# 研究開発の事業評価書

## （委託プロジェクト研究課題の事後評価）

平成２４年４月

農林水産省

白紙

# 委託プロジェクト研究課題の評価書（事後評価）

## １．政策評価の対象とした政策

行政機関が行う政策の評価に関する法律に基づき、評価を義務付けられた研究開発事業について、民間団体等に委託して実施する委託プロジェクト研究課題のうち、次の３課題を対象に事後評価を実施した。

・鳥インフルエンザ、ＢＳＥ、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発
・生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発
・新農業展開ゲノムプロジェクト

## ２．政策評価を担当した部局及びこれを実施した期間

本評価は、農林水産技術会議において、平成２４年３月に実施した。

## ３．政策評価の観点

本評価においては、行政機関が行う政策の評価に関する法律、農林水産省政策評価基本計画（参考資料１）、農林水産省における研究開発評価に関する指針（参考資料２）及び研究開発評価実施要領（参考資料３）に基づき、必要性、効率性、有効性の観点から総合的に評価を行った。

## ４．政策効果の把握の手法及びその結果

政策効果については、委託プロジェクト研究課題を担当する農林水産技術会議事務局の研究開発官が、①研究成果の意義、②研究目標の達成度及び今後の達成可能性、③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、④研究推進方法の妥当性を把握し、それに基づき評価を実施した結果を評価個票（別添）に取りまとめた。

## ５．学識経験を有する者の知見の活用に関する事項

高い見識や高度の専門知識を有する外部の学識経験者等で構成される農林水産技術会議で定めた農林水産省における研究開発評価に関する指針に基づき、客観性及び透明性を確保した上で、評価を実施している。

また、今回の評価に当たっては、農林水産技術会議評価専門委員会（平成２４年３月１５日開催）において、外部の学識経験者に加えて農業者及び産業界等の民間有識者から成る農林水産技術会議専門委員（参考資料４）により十分に審議した上で行った。

## ６．政策評価を行う過程において使用した資料その他の情報に関する事項

評価の基本資料として、委託プロジェクト研究課題ごとの評価個票及び概要資料等（別添）を使用した。

なお、本評価に用いた資料については、農林水産技術会議ホームページ（http://www.s.affrc.go.jp/docs/hyouka/menu.htm）や本評価担当窓口である農林水産技術会議事務局技術政策課において閲覧可能となっている。

## ７．政策評価の結果

本年度に事後評価を行った委託プロジェクト研究３課題は、「予想以上の成果をあげた」と評価された。

別添

# 評　価　資　料

【研究課題評価】

１．鳥インフルエンザ、BSE、口蹄疫等の効率的なリスク
低減技術の開発
・・・・・・1

２．生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の
特性解明とリスク低減技術の開発
・・・・・・11

３．新農業展開ゲノムプロジェクト
・・・・・・23

白紙

# 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 | 鳥インフルエンザ、ＢＳＥ、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発 | | | 担当開発官等名 | 研究開発官(食の安全、基礎・基盤) |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | | 連携する行政部局 | 消費・安全局畜水産安全管理課（薬事審査管理班、薬事監視指導班、飼料検査指導班）、農産安全管理課（肥料企画班）、動物衛生課（防疫企画班、防疫業務班、保健衛生班、国際衛生企画班、リスク分析班）<br>生産局畜産部食肉鶏卵課（畜産副産物班） |
| 研究開発の段階 | 基礎 | 応用 | 開発 | 研究期間 | H20～H24（５年間） |
| | ⇨ | ⇨ | | 総事業費（億円） | 32億円（見込） |

**研究課題の概要**

鳥インフルエンザ、ＢＳＥ、口蹄疫等について、現在実施されている防疫措置の高度化、効率化を通じた感染症リスク、防疫措置に係る行政コスト及び農家の経済的損失の低減を図るため、

①鳥インフルエンザウイルスの変異・増殖機構の解明、ウイルス検査の迅速化技術や防疫効果の高いワクチンの開発

②異常プリオンタンパク質の性状解明、ＢＳＥの高感度検出法や肉骨粉等の低コスト不活化処理技術の開発

③抗口蹄疫ウイルス薬による防疫措置の有効性評価、ワクチン抗体と感染抗体の識別法の野外検証、口蹄疫検査技術の迅速化や2010年宮崎発生株の病原性の解明

等を行う。

**１．委託プロジェクト研究課題の主な目標**

①鳥インフルエンザウイルスの迅速な診断技術（判定時間を24時間程度から4時間以内に短縮）の開発

②ＢＳＥ伝達性の迅速な診断技術（200日を100日に短縮）、異常プリオンタンパク質の効率的な検出技術の開発

③口蹄疫発生農場におけるウイルス排泄抑制のための抗口蹄疫ウイルス薬の実用化、口蹄疫の迅速診断技術の開発

**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 |
|---|---|
| ①鳥インフルエンザによる経済被害の低減、まん延防止 | ・鳥インフルエンザウイルスＨ５、Ｈ７亜型迅速検査技術について、特定家畜伝染病防疫指針に反映 |
| ②ＢＳＥリスク管理の効率化 | ・ＢＳＥ伝達性の迅速診断技術、異常プリオンタンパク質の効率的な検出技術について、特定家畜伝染病防疫指針や飼料等のリスク管理措置等に反映 |
| ③口蹄疫による経済被害の低減、まん延防止 | ・口蹄検査技術、抗口蹄疫ウイルス薬の使用基準等について、特定家畜伝染病防疫指針等に反映 |

| １．研究成果の意義 | ランク：　Ａ |
|---|---|

（理由）

鳥インフルエンザに関しては、平成 15 年の 79 年ぶりの国内発生以降、ほぼ毎年発生が見られており、平成 22 年 11 月以降でも野鳥も含めて 21 道県で発生している。

また、平成 22 年４月に宮崎県で発生した口蹄疫は終息したものの、近隣アジア諸国（中国、韓国等）では、未だ多発しており、国内へ口蹄疫が再侵入する可能性は否定できない状況である。

一方、ＢＳＥに関しては、平成 13 年以降、現在まで非定型ＢＳＥ２頭を含めて３６頭（平成 24 年２月末現在）の患畜が確認されており、と畜場におけるＢＳＥ検査は引き続き行われている。

これらの重大家畜疾病は、ひとたび大規模に発生すると、患畜の殺処分、焼却・埋却、清浄化やまん延防止のための消毒等の処理費用、発生農場周辺の家畜の移動制限による売上減少など莫大な経済的損失を招くだけでなく、畜産物の国際貿易上の重大阻害要因となることから、侵入防止や日常的な畜産物の安全確保のための対策について多大な人的・金銭的な負担を強いられている状況にある。

このため、これら重大家畜疾病を対象とした、家畜段階でのリスク管理手法のより効果的な技術開発が求められているところである。

以上のように、本プロジェクトに対する社会的要請は非常に大きく、重大家畜疾病の国内及び海外での発生状況を踏まえると研究成果における先導性、実用性等は引き続き研究開始時と同様と認められ、意義は高い。

| ２．研究目標の達成度及び今後の達成可能性 | ランク：　Ｓ |
|---|---|

（理由）

これまで、リアルタイムＰＣＲ法による高病原性鳥インフルエンザ（ＨＰＡＩ）ウイルス亜型の迅速検査技術、試験管内で異常プリオンタンパク質を増幅することによる高感度検出技術（ＰＭＣＡ法）などを開発しており、研究全体の進捗は順調であり、研究目標の達成度及び今後の達成可能性等は非常に高いと判断される。

なお、研究目標毎の達成度等は以下のとおりである。

（１）鳥インフルエンザ

リアルタイムＰＣＲ法によるＨ５、Ｈ７亜型検出法を開発し、亜型判定までに必要な時間を従来の 24 時間以上から４時間以内に短縮することを可能とした。現在、行政部局と連携を図りつつ、家畜保健衛生所における検査法として活用するための検証を実施中である。

媒介動物の伝播動態を調査することにより、スズメの感染源としての重要性が明らかとなった。

ＨＰＡＩの病原性発現遺伝子を特定するため、強毒型、弱毒型のウイルス遺伝子を組み合わせたリアソータントウイルスを作成し、病原性に影響するウイルス遺伝子分節の候補を絞り込んだ。またウイルスに対する宿主応答を解明するため、マイクロアレイ解析により感染宿主の生存性と相関して発現する遺伝子を７種類同定した。研究期間中に、この遺伝子の働きを確認する予定である。さらに、プロジェクト開始当初は予定していなかったが、鶏の自然免疫系に関わる遺伝子のマイクロアレイ解析が順調に進んでいることから、これらの遺伝子が耐ＨＰＡＩ性に与える影響評価のための基盤構築に向けて、アヒルのウイルス感染防御に関わる遺伝子を組み込んだニワトリＥＳ細胞を樹立した。研究期間中に、この遺伝子を発現する遺伝子組換えニワトリが作製される予定であり、ニワトリの耐ＨＰＡＩ性に関する研究が可能となる。

国外の分離ウイルスの遺伝子配列を解析し、国内での高病原性鳥インフルエンザの発生時に発生ウイルスの遺伝的由来の検討を行うと共に、タイ、インドネシア、ミャンマー、エジプト、日本で分離されたＨＰＡＩウイルスを弱毒化した人工ウイルスを作出し、これらのウイルスを用いて診断

用抗血清を作製した。これらの抗血清は、平成 22～23 年の国内でのＨＰＡＩ発生時の確定診断にいち早く活用された。

ＤＮＡ化学合成技術と人工ウイルス作出技術の組合せにより、弱毒化人工ウイルスを作出し、不活化ワクチン抗原として活用できることを示した。また、不活化鳥インフルエンザワクチンを免疫増強剤なしでも、免疫効果が付与可能な点眼によるワクチン投与法を開発するだけでなく、特許出願（出願番号：特願 2011－135988）するまでに研究開発が進んだ。これらの成果は、噴霧等で多頭羽に迅速に接種でき、鳥インフルエンザ発生時のまん延防止に役立つワクチンの開発の基盤となる。

（２）ＢＳＥ

自然感染を模したＢＳＥ経口感染牛の病態解析を行った結果、５ｇという多量の異常プリオンタンパク質を経口投与したにも関わらず、発病に最短でも 34 ヶ月、最大で 84 ヶ月を要した。

従来型ＢＳＥの経口接種によるＢＳＥの人為的再現試験により、これまで未知であった異常プリオンタンパク質の体内動態の経時的推移を明らかにし、ウシの諸臓器のプリオン動態と安全性について評価するための知見が得られる見通しとなった。非定型ＢＳＥについても脳内接種及び経口投与を開始した。

ＰＭＣＡ法の増幅条件を改変することにより、ＢＳＥ感染牛由来異常プリオンタンパク質のウエスタンブロット（ＷＢ）での検出感度が１億から 10 億倍となる超高感度検出に成功し、特許を出願（出願番号：特願 2010－514497、特願 2010－514498）した。このＰＭＣＡ法を用いてＢＳＥ経口感染牛の異常プリオンタンパク質の体内分布と蓄積時期を特定した。組換えプリオンタンパク質を基質としたＰＭＣＡ法の成功により、プリオンの変換に関わる領域の自由設計とその変換について試験管内で検討可能となった。これはプリオンの変換に関与する宿主蛋白領域の解明に応用可能である。

迅速バイオアッセイ法により、従来 200 日必要であったＢＳＥ伝達性の証明を 100 日に短縮するだけでなく、量的効果があることも明らかにした。

にかわかす製造工程をシミュレートした蒸製熱処理条件で155℃20分間の蒸製熱処理を行うと、原料骨が乾燥した状態では異常プリオンタンパク質を完全に分解できないが、現場に最も近い原料骨が乾燥していない状態では、155℃でＢＳＥ伝達性が消失することを確認した。加えて、行政部局からの要望を受け、肉骨粉の焼却灰の処理条件緩和に向けた治験を得るための試験を開始しており、期間内に結果が得られる予定である。

各種土壌のプリオン吸着試験及びプリオンの土壌中での消長に関する培養実験について解析中であり、期間内に結果が得られる予定である。

肉骨粉を模したＢＳＥ感染牛の脊髄乳剤を亜臨界水処理することにより、異常プリオンタンパク質の分解が促進され、伝達性が高レベルで消失することを確認した。

（３）口蹄疫（平成23年度から実施）

研究期間が短いにも関わらず、血清型Ｏとの交叉反応が見られた血清型Asia１の検出系の改善を行うとともに、過去にアジアで発生した血清型Ｃの検出系を新たに作製するだけでなく、特許出願（出願番号：特願2011－187842）が可能な段階まで開発を進めた。これにより、検査室での血清型Ｏ、Ａ、Asia１、Ｃの血清型迅速同定が可能となった。

牛における抗ウイルス薬の有効性について検証したところ、経口投与では抗ウイルス薬の血中濃度の上昇は認められず、静脈内注射では血中濃度が上昇することが明らかとなった。

| 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：　Ｓ |
|---|---|

（理由）

研究成果は、各疾病の防疫指針等に反映され、家畜衛生部局における防疫措置の高度化、効率化に活かされることにより、疾病の早期発見、発生時のまん延防止が図られ、経済被害の低減が見込まれる。また、本委託プロジェクト研究においては、研究成果の普及・実用化をより効率的に進めるため、市民講座等による研究成果の発表を毎年度行うなど、食の安全に関する知識の消費者への正しい理解の醸成に努めた。このように、研究成果の普及・実用化の道筋の明確性は非常に高い。なお、研究課題毎の詳細は以下のとおり。

（１）鳥インフルエンザ

鳥インフルエンザウイルスＨ５、Ｈ７亜型迅速検査技術の開発については、現在、行政部局と連携して、防疫措置の現場での利用に向けた検証を実施中である。また、媒介動物を介した伝播動態の解明や噴霧等により投与可能な点眼ワクチンの開発が進み、媒介動物の効果的防除や効果的なワクチンの活用法等の新たな防疫対策の検討が可能となる。

（２）ＢＳＥ

ＢＳＥ伝達性の迅速診断技術、異常プリオンタンパク質の効率的な検出技術の開発等の研究成果の蓄積により、肉骨粉等の飼肥料規制等のＢＳＥリスク管理措置の見直しに貢献する。また、土壌中に異常プリオンタンパク質が混入した場合のリスク評価にも活かされる。

（３）口蹄疫

研究期間が短いにも関わらず、上記２の（３）に記載のとおり、想定以上の成果を上げている。また、抗ウイルス薬の実証、2010年宮崎発生株の病原性解明などの研究成果の蓄積が進み、口蹄疫の発生時における抗ウイルス薬によるまん延防止等の新たな防疫対策の検討が可能となる。

| ４．研究推進方法の妥当性 | ランク：　Ａ |
|---|---|

（理由）

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６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10回（年間２回程度）開催し、進捗状況を点検するとともに、平成22年度に実施した中間評価での指摘等を踏まえた実施計画、課題構成、実施体制、予算配分等の見直しや、平成22年の宮崎県での口蹄疫発生を踏まえた課題の追加等適切な研究の進行管理を行った。

以上のことから、研究推進方法の妥当性は高い。

| 【総括評価】※総括評価の欄は、評価専門委員会において記載（事務局による評価段階では空欄） | ランク：Ｓ |
|---|---|

**１．委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見**

国民からの関心も高く、社会的・経済的意義のある重要な研究成果を数多く産出したことを高く評価する。

**２．今後検討を要する事項に関する所見**

現場で活用できる技術としての完成度を高めるとともに、被害を未然に防ぐ技術開発を今後も継続的に実施する必要がある。また、研究成果の情報発信にも努めるべきである。

［課題名］　鳥インフルエンザ、ＢＳＥ、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発

| 用　　語 | 用　語　の　意　味 | 資料頁 |
|---|---|---|
| 防疫効果の高いワクチン | 本事業においては、ウイルスの体内増殖を強く抑制し、ウイルスの排泄を長期間抑制するワクチンのことを指す。また、省力接種で効果発現が早いものほど、速やかな防疫対策に有効である。鶏間伝播リスクが軽減され、まん延防止が図られる。 | 1 |
| プリオン | 哺乳動物の神経細胞に存在する糖蛋白質で、立体構造が異常化したプリオンはプリオン病の原因因子と考えられている。<br>熱や化学物質等に極めて安定であり、不活化は容易ではない。また、その構造や機能、異常化のメカニズム等に関する知見は乏しく、これらの解明が課題となっている。 | 1 |
| ワクチン抗体と感染抗体の識別法 | ワクチン接種においてもウイルス等の感染においても、動物体内では種々の抗体が産生されるが、その中からワクチン接種動物にはなく、感染動物に特異的な抗体を検出する方法のこと。ワクチン接種動物のうち感染していないものを出荷するために必要な技術である。 | 1 |
| ＢＳＥ伝達性 | ＢＳＥの原因である異常プリオンタンパク質が、牛から牛へ伝わりＢＳＥを発症させること。 | 1 |
| Ｈ５、Ｈ７亜型迅速検査技術 | 遺伝子検査法等により、短時間（４時間程度）でウイルスの亜型（表面蛋白質の違いによって分類されるウイルスの型）を判定する手法のこと。Ｈ５亜型やＨ７亜型等は法定伝染病であり、まん延防止のため、早期に摘発・淘汰することが重要である。現行の発育鶏卵を用いたウイルス分離法では２日以上かかる。 | 1 |
| 非定型ＢＳＥ | タンパク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タンパク質の性質が従来型ＢＳＥと異なるもの。 | 2 |
| リスク管理 | すべての関係者と協議しながら、リスク低減のための政策・措置について技術的な実行可能性、費用対効果などを検討し、適切な政策・措置を決定、実施、検証、見直しを行うこと。 | 2 |
| リアルタイムＰＣＲ法 | 従来のＰＣＲ法は、２本のプライマーと呼ばれる短いＤＮＡ配列とＤＮＡ合成酵素を用いて、２本のプライマーに挟まれた特定のＤＮＡ配列を増幅させた試料を電気泳動やウエスタンブロットにより確認する方法のこと。リアルタイムＰＣＲ法では、増幅の過程を蛍光物質の上昇としてモニターすることにより、リアルタイムで確認する手法であり、従来のＰＣＲ法と比較して、短時間、高感度な検出が可能となる。 | 2 |

| | | |
|---|---|---|
| リアソータントウイルス | インフルエンザウイルスの遺伝子は８本に分節化しており、２種類のウイルスが偶然同じ細胞に感染すると遺伝子の混合が起こり、分節を交換した新しいウイルスが出現することがある。 | 2 |
| マイクロアレイ解析 | 多数のＤＮＡやタンパク質（例えば千個以上）をスライドガラス上に固定化し、反応させることで、試料中の特定のＤＮＡやタンパク質を一度に検出することができる技術のこと。これにより、特定の機能に関連するＤＮＡやタンパク質を効率的かつ網羅的に検索することが可能となる。 | 2 |
| ＥＳ細胞 | 胚性幹細胞（はいせいかんさいぼう：Embryonic stem cells）のこと。ほぼ無限に増殖させることが可能であり、ほぼ全ての組織に分化させることができる。動物の発生初期段階である胚から作出される細胞株で、遺伝子操作後に胚に戻して発生させることができるため、遺伝子組換え動物の作出に重要な技術である。 | 2 |
| ウエスタンブロット | 特異性の高い抗原抗体反応を利用し、試料中に含まれる特定のタンパク質等を検出するための手法のこと。 | 3 |
| バイオアッセイ法 | 実験動物等の生物材料を用いて、その生物学的応答から、物質の毒性や感染性等を検出する方法のこと。 | 3 |
| にかわかす | 牛、豚の骨や皮を蒸製（大きな圧力釜で高温の蒸気により加熱）処理した際に分離されるコラーゲンを主体とした水溶性産物から、膠（にかわ）を抽出した残りかすのこと。ＢＳＥ発生以前は特殊肥料として利用していた。膠（にかわ）は、動物性タンパク質で作られる伝統的な接着剤のこと。 | 3 |
| 亜臨界水処理 | 高温、高圧の状態の水（亜臨界水）により、タンパク質をアミノ酸レベルまで加水分解すること。 | 3 |
| 抗ウイルス薬 | 口蹄疫ウイルスの複製を抑制する薬剤で、経口投与により豚の体内での口蹄疫ウイルス増殖を抑制する。前投与だけでなく、感染後の投与でも効果が確認されている。 | 3 |

# 鳥インフルエンザ、ＢＳＥ、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発

【５５６（６５４）百万円】

## 対策のポイント

重大家畜疾病のまん延防止や人獣共通感染症のヒトへの感染防止のため、検査技術の迅速化や病原学的・疫学的知見の集積を図ります。

＜背景／課題＞

・鳥インフルエンザは、ここ数年はほぼ毎年、昨冬は野鳥も含めて２１道県で発生しています。また、昨年４月に宮崎県で発生し８月に終息した口蹄疫は、近隣のアジア諸国で未だ多発しており、今後国内で再発生する可能性は否定できません。

・これらの重大家畜疾病は、ひとたび大規模に発生すると莫大な経済的損失を招くだけでなく、畜産物の国際貿易上の重大阻害要因となることから、まん延防止対策が重要となっています。

・「食料・農業・農村基本計画」でも、動植物防疫の推進等の幅広い分野において、安全性向上に活用するための調査研究を推進することとされています。

## 政策目標

○鳥インフルエンザウイルスの迅速な診断技術（判定時間を２４時間程度から４時間以内に短縮）の開発（平成２４年度）

○口蹄疫発生農場におけるウイルス排泄抑制のための抗口蹄疫ウイルス薬の実用化、口蹄疫の迅速診断技術の開発（平成２４年度）

＜主な内容＞

１．鳥インフルエンザ等のウイルス感染症対策技術の高度化

鳥インフルエンザウイルスの変異・増殖機構の解明、**ウイルス検査の迅速化技術の開発**等を行います。

２．ＢＳＥ対策技術の高度化

プリオン蛋白質の性状解明、**効率的な検査法の開発**の他、肉骨粉等の低コスト不活化処理のための技術開発を行います。

３．口蹄疫対策技術の高度化

口蹄疫の防疫に資する**抗ウイルス薬の実用化に向けた評価**、変異があってもウイルス抗原を検出できる検査技術の開発等を行います。

（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）
（０３－３５０２－７４３０（直））］

# 鳥インフルエンザ、BSE、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発

## 背景・ニーズ

- 鳥インフルエンザは、近年はほぼ毎年発生、昨冬も西日本を中心に21道県で発生。口蹄疫は国内では終息したものの、近隣アジア諸国では多発しており、再発生のおそれ。
- 鳥インフルエンザ、口蹄疫等の重大家畜疾病は、ひとたび大規模に発生すると莫大な経済的損失を招くことから、まん延防止のための研究開発が必要。

## これまでの研究成果

〈鳥インフルエンザ〉

●NP遺伝子を特異的に検出するためのプライマーの設計及び検出法を開発・実用化（検出精度はほぼ100％ ）
●卵でのウイルス分離を行うことなく亜型判定が可能な検出技術を開発

〈BSE〉

●試料中の異常プリオンタンパク質を超音波処理・攪拌培養することにより増幅し、効率的に検出する方法を開発

〈口蹄疫〉

●血清型Cの口蹄疫ウイルスをモノクローナル抗体を用いることにより、特異的に検出する方法を開発

## 今後の研究開発

〈鳥インフルエンザ〉

●H7亜型を特異的に迅速に検出可能な検出法の開発、ウイルスの変異・増速機構の解明等

〈BSE〉

●BSE伝達性を迅速に診断するためのバイオアッセイ系の確立、異常プリオンの性状解明等

〈口蹄疫〉

●抗ウイルス薬の野外使用における有効性の評価、ウイルス抗原の検出技術の開発等

## 期待される成果

重大家畜疾病の防疫措置の高度化、迅速な清浄化に貢献

# 鳥インフルエンザ、BSE、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発ロードマップ

H20～H22 | H23 | H24 | H25 | H26 | ～H27

委託研究プロジェクト → 実証～産業利用

## 鳥インフルエンザ

- NP及びH5, H7亜型遺伝子の迅速検査技術の開発
- NP及びH5, H7亜型遺伝子の迅速検査技術の検証・実用化 → 都道府県における実証 → 都道府県における利用
- インフルエンザウイルスの感染防御ワクチン、簡便投与ワクチンのための基盤技術開発 → 実用ワクチンの開発に資する技術開発
- 鳥インフルエンザウイルスの多様性の解明 → ワクチン株の変更に関する検討
- 高病原性鳥インフルエンザウイルスに対する宿主応答機序の解明 → 耐鳥インフルエンザニワトリの育種に資する技術開発
- ウイルスの環境残存性調査、ウイルス媒介動物の検索 → 媒介動物の評価 → 媒介動物の効果的防除法の検討 → 実態に即した媒介動物防除

## BSE

- 従来型BSEプリオンの高効率増幅法を開発 → 蓄積量と感染性の相関関係の解析
- 異常プリオンタンパク質の性状解明
- BSE伝達性を検査するバイオアッセイ系の開発 → バイオアッセイ法の改良
- 副産物の各種処理後のプリオン伝達性の解析 → 各行程におけるプリオン不活化（安全性）評価

→ 動物プリオン病（牛、羊、鹿等）、防疫対策の検討

→ 非定型BSEの病態解明、発生メカニズム起源の解明

## 口蹄疫

- 抗ウイルス薬の実用に向けた評価 → 発生時の緊急防疫資材の使用方法策定に活用
- 迅速ウイルス抗原検出法の開発 → 迅速抗原検出法の検証 → 発生時の迅速抗原検出法の活用
- 感染抗体とワクチン抗体識別法の評価 → 新たな防疫対策の検討
- 2010年宮崎発生株の病原性解明

