

国立研究開発法人 農業生物資源研究所

平成27年度及び第3期中期目標期間の
業務運営及び主な研究成果
(研究部分)

H28年6月2日

生物研のミッション

農業分野の生命科学の研究開発を進め、農業技術の革新や新たな生物産業の創出を目指す

	自己評価	
	H27	第3期
1. 画期的な農作物や家畜的な等の開発を支える研究基盤の整備 (1) 農業生物遺伝資源の充実と活用の強化 (中課題数：1) (2) 農業生物のゲノムリソース・情報基盤の整備・高度化 (中課題数：5)	A	B
2. 農業生物に飛躍的な機能向上をもたらすための生命現象の解明と利用技術の開発 (1) 農作物や家畜等の生産性向上に資する生物機能の解明 (中課題数：4) (2) 農作物や家畜等の生物機能の高度発揮に向けた生物間相互作用の解明と利用技術の開発 (中課題数：6)	B	B
3. 新たな生物産業の創出に向けた生物機能の利用技術の開発 (中課題数：5)	A	A

評価区分の標準は、H23~25年度は「A」、平成26年~27年度及び第3期中期目標期間は「B」である。

H27年度の主な研究成果

No.	中課題番号	内容
1	1-21	オオムギの起源と種子の脱落メカニズムの解明
2		ジーンターゲットングによるイネ対立遺伝子の同時改変
3	1-23	小さな遺伝効果の農業形質遺伝子座を網羅的に検出する解析手法を開発
4	2-11	古代米の起源に迫る！
5	2-12	『幼若ホルモン』フリーのカイコを作出：新規害虫制御剤の開発が加速
6		ハチ目昆虫のRNAiによる遺伝子機能解析とゲノム編集法の開発
7	2-22	いもち病に対する抵抗性誘導剤の効果が低温で発揮できない原因を解明
8	2-25	天敵昆虫ナミヒメハナカメムシを誘引する紫色光の発見
9*	2-26	簡単に使えて、きれいに治せる絆創膏型人工皮膚の開発
10	3-01	イネにおける小胞体ストレス応答のネットワーク解明
11	3-02	高機能組換えシルク等の生産制御のための絹糸腺転写制御機構の解明

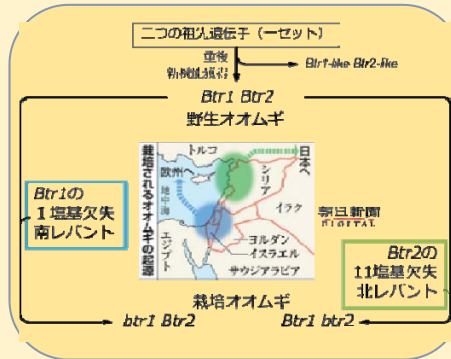
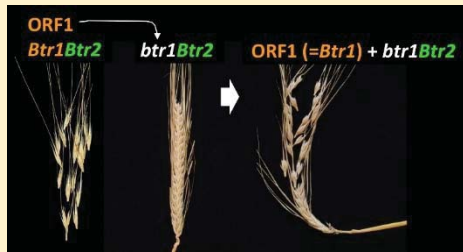
* 主要研究成果：新産業の創出等につながる有用な研究成果

H27年度の主な研究成果

大課題1-2 (自己評価A)

脱粒性機能の解明からオオムギの栽培起源を明らかに

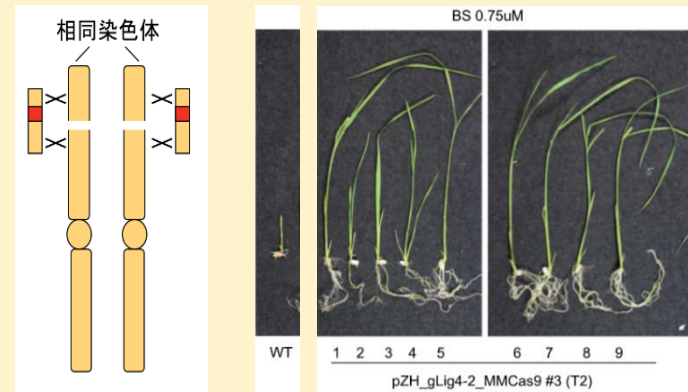
(+) (-) (+) 脱粒性



オオムギは中東地域の異なる2か所で栽培化されたことが判明。

遺伝的多様性の高い未利用の野生オオムギの利用や
 起源の異なる品種間交配による新品種の育成が可能に

標的組換えにより除草剤耐性を付与することに成功



標的組み換えにより、相同染色体上の対立遺伝子を同時に塩基置換

一度の組換えで遺伝子の完全破壊が可能に

大課題2-2 (27年度主要研究成果)

