

# イネゲノム情報を読む

---



# 目 次

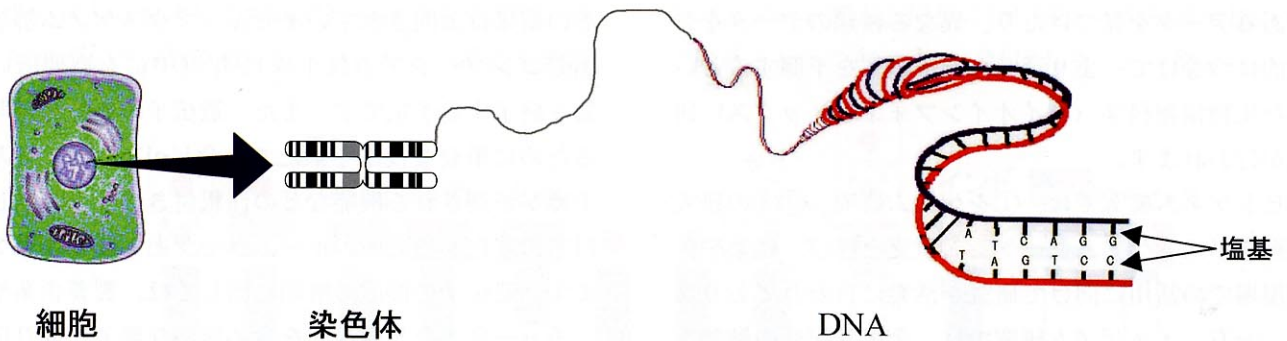
1. ゲノム研究をめぐる情勢 .....	1
(1) ゲノムとは .....	1
(2) ゲノム研究とは .....	1
(3) 世界的な情勢 .....	2
1) ゲノム研究 .....	2
コラム① .....	2
2) イネゲノム研究 .....	3
コラム② .....	4
コラム③ .....	5
2. イネゲノム研究がもたらすインパクト .....	6
(1) 農業・食料・社会経済への貢献 .....	6
(2) 植物生命科学全体への広がり .....	6
3. 研究の現状と成果 .....	8
(1) 全塩基配列の解読 .....	8
(2) 完全長cDNAライブラリーの整備 .....	8
コラム④ .....	9
(3) 有用遺伝子の単離と機能解明 .....	9
コラム⑤ .....	10
(4) バイオインフォマティクス .....	10
(5) DNAマーカー育種 .....	11
4. 今後のイネゲノム研究について .....	12
(1) 国際競争に打ち勝つためのイネゲノム研究の加速化 .....	12
(2) 研究勢力の結集 .....	12
(3) 成果の利活用の促進 .....	12

# 1. ゲノム研究をめぐる情勢

## (1) ゲノムとは

私たちの体は約60兆個の細胞からできています。一方、細菌のようにたった1個の細胞からできている生物もあります。この様に細胞は生命の単位であり、細胞の中の染色体の上に遺伝子があります。遺伝子の本体はDNAと呼ばれる物質です。DNAは4種類の塩基（A：アデニン、T：チミン、G：グアニン、C：シトシン）が並んだ構造をしていて、この塩基の配列が暗号化された遺伝情報そのものなのです（図1）。

ゲノムという言葉は、最初、配偶子（卵や精子）に含まれる染色体あるいは遺伝子の全体を指し、例えばヒトならヒト、イネならイネとして存在する上で最低限必要な染色体の一組として定義されました。その後、分子生物学の発展に伴い、この染色体に存在する遺伝情報全体を指す言葉として使われるようになりました。つまりゲノムはその生物個体の設計図であり、外部からの刺激やホルモンなどの信号に対する応答の仕方についての基本的なルールまで書き込んである機能設計図といえるでしょう。



イネゲノムとはイネをイネたらしめるのに必要な全遺伝子のセットです。イネゲノムの実体は各細胞にある染色体を構成するDNAという物質です。DNAを構成する塩基は4種類あり（A、T、G、C）、この4種類の文字を使って遺伝情報が暗号化されています。イネゲノム研究はイネDNAの全ての塩基配列を解読し、イネの持つ全ての遺伝情報を解明し、イネの生命現象の全体像を明らかにしようとするものです。

図1 イネゲノム＝イネという生物の設計図

## (2) ゲノム研究とは

ゲノム研究とは、生物個体の設計図を解読し、その設計図に従ってどの様に特徴ある個体が作られ、どの様に外部からの刺激に反応するかを明らかにする研究で、いわば生物個体の遺伝情報の全てを知る研究といえます。

遺伝の法則を発見したメンデルは、種子の形や色といった、単一の遺伝子によって制御され、しかも個体による差が対照的ではっきりしている形質に注目して実験をし、遺伝の法則を発見することができました。ところが、研究が進んでくると、生物は非常に複雑で、どうやら一つの遺伝子が単独で形質を決めているのではなく、他の遺伝子と複雑に絡みあって働いていることがわかってきました。このような複雑系を研究するには、一つ一つの遺伝子について独立に解析をするよりは、個体の持っている全ての遺伝情報であるゲノム

DNAの全塩基配列を解読した上で、網羅的・鳥瞰的に遺伝子について研究を行う方が良いだろうと言う考え方が起こってきました。

しかし、生物の持つゲノムの全塩基配列は、ヒトでは約30億、イネでは約4億3千万もあり、ATGCという塩基を文字に置き換えて換算すると、この研究開発レポート1,875,000頁（ヒト）あるいは268,750頁（イネ）分になります。これを解読する作業は気の遠くなるほどの年月と労力、そして資金を必要とし、かつては不可能とされていました。しかし、近年シーケンサーと呼ばれる高性能の分析装置が開発されるとともに、大型のコンピューターを活用した塩基配列の解読が可能となりました。これらの解析技術の進歩に加え、多額の資金と労力を集中して効率的に研究を行うグループを国際的規模で組織することによって、ヒトをはじめ各種の生物について、初めてゲノム研究の