新たな国際基準に対応する疾病のリスク低減技術の開発
バイオセキュリティ強化のための知見集積、技術開発

アウトカム
H27～

鳥インフルエンザ、口蹄疫による経済被害低減、まん延防止

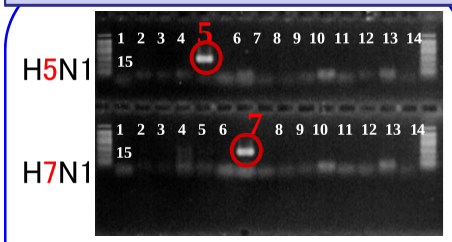
BSE等動物プリオン病の包括的リスク管理の効率化

今後、研究開発が必要な内容

# 鳥インフルエンザ、BSE、口蹄疫等の効率的なリスク低減技術の開発

## プロジェクト以前の成果

### 高病原性鳥インフルエンザのPCR法による迅速亜型判定法を開発



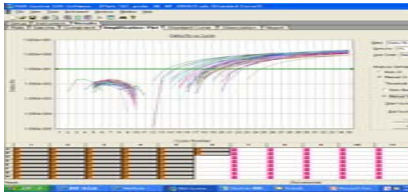

48時間以上かかって判定する従来法（卵で増殖させたウイルスを抗原抗体反応で判定）に対し、増殖させたウイルスをPCRで判定することで20時間で判定可能に

### 脳内接種によるBSEの再現実験に成功

実験的に作出したBSEサンプルが利用可能に

## プロジェクトの主要成果

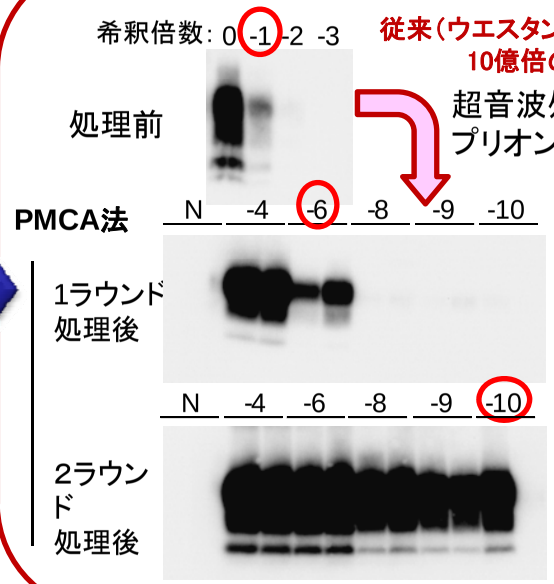
### H5亜型特異的リアルタイムPCR法の開発



H5亜型特異的遺伝子の増幅をモニタリングすることで、電気泳動することなく高感度な検出が可能

臨床サンプル（排泄口拭い液等）中のウイルスを卵で増殖させなくても、サンプル中の微量なH5亜型遺伝子を検出可能→4時間で判定が可能に

### 異常プリオンタンパク質の超高感度検出法の開発




従来（ウエスタンブロット）法の10億倍の感度

超音波処理により異常プリオンタンパク質を増幅

従来法では検出不能だった微量プリオンも検出可能に。

生体材料（唾液等）や家畜副産物（肉骨粉等）からの検出法にもつながる

## 将来の姿と残された課題

・H7亜型特異的リアルタイムPCR法を開発中

・高病原性鳥インフルエンザの媒介動物と伝播様式を解析中

○生産農家の被害低減
○ヒトへの伝搬リスク低減

・BSEの生前診断法を開発中

・異常プリオン不活化評価法を開発し、家畜副産物の有効利用法を開発中

○食の安全の確保
○行政コストの低減

# 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 | 生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発 | 担当開発官等名 | 研究開発官（食の安全、基礎・基盤） |
| | | 連携する行政部局 | 大臣官房政策課<br>消費・安全局消費安全政策課<br>消費・安全局農産安全管理課<br>消費・安全局畜水産安全管理課<br>食料産業局新事業創出課<br>生産局農産部穀物課<br>生産局農産部園芸作物課<br>生産局農産部技術普及課<br>生産局農業環境対策課<br>水産庁増殖推進部 |
| 研究開発の段階 | 基礎 ⇒ 応用 ⇒ 開発 | 研究期間 | 平成20～24年度（5年間） |
| | | 総事業費（億円） | ２２．７億円（見込） |

**研究課題の概要**

［課題の概要］

本課題では、農畜水産物の生産から流通・加工工程において重要度が高い危害要因のうち、ヒ素、カドミウム（以下、「Cd」という）、残留性有機汚染物質（以下、「POPs」という）、カビ毒（デオキニバレノール(以下、「DON」という）、ニバレノール（以下、「NIV」という））、病原微生物を対象に、危害要因に関する科学的データの整備・解析するための技術の開発を行い、それらをもとに各危害要因について、現場で実施可能な的確なリスク低減技術の開発を行う。

**１．委託プロジェクト研究課題の主な目標**

①　農産物におけるヒ素及びカドミウムのリスク低減技術の開発

ヒ素については、土壌中及び作物中の化学形態別の実態や動態に関する基礎的データを取得し、吸収抑制などリスク低減技術の開発に資する。Cdについては、畑作物における吸収抑制技術及び汚染土壌の修復技術等リスク低減技術を開発し、実証・評価する。

②　野菜等におけるPOPsのリスク低減技術の開発

POPs指定物質のうち過去に農薬登録のあった物質について、基準値を超えないための農産物生産技術や、基準値を超えた農産物の出荷等を未然に防止する分析技術を開発し、実証・評価する。

③　麦類のかび毒汚染防止・低減技術の開発

麦類のDON・NIV等かび毒の汚染防止・低減することが可能な技術を開発し、実証・評価する。

④　生食用野菜における病原微生物汚染の防止・低減技術の開発

生食用野菜における腸管出血性大腸菌、サルモネラ属菌による汚染メカニズムを解明するとともに、食中毒発生のリスクを低減することが可能な技術を開発し、実証・評価する。

⑤　畜産物における病原微生物のリスク低減技術の開発

カンピロバクター（鶏肉）、サルモネラ属菌（豚肉、鶏肉、鶏卵）、腸管出血性大腸菌（牛肉）のリスクを低減することが可能な技術を開発し、実証・評価する。さらに感染経路究明等に活用できる病原微生物のデータベースを作成する。

⑥　水産物における病原微生物のリスク低減技術の開発

水産物における腸炎ビブリオ、ビブリオ・バルニフィカス、リステリア・モノサイトジェネスの動態解明及び制御法の開発を行う。

⑦　病原微生物の迅速検出技術および効果的な殺菌・制御技術の開発

上記、④～⑥で対象とする病原微生物について、迅速で簡便な検出技術を開発し、妥当性確認するとともに、低コストで効果的な殺菌・制御技術を開発し、実証・評価する。野菜等におけるPOPsのリスク低減技術の開発

| 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（Ｈ２４年） | |
|---|---|
| | 備考 |
| ヒ素、Cd、POPｓ、かび毒、病原微生物等の基盤的な検知技術及びリスク低減技術の開発（危害要因のリスク評価方法及び低減技術を７件以上、カドミウム低吸収作物を３系統以上開発） | ４年間の研究成果から畑作物のカドミウム吸収抑制のための対策技術やPOPsリスク管理技術を開発し農林水産省の指針に活用。<br>カドミウム低吸収作物は関東以西の栽培に適する系統を選抜し奨励品種決定調査に供与。<br>開発した食中毒菌の迅速な複数同時検出（サルモネラ・大腸菌 0157・リステリアの同時検出）技術やサルモネラ主要血清型迅速同定法はキットとして実用化済み。 |

**【項目別評価】**

| １．研究成果の意義 | ランク： S |
|---|---|

（理由）

農林水産物の安全を確保するためには、生産・流通・加工工程の多種多様な危害要因について、

① 危害要因の特性や挙動、汚染原因・実態等科学的なデータの収集・解析

② ①に基づくリスクの推定と実現可能なリスク管理措置の検討・評価

③ ②に基づく基準値設定、リスク低減技術等、具体的なリスク管理措置の確立

を図っていくことが必要な課題である。

一方、コーデックス等の国際機関においては、農畜水産物のリスク管理措置として、基準値を設定し、これを超過するものを市場から排除するという手法から、生産の各工程で実現可能なリスク低減技術を組み合わせることによりリスクを最小限にするという手法に重点が移されている。しかしながら、我が国においては、食品安全行政にリスク分析を導入したばかりであり、さまざまな危害要因によるリスクを低減するための科学的・技術的基盤を構築することが不可欠となっている。

これらの状況の中で、我が国で重要度が高い危害要因の一つになっているCdについては、食品衛生法の米コメの基準値が平成２３年２月に1.0 ppm未満（玄米）から、0.4 ppm（玄米及び精米）以下に引き下げられ、これまでより一層リスク管理の必要性が増した。農林水産省では平成２３年８月に「コメ中のカドミウム濃度低減のための実施指針」を策定し、本研究成果により、Cd低減対策への一層の推進が期待される。

同じく危害要因の一つとして挙げられる病原微生物については、我が国において、ユッケの腸管出血性大腸菌による食中毒が発生し、複数の死亡者を出す事件があった。また、ドイツにおいてスプラウトの腸管出血性大腸菌0104食中毒が発生、アメリカにおいてメロンのリステリア菌食中毒が発生し、多数の感染者と死者が出るなど、我が国はもとより世界的にも大きな社会問題となった。農林水産省では平成２３年６月に「栽培から出荷までの野菜の衛生管理指針」を策定し、病原微生物の汚染防止対策に取り組んでいる中、本研究成果はこうした、見直しへの利用が期待される。

このように、本プロジェクト研究で得られる成果は、有害化学物質や病原微生物等の各危害要因に対して国内のリスク低減を図る実用的な技術として活用されるとともに、新たな指針の策定や、改定に活用されるとともに、国際交渉等の基礎的なデータとして活用も期待される。さらに、食中毒菌の迅速な複数同時検出（サルモネラ・大腸菌0157・リステリアの同時検出）技術等の一部の課題については、進捗が計画以上に進展したことから既に実用化を達成している。

以上のことから本プロジェクトの研究成果は先導性・実用性の面において研究開始時を大きく上回ると認められ、意義は非常に高い。

| ２．研究目標の達成度及び今後の達成可能性 | ランク：S |
|---|---|

“研究課題の概要1．委託プロジェクト研究課題の主な目標”に対して、リスク低減技術としては、転換畑土壌の土壌洗浄技術や畑土壌のファイトレメディエーションなどが開発され、より実用性の高い技術として改良を加えている。一方、リスク評価方法としては、安全性の高い素材のみを用いて廉価に製造できる低温管理用のインジケータや食中毒菌の迅速多重検出技術などが開発・実用化してい

る。研究目標については、当初計画以上に順調に進捗しており、研究目標の達成度及び今後の達成可能性等は非常に高いと判断される。

なお、研究目標毎の達成度等は以下のとおりである。

① 農産物におけるヒ素およびカドミウムのリスク低減技術の開発

ヒ素の抑制技術を開発する課題では、Cdの低減対策として行う水稲の出穂前後3週間の湛水処理が、ヒ素の吸収を促進してしまうトレードオフ関係が明らかとなっているので、Cd抑制のための湛水管理を行う際に鉄資材を土壌に添加しておくと、玄米ヒ素濃度が低減する効果が認められるなど一定の知見が得られた。

また、転換畑におけるCd土壌浄化の課題については、水を満たした土壌に塩化鉄を処理する等、主要技術の開発が終了し、コストの低減や技術の改良を加え、より実用的な技術を開発する段階にある。また、各種畑土壌におけるファイトレメディエーションによるカドミウム汚染土壌修復技術の開発については、イネ（長香穀）・ソルガムによるファイトレメディエーション処理後に得られるCd吸収後の植物バイオマスについても自走式圧縮機や可搬式ペレット機による減容化技術等を含む収穫･回収作業体系を開発した。これらの研究成果から、土壌汚染の程度に応じて選択可能で、費用対効果に優れたCdの除染手法が最終年度を待たずに開発されてきており、次年度には事業化構想も見込まれている。

② 野菜等におけるPOPsのリスク低減技術の開発

本課題では、過去に農薬として使われたものが、現在POPsに指定されている“ドリン類”を中心に、土壌から作物へのPOPsの移行を評価するための技術として50％メタノールによる抽出分析法を開発した。本分析法は、当初、丸１日の時間を要したが、分析精度を損なうことなく１時間に短縮できる方法へ改良して、検査時間の大幅な迅速化を達成した。

③ 麦類のかび毒汚染防止・低減技術の開発

かび毒の同時多種分析法として、フザリウム属かび毒について20分程度で構造や分子量が類似した誘導体の区分が可能な一斉分析法を開発した。当初計画では、単一試験機関（１試験機関）による妥当性確認を行うこととしていたが、本分析法で得られた測定結果を国際規格に反映させるために、分析法の信頼性をより高めることを目的とした複数試験機関（１２試験機関）によるフルスケールでの妥当性確認試験を実施する計画に拡充して、国際規格に沿った試験室間共同試験の実施に至っている。

④ 生食用野菜における病原微生物汚染の防止・低減技術の開発

生食用野菜においては、病原微生物が残存する堆肥を使用した場合、食中毒起因菌の付着可能性が高まるため、リスク低減技術の開発が求められている。その中で実規模の堆肥化試験により、堆肥中の大腸菌は温度上昇が低い部位（表層部・堆肥舎コンクリート床・側面）において生残していることが確認でき、堆肥の安全性確保を目的として品温の変化から大腸菌の消長を推定するための基礎データが得られた。本成果は｢栽培から出荷までの野菜の衛生管理指針｣の改定に活用される予定である。

⑤ 畜産物における病原微生物のリスク低減技術の開発

サルモネラなどの食中毒起因菌は、鶏の腸管内に保菌された場合にも発症させることなく健康保菌されている場合がしばしばみられるため、汚染を除去することが困難である。そこで、鶏へのサルモネラ定着を阻止する技術開発として、ドラッグデリバリーに向けた鶏の卵の殻の材料で安価な炭酸カルシウムを利用した腸管定着阻止用素材（抗サルモネラ抗体や、サルモネラ抗原等のタンパク質）をマイクロカプセルへ内包できる技術を確立し、特許を2件出願するに至った。

⑥ 水産物における病原微生物のリスク低減技術の開発

乳酸菌から作られるナイシンは、食品保存料としての利用が認められているが、その効果を実証するデータが少ないため、我が国の適用範囲は諸外国に比べて狭く、主として乳製品等に限られている。本プロジェクトでは、ナイシンを水産物（カズノコ）へ活用するにあたり、従来の研究計画ではリステリアへの制菌効果に着目して良好な制菌効果を明らかにしてきたが、さらに食品の腐敗防止にも役立つ技術であることに着眼し、水産物へリステリア以外の細菌を制御することを立証する検討項目を追加し、その項目についても研究開始当初の計画を上回る研究成果が得られている。

⑦ 病原微生物の迅速検出技術及び効果的な殺菌・制御技術の開発

食中毒菌の迅速な複数同時検出（サルモネラ・大腸菌O157・リステリアの同時検出）技術において、従来法では３日以上かかっていた試験を１日で可能とするMultiplex PCR法を開発し当初目標より早く

キットとして実用化した。また、“食用色素”と“ろ紙”を用いた廉価に製造できる低温管理用のインジケータの開発は、特許出願（要冷蔵品の品質判定方法およびそのインジケータ）にまで至った。本技術を魚の保冷時に適用することで、インジケータで“一定の温度範囲を逸脱しなかった”サインが示された場合には、有害微生物が繁殖しない条件が保たれたことが実証できるため、生鮮品のフードチェーンでのリスク低減に活用が期待される。

| 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： S |
|---|---|

（理由）

本課題の研究は大きく進展しており、既に危害要因のリスク評価方法及び低減技術８件以上、Cd低吸収作物を３系統の成果の目途がついたところ。また、最終年度の成果によってはリスク評価方法及び低減技術が追加されるなどアウトカム目標である“危害要因のリスク評価方法及び低減技術を７件以上、Cd低吸収作物を３系統以上開発”については十二分に達成できる見込みである。

これら成果により、未然防止の観点に立ったリスク管理措置が普及し、農業生産者、食品事業者から国民により安全な食品の供給につながると期待される。また、生産･流通・加工工程に関するリスク管理技術の底上げが達成されることが見込まれていることから、将来的にはこれらの個別管理技術を応用･組み合わせることで、さらに高度なリスク管理システムの構築も期待される。

これらの研究成果については、最新の研究成果の普及を図るため、東京やつくばで計３回、成果発表会を開催し、生産者、リスク管理者、消費者を含む広範な方々に対して成果の発信に努める中で本プロジェクトにおいて得られた科学的知見・成果を活用し、農林水産省の新たな指針の策定や「麦類のデオキシニバレノール・ニバレノール汚染低減のための指針」及び「栽培から出荷までの野菜の衛生管理指針」の改訂への活用が具体的に想定されている。また、食中毒菌の多重検出技術やサルモネラ主要血清型迅速同定法は企業へ技術移転済みであり、キットとして実用化・販売され、現場で活用されている。

このように、本課題は、アウトカム目標達成の可能性、研究成果の活用方法の明確性、他の研究への波及可能性を十分有しており、明確性は非常に高い。

| ４．研究推進方法の妥当性 | ランク： S |
|---|---|

（理由）

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「委託プロジェクト研究運営委員会」を、これまで10回（年間２～４回）開催し、短いスパンで進捗状況を点検・修正するとともに、平成22年度に実施した中間評価での指摘等を踏まえた実施計画、課題構成、実施体制、予算配分等の見直しや、課題の統合・廃止を行い、実効性のある進行管理に務めている。

また、本プロジェクトは、必要に応じて受託者側のリーダー等が進行状況の報告・相談等を綿密に行い、頻繁に情報交換が行われていることも特筆できる。

さらに、実施機関の主催する推進会議には、様々な県の農業試験場や民間企業だけではなく関係する行政部局や外部有識者も参加し、生産･加工･流通工程で本プロジェクト成果を渇望している機関自らが一丸となって邁進し、行政施策や現場での技術普及を目指した実用的な技術開発を行っている。

加えて、研究資源の配分に関しては、毎年度、行政部局の要望等を反映し、重点的に研究を推進する課題を検討し、予算を配分している。

以上のことから、研究推進方法の妥当性は非常に高い。

| 【総括評価】※総括評価の欄は、評価専門委員会において記載（事務局による評価段階では空欄） | ランク：S |
|---|---|

**１．委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見**

世界でも活用され、生産から流通・加工工程に存在する多様な危害要因のリスク低減に資する重要な研究成果を数多く産出したことを高く評価する。

**２．今後検討を要する事項に関する所見**

海外や国民に向けた情報発信に取り組むとともに、国際的な知財戦略を検討しておく必要がある。また、更なる実用化の促進に向けて取組みを進めることが重要である。

［課題名］　生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発

| 用　　語 | 用　語　の　意　味 | 資料頁 |
|---|---|---|
| 危害要因 | 人の健康に悪影響をもたらす原因となる可能性のある食品中の物質または食品の状態。ハザードともいう。有害微生物等の生物学的要因、汚染物質や残留農薬等の化学的要因、放射線や食品が置かれる温度の状態等の物理的要因がある。 | １１ |
| リスク | 食品中に危害要因が存在する結果として生じる健康への悪影響が起きる可能性とその程度（健康への悪影響が発生する確率と影響の程度）。 | １１ |
| リスク低減技術 | 農畜水産物の生産から流通・加工工程における危害要因に対して、人の健康に対する悪影響の起こる確率を低下させる技術であり、植物の能力を利用する環境修復技術（ファイトレメディエーション）、農作物への吸収抑制技術などが含まれる。 | １１ |
| コーデックス委員会（Codex） | 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、1962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。 | １２ |
| リスク分析 | 「リスクアナリシス」とも言う。リスク評価＊1、リスク管理＊2、リスクコミュニケーション＊3の３つの要素からなるプロセスで、将来の起こるかどうか確かではない損失や悪影響の可能性や程度を推定し、それを防いだり低減したりする措置をとるための枠組みのこと。 | １２ |
| ＊1<br>リスク評価 | 食品中に含まれる危害要因を摂取することによって、人の健康に対して「どの位の確率」で「どの程度の影響」が起こり得るかを科学的に評価する過程のことをいう。 | |
| ＊2<br>リスク管理 | すべての関係者と協議しながら、リスク低減のための政策・措置について技術的な実行可能性、費用対効果などを検討し、適切な政策・措置を決定、実施、検証、見直しを行うこと。 | |
| ＊3<br>リスクコミュニケーション | リスク分析の全過程において、危害要因の食品中の存在やリスク管理措置によって影響を受けるすべての者の間で、情報及び意見を相互に交換すること。 | |

| 用　　語 | 用　語　の　意　味 | 資料頁 |
|---|---|---|
| ヒ素 | ヒ素は古くから毒として用いられてきており、また犯罪に用いられてる場合もあることから、一般に毒性の強い元素というイメージが強い。我が国では、鉱山労働者の健康問題、鉱山周辺の環境汚染問題、粉ミルクに混入したヒ素による中毒事件がある。ヒ素汚染地で畑作物を栽培しても生育障害は比較的軽いが、土壌環境が還元的になる水田では、ヒ素の形態が、毒性の強い亜ヒ酸になるため、激しい障害を引き起こす。 | １１ |
| カドミウム | 環境中に天然に存在する重金属で、主に亜鉛鉱石の中に含まれる。イタイイタイ病は、神通川上流の鉱山から排出されたカドミウムの過剰摂取により起こったものとされている。食品や飲用水を通じて長年にわたって一定量以上のカドミウムを摂取することにより、腎臓機能の低下等の健康被害が生じる。 | １１ |
| 残留性有機汚染物質（POPs） | 人の健康や環境に対する毒性が強く、環境中で分解し難く、食物連鎖による生物濃縮性があり、大気・水により地球規模で移動する性質を持つ物質（POPs: Persistant Organic Pollutants）のことである。例えば、ダイオキシン類、PCB（ポリ塩化ビフェニール）、DDTといった化学物質が挙げられる。過去に使用された農薬の中にはPOPｓ類を使ったものがあり、最近、ドリンやヘプタクロルなどのPOPｓ農薬の残留が問題となった。 | １１ |
| かび毒 | ある種のかびが農作物に付着・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。「マイコトキシン」とも言う。かび毒は一般に熱に対し安定で、通常の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。ＤＯＮ（デオキシニバレノール）及びＮＩＶ（ニバレノール）は、麦類の病気の一種である赤かび病を起こすフザリウム属のかびが、ほ場段階で穀類等の農作物に付着・感染し、多雨、多湿の条件下でかびが増殖することで産生されるかび毒。 | １２ |
| Ｏ１５７ | 大腸菌は、家畜や健康な人の腸内にも存在しており、ほとんどのものは無害。このうちいくつかのものは、人に下痢を起こすことがあり、病原性大腸菌と言われている。「病原性大腸菌Ｏ１５７」はこの病原性大腸菌の一種で、ベロ毒素をつくり腸管に作用して出血させることから、現在では、「腸管出血性大腸菌Ｏ１５７」と呼ばれている。 | １２ |
| GAP（農業生産工程管理手法） | 農業者自らが、農作業の点検項目を決定し、点検項目に従い農作業を行い、記録し、記録を点検・評価し、改善点を見出し、次回の作付けに活用するという一連の農業生産工程の管理手法のこと。 | ロードマップ |

白紙

# 生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発

【３４６（３８４）百万円】

## 対策のポイント

農畜水産物の生産から流通・加工工程において危害要因に対する的確なリスク低減技術を開発します。

＜背景／課題＞

・コーデックス委員会等でも提唱されているように、食品の生産、流通、加工の各工程におけるリスク低減技術を組み合わせることによって、危害要因による食品のリスクを最小限に抑え、国民に対し安全な農畜水産物の供給を図っていくことが必要です。

・「食料・農業・農村基本計画」でも、安全性向上に活用するための調査研究とその結果の科学的解析を組み合わせ、それに基づく施策・措置とその企画や立案を推進することとされています。

## 政策目標

ヒ素、カドミウム、残留性有機汚染物質、かび毒、病原微生物等の基盤的な検知技術及びリスク低減技術の開発（危害要因のリスク評価方法及び低減技術を７件以上、カドミウム低吸収作物を３系統以上）（平成24年度）

