

植物科学シンポジウム

【主催】

大学植物科学者ネットワーク

独立行政法人 農業生物資源研究所

独立行政法人 理化学研究所 植物科学研究センター



# 植物の 総合的理解と 生産性向上

要旨集

2006年12月1日[金]

10:00 → 18:00 (開場 9:30)

コクヨホール

東京都港区港南 1-8-35

<http://www.kokuyo.co.jp/service/kokuyohall/map.html>

【シンポジウム専用ホームページ】

<http://www.kuba.co.jp/plant-science/>

# 植物の

総合的理解と

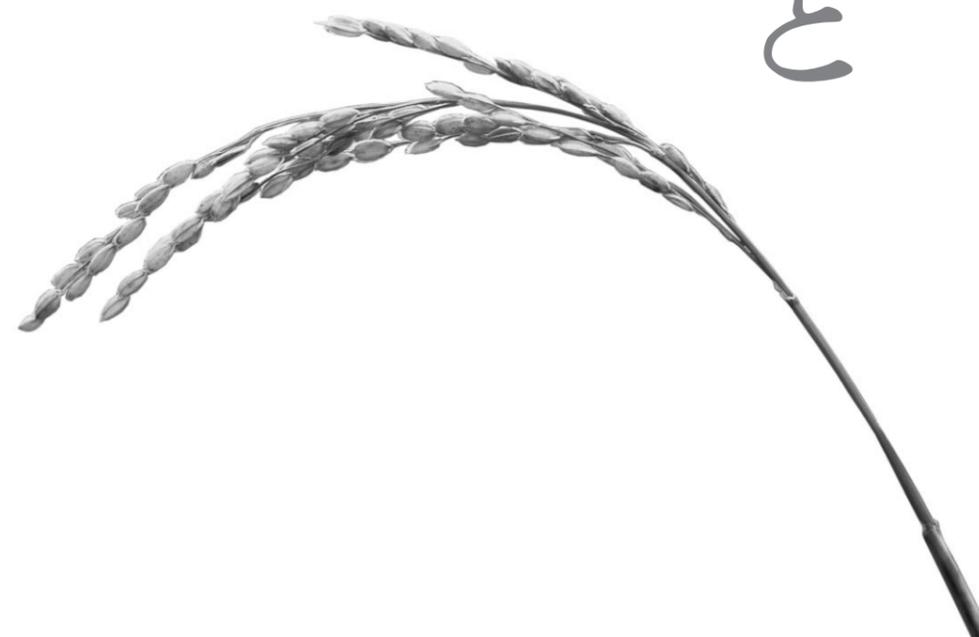
生産性向上



10:00 ~ 10:10	はじめに	
10:10 ~ 10:25	日本の植物科学のさらなる発展を願って 元奈良先端科学技術大学院大学学長 山田 康之	
10:25 ~ 11:55	イネ有用遺伝子発掘とゲノム育種戦略 農業生物資源研究所 QTL ゲノム育種研究センター長 矢野 昌裕	4
	健康機能性組換え米の開発状況 農業生物資源研究所遺伝子組換え作物開発センター長 高岩 文雄	7
12:50 ~ 14:20	植物幹細胞の分裂・分化を制御する小ペプチドの発見 東京大学大学院理学系研究科教授 福田 裕穂	10
	イネゲノム情報に基づいた作物分子育種の可能性 名古屋大学生物機能開発利用研究センター教授 松岡 信	12
	イネの開花制御 奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科教授 島本 功	13
14:30 ~ 16:00	「植物生産力向上のためのメタボリックシステムの解明」について 理化学研究所植物科学研究センター長 篠崎 一雄	16
	メタボロームプラットフォームの構築と代謝ネットワーク解析 理化学研究所メタボローム基盤研究Gディレクター 斉藤 和季	18
	シロイヌナズナ変異体リソースの整備とフェノーム解析 理化学研究所植物ゲノム機能研究Gディレクター 松井 南	20
16:15 ~ 18:00	『第3期科学技術基本計画と植物科学の推進』 内閣府政策統括官(科学技術政策担当)付参事官(ライフサイエンス担当) 山本光昭 文部科学省ライフサイエンス課課長 松尾泰樹 農林水産省技術会議事務局先端産業技術研究課課長 高野浩文	
	総合討論	
18:00 ~ 18:05	閉会の辞	
18:10 ~ 19:30	懇親会	
	巻末：総合科学技術会議第3期科学技術基本計画ライフサイエンス分野 推進戦略（抜粋）	22

(独)農業生物資源研究所

# 植物の 総合的理解と 生産性向上



# イネ有用遺伝子発掘とゲノム育種戦略

矢野 昌裕

独立行政法人 農業生物資源研究所 QTL ゲノム育種研究センター

イネゲノム塩基配列の解読ならびに遺伝子単離や機能解析に関する情報やツールの充実を背景に、品種改良において選抜対象となる重要形質の遺伝解析や関与遺伝子の同定は急速に進展してきた。一方、従来から収集・保存されている多様な遺伝資源も、基礎研究の素材ならびに育種素材として、その重要性が再確認されてきている。この背景の中で、農林水産省の委託プロジェクト「ゲノム育種による効率的品種育成技術の開発」(通称グリーンテクノ計画)では、充実した遺伝子情報を活用したイネゲノム育種を平成17年度から開始している。ここでは、ゲノム育種のなかでも、マーカー選抜育種に焦点をあて、研究の現状とともに、今後の問題点あるいは新たに取り組むべき研究領域について紹介する。

## イネにおけるマーカー選抜育種の現状

有用遺伝子に連鎖するDNAマーカーの同定が進展し、コシヒカリなどの優良品種に、病害抵抗性などの農業上有用な遺伝子を導入した同質遺伝子系統(IL)の作成が効率化された。マーカー選抜によるILs育成はイネゲノム育種の一部として、積極的に取り組まれている。有用遺伝子を遠縁品種から導入する場合、劣悪な遺伝子との密接な連鎖が、大きな障害となる(連鎖の引きずり)。従来の表現型に基づく選抜では、この連鎖の引きずりの解消には多大な労力と時間がかかるか、あるいは現実には解消できない場合もあった。選抜対象の遺伝子が単離同定されているか、あるいは候補ゲノム領域がある程度限定されている場合に、マーカー選抜はこの問題を解決する有効な手段となる。現在マーカー選抜育種の対象となっている形質としては、いもち病圃場抵抗性、縞葉枯病抵抗性、トビイロウンカ抵抗性、出穂期などである。これらの形質に関与する遺伝子の一部は、マップベースクローニングにより単離・同定されている。この中でも、いもち病圃場抵抗性遺伝子*pi21*の導入に際しては、これまで数十年間、解決できなかった連鎖の引きずりを解消するための近傍組み換え個体の選抜が可能となり、現在、最終段階の特性評価に取り組んでいるところである。

IL作出に関しては、既にコシヒカリに半矮性遺伝子*sd1*を導入し、耐倒伏性を向上させた系統や早生遺伝子*hd1*を導入した系統が作出されている。もちろんILそのものでも新品種として利用は可能であるが、作出したILを交雑することで、異なる遺伝子を組み合わせたILの作出が、マーカー選抜によって可能になった(遺伝子ピラミディング)。特定の地域の環境や、消費者のニーズに対応するために、品種が備えるべき特性をデザインし、さらにマーカー選抜によって、それを実現するテラーメード育種がようやく

可能になったといえる。

## 実験系統群の作出と有用遺伝子の発掘

現在、IL作出の目標となっている有用遺伝子には、過去に育種家が特定の供与親品種を選抜して、その有用性を既に認知していたものが多い。今後、ゲノム育種の適用範囲を拡大するためには、新たな価値を付加するための有用遺伝子発掘が不可欠である。遺伝子の発掘には、多様な遺伝資源が不可欠である。農業生物資源研究所のジーンバンクには約3万点のイネ品種が保存されているが、すべての系統についてその表現型を逐一調べることは困難である。そこで、より迅速に、かつ効率的に有望系統の同定を進めるために、約3万点のアクセッションから代表するコアコレクションを作成した。これらの系統は、現在ジーンバンクから公開分譲されている。一方で、これらのコレクションのSNP解析が大規模に進められ、現在147種のコレクションに対し、ゲノム中で約1,000カ所の塩基配列情報を解析したところである。これらの情報は、表現形質と塩基配列情報をあわせたアソシエーション解析によって、新規な遺伝子の発見につながることを期待される。しかしながら、アソシエーション解析を育種において重要な形質すべてに適用することは困難である。信頼性の高い、詳細な遺伝解析を行うためには、品種間交雑に由来する様々な実験系統群が必要となる。例えば、QTL解析において、もっとも障害になる点は、作成した系統群において、出穂期の変異が大きいということである。出穂期の違いは、品質・食味、収量など多くの重要な農業形質に影響を与えることから、出穂期の変異は最小限にすることが必要となる。この問題を解決するために、現在コシヒカリを繰り返し親として、日本型品種、インド型品種あるいは近縁野生種などおよそ30系統を供与親とした、染色体断片置換系統群(CSSLs)の作出に取り組んでいる。既に、いくつかのCSSL群を作出し、イネゲノムリソースセンターを通じて、公開・分譲を行っている。これらの系統群を利用することにより、品種の変異のなかに隠れ埋もれている新規有用遺伝子の発掘が加速されると期待される。ここでは、出穂期やかん長に関する解析結果を例にとって、遺伝解析用実験系統群の有用性について紹介したい。

