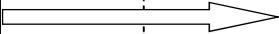
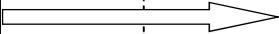
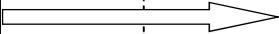


委託プロジェクト研究課題評価個票（終了時評価）

研究課題名	ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト（うち「ゲノム情報等を活用した薬剤抵抗性管理技術の開発」を除く）	担当開発官等名	研究開発官(基礎・基盤・環境)						
		連携する行政部局	大臣官房政策課 消費・安全局農産安全管理課 消費・安全局植物防疫課 食料産業局新事業創出課 生産局農産部穀物課 生産局農産部園芸作物課 生産局農産部地域作物課 生産局農産部技術普及課 水産庁増殖推進部研究指導課						
研究期間	H25～H30（6年間）	総事業費（億円）	57億円（見込）						
研究開発の段階	<table style="display: inline-table; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">基礎</td> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">応用</td> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">開発</td> </tr> <tr> <td colspan="3" style="text-align: center;">  </td> </tr> </table>	基礎	応用	開発				関連する研究基本計画の重点目標	重点目標 16、18、22、26
	基礎	応用	開発						
									

研究課題の概要

＜委託プロジェクト研究課題全体＞

我が国の農産物の競争力強化に向け、地域の特性に合わせて収量、品質などを飛躍的に向上させた画期的新品種を短期間で開発するなどゲノム（※1）情報を活用した新しい生産基盤技術を確立するため、(1) 稲、麦、大豆、園芸作物等のDNAマーカー（※2）の開発やDNAマーカー選抜育種（※3）技術の全国の育種機関への展開、(2) DNAマーカー選抜育種では困難な、収量など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及び新たな遺伝子組換え生物の生物多様性影響評価・管理技術の開発、(3) 地域特性に最適化した新品種を効率的に開発するため遺伝資源から有用遺伝子を効率的に特定する技術や遺伝資源の保存技術の開発を推進。

＜課題(1)：ゲノム育種技術を全国展開するための研究開発（継続：平成25～30年度）＞

・DNAマーカー選抜育種技術について、①麦、大豆、園芸作物については、有用農業形質に関与するDNAマーカー及び育種素材の開発、②稲については、特にコスト削減に資するDNAマーカー及び育種素材の開発、さらに、③主要品種に有用遺伝子を導入した育種素材の開発とともに、全国の育種機関でDNAマーカー選抜育種技術の推進を図る。また、④26年度より、実需者等からのニーズに対応した園芸作物の有用形質に関与するDNAマーカー及び育種素材の開発を実施。（①～③は平成25～29年度、④は平成26～30年度）

＜課題(2)：ゲノム育種技術を高度化するための研究開発（継続：平成25～29年度）＞

・従来法では困難であった新しい育種素材を作出するため、①収量性や品質など多数の遺伝子が関与する形質を改良できる新しい育種技術の開発、また、②光合成能を飛躍的に向上させる等、中長期的課題の解決に必要で、かつ交配では作出不可能な作物を遺伝子組換え技術を用いて開発するとともに、③新たな遺伝子組換え生物の安全性の確認に必要なリスク評価・管理技術の開発を実施。

＜課題(3)：ゲノム育種技術を効果的・効率的に活用するための研究開発（継続：平成25～29年度）＞

・多様な地域特性や生産者の要望に即した新品種を開発するための育種の基盤として、①遺伝資源から有用遺伝子を効率的に特定する技術の開発、②人工制限酵素（※4）等を活用して、突然変異を起こす新たな有用遺伝子作出技術の開発（平成25～27年度）、③地域への適切な品種の導入促進のための新品種の環境適応性を予測する手法の開発、④遺伝資源の効率的な保存技術の開発（平成25～27年度）を実施。

1. 委託プロジェクト研究課題の主な目標

(1) ゲノム育種技術を全国展開するための研究開発

・稲、麦、大豆、野菜、果樹等の有用形質に係るDNAマーカー及び育種素材を80以上開発（平成29年度終了）

・園芸作物を対象に、実需者のニーズ等に即したDNAマーカー開発（平成30年度終了）

(2) ゲノム育種技術を高度化するための研究開発（平成29年度終了）

・全ゲノム情報を利用した新たな選抜技術を開発し、これを用いて最も重要な形質の育種素材を8以上作出

(3)ゲノム育種技術を効果的・効率的に活用するための研究開発（平成29年度終了）

・育種素材や遺伝資源の中から効率的に有用遺伝子を発掘するための解析技術を実用化し、育種に有用な遺伝変異を50以上特定

2. 事後に測定可能な委託プロジェクト研究課題としてのアウトカム目標（H32年）

- 育種機関における新需要創出や低コスト化に繋がる新品種の育成期間を大幅に短縮（現行の12年間の3分の1）。このため、全国の育種機関に対してDNAマーカー育種の技術的・経済的メリットの提示、育種に活用できるDNAマーカーや育種素材の情報提供等を行い、本委託プロジェクト研究で構築されるDNAマーカー育種支援システムが、全国の育種機関で積極的に活用されることが必要。

【項目別評価】

1. 研究成果の意義

ランク：A

① 研究成果の科学的・技術的な意義、社会・経済等に及ぼす効果の面での重要性

本プロジェクトは、農産物のゲノム情報を活用して、新品種開発の飛躍的な効率化や従来開発できなかった画期的新品種を開発を可能にする新しい生産基盤技術を開発するものである。平成27年に農林水産技術会議事務局が新たに策定した「農林水産研究基本計画」の中で重点目標として掲げられている「世界に誇れる強みのある農林水産物の開発」を達成する上で、本プロジェクトは中心的な役割を担うものであり、平成28年に内閣府が策定した「科学技術イノベーション総合戦略2016」の中で重きを置くべき取組として掲げられている「次世代育種システム」にも関連するものである。本プロジェクトの重要性はプロジェクト開始時から変化はなく、農林水産・科学技術政策上も重要性は極めて高いといえる。

<科学的・技術的な意義>

本プロジェクト開始時からの4年間で、合計206報の査読論文が発表された。その内容は、植物生理学、植物病理学、作物学、育種学、遺伝学、分子生物学等多岐に渡るものであり、植物科学のみならず、広く生命科学の発展に貢献する成果である。

本プロジェクトではDNAマーカー選抜育種法を実用性の高いシステムとして確立し、全国の公設試に普及させた（主要成果①）。また、稲、麦、大豆における自然変異や突然変異を活用して作出された実験系統群からは既に有用な遺伝変異が多く同定されており、今後新たな遺伝資源としての活用が見込まれる世界的にも類を見ない独創的かつ革新的な成果である（主要成果②）。一方、DNAマーカー選抜育種の適用が困難な形質、作物に対しては、ゲノム全体の遺伝子型を指標にした新たな選抜技術（ゲノミックセレクション（※5））の研究開発に取り組み、対象とする全ての作物において本技術が有効であることが実証された（主要成果③）。ゲノミックセレクションは家畜では成功例があるが、農作物ではまだ発展途上の技術である。本プロジェクトでの試みは世界的にも先導性の高いものであり、新たなゲノム育種技術としての確立が期待される。

<社会・経済等に及ぼす効果の面での重要性>

本プロジェクトで主に対象としてきた病害抵抗性や低コスト・省力化を実現する品種が開発されることによる経済効果は数百億円と試算される。例えば稲の重要病害の一つであるいもち病においては、コシヒカリに抵抗性を付与したコシヒカリBLの導入により、年間推定で約50億円分の被害が減少するとされている。本プロジェクトでは、複数の道県の普及品種に、いもち病圃場抵抗性遺伝子であるpi21を導入した新品種育成を進めてきた。今後pi21遺伝子を持った新品種が全国で普及することにより、いもち病被害を大幅に減らせることが期待できる。また、小麦では縞萎縮病や穂発芽による被害が北海道だけで約170億円と試算されている。本プロジェクトでは既に縞萎縮病抵抗性の品種候補が育成されており（主要成果④）、穂発芽耐性や赤かび病抵抗性等のDNAマーカーも開発されていることから、大幅な被害低減が期待される。

以上のことから、本プロジェクトの研究成果の科学的・技術的な意義、社会・経済等に及ぼす効果の面での重要性は極めて高い。

2. 研究目標（アウトプット目標）の達成度及び今後の達成可能性

ランク：S

①最終の到達目標に対する達成度

研究は概ね計画通りの進捗で進捗している。アウトカム目標の達成に向けて三年度目に研究課題の絞

込みと研究資源の集中化を実施した結果、特に課題(1)、(3)においては最終の到達目標を大幅に上回る成果を挙げた。

<課題(1)：ゲノム育種技術を全国展開するための研究開発>

①麦、大豆、園芸作物については、有用農業形質に関与するDNAマーカー及び育種素材の開発

②稲については、特にコスト削減に資するDNAマーカー及び育種素材の開発

④実需者等からのニーズに対応した園芸作物の有用形質に関与するDNAマーカー及び育種素材の開発

- 「稲、麦、大豆、野菜、果樹等の有用形質に係るDNAマーカー及び育種素材を80以上開発」という最終の到達目標については、開始から4年間で合計277個のDNAマーカー及び育種母本・素材が開発され、到達目標を大幅に上回る成果を達成した(下表参照)。最終年度では、開発したDNAマーカーの更なる高精度化や、野菜・果樹の育種素材の開発を推進する。
- 「園芸作物を対象に、実需者のニーズ等に即したDNAマーカー開発」という最終の到達目標については、開始から3年間で、モモの果肉の硬さおよび茶のカフェインを含まない形質に関するDNAマーカーが開発された。また、イチゴの果実表面の着色、リンゴの果肉褐変性、カーネーションの日持ち性、およびキクの開花早生性について、QTL(※6)解析により原因遺伝子が座上する染色体領域を絞り込んだ。

③主要品種に有用遺伝子を導入した育種素材の開発とともに、全国の育種機関でDNAマーカー選抜育種技術の推進を図る

- 全国13の公設試が参画し、各地域の基幹品種(または有望系統)に対して10個の単離済み遺伝子および1個のQTLを導入した生産力検定試験に供試可能な準同質遺伝子系統(※7)を合計22系統作出した。特に、縞葉枯病抵抗性遺伝子を導入した2系統、いもち病圃場抵抗性遺伝子を導入した1系統、出穂期を早生化した1系統および玄米粒を厚くした1系統の合計5系統については、最終年度(平成29年度)に前倒しで奨励品種決定調査に進む見込みである。また、いもち病圃場抵抗性遺伝子を導入した1系統、いもち病圃場抵抗性遺伝子、縞葉枯病抵抗性遺伝子およびカドミウム低吸収遺伝子を導入した1系統、出穂期を早生化した2系統、出穂期を晩生化した2系統の合計6系統については、平成30年度には奨励品種決定調査に進む見込みである(主要成果①)。

<課題(2)：ゲノム育種技術を高度化するための研究開発>

①収量性や品質など多数の遺伝子が関与する形質を改良できる新しい育種技術の開発

- 「全ゲノム情報を利用した新たな選抜技術を開発し、これを用いて最も重要な形質の育種素材を8以上作出」という最終の到達目標については、プロジェクト開始から4年間で稲で1系統が開発された。また、残りの7つの作目においては、最終年度での有望系統選抜のための選抜モデルの構築、および交配集団を育成した。各作目に関する詳細は下記の通りである。
 - 稲については、良食味を対象にした育種に有用な育種素材が1系統開発された。
 - 大豆については、タンパク質含量に関して形質予測モデルを開発し、ヒュウガーエンレイの組み換え自殖系統から高タンパク系統と予測される個体を選抜した。また、北海道の多収選抜系統群を用いた収量のゲノムワイド関連解析(※8)から多収性に関与するマーカーを11個検出した。
 - 小麦については、主要品種および育種母本を用いた粉色および関連形質のアソシエーション解析(※9)によって、これら形質に関する新たな遺伝子座を多数見出すとともに、遺伝子型から粉色をある程度の精度で予測可能であることを示した。
 - トマトについては、高収量・高糖度系統の育成に向けたゲノミックセレクションのモデル構築を実施し、育種選抜とその効果検証を完了した。
 - キャベツについては、結球性ならびに抽だい性に関するゲノミックセレクションのモデル構築を行ったほか、QTL解析を実施した。
 - リンゴについては、アソシエーション解析により重要形質のQTL候補領域を検出したほか、ゲノミックセレクションの予測モデルを構築した。
 - ニホンナシについては、収穫期・果実重について高い成績を上げる為の交配親の選抜予測モデルを構築した。また、ゲノミックセレクションのモデル構築と優良果実形質の選抜実証を行った。
 - カンキツについては、酸含量、果実重量など17形質を対象にゲノムワイド関連解析、ゲノミックセレクションのモデル構築を行った。最終的に12月時点で酸含量が0.8%以下、果実重150g以上の早生個体を選抜できる見込みである。

また、ゲノミックセレクションのモデル構築をサポートするツール「gsWizaRd」および、ゲノム

ワイド関連解析を行う「gwasWizaRd」を開発した。

②光合成能を飛躍的に向上させる等、中長期的課題の解決に必要で、かつ交配では作出不可能な作物を遺伝子組換え技術を用いて開発する

- 自殖性作物である稲や小麦等でも、他殖性のトウモロコシのような循環選抜(※10)を可能とする技術(Genome Mixer)を開発した。本技術の有効性を実証するため、「日本晴」と「タチアオバ」を使って他殖試験を行い、他殖種子が得られることを確認した。
- 開花促進遺伝子が導入されたカラタチと優良形質を持つカンキツ品種を繰り返し交雑することにより、カンキツの育種期間を短縮する技術を開発した。本技術を用いて、カラタチが持つカンキツトリストザウイルス抵抗性遺伝子を短期間でカンキツ品種へ取り込むことに成功した。
- 稲の耐病性遺伝子であるBSR1遺伝子を小麦、サトウキビ、大豆に導入することで、小麦の赤かび病やサトウキビの黒穂病に抵抗性を示すことを実証した。また、遺伝子発現制御領域を改良したBSR1遺伝子を稲に導入することで、いもち病に抵抗性を示すことも明らかにした。

③新たな遺伝子組換え生物の安全性の確認に必要なリスク評価・管理技術の開発

- ツルマメについては、摂食する在来昆虫相やそれらのBt感受性、さらには感染する病原微生物について世界で初めて明らかにした。また、種子の寿命や耐乾性等の個体群動態の変化要因、国内分布特性を明らかにするとともに、ダイズとの開花重複度を予測する作物モデルを開発した。
- ナタネ類については、交雑を念頭に置き、環境に対する適応度が高いカラシナとナタネとの雑種の生育特性や稔性等を評価し、遺伝的多様性や耐虫性を含む適応度を明らかにするとともに、由来推定のためのコアコレクションを策定した。
- クワコについては、カイコとの交尾可能性を明らかにし、モニタリングのためのフェロモントラップ設置条件を明らかにするとともに、複数の遺伝子マーカーを利用してカイコからクワコへの遺伝子流動の証拠がないことを明らかにした。
- 3種類の魚類(大西洋サケ、メダカ、コイ)については、競合性、有害物質の産生性、交雑可能性について着実に知見を集積した。
- 遺伝子組換え生物検知技術については、LAMP法(※11)と核酸クロマト(※12)との組み合わせ等による簡易迅速かつ高感度で実用性が高い検知技術を開発した。
- 国内外の新しい育種技術(NBT)(※13)関連情報、適応度を向上させる遺伝子組換え作物、海外の規制動向や社会経済的影響に関する情報を収集・取りまとめるとともに、海外の専門家を毎年招聘し、NBT海外規制情報をタイムリーに発信してきた。

