

# 評価個票等

# 目次

## 委託プロジェクト研究

画期的な農畜産物作出のためのゲノム情報データベースの整備…… 1

海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発……15

**委託プロジェクト研究課題評価個票（中間評価）**

<b>研究課題名</b>	画期的な農畜産物作出のためのゲノム情報データベースの整備			<b>担当開発官等名</b>	研究開発官(食の安全、基礎・基盤)
				<b>連携する行政部局</b>	大臣官房政策課
<b>研究開発の段階</b>	<b>基礎</b>	<b>応用</b>	<b>開発</b>	<b>研究期間</b>	H23～H27（5年間）
	⇒			<b>総事業費（億円）</b>	14.5億円（見込）

**研究課題の概要**

近年ゲノム研究の進展にともない、農林水産省の研究の成果として公開している情報を統合し、より価値の高い情報を発信することを目的とし、平成22年度まで「農林水産生物ゲノム情報統合データベース」を実施した。これまで蓄積された多様な遺伝資源やゲノム情報の活用の幅を広げ、画期的な農畜産物の作出を進めるための研究基盤を確立するものとして、超高速シーケンサー（※1）から生み出される大量かつ複雑な塩基配列情報を高速・高精度でつなぎ合わせて整理するゲノム断片整列化機能や、整理されたゲノム塩基配列中から未確認の遺伝子の存在を予測する、新規有用遺伝子予測機能を開発するとともに、農畜産物のゲノム情報やDNAマーカー（※2）情報を統合してデータベースを構築・公開し、利用しやすい形で大学や民間企業等の研究者に提供する。

**1. 委託プロジェクト研究課題の主な目標**

中間時（2年度目末）の目標	最終の到達目標
① 高次解析システムの開発：ゲノム断片整列化機能の作成。大量かつ多種類のデータから統計解析による新規有用遺伝子予測機能の設計。	① ゲノム断片整列化機能のウェブでのサービス提供。大量データ統計解析による新規有用遺伝子予測機能の構築と解析支援。
② 農畜産物ゲノムデータベースの構築・公開：ゲノム情報等を統合したデータベースを構築・利用しやすい形で公開。	② 農畜産物ゲノムデータベースの年間稼働率99%、年間訪問数30万件以上を最終年度まで維持。

**2. 委託プロジェクト研究課題全体としてのアウトカム目標（H27年）**

	備考
新品種育成期間の大幅な短縮に貢献（12年間（21～23年度の平均）→4年間（32年度））。	

**【項目別評価】**

**1. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性**

**ランク： A**

近年多くの農畜産物等において、ゲノム解読が進むなど、ゲノムデータの蓄積がプロジェクト開始時に比べ、飛躍的に増加するとともに、これらゲノムデータの活用による新品種の開発への取組も進展する中で、平成25年度から新たな委託プロジェクト研究としてDNAマーカー選抜育種を本格化するなど、これらの研究基盤として、本プロジェクトの必要性はますます増している。

現在のゲノム解読の動きとして、オオムギやダイズ等、様々な作物でゲノム解読が進んでおり、この情報を基に多くの遺伝子の特定やDNAマーカーの開発が進展し、ゲノムデータベースもイネからカイコ、ブタ等を収める大規模なものとなっている。また、これまでのゲノム研究を通じて、DNAマーカー育種においては「ともほなみ」や「あいちのかおりSBL」等のイネの品種が開発され、イネ以外にもダイズの「フクミノリ」やハクサイの「あきめき」等でゲノムの成果を活用した品種が開発された。平成25年度からは全国の育種機関と連携し、DNAマーカー選抜育種体制の構築や他品目への有用遺伝子の特定やDNAマーカーの開発を加速することとしており、ゲノム情報を利用した画期的な農畜産物の作出へ

の取組もますます進展しているところである。

また、ゲノム情報データベースは、総合科学技術会議のライフサイエンスPTにおいて、我が国の研究開発基盤のさらなる強化のため、平成23年に設置された（独）科学技術振興機構のバイオサイエンスデータベースセンター（NBDC：National Bioscience Database Center）と連携してライフサイエンス分野のデータベースの統合を進めることによってデータの価値を最大化する取組へも協力するなど、ゲノムをめぐる我が国全体の研究基盤の確立へも貢献するため、国が関与して研究を推進する必要性もますます高まっている。

## 2. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性

ランク： A

本プロジェクトの研究の柱になっている高次解析システムの開発においてはゲノム断片整列化機能のプログラムを作成するなど計画どおり進展している。また、新規データベースの整備についても新サーバーの移行も計画どおり進み、新たな検索システムの開発も計画どおり終え、平成23、24年度と到達目標のゲノムデータベースの年間稼働率99%、年間訪問数30万件以上を達成するなど研究は順調に進展している。今後、遺伝子に関する総合的な情報を検索できる基本システムを公開し、利用しやすいシステムの完成を推進するとともに、さらに年間訪問数の増加が見込めるため、今後の達成可能性は高いと考えている。

なお、高次解析システムの開発に関しては、研究開始時の中間目標どおり、ゲノム断片整列化機能のプログラムの作成を終了し、平成25年度に公開するための準備を行う中で、新規有用遺伝子予測機能の設計を研究開始時の中間目標より早く開始したところである。また、各省データベースの統合化を促進するため、NBDCのフォーマットに従って検索インデックスの統一化や横断検索機能の開発やNBDCの共通ガイドラインに沿ったアーカイブ化を進めているところである。

また、旧システム「農林水産生物ゲノム情報統合データベース」の機能及び保存データを継承し、拡充した新規データベースを整備するため、平成23年12月に新サーバーへ移行した。その際、無停電電源装置の導入や節電対策にも務め、平成23年度の稼働率は99.5%、平成24年度（1月31日現在）の稼働率99.7%とデータベースサービスの年間稼働率の目標を達成し続けている。また、オオムギなどのデータベースの統合を進めることにより平成23年の訪問件数が462,110件、平成24年が428,600件と30万件の目標を十分に達成した。さらに、目的とする遺伝子に関する形質や発現時期などの総合的な情報を検索できるシステムは、平成25年度に公開し、データベースの利用者からの要望を受けた改善を行うとともに、講習会を実施することにより、利用しやすいデータベースとして仕上げていくこととしており、利用者はさらに増加すると考えている。

## 3. 研究が社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム目標）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）の明確性

ランク： A

本プロジェクトのアウトカム目標である新品種育成期間の大幅な短縮に向けて、高次解析システムの開発は、ゲノム解読や農業上重要な新規遺伝子の特定の加速化において貢献する。また、データベース構築は、有用遺伝子の特定やDNAマーカー開発に有用な情報を利用しやすい形で提供することで、全国のゲノム研究機関で活用が図られるとともに、DNAマーカー選抜育種技術の全国展開とあいまって、アウトカム目標の実現が可能と考えており、研究成果の活用方法も明確となっている。

また、本データベースが各省データベース統合化の取り組みと連携することで、ライフサイエンス分野のデータベースの一元的な利用が可能となり、農林水産省で実施してきた研究が医療分野等で貢献す

