

平成 24 年度

農業生物資源ジーンバンク事業

実績報告書

平成 25 年 3 月

独立行政法人
農業生物資源研究所

ま え が き

農林水産業・食品産業のさらなる発展を図るためには、基盤となる生物遺伝資源を確保・利用して新品種の育成や先端技術の開発に取り組んでいくことが益々重要となっているとの認識に基づき、昭和 60 年に農林水産省ジーンバンク事業が開始された。平成 5 年に「生物多様性条約（CBD）」が発効した後、生物遺伝資源を巡る国際的な潮流は、「人類共通の財産」から「原産国の主権的権利」を認める考え方に変化し、生物遺伝資源のアクセスと利益配分に関する国際的な議論が始まった。植物遺伝資源については、2004 年 6 月に「食料農業植物遺伝資源条約（ITPGR）」が発効した。わが国は ITPGR に未加入であったが、今年度中の加入が予定されている。また、生物遺伝資源のアクセスと利益配分について、CBD や ITPGR のほか、国際知的所有権機関等の論議に参加している。

平成 13 年に閣議決定された第 2 期科学技術基本計画において、生物遺伝資源を含む知的基盤の重要性が強調され、同時に科学技術・学術審議会答申「知的基盤整備計画」において、国が重点的かつ主体的に整備すべきバイオリソースについて、2010 年（平成 22 年）時点で世界最高水準を目指すという目標が提示された。第 3 期科学技術基本計画「第 3 章 科学技術システム改革、3. 科学技術振興のための基盤の強化」の中では、生物遺伝資源等の研究用材料について質的観点を指標とした整備が謳われている。また、国際的

連携として、品種の均一化、熱帯林の減少等により、貴重な生物遺伝資源が急速に滅失する恐れがある国々、特にアジア各国との連携による生物遺伝資源整備に積極的に参加していくとしている。

平成 13 年の独立行政法人化に伴い統合・再編された当研究所は、農林水産省ジーンバンク事業から食料・農業のための植物、微生物、動物遺伝資源部門と DNA 部門を引き継ぎ、中期目標・計画に基づいた農業生物資源ジーンバンク事業を開始した。独法化後 5 年間の第 1 期中期計画期間では、当研究所をセンターバンクとし、農業・食品産業技術総合研究機構をはじめ関係機関をサブバンクとする事業実施体制の下、食料・農業に係る有用な生物遺伝資源の保存と利活用促進を目標に知的基盤整備の一翼を担ってきた。平成 18～22 年度の第 2 期中期計画期間においても、関係者一丸となり、当事業の一層の展開を推進してきた。

本報告書は、当事業の第 3 期中期計画 2 年目にあたる平成 24 年度事業実績をとりまとめたものである。今期中期計画期間における事業の円滑な推進ほか、生物遺伝資源に係る試験研究、技術指導等に役立てていただければ幸いである。

平成 25 年 3 月

独立行政法人 農業生物資源研究所
ジーンバンク長 河瀬眞琴

目 次

I. 事業の運営と評価	-----	1
1) 事業実施体制	-----	2
2) 平成 24 年度連絡協議会	-----	3
3) 平成 24 年度評価委員会	-----	4
II. 各部門の実績	-----	9
1. 植物遺伝資源部門	-----	9
1) 植物遺伝資源の収集・受入	-----	10
2) 植物遺伝資源の増殖・保存	-----	12
3) 植物遺伝資源の特性評価	-----	15
2. 微生物遺伝資源部門	-----	17
1) 微生物遺伝資源の収集・受入	-----	18
2) 微生物遺伝資源の増殖・保存	-----	20
3) 微生物遺伝資源の特性評価	-----	22
3. 動物遺伝資源部門	-----	25
1) 動物遺伝資源の収集・受入	-----	26
2) 動物遺伝資源の増殖・保存	-----	27
3) 動物遺伝資源の特性評価	-----	32
4. DNA部門	-----	34
1) 植物（イネ等）DNAの受入・保存	-----	35
2) 家畜（ブタおよびウシ等）DNAの受入・保存	-----	36
3) 昆虫（カイコ等）DNAの受入・保存	-----	37
5. 生物遺伝資源の配布と情報管理提供	-----	38
1) 生物遺伝資源の配布	-----	39
2) 生物遺伝資源の情報管理提供	-----	50

とりまとめ

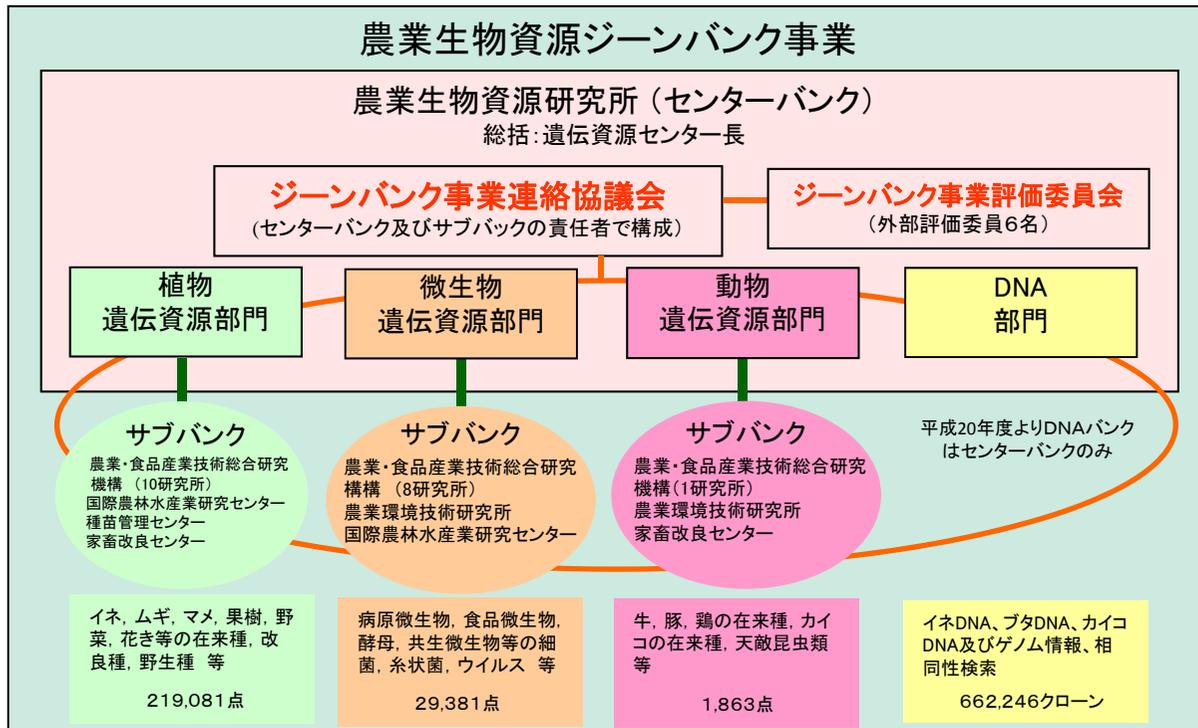
河瀬眞琴・ダンカン ヴォーン・原 哲志
長村吉晃・友岡憲彦・青木孝之・竹谷 勝
江花 薫・知花高志・田中安子・白石恵子

I . 事業の運営と評価

1) 事業実施体制

農林水産技術会議事務局

科学技術基本計画に基づく知的基盤整備としての
農業生物遺伝資源の整備を国内外の連絡・調整を含め推進



農業生物資源研究所 中期計画（抜粋）

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

1 試験及び研究並びに調査

(1) 研究の重点的推進

[別添]に示した研究を重点的に推進する。

なお、これらの研究の推進に当たっては、

① 成果の活用を円滑に進めるため、応用研究を担う研究機関等との連携・協力の下で、戦略的に推進する。

② 他の農業関係研究開発独立行政法人との連携を一層強化し、各法人の有する研究資源を活用した共同研究等を効率的に推進する。

[別添] 試験及び研究並びに調査に係る研究の推進方向

1 画期的な農作物や家畜等の開発を支える研究基盤の整備

(1) 農業生物遺伝資源の充実と活用の強化

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

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

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

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

2) 平成24年度農業生物資源ジーンバンク事業連絡協議会

1. 日 時 平成25年1月28日(月) 13:30~17:00

2. 場 所 農業生物資源研究所 本部地区
構造生物学研究棟付属施設(アネックス)2階 共用第3会議室

3. 出席者

農林水産技術会議事務局 技術政策課 技術安全室室長	鈴木 富男
研究開発官(食の安全、基礎・基盤) 室 研究専門官	奥泉 久人
大臣官房 環境政策課 課長補佐	谷内 純一
	山本 昭夫

サブバンク

農業・食品産業技術総合研究機構 本部	研究管理役	別所 英男
中央農業総合研究センター 作物研究所	病害虫研究領域 稲研究領域長 畑作物研究領域	水久保隆之 根本 博 羽鹿 牧太 大潟 直樹 片山 健二
果樹研究所研	麦研究領域	乙部千雅子
花き研究所	品種育成・病害虫研究領域	池谷 祐幸
野菜茶業研究所	花き研究領域	山口 博康
畜産草地研究所	野菜育種・ゲノム研究領域	小原 隆由
動物衛生研究所	家畜育種繁殖研究領域	蕨澤圭二郎
農業環境技術研究所	飼料作物育種研究グループ長	水野 和彦
国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点	知的基盤管理室長	山田 俊治
種苗管理センター	生物資源・利用領域長	小板橋基夫
家畜改良センター	業務調整部長	末永 一博
	改良技術部長	山中 慎介
		中村 利男
		小松田 厚

センターバンク [(独) 農業生物資源研究所]

遺伝資源センター長	河瀬 眞琴
ゲノムリソースユニット長	長村 吉晃
ジーンバンク事業推進室長	原 哲志
その他ジーンバンク関係者	

4. 記 録

(1) 開会・出席者紹介 (生物研・河瀬 センター長)

(2) 生物遺伝資源を巡る動向について
(技術会議事務局・鈴木 技術政策課技術安全室室長)
生物遺伝資源に関する各条約の位置付け、国内、国外情勢、特にIT PGR条約の批准に関して情報提供を受けた。

(3) 平成24年度事業実績及び平成25年度事業計画(案) (生物研)
平成24年度事業実績及び平成25年度事業計画(案)の、収集・受入、増殖・保存、特性評価、配布、情報管理提供等の各項目について検討された。
平成25年度事業計画(案)については、微生物部門サブバンクへの近畿中国四国農業研究センターの参画、DNA部門配布業務内容の変更を含めて説明・質疑が行われ、一部策定中の課題はあるが、了承された。

(4) その他質疑より
ジーンバンク遺伝資源の利用促進についてどのような方法が考えられるか、意見交換がなされた。

3) 平成24年度 農業生物資源ジーンバンク事業 評価委員会

1. 日 時 平成25年2月18日(月) 13:30~17:15
2. 場 所 農業生物資源研究所 本部地区 研究本館2階 特別会議室
3. メンバー

評価委員

大熊 盛也	(独) 理化学研究所 バイオリソースセンター 微生物材料開発室長
甲斐 藏	日本大学 生物資源科学部教授 (欠席: 書面審査)
倉田 のり	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 副所長
野原 宏	日本種苗協会理事
中川原捷洋	元 社団法人 農林水産先端技術産業振興センター 非常勤顧問
渡邊 和男	筑波大学大学院 生命環境科学研究科 教授
農林水産技術会議事務局	技術政策課
鈴木 富男	技術安全室長
奥泉 久人	研究専門官
農業生物資源研究所	
河瀬 眞琴	遺伝資源センター長
長村 吉晃	ゲノムリソースユニット長
原 哲志	ジーンバンク事業推進室長 その他ジーンバンク関係者