## 新たな挑戦 ゲノムシャッフリングにむけて

収量、ストレス耐性あるいは食味など、多くの重要な農業形質については、その遺伝が極めて複雑であり、また環境によってその形質発現は大きく影響をうける。これらの形質については、上述のテラーメード育種を実行できるほど、遺伝子の解析が進んでいない。例えば、収量に大きく関与する粒数に関与するQTLはゲノム中に数多く存在し、それぞれの遺伝子の作用は比較的小さいことが明らかになってきた。効果の小さな多数の遺伝子を戻し交雑によって導入・集積していくことは、理論上は可能であるが、現実には労力あるいは時間の面から不可能である。この問題を解決するために、従来のイネ育種では適用されなかった循環選抜育種法の試行を行っている。自殖性作物のイネでは、通常は雑種の世代を進める際にホモ化が進む。このホモ化は固定系統を得るためには不可欠であるが、遺伝子の自由な組み合わせを作りだすためには必ずしも望ましくはない。循環選抜育種法は、雑種後代において任意交配を繰り返し、ゲノム中の遺伝子のシャッフリングしながら、望ましい表現型を示す個体の選抜を繰り返すことによって、雑種集団の改良を行う方法である。自殖性作物のイネでも、人為的な交配作業を継続することによって、染色

体組み換えの効果を最大限に発揮させながら、望ましい組み換え個体を選抜することができると考えられる。循環選抜育種によって、選抜集団中に生じる遺伝子の組み合わせパターンが多様化し、しかるべき選抜を加えることによって、望ましい遺伝子群の集積が期待される。ここでは現在進めている、CSSLs系統群を活用したゲノムシャッフリング育種について紹介する。

循環選抜育種法自体は新しい育種法ではないが、従来はこの方法によって、優良系統が育成されても、遺伝子の組み合わせパターンを調べることができなかった。今ではDNAマーカーを利用することで、遺伝子の組み合わせを評価できる。ゲノムのシャッフリング効果をモニターしながら、さらに必要な遺伝子を導入して、さらに選抜をくり返すゲノムシャッフリング育種の実践により、従来、存在しなかった遺伝子構成の個体を創出することが可能であると考えられる。

### 今後の問題

ゲノム解析による情報ならびにツールの充実によって、前述のようにいくつかの重要形質の遺伝解析あるいはゲノム育種は進展してきた。しかしながら、まだ多くの形質に関しては遺伝解析すら進んでいないのが現状である。収量性（シンク能およびソース能）、直播適性（低温発芽苗立ち性、耐倒伏性）、高温登熟性、乾燥ストレス耐性、紋枯病抵抗性および食味・品質などがこの代表である。これまでの研究によって、複雑な遺伝形質についても、遺伝的要因への分解と遺伝子同定が可能であることが実証されてきたが、一方で、より複雑な重要形質の解析については、ようやくスタートラインに立った状況である。今後は、これらの重要形質の信頼できる形質評価の確立ならびにその評価法に耐えうる実験系統群の充実を進めながら、ゲノム育種の適用範囲を拡大していくことが必要であろう。

## 健康機能性米の開発状況

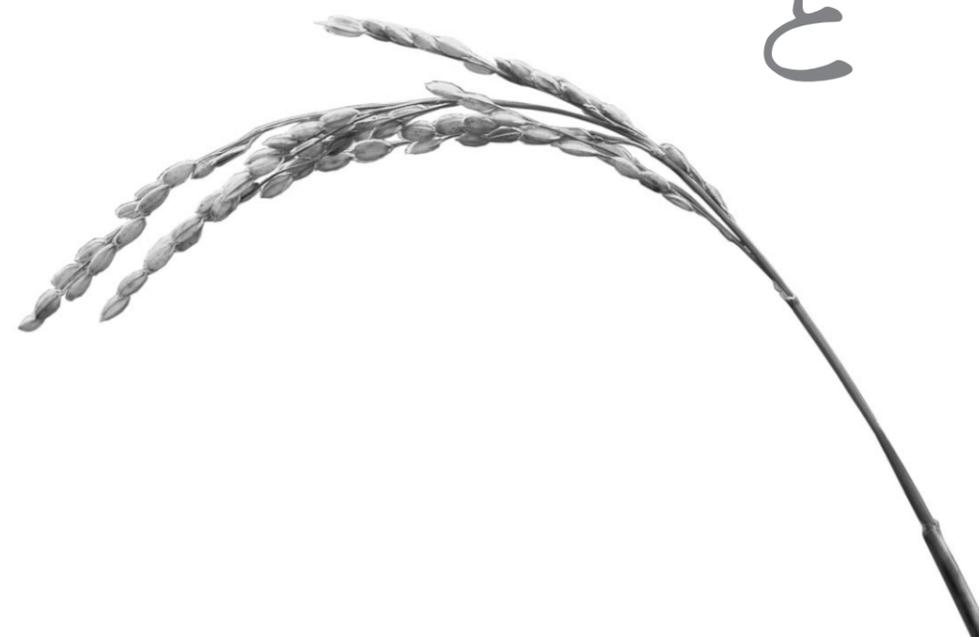
高岩 文雄

独立行政法人 農業生物資源研究所遺伝子組換え作物開発センター

消費者利点のある健康機能の向上や病気予防を目指した第2世代の遺伝子組換え作物の開発が世界的に活発に進められている。こうした健康機能性を付与した遺伝子組換え作物は、ビタミンやミネラルの強化や必須アミノ酸成分など栄養成分を改善、生活習慣病およびアレルギー疾患に対して予防や緩和機能の付与、また全世界に広まりを見せる感染症に対して食べるワクチンの生産などをターゲットとしている。そして、世界の多くの人々が苦しむ栄養不良や感染症、また生活習慣病やアレルギー疾患に対して、作物から有用成分を抽出することなく、直接食べることを通じて、これら疾患に対して予防や緩和効果を発揮させようとするものである。まさに医食同源を極めたものであり、簡便かつ容易であることから多くの人達にとって、利点が感じられるような作物である。我々はすでに、発展途上国のために鉄含量を強化したフェリチン米の開発を進めてきた。他方、日本をはじめとする多くの先進国のために、インスリン分泌促進機能を有するグルカゴン様ペプチドを米中に蓄積させ、食後の血糖値の上昇を制御することで 型の糖尿病予備軍のための糖尿病予防米、血圧降下機能ペプチドを米中に蓄積させた高血圧低下米などの生活習慣病予防米の開発を進めている。一方、アレルギー疾患や予防を目的に、スギ花粉症の原因物質となっている花粉抗原の一部を米中に蓄積させ、アレルギー疾患の唯一の根治的治療法として用いられてきた減感作療法（スギ花粉抗原を注射で投与し、3～5年かけて免疫反応性を変える治療法）の原理を利用して、食べることで抗原に対する免疫反応性を低下させること（経口免疫寛容）を目指したスギ花粉症緩和米の開発も進めている。我々が開発を進めている健康機能性組換え米は、炊飯した米でも機能性が保持されていることから、毎日の食事を通じて、予防や緩和が可能になる。さらに、生物活性をもったペプチドや蛋白質を大腸菌や酵母を宿主にして生産する従来の生産システムと異なり、抽出・精製を要しないことから安価に生産でき、また必要量に応じて生産拡大が容易である。また特別の施設を必要とせず、米で生産することでプリオンやウイルスまた毒素などの混入もなく安全であるといった多くの利点を持っている。

しかし、こうした健康機能性の組換え作物は、医薬品に近い機能も付与されていることから、実用化の過程では、食べた時の安全性については充分調査しておく必要がある。また栽培過程での花粉の飛散や流通過程で、非遺伝子組換え作物との交雑や混入が完全に起きないような製品化のプロセス、万が一混じた場合でも回収できるような識別マーカー遺伝子の導入やトレーサビリティの確保を通じて、健康機能性組換え作物を必要とする人達だけに提供できる、システムの構築が実用化を進める上で極めて重要である。