ることができると考えられ、他の研究に及ぼす波及可能性は高い。

#### 4. 研究推進方法の妥当性

ランク：A

研究開始前に実施した事前評価を受け、研究計画及び課題を検討し、当該研究分野に多くの知見と経験などを有する機関を対象とした企画競争を経て、適切な研究グループを採択した。研究開始後においては、外部有識者4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5回開催し、進捗状況を点検するとともに、以下のとおり適切な研究の進行管理を行った。

連携するプロジェクト等からのニーズを受け、いち早く大量データ統計解析による新規有用遺伝子予測機能を提供するため、設計を計画より早く取りかかる等、実施計画を見直しつつ進行管理を行った。

開発したシステムに関して、利用者からの要望を受けた改善を行うとともに講習会等を実施することにより、利用しやすいデータベースとして仕上げていくこととした。

#### 【総括評価】

ランク：A

##### 1. 委託プロジェクト研究課題の継続の適否に関する所見

研究は順調に進捗しており、国際研究開発競争を勝ち抜く上でも重要な基盤となるものであることから、継続することは妥当である。

##### 2. 今後検討を要する事項に関する所見

研究成果の公開内容を慎重に検討しておくとともに、事業終了後のデータベースの管理運営方策について予め検討しておく必要がある。

白紙

[事業名] 画期的な農畜産物作出のためのゲノム情報データベースの整備

用語	用語の意味	※ 番号
超高速シーケンサー	「シーケンサー」とは、DNAの塩基配列を自動的に読み取るための装置のこと（sequencing：連続、順序、配列）。1986年の商用シーケンサー登場以来、塩基配列を読み取る技術は格段に進化し、2010年に発売されたものは従来に比べ解析速度が数千倍に向上している。	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

白紙



## 画期的な農畜産物作出のためのゲノム情報データベースの整備 【300(343)百万円】

### 対策のポイント

画期的な新品種を開発するための研究基盤として、農畜産物のゲノム情報を利用しやすい形で広く提供するデータベースを整備・公開します。

### <背景/課題>

- ・食料自給率の向上のためには、農業上重要な形質を担う遺伝子を数多く発見し、それらの情報を基に開発したDNAマーカー（育種のための目印）を使用して、我が国の栽培環境や作付け体系に適した画期的な新品種を開発し、飼料用米、小麦、大豆等の作付けを大幅に拡大することが重要です。
- ・そのためには、次世代型ゲノム解析機器から生み出される大量かつ複雑な情報を効率的に処理し体系的に整理するとともに、蓄積したゲノム情報から未確認の遺伝子を効率的に発見するシステム整備が必要です。
- ・「食料・農業・農村基本計画」でも、様々な農政の課題に技術面での確に対応するため、新品種や革新的な生産技術の開発、新需要を創出する付加価値の高い農産物・食品、農林水産生物の機能を利用した新素材・医薬品の開発等について、計画的・効率的に推進することとされています。

### 政策目標

本データベース情報を利用した新規遺伝子の単離やDNAマーカーの開発が進むことにより、国内における飼料用米、小麦、大豆の生産拡大等に役立つ画期的な新品種の開発に貢献します。

### <主な内容>

#### 1. 高次解析システムの開発

次世代型ゲノム解析機器から生み出される膨大なゲノム断片情報を高速・高精度でつなぎ合わせ整理する機能や、塩基配列情報から未確認の遺伝子の存在場所を予測する機能など、大量かつ複雑なデータを効率的に処理する解析システムを開発します。

#### 2. データベースの構築・公開

農畜産物のゲノム情報やDNAマーカー情報を効果的に整備・統合したデータベースを構築・公開し、大学や民間企業等の研究者に提供します。

（補助率：定額  
事業実施主体：民間団体等）

[お問い合わせ先：農林水産技術会議事務局研究開発官（食の安全、基礎・基盤）  
（03-3502-7435（直））]

# 画期的な農畜産物作出のための

# ゲノム情報データベースの整備

## 研究の背景

- 生物ゲノムに関する情報生産量が飛躍的に増大
  - ・ 従来に比べ解読速度が数千倍の超高速シーケンサーの上市
  - ・ それに伴って多くの作物品種でゲノム解読が進行中
- これら技術を用いることで、これまで収集・保存してきた在来品種や近縁野生種が持つ多様な「遺伝資源」を「形質情報」に関連づけた「遺伝子情報」として『見える化』が可能
- さらに、DNAマーカー化することで、新品種の開発に活用可能

これらの情報を効率よく処理・関連づけ、利用しやすい形でデータベース化することにより、農林水産生物ゲノム情報の一層の充実が図られるとともに利便性も向上！

## 研究の内容

- 既構築の「農林水産生物ゲノム情報統合データベース」を拡充し、大量配列情報を処理できる解析システムの開発や、育種等に必要情報を一元的に検索可能なバイオインフォマティクス基盤などを構築

### <高次解析システムの開発>

- 次世代型ゲノム解析機器から生み出される大量かつ複雑な情報を高速・高精度で処理する解析システムを開発
  - ◆ 次世代型シーケンサーから断片として得られる膨大なゲノム配列情報を高速・高精度でつなぎ合わせる機能
  - ◆ 塩基配列情報から未確認の遺伝子の存在場所を予測する機能

