

# イネゲノム解読がもたらすもの - 新たな作物開発への挑戦 -

SATテクノロジー・ショーケース2014

## ■ はじめに

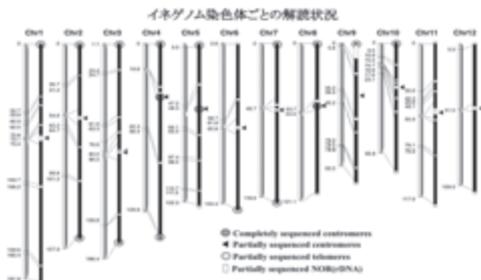
コメは、世界の約50%の人々が主食としている主要穀物の1つである。しかしながら、近年の世界人口の増加による食料不足、また砂漠化や肥沃な土地の減少、さらには気候変動に伴う食糧生産の減少等が世界レベルで大きな問題となっている。これらの課題を解決するための1つの方法は、最先端の科学技術を駆使し、イネが持っているすべての遺伝情報を明らかにし、それら情報を最大限に利用して新しいイネや作物を開発することである。1998年に開始されたイネゲノム研究がこれまでに生み出した研究成果と現在の取り組みを紹介する。

## ■ 活動内容

### 1. 国際コンソーシアムによるイネゲノム塩基配列の解読

1998年に日本を中心とした11の国と地域の研究機関が結集し、国際イネゲノム塩基配列解読プロジェクト (IRGSP) を開始した。その目的はイネゲノム塩基配列情報をできる限り正確に解読し、世界のイネ、ならびに植物の研究者に提供するもので、材料として「日本晴」を選定した。我が国は12本あるイネの染色体のうち6本を担当した。

2002年には概要配列の解読終了し、2004年12月には完全解読を成し遂げた。その中で日本のチームはゲノム全体の55%を解読した。この解読データは、これまでイネおよび他の穀類作物のゲノム育種、遺伝子機能解明などに利用されている。



### 2. データベースおよび研究リソースの整備

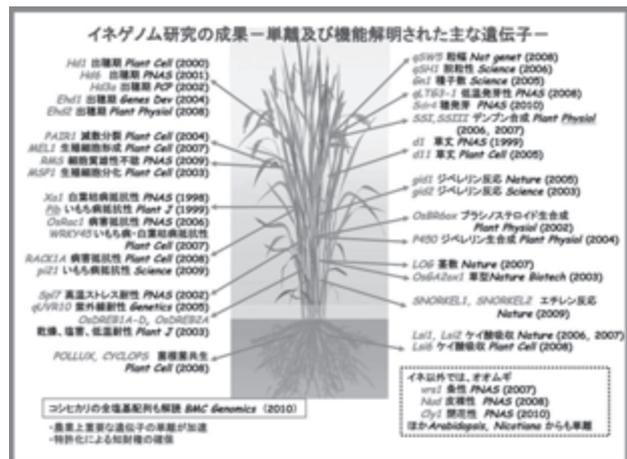
イネゲノム塩基配列解読で得られた3億8000万塩基のゲノム情報は、約2万8000カ所の遺伝子領域を示したイネアノテーションデータベース (RAP-DB) として整備・公開され、遺伝子単離や機能解明の解析ツールとして多くの

の研究者や研究コミュニティに利用されている。RAP-DB以外にも、約2万8000個の遺伝子情報をまとめたイネ完全長cDNAデータベース、遺伝子発現情報データベース等の23個のデータベース・解析ツールが作成・公開されている。また、遺伝子の単離・機能解析のための、*Tos17*突然変異体リソースや染色体部分置換系統群等の遺伝解析材料が整備されている。



### 3. 有用遺伝子の単離と機能解析

イネの開花時期や種子の数・大きさ等、農業上重要な形質は、複数の遺伝子が関わっているいわゆる量的形質 (QTL) であることが多く、遺伝子の同定・単離は、不可能とさえ思われていた。しかしながら、非常に精度の高いイネゲノム塩基配列情報や画期的な研究材料である染色体部分置換系統群 (CSSL) の開発により、それが可能になり、これまでに出穂期関連遺伝子 (*Hd1*)、種子数関連遺伝子 (*Gn1*) 等、多数の有用遺伝子が単離・同定されている。



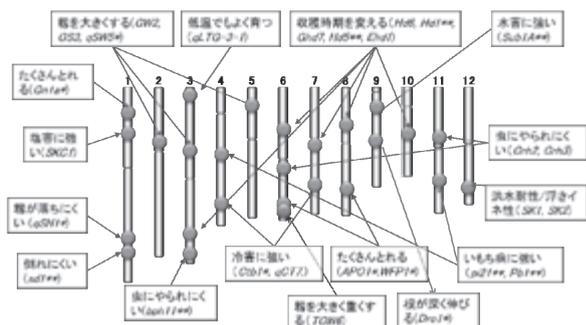
代表発表者 **矢野 昌裕(やの まさひろ)**  
所属 **独立行政法人農業生物資源研究所  
農業生物先端ゲノム研究センター**