強力な推進が可能となりました。

では、ゲノム研究はどのようにして進められるのでしょうか。ゲノムDNAの4種類の塩基の配列によって暗号化された遺伝子情報は、必要に応じてメッセンジャーRNA (mRNA)という物質にコピーされ(転写といいます)、このmRNAの情報に従って更にタンパク質が合成されて(翻訳といいます)初めて生体内で機能を発揮します。そこで、まず①ゲノムの全塩基配列の解読が研究の基礎として行われます。次に、②mRNAやタンパク質を解析して、遺伝子の機能を推定します。さらに③こういった解析から生み出される膨大な量のデータの中からコンピュータを用いて意味のあるデータを見つけたり、異なる種類のデータを有機的につなげて、より意味のある情報を予測するといった生物情報科学(バイオインフォマティクス)研究が行われます。

ヒトゲノム研究では、①をゲノム研究、②③の研究分野をポストゲノムシーケンス研究と呼び、創薬や医療現場での活用に向けて研究が活発に行われております。一方、イネゲノム研究では、全塩基配列の解読を進めるとともに、遺伝子の機能を解明する研究を同時に進め、①～③全体をゲノム研究として位置づけ、イネの持つゲノム機能を全体として理解する研究をしています。

### (3) 世界的な情勢

#### 1) ゲノム研究

一つの生物種のゲノムの全塩基配列の解読が最初に終了したのは、平成7年のことで、塩基の数が183万

塩基と少ないインフルエンザウイルスでした。その後平成8年に、らん藻(357万塩基)、メタン細菌(167万塩基)、平成9年には大腸菌(464万塩基)や酵母(1350万塩基)など8種類の生物において解読が終了しました。

医学上最も重要なヒトゲノムの解読は、精度の低い(99.9%)概要版が平成12年6月に完了し、高精度(99.99%)解読作業は平成15年終了を目標に現在も続けられています。また、遺伝子機能解明などポストゲノムシーケンス研究も盛んに行われています。

実験動物では、マウスゲノムの塩基配列の解読完了が平成13年4月に民間企業により宣言されましたが、その結果は公開されていません。マウスゲノム解読の国際コンソーシアムは平成13年度中にも概要版の解読を終了する予定です。また、遺伝子の機能を解明するために重要な役割を果たす完全長cDNAは、2万1千種が予測される機能などの注釈付きのデータとして日本の理化学研究所のホームページ上で公開されています。遺伝子の機能の解明に関しては、製薬企業やベンチャー企業などの民間を含め熾烈な競争が繰り広げられています。

一方、実験植物の代表である双子葉植物のシロイヌナズナに関して、平成13年6月に、日、米、仏のグループが高精度解読を終了し、現在全世界の研究者がその結果を用いて遺伝子機能解明の研究を行っています。

その他、線虫、ゼブラフィッシュ、ブタ、カイコ、フグ等様々な生物についてゲノム研究が行われています。

## コラム①

### ヒトゲノム研究の熾烈な競争

ヒトゲノム研究は、昭和60年に本格的に提唱され、解読の基盤となる遺伝地図作りを経て平成2年より米英を中心とした国際研究チームにより全塩基配列の解読が本格的に開始されました。30億塩基ものゲノムサイズを持つヒトの全ゲノムの解析には、世界の研究者の協力、分担、それに伴うルール作成が必要で、そこで平成8年2月に開催された「第1回ヒトゲノム塩基配列解読国際戦略会議」通称バミューダ会議において、23組あるヒトの染色体の各国の分担、99.99%の精度で解読を行う、解読結果は即時公開する等の決定がなされました。

ヒトゲノム情報は新しい医療や新薬の開発に重要です。そのため、民間企業(セセラ社)も独自のヒトゲノム研究を進め、熾烈な競争が行われました。最終的に、平成12年6月に当時のクリントン米大統領が両者の業績をたたえ「ヒトゲノム塩基配列概要解読終了宣言」を行いました。また、同年12月にはそれまでデータ公開を拒否していたセセラ社も非営利の研究機関に限って公開することに同意しました。両者のデータはともに精度の低い概要版で、高精度解読作業は平成15年終了を目標に現在も続けられています。

## 2) イネゲノム研究

### ① ゲノム塩基配列の解読

農林水産省では、イネゲノムプロジェクトを進めています。なぜイネを研究するのでしょうか。それは、イネは我が国の主要な作物であるだけでなく、コムギ、トウモロコシに次いで、世界の穀物生産の約3割を占める重要な作物だからです。全世界で主食として食べられているコムギ、イネ、トウモロコシは全てイネ科の植物です。その中でイネはゲノムを構成する塩基の数がトウモロコシの1/6、コムギの1/40と最も少なく、主要穀物の中でいちばんゲノム研究がしやすいのです。さらに、これまでわが国で行われてきた育種、栽培、病虫害などの様々な研究、品種などの蓄積も豊富

であるため、作物ゲノム研究の対象としてすぐれた特色を持っています。

平成3年より開始されたわが国のイネゲノム研究は、平成9年までの第一期に全塩基配列解読の基礎となる、2000個以上のマーカー（目印）を持つ染色体地図（遺伝地図）を作製しました。平成9年には、それまで日本をはじめ、米国、中国など各国がバラバラに行っていた塩基配列の解読を協力して進めようと、国際コンソーシアム<sup>1)</sup>が形成されました。そして、「日本晴」という共通の品種を使って、12本ある染色体をそれぞれの国が分担し、ヒトなどを対象とした他のコンソーシアムと同様に99.99%の高精度で協力して進めるという取り決めが結ばれました（図2）。

