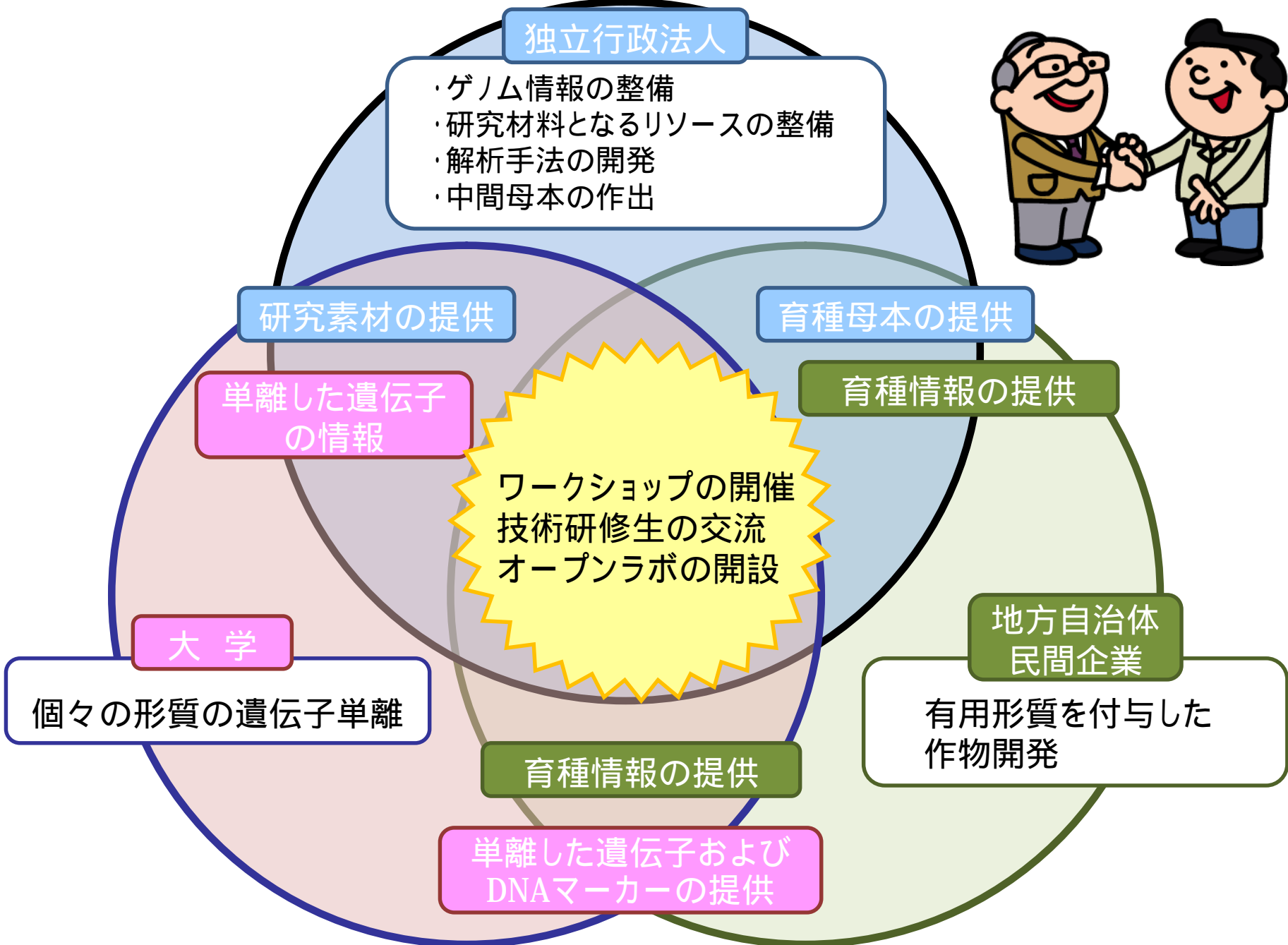


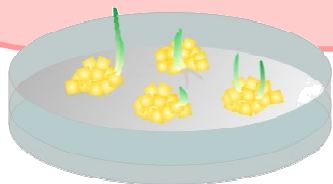
# 参画研究機関の協力と連携



## 研究者・研究機関への支援

### 研究の効率化・加速化のための研究支援

1. 遺伝子単離・機能解明
  - ・ ラフマッピング、新規遺伝マーカーの作出と解析(28件)
  - ・ ゲノム全体のマーカー解析(11件)
  - ・ 世代促進と個体選抜、交配(4件)
  - ・ ライブラリーの作成と目標遺伝子を含むクローンの選抜(32件、156万クローン)
  - ・ 選抜クローンの塩基配列解析(92件)
  - ・ 候補ゲノム領域の形質転換(46件)
  - ・ タンパク質の発現・精製 (38件)
2. 遺伝子発現解析(マイクロアレイ解析)
  - ・ RNAサンプルの定量・品質確認(469名)
  - ・ マイクロアレイ実験のサポート(同上)
  - ・ データ解析のサポート(同上)



