

平成15年度に係る業務の実績報告書

独立行政法人農業生物資源研究所

平成16年 6月

目 次

第 章	独立行政法人農業生物資源研究所の概要	1
第 章	平成15年度の業務の実施状況	3
	業務運営の効率化に関する目標を達成するためにとるべき措置	3
1	研究業務の効率化	3
2	研究資源の効率的利用	5
3	研究支援の効率化および充実・高度化	6
4	連携、協力の促進	7
5	管理事務業務の効率化	10
6	職員の資質向上	10
	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にとるべき措置	12
1	試験および研究並びに調査	12
2	専門研究分野を活かした社会貢献	48
3	成果の公表、普及の促進	50
	予算（人件費の見積りを含む。）収支計画および資金計画	56
	短期借入金の限度額	61
	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	61
	余剰金の使途	61
	（ 、 、 は該当なし）	
	その他農林水産省令で定める業務運営に関する計画	62
1	施設および設備に関する計画	62
2	人事に関する計画(人員および人件費の効率化に関する目標を含む。)	62
1)	人員計画	62
2)	人材の確保	62

資 料

- 1 農業生物資源研究所がリーダーとして推進しているプロジェクト研究概要
- 2 遺伝資源の配布および依頼照射実績一覧
- 3 研究業績一覧（原著論文・総説・単行本）
- 4 特許等取得・品種登録一覧
- 5 主要な研究成果

第 章 独立行政法人農業生物資源研究所の概要

1 業務内容

(1) 目的

生物資源の農業上の開発および利用に関する技術上の基礎的な調査および研究、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およ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。

(2) 業務の範囲

生物資源の農業上の開発および利用に関する技術上の基礎的な調査および研究並びにこれに関連する分析、鑑定および講習を行う。

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および研究、調査、分析、鑑定並びに講習を行う。

蚕糸に関する技術上の試験および研究、調査、分析、鑑定並びに講習を行う。

原蚕種並びに桑の接穂および苗木の生産および配布を行う。

農作物の品種改良のための放射線の利用に関する試験および研究を行う。

2 事務所の所在地

本部地区	〒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)
大わし地区	〒305-8634	茨城県つくば市大わし1番2
放射線育種場	〒319-2293	茨城県那珂郡大宮町大字上村田字長田2425番
新蚕糸技術研究チーム	〒390-0812	長野県松本市県1丁目10番1号
生活資源開発研究チーム	〒394-0021	長野県岡谷市郷田1丁目4番8号
昆虫遺伝研究チーム	〒408-0044	山梨県北巨摩郡小淵沢町6585番地

3 資本金の状況

15年4月の資本金は40,319,066,059円となっている。

4 役員の状況

理事長（1人、任期4年）	岩淵	雅樹
理事（2人、任期2年）	北村	實彬
	肥後	健一
監事（2人、任期2年）	元井	葎子
	松井	武久（非常勤）

5 職員の状況

16年1月1日現在の常勤職員数は418名となっている。

6 根拠法

独立行政法人農業生物資源研究所法（11年12月22日法律第193号）

最終改正：12年5月26日（法律第84号）

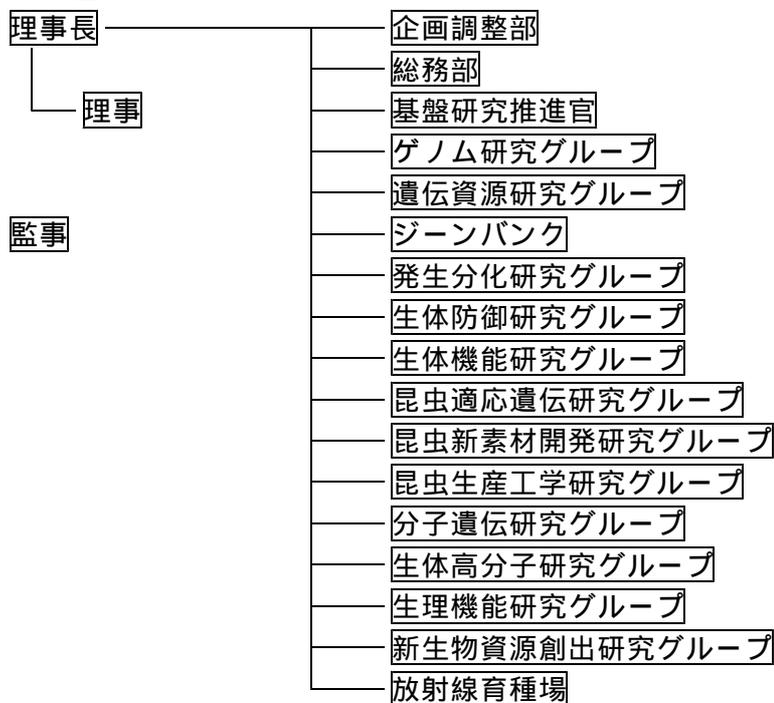
7 主務大臣

農林水産大臣

8 法人の沿革

独立行政法人農業生物資源研究所は農林水産省の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が統合し、13年4月1日に発足した。

9 法人の組織



第 章 平成15年度の業務の実施状況

業務運営の効率化に関する目標を達成するためにとるべき措置

1 研究業務の効率化

(1) 評価・点検の実施

自己点検に係わる諸会議の見直しを行った(図1)。変更点は、以下の通りである。

- ・ 中期計画に対する課題ごとの進捗状況をより明確にするため、14年度では研究グループ単位で行われていたピア・レビューを小課題ごとの「課題評価検討会」とした。
- ・ 議事の重複を避けるため、「昆虫・動物生命科学研究推進戦略会議」および「植物生命科学研究推進戦略会議」を「農業生物資源研究推進戦略会議」に統合した。
- ・ 「評価委員会」と称する会議が多く紛らわしいため、「農業生物資源研究所評価委員会」の名称を「農業生物資源研究所評価助言会議」に変更した。

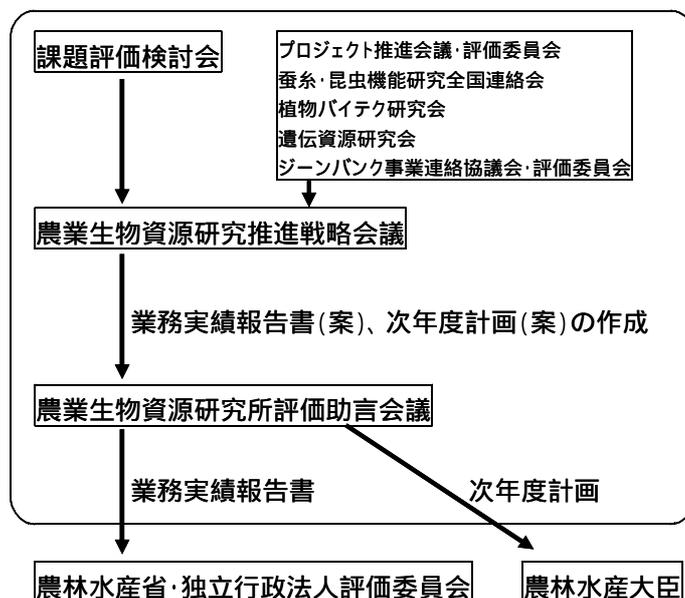


図1 新しい評価の体制図

評価・点検に係わる諸会議の開催

- 1 課題評価検討会の開催

自己点検の出発点として、小課題ごとの評価検討会(ピア・レビュー)を開催した。研究グループ長等全員(14名)を評価委員として、15年度の達成状況を評価した。小課題116題の評価の内訳は、S:7(6.0%)、A:88(75.9%)、B:21(18.1%)、C:0(0%)であった。

- 2 農業生物資源研究推進戦略会議の開催

農業生物資源研究推進戦略会議においては、農業生物資源研究所評価助言会議に向けて、課題評価検討会での評価結果を確認・総括し、主要な研究成果26件を選定した。重要研究問題として、遺伝子組換え研究の現状と将来展望について論議した。

- 3 農業生物資源研究所評価助言会議の開催

内部評価結果を踏まえ、15年度および中期計画に対する中間年の業務実績に対して外部評価委員(表1)から評価、助言を受けた。また15年度業務実績報告書(案)および16年度計画(案)について議論し、修正の上、それぞれを農林水産省・独立行政法人評価委員会、農林水産大臣に提出することとした。

表 1 農業生物資源研究所評価助言会議委員名簿

氏名	所属	専門分野
中村 靖彦	農政ジャーナリスト 明治大学農学部農業経済学科客員教授	食料、農政
木元 教子	評論家・ジャーナリスト 内閣府原子力委員会委員	原子力、エネルギー
勝木 元也	岡崎国立共同研究機構基礎生物学研究所長	発生生物学
木口 憲爾	信州大学繊維学部応用生物学科教授	養蚕学、応用昆虫学
上田 龍	国立遺伝学研究所系統生物研究センター教授	昆虫分子発生学
榊 佳之	東京大学医科学研究所附属ヒトゲノム解析センター教授	人類遺伝学
内宮 博文	東京大学分子細胞生物学研究所細胞生物部門教授	植物分子生物学
武田 和義	岡山大学資源生物科学研究所教授	植物遺伝育種学

中間的点検の実施

研究グループ長等全員で、中期計画に対する3年間の達成状況を中課題レベルで評価した。中期計画課題71題の評価の内訳は、S:1(1.4%)、A:68(95.8%)、B:2(2.8%)、C:0(0%)であった。評価結果に基づいて評価助言会議において外部評価委員から評価、助言を受けた。

研究職員の業績評価

業績評価に関する基本的考え方「農業生物資源研究所における業績評価について」に基づいて、業績評価マニュアルを作成し、これに基づいて研究職員に対する13、14年度の業績評価を実施した。なお、評価の公平性を期するため、業績評価の中で議論された事例について「研究業績評価マニュアル事例集」としてとりまとめ、今後の評価に資することとした。評価の過程で把握された研究推進上の問題点等については、研究グループ長等の適切な指導と、一般研究費（運営費交付金）の適切な配分等によって、今後の研究の活性化に資することとした。

研究グループ長等に対する業績評価マニュアルを定め、14年度の評価を実施した。

2 研究資源の効率的利用

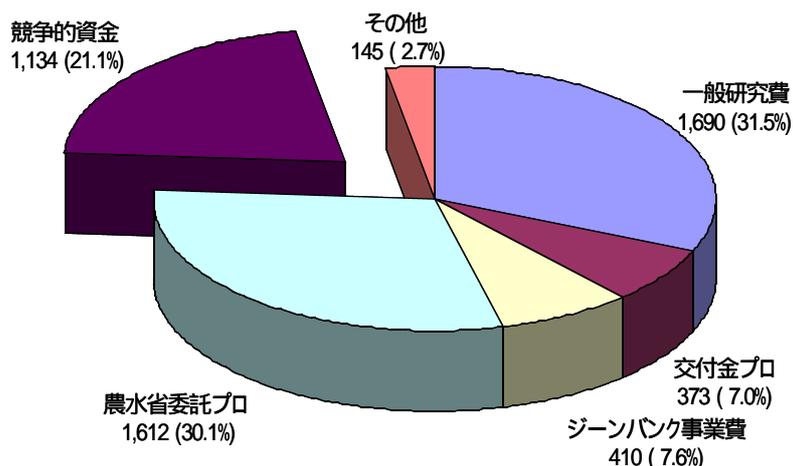
研究資源の充実（表2、図2）

科学技術振興調整費等の競争的資金制度へ所内の研究者が積極的に応募することを奨励するとともに、文部科学省科学技術研究費補助金については、グループ長等による応募書類の事前チェックを徹底し、37件の応募に対し7件が採択され、採択率が増加した（15年度:18.9%、14年度:11.4%）。

15年度に競争的資金制度等の資金を獲得して実施したプロジェクト研究は39件、総額は1,134百万円であり、全研究資金に占める割合は約21%であった。

表2 平成15年度競争的資金制度への応募と採択実績

所管	制度	応募数	採択数	
文部科学省	科学技術振興調整費 若手任期付研究員支援	3	0	
	科学技術研究費補助金	基盤研究	20	4
		萌芽研究	8	1
		若手研究	4	1
		特定領域研究	4	1
		研究成果公開促進費	1	0
農林水産省	先端技術を活用した農林水産研究高度化事業	2	1	
科学技術振興事業団	大学発ベンチャー創出事業	1	0	
	戦略的創造研究推進事業	5	0	
生物系特定産業技術研究推進機構	新技術・新分野創出のための基礎研究推進事業(一般型)	17	1	
	" " (若手型)	6	0	
新エネルギー・産業技術総合開発機構	産業技術研究助成事業	2	0	
民間助成団体等		11	3	
合計		84	12	



* 金額は外部機関への再委託額を除いたもの

図2 15年度 研究資金の内訳（単位：百万円、総額5,364）

研究資金の配分

15年度から、一般研究費（運営費交付金）の効率的かつ柔軟な配分を目的に、研究チーム等への配分は研究グループ長等の裁量とした。

所共通経費の中の「研究活性化経費」の趣旨を徹底し、15年度は、シーズ培養、研究加速化として21百万円（13件）、シンポジウム・研究会等の開催支援として5百万円（3件）、国際学会役員および招待講演のため海外旅費として2百万円（5件）を配分した。

知的財産権の確保と成果の有効的利用を図るため、特許出願経費等に111百万円を重点配分した。

施設・機械利用

実験室等の施設は研究所の最も基本的な研究資源であり、プロジェクト終了まで時限的な使用スペースを確保するなど施設の弾力的利用を図ってきたところであるが、施設をより有効に利用するための検討に着手した。15年度は施設利用の実態調査を行い、現状を把握した上でスペース課金制度（施設の利用者に対して一定以上の面積を使用する場合には面積に応じて課金する制度）の導入を含む施設利用に関する統一的な基準作成の検討を行った。

組換え体温室、植物ゲノム機能解析棟などの施設および実験圃場については、運営委員会や圃場委員会などを開催し、効率的利用・運営に努めた。研究所の共通経費から共用機器の維持費等の経費を配分し適切な維持管理を図ることにより、効率的な利用に努めた。

また、共同研究等を通じて、各種施設や共用機器の利用機会を外部の研究者に与えた。

3 研究支援の効率化および充実・高度化

技術移転機能の強化

産業利用上有用な成果の戦略的な権利化と審査の強化を図るため、職務発明審査会を理事長の諮問機関とし、より専門性の高い者を審査委員に任命する運営の見直しを行った。また、審査会では、特許出願の事前審査を徹底し、特許維持の必要性についても審査することとした。

前年度に引き続き、技術移転科の職員に弁理士養成のための講座を受講させた。

研究情報の収集、提供

購読雑誌の利用度調査の結果に基づいた購読の見直し（購読の中止、重複の整理、新規購読）を実施し、105誌のオンラインジャーナルを購読した。このうち、79誌をマルチサイトライセンス契約にすることにより、予算を有効活用するとともに、生物研キャンパス間で生じていた情報の利便性格差を是正した。

農業生物資源研究所のホームページをリニューアルしたほか、種々のホームページ（表12、54ページ）を通じて研究情報の発信に努めた。

外部委託

施設、機械等の保守管理のうち、その性能を維持するために専門的な知識や技能を必要とする業務については、引き続き積極的に外部委託を行った。

施設の保守管理については、実験廃水処理施設運転保守管理業務、庁舎の電気・機械設備運転保守管理業務、エレベータ保守管理業務、放射線施設保守管理業務等を外部へ委託した。その他、庁舎等の清掃・警備業務等についても外部委託を行った（60件、370百万円）。

研究用機械器具の保守管理については、大型コンピューター、気相プロテインシーケンサー、核磁気共鳴装置、染色体画像解析装置等の高性能機種 of 保守管理業務を外部へ委託した（80件、600百万円）。

研究支援の効率的運営

研究支援のため、科学技術振興事業団重点研究支援協力員制度により、24名の人材（テクニシャン）を確保し、組換え体の作出やタンパク質の発現・精製等の支援を行った。また、業務科職員の指導の下に人材派遣システムを利用し、桑園管理業務の効率的運営を図った。

4 連携、協力の促進

(1) 他の独立行政法人との連携、協力

他の独立行政法人との間で、15年度開始7件を含む12件の研究協力を行った。

ジーンバンク事業では、15年度は、植物6件、微生物3件、動物1件、計10件の国内探索収集調査を実施した。また、関係独立行政法人6機関参画の下、ジーンバンク事業連絡協議会を主催し、外部委員によるジーンバンク事業評価委員会の評価結果を基に、15年度事業実績と16年度年次計画の検討を行い、16年度の計画を策定した。

独立行政法人農業・生物系特定産業技術研究機構の融合研究「安全性に配慮した実用的な病害抵抗性組換えイネ系統の開発」および「トリプトファン含量の高い飼料用イネの開発」に各課題1名、計2名の研究員を併任として派遣した。

農林水産省、他の独立行政法人等との間で、22名の転出（うち研究職7名）と25名の転入（うち研究職9名）の人事異動を実施した。

(2) 国際的な連携、協力

イネゲノム研究等における連携、協力

生物研を中心とした、米国、中国、台湾、フランス、インド、韓国、ブラジル、タイ、イギリスの10か国・地域からなる国際コンソーシアム（国際イネゲノム塩基配列解析プロジェクト、IRGSP、議長：生物研ゲノム研究グループ長）は、イネゲノムの全塩基配列解読を進め、14年12月にフェイズ2レベルでの重要部分高精度解読を終了した。15年度は、16年12月の完全解読に向けて、プロジェクト検討会議を15年11月に上海で、16年2月につくばで開催した。また国際イネゲノムワークショップ・フォーラムを主催して、イネなどのゲノム研究の現状と今後の展望について討議し、参画研究者の国際交流を促進した。

イネゲノム解読を土台として、国際イネ研究所(IRRI、所在地：フィリピン)との間で、研究協力に関する包括的な合意書を取り交わし、ストレス関連遺伝子等の単離・機能解明の共同研究を開始した。また、国際農業研究協議グループ(CGIAR)のチャレンジプログラム「貧しい人々のための遺伝資源の多様性の解明」に関する使命委託研究2件を開始した。

ジーンバンク事業における連携、協力

15年度は、他の独立行政法人と連携して、ロシア（テンサイ）、トルコ（核果類）、ベトナム（チャ）、パキスタン（クワ類）、韓国（カキ）およびモンゴル（ヤギ等家畜）、計6か国の探索収集調査と、ロシアおよび中国の植物遺伝資源の事前調査を実施した。

ジーンバンク事業の円滑な推進のため、2機関と3つの実施取り決めを締結した。

- ・ パプアニューギニア農業研究所：植物遺伝資源の保存に関する共同研究
- ・ 国際植物遺伝資源研究所：韓国および日本における農家保存遺伝資源の多様性解析に関する共同研究
- ・ 国際植物遺伝資源研究所：東アジア地域におけるハトムギ遺伝資源の保存・利用に関する共同研究

政府間協定等に基づく連携、協力（表3）

科学技術協力に関する政府間協定等を活用して、「日本とドイツに生息する糸状菌種の多様性比較とその要因」、「日韓農業環境におけるダイオキシン類に関する研究」、「日中における在来作物遺伝資源の利用に関する研究」など、15か国と46課題の共同研究を行った。

表3 二国間科学技術協力の実施件数

国名	実施件数	国名	実施件数	国名	実施件数
アメリカ	9	イスラエル	1	チェコ	3
イギリス	4	イタリア	2	ドイツ	1
中国	6	スウェーデン	2	ポーランド	2
韓国	3	ロシア	1		
フランス	4	オーストラリア	2		
カナダ	3	インド	3	合計（15か国）	46

（3）産学官の連携、協力

当研究所がリーダーとして、産学官にまたがる研究を推進している農林水産省委託プロジェクト等においてとりまとめを行った（資料1：「農業生物資源研究所がリーダーとして推進しているプロジェクト研究概要」）。また、ミレニアム植物科学研究プロジェクト研究成果報告会等を主催し、成果の受発信を行うとともに参画研究者間の交流を図った。さらに、関係独立行政法人、行政部局、都道府県等の参加を求めて、「蚕糸・昆虫機能研究全国連絡会」、「植物バイオテク研究会」、「遺伝資源研究会」、「農業生物資源研究推進戦略会議」を開催し、研究情報の交換、研究推進に関する意見交換、要望の把握等を行った。

昆虫産業の普及・広報並びに創出を推進するために「2003昆虫産業創出サミット」を東京（4/23）で、「2003昆虫産業創出ワークショップ」を福岡（10/2）と宮城（10/23）で、それぞれ開催した。

15年度中に実施した共同研究の件数は86件、相手先は大学35、国立試験研究機関3、独立行政法人・特殊法人24、公立試験研究機関9、民間企業31、外国1の延べ103件であった。