4. 会議記録

- (1) 開会・評価委員自己紹介 (生物研・河瀬 遺伝資源センター長)
- (2) 遺伝資源を巡る情勢について (技術会議事務局・鈴木技術安全室長)
連絡協議会と同様に、生物遺伝資源に関する各条約の位置付け、国内、国外情勢、特にIT PGR条約の批准に関して情報提供を受けた。
- (3) 座長選出と評価方法の説明
中川原評価委員が座長として選出された。次いでジーンバンク事業推進室より資料の確認および評価方法の説明が行われた。
- (4) 連絡協議会の報告 (生物研・原ジーンバンク事業推進室長)
1月28日に行われた連絡協議会について、議事録をもって報告された。
- (5) ジーンバンク事業のこれからについて (生物研・河瀬 遺伝資源センター長)
国際連携を目的とした活動について、遺伝資源国際連携室の活動、生物研重点化予算での活動、JATAFFへの協力、国際会議における連携の働きかけ等の説明があった。
- (6) 平成23年度事業実績及び平成24年度事業計画案
連絡協議会で了承された資料に基づいて各ユニット長からの説明が行われ、評価委員からの質問に対し以下が補足された。
 - ・植物遺伝資源部門に係る事項
DNA 多型情報は海外ジーンバンクでも整備され始めており、同様のデータをネットワーク化することは必要と考えられるので、具体的な進め方を検討していきたい。国内遺伝資源収集対象は偏っているわけではなく、そのときの育種目標に応じた収集(バイオマス関連など)が行われたり、戦略的にも重要な遺伝資源収集が行われている。たとえばツルマメは主要穀物で野生種が日本に存在する貴重な遺伝資源なので、集中して収集が行われている。遺伝資源利用の出口に関しては、トビツク的な利用についてのモニタリングやアピールが必要なので留意したい。アクティブ化コレクションの点数は、毎年、少しずつ増えているが、アクティブ化率の分母となる点数にアクティブ化が非常に困難な系統を含めるか除外するかの判断に関しては、内部での検討が必要。

・微生物遺伝資源部門に係る事項

微生物の塩基配列データは将来的には DDBJ 等の外部の公的データベースにも登録を予定しているが、アクセッションの分類を整理してからでない外部データベースへ正確なデータとしての登録はできないので、現在は論文等になった微生物株を除いてはジーンバンクのデータベースでのみ閲覧できる状況である。動衛研保存の危険度の高い菌は配布には制限が必要だが、ワクチン開発等には必要な貴重な遺伝資源であるので、それらのジーンバンクとしての保持の方策について今後検討行っていきたい。特性評価課題の外部委託は、実績がある研究者にジーンバンクから依頼する形で行っている。

・動物遺伝資源部門に係る事項

動物遺伝資源に関しては、民間からの受入があり、やり取りの際には必要に応じて覚書を作成し、合意した条件の下での受け入れを行っている。

・DNA部門に係る事項

データベースへのアクセス件数は「よく使われている」とみなすことができる。データが活用される一方で、より優れたリソースの公開後は古いリソースの配布希望が減ることから、保存すべきリソースの整理が必要になる。かずさ DNA 研究所でのシロイヌナズナリソースの配布終了件等を参考に、どのようなリソースを保存し配布すべきかは検討していきたい。イネのオントロジー検索データベースについては検討していきたい。イネゲノムリソースセンターで配布している Tos 系統や CSSL については、ゲノム研究時代にマッチした研究リソースとして人為的に作出された研究材料であり、これまで自然界から収集されたジーンバンク保存の遺伝資源とは分けて考えているが、利用者の視点・利便性から考えると将来的には一元化の方向も検討すべきと思われる。

・配布一般に係る事項

オンライン化により、申請から配布までの事務が簡素化されスピードアップされた。いもち病菌など戦略物資扱いの病原菌については外国へは配布しないなど、配布の際には各種の法的規制に留意している。

・情報に係る事項

遺伝資源を利用する特許申請については、ジーンバンクが独自に調査するのではなくユーザーからの申請に基づいてカウントしている。ただし、ユーザーが必ずしも報告するとは限らないので、留意するようにしている。

(7) 評価委員講評

- ・野原委員：毎年、理解しやすい報告になってきている。地味な仕事だが、現在は、国際条約がらみで光があたっている時期なので、有効に利用してほしい。
- ・渡邊委員：国内外ともに厳しい情勢の中で、十分に健闘している。独法化の前後で、農林水産省とジーンバンクとの間の情報管理に差があるように思われるが、両方で補完しながら情報をうまくまとめてほしい。
- ・倉田委員：遺伝資源に関する情報が充実されてきている点进行评估したい。情報の公開には慎重にとの技術会議からのコメントもあったが、情報とものとのリンクは非常に強力なツールになりうるので、継続してさらに充実させてほしい。
- ・大熊委員：アクティブ化への強い意識やユーザーの立場に立った情報整備には感銘を受けた。予算が減る中で、何をターゲットにすべきかを検討することも必要である。また、遺伝資源利用の成果を積極的に発信する必要性については、理研も同じ立場にあるので、協力して検討していきたい。
- ・中川原委員：半日の会議にしては、情報量が多く範囲が広い。これまで、遺伝資源事業では、遺伝資源を収集し、評価し、保存して、「もの」についての情報を整備し発信してきている。こうした情報は重要であり、本来の目的以外の分野でも評価されてきている。渡邊委員の発言を受け、オプザーバーである鈴木室長から以下のコメントがあった。
国内の民間にはデータを公開して欲しいが、知財管理の面からは、諸外国、特に中国へのデータ公開について大臣が非常に気にしており、情報公開については慎重に検討していただきたい。また、名古屋議定書に関しても国益に利するように対応を慎重に考えていきたい。

別表(平成24年度実績及び平成25年度計画の評価)

植物遺伝資源部門	平成24年度 事業実績			平成25年度 事業計画		
	集計		講評	集計		講評
	評価点	評価		評価点	評価	
収集・受入	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・国内海外ともに適切に活動している。今後とも客観的な記録の記載を期待。 ・国際的にはアクセスのみならず、連絡接点の作り方も難しくなっており、まずは交流を行い相互理解するなどの努力をされていることは高く評価できる。遺伝資源外交は日本の国策の重要な部分であり、日本のABSモデルとして立派に活動されている。 	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・世界一アブラナ科野菜を食べている我が日本国ですので日本食を世界に広める為にも、アブラナ科のコレクションの拡充を引き続きお願いいたします。 ・国内収集では特に野生種との関連で今後の計画を立案することも一つの方向。海外共同調査では東南アジア諸国との連携は重要。遺伝資源の種類を幅広くして活動されるのを期待。 ・国内施作に応じた需要への対応で新規の対象植物種を国内探索計画することは産業界需要支援及び地域振興にもつながり資するところ大で評価できる。ツルマメに関わる収集調査は、遺伝子組換え体のリスク評価にも役立っており、学術基盤の価値も高い。
増殖・保存	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・適切に増殖保存を行っている。難増殖性の遺伝資源の保存増殖について、これをアクティブ化することの是非を議論してほしい。 ・アクティブコレクションの数を考えると限られた人員やコストで有効に増殖及び管理がなされていると存じます。コアコレクション配布用の手配等利用者に利便性高いサービスは特に○。 	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・当ジーンバンクの特徴は、他の国や機関と比較して、公開しアクティブ化している遺伝資源の比率が高いことと思う。今後は、その内容を吟味して、アクティブ化する必要のない素材などを議論してほしい。 ・海外での増殖委託については、コスト面や生物学的特性などを考慮して非常に有効な行動であると考えます。一方、海外増殖拠点を形成するなどの検討もコスト面や管理面で検討有ればと存じます。
特性評価	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・特性評価をする是非は以前より議論がある。ここでは、将来利用に向けてコレクションの中味の評価を試みているのは評価する。 ・バイオマス作物等新規の対象も政府施作に応じて、でてきており情報の需要に対してうまく対応している。 	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・ナスのコアコレクションの完成を期待しています。 ・目的のない無方向の特性評価をすることは難しいが、将来の特性検定に向けたコア・コレクションの作成などという目的の明確な評価は是非進めて欲しい。 ・多様なコアコレクションの充実を今後も期待する。
配布・情報	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・ほぼ適正。 ・各種のデータベースの公開等、利用者に資するところ大である。 	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・全体像の解説が欲しい。 ・配布後のフィードバックについて、利用者により還元が進む様に検討されるとのことで期待する。
その他コメント			<ul style="list-style-type: none"> ・遺伝資源国際連携室を始めとした、研究ユニットとの協力連携を深めて、特色ある遺伝資源センターの確率を早急にして、ITPGRのアジアに於る主導的立場を維持していくことが国策に沿うものと考えます。この機を逃すことなく一層の拡充をはかり日本農業発展に寄与していただくことを期待しています。 ・探索導入調査報告書(28巻)など、公刊したものは評価委員に提示して頂くとありがたい。 ・SATREPS事業等ODA経由での遺伝資源アクセスへの機会を推進されるなど、外部資金での自助努力も評価高くできる。 			<ul style="list-style-type: none"> ・野菜の育種素材化とコレクションの拡充を望みます。 ・組織体制の強化と同時に施設の充実を期待。なお、全部門に着いて言えることであるが、次回以降、新たな施設等の見学等を考えていただければ幸い。 ・国際法加盟準備に伴い独法化以前の遺伝資源入手等の手続き情報はMAFF自体で管理していたと認知しています。過去の遺伝資源入手で独法化以前については、MAFF自体での過去の情報管理責任を十分にとっていただきたい。これは遺伝資源のABS手続きを過去に遡及することではなく、当時の遺伝資源入手の経緯をできるだけ、MAFFが古文書を提供あるいは確認しNIASを支援すべき。
部門計	98	A		100	A	

