

イネゲノム機能解析研究について

農林水産技術会議事務局

平成21年2月17日

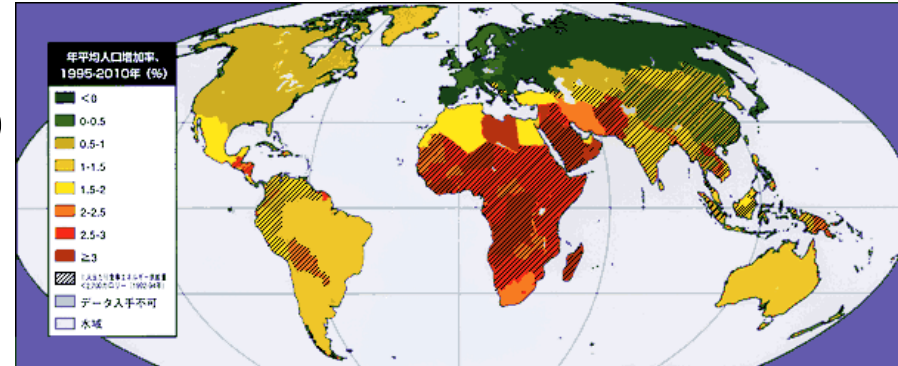
農林水産省

I. 研究開発全体の実施状況 及び目標の達成状況

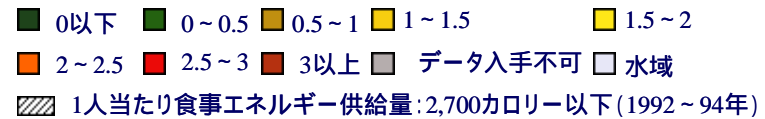
研究の背景

〔本ページの数字はすべて平成14年12月当時のもの〕

人口増加



年平均人口増加率:1995~2010年(%)

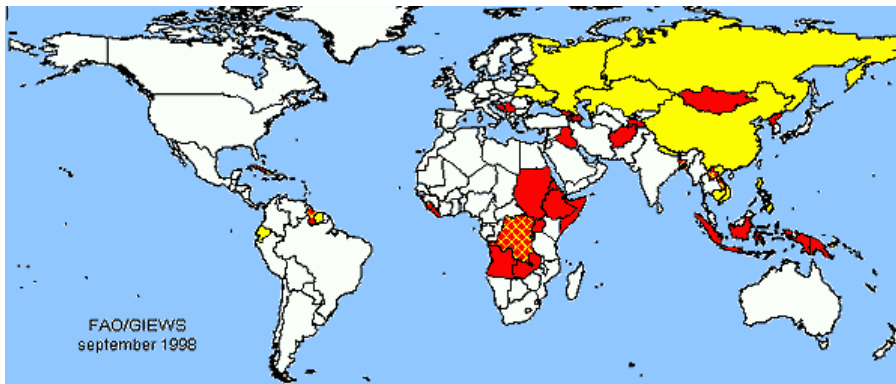


FAOホームページ <http://www.fao-kyokai.or.jp>より

- ・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)

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)

イネゲノム機能解析研究が目指すもの

知的財産の強化と活用

高品質

- ・どこでも作れるおいしいお米
- ・より多くのバリエーション

安定生産

- ・冷害、干ばつに耐える
- ・よりたくさん
- ・倒れない

安心・安全

- ・農薬が少なくすむ
- ・健康機能性が高い

消費者ニーズ
への対応

需要拡大

国際戦略に
基づく貢献

生産性の向上

環境への配慮

イネをベースに他作物に展開

植物科学への貢献

豊かで安心できる国民生活の実現

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

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ド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

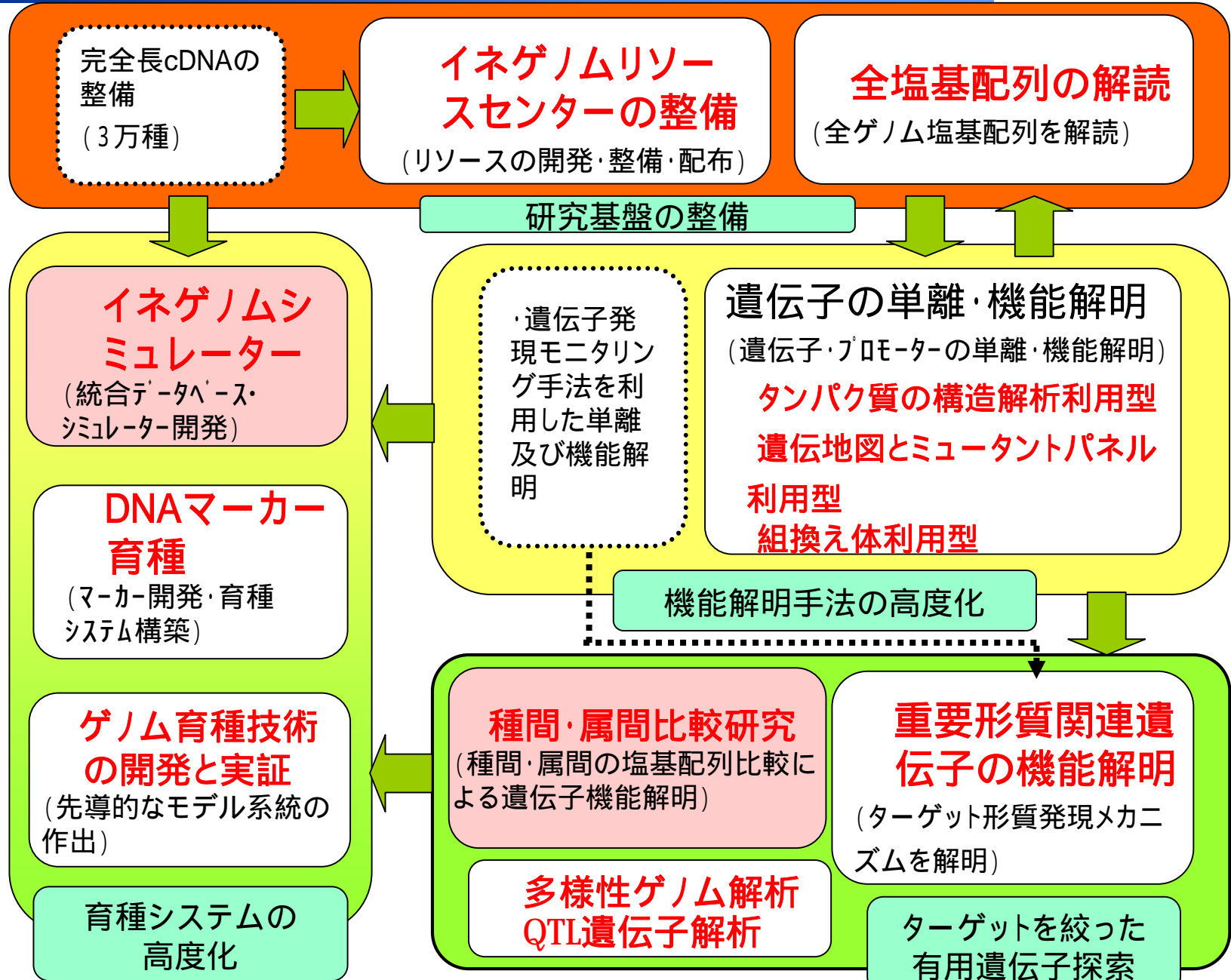
イネゲノム機能解析研究の全体構成 (課題間の関係)