民間および公立試験研究機関から依頼研究員8名、大学等から講習生117名を受け入れた。また、東京大学大学院、筑波大学大学院に教授として計5名、筑波大学大学院に助教授として1名、筑波大学、金沢大学等に非常勤講師として延べ19名の研究員を派遣した。

公立研究機関が実施している先端技術等地域実用化研究促進事業（バイオテクノロジー実用化型）による助成研究に協力し指導を行った。

(4) 国際シンポジウム等の開催(表4)

研究情報の受発信に加えて、国際的な研究者の交流を目的として、NIAS/COE国際シンポジウム、NIAS-COE/PROBRAIN/TOKUTEI合同国際シンポジウムのほか、「イネ白葉枯病国際会議」を新たに主催するなど、国際的な研究集会を積極的に開催した。

表4 国際シンポジウム等の主催

タ イ ト ル	参加人数	開催月日
(国際シンポジウム)		
・ 2003 NIAS遺伝資源国際ワークショップ「野生イネ」 International Genetic Resources Workshop on the Genus Oryza	100名	H15.9.24-9.26
・ NIAS/COE国際シンポジウム 「昆虫における内部共生と分子進化」 NIAS-COE International Symposium Symbiosis and Molecular Evolution in Insects	147名	H15.10.29-10.31
・ 2003家畜ゲノム国際ワークショップ 「動物ゲノム研究成果の産業化」 International Workshop on Animal Genome Analysis - The Application of Animal Genome Research to Industry -	134名	H15.11.6
・ NIAS/COE国際シンポジウム 「タンパク質集積機構と植物工場への応用」 NIAS-COE International Symposium - Protein Trafficking Mechanism and its Application to Molecular Farming -	125名	H15.11.11-11.12
・ 国際イネゲノムワークショップ・フォーラム International Rice Genome Meeting 2004	250名	H16.2.4-2.6
・ NIAS-COE/PROBRAIN/TOKUTEI合同国際シンポジウム 「植物免疫 - 抵抗性獲得への情報伝達 - 」 NIAS-COE/PROBRAIN/TOKUTEI International Symposium - Plant Immunity Signalings to Acquired Resistance -	230名	H16.3.4-3.5
・ 第1回イネ白葉枯病国際会議 The 1st International Conference on Bacteria Blight of Rice	140名	H16.3.17-3.19
(その他)		
・ 第42回ガンマーフィールドシンポジウム	150名	H15.7.16-7.17
・ 国際交流セミナー 「世界を視野に入れた効果的な特許権保護：それを必要とするのは誰か」	30名	H15.10.29
・ 「遺伝子組換え作物の世界的な状況」	80名	H15.11.14
・ ミレニアム植物科学研究プロジェクト研究成果報告会	304名	H15.12.4-5
・ NIASシンポジウム 「植物プロテオーム研究の最前線」	182名	H16.2.23
・ COE共催シンポジウム 「モデル昆虫としてのカイコ研究の過去、現在、未来」	150名	H16.2.27

5 管理事務業務の効率化

会計処理・発注事務の電子化について、契約発注依頼が研究室等から直接入力できる会計（原課）システムを導入し、契約発注業務の効率化を図った。また、支所等が個別に行ってきた各種支払事務を本所に一元化すると共に、小口現金制度（小口経費の支払いを現金で処理する制度）の活用を開始し効率化を図った。また、引き続きペーパーレス化に資するため同報メール、行事予定・会議室予約システムおよびホームページを活用し、連絡文書等の簡素化並びに情報伝達の迅速化を図った。

管理経費の節減のため、不要な照明灯の消灯、空調設備の適正な温度設定等節減について職員への周知徹底を行った。夏期冷房運転期間中（7月～8月）延べ19日間冷房運転を停止すると共に、冬期暖房運転期間中（12月～3月）延べ5日間の暖房運転を停止し節減に努めた。

6 職員の資質向上

在外研究・海外派遣（表5）

日本学術振興会・若手研究者海外派遣制度および受け入れ先負担によって、3名に長期在外研究の機会を与えた。所の緊急な研究課題の解決または研究課題の効率的な実施のため必要な、職員の在外研究を所独自の予算で支援するため、生物研在外研究実施規程を新たに設け、本制度によって1名を派遣した。

表5 長・中期在外研究の実績

国名	制度	期間
アメリカ	日本学術振興会・若手研究者海外派遣制度	H14.3.21～ H16.3.20
チェコ	日本学術振興会・若手研究者海外派遣制度	H14.3.27～ H16.3.26
オランダ	受け入れ先負担	H15.3.6～ H15.9.7
アメリカ	生物研在外研究制度	H15.7.28～ H16.7.27

博士号取得の奨励等

研究職員のうち博士号未取得の者については、研究グループ長・研究チーム長等がその取得に向けて指導を行い、15年度は6名が新たに博士号を取得した。これによって、研究職員に占める博士号取得者の割合は、14年度の71.1%から74.6%に増加した。

15年度は、国際イネゲノム塩基配列解析プロジェクト（IRGSP、議長：生物研ゲノム研究グループ長）が、2003年世界技術賞バイオテクノロジー部門団体賞（2003 World Technology Award in Biotechnology, Corporate Division）を受賞したほか、職員が、日本植物病理学会賞、日本植物細胞分子生物学会技術賞、日本繁殖生物学会学術賞（2件）、日本遺伝学会ベストペーパーズ賞、日本応用動物昆虫学会奨励賞、日本植物生理学会論文賞、蚕糸功労賞、蚕糸有効賞（2件）、蚕糸学賞、蚕糸学進歩賞（技術賞）、日本作物学会論文賞、日本育種学会論文賞を受賞した。

所員のインセンティブを高めることを目的に、概ね40歳以下の研究職員を対象とする「NIAS研究奨励賞」、および研究職員以外の職員と企画調整部所属の研究職員を対象とする「NIAS創意工夫賞」を新設した。

研修・講習への参加

管理事務業務の効率化のため、会計事務職員を政府関係法人会計事務職員研修（財務省主催）に参加させるなど、業務上必要な各種研修および講習会に一般職員29名、技術専門職員8名、研究職員17名を参加させた。

職員について業務上必要な資格取得を支援した結果、15年度は、18名の職員が第1種衛生管理者、第1種放射線取扱主任者などの資格を取得した（表6）。

表6 資格取得者等

取得資格等	取得者数（名）
第1種衛生管理者	3
第1種放射線取扱主任者	2
第2種衛生管理者	1
日商簿記検定3級	3
上級システムアドミニストレータ	1
危険物取扱者乙4類	1
車両等建設機械(整地等)技能教習修了	2
甲種防火管理講習修了	2
安全運転管理者講習修了	1
ボイラー取扱技能講習修了	2
合 計	18

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に
とるべき措置

1 試験および研究並びに調査

A ゲノム生物学等を利用した生命科学研究

1) ゲノムの構造解析とゲノム情報解析システムの開発

【要 約】

- ・ イネゲノムの完全解読に向けた研究を進め、第7染色体は99%、第8染色体は90%をフィニッシングレベルで解読した(A112)。
- ・ イネ第8染色体のセントロメア領域を含む約200万塩基の配列を初めて完全解読した(A112)。
- ・ 完全長cDNAライブラリーから、32,127個の代表クローンの全長塩基配列をゲノム配列にマッピングし、データベースを公開した(A121)。
- ・ イネの様々な生育時期の各種組織あるいは精製細胞内小器官のタンパク質5,676種類のイネプロテオームデータベースを公開した(A121, A311)。
- ・ ブタ完全長cDNAライブラリーから68,000以上の5'末端からのEST塩基配列を明らかにし、Web上で公開した(A131)。
- ・ カイコのホールゲノムショットガンシーケンシングを行い、全ゲノムの約80%に相当するシーケンスコンティグを得た(A132)。

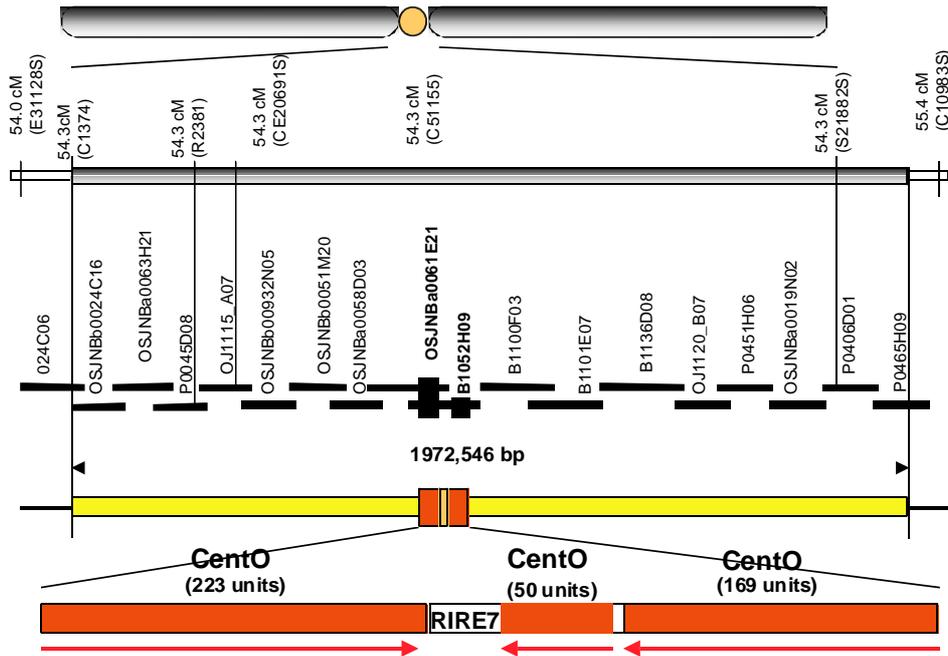
【研究資源】 研究員数：11.2人、非常勤研究員数：4.6人、研究資金：288.5百万円

【論文・特許等】 原著論文：19 (IF値[2002年インパクトファクター値]：合計72.3、平均3.8)、
総説等：5、特許等：2

(1) イネのゲノム構成およびイネゲノムのDNA 塩基配列の解析

イネ第1染色体のDNA塩基配列の解析(ゲノム研究グループ)

我が国が解読を担当する染色体に存在するセントロメアを含む23のギャップに対して、既存のライブラリーに加えて米国Arizona Genomics Institute (AGI) が作成したFosmidライブラリーをスクリーニングし、イネゲノムの95%の領域にクローンを整列化した。新しい染色体機能解析手段としてFISHの系を独自に立ち上げた。Mitotic FISH, Fiber FISHの両者において、Centromere repeat、ribosomal DNA、Telomeric repeatのシグナルの同定が技術的に可能となった。「日本晴」高精度配列に対してインディカ稲「カサラス」のBAC末端配列を*in silico*でマッピングすることにより、イネゲノムの86%をカバーするカサラス物理地図を迅速に作製できた。



イネ特異的な155塩基からなる繰り返し(CentO)の単位配列：

```
GATGTTATATACCGGAATCAAAAAGTTCAAAAAGCACAAAACATGATTTTTTCGACATATTGGAGTGTATTGGGTGCG
TTCGTGGCAAAAACCTCACTTCGCGACTCGCGCGGTGAACTTTTGTCAATTAATGCCGATATTGCCACACGTGGGTGC
```

図 A 1 イネ第8染色体セントロメア領域のPAC/BAC整列化と特徴的なゲノム配列構成

イネ第6染色体の物理地図作製とDNA塩基配列の解析（ゲノム研究グループ）

配列解読のフィニッシング技術を効率化した結果、昨年度月平均2～3Mbであった解読速度が8Mbまで上昇した。第7染色体の99%、第8染色体の90%、第2染色体の71%をフィニッシングレベルで解読し、所のホームページRGPサイトで公開した。第9染色体、第6染色体は、それぞれ18%、11%がフィニッシングレベルで解読した。イネ第8染色体のセントロメア領域を含む約200万塩基の配列を初めて完全解読した（図 A 1）。

（2）イネ完全長cDNAクローン収集とデータベースの構築

イネ完全長cDNAクローンフェイズ1（32K）クローンの解析とデータベース化（分子遺伝研究グループ）

全長に渡り配列決定された32,127クローンの情報を、所のホームページKOMEサイトで公開した。さらにイネゲノム配列に対してクローンのマッピングを行い、これらの32Kクローンが約20,600転写単位に相当することを明らかにした。

イネ完全長cDNAクローンフェイズ2端読みクローンの解析とデータベース化（分子遺伝研究グループ）

理研と共同で、ストレス処理（重金属、活性酸素、ヒートショック処理等）をした材料、栄養成長から生殖成長への転換期、受粉後の種子形成期の材料をもとにライブラリーを構築し、合計約18万クローンについて約35万件の端読み配列データを得た。約6万5千件の端読み配列データをマッピングした結果から、約5000個の新規転写単位が得られた。

(3) ブタおよびカイコ等の遺伝地図と物理地図の作成

ブタの高密度遺伝地図、物理地図の作成 (ゲノム研究グループ)

ブタケモカインレセプター遺伝子およびT細胞抗原受容体 δ 鎖の合わせて約1Mbの塩基配列決定を行い、その遺伝子構造を明らかにした。またブタ完全長cDNAライブラリーから68,000以上の5'末端からのESTシーケンスを得た。EST配列の解析により、6,000種類以上の独立な完全長遺伝子がライブラリー中に存在することを明らかにした。さらに、これらEST配列を用いて1,000個以上のcSNPを検出し、東洋系と西洋系ブタ品種で異なる対立遺伝子200個以上を検出した。これらの情報を公開し、有効に利用するためにデータベースを構築し、さらにそれをWeb上から利用出来るシステムPEDE baseを作成した。

カイコの高密度遺伝地図、物理地図の作成 (ゲノム研究グループ)

新たにカイコホールゲノムショットガンシーケンシングを行い、約21万個のシーケンスコンティグ、全ゲノムの約80%に相当する塩基配列を得た。80,000個のBACクローンのフィンガープリントを終了し、ESTをマーカーとしたハイブリ法の結果と合わせて、カイコゲノムの65%をカバーするBACコンティグを得た。2,477個のBACクローンを含む357個のBACコンティグを染色体上にマップした。カイコESTデータベースは現在約53,000 ESTを収集し、カイコ全遺伝子の70%をカバーしている (表A 1)。

カイコ遺伝資源について、保存システムのデータベースの英語版を作成し、公開した。育種素材系統のデータベース化のため、形質データの解析・整理を行った。

表A 1 カイコホールゲノムショットガンデータアSEMBL結果

コンティグ数	213,289
最大コンティグ長	19,149 bp
平均コンティグ長	1,757 bp
総コンティグ長	386,552,210 bp

(4) ゲノム機能予測技術の開発

コード領域予測技術の開発 (ゲノム研究グループ)

コード領域予測に有効と考えられるCpGクラスターの解析ツールを作成し、イネの染色体の各所数Mbの領域についてCpGクラスターの分布を調べた。その結果、CpGアイランドを持つ遺伝子はゲノム上にセグメント的に存在することを明らかにした。また、複数の組織で発現している遺伝子や発現レベルの高い遺伝子は、CpGアイランドに富む領域に存在することを明らかにした。解析に用いたCpGアイランドのデータベースは、自動アノテーションシステムに組み込み、他の解析プログラムの結果と比較できるようにした。

(5) イネゲノム統合データベース基盤の開発

イネゲノムデータベースINEの改良 (ゲノム研究グループ、分子遺伝研究グループ)

独自に開発した自動アノテーション系にイネ用に開発された予測ソフトを追加し、マニュアル補正も可能にした。また、イネ完全長cDNA配列との比較を行い、より詳細な遺伝子モデル作成を行った。さらに遺伝子機能の推定を行い、第7染色体全体に3,803個、第8染色体の約半分の領域に3,102個の遺伝子を予測し、統合データベースINEに掲載した。イネオントロジーの検討およびプロトタイプ的设计を行い、イネオントロジー用のブラウザを開発した。

2) ゲノム情報等を活用した遺伝子の単離と機能解明

【要 約】

- ・紫外線感受性イネに抵抗性を付与できるイネ紫外線抵抗性遺伝子を見いだした (A211)。
- ・イネ遺伝子破壊系統 (ミュータントパネル) 700系統について破壊遺伝子の網羅的解析を行いデータベース化した (A221)。
- ・ブタの椎骨数、背脂肪に関わるQTL領域のBAC整列地図を作製し、椎骨数QTLでは候補領域内の遺伝子に椎骨数と関連するアミノ酸置換を見いだした (A231)。
- ・タバコモザイクウイルス抵抗性を誘発する新しい天然物質を発見した (A251)。
- ・ナタネミトコンドリアの全ゲノム構造を決定した (A252)。
- ・アクチベーションタギングで得られた疑似病斑形成に、アシルトランスフェラーゼ相同遺伝子の過剰発現が関与していることを確認した (A252)。

【研究資源】 研究員数：15.7人、非常勤研究員数：12.9、研究資金：212.6百万円

【論文・特許等】 原著論文：36 (IF値：合計175.3、平均4.9)、総説等：12、特許等：9

(1) 遺伝地図情報を利用したイネ有用遺伝子の単離

遺伝地図情報を利用したイネ有用遺伝子の単離 (分子遺伝研究グループ、生体高分子研究グループ)

密穂遺伝子DN1は22.1kbの領域に絞られ、この領域のORFの1つではエクソンに塩基置換があり、ストップコドンが生じていることが予測された。枝梗湾曲遺伝子UR2の座乗領域は約85kbに絞られた。紫外線抵抗性QTL (qUVR-10) の相補性検定により機能を証明した。出穂期関連遺伝子Hd5については、相補性検定が終了し、その機能を明らかにした。種子の幅に関与する遺伝子qSW5については、相補実験により、候補遺伝子領域の機能を明らかにした。青色光でEhd1遺伝子の転写が誘導され、その制御にあるHd3a等の誘導により、イネの花芽形成が促進されることを明らかにした。

(2) イネミュータントパネルを利用した遺伝子機能解析システムの開発と利用

イネミュータントパネルを利用した遺伝子機能解析システムの開発と利用 (分子遺伝研究グループ)

遺伝子破壊系統700系統について、破壊遺伝子隣接配列と表現型の網羅的解析を行いデータベース化を作成した。また、DNAメチラーゼの変異体を単離、解析し、トランスポゾンの転写抑制にDNAメチル化酵素遺伝子OsMET2aが重要な役割を果たしていることを明らかにした。また、独自に開発した遺伝子機能解析システムを用いて、耐病性に関与する2種類の遺伝子を単離し機能解析を行った。

(3) 遺伝地図情報等を利用したブタの椎骨数、カイコのDNV抵抗性遺伝子等の単離

比較遺伝地図情報等を活用したブタの椎骨数や肉質等生産形質関連遺伝子座の同定と遺伝子の単離 (ゲノム研究グループ)

椎骨数、背脂肪QTL領域においてBAC整列地図を作製した。椎骨数QTLでは候補領域内の遺伝子に椎骨数と関連するアミノ酸置換を検出した。またブタの特定集団 (/) T細胞に由来する完全長cDNAライブラリーから約5,000クローンの配列データを得た。

ブタ-ウシ比較地図のためブタの145遺伝子についてプライマーセットを設計し、その約35%がマッピング可能と判断された。戻し交配世代あるいは父方半兄弟家系のQTL解析において、親間の遺伝的なバラツキを補正する手法を開発した。

カイコDNV抵抗性遺伝子等の単離（ゲノム研究グループ）

カイコ濃核病ウイルス抵抗性遺伝子nsd-2近傍領域のBACコンテイング2の全塩基配列を決定した。コンテイング1と2を繋ぐために、BACクローンのスクリーニングとフィンガープリンティングを繰り返すことにより、それぞれの両末端を伸長させた。約1万頭の組換え型BF1集団の遺伝子型診断により、nsd-2の候補領域が絞り込まれた。

（4）遺伝子群発現モニターシステムの開発

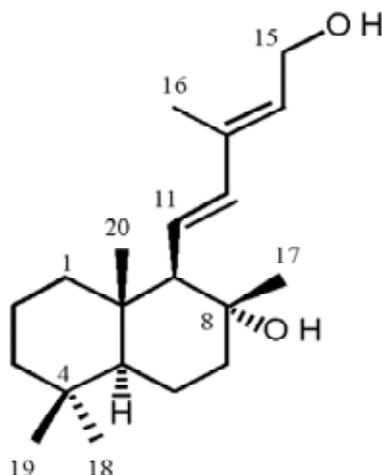
遺伝子発現モニタリングシステムの構築（分子遺伝研究グループ）

イネオリゴアレイ（22Kアレイ、15年11月市販開始）に対して、5種類のイネ生育ステージ（発芽種子、実生、成葉、穂、カルス）に加えて、乾燥、低温、塩、2種類の冠水ストレス処理による遺伝子発現データを取得し、その発現プロファイルを参考に遺伝子のクラスタリングを進めた。