微生物遺伝資源部門	平成24年度 事業実績			平成25年度 事業計画		
	集計		講評	集計		講評
	評価点	評価		評価点	評価	
収集・受入	100	A	<ul style="list-style-type: none"> この部門の事業及び研究も順調に進展していると評価します。ほぼすべてがアクティブ化されていることは今後利用される期待大である。 適切に活動し実績をあげている。 目標を上回る収集・受入実績、非公開期間を設定して全ての新規登録をアクティブ株とした実績は高い評価に値する。オンライン化への取り組みが進んでいることは、事業の効率化にも利用者のアクセスを容易にする点でも大変望ましい。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> サブバンク等との一層の連携をはかりこの部門が一層の充実がはかれることを期待しています。 アクティブ株を増やすことは重要であるが、アクティブ化できないものもあろう。識別が必要である。非アクティブ株は①まだアクティブ化していない未アクティブ株と②将来の居てもアクティブ化できそうにない非アクティブ株に分けるなど、考慮して欲しい。 アクティブ率向上と新規登録のオンライン化は継続して着実に進むことを期待する。外部委託課題を上手に利用して、有用な遺伝資源の戦略的な収集計画(長期的な目標と来年度その目標に向けて何をやるのか)を示すとより良いと思われる。
増殖・保存	100	A	<ul style="list-style-type: none"> 高いアクティブ化率の実績、サブバンクからセンターバンクへの移管を進めた実績は、それぞれ利用の促進と集約による事業の効率・合理化に大いに貢献すると期待され、高い評価に値する。barcodingによる遺伝資源の分類の正当性等の取り組みは重要であり、積極的に進められることを期待するが、同時にこの取り組みの成果を微生物株の情報とし、利用者へ発信することにも努めてほしい。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> 早急に計画案を立てて欲しい。 綿密な品質管理、分類検証の計画は、正しいものを保存して利用に供するためにも重要で大変良い計画である。センターバンクへの集約で効率化をはかることも評価でき、品質の標準化にも貢献すると期待される。一方、サブバンクの独自性と特徴を生かした分担も重視されていると推定するが、明確にして計画として提示し実施するとより良い。
特性評価	92	A	<ul style="list-style-type: none"> 植物病原菌という明確なターゲットを提示し、病原性を中心とした特性評価の実績は高く評価できる。植物病原菌以外にもサブバンクの特徴が生かされた特性評価が実施されている。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> 特性評価については微生物遺伝資源の管理上大変重要な課題である。安全管理を目標に十分周到に活動して欲しい。 各サブバンクで多くの特性評価課題が計画されており、達成されれば大きな進展となる。今年度達成率の低かったサブバンクのいくつかは計画株数が見直されているが、原因を究明して当初の計画の達成をめざすことと植物病センター。
配布・情報	100	A	<ul style="list-style-type: none"> 病徴と病名及び病原菌まで相互にリンクできれば実用面でも一層の進展がはかれると考え評価します。 登録システムの運用は上手くいっているか、如何? 配布数が極めて多かった昨年度に比べると今年度の配布数は減少の見込みであるが、高いレベルを維持している。学会の植物病理目録との相互リンクや微生物遺伝資源マニュアルの発信など利用者の便宜をはかる試みは高い評価に値する。 	83	A	<ul style="list-style-type: none"> 情報管理に関しては、もう少し具体的に記述して欲しい。 説明の時間的制約があったためかもしれないが、本事項に関しては他と比べて計画があまり充実していないように見受けられた。配布先、種類別、年次推移と分類して集計されているので、分析して将来の整備計画に生かすと良いと思われる。大変難しいことではあるが、利用ニーズの動向を把握し、それに応じて戦略的に整備すべき微生物遺伝資源とその特性・情報を選定して重点化することも、将来的に大切かもしれない。
その他コメント			<ul style="list-style-type: none"> 利用者の論文や特許等の成果は、事業の貢献を示す良い指標と考えられる。提供後に追跡調査を実施していることは良い取り組みであるが、データベースを検索するなど積極的に情報を収集して発信するとういと思われる。 			<ul style="list-style-type: none"> 他機関との共同作業や共同研究は今後とも活発となるよう期待する。 外部委託課題については検討中とされており、評価が困難である。具体的な委託先でなくとも、委託で重点的に取り組むべき課題や方針を示していただけると議論が可能になるのでは。今年度の委託課題は分類検証についての課題が多いが、分類は微生物遺伝資源において極めて重要であり適切と判断できる。一方で、barcodingの取り組みを進めると専門家でなくとも客観的な検証が可能となり得るので、例えばセンターバンクに解析部門を設置して対応することも効率的かもしれない。
部門計	98	A		90	A	

動物遺伝資源部門	平成24年度 事業実績			平成25年度 事業計画		
	集計		講評	集計		講評
	評価点	評価		評価点	評価	
収集・受入	92	A	・新規に10点を収集・受入し、また追加として7点を導入したことは評価できる。しかし、家畜・家禽では凍結精液や始原生殖細胞に限定されていたので、生体での収集の実績が待たれる。	100	A	・次年度は新個体管理による全体像を紹介して欲しい。 ・家畜・家禽を継続的に収集に努めようとしていることは評価できる。凍結精液や始原生殖細胞に限定されていたが、生体での受入を計画されているので、サブバンク等を利活用した生体での保存の道を切り拓いていくよう希望する。
増殖・保存	100	A	・保存方法の開発とANJP番号の管理に移行されたことを評価いたします。 ・新規に10点を収集・受入し、また追加として7点を導入したことは評価できる。またアクティブコレクションは22点増加させ、割合は72.1%とし、計画より高い数字を残し、保存達成率は100%とした、その努力は評価できる。	92	A	・微生物の項で述べたように、微生物に限らず、植物でも動物でも共通であるが、非アクティブコレクション＝未アクティブコレクション(これからアクティブ化できるもの)+非アクティブコレクション(将来アクティブ化できそうにないもの)に分ける必要はないか。 ・収集・受入の計画では、点数の大幅な増加は図られていないが、アクティブ化を計画し、その割合の向上を計画しているところが評価される。危機管理の面からは、サブバンク等を利活用した保存方法も計られることが必要である。
特性評価	100	A	・具体的な課題の成果内容で評価できる。 ・新規598点の特定実績で計画の98%であった。それは評価できるが、カイコに限定され、家畜・家禽においては実績が得られなかった。しかし、サブバンクを活用して3次特性ではほぼ100%の実績は評価に値する。	92	A	・今後における特性評価の具体的な目標を示してほしい。 ・特性評価のさらなる向上を計画している。ミツバチに限定されているので、家畜・家禽における特性評価課題を設定し、実績とその成果の実用面での応用が期待される。これには動物遺伝資源部門の予算の少なさが障害である。
配布・情報	100	A	・情報交換、材料交換の努力が見られる。 ・動物関連の配付の実績はカイコに依存して、件数の減少はそれによる。論文を活発に発信していることが評価できる。Webサイトでは、遺伝資源検索システムが稼働していて、よく更新され、アクセス数も順調に増加している。	92	A	・情報管理については具体的成果を期待する。 ・動物遺伝資源情報管理において必要な、遺伝資源の来歴・在庫管理プログラムなどの開発・改修が計画されている。Web検索における重要性はますます増加するので、この分野の予算化も必須である。
その他コメント						・この部門の収集・受入・増殖・保存・評価どれも苦勞の多いこととは思いますが、方向性も定まってきたように評価します。特に増殖・保存の研究も重要であると感じられました。一層の拡充がはかられますことを期待しています。 ・限られた予算と少ない人員である。それぞれの計画を遂行するには多くの努力を必要とするので、計画が十分に達成されるのが危惧される。家畜改良センター等のサブバンク機関との運営はもとより、家畜の生体での保存においては、大学や民間との協力も必要である。
部門計	98	A		94	A	

DNA部門	平成43年度 事業実績			平成25年度 事業計画		
	集計		講評	集計		講評
	評価点	評価		評価点	評価	
受入	100	A	・適切 ・BACクローン等、個別に簡単に作成できないリソースを受け入れる事は有効である。24年度は計画通りの受け入れが進んでいると評価できる。	92	A	・業務の一本化は適切。効率と管理評価の一元化に期待している。 ・2)保存3)配布都の関連もあり、FL-cDNAは利用が少しは見込まれるが、今後のESTの受け入れは情報だけとすることを検討する時期ではないかと思われる。
保存	100	A	・今後とも選別をしっかりと将来利用につなげてほしい。 ・DNAクローン等の整理を行い、節電に務めたことは、良い保存体制を保つ上で効果的であったと思われる。	100	A	・保存における品質保持は大切であり、この点への配慮は妥当である。ただし、3)配布の変化に伴う対応を、より効果的に行う事が望まれる。
配布・情報	92	A	・関連研究の進展上止むを得ないこともあり、適正な活動をしていると思う。 ・DNAクローンについては、研究環境の変化による需要の変化の結果、最近5-6年は、ほとんど配布が見られない。特にcDNAやESTなどの配布は0に近い。しかし、発現情報の多面的な発信については、研究者コミュニティに貢献していると考えられる。	100	A	・NIAS DNA Bankホームページの充実を評価します。特にFit-DBは印象深く、今後の発展・連携の可能性を感じました。 ・今後とも、情報の円滑な活用に向けて努力して頂きたい。 ・利用頻度およびこれからの研究環境の変化を考慮すると、情報で置き換えられる部分は、リソースそのものから情報への置き換えを計画する事が望ましい。また、ここ数年取り組んでいる、発現解析情報の発信は、研究を支える情報リソースとして引き続き、質の高い情報発信が望まれる。その際情報コアとしてのオントロジーの整備が待たれる。
その他コメント			・研究の進展・完了とともに本事業が左右されることはワールド・ワイドな事業の為にさけて通れないことと思います。国策にそった事業の一層の拡充を期待しています。			・次回は、DNAバンクと関連する他のプロジェクトとの関係も解説して欲しい。 ・DNAリソースの扱いに付いては、これから5-10年の間に大きく様変わりする可能性が高い。時代の要請、将来の事業のあり方を見据えて、より効果的なリソース事業を考え、適切な計画を検討していただきたい。
部門計	97	A		97	A	

全部門	平成24年度 事業実績		平成25年度 事業計画	
	集計		集計	
	評価点	評価	評価点	評価
収集・受入	98	A	96	A
増殖・保存	100	A	96	A
特性評価	97	A	94	A
配布・情報	96	A	94	A
総合	98	A	95	A

Ⅱ. 各部門の実績

1. 植物遺伝資源部門

1) 植物遺伝資源の収集・受入

● 国内探索収集調査および海外共同調査 <平成24年度実績>

(ア) 国内探索収集調査

	実施機関（主担当者）	植物種類	対象植物	対象地域	平成24年度実績 (収集点数・計画の変更・変更要因)
1	農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (友岡憲彦、技術支援室)	豆類	ハマササゲ(<i>Vigna marina</i>)、 ナガバハマササゲ(<i>Vigna luteola</i>)、 オオヤブツルアズキ(<i>Vigna reflexo-pilosa</i>)、 ヒナアズキ(<i>Vigna riukiensis</i>)	沖縄県（石垣島、西表島、宮古島、池間島、来間島、伊良部島）	平成24年6月11日から15日にかけて、沖縄県石垣島、西表島、来間島、宮古島、池間島、伊良部島においてマメ科植物遺伝資源の探索収集を行った。石垣島では、ハマササゲ(<i>Vigna marina</i>)生息地5地点、ナガバハマササゲ(<i>Vigna luteola</i>)生息地1地点、ヒナアズキ(<i>Vigna riukiensis</i>)生息地1地点、西表島ではハマササゲ生息地5地点、ヒナアズキ生息地1地点、ナガバハマササゲ生息地1地点、来間島ではハマササゲ生息地2地点、宮古島ではハマササゲ生息地7地点、ヒナアズキ生息地1地点、伊良部島ではハマササゲ生息地2地点、オオヤブツルアズキ(<i>Vigna reflexo-pilosa</i>)生息地1地点、池間島ではハマササゲ生息地1地点を発見し、種子の収集と可能な場合には根に着生している根粒の収集を行った。収集した遺伝資源は、ハマササゲ22点、ナガバハマササゲ2点、オオヤブツルアズキ1点、ヒナアズキ2点、合計27点であった。 これらの遺伝資源は、次年度に栽培し、ジーンバンク事業において特性評価と種子増殖を実施し、研究・教育目的に配布可能なアクティブコレクションとしてジーンバンクに保存する。
2	農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (友岡憲彦、技術支援室)	豆類	ツルマメ(<i>Glycine soja</i>)、アズキ(<i>Vigna angularis</i> var. <i>angularis</i>)、野生および雑草アズキ(<i>Vigna angularis</i> var. <i>nipponensis</i>)、その他のマメ類(ヒメツルアズキ(<i>Vigna nakashimae</i>)、雑草型リョクトウ(<i>Vigna radiata</i>))、栽培ササゲ(<i>Vigna unguiculata</i>)、雑草型ササゲ(<i>Vigna unguiculata</i>)	長崎県（五島列島）	平成24年10月21日から26日にかけて、長崎県五島列島においてマメ科植物遺伝資源の探索収集を行った。今回の探索では、五島列島のうち4島において探索を実施し、宇久島で26点、小値賀島で10点、奈留島で4点、福江島で49点、合計89点の遺伝資源を収集した。 収集した遺伝資源の内訳は、野生ダイズ：ツルマメ(<i>Glycine soja</i>)49点、栽培アズキ(<i>Vigna angularis</i> var. <i>angularis</i>)1点、野生および雑草アズキ(<i>Vigna angularis</i> var. <i>nipponensis</i>)14点、ヒメツルアズキ(<i>Vigna nakashimae</i>)19点、雑草型リョクトウ(<i>Vigna radiata</i>)1点、栽培ササゲ(<i>Vigna unguiculata</i>)2点、雑草型ササゲ(<i>Vigna unguiculata</i>)3点である。 これらの遺伝資源は、ジーンバンク事業において次年度に生物研本館地区圃場で栽培し、特性評価と種子増殖を実施した後、研究・教育目的に配布可能なアクティブコレクションとしてジーンバンクに保存する。
3	農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (友岡憲彦、技術支援室)	豆類	ヤブツルアズキ(<i>Vigna angularis</i> var. <i>nipponensis</i>)、ツルマメ(<i>Glycine soja</i>)、ヤブマメ(<i>Amphicarpa bracteata</i>)	東京都、埼玉県、山梨県	平成24年10月16日から18日にかけて、東京都、埼玉県、山梨県においてマメ科植物遺伝資源の探索収集を行った。その結果、ヤブツルアズキ(<i>Vigna angularis</i> var. <i>nipponensis</i>)29点、ヤブマメ(<i>Amphicarpa bracteata</i>)1点、ツルマメ(<i>Glycine soja</i>)9点、計39点のマメ科作物近縁野生種遺伝資源の自生地を確認し、種子を収集した。 これらの遺伝資源は、次年度に栽培し、ジーンバンク事業において特性評価と種子増殖を実施し、研究・教育目的に配布可能なアクティブコレクションとしてジーンバンクに保存する。 尚、本探索には、ジーンバンク事業で実施している国際共同研究において招聘中のカンボジアおよび生物研重点化プロジェクトにおいて招聘中のベトナムからの研究者も参加し、国際交流を深めた。
4	近中四農研 作物機能開発研究領域 (猿田正恭、高田吉丈)	豆類	ツルマメ (<i>Glycine soja</i>) ヤブツルアズキ (<i>Vigna angularis</i> var. <i>nipponensis</i>)	隠岐諸島を含む島根県	隠岐諸島を含む島根県において探索収集調査を実施し、ツルマメ30点、ヤブツルアズキ44点を収集した。
5	東北農業研究センター 畑作園芸研究領域 (本田裕)	雑穀・特用作物	ジュズダマ ハトムギ	福島県、新潟県	福島県においてジュズダマ6点、はとむぎ3点を、新潟県においてジュズダマ18点、はとむぎ2点を収集した。
6	北海道農業研究センター 酪農研究領域 (真田康治、奥村健治、小路敦、田村健一)	牧草・飼料作物	オギ (<i>Miscanthus sacchariflorus</i>)	北海道、東北	オギの自生系統を北海道内で31点、青森県内で16点、合計47点収集した。

