

**「ゲノム情報を活用した農畜産物の次世代生産基盤
技術の開発プロジェクト」(平成24年度～29年度)
の概要とこれまでの主な成果**

農林水産技術会議事務局 研究開発官(食の安全、基礎・基盤)室

平成26年1月28日

目次

1. 背景	・・・ 1
2. プロジェクトの概要	・・・ 2
3. これまでの主な成果	・・・ 3
4. 個別課題の研究内容	・・・ 6
(1) ゲノム育種技術の全国展開に向けた研究開発	・・・ 7
(2) ゲノム育種技術を高度化するための研究開発	・・・10
(3) 遺伝資源を効率的・効果的に活用するための研究開発	・・・14
(4) 家畜の革新的な育種・繁殖・疾病予防技術の開発	・・・19
5. アウトカムに向けたロードマップ	・・・23
(参考)プロジェクトの運営体制	・・・24

1. 背景

- 我が国農畜産物の競争力強化のためには、生産者、実需者、消費者のニーズに合わせた多様な品種や生産技術を速やかに、かつ継続的に開発することが重要。
- イネを始めとし、主要農産物や家畜について、ゲノムの解読、有用遺伝子の特定及び機能解明が大幅に進展。この成果の活用により、特にイネにおいて、育種期間の大幅な短縮を可能とするDNAマーカー育種を行うための多数のDNAマーカー(遺伝子の目印となるDNA)を開発。

これまでに開発されたイネDNAマーカー

これまでに57の有用形質に関わるDNAマーカーを開発

形質		DNAマーカー数
病虫害抵抗性	いもち病抵抗性	13
	縞葉枯病抵抗性	1
	トビイロウンカ抵抗性	3
	ツマグロヨコバイ抵抗性	6
出穂期		7
ストレス耐性	耐冷性	6
	耐乾燥性	1
	穂発芽耐性	1
	耐倒伏性	3
収量性	一穂粒数	2
	種子形	5
	脱粒性	1
品質・食味	アミロース含量	2
	アミロペクチン鎖長	1
	胚乳粉質性	2
	無古米臭	1
カドミウム吸収性		2
計		57

DNAマーカー育種技術

良食味品種 × 病害抵抗性品種



交配



A B C D

病害抵抗性遺伝子の有無により選抜

A C ...

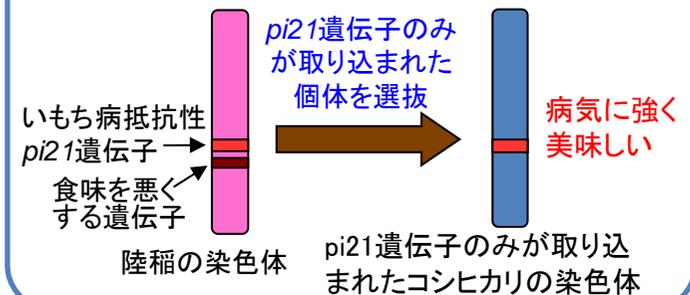


病害抵抗性の良食味品種

DNAマーカーを目印にして目的の遺伝子のみを有する個体をピンポイントで選抜

- 従来育種ではほ場の制限により、選抜に用いられる個体数には限度があるため、ごく近接した遺伝子を含まず、目的遺伝子のみ取り込まれた個体の選抜は困難。
- DNAマーカーの利用により、幼苗での選抜が可能となることで選抜用の個体数を大幅に増大させることができ、目的遺伝子のみ取り込まれた個体の選抜が可能に。

近接した不良遺伝子の切り離しに成功した例



また、選抜効率の向上により、品種の作出に要する世代数を減らせるため、育種期間の大幅な短縮が可能に(例:イネ12年程度→4年程度)

2. プロジェクトの概要

ねらい

- 実需者等のニーズに合わせた多様な農作物の品種を速やかに、かつ継続的に開発するためには、これまでのゲノム研究の成果を活用し、
 - ・DNAマーカーの開発と全国の育種機関によるDNAマーカー育種の利用の推進
 - ・作物育種を更に効率化するための新しい育種技術の開発
 - ・有用形質に関わる遺伝子を効率的に発掘・創出する技術の開発を実施する。
- 家畜においては、生産現場で課題となっている、飼料価格の高騰、受胎率の低下、疾病による多大な経済損失等に対処するため、これまでのゲノム研究の成果を活用し、育種・繁殖・疾病予防技術の開発を実施する。

研究内容

- **ゲノム育種技術の全国展開に向けた研究開発 (H25～H29)**
 - ・ 水稲、麦、大豆、園芸作物等の有用形質に関わるDNAマーカーの開発
 - ・ 各地の育種機関と研究独法等の連携によるDNAマーカー育種の実施及び技術マニュアルの作成
- **ゲノム育種技術を高度化するための研究開発 (H25～H29)**
 - ・ 多数の遺伝子が関与している収量・品質等を効率的に改良するための新しい育種技術の開発
 - ・ C4光合成能を付与したイネなど、高度な遺伝子組換え作物の作出技術の開発等
- **遺伝資源を効果的・効率的に活用するための研究開発 (H25～H29)**
 - ・ 多様な遺伝資源の中から有用形質に関する遺伝子を効率的に特定する技術の開発
 - ・ 農産物の潜在力を引き出すために遺伝子を効果的に編集する技術(NBT)の開発等
- **家畜の革新的な育種・繁殖・疾病予防技術の開発 (H24～H28)**
 - ・ 複数の遺伝子に支配される重要形質(抗病性・繁殖性・飼料利用性)に係るDNAマーカーの開発
 - ・ 繁殖サイクルの短縮及び受胎率向上のための技術開発
 - ・ 次世代型ワクチンを開発するための基盤技術の開発等

期待される成果

- ・ 作物の新品種育成期間を平成32年度までに従来の3分の1程度に短縮
- ・ 1頭当たり生産コストを平成32年度までに平成23年比で牛で約4%、豚で約5%削減