<課題(3)：ゲノム育種技術を効果的・効率的に活用するための研究開発>

①遺伝資源から有用遺伝子を効率的に特定する技術の開発

- 「育種素材や遺伝資源の中から効率的に有用遺伝子を発掘するための解析技術を実用化し、育種に有用な遺伝変異を50以上特定」という最終の到達目標については、開始から4年間で、まず遺伝資源となる突然変異系統を、イネで12,288系統、コムギで5,147系統、ダイズで6,000系統育成した。さらに、ティリング法(※14)等を利用し、これらの突然変異系統から目的の遺伝子領域に変異を持つ系統を効率的に選抜(スクリーニング)する実験系を確立した(主要成果②)。また、コシヒカリを背景とし、15の供与親品種に由来する染色体断片置換系統群(※15)を作出した。これらの実験系統群に対してスクリーニングを実施した結果、合計で51個の有用な遺伝変異を同定し、DNAマーカー化した(下表参照)。
- 遺伝資源に由来する様々な品種のゲノム情報を収容した自然変異アリのデータベース(アリルマイニングツール)を構築した。また、ゲノムデータベース(RAP-DB)の高度化に取り組み、約700個の遺伝子情報を詳細に調査し情報を更新した他、遺伝子発現情報の取り込みを行った。これらの情報ツールの整備により遺伝子解析やマーカー開発の基盤となるゲノム情報の提供が可能になっている。

②人工制限酵素等を活用して、突然変異を起こす新たな有用遺伝子作出技術の開発(平成25～27年度)

- 稲を対象に、人工制限酵素の設計・構築・発現システムの最適化を行った他、マーカー遺伝子の完全な除去技術の開発や標的組換えによる点変異の導入に成功した。

③地域への適切な品種の導入促進のための新品種の環境適応性を予測する手法の開発

- マイクロアレイ法(※16)に代わる新たな遺伝子発現解析手法であるRNA-Seq法(※17)を用いて、日

本晴やコシヒカリと遠縁の品種についても精確に遺伝子発現解析が可能な手法を確立した。

- 遺伝子発現データを元に新品種の環境適応性の検証が行えるように、統計モデリング手法を用いた葉内の窒素動態の推定や移植後日数、出穂日等を予測する手法を開発した。

④遺伝資源の効率的な保存技術の開発(平成25～27年度)

- バレイショ、イグサ、サトウキビについてクライオプレート法(※18)による超低温保存用の最適な処理方法を開発し、70%以上の個体再生率を実現した。

4年間で開発したDNAマーカー及び育種母本・素材の個数(課題①～③の合計)			
作目	対象形質	DNAマーカー数	育種母本・素材数
稲	出穂期	7	11
	食味・品質	26	4
	穂発芽耐性	7	0
	低温発芽性	2	0
	低温土中出芽性	2	3
	低温苗立ち性	1	1
	ヒ素・カドミウムの吸収・集積	2	6
	低肥料耐性、栄養利用・吸収効率	11	12
	病害虫耐性	39	27
	粒厚	1	1
	穂軸長	1	1
	粳数	1	3
	強稈性	4	9
	光合成速度	3	3
	葉身傾斜角度	1	1
	根からの吸水量	1	1
麦	穂発芽耐性	6	1
	乾燥耐性(クチクラ形成)	2	0
	耐湿性	1	0
	病害抵抗性	20	15
	多収性	5	0
	カドミウム集積	2	1
ソルガム	出穂期	1	0
	穂型	2	0
	矮性	2	0
	葉長/葉面積	0	1
大豆	早晚性・難裂莢性	5	0
	収量性	10	0
	開花期・登熟期	3	0
	耐湿性	6	0
	低温裂開抵抗性	1	8
	病害虫抵抗性	8	7
	半無限伸育性	0	4
ソバ	自家不和劫性/自家和合性	2	0
バレイショ	ジャガイモシストセンチュウ・ジャガイモYウイルス抵抗性	2	0
野菜	キュウリの黄化えそ病抵抗性	1	0
	ハクサイの根こぶ病抵抗性	2	0
	トマトの単為結果性	1	0
	トマトの黄化葉巻病抵抗性	1	0
	ナスの単為結果性	2	0
	ナスの稔性回復	1	0
	ダイコンの黄変性	1	0
	ニホングリの易渋皮剥皮性	1	0
果樹	ももの果肉硬度	1	0

リンゴの斑点落葉病罹病性・抵抗性	2	0
リンゴのカラムナー性	1	0
ニホンナシの黒斑病罹病性・抵抗性	1	0
カンキツのβ-クリプトキサンチン含有量	3	0
ニホンナシの果実の糖組成、良食味	2	0
ブドウのべと病罹病性	1	0
茶のカフェインレス	1	0

②最終の到達目標に対する今後の達成可能性とその具体的な根拠

<課題(1)：ゲノム育種技術を全国展開するための研究開発>

- 「稲、麦、大豆、野菜、果樹等の有用形質に係るDNAマーカー及び育種素材を80以上開発」については、最終の達成目標は既に達成しているが、各対象形質についてQTL領域の絞込みや遺伝子単離を進めることにより、DNAマーカーの更なる高精度化を図る。
- 「園芸作物を対象に、実需者のニーズ等に即したDNAマーカー開発」については、
 - イチゴについては、次世代シーケンサー(※19)を利用した遺伝子発現解析およびゲノムワイド関連解析を実施し、これまでの3年間の結果を比較することで、安定した果実表面色の選抜マーカーが開発できる見込み。
 - リンゴについては、これまでに得られた果肉褐変特性評価データおよびゲノムワイドDNAマーカーセットを用いたゲノムワイド関連解析を行うことで、汎用性の高い果肉褐変性の選抜DNAマーカーの開発ができる見込み。
 - キクについては、キクタニギク標準系統のゲノム配列の解析量を増やすことで、開花早生性の選抜DNAマーカーの高精度化が達成できる見込み。
 - カーネーションについては、候補マーカーに関して育種選抜系統および検証集団での多型解析を進めることで、花の日持ち性に関する高精度選抜マーカーが開発できる見込み。
 以上から、全ての作物について実用的なDNAマーカーの開発が達成できる見込みである。

<課題(2)：ゲノム育種技術を高度化するための研究開発>

「全ゲノム情報を利用した新たな選抜技術を開発し、これを用いて最も重要な形質の育種素材を8以上作出」という到達目標については、各作目とも既に遺伝子型解析用のSNPマーカー(※20)セットの作成は完了しており、QTL解析やゲノムワイド関連解析の結果から、対象とする形質の改良に有効な遺伝子候補領域の選定が行われている。選抜モデルの妥当性についても全ての作目で実証が完了した。残りの研究期間でモデルに基づいた選抜と形質評価を実施することで、研究終了時までには8つの全ての作目において育種素材が作出され、到達目標を達成できる見込みである。

<課題(3)：ゲノム育種技術を効果的・効率的に活用するための研究開発>

「育種素材や遺伝資源の中から効率的に有用遺伝子を発掘するための解析技術を実用化し、育種に有用な遺伝変異を50以上特定」という最終の到達目標については既に達成しているが、有望な遺伝変異の探索を継続すると共に、実験系統群のスクリーニングと変異系統の配布による課題間連携を推進する。また、多様な品種・系統のDNA多型情報を搭載したアレルマイニングツールの公開を行う。

3. 研究が社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム）の目標の今後の達成可能性と その実現に向けた研究成果の普及・実用化の道筋（ロードマップ）の妥当性	ランク：A
--	--------------

①アウトカム目標の今後の達成の可能性とその具体的な根拠

本プロジェクト研究のアウトカムは、「育種機関における新需要創出や低コスト化に繋がる新品種の育成期間を大幅に短縮（現行の12年間の3分の1）」としている。これを実現するため、稲においては高度な育種技術を有する中核機関と公設試の連携による効率的なDNAマーカー選抜育種システムを確立した。これにより、通常10回程度行う戻し交配(※21)を5回程度まで減らすことが可能となり、育成期間の大幅な短縮を実現した。プロジェクトに参画している茨城県や三重県等では、既に奨励品種決定調査に進む系統が5系統得られている（主要成果①）。交配に使う親系統の近縁度や選抜の規模等によっては、さらに育成期間を短縮することも可能であることが示唆されている。

一方、収量性や品質等、複数の遺伝子が関与する複雑な農業形質の改良や、世代時間が長い果樹等の品種改良に関しては、ゲノミックセレクションを中心とした複雑形質の新たな選抜育種技術の開発と実証に取り組み、通常品種改良に20年前後を要するカンキツでは、5年間の研究終了時までには酸含量と果実重に優れる早生型の育種素材を開発できる見込みである。その他に、カンキツを対象に遺伝子組換え

技術を利用した世代促進法を確立しており、これにより最短1年程度で後代を得ることが可能となった。これらの技術を組み合わせることにより、果樹等でも育成期間を大幅に短縮できる見込みである。

以上のことから、アウトカム目標の達成は可能である。

②アウトカム目標達成に向け研究成果の活用のために実施した具体的な取組内容の妥当性

アウトカム目標を達成するために、プロジェクトに参画していない育種機関にも、DNAマーカー解析の支援や育種素材の提供、DNAマーカー育種技術のマニュアルの作成等を行い、DNAマーカー選抜育種法の技術移転・普及に務めてきた。民間会社との共同研究も積極的に実施しており、複数の園芸作物において、本プロジェクトで開発した育種素材を利用した品種育成が進められている。また、シンポジウムや講習会等を開催し、プロジェクト成果の情報発信も積極的に進めてきた。

③他の研究や他分野の技術の確立への具体的貢献度

近年、CRISPR/Cas9(※22)等の人工制限酵素を利用したゲノム編集(※23)技術の革新により、目的の遺伝子を機能させなくしたり、別のDNA配列を挿入したり置き換えるといったことが可能になった。そうした技術(NBT)を育種に応用して新たな作物を作り出す試みが急速に進んでおり、内閣府が主導する「戦略的イノベーション創造プログラム(SIP) 次世代農林水産業創造技術」では、ゲノム編集を利用した日持ちのするトマトや超多収性の稲、養殖適性のあるマグロ等の開発が進められている。ゲノム編集技術を利用してそうした画期的な特性を持った新品種を開発するためには、ターゲットとなる遺伝子が特定され、さらに表現型との関係が明らかになっている必要がある。例えばジャガイモに含まれる有毒物質であるソラニンの生合成に関わる遺伝子「PGA1」「PGA2」や、筋肉の成長を抑える遺伝子「ミオスタチン」は、ゲノム編集技術で遺伝子を破壊することにより、毒の無いジャガイモや通常より体の大きな家畜・魚等の開発につながることを期待されている。本プロジェクトでは、19種類の作物の74の形質についてDNAマーカーや育種素材を開発すると共に、遺伝子の単離まで進めてきた。その中で麦の穂発芽耐性に関わる遺伝子の情報が既にSIPの中でゲノム編集に利用されており、本プロジェクトで得られた遺伝子の情報がNBTを利用した育種に活用されることで、時代と共に変化する実需者・消費者等の多様なニーズに合った農作物新品種を迅速に開発することが可能になると期待される。

4. 研究推進方法の妥当性

ランク：A

①研究計画（的確な見直しが行われてきたか等）の妥当性

アウトカム目標の達成に向けて研究資源を集中させるため、進捗状況等を考慮するとともに、それぞれ対象とする形質について、「現場からのニーズの強さ」と「社会実装されるまでの期間」を考慮し、3年度目からの2年間で小課題を142個から83個まで絞り込んだ。また、次世代シーケンサーを積極的に活用することにより、特にこれまでゲノム情報基盤の整備が遅れていた畑作物や園芸作物において、当初の計画以上の成果が得られている。

以上のように、アウトカム目標の達成に向けて着実に成果を積み重ねてきており、本プロジェクトの研究計画は妥当であるといえる。

② 研究推進体制の妥当性

本プロジェクトの委託先の選定にあたっては、最新のゲノム解析機器や幅広い技術シーズを有する研究機関と共に、作物ゲノム研究成果を実践的な育種に結びつけ、確実に新品種開発の成果を挙げるため、公設試等の育種機関も参画させるなど、研究の出口を意識した研究体制とした。

外部有識者5名及び関係する行政部局で構成する「委託プロジェクト運営委員会（運営委員会）」をこれまでに13回開催し、研究推進上の問題点や行政ニーズ等の把握に務めてきた。また、本プロジェクトでは多岐に渡る作目を研究対象としており、研究開発も作目ごとに進める必要があるが、研究手法や研究材料等、課題間で共有が可能な知見が多く存在する。そこで平成28年度から研究課題を4つのセグメントに体系化して各セグメントに代表者（コーディネーター）を設置し、定期的に連絡会議を実施することで、研究課題間の情報共有・連携を推進してきた。その中で、課題(3)で開発された突然変異系統や染色体断片置換系統が課題(1)に受け渡され、稲の光合成能やヒ素の蓄積、麦類の休眠性や閉花性、大豆のハスモンヨトウ抵抗性等において有用な遺伝変異の候補同定につながるなど、課題間連携による効率的な研究推進がなされてきた。

以上のことから、本プロジェクトの研究推進体制は妥当であるといえる。

③研究の進捗状況を踏まえた重点配分等、予算配分の妥当性

限られた予算の中でのアウトカム目標の達成に向けて、最大限の成果が得られるよう進行管理を行っており、平成27年度から28年度までの2年間にかけて、一定の成果が得られた課題は前倒しして終了した他、「現場からのニーズの強さ」と「社会実装されるまでの期間」について142個の全ての小課題を検証し、83課題まで絞り込みを実施した。

残りの研究期間で成果を最大化するため、83小課題の進捗を再度見直し、目標がほぼ達成されたと判断した小課題に関しては、最終年度は成果の取りまとめに集中する。

このほか、課題(2)のうち小課題「ゲノムワイドSNPを使用したジェノタイピング解析支援」については、取組内容の解析作業について、最終年度のニーズを想定すると縮小することが適当であるため、配分額を減額する。

一方、課題(1)の「④実需者等からのニーズに対応した園芸作物の有用形質に関与するDNAマーカー及び育種素材の開発」については、イチゴ、リンゴ、キクの小課題において、形質評価を促進することで精度の高い安定したDNAマーカーが開発される見込みのため、重点的に予算を配分する。

