

評価個票（中間評価）

1. 新農業展開ゲノムプロジェクト	1
（うちDREB遺伝子等を活用した環境ストレスに強い作物の開発）	9
2. アグリ・ゲノム研究の総合的な推進	
（動物ゲノム部分）	12
（昆虫ゲノム部分）	16
3. 鳥インフルエンザ、BSE等の高精度かつ効率的なリスク管理技術 の開発	
（鳥インフルエンザ部分）	19
（BSE部分）	22
4. 農業に有用な生物多様性の指標及び評価手法の開発	25
5. 生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明と リスク低減技術の開発	28

評価個票

研究課題名	新農業展開ゲノムプロジェクト	担当課名	研究開発官(食の安全、基礎・基盤)
事業費	事業総額 145億円 (うち執行額 57億円)	研究期間	全期間：平成20～24年度 (実施期間：平成20～21年度)
<p>[課題の概要]</p> <p>食料、環境、エネルギー問題の解決にターゲットを絞って遺伝子機能解明の加速化を図るとともに、ゲノム解読技術や遺伝子を活用する技術を駆使して、これらの分野の問題解決に貢献する超多収穀物、不良環境耐性作物、環境浄化植物、巨大バイオマス植物等を開発。さらに、遺伝子組換え技術の安全性確保対策、これらの研究に係る知財確保対策を実施する。</p>			
目 標	<p><プロジェクト全体のアウトカム目標></p> <p>基礎・基盤研究の成果の蓄積により、遺伝子機能を有効に活用するための技術、遺伝子組換え技術を駆使した革新的作物等を開発し、食料、環境、エネルギー問題の解決に資する。</p>		
	<p><研究目標></p> <p>① バイオマス・飼料作物の開発</p> <p>遺伝子組換え技術を駆使するとともに、これまでに単離されている遺伝子等を活用し、複合病害抵抗性、光合成能力向上、セルロース系バイオマスの利用効率性向上、生物的封じ込め機能等を付与することで、バイオ燃料などのバイオマス利活用や飼料用に供しうる作物を開発。</p> <p>② 環境耐性・修復作物の開発</p> <p>遺伝子組換え技術を駆使するとともにこれまでに単離されている遺伝子等を活用し、カドミウムや POPs (残留性有機汚染物質) 等の有害物質吸収機能向上、不良環境耐性等を付与し、不良環境に耐性を持ち、不良環境の修復に資する作物を開発。</p> <p>③ 物質生産・機能性作物の開発</p> <p>イネ種子中に血圧や肥満など生活習慣病に対して予防効果の期待できる成分を高度に蓄積させたり、種子中のアレルゲンを低減化させることで、毎日の食事を通じて健康維持や増進に役立つ、消費者利点のある組換えイネを開発。またイネ種子をバイオリクターとして有用物質生産系を開発。</p> <p>④ 政策ニーズに合致したイネ新品種の開発</p> <p>これまでに開発されているDNAマーカー等を活用し、高温登熟性やトビロウンカ、ツマグロヨコバイ、いもち病、縞葉枯病に抵抗性を有するイネ、低温下でも稔実能力を失することなく安定的に生育するイネ、1穂当たりの粒数が多いイネ(10a 当たり1t以上の収量が見込める)等、政策ニーズに合致した、実用に資する15以上の新系統を開発。</p> <p>⑤ イネ DNA マーカー育種技術を活用した麦・飼料作物等イネ科新品種の開発</p> <p>これまでに開発されている DNA マーカー等を活用し、実用品種として栽培可能なレベルの新たな加工素材となる甘味種コムギ、ASW 並み</p>		

の国産良粉色コムギ、ワラビー萎縮症抵抗性、南方さび病抵抗性を持つトウモロコシ等、生産者・消費者ニーズの高いイネ科作物を10系統以上開発。

⑥ イネの質的形質遺伝子の単離と機能解明

これまでのイネゲノム研究で整備してきた、塩基配列情報、完全長cDNAクローン、ミュータントパネル等の研究ツールを活用し、食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献する作物の開発に不可欠なイネの遺伝子のうち、質的形質遺伝子の単離、機能解明を行う。

⑦ イネの成長・代謝遺伝子ネットワークの解明

これまでに単離、機能解明されているイネ成長・代謝関連遺伝子を足がかりとして、当該遺伝子と他の遺伝子との相互作用について解析を行い、そのメカニズムを解明するとともに、食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献する作物開発に必要な成長・代謝関連遺伝子のネットワークを解明。

⑧ イネと微生物の遺伝子ネットワークの解明

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

⑨ イネの量的形質遺伝子の同定

これまでのイネゲノム研究で整備してきた、染色体置換系統等の研究ツールを活用し、食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献する作物の開発に不可欠なイネの遺伝子のうち、量的形質遺伝子を同定。

⑩ 自然変異を利用したイネ実験系統群の作出

バイオマス・飼料作物等の新たな作物開発を進めていく上で、重要な遺伝資源であるアジア栽培種あるいは近縁野生種の持つ多収の形質等について研究を行うための染色体置換系統を作出・整備。

⑪ 人為的変異を利用したイネ実験系統群の作出

多粒、多穂数、強稈、長草丈等多収性に関連する遺伝子の単離、機能解明等に資するため、放射線、化学物質による遺伝子破壊系統、cDNAクローンを活用した遺伝子過剰発現系統、他の遺伝子をコントロールする遺伝子の発現を制御する技術を活用した新たな遺伝子変異系統を作出・整備。

⑫ 遺伝子発現情報のプロファイリング

遺伝子の単離、機能解明に寄与することを目指し、様々な状況下における遺伝子発現情報を整備。

⑬ 情報解析ツールの開発、整備

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

⑭ イネ以外の作物の遺伝子導入技術の開発

遺伝子の導入が特に困難なコムギ、トウモロコシ、ソルガム及びダイズについて、汎用性が高く安定的かつ効率的に遺伝子の導入が可能となる技術を開発。

開発し、遺伝子導入の確率を従来の5倍以上に高める技術を確立。

⑮ 麦類の遺伝子単離と機能解明

国内における麦類の生産性向上、品質向上に資するため、イネゲノム情報を利用して耐病性関連遺伝子や品質関連遺伝子等を単離、機能解明。

⑯ ソルガムの遺伝子単離と機能解明

イネゲノムの情報を利用して、ソルガムの草丈、紫斑点病抵抗性、再生性等、生産性の向上に必要な形質に係る8個以上の遺伝子を同定。

1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等

評価ランク：A

【研究目標の達成度】

① バイオマス・飼料作物の開発

- ・耐病性に関連する3課題のうち、WRKY45については適切な発現を可能にするプロモーターの探索が鍵となるが、探索と機能の検証に時間が必要であり、計画より遅れ気味である。その他の2課題については、計画どおり進捗。
- ・光合成関連については、形質転換体の作出は順調で、機能解析も進行中。一部においては、予備的ではあるが期待される結果も得られている。
- ・乾燥ストレス耐性については、形質転換体で期待される耐性が確認されるとともに、バイオマスの増加等の副次的な成果も得られている。
- ・アミノ酸蓄積については、葉においては、リジンの高蓄積が達成された。
- ・セルロースの利用効率の向上については、利用効率を高め得る複数の遺伝子が同定されている。

② 環境耐性・修復作物の開発

- ・カドミウム高吸収イネの開発に関しては、カドミウム吸収、移行、蓄積に関与する多数の遺伝子を単離しており、それらの遺伝子を導入した形質転換体を既に複数作出している。そのうちのいくつかは、カドミウムの吸収・蓄積能を検定中である。
- ・POPs等有害物質を吸収する作物に関しては、まずPOPs吸収能が高いキュウリの安定的な形質転換体作出法を確立。これまでに単離されている微生物のPOPs等分解に関与する遺伝子の塩基配列情報に基づいて、作物への導入が可能な遺伝子を設計し、進化工学的に人工合成遺伝子を作成。今後これらのPOPs等分解遺伝子をキュウリに導入予定。

③ 物質生産・機能性作物の開発

- ・血圧や血清コレステロール値を調整する機能を有する良食味の組換えイネ母本はすでに開発済み。
- ・今後、生物多様性や有効性、安全性等の評価等を中心に研究を推進。
- ・他の機能性の組換えイネや有用成分生産を目的とする組換えイネの開発も順調に進展。

④ 政策ニーズに合致したイネ新品種の開発

- ・各課題において多収品種への耐病虫害性等の安定性付与のための交配・マーカー選抜と戻し交配が概ね計画通り進捗。
- ・高温登熟性の優れた「にこまるへ」の病虫害抵抗性付与のための戻し交配が、進んでおり、DNAマーカー選抜も最終段階。またトビイロウンカ抵抗性、縞葉枯病抵抗性穂もち病抵抗性を付与した高温登熟性系統「西海267号」を育成。
- ・病害虫抵抗性集積系統の育成は予定通り進捗。
- ・直播適性を有する良食味系統として「関東245号」「関東250号」を育成。
- ・常温貯蔵性については、穂発芽性と不良連鎖の解消を行うとともに、LOX3欠の

古米臭軽減効果を確認し実需へ提案中。

- ・ いもち病抵抗性遺伝子 *pi21*と食味不良との強連鎖を解消した品種「ともほなみ」を育成した他、いもち病抵抗性遺伝子 *qBFR4-1*を持つ「ひたち IL1号」、*Pi9*を持つ「関東 IL9」を育成。
- ・ トビイロウンカ抵抗性については抵抗性遺伝子と不良形質の連鎖解消を進めるとともに、複数の遺伝子をを集積した抵抗性強系統を育成。
- ・ ツマグロヨコバイ、耐冷性については同質遺伝子系統の育成は概ね予定通り進んだが、遺伝子によっては、効果が判然としない、集積効果が認められない、他形質との連鎖の解消が不十分などの問題が発生。
- ・ 出穂性について、*Hd1*遺伝子を導入して育成した「ミルキーサマー」が、沖縄県ではやや晩生で多収であることから奨励品種採用予定。
- ・ 高温登熟性については、インディカ品種の QTL 解析に基づく戻し交配を進めており、現時点では、第12染色体のいもち病抵抗性と連鎖して高温登熟性がヒノヒカリに導入されたとみられる「関東 IL6号」が有望。
- ・ カドミニウム高吸収性については、長香穀由来の作用の大きな QTL が第7染色体上に見いだされ、交雑後代について本 QTL のマーカー選抜を開始。
- ・ カドミニウム低吸収性についても QTL を見出し、ふくひびきとの交雑後代から中間母本系統「奥羽 PL6」を選抜した。計画通りの進捗。
- ・ 系統育成の目標数については、実用に資する15以上の新系統を育成することになっている。現時点で育成された系統のうち、「ともほなみ」、「ミルキーサマー」及び関東 IL6号の3品種・系統は、目標達成系統。

