

大課題1	イネ・ゲノムリソースセンターの整備		
チームリーダー氏名 所属・役職	長村吉晃 農業生物資源研究所 ゲノムリソースセンター長		
研究費	380百万円	実施期間	平成15年度～平成19年度
共同研究機関	(なし)		
<p>1. 研究目的と研究目標</p> <p>【研究目標】</p> <p>(1) イネ・ゲノムリソースセンターの整備</p> <p>【研究目標の説明】</p> <p>農林水産省は、我が国の基幹穀物であるイネゲノム研究1991年に開始し、研究基盤となる遺伝子の大量解析、ゲノム全塩基配列解析、イネ完全長cDNAプロジェクト等を推進した。この間に、今後の研究に利用可能な研究材料やゲノム情報を蓄積した。本課題では、これらの研究材料を国内外の多くの研究者・研究コミュニティに提供するためのシステムを整備し、また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ことが目的である。研究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を図ること、また材料情報の整理・解析等により、高度かつ高精度の情報をもつ研究材料及び情報の管理・提供を図ることが目標である。</p>			
<p>2. 研究目標の達成度等</p> <p>研究材料及び情報の一括管理及び利用者への円滑な供給体制を整備することを目標にプロジェクトを推進し、概ね目標を達成した。</p> <p>1) イネ完全長cDNA35,139クローン、Tos17変異体5万系統、遺伝解析材料10種類の研究材料を整備し、またウェブサイトを立ち上げ、在庫管理システム構築等により、利用者に円滑に提供する体制を整えた。</p> <p>2) 質の高い研究材料の提供を目指し、品質管理システムを整備した。</p> <p>3) 上記整備により、農水委託プロジェクト課題担当者をはじめ、分譲依頼のあった全ての国内外の研究者に研究リソースを提供した。5年間の実績は、リクエスト2186件、配布クローン数(または系統数)19,173であった。</p> <p>4) 研究支援システムとしてマイクロアレイ解析システムを構築し、5年間に469名を受け入れ、サポートした。</p> <p>5) QTLプロジェクト担当者と共同でイネ44Kマイクロアレイを開発・実用化した。</p> <p>6) 成果発表は、論文20, 総説1, 出版物2, 学会発表16であった。</p>			
<p>3. 研究成果が社会・経済等に及ぼす効果</p> <p>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変異体系統群、遺伝解析材料)は、付加価値の高い研究材料であり、リクエストも非常に多い(年間約450件)。</p> <p>イネ研究者だけでなく、国内外のコムギ、トウモロコシ等のイネ科作物の研究者からもリクエストがあり、研究への波及効果や国際貢献に寄与している。本プロジェクトで整備した研究材料の提供は、今後配布事業の中で継続する。</p>			
<p>4. 研究推進方法の妥当性</p>			

研究推進体制は妥当であり、研究計画も当初の目標どおり、概ね達成できたと考えている。研究資源は、最終年度大幅な削減があったが、概ね妥当であったと考える。

5. 研究成果の意義

本プロジェクトの推進により、国内外の研究者及び研究コミュニティーに品質の高い研究リソースを円滑に提供できる体制を整備できたことは非常に大きな意義があり、今後の生命科学研究の推進に少なからず寄与できるものと考えている。

大課題2	遺伝地図とミュータントパネル利用型		
チームリーダー氏名 所属・役職	廣近洋彦 農業生物資源研究所 基盤研究領域長		
研究費	2,459百万円	実施期間	平成12年度～平成19年度
共同研究機関	(株)オリノバ、(株)北海道グリーンバイオ研究所、愛知県農業総合試験場、愛媛大学、茨城大学、岡山大学、京都府立大学、九州大学、香川大学、国際農林水産業研究センター、国立遺伝学研究所、作物研究所、三重大学、三菱化学生命科学研究所、秋田県立大学、新潟大学、神戸大学、筑波大学、中央農業総合研究センター、東京大学、東京理科大学、東北大学、東北農業研究センター、奈良先端科学技術大学院大学、日本たばこ産業(株)、富山県農業技術センター、福井県立大学、北海道大学、北海道農業研究センター、名古屋大学		
<p>1. 研究目的と研究目標</p> <p>【研究目標】</p> <p>(2) 遺伝子の単離と機能解明</p> <p>① 遺伝子地図及びミュータントパネル（遺伝子破壊系統）を利用したイネ遺伝子の単離、機能解明</p> <p>【研究目標の説明】</p> <p>農業上有用な遺伝子の単離及びその機能解明は、遺伝子組換え技術による新品種開発の重要な鍵として、また、特許化が可能な知的財産として極めて重要であることから、国際的に激しい研究競争が行われている。このような情勢の中で、イネ・ゲノムの効率的塩基配列解析手法の開発と全塩基配列の解読において得られる膨大な塩基配列情報のほか、既に得られているDNA断片、遺伝地図の利用技術、多数の遺伝子が支配する形質（量的形質）の連鎖分析手法、トランスポゾンを利用した遺伝子破壊技術等々の成果を活用し、量的形質を含む農業上有用な遺伝子の効率的単離及びその機能解明を行うとともに、本研究を通じて国際競争をリードすべく、その特許取得を積極的に推進する。また、これら遺伝子の育種への利用技術を開発し、新形質を持つ画期的な新品種の育成に資する。</p> <p>研究目標</p> <p>(1) イネ遺伝子の単離及びその利用技術を開発し、耐病虫性、耐冷性等の農業上重要な形質を支配する遺伝子を単離する。</p> <p>(2) イネ遺伝子の効率的な機能解析技術を開発し、発現遺伝子(cDNA)の生物機能を解明する。</p> <p>2. 研究目標の達成度等</p> <p>(1) に関連する課題は平成16年度で終了となったが、それまでに遺伝地図を利用した量的形質を含む農業上有用な遺伝子の効率的単離手法を確立するとともに、いもち病圃場抵抗性遺伝子Pi21等の量的形質遺伝子4個を含む25個の遺伝子の単離に成功した。遺伝子単離が終了していない課題については、平成17年度から開始されたQTLプロジェクトに引き継がれて、遺伝子単離が完遂された。</p> <p>(2) については、5万種類の遺伝子破壊系統（ミュータントパネル）を作出するとともに、関連する各種リソースの開発を完成させ、当初の目標を達成した。また、これらのリソースを利用して、40個の遺伝子の単離・機能解明に成功している。これらイネ遺伝子単離・解析手法の確立、さらには単離・機能解析された遺伝子数を考慮すると、本</p>			