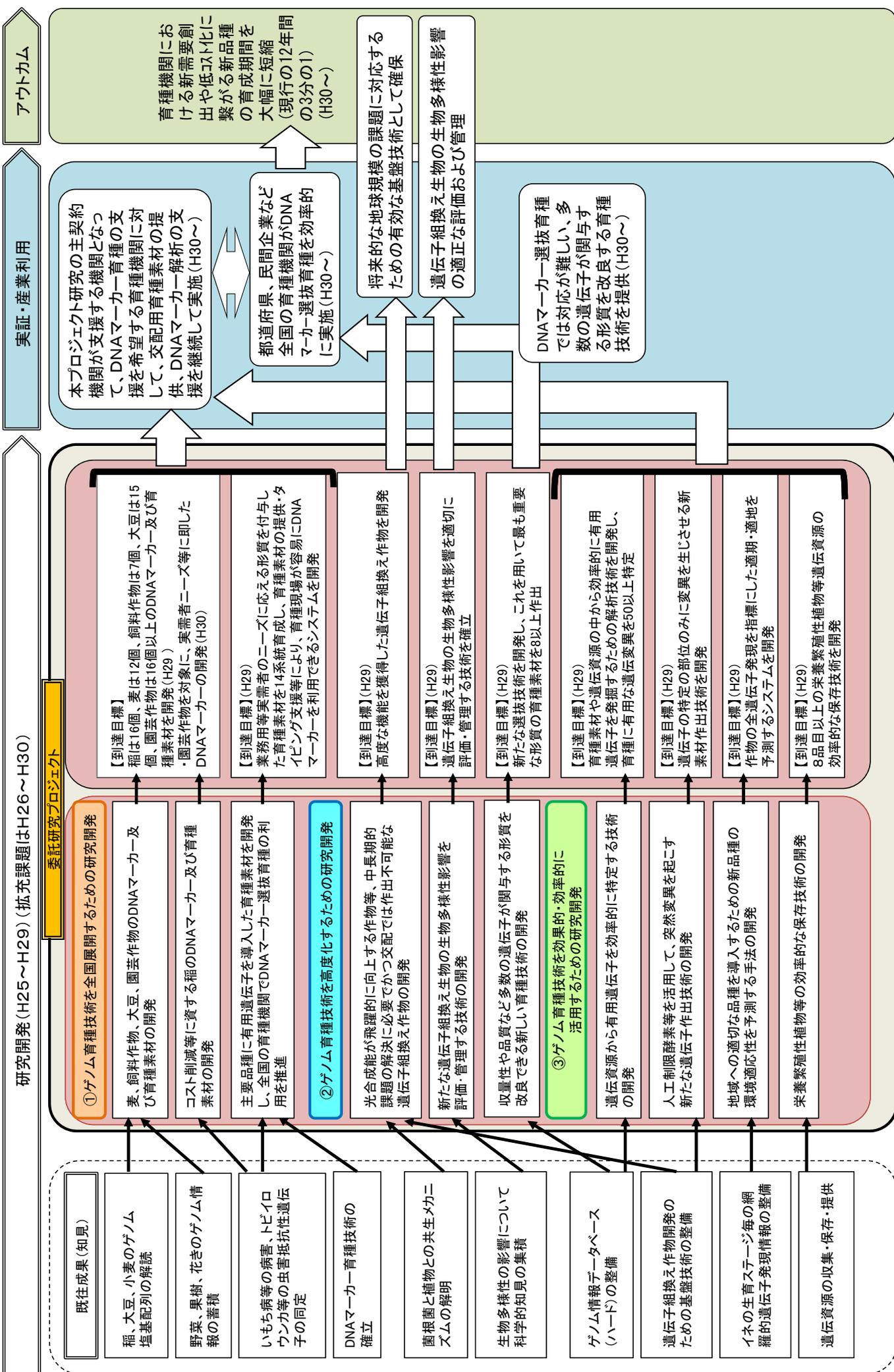
【総括評価】	ランク：A
1. 委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見	
DNAマーカー選抜育種システムの確立による大幅な育成期間の短縮等、非常に優れた研究成果が得られていることを評価する。	
2. 今後検討を要する事項に関する所見	
各コンソーシアムで連携して研究を進めるよう期待する。	

〔研究課題名〕 ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト(うち「ゲノム情報等を活用した薬剤抵抗性管理技術の開発」を除く)

用語	用語の意味	※番号
ゲノム	DNAとそれに書き込まれた遺伝情報のこと。細胞中の遺伝情報全体を指す。	1
DNAマーカー	遺伝子の染色体上の存在位置の目印となる塩基配列。	2
DNAマーカー選抜育種	遺伝子の存在をDNAマーカーの有無で確認して個体を選抜すること。これにより、植物体が大きくなる前に個体選抜が可能となることから、育種スピードが格段に向上する。	3
人工制限酵素	特定の遺伝子の望むべき部位を切断する人為的に作製した酵素。	4
ゲノミックセレクション	ゲノム塩基配列の違いにもとづいて個体の形質値を予測し、優良個体を選抜する育種技術。個体の生育を待って形質評価をする必要がないため、育種の高速化・効率化が図れる。DNAマーカー育種では難しい、多数の遺伝子が関わる複雑形質をターゲットにした育種に有効とされている。	5
QTL	ある形質に関して、それに関わる遺伝子が座上する染色体上の領域。Quantitative trait locusの略で、量的形質遺伝子座ともいう。	6
準同質遺伝子系統	ある系統を遺伝的背景として、その系統のゲノムの一部だけが他の系統に置き換わった系統。通常、ある目的の遺伝子の効果を調べるために作成される。	7
ゲノムワイド関連解析	ゲノム上でDNA多型のある座位の遺伝子型を網羅的に決定し、遺伝子型頻度と形質との関連について統計的に解析する方法。	8
アソシエーション解析	DNA多型と表現型の関連を統計的に解析し、原因遺伝子の検出を試みる方法。全ゲノム規模で行う場合を特にゲノムワイド関連解析という。	9
循環選抜	選抜と交配を繰り返すことで優良な遺伝子を集積するための、品種改良に利用される選抜技術の一つ。	10
LAMP法	標的遺伝子の6つの領域に対して4種類のプライマーを設定し効率よく遺伝子を増幅する方法。広く用いられるPCR法よりも簡便でコストを低減できる。	11
核酸クロマト	PCR等によって増幅された核酸を検出する方法。	12
新しい育種技術(NBT)	人工制限酵素を利用したゲノム編集等の、従来の育種の過程で遺伝子組換え技術を一時的に適用した品種改良(育種)技術の総称。	13
ティリング法	化学変異剤等で突然変異を誘発した集団から、DNA分析により目的の変異を持った突然変異体を特定する方法。	14
染色体断片置換系統	染色体の一部のみが片親(供与親)由来で、残りの部分が全てもう一方の親(反復親)となった系統。異なる染色体領域が置換されるように多数の系統を選抜すると、全ゲノム領域が置換された系統群が作成できる。	15
マイクロアレイ	基板上に固定された多数のDNA断片(プローブ)と、サンプルとなるDNA断片の内プローブと相補的な断片とで二重鎖を形成させることで、蛍光や電流を使い目的のDNA配列を検出する方法。	16

RNA-Seq	次世代シーケンサーを利用して遺伝子発現解析を行う手法。	17
クライオプレート法	操作性に優れたアルミニウム製のクライオプレートを用いたガラス化法。栄養繁殖性植物遺伝資源の超低温保存に利用される。	18
次世代シーケンサー	数千万から数億本のDNA断片を同時並行的かつ高速に解読するDNA塩基配列解読装置(シーケンサー)。	19
SNPマーカー	DNA上の1塩基の違い(SNP)を目印としたDNAマーカー	20
戻し交配	交配で作出された雑種後代に対して、最初の両親系統のうち片方を再び交配すること。戻し交配とDNAマーカー選抜を繰り返すことにより、元の親系統に目的の性質に関与するごく限られたゲノム領域だけが取り込まれた系統を作出することができる。	21
CRISPR/Cas9	DNA二重鎖を切断するCas9タンパク質とガイドRNAを利用した人工制限酵素の一つ。	22
ゲノム編集	人工制限酵素を利用してDNA二重鎖を切断すること等により、ゲノム配列の任意の場所に欠失、置換、挿入等の変異を導入することができる新しい遺伝子改変技術。	23

ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト
 (うち「ゲノム情報等を活用した薬剤抵抗性管理技術の開発」を除く)



既往成果 (知見)

稲、大豆、小麦のゲノム塩基配列の解読

野菜、果樹、花きのゲノム情報の蓄積

いもち病等の病害、トビイロウンカ等の虫害抵抗性遺伝子の同定

DNAマーカー育種技術の確立

菌根菌と植物との共生メカニズムの解明

生物多様性の影響についての科学的知見の集積

ゲノム情報データベース (ハード) の整備

遺伝子組換え作物開発のための基盤技術の整備

イネの生育ステージ毎の網羅的遺伝子発現情報の整備

遺伝資源の収集・保存・提供

主要成果①: イネのDNAマーカー育種の利用推進

ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速1

研究概要

ゲノム情報を活用した遺伝背景選抜を用いて、地域公設試のニーズに最速で応える水稻育種を実践する。参画する13の道県のうち、茨城県については早生多収高品質品種「ふくまる」への縞葉枯病抵抗性遺伝子の導入、三重県については高温登熟性に優れる早生品種「三重23号」へのいもち病圃場抵抗性遺伝子の導入を図る。

主要成果

従来の育種の約半分の期間で実用性の高い有望系統を作出した

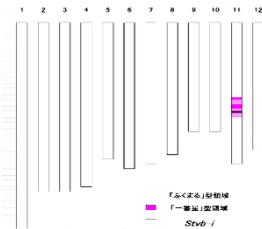
茨城県農業総合センター: 縞葉枯病抵抗性「ふくまる」

(2014年品種登録)
「ひとめぼれ」と同熟期の早生品種

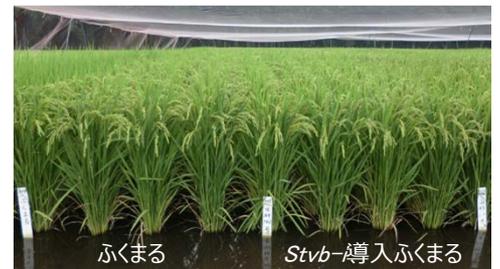
◎大粒、高品質、多収
→県内全域での普及が期待

×縞葉枯病抵抗性を持たない
→麦作の多い茨城県では普及の妨げ

平成25年夏
に育種(F1
交配)開始



縞葉枯病抵抗性遺伝子
Stvb-1を導入



縞葉枯病の発生が多い地域で現地試験を実施
Stvb-1を導入したふくまるが十分な耐病性を持つことを確認
(発病株率: ふくまる49.4%、Stvb-1導入ふくまる1.7%)

三重県農業研究所: いもち病抵抗性「三重23号」



農産物検査で1等、玄米タンパク質含量が6.8%以下等の基準をクリアしたもののみ「結びの神」という商品名で販売(三重県で商標登録済)

◎高温に強く、玄米品質が良好

×中山間地での栽培にはいもち病抵抗性が課題

平成25年春
に育種(F1
交配)開始



草型および玄米品質は三重23号と同等



いもち病抵抗性遺伝子pi2を導入

耐病性
検定で
は大きな
効果

ゲノム解読を推進した中核支援機関と育種ニーズを持つ地域公設試が共同で育種計画を設定し、役割を分担しながら効率的に遂行することで、従来よりも短期間で実用性の高い品種の育成を可能にした。

今後の研究推進方向

- ①奨励品種決定調査を経て茨城県は平成31年度内、三重県は平成30年度内の品種登録出願
- ②追従する他道県の育成系統(耐病性、出穂期、低カドミウム吸収等)の完成と評価
- ③育種支援可能な遺伝子リストの拡大、マニュアル化、低コスト化および情報発信

主要成果②：有用遺伝子創出

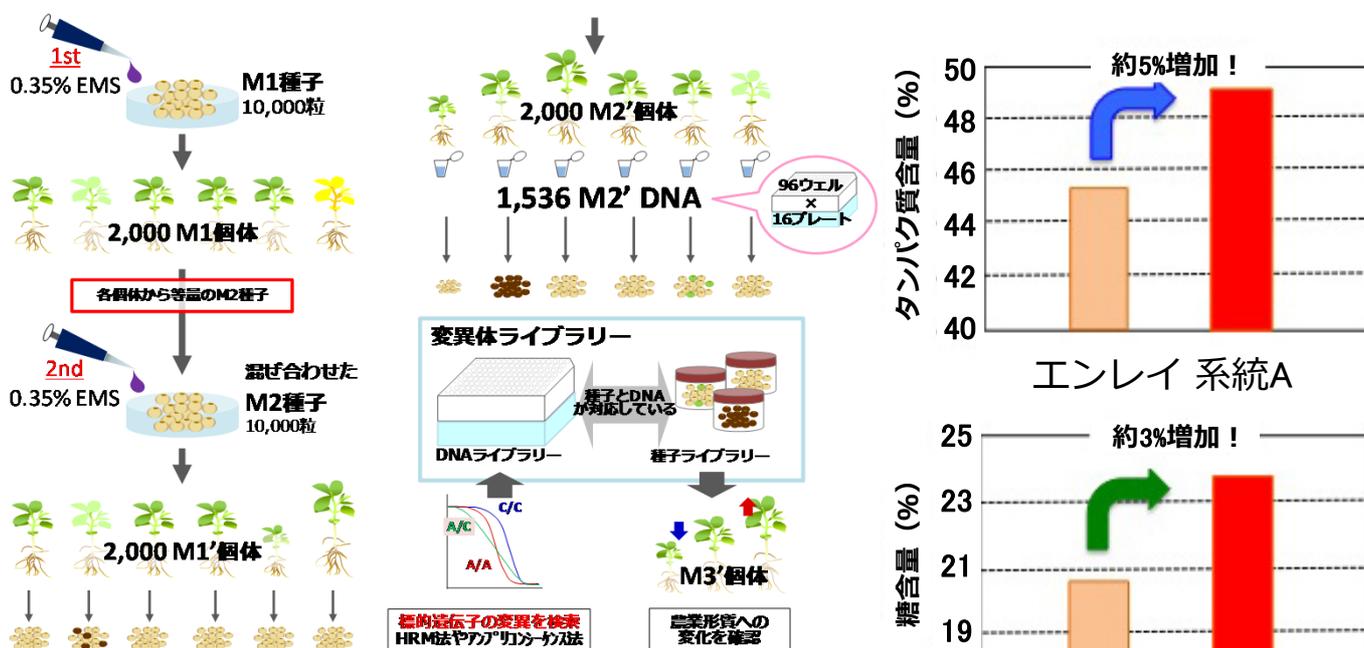
ダイズの変異リソースの作出とスクリーニングシステムの開発

研究概要

- ・化学物質を用いて、ダイズに高頻度で突然変異をおこす方法を開発し、様々な突然変異を含む変異集団を作出した。
- ・ゲノム情報を利用し、突然変異がどの変異系統のどの遺伝子に起きたかを迅速に特定するシステムを開発した。