3. これまでの研究成果 (1)

ハクサイの根こぶ病抵抗性の候補遺伝子を同定

目的

根こぶ病菌で同定されている4つの病原型全てに抵抗性を示すハクサイ品種開発のため、それぞれの病原型に対して異なる抵抗性を示す遺伝子を単離し、DNAマーカーを開発する

これまでの成果

根こぶ病抵抗性遺伝子

Crr1a

既に単離済み

CRb

3つの候補遺伝子を同定

Crr1b

染色体上の位置を絞り込み中

CRk

今後、各遺伝子を単離し、DNAマーカーを開発

DNAマーカー情報を育種機関に提供し、4種類いずれの病原型にも抵抗性を持つ品種を育成



ウイルスベクターを用いてカンキツ類への外来遺伝子の導入に成功

目的

非遺伝子組換えカンキツ類の育成期間を大幅短縮
→ゲノムに組み込まれない(非ゲノム挿入型)ウイルスベクターを活用し、開花促進物質を細胞内で産生する遺伝子を導入することで開花促進技術を開発する

これまでの成果

これまでリンゴでのみ外来遺伝子の導入が確認されていた非ゲノム挿入型ウイルスベクターが、カンキツ類でも外来遺伝子を導入させる機能を有することを確認

蛍光を確認



非ゲノム挿入型ウイルスベクターを用いて蛍光遺伝子を導入させたレモン(左)と対照区(右)

開花促進に関わる遺伝子を取り込んだウイルスベクターを用いてカンキツの開花促進技術の開発へ

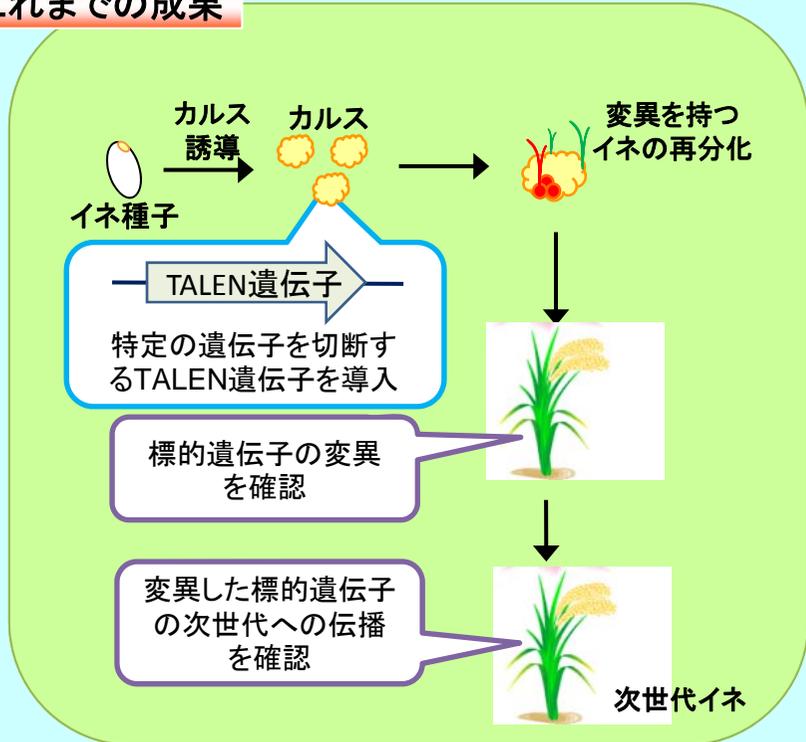
3. これまでの研究成果 (2)

人工制限酵素 (TALEN) で変異させた標的遺伝子が次世代に伝わることを確認

目的

人工制限酵素を用いて生体内の特定の遺伝子を置換・欠失させる技術の正確性・効率性等の向上

これまでの成果



標的遺伝子の改変技術を汎用的な技術へ

主要品種間の一塩基多型 (SNPs) の網羅的解析

目的

リンゴの優良な量的形質を持つ系統を効率よく選抜するため、選抜に必要でかつ日本のリンゴ栽培品種に利用可能な約2,000種類の一塩基多型 (SNPs) マーカーを開発

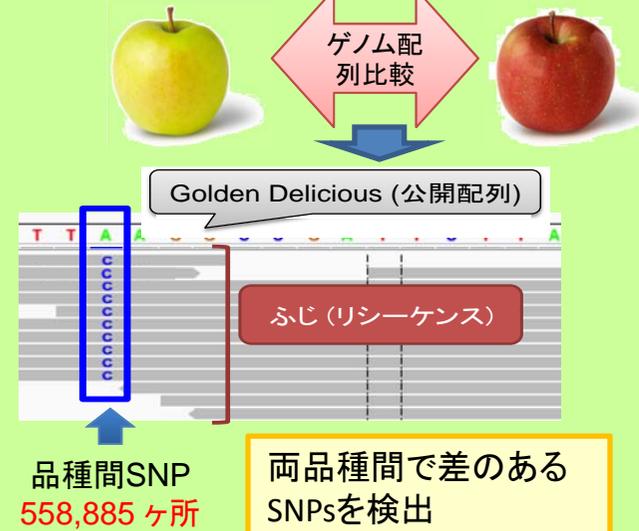
これまでの成果

ゴールドデデリシャス

- ・栽培面積 世界2位
- ・ゲノム配列が報告済み

ふじ

- ・栽培面積 世界1位
- ・全ゲノム配列を解読

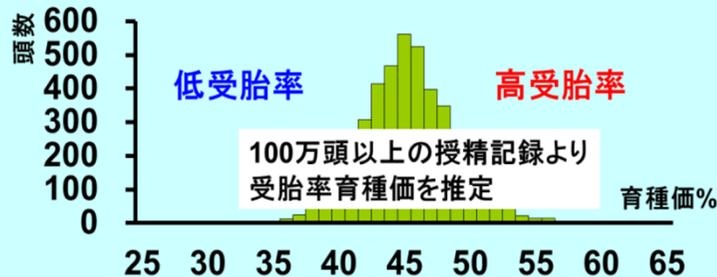


多品種・系統に利用可能なSNPsマーカーを抽出し、優良な量的形質を持つ系統の選抜に活用

3. これまでの研究成果 (3)

