

国立研究開発法人農業生物資源研究所

平成 27 年度に係る業務実績報告書

平成 28 年 6 月

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構

国民の皆様へ

農業生物資源研究所（略称「生物研」、「NIAS」）は、平成13年4月1日に農林水産省所管の独立行政法人として設立されました。農業分野では我が国最大の基礎生命科学研究所です。植物・昆虫・動物などさまざまな農業生物に関する生命現象の総合的な理解を通じて、生物機能の開発とその利用を進め、世界的な食料・環境問題の解決に向けた革新的農業技術の開発や新たな生物産業の創出を目指しています。

第1期中期目標期間（13-17年度）には、イネゲノム全塩基配列の解読、カイコの遺伝子組換え技術の開発、遺伝子組換えブタの作出など、また第2期中期目標期間（18-22年度）には、イネゲノム配列を利用した効率的育種技術の開発、カイコ及びブタのゲノム塩基配列概要の解読、農業上重要な形質に関わる遺伝子機能の解明など、世界をリードする基礎的・先導的研究成果を上げてまいりました。

平成23年4月から第3期中期目標期間（23-27年度）がスタートしました。第3期の開始にあたって、研究を戦略的かつ効率的に推進するため、3つの研究センター（農業生物先端ゲノム研究センター、遺伝子組換え研究センター、遺伝資源センター）と3つの研究領域（植物科学研究領域、昆虫科学研究領域、動物科学研究領域）を立ち上げ、センター長・領域長の強力なリーダーシップの下、以下の課題を実施してきました。

- 農業生物の遺伝資源の充実と活用の強化
- 農業生物のゲノムリソース・情報基盤の整備・高度化
- 農作物や家畜の生産性向上を目指した生物機能の解明
- 農作物や家畜の生物機能を高度に利用するための、病原菌等との生物間相互作用の解明と利用技術の開発
- 新たな生物産業を創出するための生物機能の利用技術の開発

第3期中期目標期間の5年目（最終年度）となる27年度には、ブタ由来のコラーゲン繊維を用いた傷跡をほとんど残さずに治癒できる絆創膏型人工皮膚の開発や、新規害虫制御剤の開発加速が期待される「幼若ホルモン」フリーのカイコを作出するなど、革新的な農業技術や新産業の創出への貢献が期待される成果が得られました。また、オオムギの小穂非脱落性遺伝子単離による栽培化の起源解明、イネのいもち病が低温で重篤になる原因解明などの研究成果を得ることができました。

このほか、スギ花粉症治療イネについて第一種使用規程の承認申請を行うなど治験薬製造に向けた手続きを進め、また、国際的貢献として我が国のITPGR（食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約）加入対応で、同条約に定める多数国間の制度への植物遺伝資源登録を進めました。

農業生物の潜在能力を最大限に引き出すためのアプローチの一つとして、遺伝子組換え技術は大きな可能性を持っています。第3期の大きなチャレンジとして、研究所が独自に開発したイネ、カイコ、ブタの遺伝子組換えについて実用化に向けた研究開発を進めました。遺伝子組換え技術の実用化においては、遺伝子組換え体の安全性を科学的に検証して、同時に、医農工連携研究によりその有効性の実証に取り組んできました。遺伝子組換え研究において、安全第一、法令遵守を徹底して実施することは研究を進める上での大前提であり、そのために万全を期してきました。

なお、平成28年4月からは「独立行政法人に係る改革を推進するための農林水産省関係法律の整備に関する法律」（平成27年法律第70号）に基づき、生物研は農業環境技術研究所及び種苗管理センターとともに農業・食品産業技術総合研究機構と統合し、基礎研究から応用研究までの一体的推進によって研究開発成果の最大化を図ってまいります。統合後も農業分野の生命科学分野を担う部門として、最先端の研究開発を実施し、国民の皆様の理解を得て、日本の農業の発展及び新産業の創出に貢献することが大切と考えています。バイオテクノロジーをはじめとした先端科学研究は、進展が早く、国際的な競争もし烈な分野ですので、引き続き役員一同、一丸となり相当な覚悟を持って研究開発と業務運営にまい進してまいります。今後とも関係各位のご支援とご協力をお願いいたします。

目 次

第Ⅰ章	国立研究開発法人農業生物資源研究所の概要	1
第1	基本情報	1
1	法人の概要	1
2	事務所の所在地	1
3	資本金の状況	1
4	役員の状況	2
5	常勤職員の状況	2
6	設立根拠法	2
7	主務大臣	3
8	沿革	3
9	組織図	4
第2	経営方針	5
第Ⅱ章	平成27年度の業務の実施状況	6
第1	業務運営の効率化に関する目標を達成するためとるべき措置	6
1	経費の削減	6
2	評価・点検の実施と反映	13
3	研究資源の効率的利用及び充実・高度化	21
4	研究支援部門の効率化及び充実・高度化	32
5	産学官連携、協力の促進・強化	37
6	海外機関及び国際機関等との連携の促進・強化	42
第2	国民に対して提供するサービスその他の業務の質の向上に関する目標を達成 するためとるべき措置	47
1	試験及び研究並びに調査	47
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	48
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	77
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	104
2	行政部局との連携の強化	118
3	研究成果の公表、普及の促進	121
4	専門分野を活かしたその他の社会貢献	135
第3	予算（人件費の見積りを含む）、収支計画及び資金計画	139
1	予算	144
2	収支計画	145
3	資金計画	146
4	自己収入の確保	157
5	保有資産の処分	157
第4	短期借入金の限度額	158
第5	不要財産又は不要財産となることが見込まれる財産がある場合には、当該 財産の処分に関する計画	159
第6	重要な財産を譲渡し、又は担保に供しようとするときは、その計画	160
第7	剰余金の使途	161
第8	その他農林水産省令で定める業務運営に関する事項等	162
1	施設及び設備に関する計画	162
2	人事に関する計画	164
3	法令遵守など内部統制の充実・強化	169
4	環境対策・安全管理の推進	179
5	積立金の処分に関する事項	182
	（巻末）研究資源の投入状況・成果	183
(付録)	用語の解説	

資 料

- 資料1 遺伝資源・研究材料の配布及び依頼照射実績一覧
- 資料2 研究業績一覧
- 資料3 特許等取得・品種登録一覧
- 資料4 主な研究成果
- 資料5 農業生物資源研究所が公開しているホームページと主な知的基盤データベース等一覧
- 付表 農林水産大臣による農業生物資源研究所の平成26年度に係る業務実績評価結果の対応状況

【本文中に掲載している計画は、27年度計画ではなく、5年間で達成すべき「中期計画」であり、27年度実績の中期計画における到達点を判断する指標として掲載した】

第 I 章 国立研究開発法人農業生物資源研究所の概要

第 1 基本情報

1 法人の概要

(1) 目的

生物資源の農業上の開発及び利用に関する技術上の基礎的な調査及び研究、昆虫その他の無脊椎動物の農業上の利用に関する技術上の試験及び研究等を行うことにより、生物の農業上の利用に関する技術の向上に寄与する。(国立研究開発法人農業生物資源研究所法第3条)

(2) 業務内容

- ①生物資源の農業上の開発及び利用に関する技術上の基礎的な調査及び研究並びにこれに関連する分析、鑑定及び講習を行う。
- ②昆虫その他の無脊椎動物(みつばちを除く。)の農業上の利用に関する技術上の試験及び研究、調査、分析、鑑定並びに講習を行う。
- ③蚕糸に関する技術上の試験及び研究、調査、分析、鑑定並びに講習を行う。
- ④原蚕種並びに桑の接穂及び苗木の生産及び配布を行う。
- ⑤農作物の品種改良のための放射線の利用に関する試験及び研究を行う。

2 事務所の所在地

本部 〒305-8602 茨城県つくば市観音台2丁目1番地の2

代表電話番号 029-838-7406

(大わし) 〒305-8634 茨城県つくば市大わし1番2

(放射線育種場) 〒319-2293 茨城県常陸大宮市上村田2425番

(保存・情報研究ユニット 北杜) 〒408-0044 山梨県北杜市小淵沢町6585番地

Webサイト <http://www.nias.affrc.go.jp/>

3 資本金の状況

(単位：百万円)

区分	期首残高	当期増加額	当期減少額	期末残高
政府出資金	35,321	—	—	35,321
資本金合計	35,321	—	—	35,321

4 役員の状況

役職	氏名	任期	担当	経歴
理事長	廣近 洋彦	自 平成25年 4月 1日 至 平成29年 3月31日 (就任年月日 平成25年 4月 1日)		昭和57年 4月 農林水産省採用 平成18年 4月 独立行政法人 農業生物資源研 究所基盤研究領 域長 平成23年 3月 独立行政法人 農業生物資源研 究所退職 平成23年 4月 独立行政法人 農業生物資源研 究所理事
理事	長峰 司	自 平成27年 4月 1日 至 平成29年 3月31日 (就任年月日 平成25年 4月 1日)	農業生物先端 ゲノム研究セ ンター、遺伝 資源センター、 植物生命科学 領域及び評価 ・国際交流担 当	昭和51年 4月 農林省採用 平成22年 4月 独立行政法人 農業・食品産業 技術総合研究機 構近畿中国四国 農業研究セン ター所長 平成25年 3月 独立行政法人 農業・食品産業 技術総合研究機 構退職
理事	町井 博明	自 平成27年 4月 1日 至 平成29年 3月31日 (就任年月日 平成25年 4月 1日)	遺伝子組換え 研究センター、 昆虫・動物、生 命科学領域及 び産学官交流 担当	昭和54年 4月 農林水産省採用 平成23年 4月 独立行政法人 農業生物資源研 究所遺伝子組換 え研究センター 長 平成25年 3月 独立行政法人 農業生物資源研 究所退職
監事	木瀬 互	自 平成27年 4月 1日 至 平成29年 6月30日 (就任年月日 平成25年 4月 1日)		昭和52年 3月 カゴメ株式会社 採用 平成25年 3月 カゴメ株式会社 退職
監事	長谷川 峯夫	自 平成27年 4月 1日 至 平成29年 6月30日 (就任年月日 平成25年 4月 1日)	非常勤	昭和45年 3月 キューピー株式 会社採用 平成21年 2月 キューピー株式 会社退職 平成21年 4月 独立行政法人 農業生物資源研 究所監事 平成25年 3月 独立行政法人 農業生物資源研 究所監事退任

※ただし独立行政法人に係る改革を推進するための農林水産省関係法律の整備に関する法律
(平成27年法律第70号) 附則第2条の規定により、役員の任期は平成28年3月31日で終了した。

5 常勤職員の状況

常勤職員は平成28年1月1日現在において350名(前年度比7人増加、2.0%増)であり、平均年齢は47.5歳(第2期末45.5歳)となっている。このうち、国等(国、他法人及び地方公共団体)からの出向者は90人(内訳は国33人、他法人57人)、民間からの出向者は0人である。

6 設立根拠法

国立研究開発法人農業生物資源研究所法(平成11年法律第193号)
最終改正：平成27年9月18日(平成27年法律第70号)

7 主務大臣
農林水産大臣

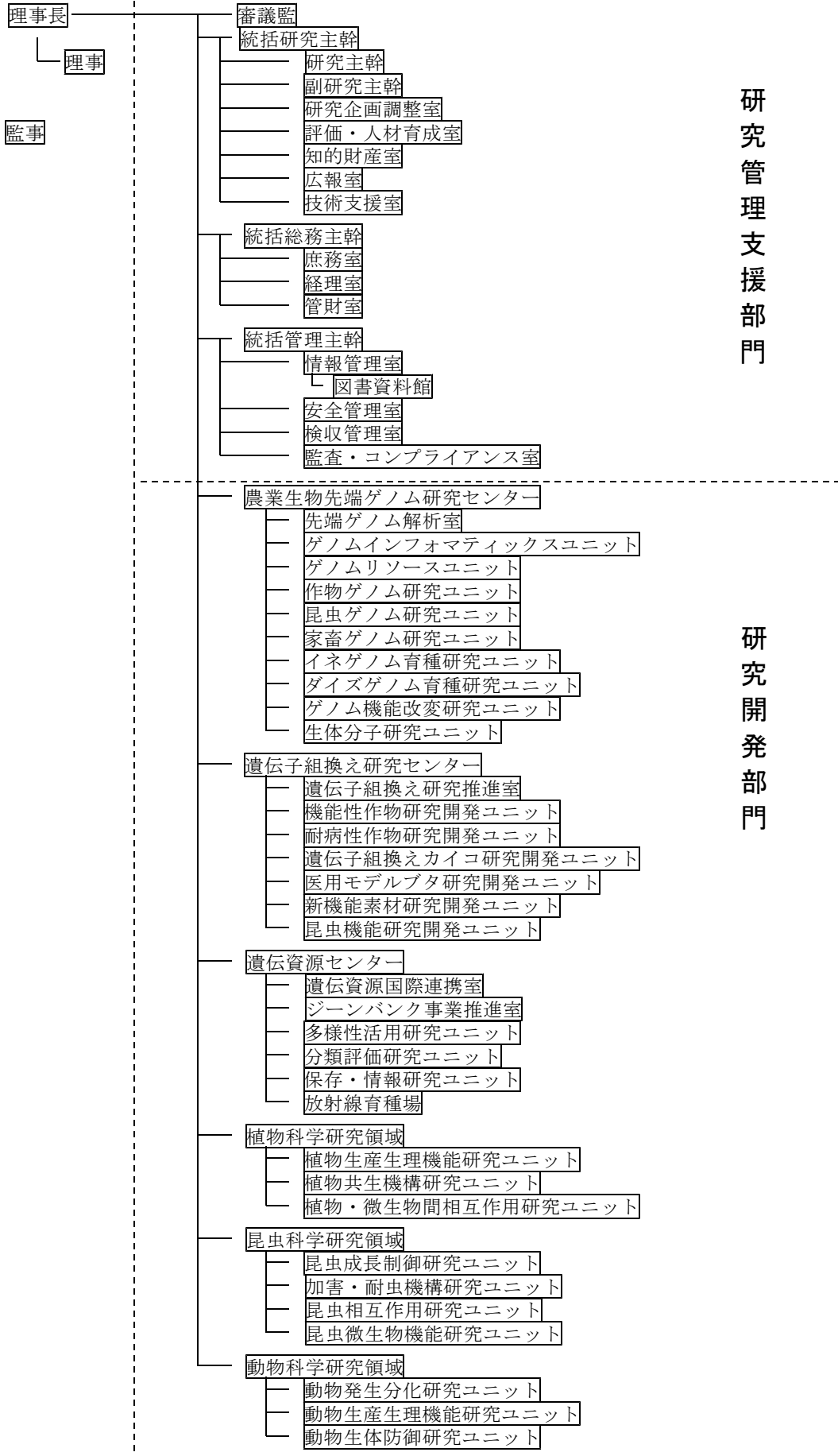
8 沿革

昭和58年12月1日 農業技術研究所の一部と植物ウイルス研究所を統合して農業生物資源研究所が設立された。

平成13年 4月1日 農業生物資源研究所と蚕糸・昆虫農業技術研究所、畜産試験場の一部、家畜衛生試験場の一部を統合して独立行政法人農業生物資源研究所として発足した。

平成27年 4月1日 国立研究開発法人農業生物資源研究所に名称変更した。

9 組織図



第2 経営方針

農業生物資源研究所は、農業の生産性の飛躍的向上や農産物の新たな需要の創出及び農林水産業の新たな展開を可能とする革新的農業技術の開発や新産業の創出を目指して、進歩の著しいバイオテクノロジー分野の研究動向に対応して研究開発を実施している。第3期中期目標期間においては、国内外の社会経済動向、農業上の重要施策などを踏まえ、生物研の社会的使命とこれを達成するための業務の重要性は一層高まっているとの認識のもと、人材、研究施設・設備等の研究資源、生物研が蓄積してきた研究成果、遺伝資源、ゲノムリソースなどの知的基盤を最大限に利用して、バイオテクノロジーを中心とする基礎的・先導的な研究及び技術開発のさらなる飛躍を目指している。

第3期中期目標期間の5年目にあたる27年度は、上記の方針のもと、以下の措置を講じた。

- (1) 第3期の研究組織体制（3つの研究センター、3つの研究領域及びそこに配置した29の研究ユニットと4つの室）のもと、生物研の優位性を活かした研究及び技術開発を進めた。
- (2) 研究管理支援の充実及び効率化を引き続き進めるとともに、情報セキュリティ対策、研究不正発生抑止対策、研究活動に伴うリスクの管理徹底、法令遵守や倫理保持意識向上など、内部統制の更なる充実・強化を図った。さらに、不適正な経理処理事案を受けて、購入物品等の納品時検収の徹底を図るとともに、全職員にコンプライアンス・ガバナンスに関する認識の啓発のため、研修会等でルールの徹底を図るなど、研究所全体で再発防止に向け様々な活動に取り組んだ。
- (3) 法人ミッションの役職員への周知徹底を図るため、憲章、行動規範及び各種規程等をホームページで公表するとともに、各種会議や理事長と職員との意見交換会等を通じて、業務運営の方向性の徹底、現場の問題等の把握を進めた。また、研究所の諸活動に関する情報を所内により正確かつ迅速に伝達する体制を整備した。
- (4) 組織的な情報発信として、ホームページを改善して生物研の成果を国民に積極的に広報する活動を行った。また、一般向けのイベントや成果の普及を図るシンポジウム、特に遺伝子組換え技術の理解促進に向けた展示・紹介に取り組んだほか、NIASオープンカレッジなどを引き続き開催し、その充実を図った。

第Ⅱ章 平成27年度の業務の実施状況

第1 業務運営の効率化に関する目標を達成するためとるべき措置

1 経費の削減

中期目標

(1) 一般管理費等の削減

運営費交付金を充当して行う事業については、業務の見直し及び効率化を進め、一般管理費（人件費を除く。）については毎年度平均で少なくとも対前年度比3%の抑制、業務経費については毎年度平均で少なくとも対前年度比1%の抑制をすることを目標に、削減する。なお、一般管理費については、経費節減の余地がないか改めて検証し、適切な見直しを行う。

給与水準については、国家公務員の給与水準を十分考慮し、手当を含め役職員給与の在り方について厳しく検証した上で、目標水準・目標期限を設定し、その適正化に取り組むとともに、検証結果や取組状況を公表するものとする。

総人件費についても、「簡素で効率的な政府を実現するための行政改革の推進に関する法律」（平成18年法律第47号）に基づく平成18年度から5年間で5%以上を基本とする削減等の人件費に係る取組を、平成23年度も引き続き着実に実施するとともに、「公務員の給与改定に関する取扱いについて」（平成22年11月1日閣議決定）に基づき、政府における総人件費削減の取組を踏まえるとともに、今後進められる独立行政法人制度の抜本見直しの一環として、厳しく見直すこととする。

なお、以下の常勤の職員に係る人件費は、削減対象から除くこととする。

- ①競争的資金、受託研究資金又は共同研究のための民間からの外部資金により雇用される任期付職員
- ②任期付研究者のうち、国からの委託費及び補助金により雇用される者及び運営費交付金により雇用される国策上重要な研究課題（第三期科学技術基本計画（平成18年3月28日閣議決定）において指定されている戦略重点科学技術をいう。）に従事する者並びに若手研究者（平成17年度末において37歳以下の研究者をいう。）

(2) 契約の見直し

「独立行政法人における調達等合理化の取組の推進について」（平成27年5月25日総務大臣決定）等を踏まえ、公正かつ透明な調達手続きによる、適切で迅速かつ効率的な調達を実現する取組を着実に実施する。経費削減の観点から、契約方法の見直し等を行う。また、密接な関係にあると考えられる法人との契約については、一層の透明性を確保する観点から、情報提供の在り方を検討する。

中期計画

(1) 一般管理費等の削減

①運営費交付金を充当して行う事業については、業務の見直し及び効率化を進め、一般管理費（人件費を除く。）については毎年度平均で少なくとも対前年度比3%の抑制、業務経費については毎年度平均で少なくとも対前年度比1%の抑制をすることを目標に、削減する。なお、一般管理費については、経費節減の余地がないか改めて検証し、適切な見直しを行う。

②給与水準については、国家公務員の給与水準を十分考慮し、手当を含め役職員給与の在り方について厳しく検証した上で、引き続き、国家公務員に準拠した給与規定に基づき支給することとし、検証結果や取組状況を公表する。

総人件費についても、「簡素で効率的な政府を実現するための行政改革の推進に関する法律」（平成18年法律第47号）に基づく平成18年度から5年間で5%以上を基本とする削減等の人件費に係る取組を、平成23年度も引き続き着実に実施し、平成23年度において、平成17年度と比較して、研究所全体の人件費（退職金及び福利厚生費（法定

福利費及び法定外福利費)を除く。また、人事院勧告を踏まえた給与改定部分を除く。)について6%以上の削減を行うとともに、「公務員の給与改定に関する取扱いについて」(平成22年11月1日閣議決定)に基づき、政府における総人件費削減の取組を踏まえるとともに、今後進められる独立行政法人制度の抜本見直しの一環として、厳しく見直しを行う。

なお、以下の常勤の職員に係る人件費は、削減対象から除くこととする。

- (ア) 競争的資金、受託研究資金又は共同研究のための民間からの外部資金により雇用される任期付職員
- (イ) 任期付研究者のうち、国からの委託費及び補助金により雇用される者及び運営費交付金により雇用される国策上重要な研究課題(第三期科学技術基本計画(平成18年3月28日閣議決定)において指定されている戦略重点科学技術をいう。)に従事する者並びに若手研究者(平成17年度末において37歳以下の研究者をいう。)

(2) 契約の見直し

- ① 「独立行政法人における調達等合理化の取組の推進について」(平成27年5月25日総務大臣決定)等を踏まえ、公正かつ透明な調達手続きによる、適切で迅速かつ効率的な調達を実現する観点から調達等合理化計画を定め、重点分野の調達の改善、調達に関するガバナンスの徹底等を着実に実施する。
- ② 経費削減の観点から、他の独立行政法人の事例等をも参考にしつつ、複数年契約の活用など契約方法の見直し等を行う。
- ③ 密接な関係にあると考えられる法人との契約については、一層の透明性を確保する観点から、情報提供の在り方を検討する。

〔指標1-1-ア〕法人における業務経費、一般管理費の削減に向けた取組が行われているか。数値目標は達成されたか。

〔指標1-1-イ〕法人の給与水準は適切か。国の水準を上回っている場合、その理由及び講ずる措置が明確にされているか。また、検証結果を公表しているか。

〔指標1-1-ウ〕人件費削減目標の達成に向けた具体的な取組が行われているか。また、数値目標は達成されたか。

〔指標1-1-エ〕契約方式等、契約に係る規程類は適切に整備、運用されているか。契約事務手続に係る執行体制や審査体制の整備・執行等が適切に行われているか。

〔指標1-1-オ〕調達等合理化計画に基づき、調達の現状と要因分析を行い、その結果を踏まえ、重点分野の調達の改善や、調達に関するガバナンスの徹底等の取組が行われているか。

〔指標1-1-カ〕契約の競争性、透明性に係る検証・評価は適切に行われているか。

〔指標1-1-キ〕複数年契約の活用等による経費削減の取組を行っているか。

〔指標1-1-ク〕特定関連会社、関連公益法人等に対する個々の委託の妥当性、出資の必要性が明確にされているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
一般管理費の削減	前年度比3%減	3	3.0	3.0	5.0	3.2	3.0
業務経費の削減	前年度比1%減	1	1.0	1.0	1.4	3.2	2.0
給与水準(事務・技術職員)	国の水準を上回らない	100未満	99.0	97.4	97.2	97.6	100.7
給与水準(研究職員)	国の水準を上回らない	100未満	99.3	98.3	97.7	97.9	100.1
総人件費の削減	17年度比6%以上削減	6	6.2	-	-	-	-

業務実績(第1-1)	自己評価
<主要な業務実績> 1. 〔指標1-1-ア〕 業務経費、一般管理費の削減については、徹底して業務の見直しや効率化を進め、一般管理費は前年度比3%、業務経	評価「C」 <評価の根拠> 業務経費、一般管理費

<p>費は2%の削減を行った。業務経費については、削減の中でも中期計画課題の着実な遂行を図るために、より一層の研究の重点化や活性化を目指し、競争的な研究費配分に重点を置いた。一般管理費については、業務効率化委員会が主導して節電対策等の全所的な取り組みを実施した。</p> <p>2. [指標1-1-イ] 給与水準については、事務・技術職員は対国家公務員指数100.7、研究職員は同指数100.1となっており、国家公務員と同等の水準である。この検証結果は、適切にホームページで公表した。</p> <p>3. [指標1-1-ウ] 人件費削減目標については、23年度において達成しており、27年度も公務員の給与改定に関する取扱い等を考慮して適切に対応した。</p> <p>4. [指標1-1-エ] 契約に係る規程類については、農林水産省の関連通知等に基づき適宜規程類の制定・改正に努め、契約事務手続きについては規程類に依拠して適正に実行した。</p> <p>5. [指標1-1-オ] 調達等合理化の取り組みについては、総務大臣が決定した「独立行政法人における調達等合理化の取組の推進について」に基づき、27年度調達等合理化計画を定めて実施することにより調達等の合理化に取り組んだ。随意契約の見直しについては、随意契約等見直し計画に基づいて、競争性のある契約方式への移行を徹底した。一者応札の改善については、「1者応札・1者応募となった契約の改善方策について」に基づいて、入札参加者を増やすための取り組みを実施した。</p> <p>6. [指標1-1-カ] 契約の競争性、透明性に係る検証・評価については、公共調達の適正化に向けた取組状況等の検討を行うとともに、競争性のない随意契約、1者応札・1者応募、一般競争入札等について契約監視委員会の審査を受け、問題ないことが確認された。</p> <p>7. [指標1-1-キ] 複数年契約の活用については、業務内容等を精査して可能なものから実施しており、27年度は機器等の賃貸借契約や外国雑誌の購入契約、施設警備等保安業務で複数年契約を行った。</p> <p>8. [指標1-1-ク] 特定関連会社、関連公益法人等に対する委託については、27年度において該当する契約はなかった。</p>	<p>の削減については、どちらも目標値を達成した。予算の厳しい状況の中、節電対策等の適切な削減努力により成果が上がったものと評価する。人件費削減については、23年度において目標値を達成した。その後も公務員の給与改定等を考慮して適切に対応しており、給与水準は国家公務員と同等である。調達の合理化については、27年度調達等合理化計画を定めて適切に対応した。</p> <p>以上、経費の削減について、着実な業務運営がなされているものと判断できるが、昨年度の主務大臣評価の評定理由にあるとおり、不適正な経理処理事案が発生したことの重大性を鑑み、評定を「C」とする。</p> <p><課題と対応></p>
---	---

(27年度実績)

第1-1(1)

①業務経費、一般管理費の削減に向けた取り組み

[指標1-1-ア]

運営費交付金を充当して行う事業については、中期計画では一般管理費については前年度比3%、業務経費については前年度比1%の削減目標を立てているところ、さらなる業務の見直し及び効率化を進め、一般管理費は前年度比3%、業務経費は2%の削減を行った。

業務経費削減の中での中期計画課題の着実な遂行を図るために、より一層の研究の重点化や活性化を目指して、26年度と同様に交付金研究費については、生物研の研究開発の重点化方針等に基づき各研究センター・研究領域で設定した重点課題や研究員自らの研究アイデアに基づき中期計画のさらなる深化、新たな研究シーズの開発や成果の実用化を目指した課題に対して競争的に配分する重点研究費に重点を置いた。

また、一般管理費削減に対しては、業務効率化推進委員会が主導して計画を策定し、業務効率化の推進や経費節減に向けての全所的な取り組みを実施した。具体的な取り組みは、本項の経費削減の取り組み(指標1-1-キ)、第1-3の項の運転経費の効率化(指標1-3-ウ)、第8-4の項の省エネルギー改修計画(指標8-4-イ)等に記載した。

②給与水準及び総人件費について

[指標1-1-イ、ウ]

27年度の職員の給与水準は、事務・技術職員(生物研では一般職員)及び研究職員のいずれも国家公務員の給与水準を十分考慮し給与規程等を定めていることから、国家公務員と同等の水準である。

給与水準については、ホームページ「給与水準の公表」に掲載し、公表している。

(http://www.naro.affrc.go.jp/public_information/salary/standard/index.html)

なお、国と異なる手当は定めておらず、支給していない。

	事務・技術職員	研究職員
対国家公務員指数(27年度)	100.7	100.1

※対国家公務員指数(ラスパイレス指数)とは、法人の職員の給与を国家公務員の給与と比較し、法人の年齢階層別人員構成をウエイトとして用いて人事院にて算出された指数。

総人件費については、27年度においても「公務員の給与改定に関する取扱いについて」(平成25年11月15日閣議決定)に基づき、国家公務員の給与水準を考慮した給与規程の改正を行うなど適切に対応した。

第1-1(2)

①契約の改善に向けた取り組み

1) 規程類の整備・運用及び契約事務手続に係る執行体制等

[指標1-1-エ]

農林水産省の関連通知等に基づき、適宜規程類の制定・改正に努め、規程類に依拠した適正な運用を限られた人員で実行した。

なお、契約に係る審査体制については図1のとおりであり、重層的な審査体制を確保した。

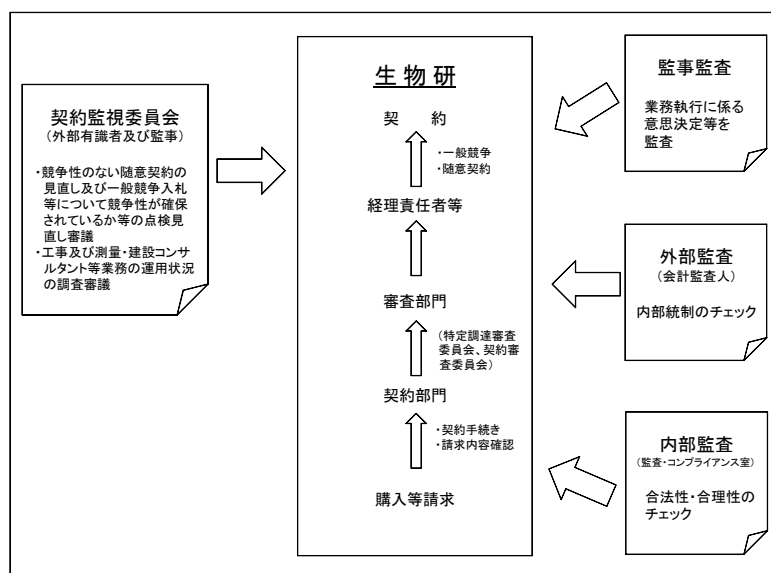


図1 契約に係る審査体制

2) 調達等合理化の取り組み、随意契約の見直し及び一者応札・応募の改善〔指標1-1-オ〕
 調達等の合理化に向けては、「独立行政法人における調達等合理化の取組の推進について」（平成27年5月25日総務大臣決定）に基づき「平成27年度国立研究開発法人農業生物資源研究所調達等合理化計画」を定めた。前年度の契約状況を取りまとめて調達の現状と要因の分析を行ったうえで、手続きの簡素化や納期の短縮等を評価指標としてそれぞれの状況に即した調達の改善及び事務処理の効率化に努めるなど、同計画を実施することにより調達等の合理化に取り組んだ。

具体的には、研究開発等に係る物品及び役務の調達については、DNA合成製品の単価契約の対象品目・メーカーを拡大し、調達手続きの簡素化を図った。一般的な物品及び役務の一括調達、共同調達については、既に取り組んでいる健康診断、コピー用紙、トイレットペーパーに加え、電力受給契約、外国雑誌購読契約について、他法人が行っていた共同調達に参加することとなった。電力受給契約については、27年度に28年度の契約手続きを行った。この結果、28年度からの基本料金単価が大幅に安価になり、本部地区、大わし地区とも基本料金について、毎月約160万円（2地区合計で年間3,840万円）の削減が図られた。競争性のない随意契約に関する内部統制の確立については、27年度に開催した契約審査委員会で審議が行われた競争性のない随意契約案件の全て（12件）について、契約審査委員会で事前審査を行い、その結果（議事概要）を理事長に報告した。入札参加者を増やすための取り組みとして、入札説明書を受領して入札に参加しなかった者を対象にアンケートを実施して要因の分析を行い、更に回収率を上げるための取り組みとして電話での確認も行った。不適正な経理処理の発生の再発防止のための取り組みについては、職員を対象としたコンプライアンス研修の実施、研究費の執行（契約、納品・検収等）について、その手続き及び留意する点等が一目でわかるハンドブックを作成し、職員等に周知するとともに、グループウェアにファイルを格納して常時確認できるようにした。調達期間の拡大については、関係部署と打合せの上、農林水産省受託研究費の最終締め切りを前年度より1週間延長した。

また、事業年度終了後、調達等合理化計画の自己評価を実施し、ホームページに公表した（http://www.naro.affrc.go.jp/public_information/additional_resolution/09/index.htm）。

随意契約は、随意契約等見直し計画に基づき、競争性のない随意契約の見直しとして、個々の契約においてその必要性を引き続き審査することで、一般競争入札等の競争性のある契約方式への移行を徹底した。

一般競争入札は、「「1者応札・1者応募」となった契約の改善方策について」（平成21年7月9日策定、平成22年7月13日改正）に基づき、入札参加者を増やすため、入札説明書受領者へのアンケート調査の徹底・分析、入札公告期間12日間以上（役務契約は原則13日以上）の

確保、競争参加資格の等級緩和、仕様書の業務内容の詳細化かつ明確化、ホームページのRSS（ホームページの更新情報を新着情報として利用者に通知するための仕組み）による調達情報の提供等に取り組むとともに、希望者にはメールで入札説明書の配布を行った。

なお、1者応札の実績としては、27年度競争入札における1者応札の件数は60件（26年度63件）であった。アンケート調査については、調査対象63件219者のうち127者から回答があった。各担当からメール及び電話で協力要請をした結果、回収率は58%（26年度37%）となり前年度と比較して大幅に増加した。回答内容は、「要求仕様の全部又は一部に扱えない物品等があった。」、「自社の専門分野・得意分野と異なる業務内容であった、又は、業務を確実に履行できるリスクがあると判断した。」など、前年度と同様に仕様に関する回答が最も多かったが、必要最低限の仕様としており、さらなる緩和は困難と考える。

3) 契約の競争性、透明性に係る検証・評価 〔指標1-1-カ〕

行政刷新会議公共サービス改革プログラムに基づき策定された「平成24年度農林水産省調達改善計画について」（平成24年4月12日付け24農会第71号）を参考に、公共調達の適正化に向けた取組状況等の検討を行った。また、「「独立行政法人の契約状況の点検・見直しについて」における改善状況のフォローアップについて」（平成24年9月20日付け24農会第654号）に対応し、競争性のない随意契約、1者応札・1者応募（2か年度連続した案件のフォローアップ）及び一般競争入札等について、27年度は第1回（7月28日開催）契約監視委員会で26年度の審査を受け、更に第2回（1月28日開催）契約監視委員会で27年度第3四半期までの契約について審査を受けた。その結果、点検・見直し及び契約における手続き等について適正に処理されており問題ないことが確認された。

②複数年契約の活用等による経費削減の取り組み 〔指標1-1-キ〕

複数年契約については、業務内容等を精査して可能なものを実施しているところであり、27年度は機器等の賃貸借契約や外国雑誌の購入契約などで11件の複数年契約を行った。

また、27年度から農業・食品産業技術総合研究機構、農業生物資源研究所、農業環境技術研究所、国際農林水産業研究センター及び種苗管理センターは、競争の導入による公共サービスの改革に関する法律（平成18年法律第51号）に基づき、公共サービス改革基本方針（平成26年7月閣議決定）に従って、民間競争入札による業務委託（施設等清掃業務、施設警備保安等業務、エレベーター保守点検業務）を共同実施することとなっており、3月に入札を行った28年度の契約については、3か年の複数年契約を行った。複数年契約とすることにより、請負業者の習熟度向上による質の改善、また、初年度以降の契約事務が不要となり、業務の簡素化が期待される。

③特定関連会社、関連公益法人等に対する契約の妥当性 〔指標1-1-ク〕

27年度において、該当する契約はなかった。

「独立行政法人が行う契約に係る情報の公表について」（平成23年6月3日内閣官房行政改革推進室長事務連絡）において、独立行政法人と一定の関係を有する法人と契約した場合、及び「公益法人に対する支出の公表・点検の方針について」（平成24年6月1日行政改革実行本部決定）に基づき公益法人に一定の支出を行った契約及び契約以外の支出について、その結果等についてホームページで公表を行った。

また、独立行政法人が公益法人等に支出する会費の適正化・透明性を強化する観点から、「独立行政法人が支出する会費の見直し」（平成24年3月23日行政改革実行本部決定）が決定されたことに基づき、公益法人等に支出する会費の見直し・点検及び会費支出についてもホームページで公表を行った。

(<http://www.nias.affrc.go.jp/supply/tesutoa/newindex.html>)

平成27年度に締結した契約の状況

金額 (千円)

総件数	総金額	計	競争入札			
			一般競争	指名競争	応札者数	
					1者	2者以上
件	243	216 (88.9%)	216 (88.9%)	0 (0%)	63 (29.2%)	153 (70.8%)
	186	163 (87.6%)	163 (87.6%)	0 (0%)	63 (38.7%)	100 (61.3%)
数	151	126 (83.4%)	126 (83.4%)	0 (0%)	60 (47.6%)	66 (52.4%)
金	6,877,196	5,835,060 (84.8%)	5,835,060 (84.8%)	0 (0%)	1,899,606 (32.6%)	3,935,454 (67.4%)
	2,236,176	1,792,500 (80.2%)	1,792,500 (80.2%)	0 (0%)	675,435 (37.7%)	1,117,065 (62.3%)
額	1,907,223	1,393,786 (73.1%)	1,393,786 (73.1%)	0 (0%)	403,140 (28.9%)	990,646 (71.1%)

計	随意契約		
	企画競争・公募	不落随意契約	その他
27 (11.1%)	4 (1.6%)	13 (5.4%)	10 (4.1%)
23 (12.4%)	2 (1.1%)	10 (5.4%)	11 (5.9%)
25 (16.6%)	3 (2.0%)	5 (3.3%)	17 (11.3%)
1,042,136 (15.2%)	309,264 (4.5%)	475,582 (6.9%)	257,290 (3.8%)
443,676 (19.8%)	12,991 (0.6%)	171,745 (7.7%)	258,940 (11.5%)
513,437 (26.9%)	114,097 (6.0%)	28,798 (1.5%)	370,542 (19.4%)

注1：上段から25年度、26年度、27年度実績。

注2：対象とする契約及び契約金額は、予定価格が工事・製造（250万円以上）、財産の買入れ（160万円以上）、物件の借り入れ（予定年額賃借料又は総額が80万円以上）、役務提供（100万円以上）。

注3：（ ）内の数字は、総件数・総金額に占める割合。ただし、1者及び2者以上については、競争入札の件数・金額に占める割合（小数点第2位を四捨五入し、第1位まで記載）。

注4：研究委託費及び調査委託費を含む。

注5：「随意契約（企画競争・公募）」は、国立研究開発法人が自ら公募を行った契約をいう。

随意契約から競争入札に移行した事務

役務等の名称	契約金額 (千円)	予定価格 (千円)	落札率 %
該当なし			

注：対象とする契約は、工事・製造、財産の購入、賃借料、役務に係るもの全て。

随意契約によることとした理由

随意契約によることとした理由	件数	事例		
		役務等の名称	契約金額 (千円)	見合わせ参加業者数
・公募により参加募集を行った結果、参加意思表明者が1者のみであるため。	3	・会計監査業務	4,387	1
・農業生物資源ジーンバンク事業は、当法人を含む6法人が事業共同実施機関として実施することとなり、委託先は決定済みであり、変更はできないため。	7	・農業生物資源ジーンバンク事業平成27年度委託事業	229,977	1
・同業務を実施できるのは、1者のみであること等により、契約の相手方が特定されているため。	5	・産業医委託契約	1,200	1
・競争に付しても入札者がいない又は再度の入札をしても落札者がいないため。	7	・ゲノムデータベースと表現型/遺伝型関連データベースの改修および運用業務	6,966	1
・緊急の必要により競争に付することができないため。	3	・実験廃水等処分業務(単価契約)	18,306	1
計	25	—	—	—

2 評価・点検の実施と反映

中期目標

運営状況及び研究内容について、自ら適切に評価・点検を行うとともに、その結果については、独立行政法人評価委員会の評価結果と併せて、的確に業務運営に反映させ、業務の重点化及び透明性を確保する。

研究内容については、研究資源の投入と得られた成果の分析を行うとともに、農業その他の関連産業、国民生活への社会的貢献を図る観点及び評価を国際的に高い水準で実施する観点から、できるだけ具体的な指標を設定して評価・点検を行い、必要性、進捗状況等を踏まえて機動的に見直しを行う。また、主要な研究成果の利活用状況を把握・解析し、業務運営の改善に活用する。

さらに、職員の業績評価を行い、その結果を適切に処遇等に反映する。

中期計画

①業務の重点化及び透明性を確保するため、毎年度の独立行政法人評価委員会の評価に先立ち、業務の運営状況、研究内容について、外部の専門家、有識者等を活用し、自ら適切に評価・点検を実施するとともに、その結果については、独立行政法人評価委員会の評価結果と併せて、反映方針、具体的方法を明確化して、研究資源の配分等の業務運営に的確に反映させる。特に、研究内容については、必要性、進捗状況等を踏まえて機動的に見直しを行う。また、評価結果及びその反映状況については、ホームページで公表する。

②その際、研究内容の評価に当たっては、研究に先立って年次目標を記載した工程表を作成するとともに、農業、その他の関連産業及び国民生活への社会的貢献を図る観点、研究評価を国際的に高い水準で実施する観点から、できるだけ具体的な指標を設定する。また、投入した研究資源と得られた成果の分析を行い、研究内容の評価に活用する。

③評価・点検結果を踏まえて選定した主な研究成果の利活用状況を把握、解析し、業務の改善に活用する。

④職員の業績評価については、制度の円滑な実施を図り、評価者と被評価者のコミュニケーションツールとして有効に活用するとともに、その結果を適切に処遇等に反映させる。

〔指標 1-2-ア〕 効率的な自己評価・点検の体制整備が行われ、客観性、信頼性の高い評価・点検が実施されているか。

〔指標 1-2-イ〕 評価・点検結果の反映方針が明確にされ、研究内容を見直すなど実際に反映されているか。評価結果及びその反映状況は公表されているか。

〔指標 1-2-ウ〕 工程表に基づく研究業務の計画的な進行管理が行われているか。

〔指標 1-2-エ〕 国際的な水準から見た研究評価にむけた取組が行われているか。

〔指標 1-2-オ〕 研究資源の投入と成果の分析が実施され、評価に活用されているか。

〔指標 1-2-カ〕 研究成果の利用状況の把握、解析が行われ、業務改善に活用されているか。

〔指標 1-2-キ〕 職員の業績評価が適切に行われているか。また、処遇等への反映に向けた取組が行われているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	3年度	4年度	5年度	6年度	7年度
(該当なし)							

業務実績（第1－2）	自己評価
<p>＜主要な業務実績＞</p> <p>1.〔指標1－2－ア〕 自己評価・点検の体制については、評価の負担軽減や効率化も踏まえて適宜見直しを進めている。27年度の自己評価については、所内会議や所外会議を通して点検し、外部委員からの評価と助言も踏まえて決定した。加えて、27年度は第3期中期目標期間の最終年度にあたるため、第3期の期間実績評価を実施した。</p> <p>2.〔指標1－2－イ〕 評価・点検結果については、評価者によるコメントも含めて職員に周知し、業務運営の改善に反映させた。また、評価結果及びその反映状況は適切にホームページで公表した。</p> <p>3.〔指標1－2－ウ〕 研究の年次目標を記載した工程表については、27年度及び第3期中期目標期間としての達成状況を点検することにより、研究業務の計画的な進行管理のための資料として活用した。</p> <p>4.〔指標1－2－エ〕 国際的な水準から見た研究評価に向けた取り組みとしては、研究論文に着目した引用回数の分析などの情報収集を行った。</p> <p>5.〔指標1－2－オ〕 研究資源の投入と成果の分析については、課題毎に投入した研究資源（予算額、研究員数、ポスドク数）と得られた成果（公表された研究業績）を「平成27年度研究資源の投入状況・成果」として取りまとめ、評価資料として活用した。</p> <p>6.〔指標1－2－カ〕 研究成果の利活用状況については、各年度に選定された主要研究成果等の追跡調査を行い、研究成果の普及・活用状況を把握するとともにランク判定を行った。判定結果は、新産業創出につながる研究への取組促進等のための情報として職員に周知した。</p> <p>7.〔指標1－2－キ〕 職員の業績評価は、研究職員の「短期業績評価」や一般職員及び技術専門職員の「人事評価」、研究管理職員の「研究管理職員等業績評価」について、関係規程等に基づき適切に実施した。また、評価結果は勤勉手当や昇格・昇給などの処遇反映に活用した。</p>	<p>評定「B」</p> <p>＜評定の根拠＞ 自己評価・点検の体制については、評価の負担軽減を考慮しつつ、外部委員による評価も組み込むなど客観性も確保して実施された。なお、27年度は第3期中期目標期間の最終年度であることから、年度の評価に加えて第3期の期間実績評価を実施した。次年度の法人統合を見据え、早めの評価手続きに取り組んだことは評価できる。評価結果は職員にフィードバックされ、研究資源配分の際のインセンティブにも活用されるなど効率良く業務改善に反映された。職員の業績評価については、規程に基づいて適切に実施し、評価結果は処遇に活用された。</p> <p>以上、評価・点検の実施と反映について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p>＜課題と対応＞</p>

(27年度実績)

第1－2

中期計画における研究開発の加速・深化を図るとともに、評価の負担軽減や効率化に関する評価助言会議委員からの指摘等を踏まえて評価・点検体制を見直し、23年度においては1次評

価検討会及び書面審査による2次評価を「課題評価検討会」に一本化して評価の負担軽減と効率化を図った。24年度には評価の過程における被評価者の反論・補足説明を踏まえての再評価の仕組みを取り入れて評価に対する納得性を高めた。これらの手続きを経て「課題評価判定会」で自己評価について検討した。また、研究管理支援部門が行う業務運営の点検・改善の議論を行う場として「研究管理支援部門業務実績評価検討会」を開催し、研究課題と合わせて課題評価判定会の場で自己評価の検討を行った。これらの結果は、研究推進戦略会議を通してさらに点検して問題点等を明確にし、評価助言会議で外部委員から評価と助言を得ることにより、次年度へ向けての業務の改善等の反映につなげることとした。

また、27年度は第3期中期目標期間(23年度から27年度)の最終年度にあたるため、中期目標期間における業務実績の評価(期間実績評価)を27年度の評価(年度評価)の過程に合わせて実施した。

研究職員の短期業績評価については、26年度の評価結果を27年度の勤勉手当に反映させた。また27年度(平成27年1月9日から平成28年3月31日)の評価を実施した。一般職員等の人事評価については、26年度の評価結果を27年度の勤勉手当や昇格・昇給に反映させた。また27年度の評価について、職務遂行能力評価(評価期間1年間)及び業績評価(評価期間半年間、前期及び後期)を実施した。

これらの職員の評価にあたっては、所内グループウェア(電子システム)を利用することにより評価結果等データ管理の確実性を高めつつ、評価手続きの効率化も図りながら実施した。なお、27年度の評価結果については、新法人に引き継いで処遇に反映することとしている。

①自己評価・点検体制の整備・充実と業務運営への反映

[指標1-2-ア、イ]

27年度の業務実績評価は、図2に示した会議の流れで実施した。

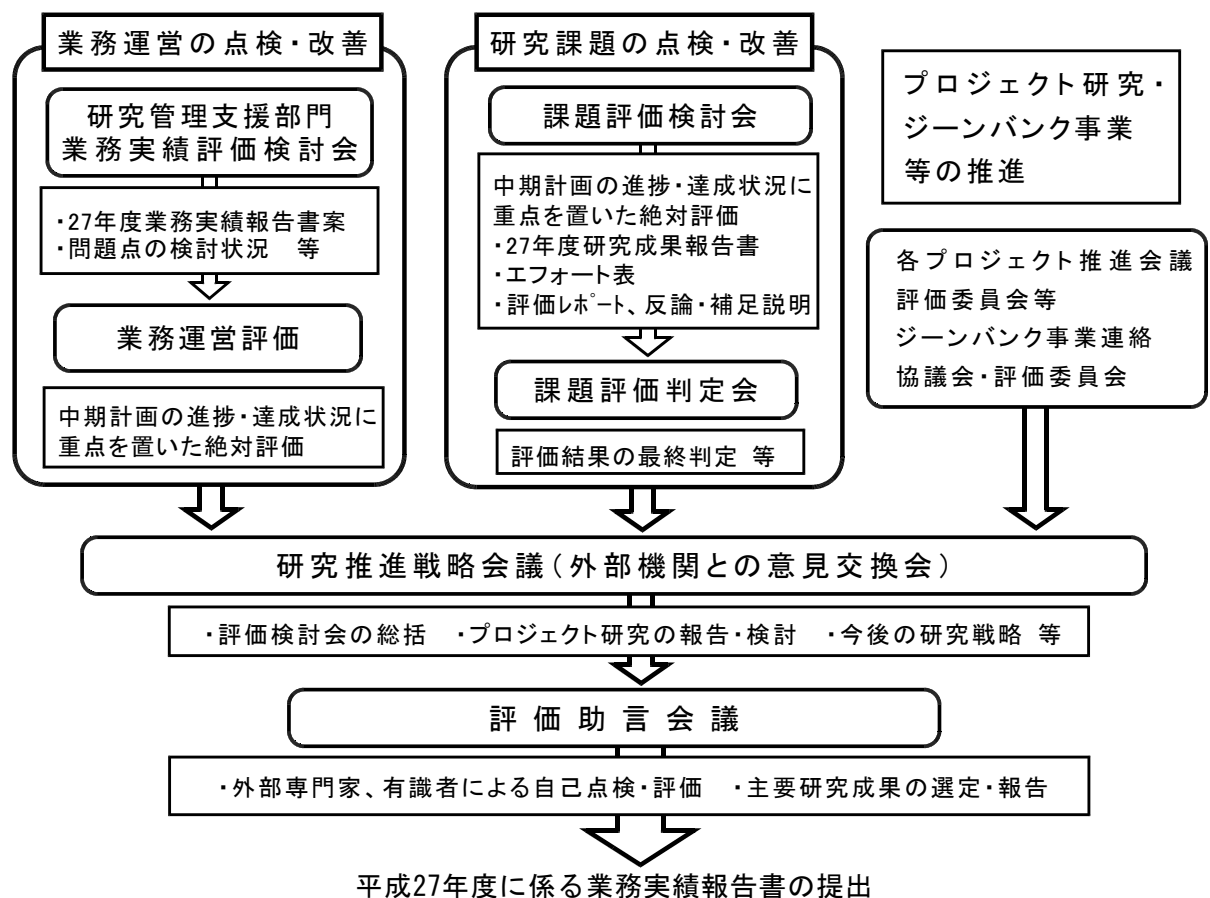


図2 農業生物資源研究所の評価の流れ

1) 課題評価検討会と課題評価判定会

27年度の課題評価検討会は平成27年12月14日～12月17日に開催したが、それに先だって中課題担当責任者は内部成績検討会を行い、その結果を踏まえ課題評価用資料として、業務実績報告（研究成果概要）、予算・エフォート表、その他詳細資料（中課題を構成する課題毎の報告書、研究業績一覧）及び自己評価レポートを提出した。課題評価検討会では、課題評価用資料に加えて、ユニット長等による口頭発表があり、評価者（理事長、理事、統括研究主幹、研究センター長、研究領域長、研究主幹の計12名）を中心とする出席者と発表者間で十分な討論を行った。

検討会後に中課題担当責任者による課題評価用資料の更新があり、検討会での発表内容とこれらの資料をもって評価者による評価（評価の視点毎の評点とコメントの記入）を実施し、その評価に対する被評価者の反論・補足説明を受けて評価者は再評価を行った。

評価は、①計画の妥当性、②進捗・達成状況、③予算、人員と役割分担、④評価結果に対するフォローアップ、⑤その他特記事項、の5つの「評価の視点」に則り5段階で評点を付け、重み付けは、②の項目を0.7、①③④を0.1とした。⑤については0.3点～0点の加点項目とした。評価は各評価者の総合評点とし、評価者全員の平均値により各中課題の評価結果をS、A、B、C、Dの5段階で示した。

その後、平成28年1月28日に課題評価判定会を開催し、各中課題の最終判定及び大課題の評価について審議を行った。評価者による評点や被評価者の反論・補足説明等も考慮して議論を行い総合的に評価判定した。

これらの所内における検討と評価を行った後、後述する評価助言会議を経た評価助言会議委員の点検・評価結果も踏まえ、中課題ごとの所としての自己評価の最終結果は以下のとおりであった。

- | | |
|----------------------------------|------|
| ・ S評価：特に顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 1 課題 |
| ・ A評価：顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 6 課題 |
| ・ B評価：成果の創出やその期待等が認められ、着実に運営（標準） | 14課題 |
| ・ C評価：一層の工夫、改善等が期待される | 0 課題 |
| ・ D評価：抜本的な見直しを含め、特段の工夫、改善等を求める | 0 課題 |

大課題については、各中課題の評価及び評点を勘案し、3課題をA評価、2課題をB評価と判定した。

年度の評価に加えて、27年度は第3期中期目標期間(23年度から27年度)の最終年度にあたるため、中期目標期間における業務の実績について期間実績評価を実施した。期間実績評価用の資料として中課題担当責任者が作成した第3期中期目標期間における業務実績報告に基づき課題評価検討会で討論を行った。その後、年度評価同様の評価手続きを実施し、中課題ごとの所としての自己評価の最終結果は以下のとおりであった。

- | | |
|----------------------------------|------|
| ・ S評価：特に顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 1 課題 |
| ・ A評価：顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 5 課題 |
| ・ B評価：成果の創出やその期待等が認められ、着実に運営（標準） | 15課題 |
| ・ C評価：一層の工夫、改善等が期待される | 0 課題 |
| ・ D評価：抜本的な見直しを含め、特段の工夫、改善等を求める | 0 課題 |

大課題については、各中課題の評価及び評点を勘案し、2課題をA評価、3課題をB評価と判定した。

また、研究成果の利活用状況の把握・解析のため、21～22年度に選定された「普及に移しうる成果」、23～25年度に選定された「主要研究成果」、及び研究成果の中から「その他の追跡調査を実施すべき成果」として選定された成果について追跡調査を実施し、課題評価判定会では、この調査資料（普及・活用状況等の情報と課題担当者による自己評価）をもとに普及活用ランクの判定を行った。

課題評価結果は、理事会に報告して承認を得た。

2) 研究管理支援部門業務実績評価検討会

27年度の研究管理支援部門業務実績評価検討会を平成27年12月18日に開催した（図3）。

評価者は上記研究課題の評価者に統括総務主幹と統括管理主幹を加えた14名であり、生物研の運営会議メンバーのほかに、常勤職員も自由に参加できる所内オープン形式で業務運営の点検と問題点についての議論を行った。

検討会では、業務実績報告書が政府、国民への報告であることに留意し、研究管理支援部門の各室が作成した当該報告書案及び自己評価書に沿って27年度の業務運営について評価項目毎の点検・検討を行った。あわせて、27年度は第3期中期目標期間（23年度から27年度）の最終年度にあたるため、中期目標期間における業務の実績についても点検・検討を行った。

会議の概要は、運営会議を通じて職員に報告した。

27年度業務運営及び第3期業務運営の評価は、研究管理支援部門業務実績評価検討会での資料や検討結果をもとに、農林水産技術会議事務局長が定めた評価指標に沿って、評価者ごとの評価票の作成により実施し、さらに平成28年1月中旬に検討会以降の業務実績も考慮して評価者評価の再確認・確定を行った。評点は、課題評価と同様に5段階評価とし、評価者全員の平均値をもって各項目の総合評点とした。この総合評点は、平成28年1月28日に開催した課題評価判定会で判定を行い、評価助言会議委員の点検・評価を経て、所としての自己評価の最終決定を行った。27年度業務運営における15の評価項目、及び第3期業務運営における16の評価項目の所としての自己評価の最終結果は以下のとおりであった。

（27年度業務運営の自己評価）

- | | |
|----------------------------------|------|
| ・ S評価：特に顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 0項目 |
| ・ A評価：顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 0項目 |
| ・ B評価：成果の創出やその期待等が認められ、着実に運営（標準） | 13項目 |
| ・ C評価：一層の工夫、改善等が期待される | 2項目 |
| ・ D評価：抜本的な見直しを含め、特段の工夫、改善等を求める | 0項目 |

（第3期業務運営の自己評価）

- | | |
|----------------------------------|------|
| ・ S評価：特に顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 0項目 |
| ・ A評価：顕著な成果の創出やその期待等が認められる | 0項目 |
| ・ B評価：成果の創出やその期待等が認められ、着実に運営（標準） | 14項目 |
| ・ C評価：一層の工夫、改善等が期待される | 2項目 |
| ・ D評価：抜本的な見直しを含め、特段の工夫、改善等を求める | 0項目 |

27年度業務運営及び第3期業務運営の自己評価でC評価とした項目は、ともに第1-1「経費の削減」及び第8-3「法令遵守など内部統制の充実・強化」の項についてであり、不適正な経理処理事案が発生したことの重大性を鑑みて評価したものである。

この評価結果とともに各評価者によるコメント欄記載内容を業務担当者へ伝えることによって、今後の業務運営の改善に反映するようにした。



図3 研究管理支援部門業務実績評価検討会（平成27年12月18日）

3) 農業生物資源研究所研究推進戦略会議（外部機関との意見交換会）

研究推進戦略会議（外部機関との意見交換会）を、平成28年2月5日に主婦会館プラザエフ（東京都千代田区六番町）において開催した。生物研運営会議メンバー等28名のほかに、農林水産省からは農林水産技術会議事務局研究調整官ら3名、国立試験研究機関6名、公立試験研究機

関9名、大学5名、公益法人8名、民間企業29名の計88名が出席した（図4）。

会議では、最初に27年度の研究課題評価の概要を報告し、次に「研究開発成果とその最大化に向けた展望」として、生物研の3つのセンターでの研究の進展と今後の展望に関する報告があった。その後、「第4期中長期目標期間に向けて発展が期待される研究開発とその展望」をテーマに、4つの研究課題について開発状況や今後の展望等が発表された。総合討論では、ニーズの収集状況や研究成果に対する海外企業の動向などについて意見交換が行われたほか、遺伝子組換え作物を見学する機会の継続等について要望があった。

また、最近の研究成果に関するポスター展示を行うことにより、生物研の研究成果について情報発信を行い、参加者へのアンケートを通して報告内容の感想や生物研への意見・要望を得た。



図4 研究推進戦略会議（外部機関との意見交換会）（平成28年2月5日）

4) 農業生物資源研究所評価助言会議

評価助言会議を、平成28年2月16日に秋葉原コンベンションホール（東京都千代田区外神田）において、評価助言会議委員7名、農林水産省農林水産技術会議事務局関係者2名と生物研運営会議メンバー等36名の出席で開催した。会議において、あるいはその後の書面により、8名の評価助言会議委員（表1）から27年度業務実績及び第3期業務実績に対する質問及び助言を得た。

評価助言会議委員による評点とコメントの記入は、年度評価・期間実績評価ともに、業務運営部分は中項目毎、研究部分は大課題と中課題毎に行い、評定区分は標準となる評語をBとしてSからDまでの5段階とした。取りまとめた評価結果及び委員コメントは、評価助言会議に自己点検を諮問した理事長に報告した後、所内の運営会議を通じて全職員に周知した。

表1 農業生物資源研究所評価助言会議委員名簿

氏名	現職・所属	専門分野
石川 幸男	東京大学大学院 教授	昆虫・動物
伴戸 久徳	北海道大学大学院 教授	昆虫・動物
眞鍋 昇	大阪国際大学 教授	昆虫・動物
経塚 淳子	東北大学大学院 教授	植物
小林 正智	理化学研究所 バイオリソースセンター コーディネーター	植物
吉村 淳	九州大学大学院 教授	植物
佐々 義子	NPO法人 くらしとバイオプラザ21 常務理事	外部有識者
菅野 純夫	東京大学大学院 教授	外部有識者

以上のように、一連の評価関連会議での結果、指摘事項及び意見等を総合的に勘案して、生物研としての最終的な自己評価結果を取りまとめ、27年度に係る業務実績報告書及び第3期中期目標期間に係る業務実績報告書の自己評価ランクとコメントへ反映させた。

② 研究内容の評価、研究資源と成果の分析

[指標1-2-ウ、エ、オ]

第3期から研究の年次目標を記載した工程表を作成し、研究の進捗状況把握に活用した。工程表に記載された27年度の目標について、今年度及び第3期中期目標期間としての達成状況を点検した。また研究成果に関して、学術雑誌等の国際的な注目度の指標となっているIF

値（インパクトファクター値）について、全発表論文の総合計値に関する数値目標を掲げるとともに、より高い数値の達成に向けて全所で取り組んだ。なお、国際的な水準から見た研究評価として、研究論文に着目した引用回数などの情報収集を行った。

課題評価は課題評価実施方針に従い、中課題ごとに①計画の妥当性、②進捗・達成状況（成果の価値等）③予算、人員と役割分担（研究資源）、などの評価の視点に基づき分析し、自己評価・点検を実施した。

また、課題毎に投入した研究資源（予算額、研究員数、ポスドク数）と得られた成果（公表された研究業績）を取りまとめた「平成27年度研究資源の投入状況・成果」を作成し（p. 183）、そのデータをもとに、研究員数あたりの論文数、IF値や予算額、論文1報あたりの予算額等を算出し、課題評価判定会や評価助言会議において評価資料として活用した。

③研究成果の利活用状況の把握、解析と業務改善への活用 〔指標1-2-カ〕

課題評価は、①計画の妥当性、②進捗・達成状況、③予算、人員と役割分担、④評価結果に対するフォローアップ、⑤その他特記事項、の5つの「評価の視点」に則り5段階の評点としている。その上で、「②進捗・達成状況」の項目では、「アウトカムに寄与するアウトプットが得られているか」、「成果（業績）は普及に移しうる成果として価値あるものか」などの指標の下、農業、その他の関連産業等への貢献を評価する基準が設定されている。さらに、加点要素となる「⑤その他特記事項」の項目では、研究成果のインパクトの程度とともに、普及・利用に移すための取り組みなども評価に加味した。評価結果に基づき研究資金の重点配分を行うなど、業務の改善に取り組んだ。

また、21～22年度に選定された「普及に移しうる成果」、23～25年度に選定された「主要研究成果」、及び研究成果の中から「その他の追跡調査を実施すべき成果」として選定された成果については、成果の追跡調査結果をもとに、生物研の課題評価判定会において普及活用ランクを判定した（表2）。判定結果は所内の運営会議を通じ、新産業創出につながる研究への取組促進等のための情報として職員に周知した。

表2 研究成果の普及・活用状況

調査整理番号	成 果 名	普及活用ランク
21年度-1	イネいもち病ほ場抵抗性遺伝子 <i>pi2l</i>	A
21年度-2	異業種連携による遺伝子組換え高機能絹糸の製品化	B
22年度-1	血圧調整米の開発	B
23年度-1	オオムギ完全長cDNA24,783配列をデータベースから公開	A
23年度-2	改変ペプチド・ポリマー複合体を用いた抗菌繊維加工技術の開発	B
24年度-1	ブタの椎骨数遺伝子の単離と遺伝子診断を用いた枝肉生産技術	A
24年度-2	肉眼で判別できるカイコの遺伝子組換えマーカーの開発	B
24年度-3	ブタのゲノム及び遺伝子配列の高精度解読 ※	A
25年度-1	イネの干ばつ耐性を高める深根性遺伝子の特定	A
25年度-2	香料用素材として天然高分子量セリシンを利用する技術の開発	A
25年度-3	カイコ完全長cDNA解読による遺伝子構造決定とデータベースによる公開 ※	A
25年度-4	ケブカアカチャコガネの交信かく乱法による防除法の開発 ※	B
25年度-5	国内登録品種：独品32（そば）ダルマだったん ※	B

補足：※印の成果は、「その他の追跡調査を実施すべき成果」として選定された成果である

- A：経済活動等で活用されている
- B：近い将来（数年以内）に経済活動等で活用が見込まれる
- C：現時点で経済活動等で活用されていない（Bを除く）

④職員の業績評価制度の円滑な実施

[指標 1 - 2 - キ]

研究職員の能力を活かし研究所全体の研究活動の活性化を図るため、また、評価結果を処遇へ反映させる制度として、目標設定・管理型である「研究職員短期業績評価」を平成21年4月1日から実施している。26年度の評価結果は、評価結果に応じた加算割合を15/100から0/100（加算なし）の範囲として27年度の勤勉手当に反映させた。27年度は、評価期間を平成27年1月9日から平成28年3月31日までとして、「農業生物資源研究所研究職員短期業績評価実施規程」及び「研究職員の業績評価マニュアル」に従って同様に実施し、被評価者ごとに期首に設定する目標等について、期末にどれだけ達成したかという観点で評価した。その際には、研究業務等の成果を、中間的な成果やプロセス（努力）も含め、また質的な到達水準も含めて評価した。重要度や困難度を加味した目標設定と評価者による評価は、期首、期中（変更等がある場合のみ）、期末の被評価者と評価者との面談を通して認識を共有することによって行っており、コミュニケーションツールとしても有効活用した。評価者による評価結果は、平成28年3月1日の第1回業績評価委員会（理事・研究管理職員12名で構成）で審査を行って委員会評価を決定し、被評価者に通知した。最終評価結果は業績評価委員会委員長より平成28年3月15日に理事長へ答申した。

研究管理職員の業績評価は、「農業生物資源研究所研究管理職員等業績評価実施規程」に従って実施し、26年度の評価結果は27年度の勤勉手当の成績率に反映させた。なお、27年度は、評価期間を平成27年4月1日から平成28年3月31日までとして、期末に被評価者が作成した業績基礎票及び業績評価票について、被評価者と評価者（評価担当理事）が面談を実施して内容を確認した。その後、平成28年3月8日に開催した所内評価委員による評価判定会議で審議を行って評価を決定し、被評価者に通知した。

一般職員及び技術専門職員については、平成22年10月1日から導入している「農業生物資源研究所一般職員等人事評価実施規程」及び関係規程等に基づき評価を実施した。

本制度は、1年間（10月1日から翌年9月30日まで）を評価期間とした職務遂行能力評価と、半年間（10月1日から翌年3月31日まで及び4月1日から9月30日まで）を評価期間とした業績評価からなっており、26年度の業績評価結果は27年度の勤勉手当の成績率に反映させたほか、職務遂行能力評価と組み合わせて昇格・昇給へも活用した。

職務遂行能力評価は、職員としての姿勢、業務に必要な情報・知識、コミュニケーション能力、業務の計画性や正確性など、役職や職務に応じて設定された評価項目について、当該職員に求められる職務行動が安定的にとられているかどうかを評価する。業績評価は、組織及び部門目標を考慮し、担当する業務に即して当該職員が果たすべき役割として目標を設定し、その達成度を評価する。研究職員同様に、期首・期中（変更等がある場合のみ）、期末の面談を通じて遂行業務の進捗確認や指導・助言が行われたほか、コミュニケーションツールとしても機能した。

また、27年度に新規採用となった職員については、評価結果を正式採用の判断に用いるために、通常の人事評価に加えて「特別評価」を実施した。

3 研究資源の効率的利用及び充実・高度化

中期目標

(1) 研究資金

中期目標を着実に達成するため、運営費交付金を効果的に活用して研究を推進する。また、研究開発の一層の推進を図るため、委託プロジェクト研究費、競争的研究資金等の外部資金の獲得に積極的に取り組み、研究資金の効率的活用に努める。

(2) 研究施設・設備

研究施設・設備については、老朽化した現状や研究の重点化方向を踏まえ、真に必要なものを計画的に整備するとともに、有効活用に努める。

(3) 組織

中期目標の達成に向けて、研究成果を効率的に創出するため、研究資金、人材、施設等の研究資源を有効に活用し得るよう、他の農業関係研究開発独立行政法人との連携による相乗効果を発現させる観点から、組織の在り方を見直す。

(4) 職員の資質の向上と人材育成

研究者、研究管理者及び研究支援者の資質向上を図り、業務を的確に推進できる人材を計画的に育成する。そのため、人材育成プログラムを踏まえ、競争的・協調的な研究環境の醸成、多様な雇用制度を活用した研究者のキャリアパスの開拓、行政部局等との多様な形での人的交流の促進、研究支援の高度化を図る研修等により、職員の資質向上に資する条件を整備する。

中期計画

(1) 研究資金

- ①運営費交付金を活用し、中期目標に定められた研究を効率的・効果的に推進するため、研究内容の評価・点検結果に基づき研究資金の重点的な配分を行う。
- ②研究開発の一層の推進を図るため、農政上及び科学技術政策上の重要課題として国が委託するプロジェクト研究や競争的研究資金等の外部資金へ積極的に応募し、研究資金の充実を図る。

(2) 研究施設・設備

- ①老朽化の現状や研究の重点化方向を踏まえ、整備しなければ研究推進が困難なもの、老朽化が著しく、改修しなければ研究推進に支障を来すもの、法令等により改修が義務付けられているものなど、真に必要な研究施設・設備を計画的に整備する。
- ②施設利用の基準に基づき施設の有効利用を促進するとともに、光熱水料等の施設運転経費の効率化に努める。
- ③個々の施設・機械の機能について広く周知し共同利用に努めるとともに、コスト意識の醸成を図りつつ、適切な管理・運営により施設・機械の有効かつ効率的な利用を促進する。また、開放型研究施設（オープンラボ）等に関する情報の公開に努め、オープンラボ「マイクロアレイ解析室」「昆虫遺伝子機能解析関連施設」の利活用を、引き続き進める。
- ④特に、放射線育種場の依頼照射については、照射料金を見直すとともに、独立行政法人及び国立大学法人からの依頼照射についても有料化を検討する。

(3) 組織

- ①中期目標を着実に達成するため、集中的・重点的に取り組む研究テーマを担う研究単位を配置するとともに、他の農業関係研究開発独立行政法人との共同研究等を円滑に推進するための体制を整備する。

②研究組織に対する評価を行い、その結果を踏まえて、政策的要請や社会的ニーズに適切に対応するため、機動的かつ柔軟に組織の見直しを行う。

(4) 職員の資質の向上と人材育成

- ①「研究開発システムの改革の推進等による研究開発能力の強化及び研究開発等の効率的推進等に関する法律」(平成20年法律第63号)の制定や研究開発を取り巻く情勢変化等を踏まえて、人材育成プログラムを改定し、これに基づき、職員の主体的な能力開発の取り組みを支援しつつ、計画的な人材の育成に努める。
- ②予算配分や表彰制度等を活用して職員へインセンティブを付与するとともに、競争的・協調的な研究環境を醸成する。
- ③研究所の多様な業務の遂行に必要な知識や情報を集積し、優れた人材を養成するため、各種の制度を活用して、職員を各種研修等に積極的に参加させるとともに、業務上必要な資格取得を支援する。
- ④行政部局等との多様な形での人的交流や連携を促進し、研究者のキャリアパスの開拓及び研究管理や各種支援業務に必要な高度な能力を有する人材の養成を図る。

[指標 1-3-ア] 評価・点検の結果が運営費交付金の配分に反映されているか。

[指標 1-3-イ] 国の委託プロジェクト研究の重点実施や競争的研究資金等の外部資金の獲得により、研究資金の充実を図っているか。

[指標 1-3-ウ] 研究施設・機械は有効に活用されているか。共同利用の促進、集約化等による施設運営経費の抑制の取組が適切に行われているか。

[指標 1-3-エ] オープンラボに関する情報を公開し、利用促進を図っているか。また利用実績について検証しているか。

[指標 1-3-オ] 他の農業関係研究開発独立行政法人との連携強化など、効率的な研究推進のための組織整備の取組が行われているか。

[指標 1-3-カ] 人材育成プログラムに基づく人材育成の取組が適切に行われているか。

[指標 1-3-キ] 研究職員にインセンティブを付与するための取組が行われているか。

[指標 1-3-ク] 研究管理者の育成や研究支援部門における業務の高度化への対応のための各種研修の実施、資格取得の支援が行われているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第 1-3)	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. [指標 1-3-ア]</p> <p>評価・点検結果の運営費交付金配分の際の反映については、課題評価結果に基づき配分する「インセンティブ課題配分」を行った。この他にも「重点研究課題配分」や「提案型研究課題配分」、また、研究を活性化するための各種支援経費の配分を行った。</p> <p>2. [指標 1-3-イ]</p> <p>研究資金の充実については、新たに農林水産省委託プロジェクト1課題について中核機関としての実施を開始した。また、競争的資金制度では、内閣府革新的研究開発推進プログラム1課題、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業4</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>研究資金については、農林水産省委託プロジェクトへの新規参画があったほか、競争的資金制度では内閣府革新的研究開発推進プログラム (ImPACT) が採択されるなど、所内の支援体制やグループウェアを利用した情報提供等の取り組みが結果</p>

課題、国際科学技術共同研究推進事業1課題が新たに採択されたほか、グループウェアを利用した情報提供や応募の際の指導等を徹底することにより、科学研究費補助金等の採択率の向上を図った。

3. [指標1-3-U]

施設の有効利用については、「研究スペース配分基準」を定め、研究スペースが一定割合を超えた場合には応分の負担を利用者に求めた。また、共用機械リストを広く職員に公開して共用化・集約化を図るとともに、所内グループウェア上に整備した「転用・廃棄申請・資産物品閲覧システム」を活用し、研究用機械の有効利用を図っている。放射線育種場の依頼照射については、規程に定めた基準に基づき単価の見直しを実施した。

4. [指標1-3-E]

オープンラボについては、ホームページ上に「マイクロアレイ解析室」、「昆虫遺伝子機能解析関連施設」の利用手順や得られた研究実績等を公開して利活用を図った。オープンラボの利用実績は、マイクロアレイ解析室37件(うち所外18件)、昆虫遺伝子機能解析関連施設45件(うち所外26件)であった。

5. [指標1-3-O]

効率的な研究推進のための組織整備については、集中的・重点的に取り組む研究テーマを担った3つの研究センター及び3つの研究領域を23年度に設置した。また、「攻めの農林水産業」に対応して、作物の開発・利用を加速するため、農業・食品産業技術総合研究機構と連携して、バーチャルな組織である「作物ゲノム育種研究センター」を設置し、研究の効率化・高度化を図る推進体制を構築している。なお、政府方針を踏まえ、4法人(農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、種苗管理センター)による新たな研究開発法人の平成28年4月設立に向けた検討体制を構築し、組織設計や運営のあり方等について連絡を密にした検討を重ね準備を進めた。

6. [指標1-3-K]

人材育成については、生物研の「人材育成プログラム」を実行することにより、職員の資質向上や研究所の活性化を図った。また、新規採用の若手任期付職員については、特別なプログラム(若手研究者育成プログラム)によってその育成を図った。

7. [指標1-3-Ki]

研究職員へのインセンティブの付与については、予算配分において、26年度の課題評価に基づくインセンティブ課題配分等を実施した。また、NIAS研究奨励賞とNIAS創意工夫賞を設定して職員へのインセンティブ付与を図っており、27年度はNIAS研究奨励賞3件(3名)が受賞した。

に繋がっていることは評価できる。施設や機械の有効活用については、引き続きグループウェアでの共用機械の公開や転用機器等の申請システムを活用して有効利用を図った。組織整備については、作物ゲノム育種研究センターが有効に機能しており、法人統合を先取りして積極的にゲノム育種に取り組んでいるものとして評価できる。研究職員へのインセンティブの付与については、前年度の評価結果に基づく予算配分の実施やNIAS研究奨励賞の表彰を行うなど、競争的な環境の中で付与する取り組みを行っている。

以上、研究資源の効率的利用及び充実・高度化について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。

<課題と対応>

8. [指標1-3-ク]

研究管理者の育成については、研究管理能力やプロジェクトマネージメント能力の養成を図るため、農林水産省に6名、を派遣した。研究支援部門職員の育成については、各担当の業務が高度に専門化していることも踏まえ、外部研修等に参加させ、職務に応じた専門的な知識や能力の向上を図った。資格取得についても積極的に支援したことにより、27年度は延べ8名が取得した。

6～8のような職員の資質向上や人材育成の取り組みの成果もあり、27年度は各種表彰や学会賞を21件(延べ65名)受賞した。

(27年度実績)

第1-3(1)

生物研が担う、バイオテクノロジーを中心とする基礎的・先導的な研究及びその成果を活かした応用技術開発についてさらなる飛躍を目指すため、研究企画調整室において、研究資源の効率的活用や外部資金の積極的獲得のための各種施策を立案し、実行した。その内容は以下のとおりである。

①研究資金の重点配分

[指標1-3-ア]

一般研究費については、①中期計画課題遂行のため各研究センター・研究領域、ユニット等の規模に応じて配分する「基本研究費」(83.1百万円)、②各研究センター・研究領域内において研究推進及び組織運営上で必要な項目についてその長が柔軟に再配分できる「センター・領域長裁量経費」(82.5百万円)の2種目に分けて配分した。また、研究開発の重点化方針等に基づき研究の重点化や活性化を図るために配分する重点研究費(12.2百万円)については、①運営費交付金の戦略的、効率的な運用の一環として課題評価結果に基づき配分する「インセンティブ課題配分」、②各研究センター・研究領域内で中期計画達成のために設定した重点課題に対して競争的に配分する「重点研究課題配分」、③研究員自らの研究アイデアに基づいて、中期計画のさらなる深化、新たな研究シーズの開発や成果の実用化を目指した提案に対して競争的に配分する「提案型研究課題配分(基盤型)」の3種目に分けて配分した。

また、研究を活性化し、中期計画を円滑に遂行するための経費として、研究推進費から以下の支援を行った。①論文掲載料支援、②シンポジウム等開催経費補助、③研修等受講経費補助、④新規任期付研究員のスタートアップ支援、⑤連携大学院生受入支援、⑥在外研究員派遣支援、⑦先端技術支援、⑧技術移転活動費、⑨NIAS研究奨励賞受賞者支援、⑩育児休業取得者支援、⑪リソースセンター支援、⑫若手研究員海外成果発表支援のほか、さらなる活性化のため、27年度は新規プロジェクト等の加速のため、受託契約前後の期間について、ポスドク等雇用経費の配分を強化した。

②受託プロジェクトの重点的实施、外部資金の獲得

[指標1-3-イ]

農政及び科学技術政策上重要な研究課題として国が実施するプロジェクト研究で、生物研が担当している研究課題については引き続き着実に研究開発を推進した。農林水産省委託プロジェクト「ゲノム情報を活用した農畜産物の次世代生産基盤技術の開発」においては、25年度開始の9課題及び26年度開始の1課題の計10課題を中核機関として実施した。同プロジェクト等の推進に当たっては研究担当者が可能な限り研究に専念できるよう、プロジェクト推進事務局と研究企画調整室が連携して各種支援業務を行った。また、農林水産省委託プロジェクト「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」においては、26年度開始の2課題に加え、27年度から新たに開始された課題「アジア植物遺伝資源ネットワークの構築」に中核機関として応募し採択された。内閣府主導による府省連携の大型プログラム「戦略的イノベーション創造プログラム」では、26年度から「次世代農林水産創造技術—新たな育種技術(NBT)の開発・改良」に中核研究機関として参画し研究を推進している。さらに、革新的な科学技術イノベーションの創出を目指す大型プロジェクトの内閣府「革新的研究開発推進プログラム(I

mPACT)」において、「超高機能構造タンパク質による素材産業革命」プログラムに共同機関として27年度新たに参画した。なお、生物研が中核研究機関となっているプロジェクトにおいては、その責務を果たすために個別のプロジェクト毎に課題取りまとめ責任者を置き、研究企画調整室が支援業務を行った。

農林水産省からの研究委託については、参画機関で構成したコンソーシアムが実施する方式となっているが、中核研究機関である生物研がそのコンソーシアムの業務執行組合員となり、コンソーシアムの設立及び各種業務執行並びに参画機関に対する支援を行った。

一方、第3期中期目標達成の加速化や将来の研究シーズの蓄積のため、文部科学省所管の科学研究費補助金をはじめとする競争的資金制度による研究資金に積極的に応募することを奨励した（表3）。応募の際には、各研究センター長・研究領域長等による応募書類の事前チェックと修正指導を徹底するとともに、二次審査（ヒアリング）に進んだ場合には予行演習と指導を行った結果、中核機関として応募した課題のうち、国際科学技術共同研究推進事業において1件、農林水産業・食品産業技術研究推進事業において3件が新たに採択された。また、グループウェアを利用して「科研費獲得の方法とコツ」を引き続き掲載し、科学研究費補助金の採択率の向上を図った。

表3 平成27年度の競争的資金制度等への応募と採択実績

所管	制度	応募数	採択数	
文部科学省	科学研究費補助金	基盤研究	50	14
		挑戦的萌芽研究	19	3
		若手研究	15	4
		新学術領域研究	2	0
農林水産省	農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業	9	4	
科学技術振興機構	戦略的創造研究推進事業（CREST・さきがけ・ALCA） 国際科学技術共同研究推進事業（SATREPS） 大学発新産業創出プロジェクト（START）	15	1	
		1	1	
		1	1	
民間助成団体等		44	9	
合計		156	37	

なお、23年度より設定した重点研究費による「重点研究課題配分」は、その成果をもって積極的な外部資金の獲得を目指すこととしており、特に「提案型研究課題配分」の基盤型においては、競争的資金等の獲得を狙って、その準備として明確な目標を定めることを前提として課題を実施し、26年度終了提案型研究課題のうち2課題は科学研究費補助金基盤Cに採択された。なお、27年度は中期計画最終年度により重点研究費の新規課題の募集は行わなかった。

図5には、平成27年度収入額と研究資金の配分を示した。

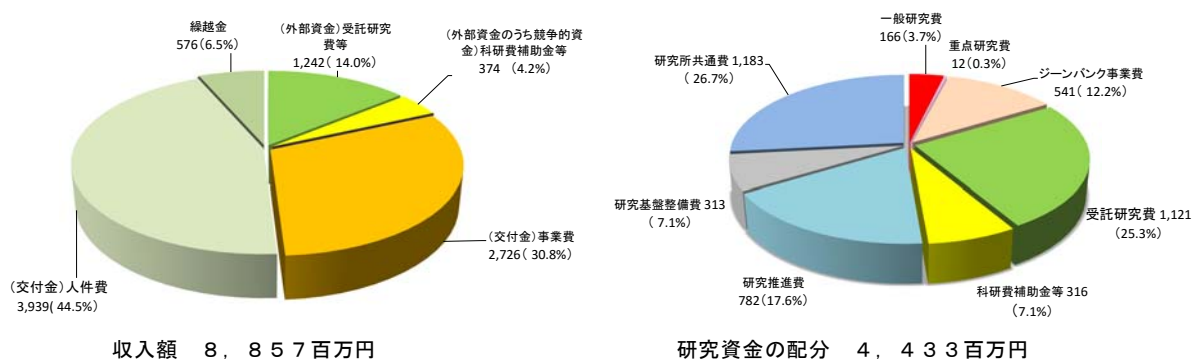


図5 平成27年度収入額と研究資金の配分（単位：百万円）

第1-3(2)

①研究施設・設備の計画的整備

[指標1-3-U]

研究施設・設備の改修・修繕等においては、施設の根幹となるインフラ設備の老朽化対策と研究の重点化を踏まえた施設整備を計画的に行うことが重要であるため、22年度に第3期中期目標期間における施設整備等計画を策定し、その内容を基本として26年度末に計画を見直し27年度の整備を進めた。

②施設の有効利用と運転経費の効率化

[指標1-3-U]

コスト意識の醸成を図るため、施設利用委員会において「第3期中期計画における研究スペース配分基準」を定め、研究単位の平均実効面積が、つくば地区全体の平均実効面積の150%を超えた場合には、応分の負担を利用者に求めることとしており、オンライン利用申請に基づいた研究スペース配分を実施した。

また、業務効率化推進委員会において、支出額が共通経費の31%を占める光熱水量（27年度当初予算7.7億円）を指標として削減目標額77,000千円（削減目標率10%）を設定し、温室、植物栽培装置などの空調の使用制限、フリーザー、冷蔵庫、恒温器及び人工気象器等の使用抑制等を行った。節電の取り組み状況等については、所内グループウェアに地区別、建物別の電気使用量の推移をグラフ化し掲示するなど、使用電力の削減状況等を定期的に提供し、情報を共有・周知し職員の節電意識の維持・向上に努めた。その結果、年間の電力使用量については対26年度比5%の削減となり、電気使用料金については約9,000万円の削減となった。

③有効かつ効率的な施設・機械の管理・運営

[指標1-3-U, E]

研究施設等の有効利用を図るため、施設利用委員会の下部組織として地区別利用委員会、圃場利用委員会、温室利用委員会を設置して、利用者の意見を反映した管理・運営を行った。地区別利用委員会では、各地区における研究スペースの配分や日常的修繕、共用機器の利用に係る情報提供等を行った。また、温室利用委員会では、所内グループウェア上で各温室の性能や面積等を確認して利用申請を行えるシステムを用いて効率的な利用に努めた。研究用機械については、「つくば地区共用機械に関する方針」、「つくば地区共用基盤機械取扱いに関する申合せ」に基づき、共用機械リストへの新規登録を促進し、リストを広く職員に公開して共用化・集約化を図るとともに、所内グループウェア上に「転用・廃棄申請・資産物品閲覧システム」を整備し、所内の資産物品の検索と転用・廃棄申請をオンラインで行えるようにすることで機器の有効活用を図った。一部の共用機械については、さらなる有効活用のため、技術的・事務的な説明会を行った。共通経費による保守・修繕費負担の軽減を図るため、年度毎に利用実態や共用機械を用いて得られた成果報告に基づき、経費負担を行うべき機械の選定、保守内容の見直しを行った。各委員会の決定事項の情報伝達、温室利用状況確認及び共用機械の登録情報やその申請手続きは、所内グループウェアを利用して効率的な運営を行った。

オープンラボについては生物研ホームページ上に「マイクロアレイ解析室」、「昆虫遺伝子機能解析関連施設」の利用手順、得られた研究実績等を一般に公開して利活用を図った。27年度はオープンラボの効率的運用の観点から、昆虫遺伝子機能解析関連施設のマイクロアレイをマイクロアレイ解析室に統合し、運用コストを削減した。

27年度のマイクロアレイ解析室の利用は37件（うち所外18件）であり、イネ、コムギ、シロイヌナズナ、チューリップ、ウシの遺伝子発現解析の成果が得られた。また、昆虫遺伝子機能解析関連施設は45件（うち所外26件）の利用があり、a) 遺伝子クローニング・配列解析では、カイコ、野蚕、クモ、キイロスズメバチ、ハスモンヨトウ、トンボなどの発現遺伝子の解読による遺伝子機能の解明等の成果が得られた。b) 遺伝子組換えカイコの作製では、ロックアウトあるいはタンパク質発現解析等の成果が得られた。これらは、論文発表や学会発表により成果が公表された。

④依頼照射の見直し

[指標1-3-U]

照射料金について、規程に定めた基準に基づき単価の見直しを実施した。その結果、5%以上の増減は無かったため単価は改定しないものとした。

また、放射線育種場を共同利用している東京大学放射線育種場共同利用施設の別途単価についても同様に見直しを実施した結果、5%以上の増減は無かったため単価を改定しないものとした。

第1-3(3)

①及び②効率的な研究推進のための組織整備

[指標1-3-オ]

集中的・重点的に取り組む研究テーマを担った3つの研究センター及び3つの研究領域を23年度に設置した。研究センター及び研究領域に29の研究ユニット等を配置するとともに、その目的を効果的に達成できるように、先端ゲノム解析、遺伝子組換え研究推進、遺伝資源国際連携、ジーンバンク事業推進の4室を置き、研究ユニット等とあわせて、中期目標・中期計画を着実に達成する組織体制としている(p4 法人組織図参照)。

この中で、農業生物先端ゲノム、遺伝子組換え、遺伝資源の3研究センターは生物研の内部組織としての役割のみにとどまらず、他の農業関係研究開発独立行政法人や公立試験研究機関、大学、民間との共同研究等を担う中核的研究拠点として位置づけて運営している。

また、「攻めの農林水産業」に対応して、作物の開発・利用を加速するため農業・食品産業技術総合研究機構と連携して、基礎(ゲノム研究・素材開発)から応用・開発(品種育成・普及)までを一体的に行う仕組みとして、バーチャルな組織である「作物ゲノム育種研究センター」を設置し、研究情報の交換や互いの得意分野を分担することにより、研究の効率化・高度化を図る推進体制を構築した。

なお、平成25年12月24日に「独立行政法人改革等に関する基本的な方針」が閣議決定され、4法人(種苗管理センター、農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所)を統合した研究開発型の法人となること及び平成26年8月29日に「各独立行政法人の統廃合等に係る措置の実施時期について」が行政改革推進本部で決定され、統合の措置に係る実施時期が平成28年4月と定められたことを踏まえ、関係法人と連絡を密にして、新法人の組織設計や運営のあり方を検討するため、4法人理事長等で構成する「4法人統合準備委員会」を決定機関とし、その下に「新法人組織・運営体制検討部会」を設置して統合に向けた準備を進めた。

第1-3(4)

①人材育成プログラムに基づく人材育成の取組

[指標1-3-カ]

生物研の人材育成プログラム(平成23年11月改正)に基づき、引き続き職員の人材育成に取り組んだ。研究職員は、自らがそのキャリアビジョンの実現に向けて能力開発プログラムを作成し、管理者の指導・助言を受けつつ実行できる仕組み、例えば、現在の業務に必要な能力・知識の向上を図ることや、新たな業務を担当できる能力・知識の取得を目指すこと、将来的なキャリア達成イメージなどをプログラムに記載して実行することとしており、職員の資質向上や研究所の活性化に活用した。

また、新規採用の若手任期付研究員については、優れた指導担当者の下に配置し、特別なプログラム(若手研究者育成プログラム)によってその育成を図った。

一般職員・技術専門職員については、業務の高度化、複雑化あるいは重点化に対応するべく、人事評価制度等を活用して自ら取り組むべき能力開発を把握し、各種研修・セミナー・講習会等を計画的に利用することで、特定分野に精通した職員の育成を図ってきた。また、職員の意欲・能力を生かす適材適所の人事管理に努めた。

②研究職員等へのインセンティブ付与、競争的・協調的な研究環境醸成

[指標1-3-キ]

予算配分において、26年度の課題評価に基づくインセンティブ課題配分(1.5百万円×2課題)、研究成果発表(学術雑誌への論文掲載)に対する支援、新規採用の若手任期付研究員への研究スタートアップに対する支援、在外研究員派遣に対する支援、技術移転活動に対する支援、若手研究員の海外における研究成果発表に対する支援、後述するNIAS研究奨励賞受賞者支援等の支援策を講じることにより、競争的環境の中で研究職員へインセンティブを付与する取り組みを行った。機械整備費などの募集においては対象を個人ではなく、研究ユニット、研究センター・研究領域の単位とすることにより、メンバーが協調して課題を遂行する環境を醸成するための努力を行った。

また、NIAS研究奨励賞(概ね40歳以下の研究職員を対象として研究所の業務の推進に顕著な功績のあったもの)、NIAS創意工夫賞(研究所の業務の推進上特に有益な発明、考案または改良をしたもの)を設定して職員へのインセンティブ付与を図っており、27年度は、平成27年7月28日にNIAS研究奨励賞を3件(3名)授与した(表4、図6)。

学会賞など各種の外部からの表彰（表7）については、生物研ホームページに「研究者の表彰・受賞」情報を掲載し、所内のみならず所外にも公表した。

表4 平成27年度NIAS賞受賞一覧

受賞名	受賞者		業績名
	所属	氏名	
NIAS研究奨励賞	ゲノムインフォマティクスユニット	田中 剛	ムギ類におけるゲノム情報解析及び情報リソース整備
NIAS研究奨励賞	遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット	坪田 拓也	遺伝子組換えカイコの高度利用のための、新規プロモーターおよびノックイン技術の開発
NIAS研究奨励賞	植物・微生物間相互作用研究ユニット	竹内 香純	植物保護細菌の抗菌性制御機構とその利用に関する研究



図6 NIAS研究奨励賞の表彰式（平成27年7月28日）

③研修の実施、資格取得の支援

[指標1-3-ク]

生物研では、研究職員に対しては、人材育成プログラムにおける研修等の支援の仕組みとして研修等受講補助経費申請、国内留学制度、在外研究制度等を設けて活用した。また、若手研究者に対しては学位の取得を奨励しており、研究職員の博士号取得者の割合は91.7%となっている。

一般職員等についても、各担当の業務が高度に専門化していることから、知識・情報の集積が図られるよう、外部で実施している知的財産関係、行政関係、技能関係等の研修会・講習会に参加させ、職務に応じた専門的な知識や能力の向上を図った。

また、昇任や昇格等により職位・職責の上がる職員に対して、辞令を交付する際に、昇任・昇格の意義等についての理事長訓辞を実施するとともに、担当者によるコンプライアンス教育を実施した。

この他、各種所内研修を実施して職員の資質向上を図った（表5、図7、8）。

業務の高度化や適切な職場環境の保持に対応するため、引き続き資格の取得等についても支援を行い、27年度は延べ8名が各種資格を取得した（表6）。

表5 平成27年度所内研修会等の実施状況

種別	研修・講習会名	主催・後援等	日程	受講者 (人)
研修	新規採用者等職場研修	農業生物資源研究所	H27.4.14他	20
研修	再雇用研修	農業生物資源研究所	H27.4.27他	11
研修	研究職員倫理研修(e-learning)	農業生物資源研究所	H27.7~H28.3	50
研修	情報セキュリティ研修	農業生物資源研究所	H27.8.5他	852
研修	研究費使用に関するコンプライアンス研修	農業生物資源研究所	H27.10.14他	402
研修	個人情報保護研修(e-learning)	農業生物資源研究所	H28.3	543
研修	コンプライアンス推進研修	農業生物資源研究所	通年(映像教材)	
研修	ハラスメント防止研修	農業生物資源研究所	通年(映像教材)	
研修	情報セキュリティ研修(情報セキュリティ対策の基礎知識)	農業生物資源研究所	通年(映像教材)	
講習会	新規受入者向け教育訓練(実験室の安全管理)	農業生物資源研究所	H27.4.2他	61
講習会	新規受入者向け教育訓練(遺伝子組換え教育訓練)	農業生物資源研究所	H27.4.2他	69
講習会	平成27年度第一種使用教育訓練(隔離ほ場・作業者向け)	農業生物資源研究所	H27.4.7他	80
講習会	遺伝子組換え実験・教育訓練(新規責任者向け)	農業生物資源研究所	H27.4.8他	13
講習会	カルタヘナ法に関する説明会	農業生物資源研究所	H27.4.14	21
講習会	特殊教育訓練・有害物質の人体に対する影響	農業生物資源研究所	H27.4.22他	14
講習会	有機溶剤等・特定化学物質の作業環境管理	農業生物資源研究所	H27.4.22他	5
講習会	危険物管理に関する説明会(池の台地区)	農業生物資源研究所	H27.4.23	48
講習会	安全管理・防災講習	農業生物資源研究所	H27.6.9他	794
講習会	組換え温室群利用者説明会	農業生物資源研究所	H27.6.16他	136
講習会	普通救命講習会(本部地区)	農業生物資源研究所	H27.7.16	13
講習会	消防訓練講習会(北社)	農業生物資源研究所 (北社)	H27.9.8	14
講習会	生物材料・遺伝子組換え教育訓練	農業生物資源研究所	H27.9.30他	536
講習会	平成27年度総合防災訓練(大わし地区)	農業生物資源研究所	H27.10.6	265
講習会	普通救命講習会(大わし地区)	農業生物資源研究所	H27.10.23	10
講習会	平成27年度総合防災訓練(本部地区)	農業生物資源研究所	H27.11.6	330
講習会	救命講習会(北社)	農業生物資源研究所 (北社)	H27.12.9	12
講習会	安全運転講習会	農業生物資源研究所と国際農林水産業 研究センターとの共催	H27.12.10	93
講習会	安全運転講習会	筑波産学連携支援センター主催による関 連種法との合同開催	H27.12.10	46
講習会	生物研安全管理セミナー(法令説明会) 「カルタヘナ法(第2種使用等)」	農業生物資源研究所	H28.1.12	12
講習会	廃水に関する職員研修	農業生物資源研究所	H28.1.20他	321
講習会	本部地区薬品庫説明会	農業生物資源研究所	H28.1.20他	68
講習会	生物研安全管理セミナー(法令説明会) 「水質汚濁防止法及び関係する法律等(実験廃水関係)」	農業生物資源研究所	H28.1.26	9
講習会	生物研安全管理セミナー(法令説明会) 「化学物質による危険性又は有害性等の調査等に関する指針」	農業生物資源研究所	H28.2.9	8
講習会	生物研安全管理セミナー(法令説明会) 動物の愛護及び管理に関する法律及び関係する指針等(動物実験)」	農業生物資源研究所	H28.2.23	10

※映像教材を使用した研修は、所内グループウェアによるe-learningのため、参加者数の集計はしていない



図7 「安全管理・防災講習」
(平成27年6月9日の講義)



図8 「研究費使用に関するコンプライ
アンス研修」(平成27年10月15日の
講義)

表6 平成27年度資格取得者

取得資格	認定者	取得年月日	取得者(人)
第二種作業環境測定士	安全衛生技術試験協会	27. 4. 24	1
第二種作業環境測定士	安全衛生技術試験協会	27. 5. 8	1
危険物取扱者（乙種第4類）	茨城県	27. 7. 28	1
有機溶剤作業主任者	茨城労働基準協会連合会	27. 7. 29	1
危険物取扱者（乙種第4類）	東京都	27. 8. 24	1
第二種作業環境測定士	安全衛生技術試験協会	27. 9. 11	1
特別管理産業廃棄物管理責任者	日本産業廃棄物処理振興センター	27. 12. 15	1
衛生工学衛生管理者	茨城労働局	28. 2. 8	1

④農林水産省等との人材交流を通じた人材の育成

[指標1-3-ク]

研究管理能力やプロジェクトマネジメント能力を有する人材の養成を図るため、27年度において、専任及び研修員の身分で、農林水産省に6名を派遣した。

在外研究について、米国（コーネル大学）及びポルトガル（グルベンキアン研究所）へ各1名を生物研在外研究制度により派遣した。

①～④のような職員の資質向上や人材育成の取り組みの成果もあり、27年度は各種表彰や学会賞を21件(延べ65名)受賞した（表7）。

表7 平成27年度各種表彰及び学会賞受賞者

受賞名	受賞年月日	受賞者		受賞対象(業績名)等
		所属	氏名	
平成27年度日本農学賞ならびに第52回読売農学賞	27.4.5	昆虫微生物機能研究ユニット	野田 博明	昆虫の共生微生物に関する先駆的研究
平成26年度日本シルク学会研究奨励賞	27.5.21	新機能素材研究開発ユニット	寺本 英敏	非天然型アミノ酸(4-クロロフェニルアラニン)を導入した家蚕シルクの物性解析
第127回日本育種学会講演会 日本育種学会優秀発表賞	27.6.11	ダイズゲノム育種研究ユニット	津田 麻衣 加賀 秋人 渡辺 啓史 佐山 貴司 高木 恭子 清水 武彦 町田 佳代 石本 政男	エンレイ高頻度突然変異体ライブラリーの作出と次世代シーケンサーによる突然変異検索方法の開発
		先端ゲノム解析室	森 聡美 佐々木 晴美 片寄 裕一	
		作物ゲノム研究ユニット	金森 裕之	
		放射線育種場	西村 実	
第127回日本育種学会講演会 日本育種学会優秀発表賞	27.6.11	ダイズゲノム育種研究ユニット	佐山 貴司 加賀 秋人 渡辺 啓史 石本 政男	ダイズの開花期関連遺伝子型構成の改変による収量性向上の可能性
第127回日本育種学会講演会 日本育種学会優秀発表賞	27.6.11	イネゲノム育種研究ユニット	小川 大輔	乾燥耐性をもたらす酢酸の作用に関する研究
		生体分子研究ユニット	村松 昌幸	
		植物生産生理機能研究ユニット ゲノム機能改変研究ユニット	宮尾 光惠 土生 秀樹	
第33回日本植物細胞分子生物学会(東京)大会・シンポジウム(ベストポスター賞)	27.8.12	ゲノム機能改変研究ユニット	三上 雅史 遠藤 真咲 土岐 精一	CRISPRiによるDNA ligase IV遺伝子をノックダウンしたイネの作出
61st International Congress of Meat Science & Technology Clermont-Ferrand (FRANCE) the Honour Award in the poster session (名誉ポスター賞)	27.8.23-28	家畜ゲノム研究ユニット	荒川 愛作 谷口 雅章	Relationship between gene expression of stearoyl-CoA desaturases (SCD1 & SCD5) and the fatty acid profile in adipose tissue of cattle breeds in the Basque region
2015年度根研究学会賞学術奨励賞	27.9.3	イネゲノム育種研究ユニット	木富 悠花	イネの冠根形成および伸長成長機構の解明とその育種利用
日本獣医学会 2014年JVMS優秀論文賞	27.9.8	動物科学研究領域	岡村 裕昭 (責任著者として)	Effects of Exposure to Male Goat Hair Extracts on Luteinizing Hormone Secretion and Neuronal Activation in Seasonally Anestrous Ewes 「雄ヤギの毛抽出物の暴露が発情休止期の雌ヤギにおける黄体形成ホルモン分泌及びニューロン活性化に及ぼす影響」 J. Vet. Med. Sci. 76(10): 1329-1337, 2014
ICAP 2015 Excellent Oral Presentation Award	27.9.9	昆虫機能研究開発ユニット	十亀 陽一郎 コルネット・リシャール 奥田 隆 岡田 淳 蕨川田 隆洋	Current findings from Omics research to reveal the molecular mechanisms underlying cryptobiosis
Poster Award	27.9.11	保存・情報研究ユニット	Ernesto Borrayo Carbajal 竹谷 勝	Phylogenetic-based phenotype-related genetic marker selection method
日本蚕糸学会賞	27.9.26	研究主幹	朝岡 潔	カイコをはじめとする鱗翅目昆虫の味覚受容と摂食行動制御の神経機構の解明
平成26年度日本蚕糸学会進歩賞(技術賞)	27.9.26	新機能素材研究開発ユニット	寺本 英敏 小島 桂	Residue-specific incorporation of phenylalanine analogues into protein biosynthesis in silkworm cultured cells (Journal of Insect Biotechnology and Sericology (2013) 82, 61-69)
化学生物総合管理学会奨励賞	27.9.29	遺伝子組換え研究推進室	田部井 豊	社会的な教育である「知の市場」に参画し、過去10年間にわたって生物に関する総合的な評価と管理、そして農業生物資源について自ら講師として講義を実施するのみならず、科目のとりまとめや講座の運営に多大なる役割を果たし、生物総合管理の教育のあり方に示唆を与えた。
蚕糸功労賞	27.11.2	広報室	谷合 幹代子	蚕糸絹業に関する研究職員として、カイコの免疫機構の解明や摂食行動の制御機構の解明など、多年にわたり蚕糸絹業の改良発達に大きく貢献し、その成績が顕著と認められた。
貞明皇后蚕糸記念褒賞(貞明皇后記念蚕糸科学賞)	27.11.2	遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット	瀬筒 秀樹 中島 健一 飯塚 哲也	遺伝子組換えカイコによる「クモ糸シルク」の創出
		新機能素材研究開発ユニット	小島 桂 桑名 芳彦	
ベスト新分野開拓賞	28.2.4	新機能素材研究開発ユニット	寺本 英敏	クリッカブルシルク:望む機能を自在に付加できるタンパク質材料
第129回 日本育種学会奨励賞	28.3.21	イネゲノム育種研究ユニット	堀 清純	日本水稲品種間の育種選抜形質に関する遺伝学的研究
第129回 日本育種学会奨励賞		ゲノムインフォマティクスユニット	田中 剛	ムギ類のゲノム配列情報解析に関する研究
平成27年度 日本育種学会賞	28.3.21	遺伝子組換えカイコ研究グループ	飯塚 哲也 岡田 英二 小島 桂 桑名 芳彦 笠嶋 めぐみ 坪田 拓也 立松 謙一郎 内野 恵郎 行弘 研司 河本 夏雄 田部井 豊 富田 秀一郎 中島 健一 瀬筒 秀樹	高機能シルクを産生する遺伝子組換えカイコの実用品種開発
第121回 日本畜産学会奨励賞	28.3.28	家畜ゲノム研究ユニット	荒川 愛作	ベイズ法による遺伝的能力開発手法の開発

4 研究支援部門の効率化及び充実・高度化

中期目標

研究支援業務のうち、他の農業関係研究開発独立行政法人と共通性の高い業務を一体的に実施することなどにより、研究支援部門の合理化を図る。

総務部門の業務については、業務内容の見直しを行い、効率化を図る。

現業業務部門の業務については、調査及び研究業務の高度化に対応した高度な専門技術・知識を要する分野への重点化を進め、効率化及び充実・強化を図る。

また、研究支援業務全体を見直し、引き続きアウトソーシングを推進することなどにより、研究支援部門の要員の合理化に努める。

中期計画

①研究支援業務については、研修等の共同実施、マニュアル等の共同作成など他の農業関係研究開発独立行政法人と共通性の高い業務を一体的に実施することにより合理化を図る。

②農林水産省研究ネットワーク等を活用して、研究情報の収集・提供業務の効率化、充実・強化を図るとともに、情報共有システムの運用により研究所全体の情報共有の促進及び業務の効率化を図る。

③総務部門の業務については、合理化を図る観点から業務内容の見直しを行ない、効率化を図る。

④現業業務部門の業務については、高度な専門技術・知識を要する分野への重点化をさらに進め、効率化、充実・強化を図る。

⑤研究支援業務全体を見直し、引き続きアウトソーシングを推進する等により、研究支援部門の要員の合理化に努める。

⑥研究所及び職員の活動を適正に評価し、さらに優れた人材を育成し、研究所全体の業務実績の向上につなげる評価・人材育成機能、研究成果を農林水産業にとどまらず、広く我が国の産業活動に積極的に還元する知的財産機能、情報発信と双方向コミュニケーションを通じ研究成果に対する国民理解を促進する広報機能等の拡充に努めるなど、新たな社会要請に対応するため研究支援部門の充実・強化を図る。

〔指標 1-4-ア〕他の農業関係研究開発独立行政法人と共通性の高い業務の洗い出しを行っているか。共通性の高い業務の一体的実施に取り組んでいるか。

〔指標 1-4-イ〕研究情報の収集・提供業務の充実・強化を図っているか。また、情報共有システムによる研究所全体での情報共有を進めているか。

〔指標 1-4-ウ〕総務部門において、効率化に向けた業務見直しを適切に行っているか。

〔指標 1-4-エ〕現業業務部門において高度な専門技術・知識を要する分野を充実・強化するため、業務の重点化などを見直しを行っているか。

〔指標 1-4-オ〕研究支援部門の効率化を図るためのアウトソーシングに取り組んでいるか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第 1-4)	自己評価
<主要な業務実績> 1. 〔指標 1-4-ア〕	評定「B」

<p>他の農業関係研究開発独立行政法人との共通性の高い業務の洗い出しについては、平成28年4月の4法人（種農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、種苗管理センター）統合を踏まえ、4法人による新たな研究開発法人設立に向けた検討体制を構築し統合に向け、効率化・高度化のための検討・準備を実施した。また、共通性の高い業務の一体的実施については、4法人による共同研修や共同調達を引き続き実施した。</p> <p>2. [指標1-4-イ] 研究情報の収集・提供業務については、電子ジャーナル等の契約において、法人統合に向けて統合機関と収書調整を実施するなど、限られた予算の中で最大限の費用対効果を得る収書を行った。また、研究所全体での情報共有については、情報共有システム（グループウェア）がコミュニケーション・ツールとして定着するとともに、企業情報ポータルとしての機能も併せ持ち、迅速な意思決定を支援するシステムとなった。</p> <p>3. [指標1-4-ウ] 総務部門における効率化に向けた業務見直しについては、契約事務において、共同調達による包括的契約や、試薬や研究消耗品等の単価契約の実施により、事務の煩雑化を回避し効率化を図った。その他、研究管理支援部門の各種業務については、人事給与共済システム、会計システム、出張旅費システム等を導入して効率的に業務運営を行ったほか、グループウェアを活用して資産管理や評価関連のシステムを独自に構築・運用するなど各種所内手続き等の電子化により効率化を進めた。</p> <p>4. [指標1-4-エ] 現業業務部門の業務については、高度な専門技術・知識を要する第一種使用遺伝子組換え作物栽培の継続や、26年度から開始された遺伝子組換えカイコの第一種使用等による飼育の技術的支援に重点化して進めた。作物栽培部門に新規採用の若手職員を配置することにより、今後の研究サポートに関する強化の礎ができた。また、農業技術に関するセミナー等に技術専門職員を参加させて知識や技術の向上を図った。</p> <p>5. [指標1-4-オ] アウトソーシングの取り組みについては、現業業務部門では桑園管理でアウトソーシングを進めた。また、管理運営部門についても外部委託した方が効率的な保守管理業務等についてアウトソーシングを進めた。</p>	<p><評定の根拠> 研究支援業務の合理化については、4法人統合に向けた検討を着実に進めるとともに、研修や調達業務の一体的実施に取り組んだ。研究情報の収集・提供業務については、電子ジャーナル等の契約において、統合法人間での収書調整の実施により、効率化と充実・強化を図った。研究所全体での情報共有については、グループウェアのメニューが充実し、また、迅速な意思決定を支援するシステムとして発展したことは評価できる。総務部門の業務見直しについては、各種業務の電子化が進み、この取り組みが新法人でも活かされることを期待したい。現業業務部門については、支援の対象を遺伝子組換え動植物に重点化して高度化する支援業務に対応し、新規採用の若手職員を配置することにより今後の研究サポートに関する礎の強化を図った。</p> <p>以上、研究支援部門の効率化及び充実・高度化について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>
--	---