研究目標の達成度は高い。また、本プロジェクトは、平成12年から16年までミレニアムイネゲノムプロジェクトの一部として推進され、本プロジェクトの目標である100個の遺伝子の単離・機能解明の達成に大きく貢献した。

3. 研究成果が社会・経済等に及ぼす効果

本プロジェクトの実施により、2種類の遺伝子単離・機能解明の手法が確立され、農業上有用な遺伝子の探索の効率化が図られた。また、この手法を利用して得られた遺伝子単離・機能解明の成果は、原著論文190報として発表するとともに、32件の特許として知財の確保を行った。以上のことから、本研究の成果の科学、社会・経済に及ぼす効果は大である。

4. 研究推進方法の妥当性

イネゲノム解析で研究蓄積のある農業生物資源研究所が本プロジェクトの中核研究機関として、遺伝子単離・機能解析手法の開発、関連リソースの開発を行った。一方、遺伝子単離・機能解析については、日本全国の国や県の研究機関、大学の遺伝・育種学や分子生物学の研究者の参画によって実施してきた。効率的な遺伝子単離・機能解析には、中核機関である農業生物資源研究所の支援が必須であるが、円滑な研究支援により大きな成果を上げることができた。

以上のことから、研究計画・実施体制については、妥当であったと判断される。

5. 研究成果の意義

本プロジェクトの実施により、遺伝子の単離・機能解明手法が確立され、ポストイネゲノム研究の推進に大きく貢献している。また、農業上有用な遺伝子の探索の効率化が図られ、特許取得の推進に大きく貢献した。

また、本プロジェクト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。

大課題3	イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解明		
チームリーダー氏名 所属・役職	松岡信 名古屋大学 生物機能開発利用研究センター 教授		
研究費	3,372百万円	実施期間	平成15年度～平成19年度
共同研究機関	愛知県農業総合試験場、京都大学、近畿大学、九州大学、広島大学、国際農林水産業研究センター、国立遺伝学研究所、自然科学研究機構基礎生物学研究所、畜産草地研究所、島根大学、東京大学、東京理科大学、東北大学、奈良先端科学技術大学院大学、福井県立大学、名古屋大学、理化学研究所		
<p>1. 研究目的と研究目標</p> <p>【研究目標】</p> <p>(2) 遺伝子の単離と機能解明</p> <p>②イネの重要形質（「高品質」等5形質）関連遺伝子の単離と機能解析</p> <p>【研究目標の説明】</p> <p>本プロジェクトは、イネゲノムプロジェクトで蓄積してきたすべての研究ツールや情報を利用して、イネに関わる重要な生命現象全般について理解することを目的とし推進した。本目的のために、農水系独法のみならず、大学・理化学研究所など組織を問わず本プロジェクトを推進するのに最適な課題担当者を配して、広範囲でかつ質の高い研究を展開することを目指した。このために、具体的に目標とした形質・遺伝子は次の5を設定した。1. 高品質なコメを作る遺伝子、2. 機能性物質を作る遺伝子、3. 光合成機能を高める遺伝子、4. 病害虫に強い遺伝子、5. 不良環境に強い遺伝子。さらに、これらの目標に向かって、より効率的に研究を推進させる手だてとして、「イネ遺伝子の機能解明に向けての手法の開発および研究支援」をもうけた。</p>			
<p>2. 研究目標の達成度等</p> <p>上記5つの目標に対して以下のような成果を得た。</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 高品質なコメを作る遺伝子、植物ホルモンの生理機能に関する研究において顕著な成果が得られた。イネの生長を制御するジベレリンの受容体を発見し、ジベレリン受容体はリパーゼ酵素を基に進化したこれまで全く知られていない構造を持つ受容体であることを解明した。 2. 機能性物質を作る遺伝子、ダニのII型アレルゲンであるDef2を発現させたコメをマウスに経口投与したところ、一週間の投与でその特異抗体IgGやIgEの誘導を抑制できることを確認した。 3. 光合成機能を高める遺伝子、C4関連遺伝子の高発現イネの光合成能力の解析を行い、炭素固定に有利な形質を観察した一方、生育遅延も観察された。 4. 病害虫に強い遺伝子、イネに対して安定的な抵抗性を付与することを目的として、抵抗性遺伝子以降の抵抗性反応に関与する因子を同定し、それを抵抗性育種に利用することを目指し研究を行った。 5. 不良環境に強い遺伝子、ケイ酸の吸収を制御する因子、Lsi1、の単離解析に成功した。Lsi1は主根と側根のみに発現し根毛では機能せず、また根の外皮と内皮細胞の外周細胞膜に局在することが確認された。 			
<p>3. 研究成果が社会・経済等に及ぼす効果</p> <p>イネの重要形質に関与する遺伝子の単離や機能解明について多くの質の高い成果が得</p>			