ホルスタイン種の受胎率を改良する方法を開発

低下の続くウシの受胎率を改善するため、受胎率向上に関連する遺伝子型を特定し、遺伝子診断法を開発



低受胎率群及び高受胎率群から192個体ずつ選抜

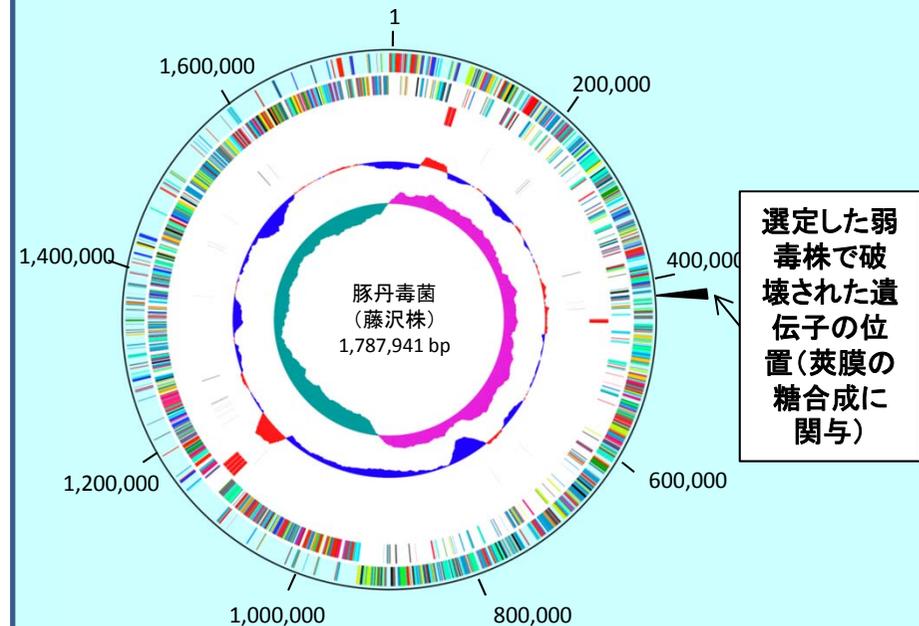
全ゲノム領域にわたり、遺伝子多型と受胎率との関連を解析

ホルスタイン種の受胎率を高める、*PKP2*、*SETD6*及び*CACNB2*の型を特定し、遺伝子診断法を開発

今後、実証試験と、黒毛和種に関して同様の遺伝子診断法の開発を実施

多目的・省力型の多価ワクチン製造に利用可能な弱毒型豚丹毒菌の作出に成功

牛、豚、鶏などの複数の動物種で任意の外来抗原に対する免疫を付与できるワクチンの開発のため、宿主域の広い豚丹毒菌の弱毒化に成功



- ・295種類の遺伝子破壊株を作出
- ・マウス及び豚への接種試験により、豚丹毒菌の免疫原性を持つ弱毒株を選定
- ・外来抗原遺伝子の挿入位置を決定

今後、外来抗原遺伝子を組み込んだ弱毒豚丹毒菌を製作し、牛、豚、鶏における免疫付与効果を検証

4. 個別課題の研究内容

(1) ゲノム育種技術の全国展開に向けた 研究開発

政策に応じた農作物のDNAマーカーの開発（1）

課題

本課題で開発するDNAマーカー

水稻

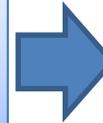
担い手が各々の経営戦略に応じて、大規模化、低コスト化等を目指すことができる品種の開発が必要