主要成果

ダイズの遺伝子機能を迅速に特定する技術を開発した。



上図) ダイズ突然変異体ライブラリーの概要

右上図) エンレイ (元品種) と比較して種子成分含量が増加した系統が見つかった。

まんべんなく突然変異が起きるように工夫することで、ダイズのほぼ全ての遺伝子が1箇所以上変化した突然変異体ライブラリーを開発した。

今後の研究推進方向

- ① 特定の遺伝子に変異を起こしている系統を選び出し、変化した性質を調査することで、遺伝子機能の解析材料や育種素材としての利用を図る。
- ② 今回見つかった早く登熟したり種子成分が変化した系統については、不要な突然変異を除き、育種素材としての利用を進める。

主要成果③: 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

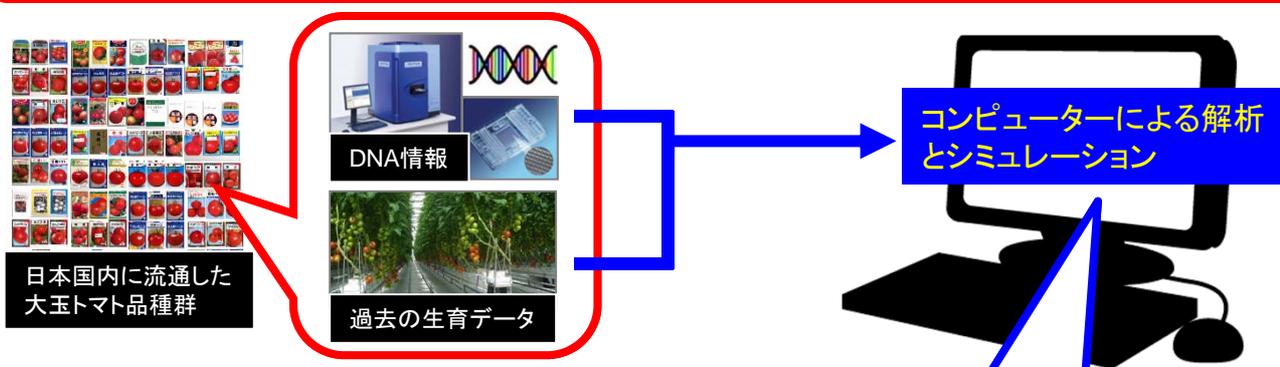
ゲノムワイドマーカー情報に基づく多収・高糖度トマト選抜のための次世代型マーカー育種技術開発とその試行

研究概要

スーパーでは、同じ作物でもあっても特徴の異なる品種が並んでいる。トマトにしても、最近は様々な形や色・大きさを店頭で見かける。また、味についても多様化している。本課題では、様々なトマトのDNA情報を収集・整理するとともに、トマトの様々な特徴(形質)をDNA情報で評価することを考えている。そして、より良い形質を持つトマトを育成するために、DNA情報を用いたシミュレーションと実証実験を行っている。

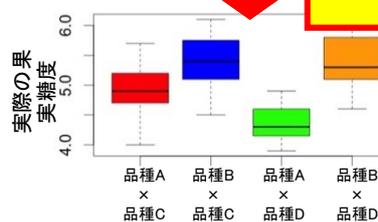
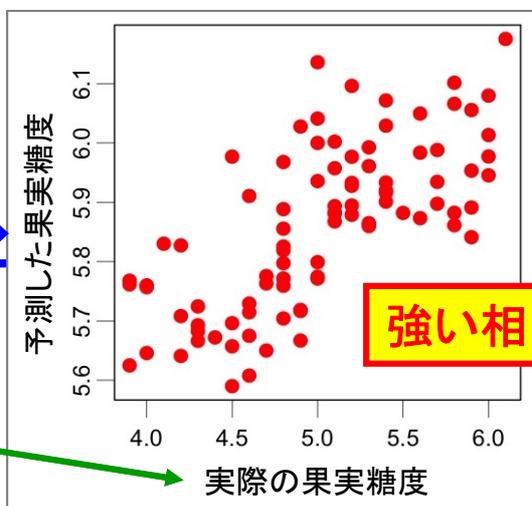
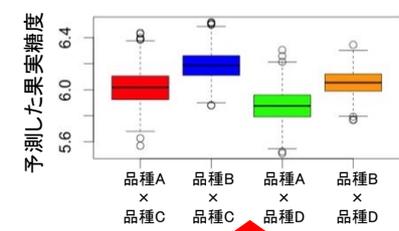
主要成果

トマトの果実糖度をコンピューターで予測できた



① どの親(品種)がより優れた子供を産むか？

② 将来どのように育つか？ (* DNA情報から予測)



一致



実際の観察結果

コンピューターによる将来予測を利用することで、新品種の開発に必要な作業を効率化できる。

今後の研究推進方向

- ① 新しい育種技術を使って多収・高糖度トマトを開発する。
- ② 新しい育種技術をマニュアル化するとともに、技術の普及を進める。

主要成果④: 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

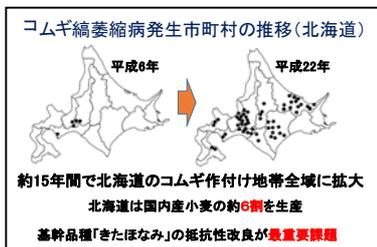
麦類縞萎縮病抵抗性遺伝子の単離と機能解明

研究概要

コムギ縞萎縮病はコムギ縞萎縮ウイルスが *Polymyxa graminis* によって媒介される土壌伝染性の病害である。耕種的な対策は効果が低く、抵抗性品種の育成を進めるため抵抗性遺伝子の単離とDNAマーカー開発を行う。

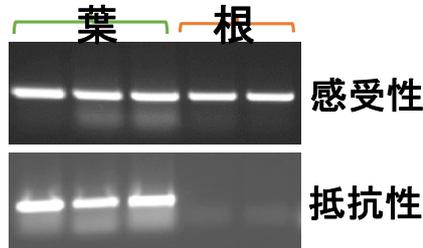
主要成果

抵抗性遺伝子を3B染色体に位置つけた



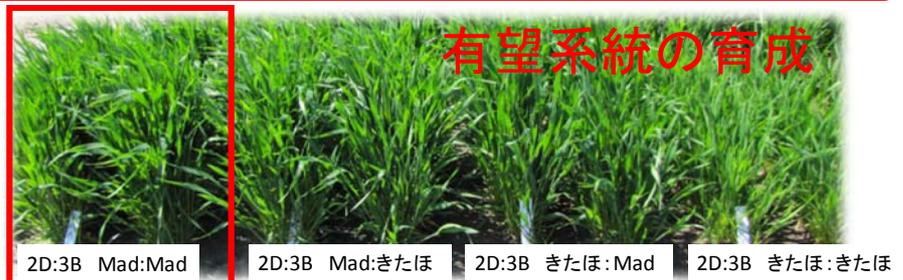
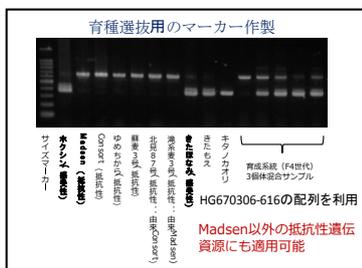
抵抗性は根で発現するため根の形質評価が重要(葉ではだめ)

ウイルス人工接種 → 葉 → 根へ移行



抵抗性は根で発現し葉では発現しない事が明らかになったため、原因遺伝子推定が容易になった。候補遺伝子を7個に絞り込んだ。

選抜育種利用可能な高精度DNAマーカーを開発した



今後の研究推進方向

- ① 発現解析、変異体、RNAi、相補試験による原因遺伝子の最終同定
- ② DNAマーカー活用による縞萎縮抵抗性新品種の開発(平成31年度)

論文数等共通事項調査票

(平成29年1月25日調査時点)

事業名	ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト(うち「ゲノム情報等を活用した薬剤抵抗性管理技術の開発」を除く)					
実施期間	平成25～30年度			評価段階	終了時	
予算額 (百万円)	初年度 (25年度)	2年度目 (26年度)	3年度目 (27年度)	4年度目 (28年度)	5年度目 (29年度)	総合計
	1,986	1,843	899	524	460	5,712

項目	① 査読 論文	②国内 特許権等 出願	③海外 特許権等 出願	④国内 品種登録 出願	⑤ プレス リリース	⑥ アウトリーチ 活動
実績件数	206	11	4	1	15	69

具体的な実績(件数の多いものについては、代表的なもの(10件程度)を記載。)						
①査読論文						
1. Sato K, Yamane M, Yamaji N, Kanamori H, Tagiri A, Schwerdt JG, Fincher GB, Matsumoto T, Takeda K, Komatsuda T (2016), Alanine aminotransferase controls seed dormancy in barley., Nat Commun, 11625						
2. Takeshima R, Hayashi T, Zhu J, Zhao C, Xu M, Yamaguchi N, Sayama T, Ishimoto M, Kong L, Shi X, Liu B, Tian Z, Yamada T, Kong F, Abe J (2016), A soybean quantitative trait locus that promotes flowering under long days is FT5a, a FLOWERING LOCUS T ortholog., J Exp Bot, 5247-5258						
3. Yagi M, Shirasawa K, Waki T, Kume T, Isobe S, Tanase K, Yamaguchi H (2016), Construction of an SSR and RAD Marker-Based Genetic Linkage Map for Carnation (Dianthus caryophyllus L.), Plant Mol Biol Rep, online						
4. Yamamoto E, Matsunaga H, Onogi A, Kajiya-Kanegae H, Minamikawa M, Suzuki A, Shirasawa K, Hirakawa H, Nunome T, Yamaguchi H, Miyatake K, Ohyama A, Iwata H, Fukuoka H (2016), A simulation-based breeding design that uses whole-genome prediction in tomato, Sci Rep., 6: 19454.						
5. Matsuzaki J, Kawahara Y, Izawa T (2015), Punctual transcriptional regulation by the circadian clock under fluctuating field conditions, Plant Cell, 633-648						
6. Goto S, Sasakura-Shimoda F, Suetsugu M, Selvaraj MG, Hayashi N, Yamazaki M, Ishitani M, Shimono M, Sugano S, Matsushita A, Tanabata T, Takatsuji H (2015), Development of disease-resistant rice by optimized expression of WRKY45, Plant Biotechnol J, 753-765						
7. Takabatake R, Onishi M, Futo S, Minegishi Y, Noguchi A, Nakamura K, Kondo K, Teshima R, Mano J, Kitta K (2015), Comparison of the specificity, stability, and PCR efficiency of six rice endogenous sequences for detection analyses of genetically modified rice, Food Control, 949-955						
8. Sugiyama M, Kawazu Y, Fukino N, Yoshioka Y, Shimomura K, Sakata Y, Okuda M (2015) Mapping of quantitative trait loci for Melon yellow spot virus resistance in cucumber (Cucumis sativus L.). Euphytica 205: 615-625						
9. Tsuda M, Kaga A, Anai T, Shimizu T, Sayama T, Takagi K, Machita K, Watanabe S, Nishimura M, Yamada N, Mori S, Sasaki H, Kanamori H, Katayose Y, Ishimoto M (2015), Construction of a high-density mutant library in soybean and development of a mutant retrieval method using amplicon sequencing, BMC Genomics, 1014						
10. International Wheat Genome Sequencing Consortium (2014), A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (Triticum aestivum) genome, Science, 1251788						
11. Tamura Y, Hattori M, Yoshioka H, Yoshioka M, Takahashi A, Wu J, Sentoku N, Yasui H (2014), Map-based cloning and characterization of a brown planthopper resistance gene BPH26 from Oryza sativa L. ssp. indica cultivar ADR52, Sci Rep, 5872						
12. Uga Y, Sugimoto K, Ogawa S, Rane J, Ishitani M, Hara N, Kitomi Y, Inukai Y, Ono K, Kanno N, Inoue H, Takehisa H, Motoyama R, Nagamura Y, Wu J, Matsumoto T, Takai T, Okuno K, Yano M (2013), Control of root system architecture by DEEPER ROOTING 1 increases rice yield under drought conditions, Nat Genet, 1097-1102						

②③④(国内外)特許権等出願・品種登録
1. 「きゅうり中間母本農7号」出願番号 第30332号(平成27年10月30日品種登録出願公表)
2. 薬特異的にプロモーター活性を有するDNA、及びその利用 出願番号:特願2015-063020
3. 開花期を制御することが可能なイネ科植物体 出願番号:特願2015-504339
4. 広範な病害抵抗性を付与する遺伝子(米国特許取得) 登録番号:9127290
5. 転写因子遺伝子の導入による植物の病害抵抗性の改良 特許番号:特許第4997376号
6. イネ科植物の高温障害を低減させる方法、及び高温耐性イネ科植物 出願番号:特許第5812386号
7. 特性推定モデル生成装置および方法、解析対象の特性推定装置および方法 出願番号:2015-176416
8. ポティウイルス抵抗性を有するポリヌクレオチド、タンパク質およびそれらの用途 出願番号:特願2015-056946
9. 赤かび病抵抗性植物、その作製方法及びその利用 出願番号:特願2014-180661
10. 小麦種子休眠に関与するMFT遺伝子及びその利用 特許第5339506号
11. 植物の種子休眠性を支配する遺伝子およびその利用 特許第5776958号
⑤プレスリリース
1. 「カフェインレス茶品種育成のための母本選抜用DNAマーカーの開発」(平成28年9月15日、農研機構)
2. 「イネの茎を強くし倒れにくくするゲノム領域を高精度に特定～スーパー台風に負けないイネ品種の開発に道を開く～」(平成28年7月27日、東京農工大学、農研機構)
3. 「オオムギの休眠を制御する新たな仕組みを発見 -降雨による収穫前の発芽防止が可能に-」(平成28年5月16日、岡山大学、農研機構)
4. 「世界初となるソバの全ゲノム解読に成功 -ソバの安全性、高品質性、収量安定性の鍵となる遺伝情報の発見-」(平成28年4月15日、京都大学、石川県立大学、かずさDNA研究所、農研機構、新潟薬科大学)
5. 「ムギ類の穂発芽に関する遺伝子を発見 -穂発芽(ほはつが)しにくい品種の開発が効率的に-」(平成28年3月31日、作物研究所、農業生物資源研究所、ホクレン農業総合研究所、横浜市立大学)
6. 「さまざまな突然変異を含む多数のダイズ系統を作出 -新しい性質を持つダイズ品種の開発が可能に-」(平成28年3月1日、農業生物資源研究所、佐賀大学)
7. 「キュウリ黄化えそ病に強いキュウリの育成が可能に! -キュウリ黄化えそ病抵抗性の育種素材の育成」(平成27年12月2日、農研機構)
8. 「農薬に頼らず、イネを複数の病気に対して強くする技術を開発 -農作物の安定生産への貢献に期待-」(平成27年2月12日、農業生物資源研究所)
9. 「トビイロウンカに幅広い抵抗性を有するイネの作出に弾み -トビイロウンカを餓死させる遺伝子の特定に成功-」(平成26年10月29日、農業生物資源研究所、九州大学、名古屋大学)
10. 「コムギのゲノム配列の概要解読に成功 -コムギの新品種開発の加速化に期待-」(平成26年7月18日、農業生物資源研究所、京都大学、横浜市立大学、日清製粉株式会社)
11. 「大型台風に耐える最強のイネの謎を解明～強稈性と低リグニン性の両立により食用、飼料、バイオマスエネルギー用新品種開発に道を開く～」(平成26年10月10日、東京農工大学)
12. 「世界初、イネの干ばつ耐性を高める深根性遺伝子を発見 -干ばつに強い作物の開発に新たな道を開く-」(平成25年8月2日、農業生物資源研究所、他)
⑥アウトリーチ活動(研究活動の内容や成果を社会・国民に対して分かりやすく説明する等の双方向コミュニケーション活動)
1. 「にいがた夢農業・人づくり事業」共通講座シンポジウム(新潟大学農学部主催)にて基調講演および学生との意見交換(平成28年10月28日、新潟大学中央図書館ライブラリーホール)
2. 花き研究シンポジウム「国産シェア奪還と輸出拡大に向けて」(平成28年10月24-25日、つくば国際会議場)
3. スーパーサイエンスハイスクール(埼玉県立熊谷高校)、小麦の穂発芽耐性強化のためのアプローチ:基礎から応用・実用、そして品種へ(平成27年11月27日、農研機構)
4. 子どもの知的好奇心をくすぐる体験授業「根の周りにいる微生物の世界」(平成27年7月9日、高の原小学校)
5. アグリビジネス創出フェア、遺伝子の働きで診る「イネの健康診断」実現への取り組み(平成27年11月18日、東京ビッグサイト)
6. 「NGSデータの入手からデータベース構築まで」セミナー、NGSデータを用いたコムギゲノム多型解析(平成27年7月27日、東京農業大学世田谷キャンパス)