オープンラボ  
マイクロアレイ  
解析室



## 研究者育成






### 研究成果(ノウハウ、技術)の 迅速な普及のための 技術研修、研究員・講習生の受け入れ

内容	回数	人数
ゲノムインフォマティクス	6	131
イネオリゴマイクロアレイ解析	5	79
QTL解析・DNAマーカーの開発	4	97
水稻研究開発の現状と今後	1	10
根の形態と生理研究の現状と今後	1	35
遺伝子クローニングの指導	-	4
QTL解析・DNAマーカーの利用の指導	-	13

# イネゲノム機能解析研究予算の推移

単位：億円

	15年度	16年度	17年度	18年度	19年度	期間中計	
<div style="writing-mode: vertical-rl; text-orientation: upright;">                     基盤                          応用   </div>	イネ・ゲノムリソースセンターの整備	0.9 (4)	0.9 (4)	0.9 (6)	0.8 (6)	0.4 (8)	3.9 (28)
	全塩基配列の解明	7.2 (18)	7.2 (16)	- (16)	- (16)	- (16)	14.4 (82)
	イネ・ゲノムシミュレーターの開発	3.2 (17)	2.5 (9)	- (12)	- (4)	- (7)	5.7 (49)
	タンパク質の構造解析利用型	2.9 (7)	2.9 (7)	- (-)	- (-)	- (-)	5.8 (14)
	重要形質関連遺伝子の機能解明	7.2 (17)	7.2 (17)	7.2 (17)	6.7 (17)	5.4 (17)	33.7 (85)
	種間・属間比較研究	1.2 (17)	1.2 (17)	- (17)	- (17)	- (17)	2.4 (85)
	多様性ゲノム解析研究	-	-	7.9	6.6	6.2	20.7
	QTL (Quantitative Trait Locus) (量的形質遺伝子座) 遺伝子解析の推進	-	-	5.5	4.8	4.8	15.1
	遺伝子地図と mutant パネル利用型	3.1 (7)	3.1 (7)	2.4 (8)	2 (8)	1.4 (8)	12 (38)
	組換え体利用型	1.5 (4)	1.5 (4)	1.5 (5)	1.2 (5)	- (-)	5.7 (18)
	ゲノム育種技術の開発と実証	-	-	2.4	2.2	2.1	6.7
	DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発	4.7 (11)	4.7 (11)	3.5 (11)	3 (9)	- (9)	15.9 (51)
	合計	31.9 (102)	31.2 (92)	31.3 (92)	27.3 (82)	20.3 (82)	142 (450)

注：( )は当初計画額、 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

## 計画額に対する予算額減の経緯とそれに伴う目標の変更の有無

### 【経緯】

研究を一気に加速し、実用化までの期間短縮を目指したが、財政状況に鑑みた研究の優先順位付けを行った

### 【目標】

研究小課題の達成目標の変更を行った

### 【具体的な変更例】

「全塩基配列解明」については、海外グループが行うイネゲノム解読との競争状況に鑑み、テロメアなど難解読領域については実施せず、解読可能領域の高精度化に特化する戦略に変更。

