

農業分野における 先端生命科学研究の動向 と今後の方向性

筑波山

平成21年6月16日

独立行政法人 農業生物資源研究所

理事長 石毛光雄



農業発展における生命科学の重要性

生命科学研究の農業への貢献

- 生物機能と生物資源の体系的理解
- 新しい生物機能の開発とその利用



世界的な食糧・環境問題の解決に向けた革新的農業技術の開発や新産業の創出を可能にする

研究のターゲット

◆ 食糧の増産や安心・安定供給に向けて

- ・収量性の限界に挑む
- ・限界環境適応作物
- ・多数の病虫害耐性をもつピラミディング作物

◆ 新産業創出に向けて

- ・健康機能性付与作物・食品
- ・バイオ新素材
- ・生物生体内物質生産工場

ゲノム解析結果をベースに「生物資源」と「遺伝子組換え技術」を有効に活用して、生命科学研究の成果を農業発展に生かす

研究のアプローチ

➤ 自然変異を究極まで利用しつくす

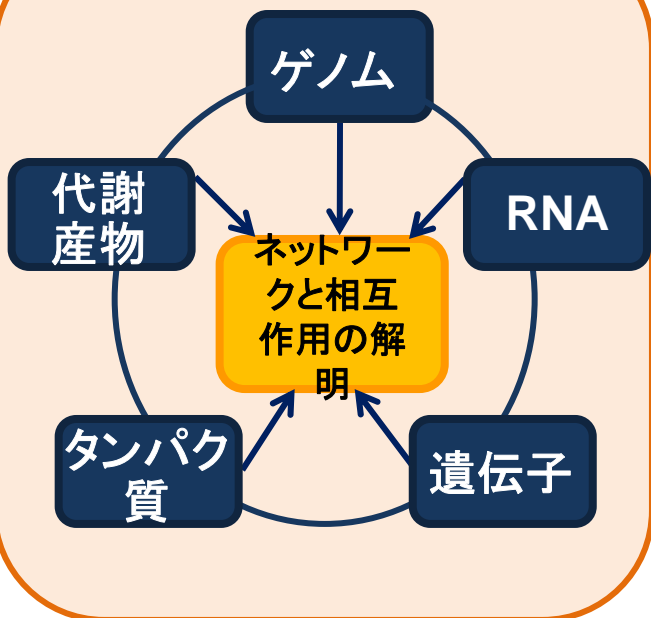
自然界に存在する多様な遺伝資源や自然変異から有用な遺伝子・物質をゲノム科学的解析手法により探索・機能解析する
→ 分子デザイン育種への活用

➤ 新しい変異の創造

生物種を超えて有用形質に関わる遺伝子・物質を人為的に改変し、従来の手法では実現できない新しい機能を獲得する
→ 遺伝子組換え技術による活用

ここまで進んだ生命科学研究

生命現象・生物機能研究



基盤・基礎・応用の各研究分野から多くの重要な成果がでている

農業分野における内外の主要な研究成果

- 生物ゲノムの解読(イネ、シロイヌナズナ、カイコ等)
- 次世代型シーケンサーの開発
- クローン・GMO技術の発達(クローン羊、iPS細胞、免疫不全ブタなど)
- GMOの開発(除草剤・害虫耐性作物、花粉症緩和米の開発など)
- バイオインフォマティクスの発達
- 植物の成長・分化・開花を司る因子の発見(フロリゲン、植物ホルモン受容体、収量性・窒素固定関連因子など)
- 植物の耐病性に関わる因子の発見(WRKY45、Xa1、SGT1など)
- 機能性RNAの発見(miRNA、ジーンサイレンシングなど)
- 遺伝子・タンパク質間相互作用の解明
- 生物の環境適応機構の解明(耐乾燥性機構、光応答、CO₂応答など)