ブタのコラーゲンから絆創膏型人工皮膚を開発

絆創膏型人工皮膚
 傷に貼るだけ

汚れた部分を交換する時も痛くない

本製品の特徴
 簡単な操作性 (誰でも使える)
 長期の保存性 (いつでも使える)
 瘢痕防止作用 (きれいに治る)

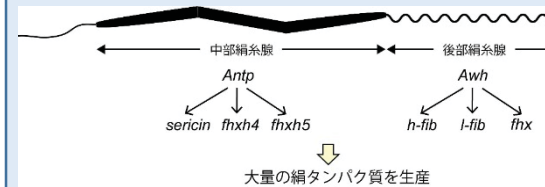
絆創膏型人工皮膚では**平坦**に治癒

動物実験の結果

家畜の生理機能をヒトの医療へ応用

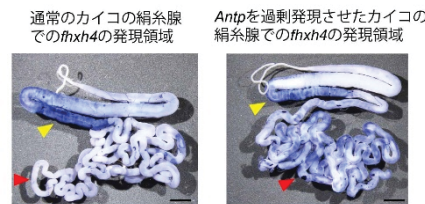
大課題3 (自己評価A)

繭の構成成分が生産される仕組みを解明



中部・後部絹糸腺で働く転写因子を解明。

絹糸線の中部で発現する複数の遺伝子を後部で強制発現できた。



組換えカイコで高機能シルクや有用タンパク質を発現させる場所と発現量の制御が可能に

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

大課題 1 - (1) 「農業生物遺伝資源の充実と活用の強化」

H27年度の業績評価 (評定： A)

H27年度業務実績報告書p.48-55対応

主な業務実績等	自己評価
<p>遺伝資源の高度化を目指し、イネとダイズ以外についてもコアコレクションの作成を強化した。また、登録微生物遺伝資源の分類同定に関するバーコードDNA領域や、ジーンバンクに登録されている植物ウイルスの9割について外皮タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列を解析した。キウイフルーツのかいよう病の原因が新規系統の細菌感染によることを明らかにし、それらの診断・同定の方法について開発を進めた。マメ類のリソース整備として、アズキのストレス耐性野生種的全ゲノム解読をほぼ完了した。また、アズキ野生種の栽培化に有用な遺伝子に関する変異体を複数作出した。放射線育種場で開発した変異体についてデータベースを作成し、公開した。サトイモなど栄養体の超低温保存法研究では、複数の農作物について最適条件の検討により再生率が飛躍的に向上した。</p> <p>我が国のITPGR加入への対応として、遺伝資源データベースの「MLS対象遺伝資源」に12,705点を追加登録した。また、ITPGRの定型の材料移転契約 (SMTA) 報告用システム (Easy-SMTA) に対応するシステムを構築した。国際的な共同研究としては、農水省委託プロジェクト「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」を拡大し、ベトナム、ラオス、カンボジアに加えて、ミャンマーとネパールを加え、遺伝資源の探索、評価等を実施した。特に、カンボジアとミャンマーからはSMTAにより野菜類の遺伝資源を国内に導入することに成功など、アジアの遺伝資源のネットワークの構築についても貢献した。</p>	<p>遺伝資源の高度化に向けた系統やコアコレクションの作成、遺伝情報の整備、超低温保存法の開発など、計画通りに進展している。生物遺伝資源の配布や、情報提供を広く行うための農業生物資源ジーンバンク事業Webサイトの運用・開発も順調である (http://gene.affrc.go.jp)。特に本年度は新たに日本ダイズの系統樹をWebページ化することで、視覚的な類縁関係をもとに遺伝資源を効率的に検索できるシステムを提供できた。また、利用者の認証機能を利用して、配布制限付の植物遺伝資源を国内向けに公開するためのシステムを開発し、これまで配布できなかった遺伝資源を利用できるようにした。</p> <p>我が国のITPGRの加入への国内対応に加え、さらに諸外国との共同研究として、これまでのタイ、メキシコ、インド等との共同研究を継続した。さらに平成26年度から開始した農水省委託プロジェクト「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」において、ベトナム、ラオス、カンボジアに加えて、今年度からミャンマー、ネパールとの共同研究を開始した。その中で、管理者招へいによるキックオフミーティングの開催や若手研究員の招へいによる能力開発研修を実施した。また、海外遺伝資源に関する一般向けのシンポジウムを開催し、国内種苗会社等との意見交換を行い、プロジェクト活動へ反映させるなど、より遺伝資源利用者のニーズを考慮した遺伝資源の整備を心掛けた。</p> <p>以上、各遺伝資源の収集、配布等の事業が順調に進展していることに加え、諸外国との共同研究が著しく進んでいることを高く評価する。</p>

