」は植物科学研究者やゲノム研究者のコミュニティで高い評価を受け、Thompson社から「今月の注目すべき論文」に選ばれた。また、News Week等海外マスコミからも高く評価された。
- ・ 農業上有用なイネ遺伝子の単離・機能解明では、成果がNature、Scienceをはじめとするレベルの高い国際誌に掲載された。特に、植物の生長を制御する植物ホルモンであるジベレリンの受容体の単離・機能解明は、Science誌の「2005年 break through of the year」に選ばれた。



3 CGIARのあり方と当イネゲノム研究との位置づけ

- ・ 国際農業研究協議グループ(CGIAR)のチャレンジプログラム「貧しい人々のための遺伝資源の多様性の解明」(平成17年度～)において、生物研はイネゲノム研究等先端的な研究を推進するAdvanced instituteとして位置づけられ、CGIARプログラムへの参画が要請された。
- ・ 当該プログラムでは、
 - イネゲノム研究の中で作出したミュータントパネルを利用した遺伝子機能解析
 - マイクロアレイを利用したイネ遺伝子発現解析とその結果のデータベース作成
 - イネにおいて培った配列解読・情報処理の技術を活かし、バナナの発現遺伝子やゲノムの塩基配列を解析し、耐病性育種の手がかりになる遺伝子領域の同定に貢献。



評価専門調査会での質問

4 ヒトゲノムとイネゲノムの連携

- ・ 最新型のシーケンサーについては、理化学研究所と農業生物資源研究所が導入機器を相互に評価・情報交換することにより、実際の解析がスムーズに行われた。
- ・ 完全長cDNA作成については、理化学研究所で開発された完全長cDNA作成法を活用し、RAP (Rice Annotation Project) データベースやマイクロアレイ作成にも利用された。