（5）タバコ等の遺伝子レベルでの細胞内シグナル伝達系の解析

植物の病害抵抗性遺伝子に関する研究（生理機能研究グループ、遺伝資源研究グループ）

10種類以上同定したカルモジュリン(CaM)結合タンパク質のうち、MAPキナーゼフォスファターゼ(NtMKP1)について、CaMとの結合領域を特定した。NtMKP1の発現は病傷害によって誘導され、過剰発現体では病傷害応答で働くタバコMAPキナーゼ(WIPK, SIPK)の活性化が抑制されていたことから、CaM-MKP1はMAPKカスケードの調節に働くことが示唆された。WIPKの活性化を指標として、新規病傷害シグナル伝達物質をタバコから単離し、その構造を決定した（図A2）。この物質は、新規のジテルペン的一种でありWAF-1(WIPK activating factor 1)と名づけた。さらに、WAF-1の化学合成法、定量法を確立した。



(11E, 13E)-labda-11,13-diene-8 α ,15-diol

図A2 病傷害シグナル伝達物質の新規ジテルペンWAF-1(WIPK activating factor 1)の化学構造

葉等の形態形成機構の解析（分子遺伝研究グループ、新生物資源創出研究グループ）

9K cDNAマイクロアレイ等を利用して、葉の形態異常の見られるブラシノライド生合成変異株brd1において、野生株よりも発現量の増減した遺伝子群を見いだした。一方、アクチベーションタギングで得られた擬似病斑変異体においては、エンハンサー近傍のアシルトランスフェラーゼ相同遺伝子の過剰発現が原因であることを確認した。

ナタネミトコンドリアゲノムの全塩基配列を決定した結果、全長221,853bpの環状分子であり、34個のタンパク質遺伝子のほか、3個のrRNA遺伝子、17個のtRNA遺伝子をコードしていることを明らかにした。

（6）染色体構造の変化やDNAの修飾に着目した遺伝子発現調節機構の解析

ジーンサイレンシングに關与する遺伝子とシグナルの解析（分子遺伝研究グループ、新生物資源創出研究グループ）

ウイルスの外被タンパク質遺伝子を逆位反復に導入したタバコは、次世代でもウイルス抵抗性を示し、このウイルス抵抗性はRNAの発現量に關係することを明らかにした。植物側の遺伝子2種をジーンサイレンスによりロックダウンした個体は、それぞれを特異的に発現抑制し、さらに交配によって2種の遺伝子を持つ個体では2種共に発現抑制したため、より強力なウイルス抵抗性植物が得られた。イネゲノム塩基配列情報に基づいて、日本晴系統イネより2種の転写型ジーンサイレンシング制御因子MOM1遺伝子を同定し、それぞれのcDNAの3'末端数百塩基対をRNAi用ベクターに組み込み、イネへ導入した。ジャポニカ・インディカ系統の交配により得たF1幼植物体における雑種強勢の定量的解析法を確立し、第9染色体rRNA領域のheterogeneityや片親のゲノムDNAメチル化の低下は強勢発現に影響しないことを示した。

メチル化部位のゲノムマッピング（分子遺伝研究グループ）

メチル化非感受性制限酵素 *Msp* Iと感受性制限酵素*Hpa* IIを用いたRLGS解析法により、シロイヌナズナのエコタイプ間のメチル化変異の違いを調べた。メチル化の影響を受ける座位の割合は、エコタイプ間で異なることが判明した。

イグサ品種識別マーカー開発では、*Eag* I-*Bam* HI、*Eag* I-*Hind* IIIおよび*Bsp* EI-*Eco* RIの3パターンで合計51個の識別マーカーを検出した。このうち「ひのみどり」品種識別マーカーをSTS化して、PCRによるイグサ製品のDNA品種鑑定を可能にした。

3) タンパク質の網羅的解析と構造生物学的解明

【要 約】

- ・イネの生育時期組織特異的・細胞内局在性タンパク質に関する情報をデータベース化し公開した（A311）。
- ・カルレテイクキュリンについては低温ストレス応答に關与するCRTintPとジベレリン情報伝達に關与するHRPの2種類を単離し、それぞれの応答性を明らかにした（A311）。
- ・水素、水分子を含むタンパク質の全構造を原子レベルで決定し、高度に制御されたタンパク質の構造構築原理、酵素反応機構、分子認識などを明らかにした（A321）。
- ・イネ萎縮病ウイルスの二重殻からなる立体構造をX線解析法により解明した（A322）。
- ・植物由来のジンクフィンガー型転写因子についてNMR構造解析を行い、転写因子のDNA認識機構を明らかにした（A324）。

【研究資源】研究員数：14.9人、非常勤研究員数：21.5、研究資金：291.0百万円

【論文・特許等】原著論文：34（IF値：合計104.5、平均3.1）、総説等：3、特許等：6

(1) 遺伝子発現産物の構造・機能の網羅的解析

プロテオーム解析技術による植物ホルモン情報伝達機構の解析(分子遺伝研究グループ、生体高分子研究グループ、新生物資源創出研究グループ)

イネの生育時期および組織特異的な細胞内局在性タンパク質の分子量、等電点、発現量情報およびアミノ酸配列情報をデータベース化し、所ホームページ上で公開した。ジベレリンあるいはブラシノステロイド情報伝達系に関与するタンパク質遺伝子群(BLEs, XET, TUB, PDK1)が茎葉伸長を調節していることを明らかにした。さらにカルレテイキュリンについては酵母のtwo-hybrid法により、低温ストレス応答に関与するCRTintPとジベレリン情報伝達に関与するHRPの2種類の遺伝子を単離し、それぞれの応答性を明らかにした。

タンパク質情報のデータベース化(ゲノム研究グループ)

イネプロテオームデータベースについては、新たに解析されたサンプルの二次元電気泳動画像情報およびアミノ酸配列情報等を追加するとともに、キーワード、アクセッション番号、等電点、分子量、アミノ酸配列等からの検索機能の充実を図った。イネタンパク質構造データベースについては、入力項目およびデータスキーマを設計して、プロトタイプを作成した。

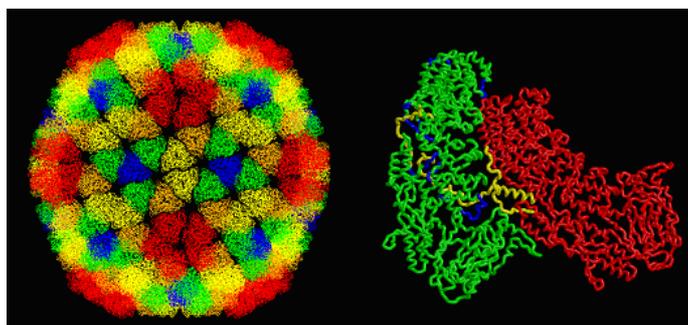
(2) タンパク質の立体構造および機能発現機構の解明

酵素・機能性タンパク質など生物学的に重要なタンパク質のX線解析法による立体構造の解明と蛋白工学的手法による機能の解析(生体高分子研究グループ)

セルフリー、酵母、大腸菌を利用した発現系を用いて完全重水素置換タンパク質の作製技術を確立した。また、イネ由来 β -ガラクトシダーゼ、カイコのテロメア特異的ヌクレアーゼ、微生物起源のフルクトース転移酵素などの結晶構造を決定し、糖分解酵素の特異な基質認識機構を明らかにした。蛇毒タンパク質については、ターゲットとなるタンパク質ドメインとの複合体のX線解析により、抗血液凝固、血小板凝集など蛇毒の攻撃的機能を立体構造学的に明らかにした。

植物ウイルスのX線結晶学的研究(生体高分子研究グループ)

二重殻構造を持つイネ萎縮病ウイルスの3.5 Å分解能での構造の全容を明らかにした。二重殻の外殻は46kDaのタンパク質P8が780個、ウイルスの持つ対称構造triangulation number T=13の対称で配列し、内殻は114kDaのタンパク質P3が180個、2量体を単位としてT=1の対称で配列していることを明らかにした(図A3)。これらのタンパク質の間の相互作用をもとにウイルス粒子の構築原理を提案した。



図A3 イネ萎縮ウイルスの外殻タンパク質P8(左)と内殻タンパク質P3間の相互作用(右)

イネ構造ゲノム解明に向けての発現、精製、立体構造解析に関する研究（生体高分子研究グループ）

細胞周期関連タンパク質cds22、オルニチントランスカルバミラーゼおよび2種類のグリオキシラーゼ について結晶化を行い、オルニチントランスカルバミラーゼは薄い板状結晶が、またオキシラーゼ（21kDa）は針状結晶のクラスターまたは微小板状結晶が得られた。

NMRを用いた光合成電子伝達系タンパク質複合体等の分子認識・機能発現機構の解明（生体高分子研究グループ）

植物由来のジンクフィンガー（ZF）型転写因子ZPT2-2およびZPT2-2/DNA複合体についてNMR動的構造解析を行い、ZPT2-2のDNA認識機構を解明した。得られた結果を動物由来のクラスターZF型転写因子のDNA認識機構と比較検討し、両者は異なる様式でDNAを認識することを明らかにした。

（3）計算科学的手法によるタンパク質の構造・機能推定技術の開発

計算科学的手法によるタンパク質の構造・機能推定技術の開発（ゲノム研究グループ）

生体内低分子化合物の立体構造と物性値を収録したデータベースのプロトタイプを構築した。二次元構造ファイルから、エネルギーが極小となる立体構造を作成する「2D-3D自動変換システム」を作成した。このシステムにより約5,000件の化合物の立体構造を推定し、データとして蓄積した。

（4）糖質性エリシターとその認識機構および情報伝達機構の解明

糖質性エリシターとその認識機構および情報伝達機構の解明（生体高分子研究グループ、新生物資源創出研究グループ）

キチンオリゴ糖エリシター結合タンパク質(CBP)をコードする遺伝子ならびにcDNAを同定・単離した。エリシターの認識・シグナル伝達の初期過程に関わる遺伝子(CIGR1/2, EL5, CEBiP)の機能解明のため、様々な組換えイネを作成した。また、相互作用するタンパク質を単離する目的でCIGR1/2に対する特異抗体を調製し、抗体カラムを作成した。ユビキチンリガーゼであるEL5の基質を同定するため、酵母のtwo-hybrid法により、陽性シグナルを示す1クローンを単離した。

4) 植物における生命現象の分子機構の解明

【要 約】

- ・酸素発生能を失活させた光化学系 は弱光でタンパク質が損傷を受けること、ラジカルが損傷を引き起こす分子種であることを明らかにした（A411）。
- ・ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ(PEPC)発現量が異なる4種類の形質転換イネ「ハッサクモチ」のホモ系統の酸性土壌耐性を検定した結果、すべての系統でリン酸欠乏土壌での生育の改善が認められた（A421）。
- ・収穫時の稈に含まれる炭水化物の蓄積残量を増加させることで倒伏耐性を向上させる遺伝子座を見いだした（A422）。
- ・オーキシン結合タンパク質1が植物細胞の肥大化に関与することを明らかにした（A441）。

【研究資源】研究員数：9.1人、非常勤研究員数：3.0、研究資金：63.6百万円

【論文・特許等】原著論文：9（IF値：合計29.1、平均3.2）、総説等：3、特許等：0

(1) 光合成器官形成に関する遺伝子群の解析と光合成光利用効率制御機構の解明

光合成光利用効率調節因子の同定と作用機作の解析 (生理機能研究グループ)

酸素発生能を失活させ高温ストレス状態を模倣した光化学系は、酸素発生能を保持している光化学系とは異なり、弱光でもタンパク質が損傷を受けること、D1タンパク質は内腔側ループで切断されること、そしてその損傷はラジカルに寄って引き起こされることを明らかにした。酵母のtwo-hybrid法を用いた解析により、D1プロセッシング酵素のPDZドメインと呼ばれる領域が基質と強く相互作用することが示され、本酵素が触媒部位から離れたドメインも利用して基質認識していることが示唆された。

イネにおける光形態形成遺伝子が関与する光合成制御機構の解析 (新生物資源創出研究グループ、生理機能研究グループ)

胚軸が伸長するlhr変異の原因遺伝子を第5染色体上の300kb以内に絞り込んだ。lhrは野生型が致死に至る量のガンマ線を照射しても生育可能なことが明らかとなった。lhrの胚軸は光条件に関わらず野生型より一回多いendoreduplicationを起こすことが明らかとなった。

フィトクロム、青色光受容体クリプトクロム、光形態形成抑制因子COP1などの光シグナル伝達系構成要素間の相互作用能を酵母のtwo-hybrid法を用いて解析した結果、COP1はN末端領域を介して同種2量体を形成できること、クリプトクロムのC末端領域とCOP1のC末端領域、フィトクロムのC末端領域とCOP1のN末端領域が相互作用することが示唆された。

(2) 物質固定・代謝および転流・蓄積に関する遺伝子群の解析とその制御機構の解明

植物の物質代謝に関する遺伝子群の解析と制御機構の解明 (生理機能研究グループ)

PEPCの発現量が異なる4種類の形質転換イネ「ハッサクモチ」のホモ系統の酸性土壌耐性検定の結果、すべての系統でリン酸欠乏土壌での生育の改善が認められた。

光合成型を変える3種のエレオカリス属植物では、光呼吸酵素グリシンデカルボキシラーゼの葉肉細胞と維管束鞘細胞における発現様式が、光合成型の変換に同調して変化することを明らかにした。C3-C4中間植物の維管束鞘細胞オルガネラの特徴は、子房親 (*Diplotaxis tenuifolia*, C3-C4) と花粉親 (ダイコン、C3) からのゲノムの構成比に従い交雑植物に遺伝することを明らかにした。C4型クロモで特異的に発現する遺伝子29個を同定した。3種類のイネPEPC制御タンパク質遺伝子を単離し、発現特性を明らかにした。

イネにおける光合成産物の転流に関する遺伝子群の単離とその機能解析 (生理機能研究グループ)

CAPS, SNPsマーカーを用いて、イネの転流を制御するQTL領域を狭め、収量を増加させる遺伝子座tgw6を一個のPACクローン上に絞り込んだ。また、収穫時の稈に含まれる炭水化物の蓄積残量を増加させることで倒伏耐性を向上させる遺伝子座を見いだした。糖センサーとしての機能が推定されているSNF1相同遺伝子OSK サブユニットとサブユニットを大腸菌で発現させ、GST pull-downアッセイを行い、両者が直接相互作用することを確認した。

(3) 植物の形態形成を制御するジンクフィンガー型転写因子の機能解析

植物の形態形成を制御する転写因子の機能解析 (生理機能研究グループ)

ペチュニアの枝分かれを促進する転写因子LIF過剰発現体では、サイトカイニンの遊離型が減少しリボシド等の誘導体が増加しており、これが枝分かれ促進の原因と考えられ

た。シロイヌナズナのゲノム情報中のLIF様遺伝子8種について、過剰発現実験および発現解析を行い、LIFホモログAtSPL7を特定した。また、マイクロアレイによってLIFの標的遺伝子の候補を得た。

(4) 原形質膜を介するオーキシン情報伝達機構の解析

原形質膜を介するオーキシン情報伝達機構の解析 (生体高分子研究グループ)

オーキシン結合タンパク質ABP1を添加した培地中にタバコ葉肉細胞プロトプラストを置くと細胞の肥大化が促進されるが、抗ABP1抗体添加では抑制された。また、ABP1を過剰発現する組換え体ではABP1添加効果は見られないが、抗体による阻害効果は認められたことから、ABP1が細胞肥大に関与することを明らかにした。また、光親和標識剤としてアジド化したABP1を用いて検討した結果、原形質膜の特定の領域にABP1が存在することが示唆された。

5) 動物における生命現象の分子機構の解明

【要 約】

- ・ブタにおいて、緑色蛍光タンパク質 (EGFP) 組換え体細胞核を体外成熟卵子に核移植し、EGFPを発現する子豚9頭を得た (A513)。
- ・コラーゲン膜に環状ナイロン膜支持体を導入して、上皮間充織もしくは癌微小血管等モデルを容易に再構築する三次元培養法を開発した (A521)。
- ・カブラハバチの凍結保存精子の顕微授精により形質転換系統の保存に成功した (A541)。
- ・コラゾニンが、カイコの吐糸を阻害することを発見した (A542)。
- ・カイコ麻痺ペプチドの生体防御、造血制御への作用を解明した (A542)。
- ・ネムリユスリカの幼虫体内のイオン濃度の上昇は、トレハロース合成の誘導シグナルとなることが示唆された (A571)。

【研究資源】 研究員数：53.5人、非常勤研究員数：24.8、研究資金：343.1百万円

【論文・特許等】 原著論文：72 (IF値：合計135.1、平均1.9)、総説等：19、特許等：4

(1) 生殖系列細胞等の発生分化機構の解明と発生工学的利用技術の開発

マウスをモデル系としたES細胞等の増殖および分化制御要因の解析 (発生分化研究グループ)

細胞表面マーカーを指標にして、単一のES細胞株に含まれる分化能力の異なる細胞集団を分画した結果、PECAM-1とSSEA-1と呼ばれる2つの細胞表面マーカーにより、ES細胞は3種類の亜集団に分けることができ、それらの発現遺伝子やキメラ形成能力に差があることが判明した。さらに、DNAアレイにより3つの亜集団の発現遺伝子の差異を解析し、未分化状態に関連すると考えられる遺伝子群を見いだした。また、ES細胞を分画する細胞表面マーカーとしてCD9が有用であることを明らかにした。

IGF-1レセプター遺伝子等の転写制御やシグナル伝達に関わる生理・形態形成関連遺伝子の発現様式の解析 (発生分化研究グループ)

ニワトリ個体へのマーカー遺伝子の導入に関し、放卵直後の受精卵より採取した胚盤葉細胞の培養法を改良するとともに、支持細胞からの分離法を開発した。また、胚盤葉細胞のエレクトロポレーション法による効率的な遺伝子導入が可能となり、レシピエント胚へ移植したところ初期胚で導入遺伝子の効率的な発現が認められた。さらに、初期胚の始原生殖細胞にマーカー遺伝子を導入することによって、生殖巣に効率的に導入遺伝子を発現させることが可能になった。

ブタ等の培養細胞の遺伝子改変技術の確立と形質転換個体作出法の開発（発生分化研究グループ）

核除去した体外成熟卵子に緑色蛍光タンパク質（EGFP）組換え体細胞核を顕微注入法により移植し、胚盤胞期まで体外培養した後、得られた2～8細胞期核移植胚1,736個を雌豚14頭の子宮に移植したところ5頭が妊娠した。その内の4頭からEGFPを発現する子豚が9頭得られ、その内1頭が生存している。また、豚培養細胞に対して、EGFP発現ベクターとEGFPに対するsiRNAを発現するベクターを同時に形質転換したところ、siRNAベクターの濃度依存的にEGFPの発現が抑制された。

ウシ胎盤細胞の分化増殖および再構築要因の解析（発生分化研究グループ）

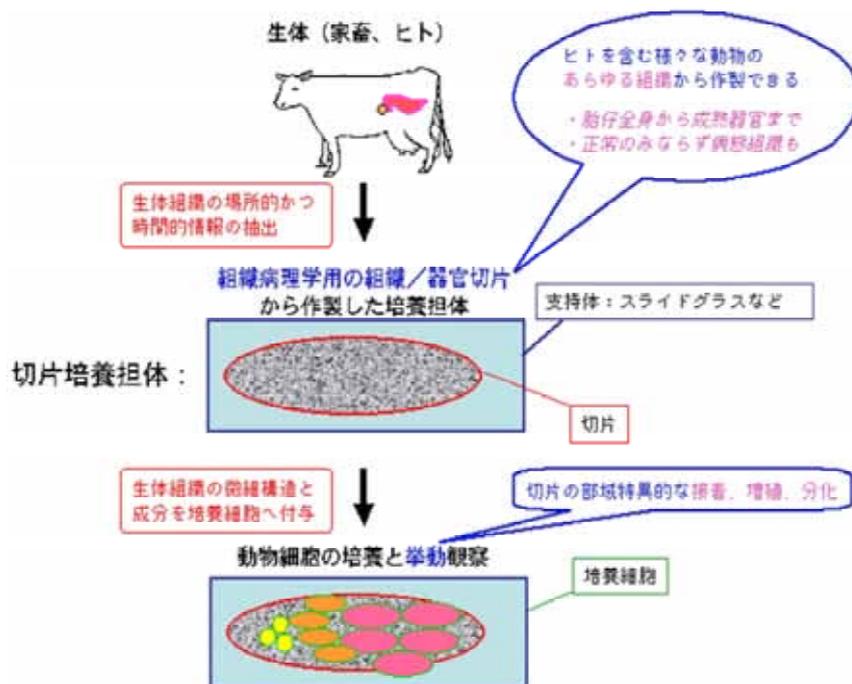
ウシ栄養膜由来のBT-1細胞を用いて、細胞分化を誘導する要因を解析した結果、血清成分に依存する分化マーカー遺伝子発現の特異的調節機構の存在が示唆された。BT-1の細胞内カルシウムシグナリングをfura-2色素で解析した結果、ATPがP2Y受容体を介して細胞内ストアからのカルシウム放出を誘起することと、この反応が細胞の培養密度や増殖活性に依存することが判明した。BT-1細胞に発現する遺伝子をマイクロアレイで解析して、発現プロファイルの基礎データを作成した。