⑤ イネ DNA マーカー育種技術を活用した麦・飼料作物等イネ科新品種の開発

- ・ 甘味種コムギの開発では、マーカー選抜により得られた GBSSI、SSIIa 全遺伝子ヘテロ個体の利用により、予定どおり年3回の戻し交配が順調に進捗。
- ・ 良粉色コムギの開発では、1,056マーカーのうち236マーカーから有効な多型情報が得られると判明。さらに、新たに DArT マーカーによる分析を追加し、約3,000マーカーから多型情報が取得。これらのデータを用いて140品種系統の集団構造を把握。3カ所の圃場栽培試験で得られた生産物は品質分析を実施。
- ・ 出穂安定オオムギの開発では、低温要求性遺伝子3個及び日長反応性遺伝子4個について、迅速・簡便に選抜できる DNA マーカーを開発。出穂期が異なる26品種・実験系統を用いた解析により、出穂期への寄与が特に大きい4マーカーを解明。4種類の交配組み合わせの雑種集団について DNA マーカー選抜を行い、暖冬年でも出穂期が安定すると期待される、低温要求性や日長反応性が高まった系統の選抜を実施中。
- ・ 夏播き用トウモロコシの開発では、南方さび病抵抗性遺伝子の導入を完了。抵抗性遺伝子の近傍に連鎖する2個のマーカーを得、さらに密接に連鎖するマーカーを解析中。ワラビー萎縮症抵抗性の自殖系統を4系統開発。優良自殖系統へ南方さび病抵抗性遺伝子とワラビー萎縮症抵抗性 QTL の導入を BC3~4世代まで進めた。
- ・ 耐湿性トウモロコシの開発では、通気組織形成に関与する QTL が主に第1染色体に座乗することを確認。また、通気組織形成に関与する3つの QTL を持つ準同質遺伝子系統を作出するために BC4F1を得た。
- ・ 環境抵抗性ライグラスの開発では、いもち病抵抗性の極強抵抗性個体を選抜し、複数の解析集団を作成。また、冠さび病集積品種育成では、3つ以上の冠さび病抵抗性遺伝子について、近傍マーカーによる選抜と「はたあおば」への戻し交雑により BC1F1まで世代を進めた。「キヨサト」への集積系統も BC1F1を作出。また、複数の冠さび病抵抗性遺伝子を「ワセアオバ」に集積した系統を作出。

⑥ イネの質的形質遺伝子の単離と機能解明

- ・ イネの多収に関する研究は、複数の粒数増加遺伝子や強稈遺伝子が単離されつつあり、一部については実際の育種に利用可能。

- ・環境ストレス耐性については、ホウ酸、Cd、Al、Si 耐性や吸収能力に関与する複数の遺伝子を単離。
 - ・イネ種子の登熟や高温下での品質に関しては、いくつかの候補遺伝子が同定されつつあり、検証実験を推進中。
- ⑦ イネの成長・代謝遺伝子ネットワークの解明
- ・花芽形成の限界日長を決めている分子機構を解明し、生物時計の農業形質への影響を解明。
 - ・遺伝子機能改変による草型改良イネ系統を作出。また、穂を作る分裂組織のサイズを決定するペプチド信号伝達系の存在を明らかに。
 - ・光信号による葉緑体形成に異常を示す突然変異体を多数単離。
 - ・圃場のイネが昼間の強光ストレスで、光合成能を下げていることを解明。また、光合成関連代謝系酵素の有機酸代謝を改変し、糖代謝と窒素代謝のバランスを変えることに成功。
- ⑧ イネと微生物の遺伝子ネットワークの解明
- ・イネの菌根共生に必要なイネ遺伝子の網羅的同定のための実験系を確立し、エンドファイト相やリン酸吸収能がイネの遺伝的背景に依存することを解明。また、菌根共生で供給されるアンモニアの取り込みに関わる新規の輸送体遺伝子を同定。
 - ・エンドファイトによるイネ成長促進に関わる可能性がある遺伝子を解明。
 - ・いもち病菌感染に対する真性抵抗性、基礎的抵抗性のシグナルに共通して働く因子、誘導抵抗性や圃場抵抗性に関わる因子の機能解析などイネ側のシグナル経路の解析は順調に進捗し、いもち病菌の病原性に関わる因子の単離に成功。いもち病菌の細胞壁成分変化の解析から複数の菌類病抵抗性付与の端緒を発見。
- ⑨ イネの量的形質遺伝子の同定
- ・1穂粒数に関連する遺伝子としては、1次枝梗数増加に関与する遺伝子を単離・同定。
 - ・ソース能力の指標として、葉面温度差、SPAD 値、葉身傾斜角吸水速度（水伝導度）及び登熟期の葉色低下率並びに光合成速度に関する QTL を検出。特に光合成速度（SPAD 値）の増加に関与する QTL 領域を165kbに狭めた。
 - ・枝梗の枯れ上がり形質に関する QTL を第1染色体上に同定。
 - ・低温下の発芽苗立ち性については、低温発芽性遺伝子を単離・同定。土中出芽性 QTL を第2, 第5, 第7, 第10及び第11染色体にマッピング。特に第5及び第11染色体の QTL については、コシヒカ리의 NIL を作出し、苗立ち性を改善することを証明。
 - ・ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子を単離・同定。
 - ・トビイロウンカ抵抗性遺伝子をほぼ同定。
 - ・いもち病圃場抵抗性遺伝子を単離・同定し、抵抗性遺伝子が日本型陸稲に限定して存在することを解明。また、いもち病罹病性に関与する遺伝子座のファインマッピングを行い、候補ゲノム領域を113kbに限定。
 - ・高温登熟耐性に関しては、第6及び9染色体に背白に関する QTL を同定。
 - ・穂ばらみ期耐冷性関連遺伝子の候補ゲノム領域を第8染色体の約200kbpに限定。
 - ・乾燥耐性遺伝子の候補ゲノム領域を限定し、相補性試験によってその候補遺伝子を特定。
 - ・イネ出穂期に関与する遺伝子を単離・同定。
 - ・第12染色体に座乗するイネ茎葉伸長（浮きイネ）に関与する遺伝子を単離・同定。
 - ・深根性に関与する遺伝子の候補遺伝子を特定し、相補性試験によってその機能を確認。また L 型側根数に関わる QTL の候補ゲノム領域を限定し、候補遺伝子を特定。
 - ・カドミウム高吸収に関わる QTL を第6, 7 (2カ所) 及び11染色体に見出。6番と11番にある QTL が相互作用していることも解明。さらに、第7染色体の QTL につい

ては、その候補遺伝子を特定。さらに、高 Cd 吸収品種の γ 線照射変異体の中から難脱粒性の個体を選抜。

- ・種子形に關与する遺伝子を特定した。
- ・CW 型 CMS の稔性回復遺伝子のクローニングを完了。また、LD 型 CMS の稔性回復遺伝子が Glycine-rich protein をコードすることを説明。
- ・コシヒカリの持つ米飯の食味官能値を向上させる QTL を第3染色体の短腕上にマッピング。胚乳のアミロース含有率に關与する遺伝子座を第2及び第9染色体上に見だし、特に第2染色体の QTL の候補領域を約2Mb に絞込んだ。
- ・雑種不稔性に關与する遺伝子の単離・同定に成功。

⑩ 自然変異を利用したイネ実験系統群の作出

- ・コシヒカリと日本晴の BIL 及び CSSL を作出しプロジェクト内外に提供。
- ・近縁野生種では、コシヒカリを遺伝的背景とする *O. rufipogon* 及び *O. nivara* 由来の系統群、いただきを遺伝的背景とする *O. glumaepatula*、*O. barthii* 及び *O. meridionalis* 由来の系統群を作出しており、これまで形質評価が困難だった近縁野生種の遺伝的効果を評価が可能に。形質評価は、ササニシキとハバタキの BIL 及び CSSL、日本晴と Kasalath の CSSL 等、先行して作成した集団を中心に、約1000 形質の評価を実施。
- ・アソシエーション解析及びネットワーク解析では、解析手法の効力を検証中。
- ・各課題で得られたデータはプロジェクト内での公開を想定してデータベース化を進めており、データベースのフレームワークを作成。
- ・基盤である SNP データについても世界品種用に約4,000個の、日本型品種用に約3,000個の SNP を整備。

⑪ 人為的変異を利用したイネ実験系統群の作出

- ・各種イネ転写因子 cDNA 形質転換イネの作出と評価は、形質転換イネの表現型観察・解析、データベース作成などが進行中。
- ・包括的 FOX イネ選抜系及び少数精鋭選抜系の適用により、数々の塩ストレス耐性の候補系統を作出。
- ・研究に供するイネの遺伝学背景を見直し、遺伝学的に均一な材料を供試することで、放射線照射がゲノム DNA にもたらす効果を精査しているが、材料の準備と吟味に時間を要したため遅延。

⑫ 遺伝子発現情報のプロファイリング

- ・次世代 DNA シーケンサーを用いたトランスクリプトーム解読—情報解析パイプラインを構築し、新たな転写領域を特定。
- ・マイクロアレイ技術を利用したイネの遺伝子発現情報プロファイルでは、葉身、根等の 11 器官・組織等 48 サンプルの発現情報、6月～10月における葉身と根の 2 時間ごと 48 時間連続データ/週、胚・胚乳の発現情報等、着実にデータを蓄積（約 800 件）。得られた遺伝子発現情報はデータベース化され、平成 21 年 7 月に新農業展開プロジェクト内に公開。

⑬ 情報解析ツールの開発、整備

- ・遺伝子機能予測の基本的情報ツールとして汎用性のあるアノテーションシステムを構築し、一般利用者がこの機能を使用できるようなサービス提供の為の枠組みを作成。イネアノテーションのデータベースは月70万ヒット程度の利用実績。
- ・機能ドメインのデータマイニングでは、入手可能なゲノム情報増加に合わせてバージョンを適宜更新し、今年度の論文公開後は更に利用数が増加。特にマイクロアレイとの連携により、高度な機能予測が可能に。
- ・表現型情報として5000件以上の QTL 及び遺伝子情報を収集し、この成果をゲノムブラウザから容易に可視化できるウェブサービスを構築して、プロジェクト内公開。

- ・作物のゲノム育種を支援するためのシステムである PaintBreeder を構築。
- ・イネ変異系統等の研究リソースの維持管理を行い、例年1,000を超える変異系統や、2,000程度の完全長 cDNA の配布を実施。
- ・変異体のデータベースは月当たり5万~9万のアクセス。

⑭ イネ以外の作物の遺伝子導入技術の開発

- ・トウモロコシではアグロバクテリウム法で遺伝子導入技術を確立。しかし、遺伝子を導入できる系統は2系統のみ。
- ・ダイズではアグロバクテリウム法と直接遺伝子導入法の両方で遺伝子導入技術が確立。しかし、複数の日本品種で形質転換が可能であることは確認できているが、形質転換効率がまだ低迷。
- ・コムギではアグロバクテリウム法による遺伝子導入技術の確立に向け推進しているが、形質転換体は未作出。
- ・ソルガムの遺伝子導入技術の開発は、抗生物質耐性を持つ形質転換体の誘導段階まで到達。

⑮ 麦類の遺伝子単離と機能解明

- ・オオムギの閉花性遺伝子と六条性遺伝子の祖先型遺伝子及び β グルカン欠失突然変異原因遺伝子の単離に成功。
- ・コムギ赤カビ病に関しての毒素低蓄積性やオオムギの高 β グルカン蓄積性については候補遺伝子を特定。
- ・コムギの開花期から成熟期までの登熟日数を短縮する QTL に関しては合成パンコムギ系統の二年間にわたる反復評価を終え、今後交配して分離集団作成をすすめる段階。

⑯ ソルガムの遺伝子単離と機能解明

- ・節間伸長に関わる遺伝子単離を目指し、3つの QTL が検出され、このうちの1つについて、遺伝子の候補領域を約40kb に狭めることに成功。
- ・紫斑点病抵抗性遺伝子の候補遺伝子を決定。
- ・乾汁性に関しては、第6染色体上で約185kb の領域に座乗領域を限定。
- ・再生性については、第6、7及び10染色体に大きな QTL を検出。
- ・突然変異体の作出については、極矮性、半矮性、徒長、分げつ異常などの表現型を示す157の突然変異体の系統化に成功。出穂期異常の突然変異体については20系統を同定。
- ・研究支援については公開ゲノム配列より23,000の SSR マーカー候補、5,000以上の SNPs マーカー候補を作製。さらに配列決定の材料となる BAC ライブラリー作製を行い、現在まで8品種においてインサート長100kb を超えるライブラリーを作製。またこれらから選抜された16個の BAC のゲノムシーケンスを解明。