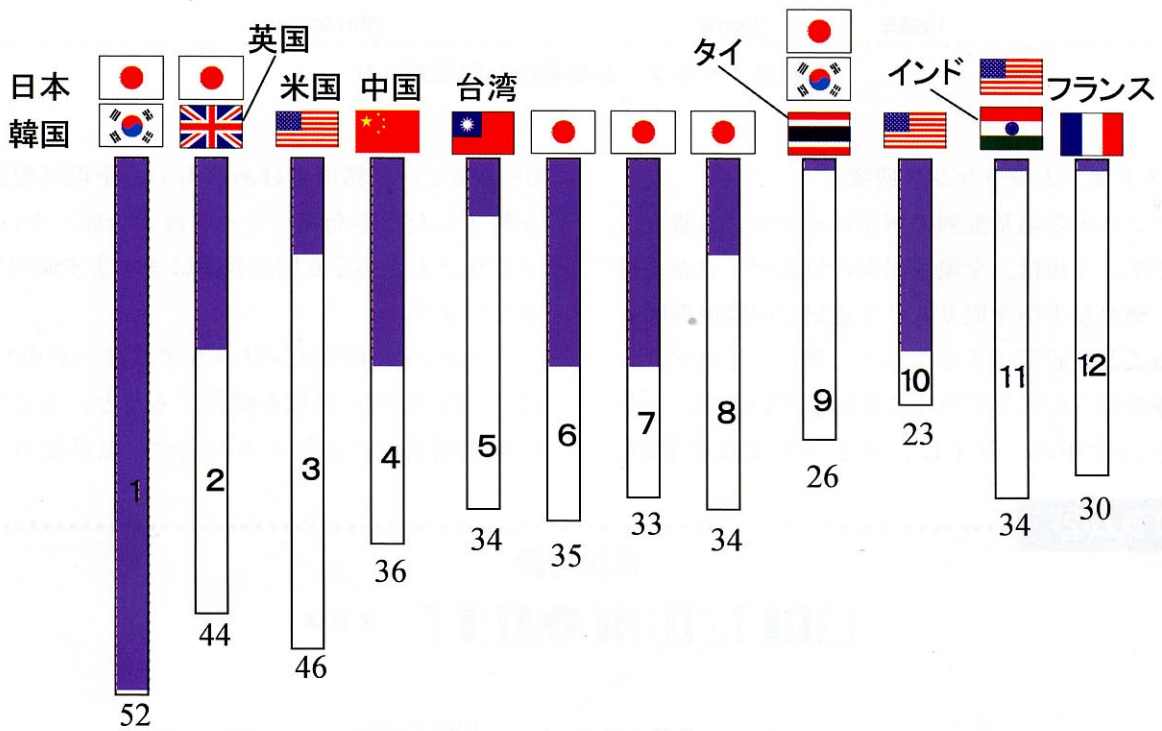


図2 国際コンソーシアムにおける分担と解読状況（H13年10月末現在）  
（数字は各染色体のサイズ：百万塩基対）

こうして、多大な労力と資金を必要とするイネゲノム研究の国際的推進体制が整いました。現在、このコンソーシアムには、米国、中国など9の国と地域が参加し、塩基配列の解読結果は世界中に公開されています。このような国際コンソーシアムでの研究の進展は、企業のゲノム解読研究にも影響を与え、平成12年4月には遺伝子組換え作物分野では世界トップクラスの

企業であるモンサント社より、自社で解析していたイネ塩基配列解読データが国際コンソーシアムに寄託されました。

平成13年10月末現在、国際コンソーシアムでは1億8千7百万塩基(187Mb)の解読を終え、ホームページ上で公開しています。これはイネゲノム全体の約43%で、このうち65%を日本が解読しています（図3）。

#### 1) 国際コンソーシアム

日本を中心として、平成10年2月に発足した。米国、英国、フランス、中国、台湾、韓国、インド、カナダ、ブラジル、タイの11カ国・地域（発足当初）からなるイネゲノムの全塩基配列の解読に関する国際的研究共同体。

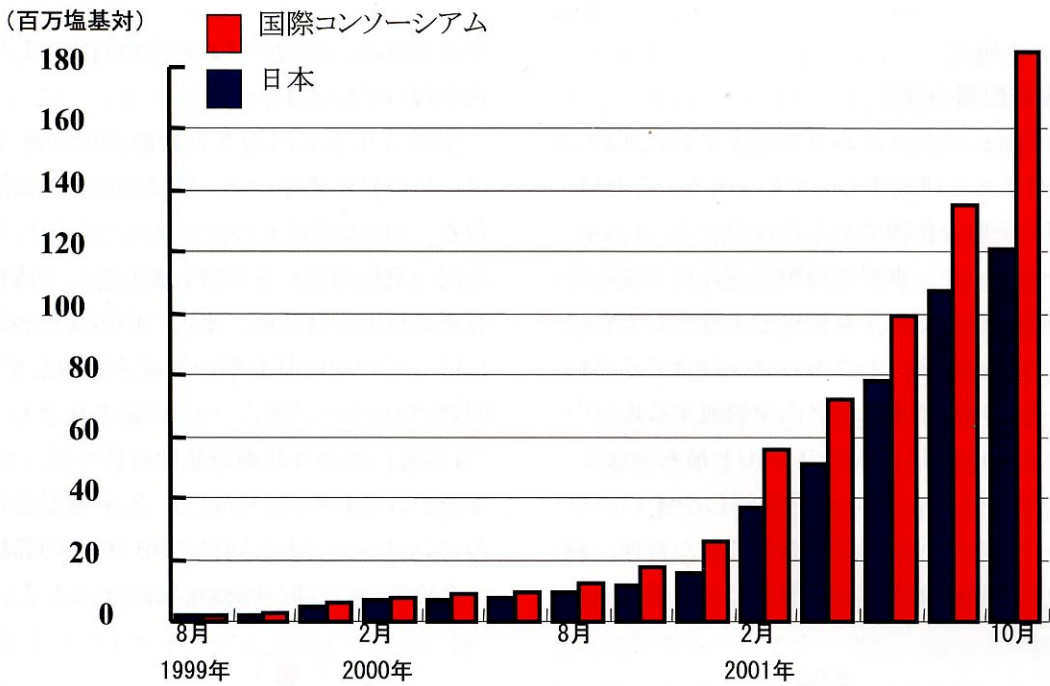


図3 イネゲノム塩基配列解読累計数

② ポストゲノムシーケンス研究

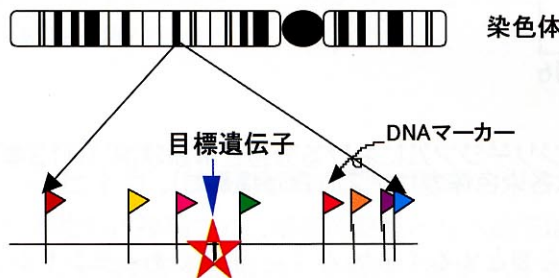
イネゲノムの全塩基配列の解読はイネゲノム研究の第一歩です。今後は、全塩基配列の解読データを基盤として、様々な手法を取り入れて遺伝子の機能を明らかにすることに研究の重心を徐々に移し、イネゲノムの全体像を明らかにして行くことにしています。しかしながら、今年の1月末に、スイスの民間企業が、