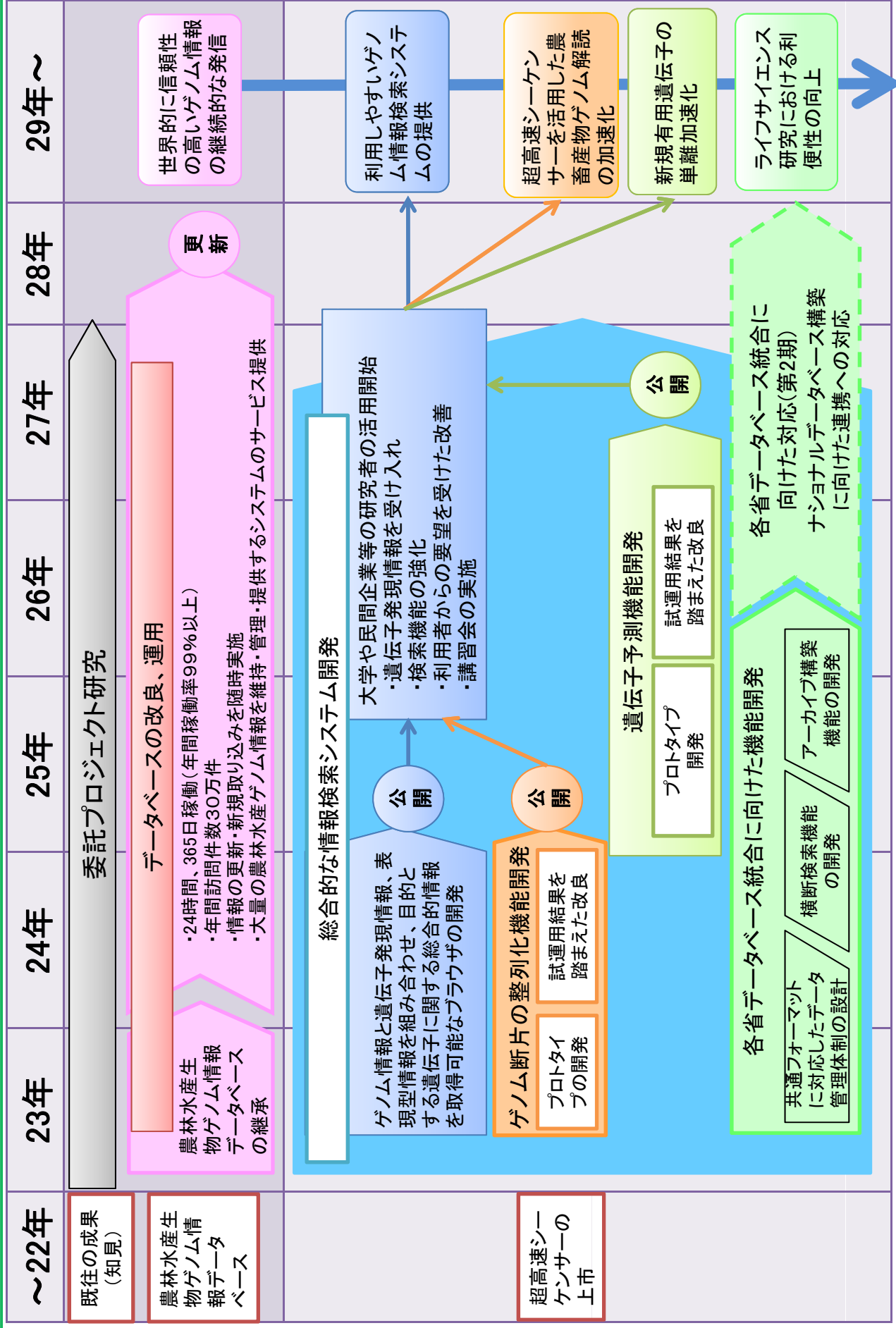
### <データベースの構築・公開>

- 農畜産物のゲノム情報や遺伝子発現情報、DNAマーカー情報等を整備・統合し、利用しやすい形で試験研究機関や大学、民間企業等に提供するデータベースを構築・公開
  - ◆ 超高速シーケンサーから得られる塩基配列情報を解析・公開するには、これまでにない大きなデータベース(ペタ(10<sup>15</sup>)バイト規模)が必要

## 期待される効果

- 農業上重要な形質を担う新規遺伝子の単離を加速化
- ゲノム情報を活用して環境変動等に適応可能な革新的農産物を作成

【画期的な農畜産物作出のためのゲノム情報データベースの整備】ロードマップ



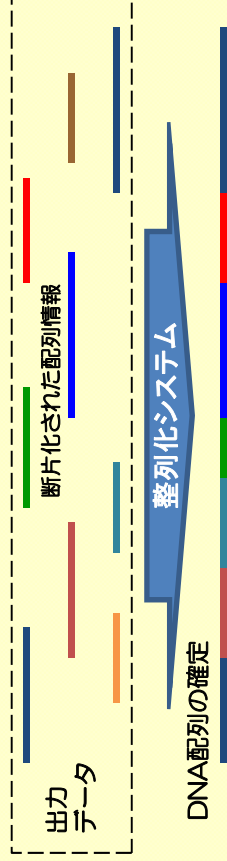
画期的な農畜産物作出や新品種育成期間の大幅な短縮に貢献

白紙

- 大量の塩基配列情報を処理できる解析システムの開発や、育種等に必要情報を一元的に検索可能なブラウザの整備などを実施

### ゲノム断片の整列化機能の開発

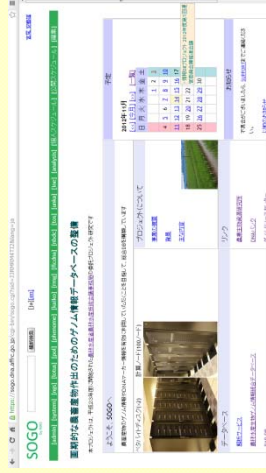
- 超高速シーケンサーによる塩基配列情報解析は、1本のDNAが細かく裁断された状態で解読され出力。多数の農林水産物のゲノム情報を解析していくためには、これら裁断された配列情報を「素早く」「正しく」つなぎ合わせる手法を開発。



平成24年度終了し、近々公開

### 総合的な情報検索システムの開発

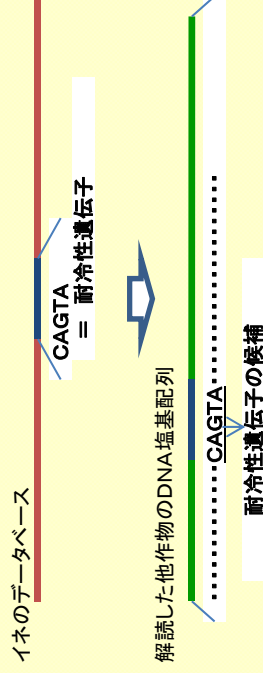
- 農林水産物ゲノム情報データベースを継承し、遺伝子の注釈付け、発現情報等を拡充することで、目的とする遺伝子に関する総合的な情報を取得可能なブラウザを開発。
- これにより対象遺伝子領域を、作物間での比較解析が可能に。



平成24年度終了し、近々公開

### 遺伝子予測機能の開発

- 新たに解読したゲノム塩基配列の中から、遺伝子候補を抽出する機能。



平成24年度より前倒しして開発開始

### 各省データベース統合への対応

- 統合データベースタスクフォース報告書に基づくライフサイエンス統合データベース化への取組として、第1期中(平成23～25年度)に実施する「横断検索連携」「アーカイブ構築連携」に対応し、共通フォーマットで、将来にわたってデータ管理やハード増設に適した大容量記憶システム及びデータベースシステムを構築。

#### 〔横断検索連携〕

- ・横断検索サーバーの設置、検索インデックスの統一化を進め、相互に一括横断検索が可能に
- 〔アーカイブ構築連携〕
- ・共通ガイドラインに沿ってアーカイブ化を進め、統一形式でのデータダウンロードが可能に



対応中

白紙

論文数等共通事項調査票

(平成25年1月21日調査時点)

事業名	画期的な農畜産物作出のためのゲノム情報データベースの整備					
実施期間	平成23～27年度			評価段階	中間	
予算額 (百万円)	初年度 (23年度)	2年度目 (24年度)	3年度目 (25年度)	4年度目 (26年度)	5年度目 (27年度)	総合計
	343	300	270	-	-	913

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					2	2

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)のみを記載)

①査読論文

--

②③④(国内外)特許権等出願・品種登録

--

⑤プレスリリース

「シンポジウム『トーゴの日シンポジウム2011 ～ライフサイエンス分野のデータベース統合の“カタチ”を探る～』開催」(平成23年9月5日、科学技術振興機構・ライフサイエンス統合データベースセンター・医薬基盤研究所・農業生物資源研究所)  
 「4省の生命科学系データベース合同ポータルサイトintegbio.jpを開設 ～オールジャパン体制へ～」(平成23年12月12日、科学技術振興機構・医薬基盤研究所・農業生物資源研究所・産業技術総合研究所)

