

- 2 多様性ゲノム解析研究 (H17-19)

成果

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
 - ・ オオムギの条性遺伝子、皮性・裸性を支配する遺伝子の単離
 - ・ イネの穂発芽性関連遺伝子の単離
2. イネ種分化・生殖的隔離機構の解明
 - ・ 雑種弱性遺伝子を単離
 - ・ 配偶子形成に関連する遺伝子の単離とその多様性の解明
3. ムギ類の重要形質の比較遺伝学的解明
 - ・ オオムギの完全長cDNAの塩基配列解読(2万5千クローン)
 - ・ 分子系統樹アノテーション表示システムを開発し、他作物のイネ・オーソログを同定(3,700遺伝子)



二条性 (*Vrs1*)

六条性 (*vrs1-*)

オオムギ *Vrs1* 遺伝子による条性の制御

目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成

理由: これまでのイネゲノム研究で得られた知見をオオムギなどイネ科植物にも活用して品種開発に繋がる遺伝子(閉花性、条性等)が単離されるとともに、ジーンプールの拡大の足がかりになる生殖隔離の機能解明の基礎を築いたため。

Nipponbareに
*Sdr4*を導入



Kasalath
(インド型)

Nipponbare
(日本型)

NIL(*Sdr4*)

穂発芽

難

易

難

日本型イネの穂発芽性はインド型由来の *Sdr4* 遺伝子により抑制される

目的

イネにおける複雑形質に関与する遺伝子の単離手法をより効率化するために、研究基盤の充実を図る。またイネの複雑形質について、関与するQuantitative Trait Locus (QTL)の遺伝学的同定ならびに分子レベルでの単離・同定を推進する。

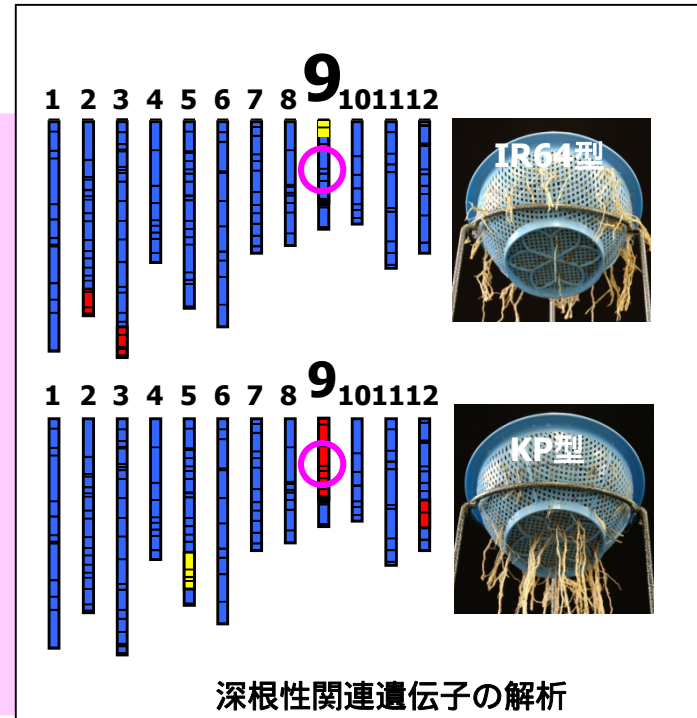
目標

1. 遺伝子機能解明のための研究基盤(イネ遺伝資源のカタログ化、遺伝解析用実験系統群の作出、完全長cDNAの拡充、変異遺伝子の効率的選抜手法の開発ならびに研究支援の中核形成など)を整備・提供
2. イネの複雑形質(生理形態形質、環境ストレス耐性、病虫害抵抗性)等に関与する遺伝子の単離と機能解明

- 2 QTL遺伝子解析の推進 (H17-19)