赤字は課題名

基礎



応用



は総合科学技術会議によるフォローアップ評価での指摘を踏まえて事業終了

課題担当研究実施機関と参画機関の比率

基盤



応用



応用



応用

| | 研究実施機関 | 研究機関数 (産:学:官(国と県)の比率) |
|--|------------------|--------------------------|
| イネ・ゲノムリソースセンターの整備 | 農業生物資源研究所 | 1 (0:0:100) |
| 全塩基配列の解明 | 農業生物資源研究所他 | 2 (50:0:50) |
| イネ・ゲノムシミュレーターの開発 | 農業生物資源研究所他 | 16 (31:44:25) |
| タンパク質の構造解析利用型 | 農業生物資源研究所他 | 29 (17:62:21) |
| 重要形質関連遺伝子の機能解明 | 名古屋大学他 | 18 (17:62:21) |
| 種間・属間比較研究 | 農業生物資源研究所他 | 7 (14:29:57) |
| 多様性ゲノム解析研究 | 農業生物資源研究所他 | 12 (8:84:8) |
| QTL (Quantitative Trait Locus) (量的形質遺伝子座) 遺伝子解析の推進 | 農業生物資源研究所他 | 19 (11:42:47) |
| 遺伝子地図とミュータントパネル利用型 | 農業生物資源研究所他 | 31 (13:61:26) |
| 組換え体利用型 | 農業生物資源研究所他 | 11 (9:64:27) |
| ゲノム育種技術の開発と実証 | 農業・食料産業技術総合研究機構他 | 19 (5:11:84) |
| DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発 | 農業・食料産業技術総合研究機構他 | 42 (12:19:69) |

は総合科学技術会議によるフォローアップ評価での指摘を踏まえて事業終了

イネゲノム機能解析総括リーダー一覧

| | 15年度 | 16年度 | 17年度 | 18年度 | 19年度 |
|----|--|-------|------|------|---------|
| 基盤 | イネ・ゲノムリソースセンターの整備 | 長村吉晃 | → | → | → |
| | 全塩基配列の解明 | 佐々木卓治 | → | | |
| | イネ・ゲノムシミュレーターの開発 | 肥後健一 | → | | |
| | タンパク質の構造解析利用型 | 渋谷直人 | → | | |
| | 重要形質関連遺伝子の機能解明 | 松岡 信 | → | → | → |
| | 種間・属間比較研究 | 中川原捷洋 | → | | |
| | 多様性ゲノム解析研究 | | | 松本隆 | → |
| | QTL (Quantitative Trait Locus) (量的形質遺伝子座) 遺伝子解析の推進 | | | 矢野昌裕 | → |
| | 遺伝子地図とミュータントパネル利用型 | 廣近洋彦 | → | → | → |
| | 組換え体利用型 | 廣近洋彦 | → | → | |
| 応用 | ゲノム育種技術の開発と実証 | | | 久保友明 | → 岡本 正弘 |
| | DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発 | 井邊時雄 | → | → | |
| | 全体統括 | 岩淵雅樹 | → | 石毛光雄 | → 佐々木卓治 |

□ は総合科学技術会議によるフォローアップ評価での指摘を踏まえて事業終了

研究リーダーの選定

- 全体統括は研究中核機関(農業生物資源研究所)の理事長である岩淵雅樹博士が担った。平成17年に理事長の任期満了にともない、平成17年度からは理事長の石毛光雄博士が担い、平成19年度からはイネゲノム解読の研究リーダーである佐々木卓治博士が務めた。
- 全体統括は、研究者としての能力、研究管理能力(研究勢力の配置、ポスドクの雇用、施設の利用)などの観点から、適材者を選んだ。
- 総括リーダーは研究者としての能力、研究指導能力などの観点から適任者を選んだ。

