

# 課題名：イネゲノム機能解析研究

—— イネゲノム解読成果を活用した画期的 ——  
新作物作出のための基盤技術の開発

研究実施期間：平成15年度～平成19年度

農林水産省農林水産技術会議事務局

# イネゲノム機能解析研究

— イネゲノム解読成果を活用した画期的新作物作出のための基盤技術の開発 —

**研究開発のターゲット:** 植物機能の最大活用に向けたイネ有用遺伝子の機能の解明

**経済・社会での活用に関する具体的ビジョン:** 地球的規模の食糧問題、環境悪化等の解決に向けた技術的対応は喫緊の課題で、植物の機能を最大限に活用することが、問題を解決する上で重要である。イネゲノム塩基配列解読成果を活用したイネゲノムの機能解析研究は、その基盤となる研究である。このため、コムギ、トウモロコシ等主要穀類も視野に入れた、各種形質の改良と新植物産業創出のための基盤研究を行うとともに、知的財産権を握り、我が国の競争力を高める

**研究機関:** 生物研、名古屋大、明治大、理研、農研機構、公立試等

**参加が想定される産業界:** 三菱化学、日立製作所、日本電気、JT等

**研究の概要:** 450億円／5年(15年度概算要求額 103億円)

## ●有用遺伝子単離・機能解明研究の再編・強化

○解析手法の高度化とともに、高品質なコメを作る遺伝子、機能性物質を作る遺伝子、病害虫に強い遺伝子、光合成能を高める遺伝子、不良環境に強い遺伝子等、重要形質関連遺伝子にターゲットを絞り単離・機能解析遺伝子単離・特許化 100個以上(H16)、200個以上(H20)  
コメ由来の機能性物質などの医薬品、食品利用の確立、新エネルギー資源、環境修復植物の開発、低アレルギー等特定疾患専用品種の開発等、産業及び農業への貢献を目指す

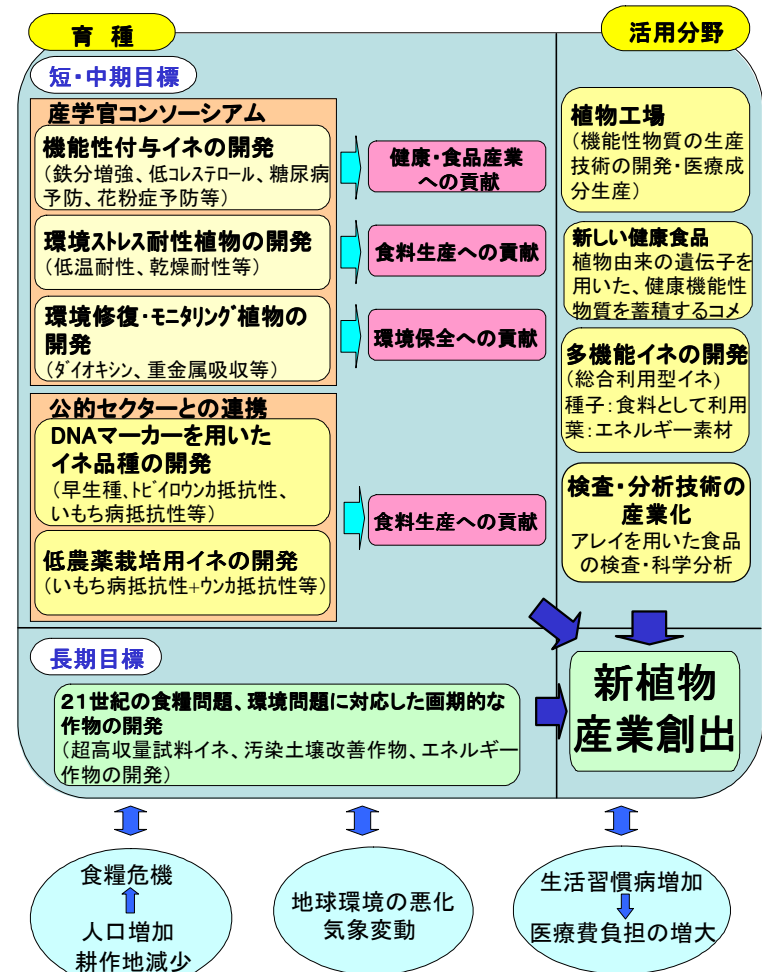
## ●育種・栽培技術の高度化(5年以内に一部実用化)

○高精度DNAマーカー育種システム開発・ゲノム機能シミュレーター開発  
新品種開発期間を1/2に短縮

## ●研究基盤の整備(3年以内にリソースセンターを軌道に乗せる)

○イネゲノムリソースセンターの整備・イネゲノム塩基配列の完全解読  
ゲノム情報と、完全長cDNAや遺伝子破壊系統等ゲノムリソースの整備と配布により国内外の植物生命科学研究の発展を促進

## イネゲノム機能解析研究成果の活用目標



# イネゲノム機能解析研究予算の構成

14年度(57億円)

15年度(103億円)

ポイント

## 有用遺伝子の単離及び機能解明

- ・遺伝子発現モニタリング手法を利用した単離及び機能解明(6) — (終了)
- ・遺伝地図とミュータントパネルを利用した単離及び機能解明(5) —
- ・タンパク質の構造解析を利用した単離及び機能解明(7) —
- ・組換え体を用いた有用遺伝子の大規模解明と関連技術の開発(2) —

重要形質関連遺伝子の機能解明  
(17)

種間・属間比較研究  
(17)

## 遺伝子の単離及び機能解明研究

- ・遺伝地図とミュータントパネル利用型(7)
- ・タンパク質の構造解析活用型(7)
- ・組換え体利用型(4)

ターゲットを絞った有用遺伝子探索

手法の高度化

DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発(6)

イネ・ゲノムシミュレーターの開発(11)

全塩基配列の解明(Phase2)(20)

DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発(11)

イネ・ゲノムシミュレーターの開発(18)

全塩基配列の解明(Phase3)(18)

完全長cDNAライブラリーの整備  
(平成12度補正予算で一括計上)

イネ・ゲノムリソースセンターの整備(4)

育種システムの高度化

研究基盤の整備

# イネゲノム機能解析研究の資金計画

(単位:億円)