99.9%という精度ではあるものの全塩基配列の解読を終了したとの発表（データは未公開）を行うなど、イネゲノムをめぐる開発競争はますます熾烈になってきています。

このため、国際コンソーシアムは、平成13年2月に、「99.99%の精度を確保すること、および出来るだけ短期間にイネゲノムの完全な塩基配列を解読す

コラム②

遺伝地図



遺伝地図とは、特定の塩基配列や草丈が高い、あるいは病気に強いとかいった特定の形質が染色体上のどの位置にあるかを示した地図で、ゲノム研究を行うための基盤となるものです。普通使われる地図は平面を示しますが、遺伝地図はイネの場合12本あるひも状の染色体のどの位置にどんな遺伝子があるのかを示したもので、いわば12本の道路（染色体）のどの位置に、どんな家（遺伝子）があるのかを示した地図です。この地図を作るためにまず適当な間隔ごとに目印となる特定の塩基配列（これをDNAマーカーと言います）の位置を特定します。DNAマーカーは昔の街道にあった一里塚の様なものです。特定の家がどこにあるかを調べるためには、まずDNAマーカーを目印とし交配などによって染色体上の大まかな位置を決めます。これで例えば10番目の道路の起点から15kmと16kmの間というような大まかな位置がわかったら、今度はその間にある家を一軒、一軒調べていって目的の家がどうかを確認します。

る」旨のアピールを行い、その後同年6月、10月の  
会合において、「平成14年末を目処に解読を終了する」  
ことを確認しました。農林水産省としても、こうした

国際コンソーシアムの動きを支持し、予算上でも積極  
的に支援することになっています。

### コラム③

#### 精度99.9%と99.99%

通常1個の遺伝子全体の長さは、1万塩基程度です。この様な配列を99.9%の精度で解読した場合、1つの遺伝子につき10個程度の塩基の読み取り誤差が存在することになります。今までのゲノム研究の結果によると、遺伝子の中のたとえ1つの塩基の違いでさえ機能に大きな違いが生じることがわかっています（例えばヒトの遺伝病）。従って、1つの遺伝子の中に10個の塩基の誤りが存在した場合、遺伝子の機能の推定に大きな支障が生じる可能性があります。また、一般にゲノムの塩基配列中には、遺伝子以外に遺伝子とよく似た塩基配列が相当数存在しています。このため、10個の塩基の誤りは、塩基配列情報に基づく遺伝子の単離・機能解明の効率を著しく低下させることとなります。

99.99%の精度は、塩基配列から遺伝子の機能を解明するための科学的に信頼できる最低限の基準であって、ヒト、シロイヌナズナ、イネなどのゲノムについて、国際コンソーシアムの下で解読を進める際の標準となっています。

## 2. イネゲノム研究がもたらすインパクト

### (1) 農業・食料・社会経済への貢献

植物は、動物と違って芽生えた場所で一生を過ごす必要はありません。風が吹いたり雨が降ったり、植物を取り巻く環境は刻々と変化し、その変化に対して植物は反応しています。イネのゲノムに書かれているすべての情報を解読できれば、単に一つ一つの遺伝子の機能が明らかになるばかりでなく、このような環境の変化に反応して遺伝子がどのようなメカニズムで発現するのかということや、遺伝子の働きを制御する仕組みも明らかにされます。

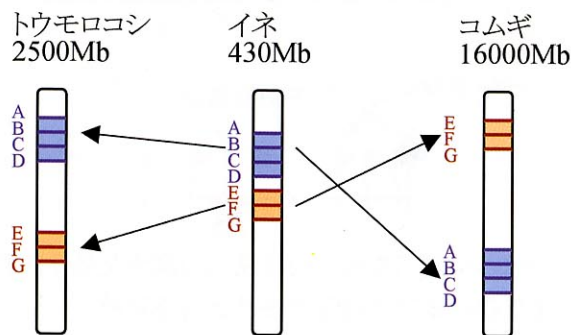
こうした知見を活用することによって、人口の増加や、農耕地の減少、砂漠化といった地球規模の食料問題の解決に貢献することが出来ます。従来の技術では判断できない早期の生育診断、病虫害に対する診断が可能となり、的確な肥培管理や病虫害防除が実施できるなど、栽培技術の高度化が進みます。農薬・肥料等をあまり使わないですむような持続的農業を発展させるとともに、新たな作物の開発などによって、水田をより効率的に利用して、食料供給力を向上させることができます。また、より多くの収量が得られる作物や、暑さ、寒さ、日照りなどの環境ストレスに強い作物を開発し、地球規模の環境変動に対応した安定な食料生産に役立てることが出来ます。さらに、成人病を予防するような機能性作物を開発することによって、健康かつ安全・安心な食生活の実現に貢献できます。

ゲノム研究の成果を活用できる場面は、この様な農

業・食料面だけにとどまりません。地球規模での環境問題の解決にも役立つことが期待されます。具体的には、植物の光合成機能(二酸化炭素固定能力)を飛躍的に向上させることによって地球温暖化防止対策に役立てたり、重金属をたくさん吸収する植物などを開発・利用して、環境浄化を進めたり、新エネルギー資源の開発にも成果が活用できます。さらには、イネ等の作物や微生物を用い、機能性物質、医薬品等の有用物質生産、生分解性プラスチック原料等の新素材生産が可能となります。また、ゲノム研究の過程で開発されるバイオチップ、組換え体の検出・分析法等新技術の利用等を通じて新産業の創出に貢献できます。

### (2) 植物生命科学全体への広がり

イネゲノム研究が進むに従って、そのデータを利用して、ゲノム研究の難しいコムギやトウモロコシの解析も進んでいます。その結果、イネの染色体上での遺伝子の並び方や各遺伝子の暗号である塩基配列が、コムギ、トウモロコシ等他の主要穀類とよく似ていて(図4)、イネのゲノム情報が他のイネ科植物のゲノム解析に非常に役に立つことがわかってきました。単子葉植物であるイネのゲノム研究が進み、イネゲノムの全貌が明らかになれば、植物のもう一つの大きなグループである双子葉植物のシロイヌナズナから得られるゲノム情報と併せて、植物の生命現象に関する理解を遺伝子レベルで深め、新しい植物生命科学を作り上げることが出来ます。