られた。これらの成果はNatureなど世界のトップジャーナルをはじめとして数多くの質の高い雑誌に報告された。特にジベレリンやサイトカイニンなどのホルモン研究において大きなブレークスルーを果たすと同時に、根のミネラル吸収研究においても大きな成果を生み出した。これらは本プロジェクトのレベルの高さを証明している。また、社会に還元できる成果については、本プロジェクトが主に基礎研究を中心に行われた為に、基礎研究における論文のように、得られた成果が直ちに社会・経済等に目に見える形では現れていないが、イネ胚乳内に各種の機能性タンパク質を産出させる研究や、イネの耐病性付与において重大な機能を果たすタンパク質の発見など、今後、産業的に大きな効果が期待できる成果を得ることができた。

4. 研究推進方法の妥当性

本プロジェクトは発足当初から、毎年、厳しい審査を行い進捗の評価を行った。その結果を受けて、必ずしも順調でないと判断された課題については、その都度適切な援助や研究指導を行った。また、研究援助については、発足後その必要性が高いことが確認されたので、2年目からは支援の課題を立ち上げシステマティックな支援を行った。これらの援助の後に、それでも進捗のはかばかしい改善が見られなかった課題についてはそれを中止した。また、プロジェクト後半には、基盤的な進捗に成功したいくつかの課題について、その研究の方向性や戦略等についてきめの細かい指導を行い、農業的ニーズにも対応した展開を試み成功を収めた。

5. 研究成果の意義

本プロジェクトの目標は、我が国のイネ研究の研究的プレゼンスを世界レベルのものにするということ、出された成果を応用に役立てる、という二点に設定した。第一の目標は、例えば、Science誌が2005年の自然科学全体の中で3位に位置づけて、本プロジェクトの成果をBreakthrough of the Yearに選ぶなど、極めて高い評価を得ることができたと考えている。また、応用的側面についても、いくつかの課題がエポックメイクな技術を開発しインパクトの高い成果を得ていることなど、極めて達成度は高いと確信している。

大課題4	QTL遺伝子解析の推進		
チームリーダー氏名 所属・役職	矢野昌裕 農業生物資源研究所 QTLゲノム育種研究センター長		
研究費	1,510百万円	実施期間	平成17年度～平成19年度
共同研究機関	ホクレン農業総合研究所、愛知県農業総合試験場、岡山大学、宮城県古川農業試験場、京都大学、九州大学、国立遺伝学研究所、作物研究所、三重大学、東京農工大学、東京理科大学、東北大学、東北農業研究センター、日本たばこ産業(株)、農業環境技術研究所、富山県農業技術センター、北海道農業研究センター、名古屋大学、理化学研究所		
<p>1. 研究目的と研究目標</p> <p>【研究目標】</p> <p>(2) 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</p> <p>【研究目標の説明】</p> <p>イネの食味や耐冷性などの農業上有用な形質のほとんどは、複数の遺伝子(QTL)と環境との相互作用によって決定される複雑形質である。複雑形質の遺伝学的研究はDNAマーカーの作成・利用にともない著しく進展し、関与するQTLの分子レベルでの単離・同定も成功事例が報告されている。しかしながら、広範な遺伝資源を利用した、質の高い実験系統群やゲノムライブラリーの作出が要求される複雑形質の分子遺伝学的解析は、単独の研究室で容易に実行できるような一般的な手法としては確立していない。本プロジェクトでは、イネにおける複雑形質に関与する遺伝子の単離手法をより効率化するために、遺伝解析用実験系統群や完全長cDNAの拡充などの研究基盤の充実を図る。さらにはイネの複雑形質(病害虫抵抗性、耐冷性、高温耐性、発芽、食味・品質など)について、イネゲノム研究によって創出されてきたあるいは今後創出される研究資源を有効に活用した関与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。</p> <p>具体的には、</p> <p>① 研究基盤の充実として、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、遺伝子変異遺伝子の効率的選抜手法の開発、QTL情報の効率的検索システムの開発ならびに研究支援の中核形成など、遺伝子機能解明のための研究基盤を整備・提供する。</p> <p>また構築する研究基盤を活用して、</p> <p>② 生理形態形質(伸長性、出穂期、種子の寿命、生育旺盛性、細胞質雄性不稔の回復、根の形態、品質・加工適性など)、</p> <p>③ 環境ストレス耐性(穂ばらみ期の耐冷性、登熟期の高温耐性、低温発芽耐性、土中出芽性、アルミニウム耐性)、</p> <p>④ 病虫害抵抗性(いもち病抵抗性、縞葉枯病抵抗性、ツマグロヨコバイ抵抗性、トビイロウンカ抵抗性)などに関与する遺伝子を単離し、それらの遺伝的制御機構解明ならびに育種選抜への活用につなげる。また特許取得を積極的に行う。</p> <p>2. 研究目標の達成度等</p> <p>① 基盤整備においては、アジア栽培稲150品種について約150箇所のイントロン領域の塩基配列データを得た。イネ完全長cDNAクローンの未解読分の全長配列の解読を行い、約4900件の配列を追加するとともに、イネ遺伝子発現解析用の44Kオリゴアレイアレイをデザインした。TILLINGによる約2500系統の変異体スクリーニングシステムを</p>			