■キーワード: (1)イネ  
(2)ゲノム塩基配列  
(3)データベース  
(4)有用遺伝子  
(5)品種改良

問合せ先 **〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2-1-2  
広報室  
TEL:029-838-8469 FAX:029-838-8465  
nias-koho@nias.affrc.go.jp**

■ 新たな作物開発

イネゲノム研究の最も直接的な応用場面は品種改良である。前述の塩基配列の完全解読と研究ツールの開発を契機に、農業における問題を解決する遺伝子が急速に増えつつある。遺伝子の解明は、DNAマーカーによる選抜の効率化を著しく効率化した。

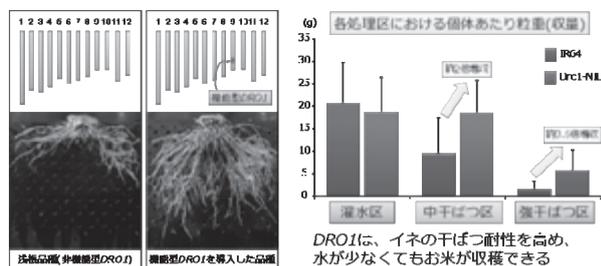


1. 日本のイネの品種改良への貢献

いもち病は日本のイネの主要な病害の一つである。陸稲(おかぼ)品種はいもち病に強い遺伝子(*pi21*)を持っていることが知られていた。しかし、従来の品種改良で*pi21*を導入すると、イネの味が悪くなる問題があった。ゲノム情報を活用することによって、*pi21*と味を落とす遺伝子の染色体上での位置関係を明らかにし、この問題を解決した新しい品種をつくることに成功した。

2. 世界のイネの品種改良への貢献

深根性(根が土壌深くまで伸びる性質)は、乾燥地域において土壌深層から水を獲得するうえで重要な形質である。イネの深根性に関与する遺伝子(*DRO1*)は、重力屈性に関与し、根の伸びる方向をより下向きにする働きがある。

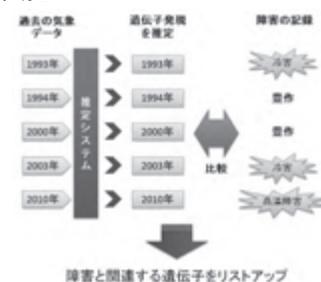


根の張り方が浅く干ばつに弱いイネにDNAマーカー選抜育種により*DRO1*を導入したイネは深根性を示すと同時に

強い干ばつ耐性を示した。このイネはアジアの天水田で普及に向けた実証研究を進めている。

3. 未来の品種改良方法の開発へ

イネゲノム上の全ての遺伝子の生育時期および部位ごとの遺伝子の働きが明らかになり、それら情報と気象および生育データを統合することで、遺伝子発現と環境と生育状況の関連性が明らかになるようとしている。



このような情報を利用すると、特定地域に特定の改良目的に必要な遺伝子を効率的に見つけ出すことができる。また、統計手法を駆使して、機能のわからないゲノム断片にも重みづけをして、交雑した多数の子孫の中から最適なゲノム組み合わせを持つ理想遺伝子型を効率的に探し出す技術の開発も進んでいる。

■ 関連情報等(論文)

- Sasaki T *et al.* (2002) The genome sequence and structure of rice chromosome 1 *Nature* 420:312-316
- International Rice Genome Sequencing Project (2005) The map-based sequence of the rice genome *Nature* 436:793-800
- Rice Annotation Project (2007) Curated genome annotation of *Oryza sativa* ssp. *japonica* and comparative genome analysis with *Arabidopsis thaliana* *Genome Research* 17:175-183
- Fukuoka S *et al.* (2009) Loss of function of a proline-containing protein confers durable disease resistance in rice. *Science* 325:998-1001
- Sato Y *et al.* (2011) Field transcriptome revealed critical developmental and physiological transitions involved in the expression of growth potential in *japonica* rice *BMC Plant Biology* 11:10
- Nagano A *et al.* (2012) Deciphering and prediction of transcriptome dynamics under fluctuating field conditions. *Cell* 151:1358-1369
- Uga Y *et al.* (2013) Control of root system architecture by *DEEPER ROOTING 1* increases rice yield under drought conditions *Nature Genetics* 45:1097-1102