7. くらしとパイオプラザ21 バイオカフェ192、「ミクロな戦略を知って病気に強いイネを作る！～食糧の安定供給を目指して～」(平成26年5月23日、東京テクニカルカレッジ)
8. 公益社団法人農林水産・食品産業技術振興協会(JATAFF)「新たな育種技術に関するシンポジウム」「米欧における「新しい植物育種技術」をめぐる規制動向－海外動向調査報告－」(平成26年2月28日、発明会館地下ホール)
9. 「果実研究と未来の食料生産シンポジウム2013」、「ナス単為結果性研究の現状と今後の展望」「トマト単為結果性遺伝子pat-2の同定」(平成25年12月2日、筑波大学東京キャンパス文京校舎)
その他(行政施策等に貢献した事例)
1. 光信号伝達系と概日時計による光周性花芽形成の分子機構研究(平成25年4月16日)文部科学大臣表彰 科学技術賞
今後予定しているアウトリーチ活動等
1. 新規育種技術が生物多様性に及ぼす影響に関するセミナー(平成29年度中、場所未定)
2. 第10回ダイズ研究会(平成29年3月10,11日、つくば国際会議場)
3. 有用遺伝子創出で創り出されたリソースとその利用例を一般に紹介することを目的としたシンポジウム「自然変異・突然変異リソースと育種素材開発(仮題)」(平成29年6月27日、東京大学弥生講堂)
4. 農研機構シンポジウム「イネのDNAマーカー育種の利用推進(仮題)」(平成29年6月27日、東京大学弥生講堂)
5. NBTに関する海外専門家の招聘とセミナー(平成30年2月頃、場所未定)

委託プロジェクト研究課題評価個票（終了時評価）

研究課題名	食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト			担当開発官等名	研究開発官(基礎・基盤、環境)
				連携する行政部局	大臣官房政策課技術政策室 消費・安全局食品安全政策課 消費・安全局農産安全管理課 消費・安全局畜水産安全管理課 消費・安全局動物衛生課 食料産業局知的財産課 政策統括官付穀物課 生産局園芸作物課 生産局技術普及課 生産局農業環境対策課 水産庁増殖推進部研究指導課
研究期間	H25～H29（5年間）			総事業費（億円）	25億円（見込）
研究開発の段階	基礎	応用	開発	関連する研究基本計画の重点目標	重点目標 12、18、22、28、32
研究課題の概要					
<p>国内外における食中毒事件の発生や、海外からの家畜疾病の侵入が危惧される中、我が国の食品の安全性と動物衛生の向上を図る上で今後大きな影響が懸念される要因に対し、フードチェーン上のリスク低減や家畜疾病の侵入・まん延を防止するため、次の課題に取り組む。</p> <p><課題①：フードチェーン(※1)のリスク低減に向けた基盤技術の開発(平成25～29年度)></p> <ul style="list-style-type: none"> (1) コメ中のヒ素(※2)・カドミウムの同時低減技術の開発 (2) リスク管理の優先度が高いカビ毒（フモニシン、ゼアラレノン、T2/HT2トキシン、アフラトキシン）(※3)の動態解明と体系的なリスク低減技術の開発 (3) 損傷菌(※4)のフードチェーン中での発生機序の解明と迅速検出・定量技術及びリスク低減技術の開発 <p><課題②：重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発(平成25～29年度)></p> <ul style="list-style-type: none"> (1) 高病原性豚繁殖・呼吸障害症候群（HP-PRRS）(※5)及び豚コレラ(※6)の簡易診断キット、口蹄疫の遺伝子診断法、非定型BSE(※7)の高感度検出法等の診断技術の開発や、疾病のまん延を予防するHP-PRRSワクチン、多様な流行株に有効な感染防御効果の高い鳥インフルエンザワクチン(※8)といった効果的な発生予防技術の開発 (2) 従来と症状の異なる新型疾病の発生にも対応可能な病原体の迅速特定技術、伝播予測シミュレータ等の迅速・的確な初動防疫技術の開発 					
1. 委託プロジェクト研究課題の主な目標					
<p>①フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発</p> <ul style="list-style-type: none"> (1) コメ中のヒ素・カドミウムの同時低減技術の開発 (2) カビ毒のリスク低減技術の開発 (3) 損傷菌の生理的特徴に基づいた検出技術・定量技術及びリスク低減技術の開発 <p>②重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発</p> <ul style="list-style-type: none"> (1) HP-PRRS及び豚コレラの簡易診断キットの開発、口蹄疫の遺伝子診断法の開発、非定型BSEプリオンの高感度検出法の開発及び体内分布の解明や、HP-PRRSワクチン候補、感染防御効果の高い鳥インフルエンザワクチン候補の開発 (2) 従来と症状の異なる新型疾病の発生にも対応可能な病原体の迅速特定技術、伝播予測シミュレータの開発 					
2. 事後に測定可能な委託プロジェクト研究課題としてのアウトカム目標（H32年）					
<p>①フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発</p> <p>国際基準への適合、リスクの実態を踏まえたリスク低減技術の導入により、安全性の高い農産物の生</p>					

産・供給を図るため、得られた成果を食品の安全に関する指針やリスク管理マニュアルに反映する。

②重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発

行政部局との連携により、得られた成果を国の特定家畜伝染病防疫指針に反映。

基盤技術の開発を受け、民間企業が主体となり、簡易診断キットの承認・普及とワクチンの安定生産技術の確立及び安全性などの検討、治験の実施、承認申請に繋げる。

【項目別評価】

1. 研究成果の意義

ランク：S

研究成果の科学的・技術的な意義、社会・経済等に及ぼす効果の面での重要性

課題①：フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発

コーデックス委員会(※9)において、平成26年に精米中、平成28年に玄米中の無機ヒ素の基準値が設定された。国内の調査では、この数値を超えるコメがあることが報告されている。加えて、同委員会では実施規範の策定に向けた議論が進められている。こうした国際的な議論に対応しつつ国内のコメの安全性を確保していくためにも、生産現場で活用が可能な技術開発を行う必要がある。

さらに同委員会において農作物中の各種カビ毒に対して実施規範や基準値が策定されていることから、国内でもリスクを下げるために早急な対応が必要となっている。

一方、近年、これまで原因が不明であった食中毒の原因として、損傷菌の関与が疑われてきており、食品製造工程の衛生管理を高度化するためにも、その特性の早期解明とリスク低減技術を開発する必要がある。

課題②：重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発

平成22年に九州で口蹄疫が発生し、宮崎県だけで2,300億円以上の経済的損失が発生した。高病原性鳥インフルエンザ(HPAI)については、本プロジェクト開始以降これまでに16件、185万羽での被害が発生している。豚繁殖呼吸障害症候群(PRRS)については、国内では発生のない高病原性の疾病が近年、マレーシア、フィリピン、ラオス、カンボジアなど東南アジア地域や、中国、韓国、ロシア、モンゴルなどでも発生し、2006年中国において200万頭以上が感染、40万頭以上が死亡、2008年ベトナムにおいて30万頭が死亡したと報告されている。これら重要家畜疾病のわが国への侵入・まん延を防止するための技術開発は、わが国の家畜防疫体制を維持強化する上で重要である。

以上のように、食品の安全性と重要家畜疾病に関する研究を実施し、得られる科学的な知見に基づいたリスク管理措置が適切に図られるようにしていくことは、国民の健康を守り、我が国で生産される農畜産物の「安全」を確保・発展させていくために重要である。

2. 研究目標(アウトプット目標)の達成度及び今後の達成可能性

ランク：A

最終の到達目標に対する達成度

研究は概ね計画通りに進捗し、研究目標(アウトプット)に対する終了時評価時点での達成度は以下のとおりである。今後、最終研究目標の達成に向け、これまでに得られた研究成果等について、更なる改良及び実証試験等を実施する予定であり、最終研究目標を達成できる可能性は高い。

課題①：フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発

(1) 水稻におけるヒ素のリスクを低減する栽培管理技術の開発

水稻への吸収がトレードオフ(※10)の関係にあるカドミウムとヒ素のリスクを同時に低減できる水管理として、出穂前後3週間、3日湛水、4日落水(3湛4落)を繰り返すことで、ヒ素とカドミウムをともに低濃度に抑えられることを確認した。

鉄資材の土中施用によりコメ中の無機ヒ素濃度が低減することを確認した。

カドミウム低吸収性コシヒカリ(コシヒカリ環1号)を節水栽培することで、ヒ素とカドミウムをともに低濃度に抑えられることを確認した。

平成28年度より、道府県、地域農業研究センターが参画し、異なる土壌、気候においても、水管理・資材・品種を組合せた栽培管理によりヒ素・カドミウムの同時低減が可能であることを確認した。

土壌溶液、土壌及び玄米を対象とした、ヒ素の簡易分析法を開発した。

栽培前土壌の土壌理化学性及び生育途中の葉茎中のヒ素濃度から玄米中の無機ヒ素濃度を予測できる可能性を見出した。

(2) カビ毒の動態解明と産生低減技術の開発

対象カビ毒を産生するカビの分離・同定技術の開発、カビ毒産生条件・蓄積性を解明し、それに基づくカビ毒を低減する栽培、調整、保管、加工技術と妥当性の確認されたカビ毒の検出・定量技術の開発を進めている。

アフラトキシン産生菌の遺伝子情報の収集、粉碎したナツメグ試料のアフラトキシン汚染を簡易・迅速にスクリーニングできる蛍光指紋法の開発、アフラトキシン産生菌の簡易検出法の開発、アフラトキシン等の産生阻害物質による阻害機構の解析を行った。

カビ毒汚染の実態を把握するため、フモニシンおよびその多様な配糖体の生成可能性を検証するとともに、検出可能な分析法を開発し、新規フモニシン配糖体の存在をつきとめた。また粳米（食用米、飼料米）におけるフモニシン産生フザリウム属菌の汚染実態を明らかにした。

過度の散水や刈り遅れが、小麦の栽培過程でゼアラレノンの産生を顕著に増加させることを明らかにした。カビ毒汚染を低減させる薬剤散布や乾燥条件を明らかにした。

北海道の春まき小麦地帯と秋まき小麦地帯で、それぞれ小麦のT-2/HT-2トキシン汚染実態を明らかにした。春まき小麦地帯では*F. sporotrichioides*が、秋まき小麦地帯では*F. sporotrichioides*と*F. langsethiae*がT-2/HT-2トキシン汚染の主要な原因菌であることを明らかにした。

(3) 損傷菌の発生機序の解明と検出・制御技術の開発

フードチェーン中の衛生管理（乾燥・凍結・加熱・pH・殺菌剤など）による損傷菌の発生機序の解明に向け、大腸菌、サルモネラ、カンピロバクターの加熱損傷時とそこからの回復時に、発現量が変化する遺伝子群を特定した。

腸炎ビブリオの加熱、低温、低塩分、銀イオン及び低pHストレスによる損傷からの回復時に、細胞分裂、細胞壁や外膜合成、タンパク質合成等に関与する多数の遺伝子の発現量が高まることを明らかにした。

水産食品製造現場で使用が想定される酸・低温処理により発生するヒスタミン生成菌及び生成酵素の検出法を確立した。本酵素は低pHでも活性が低下せず、ヒスタミン生成の原因となる可能性があることを明らかにした。

キュウリやメロンの栽培過程におけるリステリアの動態を追跡した結果、土壌や整枝部に接種したリステリアは一部損傷化した状態で生存することを確認した。キュウリでは外傷部から可食部への移行を確認したが、メロンでは可食部への移行は確認されなかった。

堆肥化過程における食中毒菌の生残性について、水分率と発酵温度の関係、切り返しに伴う菌数の影響を明らかにし、殺菌に必要な温度条件を明らかにした。

保存料、殺菌剤、日持ち向上剤等で、処理を行った際に発生するサルモネラや大腸菌の損傷度をリアルタイムPCR法の変法により、評価する系を開発し、企業からの評価要請に応えた。

漁港で使用する水の紫外線照射によって生じる損傷菌を、細胞膜損傷の蛍光観察や酵素活性の測定により定量検出できることを示すとともに、漁港や魚介類加工場で使用される殺菌漁業用水を製造する際に中途半端な紫外線殺菌を施すと、損傷菌が生存することを明らかにした。

課題②：重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発

(1) 海外からの侵入が危惧される重要家畜疾病の侵入・まん延防止技術の開発

HP-PRRSおよび豚コレラの侵入・まん延防止技術については、これまでにアジア地域におけるHP-PRRS流行実態の解明、流行ウイルス株の分離、分離ウイルス株のわが国への導入、ウイルスゲノムの解読、分離株間の比較検討による変異実態の解明、近縁株推定手法の確立を行った。また豚を使ったウイルス接種試験を実施し、ウイルスの抗原性、病原性や発病機構の一端を明らかにした。豚コレラウイルスおよびその類似ウイルスに対して、それぞれウイルス抗原の組換えタンパク質や抗血清を作製し、交差反応性を確認した。HP-PRRSウイルスに対する複数のモノクローナル抗体を作製し、抗原検出キットの試作、感度の検証を行った。