確立した。アジア栽培イネ品種あるいは近縁野生種を用いた新規遺伝解析用系統群7種類を作出し、公開分譲を開始した。イネQTL・遺伝子情報を主要表現型ごとに整理し、データベースを作成した。

- ② 生理形態形質の遺伝子解析については、根の中心柱サイズおよび深根性に関するQTLを第9染色体にマッピングすることができた。浮きイネ性に関連する節間伸長性に関するQTLを第1、第3および第12染色体上にマッピングし、それらの候補ゲノム領域を限定した。出穂期関連遺伝子E_f7, E_h2およびE_fxについて、候補ゲノム領域を130~400kbに限定した。胚乳のタンパク組成を改変するF_lo2遺伝子単離・同定した。CW型細胞質雄性不稔に対する稔性回復遺伝子R_fcwを単離同定した。LD型細胞質雄性不稔に対する稔性回復遺伝子R_f2に関しては、候補ゲノム領域を限定した。種子の寿命に関する遺伝子qLG-9の候補遺伝子を特定した。耐倒伏性に関わる稈の太さならびに折れにくさに関わるQTLを検出した。コシヒカリの良食味に関するQTLを第3染色体の短腕上に検出した。
- ③ 環境ストレス耐性関連遺伝子の解析については、低温土中出芽性に関するQTLを第4、第5および第11染色体上に検出した。耐冷性関連遺伝子qCTB8を第8染色体短腕上に位置づけ、その候補ゲノム領域を約190Kbに限定した。耐冷性関連QTLであるCtb1がF-boxタンパク質遺伝子をコードすることを明らかにした。アルミニウム感受性突然変異体に関する3種類の遺伝子 (A_ls1, A_ls2, A_ls3) を単離・同定することができた。低温発芽性に関する遺伝子qLTG-3-1の単離・同定に成功した。乾燥耐性に関するQTLを第11染色体上に検出し、その候補ゲノム領域を191kbに限定した。
- ④ 病虫害抵抗性関連遺伝子の解析については、いもち病菌の細胞内進展に関するQTLを第12染色体長腕末端領域に見だし、その候補遺伝子を特定した。穂いもち抵抗性遺伝子Pb1の単離同定に成功した。いもち病圃場抵抗性遺伝子Pi34の候補遺伝子を特定するとともに、他の圃場抵抗性遺伝子Pi39(t)、Pi38(t)、およびsqBR4-2aの候補遺伝子もNBS-LRR遺伝子である可能性を明らかにした。いもち病真性抵抗性遺伝子Pik-mの候補を2遺伝子に限定した。イネ縞葉枯病抵抗性遺伝子Stvb-iの候補ゲノム領域を約20kbにまでに限定し、その候補遺伝子を特定した。ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子Grh3, Grh4の単離・同定に成功した。また、第5染色体上に存在するツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子の候補ゲノム領域を約31kbに限定し、候補遺伝子を特定した。さらに、ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子Grh5とGrh6の候補ゲノム領域を絞り込んだ。トビイロウンカ強度抵抗性品種ADR52に由来するBph21(t)の候補ゲノム領域を限定した。トビイロウンカ抵抗性遺伝子bph4の候補領域を第4染色体の約2 Mbの範囲に狭めた。

3. 研究成果が社会・経済等に及ぼす効果

アジア栽培種のSNP情報、イネゲノム完全長cDNAの配列情報とマイクロアレイ、突然経変異パネルおよび遺伝解析用の実験系統群は、農業上有用なQTLの検出ならびに単離に利用可能である。これらの構築された研究基盤は、すでに有用遺伝子の単離に利用されてきたが、今後、農水系独立行政法人、県の防業試験場、大学等の研究者によって利用され、イネの遺伝子機能解析を大きく加速すると期待される。単離・同定された、形態形質、環境ストレス耐性および病虫害抵抗性遺伝子などの農業上重要なQTL (遺伝子) は、遺伝子組み換えによる新規作物の作出における重要なツールとして貢献するとともに、イネの重要形質の遺伝的制御機構の理解に貢献する。さらには、育種選抜用のマーカー開発が加速化され、画期的新品種の開発が促進される。

4. 研究推進方法の妥当性

3年間という短期間ではあったが、目標遺伝子の単離・同定あるいは候補遺伝子の特定が顕著に進んだ。またこれまで存在が明らかとなっていなかった有用なQTLの検出も進展した。自然変異を解析する上では、実験系統の確保が最も重要な要因である。したがって、本課題を開始するにあたり、実験系統群の作出やQTLの遺伝学的検出が既にあるレベルまで進んでいたテーマを中心に個別課題を選定したことが、本課題の進捗に大

大きく貢献したと考えられる。またマップベースクローニングにおいては、単独の研究機関では取り組み難い複数のステップが必要であるが、それらのステップを円滑にこなすために、研究支援を行う中核機関を設置して研究支援に当たった。これにより、各課題が目標とするQTLの検出や単離が加速されたと考えられる。このようなプロジェクト研究における研究支援の取り組みは、ほとんど例がなく、試行錯誤も見られたが、結果的に研究支援の導入は研究推進に効果的であったと考えられる。。以上のことから、研究推進方法は妥当であったと考える。

