

プロジェクト研究の中間評価について (平成12年度実施分)

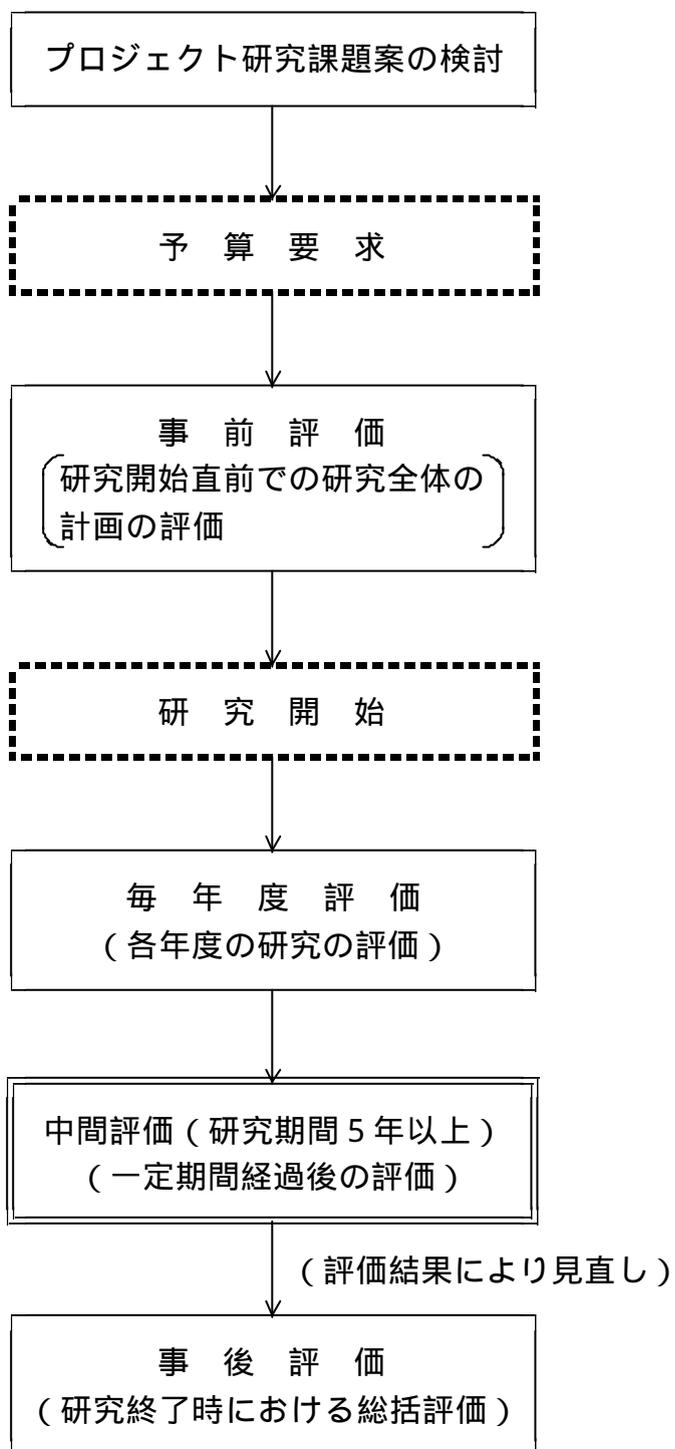
組換え体産業的利用における安全性確保に関する総合研究

動物ゲノムの解析による有用遺伝子の単離と利用技術の開発
(カイコ)