（2）動物細胞株の機能特性の解析と成長等に関する細胞因子の探索

脂肪細胞等動物細胞株の樹立と機能特性の解明（生体機能研究グループ）

コラーゲンゲル薄膜に環状ナイロン膜支持体を導入することで強度、透明度およびタンパク質透過性に優れた培養担体の作製法を確立し、上皮（内皮）間充織や癌微小血管等モデルを容易に再構築できる三次元培養法の開発にも成功した（図A4）。また、既に関与した病理組織学用の切片上で動物細胞を培養する技術の有用性を胚性幹細胞および臍臓由来の細胞株を用いて検証するとともに、平面絹の周囲に線維芽細胞を三次元培養することで強度に優れた結合組織を再構築することに成功した。

ウシ胎児および成牛の肝臓から樹立した敷石状形態の細胞株がアルブミンを生合成して分泌することを明らかにした。



図A4 切片培養担体を用いた動物細胞の新しい培養法の概略

発育、成熟等に関与する因子の探索および同定（生体機能研究グループ）

同一ドナー細胞由来のクローン牛2頭において、ゲノムインプリンティングの違いによる遺伝子の正常発現と異常発現が観察された。

ニワトリマイコプラズマ非感受性に連鎖するAFLPバンドから、Ca²⁺依存型ATPase遺伝子の相同配列を同定した。

ブタCYP遺伝子について、CYP4ファミリーには少なくとも4つの分子種があることを明らかにした。

（3）家畜の脳辺縁系・視床下部情動調節機構および繁殖中枢調節機構の解明

ウシ、ブタの脳定位固定装置等の開発および大脳皮質並びに視床下部調節機能の解析（生体機能研究グループ）

ブタの海馬に電極を留置し、非拘束状態で自発性電位やにおい刺激による電位変化を測定することが可能となった。

レプチンやグレリンをウシの第3脳室に投与すると血中の成長ホルモン濃度が増加したことから、これらのペプチドホルモンがウシの視床下部、下垂体へ作用して成長ホルモンの分泌を調節することが示唆された。リポポリサッカライドの末梢投与により脳組織中の腫瘍壊死因子（TNF- α ）濃度が上昇することから、TNF- α が中枢の機能調節にも関与することが示唆された。

反芻動物の性腺刺激ホルモン放出ホルモン分泌調節に関わる神経伝達物質および末梢性因子解明（生体機能研究グループ）

シバヤギ繁殖調節中枢の電気生理学的な解析の結果、反芻動物では、血中遊離脂肪酸が低栄養シグナルとして作用する可能性や、ドーパミンが神経伝達物質として直接繁殖調節中枢に作用する可能性は低いことが示唆された。ヤギの副嗅球に順行性のトレーサーを注入しその投射経路を解析したところ、扁桃体内側核、扁桃皮質核および分界条床核への投射が確認され、これらの神経核がフェロモン情報の処理にかかわっている可能性が示唆された。

（4）ヒメミミズ等の発生分化、カイコの脱皮変態等に関わる主要な遺伝子の単離と機能解明

ヒメミミズ等の発生分化およびカイコの生殖系列形成体等に関わる主要遺伝子の単離と遺伝子機能解析系の構築（発生分化研究グループ）

ヤマトヒメミミズの再生期に強く発現する6つの遺伝子について、発現時期を解析したところ、いずれも再生開始24~48時間後にピークが見られ、再生への関与が示唆された。

生殖系譜特異的なRNAヘリカーゼ遺伝子Vasaのカイコ相同体 BmVLGの3'UTRの翻訳と安定性に及ぼす影響を、GFPをレポーターとして検討した結果、BmVLGの3'UTRが生殖細胞でのRNAの効率的蓄積に関与している可能性が示唆された。

カブラハバチでは性決定遺伝子dsxは発生段階を通じて発現し、複数の分子種が存在すること、凍結保存精子の顕微授精により形質転換系統の保存が可能であること、遺伝子機能解析に RNAi が利用できることを示した。

カイコの脱皮・変態時にホルモン活性物質により発現が誘導される主要遺伝子・タンパク質の単離とその機能解明（発生分化研究グループ、生体高分子研究グループ）

変態の特定の時期に発現する転写因子BR-Cはカイコの蛹化過程で特異的に発現する3種の遺伝子の時期特異的発現を制御することを、レポーター遺伝子アッセイにより明ら

かにした。動物培養細胞に発現させたカイコ上皮成長因子受容体EGFRは、カイコ麻痺ペプチドの受容体である可能性が強く示唆された。また、バッタの体色黒化を誘導するコラゾニンがカイコの吐糸の調節に関与することを明らかにした。

カイコにおける真皮細胞の増殖調節機構の解明並びに斑紋等の組織形成に関わるタンパク質の同定（発生分化研究グループ）

細胞周期の制御に関与するcyclin A, cyclin B, cyclin Cおよびcdc2のクローニングを行った。幼虫第5体節背面の真皮細胞をフローサイトメータにより分析したところ、細胞数は3、4齢ともに摂食期に増加し眠中には減少した。また、核相は3齢起蚕では4n、4齢起蚕では4nと8n、5齢起蚕では8n、16n、32nのピークがあり、3、4齢期では齢期間中に各核相の割合が大きく変化したが、5齢期では変化は少なかった。各核相の細胞はさらに2集団に分かれた。

(5) フィブロイン遺伝子、尿酸合成等に関わる生理機能に係る遺伝子等の単離とその機能および多様性の解析

間性系統等に着眼した遺伝形質の連関解析（昆虫適応遺伝研究グループ、昆虫生産工学研究グループ）

第2間性Isx-2系統の成虫の性徴には、腹部第8節の形成、雌雄外部生殖器の混在、卵巣の退化等が認められ、既知のIsx系統と同様であった。また、「大造」、Isx-2間でゲノミックサブトラクションを行い、Isx-2に特異的な変化のあるクローンを得た。褐卵の遺伝分析から、第6連関群の29.1に新たな遺伝子座を見だし、「清水褐卵」(b-2s)と命名した。ホメオティック遺伝子座の3点実験により、第6連関群上の遺伝子配列順序はEMu, ENc, EAl, Ncであることを明らかにした。

フィブロイン遺伝子、カルボキシエステラーゼ遺伝子等に着眼した昆虫生理機能関連遺伝子の単離と分子進化学的解析（昆虫適応遺伝研究グループ、昆虫生産工学研究グループ）

昆虫の生理機能関連遺伝子等の分子進化的解析を進め、カイコとクワコ間のミトコンドリア構造の比較解析ではA+T-rich領域内の特定DNA断片の反復数に顕著な差異を認めた。トランスポゾンOrgandyに3.0kbの2つのORFを検出し、そのひとつに、転移酵素と推定されるアミノ酸配列を確認した。

ミバエ等昆虫のmtDNA、ITS2の塩基配列による多型を検出した。カルボキシエステラーゼ(CE) 遺伝子が関与するトビイロウンカの有機リン剤抵抗性については、CEの誘導の強弱と抵抗性の高低が、正の相関関係は認められなかった。

尿酸合成やエクジステロイド受容機構等に関わる分子の単離と発現制御機構の解明（昆虫適応遺伝研究グループ）

カイコの尿酸生成に関わるキサンチン脱水素酵素XDHのうち、分子の実体が不明だったXDHbがBmXDH2遺伝子に由来していることを、抗BmXDH2抗体でのウェスタンブロットティングにより明らかにした。また、カイコで尿酸輸送異常により幼虫皮膚が透明になる油蚕（あぶらこ）遺伝子w-3とABCトランスポーター遺伝子の1つBmwh3とが同じ遺伝子座にあることが連鎖解析により示唆された。脱皮ホルモン受容体のアイソフォーム特異的転写活性化能を検出する系を、形質転換ショウジョウバエを作出して構築した。カイコ幼虫の組織間のDNAメチル化パターンを比較し、組織特異的なメチル化の存在を明らかにした。

(6) 昆虫の触角葉等における匂い情報の伝達・処理機構および感覚子特異的分子等に着目した味覚受容伝達系の解明

昆虫の触角葉およびキノコ体における匂い情報の伝達・処理機構の解明（生体機能研究グループ）

匂い刺激に対する複数の触角葉神経細胞のスパイク応答を多点同時に記録し、同時に触角葉から入力を受ける前大脳キノコ体のフィールド電位応答を記録した結果、触角葉出力神経細胞間で同期的にスパイク発火が起こることが示唆された。この同期発火の相関の解析から、触角葉の神経回路網には特定の匂いの情報に対応した神経細胞集団、すなわち一時的なルート（機能的な結合）が形成されることが示唆された。

カイコ等の味覚応答の解明と感覚子特異的分子等に着目した味覚受容伝達系の解明（生体機能研究グループ）

ニクバエ口器から単離したレクチン様タンパク質CLEM36が唾液中に局在すること、ABCタンパク質様遺伝子SpABCが唇弁以外の組織で発現していることを明らかにした。

カイコの味覚細胞において、Na⁺チャネルの存在、テトロドトキシンおよび2価陽イオンによる味覚応答の阻害の様相を明らかにした。ショ糖濃度に依存するカイコの飲み込み運動のパターンを解析し、環状圧縮筋を支配する2つの運動ニューロンを同定した。

(7) ペプチド等の化学物質の生理機能に着目したバッタ等の体色制御機構、甲虫等の休眠等の解明と、カイコ等のアミノ酸合成酵素系等に着目した特異的代謝機能の解明

ペプチド等化学物質の生理的役割に着目したバッタ等の体色制御機構および甲虫等の休眠・繁殖・耐寒性等の解明（生体機能研究グループ）

トノサマバッタを高温で飼育するとアルビノのような体色の薄い個体が現れることを発見し、白化した個体にコラゾニンを処理すると黒化が誘導されることなどから、ホルモン不足が白化の主な原因であることを明らかにした。

ネムリユスリカ幼虫を塩類溶液やグリセロール溶液で処理した結果から、ユスリカ体内のイオン濃度の上昇がトレハロース合成の誘導シグナルになっていることが示唆された。

チャバエアオカメムシの卵吸収に関与するタンパク質分解酵素の性状を検討したところ、酸性領域で活性を発現するシステインプロテアーゼであることが示唆された。

カイコ等のアミノ酸合成酵素系等に着目した特異的代謝機能の解明（生体機能研究グループ）

カイコ体液中のオルニチンを変態期特異的に代謝する、脂肪体のオルニチンアミノトランスフェラーゼを精製した。

カイコとエリサンのステロール要求を比較した結果、カイコでは飼料のステロール量が少ないと蛹化できない個体が多かったが、蛹化した個体では蛹体中のステロール含量は一定であった。一方、エリサンは無添加でもほとんどの個体が蛹化し、蛹のステロール含量は餌への添加量が少ないと減少し、カイコと代謝・蓄積が異なることが示唆された。

6) 環境応答、生物間相互作用の分子機構の解明

【要 約】

- ・ イネ液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーターの高発現によって、形質転換イネのカルスおよび植物体が高度な耐塩性を獲得した (A611)。
- ・ イネの光受容体遺伝子phyA、phyB、phyC 変異の開花時期や光形態形成に及ぼす影響を明らかにした (A621)。
- ・ ミヤコグサにおいて、根粒特異的植物遺伝子のRNAi形質転換によりロックダウンシステムを作出し、共生の表現型の異常を観察した (A651)。
- ・ ゴマダラカミキリの接触刺激性フェロモンの第3群の活性成分の化学構造推定に成功した (A661)。
- ・ 植物乳液中システインプロテアーゼは、鱗翅目害虫に対し顕著な殺虫毒性を示す防御タンパク質であることを明らかにした (A662)。
- ・ 侵入昆虫ブタクサハムシの寄主植物範囲を規定する化学因子を発見した (A662)。
- ・ チマダラヒメヨコバイがクワ萎縮病ファイトプラズマの媒介虫であることを確定した (A672)。
- ・ プリオン過剰発現トランスジェニックマウスおよびプリオン欠損マウスの脳からミクログリア細胞株および神経幹細胞株を樹立した (A691)。
- ・ タイワンカブトムシの体液から、イネもん枯病菌やイネいもち病菌などの増殖を抑制する抗カビペプチドを分離し、scarabaecinと命名した (A6101)。

【研究資源】 研究員数：31人、非常勤研究員数：31.2、研究資金：270.3百万円

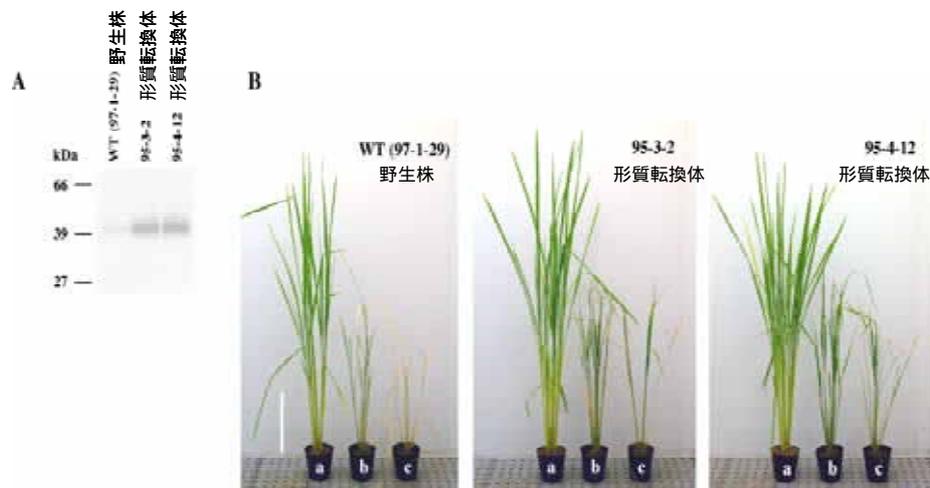
【論文・特許等】 原著論文：44 (IF値：合計143.1、平均3.3)、総説等：11、特許等：3

(1) 環境ストレスに应答する遺伝子群の単離とその機能解析

塩ストレスに应答する遺伝子群の単離とその機能解析 (生理機能研究グループ)

イネ液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーター遺伝子OsNHX1遺伝子を高発現させることにより、イネのカルスおよび植物体の耐塩性が向上した。また、OsNHX1はイネの鉄吸収に関与する可能性を明らかにした。イネ「日本晴」の成長に対するNaClの影響を検討したところ、正常イネでは80mM NaCl処理により成長が1/2に低下したのに対し、ミュータントパネルより選抜したクロライドチャンネル遺伝子破壊イネでは50mM処理で1/2となり、感受性が高くなることがわかった (図A5)。

図A5 OsNHX1を高発現した形質転換イネに対する塩ストレスの効果



(A) ウェスタン解析。

(B) 塩ストレス下 (a: 0, b: 50, c: 100m M NaCl) で7週間育成 (Bar = 20 cm)。

環境・病傷害ストレスによる植物細胞の二次代謝誘導とシアン耐性呼吸の役割の解明(生理機能研究グループ)

プロピオン酸によって誘導される細胞質酸性化がシアン耐性呼吸阻害剤によってさらに促進されたことから、植物のシアン耐性呼吸は、環境ストレスによって引き起こされる細胞質酸性化を抑制する機能を持つことが示唆された。タバコガラクトースリッチ塩基性糖タンパク質群GBGPとの抗原性の近縁を利用してオシロイバナGBGPの解析を行った。

(2) イネにおけるフィトクロムを介した光情報伝達経路の解析

イネにおける光情報伝達経路の解析(生理機能研究グループ)

フィトクロム遺伝子phyB/C二重突然変異体の開花日は各々単独の突然変異体と同程度に早まることから、作用点における機能には両分子を必要とすることを明らかにした。phyA突然変異は、単独では開花時期にあまり影響しないが、phyBあるいはphyC突然変異のバックグラウンドでは、開花時期を著しく早めた。phyB突然変異は、草型全体に変化を及ぼし、この変化はphyA/B二重突然変異で顕著になった。phyAはphyBに比べて2桁ほど低い光量にも応答し、かつ300nm~750nmの幅広い波長領域において抑制作用を仲介するのに対して、phyBは400nmと650nmにピークを持ち、赤色光の作用は直後の遠赤色光照射によって打ち消された。

(3) 植物の抵抗性遺伝子による病原体認識機構の分子遺伝学的解析

植物の抵抗性遺伝子による病原体認識機構の分子遺伝学的解析(生理機能研究グループ、遺伝資源研究グループ)

抵抗性遺伝子近傍で起きた新たなゲノム変動を検出するためのシステムの構築を行うと共に、シロイヌナズナの10系統を用いて主な抵抗性遺伝子とその疑似遺伝子5ヶ所に蓄積したゲノム変動を分析した。その結果、従来言われていた2系統型の組み合わせではなく新たな変異が高頻度で出現していることを確認し、新規な塩基の置換がゲノム変動の原動力となっていることを示した。また第12染色体のイネいもち病抵抗性遺伝子 Pi-ta2領域の周辺の2Mbに及ぶ物理地図を作製し、新たなF2集団を用いて遺伝子の存在位置を絞り込んだ。オオムギBACライブラリーからクローンを検索するための高密度メンブレンを始めとするシステムが完成した。赤かび病抵抗性分析のための系統作製を進めるとともに、小穂非脱落性遺伝子の精密地図を6.7cMの領域に84個のAFLPマーカーを見い出して完成させた。

(4) 共生窒素固定根粒に特異的な植物遺伝子の機能と発現調節機構の解析

共生窒素固定根粒に特異的な植物遺伝子の機能と発現調節機構(生理機能研究グループ)

レグヘモグロビン(Lb)、ENOD40など共生窒素固定に重要な役割を果たすと推定される根粒特異的遺伝子についてRNAi形質転換を行った結果、それらの形質転換体では標的mRNAの発現量は対照の1~20%程度に減少し、共生の表現型にも異常が見られた。また、窒素固定活性に欠損を持つ新規のfix⁻変異体について、原因遺伝子のクローニングを試み、候補遺伝子の絞り込みに成功した。

(5) マメ科モデル植物ミヤコグサにおける共生関連遺伝子の単離と遺伝子タギング系の開発

ミヤコグサにおける共生関連遺伝子群のクローニングと機能解析（生理機能研究グループ）

-チューブリン-GFP融合タンパクを発現する形質転換ミヤコグサを用いて、Nodファクターによる一過的な微小管重合速度の低下を見いだした。ミヤコグサ菌nodL破壊株を用いた解析で、Nodファクター還元末端フコシル基のアセチル化は生物活性に必須でないことを明らかにした。共生変異体15系統を連鎖地図上に位置づけ、根粒菌と菌根菌の感染を調べた。ミヤコグサのマーカー数1,600に及ぶ高密度地図を完成させるとともに、形態マーカーのQTL分析を行った。根粒形成不全変異体LjSym70と71に関しては物理地図作製が順調に進行し、LjSym70では全長2Mbのコンティグが0.3cMの距離に完成し、*L. burttii*との交配で領域も211kbに絞り込まれた。LjSym71に関しては約500kbのcontig上で155kbにまで絞り込み、全配列のシーケンス、同一遺伝子座の変異体の解析により原因遺伝子の構造を明らかにした。

(6) 効率的な超微量分析法の開発に着目したカメムシ等の行動解発因の解明と、植食性昆虫に対する有害物質の検定系の確立

効率的な超微量分析法の開発に着目したアリ類や捕食性カメムシ等の行動解発因の解明（生体機能研究グループ）

アリ類の社会寄生種とその奴隷種とで巣仲間認識機構に違いがあることが示唆され、寄生種による化学擬態の意義について検討した。

ゴマダラカミキリについて、接触刺激性性フェロモンの新規物質第3群の活性成分の化学構造を推定した。この物質群はいずれも新規化合物であった。

リュウキュウクロコガネ雄の性フェロモン定位行動は視覚反応によっても調節されていることと、雌の性フェロモン放出量には個体間で著しい差異が存在することなどを明らかにした。