(27年度実績)

第1-4

①研究支援業務の合理化

[指標1-4-ア]

平成25年12月24日に「独立行政法人改革等に関する基本的な方針」が閣議決定され、4法人（農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、種苗管理センター）を統合した研究開発型の法人となることが決定した。その後、平成26年8月29日に「各独立行政法

人の統廃合等に係る措置の実施時期について」が行政改革推進本部で決定され、統合の措置に係る実施時期が平成28年4月と定められたことから、新法人の組織設計や運営のあり方等について、具体的な検討を行う体制を構築して検討を進めた。具体的には、4法人の担当者等で構成する「企画関係検討部会」、「広報・知財・情報等関係検討部会」、「総務関係検討部会」を設置し、各部会の下にワーキンググループを設置して、統合法人における本部組織と内部研究組織の業務分担及び事業場の単位、規程等の横断的な事項や、業務に使用するシステムの統一等の専門的な事項の検討を行い、研究支援部門の効率化・高度化のための準備を進めた。

契約関係では、調達事務の現状と問題点等を整理した上で、契約事務の一元化に伴う問題点等の洗い出し、規程等の統一・整備及び24年度から4法人で共通性の高い業務の一体的実施として取り組んでいる共同調達の対象拡大（27年度分）等に係る検討を行い、公共サービス改革市場化テスト案件である警備業務、清掃業務及びエレベーター等保守点検業務の共同調達に加え、電気、ガス、パソコン及び周辺機器等、健康診断、被ばく線量測定、作業環境測定等を実施した。

②情報共有促進の取り組み

[指標1-4-イ]

研究情報の収集・提供においては、利用実績、引用調査結果等を参考に費用対効果を考慮した見直しを行い、利用の比較的小さいパッケージやタイトルを中止した。また、法人統合に向けて統合機関と収書調整を実施し、一部の出版社については農研機構本部で一括契約を行ったことにより、ScienceDirectやSpringerは利用できる雑誌数が大幅に増加した。WileyのSTMコレクション等の中止により、全体では前年より利用できる雑誌数は減少したが、限られた予算の中で最大限の費用対効果を得る収書ができた。

電子ブックについては、継続購入している数タイトルを追加し、プロトコルはSpringer Protocolsの2014-2015年分を追加した（表8）。

運用開始後、10年を経過した情報共有システム（グループウェア）については、コミュニケーション・ツール（所内メール、電子掲示板、文書ファイル共有等）として定着した。一方、企業情報ポータル（EIP: Enterprise Information Portal）としての機能も併せ持たせることにより、迅速な意思決定を支援するシステムにステップアップした。具体的には、人員情報の一部、組織情報、課題情報（評価システムを含む）、会計情報の一部、文書情報、施設・資産管理情報、ICカード情報、外部資金情報、共同研究情報、特許情報等をデータベース化し、生物研の役職員がその権限に応じて、最新のデータにアクセスできるようにした。

管理支援部門の業務改善に向けた情報システムの構築については、施設情報データベースを核として、施設管理、化学物質管理、遺伝子組換え実験責任者・従事者管理等が適時に行える業務システムに改良・発展させた。また、資産管理システムの構築により、研究用機械の効率的利用のための情報共有を図った。

表8 契約電子ジャーナル・ブックおよびプロトコル一覧（2015-2016年）

パッケージ名等	2015	2016
電子ジャーナル（雑誌数）		
ACS (American Chemical Society) 7タイトルマルチサイトライセンス	7	7
ASM (American Society for Microbiology) 7誌EJパッケージ ※つくば地区に限定	7	7
ASPB (American Society of Plant Biologists)	2	2
Annual Reviews 9タイトルマルチサイトライセンス	9	9
Gold Spring Harbor Laboratory Press誌 薬図協コンソーシアム ※つくば地区に限定	6	-
Nature+Nature関連誌【農研機構一括契約】	14	11
Oxford U.P. (Medicine/Life Science分野パッケージ) 薬図協コンソーシアム	100	-
Science Direct (年度契約)【農研機構一括契約】 (Cell Press 6タイトル, Book Sereis 2タイトル含む)	50	144
Science Online【農研機構一括契約】	1	1
Springer分野別パッケージ【農研機構一括契約】 (Biomedical & Life Science, Chemistry & Materials Science, Earth & Environmental Science)	309	619
Wiley-Blackwell (コアコレクション) 薬図協コンソーシアム	812	24
個別（タイトルごと）契約 ※雑誌により地区限定あり	28	35
雑誌数計	1345	859

電子ブック（図書数）		
Elsevier eBooks	66	66
Springer eBooks	3,504	3,517
Wiley OnlineBooks	104	106
その他 eBook	5	5
Reference Works（辞書類）：Elsevier(10), Springer(3), Wiley(3)	15	16
図書数計	3,694	3,710
プロトコル		
Wiley Current Protocols（2014年まで, Current Protocols in Molecular Biology）	1,579	1,579
Springer Protocols（2015年以前 Full Collection、買い切り）	32,687	39,516
Protocol 数計	34,266	41,095

【2016年】主な変更点

○電子ジャーナル

研究所契約分

- ・Gold Spring Harbor Laboratory Press：コンソーシアム契約（6誌）を中止し、個別タイトル契約（2誌）に変更
- ・Oxford U.P.（Medicine/Life Science分野パッケージ）：コンソーシアム契約（100誌）を中止し、個別タイトル契約（9誌）に変更
- ・Wiley：コアコレクション2誌とSTMコレクションを中止
- ・個別契約：5誌を中止

農研機構一括契約分

- ・Nature：関連誌4誌（うち3誌は農研機構で経費負担）を追加し、6誌を中止。Academic Journal 1誌を中止
- ・ScienceDirect：101誌（農研機構で経費負担）を追加し、7誌を中止（うち1誌はWileyへ移管）
- ・Springer：分野別パッケージ2分野（Chemistry & Material Science, Earth & Environmental Science）を追加

③総務部門における業務の効率化

[指標 1-4-U]

4法人（農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、国際農林水産業研究センター）による共同調達の取組みとして、警備業務、清掃業務及びエレベーター等保守点検業務について包括的に契約し、業務の効率化を図った。

試薬、研究消耗品、事務用品、金物類、肥料類は、発注状況の検証を行い、単価契約を引き続き実施することで契約事務の煩雑化を回避し、効率化を図った。

また、研究管理支援部門の電子化等による業務の効率化としては、人事給与共済システム、会計システム、出張旅費システム等を導入して業務運営を行ったほか、各種所内手続きについてグループウェアを活用した電子申請化を進めた。これまでにグループウェア内に構築して運用してきたメニューは、コンプライアンス通報システム、業務日誌管理システム、転用・廃棄申請・資産物品閲覧システム、人事評価システム、研究課題評価システム、所内研修システム、各種届出等のオンライン申請・報告システム、所内アンケート等の報告システムなどである。

④現業業務部門の見直し

[指標 1-4-E]

27年度における技術支援室の技術専門職員は、26年度より新規採用者が1名増加して28名となった。作物栽培部門に新規採用の若手職員を配置することにより、今後の研究サポートに関する強化の礎を作るとともに、再雇用職員、継続雇用職員及び契約職員を適切に配置したことで業務の効率化を進めた。

遺伝子組換え作物の第一種使用等による野外栽培については、27年度も所内の隔離圃場及び他独法の隔離圃場でイネ、タバコの栽培が実施され、技術専門職員は研究支援業務の対象を遺伝子組換え作物の栽培に重点化して業務を進めた。業務を行うにあたっては関係法令等を遵守し、適切な栽培管理を実施することができた。

遺伝子組換えカイコの第一種使用等による飼育の技術的支援についても、26年度から開始されたが、昨年度同様に27年度も高度な支援を問題なく実施することができた。

さらに、農業技術に関連するセミナー、シンポジウム等に積極的に技術専門職員を参加させ、

知識及び技術の向上を図ることで、支援業務の内容がより充実するように努めた。また、現業業務部門は労働災害が起りやすい部門であることから、セミナーの開催や日々の注意喚起等を行い、労働災害防止に努めた。

⑤研究支援業務の見直し

[指標 1-4-オ]

現業業務部門では、大わし地区の桑園管理や収穫業務に関して役務によるアウトソーシングを進めてきた。なお、本部地区及び農環研地区の圃場で実施している試験栽培については、支援対象の中で遺伝子組換え作物の占める割合が高いことなどの理由により、役務により外注化できる部分が多くないため、人員の不足分を契約職員の通年雇用への切り替え等により対応した。

また、単にアウトソーシングを継続して推進していくだけではなく、24～25年度に開催した「業務指導能力等強化研修」で習得した内容を活用して、契約職員等に依頼する業務がより効率的に実施できるように努めた。

管理運営部門では、外部委託した方が効率的な業務（施設・機械等の保守管理等の特別な資格や技能を必要とする業務、建物・構内の管理等）については、従来から外部委託を進めてきた。

⑥研究管理支援部門の充実・強化

[指標なし]

研究開発部門をバックアップしつつ、新たな社会要請に対応した研究管理支援の充実や内部統制の強化等のため、23年度から3統括11室体制を進めてきた。

平成27年2月27日に、平成26年度に会計検査院から指摘された、不適正経理問題に対する再発防止策の一つとして物品等の検収を強化するためこれまでの検収体制を見直し、検収の徹底・強化を図るとともに、研究に支障のない迅速で確実な検収体制を構築するため「検収管理室」を設置し、3統括12室体制に改編した。

また、引き続き研究管理支援部門に研究職員の専任者、併任者を配置することにより、事務－研究の双方の立場から研究管理支援を実施する体制とした。

5 産学官連携、協力の促進・強化

中期目標

生物資源の農業上の開発及び利用等に関する基礎的・基盤的研究水準を向上させ、優れた研究成果や知的財産を創出するため、国、他の独立行政法人、公立試験研究機関、大学、民間等との連携・協力及び研究者の交流を積極的に行う。その際、他の独立行政法人との役割分担に留意しながら、円滑な交流システムの構築を図る。

中期計画

- ① 農業分野におけるバイオテクノロジー研究の中核的機関として、独創的で質の高い農業技術シーズの創出と研究成果の民間企業等への迅速かつ確実な移転を図るため、共同研究を推進し、人材交流等による産学官の連携及び協力を強力に実施する。
- ② 社会ニーズに対応した研究開発を図るため、民間企業等との共同研究を行う。
- ③ 他の農業関係研究開発独立行政法人とは、その役割分担に留意しつつ、人事交流を含めた連携、協力を積極的に行う。また、独立行政法人国際農林水産業研究センターが実施する国際共同研究に必要な応じて協力する。
- ④ 公立機関、民間企業等からの放射線照射依頼については、積極的に対応する。
- ⑤ 関係機関と相互の連携・協力のあり方等につき意見交換を行う。

〔指標 1-5-ア〕 地方自治体、関係団体、関係機関、大学及び民間企業等との共同研究及び人的交流が行われているか。

〔指標 1-5-イ〕 他の農業関係研究開発独立行政法人との人事交流を含めた連携、協力が行われているか。

〔指標 1-5-ウ〕 放射線照射依頼への対応は適切に行われているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第 1-5)	自己評価
<p>< 主要な業務実績 ></p> <p>1. 〔指標 1-5-ア〕</p> <p>民間企業等との共同研究については、新たに36組織28件の共同研究契約を締結して連携協力及び研究推進を図った。人的交流については、連携大学院協定により、27年度は16名の研究者が連携大学院教員等を委嘱され、また4名の学生を生物研に受け入れたほか、客員上級研究員制度により大学から3名の有識者を受け入れた。</p> <p>2. 〔指標 1-5-イ〕</p> <p>他の農業関係研究開発独立行政法人との連携については、26年度から農業・食品産業技術総合研究機構と連携して設立した「作物ゲノム育種研究センター」では対象作物を拡大し、取り組みを強化した。また、関係する独立行政法人との間で新規に14件の研究協力に関する協定書に基づいた協定研究を実施した。超高速シーケンサー等の最先端ゲノム解析機器を配備した「先端ゲノム解析室」によるゲノム解析支援事業で</p>	<p>評定「B」</p> <p>< 評定の根拠 ></p> <p>民間企業等との共同研究契約締結により研究推進を図ったほか、連携大学院協定や客員上級研究員制度による人的交流が行われた。他の農業関係研究開発独立行政法人との連携については、作物ゲノム育種研究センターにおいて対象作物を拡大して取り組んでいることは、連携の強化として評価できる。また、ゲノム解析支援事業やジーンバ</p>

<p>は、他法人とのゲノム解析に関する共同研究を精力的に進めた。ジーンバンク事業については、生物研はセンターバンクとして、農業・食品産業技術総合研究機構等のサブバンクと連携協力して事業を実施した。</p> <p>3. [指標 1-5-ウ] 放射線照射依頼については、27年度において独立行政法人、大学、民間企業等に対して122件の依頼照射を行ったが、ホームページでの周知や問い合わせ対応等についても適切に行った。</p>	<p>ンク事業についても連携が進展した。</p> <p>以上、産学官連携、協力の促進・強化について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>
--	--

(27年度実績)

第 1-5

①及び②共同研究の実施

[指標 1-5-ア]

生物研の持つ研究資源と外部機関の知識・技能を融合して研究を推進するため、共同研究契約を締結して研究を実施した。27年度には新たに36組織と28件の共同研究を締結し、連携協力及び研究推進を図った。なお、27年度の29件の国内特許出願のうち5件が共同研究の成果であった(表9)。

表9 共同研究を実施した組織数

センター・領域	大学	都道府県	独法	公益法人	民間企業	海外機関	国研	合計
先端ゲノムセンター	5(2)	7(1)	4	4	11(2)	2	1	34(5)
組換えセンター	16(5)	2(2)	6(1)	1	16(9)	2		43(17)
遺伝資源センター	1	1		1	1			4
植物領域	5(2)		5(1)	2	1(1)			13(4)
昆虫領域	3(2)		4(2)		1			8(4)
動物領域	2(2)		3(1)	1	3(3)			9(6)
先端ゲノムセンター・遺伝資源センター				1				1
合計	32(13)	10(3)	22(5)	10	33(15)	4	1	112(36)

() : 27年度に新規に開始した組織数の内訳

筑波大学、東京大学(2制度)、名古屋大学、東京農業大学、横浜市立大学、千葉大学及び山口大学と締結している連携大学院協定により、27年度は16名の研究者が連携大学院教員等を委嘱され、学生の資質向上への協力、相互の研究交流の促進を行った。また、25年度から継続して2名、27年度から新規2名の学生を生物研に受け入れた(表10)。外部への周知等は生物研ホームページ「連携大学院ページ」により行った。

表10 連携大学院一覧

連携大学院名	開始年度	教員等の委嘱	学生の受入
筑波大学	H13	4	
東京大学 (農学生命科学研究科)	H13	2	
名古屋大学 (生命農学研究科)	H17	1	
東京大学 (新領域創成科学研究科)	H18	3	2
東京農業大学	H19	3	1
横浜市立大学	H19	1	
千葉大学 (園芸学研究科)	H20	1	
山口大学 (連合獣医学研究科)	H20	1	1

高度な研究実績を持つ研究者を対象として25年度に創設した客員上級研究員制度により、日本大学、信州大学及びび理化学研究所に所属する計3名の研究者に対し客員上級研究員を委嘱し、生物研で行っている研究への協力を求めるとともに、相互の交流を行った。

③-1 他の農業関係研究開発独立行政法人との連携 [指標1-5-イ]

「攻めの農林水産業」に対応して、作物の開発・利用を加速するため、基礎（ゲノム研究・素材開発）から応用・開発（品種育成・普及）まで一体的に行う仕組みを構築することを目的として、農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）と連携し、「作物ゲノム育種研究センター」を26年度に設立した。当センターはバーチャルな組織であり、生物研と農研機構作物研究所が共同で運営に当たった。26年度から開始したイネに加え、27年度はダイズ、コムギ及びオオムギを対象作物として追加し、①「攻めの農林水産業」のための新品種開発の加速、②次世代育種法及び新育種素材の開発及び③育種連携支援について研究開発業務を実施した。

農業関係研究開発独立行政法人との間の研究協力に関する協約書に基づき、農研機構と27件（うち新規8件）、農業環境技術研究所と6件（うち新規3件）、国際農林水産業研究センターと1件（うち新規1件）、森林総合研究所と2件（うち新規2件）、及び家畜改良センターと1件の計37件（うち新規14件）の協定研究を実施した。このうち、後述のゲノム解析支援事業にかかるものは20件（うち新規11件）であった。

また、国際農林水産業研究センターとの連携では、国際農業研究協議グループ（CGIAR）の研究プロジェクト「The Global Rice Science Partnership（GRiSP）」において連携、協力を行ったほか、国際農林水産業研究センターが行う委託研究「国際標準判別いもち病菌系の特性評価」を受託し研究を実施した。

さらに、国際イネ研究所（IRRI）と国際農林水産業研究センターの間で締結された研究覚書（MOU）に基づいて、IRRIと生物研でイネ遺伝資源の乾燥ストレス耐性を向上させる協力について連携、協力を行った。

加えて、超高速シーケンサー等の最先端ゲノム解析機器を配備した「先端ゲノム解析室」において、23年度から開始した農業生物のゲノム解析支援事業について、他の農業関係研究開発独立行政法人とのゲノム解析に関する共同研究を精力的に進めた（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」に関連記載）。

③-2 ジーンバンク事業 [指標1-5-イ]

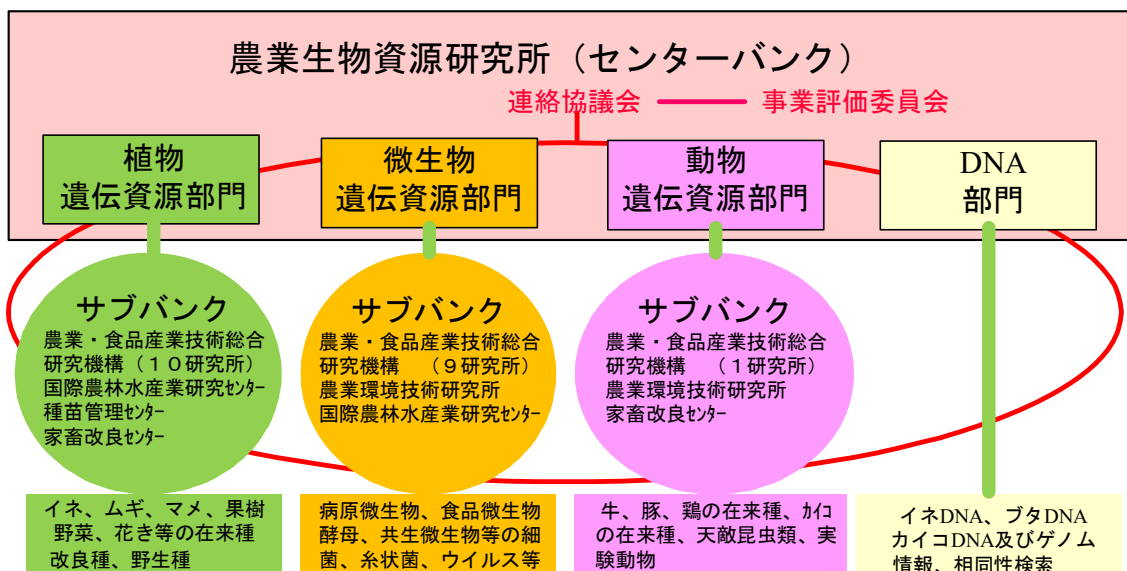
生物研はセンターバンクとして、農業・食品産業技術総合研究機構（中央農業総合研究センターほか11機関）、農業環境技術研究所、国際農林水産業研究センター、種苗管理センター及び家畜改良センターのサブバンクと連携協力の下、ジーンバンク事業を実施し、植物、微生物、動物遺伝資源の収集・受入、無毒化、増殖、特性評価、情報管理、配布と公開、DNAバンクとしての収集、保存、配布、公開を行った。また、効果的なジーンバンク事業を進めるため大学、都道府県等から募集した課題を含め、延べ14機関に遺伝資源の増殖及び特性評価等を委託契約により実施した（図9）。

実施にあたっては、参画機関との情報交換を円滑にするため、植物10名、微生物2名、動物1名の部門別責任者（キュレータ）をサブバンクの専門家に依頼し、事業推進の効率化と密接な意思疎通を図った。関係機関の担当責任者及びキュレータの出席の下、ジーンバンク事業連絡協議会を開催し、サブバンクとしての今後の方向性及び問題点の現状報告、27年度事業実績及び28年度事業計画を討議した。事業実績及び事業計画は、ジーンバンク事業評価委員会を開催し最終決定した。

情報関係としては、食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（ITPGR）の国内措置対応として、27年度に日本が多数国間システム（MLS）に登録する植物遺伝資源12,705点を遺伝資源データベースの「MLS対象遺伝資源」に入力し、26年度登録分との合計30,653点のリスト（世界第6位）をWeb上で公開した。また、定型の材料移転契約（SMTA）による配布状況をFAO-ITPGR事務局に報告するため、契約実績リストの生成及びデータ送信を行うシステムを開発し、契約実績の送信を開始した。データ管理用プログラムでは、SMTA報告やデータ管理方法等の変更に合わせて、遺伝資源来歴情報管理、文献データ管理、在庫管理、及び特性評価マニュアルデータ管理について改修を行った。さらに、発芽試験支援システムを開発して、発

芽試験マニュアルのデータベース管理・発芽試験作業順リストの作成・播種件数の実績集計・発芽試験件数予測を行うとともに配布用書類生成システムを開発して、配布作業の進捗に応じて配布通知書や売払内訳書などの自動生成を行い、ジーンバンク業務の効率化を図った。

Webサイトへの年間アクセス件数は、7,965,953件（前年同期7,012,384件）であった。



- ※ 全国約320人の担当者とジーンバンク情報ネットワークでつないで一体的に実施
 - ・生物研：研究職 21人、一般職 7人
 - ・サブバンク：植物 238人、微生物 69人、動物 13人
- ※ 事業評価：外部評価委員 6名による評価体制
- ※ H26年度事業予算総額：660,102 千円
 - ・センターバンク：420,960 千円（うち生物研共通費へ119,056 千円）
 - ・サブバンク委託：231,642 千円
 - ・課題委託等：7,500 千円

図9 ジーンバンク事業実施体制と予算

遺伝資源センターでは、国内外の遺伝資源に関する様々な会合に職員が積極的に参加して情報収集や意見交換を進めた。27年度はセンター長が文科省の生物遺伝資源委員会に委員として参加した。また、農林水産省委託事業による三菱UFJリサーチ&コンサルティング（MURC）受託の農林水産分野における遺伝資源利用促進事業の検討委員として農業生物資源のアクセス、保存と利活用促進についての検討に参加した。さらに、理化学研究所バイオリソースセンターの実験植物検討委員会委員として参加し、農業生物資源ジーンバンク事業について説明をするとともに生物遺伝資源分野における国内および国際情勢の把握を図り意見交換を行った。

当ジーンバンク事業のホームページから日本植物病名データベースを公開しているが、これは日本植物病理学会編集の日本植物病名目録第2版（日本植物病理学会・農業生物資源研究所編）を主たる出典としたもので、日本植物病理学会との連携協力の成果のひとつである。日本植物病理学会は、日本から新たに報告された病害をとりまとめた日本植物病名目録追録や第2版の正誤表を毎年度発行しているが、同学会での了解の下でその内容も取り込んで、最新の情報に基づいたデータベースとして運用した。

④放射線照射依頼

〔指標1-5-U〕

27年度は独立行政法人試験研究機関、大学、民間企業等に対し、ガンマフィールド及びガンマルームにより122件の依頼照射を行った（資料1：表5）。また、依頼照射規程改正の内容についてホームページで周知を図るとともに、依頼照射専用のメールアドレスを掲載して依頼者への利便性を高め、問い合わせや相談に丁寧に対応した。併せて、一般公開（つくば及び常陸大宮）において参加者にガンマ線を用いた変異誘発の有用性のアピールを行った。

・放射線育種場共同利用研究

放射線育種場共同利用運営委員会による照射施設を利用する大学との共同研究を実施している。27年度は11の国立大学法人が参画し13研究課題について申請があり、イネ及びナシ等の突然変異体の作出やソバの突然変異育種などに向け、ガンマルーム及びガンマフィールドでの照射を行った。

⑤県その他、外部機関等との連携

〔指標1-5-A、I〕

茨城県他外部機関との連携については、つくばライフサイエンス推進協議会に参画し、協議会を通じて理研バイオリソースセンターとの間に「包括生物資源提供同意書」を締結、つくば地区の研究機関が保有する世界最大級の生物医学資源のデータベースに対して横断的な検索を可能とする「つくば生物医学資源横断検索システム」（つくば国際戦略総合特区事業の1つ）に協力した。

つくば市内の研究機関との交流では、筑波研究学園都市交流協議会において理化学研究所、産業技術総合研究所、農業・食品産業技術総合研究機構の知財・連携担当部門等と、必要に応じて管理・運営方法について情報交換を行ったほか、筑波大学との間で、革新的研究開発に関して研究の活性化及び社会実装の推進を目的とした連携協定を締結した。

6 海外機関及び国際機関等との連携の促進・強化

中期目標

世界の食料問題の効率的な解決に資するため、国際的な研究への取組を強化する。特に、農業に関する生命科学分野での国際的イニシアチブを確保するとともに、海外研究機関及び国際研究機関との連携を積極的に推進する。

また、食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（以下「ITPGR」という。）の多数国間の制度の下において行われる植物遺伝資源の取得機会の提供等、同条約を履行するための取組を効率的かつ着実に実施する。

中期計画

- ① イネゲノム研究等の成果を基に、国際機関等との包括的研究協定や国際機関が実施する国際的プロジェクト研究への参画等を通して、国際的な課題を解決するための取組を強化する。
- ② ポスト・イネゲノムシーケンス研究等において国際的優位性を確保するため、ゲノムリソース等の研究開発資源を有効に活用し、中核となって関連国際研究機関や研究者との連携を強化する。
- ③ 食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（以下「ITPGR」という。）に基づく植物遺伝資源の提供等を的確に行うため、ジーンバンクの体制強化や海外ジーンバンクとの連携強化等を図り、業務の効率的かつ着実な運営に努める。

〔指標 1-6-ア〕 国際的なゲノム研究プロジェクトへの参画等を通じて、国際的な研究ネットワークの強化に取り組んでいるか。

〔指標 1-6-イ〕 国際学会・国際会議への参加や成果発表、海外諸国や国際研究機関とのMOU締結等の実績はどうか。

〔指標 1-6-ウ〕 ITPGRに定める条件に基づく植物遺伝資源の提供等を効率的かつ着実にやっているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第1-6）	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. 〔指標 1-6-ア〕</p> <p>国際的な研究ネットワークの強化については、国際共同プロジェクトであるイネアノテーション計画（RAP）の中核機関としての活動をはじめ、地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム（SATREPS）など、各国の研究機関や国際コンソーシアム等での共同研究及び人的交流を通じて研究ネットワークの構築を図った。</p> <p>2. 〔指標 1-6-イ〕</p> <p>国際学会・国際会議への参加については、27年度には延べ70名の研究者を派遣し、国際的な課題への対応及び成果発表等を行うとともに、現地調査や研究打ち合わせ等へ延べ51名の研究者を派遣した。また、MOU（研究覚書）による海外機</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>国際協力、連携については、イネアノテーション計画（RAP）の中核機関としての活動のほか、MOUの締結による個別研究の海外との連携強化も進み、生物研のプレゼンスを高める活動がなされた。ITPGRに定めるMLSへの登録については、27年度は新たに約1万2千点が</p>

<p>関との連携については、国際コンソーシアム1件を含む24件を各国の研究機関等と締結している。</p> <p>3. [指標1-6-U] 植物遺伝資源の提供等については、食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（ITPGR）に定めるMLS（多数国間システム）への登録について、ジーンバンクに保存する約22万点の植物遺伝資源のうち、27年度は新たに約1万2千点がMLSに登録され、平成27年9月に農林水産省から公表された。これで我が国のMLS登録数は約3万点となり、世界で上位6番目となった。このほか、農林水産省からの委託事業（PGRAsiaプロジェクト）において、「海外植物遺伝資源の遺伝特性解析・収集」に加え「アジア植物遺伝資源ネットワークの構築」を新たに開始し、ラオス、ベトナム、カンボジア、ミャンマー、ネパールと植物遺伝資源の共同特性評価を実施した。</p>	<p>登録され、26年度の登録と合わせて約3万点の登録数となり、世界で6番目の貢献を果たしていることは評価できる。</p> <p>以上、海外機関及び国際機関等との連携の促進・強化について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>
--	--

(27年度実績)

第1-6

①及び②国際協力、連携

[指標1-6-A、イ]

1) イネゲノム及びポスト・イネゲノムシーケンス研究等における国際協力、連携

生物研は、イネゲノム全塩基配列解読の成果利用の一環として、国際共同プロジェクトであるイネアノテーション計画（RAP）の中核機関として活動しており、イネゲノム研究となるゲノムの参照配列を維持管理し、データの性質に関する問い合わせ等に対応している。

国際イネ研究所（IRRI）を中心として組織されたIRIC（International Rice Informatics Consortium）に参加し、特にイネ多系統の全ゲノム配列中における変異を効果的に閲覧するビューワー開発において協力をしている。

ビル&メリンダ・ゲイツ財団によるアフリカライスセンター（Africa Rice Center）を通じた再受託課題「嫌気条件下での発芽能力に寄与する遺伝子の単離とDNAマーカーの開発」の2年目を遂行し、形質評価系の検討と遺伝資源の導入・増殖およびゲノム情報の取得を行った。平成27年6月にナイジェリアで行われた推進会議に担当研究者1名と特別研究員2名が参加して進捗報告および今後の進め方について協議を行った。

2) ムギ類ゲノム研究等における国際協力、連携

生物研は、国際コムギゲノム解読コンソーシアム（IWGSC）の一員として、パンコムギゲノム解読プロジェクトを遂行しており、21種類の染色体のうち6B染色体の物理地図作成及び塩基配列解読を行っている。また、IWGSCの研究調整委員会に委員を派遣して、ゲノム解読の国際協調やコンソーシアムの運営に寄与している。前年度までに概要配列及び6B染色体概要物理地図をIWGSCに提供するとともに、要請に応じて、二つの学会におけるコンソーシアムが組織するワークショップにおいて、研究の進捗状況を口頭発表した。また、23年度にG20農相会合で合意された国際的なコムギ研究の協調を図る組織Wheat Initiative（WI）に対しても、研究理事会のメンバーとして加わり、WIの運営に携わるとともに、ニーズに即した世界的なコムギ研究のあり方や方向性について議論するとともに、それに対する我が国の貢献をアピールした。

3) カイコゲノム研究等における国際協力、連携

平成22年11月のカイコゲノムアノテーション国際ワークショップでの決議及び平成23年8月における「日中が中心となって国際協力でカイコゲノムのアノテーションを進める」ことへの日中間での合意に基づき、平成24年3月にアノテーション作業が実際に開始された。全遺伝子のうち日本と中国が全体の35%ずつを分担し、残りの30%の遺伝子について他の国が分担している。カイコゲノムデータの更新を進めており、それに伴って対象となる遺伝子数が増加するため、アノテーション作業の見直しを進めている。

4) ヤガ類のゲノム解析における国際協力

Spodoptera frugiperda (ツマジロクサヨトウ; fall armyworm) の国際コンソーシアム (Fall Armyworm International Public Consortium; FAW-IPC) では、遺伝子の種類ごとの各責任者が決められ、その責任者のもとで、各メンバーがアノテーションを担当する遺伝子の分担を決定し、平成25年9月に分担表が配布された。また、アノテーションのガイドラインなどの詳細な説明が国際コンソーシアム専用のWikiサイト (Web上から関係者同士で簡単に内容を書き換えられるWebサイト管理システム) に掲載された。平成25年10月には、アノテーションのトレーニングセッションがモンペリエで開催された。その後、それぞれの国ごとにアノテーションを行っている。

Spodoptera litura (ハスモンヨトウ; common cutworm) ゲノムプロジェクト国際コンソーシアムの会議が平成27年7月3~4日に中国の華南師範大学で開かれた。新規にコンソーシアムに加わったメンバーは、アメリカロードアイランド大学のDr. Goldsmith (総括、昆虫ゲノム研究の牽引者) と東京大学の岸野洋久氏 (集団遺伝学) である。各自進捗を報告し、論文作成のためのロードマップを検討し、各自の分担を決めた。生物研の上樂明也氏により、アセンブルされたゲノムシーケンスと予測遺伝子情報に細菌ゲノムのコンタミがあることが指摘された。このため、これらの配列を除いて、再アセンブル、遺伝子予測がされ次第新規の結果をメンバーに送付することが決められた。RAD-seqによる連鎖地図の結果も新しいアセンブル結果をBGIに送って再計算されることが決められた。

5) トビイロウンカゲノム研究における国際協力および連携

トビイロウンカゲノム塩基配列概要解読を進めている中国の浙江大学昆虫科学研究所と共同で、2014年にトビイロウンカのゲノム解読に関する論文を発表し、2015年にはトビイロウンカの共生微生物 (yeast-like symbiont) のゲノム解読論文を発表した。これまで、浙江大学 (杭州市) ならびに中山大学 (広州市) とは、情報交換を行ってきた。

6) ブタゲノム研究等における国際協力、連携

国際コンソーシアムによるブタゲノム解読の完了、生物研が主導したcDNAの全長解読、及び免疫系遺伝子を中心としたアノテーション、また近年の次世代シーケンサーを用いた解析の進展を受け、RNA-SeqやChIP-Seq等によるブタを含めた家畜・家禽ゲノムの機能アノテーションの枠組みであるFAANG (Functional Annotation of Animal Genome) が結成されており、生物研からも平成27年10月7~8日に米国ワシントンDCで開催されたGO-FAANGミーティングに参加する等、解析の方向性の検討に参画している。

JICA、JSTが連携して推進する地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム (SATREPS) における新規課題「ベトナム在来ブタ資源の遺伝子バンクの設立と多様性維持が可能な持続的生産システムの構築」が27年度より正式に採択となった (期間は5か年間)。ベトナム側の代表機関である国立畜産研究所 (NIAS)、ベトナム科学技術アカデミー・バイオテクノロジー研究所 (VAST/IBT)、ベトナム国立農業大学 (VNUA) ならびにホアビン省農政局との調整の上に、26年度に策定したProject Design MatrixやPlan of Operationに従い、専門家の派遣を行い実際にプロジェクト活動を開始した。さらに短期研修員を招へい (27年度、1か月×4人) し、また、使用機材の供与を行った。平成27年11月25日にはハノイ市内でシンポジウムを行った。

7) 高品質シルク生産に係る国際協力、連携

地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム (SATREPS) のプロジェクトとして新規課題「東アフリカの生物遺伝資源と分子遺伝学を利用した持続可能な蚕糸業の革新」を開始し、日本とケニア政府との2国間での国際共同研究を行っている。

8) 日本学術振興会二国間交流事業における共同研究

日本学術振興会 (JSPS) と海外の学術振興機関での国際協力に関する合意に基づく事業として、26年度から開始している2課題を実施した (表11)。

表11 日本学術振興会二国間交流事業における共同研究

学術振興機関	共同研究相手機関	担当領域	研究課題
ロシア基礎科学財団	ロシア科学アカデミー理論・実験生物物理学研究所	遺伝子組換え研究センター	冬眠動物の骨格筋萎縮の制御機構の解明
インド科学技術庁	インド繊維省中央蚕糸局セリバイオテック研究所	昆虫科学研究領域	濃核病ウイルスインド分離株ゲノムと宿主カイコが持つ抵抗性遺伝子の分子解析

9) 国際学会・国際会議への参加や成果発表、MOU（研究覚書）による海外機関との連携

生物研は、国際研究機関との積極的な研究交流、情報交換、研究者の交流の推進を当研究所の担うべき課題の一つであると位置付けており、27年度には国際会議、国際学会等研究集会等へ延べ70名の研究者を派遣し、国際的な課題への対応及び成果発表等を行うとともに、現地調査や研究打ち合わせ等へ延べ51名の研究者を派遣した。

MOU（研究覚書）による海外各機関との連携推進状況を表12に示した。なお、知的財産室との兼務で研究専門員1名を研究企画調整室研究推進チームに配置し、MOUにおける知的財産の取扱等に係る支援体制を強化して手続き等を進めた。

表12 研究覚書(MOU)リスト

協定先国名等	協定件数
アメリカ	1
オーストラリア	1
カンボジア	1
ケニア	2
コロンビア	2
スイス	1
タイ	2
チェコ	1
ドイツ	1
ベトナム	3
ベナン共和国	1
ポーランド	1
ミャンマー	1
メキシコ	1
ラオス	1
ロシア	1
中国	2
国際コンソーシアム	1
計	24件

③植物遺伝資源の提供等への対応

[指標1-6-U]

我が国は平成25年10月に食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（ITPGR）の加入国となった。この条約に伴う国内措置として、ジーンバンクに保存する約22万点の植物遺伝資源のうち約1万2千点がMLS（条約の多数国間システム）へ27年度新たに登録され、平成27年9月に農林水産省から公表された。これにより我が国のMLS登録数は世界で上位6番目の約3万点となった。MLS登録の遺伝資源についてはSMTA（定型の材料移転契約）による提供を行っ

ている。このSMTAによる配布状況をFAO-ITPGR事務局に報告するための契約実績リストの生成及びデータ送信システムの開発運用を行った。さらに、配布作業の進捗に応じて配布通知書や売払内訳書などの自動生成を行うシステム等も開発運用し、業務の効率的化を図った。

海外との遺伝資源研究では、ベトナム植物資源センター及びカンボジア農業研究開発センターとの間で締結したMOUに従いイネ・コアコレクションの共同特性評価を進める一方、ラオスのジーンバンクとソルガム・コアコレクションの共同特性評価等を実施した。

農林水産省からの委託事業（PGRAsiaプロジェクト）において「海外植物遺伝資源の遺伝特性解析・収集」に加え「アジア植物遺伝資源ネットワークの構築」を新たに開始し、ラオス、ベトナム、カンボジア、ミャンマー、ネパールと植物遺伝資源の共同特性評価を実施するとともに、各国から研究者を招へいして研修を実施し、技術移転を行った。

また、地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム（SATREPS）では、メキシコから研究員を招へいし、ジーンバンクにおける種子の保存管理、より安全に長期に保存できる手法並びに材料の評価に関する理論と技術の習得のための指導を行った。

第2 国民に対して提供するサービスその他の業務の質の向上に関する目標を達成するため とるべき措置

1 試験及び研究並びに調査

中期目標

(1) 研究の重点化及び推進方向

「食料・農業・農村基本計画」に対応し、今後10年程度を見通した研究開発の重点目標等を示した「農林水産研究基本計画」に即し、農業生物遺伝資源の充実など、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、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及び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を重点的に実施する。

これらの基礎的研究については、成果の活用を円滑に進めるため、応用研究を担う研究機関等との連携・協力の下で、戦略的に推進する。

また、他の農業関係研究開発独立行政法人との連携を一層強化し、各法人の有する研究資源を活用した共同研究等を効率的に推進する。

これらのことを実現するため、「別添」に示した研究を進める。

(2) 行政ニーズへの機動的対応

期間中に生じる行政ニーズに機動的に対応し、必要な研究開発を着実に実施する。

【大課題実績・中課題実績に記載されている専門用語については、付録の「用語の解説」をご参照ください。】

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、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、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、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。

中課題の中期計画

植物・動物・微生物遺伝資源は、育種やゲノム研究等の研究開発を通じて我が国の食料・農業の持続的な発展に資するアグリバイオ研究基盤としてますます重要性を増している。

遺伝資源を取り巻く国際的な状況の変化等に対応した我が国の遺伝資源に関する施策・方針に基づき、育種に関するニーズの変化等に応え得るよう、ジーンバンクとして、他の独立行政法人等と連携して多様な食料・農業遺伝資源を対象地域・種類を定めて収集し、特性評価、保存及び配布等を進める。

この推進のために、遺伝資源に関する解析研究や現地調査の実施で得られる分子遺伝学的多様性や GIS データの付加による情報の高度化、利用者の利便性向上に向けた多様性情報に基づくイネ以外の主要作物・近縁野生種のコアコレクションや分類検証した微生物の推奨菌株セット等の充実、マメ類における有用特性の評価と育種利用に向けた実験リソースの整備、有用遺伝子の探索や機能解析研究等に活用できる各種変異体の放射線照射等による作出、保存の効率化に向けた栄養繁殖作物等に適した保存技術の開発及び超低温保存等の活用、及び、蓄積した遺伝資源と情報を利用者に提供する態勢の強化等の取組を行う。

なお、これらの取組に当たっては、諸外国との共同現地調査や共同研究等を積極的に実施し、海外研究機関や国際研究機関等との連携・協力を推進する。

また、ITPGR に基づく植物遺伝資源の提供等を的確に行うため、多数国間の制度を通じて公開する植物遺伝資源のデータベース化や定型の素材移転契約（SMTA）を用いたオンライン契約システムの整備を図るとともに、国内の事業者等から寄せられる海外遺伝資源のアクセス相談等に適切に対応する。

さらに、海外ジーンバンクや国際研究機関等との連携を強化し、海外遺伝資源の取得環境の整備に努める。

主要な経年データ						
① 主な参考指標情報						
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度	
原著論文数	47	34	35	39	28	
IF 合計	77.424	45.876	48.194	64.860	57.917	
総説	5	5	9	7	1	
国内特許出願・登録	1・2	1・0	0・0	0・0	0・1	
品種登録出願・登録	0・0	1・0	0・0	0・0	0・1	
プレスリリース数	0	0	0	0	1	
② 主要なインプット情報						
投入金額(千円)	189,700	195,100	167,600	197,100	156,600	
うち交付金	122,500	126,800	108,600	107,200	105,800	
人員(常勤職員数)	22.62	22.40	21.90	22.10	23.30	
人員(ポスドク)	1.00	2.00	4.80	5.30	4.70	

主な業務実績等・自己評価	
主な業務実績等	自己評価
<p><主な業務実績></p> <p><u>ジーンバンク事業の進捗(植物)</u> 植物遺部門では、国内探索収集調査としてマメ類3課題、牧草・飼料作物2課題を実施した。サブバンクと連携してマニュアルに基づく特性評価特性評価実施し120,997件(1次特性:92,674件、2次特性:16,058件、3次特性:12,265件)の特性情報を集積した。</p> <p><u>ジーンバンク事業の進捗(動物)</u> 動物部門では、新規5点(ウマ3点、ニワトリ1点、ナケルクロアブラバチ1点)及び追加7点(ウマ2点、ヒツジ4点、ニワトリ1点)を収集した。</p> <p><u>ジーンバンク事業の進捗(微生物)</u> 微生物部門では、大学、公設試験研究機関等からの受入を含め、1,224株を新規登録した。アクティブ化の取り組みを重視し、新規登録は全てアクティブ株である。</p> <p><u>ジーンバンク事業の進捗(情報)</u> Webアクセス件数は、平成27年11月までの1年間で7,965,953件であり、昨年同期の7,012,384件に比べて13.6%増加した。</p> <p><u>遺伝資源の高度化と保存に関する研究開発</u> イネ遺伝資源の高度化のために、768座のSNP情報を付与した5,000系統のアジア在来イネの情報を公開した。その情報に基づいて選抜</p>	<p>評価: A</p> <p><中期目標に照らし合わせた成果の評価></p> <p>植物遺伝資源、微生物遺伝資源、動物遺伝資源の各分野で遺伝資源の探索、収集、分類、同定、特性評価、保存、増殖及び遺伝資源とその情報の提供を実施し、我が国の農業研究や育種に必要なアグリバイオ研究基盤の整備を進めることができた。全体として順調に進展している。</p> <p>遺伝資源の高度化のためにイネとダイズの1粒由来遺伝資源の開発を実施し、1粒系イネの栽培を進めるとともに、1粒由来ダイズ581系統の配布を開始した。ソルガムのバイオマス研究用遺伝資源セット22系統の配布を開始し、キュウリ、メロン、カボチャのコアコレクションの作成を開始した。</p> <p>登録微生物遺伝資源の分類同定に関するバーコードDNA領域計1,437点の解析を進め、植物ウイルスについては150株のジーンバンク登録ウイルスの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。公開中のウイルス329株で未解析のものは40株のみとなった。キウイフルーツに激しい被害を起すキウイフルーツかいよう病が本邦新産のbiovar3であり、長野県で見いだされた同病菌が新規系統であることを明らかにし、技術的対策への道筋をつけることができた。</p> <p>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の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。また、水稻「ひとめぼれ」「コシヒカリ」「日本晴」の突然変異体750系統の農業形質を調査し、「イネ突然変異リソースデータベース」を作成した。今後の育種素材として利用の拡大が期待できる。</p>

した 900 系統から 1 粒由来遺伝資源のため、第 2 世代の栽培を実施した。

1 粒由来ダイズ約 1,600 系統の作成を進め、581 系統の配布を開始した。また、ダイズコアコレクションにマーカー情報を追加した。

ソルガムのバイオマス研究用遺伝資源セット 22 系統の配布を開始した。また、キュウリ、メロン、カボチャのコアコレクションの作成を開始した。

登録微生物遺伝資源の分類同定に関するバーコード DNA 領域計 1,437 点の解析を進め、植物ウイルスについては 150 株のジーンバンク登録ウイルスの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。

キウイフルーツに激しい被害を起こすキウイフルーツかいよう病が本邦新産の biovar 3 であり、長野県で見いだされた同病菌が新規系統であることを解明した。

植物病原性 *Rhizobium* 細菌を対象とした菌種同定用 PCR 実験系を改良し、ジーンバンク所蔵菌でその有効性を確認した。

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 14 種的全ゲノム解読をほぼ完了した (27 年 11 月プレスリリース)。また、アズキ野生種の栽培化に有用な遺伝子として、莢を長くする遺伝子のファインマッピングや、突然変異により休眠性を消失した変異体、莢にリグニンを蓄積した変異体を得た。

放射線育種場が保有している水稻「ひとめぼれ」「コシヒカリ」「日本晴」の突然変異体 750 系統の農業形質を調査し、「イネ突然変異リソースデータベース」を作成した。

栄養体の超低温保存研究では、クライオプレート法を用いてサトイモの再生率向上に成功した。サトウキビのクライオプレート乾燥法の最適条件を明らかにし、平均 52.1%の再生率を得た。

ニワトリ mtDNA の SNP 解析によって白色レグホーンの卵殻質強系 ANJP No. 70、卵殻質弱系 ANJP No. 904 の SNP 情報及び D ループ領域の塩基配列をデータベースに登録した。

ITPGR 加入への対応として、遺伝資源データベースに「MLS 対象遺伝資源」を新規作成し、12,705 点のリストを追加公開した。ITPGR 事務局への定型の材料移転契約 (SMTA) 配布実績報告システムを作成した。

オンライン配布申込みシステムにおいては、アカウント制に移行し、同システムの植物・微生物の英語版を新規に公開した。

栄養体の超低温保存法研究では、クライオプレート法を用いて、サトイモの再生率向上に成功するとともに、サトウキビのクライオプレート乾燥法の最適条件を明らかにし、今後の保存法の開発へ道を拓いた。

これらの結果から、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が計画通りに進展している。

国際対応としては、ITPGR 加入への対応として、遺伝資源データベースに「MLS 対象遺伝資源」を新規作成し、12,705 点のリストを追加公開した。計 30,653 点となり、公開している点数は世界第 6 位の規模となった。また、ITPGR の定型の材料移転契約 (SMTA) 報告用システム (Easy-SMTA) に対応した契約実績リストをデータ送信するシステムを開発し、送信を開始した。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。この中で、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するなど、計画を越えて進展している。

全体として、順調に進展しており、特に国際的な取り組みについては、遺伝資源の導入に成功するなど計画を越えて進捗していると考えられる。

<開発した技術等の普及状況や普及に向けた取組>

生物遺伝資源の配布は、植物遺伝資源は 7,630 点、微生物遺伝資源は約 906 点、動物遺伝資源は 70 点、DNA 部門は 232 点を配布した。

情報提供を広く行うために、農業生物資源ジーンバンク事業 Web サイトを運用・開発している

(<http://gene.affrc.go.jp>)。本年度の新規開発としては、日本ダイズの系統樹を Web ページ化し、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開発した。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だ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。

<工程表に照らし合わせた進捗状況>

大課題全体として各小課題とも順調に進展している。さらに国際的な取り組みについては計画を越えて進捗していると考えられる。

<研究開発成果の最大化に向けて>

諸外国との共同研究としては、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。さらに昨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

<p>海外研究機関や国際研究機関等との連携・協力</p> <p>諸外国との共同現地調査としては、カンボジア、ベトナム、ラオス、ミャンマー、ネパールで、野菜類、マメ科作物、雑穀類、イネ等の遺伝資源を収集した。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（約 470 点）を国内に導入することに成功した。</p> <p>諸外国との共同研究としては、今年度から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」の中で、ミャンマーとネパールと共同研究を開始した。国際研究機関 CIAT と超低温保存に関する意見交換を行った。</p>	<p>一、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し、評価を A とする。</p>
---	--

① 農業生物遺伝資源の充実と活用の強化

中期計画

植物・動物・微生物遺伝資源は、育種やゲノム研究等の研究開発を通じて我が国の食料・農業の持続的な発展に資するアグリバイオ研究基盤としてますます重要性を増している。

遺伝資源を取り巻く国際的な状況の変化等に対応した我が国の遺伝資源に関する施策・方針に基づき、育種に関するニーズの変化等に応え得るよう、ジーンバンクとして、他の独立行政法人等と連携して多様な食料・農業遺伝資源を対象地域・種類を定めて収集し、特性評価、保存及び配布等を進める。

この推進のために、遺伝資源に関する解析研究や現地調査の実施で得られる分子遺伝学的多様性や GIS データの付加による情報の高度化、利用者の利便性向上に向けた多様性情報に基づくイネ以外の主要作物・近縁野生種のコアコレクションや分類検証した微生物の推奨菌株セット等の充実、マメ類における有用特性の評価と育種利用に向けた実験リソースの整備、有用遺伝子の探索や機能解析研究等に活用できる各種変異体の放射線照射等による作出、保存の効率化に向けた栄養繁殖作物等に適した保存技術の開発及び超低温保存等の活用、及び、蓄積した遺伝資源と情報を利用者に提供する態勢の強化等の取組を行う。

なお、これらの取組に当たっては、諸外国との共同現地調査や共同研究等を積極的に実施し、海外研究機関や国際研究機関等との連携・協力を推進する。

【研究資源】 研究員数：23.3 人、ポスドク数：4.7 人、研究資金：156.6 百万円

【論文・特許等】 原著論文：28、IF 合計値：57.917、IF 平均：2.07、特許：1（出願：0、登録：1）

(中課題実績)

1. 植物遺伝資源、微生物遺伝資源、動物遺伝資源及び DNA バンクの各分野で、遺伝資源の探索、収集、分類、同定、特性評価、保存、増殖及び遺伝資源とその情報の提供を実施し、我が国の農業研究や育種に必要なアグリバイオ研究基盤の整備を進めた。
2. ジーンバンク保存のイネ遺伝資源を高度化するために、約 5,000 系統のアジア在来栽培イネに関して付与したゲノム全体に分布する 768 座の SNP 情報を公開し、その情報をもとに選抜した 900 系統を、1 粒由来の研究用遺伝資源とするため、圃場で 600 系統、温室で 400 系統の 1 粒増殖第 2 世代の栽培を行った。野生イネのコアコレクション作成に関しては、候補として選定した系統の中に難増殖系統が含まれているため、配布用種子在庫量が得られた A ゲノム野生イネ 7 系統、A ゲノム以外の野生イネ 14 系統について、個別系統としての配布を開始した。
3. ジーンバンク保存のダイズ遺伝資源を高度化するために、1 粒由来ダイズ約 1,600 系統の増殖を進め、配布用種子在庫量が得られた 581 系統を公開した。また、新たにダイズ 12 品種の全塩基配列データから抽出した TagSNP を用いた高密度 SNP 解析システムを開発し、ダイズコアコレクションに約 20 万個の SNP 情報を付与した（図 1）。
4. イネ以外のコアコレクション作成として、農水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」の委託課題としてキュウリ、メロン、カボチャのコアコレクション作成を進めた。ソルガムのバイオマス研究用遺伝資源セットに関しては、993 系統を用いた 5 か年の特性評価結果に基づいて 26 系統を選定した。その内配布用種子の準備ができた 22 系統についてバイオマス研究用ソルガム 2016 年版遺伝資源セットとして配布を開始した。
5. キウイフルーツに激しい被害を起こすかいよう病菌が本邦新産の biovar 3 であり、長野県で見出された同病菌が新規系統であることを解明し（図 2）、これらの診断・同定法を開発中である。スペイン産マンゴー奇形病原因 *Fusarium* 属菌を解析したところ、132 株中 *F. tuiense* が 70%、*F. mangiferae* が 29%、新種 *Fusarium* 属菌が 1 株含まれ、*F. tuiense* の記載を種の第二報告として行った（図 3）。オーストラリア産アガパンサスの斑点性病害原因の *Fusarium* 属菌を見出し、新種記載した（図 4）。植物病原性 *Rhizobium* 属細菌に対する菌種同定用 PCR 実験系を改良し、ジーンバンク保存菌で有効性を確認した。植物ウイルス 289 株を外被タンパク質の遺伝子配列をもとに再分類し、*Tobamovirus*、*Necrovirus*、*Fabavirus* に属する一部の株の学名を変更した。クライオ電子顕微鏡とトモグラフィ技術でイネ萎縮ウイルスの媒介昆虫培養細胞内での動態の視覚化に成功した。ジーンバンク保存の納豆菌ファージの凍結耐性には種間差で -20℃ 凍結に耐えられない株もあり、凍結・凍結乾燥法の保存に改良が必要であることを明らかにした。

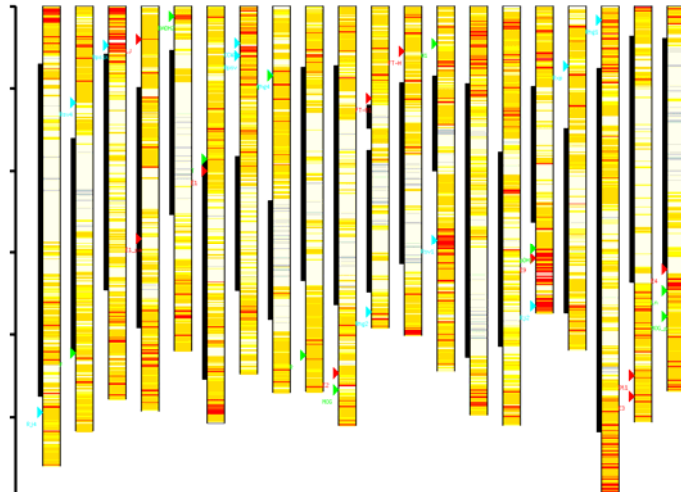


図1 新たに開発したダイズ解析用 20 万 SNP パネルのゲノム上のマーカー分布
 縦の黒太線は、組換えが起こらない動原体周辺領域を示す。100kb あたりの SNP 数：灰色：SNP なし、肌色：1-10、黄色：10-25、オレンジ色：25-50、赤色：50 以上

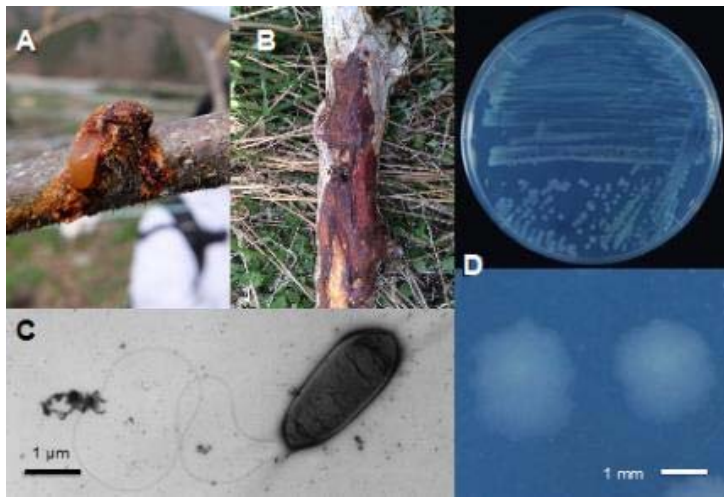


図2 長野県で見出されたキウイフルーツかきよう病菌の新規系統 (A, B: 病徴、C, D: 病原細菌)

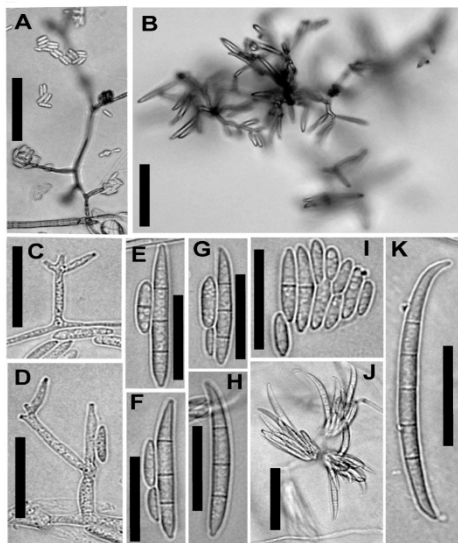


図3 スペイン産マンゴー奇形病原 *Fusarium tupiense* の形態的特徴
 (スケール：A, B, J: 50 µm, 他: 25 µm)

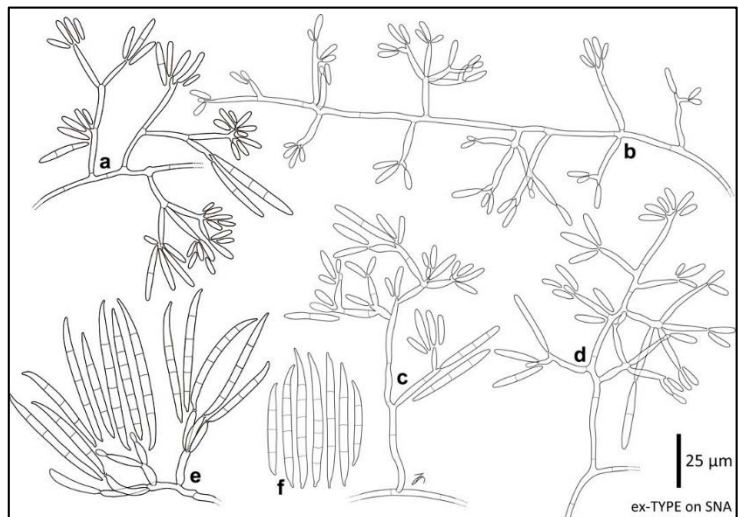


図4 オーストラリア産アガパンサスの斑点性病害原因の新種 *Fusarium* 属菌 (SNA 上の培養、a, e: 暗黒下、b, c, d, f: ブラックライト下)

6. 分類検証した微生物の推奨菌株セット等の充実として、分類同定に係わるバーコード DNA 塩基配列情報の網羅的整備を行い、糸状菌の rDNA ITS, Histone H3 領域、細菌の 16S rDNA 等、計 1,437 点について解析し、決定配列をデータベースに格納中である。ジーンバンク登録の植物ウイルス 150 株について外被タンパク質をコードする遺伝子の塩基配列を解析し、公開中のウイルス株 329 株の内、未解析は 40 株となった。整備した塩基配列情報を基にジーンバンク登録株を分類検証した。
7. マメ類における有用特性の評価と育種利用に向けた実験リソースの整備として、福島県相馬市のダイズが生育できない津波塩害水田において、ダイズに近縁なササゲ属で、耐塩性に優れた近縁野生種 2 種が良好な生育を示すことを明らかにした(図 5)。14 種のササゲ属野生種に関して全ゲノム解読を完了した。また、ササゲ属栽培種 9 種野生種 29 種を含む属レベルの多様性コレクション 71 系統を選定し、耐塩性と耐乾性を対象として多様な材料を効率的に評価する手法を開発した。
8. 突然変異による各種変異体として、水稻「ひとめぼれ」「コシヒカリ」「日本晴」にガンマ線及びイオンビームを照射した突然変異体約 750 系統の農業形質を調査し、‘イネ放射線突然変異体データベース’を構築・公開した(図 6)。変異体 492 系統を形質ごとに分類し、各系統の原品種名、変異原、世代などを付加した。画像ギャラリーでは出穂期の写真を公開した、ガンマ線を急照射したカンキツ「せとか」では、昨年見出したトゲが短縮した 1 系統でトゲの大きさに関する変異の再現性を調査し、選抜した。新たに 2 系統をトゲが短縮した系統として選抜した。
9. 栄養体の超低温保存研究ではクライオプレートを用いてサトイモの再生率を高めることに成功した。試料を薄く摘出することで、生長点まで十分乾燥できる形態とし、また乾燥条件を 4℃に下げたことが再生率向上に寄与したと思われる。その結果、生存率で最大 83.3%、再生率で最大 55.6%の値を得ることができた(図 7)。サトウキビのクライオプレート乾燥法の最適条件を明らかにした。12 系統についてこの条件の品種適応性を調査したところ、20.0~100%で平均 52.1%の再生率を得た。
10. ニワトリ mtDNA の SNP 解析の結果について、白色レグホーンの卵殻質強系:ANJP No. 70、卵殻質弱系:ANJP No. 904 の SNP 情報及び D ループ領域の塩基配列をデータベースに登録し、動物遺伝資源 Web 検索システムの詳細画面からダウンロードできる機能を作成して公開した。
11. 日本ダイズの系統樹を Web ページ化し、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開発した(図 8)。画像部分は SVG 形式で作成しており、ブラウザの画面サイズに合わせたサイズで描画し、図中から個別の JP 番号へのリンクをたどることができる。また、植物遺伝資源 Web 検索システムの詳細画面中にインラインの Google Maps を表示するように改修し、収集地点の GIS データを持つ 5,700 点に適用した。さらに、利用者の認証機能を利用して、公開していなかった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た。
12. ITPGR 加盟への対応として、日本が多国間システム (MLS) に登録する植物遺伝資源として、26 年度 17,498 点に続いて、今年度 12,705 点(合計 30,653 点)を MLS 対象遺伝資源に追加し Web 上で公開した。これにより MLS への日本の貢献は、世界第 6 位となった。また、ITPGR の定型の材料移転契約 (SMTA) 報告用システム (Easy-SMTA) に対応した契約実績リストの生成及びデータ送信を行うシステムを開発し、契約実績の送信を開始した。
13. 国際共同現地調査としては、カンボジアでトウガラシ類とウリ類を中心として野菜類 231 点、穀類 28 点、ベトナムでは、カボチャ、キュウリ、アマランサスを中心に 97 点、ラオスでは、ナスを中心に 137 点、ミャンマーではアブラナ科を中心に 122 点、イネを中心に 150 点を収集した。材料は現地ジーンバンクに保存するとともに、カンボジアとミャンマーについては SMTA で生物研ジーンバンクへ導入し、ラオス、ベトナムについては導入へむけた交渉を実施している。
14. 国際共同研究としては、ベトナム、ラオス、カンボジアに加えて新たにミャンマー、ネパールを追加して共同研究を進め、管理者招聘によるワークプランの策定、現地特性評価、若手研究者の能力開発を実施した。この他、国際研究機関 CIAT (国際熱帯農業センター) と極低温保存に関する意見交換を行うとともに、タイ・カセサート大学との共同研究を継続実施した。

自己評価 中課題	評価ランク	コメント
1-(1) ①	A	ITPGR 加盟に対応した体制の構築、PGRAsia プロジェクトの推進、ビグナ属のゲノム解析と遺伝子単離など、遺伝資源の拡充、ならびに活用強化に向けて、計画以上の進捗が見られた。

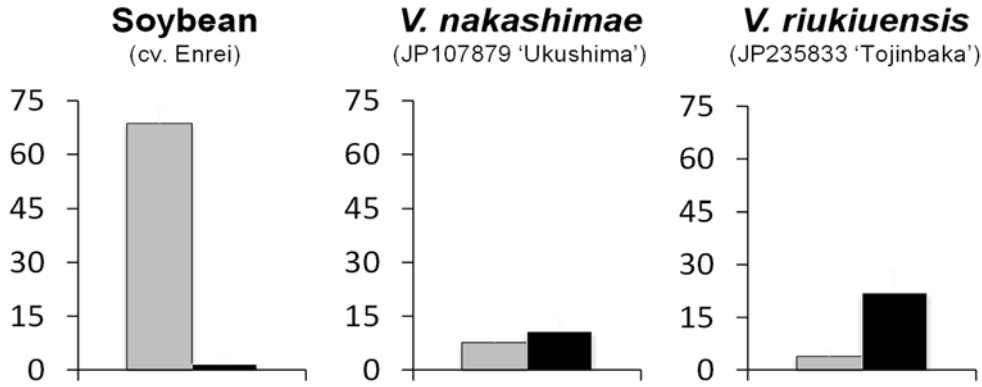


図5 ダイズと耐塩性近縁野生種の福島県相馬市除塩水田と塩害水田における生育の比較
 ■ 除塩水田における乾物重 (g) ■ 塩害水田における乾物重 (g)
 Soybean: ダイズ‘エンレイ’、*V. nakashimae* ‘宇久島’、*V. riukiensis* ‘唐人墓’



図6 放射線育種場で開発・公開した‘イネ放射線突然変異体データベース’

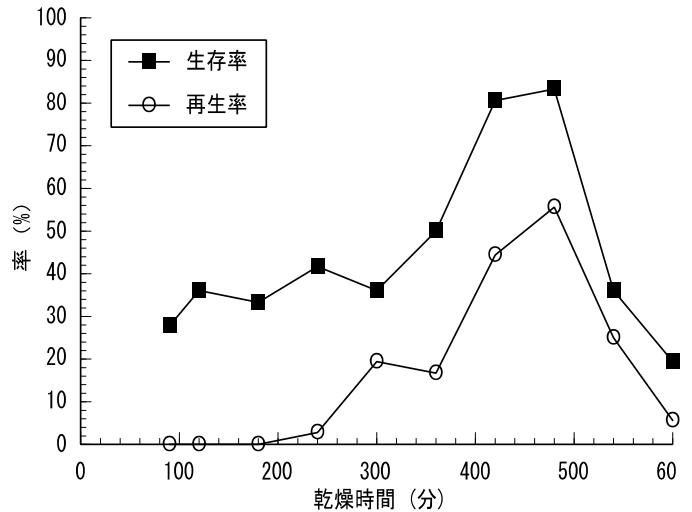


図7 サトイモ頂芽を4°C条件下で乾燥させた場合の乾燥時間と生存率、再生率の関係



図8 日本ダイズの系統樹を Web ページ化

画像部分は SVG 形式で作成しており、ブラウザの画面サイズに合わせたサイズで描画する。図中緑色の系統名から個別の遺伝資源の来歴情報ページに移動し、配布申請を行うことができる。

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、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、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。

中課題毎の中期計画

① 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

ゲノム解読研究を加速・効率化するため、超高速シーケンサー等の最先端の機器を活用した農業生物ゲノム解読中核機能確立し、研究所内外と連携し、農業生物のゲノム解読を推進する。特に、イネ科作物についてはゲノム育種や有用遺伝子単離の基盤を確立するため、イネの在来品種や近縁野生種のゲノム、未解読のコムギゲノム等の解読を進める。また、害虫管理の高度化に向け、トビイロウンカ及び鱗翅目農業害虫等のゲノムの解読、発現遺伝子の解析を行う。

イネ科作物及びカイコ等のゲノムリソース（cDNA ライブラリー、突然変異体、遺伝解析材料、データベース群等）を拡充するとともに、これらを適切に管理・提供するための体制を整備する。さらに、ゲノムリソースの高度化に向け、植物ゲノムの効率的な組換え・変異導入技術を開発する。また、ゲノム情報やゲノムリソースを利用して食料生産等に関わる有用遺伝子の単離を進める。

② 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

作物や農業昆虫等のゲノム解読から産み出される大量のゲノム情報を効率的に処理するため、計算機システム運用のソフトウェア開発やゲノム情報解析の高速化技術開発を行う。これらを活用し、超高速シーケンサーにより生産されるゲノムや発現遺伝子の配列情報を対象に、高精度のアノテーション付与等のバイオインフォマティクス解析を行う。さらに、これらによって得られる一次データ及び加工データを含めて、作物の育種や素材開発、害虫制御研究に活用できる塩基配列、遺伝子発現、表現型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。

③ 作物ゲノム育種研究基盤の高度化

イネ・ダイズ等のゲノム育種を高度化するため、遺伝解析に利用できる実験系統群を作出するとともに、育種上重要な形質である開花期、病虫害抵抗性、環境ストレス耐性、収量性等に関わる有用 QTL の検出と単離・同定、同質遺伝子系統の作出並びに遺伝子集積を行う。また、育種に利用可能な SNP パネルを開発する。DNA マーカー、連鎖地図、有用遺伝子の多様性情報等を統合したデータベースを構築する。さらに、収量性等の複雑形質を改良するためのゲノムワイド SNP とゲノムシャッフリングを融合させた次世代育種法を開発する。

④ 家畜ゲノム育種研究基盤の高度化

ブタ等の家畜について、ゲノム情報や遺伝子発現・機能情報等を充実させるとともに、ブタ完全長 cDNA 情報に基づくゲノムアノテーションを拡充し、ブタゲノム情報データベースを強化する。さらに、家畜のゲノム情報を活用してゲノムワイドな多型情報解析やハプロタイプ解析等を行い、肉質、増体能力、抗病性、繁殖性等の向上に利用できる家畜改良技術及び新たな生産管理技術の開発を推進する。

⑤ 生体分子の構造・機能に関わる情報基盤の整備

農業生物のゲノム研究や遺伝子機能解析の成果を深化・発展させるために、研究所内外との連携の下、農業生物の生体機能に関わるタンパク質等の重要因子について、立体構造やタンパク質の翻訳後修飾を介した機能制御、生体分子間相互作用等を解明する。

主要な経年データ						
① 主な参考指標情報						
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度	
原著論文数	120	110	103	89	83	
IF 合計	375.141	470.840	411.749	361.555	312.624	
総説	8	7	16	8	5	
国内特許出願・登録	8・15	2・4	4・4	9・5	3・9	
品種登録出願・登録	0・0	0・1	0・0	2・0	1・0	
プレスリリース数	8	5	5	8	4	
② 主要なインプット情報						
投入金額 (千円)	1,743,300	1,330,900	1,153,800	1,158,700	869,200	
うち交付金	174,600	198,200	199,100	162,700	123,200	
人員 (常勤職員数)	60.13	57.10	56.90	54.10	57.00	
人員 (ポストク)	23.10	21.10	12.10	15.60	13.60	

主な業務実績等・自己評価	
主な業務実績等	自己評価
<p><主な業務実績></p> <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、27年度は33件の「先端ゲノム解析支援」を行い、農水系独法の研究を支援した。イネゲノム解読ではアウス型、インド型品種のゲノム解読を進めた。コムギゲノム解読では6B染色体の物理地図を完成し、染色体の参照ゲノム配列を構築した。ダイズでは品種「エンレイ」のゲノム情報を公開した。昆虫については、コナガのゲノムを解読しジアミド剤抵抗性遺伝子を同定し、抵抗性の診断技術を開発した。また各種 cDNA クローン、ゲノムクローン、遺伝解析材料、突然変異体を適切に管理し配付した。また昨年に続き新たなイネ及びコムギ突然変異体集団を作成し、その形質を調査した。イネのゲノム編集技術では CRISPR/Cas9 システムを改良して、標的変異、標的組み換えの効率化を行った (27年度主な研究成果)。有用遺伝子の単離についてはオオムギ小穂非脱落性遺伝子を同定し、遺伝子の機能を明らかにするとともに栽培オオムギの起源を明らかにした (平成 27 年 7 月プレスリリース、27 年度主な研究成果)。</p> <p>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、引き続きゲノム情報データベースシステムの運用を行い、年間 30 万アクセスを維持した。また大量配列解析のウェブサービス Galaxy/NIAS を運用し、半年で 1,200 件以上の利用があった。バイオインフォマティクス解析では、オオム</p>	<p>評価： <u>A</u></p> <p><中期目標に照らし合わせた成果の評価></p> <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。コムギゲノム解読では、国際コンソーシアムの先進グループとして 6B 染色体の物理地図を公開し、参照ゲノム配列を構築し、現状で精密な配列の位置情報が得られていないコムギのゲノム解読を進展させた。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。これにより抵抗性の迅速な診断が可能となり、技術の普及によって防除効果が期待される。またこれまで作成した様々なイネ、ムギ、ブタ、カイコ等のゲノムリソースの収集・保存・管理・提供を着実に実施し目標を達成した。ゲノム編集については新たな育種技術として注目されているが今回 CRISPR/Cas9 システムの効率化に成功したことで、実用化への道が開かれた。またオオムギの小穂非脱落性遺伝子を単離し栽培の起源を明らかにした。</p> <p>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、農畜産物ゲノム情報データベースを公開し、研究者が大規模な配列解析を行う基盤が整備され、中期目標を達成した。またゲノム情報・発現情報を利用するためのイネ・ムギ・ダイズ・昆虫のデータベースを構築して、農業に関する有用な様々な遺伝子の研究を進展させた。</p>

ギの品種「はるな二条」のゲノム全塩基配列を解読してアノテーションを実行し 30,606 の遺伝子の機能を予測して DNA マーカー情報とともに公開した。また *Vigna* 属の野生種のゲノム配列を解読して概要版ゲノム配列を作成した（平成 27 年 11 月プレスリリース）。害虫制御研究では、23 種のチョウ目害虫の中腸から RNA-seq によって網羅的に遺伝子配列を構築しアノテーション情報の付加を行なった。またコナガのジアミド剤抵抗性原因遺伝子を同定するため、全ゲノム配列解読を行い、連鎖解析、遺伝子変異解析、発現変動遺伝子解析を行い、リアノジン受容体の変異が抵抗性の主要因であることを明らかにした。また重要微小害虫における薬剤抵抗性の原因遺伝子解明及び抵抗性診断技術開発を目標に遺伝子配列セットを作成し、薬剤抵抗性原因候補遺伝子を探索するための基盤を構築した。

作物ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、イネではコシヒカリと様々な品種間で作成した置換系統群によって多くの新規な種子形に関する遺伝子座を見いだした（27 年度主な研究成果）。また、コシヒカリの突然変異集団を利用して様々な変異体を取得した。ダイズでは「エンレイ」突然変異体ライブラリーを作成し変異を迅速に検索する系を開発した（平成 27 年 3 月プレスリリース）。有用 QTL の検出と単離・同定について、イネでは根系改変へ向けて *DRO1* 以外の新たな深根性遺伝子の検出を試み、多数の QTL を見いだした。またダイズでは病害抵抗性、成分特性等に関わる候補遺伝子を単離し、機能解析を進めた。さらに既存のマーカーも含め他独法、公設試に対して DNA マーカー選抜育種支援を行った。育種に利用可能なデータベースに関しては様々なダイズ品種について、各 SNP の機能変異情報を記載して複数ゲノム配列を可視化するブラウザを公開した。次世代育種法の開発については、ダイズコアコレクションの特性評価データと高密度 SNP パネルの遺伝子型データを用いてアソシエーション解析を行い、予測モデルを構築し、成熟までの日数及び粒大について高い精度でその表現型を予測できることを実証した。

家畜ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、ゲノムワイド相関解析のための基盤技術として新規な統計解析モデルを構築し、計算を高速化することができた。またブタゲノム上の脂肪関連遺伝子について次世代シーケンサーを用いた多型解析を行い、多型情報とア

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・ダイズにおける置換系統群や突然変異集団を作成した。これらは有用遺伝子の単離を加速化するだけでなく、育種において近縁野生種や在来品種などを効率的に利用するための素材として非常に有用であり、中期目標の遂行に大きく貢献した。またこれらの解析集団等を活用として多くの形質遺伝子が単離され、DNA マーカーの作出によって育種に貢献しつつある。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しており、粒大等の複雑形質に関する次世代の育種技術の開発が推進されている。

家畜ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、ブタゲノムの肉質、抗病性に関するゲノム情報を整備し、ゲノム多型情報を用いる相関解析によって DNA マーカーが開発され中期目標で挙げた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。また質量分析法を種同定への適用する手法は様々な実用化が期待される。

以上、研究成果が中期計画に基づいて順調に創出されていることに加えて、開発した技術の実用化・普及が著しく進んでいると判断する。

<開発した技術等の普及状況や普及に向けた取組>

27 年度は、原著論文を 83 報発表し、その IF 合計値が 312.624 であった。1 報あたりの IF は 3.77 であり、これは数値目標の平均 (2.74) を上回っている。その他国内特許出願 3、同登録 9、プレス発表を 4 件行った。

さらに、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 で公開した。また 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。ま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。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、技術普及に努めた。昨年度、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、本年度はイネに加え

ノテーションによって、候補多型を選抜した。また、免疫能に関するゲノムワイド相関解析の結果、有意な相関を示すゲノム領域が検出されたが、これは抗病性の DNA マーカーとして有効である。またメタボローム解析によって筋肉内脂肪含量とアミノ酸の利用性との相関が示され、分子マーカーの開発が期待される。

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、タンパクを標的とした薬剤開発について、¹⁹F-NMR によるスクリーニング技術によってトマトモザイクウイルス複製タンパク、MRSA 菌の増殖タンパク質を標的とする阻害剤候補化合物を取得した。また、昨年から引き続きアンモニア酸化細菌のヒドロキシルアミン酸化還元酵素 (HAO) の活性測定法を開発し、新規阻害剤のシード化合物を取得した。新しい糖質材料として期待されるイソマルトメガロ糖の効率的生産法を確立するため、糖分解酵素群の詳細な立体構造比較を行い、酵素の安定化因子を見出した。また、ジーンバンクの遺伝資源を用いて質量分析に基づく迅速な MALDI-biotyping 法を植物病原菌や微小害虫の迅速な同定診断へ応用可能であることが実証された。

てオオムギ、ダイズの育種支援も行い、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。今回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」の生産が進んでいるとともに、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。

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研究室と共同研究を行い、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。

<工程表に照らし合わせた進捗状況>

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ている。特にコムギゲノムについては、6B 染色体の物理地図が完成し、参照配列の作成が進展しており、その他の情報も加えたデータベースが構築された。ゲノムリソースについてはその保存・管理・配付を行い、また情報リソースであるトランスクリプトーム解析の結果についてはデータベース化して公開しており、着実に進展している。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目標とした精度向上・効率化を達成した。

有用遺伝子単離についてはゲノム情報を利用してイネ・ムギ・ソルガムの複数の遺伝子を単離した。またウンカ・コナガの殺虫剤抵抗性遺伝子を単離しており、目標を達成した。

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、農業害虫のゲノム配列、遺伝子発現情報を解析し、データベース化した。カイコのゲノムアノテーションについては国際コンソーシアムと協議中で、現在その完成に向けて進展している。次世代シーケンサー等のゲノム情報を保存・処理する計算機システムを運用、各種ソフトウェアを開発、実装、高度化できており、計画通りに進んでいる。

作物ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、イネ及びダイズについて、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、様々な生産性・耐病性等農業形質に関わる 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。計画通りである。

家畜ゲノム育種研究基盤の高度化に関しては、ブタのゲノム情報、ゲノムアノテーション等基盤情報をデータベースに搭載した。また肉質、抗病性等に関する DNA マーカーの作出を行い、SNP パネルを作成してゲノム選抜技術の基盤を構築した。

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、タンパク質の高次構造情報を活用して酵素機能を向上し、タンパク質阻害剤をデザインするための分子情報基盤を構築し、スクリーニングを行って、候補阻害剤化合物を選抜した。また質量分析法を微生物等の検出に利用する技術を開発し、実際の菌を用いた菌の“指紋”データベースの作成を行った。

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まわる成果を達成し、顕著な成果が得られたと判断する。

<研究開発成果の最大化に向けて>

人材活用については、3 名の研究員をパーマネント職に採用した。また、再雇用研究者 2 名を研究現場に活用し、その知識と経験を活かして生物研の研究開発力の増大に貢献した

大課題を担当している職員が、日本育種学会奨励賞、NIAS 研究奨励賞（所内）、日本育種学会優秀発表賞、国際学会でのポスター発表賞、根研学会賞学術奨励賞等延べ 6 件（13 名）を受賞した。

科学技術・科学技術政策に対する国民の理解の増進を図る目的で、理研、産総研、大学と共催で、「植物科学シンポジウム」を開催し、研究者、一般、民間企業、政策担当者による講演と意見交換を行った。

また委託プロジェクト研究の成果を生産者・事業者と議論する場として、農水省・農水独法と共催で「ゲノム情報を活用した作物研究開発の現状と展望」という題名のシンポジウムを開催し、企業の育種担当者との議論を行った。

また初学者の技術向上を目的に、「植物科学・作物育種におけるフェノーム解析（筑波事務所と共同）」「NGS ワークショップ（委託プロジェクト研究による PA 活動）」を開催した。また 26 年度に農研機構の作物研究所と共同で、作物ゲノム育種

	<p>研究センターをバーチャル組織で構築したが、27年度も引き続き、作物のゲノム情報を利用した品種改良の加速につながるイネ・ムギ・ダイズのゲノム育種研究に貢献した。</p> <p>当課題では民間、大学、他独法、県、海外機関等と計 34 件の共同研究を行っている。さらにゲノム解析等先端ゲノム研究に関する高度な技術を我が国全体で活用するために、他の研究開発独立行政法人からの依頼に応じて、28 件の先端ゲノム解析支援を行った。またマイクロアレイ施設の有効活用のためにオープンラボを設置し、技術支援を行うことによって、我が国の研究活動の発展を促進した。</p> <p>研究資金に関しては、戦略的イノベーション創造プログラム (SIP) の「ゲノム編集技術と開花促進技術の確立と高度化」に参画し、次世代ゲノム編集技術の開発に取り組むとともに、サポートラボを運営し技術提供や共同研究を行っている。また農林水産省委託プロジェクト研究「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発」等に参画し、ゲノム研究を推進している。</p> <p>以上、研究成果が順調に創出されていることに加えて、開発した技術の実用化・普及が着実に進んでいることを高く評価する。</p>
--	---

① 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

中期計画

ゲノム解読研究を加速・効率化するため、超高速シーケンサー等の最先端の機器を活用した農業生物ゲノム解読中核機能確立し、研究所内外と連携し、農業生物のゲノム解読を推進する。特に、イネ科作物についてはゲノム育種や有用遺伝子単離の基盤を確立するため、イネの在来品種や近縁野生種のゲノム、未解読のコムギゲノム等の解読を進める。また、害虫管理の高度化に向け、トビイロウンカ及び鱗翅目農業害虫等のゲノムの解読、発現遺伝子の解析を行う。

イネ科作物及びカイコ等のゲノムリソース（cDNA ライブラリー、突然変異体、遺伝解析材料、データベース群等）を拡充するとともに、これらを適切に管理・提供するための体制を整備する。さらに、ゲノムリソースの高度化に向け、植物ゲノムの効率的な組換え・変異導入技術を開発する。また、ゲノム情報やゲノムリソースを利用して食料生産等に関わる有用遺伝子の単離を進める。

【研究資源】 研究員数：21.4人、ポスドク数：7.5人、研究資金：315.1百万円

【論文・特許等】 原著論文：44、IF 合計値：205.808、IF 平均：4.68、特許：7（出願：1、登録：

6)

（中課題実績）

1. コムギ 6B 染色体の BAC 物理地図の構築について、BMC Genomics 誌に論文として発表した。物理地図情報 (Ver. 2.0) は、フランス国立農学研究所 (INRA) の「Wheat URGI」サイトにて公開された。また、この物理地図と 26 年度に発表した概要ゲノム配列を統合し、2,015 個の遺伝子配列を 6B 染色体上に位置付け、ゲノム構造の特徴を解析した。
2. MTP (Minimum Tiling Path) BAC クローン間の重複調査や MTP クローン DNA を用いたメイトペア解析によるスカフォールドングを進め、6,742 個の BAC クローンから、約 6.5 億塩基の高精度配列を得た。スカフォールドの平均長は 94.4kb、最長は 3.1Mb を越え、スカフォールド N50 は 469kb に達している。塩基配列解析から、6B 染色体の rDNA クラスターとセントロメア周辺構造、イネやソルガム等の他作物とのシンテニー、また、局所的なゲノム再構成に関する詳細情報を獲得した。現在、ゲノムの再解読及び追加解読を進めており、染色体全体をカバーする参照配列構築を目指している。
3. Genotyping-by-Sequencing (GBS) 法により、ジーンバンクが配布している「日本のコムギコアコレクション (JWC)」のジェノタイプングを行い、約 20 万箇所の一塩基多型 (SNP) 情報を取得した。これを利用して遺伝的集団構造を解析し、日本のコムギ品種が 4 つの集団に分かれることを明らかにした。また、出穂到達日数と稈長に関するゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) を行い、既知の主動遺伝子を含む複数の有意な QTL を検出した (図 1)。
4. 昨年の成果であるアウス型イネ品種「カサラス」に続いて、インド型イネ品種「Naba」を用いて NGS による全ゲノム塩基配列の追加解読を実施し、241 億塩基の配列を新たに取得した。さらに、「Naba」から NGS によるメイトペア解析 (インサート距離 3-4kb, 9-12kb, 17-23kb) を行い、約 150 億塩基の配列を得た。現在、「Naba」ゲノムにおける *de novo* アセンブリ及びスカフォールドングを進めている。
5. コムギ品種「きたほなみ」に対して、26 年度とは異なる濃度の EMS 処理により突然変異を誘発した M₂ 集団 (1160 系統+前年度再播種分 96 系統) を栽培し、表現型の変異を観察した (図 2)。TILLING 解析に用いるために、各系統から DNA を抽出した。また、これまで作成した変異系統集団について粒形を調べたところ、親系統と明確な差をもつ複数の変異系統を見出した。
6. 26 年度に引き続き、ツーハイブリッド実験の結果を検証するためのイネ遺伝子間の相互作用データを検証するために、RICE FRIENDS データベースによる遺伝子間での共発現遺伝子の共通性を解析した。その結果、DUF (A domain of unknown function) ファミリー間及びファミリー内で共発現遺伝子に共通のものを持つ遺伝子のセットを多く見出した。
7. イネ完全長 cDNA クローン 198 点 (53 件)、イネ PAC/BAC クローン 7 点 (2 件)、オオムギ完全長 cDNA クローン 2 点 (1 件)、*Tos17* 挿入変異系統 447 点 (74 件)、遺伝解析材料セット 14 セットの配布 (平成 27 年 11 月 26 日時点) を行った。配列変異描画ブラウザ「TASUKE」の機能・モジュール等をベースにして、MNU 処理コシヒカリ変異体のデータベースを作成した。RAP-DB で公開しているアノテーションに基づいたイネ日本晴の遺伝子に対し、各 SNP がどのように影響があるかについて SNP アノテーションソフトウェア SnpEff を用いてデータを作成した。得られた SnpEff

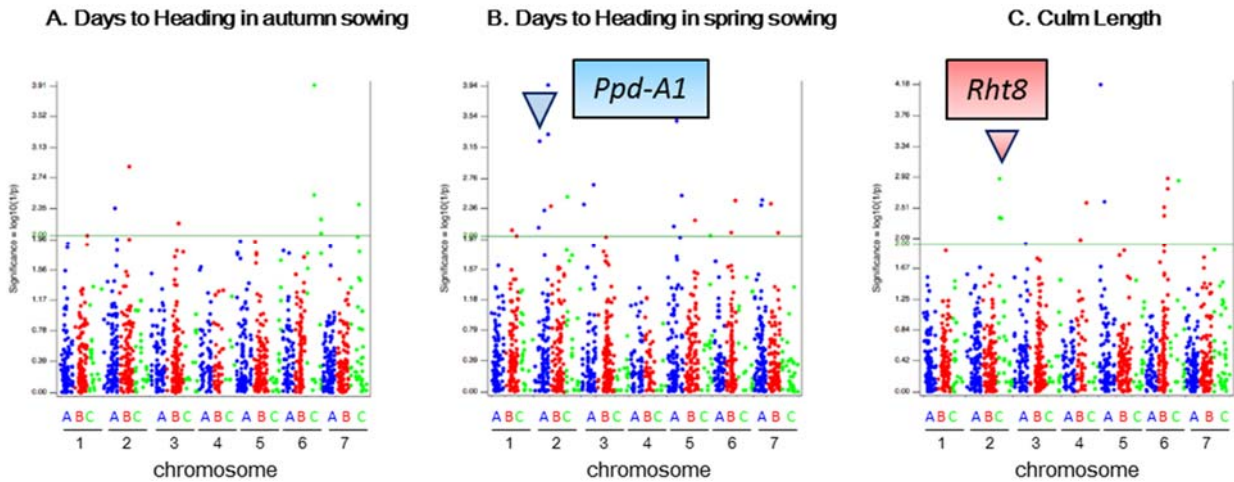


図1 「日本のコムギコアコレクション (JWC)」のゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) A. 秋播到穂日数、B. 春播到穂日数、C. 稈長。Ppd-A1, Rht8；春播到穂日数及び稈長のGWASで見出された QTL に強く連鎖する既知の主働遺伝子

形質	系統数
葉 (アルビノ、palegreen)	1
葉 (白斑)	1
葉 (黄緑色)	1
葉 (細い)	2
草型 (異常・小さい)	14
草型 (矮性)	13
穂 (不稔・花粉なし)	2
穂 (のぎ長い)	1
穂 (粗穂)	5
穂 (密穂)	2
穂 (形成不良)	1
合計	43

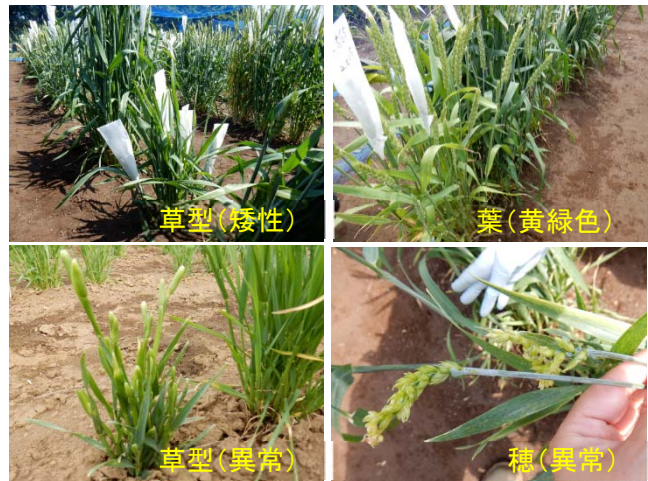


図2 EMS 処理変異集団 1160 系統 (M2) で見出された表現型変異

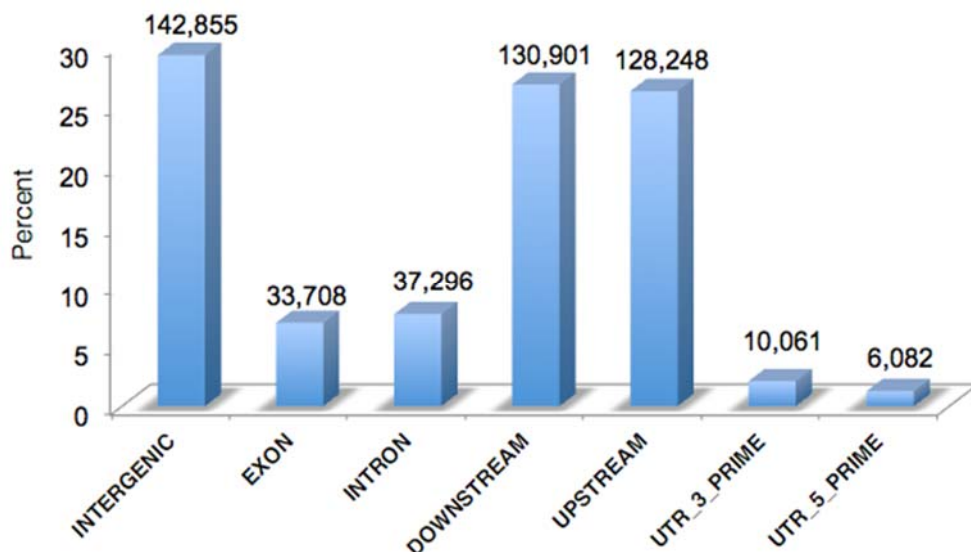


図3 MNU 処理コシヒカリ変異体集団における変異の位置 遺伝子間、エクソン、イントロン、遺伝子下流、遺伝子上流、非翻訳領域 3' 末端側、非翻訳領域 5' 側のそれぞれの領域に対する変異数と割合 (縦軸) を示した。

アノテーション情報をもとに MNU-SNP のプロファイルを明らかにした。その結果、29%が遺伝子間領域、27%が遺伝子の下流 5kb、26%が遺伝子の上流 5kb、7%がエクソン領域、8%がイントロン領域、2.06%が 3' UTR、1.24%が 5' UTR に導入された変異であった (図 3)。

8. ゲノム編集に用いる CRISPR/Cas9 システムは、変異導入効率の高さ、発現コンストラクト作成の容易さからその利用が急速に広がっている。本年度は Nickase 型に改変した Cas9 を用いることにより、標的変異の特異性が植物においても向上することを明らかにした。また、標的遺伝子切断と DNA 修復の制御を同時に行うことにより、標的組み換え効率が向上することを明らかにし、さらに相同染色体上の対立遺伝子を同時に改変することにも成功した (図 4、27 年度主な研究成果-2)。
9. *piggyBac* トランスポゾンの転移を利用して CRISPR/Cas9 の発現カセットをイネゲノムに導入し、標的変異に成功した。またさらに、再度転移させることにより、発現カセットを完全に除去することに成功した。本技術は栄養繁殖性作物において、外来遺伝子を残さない標的変異を行うのに有効であると考えられる。
10. ソルガムの葉の病変に関わる遺伝子を、QTL解析、ゲノム解析、トランスクリプトーム解析等を用いて同定した。ソルガムとスーダングラスの交雑後代及びソルガム間の交雑後代集団を用いて、高収量性に関するQTL解析を行った。葉の長さに着目し、葉長、葉幅、葉面積の調査、解析を実施し、第10染色体に出穂の早晩に関わらず、葉長を伸ばすQTL領域が存在することを明らかにした。
11. オオムギ小穂非脱落性遺伝子 *btr1* 及び *btr2* を同定し (図 5)、*btr1* の 1 塩基置換、*btr2* の 11 塩基置換が栽培オオムギでの遺伝子機能喪失の原因であることを明らかにした。野生オオムギは小穂脱落性であっても小穂軸節に離層が形成されないことを明らかにし、それにも関わらず脱落するのは、節の離脱領域で二次細胞壁層の形成が妨げられ細胞壁が薄く脆弱になるからであることを見出し、*Btr1* と *Btr2* の機能は二次細胞壁層の形成阻害であると結論づけた。栽培化起源地を解明するため収集地の明らかな約 500 系統の野生オオムギの *btr1* 及び *btr2* 領域を配列解析し、栽培オオムギの配列と最も似通った配列を持つ系統を探したところ、栽培オオムギは現在のイスラエル周辺と、トルコ・シリア国境地帯で別々に栽培化されたと推定した (27 年度主な研究成果-1)。
12. アブラナ科野菜の重要害虫であるコナガにおいて、ジアミド剤抵抗性原因遺伝子探索の結果、タイ産ならびに国産の両方において、*RyR* 遺伝子の特定のアミノ酸変異が抵抗性と強くリンクすることが確認され、この変異箇所がジアミド剤抵抗性判定のための DNA マーカーとして利用できる可能性が高いことが示唆された。この DNA マーカーを対象としてコナガのジアミド剤抵抗性を判定する PCR ベースの診断技術を開発した (図 6)。
13. 交雑可能な種間でも食性が大きく異なるアワノメイガ属をモデルに、種特異的な寄主植物の選択機構の解明とそれを維持していると考えられる性フェロモンの受容系の双方への関与が考えられる嗅覚受容体と匂い・フェロモン結合タンパク質 (OBP/PBP) 遺伝子群の種間比較を行い、フェロモン結合タンパク質遺伝子群について、当該領域の遺伝子配置が OBP/PBP 遺伝子以外も含めて、チョウ目昆虫間で広く保存されていることを明らかにした。その過程で、コナガの GOBP1 遺伝子が重複して、一方が染色体転座を起こしていることを FISH 解析により明らかにした。
14. 野生二粒系コムギに由来する赤さび病抵抗性遺伝子 *LrRW12* を、GBS 法を利用して 6B 染色体長腕の遺伝地図上にマップした。*LrRW12* 遺伝子の近傍に位置するマーカーを、6B 染色体 BAC 物理地図上に位置づけ、*LrRW12* の位置を明らかにした。
15. 27 年度は生物研内所外から合計 33 件の依頼を受け、ゲノム解析支援を進めた。その内容の内訳はジェノタイプング及び PCR 断片の塩基配列解読計 3 件、BAC ライブラリー作製・スクリーニング及び配列解読計 21 件、NGS による塩基解読及びデータ解析計 9 件であった。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 1-(2) ①	A	コムギ 6B 染色体の BAC 物理地図を論文で発表し、コムギのゲノム解読で大きな進捗が見られた。また、オオムギの小穂非脱落性遺伝子が栽培化に関与することを明らかにした。さらにイネにおいてゲノム編集技術を用いて、標的変異の特異性や、標的組み換え効率が向上する技術、コナガの薬剤抵抗性を診断する技術を開発するなど、研究は計画以上に進捗した。

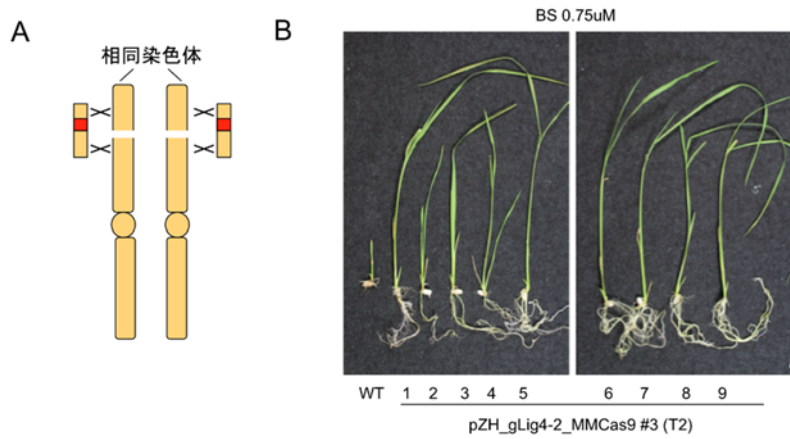
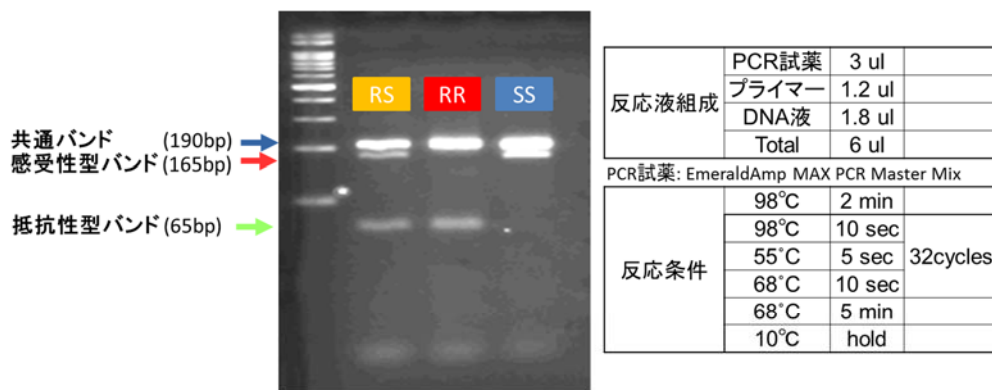


図4 標的組み換えによる対立遺伝子の同時改変
 (A) 標的組み換えにより、相同染色体上の対立遺伝子に同時に塩基置換を導入。
 (B) 標的組み換えによって除草剤耐性変異を付与したイネの後代は全個体除草剤耐性を示した。



図5 オオムギ小穂脱落性遺伝子 *Btr1* 機能相補試験
 野生オオムギ *Btr1* 候補遺伝子 ORF1 を単離し *btr1* 型栽培オオムギへ導入したところ脱落性を示し、ORF1 が *Btr1* と同一であることを証明した。



遺伝子型判定表	遺伝子型	バンドの有無		
		190 bp	65 bp	165 bp
	抵抗性ホモ (RR)	○	○	×
	ヘテロ (RS)	○	○	○
	感受性ホモ (SS)	○	×	○

図6 特定のアミノ酸配列変異を伴う塩基の変異を認識する特異的プライマーによる判定法
 共通プライマー2種(外側)と感受性型特異的プライマー1種(内側)及び抵抗性型特異的プライマー1種(内側)の組み合わせにより、それぞれの塩基配列を持つ場合にのみ増幅が認められるバンドの有無により遺伝子型の判定を行うことができる。

② 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

中期計画

作物や農業昆虫等のゲノム解読から産み出される大量のゲノム情報を効率的に処理するため、計算機システム運用の為にソフトウェア開発やゲノム情報解析の高速化技術開発を行う。これらを活用し、超高速シーケンサーにより生産されるゲノムや発現遺伝子の配列情報を対象に、高精度のアノテーション付与等のバイオインフォマティクス解析を行う。さらに、これらによって得られる一次データ及び加工データを含めて、作物の育種や素材開発、害虫制御研究に活用できる塩基配列、遺伝子発現、表現型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。

【研究資源】 研究員数：6.7人、ポスドク数：0.0人、研究資金：251.8百万円

【論文・特許等】 原著論文：9、IF合計値：45.296、IF平均：5.03、特許：0（出願：0、登録：0）

(中課題実績)

- ゲノム情報データベースシステムの運用を行い、年間30万アクセスを維持した。この中で、イネ品種・特性データベースの情報をゲノム配列と関連付けるため、63系統の全ゲノム解読情報を公的データベースから取得し、日本晴品種のゲノムと比較して変異を抽出した。大量配列解析のウェブサービス Galaxy/NIAS を運用し、半年で1200件以上の利用があった。
- オオムギ品種「はるな二条」のゲノム全塩基配列を解読してアノテーションを実行した。網羅的な遺伝子発現のデータを用いて30,606の遺伝子を同定するとともに、遺伝子の機能を予測した。今後のゲノム情報を利用した育種に資するよう、国内品種間での多型検出とDNAマーカー設計も行った。本データはデータベースから公開した（図1）。
- イネ品種間で遺伝子発現の差を比較し、品種特性の違いに関わる遺伝子を発見する技術を開発した。この技術を、コシヒカリとコシヒカリ由来の新品種との遺伝子発現比較に適用することで、病害抵抗性に関与する遺伝子の候補を約40個にまで絞り込むことができた。
- 乾燥、湿害、酸性・アルカリ性ストレスに耐性のある *Vigna* 属の野生種 *V. exilis*、*V. indica*、*V. minima*、*V. mungo*、*V. vexillata*、及び種未同定の NI1135 のゲノム配列を解読してアセンブルを行い、全ゲノムの83~92%に相当する概要版ゲノム配列を作成した。
- チョウ目害虫の Cry1A 毒素に対する抵抗性機構解明を主な目標として、RNA-seq によって網羅的に中腸遺伝子配列を構築した。チョウ目害虫23種の幼虫の中腸サンプルから、害虫種ごとに3千万前後の断片配列を取得したのち新規アセンブルを行ない、コンティグ配列の作成及びアノテーション情報の付加を行った（図2）。
- コナガのジアミド剤抵抗性原因遺伝子を同定するため、連鎖解析、遺伝子変異解析、発現変動遺伝子解析を行った。その結果、ジアミド剤の標的遺伝子であるリアノジン受容体のアミノ酸変異が抵抗性の主要因である可能性が高いことがわかった。長鎖型高速シーケンサーにより全ゲノム配列解読を行い、総塩基数が5.51億のゲノム配列を作成した。
- 重要微小害虫における薬剤抵抗性の原因遺伝子解明及び抵抗性診断技術開発を目標に、ネギアザミウマ、ミナミキイロアザミウマ、ナミハダニ、ワタアブラムシ及びモモアカアブラムシの網羅的遺伝子配列セットを作成し、薬剤抵抗性原因候補遺伝子を探索するための基盤を構築した。

自己評価	評価ランク	コメント
中課題 1-(2) ②	B	農業生物研究の基礎となる各種ゲノムデータベース着実に運用し、 <i>Vigna</i> 属のゲノム解読、農業昆虫のゲノム解読、オオムギゲノムの解読並びにアノテーションが進行するなど、研究は概ね計画通り進捗した。

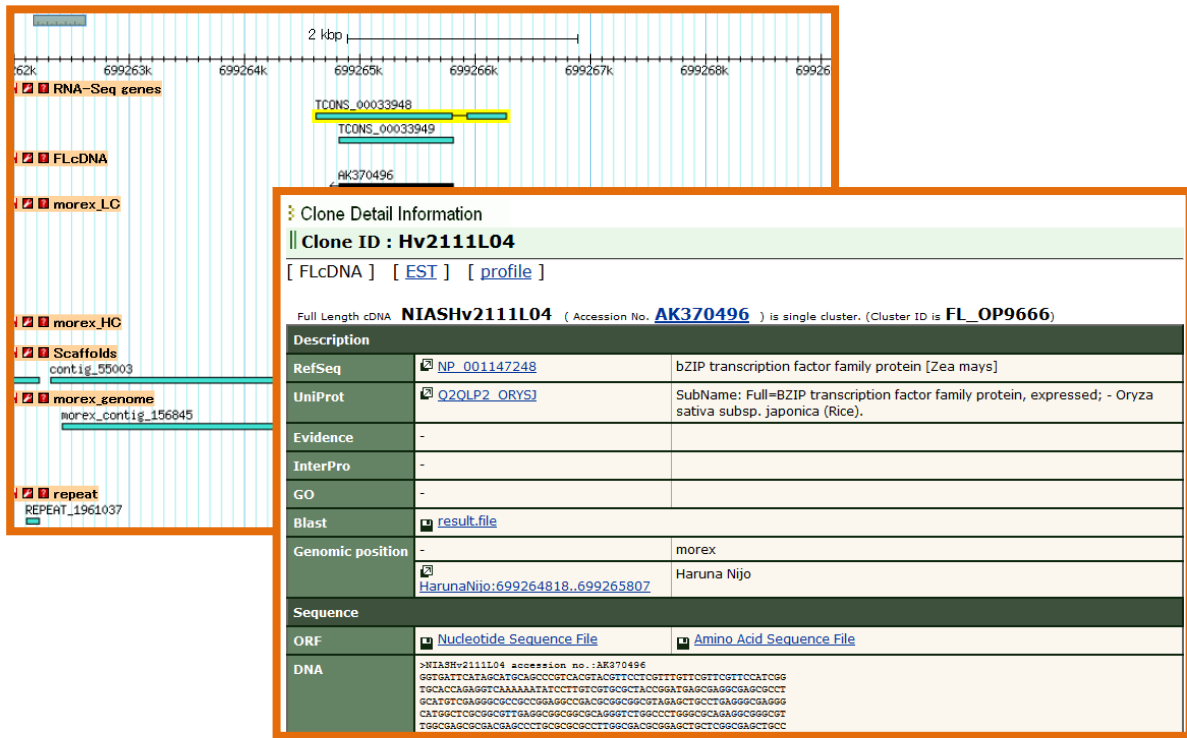


図1 オオムギ品種「はるな二条」の全ゲノム配列情報をデータベースから公開

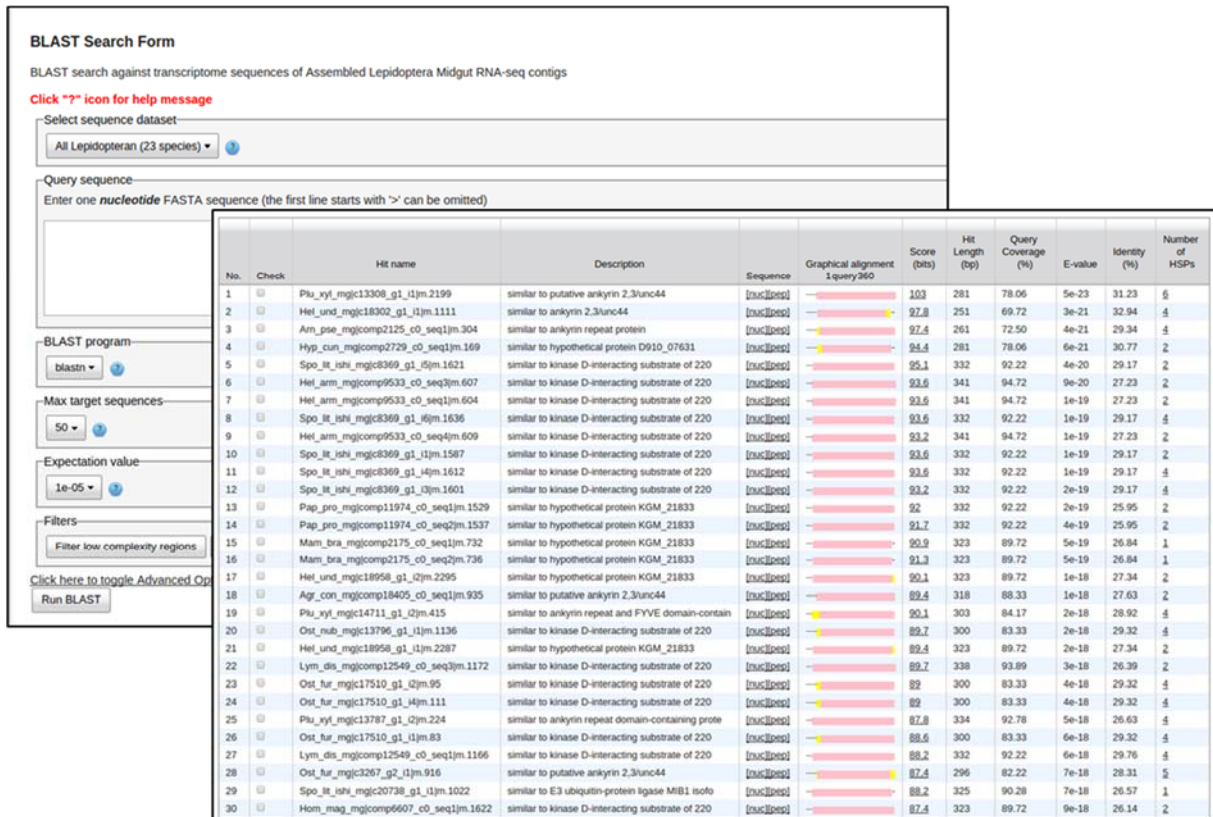


図2 チョウ目害虫 23 種の中腸で発現する遺伝子の情報基盤を構築

③ 作物ゲノム育種研究基盤の高度化

中期計画

イネ・ダイズ等のゲノム育種を高度化するため、遺伝解析に利用できる実験系統群を作出するとともに、育種上重要な形質である開花期、病虫害抵抗性、環境ストレス耐性、収量性等に関わる有用 QTL の検出と単離・同定、同質遺伝子系統の作出並びに遺伝子集積を行う。また、育種に利用可能な SNP パネルを開発する。DNA マーカー、連鎖地図、有用遺伝子の多様性情報等を統合したデータベースを構築する。さらに、収量性等の複雑形質を改良するためのゲノムワイド SNP とゲノムシャッフリングを融合させた次世代育種法を開発する。