＜主な内容＞

１．科学的データの整備と共通基盤技術の開発

危害要因の特性・動態の解明や分析・検出法の開発と精度管理システムの構築を行います。

２．リスク低減技術の開発

生産・流通・加工工程の各段階における危害要因の除去などのリスク低減技術の開発を行います。

（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）
（０３－３５０２－７４３０（直））］

# 生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発

## 農産物の安全性確保は必須

1　農産物の農場から食卓までのリスク管理が必要
2　GAPを農林水産省をあげて推進

GAP (Good Agricultural Practice)とは、農業生産現場で、食品の安全確保等に対して適切な農業生産を実施するための手法。

## 研究の目的

**生産から流通加工までのリスク低減技術を開発**

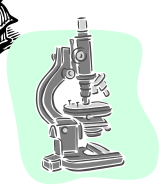
生産工程における重要な危害要因！
リスク管理が必要

5年で研究シーズを、現場で使える技術に！
→例：日本がリードしている微生物検出技術　他

生産段階 → 流通・加工段階

| 危害要因 | 品目 | 生産段階のリスク低減技術の課題例 | | | 流通・加工段階のリスク低減技術の課題例 | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 生産現場の管理 | 栽培（飼養）管理 | 収穫 | 集荷・調整・出荷 | 加工・調理 |
| ヒ素 | コメ | ・土壌中の動態の解明<br>・化学形態別分析法 | ・吸収抑制のための栽培技術 | ・サンプリング法 | ・簡易・迅速な分析法 | ・加工・調理・保管に伴う濃度の変化を解明 |
| カドミウム | ムギ、ﾀﾞｲｽﾞ、野菜 | ・畑作における浄化作物の開発 | ・吸収抑制のための栽培技術<br>・低吸収品種の開発 | ・サンプリング法<br>・低コストで迅速な簡易分析法 | | |
| POPs（残留性有機汚染物質） | 野菜 | ・土壌の低コストな浄化技術 | ・低吸収品種の開発 | ・サンプリング法<br>・簡易分析法 | ・低コストで迅速な簡易分析法 | |
| かび毒（DON、NIV） | ムギ | ・赤かび病菌の圃場内の動態の解明 | ・赤かび病発生予測法、効率的防除法 | ・簡易分析法 | | ・加工・調理に伴う濃度の変化を解明 |
| 病原微生物（O157、サルモネラ、ビブリオ、リステリア 等） | 生食用野菜 | ・芽物野菜の種子殺菌技術 | ・栽培方法による汚染経路、程度の解明 | ・収穫段階での汚染経路、程度の解明 | ・低コストで安全な消毒技術<br>・増殖防止のための管理技術<br>・迅速な簡易分析法 | ・低コストで安全な消毒技術 |
| | 畜水産物 | ・飼養環境からの病原微生物の検出技術 | | | ・流通・加工工程における動態解明 | |

**基礎検討**
・危害要因の特性、動態の解明
**基盤技術検討**
・サンプリング法、多検体同時検出法、迅速検出法



既存のリスク低減技術等も活用！

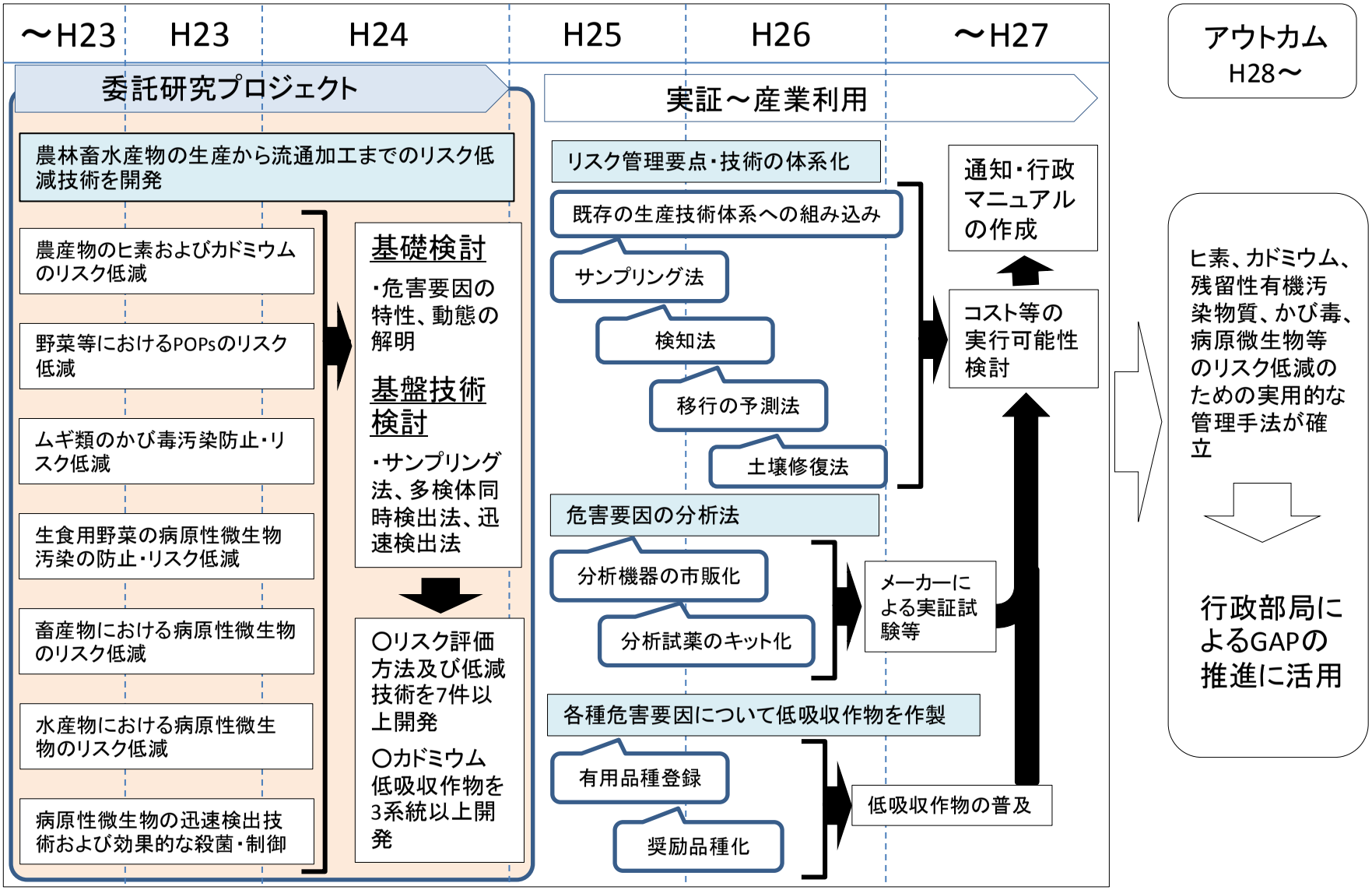
**リスク低減技術の評価**
・効果と投入コストの評価
・既存の生産技術体系へ組み込む可能性を評価

**生産から流通・加工段階を通じた体系的なリスク低減技術を確立**

行政部局によるGAPの推進に活用

5年後にマニュアル化

# 生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発



# 生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発

## プロジェクトの主要成果（例）

### 1. 農産物におけるヒ素およびカドミウムのリスク低減技術の開発

汚染レベル低

- ○作型と管理
- ○低吸収品種導入
- ○植物浄化（19～25万円/10 a/作＊）
- ○土壌洗浄（300万円/10 a＊）
- ○客土（500万円/10a/回＊）

汚染レベル高

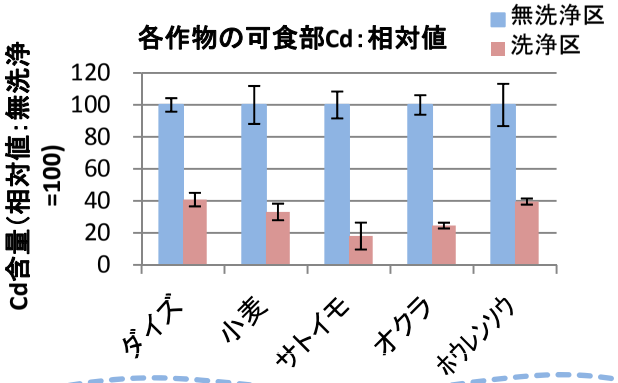
＊コストは概算

システムの構築

塩化鉄の流入作業

撹拌作業

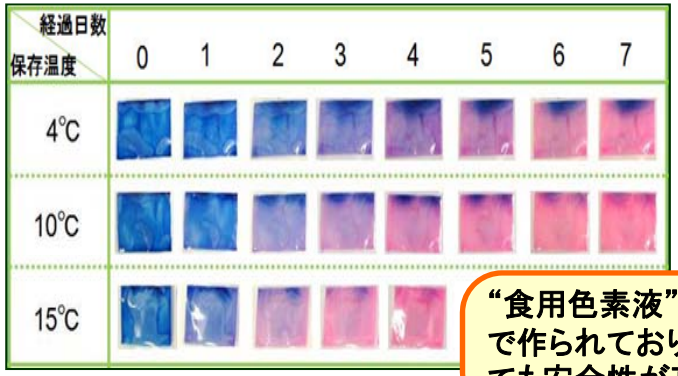
排水処理装置




施工条件

- ○施工面積：2 ha
- ○洗浄薬剤：塩化鉄15 mM
- ○工事日数：約80日/2 ha
- ○洗浄回数：薬剤 1回 水洗 2回

### 2. 生食用食品の温度管理インジケータの開発




“食用色素液”と“紙”で作られており、破けても安全性が高い

いずれの温度帯においても、低温増殖性リステリア食中毒菌の増殖以前に変色が始まるため、食中毒の警告を発することが可能

フードチェーンの自主温度管理に活用

## 次年度の研究目標

ヒ素、カドミウム、残留性有機汚染物質(POPs)、病原微生物等の基盤的な検知技術及びリスク低減技術を開発

**アウトカム目標**

5年間の成果として、危害要因のリスク評価方法及び低減技術を7件以上、カドミウム低吸収作物を3系統以上開発

**将来像**

危害要因に対して的確なリスク低減技術を導入することにより安全な農畜水産物の供給を実現。

# 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 | 新農業展開ゲノムプロジェクト | | | 担当開発官等名 | 研究開発官(食の安全、基礎・基盤) |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | | 連携する行政部局 | 大臣官房国際部国際協力課（国際開発機構班）<br>消費・安全局農産安全管理課（組換え体管理指導班、土壌汚染防止班）<br>生産局農産部穀物課（稲・麦生産班、豆類班）、園芸作物課（園芸流通加工第１班、園芸生産第２班）、技術普及課（新技術企画班）畜産部畜産振興課草地整備推進室（飼料生産計画班） |
| 研究開発の段階 | 基礎 | 応用 | 開発 | 研究期間 | H20～H24（５年間） |
| | ⇨ | ⇨ | | 総事業費（億円） | 167億円（見込） |

**研究課題の概要**

イネゲノム研究の成果を農業の振興に活かすため、イネゲノム情報基盤や実験系統群等を整備して病虫害抵抗性を付与したり栽培特性を改良するために必要な有用遺伝子群の同定・機能解明を進めるとともに、それらを品種改良に利用可能にする基盤技術･育種素材を開発する。また、稲で開発したＤＮＡマーカー選抜技術を適用するため、麦・大豆や園芸作物についてもＤＮＡマーカー選抜に必要なゲノム情報基盤を構築する。

**１．委託プロジェクト研究課題の主な目標**

①　自然変異を利用したイネ実験系統群の作出

日本型品種と日本型品種にない多粒、多穂数、強稈、長草丈、病虫害抵抗性等の特性を持つアジア栽培品種あるいは近縁野生種などとの交配により、これらの染色体置換系統群を８以上作出し、新たな実験系統群を整備する。

②　人為的変異を利用したイネ実験系統群の作出

放射線、化学物質による遺伝子破壊系統を作出するとともに、転写因子等のｃＤＮＡクローンを1,000以上活用した遺伝子過剰発現系統を作出・整備する。また、1,000 以上の転写因子について、その発現を抑制した遺伝子変異系統を作出・整備する。

③　遺伝子発現情報のプロファイリング

マイクロアレイ等を用いて、イネ科植物に病原菌感染等様々なストレスをかけた場合や、出穂時期や種子形成時期などイネ科植物の様々なステージ、状況下において、どのような遺伝子が発現しているかについてのデータを収集し2,000以上プロファイリングする。

④　情報解析ツールの開発、整備

新たに作出・整備したイネ変異系統の保管・データベース化、イネゲノム研究で得られた知見のデータベース化などを行い、作物の遺伝子機能を予測する情報ツールを整備する。

⑤　小麦６Ｂ染色体の全ゲノム塩基配列の解読

小麦ゲノム解読国際コンソーシアム(IWGSC)に参加して、日本の分担分である小麦6B染色体の全体をカバーするBACクローンを作成し、それらを整列化させて物理地図を構築する。並行して6B染色体のゲノム塩基配列の25倍量以上に相当するBACクローンのシーケンスを行い、6B染色体の全長をカバーするゲノム塩基配列を解読し、遺伝子アノテーションを行う。

⑥　イネの質的形質遺伝子の単離と機能解明

穂や草型など収量の決定に係わる主要な質的形質遺伝子、酸化還元ストレス・カドミウム・栄養不足等の環境ストレス耐性に係わる主要な質的形質遺伝子、イネ種子の登熟や高温下での品質に係わる主要な質的形質遺伝子等、多収、低コスト、環境修復に資する作物の作出に不可欠な質的形質遺伝子の単離及び機能解明を実施し、２０個以上の遺伝子単離、機能解明を行う。

⑦　イネ科作物の量的形質遺伝子の同定

イネの１穂粒数、根張り等形態に関与する主要な量的形質遺伝子、いもち病、紋枯病、トビイロウンカ、ツマグロヨコバイ等の病虫害抵抗性に関与する主要な量的形質遺伝子、カドミウム吸収、多収、低コスト、環境修復に資する作物の開発に不可欠な量的形質遺伝子の単離及び遺伝的制御機構の解明を目指し、15 個以上の遺伝子の同定を行うとともに、20 以上の DNA マーカーを作出する。

イネゲノムの情報を活用して、ソルガムの草丈、紫斑点病抵抗性、再生性等、生産性の向上に必要な形質に係る８個以上の遺伝子を同定し、単離、機能解明を進める。

⑧　イネの成長・代謝遺伝子ネットワークの解明

既知の出穂期等成長制御関連遺伝子、環境応答関連遺伝子、光合成関連遺伝子等を足がかりとして、収量の増加に貢献する遺伝子の相互作用について解析を行い、出穂期制御システム、光受容システム等４以上の遺伝子ネットワークを解明する。

⑨　イネと微生物の遺伝子ネットワークの解明

いもち病菌、菌根菌等の微生物に対する応答関連の既知の遺伝子を足がかりとして、病害抵抗性、養分効率利用に貢献する遺伝子の相互作用について解析を行い、病害抵抗性、養分効率利用の特性について５以上の遺伝子ネットワーク機構を解明する。

⑩　麦類における有用遺伝子の同定・機能解明と品種改良に向けたＤＮＡマーカーの開発

穂発芽耐性、赤かび病被害低減等、麦類の生産性・品質の向上や病害抵抗性に関わる有用遺伝子を２つ以上同定するとともに、日本の小麦の効率的な品種改良に必要な高密度連鎖地図を作成するためのDNAマーカーを1,000個以上開発する。

⑪　大豆における有用遺伝子の同定・機能解明と品種改良に向けたＤＮＡマーカーの開発

わが国の栽培環境に適した大豆品種を効率的に開発するため、10品種以上の大豆国産品種で利用可能なSNPsマーカーを1,000個以上開発して高密度地図を作成するとともに、それを基に生産性や湿害耐性等に関わる有用遺伝子を３つ以上同定する。

⑫　園芸作物の品種改良に向けたＤＮＡマーカーの開発

２つ以上の主要な園芸作物について、DNAマーカー育種に利用可能な500個以上の高精度DNAマーカーをそれぞれの品目で開発するとともに、高密度の連鎖地図を作成する。

⑬　バイオマス・飼料作物の開発

既存の多収イネに、単一あるいは複数遺伝子の導入によって複合病害抵抗性を付与するとともに、生物的封じ込め機能等を付与した系統を作出し、ほ場におけるこれらの形質の有効性を確認する。また、繊維質（リグニン、セルロース等）代謝制御遺伝子、光合成関連遺伝子等を活用することにより、セルロース系バイオマスの利用効率や光合成能力を高めたバイオマスエネルギー用・飼料用作物の形質転換体を5 年以内に作出する。

⑭　環境耐性・修復作物の開発

土壌等の環境中に残存することにより農業の振興に悪影響を及ぼしているカドミウムやPOPs等有害物質の吸収に関与する物質輸送の遺伝子等を活用し、有害物質存在下においても生育が可能でこれらの有害物質の浄化に用いられる作物を開発するため、形質転換体を作出する。なお、既に浄化に用いられている作物がある場合には、当該作物を上回る浄化能力が見込める形質転換体を作出する。５年以内にほ場試験において有効性の検証が実施可能な形質転換体を作出する。

⑮　物質生産・機能性作物の開発

血圧や中性脂肪の調整に効果のあるコメ等栄養価や成分等の面で画期的な形質を付与した健康増進効果のある機能性を有した形質転換体イネを２年以内に作出するとともに、５年以内にほ場栽培試験を実施し、実用系統を作出する。さらに、これらの作物の開発を加速させる新技術を開発する。

⑯　イネ以外の作物の遺伝子導入技術の開発

イネ以外の重要作物であるコムギ、トウモロコシ、ソルガム、およびダイズにおいて実用レベルで形質転換体作出に必要な効率的な遺伝子導入技術を開発する。

⑰　ＤＲＥＢ遺伝子等を活用した環境ストレスに強い作物の開発

乾燥、塩、及び低温などの広範な環境ストレスに対して耐性を付与できるプロモーターと有用遺伝子との最適な組合せの候補を実験室レベルで選抜する。実験室レベルで環境ストレス耐性向上が示されたコンストラクトを稲、小麦品種に導入し、実際の使用場面に近い環境の圃場条件下において乾燥耐性等を評価し耐性レベルが向上した形質転換系統を選抜する。

⑱　次世代遺伝子組換え生物の生物多様性影響評価手法の確立及び遺伝子組換え作物の区分管理技術等の開発

様々な形質を含む遺伝子組換え作物および動物（魚、カイコ）について、わが国における生物多様性影響評価手法、および生産から流通までの非組換え作物との区分管理技術を開発するとともに、それらの流通ならびに海外における知見を調査・解析する。

⑲（H20-22）政策ニーズに合致したイネ新品種の開発

これまでに開発されているＤＮＡマーカーを活用し、低コスト生産、安定生産に貢献しつつバイオマス利活用や飼料用に供しうる多収イネ等、政策ニーズに合致した、実用に資し得る 15 以上の新系統を開発する。

⑳（H20-22）イネ DNA マーカー育種技術を活用した麦・飼料作物等イネ科新品種の開発

これまでのイネゲノム研究の成果を活用し、生産者・消費者ニーズの高いイネ以外のイネ科作物を 10 系統以上作出する。

**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**

| | 備考 |
|---|---|
| 1）本プロジェクトで作成した各種データベース、ゲノムリソースを公開し、日本と世界のイネゲノム研究の進展に貢献（H25） | |
| 2）育種年限の大幅な短縮（例えば稲で15年→3年）による新品種開発にかかるコストの大幅削減（H25） | |
| 3）稲の安定多収性や複数の病虫害抵抗性等、画期的な品種の開発に貢献（H28） | |
| 4）小麦、大豆、野菜、果樹の病虫害等、生産性を低下させる要因を克服する品種の開発に貢献（H30） | |
| 5）海外からの輸入や国内での開発が予想される新たなＧＭ作物に対応した生物多様性影響評価手法の開発（H28） | |
| 6）遺伝子組換え技術を活用した画期的な作物品種開発のための基盤技術開発（H27） | |
| 7）開発途上国における食料問題の解決に資する乾燥ストレス耐性穀物の開発（H30） | |

**【項目別評価】**

**１．研究成果の意義**　　**ランク：Ｓ**

（理由）

我が国が国際コンソーシアムを主導して2004年に完全解読に成功したイネゲノム塩基配列はイネの設計図だが、そのままではＡＧＴＣが並んだ暗号に過ぎない。本プロジェクトの目標、即ち、そこから農業上有用な遺伝子を見いだし、実験系統群を整備し、ＤＮＡマーカーを開発し、自然変異や突然変異による有用な遺伝変異を効率よく導入して品種改良を推進したことは、イネゲノム解読の本来の目的を達成するものであり、日本の農業の生産性の向上に大きく貢献するものである。

イネで単離された遺伝子の情報とそれを活用したＤＮＡマーカー選抜技術は、既に病虫害抵抗性や桿長、出穂期の調節などで稲育種に利用されており、今後普及・実用化される系統の育成に欠かせない技術になりつつある。また、気候変動によるアジアの稲栽培環境の悪化に対しても、本課題で単離された遺伝子（浮きイネで急速な節間伸長に関与する遺伝子、乾燥に強い深根性遺伝子等）の利用が期待され

ており、既に国際的な共同研究にも発展していることから、世界の稲生産の安定化に貢献するとともに、最終的には我が国の食料安定供給に貢献すると考えられる。稲以外の作物においても、ＤＮＡマーカー選抜技術を適用するために必要なゲノム研究基盤を構築しており、今後の作物育種全体の底上げに大きく貢献すると考えられる。また、量的形質遺伝子の単離とその集積による育種的利用に関する研究戦略は、本プロジェクトによって成功例を示したことにより、我が国にとどまらず、国際的にも、作物におけるゲノム研究のモデルとなって、作物全般の研究に先導的な役割を果たしていることから、本課題の成果は世界の食料安定生産にむけて大きく貢献すると期待される。このように、研究成果の独創性、革新性、先導性は研究開始時を上回ると認められ、意義は非常に高い。

一方、ゲノム解読に関しては中国が国を挙げて取り組んでおり、ここ数年で世界一のシーケンス能力を備えるようになった。ゲノム解読の成果を農業に活かすには、本プロジェクトで進めているようなゲノム情報基盤や実験系統群等を整備し、有用遺伝子群の同定・機能解明を進め、それらを品種改良に利用可能なDNAマーカー･育種素材を開発することが必要であり、このようなゲノム情報の活用に関しては日本が先行している。この分野における日本の優位を保つため、また世界で急速に進行しているゲノム解読の成果を日本の農業に活かす上でも、本プロジェクトの研究成果が社会・経済に及ぼす効果は大きく、研究成果の先導性及び実用性は研究開始時を上回ると認められ、意義は非常に高い。

また、世界のＧＭ作物栽培面積は年々増加して2011年には29カ国・１億6000万haに達している。我が国では、未だＧＭ作物の商業栽培は（「青いバラ」を除いて）なされていないが、将来状況の変化によってはＧＭ作物の商業栽培が始まる可能性も十分考えられる。また、ＧＭ作物開発はゲノム情報の重要な知財化戦略の一つでもあり、日本の将来の農業展開に必要な技術要素の確保のためにも、新たなＧＭ作出技術や実用的なＧＭ作物の開発は大きな意義を持ち、本プロジェクトにおける当該研究成果の革新性、先導性は研究開始時を上回ると認められ、意義は非常に高い。

一方、現在海外においては、従来の除草剤耐性や害虫抵抗性と云った形質に加え、新たに高収量や環境ストレス耐性などが付与されたＧＭ作物の上市が予定されている。ＧＭ農産物を大量に輸入している我が国において、これらの新たなＧＭ作物が日本における生物多様性へ及ぼす影響について適切に評価するためには、進化するＧＭ作物に対応した生物多様性影響の評価手法の開発は喫緊の課題である。本課題はそれに応える研究としてその研究成果の実用性は研究開始時を上回ると認められ、意義は非常に高い。

国連食糧農業機関（FAO，2009年）によると、世界の栄養不足人口が推定10億人にも及び、さらに近年は大規模な干ばつによる作物減収が世界的に問題になっており、開発途上国においては乾燥ストレス耐性穀物開発の必要性はますます高まっている。そのような状況の中、国際農業研究協議グループ（CGIAR）のメンバーであるIRRI，CIAT，CYMMITと協力して、実用品種に乾燥ストレス耐性遺伝子を導入し、実用レベルの隔離圃場試験で乾燥ストレス耐性が向上した稲や小麦系統を選抜した研究成果の実用性は研究開始時を上回ると認められ、意義は非常に高い。

| ２．研究目標の達成度及び今後の達成可能性 | ランク：Ｓ |
|---|---|

（理由）

本プロジェクトは、２０の大課題から構成されるが、大きく、１）ゲノム情報・ゲノムリソース等研究基盤の整備、２）ゲノム情報を活用した農業上有用な遺伝子の同定、機能解明、３）これら有用遺伝子を含むゲノム情報を育種に利用するためのＤＮＡマーカーの開発、育種母本の作出、４）ゲノム情報を活用するための遺伝子組換え技術、ＧＭ作物の開発、５）新規ＧＭ生物の生物多様性影響評価手法の開発、の５つに分けることができる。

１）については、既に19種類の遺伝解析実験系統群を公開・分譲し、来年度さらに20種類の系統の公開・分譲を予定しており、研究目標を超える成果を上げている。２）についても既に76種類の遺伝子を同定しており、研究目標を超える成果を上げている。３）、４）、５）については、研究目標は概ね達成しており、研究全体では当初の見込みを上回る進度で進捗し、研究目標の達成度及び今後の達成可能性は非常に高いと判断される。

なお、研究目標毎の達成度等は以下のとおりである。

まず、１）には、大課題①ー⑤が該当し、その成果として、

①イネ実験系統の育成に関しては、アジア栽培種について、6種類のCSSL（染色体断片置換系統）および4種類のRIL（組換え自殖系統）あるいはBIL（戻し交雑自殖系統）を完成させ、イネゲノムリソー

スセンターから分譲を開始している。さらに今年度までに、18種類の組み合わせについてCSSL候補系統の選抜をほぼ終了し、来年度、種子増殖ができ次第分譲を開始する。近縁野生種のIL（染色体導入系統）についても、9種類のIL系統群を作出し、作物研究所から分譲を一部開始した。さらに来年度に２種類のIL系統群の公開・分譲を予定している。以上のように、材料育成に関しては、当初の目標を既に達成しており、最終年度にかけて更なる充実が予定される。

①これまで日本型稲品種間で利用可能なＤＮＡマーカーはほとんど無かったが、多くの日本型品種の配列解析を行い、遺伝子型解析に利用可能な約8,000個のSNPを整備し、プロジェクト内で公開するとともに、研究支援等で利用できる体制を作った。