【今後の達成可能性】

課題によっては進捗にばらつきが見られるものの、既に DNA マーカー育種や遺伝子組換え技術による新たな品種が作出されていることや、未知遺伝子の単離・機能解明やデータベースの構築・公開など、基礎、基盤分野での進捗が見られることから、今後の達成可能性は十分にあると考える。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク：A

本研究の進捗により、新たな飼料米の開発や病虫害抵抗性の付与、カドミウム高吸収イネの開発など、新たな品種を生み出すことで食料自給率の向上や農業の省力化、耕作放棄地の活用、汚染土壌の浄化など、現在我が国が抱えている様々な問題を解決することに貢献できる。

また本研究は、多収や環境耐性、バイオエタノール生産に適した品種の開発など、

世界的な食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献できる品種の開発や知見の集積を行っている。

さらに、本研究により産出された成果は、Nature や Science をはじめとする世界的に評価の高い学術誌に掲載されており、植物科学研究の進展に大きく寄与していることは言うまでもない。

これらのことから、研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性は高いと考える。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク：A

研究推進方法については、

- ・ 外部の専門家及び行政部局の出席のもと運営委員会を開催し、研究の進捗状況を確認するとともに、研究方法の改善策等の検討を実施。
- ・ 研究者内でも課題関係者が会議を行い、問題点等の解決に向けた検討を実施。
- ・ 基礎、基盤及び応用といった課題間での連携を図るため、多収などのテーマごとに横串会議を開催し、研究材料や利用可能な遺伝子などといった情報を共有。
- ・ プロジェクト内での情報の共有及び連携の強化を図るため、本プロジェクトに参加する全ての課題担当者が参加するポスターセッションを開催。
- ・ 技術会議とプロジェクトリーダーで連携を密にし、進捗状況の把握、問題点の抽出及び調整を実施。

により取り進め、その結果、成果は概ね順調に出てきていることから、研究推進方法は概ね妥当であると考ええる。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：S

我が国が抱える食料自給率の低下や耕地面積の減少、農業者の高齢化等といった諸問題は早急に解決すべき喫緊の課題である。また、世界に目を転じれば、人口増加やバイオエネルギーの需要の増加による穀物需要の増大、温暖化による病虫害の発生地域や乾燥地域の拡大など、食料、環境、エネルギー問題の解決が求められている。

本研究はこれらの諸問題の解決に貢献する作物をゲノム情報の力を借りて作出することを目標としており、社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性は非常に高いと考える。

【総括評価】

評価ランク：A

本プロジェクト研究は順調に進捗しており、継続することは妥当であると判断される。なお、本研究は基礎から応用まで多くの課題を含むことから、評価にあたっては、基礎的な研究課題と実用的な研究課題をわけて評価すると、よりわかりやすいのではないかと考える。また、本研究のような遺伝子組換え研究は、安全性の確保研究と合わせて進めること等が重要である。

評価個票

研究課題名	新農業展開ゲノムプロジェクト（DREB遺伝子等を活用した環境ストレスに強い作物の開発）	担当課名	国際研究課
事業費	新農業展開ゲノムプロジェクト事業総額145億円の内数	研究期間	計画期間：平成20～23年度 (実施期間：平成20～21年度)* ¹
<p>〔課題の概要〕植物の環境ストレス耐性の分子的機構の解明に関する研究から、植物内で特定の転写因子遺伝子*²を高発現させることにより、乾燥、塩、及び低温などの広範な環境ストレスに対して耐性を付与できることが実験室レベルで示されている。</p> <p>このため、このような研究成果を活用し、世界の食料需給の安定に資するため、不良環境においても減収の回避が図られる作物の系統を育成する。</p>			
目 標	<p><プロジェクト全体のアウトカム目標></p> <p><研究目標></p> <p>(1) 新規の有用遺伝子や各種作物に適したプロモーター*³を単離・同定する。</p> <p>(2) (1)及び既往の成果により実験室レベルで環境ストレス耐性向上が示されている転写因子遺伝子等をイネ、小麦品種に導入し、実際の使用場面に近い環境の圃場条件下において乾燥耐性等を評価し耐性レベルが向上した形質転換系統を選抜する。</p>		
1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等			評価ランク：A
<p>本課題の目標のうち(1)に関しては、国内研究機関において、有用遺伝子の候補及びストレス誘導性プロモーターを単離・同定するとともに、これらを組み合わせた遺伝子構築物を23種類作製するなど順調に進捗しており、当初の目標以上の成果を上げている。</p> <p>(2)に関しては、海外の共同研究機関において、これら遺伝子構築物を導入した遺伝子組換え作物を作出し、網室等で予備的に乾燥耐性評価を実施するとともに、野外隔離圃場で試験栽培を開始又は準備が整う等、順調に進捗している。</p> <p>残りの実施期間で、作出した組換え作物（イネ、小麦）について実際の使用場面に近い環境の圃場条件下で栽培して乾燥耐性評価を行い、乾燥ストレス下での減収程度が小さい系統を選抜する見込みである。</p> <p>以上により、現在までの達成度、今後の達成可能性ともに高い。</p> <p>これまでの具体的な成果は以下のとおり（主なもの）</p> <p>①イネから、乾燥ストレス等で誘導されるプロモーター4種類を新規に単離・同定した。（OsLEA1, OsRAB16B, OsLEA3, OsHOX24）</p> <p>②イネ、シロイヌナズナから、ストレス耐性の強化に関与する遺伝子を候補遺伝子として10種類単離・同定し、新規及び既知のプロモーターのうち以下のものと組み合わせて遺伝子構築物を合計23種類作製した。</p> <p>（遺伝子構築物の作製に用いたもの）</p> <p>プロモーター：UBI, LIP9, OsNAC6, OsHOX24</p> <p>候補遺伝子：DREB1A, DREB2Aca, AREB1dQT, OsSCZF2, NCED3, RD17, SRK2C, OsNAC6, GoIS2, OsDREB1A</p> <p>③作製した遺伝子構築物を対象品種（水稻「IR64」、陸稻「Curinga」「Nerica」、小</p>			

麦「Fielder」)に導入する方法を確立し、上記遺伝子構築物を導入して総数4,550の組換え体を作成した。このうち、固定系統を計約250系統(IR64:60系統、Curinga:104系統、Nerica:48系統、Fielder:40系統)育成した。

- ④網室、圃場での栄養生長期及び生殖生長期の乾燥耐性評価方法を確立した。
- ⑤温室及び網室での乾燥耐性評価(スクリーニング)の結果、乾燥ストレス下で既存品種よりも高収量を示した有望な系統を選出した。
(IR 64 : 25系統、Curinga : 11系統)
- ⑥3つの海外共同研究機関である国際熱帯農業センター(CIAT、コロンビア)、国際とうもろこし・小麦改良センター(CIMMYT、メキシコ)、国際稲研究所(IRRI、フィリピン)で遺伝子組換え作物の隔離圃場試験栽培の承認を獲得しすでに栽培を開始した。
- ⑦原著論文及びレビュー 合計20本
国際学会発表多数

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク : A

途上国の多くは熱帯・亜熱帯に位置し、不良又は不安定な気象条件や栽培環境が問題となっているが、本課題の研究成果は、こうした地域での穀物増産に貢献する画期的な品種開発に活用されることが期待される。

本課題で研究開発の目標としている乾燥ストレス等への耐性が強化された系統を作成すれば、今後、必要に応じて実用品種(農業形質が優良な品種、乾燥以外のストレスに対する耐性が高い品種等)と掛け合わせることで、耐性が強化された実用品種を得ることが可能となる。

以上により、本課題は将来的に途上国等の食料問題解決に貢献することを目的としており、国際的に社会・経済に及ぼす効果の明確性は高い。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク : A

(1) 研究課題・研究計画について

プロジェクト運営に当たっては、プロジェクト研究運営委員会(運営委員会)を毎年度開催し、外部専門家、省内関係部局から得られた研究シーズ、行政ニーズを反映して毎年度の研究計画を策定している。このように、外部専門家等の第三者の意見も取り入れながら、研究課題ごとの目標を明確にした上で計画を策定しており、研究課題及び計画の策定方法は妥当である。

(2) 研究推進体制について

本課題では、プロジェクトリーダーが、毎年度の前半に海外の共同研究機関を訪れ、研究の進捗の確認、打ち合わせ、指導等を行っている。また、運営委員会の前に、すべての参画研究機関の代表者が一堂に会して年次会合を開催し、研究の推進方法について情報交換や細かい調整等を行っている。このように、関係者間のコミュニケーションをよくとることで、研究所間の認識の違い等による非効率が生じないようにしている。

本課題の研究目標のうち「(1)新規の有用遺伝子や各種作物に適したプロモーターの単離・同定」は既にほぼ達成された。このため、来年度以降は最終目標である「(2)乾燥耐性が向上したイネ・小麦系統の選抜」に重点化して以下のとおり研究を推進する。

○今まで

- ・国内研究機関(JIRCAS、理化学研究所)において、新規遺伝子の単離・同定及び遺伝子構築物の作製を行い、これらを海外研究機関(CIAT、CIMMYT、IRRI)に送付
- ・海外機関において、遺伝子構築物を導入した形質転換作物を大量に作り、導入遺伝子コピー数検定、固定系統獲得、栽培試験による耐性評価を実施

○今後2年間

- ・国内機関において、これまでの研究成果から乾燥耐性付与程度の最も高いと予測される遺伝子構築物を選定し、海外機関に送付（21年度中に概ね達成見込み）
- ・海外機関では、優先順位を付けて形質転換体を作成するとともに、隔離圃場での栽培試験による乾燥耐性の評価と選抜を実施
- ・国内機関において、海外機関で選抜された系統の分子生物学的解析を実施

以上のように、各研究機関が比較優位を持つ分野を十分に活用する分担により効率的に国際共同研究を実施しており、研究推進体制の妥当性は高い。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：S

国連食糧農業機関（FAO, 2009年）によると、世界の栄養不足人口が推定10億人に達し、食料の需給状況はひっ迫すると予想されるため、食料安全保障は国際的に重要な課題であり、この問題を解決するための研究開発の必要性は今まで以上に高まっている。特に大規模な干ばつによる作物減収及びそれに伴う国際価格の高騰は、近年世界的に問題になっており、干ばつによる影響を受けにくい乾燥ストレス耐性穀物開発に対するニーズは高い。

一方、国際アグリバイオ事業団の発表によると、世界の遺伝子組換え作物の商業栽培面積は急増しており、2008年（平成20年）には25カ国で1億2500万haに到達した。現在、商業栽培されている遺伝子組換え作物は主に害虫抵抗性と除草剤耐性のものであるが、主食用の組換え作物はまだ商業栽培されていない。しかし、最近では、食料不足や栄養不足等の改善を目的とした不良環境耐性、栄養強化など新しいタイプの遺伝子組換え穀物開発が活発化しており、我が国としてもこれまでのイネゲノム研究で得られた成果を活用し、世界の食料問題の解決に貢献する革新的作物を開発する必要性が本課題開始時点にも増して高くなっている。

以上のように、近年の社会・経済情勢の変化により、本研究実施の必要性はますます高まったと判断される。

【総括評価】

評価ランク：A

本プロジェクト研究は、順調に進捗しており、継続することは妥当である。

なお、国際的なプロジェクトであるため、国際機関と連携を密にとるとともに、どこが最終的に責任を持って成果を実用化するのか明確にしておくことが必要である。また、成果が広く使われるよう新品種としての安全性評価についても検討しておくことが必要である。さらに本研究のような育種研究の重要性とその成果については、国民にその研究の重要性・成果の有用性・普及可能性を説明していくことが重要である。