【研究資源】 研究員数：13.3 人、ポスドク数：5.6 人、研究資金：233.5 百万円

【論文・特許等】 原著論文：18、IF 合計値：51.835、IF 平均：2.88、特許：1（出願：0、登録：1）

(中課題実績)

1. コシヒカリと長粒品種 IR64 の間で作成した正逆染色体断片置換系統群において、置換領域を細分化した解析法によって種子形に関して 65 か所の遺伝子座を検出した。同組み合わせの F₂ 集団では 8 か所しか検出できなかったことから、検出感度を約 8 倍高めるとともに種子形変異に非常に多数の遺伝子が関わることを明らかにした (図 1)。またコシヒカリ遺伝背景に 11 種類のアジア栽培品種のゲノム断片を導入した置換系統群の種子形を評価することで 228 個の対立遺伝子を検出した。これらは世界の研究機関で検出された 200 個以上の既報対立遺伝子をほぼ包含するとともに、連鎖地図上の位置関係から新規の遺伝子座も含んでいた。このように過去 10 年間で充実させた実験系統群はゲノム全体に分布する遺伝効果の小さい自然変異遺伝子群をそれ以前の実験集団にない精度で検出する有効なツールであることが証明された (27 年度主な研究成果-3)。
2. 植物の基礎研究における遺伝子機能解析のツールとして、あるいは品種改良における効果の異なる表現型アレルの選抜手段として、候補遺伝子への人為的な突然変異誘導が再認識されている。DEB、MNU (1-21 と共同)、EMS、ENU、Az 処理による約 10,000 系統からなるコシヒカリ突然変異集団を養成し、M2 世代 DNA 及び M3 種子からなる変異体ライブラリーを構築した。多様な変異スペクトラム及び変異密度の調査から実用的なライブラリーと判断し、委託プロジェクト等の要請に応じて TILLING 法や HRM 法による 59 遺伝子の変異体のスクリーニングを実施している。これまでに 1,052 の変異を見出し、516 の非同義置換系統、14 のスプライシング変異系統、20 のナンセンス変異系統、6 のフレームシフト変異系統が提供されている (表 1)。圃場での精密な表現型評価を必要とする形質の解析や育種素材化にとって本ライブラリーの利用価値は高い。
3. 作物の乾燥ストレス回避や登熟性の向上にとって根の形態や分布の遺伝的制御は重要である。イネ自然変異品種群の多くは深根性遺伝子 *DRO1* が機能型にも関わらず根の伸長角度に幅広い変異を示す。機能型 *DRO1* を持ちながら異なる伸長角度を示す複数の多収イネ品種と深根性品種 KinandangPatong の QTL 解析によって新たな深根性遺伝子の検出を試みた。その結果、第 2 染色体に *DRO4*、第 4 染色体に *DRO2*、第 6 染色体に *DRO5* を見出すとともに、効果の小さな多くの QTL も推定された (図 2)。これらの QTL は機能型 *DRO1* を遺伝背景とする集団で見出されたことから、多くのイネの根系改変による機能向上に向けたゲノム育種への利用が期待できる。
4. 重要形質の解析に使用されているダイズ 23 品種について、既存の各 SNP に機能アノテーションを付与した。品種によって異なるものの、機能欠損型変異は各品種 600 から 900 箇所であり、米国品種と比較して日本品種に機能欠損型変異が多い傾向を示した。これら SNP の機能変異情報

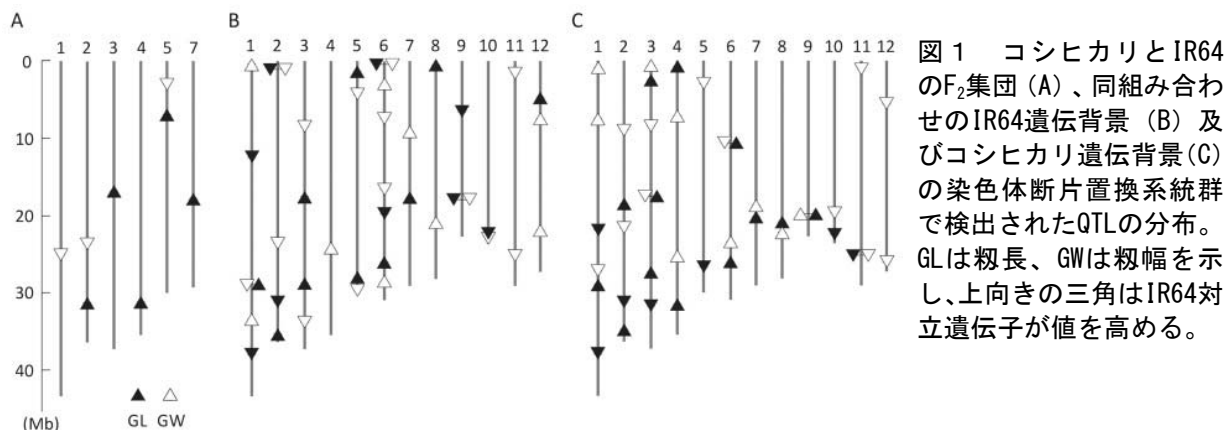


図1 コシヒカリとIR64のF₂集団 (A)、同組み合わせのIR64遺伝背景 (B) 及びコシヒカリ遺伝背景 (C) の染色体断片置換系統群で検出されたQTLの分布。GLは粒長、GWは粒幅を示し、上向きの三角はIR64対立遺伝子が値を高める。

表1 完成したコシヒカリ変異体ライブラリーの TILLING による遺伝子スクリーニング状況

遺伝子番号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	
選抜数合計	3,072	768	1,536	1,536	3,072	1,536	3,072	2,304	1,536	2,304	4,608	2,304	3,840	4,608	6,144	4,608	4,608	3,840	3,072	2,304	768	3,072	768	3,840	2,304	3,072	3,072	3,072	3,072	3,072		
変異合計	11	5	5	8	11	3	13	17	17	3	18	7	13	22	17	12	29	13	33	36	10	16	11	54	5	20	11	6	5	53	24	
同義置換	2	1	0	1	7	0	8	7	7	1	8	2	0	2	2	2	7	0	14	8	3	1	1	2	0	4	0	1	1	14	0	
非同義置換	3	3	5	1	3	3	4	9	8	2	9	3	5	16	15	8	24	12	11	18	6	10	6	31	4	14	9	4	1	19	5	
イントロンほか	5	1	0	6	0	0	0	0	0	2	0	1	0	7	3	0	2	4	0	7	8	0	5	3	21	1	2	2	1	3	25	19
ジャンクション	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
ナンセンス変異	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
フレームシフト	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

遺伝子番号	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	合計
選抜数合計	3,072	2,304	2,304	4,608	2,304	2,304	1,536	3,072	1,536	3,072	1,536	2,304	4,608	2,403	1,536	4,608	1,536	1,536	768	3,072	2,304	3,072	768	3,072	1,536	1,536	2,304	4,608	158,307
変異合計	18	10	14	18	11	28	12	25	6	9	5	36	37	2	6	15	26	17	14	32	8	56	5	40	9	9	25	51	1,052
同義置換	3	1	8	7	0	9	7	6	0	3	1	12	8	1	0	2	8	9	5	7	1	13	0	12	3	2	3	18	255
非同義置換	9	7	6	9	9	17	2	8	4	6	1	9	13	1	4	9	17	8	6	14	5	30	0	12	6	4	11	18	516
イントロンほか	6	0	0	2	2	2	3	10	0	0	3	15	14	0	2	3	1	0	3	11	1	11	5	14	0	0	11	11	258
ジャンクション	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	1	0	1	14
ナンセンス変異	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	2	0	3	20	
フレームシフト	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	

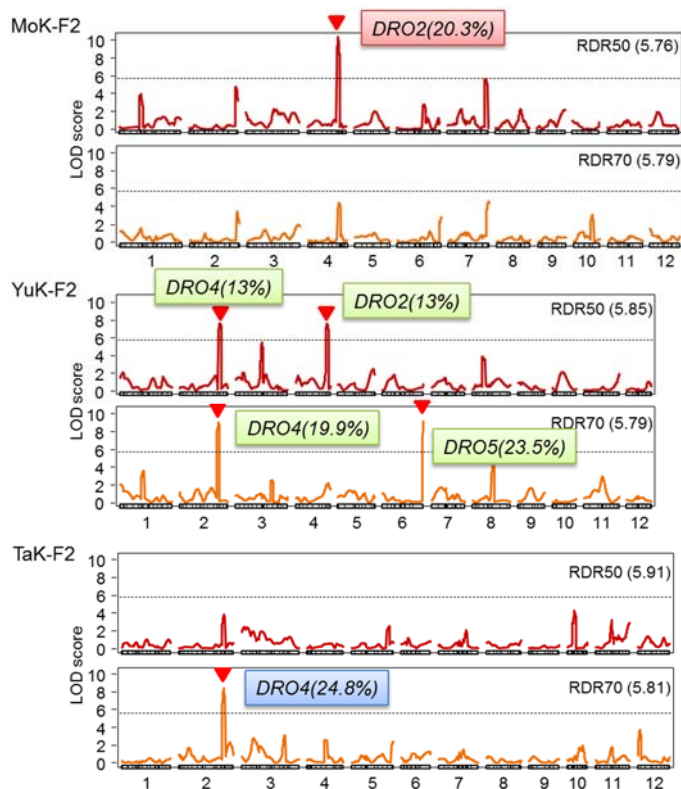


図2 3つの多収イネ品種 (モミロマン: Mo、夢あおば: Yu、たちすがた: Ta) と深根性品種 (KinandangPatong: K) のF₂集団を用いたQTL解析によって検出された深根性QTL (*DRO2*, *DRO4*及び*DRO5*)。RDR50及びRDR70は50°又は70°を閾値とする深根率を、括弧内はLODの閾値をそれぞれ示す。

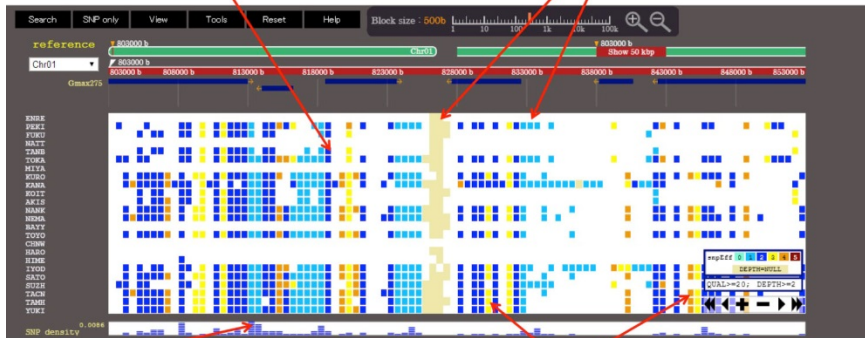
を、複数ゲノムを可視化するブラウザである TASUKE に格納し、プロジェクト参画者に公開した（図3）。

5. 「エンレイ」へ有用な遺伝資源である「Peking」の染色体断片を導入した全99系統からなる染色体断片置換系統シリーズを開発した。「Peking」ゲノムの網羅的解析、ストレス耐性や病虫害抵抗性の育種素材として利用を図る予定である。また、「エンレイ」に2回の変異原処理を行うことにより高密度に変異を集積させた突然変異体ライブラリーを作成し、アンプリコンシーケンス解析や高解像度融解曲線分析法（High Resolution Melting : HRM）により塩基変異を迅速に検索するシステムを開発した（図4）。委託プロジェクト等の要請により、育種素材開発ならびに遺伝子機能解析のために変異体を単離し、提供を進めている。
6. 国内8箇所において複数年間に取得されたコアコレクションの特性評価データと約12,000マーカーからなる高密度SNPパネルの遺伝子型データを用いてアソシエーション解析を行い、予測モデルを構築した。このうち、成熟までの日数及び粒大では、実測値との相関がR=0.82以上及び0.91以上と高い精度で予測できるモデルを構築した。粒大の予測モデルについては表現型不明の材料であっても、遺伝子型がわかれば高い精度（相関係数R=0.69）でその表現型値を予測できることを実証した。
7. ダイズの収量性の向上と安定を目指して、収量構成要素、病虫害抵抗性、開花・成熟期、草型、品質などの重要形質について原因遺伝子の座乗領域の絞り込みを進めた。このうち、ダイズモザイクウイルス抵抗性、葉焼病抵抗性、基本栄養生長性、サポニン組成に関わる各候補遺伝子を単離し、機能解析を進めた。ダイズモザイクウイルス抵抗性の原因伝子に関しては、「ポティウイルス抵抗性を有するポリヌクレオチド、タンパク質及びそれらの用途」として特許を出願した。また、すでに報告された重要形質を中心に、選抜用DNAマーカーを開発し（平成27年3月プレスリリース）、他の独立行政法人や公設農試と共同でDNAマーカー選抜育種を強力に推進した（図5）。このうち、DNAマーカーにより茎疫病抵抗性を導入した「ダイズ茎疫病抵抗性黒大豆品種（兵系黒5号）」を兵庫県と共同で品種登録出願の予定である。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 1-(2) ③	A	イネ染色体置換システムの置換領域の細分化により多数の遺伝子座を検出し、構築した変異体ライブラリーのスクリーニングにより多種、多数の変異体を見いだした。ダイズにおいても染色体置換系統などの各種リソースの整備、病害抵抗性など有用遺伝子候補の単離を行うなど、研究は計画以上に進捗した。

配列情報が不十分な領域はカーキ色で表現される

SNPのあるブロックの情報が表示される



同一ブロックでSNPが多いか少ないかはこのラインで確認できる

遺伝子機能へのインパクトの強さを色で表示 (4:アミノ酸置換、5:機能欠損型など)

図3 ダイズ品種のSNPデータベース

SNPの機能アノテーション情報を、複数ゲノムを可視化するブラウザであるTASUKE (Kumagai *et al.* 2013) へ格納した。

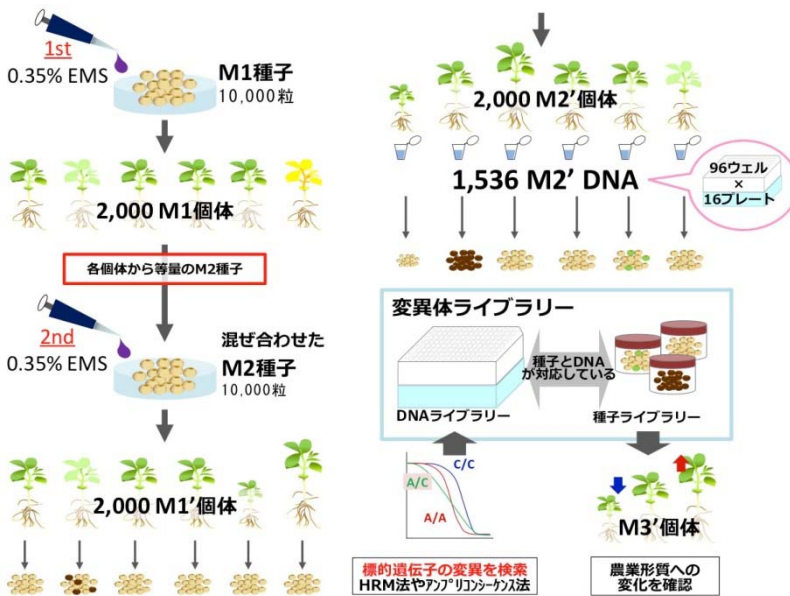
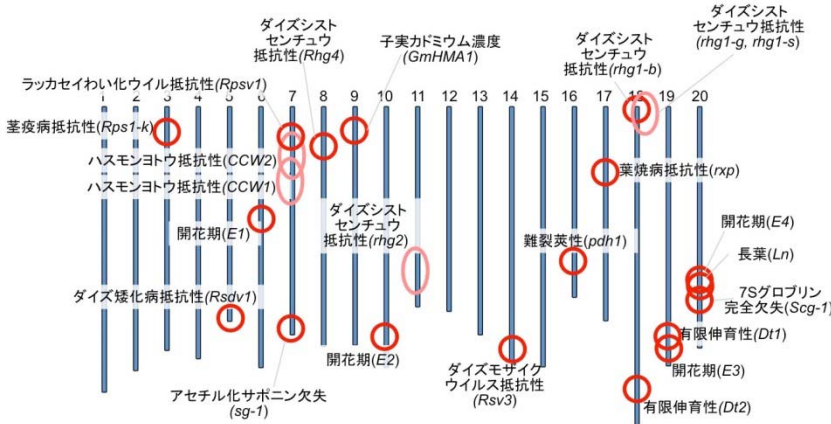


図4 ダイズ突然変異体ライブラリーと変異遺伝子のスクリーニングシステムの概要

高度に突然変異を集積するために、変異原処理を2回繰り返して本ライブラリーを作成した。そのため、変異体の世代の表示方法は通常とは異なり、2回目の変異原処理後の世代を1回目(M1)とは区別するため、2回目の変異原を起点にダッシュ(M1')を付した。



- : 遺伝子単離済、または100~250kb以内
- : およその領域がわかっている

図5 DNAマーカー選抜を実施している重要遺伝子とそれらの座乗位置

丸を付した各形質について、多様な交配材料に対応できるようにDNAマーカーの開発と改良を行った。また、複数の形質の同時選抜の要望が多いことから、マルチプレックス解析に対応したプライマーをデザインした。

④ 家畜ゲノム育種研究基盤の高度化

中期計画

ブタ等の家畜について、ゲノム情報や遺伝子発現・機能情報等を充実させるとともに、ブタ完全長 cDNA 情報に基づくゲノムアノテーションを拡充し、ブタゲノム情報データベースを強化する。さらに、家畜のゲノム情報を活用してゲノムワイドな多型情報解析やハプロタイプ解析等を行い、肉質、増体能力、抗病性、繁殖性等の向上に利用できる家畜改良技術及び新たな生産管理技術の開発を推進する。

【研究資源】 研究員数：8.9人、ポスドク数：0.0人、研究資金：43.6百万円

【論文・特許等】 原著論文：12、IF 合計値：24.169、IF 平均：2.01、特許：2（出願：0、登録：2）

(中課題実績)

1. ブタゲノム上の脂肪合成や脂肪細胞分化に関与することが想定される遺伝子の約 3,000 箇所の上流配列（合計 10.2 Mb）について、次世代シーケンサーを用いたターゲットシーケンシングにより網羅的な多型解析を行った。約 11 万個の SNP と約 5.5 万個の挿入・欠失 (indel) 多型が検出されたが、東洋品種と西洋品種で分離するものは、それぞれ 4,571 個、1,562 個であった。その内、脂肪合成または脂肪細胞分化への関与が示唆される転写因子の結合配列中に位置するものは、それぞれ 26 個、12 個であり、これまでに東洋品種と西洋品種間で検出された QTL の 3 つについてゲノム領域が共通し（図 1）、候補多型が選抜された。
2. 大ヨークシャー種を用いて、各種免疫能に関してゲノムワイド相関解析を行った。その結果、食細胞活性、補体代替経路活性、豚丹毒ワクチン特異的抗体産生能について、有意な相関を示すゲノム領域が検出された。第 2 染色体に検出された食細胞活性に関連するゲノム領域については、ハプロタイプ解析により単一の遺伝子のみを含む領域にまで絞込むことができ、遺伝子内での多型解析により 3' 非翻訳領域に 3 つの SNP が検出された（図 2）。これらの SNP は抗病性向上のための DNA マーカーとして有効であると考えられる。
3. 増体性及び筋肉内脂肪含量に特徴がある 2 系統のデュロック種「アイリスナガラ」と「ポーノブラウン」を用いて、表現型の差異の原因を検討するため、子豚育成時期の 40 日齢の胸最長筋を用いたメタボローム解析（キャピラリー電気泳動質量分析）を行った。その結果、ポーノブラウンではリジン及びリジンの代謝産物である 2-アミノアジピン酸の含有量が多く、リジンの利用率低下が示された（図 3）。近年、低リジン飼料が霜降りを誘導することが知られているが、ポーノブラウンは遺伝的にリジンの利用率が低いことが、霜降り割合が高くなる一因と考えられた。一方で、アイリスナガラでは、スペルミンなど筋発達の優位性を反映する物質が多かった。これらの知見により、肥育前に枝肉タイプを予想するための分子マーカーの開発が期待される。
4. 一般的なゲノムワイド相関解析のための解析モデルは、ランダムサンプルを対象としたヒト分野で開発されたものであり、血縁があるサンプルを用いる家畜での解析には十分に対応できてはいない。また SNP の高密度化により、解析時間の増大が問題となっている。これらに対応するため、変分ベイズ法を用いた新規解析モデルを構築し、プログラム化した。実際のブタ集団を用いたデータ分析では、従来の Gibbs サンプルング法に比べて正確性はほぼ等しく、計算速度が 30 倍となった。今後、家畜において効率的なゲノムワイド相関解析が可能となる。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 1-(2) ④	B	ブタゲノムの次世代シーケンサーを用いた解析により脂質合成等に関する候補多型が選抜され、ゲノムワイド相関解析により各種免疫能に係わる領域が絞り込まれ、メタボローム解析によってポーノブラウンのリジンの利用率の低下が霜降りの一因であることが示唆されるなど、計画は概ね着実に達成された。

表1 ブタの脂肪関連遺伝子上流領域での多型解析 (サンプルの詳細)

	SNP	Indel	
3,041領域(10.2Mb) /49頭	109,869	55,693	西洋品種 (30)
西洋品種と東洋品種で分離 (転写因子結合配列)	4,571 (26)	1,562 (12)	バークシャー (5)、テュロック (8) ランドレース (9)、大ヨークシャー (8)
			東洋品種 (11)
			金華豚 (4)、梅山豚 (7)
			イノシシ (8)
			日本イノシシ (5)、琉球イノシシ (3)

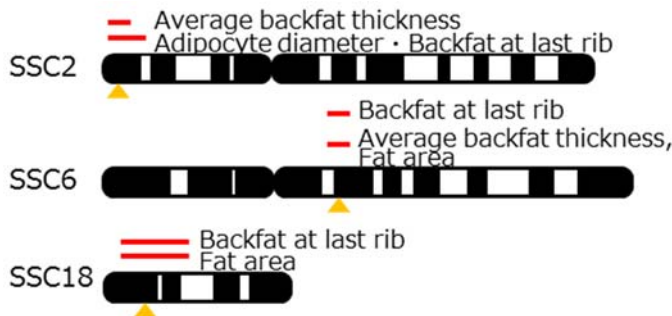


図1 脂肪関連遺伝子上流領域の多型部位とデータベース上のQTL

西洋品種と東洋品種で分離する転写因子結合部位の多型部位と、データベース上の3つのQTLが位置情報に共通性が見られた。

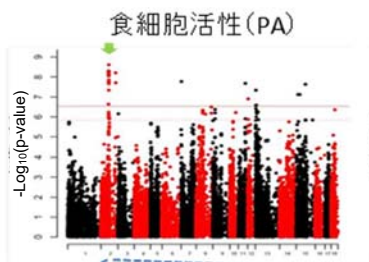
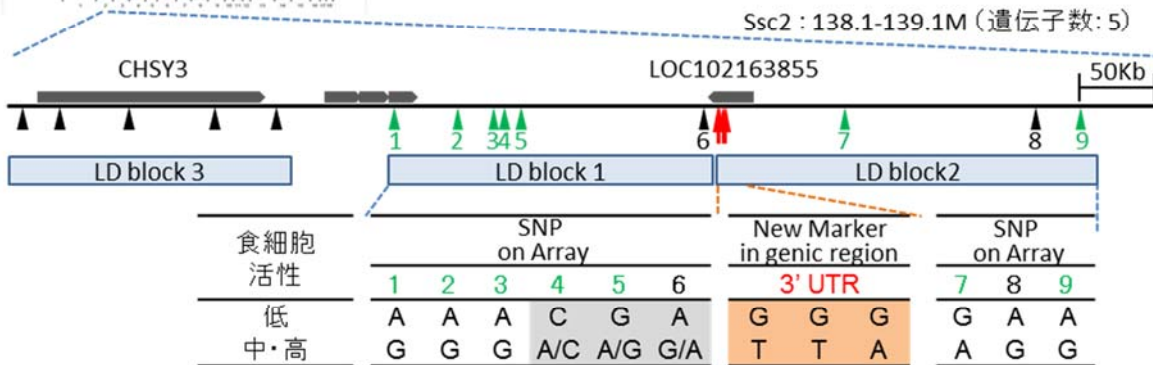


図2 第2染色体上に検出された食細胞活性に関与するゲノム領域のファインマッピング

関連性が認められたSNP近傍の遺伝子について多型解析を行った結果、新規遺伝子の3'非翻訳領域にDNAマーカーとして有効なSNPが検出された。



緑色: GWASで食細胞活性に影響していると考えられたマーカー

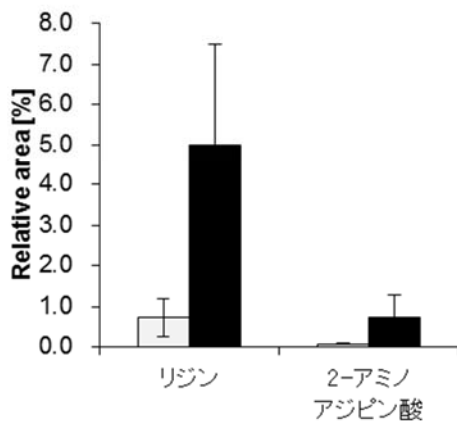


図3 霜降りを示すブタ系統での胸最長筋でのメタボローム解析 (40日齢)

ポーノブラウン (■:霜降りタイプ) では、アイリスナガラ (□:増体タイプ) に比べてリジン、及びその代謝物である2-アミノアジピン酸含量が多く、その利用性が低下していると示唆された。

⑤ 生体分子の構造・機能に関わる情報基盤の整備

中期計画

農業生物のゲノム研究や遺伝子機能解析の成果を深化・発展させるために、研究所内外との連携の下、農業生物の生体機能に関わるタンパク質等の重要因子について、立体構造やタンパク質の翻訳後修飾を介した機能制御、生体分子間相互作用等を解明する。

【研究資源】 研究員数：6.8人、ポスドク数：0.5人、研究資金：25.2百万円

【論文・特許等】 原著論文：9、IF合計値：24.737、IF平均：2.75、特許：2（出願：2、登録：0）

（中課題実績）

1. 抗トマトモザイクウイルス(ToMV)薬剤の高活性化に向けて、ToMV複製タンパク質のヘリカーゼドメイン(ToMV-Hel)を標的として¹⁹F-NMRによるフラグメントスクリーニングを実施し、得られた16ヒット化合物の構造情報を利用して改良型薬剤をデザインした。また、メチシリン耐性黄色ブドウ球菌(MRSA)増殖に必須のFtsZタンパク質に対して¹⁹F-NMRフラグメントスクリーニングを実施し、GDP結合部位を標的とする複数の阻害剤候補化合物を取得した(図1)。
2. 新規昆虫成長制御剤の開発に向け、カイコ由来幼若ホルモン輸送タンパク質JHBPのリガンド結合をモニターするJH-FRETセンサーを作成した。本センサーを利用したハイスループットスクリーニングにより、分子骨格構造の異なる17グループ、63ヒット化合物を取得した。各グループから代表1化合物を選抜してカイコ塗布実験を実施し、12種類の有望なシード化合物を取得した。
3. 農耕地で問題となっている窒素養分の流出や温室効果ガスN₂O発生の解消に向け、その原因となるアンモニア酸化細菌(AOB)の生育に必須のヒドロキシルアミン酸化還元酵素(HAO)の結晶構造解析を行い、反応機構を解明した。また、新規な高感度蛍光HAO活性測定法を開発するとともに*in silico*スクリーニングを実施し、生菌に対しても市販の硝化抑制剤に匹敵する化合物を含む23種類の新規HAO阻害型硝化抑制剤のシード化合物を取得した。
4. 健康食品やナノ材料など新しい糖質材料として期待されるイソマルトメガロ糖の効率的生産法を確立するため、糖分解酵素ファミリー66に属する3つの同族酵素、*Bacillus circulans*由来の環状化酵素(BcCIase)、*Streptococcus mutans*由来と好熱菌*Thermoanaerobacter pseudothermophilus*由来の分解酵素(SmDEXとTpDEX)の詳細な立体構造比較を行い、酵素の安定化因子を見出した。反応至適温度の高いTpDEXの安定化因子は、(1)他の酵素の分子表面に存在する柔軟なループ構造の欠落によるエントロピーの低下と(2)分子表面の荷電アミノ酸の増加(7~8%)と連動したイオン結合数の増加であることが分かった(図2)。この2つの因子に留意して構造改変することで、至適温度が向上した高機能化BcCIase及びSmDEXの作出が可能となる。
5. ヒトの感染症診断に利用され始めた質量分析に基づくMALDI-biotyping法を植物病原菌や微小害虫の迅速な同定診断へ応用するための技術開発を行った。細菌及び糸状菌については、トマト病原菌を中心に当研究所ジーンバンクの遺伝資源を用いてデータベースの構築を進めた。また、タバコモザイクウイルスのコートタンパク質の検出、ウイルス等のキャリアであるダニなどの農業害虫についても本手法を適用し、種特異的なスペクトルを観測することができた。これらにより、MALDI-biotyping法を利用すると、植物病原菌、ウイルス、微小農業害虫の判別が、約10分程度で可能となることが示された(図3)。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 1-(2) ⑤	B	タンパク質の構造解析に基づく生物機能の解明や、構造ベース創農薬に向けて阻害剤候補化合物、各種シード化合物を取得した。また、内外の研究グループと連携も着実に進行しており、研究は概ね計画通り進捗した。

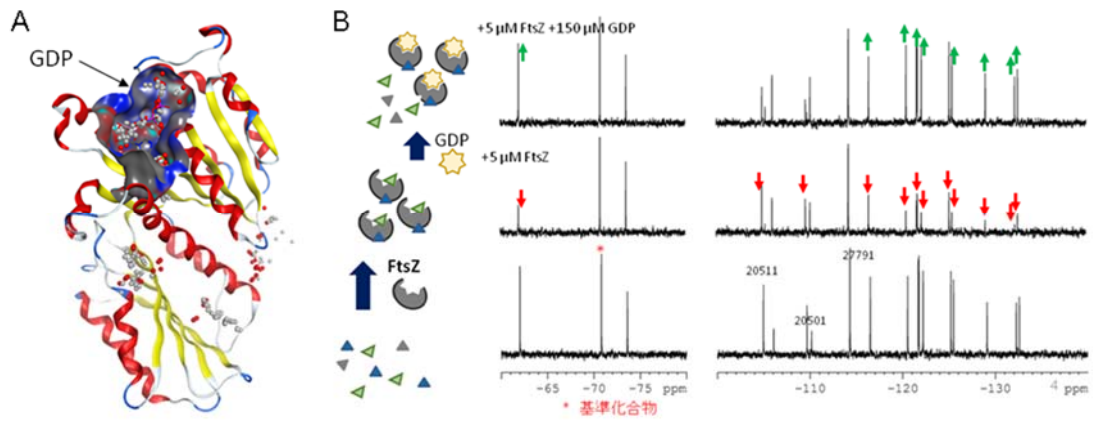


図1 FtsZ 阻害型抗 MRSA 薬の開発 (A) MRSA 由来 FtsZ の GDP 結合型構造 (PDB ID: 1vo8)。 (B) ^{19}F -NMR によるフラグメントスクリーニング。(下段) 25 種類の含フッ素化合物のスペクトル。(中段) FtsZ 添加後のスペクトル: FtsZ に結合する化合物の信号強度が低下。(上段) GDP 添加後のスペクトル: FtsZ の GDP 結合部位に結合していた含フッ素化合物の信号強度が回復。

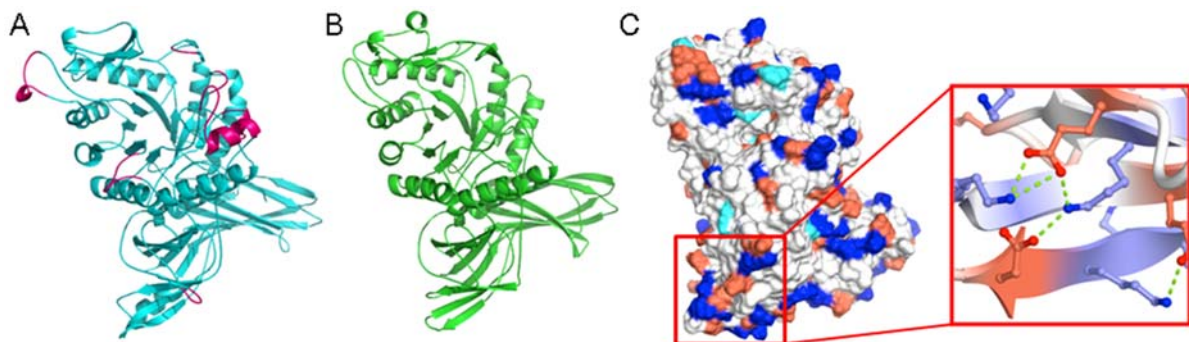


図2 SmDEX (A) と TpDEX (B) の結晶構造の比較: SmDEX 構造のピンク色部分は、TpDEX で欠落している領域。(C) TpDEX 結晶構造の表面モデル: 酸性のグルタミン酸とアスパラギン酸を赤色で、塩基性のリジンとアルギニンを青色で、ヒスチジンを水色で表示。拡大図の緑色の点線はイオン結合を示す。

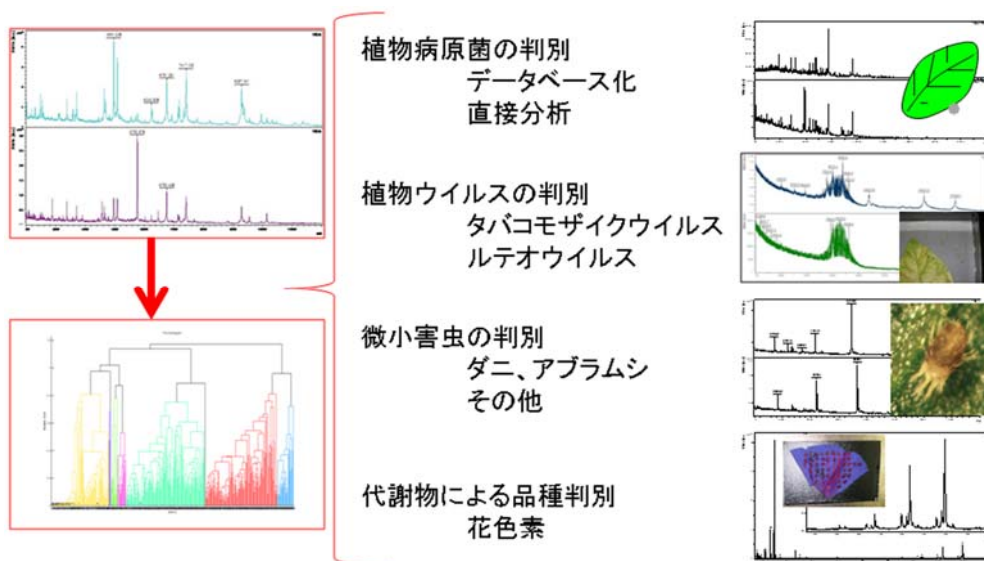


図3 MALDI-biotyping を利用した農業生物への応用展開

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 大課題2-(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」

大課題の中期目標

生物機能を利用した農作物や家畜等の生産性向上に資する基盤技術の開発に向けて、作物の光合成等の物質生産や生長・分化の制御機構及び環境応答機構、昆虫及び家畜の発生分化機構、家畜の行動・繁殖等の制御機構を解明する。

中課題毎の中期計画

① 作物の物質生産・生長・分化・環境応答機構の解明

作物の生産性や生産持続性の向上と、環境変動や不良環境に対する作物の適応性の向上に資する基盤技術の開発に向け、生産性を規定する光合成、炭素・窒素代謝等の生理反応と、作物の生長や器官分化の制御機構を解明する。また、光、温度、水分等の外部環境の変動に対する作物の基本的な応答・適応の分子機構を解明する。

② 昆虫の発生分化・成長制御機構の解明

農業生産に関わる重要害虫や有用昆虫の新たな管理技術を開発するため、トビイロウンカ、カイコ等について、ゲノムリソース・生体情報を利用して、発生・成長・生殖に関わる遺伝子や、昆虫ホルモン分子及びその作用発現に関わる遺伝子の同定と機能解析を行い、成長・生殖・休眠等の制御機構を解明する。さらに、得られた知見を利用し、新規な昆虫制御法の基盤技術を開発する。また、殺虫剤抵抗性害虫に対抗する技術を開発するために、重要害虫種について抵抗性原因遺伝子を同定し機能を解析する。

③ 家畜の発生分化機構の解明

家畜等の新たな改良・増殖技術の開発に資するため、ゲノム情報を活用して、ニワトリ、ウシ等において、生殖系列細胞及び胚とそれらを起源とする多能性幹細胞の発生・分化機構を解明するとともに、キメラ・クローン技術等を活用した個体再構築と分化誘導制御の基盤技術を開発する。また、ブタにおいて、未成熟生殖細胞の異種間移植、顕微授精と超低温保存法等を組合せ、生殖細胞の新たな利用・保存技術を開発する。

④ 家畜の行動・繁殖の制御機構の解明

家畜のストレス反応軽減技術等の開発に資するため、光や温度、育成環境等の外部要因とストレス感受性修飾機構との関連を解明する。

また、家畜の受胎促進・胎子発育制御技術の開発に資するため、繁殖中枢であるキスペプチン神経系の生理機能とその調節機構並びに黄体機能調節機構を解明するとともに、妊娠成立に及ぼす胎盤特異的タンパク質の機能と胎盤血管の機能調節に関わる分子機構を解明する。

主要な経年データ						
① 主な参考指標情報						
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度	
原著論文数	50	51	69	61	42	
IF 合計	150.788	156.335	221.608	191.556	155.083	
総説	13	12	5	8	4	
国内特許出願・登録	1・1	3・3	3・3	3・4	6・1	
品種登録出願・登録	0・0	0・0	0・0	0・0	0.0	
プレスリリース数	2	3	3	3	5	
② 主要なインプット情報						
投入金額 (千円)	277,700	282,200	309,800	275,700	152,800	
うち交付金	90,100	96,300	81,600	59,400	35,300	
人員 (常勤職員数)	39.60	40.20	39.20	36.50	36.70	
人員 (ポストク)	12.60	11.30	12.00	8.00	6.90	

主な業務実績等・自己評価	
主な業務実績等	自己評価
<p><主な業務実績></p> <p>作物の物質生産・生長・分化・環境応答機構の解明に関しては、日射と気温の二環境因子応答モデルで体内時計関連遺伝子群の発現パターンを表現する手法を開発し、限られた数の体内時計関連遺伝子の発現パターンからイネ葉のサンプリング時刻を約 20 分の精度で推定できること、すなわち体内時計が十分に高い精度で日長を認識していることを示した。古代米として知られる紫黒米の形質が、<i>Kala4</i> 遺伝子の制御領域の変異が原因で、発達中の果皮特異的なアントシアニン合成が生じるためであることを明らかにした (27 年度主な研究成果)。大気 CO₂ 濃度の上昇によるイネ玄米の元素含量低下が、元素の吸収と再転流の低下に起因することを見いだすとともに、再転流を高める染色体領域の導入で元素含量低下を軽減させることができた。</p> <p>昆虫の発生分化・成長制御機構の解明に関しては、カイコ培養細胞を用いた解析によって、JH に誘導された変態抑制因子 Kr-h1 が蛹化決定遺伝子 <i>BR-C</i> の上流配列に直接結合することで、脱皮ホルモンによる <i>BR-C</i> の転写を抑制することを明らかにした。また遺伝子ノックアウトカイコの分子遺伝学的解析により、JH 合成酵素 JHAMT 及び JH 受容体 (Met1, Met2) 遺伝子の阻害剤が新規制虫剤の開発ターゲットとして有望であることが示された (平 27 年度主な研究成果)。ミトコンドリア膜輸送体をターゲットとし</p>	<p>評価： B</p> <p><中期目標に照らし合わせた成果の評価></p> <p>作物の物質生産・生長・分化・環境応答機構の解明に関して、体内時計関連遺伝子の発現パターンからイネ葉のサンプリング時刻を高精度で推定できることを示した成果は、外部環境が時々刻々変化する野外環境においても作物が絶対時刻をほぼ正確に認識していることを示すものとして、重要な知見である。紫黒米の形質を与える原因を解明したことにより、当該遺伝子の制御領域を利用して、食味を変えずに白米を紫黒米に変えることが可能となった。</p> <p>昆虫の発生分化・成長制御機構の解明では、JH 合成酵素 JHAMT 及び JH 受容体遺伝子の阻害剤が新規制虫剤の開発ターゲットとして有望であることが示され、またミトコンドリア膜輸送体をターゲットとした新規害虫制御剤を開発するためのスクリーニング系を開発し、今後従来の化学農薬とは一線を画した新規制御剤の開発につながる大きな成果が得られた。</p> <p>家畜の発生分化機構の解明では、ウシ生殖細胞においても CRISPR/Cas9 アシストによるノックインが可能であることを確認した。また、ブタの胎子期においても精巢の異種間移植及び顕微授精により受精卵を得ることに成功し、血友病モデルブタにおいても適用できることを実証した。</p> <p>家畜の行動・繁殖の制御機構の解明に関しては、家畜の卵胞発育制御剤の有力な候補物質となり得る新規ニューロキニン作動薬を選定することができ、家畜の新たな繁殖制御技術の開発に向けて有用な素材を作出することができた。また、ウ</p>

た新規害虫制御剤を開発するために、4種の膜輸送体遺伝子を約20種の昆虫からクローニングして酵母の機能発現系へ供し、糸状菌培養液抽出物のスクリーニングにより害虫2種のADP/ATP輸送体遺伝子を発現する酵母の生育を阻害する2種の物質を単離・同定した。次世代シーケンサーを用いた連鎖解析によって、P450の1種 *CYP6ER1* がトビイロウンカのイミダクロプリド抵抗性の原因遺伝子であることが裏付けられ、PCRによる簡便な抵抗性遺伝子診断技術を開発した。

家畜の発生分化機構の解明に関しては、ウシの生殖細胞を可視化するため、CRISPR/Cas9アシストによる *POU5F1* 遺伝子ノックインを実施し、核移植胚を作成したところ、胚盤胞でDsRedが発現していることが確認された。ブタ等の生殖細胞の新たな利用・保存法に向けて、超低温保存した胎子精巣の異種間移植及び顕微授精を実施したところ、胎齢30、55及び90日のいずれのブタ胎子精巣からも、移植後240日以降に精子が回収され、顕微授精により受精卵が得られた。また、この技術を血友病モデルブタに適用している。哺乳動物生殖機能の人為制御技術の開発については、マウス及びラットの精子抗原接種を行い雄ラットの不妊化に成功した。また、前年度精子を接種したヤギで、一部に射出精子量が少ない傾向が見られた。

家畜の行動・繁殖の制御機構の解明に関しては、子ウシの擬似グルーミング装置を実際の農家に導入して効果を検証した結果、牛は装置をよく利用し、特に、人に懐くようになったという印象が強調されていた。ウシの新たな卵胞発育制御剤の開発のため、ニューロキニン作動薬の選定を行った結果、既存化合物 *senktide* を凌ぐ強力な作用を持つPEG修飾体であるB21:750を選定した。また、ダイノルフィンのキスペプチン神経細胞活動抑制作用は、周囲に存在するGABA含有介在神経ニューロンを介している可能性を示した。新たな超早期妊娠診断の指標として、ペルオキシソーム増殖因子活性化受容体(PPARD)及びチトクロームP450c21A2遺伝子(*CYP21A2*)が候補となることが示された。さらに、母体末梢血中アドレノメデュリン濃度は分娩兆候の予察の指標として有効である可能性が示された。

シの超早期妊娠診断の指標となる候補遺伝子や分娩兆候の予察の指標となる生理活性物質を選定することができた。

＜開発した技術等の普及状況や普及に向けた取組＞

イネ葉の遺伝子発現データから時刻を予測する手法に関連するものとして、様々な農業形質を正確に予測する統計モデリングの手法の実用化に向けての民間との共同開発に先立ち、知財権確保を行った。

昆虫の発生分化・成長制御機構の解明では、今年度原著論文21報を発表して成果発信に務めるとともに新規制御剤開発に向けて民間企業との共同研究を進めている。またトビイロウンカのイミダクロプリド抵抗性遺伝子診断法については、海外から飛来する個体群の抵抗性を診断して防除に役立つ方向で関係機関と協議している。

家畜の繁殖制御機構の解明では、新規ニューロキニン作動薬の実用化に向けて、民間製薬会社と連携して製薬化を進めている。

＜工程表に照らし合わせた進捗状況＞

作物の物質生産・生長・分化・環境応答機構の解明、昆虫の発生分化・成長制御機構の解明、家畜の発生分化機構の解明、及び家畜の行動・繁殖の制御機構の解明については、概ね工程表通り進捗した。

＜研究開発成果の最大化に向けて＞

「古代米の起源に迫る！一紫黒米の育種が容易になりますー」(27.9.14)をプレスリリースした。

統計モデリング手法の実活用を図る目的で、「遺伝子の働きで診る「イネの健康診断」ー実用化への取り組みー」をアグリビジネスフェアで紹介した。

昆虫の発生分化・成長制御機構の解明については、共同研究3件(内1件は海外機関)を進めるとともに、プレスリリース3件「『幼若ホルモン』フリーのカイコを作出ー安全な農薬開発に有効な遺伝子を特定ー」、「幼若ホルモンがサナギ化を抑えるメカニズムを解明ー昆虫のみに効果のある農薬の開発へー」、「「お化け」遺伝子呼び出す「こっくりさん」タンパク質の発見ー昆虫のステロイドホルモン生合成に関わる新発見ー」を行って、研究成果の最大化に取り組んだ。

以上、研究成果が順調に創出されていることに加えて、開発した技術の実用化に向けた取り組みも行われており、概ね計画通りの進捗と評価する。

① 作物の物質生産・生長・分化・環境応答機構の解明

中期計画

作物の生産性や生産持続性の向上と、環境変動や不良環境に対する作物の適応性の向上に資する基盤技術の開発に向け、生産性を規定する光合成、炭素・窒素代謝等の生理反応と、作物の生長や器官分化の制御機構を解明する。また、光、温度、水分等の外部環境の変動に対する作物の基本的な応答・適応の分子機構を解明する。

【研究資源】 研究員数：9.0人、ポスドク数：2.5人、研究資金：54.1百万円

【論文・特許等】 原著論文：7、IF合計値：69.899、IF平均：9.99、特許：3（出願：3、登録：0）

(中課題実績)

1. イネ属特有の代謝酵素、葉緑体型 PEPC は、根から吸収したアンモニアの同化に重要な役割を担っている。構成的プロモーター制御下で本酵素を過剰発現させたところ、イネの栄養生長が大きく促進された（図1）。窒素栄養条件にかかわらず促進が見られることから、葉緑体型 PEPC の過剰発現でアンモニア同化のみならず光合成を含む一次代謝が促進される可能性が示された。
2. 古代米として知られる紫黒米（しこくまい）は、イネの栽培化の過程で選抜され、古代中国皇帝への献上品等として珍重されてきた。この紫黒米形質が *Kala4* 遺伝子の制御領域の変異に起因すること、白米品種では *Kala4* 遺伝子はほとんど働かないが、紫黒米品種では発達中の果皮で特異的に働き、紫黒色の原因物質アントシアニン合成のための遺伝子群の働きを誘導することを明らかにした。*Kala4* 遺伝子の制御領域の利用により、食味を変えずに白米を紫黒米に変えることが可能となった（図2、平成27年9月プレスリリース、27年度主な研究成果-4）。
3. コシヒカリの染色体の一部を、日本、東南アジア、西アジア、アフリカのイネ10品種それぞれの染色体断片で置換した系統（10集団、429系統）を用い、田植え時期を遅らせたときの出穂期の変動を調べた。既知の出穂期関連遺伝子の重要性が再確認されるとともに、アミノ酸配列の変異で出穂期を多様に変える遺伝子や、栽培時期の違いで異なる表現型を示す遺伝子があることがわかった。歴史的に新しい変異とイネ祖先種で起こった古い変異がともにイネの栽培域の拡大に寄与したことも明らかにされた。出穂期制御に関わる遺伝子の変異を詳細に調べることで、同一イネ品種の出穂期の段階的調節に結びつくと考えられる。
4. 光環境と気温を制御した環境の下、イネは30分の日長の差を検知できる。日射と気温が大きく変動する野外環境で、イネの体内時計がどの程度正確に時を刻んでいるか調べた。日射と気温の二環境因子応答モデルで体内時計関連遺伝子群の発現パターンを表現するモデルを構築したところ、16個の体内時計関連遺伝子の発現パターンからイネ葉のサンプリング時刻を約20分の精度で推定できることがわかった（図3）。このことは、野外環境においても体内時計が十分に高い精度で日長を認識できることを示している。
5. 大気CO₂濃度の上昇は穀類に含まれるZn、Fe等の必須元素の含量を低下させ、見えざる飢餓を引き起こすと考えられている。葉物野菜や飼料作物のメタ解析により、穀類の種子ではほとんど影響されないMn等の元素含量が低下し、被害はより広範囲に及ぶと推測された。フロー分析によりイネ玄米の元素含量低下が元素の吸収と再転流の低下に起因することを見いだすとともに、再転流を高める染色体領域の導入で元素含量低下を軽減させることができた。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(1) ①	B	紫黒米の原因遺伝子の特定とその利用法を開発し、イネの体内時計関連遺伝子群の発現パターンをモデル化し20分程度の誤差でサンプリング時間を推定出来ることを明らかにするなど、作物の生産、生理機構の解明とその利用に向けて、研究は概ね計画通り進捗した。

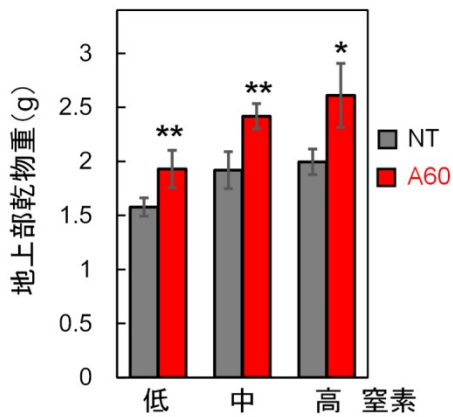


図1 葉緑体型 PEPC 過剰発現によるイネの生育促進
非形質転換イネ (NT) と、構成的発現を促すイネ・アクチンプロモーター制御下で葉緑体型 PEPC を過剰発現させた形質転換イネ (A60) を、3 種類の窒素条件下、グロースチャンパー内で育成した。播種後 28 日目 (葉齢 8.5~8.8) の地上部乾物重を示す。*、** は統計的有意差があることを示す (* $P < 0.05$ 、** $P < 0.01$)

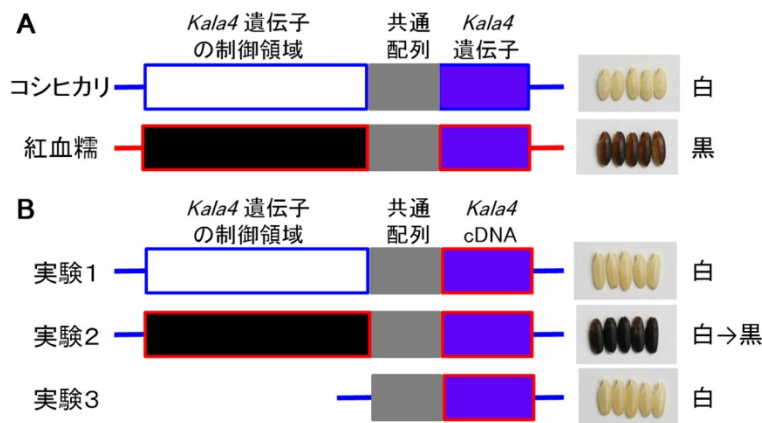


図2 *Kala4* 遺伝子の制御配列を利用した紫黒米の作出

(A) 白米「コシヒカリ」と紫黒米「紅血糯」の *Kala4* 遺伝子近傍の模式図。 *Kala4* 遺伝子自体は「コシヒカリ」と「紅血糯」でほぼ同じだが、制御領域が異なる。(B) 遺伝子導入による「コシヒカリ」の紫黒米化。「コシヒカリ」に「紅血糯」の *Kala4* 遺伝子を導入しても白米のままだが (実験 1、3)、 *Kala4* 遺伝子の制御領域を「紅血糯」由来の配列に入れ換えると紫黒米になる (実験 2)。

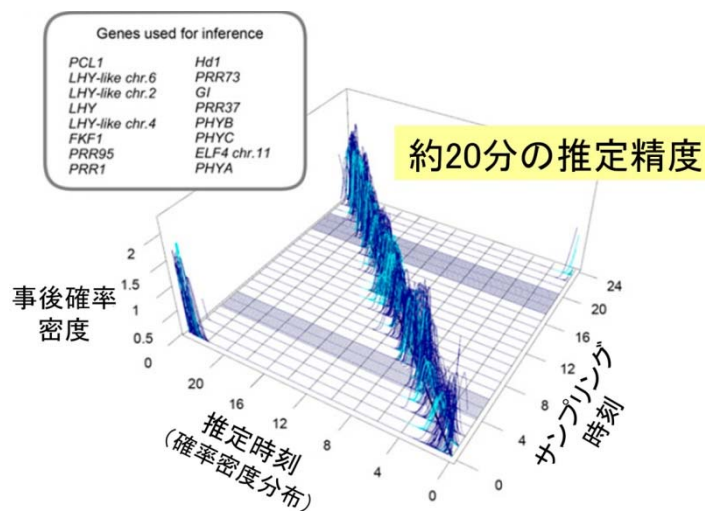


図3 体内時計関連遺伝子の環境応答モデルによるサンプリング時刻の推定

青色の線はモデル構築に用いたデータからの推定時刻 (確率密度分布) を、水色の線はモデル構築には使用していないサンプルデータからの推定時刻を示す。これらの平均値を推定時刻とすると推定精度は約 20 分であり、サンプリング時刻、植物の成長ステージ、天候等に関わらず同程度の精度でサンプリング時刻を推定できる。事後確率密度分布は、遺伝子発現データと対応するサンプリング時刻の関係をベースに遺伝子発現データのみから推定される時刻を確率として表現したもの。本値が高いと確率的に尤度が高い (もっともらしい)。左上の枠内は推定に用いた体内時計関連遺伝子群。

② 昆虫の発生分化・成長制御機構の解明

中期計画

農業生産に関わる重要害虫や有用昆虫の新たな管理技術を開発するため、トビイロウンカ、カイコ等について、ゲノムリソース・生体情報を利用して、発生・成長・生殖に関わる遺伝子や、昆虫ホルモン分子及びその作用発現に関わる遺伝子の同定と機能解析を行い、成長・生殖・休眠等の制御機構を解明する。さらに、得られた知見を利用し、新規な昆虫制御法の基盤技術を開発する。また、殺虫剤抵抗性害虫に対抗する技術を開発するために、重要害虫種について抵抗性原因遺伝子を同定し機能を解析する。

【研究資源】 研究員数：11.2人、ポスドク数：3.0人、研究資金：34.2百万円

【論文・特許等】 原著論文：21、IF合計値：64.783、IF平均：3.08、特許：2（出願：1、登録：1）

(中課題実績)

- 環境低負荷型の新規昆虫制御剤の開発に資するため、幼若ホルモン(JH)のシグナリング機構及び生理学的機能の解明を行った。カイコ培養細胞を用いて、JHによる蛹化抑制の分子メカニズムを解析し、JHにより誘導された変態抑制因子 Kr-h1 が蛹化決定遺伝子 *BR-C* の上流配列に直接結合することで、脱皮ホルモンによる *BR-C* の転写を抑制することを明らかにした(図1)。
- さらに、カイコを用いて JH 生合成酵素 JHAMT 及び JH 受容体 (Met1, Met2) の遺伝子ノックアウト個体を作成し、分子遺伝学的な機能解析を行った。その結果、JHAMT 及び Met1 タンパク質の阻害剤が新規制虫剤の開発ターゲットとして有望であることが示された(図2)。また、従来のパラダイムを覆し、1～2 齢幼虫において JH は変態抑制に必要ないことを証明した(27 年度主な研究成果-5)。
- ミトコンドリア膜輸送体をターゲットとした新規害虫制御剤を開発するために、*S*-アデノシルメチオニンなど 4 種の膜輸送体遺伝子を約 20 種の昆虫からクローニングし、酵母の機能発現系へ供した。さらに同系を用いて糸状菌培養液抽出物をスクリーニングし、クヌストモドキとエンドウヒゲナガアブラムシの ADP/ATP 輸送体遺伝子を発現する酵母の生育を阻害する 2 種の物質を単離・同定した。
- 昆虫個体で外来遺伝子を発現させる簡便な技術を開発するために、蛍光タンパク質遺伝子の発現プラスミドをリポフェクション試薬と混ぜて様々な昆虫に発現させた(図3)。複数種のがで蛍光タンパク質を発現させることができ、本法は幅広い昆虫種の遺伝子発現に利用できることがわかった。
- トノサマバッタの相変異制御機構を解明するために、コラゾニンをコードする遺伝子を単離し、RNAi による発現抑制の効果を解析した。本遺伝子の抑制により、相変異の特徴の一つである体色の黒化が著しく抑制され、形態的な違いも引き起こされることから、コラゾニンが相変異に関わる事が明らかになった(図4)。
- 次世代シーケンサーを用いた連鎖解析によって、P450 の 1 種 CYP6ER1 がトビイロウンカのイミダクロプリド抵抗性の原因遺伝子であることが裏付けられた。また PCR による簡便な抵抗性遺伝子診断技術を開発した。
- ハチ目昆虫のカブラハバチにおいて、TALEN を用いた遺伝子ノックアウト法を確立し、効率的な条件を検証して論文化した(27 年度主な研究成果-6)。ゲノム改変による受粉媒介性のハナバチ類や天敵寄生蜂等に対する新規有用形質の付与への応用が期待される。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(1) ②	A	幼若ホルモン (JH) の機能解明を進め、誘導された変態抑制因子が、蛹化決定遺伝子の転写を抑制すること、また、JH 関連他タンパク質阻害剤が新規制虫剤の開発ターゲットとして有望であることを明らかにするなど、研究は計画以上に進捗した。

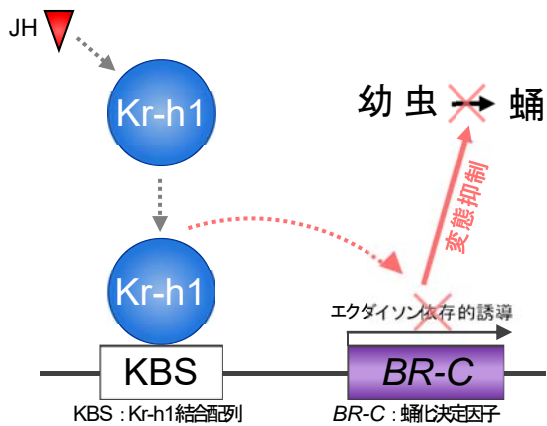


図1 Kr-h1による蛹化抑制メカニズム
幼若ホルモン(JH)により誘導されたKr-h1が、蛹化決定遺伝子BR-Cの上流に結合し、エクダイソン依存的なBR-Cの転写を抑制する。

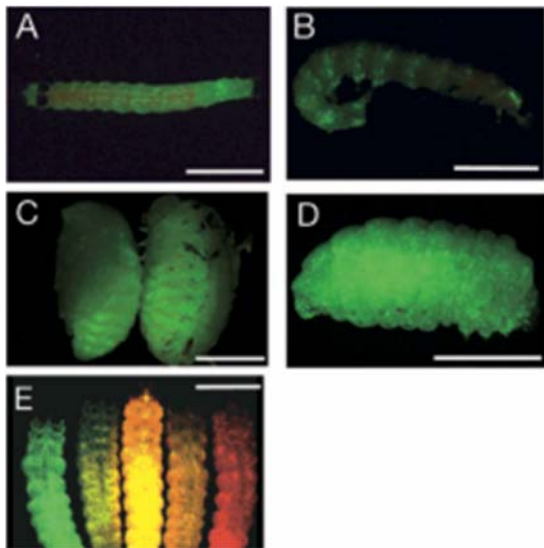


図3 数種のチョウ目昆虫への *in vivo* リポフェクションによる蛍光タンパク質の発現
A-D) 緑色蛍光タンパク質遺伝子 ZsGreen を発現させて1~2週間経った虫。A) オオワタノメイガ幼虫、B) ワタノメイガ幼虫、C) イラガの前蛹(右)と蛹(左)、D) ヒメアトスカシバ幼虫、E) 緑色蛍光タンパク質遺伝子 ZsGreen と赤色蛍光タンパク質遺伝子 DsRed を任意の割合で共発現させたウスイロキンノメイガ

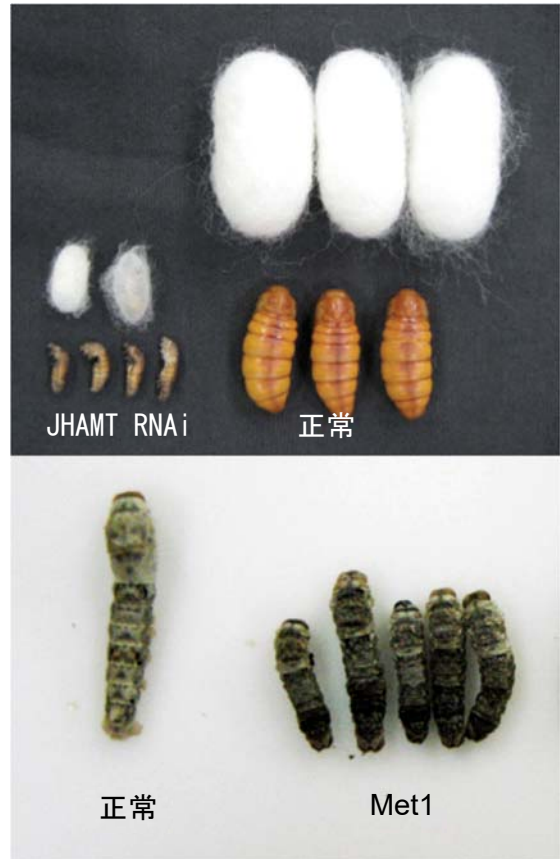


図2 幼若ホルモン(JH)を作れないカイコと受容できないカイコ

JH合成酵素JHAMTをノックアウトしたカイコ(上段左)と正常なカイコ(上段右)の繭と蛹。前者は3齢幼虫に達した後不完全な蛹変態を起こし、致死する。JH受容体Met1をノックアウトしたカイコ幼虫(下段右)は、正常型(下段左)と比べて成長が遅れ、最終的に3齢に脱皮する際に致死する。これらの結果は、抗幼若ホルモン化合物が昆虫成長制御剤として有望であることを示す。

コントロール区

コラゾニン遺伝子抑制区



図4 二本鎖RNAを注射して暫く飼育した群生相のトノサマバッタ

コントロールのdsRNAを注射しても体色に変化が認められないが(左)、コラゾニン遺伝子を抑制するdsRNAを注射すると黒色の色素がほぼ消失したバッタが得られた(右)。

③ 家畜の発生分化機構の解明

中期計画

家畜等の新たな改良・増殖技術の開発に資するため、ゲノム情報を活用して、ニワトリ、ウシ等において、生殖系列細胞及び胚とそれらを起源とする多能性幹細胞の発生・分化機構を解明するとともに、キメラ・クローン技術等を活用した個体再構築と分化誘導制御の基盤技術を開発する。また、ブタにおいて、未成熟生殖細胞の異種間移植、顕微授精と超低温保存法等を組合せ、生殖細胞の新たな利用・保存技術を開発する。

【研究資源】 研究員数：10.3人、ポスドク数：1.4人、研究資金：33.8百万円

【論文・特許等】 原著論文：8、IF合計値：12.500、IF平均：1.56、特許：0（出願：0、登録：0）

（中課題実績）

1. ウシの生殖細胞を可視化するため、CRISPR/Cas9アシストによる *POU5F1* 遺伝子ノックインを実施した。現在まで 11 株の細胞において設計通りの相同組換えが確認され、ウシ体細胞においても CRISPR/Cas9 アシストによるノックインが可能であることが示された(図 1A)。しかしながら、ドナーDNA 中の配列に点突然変異が多く認められ、相同組換え後も繰り返しゲノム修復が行われている可能性が示唆された。変異のほとんどはトランジション変異であったが、赤色蛍光タンパク質(DsRed)の蛍光活性や抗原性の消失を伴う変異も生じていた。アミノ酸変異のないノックイン株について核移植胚を作成したところ、胚盤胞で DsRed が発現していることが確認された(図 1B)。現在、胚盤胞で DsRed の発現が確認されたドナー細胞 2 株について核移植胚を作成し、胎子の生殖系列細胞における DsRed の特異的発現について検証中である。
2. これまでに、超低温保存した幼若期のブタ精巣組織をヌードマウスに移植し、精祖細胞から精子を発生させ、さらに顕微授精により産子を生産する技術を開発した。本年度は、本技術が胎子期の精巣にも適用可能であることを明らかにした。すなわち、超低温保存した胎子精巣の異種間移植及び顕微授精を実施したところ、胎齢 30、55 及び 90 日のいずれのブタ胎子精巣からも、移植後 240 日以降に精子が回収され、顕微授精により受精卵が得られた(図 2)。さらに、この技術を血友病モデルブタに適用し、胎齢 70-80 日の血友病モデル豚の初代雄クローン胎子の精巣を採取し、超低温保存した後、異種間移植に供した。移植後 300 から 370 日経過した時点で移植精巣組織から精子が回収された。回収した精子を、別途準備した成熟卵の細胞質に注入して顕微授精卵を作製し、発情を同期化した成雌ブタの卵管内に移植中である。
3. シカによる食害を軽減するための個体数調整を目的として、雄に対して精子等を抗原とした免疫処置を施すことで生涯避妊効果が持続しうる免疫手法の開発を目指す。前年度開発した免疫賦活化剤 (LPS+71VG) について、雄ラットに抗原接種して末梢血中抗精子抗体価を測定した結果、LPS+71VG の免疫賦活化効果が確認された(図 3)。また、マウス精子 (異種間) の 2 回抗原接種及びラット精子 (同種間) の単回抗原接種を行い不妊化の効果を検討した結果、いずれの場合も雄ラットの不妊化が可能であることが判明した。さらに、前年度精子を接種したヤギについて、定期的に人工膈を用いて採精し、精液性状及び射出精子数を計測した結果、一部に射出精子量が少ない傾向が見られた。

自己評価	評価ランク	コメント
中課題 2-(1) ③	B	基盤技術の開発としてウシの生殖細胞において CRISPR/Cas を利用した遺伝子ノックインに成功した。また、胎子精巣を異種間移植、顕微授精し受精卵を得ることに成功するなど、研究は概ね計画通り進捗した。

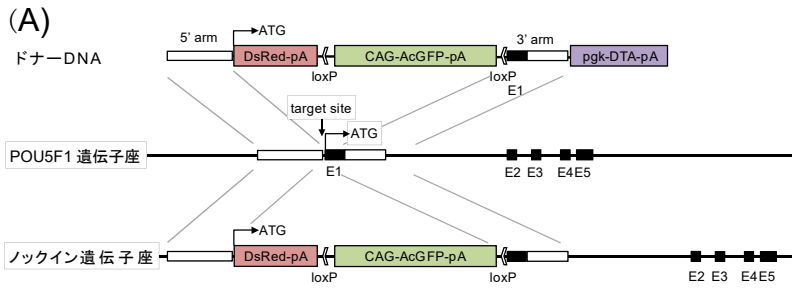
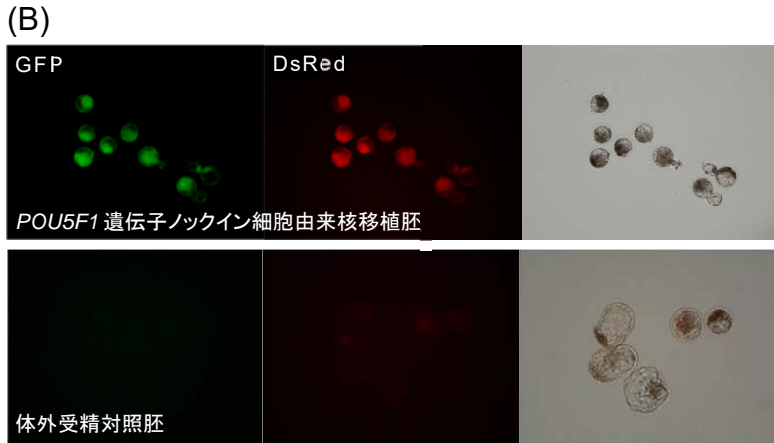


図1 (A) CRISPR/Cas9アシストにより、生殖細胞特異的に発現する *POU5F1* (*OCT3/4*) 遺伝子の発現制御領域に蛍光タンパク質 (DsRed) 遺伝子をノックインした。緑色蛍光タンパク質 (GFP) はドナーDNAがゲノムに挿入された細胞を選別するために標識で、最終的に個体を生産する場合には除去する。



(B) ノックイン細胞を用いて作製した核移植胚を培養することにより胚盤胞が得られた。ウシ胚盤胞では内部細胞塊と栄養外胚葉の両方で *POU5F1* 遺伝子が発現しているため、これらのノックイン細胞由来胚盤胞ではDsRedが発現している。また、この段階ではGFP遺伝子は除去されていないため、恒常的にGFPが発現している。

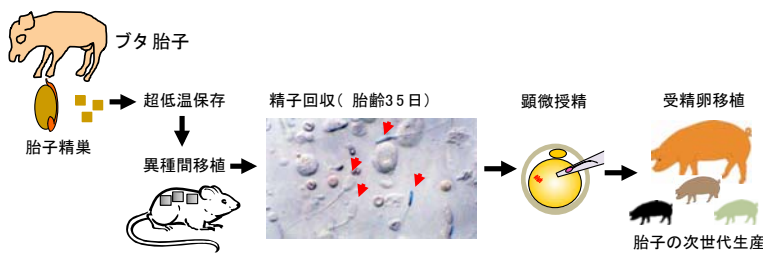


図2 子ブタよりもさらに未発達な胎子期の精巣でも、超低温保存ができ、ヌードマウスに異種間移植して精子を発生させ、これを顕微授精することが可能であることを示した。これは、血友病モデルブタ等の産子を得ることが困難なブタの系統維持に有用となる。

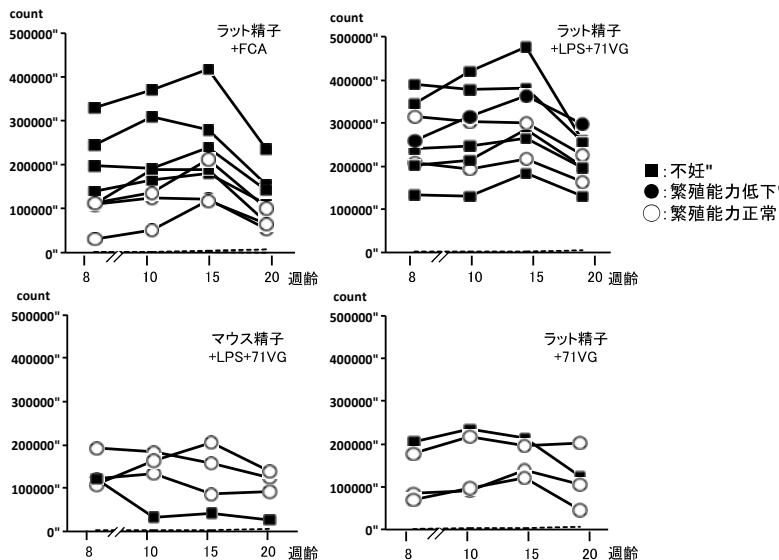


図3 2週齢及び4週齢で 2×10^7 個のラットあるいはマウス精子をFCA、71VGあるいはLPS+71VGのいずれかをアジュバントとして接種した各個体の血中抗体価の変化。横軸は週齢を示す。■は21週齢までに不妊化、●は繁殖能力が低下、○は繁殖能力を維持した個体。無処置雄4匹の抗体価の平均値に標準誤差の3倍を加えた値を正常変動範囲として破線で示す。

④ 家畜の行動・繁殖の制御機構の解明

中期計画

家畜のストレス反応軽減技術等の開発に資するため、光や温度、育成環境等の外部要因とストレス感受性修飾機構との関連を解明する。

また、家畜の受胎促進・胎子発育制御技術の開発に資するため、繁殖中枢であるキスペプチン神経系の生理機能とその調節機構並びに黄体機能調節機構を解明するとともに、妊娠成立に及ぼす胎盤特異的タンパク質の機能と胎盤血管の機能調節に関わる分子機構を解明する。

【研究資源】 研究員数：6.2人、ポスドク数：0.0人、研究資金：30.7百万円

【論文・特許等】 原著論文：6、IF合計値：7.901、IF平均：1.32、特許：2（出願：2、登録：0）

(中課題実績)

1. ドーパミン前駆体の投与は暗期の照明曝露による成長ホルモンのピーク出現の遅延には影響を及ぼさなかったことから、光曝露による成長ホルモン分泌抑制には、ドーパミン系以外の調節機構が関与していることが示唆された。
2. 母親のグルーミングを代替する子ウシ疑似グルーミング装置は、哺乳ロボット育成牛群でも継続的に利用され、一時的に牛の行動に影響を及ぼしたが、効果は短期的であった。利用農家へのアンケートの結果、子ウシ疑似グルーミング装置は概ね良好であり、牛は装置をよく利用し、活発になり、健康になったという印象であった。人に懐くようになったという印象を特に強調されていた。
3. ウシの新たな卵胞発育制御剤の開発のため、ニューロキニン作動薬の血中への単回・持続投与後の弓状核神経活動の変化を指標に、ニューロキニンB受容体へ最も効果の高い新規化合物の選定を行った結果、既存化合物 senktide を凌ぐ強力な作用を持つ PEG 修飾体である B21:750 を選定した。(図1)
4. 片側弓状核の KNDy 神経細胞群にニューロキニンを局所微量投与した際に起こる左右の KNDy 神経細胞の同調活動は、ニューロキニンが KNDy 神経細胞自身に作用した結果であることを確認した。また、ダイノルフィンの KNDy 神経細胞活動抑制作用は、周囲に存在する GABA 含有介在神経ニューロンを介している可能性を示し(図2)、キスペプチン神経細胞活動制御機構の解明を進めた。
5. 妊娠15日と18日の黄体では、非妊娠黄体と比較してペルオキシソーム増殖因子活性化受容体 (PPAR δ) の発現が高く、チトクローム P450c21A2 遺伝子 (CYP21A2) の発現が低いことが明らかとなり、PPAR δ が黄体細胞と血管内皮細胞の核に、CYP21A2 が黄体細胞の細胞質にそれぞれ局在することが示されたことから(図3)、両遺伝子が新たな超早期妊娠診断の指標となり得ることが示された。
6. ウシ子宮では着床期前後において血管数及びリンパ管数が増加することを示し、ウシの妊娠制御メカニズムの解明を進めた。
7. 妊娠期間中の母体末梢血中アドレノメデュリン濃度は妊娠0週に対し37週(分娩約2週間)で有意な増加が見られ、妊娠末期の血中濃度の増加が分娩の接近と関連しており、分娩兆候の予察の指標として有効である可能性が示された(図4)。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(1) ④	B	家畜のストレス軽減技術として開発した疑似グルーミング装置は牛に効果があるものであり、農家において好評であった。また、ニューロキニン作動薬として既存作動薬より強力な化合物を選定し、妊娠早期診断の指標につながる2つの遺伝子を選抜するなど、研究は概ね計画通り進捗した。

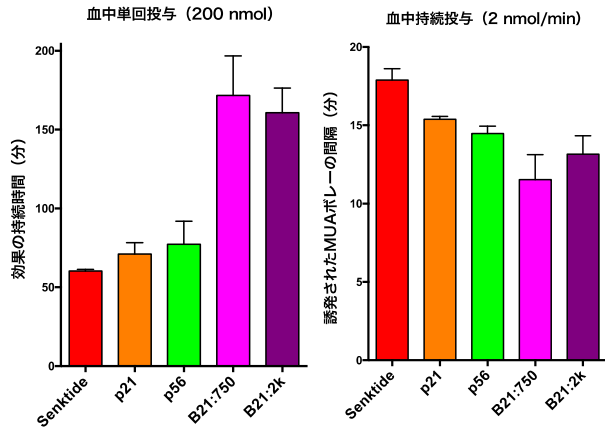


図1 Senktideと新規NKB受容体作動薬候補化合物の効果の比較

血中単回および持続投与において、PEG修飾体化合物はsenktideより強い効果（単回：効果の持続時間の延長、持続：MUAボレー間隔の短縮）を示したが、より修飾鎖の小さいB21:750を新規NKB受容体作動薬として選定した。

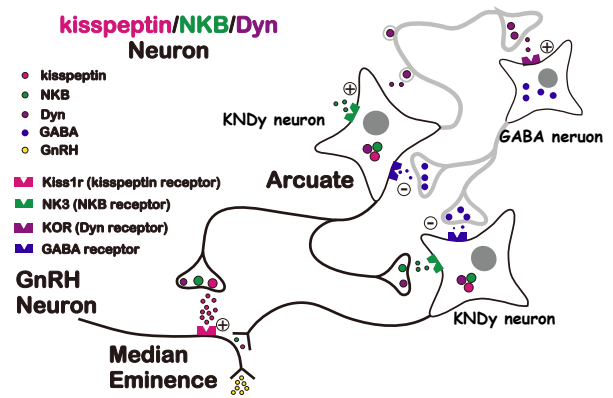


図2 想定される弓状核キスペプチンニューロンにおけるパルス状LH分泌制御機構

ダイノルフィンのKNDy神経細胞活動抑制作用は、周囲に存在するGABA含有介在ニューロンを介している可能性を示した。

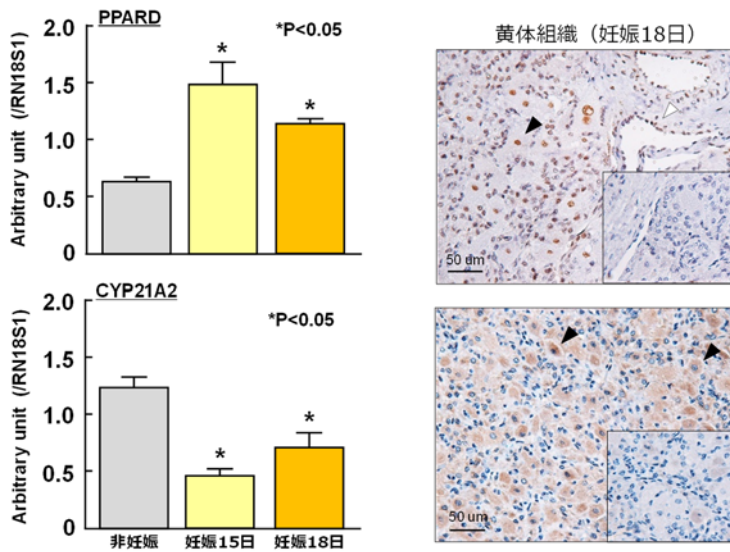


図3 ウシ妊娠初期黄体におけるPPARDならびにCYP21A2発現の変化。

妊娠15日、18日の黄体では、非妊娠黄体と比較してPPARD発現が高く、CYP21A2発現が低かった。PPARDはウシ黄体細胞や血管内皮細胞の核に陽性染色が見られ、CYP21A2は黄体細胞の細胞質に陽性染色が確認された。

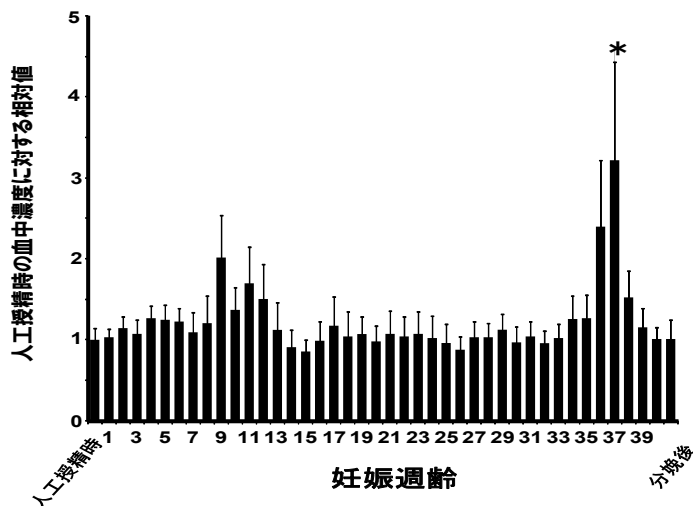


図4 妊娠期間中の母体末梢血中アドレノメデュリン濃度の変化

妊娠0週に対し37週（分娩約2週前）で有意な増加が認められた（* : $p < 0.05$ ）。

大課題2- (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」

大課題の中期目標

農業生産において生物間相互作用を効果的に利用するための基盤技術の開発に向けて、病原微生物-作物間の感染応答機構、植物と有用土壌微生物の共生機構、昆虫と微生物等との生物間相互作用及び家畜の生体防御に関わる分子機構を解明する。さらに、それらを応用した病害虫等の新たな防除・管理技術の開発を進める。

中課題毎の中期計画

① 植物病原微生物の感染機構の解明と利用技術の開発

植物病原微生物の感染機構を解明し、有効かつ持続性の高い環境調和型病害防除技術を開発するため、植物病原菌の感染過程における病原性因子の機能及び、これらの菌の感染に対して抵抗性を誘導する化学物質等の特性や作用機構を解明する。また、植物ウイルスの感染・増殖及びその制御に関わる因子の機能や作用機構を解明する。さらに、得られた知見を活用し、新規の病害防除技術の開発に取り組む。

② 作物の感染応答機構の解明と複合病害抵抗性育種素材の開発

作物の潜在的病害抵抗性等を活用した新たな病害管理技術の確立を目指し、イネいもち病等の重要病害に対する抵抗性に関わる制御遺伝子等の機能、病害応答に関わるシグナル伝達機構等の解明を進め、作物の感染応答機構に関する知見を集積するとともに、有用遺伝子素材の探索を進める。さらに、これらの知見や素材を活用し、遺伝子組換え等により、従来の育種法では困難な複合病害抵抗性を有する育種素材の開発を進める。

③ 植物と有用土壌微生物との共生機構の解明

窒素肥料等の投入を減じること等により環境と調和した持続型農業を実現するため、有用土壌微生物と植物との共生の成立及びその維持に関する分子機構を解明する。特に、マメ科植物の共生変異体等を用いることにより、植物と根粒菌との相互作用に必要な遺伝子の同定・機能解明や、菌根菌との相互作用に必要な遺伝子の機能解明を進める。

④ 植物の耐虫性と害虫の加害性の分子機構の解明

昆虫と植物間の相互作用を利用した耐虫性作物や害虫防除法を開発するため、耐虫性に関わる二次代謝物質やタンパク質等の因子、吸汁性昆虫の吸汁成立に関わる因子を明らかにするとともに、害虫抵抗性遺伝子の同定を行い、耐虫性の分子機構を解明する。さらに、耐虫性植物に対する加害性昆虫の種や系統における耐虫性打破機構を解明する。

⑤ 昆虫に関わる生物間相互作用の解明と利用技術の開発

昆虫と微生物間及び昆虫間等の相互作用を利用した効率的かつ安定した作物保護・害虫管理の基盤技術を開発するため、昆虫ウイルスの感染・増殖・媒介、病原微生物に対する宿主昆虫の抵抗性、共生微生物による宿主昆虫の生殖制御に関わる遺伝子を単離し、分子機構を解明する。また、昆虫の行動等に関わる情報化学物質等の因子を解明し、その機能や情報伝達機構を明らかにする。さらに、土着天敵の有効利用や侵入害虫等による遺伝的攪乱解明のため、天敵及び害虫等の種や系統関係の解析技術を開発する。

⑥ 動物の生体防御に関わる分子機構の解明

家畜における病原体の感染防御等に資するため、動物における病原体の認識や免疫シグナル応答等の生体防御に関わる細胞・分子機構を解明する。また、生体防御に関わるパターン認識受容体等の遺伝子多型を解析し、リガンドの認識等との関連を解明する。さらに、生体防御や病態発生等の解析・評価系として活用できる新規動物細胞株や細胞応答能を有する高次組織培養モデル系とその利用法の開発を進める。

主要な経年データ						
① 主な参考指標情報						
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度	
原著論文数	92	75	73	56	51	
IF 合計	244.397	263.356	195.815	197.857	134.459	
総説	11	8	13	21	17	
国内特許出願・登録	9・5	5・7	6・2	4・8	8・7	
品種登録出願・登録	0・0	0・0	0・0	0・0	0・0	
プレスリリース数	0	4	4	5	3	
③ 主要なインプット情報						
投入金額 (千円)	602,000	499,400	437,300	351,200	178,000	
うち交付金	98,500	114,300	104,400	82,300	57,600	
人員 (常勤職員数)	50.85	48.95	48.00	43.80	43.70	
人員 (ポストク)	29.30	20.40	17.30	13.50	4.80	

主な業務実績等・自己評価	
主な業務実績等	自己評価
<p><主な業務実績></p> <p>植物病原微生物の感染機構の解明と利用技術の開発に関しては、アミノ酸であるヒスチジンが、植物に難防除土壌病害である青枯病に対する抵抗性を誘導することを見出していたが、その作用については不明であったところ、ヒスチジンによって誘導される青枯病抵抗性にはエチレンのシグナル伝達に関与することを示唆する結果を得た。トマト黄化えそウイルス (TSWV) は遺伝子操作実験系が確立していないが、酵母細胞内で、TSWV ゲノムのうちの 1 分節 (S RNA) を複製させることに成功した。</p> <p>作物の感染応答機構の解明と複合病害抵抗性育種素材の開発に関しては、まず感染応答機構について、低温や高塩濃度などの環境ストレスが ABA シグナルを介してチロシン脱リン酸化酵素 PTP を活性化し、その結果 WRKY45 の活性化が抑制されることを明らかにした (平成 27 年 11 月プレスリリース、27 年度主な研究成果)。また、WRKY45 に制御されている転写抑制因子 WRKY62 は、病原体感染時には、サリチル酸シグナルにより WRKY45 とのヘテロダイマーを形成して病害防御遺伝子群を活性化し、同時に低酸素応答遺伝子を抑制する。一方、冠水時 (低酸素状態) には、WRKY62 ホモダイマーを形成して防御遺伝子を抑制し、低酸素応答遺伝子を活性化することを明らかにした。複合病害抵抗性育種素材について、生育阻害を回避するために感染応答性プロモーターを用いた WRKY45 を発現</p>	<p>評価: B</p> <p><中期目標に照らし合わせた成果の評価></p> <p>植物病原微生物の感染機構の解明と利用技術の開発に関しては、ヒスチジンが難防除土壌病害である青枯病に対する植物の抵抗性を増強する作用機作について、エチレンシグナル伝達系を介していることが明らかになってきた。このことは、ヒスチジンの活用法のみならず、これまでに未開発であったエチレンシグナル伝達系に作用するプラントアクチベーターの新規開発においても有用な知見を与えるものである。アザミウマによって媒介される TSWV は、世界中で大きな被害をもたらしている重要病原体であるが、遺伝子操作系が確立されておらず、これが研究の進捗を阻んできた。S RNA を酵母内で複製させることができたことは、TSWV S RNA の種々の機能解析が可能となっただけでなく、全分節を含む遺伝子操作系確立に向けての端緒が開かれた点で大きな意義がある。</p> <p>病害応答に関わるシグナル伝達機構等の解明に関して、WRKY45 の活性化 (リン酸化) を制御している PTP が低温や高塩濃度などの環境ストレス応答と病害応答のトレードオフに、WRKY62 が病害応答と無酸素応答とのトレードオフに関与していることを明らかにした。将来、遺伝子組換えによりこれらのトレードオフを解消すれば病害にも環境にも強いイネを作ることが出来ると期待され、標的となる有用遺伝子候補が探索できたと評価できる。</p> <p>植物と有用土壌微生物との共生機構の解明に関しては、根粒侵入後の共生菌に対する認識において、新規の分子機構を解明した成果は、効率的な窒</p>

する飼料イネ（たちすがた）で、白葉枯病抵抗性の優良候補系統を選抜した。

植物と有用土壌微生物との共生機構の解明に関しては、特定の根粒菌株に対して窒素固定能不全の根粒を着生するミヤコグサの共生変異体 sym104 の原因遺伝子を同定するとともに、本遺伝子に対応する根粒菌側の遺伝子も同定した。さらに、両因子の相互作用により窒素固定能不全に至る新規の分子機構を明らかにした。根粒共生による窒素固定能を示す窒素固定寄与率、菌根菌共生による宿主植物の収量増収効果を示す菌根菌応答率について評価方法を検討し、ダイズ品種間変異を検出可能な方法を確立した。

植物の耐虫性と害虫の加害性の分子機構の解明に関しては、トビイロウンカやツマグロヨコバイとイネとの間の加害耐虫機構の解明を進め、ツマグロヨコバイ唾腺で発現している 29 遺伝子の parental RNAi を行うことにより、発育阻害や致死をもたらす遺伝子を 2 つ見いだした。シュウ酸カルシウム針状結晶による耐虫物質の相乗的増強効果の解明では、ヤマノイモ、ヤブガラシ、ノブドウ、エビヅルの葉から針状結晶を除去した抽出液中に針状結晶との共存によって相乗的耐虫効果を発揮する成分が存在することを明らかにした。

昆虫に関わる生物間相互作用の解明と利用技術の開発に関しては、トビイロウンカが媒介するイネ病原ウイルスであるイネグラッシースタントウイルスのコートタンパク質とトビイロウンカの細胞質アクチンタンパク質が結合することをプルダウンアッセイ法で確認した。果樹害虫ゴマダラカミキリに有効な防除資材としてコンタクトフェロモンの可能性を検討し、必須成分と推定されたゴマダラクトンCの合成に初めて成功するとともに、ゴマダラクトンCがメス粗抽出物に匹敵する高いコンタクトフェロモン活性を持つことを確認した。土着天敵ヒメハナカメムシ3種について、オクラ真珠体への反応を分析した結果、真珠体がナミヒメハナカメムシの定着行動を促進することが明らかになった。また、ナス露地栽培の圃場試験により、紫色光のLED照明装置がナミヒメカメムシの誘引・定着促進効果を持つことを実証した（27年度主な研究成果）。

動物の生体防御に関わる分子機構の解明に関しては、マクロファージの特性を維持した安定的に増殖するブタ腎臓由来マクロフ

素固定系の利用や他作物への窒素固定系導入につながると期待される。肥料等の低投入による環境と調和した持続型農業実現のため、有用土壌微生物との共生をより効率的に行うことができる作物の作出を目指す共生育種を進めるにあたっては、共生能に関与する宿主植物側遺伝子を検出するための指標が不可欠である。窒素固定寄与率と菌根菌応答率についてダイズ品種間差を検出する方法を確立したことにより、量的遺伝子座の同定に着手することが可能となった。

植物の耐虫性と害虫の加害性の分子機構の解明に関しては、トビイロウンカやツマグロヨコバイの吸汁行動に重要な因子の解明が進み、ツマグロヨコバイ唾腺で発現している遺伝子の parental RNAi によって見つかった発育阻害や致死をもたらす遺伝子は、有望な制虫因子となる可能性がある。シュウ酸カルシウム針状結晶による耐虫物質の相乗的増強効果については、これまで明らかにしたシステインプロテアーゼやキチナーゼ以外に針状結晶と相乗効果を持つ植物成分が存在する可能性が示唆され、相乗効果の機構解明につながると期待される。

昆虫に関わる生物間相互作用の解明と利用技術の開発に関しては、トビイロウンカが媒介するイネ病原ウイルスであるイネグラッシースタントウイルスとトビイロウンカとの間で相互作用するタンパク質が見つかり、今後媒介環の切断によるウイルス病防除技術の開発につながることが期待される。また、ゴマダラカミキリは幼虫が樹幹を穿孔加害するため化学的防除が困難な害虫であるが、合成が難しかったコンタクトフェロモン成分の合成成功により、防除資材として利用できる可能性が示された。ヒメハナカメムシ誘引・定着効果が確認された紫光 LED 照明は、防除資材としての開発が期待される。

動物の生体防御に関わる分子機構の解明では、ブタ腎臓由来マクロファージ細胞株を樹立するとともに、単一ドメイン抗体が発現する細胞株を用いて生体防御に関わるパターン認識受容体によるシグナル伝達系の解析を行った。また、パターン認識受容体の多型を解析し、リガンド認識能を亢進させる多型を見いだした。カラーゲンビトリゲルの課題では、生体と同等の機能をもつ角膜や肝臓の培養法の開発に成功するとともに、傷跡をほとんど残さずに治癒できる人工皮膚を開発し、革新的な再生医療機器の開発が期待されている。

<開発した技術等の普及状況や普及に向けた取組>

アージ細胞株を樹立しその機能を解析することが可能となった。また、WAS タンパク質の N 末端領域を標的とする単一ドメイン抗体を細胞内で発現するトランスジェニックマウス骨髄由来マクロファージ不死化細胞株を用いることにより、Toll 様受容体のシグナル伝達系において WAS タンパク質の N 末端領域が重要な役割を果たしていることを明らかとした。生体防御に関わるパターン認識受容体のうち Dectin-1 について遺伝子多型を解析し、リガンド認識能を亢進させる多型を見いだした。動物の角膜と同等の透過係数が得られるコラーゲンビトリゲル膜チャンバーを用いた角膜透過性試験法や肝特異的機能や形態を迅速に賦活化できる培養法を開発した。さらに、アテロコラーゲンビトリゲル膜を使用し、動物実験においては傷痕をほとんど残さずに治癒できる「ばんそうこう型人工皮膚」を開発した（平成 27 年 6 月プレスリリース、27 年度主な研究成果）。

27 年度の原著論文数は 51、I F の合計は 134.459、国内特許出願 8、登録 7、プレス発表 3 件であった。

植物病原微生物の感染機構の解明と利用技術の開発では、防カビ技術及び青枯病に効果のあるプラントアクチベーターの利活用に関して、他機関、民間との連携の下、実用化に向けた取り組みを進めている。前者に関しては、民間企業との新規の共同研究開発もスタートした。

広範な病害に対する抵抗性遺伝子 *BSRI* に関して、「広範な病害抵抗性を付与するイネ遺伝子」としてアメリカで特許が登録された。

紫光 LED 照明装置によるナミヒメカメムシの誘引・定着促進効果については、「捕食性カメムシ類の誘引又は定着法」として特許を出願した。

コラーゲンビトリゲルの課題については、多くの大学医学部の臨床医や製薬会社と共同で JST の START 資金により実用化を目指している。

<工程表に照らし合わせた進捗状況>

各課題共に順調に成果が得られており、ほぼ計画通りの進捗状況と判断する。

<研究開発成果の最大化に向けて>

アグリビジネスフェアにおいて、「植物保護能力を持つ細菌「—Plant protecting bacteria—」」を発表し、民間企業等との連携に向けての情報発信に努めた。

コロンビアにある国際熱帯農業研究センター CIAT と共同研究を実施し、作出した複合病害抵抗性素材について、日本では実施が難しい病害自然発生ほ場における抵抗性の反応を検証している。

動物の生体防御に関わる分子機構の解明では、アフィニティーシルク素材の課題については、インフルエンザウイルスや腫瘍等の検出に活用できる技術であり、今後、民間企業との共同研究に発展する可能性がある。ビトリゲルの課題については、多くの大学医学部の臨床医や製薬会社と共同研究を行っており、実用化につながる大型の研究資金を獲得するとともに、研究成果を広めて研究協力体制を強化するために新たな研究会を発足させた。

以上、研究成果が順調に創出されていることに加えて、開発した技術の実用化に向けた取り組みも行われており、概ね計画通りの進捗と評価する。

① 植物病原微生物の感染機構の解明と利用技術の開発

中期計画

植物病原微生物の感染機構を解明し、有効かつ持続性の高い環境調和型病害防除技術を開発するため、植物病原菌の感染過程における病原性因子の機能及び、これらの菌の感染に対して抵抗性を誘導する化学物質等の特性や作用機構を解明する。また、植物ウイルスの感染・増殖及びその制御に関わる因子の機能や作用機構を解明する。さらに、得られた知見を活用し、新規の病害防除技術の開発に取り組む。

【研究資源】 研究員数：4.7人、ポスドク数：1.2人、研究資金：36.5百万円

【論文・特許等】 原著論文：2、IF合計値：9.474、IF平均：4.74、特許：4（出願：2、登録：2）

(中課題実績)

1. アミノ酸であるL-ヒスチジンを植物に投与すると、難防除土壌病害である青枯病に対する抵抗性が誘導される。ヒスチジンによる青枯病抵抗性誘導の分子機構を解明すべく、ヒスチジンの下流で機能する植物因子の同定をマイクロアレイ解析等により試みた。ヒスチジン処理により発現が上昇する遺伝子群のうち、特に強い発現上昇が見られた遺伝子は植物ホルモンであるエチレンの生合成や受容などに関わる遺伝子であった。発現誘導と相関して、ヒスチジン処理によるエチレンの放出の高まりが認められた。エチレンのシグナル伝達に関わる EIN3 の機能を喪失した植物変異株では、野生型でみられるヒスチジンによる青枯病抵抗性の誘導が起きなかった（図1）。これらの結果から、ヒスチジンによって誘導される青枯病抵抗性には EIN3 に依存的なエチレンシグナルが関与することが示唆された。
2. バイオコントロール細菌 *Pseudomonas protegens* CHA0 株は、二成分制御系 GacS/GacA を介したシグナル伝達系の制御のもと、植物保護能力に関わる抗菌性二次代謝産物を産生する。植物保護能力の向上に向け、当該シグナル伝達系の下流因子を、CHA0 株及びその GacA 欠損変異株 ($\Delta gacA$) を対象としたメタボローム解析により探索した。菌体内における蓄積量に顕著な差の見られた物質のうち、一次代謝産物 A については $\Delta gacA$ における蓄積量が高まっていた。本物質の異化に関わる酵素遺伝子の解析を進めたところ、当該遺伝子の欠損変異株では物質 A の蓄積量が高まること、また、当該遺伝子のプロモーター活性は $\Delta gacA$ において亢進すること（図2）から、物質 A の異化には、GacS/GacA を介したシグナル伝達系が正に関与していることが示唆された。
3. トマト黄化えそウイルス (TSWV) はアザミウマによって媒介され、世界の年間被害額が10億ドルを超えると推計される重要病原体であるが、遺伝子操作実験ができないために研究が著しく遅れていた。そこで、TSWV の遺伝子操作実験系の確立を目指して研究を進めた。出芽酵母を用いて TSWV の RNA ポリメラーゼ、ヌクレオキャプシドタンパク質、及び3分節からなる TSWV ゲノムのうちの1分節 (S RNA) を同時に発現させたところ、S RNA の相補鎖が検出された（図3）。RNA ポリメラーゼの活性中心変異体を発現させたときには相補鎖 RNA は検出されなかったこと（図3）などから、TSWV RNA ポリメラーゼによる S RNA の複製が起きたと考えられた。cDNA より TSWV RNA の複製を誘導するこの実験系を利用することにより、S RNA に変異を導入し、複製への影響を調べることなどが可能になった。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(2) ①	B	L-ヒスチジンによる青枯病抵抗性誘導に EIN3 依存的なエチレンシグナルが関与することを明らかにした。また、バイオコントロール細菌 <i>Pseudomonas protegens</i> CHA0 株における植物保護に関わるとみられる一次代謝産物 A の機作を解析し、トマト黄化えそウイルスの複製を解析する手法を確立するなど、研究は概ね計画通り進捗した。



図1 エチレンシグナル伝達因子EIN3のヒスチジンによる青枯病抵抗性誘導への関与。シロイヌナズナ *ein3* 変異株あるいは野生株に 10 mM L-ヒスチジンを 48 時間処理し、青枯病菌を接種した。接種後 21 日目の写真を示す。L-ヒスチジンを処理した野生型では病徴抑制が見られる一方、*ein3* ではそのような抑制は見られない。

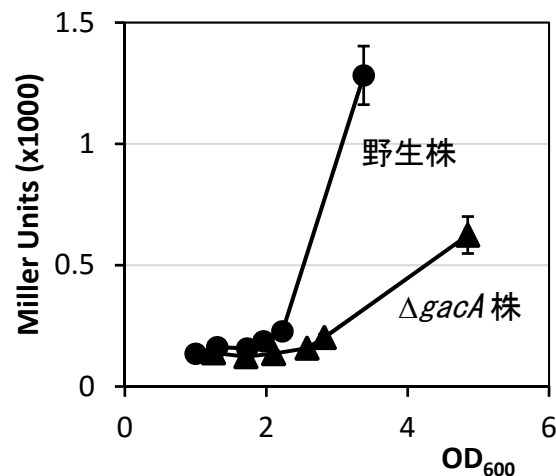


図2 *Pseudomonas protegens* CHA0株における物質A異化酵素遺伝子プロモーター活性化へのGacAの関与

当該遺伝子のプロモーター領域を連結した *lacZ* レポーター遺伝子を用い、野生株とGacA欠損変異株 ($\Delta gacA$) における活性を比較した。変異株においては、発現が顕著に低下していた。

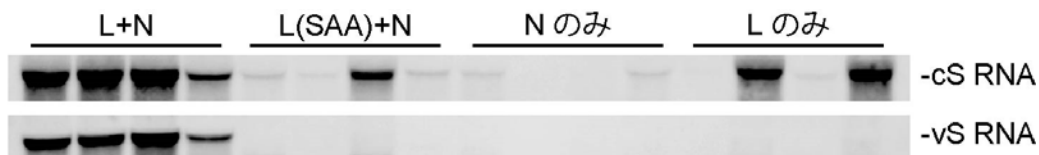


図3 出芽酵母におけるTSWV S RNAの複製

TSWV S RNAを発現するプラスミドとともにRNAポリメラーゼ (L) 及びヌクレオキャプシドタンパク質 (N) を発現するプラスミドを導入した出芽酵母細胞において、発現誘導後1日目のS RNAの蓄積をノーザン法により検出した。L(SAA)はネガティブコントロールとして用いた活性中心に変異をもつRNAポリメラーゼである。酵母のRNAポリメラーゼIIIによる転写で合成されたS RNA (cS RNA) はどの条件でも検出されたのに対し、その相補鎖である複製産物 (vS RNA) は、LとNが共存したときのみ検出された。それぞれのレーンは独立のコロニー由来の培養サンプルに対応する。

② 作物の感染応答機構の解明と複合病害抵抗性育種素材の開発

中期計画

作物の潜在的病害抵抗性等を活用した新たな病害管理技術の確立を目指し、イネいもち病等の重要病害に対する抵抗性に関わる制御遺伝子等の機能、病害応答に関わるシグナル伝達機構等の解明を進め、作物の感染応答機構に関する知見を集積するとともに、有用遺伝子素材の探索を進める。さらに、これらの知見や素材を活用し、遺伝子組換え等により、従来の育種法では困難な複合病害抵抗性を有する育種素材の開発を進める。

【研究資源】 研究員数：8.4人、ポスドク数：1.0人、研究資金：38.5百万円

【論文・特許等】 原著論文：13、IF合計値：46.694、IF平均：3.59、特許：2（出願：1、登録：1）

(中課題実績)

- いもち病菌のエフェクタータンパク質に関する知見は極めて限られている。いもち病菌のエフェクター遺伝子 *RBF* は、イネ葉への感染時に発現量が大幅に増加し、感染に必須であることが明らかになった (図 1A)。*RBF* を破壊したいもち病菌株 (*rbf*) を接種したイネでは、褐変化物質の蓄積を伴う細胞死が誘導され、菌がほとんど増殖しないことがわかった (図 1B)。また、いもち病菌は感染時に Rbf タンパク質を分泌して BIC 構造を作ることでイネの免疫機構を攪乱し、感染を成立させることがわかった (図 1C)。
- 広範な病害に対する抵抗性遺伝子 *BSRI* を過剰発現させたイネは、いもち病及び白葉枯病に極めて強い抵抗性を示すが、玄米が部分的に褐変し発芽率が低下する不具合が認められていた。この不具合を最小化するため、恒常的低発現プロモーター (*Oslbi7*) 及び感染誘導的プロモーター (*GST, PR1b*) を用いて発現させた結果、玄米色が白色でかつ病害抵抗性を保持した系統が得られた。これらの系統は靱枯細菌病やごま葉枯病にも抵抗性を示した (図 2)。
- サリチル酸 (SA) 経路において WRKY45 に制御されている転写抑制因子 WRKY62 の機能解析の結果、SA シグナル存在下には、ジテルペン型ファイトアレキシン合成遺伝子群の転写を制御する転写因子 DPF の遺伝子の転写を WRKY45-WRKY62 ヘテロダイマーとして正に制御すること、また低酸素条件下では、*DPF* 遺伝子の転写を負に制御することを明らかにした (図 3)。さらに WRKY62 は低酸素応答遺伝子の発現にも関与しており、低酸素条件下では正に、SA シグナル存在下では負に低酸素応答遺伝子を発現制御していることを見だした (図 3)。
- BTH などの抵抗性誘導剤は、MAP キナーゼ・カスケードの活性化を経て、WRKY45 をリン酸化により活性化し、病害抵抗性を誘導する。また、アブシジン酸 (ABA) 存在下及び低温条件下では、MAP キナーゼのチロシン脱リン酸化とともに WRKY45 の活性が低下し、チロシン脱リン酸化酵素遺伝子 (*PTP*) の抑制によって、これらの条件下での BTH 処理時のいもち病発病が低下する。本年度、高塩濃度 (250 mM NaCl) でも WRKY45 の活性低下によるいもち病亢進及び *PTP* 抑制によるいもち病発病抑制効果が観察され、*PTP* を介した制御が ABA シグナルによって媒介される環境ストレスに共通であることが示唆された (27 年度主な研究成果-7)。
- 感染応答性プロモーターを用いた *WRKY45* 発現による効果的な複合病害抵抗性の発現には、翻訳エンハンサーの付加による発現タンパク質の増強が必須であることがわかった。また、各種プロモーターの制御下に *WRKY45* を発現する飼料イネ (たちすがた) について、生物研隔離ほ場にて白葉枯病抵抗性及び生育試験を行い、優良候補系統を選抜した。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(2) ②	B	WRKY45 と制御されている転写抑制因子 WRKY62 の各種条件下における相互的な転写制御機構を明らかにするとともに、WRKY45 を飼料イネに導入した組換え体で白葉枯病抵抗性及び生育試験を行い、優良系統を選抜した。また、病害抵抗性遺伝子 <i>BSRI</i> の発現を制御するプロモーターを変えることにより、玄米品質の劣化が最小化できることを明らかにするなど、研究は概ね計画通り進捗した。