イネと他の穀類のゲノムを比較してみると、イネは穀物の中で全塩基の数が最も少なく、染色体上の遺伝子の位置は異なるもののいくつかのまとまりごとに並び方や、各遺伝子内の塩基配列が他の穀物とよく似ていることがわかってきました。例えば、イネA、B、C、D、E、F、Gという遺伝子に注目してみると、ほぼ同じ塩基配列を持つ遺伝子が、ある程度まとまってイネと同じような並び方で他の植物の染色体にもあることがわかってきました。つまり、イネはゲノム研究が最もやりやすく、イネを研究すれば、他の穀類のことも大体のことがわかるのです。

図4 イネと他の穀類のゲノムの比較



例えば、光合成、植物体内の物質の転流、養分吸収、形態形成・分化、低温・乾燥等の環境応答などの植物の基本的なメカニズム、また、双子葉植物から単子葉植物にまたがる多様な進化の過程や環境に適応するメカニズムの違い等が解明されることが期待されます。

既に、シロイヌナズナやイネのゲノム研究で得られた塩基配列データが順次公開され、全世界の研究者が利用できるようになってきました。今後、植物の生命科学研究は急速に発展していくことが期待されています。



「日本の棚田百選」より

### 3. 研究の現状と成果

農林水産省が推進しているイネゲノム研究は、①全ゲノムの塩基配列の解読、②個々の遺伝子の機能の解明、③生命情報科学（バイオインフォマティクス）研究、そして少し応用的な④DNAマーカーを利用した育種から成ります。これらの研究は、独立行政法人農業生物資源研究所を中心に、独立行政法人農業技術研究機構、社団法人農林水産先端技術産業振興センター農林水産先端技術研究所、生物系特定産業技術研究推進機構、理化学研究所、財団法人国際科学振興財団、大学、民間、道府県の研究機関など、農林水産省関連の研究機関のみならず、多くの国内の研究機関の総力を結集して研究を進めています。

#### (1) 全塩基配列の解読

平成3年に開始された第一期のイネゲノムプロジェクトでは、まず2000個以上のマーカーを持つ遺伝地図が作られました。その後、国際コンソーシアムが組織され、これらの地図を基に、全塩基配列（約4億3千万塩基）の解読に共同で取り組み現在に到っています。

す。平成13年3月には、日本のチームがイネの第1染色体（イネの染色体中最長で、かつ物質代謝に関わる遺伝子など、重要遺伝子を含んでいる。）の全塩基配列の解読を終了し公表しました（図5）。第1染色体には7366個の遺伝子と推測される領域が存在すること、そのうちの21%はこれまでに知られている遺伝子で、その他は機能が未知の遺伝子であることなどが明らかとなりました。

国際コンソーシアムは、平成14年末までにギャップ（解読が非常に困難な部分）を残して全塩基配列の解読を完了することを目標に研究を加速化しています。平成13年10月末時点で全ゲノムの43%（1億8千7百万塩基）まで解読が進み、うち65%（1億2千万塩基）は我が国の研究陣により解読されました。塩基配列解読の基礎となる遺伝地図の作成等、常に国際コンソーシアムをリードしてきた結果、ヒトゲノムにおいて5%、シロイヌナズナゲノムにおいて25%の貢献であったのに比べ、イネゲノム研究では大きな貢献となっています。

- 第1染色体=4700万塩基対
- 7366個の遺伝子を予測、21%が既知遺伝子
- イネ遺伝子の特徴
  - ・予測された遺伝子の平均長2643塩基対（シロイヌナズナ2013塩基対）

#### 遺伝子の予想される機能

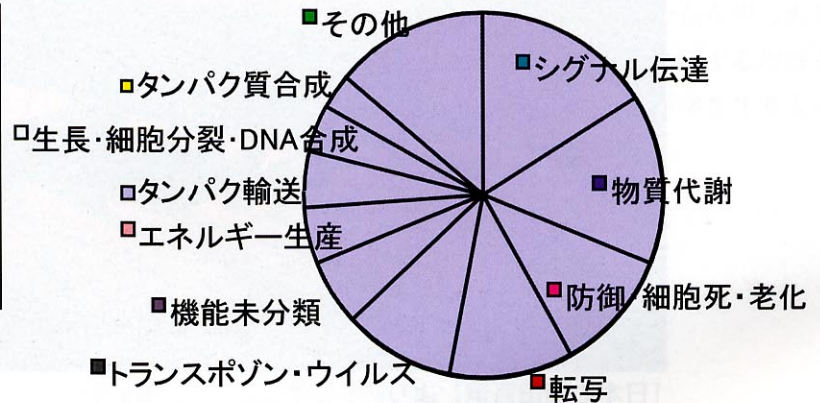


図5 イネ第1染色体塩基配列の解析結果

#### (2) 完全長cDNAライブラリーの整備

完全長cDNAは、遺伝子の機能を解明するために有力な道具であり、塩基配列を解読するためにも使われます。約3万種と推定されているイネの遺伝子を完全な長さで集めその性質を解析し、データベースを作成し、利用しやすい形で整理した完全長cDNAライブラリーの整備は、我が国の研究者が独自に開発した効率の高い技術を用い、組織的に行われています。平成

13年11月には全体の57%にあたる1万7千種の完全長cDNAが収集され、その塩基配列の解読を終了したことが公表されました。植物で1万種以上の完全長cDNAの収集・解析が達成されたのは、世界で初めてのことです。なお、今後激化する研究競争にうち勝ち、有用遺伝子の機能の解明を加速するため、当初目標（平成16年度までに整備）を2年前倒して研究が進められています。