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)

「トーゴの日シンポジウム2011」(平成23年10月5日、日本科学未来館)  
 「トーゴの日シンポジウム2012」(平成24年10月5日、時事通信ホール)

その他(行政施策等に貢献した事例)

--

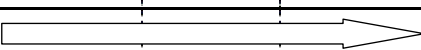
今後予定しているアウトリーチ活動等

--

白紙



## 委託プロジェクト研究課題評価個票（中間評価）

<b>研究課題名</b>	海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発			<b>担当開発官等名</b>	研究開発官（環境）
				<b>連携する行政部局</b>	水産庁増殖推進部 研究指導課、漁場資源課、 栽培養殖課 消費・安全局蓄水産安全管理課
<b>研究開発の段階</b>	基礎	応用	開発	<b>研究期間</b>	H23～H27（5年間）
				<b>総事業費（億円）</b>	5億円（見込）
<b>研究課題の概要</b>					
<p>&lt;委託プロジェクト研究課題全体&gt;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・赤潮（*1）、貝毒（*2）、魚病（*3）など（以下、「赤潮等」という。）環境由来の漁業被害を軽減するため、海洋微生物群のモニタリングによる早期の被害発生予測技術及び海洋微生物群（*4）を利用した赤潮被害の発生抑制技術を開発する。</li> </ul> <p>&lt;課題①：メタゲノム解析（*5）による微生物相（*6）の把握及び環境評価技術の開発（平成23～27年度）&gt;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・赤潮等の発生予測に利用する指標微生物群を特定するための微生物DNA（*7）のメタゲノムデータベースを作成し、漁場環境評価技術を開発する。</li> </ul> <p>&lt;課題②：微生物相に基づく漁業被害の発生予測・抑制技術の開発（平成23～27年度）&gt;</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・赤潮等の早期発生予測技術を開発・実用化するため、課題①から提供されるデータベースを活用し、赤潮等の発生予測及び赤潮の発生抑制技術を開発する。</li> </ul>					
<b>1. 委託プロジェクト研究課題の主な目標</b>					
<b>中間時（2年度目末）の目標</b>			<b>最終の到達目標</b>		
①微生物DNAのメタゲノムデータベースの基本構造を確立するとともに環境評価指標の解析、検出、定量手法を開発する。			①微生物DNAのメタゲノムデータベースを構築し、メタゲノム解析、物理化学環境（*8）、原因プランクトン（*9）密度等のデータを複合的に利用した漁場環境評価技術を開発する。		
②赤潮等の発生に関連した微生物群を把握するとともに簡易モニタリングシステムを構成する要素技術を開発する。また、赤潮抑制細菌（*10）を分離し、その特性を解明する。			②赤潮等の発生に関連する微生物群を指標とした早期発生予測技術と簡易モニタリングシステムを開発する。また、赤潮抑制細菌等を利用した赤潮被害の発生抑制のための基礎技術を開発する。		
<b>2. 委託プロジェクト研究課題全体としてのアウトカム目標（H28年）</b>					
			<b>備考</b>		
・赤潮発生の直前に出されている予報を3日程度早めることにより早期の対処を可能とし、赤潮被害額を50%以上低減する。			アウトカム目標の実現のためには、国、関係都道府県の赤潮対策事業等を通じた技術普及への支援と赤潮監視体制の強化が必要。		

**【項目別評価】****1. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性****ランク：S**

- ・養殖を含む沿岸漁業は、我が国の海面漁業生産量の45%を占め、多様な魚介類を食卓に提供する重要な役割を担っている。
- ・しかし、近年、沿岸漁業が営まれる沿岸漁場（\*11）では赤潮等の環境由来の漁業被害が発生し、沿岸漁業経営の安定化、水産物の安定供給の根幹に関わる問題となっている。
- ・このような状況に対応するため、国、関係都道府県及び研究機関が連携した赤潮等の被害対策が進められ、養殖生け簀の移動や沈下、養殖魚の餌止め、出荷の前倒し等が行われているが、平成21-22年に八代海で発生した大規模な赤潮では養殖ブリに約80億円の被害が発生するなど、被害が継続している。
- ・これらの対策による被害の軽減効果をさらに高めるには、早期の発生予測による余裕を持った対処が必要だが、現在行われている海洋環境及び有害プランクトン（\*12）量の監視による発生予測では赤潮発生の直前にしか予報できず、早期の予報を可能とする新たな技術の開発が求められており、水産基本計画においても赤潮対策に関する研究推進の方針が示されている。
- ・このような情勢を踏まえ、赤潮等の環境由来の漁業被害を軽減するためには、海洋微生物群のモニタリングによる早期の被害発生予測技術及び海洋微生物群を利用した赤潮被害の発生抑制技術を開発する必要がある。

以上のことから、農林水産業、国民生活のニーズ等の視点からの研究の重要性は高く、国が関与して研究を推進する必要性は高い。

**2. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性****ランク：S**

- ①メタゲノム解析による微生物相の把握及び環境評価技術の開発
  - ・微生物DNAのメタゲノムデータベースについては、登録データの選定、外部データベースや解析ソフトとの連携、処理速度向上のためのハードウェアの整備等を通じて基本構造を確立し、既に運用を開始した。
  - ・環境評価指標については、メタゲノムデータを利用した環境評価用のDNAマーカー（\*13）解析システムを構築するとともに、海洋細菌等をメタゲノム解析により網羅的に検出・同定する技術を確認した。加えて、貝毒を海水から直接に定量する手法を開発した。
  - ・このように中間時の目標は達成されていることから、今後はメタゲノムデータの蓄積、膨大に増えるデータの解析環境の強化等を通じてデータベースの構築と価値の向上を図るとともに、環境評価指標の解析手法の多元化と連結化による解析パイプライン（\*14）の構築を通じて各種データを複合的に利用した評価指標を開発することにより、最終目標の達成が可能である。
- ②微生物相に基づく漁業被害の発生予測・抑制技術の開発
  - ・赤潮等の発生に関連した微生物群の把握の項目については、魚病発生においてファージ（\*15）が指標として有用であることを確認した。
  - ・簡易モニタリングシステムを構成する要素技術として、赤潮等の発生の指標となるDNA領域を絞り込むためのソフトウェアを開発するとともに、発生指標を可視化するためのDNAチップ（\*16）の試作に成功した。
  - ・赤潮抑制細菌を合計142株分離した。加えて、*Alteromonas* sp. D株の殺藻時の発現遺伝子や*Cytophaga* sp. の全ゲノム配列の解明により、赤潮抑制細菌の生理学的特性を明らかにした。
  - ・このように中間時の目標は達成され、赤潮等の発生予測・抑制技術の開発に必要な分析技術が構築された。
  - ・この2年間は八代海での赤潮発生がなかったが、今後は有明・八代海における赤潮の観測網を充実させるとともに他海域での観測も計画に加え、観測体制を強化するとともに、赤潮の消長を再現して微生物相の挙動を追跡する実験を通じて、メタゲノムデータの収集と赤潮の発生・消滅の指標となる微生物群DNAの探索を確実にすることにより、最終目標の達成を可能とする。