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

大課題 1 - (1) 「農業生物遺伝資源の充実と活用の強化」

第3期の業績評価 (評定：B)

第3期業務実績報告書p.43-48対応

主な業務実績等	自己評価
<p>育種に関するニーズの変化に応えるよう、温暖化に対応し、耐病性や高温耐性の素材として東南アジアの野菜等の遺伝資源の収集を進めた。</p> <p>遺伝資源の高度化のために、遺伝資源にゲノム情報の付加を進め、アジア在来イネ品種のSNP解析、ダイズで有用遺伝子のジェノタイプ情報の付与、ササゲ属野生種の全ゲノム配列の解読を行った。さらに栄養繁殖作物の保存法として、クライオプレートを用いた超低温保存法（バレイショ、サトウキビ、イグサ等）の開発を行った。微生物遺伝資源では、植物炭疽病菌、植物病原性 <i>Rhizobium</i> 属細菌の推奨菌株セットの整備を進めた。</p> <p>ITPGR対応として遺伝資源データベースに「MLS対象遺伝資源」を公開し、2年間で計30,653点とした。これは世界で第6位の公開数である。また、タイやインド等との共同研究を進めたことに加えて、農水省委託事業「遺伝資源の機能解析に係わる途上国能力開発事業」や農水省委託研究プロジェクト「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」を実施し、カンボジア、ベトナム、ラオス、ミャンマー、ネパールを対象に国際的な取り組みを加速した。また、その中で、当初計画には無かったカンボジアとミャンマーからSMTAにより野菜等の遺伝資源（約470点）を導入することに成功した。</p>	<p>生物遺伝資源の配布は、期間中に植物遺伝資源は約45千点、微生物遺伝資源は約9千株、動物遺伝資源は1,200点、DNA部門は1,000点を配布する等、工程表に従い順調に計画を進めた。また、情報提供を広く効率的に行うためのWebサイト (http://www.gene.affrc.go.jp/) 運用・開発や、海外の植物遺伝資源を利用しやすいように、アクセスと利益配分(ABS)に関する相談窓口をWeb上に開設するなど、遺伝資源の希望者が利用しやすい体制を整えた。</p> <p>諸外国との共同研究としては、平成26年のITPGR加入に伴い、遺伝資源データベースに「MLS対象遺伝資源」として、計30,653点のリストを公開した。また、タイやメキシコ、インドなどとの共同研究を継続したことに加えて、平成25年度には「遺伝資源の機能解析に係わる途上国能力開発事業」を受託し、インドネシア、ペルー、スリランカでの遺伝資源研究に関する能力開発を行った。さらに、平成26年度には農林水産省委託プロジェクト研究「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」を開始し、ベトナム、ラオス、カンボジア、ミャンマー、ネパールと共同研究を進めるとともに、管理者招聘によるワークプランの策定、若手研究者の招聘による能力開発を実施した。また、一般向けに海外遺伝資源に関するシンポジウムを開催し、国内での種苗会社等との意見交換を行い、プロジェクト活動へ反映させた。</p> <p>以上、遺伝資源の収集、配布などの実業が着実に進展し、国際的な対応も順調に実施された。</p>