5. 研究成果の意義

単離されたQTLについては、複雑形質の発現調節機構の解明の足がかりとして、他の研究課題へと発展するとともに、形質転換育種のツール（遺伝子）としてその応用場面が考えられる。一方、単離はできていないものの、候補ゲノム領域が限定された段階で、本研究課題において解明された有用遺伝子(QTL)の染色体の位置情報は、イネ育種における個体選抜マーカーのデザインに活用され得る。実際に、既に他の委託プロジェクト「ゲノム育種」において、いもち病抵抗性や耐冷性などの選抜育種において本課題の成果が利用されている。以上のように、本課題で得られた情報は遺伝子の機能解析ばかりでなく、イネの育種においても利用されている点で、その意義は大きい。

大課題5	ゲノム育種技術の開発と実証		
チームリーダー氏名 所属・役職	岡本正弘 農業・食品産業技術総合研究機構作物研究所 研究管理監		
研究費	668百万円	実施期間	平成17年度～平成19年度
共同研究機関	愛知県農業総合試験場、茨城県農業総合センター、沖縄県農業研究センター、岐阜大学、宮崎県総合農業試験場、宮城県古川農業試験場、京都大学、近畿中国四国農業研究センター、九州沖縄農業研究センター、高知県農業技術センター、国際農林水産業研究センター、作物研究所、食品総合研究所、青森県農林総合研究センター、中央農業総合研究センター、農林水産先端技術研究所、富山県農業技術センター、北海道農業研究センター		
<p>1. 研究目的と研究目標</p> <p>【研究目標】</p> <p>(3) 画期的な作物の開発</p> <p>【研究目標の説明】</p> <p>イネゲノム研究では、高精度塩基配列の解読が完了し、高密度遺伝地図の作製、多数の完全長cDNAの単離、有用遺伝子の単離と機能解析等が進み、遺伝子ネットワークが解明されつつある。これらのゲノム情報の活用を促進するために、QTL遺伝子の集積や、多数のDNAマーカーの同時利用、遺伝子組換えにより、多様な形質の発現を制御する効率的な育種法（ゲノム育種技術）を開発・実証するとともに、農業上有用な形質において、既存遺伝資源より有意に優れた先導的モデル系統を作出すること目的として、本研究を実施する。</p> <p>1) DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統の育成</p> <p>① いもち病など、主要病害に対する耐病性QTLを複数導入した高度耐病性イネの開発。</p> <p>② 複数の耐冷性QTLを導入し、冷害による被害を大幅に低減する高度耐冷性イネの開発。</p> <p>③ ウンカ・ヨコバイ類に対する複数の耐虫性を導入した高度耐虫性のイネの開発。</p> <p>④ 良食味・高品質に必要なQTLを導入し、食味・品質が高位安定したイネ、および、多様な作期に対応した優良イネの開発。</p> <p>2) 遺伝子組換えによる実用的優良系統の育成</p> <p>① 既存の耐病性品種に、更に耐病性遺伝子を導入することによる、従来耐病性品種より高度な耐性を示すイネの開発。</p> <p>② 既存の耐冷性品種に、更にストレス耐性遺伝子を導入することによる、従来耐冷性品種より高度な耐性を示すイネの開発。</p> <p>③ 生活習慣病に対して予防機能を有する遺伝子を導入することによる、生理機能を示すイネの開発。</p> <p>2. 研究目標の達成度等</p> <p>1) DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統の育成</p> <p>トビロウンカ抵抗性遺伝子<i>bph11</i>を持つヒノヒカリ同質遺伝子系統「関東BPH1号」、コシヒカリの極早生および中晩生同質遺伝子系統「コシヒカリ関東HD1号」、「関東HD2</p>			

号」を品種登録出願し、現在出願公表中である。

いもち病圃場抵抗性*pi21*と食味不良の連鎖を解消した「中部125号」、「中部128号」、陸稲由来の縞葉枯病抵抗性遺伝子といもち病抵抗性遺伝子*Pi34*を集積した「中国IL1号」、「中国IL2号」、いもち病抵抗性遺伝子*Pita*を持つヒノヒカリ同質遺伝子系統「関東IL6号」を育成した。またヒノヒカリを遺伝的背景とし、トビイロウンカとツマグロヨコバイの両方に抵抗性を示す*Qbp4*を持つ「関東241号」を育成した。さらにコシヒカリの遺伝的背景を持ち早生の「関東IL4号」、晩生の「関東IL5号」、ミルククイーン由来の低アミロース性を有する極早生の「関東IL7号」を育成した。

上記以外にも耐病虫性、耐冷性、出穂性、高品質性について、ターゲットとしたQTLを導入した同質遺伝子系統の育成と評価が進んでいる。目標とする形質の付与に成功しなかったものも一部あるが、概ね1～3年で実用系統育成に達する見込みである。

2) 遺伝子組換えによる実用的優良系統の育成

活性酵素消去系遺伝子APXaやフルクタン合成酵素遺伝子を導入することで、導入に用いた原品種「ゆきひかり」や「おぼろづき」より穂ばらみ期耐冷性の高まった組換えイネを作出できることを示した。ナタネ由来ディフェンシンの抗菌スペクトラムを明らかにし、食品としての安全性評価を進めた。生活習慣病予防効果のある組換えイネの作出では、機能性ペプチドをイネ種子に高度蓄積させる手法を開発し、血圧調節機能のある組換えイネの作出に成功した。またダイズ貯蔵タンパク質のβコングリシニンにコレステロールや脂肪の代謝を改善する機能があることを証明し、この成分を高度に蓄積させた組換えイネの作出に成功した。