赤は農業生物資源研究所が関わった研究

イネゲノム全塩基配列の利用

ゲノム塩基配列は新しい育種やGMO開発を目指した研究の基盤である



日本晴高精度ゲノム配列

ゲノム機能解析研究

遺伝子の働きを理解する

- 遺伝子の単離・同定
- 遺伝子発現解析
- 遺伝子ネットワークの解析
- 遺伝子制御技術の開発
- 完全長cDNA
- マイクロアレイ解析
- QTL解析

導入遺伝子の提供

組換え技術の提供

DNAマーカの提供

研究材料・情報提供

多方面に発展

● DNA配列をマーカーに利用した効率的なデザイン育種

● 遺伝子組換え技術を利用した新しい育種技術

● 品種識別

● 遺伝子組換え技術を利用したGMO開発

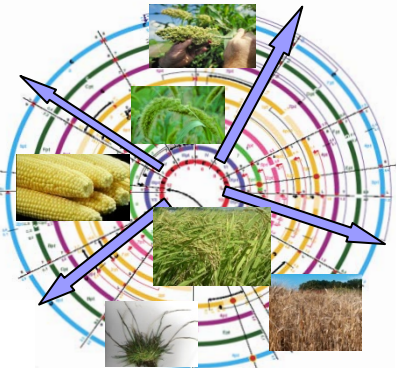
● 他生物の遺伝子単離促進・育種への展開

多様性・比較ゲノム研究

イネ科作物ゲノムの相同性・多様性を理解する

- イネ遺伝子情報のイネ科遺伝子機能への活用
- 多様なイネ遺伝資源を利用したジーンプールの拡大

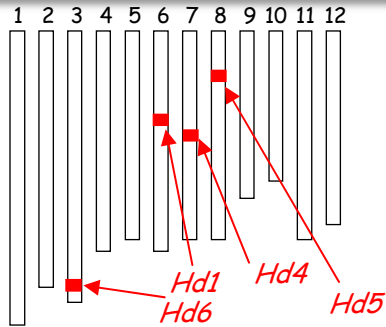
研究材料・情報提供



イネ科作物にはゲノム間の相同性が存在(イネ・ムギ・トウモロコシ・サトウキビ)

全国に拡大するゲノム情報活用研究

ゲノム情報を利用した新たな育種法開発の例 出穂期が違うコシヒカリの作出

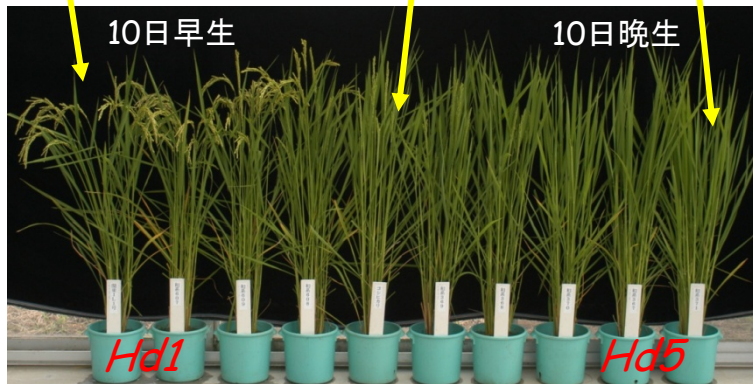


「コシヒカリ」にインド型品種のもつ早生あるいは晩生遺伝子をマーカー選抜で導入

コシヒカリ関東HD1号

コシヒカリ

関東HD2号



育種年限の短縮が可能(10年→3年)

ゲノム情報の成果を基盤とした 外部機関との連携強化

いもち病抵抗性(愛知県、宮城県、山形県、富山県):

種苗登録(富山BL7号)

トビイロウンカ抵抗性(佐賀県): 種苗登録(関東BPH1号)

耐冷性(宮城県、青森県、北海道)

コシヒカリ早生(高知県、沖縄県)

紋枯病抵抗性(富山県)

直播適性(低温発芽性)(福島県、北海道)

良食味(作物研究所、福井県)

多収性(東京農工大学、作物研究所)

植物ホルモン・代謝産物(理化学研究所)

耐乾性(国際農林水産業研究センター)

カドミウム吸収(農業環境技術研究所、

岡山大学)