- 肥料削減のための窒素、リン酸、カリウムの利用効率の向上・高吸収性
- 農薬削減のための病虫害抵抗性（トビイロウンカ、ツマグロヨコバイ、いもち病抵抗性）

麦類

国産麦の需要拡大の下支えのため、収量や品質の向上・安定化と安全性の向上に資する新品種の開発が必要



- 穂発芽耐性や耐湿性
- 収量性向上
- 病害抵抗性（縞萎縮病、赤かび病抵抗性）

飼料作物

生産性向上につながる新品種の開発が必要



- 収量性向上（葉幅、葉長、茎の太さの改良）

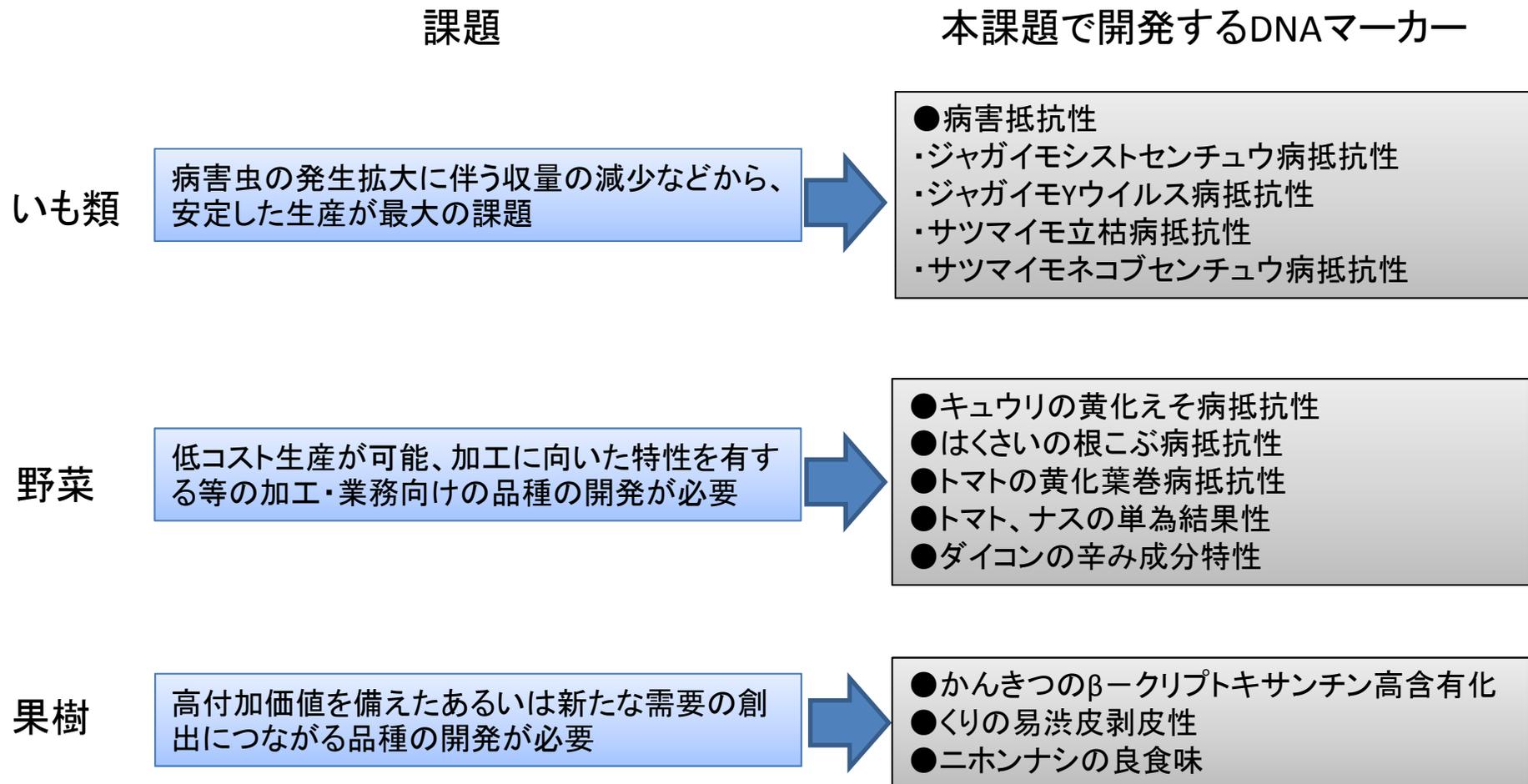
大豆

生産の安定化が最大の課題であり、収量の安定や向上につながる新品種の開発が必要



- 収量性向上
- 耐湿性、耐冷性
- 病虫害抵抗性（ハスモンヨトウ抵抗性、茎疫病抵抗性、ダイズモザイクウイルス、ラッカセイわい化ウイルス抵抗性）
- 窒素固定能
- リン酸吸収性

政策に応じた農作物のDNAマーカーの開発（2）



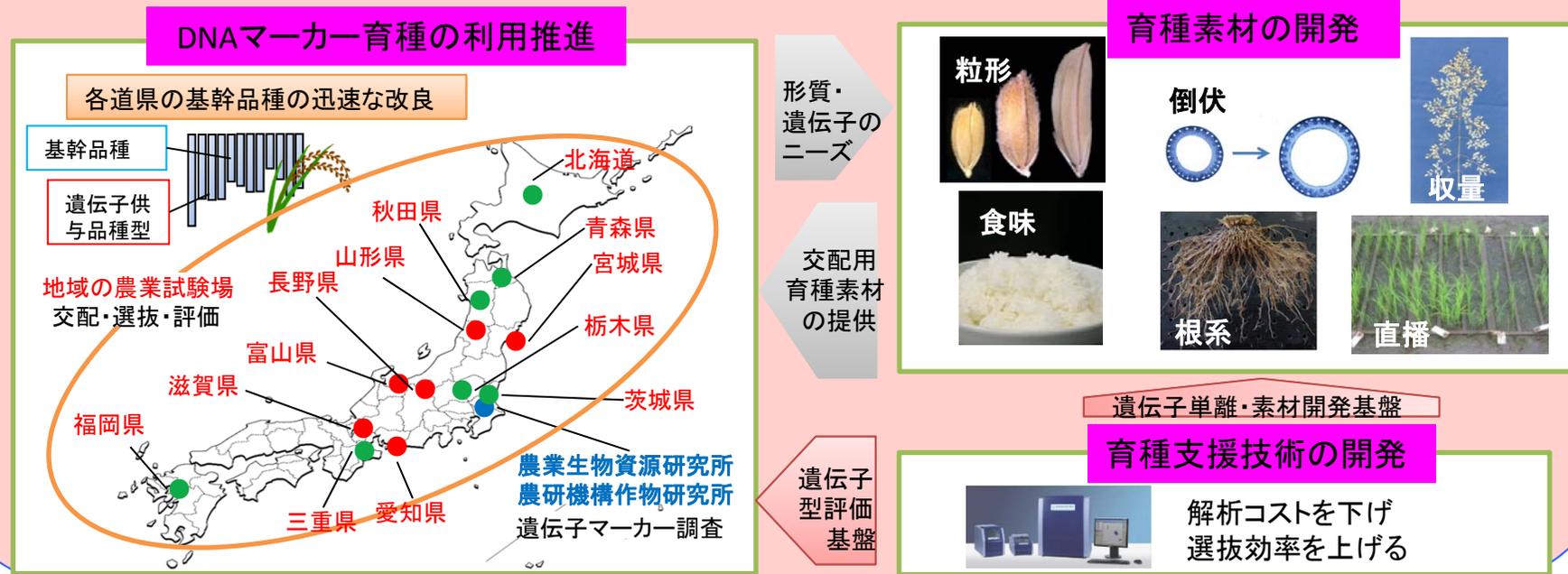
全国の育種機関によるDNAマーカー育種の利用促進

現状と課題

イネでは多くのDNAマーカーが開発されたが、各地の育種機関では、マーカーを育種に利用するための育種素材や解析機器が不足しており、DNAマーカー育種の普及が不十分

主な研究内容

- ・各地の育種機関と育種素材・解析機器を有する研究独法等が連携してDNAマーカー育種を行い、成果をPRして技術の有用性を周知するとともに、研究独法等との連携によるDNAマーカー育種を行うためのマニュアルを作成
- ・DNAマーカーの解析コストを下げるための技術開発