キオビエダシャク、オオエグリノメイガ、ベニモンノメイガなどの性フェロモン成分を明らかにした。

植食昆虫に対する有害植物成分等の検定系の確立と検索（昆虫適応遺伝研究グループ）

ツマグロヨコバイの唾液腺に存在する α -グルコシダーゼは、摂食時に唾液として吐出されており、3つのアイソザイムより成ることがわかった。

ブタクサから、ブタクサハムシの摂食刺激物質として、トリテルペノイドである α -amyrin acetate (α -AA)と β -amyrin acetate (β -AA)、カフェー酸誘導体である chlorogenic acid (CA) と 3,5-dicaffeoylquinic acid (DCQA) の計4種類を同定した。トリテルペノイド (α -AA, β -AA) とカフェー酸誘導体 (CA, DCQA) は混合して初めて活性を示すが、それぞれの混合でも十分な活性を示した。

パイアやハマユビワの乳液中のシステインプロテアーゼがエリサンやヨトウガの幼虫に対し顕著な毒性を示す防御物質であることを発見・証明した（図A6）。



図A6 植物乳液中のシステインプロテアーゼは鱗翅目幼虫に対して殺虫活性を示す。無処理のパパイア葉を食べたエリサンは死亡するが、プロテアーゼインヒビター塗布や細切水洗すると良く育つ。

(7) トビロウカ共生微生物等の系統解析および共生関連遺伝子の解析と昆虫・植物循環細菌等の感染・定着・増殖の分子機構の解明

トビロウカ共生微生物等の系統解析および共生関連遺伝子の解析(昆虫適応遺伝研究グループ)

トビロウカEST 3万クローンを解析し、卵巣と精巣で特異的に発現する20個の遺伝子全長cDNAを解析した。カイコマイクロアレイを用いて、共生微生物感染により発現する3つの遺伝子を特定した。

甲虫類10種から消化管内のセルラーゼ様タンパク質GHF5および45mRNAを検出した。大腸菌でのヤマトシロアリセルラーゼRsEGの大量発現系を構築した。

リボソーム内部侵入部位IRES変異体の翻訳活性調査と化学修飾による解析を行い、IRESの構造モデルを修正した。IRESに結合するタンパク質はクロスリンク実験では検出されなかった。

昆虫腸内細菌に着目した昆虫・植物循環細菌等の感染・定着・増殖の分子機構の解明(昆虫適応遺伝研究グループ)

チマダラヒメヨコバイがクワ萎縮病ファイトプラズマの新たな媒介虫であることを生物検定により確定した。ファイトプラズマのクワの生殖器官における分布をPCR、電顕により詳細に検討したところ、雌小花、両性花内の葯等各器官、種子にも低頻度ながら感染していたが、種子では種皮のみが陽性であり、次世代伝搬はないことが示唆された。

(8) 昆虫病原微生物および植物病原微生物に由来する生理活性物質等に着目した感染機構および植物-微生物-昆虫の相互作用の解明

昆虫ボックスウイルスのスピンドル等の機能と感染要因の解明(昆虫適応遺伝研究グループ、昆虫生産工学研究グループ)

ドウガネブイブイにボックスウイルスを感染させる時に、そのウイルスが産生するスピンドルタンパク質を添食すると、中腸の囿食膜のネット構造が著しく損傷することから、囿食膜が昆虫ボックスウイルス感染のバリアーとなっていることが示唆された。

カイコのポーベリア菌感受性遺伝子座探索に有用な純化されたカイコ系統が得られた。また、同菌の血球による捕食は抵抗性品種で顕著であった。BT菌毒素抵抗性に関わる新たな劣性遺伝子の存在が、カイコ交配試験により確認された。

植物病原微生物に由来する生理活性物質に着目した、植物 - 病原微生物 - 昆虫の相互作用の解明（昆虫適応遺伝研究グループ）

クワ暗斑病菌 *Myrothecium verrucaria* の培養液が植物、細菌、酵母、糸状菌に及ぼす影響を調べた。その結果、本培養液は供試植物全種（45科108種）に褐変もしくは壊死斑を形成させた。細菌では供試17種中3種で阻止円の形成が認められた。酵母では7種すべてにおいて阻止円の形成が認められた。糸状菌（21種）では *Myrothecium* 属菌以外の菌において生育阻害が認められた。

（9）免疫担当細胞における生体防御関連遺伝子の単離と機能解明および生体防御機構解析のためのインビトロ培養細胞系の開発

正常および遺伝子改変マウスを用いた免疫機能の解析、および細胞系を用いた免疫関連遺伝子の機能解析（生体防御研究グループ）

抗ウシCD34モノクローナル抗体でウシ骨髄細胞を染色後、セルソーターで分析したところ、骨髄細胞中のCD34陽性細胞の比率が15~25%と非常に高いことがわかった。

カスパーゼ-1遺伝子欠損マウスより樹状細胞を株化した。消化管由来の抑制性T細胞の移入により消化管アレルギーモデルマウスの症状が軽減されることを示した。

抑制性サイトカインであるIL-10産生を促す乳酸菌類を同定した。

プリオン過剰発現トランスジェニックマウスおよびプリオン欠損マウスの脳からミクログリア細胞株および神経幹細胞を樹立した。

（10）カイコの抗菌性タンパク質等の構造決定と改変および機能、発現機構の解明

カイコの抗菌性タンパク質等の構造決定と改変および機能、発現機構の解明（生体防御研究グループ）

カイコの抗菌タンパク質誘導に關与するRelタンパク質と相互作用するタンパク質因子の存在を明らかにした。また、Rel遺伝子の発現をRNAi法で抑制すると抗菌性ペプチド *attacin* の遺伝子が全く発現しないことがわかった。

カイコ消化液に存在するセリンプロテアーゼが核多角体病ウイルスに対し抗ウイルス活性を示すことが判明した。

抗カビペプチド *scarabaecin* をタイワンカブトムシから単離・解析した結果、キチン結合タンパク質グループに属することを明らかにした（図A7）。

抗菌性ペプチド・ディフェンシンを改変した9 merペプチドが原虫類に対して増殖抑制活性をもつことを明らかにした。

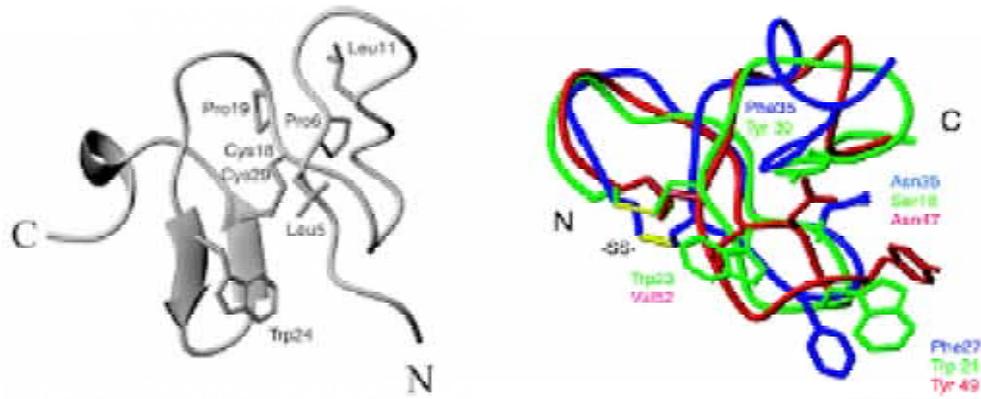


図 A 7 Scarabaecinの立体構造モデル(左)とカプトガニおよび植物のキチン結合タンパクとの比較

B 農林水産業の飛躍的発展を目指した革新技术の開発

1) 遺伝子組換えによる機能性作物等新生物資源の開発

【要 約】

- ・モロコシNADPリンゴ酸脱水素(NADP-MDH)遺伝子を導入したイネでは、緑葉のNADP-MDH活性が最高で非形質転換イネの55倍になることを確認した(B111)。
- ・ペチュニアのジンクフィンガー転写因子ZPT2-3を導入したペチュニア組換え体では、乾燥耐性が向上した(B123)。
- ・ダイズタンパク質グリシニン発現組換えイネ系統を低グルテリンイネ系統と交配することにより、グリシニンが、全タンパク質あたり10%以上も蓄積した(B131)。

【研究資源】研究員数：4.8人、非常勤研究員数：7.6人、研究資金：78.7百万円

【論文・特許等】原著論文：12 (IF値：合計25.6、平均2.1)、総説等：3、特許等：3

(1) C4光合成機能の利用や形態制御による作物生産性の向上

C4光合成機能の利用による植物の光合成機能の改良の試み(生理機能研究グループ)

ピルビン酸リン酸ジキナーゼ(PPDK)含量が高すぎると遺伝子導入が困難になるため、PPDK含量の低い形質転換イネとPEPC形質転換イネを新たに交配し、PEPCとPPDKを併せ持つ形質転換イネを作出した。このイネ(PE2×PD332)にイネC3型NADPマリックエンザイム(NADP-ME)遺伝子とモロコシC4型NADPリンゴ酸脱水素酵素(NADP-MDH)遺伝子を連結して導入した。また、モロコシNADP-MDH遺伝子をイネに導入したところ、緑葉のNADP-MDH活性は最高で非形質転換イネの55倍、モロコシの1.8倍に達した。自殖後代よりホモ系統3種類を選抜した。

植物の草型制御技術の開発(新生物資源創出研究グループ)

これまでに単離してきた茎葉特異的プロモーターの発現パターンを明らかにし、イネのジベレリン代謝系のGA2酸化酵素につないだベクターを構築した。イネ由来のアセト乳酸合成酵素遺伝子(ALS)を選抜マーカーにしたベクターを構築し、形質転換イネを作出した。また、「どんとこい」の矮性組換え植物の非閉鎖系温室における安全性評価を行った。種子数減少回避のために、アクチンプロモーターの代わりにGA3酸化酵素遺伝子のプロモーターを用いて穂でのGA2酸化酵素遺伝子の発現量を低下させるように改変した新たなベクターを構築し、「コシヒカリ」に導入した。

(2) 遺伝子組換えを利用した病虫害抵抗性個体、ストレス耐性個体の作出

病害抵抗性関連遺伝子の探索（生理機能研究グループ、新生物資源創出研究グループ）

いもち病菌接種イネで発現が増加する遺伝子の単離と発現解析により、14個の遺伝子においていもち病菌感染とエリシター双方による誘導が確認された。それらのうち、3つの遺伝子はいずれも病斑周辺の細胞で発現していた。放線菌のキチナーゼ遺伝子chiCを高発現用プロモーターを使ってイネで発現させたところ、葉いもち病の発病が親品種の50%以下に低下した。T2世代でChiCを産生している個体は抵抗性が高いことが確認された。導入したchiC遺伝子産物は、狙い通り細胞間隙に分泌されていた。

PEPC遺伝子を用いた酸性土壌耐性ダイズおよびムギ類の作出（新生物資源創出研究グループ）

PEPC遺伝子を導入したオオムギのT1世代30個体すべてについてPEPC遺伝子の存在とPEPCと思われるタンパク質バンドを確認した。キチナーゼ遺伝子RCC2をオオムギに導入し、ハイグロマイシン耐性植物62個体を得た。グルカナーゼ遺伝子RCG3遺伝子をオオムギに導入し、ハイグロマイシン耐性植物75個体を得た。種子休眠制御遺伝子VP-1をオオムギに導入し、ジェネティシン耐性植物68個体を得た。コムギ「農林67号」の組織培養次世代の未熟胚720個にVP-1を導入処理し、ジェネティシン耐性植物10個体を得た。

環境ストレス耐性機能を強化した組換え個体の開発（生理機能研究グループ）

ペチュニアのジンクフィンガー遺伝子ZPT2-3は幼植物において乾燥処理によって発現誘導され、その発現応答は約1.6kbの上流配列によって調節されていた。ZPT2-3遺伝子をペチュニアで過剰発現させると、生長に影響することなく乾燥耐性が顕著に高まった（図B1）。ZPT2-3ノックアウト変異体では形質変化は認められなかった。ZPT2-3タンパク質C末端近傍のEARモチーフが転写抑制ドメインとして機能することを示した。

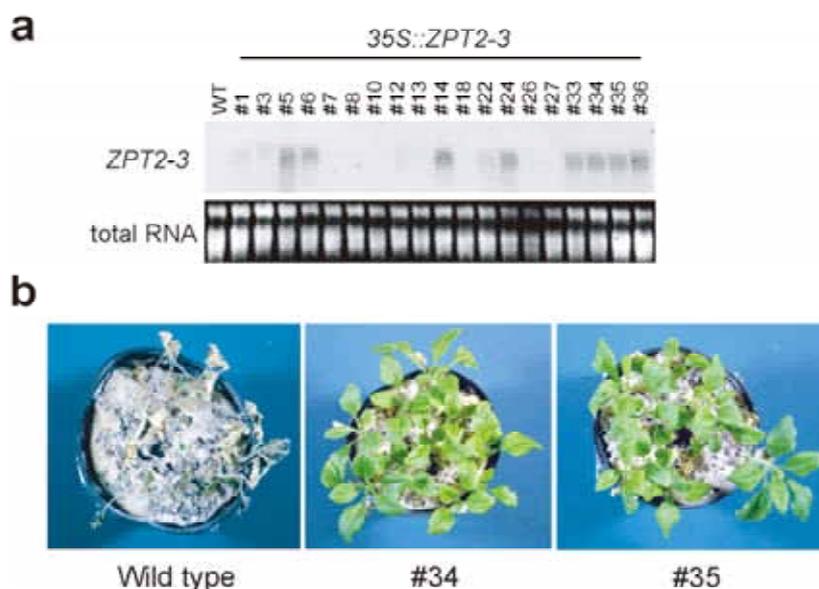


図 B 1 ジンクフィンガー遺伝子ZPT2-3を過剰発現させることによる乾燥耐性の向上

- a: ノーザンプロットハイブリダイゼーションによる野生型（WT）とZPT2-3遺伝子導入ペチュニア（#1～36）の発現量解析。
- b: 三週間断水後のペチュニア。ZPT2-3過剰発現個体（#36, 35）は乾燥耐性が高まった。

(3) 遺伝子組換えにより健康機能性を増強した米の作出

遺伝子組換えにより健康機能性を増強した米の作出 (新生物資源創出研究グループ)

イネにダイズグリシニンA1aB1bを単独で発現させるとタンパク質顆粒2に、A3B4単独ではタンパク質顆粒1に主として蓄積したが、両者を共発現させるとA3B4はタンパク質顆粒2への蓄積が高まった。グリシニン発現系統を低グルテリン系統と交配すると、グリシニンの蓄積が高まり、全タンパク質あたり10%以上蓄積した。インスリン分泌促進能を有するグルカゴン様ペプチドGLP-1は5個直列につなぐことで蓄積されるようになった。

2) 新たなDNAマーカーの開発

【要 約】

- ・「ササニシキ」と「ハバタキ」の染色体部分置換系統群43系統を利用し、イネの収量に関連する穂の形態形質に関連するQTLを見いだした (B211)。
- ・ブタの椎骨数のQTLを第1染色体q腕末端部でマイクロサテライトマーカーSJ641近傍にマップした (B221)。

【研究資源】研究員数：3.2人、非常勤研究員数：0人、研究資金：14.7百万円

【論文・特許等】原著論文：6 (IF値：合計10.2、平均1.7)、総説等：1、特許等：0

(1) DNAマーカーによるイネ育種選抜システムの開発

DNAマーカーによるイネ育種選抜システムの開発 (分子遺伝研究グループ)

「ササニシキ」と「ハバタキ」の染色体部分置換系統群43系統を利用し、イネの収量に関連する穂の形態形質に関連するQTLを見いだした。穂発芽抵抗性遺伝子Sdr2およびSdr3について、単一遺伝子としての解析の可能性を確認した。出穂期の予測手法の開発のために、出穂期関連遺伝子の発現を調べた結果、短日条件ではHd3aの、長日および自然条件ではRFT1のmRNAレベルと出穂期の間に関係が見いだされた。

(2) ブタの肉質等に関連するDNAマーカーの開発

ブタの肉質等に関連するDNAマーカーの開発 (ゲノム研究グループ)

5つのブタ資源家系を統合して解析することにより、椎骨数のQTLをマイクロサテライトマーカーSJ641近傍に詳細にマップすることができた。ブタF2家系にもとづくより効率的なQTL解析を目指して、品種間で分離したQTLだけでなく品種内で分離したQTLについても検出を可能にするマルコフ連鎖モンテカルロ法を利用した解析手法を開発した。

(3) カイコの絹の高品質化等に関連するDNAマーカーの開発

カイコ耐病性関連DNAマーカーの開発 (昆虫生産工学研究グループ)

濃核病抵抗性遺伝子Nid-1近傍のRFLPマーカーを利用した、マーカー選抜育種法によって、Nid-1の交雑一世代目でのホモ化に成功した。

3) 放射線利用技術の開発

【要 約】

- ・各種作物についてガンマ線とイオンビームの突然変異誘発効果の差を明らかにした (B311)。
- ・斑入り観賞用パインアップルの新品種候補「パインアップル沖縄16号」を共同育成した (B312)。
- ・ガンマ線緩照射によるバラの花形および花色突然変異品種を共同育成した (B312)。
- ・リンゴ品種「さんさ」の培養系が確立し、これによって我が国のリンゴ主要品種すべての培養が可能となった (B313)。
- ・リンゴ品種「印度」の斑点落葉病耐性個体の特性調査を完了し、品種登録申請を行った (B321)。

【研究資源】 研究員数：9.3人、非常勤研究員数：4.0人、研究資金：62.2百万円

【論文・特許等】 原著論文：6 (IF値：合計12.8、平均2.1)、総説等：3、特許等：10

(1) 各種作物におけるガンマ線とイオンビームによる突然変異誘発効率の比較

ガンマ線とイオンビーム照射による線量反応および変異率の比較 (放射線育種場)

キクでは320MeV炭素イオンによる花色変異誘発効果が他のイオンやガンマ線よりやや高いことを明らかにした。サトウキビではヘリウムイオンビーム照射で収量関連形質の悪化が少なく、無毛変異の誘発頻度が高い線量は40Gyであることを明らかにした。無毛変異の誘発に伴う収量関連形質の劣悪な変異体は選抜初期で淘汰する必要があるが、核DNA量はそのマーカーとして有効なことがわかった。ソバについては様々なイオンビームについて低線量でも十分な変異誘発の効果があることを明らかにした。

効率的な突然変異誘発技術の開発 (放射線育種場)

ガンマ線照射によって斑入り観賞用パインアップルの新品種候補「パインアップル沖縄16号」を沖縄県農業試験場と共同で育成した。沖縄県農業試験場と共同でバラ品種「サマンサ」へのガンマ線照射によって、花形と花色変異のある5品種を育成した(図B2)。サトウキビ品種「Parsel」や「Badila F」などの開花性突然変異を誘発するため、イオンビーム照射やガンマ線の生体緩照射と組織培養の併用により選抜材料を養成した。しかし、320MeV炭素イオンは透過深度が不十分であるために、変異誘発効果は明らかでなかった。



図 B 2 ガンマ線照射によって誘発されたバラ突然変異体

誘発突然変異と形質転換を利用した育種・機能解析素材作出法の開発（放射線育種場）
果樹のイオンビーム照射に対する反応を検討し、リンゴ葉緑体突然変異体を見いだした。リンゴ品種「さんさ」の培養系を確立できたことで、我が国のリンゴ主要品種がすべて培養可能となった。チャの木化した根を照射材料としたガンマ線急照射では、40Gy程度の照射条件が適していることを明らかにした。クワ品種「縮桑」の変異形質が単一の優性遺伝子Chijimi1-1に支配されることを明らかにした。

放射線による作物成分の変異創出技術の開発と新素材作出（放射線育種場）

ソバの抗酸化能の向上を目的として様々な放射線処理による選抜を進めた結果、系統選抜よりも個体選抜の方が良好な結果が得られた。さらに、大部分の選抜系統は抗酸化能が向上していることが認められた。リンゴポリフェノール酸化酵素活性の簡易測定法を開発し、ガンマ線誘発突然変異の少褐変個体はこの酵素の活性が低下していることがわかった。チャの抗酸化機能性物質として注目されているカテキン等の効率的な高精度分析方法を確立し、成分変異体の検索に効果的であることを実証した。

（2）木本性作物の耐病性に着目した突然変異体の誘発・選抜技術の開発と新規素材の作出
木本性作物の耐病性突然変異体の誘発・選抜技術の開発と素材作出（放射線育種場）

リンゴ品種「印度」の斑点落葉病耐病性個体の特性調査を完了し、品種登録申請を行った。チャ炭疽病抵抗性検定に使用する炭疽病菌の継代処理後日数による検定結果への影響を明らかにし、検定結果を安定させる条件を把握した。

（3）イネ貯蔵タンパク質等の突然変異遺伝子の単離と機能解析

グルテリン突然変異体の原因遺伝子の単離と機能解析（放射線育種場）

低グルテリン突然変異体「LGC1」から検出された3.5kbの欠失を含むおよそ5kbの領域をイネ品種「日本晴」に形質転換により遺伝子導入したところ、20個体中19個体で「LGC1」と同様にグルテリン含量が低下することを確認した。一方、野生型の領域を形質転換してもグルテリン含量の低下は観察されず、この領域が「LGC1」の突然変異の原因であることを立証するとともに、「LGC1」の作用がRNAi（RNA干渉）によるものであることを示した。