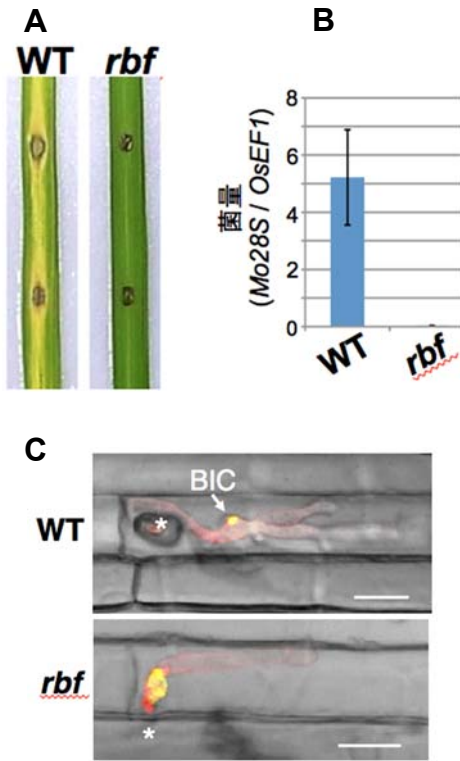


図1 いもち病菌のエフェクターRBFの機能
 (A) イネ葉身スポット接種6日後の病徴
 (B) いもち菌定量
 WT: 野生型、*rbf*: *RBF*破壊いもち病菌株
 (C) イネ葉鞘細胞内の侵入菌糸とBIC蛍光観察像 * : 付着器

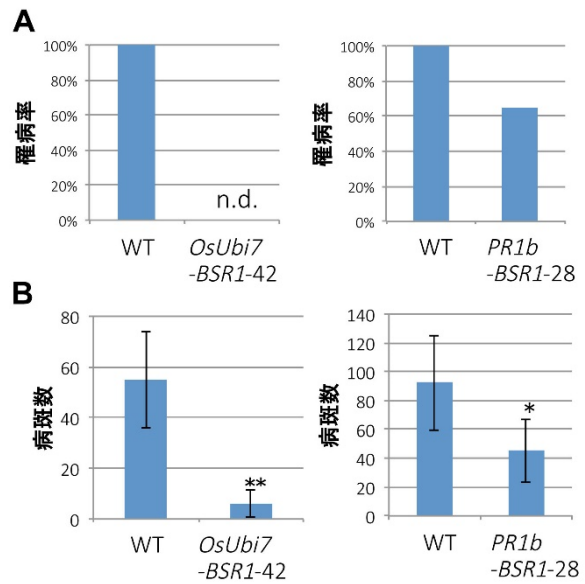


図2 改変プロモーターを用いて *BSR1* を発現させたイネの病害抵抗性
 A. 籾枯細菌病（苗腐敗症）抵抗性 B. ごま葉枯病抵抗性。玄米色が白色で白葉枯病抵抗性を示すことを確認済の系統を使用。

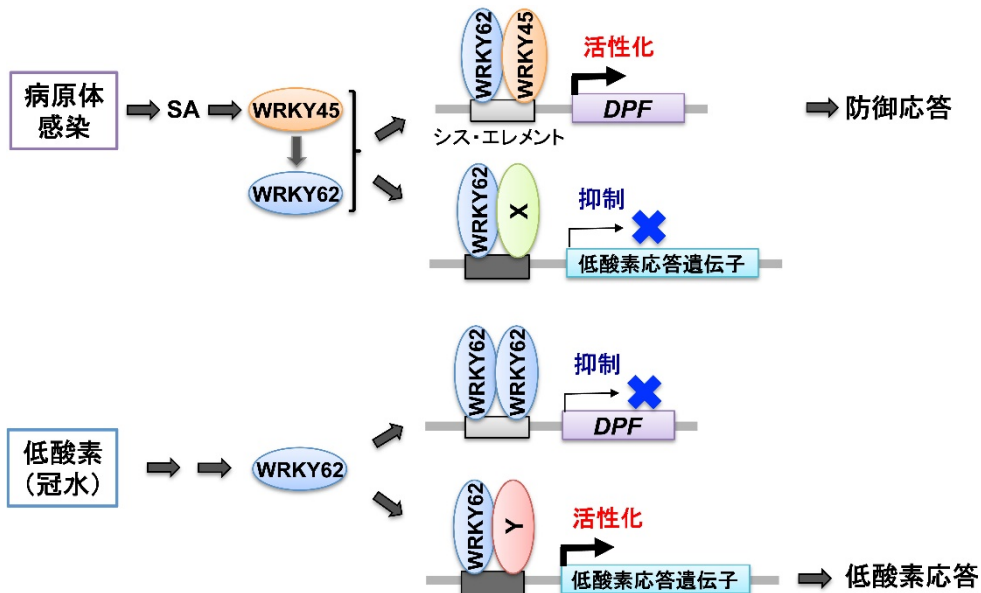


図3 WRKY62による病害応答と低酸素応答の制御
 (上) 病原体感染時には、WRKY62は、WRKY45とのヘテロダイマーとして防御遺伝子(PF等)を活性化し、同時に低酸素応答遺伝子を抑制する。
 (下) 冠水時には、WRKY62は、ホモダイマーとして防御遺伝子を抑制し、低酸素応答遺伝子を活性化する。XおよびYは存在を想定した未知の転写因子。

③ 植物と有用土壌微生物との共生機構の解明

中期計画

窒素肥料等の投入を減じること等により環境と調和した持続型農業を実現するため、有用土壌微生物と植物との共生の成立及びその維持に関する分子機構を解明する。特に、マメ科植物の共生変異体等を用いることにより、植物と根粒菌との相互作用に必要な遺伝子の同定・機能解明や、菌根菌との相互作用に必要な遺伝子の機能解明を進める。

【研究資源】 研究員数：2.9人、ポスドク数：0.0人、研究資金：10.4百万円

【論文・特許等】 原著論文：0、IF合計値：0.000、IF平均：-、特許：0（出願：0、登録：0）

(中課題実績)

1. ダイズなどマメ科作物の窒素固定効率の向上や、イネなど非マメ科植物への根粒形成能の付与には、根粒共生に関与する植物遺伝子を網羅的に同定する必要がある、そのためにマメ科モデル植物ミヤコグサの内生レトロトランスポゾン*LORE1*の転移活性化系統から共生変異系統候補の選抜を進めてきた。本年度新たに得た5系統を含め、計71系統が選抜され、新規遺伝子の機能解析への活用が期待される。
2. マメ科植物と根粒菌の共生窒素固定系においては、共生菌が特定の宿主とのみ共生する宿主特異性が存在する。特定の根粒菌株に対して窒素固定能不全の根粒を着生するミヤコグサの共生変異体*sym104* (図1) の原因遺伝子を同定し、その発現が根粒共生特異的に誘導されることを明らかにした。さらに、本遺伝子に対応する根粒菌側の遺伝子を同定し、相互作用を解析した結果、根粒侵入後の共生菌に対する認識において、新規の分子機構が解明された。この成果は、効率的な窒素固定系の利用や他作物への窒素固定系導入につながると期待される。
3. 菌根菌の宿主侵入過程に関与する遺伝子機能の解明に向け、菌根共生初期から細胞内共生成立時に発現が誘導される2つの遺伝子 (*LjMI α* 及び*LjExo70*) を新たに同定した。*LjMI α* 遺伝子はうどんこ病抵抗性遺伝子に、*LjExo70*遺伝子は細胞内輸送系複合体の構成遺伝子に相同性を示した。両遺伝子産物ともに、根の皮層細胞内に形成される共生器官である樹枝状体を取り囲む局在様式を呈し (図2)、発現様式とあわせ、感染成立から共生成立過程への機能的関与が示唆された。この成果は、菌根菌の感染受容システムの解明につながると期待される。
4. 肥料等の低投入による環境と調和した持続型農業実現のため、有用土壌微生物との共生をより効率的に行うことができる作物の作出を目指す共生育種を進めるにあたっては、共生能に関与する宿主植物側遺伝子を検出するための指標が不可欠である。そのため、根粒共生による窒素固定能を示す「窒素固定寄与率」、菌根菌共生による宿主植物の収量増収効果を示す「菌根菌応答率」について、評価方法を検討した。「窒素固定寄与率」については、相対ウレイド法及び¹⁵N希釈法により、「菌根菌応答率」については、菌根菌応答率の最大値 (R_{max}) を選定する多段階リン施肥条件下における菌根菌接種・非接種ダイズの栽培試験により、ダイズ品種間の差が検出できた (図3)。これらの方法を用いることにより、量的遺伝子座の同定に着手することができると考えている。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(2) ③	B	窒素固定能不全の根粒を着生するミヤコグサの変異体 <i>sym104</i> について、原因遺伝子を特定するとともに、根粒侵入後の共生菌に対する新たな認識機構が解明された。また、菌根共生初期から細胞内共生成立時に発現が誘導される2つの遺伝子を同定し、局在、発現様式を解析するなど、研究は概ね計画通り進捗した。

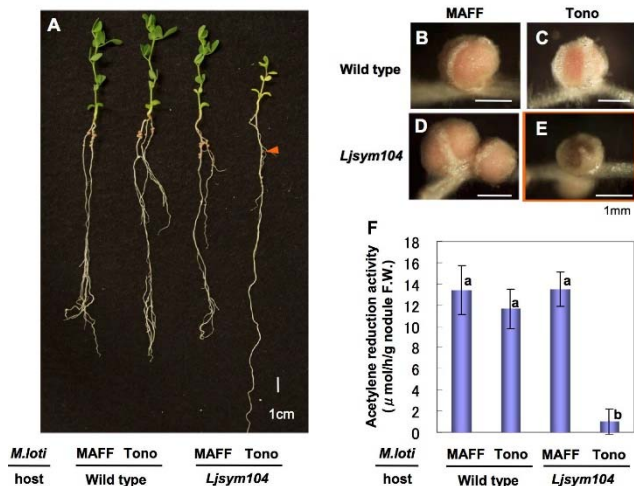


図1 ミヤコグサ *sym104* 変異体の菌株による根粒着生表現型の違い

MAFF: *Mesorhizobium loti* MAFF303099株、Tono: *M. loti* Tono株。

A: 野生型及び *sym104* 変異体への根粒菌接種後の表現型の違い。 *sym104*/Tonoの組み合わせで、赤矢尻で示す不完全根粒が着生する。ミヤコグサに形成された根粒。 B: 野生型/MAFF株、 C: 野生型/Tono株、 D: *sym104*/MAFF株、 E: *sym104*/Tono株では、根粒は小さいまま褐変する。

F: *sym104*/Tono根粒は窒素固定（アセチレン還元）活性不全表現型を示す。

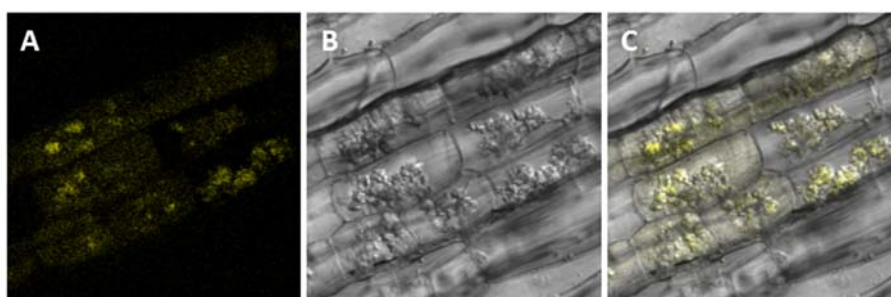


図2 LjExo70::YFP 融合タンパク質の、皮層細胞内に形成される樹枝状体周辺への局在

- A pUbi-LjExo70::YFP 形質転換根の YFP 蛍光像。
- B 同領域の明視野像。樹枝状体が複数存在する。
- C YFP 蛍光は、樹枝状体と重なって観察される。

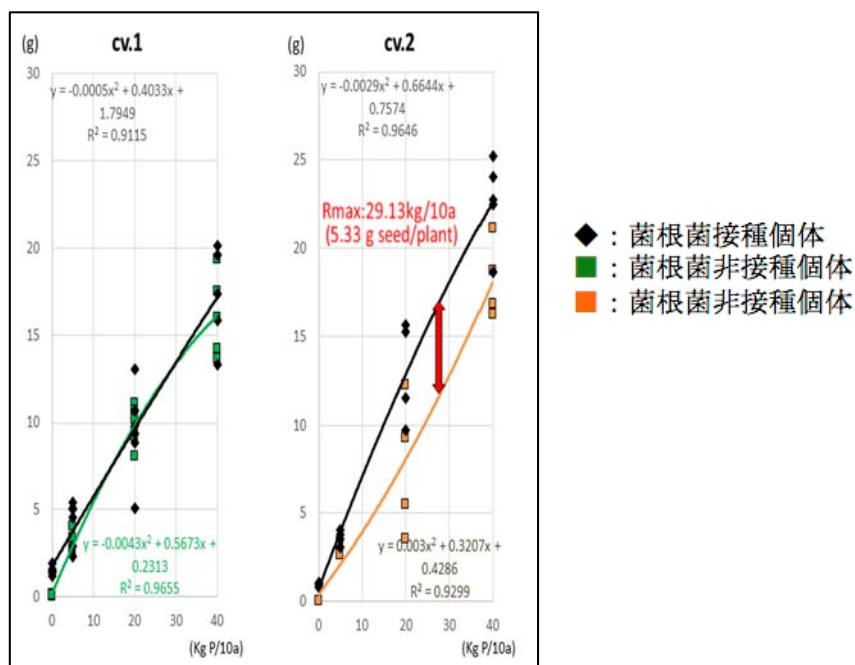


図3 ダイズ2品種の菌根菌応答率

横軸は10aあたりのリン施肥量、縦軸はダイズ1個体あたり着生種子重(g)を示す。接種区及び非接種区のプロットを元に菌根菌応答率近似曲線を示した。低応答率候補品種cv.1では、菌根菌接種効果が見られないのに対し、高応答率候補品種cv.2では、リン施肥量29.13kg/10aにおいて、最大応答率（1個体あたり5.33g種子重増収）が算出された。

④ 植物の耐虫性と害虫の加害性の分子機構の解明

中期計画

昆虫と植物間の相互作用を利用した耐虫性作物や害虫防除法を開発するため、耐虫性に関わる二次代謝物質やタンパク質等の因子、吸汁性昆虫の吸汁成立に関わる因子を明らかにするとともに、害虫抵抗性遺伝子の同定を行い、耐虫性の分子機構を解明する。さらに、耐虫性植物に対する加害性昆虫の種や系統における耐虫性打破機構を解明する。

【研究資源】 研究員数：7.6人、ポスドク数：1.1人、研究資金：21.5百万円

【論文・特許等】 原著論文：14、IF合計値：33.868、IF平均：2.42、特許：1（出願：0、登録：1）

(中課題実績)

- トビイロウンカやツマグロヨコバイとイネとの間の加害・耐虫機構の解明では、吸汁に関する遺伝子は一生にわたって個体で発現・作用していると考えられ、parental RNAiにより孵化時から発現低下していれば、影響が表現型として見えやすくなると期待できる。そこで、ツマグロヨコバイの唾腺 RNA-seq 解析により唾腺特異的あるいは唾腺で発現量の高い遺伝子 29 種を単独、または複数組み合わせ、27 通りの parental RNAi を行った。これらのうち、当代の産卵数が少なく、孵化した 1 齢幼虫の死亡率も高いといった現象（遺伝子 1）や、産卵された卵が全く孵化せず、胚致死したと思われる現象（遺伝子 18）が見られた（図 1）。これらは有望な制虫因子の可能性があり、さらに解析を進める。
- シュウ酸カルシウム針状結晶による耐虫物質の相乗的増強効果の解明では、植物から精製した針状結晶と市販の酵素試薬を用いてきた。今年度は、シュウ酸カルシウムを持つ植物のその他の成分が針状結晶との共存で耐虫効果を発揮するのかどうかについて検討した。ヤマノイモ、ヤブガラシ、ノブドウ、エビヅルの葉から針状結晶を除去した抽出液を単独、あるいはキウイフルーツから調整した針状結晶とともにヒマの葉に塗布し、エリサン孵化幼虫に与えた。1 日後の体重増加には、それぞれの抽出液とシュウ酸カルシウムの針状結晶の間に顕著な相乗的成長阻害作用が認められた（表 1）。この結果は、シュウ酸カルシウム針状結晶を含む植物に、針状結晶と共存することで効果が発揮される耐虫性物質が存在していることを示している。
- ダイズが持つハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の抵抗性付与機構解明のために、ハスモンヨトウ雌成虫の産卵選好性の比較を行った。ハスモンヨトウ抵抗性のヒメシラズと感受性の実用品種フクユタカの葉に対する産卵では明らかな選好性の違いが見られた（図 2）。
- 植物の耐虫性機構が害虫の自然界や圃場における多発をどのように抑制しうるかなど、昆虫の発生量を決定する仕組みも含め、植物、食植者、肉食者間の新しい食物連鎖網の数理モデルを作成し、それによる予測値と文献などからの実測値を比較した（表 2）。その結果、本モデルは森林やサバンナ生態系における植食動物と肉食動物バイオマスをほぼ正確に予測することができた。タンニンやプロテアーゼインヒビターなどによる植物の質的・量的防御の利用法、施肥による害虫の多発、複数の天敵を利用する際の問題点の明確化、炭酸ガス濃度上昇と害虫被害の影響予測などの農業上の問題解決に多くの示唆を与えるものとする。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(2) ④	B	ツマグロヨコバイの唾腺遺伝子の parental RNAi によって制虫因子として有望な遺伝子が 2 つ選抜された。また、シュウ酸カルシウム針状結晶と共存することで効果が発揮される耐虫性物質が植物に存在していることを示す結果が得られた。以上のように、研究は概ね計画通り進捗した。

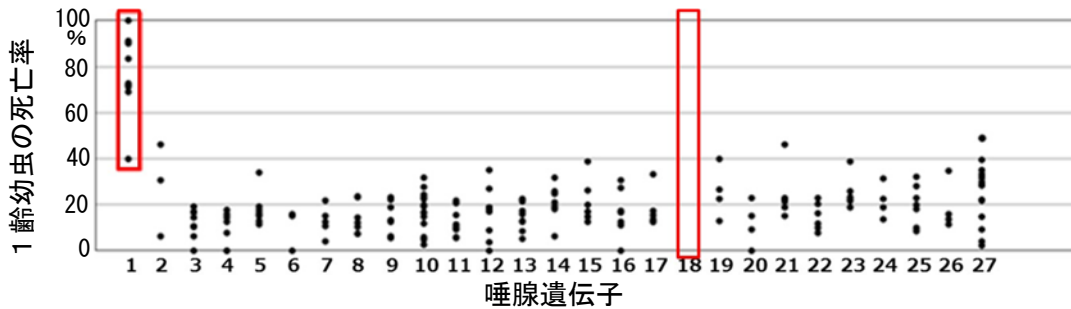


図1 唾腺遺伝子の parental RNAi による1 齢幼虫死亡率への影響
 黒点は、dsRNA を注射した1頭のメス親が生んだ1 齢幼虫の死亡率を示す（10 頭以上の幼虫が生まれたメス親のみをデータとしている）。遺伝子1では当代の産卵数減少と孵化した1 齢幼虫の死亡率が高い傾向が見られた（赤枠）。遺伝子18では胚致死が起きている可能性が高い。

表1 シュウ酸カルシウム針状結晶を持つ植物から針状結晶を除いた葉抽出液とシュウ酸カルシウム針状結晶との相乗的耐虫効果

	葉抽出液のみ(a)	針状結晶と共存(b)	差(b-a)
水(対照区)	5.1 ± 0.5	4.7 ± 0.4	-0.4
ヒマ葉抽出液(対照区)	4.8 ± 0.2	4.6 ± 0.5	-0.2
ヤマノイモ抽出液	4.3 ± 0.3	2.6 ± 0.2	-1.7
ヤブガラシ抽出液	5.4 ± 0.4	3.5 ± 0.5	-1.9
ノブドウ抽出液	4.8 ± 0.5	3.7 ± 0.6	-1.1
エビヅル抽出液	4.8 ± 0.4	4.2 ± 0.4	-0.6

葉抽出液を単独あるいは針状結晶と同時に塗布したヒマ葉をエリサン孵化幼虫（平均1.4 mg）に摂食させた1日後の体重(mg)（平均±SD）。シュウ酸カルシウム針状結晶はキウイフルーツから調製。エリサンの食草であるヒマは針状結晶を持たない。

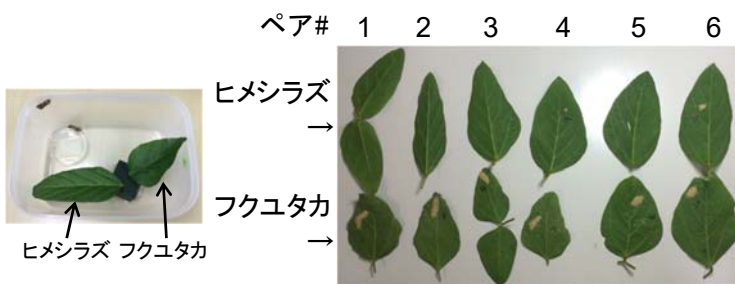


図2 ヒメシラズとフクユタカへの産卵選好性

産卵を確認したハスモンヨトウのペアをヒメシラズとフクユタカの葉を挿した容器に入れ、一晚静置。毎日約1卵塊ずつ5日間ほど産むので、毎日葉を取り替えて観察。写真右は2日目に葉裏に産卵された卵塊の様子。ペア#7は容器のふたに産卵、#8は産卵せず。#4, 6はヒメシラズにも小さな卵塊を産卵。

表2 植食動物及び肉食動物の現存量を定量的に予測する食物連鎖網数理モデルの確立

	植食動物バイオマス (mg/m ² 湿重) (消化管内内容を除く)	肉食動物バイオマス (mg/m ² 湿重)	植物年間被食率 (%)
森林生態系（昆虫-昆虫系、昆虫-鳥系）			
・数理モデルの予測	22.9-119.6	90.6-156.8	1.14-5.98
・実測値	31.2-360	20-376	0.14
サバンナ生態系（ヌー・シマウマライオン系）			
・数理モデルの予測	7142	26.6	65.2
・実測値	8532-30481	24.0-33.8	66 (15-95)

⑤ 昆虫に関わる生物間相互作用の解明と利用技術の開発

中期計画

昆虫と微生物間及び昆虫間等の相互作用を利用した効率的かつ安定した作物保護・害虫管理の基盤技術を開発するため、昆虫ウイルスの感染・増殖・媒介、病原微生物に対する宿主昆虫の抵抗性、共生微生物による宿主昆虫の生殖制御に関わる遺伝子を単離し、分子機構を解明する。また、昆虫の行動等に関わる情報化学物質等の因子を解明し、その機能や情報伝達機構を明らかにする。さらに、土着天敵の有効利用や侵入害虫等による遺伝的攪乱解明のため、天敵及び害虫等の種や系統関係の解析技術を開発する。

【研究資源】 研究員数：13.7人、ポスドク数：0.5人、研究資金：35.8百万円

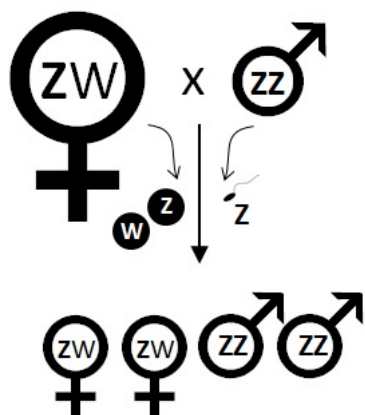
【論文・特許等】 原著論文：13、IF合計値：18.046、IF平均：1.39、特許：3（出願：2、登録：1）

(中課題実績)

- キチョウにおいてはこれまでZ染色体を2本持っている遺伝的なオスが細胞内共生細菌であるボルバキアによってメス化されていると考えられていたが、Z染色体上の遺伝子の相対的存在量、及びその遺伝様式を調査した結果、定説に反してそうした個体はZ染色体を1本しか持たず、基本的にメス型のゲノムを持っていることが明らかとなった（図1）。
- 昆虫病原糸状菌に対する抵抗性候補遺伝子をカイコで同定した。さらにTALエンドヌクレアーゼを用いてこの遺伝子に欠失を生じさせたカイコを作出し、糸状菌接種による感受性調査を行ったところ、野生型カイコと比較し、有意に感受性が高まることが示された。
- トビイロウンカが媒介するイネ病原ウイルスであるイネグラッシースタントウイルスのコートタンパク質とトビイロウンカの細胞質アクチンタンパク質が結合することをプルダウンアッセイ法で確認した。また、別のイネ病原ウイルスであるイネラギッドスタントウイルスの感染量の増大によって有意に発現量が上昇するトビイロウンカ遺伝子を2種類同定した。
- 果樹の重要害虫ゴマダラカミキリに有効な防除法を開発するために、防除資材としてコンタクトフェロモンの可能性を検討した。必須成分と推定されたゴマダラクトンCの合成に初めて成功し（図2）、ゴマダラクトンCにメス粗抽出物に匹敵する高いコンタクトフェロモン活性が確認された。立体異性体にも同等の活性が認められ、より単純な化学構造の類縁体にも反応する可能性が示唆された。
- 土着天敵ヒメハナカメムシ3種について、オクラ真珠体への反応を分析した結果、ナミヒメハナカメムシの定着行動が真珠体に依存していることが判明した（図3）。コヒメハナカメムシの性フェロモンの探索を行った結果、成熟メス足跡に含まれるモノアルケン的一种がオスの定着行動を解発することが判明した。また、ナス露地圃場に405nmのLED照明装置を設置して、ナミヒメカメムシの光による誘引・定着効果の実証試験を実施した（27年度主な研究成果-8）。
- 野外生態系における捕食を介した種間相互作用（食物網）を解明するために、天敵特異的なペプチド核酸プローブと昆虫群特異的なユニバーサルプライマーを用いたPCRクランピング法を新たに開発した。この技術によって、野外採集した捕食性天敵ヒメハナカメムシの中腸に残存する被捕食昆虫の未消化DNAを簡便かつ網羅的に増幅することが可能になった。

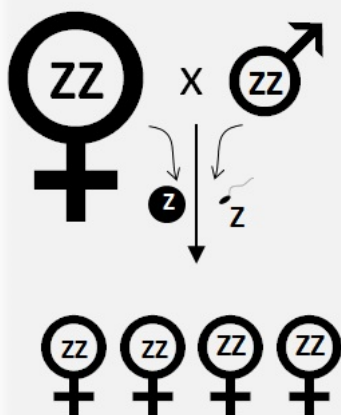
	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(2) ⑤	B	重要害虫ゴマダラカミキリの防除に資するため、コンタクトフェロモンの必須成分と推定されるゴマダラクトンCを合成し、コンタクトフェロモンとしての活性も確認された。また、ボルバキアによるキチョウのメス化機構を解明し、土着天敵ヒメハナカメムシ類について足跡フェロモンの同定、LED照明による誘引・定着効果を実証するなど、研究は概ね計画通り進捗した。

正常系統



メスばかりの系統

従来の仮説



今回分かった機構

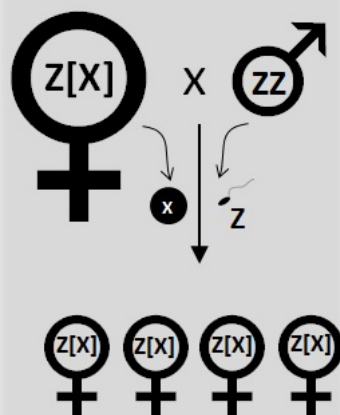


図1 キチヨウの正常系統では、カイコ等と同様に雌ヘテロ型の性決定機構を持っている(左)。従来、ボルバキアの影響でメス化し、メスばかりを産む系統は、遺伝的なオス(ZZ個体)がメスに性転換されていると考えられていたが(中)、本研究により、こうした系統は正常なメスと同様にZ染色体を1本しか持たないことが明らかとなった。また、こうした系統は抗生物質処理によりオスになることから、これらの個体のゲノムは基本的にメス型であるが、メス決定機能の欠損をボルバキアが補完していると考えられる(右)。図中の[X]はメス決定機能が欠損したゲノムセットを示す。

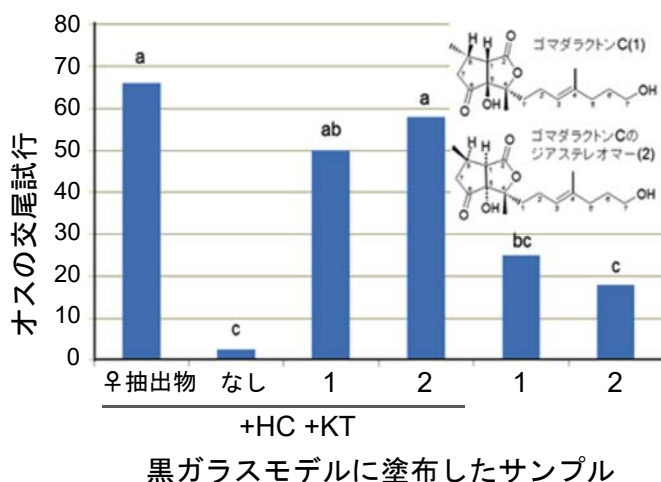


図2 ゴマダラカミキリ接触フェロモンの効果

合成フェロモンを塗布したガラスモデルへの雄成虫の交尾試行率(%)を示した。HC:合成炭化水素8成分混合、KT:合成ケトン3成分。左側4区はHC,KTとの混合塗布、右側2区は単独塗布。合成フェロモンは混合塗布すると対照区に比べて交尾行動の誘発作用が認められた。(P<0.05; paired χ^2 test)。

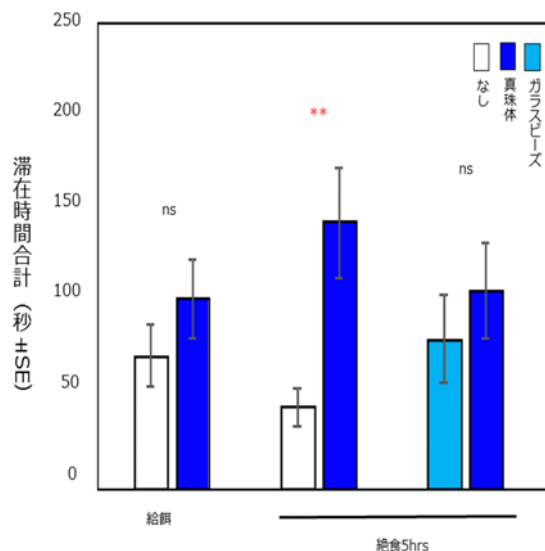


図3 真珠体のナミヒメカメムシ定着作用
葉片上にオクラ真珠体あるいはガラスビーズを乗せて、滞在時間を調査した。無処理区に比べて、オクラ真珠体を置いた葉片には無給餌状態のナミヒメカメムシが長時間滞在したことから、オクラ真珠体には誘引・定着作用が認められた。

⑥ 動物の生体防御に関わる分子機構の解明

中期計画

家畜における病原体の感染防御等に資するため、動物における病原体の認識や免疫シグナル応答等の生体防御に関わる細胞・分子機構を解明する。また、生体防御に関わるパターン認識受容体等の遺伝子多型を解析し、リガンドの認識等との関連を解明する。さらに、生体防御や病態発生等の解析・評価系として活用できる新規動物細胞株や細胞応答能を有する高次組織培養モデル系とその利用法の開発を進める。

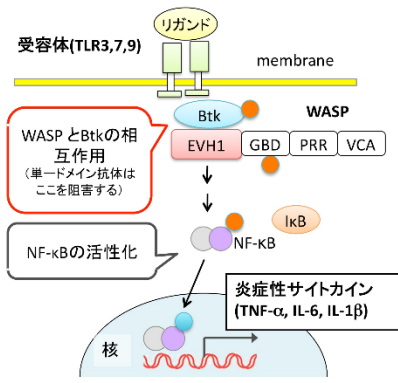
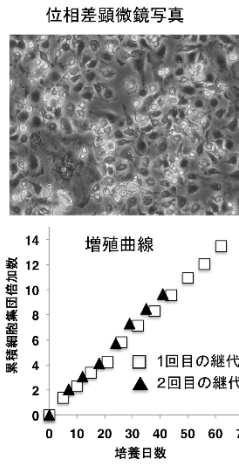
【研究資源】 研究員数：6.4人、ポスドク数：1.0人、研究資金：35.3百万円

【論文・特許等】 原著論文：10、IF合計値：29.827、IF平均：2.98、特許：5（出願：3、登録：2）

(中課題実績)

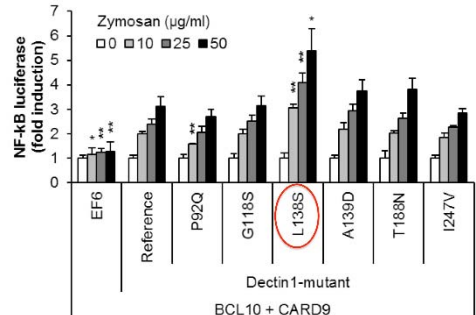
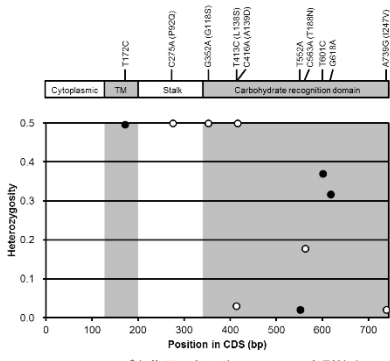
1. 生体防御や病態発生等の解析・評価系として活用できる新規動物細胞株として、ブタ腎臓組織の初代混合培養系から単離したマクロファージに対して、レンチウイルスベクターを用いた不死化遺伝子（SV40T 及びブタ TERT の遺伝子）の導入を行い、安定的に増殖する細胞株を樹立した（図 1A）。この細胞株の集団倍加時間は約 3 日であり、マクロファージ特異的抗体により強く染色された。さらに蛍光ラテックスビーズの貪食、リポポリサッカライド刺激による炎症性サイトカインの産生・放出などブタ・マクロファージの特性が確認された。
2. 免疫シグナル伝達に重要な役割を果たすアダプター分子 WASP (Wiscott-Aldrich Syndrome protein)の機能解明を進めるため、WAS タンパク質の N 末端領域を標的とする単一ドメイン抗体を細胞内で発現する遺伝子組換えマウスから骨髄由来マクロファージ不死化細胞株を樹立した。これらの細胞株においては、Toll 様受容体 (TLR3, TLR7 及び TLR9) のシグナル伝達機能が阻害され、炎症性サイトカイン TNF α , IL-1 β , IL-6 の産生が大幅に抑制された。マクロファージにおいて WAS タンパク質の N 末端領域が TLR3, TLR7 及び TLR9 のシグナル伝達系において重要な役割を果たしていることを明らかにした（図 1B）。
3. 生体防御に関わるパターン認識受容体等の遺伝子多型を解析し、リガンドの認識等との関連を解明するため、真菌由来の β -グルカンを認識する受容体 Dectin-1 についてブタ（イノシシ）集団を検索したところ、6 箇所のアミノ酸置換を伴う多型を見出した（図 2A）。そのうち分子後半の炭水化物認識部位内に存在する多型 1 箇所（L138S）が、一般的な遺伝型の Dectin-1 と比較して約 2 倍にリガンド認識能を亢進させることを明らかにした（図 2B）。
4. 細胞応答能を有する高次組織培養モデル系として、コラーゲンビトリゲル膜チャンバーを用いた角膜透過性試験法を検討した。角膜上皮・内皮モデルの上側から化学物質を滴下した後に、下側への透過量を経時的に測定する基盤技術を開発し、モデル薬剤に対して動物の角膜と同等の透過係数が得られることを確認した（図 3A）。また、ヒト肝がん細胞株 HepG2 細胞を培養したコラーゲンビトリゲル膜チャンバーに、下面を気相とする界面培養を適用することで、肝特異的な機能や形態を迅速に賦活化できる培養法の開発に成功した（図 3B）。さらに、コラーゲンビトリゲル膜を使用した「ばんそうこう型人工皮膚」を開発した（27年度主な研究成果-9）。動物実験では、傷痕をほとんど残すことなく治癒されることを確認しており、生体適合性に優れた革新的な再生医療機器の開発が期待される（佐賀大学、祐徳薬品工業株式会社との共同）。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 2-(2) ⑥	A	ブタ腎臓組織から単離したマクロファージに対して、不死化遺伝子の導入を行い、安定的に増殖する細胞株を樹立した。また、コラーゲンビトリゲル膜については、チャンバーを用いた角膜透過性試験法について基盤技術を開発し、ばんそうこう型人工皮膚を開発し動物実験で良好な成果が得られるなど、研究は計画以上に進捗した。



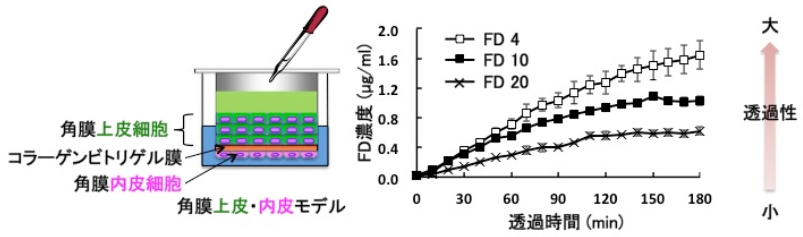
(A) ブタ・マクロファージ不活化細胞株の樹立 (B) マクロファージにおけるシグナル伝達経路におけるWASPの役割

図1 ブタ腎臓由来マクロファージ不活化細胞株の樹立と特性解析(A)、及びマクロファージシグナル伝達経路におけるWASP分子の役割解明(B) WASタンパク質のN末端領域がTLR3、TLR7及びTLR9のシグナル伝達と炎症性サイトカインの産生において重要な役割を果たす。

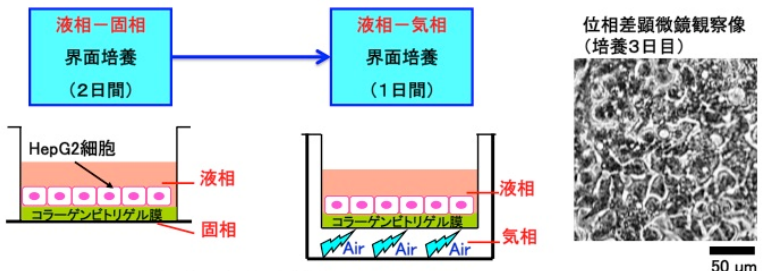


(A) ブタ集団におけるDectin-1の多型検出 (B) Dectin-1の多型とリガンド認識能の関連

図2 ブタ集団におけるDectin-1遺伝子の多型とリガンド認識能の関連 分子の後半部分に見つかった1箇所の多型(L138S)が、一般的な遺伝型のDectin-1と比較して約2倍にリガンド認識能を亢進させる。



(A) コラーゲンヒドロゲル膜チャンパー内に作製した角膜上皮・内皮モデルを用いた角膜透過性試験法



(B) HepG2細胞の迅速肝機能賦活化培養法

図3 コラーゲンヒドロゲル膜チャンパー内に作製した角膜上皮・内皮モデルを用いた角膜透過性試験 (A) 及び HepG2 細胞の迅速肝機能賦活化培養法 (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

分野（大課題）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」

中期目標

農業と関連産業との連携等により新たな付加価値を生み出す農業・農村の6次産業化を進める観点から、バイオテクノロジー等の先端技術を活用して農業生物の潜在力を医療分野などに展開し、新産業・新需要の創出を推進することが重要である。このような新たな分野を切り開いていくためには、新しい技術に対する安全性の確保や国民の理解促進を図りつつ、従来の農業研究の枠を超えて、医学、薬学、工学などの他分野との融合・連携を図るとともに、民間企業へ円滑に研究成果を受け渡し、事業化を進める必要がある。

このため、健康機能性成分や医薬品成分を産生する作物等を開発するとともに、それらの実用化に向けて有効性や安全性に関する知見を集積する。また、昆虫及び動物を用いた医薬品・医療用新素材などの有用物質生産技術や高機能絹糸の実用化に向けた大量生産技術、医療用実験動物等を開発する。さらに、効率的な遺伝子組換え生物の作出に向けて遺伝子ターゲティング法等による遺伝子組換え技術の高度化を図るとともに、昆虫の持つ独特の生体防御機構など、農業生物に特異的で有用な生物機能を解明し、それを利用するための技術を開発する。

中課題毎の中期計画

① 遺伝子組換え作物の開発技術の高度化とその利用

遺伝子組換え技術を用い、健康機能性成分や医薬品成分等の有用物質を産生する作物等、植物・動物・昆虫・微生物が有する機能を利用した新機能作物を開発する。スギ花粉症治療米については、外部機関と協力して医薬品開発の制度に則った非臨床試験及び臨床試験に取り組み、ヒトでの安全性に関する知見を集積する。また、有用物質を産生する遺伝子組換え作物の産業利用に向けて、植物細胞中の有用物質の蓄積量の操作や効率的な精製に必要な技術開発を進める。

② 遺伝子組換えカイコの高度利用技術の開発

遺伝子組換えカイコの産業利用を進めるため、組換えマーカー及びベクターの開発に加え、遺伝子ターゲティング法や部位特異的遺伝子組換え法の開発等により遺伝子組換え技術の高度化を図るとともに、遺伝子破壊系統等の変異系統を作出し、タンパク質の修飾や生産能向上等に関わる遺伝子の機能解析を進める。これらを基盤として、ヒト・動物医薬品として活用できる有用タンパク質の遺伝子組換えカイコによる生産技術の高度化及び遺伝子組換え高機能シルクの大量生産技術等の開発を行い、外部機関と連携して実用化を進める。

③ 遺伝子組換え家畜の高度利用技術の開発

家畜の遺伝子組換え技術とクローン技術の高度化により作出効率の改善を図るとともに、これらの技術を用いて高度免疫不全、癌モデル、血管病態モデル等の遺伝子組換えブタを作出し、外部機関と連携して、その特性評価を行い、再生医療・生活習慣病研究等への利用を進める。また、遺伝子組換えブタの効率的な維持・保存技術を開発する。

④ 生物素材の高度利用技術の開発

シルクタンパク質等を原料としたスポンジ、フィルム、チューブ等を用いて、軟骨再生材料や創傷被覆材、人工血管等の医療用材料や香料材料等生活の質的向上を目的とした新素材を開発する。そのために、原料となるタンパク質の材料化プロセスの開発、物性の解析、生体適合性の評価を行う。また、遺伝子組換え技術や化学修飾法を利用したシルクタンパク質の改変や新機能の付与により、高強度高弾性シルク材料、生体親和性を有するシルク材料等を開発する。

⑤ 昆虫特異的な機能の解明と利用技術の開発

昆虫が様々な環境に適応する過程で獲得した特異機能を発現するペプチドやタンパク質の分子機構を解明し、その利用技術を開発する。特に、ウイルスや細菌感染に対する免疫応答機構やその関連分子の作用機構を解明するとともに、昆虫抗菌タンパク質を改変した抗菌性素材等を開発する。また、ネムリユスリカの極限乾燥耐性に関わる遺伝子機能を解析するとともに、乾燥ストレスによる生体分子の損傷を修復する分子機構を解明し、その仕組みを利用した生体成分や細胞の保存技術を開発する。

主要な経年データ						
① 主な参考指標情報						
		23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
	原著論文数	51	60	54	44	46
	IF 合計	123.230	189.445	135.061	126.265	186.5
	総説	15	7	9	11	8
	国内特許出願・登録	9・6	10・10	11・6	8・4	11・6
	品種登録出願・登録	0・0	0・0	0・0	0・0	0・0
	プレスリリース数	1	5	1	6	1
② 主要なインプット情報						
	投入金額(千円)	464,600	366,300	295,900	321,700	186,500
	うち交付金	92,600	104,600	101,200	84,700	43,100
	人員(常勤職員数)	40.57	40.90	38.70	37.50	38.30
	人員(ポストク)	15.00	10.50	6.00	7.50	2.90

主な業務実績等・自己評価	
主な業務実績等	自己評価
<p><主な業務実績></p> <p>遺伝子組換え作物の開発技術の高度化とその利用に関しては、まず、スギ花粉症治療米の開発に関して、治験の実施を目指し、外部機関と協力して臨床試験実施体制の構築準備を進めるとともに、治験薬製造に向け、農林水産大臣・環境大臣に、スギ花粉症治療イネの第一種使用規程の承認申請を行った。総合検討会での検討が終わり、パブコメにかけられている。生物研で定めた栽培管理の自主基準(NIAS-GMFP)に従って、スギ花粉症治療米を生物研隔離ほ場で栽培し、約300kg(粗もみ重)のコメを収穫した。有用物質を産生する作物の開発に関しては、ヒトインターロイキン-10(hIL-10)発現米をモデルマウスに投与して生理活性が確認され、経口投与による腸炎治療の可能性が示された。有用組換えタンパク質をより安定的にコメに高集積させるため、小胞体ストレス応答機構の解析を進め、2種類のmRNAの分解経路を明らかにした(27年度主な研究成果)。コガネムシ幼虫に効果がある土壌細菌由来の殺虫タンパク質Cry43Aa1を葉緑体で発現させたタバコを用いて隔離ほ場栽培実験を行い、実用化に向けて栽培コストを算出した。</p> <p>遺伝子組換えカイコの高度利用技術の開発に関しては、まず、遺伝子組換え技術の高度化に関して、転写活性化因子TALEアクチベーターを用いたバイナリー発現系のベクター開発に成功し、組換えタンパク質発現量が従来の発現系に比べて最大12倍に向上した。抗休眠ホルモン抗体を蛹に投与することで、実用品種で安定的な卵非休眠化の誘導と高い卵孵化率を得ることに成功し、実用品種での遺伝子組換え効率を実用</p>	<p>評定： <u>A</u></p> <p><中期目標に照らし合わせた成果の評価></p> <p>スギ花粉症治療米の開発に関しては、臨床試験実施体制の構築準備を進めるとともに、治験薬製造に向け、スギ花粉症治療米の医薬品としての実用化の道筋を明らかにして農林水産大臣・環境大臣にスギ花粉症治療イネの第一種使用等規程の承認申請を行い、総合検討会を通ったことは評価できる。有用物質生産技術に関しては、小胞体ストレス応答機構の解明、シグナル伝達因子の同定が進んでおり、今年度の計画は予定通り進捗した。</p> <p>①遺伝子組換えカイコの開発技術の高度化では、TALEアクチベーターによる発現量向上や抗休眠ホルモン抗体の利用による実用品種の組換え効率の飛躍的な向上等、②遺伝子機能解析では、絹タンパク質の発現制御メカニズムの解明等、③医薬品開発では、動脈硬化や糖尿病の検出キットに使われる試薬の発現等、④遺伝子組換え高機能シルクの実用化では、群馬県のパイロット施設で組換えカイコの第一種使用等飼育試験開始、新たに3種類の組換えカイコで第一種使用等規程承認申請等、今年も基礎から実用化まで計画を上回るめざましい成果を上げた。予算についても、複数の企業と共同研究契約を結び研究資金を獲得している。その他、組換えシルクの実用化に向けた取り組み、日本育種学会賞の受賞、昨年度のヒカリ展に続き、今年度は、グッチ新宿店でのスプツニ子!展や農林水産省消費者の部屋での特別展示、各種メディアへの出演等、積極的な情報発信は高く評価できる。</p> <p>遺伝子組換え家畜の高度利用技術の開発に関しては、外部機関と共同で医用モデルブタとしての実績が蓄積され始めたので、その成果をアピールすることで今後の展開が期待できる。そのためにはミニブ</p>

レベルにまで上がった。生産能向上に関わる遺伝子の機能解析において、カイコの中部絹糸腺と後部絹糸腺でそれぞれ主要な絹タンパク質遺伝子の発現制御に機能している転写因子を同定した(27年度主な研究成果)。遺伝子組換えカイコによる有用タンパク質生産では、動脈硬化や糖尿病血管障害の検出に用いる受容体タンパク質をカイコで発現させ、簡便な検出法の開発に貢献した。遺伝子組換えカイコ(緑色蛍光絹糸)の第一種使用等での飼育実験を、群馬県研究施設内の隔離飼育区画で、より養蚕農家に近い環境及び方法で実施し、成育や行動の特性評価を行い、生物多様性影響評価等のデータを収集した。生物研では、新たに橙色蛍光タンパク質含有絹糸を生産するカイコ等の3種類の遺伝子組換えシルク系統について、第一種使用規程の承認申請を行った。

遺伝子組換え家畜の高度利用技術の開発に関しては、まず、遺伝子組換えブタの作出に関して、高度免疫不全ブタを用いて外部機関と共同で担がんモデルの開発を行った。遺伝子組換えブタの効率的な維持・保存技術を開発するため、顕微授精や体細胞核移植などの発牛工学手法で卵活性化因子として同定されたブタ PLC ζ の機能解析を行った。遺伝子組換えブタの生活習慣病研究への利用を進めるため、高脂血症/動脈硬化症モデルブタをミニブタ化し系統造成を行った。

生物素材の高度利用技術の開発に関しては、まず、生活の質的向上を目的とした新素材の開発に関して、昨年度作出したクモ糸シルクの性能向上に向け、導入したクモ糸遺伝子をホモ化した系統を樹立することで、クモ糸タンパク質の含有量が向上した系統を作出することに成功した。材料化プロセスの開発、物性の解析に関して、医療用途に適したフィブリン原料として、エンドトキシンの混入を遮断したプロセスで高純度フィブリンフィルムを作製する技術を開発した。従来のフィルムとは物性も異なっており、構造解析の結果から β シート構造の形成が起因していることを明らかにした。ホーネットシルクゲルフィルムの高次構造の精密解析を行い、高い周期性を持つコイルドコイル構造の形成が優れた物性発現に関わっていることを明らかにした。遺伝子組換え技術や化学修飾法を利用したシルクタンパク質の改変や新機能の付与に関して、単分子抗体(scFv)を融合したアフィニティーシルクの抗体の種類を増やすとともに、ELISAに適用した際のバックグラウンドを実用化レベルまで抑えることに成功した。また、アジド基をもつ非天然アミノ酸(AzPhe)を導入したシルクを生産し、糸・フィルム・スポンジの3つの材料形態へ加工した。いずれの材料形態にお

タ化が重要であり、埼玉県や茨城県と共同でミニブタ系統の造成が進んでいることは評価できる。計画はほぼ予定通り進捗した。

昨年大きな反響を呼んだクモ糸シルクについては、今年度クモ糸成分を増加させたり、高強度品種へ導入したりしてさらに発展させている。材料化プロセスの開発、物性の解析に力を入れ、アジド基をもつ非天然アミノ酸導入シルクの材料化やホーネットシルクの機能性の特徴が物性である程度説明できるようになったことは応用に向けても貴重な情報である。計画を上回る進捗であった。SATREPS(地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム)とImPACT(革新的研究開発推進プログラム)に採択されたことや実用化に向けた企業との共同研究、貞明皇后記念蚕糸科学賞の受賞、シンポジウム、講演会、各種メディアへの出演による広報活動等、積極的な情報発信は高く評価できる。

昆虫特異的な機能の解明と利用技術の開発に関しては、カイコ独特のフラボノイド代謝を明らかにし、その活用方法を開発した。組換えカイコ由来のウシGM-CSFが、乾乳期の投与でも効果が認められ、またバキュロウイルス発現系由来のものより効果が高いことも分かり、企業が関心を示していることは実用化に向けて期待が持てる。懸案であったナイジェリアとネムリユスリカのMTAを締結したことで、研究にも弾みが付くと良い。順調に進捗した。

<開発した技術等の普及状況や普及に向けた取組>

スギ花粉症治療米に関して、医薬品としての実用化の道筋を明らかにして農林水産大臣・環境大臣にスギ花粉症治療イネの第一種使用規程の承認申請を行い、総合検討会を通った。

遺伝子組換え高機能シルクの実用化では、群馬県のパイロット施設で組換えカイコの第一種使用等飼育試験を開始し、そこで生産されたシルクについて多くの企業から試作品生産の申込みがある。また、新たに3種類の組換えカイコで第一種使用規程承認申請を行った。さらに、遺伝子組換えカイコの作成に関しても、オープンラボで多くの企業からの要望に応えている。

シルク化粧品の開発では、フィブリン溶液の製造技術を民間企業に技術移転してホーネットシルクの爪美容液を開発し、早期の上市化を見込んでいる。

遺伝子組換えカイコで調製したウシ由来顆粒球マクロファージ・コロニー刺激因子(boGM-CSF)については、既存のバキュロウイルス発現系で調製した組換えboGM-CSFより高い治療効果を示したため、動物医薬品企業に関心を示し、共同で開発を進めている。

<p>いても、アジド基選択的にクリック反応が進行することを明らかにした。</p> <p>昆虫特異的な機能の解明と利用技術の開発に関しては、まず、特異機能を発現するペプチドやタンパク質の利用技術の開発に関して、緑色繭を作るカイコ品種でフラボノイドの代謝や組成を制御する遺伝子の解析を行うとともに、従来の系統より4倍以上のフラボノイドを含み、抽出・精製効率の高いカイコ系統を作出することに成功した。遺伝子組換えカイコ発現系にて大量調製を行ったウシ由来顆粒球マクロファージ・コロニー刺激因子 (boGM-CSF) の乳房炎自然感染牛に対する有効性を関係機関と共同で解析したところ、バキュロウイルス発現系で調製した組換え boGM-CSF より高い治療効果を示した。シルク結合ペプチドによって表層にシロアリ由来セルラーゼを固定化したシルクのセルラーゼ活性を評価し、セルラーゼ固定化シルクリアクターは、可溶性セルロースの連続分解が可能なが示された。ネムリユスリカの極限乾燥耐性に関わる遺伝子機能の解析に関して、強い遺伝子誘導活性を示す Scaf121 プロモーターを単離し、その遺伝子機能解析ツールとしての有用性を確認した。また、LEA タンパク質が乾燥過程において生体分子の凝集による変性を妨げる機能を有することを見出した。</p>	<p><工程表に照らし合わせた進捗状況></p> <p>遺伝子組換えカイコに関しては、基盤技術開発、遺伝子機能解析、医薬品等の開発、組換えシルクの実用化、新機能素材開発のいずれにおいても計画以上に進展した。その他の課題についても順調に進捗した。</p> <p><研究開発成果の最大化に向けて></p> <p>人材育成が順調に進んでおり、今年度は若手研究者が、NIAS 研究奨励賞や日本シルク学会研究奨励賞を受賞している。また、遺伝子組換えカイコユニットや新機能素材ユニットでは、大学や企業と多くの共同研究を行い、研究成果の実用化に向けて技術支援や技術移転を精力的に行った。医用モデルブタユニットでは、作出した医用モデルブタを医学部の先生方に提供し、ガンや生活習慣病等の治療法の開発や病態解析に活用されている。また、センター内、あるいは他のセンター、領域のユニットとの連携・協力関係も深化し、ユニットを跨いだ成果が増えてきた。</p> <p>以上、全体としては計画を上回る成果を上げており、評価をAとする。</p>
--	--

① 遺伝子組換え作物の開発技術の高度化とその利用

中期計画

遺伝子組換え技術を用い、健康機能性成分や医薬品成分等の有用物質を産生する作物等、植物・動物・昆虫・微生物が有する機能を利用した新機能作物を開発する。スギ花粉症治療米については、外部機関と協力して医薬品開発の制度に則った非臨床試験及び臨床試験に取り組み、ヒトでの安全性に関する知見を集積する。また、有用物質を産生する遺伝子組換え作物の産業利用に向けて、植物細胞中の有用物質の蓄積量の操作や効率的な精製に必要な技術開発を進める。

【研究資源】 研究員数：4.7人、ポスドク数：1.4人、研究資金：37.6百万円

【論文・特許等】 原著論文：8、IF合計値：27.219、IF平均：3.40、特許：1（出願：0、登録：1）

(中課題実績)

- スギ花粉症治療米の開発に関しては、治験の実施を目指し、外部機関と協力し、臨床試験実施体制の構築準備を進めた。また治験薬製造に向け、スギ花粉症治療米の実用化時の栽培管理体制等を明確にした後、農林水産大臣・環境大臣に、スギ花粉症治療イネの第一種等使用等規程の承認を申請した。策定した農業生物資源研究所の定めた栽培自主基準（NIAS-GMFP）に従って、生物研隔離ほ場での野外栽培を管理し、前臨床試験等で用いる試料として、約300kg（粗もみ重）のスギ花粉症治療米を収穫した。
- in vitro*にて生理活性保持が示唆された、RSIS 活用型ヒトインターロイキン-10（hIL-10）発現イネ種子について、腸炎発症型 IL-10 KO マウスへの経口投与試験を実施して、*in vivo*でのhIL-10 種子の生理活性を明らかにするとともに、hIL-10 種子の経口投与により、従来困難とされてきた腸炎治療の可能性を示した（図1）。
- 有用組換えタンパク質をより安定的に高集積させるため、組換えタンパク質の細胞内輸送時の通り道となる小胞体におけるストレス応答（小胞体ストレス応答）に関する研究を進めた結果、イネ小胞体ストレス応答関連遺伝子発現誘導には、IRE1/OsbZIP50 を介する経路と S1P、S2P/OsbZIP39、OsbZIP60 を介する経路があり、①IRE1/OsbZIP50 依存的に発現する遺伝子群、②S1P、S2P/OsbZIP39、OsbZIP60 依存的に発現する遺伝子群、③両方の経路により、冗長的に発現する遺伝子群に分類されることを明らかにした（図2、27年度主な研究成果-10）。また IRE1 タンパク質において、小胞体ストレスが強まった際、一部の分泌タンパク質や種子貯蔵タンパク質遺伝子の mRNA を分解する機能（RIDD）を有することを示した。
- Paenibacillus popilliae Semadara* 株由来の殺虫タンパク質を過剰発現する葉緑体形質転換タバコを作成し、蓄積量、殺虫効果を確認した。その後、第一種使用等の承認を得て隔離ほ場栽培を行い、特性調査を実施した（図3）。葉緑体形質転換タバコでは初期生育の遅れが確認されたが、最終的なバイオマス量は非形質転換体と差が見られなかった。また、生産された Cry43Aa1 タンパク質量に関するデータを得、実用化に向けたコスト計算を実施した。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 3- ①	B	スギ花粉症治療米の開発に関して、スギ花粉症治療イネの第一種使用規程の承認を申請するとともに、前臨床試験等で用いる試料として、約300kg（粗もみ重）のスギ花粉症治療米を収穫した。殺虫タンパク質を過剰発現する葉緑体形質転換タバコを作成し、第一種使用等の承認を得て隔離ほ場栽培を行い、特性調査を実施するなど計画は概ね計画通り進捗した。

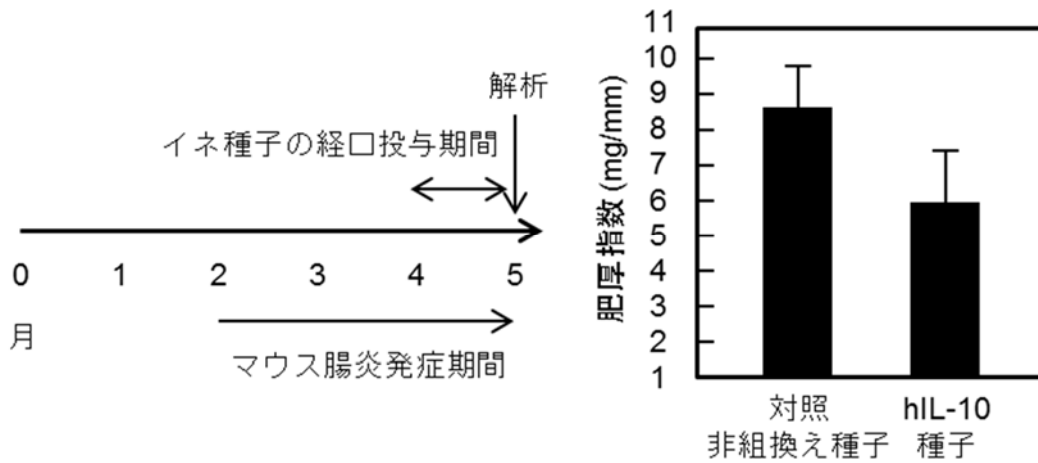


図1 hIL-10 種子の経口投与によるマウス腸炎の治療効果

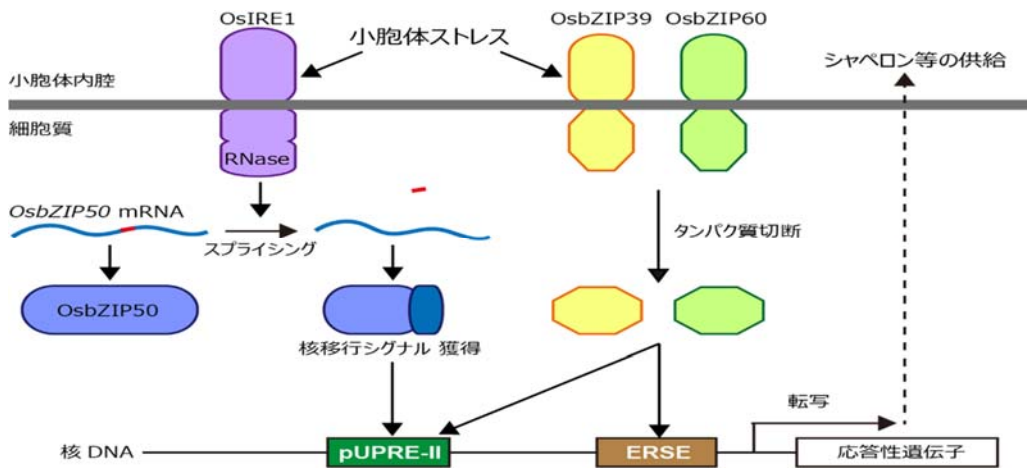


図2 イネ小胞体ストレス応答機構

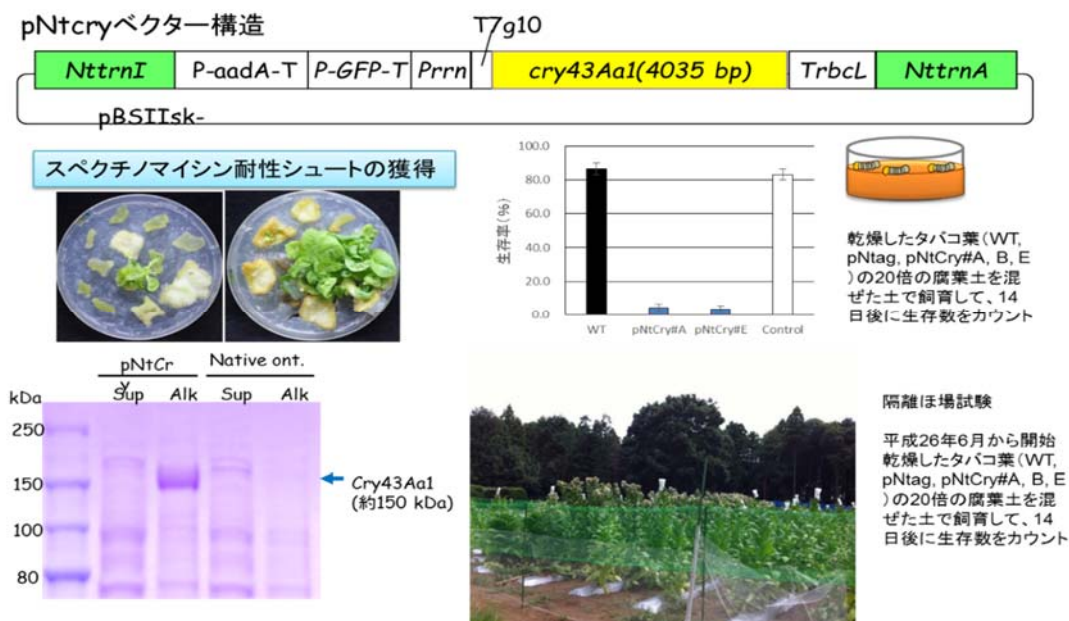


図3 Cry43Aa1 発現葉緑体形質転換タバコの作出と特性調査

② 遺伝子組換えカイコの高度利用技術の開発

中期計画

遺伝子組換えカイコの産業利用を進めるため、組換えマーカー及びベクターの開発に加え、遺伝子ターゲティング法や部位特異的遺伝子組換え法の開発等により遺伝子組換え技術の高度化を図るとともに、遺伝子破壊系統等の変異系統を作出し、タンパク質の修飾や生産能向上等に関わる遺伝子の機能解析を進める。これらを基盤として、ヒト・動物医薬品として活用できる有用タンパク質の遺伝子組換えカイコによる生産技術の高度化及び遺伝子組換え高機能シルク的大量生産技術等の開発を行い、外部機関と連携して実用化を進める。

【研究資源】 研究員数：12.9人、ポスドク数：0.1人、研究資金：77.9百万円

【論文・特許等】 原著論文：19、IF合計値：67.719、IF平均：3.56、特許：11（出願：8、登録：3）

(中課題実績)

1. DNA結合部位を設計可能な転写活性化因子 TALE アクチベーターを用いたバイナリー発現系のベクター開発に成功した（図1）。従来の発現系で問題だった細胞毒性が回避され、組換えタンパク質発現量は最大12倍となった。また、DNA結合部位を変えることで組織別に異なるバイナリー発現系の構築が可能であり、今後、有用遺伝子の組織別発現への利用が期待される。
2. 農家で飼育可能な実用品種での直接かつ効率的な遺伝子組換え法を開発した。実用品種は通常年一化性（休眠卵）であり、遺伝子組換えを行う際には、卵を非休眠化する必要があるが、従来法では低効率であった。今回、抗休眠ホルモン抗体を蛹に投与することで、安定的な卵非休眠化の誘導と高い卵孵化率を得ることに成功した。この方法により、実用品種を直接遺伝子組換えすることが容易となり、遺伝子組換え系統の育種期間を数世代短縮できる。
3. 絹タンパク質の生産能向上に関わる遺伝子の機能解析において、カイコの中中部絹糸腺では転写因子 Antennapedia が、後部絹糸腺では転写因子 Arrowhead が、それぞれ主要な絹タンパク質遺伝子の発現制御に機能していることを明らかにした（図2、27年度主な研究成果-11）。これらの転写因子を強制的に働かせることで、有用タンパク質や遺伝子組換え高機能シルクの生産量の向上が期待できる。
4. 遺伝子組換えカイコによる有用タンパク質生産では、産学官連携で様々なタンパク質の生産・評価・利用法の開発が進んだ。例えば、動脈硬化に関わる酸化LDLや糖尿病血管障害を起こす終末糖化産物の受容体タンパク質をカイコで発現させ、受容体を用いた簡便な検出法が開発された。機能性食品の動脈硬化や糖尿病血管障害の予防効果の評価等への利用が可能である。
5. 遺伝子組換えカイコの第一種使用等（拡散防止措置を執らずに行う使用等）での飼育実験を群馬県で開始した。緑色蛍光タンパク質含有絹糸を生産するカイコについて、生物研で昨年に続き飼育実験を行うとともに、群馬県研究施設の隔離飼育区画（図3）で、より養蚕農家に近い環境及び方法での飼育実験を開始し、生育や行動の特性評価を行い、生物多様性影響評価等のデータを収集した。モニタリングでは、カイコと近縁野生種クワコとの交雑個体は見つからなかった。遺伝子組換えシルク的大量生産体制の確保と商品化の実現が期待される。
6. 新たに橙色蛍光タンパク質含有絹糸を生産するカイコ等の3種類の遺伝子組換えシルク系統について、第一種使用等規程の承認申請を行った。数年内に養蚕農家での遺伝子組換えカイコの飼育が開始され、各種高機能シルクの生産と商品化の拡大につながることを期待される。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 3- ②	S	TALE アクチベーターを用いた高発現、組織特異的ベクター、農家で飼育可能な実用品種での遺伝子組み換え法を開発した。また、群馬県で組換えカイコの第一種使用等を開始するなど、基礎から実用化までの幅広い分野で、研究は予定以上の大きな進捗が見られた。

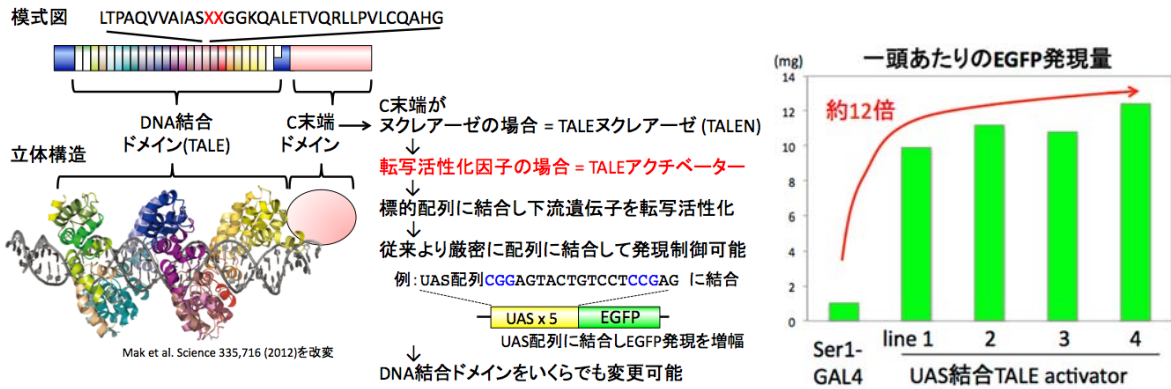


図1 DNA結合部位を設計可能な転写活性化因子 TALE アクチベーター（左）及びそれを用いたバイナリー発現系（TALE アクチベーター/UAS系）でのEGFPタンパク質発現例（右）

DNA結合ドメイン TALE に転写活性化因子をつないだ TALE アクチベーターで UAS 配列下流の遺伝子の発現を増幅させる系。従来の GAL4/UAS 系では、転写活性化因子 GAL4 の UAS 配列の結合特異性が弱く（UAS 配列の青字配列にのみ結合）、非特異的な遺伝子発現誘導による細胞毒性も見られた。TALE アクチベーターは UAS 配列結合特異性が高く、細胞毒性が回避され、UAS 下流遺伝子の発現量も大幅に上昇した。

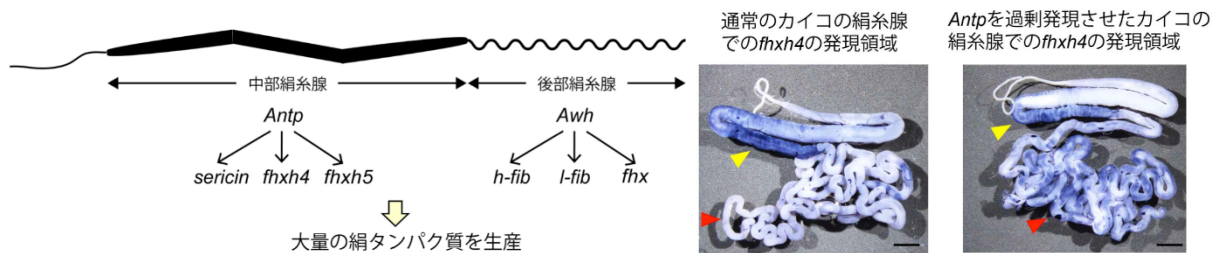


図2 絹糸腺での転写因子 Antennapedia (*Antp*) 及び Arrowhead (*Awh*) の働きを示した模式図（左）及び *Antp* の強制発現による *fhxh4* 遺伝子の発現誘導の結果（右）。

今回の解析により、*Antp* は中部絹糸腺で、*Awh* は後部絹糸腺でそれぞれ複数の主要な絹タンパク質遺伝子の発現を誘導していることが明らかになった。検証において、中部絹糸腺でのみ発現する *Antp* を後部絹糸腺で強制発現した結果、本来は中部絹糸腺でのみ発現する *fhxh4* 遺伝子（黄色矢印）を、後部絹糸腺で発現させることに成功した（赤色矢印）。



図3 養蚕農家に比較的近い環境及び方法での第一種使用等による遺伝子組換えカイコの飼育実験を行った群馬県研究施設内の隔離飼育区画。

群馬県蚕糸技術センター内の隔離飼育区画内のパイプハウス蚕室及びプレハブ蚕室において、各蚕室 60,000 頭ずつの飼育実験を 2 回実施した。桑の枝等の飼育残渣は、残渣処理室で粉碎処理を行った。また、クワコとの交雑の有無をモニタリングするためのクワコのオス成虫採集用のフェロモントラップが設置され、クワコが採集されたが、カイコとの交雑個体は見られなかった。

③ 遺伝子組換え家畜の高度利用技術の開発

中期計画

家畜の遺伝子組換え技術とクローン技術の高度化により作出効率の改善を図るとともに、これらの技術を用いて高度免疫不全、癌モデル、血管病態モデル等の遺伝子組換えブタを作出し、外部機関と連携して、その特性評価を行い、再生医療・生活習慣病研究等への利用を進める。また、遺伝子組換えブタの効率的な維持・保存技術を開発する。

【研究資源】 研究員数：3.9人、ポスドク数：0.0人、研究資金：10.6百万円

【論文・特許等】 原著論文：1、IF合計値：1.798、IF平均：1.80、特許：1（出願：0、登録：1）

(中課題実績)

1. 高脂血症/動脈硬化症モデルブタのミニブタ化について、家畜改良センターが開発したミニブタ（サクラコユキ）と LDLR-KO ブタを交配し、埼玉県と茨城県で系統造成を行っている。今年度、戻し交配による4代目の産子を得た。これらを交配し、産子が得られれば当初の計画が完了する見込みである（図1）。引き続き、形質（病態及び矮小性）の固定を行うとともに生産を進め、ミニブタ化されたモデルブタの評価を行う。新規の共同研究先（または顧客）を開拓し、民間での生産販売も検討する。また特許許諾によるライセンス収入を目指す。
2. ブタの精子幹細胞の系譜・機能を解明することで、精子幹細胞の活用、特に遺伝子組換え個体作出の新しい方法の開発が可能となる。出生直後から、造精がみられる成熟精巣まで、ブタにおいては PGP9.5 が一貫して gonocytes / spermatogonia のマーカーとなることを発見した。さらに Percoll 密度勾配遠心分離を行い、さらに Differential Plating での浮遊細胞を回収することで、PGP9.5 陽性細胞の濃縮に成功した（図2）。この方法でブタ精子幹細胞を効率よく回収できることが明らかとなった。
3. 顕微授精や体細胞核移植などの発生工学の手法において、卵の活性化の効率化が望まれている。PLCζは精子細胞質に存在し、マウスなど他のほ乳類では卵活性化因子として同定されている。昨年度、クローニングに成功したブタ PLCζの機能解析を行った。濃度依存的な活性化能（正常前核形成能及び胚盤胞形成率）が見られ、この遺伝子が卵活性化能を有することが明らかとなった（図3）。
4. 高度免疫不全ブタの開発は、ヒトの幹細胞の移植を可能とし、ブタ体内にてヒト型臓器が構築できる可能性を持つ。今年度は、外部機関と共同して担がんモデルの開発を開始した。まず、免疫不全ブタへがん細胞を皮下注入することでがん細胞の生着を確認し、次に肝臓にがん細胞をエコーガイド下で穿刺注入した場合も、がん細胞の生着が確認できた。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 3- ③	B	高脂血症/動脈硬化症モデルブタのミニブタ化については、ミニブタと交配し、戻し交雑により4代目の産子を得た。高度免疫不全ブタに関しては、免疫不全ブタへがん細胞を皮下注入し、あるいは肝臓にエコーガイド下で穿刺注入した後、注入したがん細胞の生着を確認するなど、研究は概ね計画通り進捗した。

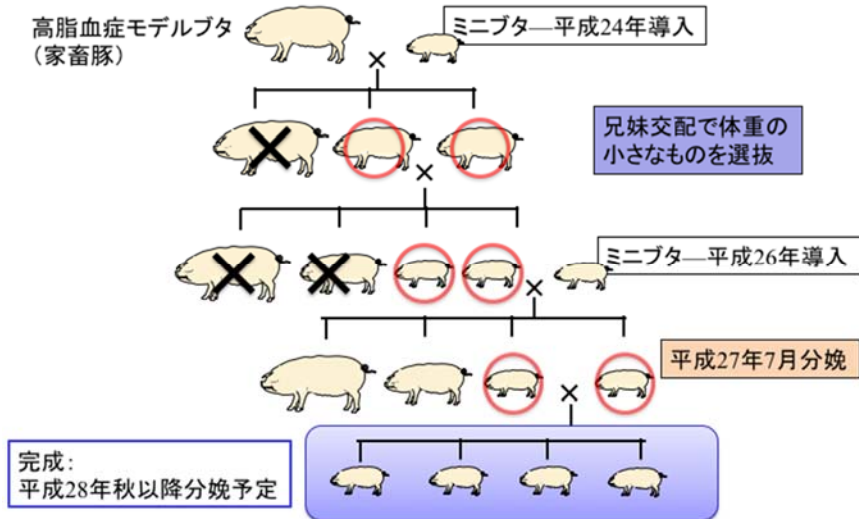


図1 モデルブタのミニブタ化

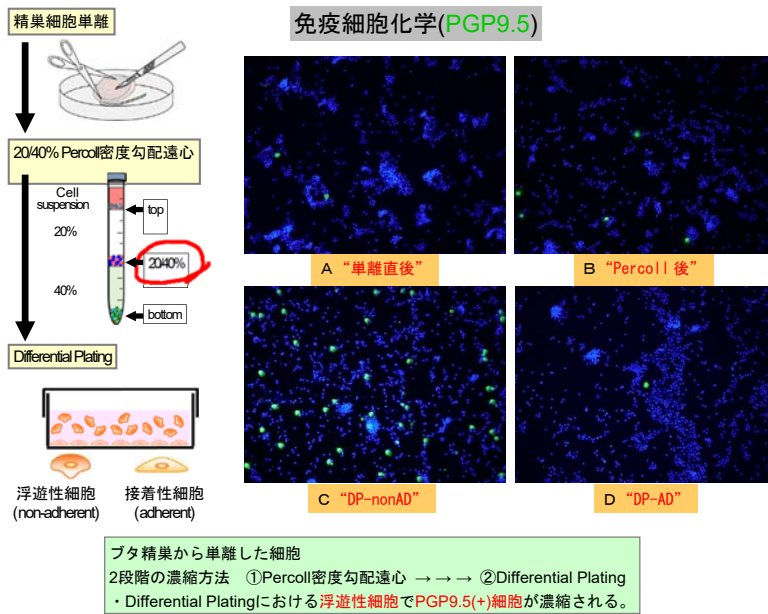


図2 新規マーカーPGP9.5によるブタ精子幹細胞の回収法

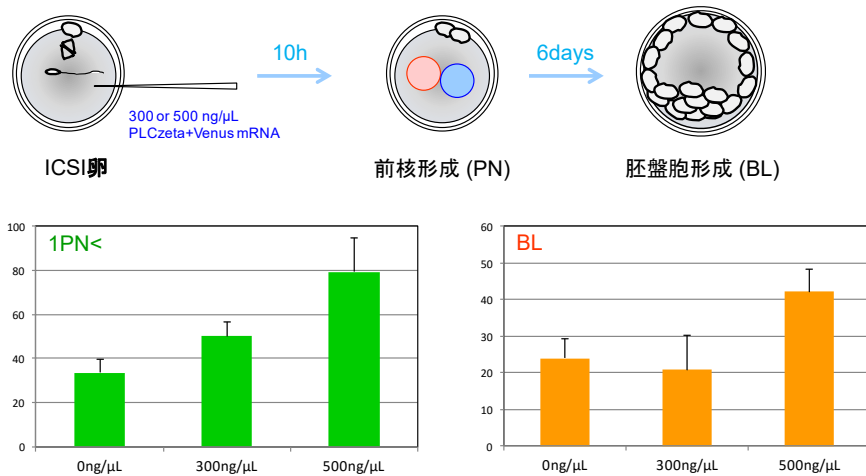


図3 ブタ PLCと機能解析

④ 生物素材の高度利用技術の開発

中期計画

シルクタンパク質等を原料としたスポンジ、フィルム、チューブ等を用い、軟骨再生材料や創傷被覆材、人工血管等の医療用材料や香料材料等生活の質的向上を目的とした新素材を開発する。そのために、原料となるタンパク質の材料化プロセスの開発、物性の解析、生体適合性の評価を行う。また、遺伝子組換え技術や化学修飾法を利用したシルクタンパク質の改変や新機能の付与により、高強度高弾性シルク材料、生体親和性を有するシルク材料等を開発する。

【研究資源】 研究員数：8.3人、ポスドク数：0.4人、研究資金：35.1百万円

【論文・特許等】 原著論文：11、IF合計値：29.148、IF平均：2.65、特許：4（出願：3、登録：1）

(中課題実績)

1. オニグモ牽引糸タンパク質を発現する2つの遺伝子組換えカイコ系統（中KH29c, 中KH30c）の交配F1（中KH29x30c）が持つ導入遺伝子（全てヘテロ）をホモ化した系統を樹立することで、クモ系タンパク質の発現量が向上した系統を作出することに成功した（図1）。中KH29x30cのsib交配を13世代繰り返すことでクモ系遺伝子が4座でホモ挿入された系統が樹立できた。
2. ゲノム編集によるシルク改変の可能性を実証するために、フィブロインH鎖遺伝子の反復領域を短縮したカイコ系統を作製し、分子量が野生型の約6分の1のフィブロインH鎖タンパク質からなる繊維を吐糸することを確認した。物性測定及び構造解析の結果、脆く切れやすい物性の原因が結晶構造の乱れにあることが示唆された（図2）。
3. 遺伝子組換えカイコ技術を利用して、絹タンパク質に直接抗体分子を融合・発現させ、抗体が持つ特異的な結合活性を有する新しいバイオ担体“アフィニティーシルク”について、これまでに6種類の抗原に対応する8種類のアフィニティーシルクを発現する遺伝子組換えカイコをそれぞれ系統化した。系統化したカイコの繭からシルク水溶液を得る方法や、絹糸腺からシルクタンパク質を得るための条件を確立した。
4. クリック反応による選択的な修飾が可能なアジド基をもつ非天然アミノ酸（4-アジドフェニルアラニン：AzPhe）を導入したシルクを生産し、糸・フィルム・スポンジの3つの材料形態へ加工した。いずれの材料形態においても、アジド基選択的にクリック反応が進行することが明らかとなり（図3）、材料成形後の選択的修飾が可能であることが示唆された。
5. 医療用途に適したフィブロイン原料として、ほぼ未分解のフィブロインを、脱セリシン過程では水を使わずに、エンドトキシンの混入を遮断したプロセスで高純度フィブロインフィルムを作製する技術を開発した。さらに、この方法で作製したフィルムは水に対して不溶性を示し（図4）、従来法で作製したフィルムとは物性が異なることが分かった。構造解析の結果からβシート構造の形成が起因していることを明らかにした。
6. ホーネットシルクの水溶液をゲル化させた後プレス成型することで得られるゲルフィルムは通常のキャストフィルムに比べ優れた力学物性を示す。この優れた物性発現のメカニズムを解明するため、高強度放射光X線を用いた詳細な構造解析を試みた。その結果、ゲルフィルムは高い周期性を有するコイルドコイル構造から形成され（図5(a)）、かつそれらが高度に面配向していることが明らかとなり（図5(b)）、このような高い秩序構造の形成がゲルフィルムの優れた物性発現を与えていることがわかった。

	評価ランク	コメント
自己評価 中課題 3- ④	A	クモ系シルクを産出する遺伝子組換えカイコについては2つの系統の13代にわたる交配ですべての遺伝子座がホモ化した系統を樹立し、クモ系タンパク量が増加したことを確認した。また、絹タンパク質に抗体分子を融合・結合させたアフィニティーシルクの利用法の開発、高純度フィブロインフィルム、ホーネットシルクについて物性のメカニズム解析等を行うなど、研究は計画以上の進捗がみられた。

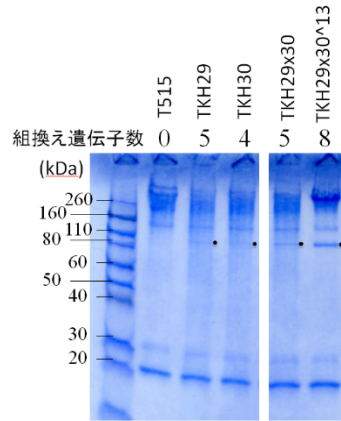
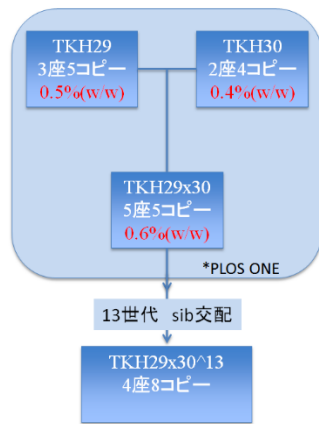


図1 クモ糸シルク系統の系統関係（左）と、それぞれのシルクにおけるクモ糸タンパク質発現量

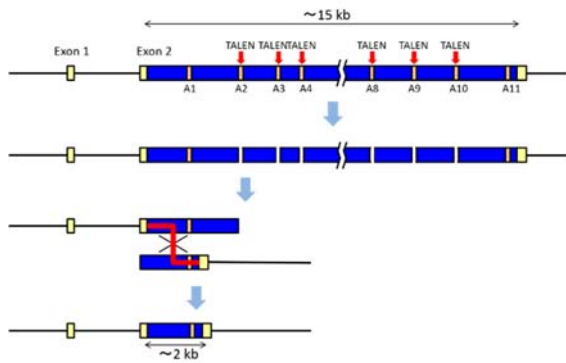


図2 フィブロイン H 鎖遺伝子の短縮. 11 か所の非結晶領域 (A1~A11) のうち、A2~A10 を特異的に切断する TALEN でフィブロイン H 鎖遺伝子を切断したところ、ホモロジーを利用した修復により 15kb の反復領域が 2kb に短縮された系統が得られた。

AzPhe 導入シルクを、下記の 3 種の材料形態へ加工



機能成分のモデルとして、蛍光分子（緑 or 赤）を結合

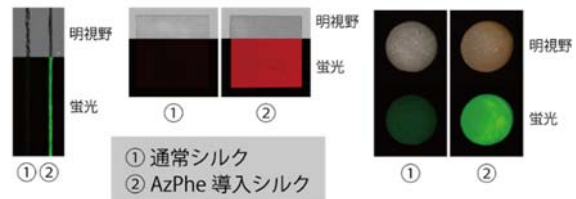


図3 4-アジドフェニルアラニン (AzPhe) を導入したシルクを3種の材料形態（糸・フィルム・スポンジ）へ加工し、蛍光分子とのクリック反応を行った。いずれの材料形態においても、通常シルクと比較してAzPhe導入シルクではより強い蛍光が観察されたことから、アジド基選択的にクリック反応が進行することが確認された。

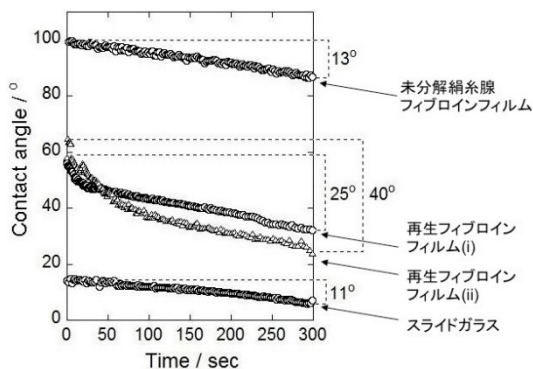


図4 本研究で開発した「未分解フィブロインフィルム」、従来法で作製した「再生フィブロイン(i)、(ii)」、および「スライドガラス」の水の接触角を経時的に測定

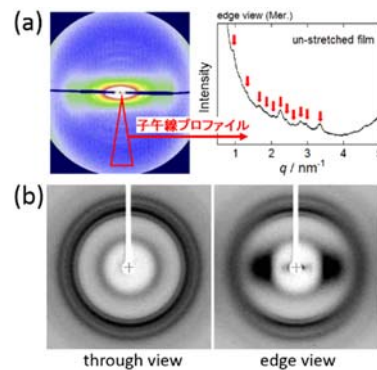


図5 (a) ホーネットシルク・ゲルフィルムの小角 X 線散乱パターン（左）とその子午線プロファイル（右）。赤い矢印で示した散乱ピークは、コイル構造の周期性を反映。(b) ゲルフィルムの through 方向（左）および edge 方向（右）よりビームを入射し測定した広角 X 線回折パターンの比較（面配向性を示す）。

⑤ 昆虫特異的な機能の解明と利用技術の開発

中期計画

昆虫が様々な環境に適応する過程で獲得した特異機能を発現するペプチドやタンパク質の分子機構を解明し、その利用技術を開発する。特に、ウイルスや細菌感染に対する免疫応答機構やその関連分子の作用機構を解明するとともに、昆虫抗菌タンパク質を改変した抗菌性素材等を開発する。また、ネムリユスリカの極限乾燥耐性に関わる遺伝子機能を解析するとともに、乾燥ストレスによる生体分子の損傷を修復する分子機構を解明し、その仕組みを利用した生体成分や細胞の保存技術を開発する。

【研究資源】 研究員数：8.6人、ポスドク数：1.0人、研究資金：25.3百万円

【論文・特許等】 原著論文：10、IF合計値：14.201、IF平均：1.42、特許：0（出願：0、登録：0）

(中課題実績)

1. カイコは品種特有の遺伝子によって、色調の異なる繭を作出する。その遺伝子構造を明らかにするため緑繭品種と白繭品種を用いて染色体置換系統 (CSL) の作成を進め、フラボノイドの量や組成を制御する遺伝子の染色体上の位置や、緑繭品種の中腸でフラボノイド代謝に関与する遺伝子が特異的に発現することを見出した。また繭糸からフラボノイドを効率的に抽出できるカイコ系統の育成を行い (図1)、その簡便な精製手法を構築した。
2. これまで開発を進めてきた翻訳レベルで遺伝子の発現調節を行う新規な外来遺伝子発現法を活用し、非天然アミノ酸 (本研究ではヨウ化チロシン IY) の存在下のみで生存が可能となる大腸菌の作出に成功した (図2)。作出した大腸菌は添加した IY を除去すると、数時間後には殆ど死滅することが示された。この技術は、人為的な管理が行われない自然環境中では生存が不可能な組換え生物を作出する手法として広く活用ができる。
3. 遺伝子組換えカイコ発現系にて大量調製を行ったウシ由来顆粒球マクロファージ・コロニー刺激因子 (boGM-CSF) を用いて、昨年引き続き乳房炎自然感染牛に対する接種実験を農業・食品産業技術総合研究機構の動物衛生研究所と畜産草地研究所、所内遺伝子組換えカイコ研究開発ユニットと共同で進めた。これまで蓄積したデータでは、昆虫細胞を宿主としたバキュロウイルス発現系で調製した組換え boGM-CSF より組換えカイコ由来の発現産物の方が高い治療効果を示している。
4. 遺伝子組換えカイコ技術にシルク結合ペプチド (YN42) を導入することにより、シルク表層に機能性タンパク質を効率的に固定できることを見出している。これにより溶菌機能を持つカイコ由来リゾチームの遺伝子を有するコンストラクトを作製した。また昨年作出したシロアリ由来セルラーゼを固定化したシルクの酵素活性を評価するとともに、連続的にセルロース分解反応を行うリアクターの試作を行った (図3、4)。
5. RNA-seq 解析によってネムリユスリカ由来培養細胞に対し最も強いプロモーター活性を示す因子 Scaf121 を同定した。Scaf121 を利用した GFP 発現ベクターをネムリユスリカ幼虫に導入したところ、表皮細胞のみならず筋肉や脂肪体でも GFP 遺伝子が発現することが観察された。またネムリユスリカの体内で大量に発現している LEA タンパク質は、乾燥過程において生体分子の凝集を妨げる機能を有することを見出した。

自己評価 中課題	評価ランク	コメント
3- ⑤	B	遺伝子組換えカイコを用いて調製したウシ由来顆粒球マクロファージ・コロニー刺激因子が接種実験において高い治療効果を示した。また、ネムリユスリカの LEA タンパク質の機能推定が進むなど、研究は概ね計画通り進捗した。

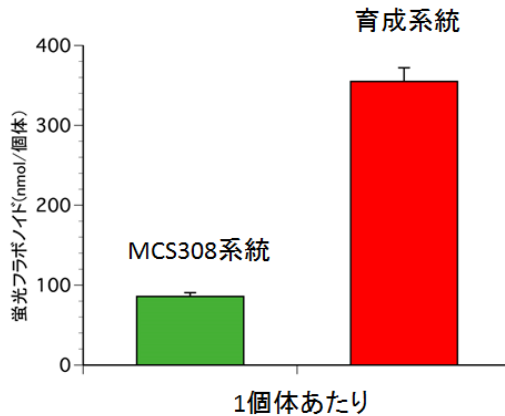


図1 新たに育成したカイコ系統の抽出フラボノイド量

繭からフラボノイドを抽出・精製する際、結晶性タンパク質（フィブロイン）の存在は大きな障害となる。このためフィブロインの生産が行われないセリシン蚕のNd遺伝子を、緑色繭を作る品種に導入することを行った。さらに優良個体の選別を続けた結果、従来の系統より4倍以上のフラボノイドを含み、抽出・精製効率の高いカイコ系統を作出することに成功した。



図3 試作したセルラーゼ固定化シルクを用いたリアクター

現在のリアクターはバッチ法が主流であるが、酵素反応が単発的であることが問題となっている。組換えカイコ技術とシルク結合ペプチドを活用することにより効率的にシルク繊維の表層にセルラーゼを固定化したデバイスが作出され、連続的な酵素反応が行えるシステムが構築できた。

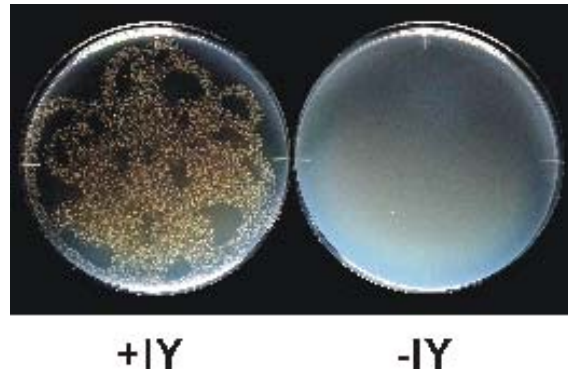


図2 非天然アミノ酸（ヨウ化チロシン IY）が存在しないと生存できない大腸菌株

作出した大腸菌のプラスミドには、宿主に対して強い毒性を有する ColE3 の遺伝子と、この毒性を中和する抗毒素 ImmE3 の遺伝子を導入している。抗毒素 ImmE3 の遺伝子は、翻訳開始コドンの隣に、アンバー終止コドン1つを挿入し、培地に IY を添加することによって翻訳スイッチが機能し始める。このため IY 存在下では抗毒素 ImmE3 が合成され大腸菌は増殖を続けるが（左側）、IY が存在しない自然環境中では抗毒素が発現せずに死滅する（右側）。

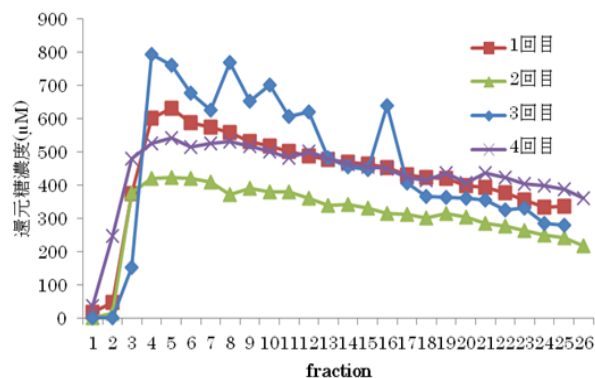


図4 試作したリアクターによる可溶性セルロースの連続分解

セルラーゼ固定化シルクをカラムに充填し、シリンジポンプにより基質となるセルロース溶液を供給しながらフラクションコレクターで溶出液を回収した。反応後はカラムを洗浄し、同一条件にて4回繰り返し酵素反応を行った。各回とも反応生成物濃度は徐々に低下する傾向が観察されるが、再試行でも同等の活性が得られた。これより試作したセルラーゼ固定化シルクリアクターは、連続発酵が可能であることが示された。

2 行政部局との連携の強化

中期目標

研究の設計から成果の利活用に至るまでの各段階において、農林水産省の行政部局と密接に連携し、行政部局の意見を研究内容や利活用方策等に的確に反映させるとともに、行政部局との連携状況を毎年度点検する。

また、他の独立行政法人との役割分担に留意しつつ、緊急時対応を含め、行政部局、各種委員会等への技術情報の提供及び専門家の派遣を行うとともに、行政部局との協働によるシンポジウム等を開催する。

中期計画

①研究の設計から成果の利活用に至るまでの各段階において、農林水産省の行政部局の意見を研究内容等に的確に反映させるため、関係行政部局と情報交換を密に行うことなどにより問題意識等の共有を図るとともに、毎年度の研究成果や研究計画を検討する会議等に関係行政部局の参加を求める。また、行政部局との連携状況については、毎年度行政部局の参画を得て点検し、その結果を踏まえ一層の強化を図る。

②農業分野における生命科学研究の中核的機関として、政府の委員会、会議等に職員を派遣するとともに、政府の行う科学技術に関する国際協力、交流に専門家を派遣する等の協力を行う。また、行政等の要請に応じて技術情報を適切に提供する。

〔指標 2-2-ア〕 研究成果や研究計画を検討する会議に関係行政部局の参加を求め、行政部局の意見を研究内容等に反映させているか。また、行政部局との連携状況について、行政部局の参画を得て点検しているか。

〔指標 2-2-イ〕 行政等の要請に応じて、各種委員会等への専門家の派遣、適切な技術情報の提供、政府の行う科学技術に関する国際協力、交流への協力などを行っているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第2-2)	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. 〔指標 2-2-ア〕</p> <p>行政部局との連携については、生物研が開催した各種会議において行政部局からの参加者と意見交換を行い、研究計画等に反映させた。また、農林水産技術会議事務局と4法人(農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、国際農林水産業産業研究センター)との間で定期的に連絡会議を開催して双方の密接な連携を図った。ジーンバンク事業においては、ITPGR(食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約)加入に伴いMLS(条約の多数国間システム)を通じて提供すべき遺伝資源の選定を行政部局と連携して進めた。なお、行政部局との連携状況の点検については、農林水産技術会議事務局の担当者に書面で確認を求めることにより実施した。</p> <p>2. 〔指標 2-2-イ〕</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>行政部局との連携については、各種会議における行政部局からの意見を研究計画等に反映させた。また、行政部局と連携して、26年度に引き続きMLS登録遺伝資源を選定したことは評価できる。行政等からの要請への対応については、要請に応じて各種委員会等へ適切に役職員を派遣した。</p>

<p>行政等からの要請への対応については、各種委員会等へ延べ101名の役職員を派遣した。また、行政ニーズを把握して研究に的確に反映させるとともに、研究成果の内容に関する行政担当者の理解を深めるために、専任及び研修員の身分で農林水産省へ6名の職員を派遣した。</p>	<p>以上、行政部局との連携の強化について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>
--	--

(27年度実績)

第2-2

①行政部局との情報交換、連携の強化

[指標2-2-ア]

生物研が開催した各種会議において行政部局からの参加者と意見交換を行い、研究計画等に反映させた。また、農林水産技術会議事務局と4法人（農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、国際農林水産業研究センター）との間で定期的に連絡会議を開催し、農政の動き等に関して幅広く情報交換して双方の密接な連携を図った。

4法人（農業・食品産業技術総合研究機構、生物研、農業環境技術研究所、種苗管理センター）統合に伴う組織・運営体制の検討や、次期中長期目標及び中長期計画の検討にあたっては、農林水産技術会議事務局の農業関係法人体制検討室と日常的に連携するとともに、「統合に関する意見交換会」等に参加し、農林水産技術会議事務局各課室をはじめとする農林水産省関係部局との意見交換を行った。

「スギ花粉症治療薬候補となるコメ」の開発に関しては、農林水産技術会議事務局との意見交換を密接に行い、今後の開発は産学の協力を募って進める方針とした。また、（一財）バイオインダストリー協会が主催する植物バイオ研究会の場を利用して、農林水産省と連携して民間企業を対象とした生物研の見学会を企画した。今後の推進方策についても行政部局と継続的に協議し、農業生物の機能を活用した研究成果を製薬企業等へ引き渡せるよう取り組みを強化した。

また、26年度からスタートした委託プロジェクト研究「ゲノム情報等を活用した薬剤抵抗性管理技術の開発」では、都道府県の防除所等で利用できる病害虫の薬剤抵抗性管理ガイドライン（案）について、より有効なものとなるよう消費・安全局植物防疫課の担当官と引き続き協議を行い、行政ニーズの反映を図った。

ジーンバンク事業においては、連絡協議会及び評価委員会において、農林水産省担当部局参加の下で、事業推進等に関する意見交換を行うとともに、FAOの食料及び農業のための遺伝資源委員会や生物多様性条約など遺伝資源を巡る国際会議に行政部局と連携して参加し、食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（ITPGR）や名古屋議定書の実施に関わる国際情勢や国内措置について情報収集や意見交換に努めた。

ITPGRについては、平成25年7月に加入し、同年10月末より締約国になったことに伴い、農林水産技術会議事務局との連携により、MLS（条約の多数国間システム）を通じて提供すべき食料・農業植物遺伝資源の選定を昨年に引き続き進め、平成27年9月に公表し、条約の目的である遺伝資源の国際利用の円滑化に大きく貢献した。

生物研が代表機関となっているプロジェクト研究については、各プロジェクトのアドバイザー会議や評価会議等において、プロジェクト進捗管理等について研究リーダーと行政部局間で定期的に密接な情報交換を行い、得られた意見等を研究に反映させるなど、行政部局と積極的な連携を図った。

なお、行政部局との連携状況については、主要研究成果を選定するための手続きの時期（第2-3の項の主要研究成果の選定（指標2-3-エ）参照）に合わせて農林水産技術会議事務局の担当者に書面で確認を求めた。担当者からは、基盤的研究が農業の発展に果たす役割について、行政から求められた情報を出すだけでなく、積極的に研究周辺分野とも自ら関わりつつ重要性をアピールするよう努めて欲しい等の要請があった。

②行政等からの要請への対応

[指標 2-2-イ]

食品安全委員会専門委員としての遺伝子組換え食品等の食品健康影響評価に関する事項についての調査審議や、日本学術会議連携会員として植物科学分野の学協会等の連絡・連携、及び当該分野の発展を期すための調査審議をしたほか、消費・安全局植物防疫課が定期的に発行する病虫害発生予察情報の作成への専門家としての協力を行うなど、政府、地方公共団体、社団法人、財団法人等の各委員会等に、延べ101名の役職員を派遣した。

また、行政ニーズを把握して研究に的確に反映させるとともに、研究成果の内容に関する行政担当者の理解を深めるために、専任及び研修員の身分で農林水産省へ6名の職員を派遣した。

このほか、農林水産省からの新規発生病害の原因病原菌の同定依頼についての対応では、キウイフルーツに激しい被害を起こすキウイフルーツかいよう病が本邦新産の病菌 (biovar3) であり、長野県で見いだされた同病菌が新規系統であることを解明した。

政府が行う国際協力、交流等による海外派遣では、表13のとおり職員を派遣し、円滑な研究推進や行政運営への貢献ができた。

表13 平成27年度の政府が行う国際協力、交流等による海外派遣

派遣依頼機関	派遣先	用 務	派遣人数
農林水産省	フィリピン	APEC HLPDAB : 米国主催ワークショップ出席	1
農林水産省	インド	国際養蚕委員会 (ISC) 第24回総会出席	1
農林水産省	インド	国際養蚕委員会 (ISC) 執行委員会出席	1
			計 3 名

3 研究成果の公表、普及の促進

中期目標

(1) 国民との双方向コミュニケーションの確保

国民に対する説明責任を果たすため、多様な情報媒体を効果的に活用して、生物資源の農業上の開発・利用に関する研究開発について分かりやすい情報を発信するとともに、研究所及び研究者自らが国民との継続的な双方向コミュニケーションを確保するための取組を強化する。

特に、遺伝子組換え技術等の先端技術に関し、科学的かつ客観的な情報を継続的に提供するとともに、研究の計画段階から国民の理解を得るための取組を推進する。

(2) 成果の利活用の促進

新たな知見・技術のPRや普及に向けた活動及び行政施策への反映を重要な活動と位置付け、研究者及び関連部門によるこれらの活動が促進されるように努める。

このため、今中期目標期間中に得られる研究成果に、前中期目標期間までに得られたものを加えて、研究成果のデータベース化、研究成果を活用するためのマニュアルの作成等により積極的に利活用を促進する。

また、他の独立行政法人との連携により、先端研究成果の利活用の促進を図る。

(3) 成果の公表と広報

研究成果は、積極的に学術雑誌等への論文掲載、学会での発表等により公表するとともに、主要な成果については、各種手段を活用し、積極的に広報を行う。査読論文の数及びそのインパクトファクターについては、数値目標を設定して成果の公表に取り組む。

(4) 知的財産権等の取得と利活用の促進

研究開発の推進に際しては、研究成果の実用化及び利活用を促進する観点から、研究成果の権利化や許諾等の取扱いに関する知財マネジメントを研究開発の企画段階から一体的に実施する。

その際、我が国の農業の振興に配慮しつつ、実施許諾の可能性等を踏まえた権利化、研究成果の保全に向けた権利化など、海外への出願や許諾を含めて戦略的に権利化等を進めるほか、保有特許の必要性を随時見直す。また、特許権等に係る情報の外部への提供を積極的に進めるとともに、技術移転に必要な取組を強化する。

また、農林水産研究知的財産戦略（平成19年3月22日農林水産技術会議決定）等を踏まえ、必要に応じて知的財産方針を見直す。

なお、特許の出願及び実施許諾については、数値目標を設定して取り組む。

中期計画

(1) 国民との双方向コミュニケーションの確保

国民に対する説明責任を果たすため、ホームページ、パンフレット、マスメディア等を活用して効果的な情報発信を行うとともに、下記の双方向コミュニケーションを行う。

- ① 遺伝子組換え技術等を活用した先端的な研究活動について、前期に作成したスキルアップマニュアル等を活用し、国民との双方向コミュニケーションを重点的に進めるとともに、引き続きパブリックアクセプタンス等に関する調査を行う。
- ② 研究者が担当する講演会や一般公開等の市民参加型イベントの開催などを通じ、国民の理解促進に取り組む。
- ③ イベントなどを利用して一般消費者、農業生産現場、実用化研究現場からの研究に関するニーズの把握に努める。

(2) 成果の利活用の促進

- ① 第1の2の③で選定した主な研究成果の中から、行政部局を含む第三者の意見を踏ま

え、特に新産業の創出等につながる有用な研究成果を「主要研究成果」として中期目標期間中に5件以上選定する。

- ②「主要研究成果」を含む主な研究成果については、多様な媒体を通じて、効果的・効率的に利用者に伝達する。
- ③農業分野におけるバイオテクノロジー研究の中核的機関として研究成果の利活用を促進するため、各種研究成果を分かりやすい形で、公開データとしてホームページに掲載する。その際、ユーザーのニーズに応じて、データベース化やマニュアル化等を行い、利便性の向上を図る。
- ④研究所の成果を活用したベンチャー育成促進に向けた環境の整備に引き続き取り組む。

(3) 成果の公表と広報

- ①研究成果を科学的、技術的知見として広く社会へ周知するために、国内外の学会、シンポジウム等で積極的に発表するとともに、中期目標の期間内に1,460報以上の査読論文を発表する。また、論文の量と併せて質の向上を図り、その成果を国際的に注目度の高い学術雑誌等に積極的に発表する。査読論文においては、学術雑誌の影響度を測る指標であるインパクトファクターの総合計値4,000以上とする。
- ②研究成果が広く国民に理解されるように、中期目標期間中に70回以上のプレスリリースを行う等、プレス発表によるマスメディアを通じた広報を積極的に行う。また、ホームページ、実物の展示等も活用し、様々な広報手段による分かりやすい広報活動を推進する。

(4) 知的財産権等の取得と利活用の促進

- ①研究成果の実用化及び利活用を促進する観点から、研究の計画段階から、研究成果の権利化や許諾等の取扱いに関する知財マネジメントを一体的に実施する。
- ②研究成果の実用化を図るため、中期目標期間内に200件以上の国内特許を出願する。その際、実施許諾の可能性や研究推進上の必要性等を勘案し、海外への出願や許諾を含めて特許の戦略的取得等を進める。また、登録特許については実施許諾状況を踏まえ、保有の必要性を随時見直す。
- ③出願した特許等は、自ら積極的に公開し技術移転に努め、中期目標期間内における毎年度の実施許諾件数を35件以上とする。
- ④先端技術により得られた育種素材等については、MTA（材料等移転合意書）等を交わすことによって権利を確保しつつ、優良品種の育成のために積極的に提供する。
- ⑤公開された特許等については、外部への積極的な情報提供を進めるとともに、技術移転に必要な取組を強化する。
- ⑥農林水産研究知的財産戦略（平成19年3月農林水産技術会議決定）等を踏まえ、必要に応じて「独立行政法人農業生物資源研究所知的財産方針」を見直す。

〔指標 2-3-ア〕スキルアップマニュアル等を活用し、広く国民や関係機関に分かりやすい研究情報を発信しているか。

〔指標 2-3-イ〕遺伝子組換え技術等の先端的な研究活動について、科学的かつ客観的な情報発信に努めているか。また、パブリックアクセプタンスに関する調査を行っているか。

〔指標 2-3-ウ〕講演会やイベント開催など、研究者と一般消費者や生産者などとの交流の場を通じて、研究に関する相互理解の増進に取り組んでいるか。

〔指標 2-3-エ〕「主要研究成果」に関する数値目標達成に向けた進捗はどうか。

〔指標 2-3-オ〕ユーザーのニーズを踏まえた研究成果のデータベース化やマニュアル化等による成果の利活用促進の取組は十分行われているか。

〔指標 2-3-カ〕研究所の成果を活用したベンチャー育成に向けた環境は整備されているか。

〔指標 2-3-キ〕論文の公表やIFに関する数値目標達成に向けた進捗はどうか。

〔指標 2-3-ク〕研究成果に関する情報提供と公開は適切に行われたか。プレスリリースに関する数値目標達成に向けた進捗はどうか。

〔指標 2-3-ケ〕研究成果の知財化のため、研究職員への啓発や知財マネジメントに適切に取り組んでいるか。

〔指標 2-3-コ〕国内特許に関する数値目標達成に向けた進捗はどうか。

〔指標 2-3-サ〕海外での利用の可能性、我が国の農業等への影響、費用対効果等を考慮しつつ、外国出願・実施許諾は適切に行われているか。

〔指標 2-3-シ〕保有特許については、維持する必要性の見直しを随時行っているか。

〔指標 2-3-ス〕保有する特許等について、民間等における利活用促進のための取組は適切に行われているか。国内特許の実施許諾に関する数値目標達成に向けた進捗はどうか。