## 完全長cDNA

遺伝子が発現するにはDNAの暗号情報がまずmRNAに写し取られ、その後タンパク質に翻訳されて初めて機能が発揮されます。全塩基配列の中から、ストレスや病害などの刺激や、発育段階特異的に遺伝子の発現を調節する部分などを除いた、機能を持った遺伝子部分のみがmRNAとして写し取られるため、このmRNAの解析が機能の解明に重要です。しかしmRNAはとても不安定で扱いにくいので、試験管内で人工的にmRNAから、逆にもとの遺伝子部分に相当するDNAを合成し（これをcDNAといいます）解析に使います。このcDNAの中で、もとの遺伝子部分を完全に反映している物を完全長cDNAと呼びます。つまり完全長cDNAは、遺伝子そのものであるといえます。完全長cDNAは全塩基配列の解読に役立つとともに、cDNAの情報に基づいてタンパク質を合成することにより、立体構造の解析やタンパク質間の相互作用等の機能を解明するために重要な研究素材となるものです。

### (3) 有用遺伝子の単離と機能解明

イネの全ゲノムの中から意味のある遺伝子を取り出し（この過程を単離と言います）、その機能を解明するため、①遺伝地図を利用する手法、②ミュータントパネルを利用する方法、③遺伝子モニタリング（マイクロアレイ<sup>2)</sup>）を利用する手法、④タンパク質の構造解析を利用する方法の4つの異なる手法を用い、それぞれの手法の特徴を生かした研究が進められています。

我が国におけるイネの最大病害であるイモチ病に対する抵抗性遺伝子、穂の出る時期を調節し、イネの地域適応性に重要な関わりを持つ感光性（日長に反応す

る）遺伝子など10個の遺伝子が、①の手法で単離され機能が解明されました。感光性遺伝子の単離は、これまで困難とされていた、相加的な働きをする遺伝子が遺伝地図情報に基づき単離できることを穀物において初めて示した画期的な成果です。また、②のミュータントパネルを利用して、穂発芽（降雨が原因となり、収穫前の種子が穂に着いた状態で発芽し、コメの品質が低下する現象）を抑制する遺伝子など、6個の遺伝子が単離され、機能が解明されました。この様にして、これまでに単離・特許出願された遺伝子は25個になります（表1）。

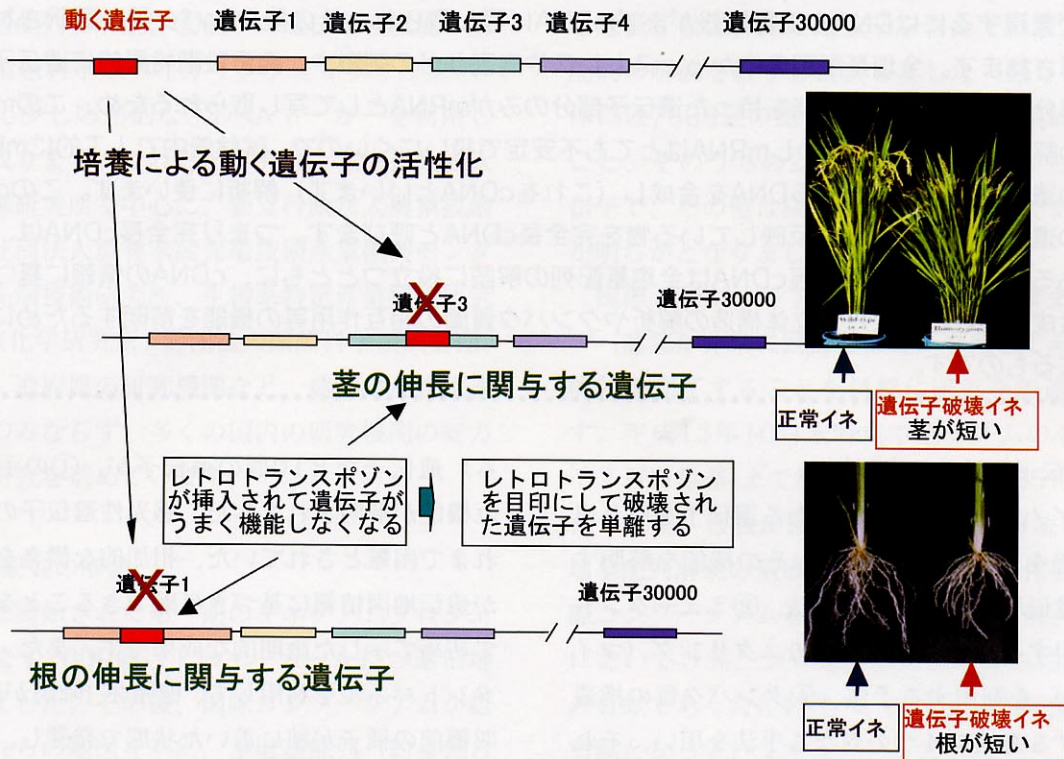
表1 イネゲノム研究で得られた遺伝子特許の例

	特許名	内容および利用法など
1	イネ白葉枯病抵抗性遺伝子	イネの重要な病害である白葉枯病の抵抗性に関する遺伝子。白葉枯病に弱い品種に、この遺伝子を導入すると、白葉枯病に強くなる。
2	イネいもち病抵抗性遺伝子	我が国でイネに最大の被害をもたらすいもち病の抵抗性に関する遺伝子。いもち病に弱い品種に、この遺伝子を導入すると、いもち病に強くなる。
3	感光性遺伝子	日本のイネの多くは日長がある程度短くなってから穂がでる。感光性遺伝子はどのくらい日が短くなったら穂が出るのかを制御する遺伝子。感光性はイネの地域と栽培適性に深く関わっている。北海道の品種の多くは、日が短くなってから穂がでると実る頃は寒くなりすぎるので、この遺伝子是不活化している。
4	ジベレリン3β水酸化酵素遺伝子	植物ホルモンの一種であるジベレリンの合成に係わる遺伝子。ジベレリンは草丈の制御に係わっており、この遺伝子を制御することによって、草丈を調節することが可能となる。草丈が高すぎると倒れやすくなるし、低すぎると収量が得られない。
5	穂発芽抑制遺伝子	イネが植物体についたまま降雨などにより発芽する穂発芽を抑制する遺伝子。穂発芽が起こると種子品質は著しく低下する。この遺伝子を活性化すれば降雨にあっても穂発芽せず品質を保持できる。

