

グリーンテクノ計画

～イネゲノム研究の発展と普及～

人類の未来を拓く
お米のちからコブ



独立行政法人 農業生物資源研究所

<http://www.nias.affrc.go.jp/>



グリーンテクノ計画では、
イネゲノム解読の成果を利用して、
強く、たくましく、栄養豊富な
米づくりを目指します。

21世紀半ば、世界の人口はおよそ90億人に達すると推定されており、世界人口の半分以上が「コメ」を主食にしています。そのためイネの品種改良は、世界の食糧の安定供給を目指す上で重要な研究と言えます。その研究の中心となる「グリーンテクノ計画」は、有用な遺伝子を見つけて、その働きを調べたり、遺伝子の発現を制御したり、遺伝子導入技術の開発をしたり、画期的新品種の開発をするなど、バイオテクノロジーの基本技術の開発とその応用を目指す研究です。



グリーンテクノ計画は
大きく3つの分野に
分けられます。

食

糧問題に関すること

多収になるイネ
種子の数を増やす遺伝子の利用

倒れにくいイネ
草丈や葉の形を決める遺伝子の利用



環

境問題に関すること

病気や害虫に強いイネ
病気になりにくい遺伝子の利用

環境ストレスに強いイネ
乾燥や寒さに強くなる遺伝子の利用

バイオ燃料生産イネ
バイオエネルギー作物の開発



人

の健康に関すること

生活習慣病の予防を目指したイネ
高血圧の予防を目指した
コメなどの開発



イネゲノム 解読の目的

イネは全穀物のモデルです。

主要穀物のゲノムの比較解析から、イネはトウモロコシやコムギなどと遺伝子の並び方が似ていることが分かりました。しかし、イネに比べてトウモロコシは6倍、コムギは40倍もゲノムサイズが大きいのです。このことから、穀物の遺伝情報の研究には、イネゲノム研究が一番効率的であり、経済的であるといえます。イネゲノムの解読成果を用いた研究が、イネだけでなくトウモロコシやコムギ等の穀物の遺伝子単離や品種改良に利用できるものと世界中から期待されています。



オオムギ



アワ



トウモロコシ



イネ



ソルガム



コムギ

食糧問題・環境問題・健康問題の解決に貢献

21世紀の食糧問題解決を目指し、穀物の収穫量の増加や、厳しい環境でも育つ穀物の開発に貢献します。環境問題解決のために、イネなどの作物が本来持つ病気や害虫に対する抵抗性の仕組みを強化して、低農薬の農業を可能にしたり、バイオマス生産の増加に貢献したりします。また、私たちが健康な生活を送るための手助けになる作物を開発し、病気の予防に役立てることができるようになるでしょう。

イネゲノムの研究 (約32,000個の遺伝子)

農業上有用な遺伝子の解明

- 病虫害抵抗性遺伝子
- 多収遺伝子など

環境問題上有用な遺伝子の解明

- 環境ストレス耐性遺伝子
- バイオマス関連遺伝子など

機能性物質生産関連遺伝子の利用

- ペプチド含有米
- アレルゲンフリーなど



人口・食糧問題解決に貢献

- 様々な穀物の安定生産技術の開発
(イネ・トウモロコシ・コムギなど)