*1 計画期間、実施期間

記載の期間は、新農業展開ゲノムプロジェクトにおける期間。なお、平成20年度以前は、平成19年度に「アグリ・ゲノム研究の総合的な推進」において実施しており（事業費約1.8億円）、本個票ではこの内容も含めて評価を実施。

*2 転写因子遺伝子

DNAのプロモーター部分に特異的に結合するタンパク質を作る遺伝子。このタンパクがプロモーターに結合するとその遺伝子が働く。通常、転写因子は複数の関連する遺伝子の働きを制御する。

*3 プロモーター

遺伝子がいつ、どのようなときに働くかを定める短いDNA配列で、本課題では植物が乾燥に遭遇した場合に働くプロモーターが重要。

評価個票

研究課題名	「アグリ・ゲノム研究の総合的な推進」のうち動物ゲノム情報を活用した新需要創造のための研究	担当課名	研究開発官（食の安全、基礎・基盤）
事業費	事業総額 29億円 （うち執行額 7億円）	研究期間	全期間：平成19～23年度 （実施期間：平成19～21年度）

〔課題の概要〕

我が国の持っている、家畜の体細胞クローン技術や遺伝子組換え技術、非常に高いポテンシャルを持つ研究リソースについて、国民への成果還元の見点を重視して、その活用される出口を明確化、重点化しながら、より実用的なレベルまで向上させていくことが重要である。

このため、大学、民間企業などの研究者を結集し、オールジャパン体制で、現場で必要とされる抗病性や経済形質を飛躍的に向上させた優良系統の開発を進めるとともに、医療研究用モデルブタの開発に重点をおいた研究を進めること等により、新たな需要を創造し、世界をリードする動物を用いた新産業創出の基盤を形成する。

目 標	<プロジェクト全体のアウトカム目標>
	<p><研究目標></p> <p>大課題1：家畜の遺伝研究を支えるゲノム情報基盤の構築 国際コンソーシアムへの参画によるブタゲノム解読、ブタの発現遺伝子の網羅的解析と、それらを利用した高密度かつ大量のマーカー開発、遺伝子と形質との関連評価のためのマイクロアレイ等発現解析システムの構築等を行い、抗病性や肉質向上のための育種に資するゲノム情報基盤を整備する。</p> <p>大課題2：ブタ抗病性、肉質等経済形質向上のための育種技術の開発 大課題1で得られたゲノム情報を活用して、高品質で「安心かつ安全な」畜産物生産に貢献する、抗病性に優れたブタ系統の作出や豚肉の経済形質に優れたブタ系統の作出を目標とした、家畜免疫系遺伝子解析研究、脂肪関連形質等の品質に関する遺伝子の解明を行う。</p> <p>大課題3：医学研究用モデル家畜の開発 ヒトの医療に貢献できる、再生医療用モデルブタ、疾患モデルブタ、移植用モデルブタ等の医学研究用モデル家畜の実用化を目指した組み換えモデルブタを開発する。</p> <p>大課題4：国産鶏の品質向上のための育種技術の開発 ゲノム情報の解読されている鶏について、そのゲノム情報を活用し、我が国養鶏産業の基盤強化のため、消費者ニーズに合致したもも肉比率の高い鶏や、卵の生産流過程における経済損失改善に対応した卵殻強度の改良された鶏等の実用系統を作出する。</p> <p>大課題5：遺伝子組換え家畜による有用物質生産技術の開発 遺伝子組換え技術や体細胞クローン技術を用いて、抗ピロリ菌機能を持つ乳汁を生産するヤギを作出し、さらに生産物の抗菌活性の有効性を明らかにして、有効な機能性食品等の素材開発等に繋げることができる動物工場の実用化を目指す。</p>

【達成度】

大課題1：家畜の遺伝研究を支えるゲノム情報基盤の構築

- ・第6・7染色体上に位置する BAC クローン254個（本プロジェクト内では150個）について平均7.92倍のカバー率でショットガンシーケンシングを実施。これはブタゲノム塩基配列の1.6%程度に相当（国際コンソーシアムによるドラフト解読終了）。
- ・11個の cDNA ライブラリーの追加（合計28個）し、114,463個の EST 配列の追加（合計277,094個）。また、9,368個の cDNA クローンの新規解読（合計19,515個）を実施。解読した全 cDNA クローンは10,000個以上の遺伝子に相当するものと考えられる（発現遺伝子解析は全遺伝子の過半の解読のためのライブラリー整備をほぼ達成）。
- ・27,592種類のプローブ（およそ18,000個の遺伝子に対応）を有するオリゴマイクロアレイを構築。
- ・完全長 cDNA 情報等を用いて2,000個以上の SNP の開発を行い、1,536個の SNP からなるタイピングセットの構築を行うとともに、銘柄豚（トウキョウ X）の判別システムを構築（SNP によるジェノタイピングシステムと、品種識別への利用法の開発）。

大課題2：ブタ抗病性、肉質等経済形質向上のための育種技術の開発

- ・(1) マイコプラズマ性肺炎抵抗性(第2染色体(SSC2))、(2) ドリップロス(SSC14)、(3) 筋肉内脂肪含量(SSC17)、(4) 背脂肪厚(SSC17)に関わる QTL を特定。
- ・一日平均増体量(SSC4) QTL を検出し、アリルあたり35g/日の効果を確認するとともに約10cM（～20Mb）まで候補領域を特定。
- ・肉色 QTL(SSC2)のファインマッピングより、6つの遺伝子が含まれる領域まで絞り込み、そこに位置するヘム合成に関与する NUDT7遺伝子が品種間で発現量に差があること、筋芽細胞において NUDT7の発現がヘム蓄積を阻害することを確認。
- ・西洋品種内において検出された椎骨数 QTL(SSC7)のファインマッピングから新規遺伝子を単離（特許申請作業中）。
- ・2つの筋肉内脂肪含量 QTL 領域をマーカーアシスト選抜によりデュロック種系統豚に導入し、通常の約2倍（6%）の筋肉内脂肪含量を示す種豚集団を造成。この集団はポーノブラウンと命名され、H21年度から生産農家に人工授精用精液の供給（実用化）を開始し、これまでに約1,000本を提供。

大課題3：医学研究用モデル家畜の開発

- ・再生医療用モデルとして、Il2rg ノックアウトクローンブタ及びその後代の作出に成功し、免疫系の機能評価によりヒトの X 連鎖性 SCID 病態との類似性を明らかにした。
- ・ヒト疾患モデルとして、MYCN 発現ブタの作出に成功すると共に、p53ノックアウト細胞を作成。
- ・生活習慣病モデルとして、LDLR ノックアウトブタの作出に成功し、ヒト家族性高コレステロール血症 II b 型との類似性を確認。
- ・臓器移植用モデルとして、ヒト A/B 血液型の再現に必要な、1型 A/B 抗原発現クローンブタ及び2型 H 抗原発現クローンブタの作出に成功。PERV の制御法として、200nm のフィルター濾過による PERV-A の除去が可能であることを確認。
- ・ブタ核移植胚の発生率の向上にアセチル化が影響すること確認。また、改変/導入遺伝子ホモ・ヘテロ型の遺伝子診断法の有効性を後代試験により確認し、ホモ型の hDAF 発現ブタを得た。さらに、ガラス化法により凍結保存した GFP 発現胚由来の産子を得ることに成功。

大課題4：国産鶏の品質向上のための育種技術の開発

- ・肉専用種である白色コニッシュにおいて、むね/もも肉比率等産肉形質と DNA マーカー型との関連性を調べたところ、むね/もも肉比率との関連が示唆される染色体候補領域が、第1番染色体の一つのマーカー周辺に存在することを確認。
- ・体重に差がある比内鶏2系統を交配して作出した F2交雑家系を用いて、QTL 解析を行ったところ、第1番及び第4番染色体に、発育ステージに対応した、体重に関連する3つの QTL を見出。
- ・白色レグホーン種の強卵殻系統と弱卵殻系統を交配した F2交雑家系を用いて QTL 解析を行ったところ、卵殻強度及び卵の大きさに関わる候補遺伝子として、Ovocalysin-32を見出。また、大軍鶏とロードアイランドレッドを交配した F2交雑家系を用いて QTL 解析を行ったところ、産卵率に関わる QTL 及びマーカーアシスト選抜に有効なマーカーを見出。

大課題5：遺伝子組換え家畜による有用物質生産技術の開発

- ・ α 1,4-N-アセチルグルコサミン転移酵素乳腺発現 BAC ベクターを完成。
- ・巨大 DNA のモル濃度を確保するために、微量スケールのエレクトロポレーション法を適用した BAC ベクター導入技術及び BAC ベクター導入を確認する定量的 PCR 系を設定し、BAC ベクター導入細胞を得るまでの一応の目標を達成している。得られた BAC ベクター導入ヤギ体細胞をドナーとした核移植を実施中であるが、受胎例を得るに至っていない。

【今後の達成可能性】

大課題1～4については、情報基盤の整備、QTL 領域の特定、遺伝子組換えモデルブタの作出等、これまで順調に成果が出てきており、プロジェクト終了時には目標の達成が可能であると考えられる。

一方、大課題5については現時点で遺伝子組換えヤギの受胎例がないことから、ヤギの世代交代期間（生まれた子供が次の子供を産む期間）を考慮したとき、プロジェクト終了時までに遺伝子組換えヤギの作出は困難であることから、21年度で本課題については終了とした。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク：S

DNA マーカー育種により作出された霜降りブタ（ポーノブラウン）は新たな需要の喚起が見込まれ、平成24年に開催されるぎふ清流国体に向けた新たな県産品としてアピールされることになっており、成果の実用化の見通しは非常に高い。

また、抗病性や肉質等経済形質の向上は、畜産農家の経営の改善をバックアップするものである。

さらに、医療用モデルブタの作出は、国際的に見ても新規性の高い研究課題である。また、今後の新薬や医療用機器の開発、医療技術の向上等医学の発展に多大な貢献をすることが期待でき医療研究に及ぼす波及効果は非常に高い。

これらのことから、研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性は非常に高いと考える。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク：A

一部の課題で想定していた成果を出すことができなかったが、プロジェクト全体としては概ね順調に成果が生み出されているものと考えられる。

この理由として以下のことが考えられる。

- ・外部の専門家及び行政部局の出席のもと運営委員会を開催し、研究の進捗状況を確認するとともに、研究方法の改善策等の検討を実施。

- ・研究者内でも課題関係者が会議を行い、問題点等の解決に向けた検討を実施。
 - ・技術会議とプロジェクトリーダーで連携を密にし、進捗状況の把握、問題点の抽出に努めてきた。
- 以上のことから、研究推進方法は概ね妥当であると考える。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：A

ゲノム研究はバイオ産業の基礎であり、ゲノム研究を通じた画期的な新品種の開発等は、農林水産業・食品産業のみならず、我が国産業の活性化に大きく寄与するものである。バイオ産業は、今後我が国の雇用を大量に創出し、社会、経済、産業を牽引できる可能性が大きい。また、これまで作ることができなかった画期的な畜産物の作出につながり、我々の食生活や医療事情等を一変させる可能性を有しており、本研究の継続は必要である。

【総括評価】

評価ランク：A

本プロジェクト研究は順調に進捗しており、継続することは妥当であると判断される。

なお、実験用動物としてブタが活用できる場面は多く、本研究の成果に対する期待は大きい。また、成果として作出された霜降りブタの普及について、消費者や調理科学会等、エンドユーザーに働きかけているところが注目される。

評価個票

研究課題名	「アグリ・ゲノム研究の総合的な推進」のうち昆虫ゲノム情報を活用した新需要創造のための研究	担当課名	研究開発官（食の安全、基礎・基盤）
事業費	事業総額 29億円 （うち執行額 8億円）	研究期間	全期間：平成19～23年度 （実施期間：平成19～21年度）