地域の育種機関が病害抵抗性、出穂期等地域の課題を解決できる形質を容易に導入できるようになり、様々なニーズに即した形質を導入した新たな系統を短期間で実用品種に育成することが可能に

(2) ゲノム育種技術を高度化するための 研究開発

多数の遺伝子が関与する形質を改良する新しい育種技術の開発

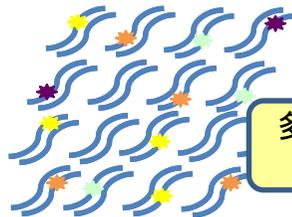
現状と課題

- ・収量性など多数の遺伝子が関与する形質を飛躍的に改良させることは、従来の育種技術やDNAマーカー育種技術では困難。
- ・ゲノム解析が進展し、ゲノム上の位置の目印となる一塩基多型(SNPs)の検出と利用が容易に。さらに、ゲノム上に分布する多数のSNPsマーカーを利用して、多数の遺伝子が関与する形質を改良する育種技術(ゲノム選抜法)が開発。
- ・当該技術を作物にも適用するための技術開発が必要。

主な研究内容

SNPsマーカーの基盤整備

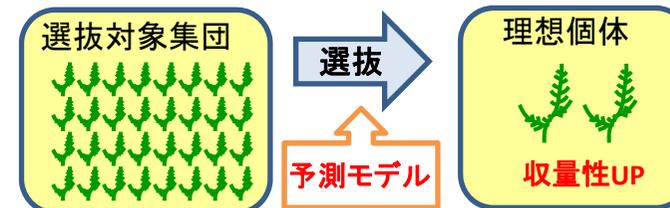
ゲノミックセレクションに利用するため、ダイズ・コムギ・園芸作物からゲノム上に分布するSNPsを抽出



多数のSNP
を検出

ゲノム選抜法の農作物への適用と実証

- ・SNPsマーカーと形質を関連付けし、マーカー情報から「目標形質を予測する」モデルを構築
- ・予測モデルに基づいて理想型を予測し、理想個体を選抜。信頼性と有効性を検証



ゲノム選抜や形質評価の効率化による複雑な形質の新たな育種選抜技術の確立

作物に画期的な形質を付与する新しいゲノム育種技術の開発

現状と課題

- ・近年、欧米を中心にNBT(遺伝子組換え技術を利用しているものの、育成された農作物には外来遺伝子が残らない新しい育種技術)の開発が進展しており、我が国においても、重要品目に活用できる様、当該技術開発を推進する必要。
- ・交配育種やNBTでは改良できない画期的な形質を付与する遺伝子組換え作物の開発が必要。

主な研究内容

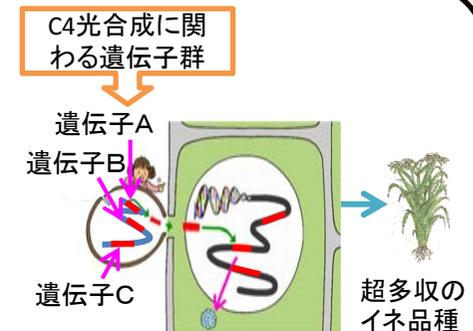
国産NBTの開発

- ・有用形質の集積系統の選抜に必要な、互いに異なる遺伝子を有する大規模イネ集団作出のため、自殖性であるイネを他殖性にする技術の開発
- ・カンキツ類の育種期間を大幅に短縮する技術の開発



多数の遺伝子が関与する形質を改変するための遺伝子組換え技術の開発

- ・イネへのC4光合成遺伝子の導入
- ・コムギへのイネ耐湿性遺伝子の導入
- ・イネへの共生窒素固定関与遺伝子の導入



新たな遺伝子組換え生物にも対応できる生物多様性影響評価・管理技術の開発

現状と課題

- ・世界の遺伝子組換え作物の栽培面積は年々増加し、環境ストレス耐性など適応度が向上する形質を導入した遺伝子組換え作物も実用化。
- ・国内で利用が予想される遺伝子組換え生物の生物多様性影響評価のため、ダイズ近縁野生種であるツルマメ、カイコの近縁種であるクワコ、サケやコイ等の魚に関する生物的・生態的形特性に関する情報・収集が必要。また、世界の遺伝子組換え農作物栽培国における研究開発・実用化・規制の検討状況等の情報の収集も必要。

主な研究内容

生物多様性影響評価手法の開発

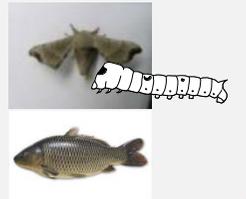
遺伝子組換え植物

ツルマメ（ダイズ近縁野生種）、ナタネ類の生態的特性の把握と交雑リスクの評価手法の開発



遺伝子組換え動物

・クワコ（カイコ近縁野生種）の生態的・生理的特性の把握
・サケ等の交雑性の調査



適正管理技術の開発

新技術への対応

・遺伝子組換え技術等で開発された新たな品種の検知手法の開発
・NBTに関する海外の科学的知見・規制・検知法の情報の調査

非遺伝子組換え作物との共存技術

・イネ閉花受粉性系統の選抜
・交雑抑制効果のモデル化・予測



- ・我が国で利用される遺伝子組換え生物の適切なリスク評価・リスク管理、遺伝子組換え生物に対する国民の理解の増進に貢献
- ・海外の状況も踏まえた国内におけるNBT開発戦略の構築に貢献