イネ・ゲノムの全塩基配列の解明

遺伝地図とミュータントパネルを利用した機能解明

プロジェクト研究における研究評価体系（12年度）



平成12年度プロジェクト中間評価総括表

プロジェクト名及び目的	主な課題	主な成果	中間評価推進評価会議の評価結果	対応方針(案)
<p>組換え体産業的利用における安全性確保に関する総合研究</p> <p>実用化、産業化を目指した組換え体の開発が活性化し、安全性に関する評価手法の高度化が急務となっている。そこで、組換え体の安全性の確保を一層充実させることを目的とする。</p> <p>平成11年度～15年度</p> <p>(主査場所：農業環境技術研究所)</p>	<p>農林水産・食品分野で実用化が想定される組換え農作物等の安全性評価手法の開発</p> <p>組換え農作物の食品としての安全性評価</p> <p>発達した分析技術等を安全性評価手法に応用する研究</p> <p>環境に対する安全性に関して指摘されている事項に関する研究</p> <p>海外諸国における組換え体の利用状況と規制体制の調査</p>	<ul style="list-style-type: none"> ・開放形利用を想定した多様な組換え体の環境面での基礎的知見の蓄積 ・組み換え食品の安全性評価手法確立のための栄養成分等情報の蓄積とデータベース化 ・組換え DNA 分子を検出する新たな技術開発 ・Bt コーンの花粉が害虫に及ぼす影響の解析 ・コンセンサス会議の開催 ・諸外国における組換え農産物の流通・表示に関する政策動向の解析 	<p>全体として、プロジェクトの目標が順調に達成されている。</p> <p>組換え体における食品の安全性、環境への影響等に関する基礎的データの整備については、このままの枠組みを継続するとともに、<u>更なる新たな課題への取り込むことが望ましい。</u></p>	<p>組換え農作物の安全性確保のための研究と国民理解の促進は極めて重要である。</p> <p><u>更に研究の強化を図る必要があることから、予算を増額する必要がある。</u></p>
<p>動物ゲノムの解析による有用遺伝子の単離と利用技術の開発(カイコ)</p> <p>クローン技術等を利用した遺伝子組換え技術による画期的な昆虫の創出に資するため、高密度遺伝地図の作成及び有用な遺伝子の単離と機能解明を目的とする。</p>	<p>カイコの遺伝地図の構築</p> <p>カイコの遺伝地図利用法の開発</p> <p>昆虫特異的遺伝子の単離及び解析</p>	<ul style="list-style-type: none"> ・発現遺伝子による遺伝子地図、BAC クローンの整列化 ・カイコの広食性遺伝子と関連する DNA マーカーの開発 ・カイコの抗菌性ペプチド遺伝子(セクロ 	<p>順調に進んでいる課題がある一方、<u>進捗の遅い課題もある。</u></p> <p>遺伝地図の構築は基盤的研究でもあり、強化が必要であるが、<u>見直す課題もある。</u></p>	<p>フランス等のカイコゲノム解析の動きに遅れないためにも遺伝地図の構築は強化するが、<u>遺伝地図利用法の開発は課題の見直しを図る。</u></p> <p>このため、<u>現行の予算額で研究課題を見</u></p>

<p>平成11年度～18年度</p> <p>(主査場所：蚕糸・昆虫 農業技術研究所)</p>		<p>ピンB等)の活性化 に必要な遺伝子配列 解明</p>		<p>直す。</p>
<p>イネ・ゲノムの全塩基配列の 解明</p> <p>官民連携のもと、イネ・ゲ ノムの全塩基配列の解明を行 っているところであるが、国 際的な研究開発競争が一層激 化していることから、2004年 度までに有用遺伝子が多数存 在するとみられる領域に絞っ て塩基配列の解読を先行的に 実施する。</p> <p>平成10年度～19年度</p> <p>(主査場所：農業生物資源 研究所)</p>	<p>イネゲノムの効率的解析技 術の開発</p> <p>イネゲノムの全塩基配列の 解読</p> <p>ゲノム情報の解明技術の開 発</p>	<ul style="list-style-type: none"> 第1染色体の高精度物理地図を完成 約6,500個の発現遺伝子地図を作成 第1染色体の解読をほぼ終了し約7,000個の遺伝子を予測 12年度末までに我が国において塩基配列数は約45Mb(全体の11%)を解読 物理地図、塩基配列情報等を統合化したデータベースの構築 	<p>全塩基配列の解読について国際競争を認識し、一層の加速化を行うべき。</p> <p>ゲノム配列データの活用を促進するバイオインフォマティクス研究の加速が必要である。</p>	<p>予想以上の成果を上げているが、海外民間企業の動向等を踏まえると一層の加速化が必要である</p> <p>このため、予算を増額する必要がある。</p>
<p>遺伝地図とミュータントパネルを利用した機能解明</p> <p>イネゲノムの効率的塩基配列解析手法の開発と全塩基配列の解明において得られる膨大な塩基配列情報等をもとに農業上有用な遺伝子の効率的単離及びその機能解析を行うことを目的とする。</p> <p>平成10年度～19年度</p> <p>(主査場所：農業生物資源 研究所)</p>	<p>分子生物学的手法による有用遺伝子の単離</p> <p>遺伝子の生物機能の解明</p>	<ul style="list-style-type: none"> いもち病抵抗性、感光性等重要な遺伝子を単離 ミュータントパネルを利用した機能解明では約30,000系統におよぶ遺伝子破壊系統を作出 イネの形態と収量に関わる遺伝子等を単離 	<p>遺伝地図を利用した遺伝子の単離の研究については、成果が得られているが、研究の進捗にバラツキが見られる。</p> <p>遺伝子機能評価の研究は重要なので、<u>的を絞ることが重要である。</u></p>	<p>有用遺伝子の機能解明は、ターゲットの重点化が必要である</p> <p>このため、現行予算額で研究を効果的に<u>行う。</u></p>

