

## - 1 タンパク質の構造解析利用型 (H15-16)

### 目的

近年、急速に進展しつつあるタンパク質の網羅的解析や立体構造解析、あるいは構造・機能推定技術等に関する研究を一層推進し、こうしたタンパク質レベルの解析手法を導入することにより、従来のDNAレベルの解析手法では見出せなかった機能性物質合成関連遺伝子等有用遺伝子の効率的な単離と機能解明に関する研究を加速する。

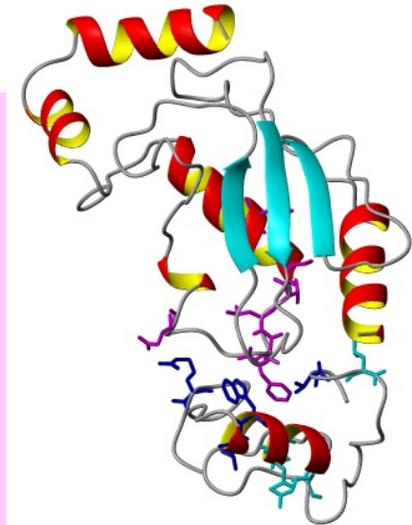
### 目標

1. タンパク質の構造・機能の網羅的解析と有用遺伝子の単離・機能解明
2. タンパク質の立体構造と機能の相関解明
3. タンパク質の立体構造と機能を予測手法の開発
4. タンパク質立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明

## - 2 タンパク質の構造解析利用型 (H15-16)

### 成果

1. タンパク質の構造・機能の網羅的解析と有用遺伝子の単離・機能解明
  - ・ イネで組織特異的、生育時期特異的、細胞内局在性タンパク質を網羅的に解析し、データベースを構築
2. タンパク質の立体構造と機能の相関解明
  - ・ 疎水性タンパク質の構造形成を解析し、構造形成機構のモデルを提案
3. タンパク質の立体構造と機能を予測手法の開発
  - ・ 細胞内局在の予測システム及びイネとアラビドプシスの遺伝子機能予測システムを開発
  - ・ タンパク質の立体構造情報等をまとめたデータベースの作成・公開
4. タンパク質立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明
  - ・ 農業上あるいは学術上重要と考えられるイネのタンパク質を解析し、14個のX線結晶構造、9個のNMR溶液構造を決定

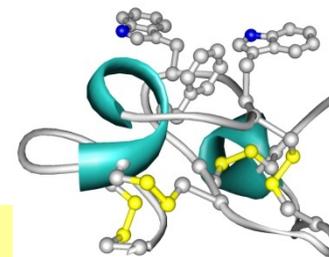


イネEL5-RING/UBC5b  
複合体の高次構造

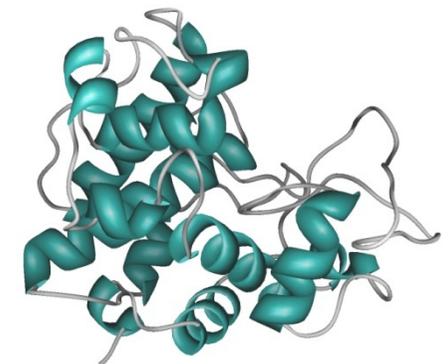
### 目標の達成状況とその理由

当初の目標をほぼ達成

**理由:** データベース(イネプロテオーム、立体構造データベース等)を作成・公開し、さらに新規な解析技術への取り組みも行われたため。



キチン吸着ドメイン  
(N末端)



活性ドメイン  
(C末端)