(3) 遺伝資源を効率的・効果的に
活用するための研究開発

遺伝資源から多様な地域特性や経営戦略に即した有用遺伝子を効率的に特定する技術の開発

現状と課題

- ・ 画期的な新品種を速やかに、かつ継続的に開発するには、収集・保存されている遺伝資源や人工的に作出された突然変異集団の中から様々なニーズに対応した有用遺伝子を効率的に見出すための技術開発が必要。

主な研究内容

遺伝子変異検出技術の構築

変異を有する遺伝子を検出する基盤技術を活用し、突然変異集団の中から有用な変異遺伝子を持つ個体をピンポイントで選抜する手法を開発

高度情報処理による有用遺伝子特定技術の開発

遺伝資源の品種間のゲノム配列、遺伝子発現情報、形質情報を関連付け、有用な遺伝子を特定する技術を開発

遺伝子変異検出技術を活用した有用な変異遺伝子の特定

- ・ イネ乳白粒発生抑制
- ・ イネ食味特性
- ・ コムギ穂発芽性
- ・ ダイズの開花期制御

等に関する有用な変異遺伝子を特定し、育種に役立つ素材を作出

人工制限酵素等を用いて有用遺伝子を創出する技術の開発

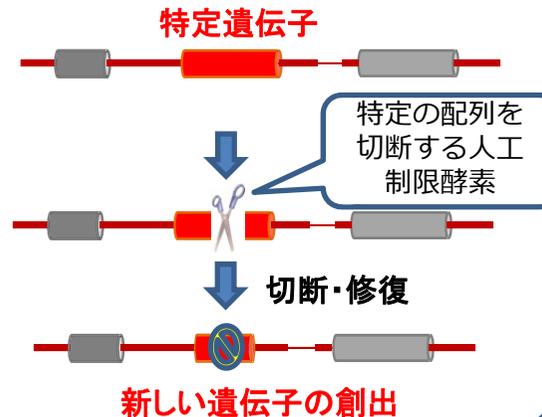
現状と課題

- ・ 生体内の特定の遺伝子の置換・欠失・メチル化修飾等を狙い通りに生じさせる技術(人工制限酵素等によるゲノム編集技術)の開発が欧米を中心に進行中。
- ・ 我が国の重要品目の育種に応用するための改良や正確性・効率性等を向上させるための独自の応用技術の開発が必要。

主な研究内容

ゲノム編集技術の高度化

- ・ 人工制限酵素を用いたゲノム編集技術の正確性・効率性等を向上させるための技術を開発
- ・ DNAメチル化修飾により、塩基配列を変えずに目的遺伝子の発現量を制御する技術を開発



ゲノム編集技術の利用による育種素材の開発

- ・ イネの根系形態や穂形質を改良したイネの作出
- ・ アミノ酸高蓄積イネの作出
- ・ 新規の除草剤耐性イネの作出等

遺伝子発現を指標にイネの生育を予測するシステムの開発

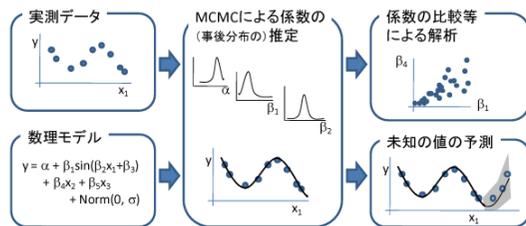
現状と課題

- ・新たに育成した系統の系統適応試験や特性検定試験には、試験栽培や様々な形質特性の評価など多大な労力が必要。
- ・気象データと遺伝子発現情報の相関に関する大量の情報を収集・活用することにより、新たに育成した系統の特定地域における生育を当該地域の気象データのみから予測する手法の開発が進行中。

主な研究内容

気象データ等から遺伝子発現を予測する統計モデルの高度化

- ・モデル精度の向上
- ・計算速度の高速化

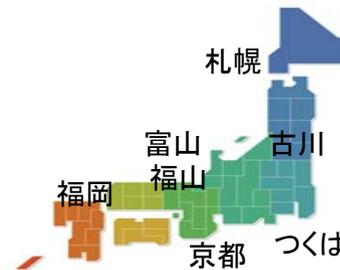


数理モデル

$$y = \alpha + \beta_1 \sin(\beta_2 x_1 + \beta_3) + \beta_4 x_2 + \beta_5 x_3 + \text{Norm}(0, \sigma)$$

全国で活用できる遺伝子発現モデルの開発

- ・全国7カ所のほ場で、
- ・コシヒカリ等を対象に発現解析
- ・遺伝子発現予測モデルを開発



農業形質の高精度の予測技術の開発

- ・遺伝子発現から農業形質を予測できる技術を開発

出穂期

分けつ数、かん長

病気のかかりやすさ

遺伝資源の効率的保存技術等の開発

現状と課題

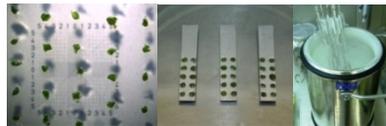
- ・植物遺伝資源はゲノム研究や育種における基礎材料であり、長期間にわたる安定的な保存が重要。そのため、保存法が確立されていない遺伝資源の効率的な保存技術等の開発が必要。
- ・日本各地の伝統野菜等の在来品種は、特色ある地域産業資源としての活用が期待できる一方、保存・継承が困難な状況。