3. 研究成果が社会・経済等に及ぼす効果

1) DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統の育成

品種登録出願した「関東BPH1号」、「コシヒカリ関東HD1号」および「関東HD2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ている。さらに平成20年に試作を希望する生産者や民間種苗会社から種苗の利用許諾の申請がすでに10件以上、寄せられている。特に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ことから、その対策技術としてマスメディアで度々紹介されている。実際に、佐賀県が有望視している他、九州各県の有機栽培米生産地からも作付け希望が寄せられている。また極早生の「コシヒカリ関東HD1号」については早期栽培・出荷、晩生の「関東HD2号」についてはコシヒカリの作期分散に加え、最近大きな問題となっている高温登熟の回避を目的とした活用が図られ、普及が期待される。その他の育成系統についても1～3年程度の試験栽培の後、有望なものは品種登録出願が期待できる。現在の新潟県等の情勢からすると、同質遺伝子系統の普及に当たっては、これまで以上に配慮や工夫が必要になるが、当プロジェクトでの育成品種については生産希望が数多く寄せられており、普及に努力を傾注したい。

2) 遺伝子組換えによる実用的優良系統の育成

遺伝子導入するイネ系統やプロモーターの選択、機能性ペプチドや導入方法を考慮することで、米

中に機能性ペプチドを高度に蓄積させる手法を開発できた。この手法を用いて、血圧やコレステロール値を調整できる機能性米の作出に成功した。今後、生物多様性評価や食品安全性をクリアできたなら実用化に向かう可能性がある。活性酵素消去系酵素遺伝子の一つAPXa遺伝子を発現させることで、穂ばらみ期低温耐性をはじめとする環境ストレス耐性を付与できることを示すことができた。

4. 研究推進方法の妥当性

1) DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統の育成

平成17年からの3年間については、DNAマーカーを活用することにより目的遺伝子と

不良形質の連鎖を解消し、遺伝的背景も優良品種型となった同質遺伝子系統の育成を中心に推進した。本プロジェクトにより開発された質の高い同質遺伝子系統育成はそのままでも十分に実用的であるが、今後期待される遺伝子集積系統の開発にも応用できる。具体的には、各同質遺伝子系統の実用化に加え、交配により有用遺伝子を集積することにより、複数形質が改良された実用品種が早期に開発されることが見込める。本研究で成し得たもう一つの大きな成果は、トビイロウンカ抵抗性やいもち病抵抗性等と不良形質との連鎖を解消した点にある。マーカーを用いて染色体の目標領域について集中的にスクリーニングした結果、不良形質との連鎖を打破することができた。表現型の選抜に頼る従来の育種では成し得なかった成果であり、本研究の推進方法が適切であったことを示している。さらに、新技術のユーザーでもある公立場所をプロジェクトに参画させることにより、成果を速やかに普及させる体制を築くことができた。

2) 遺伝子組換えによる実用的優良系統の育成

耐病性や耐冷性遺伝子組換えイネの開発においては、ディフェンシンや耐冷性関連遺伝子を従来育種で作出されてきた既存耐性品種に遺伝子導入して、従来の耐性品種を越える耐性系統が作出できるかを進めてきた。耐冷性品種においてはAPxa遺伝子を緑葉プロモーターで発現させることで原品種を越える耐冷性を付与できる可能性があることが示された。この3年間に各種誘導プロモーターが単離できていることから、今後有望な耐冷性系統が作出されると期待される。一方、従来の育種では不可能な、生活習慣病予防効果を有する機能性米の開発では、血圧やコレステロール値を調整できる（動物での経口投与試験で）組換え米を作出でき、研究推進方法は妥当であった。

5. 研究成果の意義

1) DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統の育成

本課題で育成した同質遺伝子系統は、目的形質の遺伝子と不良形質の連鎖が解消されており、それ自体の実用性もさることながら母本としても価値が高い。育成品種については生産希望が寄せられており、産地化に貢献すると見られる。

以上、得られた研究成果は、それ自体の実用性の意義が大きいだけでなく、今後の遺伝子集積品種育成のツールとしても意義が大きい。

2) 遺伝子組換えによる実用的優良系統の育成

生活習慣病を予防する機能性組換え米の開発では、動物への経口投与試験で有効性が示された。従来の育種では作出することは不可能であり、遺伝子組換え技術の有効性を十分に示すことができた。またAPxa遺伝子を導入・発現させることで耐冷性強の原品種よりさらに耐冷性を高めることが可能であることを示すことができた。

大課題 6	多様性ゲノム解析研究		
チームリーダー氏名 所属・役職	松本隆 農業生物資源研究所 植物ゲノム研究ユニット長		
研究費	2,073百万円	実施期間	平成17年度～平成19年度
共同研究機関	福井県立大学、国立遺伝学研究所、茨城大学、岡山大学、帯広畜産大学、香川大学、九州大学、鳥取大学、奈良先端科学技術大学院大学、北海道大学、農林水産先端技術研究所		

1. 研究目的と研究目標

【研究目標】

(4) イネ以外の作物への応用と生殖的隔離の解明

【研究目標の説明】

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。

2. 研究目標の達成度等

ムギ類(オオムギ・コムギ)からの有用遺伝子単離については、オオムギの条性遺伝子 *Vrs1* を単離し (PNAS, 2006)、花器の開閉花性遺伝子にも領域を狭めている。また皮性・裸性を支配する *Nud* 遺伝子についても単離し、現在論文投稿中である。またターゲット遺伝子は異なるものの、穂発芽性、休眠性という同様の形質に対してイネ・オオムギ・コムギに検出された QTL の遺伝子としての単離を進め、イネの *Sdr4* を単離し (論文投稿中) オオムギも BAC 物理地図レベルまで迫っており、コムギにおいては 2 つの QTL のうち一つが 0.2cM に狭まっている。さらに、コムギの光誘導性開花パスウェイの主要な経路として花成関連遺伝子の相互作用モデル「WAP1-WFT-VRN2 トライアングルモデル」をイネやアラビドプシスの知見と比較することによって構築した。この情報はコムギの出穂期を操作するために重要な基盤情報である。