イネclass-I chitinaseの高次構造

## 目的

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。

## 目標

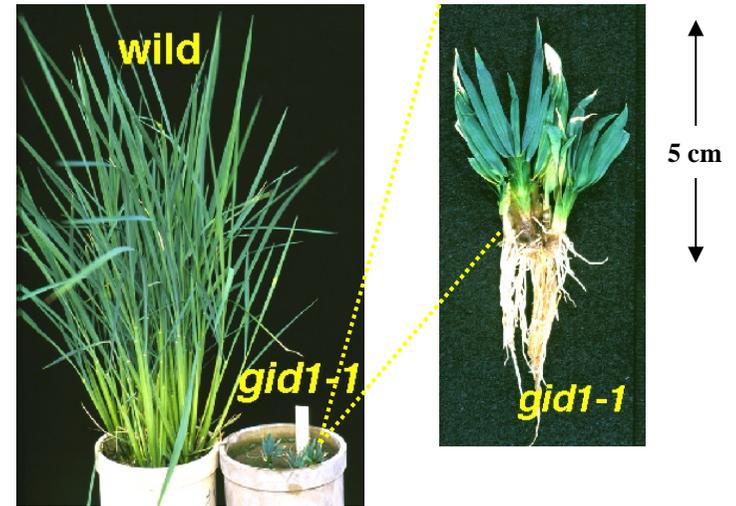
以下の5つの形質に関連する遺伝子の単離と機能解明

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

## - 2 イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解明 (H15-19)

### 成果

1. 高品質なコメ
  - ・ イネの生長を制御するジベレリン受容体を世界で初めて発見
2. 機能性物質
  - ・ 経口ペプチドワクチン米、GABA強化米を開発
3. 光合成
  - ・ イネで4種類のC4光合成酵素を高発現させると光合成が促進されることを証明
4. 病害虫
  - ・ イネの耐病性で重要なOsRac1の作用機構の解明
  - ・ イネの誘導抵抗性に関連するWRKY45の機能を解明
  - ・ イネの耐病性を負に制御するOsPti1aの機能を解明
5. 不良環境
  - ・ ケイ酸の吸収を制御する2つの遺伝子の単離・機能を解明
  - ・ イネのOsDREB1A等が環境ストレス付与に重要なことを証明

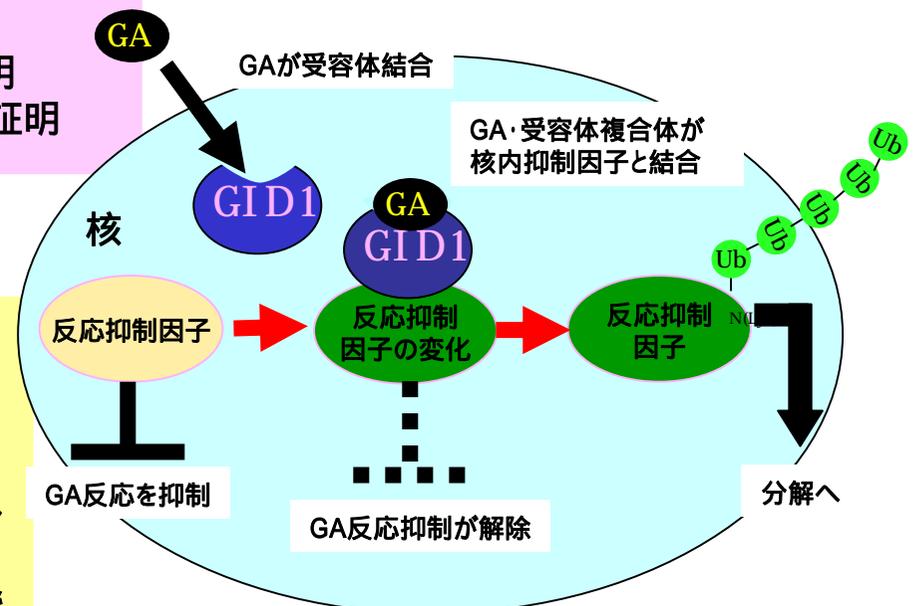


イネの生長を制御する植物ホルモンであるジベレリンに非感受性な変異体 *gid1* の形態

### 目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成 (当初想定された以上の成果)

**理由:** 本研究では、世界最高水準の研究成果が上げられ (**Nature**、**Science** に10編、国際的な植物分野のトップ誌に100編以上掲載)、食料のみならず、環境・エネルギーなど今後の新たな農業の展開の可能性を開く新品種の開発に繋がる有用な形質に係る遺伝子の単離、機能解明がなされたため。



イネのジベレリン受容体Gid1の作用機構のモデル

## - 1 イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 (H15-16)

### 目的

資源植物のゲノム構造や遺伝機構を解明し、有用品種の育成や、低コスト、省力、高品質栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける。