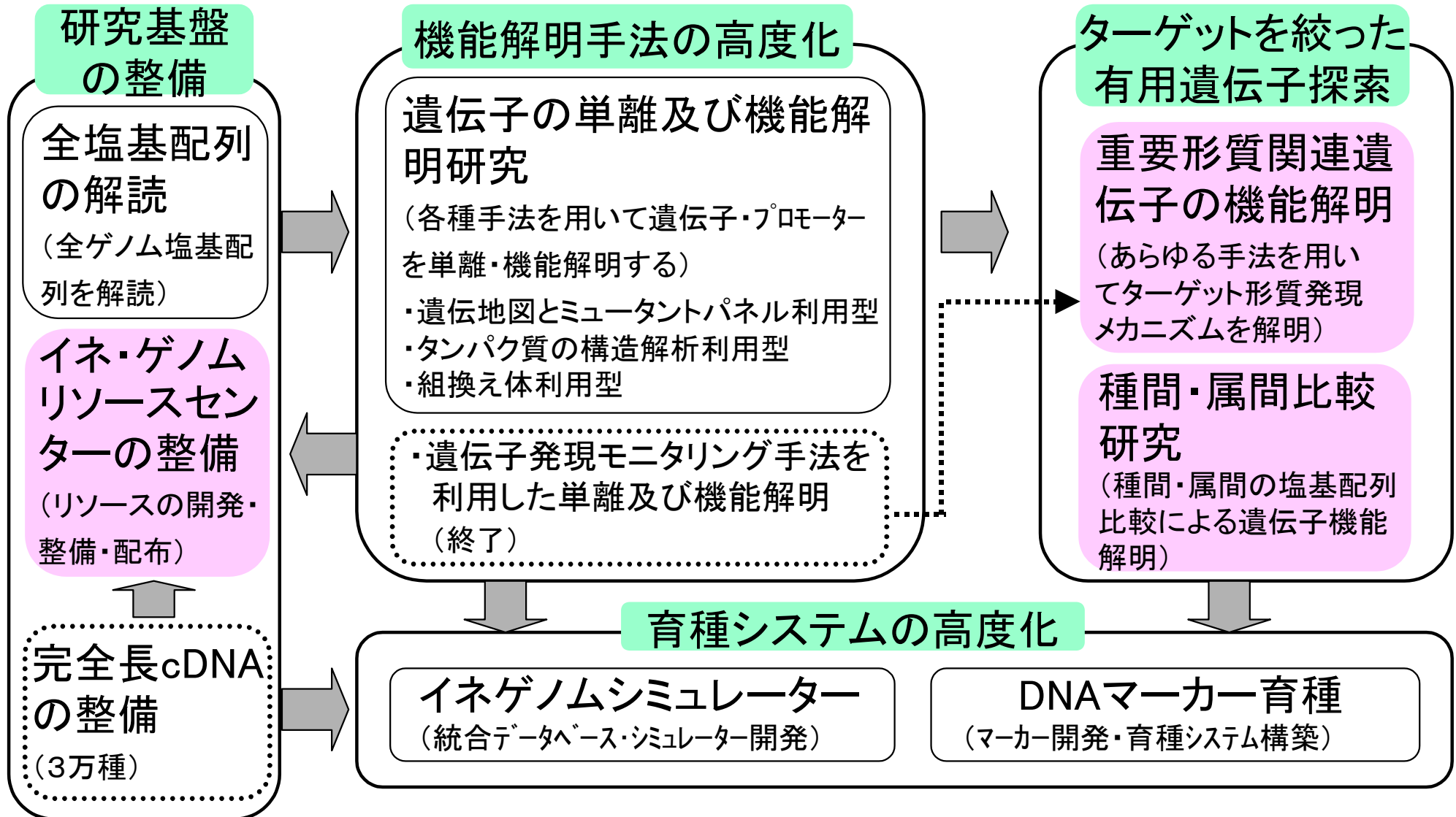
	15年度	16年度	17年度	18年度	19年度	期間中計	
有用遺 伝子探 索	重要形質関連遺伝子の機能解明(H15～)	17	17	17	17	17	85
	種間・属間比較研究(H15～)	17	17	17	17	17	85
	小計	34	34	34	34	34	170
手法の 高度化	遺伝子の単離及び機能解明研究(H12～)	18	18	13	13	8	70
	遺伝地図と mutant パネル利用型(H12～)	7	7	8	8	8	38
	タンパク質の構造解析利用型(H12～)	7	7	—	—	—	14
	組換え体利用型(H14～)	4	4	5	5	—	18
育種シ ステム の高度 化	イネ・ゲノムシミュレーターの開発(H13～)	17	9	12	4	7	49
	DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発(H14～)	11	11	11	9	9	51
	小計	28	20	23	13	16	100
研究基 盤の整 備	イネ・ゲノムリソースセンターの整備(H15～)	4	4	6	6	8	28
	全塩基配列の解明(H12～)	18	16	16	16	16	82
	小計	22	20	22	22	24	110
合計	102	92	92	82	82	450	

## ◎地方自治体、民間の資金負担の考え方

・都道府県は、国の資金提供により「DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発」に参画するが、これにより開発されたマーカーを用い、自らの資金で品種開発を行う。資金規模は単年度3億円(@2千万円×15件)×5年間=15億円と見込む。

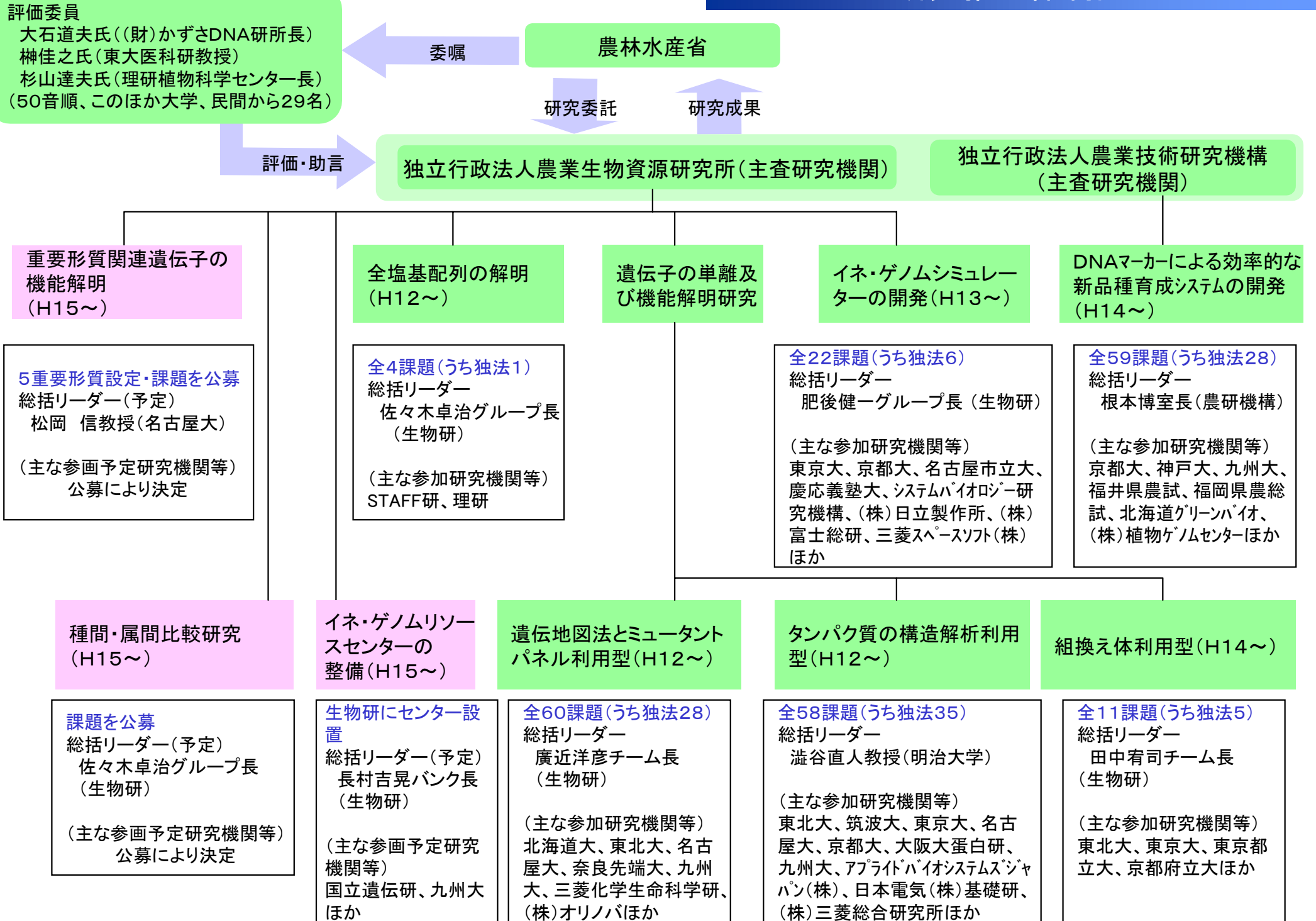
・民間企業等は、農業生物資源研究所との共同研究契約に基づき、リソースセンターから提供される研究試料等を用い、自らの資金により有用遺伝子探索・品種開発を行う。資金規模は単年度15億円(@5千万円×30件)×5年間=75億円と見込む。

# イネゲノム機能解析研究の構成



- ・大学研究者を総括リーダーとし、その責任と権限の下、研究を推進
- ・公募により、産業界・大学等の優秀な研究者を結集(9/19公募開始)
- ・海外の研究機関(IRRI、CIMMYT)との連携を強化
- ・研究成果の産業界への移転を促進

# 研究推進体制図





# 研究代表者のプロフィール

## 評価委員

大石道夫氏((財)かずさDNA研所長)  
 榎佳之氏(東大医科研教授)  
 杉山達夫氏(理研植物科学センター長)  
 (50音順、このほか大学、民間から29名)

委嘱

農林水産省

研究委託

研究成果

## 主査

中島阜介理事(生物研)  
 農学博士、60歳  
 (主な業績)  
 Curr. Genet. 21, 153-159,  
 1992  
 日本育種学会賞 1995

## 副主査

肥後健一グループ長(生物研)  
 理学博士、59歳  
 (主な業績)  
 Plant Science, 151, 39-46, 2000  
 Plant J., 18, 625-632, 1999  
 Theor. Appl. Genet., 97, 9-19, 1998

評価・助言

独立行政法人農業生物資源研究所(主査研究機関)

独立行政法人農業技術研究機構  
 (主査研究機関)

重要形質関連遺伝子の  
 機能解明(H15~)

総括リーダー(予定)  
 松岡 信教授(名古屋大)  
 農学博士、46歳  
 (主な業績)  
 Nature, 416, 701-702, 2002  
 Plant Cell, 14, 57-70, 2002  
 Proc. Natl. Acad. Sci. USA,  
 98, 8909-8914, 2001  
 植物生理学会奨励賞 1995