### 2) 遺伝子モニタリング（マイクロアレイ）

数センチ四方のガラス板等に数千から数万の遺伝子を張り付け、それぞれの遺伝子の発現を一度に検出する手法。例えば、2株のイネを正常に生育する温度と冷害になるような温度においてそれぞれからRNAを抽出しマイクロアレイ法によって比較すると、温度が低くなると発現が活発になる遺伝子、逆に発現が抑えられる遺伝子がわかり、耐冷性イネを育種する上での重要な情報となる。

ミュータントパネルを用いた遺伝子の単離・機能解析



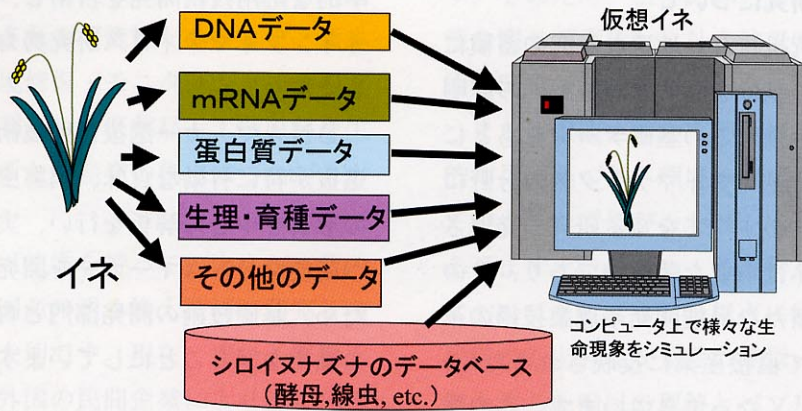
レトロトランスポゾンは染色体上を移動するいわゆる“動く遺伝子”の一種で、まず自身のコピーを作り、このコピーが染色体上の別の場所に移動します。移動した先に遺伝子があるとその遺伝子はうまく機能しなくなります。例えば茎の伸長に關与する遺伝子にレトロトランスポゾンが入り込み遺伝子を破壊すると、その個体は茎が伸びず草丈は低くなります。培養時のみ活性化して移動するイネのレトロトランスポゾン的一种 Tos17を世界に先駆けて発見し、Tos17によって誘発された突然変異集団（ミュータントパネル）を作製しました。Tos17によって誘発された突然変異体は、遺伝子組換え体ではないので、大規模な圃場で栽培することができます。また、Tos17の塩基配列は既知なのでこれを目印として、破壊された遺伝子を直接単離することが可能です。

(4) バイオインフォマティクス（生命情報科学）

生命現象を網羅的に解析するイネゲノム研究では、研究を進めるに従い膨大な量のデータが次々と生み出され、これまでのように個々の研究者が関連するすべてのデータを把握することが困難になってきました。そこでスーパーコンピュータを使ったバイオインフォマティクスにより、ゲノム塩基配列などの多様なゲノム情報から遺伝子領域・遺伝子機能を予測したり、研究者が使いやすい形のデータベースにまとめ、様々なタイプのデータベース間を相互にリンクし、機能解明を効果的に進めるシステムの開発を行っています（図6）。既に、INE（INtegrated rice genome Explorer）プログラムやイネ全自動アノテーション

システム（Rice Genome Automated Annotation System: RiceGAAS）を開発し、独自の視点で塩基配列から遺伝子領域・遺伝子機能を推定（アノテーション（注釈）付け）し、塩基配列情報と併せて公開しています。さらに、これまでの生理学的・育種学的データを含め、イネ全般にわたる総合的なデータベースの構築と、イネゲノム解析研究の成果を品種改良等に役立てるためのシミュレーター等の開発が進められています。

バイオインフォマティクスによって、それまで全く意味が分からなかったデータの意味が明らかになったり、関係のないと思われる現象間の関連性が明らかにされることが期待されています。



ゲノム研究では、膨大な量のデータが生み出されます。これをうまく利用するために様々なデータを利用しやすいようにデータベース化するとともに、それぞれのデータを関連づけて統合化し、より効率的な遺伝子機能の解明に役立てます。さらには、それらのデータを基にコンピュータ内で仮想イネを構築し、仮想実験を行うことも目指しています。

図6 イネゲノム研究におけるバイオインフォマティクス（生命情報科学）

#### (5) DNAマーカー育種

遺伝子は染色体単位でまとまって子孫へ伝わって行きます。そこで、病害抵抗性や収量性などの重要な形質を支配する遺伝子のすぐ近くにある目印(マーカー)DNAを選抜の目印として用いることにより、重要な形質を持つ個体を選抜することができます。この手法を用いると、例えば収量など、大規模に収穫できるまで圃場で生育させないと選抜できないような形質が幼苗で選抜できたり、食味など評価が一定せず選抜が難

しい形質について安定・客観的に選抜することが可能となったりします。

これまでに縞葉枯病抵抗性、ツマグロヨコバイ抵抗性に関するマーカーが特許出願され、さらにイモチ病抵抗性、良食味、耐冷性に関するマーカーの有効性の確認が進んでいます。DNAマーカー育種の分野は、イネゲノム研究の直接的な成果として作物育種の分野ではますます重要度が増している技術です。

#### 4. 今後のイネゲノム研究について

これまでの多大な研究投資と、地道な研究の蓄積により、イネゲノム研究の基幹をなす全塩基配列の解明にめどが立ちました。今後はこの基礎データをもとにその機能の解析やバイオインフォマティクスの分野に研究の中心を移し、イネのすべてを知る研究を発展させて行く予定です。イネは重要な農作物であり、そのゲノム機能の解明は、新たな品種開発や農業技術の革新といったことを通して直接産業に反映されるため、ますます国際競争が激しくなっています。この競争に打ち勝つためには高精度の塩基配列の解読を加速し、完全長cDNAライブラリーの整備を一刻も早く充実させることが重要です。このため農林水産省では、わが国の研究勢力を結集させてイネゲノム研究を加速し、また、成果の利活用の促進を図って行くこととしており、近い将来には農業ばかりでなく新産業の創出など実りの多い結果が得られると考えています。