	実施機関（主担当者）	植物種類	対象植物	対象地域	平成24年度実績 (収集点数・計画の変更・変更要因)
7	東北農業研究センター 畜産飼料作研究領域 (藤森雅博)	牧草・飼料作物	オギ (<i>Miscanthus sacchariflorus</i>)	秋田県と青森県の一部	秋田県と青森県弘前市の合計19地点からオギの収集を行った。
8	果樹研究所 カンキツ研究領域 (喜多正幸)	果樹類	カンキツ(<i>Citrus sp.</i>)	鹿児島県奄美群島(奄美大島・喜界島・加計呂麻島)	平成24年9月に探索・収集を実施した。9月時点では種子は未熟種子の可能性があるため、穂木による導入を行った。16点の収集を行い、10点の活着をみた。 (備考) 平成23年度探索事業(沖縄県先島諸島地域(石垣島・黒島・西表島・与那国島))で収集した個体については、収集個体を接ぎ木し、沖縄県農業研究センターの協力を得て育成させている。伸長後に那覇植物防疫所で検疫を受ける予定である(平成24年度中を予定)。検疫合格個体のみ導入する。
9	果樹研究所 品種育成・病害虫研究領域 (池谷祐幸、間瀬誠子)	果樹類	ノカイドウ (<i>Malus spontanea</i>)	宮崎県えびの市、鹿児島県霧島市	宮崎県、鹿児島県境のえびの高原を世界唯一の自生地として自生するノカイドウの現存全個体(約400個体弱)の現状を調査し、10個体について、種子及び穂木を採取した。 (備考) 個体の現状把握のための調査は終わっているが、遺伝資源採取は今月末に行うため、上の実績は計画点数である。
GB 事業 外	作物研究所 畑作物研究領域 大豆育種研究分野 (平田香里、羽鹿牧太、山田哲也)	豆類	ソルマメ (<i>Glycine soja</i>) ヤブソルマメ (<i>Vigna angularis var. nipponensis</i>)	岡山県、大阪府、兵庫県、栃木県、千葉県など	ソルマメ25点、ヤブソルマメ13点を収集した。来年度に種子増殖等を実施し、センターバンクに移管する予定である。

(イ) 国際共同研究協定に基づく海外共同調査研究

	主実施機関	植物種類	対象植物	対象地域	平成24年度実績 (収集点数・計画の変更・変更要因)
1	農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (友岡憲彦)	豆類	豆類 (<i>Vigna exilis</i> , <i>Vigna umbellata</i> , <i>Lablab purpureus</i> , <i>Vigna marina</i> , <i>Vigna minima</i> , <i>Vigna radiata</i> , <i>Vigna radiata var. sublobata</i>)、ササゲ(<i>Vigna unguiculata</i>)	タイ・カンボジア	平成24年11月9日から12日にかけてタイで、11月12日から24日にかけてカンボジアで植物遺伝資源共同調査を行った。 カンボジアにおいては、南西部に位置するKampong Som県、Koh Kong県および北部に位置するSiem Reap、Odor Meanchey、Preah Vehear、Kampong Thom県を調査し、 <i>Lablab purpureus</i> 1点、 <i>Vigna marina</i> 8点、 <i>Vigna minima</i> 10点、 <i>Vigna radiata</i> 1点、 <i>Vigna radiata var. sublobata</i> 2点、 <i>Vigna umbellata</i> 8点、 <i>Vigna unguiculata</i> 6点、合計 36点を収集した。収集した遺伝資源はCambodian Agriculture Research and Development Instituteのジーンバンクに保存するとともに、NIASジーンバンクにも保存する。遺伝資源の移転にはFAOが提唱するITPGRFAのSMTAを用いた。
2	農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (奥泉久人)	牧草・飼料作物 その他	ソルガム (<i>Sorghum bicolor</i>) エリアンサス (<i>Erianthus procerus</i>)	ラオス	ラオスで現地調査を実施し、収集した栄養体遺伝資源は共同研究相手の現地研究所の保存用圃場において保存している。また、ラオスから研究者2名を招聘し、国内のソルガム研究者を訪問し交流を図るとともに、ジーンバンク事業におけるソルガム特性評価法に関する技術移転を実施した。
3	農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (奥泉久人)	牧草・飼料作物	ソルガム (<i>Sorghum bicolor</i>)	インド	2012年1月3日に、インドのNational Bureau of Plant Genetic Resources (NBPGR)ジーンバンクを訪問し、Bansal所長他主要なジーンバンク職員と面会し、現在直面している植物遺伝資源の移転にかかわる問題について議論するとともに、研究協力の可能性について討議を行った。 その後、タミルナドゥ農業大学においてジーンバンク関係者およびソルガム関係のスタッフと今後の共同研究について討議を行った。1月9日から開催された国際会議に出席して講演を行った。ソルガムの共同研究に関して双方の合意が得られ、今後具体的な研究計画の策定を行うこととなった。

2) 植物遺伝資源の増殖・保存

JP番号による遺伝資源の保存状況 (集計 2012/11/30)

区分	保存区分		保存形態		
	総保存点数	アクティブ	種子	栄養体	培養系等
稲類	37312	27018	37312	0	0
麦類	58181	34261	58123	58	0
豆類	20230	14350	20229	1	0
いも類	5502	2533	428	5074	0
雑穀・特用作物	16964	9755	14347	2616	108
牧草・飼料作物	31181	14765	27165	4079	0
果樹類	8443	3629	144	8322	161
野菜類	25552	11766	24379	1173	0
花き・緑化植物類	4269	358	93	4177	0
茶	6632	1291	148	6484	0
桑	1389	737	0	652	1101
熱帯・亜熱帯作物	219	16	38	181	0
その他の植物	3207	765	1803	1404	11
合計	219081	121244	184209	34221	1381

JP番号：遺伝資源の各アクセッションに与えられた固有のID番号

保存番号：遺伝資源の保存を管理するために与えられたID番号

注) ある1種類の栄養体遺伝資源が、2か所で重複保存されている場合、JP番号は1個、保存番号は2個となる。

アクティブ：配布対象としている遺伝資源

保存番号による保存場所別保存状況 (集計 2012/11/30)

保存場所	総数	保存形態		
		種子	栄養体	培養系等
センターバンク	141916	140720	0	1196
中央農業総合研究センター	159	159	0	0
作物研究所	4677	3075	1602	0
農業生物資源研究所	23451	22161	1098	192
畜産草地研究所	3776	3174	602	0
果樹研究所	8232	118	8114	0
野菜茶業研究所	16959	11279	5680	0
花き研究所	2214	1	2213	0
北海道農業研究センター	8676	5232	3444	0
東北農業研究センター	2387	1921	466	0
近畿中国四国農業研究センター	2436	2247	189	0
九州沖縄農業研究センター	17379	10854	6525	0
国際農林水産業研究センター	1706	771	935	0
種苗管理センター	10986	0	10986	0
家畜改良センター	420	0	420	0
その他	4250	2605	1645	0
合計	249624	204317	43919	1388

● 植物遺伝資源の種子増殖

実施機関	H24		達成率
	計画 点数	実績 点数	
生物研	1,366	1,249	91.4%
農研機構	2,356	2,300	97.6%
中央農研	80	76	95.0%
作物研	382	370	96.9%
畜草研	70	64	91.4%
果樹研	0	0	—
野菜研	329	312	94.8%
花き研	0	0	—
北海道農研	175	173	98.9%
東北農研	386	388	100.5%
近中四農研	467	462	98.9%
九沖農研	467	455	97.4%
国際農研	0	0	—
種苗管理センター	642	637	99.2%
家畜改良センター	130	130	100.0%
都道府県等委託	51	48	94.1%
海外委託	604	584	96.7%
合計	5,149	4,948	96.1%

植物種類	H24		達成率
	計画 点数	実績 点数	
稲類	960	945	98.4%
麦類	1,134	1,128	99.5%
豆類	1,529	1,494	97.7%
いも類	0	0	—
雑穀・特用作物	642	539	84.0%
牧草・飼料作物	472	449	95.1%
果樹	0	0	—
野菜	412	393	95.4%
花き・緑化植物	0	0	—
茶	0	0	—
桑	0	0	—
熱帯・亜熱帯植物	0	0	—
その他の植物	0	0	—
合計	5,149	4,948	96.1%

●導入遺伝資源の無毒化

実施機関	対象植物	H24計画 処理数	H24実績		実績の概要
			処理数	完了数	
農業生物資源研究所 多様性活用研究ユニット (西川智太郎)	水稲 (Oryza sativa) 等稲類	80	83	78	H25には、導入栽培稲66点、およびミャンマー探索により導入した野生稲24点の無毒化を計画。 (備考) 今年度の栽培を継続中であるため、最終実績によりH25計画を変更する可能性がある。
果樹研究所 カンキツ研究領域 (太田 智)	かんきつ類	35	68	27	(24 実績備考) 茎頂接ぎ木に成功した数を処理点数としたが、その方法の難しさゆえに実際には倍以上の数を茎頂接ぎ木している。 茎頂接ぎ木を行ってから無毒化を確認するまでには植物の生育を待つ必要があるため、完了点数として報告したものは、前年度以前に処理点数として報告した個体のうちの幾つかである。
果樹研究所 品種育成・病害虫研究領域 (池谷祐幸、間瀬誠子)	リンゴ ナシ オウトウ スモモ ブドウ スノキ属 キイチゴ類 スグリ類 カンキツ類 セイヨウカリン 計	3 14 9 8 15 3 3 12 3 70	3 14 9 8 15 3 3 12 3 70	0 4 0 4 4 2 1 2 0 17	25 計画: 海外から穂木又は苗木で導入した果樹遺伝資源を隔離栽培し、ウイルスを保有していないことが判明した個体は隔離解除になるが、ウイルスを保有していた個体は農林水産大臣宛に特別許可願いを申請して隔離栽培を継続する。これらの特別許可物件については、熱処理後実生苗木に茎頂接ぎ木を行い、ウイルス検定の結果無毒化されたと判定された個体は隔離解除になるが、無毒化されなかった個体については引き続き隔離栽培を継続して無毒化を図る。
九州沖縄農業研究センター 水田作・園芸研究領域 イチゴ育種研究グループ (北谷恵美、曾根一純、飛川みのり、木村貴志)	イチゴ	15	10	10	25 計画: 現在検討中