〔課題の概要〕

我が国においては、これまでに、カイコの遺伝子組換え技術の開発やゲノムの主要部分の解読を推進しており、研究リソースは非常に高いポテンシャルを持っている。

今後は、これらの基礎技術や研究リソースについて、国民への成果還元の見点を重視して、その活用される出口を明確化・重点化しながら、より実用的なレベルまで向上させていくことが重要である。

このため、遺伝子組換えカイコによる有用物質生産の高度化に重点をおいた研究を進めることにより、カイコを利用する新たな需要を創造し、世界をリードする新産業創出の基盤を形成する。

目 標	<プロジェクト全体のアウトカム目標>
	<p><研究目標></p> <p>大課題1：カイコゲノム研究基盤の整備と重要遺伝子の機能解明 カイコを用いた物質生産の高度化や昆虫の特異的な遺伝子の探索とそれらの産業利用を加速するために、その基礎となるゲノム情報の整備と解析ツールの開発を行う。その主なものは、カイコ完全長cDNAの解読、カイコゲノムの遺伝子アノテーションの推進、BACクローンの整備と連鎖地図の高密度化、効率的な遺伝子発現制御技術としての相同組換え技術の開発、新機能遺伝子探索のための新規突然変異系統の作出である。そして、各種昆虫の特徴的な現象を司っている重要遺伝子を解析することにより、その産業的利用への道筋をつける。</p> <p>大課題2：カイコを利用した有用物質の生産技術の高度化による新需要の創出 遺伝子組換えカイコを利用して、有用タンパク質の生産を実用的なレベルにまで高める。そのため、タンパク質の発現量を飛躍的に増加させること、さらにヒトへの適用が可能なヒト型糖鎖付加技術の開発を目指す。対象とするタンパク質としては医薬品や抗体などを選定し、実用化への技術開発を行う。また、昆虫素材を再生医療や医薬品開発に生かすべく素材の探索・改変を行う。</p> <p>大課題3：遺伝子組換えカイコの大量飼育システムの構築と普及 カイコが生産するタンパク質の品質保持や安定的供給を可能にするための技術開発を行う。そのため、遺伝子組換えカイコシステムの長期安定保存技術の開発、農家普及のための大量飼育技術開発、タンパク質生産のための効率的な飼育システムの確立を行う。</p>

1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等

評価ランク：S

【達成度】

主な内容としては、

1. 組換えカイコ技術に各種の改良を加え、カイコ1頭あたり1mg以上のタンパク質

- 生産を可能にし、3年間で10～20倍の発現量上昇を達成。
2. カイコのタンパク質の糖鎖構造をほぼ解明。さらにカイコでヒト型糖鎖をもつタンパク質の生産系に目処。
 3. 臨床検査試薬としての抗体（血清タンパク質認識抗体、癌関連糖鎖認識抗体）の作製に成功。実用カイコ系統の大量飼育システムを構築中。
 4. 組換え医薬品生産系の開発ではヒト成長ホルモンの生産に成功。カイコ3,000頭から10mgスケールでの生産が可能に。
 5. カイコでの物質生産を安定維持するための品種の改良、保存技術、大量飼育システムも順調に進み、卵巣及び精子の凍結保存技術に関してはマニュアル作成・講習会を開催。
 6. 組換えカイコで生産したフィブロインのスポンジを変形性関節症などの汎用治療へ活用可能に。
 7. 完全長cDNA 12,000クローンの解読を前倒しで3年間で達成し、各種ゲノム情報を統合したカイコゲノムデータベース (<http://sgp.dna.affrc.go.jp/KAIKObase/>) を構築。
 8. ポジショナルクローニング法で各種有用遺伝子が単離されつつあり、カイコの遺伝子機能操作技術と効率的新規変異系統の作出技術も進展。

【今後の達成可能性】

3年間を経過し、ゲノム情報基盤の整備、遺伝子組換えカイコによるタンパク質生産技術の改良、卵巣及び精子の凍結保存技術のマニュアル作成等、これまで順調に成果が出てきている。中でも、臨床検査試薬としての抗体生産については、厚生労働大臣による遺伝子組換えカイコの産業利用の第2種使用の承認を得ることができており、実用化へ大きく近づいている。このため、プロジェクト終了時目標の達成可能性が非常に高い。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク：A

臨床検査試薬としての抗体の生産については、課題を担当している企業が厚生労働大臣による遺伝子組換えカイコの産業利用の第2種使用の承認を得ており、実用化への見通しは高いと考える。また、遺伝子組換えカイコの活用は養蚕業に活路を見出すことが可能であり、本研究の成果は養蚕業の振興といった行政施策へ貢献することができる。

これらのことから、研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性は高いと考える。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク：A

プロジェクト全体としては順調に成果が生み出されているものと考えられる。

この理由として以下のことが考えられる。

- ・ 外部の専門家及び行政部局の出席のもと運営委員会を開催し、研究の進捗状況を確認するとともに、研究方法の改善策等の検討を実施。
- ・ 研究者内でも課題関係者が会議を行い、問題点等の解決に向けた検討を実施。
- ・ 技術会議とプロジェクトリーダーとの連携を密にし、進捗状況の把握、問題点の抽出に努めてきた。

以上のことから、研究推進方法の妥当性は高いと考える。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：S

養蚕農家数の減少など衰退が続く我が国養蚕業の現状を打破するためには、カイコを用いた新たな技術の実用化が必要である。現在開発を進めている技術が実用化されれば、養蚕業の復興に光明を与えることができる。また、我が国が今後直面するであ

ろう高齢化社会において、医薬品を安価で安定的に供給すること等が可能となり、一般消費者にも計り知れない利益をもたらす。

このため、農林水産業、国民生活等のニーズから見た研究の重要性は非常に高く、社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性は非常に高いと考える。

【総括評価】

評価ランク：S

プロジェクト研究は予想以上に進捗し、高く評価できると判断される。特に基礎研究の成果だけでなく、カイコ、絹糸が持つ高い活用可能性を医薬面で広げることは非常に重要である。さらなる研究の推進を期待したい。

評価個票

研究課題名	鳥インフルエンザ、BSE等の高精度かつ効率的なリスク管理技術の開発 (鳥インフルエンザ部分)	担当課名	研究開発官(食の安全、基礎・基盤)
事業費	事業総額 33億円 (うち執行額 14億円)	研究期間	全期間：平成20～24年度 (実施期間：平成20～21年度)

〔課題の概要〕

鳥インフルエンザ、BSE等の家畜伝染病については、現在明らかとなっている科学的知見に基づき、新型インフルエンザ、変異型クロイツフェルトヤコブ病等のヒトの重要疾病への移行リスクを低減させる観点から、発生ごとに家畜段階での早期の疾病制圧、まん延防止施策に多大な人的・金銭的投入が行われており、防疫措置の対象となる畜産農家等の経済損失も大きい状況にある。

このため、これらの人へのリスク要因となる人獣共通感染症を対象として、ヒトへの感染移行リスクを最低限に抑えつつ、その家畜段階でのリスク管理をより効率的に実施する観点から、基礎的知見の更なる集積を図るとともに、現在、実施されている防疫措置等の高精度化、効率化のための技術開発を実施し、防疫措置に係る行政コスト及び農家の経済損失の低減化を図る。

目 標

<プロジェクト全体のアウトカム目標>

鳥インフルエンザやBSE等について現在実施されている防疫措置の高精度化、効率化を通じた、感染症リスクの低減と防疫措置に係る行政コスト及び農家の経済的損失の低減を目指す。

<研究目標>

(1) 鳥インフルエンザに係る高精度かつ効率的な検査、防疫技術の開発

鳥インフルエンザウイルスの変異・増殖機構の解明、ウイルス検査の迅速化技術の開発、媒介動物等でのウイルス感染制御のための種間伝播様式等の解明を行う。

(2) 防疫効果の高い鳥インフルエンザ用ワクチンの開発

国内外のウイルス株の遺伝子配列の比較によるワクチン効果の推定方法の確立、防疫効果の高いワクチンの開発を行う。

(3) 人獣共通感染症制圧のための技術開発

国内での新興・再興が懸念される人獣共通感染症について、国内発生時に必要となる緊急的な病性鑑定、防除技術等の開発を行う。

1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等

評価ランク：A

【達成度】

これまで、鳥インフルエンザウイルスの病原性に関与する遺伝子分節が推定されており、またリアルタイムPCR法による鳥インフルエンザウイルスの迅速検査技術などが開発されるなど、研究全体の進捗は概ね順調であり、研究目標の達成度及び今後の達成可能性等は高いと判断される。

なお、研究目標毎の達成度等は以下のとおりである。

(1) 鳥インフルエンザに係る高精度かつ効率的な検査、防疫技術の開発

「ウイルスの変異・増殖機構の解明」については、病原性発現遺伝子を特定するため、強毒型、弱毒型のウイルス遺伝子を組み合わせたリアソータントウイルスを作成し、病原性に影響する遺伝子分節の候補を絞り込んだ。また感染株に対

して異なる応答をする遺伝子をマイクロアレイを用いて検索し、7つのクラスターに分類されることを見いだした。今後、この遺伝子の働きを確認する必要がある。「ウイルス検査の迅速化技術の開発」については、検出精度がほぼ100%（285株／286株）のリアルタイムPCR法によるNP遺伝子検出法を開発し、行政と連携して実用化に到った。「媒介動物等でのウイルス感染制御技術の検討」については、国内分離ウイルスを用いて各種条件下で検討した結果、4℃でもほとんど感染性が低下しないこと、感染したマウスの糞中にもウイルスが排出されること、湖水条件下でも4℃で35日後もウイルスが検出されることが明らかとなった。

(2) 防疫効果の高い鳥インフルエンザ用ワクチンの開発

「鳥インフルエンザウイルスの動態調査」においては、国内外の分離ウイルスの遺伝子配列を解析し、国内での高病原性鳥インフルエンザの発生時に発生ウイルスの遺伝的由来の検討を行うと共に、人工ウイルスを用いてタイ、インドネシア発生株に対する診断用抗血清を作製した。「鳥インフルエンザワクチンの開発」については、リバースジェネティクス法を用いて弱毒化したワクチン候補株が作成可能であることを示した。また、ワクチン株として野生水禽由来のウイルス株を用いることにより、幅広い反応性を持つワクチンが作製されることを示唆する結果が得られた

(3) 人獣共通感染症制圧のための技術開発

「ウエストナイル等のフラビウイルス感染様式解明」については、抗ウエストナイルウイルス（WNV）モノクローナル抗体を用いて、日本脳炎ウイルス感染と WNV 感染を識別できる特異的結合ELISAを開発した。「ウエストナイルウイルス感染症の病性鑑定技術の開発」においては媒介蚊の飼育法を開発し蚊の体内ウイルス動態を解明するための検討を行った。「ウエストナイル等のフラビウイルスを媒介する蚊やマダニの効果的な防除方法の開発」においては、マダニの吸血・消化関連分子を多数同定した。これは、家畜への寄生を阻害する安全性と持続効果に優れたマダニワクチン、抗マダニ薬への応用が期待される。

【今後の達成可能性】

内容が重複する課題は一つにまとめ、効率的に運営する必要がある。また、(3) 人獣共通感染症制圧のための技術開発については、ウエストナイルにとらわれず、新たに発生する可能性のある人獣共通感染症に広く対応するため、媒介動物の制御を中心とした課題構成にする必要がある。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性	評価ランク：S
<p>本プロジェクトにおいて開発している技術は、発生ごとに家畜段階において行われている早期の疾病制圧、まん延防止施策の効率化、省力化に資するものであり、本プロジェクトの目標が達成することは、現在、実施されている防疫措置に係る行政コスト及び農家の経済損失の低減が期待できる。</p> <p>以上のように、人獣共通感染症リスクが低減することにより、畜産経営の安定が図られることから、社会・経済等に及ぼす効果は非常に高い。</p>	
3. 研究推進方法の妥当性	評価ランク：A
<p>研究推進については、行政部局と外部有識者等で構成する「プロジェクト研究運営委員会」を設置して、行政ニーズや研究シーズを反映した研究の進行及び管理を行っている。なお、今回の中間評価にあたり、運営委員会において課題目標、進捗状況や社会の諸情勢等を踏まえ、課題の統合、見直しにより効率的な研究運営を行うこととしている。このように、研究推進にあたり行政部局と連携し、的確に課題の見直しを行っており、研究推進方法の妥当性は高い。</p>	
4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性	評価ランク：S

