

矢野 昌裕

やの

まさひろ



国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構
次世代作物開発研究センター 所長

昭和31年11月4日 福岡県出身

同 54年 九州大学農学部農学科 卒業

同 60年 九州大学大学院農学研究科博士課程 修了（農学博士）

同 61年 農林水産省農業研究センター 研究員

同 62年 農林水産省北陸農業試験場作物部 研究員

平成 6年 農林水産省農業生物資源研究所企画調整部 主任研究官

同 10年 農林水産省農業生物資源研究所分子遺伝部ゲノム複製研究室 室長

同 13年 独立行政法人農業生物資源研究所分子遺伝研究グループ応用遺伝研究チーム チーム長

同 18年 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 センター長

同 23年 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 センター長

同 26年 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構作物研究所 所長

同 28年 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構次世代作物開発研究センター 所長

同 13年 筑波大学連携大学院生命環境科学研究科 客員助教授

同 19年 筑波大学連携大学院生命環境科学研究科 教授（平成25年度まで）

平成 7年 日本育種学会 奨励賞

同 14年 文部科学大臣賞 研究功労者表彰

同 16年 日本植物生理学会 論文賞

同 19年 日本育種学会 学会賞

同 25年 日本農学会 日本農学賞

同 25年 読売農学賞

受賞者紹介

「イネゲノム情報の解析と品種改良への応用」に関する功績

イネゲノム研究は、主要穀物の品種改良に大きく貢献するものとして、日本が中心となって世界の国々と連携して始め、2004年には精度の高いイネの全ゲノム配列を決定した。この決定により、有用遺伝子の同定とその育種応用への新たな道が拓かれた。矢野氏は、イネゲノムプロジェクト開始当初より、イネゲノム解析の根幹をなす遺伝地図の作成に携わり、DNA マーカーを用いて、世界で最も精密なイネの制限酵素断片長多型 (RFLP) 連鎖地図を完成させた。この連鎖地図の作成により、その後イネでは遺伝分析と遺伝子同定が急速に進んだ。

これらの成果により、1個の遺伝子で制御される質的形質については、DNA マーカーの開発により徐々に選抜ができるようになってきたが、一方で、米粒の大きさや穂の数等が関与する収量形質や花の咲く時期（出穂期）など、複数の遺伝子が複雑にからみあって発現する量的形質については、依然として解析が非常に困難であった。そこで次のステップとして、矢野氏は、当時世界的に研究が開始されたばかりの量的遺伝子座（QTL）の解析に着目し、イネの出穂期に関する QTL 解析に取り組んだ。そして、イネの日長反応性を制御する *Hd1* という QTL を捉えるとともに、遺伝子を単離することにも成功した。イネでは出穂期の早晩は、栽培適地や収穫時期の決定など、農業上極めて重要な形質であるため、矢野氏は、QTL 解析をさらに進め、イネの出穂期に関与する *Hd3a*、*Hd5* 等の複数の遺伝子単離に成功した。これらの結果は、世界中で QTL 解析のモデルケースとして広く紹介され、日本を代表する成果となっている。また、*Hd1* 遺伝子や *Hd3a* 遺伝子が日長による開花調節の鍵遺伝子であることを証明し、さらに、その他の複数の日長反応性制御遺伝子の機能を解明することで、植物の開花メカニズムの理解に大きく貢献した。これらの成果は、「コシヒカリ」などの品種を用いた収穫時期を早生化、晩生化する品種育成に貢献している。

また、QTL 解析手法を用いて、脱粒性、粒形、穂発芽抵抗性に関与する遺伝子や、遺伝解析の中でも最も困難とされていた、いもち病の圃場抵抗性遺伝子等を共同研究者とともに発見し、その機能を解明した。圃場抵抗性遺伝子は、病害抵抗性崩壊を防ぐ強力な武器として品種の育成が進んでいる。これらの方法や成果は、国や大学の研究機関のみならず、各県や民間などの研究や品種開発・育成の支援にも利用され、日本の農業に大きく貢献した。また、イネにおけるこれらの成果を、ムギや大豆など多くの作物に波及させることにも貢献している。

以上のように矢野氏は、ゲノム情報と遺伝子群の解析を駆使して、基礎研究をもとに実際の育種まで展開しており、植物に関する基礎科学の発展と食料の安定生産に広く貢献する成果を生み出した功績は、高く評価されるものである。