〔指標 2-3-セ〕育種素材等の利用促進に積極的に取り組んでいるか。MTAの締結等の実績はどうか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
主要研究成果の選定	中期目標期間内で5件以上	5	2	2	2	2	1
査読論文の発表	〃 1,460報以上	1,460	383	351	329	284	251
査読論文における I F 値	〃 4,000 以上	4,000	998	1,128	969	881	771
研究成果プレスリリース	〃 70回以上	70	9	15	13	22	14
国内特許の出願	〃 200件以上	200	34	24	29	25	29
国内特許の実施許諾	毎年度 35件以上	35	42	48	44	47	62

業務実績 (第2-3)	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. 〔指標 2-3-ア〕</p> <p>研究情報の発信については、研究成果を国民に周知する活動の基盤となるホームページ及び刊行物を整備したほか、生物研公式ツイッターやYouTube等の活用により研究情報を発信した。また、27年度に受け入れた1,324名の見学者に対しては、スキルアップマニュアルを活用して見学者と研究者の円滑なコミュニケーションに努めた。</p> <p>2. 〔指標 2-3-イ〕</p> <p>遺伝子組換え技術等の先端的な研究活動については、遺伝子組換え作物の栽培や飼育にあたって一般説明会を4回開催して参加者と意見交換を行ったほか、作物の生育状況を定期的にホームページに掲載した。また、623名の見学者を受け入れて隔離ほ場等の見学・観察に対応した。これらは市民が遺伝子組換え技術について考えを深め、研究者とコミュニケーションを図る場となった。</p> <p>3. 〔指標 2-3-ウ〕</p> <p>研究に関する理解の増進については、日常かつ定期的な情報提供としてNIASオープンカレッジや研究所の一般公開を開催した。また、サイエンスカフェの実施や小学校での出張授業、各種展示会や科学フェスティバルへの出展、シンポジウムの開催等で研究成果を発信するとともに、保有する知的財産等を来場者に紹介して共同研究等の可能性やニーズを把握する場とした。特に、遺伝子組換えカイコ研究の成果を現代美術家のアート作品に提供し、その作品がグッチ新宿店や農林水産省「消費者の部屋」で展示・紹介されたことは、メディア等でも大きく取り上げられた。</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>研究情報の発信や国民とのコミュニケーションについては、ホームページのほか、ツイッターやYouTube等を活用した多様な手段での情報発信、見学者の受け入れ、イベント開催等の広報活動によって、積極的に双方向コミュニケーションを図ったことは高く評価できる。特に27年度は、遺伝子組換えカイコ研究の成果を現代美術家のアート作品に提供し、その作品がグッチ新宿店や農林水産省「消費者の部屋」で展示・紹介され、メディア等でも大きく取り上げられたことは、生物研のプレゼンス向上に繋がったものとして評価できる。更なる戦略的な取り組みに期待したい。主要研究成果については、昨年度までに数値目標を達成したが、新たに1件</p>

4. [指標 2-3-エ]

「主要研究成果」については、各研究センター・研究領域の主な研究成果11件の中から、行政部局や評価助言委員等の第三者の意見等を踏まえ、新産業の創出等につながる有用な研究成果として「主要研究成果」1件を選定した。また、中期目標期間中の選定数は合計9件となり、数値目標を達成した。

5. [指標 2-3-オ]

研究成果のデータベース化等については、40の知的基盤データベース等があり、利用者がホームページからアクセスして利用できるシステムとしている。また、ジーンバンクが保存する遺伝資源やゲノムリソースセンターが整備する研究リソースについては配布要請に応じて配布した。

6. [指標 2-3-カ]

ベンチャー企業支援については、「ベンチャー支援規則」に沿って、期間を平成28年3月までとして(株)プリベンテックに対する支援を行った。

7. [指標 2-3-キ]

論文の公表については、査読のある原著論文251報を発表し、年間目標目安(292報)の86%であった。インパクトファクター値(IF値)の合計値は770.533であり、年間目標目安(800)の96%であった。

8. [指標 2-3-ク]

研究成果に関する情報提供と公開については、研究成果のプレスリリースを14回行ったほか、イベントお知らせ等のプレスリリースなどを積極的に行った。プレスリリースは年間目標目安(14回)を達成した。これらの中から、2015年農林水産研究成果10大トピックスに3つの研究成果が選定されたほか、研究協力を行った2つの成果も選定された。また、新聞、テレビ、雑誌等の取材にも積極的に対応し情報提供を行った。

9. [指標 2-3-ケ]

知財マネジメントについては、研究成果の実用化及び利活用を促進する観点から、研究の計画段階から研究職員への知的財産に関する相談、先行技術調査、助言について、知的財産ディレクターや弁理士資格を保有する職員を通じて行うなどして取り組んだ。また、知財戦略についてはホームページに「知財ポリシー」として掲載した。

10. [指標 2-3-コ]

国内特許出願数については29件であり、年間目標目安(40件)の73%であった。品種登録出願は2件であった。

11. [指標 2-3-サ]

海外への出願については、外国出願は7件、国際(PCT)出願は6件であった。出願の検討にあたっては、実施許諾の可能性や研究推進上の必要性等を勘案し、海外への出願や許諾を含めて特許の戦略的出願等を進めた。

選定して合計9件とした。論文の公表については、原著論文の発表数、IF値とも目標数をやや下回った。研究成果の公開については、プレスリリースが計14回であり目標数を達成し、これらの中から2015年農林水産研究成果10大トピックスに3つの研究成果が選定されたほか、研究協力を行った2つの成果も選定されたことは評価できる。知財マネジメントや知財戦略については、国内特許出願について数値目標に達しなかったが、質の高い活動を進めており、国内特許の許諾件数が62件と数値目標の35件を大きく上回っていることは積極的な技術移転活動の成果が現れているものと評価できる。

以上、研究成果の公表、普及の促進における業務運営について、特に広報活動について顕著な成果が認められる反面、数値目標に達しない項目があることも勘案し、評定を「B」とする。

<課題と対応>

国内特許出願数が数値目標に達しなかった要因としては、研究者数の減少や所内専門家による精査の実施などが考えられる。このことも踏まえ、法人統合後の特許出願戦略としては、費用対効果を考慮しながら、公表前の研究成果情報の把握や研究者との面談等を通じて特許案件の掘り起こしを進めていくことが必要と考えている。

1 2. [指標 2-3-シ]

保有特許の見直しについては、実施許諾状況や実施許諾の可能性等を踏まえ、保有の必要性等を職務発明審査会等において見直した。

1 3. [指標 2-3-ス]

保有特許の利活用促進については、公開された特許等の資料を技術見本市などで配布し、許諾にあたっては生物研の権利が十分確保できるように契約を進めた。なお、国内特許の実施許諾数については62件であり、年間の数値目標(35件)を達成した。

1 4. [指標 2-3-セ]

育種素材等の利用促進については、MTA(材料等移転合意書)により分譲する育種素材等の目的外使用の制限や新たな知財が発生した時の取り扱いなどを明確にし、生物研の適正な権利を確保しつつ利用促進を図った。なお、MTAの締結数は149件(提供122件、受領27件)であった。

(27年度実績)

第2-3(1)

○効果的な情報発信に関する取り組み

[指標 2-3-ア、イ、ウ]

研究成果を国民に周知する活動の基盤となるホームページ(日本語、英語)及び刊行物の整備を行った。生物研の「略称付きロゴマーク」については、国立研究開発法人への変更に伴い略称部分を更新し、ホームページや刊行物などのあらゆる場面で使用するほか、職員による積極的な活用を促進し、その効果の向上を図っている。

産学官連携活動の推進にあたっては、「アグリビジネス創出フェア2015」、「SATテクノロジー・ショーケース2016」等に出展し、生物研の研究成果や保有する知的財産等を来場者に紹介するとともに、共同研究等につなげる機会を作った。

<ホームページ>

「見やすい」、「重要度の高い情報にアクセスしやすい」ホームページを目指し、重要な最新情報については個別のバナーを設置するなど工夫した。27年度は、一般にも分かりやすい内容の研究紹介の動画(「イネゲノム研究」、「放射線育種場の研究」、「コラーゲンビトリゲル[®]の開発研究」)を作成し、YouTubeで公開するとともに生物研ホームページからもリンクを貼った。

研究センター・領域、各ユニットの紹介ページ等を更新した。また、常に最新の情報が提供できるよう、プレスリリースは発表と同時刻の掲載を心掛け、各種お知らせの掲載も迅速に行った。さらに、スナップショットはラジオ放送の予告等に有効活用したほか、研究用の田植えなど季節感のある作業の様子も伝え、「いつ見ても新しい部分があるホームページ」となるよう心掛けた。遺伝子組換え作物の栽培状況および26年度から始まった遺伝子組換えカイコの飼育状況について、随時写真とともにホームページに最新情報を掲載した。

27年度のホームページアクセス数は、解析ソフト「AWstats」を用いた解析によると、月平均16万件(昨年度比105%)のアクセスがあり、年々アクセス数が増加した。

また、生物研公式ツイッターによる情報(プレスリリース、テレビ放映・新聞掲載情報、イベント告知・参加者募集)の発信を引き続き行った。

<刊行物>

「研究所要覧(日本語版の簡易版)」及び小冊子「食と農の未来を提案するバイオテクノロジー」、「カイコってすごい虫!」を一部修正の上、増刷した。これらの刊行物は、研究所や

展示会における生物研ブースへの来訪者に配布した。

生物研の成果の普及と利活用の促進のため、「平成26年度の主な研究成果」及び英語版の「Research Highlights for 2014」を刊行し、「年報（PDF版）」、「生物研ニュース（PDF版）」とともにホームページ上で公開し、情報の発信を行った。また、冊子として製本していないが、視察者、見学者用に最新の研究情報が提供できるように、「研究概要資料（日本語版、英語版）」も作成した。

〈見学者対応〉

27年度は1,324名の見学者を受け入れ、主な研究成果を説明するとともに、本部地区のジーンバンク、遺伝子組換え作物の栽培ほ場、大わし地区の展示室を中心に案内した。見学者の内訳は、一般572名、研究機関168名、大学151名、高等学校410名、中学校1名、小学校22名であった。遺伝子組換え作物の栽培ほ場の見学の際には、スキルアップマニュアル（23年度作成）を踏まえた対応に心がけ、見学者の要望に応じた内容紹介を行い、円滑なコミュニケーションに努めた。また、食と農の科学館や大わし地区の展示室のポスターの入れ替え、展示品陳列など、研究内容を分かりやすく紹介できるように努めた。

これらの活動に加え、国民との双方向コミュニケーションの確保等のため、以下の取り組みを実施した。

①先端的研究活動に関する双方向コミュニケーション 〔指標 2-3-ア、イ〕

本部地区においては、遺伝子組換え高オレイン酸含有及び除草剤耐性ダイズと害虫抵抗性及び除草剤耐性トウモロコシを平成27年6月～9月に栽培した。これは除草剤耐性の効果を確認するための試験栽培であったが、これと並行して、市民が遺伝子組換え技術についての考えを深め、研究者とのコミュニケーションを行える場としても活用した。隣接の隔離ほ場で栽培されている遺伝子組換えイネ（スギ花粉症治療イネ、複合病害抵抗性イネ）と合わせて、合計623名の見学者が見学・観察した（**図10**）。農環研地区の隔離ほ場で栽培した複合病害抵抗性イネ、開花期制御イネ、及び葉緑体形質転換タバコについても99名が見学した（**図11**）。これら、遺伝子組換え作物を栽培している隔離ほ場の見学者の見学者全体に占める割合は、47%であった。

27年度の遺伝子組換え作物の栽培（飼育）実験（第1種使用等）は、上述のダイズ及びトウモロコシ、スギ花粉症治療イネ、複合病害抵抗性イネ、開花期制御イネ、及び葉緑体形質転換タバコの他に、スギ花粉ペプチド含有イネ、さらに緑色蛍光タンパク質含有絹糸生産カイコが行われた。

これらの栽培（飼育）にあたっては、一般説明会を4回開催し（**表14**、**図12**、**図13**）、定期的に生育状況を撮影し、生物研ホームページに栽培（飼育）状況等の情報を掲載した。

遺伝子組換え研究に対するパブリックアクセプタンスに関する調査の一貫として、一般公開の遺伝子組換え研究成果紹介ブースや「消費者の部屋」への来場者と、NIASオープンカレッジの受講者に対してアンケート調査を行った。また、NIASオープンカレッジでは、質疑応答の時間を設け、参加者と講師との意見交換の場とした。その結果、特に遺伝子組換えカイコ研究の成果について、実用化への期待が大きいことが分かった。



図10 遺伝子組換え農作物の見学風景（本部地区）



図11 遺伝子組換え農作物の見学風景
（農環研地区の隔離ほ場）

表14 平成27年度 遺伝子組換え作物に関する一般説明会等の開催状況

	1. 遺伝子組換え農作物の第1種使用等に関する説明会
目的	平成27年度に行う遺伝子組換え農作物（スギ花粉ペプチド含有イネ、スギ花粉治療イネ、葉緑体形質転換タバコ）の第1種使用等について、栽培実験計画（目的、品種、日程、交雑・混入防止等）の説明、平成26年度に実施した遺伝子組換え農作物の栽培実験の結果報告と意見の交換を行った。
開催日	平成27年3月26日（木）
参加人数	9名
内訳	報道関係者（0）、一般（8）、研究機関（1）、生物研（0）
	2. 遺伝子組換えカイコの第1種使用等に関する説明会
目的	平成27年度に行う遺伝子組換えカイコ（緑色蛍光タンパク質含有絹糸生産カイコ）の第1種使用等について、飼育実験計画（目的、品種、日程、交雑・混入防止等）の説明、平成26年度に実施した遺伝子組換えカイコの飼育実験の結果報告と意見の交換を行った。
開催日	平成27年4月24日（金）
参加人数	12名
内訳	報道関係者（2）、一般（2）、研究機関（3）、生物研（5）
	3. 遺伝子組換え農作物の第1種使用等に関する説明会
目的	平成27年度に行う遺伝子組換え農作物（複合病害抵抗性イネ、開花期制御イネ、高オレイン酸含有及び除草剤耐性ダイズ、害虫抵抗性及び除草剤耐性トウモロコシ）の第1種使用等について、栽培実験計画（目的、品種、日程、交雑・混入防止等）の説明、平成26年度に実施した遺伝子組換え農作物の栽培実験の結果報告と意見の交換を行った。
開催日	平成27年5月14日（木）
参加人数	14名
内訳	報道関係者（1）、一般（5）、研究機関（1）、生物研（7）
	4. 遺伝子組換えカイコの第1種使用等に関する説明会（群馬県蚕糸技術センター）
目的	平成27年度に行う遺伝子組換えカイコ（緑色蛍光タンパク質含有絹糸生産カイコ）の第1種使用等について、飼育実験計画（目的、品種、日程、交雑・混入防止等）の説明を行った。
開催日	平成27年6月26日（金）
参加人数	55名
内訳	報道関係者（10）、一般（32）、研究機関（2）、生物研（11）



図12 飼育実験計画説明会場の様子
（平成27年6月26日）

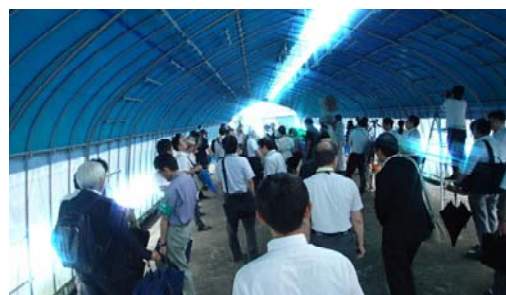


図13 群馬県蚕糸技術センターの飼育施設見学の様子

②国民の理解増進のための取り組み

〔指標2-3-U〕

27年度は、これまで9年間東京開催としていたNIASオープンカレッジ「農業生物資源論1ーバイオテクノロジーで拓く食料、医療などへの農業生物資源の利用と未来ー」を、初めて地元つくば市の中心部に会場を移し、「知の市場」及びつくば市と共催して開催した（図14）。「広報つくば」や自治体回覧板、公共施設でのポスター掲示や近隣市を含めた地域の交流センターや生涯学習センターを通じて周知に努め、多くの参加があった。市民を対象とした本講座では、

生物資源の重要性やバイオテクノロジーを用いた研究など、生物研の研究活動を情報発信した。



図14 NIASオープンカレッジの様子



図15 一般公開でのミニ講演の様子（本部地区）

一般向けの行事として、平成27年4月17-18日に本部地区・大わし地区の2会場において、7月26日に北杜地区において、10月17日に放射線育種場において、研究所の一般公開を開催し、研究成果の紹介や各種の実体験を行いながら市民との交流を行った。

市民へのアウトリーチ活動としては、ミニ講演を一般公開の会場において4回実施（図15）したほか、東京テクニカルカレッジTTCバイオカフェにおいて1回講演、多摩六都科学館において1回講演を行った。また、小学校での出張授業を3回実施し、その授業の内容は「ラヂオつくば：サイエンスQ」を通じてインターネットで後日放送された（図16）。夏休み期間は、高校生を対象とした「サイエンスキャスティング2015（大わし地区）」、親子を対象とした「わくわくふれあいサマーシルクセミナー（岡谷市）」を開催し、研究者が分かりやすく講義と実習指導などを行った。小学生を対象としたイベントとして、国立科学博物館での「2015夏休みサイエンススクエア」及び本部地区での「『えっ！これもイネか?!』～この世はイネ科植物であふれている～」でイネ科植物を用いた工作や観察指導を行うとともに、大わし地区では「つくばちびっ子博士」として2日間にわたり、さまざまな実験昆虫の展示、光るマユや糸の展示、マユの工作に関する観察指導等を行い、1,800名を超える参加者があった（図17）。



図16 出張授業の様子（サイエンスQ）



図17 つくばちびっ子博士

平成27年10月31日に開催された「つくば科学フェスティバル」にも例年通り出展し、昨年同様、マユ玉人形作りを多くの来場者に体験してもらうとともに、生きたカイコや蛍光シルクを展示し、研究成果の説明も行った。また、11月14-15日に開催された「サイエンスアゴラ2015」に出展企画「イネ～遺伝子組換えが切り開く新たな育種の地平～」で参加し、ポスター展示を通じて研究成果を紹介したほか工作の指導を行った。遺伝子組換えカイコ研究の成果は、現代美術家・スプツニ子!氏による西陣織の伝統技術と融合したアート作品に提供し、4月23日～5月17日までグッチ新宿店において「Tranceflora - エイミの光るシルク」展でマユや生糸とともに展示され、多数の来場者に紹介されたほかメディア等で大きく取り上げられた。同作品は、8月24日から5日間、農林水産省の「消費者の部屋」で開催された生物研の遺伝子組換えカイコおよび最先端のシルク研究成果紹介の場でも紹介された。11月に開催された「農林水産祭ー実りのフェスティバルー」においても遺伝子組換えカイコ研究の紹介を行った。その他、かわまたおりもの展示館（福島県伊達郡川俣町）、つくばエキスポセンター（茨城県つくば市）、相模川ふれあい科学館（神奈川県相模原市）、岡谷蚕糸博物館（長野県岡谷市）、日本絹の里（群馬県高崎市）の企画展、県の博物館等の施設や百貨店が行う企画展示イベント等にも展示協力を行った。

また、研究成果を発信するシンポジウムとして、「シルクサミット2015in滋賀長浜」（長浜市、10月）、「ゲノム情報を活用した作物研究開発の現状」（東大弥生講堂、11月）、「植物科学シンポジウム2015ラボとフィールドを結ぶ植物科学」（東大弥生講堂、12月）、「アジア植物遺伝資源の収集・特性解析（PGRAsia）」（東京都、12月）、「第8回カイコ産業の未来」（群馬県庁、1月）、「第10回フィブロイン・セリシンの利用」（福島市、2月）の計6回開催した。各種シンポジウム等の開催については、ホームページ、ポスター、プレスリリース等を通じて一般の方への周知に努めるとともに、結果についても生物研ニュース等で公表した。

③研究ニーズの把握

[指標 2-3-ウ]

研究成果を活用し実用化につなげるとの観点から、関連企業、研究機関、一般消費者などが多数集まる展示会に積極的に出展し、生物研の研究成果や保有する知的財産等を来場者に紹介しながら、共同研究等の可能性やニーズを把握する場として有効活用した。昨年に引き続き11月に3日間開催された農業・食品分野の展示会「アグリビジネス創出フェア2015」（東京都江東区）（図18）、及び平成28年2月4日につくば市で開催された「SATテクノロジー・ショーケース2016」に出展した（図19）。



図18 アグリビジネス創出フェア2015

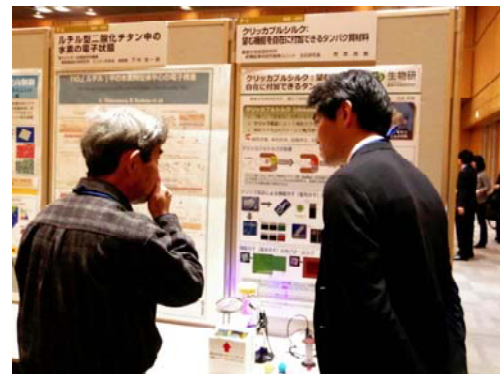


図19 SATテクノロジー・ショーケース2016

第2-3（2）

①主要研究成果の選定

[指標 2-3-エ]

各研究センター・研究領域から提出された主な研究成果候補課題について、研究センター長・研究領域長、研究主幹等による審査を実施し、課題評価判定会における検討を経て、主な研究成果11件と、その中から主要研究成果の候補課題1件を選定した。その後、行政部局や評価助言委員等の第三者の意見等を踏まえ、新産業の創出等につながる有用な研究成果として、主要研究成果1件を選定した（表15、資料4）。

なお、主要研究成果は中期目標期間中に5件以上選定することを目標としており、27年度分の1件を含め合計9件を選定した。

表15 平成27年度の主な研究成果

No.	中課題番号	成 果 名	分 類
1	1-21	オオムギの起源と種子の脱落メカニズムの解明	知的貢献
2	1-21	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	知的貢献
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	知的貢献
4	2-11	古代米の起源に迫る！	知的貢献 技術開発
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	知的貢献
6	2-12	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	知的貢献 技術開発

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	知的貢献
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	技術開発
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 (主要研究成果)	技術開発 生物産業
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	知的貢献
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	知的貢献

②多様な媒体を通じた成果情報の伝達

[指標 2-3-エ]

研究成果のうち重要なものはプレスリリースを行ってマスコミに発信するとともに、ホームページのトップページにプレスリリース情報として掲載した。また、「刊行物」のページで「(主要研究成果を含む) 主な研究成果」などを公表して最新の情報を提供した。その他、各種フェアにてポスター発表、口頭発表を行って情報を発信した。知的所有権情報等も同様にホームページ上から公開した。

③-1知的基盤データベース等の公開

[指標 2-3-オ]

知的基盤データベース等は、40 (表16、資料5) があり、利用者は生物研ホームページからアクセスし、利用できるシステムとしている。

表16 平成27年度のホームページから利用可能なデータベース等とアクセスの実績
(データベース:「<http://www.nias.affrc.go.jp/database/>」)

データベースの分類	データベース名	アクセス数
遺伝資源	農業生物資源ジーンバンク (以下、内数) ・アズキ・ケツルアズキのSSRマーカー情報 ・日本植物病名データベース ・蚕糸関係遺伝資源データベース (旧・蚕昆研のコンテンツ) 農林水産DNAバンク ゲノムリソースセンター (RGRC)	8,087,749 17,647 2,146,398 182,064 2,365,969 115,341
ゲノム情報統合データベース	農林水産生物ゲノム情報統合データベース (AgriTOGO) 農畜産物ゲノム情報データベース (AgrID)	50,433 60,486
イネゲノム	イネアノテーションデータベース (RAP-DB) イネ統合ブラウザ (Rice TOGO Browser) イネ遺伝子発現データベース (RiceXPro) イネ遺伝子共発現データベース (RiceFRIEND) 圃場におけるイネ遺伝子発現データベース (FiT-DB) イネ完全長cDNAデータベース (KOME) イネ遺伝子発現データベース (RMOS) ミュータントパネルデータベース (Tos17) QTLアノテーションオンラインデータベース (Q-TARO) シスエレメントモチーフ検索データベース (PLACE) イネゲノムアノテーションデータベース (RiceGAAS) イネプロテオームデータベース (Rice Proteome Database) イネミトコンドリアゲノム情報 (RMG information) アフリカイネアノテーションデータベース (AfRicA DB) イネタンパク質構造データベース 植物ゲノム断片配列アノテーションパイプライン (fpgp)	8,441,379 16,548,966 3,876,663 687,676 838,975 1,429,405 104,710 8,547,834 772,166 66,432 12,296,585 252,247 5,375 * 18,131 *
昆虫ゲノム	カイコゲノム情報データベース (KAIKObase) + カイコcDNA (EST) 情報 (KAIKOcDNA) カイコプロテオームデータベース (KAIKO2DDB) カイコゲノムデータBLAST検索 (KAIKOBLAST) カイコゲノムアノテーションデータベース (KAIKOGAAS) トビイロウンカEST情報 (UNKA (BPH) EST) トビイロウンカマーカーデータベース コナガゲノムデータベース (KONAGabase)	1,730,109 51,917 242,040 316,229 16,437 5,829 105,527

家畜ゲノム	ブタcDNA(EST)情報(PEDE) ブタのDNAマーカー情報(Swine Marker Viewer)	4,141,059 5,361
その他	比較ゲノムデータベース(SALAD) オオムギ完全長cDNAデータベース(BEX-DB) ダイズゲノム物理・連鎖地図データベース(DaizuBase) 生体内分子の三次元構造データベース(3DMET) イネいもち病菌ESTデータベース(MgNEST-DB) イネ白葉枯病菌ゲノムデータベース(Xanthobase)	650,650 2,555,370 392,910 46,882 * 540,848

*は運用停止中

③-2 遺伝資源の提供

[指標 2-3-オ]

ジーンバンクが保存する遺伝資源に対する配布要請に応じ、27年度は、植物遺伝資源10,294点、微生物遺伝資源1,248点、動物遺伝資源74点、DNA等354点を配布した。また、NIASコアコレクションとして世界のイネ17セット(1,173点)、日本在来イネ12セット(600点)、日本のコムギ2セット(192点)、日本のダイズ16セット(1,424点)、世界のダイズ13セット(1,040点)、日本在来トウモロコシ1セット(86点)、世界のソルガム2セット(210点)を配布した。配布した遺伝資源の利用目的としては、育種につながる遺伝資源の潜在的価値を明らかにする特性評価や多様性の研究、ストレス耐性品種開発等のための育種素材化、ゲノム研究や遺伝子解析の素材整備、作物病害研究の基準菌株及び品種識別技術開発のためのデータ収集等があげられる(資料1:表1、表2)。

ゲノムリソースセンターを中心として生物研独自の研究リソースの整備を進め、国内外の研究コミュニティに配布を実施した。配布可能なリソースは、約23万クロンのイネ完全長cDNA、レトロトランスポゾンTos17を用いた約5万系統の遺伝子破壊系統、遺伝解析材料17種類であった(表17)。27年度の研究材料のリクエスト件数及び配布数量は、イネ完全長cDNAが79件(319クロン)、オオムギ完全長cDNAが2件(15クロン)、Tos17変異系統が131件(857系統)、遺伝解析材料が14件(800系統)であった(資料1:表3)。

遺伝資源の利活用促進のため、引き続きサブバンクの協力の下、配布可能な遺伝資源の増加(アクティブ化)とセンターバンクへの移管を進めている。

蚕種並びに桑の接穂及び苗木の配布は、蚕12件、658蛾、桑6件、3,388本であった(資料1:表4)。

なお、配布申請後の事務処理や遺伝資源の発送は順調に行われている。利用促進のため22年度から開始したオンラインによる配付申込みの利用率が植物遺伝資源及び微生物遺伝資源で90%に達した。

表17 イネゲノム研究におけるリソースの整備状況

リソース名/区分	リソースの整備状況
塩基配列	国際コンソーシアム全体では、370.7MB(95.3%)を完全解読(残りの部分は繰り返し配列が多く解読が困難)
DNA	日本は全体の55%を完全解読 植物(イネ、オオムギ) 229,790クロン 動物(ブタ、ウシ) 163,635クロン 昆虫(カイコ) 328,244クロン
遺伝解析材料	染色体部分置換系統群 8種類(347系統) 戻し交雑自殖系統群 7種類(759系統) 半数体倍加系統群 1種類(212系統) 組換え近交系統群 1種類(116系統)
突然変異系統	ミュータントパネル(Tos17) 約5万系統 表現型データベース 約4万系統 破壊遺伝子データベース 約6千系統(約2万件)
プロテオーム	2次元電気泳動ゲルデータ 23件 データベース登録タンパク質 12,807件
マイクロアレイ	完全長cDNA情報を利用したイネゲノムDNAマイクロアレイ 4×44K RAP-DB作成 アレイ解析室のオープンラボ形式による一般利用促進 イネ遺伝子発現データベース(RiceXPro) 31データセット イネ遺伝子共発現データベース(RiceFRIEND) 815データ

④ベンチャー企業支援

[指標 2-3-カ]

生物研の研究成果を実施に結びつけ利用促進を図るため、「農業生物資源研究所ベンチャー企業支援実施規則」に沿って、ベンチャー企業1社((株)プリベンテック)に対する支援を行った。現在、同社は遺伝子組換えイネを用いたサイトカインIL-10の生産を行い、IL-10含有化粧品の販売をしている。将来的には研究用試薬としての販売を目指している。なお、支援期間は平成28年3月までであった。

第2-3(3)

①学術論文等

[指標 2-3-キ]

27年度における研究成果の発表は、査読のある原著論文で251報であり、インパクトファクター値(IF値)の合計値は770.533であった。発表数は目標数(292報/年)の86%であり、インパクトファクター総合計値も目標値(800/年)の96%とやや下回った。さらに、注目度の高い学術雑誌への掲載数も10以上が3報となり、その他も含めて平年の水準をやや下回った(表18、資料2)。

表18 原著論文のインパクトファクター別公表状況

インパクトファクター	掲載論文数	注目度の高い学術雑誌(IF値)と掲載数
10以上	3 (7)	Science (33.611) 1報 Cell (32.242) 1
5以上10未満	41 (40)	Nature Commun (11.470) 1 Proc Natl Acad Sci USA (9.674) 1
2以上5未満	111 (123)	Current Biology (9.571) 2
2未満	85 (93)	The Plant Cell (9.338) 1 New Phytologist (7.672) 1
和文誌	11 (21)	PLoS Pathogens (7.562) 1 など
合計	251 (284)	

掲載論文数の()内の数値は26年度の実績

②研究成果の情報提供と公開

[指標 2-3-ク]

研究成果のプレスリリース(目標回数は年14回)は、計14回行った(表19)。さらに、共同研究成果の外部機関によるプレスリリースを1回、イベントのお知らせ等のプレスリリースを6回行った。これらの中から、2015年農林水産研究成果10大トピックスの第3位に「簡単に使えて、きれいに治すばんそうこう型人工皮膚を開発」、第6位に「“人類最古の農業”栽培オオムギの起源を解明」、第9位に「大豆の落ちこぼれを救う遺伝子を発見」が選定された。そのほか、研究協力を行った成果2つ(「全てのナシ品種を結実させる花粉を作るニホンナシ系統を作出」、「コメ粒を巨大化させる遺伝子を発見」)も、それぞれ第2位と第7位に選出された。

あわせて、新聞、テレビ、雑誌等の取材にも積極的に対応し情報提供を行った。取材対応件数は、新聞71件、テレビ47件、ラジオ2件、雑誌等が43件の合計163件である。その結果、プレスリリースに関連する記事など生物研が関係する記事が新聞に130件掲載され、テレビ・ラジオ放送は28件、雑誌等への掲載は25件であった。

表19 平成27年度のプレスリリース

中課題 番号	発表(解禁)日	発表テーマ	アクセス件数 (発表、掲載1か月間)
2-26	27. 6. 9	簡単に使えて、きれいに治す絆創膏型人工皮膚を開発しました	3,708
2-12	27. 7. 17	『幼若ホルモン』フリーのカイコを作出 －安全な農薬開発に有効な遺伝子を特定－	1,197
1-23	27. 7. 17	カドミウム汚染水田浄化専用のカドミウム高吸収イネ「ファイレメCD1号」を開発	943
1-21	27. 7. 29	“人類最古の農業”栽培オオムギの起源を解明 －ムギ類の品種改良の効率を加速化－	3,540
2-11	27. 9. 14	古代米の起源に迫る！ －紫黒米の育種が容易になります－	1,075
2-22	27. 11. 17	「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 －低温でもいもち病にかかりにくいイネの開発へ－	1,147
1-11	27. 11. 27	アズキのゲノムをほぼ完全に解読 －品種改良の加速化と、全く新しい品種の開発へ－	1,427
2-12	27. 12. 1	幼若ホルモンがサナギ化を抑えるメカニズムを解明 －昆虫のみに効果のある農薬の開発へ－	1,098
2-12	27. 12. 11	「お化け」遺伝子を呼び出す「こっくりさん」タンパク質の発見 －昆虫のステロイドホルモン生合成に関わる新知見－	2,090
3-02	28. 2. 12	マユの構成成分が生産される仕組みを解明 －カイコによる有用タンパク質生産を向上させる技術の開発へ－	1,027
1-23	28. 3. 1	さまざまな突然変異を含む多数のダイズ系統を作出 －新しい性質を持つダイズ品種の開発が可能に－	1,215
2-22	28. 3. 8	イネの防御物質生産の鍵となるタンパク質を発見 －ストレスに強いイネの育成へ－	1,214
2-11	28. 3. 29	イネの栄養の吸収と蓄積を促進させる遺伝子を発見 －少ない肥料でのイネの収量アップに向けて－	875
1-21	28. 3. 31	ムギ類の穂発芽に関する遺伝子を発見 －穂発芽しにくい品種の開発が効率的に－	759

第2-3(4)

①知的財産マネジメント

[指標2-3-ケ]

研究成果の実用化及び利活用を促進する観点から、研究の計画段階から研究職員への知的財産(特許、商標など)に関する相談、先行技術調査、助言について、民間企業で知財担当経験のある職員(知的財産ディレクター)や弁理士資格を保有する職員を通じて行うなどして知的財産マネジメントに取り組んだ。

②知的財産権の取得、維持

[指標2-3-コ、サ、シ]

研究成果の実用化を図るため、中期目標期間内に200件以上の国内特許を出願することとしており、27年度は国内出願29件(分割出願等を含む)、外国出願7件、国際(PCT)出願6件であった。そのほか品種登録出願は2件であった。

なお、権利放棄した特許は、国内特許26件、外国特許44件であった。

特許等の出願を検討するにあたっては、職務発明審査会前の事前相談などで、必要に応じて発明者に対して助言や相談などを知的財産ディレクターや弁理士資格を保有した職員などを通じて行い、その際、実施許諾の可能性や研究推進上の必要性等を勘案し、海外への出願や許諾を含めて特許の戦略的出願等を進めた。また、出願した特許については、実施許諾状況や実施許諾の可能性等を踏まえ、運用上のルールである「7年ルール」*に照らし合わせて保有の必要性等を職務発明審査会等において見直した。さらに27年度は、費用対効果をこれまで以上に考慮し、外国特許に限って「7年」を「6年」と読み替えて本ルールを運用した。

国内出願数の年間数値目標は40件であるが、目標値を下回った要因としては、①研究者数の減少、②ゲノム情報のデータベース化が世界的に進展し、Web上での公開が進み、遺伝子特許取得の困難性が増大、③知財専門家の助言を受けつつ出願案件を精査している、ことなどが考えられるが、引き続き積極的に新規発明案件の掘り起こしなどを進めていく。

*「7年ルール」とは、特許の基礎出願日を起算日とし、起算日から7年に満たない特許・特許出願については原則として維持し、7年経過後の特許・特許出願については維持の可否を審査・判断するという生物研内の運用ルールをいう。出願から概ね7年程度で特許保有の必要性が明確になってくることなどから7年を1つの区切りとしている。なお、27年度は費用対効果をこれまで以上に考慮し、外国特許に限って6年と読み替えて運用した。

③知的財産の技術移転 〔指標 2－3－ス〕

出願した特許等は、積極的に公開し技術移転に努めた。27年度の実施許諾件数（分割出願、PCT各国移行特許を含む）121件（国内特許62件、外国特許59件）であり、大手化学メーカー（海外を含む）等へ許諾した。許諾にあたっては、生物研の権利が十分確保できるように契約を進めた。

④育種素材等の権利確保、利用促進 〔指標 2－3－セ〕

育種素材（研究材料）等を分譲するMTA（材料等移転合意書）等は、27年度は149件（受領27件、提供122件）であった。MTAの作成にあたっては、分譲する育種素材等の目的外使用の制限や新たな知財が発生した場合の取り扱いなどを明確にし、生物研の権利を確保しつつ、利用促進を図った。

⑤知的財産の情報提供 〔指標 2－3－ス〕

公開された特許等については配付用資料を作成し、植物分野において外国企業等へ実施許諾可能な特許については英文要約も追加した。これらの資料については技術見本市などで配付と展示を行うとともに外国企業の日本事務所担当者にも配付した。現在は外国大手化学企業と秘密保持契約を締結し、特許実施許諾について交渉を進めている。27年度の秘密保持契約締結件数は20件であった。

⑥知的財産戦略 〔指標なし〕

知的財産戦略については、「知財ポリシー」として生物研ホームページに掲載した。将来的に事業化（企業への技術移転）を見込んでいる研究課題については、研究の早い段階から知財面からの相談・助言などを行った。

4 専門分野を活かしたその他の社会貢献

中期目標

(1) 分析及び鑑定の実施

行政、民間、各種団体、大学等の依頼に応じ、研究所の高い専門知識が必要とされる分析及び鑑定を実施する。

(2) 講習、研修等の開催

講習会の開催、国公立機関、民間、大学、海外機関等外部機関からの研修生の受入れ等を行う。

(3) 国際機関、学会等への協力

国際機関、学会等への専門家の派遣、技術情報の提供等を行う。

中期計画

(1) 分析及び鑑定の実施

行政、各種団体、大学等の依頼に応じ、研究所の高い専門知識が必要とされ、他の機関では実施が困難な分析及び鑑定を実施する。

(2) 講習、研修等の開催

①講習会、講演会等を積極的に開催するとともに、国や団体等が主催する講習会等に積極的に協力する。

②国公立機関、大学、海外機関等からの研修生を積極的に受け入れ、人材育成、技術水準の向上、技術情報の移転を図る。

(3) 国際機関、学会等への協力

研究所に蓄積された知的資産を社会に還元するため、学会等への委員の派遣等を積極的に行う。また、国際機関等の要請に応じて専門家の派遣や技術情報の提供等の国際協力を行う。

〔指標 2-4-ア〕 行政等の依頼に応じ、専門知識を必要とする分析・鑑定が適切に行われたか。

〔指標 2-4-イ〕 講習、研修等の開催、国等の講習への協力、研修生の受け入れ等が積極的に行われたか。

〔指標 2-4-ウ〕 国際機関等の要請に応じた専門家の派遣、学会等への委員の派遣が適切に行われているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第2-4)	自己評価
<主要な業務実績> 1. 〔指標 2-4-ア〕 分析・鑑定については、27年度は2件の分析依頼に対応した。	評定「B」 <評定の根拠> 分析・鑑定については、27年度は2件の分析

<p>2. [指標 2-4-イ] 講習会、講演会等の開催については、生物研と農林水産省筑波農林研究交流センター主催のワークショップを開催し、都道府県、民間の研究者などの参加者に指導、普及を行った。また、研究者等の受け入れについては、外来研究員や講習生など延べ179名を受け入れたほか、独立行政法人日本学術振興会（JSPS）特別研究員制度等により国内外から8名の研究員を受け入れた。</p> <p>3. [指標 2-4-ウ] 国際機関や学会等への協力については、外部機関等からの依頼により27件の案件について合計38名の職員を海外に派遣した。また、社会貢献の一環として64の学術団体の委員等に延べ174名の役職員を派遣し、関連分野の発展に協力した。</p>	<p>依頼に対応した。ワークショップの開催は、技術普及のほか人的ネットワークを構築するうえでも効果が期待できる。また、各種制度を活用して研究者を積極的に受け入れ、社会貢献の一環として学術団体の委員等に多くの役職員を派遣した。これらの活動は、我が国の研究レベル向上に貢献しているものと評価できる。</p> <p>以上、専門分野を活かしたその他の社会貢献について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>
---	--

(27年度実績)

第2-4 (1)

○分析・鑑定・技術相談

[指標 2-4-ア]

27年度は2件の分析依頼があった。

- ・いもち病抵抗性についての遺伝子型解析
- ・酵素活性制御タンパク質の細胞内局在性の分析

分析・鑑定を実施する場合には、分析・鑑定規程により、国、地方公共団体、独法、大学等の公的な機関を除いて、分析・鑑定料として実費相当額を徴収することとして実施した。

第2-4 (2)

①講習会、講演会等の開催、国や団体等が主催する講習会等への協力 [指標 2-4-イ]

生物研と農林水産省筑波農林研究交流センター主催のワークショップでは、「植物科学・作物育種におけるフェノーム解析（平成27年9月17日～18日）」（参加者20名）をテーマにした講習などを開催し、都道府県、民間の研究者等に指導、普及を行った。

②人材育成のための研究者等受け入れ [指標 2-4-イ]

人材育成、技術水準の向上、技術情報の移転を図るため、外来研究員87名（外国人30名、邦人57名）、講習生78名（外国人13名、邦人65名）、連携大学院生4名、インターンシップ9名を受け入れた。長岡技術科学大学からは研究員1名が実務訓練責任者を委嘱され、約4か月間実務訓練生1名を生物研インターンシップ制度を準用し受入れた。外来研究員や講習生を受け入れる際には、国、地方公共団体、独法、大学等の公的な機関を除いて、実費相当額を研修料として徴収することとして実施した。

また、独立行政法人日本学術振興会（JSPS）特別研究員制度により3名を受け入れ、海外からJSPS外国人特別研究員及び招へい研究員として5名を受け入れた。

これらの各種制度による受け入れにより、生物研が有する先端的な研究成果情報の発信、大

学院学生等への教育指導を行うことができた。

第2-4(3)

○外部委員等の派遣

[指標2-4-ウ]

外部機関等からの依頼により、講演、新規プロジェクト策定に係る調査への参加など、27件の案件について合計38名の職員を派遣した(表20)。

また、社会貢献の一環として、日本育種学会、日本応用動物昆虫学会、日本蚕糸学会、日本畜産学会、日本微生物資源学会等、64の学術団体の理事、監事、評議員、常任幹事、論文審査委員及び編集委員等に延べ174名の役職員を派遣し、関連分野の発展に協力した。

表20 平成27年度の外部機関等からの依頼による海外派遣一覧

依頼機関等	派遣先	用務
スイスローザンヌ大学	スイス	ワークショップでの講演及び研究打ち合わせ
国際熱帯農業センター(CIAT)	コロンビア	CIATとの研究打ち合わせ
科学アカデミー	チェコ	遺伝子組換えを利用した高機能シルク作出のための絹糸タンパク質遺伝子のNGS解析
FAOアジア太平洋地域事務所	タイ	FAOプロジェクト地域会合出席のため
国際農林水産業研究センター	イタリア	小麦イニシアティブ第5回研究委員会等への参加のため
Gent 大学	ベルギー	学位審査及び研究打ち合わせ
科学アカデミー	チェコ	ワークショップ参加のため
マックスプランク研究所	ドイツ	土壌微生物による植物のストレス抵抗性付与に関する研究
中国西南大学	タイ	ハスモンヨトウ調査、家蚕・野蚕飼育農家病蚕調査のため
華南師範大学	中国	ハスモンヨトウ国際ゲノムプロジェクト Progress meeting 参加のため
独立行政法人国際協力機構	ベトナム	ベトナム在来ブタ資源の遺伝子バンクの設立と多様性維持が可能な持続的生産システムの構築プロジェクト運営指導調査
華中農業大学	中国	第13回イネ機能ゲノミクスシンポジウム参加のため
カザン大学	ロシア	共同研究打ち合わせ、セミナー参加
筑波大学	メキシコ	SATREPS事業に係る中米ジーンバンク長会議への参加のため
国際稲研究所	イタリア	第8回温帯イネ研究コンソーシアム出席
科学技術振興機構	モロッコ	地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム「エビデンスに基づく乾燥地生物資源シーズ開発による新産業育成研究」詳細計画策定調査のため
安徽農業大学	中国	カイコ及びハスモンヨトウに関する共同研究打ち合わせ
岡山大学	ポーランド	学会出席及び研究打ち合わせのため
カザン大学	オーストラリア	乾燥地帯のユスリカを調査のため
スリランカ政府	スリランカ	植物遺伝資源保存トレーニングワークショップ
中南民族大学	中国	第2回生物シグナル伝達国際会議の参加のため

韓国バイオセーフティ委員会	韓国	2015年遺伝子組換え動物の現状見直し、安全管理に関する国際会議への参加のため
中国教育部	中国	北西農林大学における招へい研究のため
中国農林科学院	中国	農林ゲノム会議2015参加及び講演のため
日本－韓国農業ゲノムプログラム国際コンソーシアム・共同プログラム	韓国	日本－韓国農業ゲノムプログラムフォーラムへの参加
カセサート大学	タイ	タイ国カセサート大学との共同研究に関する打ち合わせ
独立行政法人国際協力機構	ケニア	ケニア国（科学技術）生物遺伝資源と分子遺伝子学を利用した養蚕研究基盤構築プロジェクト詳細計画策定調査のため

第3 予算（人件費の見積りを含む）、収支計画及び資金計画

中期目標

1 収支の均衡

適切な業務運営を行うことにより、収支の均衡を図る。

2 業務の効率化を反映した予算計画の策定と遵守

「第2 業務運営の効率化に関する事項」及び上記1. に定める事項を踏まえた中期計画の予算を作成し、当該予算による運営を行う。

3 自己収入の確保

受益者負担の適正化、特許使用料の拡大等により自己収入の確保に努める。

4 保有資産の処分

施設・設備のうち不要と判断されるものを処分する。また、その他の保有資産についても、利用率の改善が見込まれないなど、不要と判断されるものを処分する。なお、放射線育種場の寄宿舎については、期間中に廃止する。

中期計画

1 予算

平成23年度～平成27年度予算

[人件費の見積り]

期間中総額14,848百万円を支出する。

ただし、上記の額は、総人件費改革の削減対象から除くこととする任期付研究者等に係る人件費を除いた額である。

なお、上記の削減対象とされた人件費と総人件費改革の削減対象から除くこととする任期付研究者等に係る人件費を合わせた総額は、15,955百万円である。（競争的資金、受託研究資金又は共同研究のための民間からの外部資金並びに国からの委託費、補助金の獲得状況等により増減があり得る。）

また、上記の額は、役員報酬並びに職員基本給、職員諸手当、超過勤務手当、退職者給与、国際機関派遣職員給与及び再雇用職員給与に相当する範囲の費用であり、今後の人事院勧告を踏まえた給与改定分は含んでいない。

2 収支計画

平成23年度～平成27年度収支計画

3 資金計画

平成23年度～平成27年度資金計画

4 自己収入の確保

受益者負担の適正化、特許使用料等の拡大により自己収入の確保に努める。

5 保有資産の処分

①既存の施設・設備等のうち、利用率の改善が見込まれないなど、不要と判断されるものは処分する。

②放射線育種場の寄宿舎は、途上国等からの研究者受入に支障のない方策を処置した後、速やかに廃止する。

[指標3-1-ア] 業務運営の効率化に関する事項及び法人経営に係る具体的方針に基づき、法人予算全体の人件費（業績評価を勘案した役員報酬を含む）、業務経費、一般管理費等法人

における予算配分について、明確な配分方針及び実績が示されているか。

〔指標 3-1-1-イ〕 研究業務の一部を外部委託した場合、外部委託の考え方と外部委託費の内訳が明記されているか。

〔指標 3-1-1-ウ〕 運営費交付金の未執行率が高い場合、その要因を明確にしているか。

〔指標 3-1-1-エ〕 利益剰余金について、その財源ごとに発生要因を明確にし、適切に処理されているか。目的積立金の申請状況と申請していない場合は、その理由が明確にされているか。

〔指標 3-1-1-オ〕 会計検査院、政独委等からの指摘に適切に対応しているか。（他の評価指標の内容を除く）

〔指標 3-4-1-ア〕 法人における知的財産権等の実施料収入等、自己収入増加に向けた取組が行われ、その効果が現れているか。

〔指標 3-5-1-ア〕 保有の必要性等の観点から、保有資産の見直しを行っているか。また、処分することとされた保有資産について、その処分は進捗しているか。

〔指標 3-5-1-イ〕 施設・設備のうち不要と判断されたものについて、処分損失等にかかる経理処理が適切になされているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第3）	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. 〔指標 3-1-1-ア〕</p> <p>予算配分については、運営費交付金の削減に対応しつつ、中期計画の達成に向けて各センター・領域のイニシアチブが最大限に発揮できるように配慮して配分した。また、研究資金のウエイトを重点課題研究費に置いて研究資金の重点化・効率化を図った。</p> <p>2. 〔指標 3-1-1-イ〕</p> <p>外部委託については、ジーンバンク事業では、共同実施機関であるサブバンクへ委託を行うとともに、専門的知見を必要とする課題について外部委託を行った。また、管理運営部門では、特別な資格や技能を必要とする業務や建物・構内の管理等業務について外部委託を行った。なお、外部委託費の内訳については業務実績報告書に記載のとおりである。</p> <p>3. 〔指標 3-1-1-ウ〕</p> <p>運営費交付金の未執行額は830,431千円（事業費427,178千円及び人件費403,252千円）で、未執行率は12.5%であった。なお、事業費における未執行額427,178千円は、通則法第44条及び個別法第16条の手続き後に国庫納付を予定している。</p> <p>4. 〔指標 3-1-1-エ〕</p> <p>利益剰余金は1,040,304千円であり、そのうち当期末処分利益760,015千円は、中期目標期間最終年度に伴う運営費交</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>予算については、運営費交付金の削減に対応しつつ、研究資金の重点化や効率化に留意して配分・執行された。会計検査院からの指摘については再発防止策を立てて適切に対応している。自己収入については、PR活動に努めたことにより知的財産収入や依頼照射事業収入が増加するなど効果が現れた。保有資産の見直しについては、第2本館RI管理区域は廃止の手続きを完了し、ボンベ庫については危険物倉庫設置のため解体した。</p> <p>以上、予算、収支計画及び資金計画等について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p>

<p>付金債務残高の収益額849,506円が主な発生要因となっている。なお、当期末処分利益については、通則法第44条第2項の積立金にて整理を予定している。</p> <p>5. [指標3-1-オ] 会計検査院等からの指摘については、25年度及び26年度の会計検査院の決算検査において、「研究用物品等の購入等に当たり、会計規程等で認められていない前払により購入を行っていたり、研究員が販売代理店に虚偽の内容の関係書類を作成させ、研究所に架空の取引に係る購入代金を支払わせたりするなど会計経理が不適正」と指摘された。この不適正な経理処理事案を調査するため、平成26年8月22日に調査委員会を立ち上げ全容解明に向けた調査を実施し、平成26年12月19日の中間報告、平成27年12月22日の最終報告で公表した。 生物研としては、本件を役職員全員が真摯に受け止め、法人としてのコンプライアンス体制の改善と職員の意識改革を引き続き行い、新規採用者や他機関からの異動者の初期教育を確実に実施するなど、不適正な会計処理が二度と起きないように再発防止の取組を進めた。 対応の詳細は、業務実績報告書の第8-3の項に記載のとおりである。</p> <p>6. [指標3-4-ア] 自己収入増加に向けた取り組みとしては、知的財産については公開された特許等のPR活動を行い、遺伝資源配布事業については検索データベースの機能充実等で利便性を高めるなどして利用促進を図った。また、依頼照射事業については、照射料金の見直しや有料対象の拡大など受益者負担の適正化を図りながら事業を行った。なお、自己収入の実績は、知的財産収入が増加するなどして合計15,491千円であったが、遺伝資源配布事業収入の減少により昨年度比1,719千円の減少となった。</p> <p>7. [指標3-5-ア] 保有資産の見直しについては、施設利用委員会等を通じて老朽化や利用状況の現状を把握し、策定した施設利用計画の適切な見直しを行った。なお、第2本館RI管理区域は廃止の手続きを完了し、ボンベ庫については危険物倉庫設置のため解体した。</p> <p>8. [指標3-5-イ] 該当なし</p>	<p><課題と対応></p>
--	----------------------

(27年度実績)

第3-1~3

○予算配分方針

[指標3-1-ア]

27年度予算は、運営費交付金の削減に対応して、一般管理費および業務経費について直接研究費を維持しつつ配分内容を点検し、研究成果の最大化につなげるため、研究員自らのアイデアを生かしながら、中期計画の達成に向けて各センター・領域のイニシアチブが最大限に発揮できるように配慮して配分した。さらに、研究資金のウエイトを重点課題研究費に置いて研究資金の重点化・効率化を図った。

○外部委託の考え方

[指標 3-1-イ]

運営費交付金の研究委託費のうち、農業生物資源ジーンバンク事業の委託契約では、実施主体である生物研から共同実施機関（サブバンク）へ委託を行うとともに植物の増殖保存や植物病原菌の分類検証等、専門的知見を必要とする課題について外部委託を行った。

また、管理運営部門における外部委託は、施設・機械等の保守管理など特別な資格や技能を必要とする業務、建物・構内の管理など外部委託した方が効率的な業務について行った。

①受託研究に係る支出内訳

経常費用

研究業務費

法定福利費	33,274千円
その他人件費	304,434千円
外部委託費	201,752千円
研究材料消耗品費	283,991千円
支払リース料	465千円
賃借料	1,698千円
旅費交通費	38,032千円
保守・修繕費	122,783千円
水道光熱費	155,328千円
備品費	8,332千円
諸謝金	1,141千円
図書印刷費	5,231千円
その他経費	86,718千円

計 1,243,179千円

注) 上記以外に資産が52,051千円ある。

②外部委託費の内訳

外部委託費計	運営費交付金	受託収入
	309,670千円	201,752千円
うち研究委託費	236,218千円	71,498千円
うち調査委託費	14,503千円	55,162千円
うちその他委託費	58,949千円	75,092千円

注) その他委託費の主な委託内容

研究支援関連業務：研究支援者派遣、英文校閲、実験動物処分、実験廃棄物処理、ほ場管理

○運営費交付金の未執行率

[指標 3-1-ウ]

27年度運営費交付金未執行額は、830,431千円で事業費427,178千円及び人件費403,252千円である。

事業費における未執行額427,178千円は、通則法第44条及び個別法第16条の手続き後に国庫納付を予定している。

(単位：千円)

予算区分	予算額	未執行額	未執行率	摘要
研究業務費	2,399,633	424,548	17.7%	
一般管理費	326,524	2,630	0.8%	
人件費	3,938,741	403,252	10.2%	
合計	6,664,898	830,431	12.5%	

金額は、科目毎に千円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

○利益剰余金の処理

[指標 3-1-エ]

27年度利益剰余金は1,040,304千円で、その内訳は以下のとおりである。

利益剰余金	1,040,304千円
前中期目標期間繰越積立金 (注)	21,521千円
積立金	258,768千円
当期未処分利益	760,015千円

(注) 前中期目標期間繰越積立金は、前中期目標期間までに自己財源で取得した固定資産の簿価であり、当期に生じる減価償却費に伴い、取り崩す積立金残額である。

当期未処分利益760,015千円は、中期目標期間最終年度に伴う運営費交付金債務残高の収益額849,506千円が主な発生要因となっている。

当期未処理利益については、通則法第44条第2項の積立金にて整理を予定している。

○会計検査院等からの指摘への適切な対応

[指標 3-1-オ]

25年度及び26年度の会計検査院の決算検査において、「研究用物品等の購入等に当たり、会計規程等で認められていない前払により購入を行っていたり、研究員が販売代理店に虚偽の内容の関係書類を作成させ、研究所に架空の取引に係る購入代金を支払わせたりするなど会計経理が不適正」と指摘された。この不適正な経理処理事案を調査するため、平成26年8月22日に調査委員会を立ち上げ全容解明に向けた調査を実施し、平成26年12月19日の中間報告、平成27年12月22日の最終報告で公表した。

生物研としては、本件を役職員全員が真摯に受け止め、法人としてのコンプライアンス体制の改善と職員の意識改革を引き続き行い、新規採用者や他機関からの異動者の初期教育を確実に実施するなど、不適正な会計処理が二度と起きないように再発防止の取組を進めた。

○予算、収支計画及び資金計画

(1) 予算

平成27年度予算及び決算

(単位：百万円)

区 分	予 算 額	決 算 額
収入		
前年度よりの繰越金	1 5 9	7 8 0
運営費交付金	6, 6 6 5	6, 6 6 5
施設整備費補助金	—	—
受託収入	2, 6 1 1	1, 4 4 6
諸収入	1 8	3 1
寄附金収入	—	1
計	9, 4 5 3	8, 9 2 3
支出		
業務経費	2, 4 0 0	2, 4 0 5
業務経費（寄附金）	—	1
施設整備費	—	—
受託経費	2, 6 1 1	1, 4 1 7
一般管理費	3 4 4	3 2 9
人件費	4, 0 9 8	3, 9 1 8
計	9, 4 5 3	8, 0 7 0

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

[決算額の注記]

1. 本表は「決算報告書」を基に作成した。
 2. 収入の「受託収入」は、受託研究契約額が減少したため、予算額より1,165百万円減少している。それに伴い、支出の「受託経費」が予算額より1,194百万円減少している。
 3. 収入の「諸収入」は、予算額より13百万円増加している。決算額31百万円の主な内訳は次のとおりである。
 - ① 遺伝資源配布事業収入 7百万円
 - ② ゲノムリソース配布収入 1百万円
 - ③ 特許権等実施許諾収入 6百万円
 - ④ その他事業収入 1百万円
 - ⑤ その他事業外収入 16百万円
 4. 収入決算額計と支出決算額計との差額853百万円は、主に運営費交付金の未執行額830百万円である。
 - 人件費：27年度403百万円
 - 事業費：27年度427百万円
- なお、上記金額は通則法第44条及び個別法第16条の手続き後に国庫納付予定。

(2) 収支計画

平成27年度収支計画及び決算

(単位：百万円)

区 分	計 画 額	決 算 額
費用の部	9,492	8,444
經常費用	9,466	8,001
人件費	4,098	3,720
業務経費	2,098	2,078
受託経費	2,471	1,243
一般管理費	338	350
減価償却費	461	610
財務費用	26	11
臨時損失	—	431
収益の部	9,489	9,199
運営費交付金収益	6,521	6,163
諸収入	18	20
受託収入	2,611	1,418
寄附金収入	—	1
物品受贈益	—	9
資産見返運営費交付金戻入	339	339
資産見返補助金戻入	—	0
資産見返寄附金戻入	—	22
臨時利益	—	1,228
純利益又は純損失 (▲)	▲2	755
前中期目標期間繰越積立金取崩額	5	5
総利益又は総損失 (▲)	3	760

〔表記に関する注記〕

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

〔決算額の注記〕

1. 本表は、「損益計算書」を基に作成した。
2. 費用の部「臨時損失」431百万円は、老朽化等の理由から発生した固定資産の除却損32百万円及び公的研究費等の不適正な経理処理に係る返還額等399百万円である。
3. 収益の部「臨時利益」の1,228百万円は、「臨時損失」の固定資産除却損に対応する資産見返戻入31百万円、公的研究費等の不適正な経理処理に係る返還額に対応する347百万円及び中期目標期間最終年度に伴う運営費交付金債務残高の収益額850百万円である。
4. 「総利益」760百万円の主な内訳は、中期計画最終年度に伴う運営費交付金債務残高の収益化額及び受託収入による資産取得金額と減価償却費の差額等による利益である。

(3) 資金計画

平成27年度資金計画及び決算

(単位：百万円)

区 分	計 画 額	決 算 額
資金支出	9,453	9,828
業務活動による支出	8,657	7,837
投資活動による支出	422	185
財務活動による支出	374	169
次期中長期目標の期間への繰越金	—	1,637
資金収入	9,453	9,828
業務活動による収入	9,294	8,266
運営費交付金による収入	6,665	6,665
受託収入	2,611	1,394
その他の収入	18	207
投資活動による収入	—	109
施設整備費補助金による収入	—	109
その他収入	—	—
財務活動による収入	—	—
その他の収入	—	—
前年度からの繰越金	159	1,454

〔表記に関する注記〕

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

〔決算額の注記〕

1. 本表は、「キャッシュ・フロー計算書」を基に作成した。
2. 資金支出の「翌年度への繰越金」1,637百万円の内訳は次のとおり。
 - ① 運営費交付金の未使用額 830百万円
 - ② 未払金・未払費用、預り金等 776百万円
 - ③ その他の収入の未使用額 28百万円
 - ④ 第2期より繰り越したリース損益 3百万円

(4) 予算・決算の概況

平成27年度以前5年間の推移

(単位:百万円)

区 分	23年度		24年度		25年度		26年度		27年度		
	予算	決算	予算	決算	予算	決算	予算	決算	予算	決算	差額理由
収入											
前年度からの繰越金	-	-	-	470	169	442	59	479	159	780	
運営費交付金	6,882	6,882	6,820	6,510	6,328	6,328	6,617	6,617	6,665	6,665	
施設整備費補助金	226	409	398	374	3,830	970	113	2,890	-	-	
事業補助金	-	2	-	2	-	12	-	2	-	-	
受託収入	2,611	2,884	2,611	2,242	2,611	1,858	2,611	2,028	2,611	1,446	注1
諸収入	14	72	15	23	16	21	17	25	18	31	
寄附金収入	-	1	-	1	-	-	-	-	-	1	
計	9,734	10,251	9,843	9,621	12,954	9,631	9,416	12,041	9,453	8,923	
支出											
業務経費	2,596	2,303	2,560	2,660	2,520	2,465	2,449	2,375	2,400	2,405	
業務経費(寄附金)	-	1	-	1	-	-	-	-	-	1	
施設整備費補助金	226	409	398	374	3,830	970	113	2,890	-	-	
事業補助金	-	2	-	2	-	12	-	2	-	-	
受託経費	2,611	2,881	2,611	2,232	2,611	1,843	2,611	1,987	2,611	1,417	注1
一般管理費	401	390	387	381	368	385	355	339	344	329	
人件費	3,899	3,731	3,887	3,518	3,625	3,466	3,889	3,665	4,098	3,918	
計	9,734	9,718	9,843	9,168	12,954	9,141	9,416	11,257	9,453	8,070	

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

[27年度における予算決算額の注記]

注1 「受託収入」の差額は、受託研究契約が減少したため予算額に対し減少している。それに伴い、支出の「受託経費」が減少している。

○簡潔に要約された財務諸表

① 貸借対照表

(単位:百万円)

資産の部	金額	負債の部	金額
流動資産	1,693	流動負債	886
現金預金	1,637	運営費交付金債務	-
その他	56	未払金・未払費用	717
固定資産	31,299	その他	169
有形固定資産	31,058	固定負債	1,784
その他	240	長期リース債務	106
特許権	125	資産見返負債	1,668
知的財産権仮勘定	105	その他	9
その他	10		
		負債合計	2,670
		純資産の部	
		資本金	35,321
		政府出資金	35,321
		資本剰余金	▲6,039
		利益剰余金	1,040
		純資産合計	30,322
資産合計	32,992	負債・純資産合計	32,992

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

② 損益計算書

(単位:百万円)

	金額
経常費用(A)	8,012
研究業務費	7,177
人件費	4,151
研究・外部委託費	512
研究材料消耗品費	479
減価償却費	595
保守・修繕費	511
その他	930
一般管理費	824
人件費	522
減価償却費	15
保守・修繕費	178
その他	109
財務費用	11
経常収益(B)	7,971
運営費交付金収益	6,163
自己収入等	1,448
その他	361
臨時損失(C)	431
臨時利益(D)	1,228
前中期目標期間繰越積立金取崩額(E)	5
当期総利益(B-A-C+D+E)	760

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

③ キャッシュ・フロー計算書

(単位：百万円)

	金額
I 業務活動によるキャッシュ・フロー(A)	429
研究業務による支出	▲2,455
人件費支出	▲4,566
運営費交付金収入	6,665
自己収入等	1,414
その他収入・支出	▲629
II 投資活動によるキャッシュ・フロー(B)	▲76
III 財務活動によるキャッシュ・フロー(C)	▲169
IV 資金に係る換算差額(D)	-
V 資金増加額(E=A+B+C+D)	184
VI 資金期首残高(F)	1,454
VII 資金期末残高(G=F+E)	1,637

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

④ 行政サービス実施コスト計算書

(単位：百万円)

	金額
I 業務費用	7,001
損益計算書上の費用	8,444
(控除) 自己収入等	▲1,442
II 損益外減価償却相当額	803
III 損益外利息費用相当額	0
IV 損益外除売却差額相当額	2
V 引当外賞与見積額	▲2
VI 引当外退職給付増加見積額	▲24
VII 機会費用	0
VIII (控除) 国庫納付額	▲215
IX 行政サービス実施コスト	7,565

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

■ 財務諸表の科目 (主なもの)

① 貸借対照表

- 現金預金 : 現金、預金
- たな卸資産 : 貯蔵品 (燃料類)、未成受託研究支出金
- 未収金 : 独立行政法人の業務で発生した未収債権
- 有形固定資産 : 土地、建物、構築物、機械及び装置、車両運搬具、工具器具備品等
独立行政法人が長期にわたって使用又は利用する有形の固定資産
- 特許権 : 特許法に基づき登録を受けた発明に係る独占的・排他的実施の権利
- ソフトウェア : 将来の収益獲得又は費用削減が確実と認められるソフトウェア
- 知的財産権仮勘定 : 知的財産の取得に際し発生した原価を、権利取得まで一時的に整理する仮勘定
- 運営費交付金債務 : 独立行政法人の業務を実施するために国から交付された運営費交付金のうち、未実施の部分に該当する債務
- 未払金 : 独立行政法人の業務で発生した未払債務
- 未払費用 : 独立行政法人の業務で発生した人件費、賃借料、水道光熱費等継続的な経過費用
- 短期リース債務 : ファイナンス・リース契約に基づく未払リース料のうち、1年以内に支払予定の債務
- 長期リース債務 : ファイナンス・リース契約に基づく未払リース料のうち、1年を超

	えて支払予定の債務
資産見返負債	: 固定資産取得額のうち、未償却残高に相当する債務
資産除去債務	: 有形固定資産の取得又は通常の使用によって生じ、当該有形固定資産の除去に際して、法令又は契約で要求される法律上の義務及びそれに準ずるもの
政府出資金	: 国からの出資金で、独立行政法人の財産的基礎を構成するもの
資本剰余金	: 国から交付された施設費等を財源として資産を取得した場合に発生した剰余金で、独立行政法人の財産的基礎を構成するもの
利益剰余金	: 独立行政法人の業務で発生した剰余金

②損益計算書

研究業務費	: 研究業務に要した費用
人件費	: 役員報酬、給与、賞与、法定福利費等役職員に要した経費
研究委託費	: 研究業務の一部を外部機関に委託した経費
外部委託費	: 研究業務に必要な各種分析・調査業務の一部及び研究支援関連業務を外部機関に委託した経費
研究材料消耗品費	: 研究業務に使用する試薬や理化学用品等消耗品の取得に要した経費
減価償却費	: 業務に使用する固定資産の取得原価をその耐用年数にわたって費用として配分した経費
保守・修繕費	: 業務に使用する資産の修繕、保守管理、維持等に要した経費
水道光熱費	: 上下水道料、電気料、ガス料、燃料費
一般管理費	: 管理事務等業務に要した費用
財務費用	: ファイナンス・リース取引に伴う支払利息、海外取引における為替差損
運営費交付金収益	: 業務を実施するために国から交付された運営費交付金のうち、業務の進行に対応し収益化した額
資産見返負債戻入	: 運営費交付金や寄附金等を財源に取得した固定資産の減価償却額に対応し、資産見返負債を取崩した額
受託収入	: 政府受託研究収入、政府外受託研究収入、受託出張収入等
事業収入	: 遺伝資源配布事業収入、ゲノムリソース配布等収入等
事業外収入	: 資産売却収入、資産貸付収入、還付消費税収入等
臨時損失	: 固定資産の除売却損、公的研究費等の不適正な経理処理に係る返還額等
臨時利益	: 固定資産の売却益、臨時損失に対応した資産見返負債戻入、公的研究費等の不適正な経理処理に係る回収額、運営費交付金収益
前中期目標期間繰越積立金取崩額	: 前中期目標期間から繰り越した積立金の取崩し額

③キャッシュ・フロー計算書

業務活動によるキャッシュ・フロー	: 独立行政法人の通常の業務の実施に係る資金の状態を表し、サービスの提供等による収入、原材料、商品又はサービスの購入による支出、人件費支出等が該当
投資活動によるキャッシュ・フロー	: 将来に向けた運営基盤の確立のために行われる投資活動に係る資金の状態を表し、固定資産の取得・売却等による収入・支出が該当
財務活動によるキャッシュ・フロー	: 増減資による資金の収入・支出、不要財産に係る国庫納付など、資金の調達及び返済が該当

④行政サービス実施コスト計算書

業務費用	: 独立行政法人が実施する行政サービスのコストのうち、独立行政法人の損益計算書に計上される費用
損益外減価償却相当額	: 償却資産のうち、その減価に対応すべき収益の獲得が予定さ

れないものとして特定された資産の減価償却費相当額（損益計算書には計上していないが、累計額は貸借対照表に記載されている。）

損益外利息費用相当額：「第91資産除去債務に係る特定の除去費用等の会計処理」を行うこととされた除去費用等に係る損益外利息費用相当額

損益外除売却差額相当額：資本剰余金に計上している資産（損益外にて特定された資産等）を除売却した際の簿価相当額

引当外賞与見積額：財源措置が運営費交付金により行われることが明らかな場合の賞与引当金見積額（損益計算書には計上していないが、当年度末に在職する役職員について、当期末の引当外賞与見積額から前期末の引当外賞与見積額を控除して計算した額）

引当外退職給付増加見積額：財源措置が運営費交付金により行われることが明らかな場合の退職給付引当金増加見積額（損益計算書には計上していないが、当年度末に在職する役職員について、当期末の退職給付見積額から前期末の退職給付見積額を控除した額から、退職者に係る前期末退職給付見積額を控除して計算した額）

機会費用：国の財産を無償又は減額された使用料により賃貸した場合の本来負担すべき額

○財務情報

（１）財務諸表の概況

① 経常費用、経常収益、当期総損益、資産、負債、キャッシュ・フローなどの主要な財務データの経年比較・分析

（経常費用）

27年度の経常費用は8,012,474千円と前年度比580,061千円減（6.8%減）となっている。これは、研究材料消耗品費が前年度比261,059千円減（35.3%減）となったことが主な要因である。

（経常収益）

27年度の経常収益は7,971,237千円と前年度比624,255千円減（7.3%減）となっている。これは、受託収入が前年度比567,123千円減（28.6%減）となったことが主な要因である。

（当期総利益）

上記経常損益と臨時損益を計上した結果、当期純利益755,033千円となり、前中期中目標期間繰越積立金の取崩額4,982千円を計上することによって、27年度の当期総利益は760,015千円と前年度比812,203千円増（1556.3%増）となっている。

（資産）

27年度末現在の資産合計は32,991,634千円と前年度比1,235,422千円減（3.6%減）となっている。これは、固定資産の期末残額が前年度比1,323,117千円減（4.1%減）となったことが主な要因である。

（負債）

27年度末現在の負債合計は2,670,113千円と、前年度比1,185,924千円減（30.8%減）となっている。

（業務活動によるキャッシュ・フロー）

27年度の業務活動によるキャッシュ・フローは428,961千円と、前年度比287,187千円減（40.1%減）となっている。これは、受託収入が前年度比603,948千円減（30.2%減）となったことが主な要因である。

（投資活動によるキャッシュ・フロー）

27年度の投資活動によるキャッシュ・フローは▲76,010千円と、前年度比282,473千円減（78.8%減）となっている。これは、施設費による収入が前年度比3,192,382千円減（96.7%減）及び有形固定資産の取得による支出が前年度比3,475,420千円減（96.3%減）となったことが主な要因である。

（財務活動によるキャッシュ・フロー）

27年度の財務活動によるキャッシュ・フローは▲169,215千円と、前年度比1,438千

円減（0.8%減）となっている。これは、リース債務の返済による支出が169,215千円があったことが主な要因である。

表 主要な財務データの経年比較 (単位：千円)

区 分	当中期目標期間				
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
経常費用	9,583,834	8,981,834	8,443,346	8,592,535	8,012,474
経常収益	9,623,203	8,876,272	8,463,637	8,595,492	7,971,237
当期総利益又は当期総損失(▲)	239,123	14,041	57,792	▲52,188	760,015
資産	33,267,637	32,352,281	32,583,675	34,227,057	32,991,634
負債	4,179,542	4,176,355	4,325,171	3,856,037	2,670,113
利益剰余金(又は繰越欠損金)	442,050	336,380	354,992	285,271	1,040,304
業務活動によるキャッシュ・フロー	223,594	727,950	559,573	716,148	428,961
投資活動によるキャッシュ・フロー	▲915,608	▲376,139	▲334,712	▲358,483	▲76,010
財務活動によるキャッシュ・フロー	▲739,096	▲164,092	▲165,383	▲170,653	▲169,215
資金期末残高	1,019,437	1,207,156	1,266,634	1,453,646	1,637,381

〔表記に関する注記〕

金額は、科目毎に千円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

② セグメント事業損益の経年比較・分析

研究課題別である三つのセグメントのうち、「研究基盤整備」の27年度事業損益は▲15,758千円と、前年度比33,154千円減少している。これは、受託収入を財源として取得した固定資産の取得が前年度より減少したことが主な要因である。

「生命現象解明」の27年度事業損益は9,959千円と、前年度比1,948千円増加している。これは、受託収入を財源として取得した固定資産の減価償却費が前年度より減少したことが主な要因である。

「新生物産業創出」の27年度事業損益は▲12,086千円と、前年度比19,611千円増加している。これは、受託収入を財源として取得した固定資産の減価償却費が前年度より減少したことが主な要因である。

「法人共通」の27年度事業損益は▲23,352千円と、前年度比32,599千円減少している。これは、経年による建物等の減価償却費が主な要因である。

- | | |
|--|-----------|
| (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 | 「研究基盤整備」 |
| (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 | 「生命現象解明」 |
| (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 | 「新生物産業創出」 |

表 事業損益の経年比較 (区分経理によるセグメント情報) (単位：千円)

区 分	当中期目標期間				
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
研究基盤整備	14,807	▲35,214	55,620	17,396	▲15,758
生命現象解明	▲31,463	▲28,900	17,976	8,011	9,959
新生物産業創出	56,965	▲29,409	▲38,629	▲31,697	▲12,086
法人共通	▲942	▲12,039	▲14,677	9,247	▲23,352
合 計	39,368	▲105,561	20,291	2,957	▲41,236

〔表記に関する注記〕

金額は、科目毎に千円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

③ セグメント総資産の経年比較・分析

研究課題別である三つのセグメントのうち、「研究基盤整備」の27年度総資産は7,341,595千円と、前年度比706,277千円減少している。これは、機械設備等の増加よりも、当年度における減価償却費が上回ったことが主な要因である。

「生命現象解明」の27年度総資産は2,938,614千円と、前年度比265,560千円減少している。これは、研究用機械設備等の増加よりも、当年度における減価償却費が上回ったことが主な要因である。

「新生物産業創出」の27年度総資産は1,572,387千円と、前年度比151,303千円減少している。これは、研究用機械設備等の増加よりも、当年度における減価償却費が上回ったことが主な要因である。

「法人共通」の27年度総資産は21,139,038千円と、前年度比112,283千円減少している。これは、機械設備等の増加よりも、当年度における減価償却費が上回ったことが主な要因である。

表 総資産の経年比較（区分経理によるセグメント情報）（単位：千円）

区 分	当中期目標期間				
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
研究基盤整備	6,197,463	5,824,945	5,657,238	8,047,872	7,341,595
生命現象解明	3,589,546	3,317,260	3,323,117	3,204,174	2,938,614
新生物産業創出	2,145,833	1,970,366	1,874,934	1,723,690	1,572,387
法人共通	21,334,794	21,239,710	21,728,387	21,251,321	21,139,038
合 計	33,267,637	32,352,281	32,583,675	34,227,057	32,991,634

〔表記に関する注記〕

金額は、科目毎に千円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

④ 行政サービス実施コスト計算書の経年比較・分析

27年度の行政サービス実施コストは7,564,679千円と、前年度比126,067千円増となっている。

表 行政サービス実施コストの経年比較（単位：千円）

区 分	当中期目標期間				
	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
業務費用	6,727,708	6,778,231	6,641,835	6,707,366	7,001,431
うち損益計算書上の費用	9,630,022	9,000,371	8,468,748	8,692,297	8,443,802
うち自己収入	▲2,902,314	▲2,222,139	▲1,826,913	▲1,984,931	▲1,442,371
損益外減価償却相当額	1,095,622	1,103,681	652,691	706,113	802,794
損益外減損損失相当額	57	2,097	3,927	110	0
損益外利息費用相当額	9	10	14	13	9
損益外除売却差額相当額	76,461	17,349	68,091	2,562	1,728
引当外賞与見積額	▲20,471	▲166	17,127	9,402	▲1,917
引当外退職給付増加見積額	144,305	▲65,663	▲196,178	▲101,316	▲24,262
機会費用	288,611	157,804	178,040	114,363	0
（控除）国庫納付額	0	0	0	0	▲215,104
行政サービス実施コスト	8,312,302	7,993,343	7,365,547	7,438,612	7,564,679

〔表記に関する注記〕

金額は、科目毎に千円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

○事業の説明

(1) 財源構造

当法人の経常収益は7,971百万円で、その主な内訳は、運営費交付金収益6,163百万円（収益の77.3%）、受託収入1,418百万円（17.8%）、資産見返負債戻入361百万円（4.5%）、物品受贈益9百万円（0.1%）事業収入等20百万円（0.3%）、となっている。

(2) 財務データ及び業務実績報告書と関連づけた事業説明

財務データについて、当法人の試験及び研究並びに調査における分野ごとに明記した。

これらの分野における大課題・中課題ごとの具体的な業務実績（成果等）については、【第二章－第2－1「試験及び研究並びに調査」】を参照されたい。

また、研究課題に直接関連づけられる経費や投入エフォート、発表論文数等の関係を中課題単位で分析した結果については、「平成27年度研究資源の投入状況・成果」（p.183）を参照されたい。

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)、1－(2)）

本事業では、新たな品種・系統の育成に不可欠な農業生物の遺伝資源の充実、それらを効率的に活用するためのcDNAライブラリー、変異体、マイクロアレイ等のゲノムリソースの開発・整備及び新たなゲノム育種技術の開発を推進するとともに、農業生物のゲノム解読と高度な解析、生体分子の構造・機能解析及びそれらを可能にするバイオインフォマティクス研究などを推進することとしている。

(単位:円)

区 分	金 額
事業費用	2,991,824,925
研究業務費	2,980,965,920
一般管理費	0
財務費用	10,859,005
事業収益	2,976,067,372
運営費交付金収益	1,836,257,520
固定資産見返負債戻入	143,936,639
受託収入	981,582,662
その他	14,290,551

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（大課題2－(1)、2－(2)）

本事業では、これまでに蓄積されてきたイネ、カイコ、ブタ等のゲノム解読等の研究成果に加え、今後解読が進む農業生物のゲノム情報や生命現象の基礎的研究の成果を活かして、植物、昆虫、動物等の生物機能の生理・生化学的解明や生物間相互作用機構の解明を進め、これらを利用した農作物や家畜等の効率的・安定的な生産のための基盤技術を開発することとしている。

(単位:円)

区 分	金 額
事業費用	1,828,727,008
研究業務費	1,828,470,346
一般管理費	0
財務費用	256,662
事業収益	1,838,686,210
運営費交付金収益	1,432,970,922
固定資産見返負債戻入	90,814,968
受託収入	311,761,237
その他	3,139,083

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（大課題3）

本事業では、健康機能性成分や医薬品成分を産生する作物等を開発するとともに、それらの実用化に向けて有効性や安全性に関する知見を集積する。また、昆虫及び動物を用いた医薬品・医療用新素材などの有用物質生産技術や高機能絹糸の実用化に向けた大量生産技術、医療用実験動物等を開発する。さらに、効率的な遺伝子組換え生物の作出に向けて遺伝子ターゲティング法等による遺伝子組換え技術の高度化を図るとともに、昆虫の持つ独特の生体防御機構など、農業生物に特異的で有用な生物機能を解明し、それを利用するための技術を開発することとしている。

(単位:円)

区 分	金 額
事業費用	775,052,916
研究業務費	775,002,999
一般管理費	0
財務費用	49,917
事業収益	762,967,022
運営費交付金収益	594,771,427
固定資産見返負債戻入	43,026,415
受託収入	122,488,346
その他	2,680,834

○事業等のまとまりごとの予算・決算の概況

(単位：百万円)

区分	研究基盤整備			生命現象解明			新生物産業創出			法人共通			合計			
	予算額	決算額	差額	備考	予算額	決算額	差額	備考	予算額	決算額	差額	備考	予算額	決算額	差額	備考
収入																
前年度よりの繰越金	57	344	287	注1	58	272	214	注1	25	117	92	注1	18	47	29	注1
運営費交付金	2,739	2,620	▲120		2,187	2,280	93		955	966	11		783	799	16	
受託収入	1,776	998	▲778	注2	577	304	▲274	注2	258	145	▲114	注2	-	-	-	注2
諸収入	-	-	-		-	-	-		-	-	-		18	31	14	注3
寄附金収入	-	-	-		-	-	-		-	1	1	注4	-	-	-	注4
計	4,572	3,691	▲611		2,823	2,856	33		1,238	1,228	▲10		819	878	58	
支出																
業務経費	1,317	1,320	2		738	746	9		345	339	▲5		-	-	-	
〃 (寄附金)	-	-	-		-	-	-		-	1	1	注4	-	-	-	
受託経費	1,776	978	▲798	注2	577	303	▲274	注2	258	136	▲123	注2	-	-	-	
一般管理費	-	-	-		-	-	-		-	-	-		344	329	▲15	
人件費	1,479	1,312	▲167	注5	1,508	1,508	0		635	617	▲18		475	482	6	
計	4,572	3,610	▲963		2,823	2,557	▲266		1,238	1,092	▲146		819	810	▲9	

[表記に関する注記]

金額は、科目毎に百万円未満を四捨五入しているため、合計と一致しない場合がある。

[備考欄の注記]

注1 平成27年度で実行予定の運営費交付金等の繰越金

注2 受託研究契約額が予定を下回ったため

注3 不適正な経理処理に係る回収のため

注4 使途を特定した寄附を受け入れたため

注5 人事管理計画から当年度における採用を抑制したため

第3-4

[指標3-4-ア]

○知的財産収入

「生物研イチョン特許」と題するPR資料を作成して技術見本市などを利用してPR活動を行うなど、民間等における利活用を促進し、知的財産収入の増加に努めた。

○遺伝資源配布事業収入（ゲノムリソースを含む）

配布可能な遺伝資源検索データベースの機能を充実させ、検索結果からオンライン申込みができる仕組みでは入力機能の改修により利便性を高め、各種学会で遺伝資源配布事業について配布方法等の情報提供を行い、遺伝資源の利用促進を図った。

○原蚕種等配布事業収入

配布についてはホームページ等でPRに努めた。また、外部からの桑または蚕に関する技術的な問い合わせがあった場合、当所からの蚕種・桑苗等の配布を受けるように積極的に勧めた。

○依頼照射事業収入

規程に定めた基準に基づいて料金単価の見直しを行い事業を実施した。依頼照射規程及び依頼照射の申込方法等についてホームページ等でのPRに努め、依頼照射申込の際には、照射条件等の相談に積極的に対応した。

○生産物売払収入

試験研究用に栽培した水稻のうち、余剰となった米の売払収入である。栽培試験のために生産された粳であって、植え付け時には売払を目的とはしていないが、次年度の栽培用種子及び試験研究用を除き不用となった場合に売り払っている。

27年度における自己収入の実績は表21のとおりである。

表21 主な自己収入の実績

(単位：千円)

項目	26年度	27年度	27-26年度
知的財産収入	6,122	6,337	215
遺伝資源配布事業収入 (ゲノムリソースを含む)	10,024	7,822	-2,202
原蚕種等配布事業収入	77	228	151
依頼照射事業収入	858	1,038	180
生産物売払収入	0	0	0
その他収入	129	66	-63
合計	17,210	15,491	-1,719

第3-5

①保有資産の見直し

[指標3-5-ア]

既存の施設・設備等については、施設利用委員会やスペース利用申請等を通じて老朽化や利用状況の現状を把握し、策定した施設利用計画の適切な見直しを行った。

24年度に減損の認識を行った第2本館RI管理区域は、25年度に廃止の手続きを開始し、27年度に廃止手続きが完了した。また、ボンベ庫については、危険物倉庫設置のため解体した。

②保有資産の処分

[指標3-5-イ]

該当なし

第4 短期借入金の限度額

中期計画

中期目標の期間中の各年度の短期借入金は、7億円を限度とする。

想定される理由：年度当初における国からの運営交付金の受入れ等が遅延した場合における職員への人件費の遅配及び事業等の支払遅延を回避するため。

〔指標4〕短期借入を行った場合、その理由、金額、返済計画等は適切か。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第4）	自己評価
<主要な業務実績> 該当なし	評価「 」 <評価の根拠> <課題と対応>

(27年度実績)

第4

該当なし

〔指標4〕

第5 不要財産又は不要財産となることが見込まれる財産がある場合には、当該財産の処分に関する計画

中期計画

松本研究拠点及び岡谷研究拠点の再編統合のため、第2期中期計画期間中に独立行政法人通則法第48条により重要な財産の処分を行い、その売却収入をもって、代替施設の整備を行ったが、この売却収入額から代替施設の整備に支出した額を差し引いた額595百万円を不要財産として、平成23年度中に国庫納付する。

〔指標5〕中期計画に定めのある不要財産の処分について、その取組が計画通り進捗しているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第5）	自己評価
<主要な業務実績> 1. 〔指標5〕 該当なし	評定「 」 <評定の根拠> <課題と対応>

(27年度実績)

第5

○不要財産の売却や国庫納付等が行われた場合、その取組の進捗状況

〔指標5〕

該当なし

第6 重要な財産を譲渡し、又は担保に供しようとするときは、その計画

<p><u>中期計画</u> なし</p>

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第6）	自己評価
<p><主要な業務実績> 該当なし</p>	<p>評定「 」</p> <p><評定の根拠></p> <p><課題と対応></p>

(27年度実績)

第6

該当なし

第7 剰余金の使途

中期計画

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等に関する試験研究の充実・加速及びそのために必要な研究用機器の更新・購入等に使用する。

〔指標7〕 剰余金は適正な使途に活用されているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第7)	自己評価
<主要な業務実績> 該当なし	評定「 」 <評定の根拠> <課題と対応>

(27年度実績)

第7
該当なし

〔指標7〕

第8 その他農林水産省令で定める業務運営に関する事項等

1 施設及び設備に関する計画

中期計画

業務の適切かつ効率的な実施の確保のため、業務遂行上の必要性、既存の施設・設備の老朽化の現状及び研究の重点化方向等を踏まえ、真に必要な施設及び設備の整備改修等を計画的に行う。

〔指標 8-1〕 ミッションの達成に向けた施設・設備の計画的整備が行われているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績 (第8-1)	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. 〔指標 8-1〕</p> <p>施設・設備の計画的整備については、中長期的な視点に立って中期計画期間における施設・整備に関する計画を策定した。この施設整備計画（マスタープラン）は固定したものとはせず、研究の重点化方向や施設の利用状況の変化に合わせて見直しを行った。</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>施設・設備の計画的整備については、中長期的な視点に立って施設整備計画を策定しており、27年度は、本部地区危険物倉庫新築等を行った。</p> <p>以上、施設及び設備に関する計画について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>

(27年度実績)

第8-1

○ミッションの達成に向けた施設・設備の計画的整備

〔指標 8-1〕

研究施設・設備の改修、修繕等については、老朽化の現状や研究の重点化を踏まえて計画的に行うことが必要であり、併せて、施設修繕維持経費の効率的・計画的な執行を行うことが求められる。このため、施設利用委員会において、各研究ユニット等からの改修要望を取りまとめ、中長期的な視点に立って、中期計画期間に改修・修繕が必要となるすべての施設・設備をリストアップし、必要性、緊急性等の視点から順位付けを行い、中期計画期間における施設・整備に関する計画を策定した。この施設整備計画（マスタープラン）は固定したものとはせず、研究の重点化方向や施設の利用状況の変化に合わせて見直しを行うこととしており、27年度は、危険物の適正管理を目的とした本部地区危険物倉庫新築工事について、平成27年8月6日に契約締結し、12月18日に竣工した。

また、R I 管理区域廃止のための除染作業に伴い撤去したR I エリアの天井、壁、床の復旧を目的とした本部地区第2本館R I エリア改修工事について、平成27年11月12日に契約締結し、平成28年3月3日に竣工する一方、老朽化した構内電話通信線路網の整備のため、「本部地区ほか構内電話通信線路工事」について、平成27年9月7日に契約締結し、平成28年3月24日に竣工した。

1) 当事業年度中に完成した主要施設等

本部地区危険物倉庫新築（取得原価 22百万円）

本部地区第2本館R I エリア改修（取得原価 15百万円）

本部地区ほか構内電話通信線路工事（取得原価 13百万円）

2) 当事業年度において継続中の主要施設等の新設・拡充

該当なし

3) 当事業年度中に処分等した主要施設等

該当なし

2 人事に関する計画

中期目標

(1) 人員計画

期間中の人事に関する計画（人員及び人件費の効率化に関する目標を含む。）を定め、業務に支障を来すことなく、その実現を図る。

(2) 人材の確保

研究職員の採用にあたっては、任期制の活用等、雇用形態の多様化及び女性研究者の積極的な採用を図りつつ、中期目標達成に必要な人材を確保する。研究担当幹部職員については、公募方式等を積極的に活用する。

中期計画

(1) 人員計画

①方針

中期目標を着実に達成するため、集中的・重点的に取り組む研究テーマを担う研究単位を設置し、職員を重点的に配置する。

また、研究支援部門について、新たな社会的要請に対応する組織を設置して充実・強化を図り、適切に職員を配置する。

②人員に係る指標

期末の常勤職員数は、期初職員相当数を上回らないものとする。

（参考：期初の常勤職員相当数402名）

(2) 人材の確保

①研究職員の採用にあたっては、任期付雇用等を活用し、研究所の研究推進に必要な優れた人材を確保する。

②女性研究者については、研究職員における全採用者に占める女性研究者の割合が、前期実績を上回るよう女性研究者を積極的に採用し、活用を図る。

③次世代育成支援行動計画に基づき、仕事と子育てを両立しやすい雇用環境の整備に努める。

④研究リーダーについては、広く研究所内外から優れた人材を確保するため、公募方式を積極的に活用する。

〔指標 8-2-ア〕 期末の常勤職員数が、期初職員相当数を上回っていないか。

〔指標 8-2-イ〕 任期付雇用、研究リーダーの公募等を活用するなど、雇用形態の多様化を図り、人材の確保に努めているか。

〔指標 8-2-ウ〕 女性研究者の積極的な採用と活用に向けた取組が行われているか。また、その実績はどうか。

〔指標 8-2-エ〕 仕事と子育てを両立しやすい雇用環境の整備に向けた取組が行われているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
常勤職員数	期初職員相当数を上回らない	402	367	361	355	343	349

業務実績（第8-2）	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. [指標8-2-ア] 常勤職員数については、平成28年3月31日現在で計349名（うち研究職241名）であった。なお、期初の常勤職員相当数は計402名である。</p> <p>2. [指標8-2-イ] 研究職員の採用については、雇用形態の多様化を踏まえた新たな採用方式を導入し、公募により研究リーダー1名、パーマネント研究員12名、テニユア・トラック制若手任期付研究員5名、テニユア審査のない若手任期付研究員9名を採用した。このほか、客員上級研究員制度により3名の有識者を受け入れた。</p> <p>3. [指標8-2-ウ] 女性研究者の採用に向けた取り組みについては、ホームページの男女共同参画のコーナーにおいて、採用情報に加え、育児支援制度や女性研究員からのメッセージを掲載するなどした結果、採用者における女性の割合は27%（7名）であった。女性研究者の活用については、研究リーダーであるユニット長に加えて、研究管理支援部門の室長にも登用して促進を図った。</p> <p>4. [指標8-2-エ] 次世代育成支援については、「農業生物資源研究所次世代育成支援対策行動計画」に基づき、雇用環境や労働条件の整備に努めた。なお、27年度重点取組事項として、男性職員の積極的・制度的活用促進の結果、1名の男性職員が育児休業を取得した。</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠> 常勤職員数については、平成28年3月31日現在で計349名であり、期初の常勤職員相当数を上回っていない。研究職員の採用については、雇用形態の多様化を踏まえた新たな採用方式を導入し、公募により優秀な人材を確保した。常勤職員が昨年度比で7名増えたことは、人材確保の観点から評価できるが、これらの職員のキャリアパスについても十分な配慮が必要である。女性研究者の活用については、ホームページの男女共同参画のコーナーにおいて有用な情報を掲載するなどした結果、採用者における女性の割合は27%（7名）となった。次世代育成支援については、男性職員の積極的・制度的活用促進の結果、1名の男性職員が育児休業を取得した。</p> <p>以上、人事に関する計画について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p><課題と対応></p>

(27年度実績)

第8-2(1)

①職員の配置

[指標8-2-ア]

集中的・重点的に取り組む研究テーマを担った3つの研究センター及び3つの研究領域を23年度に設置した。研究センター及び研究領域には、29の研究ユニット等を配置するとともに、その目的を効果的に達成できるように、先端ゲノム解析、遺伝子組換え研究推進、遺伝資源国際連携、ジーンバンク事業推進の4室を置き、研究ユニット等とあわせて、中期目標・中

期計画を着実に達成する組織体制として運営した。これらの研究ユニット及び室には、適材適所により必要な要員を配置した。

また、「攻めの農林水産業」に対応して、作物の開発・利用を加速するため、農業・食品産業技術総合研究機構と連携して設置したバーチャルな組織である「作物ゲノム育種研究センター」では研究課題の進行管理を農研機構と共同で行い、作物のゲノム育種研究の一体的な推進を図った。

研究管理支援部門については、研究開発部門をバックアップしつつ、新たな社会要請に対応した研究管理支援の充実や内部統制の強化等のため、23年度から3統括11室体制で進めてきた。

平成27年2月に、これまでの検収体制を見直し、検収の徹底・強化を図るとともに、研究に支障のない迅速で確実な検収体制を構築するため「検収管理室」を設置し、3統括12室体制に改編し進めてきた。12室の各部署にはそれぞれの業務の遂行に必要な要員の配置に努めた。また、引き続き研究管理支援部門に研究職員の専任者、併任者を配置し、事務－研究の双方の立場から研究管理支援が行える体制で業務を進めた。

現業部門の職員が担う遺伝子組換えイネの栽培などの高度かつ専門的な技術の確実な伝承の観点から、平成27年4月に技術専門職員を1名採用し、技術支援室に配置した。

このほか、年金の支給開始年齢の引き上げを踏まえ、職員が定年後の生活に不安を覚えることなく職務に専念できるよう、雇用と年金の接続を図るとともに、年々増加傾向にある再雇用職員が培ってきた知識や経験をより有効に活用するため、研究所の運営上に必要な再雇用職員が担うべき業務を整理するなどの検討を重ね、平成26年から引き続き、定年退職者の再雇用のうち研究職員にあっては、従来の研究管理支援部門における支援に加え、研究開発部門における研究支援にも業務を拡大して要員を配置する体制とした。

②常勤職員数

[指標 8-2-ア]

平成28年3月31日現在、常勤職員数は計349名(うち研究職241名)であった。なお、期初常勤職員相当数は計402名である。

第 8-2 (2)

①及び④研究職員の採用

[指標 8-2-イ]

生物研が担う研究分野は研究の進展が速く、競争も激しいため、特に優れた若手の人材を確保する必要があること、雇用形態の多様化を踏まえた人材を確保するため、平成27年4月から新たな採用方式を導入した。具体的には、①中・長期的に強化が必要な新分野等において、即戦力となる者を任期を定めないパーマネント研究員として12名、②中長期にわたり着実に実施することが必要な重点分野において、積極的に実施する意欲のある者を任期の定めのある研究職員として採用するとともに、その任期中において、希望者に対して任期を付さない研究職員としての採用の審査を実施するテニュア・トラック制若手任期付研究員として5名、③特に短期間に重点的に推進する必要がある研究課題において、関連する分野の専門的知識、経験、実績を有する者を任期の定めのある研究職員として採用するテニュア審査のない若手任期付研究員として9名を公募により採用した。

パーマネント研究員採用ポスト	採用年月日
農業生物先端ゲノム研究センター昆虫ゲノム研究ユニット主任研究員	平成27年 4月 1日
農業生物先端ゲノム研究センター家畜ゲノム研究ユニット主任研究員	平成27年 4月 1日
遺伝資源センター多様性活用研究ユニット主任研究員	平成27年 4月 1日
植物科学研究領域植物生産生理機能研究ユニット主任研究員 ※	平成27年 4月 1日
昆虫科学研究領域昆虫成長制御研究ユニット主任研究員	平成27年 4月 1日
昆虫科学研究領域昆虫相互作用研究ユニット主任研究員 ※	平成27年 4月 1日
動物科学研究領域動物生産生理機能研究ユニット主任研究員	平成27年 4月 1日
遺伝子組換え研究センター遺伝子組換え研究推進室主任研究員	平成27年 8月 1日
農業生物先端ゲノム研究センター作物ゲノム研究ユニット主任研究員	平成28年 1月 1日
農業生物先端ゲノム研究センター家畜ゲノム研究ユニット主任研究員	平成28年 1月 1日
遺伝子組換え研究センター遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット主任研究員	平成28年 1月 1日
植物科学研究領域植物・微生物間相互作用研究ユニット主任研究員	平成28年 1月 1日

※は女性研究者

テニユア・トラック制若手任期付研究員採用ポスト	採用年月日
農業生物先端ゲノム研究センターダイズゲノム育種研究ユニット任期付研究員※	平成27年 4月 1日
遺伝子組換え研究センター新機能素材研究開発ユニット任期付研究員	平成27年 4月 1日
昆虫科学研究領域昆虫相互作用研究ユニット任期付研究員	平成27年 4月 1日
動物科学研究領域動物発生分化研究ユニット任期付研究員	平成27年 6月16日
農業生物先端ゲノム研究センターイネゲノム育種研究ユニット任期付研究員	平成27年 7月 1日

※は女性研究者

テニユア審査のない若手任期付研究員採用ポスト	採用年月日
農業生物先端ゲノム研究センターゲノム機能改変研究ユニット任期付研究員※	平成27年 4月 1日
遺伝子組換え研究センター遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット任期付研究員	平成27年 4月 1日
動物科学研究領域動物生体防御研究ユニット任期付研究員 ※	平成27年 4月 1日
遺伝資源センター放射線育種場任期付研究員	平成27年 8月 1日
農業生物先端ゲノム研究センター昆虫ゲノム研究ユニット任期付研究員	平成27年10月 1日
遺伝資源センター保存・情報研究ユニット任期付研究員	平成27年10月 1日
昆虫科学研究領域昆虫成長制御研究ユニット任期付研究員 ※	平成27年10月 1日
昆虫科学研究領域昆虫微生物機能研究ユニット任期付研究員	平成27年10月 1日
遺伝資源センター分類評価研究ユニット任期付研究員 ※	平成28年 1月 1日

※は女性研究者

また、研究リーダーであるユニット長についても、公募により人材を確保した。

ユニット長公募ポスト	採用年月日
動物科学研究領域動物生産生理機能研究ユニット長	平成27年 4月 1日

このほか、研究所における特定の研究を強力的に推進するため、関連する分野において相当の研究実績を有し、かつ、高度の専門的知識を有する大学等の優秀な人材を受け入れる制度として、客員上級研究員制度を平成25年10月に創設し、27年度は3名の有識者を受け入れた。

委嘱事項	委嘱年月日
医用モデルブタの研究開発	平成27年 4月 1日
医療用シルク素材の細胞親和性評価に関する研究	平成27年 4月 1日
植物と有用微生物との共生機構の解明	平成27年 4月 1日

②女性研究者の採用

[指標 8-2-ウ]

女性研究者の採用拡大については、ホームページのトップページに開設した男女共同参画（研究者を志望する女性の皆様へ）のコーナーを運営し、その中で採用情報に加え、育児支援制度や女性研究員からのメッセージを掲載するなど女性の応募・採用を増やす取り組みを継続実施した。27年度の若手研究員の採用においては、応募者における女性の割合は約22%に対し、採用者における女性の割合は27%（7名）であった。なお、研究職員採用に向けた募集要項に「農業生物資源研究所では次世代育成支援を推進しています。育児による研究中断期間のある方は、性別に関わらず履歴書にご記入下さい。」と注記し、女性研究者がより応募しやすい環境を整備した。

女性研究者の活用については、研究リーダーであるユニット長に加えて、研究管理支援部門の室長にも登用して促進を図った。また、女性研究者の育成については、所内掲示版を利用して女性研究者のキャリア形成・研究力向上のための各種支援事業の周知などを引き続き行い、その育成等に努めた。

③次世代育成支援対策

[指標 8-2-エ]

「農業生物資源研究所次世代育成支援対策行動計画」（平成22年3月策定）に基づき、雇用環境の整備及び多様な労働条件の整備の着実な実行に引き続き努めた。

27年度の新たな取組として以下を実施した。

ア．生物研における「ゆう活（夏の生活スタイル改変）」を実施し、フレックスタイム制を活用し、朝型勤務と早期退所の勧奨により、一日の時間を有効に使い、ワークライフバランス実現の推奨を図った。

イ．行動計画における重点取組事項として、男性職員の積極的な制度活用の促進のための啓発活動等を継続して実施してきた結果、男性職員1名が育児休業を取得した。

託児所利用による一時預かり保育制度は、各利用者の業務又は生活環境等の変動により、利用実績数については前年度と比べ利用減となった（27年度4月～3月：延べ40時間（26年度4月～3月：延べ194時間））。

長期休暇の取得推進（夏季休暇や祝日等と年次有給休暇の効果的活用）及び超過勤務縮減・定時退所促進について、所内グループウェア等により意識啓発を行った。

また、ホームページの男女共同参画（研究者を志望する女性の皆様へ）のコーナーで女性職員が働きやすい職場を紹介するとともに、つくば地域における関係機関との連携を進め、懇話会及び相談窓口担当者ネットワークミーティングに参加し、託児所の契約、利用状況等を発表するとともに、女性研究者支援に係るメールマガジンの所内グループウェア掲載や、関係するシンポジウム資料等の掲載を行った。

3 法令遵守など内部統制の充実・強化

中期目標

研究所に対する国民の信頼を確保する観点から、法令遵守を徹底する。特に、規制物質の管理等について一層の徹底を図るとともに、法令遵守や倫理保持に対する役職員の意識向上を図る。また、研究所のミッションを有効かつ効率的に果たすため、内部統制の更なる充実・強化を図る。

さらに、法人運営の透明性を確保するため、情報公開を積極的に進めるとともに、「第2次情報セキュリティ基本計画」（平成21年2月3日情報セキュリティ政策会議決定）等の政府の方針を踏まえ、個人情報保護など適切な情報セキュリティ対策を推進する。

中期計画

- ① 研究所に対する国民の信頼を確保する観点から、法令遵守や倫理保持に対する役職員の意識向上を図るため、啓発情報等を周知徹底するとともに、研修、教育等を実施する。
- ② 研究所の研究活動に伴うリスクを把握し、それに対応できる管理体制を整備する。特に、規制物質の管理等について、管理システムの適切な運用などにより一層の徹底を図るとともに、放射性同位元素や遺伝子組換え生物について、職員に対する教育・指導等を徹底し、適正な管理に努める。
- ③ 研究所のミッションを有効かつ効率的に果たすため、理事長のトップマネジメントが的確に発揮できるよう内部統制の更なる充実・強化を図る。
- ④ 研究所の諸活動の社会への説明責任を果たすため、情報公開を積極的に進める。また、「第2次情報セキュリティ基本計画」（平成21年2月3日情報セキュリティ政策会議決定）等の方針を踏まえ、個人の権利・利益を保護するために個人情報の適正な取扱いに努めるなど情報セキュリティ対策を推進する。

〔指標 8-3-ア〕 内部統制のための法人の長のマネジメント（リーダーシップを発揮できる環境整備、法人のミッションの役職員への周知徹底、組織全体で取り組むべき重要な課題（リスク）の把握・対応、内部統制の現状把握・課題対応計画の作成）は適切に行われているか。

〔指標 8-3-イ〕 内部統制のための監事の活動（法人の長のマネジメントに留意した監事監査の実施、監事監査で把握した改善点等の法人の長等への報告）が適切に行われているか。

〔指標 8-3-ウ〕 倫理保持や法令遵守についての意識向上を図るための研修、法令違反や研究上の不正に関する適切な対応など、法人におけるコンプライアンス徹底のための取組が行われているか。

〔指標 8-3-エ〕 規制物質、遺伝子組換え生物等の管理が適正に行われているか。化学物質の一元管理の導入や遺伝子組換え生物の管理に係る教育・訓練等、措置するとされた改善策の徹底が図られているか。

〔指標 8-3-オ〕 法人運営についての情報公開の充実に向けた取組や情報開示請求への適切な対応が行われているか。また、情報セキュリティ対策や個人情報保護は適切になされているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第8-3）	自己評価
< 主要な業務実績 >	評定「C」

1. [指標8-3-ア]

内部統制のための法人の長のマネジメントについては、理事長自らが担当役員として内部統制を担当するとともに、生物研のすべての業務運営における重要事項について理事会及び運営会議で審議のうえ、理事長のリーダーシップの下に決定した。また、理事長と職員との定期的な意見交換会を通じて法人のミッションを役職員に周知徹底するとともに、現場の問題等を掌握する仕組みを構築して運用した。

2. [指標8-3-イ]

内部統制のための監事の活動については、定期監査等を実施し、監査報告書として理事長へ報告が行われた。また、理事会や運営会議などの重要な会議に出席し、研究所の運営改善に向けて指摘や提言を行った。

3. [指標8-3-ウ]

法人におけるコンプライアンス徹底のための取組については、役職員を対象とした研究費使用に関するコンプライアンス研修及び、研究職員を対象とした研究倫理教育（eラーニング形式）を実施したほか、映像教材をグループウェアに掲載し、ハラスメント防止、コンプライアンス推進及び情報セキュリティ対策に関する研修を職員全員が受講できるようにした。

なお、25年度及び26年度の会計検査院の決算検査において、「研究用物品等の購入等に当たり、会計規程等で認められていない前払により購入を行っていたり、研究員が販売代理店に虚偽の内容の関係書類を作成させ、研究所に架空の取引に係る購入代金を支払わせたりするなど会計経理が不適正」と指摘された。この不適正な経理処理事案を調査するため、平成26年8月22日に調査委員会を立ち上げ全容解明に向けた調査を実施し、平成26年12月19日の中間報告、平成27年12月22日の最終報告で公表した。

生物研としては、本件を役職員全員が真摯に受け止め、法人としてのコンプライアンス体制の改善と職員の意識改革を引き続き行い、新規採用者や他機関からの異動者の初期教育を確実に実施するなど、不適正な会計処理が二度と起きないように再発防止の取組を進めた。

今回の不適正な経理処理事案の発生要因は、（１）取引業者と研究職員の直接的な接触、（２）契約部門・検収部門の体制不十分、（３）研究職員等の公的研究費に対する認識不足、契約部門の最新の研究用物品等に対する認識不足、（４）会計システムID、パスワードの管理の不徹底、及び（５）内部監査が不十分と分析された。

以上を踏まえて、具体的には、以下の再発防止策を進めた。

（１）取引業者と研究職員の直接取引禁止の徹底

①改めて全研究職員に通知するとともに、誓約書の提出を義務付けた。

②取引業者に対して、研究職員との直接取引の禁止及び検収方法の変更の趣旨・内容の周知徹底を図った。

（２）検収の徹底、契約・検収部門の体制強化

①検収場所を発注時に納品先に指定するなど、検収担当職

<評定の根拠>

理事長のマネジメントや監事の活動については、その職務に従って適切に行われた。コンプライアンスの徹底については、研究費使用に関するコンプライアンス研修やeラーニングによる研究倫理研修等を対象者全員が受講することとして実施した。なお、会計検査院から不適正な会計経理を指摘された事案については、平成27年12月22日に最終報告として調査内容を公表し、再発防止策に基づいて適切に対応したところである。このほか、管理区域外の実験室からアイソトープが発見される事案や、内容不明実験廃水が流出して実験廃水処理施設内に貯留される事案、他機関に分与した種子に遺伝子組換え体が混入していた事案が生じたが、迅速かつ適切に対応し再発防止にも取り組んだ。情報セキュリティ対策や個人情報保護については、マイナンバーの運用開始も踏まえ、適切な運用・管理を確保するために体制整備を強化した。