高病原性鳥インフルエンザの国内発生は継続しており、また新型インフルエンザが世界的に流行している。また、これらの人獣共通感染症が国内発生した際には、早期の疾病制圧、まん延防止のために人的にも、金銭的にも多大な行政コストが必要となるとともに、防疫措置の対象となる畜産農家等の経済的損失も多大なものとなる。このような状況下において、人獣共通感染症の人への感染移行リスクを低減させ、家畜段階でのリスク管理をより効率的に実施するための基礎的知見のさらなる集積、検査技術等の高精度化、効率化が必要となっている。

以上のように、本プロジェクトに対する社会的要請は非常に大きく、諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性は非常に高い。

【総括評価】

評価ランク：A

本プロジェクト研究は、順調に進捗しており、継続することは妥当であると判断される。

なお、今後、環境省とも連携しながら、渡り鳥などに関する情報収集・解析も重要である。また、感染症の発生状況等に応じた実用的な診断手法の開発等、状況の変化に柔軟に対応した研究の推進が必要である。

評価個票

研究課題名	鳥インフルエンザ、BSE等の高精度かつ効率的なリスク管理技術の開発 (BSE 部分)	担当課名	研究開発官 (食の安全、基礎・基盤)
事業費	事業総額 33億円 (うち執行額 14億円)	研究期間	全期間：平成20～24年度 (実施期間：平成20～21年度)
<p>【課題の概要】</p> <p>鳥インフルエンザ、BSE等の家畜伝染病については、現在明らかとなっている科学的知見に基づき、新型インフルエンザ、変異型クロイツフェルトヤコブ病等のヒトの重要疾病への移行リスクを低減させる観点から、発生ごとに家畜段階での早期の疾病制圧、まん延防止施策に多大な人的・金銭的投入が行われており、防疫措置の対象となる畜産農家等の経済損失も大きい状況にある。</p> <p>このため、これらの人へのリスク要因となる人獣共通感染症を対象として、ヒトへの感染移行リスクを最低限に抑えつつ、その家畜段階でのリスク管理をより効率的に実施する観点から、基礎的知見の更なる集積を図るとともに、現在、実施されている防疫措置等の高精度化、効率化のための技術開発を実施し、防疫措置に係る行政コスト及び農家の経済損失の低減化を図る。</p>			
目 標	<p><プロジェクト全体のアウトカム目標></p> <p>鳥インフルエンザやBSE等について現在実施されている防疫措置の高精度化、効率化を通じた、感染症リスクの低減と防疫措置に係る行政コスト及び農家の経済的損失の低減を目指す。</p> <p><研究目標></p> <p>(1) BSE対策に資する基礎的知見の集積及び高精度検査技術の開発 異常プリオン蛋白質の性状解明、高精度かつ迅速な検出技術の開発、BSE生前診断法の検討を行う。</p> <p>(2) 牛肉骨粉等のリスクの定量的分析 牛肉骨粉等の有効利用(肥料又は飼料利用等)に資する基礎的知見の集積、にかかわらすの感染リスク分析を行う。</p> <p>(3) 牛肉骨粉を用いた亜臨界水処理処理等の低コスト不活化処理技術の開発 亜臨界水処理等による牛肉骨粉の不活化処理技術の生産現場への適用可能性の検討を行う。</p>		
1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等			評価ランク：A
<p>【達成度】</p> <p>これまで、BSEプリオン蛋白質を試験管内で増幅することによる高感度検出技術(PMCA法)が開発されている。また、遺伝子改変マウスを用いたバイオアッセイ法を確立することにより、従来は200日程度必要であったBSEプリオンの感染性の検出が75日程度に短縮されるなど、研究全体の進捗は概ね順調であり、研究目標の達成度及び今後の達成可能性等は高いと判断される。</p> <p>なお、研究目標毎の達成度等は以下のとおりである。</p> <p>(1) BSE対策に資する基礎的知見の集積及び高精度検査技術の開発</p> <p>「異常プリオン蛋白質の変換と感染性に関わる因子の解析」については、N末端領域の解析によりオクタペプチドリピートがプリオンの病原性に関与していることを明らかにした。また、正常プリオン蛋白質の高次構造変換(解きほぐし)</p>			

に關与する因子（アンフォルジン）の解きほぐし機能を活用して新しい生体分子単利システムの構築がなされた。このシステムを利用してプリオン複製機構の解明研究を開始する予定である。リコンビナントプリオン蛋白質（PrP）を基質としたPMCA法の成功により、プリオンの変換に關わる領域の自由設計とその変換について試験管内で検討可能となった。これはプリオンの変換に關与する宿主蛋白質領域の解明に応用可能である。「BSEプリオン経口接種牛の発症病態解析」については、従来型BSEの経口接種によるBSEの人為的再現試験により異常プリオン蛋白質の体内動態の経時的推移を明らかにし、ウシの諸臓器のプリオン動態と安全性について評価するための知見が得られる見通しとなった。非定型BSEについても脳内接種及び経口投与を開始した。「非定型BSE等エマーシングプリオン病とCWDの感染性に対するリスク評価」については非定型プリオン病のうち、L型BSE及びH型BSEの伝達性を確認した。また、現在までに行った国内のサーベイランスでは、非定型スクレイピー、CWDの浸潤は認められなかった。「PMCA法のBSEの実用化に資する高感度検出技術開発」については、PMCA法の増幅条件を改変することにより、BSE感染牛由来異常プリオンのウェスタンブロット（WB）での検出感度が1億から10億倍となる超高感度検出に成功し、特許を出願した。「遺伝子改変マウス等を用いたバイオアッセイ法の高度化」については、迅速バイオアッセイ法により、従来200日必要であったBSEプリオン感染性の証明を75日に短縮し、量的効果があることを明らかにした。

（2）牛肉骨粉等のリスクの定量的分析

「骨の蒸製処理条件におけるBSEプリオン不活化の検討（にかわかすの感染リスク分析）」については、にかわかす製造工程をシミュレートした蒸製熱処理条件で155℃20分間の蒸製熱処理を行っても、乾燥させるとプリオンを完全に分解できないが、現場に最も近いマセレイトの状態では、140℃でシグナルが消失することが確認できた。また、処理時間を長くすることで、プリオンの分解が進むことも示された。現在バイオアッセイ中であり、1年程度で結果が出る予定となった。「牛肉骨粉の有効利用に資する基礎的知見の集積」については、肉骨粉製造過程を模したBSE感染乳剤の140℃、1時間及び180℃、3時間のフライ処理では、それぞれ1回または2回のPMCAで増幅される程度のPrP^{Sc}が残存しており、フライ処理単独では完全な不活化には至らないことが判明し、何らかの追加処理の必要性が示された。一方、高温下における高pH処理で効果があることが示された。「BSEプリオン蛋白質の土壌への吸着ならびに土壌中での減少に關する研究」については、各種土壌のプリオン蛋白質吸着試験及びプリオンの土壌中での消長に關する培養実験について解析中で、期間内に結果が得られる予定である。

（3）牛肉骨粉を用いた亜臨界水処理等の低コスト不活化処理技術の開発

実験室用のバッチ式処理装置の開発を行い、複数の処理条件下でBSE感染牛脊髄材料を処理したところ、WBの検出限界以下までBSEプリオンが分解されることが明らかとなった。また、亜臨界水処理後の水溶性画分から、イオン交換クロマトグラフィーによりアミノ酸を分離し、各画分中のアミノ酸、全窒素量など基礎データの測定を行った。また、試料の一部について、肥料成分の分析結果を得ており、予備的調査により既存の液体肥料と同等の効果を有することを確認した。

【今後の達成可能性】

他の課題で成果が出たために必要性の薄れた課題を中止するなど、効率的に運営する必要がある。また、（3）牛肉骨粉を用いた亜臨界水処理等の低コスト不活化処理技術の開発については、当初計画どおり「亜臨界水処理導入による牛肉骨粉不活化の経済性・環境負荷評価」を開始する予定である。

本プロジェクトにおいて開発している技術は、BSEまん延防止施策の効率化、省力化や牛肉骨粉の飼肥料等への有効利用に資するものであり、本プロジェクトの目標を達成することは、現在、実施されている防疫措置、牛肉骨粉の飼肥料規制に係る行政コスト及び農家の経済損失の低減が期待できる。

以上のように、BSE感染リスクを低減することにより、畜産経営の安定が図られることから、社会・経済等に及ぼす効果は非常に高い。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク：A

研究推進については、行政部局と外部有識者等で構成する「プロジェクト研究運営委員会」を設置して、行政ニーズや研究シーズを反映した研究の進行及び管理を行っている。なお、今回の中間評価にあたり、運営委員会において課題目標、進捗状況や社会の諸情勢等を踏まえ、課題の統合、見直しにより効率的な研究運営を行うこととしている。このように、研究推進にあたり行政部局と連携し、的確に課題の見直しを行っており、研究推進方法の妥当性は高い。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：S

OIE科学委員会から2009年にBSEステータス「管理されたリスクの国」と認定された後も、牛肉骨粉の飼肥料規制やサーベイランス等のまん延防止対策を引き続き実施しており、人的にも、金銭的にも多大な行政コストが発生している。このような状況下において、家畜段階でのリスク管理を効率的に実施するための基礎的知見のさらなる集積や検査技術等の高精度化、牛肉骨粉の有効利用を図るためのBSEプリオンの不活化技術の開発による牛肉骨粉のBSEリスクの定量的分析が必要となっている。

以上のように、本プロジェクトに対する社会的要請は非常に大きく、諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性は非常に高い。

【総括評価】

評価ランク：A

本プロジェクト研究は、順調に進捗しており、継続することは妥当であると判断される。

なお、肉骨粉は肥料用成分としては非常に有効であり、特にリン酸肥料はリン鉱石の輸入が困難になってきており、肉骨粉を有効活用できる本研究への期待は大きい。また、有効利用技術の開発にあたっては、コスト面、国民の不安の解消等についても考慮することが重要である。さらに、感染症の発生状況等に大きな変化があった場合には、研究計画の変更等状況の変化に即した効率的な研究の推進に留意する必要がある。