# 植物の 総合的理解と 生産性向上



# 植物幹細胞の分裂・分化を制御する小ペプチドの発見

福田 裕穂

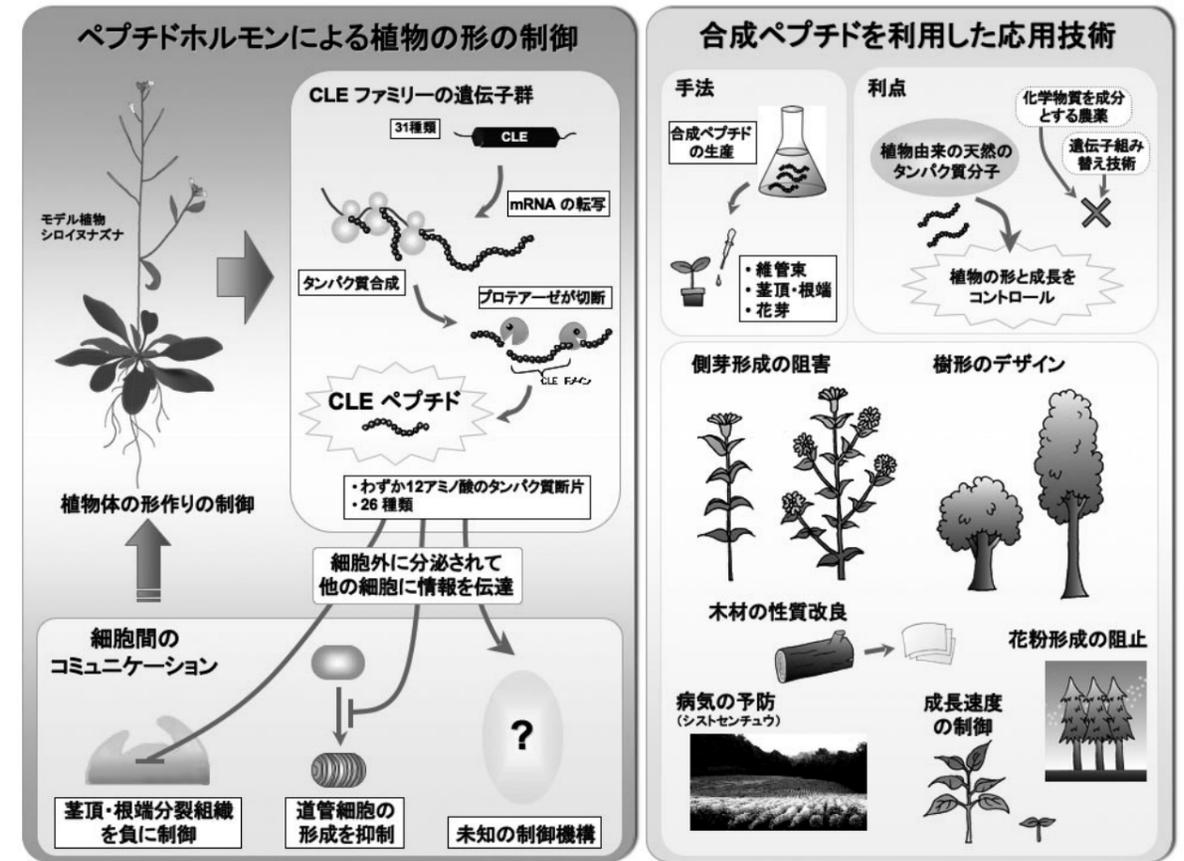
東京大学大学院理学系研究科

植物の幹細胞は茎・葉を作る茎頂メリステム、根を作る根端メリステム、さらに維管束を作る前形成層・形成層中に生ずる。幹細胞は分裂を行い、未分化状態を維持しつつ、新たな細胞分化を起こし組織を作っていく。この植物幹細胞の未分化状態の維持と細胞分化のスイッチはどのように制御されているのだろうか。この過程の理解は、人為的に植物の成長を制御する技術開発の根幹をなすと考えられる。

そこで私たちは、植物幹細胞の未分化状態の維持と細胞分化のスイッチ機構を明らかにするために、独自に開発したヒヤクニチソウ単細胞分化誘導系 - 葉肉細胞から維管束幹細胞を経て道管細胞へと分化する系 - を用いて解析している。2年程前に、細胞外に分泌され、道管細胞の分化を促進するタンパク質を見つけこれをザイロジェンと名付けた（本瀬ら, Nature 429, 873-878, 2004）。この過程で、阻害する細胞外因子に気づき、そのような分子を、TDIF (Tracheary elements Differentiation Inhibitory Factor) と名付け、探索を行った。そして、最終的に2個の水酸化されたプロリンを含む12個のアミノ酸からなる小ペプチドがTDIFの正体であることを見出した（伊藤ら, Science 313, 842-845, 2006）。TDIFは30 pM というきわめて低濃度で前形成層から道管細胞の分化を阻害した。この原因遺伝子を単離したところ、シロイヌナズナの *CLE41*、*CLE44* に相当する遺伝子であることが分かった。植物中には *CLE* と総称される、部分的によく似た30種以上の遺伝子が存在する。これらの遺伝子は100以上のアミノ酸からなるタンパク質をコードしているが、私たちの発見から、*CLE41*、*CLE44* タンパク質は、12個のアミノ酸として切り出され、さらに水酸化されることにより、活性ペプチドとなることが分かった（図）。

それでは、他の *CLE* タンパク質は同じような切り出しを受けて活性型ペプチドとなるのであろうか。この *CLE* グループには、茎頂において幹細胞の維持と分化のスイッチに働く *CLAVATA3 (CLV3)* 遺伝子が含まれている。しかし、*CLV3* の機能の実体は分かっていなかった。そこで、この *CLV3* のタンパク質レベルでの解析を、名古屋大学坂神洋次教授、近藤竜彦助手と共同で行った。その結果、*CLV3* も保存された2個のプロリンが水酸化された12個のアミノ酸からなる小ペプチドとして切り出されて、機能することが明らかとなった（近藤ら, Science 313, 845-848, 2006）。

そこで、シロイヌナズナのゲノム上に存在する *CLE* 遺伝子すべてに対応する、26種類の小ペプチドを、2個のヒドロキシプロリンを入れて化学合成し、その活性を調べた。すると、26種類は、道管分化を阻害するもの、茎頂の幹細胞維持を阻害するもの、根端の幹細胞維持を阻害するもの、機能未知のもの、植物細胞間の対話に関して多様な働きをもつことが分かった（図）。このように、今回の私たちの発見によ



CLE ペプチドの機能と利用を示すポンチ絵

り植物幹細胞の維持・分化スイッチのための細胞間の対話の言語（リガンド）として、多様な *CLE* 小ペプチドが使われていることが明らかになった。

この *CLE* 遺伝子群は、植物幹細胞の維持・分化に加え、根粒の形成、ダイズのシストセンチュウの感染などにも関与していると予想されている。また、今回の研究で明らかのように、外からペプチドを与えて植物成長をコントロールできるという性質を持つ。今後は *CLE* 小ペプチドのそれぞれの機能を明らかにすることで、植物の成長制御における広範な小ペプチドの関与が明らかになるであろう。そして、多くの植物ホルモンが成長調整剤として農業に利用されているように、*CLE* ペプチドの機能解明が進むにつれ、*CLE* ペプチドの農業的な応用への道も広がりを見せるものと期待される（図）。

# イネゲノム情報に基づいた 作物分子育種の可能性

松岡 信

名古屋大学生物機能開発利用研究センター

イネは他のイネ科作物と比べてそのゲノムサイズが430 Mbと小さく(トウモロコシの1/10、コムギの1/40)ゲノム研究に適した性質を持っている。一方、イネと他のイネ科穀物とのゲノム構造は良く保存されていることが知られている。このイネ科穀物間のゲノムシンテニーは、トウモロコシやコムギの有用遺伝子の単離・解析の際に、これらの作物を直接ターゲットとすることは困難でも、イネで目的とする遺伝子の位置を特定・単離することにより、他の穀物の遺伝子を単離することが可能となる。このような状況を受けて、国際共同プロジェクトとしてイネのゲノム構造解析が進められ、2004年にその完全配列決定が終了した。

我々は、このイネゲノム情報を有効に利用して、イネの農業的有用遺伝子を単離・解析し、育種的に利用することを目指している。農業的有用形質は、複数の遺伝子作用によって決定されるQTL形質である場合が多い。このようなQTL形質は、一つの遺伝因子により制御されメンデル遺伝を示す質的形質と異なり、原因となる遺伝子の単離やその機能解析は極めて困難な場合が多い。そこで我々は、農業的有用形質の典型的な例である着粒数に着目して、実際にQTL遺伝子の単離を試みると同時に、複数のQTL遺伝子を組み合わせることで実際に育種的应用が可能かどうかの検証を行った。ジャポニカ米のコシヒカリに比べ、インディカ米のハバタキは植物体の草丈が低く、多くの粒数を実現する。この着粒数と草丈を制御する遺伝子を同定するため、2種を掛け合わせQTL解析を行った。その結果、粒数(Grain number)に影響を与えるQTLを5つ(Gn1 - Gn5)、草丈(Plant height)に影響を与えるQTLを4つ(Ph1 - Ph4)見出し、これらの最大効果遺伝子を解析した。その結果、Ph1はイネの緑の革命の原因遺伝子であったsd1と同一座であることが確認された。一方、Gn1は第1染色体上腕部に位置しており、詳しい遺伝学的解析により、サイトカイニンオキシダーゼ/デヒドロゲナーゼ遺伝子(CKX)をコードすることを突き止めた。

次に単離した遺伝子の育種的利用の可能性を確かめるために、Gn1とPh1のQTL遺伝子領域をコシヒカリに導入し、それらを併せ持つ系統を作出した。その結果、コシヒカリに比べ粒数が約20%増加し、草丈は約18%低くなったこのように、イネゲノムの情報とツールはQTL遺伝子の組み合わせにより目的にあった「テーラーメイド分子育種」を行うことを可能とした。イネをはじめ作物は長年の育種過程の間に、耐病性や環境耐性などに関わる遺伝子を失ってしまった可能性が指摘されている。一方、これらの作物は野生種を含め世界中に特徴のある様々な品種がコレクションされている。これらの中から生産性向上に関わる遺伝子の探索を行い、従来品種に導入すればさらなる増収が期待できる。

# イネの開花制御

島本 功

奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科

植物の開花制御の研究は長い歴史を持っている。その手法は生理学、遺伝学をはじめ多くの方法を用いて行われてきた。この10数年は主にモデル植物を用い分子遺伝学的手法を用いて研究がなされて来た。長日植物ではシロイヌナズナが、短日植物ではイネが主に使われている。長日植物のシロイヌナズナでは4つの開花制御経路が明らかになっている。それに対しイネにおいては春化处理の効果がないことなどから、主な制御経路は日長により制御される光周性経路であると考えられている。

