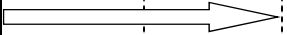


委託プロジェクト研究課題評価個票（終了時評価）

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	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
					

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
	粒数	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	早晩性・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。

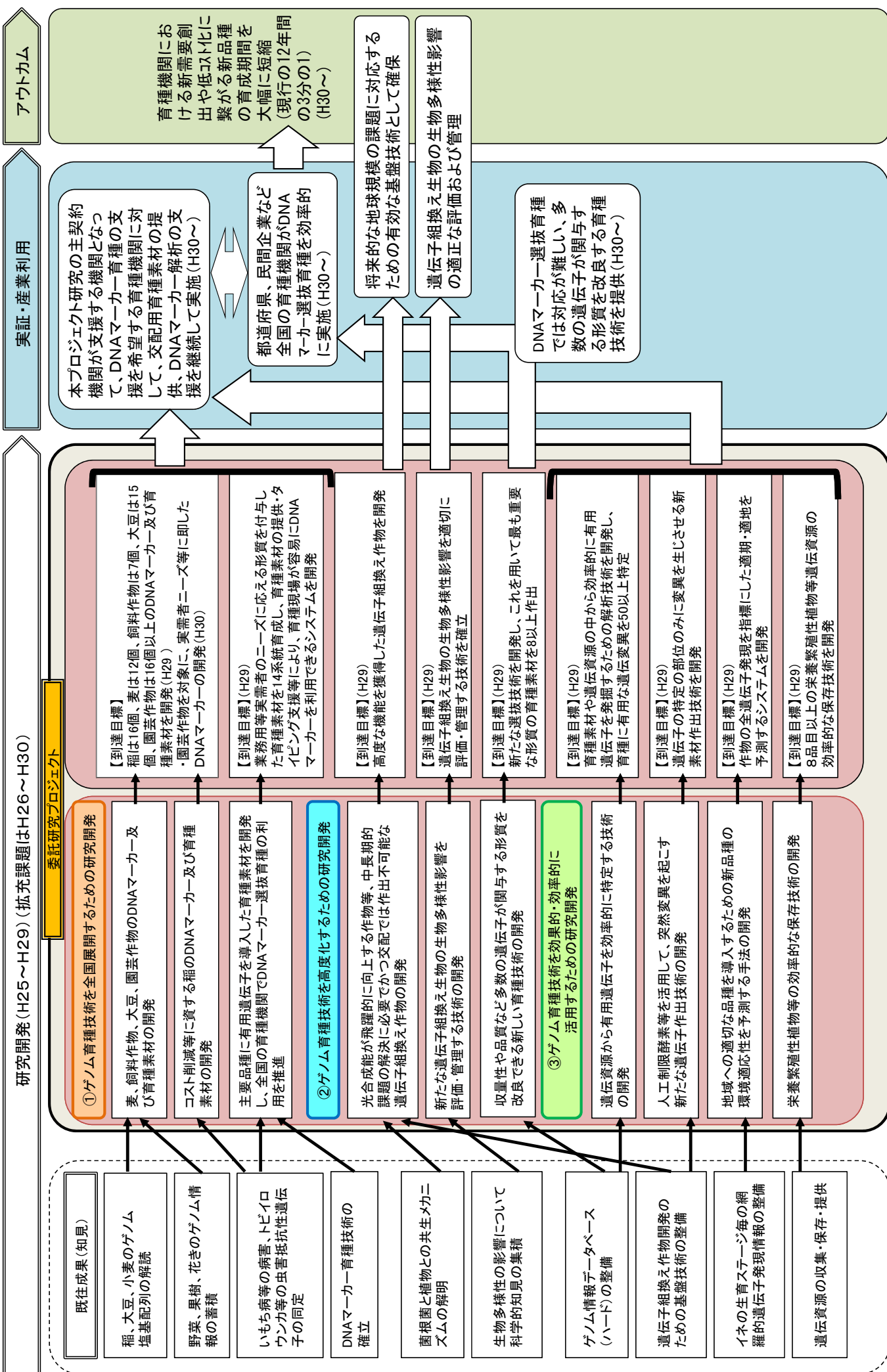
【総括評価】	ランク：A
1. 委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見	
DNAマーカー選抜育種システムの確立による大幅な育成期間の短縮等、非常に優れた研究成果が得られていることを評価する。	
2. 今後検討を要する事項に関する所見	
各コンソーシアムで連携して研究を進めるよう期待する。	