全塩基配列の解明  
 (H12~)

総括リーダー  
 佐々木卓治グループ長(生物研)  
 理学博士、55歳  
 (主な業績)  
 Plant Cell, 14: 525-545, 2002  
 Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 98,  
 7922-7927, 2001  
 Theor. Appl. Genet., 102, 793-800,  
 2001  
 日本育種学会賞 2003

遺伝子の単離及  
 び機能解明研究

イネ・ゲノムシミュレー  
 ターの開発(H13~)

総括リーダー  
 肥後健一グループ長  
 (生物研)  
 理学博士、59歳  
 (主な業績)  
 Plant Science, 151, 39-46,  
 2000  
 Plant J., 18, 625-632, 1999  
 Theor. Appl. Genet., 97, 9-19,  
 1998

DNAマーカーによる効率的な  
 新品種育成システムの開発  
 (H14~)

総括リーダー  
 根本博室長(農研機構)  
 農学博士、44歳  
 (主な業績)  
 Breeding Science, 48, 321-  
 324, 1998  
 Jpn. J. Tropical Agriculture,  
 42, 111-118, 1998

種間・属間比較研究  
 (H15~)

総括リーダー  
 佐々木卓治グループ長  
 (生物研)  
 理学博士、55歳  
 (主な業績)  
 Plant Cell, 14: 525-545, 2002  
 Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 98,  
 7922-7927, 2001  
 Theor. Appl. Genet., 102, 793-  
 800, 2001  
 日本育種学会賞 2003

イネ・ゲノムリソースセ  
 ンターの整備(H15~)

総括リーダー(予定)  
 長村吉晃バンク長  
 (生物研)  
 農学博士、48歳  
 (主な業績)  
 Genome Research, 9, 825-  
 829, 1999  
 Genetics, 148, 479-494, 1998  
 Plant Mol. Biol., 35, 79-87,  
 1997

遺伝地図法とミュタント  
 パネル利用型(H12~)

総括リーダー  
 廣近洋彦チーム長  
 (生物研)  
 理学博士、49歳  
 (主な業績)  
 Plant Cell, 13, 521-534,  
 2001  
 EMBO J., 15, 992-1002,  
 1999  
 科学技術長官賞 1999

タンパク質の構造解析利用  
 型(H12~)

総括リーダー  
 澁谷直人教授(明治大学)  
 学術博士、57歳  
 (主な業績)  
 Plant J., 30, 447-455, 2002  
 Plant Physiol., 126, 1-12,  
 2001  
 Plant Cell, 12, 817-826, 2000  
 文部科学大臣賞 2001

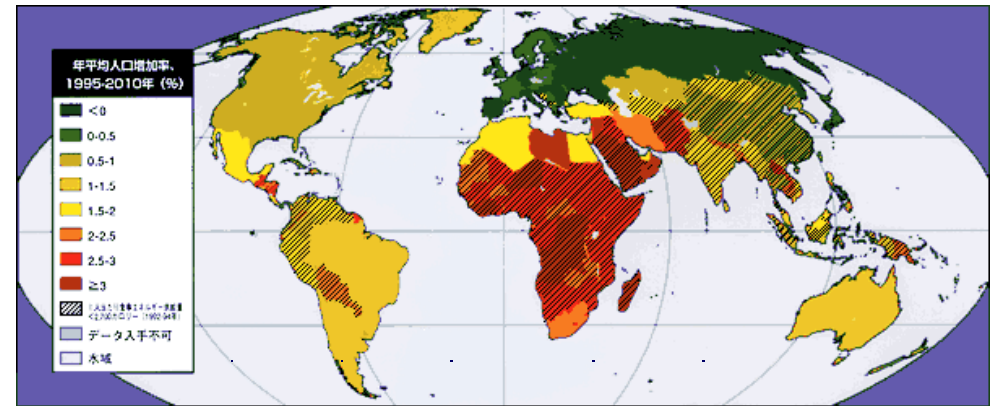
組換え体利用型(H14~)

総括リーダー  
 田中宥司チーム長  
 (生物研)  
 農学博士、49歳  
 (主な業績)  
 Plant Journal, 30, 1-10, 2002  
 FEBS Letters, 507, 346-350,  
 2001  
 Plant Cell, 11, 1419-1431,  
 1999

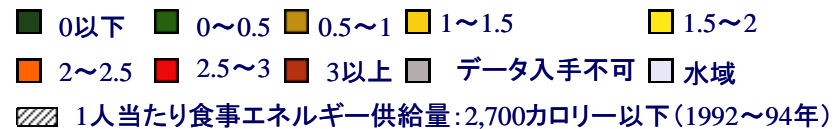
# 研究の背景

- ・人口増加: 61億人(2000年)→93億人(2050年)  
(2000年国連予測)
- ・栄養不足人口: 7.9億人(2000年FAO統計)
- ・耕作不能面積の増大: 500万ha/年以上  
(環境悪化、異常気象、温暖化、砂漠化等)

## ■人口増加



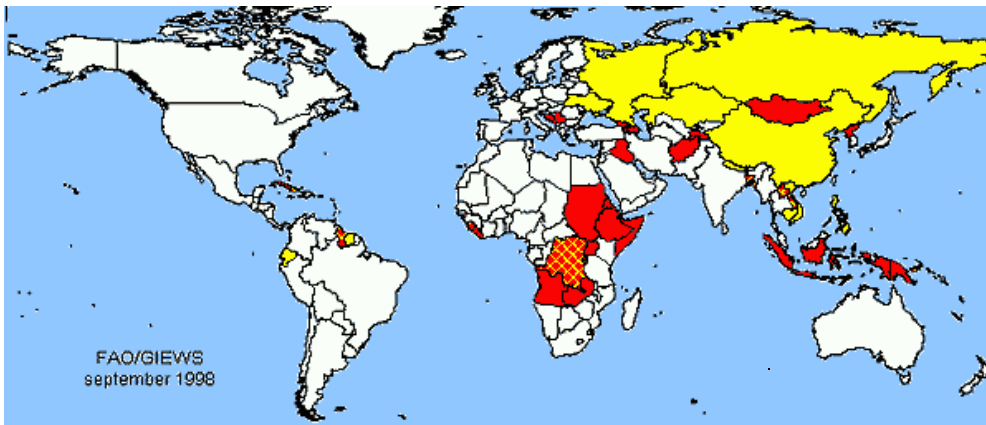
年平均人口増加率: 1995~2010年(%)



FAOホームページ <http://www.fao-kyokai.or.jp>より

## ■世界の食料不足国地図

(世界の食料不足国 1998年No.4)



年平均人口増加率: 1995~2010年(%)



FAOホームページ <http://www.fao-kyokai.or.jp>より

イネは、

- ・世界最大の食糧資源・我が国の基幹作物  
(世界の穀物生産の3割を占める)

- ・穀類最小のゲノムサイズ(430Mb)  
→ 単子葉植物の最良のモデル  
(トウモロコシ: 2,500Mb, コムギ: 16,000Mb)

- ・我が国が世界に先駆けて研究基盤を作成  
(高密度遺伝地図、物理地図、部分長cDNA)



## 目的

1. イネゲノム塩基配列を解読し、すべての遺伝子を含むゲノムの構造を明らかにして、植物生命科学研究の基盤を作る
2. 有用遺伝子を単離・機能解析し、ゲノムの機能を明らかにして、イネの各種形質の改良、植物工場などの産業利用につなげる

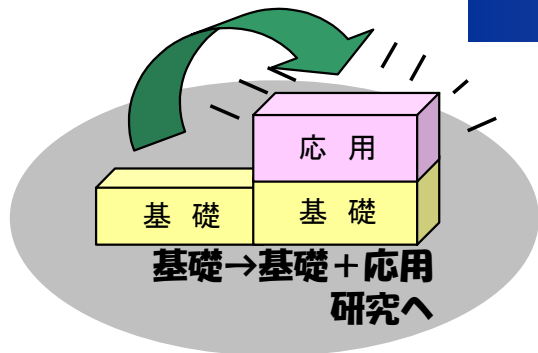


## 目標

1. 国際協力(IRGSP)により、2002年末までにゲノム塩基配列の重要部分の解読(フェーズ2)を終え、可能な限り早くイネゲノム全塩基配列を解読し、単子葉植物ゲノムのゴールデンリファレンスを完成する
2. 塩基配列情報、高精度遺伝子地図、完全長cDNA、レトロトランスポゾンによる遺伝子破壊系統、遺伝子置換系統等のゲノムリソースを整備しつつ、これらを用いて遺伝子を単離・機能解明する手法を開発し、有用遺伝子の機能を解明する
3. イネの重要形質に関わる多数の遺伝子を明らかにし、関与する遺伝子の機能や相互関係等を解析することにより、重要形質を発現するメカニズムの全容を明らかにする
4. ゲノム情報や栽培、育種情報等を統合したデータベースを構築するとともに、イネゲノム機能のシミュレーターを開発する
5. イネなどのゲノム情報を元に、品種間・属間ゲノム比較を行い、多様な表現型をもたらす遺伝機構の解明やイネでは認められない形質等に関わる遺伝情報を解明する