以上のことから、研究目標の達成度及び今後の達成可能性は高い。

**3. 研究が社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム目標）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）の明確性**

**ランク：A**

・赤潮発生の直前に出されている予報を3日程度早めることにより早期の対処を可能とし、赤潮被害額を50%以上低減することで、養殖を含む沿岸漁業の経営の安定化を図るとともに、国民に対する水産物の安定供給に寄与する。

・アウトカム目標の実現のためには、国、関係都道府県の赤潮対策事業等を通じた生産現場への研究成果の普及・実用化と赤潮の監視体制の強化が必要である。そのため、関係行政部局と産業界の代表者を含む「プロジェクト研究運営委員会」を年4回開催し、研究成果の報告と行政・産業界からのニーズの把握を通じて、研究成果が円滑に行政施策や生産場での実証に反映されるよう努めている。

以上のことから、研究が社会・経済等に及ぼす効果とその実現に向けた研究成果の普及・実用化の道筋の明確性は非常に高い。

**4. 研究推進方法の妥当性**

**ランク：A**

・研究開始前に実施した事前評価での指摘等を踏まえ、研究計画及び課題を検討し、当該研究分野に多くの知見と経験等を有する機関を対象とした企画競争を経て、適切な研究グループを採択した。

・研究開始後においては、学識経験者と産業界の代表者を含む外部有識者4名及び関係する行政部局で構成される「委託プロジェクト研究運営委員会」を、これまで8回（年間4回）開催し、産官学の連携による適切な進行管理を行った。

・具体的には、平成25年度計画の策定にあたり、赤潮課題への重点化（観測体制の強化等）を図るため、研究課題の枠を超えた実施課題の統廃合を行う予定である。その結果、実施課題の総数は、20課題から14課題に集約され、より効率的な研究の推進が期待される。

・また、本委託プロジェクト研究を含む水産関係のプロジェクト研究においては、年1回、運営委員会を合同で開催することにより、研究成果と行政・産業界からのニーズをより広範囲で共有することに努めている。

以上のことから研究推進方法の妥当性は高い。

**【総括評価】**

**ランク：S**

**1. 委託プロジェクト研究課題の継続の適否に関する所見**

社会のニーズも高く、優れた研究成果が産出されつつあることを高く評価する。今後、継続することは妥当である。

**2. 今後検討を要する事項に関する所見**

国内の現場で活用される仕組みとするとともに、将来は海外でも活用できるように知的財産の管理方法と併せて検討しておくことが重要である。

〔事業名〕 海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発

用語	用語の意味	※番号
赤潮	プランクトン（後述）の異常増殖により海や川、運河、湖沼等が着色する現象。水域の富栄養化（水中の栄養分が多くなりすぎる）と関係が強く、有害プランクトン（後述）が増殖すると養殖されている魚類、貝類を死亡させ、多大な漁業被害を及ぼす。	1
貝毒	海水中の有毒プランクトンを捕食した貝が体内にその毒を蓄え毒化すること。麻痺性と下痢性に大きく分けられる。毒素は加熱しても残るため、毒化が確認された海域では全面的な出荷停止措置がとられる。養殖貝が死亡するわけではないので直接的な被害額は算定されないが、出荷停止による漁業経営への影響が大きい。	2
魚病	一般に魚類の疾病をさす。特に、細菌、真菌（多くはカビ）、原虫およびウイルスなど病原微生物による感染症や寄生虫症が多く、感染・発症すると養殖魚の死亡や商品価値の低下を招く。養殖業に甚大な被害をもたらしている。	3
海洋微生物	海水中に生息する生物のうち、肉眼でその存在が判別できず、顕微鏡などによって観察できる程度以下の大きさの生物をさす。原生動物、微細藻類、細菌等に加え、生物ではないがウイルスも微生物の範疇に含めることが一般的である。	4
メタゲノム解析	土壌、海水などの環境サンプルに含まれる生物のDNA（後述）をまとめて分析する新しい技術。従来の微生物のDNA解析では対象種を単離・培養してDNAを調製したが、メタゲノム解析はこの過程を経ずに、微生物の集団から直接そのDNAを調製し、そのまま塩基配列情報を解析する。従来の方法では困難であった環境中の難培養性微生物のDNA情報が入手可能なため、未知の細菌、未知の遺伝子を解明する手法として期待されている。	5
微生物相	ある特定の場合（環境）に存在する微生物群集の組成をさす。主に細菌群集について使う場合が多い「腸内細菌相」「海水中の細菌相」など。	6
DNA	デオキシリボ核酸（deoxyribonucleic acid）の略称。核酸の一種で生物の遺伝情報を担う物質。DNAはアデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)の4つの塩基から構成されている。	7
物理化学環境	海洋環境のうち、水温、塩分、流況、波浪等の物理的な因子、栄養塩濃度等の化学的な因子をさす。対応する言葉として「生物環境」があり、生物生産性やプランクトン現存量等をさす。	8
プランクトン	水中の生物の中で、水中に浮遊し自分自身の運動能力が無いか、あってもきわめて弱いものをプランクトン（浮遊生物）という。	9
赤潮抑制細菌	赤潮プランクトンを殺滅し、栄養源として繁殖する細菌。自然界で赤潮を収束させる要因のひとつで、生物的な赤潮抑制手法としての活用が期待されている。	10
沿岸漁場	明確な定義はないが、日帰り操業が可能な範囲の水域（漁場）をさす。本プロジェクトでは、概ね水深30メートル以内の内湾域（瀬戸内海や英虞湾など）を対象とする。	11
有害プランクトン	プランクトンの中で、赤潮や貝毒等の原因となる漁業にとって有害な種類をさす。	12
DNAマーカー	生物の種類（個体、種、品種、系統など）や生物群集の組成を遺伝的に識別する際の指標となるDNA塩基配列の領域。	13
解析パイプライン	コンピュータの情報処理課程において、複数の計算工程を効率的に連結することにより、全体の解析速度を高速化する技術。	14
ファージ	細菌に感染するウイルスの総称。正式にはバクテリオファージと呼ばれるが、一般には略称であるファージが多く用いられる。特定の細菌に感染し、細菌よりも数多く増殖するため、魚病発生の指標として注目されている。	15
DNAチップ	DNAマイクロアレイとも呼ばれ、ガラス等の基板（チップ）上に数千から数万のDNA断片をスポットとして高密度に配置した分析器具のこと。検体試料中に含まれるチップ上のDNA断片と相同性を持つDNAを一度に検出し、その検体中に含まれるDNAが簡易に特定できる。	16