一方イネの種間・亜種間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解明と打破を目指して、多くのアプローチが行われた。個別の隔離遺伝子としては長く研究されてきたペアで働く雑種弱勢遺伝子 *Hcw1*, *Hcw2* において片方が転写因子と同定され、他方も候補遺伝子が絞られている。栽培・野生イネ間に見られる雑種不稔遺伝子については *S1*, *S6*, *S19*, *S21*, *S23*, *S27*, *S28*, *S22* についてそれぞれ遺伝解析によって領域を狭め、特に *S1*, *S6* についてはその多様性を明らかにした。このようなアプローチとは別に、関与する素過程を詳細に検討する作業も行われた。一つは生殖的隔離現象を生殖過程における不全と捉え、この過程に関する遺伝子の単離と多様性の解明が行われた。この結果新しい RNA 遺伝子が関与する (Plant Cell 2007) ことを突き止めた。別なアプローチとしては、胚乳の生殖隔離がゲノムインプリンティングによるという仮説の下、イネでは初めてゲノムインプリンティングが胚乳で起きている事が検証された。

野生イネを育種に有効に利用するためには栽培化によって起こった遺伝子・ゲノムの変化・進化を明らかにする必要がある。このためゲノムに散在する転位因子 (トランスポゾン) の挿入多型を用いた栽培・野生イネコアコレクションの系統分析が行われ、AA ゲノムにおけるアクセッション毎の系譜が明らかになった。栽培化を分子生物学で解き明かす試みとして脱粒性遺伝子 *qSH1* が単離され (Science 2006) ハプロタイプ分析よりジャポニカ・インディカで異なる遺伝子の変異が栽培化 (非脱粒化) に利用された事が

明らかになった。また多くの形質遺伝子について栽培種・野生種におけるゲノム多様性が詳細に調べられ、多様化しやすい遺伝子と保存されている遺伝子が存在することが明らかになってきた。さらにチャレンジングな試みとして合成コムギの成立過程で起こった（と推定される）倍数化に関与する非還元配偶子形成遺伝子のクローニングを目指したが、当該期間では遺伝子の同定まで至っていない。

イネにおける例で明らかなごとく、マップベースクローニングを加速化するためには、交配材料作製・連鎖解析・ゲノムライブラリー作製とクローン選択・配列解読・植物形質転換・遺伝子発見に向けたデータ解析等のサポート技術が不可欠である。本課題ではプロジェクトとしてこのための諸課題を推進した。遺伝解析の材料育成では、コムギを用いて相同染色体置換系統および異種染色体断片系統を系統的に育成した。BAC libraryの整備では、Chinese Spring BAC libraryを導入し、スクリーニング、配列解読までの系を構築し、コムギ課題担当者に提供した。その他オオムギ BACクローンの配列解読、野生イネからの BAC library作製、クローン配列解読まで多くの課題を下支えした。コムギ形質転換のシステムについても整備しており、現在候補遺伝子を待っている状態である。またゲノム配列から正確な遺伝子予測を行うためには完全長cDNAの完備が欠かせないことから本課題では Cap-trapper法を用いてオオムギから総計 170000クローンからなる完全長 cDNAライブラリーを作製し、両末端配列のクラスタリングから 36000種に分類しこのうち 20000以上の全長配列を得ている。また通常ホモロジーだけを用いる機能アノテーションではなくさらに高次アノテーションツールとして、オーソログ関係を用いる進化アノテーションと自動化ツールの開発、ドメイン予測とその類似度を指標に機能アノテーションを行うアルゴリズムの作製、これを用いた植物タンパク質の構造分類を完成した。

全体をまとめると、目標の遺伝子の内いくつかは単離され、残りも単離間近の遺伝子が多い。3年間での途中段階における成果としては十分達成したと評価できる。隔離機構の解明と打破を目指した研究についてはいくつかの遺伝子が明らかになったが、それらの共通の機構は見ておらず、さらに個別の隔離遺伝子の単離を積み重ねる必要がある。大きな成果としては取り扱うことができないが、特にイネゲノムにおいては豊富に存在したゲノムリソースや情報リソースがムギ類で整備されたことは今後ムギ類、あるいはさらに別のイネ科作物遺伝子の単離へ進む際には強力な武器であり、高く評価できる。

3. 研究成果が社会・経済等に及ぼす効果

ここで取り組んだ形質（休眠・穂や種子の形・出穂期）はムギの品質・収量に大きく影響するものであり、ゲノム育種技術を用いて有用な遺伝資源に乏しいコムギの改良に道を開くものである。また隔離現象の解明によって野生イネ遺伝子を栽培イネに導入できれば、各ジーンバンクに保存されているイネ遺伝資源は食糧危機を救う遺伝子資源となりうるものである。この結果我が国のイネや麦類に新しい技術や遺伝子が導入されて、生産量の増大や品質の向上等を通じて新たな食料産業としての農業が活性化することが期待される。