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

大課題 1 - (1) 「農業生物遺伝資源の充実と活用の強化」

【大課題の中期目標】 ジーンバンクとして、遺伝資源を取り巻く国際的な状況等の変化に適切に対応していくとともに、育種に関するニーズの変化等に応え得るよう、広範な遺伝資源（動植物、微生物など）の収集・特性評価・保存及び配布を、他の独立行政法人等と連携して戦略的かつ効率的に進める。特に、①**特性評価情報等の公開情報の充実**を図るとともに、**イネ以外の主要作物についてもコアコレクションを開発**する。また、②**長期保存の難しい栄養繁殖作物遺伝資源に適した保存技術を開発**する。また、ITPGRに定める多数国間の制度を通じて、保存する植物遺伝資源を公開し、利用者の求めに応じて、同条約に定める条件に従って、当該遺伝資源を適切に提供するとともに、③**国際研究機関等と連携して植物遺伝資源の保全及び持続可能な利用等に向けた国際的な取組を積極的に推進**する。

① 遺伝資源の充実化



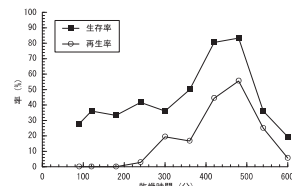
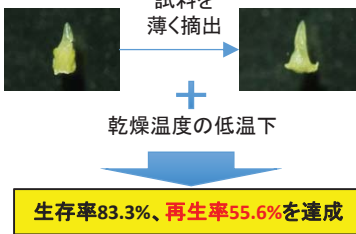
イネ以外の農作物についてもコアコレクションを開発（ダイズ、コムギ、トウモロコシ等）

種	耐塩性	酸性土壌耐性	アルカリ土壌耐性	乾燥耐性	冠水耐性	耐病害性
V. maritima	✓					
V. lotoria	✓	✓			✓	
V. hirsutum			✓			
V. nashimae	✓			✓		
V. trilobata	✓			✓		
V. aridicola				✓		
V. acutifolia				✓		
V. venifolia	✓	✓	✓	✓	✓	
V. stipitata				✓	✓	✓
V. mungo				✓	✓	
V. melleina		✓		✓	✓	
V. exilis			✓			
V. indica				✓		

様々な環境下で生育する野生アズキについてゲノム解読

② 栄養体の長期保存法の開発

クライオプレートを利用したサトウキビの長期保存（23年度の主な研究成果）



それぞれの作物に最適な超低温保存技術により生存率、再生率が飛躍的に向上！

イチゴ、ミント、バレイショ等で事業化開始

③ 植物遺伝資源に関する国際連携



ITPGRの多国間システムに植物遺伝資源を登録。H26年度、H27年度で3万点以上のリストを公開。**日本の貢献度は世界第6位に。**

【農水省委託プロジェクト PGRAsia】

【平成26年度参加国】
ベトナム、ラオス、カンボジア
【平成27年度参加国】
ミャンマー、ネパール
今後候補国
インドネシア、スリランカ

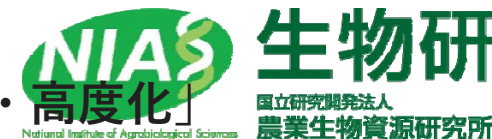


PGRAsiaプロジェクトで植物遺伝資源の収集・提供を強化。アジアのネットワークを構築。

H23	H24	H25	H26	第3期 (見込)	H27	第3期
A	A	A	A	B	A	B

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

大課題 1 - (2) 「農業生物のゲノムリソース・情報基盤の整備・高度化」



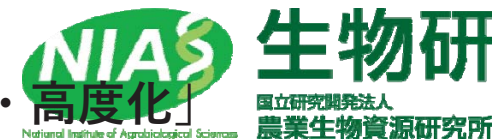
H27年度の業績評価 (評定: A)