3) 植物遺伝資源の特性評価

<平成24年度実績>

実施機関	1次特性			2次特性			3次特性			計		
	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率
生物研	15,019	13,155	87.6%	78	96	123.1%	2,200	1,542	70.1%	17,297	14,793	85.5%
農研機構	75,866	73,588	97.0%	13,653	13,425	98.3%	14,870	14,953	100.6%	104,389	101,966	97.7%
中央農研	2,810	1,540	54.8%	370	368	99.5%	290	334	115.2%	3,470	2,242	64.6%
作物研	12,700	12,284	96.7%	2,281	2,106	92.3%	2,442	2,536	103.8%	17,423	16,926	97.1%
畜草研	3,920	3,902	99.5%	560	562	100.4%	0	0	—	4,480	4,464	99.6%
果樹研	2,653	2,691	101.4%	1,334	1,290	96.7%	1,625	1,519	93.5%	5,612	5,500	98.0%
野茶研	16,534	15,929	96.3%	1,611	2,049	127.2%	3,226	3,648	113.1%	21,371	21,626	101.2%
花き研	320	320	100.0%	136	134	98.5%	32	32	—	488	486	99.6%
北海道農研	6,630	7,167	108.1%	1,552	1,540	99.2%	604	558	92.4%	8,786	9,265	105.5%
東北農研	6,443	6,400	99.3%	1,868	1,714	91.8%	2,173	1,934	89.0%	10,484	10,048	95.8%
近中四農研	11,660	11,840	101.5%	1,119	1,270	113.5%	3,336	3,453	103.5%	16,115	16,563	102.8%
九沖農研	12,196	11,515	94.4%	2,822	2,392	84.8%	1,142	939	82.2%	16,160	14,846	91.9%
種苗管理センター	6,201	5,760	92.9%	3,416	3,399	99.5%	786	737	93.8%	10,403	9,896	95.1%
都道府県等委託	765	762	99.6%	255	255	100.0%	0	0	—	1,020	1,017	99.7%
海外委託	9,438	9,054	95.9%	0	0	—	0	0	—	9,438	9,054	95.9%
合計	107,289	102,319	95.4%	17,402	17,175	98.7%	17,856	17,232	96.5%	142,547	136,726	95.9%

1次特性：品種や系統の識別に必要な主に形態的特性(例えばイネの稈長，穂長，出穂日など)

2次特性：生理・生態的形質及び各種の病虫害抵抗性や特殊環境への耐性(例えばいもち病抵抗性，低温発芽性など)

3次特性：生産物として必要な特性(例えばイネのアミロース含量など収量性や種子の成分，品質など)

●植物遺伝資源の特性評価に関する事項

(ア)今年度実績と次年度計画

実施機関	課題名	平成24年度実績	平成25年度計画
野菜茶業研究所 野菜育種・ゲノム研究領域 (齊藤猛雄・福岡浩之) (平成24～27年度)	ナスにおけるコアコレクションの構築	ナス遺伝資源1,019点を播種し、938点からDNAを抽出し987座のSNP遺伝子型を取得するとともに、発芽率の低かった品種・系統等の一部(131点)について種子を増殖した。	(1)遺伝資源および品種のタイピングデータを精査し、F1品種や交雑系統、その他の要因によってヘテロ接合性が一定の水準を超える系統を排除して再度クラスター解析を行うとともに、PowerCore, CoreHunterなど異なるアルゴリズムに基づくソフトウェアの系統選択の結果も考慮して、コアコレクション候補集団(当面、200品種・系統を目標)を構築する。 (2)次年度からコアコレクション候補集団の特性調査を開始するが、25年度の供試品種・系統数は100点を目標とする。 (3)これら特性調査による表現型情報や来歴情報、マルチアレリックなゲノムSSRマーカー遺伝子型等、を加味してコアコレクション候補を調整する。
農業生物資源研究所 遺伝資源センター 多様性活用研究ユニット (江花薫子) (平成24～27年度)	ジーンバンク保存イネ遺伝資源のDNA特性評価	今年度はインド型品種を中心に2500系統の分析を進めた。また、昨年度、発芽率が低かった系統についても解析を行った。D解析系統に含まれる日本型が広い変異を示したのに対し、インド型品種、Aus型品種は品種間変異は少なく、クラスター解析でもリジッドなクラスターを形成した。ゲノムワイドな768SNPの解析によって、各系統が、インド型、日本型、あるいは、Aus型であるのが推定できた。また、原産国が近隣の系統は、系統樹ではより近接した位置にあり、遺伝的類似性がより高いと考えられた。	新規にアクティブ化された品種およびデータが欠測値となっている品種の再解析を200-300品種をめどに行い、これまでの結果と合わせて解析する。また、これまでに得られた遺伝子型データをジーンバンクから公開するための情報整理を行う。
作物研究所 麦研究領域 麦育種研究分野 (乙部 千雅子) (平成24年度)	小麦コアコレクションのDNA特性評価	H23年度の公開した小麦コアコレクション96系統を対象として、小麦の育種上有用な遺伝子をDNAマーカーを用いてジェノタイピングした。ジェノタイピングの対象とした遺伝子は、Glu-D1、Glu-A1、Glu-B3、Wx-A1、Wx-B1、Pin-aD1、Pin-bD1、Tamyb10-A1、Tamyb10-B1、Tamyb10-D1、Rht-B1、Rht-D1の12種類である。	計画なし。
農業生物資源研究所 ダイズゲノム育種研究ユニット・多様性活用研究ユニット (加賀秋人) (友岡憲彦) (平成24～27年度)	ジーンバンク保存ダイズ等マメ科遺伝資源のDNA特性評価	ジーンバンクには日本をはじめとする世界から収集されたダイズが約1万点保存されている。今年度は、ダイズの開花・熟性に関するE2およびE3遺伝子座、伸育性に関するDt1遺伝子座、エダマメなどの香りの成分生成に関する遺伝子GmBADH2合計4遺伝子座について、各形質の原因遺伝子として同定あるいは推定されている変異が識別可能なSNPマーカーを設計した。ジーンバンクに保存されている在来ダイズの約10%に相当する母集団1603系統における変異を解析し、各変異の地理的分布を明らかにした。	農業形質の原因遺伝子の変異情報の集積については計画通り進んだ。次年度は新規に同定された開花・熟性の原因遺伝子を追加し、変異情報の充実を図りたい。

2. 微生物遺傳資源部門

1) 微生物遺伝資源の収集・受入(新規MAFF登録)

<平成24年度実績>

実施機関	計画株数		
	アクティブ	非アクティブ	計
生物研	431	0	431
センターバンク	340	0	340
サブバンク	91	0	91
農研機構	402	0	402
中央研	53	0	53
果樹研	15	0	15
花き研	10	0	10
野茶研	30	0	30
畜草研	58	0	58
動衛研	200	0	200
食総研	23	0	23
北農研	13	0	13
近農研	—	—	—
農環研	81	0	81
国際研	2	0	2
合計	916	0	916

実績株数			達成率		
アクティブ	非アクティブ	計	アクティブ	非アクティブ	計
595	0	595	138.1%	—	138.1%
350	0	350	102.9%	—	102.9%
245	0	245	269.2%	—	269.2%
409	0	409	101.7%	—	101.7%
52	0	52	98.1%	—	98.1%
12	0	12	80.0%	—	80.0%
10	0	10	100.0%	—	100.0%
31	0	31	103.3%	—	103.3%
68	0	68	117.2%	—	117.2%
200	0	200	100.0%	—	100.0%
23	0	23	100.0%	—	100.0%
13	0	13	100.0%	—	100.0%
—	—	—	—	—	—
96	0	96	118.5%	—	118.5%
1	0	1	50.0%	—	50.0%
1,101	0	1,101	120.2%	—	120.2%

微生物種類	計画株数		
	アクティブ	非アクティブ	計
細菌	327	0	327
放線菌	0	0	0
動物マイコプラズマ	5	0	5
ファイトプラズマ	0	0	0
リケッチア	3	0	3
酵母	6	0	6
糸状菌	442	0	442
昆虫・動物ウイルス	71	0	71
植物ウイルス	42	0	42
バクテリオファージ	5	0	5
ウイロイド	0	0	0
原虫	3	0	3
線虫	12	0	12
細胞融合微生物	0	0	0
細胞性粘菌	0	0	0
合計	916	0	916

実績株数			達成率		
アクティブ	非アクティブ	計	アクティブ	非アクティブ	計
287	0	287	87.8%	—	87.8%
2	0	2	—	—	—
5	0	5	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
3	0	3	100.0%	—	100.0%
5	0	5	83.3%	—	83.3%
665	0	665	150.5%	—	150.5%
71	0	71	100.0%	—	100.0%
43	0	43	102.4%	—	102.4%
5	0	5	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
3	0	3	100.0%	—	100.0%
12	0	12	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
1,101	0	1,101	120.2%	—	120.2%

● サブバンクの主な収集・受入の成果

- 1 小笠原・沖縄産植物病原菌等（生物研）
- 2 *Pyricularia grisea*、*Rhizobium* sp.等（中央農研）
- 3 *Armillaria tabescens*、*Xylophilus ampelinus*等（果樹研）
- 4 花きに病原性を有する*Pythium aphanidermatum*（花き研）
- 5 *Alternaria brassicicola*、*Xanthomonas*属、*Pantoea*属細菌等（野茶研）
- 6 *Lactobacillus* 属各種乳酸菌、*Pythium arrhenomanes*、*Epichloe baconii*等（畜草研）
- 7 大腸菌、ウェルシュ菌、*Mycobacterium*属菌、サルモネラ菌、牛コロナウイルス、アカバネウイルス、豚丹毒菌等（動衛研）
- 8 *Enterococcus* spp.、*Aspergillus oryzae* (麹菌)等（食総研）
- 9 *Tomato bushy stunt virus*（北農研）
- 10 *Gibberella fujikuroi*、*Colletotrichum gloeosporioides*、*Cercospora kikuchii*、*Xanthomonas campestris*、*Ralstonia solanacearum*等（農環研）
- 11 窒素固定細菌*Herbaspirillum* sp.（国際研）

● サブバンク以外からの受入実績

提供元	微生物種類	株数
東京都農林総合研究センター	糸状菌	84
千葉県農林総合研究センター	糸状菌	35
群馬県 農業技術センター	糸状菌	15
ドイツHelmholtz-Zentrum	糸状菌	13
山形県庄内総合支庁農業技術普及課	糸状菌	11
北海道立道南農業試験場	糸状菌	10
静岡県農林技術研究所	糸状菌	10
弘前大学農学生命科学部	糸状菌	9
沖縄県農業研究センター	糸状菌	7
千葉大学園芸学部	糸状菌	4
佐賀県 上場営農センター	糸状菌	4
大阪府環境農林水産総合研究所	糸状菌	2
富山県農水総技センター 園芸研	糸状菌	2
九州大学生物的防除研究施設	糸状菌	2
クミアイ化学工業(株)生物科学研究所	糸状菌	2
愛媛県農林水産研究所	糸状菌	2
青森県産業技術センター農林総合研	糸状菌	1
長野県野菜花き試験場	糸状菌	1
(独)産業技術総合研研究所	糸状菌	1
愛知県立稲沢高等学校	糸状菌	1
近農研(非サブバンク担当職員)	糸状菌	1
農環研(非サブバンク担当職員)	細菌・放線菌	2
北海道大学大学院農学研究院	細菌	15
高知県病害虫防除所	細菌	10
京都府農林水産技術センター	植物ウイルス	2
個人(3名)	糸状菌等	104
合計		350