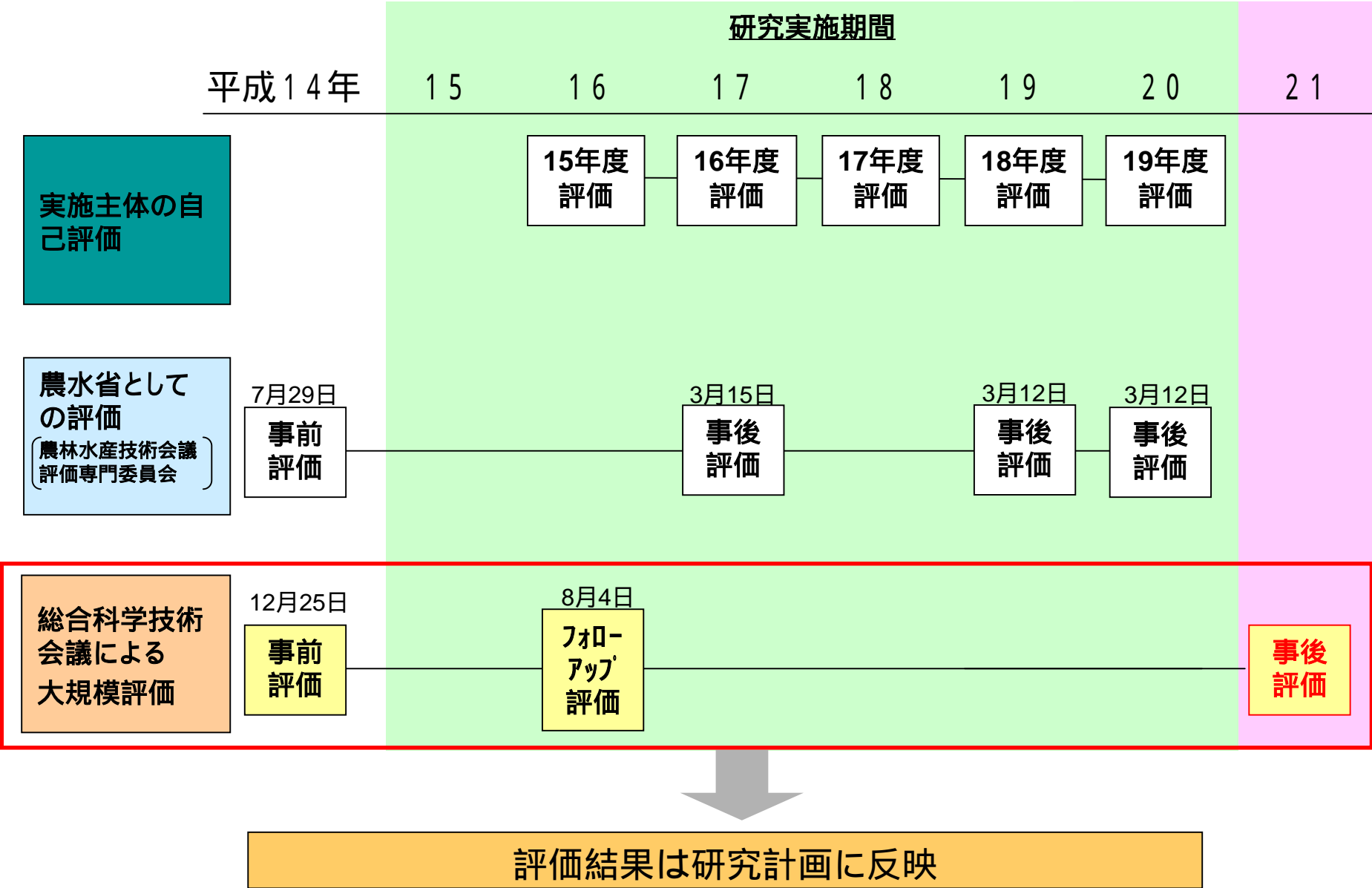
個別研究課題は、優先順位が高いものに絞って、重点化して実施。

- ・林木等のDNAマーカー開発の取りやめ
- ・遺伝子単離目標数(200)の半減 等

## 重点化の措置状況と進捗状況を踏まえた資源配分等の実施状況 (2つの個別課題を途中で中止し、翌年から新たな個別課題を開始した理由など)

1. 事前評価のフォローアップ評価を受け、研究課題の重点化を図った。  
具体的には、
  - ・ 「イネゲノムシミュレーター・プロジェクト」では、**期間内における開発が困難であると判断しプロジェクトを中止した。**
  - ・ 「種間・属間比較研究プロジェクト」では取り扱う材料が多岐にわたり(アズキ、果樹、林木、ムギ類等)、**研究のステージが異なることからプロジェクトを中止し、ムギ類遺伝子の単離・機能解析に焦点を絞った「多様性ゲノム解析研究プロジェクト」を新たに開始した。**
2. 「全塩基配列の解明」および「タンパク質の構造解析利用型」では**研究目標を達成したため、終了した。**
3. さらに、研究基盤(実験系統植物)の整備状況、遺伝子情報(DNAマーカー)の蓄積状況などに鑑み、**農業上重要な複雑形質(QTL)の解明、およびゲノム情報を利用した育種へ展開するため、農林水産技術会議評価専門委員会の決定を受け、「QTL遺伝子解析」および「ゲノム育種技術」研究を開始した。**
4. 個別研究プロジェクトにおける研究小課題については、**毎年度の評価会議の結果を受け、小課題レベルの予算額や改廃を含めて措置した。**