ゲノム情報活用
研究は全国規模
で拡大



農業生物資源研究所

作物研究所

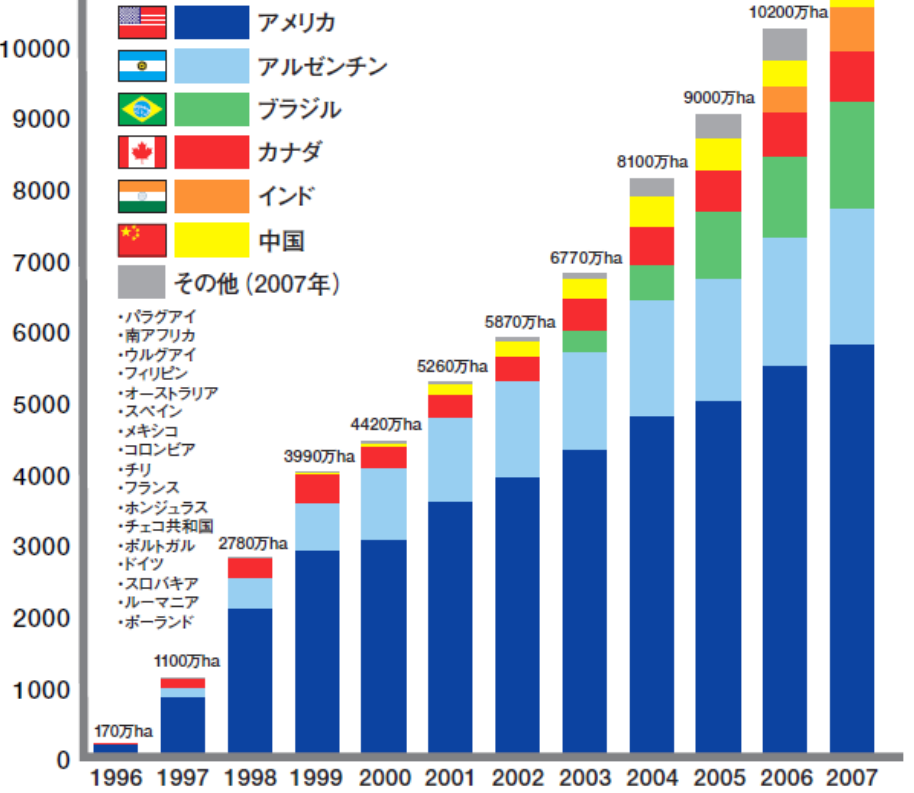
GMOの世界的普及

日本で安全性審査済みの遺伝子組換え食品

大豆	5品種	除草剤の影響を受けない オレイン酸を多く含む
ジャガイモ	8品種	害虫に強い ウイルスに強い
ナタネ	15品種	除草剤の影響を受けない 雄性不稔性稔性回復性
トウモロコシ	36品種	害虫に強い 除草剤の影響を受けない
ワタ	18品種	害虫に強い 除草剤の影響を受けない
テンサイ	3品種	除草剤の影響を受けない
アルファルファ	3品種	除草剤の影響を受けない

合計 88品種
(2008年2月12日現在)

栽培面積(万ha)



遺伝子組換え農作物の栽培面積 (国別)

農林水産省
Do you know より

GMO作物の栽培国と栽培面積は年々増加している

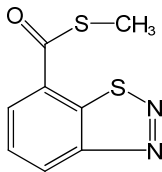
企業のGMO開発パイプライン 研究開発と商品化までの流れ

	Discovery	フェーズ 1	フェーズ 2	フェーズ 3	フェーズ 4
	使用する品種 や遺伝子の特 定	コンセプトの検 証	初期商品開発	中期商品開発	商品化直前段 階
主な過程	<ul style="list-style-type: none"> •高速スクリー ニング •モデル植物を 使った試験 	<ul style="list-style-type: none"> •遺伝子最適化 •作物の形質転 換 •圃場試験 	<ul style="list-style-type: none"> •大規模での形 質転換 •品種開発 •安全性データの 予備作成 •圃場試験 	<ul style="list-style-type: none"> •形質集積化 •圃場試験の拡 大 •安全性データ作 成 	<ul style="list-style-type: none"> •安全性認可の 申請 •種子の生産 •販売向け準備 成
平均的所要期 間	24～48ヶ月	12～24ヶ月	12～24ヶ月	12～24ヶ月	12～36ヶ月
最終商品化に 至る可能性	5%	25%	50%	75%	90%

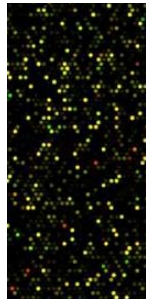
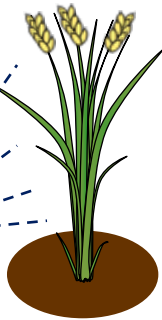
基礎研究から応用に発展した例

イネの病気を防ぐ遺伝子OsWRKY45の発見

病害抵抗性
誘導物質



BTH



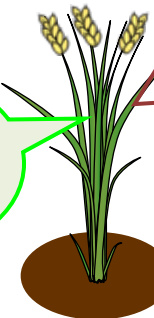
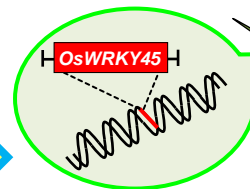
マイクロ
アレイ解析