環境問題解決に貢献

- 劣悪環境に適応できるイネの開発
(耐冷性、耐暑性、耐乾性、耐塩性など)
- バイオエネルギー生産に役立つイネの開発



健康問題解決に貢献

- 健康機能性を増強したイネの開発

イネゲノムの全塩基配列の解読から

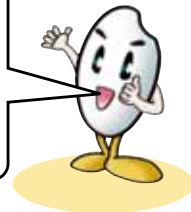
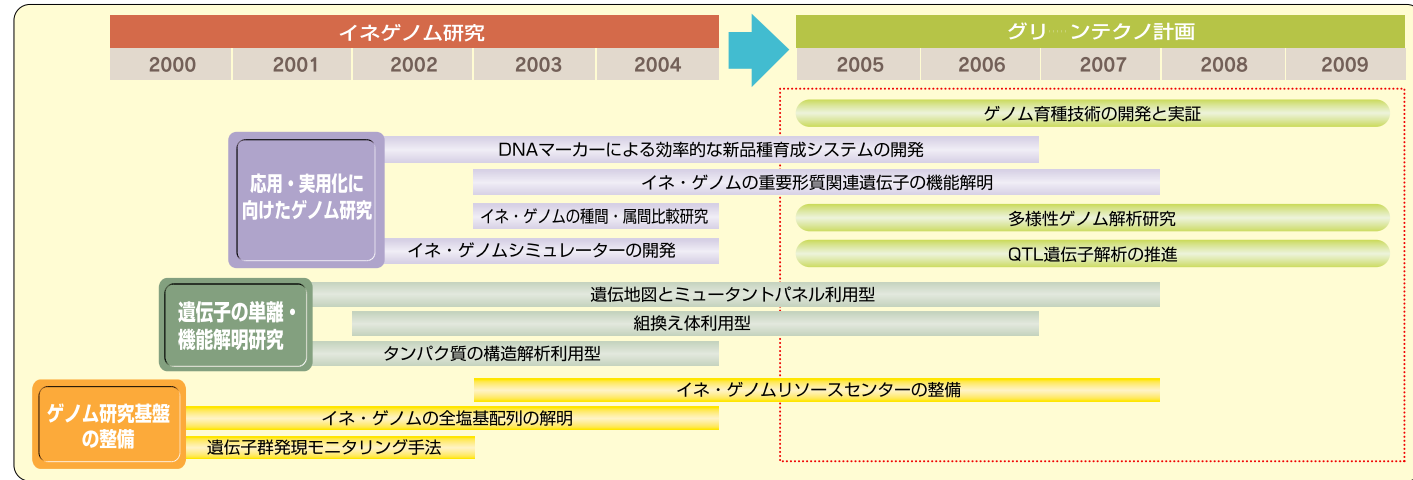
1998

日本を中心に 国際コンソーシアムの結成

イネのゲノム解読研究は、イネの様々な遺伝子を解き明かすことにより、世界中の人々の食糧を安定的に供給し、人々の健康も向上させるなど、人類の食の未来を切り拓くために必要な基礎研究とされてきました。1998年、日本が中心になって、世界の10の国と地域の研究機関が結成した国際コンソーシアム(国際イネ塩基配列解析プロジェクト: IRGSP)が生まれました。

その目的は、世界のイネ研究者に正確なイネゲノム塩基配列情報を提供するというものであり、全ゲノム情報の取得を目指して、研究を推進するとともに、研究資源・情報・技術の共有化を行いました。日本は、全染色体の半数(6本)を担当し、イネゲノムの全塩基配列を解読するプロジェクトの牽引者となってきました。

生物のゲノム解析研究では、いくつかの国と地域が協同して研究を行うのが一般的です。イネゲノム解析研究の場合は、日本が中心となって研究を進めた初めての例となりました。日本では、農業生物資源研究所と農林水産先端技術研究所の合同チーム(RGP)が解読を担当し、約2億塩基の解読に挑みました。

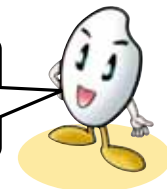


2002

イネゲノム塩基配列 解読記念式典



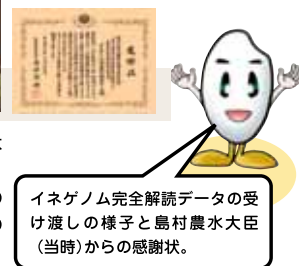
塩基配列概要解読終了記念式典の様子。モニターは終了宣言を発表する小泉首相(当時)。



2004

イネゲノム全塩基配列 の解読終了

2004年12月、国際コンソーシアムはイネゲノムの塩基配列の完全解読を終了し、当初の大きな目的を達成しました。この結果は、同年12月13日に島村農林水産大臣(当時)に報告されました。完全解読終了後、国際コンソーシアムはイネゲノムに存在する遺伝子の解析を行いました。この成果は国際的に有名な科学雑誌Nature436巻2005年8月11日号に掲載され、イネゲノム研究の一つの到達点となり、グリーンテクノ計画の基礎となりました。