口蹄疫の侵入・まん延防止技術については、これまでに同種・異種動物間で口蹄疫ウイルスの感染試験を行い、感染伝播様式や伝播経路による病原性の違いを明らかにした。平成22年口蹄疫発生時に九州地方で流行した国内株、全104ウイルス株について、網羅的なウイルスゲノム解析を行い、流行動態や変異実態を明らかにした。また口蹄疫ウイルスの感染・増殖の分子機構を解析するために感染性cDNAを構築し、強毒株および弱毒株の組換え体ウイルスの作出に成功した。さらに、高温、低温、降雨、降雪など様々な環境条件での有効な消毒方法を開発した。

H5N1の効果的な発生予防技術については、これまでに点眼および経鼻投与で発症予防効果のある粘膜免疫誘導型ワクチンを開発した。また、全ての型のインフルエンザウイルスに対して複製阻害活性を持つ、高活性リード化合物を同定した。鳥インフルエンザとニューカッスル病と両疾病に効果のあ

る組換えワクチンを開発した。鳥および豚インフルエンザウイルスについて、アジアを中心に世界の発生動向監視を行った。収集したウイルス株や、蓄積した遺伝子解析データを活用し、28年度の国内発生に際して野生株との相同性をいち早く指摘した他、診断ツールの準備・改良に活用した。高病原性鳥インフルエンザウイルス（HPAIV）の鶏への病原性の強弱に関与する遺伝子を特定した。

非定型BSEの発生機序の解明とリスク管理基盤技術については、これまでに非定型BSEプリオンの新たな検出法（PMCA法）が従来法より高感度であることを明らかにした。開発したPMCA法を用いて、脳内接種発症牛におけるプリオンの体内分布や動態を解析し、末梢神経、副腎、骨格筋、リンパ節、唾液腺、唾液、脳脊髄液から検出可能であることを明らかにした。牛を使った経口投与試験によって、非定型BSEプリオンが経口伝達されることを世界で初めて報告した。非定型BSEプリオンが異種動物間伝達することで、プリオンの分子構造や感受性宿主域、病原性などが変化することを世界で初めて明らかにした。国内初の症例となる羊の非定型スクレイピーを確認し、病態解析を行った。

（2）重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発

伝播予測シミュレーター等の開発については、これまでに急性家畜伝染病である口蹄疫と豚コレラ、慢性家畜伝染病であるヨーネ病、牛白血病、牛結核病の伝播シミュレーターを開発した。節足動物媒介性感染症の監視・予察のためのヌカカの海外飛来ルートの検証を行った。

新型疾病の発生にも対応可能な病原体の迅速特定技術については、糞便や血液などの検体中から余分となる宿主や細菌由来遺伝子を効率的に除去し、ウイルス遺伝子を効率的かつ網羅的に抽出する方法を開発した。また牛疾病のウイルス遺伝子の選択的、網羅的抽出を行うためのプローブデザインを行い、次世代シーケンサー解析との組み合わせにより、ウイルス遺伝子の検出法を確立した。本法を用いることで、既知ウイルスの網羅的検出、かつ24時間以内の迅速診断という当初目標を達成できることを確認した。さらに本法を、豚疾病のウイルス遺伝子の選択的、網羅的検出法へ応用し、迅速網羅的検出法を確立した。野外検体を使ったこれらの検出法の検証を行い、牛、豚に感染する新規ウイルスを複数検出することに成功した。

最終の到達目標に対する今後の達成可能性とその具体的な根拠

課題①：フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発

（1）水稻におけるヒ素のリスクを低減する栽培管理技術の開発

気温等により年次変動することが示唆されている。また、土壌の種類や気候が異なる様々なほ場において活用可能な低減技術を実証する必要があることから、引き続き道府県の協力を得て様々な土壌・気候条件下で水管理・資材・品種を組合せた栽培管理によりヒ素・カドミウムの同時低減の有効性を確認する。また低減対策が必要な地域の特定期間や栽培中のモニタリングに活用するため、栽培前土壌の土壌理化学性及び生育途中の葉茎中のヒ素濃度に基づく玄米中の無機ヒ素の濃度予測技術について、精度の向上及び現場での活用のための改良を行う。これらにより当初計画通り、研究目標を達成できる見込み。

（2）カビ毒の動態解明と産生低減技術の開発

フモニシン分析法について、単一試験室レベルでの妥当性確認を完了し、サーベイランスに適用可能な分析法として活用可能とする。またゼアラレノン蓄積及びデオキシニバレノール(DON)配糖体蓄積における年次間差を明らかにするとともに、DON等低減のための薬剤防除等の栽培方法が、ゼアラレノン蓄積及びDON配糖体蓄積に及ぼす影響を明らかにする。さらに生産管理のフモニシン産生への影響解明について、貯蔵試験及びイネの倒伏試験を行い、適正管理条件を明らかにする。北海道のT-2/HT-2トキシン汚染実態を明らかにする。これらにより当初計画通り、研究目標を達成できる見込み。

（3）損傷菌の発生機序の解明と検出・制御技術の開発

ヒスタミン生成菌や腸炎ビブリオで想定される加工工程を勘案した5つの制菌法ストレス（加熱、低温、低塩分、銀イオン及び低pH）を組み合わせる包括的に検討し、損傷が回復しづらい条件を明らかにする。またキュウリ及びメロンでは、整枝や収穫作業で生じる地上部外傷がリストeriaの可食部への移行経路と想定されることから、管理用器具の消毒条件を検討する。食中毒事例が報告されているキャベツを対象に栽培段階における土壌及び可食部での生残性及び要因を明らかにする。さらに堆肥化過程における食中毒菌の生残性と水分率との関連が示唆されたことから、現場で簡易に測定できる指標を開発する。開発した評価系について、保存料、殺菌剤、日持ち向上剤等の対象の適用範囲を広げるとともに、効果の高い殺菌、増殖抑制技術を検討する。これらにより当初計画通り、研究目標を達成できる見込み。

課題②：重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発

(1) 海外からの侵入が危惧される重要家畜疾病の侵入・まん延防止技術の開発

HP-PRRSおよび豚コレラの課題に関して、最終年度には、豚コレラウイルス抗体の簡易検出法やHP-PRRS抗原の簡易検出法の開発に向けた改良・検証をさらに推進し、またワクチンの基盤となる感染性cDNAの作製を実施する。

口蹄疫の課題に関して、最終年度には、豚を使った感染試験により持続感染の検証を行う。また口蹄疫ウイルスの保存性の高い遺伝子領域を用いた遺伝子診断法の検証、組換え体ウイルスを用いた感染・増殖・発病の分子機構の解明を行う。

HPAIの課題に関して、最終年度には、粘膜免疫誘導型ワクチンの添加剤の有効成分を確認するとともに効果的な投与方法を検討する。高活性リード化合物の創製、組換えワクチンの投与方法とさらなるワクチン効果増強の検討、動物インフルエンザの動向監視の継続、HPAIVの病原性発現に関与する遺伝子について機能解析と評価を行う。

非定型BSEの課題に関して、最終年度には、牛の特定危険部位以外に蓄積した非定型BSEについて、感染リスクの評価に資する知見を収集する。非定型BSEの経口伝達試験を継続実施する。非定型プリオン病のサーベイランスとリスク評価のために、シカ検体の収集ルートを確立する。これらにより、当初計画通りの研究目標を達成できる見込みである。

(2) 重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発

伝播予測シミュレーターの課題に関して、最終年度には、開発した伝播シミュレーターを都道府県の家畜防疫担当者に配布・試行・改良し、汎用性と操作性、正確性を向上させる。口蹄疫伝播シミュレーターには、清浄性確認検査機能を新たに追加する。慢性家畜伝染病の伝播シミュレーターを用いて、様々なサーベイランスシナリオの効果を評価する。アルボウイルス感染症の診断法整備と検査マニュアルの作成を行う。

病原体の迅速特定技術に関して、最終年度には、山羊および鶏の選択的検出法を開発する。これらにより、当初計画通りの研究目標を達成できる見込みである。

**3. 研究が社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム）の目標の今後の達成可能性と
その実現に向けた研究成果の普及・実用化の道筋（ロードマップ）の妥当性**

ランク：A

アウトカム目標の今後の達成の可能性とその具体的な根拠

課題①のアウトカム目標「国際基準やリスクの実態に即した安全性の高い農産物の生産・供給」は、開発されたリスク低減技術や検出技術が農産物生産や食品加工段階で活用されることによって実現する。

このため、本研究で開発されたヒ素やカビ毒、損傷菌の低減技術は、国が管理技術のマニュアル化、指針へ反映して普及を行うことを念頭に、研究を実施している段階から行政部局と連携し、委託プロジェクトの進行管理を行っている。また、ヒ素やカビ毒等生産現場における実行可能性が重要な課題は、道府県がコンソーシアムに参画し、研究を推進している。

課題②のアウトカム目標「重要家畜疾病の侵入・まん延防止による経済的損失の未然防止」については、簡易検査キット、伝搬シミュレータ及び病原体特定システムによる家畜疾病の早期発見並びに効果的なワクチンの使用、国の防疫指針や病性鑑定マニュアルの改訂による都道府県等の適切な防疫対策の実施により実現する。

このため、開発されたHP-PRRS及び豚コレラの簡易診断キット、口蹄疫の遺伝子診断法、非定型BSEの体内分布並びにHP-PRRS・鳥インフルエンザワクチン投与技術について、国の防疫指針の改訂や病性鑑定マニュアルの改訂に反映するよう、研究の段階から行政部局と連携しながら委託プロジェクトの進行管理を行っている他、伝搬シミュレータや病原体の特定システムは、都道府県等で活用できるよう普及するとともに、開発されたワクチン候補は民間企業に技術移転をすることとしている。

以上のことから、アウトカム目標とその実現に向けた成果の普及・実用化の道筋は明確であり、本プロジェクトの研究成果は確実にユーザーである行政部局及び都道府県の家畜防疫担当者等に浸透し、アウトカム目標を達成できるものと考えている。

アウトカム目標達成に向け研究成果の活用のために実施した具体的な取組内容の妥当性

プロジェクト終了後に開発した技術を速やかに社会実装させるため、プロジェクト開始当初から県等の公設試験研究機関や民間企業が実行課題を担当し、成果の活用を見据えた研究開発を実施しているほか、シンポジウムや講演会を開催するなどして情報提供を進めている。

当プロジェクトの成果を活用し、国の低減指針等が作成された後、それぞれの地域の実態に合わせた指針が道府県で作成されることになるが、その際、当プロジェクトで得られた知見が有効活用されることとなる。

検査技術や衛生管理等、民間による活用が期待される技術は、一部はキット化に向けてパートナー企業の選定に進んでおり、今後、技術移転、商業生産技術の確立、実用化試験、薬事承認申請などによりできるだけ早期に製造販売し、現場での有効活用を目指す。

他の研究や他分野の技術の確立への具体的貢献度

本事業は行政が必要とする課題に絞り込んで研究開発を実施しているが、本事業で開発した鳥インフルエンザウイルスの検査技術を活用することで、家禽だけでなく野鳥におけるHPAI発生時において迅速な診断・解析を行い、環境省の監視体制に有用な情報を提供した。

4. 研究推進方法の妥当性

ランク：A

研究計画（的確な見直しが行われてきたか等）の妥当性

一定の成果が得られた課題について前倒して終了するとともに、進捗が思わしくない課題について廃止するという考え方にに基づき、毎年度課題の見直しを行い、4年目終了時点で課題①の実施課題数を39から29に、課題②の実施課題数を31から24にする等により重点化を図った。

最終年度は、課題①の実施課題数を29から28に、課題②の実施課題数を24から23に重点化することを予定している。

この様に、最終目標の達成に向け必要に応じて重点化等を図りつつ研究を推進しており、研究計画については毎年的確に見直しが行われている。

② 研究推進体制の妥当性

平成27年10月に、農林水産省は組織再編を実施し、本研究は、行政ニーズを踏まえて実施するため、消費・安全局が進行管理を行うこととした。

研究開始後は、外部有識者14名及び関係する行政部局で構成する「委託プロジェクト研究運営委員会」を、これまで41回（フードチェーン：30回、重要家畜疾病：11回）開催し、研究の進捗状況を確認して、研究推進上の問題点や行政ニーズ等を把握し、限られた予算の中で最大限の研究成果が得られるよう進行管理を行っている。またコンソーシアムの参画機関すべて、行政関係者、外部有識者が一堂に会し、年に数回推進会議を行い、技術の現場適用性や技術的課題の解決法の共有等、現場への普及を念頭に置いた進行管理を実施した。

以上のことから、研究推進体制の妥当性は高い。

研究の進捗状況を踏まえた重点配分等、予算配分の妥当性

選択と集中の考え方に則り、一定の成果が得られた課題について前倒して終了するとともに、進捗が思わしくない課題について廃止し、研究の進捗状況を踏まえた重点配分を行っている。

特に課題①は、道府県の協力を得て様々な土壌・気候条件下で水管理・資材・品種を組合せた栽培管理によりヒ素・カドミウムの同時低減の有効性を確認する課題に重点配分。課題②において、行政ニーズの高い伝播予測シミュレーターの開発を重点的に取り組むため増額して配分している。

最終年度は、課題①は、引き続き、ヒ素・カドミウムの同時低減の有効性を確認する課題に重点配分。課題②において、節足動物媒介性感染症の監視・予察技術の高度化について、行政ニーズの高い新型ウイルスの検査技術開発を急ぎ、重点的に取り組むため増額して配分。

【総括評価】

ランク：A

1. 委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見

各課題において、多くの成果が得られ、実用化あるいは実用化に近い成果も得られていることを評価する。

2. 今後検討を要する事項に関する所見

国際的な特許の取得についても考慮されたい。

ヒ素・カドミウムの低減技術について、栽培管理による低減技術は経営規模によっては導入が難しい面もあることから、ヒ素・カドミウムを吸収しないような品種開発等、別方面からの研究開発の検討も期待する。