##### (1) 国際競争に打ち勝つためのイネゲノム研究の加速化

我が国は国際コンソーシアムのリーダーとして、コンソーシアム各国の合意に基づいて全塩基配列の重要部分の高精度な解読を加速し、平成14年末までにはほぼ解読を終了することに最大限の努力をすることとしています。また、完全長cDNAが遺伝子の機能を解明するための重要な研究素材であることから、今後ますます熾烈になっていく国際的な遺伝子特許やタンパク質特許の取得競争に打ち勝つため、来年度中をめどにライブラリーの整備を行います。

整備された完全長cDNAライブラリーを使った機能の解明を進めるためには、cDNAクローンの増殖・配布のための方針・体制を早急に作る必要があります。また、研究推進部門と特許化支援部門とが連携をとりつつ、成果の特許化を促進することも大切です。

遺伝子の機能解明では、従来単離・解析することの難しかった遺伝子の機能解明を目指して、タンパク質が機能を発揮する上で重要な立体構造やタンパク質間の相互作用を解析する方法、完全長cDNAを導入した組換え体を作成して形質の変化を解析する方法等の新たな手法を取り入れて行きます。

バイオインフォマティクスについては、今後はイネだけでなく植物の遺伝子ネットワーク全体を明らかにすることを通じて植物機能のより深い理解と、より効

率的な応用技術開発を目指し、他の生物や外国のバイオインフォマティクス研究勢力との一層の交流を促進します。

DNAマーカー選抜育種技術については、マーカー選抜が特に有効な食味、病害虫抵抗性、直播適性などの形質を中心に解析を行い、実際の育種現場で有効かつ簡便なDNAマーカーを開発、実用化します。このため、基礎技術の開発部門と育種現場との連携の一層の強化を図ることにしています。

##### (2) 研究勢力の結集

我が国の植物ゲノム研究を強力に押し進めるためには、産学官のそれぞれの特徴を生かした役割分担の明確化と連携の強化が不可欠です。多種多様なゲノム情報とcDNAクローン、突然変異体、種子等の遺伝資源（これらをまとめてゲノムリソースと呼ぶ）の相互の利活用を一層促進するとともに、研究成果を社会に還元するため、知的所有権に留意しつつ研究成果の公表に努め、関係する研究者等からのゲノムリソースへのアクセスの改善を図ることが重要です。また、情報のみならず、海外の研究機関を含めた研究者の交流を促進して、研究勢力の結集をはかります。

今後、イネゲノム研究を植物ゲノム研究全体に広げ、食料・農業問題や環境問題の解決、新産業の創出、新しい植物生命科学の構築につなげていくため、ゲノムリソースを一元的に掌握するとともに、解析のセンター化、優秀な人材の確保と、研究リーダー権限強化により、植物ゲノム研究全体の推進に対して調整機能を併せ持つ国際的水準の中核的研究拠点を築きます。また、広範な研究勢力の結集に当たっては、産学官の研究組織の有機的連携に向けて、農林水産技術会議事務局では企画調整機能を果たします。

##### (3) 成果の利活用の促進

イネゲノム研究の成果が直接活かされる分野には、遺伝子の塩基配列そのものを選抜の指標とする育種技術の高度化や、品種判別・品質評価手法の高度化、栽培技術の高度化、遺伝子組換え技術による画期的な作物の開発などが挙げられます。特に、組換え体の開発に際しては、消費者ニーズの的確な把握を行うとともに、交雑育種など従来からの育種に関わる研究者と遺伝子組換えに関わる研究者、そして食品産業に関わる研究者が一体的に研究をして行くことが重要です。

農業以外の場面でも、イネゲノム研究の成果を利用して新たな産業が創出される可能性があります。新エネルギー資源開発、環境修復・モニタリング技術の開発、太陽エネルギーを利用して医薬品・工業原料を生産する植物工場など、新たな産業の創出につながるものと期待されます。

組換え作物は大きな可能性を持っていますが、その実用化にあたっては、国産の組み換え技術の開発と国民の理解を得る努力が大切です。現在、遺伝子組換えに関する技術の多くが外国の民間企業により特許化されており、我が国の関連産業発展の支障となっていま

す。そのため、組換え体の作出に必須な基本技術を可能な限り国産化し、社会的受容に配慮した効率的な技術の開発が急務です。

また、組換え体の実用化にあたっては、最新の科学的知見に基づき、環境や健康などに与える影響についての十分な評価が行われ、安全性が確保される必要があります。このため、イネゲノム研究の成果の活用においても、こうした視点に留意しつつ、研究開発の段階から十分な安全性の確認、国民への適切な情報提供を通じた国民の理解とパブリックアクセプタンスの促進に取り組んでいくこととしています。

〒100-8950 東京都千代田区霞が関1-2-1  
農林水産省 農林水産技術会議事務局  
農林水産省 農林水産技術会議事務局  
TEL 03-3502-8111 FAX 03-3507-8794  
E-mail: www.s.affrc.go.jp

農林水産研究開発レポート No.2 「イネゲノム情報を読む」  
2002年1月10日 発行

監 修 農林水産省 農林水産技術会議  
編集・発行 農林水産省 農林水産技術会議事務局  
〒100-8950 東京都千代田区霞が関1-2-1  
TEL 03-3502-8111 FAX 03-3507-8794  
http://www.s.affrc.go.jp

## 本レポートについてのご意見・ご感想を募集します

今後のレポート作成の参考とするため、皆様から幅広いご意見・ご感想をE-mail、ファックス、郵便等によりうけたまわっていますので、下記宛までお寄せ下さい。

住所：〒100-8950 東京都千代田区霞が関1-2-1

農林水産省 農林水産技術会議事務局 技術政策課企画調整班  
(担当) 森澤、中井

電話：03-3501-4609 (直通)

03-3507-8794 (FAX)

E-mail：www@s.affrc.go.jp



農林水産研究開発レポート No.2 「イネゲノム情報を読む」  
2002年1月10日 発行

監 修 農林水産省 農林水産技術会議  
編集・発行 農林水産省 農林水産技術会議事務局  
〒100-8950 東京都千代田区霞が関1-2-1  
TEL 03-3502-8111 (代) FAX 03-3507-8794  
<http://www.s.affrc.go.jp>