(参考)

プロジェクト名	外部評価委員名
組換え体の産業的利用における安全性確保に関する総合研究	STAFF 顧問 林 健一 東京大学教授 矢木 修身 筑波大学教授 鎌田 博 茨城大学教授 永田 徹
動物ゲノムの効率的解析手法及び有用遺伝子の利用技術の開発(カイコ)	九州大学農学研究院教授 古賀 克己 国立遺伝研究所教授 廣瀬 進
イネ・ゲノムの全塩基配列の解明	東京大学医科学研究所教授 榊 佳之 かずさ DNA 研究所特別顧問 高浪 満 オリノバ遺伝育種研究所所長 久保 友明 玉川大学農学部教授 武田 元吉 日経 BP 社バイオセンター長 宮田 満 共同通信社論説委員 田村 和子
遺伝地図とミュータントパネルを利用した機能解明	名古屋大学教授 杉浦 昌弘 かずさ DNA 研究所特別顧問 高浪 満 オリノバ遺伝育種研究所所長 久保 友明 玉川大学農学部教授 武田 元吉 日経 BP 社バイオセンター長 宮田 満 共同通信社論説委員 田村 和子

平成12年度プロジェクト中間評価結果及びこれに基づく対応方針案

プロジェクト名	組換え体の産業的利用における安全性確保に関する総合研究	
プロジェクトの概要	<p>実用化、産業化を目指した組換え体の開発が活性化し、安全性に関する評価手法の高度化が急務となっている。そこで、組換え体の安全性の確保を一層充実させることを目的とする。</p> <p>農林水産・食品分野で実用化が想定される組換え農作物等の安全性評価手法の開発 組換え農作物の食品としての安全性評価 発達した分析技術等を安全性評価手法に応用する研究 環境に対する安全性に関して指摘されている事項に関する研究 海外諸国における組換え体の利用状況と規制体制の調査 組換え体の商業化に関する消費者の意識と開発者意識の調査 組換え農作物等の安全性評価に必要な情報等の保管システムの構築</p> <p>研究期間 平成11年度～15年度</p> <p>平成13年度概算決定額 315,748千円</p>	
中間評価推進評価会議の評価結果	<p>(1) 安全性評価手法の開発に係る課題については、将来作出が想定される組換え体に対する基礎的データの整備がなされてきており、このままの枠組みを継続するとともに、更なる新たな課題への取り込むことが望ましい。</p> <p>(2) 組換え DNA 分子を検出する新たな技術を開発しており評価できる。</p> <p>(3) 安全性評価手法に応用する研究として Bt コーンの花粉が害虫に及ぼす影響等社会的に関心の高い課題でも成果が得られている。</p> <p>(4) 環境に対する安全性に関して、土壌に対する影響を見る一方法としてアレロパシーを検討していることは評価できる。更にトータルとして評価する方法を検討するとともに、微生物、特にウイルスでは in vitro での GM と非 GM の対比から変異の可能性の高低を推論するレベルを先に進めるべき。また、コンセンサス会議の開催も評価できる。</p> <p>(5) 海外諸国における組換え体の利用状況等の調査は、順調に伸展している。</p> <p>(6) 消費者の意識と開発者意識の調査においては、組換え体の商業化に関する意識調査も順調になされている。種々のレベルで GMO と非 GMO との対比から安全性評価を行うという基本的理解を浸透させてほしい。</p> <p>(7) 情報等の保管システムの構築については、組換え食品の安全性評価手法確立のための栄養成分等情報の蓄積とデータベース化が進んでいる。</p>	
評価結果を踏まえた今後の対応方針案	研究内容	<p>(1) 組換え農作物の安全性確保のための研究と国民理解の促進は極めて重要であり、更に研究の強化を図る必要がある。</p> <p>(2) 具体的には、特に「安全性評価手法の開発」に関して実用化の研究が進んでいる家畜、微生物に関して基礎的知見の集積を着実に進めるため新たな課題に取り組む。また、「環境に対する安全性」に関して、遺伝子組換え農作物の雑草性や非組換え体との交雑性等の新たな課題に取り組む必要がある</p> <p>(3) その他の課題は、現状を研究・調査を継続していく。</p>
	予算の増減	研究の更なる推進を図るため予算の増額が必要である。
	(参考) 課題の整理状況	課題数 7 うち 強化2 維持5