[事業名] 食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト

用語	用語の意味	※ 番号
フードチェーン	農畜水産物の生産から販売に至るまでの食品供給の工程のこと。	1
ヒ素	地殻中に分布しており、火山活動や森林火災、鉱物の風化などの自然現象によって環境中に放出されるほか、火力発電、金属精錬、廃棄物の処理といった産業活動に伴っても環境中に放出される。そのため、飲料水や食品は微量のヒ素を含んでいるが、ヒ素には毒性があることから、水や食品を通じてヒトの体の中に入ること、ヒトの健康に悪影響を及ぼす可能性がある。	2
カビ毒	ある種のカビが農作物に付着・増殖し、そこで産生する化学物質のうち、人や家畜の健康に悪影響を及ぼすものをいう。これまでに300種以上が報告されている。カビ毒は一般的に熱に対して安定で、通常加熱調理では完全に分解されず、発ガン性・慢性毒性・急性毒性を持つものがある。	3
損傷菌	今まで検出が困難であったため見過ごされてきたが、人体内で蘇生して中毒を起こす仮死状態の食中毒菌（0-157、サルモネラなど）。	4
高病原性豚繁殖・呼吸障害症候群（高病原性PRRS）	2006年に中国において世界で初めて発生し、40万頭もの豚に被害をもたらした新しい伝染性家畜疾病。高熱、発赤、呼吸障害などの症状を特徴とし、致死率が高いなど、豚コレラと症状が酷似している。現在までにベトナム、タイ、ラオス、カンボジア、フィリピン等のアジア諸国に感染が拡大している。日本国内では未発生。	5
豚コレラ	強い伝染力と高い致死率を特徴とする豚、いのししのウイルス性家畜伝染病。治療法はなく、発生した場合の畜産業界への影響が甚大であることから、感染した場合には、まん延防止のために感染家畜の殺処分が行われる。日本では明示21年に北海道で最初の発生が確認されたが、平成4年の発生を最後に国内発生はしていない。有効なワクチンはあるもののアジア近隣諸国にまん延しており、症状が酷似する高病原性PRRSとの混合感染が問題となっている。	6
非定型BSE	たん白質分解酵素による分解のされ方が異なるなど、BSEの原因となる異常プリオンたん白質の性質が従来型BSEと異なるもの。世界でこれまでに90例ほどが確認されており、うち日本では2例が確認されている。世界的に従来型BSEの清浄化が進む中、依然として発生が散発しており、発生原因が不明であるなど科学的知見の不足が問題となっている。	7
感染予防効果の高い鳥インフルエンザワクチン	鳥インフルエンザの感染そのものを予防することが可能なワクチン。現在使用可能な鳥インフルエンザワクチンは、感染した際にウイルスの体内増殖を抑制することにより、ウイルスの排泄を長期間抑制することはできるが、感染そのものを防ぐことができない。	8
コーデックス委員会	消費者の健康の保護、食品の公正な貿易の確保等を目的として、1963年にFAO及びWHOにより設置された国際的な政府間機関のことであり、国際食品規格の策定等を行っている。	9
トレードオフ	一方が減少すると、他方が上昇する関係のこと。	10

食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト

背景・ニーズ

- コメのヒ素の最大基準値の設定や農産物に含まれるカビ毒の低減について国際的対応が必要。また、国内外で食中毒事件が発生する中、損傷菌の関与の疑い。
- 海外において、口蹄疫、鳥インフルエンザ、豚コレラ等が継続的に発生する中、新たな豚の疾病(高病原性PRRS)も発生・まん延し、我が国への侵入も危惧。

- 日本農畜水産業の持ち味の一つである「安全」を一層強固なものにするため、
- ① フードチェーンにおける危害要因に対応するための基盤技術の開発
 - ② 我が国での発生が危惧される重要家畜疾病に対応するための基盤技術の開発が必要。

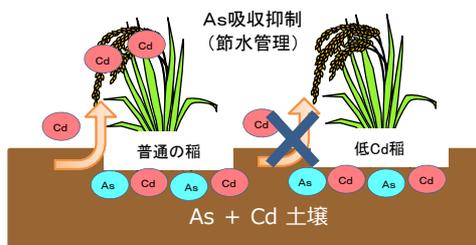
研究内容

本プロジェクト

フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発

- ヒ素(As)とカドミウム(Cd)のトレードオフを考慮したヒ素吸収抑制技術の開発

Asの吸収を抑制する水管理下で低Cd稲を栽培することにより、AsとCdともに吸収を抑制



- 科学的知見の少ないカビ毒の動態解明と産生を低減する栽培管理技術の開発
- 損傷菌の特性解明、検出・制御技術の開発

重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発

- 農場で活用できる高病原性PRRSや豚コレラの簡易診断キットの開発
- 従来と症状の異なる新型疾病の発生にも対応できる防疫シミュレーションシステムの開発
- 省力投与が可能でかつ感染予防効果の高い鳥インフルエンザワクチンの開発等



期待される効果

- フードチェーンのリスク管理の高度化
- 疾病の発生予防、発生時の早期発見と迅速な初動対応

我が国の食品の安全性向上と食料の安定供給基盤の確保に貢献

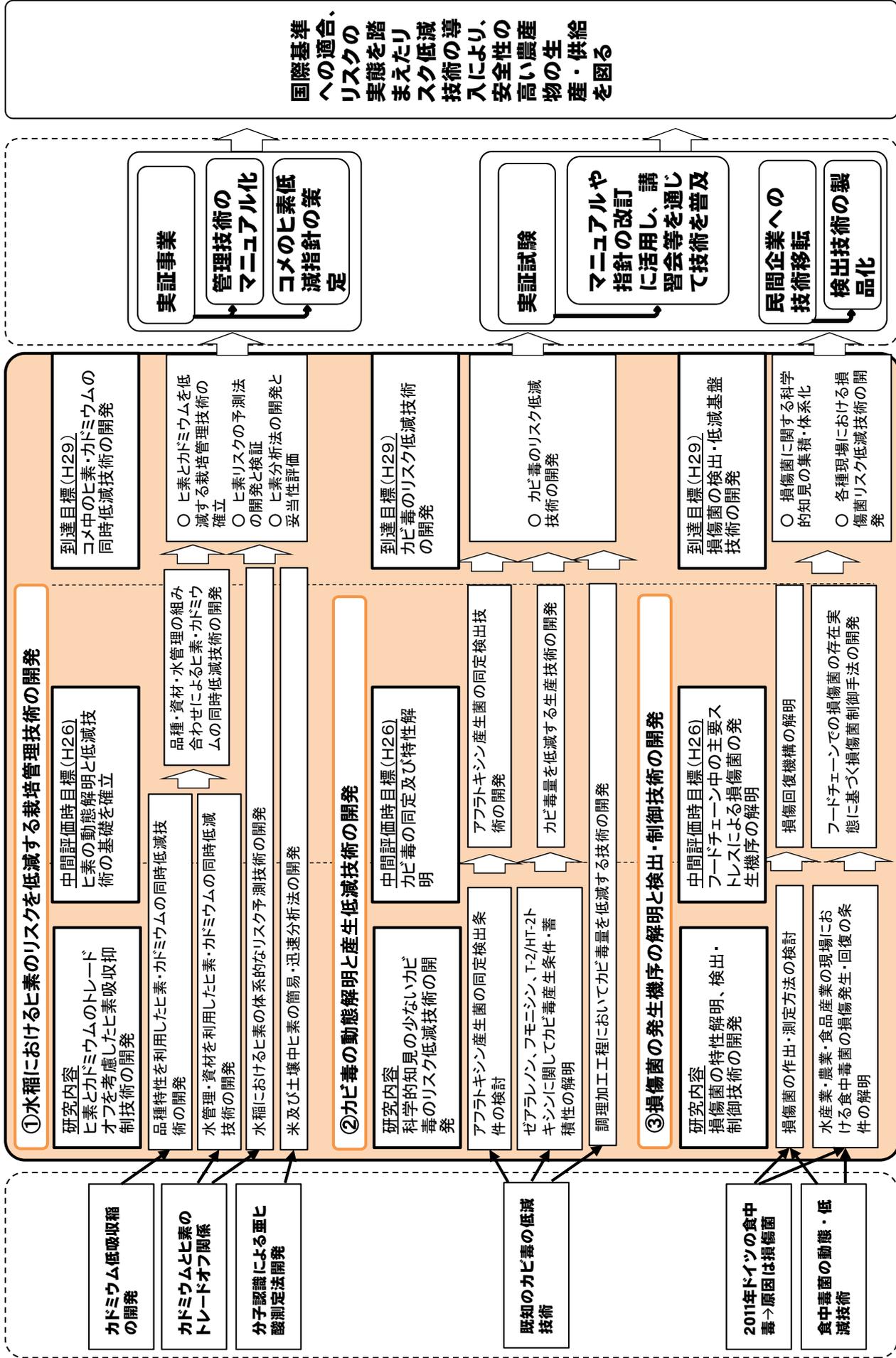
食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト
 (うち「フードチェーンのリスク低減に向けた基盤技術の開発」)ロードマップ

既往成果(知見)

研究開発
 (H25~29)

実証・産業利用
 (H30~)

アウトカム
 (H33)



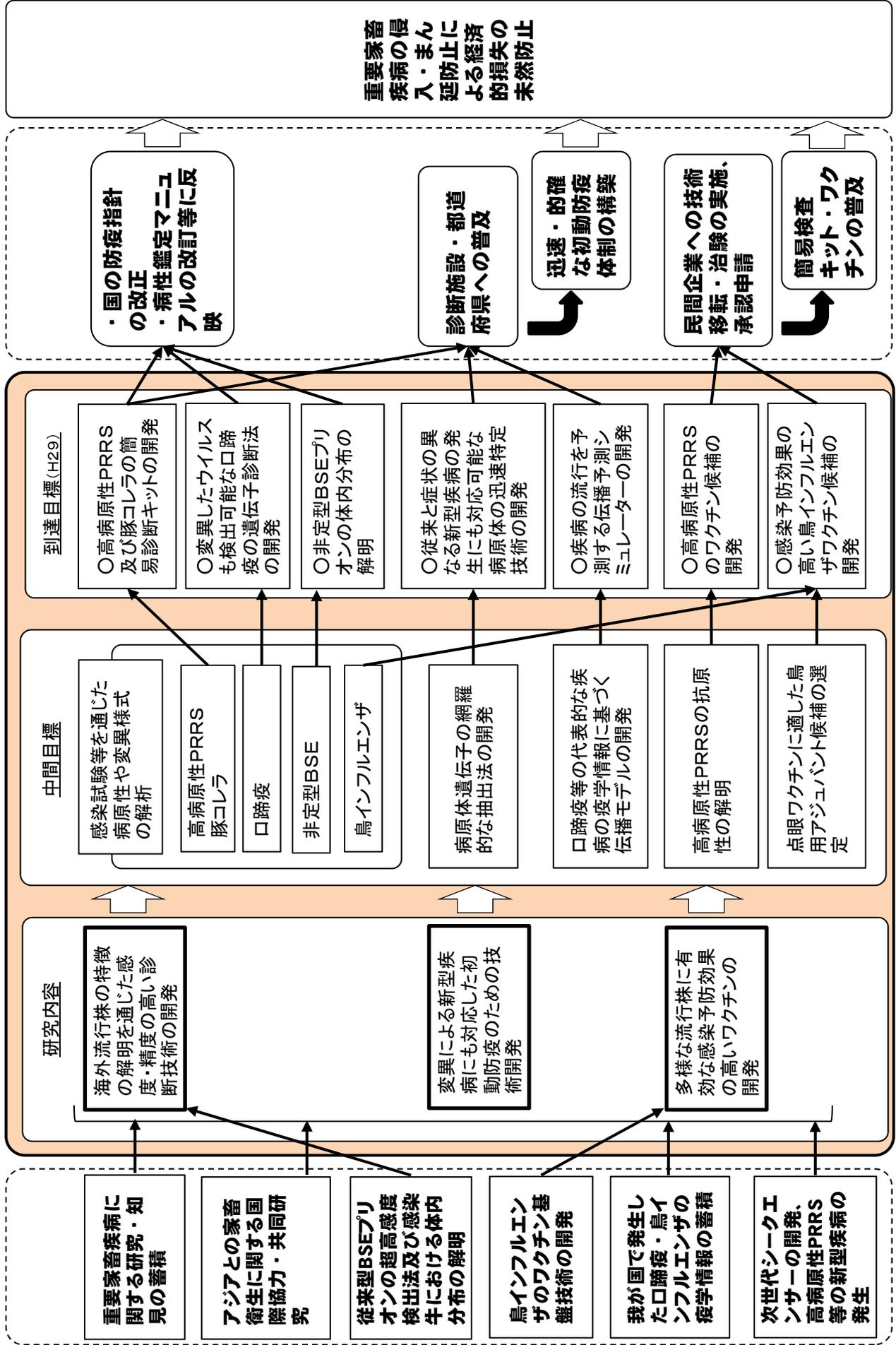
食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト
(うち「重要家畜疾病の侵入・まん延の防止技術の開発」ロードマップ)

既往成果(知見)

研究開発
(H25~29)

実証・産業利用
(H30~)

アウトカム
(H33)



水稲におけるヒ素のリスクを低減する栽培管理技術の開発

ヒ素・カドミウムの同時低減を可能にする栽培管理技術の開発

研究概要

土壌類型や気象条件の異なる様々な地域において、カドミウム低吸収性イネ品種(コシヒカリ環1号)を様々な水管理で栽培し、イネへの吸収がトレードオフの関係にあるヒ素とカドミウムのコメ中濃度を同時に低減できる栽培管理技術等を開発する。

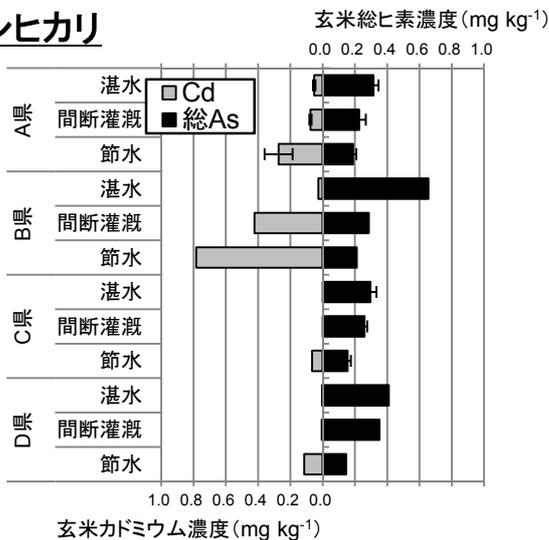
主要成果

- 通常の水稲品種ではカドミウムとヒ素の吸収はトレードオフの関係にある



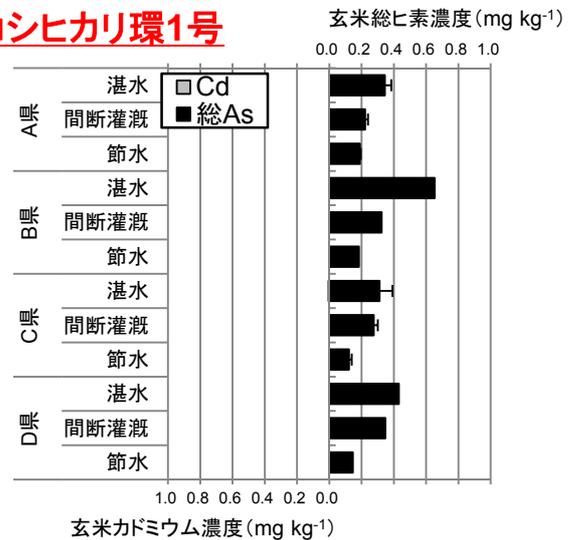
- カドミウムをほとんど吸収しないコシヒカリ環1号の節水栽培により、玄米中のカドミウムとヒ素の濃度を同時に低減できることを解明