〔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

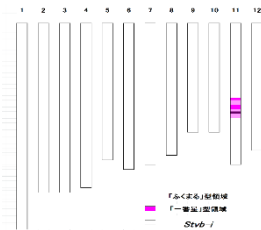
茨城県農業総合センター: 縞葉枯病抵抗性「ふくまる」

(2014年品種登録)
「ひとめぼれ」と同熟期の早生品種

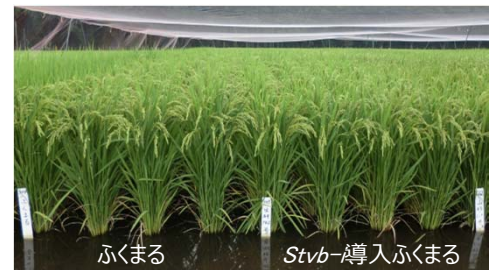
◎大粒、高品質、多収
→県内全域での普及が期待

×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」

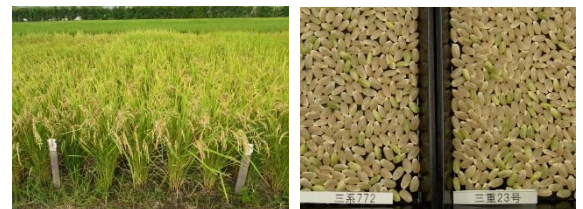


農産物検査で1等、玄米タンパク質含量が6.8%以下等の基準をクリアしたもののみ「結びの神」という商品名で販売(三重県で商標登録済)

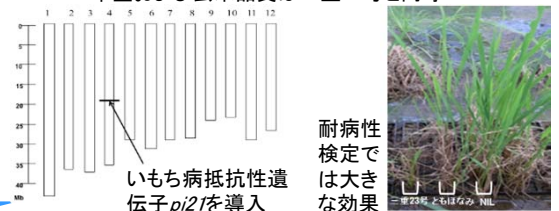
◎高温に強く、玄米品質が良好

×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追随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