プロジェクト名	動物ゲノムの効率的解析手法及び有用遺伝子の利用技術の開発 (カイコ)	
プロジェクトの概要	<p>クローン技術等を利用した遺伝子組換え技術による画期的な昆虫の創出に資するため、高密度遺伝地図の作成及び有用な遺伝子の単離と機能解明を目的とする。</p> <p>カイコの遺伝地図の構築 カイコの遺伝地図利用法の開発 昆虫特異的遺伝子の単離及び解析</p> <p>研究期間 平成13年度～18年度(平成11年度より実施、13年度で組替え。)</p> <p>平成13年度概算決定額 230,000千円</p>	
中間評価推進評価会議の評価結果	<p>(1) カイコ遺伝子地図の構築では、発現遺伝子による遺伝子地図、BAC クローンの整列化等が順調に進んでいる。「分子遺伝地図」については特許を取得しており大きな成果ではあるが、積極的に外国雑誌等に公表及びクローンの公開を行い、今後は他の物理地図との統合や情報公開を行ってほしい。</p> <p>(2) 「遺伝地図利用法の開発」では、カイコの広食性遺伝子と関連する DNA マーカーを開発するなどの成果が得られているものの、進展の遅い課題もある。</p> <p>(3) 「昆虫特異的遺伝子の単離及び解析」については、一部課題では評価できるものがあり、その他課題でも困難な仕事を着実に進展させている。</p>	
評価結果を踏まえた今後の対応方針案	研究内容	<p>(1) カイコ遺伝子地図の構築では、発現遺伝子による遺伝子地図、BAC クローンの整列化等が順調に進んでいる。遺伝地図、物理地図の作成は基盤的なものであり、解読を推進するため、強化する必要がある。</p> <p>(2) 「カイコの遺伝地図利用法の開発」では、カイコの広食性遺伝子と関連する DNA マーカーを開発するなどの成果が得られているが、進展の遅い課題もあり、重点的に研究を進めるため、課題を縮小する。</p> <p>(3) 昆虫特異的遺伝子の単離・解析では、カイコの抗菌性ペプチド遺伝子(セグロピン B 等)の活性化に必要な遺伝子配列を明らかにするなど順調に成果が得られている。従って、「カイコゲノム地図利用法の開発及び昆虫特異的遺伝子の単離及び解析」については、現状を維持する。フランス等外国のカイコゲノム解析の動きに遅れないためにもカイコゲノム研究の水準を強化する必要がある。</p>
	予算の増減	カイコゲノム研究の水準を維持するため、現行の予算額で対応する。
	(参考) 課題の整理状況	課題数 3 うち 強化1 維持1 縮小1