②機能未知遺伝子の機能解析用研究基盤として、イネ転写因子（TF） cDNAの過剰発現（TF-OX）イネ系統群及び、TFキメラリプレッサー過剰発現（TF-OR）イネ系統群を本年１月までにそれぞれ約650系統作出した。最終年度までには研究目標のそれぞれ1,000系統の作出が期待できる。

③次世代シークエンサーを用いて126.2Gbp（イネゲノムの332倍）に及ぶ日本晴RNA-Seqデータベースを作成し、公開した。また、これらの配列を日本晴のゲノム塩基配列にマップして、22,400領域の新規転写領域を検出した。

③マイクロアレイ解析では、1)圃場におけるイネの各生育ステージについて組織毎に、2)特に葉については各ステージで２時間毎に２日間、3)病原菌の感染後経時的に、4)植物ホルモン処理後経時的に、サンプリングした試料から抽出したRNAを用いて計2,000アレイのデータを取得し、解析した結果を視覚的にわかりやすく整理したデータベース（RiceXPro）を作成した。これらのデータベースはまずはプロジェクト内で公開して広く活用されており、また論文化後は順次一般公開して、高いアクセス数（25,000ページビュー／月）を得ている。

④イネゲノムのアノテーションでは、次世代シーケンサー情報を用いてこれまでの日本晴のゲノム塩基配列を高精度化すると共に日米で別々に付与していたアノテーション情報を統合し、より利用しやすいデータベースに改訂した(IRGSP build 1.0)。新規のデータベースとして、SALADクラスタリングと名付けた新しいクラスタリング法を開発し、その手法を適用した比較ゲノムデータベース、SALADデータベースを開発し公開した。本課題で構築したデータベースに関しては、累計830万件のアクセスがあり、リソースに関してはcDNA:896クローン、イネ変異系統:9,369系統、遺伝解析個別系統:153系統、遺伝解析材料:101セットを提供した(平成20～22年度)。

⑤小麦に関して、小麦の全ゲノム塩基配列の解読を目指す小麦ゲノム解読国際コンソーシアム(IWGSC)に参加して、日本の分担分である小麦６Ｂ染色体の物理地図を作成するとともに、最終年度までにそのゲノム塩基配列を解読し、遺伝子アノテーションを行うと云う目標が達成見込である。

⑦ソルガムについては、2009年にゲノム配列が解読されるのに歩調を合わせ、連鎖解析用の交配集団群、連鎖マーカー(SSR)開発、BACライブラリー構築、ガンマー線突然変異体作成と積極的にゲノムリソースを作出している。

⑪大豆に関しても、国産の基準品種「エンレイ」の全ゲノム配列解読を行い、一部の配列情報についてデーターベース「DaizuBase」として公開した。国産６品種の全ゲノム塩基配列を比較し、国産品種間で利用可能な約4万のSNPsを見いだした。「エンレイ」を遺伝背景とした「Peking」の103系統からなるCSSLを作出した。

このように、ゲノム情報・ゲノムリソース等研究基盤に関しては、当初の見込みを上回る進度で進捗しており、最終年度までに研究目標を超える成果が期待できる。

２）には、大課題⑥ー⑪が該当し、その成果として

⑥「穂や草型など収量の決定に係わる主要な質的形質遺伝子」として、穂の着粒構造に関する*APO1*（着粒数を増加）や*TAW1*（穂増大）、強稈性に関する*SCM2*や*SCM3*等、計９種類、「酸化還元ストレス・カドミウム・栄養不足等の環境ストレス耐性に係わる主要な質的形質遺伝子」として、ホウ素およびカドミウムの輸送機構に関わる*BOR4*（ホウ素輸送体）や*LCT1*（カドミウム輸送体）、イネのケイ酸輸送とアルミニウム耐性に関与する*LSI6*や*LSI3*(ケイ酸輸送体)、*ART1*（アルミニウム耐性）、*NRAT1*(アルミニウム輸送体)、低アンモニウムイオン吸収利用能力に関わる*qRL6.1*（窒素欠乏での根の伸長に関与）、穂発芽耐性に関わる*Sdr4*、*Sdr7*等、計19種類、「イネ種子の登熟や高温下での品質に係わる主要な質的形質遺伝子」として、イネ種子の胚乳サイズを制御する*OsFIE1*、イネにおいて高温・低温時でも稔性を維持する*YUCCA*（オーキシン合成鍵遺伝子）、イネ登熟期高温で発生する乳白粒を低減する５種類の異な

るα-アミラーゼ遺伝子（*Amy1A, 1C, 3A, 3D, 3E*）、イネ胚乳品質を制御する*PDIL1;1*（ジスルフィドイソメラーゼ遺伝子）等、計18種類、現時点で合計46種類の質的形質遺伝子の同定・機能解析を終了しており、プロジェクトの最終年度までにはさらに少なくとも4種類以上の遺伝子の同定・機能解析が完了する予定である。

⑦量的形質遺伝子についても、収量性・低コスト生産性に関して、1次枝梗数の増大に寄与する新規の遺伝子*WFP*の同定と機能解析を行い、耐病虫性のうち、ツマグロヨコバイ類耐虫性遺伝子として*Grh5*、*Grh6*および*Grh7*を、トビイロウンカ抵抗性遺伝子*BPH25*および*BPH26*の候補遺伝子を同定した。いもち病圃場抵抗性遺伝子*pi21, Pb1, Pi35*を同定し、*Pi38(t)*、*Pi39(t)*、*qBR4-2a*および*qBR4-2b*遺伝子についても、染色体上の位置を正確に決定した。浮きイネの深水依存的な節間伸長を制御するQTLを3箇所に見いだし、2遺伝子（*SK1, SK2*）を同定し、他のQTLについても候補遺伝子を特定した。根系形態に関与する遺伝子については、深根性関連遺伝子*Dro1*を同定し、耐乾性に強く関与することを証明した。また根の分枝性に関わる*LMS1*について、候補遺伝子を特定した。カドミウム集積に関与する3種類のQTLを同定し、そのうち*OsHMA3*遺伝子を単離し残りのQTLについても候補ゲノム領域を詳細に限定した。これらを含めて現時点で、当初の目標（15以上の遺伝子単離）を大きく上回る30種類の遺伝子が単離できており、さらに候補遺伝子領域が限定されたQTLが少なくとも９個あり、最終年度までに遺伝子の単離が期待される。特に、いもち病圃場抵抗性、一穂粒数、深根性、浮きイネ性などに関する遺伝子の単離は、日本のみならず世界のイネ品種改良に大きく貢献するものであり、サイエンス誌、ネイチャー誌、PNAS誌などの科学誌で成果が大きく評価されている。

また、これらの単独の遺伝子の同定・機能解明のみならず、⑧イネ出穂期制御遺伝子ネットワーク、光による成長制御プログラムネットワーク等、イネの成長・代謝遺伝子に関する4種類のネットワーク、⑨イネにおける菌根共生ネットワーク、イネの耐病性シグナルのネットワーク、いもち病菌の感染シグナルネットワーク等、イネと微生物に関する5種類のネットワークについても解明が進んだ。

⑦ソルガムについては、紫斑点病抵抗性遺伝子の単離に成功し、3つの遺伝子については10-100Kb以内に限定した。その他の耐病性、草丈、再生性等に関与する遺伝子についても、単離、機能解明を進めている。

⑩麦類に関しては、重要病害である赤かび病抵抗性に大きく役立つオオムギ閉花性遺伝子の同定に世界で初めて成功した。この成果は、コムギやイネをはじめとする多くの作物に利用可能である。他にも多収の六条性遺伝子、穂発芽耐性遺伝子などを同定し機能を解明した。

⑪大豆に関しては、生産性に関わる、開花期、草型、根粒非親和性、発芽時耐湿性や湿害条件下での初期生育に関与する種子の吸水性などの遺伝子座について候補遺伝子を特定するとともに機能を解明した。

このように、ゲノム情報を活用した農業上有用な遺伝子の同定、機能解明に関しては、当初の見込みを上回る進度で進捗しており、最終年度までに研究目標を超える成果が期待できる。

３）には、大課題⑦、⑩ー⑫が該当し、その成果として

⑦稲では、いもち病抵抗性、低温発芽苗立ち性、ツマグロヨコバイ抵抗性、トビイロウンカ抵抗性、カドミウム高吸収性、深根性などについては同定した遺伝子内にＤＮＡマーカーを設計し、精密なマーカー選抜育種に既に利用されている。

⑦ソルガムに関しては、QTLとして検出された形質については精密なマッピングまで終了して、育種マーカーとして利活用するための基盤を作成可能である。

⑩小麦に関しては、染色体全体に分布し遺伝子由来PCR産物を増幅するPLUGプライマーセット2,000程度をデザインし、それらが機能することを確認した。

⑪大豆に関しては、地域適応性や生産性に関与する開花期や草型関連遺伝子について、遺伝子単離と同時に品種改良に利用可能な選抜用DNAマーカーを開発し育種現場での評価を行っている。

⑫園芸作物に関しては、トマトで、2,000以上のSSRおよびSNPsマーカーが座乗する高密度マーカー連鎖地図を構築して収量性関連形質および香味成分のQTL候補を検出した。また、ナシで、主要栽培・在来品種96品種で多型を示し、DNAマーカー選抜に利用可能な500個以上の高精度DNAマーカーを開発した。

このように、有用遺伝子を含むゲノム情報を育種に利用するためのＤＮＡマーカーの開発、育種母本の作出に関しては、当初の見込みを上回る進度で進捗しており、最終年度までに研究目標を超える成果

が期待できる。

また、H20～H22の３年間、⑲政策ニーズに合致した稲品種及び⑳麦・飼料作物等イネ科新品種の開発を行っており、その期間にミルキーサマー、ともほなみ、はるもに等８つの稲品種を育成するとともに、高温登熟性、次世代ニッポンブランド、飼料米・高バイオマスを目標とした新系統を７系統育成している。また、イネ以外のイネ科作物については、オオムギで出穂安定早生オオムギ等４系統、コムギで良粉色等７品種・系統、飼料作物で、南方さび病抵抗性を導入したトウモロコシ親系統を２系統、冠さび病抵抗性のイタリアンライグラスを２系統開発し、当初の目標は十分に達成できる成果を上げている。

４）には大課題⑬ー⑰が該当し、その成果として

⑬転写因子の*WRKY45*遺伝子を適切なプロモーターやエンハンサーと組み合わせることにより、複合病害抵抗性を与えるが生育・収量に悪影響をほとんど与えない改変遺伝子２種（恒常的発現および感染誘導的発現）を確立した。これらのコンストラクトを日本晴に導入した系統は、コロンビアのCIATで、隔離圃場試験を行い、生育に影響しないことを確認した。また、飼料稲“たちすがた” に導入した系統については、隔離温室レベルで複合病害抵抗性を確認し、隔離ほ場栽培のための第１種使用許可申請を行った。RNA干渉法を用いたウイルス抵抗性飼料稲の開発のため、イネ萎縮ウイルス（RDV）及びイネ縞葉枯ウイルス（RSV）に対して強い抵抗性を誘導する標的ウイルス遺伝子を特定し、RDV/RSV抵抗性飼料稲を作製した。隔離温室レベルで抵抗性が確認された。稲のリグニン生合成経路やアラビノキシランおよびキシランの代謝経路を改変することにより稲わらのセルロース含量や糖化効率の向上を実現した。

⑭カドミウム吸収蓄積に関わる遺伝子(*OsNRAMP5*)の発現を抑制することによって、バイオマスの大きい飼料イネ「たちすがた」と既存のカドミウム高蓄積品種「Anjana Dahn」のカドミウム集積量を、それぞれ約4倍に高めることに成功した。隔離圃場試験を実施し、カドミウム高集積能を確認した。

⑰乾燥耐性に関与する有用遺伝子及びストレス誘導性プロモーター等を単離・同定し、その機能の解析結果に基づき遺伝子とプロモーターを組み合わせた遺伝子構築物を32種類作製した。これらのコンストラクトをIRRI, CIAT, CYMMITにおいてそれぞれ水稲、陸稲、小麦の実用品種に導入し、候補系統を実用レベルの隔離圃場試験で選抜することにより、乾燥ストレス耐性が向上した稲や小麦系統を得ることができた。

⑮血圧調整作用を有するノボキニンやGABA、血清コレステロール量を調節するダイズ7Sβコングリシニン、脂質代謝を調整するラクトスタチンをコシヒカリの胚乳中に高度に蓄積させたイネの開発に成功し、動物実験でそれらの成分の有効性を確認した。

⑮遺伝子組換え技術の開発に関しては、液体培養を用いた高度形質転換法とnegative-positive選抜法の組み合わせにより遺伝子ターゲッティング(GT)の効率を5倍以上に向上させ、複数の遺伝子でGTに成功し手法の有効性を実証した。また非相同組換え因子の発現抑制や標的遺伝子を特異的に切断することでGTの頻度がさらに向上することを明らかにした。⑯コムギ、トウモロコシ、ダイズでアグロバクテリウム法によって実用的なレベルでの遺伝子導入効率が達成された。

このように、ゲノム情報を活用するための遺伝子組換え技術、ＧＭ作物の開発に関しては、概ね当初の計画通り進捗しており、最終年度までに十分に目標を達成できる見込である。

５）には、大課題⑱が該当し、その成果として

「遺伝子組換え生物等の使用等の規制による生物の多様性の確保に関する法律」（以下「国内カルタヘナ法」という。）における第一種使用申請の承認の過程で必要とされる生物多様性影響評価手法の開発や、第一種使用規定承認組換え作物栽培実験指針の運用や改定に当たって参照できる遺伝子組換え（GM）作物の検知技術、生物学的封じ込め技術、交雑予測モデル、サンプリング手法等、ＧＭ作物と非ＧＭ作物との共存に向けた区分管理技術の開発を行うと共に、海外におけるＧＭ農産物の開発状況や実用化、さらに生物多様性影響評価・区分管理に関する知見を調査・解析し、行政からの要請に的確に対応している。このように、新規ＧＭ生物の生物多様性影響評価手法の開発に関しては、概ね当初の計画通り進捗しており、最終年度までに十分に目標を達成できる見込である。

| 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：Ｓ |
|---|---|

（理由）

以下に述べるように、プロジェクト全体として、アウトカム目標達成の可能性、研究成果の活用方法の明確性、他の研究への波及可能性の全てを十分に有しており、かつ当初の見込みを上回る効果が期待されることから、明確性は非常に高い。

１）研究基盤に関しては、

イネゲノムリソースとして作出された遺伝解析材料は新農業展開ゲノムプロジェクトの他の研究課題で利用され、プロジェクト全体の推進に大きく貢献すると共に、公開された系統は、国内のみならず世界のイネ研究の進展にも貢献している。

日本型品種間で利用可能なＳＮＰマーカーの開発は日本品種間での遺伝解析を可能にするもので、これまでの育種の概念を根本から変えるものであり、今後の日本品種の品種改良の促進に大きく貢献すると考えられる。

開発したイネ転写因子（TF） cDNAの過剰発現（TF-OX）イネ系統群及び、TFキメラリプレッサー過剰発現（TF-OR）イネ系統群を評価し、データベースを構築すると共に、これらを含めた各種変異リソースの整備と配布、情報提供等を行うことで、本プロジェクトのみならず日本と世界のイネゲノム研究の推進に大きく貢献している。

以上のように、本プロジェクトによってゲノム情報・ゲノムリソース等研究基盤が非常に充実してきている。これらの成果は知財化や論文化を経て公開され、既に日本と世界のイネゲノム研究において有用遺伝子の同定・機能解明に必須の研究リソースとなって、イネゲノム研究ならびに稲育種の進展に大きく貢献（アウトカム目標 1)の達成）しており、かつ当初の見込みを上回る効果が期待されることから、明確性は非常に高い。

２）ゲノム情報の活用に関しては、

ＤＮＡマーカー選抜技術の実用化により、対象とする形質によっては既に稲の品種改良に要する期間が従来の1/3ー1/5に短縮され、アウトカム目標 2）の達成の可能性、育種現場への成果の普及の見通し及び他の作物育種への波及可能性を十分に有しており、かつ当初の見込みを上回る効果が期待されることから、明確性は非常に高い。

稲では、いもち病抵抗性、ツマグロヨコバイ抵抗性、トビイロウンカ抵抗性、深根性などについては遺伝子内にＤＮＡマーカーを設計し、既に精密なマーカー選抜育種に利用されて画期的な品種が開発されている。例えば、陸稲由来のいもち病圃場抵抗性は、不良食味と強く連鎖していて従来の育種では利用できなかったが、*pi21*遺伝子の同定と精密なマーカー選抜によりその不良連鎖を断つことに成功した。その結果作出された「ともほなみ」は、それ自体がいもち病抵抗性の良食味品種であるとともに、*pi21*遺伝子を導入するための優れた育種母本ともなっている。また、ＤＮＡマーカー選抜技術により、複数の有用遺伝子を集積することも容易になり、いもち病抵抗性とトビイロウンカ抵抗性を併せ持ちしかも高温登熟性に優れた品種も開発されている。ファイトレメディエーションに用いるため、高バイオマスの飼料稲に識別性とカドミウム集積に関わるQTLを３つ集積した高カドミウム集積系統もプロジェクト期間内に育成予定である。

以上のようにイネゲノム情報を活用したＤＮＡマーカー選抜技術は新品種開発の効率化と高度化について既に優れた成果を上げており、今後当初の見込みを上回る効果が期待される。さらにこの技術は稲以外の作物にも普及していくことから、研究が社会・経済等に及ぼす効果は大きく、最終的に優れた品種が短期間で育成されることにより、成果の普及と実用化への道筋の明確性は非常に高い。

３）遺伝子組換えに関しては、

国内においてはＧＭ作物の商業栽培の見通しが立たないが、将来日本の農家が高いライセンス料を払って種子を購入するような日が来る可能性もある。そのような日に備えて少なくとも日本でＧＭ作物を開発する研究能力と実用化やクロスライセンスに必要な知財は確保しておく必要がある。また、我が国に輸入されるＧＭ作物の我が国の生物多様性に対する影響を適切に評価するためにも、新たなＧＭ作出技術や実用的なＧＭ作物の開発能力の向上は重要である。このような観点から、遺伝子組換え研究が社会・経済に及ぼす影響は大きい。

国内における研究成果の普及・実用化の道筋は、まだ見通せないが、*WRKY45*や*DREB*遺伝子等の研究成果は海外でも注目されIRRIやCIAT、CYMMITなどで共同研究が進行しており、農薬などの農業資材や潅漑施設が行き届いていない開発途上国において農業生産の向上に貢献できる成果である。ＤＲＥＢ遺伝子等を活用した乾燥耐性穀物の開発に関しては、アウトカム目標達成の可能性、研究成果の活用方法の明確性、他の研究への波及可能性（稲・小麦以外の作物への応用）の全てを十分に有しており、明確性は高い。

４）新規ＧＭ生物の生物多様性影響評価手法の開発に関しては、

ＧＭ農産物の大量輸入国として、次世代ＧＭ作物の日本における生物多様性影響評価手法や区分管理技術の開発は、これから上市が予想される新規ＧＭ作物に対する適切な生物多様性影響評価や区分管理に不可欠であり、社会・経済に及ぼす影響は大きい。

その研究成果は、カルタヘナ法に基づく生物多様性影響評価の際に活用されることが期待されるほか、「栽培実験指針」の運用など、今後生じうる様々な遺伝子組換え体の使用の場において、管理の面においても活用性が高いことから、アウトカム目標達成の可能性、研究成果の活用方法の明確性、他の研究への波及可能性の全てを十分に有しており、明確性は高い。

| **４．研究推進方法の妥当性** | **ランク：Ｓ** |
|---|---|

（理由）

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８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26回（年間６回程度）開催し、進捗状況を点検するとともに、21年度に実施した中間評価及び、22年度に対象となった農林水産省行政事業レビュー（公開プロセス）での指摘等を踏まえ、実施計画、課題構成、実施体制、予算配分等の見直しや課題の統合・廃止を行うなど適切な研究の進行管理を行っている。特に、23年度には、行政事業レビューで「事業の位置付けの明確化」を求められたのに対して、「飼料米、大豆、麦等の品種開発を加速するための基礎研究（ゲノム情報の解読や農業上重要な遺伝子の特定からＤＮＡマーカーや育種素材（系統）の開発まで）としての位置付けを明確化」することとし、「政策ニーズに合致したイネ新品種の開発」と「イネDNAマーカー育種技術を活用した麦・飼料作物等イネ科新品種の開発」を終了とし、新品種の開発は別のプロジェクトあるいは交付金研究の中で引き続き進めている。

本委託プロジェクト研究においては、ゲノム情報やゲノムリソースの整備、それらを活用した有用遺伝子の同定・機能解明、品種開発のためのＤＮＡマーカー開発、遺伝子組換え技術の開発と遺伝子組換え生物の生物多様性影響評価手法の開発等、研究テーマが多岐にわたることから、運営委員会の助言・指導のもと、研究内容や目的に応じて領域（平成23年度は、リソース、重要形質、多様性、ＱＴＬ、大豆・園芸作物、ＧＭＯ、ＧＭＯ評価・管理、ＤＲＥＢの８領域）を設定し、関連する課題間の連携を図るとともに、一方では高温登熟、ファイトレメディエーション、収量性等、複数の課題で共通するテーマについては、横串会議を開催することによって相互の連携を強化し、本委託プロジェクト研究の一体的な推進を図っている。また、遺伝子の同定・機能解明を促進するために、中核研究機関が保有する高性能解析器機やイネゲノム解析研究の豊富な経験と人材を活用してゲノム解析に関するセンター機能を設定し、個別の研究室では対応することが難しい遺伝子候補領域を含むＢＡＣクローンの選抜とシーケンス、ＳＮＰマーカーによるゲノムタイプの判定、相補性検定のための形質転換等、について研究支援を行っている。この研究支援は成果の達成において極めて重要な役割を果たしている。

行政部局との連携については、行政部局から意見を聞く場を増やすために、23年度は研究課題を行政単位に合わせて分類し、分野ごとに研究者と行政担当者が直接意見交換を行うための運営委員会を計６回開催した。また、その際、行政側の研究への理解を助ける目的で、運営委員会に先立ちそれぞれの運営委員会のテーマに合わせて研究者が研究成果についてわかりやすく説明する「省内ミニシンポジウム」を開催した。さらに、領域毎により詳細に研究成果の検討を行うため、中核研究機関が年度末の運営委員会に先立って外部専門家及び行政部局を招聘して領域毎にアドバイザリー会議を開催しているのでＰＯ（プログラムオフィサー）が出席し、そこでの指摘事項については運営委員会の席で対応策を検討して適宜次年度計画に反映させている。

また、研究資源の配分に関しては、研究基盤の整備に関する課題については目標とするマーカー数、

系統数等を達成できる予算額を配分し、また、本プロジェクトの中核と云うべき遺伝子単離・機能解明・マーカー開発の課題には重点配分している。その中でも、研究支援の小課題を設けて、研究の進捗状況に応じて必要な課題に必要な支援を行う仕組みを作ることで、年度当初に予期できなかった進捗度の変化に柔軟に対応できており、研究資源の配分が妥当なものになっていると考える。

