

II. 個別課題の実施状況及び 目標の達成状況

- 1 イネ・ゲノムリソースセンターの整備 (H15-19)

目的

イネゲノム研究により得られたゲノム情報や研究材料を国内外の多くの研究者・研究コミュニティーに提供するためのシステムを整備する。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。

目標

1. 研究材料(イネ完全長cDNA、Tos17変異体系系統群、遺伝解析材料)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
2. 材料情報の整理・解析により、高度かつ高精度の情報を持つ研究材料および情報の管理・提供

- 2 イネ・ゲノムリソースセンターの整備 (H15-19)

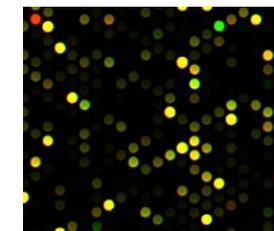
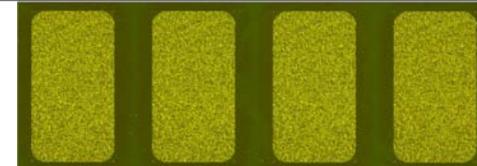
成果

1. 研究材料の整備
 - ・ イネ完全長cDNA約3万5千クローン
 - ・ Tos17変異体約5万系統
 - ・ 遺伝解析材料(染色体置換系統等)10種類
2. 研究材料の提供体制の整備
 - ・ 研究材料の在庫管理システムの構築
 - ・ 分譲依頼システム(Web申し込み)の作成
3. マイクロアレイ利用技術の開発
 - ・ マイクロアレイ解析システムの立ち上げと解析支援
 - ・ オープンラボ公開



研究材料分譲システム

イネ4 4K×4アレイの作成



2色法によるマイクロアレイ解析

赤: コントロールより発現が上昇した遺伝子
緑: コントロールより発現が低下した遺伝子

目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成(当初予定していた以上の成果)

理由: ゲノム研究に必要な研究材料及び情報の整備を行う
当初の目標を達成したのみならず、他のプロジェクト
研究やその他の植物ゲノム研究の材料として提供され
たため。

- 1 イネ・ゲノムの全塩基配列の解明 (H15-16)

目的

我が国農業において極めて重要な農作物であり、かつ、ゲノムサイズが主要穀物の中で最も小さいイネについて、世界に先んじてゲノムの全塩基配列を明らかにしていくとともに、農業上重要な遺伝子の特許化、画期的組換え農作物の開発等のための基盤の確立を図る。

目標

1. イネ・ゲノムの効率的解析技術を開発
2. イネ・ゲノムの全塩基配列を解読
3. イネ・ゲノム塩基配列情報の解明技術を開発

- 2 イネ・ゲノムの全塩基配列の解明 (H15-16)

成果

1. イネ・ゲノムの効率的解析技術を開発
 - ・ イネ・ゲノム上に発現遺伝子地図を完成 (6,591マーカー)
2. イネ・ゲノムの全塩基配列を解読
 - ・ 平成16年に完全解読を完了
(370Mbを99.99%の精度で解読、日本は全体の55%を担当)
(成果はNature誌Articleなどに掲載)
3. イネ・ゲノム塩基配列情報の解明技術を開発
 - ・ 完全長cDNA情報を組み込んだアノテーションを完成させ、公的データベースから公開



目標の達成状況とその理由

目標を達成

理由 研究目標として掲げていた「イネゲノムの全塩基配列の解読」は、平成16年12月に完全解読を達成しているため。



イネゲノム塩基配列解読の結果をNature誌に発表
(420:312-316,2002,
436:793-800,2005)

- 1 イネ・ゲノムシュミレーターの開発 (H15-16)

目的

イネ・ゲノム研究の塩基配列データ、機能解析データに加え、育種現場での特性データ等を相互に関連づけ統合し、コンピューター上でイネ等農作物の品種改良実験を可能とするイネ・ゲノムシュミレーター（仮想実験システム）の開発を目指す。