評価個票

研究課題名	農業に有用な生物多様性の指標及び評価手法の開発	担当課名	研究開発官（環境）
事業費	事業総額 6億円 （うち執行額 4億円）	研究期間	全期間：平成20～24年度 （実施期間：平成20～21年度）
<p>[課題の概要]</p> <p>農業に有用な生物多様性について、農法・農業技術等の効果を現場レベルで調査・評価し得る、国民にわかりやすく、国際的にも理解される生物多様性の「指標」及び標準的評価手法の開発を、行政部局と連携して進める。</p>			
目 標	<p><プロジェクト全体のアウトカム目標></p> <p>農業に有用な生物多様性に関する科学的知見の蓄積を通じ、環境保全型農業の効果的な推進や総合的病害虫・雑草管理（IPM）への転換を図る。</p> <p><研究目標></p> <p>（1）中間目標</p> <p>平成22年10月に開催される第10回生物多様性条約締約国会合（COP10）において中間成果を世界に発信することとなっており、平成21年度までに「指標の候補」を選抜する。</p> <p>（ ） ・ 現在0→210指標 （内訳）ほ場単位＝135指標 集落単位＝75指標 ※各課題5種×42課題（公募の課題数で算出）</p> <p>また、「指標の候補」について、簡便な調査手法の開発につながる基礎的解析として、調査のための識別法の開発、革新的なモニタリング手法の基盤開発、効率的なトラップ設置基準の確立、「指標の候補」の保存技術の開発を行うとともに、指標生物の広域把握区・予測可能なシステムの開発のために、農業に有用な生物多様性の指標生物種に関する既往データ、本プロジェクト研究で得たデータを収集及び蓄積する。</p> <p>（2）最終目標</p> <p>指標の候補の中から、調査・分析により、指標とする生物種（又は当該生物種を含む生物群）を確定するとともに農業生産性を加味した現場レベルの評価手法を開発し、マニュアル化する。</p> <p>また、得られた調査データを活用し、国土全体で生物多様性を把握・予測する都道府県の農業指導機関が活用できる簡易なシステムを開発する。</p>		
1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等			評価ランク：S
<p>（1）指標の候補を選抜するための研究</p> <p>全国274地点において捕獲・確認した延べ200万以上の個体から、環境保全型ほ場及び集落に特徴的に現れる（統計的に有意に多い）生物種を指標候補種として選抜した。ほ場単位の試験では、テントウムシ類、ゴミムシ類、アリ類などを中心に、延べ426種の指標候補が選抜された。集落単位では、トンボ類、カエル類、クモ類などを中心に、延べ227種の指標候補が選抜された。いずれも当初の目標を上回る指標候補</p>			

種が選抜されことから、20～21年度の研究目標は達成された。

(2) 指標及び簡便な評価手法並びに予測技術の開発

1) 指標及び簡便な評価手法の開発

指標候補となる種の識別方法の開発として、寄生蜂類同定のための画像を多用した同定マニュアルの試作や、標本作成方法のマニュアルを開発しWebで公開するなどした。効率的なモニタリングを行う方法の開発については、指標生物候補を対象に粘着版の色彩や捕獲効率を高める方法を開発し、効率的なトラップ設置基準の確立として、移動分散推定するためのマーカの作成などの基礎的解明を当初の計画通り達成した。指標種の保存のための飼育技術開発では、クサカゲロウの飼育のための発育特性を明らかにして、飼育のための基礎を確立した。

2) 予測技術の開発

農業景観に関する調査・情報システム(RuLIS)が有する農業生態系区分情報を、任意の地域で切り出し可能な形で提供するとともに、農業に有用な生物多様性の指標生物種に関する既往データ、本プロジェクト研究で得たデータを収集し、農業生態系間、地域間、作目間の比較が可能な形に整備し、当初の目標を達成した。

以上の通り、全体として計画通りに進捗しており、今後の目標達成可能性は非常に高い。今後は、選抜された「指標生物候補」を対象に、汎用的調査法や生物多様性の評価法の開発、広域指標ごとの予測適用可能範囲を解明や農法の変更等に伴う生物多様性の変化を予測するモデル等を開発することとしている。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク：S

選抜された「指標の候補」については、平成22年(2010年)10月に我が国(愛知県)で開催される第10回生物多様性条約締約国会合(COP10)において、アジアモンスーンで初めての生物多様性指標の開発等に関わる重要な研究成果として世界に発信される予定である。これに向け、プロジェクト研究では毎年度国内外でシンポジウムを開催し、指標の候補について、農業現場等での活用方策について都道府県の技術指導者等と意見交換を図るとともに、環境保全型農業を推進するための支援が行われている地区などにおいて、その環境保全型農業の効果を生物多様性の観点から定量的に把握するための検討を進めているところである。

これにより、環境保全型農業の効果が定量的に確認され、評価結果に応じて環境保全型農業の効果的な改善が図られるとともに、国民の理解が促進され、その取組が全国的に継続、拡大につながる。

将来的には、評価結果に応じた生物多様性を維持・向上させる栽培管理技術が地域の状況に応じて確立されることから、環境保全型農業のより効果的な推進のみならず、生物多様性保全に取り組む農山村や里山づくり、景観形成等に寄与することが期待される。

さらに、国土全体の把握・予測が可能となれば、各施策の効果的な推進のみならず、国際的な生物多様性の議論を行う上で、農業と生物多様性の関連を示す定量的な科学的根拠となることが期待される。

以上のとおり、本研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性は非常に高い。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク：A

本研究は、アジアモンスーン初の試みとして、国土全体の生物多様性と農法・農業技術の効果を適切に把握する観点から、研究実施地区を全国8地域に区分した上で、ほ場単位及び集落単位を組み合わせて指標の開発を進めるものである。成果を効率的に得るため、多くの研究課題を有機的な連携の下、とりすすめている。

本研究の実施機関については、当該研究分野に多くの知見と経験を有する機関を対象とした企画競争を行った上で決定し、研究開始後は、引き続き行政部局と外部有識者を含む「プロジェクト研究運営委員会」を設置し、研究の進行管理を行っている。

また、今後のプロジェクト研究を効率的に進めていくために、21年度に実施した中間評価にあたっては、全58課題のうちこれ以上の技術の進展の見込みがない課題や、目標を上回る成果が出て当初の目標を達成している課題等、計6課題を中止し、4課題の内容を見直し又は統合した。その上で、新たに生物多様性の指標に基づいた環境保全施策の経済的評価の手法開発について調査・分析を行う課題を設定した。

以上のように、効果的かつ効率的に課題をとり進めるために、投入される研究資源、研究推進体制、課題構成等を常に見直しつつ、行政ニーズと研究機関のシーズの両面から進行管理を行っており、研究推進方法の妥当性は高い。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：S

食料・農業・農村基本法において、農業については、その「自然循環機能が維持されることにより持続的な発展が図られなければならない」とされている。

このような中、20年度から開始したプロジェクト研究により、環境保全型農業（農法・農業技術）による生物多様性保全の効果を評価する指標生物の候補選抜が終了するとともに、22年度からは現場レベルでの評価手法の確立へ計画的に発展することとしている。更には、一部の産地で生物多様性を維持・向上させるための管理技術の確立も開始され科学的な知見も蓄積されつつあるが、今後はより農業現場に即した技術の確立が求められている。

一方、国際的には、国連の生物多様性年でもある平成22年秋には、COP10が名古屋で開催され、生物多様性保全に関して国民の関心がこれまでになく高まっている。また、同年4月には、新規法律の制定に伴い国家戦略も改定され、生物多様性の保全をより重視した持続的農業の推進があらためて求められる。

海外においても、我が国同様に農業環境政策を効果的に推進するため欧州委員会プロジェクト研究が開始されるなど、生物多様性保全の基本となる指標、評価手法及びその管理技術など総合的な取組への関心が世界レベルで高まっており、研究の必要性は非常に高い。

【総括評価】

評価ランク：S

本プロジェクト研究は予想以上に進捗し、高く評価できると判断される。また、本研究の成果は、総合的な病害虫管理・雑草防除の実現に貢献できるため、生産者にとって大きなメリットがあると考えられる。特に昆虫の発生傾向などから、気象変動や作柄も総合的にわかるため本研究に大いに期待している。

評価個票

研究課題名	生産・流通・加工工程における体系的な危害要因の特性解明とリスク低減技術の開発	担当課名	研究開発官（食の安全、基礎・基盤）
事業費	事業総額 26億円 （うち執行額 10.8億円）	研究期間	全期間：平成20～24年度 （実施期間：平成20～21年度）
<p>[課題の概要]</p> <p>農林水産物の安全を確保するためには、生産・流通・加工工程の多種多様な危害要因（注1）について、</p> <ul style="list-style-type: none"> ① 危害要因の特性や挙動、汚染原因・実態等科学的なデータの収集・解析 ② ①に基づくリスクの推定と実現可能なリスク管理措置の検討・評価 ③ ②に基づく基準値設定、リスク低減技術等、具体的なリスク管理措置の確立を図っていくことが必要である。 <p>一方、コーデックス等の国際機関においては、農畜水産物のリスク管理措置として、基準値を設定し、これを超過するものを市場から排除するという手法から、生産の各工程で実現可能なリスク低減技術を組み合わせることによりリスクを最小限にするという手法に重点が移されている。また、このような手法は、農畜水産物生産におけるリスク管理措置として、極めて有効かつ効果的である。</p> <p>しかしながら、我が国においては、食品安全行政にリスク分析を導入したばかりであり、農畜水産物の安全を確保するためには、危害要因に関する科学的なデータ整備・解析等のための技術・手法を開発するとともに、さまざまな危害要因によるリスクを低減するための科学的・技術的基盤を構築することが不可欠である。</p> <p>このため、本課題では、農畜水産物の生産から流通・加工工程において重要度が高い危害要因のうち、ヒ素、カドミウム、残留性有機汚染物質（注2、以下、「POPs」という）、カビ毒（デオキニバレノール（注3、以下、「DON」という）、ニバレノール（注3、以下、「NIV」という）、病原微生物を対象に、危害要因に関する科学的データの整備、解析のための技術・手法の開発を行い、それらをもとに危害要因ごとに、現場で実施可能な確なリスク低減技術の開発を行う。</p>			
目 標	<p><プロジェクト全体のアウトカム目標></p> <p>危害要因に関する科学的データの整備、解析のための技術・手法の開発を行い、それらをもとに危害要因ごとに、現場で実施可能なリスク低減技術を開発する。</p> <hr/> <p><研究目標></p> <p>(1) 農産物におけるヒ素及びカドミウムのリスク低減技術の開発 ヒ素については、土壌中及び作物中の化学形態別の実態や動態に関する基礎的データを取得し、吸収抑制などリスク低減技術の開発に資する。カドミウムについては、畑作物における吸収抑制技術及び汚染土壌の修復技術等リスク低減技術を開発し、実証・評価する。</p> <p>(2) 野菜等における POPs のリスク低減技術の開発 POPs 指定物質のうち過去農薬登録のあった7物質等（注4）について、農産物への基準値を超えた残留を防止する技術や、基準値を超えて残留する農産物の出荷等を未然に防止することが可能な技術を開発し、実証・評価する。</p> <p>(3) 麦類のかび毒汚染防止・低減技術の開発 麦類の DON・NIV 等かび毒の汚染防止・低減することが可能な技術を開発し、実証・評価する。</p>		

- (4) 生食用野菜における病原微生物汚染の防止・低減技術の開発
生食用野菜における腸管出血性大腸菌、サルモネラ属菌による汚染メカニズムを解明するとともに、食中毒発生のリスクを低減することが可能な技術を開発し、実証・評価する。
- (5) 畜産物における病原微生物のリスク低減技術の開発
カンピロバクター（鶏肉）、サルモネラ属菌（豚肉、鶏肉、鶏卵）、腸管出血性大腸菌（牛肉）のリスクを低減することが可能な技術を開発し、実証・評価する。さらに感染経路究明等に活用できる病原微生物のデータベースを作成する。
- (6) 水産物における病原微生物のリスク低減技術の開発
水産物における腸炎ビブリオ、ビブリオ・バルニフィカス、リステリア・モノサイトジェネスの動態解明及び制御法の実証・評価を行う。
- (7) 病原微生物の迅速検出技術及び効果的な殺菌・制御技術の開発
上記、(4)～(6)で対象とする病原微生物について、迅速で簡便な検出技術を開発し、妥当性確認(注5)するとともに、低コストで効果的な殺菌・制御技術を開発し、実証・評価する。

1. 研究目標の達成度及び今後の達成可能性等

評価ランク：S

研究目標で定めた危害要因に関して、科学的データの整備、解析の技術・手法の開発を行うとともに、リスク低減技術を開発した。

大課題ごとの主な達成状況を次に示すが、その他にも2年間で多数の成果が挙げられている（論文84報、特許出願6件）。プロジェクト研究として今後の計画達成が十分に見込めるとともに、成果が将来のリスク管理措置に結びつくことが期待され、現時点での研究目標への到達度は極めて高いと判断される。