以上のことから、研究推進方法の妥当性は非常に高い。

| **【総括評価】**※総括評価の欄は、評価専門委員会において記載（事務局による評価段階では空欄） | **ランク：S** |
|---|---|

**１．委託プロジェクト研究課題全体の実績に関する所見**

世界の農業生産性向上に大きく貢献する研究であり、画期的な育種法の開発等の学術的にも非常に優れた研究成果を産出したことを高く評価する。

**２．今後検討を要する事項に関する所見**

我が国の強みを生かした研究開発戦略を検討し、世界をリードする研究成果を引き続き産出できるような取組を進めることが重要である。

［課題名］新農業展開ゲノムプロジェクト

| 用　　語 | 用　　語　　の　　意　　味 | 資料頁 |
|---|---|---|
| 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。 | ２３ |
| 遺伝子 | 親から子に伝えられ、その生物の生命維持のための様々な機能を発揮する、いわば生物の設計図。 | ２３ |
| 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。<br>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。 | ２３ |
| 転写因子 | 遺伝子の転写開始や転写調節に関与するタンパク質の総称。 | ２３ |
| cDNAクローン | 細胞内で機能している遺伝子そのものを人工的にコピーし複製させたもの。 | ２３ |
| プロファイリング | 情報を収集し、機能を解析すること。 | ２３ |
| マイクロアレイ | ガラス板に多数のDNA断片を高密度で規則正しく固定したもの。特定の条件下で働く遺伝子を見つけることができ、その働き具合から遺伝子の機能が解明できる。 | ２３ |
| ６B染色体 | パンコムギがもつ21対の染色体のうちのひとつで、製パン性に優れた形質などをもつ。 | ２３ |
| 塩基配列 | DNAを構成する４種の塩基（アデニン、グアニン、シトシン、チミン）が並ぶ順序。 | ２３ |
| 国際コンソーシアム | ２つ以上の企業、団体、政府からなり、共同で何らかの目的に沿った活動を行う国際的研究共同体。 | ２３ |
| BACクローン | 染色体の塩基配列の一部を細菌に導入して人工的に複製させたもの。 | ２３ |
| 物理地図 | 染色体の何処に遺伝子が存在しているのかを示した地図。 | ２３ |
| シーケンス | 塩基配列を解析する作業。 | ２３ |
| アノテーション | 塩基配列の持つ機能について解釈を加えること。 | ２３ |
| 遺伝子の単離 | 遺伝情報を有しているDNAを染色体から抽出してくること。 | ２３ |
| カドミウム | 亜鉛鉱石に多く含まれる重金属で、鉄や銅メッキなどに多く用いられてきた。人間の体内に入ると代謝されず蓄積するため発がん性などの症状を示し、半減期は腎臓や肝臓、全身で数十年と長い。 | ２３ |

| | | |
|---|---|---|
| | 特に土壌中で増加すると農作物を経て人体に取り込まれやすい。 | |
| いもち病 | イネにおける重大な病害の一つで、葉、節、穂首、籾などに感染し発病する。葉いもちは、葉に褐色で紡錘形の斑点ができる。穂いもちは、穂首部分が侵され、穂が折れやすく、白穂や念実が悪くなる。 | ２４ |
| 紋枯病 | イネの重要な病気で、水面に近い葉鞘に、はじめ橙色、楕円形の不鮮明な病斑ができ、やがて中央部が灰白色、周囲が褐色の病斑となる。 | ２４ |
| トビイロウンカ | 長い口をイネの導管や師管に直接差し込んで水分や栄養分を吸い取る。 | ２４ |
| ツマグロヨコバイ | 葉に群がって汁を吸う。吸汁による実害はほとんどないが、多発すると虫の排泄物にすす病が発生して、葉が黒く汚れる。 | ２４ |
| 紫斑点病 | ソルガムの重要な病気で、葉に初め紫褐色の斑点を生じ、これが広がって紡錘形病斑となる。病斑が融合すれば、その部分は茶褐色に枯死する。 | ２４ |
| 菌根 | 植物の根と菌類とが作る共生体。 | ２４ |
| 穂発芽 | 作物の種実が穂についたまま発芽する。 | ２４ |
| 赤かび病 | 小麦の重要な病気で、麦の穂の一部または全部が褐色になって枯れ、枯れた籾殻の合わせ目に沿って桃色のカビがみられる。 | ２４ |
| SNPsマーカー | DNAの塩基配列中の塩基１個の置換によって生ずる塩基の種類の違いをDNA多型として利用したDNAマーカー。 | ２４ |
| リグニン | 植物細胞壁に含まれる難分解性の高分子物質。 | ２４ |
| セルロース | 炭水化物の一種で植物細胞や繊維の主成分。 | ２４ |
| POPs | 難分解性、高蓄積性、有害性をもつ化学物質。 | ２４ |
| DREB遺伝子 | シロイヌナズナ由来の乾燥、塩類、低温ストレス耐性遺伝子。<br>なおDREBは（Dehydration-Responsive Element Binding factor（脱水反応成分結合因子））の略。 | ２４ |
| プロモーター | 遺伝子の一部で、遺伝子の転写を始める領域。 | ２４ |
| コンストラクト | 人工的に組み立てられた遺伝子。 | ２４ |

| | | |
|---|---|---|
| IRRI | 国際稲研究所。本部はフィリピン。 | ２６ |
| CIAT | 国際熱帯農業センター。本部はコロンビア。 | ２６ |
| CYMMIT | 国際トウモロコシ・コムギ改良センター。本部はメキシコ。 | ２６ |
| 戻し交雑 | 交雑で作った雑種に対して、最初の親のうち片方を再び交配すること。 | ２６ |
| キメラリプレッサー | 転写因子を転写抑制因子に変換すること。 | ２７ |
| シークエンサー | DNAを構成する塩基配列を読み取る機械。 | ２７ |
| RNA | 糖の一種のリボースを含む核酸。タンパク質合成に関与。 | ２７ |
| クラスタリング法 | 分類対象の集合を内的結合と外的分離が達成されるような部分集合に分割すること。 | ２７ |
| 連鎖マーカー | 塩基の繰り返しの数の違いをDNA多型として利用したDNAマーカー。 | ２７ |
| QTL | 草丈、収量などいくつかの遺伝子が表現型に関わる量的形質の遺伝子座。 | ２８ |
| PCR | ごく少量のDNAを大量に複製する手法。 | ２８ |
| プライマー | DNAを合成する際に使われる短いDNA断片。 | ２８ |
| 南方さび病 | トウモロコシの重要な病気で、乳熟期を過ぎた頃から発生し始め、下葉よりむしろ上葉から病斑が現れることが多い。 | ２９ |
| 冠さび病 | イタリアンライグラス（飼料作物）の重要な病気で、初め黄色の腫れ物状の病斑であるが、やがて楕円形病斑となり、表皮が破れて中から黄色の胞子が現れる。激発すると、葉身全体が黄色い粉を吹いたように見え、やがて枯死する。 | ２９ |
| WRKY45 | 数百もの抵抗性遺伝子の発現を制御する転写因子。 | ２９ |
| エンハンサー | DNA上の塩基配列領域を区分する名称。遺伝子調節タンパク質と結合することで遺伝子の発現を調節。 | ２９ |
| イネ萎縮ウイルス | ツマグロヨコバイによって媒介され、株全体が小さくなり、分けつが増える。葉の色が濃くなり、葉脈に沿って連続的に白色の小さな斑点ができる。 | ２９ |
| イネ縞葉枯ウイルス | ヒメトビウンカによって媒介され、葉脈に沿って黄色の縞状の斑点ができる。 | ２９ |

| | | |
|---|---|---|
| アラビノキシランン | イネ科植物に含まれる不溶性の多糖類の一つ。 | ２９ |
| キシラン | 植物細胞の細胞壁に存在する不溶性の多糖類の主成分。 | ２９ |
| ノボキニン | 血管を広げて血圧を下げる作用がある「オボキニン」の機能を強めるため、アミノ酸の一部を置き換えて改良したもの。 | ２９ |
| GABA | アミノ酸の一つで、主に抑制性の神経伝達物質として機能している。 | ２９ |
| ダイズ7SBコングリシニン | タンパク質で、血中中性脂肪を低下させる機能を有する。 | ２９ |
| ラクトスタチン | アミノ酸の一つで、血清コレステロール値低下作用を有する。 | ２９ |
| 遺伝子ターゲッティング | 意図して特定の遺伝子に変異を起こさせる技術。 | ２９ |
| アグロバクテリウム法 | アグロバクテリウムという土壌細菌を使って植物に遺伝子を取り入れる方法。 | ２９ |
| ファイトレメディエーション | 植物が根から水分や養分を吸収する能力を利用して、土壌や地下水中の汚染物質や気孔を通じて大気中の汚染物質を吸収、分解する技術。 | ３０ |

# 新農業展開ゲノムプロジェクト

【２，４１６（３，０２０）百万円】

## 対策のポイント

食料自給率の向上を見据え、我が国の栽培条件に適した画期的な品種を開発するための基盤技術開発を推進します。

＜背景／課題＞

・農作物のゲノム解析及びそれを活用した革新的な作物の開発は、国内外の食料・環境・エネルギー問題の解決に貢献するものです。

・特に、食料自給率の向上のためには、飼料用米、小麦、大豆等の作付けを大幅に拡大する必要があり、我が国の栽培環境や作付け体系に適した品種を開発していく必要があります。

・「食料・農業・農村基本計画」でも、農政の課題に技術面で的確に対応するため、新品種や革新的な生産技術の開発を推進することとされています。

## 政策目標

○稲の安定多収性や複数の病虫害抵抗性等、画期的な品種開発につながる育種素材（系統）の開発（平成２４年度）

○小麦や大豆の病虫害等、生産性を低下させる要因を克服する品種の開発に必要なＤＮＡマーカー（目印）の開発（平成２４年度）

＜主な内容＞

１．小麦６Ｂ染色体の全ゲノム塩基配列の解読

国際コンソーシアムに参加して、小麦６Ｂ染色体の全ゲノム塩基配列の解読等を行います。

２．遺伝子の特定と機能の解明

稲の生産性や複数の病虫害抵抗性等に関わる有用な遺伝子の単離、遺伝子地図上での位置の特定、遺伝子の機能の解明等を行います。

３．小麦・大豆のＤＮＡマーカーの開発

我が国の栽培環境や作付体系に適した品種の開発に必要な有用遺伝子を単離し、効率的な品種改良に必要なＤＮＡマーカー（目印）を開発します。

４．生物多様性影響評価及び区分管理のための技術開発

新たな遺伝子組換え生物の生物多様性影響評価に必要な知見や手法を確立するとともに、検知等管理技術の高度化に資する技術を開発します。

（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））］

# 新農業展開ゲノムプロジェクト
## ～ゲノム情報を活用した画期的新品種開発のための基盤研究～

### 背景・ニーズ

●食料自給率目標達成のためには、飼料用米、小麦、大豆等の作付けの大幅な拡大が必要
●気候変動に対応した循環型食料生産のイノベーション創出を目指し、画期的な新品種作出のための基盤技術開発が重要

### これまでの研究

●イネゲノム研究の成果を活用し、DNAマーカー（目印）の利用を中心とした効率的に品種を育成する研究リソースを整備

＜ゲノム解読から有用遺伝子の単離＞
◆病虫害抵抗性等、有用遺伝子を多数単離
◆大豆品種「エンレイ」のゲノム解読

＜DNAマーカーの開発から新品種作出＞
◆病虫害抵抗性等のDNAマーカーを多数作出
◆いもち病に強く、良食味の稲品種「ともほなみ」など開発

### 研究内容

●食料自給率の向上に必要な我が国の栽培環境や作付体系に適した品種開発を基盤技術により支援

**遺伝子単離、機能解明、マーカー開発**
◆稲の生産性や複数の病虫害抵抗性等に関わる有用な遺伝子を単離
◆効率的な品種改良に必要な小麦・大豆等のDNAマーカーを開発

**遺伝子組換え作物の評価・管理**
◆新たな遺伝子組換え生物の生物多様性影響評価に必要な知見や検知等管理技術を開発

**基盤整備**
◆国際コンソーシアムに参加して、小麦6B染色体の全ゲノム塩基配列を解読

### 得られる成果

●稲の複合病虫害抵抗性等の育種素材を10以上開発
●小麦・大豆の重要遺伝子の特定と100以上のDNAマーカーを開発

**稲・大豆・小麦の品種改良の飛躍的加速と食料自給率の向上に貢献**

## 平成22年度

**遺伝子組換え**

- 安全性確保
- 意識調査事業

作物開発
- 物質生産・機能性
- DREB
- バイオマス・飼料作物
- 環境耐性・修復作物

**DNAマーカー育種**

- 政策ニーズ
- ダイズ等イネ科以外
- 麦・飼料作物等

**遺伝子単離、機能解明**

イネ
- 質的形質
- 微生物ネット
- 代謝ネット
- 量的形質

イネ以外
- 麦類の遺伝子
- ソルガムの遺伝子

**基盤整備**

- イネ以外の遺伝子導入技術
- 自然変異
- 人為的変異
- 発現プロファイル
- 情報解析

## 平成23年度

**気候変動対策プロ**

**温暖化適応新品種開発**

- イネ科作物
- 大豆
- 野菜・果樹

**遺伝子組換え**

- 影響評価

作物開発
- バイオマス・飼料作物
- 環境耐性・修復作物
- 物質生産・機能性
- DREB

**遺伝子単離、機能解明**

イネ
- 質的形質
- 微生物ネット
- 代謝ネット
- 量的形質

イネ以外
- 麦類の遺伝子
- 他作物マーカー
- ソルガム
- 園芸作物

**基盤整備**

コムギ6B染色体のゲノム解読

- イネ以外の遺伝子導入
- 自然変異
- 人為的変異
- 発現プロファイル
- 情報解析

# H23 新農業展開ゲノムプロジェクトの領域構成

## GMO領域

- バイオマス・飼料作物の開発
- 物質生産・機能性作物の開発
- 環境耐性・修復作物の開発
- イネ以外の作物の遺伝子導入技術の開発

## 重要形質領域

- イネの質的形質遺伝子の単離と機能解明
- イネの生長・代謝遺伝子ネットワークの解明
- イネと微生物の遺伝子ネットワークの解明

## QTL領域

- イネ科作物の量的形質遺伝子の同定
- 自然変異を利用したイネ実験系統群の作出

## 多様性領域

- 小麦6B染色体の全ゲノム塩基配列の解読
- 麦類の有用遺伝子の同定・機能解明と品種改良に向けたDNAマーカーの開発
- （ソルガムの遺伝子単離と機能解明）

## リソース領域

- 人為的変異を利用したイネ実験系統群の作出
- 遺伝子発現情報のプロファイリング
- 情報解析ツールの開発、整備

## 大豆・園芸作物領域

- 大豆における有用遺伝子の同定・機能解明と品種改良に向けたDNAマーカーの開発
- 園芸作物の品種改良に向けたDNAマーカーの開発

## GMO評価・管理

- 生物多様性影響評価と共存研究

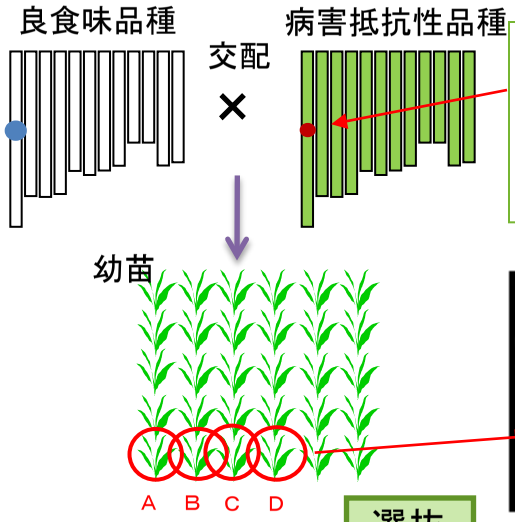
DREB

- DREB

# DNAマーカー選抜育種と遺伝子組換え育種

## DNAマーカー選抜

従来育種と同様に交配してその後代から良い形質を持った個体を選抜。ただし、DNAマーカーを利用することで、幼苗の段階で選抜できるため、**少ない労力**でしかも**短期間**で選抜できる。