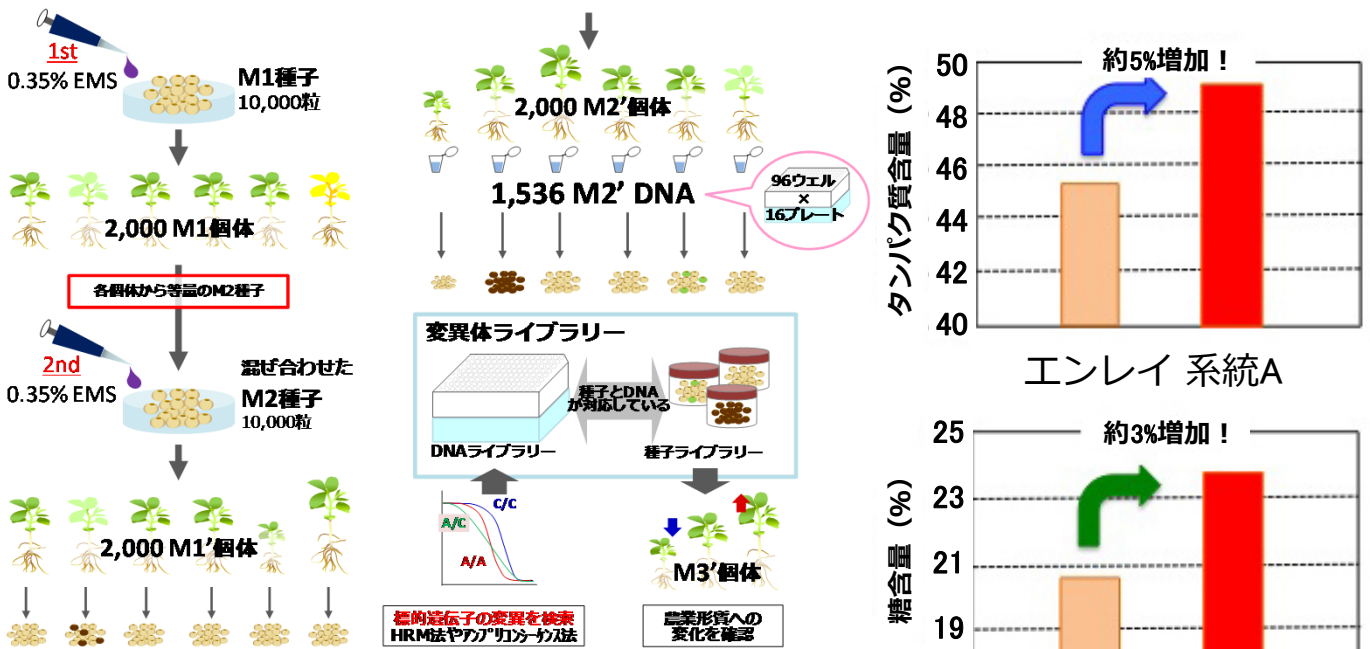
ダイズの変異リソースの作出とスクリーニングシステムの開発

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

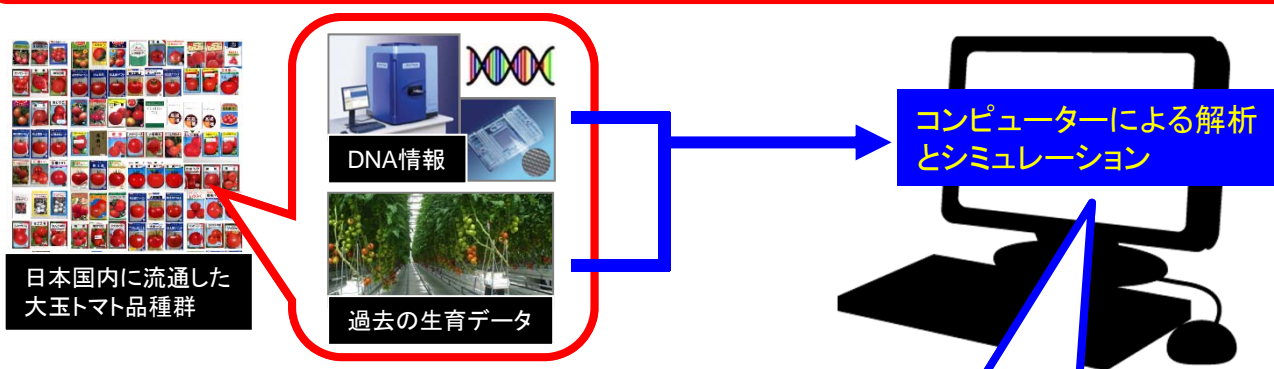
ゲノムワイドマーカー情報に基づく多収・高糖度トマト選抜のための次世代型マーカー育種技術開発とその試行