# イネゲノム研究の今後

～ 基礎 → 基礎+応用研究の本格実施へ ～



## 応用・実用化に向けたゲノム研究

- ・重要形質関連遺伝子の機能解明
- ・イネ品種間・属間比較研究

- ・イネ・ゲノムシミュレーターの開発
- ・DNAマーカー育種システムの開発

高品質なお米を作る遺伝子

機能性物質を作る遺伝子

光合成機能を高める遺伝子

不良環境に強い遺伝子

病害虫に強い遺伝子

産学官連携を促進

特許を取得

有用遺伝子の機能を解明

## 産業への貢献

- ・植物工場による機能性物質(医薬・健康維持成分等)の生産
- ・新エネルギー資源、環境修復植物の開発
- ・検査分析技術の産業化

## 農業への貢献

- ・低蛋白、低アレルゲンなどの特定疾患専用品種等、画期的な新品種の開発
- ・ゲノム情報に基づく画期的な栽培体系の確立

大学・民間の研究勢力の結集!!  
(研究責任者としての参画)

## これまでのイネ・ゲノム研究

融合

## 世界に誇る研究成果

第1期:H3~9  
第2期:H10~

世界に先駆け  
基盤技術を確立

・イネ塩基配列を解読  
(平成14年中に重要部分の概略解読)

・完全長cDNAライブラリーを整備  
(平成14年中に3万種収集)

・様々な研究手法を確立(マップベースクローニング、ミュータントパネル等)

(研究基盤の整備)

## 遺伝子の単離・機能解明研究

・手法別研究による遺伝子機能の解明  
(遺伝地図、ミュータントパネル、タンパク質解析等)

イネ塩基配列の完全解読を実施

イネ・ゲノムリソースセンターの整備

## 植物生命科学の発展

- ・塩基配列完全解読情報の取得  
(平成19年度末)
- ・有用遺伝子を100個以上解明  
(平成16年度末)  
200個以上解明  
(平成20年度末)

# 全塩基配列の解明

**概要:** 世界最大の食糧資源であり、穀類最小のゲノムサイズであるイネのゲノムの塩基配列の効率的な解明を行うため、精密な物理地図と発現遺伝子地図を作成し、それらをもとにイネの全塩基配列を解読することを目的とする。生物研／STAFF研が中心となって国際コンソーシアム(IRGSP)で進めている。

## これまでの成果

- ・H14.9.15現在延べ399Mbを解読
- ・その内我が国は277Mb(53%)を分担
- ・H14年中にphase2レベルでの解読を終了する予定
- ・第1染色体発現遺伝子地図の作製

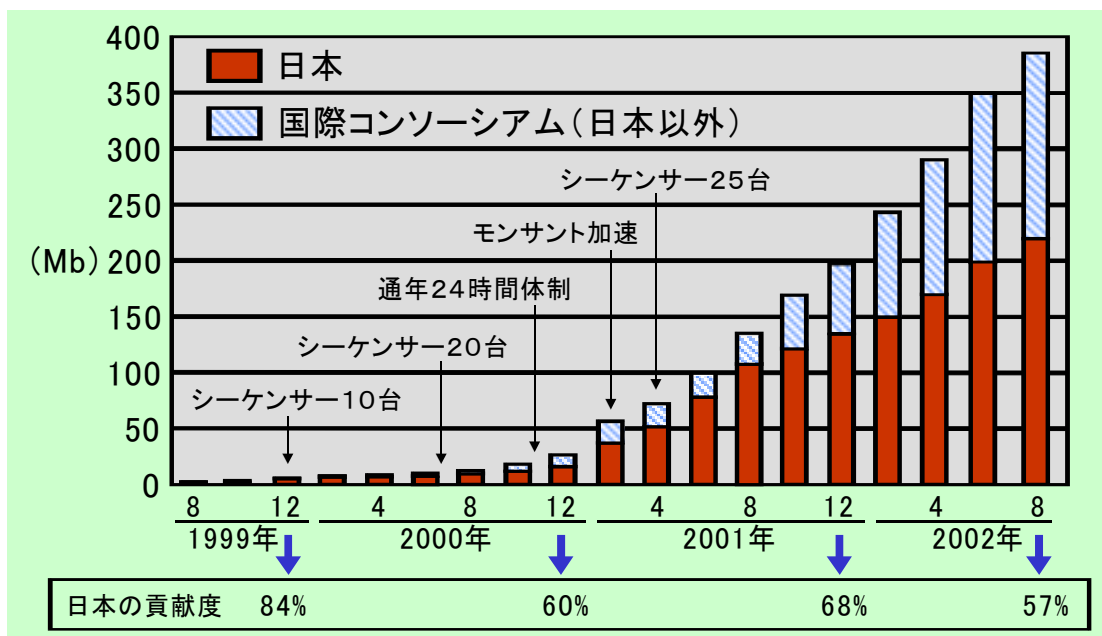


## 今後の目標

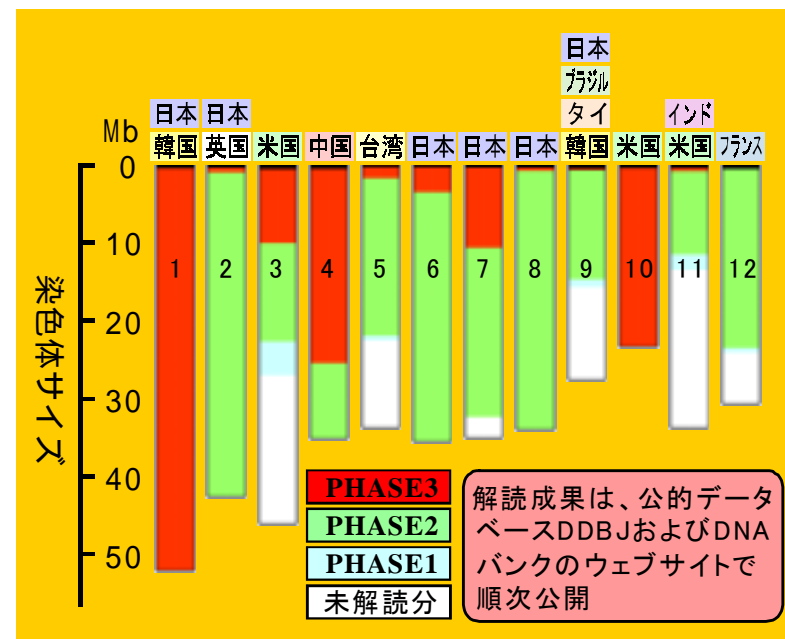
- ・phase2レベルからphase3レベルでの早期完全解読への移行(右下図 ■ → ■)
- ・テロメア・セントロメアの解析手法の高度化



- ・遺伝子機能解明のための基盤が確立される
- ・人類共通の財産であるイネの染色体全塩基配列情報が公開されることで、植物生命科学の発展に寄与する



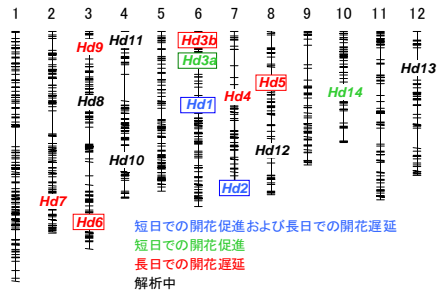
現在のBAC解読コストは3.3円/塩基



## 遺伝地図法

### これまでの成果

- ・わい性遺伝子 *D18* と *D61*
- ・脱粒性遺伝子 *qSH-1*
- ・日長感応性、葉緑体形成、穂の分枝遺伝子、貯蔵タンパク遺伝子など



**概要:** 精密な遺伝子地図とゲノム塩基配列を元にしたイネの量的形質(QTL)のマッピングスクローニングにより遺伝子単離を行う。

### 今後の目標

- ・いもち病圃場抵抗性遺伝子
- ・ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子
- ・縞葉枯病抵抗性遺伝子
- ・耐冷性遺伝子
- ・品質、食味関連遺伝子