成果

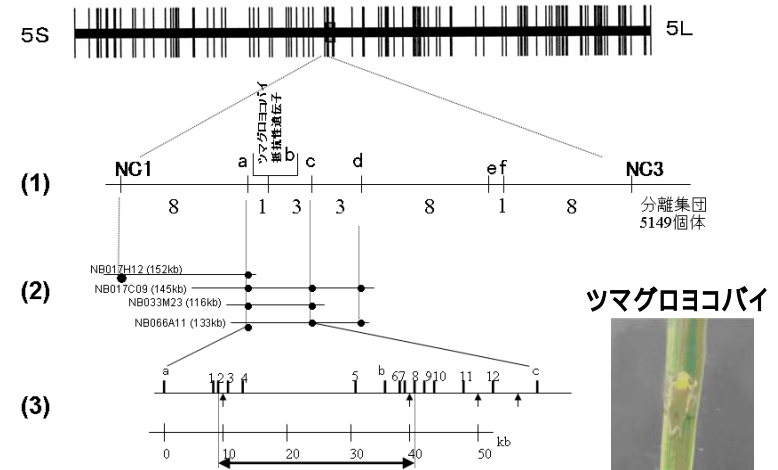
1. 研究基盤の整備・提供
 - ・ 自然変異のカタログ化と実験系統群の整備
 - ・ QTL遺伝子解析手法の体系化ならびに研究支援
2. イネの複雑形質に関する遺伝子の単離と機能解明
 - ・ 低温発芽性、アルミニウム感受性、穂いもち抵抗性、ツマグロヨコバイ抵抗性等に関する遺伝子を単離
 - ・ いもち病ほ場抵抗性、縞葉枯病抵抗性等に関する遺伝子の候補を特定
 - ・ 深根性、節間伸長性、耐倒伏性、良食味性、低温土中出芽性、ツマグロヨコバイ抵抗性、トビイロウンカ抵抗性等に関するQTLを検出



目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成(予想以上の成果)

理由 研究開始当初は、世界的に植物研究でQTL解析を本格的に行った事例がなく、どの程度の成果ができるか疑問視する見方もあったにもかかわらず、本研究では良食味、環境ストレス耐性、病害虫抵抗性などの遺伝子の単離、機能解析が急速に進展したため。



染色体置換系統を用いた、ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子候補領域の絞込み

- 1 遺伝地図及びミュータントパネル利用型 (H15-19)

目的

遺伝地図の利用技術、多数の遺伝子が支配する形質(量的形質)の連鎖分析手法、トランスポゾンを利用した遺伝子破壊技術等の成果を活用し、量的形質を含む農業上有用な遺伝子の効率的単離及びその機能解明を行うとともに、その特許取得を積極的に推進する。また、これら遺伝子の育種への利用技術を開発し、新形質を持つ画期的な新品種の育成に資する。

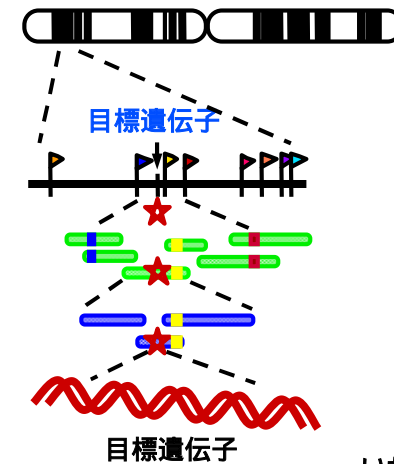
目標

1. 遺伝地図利用技術の開発
2. イネ内在のトランスポゾンTos17を利用したミュータントパネル(遺伝子破壊系統)の整備
3. 上記を利用したイネ遺伝子の単離と機能解明

- 2 遺伝地図及びミュータントパネル利用型 (H15-19)

成果

1. 遺伝子地図利用技術の開発
 - ・ 25個のイネ遺伝子を単離・同定
 - ・ うち4つは「いもち病ほ場抵抗性遺伝子*pi21*」等の量的形質遺伝子 (*pi21*はコシヒカリに導入中)
2. ミュータントパネル(遺伝子破壊系統)の整備
 - ・ 50,000系統作出
 - ・ PCRスクリーニング法の開発
3. 上記を利用したイネ遺伝子の単離と機能解明
 - ・ 40個の遺伝子の単離・機能解析に成功
 - ・ 表現型データベースの作成 (55項目の表現型)
 - ・ 破壊遺伝子データベースの作成 (4,516遺伝子)