プロジェクト名	イネの全塩基配列の解明	
プロジェクトの概要	<p>官民連携のもと、イネ・ゲノムの全塩基配列の解明を行っているところであるが、国際的な研究開発競争が一層激化していることから、2004年度までに有用遺伝子が多数存在するとみられる領域に絞って塩基配列の解読を先行的に実施する。</p> <p>イネゲノムの効率的解析技術の開発 イネゲノムの全塩基配列の解読 ゲノム情報の解明技術の開発</p> <p>研究期間 平成10年度～19年度</p> <p>平成13年度概算決定額 2,015,280千円</p>	
中間評価推進評価会議の評価結果	<p>(1) 効率的解析技術の開発については、ゲノム研究を巡る国際情勢が大きく変化している中で、それに即応できる体制を構築していくため、活用できる新技術については、早く活用するようにしていくべきである。</p> <p>(2) 全塩基配列の解読については、研究全体として大きく進歩しているが、国際競争を認識し、一層の加速化が望まれる。また、ドラフト配列の再解析による正確な配列の構築が律速となっていることから、この行程を担当できる高度な研究者・技術者を確保・養成することが必要である。</p> <p>(3) イネゲノム情報の解明技術の開発に関してはゲノム配列データの活用を促進するバイオインフォマティクスの基盤整備が必要である。また、イネゲノム研究については、遺伝子機能の解明とその特許化競争に突入しており、構造遺伝学的研究等を迅速に展開させる基盤となるのが塩基配列情報であり、イネゲノムプロジェクト全体の成功と効率を決める要因となるので、1年以内のドラフトシーケンスの公開が望まれる。</p>	
評価結果を踏まえた今後の対応方針案	研究内容	<p>(1) 第1染色体の高精度物理地図を完成させるとともに、約6,500個の発現遺伝子地図を作成した。このように研究は順調に進んでいるが、海外民間企業の動向等を踏まえると公的機関としての一層の加速化が必要である。</p> <p>(2) 第1染色体の解読をほぼ終了し、約7,000個の遺伝子を予測した。この結果、12年度末までに我が国が解析した塩基配列は全体の11%に達した。今後、解読を加速するため、効率的解析技術の開発を更に強化するとともに、塩基配列解読も強化して加速化させる。</p> <p>(3) イネ独自の遺伝子検索ソフトウェアを開発し、遺伝子領域のかくて精度を向上させた。また、物理地図、塩基配列情報、アノテーション等を統合化したデータベースINEを作成し、ウェブサイトから公開した。このように研究の進展は順調であり、今後も現状を維持することが必要である。</p>
	予算の増減	解読の加速化を実現するために予算の増額が必要である。
	(参考) 課題の整理状況	課題数 3 うち 強化2 維持1

プロジェクト名	遺伝地図とミュータントパネルを利用した機能解明	
プロジェクトの概要	<p>イネゲノムの効率的塩基配列解析手法の開発と全塩基配列の解明において得られる膨大な塩基配列情報等をもとに農業上有用な遺伝子の効率的単離及びその機能解析を行うことを目的とする。</p> <p>分子生物学的手法による有用遺伝子の単離 遺伝子の生物機能の解明</p> <p>研究期間 平成12年度～平成19年度（平成10年度より実施、12年度で組替え。）</p> <p>平成13年度概算決定額 400,000千円</p>	
中間評価推進評価会議の評価結果	<p>(1) 分子生物学的手法による有用遺伝子の単離技術の開発と利用に関しては、遺伝地図の利用によっていもち病抵抗性、感光性等数種の遺伝子が単離されたこと、並びにいくつかの遺伝子について、詳細な連鎖地図が得られたことは評価できる。一方、研究素材により課題間で進捗にばらつきが見られる。</p> <p>(2) ミュータントパネルを用いた遺伝子機能評価の研究は、我が国のイネ育種研究の伝統を活かすことができる分野であり今後も推進が必要。また、どの遺伝子の機能解明に的を絞るのが重要。</p>	
評価結果を踏まえた今後の対応方針案	研究内容	<p>(1) 遺伝地図を利用した遺伝子の単離については、いもち病抵抗性、感光性等重要な遺伝子を単離するなど成果が得られている。一方で、研究素材の特性等により、課題間で進捗にばらつきが見られる。今後は、イネゲノムに関する多くの塩基配列情報が利用可能になることから有用遺伝子の機能解明も一層熾烈な国際競争下に置かれることになり、本プロジェクトも一層の加速化とターゲットの重点化が必要である。</p> <p>(2) 具体的には、分子生物学的手法による有用遺伝子の単離技術の開発と利用に関して、課題の重点化を進めるとともに、各研究課題の目標達成のために有望クローンの塩基配列解読、遺伝子破壊系統の種子増殖等生物研による支援態勢を整える。</p> <p>(3) ミュータントパネルを利用した機能解明では、約30,000系統に及ぶ遺伝子破壊系統を作出するとともに、イネの形態と収量に関わる遺伝子等を単離するなど、順調な成果が得られている。今後もこれまでと同様に研究を進めるとともに、遺伝子破壊系統の種子増殖等生物研等による支援体制を整える。</p>
	予算の増減	現行の予算額で対応する。
	(参考) 課題の整理状況	課題数 2 うち 維持2