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。

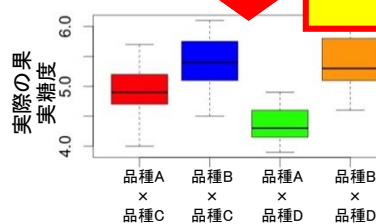
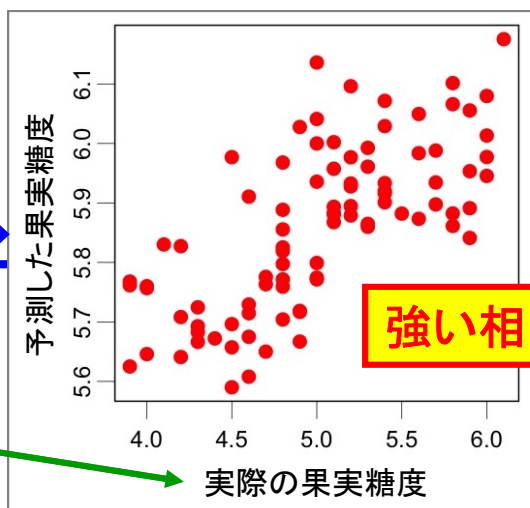
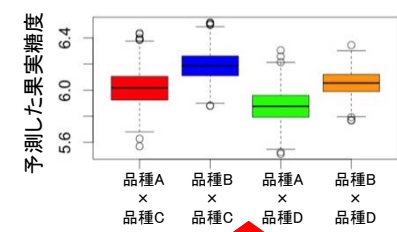
主要成果

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

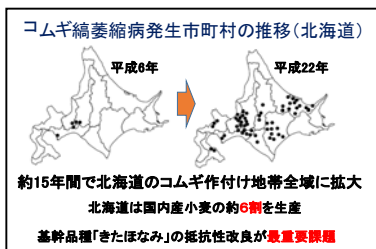
麦類縞萎縮病抵抗性遺伝子の単離と機能解明

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。

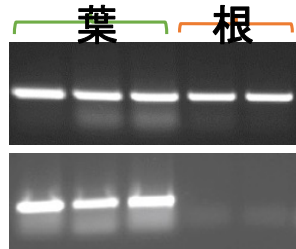
主要成果

抵抗性遺伝子を3B染色体に位置つけた



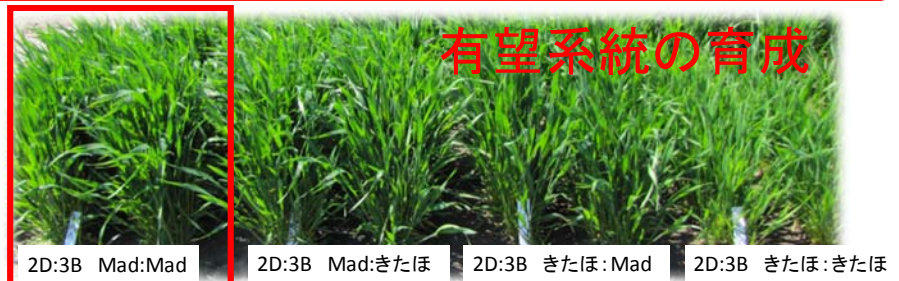
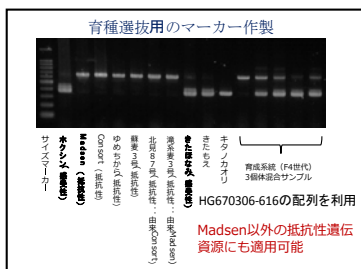
抵抗性は根で発現するため根の形質評価が重要(葉ではだめ)

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., <i>Nat Commun</i> , 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., <i>J Exp Bot</i> , 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 (<i>Dianthus caryophyllus</i> L.), <i>Plant Mol Biol Rep</i> , 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, <i>Sci Rep.</i> , 6: 19454.						
5. Matsuzaki J, Kawahara Y, Izawa T (2015), Punctual transcriptional regulation by the circadian clock under fluctuating field conditions, <i>Plant Cell</i> , 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, <i>Plant Biotechnol J</i> , 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, <i>Food Control</i> , 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 (<i>Cucumis sativus</i> L.). <i>Euphytica</i> 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, <i>BMC Genomics</i> , 1014						
10. International Wheat Genome Sequencing Consortium (2014), A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (<i>Triticum aestivum</i>) genome, <i>Science</i> , 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 <i>Oryza sativa</i> L. ssp. indica cultivar ADR52, <i>Sci Rep</i> , 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, <i>Nat Genet</i> , 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)