4. 研究推進方法の妥当性

本課題は基盤的な課題の上にイネ、ムギのサブチームから構成されている。イネゲノムの情報を利用してムギ類遺伝子を単離する目標にたいしては妥当な構成である。ただ企画時点ではイネとムギのサブチームが有機的に相互作用しながら進む事を期待していたが、イネの情報は現在では常識として扱われているため、イネ・ムギ間の結びつきはそれほど強くなかった。現在になってみれば基盤技術の上にムギ単独構成も可能であったと思われる。

5. 研究成果の意義

本研究はまだ中間段階ではあるが多くの遺伝子が単離された。また多くのゲノム関係リソースも作製された。これらはイネゲノムからイネ科ゲノム解析への拡大を促し、世界中でムギ類の農業上重要な遺伝子の単離が加速される。この過程でムギ類においてもイネと同じようにゲノム情報に基づいた育種が可能になる。

委員名簿

○平成16年度農林水産技術会議評価専門委員会

- 貝沼 圭二 (国際農業研究協議グループ (CGIAR) 科学理事会理事)
池上 徹彦 (会津大学学長)
石黒 幸雄 (カゴメ株式会社代表取締役専務執行委員)
岩間 和人 (北海道大学大学院農学研究科教授)
金濱 耕基 (東北大学大学院農学研究科教授) (座長)
木立 真直 (中央大学商学部教授)
木村 真人 (名古屋大学大学院生命農学研究科教授)
倉田 のり (国立遺伝学研究所教授)
鈴木 敦 (弁理士)
鈴木 鐵也 (北海道大学大学院水産科学研究科教授)
林 良博 (東京大学大学院農学生命科学研究科教授)
三野 徹 (京都大学大学院農学研究科教授)
山本 満里 (京都府農業総合研究所企画経営部長)

○平成16年度農林水産技術会議評価専門委員会研究課題分科会

・植物 (イネ) ゲノム研究「イネ・ゲノム全塩基配列の解明」

- 高浪 満 (財団法人かずさDNA研究所特別顧問)
田仲 可昌 (筑波大学大学院生命環境科学研究科教授)
森 浩禎 (奈良先端科学技術大学院大学遺伝子教育研究センター教授)

・植物 (イネ) ゲノム研究「タンパク質の構造解析利用型」

- 大島 泰郎 (東京薬科大学生命科学部分子生命科学科教授)
下西 康嗣 (長浜バイオ大学学長)
西川 健 (国立遺伝学研究所生命情報・DDBJ 研究センター教授)

・植物 (イネ) ゲノム研究「イネ・ゲノムシミュレーターの開発」

- 八尾 徹 (独立行政法人理化学研究所ゲノム科学総合研究センター
コンサルタント)
田畑 哲之 (財団法人かずさDNA研究所植物遺伝子研究部部长)
西尾 剛 (東北大学大学院農学研究科教授)

・植物 (イネ) ゲノム研究「イネ・ゲノムの種間・属間比較研究」

- 田仲 可昌 (筑波大学大学院生命環境科学研究科教授)
大杉 立 (東京大学大学院農学生命科学研究科教授)
山田 利昭 (京都大学大学院農学研究科教授)

○平成18年度農林水産技術会議評価専門委員会

- 貝沼 圭二 (国際農業研究協議グループ (CGIAR) 科学理事会理事)
- 池上 徹彦 (会津大学学長)
- 岩間 和人 (北海道大学大学院農学研究科教授)
- 金濱 耕基 (東北大学大学院農学研究科教授) (座長)
- 木村 真人 (名古屋大学大学院生命農学研究科教授)
- 鈴木 敦 (弁理士)
- 鈴木 鐵也 (北海道大学大学院水産科学研究科教授)
- 世古 晴美 (兵庫県農林水産技術総合センター作物部長)
- 田中 隆治 (サントリー株式会社顧問)
- 西村いくこ (京都大学大学院理学研究科教授)
- 林 良博 (東京大学大学院農学生命科学研究科教授)
- 三野 徹 (京都大学大学院農学研究科教授)
- 門間 敏幸 (東京農業大学国際食料情報学部教授)

○平成18年度自己評価に際し意見聴取を行った学部専門家

・DNAマーカーによる効率的な新品種育成システムの開発

- 池橋 浩 (元大学教授)
- 武田 元吉 (元大学教授)
- 渡邊 和男 (筑波大学遺伝子研究センター教授)

・組換え体利用型研究

- 宇垣 正志 (東京大学新領域創成科学研究科教授)
- 鎌田 博 (筑波大学生命環境科学研究科教授)
- 平井 篤士 (名城大学農学部教授)
- 日向 康吉 (東北大学名誉教授)

○平成19年度農林水産技術会議評価専門委員会

- 貝沼 圭二（元国際農業研究協議グループ（CGIAR）科学理事会理事）
林 良博（国立大学法人東京大学大学院農学生命科学研究科教授）
生越 由美（東京理科大学専門職大学院教授）
小池 一平（全国農業協同組合連合会営農総合対策部長）
田中 隆治（サントリー株式会社顧問）
恒川 篤史（国立大学法人鳥取大学乾燥地研究センター長）
富樫 潤子（埼玉県川越農林振興センター飯能普及部担当部長）
難波 成任（国立大学法人東京大学大学院農学生命科学研究科教授）
西村いくこ（国立大学法人京都大学大学院理学研究科教授）
日向 志郎（日本農業新聞執行役員編集局長）
門間 敏幸（東京農業大学国際食料情報学部教授）