これまでの研究によりイネとシロイヌナズナにおいて光周性経路に関わる主要遺伝子は保存されていることが明らかになっている。それらは*GI-CO-FT*であり、イネでは*OsGI-Hd1-Hd3a*と呼ばれる。我々のグループは*OsGI*の過剰発現とRNAiイネの解析から、イネとシロイヌナズナの違いは*CO/Hd1*による*FT/Hd3a*遺伝子の制御の違いによって生じるというモデルを提唱した(Hayama *et al.*, 2003)。つまり短日植物のイネにおいては開花抑制する条件である長日条件では*Hd1*は*Hd3a*の発現を抑制する。一方、短日条件下ではシロイヌナズナと同じように*Hd1*は*Hd3a*の発現を促進する。このモデルによれば、*Hd1*は日長条件により*Hd3a*を促進したり抑制したりすることになる。一方イネの光中断の研究により夜間の短い光パルスが*Hd3a*の発現を強く抑制することが分かってきた(Ishikawa *et al.*, 2005)。

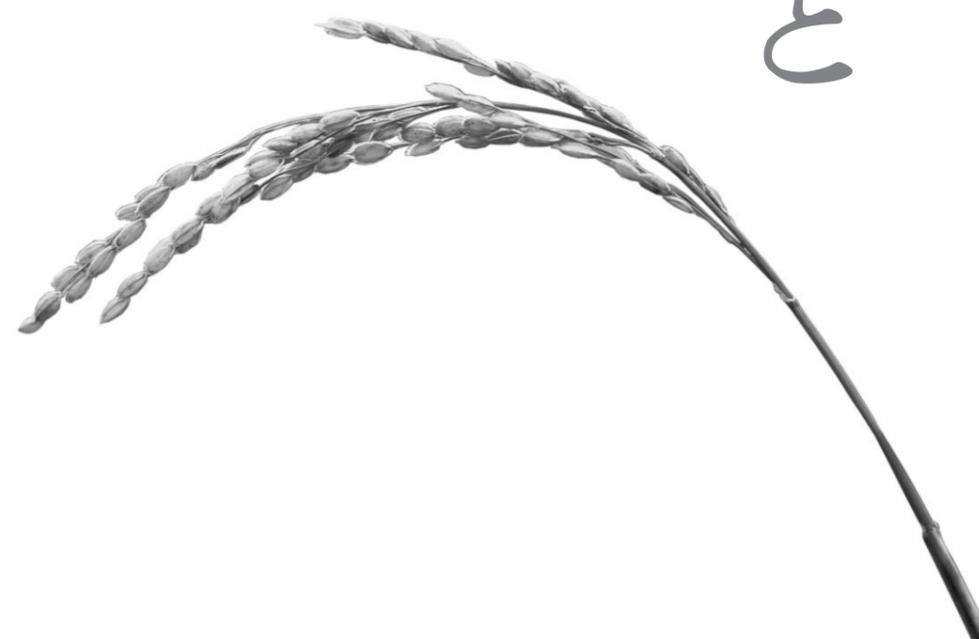
今回の講演では上記のモデルの確かめるために行った研究をいくつか紹介する。それらの結果は、モデルをサポートするとともに、光が長日条件における*Hd3a*発現の主要な抑制因子として機能していることを示唆している。

- Hayama R. *et al.*, (2003) Adaptation of photoperiodic control pathways produces short-day flowering in rice. *Nature* 422:719-722.
- Ishikawa R. *et al.*, (2005) Suppression of the floral activator *Hd3a* is the principal cause of the night break effect in rice. *Plant Cell* 17: 3326-3336.

14:30 ~ 16:00

(独)理化学研究所  
植物科学研究センター

植物の  
総合的理解と  
生産性向上



# 「生産性力向上のためのメタボリックシステムの解明」について



篠崎 一雄

独立行政法人 理化学研究所植物科学研究センター

グリーンテクノ計画をコアに平成17年度に新たな植物科学研究プロジェクトが始まりました。イネのゲノム解読を中心に企画されたミレニアムプロジェクトから新たに発展させて植物の生産力向上に関わる多くの遺伝子の機能を明らかにし、その成果を分子育種に応用展開しようとするものです。現在ではシロイヌナズナ、イネに続いてポプラなどのゲノムシーケンスが決定し、マメ科、ナス科、さらに大きなゲノムを持つ作物がゲノムシーケンスの対象として次々と取り上げられています。これらのゲノム情報を基礎に植物のいろいろな生理機能や成長制御、器官形成、環境や他の生物との相互作用などをシステムとして理解する新たな植物研究が始まっています。さらにモデル植物のゲノム機能解析で得られた知識を利用して作物や樹木に応用するバイオテクノロジーへの展開が急速に進展しています。

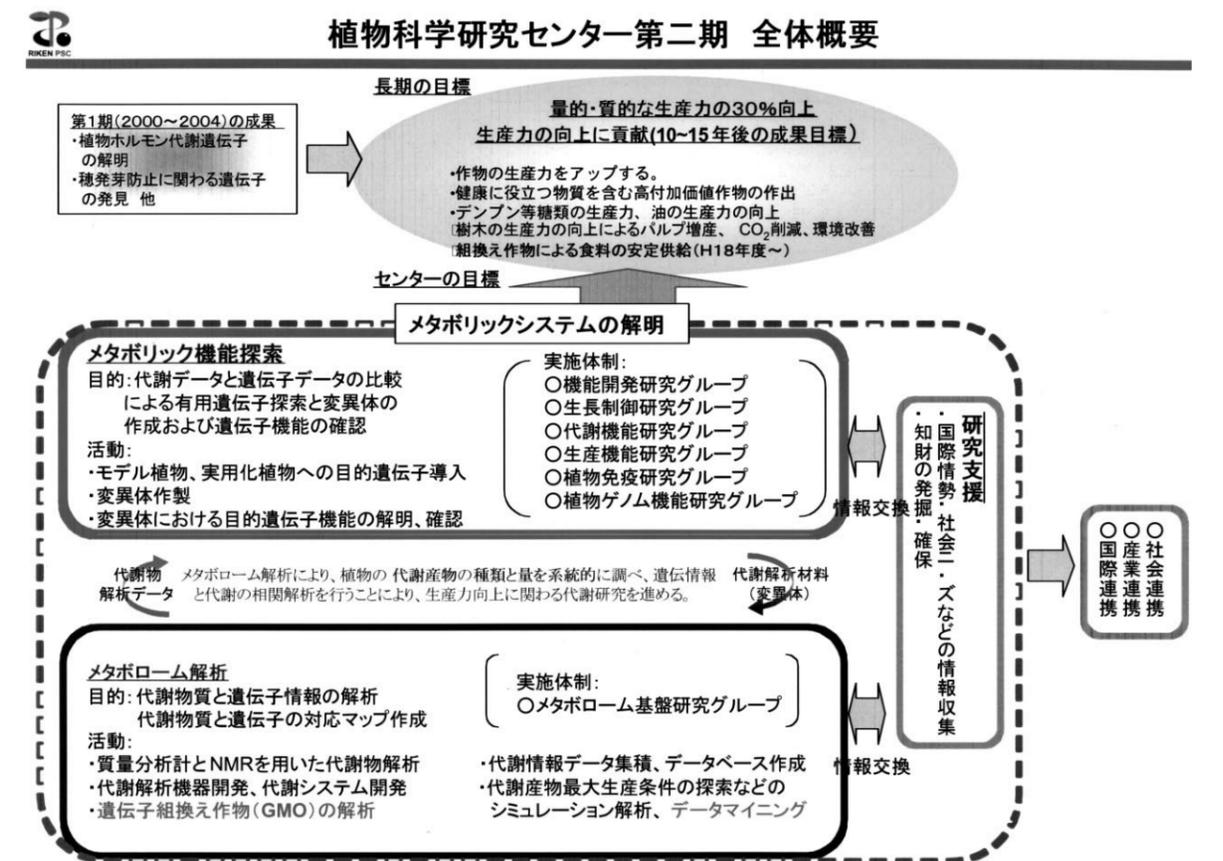
このような研究の推進には個別の研究者の独創的な研究だけでなく、研究拠点によるゲノム基盤を利用した研究プロジェクトとの連携が必要です。また、ゲノム機能研究の進展に伴い、遺伝子発現プロファイル、タンパク質発現プロファイル、代謝プロファイル、さらに突然変異体と表現型情報など大量のデータが集積しておりこれらのゲノム関連データを利用するためのバイオインフォマティクスの発展と利用の拡大が求められています。ゲノム機能情報解析のための研究拠点の整備も求められています。

独立行政法人理化学研究所、植物科学研究センター（PSC）では、平成17年度から開始した第2期においては“シロイヌナズナのゲノム情報とリソース”、および“植物ホルモンに関する強い生化学的解析基盤”を基にして、ゲノム機能研究を発展させてメタボローム解析研究を中核の研究基盤としてプロジェクトを計画しました。これらのゲノム機能解析基盤を利用して、植物の量的ならびに質的な生産力向上を目指した研究プロジェクト「メタボリックシステムの解明」を進めています。特に、第一次生産者としての植物機能に関わる重要な遺伝子の探索と機能の解析に重点を置き、モデル植物を用いて生産性向上に資する成長制御、代謝制御、環境ストレスや病害虫への耐性付与に関する研究を進めています。さらに比較ゲノム研究を基にモデル植物での研究成果を作物、樹木の生産力向上へ繋げて、植物を利用した物質生産、食料の安定供給、人の健康に役立つ植物の新機能を発掘し、産業連携、国際連携研究を積極的に進めています。