H27年度業務実績報告書p.56-75対応

主な業務実績等	自己評価
<p>農業生物のゲノム解読の推進とゲノムリソースの拡充・高度化に関しては、先端ゲノム機器による「先端ゲノム解析支援」を行い、ゲノム解読の中核として我が国の育種をはじめとする農業研究に貢献した。特にコムギゲノムの解読では、国際コンソーシアムの先進グループとして貢献した。昆虫ゲノム解読については、コナガの農薬抵抗性遺伝子を同定した。ゲノム編集についてはCRISPR/Cas9システムの効率化に成功し、イネでの実用化を可能とした。またオオムギの小穂非脱落性遺伝子を単離し、栽培化の起源を明らかにした。バイオインフォマティクス研究による農業生物ゲノム情報の高度化に関しては、新たに大量配列解析のウェブサービスを運用したところ、半年で1000件以上の利用があった。作物ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、新たなゲノムリソースとして、イネ・ダイズにおける染色体置換系統群や突然変異集団を作成した。また大規模なSNP解析によるアソシエーション解析、ゲノム選抜モデルを作成することで、粒大等の複雑形質に関する次世代の育種技術を開発した。家畜においては、肉質、抗病性に関するゲノム情報の整備等、家畜改良技術の開発への育種的基盤の構築が進展した。生体分子の構造・機能に関わる情報基盤の整備に関しては、所の内外との連携の中、立体構造、生体分子相互作用をベースとした遺伝子の高度な機能の解明、タンパクを標的とした農業薬剤の開発が進捗し、その生物産業への利用が現実化した。</p>	<p>平成27年度はコムギやイネ、カイコ、ブタ等のゲノム配列・発現情報及び関連情報を総合的に利用できるように開発したさまざまなツールやデータベース等をWebで公開し運用した。これらWebページには最新のゲノム関連の情報をアップデートした。ゲノム研究で生み出した様々なゲノムリソースを世界の研究者に配付した。また、イネについては13の道県に対してゲノム育種の支援を行い、技術の普及に努めた。26年度、独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）と共同で「作物ゲノム育種研究センター」を設置したが、27年度はイネに加えてオオムギ、ダイズにも広げ、育種支援も行い、DNAマーカー選抜育種による地域のニーズに基づいた育種に貢献した。さらに次世代シーケンサーによる情報解析、DNAマーカー育種の育種現場への提供に関して、ワークショップを開催し、技術の普及・啓蒙に努めた。27年度開発した遺伝子に基づく薬剤抵抗性害虫診断技術は、今後行政とも相談の上、防除のガイドラインを策定し、診断技術をキット化して実装する予定である。ブタに関しては「瑞浪ポーノポーク」の生産が拡大しており、知財移転による民間会社による遺伝子型判定事業も開始された。またタンパク質の立体構造に基づいて作成したウイルス制御剤、細菌増殖抑制剤の候補については、知財を取得後、製薬会社等と共同で社会実装に向けて取り組んでいる。</p> <p>また生物研で開発したイネのゲノム編集技術を活用して多くの共同研究を行い、ゲノム編集技術の国内研究拠点として技術移転に大きく貢献した。</p> <p>以上、全体として中期目標の達成のために設定した工程表を上回る成果を達成し、顕著な成果が得られたと判断する。</p>