いもち病抵抗性 × ×
いもち病ほ場抵抗性
遺伝子*pi21*の単離
野生型

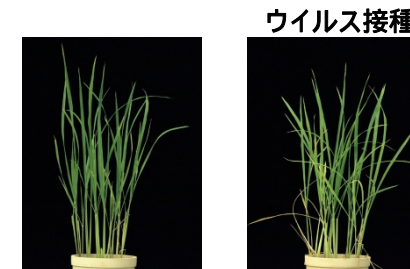
目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成(予定していた以上の成果)

理由: 本研究は独創性が高く、本研究で得られた様々な成果は科学的に高い評価を受けるとともに、我が国のイネゲノム研究全体の進展に貢献し、更には実用的な新品種開発にも繋がるものであったため。



変異体



ミュータントパネルを用いた
イネ萎縮ウイルス耐性イネの選抜

目的

効率的な遺伝子導入技術、組換え体の選抜系等の開発を行うとともに、イネ完全長cDNAライブラリーを利用して対象遺伝子及びその転写制御領域(プロモーター)を導入した大量の組換え体を作成し、多数のイネ遺伝子とプロモーターの機能解析を包括的に実施する手法を確立する。

目標

1. 遺伝子組換え体を用いた有用遺伝子の大規模機能解析
2. 組換え体作出関連技術の開発

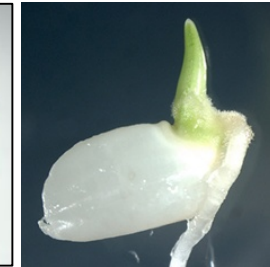
- 2 組換え体利用型研究 (H15-18)

成果

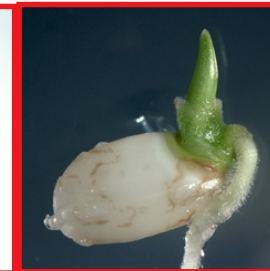
1. 有用遺伝子の大規模機能解析
 - ・ 遺伝子組換えイネを大規模作出することにより、約130種類のイネ遺伝子プロモーターの特性を解析し、葉特異的プロモーター等17種類を単離・解析
 - ・ イネ完全長cDNAクローンをイネで過剰発現させ、約1万2千系統の Full-length cDNA Over-eXpressor (FOX)イネを作出・解析
 - ・ これらFOXイネ系統の表現型や挿入cDNA等をまとめたデータベースを作成
2. 組換え体作出関連技術の開発
 - ・ ジーンターゲット法によりイネの特定遺伝子の改変に成功

カルス (T0)

後代芽生え (T1)



野生型



FOX
系統

*OsGLK1*遺伝子過剰発現による緑化

目標の達成状況とその理由

当初の目標を達成

理由: 組換え体を大量作出することによるプロモーターの単離や新たな遺伝子機能解明手法の開発、効率的遺伝子組換え手法である相同組換えに成功したため。



野生型

AG163系統

*ZIM*モチーフ遺伝子過剰発現による種子のサイズの増大

目的

イネゲノム研究で得られたゲノム情報の活用を促進するために、QTL遺伝子の集積や、多数のDNAマーカーの同時利用、遺伝子組換えにより、多様な形質の発現を制御する効率的な育種法(ゲノム育種技術)を開発・実証するとともに、農業上有用な形質において、既存遺伝資源より有意にすぐれた先導モデルを作出する。

目標

1. DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統(高度耐病性イネ、高度耐冷性イネ、高度耐虫性イネ等)の育成
2. 遺伝子組換えによる実用的優良系統(高度耐病性イネ、高度耐冷性イネ、生活習慣病に対して予防機能を有するイネ等)の育成