理研PSCでは以下の4重点項目で研究プロジェクトを進めており、本講演では発足後2年目での研究体制の整備、研究プロジェクトとの進展、さらに代表的な成果に増して紹介し、研究拠点として今後の連携に関しても説明したいと思います。

- 1)メタボローム解析プラットフォームの基盤整備とトランスクリプトーム、プロテオームなどと統合によるゲノム機能研究の推進 (Metabolomics)
- 2)モデル植物のゲノム機能研究を基盤として生産性向上に関わる有用遺伝子の探索と利用の推進。(Gene Discovery)
- 3)バイオインフォマティクスの基盤整備とシステムとしての植物の生理機能の理解の推進。(Systems Biology)
- 4)モデル植物のゲノム機能研究の成果を比較ゲノム解析により作物、樹木へ展開。(Comparative Genomics)

理研PSCでは植物科学研究の推進役としてメタボローム、トランスクリプトーム、ホルモノーム解析などのプラットフォームの研究基盤を立ち上げ、共同研究による利用を計画しています。今後、講習会やワークショップなどを順次行い、大学や研究機関、企業の研究者との連携、交流を進めたいと考えています。



# メタボロームプラットフォームの構築と代謝ネットワーク解析



齊藤 和季

独立行政法人 理化学研究所植物科学研究センター

ポストゲノム科学の一分野であるメタボロミクスは、細胞内に含まれる低分子代謝産物を包括的かつ網羅的に解析することにより、生体内での反応や制御をシステムとして理解する学問です。セントラルドグマに従ったゲノム情報の流れは一方向的ではなく、低分子代謝産物が転写発現やタンパク質機能を制御します。この細胞の働きを包括的に理解するため、静的なゲノム情報から動的な転写産物情報（トランスクリプトーム）、タンパク質情報（プロテオーム）、代謝産物情報（メタボローム）の全てを網羅的に解析することにより、はじめて生物をシステムとして理解することが可能になります。

メタボロミクスは、生物科学全般の分野において、基礎研究および応用指向研究の両面から重要ですが、植物における重要性は他の分野に比べて大きいと考えられます。それは、農作物、薬用植物、工業原料植物など植物の有用性を決めているのはその代謝産物であり、また植物代謝産物の総数は20万～100万種に達し動物より化学的多様性が大きいと考えられているからです。

メタボロミクスは、基礎研究面では、未知遺伝子機能の同定や遺伝子ハンティング、代謝産物とゲノム構成要素（遺伝子、転写産物、タンパク質）間のネットワークの発見、表現形質の物質的理解、新規シグナル分子の発見、新規な生合成・代謝経路の発見による化学的多様性のゲノム的な基盤解明、システム生物学におけるバーチャル細胞・細胞シミュレーションへの展開に大きな役割を果たします。また、応用指向型研究では、ストレス耐性などの植物の量的、質的生産性向上への応用や、表現形質を最も的確に示す分子マーカーとしての役割が期待されています。また、多成分系の天然医薬（生薬・漢方薬）や植物由来の機能性食品などの科学的評価に応用でき、さらに遺伝子組み換え植物の実質的同等性の評価も可能です。さらに、植物におけるコンビナトリアル・バイオケミストリーによる有用物質生産にも直接つながり、植物育種、医薬・機能食品・工業原材料などの生産、代替エネルギー生産、などに直結します。

メタボロミクスは、(1) 代謝産物分析、(2) バイオインフォマティクス、(3) 他のオーム科学との統合（ゲノム機能科学）という要素からなります。従って、これらの研究を先鋭的に発展させるプラットフォームの構築が必要です。さらに、このメタボロミクスプラットフォームと連携した植物科学研究の戦略的推進が必要です。

本講演では、まず植物メタボロミクスの方向性を議論し、理研植物科学研究センターの植物メタボロームプラットフォームの概要を紹介します。我々のメタボロームプラットフォーム（PRIME: Platform for RIKEN Metabolomics）は、代謝産物分析のための質量分析および核磁気共鳴を中心とした機器分析チー

## 理研 植物科学研究センター メタボローム基盤研究グループ 'PRIME'

代謝システム解析ユニット  
システム解析（メタボロームとトランスクリプトームの統合）

メタボローム解析研究チーム

質量分析の技術開発とメタボローム解析

先端NMRメタボミクスユニット

NMRの技術開発と解析、同位体標識

ゲノム機能統合化研究チーム

トランスクリプトーム解析、比較ゲノム機能解析

メタボローム情報ユニット  
メタボローム解析のインフォマティクス

ゲノム情報統合化ユニット  
データベース構築、比較ゲノムマイニング、情報基盤整備

ム（メタボローム解析研究チーム、先端NMRメタボミクスユニット）、バイオインフォマティクスに特化したチーム（ゲノム情報統合化ユニット、メタボローム情報ユニット）それらを統合解析して生物学知見を発見するチーム（代謝システム解析ユニット、ゲノム機能統合化研究チーム）からなります。これらのチームは有機的に協力して、植物科学研究センター内外の研究グループと積極的に共同研究することにより、日本の植物メタボロミクス研究のセンターとして機能することを目指しています。すでに、いくつかの共同研究の成果も得られはじめました。

講演では、シロイヌナズナを用いたトランスクリプトームデータとの統合解析による網羅的なフラボノイド生合成遺伝子同定や各種変異体を使った新規代謝ネットワークの発見について紹介します。また、新たに始めたイネ研究への展開についても紹介します。

# シロイヌナズナ変異体リソースの整備とフェノーム解析



松井 南

独立行政法人 理化学研究所横浜研究所植物科学研究センター

植物のもつ様々な機能を解析する上で、変異体リソースは、解析のためのツールとして重要な位置にあります。近年、モデル植物であるシロイヌナズナやイネを始めとした有用な植物のゲノム塩基配列決定がなされました。ゲノム上には、シロイヌナズナでは、およそ2万8千、イネでは、4万以上の遺伝子が予測されましたが、近年注目されているマイクロRNAや、一つの遺伝子から読み枠を変えて転写されるオルタナティブスプライシングを含めると遺伝子としての数は予想されている以上に増えると考えられます。遺伝子の機能を調べるためには、個々の遺伝子の機能を失わせることや反対に遺伝子の発現量を増加させることで、どのような変化がそのような変異体に現れるかを観察することが重要です。シロイヌナズナについては、トランスポゾンやT-DNAといった遺伝子挿入型の変異体の整備が国際的に進められています。遺伝子の機能を向上させる（または増加させる）変異体については、遺伝子発現を増加させる転写のエンハンサーをシロイヌナズナゲノム中に挿入するアクティベーションタギングや、理研で開発した完全長cDNAを強発現するFOXハンティングシステムがあります。

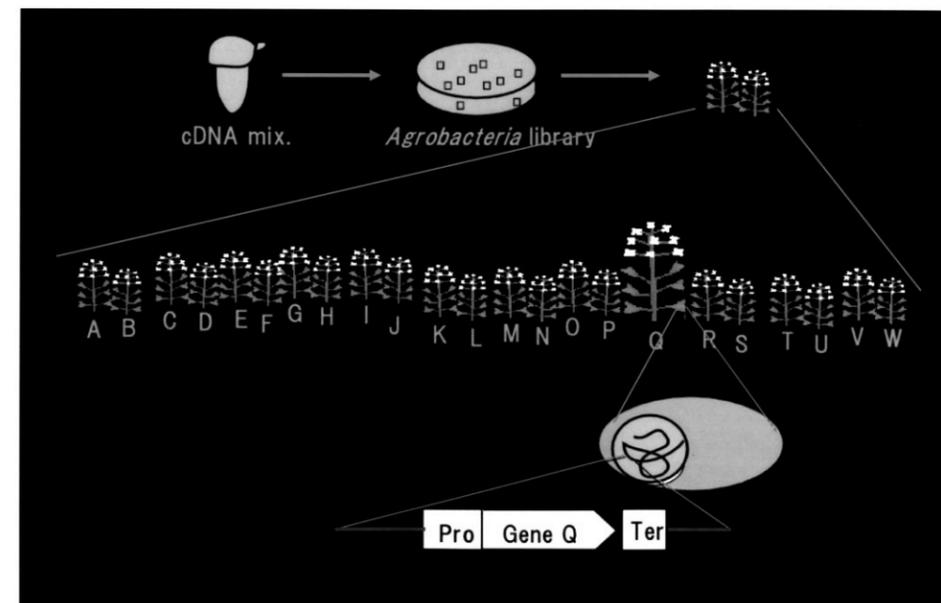
PSC植物ゲノム機能研究グループでは、既に約1万8千系統のトランスポゾン挿入型シロイヌナズナ変異体と7万系統のアクティベーションタグラインを作成し、研究解析リソースとして理研BRCに寄託しております。BRCではこれらのリソースを国内外の研究者へ配布を行っています。遺伝子挿入型の変異体であるトランスポゾン挿入変異体については、相同染色体の両方に変異が入ったホモラインを4千系統作製しています。このシステムを用いることで遺伝子機能が欠失することで現れる形質と遺伝子とを結びつけることが可能になります。またアクティベーションタグラインについては、変異体についてアクティベーションT-DNAの挿入部位の決定を行っており、さらによりシステムティックに変異と遺伝子の関係が分かるFOXハンティングシステムを用いた変異体を1万系統作成しています。この変異体では、遺伝子の過剰発現によって起こされる形質変化と遺伝子について迅速に調べることができます。