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

大課題 1 - (2) 「農業生物のゲノムリソース・情報基盤の整備・高度化」



第3期の業績評価（評定：A）

第3期業務実績報告書p.49-62対応

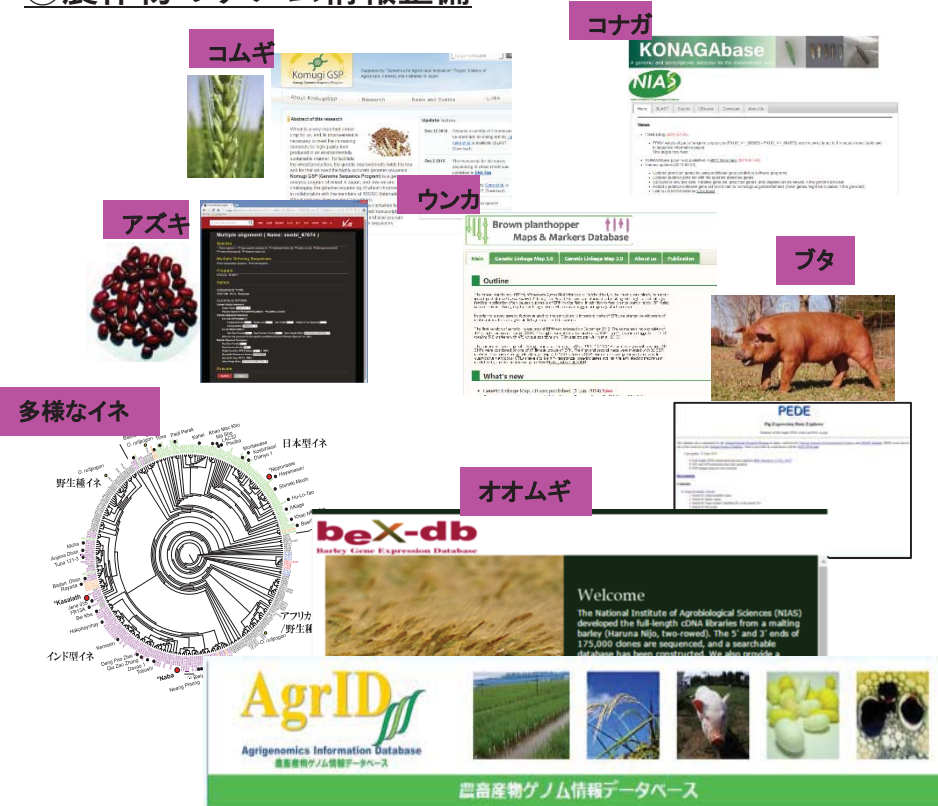
主な業務実績等	自己評価
<p>農業生物のゲノム解読の推進とゲノムリソースの拡充・高度化においては、各種ゲノムの解読が順調に進展し、ゲノムだけでなく、発現情報なども踏まえた情報の提供を行った。ゲノム編集においては標的変異・標的組み換え技術の高度化を行い精度向上・効率化を達成した。ウンカ・コナガの殺虫剤抵抗性遺伝子を単離した。作物ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、イネ・ダイズについて各種染色体断片置換系統、突然変異集団を作成した。これらを活用して、生産性・耐病性等の農業形質に関わるQTLの検出、遺伝子の同定、有用遺伝子の集積技術の開発を行った。また、高密度SNPを用いたハプロタイプ情報の解析、ゲノムシャッフリング技術の開発を行った。家畜ゲノム育種研究基盤の高度化についても、ブタのゲノムや発現情報など基盤情報をデータベースに搭載した。また肉質、抗病性・繁殖性などの経済形質に関するDNAマーカー、有用遺伝子の絞り込みを行った。生体分子の構造・機能に関わる情報基盤の整備に関しては、昆虫や植物のタンパク質の高次構造情報を利用して酵素機能の向上、ウイルスや細菌阻害剤のデザインのための分子情報基盤を構築し、スクリーニングを行って候補化合物を選抜した。また、タンパク翻訳後修飾のメカニズム解明を行い、生体内低分子化合物の三次元構造情報検索に資するデータベースを作成した。さらに、質量分析法を微生物等の検出に利用する技術を開発し、実際の菌を用いたデータベースの作成を行った。</p>	<p>イネにおいてはいもち病抵抗性遺伝子 <i>pi21</i> 等のDNAマーカー特許を独法、公設試等に許諾した。DNAマーカー育種によって育成した品種を種子生産団体に許諾して一般への普及に向けた取り組みを行った。さらに現在全国の13の道県の農業試験場と共同研究を行い、開発したDNAマーカー育種を迅速に地域に普及するよう努力した結果、選抜過程、育種の最終過程で活用する例が出始めている。また、ダイズについても同様に、DNA育種が進んでいる。これらDNAマーカーについては平成25年から農研機構と共同で「作物ゲノム育種研究センター」を設置し、情報公開に努めた。ブタにおいては公設試と共同で、各種ブランド豚の造成を行い、地域の畜産の進展に貢献している。さらに高生産性に関する遺伝診断法の普及に向けて椎骨数を支配する遺伝子の診断キットの実施許諾を行った。</p> <p>また、第3期ではイネの染色体置換系統や突然変異系統の配付も行った。また生物研の保有する高度なゲノム塩基配列解析並びにゲノム情報解析に必要な技術と経験を、広く農業生物の研究に活用するために、他の独法への研究支援を行った。また、タンパク質の立体構造の研究成果を新たな昆虫制御剤や新規な食品素材の開発等につなげるべく民間企業や独法と共同研究を開始した。一方タンパク質の立体構造に基づいて作成したウイルス制御剤、除草剤、硝化抑制剤の候補物質については、特許を出願し、製薬会社等と共同研究によりさらに高機能な新たな薬剤の開発と社会への実装に向けて取り組んでいる。また生物研で開発したイネのゲノム編集技術を活用して50以上の機関と共同研究を行い、技術普及に努めており、我が国における作物のゲノム編集の拠点として機能している。</p> <p>以上、研究成果は順調に創出されており、かつ開発した技術を積極的に普及する取り組みを強力に推進しているとして高く評価できる。</p>