イネゲノムの解析結果は、様々な研究機関で利用できるようにデータベース化し、公開しています。また、研究で得られたDNA 種子 突然変異体などの保存や配布も行っています。

遺伝子機能解明のための 変異体ライブラリー (ミュータントパネル)

<http://tos.nias.affrc.go.jp>



ウイルス抵抗性



矮性(わいせい: 右2つが小さい)



穂発芽



セルロース合成変異
(セルロース含量の低下により葉や茎が折れやすくなる)

イネゲノムデータベースの開発

イネの遺伝子機能情報データベース



(右) 本データベースでは、ゲノム上の遺伝子発現領域や予測された機能などの情報を公開しています。

イネの発現遺伝子データベース

<http://rapdb.dna.affrc.go.jp/>

(右) 本データベースでは、イネの遺伝子32,127個の塩基配列情報や機能情報等を公開しています。



<http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cDNA/>

イネゲノムリソースセンターの整備

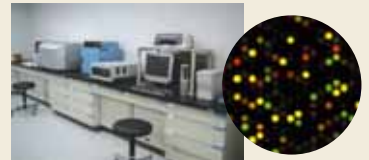
<http://www.rgrc.dna.affrc.go.jp/jp/>

●リソースの保存・管理・提供事業



●研究支援事業

オープン・ラボにおけるマイクロアレイ解析支援

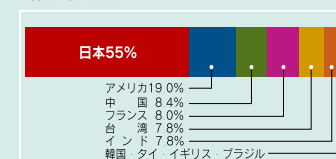


日本はイネゲノムの解読で最大の貢献を行い、その成果も高く評価されています。

国際コンソーシアムの中心的役割を果たした日本は、イネゲノム解読研究に多大な貢献を行いました。全塩基配列解読において、日本はイネゲノムの半分以上の55%の解析に貢献し、国際的にも高い成果を挙げました。

この結果を受けて、タイ王国より「Golden Sickle Award (黄金の鎌賞)」が贈られたのはじめ、RGPが発表した「イネ第1染色体の塩基配列と構造」(Nature420巻2002年11月21日号掲載)が2004年の国際コメ年の記念論文コンテストにおいて最優秀賞を受賞しました。

解読貢献度表



Golden Sickle Award 賞盾



Nature420巻

Reprinted by permission from Nature Vol.420, Issue No. 6913, 21 November 2002. Copyright: Nature Publishing Group.

人類の未来を拓くグリーンテクノ計画へ

2005

イネゲノム塩基配列の完全解読により、ひと段落を迎えたイネゲノム研究ですが、それぞれの遺伝子の機能解明や品種育成などは、これから進めるべき課題です。2005年から、イネゲノム研究の農業への応用に重点を移した「グリーンテクノ計画」が発足しました。

本計画では、ゲノム情報を基盤とした遺伝子の単離・機能解明を行うほか、遺伝子組換えやDNAマーカー育種による品種開発も行っています。イネ野生種の比較ゲノム研究や、オオムギ・コムギ等のイネ以外の穀物の研究でも、イネゲノム研究の情報は大いに役立っています。

研究成果の例

●収穫量の多くなるイネ

収穫量の多いイネ品種の開発を目指して、植物ホルモンや植物の形、光合成などの研究を進めています。



通常のイネ(左)と収穫量の多くなったイネ(右)

●脱粒性の低いイネ

日本で栽培されている日本晴(ジャポニカ型)は、インディカ型のカサラスより種子が落ちにくくなっています。イネゲノムの情報から、イネの栽培化に貢献した脱粒性に関与する遺伝子“*qSH1*”を単離しました。



脱粒性なし



脱粒性あり

脱粒性の比較(左:日本晴 右:カサラス)