2) 微生物遺伝資源の増殖・保存

<平成24年度実績>

実施機関	H23実績 保存 株数	H24計画株数						アクティブ 率	H24実績株数						達成率		
		新規 保存	センター 移管	保存		計	アクティブ 率		新規 保存	センター 移管	登録 抹消	保存		計	アクティブ 率	センター 移管	保存 (移管含む)
				アクティブ	非アクティブ							アクティブ	非アクティブ				
生物研	24,170	431	—	20,666	4,192	24,858	83.1%	595	269	40	20,801	4,192	24,993	83.2%	—	—	
センターバンク	24,111	340	—	20,592	4,192	24,784	83.1%	350	—	40	20,766	4,192	24,958	83.2%	—	—	
サブバンク	59	91	76	74	0	74	100.0%	245	269	0	35	0	35	100.0%	353.9%	202.7%	
農研機構	3,917	402	177	1,787	2,355	4,142	43.1%	409	192	13	1,766	2,355	4,121	42.9%	108.5%	99.9%	
中央研	165	53	53	165	0	165	100.0%	52	52	13	152	0	152	100.0%	98.1%	93.6%	
果樹研	43	15	5	53	0	53	100.0%	12	9	0	46	0	46	100.0%	180.0%	94.8%	
花き研	4	10	10	4	0	4	100.0%	10	10	0	4	0	4	100.0%	100.0%	100.0%	
野茶研	0	30	30	0	0	0	—	31	31	0	0	0	0	—	103.3%	103.3%	
畜草研	28	58	56	30	0	30	100.0%	68	67	0	29	0	29	100.0%	119.6%	111.6%	
動衛研	3,677	200	0	1,522	2,355	3,877	39.3%	200	0	0	1,522	2,355	3,877	39.3%	—	100.0%	
食総研	0	23	23	0	0	0	—	23	23	0	0	0	0	—	100.0%	100.0%	
北農研	—	13	0	13	0	13	100.0%	13	0	0	13	0	13	100.0%	—	100.0%	
近農研	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	
農環研	246	81	80	213	34	247	86.2%	96	75	0	233	34	267	87.3%	93.8%	104.6%	
国際研	0	2	0	2	0	2	100.0%	1	1	0	0	0	0	—	—	—	
合計	28,333	916	333	22,668	6,581	29,249	77.5%	1,101	537	53	22,800	6,581	29,381	77.6%	161.3%	100.5%	

916 増
(対 H23実績)

1,048 増
(新規保存—登録抹消)

1,048 増
(対 H23実績)

微生物種類	H23実績 保存 株数	H24計画株数						アクティブ 率	H24実績株数						達成率		
		新規 保存	センター 移管	保存		計	アクティブ 率		新規 保存	センター 移管	登録 抹消	保存		計	アクティブ 率	センター 移管	保存 (移管含む)
				アクティブ	非アクティブ							アクティブ	非アクティブ				
細菌	10,190	327	147	7,725	2,792	10,517	73.5%	287	117	21	7,664	2,792	10,456	73.3%	79.6%	99.4%	
放線菌	316	0	0	157	159	316	49.7%	2	1	0	159	159	318	50.0%	—	100.6%	
動物マイコプラズマ	167	5	0	85	87	172	49.4%	5	0	0	85	87	172	49.4%	—	100.0%	
ファイトプラズマ	19	0	0	0	19	19	0.0%	0	0	0	0	19	19	0.0%	—	100.0%	
リケッチア	4	3	0	3	4	7	42.9%	3	0	0	3	4	7	42.9%	—	100.0%	
酵母	615	6	1	216	405	621	34.8%	5	3	0	215	405	620	34.7%	300.0%	99.8%	
糸状菌	15,799	442	185	13,570	2,671	16,241	83.6%	665	415	19	13,774	2,671	16,445	83.8%	224.3%	101.3%	
昆虫・動物ウイルス	624	71	0	341	354	695	49.1%	71	1	0	341	354	695	49.1%	—	100.0%	
植物ウイルス	265	42	0	268	39	307	87.3%	43	0	1	268	39	307	87.3%	—	100.0%	
バクテリオファージ	98	5	0	103	0	103	100.0%	5	0	0	103	0	103	100.0%	—	100.0%	
ウイルス	15	0	0	15	0	15	100.0%	0	0	0	15	0	15	100.0%	—	100.0%	
原虫	56	3	0	13	46	59	22.0%	3	0	0	13	46	59	22.0%	—	100.0%	
線虫	150	12	0	162	0	162	100.0%	12	0	12	150	0	150	100.0%	—	92.6%	
細胞融合微生物	10	0	0	5	5	10	50.0%	0	0	0	5	5	10	50.0%	—	100.0%	
細胞性粘菌	5	0	0	5	0	5	100.0%	0	0	0	5	0	5	100.0%	—	100.0%	
合計	28,333	916	333	22,668	6,581	29,249	77.5%	1,101	537	53	22,800	6,581	29,381	77.6%	161.3%	100.5%	

916 増
(対 H23実績)

1,048 増
(新規保存—登録抹消)

1,048 増
(対 H23実績)

● 増殖・保存委託課題

<平成24年度実績>

農業生物資源ジェンバンク事業が保存するCercospora属とその関連属菌類の分類検証

実施機関 三重大学大学院・生物資源学研究所

実施年度 平成24年度

Cercospora 属とその関連属菌の300株に対し最新の分類体系における学名の確定を行っている。約80株は新規に塩基配列(4領域450シーケンス)を取得、その他は既存の配列を用いて調査中で年内に完了の見込みである。

農業生物資源ジェンバンク事業が保存するErwinia carotovora アブラナ科およびウリ科系統の分類検証

実施機関 静岡大学・創造科学技術大学院

実施年度 平成24年度

Erwinia carotovora として扱われてきた菌株の新たな分類体系における学名を確定するため、昨年度に開発したPCR-RFLP法および細菌学的性状の違いに基づく系統判別法を、ジェンバンク保存のアブラナ科およびウリ科分離株に適用した。検討対象の114株のうち約60株について調査を終了し、*Pectobacterium carotovorum* ssp. *carotovorum* 以外にもssp. *odoriferum* やssp. *brasiliensis* が多数含まれていることを明らかにできた。残りの株については現在調査中であり、年内に完了の見込みである。

農業生物資源ジェンバンク事業が保存するBradyrhizobium属根粒菌とAzospirillum属窒素固定菌の分類検証

実施機関 東京農工大学大学院・共生科学技術研究院・生命農学部門

実施年度 平成24年度

日本や東南アジア地域で多様な植物から採取され*Bradyrhizobium* sp.として登録された65菌株に関して分類検証を行った結果、大部分は*B. japonicum*, *B. liaoningense*, *B. yuanmoingense*, *B. genosp.*等に分類されることが分かった。一方、210191株はフィリピンのモダマから単離された根粒菌で*Labrys ginsengisoli*と判定され、根粒形成能を確認できれば新種の根粒菌となる。また、210325株、210408株、210535株及び211645株は*Bacillus*属と高い相同性を有しており、根粒形成遺伝子等の確認が必要と思われた。沖縄のサトウキビ等から単離された*Herbaspirillum rubrisubalbicans* 20株を再検証した結果、登録時の菌株と同じ種に属することが再確認できた。一方、日本各地で単離され*Herbaspirillum* sp.として登録された11株は、*H. seropedicae*, *H. frisingense*あるいは*H. huttiense*と高い類縁性があることが分かった。

農業生物資源ジェンバンク事業が保存するRalstonia属細菌のsequevar型別

実施機関 農業環境技術研究所・生物生態機能研究領域

実施年度 平成24年度

ジェンバンク保存の*Ralstonia*属細菌について、エンドグルカナーゼ遺伝子の塩基配列に基づいたsequevar型別判定を行った結果、供試菌株は8つのsequevar (8, 13~17, 34, 44)に型別され、特にsequevar 8とsequevar 15の株が多数を占めることが明らかとなった。また、いずれのsequevarにも型別されない株も存在した。配布対象とされている菌株の中から、sequevar型別を行う上での推奨株となるものを選定することができた。

農業生物資源ジェンバンク事業が保存するBipolarisおよびCurvularia属菌の分類検証

実施機関 畜産草地研究所・飼料作物研究領域

実施年度 平成24年度

NIAS微生物ジェンバンクで保存する*Bipolaris*および*Curvularia*属菌の分類を再検証するため、昨年度と同様に形態およびrDNA-ITS領域の塩基配列による分子系統解析により、学名の妥当性の検証を行った。検証対象の70株のうち約65株について調査を終了し、付された学名は概ね妥当であったが、最新の分類に基づき、*B. salkadehensis*等と同定される菌株も存在していることを明らかにした。残りの株については現在調査中であり、年内に完了の見込みである。

3) 微生物遺伝資源の特性評価

<平成24年度実績>

実施機関	計画延べ特性数※		
	アクティブ	非アクティブ	計
生物研サブバンク	402	3	405
農研機構	826	0	826
中央研	58	0	58
果樹研	6	0	6
花き研	12	0	12
野茶研	70	0	70
畜草研	230	0	230
動衛研	396	0	396
食総研	41	0	41
北農研	13	0	13
近農研	—	—	—
農環研	515	0	515
国際研	4	0	4
合計	1,747	3	1,750

実績延べ特性数			達成率		
アクティブ	非アクティブ	計	アクティブ	非アクティブ	計
477	3	480	118.7%	100.0%	118.5%
908	0	908	109.9%	—	109.9%
56	0	56	96.6%	—	96.6%
9	0	9	150.0%	—	150.0%
12	0	12	100.0%	—	100.0%
62	0	62	88.6%	—	88.6%
313	0	313	136.1%	—	136.1%
414	0	414	104.5%	—	104.5%
41	0	41	100.0%	—	100.0%
1	0	1	7.7%	—	7.7%
—	—	—	—	—	—
649	0	649	126.0%	—	126.0%
2	0	2	50.0%	—	50.0%
2,036	3	2,039	116.5%	100.0%	116.5%

微生物種類	計画延べ特性数		
	アクティブ	非アクティブ	計
細菌	899	0	899
放線菌	0	0	0
動物マイコプラズマ	10	0	10
ファイトプラズマ	0	0	0
リケッチア	3	0	3
酵母	1	0	1
糸状菌	622	3	625
昆虫・動物ウイルス	141	0	141
植物ウイルス	2	0	2
バクテリオファージ	40	0	40
ウイロイド	0	0	0
原虫	3	0	3
線虫	26	0	26
細胞融合微生物	0	0	0
細胞性粘菌	0	0	0
合計	1,747	3	1,750

実績延べ特性数			達成率		
アクティブ	非アクティブ	計	アクティブ	非アクティブ	計
972	0	972	108.1%	—	108.1%
0	0	0	—	—	—
5	0	5	50.0%	—	50.0%
0	0	0	—	—	—
3	0	3	—	—	—
1	0	1	100.0%	—	100.0%
839	3	842	134.9%	100.0%	134.7%
151	0	151	107.1%	—	107.1%
1	0	1	50.0%	—	50.0%
40	0	40	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
4	0	4	133.3%	—	133.3%
20	0	20	76.9%	—	76.9%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
2,036	3	2,039	116.5%	100.0%	116.5%