BTH 処理で
特異的に発
現が誘導さ
れる遺伝子
OsWRKY45
を単離



イネに導入



遺伝子組換え

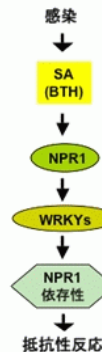
300 以上の防
御遺伝子が発
現していた

OsWRKY45 は
耐病性を制御
するマスター遺
伝子である

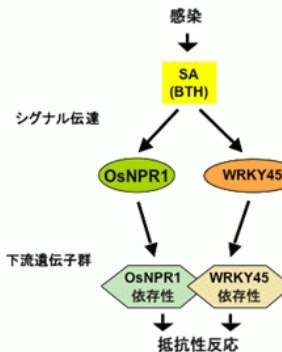
個々の作物
の生命現象
をしっかりと
調べ、よく理
解することが必
要

イネとシロイ
ヌズナでは耐病性の
機構は必ず
しも同じでな
いことが判
明

シロイヌズナ

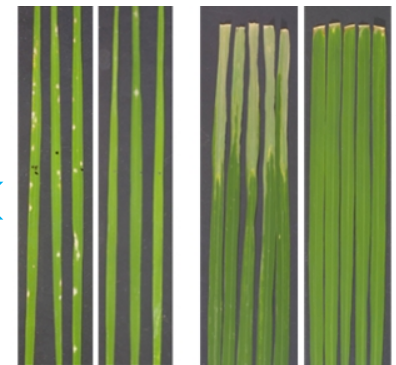


イネ



いもち病抵抗性

白葉枯病抵抗性



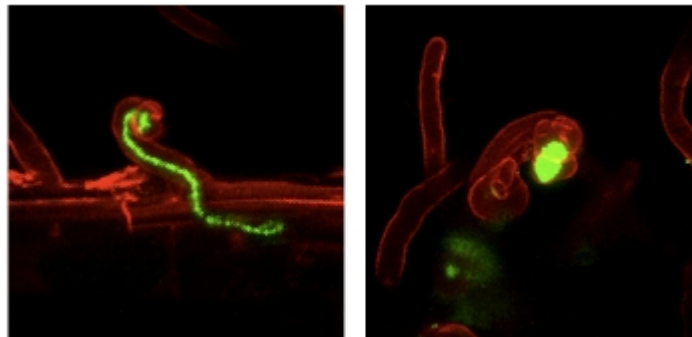
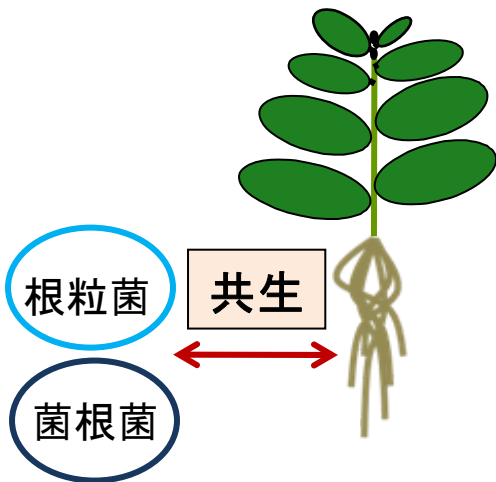
野生型 *WRKY45* イネ 過剰発現イネ 野生型 *WRKY45* イネ 過剰発現イネ

*OsWRKY45*が
関わる耐病性の機
構の解明に成功

耐病性付与イネ
の作出に成功

夢の実現が期待される基礎研究の例

植物と共生する根粒菌・菌根菌の感染を支配する遺伝子の発見



cyclops変異系統の根粒菌感染表現型
左：野生系統、右：*cyclops*変異系統。
*cyclops*では根粒菌が根に侵入できない。
根を赤色で、根粒菌を緑色で示している。

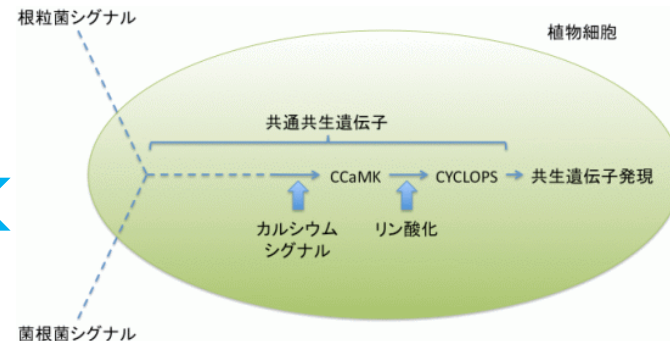
マメ科植物のミヤコグサから根粒菌と菌根菌の共生に必要な遺伝子 *cyclops* を分子遺伝学的手法により単離