## タンパク立体構造

### これまでの成果

- ・プロテオーム解析で16,000個スポットを確認、2,634個の部分構造を決定
- ・再分化を制御するカルレティキュリンの機能解明
- ・ジスルフィドプロテオーム解析手法の確立
- ・エリクター処理により誘導されるタンパク質EL5の立体構造を解明
- ・細胞内局在予測システムの開発

**概要:** タンパク質レベルの新たな解析手法(立体構造解析、構造・機能推定技術等)を導入することにより、効率的単離と機能解明を行う。

### 今後の目標

- ・構造・機能予測手法の精度向上、データベース構築
- ・完全長cDNA遺伝子産物の立体構造解析・機能解析
- ・タンパク質間相互作用の解明
- ・完全長cDNA情報と質量分析を用いたハイスループット手法の開発

## ミュータントパネル

### これまでの成果

- ・ミュータントパネル 5万系統作出
- ・半矮性、光形態形成異常など形態形成やストレス感受性などの原因遺伝子単離



正常

半矮性

**概要:** 内在性レトロトランスポゾンを用いて遺伝子の機能を破壊(ノックアウト)することによって形態的・生理的变化(草丈等)を生じた系統を作出し、破壊された遺伝子を単離、解析する。

### 今後の目標

- ・根の形態形成、シグナル伝達経路等の生命現象に係わる遺伝子の単離
- ・T-DNAタギング・アクティベーションタギングなどによる変異体飽和によってすべての遺伝子を標的にする突然変異系統の開発
- ・圃場での大規模解析

## 大規模機能解析

**概要:** 有用性が高いと期待される遺伝子について、その制御領域や完全長cDNAを導入した組換え体を多種類かつ多数作出し、機能解明を行う。同時に、組換え体作出や遺伝子機能解明に役立つ相同組み換え、RNAi、ジーンサイレンシングなどの現象の解明・応用にも取り組む。

### これまでの成果

- ・相同組換え技術による遺伝子改変作物の作出
- ・草型制御形質転換イネの作出

### 今後の目標

- ・超迅速形質転換法による組換え体の大規模作出
- ・高効率組換え体選抜技術の開発
- ・種々の組換え体作出技術の確立
- ・未知cDNAの機能解明
- ・PAに配慮した組換え技術の開発



# 育種システムの高度化

## DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発

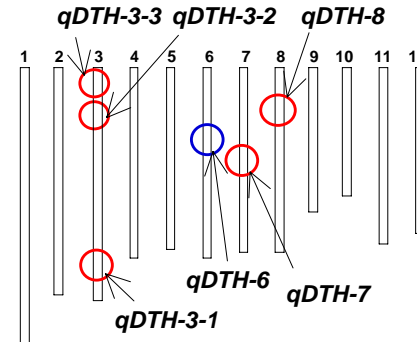
**概要:** イネ、麦類、大豆等の自殖性作物に加えて、果樹、野菜、牧草等の栄養繁殖性作物や他殖性作物について、DNAマーカーの開発を進める。従来の表現型による特性検定に替わるDNAマーカー選抜技術を組み込んだ省力的かつ効率的な育種事業である新品種育成システムの構築を進めることを目標とする。

### これまでの成果

- ・コシヒカリ早生化水稻系統の育成(図1)
- ・いもち病抵抗性水稻系統の育成(図2)
- ・ダイズシストセンチュウ抵抗性育種方法の確立

### 今後の課題

- ・DNAマーカー育種によるさらなる新品種作出
- ・新規DNAマーカーの作出
- ・効率的品種育成システムの構築



- コシヒカリの対立遺伝子が晩生にする
- Kasalathの対立遺伝子が晩生にする



和系154号(NIL(qDTH-6))(左)とコシヒカリ(右)

**図1:** DNAマーカーを利用してコシヒカリの早生化あるいは晩生化を進め、出穂期以外はコシヒカリとほぼ同じ準同質遺伝子系統(NIL)を開発。平成15年からこれらの系統は水稻の奨励品種決定調査に供試される予定。

生物資源研究所 分子遺伝研究グループ 応用遺伝研究チーム  
農業技術研究機構 作物研究所 稲研究部 稲育種研究室

## イネ・ゲノムシミュレーターの開発

**概要:** イネゲノム研究から生み出される塩基配列データ、機能解析データ等のゲノム情報に加え、育種現場での特性データ等を再評価・数値化しデータベース化することにより相互に関連づけ統合する。これらをもとにコンピュータ上でイネ等農作物の品種改良実験を可能とするイネ・ゲノムシミュレーター(仮想実験システム)を開発し、イネの遺伝子ネットワークの理解と栽培技術・育種の高度化・迅速化を図る。

### これまでの成果

- ・各種イネゲノムデータベースのプロトタイプ構築(遺伝子予測DB、プロテオームDB、トランスクリプトームDB、メチル化部位DB、品種特性DB、作物学DB、育種学DB)
- ・イネ出穂期予測の指標となる遺伝子候補の発見

### 今後の課題

- ・各種データベースの高度化と相互の関連づけ
- ・集団、個体、組織、細胞、オルガネラ、酵素反応、代謝など各レベルでのシミュレーションプログラム開発
- ・イネゲノムデータ作成のための技術開発(メタボロームDBなど)



**図2:** 「まなむすめ」の同質遺伝子系統のうちいもち病抵抗性遺伝子(Pib)を導入した系統「東北IL21号」は平成13年から、奨励品種決定調査に供試。他の系統も平成16年度には供試される予定。

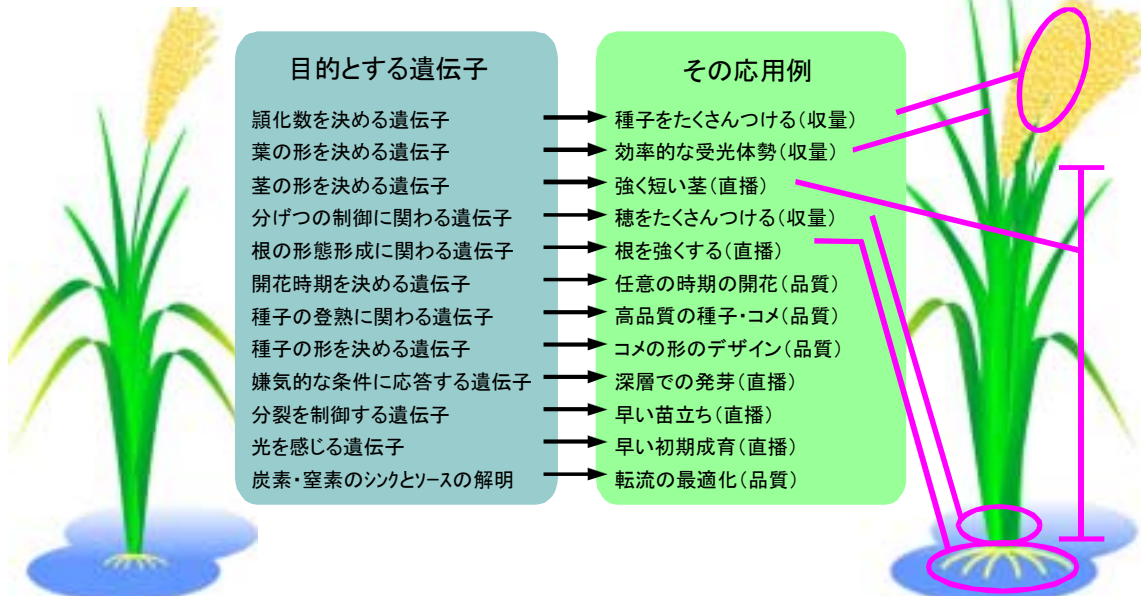
左「まなむすめ」: 葉いもちにより枯死している。  
中・右「東北IL21号」: 葉いもちの発生が見られない。

宮城県古川農業試験場作物育種研究室  
(農林水産省 大豆育種指定試験地)