# イネゲノム機能解析研究の評価



# イネゲノム機能解析研究の評価(実施主体及び農林水産省としての評価)

	評価時期	評価者	評価内容	評価結果の反映
実施主体の自己評価	毎年度末	評価委員 (科学的知見を有する専門家を外部から選任)	科学的観点に基づいた進捗状況の把握及び研究手法や成果等の妥当性を検討	<ul style="list-style-type: none"> <li>研究手法等の助言</li> <li>課題間の調整</li> <li>課題の改廃</li> <li>新規課題の検討</li> </ul>
農水省としての評価	事前評価	農林水産技術会議評価専門委員会 (技術会議の委員及び専門委員によって構成。専門委員は、外部専門家又は外部有識者から選任)	必要性、効率性、有効性等の観点に基づき、研究の科学的・社会的意義、目標設定、計画等の妥当性等を評価	<ul style="list-style-type: none"> <li>予算要求の実施</li> <li>一部内容の見直し (民間・大学との連携、弾力的運営、人的資源の確保など)</li> </ul>
	中間評価		必要性、効率性、有効性の観点に基づき、目標の達成見込み、実施体制の妥当性等を評価	<ul style="list-style-type: none"> <li>事業実施の継続</li> <li>一部内容の見直し (課題の重点化など)</li> </ul>
	事後評価		必要性、効率性、有効性の観点に基づき、目標の達成度、実施体制の妥当性等を評価	<ul style="list-style-type: none"> <li>成果を後継プロジェクト等で活用</li> <li>実用品種等の普及</li> <li>国民に対する成果の普及、浸透への対応</li> </ul>

## 研究の成果と目標の達成状況(全体)

1. 国際協力(IRGSP)により、平成14年末までにゲノム塩基配列の高精度ドラフトシーケンスを終了。平成16年12月には日本の貢献度55%により約3億7千万の塩基配列を決定。99.99%の高い精度であることから世界の単子葉植物ゲノム研究の進展に貢献。 **当初目標を概ね達成**
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(約50,000系統)、遺伝子過剰発現系統(約8,000系統)、遺伝子置換系統等のゲノムリソースを整備。また、QTL(量的形質遺伝子座)手法やイネ・マイクロアレイ(遺伝子発現解析キット)を開発し、遺伝子の機能解明・単離に貢献。 **当初目標を概ね達成**
3. 草丈、病虫害抵抗性遺伝子等の農業上重要な約100の有用遺伝子の機能を解明。うち、遺伝子機能 84、DNAマーカー5について特許取得・出願。  
**当初目標を概ね達成**
4. 整備した研究基盤を基にイネゲノムデータベースを構築(約10万件/日のアクセス)。イネゲノムシミュレーターの開発については、総合科学技術会議の指摘をふまえ時期尚早として事業を中止。
5. 種間・属間ゲノム比較研究については総合科学技術会議の指摘をふまえてイネ、ムギに重点を置き、生殖的隔離機構や穂発芽関連遺伝子等を解析。  
**修正した目標を概ね達成**



# イネゲノム研究の副次的な効果

## 研究のオールジャパン体制の構築

- イネゲノム研究を世界的にリードしてきた農業生物資源研究所を中核機関に、研究独法、大学、民間企業の勢力を結集
- 都道府県の公設試を参画させ、現場ですぐ使える技術を開発

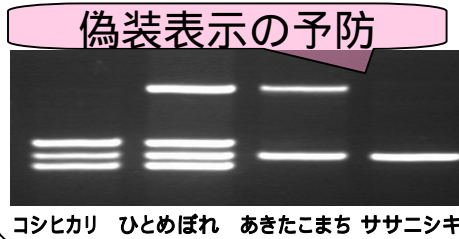


役割分担の明確化

## 品種判別技術の開発・普及

DNAのバンドパターン  
の違いによる品種  
識別

ゲノム  
活用技術の国  
民理解  
の増進



DNA品種判別対象品	
穀類	コメ、コムギ、オオムギ、ハダカムギ
豆類	アズキ、シロインゲンマメ
いも類	コンニャクイモ
野菜類	イチゴ、ナス、ハクサイ、トウガラシ
果実類	梨、桃、柑橘、サクランボ他
肉類	牛、鶏
魚介類	マグロ属魚類

## 人材育成

将来の植物研究を担う人材の育成

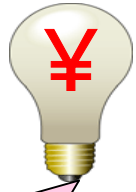
日本学術振興会賞を受賞した植物学者7人のうち3人が本プロジェクト関係者(平成16-19年)



若手研究者の人材育成

## 知的財産の確保

- ・重要な成果の知財を確保しつつ、国内外に情報を公開
- ・我が国の優位性を確保しつつ、植物科学研究の進展に貢献



知財化の重要性の認識増大

## 支援専門チームの有効性

- ・支援専門チームを組織し、予算を手当て
- ・適時的確な研究支援により、問題解決



技術者集団による研究の加速化