このようにして作成した変異体は、ともに遺伝子（ゲノム）と形質（フェノーム）を結びつけるためのリソースとして用いることができます。

このような基礎的な研究は、将来への応用展開への基礎になります。特に機能を付加する研究では、機能を欠失することでは、現れない形質が期待されます。私たちは、（独）農業生物資源研究所と岡山県生物科学総合研究所と連携してイネの完全長cDNAを用いて迅速に有用な遺伝子を探索する研究をイネFOXプロジェクトとして立ち上げています。この研究では、シロイヌナズナの短い世代時間と高形質転換効率

# Fox-hunting system (Full-length cDNA over-expressor gene hunting system)

理研が開発した機能付加による総合的な遺伝子探索技術



均一化した完全長cDNAを、植物発現ベクターへ挿入して、個々の植物へ導入

を主に利用することでイネ完全長cDNAが導入されたことによって現れる形質（フェノーム）を病害抵抗性、ストレス応答、形態、光合成活性、元素組成等の種々の観点で観察を行い、有用な形質を調べています。このようにして同定した有用遺伝子候補は、イネやトマト等へ導入することで有効性の評価を行います。またこの方法を用いることで、現在は、遺伝子導入を行うことの困難な植物や樹木のように世代時間の長い植物の遺伝子にもアプローチすることが可能になります。イネFOXの形質と遺伝子についての情報は、NECソフト（株）との協力でデータベース構築を進めています。

この講演会では、このようなゲノムリソース作成と有用形質探索研究の現状についてご紹介いたします。

## ライフサイエンス分野推進計画

(<http://www8.cao.go.jp/cstp/kihon3/bunyabetu.html> より)

### 1. 状況認識

#### (1) ライフサイエンス分野の研究開発動向、近年の変化

21世紀は生命科学の世紀といわれており、ライフサイエンスは、人類を悩ます病の克服や食料・環境問題の解決など、人々の生活に直結した「よりよく生きる」、「よりよく食べる」、「よりよく暮らす」の領域での貢献が期待されている。特に、我が国においては、少子高齢社会、人口減少社会が到来し、食料の安定供給の確保への対応の必要性が高まる中で、ライフサイエンス研究は、国民の健康長寿の実現、鳥インフルエンザやSARS（重症急性呼吸器症候群）など新興・再興感染症への対応、食の安全の確保等の国民の安全の確保を実現するとともに、食料自給率向上や、医薬品産業、農林水産業、食品産業等の産業競争力強化や新産業創出につながる科学技術として期待されている。また、国際的にもライフサイエンス研究に対する期待は大きく、各国とも積極的な投資を行い、研究開発競争が激化している。

第2期基本計画の下でのライフサイエンス分野推進戦略では、平成3年から開始されたヒトゲノム解読国際プロジェクトの完了に見通しがつきつつある状況において、ポストゲノム研究の推進が強く打ち出された。平成15年にはヒト全ゲノム塩基配列が完全解読され、平成16年には我が国主導でイネゲノム精密解読が完了するなど、主要生物のゲノム配列解読が急速に進む中で、我が国においては、ポストゲノム研究の国際的競争・協力の下で、タンパク質の基本構造の約1/3（3000種）を解析する取組や、遺伝子と遺伝子の関係やタンパク質同士の相互作用を解析する取組、我が国が中心的な役割を果たした国際ハプロタイプ地図作成プロジェクト（ヒトゲノム上の塩基配列の個人差（DNA多型）の頻度・相互関連性を解明し、DNA多型がヒトゲノムのどの領域に存在するかの情報を網羅的にカバーした地図を作成）など、ポストゲノム研究への取組が加速されてきた。しかしながら、その一方で、生物の成り立ち、機能の複雑さがますます明らかになってきているのが現状であり、今後のライフサイエンス研究の発展の流れを考えると、個々の機能分子や機能集合体の物質的理解にとどまらず、生命の統合的全体像の理解を深めることが重要な研究テーマとなってきている。

また、第2期基本計画の期間中は、鳥インフルエンザやSARSなどの新興・再興感染症への対応などにおいて、ライフサイエンスの国民への貢献の大きさが改めて認識された。一方、創薬、医療技術関連の研究開発については、これまで進展が図られた基礎研究の成果を実用化につなげることが重要であり、今後は、より一層国民への成果還元を重視して、臨床研究・臨床への橋渡し研究を推進していくことが強く求められている。

さらに、昨今、ライフサイエンス分野においては、例えば、脳科学とITの融合領域である脳情報学（ニューロインフォマティクス）を活用した、失われた人体機能を補完する医療機器開発が活発化することが予想されるなど、萌芽・融合領域の発展が顕著であり、ポストゲノム研究が進展する中で、熾烈な国際研究開発競争における優位性を確保するため、これらの領域への取組も重要となってきている。

#### (2) 研究開発力・産業競争力の国際比較と重要度

文部科学省科学技術政策研究所の重要将来科学技術のインパクト評価（デルファイ調査）によると、ライフサイ

エンスの研究領域は全般的に科学的・社会的・経済的インパクト、政府関与の必要性が、他分野の各領域と比べても概ね上位であり、現在、それらの評価がそれほど高くない領域についても、中長期的には重要性が増すことが期待されている。また、（独）科学技術振興機構の国際的ベンチマーキング調査によると、我が国は、ライフサイエンスの各分野の研究水準、技術開発水準は高く、近年のトレンドも上昇傾向にあるが、産業技術力については、これら二つの水準に比べると競争力が弱いとの結果となっている。一方、米国はこれらの水準が高いことに加え、近年のトレンドは上昇傾向となっている。また、欧州は、我が国の水準に近いが、EU統合により米国と並ぶ規模となっている。中国、韓国との水準の比較では、現時点では、我が国は先導的立場にあるが、今後、技術開発、産業化の面では我が国の競争相手となることが予想されている。

#### (3) 本推進戦略の基本姿勢

第2期基本計画の下、我が国はライフサイエンス研究を重点的に推進してきたが、ライフサイエンス研究の研究開発力・産業競争力の国際比較と重要度を踏まえると、知的資産の増大、経済的効果、社会的効果、国際競争力確保の観点から、これまで国が推進してきた領域について、ひきつづき重点的な投資を行う必要がある。これにより、ライフサイエンス研究全体を支える基礎・基盤研究、体制整備の充実を図るとともに、バイオテクノロジー戦略大綱（平成14年12月BT戦略会議）にも掲げられている「よりよく生きる」、「よりよく食べる」、「よりよく暮らす」の領域に貢献する研究開発を推進する必要がある。また、上述した研究開発動向を踏まえると、今後のライフサイエンス研究の推進に当たっては、これまでの研究の蓄積、財産を生かしつつ、「生命現象の統合的全体像の理解」を目指した研究により生命の神秘に迫っていくとともに、「研究成果の実用化のための橋渡し」を特に重視し、国民への成果還元を抜本的に強化していく必要がある。

### 2. 重要な研究開発課題

#### (1) 重要な研究開発課題の選定

重要な研究開発課題については、第3期基本計画における、分野内の重点化の考え方にに基づき選定することとされている。本方針の下、「1. 状況認識」に記した、ライフサイエンス分野における科学的・社会的・経済的インパクト、政府関与の必要性、また、国際的ベンチマーキングの調査結果等を踏まえ、ライフサイエンス分野では、以下の41の重要な研究開発課題を選定する。これらの課題は、ライフサイエンス研究全体を支える基礎・基盤研究の課題、医療など「よりよく生きる」の領域に貢献する課題、食料・生物生産など「よりよく食べる」、「よりよく暮らす」の領域に貢献する課題、ライフサイエンス研究の体制整備に係る課題に分類できる（別紙-1に「重要な研究開発課題の体系」を示す）。ただし、本推進戦略において、研究者の自由な発想に基づく基礎研究は選択と集中の対象としていない。また、「よりよく生きる」、「よりよく食べる」、「よりよく暮らす」といったニーズに基づく課題には、基礎・基盤研究及び実用化・応用研究の領域が存在し、各々の研究段階において、明確な政策目標の下、適切に研究開発が推進される必要がある。なお、以下の課題の中には、「ITやナノテクノロジー等の活用による融合領域・革新的医療技術」や「QOL（生活の質：Quality of Life）を高める診断・治療機器の研究開発」のように、他分野にも関係する課題があり、必要に応じて、関係する他分野とも連携をとって、これらの課題の推進に当たることが重要である。

#### < 41の重要な研究開発課題 >

ライフサイエンス研究全体を支える基礎・基盤研究課題

- ・ゲノム、RNA、タンパク質、糖鎖、代謝産物等の構造・機能とそれらの相互作用の解明
- ・ゲノム情報等に基づく、細胞などの生命機能単位の再現・再構築
- ・比較ゲノム解析による生命基本原理の解明

- ・脳や免疫系等の高次複雑制御機構の解明など生命の統合的理解
- ・発生・再生および器官形成における複雑制御機構の解明と統合的理解
- ・情報科学との融合による、脳を含む生命システムのハードウェアとソフトウェアの解明
- ・こころの発達と意志伝達機構並びにそれらの障害の解明
- ・多様な環境中の生物集団のメタゲノム解析と個別ゲノム解析、これらに基づく有用遺伝子の収集・活用
- ・植物の多様な代謝、生理機能や環境適応のシステム的理解と植物生産力向上への利用