# 重要形質関連遺伝子の機能解明

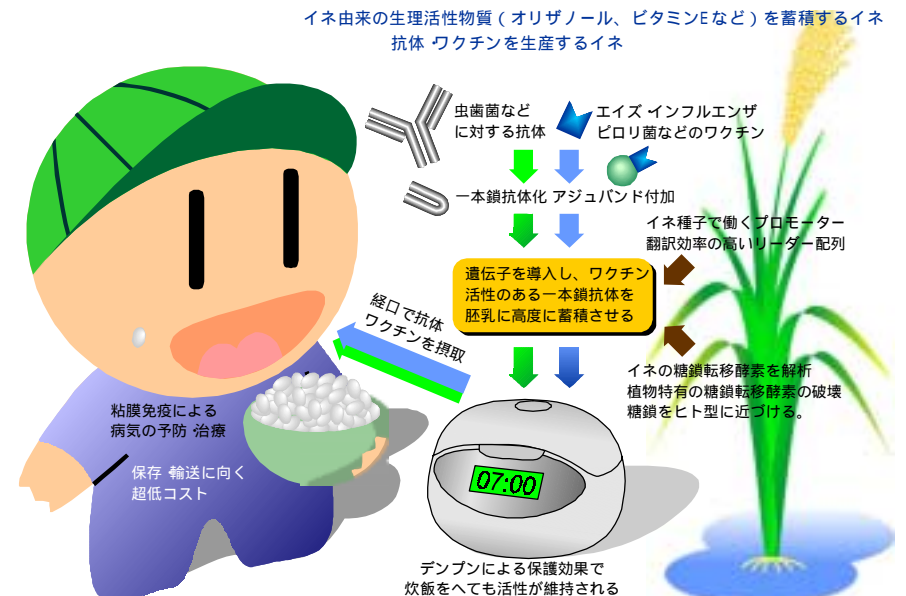
イネ・ゲノム研究のアウトプットとして「生産性・品質の向上」「新機能付与」「環境保全」への貢献が期待されている。そこで、あらゆるゲノム情報・手法を用いて重要形質の機能解明に取り組み、関連する遺伝子の単離のみならず、応用につなげられるだけのメカニズム全容の高度な理解やその応用をめざす。以下の様な5つの重点領域を設定し、集中化を図る。

## ①高品質なおコメを作る遺伝子の解明



草型制御、直播に求められる形質、穂の形や穀粒の形の制御、発育、生長に関わる遺伝子を単離、解析するとともに、これを利用することで**高収量品種・高品質米品種の開発**に必要な遺伝子の単離・機能解明を行う。

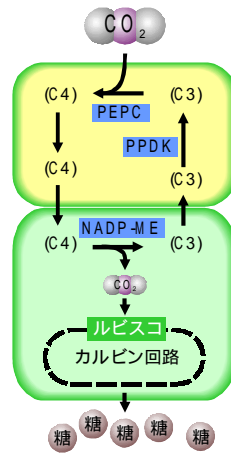
## ②機能性物質を作る遺伝子の解明



**健康機能性物質**や**医療成分**を種子中に集積させたイネや、**有用酵素**や**プラスチックの原材料**など工業目的に利用できるイネの開発に必要な遺伝子を単離・機能解明する。

## ③光合成能を高める遺伝子の解明

シンクソースバランスの改良や光合成効率の向上による**農産物生産の向上**や**バイオマス生産の増大**につなげるために、イネの炭素代謝や窒素代謝などの制御システムに関与する遺伝子を単離・機能解明する。



## ④不良環境に強い遺伝子の解明

乾燥、塩害、冷温など、環境ストレスによる**不適作地域での栽培が可能な植物**、あるいは**環境浄化能を増強した植物**開発を目指し、ストレス耐性に関する遺伝子を単離・機能解明する。