イネの新規用途突然変異体の効率的選抜手法の開発および単離（放射線育種場、分子遺伝研究グループ）

水稻における人為誘発うるち突然変異系統（26系統）を調査し、*Oriza glaberrima*突然変異系統、「ニホンマサリ」および「レイメイ」由来系統において、従来うるち品種には認められない特異な餅加工特性を見いだした。

C 新産業の創出を目指した研究

1) 有用物質生産技術の開発

【要 約】

- ・卵白アルブミン由来の改変オボキニン、イネ貯蔵タンパク質グルテリンの可変領域に挿入することで、高度に蓄積した形質転換イネを作出した(C111)。
- ・ダニアレルゲンの人工遺伝子を胚乳特異的プロモーターに連結してイネに導入し、ダニアレルゲンのエピトープを種子中に発現させた(C111)。

【研究資源】研究員数：6.0人、非常勤研究員数：2.0人、研究資金：50.0百万円

【論文・特許等】原著論文：4 (IF値：合計3.4、平均0.9)、総説等：2、特許等：0

(1) 生理活性ペプチド、抗体等の有用タンパク質生産のための組換えイネ等の作出

生理活性ペプチド、抗体等の有用タンパク質生産のための組換えイネ等の作出 (新生物資源創出研究グループ)

多くの貯蔵タンパク質に保存されている配列CCxQLモチーフが、胚乳組織でのタンパク質の輸送と集積に重要であることを明らかにした。改変オボキニンをグルテリンの可変領域に挿入することで、改変オボアルブミンを種子全タンパク質の10%以上蓄積した形質転換イネの作出に成功した。ダニアレルゲン遺伝子を植物型コドンに換えた人工遺伝子を構築し、胚乳特異的プロモーターに連結してイネに導入し、イネ種子中にダニエピトープを発現させることに成功した。

(2) 遺伝子導入カイコの周年・安定生産システムの構築と、効率的周年人工飼料育のためのクワ系統の素材化

遺伝子導入カイコの周年・安定生産システムの構築 (昆虫生産工学研究グループ、昆虫新素材開発研究グループ)

ニココマイシンZおよびポリオキシン水和剤が、カイコの囲食膜を消失させることにより、ウイルス感染を促進することを明らかにした。

バキュロウイルスでカイコ体液中に発現させた組換えブタインターロイキンIL-2には、複数の分子が存在し、糖鎖構造の違いによると推測された。

効率的周年人工飼料育のための桑系統の素材化 (昆虫生産工学研究グループ)

植付1～5年目の桑55系統の中で、植付3年目の3倍性系統「本97-40」は、生育旺盛で多収性を示した。桑品種改良指定試験に供試中の系統「東90-11」は、桑葉粉末の人工飼料への添加による蚕飼育試験の良好な結果から、人工飼料添加用として高い生産性を発揮するものと判断された。

2) 生体機能模倣技術の開発

【要 約】

- ・ - ガラクトース残基を固定化したラクトース修飾絹フィブロインを作出し、ヒマレクチンを指標に、細胞認識・結合能を有することを確認した(C211)。
- ・ 小型加速度計測回路を作製し、ウォーミングアップ中およびホバリング中のエビガラスズメの加速度を計測した(C221)。

【研究資源】研究員数：3.5人、非常勤研究員数：0人、研究資金：21.3百万円

【論文・特許等】原著論文：2 (IF値：合計4.0、平均2.0)、総説等：0、特許等：0

(1) 化学分子受容体の固定法等に着目したバイオセンサー等の開発

化学分子受容体の固定法等に着目したバイオセンサー等の開発（昆虫新素材開発研究グループ）

昆虫の味覚機能を利用したバイオセンサー開発を目的に、ハエの味覚受容体を含んだリポソームを石英ガラス表面に固定するため、石英ガラス表面への各種ポリマーのグラフト重合化に成功した。

リポソームでのリン脂質膜の形成を確認する一環としてマイクロピットアレイ電極を作製した。顕微鏡下での観察およびリン脂質膜を流れる電流量の変化から、膜形成を確認した。

絹フィブロインを用いた細胞培養基材の開発のため、 α -ガラクトース残基を固定化したラクトース修飾絹フィブロインを作出し、細胞認識タンパク質ヒマレクチンを用いて、修飾絹フィブロインの細胞認識・結合能を確認した。

(2) 微小電極等の利用による飛翔行動等の生体機能計測手法の開発

微小電極等の利用による飛翔行動等の生体機能計測手法の開発（昆虫新素材開発研究グループ）

昆虫飛翔行動の物理情報測定と解析のため、小型加速度計測回路を用い、エビガラスズメのウォーミングアップ中とホバリング中における胸部での加速度変化を測定した。また、カイコでは、シリコンウェハ上に不純物を熱拡散したトランジスタ（MOSFET）およびシリコンウェハを異方性エッチングして作製したマイクロプローブを用いて、背縦走筋筋電位を測定した。

カイコ有用物質生産系の確立に必要な、カイコ体液採取装置に適用するカイコ自動供給装置を考案した。

3) 生物機能の改変による新規用途生物の開発

【要 約】

- ・タイリクヒメハナカメムシの反復配列マーカーとして、20個の遺伝子座をゲノム中に同定した(C311)。
- ・ケナガカブリダニの匂い物質選好性に有意差がある系統を作出した(C311)。
- ・陸稲「ゆめのはたもち」においてヒトCYP1A1, CYP2B6, CYP3を導入した形質転換体を作製し、除草剤吸収や代謝能力を確認した(C321)。

【研究資源】研究員数：5.2人、非常勤研究員数：1.0人、研究資金：54.0百万円

【論文・特許等】原著論文：5（IF値：合計2、平均0.4）、総説等：1、特許等：0

(1) ヒメハナカメムシ、カブリダニ等の系統解析法の確立

ヒメハナカメムシ、カブリダニ等の系統解析法の確立（昆虫適応遺伝研究グループ）

タイリクヒメハナカメムシの反復配列マーカーとして、20個の遺伝子座をゲノム中から同定した。また、タイリクヒメハナカメムシの市販生物農薬系統は野外系統と比べて著しく多様性が低かった。

ケナガカブリダニの匂い応答性と捕食量、産卵数、発育速度の間には有意な相関がなく、匂い応答性は独立に選抜可能であることが示唆された。選抜実験で匂い物質選好性に有意な差を持つ系統を作出した。カブリダニのrDNAとmtDNAの一部および反復配列領域由来の塩基配列を決定した結果、種内系統解析には変異が大きいmtDNAが適していた。

(2) 環境負荷物質の低減および環境修復のための組換え植物の作出

環境負荷物質の低減および環境修復のための組換え植物の作出（新生物資源創出研究グループ）

ヒトの薬物代謝酵素遺伝子CYP1A1、CYP2B6、CYP3を導入した陸稲「ゆめのはたもち」形質転換イネの各々について、除草剤代謝能力の評価を培地上での発芽試験により行った。除草剤シマジンを含む培地で栽培したCYP1A1イネ形質転換体では、シマジン残留量が対照と比較して約1/5に減少した。また、シマジン、アトラジン、メトラクロールなどの農薬を含む培地で水耕栽培した結果、形質転換イネの幼苗がこれらを吸収・代謝することを確認した。

4) 新素材および新蚕糸技術の開発

【要 約】

- ・カイコ広食性遺伝子pphは、苦みを認識する遺伝子であることを明らかにした(C411)。
- ・絹タンパク質フィブロインL鎖の繊維芽細胞に対する生育促進性は、酵素で切断した各分画でも観察され、創傷被覆材への利用可能性を示した(C431)。
- ・ネットロウシルクを緯糸に用いて、引張強さおよび引裂強さの高いシルクデニム地を作出した(C442)。

【研究資源】研究員数：19.5人、非常勤研究員数：1.5人、研究資金：68.5百万円

【論文・特許等】原著論文：14 (IF値：合計5.1、平均0.4)、総説等：6、特許等：7

(1) セリシン蚕等の特異な繭糸質を有する蚕品種の開発および飼育技術の開発

セリシン蚕等の特異な繭糸質を有する蚕品種の育成および飼育技術の開発（昆虫生産工学研究グループ）

組換えタンパク質生産用の品種として低温暗催青条件で非休眠卵を産下する広食性蚕品種やセリシン溶解性等に特性のある品種を選出した。有用色素を分泌する2種のセリシン蚕系統を選抜した。また、黄繭種「PNY×PCY」と緑繭種「PNG×PCG」を実用品種レベルに選抜した。広食性遺伝子pphは、味覚（苦み）を認識する遺伝子であることがわかった。

(2) キチン、フィブロイン等を用いたファインケミカル等機能性素材の開発

キチン、フィブロイン等を用いた精密化学製品等機能性素材の開発（昆虫新素材開発研究グループ）

カイコからのキチンを精製し、球状のマイクロスフェアを作製した。また、超臨界二酸化炭素を用いる方法により、室温に近い条件下、カイコクチュラから複数の不飽和脂肪酸を抽出することに成功した。

絹膜のタンパク質分解酵素による生分解程度は酵素の種類により異なり、また、絹膜における結晶領域は、酵素分解による絹膜の重量減少にともない直線的に減少した。

(3) 絹フィブロイン等生体高分子の理化学的特性の解明と創傷被覆材等への利用技術の開発

絹フィブロイン等生体高分子の理化学的特性の解明と創傷被覆材等への利用技術の開発（昆虫新素材開発研究グループ）

フィブロインL鎖を酵素で切断した各分画はいずれも繊維芽細胞に対する生育機能を持っていた。粒子径が5 μm以下になるように調製したフィブロイン微粉末を合成繊維表

面に局在させることにより、引張強さの低下を抑え、かつ手触りの良さと染色性に優れた繊維が得られた。形質転換カイコ作成技術により絹フィブロインL鎖を緑色蛍光タンパク質と融合させることで改変し、細胞付着性の増加に成功した。

クモ系タンパク質を赤外スペクトルで解析した結果、水の吸着によるクモ系弾性の増加はシート構造や分子間会合したストランド成分の変化によるタンパク質2次構造の変化によるものと推定された。

(4) 昆虫由来色素等の抽出・機能評価、新衣料素材の作出およびシルクの機能性利用と加工技術による生活用素材の開発

昆虫由来色素等の抽出・機能評価（昆虫生産工学研究グループ）

天然色素の紫根抽出液は、繊維害虫ヒメマルカツオブシムシの摂食を抑える物質のほか、摂食を促進する低分子量の成分を含むことを明らかにした。

シルクの機能性利用と加工技術による生活用素材の開発（昆虫生産工学研究グループ）

赤外分光法により、吐糸や延伸に伴うセリシンの構造変化を明らかにした。有機溶媒を用いた化学修飾によりイソシアネート修飾セリシンを作出した。

ネットロウシルクを緯糸に用いたデニム地の引張強さおよび引裂強さは一般の綿デニムと比較して高く、剛軟度は低い値を示した（表C1）。

はくぎん3眠化繭糸を用いて、より緻密で薄い構造の人工皮膚および皮膚保護材の作製に成功した。

表C1 ネットロウシルクの物理的性質の比較

	強度 (g/d)	伸度 (%)	ヤング率 (kg/mm ²)
綿	1.63	7.7	293
ネットロウシルク (カバーリング無し)	1.95	11.4	342
ネットロウシルク (カバーリング Z300T/m)	3.44	21.0	380

D バイオテクノロジーを支える基盤技術の開発

1) 生物の多様性の解明と保全・利用技術の開発

【要 約】

- ・植物の細胞レベルにおける遺伝子発現解析に成功した(D111)。
- ・イネ白葉枯病菌ゲノム情報のデータベースを構築し、BLAST検索や遺伝子情報ビューワーなどの公開用システムを開発した(D112)。
- ・越年生植物組織の氷核活性の特徴や季節変化を明らかにし、氷核活性物質を単離した(D132)。
- ・日長反応に関する遺伝要因解析のため、半野生ダイズを交配親に用いた組換え自殖系統117系統を用いて、515個のAFLPと85個のSSRマーカー、30連鎖群からなる全長2,089cMの連鎖地図を作製した(D132)。
- ・ブタの乾燥凍結精子の頭部を顕微授精することによって、初期胚を得ることに成功した(D151)。
- ・免疫抑制剤結合タンパク質FKBP6は、精子形成における減数分裂を調節することを明らかにした(D151)。
- ・ヌードマウスの皮下にブタ新生仔精巣を移植することによって、未分化雄性生殖細胞を精子に成熟させることに成功した(D151)。

【研究資源】研究員数：22.4人、非常勤研究員数：10.8人、研究資金：164.1百万円

【論文・特許等】原著論文：30 (IF値：合計89.6、平均3.0)、総説等：30、特許等：3

(1) 遺伝子情報等に基づくイネ属等植物および植物病原微生物の多様性解析

オルガネラ遺伝子情報等に基づく植物の多様性の解析 (遺伝資源研究グループ)

イネミトコンドリアゲノムにはマイクロサテライトが58か所存在し、7領域の解析から、イネ属細胞質型が5つにグループ化された。レーザーマイクロダイセクション法により、イネ節部細胞を限定単離し、遺伝子発現解析と新規遺伝子単離に成功した。

オオムギ条性遺伝子の約8,000染色体に相当する分離集団からなる詳細な比較連鎖地図を作製し、条性遺伝子のゲノム領域がイネ - オオムギ間で高度に保存されていることを明らかにした。さらに、コムギ赤かび病抵抗性に関連するQTLマーカーおよびコムギEST情報をイネゲノム情報と比較して、イネの相同領域を絞り込んだ。

植物病原微生物のゲノム構造における病原性関連遺伝子群の解析 (遺伝資源研究グループ)

イネ白葉枯病菌の病原性発現に関わる転写因子HrpXの制御下にあると予測されるORFについて、ゲノムデータサーチの結果、合計31のHrpXレギュロンに属する遺伝子を予測した。hrp遺伝子クラスター内に新たに見いだしたR29、R30遺伝子はhpa1と同様に誘導発現することを明らかにしたが、イネ接種試験の結果、これらの遺伝子破壊株と野生株との間に病原力の差は認められなかった。イネ白葉枯病菌ゲノム情報のデータベースを構築し、BLAST検索や遺伝子情報ビューワーなどの公開用システムを開発した。

遺伝子情報等に基づく植物病原微生物の多様性解析 (遺伝資源研究グループ)

アルゼンチン産および米国产ダイズ突然死症(SDS)原因菌をそれぞれ*Fusarium tucumaniae* T. Aoki et al., *F. virguliforme* O'Donnell et T. Aokiとして新種記載し、米国产インゲン根腐病菌を*F. phaseoli* (Burkh.) T. Aoki et O'Donnellとして種に格上げした。ブラジル産ダイズSDS原因菌株からは、分子系統学的解析並びに表現型質の解析により、アルゼンチンと共通の*F. tucumaniae*に加え2新種が含まれることを明らかにした。5菌種とも

に従来の種の典型である *F. solani* の交配群I~VIIIとは大きく離れた系統的位置にあった。

(2) 野生植物等の集団動態解析法の開発および動物遺伝資源の特性維持、保全手法の効率化

アズキ集団動態解析のための分子マーカーの作出 (遺伝資源研究グループ)

401種類のアズキSSR配列を全てマーカー化し、国内の栽培種とネパール産野生種との雑種集団を用いて205個のSSRマーカーからなる連鎖地図を作製した。同時にダイズ等主要マメ科作物のRFLPプローブを用いて93個のRFLPマーカー、187個のAFLPマーカーを集積した。同集団を用いてアズキの栽培化関連形質のQTL解析を行い、アズキと近縁なササゲやリョクトウの種子重に関与するQTLと同祖的な領域にアズキの種子重に関与するQTLを見いだした。

遺伝資源情報を利用した特性評価法と遺伝資源集団の多様性維持理論の構築 (遺伝資源研究グループ)

マイクロアレイ画像解析において、スポットの形状異常やノイズによる測定値への影響を分析し、混合分布モデルを用いて測定値誤差を推定する手法を開発した。また、ある形質を改良すると同時に他の形質の特性を維持するための手法である制限付き最良線形不偏予測法における混合モデル方程式を簡略化する方法を考案し、従来の方法に比べ、記憶容量が1/10以下、演算時間が1/40以下となった。

他殖性植物におけるQTLの利用の全遺伝分散に占めるQTLの割合が高く遺伝率が低い形質ほどQTLの利用効果は高く、劣性遺伝や相加的に遺伝するQTLは利用価値が高いものの、優性遺伝をするQTLはマーカー選抜に有益とはならないことを明らかにした。

(3) イネ栽培種等植物の環境適応機能および重複遺伝子等の機能の多様性解析

イネ属植物等における遺伝子ファミリーの機能の多様性の解析 (遺伝資源研究グループ)

病原菌感染のシグナル物質であるサリチル酸およびエリシタ - であるアラキドン酸に応答して転写量を制御する領域は、イネカタラーゼ遺伝子 *CatA* の5'上流配列中にあることがわかった。カタラーゼ遺伝子群における病原菌・傷害応答時の発現調節機構は、進化の過程で遺伝子の重複が生じた後に多様化し、その一部は5'上流領域の変化に起因することを明らかにした。

植物の限界環境適応機構に関わる分子機能の多様性解析 (遺伝資源研究グループ)

ブロムグラス由来の低温誘導性不凍タンパク質候補遺伝子をクローニングし、大腸菌で発現させた。越年生植物組織の氷核活性の特徴や季節変化を明らかにし、氷核活性物質の単離に成功した。アブシジン酸処理によりイネ植物体でも -3℃ の凍結に耐えることを明らかにするとともに、誘導されるタンパク質約40種を同定した。

日長反応に関する遺伝要因解析のため、半野生ダイズを交配親に用いた組換え自殖系統117系統を用いて、515個のAFLPと85個のSSRマーカーにより30連鎖群からなる全長2,089cMの連鎖地図を作製した。

(4) 物質生産性等微生物の有用機能の多様性解析

微生物の生物間相互作用に関わる遺伝子の解析 (遺伝資源研究グループ)

酵素電池電極の改良型グルコース脱水素酵素は、グルコースのほかセロビオース、マルトース等にも広い基質特異性を示した。バイオ燃料電池の小型化のために水素醗酵細菌を用いたミニチュアリアクターを試作し、バッチ処理型と同程度かそれ以上の水素発

生に成功した。

出芽酵母の接合関連MAPキナーゼ経路上・下流の遺伝子破壊株はキラータンパク質(KIKP)耐性となり、KIKP毒素は標的生物の情報伝達経路を利用していることを明らかにした。

いもち病菌の孢子形成の制御遺伝子Acr1は、同時に付着器内グリセロール生合成にも関与することを見いだした。イネの穂いもち抵抗性遺伝子Pb1については、座乗領域を500kbに絞り込んだ。

(5) 家畜配偶子と胚(生殖質)の保存のための増殖技術の開発および野生植物等の生息域内保存のための調査研究

ブタ等生殖細胞からの胚作出系の開発(遺伝資源研究グループ)

原始卵胞由来の卵母細胞をヌードマウスの腎皮膜下に移植して成熟させることによって、体外受精系において受精能を与えることに成功した。ブタの乾燥凍結精子を顕微授精後、体外培養によって初期胚まで生育させることに成功した。また、ヌードマウスの皮下にブタ新生仔精巣を移植することによって、未分化生殖細胞を精子に成熟させることに成功した。

免疫抑制剤結合タンパク質FKbp6がシナプトネマ構造の構成タンパク質の一つであり、精子形成に重要な機能を持つことをミュータントラットで明らかにした。

野生種集団における多様性の地理的分布の解析(遺伝資源研究グループ)

イネで開発されたSSRマーカーから、Cゲノム種で利用可能な95個のマーカーを見いだした。SSR、RAPDおよびAFLPマーカーを用いてCゲノム種の多様性を解析した結果、スリランカの*Oriza rhizomatis*には生態的な分化が生じており、*O. eichingeri*よりも遺伝的多様性が高いことを明らかにした。

ソルアズキの有用形質を近縁野生種を橋渡し種としてアズキに導入する方法を開発した。また、タイのアズキ亜属種を用いてAFLP解析を行い、種多様性と地理的分布を明らかにした。

2) 実験用動植物の開発

【要 約】

- ・イネミュータントパネルの1,920系統について新たに表現型の観察を行い、データベースに入力し、公開した(D211)。
- ・正常マウスと疾患マウスの交配から、肥満、高脂血症に関与する遺伝子座を同定した(D221)。
- ・受核卵子に体外成熟卵子を用いた体細胞クローン胚に由来するクローン豚1頭が生まれた(D231)。