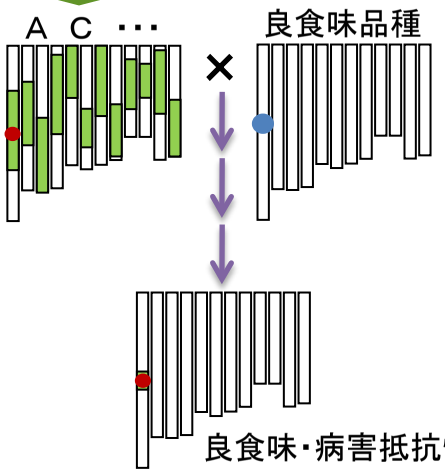



ゲノム情報を活用して同定された病害抵抗性遺伝子

**例えば、良食味品種に病害抵抗性を取り入れたい**

バンドを示す（病害抵抗性遺伝子が導入された）ACを選抜、BDは廃棄

選抜




マーカー● を目印に交配と選抜を繰り返す

従来はイネを生育させた上で、病原菌を接種し、目視により選抜
→多大な労力と期間、不確実

DNAマーカー選抜により、省力・短期間で確実に選抜

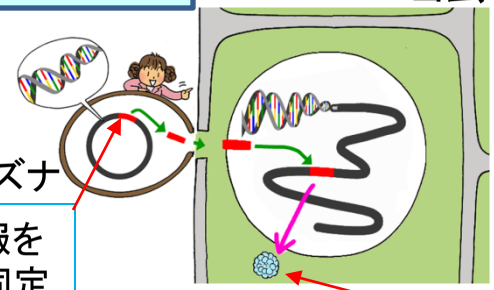
## 遺伝子組換え

遺伝子そのものを直接細胞核に入れることにより、**交配による育種では不可能な全く新しい性質を持つ品種を開発することが可能**

種の異なるコムギとシロイヌナズナは交配しない

遺伝子組換え技術により、強制的に遺伝子を導入

**例えば、乾燥地域で栽培可能なコムギをつくりたい**



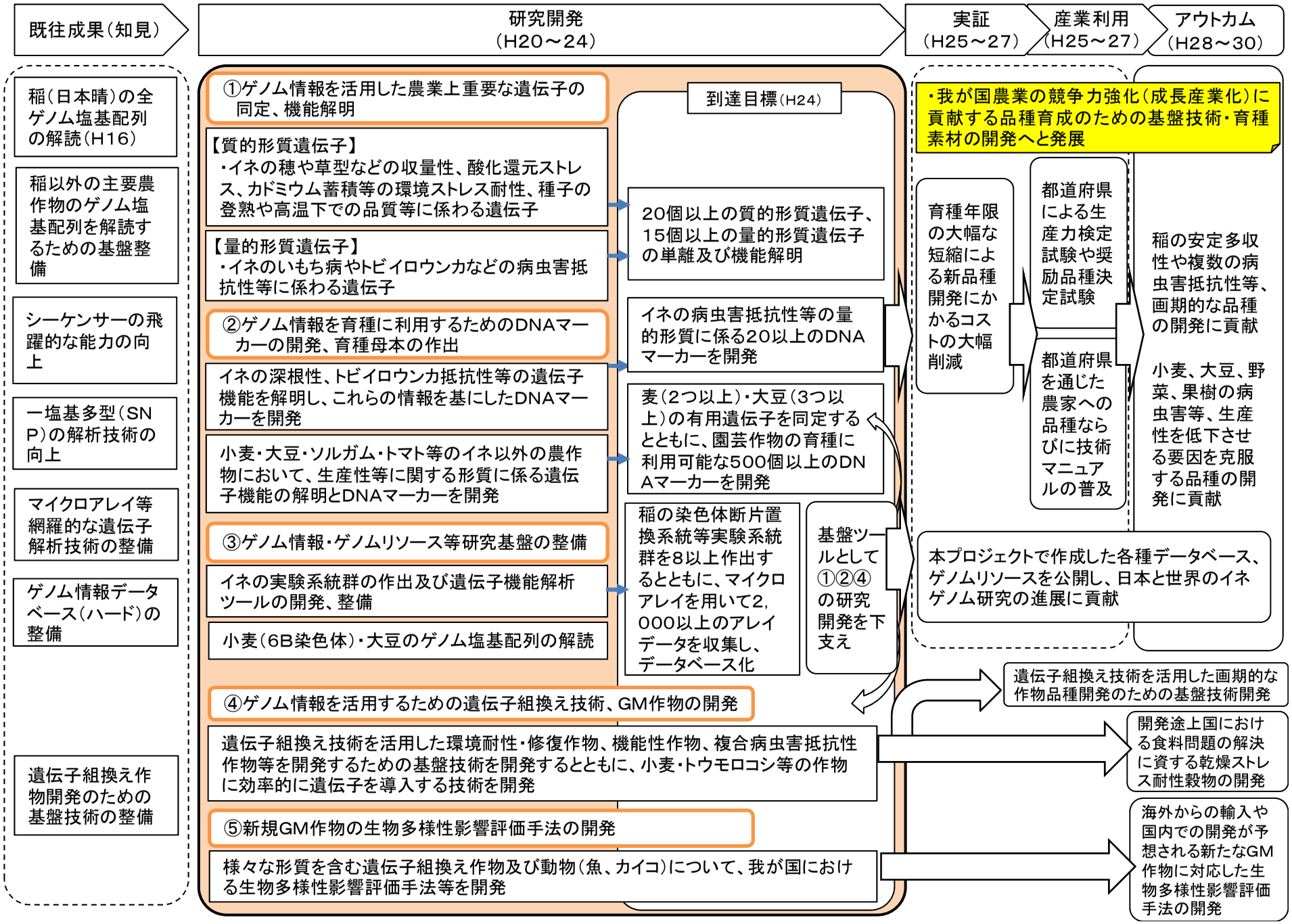

ゲノム情報を活用して同定された乾燥耐性遺伝子

乾燥耐性に関係する新しいタンパク質を作るようになる

右：シロイヌナズナの乾燥耐性遺伝子を導入したコムギ
左：導入前の普通のコムギ

白紙

# プロジェクト研究「新農業展開ゲノムプロジェクト」ロードマップ



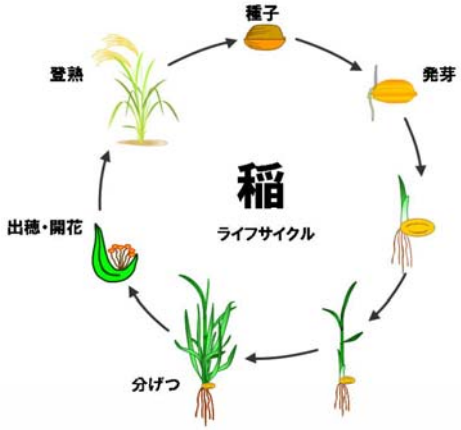
白紙

# 新農業展開ゲノムプロジェクト

## 成　果　概　要

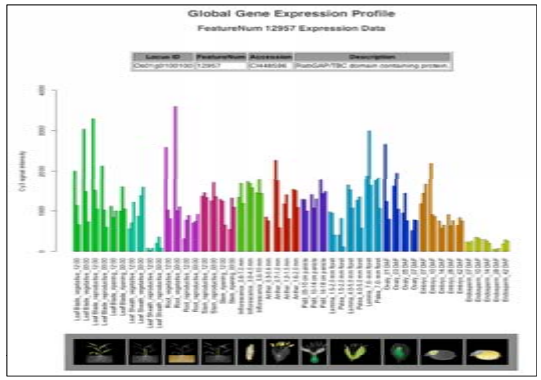
# 発現アトラス・データベース

遺伝子が、いつ、どこで、どの位発現しているか？　が一目でわかる

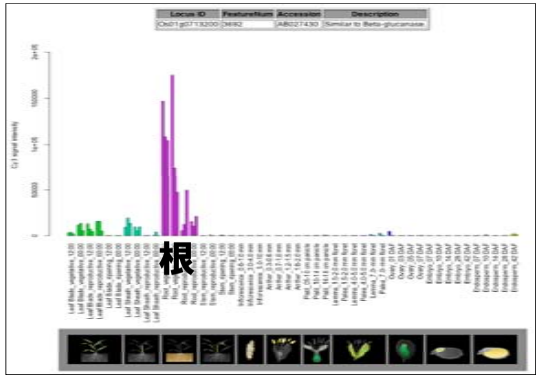



イネのライフサイクル

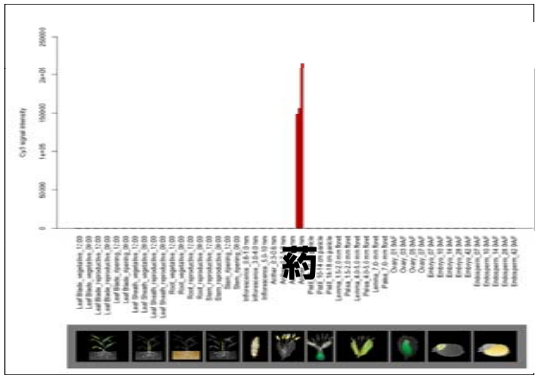
## 器官・組織別の発現情報



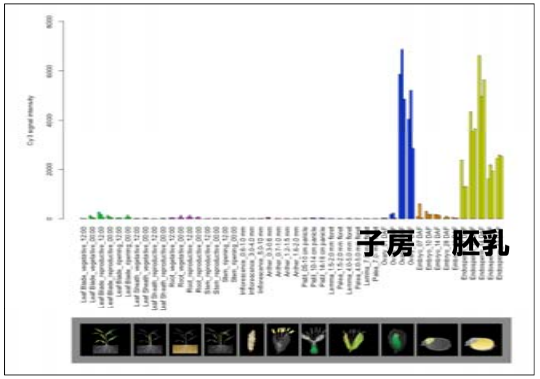

この遺伝子は、多くの組織で発現しています。




この遺伝子は、主に“根”で発現しています。

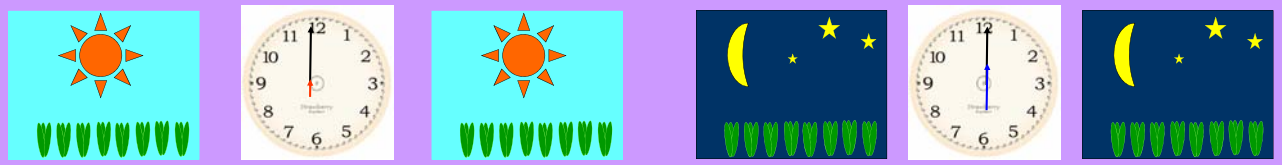


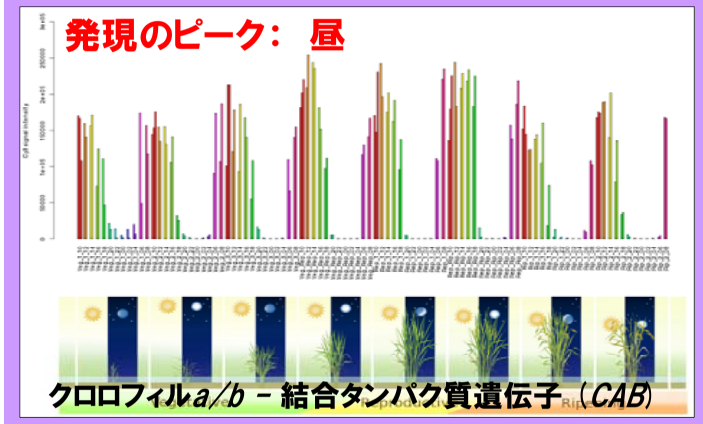

この遺伝子は、主に“葯”で発現しています。



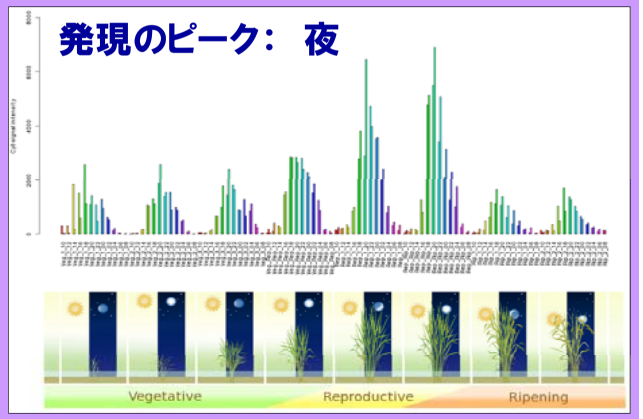

この遺伝子は、主に“胚乳、子房”で発現しています。

## 48時間連続サンプリングの結果





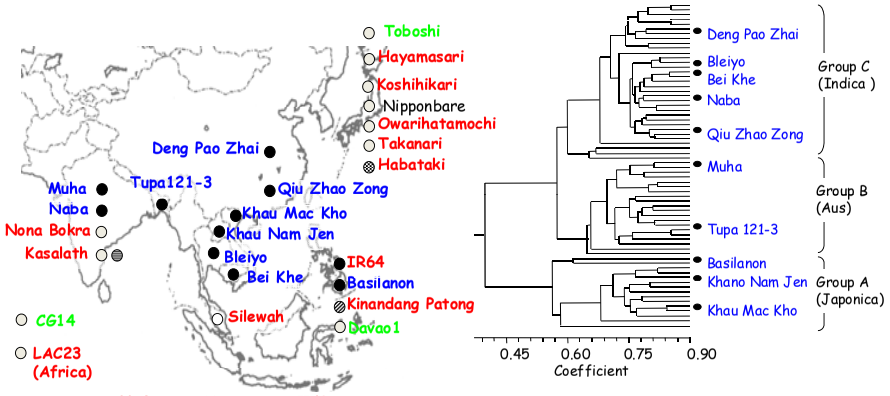

光合成に関わる遺伝子で“昼”に発現が高い




開花に関わる遺伝子で“夜”に発現が高い

# 遺伝解析用ゲノムリソースの整備

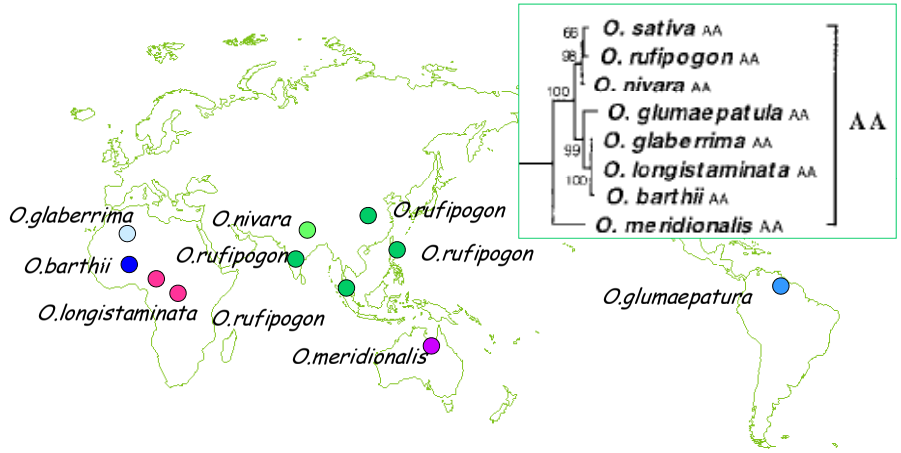
## （1）遺伝解析実験系統群の親品種-栽培品種-




特定の形質によって選抜
塩基配列の違いによって選抜
新規に育成を開始

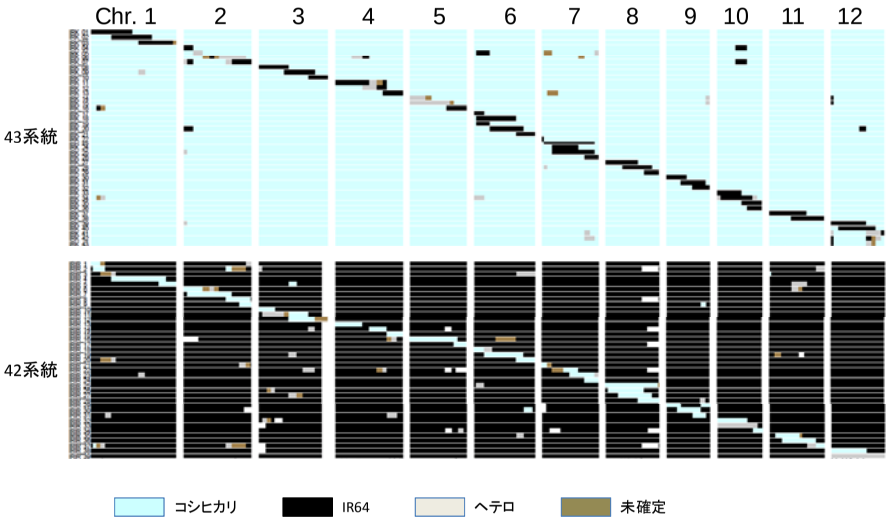
**これまでに17集団をリリース**
**来年度はプロジェクト内公開も含めて11集団リリース予定**

## （2）染色体断片置換系統群の供与親系統 -近縁野生種-




**遺伝的背景：コシヒカリ、いただき、ヒノヒカリで11集団作成**
**今年度は9集団公開**

## （3）コシヒカリ／IR64のCSSL系統群




## （4）汎用SNPセット（コアSNPセット）の選定

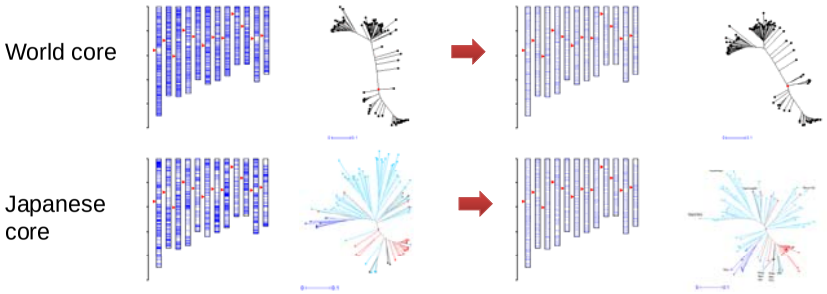
**数十万のゲノムワイドSNP**

低頻度SNPを除く
ゲノム上の位置を元に選抜

世界品種用に3,500個
日本品種用に5,000個
のSNP情報

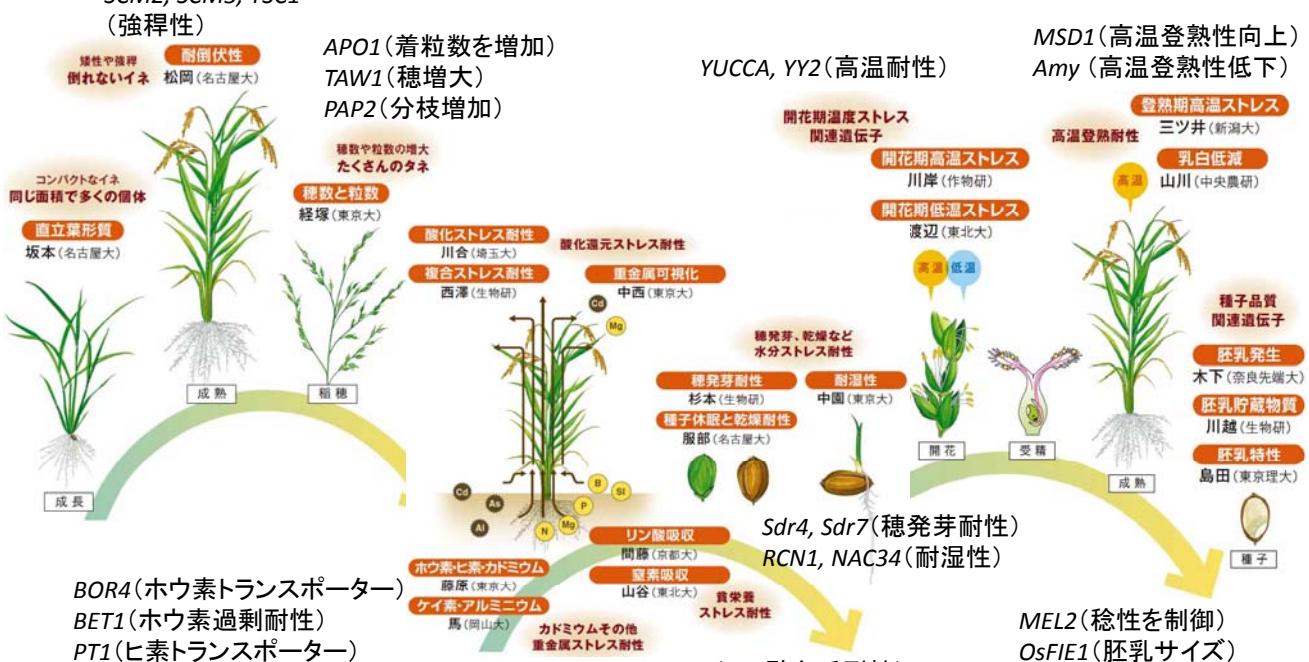
さらに使いやすく

768のコアSNP



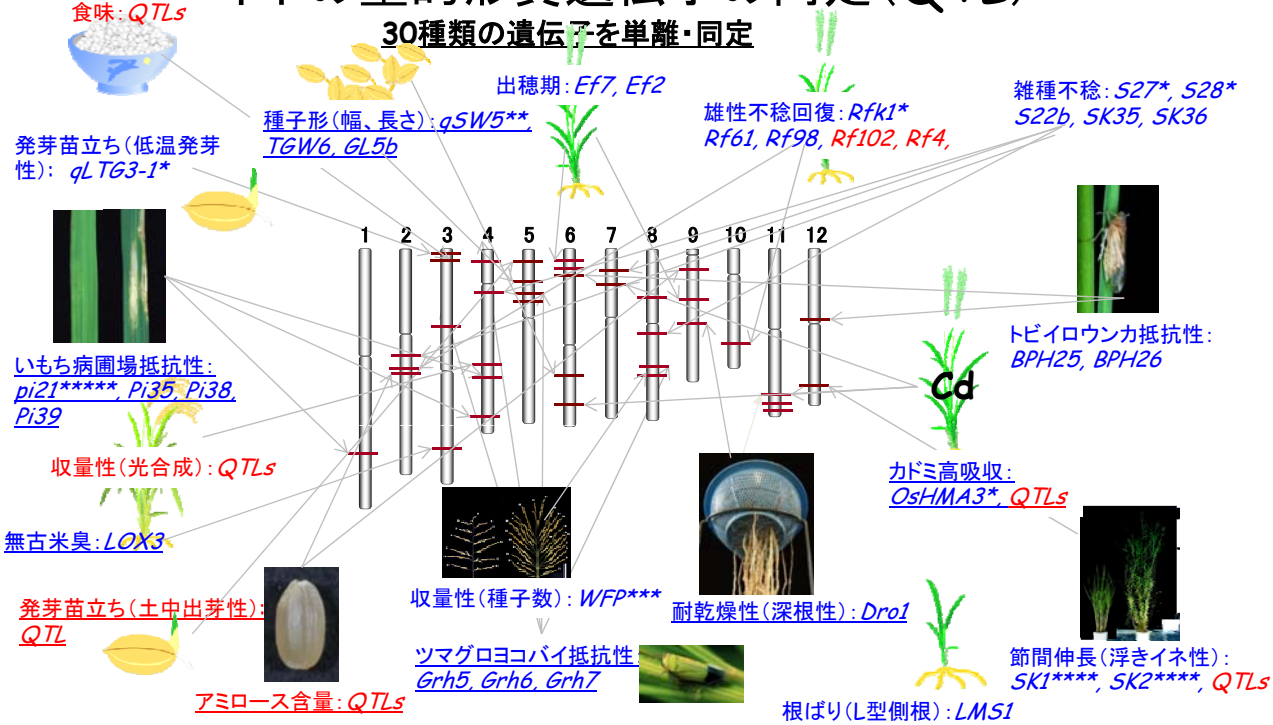
# イネの質的形質遺伝子の同定

計46種類の遺伝子の単離・解析を終了




# イネの量的形質遺伝子の同定（QTL）

30種類の遺伝子を単離・同定




**研究支援課題による遺伝子単離の加速**

青字は単離できた遺伝子，赤字は候補遺伝子領域が限定できた遺伝子，下線はマーカー選抜にすでに利用している遺伝子

*****Science誌発表、2009年度農林水産研究成果10大トピックス第1位　****Nature誌発表

***Nature Genetics誌発表　2010年度農林水産研究成果10大トピックス第2位　**Nature Genetics誌発表

*米国科学アカデミー紀要PNAS誌発表

# 新農業展開ゲノムプロジェクトで開発された品種

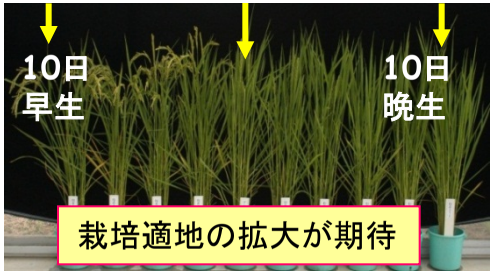
・DNAマーカーを用いて有用遺伝子をもつ個体を選抜・育種する技術を開発
・育種年限の大幅な短縮が可能（15年→最短3年）　＊（　）は育種年限

①良食味品種「ミルキークイーン」と出穂期の異なる「ミルキーサマー」（3年）

沖縄県の奨励品種候補として検定が進み栽培適地の拡大が期待

②③出穂期の異なるコシヒカリ

関東HD1号（6年）　コシヒカリ　関東HD2号（5年）




栽培適地の拡大が期待

④いもち病抵抗性を半永続的に発揮する「ともほなみ」（8年）

いもち病の被害（平成21年には全国の水稲作付面積の約2割）の低減が期待

⑤いもち病抵抗性をもつ「ヒノヒカリ関東BL1号」（6年）

ヒノヒカリ栽培地域でのいもち病による被害低減が期待

⑥トビイロウンカ、縞葉枯病、穂いもち病抵抗性をあわせもち高温にも強い「はるもに」（6年）

ヒノヒカリに替わり九州地方での病虫被害低減が期待

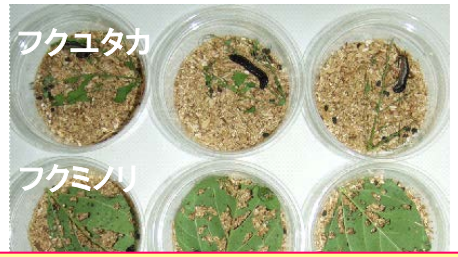
⑦トビイロウンカ抵抗性をもつ「関東BPH1号」（6年）

トビイロウンカによる被害52億円（平成17年）の被害低減が期待

⑧根こぶ病と黄化病抵抗性をもつハクサイ「あきめき」

ハクサイの主要病害である根こぶ病と黄化病の被害低減が期待

⑨ハスモンヨトウ抵抗性をもつ大豆「フクミノリ」




九州地方の大豆作付面積の約7割で発生するハスモンヨトウの被害低減が期待

# 新農業展開ゲノムプロジェクトにおける成果概要

## プロジェクトにおける成果

（平成24年2月27日時点）

| | | 備考 |
|---|---|---|
| 遺伝子関連特許取得数 | 35 | イネいもち病圃場抵抗性遺伝子Pi35(+)とその利用<br>植物の深根性を制御する遺伝子Dro1とその利用<br>植物の生長を制御する遺伝子Hd16およびその利用<br>植物におけるカドミウムの蓄積に関する遺伝子の利用<br>植物の開花性／閉花性を支配する遺伝子およびその利用　など |
| 品種登録数 | 7 | ・いもち病に強くておいしい水稲品種「ともほなみ（中部125号）<br>・ミルキークイーンの出穂性同質遺伝子水稲品種「ミルキーサマー」<br>・いもち病に強いコシヒカリの同質遺伝子系統「コシヒカリ関東BL1号」<br>・いもち病に強いヒノヒカリの同質遺伝子系統「ヒノヒカリ関東BL1号」<br>・トビイロウンカ、縞葉枯病、穂いもち抵抗性をもつ水稲品種「はるもに」<br>・主力品種「フクユタカ」のハスモンヨトウ抵抗性を強化した大豆品種「フクミノリ」<br>・根こぶ病、黄化病に抵抗性をもつハクサイ品種「あきめき」 |
| 国際雑誌への論文掲載数 | 689 | Nature (3), Science (1), Proc Natl Acad Sci USA (19), Plant Cell (32)<br>Nature Communications (2), Nature Genetics (4) など |

## 主要成果と取り上げられた新聞一覧

| No | 月日 | 新聞記事内容 | 機関名 | 新聞名 |
|---|---|---|---|---|
| 31 | H24.2.22 | 葉の水分保持の仕組みを解明 | 生物研 | 日本農業, 化学工業(2.23) |
| 30 | H23.12.12 | 低カドミウム米の作出に成功 | 東京大学 | 日本農業, 日経産業, 化学工業(12.13) |
| 29 | H23.12.6 | 小麦の種子休眠性を制御する遺伝子を発見 | 作物研 | 化学工業(12.8) |
| 28 | H23.10.5 | 根こぶ病と黄化病に抵抗性のハクサイ新品種「あきめき」 | 野菜茶業研究所 | 日本農業, 伊勢(10.6) |
| 27 | H23.8.17 | アフリカ栽培イネのゲノム塩基配列を解読 | 生物研 | 化学工業(8.18) |
| 26 | H23.8.9 | オオムギで働く2万個以上の遺伝子配列を決定 | 生物研 | 茨城(8.10), 日本農業, 化学工業(8.11), 日経産業(8.16) |
| 25 | H23.6.20 | イネの体内時計の役割を解明 | 生物研 | 日本農業, 化学工業(6.21), 日経産業(7.6) |
| 24 | H23.6.7 | 古代人は“緑の革命”をすでに起こしていたかもしれない | 神戸大学 | 日刊工業, 神戸, 茨城(6.7) |
| 23 | H23.5.30 | ミトコンドリアに鉄を運び込むタンパク質を発見 | 東京大学 | 日経産業(6.7) |
| 22 | H23.5.26 | イネの遺伝子が「いつ、どこで、どの程度」発現しているかを解明し、それらの情報を公開 | 生物研 | 日本農業(5.27), 化学工業(6.1) |
| 21 | H23.4.13 | ストレス環境条件下での細胞分裂活性の維持に必要なイネの因子を解明 | 名古屋大学 | 日刊工業(4.13) |
| 20 | H23.1.7 | 「雄しべの中で花粉が一斉に作られるしくみ」がわかってきた！ | 国立遺伝学研究所 | 静岡(6.7) |
| 19 | H22.12.22 | 効果の高い穂いもち抵抗性遺伝子を単離 | 生物研 | 日本農業(12.23), 日経産業, 化学工業(1.24), 農業共済(1.26) |

（下線）別途資料を添付

| No | 月日 | 新聞記事内容 | 機関名 | 新聞名 |
|---|---|---|---|---|
| 18 | H22.12.21 | DNAマーカー選抜技術を用いて育成した大豆新品種「フクミノリ」 | 九州沖縄農業研究センター | 日本農業, 化学工業, 熊本日日(12.22) |
| 17 | H22.11.29 | 一つで収量が多く倒れにくくするイネの遺伝子を発見 | 東京農工大学 | 日本農業, 日刊工業, 富山, 北日本, 中日(12.1), 化学工業(12.7) |
| 16 | H22.10.12 | イネのアルミニウム輸送体の発見 | 岡山大 | 日経産業(10.14) |
| 15 | H22.9.7 | コメのカドミウム蓄積を抑制する遺伝子を発見 | 岡山大 | 日経産業, 毎日(9.7) |
| 14 | H22.6.9 | イネは日の長さを測るための正確な体内時計を持っていた！イネの精密な開花制御につながる成果 | 生物研 | 日本経済, 東京, 茨城, 常陽, 日経産業(6.14), 化学工業, 日本農業(6.18), 日刊工業(6.25) |
| 13 | H22.5.24 | 「コシヒカリ」の全ゲノム塩基配列解読 | 生物研 | 読売, 日本経済, 日経産業、日本農業、化学工業(5.25), 朝日(5.28), 日本農業(5.31), 農業共済(5.31), 科学新聞(6.4), 日経産業(6.8), 産経(6.21) |
| 12 | H22.5.24 | イネ収量増加遺伝子の発見 | 名古屋大学 | 読売, 中日, 朝日, 日刊工業(5.24) |
| 11 | H22.5.20 | 植物の病原体センサー活性化の仕組みを解明 | 奈良先端大 | 日刊工業(5.20) |
| 10 | H22.4.27 | 地球温暖化のなかでの作物の安定供給に資する新たな研究成果 | 東北大学 | 日本経済(4.27) |
| 9 | H22.4.1 | 穂発芽耐性遺伝子の特定ー降雨による品質低下を防ぐー | 生物研 | 日経産業、日本農業 (4.2), 化学工業(4.7), 朝日(4.9) |
| 8 | H22.1.27 | 植物が「よそ者遺伝子」を眠らせるしくみを発見 | 生物研 | 化学工業(1.28) |
| 7 | H22.1.25 | オオムギの花が「開く」ために必須の遺伝子の発見と制御機構を解明 | 生物研 | 化学工業(1.27), 日経産業(1.28) |
| 6 | H21.8.25 | フィトクロムがないと植物は赤色光を感じられない | 生物研 | 化学工業(8.28), 常陽新聞(8.29) |
| 5 | H21.8.21 | いもち病抵抗性遺伝子を発見 | 生物研 | 化学工業, 日本経済, 日本農業, 常陽, 日経産業, 毎日, 茨城, 北国, 中日, 読売, ビジネスアイ(8.21), 日刊工業(8.24), 全国農業(8.28), 科学(9.4), 朝日(10.27) |
| 4 | H21.8.20 | 茎伸ばす浮き稲遺伝子を発見 | 生物研・名古屋大学 | 日本農業, 日刊工業, 日本経済, 産経, 中日, 毎日(8.20), 朝日(8.24), 科学(9.4) |
| 3 | H21.8.17 | 自然免疫を ”かいくぐり” いもち病菌侵入機構解明 | 生物研 | 化学工業(8.24), 日本農業(8.28), 日刊工業(9.1), 科学(9.4) |
| 2 | H21.8.4 | コメの内部タンパク質結合解明 | 生物研 | 日経産業(8.4), 化学工業(8.5), 日刊工業, 日本農業(8.14), 朝日(8.28) |
| 1 | H20.7.7 | コメの大きさを決める遺伝子を発見！日本のお米の起源に新説！ | 生物研 | 日本農業, 日本経済, 朝日, 産経, 日経産業, 東京, 化学工業, 毎日(7.7), 科学(7.11), 読売(7.12) |

プレスリリース

平成２３年１２月６日

独立行政法人　農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）作物研究所
独立行政法人　農業生物資源研究所
（独）農研機構　中央農業総合研究センター
岡山大学資源植物科学研究所
横浜市立大学木原生物学研究所

# 小麦の種子休眠性を制御する遺伝子を発見
## ―穂発芽耐性の効率的な改良による小麦の安定生産に貢献―

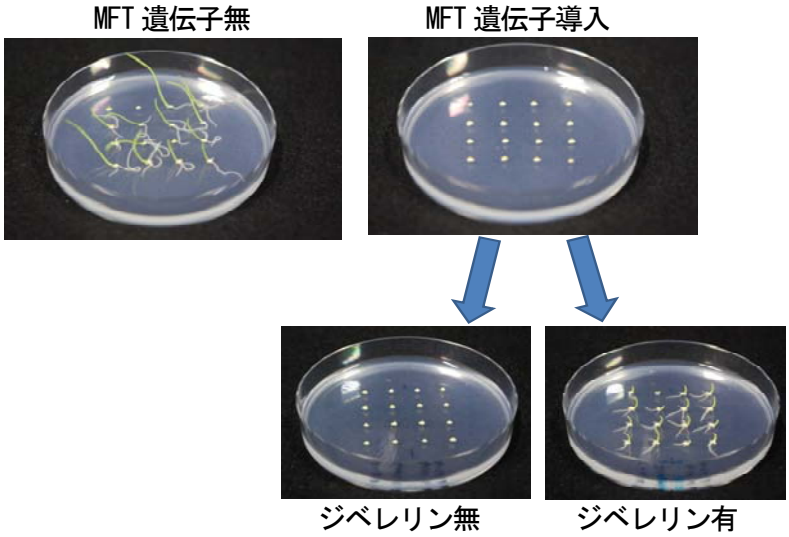
**ポイント**
- 小麦の種子休眠性の制御に関与する遺伝子（MFT 遺伝子）を明らかにしました。
- 新たに開発した MFT 遺伝子の DNA マーカーを用いることにより、穂発芽（穂についたままの種子が収穫前に発芽する現象）が発生しにくい小麦品種の開発に貢献することが期待されます。

## 概要

収穫期に雨が多いと発生しやすい穂発芽には種子の休眠性が関係し、休眠性が弱いと穂発芽が起こりやすくなります。登熟期の気温が高いと種子の休眠性が弱くなることを利用して、気温に依存して発現量が変動する MFT（Mother of FT and TFL1）遺伝子を同定し、その発現量が多いほど休眠性が強くなることを明らかにしました。

MFT 遺伝子の機能発現に関わる領域において、休眠性の強い品種と弱い品種の間で塩基配列が異なることを明らかにし、その配列の違い（多型）を識別するための DNA マーカーを開発しました。この DNA マーカーを利用することで、穂発芽しにくい小麦品種の開発に貢献することが期待されます。