以上、法令遵守など内部統制の充実・強化については、昨年度の主務大臣からの厳しい評価も考慮し、内部統制等について更なる改善が必要であると判断し、評定を「C」とする。

<課題と対応>

不適正な経理処理事案が発生した要因として、

- 員による検収を確実に実施し、納品書等関係書類を確実に保存することとした。
- ②取引業者が研究室に当該物品等を届けることは、原則認めないこととした。
 - ③検収を行った物品が取引業者に回収されて使い回されることがないように、目印を付すこととした。
 - ④現物を伴わない検収とならないよう検収物品の写真撮影を行うこととした。
 - ⑤随時、取引業者、研究職員及び経理担当職員に対して実地検査を実施した。
 - ⑥物品等の購入について入札により年間を通じてその取引価格を決定する単価契約の導入を行った。
- (3) 職員の意識改革に向けた研修の実施
- ①全ての研究職員及び経理担当職員を対象に研修会を開催し、不適正経理を具体的に示すことにより、ルールの徹底を図った。特に経理担当職員は、会計処理に際して、例えば、翌年度の納品になることが明らかになった際には一旦契約を解除し、翌年度において改めて契約を行うなど実態に即した経理処理を行う等当たり前のことが当然に実施されるような組織風土の熟成を図ることとした。
 - ②定期的に試験を実施し、不適正経理の認知度を確認し、必要な者に対して再試験を実施した。
- (4) 会計システムのID、パスワードの厳重な管理
- ①会計システムのID、パスワードの厳重管理を周知徹底する。特に、ID、パスワードを持たない契約職員が、他人のID、パスワードを使って発注することがないように指導することとした。
 - ②業務分担の適正化の検討
 - ・業務の実態を把握し、適切な業務分担が出来るように、業務分担の見直しを行うこととした。
 - ・業務分担の見直しに併せて、システム上の権限割当の見直しを行うこととした。
 - ・発注部門において、「発注依頼」と「依頼内容の承認」を分担して実施する場合には、承認が形式的な作業にならないよう、承認画面において、「研究テーマと依頼内容を照らし合わせやすく表示する」ことや「発注金額の累計と予算の進捗状況をチェックしやすくする」等、チェックが有効に実施できる仕組みの構築も検討することとした。
- (5) 内部監査機能の強化
- ①監査・コンプライアンス室による内部監査について、書面審査に加えて、研究現場での聞き取り調査を実施した。
 - ②契約取引の多い取引業者に対し会計帳票等の提供を求めることとした。不審な点が認められる場合には臨時監査を実施することとした。
 - ③生物研全体の取組みとして、適切な業務遂行の障害となっている事項を把握し改善策を講ずる仕組みの構築を検討することとした。
4. [指標8-3-エ]
- 本部地区のRI管理区域について廃止措置を進め、平成27年9月4日に廃止措置報告書を原子力規制委員会に提出し、受理

内部統制が不十分であったことを認めざるを得ない。今後の対応としては、本件を役職員全員が真摯に受け止め、法人としてのコンプライアンス体制の改善と職員の意識改革を引き続き行い、新規採用者や他機関からの異動者の初期教育を確実に実施するなど管理体制を強化してまいりたい。

研究活動に伴うリスク管理についても、今後、より一層、研究職員に対して内部ルールを明確化し、全所挙げて法令遵守に取り組む環境作りを進めてまいりたい。また、不適切事例が起こった後の再発防止意識を長く持ち続けることも必要と考えられることから、定例の安全管理講習や教育訓練に反映させてまいりたい。

された。

なお、管理区域外の実験室からアイソトープが見つかり、全職員を対象とした安全管理・防災講習において、試薬類一斉点検の手法を説明したうえで、研究所の全施設について一斉点検を行った。その結果、管理状況に問題のある試薬等13件が発見された。

また、内容不明実験廃水が流出し、実験廃水処理施設内に貯留され、関係配管等の洗浄と当該実験廃水の廃棄処理を行った。このほか、過去に他機関に分与した種子に遺伝子組換え体が混入していたことが明らかとなり、再発防止策として生物材料の取り扱いの厳格化に取り組むこととした。

これらの再発防止のために安全管理室と管財室施設チームの連携により管理体制を強化するとともに、規程の改正や説明会の開催などを行った。

5. [指標 8-3-オ]

法人運営の情報公開については、法令に基づいて生物研の諸活動に関する各種情報を正確かつ迅速に公開した。また、マイナンバーの運用開始に伴い、個人情報の適切な管理を確保するための体制整備を強化した。情報セキュリティ対策については、情報セキュリティポリシーを見直すとともに、情報システムの管理・運用体制の強化と全役職員等を対象とした研修(814名受講)を徹底して情報セキュリティ水準の向上を図った。なお、27年度においては個人情報の漏洩や開示請求等はなかった。

(27年度実績)

第 8-3

①コンプライアンス徹底のための取組

[指標 8-3-ウ]

23年度に組織を見直し、統括管理主幹の下に情報管理室、安全管理室、監査・コンプライアンス室を配置し、内部統制の充実・強化を図った。また、26年度(平成27年2月)に検収管理室を設置し、27年度当初から物品等が納品される際の確実な検収体制を構築した。

監査・コンプライアンス室では、27年度監査実施計画を策定して、各部門(研究企画調整室、評価・人材育成室、知的財産室、広報室、技術支援室、庶務室、経理室、管財室、情報管理室、安全管理室、検収管理室、ジーンバンク事業推進室、放射線育種場)の監査を実施した。

監査においては、所内規程の遵守状況、会計処理状況、資産の保全状況及び業務の執行状況、27年度年次計画の進捗状況等について実態を把握するとともに、改善に向けて被監査部門に対して指摘・提案等を行った。監査の結果は「内部監査実施報告書」として取りまとめ、理事長及び監事に報告した。

研究活動の不正行為への対応として「農林水産省所管の研究資金に係る研究活動の不正行為への対応ガイドライン」に基づく研究活動上の不正行為(捏造、改ざん、盗用)に関する通報窓口の公開及び、文部科学省、農林水産省の「研究機関における公的研究費の管理・監査のガイドライン」に基づく「競争的資金等の適正な運営・管理について」を定め、管理責任者や通報・相談窓口を生物研ホームページ上に公開して、引き続き研究上の不正に関する対応体制の強化を図っている。併せて、役職員を対象とした研究費使用に関するコンプライアンス研修及び、研究従事者に対する倫理教育としてeラーニング形式による研修を25年度から開始し、27年度も対象となる研究職員(※海外留学中や休職等の研究職員は除く)が受講して不正行為の防止及び意識の醸成を図った。

なお、コンプライアンスの推進及びリスクへの適切な対応の取組みの一環として整備した「ハラスメント防止研修」、「情報セキュリティ対策の基礎知識」、「コンプライアンス推進研修」

の映像教材をグループウェアに掲載し、引き続き職員全員が受講できるようにした。このほか「コンプライアンスの手引き書」についてもグループウェアに掲載した。

また、研究所のコンプライアンス徹底の取り組みの一環として、施設セキュリティ強化のため平成23年10月から全館施錠による管理の徹底を図った。

25年度及び26年度の会計検査院の決算検査において、「研究用物品等の購入等に当たり、会計規程等で認められていない前払により購入を行っていたり、研究員が販売代理店に虚偽の内容の関係書類を作成させ、研究所に架空の取引に係る購入代金を支払わせたりするなど会計経理が不適正」と指摘された。この不適正な経理処理事案を調査するため、平成26年8月22日に調査委員会を立ち上げ全容解明に向けた調査を実施し、平成26年12月19日の中間報告を行った。その後、全容解明に向けた引き続きの調査と6回の調査委員会を開催し、不適正な経理処理として事実を確認したうえで平成27年12月22日に最終報告を行った。

生物研としては、本件を役職員全員が真摯に受け止め、法人としてのコンプライアンス体制の改善と職員の意識改革を引き続き行い、新規採用者や他機関からの異動者の初期教育を確実に実施するなど、不適正な会計処理が二度と起きないよう再発防止の取組を進めた。

今回の不適正な経理処理事案の発生要因は、(1)取引業者と研究職員の直接的な接触、(2)契約部門・検収部門の体制不十分、(3)研究職員等の公的研究費に対する認識不足、契約部門の最新の研究用物品等に対する認識不足、(4)会計システムのID、パスワードの管理の不徹底及び(5)内部監査が不十分と分析された。

以上を踏まえて、具体的には、以下の再発防止策を進めた。

(1) 取引業者と研究職員の直接取引禁止の徹底

①改めて全研究職員に通知するとともに、誓約書の提出を義務付けた。

②取引業者に対して、研究職員との直接取引の禁止及び検収方法の変更の趣旨・内容の周知徹底を図った。

(2) 検収の徹底、契約・検収部門の体制強化

①検収場所を発注時に納品先に指定するなど、検収担当職員による検収を確実に実施し、納品書等関係書類を確実に保存することとした。

②取引業者が研究室に当該物品等を届けることは、原則認めないこととした。

③検収を行った物品が取引業者に回収されて使い回されることがないように、目印を付すこととした。

④現物を伴わない検収とならないよう検収物品の写真撮影を行うこととした。

⑤随時、取引業者、研究職員及び経理担当職員に対して実地検査を実施した。

⑥物品等の購入について入札により年間を通じてその取引価格を決定する単価契約の導入を行った。

(3) 職員の意識改革に向けた研修の実施

①すべての研究職員及び経理担当職員を対象に研修会を開催し、不適正経理を具体的に示すことにより、ルールの徹底を図った。特に経理担当職員は、会計処理に際して、例えば、翌年度の納品になることが明らかになった際には一旦契約を解除し、翌年度において改めて契約を行うなど実態に即した経理処理を行う等当たり前のことが当然に実施されるような組織風土の熟成を図ることとした。

②定期的に試験を実施し、不適正経理の認知度を確認し、必要な者に対して再試験を実施した。

(4) 会計システムのID、パスワードの厳重な管理

①会計システムのID、パスワードの厳重管理を周知徹底する。特に、ID、パスワードを持たない契約職員が、他人のID、パスワードを使って発注することがないように指導することとした。

②業務分担の適正化の検討

・業務の実態を把握し、適切な業務分担ができるように、業務分担の見直しを行うこととした。

・業務分担の見直しに併せて、システム上の権限割当の見直しを行うこととした。

・発注部門において、「発注依頼」と「依頼内容の承認」を分担して実施する場合には、承認

が形式的な作業にならないよう、承認画面において、「研究テーマと依頼内容を照らし合わせやすく表示する」ことや「発注金額の累計と予算の進捗状況をチェックしやすくする」等、チェックが有効に実施できる仕組みの構築も検討することとした。

(5) 内部監査機能の強化

- ①監査・コンプライアンス室による内部監査について、書面審査に加えて、研究現場での聞き取り調査を実施した。
- ②契約取引の多い取引業者に対し会計帳票等の提供を求めることとした。不審な点が認められる場合には臨時監査を実施することとした。
- ③生物研全体の取組みとして、適切な業務遂行の障害となっている事項を把握し改善策を講ずる仕組みの構築を検討することとした。

②研究活動に伴うリスクの管理

[指標 8 - 3 - エ]

1) 放射性同位元素等の安全管理

a. 教育・指導等

平成27年度の放射線業務従事者は、つくば地区が27名、放射線育種場が28名であった（工事関係従事者等を含む）。

つくば地区の従事者は、生物研のRI施設廃止に伴い他法人のRI施設を利用しており、各施設で実施されている教育訓練を受講させている。放射線育種場では、安全取扱い上必要な事項に関する教育訓練を、年度当初及び随時実施した。

b. 委員会の開催と管理の適正化

本部地区のRI管理区域について廃止措置を進め、平成27年9月4日に廃止措置報告書を原子力規制委員会に提出し、受理された。

放射線育種場では定例の放射線安全委員会を開催し（平成27年5月13日）、放射線照射施設等の適正な管理に努めた。

なお、平成27年4月28日に年1回の一般試薬類の点検を行っていたところ、本部地区の管理区域外の実験室から、管理下でない実験用の放射性同位元素（トリチウム³H）が発見された。約1mLの透明な液体の入ったガラスバイアルが白いプラスチック容器に入れられている状態で発見されたが、放射線量測定の結果、周辺への汚染は確認されなかった。本事案を原子力規制庁に報告したうえで、当該ガラスバイアルは厳重に保管し、平成27年7月29日に公益社団法人日本アイソトープ協会に引き渡した。なお、再発防止のため、平成27年6月に全施設を対象とした試薬類の一斉点検を行った。当該点検に当たっては、一斉点検マニュアルを作成し、安全管理・防災講習において手法を周知した上で、試薬類一斉点検実行委員会を組織し、当該委員会の委員を中心として、全職員参加により行った。なお、一斉点検により平成27年6月17日には管理区域外においてアイソトープサンプルが発見され、原子力規制委員会に報告を行った。

c. 国際規制物資の管理

観音台地区及び大わし地区において、計量管理規定に従った国際規制物資の管理を行い、半年毎に管理に関する報告書を原子力規制委員会へ提出した。

管理区域外からアイソトープが発見されたことを受けて行った一斉点検により、7月22日には常陸大宮地区において酢酸ウラニル1本（21.1g）が発見され、平成27年8月14日付けで核燃料物質事故増加報告書を原子力規制委員会あてに報告し、本部地区に保管することとした。

2) 化学物質等の管理

a. 化学物質管理システムの運用状況

研究所内にある化学物質を一元的に管理するための化学物質管理システムの整備を進め、システムの情報を基に化学物質取扱い責任者に対して、危険物、高圧ガス等の適正管理を指示した。

b. 教育・指導等

平成27年6月9日から9月30日までの間に全役職員を対象とした18回の安全管理・防災講習（794人参加）を行い、その中で①労働災害防止について、②実験廃水の適切な取り扱いに

ついて、③管理者不明試薬の撤廃のための一斉点検について説明を行った。さらに、新規採用者の教育のために安全管理講習・化学物質の安全（26回、61人参加）及び有機溶剤・特定化学物質の使用従事者に対する特殊教育訓練・有害物質の人体に対する影響（4回、14人参加）を開催した。また、新規の有機溶剤・特定化学物質の使用責任者に対しては有機溶剤等・特定化学物質の作業環境管理を開催し（5人参加）、化学物質使用に係る労働安全衛生法関連法令や作業環境管理等について説明した。

平成28年1月20日から2月2日までの間に研究職員を対象とした10回の廃水に関する職員研修を開催し（366人参加、うち外部45人）、水質汚濁防止法に基づく実験廃液等の適正管理について説明を行った。

平成27年7月から平成28年2月まで16回の生物研安全管理セミナーを開催し（のべ235人参加、うち外部211人）、生物研の内外の関係者に安全管理業務や安全管理に関わる法令等の説明を行った。

c. 管理の適正化

平成28年2月に化学物質取扱規程を改正したほか、廃液の管理について定めた廃水管理要領と水質汚濁防止法に基づく有害物質使用について定めた有害物質使用特定施設管理要領を制定した。これにより、実験廃液及び廃水の管理を徹底した。さらに、管理要領に従って水質汚濁防止法の有害物質使用計画書の提出を義務づけた。

化学物質等取扱作業に関する安全衛生管理規則に従って、年2回の作業環境測定及び特殊健康診断を行った。作業環境測定は、作業環境測定士の資格を有する職員による、クロロホルムやホルムアルデヒド等の検知管測定により34件及び外注により3件、計37件の作業環境測定を行い、適正に管理されていることを確認した。また、有機溶剤・特定化学物質については、作業環境測定値を基にJISHA法によるリスクアセスメントを行い、平成28年に法制化される640種類の化学物質のリスクアセスメントを行うため、平成28年2月より対象物質の使用についての実験計画書を提出することとした。

さらに、2月22日に化学物質リスクアセスメント小委員会を開催し、化学物質のリスクアセスメント体制について検討を行った。

有機溶剤・特定化学物質を使用する局所排気装置について、毎月の定期自主点検を所内グループウェアを用いて実験責任者に指示し、さらに、安全管理室により制御風速の測定等を行った。

農環研地区及び池の台地区に危険物管理委員会を設置し、消防法の危険物の管理を進めた。さらに、平成28年2月より本部地区危険物倉庫（屋内貯蔵所）の運用を開始した。

なお、管理区域外からアイソトープが発見されたことを受けて行った一斉点検の結果、管理状況に問題のある試薬等13件が発見された。当該一斉点検については、平成27年6月16日に農林水産省農林水産技術会議事務局長から薬類の一斉点検の指示があり、平成27年9月29日に農林水産省農林水産技術会議事務局に報告を行った。

平成27年6月2日には、本部地区において内容不明の有機溶剤廃液が実験廃水中に流入し、6月3日に本部地区の実験廃水の公共下水道への放水を停止し、実験廃水を実験廃水処理施設の貯留槽に貯留した。なお、当該廃液が公共下水道へ排出されることはなかった。その後の検査で当該実験廃水については、水質汚濁防止法の有害物質（ジクロロメタン、1,2-ジクロロエタン、ベンゼン）が混入していることが明らかとなり、6月9日につくば市環境保全課へ報告し、6月15日に報告書を提出した。この事態を受けて、汚染されたすべての配管の洗浄を行い、貯留された実験廃水の廃棄処理を行った。

3) 遺伝子組換え実験等の安全管理

a. 教育・指導等

平成27年度の遺伝子組換え実験従事者は496名であった。

新規採用者の教育のために新規採用者向け教育訓練を開催した（29回、69人参加）。また、6月には生物材料の扱いを行う職員を対象として遺伝子組換え定例教育訓練を開催し（17回、536人参加）、予期せぬ遺伝子組換え生物の持ち込み防止の措置や、最近報告された不適切事例などについて説明した。さらに、新規のメンテナンス関係の人員に対して教育訓練を行った（8人参加）。

遺伝子組換え生物等の展示ほ場、隔離ほ場における栽培及び隔離飼育区画における飼育

に際して、実験従事者を対象に第一種使用教育訓練を開催し（6回、80人参加）、遺伝子組換え農作物第一種使用の注意点や隔離ほ場のルールなどを説明した。

遺伝子組換え実験安全委員会の委員及び希望者を対象として平成27年4月14日にカルタヘナ法に関する説明会（21人参加（うち所外8人））及び第一種使用に関する法令説明会（9人参加（うち所外4人））を開催し、関連する法令について説明した。

b. 実験計画書の審査、実施状況

遺伝子組換え実験安全委員会動物小委員会を2回、植物小委員会を2回開催し、404件の実験計画書が受理又は承認された。さらに、遺伝子組換え生物等の搬出届92件、搬入届45件が承認された。

26年度に第一種使用規程承認申請書の審査を行ったスギ花粉ポリペプチド含有イネについて、第一種使用規程承認申請を平成27年9月11日に農林水産省及び環境省あてに行った。

平成28年2月29日に作物業務安全委員会を開催し、27年度の栽培結果の確認と28年度の栽培実験計画の審査を行った。

平成27年6月18日にカイコ業務安全委員会を開催し、第一種使用規程承認申請書の審査を行い、8月6日には、第一種使用規程承認申請4件を農林水産省及び環境省あてに行った。さらに3月3日にカイコ業務安全委員会を開催し、27年度の飼育結果の確認と28年度の飼育実験計画の審査を行った。

なお、平成27年度は、除草剤耐性ダイズと害虫抵抗性及び除草剤耐性トウモロコシの試験栽培、スギ花粉症治療イネの栽培、複合病害抵抗性（*WRKY45*遺伝子発現）イネの栽培、開花期制御イネの栽培、スギ花粉ペプチド含有イネの栽培及び葉緑体形質転換タバコの栽培の6件の第一種使用等栽培実験およびGFPカイコの飼育の1件の第一種使用等飼育実験を行った。

c. 管理の適正化

遺伝子組換え実験安全委員会を3回開催し、研究所内における遺伝子組換え生物の適正使用に関する検討を行った。

平成27年10月6日に大わし地区、11月6日に本部地区において遺伝子組換え実験防災訓練を実施し、地震後を想定して、遺伝子組換え実験安全委員会委員による、リスクの高い実験場所の巡視を行った。

平成27年8月には、すべての実験計画、実験場所において実験責任者及び室別組換え体利用責任者による点検を行い、問題がないことを確認した。

平成28年3月2日には、平成17年と平成20年に生物研から農業・食品産業技術総合研究機構花き研究所に分与した野生株のペチュニア種子に遺伝子組換え体が混入していた可能性が指摘され、遺伝子解析の結果、生物研において使用されていた組換え体の混入が明らかとなった。3月16日には文部科学省に第一報を報告し、再発防止策として生物材料の取り扱いの厳格化に取り組むこととした。

4) 動物実験の管理

a. 教育・指導等

平成27年10月7日に開催された農業・食品産業技術総合研究機構の畜産草地研究所等主催の「動物実験の教育訓練」に動物実験の実験責任者を参加させた。

b. 動物実験の審査、実施状況

動物実験委員会において3件の新規実験計画の承認を行った。

5) 微生物実験の管理

a. 微生物実験計画書及び使用・保管場所の審査、実施状況

27年度は7件の微生物実験（バイオセーフティレベル2）が実施された。

平成27年8月には安全管理室による実験場所及び保管場所の点検を行い、問題がないことを確認した。

6) ヒトを対象とする生物医学的研究のための倫理審査

a. ヒト由来試料を用いる研究実施計画書の審査、実施状況

27年度は継続課題2件が実施された。

7) その他、法規制生物材料等の管理

a. 教育、指導等

平成27年6月には生物材料の扱いを行う職員を対象とした生物材料等・遺伝子組換え定例教育訓練の中で、生物材料の受入の際の注意を行った。

b. 管理の適正化

27年度の生物材料の輸入19件、輸出15件について、適正に手続きを行っていることを確認した。また、輸入禁止品の輸入3件については、輸入許可申請手続きを行った。

保有している植物防疫法の輸入禁止品148件、輸入検疫有害菌1件については、それぞれ管理利用状況報告書（一部は管理完了状況報告書）を作成し、植物防疫所経由で農林水産大臣に提出した。

③内部統制のための法人の長のマネジメント

[指標 8-3-ア]

1) リーダーシップを発揮できる環境整備

第2期に引き続き、生物研のすべての業務運営における重要事項については、理事会及び運営会議で審議のうえ理事長のリーダーシップの下に決定した。

理事長は、コンプライアンス・リスク管理委員会の委員長として、ミッション達成を阻害するリスクへの対策として、リスクの洗い出しを行い、発生しうるリスクの防止策に関する事項を委員会で審議し、生物研の存廃に繋がりがかねないリスクと思われる事項をはじめ、業務運営に対するリスクなど今後の対応策について必要な提言を行った。

また、理事長は情報ネットワークの管理等に関する情報統括責任者(CIO)として、生物研の情報システムの全般にわたって直接指導を行っている。

2) 法人のミッションの役職員への周知徹底

生物研では、憲章、行動規範を定め生物研ホームページで公表しており、理事長をトップとする理事会等の各種会議や理事長と職員との定期的な意見交換会を通じて、法人のミッションを役職員に周知徹底するとともに、現場の問題を掌握する仕組みを構築して実行した。

具体的には、①毎朝の幹部ミーティング（役員、各統括主幹が出席）、②毎週1回開催の理事会、③毎月2回開催する運営会議（役員、各統括主幹、研究センター長、研究領域長、室長等が出席）、④毎年実施する理事長と管理職員、室長・研究ユニット長等との個別懇談、⑤毎年実施する理事長と研究ユニット毎の研究職員との意見交換など、定期にあるいは随時に様々な機会を設けて理事長と役職員との双方向での意思疎通を図り、効果的かつ効率的なマネジメントを実践した。

また、生物研のミッション・ビジョンを生物研要覧及びホームページに掲載するとともに、運営会議や年頭の所信表明などの理事長発言は、逐次、全役職員等に所内グループウェアを通じて周知徹底を図った。

3) 組織全体で取り組むべき重要な課題（リスク）の把握・対応

22年度からコンプライアンスの推進及びリスクへの適切な対応の一環として、コンプライアンス・リスク管理関係規程類インデックス・マップ及び職員等を対象とした通報窓口を所内グループウェアに設置している。なお、27年度において通報事案はなかった。

また、24年度に管理者（ユニット長・室長以上）を対象として、発生しうるリスクの調査を実施した結果を基に課題・問題点の整理を行い、研究所で優先的に取り組むべき事案（情報セキュリティ対策、防火・防災対策、研究の不正行為、毒劇物・危険物等化学物質や遺伝子組換え作物の適正な管理と盗難防止対策、労働安全衛生法に定められた作業環境や健康管理対策等）のフォローアップ状況を平成28年3月14日開催の「コンプライアンス・リスク管理委員会」で報告し、引き続きリスクの低減に向けた取組を継続していくことが提言され、これらを取りまとめて運営会議で報告したうえで所内グループウェアに掲載、周知した。

4) 内部統制の現状把握・課題対応計画の作成

監事監査、会計監査人による期中監査及び監査・コンプライアンス室による内部監査等を通じて、内部統制の現状を的確に把握した。

また、理事会、幹部ミーティング等により日常的に理事長へ情報を集約し、内部統制の現状

把握及び重要事項の意志決定が行われた。決定事項は運営会議及び所内グループウェア等を通じて周知し、所内の情報共有を図った。

ミッションを的確かつ効率的に果たすため、研究に関しては中期計画を達成するための工程表を作成し、課題評価検討会及び課題評価判定会において進捗状況の把握、自己点検及び評価を行った。業務運営に関しては研究管理支援部門業務実績評価検討会において自己点検と評価を行った。これらの結果について、研究推進戦略会議を通じてさらに点検を重ねて問題点等を明確にし、続く外部委員による評価助言会議において評価と助言を得て年度計画を総括した。

④情報提供の充実及び個人情報の管理、情報セキュリティ対策 [指標 8-3-オ]

「独立行政法人通則法」及び「独立行政法人等の保有する情報の公開に関する法律」に基づく情報をはじめ、生物研の諸活動に関する各種情報については、正確かつ迅速な公開を行った。また、情報公開に関するセミナー、個人情報保護に関する連絡会議の他に、平成28年1月から運用が開始される特定個人情報（マイナンバー）等の管理に関するセミナーに担当者に参加させ、職員の資質向上にも努めた。さらに、外部機関の不正アクセスによる情報流出事案を踏まえ、「生物研における個人情報の取り扱いのための措置に関する規程」を改正して周知を図るとともに、新たに「生物研における特定個人情報等の適切な取り扱いに関する規程」を策定し、各種安全管理措置等適切な管理を確保するための体制を整備した。併せて、役職員及び契約職員を対象にeラーニング形式による個人情報保護研修を実施した。

法人文書の開示については、情報公開窓口を明示し、日常的に開示請求者に対し正確かつ迅速な情報提供を行うよう努めている。

なお、27年度において、個人情報の漏洩や開示請求等はなかった。

個人情報保護を担保する情報セキュリティ対策については、「政府機関の情報セキュリティ対策のための統一基準（平成26年度版）」に基づき、情報セキュリティポリシーを見直すとともに、これに基づき情報セキュリティ対策を講じてきた。特に、情報システムの管理・運用体制のさらなる強化を行うとともに、全役職員等を対象とした情報セキュリティに関する教育・研修（814人受講）を徹底して、情報セキュリティ水準の向上を図った。

○内部統制のための監事の活動 [指標 8-3-イ]

監事による監査は、前年度の研究所運営等について、年度初めに示された監事監査方針・計画に沿って書面及び対面による定期監査、定常的監査、重点的監査が実施され、監査報告書として平成27年6月に理事長へ報告が行われた。なお、27年度の運営に関する監査については、次年度の法人統合も踏まえて前倒しで実施することとなり、平成28年3月1日から11日にかけて書面及び対面による監査を実施し、監査報告書を取りまとめて理事長あて報告が行われた。

上記の報告において、監事は、理事、統括研究主幹、統括総務主幹、統括管理主幹、研究支援部門各室長、各研究センター長及び研究領域長との面談を行い、内部統制の状況について点検し、研究戦略の推進、主な研究業績、生物研のプレゼンス向上への取組み、人材育成・評価システム、コンプライアンス・リスク管理等についての提言を行った。

また、監事は理事会や運営会議などの重要な会議に出席し、研究戦略の明確化、成果の還元、説明責任・プレゼンスのための行動、研究成果の品質保証の取組、安全・危機対応の確立に向けた行動など研究所の運営改善に向けて指摘や提言を行った。

なお、監事から指名を受けた職員3名を監事監査補佐職員に任命し、監事の活動を補佐した。

○法人文書の管理 [指標なし]

法人文書の管理については、法人文書管理規程及び法人文書取扱規則に基づき適正に管理しており、生物研ホームページ「法定公開情報：情報公開・公文書管理」に掲載し公表した。

(<http://www.nias.affrc.go.jp/koukai/>)

また、国立公文書館主催で行われる研修会等に担当者を参加させ、法人文書管理に係る職員の資質向上に努めた。

規程で定めている点検及び監査については、平成28年3月に監査責任者による監査を実施した。

4 環境対策・安全管理の推進

中期目標

研究活動に伴う環境への影響に十分な配慮を行うとともに、エネルギーの有効利用やリサイクルの促進に積極的に取り組む。

また、事故及び災害を未然に防止する安全確保体制の整備を進める。

中期計画

①事故及び災害を未然に防止する観点から、安全衛生に関する役職員の責任の自覚と意識向上を図るため、安全教育を実施する。

②既存設備の運転状況等を把握し、省エネルギー機器及び設備の導入を検討し、省エネルギー化に向けた改修計画を作成する。

③物品の購入契約等に当たっては、国等による環境物品等の調達推進等に関する法律（グリーン購入法）（平成12年法律第100号）や建設工事に係る資材の再資源化等に関する法律（建設リサイクル法）（平成12年法律第104号）に基づく環境物品等の調達・工事の推進を図る。

〔指標 8-4-ア〕 職場環境の点検・巡視等の安全対策及び安全衛生に関する職員の教育・訓練が適切に行われているか。

〔指標 8-4-イ〕 資源・エネルギー利用の節約、リサイクルの徹底など環境負荷軽減の取組を積極的に行っているか。また、その取組を公表しているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度
(該当なし)							

業務実績（第8-4）	自己評価
<p><主要な業務実績></p> <p>1. 〔指標 8-4-ア〕</p> <p>職場の安全管理については、職場巡視における自己点検、フォローアップ、改善指示書の発出等により未対応事項の根絶に取り組んだ。また、安全教育として救命技能講習会を開催したほか、「ヒヤリ・ハット報告運動」を実施して安全管理意識の醸成を図ったところであるが、6件の労働災害が発生したため講習会を開催し、再発防止の注意喚起を周知徹底した。このほか、防火・防災訓練を実施するなどして安全確保体制の整備を進めた。</p> <p>2. 〔指標 8-4-イ〕</p> <p>環境負荷軽減については、節電対策として空調温室やフリーザー等の研究用設備・機械の運用を見直すとともに、所内放送による昼休み時間中の節電喚起、グループウェアへのエネルギー使用実績掲載などで省エネ意識の醸成を図った。また、グリーン購入法の趣旨等に基づいて特定調達物品等の調達推進を図り、調達実績についてはホームページで公表した。</p>	<p>評定「B」</p> <p><評定の根拠></p> <p>職場の安全管理については、職場巡視が継続して実施され環境改善が進んだ。6件の労働災害が発生したことは残念であるが、「ヒヤリ・ハット報告運動」の実施などで意識の醸成を図った。環境負荷軽減については、さまざまな節電対策を行っており評価できる。</p> <p>以上、環境対策・安全管理の推進について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p>

(27年度実績)

第8-4

①職場の安全対策及び安全教育の実施

[指標8-4-ア]

安全衛生委員会が策定した年間計画に基づき、継続した安全確保の強化を図るため、26年度に引き続き27年度も職場巡視前に自己点検表による自己点検、職場巡視後の指摘事項の改善計画に対するフォローアップ、未対応事項に対する改善指示書の発出、地区別責任者に報告することにより未対応事項の根絶に取り組んだ。

また、産業医、外部専門家（カウンセラー）による健康相談・メンタルヘルス相談を毎月行うことで、自己の健康管理、心身の健康づくりに対する意識を定着させ、心の健康問題も含めた健康の保持増進に努めるとともに、27年度は多数の職員向けのセミナーの実施に替えて、「生物研の心の健康づくり計画」に基づく休職者の職場復帰に向けた職場復帰訓練のサポート、復帰後の支援についての面談及び相談を重点的に実施することで、休職者2名の職場復帰を果たすことができた。

労働災害の未然防止のための行動として「ヒヤリ・ハット報告運動」を実施し、報告のあった事例はグループウェアに掲載し、職員間で情報共有を行った。また、18年度以降の労働災害の発生状況・発生原因や労働災害防止に関する情報を所内グループウェアで周知を行ってきたところであるが、27年度は労働災害6件（26年度6件）が発生し、労働災害の未然防止に向け、発生状況等をグループウェアに掲載するとともに、運営会議において発生現場の写真を用いた詳細報告を行い、また、全役職員を対象とした安全管理・防災講習を開催し、生物研で過去に発生した労働災害の事例を紹介するなど、再発防止の注意喚起を周知徹底した。

また、生命に関わる緊急事態に対処するため、AEDの取扱いを含む救命技能講習会を開催し、23名が受講した。

熱中症対策に関する各種情報（高温注意情報）を所内グループウェアにより周知するとともに運営会議において普及啓発と注意喚起を行い予防を図った。

平成27年1月27日の防火・防災対策委員会です承された27年度の防火・防災訓練計画に基づき防火・防災訓練を、大わし地区において10月6日に、本部地区において11月6日に実施した。実施に先立ち、両地区において自衛消防組織各班担当者を招集し任務教育を行うとともに、当日は消火栓、消化器を使った消火訓練に加え、煙の中を避難するスモークハウスを使った体験訓練を実施した。

また、平成27年5月から6月にかけて、安全管理室と共同で役職員全員を対象とした安全管理・防災講習（789人受講）を開催した。

②省エネルギー改修計画

[指標8-4-イ]

生物研は、エネルギーの使用の合理化に関する法律（以下「省エネ法」という。）に基づく特定事業者指定されており、本部地区、大わし地区が第一種エネルギー管理指定工場となっている。

このことから、エネルギー消費原単位を中長期的に見て年平均1%以上低減すべく、省エネ法に基づく「中長期計画」（27年度から2か年計画を策定）及び「業務効率化推進基本計画」に基づく「平成27年度業務効率化実施計画」を踏まえ、引き続き節電対策に取り組んだ。

本部地区では、昨年引き続き特殊空調設備、グロースチャンバーの稼働見直し及びフリーザー等の運転停止等により省エネに努めた。

また、温室等の集約停止について、研究の停止を伴わないように配慮しつつ使用面積の約30%削減を行うことにより、更なる省エネの推進に取り組んだ。

省エネ啓蒙活動の一環として、昼休み時間、帰宅時間前の館内省エネ放送を実施すると共に、引き続き不要箇所の消灯、OA機器類の電源停止等に取り組んだ。併せて、所内グループウェアでは、エネルギー使用実績を掲載することにより、省エネ意識の向上を図った。

27年度は温室等の集約停止、通年に及ぶ節電対策を実行した結果、年間エネルギー使用量は、原油換算で前年度比本部地区95.2%、大わし地区94.5%と前年度を下回ることができた。

環境対策の取り組みとしては、生物研ホームページ上に温室効果ガス削減の実施計画を掲載し、温室効果ガス排出量を公表した。

また、環境保全への配慮、ごみ処理費用節減及び物品等の無駄使いをなくすことを目的に、所内グループウェアにおいて、ごみ減量化・分別等の啓蒙を行うことにより環境保全・節約への職員の意識向上を図るとともに、各部署で不要となった物品等について、職員間の転用先調査による廃棄物削減を推進した。

③環境物品等の調達・工事の推進

[指標 8-4-イ]

物品の購入等契約にあたっては、国等による環境物品等の調達の推進等に関する法律(グリーン購入法)及び公共建築物等における木材の利用の促進に関する法律の趣旨等に基づき、平成25年4月8日「環境物品等の調達の推進を図るための方針」を定め、生物研内にグリーン調達推進体制を設け、特定調達物品等(19品目)の調達の推進を図るとともに、特定調達物品等以外に環境物品等の選択では、環境負荷の少ない物品等、OA機器、家電製品の調達に際しては、より消費電力が少なく、かつ再生材料を多く使用しているものの選択等を目標に据え、調達に努めるとともに、地球温暖化対策として「生物研における温室効果ガスの排出抑制等のため実行すべき措置として定める実施計画」に基づき、率先した取組を実施した。

また、毎年度特定調達品目調達実績等を取りまとめ、生物研ホームページの調達情報で公表した。

5 積立金の処分に関する事項

中期計画

前期中期目標期間繰越積立金は、前期中期目標期間中に自己収入財源で取得し、当期中期目標期間へ繰り越した有形固定資産の減価償却に要する費用等及び東日本大震災の影響により前期中期目標期間において費用化できず当期中期目標期間に繰り越さざるを得ない契約費用に充当する。

〔指標 8-5〕 前期中期目標期間繰越積立金は適正な使途に活用されているか。

主要な経年データ							
評価対象となる指標	達成目標	基準値等	27年度	26年度	25年度	24年度	23年度
(該当なし)							

業務実績 (第 8-5)	自己評価
<p>< 主要な業務実績 ></p> <p>1. 〔指標 8-5〕</p> <p>前期中期目標期間繰越積立金4,982千円は、前期中期目標期間までに自己財源で購入した有形固定資産の減価償却費等に充当した。</p>	<p>評定「B」</p> <p>< 評定の根拠 ></p> <p>前期中期目標期間繰越積立金は、前期中期目標期間までに自己財源で購入した有形固定資産の減価償却費等に充当しており、適切に処理された。</p> <p>以上、積立金の処分に関する事項について、着実な業務運営がなされているものと判断し、評定を「B」とする。</p> <p>< 課題と対応 ></p>

(27年度実績)

第 8-5

〔指標 8-5〕

前期中期目標期間繰越積立金4,982千円は、前期中期目標期間までに自己財源で購入した有形固定資産の減価償却費等に充当した。

平成27年度研究成果・資源集計表(分野・大課題・中課題ごと)

課題番号・課題名	常勤職員数	ポスドク数	予算 (百万円)	原著論文数	I F 合計	総説 出願登録	国内特許 出願登録	品種登録 出願登録	論文/ 常勤数	I F/ 常勤数	I F/ 論文数	予算/ 常勤数	予算/ 1報
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													
(1) 農業生物遺伝資源の充実と活用の強化	23.3	4.7	156.6	28	57,917	1	0	1	1.20	2.49	2.07	6.72	5.59
①(農業生物遺伝資源の充実と活用の強化)	23.3	4.7	156.6	28	57,917	1	0	1	1.20	2.49	2.07	6.72	5.59
(2) 農業生物のゲノム解析の推進とゲノムリソースの拡充・高度化	57.0	13.6	869.2	83	312,624	5	3	9	1.46	5.48	3.77	15.25	10.47
①農業生物のゲノム解析の推進とゲノムリソースの拡充・高度化	21.4	7.5	315.1	44	205,808	0	1	6	2.06	9.62	4.68	14.72	7.16
②ハイオプトマテイクス研究による農業生物ゲノム情報の高度化	6.7	0.0	251.8	9	45,296	0	0	0	1.34	6.76	5.03	37.58	27.98
③作物ゲノム育種研究基盤の高度化	13.3	5.6	233.5	18	51,835	3	0	1	1.35	3.90	2.88	17.56	12.97
④家畜ゲノム育種研究基盤の高度化	8.9	0.0	43.6	12	24,169	1	0	2	1.35	2.72	2.01	4.90	3.63
⑤生体分子の構造・機能に関わる情報基盤の整備	6.8	0.5	25.2	9	24,737	1	2	0	1.32	3.64	2.75	3.71	2.80
1 全体	80.3	18.2	1025.8	109	360,032	6	3	10	1.36	4.48	3.30	12.77	9.41
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	36.7	6.9	152.8	42	155,083	4	6	1	1.14	4.23	3.69	4.16	3.64
①作物の物質生産・生長・分化・環境応答機構の解明	9.0	2.5	54.1	7	69,899	0	3	0	0.78	7.77	9.99	6.01	7.73
②昆虫の発生分化・成長制御機構の解明	11.2	3.0	34.2	21	64,783	2	1	1	1.88	5.78	3.08	3.05	1.63
③家畜の発生分化機構の解明	10.3	1.4	33.8	8	12,500	0	0	0	0.78	1.21	1.56	3.28	4.23
④家畜の行動・繁殖の制御機構の解明	6.2	0.0	30.7	6	7,901	2	2	0	0.97	1.27	1.32	4.95	5.12
(2) 農作物や家畜等の生物機能の高度発現に向けた生物間相互作用の解明と利用技術の開発	43.7	4.8	178.0	51	134,459	17	8	7	1.17	3.08	2.64	4.07	3.49
①植物病原微生物の感染機構の解明と利用技術の開発	4.7	1.2	36.5	2	9,474	4	2	2	0.43	2.02	4.74	7.77	18.25
②作物の感染応答機構の解明と複合病害抵抗性育種素材の開発	8.4	1.0	38.5	13	46,694	1	1	1	1.55	5.56	3.59	4.58	2.96
③植物と有用土壌微生物との共生機構の解明	2.9	0.0	10.4	0	0,000	2	0	0	0.00	0.00	0.00	3.59	0.00
④植物の耐虫性と害虫の加害性の分子機構の解明	7.6	1.1	21.5	14	33,868	3	0	1	1.84	4.46	2.42	2.83	1.54
⑤昆虫に関わる生物間相互作用の解明と利用技術の開発	13.7	0.5	35.8	13	18,046	5	2	1	0.95	1.32	1.39	2.61	2.75
⑥動物の生体防御に関わる分子機構の解明	6.4	1.0	35.3	10	29,827	2	3	2	1.56	4.66	2.98	5.52	3.53
2 全体	80.3	11.7	330.8	93	289,542	21	14	8	1.16	3.61	3.11	4.12	3.56
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													
①遺伝子組換え作物の開発技術の高度化とその利用	4.7	1.4	37.6	8	27,219	3	0	1	1.70	5.79	3.40	8.00	4.70
②遺伝子組換えカイコの高度利用技術の開発	12.9	0.1	77.9	19	67,719	2	8	3	1.47	5.25	3.56	6.04	4.10
③遺伝子組換え家畜の高度利用技術の開発	3.9	0.0	10.6	1	1,798	0	1	0	0.26	0.46	1.80	2.72	10.60
④生物素材の高度利用技術の開発	8.3	0.4	35.1	11	29,148	0	3	1	1.33	3.51	2.65	4.23	3.19
⑤昆虫特異的な機能の解明と利用技術の開発	8.6	1.0	25.3	10	14,201	3	0	0	1.16	1.65	1.42	2.94	2.53
3 全体	38.3	2.9	186.5	46	128,113	8	11	6	1.20	3.34	2.79	4.87	4.05
総合計													
	198.9	32.7	1543.1	251	770,533	38	29	26	1.26	3.87	3.07	7.76	6.15
中期計画に基づく年間の目標値 292 800.00 40													

※原著論文数、I F 合計、総説及び国内特許、品種登録の「総合計」(最下行)は、課題間重複を含まず、かつ課題に帰属しないものを含む、研究所としてネットの数値である。
 ※原著論文数等については、平成27年4月以降発表分を集計したものである。
 ※常勤職員数、ポスドク数は、各自のエフォート(年間の全仕事時間のうち、当該研究課題の実施等に必要となる時間の配分率)を集計した値である。

用語の解説

(付録)用語の解説

※ 「用語の解説」では、本報告書に記載されている専門用語を説明しています。
このため、「用語の解説」の説明は、本報告書の研究課題実績及び業務運営に関係する内容に限られます。
※ 本報告書では、遺伝子名(DNA,RNA)を斜体(イタリック体)で、タンパク質名を立体(ローマン体)で、それぞれ区別して表記しているところがあります。

用語	解説
【あ行】	
青枯病	難防除土壌病害のひとつ。土壌中に生息する青枯病菌が主に根から侵入し、感染することにより引き起こされる。菌が導管の中で増殖して導管を詰まらせることにより水分の吸収を妨げ、その結果、地上部は見た目が青色(緑色)のまま萎れる。
アザミウマ	針状の口器をもつ微小な昆虫で、食植性の種には重要な害虫となっているものがある。複数の種がトマト黄化えそウイルスを媒介し、これが農業被害を大きくしている。
アジュバント	抗原と混合して生体に投与することにより、投与した抗原に対する免疫応答を増強する物質。
アSEMBL	ゲノム全長のような長大な配列は、現在の塩基配列解読装置では一度で全てを決定することができない。そこで、実験的に短い断片に切り分けてから解読し、これら断片の配列をコンピューター上でつなぎ合わせて再構成し、元の全長を再現すること。
アダプター分子 WASP	先天性免疫不全症 Wiskott-Aldrich syndrome (WAS)の原因遺伝子がコードするタンパク質が WAS protein (WASP)である。WASP は免疫系細胞特異的に発現し、細胞内の複数の分子と相互作用して、免疫応答に関わるシグナル伝達に重要な役割を果たしている。WAS 患者では、WASP の遺伝子変異が確認されている。
アドレノメデュリン	ヒト褐色細胞種から発見された 52 個のアミノ酸からなるペプチドで、強力な血管拡張作用を有する。血管をはじめ生体の様々な組織で産生される。血管新生、細胞増殖、分化、遊走の調節、アポトーシス調節、内分泌調節など多岐にわたる生理活性を持つ生理活性物質である。
アノテーション	ゲノムの DNA 配列のような一次情報から、遺伝子の機能といった高度な生物学的情報を抽出すること。
アフィニティーシルク	遺伝子組換えカイコ技術を利用して、シルクタンパク質に直接抗体分子を融合させた新しいシルク素材につけられた名称。
アブシジン酸	植物ホルモンの一種で、低温、乾燥、塩などのストレスに関わるシグナル伝達に関与する。
アントシアニン	2-フェニルベンゾピリリウム構造をもつフラボノイド系植物色素の総称。花、果実、葉、茎、塊茎、種皮などの橙、赤、紫、青、黒色を示す物質。
アンプリコンシーケンス解析	目的の遺伝子やゲノム領域をPCR増幅したものをアンプリコンといい、その塩基配列を、次世代型シーケンサーを用いて解読する解析方法を指す。全ゲノム解読とは異なり、次世代型シーケンサーからは特定領域の膨大な量の塩基配列が出力されるので、多数のサンプルを一度に解析する場合に向いている。
アンモニア酸化細菌	アンモニアを酸化して亜硝酸を生成する独立栄養細菌。地球上の窒素循環において重要な役割を担う。
アンモニア同化	植物は、窒素源として硝酸とアンモニアを利用し、根から吸収した窒素を有機物に変換(同化)する。イネは主にアンモニアを窒素源として用いる。
イオンビーム照射	イオンビームは、水素イオンや炭素イオンなどの原子のイオンを、加速器を使って高速に加速したものである。これを利用してがん治療や突然変異育種を実施している。育種技術については日本が世界に先駆けて開始し、カーネーションやキクなどで実用品種が育成されている。理化学研究所、日本原子力研究機構等で利用することができる。
イソマルトメガロ糖	10~100 個程度のグルコースが α -1,6 結合でつながったメガロ糖で、サトウキビなどの植物が生産するほか、微生物によっても生産される。親水性と安全性が高いことから新しい

	糖質素材として期待されている。同様の様式でグルコースが 2~9 個つながった化合物はイソマルトオリゴ糖と呼ばれる。
遺伝子ノックアウト	標的遺伝子の DNA 配列の一部を欠失させること等によって、遺伝子機能を破壊すること。ジンクフィンガーヌクレアーゼや TALE ヌクレアーゼ等を用いて DNA2 本鎖切断を引き起こし、DNA が修復される際に配列に変異が生じやすいことを利用している。
遺伝子ノックイン	標的遺伝子の一部を別の遺伝子で置き換えること。GFP などの蛍光タンパクを導入することで、遺伝子の発現部位を蛍光でモニターできるようになる。
遺伝子変異解析	遺伝子において変異のある場所を特定し、遺伝子機能への影響を推定もしくは同定する解析。
イミダクロプリド	ネオニコチノイド系殺虫剤の一種。1985 年に日本特殊農薬製造株式会社(現:バイエルクロップサイエンス株式会社)により開発され、日本では 1992 年に初めて農薬登録された。2005 年ごろから東アジア等で抵抗性のトビイロウンカが発生し、日本への飛来が問題になっている。
いもち病	イネの 3 大病害の一つ。病原性カビであるいもち病菌の感染により引き起こされる。日本ではいもち病菌による被害が最も大きい。感染部には褐点が現れたり、褐色の紡錘型に枯れたりする。
インターロイキン	白血球によって分泌される一群のサイトカイン(免疫システムの細胞から分泌されるタンパク質で、情報伝達をするもの)。免疫系の多くの機能を担っている。
うどんこ病	ウドンコカビ科の糸状菌により、葉や茎等が白くうどん粉をまぶした様になる病気。病原菌は、葉等の表面上で生育する。
エコーガイド	超音波診断装置で目的の臓器の位置を描出しながら穿刺する方法。
エチレン	植物ホルモン的一种で、果実の成熟、老化、病虫害抵抗性に関与する。
エフェクタータンパク質	病原体が宿主に感染する前に宿主の細胞に注入し、感染を促進する働きをするタンパク質。
エリサン	インド原産のヤママユガ科の蛾で繭から糸を取るために飼育される。幼虫の本来の食草はヒマ、シンジュであるが、それ以外の植物も与えれば何でも良く食べ、植物に応じた特徴的な反応を示すため、植物の耐虫物質の検出・検定に用いられる。
炎症性サイトカイン	主に T リンパ球やマクロファージから分泌され、炎症性免疫応答に関与する生理活性物質のこと。代表的なものとして、インターロイキン1(IL-1)、IL-6、インターフェロン γ 、腫瘍壊死因子などがあり、免疫系細胞を活性化させ、炎症反応を亢進させる。
エンドトキシン	内毒素・パイロジェンともいい、物質としては、グラム陽性細菌の細胞壁に含まれる成分(リポポリサッカライド・LPS)。これが微量でも体内に入ると、発熱などの反応を引き起こすため、医薬品等ではエンドトキシンが含まれないことが求められる。
エントロピー	ある系の自由度(秩序の度合い)を示す物理量。自由度が大きい(無秩序)状態ほどエントロピーは大きい。
黄体	卵巣の卵胞が排卵した後に形成される組織で、黄体ホルモンを分泌する一過性の内分泌機能を有する組織。外観が黄色を呈するのでこの名称がある。
オニグモ牽引糸	クモの牽引糸とは、クモが枝などからぶら下がる際にお尻から出す「命綱」の糸のこと。クモの巣の縦糸と同じ絹糸腺で作られる。強度と伸度を兼ねそろえた「理想の繊維」とも言われている。

【か行】

界面培養	気相・液相界面培養が代表例。チャンバー型培養器の底面に装着された多孔性膜の上に細胞を播種する。その後チャンバー内の培地を除いて細胞の上側を気相として、下側の多孔性膜を介して培地を供給する。肺や皮膚、角膜などの細胞に適用される。気液界面培養を用いた有害性評価試験も行われている。
核移植胚	未受精卵の核を取り除き、他の細胞の核を移植して発生させた胚。
角膜透過性試験	緑内障治療薬など点眼薬として眼に作用させた薬剤の、角膜に対する透過性の程度を評価するための試験法。点眼薬として眼に作用させた薬剤は、主に角膜を經由して眼内に移行するが、その量は作用量の 1%以下といわれている。そのため、点眼薬の開発において薬剤の角膜透過性の評価は非常に重要である。従来はウサギを使った動物実験で行われてきたが、ヒトとウサギとの種差や、試験結果の再現性が低いといった問題が指摘されており、より良い試験法の開発が望まれている。

隔離飼育区画	関係者以外が簡単に入れないようにフェンスで囲んだ飼育区画のこと。飼育室や残渣（飼育時の餌の残りや糞など）処理場所を含む。遺伝子組換えカイコの第一種使用規程による飼育試験では、隔離飼育区画における幼虫の飼育、並びに繭の生産、保管、運搬、不活化処理及び廃棄などの行為が承認された。
顆粒球マクロファージコロニー刺激因子	マクロファージや好中球の持つ貪食機能や抗原提示機能を亢進させるサイトカイン。乳房炎罹患牛の乳房への投与は、乳房内免疫細胞を賦活化させる働きがある。
ガンマ線照射	ガンマ線は放射性物質から放射される放射線の一種で、アルファ線やベータ線と比べると透過能力が高い。一般的なガンマ線源としてはコバルト 60 が用いられている。この線源を用いて、放射線育種場では、生育中の作物に照射するためのガンマフィールドと、種子や穂木等への照射を行うガンマールームでのガンマ線照射により突然変異品種の作出を行っている。
疑似グルーミング装置	休息時や授乳時などに、母牛が子牛の体を舐める行動をグルーミングといい、それに似た効果を与える装置。
キスベプチン	生体内ペプチド。発見された当初は、癌の転移抑制作用があることからメタステンと命名されたが、Kiss1 遺伝子産物であることから、キスベプチンという名称に統一されてきた。近年、視床下部のキスベプチン細胞が繁殖機能調節のための最上位の中枢として重要な役割を果たしていることが明らかにされ、世界的な注目を集めつつある。
機能性食品	生体防御、疾病の予防、疾病の回復、体調リズムの調節、老化抑制などの体調調節機能を有する食品。H27.4 に新しく「機能性表示食品」制度が始まり、事業者の責任で、科学的根拠を基に商品パッケージに機能性を表示できるようになった。
弓状核	脳内の視床下部に存在する領域。摂食行動制御の中枢として知られるが、近年、キスベプチンやニューロキニン、ダイノルフィンを共発現するニューロンの存在が明らかとなり、繁殖制御中枢として注目を集めている。
休眠ホルモン	昆虫の卵休眠を決定するホルモンのこと。カイコでは、蛹の食道下神経節にある神経分泌細胞から分泌される休眠ホルモン（DH）は、24 個のアミノ酸からなるペプチドであることがわかっている。休眠ホルモンによる休眠誘導の機構は、解明されつつあるが未だ不明な点も多い。
休眠卵	産卵後 2 日ほどで発生が休止した卵のこと。カイコの蛹期に放出される休眠ホルモンが発育中の卵巣に作用することで、産卵後 2 日ほどで発生が停止して休眠へと移行し、休眠卵となる。自然条件では、冬期の低温にさらされることによって休眠が打破され、春の気温上昇により発生が再開されて卵が孵化する。
菌根菌	土壌中の糸状菌のうち、植物の根の内部あるいは表面に着生あるいは侵入して出来る構造、菌根を形成するものを指す。菌根菌は外生菌根菌（接合菌門、子囊菌門、担子菌門）、アーバスキュラー菌根菌（グロムス門）などがあるが、特にアーバスキュラー菌根菌は陸上植物に広く感染し、水分やリンを植物に供給することから重要な共生菌である。
菌根菌応答率	菌根共生による宿主植物の生育促進効果の指標。菌根菌接種、及び、菌根菌非接種の宿主植物のバイオマス量（収量）の比較から、菌根菌接種によるバイオマス増大量を算出する。菌根菌応答率が高い宿主植物は、菌根共生を介した土壌栄養吸収能力が高いと考えられる。
茎疫病	卵菌類 <i>Phytophthora sojae</i> により引き起こされる難防除性・土壌伝搬性の立枯性病害で、ダイズを枯死させる。このため、子実の収量が大幅に減少し、ダイズ安定生産の大きな障害となる。日本のダイズ作の約 90%は水田転換畑で栽培されているため、茎疫病による収量減が大きな問題となっている。
クライオ電子顕微鏡	生体分子を急速に凍結させ、低温に保ったまま電子顕微鏡で解析する手法で、冷却装置を付属させた電子顕微鏡のこと。染色や固定をするわけではないことから、生体分子をそのまま観察することが可能となる。比較的短期間に高分解能で単粒子構造解析を行う事が可能である。
クライオプレート	小型のアルミ製プレートで、複数のくぼみがあり、そこに植物茎頂など生体組織などを包埋したゲルを固定することで、ガラス法による超低温保存を簡便かつ能率良く行うことができる。
クリック反応	幅広い条件下で目的物のみを高効率に与える化学反応の総称。代表例が、アジド基とアルキン基との付加環化反応。
クローン	初期胚を分割して得られた1卵性双子や同じ細胞の核由来の核移植個体のように、同じゲノム情報を持つ個体。

クワコ	カイコと同じカイコガ科のチョウ目昆虫。カイコは、中国のクワコが家畜化されたものと考えられている。日本にもクワコは存在するが、染色体数やミトコンドリア DNA 配列等が異なることが知られ、これまでクワコとカイコとの雑種は野外で見つかっていない。
蛍光ラテックスビーズ	様々な粒径を持つポリスチレン微粒子の表面に蛍光色素が結合されたもの。1 μm 程度の粒径をもつものは、マクロファージの食作用の測定によく用いられる。
血友病	血液凝固因子の欠損などによる遺伝子血液凝固異常症のこと。VIII 因子の欠損によるものを血友病 A、IX 因子の欠損によるものを血友病 B という。
ゲノム再構成	染色体の融合・分裂やゲノム配列の逆位・転座・重複などによってゲノムが変化していくこと。
ゲノムワイド SNP	一塩基多型(SNP)の中から、ゲノム全体に対してバランス良く配置された SNP のセットをさす。ゲノムワイド SNP を使ったタイピングにより、どのような染色体断片の置換が引き起こされているか知ることができる。
ゲノムワイド相関解析	ゲノム全体をカバーする SNP のうち、5 万ヶ所程度の遺伝子型を決定し、病気や量的形質と関連する SNP を統計的に単離する方法である。SNP の遺伝子型判定は、ゲノム全体に配置された SNP を搭載した SNP チップが用いられる。
絹糸腺	カイコの体内において絹タンパク質の生産と蓄積を行う組織。後部絹糸腺では糸の主体となるフィブロインが合成され、中部絹糸腺では水溶性絹タンパク質セリシンが分泌される。
顕微授精	顕微鏡下で、細いガラス管を用いて精子を卵子の細胞質内に人為的に注入することによって受精させる方法。
コアコレクション	数多くの遺伝資源の中から、全体の遺伝的な変異をカバーできるように選んだ、少数の品種から構成される代表品種セットのこと。農業生物資源研究所で選定したイネのコアコレクションは研究用に配布されており、さまざまな形質についてイネの変異を調べるために利用されている。
コイルドコイル構造	2~6 本の α ヘリックス分子鎖どうしがロープのようによじれ合いながら絡み合っていて構造。
高解像度融解曲線分析	HRM 分析(High Resolution Melting curve analysis)ともいわれる DNA 変異を検出する新しい方法の一つ。DNA 配列が異なると、2 本鎖 DNA が 1 本鎖 DNA へと融解する温度も異なる性質を利用し、融解温度の温度差により DNA 変異の有無などを判別する。DNA が 2 本鎖 DNA から 1 本鎖になったことを知らせる蛍光色素を取り込ませて、温度上昇に応じて 1 本鎖 DNA に融解する様子をモニタリングする。
口針鞘タンパク質	口針鞘を形成するタンパク質のこと。吸汁性植食カメムシ目(半翅目)昆虫の多くの種が、吸汁のため口針を植物体に突き刺すとき、口針の周りに口針鞘と呼ばれるトンネル状の構造物を形成する。これは、昆虫の唾液腺から分泌される凝固性の唾液をもとに作られている。この主成分がタンパク質である。これまで、数個しか同定されていない。
構成的発現	器官、組織、細胞の種類にかかわらず、遺伝子がほぼ同程度の強度で発現すること。
高度免疫不全ブタ	免疫に関連する複数の機能を喪失したブタ。
ゴマダラクトン	ゴマダラカミキリのメスの体内で生成され、体表に分泌される接触性の性フェロモン(コンタクトフェロモン)成分のうち、構造式にラクトン環を持つ化学物質グループ。解明された 15 成分あるゴマダラカミキリのコンタクトフェロモン成分のなかで必須成分群である。現在のところゴマダラクトン A、B、および C の 3 成分が単離同定されている。
ごま葉枯病	糸状菌に属する植物病原体 <i>Cochliobolus miyabeanus</i> の感染によってイネ科植物に起こる病気。
コラーゲンビトリゲル	生体内結合組織に匹敵する高密度コラーゲン線維から成るゲルのこと。コラーゲンビトリゲルは、コラーゲンゾルの①ゲル化、②ガラス化、③再水和により作製できる。ここで、コラーゲンゾルは酸可溶性コラーゲンに生理的な水素イオン濃度と塩濃度を付与して調製したもので、さらに生理的な温度を付与することでコラーゲンゾルはゲル(線維)化を促進して低密度コラーゲン線維から成るコラーゲンゲルを形成する。
コラゾニン	昆虫の神経ペプチドホルモンの一種。バッタでは体色を黒化させる作用を持つ。
コンタクトフェロモン	動物の体内で生成され体表に分泌される接触性の(性)フェロモンのこと。同種他個体が触角や口髭、あるいは脚で触れて初めて一定の行動を解発させる生理活性物質。
コンティグ配列	短い塩基配列の相同部分を重ね、つなぎ合わせて(アSEMBルして)できる塩基配列。

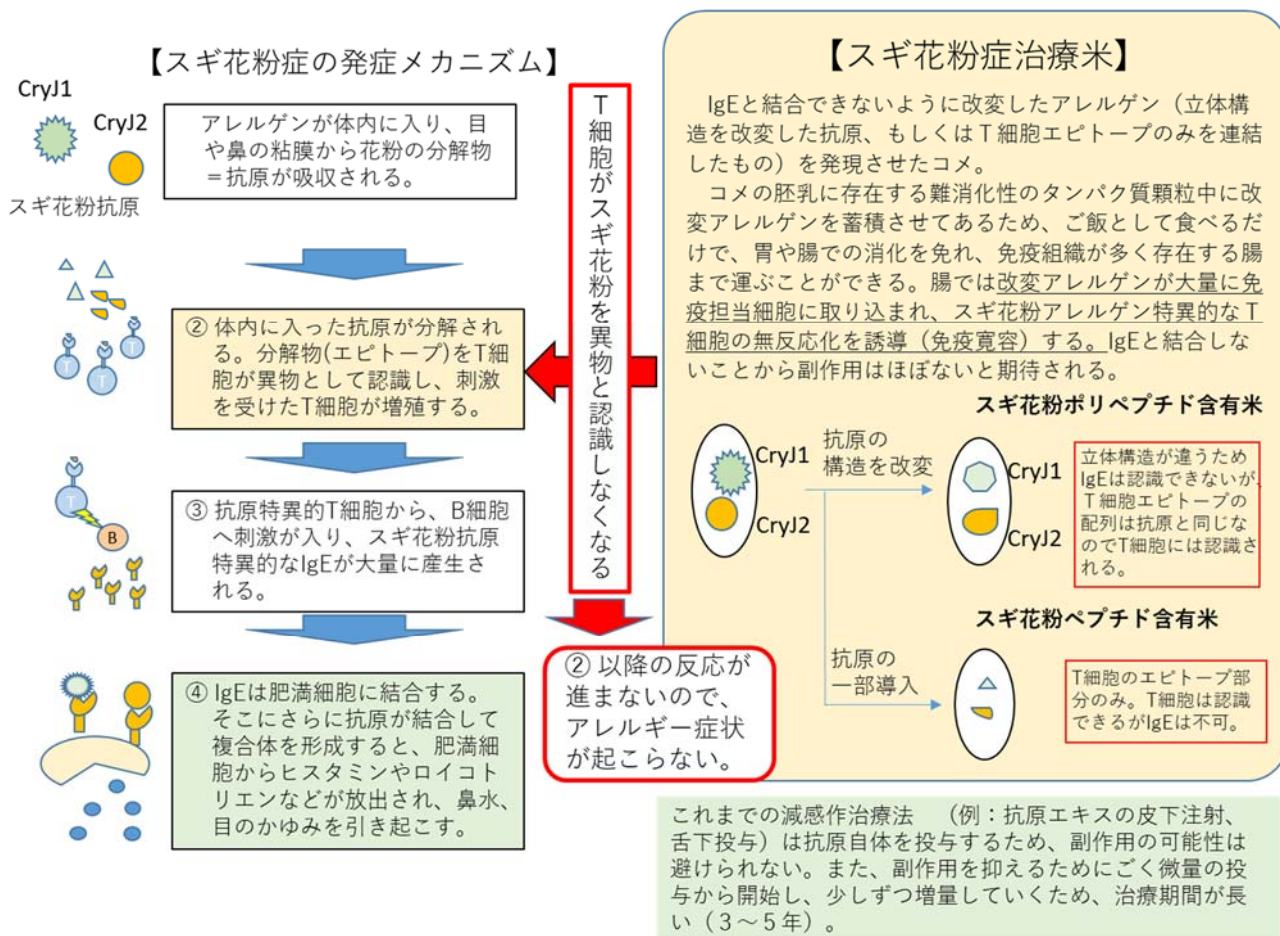
根粒共生	植物の根に形成された根粒において、窒素固定バクテリアが細胞内に感染し、窒素固定を行い、植物は光合成による同化産物を共生バクテリアに供給する形態を指す。
根粒菌	土壌に生息する細菌で、マメ科の植物と共生し、窒素固定を行う能力を備えている。

【さ行】

殺虫タンパク質	昆虫に殺虫性を示すタンパク質。昆虫種特異的な殺虫性を示すことが多く、生物農薬として利用されている(BT 剤など)。
シード化合物	創薬標的分子(主にタンパク質)に結合してその働きを抑える化合物。薬剤開発の基礎となる分子骨格構造を持つ。
紫黒米	果皮にアントシアニンを蓄積し、玄米が濃い紫色を呈するコメ。
次世代シーケンサー	超高速シーケンサーともいう。従来のサンガー法とは原理的に異なる方法で、大量のDNA塩基配列解読を行なう装置。1台の機械で一度に5億から1億塩基の解読を行なうことが可能。DNAポリメラーゼを使って塩基の取り込みを検出する方法と、ポリメラーゼを用いずにオリゴヌクレオチドをハイブリダイズさせて解読する方法を使った装置が販売されている。シーケンサーの開発競争は日進月歩であり、今後も解読能力は飛躍的に向上していくと考えられる。
集合フェロモン	集団で生活する生物が、体内で合成、分泌し、同種の他個体に集合行動を引き起こす作用を持つ有機化合物。
シュウ酸カルシウム針状結晶	パイナップル、キウイフルーツ、サトイモ、ヤマノイモ、ブドウ等の多くの植物に含まれるシュウ酸カルシウムからなる鋭い針状の結晶のこと。長さが0.1ミリ前後で両端が鋭く尖っている。サトイモのえぐみ、痛みの原因物質。植物にとっての本来の役割には過剰なカルシウムの蓄積との説もあるが、植食動物(草食獣、昆虫、ナメクジ他)に対する防御であるという説を支持する報告がある。
終末糖化産物	終末糖化産物(AGEs: Advanced Glycation End Products)は、タンパク質の糖化反応(メイラード反応)によってつくられる物質の総称で、毒性があり、老化を進める原因とされている。体内で作られるか、食物から体内に取り込まれる。
樹枝状体	宿主植物の根に感染した菌根菌が、宿主植物の細胞内部に形成する共生器官。菌糸が細かく枝分かれした構造が樹木の枝に類似していることから「樹枝状体」と称される。樹枝状体を介して、菌根菌は土壌から吸収したリンなどの微量元素を宿主植物に提供し、宿主植物は光合成産物を菌根菌に提供していると考えられている。
生涯避妊効果	ピルのように、1回の処理で一時的に避妊効果が得られるというのではなく、1回の処理で生涯にわたって効果が得られるもの。
小胞体	細胞質中にある膜構造をもつ小器官。小胞体に結合したリボソームで合成されたタンパク質を取り込み、濃縮・貯蔵する機能を有する。
小胞体ストレス応答	正常な高次構造に折り畳まれなかったタンパク質が小胞体に蓄積した結果、生じる悪影響(小胞体ストレス)に対する細胞の反応。
食物網	生態系における多様な生物間の食う食われるの関係のこと。自然界では、ある生物種が多様な生物を捕食したり、逆にある生物が他の様々な生物に捕食されることが多い。生態系全体における多様な生物間の食う食われるの関係は極めて複雑で網目状に絡み合っており、食物網とよばれる。食物網を構成する特定の種間の関係を食物連鎖とよぶこともある。
白葉枯病	細菌に属する植物病原体 <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>Oryzae</i> の感染によってイネ科植物に起こる病気。世界的には、いもち病と並ぶイネの重要病害。
シルク水溶液	絹糸の主構成タンパクであるシルクフィブロインを水に溶解・分散させて得られる水溶液。繊維化前のフィブロインをカイコ絹糸腺より抽出し水に溶かす方法や、絹糸を濃厚塩水溶液で溶かした後に純粋で透析する方法などにより得られる。
シロイヌナズナ	アブラナ科の植物であり、様々な研究に用いられているモデル植物である。ゲノム配列が完全に解読された初めての植物。
深根性遺伝子	植物の根系を制御する遺伝子。深根性とは根が土壌下層に向かって伸びる性質を言う。
真珠体	植物の葉や茎に作られる球状の分泌物。熱帯・亜熱帯の多くの植物で見られ、アリと植物の相互作用に関与していると考えられている。温帯ではブドウ、ヤブガラシ、オクラなどで見られる。ブドウでは単なる生理現象として分泌されるという説もあるが、その機能は

不明。ヤブガラシでは天敵による植食者防衛に役立っているとされる。オクラでは天敵の幼虫の発育に役立っている。

シンテニー	異なる種の染色体間で、遺伝子が同じ順番で配置されていること、もしくはその領域。
推奨菌株セット	農業生物資源ゲノムバンクが所蔵する微生物遺伝資源のうち、特に、DNA塩基配列情報による再分類と各種表現形質の検査等に基づいて選定した、各菌株を代表する分類学的に優良な菌株のセットを指す。
スカフォールドリング	スカフォールドとは解読されたゲノム配列の一部であり、コンティグとギャップからなっている。ギャップがあっても、コンティグの方向性とコンティグ間の距離がわかる場合があり、それに基づき、スカフォールドを作っていく作業をスカフォールドリングという。
スギ花粉症治療米	スギ花粉症の原因となるスギ花粉抗原を、アレルゲン性を低減させた形で米胚乳中に蓄積させた組換え体。胚乳中で発現されているたんぱくの違いにより、ペプチド含有米とポリペプチド含有米の2種類に分類できる。
スギ花粉ペプチド含有米	スギ花粉のアレルゲンの一部(エピトープのみ)を7つつないだもの(7Crp)を発現させたイネ。この7Crpの導入により患者の7~8割以上に対し治療効果があると考えられている。アレルゲンと比較して立体構造が異なること、100AA以下とサイズが小さいことから、物理的にスギ花粉特異的IgE抗体と架橋を形成する可能性は低く、副作用は少ないと考えられる。
スギ花粉ポリペプチド含有米	スギ花粉アレルゲンのアミノ酸配列のすべてを発現。ペプチド米では反応できない、マイナーエピトープを持つ患者さんにも対応できると期待される。こちらもペプチド米同様、立体構造が変わるようにコンストラクトを設計しているため、スギ花粉特異的IgEには認識されにくく、副作用は少ないと考えられる。



スプライシング変異系統	遺伝子のイントロンは供与部位と呼ばれる GT で始まり、受容部位と呼ばれる AG で終わるという規則性(GT-AG ルール)がある。このようなサイトに変異が誘導されることでスプライシングが正常な形で起こらなくなる変異をさす。不完全なスプライシングによりタンパク質の構造に影響が出る、あるいは、終結コドンが現れるなど、重篤な変異が期待される。このようなタイプの変異を持つ系統を指す。
スペルミン	複数のアミノ基が結合した直鎖状の脂肪族炭化水素であるポリアミンの一種である。2つのトリメチレン基と1つのテトラメチレン基が対称的に2つのアミノ基で隔てられ、その両末端にもそれぞれアミノ基が結合した構造である。タンパク合成の促進因子であるとともに、多くの酵素を活性化する機能を持つ。
精子幹細胞	雄性生殖器官である精巣内に存在する精子の元となる細胞。この細胞は自己増殖を繰り返す一方、精子へと分化する多分化能を有する。精原幹細胞とも呼ばれる。
精祖細胞	雄の場合、生殖細胞は分裂して精子の元になる精祖細胞を作り、動物が性成熟するとさらに分裂して数を増やす。増えた精祖細胞は精子形成過程に入るが、一部は幹細胞として以後の精子形成のために温存される。
性フェロモン	動物の体内で生成されて体外に分泌され、同種の異性に一定の行動や発育の変化を促す生理活性物質のこと。
生物多様性影響評価	遺伝子組換え生物等を第一種使用規程(第一種使用等の内容及び方法を規定したもの)に従って使用等した場合の野生動植物等への作用の態様を明らかにし、当該野生動植物等の種又は個体群の維持に支障を及ぼすおそれの有無等を判断すること。
セルラーゼ	セルロースのグリコシド結合を加水分解する酵素。細菌や植物を中心に、生物界に広く存在する。
染色体置換系統	ある系統の特定の染色体が、別の系統の染色体と置き換わった系統。複数の遺伝子によって支配される量的形質の解析に有効である。
染色体転座	染色体の一部が切断され、同じ染色体の他の部位に付着した現象。
セントロメア	セントロメアは染色体の真ん中にある細くくびれた部分で、細胞分裂をするとき、娘細胞に染色体を均等に分配するための重要な役割を担っている。
前臨床試験	非臨床試験と同義。新薬開発の段階で、人を対象とする臨床試験の前に実施する試験。薬物動態試験、薬効薬理試験、毒性試験が含まれる。
相同組換え	ゲノムの DNA 配列が相同な部位で起こる組換えのこと。本来はこれにより、体細胞では化学物質や放射線で切断されたDNAが修復され、減数分裂では母方と父方の遺伝情報が再編される。

【た行】

ターゲットシーケンシング	ゲノム DNA より、目的とする領域のみを濃縮して、次世代シーケンサーを用いて塩基配列を解読する方法である。オリゴ DNA プローブを用いた捕集、PCR を用いた特異的部分の濃縮などの方法がある。限定領域のみをシーケンスするため、複数個体の多型を効率的に解析することができる。
第一種使用等	拡散防止措置をとらない遺伝子組換え生物等の使用等。開放系での遺伝子組換え生物等の使用等が生物の多様性に及ぼす影響を判断する必要がある。
体細胞核移植	除核した未成熟卵に、異なる動物個体の体細胞核を挿入することによって、挿入した体細胞由来の遺伝情報を持った胚や個体を作製するための発生工学技術。この技術を用いて同一個体由来の細胞から複数の胚を作製すると、これらの胚は遺伝情報が全く同じであるため“クローン胚”と呼ばれる。
体内時計	生物の持つ約 24 時間周期の計時機構。恒常条件においたとき、正確に 24 時間のリズムを刻むのではなく、およそ 24 時間のリズムを刻む。通常は、太陽光の明暗周期や気温変化により正確に 24 時間で同調する。概日時計と同義。
ダイノルフィン	神経伝達物質の一つで、ドーパミン作動性ニューロンを抑制する作用をもつ。
唾腺遺伝子	唾腺(唾液腺)で発現している遺伝子。植物害虫では、植物と害虫の接点は主に口器である。植物は防御反応を起こすが加害が成立する。これは害虫の唾腺から分泌される成分が植物の防御反応を抑制するなどの重要な機能を持っているためと考えられる。この理由から唾腺遺伝子の機能解明が進められている。

脱皮ホルモン	昆虫のステロイドホルモン、エクジソン(Ecdysone)とも呼ばれる。前胸腺で合成・分泌される。幼若ホルモンと相互作用しながら、胚発生、脱皮・変態、生殖、休眠など、昆虫の全ステージにわたって様々な発生過程を制御する。
窒素固定寄与率	作物が吸収した窒素のうち、窒素固定に由来する窒素の割合で、窒素固定活性の指標となる。ダイズ栽培で窒素固定寄与率が低い場合、土壌中からの窒素の収奪量が多くなり、収量低下の一因とされる土壌窒素の消耗を招くと考えられる。導管液中の窒素のうち、窒素固定で生ずるウレイド態窒素の割合を調べる相対ウレイド法や、重窒素が固定されにくい性質を利用した重窒素希釈法、自然同位体比法等の評価法がある。
ドーパミン	脳内で作られる神経伝達物質の一種。下垂体前葉からのホルモン分泌の調節に関与している。プロラクチン分泌を抑制する作用がよく知られている。
トマト黄化えそウイルス	アザミウマによって媒介されるウイルスで、宿主範囲が広く、病徴も激しいため、大きな被害を出している。遺伝子操作実験系が構築されていなかったために増殖機構には未解明な点が多い。
トモグラフィー技術	観察用にスライスしたサンプルを、角度を変えて電顕で撮影し、連続傾斜画像を得た後、画像処理することにより、元の三次元像を復元し立体的な構造情報を得る技術。通常は急速凍結したサンプルを用いて観察する。
トランジション変異	ゲノム DNA の 1 個のヌクレオチド塩基が別のものと置き換わるものを 1 塩基置換または点突然変異と呼ぶ。置換される塩基の種類が同じ場合、プリン塩基がプリン塩基(アデニン/グアニン)に、ピリミジン塩基がピリミジン塩基(シトシン/チミン)に置換されるものをトランジション変異という。
トランスクリプトーム解析	特定の状況下において細胞中に存在する全ての一次転写産物について、網羅的に解析すること。解析手法としては、マイクロアレイや RNA-Seq が用いられる。

【な行】

ナンセンス変異系統	変異原処理により引き起こされた点変異の中で、終始コドンが誘導されたものを特にナンセンス変異と呼ぶ。このようなタイプの変異を持つ系統を指す。
二次細胞壁層	生長中の細胞壁は一次細胞壁という薄い細胞壁からなる。生長終了後の細胞は一次細胞壁の内側に二次細胞壁という 2,3 層からなる細胞壁を形成する。
乳房炎	細菌などの病原微生物が乳房内や乳腺組織内に侵入し、増殖することによって起る乳房の炎症。乳牛において発生が多く見られ、日本国内においてウシ乳房炎による損害額は 800 億円以上と推定されている。
ニューロキニン	タキキニンファミリーに属するペプチド。体内の様々な部位に発現している。視床下部では弓状核に発現しており、キスペプチンと共発現している。機能は発現部位によって異なるが、弓状核キスペプチンニューロンでは神経活動を上昇させる作用を持つ。受容体は NK3R。
ヌードマウス	遺伝的に胸腺を欠損して免疫系が不全となったマウスで、異種の組織や細胞を移植しても拒絶されない。被毛が欠失しているためヌードマウスと呼ばれる。
ヌクレオキャプシドタンパク質	ウイルスのゲノム核酸に結合し、ウイルス粒子を構成するタンパク質。トマト黄化えそウイルスでは N タンパク質がこれにあたる。
ネムリユスリカ	アフリカ中央部半乾燥地帯の水たまりに生息するユスリカ的一种。幼虫は干からびた状態になっても生命を維持し、再水和によって再び活動を始める機能を有する唯一の昆虫種。

【は行】

バイオコントロール細菌	主に土壌中に生息し、植物を病原微生物から保護する効果のある細菌。
ハイスループットスクリーニング	膨大な種類の化合物から構成される化合物ライブラリーの中から、自動化されたロボットなどを用いて、創薬ターゲットに対して活性を持つ化合物を選別すること。
バイナリー発現系	外来遺伝子発現制御に非常に有用な二元(=バイナリー)系のこと。GAL4/UAS 系が最も良く知られ、この系では酵母の転写因子 GAL4 アクチベーター(ドライバー)が、認識配列である上流活性化配列(UAS)に作用し下流の遺伝子を発現させる。バイナリー発現系を用いれば致死遺伝子の導入と機能解析も可能である。
胚盤胞	哺乳動物の初期発生において、桑実胚の次の発生段階で、内部が中空になり、内部細胞塊と外側の栄養外胚葉層という 2 種類の細胞へと分化している。内部細胞塊は主に胎子そのものに寄与し、栄養外胚葉層は胎盤などの胚体外組織に寄与する。

バキュロウイルス発現系	バキュロウイルスは増殖過程で感染細胞の核内にポリヘドリンと呼ばれる結晶構造のタンパク質を形成する。この遺伝子を発現するプロモーターの下流に発現目的遺伝子を導入し、このウイルスを昆虫細胞に感染させると、目的タンパク質を効率的に発現させることができる。
ハスモンヨトウ	幼虫が非常に多くの野菜や花卉類を食害する、ヤガ科の鱗翅目昆虫。越冬ステージがないことから関東以北での被害は少ないが、西南暖地での被害は甚大である。本種は梅雨前線、秋雨前線や台風によって中国や韓国から、毎年九州に飛来している可能性も示されている。ハワイ、オーストラリアを含め、アジア-太平洋地域で問題となっている害虫であり、温暖化に伴い多発域の北上が懸念されている。
発現変動遺伝子解析	遺伝子が機能するにあたって、DNA から mRNA を合成することを発現と呼ぶ。発現の量は遺伝子の機能と強い関係があり、このような発現の変化を解析することを発現変動遺伝子解析と呼ぶ。
発情同期化	顕微授精した受精卵を仮の雌ブタの卵管に移植する場合、あらかじめ複数の雌ブタにホルモン処理を施すなどして、同時期に受精卵を受け入れられるようにする。
ハプロタイプ	染色体上のハプロイド(半数体)に存在する複数の遺伝子座の対立遺伝子の組み合わせのタイプ。一般的には、一塩基多型(SNP)を指標として、複数の SNP の組み合わせ(連鎖している多型の組合せ)で示すことが多い。
非休眠化	カイコの卵が休眠しないようにすること。低温短日条件下で孵化した個体は蛹期に休眠ホルモンが放出されず、産卵された卵は非休眠卵となる。非休眠卵は発生が停止することなく進行して 10 日ほどで幼虫が孵化する。休眠卵を塩酸に浸すことで、休眠させずに孵化させる方法(浸酸処理法)が知られている。
非同義置換系統	遺伝子のタンパク質に翻訳されるコード領域に変異が引き起こされることにより、コードするアミノ酸が変わる変異を非同義置換という。変異体の中でも遺伝子の中に非同義置換が引き起こされた系統をさす。コドンの縮退のために DNA に変異が引き起こされていてもコードするアミノ酸が変わらないものを同義置換という。
非妊娠黄体	妊娠していない時期に存在する黄体を非妊娠黄体または周期性黄体と呼ぶ。
ファイトアレキシン	植物が生産する抗菌性物質の総称。様々な化学構造の二次代謝物が知られているが、イネではジテルペン型とフェニルプロパノイド型とが代表的である。
フィブロイン	カイコの繭糸の繊維本体を形成しているタンパク質。主に β シート構造をとっている。フィブロイン H 鎖、フィブロイン L 鎖、P25/fhx の 3 種のタンパク質から構成される。
フィブロインフィルム	絹糸の主構成タンパクであるシルクフィブロインから成るフィルム。水や有機溶媒にフィブロインを溶かしキャスト成型することにより得られる。
フラグメントスクリーニング	創薬標的分子(主にタンパク質)に結合する分子量が小さくシンプルな構造の化合物(フラグメント)を効率的に探索する方法。フラグメントの結合親和性(活性)は弱いため、フラグメントスクリーニングには鋭敏な物理化学的測定法が活用される。
フラボノイド	クマル酸 CoA とマロニル CoA が重合してできるカルコンから派生する植物二次代謝物の総称。
プルダウンアッセイ法	あるタンパク質が特定の別のタンパク質と相互作用するかを調べる実験方法。担体に結合させたタンパク質 A に別のタンパク質 B の溶液を反応させた後に溶出させる。その溶出液を泳動後、タンパク質 B の検出を行う。タンパク質 A-B 間で相互作用していれば、複合体として溶出されるため、タンパク質 B を認識する抗体を用いたウエスタンブロットティング法により、タンパク質 B が検出される。
フレームシフト変異系統	変異原処理により引き起こされた変異の中で、欠失や挿入を引き起こすことでタンパク質が翻訳される領域の読み枠がずれることで正常なタンパク質が作られない重篤な変異となる。このようなタイプの変異を持つ系統を指す。なお、欠失あるいは挿入された配列の長さが 3 の倍数であった場合は読み枠がずれることは無いため、重篤な変異には結びつかない場合が多い。
フロー分析	ストックが一時点の値を示すのに対応する経時的な変化率を分析すること。もしくはその分析方法。
ヘテロダイマー	異なる二つの分子間に形成される二量体。ここでは 2 つの転写因子タンパク質間の二量体を指す。
ヘリカーゼドメイン	ヘリカーゼは核酸のリン酸エステル骨格に沿って動きながら絡み合う核酸をほどく酵素の総称で、この移動において中心的役割を担うのがヘリカーゼドメインである。

ペルオキシソーム増殖因子 活性化受容体	細胞の核内に存在する受容体の一つで、遺伝子発現を調節する転写因子。細胞の脂質や糖の代謝、増殖などへの関与が知られている。
変異スペクトラム	変異源処理により引き起こされる変異にはその変異源の作用機序により、変異の入り方に差がでる。例えば、メチル化剤であるメチルニトロソウレア(MNU)はGがAに変化するトランジション変異が、エチルニトロソウレア(ENU)はAがTに変化するトランスポージョン変異が引き起こされる傾向にある。このような変異の方向性を変異スペクトラムという。
変態抑制因子	昆虫の幼虫が蛹や成虫になるのを抑える因子。近年、転写因子の一種である Krüppel homolog 1 (Kr-h1)が変態抑制因子であることが明らかにされている。
変分ベイズ法	ベイズ推定において、サンプリングを用いて数値的に計算を行うのではなく、事後分布を解析的に近似する方法。大規模データの解析においても計算に時間がかからない利点がある。
ホーネットシルク	スズメバチの幼虫が巣内で繭を作るために吐糸する繊維状タンパク質のことをいう。成形加工が容易で、カイコのシルクとはアミノ酸配列、分子構造、物理的特性などが異なっている。
ボルバキア	節足動物やフィラリア線虫などの細胞内に広く共生しているリケッチアに近縁な細菌(学名 <i>Wolbachia pipientis</i>)。多くの節足動物にとってボルバキアは必須ではないが、ボルバキアは、細胞質不和合、オス殺し、メス化、単為生殖化などの巧妙な方法で宿主の生殖システムを操作することにより垂直伝播率を高めている。フィラリア線虫や一部の節足動物には、宿主の生存・繁殖に必須で宿主と相利共生関係を築いているものもいる。
翻訳エンハンサー	メッセンジャーRNA 上のコード領域の上流に位置する塩基配列で、翻訳(タンパク質合成)の効率を高める効果をもつ。アルコールデヒドロゲナーゼ遺伝子など特定の遺伝子のメッセンジャーRNA に含まれる。

【ま行】

マイクロアレイ	数千～数万のDNA断片をガラス等の基板上に配置し、一度に細胞内の多数の遺伝子発現量を調べる技術。
マクロファージ	下等動物から高等動物に至るまで存在し、異物の貪食・消化や抗原提示に重要な働きを持つ自然免疫系細胞の一種。骨髄に由来する単球が分化段階を経て各組織に定着したものであり、肝臓のクッパー細胞、脳のミクログリア、肺マクロファージなどに代表される。
ミトコンドリア膜輸送体	ミトコンドリア内膜を通過出来るのは、水、酸素、二酸化炭素、アンモニアに限られ、ATP、ADP、リン酸、ビルビン酸、オキサロ酢酸、カルシウムイオンなどの通過は、ミトコンドリア内膜の種々の輸送体タンパク質により、制御される。
ミニブタ	実験動物あるいはペットとして小形化を目標に育種されたブタ。体重 40 キログラム程度の系統・品種が多い。
ミヤコグサ	マメ科のモデル植物。植物体が小さく、限られたスペースでの栽培と3-4ヶ月と早期の種子収穫が可能で、形質転換系やゲノムシーケンシング情報等研究基盤が整備されており、遺伝子の同定や機能解析等の実験材料として適した条件を備えている。
メイトペア解析	メイトペア解析は、ゲノム上で数 kb 離れた領域を含む DNA 断片を調製し、その両端を読み取る方法。スカフォールド構築や、kb 単位の大きな構造変異解析が可能となる。
メタ解析	過去に独立して行われた複数の研究データを収集し、統計的方法を用いてより高い見地から解析すること。
メタボローム	代謝経路の多様性の総体を、バイオインフォマティクスの手法を基に研究すること。解析の対象となるものは、オリゴペプチド、アミノ酸、糖、有機酸、核酸、脂質などである。ガスクロマトグラフィーやキャピラリー電気泳動などの分離技術と質量分析法などの検出系を組み合わせて解析する。
免疫賦活化効果	抗原と混合して生体に投与することにより、投与した抗原に対する免疫応答を増強する作用。
免疫寛容	もともと抗原を認識するT細胞が存在しているときに大量の抗原を投入すると、免疫反応の再調整が生じ、T細胞の増殖自体の阻害(不応答)や消失が起こり、これによりアレルギー反応が抑えられる現象。
毛茸(もうじ)	植物葉の表面にあるトゲのこと。大豆葉には葉の両面および葉脈に存在する。ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子を有する大豆葉では毛茸の密度が高いという報告がある。

戻し交配	第一代雑種にその親の一方を交配すること。
靱枯細菌病	イネの病原細菌病の一つで発芽時と開花期に発病する。菌の生育適温が 30～35℃であるため、近年の地球温暖化に伴い、日本および海外での発生面積の拡大が農業上問題となっている。

【や行】

蛹化決定遺伝子	完全変態昆虫の幼虫が蛹になるのを決定づける遺伝子。転写因子の一種である Broad 遺伝子が蛹化決定遺伝子である。
ヨウ化チロシン	天然アミノ酸の1つであるチロシンのフェノール環に、ヨウ素が配位した天然に存在しないアミノ酸。
幼若ホルモン	昆虫ホルモンの一種でさまざまな生理活性を持つ。最も代表的な活性は変態の抑制作用。
葉緑体型 PEPC	ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ。ホスホエノールピルビン酸と炭酸水素イオンからオキサロ酢酸を生成する酵素。本酵素は細胞質に存在し、TCA 回路へ基質を補充する機能をもつと考えられていたが、イネは葉緑体に局在する葉緑体型 PEPC をもつことがわかっている。

【ら行】

卵活性化因子	受精時に卵活性化現象を誘起する精子由来の因子。
リガンド	特定の受容体(レセプター)に結合する物質。
リジン	タンパク質を構成するアミノ酸で、哺乳類では体内で合成できない必須アミノ酸である。家畜の生産においては、タンパク質合成の際に特に不足しやすい制限アミノ酸である。
リゾチーム	真正細菌の細胞壁を構成する多糖類を加水分解する酵素。動物のみならず植物からも見出されている。カイコ由来のリゾチームは、哺乳類のリゾチームと比べ低い温度でも酵素活性を示すのが特徴である。
リポフェクション	主に動物細胞に DNA を導入する手法で、リン脂質などから作られたリポソームと DNA の複合体を細胞に取り込ませる。
リポポリサッカライド	グラム陰性細菌の外壁の構成成分であり、脂質と多糖からなる。動物細胞に対して極めて多様な生理活性を示す。標的細胞の表面にある受容体 TLR4 に結合し、細胞内へ炎症応答シグナルを伝達して種々の炎症性サイトカインの産生・分泌を誘導する。これらの応答が過剰に進むと発熱やショック症状を引き起こすこともある。
レトロトランスポゾン	ゲノムに存在する、転移する配列(トランスポゾン)のうち、転移に RNA 分子への転写による介在を必要とする配列。この転移様式のため、ゲノム中に蓄積し、多くの植物ゲノムの大半はレトロトランスポゾンで占められる。両末端に特徴的な反復配列を有する LTR 型レトロトランスポゾンと、そうでない非 LTR 型レトロトランスポゾンに分類される。
連鎖解析	ある形質の原因遺伝子の近傍に位置する DNA マーカーは、その形質とともに遺伝する(連鎖している)ことを利用して、その原因遺伝子が染色体上のどの位置に存在するかを解析していく手法。
連鎖地図	マーカー間の連鎖と乗り換えに基づいて染色体上のマーカーの位置関係を推定し、マーカー間の距離を乗り換え頻度より算出した地図を指す。マーカーの密度が高まるにつれて、相互に連鎖するマーカーは群(連鎖群)を形成し、その数はゲノムを構成する染色体数に収束する。一方、マーカー間の距離を DNA の長さに基づいて作成した地図を物理地図という。
レンチウイルス	レトロウイルスの一種で、代表的なものとしてヒト免疫不全ウイルスが知られている。ウイルスゲノムは一本鎖 RNA であり、細胞に感染した後に逆転写酵素の働きで二本鎖 DNA となって宿主ゲノムに挿入される。この性質を利用して、レンチウイルスベクターとして宿主細胞への遺伝子導入に利用されている。レトロウイルスベクターでは分裂中の細胞にしか感染できないが、レンチウイルスベクターは分裂していない細胞にも感染できるため、遺伝子導入ツールとして汎用性が高い。

【B】

BAC	Bacterial Artificial Chromosome の略。大腸菌プラスミドの一種 F プラスミドの複製系を利用した大腸菌を宿主とする人工染色体ベクター。200kb 程度までの長鎖の DNA 断片を安定にクローン化することができる。
BTH	ベンゾチアジアゾールの略。植物に病害抵抗性を誘導する作用を示す薬剤。

【C】

CIAT 南米コロンビア・カリにある国際農業研究協議グループ傘下の研究所のひとつ。日本では国際熱帯農業研究センターと呼ばれている。CIAT は、スペイン語の研究所名: Centro Internacional de Agricultura Troical の略称である。

Cry1A 毒素 昆虫病原細菌 *Bacillus thuringiensis* 由来の殺虫タンパク質 Bt 毒素の一種。トウモロコシ等の耐虫性を付与した遺伝子組換え作物に多く導入されているが、抵抗性が問題になってきている。

【D】

de novo アセンブリ 近縁種や同一種のゲノム情報を用いずに、シーケンサーで読み取った断片をアセンブルして、それまでに未知のゲノム配列を、まったく新規に再構築すること。

differential plating 細胞の種類によって接着の速度が異なることを利用し、細胞の選別を行う方法。

dsRNA double stranded RNA の略称。二本鎖 RNA。

【E】

EMS 処理 DNA に変異を引き起こす作用を持つ化学物質である EMS (Ethyl Methane Sulfonate; エチルメタンスルホン酸) の変異原処理。

【G】

GABA 含有介在ニューロン γアミノ酪酸 (GABA) は、神経活動を抑制するための主要な伝達物質である。神経細胞間に存在し、GABA を放出することによって標的の神経細胞の活動を抑制する働きをもつニューロン。

Genotyping-by-Sequencing 次世代シーケンサーを用いて、ゲノム上の特定領域 (2 種類の制限酵素で処理し、両制限酵素サイトでは含まれた領域で特定のサイズをもつ領域のみ) について、多数のサンプルを同時にジェノタイピングするシステム。

Gibbs サンプリング法 統計学において平均値や分散などを解析するために、直接サンプリングが難しい確率分布の代わりに、それを近似するサンプルを発生させる方法の 1 つである。ある確率分布に従ったランダムなサンプルが得られる。

GIS 地理情報システム (GIS: Geographic Information System)。

gonocyte 前精原細胞。精原細胞よりも未分化状態にある細胞。

【I】

in silico スクリーニング コンピューター上で、タンパク質と化合物の立体構造に基づいてドッキング (結合) シミュレーションを行い、その化学的相互作用エネルギーを評価する方法で、バーチャルスクリーニングとも呼ばれる。数百万化合物の大規模化合物データベースの中から活性化合物候補を探索するために利用される。

ITPGR 食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約 International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture の略称。生物の多様性に関する条約 Convention on Biological Diversity (CBD) の発効を受け、国際連合食糧農業機関 (FAO) で、食料農業分野における植物遺伝資源の国際的な取扱いを定めた ITPGR が 2001 年 11 月に採択された。

【K】

KNDy 神経細胞 弓状核のキスペプチン産生ニューロンは、キスペプチン (kisspeptin) の他に、ニューロキニン B (Neurokinin B) とダイノルフィン A (Dynorphin A) という生理活性物質を共発現している。そこで、それぞれの頭文字をとって、キャンディニューロンと呼ばれるようになった。弓状核キスペプチンニューロンは、KNDy (キャンディ) ニューロンとも呼ばれている。

【L】

LEA タンパク質 植物の種子が休眠に入っていく過程で、種子内に大量に合成・蓄積されるタンパク質として発見された。Late embryogenesis abundant (LEA) タンパク質と名付けられ、乾燥耐性に関連したタンパク質と考えられている。ネムリユスリカ幼虫体内でも乾燥過程で大量に分泌・蓄積することが明らかにされている。

【M】

MALDI-biotyping	MALDI-TOF (Matrix Assisted Laser Desorption /Ionization Time of Flight)質量分析計を利用して簡便かつ迅速に細菌を同定する手法。
MNU 処理	メチルニトロソウレア(MNU)による変異誘発処理。
mtDNA D ループ領域	mtDNA はミトコンドリア(mt)に存在する環状 2 重鎖 DNA。ニワトリでは 1 万 6 千塩基対ほど。ほ乳類・鳥類などでは母方からのみ遺伝すると考えられている。D ループ領域は、mtDNA 中のタンパク質がコードされていない領域で、1300 塩基対ほどで、DNA 多型が多く見られる領域。
MTP クローン	MTP クローン (Minimum Tiling Path Clone): ゲノム配列を再構成するために必要最小限の BAC クローン、あるいはその集合のこと。
MUA ボレー	弓状核キスペプチンニューロン分布領域に記録を留置し、その神経活動を記録すると、一定間隔で、一過性に神経活動が上昇する現象が観察される。この一過性神経活動上昇を MUA ボレーと呼ぶ。MUA ボレーは、黄体形成ホルモンのパルス状分泌を引き起こす為の神経発火活動と考えられている。

【P】

parental RNAi	標的遺伝子の一部と同じ配列の二本鎖 RNA を作成して個体に注射または食べさせて取り込ませると、標的遺伝子の mRNA が分解され、結果としてその遺伝子の発現を特異的に抑制できる。これを RNA interference (RNA 干渉、RNAi)と呼ぶ。遺伝子の機能解析に使われる手法である。メス親に RNAi を行うと、次世代の卵や子で標的遺伝子の発現低下が観察される。これを parental RNAi と呼ぶ。しばしば個体発生に必要な遺伝子の解析や、遺伝子発現を抑制した個体を多数得るのに用いられる。
PCR クランピング法	PCRにおいて、多様な型の DNA を含む試料から特定の DNA 型の増幅を抑えつつ、それ以外の型を増幅する方法。広食性の捕食性昆虫の全 body DNA から、微量の多様な被食者 DNA を網羅的に増幅するために活用できる。この PCR では広範な生物に適用可能なプライマーのほかペプチド核酸等の人工 DNA を使用するが、後者は捕食者 DNA と特異的に結合しその増幅を阻害するようにあらかじめ設計しておく。
percoll 密度勾配遠心分離	細胞の種類によって、大きさ・密度が異なることを利用した細胞の選別方法。
piggyBac	昆虫由来のトランスポゾンで、ゲノムから切り出される際に余計な配列をゲノム上に残さない。従ってマーカー遺伝子等を完全に除去するのに有効である。
PLC ζ	Phospholipase C zeta。真核生物のシグナル伝達経路において重要な役割を果たしている酵素群ホスホリパーゼ C の 1 つ。精子特異的に発現しており、現在最も有力な卵活性化因子と考えられている。

【Q】

QTL	Quantitative Trait Locus の略。量的形質遺伝子座という。品種や系統間の形質の違いは、比較的小さな作用をもった複数の遺伝子によって決定されており、この一連の遺伝子座を指す。従来は、品種間の QTL の遺伝子作用が小さいために遺伝学的解析が困難であったが、近年のゲノム解析の進展により、DNA マーカーが充実し、ゲノム中に存在する QTL の位置決定や単離が可能になっている。
-----	--

【R】

RNAi	RNA interference の略。細胞に二本鎖 RNA を導入した場合、それと同じ配列をもつ遺伝子の発現(タンパク質の合成)を抑制する現象のこと。
RNA-seq	次世代シーケンサーにより、細胞の中の mRNA や miRNA の配列を解読して、発現遺伝子(トランスクリプトーム)の定量的・定性的情報を効率的に取得する手法。
RNA ポリメラーゼ	既存の核酸(RNA または DNA)を鋳型として相補鎖 RNA を合成する酵素。RNA ウイルスはゲノムの複製に自身がコードする RNA ポリメラーゼを用いている。

【S】

SNP	Single Nucleotide Polymorphism の略称で、日本語では一塩基多型ともいう。複数の品種や系統の同じ領域の DNA を調べたときに、塩基配列がほとんど同じで一塩基だけ異なる場合、その異なる箇所を SNP と呼ぶ。DNA 変異の中では最も頻度が高く、近年、多数の SNP を迅速かつ正確に決定する手法が開発されたため、DNA マーカーとしての利用も進んでいる。
spermatogonia	精原細胞。減数分裂開始前で自己増殖を行っている幹細胞。

【T】

TagSNP	重複した遺伝情報を持たない特徴的な SNP を指す。一般に、塩基配列上で隣接した場所にある SNP は一緒に挙動するため、相互に重複した遺伝情報をもつことが知られている。解析費用を抑えたい場合は、このような SNP を全て解析するよりも、特徴的情報を持つ TagSNP だけを解析するほうが望ましく、SNP 対の距離と遺伝情報との相関関係からそのような SNP を選択することができる。
TILLING 解析	TILLING (Targeting Induced Local Lesions In Genomes)とはゲノムや遺伝子上の single ~ several nucleotides substitutionを検出する方法で、mismatch-pair 認識酵素(通常は CEL1)で塩基対を形成できない変異点を切断する事により、WT(野生型)と異なる塩基の位置を知る方法。
Toll 様受容体	自然免疫機能を担う細胞の表面や細胞内に発現している受容体群の名称。細菌、真菌やウイルスなど様々な病原体が有する特異的な分子パターンを認識して、炎症性サイトカインやインターフェロン産生を誘導するなど自然免疫応答の発動・調節に関わる。現在までに十数種類ほど見つかった。

【W】

WRKY45	イネの誘導抵抗性の制御に関わる重要な転写因子。
WRKY62	イネの誘導抵抗性および低酸素ストレス応答の制御に関わる転写因子。

【β】

βシート構造	タンパク質の立体構造の 1 つ。隣接する分子鎖同士で結合して平面構造を形成している。
--------	--

遺伝資源・研究材料の配布 及び依頼照射実績一覧

表1-1(1) 平成27年度の植物遺伝資源の配布実績【種類別】

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数
稲類	56	1,708	13	156	39	1,262	45	186	10	163	163	3,475
	35	921	11	204	23	797	28	336	6	117	103	2,375
麦類	17	133	1	15	16	168	9	32	3	127	46	475
	8	2,031	1	2	15	325	14	166	4	76	42	2,600
豆類	23	574	7	239	39	1,839	10	549	3	393	82	3,594
	22	277	3	11	31	635	15	70	4	92	75	1,085
いも類	3	7	1	4	2	10	2	2			8	23
					4	14	1	1			5	15
雑穀・持用作物	4	14	6	33	8	687	11	47			29	781
	8	84			7	42	14	62	1	40	30	228
牧草・飼料作物	7	24	3	8	13	143	7	214			30	389
	10	226			7	36	7	34	1	108	25	404
果樹類			4	62	5	29	14	70	3	5	26	166
			4	79	3	13	16	58	1	9	24	159
野菜類	13	196	7	23	17	657	29	310	4	190	70	1,376
	8	23	3	3	14	283	29	255	4	186	58	750
花き・緑化植物			1	2							1	2
											0	0
茶											0	0
	1	1	1	2							2	3
桑							3	6			3	6
							1	3			1	3
熱帯・亜熱帯植物					1	1					1	1
					2	4	2	2			4	6
未定義											0	0
											0	0
合計	123	2,656	43	542	142	4,800	132	1,418	23	878	463	10,294
	92	3,563	23	301	104	2,145	125	985	21	628	365	7,622
種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数
コアコレクション	13	17	1	2	27	35	4	8	3	3	48	65
	6	9	2	3	15	18	1	1	2	2	26	33

※ 下段は前年度実績

表1-(2) 平成27年度の微生物遺伝資源の配布実績【種類別】

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数
細胞性粘菌	1	4									0	0
											1	4
細菌	21	201	7	13	27	66	26	63	4	12	85	355
	17	88	4	6	25	231	24	73	2	6	72	404
糸状菌	33	227	10	37	63	209	62	183	14	51	182	707
	35	442	21	50	54	143	61	316	6	33	177	984
植物ウイルス	8	70			12	40	12	36	1	11	33	157
	5	45	1	1	6	19	8	23			20	88
動物ウイルス							1	3			1	3
											0	0
原線虫					3	5	2	2			5	7
					8	14	3	14			11	28
放線菌	1	12			2	2					3	14
	1	4					1	2			2	6
酵母					1	5					1	5
			1	4	1	1					2	5
バクテリオファージ											0	0
											0	0
ウイロイド							1	1			1	1
											0	0
ファイトプラズマ											0	0
											0	0
合計	63	510	17	50	108	327	103	287	19	74	310	1,248
	59	583	27	61	94	408	98	429	8	39	286	1,520

※ 下段は前年度実績

表1-3) 平成27年度の動物遺伝資源の配布実績【種類別】

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計		備考(配布対象)
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	
牛											0	0	凍結精液等
馬											0	0	凍結精液、血液、生体等
ブタ	1	1									1	1	凍結精液、血液、生体等
ヤギ					1	3					1	3	凍結精液、血液、生体等
ウサギ											0	0	生体等
天敵昆虫											0	0	
検定用昆虫					1	1					1	1	コナガ等
動物及び昆虫培養細胞											0	0	
蚕種	4	8	20	23	5	11	13	27			42	69	
合計	8	170	18	18	6	14	14	35			46	237	
	5	9	20	23	7	15	13	27	0	0	45	74	
	8	170	18	18	6	14	14	35	0	0	46	237	

※ 下段は前年度実績

表1-4) 平成27年度のDNA等遺伝資源の配布実績【種類別】

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計			
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数		
イネ	完全長cDNAクローン (チューフ)	11	41			26	79			42	199	79	319	
	PAC/BACクローン (チューフ)	11	33			20	50	1	1	72	299	104	383	
	cDNAクローン (チューフ)					2	7			3	11	5	18	
	RFLPマーカ- (チューフ)					3	9	1	1	2	2	6	12	
	RFLPマーカ- (プレート)											0	0	
計	11	41	0	0	28	86	0	0	45	210	84	337		
11	33	0	0	23	59	2	2	74	301	110	395			
オオムギ	完全長cDNAクローン (チューフ)					2	8			2	15	2	15	
	計	0	0	0	0	0	0	0	0	2	15	2	15	
	0	0	0	0	2	8	0	0	0	0	2	2	8	
ブタ	cDNAクローン (チューフ)											0	0	
	完全長cDNAクローン (チューフ)											0	0	
	BACクローン (チューフ)					1	2			1	4	2	6	
	BACクローン (スーパ-プール)											0	0	
	BACクローン (4D7-ール)											0	0	
	計	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	0	0	0	0	1	2	0	0	1	4	2	6		
	カイク	完全長cDNAクローン (チューフ)									1	2	1	2
		計	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2
		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
合計	11	41	0	0	28	86	0	0	48	227	87	354		
11	33	0	0	26	69	2	2	75	305	114	409			

※ 下段は前年度実績

表2 平成27年度の遺伝資源の受入保存

(1) 植物遺伝資源

JP番号による遺伝資源の保存状況

区分	保存区分			保存形態		
	総保存点数	アクティブ	種子	栄養体	培養系等	
稲類	39,567	29,439	39,567	0	0	
麦類	59,220	35,571	59,163	57	0	
豆類	21,780	17,005	21,780	0	0	
いも類	5,465	2,555	429	5,036	0	
雑穀・特用作物	16,945	9,882	14,443	2,501	108	
牧草・飼料作物	31,792	14,881	29,002	2,849	0	
果樹類	8,310	3,776	41	8,291	162	
野菜類	26,430	13,003	25,257	1,173	0	
花き・緑化植物類	3,535	450	96	3,440	0	
茶	6,623	1,478	285	6,338	0	
桑	1,376	280	0	638	1,101	
熱帯・亜熱帯作物	224	17	39	185	0	
その他の植物	2,851	795	1,788	1,062	10	
合計	224,118	129,132	191,890	31,570	1,381	

JP番号：遺伝資源の各アクセシオンに与えられた固有のID番号

保存番号：遺伝資源の保存を管理するために与えられたID番号

注) ある1種類の栄養体遺伝資源が、2か所で重複保存されている場合、JP番号は1個、保存番号は2個となる。

アクティブ：配布対象としている遺伝資源

保存番号による保存場所別保存状況

保存場所	総数	保存形態		
		種子	栄養体	培養系等
センターバンク	148,635	147,439	0	1,196
中央農業総合研究センター	37	37	0	0
作物研究所	4,508	2,911	1,597	0
農業生物資源研究所	23,609	22,553	862	194
畜産草地研究所	4,752	4,556	196	0
果樹研究所	7,487	6	7,481	0
野菜茶業研究所	16,667	11,086	5,581	0
花き研究所	2,021	1	2,020	0
北海道農業研究センター	8,360	5,211	3,149	0
東北農業研究センター	2,641	2,066	575	0
近畿中国四国農業研究センター	2,310	2,182	128	0
九州沖縄農業研究センター	16,210	10,795	5,415	0
国際農林水産業研究センター	1,580	771	809	0
種苗管理センター	11,158	0	11,158	0
家畜改良センター	420	0	420	0
その他	4,038	2,394	1,644	0
合計	254,433	212,008	41,035	1,390