【研究資源】研究員数：6.5人、非常勤研究員数：3.0人、研究資金：71.0百万円

【論文・特許等】原著論文：5(IF値：合計10.1、平均2.0)、総説等：0、特許等：0

(1) ミュータントパネルの作出

ミュータントパネルの作出(分子遺伝研究グループ)

今年度圃場に展開したイネ1,920系統について幼苗期2回、栄養生長期2回、出穂期、登熟期の合計6回、表現型の観察を行いデータベースに入力した。プロジェクトの他のデータについてもデータベースに取り込んだ。得られた表現型データは、生物研ホームページ上に公開した。

(2) マウスにおける遺伝子改変技術の開発と疾患モデルマウスの作出

免疫不全および炎症性疾患モデルマウスの作出(生体防御研究グループ)

遺伝子導入細胞を分取するため、新規人工細胞表面抗原の開発を行い、培養細胞レベルでの有用性について検討を行った。

疾患マウスと正常マウスの交配から、肥満、高脂血症マウスのQTLを同定し、候補遺伝子の検索を進めた。

T細胞抗原受容体シグナル伝達に参与しているタンパク質WASPに対する細胞内発現抗体intrabodyは細胞内で安定に発現し、かつintrabodyのターゲットタンパク質WASPとの結合を確認した。

(3) 形質転換ブタ作出技術の開発・改良

形質転換ブタ作出のための個別技術の高度化と技術体系の構築(発生分化研究グループ、生体防御研究グループ)

胎生27日のブタ胎子脳および凍結保存したブタ胎子脳から中枢神経幹細胞を単離できた。また受核卵に体外成熟卵を用いた体細胞クローン胚から1頭のクローン豚が生まれた。体外成熟・単為発生胚の体外発生培養58時間目にグルコースを添加すると高い発生率が得られた。

マウス中枢神経幹細胞株を用いた核移植実験を行ったが、これらの細胞の個体発生能力は極めて低かった。

3) 組換え動植物作出のための基盤技術の開発

【要 約】

- ・約90種類のイネ遺伝子プロモーターの発現を解析し、そのうち約20種類は組織特異的あるいは構成的発現パターンを示した(D311)。
- ・ゲノムストレス誘発で発現が誘導されると考えられるイネRad51相同組換え遺伝子のOsRad51A2プロモーター領域はゲノムストレスのセンサーとして活用可能であることが示唆された(D312)。
- ・難培養性作物コムギの種子に、エレクトロポレーションによる遺伝子導入を行い、種子稔性のある形質転換コムギの作出に成功した(D331)。
- ・酵母の遺伝子発現制御系UAS/GAL4が組換えカイコでも利用できることを示し、導入遺伝子を全身や眼、後部絹糸腺特異的に発現する系統を作出した(D341)。
- ・キヌレニン酸化酵素遺伝子KMOを欠失したカイコの突然変異系統(第一白卵)をホストとし、KMOをマーカー遺伝子として用いる新たな遺伝子組換え系を開発した(D341)。

【研究資源】研究員数：15.3人、非常勤研究員数：3.3人、研究資金：126.0百万円

【論文・特許等】原著論文：11(IF値：合計19.6、平均1.8)、総説等：4、特許等：14

(1) 新規な部位特異的プロモーターや誘導性プロモーターの開発

新規の強力プロモーターカセットの開発(新生物資源創出研究グループ)

改良型nos::HygRを含むバイナリーベクターは、ハイグロマイシン濃度を60mg/Lに上昇させても、イネ組換え体の選抜と再分化が可能であった。約90種類の組織特異的イネ遺伝子プロモーターをgusAレポーター遺伝子につなぎ、イネに導入し、そのうち約20種類で各組織特異的あるいは構成的発現パターンを有することが判明した。マイクロアレイ解析の結果、誘導的発現を示すと期待される約30種類のイネ遺伝子のプロモーターをgusAにつないでイネに導入し、植物ホルモンや窒素源依存的に発現が誘導または抑制されるプロモーターを得た。

バイナリー型植物発現ベクターの開発（新生物資源創出研究グループ）

放射線、紫外線、アルキル化剤、ブレオマイシン（BM）等のゲノムストレス誘発によって発現されると考えられるイネRad51相同組換え遺伝子の5'上流領域を単離し、形質転換イネOsRad51A2::gusAを作出した。同イネのカルスでは、ガンマ線照射やBM処理によって顕著にGUS活性が誘導され、幼植物（T2世代）ではガンマ線照射によって地上部、地下部共に発現が誘導され、根端分裂組織において比較的高い活性が検出された。このことから、OsRad51A2プロモーター領域はゲノムストレスのセンサーとして利用可能であることが示唆された。

（2）高等植物における相同組換え技術開発のための要因解析

高等植物における相同組換え技術開発のための要因解析（新生物資源創出研究グループ）

*Drosophila*型ALSターゲティングコンストラクト導入イネのT1カルスに部位特異的組換え酵素FLPを一過的に処理することにより、予め染色体に導入してあったALSターゲティング用配列が切り出されることが確認された。N末欠失のスピリバックNa塩（BS）耐性型ALS（ Δ OsALSR）を用いた遺伝子ターゲティング実験において、50個体以上のBS耐性イネが得られた。クロマチンアッセムリングファクター1の変異体は、相同組換え頻度が約40倍高まることを発見し、効率的な相同組換えのためには、クロマチン構造が重要であることが示唆された。

（3）コムギ等難培養性作物における形質転換技術の開発・改良

コムギおよびダイズの形質転換技術の開発および改良（新生物資源創出研究グループ、生体高分子研究グループ）

イネ種子と難培養性作物として知られるコムギの種子に、エレクトロポレーションによる遺伝子導入を行い、種子稔性のある形質転換植物体を作成した。ダイズの多芽体形質転換法を確立するため、サイトカニンとして低濃度のチジアズロンを用いる最適培養条件を明らかにした。

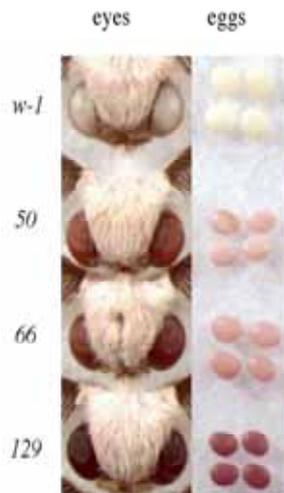
イネの培養特性に関するQTLのうち第1染色体上の2個の近傍だけが「Kasalath」に置換された準同質遺伝子系統群を用いてマイクロアレイによるスクリーニングを行い、2つの候補遺伝子を得た。インド型イネ品種「湖南早」のもつ高再分化能関連遺伝子座を、マーカーC0904とS4582に挟まれた1.6cMの領域に狭めた。

（4）トランスポゾンの改良等に着眼した組換え体昆虫等の作出技術および昆虫培養細胞系簡易作出技術の開発と培養細胞系による昆虫免疫反応解析系の確立

トランスポゾンの改良等に着眼した有用物質発現系構築のための組換え昆虫および組換えウイルス作出技術の開発（昆虫生産工学研究グループ）

挿入遺伝子の大きさと遺伝子導入効率の関係を調べ、トランスポゾンpiggyBacをベクターとした場合20～30kb程度の遺伝子までは挿入可能と判断された。プロモーターについては絹糸腺で特異的に発現するフィブロインL鎖やセリシン遺伝子の5'上流領域およびカイコのヒートショック遺伝子を解析した。

酵母の遺伝子発現制御系であるUAS/GAL4をカイコに導入し、導入遺伝子を全身や眼、後部絹糸腺特異的に発現する系統を作成した。また、キヌレニン酸化酵素遺伝子KMOを欠失したカイコの突然変異系統（第一白卵）を宿主とし、KMOをマーカー遺伝子として用いる新たな遺伝子組換え系を開発した（図D1）。



図D 1 キヌレニン酸化酵素KMO欠失による第一白卵突然変異系統を組換え体のホストとすることにより、KMOを遺伝子マーカーとして利用できる

w-1：ホストとして用いた第一白卵突然変異系統、
50, 66, 129：ホストにキヌレニン酸化酵素遺伝子を導入した遺伝子組換え系統

昆虫培養細胞系簡易作出技術の開発と培養細胞系による昆虫免疫反応解析系の確立（昆虫生産工学研究グループ）

各種昆虫の培養細胞株を短期間で作出するためにヒトガン関連遺伝子を組み込んだ組換えDNAを構築し、カイコ卵巣由来培養細胞株の細胞ゲノムへ導入してタンパク質発現を確認した。

新規に開発した培地を用いて培養細胞株を数系統作出し、生理活性物質に鋭敏に反応する鞘翅目由来培養細胞株を用いた検定系並びに無血清培養が可能な鱗翅目由来培養細胞株を用いた*in vitro*大量発現系を開発した。

ショウジョウバエから単離した免疫誘導に関連するエポキシド加水分解酵素遺伝子の転写が高脂血症治療薬により誘導されることを明らかにした。

（5）社会的受容性の高い新規選抜技術の開発

社会的受容性の高い新規選抜技術の開発（分子遺伝研究グループ、新生物資源創出研究グループ）

カルスでは発現を誘発せず、胚形成までの時期・組織特異的に、部位特異的組換えを誘発するためのプロモーター候補の解析を進め、イネ由来のプロモーター2種、ユリ由来の減数分裂期特異的遺伝子のプロモーター2種およびイネCatAプロモーターに絞り込んだ。

パセリ由来のアリルアシルアミダーゼ（除草剤抵抗性を付与する酵素）については、ホモロジー検索の結果、セリンヒドラーゼに特有な活性中心が保存されている以外は、既知の遺伝子との相同性は見いだせなかった。

（6）安全性評価手法の開発

組換え体の環境に対する安全性評価手法の高度化（新生物資源創出研究グループ、発生分化研究グループ、昆虫生産工学研究グループ、昆虫適応遺伝研究グループ）

接ぎ木した組換えトマトおよびその次世代で、RNAの移行、組換えトマト遺伝子の移行はなかった。接ぎ木した組換えタバコにおいても遺伝子の移行は観察されなかった。

乾燥や養分ストレスによるナタネ交雑性の変化をディファレンシャルディスプレイ法で調べたが、有意な差異はみられなかった。

カイコ由来のグラム陰性菌をカイコ腸管内に定着させ、3日後にストレプトマイシン耐性遺伝子を含むプラスミドDNAを含む人工飼料を与えたが、形質転換は認められなかった。

E 生物遺伝資源の収集、評価、保存・増殖、配布、情報管理

【要 約】

- ・ダイズ斑点細菌病菌 *Pseudomonas syringae* pv. *glycinea* の宿主特異性には、べん毛構成タンパク質フラジェリンの糖鎖修飾が関与することを明らかにした(E12)。
- ・サブバンク等の協力のもとに、植物5,132点、微生物1,360株、動物27点の収集・受入を行うとともに、保存している遺伝資源について特性評価を実施した(E12)。
- ・各種のDNA情報データベース、ホモロジー検索システム、公的データベースに登録されているイネゲノム配列情報のアノテーション解析結果等を公開した(E22)。
- ・イネゲノムリソースセンターにおける2次元バーコードを用いたcDNAクローンの保管・管理システムを構築した(E22)。

【研究資源】 研究員数：31.0人、非常勤研究員数：3.0人、研究資金：464.0百万円

【論文・特許等】 原著論文：17 (IF値：合計5.3、平均0.3)、総説等：4、特許等：0

(1) 遺伝資源の探索・特性評価・素材化

遺伝資源の探索・収集と在来種、野生種の遺伝特性の解析(ジーンバンク)

トルコ、パキスタン、モンゴル等に調査隊を派遣し、果樹73点、クワ23点、ヤギDNA75点を収集したほか、国内外の在来遺伝資源の収集や移譲により植物5,132点、微生物1,360株、動物27点を受け入れた。

国際植物遺伝資源研究所(IPGRI)による日韓共同研究では、エゴマ集団間と集団内の生理生態的形質の発現と変異幅を解析し、エゴマの多様性維持に関わる休眠性等の形質変異を明らかにした。また、日本、中国および韓国におけるハトムギ遺伝資源の保存と利用に関する国際共同研究を開始した。

遺伝資源の特性評価・素材化とタンパク質・核酸情報に基づく特性評価法の高度化
(ジーンバンク、ゲノム研究グループ)

植物202,000点、微生物12,738点、動物832点の特性調査を行うとともに、野生種等を用いて育種素材化を進めた。DNA多型情報等を基に66品種から成る世界イネ・コアコレクション(世界のイネ品種から選定された最大の遺伝的多様性を有し最少の品種数から成る品種群)と、44品種から成る日本在来イネ・コアコレクションを作成した。

ダイズ斑点細菌病菌のべん毛構成タンパク質フラジェリンの糖鎖修飾が本菌の宿主特異性に関与することを明らかにした。イネいもち病圃場抵抗性に関与する染色体領域の解析から、候補遺伝子を含む約4.7kbのクローンを単離した。

在来鶏の分子系統関係を解明するために有効なマイクロサテライトマーカーを選定した。アフリカ原産ホロホロチョウのミトコンドリアDNAの全塩基配列を決定し、キジ目における類縁関係を明らかにした。

(2) 遺伝資源の保存・管理と特性情報の高度化

遺伝資源の長期保存・品質管理と増殖・保存技術の改善(ジーンバンク)

植物230,337点、微生物20,472株、動物896点の遺伝資源の長期保存を継続し、植物126,015点、微生物13,518株、動物82点をアクティブコレクション(配布可能な遺伝資源)として登録した。植物では、国内外で約4,500点の種子の再増殖を行うとともに、二重保存のために桑冬芽101点の液体窒素での超低温保存を開始した。微生物では、超低温凍結法による長期保存が困難な卵菌類 *Pythium graminicola* と *P. myriotylum* の前処理培養条件を改善し、液体窒素気相中で2ヶ月間保存できた。動物では、ニワトリの始原生殖細胞の凍結保存を開始した。

遺伝資源の情報管理・提供システムの高度化と遺伝資源情報の公開（ジーンバンク、遺伝資源研究グループ、ゲノム研究グループ）

植物、微生物、動物遺伝資源のデータベースを統合し、利便性を向上させた。植物画像データ入力プログラムを開発し、統合データベースへの画像データの蓄積を可能にした。また、各種のDNA情報データベース、ホモロジー検索システム、公的データベースに登録されているイネゲノム配列情報のアノテーション解析結果等を公開した。

イネゲノムリソースセンターに関しては、2次元バーコードを用いたcDNAクローンの保管・管理システムを構築した。センター業務に不可欠な保存管理・提供システム、マイクロアレイ解析システム等の開発に取り組んだ。

2 専門研究分野を活かした社会貢献

(1) 分析、鑑定

生物研は、旧蚕糸試験場の業務を引き継ぎ、15年度も宮内庁紅葉山御養蚕所の蚕種（小石丸）の微粒子病に対する母蛾検査を行った。

(2) 講習、研修等の開催

講習、研修等の開催と協力

都道府県農林水産関係研究員を対象とする短期集合研修、産官学のバイオテクノロジー分野の研究者を対象とする農林交流センターワークショップ（農林水産省農林交流センターと共催）を開催し、延べ59名が参加した（表7）。また、植物防疫官専門研修への講師派遣など、各種研究機関、団体等の講習会、講演会等に、延べ38名の講師を派遣した。

表7 講習・研修等の開催実績

講習・研修名	期間
都道府県農林水産関係研究員短期集合研修 （動物バイオテク関連）	15.10.7～10.10
農林交流センターワークショップ	
・「ゲノム解析のための二次元電気泳動技術」	15.8.18～8.20
・「品種識別のための二次元電気泳動技術」	15.9.1～9.5
・「ゲノムインフォマティクス」	15.9.11
・「第18回タンパク質構造解析シリーズ」	15.11.26～11.28

研修生等の受入れ

15年度は、大学、独立行政法人および公立試験研究機関から依頼研究員8名、大学等から講習生103名を受け入れ、技術指導などを通じて、人材育成、技術水準の向上並びに技術情報の移転に努めた。また、JICA、JIRCAS等から海外研修生26名を受け入れ、海外の研究者の技術水準の向上に寄与した（表8）。

表8 海外からの研修生の受入

経費負担先/制度	国	人数(名)
国際協力機構（JICA）	インド、ウルグアイ、ケニア、タイ、ミャンマー、パキスタン、ブータン	9
国際農林水産業研究センター（JIRCAS）	イラン、インドネシア、タイ、ポーランド	4
派遣者側負担	アメリカ、インド、カザフスタン、カナダ、韓国、タイ、中国、フィリピン	13
合計	16か国	26

外部に対する技術相談

技術相談の窓口（企画調整部情報広報課）を中心として対応に努め、寄せられた相談のうち、蚕や絹に関する112件については、松本、岡谷キャンパスにおいて面談し対応した。面談者の内訳は、大学6件、公立試験研究機関12件、公立行政機関・博物館14件、小学校・幼稚園・保育園10件、外国1件、民間・個人69件であった。

(3) 行政、国際機関、学会等への協力

専門家派遣

国の委員等17名、地方公共団体の委員等3名、他独立行政法人の委員等13名、法律に基づく法人の委員等22名、社団法人・財団法人の委員等40名の延べ95名を派遣し行政等に協力した。また、約200名の職員が国内学会および国際機関・国際学会の役員等として協力した。

経済協力開発機構（OECD）、国際協力機構（JICA）、農林水産省などからの要請に応じて延べ36名の職員を海外で開催された委員会、会議等に専門家として派遣した（表9）。

また、農林水産省、文部科学省、大学等の要請に応じて、研究開発に関する検討会等に延べ27名を専門家として派遣した。

表9 海外への専門家派遣

経費負担先	国・地域	件数
経済協力開発機構（OECD）	ドイツ、フランス	2
国際協力機構（JICA）	スリランカ	2
国際植物遺伝資源研究所（IPGRI）	イタリア	4
国際イネ研究所（IRRI）	フィリピン	1
国際農林水産業研究センター（JIRCAS）	ケニア、中国、タイ、ブラジル、アルゼンチン	4
国連食糧農業機関（FAO）	タイ	1
日本化学工業協会（JCIA）	カナダ	1
農林水産省	アメリカ、イタリア	2
文部科学省	フィリピン、アメリカ、南アフリカ、	7
京都大学	タイ、ラオス	1
相手側	オランダ、ドイツ、タイ、韓国、アメリカ、中国、 台湾、インド、フランス、	11
合計	のべ18か国・地域	36

放射線依頼照射の実施

放射線育種場において、7独立行政法人研究機関から50件、12公立試験研究機関から71件、5大学から85件、民間・個人等18か所から147件の依頼を受け、合計353件の依頼照射を行った（資料2「遺伝資源の配布および依頼照射実績一覧」）。

3 成果の公表、普及の促進

(1) 成果の利活用の促進

普及に移しうる成果（表10）

各研究グループ長等から提出された候補課題について、複数の研究グループ長等が審査を行い、農業生物資源研究推進戦略会議での検討を経て、主要な研究成果26件を選定した。これらは「平成15年度の主要な研究成果」として印刷・配布するとともに、所ホームページ上で公開した。このうち農業生産に分類された2件を普及に移しうる成果として選定した。

表10 平成15年度の主要な研究成果

成 果 名	分 類
植物（微生物を含む）	
・ イネセントロメアの塩基配列を解明	知的貢献
・ イネ完全長cDNAクローンの収集とゲノム配列へのマッピング、機能解析にむけたアーテーション	知的貢献
・ イネ組織特異的・細胞内局在タンパク質の解析とデータベースの構築	知的貢献
・ イネの紫外線抵抗性を付与する遺伝子	知的貢献 技術開発
・ タバコモザイクウイルス抵抗性を誘発する新しい天然物質の発見	知的貢献
・ ナタネミトコンドリアの全ゲノム構造の決定	知的貢献
・ タンパク質の水素、水和構造	知的貢献
・ イネ液胞膜型Na ⁺ /H ⁺ アンチポーターの高発現によるイネの耐塩性の改善	知的貢献 技術開発
・ ペチュニアのジンクフィンガー転写因子ZPT2-3の導入によって乾燥耐性が向上する	技術開発
・ ガンマ線照射によるパラの花形および花色突然変異品種の育成	農業生産 技術開発
・ 斑入り観賞用パインアップルの新品種候補「パインアップル沖縄16号」	農業生産 技術開発
・ 植物の細胞レベルにおける遺伝子発現解析に成功	知的貢献 技術開発
・ X線解析法によるイネ萎縮ウイルスの立体構造	知的貢献
・ ダイズ斑点細菌病菌の宿主特異性に関するflagellin糖鎖修飾関連遺伝子群	知的貢献
昆虫・動物	
・ ホールゲノムショットガン法によるカイコゲノム塩基配列決定	知的貢献
・ コラゾニンの新規生理作用の発見	知的貢献
・ カイコ麻痺ペプチドの生体防御、造血制御への関与	知的貢献
・ 植物乳液中システインプロテアーゼが植物の耐虫性に果たす役割	知的貢献
・ 侵入昆虫ブタクサハムシの寄主植物範囲を規定する化学因子	知的貢献
・ アミノ末端に任意のアミノ酸を持つタンパク質の試験管内合成法	知的貢献 技術開発
・ 植物感染病原系状菌の増殖を抑制する昆虫由来新規抗カピペプチド	知的貢献
・ ネットロウシルクによるデニム用織物	技術開発
・ カイコの突然変異第一白卵とキヌレニン酸化酵素遺伝子を利用した新規マーカー	知的貢献 技術開発
・ 組換えカイコにおけるUAS/GAL4システムを利用した遺伝子発現制御系	知的貢献 技術開発
・ 動物組織の切片を機能性培養担体として活用した新しい細胞培養法	知的貢献
・ 免疫抑制剤結合タンパク質FKBP6は精子形成における減数分裂を調節する	知的貢献