ゲノム情報の活用

「窒素肥料の
いらないイネ」
の開発が期待される



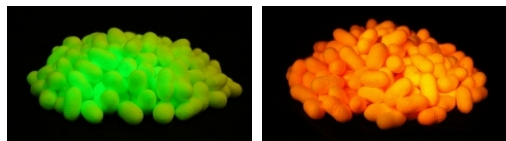
同じ遺伝子がイネと菌根菌の共生にも働くことが判明



共生の分子機構の解明に成功

光る絹糸の開発

◆ 遺伝子組換え技術により、GFP等の蛍光タンパク質遺伝子をカイコに組み入れ、光る絹糸を作り出すことに成功

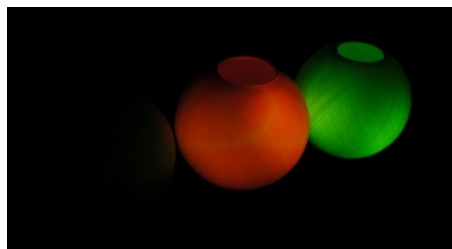


左: 緑色蛍光タンパク質を発現する繭
右: 赤色蛍光タンパク質を発現する繭



蛍光タンパク質を発現する繭糸で作ったランプシェード

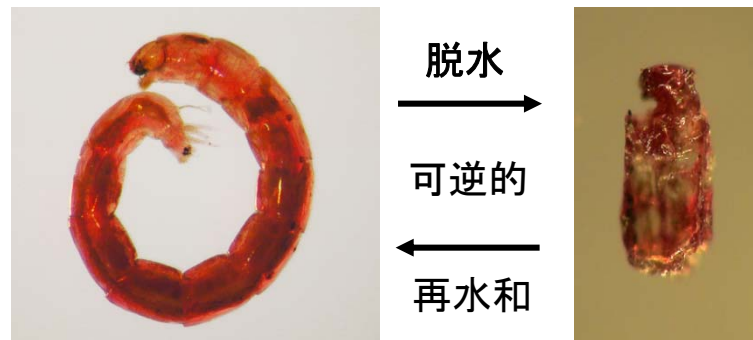
左: 普通繭糸
中: 赤色蛍光タンパク質を発現する繭糸、
右: 緑色蛍光タンパク質を発現する繭糸



高級織物、特殊用途布への利用、新機能を持たせた絹糸の開発への応用に期待

ネムリユスリカ幼虫の極限耐性機構の解明

◆ 乾燥、極低温、高温下で耐えることができる極限生物ネムリユスリカの極限耐性の機構を解明



乾燥幼虫は極限環境耐性を獲得

極限温度: 100°C -270°C、アセトン処理、
放射線: 9kGy、高圧: 1200MPa、真空、
乾燥保存可能期間: 17年以上

常温乾燥保存する技術の開発や、乾燥に強い作物の作出等への応用に期待

- ・新規な生物のゲノム解析の可能性
- ・高速ジェノタイピング
- ・全転写産物の解析が可能

次世代シーケンサー



	ABI PRISM® 310	Roche 454 Titanium	Illumina Solexa GAIIx	AB SOLiD3	Helicos tSMS™
平均リード長 (bp)	600	400	35 ~ 75	50	30 ~ 35
1runあたりの リード数	1	> 1 million	48 ~ 60 million	100 ~ 150 million	300 ~ 400 million
1runあたりの 解読塩基数	600 bp	0.5 ~ 0.5 Gb	1.3 ~ 4.5Gb (only PF)	5 ~ 7.5 Gb	9 ~ 14 Gb
1日あたりの 解読塩基数	5,220 bp	1 ~ 1.2 Gb	0.5 ~ 0.9 Gb	0.8 ~ 1.2 Gb	2.5 ~ 3.4 Gb

解析能力が数十万倍に...