この成果は、20111 年 9 月 6 日に The Plant Cell のオンライン版で公開されました。




小麦 MFT 遺伝子の発芽抑制効果
写真上：強力な発現プロモーターを結合した MFT 遺伝子を単離未熟種子胚に導入し、培養 10 日後の様子。
写真下：MFT 遺伝子を導入し発芽が抑制された胚を 10 日後にジベレリンを含む培地に移し、さらに 7 日間培養後の様子。

【No.28】

プレスリリース

平成２３年１０月　５日
独立行政法人　農業・食品産業技術総合研究機構
野菜茶業研究所
株式会社　日本農林社

# 根こぶ病と黄化病に抵抗性のハクサイ新品種「あきめき」
## －栽培しやすく、結球葉が色鮮やか－

**ポイント**
**・DNAマーカーを活用した選抜により、ハクサイの主要な土壌病害である根こぶ病と黄化病に抵抗性をもつハクサイ新品種「あきめき」を育成しました。**

## 概　要

農研機構 野菜茶業研究所と(株)日本農林社は、DNAマーカーを活用した選抜により、根こぶ病と黄化病に抵抗性があり、品質に優れたハクサイ$F_1$品種「あきめき」を共同で育成しました。

ハクサイ産地では、ハクサイの主要な土壌伝染性の病害である根こぶ病と黄化病の発生が大きな問題となっています。「あきめき」は、根こぶ病に強い抵抗性と黄化病に中程度の抵抗性があるため、防除におけるコスト削減及び薬剤処理に要する労力の軽減が期待されます。

「あきめき」は、平成23年6月6日に品種登録出願(品種登録出願番号：第25985号)を行い、平成23年8月19日に品種登録出願公表されました。

表1　4グループの根こぶ病菌に対する「あきめき」の抵抗性

| 品種名 | グループ1 | グループ2 | グループ3 | グループ4 |
|---|---|---|---|---|
| あきめき | R | R | R | R |
| はくさい中間母本農9号※1 | R | R | PRまたはS | R |
| CR隆徳 | S | S | R | R |
| SCRひろ黄 | S | R | S | R |
| 無双 | S | S | S | S |

Hatakeyamaら(2004)のグループ分けに従った
R:抵抗性、PR::一部抵抗性、S:罹病性
※1「はくさい中間母本農9号」はグループ3に属する菌によって弱い抵抗性から罹病性を示す

表2　「あきめき」の黄化病抵抗性

| 品種名 | 供試個体数 | 発病株率 | 平均発病指数 |
|---|---|---|---|
| あきめき | 14 | 14.3% | 0.18 |
| 秋理想 | 48 | 16.7% | 0.13 |
| 黄久娘65 | 90 | 83.3% | 2.03 |
| 黄久娘80 | 81 | 53.1% | 0.81 |

茨城県牛久市の黄化病汚染圃場での抵抗性程度を調査
病徴;0:発病なし、1:一部が黄化、2:株の半分が黄化、3:株全体が黄化
黄久娘65は罹病性品種、黄久娘80は中程度の抵抗性を示す

【No.27】

プレスリリース

平成２３年８月１７日
独立行政法人農業生物資源研究所

# アフリカ栽培イネのゲノム塩基配列を解読
## －優れた耐病性などアフリカ栽培イネの農業特性の利用に期待－

**ポイント**
- 日本のイネとは別系統のアフリカ栽培イネのゲノムの主要部分を解読し、データベース（AfRicA DB）として公開
- アフリカ栽培イネの持つ強い耐乾燥性や耐病性、耐虫性などを利用した新品種の開発に大きく貢献

## 概要

１．世界の栽培イネには、オリザ・サティバとオリザ・グラベリマという２つの系統があります。アジアで栽培されるオリザ・サティバでは、「日本晴」品種の全ゲノム塩基配列が解読されています。今回、（独）農業生物資源研究所は、もう一つのアフリカ固有の栽培イネであるオリザ・グラベリマについてゲノム塩基配列を大規模に解読し、全ゲノムの約２割に相当する部分を明らかにしました。

２．アフリカ栽培イネは乾燥や病気、害虫への抵抗性が強いことが知られ、アジア栽培イネと掛け合わせたネリカ米の作出にも使われています。今回の解読結果から、アフリカ栽培イネにしか存在しないと考えられる DNA 配列が明らかになり、アジア栽培イネでは存在しない遺伝子が複数確認されました。これらの違いがそれぞれの栽培種を特徴付けている可能性があります。また、この中にはアフリカ栽培イネの耐病性の強さと関連する遺伝子が多く含まれています。

３．これらの成果は、アフリカ栽培イネとアジア栽培イネの両方の改良に利用できると考えられ、より良い品種の開発に大きく貢献することが期待されます。

４．今回の結果は、データベースとして、AfRicA DB（http://green.dna.affrc.go.jp/Og/）で公開するとともに、英国の科学雑誌「The Plant Journal」で公開されました。

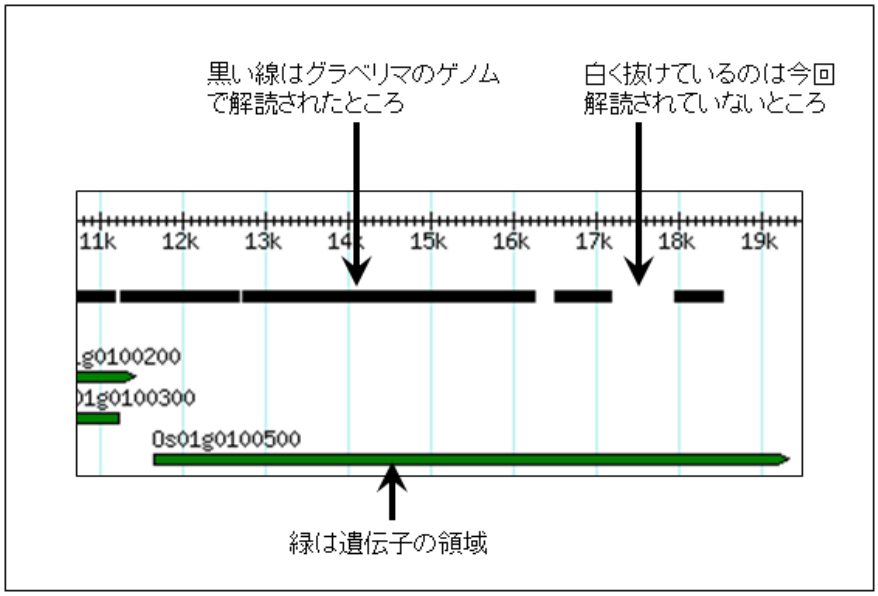



図　ゲノム解読の結果
横軸（11k～19k）が日本晴ゲノム。黒線が対応するグラベリマゲノムで解読できた部分。白く抜けているのが今回読めていない部分を表します。

プレスリリース

平成２３年８月９日
独立行政法人　農業生物資源研究所
岡山大学資源植物学研究所
日立公共システムエンジニアリング株式会社

# オオムギで働く２万個以上の遺伝子配列を決定
## －ムギ類の品種改良への貢献に期待－

**ポイント**
- **オオムギの 24,783 個の遺伝子について塩基配列を決定しました。**
- **このうち、85%のオオムギ遺伝子の機能を推定しました。**
- **ムギ類の品種改良への利用が期待されます。**

## 概要

1．（独）農業生物資源研究所は、オオムギにおける 17 万個以上の完全長 cDNA を収集し、そのうち重複を除いた 24,783 個の cDNA について塩基配列を決定しました。
2．様々な生物から既知の遺伝子情報を収集したデータベースと照合することで、配列を決定したオオムギ遺伝子のうちの 85%について機能を推定しました。今回の結果は、データベース The barley full length cDNA database として公開しました。
3．また、オオムギ独自の特徴を決定していると予想される他の穀物（イネ、トウモロコシ、ソルガムなど）がもたない遺伝子 1,699 個を発見しました。
4．これらオオムギの遺伝子情報は、オオムギのみならず、ムギ類全般の品種改良に活用できると期待されます。
5．この成果は 2011 年 3 月 17 日に国際雑誌「Plant Physiology」で公開されました。

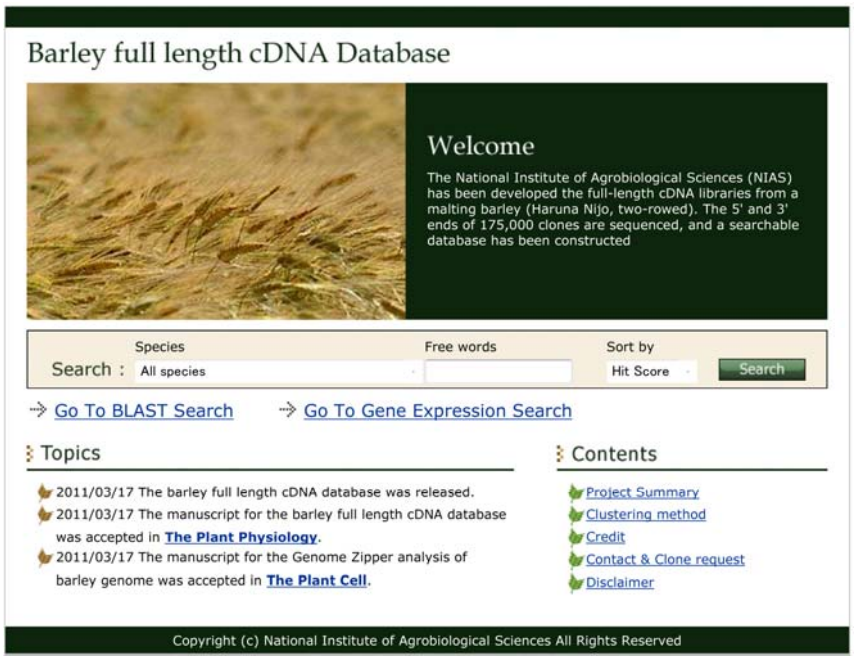



図　オオムギ完全長 cDNA データベースのトップページ
（ホームページアドレス http://barleyflc.dna.affrc.go. jp/hvdb/index.html）

【No.22】

プレスリリース

平成２３年５月２６日
独立行政法人農業生物資源研究所

# イネの遺伝子が「いつ、どこで、どの程度」発現しているかを解明し、それらの情報を公開　－イネ科作物の遺伝子機能解明の加速化に貢献－

**ポイント**
- イネの様々な器官で田植え以降の各生育ステージで働く遺伝子を解明
- 得られた遺伝子発現情報をデータベース化して公開
- 本研究の成果によってイネおよびイネ科作物の遺伝子の機能解明が加速されると期待

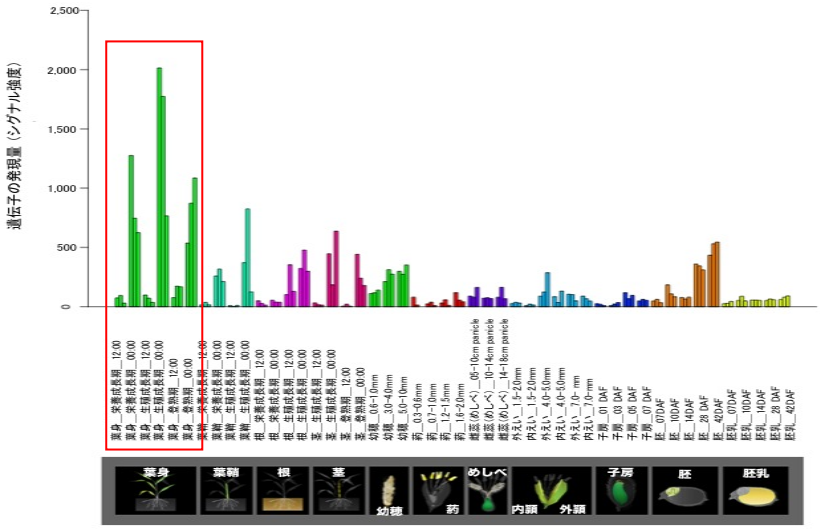
## 概要

1．（独）農業生物資源研究所は、イネにおいて田植えから刈取りまでの各生育ステージにおいて、様々な部位における遺伝子の発現を網羅的に調べ、遺伝子発現データベース「RiceXPro（Rice eXpression Profile database）」として公開しました（http://ricexpro.dna.affrc.go.jp/）。

2．イネのゲノム上には約 32,000 個の遺伝子が存在すると推定されていますが、多くの遺伝子の機能は明らかになっていません。新品種の育成等に遺伝子情報を利用するには、遺伝子の機能を解明することが必須です。それぞれの遺伝子がいつ、どこで、どの程度働くのかという遺伝子の発現情報は、その機能を推測する重要な手がかりになります。

3．これらの情報は、イネだけでなく、オオムギ・コムギ等のイネ科作物の遺伝子の機能解明を加速させ、新品種の開発につながると期待されます。

4．この成果は 2010 年 11 月 2 日に国際雑誌「Nucleic Acids Research」で公開されました。




RiceXPro で閲覧できる遺伝子発現情報の例
開花期を制御する *Hd1* 遺伝子の発現。葉で夜間に高い発現が見られる（赤色枠内）。

【No.19】 ＜遺伝子単離・機能解明＞

プレスリリース

平成２２年１２月２２日
独立行政法人農業生物資源研究所

# 効果の高い穂いもち抵抗性遺伝子を単離

**ポイント**
- **ゲノム情報を利用して、「穂いもち」抵抗性遺伝子をはじめて単離しました。**
- **「穂いもち」抵抗性の維持に寄与してきたと思われるこの遺伝子の特徴を発見しました。**
- **「穂いもち」抵抗性を獲得した遺伝子の進化の過程が明らかになりました。**

## 概要

1．　（独）農業生物資源研究所は、愛知県農業総合試験場、（独）農研機構 北海道農業研究センター、農林水産先端技術研究所と共同で、穂いもち抵抗性遺伝子を単離し、構造と機能を明らかにしました。

2．　いもち病はイネに大きな被害を与える病害ですが、特に穂で発生する穂いもちは、米の収量や品質の低下を招きます。私たちは、ゲノム情報を利用して、効果が高く持続性のある穂いもち抵抗性を発揮させる圃場抵抗性遺伝子*Pb1*を特定して単離し、構造と機能を明らかにしました。

3．　*Pb1*遺伝子による穂いもち抵抗性は、交配によってイネの品種に導入され、30年にわたって安定性が発揮されてきました。今回、*Pb1*遺伝子の発現パターンを調べることにより、穂いもちに特に効果が高く抵抗性が長期間維持されてきた要因の一つと思われる特徴を発見しました。

4．　*Pb1*遺伝子は、進化の過程において、あるゲノム領域が重複した結果、抵抗性を獲得したことが明らかになりました。

5．　この成果は、2010年11月1日に英国科学雑誌「Plant Journal」で公開されました。

*Pb1* なし　　*Pb1* あり

*Pb1* なし　*Pb1* あり

*Pb1* 遺伝子をもたないコシヒカリと*Pb1*を導入した品種（コシヒカリ愛知SBL）の穂いもち発生の様子。*Pb1* を導入した品種は圃場抵抗性を示し、若干の穂いもち発病は見られますが、その程度を格段に軽減しています。

【No.18】

プレスリリース

平成２２年１２月２１日
独立行政法人　農業・食品産業技術総合研究機構
九州沖縄農業研究センター

# DNAマーカー選抜技術を用いて育成した大豆新品種「フクミノリ」
## －主力品種「フクユタカ」のハスモンヨトウ抵抗性の向上に成功－

**ポイント**

- **「フクミノリ」は、大豆では我が国で初めて DNA マーカー選抜技術を利用して育成された品種です。**
- **大豆の主力品種「フクユタカ」と同等の豆腐加工適性、栽培特性を持ちながら、重要害虫ハスモンヨトウに対する抵抗性を向上させた豆腐用新品種です。**
- **これにより、暖地・温暖地における大豆作の収量安定に貢献することが期待されます。**

**概要**

1．　農研機構 九州沖縄農業研究センターは、大豆では我が国で初めて DNA マーカーを用いて選抜した豆腐用新品種「フクミノリ」を育成しました。
2．　「フクミノリ」は DNA マーカー選抜技術によって、重要な食葉性害虫であるハスモンヨトウへの抵抗性遺伝子を豆腐用大豆の主力品種「フクユタカ」に短期間に導入し、ハスモンヨトウ抵抗性を向上させた品種です。
3．　「フクミノリ」は、「フクユタカ」と同等の豆腐加工適性と栽培特性を持っています。
4．　これにより、暖地・温暖地におけるハスモンヨトウ被害の軽減につながるとともに、大豆作の収量安定に貢献することが期待されます。

写真　抗生性試験の様子
上段：フクユタカ　　下段：フクミノリ

フクユタカとフクミノリのハスモンヨトウ幼虫（６齢、脱皮後３日目）による被食度の差（サンプル葉は 20 時間前に供与）

平成 22 年 11 月 29 日
国立大学法人　東京農工大学
国立大学法人　名古屋大学
独立行政法人　農業生物資源研究所
富山県　農林水産総合技術センター

２１世紀の食料増産のための新しいイネ品種改良に道

# 一つで収量が多く倒れにくくするイネの遺伝子を発見

## 染色体上の強稈関連量的形質遺伝子座とその多面発現性原因遺伝子を解明

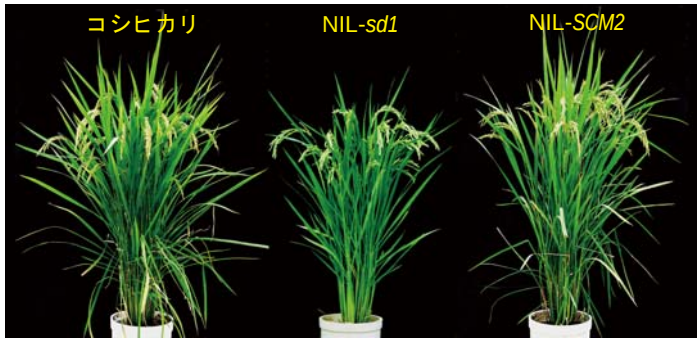
＜研究概要＞

東京農工大学は、名古屋大学、農業生物資源研究所、富山県農林水産総合技術センターとの共同研究で、イネの茎を強くし倒れにくくすると同時に収量も増加させる遺伝子を発見し、その遺伝子の利用により、収量が多くて倒れにくいコシヒカリを作ることに成功しました。

インド型品種ハバタキは茎が太く、収量も多いという特徴を持っています。私たちはこのハバタキが持つ茎を太くする遺伝子（*strong culm2*, *SCM2* と名付けました）に着目して、この遺伝子を特定することに成功しました。また、この遺伝子の働きを調べることで、この遺伝子は茎の細胞分裂を活性化して茎を太くすることが分かりました。さらに、この遺伝子は茎だけでなく穂の細胞分裂も盛んにする結果、タネの数も増やす効果も持つことが分かりました。交配によりこの遺伝子をコシヒカリに導入すると、コシヒカリの収量は 10%増加し、かつ倒れ難くなることが実験圃場で確認されました。この遺伝子はコムギなど他のイネ科の主要作物も持っているため、本研究成果はイネだけでなく、他のイネ科の主要作物にも応用が可能であり、倒れにくい多収品種の開発を通じて、世界の食料増産、食料問題の解決に貢献することが期待されます。

この研究成果は 2010 年 12 月 1 日に英国科学雑誌「*Nature Communications*」に掲載されました。

A




B

図　コシヒカリ、NIL-*sd1*、NIL-*SCM2* の草姿（A）、穂の形態（B）の比較.
ハバタキ *APO1* 遺伝子をもつ NIL-*SCM2* はコシヒカリに比べて、茎が太く断面係数が大きくなり、ハバタキと同様の茎の強さを備えています。NIL-*SCM2* はコシヒカリに比べて穂につくタネの数が増え、収量が増加します。

【No.13】

プレスリリース

平成２２年５月２４日
独立行政法人農業生物資源研究所

# 「コシヒカリ」の全ゲノム塩基配列解読
# －日本のおコメの起源と変遷が明らかに－

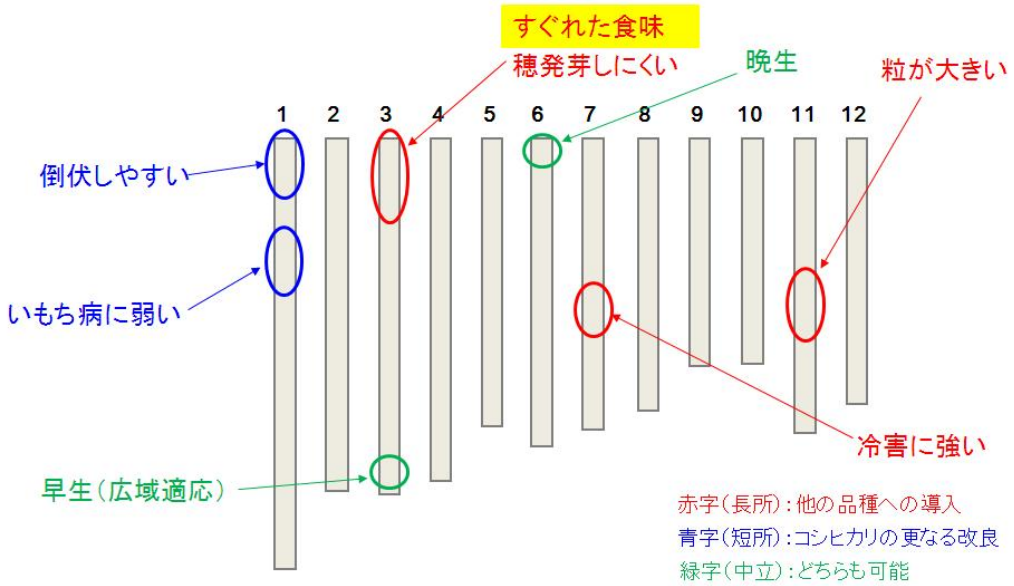
**ポイント**
- **日本人にとって最も重要なイネ品種「コシヒカリ」の全ゲノム塩基配列を解読。**
- **日本のイネ品種改良に伴う遺伝子の組み合わせの変化を詳細に解明。**
- **品種改良の飛躍的な進展に期待。**

## 概要

1）独立行政法人農業生物資源研究所は、2004 年に国際コンソーシアムの中心としてイネ品種「日本晴」の全ゲノム塩基配列を解読し、ゲノム情報を利用した遺伝子の単離・機能解析を進めてきました。今回、私達は日本人にとって最も重要なイネ品種「コシヒカリ」の全ゲノム塩基配列を解読しました。

2）今回、近年急速に進展した遺伝子配列解読技術を用いて、コシヒカリの全ゲノム塩基配列を短期間で解読し、その配列を既に全ゲノム塩基配列が明らかとなっている「日本晴」と比較することにより、67,051 か所の塩基配列の違い（一塩基多型：SNP）を見出しました。さらに、品種改良の歴史において重要な 151 の品種を選び、それぞれについてゲノム全体をカバーする 1,907 か所の SNP を調査してコシヒカリのゲノムの起源を明らかにしました。これは日本のイネにおける品種改良の歴史を遺伝子レベルで明らかにした初めての成果であり、今後の品種育成を効率的に行うために重要な情報基盤となります。

この成果は、2010 年 4 月 27 日に BMC Genomics（英国のオンライン専用の科学雑誌）で公開されました。




コシヒカリのゲノム配列を解読したことで、コシヒカリが持つ様々な性質を決めている遺伝子が染色体のどこに存在するかが明らかになった。

【No.12】

平成２２年５月２４日

# 『イネの収量を劇的に上昇させる遺伝子の同定と機能解析に成功』

名古屋大学生物機能開発利用研究センター芦苅基行教授らの研究グループが、このたびイネの収量を劇的に上昇させる遺伝子（*WFP*遺伝子）の同定と機能解析に成功しました。

人類の活動エネルギーの50%は3つの穀物から得ています（イネ（23%）、コムギ（17%）、トウモロコシ（10%））。なかでもイネは最も供給カロリーの高い重要な穀物であり、アジアの人々にとっては欠くことのできない主食であります。

現在、世界では10億人が栄養失調であるとされ、今後ますます食糧危機の深刻化が懸念されております。今回の発見によってイネの収量が劇的に上昇するため、これから起こりうる食糧危機に対して大いに貢献できるとともに、同じイネ科の主要穀類であるコムギ、トウモロコシの収量増加にも寄与できると期待されています。

この研究成果は、2010年5月23日に国際雑誌「Nature Genetics」で公表されました。

「日本晴」の植物体と穂

「日本晴」にマーカー育種によってWFP 遺伝子を取り込んだ植物体と穂

プレスリリース

平成２２年４月１日
独立行政法人農業生物資源研究所
独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構作物研究所
国立大学法人名古屋大学
独立行政法人理化学研究所

# 穂発芽耐性遺伝子の特定
# ー降雨による品質低下を防ぐー

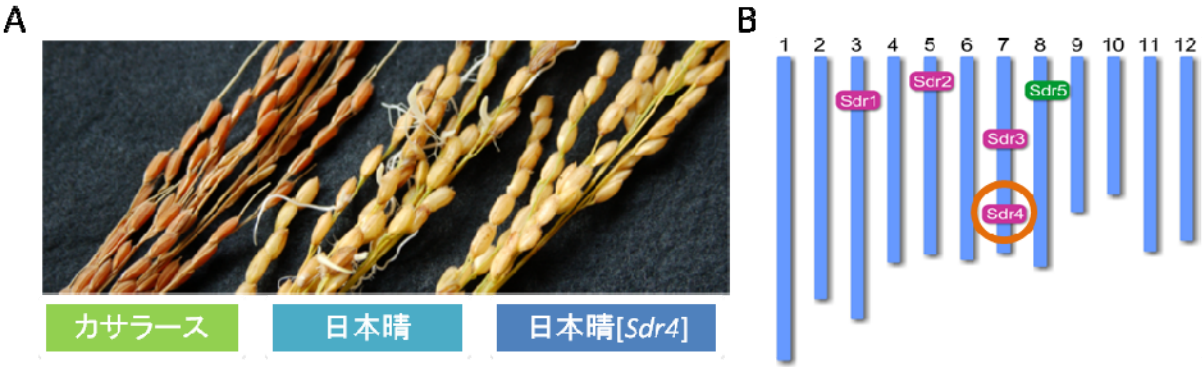
**ポイント**
- **種子の品質を損なう穂発芽を防ぐ遺伝子を特定。**
- **今後予想される温暖化による降雨に対応したイネの品種開発に利用できる。**
- **コムギの穂発芽を防ぐ研究に応用できる可能性。**