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

大課題 1 - (2) 「農業生物のゲノムリソース・情報基盤の整備・高度化」

【大課題の中期目標】 イネ科作物、カイコ、ブタ等に関する①ゲノム情報の整備・高度化、イネ科作物の近縁野生種や在来品種などを効率的に利用するための新たなゲノムリソースの開発、ゲノムリソースを利用しやすくするための管理・提供体制の整備を行う。特に、超高速シーケンサーやバイオインフォマティクス技術を駆使して大量の配列情報を効率的に処理する技術を開発し、農業生物のゲノム塩基配列の解読と発現遺伝子の解析を行い、塩基配列、遺伝子発現等の情報を総合的に利用できるデータベースを構築・運用する。また、②食料生産等に関わる有用遺伝子の単離を進めるとともに、③収量性などの複雑形質に関する新たな育種技術の開発を推進する。

①農作物のゲノム情報整備

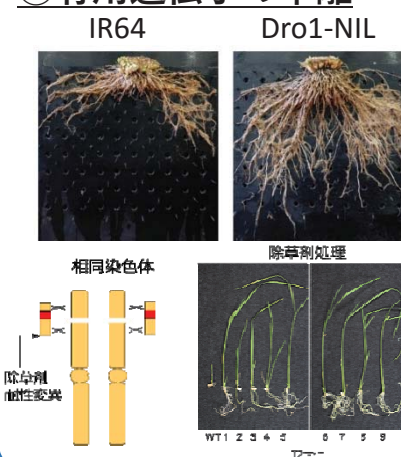


コナガ (KONAGAbase)
コムギ (Komugi GSP)
アズキ (Azuki)
ウンカ (Brown planthopper)
ブタ (PEDE)
オオムギ (Oomugi)
AgrID (Agricultural Genomics Information Database)
多様なイネ (Diverse Rice)
beX-db (Barley Gene Expression Database)

農業生物に関して40を超すデータベースを構築・公開

農業研究者を中心に、マーカー開発や遺伝子単離などに広く利用され、研究成果の創出に貢献している。

②有用遺伝子の単離



IR64 Dro1-NIL
相同染色体 (Homologous chromosomes)
除草剤処理 (Weedicide treatment)
WT 1 2 3 4 5 6 7 8 9
TZ

根の浅いイネ (左) に *Dro1* を導入すると、深く根を張るようになり (右)、干ばつ条件でも生育が可能になる。

海外で実証し、育種素材として利用。

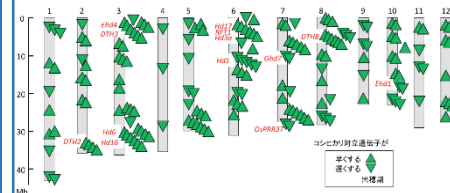
(25年度の主要研究成果)

また、これら有用遺伝子を確実に発現するシステムを開発した。

(25-27年度の主な研究成果)

③複雑形質に関する育種技術の開発

小さい遺伝効果の農業形質遺伝子座を網羅的に検出する方法を確立。(H27年度の主な研究成果)



染色体全体を解析対象とすることで、小さな遺伝効果を多数検出可能。これらを組み合わせることでより効果を発揮すると期待される。

H23	H24	H25	H26	第3期 (見込)	H27	第3期
A	A	A	A	A	A	A