主な研究内容

栄養繁殖性作物の効率的保存法の開発

クライオプレート法を用いた超低温保存法の開発

- 培養茎頂のクライオプレート法による超低温保存法の最適条件を品目ごとに開発
- 超低温保存法のマニュアル化



超低温保存の実装のための大規模実証試験

- 超低温保存の実装に向けて、大量の保存材料の準備及び超低温保存を行うための大規模実証実験

生息域内保存を支援するための技術の開発

伝統的野菜等の生息域内保存支援システムの開発

- 在来品種データベースの構築
- 伝統野菜等の現地保存を行う上での課題抽出と解決方法の提示



通常種子の常温保存技術の開発

- ネギ・ゴボウ・カブ・トウガラシを対象に、常温での短・中期間保存技術の開発

(4) 家畜の革新的な育種・繁殖・疾病 予防技術の開発

複数の遺伝子に支配される重要形質(飼料利用性・繁殖性・抗病性)に係るDNAマーカーの開発

現状と課題

- ・飼料価格が上昇傾向にある中、畜産業の経営安定化のためには、家畜の生産性を向上させる必要があり、家畜の飼料利用性の向上、繁殖能力の向上、疾病による損耗を低減することが必要である。
- ・平成21年に牛、豚のゲノム塩基配列が解読されるとともに、家畜用のSNPチップ等の解析技術の進展により、網羅的なゲノム解析も可能になったことから、複数遺伝子に支配される形質に係わるDNAマーカー開発が可能になってきた。

主な研究内容

家畜の生産性向上のためのDNAマーカーの開発

- ・ブタの飼料利用性、一腹当たりの産子数、離乳時産子総体重に関連するDNAマーカーの開発
- ・ウシの受胎率に関連するDNAマーカーの開発

抗病性に関するゲノム多様性解析とDNAマーカーの開発

免疫系遺伝子(病原体認識受容体、炎症性サイトカイン等)及びウイルス受容体分子の遺伝的多様性と抗病性との関連を解析し、DNAマーカーを開発する

繁殖サイクルの短縮や受胎率向上のための技術開発

現状と課題

- ・低下が続く受胎率の向上を図るため、これまでにホルモン処理による排卵時期のコントロールや牛の栄養状態の改善などが試みられている。
- ・家畜用の網羅的な遺伝子解析技術が進展してきていることから、遺伝子の発現を指標とした超早期妊娠診断法の確立が可能となってきた。
- ・生殖に関する内分泌系を調節する重要物質であるキスペプチン/ニューロキニンの機能解明が進展しているため、分娩後の牛の卵巣機能を速やかに回復させ、早期に繁殖に供与する技術の開発につながる可能性が出てきている。

主な研究内容

超早期妊娠診断技術の開発

生殖器官の遺伝子発現解析と、胚発生や受胎に関わる遺伝子機構の解明

超早期妊娠
診断技術の開発



胎盤と胎子

キスペプチン/ニューロキニンによる新たな卵胞発育制御技術の開発

キスペプチン/ニューロキニンの
作用機構の解明

卵巣機能制御技術の開発

キスペプチン
ニューロキニン



下垂体



次世代型ワクチンを開発するための基盤技術の開発

現状と課題

- ・現行のワクチンは、粘膜面に抗体を産生できない(不活化ワクチン)、病原性復帰(生ワクチン)等の問題がある。また、ワクチン開発には多大な時間と費用が必要である。
- ・牛乳房炎は乳量低下や乳質悪化を引き起こし、豚繁殖・呼吸障害症候群(PRRS)は子豚で呼吸障害、母豚で死流産を引き起こす。牛ウイルス性下痢・粘膜病(BVD-MD)は、しつこい下痢を引き起こす。これらは経済的損失が大きい疾病であるが、効果的なワクチンは世界的にもまだ開発されていない。