目標

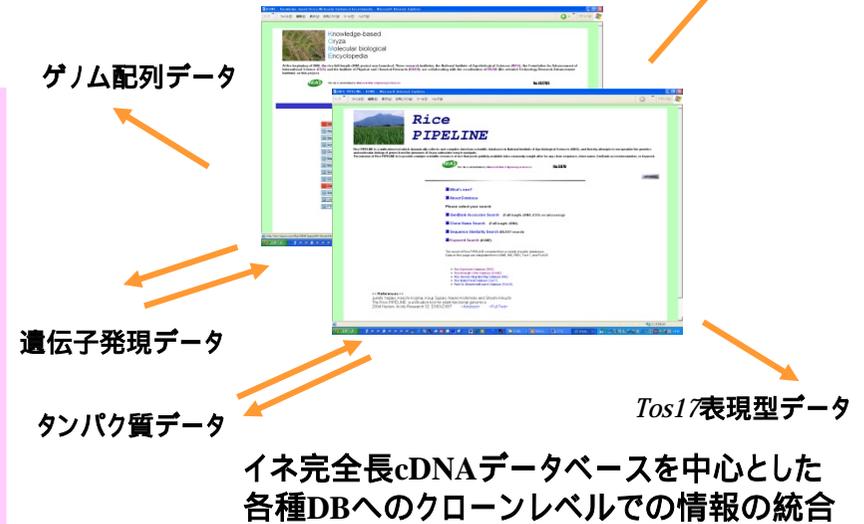
1. イネ・ゲノム統合データベースの整備
塩基配列・機能解析・タンパク質構造解析等のゲノムデータベース、育種現場での特性データ等を相互に関連づけた統合データベースを構築する
2. イネ・ゲノムシュミレーターの開発
生命科学技術と情報科学技術の融合により専用ソフトウェアを開発し、コンピューター上でイネ等農作物内での遺伝子の機能を予測したり品種改良実験を行う仮想実験システムを開発する

- 2 イネ・ゲノムシュミレーターの開発 (H15-16)

プロモーター情報

成果

1. イネ・ゲノム統合データベースの整備
 - ・ 完全長cDNAデータベース、マイクロアレイデータベースにプロテオームデータベースをリンクし、統合発現データベースとして公開
 - ・ イネの品種特性データベースを構築し、公開
 - ・ イネの生育モニタリングシステムを開発
2. イネ・ゲノムシュミレーターの開発
 - ・ イネ葉細胞の基本モデルシステムを構築
 - ・ 集団レベルでの生長動態モデルを構築
 - ・ イネの光合成・葉緑体関連遺伝子に特化した解析システムを構築し、成果をデータベースで公開



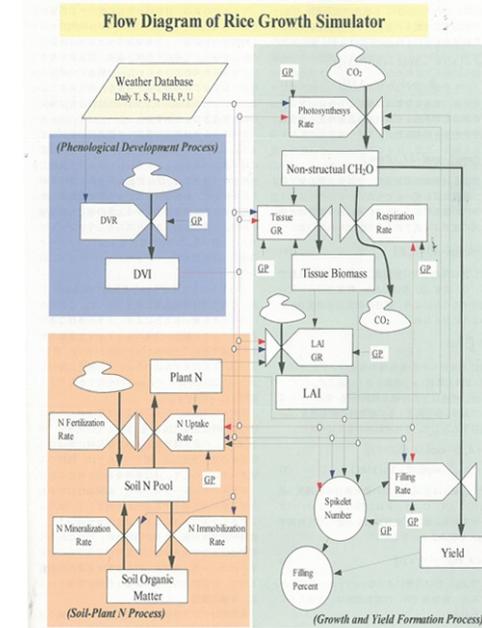
目標の達成状況とその理由

データベース構築及びソフトウェアの開発については当初の目標をほぼ達成。

理由: イネゲノム機能解析研究を促進するための各種イネデータベース(遺伝子予測DB、プロテオームDB、育種学DB等)を構築したため。

シュミレーターなどの新しい情報科学的手法の開発については達成は不十分。

理由: イネ・ゲノムシュミレーターの実現性・実用性が低く、当初予定より早く本プロジェクトを終了したため(総合科学技術会議の指摘を踏まえた措置)。



イネ生育シュミレーターのフローチャート