コシヒカリ



コシヒカリの節水栽培で玄米のヒ素濃度は低減するが、玄米のCd濃度は著しく上昇する。
→ヒ素とCdのトレードオフ関係

コシヒカリ環1号



コシヒカリ環1号の節水栽培で玄米ヒ素濃度は低減し、玄米のCd濃度は検出されず。

今後の方針

国が研究成果を活用し、栽培指針、分析マニュアル等を作成するとともに、コーデックス委員会における行動規範の作成に向けたデータを提供

重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発

口蹄疫等の急性家畜伝染病の 汎用型家畜伝染病伝播シミュレーターの開発

研究概要

口蹄疫など急性伝染病発生時に地域や疾病の特性を踏まえた防疫対応を支援するため、都道府県等の防疫担当者が活用可能な汎用性の高い家畜伝染病伝播シミュレーターを開発する。

主要成果

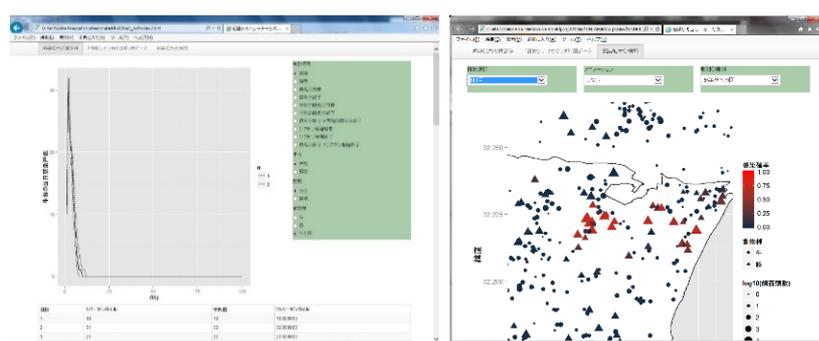
口蹄疫の伝播シミュレーターを開発

シミュレーションのための基礎情報として国内外の口蹄疫流行データを活用

農場や防疫措置の条件を入力

感染拡大の推定値を図表で出力

The screenshot shows a software window titled '伝播シミュレーターシステム' (Simulation System). It contains several sections for inputting parameters: '伝播パラメータの調整' (Adjustment of spread parameters) with fields for h0, r0, a, cc, cp, pc, and pp; '防疫措置の条件設定' (Setting of quarantine conditions) with dropdowns for '指定方法' (specification method) and '値' (value) for '指定された農場からの感染' (infection from specified farms) and '子牛の感染' (infection of calves); and 'ワクチン接種' (Vaccination) with similar dropdowns and date fields. A '実行' (Execute) button is at the bottom right.



感染戸数の推移のグラフ

感染拡大推定地図

地域の畜産農家戸数や防疫体制に応じて

- ・ 感染の広がりの推定
- ・ 防疫対策の効果の比較
- ・ 防疫に要する人員やコストの推定 が可能に

シミュレーター入力画面

パラメーターを設定することにより、
国内外での実際の発生と同等の発生状況を再現可能に

今後の方針

防疫担当者に伝播シミュレーターを配布し現場で活用

論文数等共通事項調査票

(平成29年2月10日調査時点)

事業名	食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト					
実施期間	平成25～29年度			評価段階	中間	
予算額 (百万円)	初年度 (25年度)	2年度目 (26年度)	3年度目 (27年度)	4年度目 (28年度)	5年度目 (29年度)	総合計
	682	601	481	411	370	2,545

項目	① 査読 論文	②国内 特許権等 出願	③海外 特許権等 出願	④国内 品種登録 出願	⑤ プレス リリース	⑥ アウトリーチ 活動
実績件数	38	0	0	0	0	11

具体的な実績						
①査読論文						
Koji Baba, Tomohito Arao, Noriko Yamaguchi, Eiki Watanabe, Heesoo Eun, Masumi Ishizaka (2014), Chromatographic separation of arsenic species with pentafluorophenyl column and application to rice, Journal of Chromatography A, 1354(8) : 109-116.						
Aomi SUDA, Koji BABA, Noriko YAMAGUCHI, Ikuko AKAHANE, Tomoyuki MAKINO (in pres), The effects of soil amendments on arsenic concentrations in soil solutions after long-term flooded incubation, Soil Science and Plant Nutrition.						
Nakagawa et al. (2014), Harmonized collaborative validation of a simultaneous and multiple determination method for nivalenol, deoxynivalenol, T-2 toxin, HT-2 toxin, and zearalenone in wheat and barley by liquid chromatography coupled to tandem mass spectrometry (LC-MS/MS), Analytical and Bioanalytical Techniques, .S6-002 (on line journal) doi: 10.4172/2155-9872.						
Fujita et al. (2013), Detection of Aflatoxins B 1, B 2, G 1 and G 2 in Nutmeg Extract Using Fluorescence Fingerprint, Food Science and Technology Research, 19(4) : 539-545.						
Sakamoto N., Tsuyuki R., Yoshinari T., Usuma J., Furukawa T., Nagasawa H. Sakuda S. (2013), Correlation of ATP citrate lyase and acetyl CoA levels with trichothecene production in Fusarium graminearum, Toxins, 5 : 2258-2269.						
Suga H., Kitajima M., Nagumo R., Tsukiboshi T., Uegaki R., Nakajima T., Kushiro M., Nakagawa H., Shimizu M., Kageyama K., Hyakumachi M. (2014), A single nucleotide polymorphism in the translation elongation factor 1 α gene correlates with the ability to produce fumonisin in Japanese Fusarium fujikuroi, Fungal Biology, 118 : 402-412.						
Zheng Y., Hossen S.M., Sago Y., Yoshida M., Nakagawa H., Nagashima H., Okadome H., Nakajima T., Kushiro M. (2014), Effect of milling on the content of deoxynivalenol, nivalenol and zearalenone in Japanese wheat, Food Control, 40:193-197.						
Zheng Y, Nakagawa H., Sago Y., Nagashima H., Okadome H., Kushiro M. (2014), Extraction of a Fusarium mycotoxin zearalenone in edible oils, JSM Mycotoxins, 64(1) : 23-27.						
Hossen S.M., Nakagawa H., Nagashima H. et al. (2014), Loss of nivalenol during cooking of noodles made from Fusarium - infected Japanese soft wheat, Journal of Food Processing and Preservation, 38(3) : 1113-1118.						
Kushiro M., Zheng Y., Thammawong M., Kozawa T., Nakagawa H., Nagashima H., Okadome H. (2014), Retention of Fusarium mycotoxins zearalenone and deoxynivalenol during Japanese soft wheat milling, Japanese Journal of Food Chemistry and Safety, 21(3) : 173-178.						
Takahashi et al (2015), Listeria monocytogenes develops no resistance to ferulic acid after exposure to low concentrations, Food Control, 47 : 560-563.						
川崎ら (2014), Real-time PCRを用いた牛乳および生乳中のSalmonella増殖の特性評価と増殖挙動のモデル化, 日食微誌, 31 : 28-35.						

Saito et al. (2014), Amino acid substitutions in PB1 of avian influenza viruses influence pathogenicity and transmissibility in chickens, <i>Journal of Virology</i> , 88(19) : 11130–9.
Aida et al. (2014), Comparative analysis of seven viral nuclear export signals (NESs) reveals the crucial role of nuclear export mediated by the third NES consensus sequence of nucleoprotein (NP) in influenza A virus replication, <i>PLOS ONE</i> , 9(8) : e105081
Aida et al. (2014), Identification of a novel multiple kinase inhibitor with potent antiviral activity against influenza virus by reducing viral polymerase activity, <i>Biochemical and Biophysical Research Communications</i> , 450(1) : 49–54
Fukai et al. (2014), Experimental infection of cattle and goats with a foot-and-mouth disease virus isolated from the 2010 epidemic in Japan, <i>Archives of Virology</i> , 159(11) : 2901–8
Fukai et al. (2015), Dose-dependent responses of pigs infected with the foot-and-mouth disease virus O/JPN/2010 by intranasal and intraoral routes, <i>Archives of Virology</i> , 160(1) : 129–39
Hikono et al. (2014), Evaluation of avian paramyxovirus serotypes 2 to 10 as vaccine vectors in chickens previously immunized against Newcastle disease virus, <i>Veterinary Immunology and Immunopathology</i> , 160(3–4) : 184–91
Morozumi et al. (2014), Concise and broadly applicable method for determining the genomic sequences of north-american-type porcine reproductive and respiratory syndrome viruses in various clusters, <i>Journal of Veterinary Medical Science</i> , 76(9) : 1249–1255.
Imamura M et al. Identification of the first case of atypical scrapie in Japan. <i>J Vet Med Sci</i> doi:10.1292/jvms.16-0379 (印刷中)
Okada H., et al., Transmission of atypical scrapie to homozygous ARQ sheep. <i>J Vet Med Sci</i> 78(10):1619–1624, 2016.
Okada H. et al., Coexistence of two forms of disease-associated prion protein in extracerebral tissues of cattle infected with H-type bovine spongiform encephalopathy. <i>J Vet Med Sci</i> 78(7):1189–1193, 2016.
Chutiwitoonchai N, and Aida Y., NXT1, a Novel Influenza A NP Binding Protein, Promotes the Nuclear Export of NP via a CRM1-Dependent Pathway. <i>Viruses</i> . 2016 Jul 28;8(8)
Kakisaka M., et al., Intrinsically disordered region of influenza A NP regulates viral genome packaging via interactions with viral RNA and host PI(4,5)P2. <i>Virology</i> . 2016 Sep;496:116–26.
Kakisaka M., et al., A high-throughput screening system targeting the nuclear export pathway via the third nuclear export signal of influenza A virus nucleoprotein. <i>Virus Res</i> . 2016 Jun 2;217:23–31
Uchida Y et al., Susceptibility of chickens, quail, and pigeons to an H7N9 human influenza virus and subsequent egg-passaged strains. <i>Archives of Virology</i> , Jan;162(1):103–116, 2017
Okada H et al., Oral transmission of L-type bovine spongiform encephalopathy in the natural host. <i>Emerging Infectious Diseases</i> Vol. 23, No. 2, February 2017
Hayama et al. (2016), Spatial epidemiological analysis of bovine encephalomyelitis outbreaks caused by Akabane virus infection in western Japan in 2011, <i>Trop Anim Health Prod</i> , 48(4):843–7
Hidano et al, (2016), Evaluating the efficacy of regionalisation in limiting high-risk livestock trade movements. <i>Prev Vet Med</i> , 133:31–41
Kato et al. (2016) Monitoring for bovine arboviruses in the most southwestern islands in Japan between 1994 and 2014. <i>BMC Vet Res</i> . 12(1):125

Tsuchiaka et al, (2017), Identification of a novel bovine enterovirus possessing highly divergent amino acid sequences in capsid protein. BMC Microbiol, 17(1):18
Kishimoto et al, (2017), Development of a one-run real-time PCR detection system for pathogens associated with bovine respiratory disease complex. J Vet Med Sci, doi: 10.1292/jvms.16-0489
Niira et al. (2016), Whole genome sequences of Japanese porcine species C rotaviruses reveal a high diversity of genotypes of individual genes and will contribute to a comprehensive, generally accepted classification system. Infect Genet Evol, 44: 106-113
Masuda et al. (2016), Development of one-step real-time reverse transcriptase-PCR-based assays for the rapid and simultaneous detection of four viruses causing porcine diarrhea. Jpn J Vet Res, 64: 5-14
Nagai et al. (2016), Full genome analysis of bovine astrovirus from fecal samples of cattle in Japan: Identification of possible interspecies transmission of bovine astrovirus. Arch Virol, 160: 2491-2501
Shimada et al, (2015), Use of S1 nuclease in deep sequencing for detection of double-stranded RNA viruses. J Vet Med Sci, 77: 1163-116
Mayo Yasugi, Keisuke Otsuka and Masami Miyake (2016), Nitrate salts suppress sporulation and production of enterotoxin in Clostridium perfringens strain NCTC8239, Microbiology and Immunology, 60: 657-668.
Tsuchido, T. (2017), A novel double subculture method and its theory for the enumeration of injured cells in stressed microbial population, Biocontrol Sci., 22, in press.
②③④ (国内外) 特許権等出願・品種登録
なし
⑤ プレスリリース
なし
⑥ アウトリーチ活動 (研究活動の内容や成果を社会・国民に対して分かりやすく説明する等の双方向コミュニケーション活動)
<ul style="list-style-type: none"> ・平成26年度マイコトキシン研修会「トリテセンカビ毒を取り巻く情勢と分析法の今」(平成26年9月18日、公益社団法人日本食品衛生協会食品衛生研究所) ・食の安全を確保するための微生物検査協議会講演会「“食品事業者のための”生食用野菜の衛生管理」(平成26年6月4日、農林水産省農林水産技術会議事務局筑波事務所) ・農林交流センターワークショップ「食品自主衛生管理のための細菌検査入門」(平成25・26年7月、日本橋公会堂ホール) ・酪農学園大学シンポジウム「ニューカッスル病ウイルスベクターのワクチン応用」(平成27年2月19日、酪農学園大学) ・農研機構シンポジウム「One Healthから見た動物インフルエンザ」(平成24年10月3日、イイノホール&カンファレンスセンター) ・損傷菌セミナー2016「食品関連分野における損傷菌とその対策」(平成26年7月22日、大阪府立大学) ・農研機構シンポジウム「鳥インフルエンザと野生動物」(平成26年9月26日、JA共済ビル) ・第13回微量元素の生物地球化学に関する国際会議 (ICOBTE)、特別シンポジウム10「重金属汚染土壌の管理:最新の科学に基づく新たな実践的アプローチ」(平成27年7月、福岡国際会議場) ・口蹄疫伝播シミュレーションに関する公開シンポジウム(平成27年12月、都内) ・第33回土・水研究会「水稻におけるヒ素吸収抑制技術」(平成28年2月25日、つくば農林ホール) ・日本土壌肥料学会 2016年度大会シンポジウム「水稻におけるヒ素とカドミウムをめぐる諸問題」(平成28年9月22日、佐賀大学)
その他 (行政施策等に貢献した事例)
<ul style="list-style-type: none"> ・本プロジェクトで作製した抗高病原性鳥インフルエンザウイルス (HPAIV) 抗血清は、2014年4月に熊本で発生したHPAIVの亜型同定に活用。 ・本プロジェクトで開発した次世代シーケンサーを用いたHPAIVのゲノム迅速解読法は、2014年12月から2015年1月にかけて国内で発生した高病原性鳥インフルエンザの亜型同定、病原性推定に活用。 ・本プロジェクトが開発した高病原性鳥インフルエンザウイルスN6型NA同定のためのコンベンショナルPCR診断系は、2016年11月以降国内で発生したHPAIVの迅速亜型同定に活用されている。

今後予定しているアウトリーチ活動等

- ・ 損傷菌セミナー2017「食品の環境ストレスによって発生する損傷菌とその意義」（平成27年6月13日、東京都江東区豊洲文化センター）
- ・ 本プロジェクトで開発した口蹄疫伝播シミュレーターについて、実際に体験することもできるシンポジウムを開催する（日程、開催場所未定。参集範囲等については今後農水省と調整）。