#### 「よりよく食べる」、「よりよく暮らす」領域に貢献する研究開発課題

- ・食料分野、環境分野における微生物・動植物ゲノム研究
- ・高品質な食料・食品の安定生産・供給技術開発
- ・有効性・安全性についての科学的評価に基づいた機能性食料・食品の研究開発
- ・食料・食品の安全と消費者の信頼の確保に関する研究開発
- ・微生物・動植物を用いた有用物質生産技術開発
- ・生物機能を活用した環境対応技術開発
- ・基礎研究から食料・生物生産の実用化に向けた橋渡し研究

#### 「よりよく生きる」領域に貢献する研究開発課題

- ・生活環境・習慣と遺伝の相互関係に基づいた疾患解明及び予防から創薬までの研究開発
- ・がん、免疫・アレルギー疾患、生活習慣病、骨関節疾患、腎疾患、膵臓疾患等の予防・診断・治療の研究開発
- ・精神・神経疾患、感覚器障害、認知症、難病等の原因解明と治療の研究開発
- ・子どもの健全な成長・発達及び女性の健康向上に関する研究開発
- ・再生医学や遺伝子治療等の革新的治療医学を創成する研究開発
- ・科学的評価に基づいた統合・代替医療活用に向けた研究開発
- ・バイオイメージング推進のための統合的研究
- ・化学生物学（ケミカルバイオロジー）の研究開発
- ・遺伝子・タンパク質等の分析・計測のための先端技術開発
- ・ITやナノテクノロジー等の活用による融合領域・革新的医療技術の研究開発
- ・QOLを高める診断・治療機器の研究開発
- ・医薬品・医療機器、組換え微生物、生活・労働環境のリスク評価等の研究開発
- ・医療の安全の推進、医療の質の向上と信頼の確保に関する研究開発
- ・感染症の予防・診断・治療の研究開発
- ・テロリズムを含む健康危機管理への対応に関する研究開発
- ・リハビリテーションや、感覚器等の失われた生体機能の補完を含む要介護状態予防等のための研究開発
- ・難病患者・障害者等の自立支援など、生活の質を向上させる研究開発
- ・治験を含む新規医療開発型の臨床研究
- ・創薬プロセスの加速化・効率化に関する研究開発
- ・稀少疾病等、公的な対応が必要な疾病の画期的医療技術の研究開発
- ・ライフサイエンスが及ぼす社会的影響や、社会福祉への活用に関する研究開発

#### ライフサイエンス研究の体制整備に係る課題

- ・研究開発の基礎となる生物遺伝資源等の確保と維持
- ・生命情報統合化データベースの構築に関する研究開発

- ・ライフサイエンス分野における標準化に関する研究開発
- ・臨床研究者、融合領域等の人材を育成する研究開発

#### (2) 研究開発目標と成果目標

以上の41の重要な研究開発課題について、計画期間中に目指す研究開発目標（科学技術面での成果）及び最終的に達成を目指す研究開発目標、並びに、社会・国民に対してもたらされる成果（アウトカム）に着目した目標（成果目標）を別紙 - 2のとおり定める。また、第3期基本計画の3つの理念の下での政策目標の実現に向けて、より具体的に定めた個別政策目標は「第3期科学技術基本計画の政策目標の体系」のとおりであるが、個々の重要な研究開発課題が、どの個別政策目標の達成に向かっていているかについては、別紙 - 2の重要な研究開発課題名の欄に、「第3期基本計画の政策目標の体系」の個別政策目標の該当番号を付記することで明確化している。

これらにより、(イ)何を指して政府研究開発投資を行っているのか、どこまで政策目標の実現に近づいているかなど、国民に対する説明責任を強化するとともに、(ロ)個別施策やプロジェクトに対して具体的な指針や評価軸を与え、社会・国民への成果還元の効果的な実現に寄与することとなる。

さらに、このような政策目標の体系の下で、項目「4. 推進方策」において整理される、官民の役割分担、関係研究機関の役割、イノベーションの実現に向けた隘路等も勘案することによって、いかにして政府研究開発の目標の達成が大きな政策目標の達成につながるかの道筋を認識することが可能となる。研究開発の成果が最終的にどのような価値を社会・国民にもたらすことが期待されているか、そのために研究開発及び研究開発以外で対処すべき課題は何かといった道筋を政府研究開発を担う関係者・関係機関が認識・共有することは、本推進戦略を効果的に実行し、イノベーションを効率的に実現する上で極めて重要である。

### 3. 戦略重点科学技術

#### (1) 選択と集中の戦略理念

ライフサイエンス分野においては、選定した41の重要な研究開発課題の中から、「1.(3)本推進戦略の基本姿勢」で述べたように、「生命現象の統合的全体像の理解」、「研究成果の実用化のための橋渡し」を特に重視して、課題横断的に戦略重点科学技術を選定する。具体的には、シーズを伸ばす研究開発は、国際的優位性の確保が期待できる研究開発に、また、社会・国民のニーズに対応する研究開発は、研究成果の実用化を念頭に置いた研究開発に重点を置き、これらを支えるゆるぎないライフサイエンス基盤を整備することとし、以下に示す4つの選択と集中の戦略理念の下、7つの戦略重点科学技術を選定する。

#### ・生命のプログラムの再現（統合的全体像の理解で生命の神秘に迫る）

第2期基本計画期間中は、ヒトゲノム解読等の完了を受け、各種遺伝子の機能解析、タンパク質解析、ゲノムネットワーク等のポストゲノム研究を推進。

その結果、生物の成り立ち、機能の複雑さが明らかになっており、第3期基本計画の下では、個々の機能分子や機能集合体の物質的理解にとどまらず、生命の統合的全体像の理解を深める研究を強化。

本領域の研究を推進する際、イノベーションの源泉となり、高い波及効果や我が国のライフサイエンス研究の国際的優位性の確保が期待できる技術の研究を推進。

#### ・研究成果を創薬や新規医療技術などに実用化するための橋渡し

これまでの疾患研究などのライフサイエンス研究の財産を活かしつつ、成果の実用化の橋渡し研究を強化し、創薬、新規医療技術などの成果を国民に還元。

予算の重点配分とともに、後述の推進方策により、研究体制、制度面の環境の整備を充実させ、総合した体

制で研究を充実。

本領域の強化は、産業競争力強化や感染症対策のような人類共通の課題にも貢献することを念頭に置く。

#### ・革新的な食料・生物の生産技術の実現

安全な食料を低コストで安定的に生産・供給する科学技術、生物機能を活用した有用物質生産・環境改善技術を強化。

本領域の強化は、我が国の食料自給率の向上等により、国民の生活の質を確保し、農林水産業、食品産業等の競争力強化につながるとともに地球環境問題にも貢献することを念頭に置く。

#### ・世界最高水準の基盤の整備

国際的な優位性の確保が確実な生命情報等の統合化データベースや生物遺伝資源等の整備、融合研究を強化し、ゆるぎないライフサイエンス基盤を整備。

### (2) 戦略重点科学技術の選定

#### 「生命プログラム再現科学技術」

##### 【選定理由】

現在、ライフサイエンス研究の大きな流れは、ゲノムから細胞、脳、免疫系など、より複雑で高次の機能を統合的に研究する方向性となっている。この中で、我が国では、生命を1つのシステムとして理解する研究に関し、個別の優れた研究が進んでおり、フロントランナーである米国に追いつきつつある。特に、生命の統合的理解に資する、高次複雑機構の解明の領域において、我が国は、細胞レベルでの免疫制御機能の研究で国際的優位性を有するとともに、脳研究では、神経細胞死関連情報伝達などの分子・細胞での基礎研究や脳の発生・発達研究の領域での研究水準が高い。その一方で、欧米諸国では、米国の国立衛生研究所（National Institutes of Health (NIH)）が複雑な生物システムの理解に関する研究に優先的な予算を投じ、英国では本領域を最優先分野に位置づけるなど、本領域への重点化を進めている。

本領域は、知的財産権の取得がその後の産業化においても極めて重要な基礎的・基盤的な分野であることから、国際競争の状況を踏まえ、戦略重点科学技術として位置付け、我が国の国際的優位性を確保する取組が必要である。

##### 【研究開発内容】

発生過程を含む生命のプログラムを再現し、生命を統合的に理解するため、以下の研究を強化する。

- ・RNA、解析困難なタンパク質、糖鎖、代謝物質などの生命構成体の構造・機能解析による、生命のシステムの要素の相互関係を解明する研究
- ・脳や免疫機構などの生体の高次調節機構のシステムを理解する研究
- ・以上を踏まえ、細胞などの生命機能単位を、ITを駆使してバーチャルに、または部分機能を試験管内で、システムとして再構築し理解する研究

#### 「臨床研究・臨床への橋渡し研究」

##### 【選定理由】

少子高齢化が急速に進む我が国において、国民は様々な病に苦しんでいる。例えば、生活習慣病は国民の死因の上位を占め、患者は長期の罹患を余儀なくされている現状がある。また、免疫・アレルギー疾患についても、例えば、国民の5人から6人に1人が花粉症に苦しんでおり、国民を悩ます病である。精神・神経疾患については、昨今、我が国の精神疾患による受療者は200万人を超え、年間の自殺死亡者は3万人を超えている。特に、高齢化

に伴ってアルツハイマー病等の神経疾患への対応が重要な課題になってきているが、多くの神経疾患は難病として根本的な治療法がない状況にある。その他にも、高齢化が進む中で、感覚器、運動器の機能が低下し、生活の質の低下に苦しむ国民の数も今後増えていくと考えられている。