(2) 微生物遺伝伝資源

微生物種類	H26実績		H27計画株数					アクティブ率
	新規 保存 株数	H26 保存 株数	センター 移管	保存		計		
				アクティブ	非アクティブ			
細菌	10,707	202	99	8,154	2,755	10,909	74.7%	
放線菌	344	0	0	185	159	344	53.8%	
動物マイコプラズマ	202	5	0	120	87	207	58.0%	
ファイトプラズマ	19	0	0	0	19	19	0.0%	
リケッチア	7	0	0	3	4	7	42.9%	
酵母	863	8	7	466	405	871	53.5%	
糸状菌	18,094	646	193	16,071	2,669	18,740	85.8%	
昆虫・動物ウイルス	783	21	0	450	354	804	56.0%	
植物ウイルス	360	56	23	376	40	416	90.4%	
バクテリオファージ	85	3	3	88	0	88	100.0%	
ウイルス	17	1	0	18	0	18	100.0%	
原虫	64	2	0	20	46	66	30.3%	
線虫	143	1	0	144	0	144	100.0%	
細胞融合微生物	10	0	0	10	0	10	100.0%	
細胞性粘菌	4	0	0	4	0	4	100.0%	
合計	31,702	945	325	26,109	6,538	32,647	80.0%	

945 増
(対 H26実績)

微生物種類	H26実績		H27実績株数					アクティブ率	達成率	
	新規 保存 株数	H26 保存 株数	センター 移管	登録 抹消	保存		計		センター 移管	保存 (移管含む)
					アクティブ	非アクティブ				
細菌	194	108	311	7,843	2,747	10,590	74.1%	109.1%	97.1%	
放線菌	0	0	1	185	158	343	53.9%	—	99.7%	
動物マイコプラズマ	5	0	0	120	87	207	58.0%	—	100.0%	
ファイトプラズマ	0	0	0	0	19	19	0.0%	—	100.0%	
リケッチア	0	0	0	3	4	7	42.9%	—	100.0%	
酵母	8	7	4	466	401	867	53.7%	100.0%	99.5%	
糸状菌	957	593	78	16,304	2,669	18,973	85.9%	307.3%	101.2%	
昆虫・動物ウイルス	20	0	3	446	354	800	55.8%	—	99.5%	
植物ウイルス	32	0	1	351	40	391	89.8%	0.0%	94.0%	
バクテリオファージ	4	3	0	89	0	89	100.0%	100.0%	101.1%	
ウイルス	0	0	0	17	0	17	100.0%	—	94.4%	
原虫	2	0	0	20	46	66	30.3%	—	100.0%	
線虫	2	0	3	142	0	142	100.0%	—	98.6%	
細胞融合微生物	0	0	0	10	0	10	100.0%	—	100.0%	
細胞性粘菌	0	0	0	4	0	4	100.0%	—	100.0%	
合計	1,224	711	401	26,000	6,525	32,525	79.9%	218.8%	99.6%	

823 増
(新規保存—登録抹消)
823 増
(対 H26実績)

(3) 動物遺伝資源

動物種類／実施機関	H26 保存 実績		H27計画点数					H27実績点数					保存 達成率
	新規 保存	実績	アクティブ	保存		計	アクティブ	登録 抹消	保存		計	アクティブ 率	
				アクティブ	非アクティブ				アクティブ	非アクティブ			
全体	459		323	136	459	459	0	0	323	136	459	70.4%	100.0%
ウシ	1		1	0	1	1	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
スイギュウ	36		36	0	36	36	1	1	38	0	38	100.0%	105.6%
ウマ	46		45	1	46	46	0	0	45	1	46	97.8%	100.0%
ヒツジ	57		57	0	57	57	0	0	57	0	57	100.0%	100.0%
ヤギ	236		219	17	236	236	0	0	219	17	236	92.8%	100.0%
ブタ	110		110	0	110	110	0	0	110	0	110	100.0%	100.0%
ウサギ	90		70	21	91	91	0	0	70	21	91	76.7%	100.0%
家禽	2		0	2	2	2	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
ミツバチ	749		638	111	749	749	0	0	648	101	749	86.5%	100.0%
カイコ	113		28	85	113	113	0	0	28	85	113	24.8%	100.0%
昆虫培養細胞	4		2	3	5	5	0	0	2	3	5	40.0%	100.0%
天敵昆虫	2		0	2	2	2	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
天敵餌用昆虫	10		6	4	10	10	0	0	6	4	10	60.0%	100.0%
合計	1,915		1,535	382	1,917	1,917	5	1	1,547	372	1,919	80.6%	100.1%

4 増
(対 H26実績)

(4) DNA等 (植物)

区分	アクティブコレクション					非アクティブコレクション					配布用DNA(プラスミド)				
	前年度 末現在	H27保存数の増減				前年度 末現在	H27保存数の増減				前年度 末現在	H27保存数の増減			
		収集	受入	移管	廃棄		H27末 現在	受入	廃棄	H27末 現在		増殖	配布	廃棄	H27末 現在
イネcDNAクローン	202,249	0	0	0	0	202,249	0	0	0	0	319	0	0	0	
オオムギcDNAクローン	23,614	0	0	0	0	23,614	0	0	0	0	15	0	0	0	
PAC・BACクローン (日本晴)	1,175	0	0	0	0	1,175	0	0	0	172,800	14	0	0	0	
BACクローン (Kasalht)	2,752	0	0	0	0	2,752	0	0	0	0	4	0	0	0	
クローン数 計	229,790	0	0	0	0	229,790	0	0	0	172,800	352	0	0	0	

(5) DNA等 (家畜)

区分	アクティブコレクション					非アクティブコレクション					配布用DNA(プラスミド)				
	前年度 末現在	H27保存数の増減				前年度 末現在	H27保存数の増減				前年度 末現在	H27保存数の増減			
		収集	受入	移管	廃棄		H27末 現在	受入	廃棄	H27末 現在		増殖	配布	廃棄	H27末 現在
cDNAクローン	10,147	0	0	0	0	10,147	0	0	0	12,864	0	0	0	0	
コスミドクローン	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1,800	0	0	0	0	
BACクローン *1	153,488	0	0	0	0	153,488	0	0	0	0	0	0	0	0	
// (Super Pool)	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
// (4D Super Pool)	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
クローン数	163,635	0	0	0	0	163,635	0	0	0	14,664	0	0	0	0	
セット数	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	

*1 BACクローンは96穴のプレートにそれぞれクローン毎に格納されており、1078枚のプレートから成っている。
全クローンを増殖し、適当数のクローン毎にDNAを混ぜ、スクリーニングし易い形で配布。

(6) DNA等 (昆虫)

区分	アクティブコレクション					非アクティブコレクション					配布用DNA(プラスミド)				
	前年度 末現在	H27保存数の増減				前年度 末現在	H27保存数の増減				前年度 末現在	H27保存数の増減			
		収集	受入	移管	廃棄		H27末 現在	受入	廃棄	H27末 現在		増殖	配布	廃棄	H27末 現在
cDNAクローン	284,084	0	0	0	0	284,084	0	0	0	0	0	0	0	0	
BACクローン *1	44,160	0	0	0	0	44,160	0	0	0	0	0	0	0	0	
クローン数 計	328,244	0	0	0	0	328,244	0	0	0	0	2	0	0	0	

*1 BACクローンは96穴のプレートにそれぞれクローン毎に格納されており、1078枚のプレートから成っている。
全クローンを増殖し、適当数のクローン毎にDNAを混ぜ、スクリーニングし易い形で配布。

表3 平成27年度の研究材料配布実績

	件数	クローン(系統)数
Tos17変異系統	131	857
個別系統・交配親系統	0	0
集団セット		
日本晴/カサラス BIL 98系統	2	196
日本晴/カサラス CSSL 54系統	6	324
コシヒカリ/カサラス BIL 182系統	0	0
コシヒカリ/カサラス CSSL39系統	2	78
コシヒカリ/はやまさり BIL 93系統	0	0
コシヒカリ/NonaBokra CSSL44系統	0	0
ササニシキ/ハバタキ BIL85系統	1	85
ササニシキ/ハバタキ CSSL39系統	3	117
アキヒカリ/コシヒカリ DHL 212系統	0	0
日本晴/コシヒカリ/コシヒカリ BIL 127系統	0	0
日本晴/コシヒカリ/日本晴 BIL79系統	0	0
日本晴/コシヒカリ/コシヒカリ CSSL 41系統	0	0
日本晴/コシヒカリ/日本晴 CSSL48系統	0	0
Jarjan/コシヒカリ/コシヒカリ BIL 95系統	0	0
IR64/kinandang Patong RIL 116系統	0	0
コシヒカリ/IR64//コシヒカリ CSSL 42系統	0	0
コシヒカリ/IR64//IR64 CSSL 40系統	0	0
小計	14	800
合計	145	1,657

表4 平成27年度の蚕種並びに桑の接穂及び苗木の配布等

区分	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		計	
	件数	蛾	件数	蛾	件数	蛾	件数	蛾	件数	蛾
原蚕種	2	193	0	0	0	0	1	4	3	197
交雑原蚕種	1	60	0	0	0	0	1	5	2	65
交雑蚕品種	3	381	1	23	0	0	3	19	7	423
蚕計	6	634	1	23	0	0	5	28	12	685
桑	件数	本	件数	本	件数	本	件数	本	件数	本
	0	0	0	0	0	0	6	3,388	6	3,388

(注) 配布単位は蚕が蛾、桑は本

表5 平成27年度 放射線育種場における依頼照射一覧

【国立研究開発法人試験研究機関】

依頼者名	作物名	照射形状	照射方法	件数
放射線医学総合研究所	モミ	植物体	緩照射	24
農研機構・九州沖縄農業研究センター	イネ	種子	急照射	1
農研機構・野菜茶業研究所	トマト	花粉	急照射	4
農研機構・作物研究所	サツマイモ	種子	急照射	11
小計				40

【公立試験研究機関等】

依頼者名	作物名	照射形状	照射方法	一般件数
島根県農業技術センター	宿根ソバ	植物体	緩照射	1
愛媛県農林水産研究所	サトイモ	植物体	緩照射	1
福島県立磐城農業高等学校	パンジー	種子	急照射	1
小計				3

【大学】

依頼者名	作物名	照射形状	照射方法	一般件数	
国立大学法人東京大学	イネ	種子	急照射	7	
	イネ	植物体	緩照射	9	
	水稻	植物体	緩照射	1	
	水稻	種子	急照射	2	
	イネ	鉢植え物	急照射	10	
	ユリ	小球根	急照射	1	
	ユリ	花粉	急照射	3	
	ゴボウ(葉ゴボウ)	種子	急照射	5	
	大豆	種子	急照射	4	
	キク	種子	急照射	3	
	ニホンナシ	枝	急照射	4	
	微細藻類	培養体	急照射	5	
	国立大学法人琉球大学	Brachiaria decumbence	種子	急照射	12
	国立大学法人帯広畜産大学	コムギ	種子	急照射	2
国立大学法人岩手大学	ソルガム	種子	急照射	4	
小計				72	

【民間・個人】

依頼者名	作物名	照射形状	照射方法	一般件数
個人	アスパラガス	種子	急照射	1
民間団体	カイコ	蛹	急照射	3
民間団体	キク	穂木	急照射	2
個人	カボチャ	種子	急照射	1
小計				7

合計				122
----	--	--	--	-----

研究業績一覧（原著論文）

I . 欧文論文

a. インパクトファクター10以上の学術雑誌に掲載された論文

1. Gutjahr C, Gobbato E, Choi J, Riemann M, Johnston M.G, Summers W, Carbonnel S, Mansfield C, Yang S-Y, Nadal M, Acosta I, Takano M, Jiao W-B, Schneeberger K, Kelly K.A, Paszkowski U (2015) Rice perception of symbiotic arbuscular mycorrhizal fungi requires the karrikin receptor complex *Science* 350(6267):1521-1524
2. Pourkheirandish M, Hensel G, Kilian B, Senthil N, Chen G, Sameri M, Azhaguvel P, Sakuma S, Dhanagond S, Sharma R, Mascher M, Himmelbach A, Gottwald S, Nair S.K, Tagiri A, Yukuhiro F, Nagamura Y, Kanamori H, Matsumoto T, Willcox G, Middleton C.P, Wicker T, Walther A, Waugh R, Fincher G.B, Stein N, Kumlehn J, Sato K, Komatsuda T (2015) Evolution of the grain dispersal system in barley *Cell* 162(3):527-539
3. McCouch S.R, Wright M.H, Tung C-W, Maron L.G, McNally K.L, Fitzgerald M, Singh N, DeClerck G, Agosto-Perez F, Korniliev P, Greenberg A.J, Naredo M.E.B, Mercado S.M.Q, Harrington S.E, Shi Y, Branchini D.A, Kuser-Falcão P.R, Leung H, Ebana K, Yano M, Eizenga G, McClung A, Mezey J (2016) Open access resources for genome-wide association mapping in rice *Nature Communications* 7:10532

b. インパクトファクター5以上の学術雑誌に掲載された論文

1. Daimon T, Uchibori M, Nakao H, Sezutsu H, Shinoda T (2015) Knockout silkworms reveal a dispensable role for juvenile hormones in holometabolous life cycle *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112(31):E4226-E4235
2. Nakamura S, Pourkheirandish M, Morishige H, Kubo Y, Nakamura M, Ichimura K, Seo S, Kanamori H, Wu J, Ando T, Hensel G, Sameri M, Stein N, Sato K, Matsumoto T, Yano M, Komatsuda T (2016) *Mitogen-activated Protein Kinase Kinase 3* regulates seed dormancy in barley *Current Biology* 26(6):775-781
3. Torada A, Koike M, Ogawa T, Takenouchi Y, Tadamura K, Wu J, Matsumoto T, Kawaura K, Ogihara Y (2016) A causal gene for seed dormancy on wheat chromosome 4A encodes a MAP kinase kinase *Current Biology* 26(6):782-787
4. Oikawa T, Maeda H, Oguchi T, Yamaguchi T, Tanabe N, Ebana K, Yano M, Ebitani T, Izawa T (2015) The birth of a black rice gene and its local spread by introgression *The Plant Cell* 27(9):2401-2414
5. Hayashi S, Wakasa Y, Ozawa K, Takaiwa F (2016) Characterization of IRE1 ribonuclease-mediated mRNA decay in plants using transient expression analyses in rice protoplasts *New Phytologist* (Published Online):Early View
6. Ueno Y, Yoshida R, Kishi-Kaboshi M, Matsushita A, Jiang C-J, Goto S, Takahashi A, Hirochika H, Takatsuji H (2015) Abiotic stresses antagonize the rice defence pathway through the tyrosine-phosphorylation of OsMPK6 *PLoS Pathogens* 11(10):e1005231

7. Komura-Kawa T, Hirota K, Shimada-Niwa Y, Yamauchi R, Shimell MJ, Shinoda T, Fukamizu A, O'Connor M.B, Niwa R (2015) The *Drosophila* zinc finger transcription factor ouija board controls ecdysteroid biosynthesis through specific regulation of *spookier* *PLoS Genetics* 11(12):e1005712
8. Konno K (2016) A general parameterized mathematical food web model that predicts a stable green world in the terrestrial ecosystem *Ecological Monographs* (Published Online):Accepted Article
9. Mutuku J.M, Yoshida S, Shimizu T, Ichihashi Y, Wakatake T, Takahashi A, Seo M, Shirasu K (2015) The *WRKY45*-dependent signaling pathway is required for resistance against *Striga hermonthica* parasitism *Plant Physiology* 168(3):1152-1163
10. Nishizawa-Yokoi A, Nonaka S, Osakabe K, Saika H, Toki S (2015) A universal positive-negative selection system for gene targeting in plants combining an antibiotic resistance gene and its antisense RNA *Plant Physiology* 169(1):362-370
11. Nishizawa-Yokoi A, Cermak T, Hoshino T, Sugimoto K, Saika H, Mori A, Osakabe K, Hamada M, Katayose Y, Starker C, Voytas D.F, Toki S (2016) A defect in DNA ligase4 enhances the frequency of TALEN-mediated targeted mutagenesis in rice *Plant Physiology* 170(2):653-666
12. Endo M, Mikami M, Toki S (2016) Biallelic gene targeting in rice *Plant Physiology* 170(2):667-677
13. Toyosawa Y, Kawagoe Y, Matsushima R, Crofts N, Ogawa M, Fukuda M, Kumamaru T, Okazaki Y, Kusano M, Saito K, Toyooka K, Sato M, Ai Y, Jane J-L, Nakamura Y, Fujita N (2016) Deficiency of starch synthase IIIa and IVb alters starch granule morphology from polyhedral to spherical in rice endosperm *Plant Physiology* 170(3):1255-1270
14. Yoshikawa M, Iki T, Numa H, Miyashita K, Meshi T, Ishikawa M (2016) A role of a short open reading frame encompassing the microRNA173 target site of the TAS2 transcript in trans-acting small interfering RNA biogenesis *Plant Physiology* (Preview)
15. Itoh J, Sato Y, Sato Y, Hibara K, Shimizu-Sato S, Kobayashi H, Takehisa H, Sanguinet K.A, Namiki N, Nagamura Y (2016) Genome-wide analysis of spatio-temporal gene expression patterns during early embryogenesis in rice *Development* (Advance article)
16. Numa H, Yamaguchi K, Shigenobu S, Habu Y (2015) Gene body CG and CHG methylation and suppression of centromeric CHH methylation are mediated by DECREASE IN DNA METHYLATION1 in rice *Molecular Plant* 8(10):1560-1562
17. Yamashita T, Ishida M, Asakawa S, Kanamori H, Sasaki H, Ogino A, Katayose Y, Hatta T, Yokoyama H (2016) Enhanced electrical power generation using flame-oxidized stainless steel anode in microbial fuel cells and the anodic community structure *Biotechnology for Biofuels* 9:62
18. Cheng C, Tarutani Y, Miyao A, Ito T, Yamazaki M, Sakai H, Fukai E, Hirochika H (2015) Loss of function mutations in the rice chromomethylase OsCMT3a cause a burst of transposition *The Plant Journal* 83(6):1069-1081

19. Yamamura C, Mizutani E, Okada K, Nakagawa H, Fukushima S, Tanaka A, Maeda S, Kamakura T, Yamane H, Takatsuji H, Mori M (2015) Diterpenoid Phytoalexin Factor, a bHLH transcription factor, plays a central role in the biosynthesis of diterpenoid phytoalexins in rice *The Plant Journal* 84(6):1100-1113
20. Hayashi K, Fujita Y, Ashizawa T, Suzuki F, Nagamura Y, Hayano-Saito Y (2016) Serotonin attenuates biotic stress and leads to lesion browning caused by a hypersensitive response to *Magnaporthe oryzae* penetration in rice *The Plant Journal* 85(1):46-56
21. Iwamoto M, Tagiri A (2016) MicroRNA-targeted transcription factor gene *RDD1* promotes nutrient ion uptake and accumulation in rice *The Plant Journal* 85(4):466-477
22. Nemoto Y, Nonoue Y, Yano M, Izawa T (2016) *Hdl*, a *CONSTANS* orthlog in rice, functions as an *Ehd1* repressor through interaction with monocot-specific CCT-domain protein Ghd7 *The Plant Journal* (Published Online):Accepted Article
23. Poursarebani N, Seidensticker T, Koppolu R, Trautewig C, Gawroński P, Bini F, Govind G, Rutten T, Sakuma S, Tagiri A, Wolde G.M, Youssef H.M, Battal A, Ciannamea S, Fusca T, Nussbaumer T, Pozzi C, Börner A, Lundqvist U, Komatsuda T, Salvi S, Tuberosa R, Uauy C, Sreenivasulu N, Rossini L, Schnurbusch T (2015) The genetic basis of composite spike form in barley and ‘Miracle-Wheat’ *Genetics* 201(1):155-165
24. Taguchi-Shiobara F, Ota T, Ebana K, Ookawa T, Yamasaki M, Tanabata T, Yamanouchi U, Wu J, Ono N, Nonoue Y, Nagata K, Fukuoka S, Hirabayashi H, Yamamoto T, Yano M (2015) Natural variation in the flag leaf morphology of rice due to a mutation of the *NARROW LEAF 1* gene in *Oryza sativa* L. *Genetics* 201(2):795-808
25. Sugama S, Sekiyama K, Kodama T, Takamatsu Y, Takenouchi T, Hashimoto M, Bruno C, Kakinuma Y (2016) Chronic restraint stress triggers the dopaminergic and noradrenergic neurodegeneration: possible role of chronic stress for the onset of Parkinson’s disease *Brain, Behavior, and Immunity* 51:39-46
26. Suzuki Y, Kawanishi S, Yamazaki T, Aoki A, Saito H, Asakura T (2015) Structural determination of the tandem repeat motif in *Samia cynthia ricini* liquid silk by solution NMR *Macromolecules* 48(18):6574-6579
27. Goto S, Sasakura-Shimoda F, Yamazaki M, Hayashi N, Suetsugu M, Ochiai H, Takatsuji H (2016) Development of disease-resistant rice by pathogen-responsive expression of *WRKY45* *Plant Biotechnology Journal* 14(4):1127-1138
28. Yoshioka T, Tashiro K, Ohta N (2016) The molecular orientation enhancement of silk by the hot-stretching-induced transition from α -helix-HFIP complex to β -sheet *Biomacromolecules* (Just Accepted)
29. Sakurai T, Mitsuno H, Mikami A, Uchino K, Tabuchi M, Zhang F, Sezutsu H, Kanzaki R (2015) Targeted

disruption of a single sex pheromone receptor gene completely abolishes *in vivo* pheromone response in the silkworm ***Scientific Reports*** 5:11001

30. Kotani E, Yamamoto N, Kobayashi I, Uchino K, Muto S, Ijiri H, Shimabukuro J, Tamura T, Sezutsu H, Mori H (2015) Cell proliferation by silk gut incorporating FGF-2 protein microcrystals ***Scientific Reports*** 5:11051
31. Mitsui Y, Shimomura M, Komatsu K, Namiki N, Shibata-Hatta M, Imai M, Katayose Y, Mukai Y, Kanamori H, Kurita K, Kagami T, Wakatsuki A, Ohyanagi H, Ikawa H, Minaka N, Nakagawa K, Shiwa Y, Sasaki T (2015) The radish genome and comprehensive gene expression profile of tuberous root formation and development ***Scientific Reports*** 5:10835
32. Inagaki Y, Matsumoto Y, Ishii M, Uchino K, Sezutsu H, Sekimizu K (2015) Fluorescence imaging for a noninvasive *in vivo* toxicity-test using a transgenic silkworm expressing green fluorescent protein ***Scientific Reports*** 5:11180
33. Mega R, Meguro-Maoka A, Endo A, Shimosaka E, Murayama S, Nambara E, Seo M, Kanno Y, Abrams S.R, Sato Y (2015) Sustained low abscisic acid levels increase seedling vigor under cold stress in rice (*Oryza sativa* L.) ***Scientific Reports*** 5:13819
34. Shiomi K, Takasu Y, Kunii M, Tsuchiya R, Mukaida M, Kobayashi M, Sezutsu H, Ichida (Takahama) M, Mizoguchi A (2015) Disruption of diapause induction by TALEN-based gene mutagenesis in relation to a unique neuropeptide signaling pathway in *Bombyx* ***Scientific Reports*** 5:15566
35. Chen Z, Nohata J, Guo H, Li S, Liu J, Guo Y, Yamamoto K, Kadono-Okuda K, Liu C, Arunkumar K.P, Nagaraju J, Zhang Y, Liu S, Labropoulou V, Swevers L, Tsitoura P, Iatrou K, Gopinathan K.P, Goldsmith M.R, Xia Q, Mita K (2015) A comprehensive analysis of the chorion locus in silkworm ***Scientific Reports*** 5:16424
36. Sakai H, Naito K, Ogiso-Tanaka E, Takahashi Y, Iseki K, Muto C, Satou K, Teruya K, Shiroma A, Shimoji M, Hirano T, Itoh T, Kaga A, Tomooka N (2015) The power of single molecule real-time sequencing technology in the *de novo* assembly of a eukaryotic genome ***Scientific Reports*** 5:16780
37. Sakurai T, Kamiyoshi A, Kawate H, Mori C, Watanabe S, Tanaka M, Uetake R, Sato M, Shindo T (2016) A non-inheritable maternal Cas9-based multiple-gene editing system in mice ***Scientific Reports*** 6:20011
38. Fujikawa T, Sawada H (2016) Genome analysis of the kiwifruit canker pathogen *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* biovar 5 ***Scientific Reports*** 6:21399
39. Ohta M, Takaiwa F (2015) OsHrd3 is necessary for maintaining the quality of endoplasmic reticulum-derived protein bodies in rice endosperm ***Journal of Experimental Botany*** 66(15):4585-4593
40. Ogo Y, Mori T, Nakabayashi R, Saito K, Takaiwa F (2016) Transgenic rice seed expressing flavonoid biosynthetic genes accumulate glycosylated and/or acylated flavonoids in protein bodies ***Journal of Experimental Botany*** 67(1):95-106

41. Sato K, Tanaka T, Shigenobu S, Motoi Y, Wu J, Itoh T (2016) Improvement of barley genome annotations by deciphering the Haruna Nijo genome *DNA Research* 23(1):21-28

c. インパクトファクター2以上の学術雑誌に掲載された論文

1. Kurotani K, Yamanaka K, Toda Y, Ogawa D, Tanaka M, Kozawa H, Nakamura H, Hakata M, Ichikawa H, Hattori T, Takeda S (2015) Stress tolerance profiling of a collection of extant salt-tolerant rice varieties and transgenic plants overexpressing abiotic stress tolerance genes *Plant and Cell Physiology* 56(10):1867-1876
2. Shikata M, Hoshikawa K, Ariizumi T, Fukuda N, Yamazaki Y, Ezura H (2016) TOMATOMA update: Phenotypic and metabolite information in the Micro-Tom mutant resource *Plant and Cell Physiology* 57(1):e11
3. Sakai H, Naito K, Takahashi Y, Sato T, Yamamoto T, Muto I, Itoh T, Tomooka N (2016) The *Vigna* Genome Server, ‘VigGS’: a genomic knowledge base of the genus *Vigna* based on high quality, annotated genome sequence of the azuki bean, *Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi *Plant and Cell Physiology* 57(1):e2
4. Kawahara Y, Oono Y, Wakimoto H, Ogata J, Kanamori H, Sasaki H, Mori S, Matsumoto T, Itoh T (2016) TENOR: Database for comprehensive mRNA-seq experiments in rice *Plant and Cell Physiology* 57(1):e7
5. Tanaka D, Ishizaki K, Kohchi T, Yamato K.T (2016) Cryopreservation of gemmae from the liverwort *Marchantia polymorpha* L. *Plant and Cell Physiology* 57(2):300-306
6. Mikami M, Toki S, Endo M (2016) Precision targeted mutagenesis via Cas9 paired nickases in rice *Plant and Cell Physiology* (Advance Access)
7. Saotome T, Hayashi H, Tanaka R, Kinugasa A, Uesugi S, Tatematsu K, Sezutsu H, Kuwabara N, Asakura T (2015) Introduction of VEGF or RGD sequences improves revascularization properties of *Bombyx mori* silk fibroin produced by transgenic silkworm *Journal of Materials Chemistry B* 3(35):7109-7116
8. Kambe Y, Kojima K, Tomita N, Tamada Y, Yamaoka T (2016) Development of a FRET-based recombinant tension sensor to visualize cell–material interactions *Journal of Materials Chemistry B* 4(4):649-655
9. Kayukawa T, Nagamine K, Ito Y, Nishita Y, Ishikawa Y, Shinoda T (2016) Krüppel homolog 1 inhibits insect metamorphosis via direct transcriptional repression of *Broad-complex*, a pupal specifier gene *The Journal of Biological Chemistry* 291:1751-1762
10. Tsubota T, Tomita S, Uchino K, Kimoto M, Takiya S, Kajiwara H, Yamazaki T, Sezutsu H (2016) A *Hox* gene *Antennapedia* regulates expression of multiple major silk protein genes in the silkworm *Bombyx mori* *The Journal of Biological Chemistry* 291:7087-7096
11. Tada M, Tatematsu K, Ishii-Watabe A, Harazono A, Takakura D, Hashii N, Sezutsu H, Kawasaki N

- (2015) Characterization of anti-CD20 monoclonal antibody produced by transgenic silkworms (*Bombyx mori*) *mAbs* 7(6):1138-1150
12. Iwamaru Y, Kitani H, Okada H, Takenouchi T, Shimizu Y, Imamura M, Miyazawa K, Murayama Y, Hoover E.A, Yokoyama T (2016) Proximity of SCG10 and prion protein in membrane rafts *Journal of Neurochemistry* 136(6):1204-1218
 13. Mikami M, Toki S, Endo M (2015) Comparison of CRISPR/Cas9 expression constructs for efficient targeted mutagenesis in rice *Plant Molecular Biology* 88(6):561-572
 14. Miyazaki S, Sato Y, Asano T, Nagamura Y, Nonomura K (2015) Rice MEL2, the RNA recognition motif (RRM) protein, binds in vitro to meiosis-expressed genes containing U-rich RNA consensus sequences in the 3' -UTR *Plant Molecular Biology* 89(3):293-307
 15. Sugano S, Hayashi N, Kawagoe Y, Mochizuki S, Inoue H, Mori M, Nishizawa Y, Jiang C-J, Matsui M, Takatsuji H (2016) Rice OsVAMP714, a membrane-trafficking protein localized to the chloroplast and vacuolar membrane, is involved in resistance to rice blast disease *Plant Molecular Biology* (Online First)
 16. Fan H-W, Noda H, Xie H-Q, Suetsugu Y, Zhu Q-H, Zhang C-X (2015) Genomic analysis of an ascomycete fungus from the rice planthopper reveals how it adapts to an endosymbiotic lifestyle *Genome Biology and Evolution* 7(9):2623-2634
 17. Kobayashi F, Wu J, Kanamori H, Tanaka T, Katagiri S, Karasawa W, Kaneko S, Watanabe S, Sakaguchi T, Hanawa Y, Fujisawa H, Kurita K, Abe C, Iehisa J.C.M, Ohno R, Šafář J, Šimková H, Mukai Y, Hamada M, Saito M, Ishikawa G, Katayose Y, Endo T, Takumi S, Nakamura T, Sato K, Ogihara Y, Hayakawa K, Doležel J, Nasuda S, Matsumoto T, Handa H (2015) A high-resolution physical map integrating an anchored chromosome with the BAC physical maps of wheat chromosome 6B *BMC Genomics* 16:595
 18. Tsuda M, Kaga A, Anai T, Shimizu T, Sayama T, Takagi K, Machita K, Watanabe S, Nishimura M, Yamada N, Mori S, Sasaki H, Kanamori H, Katayose Y, Ishimoto M (2015) Construction of a high-density mutant library in soybean and development of a mutant retrieval method using amplicon sequencing *BMC Genomics* 16:1014
 19. Moumeni A, Satoh K, Venuprasad R, Serraj R, Kumar A, Leung H, Kikuchi S (2015) Transcriptional profiling of the leaves of near-isogenic rice lines with contrasting drought tolerance at the reproductive stage in response to water deficit *BMC Genomics* 16:1110
 20. Nuruzzaman M, Sharoni A.M, Satoh K, Karim M.R, Harikrishna J.A, Shimizu T, Sasaya T, Oomura T, Haque M.A, Kikuchi S (2015) NAC transcription factor family genes are differentially expressed in rice during infections with *Rice dwarf virus*, *Rice black-streaked dwarf virus*, *Rice grassy stunt virus*, *Rice ragged stunt virus* and *Rice transitory yellowing virus* *Frontiers in Plant Science* 6:676
 21. Takahashi Y, Iseki K, Kitazawa K, Muto C, Somta P, Irie K, Naito K, Tomooka N (2015) A homoploid

hybrid between wild *Vigna* species found in a limestone karst *Frontiers in Plant Science* 6:1050

22. Ishimaru T, Ida M, Hirose S, Shimamura S, Masumura T, Nishizawa N, Nakazono M, Kondo M (2015) Laser microdissection-based gene expression analysis in the aleurone layer and starchy endosperm of developing rice caryopses in the early storage phase *Rice* 8:22
23. Takehisa H, Sato Y, Antonio B, Nagamura Y (2015) Coexpression network analysis of macronutrient deficiency response genes in rice *Rice* 8:24
24. Hori K, Nonoue Y, Ono N, Shibaya T, Ebana K, Matsubara K, Ogiso-Tanaka E, Tanabata T, Sugimoto K, Taguchi-Shiobara F, Yonemaru J, Mizobuchi R, Uga Y, Fukuda A, Ueda T, Yamamoto S, Yamanouchi U, Takai T, Ikka T, Kondo K, Hoshino T, Yamamoto E, Adachi S, Nagasaki H, Shomura A, Shimizu T, Kono I, Ito S, Mizubayashi T, Kitazawa N, Nagata K, Ando T, Fukuoka S, Yamamoto T, Yano M (2015) Genetic architecture of variation in heading date among Asian rice accessions *BMC Plant Biology* 15:115
25. Kadotani N, Akagi A, Takatsuji H, Miwa T, Igarashi D (2016) Exogenous proteinogenic amino acids induce systemic resistance in rice *BMC Plant Biology* 16:60
26. Ito K, Katsuma S, Kuwazaki S, Jouraku A, Fujimoto T, Sahara K, Yasukochi Y, Yamamoto K, Tabunoki H, Yokoyama T, Kadono-Okuda K, Shimada T (2016) Mapping and recombination analysis of two moth colour mutations, Black moth and Wild wing spot, in the silkworm *Bombyx mori* *Heredity* 116(1):52-59
27. Osanai-Futahashi M, Tatematsu K, Futahashi R, Narukawa J, Takasu Y, Kayukawa T, Shinoda T, Ishige T, Yajima S, Tamura T, Yamamoto K, Sezutsu H (2016) Positional cloning of a *Bombyx pink-eyed white* egg locus reveals the major role of *cardinal* in ommochrome synthesis *Heredity* 116(2):135-145
28. Adachi H, Doi H, Kasahara Y, Sawa R, Nakajima K, Kubota Y, Hosokawa N, Tateishi K, Nomoto A (2015) Asteltoxins from the entomopathogenic fungus *Pochonia bulbillosa* 8-H-28 *Journal of Natural Products* 78(7):1730-1734
29. Suzuki T, Nitta-Murai M, Hayashi T, Nasuda S, Yoshimura Y, Komatsuda T (2015) Resistance to wheat yellow mosaic virus in Madsen wheat is controlled by two major complementary QTLs *Theoretical and Applied Genetics* 128(8):1569-1578
30. Endo T, Chiba B, Wagatsuma K, Saeki K, Ando T, Shomura A, Mizubayashi T, Ueda T, Yamamoto T, Nishio T (2016) Detection of QTLs for cold tolerance of rice cultivar ‘Kuchum’ and effect of QTL pyramiding *Theoretical and Applied Genetics* 129(3):631-640
31. Yamamoto T, Suzuki T, Suzuki K, Adachi S, Sun J, Yano M, Ookawa T, Hirasawa T (2016) Detection of QTL for exudation rate at ripening stage in rice and its contribution to hydraulic conductance *Plant Science* 242:270-277
32. Nakao H (2015) Analyses of interactions among pair-rule genes and the gap gene Krüppel in *Bombyx* Segmentation *Developmental Biology* 405(1):149-157

33. Nakao H (2016) Hunchback knockdown induces supernumerary segment formation in Bombyx *Developmental Biology* (In Press):Accepted Manuscript
34. Enya S, Daimon T, Igarashi F, Kataoka H, Uchibori M, Sezutsu H, Shinoda T, Niwa R (2015) The silkworm glutathione S-transferase *genoppera-bo* is required for ecdysteroid biosynthesis and larval development *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 61:1-7
35. Fujii T, Yasukochi Y, Rong Y, Matsuo T, Ishikawa Y (2015) Multiple Δ 11-desaturase genes selectively used for sex pheromone biosynthesis are conserved in *Ostrinia* moth genomes *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 61:62-68
36. Kikuta S, Nakamura Y, Hattori M, Sato R, Kikawada T, Noda H (2015) Herbivory-induced glucose transporter gene expression in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 64:60-67
37. Sugimoto T.N, Kayukawa T, Shinoda T, Ishikawa Y, Tsuchida T (2015) Misdirection of dosage compensation underlies bidirectional sex-specific death in *Wolbachia*-infected *Ostrinia scapularis* *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 66:72-76
38. Kambe Y, Kojima K, Tamada Y, Tomita N, Kameda T (2016) Silk fibroin sponges with cell growth-promoting activity induced by genetically fused basic fibroblast growth factor *Journal of Biomedical Materials Research Part A* 104(1):80-91
39. Fukuoka T, Shinozaki Y, Tsuchiya W, Suzuki K, Watanabe T, Yamazaki T, Kitamoto D, Kitamoto H (2016) Control of enzymatic degradation of biodegradable polymers by treatment with biosurfactants, mannosylerythritol lipids, derived from *Pseudozyma* spp. yeast strains *Applied Microbiology and Biotechnology* 100(4):1733-1741
40. Kern P, Cook J.M, Kageyama D, Riegler M (2015) Double trouble: combined action of meiotic drive and *Wolbachia* feminization in *Eurema* butterflies *Biology Letters* 11(5):20150095
41. Hattori M, Komatsu S, Noda H, Matsumoto Y (2015) Proteome analysis of watery saliva secreted by green rice leafhopper, *Nephotettix cincticeps* *PLoS ONE* 10(4):e0123671
42. Inoue T.A, Ito T, Hagiya H, Hata T, Asaoka K, Yokohari F, Niihara K (2015) K⁺ excretion: The other purpose for puddling behavior in Japanese *Papilio* butterflies *PLoS ONE* 10(5):e0126632
43. Inagaki N, Kinoshita K, Kagawa T, Tanaka A, Ueno O, Shimada H, Takano M (2015) Phytochrome B mediates the regulation of chlorophyll biosynthesis through transcriptional regulation of *ChlH* and *GUN4* in rice seedlings *PLoS ONE* 10(8):e0135408
44. Marubodee R, Ogiso-Tanaka E, Isemura T, Chankaew S, Kaga A, Naito K, Ehara H, Tomooka N (2015) Construction of an SSR and RAD-marker based molecular linkage map of *Vigna vexillata* (L.) A. Rich *PLoS ONE* 10(9):e0138942

45. Takahashi Y, Somta P, Muto C, Iseki K, Naito K, Pandiyan M, Natesan S, Tomooka N (2016) Novel genetic resources in the genus *Vigna* unveiled from gene bank accessions ***PLoS ONE*** 11(1):e0147568
46. Onogi A, Ideta O, Yoshioka T, Ebana K, Yamasaki M, Iwata H (2016) Uncovering a nuisance influence of a phenological trait of plants using a nonlinear structural equation: Application to days to heading and culm length in Asian cultivated rice (*Oryza Sativa* L.) ***PLoS ONE*** 11(2):e0148609
47. Novakova L, Kovacovicova K, Dang-Nguyen T.Q, Sodek M, Skultety M, Anger M (2016) A balance between nuclear and cytoplasmic volumes controls spindle length ***PLoS ONE*** 11(2):e0149535
48. Vea I.M, Tanaka S, Shiotsuki T, Jouraku A, Tanaka T, Minakuchi C (2016) Differential juvenile hormone variations in scale insect extreme sexual dimorphism ***PLoS ONE*** 11(2):e0149459
49. Matsubara K, Yamamoto E, Kobayashi N, Ishii T, Tanaka J, Tsunematsu H, Yoshinaga S, Matsumura O, Yonemaru J, Mizobuchi R, Yamamoto T, Kato H, Yano M (2016) Improvement of rice biomass yield through QTL-based selection ***PLoS ONE*** 11(3):e0151830
50. Furuta T, Komeda N, Asano K, Uehara K, Gamuyao R, Shim-Angeles R.B, Nagai K, Doi K, Wang D.R, Yasui H, Yoshimura A, Wu J, McCouch S.R, Ashikari M (2015) Convergent loss of awn in two cultivated rice species *Oryza sativa* and *Oryza glaberrima* is caused by mutations in different loci ***G3: Genes, Genomes, Genetics*** 5(11):2267-2274
51. Kawahigashi H, Kasuga S, Sawada Y, Yonemaru J, Ando T, Kanamori H, Wu J, Mizuno H, Momma M, Fujimoto Z, Yokota Hirai M, Matsumoto T (2016) The sorghum gene for leaf color changes upon wounding (*P*) encodes a flavanone 4-reductase in the 3-deoxyanthocyanidin biosynthesis pathway ***G3: Genes, Genomes, Genetics*** (Early Online)
52. Nakai M, Kinjo H, Takatsuka J, Shiotsuki T, Kamita S.G, Kunimi Y (2016) Entomopoxvirus infection induces changes in both juvenile hormone and ecdysteroid levels in larval *Mythimna separata* ***Journal of General Virology*** 97(1):225-232
53. Suzuki R, Saito K, Matsuda M, Sato M, Kanegae Y, Shi G, Watashi K, Aizaki H, Chiba J, Saito I, Wakita T, Suzuki T (2016) Single-domain intrabodies against HCV Core inhibit viral propagation and Core-induced NF- κ B activation ***Journal of General Virology*** (Published Online)
54. Yagi H, Nakamura M, Yokoyama J, Zhang Y, Yamaguchi T, Kondo S, Kobayashi J, Kato T, Park E.Y, Nakazawa S, Hashii N, Kawasaki N, Kato K (2015) Stable isotope labeling of glycoprotein expressed in silkworms using immunoglobulin G as a test molecule ***Journal of Biomolecular NMR*** 62(2):157-167
55. Artlip T.S, Wisniewski M.E, Takatsuji H, Bassett C.L (2016) Engineering carpel-specific cold stress tolerance: a case study in *Arabidopsis* ***Physiologia Plantarum*** (Published Online):Early View
56. Terada D, Yokoyama Y, Hattori S, Kobayashi H, Tamada Y (2016) The outermost surface properties of silk fibroin films reflect ethanol-treatment conditions used in biomaterial preparation ***Materials Science and Engineering: C*** 58:119-126

57. Mikami M, Toki S, Endo M (2015) Parameters affecting frequency of CRISPR/Cas9 mediated targeted mutagenesis in rice *Plant Cell Reports* 34(10):1807-1815
58. Hirawatari K, Hanzawa N, Miura I, Wakana S, Gotoh H (2015) A Cascade of epistatic interactions regulating teratozoospermia in mice *Mammalian Genome* 26(5-6):248-256
59. Crespo M, Arrebola E, Cazorla F.M, Maymon M, Freeman S, Aoki T, O'Donnell K, Torés J.A, de Vicente A (2016) Analysis of genetic diversity of *Fusarium tuipeense*, the main causal agent of mango malformation disease in southern Spain *Plant Disease* 100(2):276-286
60. Kawasaki-Tanaka A, Hayashi N, Yanagihara S, Fukuta Y (2016) Diversity and distribution of rice blast (*Pyricularia oryzae* Cavara) races in Japan *Plant Disease* 100(4):816-823
61. Yamaguchi H, Kojima H, Takezawa T (2015) Predictive performance of the Vitrigel-eye irritancy test method using 118 chemicals *Journal of Applied Toxicology* (Published Online):Early View
62. Sato M, Koriyama M, Watanabe S, Ohtsuka M, Sakurai T, Inada E, Saitoh I, Nakamura S, Miyoshi K (2015) Direct injection of CRISPR/Cas9-related mRNA into cytoplasm of parthenogenetically activated porcine oocytes causes frequent mosaicism for indel mutations *International Journal of Molecular Sciences* 16(8):17838-17856
63. Álvarez B, Escalona Z, Uenishi H, Toki D, Revilla C, Yuste M, Gómez del Moral M, Alonso F, Ezquerra A, Domínguez J (2015) Molecular and functional characterization of porcine siglec-3/CD33 and analysis of its expression in blood and tissues *Developmental & Comparative Immunology* 51(2):238-250
64. Hirakata E, Tomita N, Tamada Y, Suguro T, Nakajima M, Kambe Y, Yamada K, Yamamoto K, Kawakami M, Otaka A, Okumura H, Suzuki S (2016) Early tissue formation on whole-area osteochondral defect of rabbit patella by covering with fibroin sponge *Journal of Biomedical Materials Research Part B: Applied Biomaterials* (Published Online):Early View
65. Honda H, Yamasaki R, Sumiuchi Y, Uehara T, Matsuyama S, Ando T, Naka H (2015) Hybrid sex pheromones of the hibiscus flower-bud borer, *Rehimena surusalis* *Journal of Chemical Ecology* 41(11):1043-1049
66. Aoki S, Takezawa T, Ikeda S, Narisawa Y, Oshikata-Miyazaki A, Miyauchi S, Hirayama H, Sawaguchi T, Chimuro T, Toda S (2015) A new cell-free bandage-type artificial skin for cutaneous wounds *Wound Repair and Regeneration* 23(6):819-829
67. Ogata T, Okada H, Kawaide H, Takahashi H, Seo S, Mitsuhashi I, Matsushita Y (2015) Involvement of NtERF3 in the cell death signalling pathway mediated by SIPK/WIPK and WRKY1 in tobacco plants *Plant Biology* 17(5):962-972
68. Tanaka S, Miyamoto K, Noda H, Endo H, Kikuta S, Sato R (2016) Single amino acid insertions in extracellular loop 2 of *Bombyx mori* ABCC2 disrupt its receptor function for *Bacillus thuringiensis* Cry1Ab and Cry1Ac but not Cry1Aa toxins *Peptides* 78:99-108

69. Sumitani M, Sakurai T, Kasashima K, Kobayashi S, Uchino K, Kanzaki R, Tamura T, Sezutsu H (2015) Establishment of a specific cell death induction system in *Bombyx mori* by a transgene with the conserved apoptotic regulator, mouse Bcl-2-associated X protein (mouse Bax) ***Insect Molecular Biology*** 24(6):671-680
70. Hatakeyama M, Yatomi J, Sumitani M, Takasu Y, Sekine K, Niimi T, Sezutsu H (2016) Knockout of a transgene by transcription activator-like effector nucleases (TALENs) in the sawfly, *Athalia rosae* (Hymenoptera) and the ladybird beetle, *Harmonia axyridis* (Coleoptera) ***Insect Molecular Biology*** 25(1):24-31
71. Lukito Y, Chujo T, Scott B (2015) Molecular and cellular analysis of the pH response transcription factor PacC in the fungal symbiont *Epichloë festucae* ***Fungal Genetics and Biology*** 85:25-37
72. Suzuki N, Kishine N, Fujimoto Z, Sakurai M, Momma M, Ko J-A, Nam S-H, Kimura A, Kim Y-Min (2016) Crystal structure of thermophilic dextranase from *Thermoanaerobacter pseudethanolicus* ***The Journal of Biochemistry*** 159(3):331-339
73. Kojima M, Degawa M (2016) Sex differences in constitutive mRNA levels of CYP2B22, CYP2C33, CYP2C49, CYP3A22, CYP3A29 and CYP3A46 in the pig liver: Comparison between Meishan and Landrace pigs ***Drug Metabolism and Pharmacokinetics*** (In Press):Uncorrected Proof
74. Hayashi S, Takaiwa F (2015) Visualization of endoplasmic reticulum stressed cells for forward genetic studies in plants ***Journal of Plant Physiology*** 180:61-66
75. Nikaïdo Y, Kurosawa A, Saikawa H, Kuroiwa S, Suzuki C, Kuwabara N, Hoshino H, Obata H, Saito S, Saito T, Osada H, Kobayashi I, Sezutsu H, Takeda S (2015) *In vivo* and *in vitro* evaluation of novel μ -opioid receptor agonist compounds ***European Journal of Pharmacology*** 767:193-200
76. Inada E, Saitoh I, Watanabe S, Aoki R, Miura H, Ohtsuka M, Murakami T, Sawami T, Yamasaki Y, Sato M (2015) *PiggyBac* transposon-mediated gene delivery efficiently generates stable transfectants derived from cultured primary human deciduous tooth dental pulp cells (HDDPCs) and HDDPC-derived iPS cells ***International Journal of Oral Science*** 7:144-154
77. Takenouchi T, Tsukimoto M, Iwamaru Y, Sugama S, Sekiyama K, Sato M, Kojima S, Hashimoto M, Kitani H (2015) Extracellular ATP induces unconventional release of glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase from microglial cells ***Immunology Letters*** 167(2):116-124
78. Sugahara R, Saeki S, Jouraku A, Shiotsuki T, Tanaka S (2015) Knockdown of the corazonin gene reveals its critical role in the control of gregarious characteristics in the desert locust ***Journal of Insect Physiology*** 79:80-87
79. Zabelina V, Uchino K, Mochida Y, Yonemura N, Klymenko V, Sezutsu H, Tamura T, Sehnal F (2015) Construction and long term preservation of clonal transgenic silkworms using a parthenogenetic strain ***Journal of Insect Physiology*** 81:28-35

80. Sugimoto T.N, Kayukawa T, Matsuo T, Tsuchida T, Ishikawa Y (2015) A short, high-temperature treatment of host larvae to analyze *Wolbachia*-host interactions in the moth *Ostrinia scapularis* ***Journal of Insect Physiology*** 81:48-51
81. Minakuchi C, Ishii F, Washidu Y, Ichikawa A, Tanaka T, Miura K, Shinoda T (2015) Expressional and functional analysis of CYP15A1, a juvenile hormone epoxidase, in the red flour beetle *Tribolium castaneum* ***Journal of Insect Physiology*** 80:61-70
82. Moriya S, Iwanami H, Haji T, Okada K, Yamada M, Yamamoto T, Abe K (2015) Identification and genetic characterization of a quantitative trait locus for adventitious rooting from apple hardwood cuttings ***Tree Genetics & Genomes*** 11(3):59
83. Haraguchi S, Matsubara Y, Hosoe M (2016) Chick embryos can form teratomas from microinjected mouse embryonic stem cells ***Development Growth and Differentiation*** 58(2):194-204
84. Ichikawa A, Ono H, Mikata Y (2015) Characteristic conformation of Mosher' s amide elucidated using the Cambridge Structural Database ***Molecules*** 20(7):12880-12900
85. Kuse M, Sakumoto R, Okuda K (2015) Genomic and non-genomic effects of progesterone on prostaglandin (PG) F2 α and PGE2 production in the bovine endometrium ***Reproduction, Fertility and Development*** (Published online)
86. Borrayo E, Machida-Hirano R, Takeya M, Kawase M, Watanabe K (2016) Principal components analysis - K-means transposon element based foxtail millet core collection selection method ***BMC Genetics*** 17:42
87. Yoshida M, Kajikawa E, Kurokawa D, Tokunaga T, Ohnishi A, Yonemura S, Kobayashi K, Kiyonari H, Aizawa S (2016) Conserved and divergent expression patterns of markers of axial development in eutherian mammals ***Developmental Dynamics*** 245(1):67-86
88. Ito Y, Nishizawa-Yokoi A, Endo M, Mikami M, Toki S (2015) CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the *RIN* locus that regulates tomato fruit ripening ***Biochemical and Biophysical Research Communications*** 467(1):76-82
89. Sato N, Kobayashi S, Aoki M, Umemura T, Kobayashi I, Tsuzuki M (2016) Identification of genes for sulfolipid synthesis in primitive red alga *Cyanidioschyzon merolae* ***Biochemical and Biophysical Research Communications*** 470(1):123-129
90. Kajiwara H, Hinomoto N, Gotoh T (2016) Mass fingerprint analysis of spider mites (Acari) by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry for rapid discrimination ***Rapid Communications in Mass Spectrometry*** 30(8):1037-1042
91. Nakamura S, Makiko C, Stehno Z, Holubec V, Morishige H, Pourkheirandish M, Kanamori H, Wu J, Matsumoto T, Komatsuda T (2015) Diversification of the promoter sequences of wheat *Mother of FT and TFL1* on chromosome 3A ***Molecular Breeding*** 35:164

92. Xu Q, Liu T, Bi W, Wang Y, Xu H, Tang L, Sun J, Xu Z (2015) Different effects of *DEP1* on vascular bundle- and panicle-related traits under *indica* and *japonica* genetic backgrounds ***Molecular Breeding*** 35:173
93. Shinkai H, Toki D, Okumura N, Takenouchi T, Kitani H, Uenishi H (2016) Polymorphisms of the immune-modulating receptor dectin-1 in pigs: their functional influence and distribution in pig populations ***Immunogenetics*** 68(4):275-284
94. Mochizuki S, Minami E, Nishizawa Y (2015) Live-cell imaging of rice cytological changes reveals the importance of host vacuole maintenance for biotrophic invasion by blast fungus, *Magnaporthe oryzae* ***MicrobiologyOpen*** 4(6):952-966
95. Arakawa A, Okumura N, Taniguchi M, Hayashi T, Hirose K, Fukawa K, Ito T, Matsumoto T, Uenishi H, Mikawa S (2015) Genome-wide association QTL mapping for teat number in a purebred population of Duroc pigs ***Animal Genetics*** 46(5):571-575
96. Indo H.P, Tomiyoshi T, Suenaga S, Tomita K, Suzuki H, Masuda D, Terada M, Ishioka N, Gusev O, Cornette R, Okuda T, Mukai C, Majima H.J (2015) MnSOD downregulation induced by extremely low 0.1 mGy single and fractionated X-rays and microgravity treatment in human neuroblastoma cell line, NB-1 ***Journal of Clinical Biochemistry and Nutrition*** 57(2):98-104
97. Tsubota T, Yamamoto K, Mita K, Sezutsu H (2015) Gene expression analysis in the larval silk gland of the eri silkworm *Samia ricini* ***Insect Science*** (Published Online):Early View
98. Akitomo S, Egi Y, Nakamura Y, Suetsugu Y, Oishi K, Sakamoto K (2015) Genome-wide microarray screening for *Bombyx mori* genes related to transmitting the determination outcome of whether to produce diapause or non-diapause eggs ***Insect Science*** (Published Online):Accepted Article
99. Shinada H, Yamamoto T, Yamamoto E, Hori K, Hirayama Y, Maekawa T, Kiuchi H, Sato H, Sato T (2015) Quantitative trait loci for whiteness of cooked rice detected in improved rice cultivars in Hokkaido ***Breeding Science*** 65(3):201-207
100. Wada T, Miyahara K, Sonoda J, Tsukaguchi T, Miyazaki M, Tsubone M, Ando T, Ebana K, Yamamoto T, Iwasawa N, Umemoto T, Kondo M, Yano M (2015) Detection of QTLs for white-back and basal-white grains caused by high temperature during ripening period in *japonica* rice ***Breeding Science*** 65(3):216-225
101. Yonemaru J, Choi S.H, Sakai H, Ando T, Shomura A, Yano M, Wu J, Fukuoka S (2015) Genome-wide indel markers shared by diverse Asian rice cultivars compared to Japanese rice cultivar ‘Koshihikari’ ***Breeding Science*** 65(3):249-256
102. Nagata K, Ando T, Nonoue Y, Mizubayashi T, Kitazawa N, Shomura A, Matsubara K, Ono N, Mizobuchi R, Shibaya T, Ogiso-Tanaka E, Hori K, Yano M, Fukuoka S (2015) Advanced backcross QTL analysis reveals complicated genetic control of rice grain shape in a *japonica* × *indica* cross ***Breeding Science*** 65(4):308-318

103. Li C, Liu C, Ma X, Wang A, Duan R, Nawrath C, Komatsuda T, Chen G (2015) Characterization and genetic mapping of *eceriferum-ym(cer-ym)*, a cutin deficient barley mutant with impaired leaf water retention capacity **Breeding Science** 65(4):327-332
104. Shimosaka E, Ozawa K (2015) Overexpression of cold-inducible wheat galactinol synthase confers tolerance to chilling stress in transgenic rice **Breeding Science** 65(5):363-371
105. Takagi K, Kaga A, Ishimoto M, Hajika M, Matsunaga T (2015) Diversity of seed cesium accumulation in soybean mini-core collections **Breeding Science** 65(5):372-380
106. Shinada H, Yamamoto T, Sato H, Yamamoto E, Hori K, Yonemaru J, Sato T, Fujino K (2015) Quantitative trait loci for rice blast resistance detected in a local rice breeding population by genome-wide association mapping **Breeding Science** 65(5):388-395
107. Kato S, Takada Y, Shimamura S, Hirata K, Sayama T, Taguchi-Shiobara F, Ishimoto M, Kikuchi A, Nishio T (2016) Transfer of the *Rsv3* locus from 'Harosoy' for resistance to *soybean mosaic virus* strains C and D in Japan **Breeding Science** 66(2):319-327
108. Kato Y (2015) An engineered bacterium auxotrophic for an unnatural amino acid: a novel biological containment system **PeerJ** 3:e1247
109. Yokoi K, Hayakawa Y, Kato D, Minakuchi C, Tanaka T, Ochiai M, Kamiya K, Miura K (2015) Prophenoloxidase genes and antimicrobial host defense of the model beetle, *Tribolium castaneum* **Journal of Invertebrate Pathology** 132:190-200
110. Ito K, Shimura S, Katsuma S, Tsuda Y, Kobayashi J, Tabunoki H, Yokoyama T, Shimada T, Kadono-Okuda K (2016) Gene expression and localization analysis of *Bombyx mori* bidensovirus and its putative receptor in *B. mori* midgut **Journal of Invertebrate Pathology** 136(In Progress):50-56
111. Kajiwara H (2016) Direct detection of the plant pathogens *Burkholderia glumae*, *Burkholderia gladioli* pv. *gladioli*, and *Erwinia chrysanthemi* pv. *zear* in infected rice seedlings using matrix assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry **Journal of Microbiological Methods** 120:1-5
- d. インパクトファクター2未満の学術雑誌に掲載された論文
1. Fujiwara Y, Yang L, Takaiwa F, Sekikawa K (2016) Expression and purification of recombinant mouse interleukin-4 and -6 from transgenic rice seeds **Molecular Biotechnology** 58(4):223-231
2. Nakai M, Ito J, Kashiwazaki N, Men N.T, Tanihara F, Noguchi J, Kaneko H, Onishi A, Kikuchi K (2016) Treatment with protein kinase C activator is effective for improvement of male pronucleus formation and further embryonic development of sperm-injected oocytes in pigs **Theriogenology** 85(4):703-708
3. Innami K, Aizawa T, Tsukui T, Katsuma S, Imanishi S, Kawasaki H, Iwanaga M (2016) Infection studies of nontarget mammalian cell lines with *Bombyx mori* macula-like virus **Journal of Virological Methods** 229:24-26

4. Oshikata-Miyazaki A, Takezawa T (2015) Development of an oxygenation culture method for activating the liver-specific functions of HepG2 cells utilizing a collagen vitrigel membrane chamber *Cytotechnology* (Online First)
5. Suga T, Asami Y, Hashimoto S, Nonaka K, Iwatsuki M, Nakashima T, Sugahara R, Shiotsuki T, Yamamoto T, Shinohara Y, Ichimaru N, Murai M, Miyoshi H, Ōmura S, Shiomi K (2015) Ascosteroside C, a new mitochondrial respiration inhibitor discovered by pesticidal screening using recombinant *Saccharomyces cerevisiae* *The Journal of Antibiotics* 68(10):649-652
6. Sugiyama M, Katsube T, Koyama A, Itamura H (2016) Effect of solar radiation on the functional components of mulberry (*Morus alba* L.) leaves *Journal of the Science of Food and Agriculture* (Published Online):Early View
7. Otobe K, Watanabe S, Harada K (2015) Analysis of QTLs for the micromorphology on the seed coat surface of soybean using recombinant inbred lines *Seed Science Research* 25(04):409-415
8. Maeda T, Sakamoto Y (2016) Tracheal mites, *Acarapis woodi*, greatly increase overwinter mortality in colonies of the Japanese honeybee, *Apis cerana japonica* *Apidologie* (Online First)
9. Liu X, Inoue H, Hayashi N, Jiang C-J, Takatsuji H (2016) CC-NBS-LRR-type *R* proteins for rice blast commonly interact with specific WRKY transcription factors *Plant Molecular Biology Reporter* 34(2):533-537
10. Kojima H, Nishio Z, Kobayashi F, Saito M, Sasaya T, Kiribuchi-Otobe C, Seki M, Oda S, Nakamura T (2015) Identification and validation of a quantitative trait locus associated with wheat yellow mosaic virus pathotype I resistance in a Japanese wheat variety *Plant Breeding* 134(4):373-378
11. Oono Y, Yazawa T, Kanamori H, Sasaki H, Mori S, Handa H, Matsumoto T (2016) Genome-wide transcriptome analysis of cadmium stress in rice *BioMed Research International* 2016:9739505
12. Yamaguchi N, Taguchi-Shiobara F, Sayama T, Miyoshi T, Kawasaki M, Ishimoto M, Senda M (2015) Quantitative trait loci associated with tolerance to seed cracking under chilling temperatures in soybean *Crop Science* 55(5):2100-2107
13. Abe H, Sakumoto R, Okuda K (2015) Expression of matrix metalloproteinases in bovine luteal cells induced by prostaglandin F₂ α , interferon γ and tumor necrosis factor α *Journal of Reproduction and Development* 61(4):277-286
14. Sakumoto R, Hayashi K, Saito S, Kanahara H, Kizaki K, Iga K (2015) Comparison of the global gene expression profiles in the bovine endometrium between summer and autumn *Journal of Reproduction and Development* 61(4):297-303
15. Sato M, Kagoshima A, Saitoh I, Inada E, Miyoshi K, Ohtsuka M, Nakamura S, Sakurai T, Watanabe S (2015) Generation of α -1,3-galactosyltransferase-deficient porcine embryonic fibroblasts by CRISPR/Cas9-mediated knock-in of a small mutated sequence and a targeted toxin-based selection

system *Reproduction in Domestic Animals* 50(5):872-880

16. Somfai T, Men N.T, Noguchi J, Kaneko H, Kashiwazaki N, Kikuchi K (2015) Optimization of cryoprotectant treatment for the vitrification of immature cumulus-enclosed porcine oocytes: comparison of sugars, combinations of permeating cryoprotectants and equilibration regimens *Journal of Reproduction and Development* 61(6):571-579
17. Endo N, Tamesaki C, Ohkura S, Wakabayashi Y, Matsui H, Tanaka A, Watanabe T, Okamura H, Tanaka T (2015) Differential changes in luteinizing hormone secretion after administration of the investigational metastin/kisspeptin analog TAK-683 in goats *Animal Reproduction Science* 159:87-93
18. Noguchi M, Yoshioka K, Hikono H, Suzuki C, Kikuchi K (2015) Effect of semen extenders on frozen-thawed boar sperm characteristics and distribution in the female genital tract after deep intrauterine insemination in sows *Animal Reproduction Science* 163:164-171
19. Muhamad K, Ebana K, Fukuoka S, Okuno K (2015) Diversity and differentiation of *Oryza sativa* and *O. rufipogon* in Indonesia *Genetic Resources and Crop Evolution* (Online First)
20. Yoshida Y, Marubodee R, Ogiso-Tanaka E, Iseki K, Isemura T, Takahashi Y, Muto C, Naito K, Kaga A, Okuno K, Ehara H, Tomooka N (2016) Salt tolerance in wild relatives of adzuki bean, *Vigna angularis* (Willd.) Ohwi et Ohashi *Genetic Resources and Crop Evolution* 63(4):627-637
21. Aoki S, Noguchi M, Takezawa T, Ikeda S, Uchihashi K, Kuroyama H, Chimuro T, Toda S (2016) Fluid dwell impact induces peritoneal fibrosis in the peritoneal cavity reconstructed in vitro *Journal of Artificial Organs* 19(1):87-96
22. Kitazumi A, Kawahara Y, Onda T.S, De Koeyer D, de los Reyes B.G (2015) Implications of *miR166* and *miR159* induction to the basal response mechanisms of an andigena potato (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena*) to salinity stress, predicted from network models in Arabidopsis *Genome* 58(1):13-24
23. Kotaki T, Kaihara K, Ando Y, Misaki K, Shinada T (2016) Oosorption in the stink bug *Plautia stali*: role of Juvenile hormone in the induction of oosorption *Physiological Entomology* (Published Online):Early View
24. Nishizawa Y, Mochizuki S, Yokotani N, Nishimura T, Minami E (2016) Molecular and cellular analysis of the biotrophic interaction between rice and *Magnaporthe oryzae* — Exploring situations in which the blast fungus controls the infection *Physiological and Molecular Plant Pathology* (In Press):Corrected Proof
25. Liu T, Bi W, Zhang J, Cui Y, Yan Z, Wang Y, Fei C, Xu H, Tang L, Chen W, Sun J, Xu Q (2016) Characterization of the relationship between vascular bundles features and *indica*-allelic frequency using a seventh filial generations of *indica* × *japonica* rice crosses *Euphytica* (Online First)
26. Petrova N.A, Cornette R, Shimura S, Gusev O.H, Pemba D, Kikawada T, Zhirov S.V, Okuda T (2015) Karyotypical characteristics of two allopatric African populations of anhydrobiotic *Polypedilum* Kieffer,

- 1912 (Diptera, Chironomidae) originating from Nigeria and Malawi *Comparative Cytogenetics* 9(2):173-188
27. Deviatiiarov R, Kikawada T, Gusev O (2015) The complete mitochondrial genome of an anhydrobiotic midge *Polypedilum vanderplanki*(Chironomidae, Diptera) *Mitochondrial DNA* (Published online)
 28. Uchiyama K, Fujimoto H, Katsuma S, Imanishi S, Kato A, Kawasaki H, Iwanaga M (2015) Inactivation of *Bombyx mori* macula-like virus under physical conditions *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal* (Online First)
 29. Kayukawa T, Shinoda T (2015) Functional characterization of two paralogous JH receptors, methoprene-tolerant 1 and 2, in the silkworm, *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae) *Applied Entomology and Zoology* 50(3):383-391
 30. Bhattacharyya B, Pujari D, Bhuyan U, Handique G, Baruah A.A.L.H, Dutta S.K, Tanaka S (2015) Seasonal life cycle and biology of *Lepidiota mansueta* (Coleoptera: Scarabaeidae): a serious root-feeding pest in India *Applied Entomology and Zoology* 50(4):435-442
 31. Sugahara R, Tanaka S, Jouraku A, Shiotsuki T (2015) Functional characterization of the corazonin-encoding gene in phase polyphenism of the migratory locust, *Locusta migratoria* (Orthoptera: Acrididae) *Applied Entomology and Zoology* (Online First)
 32. Kawakita H, Miyamoto K, Wada S, Mitsuhashi W (2016) Analysis of the ultrastructure and formation pattern of the peritrophic membrane in the cupreous chafer, *Anomala cuprea* (Coleoptera: Scarabaeidae) *Applied Entomology and Zoology* 51(1):133-142
 33. Nakamura S, Ichiki R.T, Shimoda M, Morioka S (2016) Small-scale rearing of the black soldier fly, *Hermetia illucens* (Diptera: Stratiomyidae), in the laboratory: low-cost and year-round rearing *Applied Entomology and Zoology* 51(1):161-166
 34. Maki S, Hirai Y, Niino T, Matsumoto T (2015) Assessment of molecular genetic stability between long-term cryopreserved and tissue cultured wasabi (*Wasabia japonica*) plants *CryoLetters* 36(5):318-324
 35. Nishide Y, Tanaka S (2016) Occurrence and genetics of black-eyed migratory locusts, *Locusta migratoria* (Orthoptera: Acrididae) *Entomological Science* 19(1):20-24
 36. Tanabe S, Onodera H, Hara N, Ishii-Minami N, Day B, Fujisawa Y, Hagio T, Toki S, Shibuya N, Nishizawa Y, Minami E (2016) The elicitor-responsive gene for a GRAS family protein, *CIGR2*, suppresses cell death in rice inoculated with rice blast fungus via activation of a heat shock transcription factor, *OsHsf23* *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry* 80(1):145-151
 37. Kikuta S, Hou B-H, Sato R, Frommer W.B, Kikawada T (2016) FRET sensor-based quantification of intracellular trehalose in mammalian cells *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry* 80(1):162-165
 38. Hirano K, Hino S, Oshima K, Nadano D, Urisu A, Takaiwa F, Matsuda T (2016) Evaluation of allergenic

potential for rice seed protein components utilizing a rice proteome database and an allergen database in combination with IgE-binding of recombinant proteins *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry* 80(3):564-573

39. Matsumoto Y, Hattori M (2016) Gene silencing by parental RNA interference in the green rice leafhopper, *Nephotettix cincticeps*(Hemiptera: Cicadellidae) *Archives of Insect Biochemistry and Physiology* 91(3):152-164
40. Tanaka H, Sagisaka A (2016) Involvement of peptidoglycan recognition protein L6 in activation of immune deficiency pathway in the immune responsive silkworm cells *Archives of Insect Biochemistry and Physiology* (Published Online):Early View
41. Nishide Y, Fukano Y, Doi H, T Satoh T, H Inoue H, Boriani M (2015) Origins and genetic diversity of the ragweed beetles, *Ophraella communa* (Coleoptera: Chrysomelidae), that were introduced into Italy and Japan based on an analysis of mitochondrial DNA sequence data *European Journal of Entomology* 112(4):613-618
42. Sameshima-Yamashita Y, Koitabashi M, Tsuchiya W, Suzuki K, Watanabe T, Shinozaki Y, Yamamoto-Tamura K, Yamazaki T, Kitamoto H (2016) Enhancement of biodegradable plastic-degrading enzyme production from *Paraphoma*-like fungus, strain B47-9 *Journal of Oleo Science* 65(3):257-262
43. Yamagishi N, Fujinaga M, Ishiyama Y, Ogiso H, Sato T, Tosa Y (2015) Life cycle and control of *Colletotrichum nymphaeae*, the causal agent of celery stunt anthracnose *Journal of General Plant Pathology* 81(4):279-286
44. Kurose D, Misawa T, Suzui T, Ichikawa K, Kisaki G, Hoang L.H, Furuya N, Tsuchiya K, Tsushima S, Sato T (2015) Taxonomic re-examination of several Japanese *Stemphylium* strains based on morphological and molecular phylogenetic analyses *Journal of General Plant Pathology* 81(5):358-367
45. Watanabe K, Ikeda H, Sakashita T, Sato T (2016) Anthracnose of genus *Mandevilla* caused by *Colletotrichum truncatum* and *C. siamense* in Japan *Journal of General Plant Pathology* 82(1):33-37
46. Yamagishi N, Sato T, Chuma I, Ishiyama Y, Tosa Y (2016) Anthracnose of black locust caused by *Colletotrichum nymphaeae* (Passerini) Aa *Journal of General Plant Pathology* (Online First)
47. Appeltant R, Somfai T, Kikuchi K, Maes D, Van Soom A (2015) Influence of co-culture with denuded oocytes during in vitro maturation on fertilization and developmental competence of cumulus-enclosed porcine oocytes in a defined system *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
48. Kimoto-Nira H, Moriya N, Yamasaki S, Takenaka A, Suzuki C (2015) Effect of sodium acetate on the adhesion to porcine gastric mucin in a *Lactococcus lactis* strain grown on fructose *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
49. Sato T, Okamura T, Kojima-Shibata C, Kadowaki H, Suzuki E, Uenishi H, Suzuki K (2015) Correlated response of peripheral blood cytokines with selection for reduced mycoplasma pneumonia of swine lesions

in Landrace pigs *Animal Science Journal* (Published Online):Early View

50. Okamura T, Maeda K, Onodera W, Kadowaki H, Kojima-Shibata C, Suzuki E, Uenishi H, Satoh M, Suzuki K (2015) Correlated responses of respiratory disease and immune capacity traits of Landrace pigs selected for Mycoplasmal pneumonia of swine (MPS) lesion *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
51. Somfai T, Matoba S, Inaba Y, Nakai M, Imai K, Nagai T, Geshi M (2015) Cytoskeletal and mitochondrial properties of bovine oocytes obtained by Ovum Pick-Up: the effects of follicle stimulation and *in vitro* maturation *Animal Science Journal* 86(12):970-980
52. Sutoh M, Kasuya E, Yayou K, Ohtani F, Kobayashi Y (2016) Intravenous tryptophan administration attenuates cortisol secretion induced by intracerebroventricular injection of noradrenaline *Animal Science Journal* 87(2):266-270
53. Shinkai T, Mitsumori M, Sofyan A, Kanamori H, Sasaki H, Katayose Y, Takenaka A (2016) Comprehensive detection of bacterial carbohydrate-active enzyme coding genes expressed in cow rumen *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
54. Arakawa A, Taniguchi M, Hayashi T, Mikawa S (2016) Variational Bayesian method of estimating variance components *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
55. Men N,T, Kikuchi K, Furusawa T, Dang-Nguyen T.Q, Nakai M, Fukuda A, Noguchi J, Kaneko H, Viet Linh N, Xuan Nguyen B, Tajima A (2016) Expression of DNA repair genes in porcine oocytes before and after fertilization by ICSI using freeze-dried sperm *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
56. Sato S, Kikuchi T, Uemoto Y, Mikawa S, Suzuki K (2016) Effect of candidate gene polymorphisms on reproductive traits in a Large White pig population *Animal Science Journal* (Published Online):Early View
57. Shimomura M, Kanamori H, Komatsu S, Namiki N, Mukai Y, Kurita K, Kamatsuki K, Ikawa H, Yano R, Ishimoto M, Kaga A, Katayose Y (2015) The *Glycine max* cv. Enrei genome for improvement of Japanese soybean cultivars *International Journal of Genomics* 2015:358127
58. Suga T, Asami Y, Hashimoto S, Nonaka K, Iwatsuki M, Nakashima T, Watanabe Y, Sugahara R, Shiotsuki T, Yamamoto T, Shinohara Y, Ichimaru N, Murai M, Miyoshi H, Ōmura S, Shiomi K (2015) Trichopolyn VI: a new peptaibol insecticidal compound discovered using a recombinant *Saccharomyces cerevisiae* screening system *The Journal of General and Applied Microbiology* 61(3):82-87
59. Ikeda T, Tanaka W, Mikami M, Endo M, Hirano H (2015) Generation of artificial *drooping leaf* mutants by CRISPR-Cas9 technology in rice *Genes & Genetic Systems* 90(4):231-235
60. Saika H, Mori A, Endo M, Osakabe K, Toki S (2015) Rapid evaluation of the frequency of gene targeting in rice via a convenient positive-negative selection method *Plant Biotechnology* 32(2):169-173

61. Asano T, Tamura Y, Yasui H, Satoh K, Hattori M, Yasui H, Kikuchi S (2015) The rice *GRH2* and *GRH4* activate various defense responses to the green rice leafhopper and confer strong insect resistance *Plant Biotechnology* 32(3):215-224
 62. Takagi H, Watanabe N, Hiroi T, Takaiwa F (2015) Efficacy of transgenic rice containing human interleukin-10 in experimental mouse models of colitis and pollen allergy *Plant Biotechnology* 32(4):329-332
 63. Cornette R, Gusev O, Nakahara Y, Shimura S, Kikawada T, Okuda T (2015) Chironomid midges (Diptera, Chironomidae) show extremely small genome sizes *Zoological Science* 32(3):248-254
 64. Niki T, Sasaki K, Shikata M, Kawasaki-Narumi T, Ohtsubo N, Nishijima T (2016) Conversion of abaxial to adaxial petal in a torenia (*Torenia fournieri* Lind. ex Fourn.) mutant appeared in selfed progeny of the mutable line “Flecked” *The Horticulture Journal* (Advance Publication)
 65. Sato T, Moriwaki J, Kaneko S (2015) Anthracnose fungi with curved conidia, *Colletotrichum* spp. belonging to ribosomal groups 9-13, and their host ranges in Japan *Japan Agricultural Research Quarterly* 49(4):351-362
 66. Yamamoto-Kihara M, Yukuhiro F, Yasue H, Kotani E, Mori H (2016) Identification of a novel secretory gland producing C-type lectin in the flesh fly (*Sarcophaga peregrina*), and its characterization *Japan Agricultural Research Quarterly* 50(1):57-62
 67. Hamouda A.B, Tanaka S (2016) Are juvenile hormone and [His⁷]-corazonin related to maternal regulation of progeny phase characteristics in the migratory locust, *Locusta migratoria*? *African Entomology* 24(1):30-38
 68. Kawahara Y, Yoshioka T, Takarada W, Kikutani T, Tsuji M (2016) Alkaline hydrolysis kinetics of poly(ethylene terephthalate) fibers *Journal of Fiber Science and Technology* 72(1):9-16
- e. インパクトファクターなしの学術雑誌に掲載された論文
1. Teramoto H, Nakajima K, Kojima K (2016) Azide-incorporated clickable silk fibroin materials with the ability to photopattern *ACS Biomaterials Science & Engineering* 2(2):251-258
 2. Wunna, Gilani S.A, Kawase M, Ohsawa R, Watanabe K.N (2015) Tracking selection signatures based on variation in *OsLEA27* within Myanmar landraces of upland and dryland rice *American Journal of Plant Sciences* 6(12):1937-1950
 3. Sahashi N, Akiba M, Ota Y, Masuya H, Hattori T, Mukai A, Shimada R, Ono T, Sato T (2015) Brown root rot caused by *Phellinus noxius* in the Ogasawara (Bonin) islands, southern Japan - current status of the disease and its host plants *Australasian Plant Disease Notes* 10:33
 4. Mugikura S, Katoh A, Watanabe S, Kimura M, Kajiwarra K (2016) Abnormal gait, reduced locomotor activity and impaired motor coordination in *Dgcr2*-deficient mice *Biochemistry and Biophysics Reports*

5. Borrayo E, Takeya M (2015) Signal-processing tools for core-collection selection from genetic-resource collections *F1000Research* 4(Awaiting Peer Review):97
6. Maeda M.H (2015) Current challenges in development of a database of three-dimensional chemical structures *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 3:66
7. Inoue T.A (2015) Geographical diversity of Japanese *Papilio* butterflies inferred from the number of contact chemosensillum on the fifth foretarsal segments *Journal of Biodiversity & Endangered Species* S1:007
8. Sezutsu H, Yukuhiro K (2014) The complete nucleotide sequence of the Eri-silkworm (*Samia cynthia ricini*) fibroin gene *Journal of Insect Biotechnology and Sericology* 83(3):59-70
9. Mase K, Okada E, Iizuka T, Miyajima T, Yamamoto T (2015) Low tensile strength due to fragile points on silkworm cocoon filaments *Journal of Insect Biotechnology and Sericology* 84(2):43-48
10. Matsui H, Takahashi A, Hirochika H (2015) Rice immune regulator, OsPt1a, is specifically phosphorylated at the plasma membrane *Plant Signaling & Behavior* 10(3):e991569
11. Sekiné K, Hayashi F, Tojo K (2015) Unexpected monophyletic origin of *Ephoron shigae* unisexual reproduction strains and their rapid expansion across Japan *Royal Society Open Science* 2(6):150072
12. Chen Z, Nohata J, Guo H, Li S, Liu J, Guo Y, Yamamoto K, Kadono-Okuda K, Liu C, Arunkumar K.P, Nagaraju J, Zhang Y, Liu S, Labropoulou V, Swevers L, Tsitoura P, Iatrou K, Gopinathan K.P, Goldsmith M.R, Xia Q, Mita K (2015) Construction, complete sequence, and annotation of a BAC contig covering the silkworm chorion locus *Scientific Data* 2:150062
13. Ashwath S.K, Sreekumar S, Kadono-Okuda K (2016) Detection of single nucleotide polymorphism (SNP) markers linked to digestive amylase genes in the mulberry silkworm, *Bombyx mori* L. *Sericologia: Revue des vers à soie* 54(4):225-233
14. Okada J, Kikuta S, Gusev O, Suetugu Y, Cornette R, Sakuma T, Yamamoto T, Kikawada T (2015) Construction of optimized CRISPR/Cas system to reveal the mechanisms of anhydrobiosis in the sleeping chironomid *低温生物工学会誌* 61(1):69-73
15. Tomooka N, Iseki K, Naito K, Akiba M, Iizumi T (2015) Collection of *Glycine* and *Vigna* plant genetic resources in Hirado and Shimabara areas of Nagasaki prefecture and Amakusa area of Kumamoto prefecture in Japan, from 20th to 24th October, 2014 *植物遺伝資源探索導入調査報告書* 31:1-33
16. Domon E, Lyngwa G.W, Htwe S.S, Thiha A, Kawase M (2015) Preliminary field observation of cultivated crops and useful plants in Northeast India and adjacent northern Sagaing Region of Myanmar *植物遺伝資源探索導入調査報告書* 31:295-315
17. Domon E, Min San Thein, Takei E, Osada T, Kawase M (2015) A field study collecting cultivated crops

II. 和文論文

1. 前田太郎 (2015) 日本におけるミツバチのアカリンダニ寄生の現状 *Journal of the Acarological Society of Japan* 24(1):9-17
2. 山口鉄郎, 畑中理恵, 黄川田隆洋, 櫻井実 (2015) 細胞内タンパク質凝集アッセイ系を用いた G3LEA ペプチドのタンパク質凝集抑制機能に関する研究 *低温生物工学会誌* 61(2):111-115
3. 荻野拓海, 上原拓也, 山口照美, 前田太郎, 野呂知加子, 霜田政美 (2015) ナミヒメハナカメムシ *Orius sauteri* の波長選好性 *日本応用動物昆虫学会誌* 59(1):10-13
4. 岡田英二, 中島健一, 井波勇二, 橋本好二, 飯塚哲也 (2016) 新しい極細繊維度品種「白麗」の育成と性状 *日本シルク学会誌* 24:11-16
5. 寺本英敏, 佐々木瑞樹, 玉田靖, 小島桂 (2016) クリック反応によるアジド基導入フィブロインフィラムの修飾 *日本シルク学会誌* 24:33-36
6. 小島桂 (2016) シルクスポンジ作製時における凍結温度の影響について *日本シルク学会誌* 24:37-39
7. 山本直幸, 矢用健一, 伊藤秀一, 武井直樹 (2015) 褐毛和種雌牛のストレス反応とオキシトシン受容体遺伝子との関連 *日本暖地畜産学会報* 58(2):239-245
8. 澤田宏之, 清水伸一, 三好孝典, 篠崎毅, 楠元智子, 野口真弓, 成富毅誌, 菊原賢次, 間佐古将則, 藤川貴史, 中畝良二 (2015) わが国で分離された *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* biovar 3 の特徴 *日本植物病理学会報* 81(2):111-126
9. 澤田宏之 (2015) コロニーダイレクトのマルチプレックス PCR による植物病原性 *Rhizobium* 属細菌 (旧 *Agrobacterium* 属細菌) の菌種同定 *日本植物病理学会報* 81(4):332-340
10. 樋口浩二, 田鎖直澄, 野中最子, 田島清, 都丸友久, 大谷文博, 小林洋介, 石川哲也, 栗原光規, 永西修 (2015) イネホールクroppサイレージを給与した乾乳牛の維持に要する代謝エネルギー量のエネルギー出納および行動解析に基づく推定 *日本畜産学会報* 86(2):169-177
11. 小林麻子, 杉本和彦, 林猛, 近藤始彦, 園田純也, 塚口直史, 和田卓也, 山内歌子, 岩澤紀生, 矢野昌裕, 富田桂 (2016) 穂発芽耐性を強化した水稻品種コシヒカリの準同質遺伝子系統の育成と高温登熟耐性の評価 *育種学研究* 18(1):1-10

特許等取得・品種登録一覧

平成27年度 特許出願及び登録一覧

1) 出願(国内)

NO	整理番号	発明の名称	出願日	分割出願日 PCT移行日	出願番号	備考
1	独320-1(分割)	創傷被覆材	2010/10/6		2015-98957	共願
2	独312-1(分割)	5量体CRPの製造方法、5量体CRPを製造する遺伝子組換えカイコとその製造方法、単量体イヌCRPをコードするDNA及びそのDNAを含む発現ベクター	2011/5/30		2016-028739	共願
3	独352	後部絹糸腺遺伝子発現ユニット及びそれを有する遺伝子組換え絹糸虫	2013/12/19		2014-554579	単願
4	独357	リゾクトニア菌抵抗性遺伝子	2014/2/5	2015/4/20	2014-560785	共願
5	独351	開花期を制御することが可能なイネ科植物体	2014/3/4	2015/7/16	2015-504339	共願
6	独363	蜂のシルク蛋白質の水溶液とその製造方法	2014/5/28	2015/9/3	2015-519908	単願
7	独371	貼付型人工皮膚製剤	2014/6/24	2015/11/13	2015-524052	共願
8	独355	外因性遺伝子発現ベクター、形質転換体判別マーカー及び形質転換体	2014/8/6	2015/12/28	2015-531828	単願
9	独366	外因性遺伝子発現増強剤	2014/10/14	2016/2/5	2015-543802	単願
10	独399	酸化LDLを認識する改良型分子	2015/5/15	2016/2/18	2015-100546	共願
11	独400	終末糖化産物を認識する改良型分子	2015/5/15		2015-100547	共願
12	独402	植物保護能力を有する微生物	2015/6/11		2015-118395	共願
13	独388	ウイルス複製阻害剤	2015/6/12		2015-118780	共願
14	独390	環境ストレス耐性を付与する遺伝子及びその利用	2015/7/16		2015-142503	共願
15	独401	捕食性カメムシ類の誘引又は定着法	2015/7/31		2015-151523	単願
16	独398	特性推定モデル生成装置および方法、解析対象の特性推定装置および方法	2015/9/8		2015-176416	単願
17	独405	組成物、医療用組成物及び組成物の製造方法	2015/9/14		2015-181130	共願
18	独412	新規NK3受容体アゴニスト	2015/10/30		2015-215128	共願
19	独404	遺伝子組換えカイコ作出方法	2015/11/9		2015-219638	単願
20	独415	3-オキサピシクロ [3.3.0]オクタン骨格を有する化合物の製造方法、前記化合物、前記化合物の中間体、ゴマダラカミキリの性刺激剤、及びゴマダラカミキリの防除剤	2015/11/20		2015-227736	共願
21	独411	画像処理装置及びプログラム	2015/12/24		2015-252191	共願
22	独416	粘膜再生用デバイス	2015/12/24		2015-251401	共願
23	独407	フィートール或いはその類縁体、又はそれらの代謝物を有効成分とするセンチュウ抵抗性誘導剤及びセンチュウ防除方法	2016/1/14		2016-005277	共願
24	独403	テトラソリウム塩の存在下でヒドロキシルアミン酸化還元酵素をヒドロキシルアミンと接触させることを含む、ヒドロキシルアミン酸化還元酵素の活性測定方法	2016/1/22		2016-010983	単願
25	独413	有害動物防除剤	2016/1/29		2016-16493	共願
26	独409	哺乳動物型糖鎖付加遺伝子組換えカイコ	2016/2/5		2016-21352	共願
27	独406	不溶化処理フリー絹フィブロイン素材	2016/2/24		2016-033681	単願
28	独419	家畜の飼育方法及び乳の製造方法	2016/3/14		2016-049890	共願
29	独422	高免疫能ブタの判別方法、およびそのための多型マーカー	2016/3/16		2016-052805	共願

2) 出願(外国)

NO	整理番号	発明の名称	出願日	国内移行日 (継続出願日)	出願番号	出願国
1	独外151-1	広食性セリシカイクシステム及びその作出方法	2013/10/18	2015/4/24	201380055925.X	中国
2	独外151-2	広食性セリシカイクシステム及びその作出方法	2013/10/18	2015/4/28	3600/DELNP/2015	インド
3	独外153-1	後部絹糸腺遺伝子発現ユニット及びそれを有する遺伝子組換え絹糸虫	2013/12/19	2015/6/25	201380068076.1	中国
4	独外155-1	開花期を制御することが可能なイネ科植物体	2014/3/4		14/772838	アメリカ
5	独外158-1	外因性遺伝子発現ベクター、形質転換体判別マーカー及び形質転換体	2014/8/6	2016/2/11	14/911639	アメリカ
6	独外167-1	薬特異的にプロモーター活性を有するDNA、及びその利用	2015/9/25		3058/DEL/2015	インド
7	独外167	薬特異的にプロモーター活性を有するDNA、及びその利用	2015/12/11		14/965947	アメリカ

3) 出願(PCT出願)

NO	整理番号	発明の名称	国際出願日		国際出願番号	備考
1	独外168	遺伝子組換えカイコにより生産したビオチン酸化LDL受容体・終末糖化産物受容体	2015/10/1		PCT/JP2015/005017	
2	独外170	雌蚕致死カイコシステム	2015/11/6		PCT/JP2015/081397	
3	独外173	細胞死誘導ベクター及びそれを有する部位特異的細胞死誘導カイコシステム	2016/2/5		PCT/JP2016/053468	
4	独外174	ポティウイルス抵抗性を有するポリヌクレオド、タンパク質およびそれらの用途	2016/3/11		PCT/JP2016/057830	
5	独外175	肝代謝物の毛細胆管様構造への蓄積と排泄を促進する肝細胞培養装置、並びに該肝細胞培養装置を用いた胆汁中又は血液中排泄感受性の候補化合物及び該候補化合物の肝代謝物の評価方法	2016/3/16		PCT/JP2016/058320	
6	独外172	バイナリー遺伝子発現システム	2016/3/30		PCT/JP2016/060443	

4) 登録(国内)

NO	整理番号	発明の名称	登録日		登録番号	備考
1	独285	組換え植物で発現して難抽出化した組換えタンパク質の抽出・精製方法	2015/3/20		5713379	共願
2	独210	ブタの椎骨数を支配するVertnin遺伝子、およびその利用	2015/3/27		5717272	共願
3	独295	クッパー細胞の増殖方法およびその利用	2015/4/3		5720980	共願
4	独307	ブタの椎骨数遺伝子診断キット	2015/5/1		5736655	共願
5	独236	幼若ホルモン応答エレメント	2015/6/5		5754681	単願
6	独320	創傷被覆材	2015/6/5		5754612	共願
7	独306	ポリケチド合成酵素遺伝子をレポーター遺伝子として利用する方法	2015/6/12		5757380	共願
8	独164-1 (分割)	抗体を産生するトランスジェニックカイコとその製造方法	2015/6/19		5760273	共願
9	独291	無血清培養できるカイコ培養細胞株の作出およびその利用	2015/6/26		5765699	単願
10	独310	鱗翅目昆虫由来のBt毒素抵抗性遺伝子およびその利用	2015/7/3		5769145	単願
11	独298	植物の開花性／閉花性を支配する遺伝子およびその利用	2015/7/3		5769341	単願
12	独287	遺伝的に改変された細胞を製造する方法	2015/7/10		5773403	単願
13	独326	植物の種子休眠性を支配する遺伝子およびその利用	2015/7/17		5776958	共願
14	独331	カイコの卵および眼の着色に関与する遺伝子およびその利用	2015/7/24		5780631	単願
15	独301	遺伝的に改変された植物細胞の製造方法	2015/7/24		5780596	単願
16	独292	ソルガム紫斑点病関連遺伝子およびその用途	2015/7/31		5783463	共願
17	独299	植物の深根性を制御する遺伝子Dro1とその利用	2015/8/14		5791049	単願
18	独289	多孔質体の製造方法、細胞又は組織供給用支持体の製造方法、及び組織供給体の製造方法	2015/8/14		5789799	共願
19	独334	アリールアルキルアミン-N-アセチルトランスフェラーゼ遺伝子とその利用	2015/8/21		5794620	単願
20	独309	青枯病抵抗性誘導剤および青枯病防除方法	2015/8/21		5794562	共願
21	独318	一本鎖抗体の製造方法	2015/10/2		5812256	単願
22	独328	植物のtan遺伝子およびその用途	2015/10/2		5812387	共願
23	独311	血友病Aモデルブタの作出	2015/10/9		5817955	共願
24	独340	耐虫性タンパク質及び該耐虫性タンパク質をコードする耐虫性遺伝子	2015/11/13		5835727	単願
25	独268	栄養繁殖作物の品種識別マーカー	2015/12/11		5849317	共願
26	独333	農業形質を最適化した複合病害抵抗性単子葉植物	2015/12/25		5858368	単願

5) 登録(外国)

NO	整理番号	発明の名称	登録日	登録番号	登録国
1	独外128-3	遺伝的に改変された植物細胞の製造方法	2015/1/21	ZL201080048566.1	中国
2	独外129-3	スギ花粉の免疫原性を有するタンパク質、当該タンパク質をコードするポリヌクレオチド及びこれら の用途	2015/4/8	ZL201080049711.8	中国
3	独外126-1	クッパー細胞の増殖方法およびその利用	2015/8/4	9097705	アメリカ
4	独外109-1	広範な病害抵抗性を付与するイネ遺伝子	2015/9/8	9127290	アメリカ
5	独外134-3	5量体CRPの製造方法、5量体CRPを製造する遺 伝子組換えカイコとその製造方法、単量体イヌ CRPをコードするDNA及びそのDNAを含む発現 ベクター	2015/9/30	ZL201180033762.6	中国
6	独外121-7	シルクフィブロイン多孔質体の製造方法	2015/11/19	2010235520	オーストラリア
7	独外74	アセト乳酸合成酵素遺伝子プロモーター	2015/12/29	2497799	カナダ
8	独外129-1	スギ花粉の免疫原性を有するタンパク質、当該タン パク質をコードするポリヌクレオチド及びこれら の用途	2016/2/16	9260491	アメリカ

平成27年度 品種登録出願及び登録一覧

1) 出願(国内)

NO	番号	品種の名称	出願日	出願番号	備考
1	独品40	(水稻)山形119号	2016/3/23	(未定)	
2	独品41	(大豆)兵系黒5号	2016/3/18	(未定)	

2) 登録(国内)

NO	番号	品種の名称	登録日	登録番号	備考
1	独品35	(のあさがお)IRBiライトブルー	2015/11/20	24599	
2	独品36	(クワ)Morus L. 蒼楽	2015/6/19	24359	

平成27年度 商標登録出願及び登録一覧

1) 出願(国内)

NO	番号	商標の名称	出願日	出願番号	備考
1		該当なし			

2) 登録(国内)

NO	番号	商標の名称	登録日	登録番号	備考
1		該当なし			

主 な 研 究 成 果

	中課題 番号	成果名	分類	ページ
1	1-21	オオムギの起源と種子の脱落メカニズムの解明	知的貢献	2
2	1-21	ジーンターゲットイングによるイネ対立遺伝子の同時改変	知的貢献	4
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	知的貢献	6
4	2-11	古代米の起源に迫る！	知的貢献、技術開発	8
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	知的貢献	10
6	2-12	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	知的貢献、技術開発	12
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	知的貢献	14
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	技術開発	16
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	技術開発、生物産業 (主要研究成果)	18
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	知的貢献	20
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	知的貢献	22

農業生物資源研究所では、主な研究成果を次の4つに分類しています。

(1) 知的貢献：

新しい法則・原理の発見、独創的な理論の構築、未知の現象の予測・発見など、論文発表による知の創造への貢献

(2) 技術開発：

生産性の向上及び消費ニーズに対応した品質の向上を図る上でキーとなる革新的な技術開発研究への貢献

(3) 農業生産：

農林水産業における生産活動を通じた社会への貢献

(4) 生物産業：

成果の活用により社会に直接の利便をもたらすことができる産業技術開発への貢献

[主な研究成果名] オオムギの起源と種子の脱落メカニズムの解明

[要 約] 野生のオオムギが成熟して種子が落ちることにかかわる遺伝子を発見し、種子が落ちずに収穫できる栽培オオムギが生まれた進化の過程を証明して、人類最古の農業がどのように始まったのかを世界で初めて明らかにした。本研究で栽培オオムギの成立にかかわる突然変異は約1万2千年前にイスラエルで起き、その後シリアにおいて別の突然変異が起きたことがわかった。ふたつの栽培オオムギの突然変異体の子孫は互いに性質が異なっており、それぞれの子孫の品種グループにない性質を積極的に導入することで、品種改良の効率が加速される。

[キ ー ワ ー ド] 遺伝子、突然変異、ゲノム、同位元素、離層

[担 当] 生物研 農業生物先端ゲノム研究センター 作物ゲノム研究ユニット

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

オオムギ栽培の歴史はコムギよりもはるかに古く、12,000年ほど前には栽培されていたことが考古学的研究から明らかにされている。人類最古の農業である。オオムギの直接祖先である野生オオムギの種子が稔って軸から離れ落ちた部分はなめらかで、栽培オオムギでは人が軸から折り取ったあとが残るので、離脱した面を比較することで野生オオムギと栽培オオムギを区別できる。野生オオムギの種子が成熟して散らばることは、自生地を拡大するうえで大事な性質である。しかし、種子が成熟して収穫する際に落ちてしまうと収量は少なくなる。人類は収集した野生オオムギの中に種子の落ちない突然変異が起きた植物があるのをみつけて、これを植えると穀粒を一度にまとめて収穫できることを発見した。このようなオオムギを発見して栽培したことが人類最古の農業の始まりと考えられている。本研究では種子分散システムを解明する事によりオオムギの起源を明らかにした。

[成果の内容・特徴]

1. 今回の研究では野生オオムギが栽培に移された進化に関する3つの大きな謎を解き明かすことが出来た。一つ目は栽培オオムギがどこで起源したかということである。野生オオムギの種子が落ちるのには二つの遺伝子 (*Btr1* と *Btr2*) がかかわっている事がわかっていたが、しかし、現在私たちが利用しているオオムギがどこでどのようにして生まれたかはわかっていなかった。今回の研究では、遺伝学的解析、ゲノム情報、および分子生物学的な証明を組み合わせた最新の科学技術を用いて、この二つの遺伝子のDNA配列を決定した。さらに、多数の野生オオムギおよび栽培オオムギについて、これら二つの遺伝子のDNA配列の変化を比較することで、栽培オオムギは最初にイスラエルで、その後シリアで二度別々に生まれたことが明らかになった。
2. 二つ目の謎は、種子が落ちるのに関わる二つの遺伝子がオオムギでどのように出来たかということである。二つの遺伝子と類似の遺伝子をイネ科植物で比較した結果、オオムギではこの二つの遺伝子がセットで倍つまり合計4つになっており、更にそのうち一セットでは塩基配列が僅かに変化することでイネにはない新しい機能を獲得したことが明らかになった。コムギも同じ機能の遺伝子を持つことから、この遺伝子の進化はムギ類に特有で数千万年前に起きたことがわかった。
3. 三つ目の謎は二つの遺伝子の機能である。野生のムギ類では種子が成熟すると穂の軸の節々の連結がはずれてバラバラになる。これまでこの現象は、木々の葉や果実が成熟して自然に落ちる際に作られる「離層」と同じ仕組みによるものであると長く考えられていた。しかし実際はオオムギではこのような離層がつかられず、そのかわり穂の軸の節々で細胞壁(植物の細胞のまわりにあるかたい物質)が極端に薄くもろくなることを発見した(図1)。そこに風や重力そして動物がふれることなどによって細胞壁がくだけ、種子が落ちることがわかった。したがってこの二つの遺伝子は穂の軸の節でのみ働いて、細胞壁を薄くもろくする役割があるといえる。穂の節ごとに種子が落ちるのはムギ類に特有な現象で、数千万年前に起きた二つの遺伝子の倍加と性質の変化によって、ムギが成熟して種子が

落ちる特別なしくみが作り上げられたことになる。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. 私たちが現在利用しているオオムギは二つの突然変異が起きた植物のいずれかの子孫になる。子孫の持っている性質は突然変異が起きた植物の性質が大きく影響している。たとえば、病気の抵抗性、ビールを製造する際の品質、家畜の飼料の栄養分などの性質は子孫によって大きく異なる。遺伝的多様性の高い野生オオムギにあって、二つの祖先植物は全くタイプが異なることが今日の栽培オオムギの多様性の大きな要因となっている。したがって、未利用の野生オオムギ遺伝資源の性質を最新のゲノム情報などを活用して積極的に導入することで、品種改良の可能性が飛躍的に高まると考えられる。

[具体的データ]

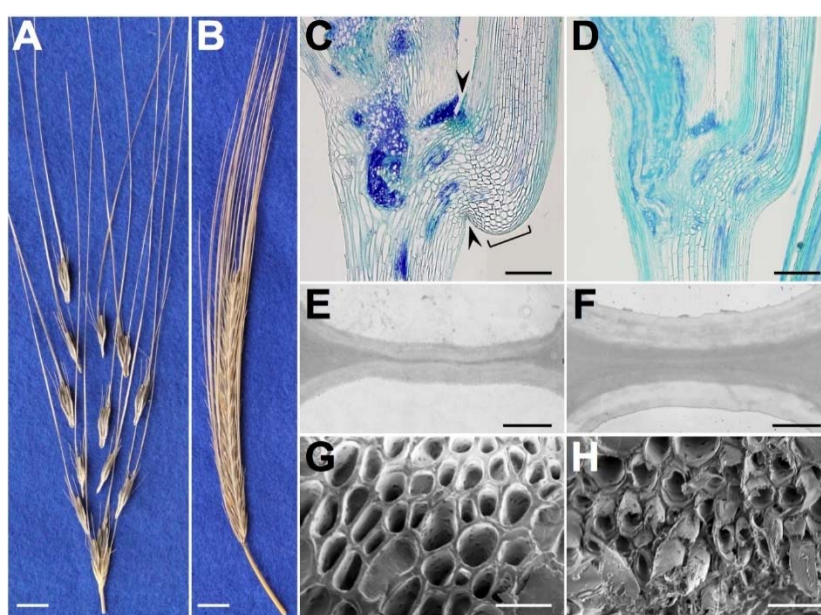


図 1. 細胞壁が薄く脆くなる事によって離層形成無しに穂軸が脱落し種子が脱落するメカニズム。A,C,E,G は野生オオムギ系統、B,D,F,H は同系統から誘発した突然変異体。A,B は穂、C,D は穂軸節の縦断面、E,F は穂軸節の細胞壁の厚さの比較、G,H は離脱した穂軸節の表面の走査電顕像。H は引張りにより離脱したため二次細胞壁がむき出しになっているが、G には二次細胞壁が元々形成されていない。

[その他]

研究課題名：イネ科作物有用遺伝子の探索とその機能解明

中期計画課題コード：1-21

研究期間：2012～2015 年度

研究担当者：Pourkheirandish M、Hensel G（ドイツ IPK 研究所）、Kilian B（ドイツ IPK 研究所）、Senthil N、Chen G、Sameri M、Azhaguvel P、佐久間俊、Dhanagond S（ドイツ IPK 研究所）、Sharma R（ドイツ IPK 研究所）、Mascher M、Himmelbach A（ドイツ IPK 研究所）、Gottwald S（ドイツ IPK 研究所）、Nair S.K、田切明美、行弘文子、長村吉晃、金森裕之、松本隆、Willcox G（リヨン大）、Middleton C.P（チューリッヒ大）、Wicker T（チューリッヒ大）、Walther A（ヨーテボリ大）、Waugh R（英国 JHI 研究所）、Fincher G.B（アデレード大）、Stein N（ドイツ IPK 研究所）、Kumlehn J（ドイツ IPK 研究所）、佐藤和広（岡山大）、小松田隆夫

発表論文等：

- 1) Pourkheirandish M, Hensel G, Kilian B, Senthil N, Chen G, Sameri M, Azhaguvel P, Sakuma S, Dhanagond S, Sharma R, Mascher M, Himmelbach A, Gottwald S, Nair S.K, Tagiri A, Yukuhiro F, Nagamura Y, Kanamori H, Matsumoto T, Willcox G, Middleton C.P, Wicker T, Walther A, Waugh R, Fincher G.B, Stein N, Kumlehn J, Sato K, Komatsuda T (2015) Evolution of the grain dispersal system in barley *Cell* 162 (3):527-539

[主な研究成果名] 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

[要 約] イネにおいて、標的遺伝子切断と DNA 修復機構の制御を組み合わせることで、相同染色体上の対立遺伝子上に同時に塩基置換を導入することに成功した。

[キ ー ワ ー ド] イネ、CRISPR/Cas9、ゲノム編集、除草剤耐性

[担 当] 生物研 農業生物先端ゲノム研究センター ゲノム機能改変研究ユニット

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

人工制限酵素の一種である CRISPR/Cas9 システムを用いた標的遺伝子への塩基の挿入や欠失の成功例が多く、多くの生物種で報告されている。一方、塩基置換や、切断部位から離れた位置への塩基の挿入、欠失は人工制限酵素の利用だけでは困難であり、目的の変異を有する DNA 断片（鋳型）を核内に導入し、DNA 断片上の変異を相同組換えによってコピー/ペーストする方法（ジーンターゲットング，GT）が有効である。しかしながら、植物では相同組換え効率が著しく低く、標的遺伝子切断によって GT の効率を向上させる研究も成功例に限られている。そこで、本研究では標的遺伝子の切断と鋳型供給のタイミングを合わせる、切断末端の再結合を防ぐ等の工夫により、GT 効率の向上を図ることを試みた。

[成果の内容・特徴]

1. 標的遺伝子の特異的切断は、標的遺伝子における相同組換えを促進することが知られている。そこで、CRISPR/Cas9 システムによって改変の標的とするイネ ALS 遺伝子を効率的に切断するために標的配列の検討を行い、導入する除草剤耐性変異近傍に 2 箇所のターゲットを選定した。
2. 標的組換えを効率的に誘導するには、鋳型を供給するタイミングと標的遺伝子切断のタイミングを合わせる必要がある。そこで、Cas9 タンパク質を恒常的に発現するイネカルスをあらかじめ用意しておき、組換えの鋳型と guide RNA 発現コンストラクトを有する T-DNA をアグロバクテリウム経由で導入する GT 系(図 1A)を構築した。
3. 切断末端の再結合は相同組換えと拮抗することから、非相同末端結合修復の主要因である DNA ligase4 (Lig4)の欠損も GT 効率の向上に効果があると期待される。そこで、Cas9 と Lig4 をターゲットとする gRNA を同時に発現させるコンストラクトも作成し、本コンストラクトの形質転換カルスを GT 実験に用いた(図 1B)。
4. 鋳型の供給と同時に標的遺伝子を切断する GT 系(図 1A)では、GT により除草剤耐性を獲得したカルスの出現率は 0.15%であったが、Lig4 変異カルスを用いた GT 実験(図 1B)においては、0.7%の GT カルスが得られ(表 1)、再分化個体の中には、相同染色体上の対立関係にある ALS 遺伝子に同時に GT が生じた個体も得られた(図 2)。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. これまで植物においては、相同染色体上の対立遺伝子に同時にGTが生じた報告はない。本研究の成果は、標的遺伝子切断、鋳型供給、非相同末端結合修復の抑制等を組み合わせることにより、相同染色体上で同時にGTを誘導できることを示しており、遺伝学的に変異をホモに固定できない植物においても目的の変異を固定できる可能性を示している。
2. Lig4のノックアウトはGT効率の向上に有効であることが示されたが、非相同末端結合修復能が弱まることによって体細胞変異が増えることが危惧される。今後はドミナントネガティブLig4の発現や、Lig4阻害剤処理によって、GT時に一過的にLig4の発現を抑制する等の工夫を加え、二次的な影響が少ない系に改良していく予定である。

[具体的データ]

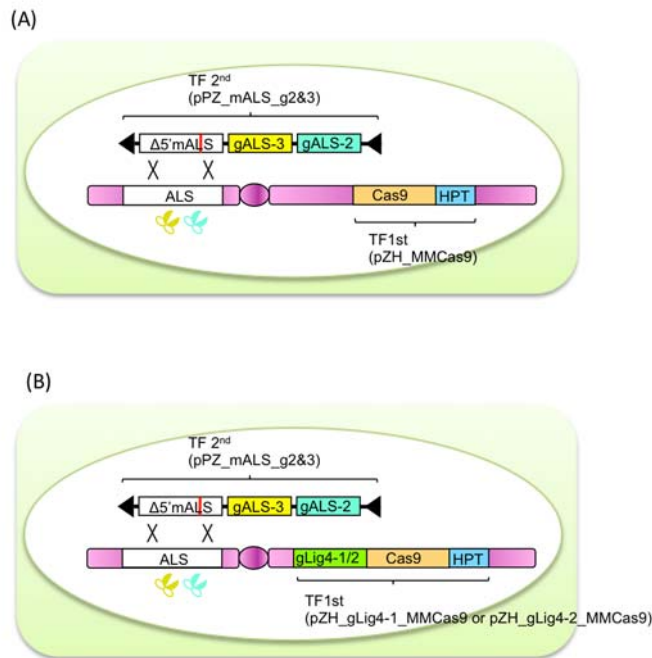


図 1 GT 実験の概略

(A) 1 回目の形質転換において、Cas9 と選抜マーカー遺伝子 (HPT) を挿入する方法。2 回目の形質転換時に除草剤耐性変異 (赤線) を含む ALS 遺伝子断片と ALS を標的とする gRNA を形質転換し、GT を誘導する。(B) 1 回目の形質転換において、Cas9 と選抜マーカー遺伝子 (HPT)、Lig4 を標的とする gRNA を挿入する方法。2 回目の形質転換に用いるベクターは A と同じ。