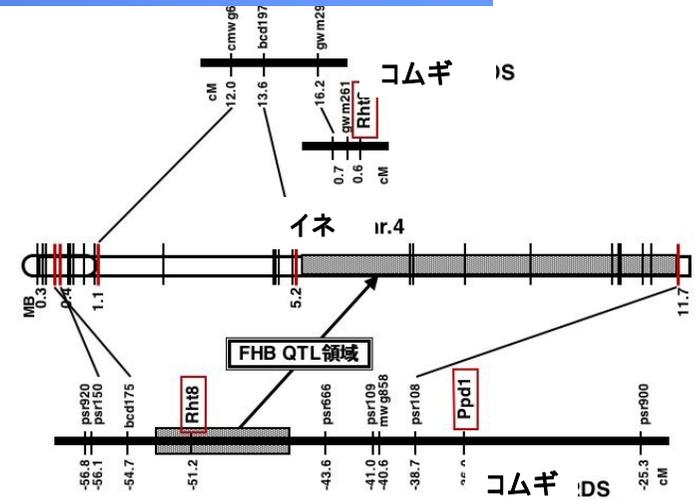
### 目標

ムギ類、イネ科牧草等イネ科作物を中心に、マメなどの主要作物、カンキツなどの果樹、スギなどの林木を対象とし、「日本晴」の遺伝地図、物理地図、発現遺伝子地図、塩基配列データ及び有用遺伝子に関するデータをもとに、各植物ゲノム構造ならびに遺伝機構を解明し、品種開発、栽培技術の改善に繋がる技術開発に結びつける

## - 2 イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 (H15-16)

### 成果

- 植物ゲノム構造ならびに遺伝機構の解明
  - イネとのシンテニー (染色体上の遺伝子群の並びの類似性) を利用して、ムギ類で新規マーカーを効率的に開発 (コムギで8種類、オオムギで4種類)
  - アズキで遺伝地図の作成、QTLの同定
  - 果樹、林木で完全長cDNAを解析し、各植物特有の遺伝子を見出した

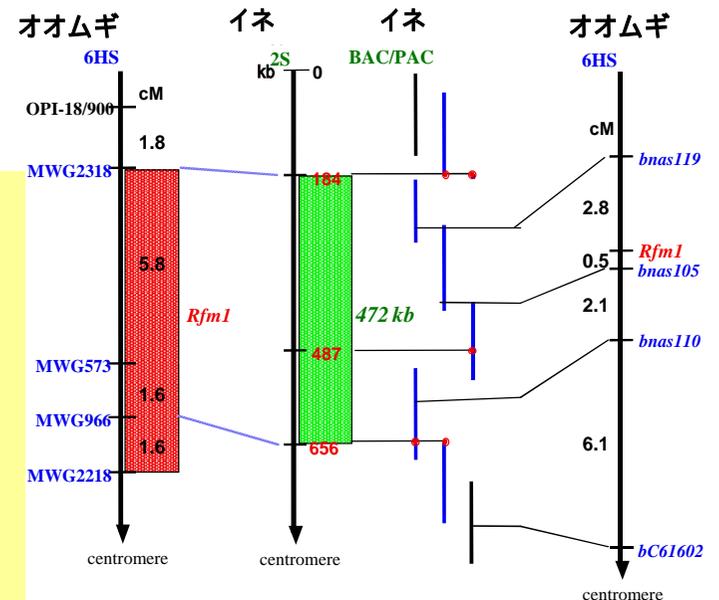


赤カビ病抵抗性を支配するコムギ2D染色体Rht8領域とイネ第4染色体の相同領域

### 目標の達成状況とその理由

研究目標に達することはできなかった (但し、2年間の研究開発としては予想以上の成果が出ている)

**理由:** 種間・属間比較研究については、計画された課題は緊急を要するものとは考えにくく、当初予定より早い2年で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、課題をイネ科作物に絞り込み、新たに平成17年度から開始するプロジェクト研究に組み込んで実施)。



オオムギ稔性回復遺伝子の座乗領域とシンテニーを持つイネゲノム染色体領域の比較

## 目的

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、育種材料となるイネのジーンプールを拡大する。

## 目標

1. 遺伝子配列情報比較を利用したムギ類の新規機能遺伝子の解明
2. イネ種分化・生殖的隔離機構の解明
3. ムギ類の重要形質の比較遺伝学的解明