また、幼少期からの発達障害、思春期のひきこもり、突発的な攻撃性、反社会的行動など、子どものこころの問題が大きな課題となっており、脳科学研究等の基礎研究の成果を教育等に橋渡しし、適切な対応策を講じて健全な社会を保つ必要がある。

かかる状況を踏まえると、国民を悩ます病を克服することや元気に暮らせる社会を実現することに対する国民のニーズは高い。しかしながら、我が国では、創薬や医療技術などの研究開発について、これに向けた基礎研究では欧米に伍しているものの、新規の医薬品や医療機器の産業化に向けた実用化研究の基盤が十分に整備されていない現状がある。そしてそのことが、臨床研究や臨床に大きな進展をもたらす可能性のある基礎研究成果を有しながらも、国内におけるその後の医薬品・医療機器研究開発の長期化・高コスト化をもたらし、結果として民間企業における研究開発リスクの増大や、製品化の遅れを招いている。また、欧米では、公的研究機関において、創薬に直結する化合物探索技術等を含めた研究開発を開始する動きもあるなど、より一層国民の利益に直結した取組を進めている状況にあり、我が国でも画期的治療薬等が患者・国民により早く届くよう、基礎研究成果の実用化に向けた研究開発の強化が必要である。

我が国のライフサイエンスの研究成果を創薬や新規医療技術などに実用化し、国民に成果還元するためには、臨床研究・臨床への橋渡し研究を拠点化しつつ強力に推進していく必要があり、本領域を戦略重点科学技術として位置付け、国民への成果還元の取組を抜本的に強化する。

##### 【研究開発内容】

生活習慣病、免疫・アレルギー疾患、精神疾患等に対応した、疾患診断法、創薬や再生医療、個人の特性に応じた医療等の新規医療技術の研究開発などについて、国民へ成果を還元する臨床研究・臨床への橋渡し研究を強化する。

- ・早期に実用化を狙うことができる研究成果、革新的診断・治療法や、諸外国で一般的に使用することができるが我が国では未承認の医薬品等の使用につながる橋渡し研究・臨床研究・治験
- ・臨床研究、橋渡し研究の支援体制整備
- ・臨床研究推進に資する人材養成・確保（疫学、生物統計に専門性を有する人材を含む）
- ・創薬プロセスの効率化など成果の実用化を促進する研究開発

#### 「標的治療等の革新的がん医療技術」

##### 【選定理由】

我が国において、がんは死因の1位（平成16年度には、総死亡者数の31.1%）となっており、健康に対する重大な脅威であることから、国民はがん医療の進歩に期待し、享受できる医療サービスのさらなる充実を求めている。がんの罹患率や死亡率を減らすためには、がん検診の普及及び受診率の向上のための取組など、科学技術の範疇を超えたがん予防対策の推進が必要であるが、革新的医療技術の開発も極めて重要であり、国民の期待が大きい。このため、がんの予防・診断技術や、手術療法、化学療法、放射線療法などのがんの治療技術の向上を図るとともに、現場におけるがんの標準的治療法を確立、普及させ、さらに、がん医療水準を向上、均てん化（地域格差の解消）を進める必要があり、これに資する研究を戦略重点科学技術に位置付け、強力に推進する必要がある。

##### 【研究開発内容】

がん医療水準向上の中核となる革新的医療の研究を行うため、以下の研究を強化する。

- ・がん予防に資する、がんの超早期発見技術などの研究
- ・がん患者の生活の質に配慮した低侵襲治療や標的治療などの治療技術の研究
- ・がんの生存率を向上させる標準的治療法の研究

「新興・再興感染症克服科学技術」

【選定理由】

経済・社会のグローバル化が進む中で、人・動物・物資の移動の頻度、速度はますます高まりつつあり、世界のどの地域で感染症が発生した場合も、我が国への病原体の侵入、感染患者・動物の侵入が短時間に起こりうる状況にある。また、発展途上国の人口増加や開発による経済成長が新たな感染症を生み出す要因の1つとなっており、新興・再興感染症の脅威への対応は人類共通の課題ともなっている。このため、本領域を戦略重点科学技術として位置付け、国民の安全の確保と地球規模問題への貢献の両面から、我が国及び我が国と交流が深いアジア地域にとってリスクが高い新興・再興感染症研究、及びこれを支える人材養成を強化する必要がある。

なお、感染症研究を飛躍的に発展させるため、人材の養成に当たっては、感染症の知識のみならず、分子生物学、免疫学等の他分野の知識も統合して革新的な予防・診断・治療の研究を担える人材を重点的に養成することが必要である。

【研究開発内容】

新興・再興感染症に立ち向かうため、以下の研究を強化する。

- ・病原体や発症機序の解明などの基礎研究
- ・我が国及びアジア地域にとってリスクの高い、新興・再興感染症、動物由来感染症の予防・診断・治療の研究
- ・我が国及びアジア地域の拠点の充実及び人材養成

「国際競争力を向上させる安全な食料の生産・供給科学技術」

【選定理由】

世界の食料供給が中長期的にはひっ迫する可能性もあると見込まれる中で、我が国の食料自給率は年々低下し、主要先進国の中では最低の水準であり、食料安全保障上の課題となっている。このため、平成17年3月に、食料自給率を平成15年度の40%から平成27年度には45%に向上させることを閣議決定した。この目標の達成に向け、我が国の食料生産の国際競争力を高める必要があり、動植物等の生命現象の生理・生化学的解明の研究を踏まえ、低コストで食料を生産する研究開発を強化する必要がある。

また、少子高齢化が進む中で、将来的な医療費増を避けつつ国民の健康寿命を延伸するため、食生活を中心とする生活習慣の改善により疾患の発症リスクを低減することも重要となってきている。このため、ポストゲノム研究の科学的根拠に基づいて、健康の維持・向上、疾病リスク低減等に資する機能性食料・食品の研究開発を進めることが重要になりつつある。

一方で、食料・食品の生産・供給にあたって、鳥インフルエンザやBSEの問題等、国民の食の安全の確保に対するニーズが極めて高く、研究開発の強化により食の安全を確保していくことが必要である。

本領域の研究開発は、食料・食品の品質や生産性の向上の実現による、農林水産、食品産業の産業競争力強化に資することも重視すべきであり、国際競争や国民のニーズへの対応の観点から、本領域を戦略重点科学技術として位置付け、強力的に推進する必要がある。

【研究開発内容】

食料・食品の国際競争力を向上させるため、安全で高品質な食料・食品を低コストで安定的に生産・供給する

ことを目指す研究開発を強化する。

- ・ゲノム科学やIT等の先端技術を活用した、高品質な食料を低コスト・省力的に安定して生産・供給する技術の開発
- ・食品供給行程（フードチェーン）全般におけるリスク分析に資する研究開発

「生物機能活用による物質生産・環境改善科学技術」

【選定理由】

地球温暖化等の地球規模の環境問題への関心が高まりつつある中で、生物機能を活用したものづくりは、製造プロセスの省エネルギー化や環境負荷の低減につながり、生物機能を活用した土壌浄化や低農薬・低化学肥料が可能となる農業生産は、環境の保全や負荷低減につながると考えられ、環境問題の改善や循環型産業システムの創造に資する。

また、本領域の研究開発により、抗体、酵素などの有用タンパク質などの物質生産を従来の方法に比べて高効率で実現することが可能となり、医薬品産業や化学工業の競争力強化にも資する。本領域に関しては、我が国は微生物を利用した生産技術について伝統的な強みを有しているが、米国では微生物のゲノム解析等を精力的に進めているほか、欧州では環境負荷の少ない、生物の機能を活用した工業原料生産等に力を入れつつある。上記を踏まえ、本領域における我が国の国際的優位性の確立を確固たるものにするとともに、地球環境問題への貢献に資する観点から、本領域を戦略重点科学技術として位置付け、強力的に推進していく必要がある。

【研究開発内容】

微生物や動植物の機構の解明等を通じ、生物機能の活用による産業や医療に有用な物質生産や環境保全・浄化に資する技術を開発し、実用化する研究開発を強化する。

「世界最高水準のライフサイエンス基盤整備」

【選定理由】

生物遺伝資源等や生命情報の統合化データベースはライフサイエンス研究を支える基盤であるが、欧米ではこれらの整備が我が国に比べて進んでいる。我が国において、国際的優位性の確保を目指してライフサイエンス研究を推進するには、ゆるぎない基盤の整備が必須であり、これを戦略重点科学技術として位置付け、国際的優位性を有する、あるいは国際的な分業上我が国が整備すべき基盤の整備を行うことが必要である。また、融合領域については、米国のNIHが予算の集中投資を行うなど、今後のライフサイエンス研究を支える重要な基盤技術であり、我が国がライフサイエンス研究において国際的に伍していくため、取組を強化する必要がある。

【研究開発内容】

我が国が優位性を確保できる領域等において、ライフサイエンスの基盤を整備するとともに、基盤技術の開発を行う。

- ・研究開発の動向やリソースの質と量の科学的評価を踏まえた、生物遺伝資源等の保全・確保
- ・国際的優位性が高いデータベースや、国際協力等の観点から我が国で整備しておくべきデータベースを対象とした、蓄積された生命情報データの利活用にも必須である統合的なデータベース整備に向けた研究開発
- ・計測・分析技術、機器開発の基盤となる、ITやナノテクノロジーとの融合領域