研究リソースの提供

ゲノムリソースセンターを中心として研究リソースの整備を進め（表11）、配布を開始した。また、オープンラボ形式によるアレイ解析用機器の一般利用を開始し、15年度は51件の利用があった。

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、植物遺伝資源12,292件、微生物遺伝資源816件、動物遺伝資源43件、イネDNA628件、ブタDNA363件、原蚕種335蛾、保存蚕品種182蛾、桑の接穂・苗木1,700本であった（資料2「遺伝資源の配布および依頼照射実績一覧」）。

表11 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	日本担当部分では、約204.7Mb（82.6%）を完全解読 国際コンソーシアム全体では、398.3Mb（80.7%）を完全解読
完全長cDNA	32,127クローンの配布を開始
遺伝地図	染色体部分置換系統群 2種類93系統 戻し交雑自殖系統群 3種類365系統 半数体倍加系統群 1種類210系統
ミュータントパネル	ミュータントパネル 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	データベース登録タンパク質 11,941件 2次元電気泳動ゲルデータ 21件
マイクロアレイ	完全長cDNA情報を利用した、約2万スポットアレイの市販開始 オープンラボ形式によるアレイ解析用機器の一般利用開始
DNAバンク	cDNAライブラリー 48,562クローン RFLPマーカー 1,713クローン YACフィルター 7,606クローンをスポット

ゲノム情報の提供

所ホームページ上に、イネ完全長cDNA約32,000クローン of データベース、イネプロテオームデータベース、ブタ完全長cDNAライブラリーを用いたEST解析データベースおよびカイコゲノム塩基配列データを新たに公開した（図3）。また、イネゲノム地図統合データベースINEを改良し、国際コンソーシアムによるイネ全塩基配列解読の最新情報状況を随時更新するなど、研究の基盤となる最新の情報を提供した。



図3 新たに公開されたデータベース等

研究所刊行物

成果の普及、利活用の促進のため、研究所ニュース、研究所年報、Annual Report、研究成果情報、研究所資料を発行し、所ホームページ上で公開した。

ホームページによる情報提供

研究所のホームページを始め、イネゲノム、ジーンバンク等のホームページについては随時更新し、最新の情報を提供した。15年度中の所公式ホームページへのアクセス件数は6,902,635回であった(表12)。

表12 農業生物資源研究所の主なウェブサイト/データベースのアクセス件数

ウェブサイト/データベース	(アドレス)	アクセス件数
所公式ウェブサイト	(http://www.nias.affrc.go.jp)	6,902,635
農業生物資源ジーンバンク <植物遺伝資源部門、微生物遺伝資源部門、動物遺伝資源部門>	(http://www.gene.affrc.go.jp/index_j.html)	2,735,559
蚕系関連遺伝資源データベース	(http://www.nises.affrc.go.jp/nises/db.html)	210,043
農林水産DNAバンク	(http://bank.dna.affrc.go.jp/)	77,786,448
イネゲノムプロジェクト	(http://www.nias.affrc.go.jp/project/inegenome/)	264,095
イネゲノム研究プログラム (RGP)	(http://rgp.dna.affrc.go.jp/)	5,171,296
イネ完全長cDNAデータベース (KOME)	(http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cDNA/)	1,366,333
ミュータントパネルデータベース	(http://tos.nias.affrc.go.jp/~miyao/pub/tos17/)	441,688
イネマイクロアレイサテライト (RMOS)	(http://cdna01.dna.affrc.go.jp/ROMS/main.html)	465,315
カイコゲノム研究プログラム (SGP)	(http://www.nises.affrc.go.jp/sgp/SGP.htm)	22,854
Silk New Wave	(http://www.nias.affrc.go.jp/silkwave/hiroba/silk_wave.htm)	725,553
家畜ゲノムデータベース (AGP)	(http://animal.dna.affrc.go.jp/agg/index-j.html)	457,555
ブタESTデータベース (PEDE)	(http://pede.dna.affrc.go.jp/)	23,090

(2) 成果の公表と広報

論文等

研究成果の発表は、論文等408 (原著論文307、総説・単行本101)、データベース・マニュアル等18、解説・紹介・技術資料46、学会・シンポジウム・研究会等での発表784件を行った。(表13、資料3「研究業績一覧(原著論文・総説・単行本)」)

表13 原著論文のインパクトファクター別公表状況(平成15年度)

インパクトファクター	掲載論文数	主な学術雑誌名
10以上	11	Nature Science Plant Cell Proceedings of the National Academy of Science, USA
5以上 10未満	36	Plant Biology Nucleic Acids Research The Journal of Biological Chemistry Plant Journal など
2以上 5未満	73	Journal of Neurochemistry Biochemical Journal Plant Molecular Biology Genetics など
2未満	187	Journal of Interferon and Cytokine Research Journal of Biochemistry Polymer Chromosome Research Journal of Insect Physiology など

広報活動等

研究所内、つくばリサーチギャラリーおよび農林水産省「消費者の部屋」等にパネルを展示し、情報の提供を行った。

記者発表会6回、記者会への資料配付・お知らせ9回、あわせて15回の報道対応を行った。また、新聞、TV、雑誌等マスコミからの取材に積極的に対応し、情報提供を行った。その結果、当研究所が関係する記事が新聞に220件掲載され、TV、雑誌等に研究成果が48回紹介された。

一般公開を本部・大わし地区（茨城県つくば市）放射線育種場（茨城県那珂郡大宮町）および生活資源開発研究チーム（長野県岡谷市）で行い、2,752名の参加を得た。

国内より127件計1,618名、海外より76件計440名の視察者・来訪者の受入を行った。「つくばちびっ子博士（つくば市教育委員会主催）」、「科学フェスティバル2003（つくば市など主催）」、「サイエンスキャンプ2003（（財）日本科学技術振興財団主催）」等、青少年、市民対象の各種イベントに協力し、科学技術への理解醸成を図った。

遺伝子組換え試験研究に関する情報を広く国民に発信することにより国民理解の増進を図るため、企画調整部に「遺伝子組換え研究推進室」を設置し、体制の強化を図るとともに、トウモロコシスクロースリン酸合成酵素(SPS)遺伝子を導入した組換えジャガイモの隔離圃場試験の説明会開催（3/17）、所ホームページにおけるスギ花粉症緩和米の研究開発の紹介（図4）等の活動を行った。



図4 スギ花粉症緩和米のホームページ

(3) 知的所有権等の取得と利活用の促進

特許出願等

生物研知的財産権方針、技術移転方針を策定することによって、職員に対し知的所有権の取得を奨励し、15年度は国内特許出願56件、外国出願51件およびPCT出願10件を行った（資料4「特許等取得・品種登録一覧」）。

品種登録等

稲2件（エルジーシー活、エルジーシー潤）、バラ5件（IRB90-1等）計7件の品種出願、および稲2件（華かおり、フラワーホープ）の国内品種登録を行った（資料4「特許等取得・品種登録一覧」）。

知的所有権の情報提供

15年度に登録になった特許（国内12件、海外24件）を農業生物資源研究所ニュースに掲載し、広報した（資料4「特許等取得・品種登録一覧」）。また、取得した特許については、情報を研究成果移転促進事業の事業主体の社団法人農林水産技術情報協会に提供した。

知的所有権の許諾については、15年度新たに特許の実施許諾契約を8件、実用新案の実施許諾契約を1件、品種の利用許諾契約を8件締結した。15年度は許諾契約に基づき、特許権28件、実用新案特許2件および育成者権36件の計66件において5,844,139円の実施収入を得た。このうち、外国契約1件が高い評価を受けた結果、特許権等の実施許諾に伴う収入が大きく増加した。

ベンチャー企業の支援

ベンチャー支援のために、生物研の職員等がベンチャー企業を興す際に申請者等を生物研ベンチャー企業として認定し、施設・設備の利用等を支援するベンチャー支援実施要領を新たに設けた。15年度には、家畜、畜産物等の特性や来歴、およびこれらに対する混入物をDNAレベルで診断・識別する技術の研究開発と診断・識別を主な業務とする「(株)プレスクライブ・ゲノミックス」と、絹タンパク質を利用したスキンケア素材の開発・販売を主な業務とする「(有)プロライフ」の2社のベンチャー企業が設立された。

予算（人件費の見積りを含む。） 収支計画および資金計画

1 予算配分等

事業費の配分については、研究推進に要する直接経費に十分に配慮した上で、配分を行った。

研究の重点化・戦略化を図るために設けた所内制度を活用し、所内研究推進（シーズ培養、FS研究、研究加速化、新規異動者支援等の目的に21百万円）、研究活性化（交付金研究において顕著な成果が期待できる課題の推進、シンポジウム・研究会等の開催支援の目的に5百万円）、研究調査のための外国旅費等（戦略的調査・研究情報収集、国際学会の運営のための派遣、若手研究者への支援、外国人研究者招へい等の目的に約2百万円）等へ重点配分した。また、研究成果の特許等出願経費（119百万円）等に重点配分することにより、研究成果の有効的活用を図った。

2 外部資金等

（1）外部資金等の獲得

中期計画等の事業推進に有効な競争的資金等の確保を積極的に進め、政府等プロジェクトへ提案・参画することにより研究資源の充実に努めた。その結果、4,803百万円〔農林水産省3,524百万円、文部科学省506百万円、環境省33百万円、厚生労働省3百万円、独立行政法人287百万円、特殊法人378百万円、その他72百万円〕の受託研究経費等が確保された。

（2）その他自己収入の獲得

自己収入の獲得に努めたところ、知的所有権収益において外国との契約1件が高い収益を上げ、特許権等の実施許諾に伴う収入が大きく増加したこと、および遺伝資源配布事業収入においてイネゲノムリソースの配布事業を開始したことにより、自己収入の合計は大きく増加した（対前年度比202%）。

（単位：千円）

	平成14年度	平成15年度	差引額
知的所有権収益	855	5,844	4,989
原蚕種等配布事業収入	295	138	157
依頼照射事業収入	1,122	689	433
遺伝資源配布事業収入	2,814	3,878	1,064
生産物売払収入	262	239	23
合計	5,348	10,788	5,440

3 経費の節約等

電気使用設備の省力型の設置および冷暖房設備の稼働・利用の点検並びに設備の改修等を行うと共に、不要な照明灯の消灯、エレベーター運転の縮小、空調設備の適切な温度設定など光熱水料の削減について職員への周知を行った。

14年度に新築した構造生物学研究棟には、省力型の電気使用設備やガス方式の空調設備等を採用し、15年度の光熱水料の増加を抑えることができた。また、冷暖房運転基準を定め、日々の気温にきめ細かく対応した運転に努めた結果、15年度は、夏季延べ19日、冬季延べ5日運転を停止し、建物が増加しているにもかかわらず、13年度を下回る光熱水料に抑えることができた。

通信運搬費については、電子通信手段の活用等により郵便料の節減を図ることができた。

(1) 光熱水料の実績

(単位 : 千円)

項 目	平成 13年度 実績	平成 14年度 実績	平成 15年度 実績	実績差引額		
				14-13年度	15-14年度	15-13年度
光熱水料	520,610	508,501	512,242	12,109	3,741	8,368
電気料	399,856	383,292	397,735	16,564	14,443	2,121
ガス料	17,835	19,270	19,697	1,435	427	1,862
上・下水道料	62,298	60,901	53,484	1,397	7,417	8,814
燃 料	40,621	45,038	41,326	4,417	3,712	705

15年度の増加は、14年度構造生物学研究棟が新築されたため。

(2) 通信運搬費の実績

(単位 : 千円)

項 目	平成 13年度 実績	平成 14年度 実績	平成 15年度 実績	実績差引額		
				14-13年度	15-14年度	15-13年度
通信運搬費	30,732	29,226	26,984	1,506	2,242	3,748

4 財務内容の改善効果

経費の節減に努めると共に競争的資金の一部および自己収入を管理費に充当することで、運営費交付金のうち人件費を除く管理運営費と業務費について対前年度比1%減となった中でも、業務を効率的に運用することができた。

5 経営管理体制（内部統制・監査体制も含む）の方針および実績

(1) 内部統制

主務大臣より指示された中期目標を達成すべく、当法人が作成し認可を受けた中期計画、年度計画を推進するために、理事会および拡大理事会を設置し、職員の意見を聴取すると共に法人運営の基本的事項、重要事項の審議、決定を行ってきた。また、組織、業務の健全な推進に必要な各種規程（運営、組織、文書、サービス、人事、財務、庁中管理、業務、安全衛生等）を整備し、規程に基づく事務処理が行われるように内部統制を図った。

(2) 監査体制

研究所の業務の適正かつ能率的な運営に資することを目的に「監事監査規程」を整備し、常勤監事および非常勤監事で業務監査および会計監査を実施してきた。監査に当たっては補佐職員（財務監査官、研究企画官、研究企画科長）3名を任命し監査の充実、強化を図った。また、監事は法人の重要な会議に出席し公正不偏な立場で意見を述べてきた。

(3) 監査等実績

平成15年度監事監査（業務監査および会計監査）

15年5月13日～5月16日に実施した。

同監査に対する監事意見の実施状況調査

15年12月25日に実施した。

理事会および拡大理事会への出席

15年度は、合計23回出席した。

15年度予算および決算

（単位：百万円）

区 分	予 算 額	決 算 額
収入		
運営費交付金	7,872	7,872
施設整備費補助金	104	104
無利子借入金	0	2,859
受託収入	5,596	4,709
諸収入	8	13
計	13,580	15,557
支出		
業務経費	3,077	3,082
施設整備費	104	104
受託経費	5,596	4,709
試験研究費	5,339	4,392
管理諸費	257	317
一般管理費	509	514
研究管理費	181	181
管理諸費	328	333
人件費	4,294	4,241
計	13,580	12,650

（決算額の説明）

1. 収入の「無利子借入金」の決算額が計上されているのは、14年度に完了した工事の支払代金（完了検査後、資金請求のため）が15年4月に交付されたことによる。

平成15年度収支の計画および実績

(単位：百万円)

区 分	計 画 額	実績額
費用の部	13,761	12,781
経常費用	13,740	12,764
人件費	4,294	4,241
業務経費	2,717	2,604
受託経費	4,996	4,269
一般管理費	503	332
減価償却費	1,230	1,318
財務費用	21	14
臨時損失	0	3
収益の部	13,854	12,685
運営費交付金収益	7,527	7,203
施設費収益	0	5
諸収入	8	13
受託収入	5,596	4,711
資産見返負債交付金戻入	188	212
資産見返物品受贈額戻入	535	536
臨時収益	0	5
純利益	93	96
目的積立金取崩額	0	0
総利益	93	96

(実績額の説明)

- 費用の部の「財務費用」14百万円は、リース債務返済に係る支払利息。
- 費用の部の「臨時損失」3百万円は、資産の除却により発生した「固定資産除却損」。
- 収益の部の「施設費収益」5百万円は、施設整備費補助金を財源に固定資産を取得しようとした際に生じた資産の除却に伴う処分費用相当額の収益化。
- 収益の部の「諸収入」の13百万円の内訳は次のとおり。
 - 特許権等の実施許諾収入 6百万円
 - 原蚕種および遺伝資源の配布事業収入 4百万円
 - 依頼照射事業収入 1百万円
 - 土地建物の財産貸付収入等 2百万円
- 収益の部の「受託収入」には、平成15年度の政府等からの受託収入を財源として取得した資産額166百万円を含む。
- 収益の部の「臨時収益」5百万円の内訳は次のとおり。
 - 資産の除却に伴う処分費用の「過年度修正益」2百万円
 - 「臨時損失」に対応する収益 3百万円
- 純利益の96百万円の内訳は次のとおり。
 - 受託収入による15年度資産取得額166百万円から、15年度まで受託収入を財源に取得した固定資産購入分の減価償却費269百万円を控除した額 103百万円
 - ファイナンスリース契約により生じる差益 5百万円
 - 「過年度修正益」 2百万円
- 当期純損失の原因は、固定資産の取得財源に起因する会計処理によるものである。

なお、キャッシュベースの収入においては、特許権の実施許諾収入等の増加により、計画額よりも5百万円上回った。

平成15年度資金の計画および実績

(単位：百万円)

区 分	計 画 額	実績額
資金支出	13,580	17,560
業務活動による支出	12,265	11,541
投資活動による支出	1,049	4,029
財務活動による支出	266	305
翌年度への繰越金	0	1,685
資金収入	13,580	17,560
前年度からの繰越金	0	2,003
業務活動による収入	13,476	12,594
運営費交付金による収入	7,872	7,872
受託収入	5,596	4,709
その他の収入	8	13
投資活動による収入	104	104
施設整備費補助金による収入	104	104
その他の収入	0	0
財務活動による収入	0	2,859
無利子借入金による収入	0	2,859
その他の収入	0	0

(実績額の説明)

1. 資金支出の部の「翌年度への繰越金」1,685百万円の内訳は次のとおり。
 現物出資等に係る還付消費税及び還付消費税還付加算金 812百万円
 運営費交付金未使用額 115百万円
 未払金、未払費用、預かり金等 752百万円
 諸収入その他利益計上分 6百万円
2. 運営交付金未使用額は、人件費108百万円及び事業費7百万円。
3. 資金支出の「投資活動による支出」及び資金収入の「無利子借入金による収入」の決算額が計画額に比し大きく増加しているのは、14年度に完了した工事の支払代金(完了検査後、資金請求のため)が15年4月に交付され、その後支払いを行ったため。

短期借入金の限度額（該当なし）

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）

余剰金の使途（該当なし）

その他農林水産省令で定める業務運営に関する計画

1 施設および設備に関する計画

B地区埋設二重水管改修を施設整備費補助金により実施した。

2 人事に関する計画（人員および人件費の効率化に関する目標を含む。）

1) 人員計画

(1) 方針

選考採用等により必要な人材を確保した。バイオインフォマティクス、構造生物学等の重点研究領域への研究職員の重点配置を行った。さらに、重点研究領域を効果的・効率的に推進するため、研究チーム長公募制の導入や、中期目標・計画の重点的推進のための研究センター発足に向けて検討を進めた。

管理部門については、事務処理の一元化等を行い効率化を図った。

(2) 人員に係る指標

16年1月1日現在、常勤職員数は計418名であった。

2) 人材の確保

人材の確保

15年度は選考採用により研究職8名の新規採用を行った。そのうち3名は、任期付任用（若手育成型）による研究職である。また、国家公務員試験により 種1名（一般職）を採用した。

日本学術振興会科学技術特別研究員制度等によりポストドクター150名の人材を確保した（表14）。研究支援のため、科学技術振興事業団重点研究支援協力員制度により、6研究チーム延べ24名の人材（テクニシャン）を確保した。

特別研究員に係る手当単価表において、生研機構委託費、農水プロ等で人件費として、予算措置されるポストドクターを雇用する場合に適用される「特別研究員」のほかに、所の緊急な研究課題の解決または研究課題の効率的な実施のためにポストドクターを雇用する場合に適用される「特別研究員」を設け、所独自の予算でポストドクターの雇用ができるように改善した。

表14 ポストドクター人材の確保

制 度	人 数 (名)
JSPS(日本学術振興会)	
科学技術特別研究員 ^{a)}	9
特別研究員	9
外国人フェローシップ ^{b)}	24
JST(科学技術振興機構) ^{c)}	
科学技術総合研究	16
戦略的基礎研究	14
農林水産省受託研究	13
生研機構受託研究	46
所内特別研究員	18
大学等発ベンチャー創出支援	1
合 計	150

a) H14.4.1以降は、JSTからJSPSへ移行した。

b) 特別研究員および長期招へい研究者が含まれる。

c) H15.10.1から(独)科学技術振興機構となる。

研究グループ長等の公募

研究グループ長等の公募を行い、ジーンバンク長、昆虫生産工学研究グループ長、分子遺伝研究グループ長、生理機能研究グループ長の4名を採用した。