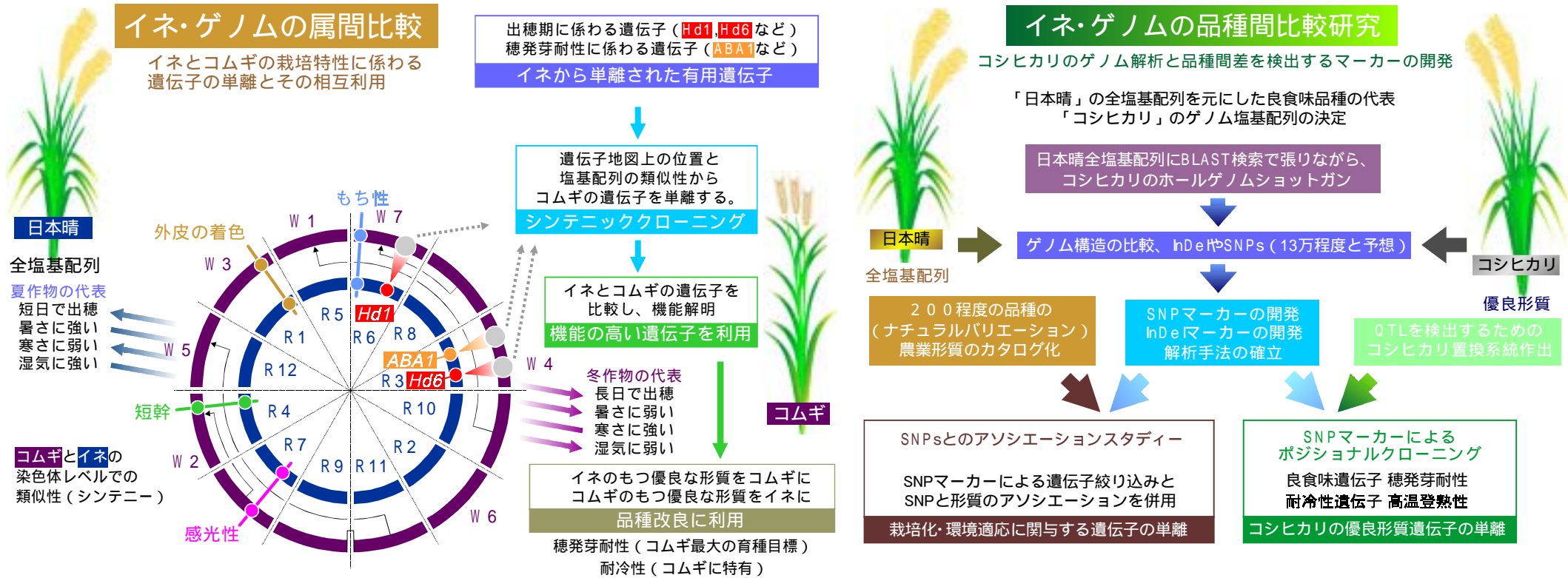
## ⑤病害虫に強い遺伝子の解明

農薬の低減による低コスト生産、環境負荷の軽減等に有効な**病虫害耐性強化**のために、主に病害虫に対するシグナル伝達経路に係わる遺伝子を単離・機能解明する。



# 種間・属間比較研究

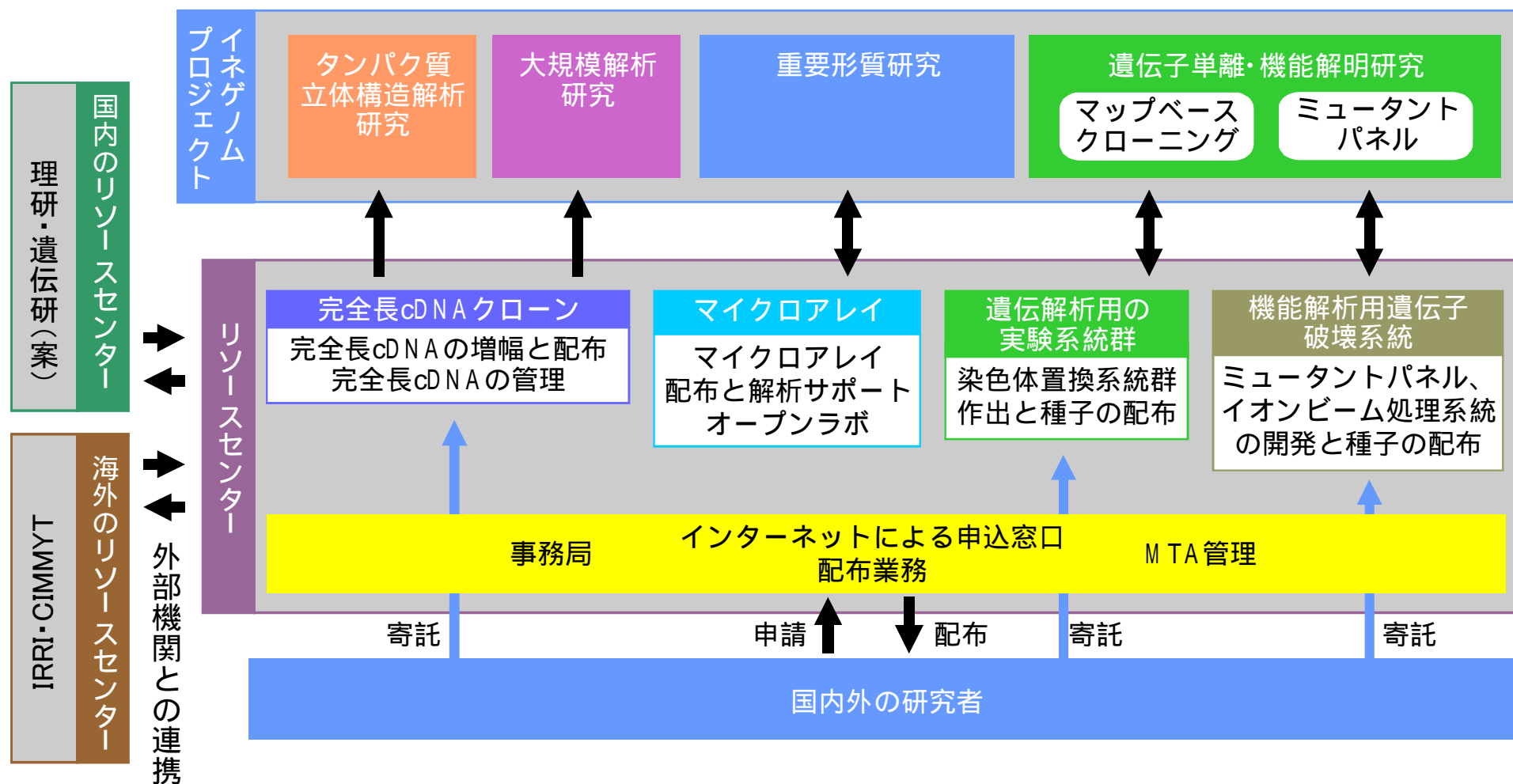
イネ、トウモロコシ、コムギなどの穀物の中でイネは最も小さいゲノムをもつ(トウモロコシの1/6, コムギの1/40)。そのため、全世界の穀物の約3割がイネであるという重要性ばかりでなく、穀物のモデル植物としてイネへの集中的なゲノム研究が行われてきた。イネゲノム全塩基配列の重要部分が今年末に終了予定であることから、モデル植物としてのイネの研究をイネ品種間、インド稲、アフリカ稲、野性イネとの比較、さらには、イネ科植物であるコムギと比較研究へと展開する。



具体的には、イネ品種間差を検出するSNPsマーカー開発と遺伝子単離、ゲノムレベルでの塩基配列の比較(右図)、品種間差の原因となっている遺伝子の単離、コムギとイネの間で見られる、染色体レベルでの遺伝子の並び方、方向性(シンテニー)を利用したコムギ有用遺伝子の単離(左図)、イネとコムギの遺伝子の比較などを行い、育種の過程で捨てられた強い耐病性遺伝子、環境ストレス耐性遺伝子の単離、コムギのもつ耐冷性、オオムギのもつ耐塩性に係わる遺伝子のシンテニーを利用した単離や日長感受性や穂発芽耐性などを比較することで、遺伝子機能解明や品種改良に利用する。

# イネゲノムリソースセンターの整備(新設)

全塩基配列とともにイネゲノム研究の基盤と考えられるイネゲノムリソースを集中管理し、国内外の研究者の利用を促進し、ポストイネゲノム研究を加速する。さらに、絶えず国際的なレベルのリソースを提供するべく、新しいリソースの開発も行う。



イネゲノムリソースセンターを中核に、日本国内はもとより海外のリソースセンターと連携し、世界的なリソースネットワークの構築を目指す。さらに、企業との共同開発により完全長cDNAをベースとしたマイクロアレイの開発、事業化を目指す。

# イネゲノム機能解析研究の意義(1)

## サイエンスの視点

### ＜穀物ゲノム研究基準の策定＞

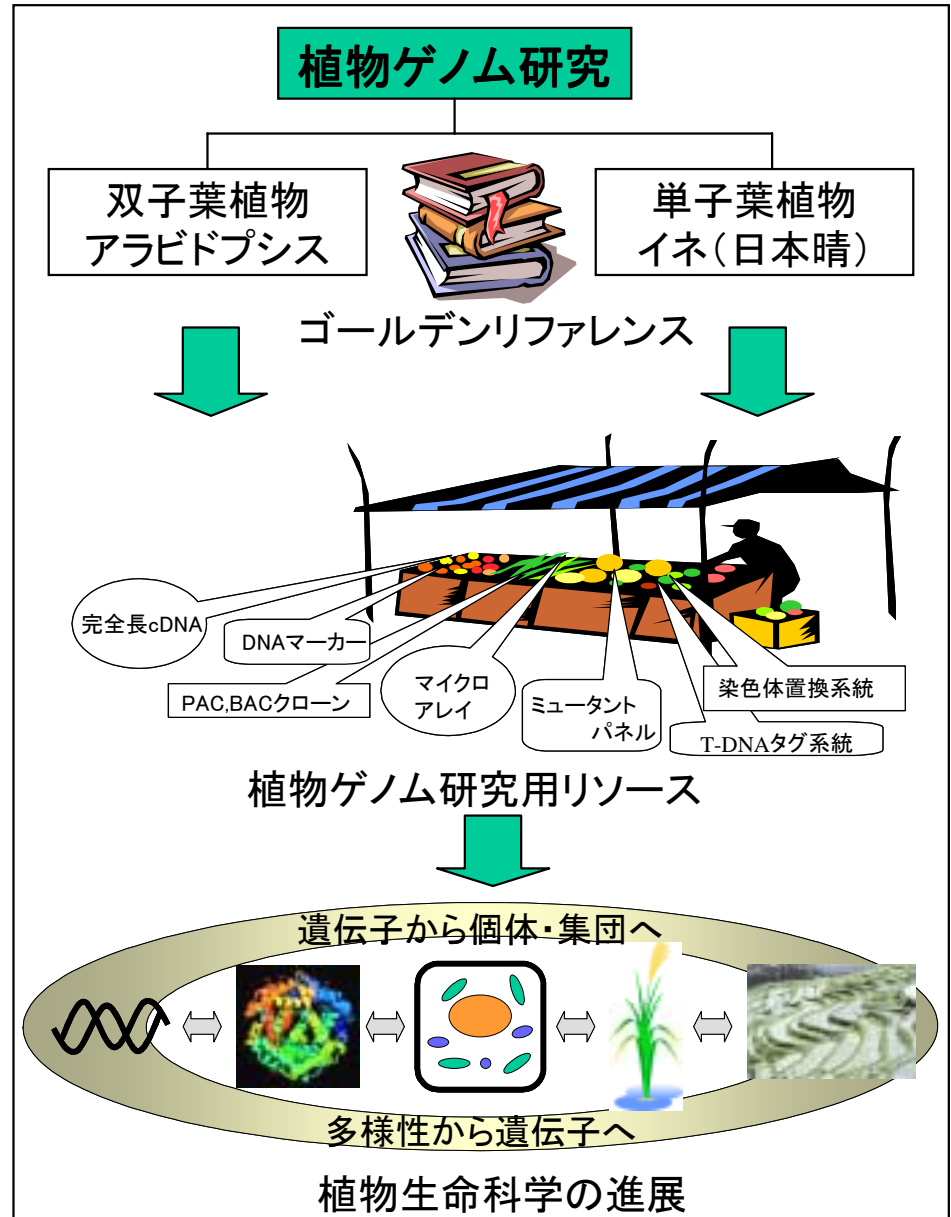
- ・イネのゲノムサイズは、穀類中最小(トウモロコシの1/6、コムギの1/40)。これら穀類では、遺伝子のみならず、染色体レベルでの遺伝子の並び方にも相同性がある。
- ・従って、イネの塩基配列を完全解読すれば、**穀物ゲノム研究の完全な辞書**となる。・また、双子葉類ゲノムの辞書であるアラビドプシスと比較することにより、**高等植物全てのゲノム研究が加速化**される。

### ＜植物生命科学の進展＞

- ・突然変異系統は、植物遺伝学・生理学上重要な実験素材。
- ・イネゲノム研究により続々得られるミュータントパネル、アクチベーションタグ系統は、変異を起こした遺伝子部分にマーカーがついた突然変異系統。また、BAC/PACクローン、完全長cDNA及びそのマイクロアレイなどは、穀物全般のゲノム研究に必須な素材。
- ・このほか、我が国の成果である遺伝地図やミュータントパネルを用いた遺伝子の単離・機能解明手法は、世界的に絶賛されており、これら手法の高度化・研究リソースの充実により、**植物生命科学の急速な進展が期待**できる。