## 海洋微生物解析による沿岸漁業被害の 予測・抑制技術の開発

【113（141）百万円】

### 対策のポイント

赤潮等の環境由来の漁業被害を低減するために、海洋微生物を利用した漁業被害の早期発生予測技術及び発生抑制技術を開発します。

### <背景／課題>

- ・我が国の沿岸漁場では、赤潮等の環境由来の漁業被害の拡大が深刻な問題となっており、水産基本計画においても、地球規模での環境変動が海洋生態系や水産資源に影響を及ぼすメカニズム解明を進めることとしています。
- ・現在行われている海洋環境及び有害プランクトン量の監視による発生予測では、赤潮発生の直前にしか予報できず、早期の予報を可能とする新たな技術の開発が必要です。

### 政策目標

赤潮発生の直前に出されている予報を3日程度早めることにより早期の対処を可能とし、赤潮被害額を50%以上低減する技術を開発（平成27年度）

### <主な内容>

#### 1. 赤潮等の発生と海洋微生物群の関係解明

沿岸漁場に存在する微生物群をメタゲノム解析技術※1によって把握し、赤潮等の発生あるいは終息に重要な働きを持つ微生物群を効率的に解明します。

※1 環境中の微生物群をまとめてDNA解析することにより、当該環境における微生物相の特徴を明らかにする方法。

#### 2. 微生物相に基づく漁業被害の発生予測、抑制技術の開発

赤潮等の発生に関与する海洋微生物群を簡易検出するためのDNAチップ※2を開発し、これを用いた微生物群のモニタリングによる漁業被害の早期発生予測技術、発生抑制技術を開発します。

※2 スライドガラス等の基板（チップ）上に検査対象生物のDNAを多数貼り付けた分析器具。検体に対象生物のDNAが含まれると反応して発色する。

（ 補助率：定額  
事業実施主体：民間団体等 ）

[お問い合わせ先：農林水産技術会議事務局研究開発官（環境）

（03-6744-2216（直））]

# 海洋微生物解析による沿岸漁業被害の 予測・抑制技術の開発

## 背景 ・ ニーズ

- 沿岸漁場では、環境変化由来の漁業被害（赤潮、貝毒、魚病）の発生が深刻な問題
- 近年では発生規模や発生域の拡大が顕著
- 物理化学環境やプランクトン量の監視による現在の予測法では予報の早期化に限界あり



新たな技術を導入した被害発生<sup>の</sup>早期予測・抑制手法が必要

## これまでの 知見

- 赤潮・貝毒 → 有害プランクトンの増加を促進する微生物が存在
- 赤潮 → 有害プランクトンの減少には抑制微生物が関与
- 魚病 → 環境中の病原微生物が養殖魚に感染

環境由来の漁業被害発生には漁場環境中の微生物が関与

## 開発すべき 技術

(ブレークスルー)

有害プランクトン等の増加・減少と微生物の因果関係を解明し、鍵となる微生物を監視・利用する技術を開発

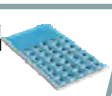
技術シーズ

微生物群を網羅的に把握するメタゲノム解析技術



技術シーズ

特定微生物を簡易検出できるDNAチップ技術



## 得られる 成果

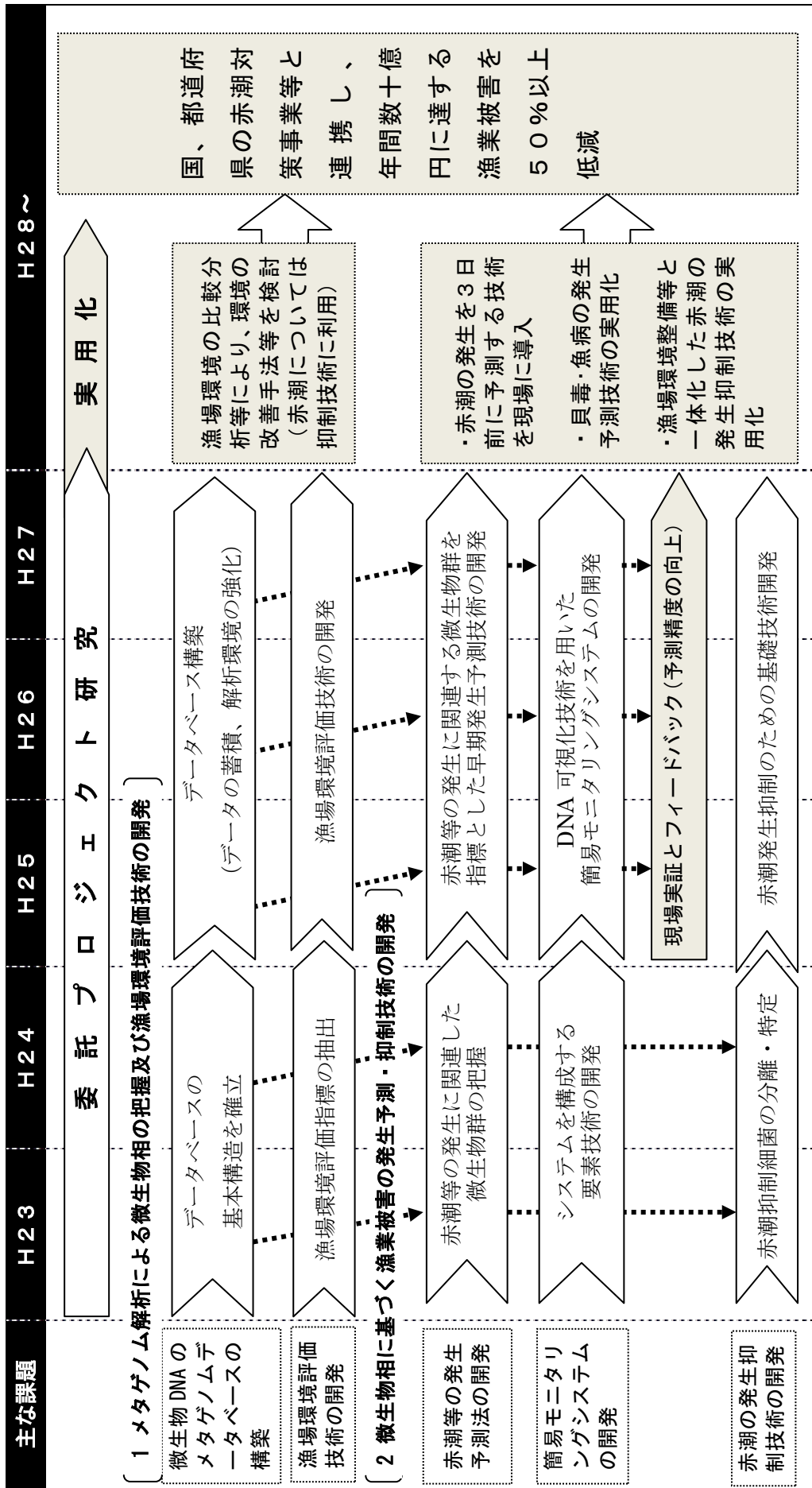
(ゴール)

- 有害プランクトンの増加を促進する微生物群の監視による「赤潮、貝毒の早期発生予測技術」の開発
- 従来不可能だった「魚病の発生予測技術」の開発
- 有害プランクトンの増加を抑制する微生物群を利用した「赤潮発生抑制の基礎技術」の開発