(1) 農産物におけるヒ素及びカドミウムのリスク低減技術の開発

生育ステージごとの稲のヒ素吸収パターンを解明し、出穂期の水管理は玄米中の総ヒ素濃度に影響するとともに、出穂期の湛水により玄米ヒ素中の有機ヒ素の割合が高まることを明らかにした。また、ヒ素吸収の品種間差異は、日本の栽培品種内では小さい、稲全体では約3-4倍の違いがあることがわかった。カドミウム汚染転換畑の塩化鉄による土壌洗浄では、排水が生物生態系に影響を及ぼさないことを確認するとともに、作物別のカドミウム低減効果は、ダイズ69%、小麦78%、オクラ85%、ホウレンソウ60%、サトイモ92%となった。カドミウム低吸収小麦品種の開発では、北海道の低吸収品種を母本として、数年後の品種登録を目指し、関東以西の栽培に適する系統が選抜された。

(2) 野菜等におけるPOPのリスク低減技術の開発

土壌から作物へのPOPの移行を評価するための特性を得る技術として、50%メタノール抽出による土壌分析技術を開発した。ズッキーニによるPOP汚染土壌の植物浄化技術は栽培条件が最適化され、実証試験に向けて準備を進めている。一方、吸収抑制技術については、活性炭の施用量の決定法について圃場で実証するとともに、活性炭資材の土壌混和で失活しない殺センチュウ剤を見いだした。共通基盤技術として現場対応型簡易検出法の開発につながる成果として、POPを高感度に検出できるELISA分析用の抗体を作成した。

(3) 麦類のかび毒汚染防止・低減技術の開発

かび毒蓄積抑制のための効果的な薬剤防除技術につながる成果として、六条大麦

の登熟過程におけるかび毒蓄積特性が、小麦や二条大麦とは異なり、より早い段階でかび毒を蓄積する知見を得た。降雨が問題となる収穫期の管理技術開発の重要知見として、強い降雨によりDON及びNIVが麦類の穂で減少するが逆にゼアラレノンには顕著に増加する現象が明らかになった。また、LC-MS/MS（注6）によりトリコテセン系カビ毒（注7）を一斉に分析する技術を開発した。

（4）生食用野菜における病原微生物汚染の防止・低減技術の開発

圃場における微生物分布や密度を評価する際に、土壌サンプリング時の試料採取量、検体数が結果に及ぼす影響を明らかにした。また、大腸菌は根からトマト可食部へ移行しないこと、整枝作業による茎葉部の傷や根の傷からも可食部に移行しないことを明らかにした。サルモネラについても同様に根からトマト、レタス可食部に移行しないことを明らかにした。一方、レタスについては、一定以上のサルモネラが土壌中に存在すると下位葉の汚染可能性が高まると共に、収穫時にも残存することを見出した。

（5）畜産物における病原微生物のリスク低減技術の開発

サルモネラ属菌の鶏腸管内定着を阻止するドラッグデリバリー技術（注8）開発のため、マイクロカプセルを用いた効率的なカプセル化・内包化法を確立した。病原性大腸菌0157保菌牛による菌の排出に対し、ガラクトオリゴ糖の給与による低減が認められた。牛由来サルモネラの菌株間の関連性を解析するための手法として、パルスフィールド電気泳動法（注9、PFGE）及び Multiple-locus variable-number tandem repeat analysis（注9、MLVA）が有用であり、特にMLVA法識別能力の高い方法であることを明らかにした。

（6）水産物における病原微生物のリスク低減技術の開発

ビブリオ属食中毒細菌の分布が水温（季節）と塩分濃度（河川の流入）に相関があること及び、魚介類の体液に対して走化性があることを明らかにした。鮭イクラにおけるリステリアは、ペクチンで粘性を持たせたバクテリオシン（注10）を添加した醤油調味液で製造することで生育を完全に阻止できることを見出した。モデル漁港による調査から、海洋環境から検出される大腸菌群・大腸菌の由来は河川であることを確認し、河口から漁港・漁場までの距離が細菌汚染リスクの要因であることを明らかにした。

（7）病原微生物の迅速検出技術及び効果的な殺菌・制御技術の開発

食品中の複数食中毒菌（サルモネラ属菌・腸管出血性大腸菌0157:H7・リステリア）を迅速に同時検出できるキットを試作したところ、40品目以上の食品で従来法（公定法）を上回る性能を示し、メーカーによる市販に至り実用化された。緑豆もやしの安全性向上に資する技術として、発芽率に影響を与えない化学薬剤と熱水処理の組合せによる殺菌の最適条件を決定した。果菜類、果実の短時間加熱殺菌において、品質を保ちつつ高い殺菌効率を達成する処理条件を明らかにした。

2. 研究が社会・経済等に及ぼす効果の明確性

評価ランク：S

本課題の研究目標の達成により、未然防止の観点に立ったリスク管理措置の推進による、農業生産者、食品事業者から国民へ、より安全な食品の供給につながると期待される。本課題でこれまでに得られた科学的知見を踏まえ、農林水産省は「麦類のデオキシニバレノール・ニバレノール汚染低減のための指針」及び「指針活用のための技術情報」を作成・通知し（平成20年12月17日付20消安第8915号、20生産第5731号）、これらは現場において活用されている。また、食中毒菌の多重検出技術は企業へ技術移転され、キットとして実用化・販売されている。このように、本課題が社会・経済等に及ぼす効果の明確性は非常に高い。

3. 研究推進方法の妥当性

評価ランク：A

本課題の実施にあたっては、危害要因別に行政ニーズ、研究シーズを精査して課題を設定した上で、当該分野に多くの知見と経験を有する機関を対象とした企画競争により実施機関を決定した。研究開始後は、省内関係部局、外部有識者からなる、「プロジェクト研究運営委員会」を設置して進行・管理を行っているが、実施機関の主催する推進会議にも運営委員の出席を求めるなど、進行管理の実効性を保ちつつ研究を推進している。また、一部課題においては、リスク管理部局をメンバーに加えたワーキンググループを設置して情報の交換・共有を積極的に進めている。

なお、運営委員会においては、課題目標や進捗状況を判断し、課題の統合・中止等により効率的な研究運営を行うこととしているが、今回の中間評価の結果を踏まえ、細部課題レベルで5課題を前倒しして終了、6課題を統合により整理するとともに、5課題を新設した。以上のように、行政ニーズと研究機関のシーズの両面から進行管理を行っており、研究推進方法の妥当性は高い。

4. 社会・経済の諸情勢の変化を踏まえた研究の必要性

評価ランク：S

食品の安全性向上を図るためには、科学的原則に基づき、国際的動向及び国民の意見に十分配慮しつつ、リスク管理を的確に進めていくことが重要である。また、リスク管理の効果的な推進を図るためには、生産から消費に至る食品供給の各段階にわたって、科学的原則に基づき必要な措置を講じなくてはならない（注11）。

このような基本的な考え方の下、本プロジェクトが対象とする危害要因は、研究発足後の2年間に、以下に示すような動きがあった。

- ① 国内外においてリスク低減に向けた基準値が設定又は行動規範が策定され、今後国内の実状に照らして生産段階でもリスクの低減を図っていく必要のあるもの
 - ・カドミウム：2009年10月に厚生労働省が食品衛生法に基づくコメのカドミウム基準値を引き下げの方針を決定するとともに、基準を設定しないコメ以外の品目についても、今後の低減対策の取組状況を踏まえ3～5年後に基準値設定等を再検討する方針を決定
 - ・微生物：現在 Codex 委員会において「生鮮果実・野菜の衛生実施規範」（2003）の附属文書として葉物野菜に関する衛生管理を検討中
- ② 現在リスク評価が実施又は今後実施予定のものであり、将来的に国内における具体的なリスク管理の検討が必要となるもの
 - ・ヒ素及びかび毒（オクラトキシン A、DON、NIV）：食品安全委員会が独自に食品健康影響評価を実施中又は実施の予定
- ③ その他、環境中で残留性が高い化学物質とされ、国際的に規制が必要とされたもの
 - ・POPs：2009年5月にジュネーブで開催された POPs 条約締結国会議において新たに9物質が POPs 対象として指定

このように、今後効果的に危害要因の低減を図っていくための研究の加速化が必要であり、本課題の必要性は極めて高い。

【総括評価】

評価ランク：S

本プロジェクト研究は農産物・食品のリスク管理に関わる実用的な分析・評価手法を数多く工夫しており、予想以上の研究成果を実現し、高く評価できると判断される。

なお、高い安全性を求める消費者に向けて、生産から消費者まで一貫した食品の安全管理システムとその水準に関わる正しいリスクに係る情報を発信していく上でも、本研究は重要である。リスク管理部局と連携して、研究成果を活かしたリスクコミュニケーションの取組の推進も必要である。

(注)

1 危害要因

健康に悪影響をもたらす原因となる可能性のある食品中の物質または食品の状態。有害な微生物、農薬、添加物や人の健康に悪影響を与えうる食品自体に含まれる化学物質などの生物学的、化学的または物理的な要因がある。

2 残留性有機汚染物質 (Persistent Organic Pollutants、POPs)

難分解性、生物蓄積性、長距離移動性などをもつ有害性の高い有機汚染物質。PCB やダイオキシン類、塩素系農薬などがある。国際的に協調して POPs の廃絶、削減等を進めるため、国際条約である「残留性有機汚染物質に関するストックホルム条約」が 2004年5月に発効している。

3 デオキシニバレノール (DON)、ニバレノール (NIV)

赤かび病菌として知られるフザリウム属真菌が産生するかび毒。DON については、平成14年5月に食品衛生法において小麦中の暫定基準値として1.1ppm が定められている。

4 POPs 指定物質のうち過去に農薬登録があった7物質等

過去に農薬登録があった7物質として DDT、ドリノ類 (アルドリノ、ディルドリノ、エンドリノ)、クロルデン、ヘプタクロル、リンデンがある。その他、農薬製造時の非意図的生成物であること等の理由から、農用地汚染の可能性のある POPs 物質として、HCB 等がある。

5 妥当性の確認

試験室間共同試験等により、その技術が想定される使用目的を満たすかどうか検証すること。

6 LC-MS/MS

分離分析である液体クロマトグラフィーに質量分析装置を組み合わせた分析技術。分析したい物質が数多く存在したり夾雑物が多い場合でも、高感度な定量・定性分析が可能。

7 トリコテセン系カビ毒

カビが産生する毒素のうち、トリコテセンと呼ばれる炭素数15の共通の炭素骨格を持つ物質。DON、NIVのほか、T-2トキシン、HT-2トキシン、ジアセトキシスシルペノールなど、多くの物質が知られている。

8 ドラッグデリバリー技術

薬剤を、作用させたい臓器に送り届ける技術。例えば、腸管に作用させたい薬物を経口投与する場合、胃で薬剤の作用が失活することなどが問題となる。

9 パルスフィールド電気泳動法 (PFGE)、Multiple-locus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) 法

いずれも DNA の違いを見分ける手法。PFGE 法は、断片化した DNA の大きさの違いを区別するのに対し、MLVA 法は DNA に含まれる情報の繰り返しの数の違いを区別する。

10 バクテリオシン

乳酸菌の生産する殺菌力のある物質。食品の品質保持を目的に海外で多く使用されている。

11 リスク管理の効率的な推進

農林水産省と厚生労働省は、食品安全に関するリスク管理を行う上で必要となる標準的な作業手順を「農林水産省及び厚生労働省における食品の安全性に関するリスク管理の標準手順書」(平成18年8月)として明らかにし、公表している。