●害虫に強いイネ

イネの害虫に対して強いイネの開発を進めています。

トビイロウンカ



●健康増進を目指したイネ

人々の健康増進を目指して、機能性成分を含んだイネの研究開発を進めています。



スギ花粉ペプチド含有米

●オオムギの条性を決める遺伝子

オオムギには二条オオムギと六条オオムギがあります。イネとオオムギのゲノムの情報を利用して、二条か六条かを決める遺伝子を解明しました。



六条オオムギ



二条オオムギ

●出穂期の違うイネ

穂が出る時期に関連する遺伝子について研究が進んでいます。これを利用して出穂期が異なるコシヒカリを作出しました。



左が出穂期が早い

●病気に強いイネ

昔から農家を悩ませてきたイネの重要な病気の一つに、いもち病があります。この病気に強い性質を与える遺伝子の解明も進めています。

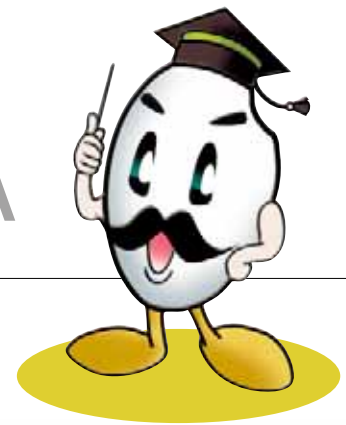


強 ← いもち病 → 弱



ここに掲げたものは、グリーンテクノ計画の成果の一部です。これからもイネの遺伝子の働きを明らかにして、人類の食の未来を拓くため、研究を推進していきます。

イネゲノム Q&A



Q：ゲノムとはなんですか？

A：ゲノムとは、ある生物のもつ全ての遺伝情報を指す言葉です。
イネの場合、その情報はイネの細胞の中にある一組の染色体DNA鎖(12本)にあります。イネゲノムには、約3万2千個の遺伝子があると推定されています。

Q：ゲノムの研究によって何がわかるのですか？

A：ゲノムを研究することで、それぞれの遺伝子がどの時期に、どの器官でどのように働いているのかを調べることができます。また、様々な生物種間の違いや同一種の中の個体差を、ゲノムの比較によって解明することもできます。

イネゲノム研究の成果を利用して、病気や害虫に対する抵抗性の仕組みを解明し、その機能を高めたりすることができます。

Q：グリーンテクノ計画の目的と内容は何ですか？

A：世界の人口は、21世紀半ばにおよそ90億人に達すると推定されています。世界人口の半分以上が、コメを主食にしていることから、イネの研究は、世界の食糧の安定生産を目指す重要な研究です。「グリーンテクノ計画」は、ゲノム情報の農業への応用を目指し、2005年に発足しました。グリーンテクノ計画では、ゲノム情報を基盤とした遺伝子の機能解明を行うほか、ゲノム情報を利用して効率的な品種開発を行っています。また、機能が解明された遺伝子の特許出願を行っています。

Q：研究成果のデータは、どこで見ることができますか？

A：塩基配列データは日本DNAデータバンク(DDBJ)に登録・公開され、たくさんの人々に利用されています。イネゲノム研究で作成された様々なデータベース(RAP-DB, KOME等)へは、グリーンテクノ計画のホームページからアクセスすることができます。

(http://www.nias.affrc.go.jp/project/inegenome/database_list.htm)

Q：イネゲノム情報は、他の植物の研究にも利用できますか？

A：はい、できます。イネゲノムの情報は、他の穀物(トウモロコシやコムギ等)の研究に利用されて役立っています。今後は、バイオ燃料用の作物の研究にも利用することができるでしょう。

Q：身近なところではどのようなところで役に立っていますか？

A：DNAマーカーを利用したコメの品種判別(例えば、コシヒカリと他の品種との区別)や、優秀な品種の作成などに使われています。コシヒカリでは、草丈の低いものや出穂期の違うもの、病気に強いものが作成されています。



連絡先

独立行政法人 農業生物資源研究所

National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)

〒305-8602 茨城県つくば市観音台2-1-2

Tel: 029-838-7406 (代表)

<http://www.nias.affrc.go.jp/>

<http://www.nias.affrc.go.jp/project/inegenome/>