赤潮等の発生対策に時間的余裕を持たせることにより  
漁業被害を50%以下に低減

漁場環境管理による持続的な沿岸漁業の実現

# ロードマップ【海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発】



白紙



メタゲノム解析による微生物相の把握及び環境評価技術の開発(平成23年度開始)

[研究目標]

平成27年度までに、微生物DNAの基礎情報を蓄積するためのメタゲノムデータベースを構築し、データの収集を行う。微生物DNAによるメタゲノム解析、物理化学環境、原因プランクトン密度等のデータを複合的に利用した漁場環境評価技術を開発する。

[平成24年度までの主な研究成果]

- ・メタゲノムデータベース及び解析環境の基本構成が構築され、運用を開始した(図1)。
- ・環境評価基準を解析、検出、定量するための技術(DNAマーカー解析システム、海洋細菌等の網羅的検出・同定技術、貝毒の直接定量技術)を確立した(図2-5)。

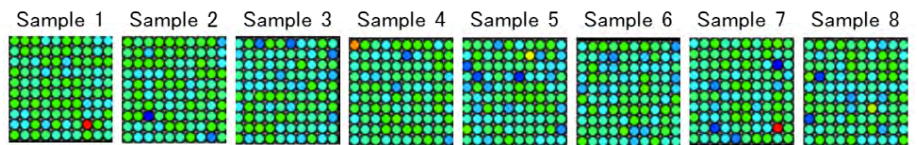
図1:メタゲノムデータベースの構築

・メタゲノムデータベースを構築、運用を開始し、順調にデータを登録中。



図2:デジタルDNAチップ解析システムを構築

・デジタルDNAチップ解析ソフトウェアのデジタルハイブリダイゼーション解析で、環境変化により増減するDNA配列を検出。



デジタルDNAチップ解析によるデジタルハイブリダイゼーション結果画像

図3:海水試料からのDNA調製法の確立

・サンプリングされた海水試料からメタゲノム配列解析に適したDNA調製、評価、定量法を確立。

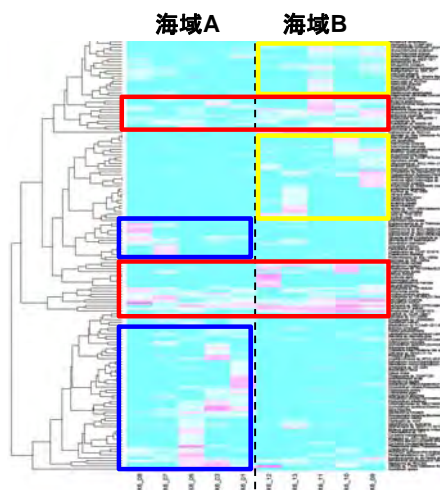
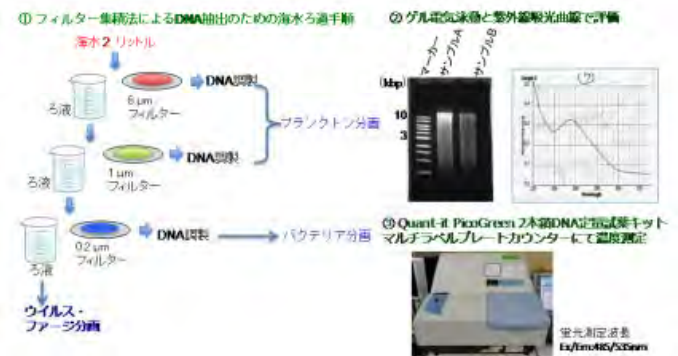
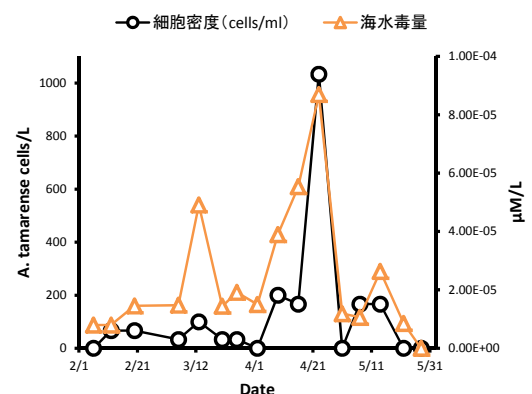


図4:メタゲノム解析によるプランクトンの網羅検出

・海域A・Bに特異的か、共通の出現種を解明。

図5:海水から貝毒成分の直接定量に成功

・海水中の貝毒量は貝毒原因種の密度を反映。



# 微生物相に基づく漁業被害の発生予測・抑制技術の開発（平成23年度開始）

## 〔研究目標〕

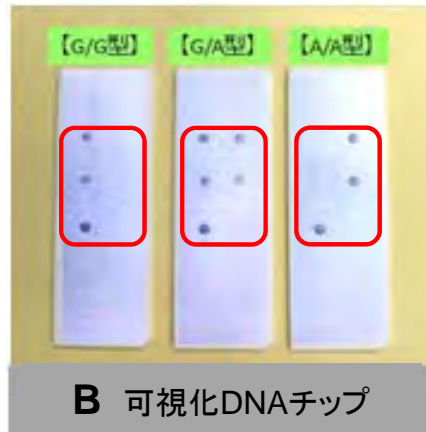
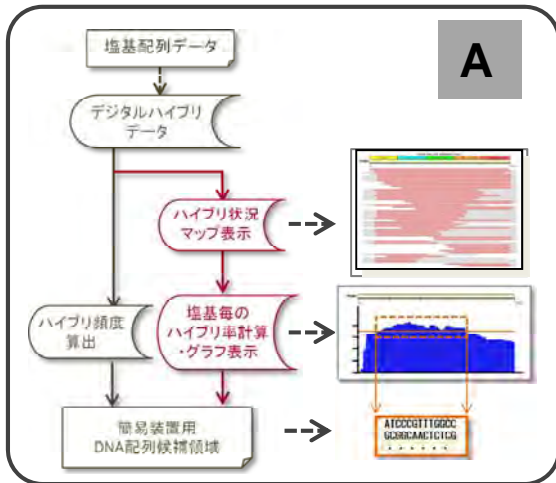
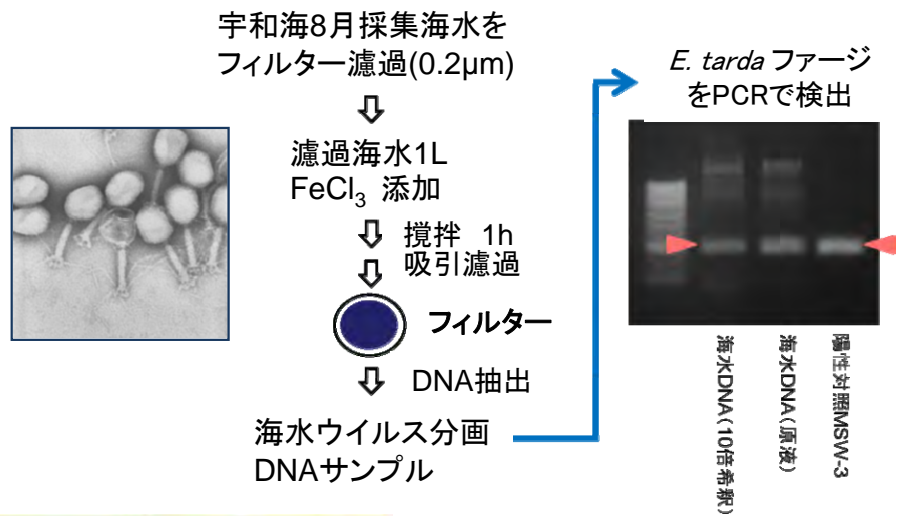
平成27年度までに、赤潮等の発生・終息に関連した指標微生物群を特定し、早期の予報を可能とする技術を開発する。また、指標微生物群の簡易モニタリングシステムを開発する。さらに、赤潮抑制細菌等を利用した赤潮被害の発生抑制を行うための基礎技術を開発する。