### ＜異分野融合の促進＞

- ・イネゲノムシミュレーターの開発は、ゲノム研究、栽培・生理研究と情報科学を融合するものであり、農水省における唯一のバイオインフォマティクス研究として、**農学・情報科学の融合を促進**。



# イネゲノム機能解析研究の意義(2)

## 社会的・経済的視点

### ＜知的財産権の強化＞

・世界的な遺伝子特許獲得競争が激化する中、イネのみならずコムギ等でも活用できる有用遺伝子の単離・機能解明を進め、平成16年度末までに100個を特許化することにより、我が国の**知的財産権が強化**。

### ＜農業への貢献＞

- ・新品種育成には多大な時間と資源の投入を要するが、DNAマーカー育種システム、イネ・ゲノムシミュレーターの開発により、**育種期間と労力の大幅短縮を実現**。
- ・ゲノム情報に基づく新しい栽培技術の確立により、**農業生産の低コスト化、環境負荷の低減を実現**。
- ・さらに、獲得した有用遺伝子を用い、機能性を高めた品種や世界の食料問題に対応したストレス耐性・高生産性品種など、**画期的新品種を作出**。

### ＜産業への貢献＞

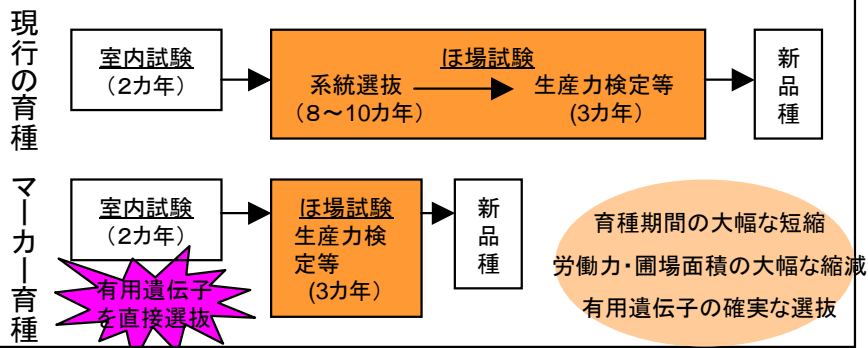
- ・イネゲノム情報をコンテンツとしたマイクロアレイによる研究支援業務の創出等による**バイオベンチャーの育成**。
- ・機能性を高めた品種を原料とする**医薬品、健康維持食品の開発**により、医薬品・食品産業に貢献。
- ・ゲノム情報に基づく品種識別が可能となり、**食の安全性が確保**されるほか、検査分析産業を創出。
- ・獲得した遺伝子を用い、画期的な環境修復植物・バイオマス原料作物を開発し、**環境ビジネスを活性化**。
- ・さらに、光合成などの植物生体反応系を模倣した**新工業生産システムの開発**が可能となり、循環型社会を実現。

## イネゲノム研究による知的財産の獲得状況

・特許出願：**50件**(うち遺伝子機能特許：36件)

16年度末までに100件、20年度末までに200件以上の遺伝子機能特許獲得が目標

## DNAマーカー育種の効果



**イネゲノム機能解析研究成果が生み出す市場(試算)**

高機能性品種       : 4千億円/年  
 特定疾患対応品種 : 2千億円/年  
 健康食品素材       : 1千億円/年

### 環境産業の市場・雇用の現状と展望(三菱総研)

	市場規模【億円】		雇用規模【人】	
	現 状 (概ね 1998年)	2010年	現 状	2010年
環境修復・環境創造	17,940	52,230	66,530	192,940
うち土壌浄化	30	240	30	220



# 世界におけるイネゲノム機能解析研究の位置づけ

## 世界への貢献

- ・ イネゲノム塩基配列解読に関しては、世界11カ国・地域から構成される国際コンソーシアムの中心として、約6割を解読(ヒトゲノム計画における日本の貢献は7%)をするなど、世界をリード(独自解読を発表した民間企業もデータを無償提供)。
- ・ シーケンス情報のみならず、遺伝地図情報を公開するなど、世界の植物ゲノム科学の発展に大きく貢献。
- ・ 今後の遺伝子機能解明研究においても、これまで蓄積してきた研究リソースを基に、CGIAR傘下のCIMMYTやIRRIとともにチャレンジプログラムを提唱するなど、国際的に研究を推進
- ・ イネゲノム研究の成果は、穀類の高収量化、安定栽培に活用され、世界(特にアジア諸国)の食料問題の解決に大きく寄与。

### ☆ロックフェラー財団声明(2002. 5. 7)

—「イネゲノムの正確な配列解析における日本のリーダーシップと努力により、発展途上の国々の全域の食料安定供給性を高めることができるだろう」

## 我が国の戦略

- ・ 地球的規模での環境問題、食糧問題の解決は、人類が直面する喫緊の課題。
- ・ これまでのイネゲノム研究における世界の中心的役割及びイネ関連研究が総合的に世界のトップであるアドバンテージを活かし、「問題解決の鍵」を握ることにより、アジア諸国をはじめとし、世界における日本の求心力を向上。
- ・ また、世界の食料供給の安定を通じ、我が国の食料安全保障も確保することが可能。
- ・ さらに、イネのみならず、コムギ・トウモロコシの品種開発等にも利用可能な有用遺伝子を特許化し、その許諾権を握ることにより、生産力ではなく、技術力と知的財産により、世界をリード。

### 国際イネゲノムコンソーシアム

- ・ 1998年2月、塩基配列解読の基礎となる遺伝地図を作製した日本を中心に、米国、英国、フランス、中国、台湾、韓国、インド、カナダ、ブラジル、タイの11カ国・地域が参加し結成
- ・ 共通の品種日本晴を用い、12本の染色体を各国で分担し、99.99%の高精度で解読、順次公開することで合意
- ・ 毎年2回(うち1回は日本で)会合を開き、解読状況を把握、調整。日本開催時に合わせてシンポジウム開催
- ・ 2001年2月、解読の加速化を宣言。
- ・ 2001年6月、フェーズ2解読終了目標を2002年末に設定

# プロジェクトの検討状況

## イネゲノム研究有識者懇談会

外国企業のイネゲノム解読発表等を受け、平成13年5月～8月の間、イネゲノム研究の推進方向と方策を5回にわたり議論。

- ・塩基配列解読と完全長cDNAライブラリー整備の早期終了
- ・遺伝子機能解明等のポストゲノムシーケンス研究の加速化
- ・産学官の研究勢力の結集、研究成果の利活用の促進

等を内容とする提言(「イネゲノム研究加速化の方向と方策」)を取りまとめ、14年度以降のイネゲノム研究の道筋を示した。

### イネゲノム研究有識者懇談会委員

- 岩柳 隆夫(日立製作所ライフサイエンス事業部CTO)  
大塩 裕陸(㈱アグロス取締役営業部長)  
貝沼 圭二(生物系特定産業技術研究機構理事)  
◎榊 佳之(東京大学医科学研究所教授)  
杉山 達夫(理化学研究所植物科学研究センター長)  
中川原捷洋(農林水産先端技術研究所長)  
中島 阜介(農業生物資源研究所理事)  
平井 篤志(東京大学農学生命研究科教授)  
丸山 清明(農業技術研究機構作物研究所所長)

## 植物ポストゲノムシーケンス研究のあり方検討会

イネゲノム研究有識者懇談会の提言を踏まえ、農水省所管独法の内部専門家、大学等の外部専門家等が参集し、産学官が結集したポストゲノムシーケンス研究の具体的方策と研究成果の利活用促進策等について検討を行った。

検討会では、これまで、手法別に網羅的に行ってきた遺伝子の単離・機能解明研究について、

- ・ **重要な形質に関連する遺伝子等、ターゲットを絞り込むこと**
- ・ **4つの手法別研究を重点化し、その高度化を図ること**

の必要性が確認された。また、完全長cDNAやミュータントパネル等、これまでの研究により蓄積された研究リソースについては、**一元的な管理の下、大学・民間等の研究者に幅広く提供することが必要であるとされた。**

これらの議論は、平成15年度予算要求に反映させた。

### 外部専門家

- 倉田 のり(国立遺伝学研究所系統生物研究センター助教授)  
島本 功(奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授)  
平野 博之(東京大学大学院農学生命科学研究科助教授)  
松岡 信(名古屋大学生物分子応答センター教授)  
吉村 淳(九州大学大学院農学研究科教授)

### 検討実績(開催日時)

- 第1回 平成14年3月6日(水)  
第2回 6月7日(金)  
第3回 7月5日(金)

(年内に報告書を取りまとめ予定)