※ 延べ特性数＝特性種別の数×調査株数

● サブバンクの主な特性評価の成果

1 (生物研)

Colletotrichum acutatum species complex菌株の分子再同定、ボタンボウフウ斑点病の病原菌同定と特性調査を行った。*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *X. axonopodis* pv. *glycines*, *X. oryzae* pv. *oryzae*のイネ各品種に対する病原性調査、準同質遺伝子系統を用いたイネ白葉枯病菌レース判別を行った。

2 (中央研)

日本国内(愛知県、秋田県)の*Pyricularia grisea*のレースを調査した。*Ralstonia solanacearum*のトマト等への病原性、生理型を調べた。

3 (果樹研)

*Armillaria mellea*の果樹類に対する病原性を調べ、*Valsa ceratosperma*のリンゴ切枝に対する病原性を確認した。また、*V. ceratosperma*のマイコウイルス保有を調査した。

4 (花き研)

花きに病原性を有する*Pythium*様糸状菌の単離と評価を行った。

5 (野茶研)

チャ病原糸状菌*Pestalotiopsis longiseta*の薬剤耐性や、*Xanthomonas*, *Pantoea*, *Pseudomonas*等、野菜細菌病菌の細菌学的特性等の調査を行った。キャベツ黒すす病菌*Alternaria brassicicola*の病原性を確認した。

6 (畜草研)

サイレージ、沖縄発酵食品、野沢菜漬け、鶏消化管より分離した乳酸菌の生理的性質や糖資化性等の特性解析を行った。各地から採集したトウモロコシ根腐病菌(*Pythium arrhenomanes*他)のrDNA-ITS配列およびトウモロコシ幼苗に対する病原性を明らかにした。各種野生植物から採集したエンドファイト(*Epichloe baconii*他)のrDNA-ITS配列を解明した。

7 (動衛研)

大腸菌のO抗原型、抗生物質等の薬剤の耐性・感受性を調べた。サルモネラ菌のゲノムのPFGE型を調べるとともに特定遺伝子の有無、また、抗生物質等の薬剤の耐性・感受性、O及びH抗原型、抗生物質等の薬剤の耐性・感受性を調べた。ウェルシュ菌の溶血性、レシチナーゼ、リパーゼ産生能、毒素生産性を調べ、型別を行った。アカバネウイルス、牛コロナウイルスの特定遺伝子に対するPCRを行い、それら増幅産物の塩基配列を決定するとともに、系統樹解析を行い遺伝子型を調べた。

8 (食総研)

肉および野菜から分離した腸球菌(*Enterococcus* spp.)の抗生物質耐性スペクトルを測定した。*Aspergillus oryzae*分離菌のプロテアーゼ等、酵素生産性の比較調査を行った。

9 (北農研)

*Tomato bushy stunt virus*について宿主範囲を調査した。

10 (農環研)

*Ralstonia solanacearum*のナス科植物への病原性、*Colletotrichum gloeosporioides*のイチゴやアセビに対する病原性、*Chromobacterium violaceum*の生理的特性を調査するとともに、*Gibberella fujikuroi*の薬剤耐性を調査した。ネコブセンチュウの形態と、病原性を調査した。

11 (国際農研)

Herbaspirillum sp.の16S rRNA遺伝子および窒素固定遺伝子*nifH*の部分塩基配列を決定した。

● 特性評価委託課題

<平成24年度実績>

Pseudomonas syringae 群細菌の薬剤感受性の評価

実施機関 東京農業大学 農学部

実施年度 平成24年度

Pseudomonas syringae 群細菌と対照菌株を合わせた215菌株を対象として、ストレプトマイシン硫酸塩および無機銅に対する最小生育阻止濃度(MIC)を調査した。*P. syringae* 群細菌のストレプトマイシン硫酸塩に対するMICは菌株ごとに異なっており、1,000～1.95ppmの範囲に分布していたが、1.95ppmのものが多く認められた。無機銅のMICに関しても同様に4,800～18.8ppmの範囲でばらついたが、多くの菌株は4,800ppmという高濃度の条件下でも生育が可能であった。

3. 動物遺傳資源部門

1)動物遺伝資源の収集・受入

<平成24年度実績>

実施機関	対象動物	対象地域/機関	収集点数	備考
(独)農業生物資源研究所	カイコ 培養細胞	埼玉県/片倉工業(株) 茨城県/農研機構中央 農業研究センター	4 3	中国種3、日本種1 XcGV enhancing-2 protein に抗体産生ハイ ブリドーマ細胞
(独)農業・食品産業技術総合研究機構 畜産草地研究所	ウシ(凍結精液)	茨城県/茨城県畜産セ ンター	2	黒毛和種・茂波系
(独)家畜改良センター	ヒツジ(凍結精液)	北海道/民間	1	ジェイコブ種
新規合計			10	

追加導入

実施機関	対象動物	対象地域/機関	収集点数	備考
(独)家畜改良センター	ウマ(凍結精液) ヒツジ(凍結精液) 鶏(始原生殖細胞)	沖縄県/与那国馬保存 会 北海道/民間 兵庫県/兵庫牧場	1 5 1	与那国馬、2月導入予定 フィニッシュランドレース種、メリノー種、ヒル ラドナー種、ブラックフェイス種、テクセル種 烏骨鶏
追加合計			7	

廃棄

実施機関	対象動物	対象地域/機関	収集点数	備考
(独)農業生物資源研究所	カイコ		1	飼育継続が困難なため消失
追加合計			1	

2) 動物遺伝資源の増殖・保存

<平成24年度実績>

動物種類／実施機関	H23 保存 実績	H24計画点数				アクティブ 率
		新規 保存	保存		計	
			アクティブ*	非アクティ		
全体						
ウシ	76	2	43	35	78	55.1%
スイギュウ	1	0	1	0	1	100.0%
ウマ	6	0	5	1	6	83.3%
ヒツジ	13	1	3	11	14	21.4%
ヤギ	20	0	20	0	20	100.0%
ブタ	39	0	21	18	39	53.8%
ウサギ	4	0	4	0	4	100.0%
家禽	94	0	56	38	94	59.6%
ミツバチ	2	0	0	2	2	0.0%
カイコ	721	4	603	122	725	83.2%
昆虫培養細胞	110	0	28	82	110	25.5%
天敵昆虫	4	0	2	2	4	50.0%
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%
検定用昆虫	10	0	5	5	10	50.0%
合計	1,102	7	791	318	1,109	71.3%

H24実績点数						保存 達成率
新規 保存	登録 抹消	保存			アクティブ 率	
		アクティブ*	非アクティ	計		
2	0	43	35	78	55.1%	100.0%
0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
0	0	6	0	6	100.0%	100.0%
1	0	13	1	14	92.9%	100.0%
0	0	20	0	20	100.0%	100.0%
0	0	21	18	39	53.8%	100.0%
0	0	4	0	4	100.0%	100.0%
0	0	56	38	94	59.6%	100.0%
0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
4	1	602	122	724	83.1%	99.9%
3	0	28	85	113	24.8%	102.7%
0	0	2	2	4	50.0%	100.0%
0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
0	0	5	5	10	50.0%	100.0%
10	1	801	310	1,111	72.1%	100.2%

9 増
(対 H23実績)

動物種類／実施機関	H23 保存 実績	H24計画点数					アクティブ 率
		新規 保存	保存			計	
			アクティブ	非アクティ	計		
生物研							
ウシ	26	0	11	15	26	42.3%	
ブタ	27	0	10	17	27	37.0%	
家禽	51	0	22	29	51	43.1%	
カイコ	721	4	603	122	725	83.2%	
昆虫培養細胞	110	0	28	82	110	25.5%	
計	935	4	674	265	939	71.8%	
農研機構 畜草研							
ウシ	26	2	13	15	28	46.4%	
スイギュウ	1	0	1	0	1	100.0%	
ヒツジ	1	0	0	1	1	0.0%	
ヤギ	1	0	1	0	1	100.0%	
ブタ	8	0	7	1	8	87.5%	
家禽	26	0	17	9	26	65.4%	
ミツバチ	2	0	0	2	2	0.0%	
計	65	2	39	28	67	58.2%	
農環研							
天敵昆虫	4	0	2	2	4	50.0%	
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%	
検定用昆虫	10	0	5	5	10	50.0%	
計	16	0	7	9	16	43.8%	
家畜改良センター							
ウシ	24	0	19	5	24	79.2%	
ウマ	6	0	5	1	6	83.3%	
ヒツジ	12	1	3	10	13	23.1%	
ヤギ	19	0	19	0	19	100.0%	
ブタ	4	0	4	0	4	100.0%	
ウサギ	4	0	4	0	4	100.0%	
家禽	17	0	17	0	17	100.0%	
計	86	1	71	16	87	81.6%	

動物種類／実施機関	H24実績 新規 保存	登録 抹消	H24実績点数			アクティブ 率	保存 達成率
			保存				
			アクティブ	非アクティ	計		
生物研							
ウシ	0	0	11	15	26	42.3%	100.0%
ブタ	0	0	10	17	27	37.0%	100.0%
家禽	0	0	22	29	51	43.1%	100.0%
カイコ	4	1	602	122	724	83.1%	99.9%
昆虫培養細胞	3	0	28	85	113	24.8%	102.7%
計	7	1	673	268	941	71.5%	100.2%
農研機構 畜草研							
ウシ	2	0	13	15	28	46.4%	100.0%
スイギュウ	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
ヒツジ	0	0	0	1	1	0.0%	100.0%
ヤギ	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
ブタ	0	0	7	1	8	87.5%	100.0%
家禽	0	0	17	9	26	65.4%	100.0%
ミツバチ	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
計	2	0	39	28	67	58.2%	100.0%
農環研							
天敵昆虫	0	0	2	2	4	50.0%	100.0%
天敵餌用昆虫	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
検定用昆虫	0	0	5	5	10	50.0%	100.0%
計	0	0	7	9	16	43.8%	100.0%
家畜改良センター							
ウシ	0	0	19	5	24	79.2%	100.0%
ウマ	0	0	6	0	6	100.0%	100.0%
ヒツジ	1	0	13	0	13	100.0%	100.0%
ヤギ	0	0	19	0	19	100.0%	100.0%
ブタ	0	0	4	0	4	100.0%	100.0%
ウサギ	0	0	4	0	4	100.0%	100.0%
家禽	0	0	17	0	17	100.0%	100.0%
計	1	0	82	5	87	94.3%	100.0%

2) 動物遺伝資源の増殖・保存(ANJP番号版)

<平成24年度実績> ANJP番号では家畜の基本単位を個体により管理する。

動物種類／実施機関	H23 保存 実績	H24計画点数					アクティブ 率	H24実績点数					保存 達成率	
		新規 保存	保存			アクティブ 率		新規 保存	登録 抹消	保存				アクティブ 率
			アクティブ	非アクティ	計					アクティブ	非アクティ	計		
全体														
ウシ	462	2	323	141	464	69.6%	2	0	323	141	464	69.6%	100.0%	
スイギュウ	1	0	1	0	1	100.0%	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%	
ウマ	26	1	27	0	27	100.0%	1	0	27	0	27	100.0%	100.0%	
ヒツジ	42	4	45	1	46	97.8%	4	0	45	1	46	97.8%	100.0%	
ヤギ	58	0	58	0	58	100.0%	0	0	58	0	58	100.0%	100.0%	
ブタ	213	0	196	17	213	92.0%	0	0	196	17	213	92.0%	100.0%	
ウサギ	110	0	110	0	110	100.0%	0	0	110	0	110	100.0%	100.0%	
家禽	89	0	68	21	89	76.4%	0	0	68	21	89	76.4%	100.0%	
ミツバチ	2	0	0	2	2	0.0%	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%	
カイコ	721	4	603	122	725	83.2%	4	1	602	122	724	83.1%	99.9%	
昆虫培養細胞	110	0	28	82	110	25.5%	3	0	28	85	113	24.8%	102.7%	
天敵昆虫	4	0	2	2	4	50.0%	0	0	2	2	4	50.0%	100.0%	
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%	
検定用昆虫	10	0	5	5	10	50.0%	0	0	5	5	10	50.0%	100.0%	
合計	1,850	11	1,466	395	1,861	78.8%	14	1	1,465	398	1,863	78.6%	100.1%	