ゲノム育種研究の超高度化 (イネ・ダイズ・コムギ・ソルガム等)

- 大規模配列生産とマーカー作成・育種選抜
- 塩基レベルのデザインに基づいた新育種開発の実現
- 形質遺伝子単離の迅速化
- 配列比較等による野生種等からのゲノムの遺伝子の取り込みが容易に

複雑形質の機構解明・最適化 を目指した研究のブレイクスルー

- 植物の環境適応: 変異体解析、大規模トランスクリプトーム解析による不良環境耐性機構解明
- 生物間相互作用: いもち菌、共生菌、植物病原菌、土壌細菌、媒介昆虫のゲノム解析による生物を超えた相互作用の解明: 外敵防御機構の強化
- バイオマス、エネルギー作物: 有用生物のゲノム解読、遺伝子発現解析による代謝効率化と生産効率アップ
- GMO技術の開発

農林水産ゲノム研究の拡大

- 作物(ダイズ、コムギ、オオムギ、ソルガム)、昆虫(カイコ、トビイロウンカ)、動物(ブタ)、微生物、土壌微生物(メタゲノム)等の大規模解析へのプラットフォーム

品種等の鑑別・識別の高度化 (イネ・ダイズ等)

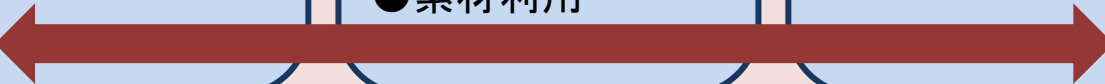
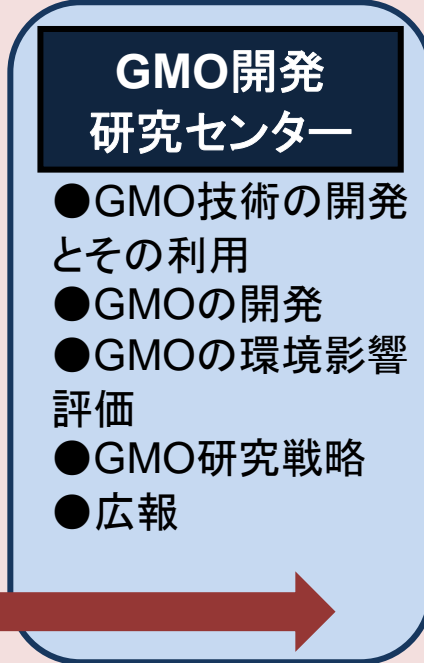
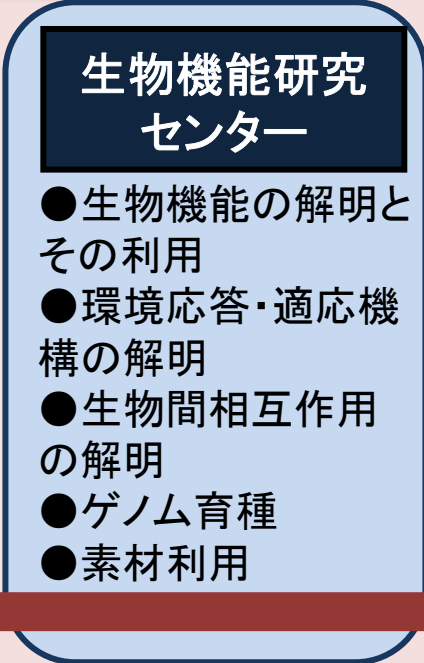
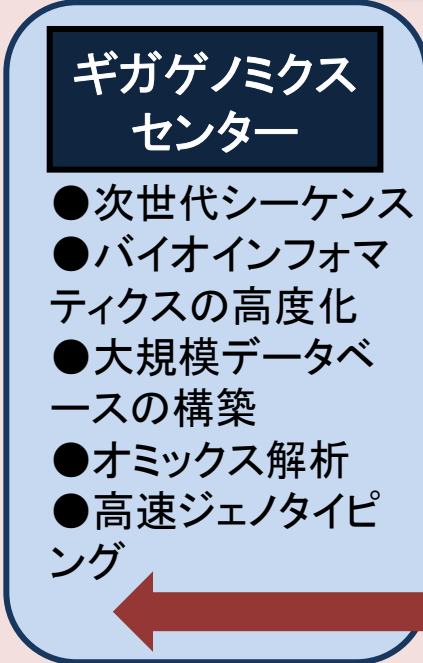
- 品種登録時にゲノム解読実施(識別情報ID付与)
- 品種-DNA-ゲノム情報をセットで登録
- データベースを作成し、新規登録時に検索
- 品種鑑別実施機関へデータ提供
- GMO作物のゲノムワイドな識別

求められる研究拠点・研究推進体制



バイオリソースの提供

ゲノム研究解析
拠点が必要



産学官連携・共同研究

優秀な人材の活用・育成



新しい産業創出