## 〔平成24年度までの主な研究成果〕

- ・ 魚病発生に関連した微生物群の指標としてファージが有用であることを確認した（図1）。
- ・ 簡易モニタリングシステムを構成する要素技術として、赤潮等の発生指標となるDNA領域を抽出するソフトウェアと発生指標を可視化するためのDNAチップを開発した（図2）。
- ・ 赤潮抑制細菌計142株の分離に成功し、その生理学的特性を解明した（図3）。

### 図1: 魚病発生の指標となるファージの海水試料からの濃縮法を開発

エドワジエラ症発生の指標としてファージが有用であることを確認した。魚病発生海域の海水試料1ℓからファージを濃縮する手法を開発し、得られた海水DNAサンプルから、このファージDNAを確実に検出できることを確認。



### 図2: 簡易モニタリングシステムを構成する要素技術の開発

A: 赤潮等の発生指標となるDNA領域を解析・抽出するソフトウェアのフロー図。  
B: 指標となるDNA領域を可視的に検出するためのDNAチップ(赤枠内)。

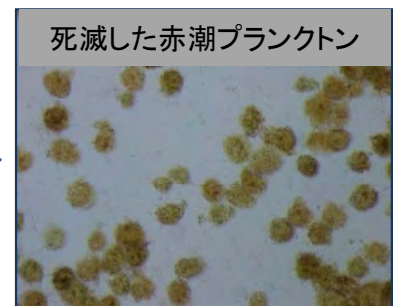
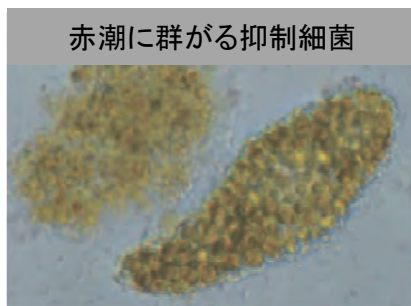


図3: 八代海等の海水から赤潮プランクトン *Chattonella antiqua* を増殖抑制あるいは殺滅する細菌を分離 全ゲノム配列など生理学的な特性を解明。

論文数等共通事項調査票

(平成25年2月22日現在)

事業名	海洋微生物解析による沿岸漁業被害の予測・抑制技術の開発					
実施期間	平成23年度～平成27年度(予定)			評価段階	中間	
予算額 (百万円)	初年度 (23年度)	2年度目 (24年度)	3年度目	4年度目	5年度目	総合計
	141	113	—	—	—	254

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・ 農薬等 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	5					9

具体的な実績
① 査読論文
1) 長井敏、亀田卓彦、重信裕弥、藤原篤志、中村洋路 (2011) 海洋プランクトンの生物多様性研究におけるメタゲノム網羅解析の実践, DNA多型Vol. 20, 2) 長井 敏、亀田卓彦、重信裕弥、藤原篤志、中村洋路「海洋プランクトンの生物多様性研究におけるメタゲノム網羅解析の実践」DNA多型Vol.20: 321-324 (2012). 3) Imai I Yamaguchi M 「Life cycle physiology ecology and red tide occurrences of the fish-killing raphidophyte Chattonella」 Harmful Algae 10 46-70 2012. 4) Yasuie M, Sugaya E, Nakamura Y, Shigenobu Y, Kawato Y, Kai W, Fujiwara A, Sano M, Kobayashi T, Nakai T (2013) Complete genome sequences of Edwardsiella tarda-lytic bacteriophages KF-1 and IW-1. Genome Announc. 1(1):e00089-12.
②③④ 特許権等出願、品種・農薬等登録出願
無し
⑤プレスリリース
無し
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)
1) 長井 敏「水産ゲノム研究のビッグバンー水産におけるゲノム情報の活用ーゲノム情報で海を探るーメタゲノム解析による海洋生物の多様性と環境評価」第9回水産総合研究センター成果発表会、2012年3月15日、東京都(日本消防会館) 2) 山本圭吾、貝塚市立自然遊学館ミュージアムトーク「大阪湾のプランクトンの現状」(平成24年8月11日、貝塚市立自然遊学館) 3) 佐藤行人「水圏海洋の進化生態研究における次世代シーケンサ活用」第14回日本進化学会大会ワークショップ5『海洋生物多様性: 進化学フロンティアとしての海洋の再発見』、2012年8月21日、(首都大学東京南大沢キャンパス) 4) 長井 敏、安池元重、中村洋路、西川哲也、藤原篤志「次世代シーケンスによるプランクトンモニタリング手法の開発」、日本進化学会第14回大会ワークショップ、2012年8月21日、八王子市(首都大学) 5) 安池元重、中村洋路、甲斐 渉、藤原篤志、長井 敏、安東秀徳、西 広海、小林敬典、佐野元彦「時系列データを用いた沿岸プランクトン動態の解析」、日本進化学会第14回大会ワークショップ、2012年8月21日、八王子市(首都大学) 6) 坂見知子、「微生物ゲノム情報を利用した漁場環境評価の試み」テクノーオーシャン2012シンポジウム「安心の海、そして豊の海へ」、平成24年11月19日、神戸市(神戸国際会議場) 7) 今井一郎、北太平洋海洋科学機構(PICES)2012年年次会合「History of eutrophication and harmful algal bloom (HAB) events in the Seto Inland Sea of Japan and a proposal for prevention strategies for HABs using seaweed- and seagrass-beds」(平成24年11月、広島) 8) 今井一郎(2012)「シャットネラ赤潮の生物学」単行本: 184ページ、出版社: 生物研究社、ISBN-10: 4915342654 9) 今井一郎(2012)「有害有毒赤潮の発生から沿岸域を守る」p.29-48、シリーズ21世紀の農学 環境の保全と修復に貢献する農学研究、出版社: 養賢堂、ISBN 978-4-8425-0499-5
その他(行政施策等に貢献した事例)
無し

今後予定しているアウトリーチ活動等
1. 海洋と生物(204号)「豊の海を知る、守る、活かす～漁場環境計測技術が築く豊かの海～(仮題)」(2013年2月号)