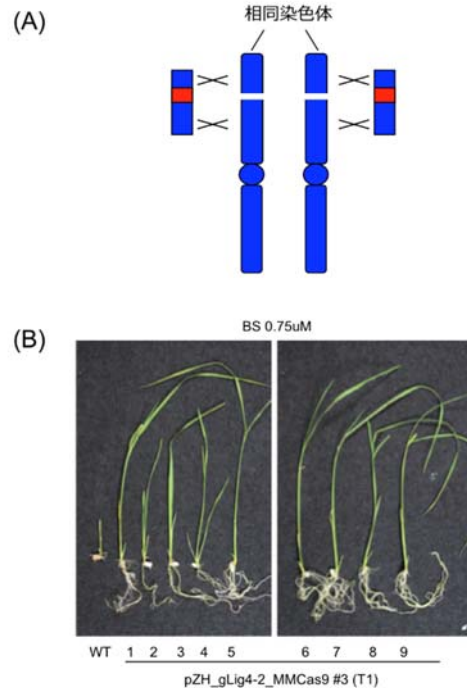


図 2 相同染色体上の対立遺伝子に同時に GT が生じた個体後代の除草剤感受性試験

(A) 対立遺伝子に同時に GT が生じる際の概念図。(B) T1 世代の植物体は全個体除草剤 (BS) 耐性を示し、耐性、感受性の分離は見られなかった。

表 1 GT 効率

1 回目の形質転換	GT 実験供試カルス	GT カルス (%)	Biallelic GT*
HPT	3994	0 (0)	0
Cas9, HPT	2038	3 (0.15)	0
Cas9, gRNA (Lig4), HPT	1829	14 (0.77)	3

* 相同染色体上の対立遺伝子に同時に GT が生じたカルスの数

[その他]

研究課題名：ジーンターゲティングによる有用形質導入システムの開発

中期計画課題コード：1-21

研究期間：2013～2015 年度

研究担当者：遠藤真咲、土岐精一

発表論文等：

1) Endo M, Mikami M, Toki S (2016) Biallelic gene targeting in rice *Plant Physiology* 170(2):667-677

[主な研究成果名] 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

[要 約] 重要農業形質である出穂期と種子形について、遺伝的多様性を包含する多数の染色体断片置換系統群を同時に、あるいは単一の置換系統群の各置換領域を更に細分化して関与遺伝子の検出を行った。これによってゲノム全体に分布する遺伝効果の小さい多数の自然変異遺伝子群をこれまでにない検出精度で見出すことに成功した。

[キ ー ワ ー ド] イネ、実験系統群、自然変異、DNA マーカー

[担 当] 生物研 農業生物先端ゲノム研究センター イネゲノム育種研究ユニット、先端ゲノム解析室

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

農業上有用な特性の多くは遺伝効果の小さな複数の遺伝子によって決定されている。ゲノム育種の精度を高めるにはこれら遺伝子群のゲノム上の分布とそれぞれの効果をできる限り明らかにする必要がある。しかし、現行のような特定組み合わせ由来あるいは供与親の置換断片が長い染色体断片置換系統群の利用では、関与する遺伝子座の一部しか検出できない。本研究では、出穂期および種子形（籾幅および籾長）を例に、過去に育成した染色体断片置換系統群を複数あるいは置換断片の細分化系統を作成して評価し、自然変異遺伝子群の網羅的な検出を試みた。

[成果の内容・特徴]

1. 世界の多様な自然変異を含む栽培イネ（11 品種）を供与親にしたコシヒカリ遺伝的背景の染色体断片置換系統群について同一条件で出穂期を調査し、のべ 157 カ所（既報の F₂ 集団に比べて 5.3 倍）の出穂期関連 QTL を検出した。うち 74 カ所は既報の単離済み出穂期遺伝子の近傍にあり、他の 83 カ所はそれ以外の領域であった（図 1）。
2. 近似した出穂期を示す置換系統群において検出 QTL の位置は異なることから、出穂期の自然変異はこれまで考えられていたよりも多くの遺伝子座と対立遺伝子の組合せで成り立つと推定された。
3. 日本型短粒品種のコシヒカリと、インド型長粒品種の IR64 の交配およびマーカー選抜によって作成した両品種遺伝背景の置換系統群および置換領域の分離集団 (BC₄F₂) の種子形を調査し、籾長で 30 カ所、籾幅で 35 カ所（計 65 カ所）の QTL を検出し、種子形の自然変異に多数の遺伝子が関わることを明らかにした（図 2）。一方、同組み合わせの F₂ 集団で検出された QTL は籾長で 5 カ所、籾幅で 3 カ所（計 8 カ所）であったことから 8.1 倍の検出数であった。
4. 既報では 200 個以上の種子形遺伝子座が報告されているが、位置関係から、本研究で少なくとも 5 個の新規遺伝子座を検出した。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. コシヒカリの遺伝背景で評価した出穂期および種子形の対立遺伝子に関する網羅的な情報は、コシヒカリゲノム比率の高い我が国水稲品種における両形質の微細な改変に役立つ。
2. 出穂期および種子形に関わる多数の遺伝子座が特定されたことで、世界の栽培イネにおけるこれら形質変異の理解が進み、海外遺伝資源の利用に向けた特性評価の精度が高まる。
3. 均一な遺伝背景をもつ複数の置換系統群は、出穂期および種子形以外にも様々な農業形質を制御する遺伝子座の検出に利用でき、農業形質の理解と利用の加速が期待される。
4. 本研究で使用した供与親の染色体が分離する実験系統群では、対立遺伝子の効果がわかる反面、多数個体での調査が必要である。収量性など多数個体での形質評価が難しい形質では、まず、供与親の染色体が固定した実験系統群を用いて、精査する染色体領域を限定することが望ましい。

[具体的データ]

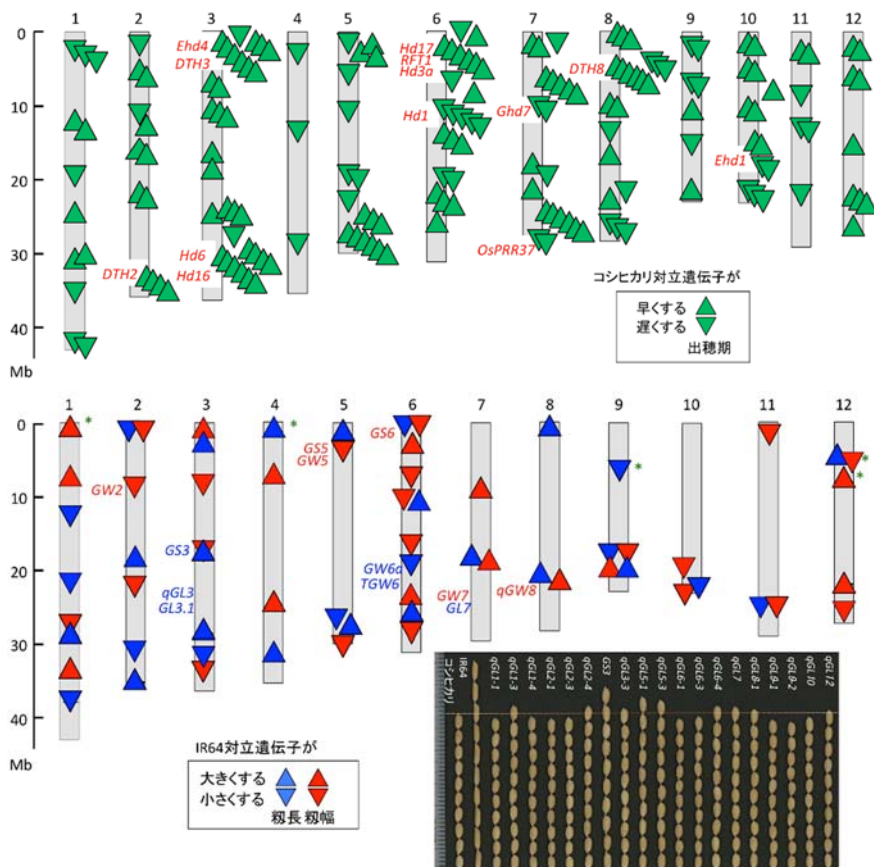


図 1.
コシヒカリと世界の栽培イネ 11 品種の間で検出された出穂期に関する QTL。赤字は単離済みの出穂期遺伝子の位置を示す。

図 2.
(上図) コシヒカリと IR64 の間で検出された種子形 (粒長・粒幅) に関する QTL。
*は新規と考えられる遺伝子座、文字は単離済みの遺伝子 (青：粒長、赤：粒幅) の位置を示す。
(写真) コシヒカリの遺伝背景で IR64 に由来する 1 個の対立遺伝子を保持する個体の粒長を示す。

[その他]

研究課題名：遺伝子探索のための実験系統群の作出と評価、実験系統群を用いたフェノーム解析と連鎖遺伝子の同定

中期計画課題コード：1-23

研究期間：2008～2015 年度

研究担当者：堀清純、永田和史、野々上慈徳、小野望、柴谷多恵子、江花薫子、松原一樹、小木曾映里、七夕高也、高井俊之、一家崇志、近藤勝彦、星野友紀、山本英司、安達俊輔、長崎英樹、清水武彦、田口文緒、溝淵律子、正村純彦、水林達実、北澤則之、河野いずみ、伊藤幸恵、安藤露、山本伸一、山内歌子、宇賀優作、福田篤徳、上田忠正、米丸淳一、杉本和彦、福岡修一、山本敏央、矢野昌裕

発表論文等：

- 1) Hori K, Nonoue Y, Ono N, Shibaya T, Ebana K, Matsubara K, Ogiso-Tanaka E, Tanabata T, Sugimoto K, Taguchi-Shiobara F, Yonemaru J, Mizobuchi R, Uga Y, Fukuda A, Ueda T *et al.* (2015) Genetic architecture of variation in heading date among Asian rice accessions *BMC Plant Biology* 15:115
- 2) Nagata K, Ando T, Nonoue Y, Mizubayashi T, Kitazawa N, Shomura A, Matsubara K, Ono N, Mizobuchi R, Shibaya T, Ogiso-Tanaka E, Hori K, Yano M, Fukuoka S (2015) Advanced backcross QTL analysis reveals complicated genetic control of rice grain shape in a japonica × indica cross *Breeding Science* 65(4): 308-318

[主な研究成果名] 古代米の起源に迫る！

[要 約] 古代米として知られる黒いお米（紫黒米＝しこくまい）の原因遺伝子を特定した。約 50 品種のイネ遺伝子を調べ、紫黒米がいつ頃、どの系統で発生したかが分かった。この成果により、栽培されている白いお米の品種に紫黒米原因遺伝子を導入することが容易になる。

[キ ー ワ ー ド] イネ、紫黒米、栽培化、ゲノム育種

[担 当] 生物研 植物科学研究領域 植物生産生理機能研究ユニット

[分 類] 知的貢献、技術開発

[背景・ねらい]

自生する野生稲の種子は、タンニンが種皮に蓄積し、赤色を呈する。古代人は、その中から、白米形質等、作物としてのイネに必要な農業形質をもった個体の選抜を繰り返すことで、作物としてのイネが生まれたと考えられている。この過程を栽培化という。紫黒米形質は、古代中国の皇帝への献上米としての記載等もあることから、栽培化過程で生まれた新しい機能をもつ遺伝子に起因すると考えられるが、その遺伝子の同定はまだ行われていなかった。農業生物資源研究所（生物研）では、この紫黒米形質の育種を進めていた富山県農林水産総合技術センターから研究材料を引き継ぎ、この遺伝子の単離・同定を進めた。

[成果の内容・特徴]

1. 生物研は、富山県農林水産総合技術センターと共同で、紫黒米形質（お米が黒くなる性質）のメカニズムが、*Kala4*（カーラ4）遺伝子の変異であることを特定した。
2. 紫黒米形質を付与する *Kala4* 遺伝子の変異により、白米品種ではほとんど転写されていない *Kala4* 遺伝子が、イネのさまざまな場所で転写されていた。その中で、発育中の果皮では、組織特異的に、*Kala4* 遺伝子の作用で、アントシアニンをつくるための一連の生合成系の遺伝子群を働かせることが分かった。果皮特異性を決定している遺伝子に関してはまだ不明である。
3. 紫黒米の起源は、イネが栽培化された後、熱帯ジャポニカ種で起こった突然変異であることが分かった。突然変異は、*Kala4* 遺伝子の働きを制御する配列に起こったものである。突然変異はその後、自然交配によりインディカ米（お米が細長い品種）にも移り、アジア地域に広がったことが分かった。

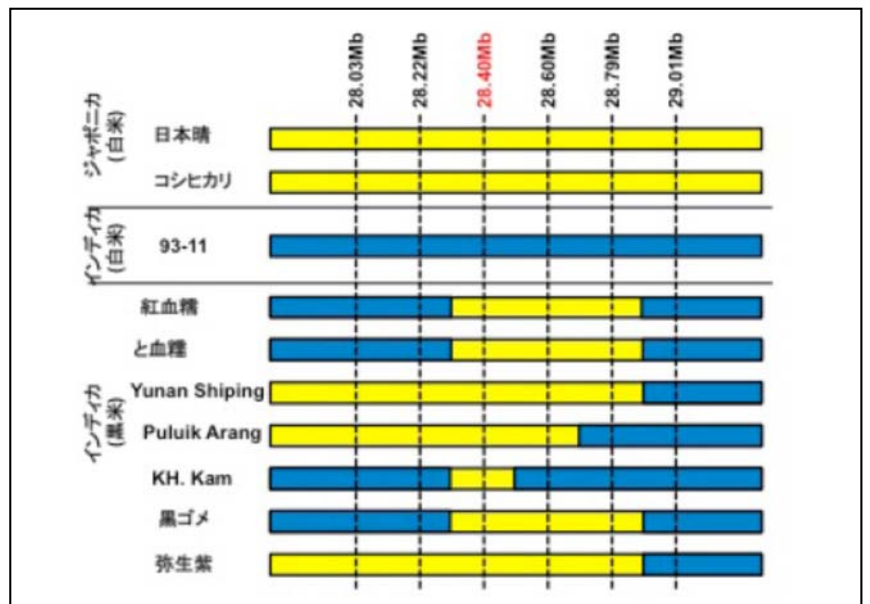
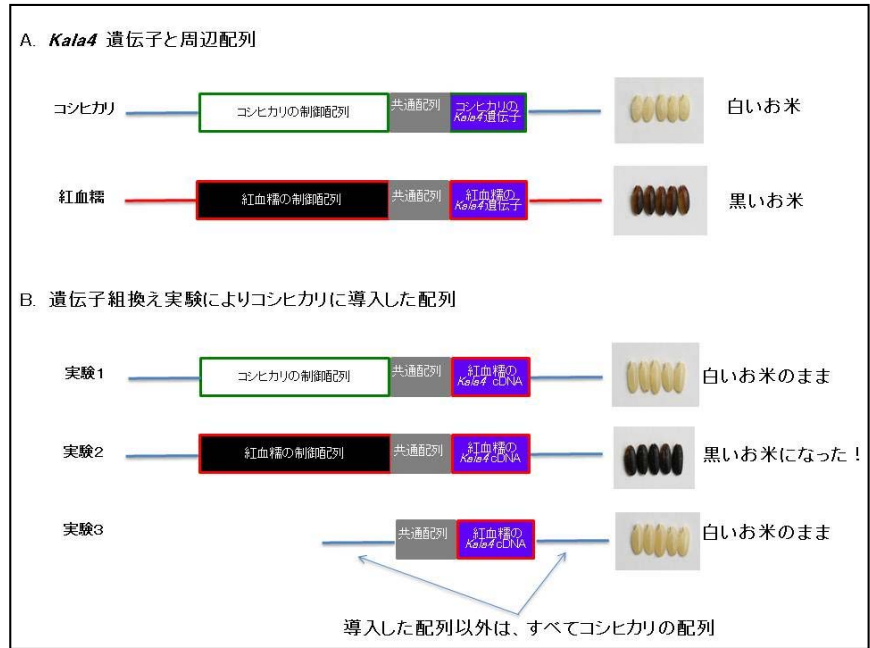
[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. *Kala4* 遺伝子のお米を黒くするために必要な制御配列（約 5,000 塩基対）のみを、白いお米の品種に導入することで、既存の品種を紫黒米にすることが可能になる。つまり、好みのブランド米の味をそのままに、紫黒米に含まれる抗酸化物質等を含む健康に良いお米の育種が容易になる。
2. 紫黒米形質を強くするには、*Kala1* 遺伝子座と *Kala3* 遺伝子座の機能も関与する。*Kala1* 遺伝子は、アントシアニン生合成系の遺伝子で、白米で機能を失っていることが多い *DFR* 遺伝子であると考えられている。*Kala3* 遺伝子は未同定である。
3. コシヒカリ背景では、富山県により、*Kala4* 遺伝子等を紫黒米から導入した「黒むすび」という品種がすでに開発され、商業栽培が始まっている。

[具体的データ]

遺伝学的に紫黒米形質の原因が存在するゲノム領域には、bHLH 型の転写因子をコードする遺伝子が存在し、この遺伝子が *Kala4* 遺伝子であると考えられた。右図の A に示したように、紫黒米品種「紅血糯」の *Kala4* 遺伝子は、その働きを制御する領域に約 11,000 塩基対の挿入配列が存在した。挿入配列の一部（約 5,000 塩基対；黒で示した部分）を白米である親品種に導入したところ、B に示したように、白米品種につくお米が黒くなった。これにより、制御領域への挿入変異が *Kala4* 遺伝子の働き方を変え、多くの組織で転写され、果皮では、アントシアニン合成酵素遺伝子群を活性化し、それにより、紫黒米が誕生したことが明らかになった。

また、各種の紫黒米系統を調べたところ、熱帯ジャポニカ種で起こった挿入変異が、自然交配と選抜を繰り返しながら、インディカ種に移入したことが明らかになった。（右図；黄色がジャポニカ種由来、青色がインディカ種由来）



[その他]

研究課題名：イネの栽培化におけるゲノムアダプテーション

中期計画課題コード：2-11

研究期間：2010～2014 年度

研究担当者：及川鉄男、小口太一、田部典子、井澤毅、江花薫子、矢野昌裕、前田寛明（富山県農林水産総合技術センター・農業研究所）、山口琢也（同）、蝦谷武志（同）

発表論文等：

1) Oikawa T, Maeda H, Oguchi T, Yamaguchi T, Tanabe N, Ebana K, Yano M, Ebitani T, Izawa T (2015) The birth of a black rice gene and its spread by introgression *The Plant Cell* 27:2401-2414

(<http://www.nias.affrc.go.jp/press/2015/20150914/>)

[主な研究成果名] 『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

[要 約] 幼若ホルモンは昆虫に特有のホルモンで、昆虫の脱皮・変態などを制御している。幼若ホルモンの生合成・受容体遺伝子を壊したカイコを作出・解析し、幼若ホルモンが新たな農薬のターゲットとして有望であることを示した。

[キ ー ワ ー ド] 幼若ホルモン、カイコ、農薬、害虫

[担 当] 生物研 昆虫科学研究領域 昆虫成長制御研究ユニット、
遺伝子組換え研究センター 遺伝子組換えカイコ研究開発ユ
ニット

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

環境や人体によりやさしく、害虫だけに作用するような新しい殺虫剤の開発が求められている。昆虫にしかない「幼若ホルモン」を抑える薬剤は、このような新しい殺虫剤の有力候補の一つである。昆虫の幼虫は脱皮をくり返して大きくなり、十分に大きくなると蛹へと「変身(変態)」する。更に蛹はもう一度変態して成虫になる。「幼若ホルモン」は蛹への変態を抑えることが知られており、薬剤によってこのホルモンの機能を抑えることで、害虫の成長を乱し、効果的な害虫防除が可能になると考えられている。これまで生物研は、幼若ホルモンが働く仕組みを研究してきた。平成24年には、早く蛹化する突然変異体「2眠蚕」を詳しく調べ、2眠蚕は幼若ホルモンの合成酵素の1つである「CYP15C1」を作る遺伝子が不活性化されているために、幼若ホルモンをほとんど作れないことを発見した(平成24年3月のプレスリリース「カイコの子への変態を抑制する遺伝子を発見」)。しかし、2眠蚕の一部は成虫になるため、CYP15C1は農薬のターゲットとしてはやや不十分であると考えていた。そこで今回、幼若ホルモンが働くために必要な別の遺伝子2種類に注目し、成虫への変態を完全に阻害できるターゲットを見つけることを目指した。

[成果の内容・特徴]

1. 幼若ホルモンの合成酵素の一つである「JHAMT」、および細胞内で幼若ホルモンに結合して働く「MET1」というタンパク質(受容体)の遺伝子を標的とした改変技術により、それぞれ、幼若ホルモンを「作れないカイコ」と「働かないカイコ」を作出した。
2. カイコの子は通常、幼虫のまま4回脱皮を繰り返す、5回目の脱皮で蛹に変態する。今回作出した「幼若ホルモンを作れないカイコ」(JHAMT 遺伝子の働きを止めたカイコ)は、幼若ホルモンがないにもかかわらず、2回の子脱皮を行(図1)、3回目の脱皮で小さな蛹(小さなマユを作る)になった(図2)。さらに、これらのカイコの子の発育は蛹で停止し、成虫にはなれなかった。
3. また「幼若ホルモンの受容体が機能しないカイコ」(MET1 遺伝子の働きを止めたカイコ)は、2回目までの子脱皮を行ったが、その後致死し、成虫にはなれなかった(図1)。
4. 本研究の成果により、「JHAMT」および「MET1」という2つのタンパク質の阻害剤は、チョウ目害虫の子に対して同様な効果をもつことが予想され、農薬開発のターゲットとして有望なことが明らかになった。
5. 本研究はまた、幼若ホルモンがなくても幼虫が2回目までは脱皮できることを証明した。これまで「蛹への変態を抑えるには幼若ホルモンが必須」としていた定説を覆す、画期的な発見である。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. 「JHAMT」および「MET1」タンパク質は、カイコが属するチョウ目の大害虫である、ハスモンヨトウやコナガ等で同じ働きをするタンパク質と構造が大変よく似ている。そこで、ハスモンヨトウなどの同タンパク質遺伝子を用いて、これらのタンパク質の働きを阻害する薬剤の開発を進めている。この薬剤はチョウ目だけに作用することから、環境や人にやさしい農薬として利用できる予定である。

[具体的データ]



図1. 幼若ホルモンを作れないカイコ（左）と通常のカイコ（右）の繭と蛹。
前者は3齢幼虫に達した後不完全な蛹変態を起こし、致死する。

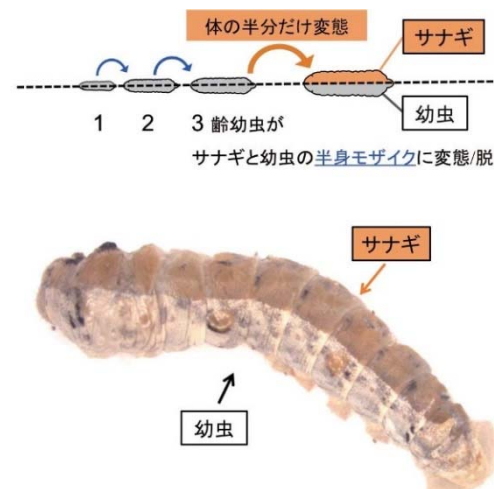


図2. 体の半分だけで幼若ホルモン受容体遺伝子を壊したカイコ。幼若ホルモン受容体が機能しない半身（この個体では右半身）では、3齢から4齢幼虫へと脱皮する際に蛹へと早熟変態してしまう。

[その他]

研究課題名：遺伝子ノックアウト技術で拓く幼若ホルモン研究の新展開

中期計画課題コード：2-12

研究期間：2013～2015年度

研究担当者：大門高明、内堀美和、中尾肇、瀬筒秀樹、篠田徹郎

発表論文等：

- 1) Daimon T, Uchibori M, Nakao H, Sezutsu H, Shinoda T (2015) Knockout silkworms reveal a dispensable role for juvenile hormones in holometabolous life cycle *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112(31):E4226-E4235

- [主な研究成果名] 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
- [要 約] ハチ目昆虫において発生段階を通して有効な遺伝子ノックダウン法を確立し、精巣特異的に発現する、精子形成に必須の遺伝子の機能を明らかにした。また、TALEN を用いてハチ目昆虫で初めて任意の標的遺伝子をノックアウトできる系を確立した。
- [キ ー ワ ー ド] RNAi、ゲノム編集、ノックアウト、TALEN、遺伝子機能解析、精子形成
- [担 当] 生物研 昆虫科学研究領域 昆虫成長制御研究ユニット
遺伝子組換え研究センター 遺伝子組換えカイコ研究ユニット
- [分 類] 知的貢献、技術開発
-

[背景・ねらい]

ハチ目には受粉昆虫（ハナバチ類）や寄生蜂のような有用種、ハバチ類のような作物害虫など多くの重要な農業昆虫が含まれる。いくつかの種では全ゲノム配列が解析されている。これらの情報を活用してハチ目に特異的な遺伝子の機能を解析し、利用するためには遺伝子発現を制御する、すなわち、発現誘発、発現阻害、さらに特定の遺伝子を標的にしたゲノム改変などの技術が必要である。そこで、ハチ目害虫のモデルとして開発し、遺伝子組換え技術を確立しているカブラハバチにおいて、RNAi を利用した効果的な遺伝子発現阻害（ノックダウン）と、ゲノム編集に利用されている TALEN (transcription activator-like effector nuclease) を用いた遺伝子破壊（ノックアウト）ができる実験系の確立をめざした。さらにこれらの技術が、生殖制御に利用可能なハチ目特有の精子形成に関わる遺伝子の機能解析に有効かどうかを検証した。

[成果の内容・特徴]

1. 全身で緑色蛍光蛋白質（EGFP）を発現する遺伝子組換え系統を用い、卵、幼虫、前蛹、蛹、および成虫で EGFP 遺伝子に対する二本鎖 RNA (dsRNA) を注入することにより RNAi を誘発し、ほぼすべての発生段階で効果的な遺伝子ノックダウン系を確立した（図 1 A）。
2. 雌親への dsRNA 注入 (parental RNAi) は、非常に高効率（ほぼ 100%）で初期発生に関わる遺伝子のノックダウンが可能である（図 1 B）。
3. RNAi による遺伝子ノックダウン法を利用して、精巣特異的に発現する *boule*(*boI*) 遺伝子の機能を解析した。RNAi により *boI* 遺伝子の発現が効果的に阻害され（図 2 A）、精子がまったく形成されず雄不妊となった（図 2 B）。一方、卵形成や雌の妊性には全く影響がなかった。通常雄が半数体で、減数分裂を経ずに精子を形成するハチ目昆虫においても、*boI* 遺伝子は精母細胞の成熟分裂の開始と精子分化に不可欠であることを明らかにし、半数体の生物で *boI* 遺伝子の機能を解明した初めての例となった。
4. 眼特異的に EGFP 遺伝子が発現する遺伝子組換え系統を用い、EGFP の蛍光発色団を標的とした TALEN を作成して卵に注入し、標的遺伝子のノックアウトに成功した。TALEN 注入当代で EGFP 遺伝子が破壊された細胞をもつ体細胞モザイクが出現した（図 3 A）。17-18%の TALEN 注入当代から遺伝子がノックアウトされた子孫が得られ、これまでに成功例が示されている他の昆虫と遜色のない効率で標的遺伝子への変異挿入（遺伝子ターゲティング）が可能になった。ハチ目昆虫で遺伝子ターゲティングに成功した最初の例である。
5. TALEN により生じた標的配列の切断と修復には、マイクロホモロジー介在による修復機構が働いていることが明らかになり（図 3 B）、標的配列に任意の遺伝子を挿入すること（遺伝子ノックイン）が比較的容易にできる可能性が示唆された。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. 今後のゲノム解析の進展に伴って、ハチ目昆虫での遺伝子機能解析が飛躍的に進展すると期待される。
2. ゲノム編集法の確立により、遺伝子組換えとは異なる方法での昆虫の機能改変が可能になることから、有用形質を付与して機能強化した受粉昆虫や天敵寄生蜂の作出および系統化、あるいは不妊化等による有害種の遺伝的無害化への応用が期待される。

[具体的データ]

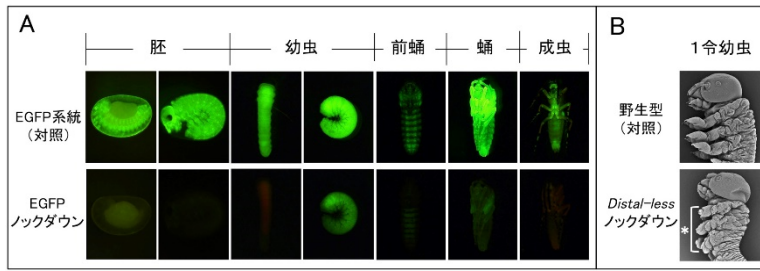


図1 カブラハバチにおける RNAi による遺伝子ノックダウン系の確立

(A) 全身で EGFP 蛍光を発する組み換え系統の個体 (上段) と、EGFP 遺伝子に対する二本鎖 RNA の注入により、ほぼすべての発生段階で EGFP 蛍光が消えた個体 (下段)。

(B) 野生型 (正常) の孵化直後の幼虫

(上段) と、雌親への *Distal-less* 遺伝子の二本鎖 RNA 注入により、胸脚先端部 (*) が特異的に欠失したノックダウン個体 (下段)。

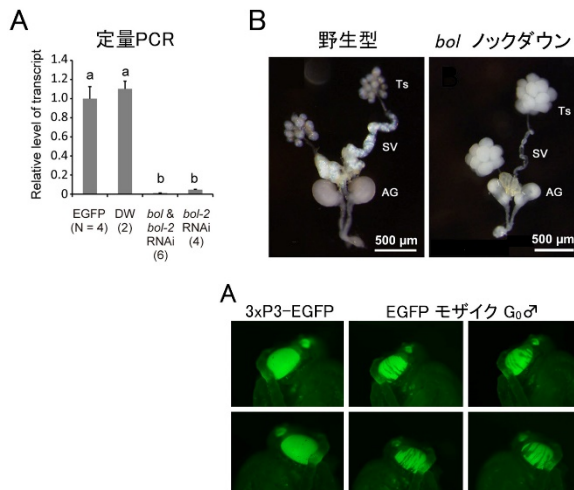


図2 遺伝子ノックダウンを利用した *bol* 遺伝子の機能解析

(A) *bol* 遺伝子の二本鎖 RNA を注入によりすると、EGFP 遺伝子の二本鎖 RNA 注入 (対照) や蒸留水注入と比べて有為に *bol* 遺伝子の発現が阻害された。(B) *bol* 遺伝子ノックダウン個体の貯精囊 (SV) には全く精子ができない。

図3 カブラハバチにおける TALEN による遺伝子ノックアウト系の確立

(A) 眼特異的に EGFP 遺伝子を発現する組み換え系統 (3xP3-EGFP) と、蛍光発色団を標的とした TALEN を注入して眼の EGFP 蛍光がモザイク状になった注入当代個体 (EGFP モザイク G₀♂)。(B) TALEN 注入によって生じた EGFP 遺伝子の欠失。塩基配列の左に欠失した塩基数、右にそれぞれの欠失配列を持つ個体数を示す。四角で囲んだ塩基はマイクロホモロジー配列。

[その他]

研究課題名：昆虫の発生分化・生殖等の制御機構の解明

中期計画課題コード：2-12

研究期間：2013～2015 年度

研究担当者：畠山正統、関根一希、古澤軌、笠嶋 (炭谷) めぐみ、高須陽子、瀬筒秀樹、吉山直利 (信州大)、東城幸治 (信州大)、弥富丈一郎 (名古屋大) 新美輝幸 (名古屋大)

発表論文等：

- Hatakeyama M, Yatomi J, Sumitani M, Takasu Y, Sekiné K, Niimi T, Sezutsu H (2015) Knockout of a transgene by transcription activator-like effector nucleases (TALENs) in the sawfly, *Athalia rosae* (Hymenoptera) and the ladybird beetle, *Harmonia axyridis* (Coleoptera) *Insect Molecular Biology* doi: 10.1111/imb.12195.
- Sekiné K, Furusawa T, Hatakeyama M (2015) The *boule* gene is essential for spermatogenesis of haploid insect male *Developmental Biology* 399(1): 154-163.
- Yoshiyama N, Tojo K, Hatakeyama M (2013) A survey of the effectiveness of non-cell autonomous RNAi throughout development in the sawfly, *Athalia rosae* (Hymenoptera) *Journal of Insect Physiology* 59(4): 400-407.

[主な研究成果名] 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

[要 約] 抵抗性誘導剤はいもち病に高い効果を発揮するが、低温ではその効果が弱くなり、いもち病の被害が拡大する。その仕組みを解明し、原因となる酵素の抑制によって、低温でも抵抗性誘導剤が高い効果を発揮し、いもち病を防げることを突き止めた。

[キ ー ワ ー ド] イネ、いもち病、抵抗性誘導剤、低温

[担 当] 生物研 遺伝子組換え研究センター 耐病性作物研究開発ユニット

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

いもち病は稲作で最も深刻な被害をもたらす病害であり、冷害の年には、低温によってその被害が拡大する。近年では、1993年及び2003年の冷害年には、それぞれ7%および4%の米作がいもち病によって失われ、被害額は700億～1200億円に上った。いもち病の予防法として抵抗性誘導剤の散布が有効であるが、低温では、抵抗性誘導剤を散布してもその効果が十分発揮できず、いもち病の被害が拡大することが知られている。その原因として、低温によりアブシジン酸 (ABA) が生じることが関係することが推測されていたが、詳細は不明であった。本研究では、この現象の分子機構を明らかにすることを目指した。

[成果の内容・特徴]

1. 昼間15℃、夜9℃の低温条件では、イネいもち病に対する抵抗性誘導剤の発病抑制効果が著しく損なわれることがわかった (図1)。また低温の代わりにイネをABA処理しても同様に抵抗性誘導剤のいもち病発病抑制効果が損なわれることがわかり (図1)、低温によって生じるABAが抵抗性誘導剤の効果低減をもたらすことが示唆された (図2)。
2. 抵抗性誘導剤は、転写因子WRKY45の活性化および発現誘導によって強いいもち病抵抗性を誘導することをこれまでに突き止めていた (図2)。本研究により、低温やABAによる抵抗性誘導剤のいもち病抑制効果の低減は、WRKY45の不活性化および発現低下によることがわかった (図2)。
3. 低温によるWRKY45の不活性化および発現低下に、タンパク質脱リン酸化酵素であるPTPが関与していることを見出した (図2)。また、PTPの遺伝子の発現をRNAi法によって抑制することにより、低温やABA処理によるWRKY45の不活性化および発現低下が防げることを見出した (図1、2)。
4. PTP遺伝子の発現を抑制したイネは、低温暴露やABA処理後でも、抵抗性誘導剤によって強いいもち病抵抗性が誘導された (図1、2)。
5. 低温だけでなく高塩濃度 (250 mM NaCl) でも抵抗性誘導剤のいもち病抑制効果が低減することがわかった (図1)。しかしながら、PTP遺伝子の発現を抑制したイネは、高塩濃度条件下でも抵抗性誘導剤の効果が低減せず、強いいもち病抵抗性を示した (図1)。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. ゲノム編集等によってPTP遺伝子を破壊することにより、低温でも抵抗性誘導剤が高いいもち病抵抗性予防効果を発揮できるイネの作出が期待される。
2. PTPの特異的阻害剤をデザインし、これを抵抗性誘導剤と共に散布することにより、低温でも高いいもち病抵抗性予防効果が得られると期待される。
3. PTP遺伝子の抑制による不都合な副作用は今のところ認められないが、遺伝子破壊や阻害剤に

よって副作用が表れる可能性は否定できないので留意が必要である。

[具体的データ]

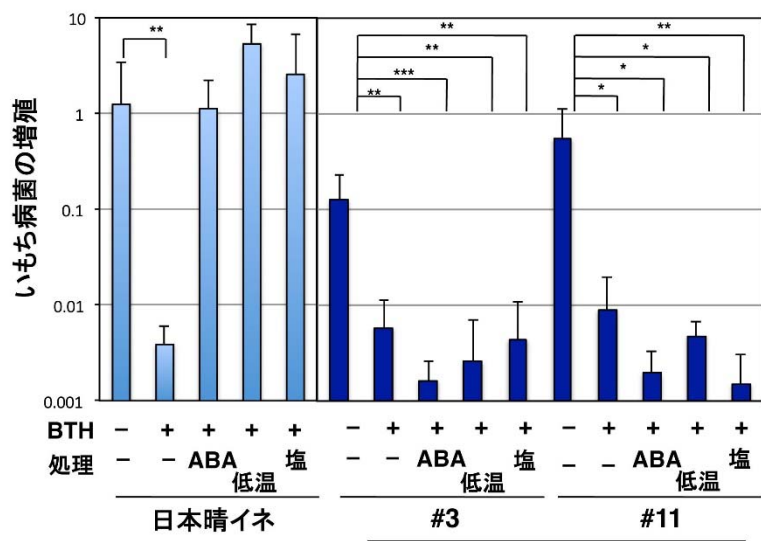
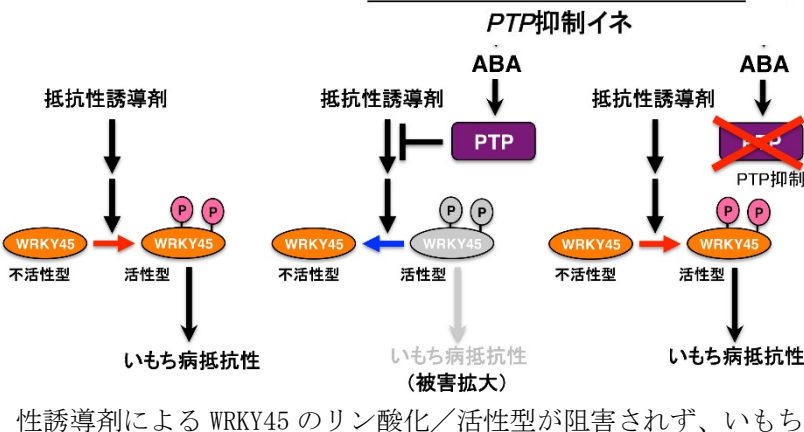


図1. BTHによるイネいもち病抑制効果に対するABA、低温、塩の影響とそれらに対するPTP抑制の効果
非形質転換日本晴イネおよびPTP抑制イネ(#3, #11)をBTH (10 μM, 1日)、ABA (10 μM, 1日)、低温(昼15℃、夜9℃、2日)、塩(250 mM NaCl, 4日)処理し、いもち病菌を噴霧接種した後、8日後にいもち病菌の28SリボソームDNAを定量した。



[その他]

研究課題名：作物の感染応答機構の解明

中期計画課題コード：2-22

研究期間：2011～2015年度

研究担当者：高辻博志、上野宜久、吉田理一郎、加星(岸)光子、松下茜、姜昌杰、後藤新悟、高橋章、廣近洋彦

発表論文等：

- 1) Ueno Y, Yoshida R, Kishi-Kaboshi M, Matsushita A, Jiang C-J, Goto S, Takahashi A, Hirochika H, Takatsuji H (2015) Abiotic stresses antagonize the rice defence pathway through the tyrosine-dephosphorylation of OsMPK6 *PLoS Pathogens* 11(10):e1005231
- 2) Ueno Y, Yoshida R, Kishi-Kaboshi M, Matsushita A, Jiang C-J, Goto S, Takahashi A, Hirochika H, Takatsuji H (2013) MAP kinases phosphorylate rice WRKY45 *Plant Signaling & Behavior* 8(6):e24510
- 3) 病害抵抗性を有する植物及びその生産方法，発明者（国立研究開発法人 農業生物資源研究所：高辻博志、上野宜久、吉田理一郎、姜昌杰）、出願番号：特願2014-234121

[主な研究成果名] 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

[要 約] 天敵昆虫ナミヒメハナカメムシの光に対する応答反応を調査し、紫色光（405 nm）に対する強い選好性を発見した。紫色光は、一般に昆虫にとって見えにくい波長であることから、本成果は、天敵昆虫のみを誘引する資材へ応用することが可能である。

[キ ー ワ ー ド] 天敵昆虫、光防除、紫色光、LED、総合的害虫管理（IPM）

[担 当] 生物研 昆虫科学研究領域 昆虫相互作用研究ユニット

[分 類] 技術開発

[背景・ねらい]

害虫の薬剤抵抗性発達や食品の安全性への懸念から、合成化学農薬による害虫防除の代替法として、天敵昆虫を利用した生物的防除への期待が高まっている。天敵昆虫のナミヒメハナカメムシは、アザミウマやハダニなどの微小な害虫に対する天敵として利用が期待されている（図 1）。本種は、日本全国にごく普通に分布しているので、農地へ誘引し、農作物の上で定着させることができれば、生態系への影響が少ない生物的防除資材として利用性を大幅に向上させることができる。私たちは、害虫の誘引・捕獲に利用されている、昆虫の光応答反応（走光性）を応用することで、ナミヒメハナカメムシを農地へ誘引・定着できないかと考え、本種の光への応答特性を調査した。

[成果の内容・特徴]

1. ナミヒメハナカメムシへ、本種の可視光域をカバーする 6 種の異なる波長の LED（360 ~ 660 nm）を提示すると、405 nm にピークを持つ紫色光に対して、強く誘引されることを明らかにした（図 2）。
2. 交尾を経験した本種のメスは紫外光への高い誘引性を示したが、紫外光（UV）をカットすることにより、紫色光への誘引性を大幅に増強できることを見出した（図 2）。このことは、施設栽培においては、紫外線カットフィルムなどの既存資材と、本発見を組み合わせることで、誘引効果を増強できることを示している。
3. 一般に多くの昆虫は、紫外光や緑色光へ誘引されることが知られており、紫色光は見えにくい光である。そのため、本発見は、害虫の誘引に対しては効果が小さく、ナミヒメハナカメムシの誘引に対してのみ最大の効果を発揮する資材開発へつながる発見である。
4. これまでに、民間企業と共同で、紫色光のリース状照射装置を開発した。本装置の形状は、施設・露地両栽培で用いられる支柱などに固定しやすく、既存の農業資材と併用しやすいことが特徴である（図 3）。ナス圃場で行った照射装置のパイロット試験では、害虫による加害痕のないナスが収穫できた（図 4）。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. 照明装置は、農薬登録の必要がないため、生物農薬や化学農薬に比べ迅速な現場実装が期待出来る。現場実装に向け、最適な照射時間や装置の設置規模を検討し、電力・設備コスト面での改善を行う。
2. 本研究により、害虫へは誘引効果が低く、天敵昆虫のみを効果的に誘引できる波長光の存在が明らかになった。国内で生物農薬として普及している天敵昆虫には、農作物上での定着性が低く、防除効果の持続性が問題になっているものがある。今後、それらに対しても、紫色光の有効性を確認する。
3. 本発見は、実用化に向け、引き続き企業と共同で開発を行っていく予定である。

[具体的データ]



図 1. 害虫のアザミウマ (左) を捕食する ナミヒメハナカメムシ (右)



図 3. 試作した紫色光照射装置のナス露地圃場における照射試験



図 4. 紫色光照射技術で栽培された害虫による加害痕のない無農薬ナス

[その他]

研究課題名：天敵や害虫の行動意志決定及び寄主選択・制御機構と昆虫系統間における遺伝的相互作用の解明

中期計画課題コード：2-25

研究期間：2012～2015 年度

研究担当者：霜田政美、上原拓也、前田太郎

発表論文等：

- 1) 荻野拓海, 上原拓也, 山口照美, 前田太郎, 野呂知加子, 霜田政美 (2015) ナミヒメハナカメムシ *Orius sauteri* の波長選好性 *日本応用動物昆虫学会誌* 59(1):10-13
- 2) 捕食性カメムシ類の誘引又は定着方法, 発明者 (国立研究開発法人 農業生物資源研究所: 霜田雅美、上原拓也)、出願番号: 2015-151523

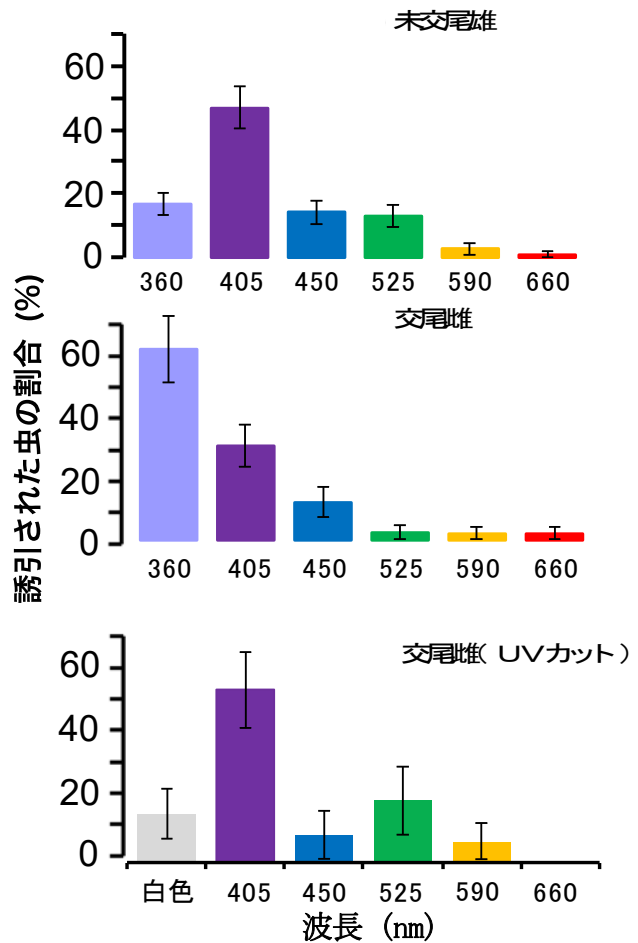


図 2. 各波長へのナミヒメハナカメムシの誘引率。ピーク波長 360、405、450、525、590、660 nm の LED は、それぞれヒトでは紫外、紫色、青色、緑色、橙色、赤色に知覚される。

【主な研究成果名】 簡単に使えて、きれいに治せる絆創膏型人工皮膚の開発

【要 約】 新素材「アテロコラーゲン**ビトリゲル**[®]膜」を使って、絆創膏型人工皮膚を開発した。この絆創膏型の人工皮膚をマウスの創部に貼付する動物実験では、創部が再生に適した環境となり、上皮化が促進されるとともに治癒後の癒痕形成が抑制される効果を確認した。開発した絆創膏型の人工皮膚は、簡単に使えて、創部をきれいに直し、長期保存も可能であることから、医療現場で即戦力となる医療機器としての製品化が期待される。

【キーワード】 コラーゲン、**ビトリゲル**[®]、人工皮膚、再生医療

【担 当】 生物研 動物科学研究領域 動物生体防御研究ユニット

【分 類】 技術開発、生物産業

【背景・ねらい】

熱傷など広範囲に皮膚の傷害を受けた場合、生体を外界と隔てるバリアが失われ、高度脱水や感染症により生命の危機に陥る。したがって、その治療にはバリア機能の回復が最も重要とされ、広い面積の皮膚組織が必要となる。現在、治療として非外傷部の皮膚を用いた植皮術や培養皮膚移植が行われているが、実施できる施設に制限があり、さらに治療開始まで長い時間が必要となる。また、傷口に皮膚が再生しても、その部分が隆起し癒痕をつくることがしばしばあり、問題になっている。一方、これまで皮膚の再生医療に使われてきたコラーゲンはスポンジ状やゲル状で線維の密度が低いため、柔らかく取扱いが難しかった。本研究では、コラーゲン線維が高密度で、薄くても丈夫で皮膚組織に定着しやすい新素材「アテロコラーゲン**ビトリゲル**[®]膜」を使って、上述の課題を克服する絆創膏型人工皮膚の開発を目指した。

【成果の内容・特徴】

1. 高密度コラーゲン線維の新素材「コラーゲン**ビトリゲル**[®]膜」を再生医療用素材として実用化するためには、移植部位に適した強度を有することのみならず、移植後に副作用を起こさない原料から作製することも重要である。そこで、ブタのアテロコラーゲンとウシ血清を含まない無血清培養液から、生体適合性に優れた医療用素材としての「アテロコラーゲン**ビトリゲル**[®]膜」を作製した。
2. アテロコラーゲン**ビトリゲル**[®]膜の乾燥体をプラスチックフィルムで支持し、粘着テープで固定することにより簡単に貼れる絆創膏型人工皮膚の開発に成功した（図1）。
3. 絆創膏型の人工皮膚をマウスの創部に貼付する動物実験（佐賀大学医学部にて実施）では、創部が再生に適した環境となり、上皮化が促進されるとともに治癒後の癒痕形成が抑制される効果を確認した（図2）。

【成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等】

1. 開発した絆創膏型人工皮膚は、簡単に使えて、組織病理学的に創部をきれいに直し、長期保存も可能である。
2. 広範囲の皮膚に傷害を受けた患者さんへの救急医療における適用を目指し、この絆創膏型人工皮膚の医療機器としての製品化に向けた開発が期待される。

「**ビトリゲル**[®]」は、国立研究開発法人農業生物資源研究所の登録商標です。

[具体的データ]

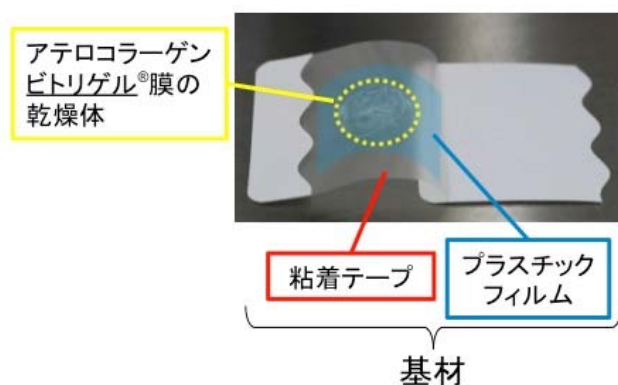


図1 絆創膏型人工皮膚

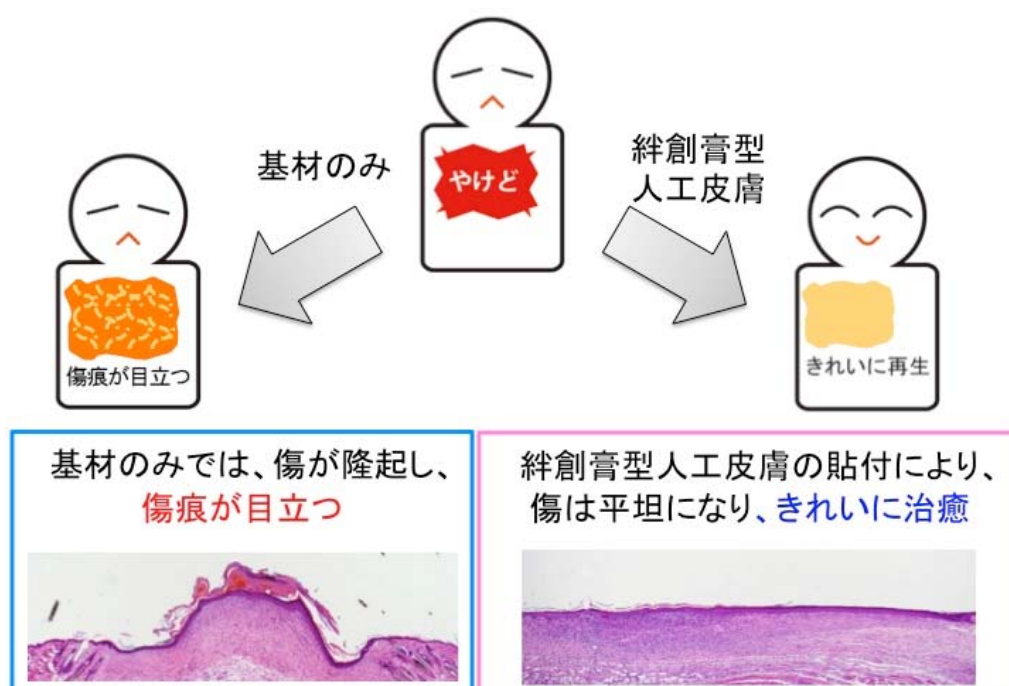


図2 マウスに絆創膏型人工皮膚を貼付した動物実験の結果

[その他]

研究課題名：牛等の動物由来の原料を用いた医療用新素材の開発

中期計画課題コード：2-26

研究期間：2011～2014年度

研究担当者：竹澤俊明、押方歩、青木茂久（佐賀大学）、平山博（祐徳薬品工業）、千室智之（関東化学）

発表論文等：

- 1) Aoki S, Takezawa T, Ikeda S, Narisawa Y, Oshikata-Miyazaki A, Miyauchi S, Hirayama H, Sawaguchi T, Chimuro T, Toda S. (2015) A new cell-free bandagetype artificial skin for cutaneous wounds. *Wound Repair and Regeneration* 23(6):819-829.
- 2) 竹澤俊明. (2015) 細胞の足場となる新素材「コラーゲンビトリゲル膜」の開発とその医薬学分野での実用化構想. *薬剤学* 75(6):344-353.

[主な研究成果名] イネにおける小胞体ストレス応答のネットワーク解明

[要 約] イネにおける小胞体ストレス応答を調節する主要な 2 経路を見出し、それらに制御される下流遺伝子群を網羅的に明らかにした。また、小胞体ストレス特異的に見られる分泌タンパク質遺伝子の mRNA 分解機構 (RIDD) についても明らかにした。

[キ ー ワ ー ド] イネ、組換えタンパク質、小胞体ストレス、相同組換え

[担 当] 生物研 遺伝子組換え研究センター 機能性作物研究開発ユニット

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

我々はこれまで、イネ種子(米)に生活習慣病やアレルギー疾患の予防、治療効果が期待される組換えタンパク質を蓄積させた、健康機能性米の開発を進めてきた。機能性米の開発において重要なのは有効成分の蓄積量であり、高いほど、少量、短期間投与での効果が期待できる。我々はこれまで多くの外来タンパク質をイネ種子中へ高蓄積させてきた。しかし、組換えタンパク質によっては殆ど蓄積しなかったり、組換えタンパク質自体の悪影響で種子品質が低下した結果、米収量としては減少する場合もあった。

我々は、上記の問題の原因が小胞体ストレスであることを突き止めた。小胞体ストレスとは、小胞体において異常と見なされたタンパク質の集積により負荷がかかった状態を指し、その結果、原因タンパク質の分解、翻訳抑制、転写物分解 (RIDD)、細胞死等がストレス強度段階的に誘導される (小胞体ストレス応答)。小胞体ストレスを人為的に回避すれば、種子品質低下や収量低下を防ぐとともに、組換えタンパク質の安定的高蓄積が期待できることから、イネにおける小胞体ストレス応答の調節機構について研究を開始した。

[成果の内容・特徴]

1. 動物、酵母における先行研究から、小胞体ストレス調節に関わる遺伝子群の候補から、*OsIRE1/OsbZIP50* 経路および *S1P・S2P/OsbZIP39・OsbZIP60* のイネ小胞体ストレス調節に関わる主要な 2 経路を見出した (図 1)。
2. *OsbZIP50* が、通常時は mRNA レベルで不活性化されており、小胞体ストレス時では *OsIRE1* タンパク質による従来型とは異なる新規スプライシングとフレームシフトによって核移行シグナルを獲得して活性化されること、活性型 *OsbZIP50* が自身の転写活性を高め、小胞体ストレス関連遺伝子群の転写を強く活性化することを明らかにした (図 1)。
3. クロマチン免疫沈降を用い、小胞体ストレス応答関連遺伝子プロモーターにおいて、動物、酵母、アラビドプシスには見られないイネ特異的な新規シス因子を見出した。
4. *OsIRE1* 内に存在するキナーゼドメイン又は RNase ドメインを不活性化したミスセンス変異体 (K519A および K833A) イネを相同組換え系を用いて作出し、前者は致死となること、後者は通常の生育は野生型と変わらないものの、小胞体ストレス時の *OsIRE1/OsbZIP50* 経路は完全に遮断されることを示した。また、K833A 変異体の RNA seq 解析から、小胞体ストレス応答関連遺伝子群について、①*OsIRE1/OsbZIP50* 経路依存的に発現する遺伝子群、②*S1P・S2P/OsbZIP39・OsbZIP60* 依存的に発現する遺伝子群、③両方の経路により、冗長的に発現する遺伝子群に分類された。
5. *OsIRE1/OsbZIP50* 依存的に発現調節される *OsBiP4* と *OsBiP5* タンパク質の特異的抗体は、immunoblot によってイネ細胞中の小胞体ストレスレベルを推定可能な簡易ツールとして有効であった。
6. 小胞体ストレス応答のひとつとして、IRE1 依存的 mRNA 分解 (RIDD) が知られている。イネにおける RIDD について、K833A 変異体を活用して調査を進めたところ、小胞体ストレス時に、一

部の分泌タンパク質や種子貯蔵タンパク質遺伝子の mRNA が、OsIRE1 依存的に分解されていることを明らかにした。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. OsbZIP50の転写活性化様式をはじめ、植物の小胞体ストレスに関して、植物分野では世界で先駆けて詳細な分子メカニズムを明らかにした。
2. この研究でおこなわれた、相同組換えによるミスセンス変異導入による遺伝子の機能解析は、植物分野で実施されるのは世界初であり、この点からも価値が高い研究である。
3. 本研究の成果は、イネ小胞体ストレス応答の人為的制御の為の基盤情報を提供し、イネ種子における任意の組換えタンパク質の安定的高蓄積等の応用面に活用できる。

[具体的データ]

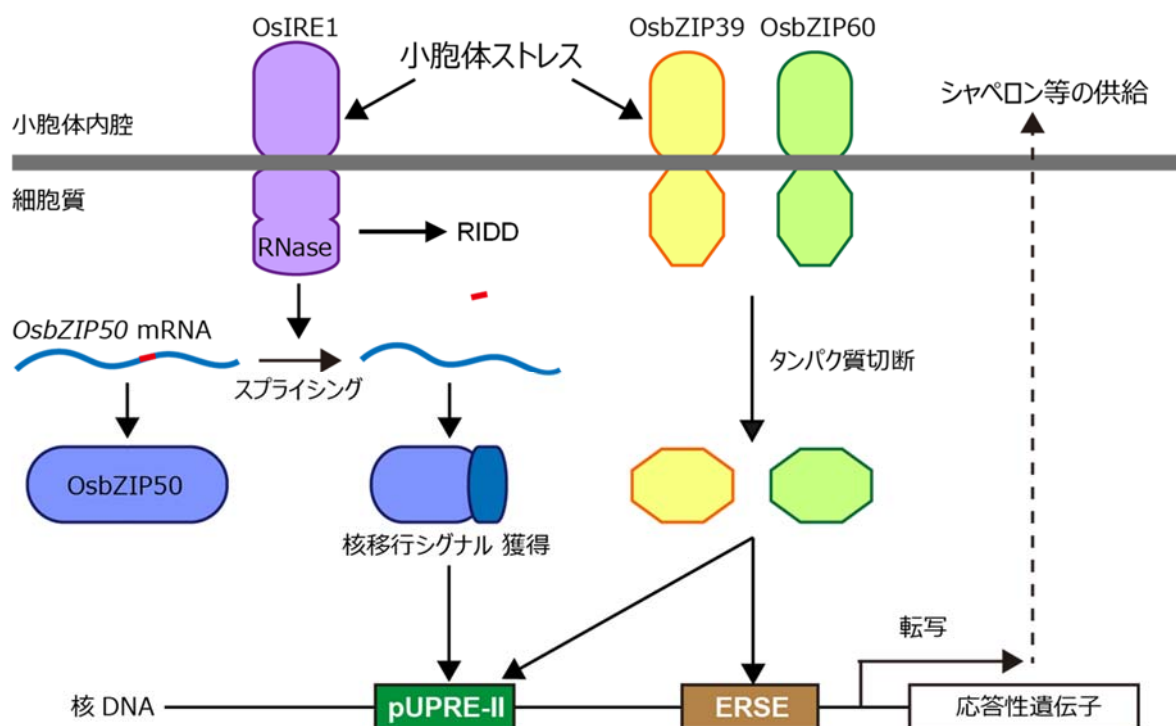


図 1 本研究で明らかにしたイネ小胞体ストレスシグナルネットワーク経路。

[その他]

研究課題名：イネ種子を用いた高度有用物質生産技術の開発

中期計画課題コード：3-01

研究期間：2011～2015 年度

研究担当者：若佐雄也、林 晋平、大野陽子、小沢憲二郎、高岩文雄

発表論文等：

- 1) Wakasa Y, Hayashi S, Takaiwa F (2012) Multiple roles of the ER stress sensor IRE1 demonstrated by gene targeting in rice. *Scientific Reports* 2:944
- 2) Wakasa Y, Oono Y, Yazawa T, Hayashi S, Ozawa K, Handa H, Matsumoto T, Takaiwa F (2014) RNA sequencing-mediated transcriptome analysis of rice plants in endoplasmic reticulum stress conditions *BMC Plant Biology* 14:101
- 3) Hayashi S, Wakasa Y, Ozawa K, Takaiwa F (2016) Characterization of IRE1 ribonuclease-mediated mRNA decay in plants using transient expression analyses in rice protoplasts. *New Phytologist* (early view)

[主な研究成果名] 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

[要 約] カイコの中部絹糸腺では転写因子 *Antennapedia* が、後部絹糸腺では転写因子 *Arrowhead* が、それぞれ主要な絹タンパク質遺伝子の転写制御に機能していることを見出した。本成果は組換えカイコによる高機能シルク等の生産の制御に利用可能である。

[キ ー ワ ー ド] 絹糸腺、有用物質生産、遺伝子組換えカイコ、転写制御

[担 当] 生物研 遺伝子組換え研究センター 遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット、
農業生物先端ゲノム研究センター 生体分子研究ユニット

[分 類] 知的貢献

[背景・ねらい]

カイコはタンパク質生産能力が高く、検査薬・医薬品・化粧品等に使われる有用タンパク質の生産に向いている。特に絹タンパク質の生産を担う組織である絹糸腺は大量のタンパク質を作る能力があり、遺伝子組換えカイコにより絹糸腺で生産させたヒトコラーゲンはすでに市販もされている。また、シルクに様々な機能を付加した高機能組換えシルク（蛍光シルク、クモ糸シルク等）を生産するカイコの開発も進められている。しかしながら、現時点では生産量がまだ十分ではなく、コスト面において課題が残されている。生産量をさらに向上させるためには、絹糸腺が大量のタンパク質を生産できるメカニズムを理解する必要があるが、その仕組みはまだ明らかにされていない。そこで本研究では、カイコ絹糸腺における絹タンパク質遺伝子の発現制御機構の解析に取り組んだ。

[成果の内容・特徴]

1. カイコの中部絹糸腺では糊状のタンパク質である *Sericin* が大量に発現している。*sericin* 遺伝子の発現制御機構を明らかにするため、ホメオティック遺伝子 *Antennapedia* (*Antp*) の機能解析を行ったところ、*Antp* が *sericin* 遺伝子のプロモーターに結合することや、*Antp* を過剰発現させたカイコでは *sericin* 遺伝子の発現が誘導されることが見出された。このことから、*Antp* が *sericin* 遺伝子の発現誘導に機能していることが明らかになった。
2. *Antp* が *sericin* 以外の遺伝子発現を制御しているのかどうかを調べるため、*Antp* 過剰発現個体のプロテオーム解析を行った。その結果、Fh4 や Fh5 といった複数の主要な絹タンパク質が誘導されていることが分かった。さらに詳細な機能解析を行ったところ、*Antp* は直接これらの遺伝子のプロモーターに結合し mRNA レベルで発現を誘導していることが分かった (図 1)。以上から、*Antp* は中部絹糸腺で発現する複数の主要な絹タンパク質遺伝子の発現制御を担っていることが明らかになった (図 2)。
3. 後部絹糸腺においては、繊維タンパク質を構成するフィブロイン H 鎖、フィブロイン L 鎖、フィブロヘキサメリンタンパク質が大量に発現している。後部絹糸腺で発現する転写因子 *Arrowhead* (*Awh*) の機能解析を行った結果、*Awh* はこれら 3 つの遺伝子 (*h-fib*, *l-fib*, *fhx*) のプロモーターに結合しその転写を活性化していることが明らかになり、*Awh* が後部絹糸腺で主要な絹タンパク質遺伝子の発現を制御していることが示された (図 2)。

[成果の活用上の留意点、波及効果、今後の展望等]

1. 組換えカイコを用いて医薬品や化粧品を生産するにあたっては、セリシンプロモーターなど中部絹糸腺で機能するプロモーターが利用されている。*Antp* はこれらのプロモーターを活性化することができるため、例えば *Antp* を中部絹糸腺で過剰発現させたカイコを利用することで、導入し

た有用タンパク質遺伝子の発現量が上昇し、医薬品や化粧品の生産が効率化されることが期待される。

- 同様に、Awhを過剰発現させることで、フィブロインプロモーターなど後部絹糸腺で機能するプロモーターが活性化され、高機能組換えシルクを効率よく生産できることが期待される。

[具体的データ]

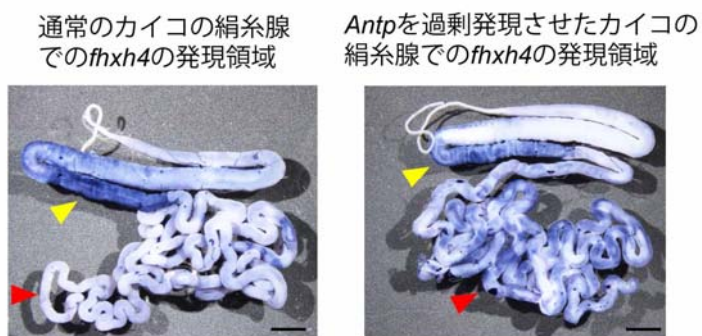


図1. *Antp*による *fhx4*遺伝子の発現誘導。写真は通常のカイコの絹糸腺(左)および *Antp*を過剰発現させたカイコの絹糸腺(右)での *fhx4*の mRNA の発現領域を *in situ* hybridizationにより調べたもので、青く染まっている部分が発現領域を示す。*fhx4*は中部絹糸腺で発現しており(黄色い矢頭)、さらに *Antp*を過剰発現させたカイコでは

後部絹糸腺でも発現している(赤い矢頭)。(右)スケールバーはそれぞれ0.3 cmを示す。

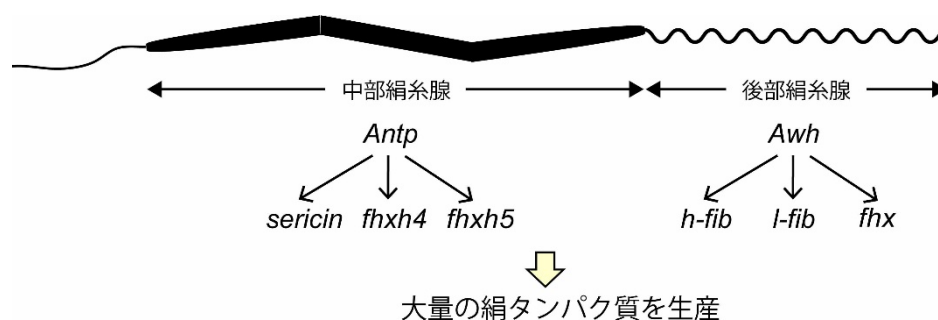


図2. 絹糸腺での *Antp* および *Awh* の働きを示した模式図。今回の解析により、*Antp* は中部絹糸腺で、*Awh* は後部絹糸腺でそれぞれ複数の主要な絹タンパク質遺伝子の発現を制御していることが明らかになった。

[その他]

研究課題名：遺伝子組換えカイコの開発技術の高度化

中期計画課題コード：3-02

研究期間：2012～2015年度

研究担当者：坪田拓也、富田秀一郎、内野恵郎、木本舞(北大)、滝谷重治(北大)、梶原英之、山崎俊正、瀬筒秀樹

発表論文等：

- Kimoto M, Tsubota T, Uchino K, Sezutsu H, Takiya S (2014) Hox transcription factor Antp regulates *sericin-1* gene expression in the terminal differentiated silk gland of *Bombyx mori* *Developmental Biology* 386(1):64-71
- Kimoto M, Tsubota T, Uchino K, Sezutsu H, Takiya S (2015) LIM-homeodomain transcription factor Awh is a key component activating all three fibroin genes, *fibH*, *fibL* and *fhx*, in the silk gland of the silkworm, *Bombyx mori*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 56:29-35
- Tsubota T, Tomita S, Uchino K, Kimoto M, Takiya S, Kajiwara H, Yamazaki T, Sezutsu H (2016) A Hox gene *Antennapedia* regulates expression of multiple major silk protein genes in the silkworm *Bombyx mori* *The Journal of Biological Chemistry* 291(13):7087-96

農業生物資源研究所が公開している
ホームページと主な知的基盤データベース等
一覧

農業生物資源研究所が公開しているホームページと主な知的基盤データベース等一覧

データベース等名称	平成27年度 アクセス数	担当ユニット等	データベース等の内容
<ホームページ> (http://www.nias.affrc.go.jp/)			
農業生物資源研究所 ウェブサイト	1,928,487	広報室	農業生物資源研究所(生物研)の公式ホームページです。内容は生物研の最新情報、研究分野ごとの研究概要、プロジェクト研究概要、公開データベース情報、知的所有権情報、公募・募集のお知らせ、プレスリリース、情報公開、生物研Q&A、問い合わせ窓口一覧等です。
<知的基盤データベース等> (http://www.nias.affrc.go.jp/database/)			
遺伝資源 (SSRマーカー情報、日本植物病名データベース、旧・蚕昆研コンテンツのアクセス数は、農業生物資源データベースのアクセス数の内数です)			
農業生物資源ジーンバンク (以下3件は内数)	8,087,749	遺伝資源センター	農業生物資源ジーンバンクの概要紹介、及び、保存している植物、微生物、動物遺伝資源を試験研究または教育用に利用していただくため、遺伝資源の来歴や特性を提供するサイトです。
アズキ・ケツルアズキのSSRマーカー情報	17,647	遺伝資源センター	アズキおよびケツルアズキの連鎖地図作成に用いたSSRマーカーのリストです。
日本植物病名データベース	2,146,398	遺伝資源センター	日本植物病理学会編集の日本植物病名目録を出典としたデータベースです。宿主名、病名、病原からの検索を行うことができます。
蚕糸関係遺伝資源データベース(旧・蚕昆研のコンテンツ)	182,064	遺伝資源センター	蚕糸関係遺伝資源データベースは、生物研が保存している蚕品種(在来種、突然変異種、および実用蚕品種)情報及び、必要とする特性から蚕品種の検索を行なう品種検索システムが利用可能です。また、保存している桑、昆虫培養細胞株のデータも含んでいます。
農林水産DNAバンク	2,365,969	ゲノムリソースユニット	農林水産DNAバンク(NIAS DNA Bank)は、農林水産省のプロジェクト研究から得られたイネ、カイコ及びブタゲノムの情報を公開しています。また、類似性検索やキーワード検索システムも提供しています。
ゲノムリソースセンター(RGRC)	115,341	ゲノムリソースユニット	イネゲノムリソースセンターは、グリーンテクノプロジェクトで得られた多様かつ貴重なゲノム研究材料を、国内外の多くの研究コミュニティに提供しているサイトです。
ゲノム情報統合データベース			
農林水産生物ゲノム情報統合データベース(AgrITOGO)	50,433	ゲノムリソースユニット	農林水産省委託プロジェクトで作成されたイネ、家畜、昆虫のゲノムデータベースを中心に一元管理しています。個々のデータベースの情報が効率的に閲覧できるようにデータベース間の有機的な連携・統合を図り、ユーザーの利便性の向上を図ったデータベースシステムです。
農畜産物ゲノム情報データベース(AgrID)	60,486	ゲノムインフォマティクスユニット	農畜産物の大量のゲノム情報を1か所で解析可能なデータベースです。大量の既存データを検索して研究に必要な情報を素早く発見し、これと、ユーザーが次世代シーケンサーから得た大量のデータを比較・解析することにより、ゲノム研究を行うための有用情報を得ることができます。また、その結果をバックアップを取りながら安全に保存することができます。
イネゲノム			
イネアノテーションデータベース(RAP-DB)	8,441,379	ゲノムインフォマティクスユニット	2004年にイネの全ゲノム塩基配列が決定された後、アノテーション会議を開催するなどして、専門家によって精査された高精度の遺伝子アノテーション情報を提供しています。NCBI、Gramene、アリゾナ大学などの外部データベースや機関と連携を図り、NCBIアノテーションやOMAPのBAC端配列のような外部データも順次取り入れています。
イネ統合ブラウザ(Rice TOGO Browser)	16,548,966	ゲノムリソースユニット	農林水産省委託プロジェクトで作成されたイネのゲノムデータベースを中心に一元管理しています。個々のデータベースの情報が効率的に閲覧できるようにデータベース間の有機的な連携・統合を図り、ユーザーの利便性の向上を図ったデータベースシステムです。
イネ遺伝子発現データベース(RiceXPro)	3,876,663	ゲノムリソースユニット	イネの生育過程を通して様々な器官・組織のサンプリングを実施し、マイクロアレイ解析によって遺伝子発現情報を収集しました。RiceXProはその遺伝子発現情報を公開するために構築されたデータベースです。現在、器官・組織網羅的遺伝子発現データ、及び田植えから刈取りまでの期間における定期的な葉の遺伝子発現データを閲覧することができます。このデータベースは、簡単な解析ツールも実装しているため、目的とする遺伝子の発現情報に容易にアクセスすることができるようになっています。
イネ遺伝子共発現データベース(RiceFRIEND)	687,676	ゲノムリソースユニット	イネ共発現解析データベースは、イネの発現情報を利用して遺伝子間ネットワークを調べることが可能なデータベースです。データセット毎にデータの正規化を行った後、1つに統合し共発現解析を実施して、具体的には、Weighted PCCsを算出し、さらにMutual Rank(MR)を算出して共発現性を示す指標としています。得られた結果は、HyperTree、Graphviz、CytoscapeWebの3通りの形式でグラフを閲覧できます。
圃場におけるイネ遺伝子発現データベース(Fit-DB)	838,975	植物生産生理機能研究ユニット	圃場におけるイネ(日本晴・農林8号)の葉の遺伝子発現データと、その変動の背景にある要因の統計モデリング解析結果のデータベースです。それぞれの遺伝子の発現が、気象条件(気温、日射量など)、概日時計、日齢からどのような影響を受けているかを調べることができます。また、逆に「気温の影響を受けている遺伝子」のような、様々な条件から遺伝子を検索することも可能です。

イネ完全長cDNAデータベース (KOME)	1, 429, 405	作物ゲノム研究ユニット	イネゲノムプロジェクトの一環として2000年1月から2003年9月末までに遂行された「イネ完全長cDNAプロジェクト」で収集、マッピング、意味づけされた約28,000の完全長cDNAクローンの情報を公開しています。
イネ遺伝子発現データベース (RMOS)	104, 710	作物ゲノム研究ユニット	約32,000存在するイネ遺伝子の網羅的発現解析を行うためにマイクロアレイ法という技術が1999年来立ち上げられていますが、その技術紹介と9,000、22,000、44,000の遺伝子を固定したマイクロアレイデータを紹介しています。
ミュータントパネルデータベース (Tos17)	8, 547, 834	ゲノムリソースユニット	農業生物資源研究所で作出された遺伝子破壊系統(5万系統)の表現型と破壊された遺伝子を整理したデータベースです。RAP-DBでアノテートされたすべてのイネの遺伝子情報も保持しており、それぞれの遺伝子の破壊部位と対応する系統、及び、その表現型情報が閲覧できます。33,000か所を上回る破壊部位情報が登録されており、種子が必要な場合は、系統のリンクよりゲノムリソースセンターへ分譲依頼ができます。
QTLアノテーションオンラインデータベース (Q-TARO)	772, 166	イネゲノム育種研究ユニット	イネのQTL研究に関した1,214件の論文から5,096件のイネQTL情報を抽出し、冗長性の少ない代表的QTL (463件の論文に由来する1,051件のQTL、2008年3月31日現在)として整理されたQTLデータベース(Q-TARO:QTL Annotation Rice Online)。加えて、イネの遺伝子機能が表現型と関連づけられた702の機能既知遺伝子(2012年3月31日現在)を、表現型、機能解析の方法およびゲノム位置の情報とともに整理した機能遺伝子情報データベース(OGRO: Overview of functionally characterized Genes in Rice Online database)もQ-TAROデータベースと同一のゲノムブラウザで構築されています。
シスエレメントモチーフ検索データベース (PLACE)	66, 432	ゲノムリソースユニット	高等植物遺伝子のプロモーター等の発現制御に関わる領域(シスエレメント)の塩基配列モチーフ(特定の塩基配列パターン)を論文から収集し、解説や文献などの情報を付加したデータベースです。キーワード検索機能、解析ツールSignalScanによる検索機能などを有します。
イネゲノムアノテーションデータベース (RiceGAAS)	12, 296, 585	ゲノムリソースユニット ゲノムインフォマティクスユニット	このシステムは、イネゲノムの自動アノテーションシステムです。このシステムは、タンパク質をコードする遺伝子構造の予測と解析を行う統合プログラムです。
イネプロテオームデータベース (Rice Proteome Database)	252, 247	作物研究所(畑作物研究領域)	イネの生育時期・器官特異的、および細胞内局在性を示すタンパク質群に関するデータベースです。二次元電気泳動上のタンパク質群の配列情報、分子量や等電点情報のみならず、検索機能も有しています。
イネミトコンドリアゲノム情報 (RMG information)	5, 375	遺伝資源センターゲノムリソースユニット	イネミトコンドリアゲノムの情報を公開しているページです。生物研と東京大学は2002年にイネのミトコンドリアゲノム全構造を決定し、その詳細と特徴について解説しています。単子葉植物で初めて、農作物で初めての例であり、イネの研究に加え、コムギ、トウモロコシなどの研究にも役立っています。
アフリカイネアノテーションデータベース (AfRiCA DB)	*	ゲノムインフォマティクスユニット	アフリカイネは乾燥、病気、害虫への抵抗性が強く、そのゲノム情報はアフリカ栽培イネとアジア栽培イネの両方の改良に貢献することが期待されます。本データベースではアフリカイネとアジアイネを塩基配列レベルで詳細に比較表示し、分子マーカーの情報を提供し、さらにはBLASTによる配列検索も可能にしています。
イネタンパク質構造データベース	18, 131	ゲノムリソースユニット	イネタンパク質構造データベースは、イネ、ソルガム、トウモロコシ、大麦、小麦、シロイヌナズナ、大豆のタンパク質357種の構造のデータベースです。また、イネのゲノムにコードされる全タンパク質の配列データを解析した結果をまとめたGTOPデータベースも含まれます。
植物ゲノム断片配列アノテーションパイプライン(Flowering Plant Gene Picker)	*	ゲノムインフォマティクスユニット	植物のゲノム断片配列アノテーションパイプライン(FPGP)は植物のゲノム断片配列を自動アノテーション(注釈づけ)するために開発されたウェブサービスです。1Mbp以下のゲノム配列に対して、完全長cDNAによる遺伝子構造予測とたんぱく質データベースを利用したアミノ酸配列の予測を行います。異なるデータに基づく遺伝子構造予測を基盤としていることから、転写産物情報が乏しい生物種のゲノム断片配列アノテーションに向いています。

昆虫ゲノム

カイコゲノム情報データベース (KAIKObase)	1, 730, 109	昆虫ゲノム研究ユニット	カイコゲノム情報データは、2009年2月に日本と中国双方で解読したデータを東京大学のコンピュータープログラムでつなぎ合わせて、ほぼ完全な塩基配列情報としたものです。KAIKObaseは統合化されたゲノムブラウザで、4つの地図ブラウザと1つの遺伝子ビューアから構成されています。
カイコプロテオームデータベース (KAIKO2DDB)	51, 917	生体分子研究ユニット	カイコプロテオームデータベースはカイコの各遺伝子がいつどこで発現しているか、時系列的・網羅的に調べたものです。このデータベースは8つの主要組織で発現しているタンパク質を同定するばかりでなく、時系列的に成虫までの22日間に渡って調査をしています。本データベースはカイコゲノム情報その他と直接リンクできるように設計しています。
カイコcDNA (EST) 情報 (KAIKOcDNA)	アクセス数はKAIKObaseに含まれている	昆虫ゲノム研究ユニット	この情報はカイコの様々な組織や異なる発生段階の組織から作成された100種類のcDNAライブラリー(公的データベース登録機関からのデータ29ライブラリーを含む)から得られた50万個以上のESTを収集・分類し、自動アノテーションがつけられたものです。このデータベース内で、キーワード検索、クローン名検索、BLASTによるホモロジー検索が行えるようになっています。
カイコゲノムデータBLAST検索 (KAIKOBLAST)	242, 040	昆虫ゲノム研究ユニット	WGS (Whole Genome Shotgun) 法によるカイコゲノムシーケンスデータ、日本、中国で公開されているEST情報、カイコ末端シーケンス情報に対してBLASTによるホモロジー検索が行えます。

カイコゲノムアノテーションデータベース (KAIKOGAAS)	316, 229	昆虫ゲノム研究ユニット	KAIKOGAASはカイコゲノム解析用に設定された自動アノテーションシステムです。このシステムは遺伝子予測とタンパク質コード領域の構造解析機能を持っています。含まれるソフトウェアは、コード領域予測プログラム、スプライスサイト予測プログラム、DNAシーケンスホモロジー検索プログラム、tRNA遺伝子予測プログラム、繰り返し配列解析プログラム、膜タンパク質分類および二次構造予測プログラムを含んでいます。
トビロウカEST情報 (UNKA (BPH) EST)	16, 437	昆虫ゲノム研究ユニット	イネ害虫トビロウカの18の組織・ステージ別cDNAライブラリーから任意のクローンの塩基配列を解読した、5万以上のクローンからデータを整理し、最終的に37, 122のESTを選び出したものです。このトビロウカのサイトではESTのクローン名でデータを取り出す他に、ESTに対するBLAST検索、gene ontologyによる検索も可能です。
トビロウカマーカーデータベース	5, 829	昆虫ゲノム研究ユニット	トビロウカマーカーデータベースでは、トビロウカの連鎖地図とマーカー情報を提供しています。現在公開している連鎖地図は474SSRマーカー、43SNPマーカー、及び1STSマーカーの合計518マーカーより構成されています。本データベースでは連鎖地図の閲覧、マーカーの検索、詳細情報の閲覧ができるようになっています。
コナガゲノムデータベース (KONAGAbase)	105, 527	昆虫ゲノム研究ユニット	コナガのゲノム情報データベースでは、ドラフトゲノム配列、予測遺伝子配列、発現遺伝子配列 (EST, RNA-seq)、アノテーション情報 (各モデル昆虫との配列比較 結果、Gene Ontology ID、HMMERによる予測ドメイン・モチーフ結果等) 等を公開しています。キーワード検索、BLASTによる同源性検索、ゲノムブラウザによる閲覧、データのダウンロードが可能です。
家畜ゲノム			
ブタcDNA (EST) 情報 (PEDE)	4, 141, 059	家畜ゲノム研究ユニット	ブタ各種臓器の完全長cDNAライブラリー (発現している遺伝子を収集したもの) を構築し、それらを用いて解読した発現遺伝子の断片16万個以上、また全長cDNA配列1万個以上について、ヒト、マウス、ウシ、イヌなど他の動物種の遺伝子との同源性検索を行うことで、遺伝子の機能について明らかにした結果など、ブタの総合的な発現遺伝子情報を提供するシステムです。
ブタのDNAマーカー情報 (Swine Marker Viewer)	5, 361	家畜ゲノム研究ユニット	マイクロサテライトマーカーなどのブタゲノム上に存在するDNA多型マーカーについて、そのPCR増幅のためのプライマーやマーカーの位置情報について提供しています。連鎖地図、及び放射線雑種細胞パネルで作製された地図 (RHマップ) の情報にもリンクしています。
その他			
比較ゲノムデータベース (SALAD)	650, 650	植物生産生理機能研究ユニット	比較ゲノムデータベースは、主要作物であるイネ、実験植物であるシロイヌナズナ、比較対照の紅藻の3種類の植物について全ゲノム情報を整理整頓しました。そして、ユーザーが一目で判断できるように、タンパク質の違いを色違いでビジュアル的に簡単に分かるように表示しました。
オオムギ完全長cDNAデータベース (BEX-DB)	2, 555, 370	作物ゲノム研究ユニット	農水プロから得られた、栽培オオムギの24, 783の完全長cDNAの配列を、キーワード検索・個々の配列のアノテーション等を付加して公開しています。
ダイズゲノム物理・連鎖地図データベース (DaiZuBase)	392, 910	ダイズゲノム育種研究ユニット	国産ダイズゲノム (品種名: エンレイ) の解析のため作製した、BACライブラリーの10万クローンの末端塩基配列解読を行ないました。これらを米国で解読された Williams82 genome assembly上にマッピングを行い、ダイズゲノムの91%をカバーするBAC物理地図を作製しました。この地図情報と、さらにDNAマーカーを連鎖地図上に表示し、それぞれDNAマーカー、BAC末端塩基配列をダウンロード可能としました。今後は他の国産品種のゲノム情報などを充実させ、国産品種間でのSNPマーカーなどをユーザーに提供します。
生体内分子の三次元構造データベース (3DMET)	46, 882	生体分子研究ユニット	生体内の物質は多数のキラル中心を持つため、絶対配置の正しい構造を集めることは重要です。これまで種々の構造コンバータにより生体内低分子物質の構造を三次元化してきており、その結果自動的に変換不可能な構造が多数あることが判明していました。このデータベースはマニュアル入力・修正による構造作成を行っており、自動的に作成できなかった天然物質構造の収録を進めて公開しています。
イネいもち病菌ESTデータベース (MgNEST-DB)	*	ゲノムインフォマティクスユニット	イネいもち病菌cDNAクローン18, 821を作製し、それらのクローンの両端から数百塩基の配列を決定し、読み取った約3万5千のEST配列情報をデータベース化しました。公開したデータベースには、解読したEST配列のほか、コンピュータ解析により得られた遺伝子の構造や機能に関する情報が格納されています。また、このデータベースは遺伝子の名前や機能に関連するキーワードで検索ができ、検索結果を分かりやすく表示できるブラウザを備えています。
イネ白葉枯病菌ゲノムデータベース (Xanthobase)	540, 848	植物・微生物間相互作用研究ユニット	農業生物資源研究所でゲノム解析を行ったイネの重要な細菌病、イネ白葉枯病の病原細菌 (<i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i>) のゲノムデータベースです。ゲノム解読菌は、本所微生物ジーンバンク保存のMAFF311018 (レース1) 株です。ゲノムの概要、ORF、BLAST検索、他の <i>Xanthomonas</i> 属細菌との比較解析等があります。

* は運用停止中

農林水産大臣による農業生物資源研究所の
平成26年度に係る業務実績評価結果の
対応状況

農林水産大臣による平成26年度に係る業務実績評価結果の対応状況

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
第1 業務運営の効率化に関する目標を達成するためとるべき措置		
1-1 経費の削減	<p>＜今後の課題＞ 不適正な経理処理事案については、検収体制の強化など再発防止策に 取り組んでいるところであるが、二度とこのようなことを起こさないよう今後 の確実な取組を求める。 また、引き続き1者応札や競争性のない随意契約の解消・複数年契約の 実施などに取り組むことにより、さらなる経費の節減に努めることを求め る。</p> <p>＜審議会の意見＞ 不適正な経理処理が見られ、評価Cは妥当と考える。</p> <p>＜今後の課題＞ 今後は成果の創出にとどまらず、研究成果の社会還元がより強く求めら れる。</p>	<p>※第8-3にて回答</p> <p>28年度よりつくば内の4法人統合により薪法人へ移行することとなるが、 引き続き1者応札や競争性のない随意契約の解消、複数年契約の実施 などに取り組むことにより、さらなる経費の節減に努めてまいりたい。</p> <p>※第8-3にて回答</p>
1-2 評価・点検の実施と 反映	<p>現場の問題を解決しうる成果が創出されるよう、評価・点検体制の改善を 求める。 研究職員の業績評価システムについて、期首・期末面談に基づく職員個 別の目標設定と評価は、職員レベルでの自律的成長を促す環境を醸成し ている。 法人統合に向けた新たな職員業績評価システムの構築においては、これ までの経験を踏まえた有益な助言を期待する。</p> <p>＜今後の課題＞ 統合後の体制においては、研究施設・機械の有効活用や集約化等による 維持管理費の一層の抑制を期待する。</p>	<p>法人評価・職員評価とも、評価者コメント等を踏まえて、随時に制度・運用 の改善を行ってきたところである。引き続き、評価者および被評価者の評 価への負担を考慮しつつ、適切な評価が行える体制・制度を構築してまい りたい。</p> <p>法人統合に向けて、検討・議論を進めてきたところであるが、特にグルー プウェアを活用した電子申請システム化については、引き続きアピールし ていきたいと考えている。</p> <p>統合後においても法人予算については厳しい状況が続くことが想定され ており、研究開発成果の最大化を図るためには研究資金を確保すること が重要となる。新法人においては、統合メリットを活かし、維持管理経費の 一層の節減に取り組んでまいりたい。</p>
1-3 研究資源の効率的 利用及び充実・高度化	<p>また、農林水産研究基本計画(農林水産省農林水産技術会議事務局平 成27年3月)においては、都道府県の農業革新支援専門員等の現場関係 者と密に情報・意見交換を行い、ニーズの把握や課題抽出に取り組むコ ミュニケーターや産学官連携を推進する専任のコordinatorの配置を 求めているところである。</p> <p>統合を予定している法人と連携の上、これら人材の確保・育成に向けた 取組組みを求める。</p>	<p>農林水産技術会議事務局が平成28年2月に改正した「農林水産研究にお ける人材育成プログラム」でも科学コミュニケーターや産学官連携コーデ イナーの育成が求められている。統合法人では、このプログラムを踏ま えて法人の人材育成プログラムを策定・実行することとなるが、法人統合 に向けた検討の場においても、しっかりと議論してまいりたい。</p>

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
1-4 研究支援部門の効率化及び充実・高度化	<p><今後の課題> 法人統合に向けては、これまで取り組んだ業務の共通性の洗い出しを踏まえ、システム・体制の円滑な統合に向けた検討を求める。</p>	<p>研究支援にかかわる検討部会を設置し、各部署の下にワーキンググループを設置して、それぞれ専門的な検討を行うとともに、円滑な統合に向けた検討を行っているところである。</p>
1-5 産学官連携、協力の促進・強化	<p><今後の課題> 既に「作物ゲノム育種研究センター」の設立等、基礎から応用まで一貫した研究体制の構築が進んでいるが、統合後の着実な推進に向けた検討を求める。</p>	<p>作物ゲノム育種センターでは、初年度である26年度はイネを対象としていたが、27年度は対象作物に大豆、麦類などを追加し、取り組みの強化に努めているところである。統合法人においても、都道府県との連携強化等により品種開発をさらに加速し、攻めの農林水産業の実現に品種開発の面から大いに貢献していきたいと考えている。</p>
1-6 海外機関及び国際機関等との連携の促進・強化	<p><今後の課題> 統合後の新法人においても、生命科学分野での国際的なイニシアチブ確保に向けて、今後取組を期待する。</p> <p><審議会の意見> 国際的な活動を期待する。</p>	<p>イネ等農業生物のゲノム研究においては、国際コンソーシアムに参画し、積極的にリーダーシップを発揮し大きな成果をあげ、生物研のプレゼンスを世界に示してきたところである。統合法人においては、新たに設置される国際対応担当部署とともに戦略的に取り組みを進めることとし、我が国最大の農業研究機関として国際的なイニシアチブを確保するよう努めてまいりたい。</p>
第2 国民に対して提供するサービスその他の業務の質の向上に関する目標を達成するための取組		
2-1 試験及び研究並びに調査	<p>(別紙のとおり)</p>	
2-2 行政部局との連携の強化	<p><今後の課題> 行政部局と密接にコミュニケーションをとった上で、行政ニーズに対応した成果が創出されるよう、今後の研究に取り組んで欲しい。</p> <p><審議会の意見> 生物研が開催した各種会議で行政部局からの参加者との意見交換を行い、研究計画に反映している。</p> <p>このように、着実に取組を実施している。</p>	<p>行政部局との連携を強化することにより、行政ニーズや国際的な研究動向について迅速に把握できるものと考えている。また、法人統合に向けた準備に関しては、技術会議と連携を図り、円滑に統合できるような業務を推進してきたところである。</p> <p>コミュニケーション醸成の観点からも、引き続き行政部局と密接に連携していくことに留意してまいりたい。</p>

区分	評価結果（指摘事項等の抜粋）	生物研の対応
2-3 研究成果の公表、普及の促進	<p>論文の公表については、平成26年度は284報を公表しており、年間目標値に対して97%の達成率である。</p> <p>国内特許については、平成26年度は国内出願25件で年間目標値を下回っているが、実施特許数は、47件と目標値を達成しており、知財戦略に基づき特許出願が行われていると考えられる。</p> <p><今後の課題> 生物研の有する知的財産が民間を含め広く活用されるよう、より積極的な情報発信を期待する。</p> <p><審議会の意見> 研究情報の発信、遺伝子組換えの情報発信とパブリックアクセスの構築、各種展示会の開催、データベースの整備とアクセス数、研究成果・論文の公表数とインパクトファクターの数値目標、特許関係の数値目標など、その達成度は順調かつ着実である。</p> <p><今後の課題> 生物研の有する生命科学に関する専門知識を活かし、公設試の技術向上等の社会貢献を今後も期待する。</p>	<p>研究成果の発表にはライフサイクルがあるので、中期計画の半ば過ぎである4年目の発表数が少なくなっていると推察する。27年度（最終年度）も同程度のペースで発表数を重ねているが、最終的には中期計画の目標を達成できると見込んでいる。</p> <p>特許等の出願を検討するにあたっては、知的財産ディレクターや弁理士資格を保有した職員などを通じて、発明者に対して助言や相談などを行い、その際、実施特許の可能性や研究推進上の必要性等を勘案し、海外への出願や特許を含めて特許の戦略的出願等を進めている。</p> <p>生物ウェブサイトに「生物研イチョン特許」を掲載し、広く国民に向けて生物研の特許情報を発信している。また、アグリビジネス創出フェアなどの展示会を活用し、「生物研イチョン特許トップ10」のピラを作成、配布したほか、種苗企業の知財部署に生物研の特許情報を定期的に送付するなど、積極的な情報発信を行っている。今後も引き続き、このような活動を展開するとともに、より効果的な情報発信活動について検討を進めてまいりたい。</p> <p>中期計画及び年度計画に沿って業務を推進しているところであり、引き続き適切に対応してまいりたい。</p>
2-4 専門分野を活かしたその他の社会貢献	<p><審議会の意見> 依頼分析に関して依頼者の利便性を高めるための規定改正の実施、農林水産省筑波農林研究交流センターと共催のワークショップや講習会の開催、人材育成のための外来研究員や講習生、連携大学院生やインターンシップの受入など、中期目標・計画達成に向けて着実に取り組んでいる。</p>	<p>26年度に設立した作物ゲノム育種研究センターにおいては、公設試で行うDNAマーカー育種を支援するシステムを構築し、作物育種技術向上に貢献してきたところである。引き続き、公設試などのニーズを把握するとともに、連携、協力を進めて、公設試等を通じた社会貢献に努めてまいりたい。</p> <p>中期計画及び年度計画に沿って業務を推進しているところであり、引き続き適切に対応してまいりたい。</p>

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
第3 予算(人件費の見積りを含む。)、収支計画及び資金計画	<p><審議会の意見> 予算に関しては、運営交付金の削減があるものの、それに対応した研究資金の重点化や効率化に留意して配分・執行している。</p> <p>また、知的財産収入の増加、放射線育種場の寄宿舎跡地の土地、構築物の国庫納付の完了など、適切に運営されている。</p>	
第4 短期借入金の限度額	(該当なし)	(該当なし)
第5 不要財産又は不要財産となることが見込まれる財産がある場合には、当該財産の処分に関する計画	不要財産の処分については、放射線育種場寄宿舎跡地に係る不要財産を国庫納付するとともに、これに伴う資本金減少に係る変更登記の手続きを行い、適切に処理している。	中期計画及び年度計画に沿って業務を推進しているところであり、引き続き適切に対応してまいりたい。
第6 重要な財産を譲渡し、又は担保に供しようとするときは、その計画	(該当なし)	(該当なし)
第7 剰余金の使途	(該当なし)	(該当なし)
第8 その他農林水産省令で定める業務運営に関する事項等		
8-1 施設及び設備に関する計画	<p>バイオプラントリサーチセンター空調設備改修工事は計画どおり竣工している。</p> <p>平成24年度補正予算で交付決定され繰越した植物遺伝資源供給センターの整備については、工期の延長が発生したものの平成27年1月に竣工し、それぞれ業務に供している。</p>	<p>中期計画や年度計画、及び施設整備計画(マスタープラン)に沿って業務を推進しているところであり、引き続き適切に対応してまいりたい。</p>

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
8-2 人事に関する計画	<p>＜今後の課題＞</p> <p>引き続き、多様な雇用形態による人材確保や、女性研究員の採用、登用について期待する。</p> <p>＜審議会の意見＞</p> <p>女性研究者の活用、雇用環境の整備に関して努力が認められる。</p>	<p>雇用形態の多様化を踏まえた人材確保のため、平成27年4月から新たな採用方式として、「テニユア・トラック制」若手任期付研究員「選考採用」を導入した。また、クロスアポイントメント制度の導入を検討しているところであり、「クロスアポイントメント規程」を整備すべく理事會に諮ったところである。</p> <p>女性研究員の採用・登用についても、次世代育成支援対策とあわせて取り組みを実施しているところであり、引き続き環境整備と着実な実行に努めてまいりたい。</p>
8-3 法令遵守など内部統制の充実・強化	<p>＜今後の課題＞</p> <p>再発防止策を策定し、実施しているところであるが、二度とこのようなことを起こさぬよう今後の確実な取組を求めるとともに、内部統制及び監事監査機能の強化と、役職員のコンプライアンス意識の向上を図るための具体的な対策の策定と実施を強く求める。</p> <p>＜審議会の意見＞</p> <p>過年度の植物防疫法違反事案に加え、26年度さらに不適正な経理処理事案の発覚など、不祥事案件が発生したことは極めて残念であるが、早期の全容解明と原因分析、及び内部統制強化策を早期に実行されたい。</p> <p>植物防疫法に基づく輸入時の検査を受けずに種子を輸入した事案の再発防止については、農水省所管の法人として徹底していただきたい。</p>	<p>不適正な経理処理事案については、平成26年12月19日の中間報告以降、再発防止策に基づいて、検収部門の組織的な体制強化や意識改革のための研修会の実施等、適切に対応しているところである。新規採用者や異動者については、着任後すぐに当該研修を受講させることとしており、受講することを研究費使用に必要となる会計システムIDの付与の条件とした。</p> <p>また、研究費の適正な取扱いを図ることを目的として、新たに研究費の運営・管理規程や研究費の使用に関する行動規範も制定したところであり、役職員への周知・徹底に努めているところである。</p> <p>研究者目線からの再発防止策としては、DNA合成製品に係る単価契約の対象拡大等を行っており、引き続き、研究進捗に影響を与えないような取り組みを行ってまいりたい。</p> <p>なお、中間報告以降、引き続き全容解明に向けて調査を継続し、その全容がまとまったことから、平成27年12月22日に最終報告として取りまとめ、公表した。</p> <p>今回の事案の発生要因として、契約・検収部門の体制が不十分であったことや、内部監査が不十分であったことが指摘されており、法人組織全体の課題と捉えて再発防止策を実施しているところである。二度とこのようなことが起こらないよう内部統制や監査機能を強化していくこと併せて、研究業務が円滑に進むような契約業務や検収業務の仕組み作りについても検討してまいりたい。</p> <p>また、植物防疫法違反事案に対する再発防止策としては、26年度の安全管理 防災講習において概要を説明し、その後生物材料等の輸入については搬入計画書及び搬入報告書の提出を義務づけることにより、確認を行っているところである。</p>

区分	評価結果（指摘事項等の抜粋）	生物研の対応
8-4 環境対策・安全管理の推進	職場環境の安全対策と安全衛生に関する職員の教育・訓練、グループウェアへのエネルギー使用実績掲載による省エネ意識の醸成、グリーン調達推進体制の推進等、中長期目標に対して着実な取り組みが行われており、評定をBとする。	中期計画及び年度計画に沿って業務を推進しているところであり、引き続き適切に対応してまいりたい。
8-5 積立金の処分に関する事項	前中期目標期間繰越積立金については、会計基準や中期目標等に基づき、前中期目標期間までに自己財源で購入した有形固定資産の減価償却費等に充当しており、適切に処理している。	中期計画及び年度計画に沿って業務を推進しているところであり、引き続き適切に対応してまいりたい。

農林水産大臣による平成26年度に係る業務実績評価結果の対応状況(別紙)

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
第2-1 試験及び研究並びに調査	-	
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	<p>＜今後の課題＞ 法人統合に伴い、遺伝資源の管理と遺伝資源情報の高度化等に必要の研究開発をより一体的に推進し、研究基盤としてのジーンバンク事業を充実させる。</p> <p>＜審議会の意見＞ ジーンバンクおよびDNAバンク事業は順調に進展している。また、情報提供のためのWebサイトで遺伝資源利用の多国間の制度に登録している系統の一覧表示やダウンロードのためのWebシステムの構築や英語サイトでのオンライン配布のためのシステムの構築などは高く評価できる。さらに、海外との共同研究の強化などもみられる。</p>	<p>＜今後の課題＞及び＜審議会の意見＞について 新法人において、ジーンバンク事業に係わる企画部門を強化し、遺伝資源の管理と研究開発をより一体的に進めることを検討する。 また、海外との共同研究として、新たにミャンマーとネパールとの共同研究を実施する。</p>
(1) 農業生物遺伝資源の充実と活用の強化	<p>＜今後の課題＞ 開発した技術が利用される場面を想定しつつ研究開発の方針を定めること。</p> <p>特に農業生物のバイオインフォマティクス研究やDNA マーカーの開発研究に関しては、この研究分野の成果の活用を拡大させる観点から、公設試等での利用が普及するよう支援に努めること。</p> <p>＜審議会の意見＞ イネでのゲノム編集技術、ダイズでのミニコアコレクションによるゲノムワイド関連解析、発現遺伝子解析からの害虫アリの防除のための新たな標的タンパク質の同定など、顕著な成果が得られている。</p> <p>また、DNA マーカーの普及のためのバーチャルなセンターの設立とマーカー情報の一元化した公開なども高く評価できる。</p> <p>DNA マーカー育種のために公開したイネ、ダイズ、コムギ、果樹、野菜、果樹、工芸作物、飼料作物、花卉において、これらのマーカーを利用した実際の育種からどのような品種が育成されるかを追跡調査することが重要であると考ええる。</p> <p>Galaxy/NIAS が、今後どの程度使用されていくかを調査することも今後の課題であるように思う。</p>	<p>＜今後の課題＞ 研究の目的設定に際して現場のニーズを取り込むことが重要である。ブタゲノム育種研究においては、国内で育種を実施している公設機関、JA全農、民間育種会社などの研究段階から解析材料の提供などを含めて連携している。成果の実用のための実証試験についても課題化するなどにより普及を支援したい。作物ゲノム研究においては、昨年度からバーチャルな組織である作物ゲノム育種研究センターを構成し、地域のニーズに着実に応えるゲノム育種技術の構築する努力を行っている。昨年イネの育種支援を開始したのに続いて、本年度はダイズ、オオムギでもゲノム情報に基づくマーカーの設定等によって育種支援を行った。 バイオインフォマティクス研究の成果についても公設試等での利用促進に向けた努力が重要であると考えている。このため、今年度も公設試の研究者等を対象にしたワークショップを開催し、インフォマティクスを使いこなすユーザーの育成を目指した。ゲノム情報が十分とは言えずこれらの恩恵に浴さないコムギの塩基配列解読については、高精度参照配列の早期作成に向けて、引き続き解析を進める。また、ゲノム情報に基づいたDNAマーカーの開発や新規解析手法の実用化を図る。</p> <p>＜審議会の意見＞について イネのゲノム編集技術の開発では順調に進んでおり、“狙った位置に、狙った変異を誘起し、跡を残さない”技術が、効率を上昇させる必要があるものの、実現している。今後はイネ以外の作物に展開できうる、汎用性の高い技術開発が研究拡大の鍵となる。公開したデータベースの利用状況やマーカー育種の成果の追跡調査については技術移転の有効性を実証し、よりよいデータ公開の方法論を考える上で重要であり、今後ともデータベース公開とセットで実施すべき内容と考えている。Galaxy/NIASの利用状況はログ解析等を通じて把握しており、今後どの程度、あるいはどのよう利用されるかを把握、解析して今後の運用や開発に活用する予定である。</p>
(2) 農業生物のゲノムリソース・情報基盤の整備・高度化		

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
<p>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</p>	<p>(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</p> <p>＜今後の課題＞ 生物機能の解明に関する研究課題においては、機能の解明を通じて開発した技術が利用される場面を想定しつつ、必要な研究開発の方針を定めること。</p> <p>＜審議会の意見＞ 全体として順調に進展している。</p> <p>イネの玄米重を増大させる遺伝子を有する準同質遺伝子系統の育種素材としての解析、昆虫の幼若ホルモンのスクリーニングシステムを利用して単離された化合物、ブタの生殖細胞の保存法、家畜の繁殖制御技術につながる新規ニューロキニン作用薬候補の同定などの成果や技術が今後、実用化されることを期待する。</p> <p>(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</p> <p>＜今後の課題＞ 生物間相互作用の解明については、多くの研究成果の記載がなされており、コラーゲンヒトリゲルの研究課題など順調に利用技術の開発に移行しつつある課題もあるが、研究成果がどのように利用技術の開発につながるか不明確なものが見受けられる。</p> <p>今後も継続する研究課題については、研究成果をどのように利用技術に生かすか、既存技術との優位性を含めた検討を経た上で研究方向を定めるべき。</p> <p>＜審議会の意見＞ イネの病害虫抵抗性誘導の鍵因子WRKY45を活性化するMAPキナーゼ(OsMAPK6)の子ロシリン脱リン酸化酵素遺伝子をノックダウンすることで、低温によるいもち病の罹病率を1/100に低下させることを示した意義は大きい。</p> <p>また、マメ科作物での共生変異系統での破壊遺伝子の網羅的同定、いくつかの害虫での耐虫性分子機構の解明、高純度なブタ腎臓由来マクロファージの耐病性機能解析のための新たな培養法の開発など、研究課題は順調に進展している。</p>	<p>＜今後の課題＞及び＜審議会の意見＞について TGW6については、玄米重の増加のみならず、高温登熟性に優れた形質を付与する点に関心が持たれており、外部の育種機関と共同で新品種の開発に向けた準備を進めている。他にも有望な遺伝子を見出しており、今後実用化に向けての取り組みを強化していく所存である。</p> <p>昆虫の幼若ホルモンのスクリーニング系を利用して単離した制御剤候補化合物については、今後類縁化合物を含めて実際に害虫個体に効果があるかどうかを調査し、農薬のリード化合物として有望な物質については、農薬メーカーとの共同で実用化を図る。</p> <p>新規ニューロキニン作用薬については、その投与方法も含めて検討を進めており、民間製薬会社と連携して製薬化を進めている。</p> <p>＜今後の課題＞及び＜審議会の意見＞について WRKY45の活用による実用化品種については飼料イネでの実用化を目指し、現在、プロモーターの強さまたは感応応答性に関して最適化したWRKY45発現コンストラクトを飼料イネ品種に導入した系統のうちから最良系統の選抜を行っている。また、野外でのいもち病抵抗性検定を、いもち病激発地での検定を含め、引き続き行っていく予定である。さらに実用化に向けて、OsMAPK6に変異が入った突然変異体の探索やゲノム編集でノックアウトする実験も進めている。</p> <p>トピロウシカ抵抗性遺伝子BPHZ8については、座乗する染色体が異なる別の抵抗性遺伝子の同定を進めており、今後はそれら複数の抵抗性遺伝子を持つ抵抗性が崩壊しない品種育成を進めていく予定である。</p> <p>コラーゲンヒトリゲルについては、再生医療、動物実験代替法、創薬支援ツールとしての現場応用に向けて順調に進捗しており、特に、再生医療については、大学の臨床部門や製薬会社と共同でJSTの大型予算を獲得して実用化を加速している。</p>

区分	評価結果(指摘事項等の抜粋)	生物研の対応
<p>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</p> <p>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</p>	<p>＜今後の課題＞</p> <p>企業による開発・販売が必須となる医薬品等の素材開発については、研究シーズに基づいた開発を漫然と継続するのではなく、早期から普及を担う企業との共同開発を指向し、開発段階でチェックポイントを設けて社会実装される事例が増えるよう、より機動的に遂行すること。</p> <p>＜審議会の意見＞</p> <p>スギ花粉症治療米の実用化に向けて、治療薬の製造工程の確立や臨床試験の実施など大きな進展がみられた点は高く評価できる。</p> <p>また、カイクの雌のみを致死することが出来るオス化決定遺伝子の操作や動物では国内初の第一種使用等による遺伝子組換えカイクの飼育試験の開始、クモシシルクを新ぐカイクの実用品種化の成功やクモシシルクでの商品開発など、研究成果に大きな進展が認められる。</p> <p>遺伝子組み換えカイクに関する研究開発で、製品化されたものがあることから高評価される。</p> <p>成果の実用化に伴い、遺伝子組換え体の安全性のアピールをさらに進める必要はないか。</p>	<p>＜今後の課題＞について</p> <p>指摘されている点は、まさにその通りで、企業による開発・販売が必須となる医薬品等の素材開発については、計画の段階から想定される企業等と接触を図り、将来の実用化に必要な研究成果を出して、橋渡しが進むように対応してまいりたい。</p> <p>＜審議会の意見＞について</p> <p>スギ花粉症治療米、遺伝子組換えカイクの実用化を目指すに当たり、遺伝子組換え体の安全性は最も重要と考えている。</p> <p>今後関係者に納得の行くような科学的知見を蓄積すると共に、それらを分かり易く説明するように努めてまいりたい。</p>