## 概要

植物の種子は環境が植物の生存に適した状態になると発芽します。収穫前に降雨や温度の条件がそろった場合は、穂についたままの種子が発芽することがあり、穂発芽と呼ばれています。穂発芽した種子は商品価値が全くなくなるため、その解決が求められています。農業生物資源研究所は作物研究所、名古屋大学および理化学研究所と共同で、強い穂発芽耐性（種子休眠性）を持つカサラースと呼ばれるインド稲から、穂発芽を起こしにくくなる原因となる遺伝子の一つである *Sdr4* を特定し、その機能を解析しました。その結果、 *Sdr4* は種子休眠のみを制御する遺伝子であることが明らかになり、穂発芽耐性を付与してもその他の農業形質には影響を与えない、品種改良に適した遺伝子であることがわかりました。

地球温暖化による近年の気温の上昇、多雨などからイネの穂発芽耐性の向上が必要になってきており、*Sdr4* はイネの品種改良に有用です。また、同じイネ科作物で、穂発芽による被害がより深刻なコムギの穂発芽耐性遺伝子の解明と耐性付与への貢献が期待されます。

この成果は、2010 年 3 月 10 日に米国科学アカデミー紀要（PNAS）のオンライン版で公開されました。




**穂発芽耐性遺伝子 *Sdr4* の効果とゲノム上の位置**
A）穂発芽耐性の強いカサラースと穂発芽耐性の弱い日本晴の発芽試験を行うと、カサラースは発芽しませんが、日本晴は発芽しました。また、日本晴にカサラース由来の ***Sdr4*** を導入した系統（日本晴[*Sdr4*]）は穂発芽耐性を示し、発芽が抑制されました。B）カサラースから見出された 5 つの穂発芽耐性関連遺伝子の位置を示しました。その中で作用の強い ***Sdr4*** は第 7 染色体長腕部に位置しています（オレンジ色の丸を付けた部分）。

【No.7】

プレスリリース

平成 22 年 1 月 25 日
（独）農業生物資源研究所

# オオムギの花が「開く」ために必須の遺伝子の発見と制御機構を解明

**ポイント**
- 花を開かせる仕組みに直接関与している遺伝子をオオムギで発見し、この遺伝子が制御されている機構を解明。
- 病害にかかりにくい作物の作出や新たな採種技術の開発に向けた重要な一歩。

## 概要

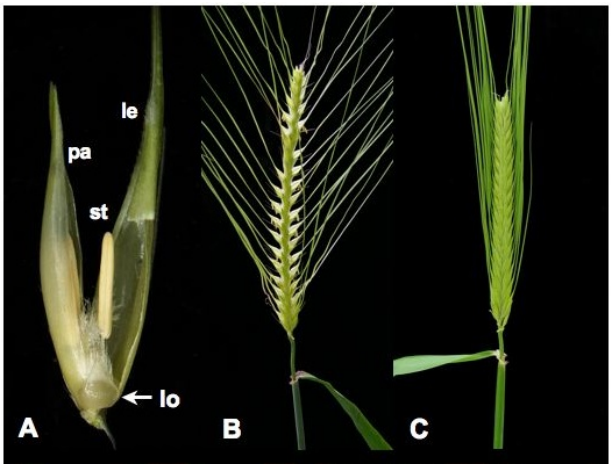
農業生物資源研究所の研究チームは、作物研究所、STAFF 研究所、スイス・チューリッヒ大学、ドイツ・ライプニッツ IPK 研究所と共同で、オオムギの「開花」に必須な遺伝子 *Cly1* を同定し、この遺伝子の機能が制御される機構を明らかにしました。

イネや、コムギ、オオムギなど世界の重要穀物はその種子を食用としますが、その多くは同一の花の中におしべとめしべの両方を生じ、それが自家受粉することにより種子を生成する「自家受粉性作物」です。自家受粉性作物では花の内部で受精するため、結実のためには必ずしも開花を必要としないにも関わらず、受粉時には開花して、おしべを花の外部に出すのが一般的です。このため開花によって病原菌の侵入が容易になること事や花粉が飛散することによる予期しない交雑が問題となっていました。

オオムギには花を開かない品種がまれにあります。今回私たちは「開花」に必須な遺伝子 *Cly1* の同定に成功し、開花しない品種と開花する品種の違いはこの遺伝子の中の 1 塩基の違いが原因であることを突き止めました。この 1 塩基の違いが見つかった箇所は *Cly1* の発現に影響することが予想される部位であり、この部位が変化することにより *Cly1* の機能が変化すると考えられます。

今回の成果によりイネ科植物の花が開く際の仕組みを解く手がかりが得られました。また、*Cly1* は植物に普遍的に存在する遺伝子であることから、これにより花器官の形成機構を明らかにすることが出来ると考えられます。さらに、*Cly1* の機能が制御される仕組みの解明は、病害にかかりにくい作物の作出や新たな採種技術の開発につながる重要な知見となります。

この成果の概要は2009年12月14日に「米国科学アカデミー紀要(PNAS)」に掲載されました。




オオムギ小穂の花器官.
(*A*) 開花型の小穂 (*B*) 開花型品種の穂
(*C*) 閉花型品種の穂

プレスリリース

平成 21 年 8 月 21 日
（独）農業生物資源研究所

# イネの品種改良に新たな歴史を拓く、いもち病抵抗性遺伝子の発見

## -美味しく、いもち病に強い品種を開発-

**ポイント**

- ゲノム情報を利用して、新しいタイプの「いもち病」抵抗性遺伝子を陸稲（オカボ）から発見。
- 「いもち病」抵抗性遺伝子の位置情報を利用することにより、従来育種法では困難だった、美味しく、いもち病に強い品種を育成。

## 概要

農業生物資源研究所は、愛知県農業総合試験場、石川県立大学、STAFF 研究所と共同で、陸稲（オカボ）から、新しいタイプのいもち病抵抗性遺伝子を発見し、さらにその遺伝子のゲノム情報を利用して、美味しく、いもち病に強い品種の開発に成功しました。

陸稲は、イネの深刻な病害であるいもち病に対して持続性のある抵抗性（以下、圃場抵抗性）を持っていますが、この優れた性質がどの遺伝子によるかはわかっていませんでした。今回私たちは、ゲノム情報を利用して、陸稲がもつ圃場抵抗性を支配する、最も重要な遺伝子 *pi21* を特定し、この遺伝子がこれまでの抵抗性遺伝子とは異なる構造を持つことを明らかにしました。

これまでは、交配により陸稲のいもち病抵抗性を水稲に導入した場合、いもち病に強くなるものの、食味が低下するので、この抵抗性は育種に利用されませんでした。今回の研究で私たちは、その原因が、陸稲型の *pi21* 遺伝子の近くに食味を損ねる遺伝子があり、従来の品種改良では両遺伝子が同時に品種に取り込まれてしまうためであることを明らかにしました。そこで、ゲノム情報を利用した新たな育種法により、食味を損ねる遺伝子を切り離して陸稲型の *pi21* 遺伝子だけを水稲に導入し、良食味でいもち病に強い品種を作出しました。

今回の成果は、遺伝子の位置情報を利用して長年にわたる品種改良の問題を解決した初めての事例で、ゲノム情報を利用して農業上重要な特性に関わる遺伝子を発見したのみならず、イネが病害に強くなる仕組みの解明にも貴重な情報を提供するもので、より安定した生産を可能にするイネの開発に貢献できると期待されます。

この成果の概要は、米国科学雑誌「サイエンス」の 2009 年 8 月 14 日号で公開されました。

コシヒカリ（水稲型*pi21*）　中部125号（陸稲型*pi21*）

# プレスリリース要旨

2009 年 8 月 20 日

## -名古屋大学研究グループが洪水耐性イネのメカニズムを解明-

名古屋大学の研究グループは、九州大学、農業生物資源研究所、理化学研究所・植物科学センターと共同で、急激な洪水が発生しても水没し溺死することなく生存出来る「浮イネ」の洪水回避遺伝子を明らかにするとともにその分子メカニズムを明らかにしました。この研究成果は 2009 年 8 月 20 日付けの英国科学雑誌「Nature」に掲載されました。

＜研究成果の応用＞

東南アジアのデルタ地帯では、毎年、雨期に洪水が発生し水位が数メートルに達します。この地域の人々は、この洪水期に浮イネを栽培します。洪水下で唯一収穫できる穀物だからです。しかし、浮イネは収量が非常に低いことが知られています。我々はこれまでに収量を高くする遺伝子も同定しており、浮きイネの遺伝子、収量の遺伝子を組み合わせることでより良い浮イネ品種の育成ができると信じています。実際に東南アジアの洪水地帯に対応した、イネ品種の育成を行っています。

プレスリリース

平成 21 年 8 月 17 日
（独）農業生物資源研究所

# 植物の免疫システムをかいくぐる、カビの「ステルス作戦」の発見
## ―病原カビに対する新たな防除法の開発に期待―

**ポイント**
- イネいもち病菌は、イネの免疫系が認識できない物質で菌の表面を覆うことによってイネの免疫システムをかいくぐり、イネに感染できることを発見
- 病原カビに対する免疫力を高めた抵抗性作物の作出や、免疫力を高める薬剤の開発につながると期待

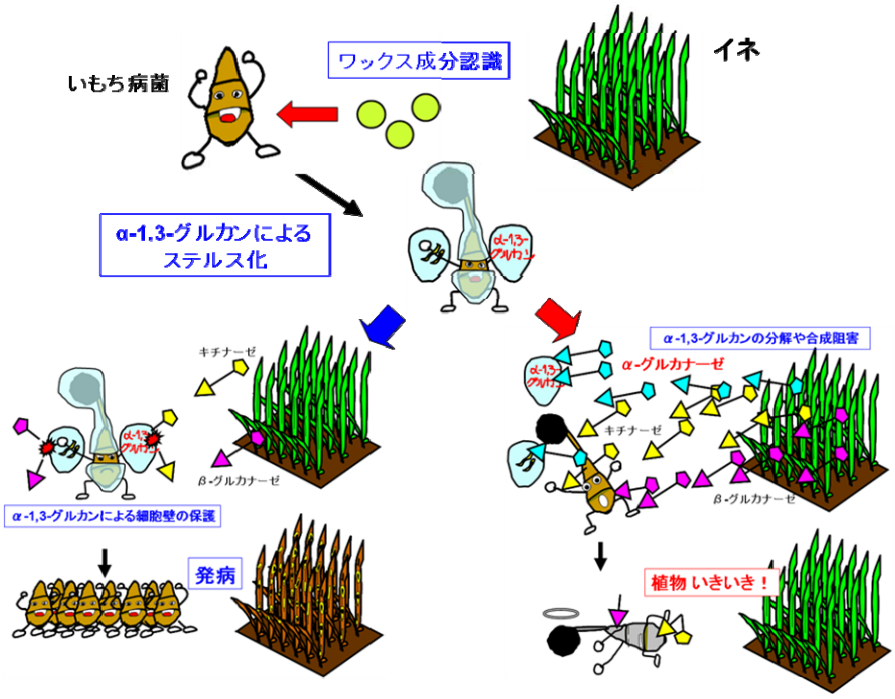
## 概要

農業生物資源研究所は、イネ科植物の病原性のカビであるいもち病菌が植物の自然免疫システムをかいくぐって感染する機構を解明しました。

植物には侵入してきた感染菌を認識し、攻撃する免疫システムがあります。このシステムは、植物にカビが侵入すると、カビが共通して持っている細胞壁成分などを植物が認識し、次いで、カビの細胞壁を分解する酵素などを作り出してカビを攻撃するものです。ところが、イネいもち病菌は免疫システムをかいくぐってイネに感染できます。長い間その「かいくぐる」メカニズムは不明でした。今回、イネいもち病菌がイネに侵入する時に、イネの免疫システムに見つからないような「ステルス作戦」をしていることがわかりました。すなわち、イネいもち病菌は、イネの表面のワックス成分を認識すると、α-1,3-グルカンという物質で菌の表面を覆うことにより、イネの自然免疫システムに探知されずに感染できることが明らかになりました。

この成果により、「どのように感染カビは植物の自然免疫システムに攻撃されずに感染するのか？」という謎を解くことができました。現在この成果を活用して、α-1, 3-グルカン分解ができる植物の作出及びα-1, 3-グルカンの合成を阻害する薬剤の開発に向けた研究を継続しています。

この成果の概要は、2009 年 7 月 7 日に国際雑誌「Molecular Microbiology 」に掲載されました。



白紙

（参考資料１）

農林水産省政策評価基本計画（抄）
（平成22年8月10日農林水産大臣決定）

第７　事後評価の実施に関する事項

農林水産省は、事後評価として、実績評価、総合評価並びに公共事業の事業評価、研究開発の事業評価及び租税特別措置等の事業評価を実施する。

なお、社会情勢の変化や外部からの要請により政策評価の実施が必要となったものは、政策評価法第７条第２項第３号に区分される評価として、総合評価に準じて、適切に実施する。

４　研究開発の事業評価

事後評価として、期中の評価及び終了時の評価を実施する。

（２）終了時の評価

ア　評価の対象

以下の研究開発課題及び研究制度のうち総事業費10億円以上のものを対象とする。

① 独立行政法人等に委託して実施するプロジェクト研究開発課題
② 国費の補助を受けて都道府県又は民間等の試験研究機関において実施される研究開発課題
③ 研究制度

イ　実施時期

原則として、アの①及び③については終了年度の前年度、アの②については終了年度に実施する。ただし、これ以外の時期においても、社会経済情勢の変化等により評価の実施主体が必要と認めた場合には実施する。

ウ　取組方針

終了時の評価に当たっては、以下の評価項目について点検し、達成度及び成果について総括評価を行うとともに、成果の活用、普及方法、今後取り組むべき研究開発課題及び研究制度について検証する。

① 研究の科学的な意義、社会的・経済的な効果
② 投入した研究資源の妥当性
③ 研究計画・実施体制の妥当性
④ 研究目標の達成度
⑤ 研究成果の実績・インパクト（普及性・波及性）

白紙

（参考資料２）

農林水産省における研究開発評価に関する指針（抄）
（平成23年１月27日農林水産技術会議決定）

第５ 委託プロジェクト研究課題評価

１ 評価の趣旨

委託プロジェクト研究課題の効率的かつ効果的な企画及び実施並びに研究成果の普及・実用化の促進のため、評価を実施する。

２ 評価の対象

評価の対象は、独立行政法人等に委託して実施する委託プロジェクト研究課題とする。

３ 評価の時期

① 評価結果が、研究課題の企画・立案又は見直しに的確に反映されるとともに、当該委託プロジェクト研究課題の終了後、その成果の普及・実用化に向けた研究開発や実証等の施策を切れ目なく展開できるよう、原則として次の時期に評価を実施する。

ア 委託プロジェクト研究課題の企画・立案を行う時期（プレ評価）
イ 委託プロジェクト研究課題の開始前（事前評価）
ウ 委託プロジェクト研究課題が終了する年度の前年度（終了時評価）

② また、５年以上の研究期間を有する委託プロジェクト研究課題については、原則として、委託プロジェクト研究課題を開始した翌年度に中間評価を実施する。その後は、２～４年ごとに中間評価を実施する。

４ 評価の方法

① 事務局は、必要性、効率性、有効性等の観点を踏まえて評価項目及び評価基準を定める。

② 事務局（行政部局が専ら委託プロジェクト研究課題を企画・立案又は運営する場合は、当該行政部局）は、評価対象となる委託プロジェクト研究課題ごとに、それぞれ当該研究課題の企画・立案、実施及び成果の普及・実用化に関し連携する行政部局と必要な協議・調整を行った上で、研究課題の概要資料を作成するとともに、①の評価項目及び評価基準に従い、評価を実施し、評価専門委員会に報告する。この際、委託プロジェクト研究課題の概要資料の一つとして、研究終了時における具体的な数値目標及び当該研究成果が社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム）を設定するとともに、研究成果の普及・実用化の道筋も含めた研究実施期間中の各年次における到達目標を明らかにしたロードマップを作成するものとする。

③ 評価専門委員会は、②の評価について、その妥当性を検討し、必要に応じ修正を行った上で評価し、技術会議に報告する。この際、研究目標の妥当性や研究成果の普及・実用化の道筋、社会・経済等に及ぼす効果（アウトカム）等について十分な審議が行えるよう、評価専門委員会は、当該委託プロジェクト研究課題の企画・立

案、実施及び成果の普及・実用化に関し連携する行政部局から意見聴取を行うことができるものとする。

④ 技術会議は、評価専門委員会の評価をもって、技術会議の評価とするとともに、評価を踏まえて、委託プロジェクト研究課題及びその研究計画の見直し又は中止、委託先研究機関の再公募を含む研究推進体制の見直し、投入される予算の規模又は配分の見直し等に向けた所要の措置を行う。また、委託プロジェクト研究課題の終了時評価の内容が、当該委託プロジェクト研究課題の成果の普及・実用化に向けた施策が企画・立案される際に適切に反映されるよう所要の措置を行う。

（参考資料３）

研究開発評価実施要領（抄）
（平成23年1月28日最終改正 農林水産技術会議事務局長通知）

第４ 委託プロジェクト研究課題評価

１ 評価の対象及び評価の時期

（１）～（３） 略

（４）終了時評価

① 評価の対象は、研究期間が終了する委託プロジェクト研究課題とする。

② 評価は、当初の研究計画の構成や研究の実施状況を勘案しつつ、原則として、当該委託プロジェクト研究課題の終了年度の前年度末までに実施する。

２ 評価の方法

（１）～（３）略

（４）終了時評価

① 終了時評価は、評価指針第５の４の①に基づき事務局が定める評価項目及び評価基準として別表２－４を原則に実施するものとする。この際、委託プロジェクト研究課題の研究成果の活用方法や他の研究への波及可能性等について十分な検討を行い当該委託プロジェクト研究課題の終了後に実施される研究成果の普及・実用化に向けた施策が適切なものとなるよう留意するものとする。

② 評価指針第５の４の②に基づき実施する委託プロジェクト研究課題の概要資料の作成及び事務局（行政部局が委託プロジェクト研究課題を専ら運営する場合は当該行政部局。以下②において同じ。）による評価は、技術政策課長の総括の下、担当開発官等が、原則として、以下の方法により実施するものとする。

ア 担当開発官等は、受託研究者に研究成果等の報告を求め、委託プロジェクト研究課題の概要資料及び事務局による評価案を作成するものとする。この際、概要資料のうち、ロードマップについては別添２－４を参考として作成することとし、事務局による評価案は、別添３－４の様式に沿って記載する。

イ 運営委員会は、概要資料の内容及び事務局による評価案について、その妥当性を検討し、これらの修正に関する意見をとりまとめるものとする。

ウ 担当開発官等は、運営委員会の意見を踏まえ、概要資料の内容及び事務局による評価結果を決定するものとする。

③ 評価指針第５の４の③に基づき実施する評価専門委員会による評価の内容は、別添３－４の様式に沿って記載する。

④ 事務局長は、評価指針第５の４の④についての必要な事務手続きを行うとともに、その内容を研究実施主体に通知するものとする。

## 委託プロジェクト研究課題評価の評価項目及び評価基準（終了時評価）

| 評価項目（注１） | 評価項目に含まれる事項（注２） | 評価基準 |
|---|---|---|
| １．研究成果の意義 | 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 | Ｓ：研究成果の独創性、革新性、先導性又は実用性は研究開始時を上回ると認められ、意義は非常に高い |
| | | Ａ：研究成果の独創性、革新性、先導性又は実用性は研究開始時と同様と認められ、意義は高い |
| | | Ｂ：研究開始時と比べて、研究成果の独創性、革新性、先導性又は実用性は低下しており、意義はやや低い |
| | | Ｃ：研究開始時と比べて、研究成果の独創性、革新性、先導性又は実用性は著しく低下しており、意義は低い |
| ２．研究目標の達成度及び今後の達成可能性 | ①研究目標の達成度（論文、特許、普及に移しうる成果、研究に関する国民とのコミュニケーション活動、人材育成の取組等の実績を含む）（注４）<br>②研究目標の今後の達成可能性 | Ｓ：研究目標を超える成果をあげており（又は当初の見込みを上回る進度で進捗し、研究目標を超える成果が期待できることから）、達成度は非常に高い |
| | | Ａ：研究目標は概ね達成（最終到達目標に対し80%以上の達成率）しており（又は概ね当初の見込みのとおり研究は進捗しており）、達成度は高い |
| | | Ｂ：研究目標をやや下回る成果（最終到達目標に対し80%未満の達成率）となっており（又は当初の見込みをやや下回る進度で研究は進捗しており）、達成度はやや低い |
| | | Ｃ：研究目標をかなり下回る成果（最終到達目標に対し、50%未満の達成率）となっており（又は当初の見込みをかなり下回る進度で研究が進捗しており）、達成度は低い |
| 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（注３） | ①アウトカム目標達成の可能性<br>②研究成果の活用方法の明確性（行政施策への貢献、事業化・普及・実用化の見通し等）<br>③他の研究への波及可能性（副次的な成果等に係るものを含む） | Ｓ：①から③のすべてを十分に有しており、かつ当初の見込みを上回る効果が期待されることから、明確性は非常に高い |
| | | Ａ：①から③のすべてを十分に有しており、明確性は高い |
| | | Ｂ：①から③のうち不十分なものがあり、明確性はやや低い |
| | | Ｃ：①から③のいずれも不十分であり、明確性は低い |

| | | |
|---|---|---|
| ４．研究推進方法の妥当性 | ①研究計画（的確な見直しが行われてきたか等）の妥当性<br>②研究推進体制の妥当性<br>③投入された研究資源（予算）の規模及び配分の妥当性 | Ｓ：①から③のいずれも明確であり、かつ費用面で計画以上に効率的に研究を推進しており、妥当性は非常に高い |
| | | Ａ：①から③のいずれも明確であり、妥当性は高い |
| | | Ｂ：①から③のうち不明確なものがあり、妥当性はやや低い |
| | | Ｃ：①から③のいずれも不明確であり妥当性は低い |

［総括評価基準］（注５）

１～４の観点を踏まえ、委託プロジェクト研究課題全体の総合的な評価として、次の４段階で評価を行う。

Ｓ：予想以上の成果をあげた。

Ａ：概ね目的を達成した。

Ｂ：目的の達成がやや不十分であった。

Ｃ：目的の達成は不十分であった。

（注１）各評価項目と「必要性」、「効率性」、「有効性」の観点との対応は、必要性は１、効率性は４、有効性は２及び３となる。

（注２）研究内容により該当しないものについては、それを除外して評価を行う。

（注３）基礎的研究等については、他の研究への波及効果及びそれらの研究を通じてもたらされる社会・経済等に及ぼす効果について評価を行う。

（注４）評価基準における目標の達成率は、原則としてロードマップに位置付けた数値目標に対する実績の割合（数値目標が複数ある場合、それぞれの目標値に対する実績の割合を平均したもの）とする。ただし、これにより難い場合は、他の適当な方法でロードマップに位置付けた目標に対する到達度合いを判定できるものとし、その判定の考え方を評価個票に記載するものとする。

（注５）１～４の評価項目の総括評価基準への反映は、原則として以下のとおりとする。

①１～４の評価項目のうち１項目以上がＣである場合、総括評価基準はＣとする。

②１～４の評価項目のすべてがＢ以上である場合（③、④の場合を除く）、総括評価基準はＢとする。

③１～４の評価項目のすべてがＢ以上、かつ、３項目以上がＡ以上である場合（④の場合を除く）、総括評価基準はＡとする。

④１～４の評価項目のすべてがＡ以上（うち１項目以上がＳ）である場合、総括評価基準はＳとする。

白紙

（参考資料4）

# 評価専門委員会委員名簿

（平成24年3月15日現在）

| | | | |
|---|---|---|---|
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | おがわ　のりこ<br>小川宣子 | 中部大学応用生物学部教授 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | おごせ　ゆみ<br>生越由美 | 東京理科大学専門職大学院教授 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | おさだ　りゅうた<br>長田竜太 | 日本キヌカ株式会社代表取締役社長 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | かまだ　ひろし<br>鎌田博 | 国立大学法人<br>筑波大学大学院生命環境科学研究科教授 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | たけだ　はるお<br>武田晴夫 | 株式会社日立製作所研究開発本部技師長 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | つねかわ　あつし<br>恒川篤史 | 国立大学法人<br>鳥取大学乾燥地研究センター長　教授 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | なかの　えいこ<br>中野栄子 | 株式会社日経BPコンサルティング開発本部<br>編集グループプロデューサー |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | ふくはら　としひで<br>福原俊秀 | 農事組合法人アグリコ代表理事会長 |
| | 農林水産技術会議<br>専門委員 | まつい　かずひこ<br>松井和彦 | 味の素株式会社 経営企画部 理事 |
| ○ | 農林水産技術会議<br>専門委員 | もんま　としゆき<br>門間敏幸 | 東京農業大学国際食料情報学部教授 |

○印は座長

（五十音順、敬称略）