主な研究内容

次世代のワクチン開発に資する 基盤技術の開発

現行のワクチンの課題を解決するため、高機能リポソーム、ベクターワクチン等の基盤技術を開発する。

高機能リポソーム

油膜で構成された小胞で、標的部位への指向性を高めたもの。内部にワクチン抗原を含ませ、経口・経鼻投与することで粘膜で抗体を誘導。

ベクターワクチン

弱毒化した微生物に異種病原体の抗原(遺伝子)だけを挿入し、ワクチンとして利用するもの。挿入する分子を変えることで様々なワクチンの作製が可能。

難防除性家畜疾病の制圧に向けた 新規ワクチンの開発

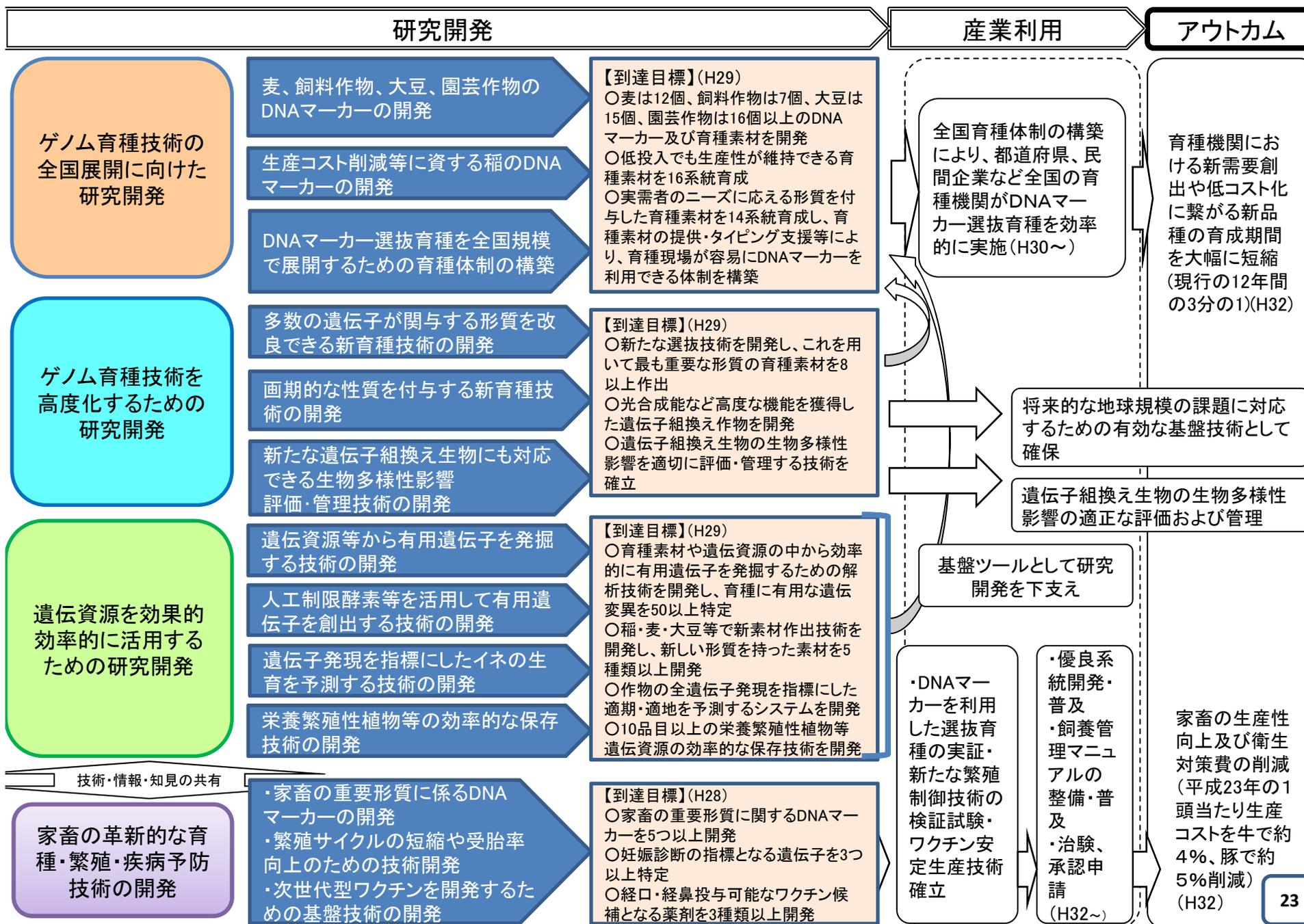
リポソーム等の新技術を利用した乳房炎、PRRSおよびBVD-MD用ワクチンを開発する。

- ・効果的な免疫を付与できる抗原の探索
- ・投与法の検討、等



乳房、鼻粘膜等への投与法の検討
(乳房炎ワクチン)

5. アウトカムに向けたロードマップ



(参考) プロジェクト運営体制(1)

(1) 農作物

運営委員会

- 外部委員 大村 三男(静岡大学 教授)、鎌田 博(筑波大学大学院 教授)、國分 牧衛(東北大学 教授)、小鞠 敏央(日本たばこ産業株式会社営業企画部長)、隅藏 康一(文科省化学技術政策研究所 総括主任研究官)、武田 和義(岡山大学 名誉教授)
- 行政部局 大臣官房(政策課技術調整室、環境政策課)、消費安全局(農産安全管理課)、生産局農産部(穀物課、園芸作物課、地域作物課、技術普及課)、水産庁増殖推進部(研究指導課海洋技術室)、農林水産技術会議事務局(技術政策課、研究推進課、研究統括官(除染、食料戦略)室、研究開発官(食の安全、基礎・基盤)室)

各研究課題

①麦及び飼料作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発
研究リーダー:小松田 隆夫((独)生物研)

②大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発
研究リーダー:石本 政男((独)生物研)

③園芸作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発
研究リーダー:山本 俊哉((独)農研機構)

④イネの低コスト化・省力化・環境負荷軽減に資する有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発
研究リーダー:藤原 徹(国立大学法人東京大学)

⑤イネのDNAマーカー選抜育種支援システムの構築
研究リーダー:山本 敏央((独)生物研)

⑥多数の遺伝子が関与する形質を改良する新しい育種技術の開発
研究リーダー:矢野 昌裕((独)生物研)

⑦作物に画期的な性質を付与する新しいゲノム育種技術の開発
研究リーダー:南 栄一((独)生物研)

⑧新たな遺伝子組換え生物にも対応できる生物多様性影響評価・管理技術の開発
研究リーダー:與語 靖洋((独)農環研)

⑨遺伝資源から多様な地域特性や経営戦略に即した有用遺伝子を効率的に特定する技術の開発
研究リーダー:杉本 和彦((独)生物研)

⑩人工制限酵素等を用いて有用遺伝子を創出する技術の開発
研究リーダー:土岐 精一((独)生物研)

⑪遺伝子発現を指標にイネの生育を予測するシステムの開発
研究リーダー:井澤 毅((独)生物研)

⑫遺伝資源の効率的な保存技術の開発
研究リーダー:竹谷 勝((独)生物研)

(参考) プロジェクト運営体制(2)

(2) 家畜

運営委員会

- 外部委員 池田 秀利(日本獣医生命科学大学 教授)、大石 孝雄(東京農業大学 嘱託教授)、小野寺 節(東京大学 特任教授)、西原 眞杉(東京大学大学院 教授)
- 行政部局 大臣官房(政策課技術調整室)、消費安全局(畜水産安全管理課、動物衛生課)、生産局畜産部(畜産振興課) 農林水産技術会議事務局(研究推進課、研究開発官(食の安全、基礎・基盤)室)

各研究課題

①複数の遺伝子に支配される重要形質(飼料利用性・繁殖性・抗病性)に係るDNAマーカーの開発

研究リーダー: 美川 智((独)生物研)

②繁殖サイクルの短縮及び受胎率向上のための技術開発

研究リーダー: 岡村 裕昭((独)生物研)

③次世代型ワクチンを開発するための基盤技術の開発

研究リーダー: 国保 健浩((独)動衛研)