13 増
(対 H23実績)

動物種類／実施機関	H23 保存 実績	H24計画点数					アクティブ 率
		新規 保存	保存			計	
			アクティブ	非アクティ	計		
生物研							
ウシ	209	0	131	78	209	62.7%	
ブタ	155	0	143	12	155	92.3%	
家禽	50	0	34	16	50	68.0%	
カイコ	721	4	603	122	725	83.2%	
昆虫培養細胞	110	0	28	82	110	25.5%	
計	1,245	4	939	310	1,249	75.2%	
農研機構 畜草研							
ウシ	35	2	13	24	37	35.1%	
スイギュウ	1	0	1	0	1	100.0%	
ヒツジ	1	0	0	1	1	0.0%	
ヤギ	1	0	1	0	1	100.0%	
ブタ	10	0	5	5	10	50.0%	
家禽	27	0	21	6	27	77.8%	
ミツバチ	2	0	0	2	2	0.0%	
計	77	2	41	38	79	51.9%	
農環研							
天敵昆虫	4	0	2	2	4	50.0%	
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%	
検定用昆虫	10	0	5	5	10	50.0%	
計	16	0	7	9	16	43.8%	
家畜改良センター							
ウシ	233	0	195	38	233	83.7%	
ウマ	26	1	27	0	27	100.0%	
ヒツジ	35	4	39	0	39	100.0%	
ヤギ	57	0	57	0	57	100.0%	
ブタ	49	0	49	0	49	100.0%	
ウサギ	110	0	110	0	110	100.0%	
家禽	18	0	18	0	18	100.0%	
計	528	5	495	38	533	92.9%	

動物種類／実施機関	H23 保存 実績	H24実績点数					アクティブ 率	保存 達成率	
		新規 保存	登録 抹消	保存					計
				アクティブ	非アクティ	計			
生物研									
ウシ	209	0	0	131	78	209	62.7%	100.0%	
ブタ	155	0	0	143	12	155	92.3%	100.0%	
家禽	50	0	0	34	16	50	68.0%	100.0%	
カイコ	721	4	1	602	122	724	83.1%	99.9%	
昆虫培養細胞	110	3	0	28	85	113	24.8%	102.7%	
計	1,245	7	1	938	313	1,251	75.0%	100.2%	
農研機構 畜草研									
ウシ	35	2	0	13	24	37	35.1%	100.0%	
スイギュウ	1	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%	
ヒツジ	1	0	0	0	1	1	0.0%	100.0%	
ヤギ	1	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%	
ブタ	10	0	0	5	5	10	50.0%	100.0%	
家禽	27	0	0	21	6	27	77.8%	100.0%	
ミツバチ	2	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%	
計	77	2	0	41	38	79	51.9%	100.0%	
農環研									
天敵昆虫	4	0	0	2	2	4	50.0%	100.0%	
天敵餌用昆虫	2	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%	
検定用昆虫	10	0	0	5	5	10	50.0%	100.0%	
計	16	0	0	7	9	16	43.8%	100.0%	
家畜改良センター									
ウシ	233	0	0	195	38	233	83.7%	100.0%	
ウマ	26	1	0	27	0	27	100.0%	100.0%	
ヒツジ	35	4	0	39	0	39	100.0%	100.0%	
ヤギ	57	0	0	57	0	57	100.0%	100.0%	
ブタ	49	0	0	49	0	49	100.0%	100.0%	
ウサギ	110	0	0	110	0	110	100.0%	100.0%	
家禽	18	0	0	18	0	18	100.0%	100.0%	
計	528	5	0	495	38	533	92.9%	100.0%	

●増殖・保存課題

平成24年度課題

実施機関	支場・部・科・課	課題名	平成24年度実績	今後の成果の利用について
農研機構 畜産草地研究所	家畜育種繁殖研究領域	ニワトリ始原生殖細胞超低温保存法のウズラ遺伝資源保存への応用	凍結融解PGCを移植し、作出された生殖系列キメラのうち、これまでに性成熟に達したウズラ13羽の交配試験を実施し、凍結融解PGC由来の産子が得られるかを確認しているところである。なお非凍結PGCを移植して作出された生殖系列キメラで、交配試験により移植PGC由来の産子が確認された個体については、キメラ同士の間組み合わせによる交配を行っており、移植PGC由来の産子が得られている。これによりウズラにおいても移植PGC由来の精子と卵子の受精が可能であることが示された。	本研究により、これまで開発してきたニワトリにおけるPGC凍結法および個体再生法が他の鳥類にも応用できれば、PGCの凍結保存による家禽遺伝資源の保存技術は実用化へ向けて前進すると考える。少なくともウズラにおいても非凍結であれば個体再生は可能であることが確認されたので、1個体から得られる数が少ない細胞であるPGCを有効に保存するためには種を超えて効率的なPGC凍結保存法の開発やPGCの培養技術の開発が必要である。

3) 動物遺伝資源の特性評価

<平成24年度実績>

実施機関	1次特性			2次特性			3次特性			新規等			計		
	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率	計画	実績	達成率
生物研															
家畜・家禽	0	0	—	0	0	—	0	0	—	0	0	—	0	0	—
カイコ	0	0	—	0	0	—	0	0	—	610	598	98.0%	610	598	98.0%
昆虫培養細胞	0	0	—	0	0	—	0	0	—	0	0	—	0	0	—
小計	0	0	—	0	0	—	0	0	—	610	598	98.0%	610	598	98.0%
農研機構 畜草研															
家畜・家禽	45	45	100.0%	21	21	100.0%	36	30	83.3%	0	0	—	102	96	94.1%
農環研															
検定用昆虫	2	2	100.0%	2	2	100.0%	3	3	100.0%	0	0	—	7	7	100.0%
家畜改良センター															
家畜・家禽	1	0	0.0%	24	47	195.8%	43	58	134.9%	0	0	—	68	105	154.4%
計	48	47	97.9%	47	70	148.9%	82	91	111.0%	610	598	98.0%	787	806	102.4%

1次特性: 品種系統などの識別に必要な形態的特性(観察または簡単な測定で調査)

2次特性: 遺伝資源として利用上重要な体重、体型、生理特性および血液型(高度な分析技術を要する染色体特性等を含む)

3次特性: 経済能力に関する特性(繁殖特性を含む)

●特性評価課題

平成24年度課題

実施機関	支場・部・科・室	課題名	平成24年度実績	今後の成果の利用について
農研機構畜産草地研究所	家畜育種繁殖研究領域	ミツバチ性決定遺伝子多型の世代変遷の解析と系統保存への利用	<p>畜産草地研究所で飼養しているセイヨウミツバチ5群を用いて2世代、PCR-RFLP法でcsdの多型を調べた。雄蜂は、女王の生殖細胞と同じ型を示し、一群に2種の多型が出現するはずにもかかわらず、3種の多型を示す群があった。また、出てこないはずの多型を示す働き蜂個体が存在した。これらの例外を除き、csdの多型の総数は、5群全体で40(一世代目)と42(二世代目)であり、また世代間で共通の多型は少なかった。また、働き蜂と雄蜂の多型から女王の交尾する雄の頭数を推定したところ、8~12匹の雄と女王は交尾していることが推定された。例外は、他の群からの迷い込みによると考えられる。また、5群の調査であったが非常に高頻度にcsdは多型を示すことが明らかになった。このことは、通常の飼養では、近親交配を考慮する必要が無いことを示すが、系統維持においては、大きな阻害要因であり、人工授精等の技術の活用が不可欠であることを示唆する。</p> <p>(尚3世代目は、春以降解析する予定である)</p>	<p>csdの多型を用いて、女王の交尾雄頭数などの基本情報が推定できるし、また迷い込みなどの迷い込みなども推定できることがわかり、csdは集団の様相を調べる指標としても有効であることがわかった。今後このcsdの多型情報を用いて、近親交配を避けた系統保存に役立てることができる。また、遅れているミツバチの選抜育種においても有効な指標となる。</p>

4. DNA部門

1) 植物(イネ等)DNAの受入・保存・提供

<平成24年度実績>

区分	アクティブコレクション						非アクティブコレクション				配布用DNA(プラスミド)				
	前年度 末現在	H24保存数の増減					前年度 末現在	H24保存数の増減			前年度 末現在	H24保存数の増減			
		収集	受入	移管	廃棄	H24末 現在		受入	廃棄	H24末 現在		増殖	配布	廃棄	H24末 現在
cDNAクローン	232,313	0	0	0	0	232,313	5,000	0	0	5,000	0	0	0	0	0
RFLPマーカ-	1,713	0	0	0	0	1,713	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFLPマーカ-セット *1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YACクローン	7,606	0	0	0	0	7,606	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YACフィルター *2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PAC&BACクローン	1,176	0	0	0	0	1,176	0	170,000	0	170,000	0	10	10	0	0
クローン数 計	242,808	0	0	0	0	242,808	5,000	170,000	0	175,000	0	10	10	0	0
セット数 計	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0

アクティブコレクション: 配布対象になっているもの、非アクティブコレクション: 配布対象になっていないもの

*1 RFLPマーカ-セット: 192クローン/2プレート/セット

*2 YACフィルター: 12年度より7606クローン/1フィルター(11年度までは6952クローン/5フィルター/1セット)

2)家畜(ブタおよびウシ等)DNAの受入・保存・提供

<平成24年度実績>

区分	アクティブコレクション					非アクティブコレクション				配布用DNA(プラスミド)					
	前年度 末現在	H24保存数の増減				前年度 末現在	H24保存数の増減			前年度 末現在	H24保存数の増減				
		収集	受入	移管	廃棄		H24末 現在	受入	廃棄		H24末 現在	増殖	配布	廃棄	H24末 現在
cDNAクローン	10,147	0	0	0	0	10,147	12,864	0	0	12,864	0	0	0	0	0
コスミッドクローン	0	0	0	0	0	0	1,800	0	0	1,800	0	0	0	0	0
BACクローン *1	153,488	0	0	0	0	153,488	0	0	0	0	0	0	0	0	0
クローン数 計	163,635	0	0	0	0	163,635	14,664	0	0	14,664	0	0	0	0	0

アクティブコレクション:配布対象になっているもの、非アクティブコレクション:配布対象になっていないもの

*1 BACクローンは96穴のプレートにそれぞれクローン毎に格納されており、1078枚のプレートから成っている。

全クローンを増殖し、適当数のクローン毎にDNAを混ぜ、スクリーニングし易い形で配布。

3) 昆虫(カイコ等)DNAの受入・保存・提供

<平成24年度実績>

区分	アクティブコレクション						非アクティブコレクション				配布用DNA(プラスミド)					
	前年度 末現在	H24保存数の増減					前年度 末現在	H24保存数の増減			前年度 末現在	H24保存数の増減				
		収集	受入	移管	廃棄	H24末 現在		受入	廃棄	H24末 現在		増殖	配布	廃棄	H24末 現在	
cDNAクローン	21,979	0	0	0	0	21,979	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BACクローン *1	44,160	0	0	0	0	44,160	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
クローン数 計	66,139	0	0	0	0	66,139	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

アクティブコレクション: 配布対象になっているもの、非アクティブコレクション: 配布対象になっていないもの

*1 BACクローンは96穴のプレートにそれぞれクローン毎に格納されており、1078枚のプレートから成っている。

全クローンを増殖し、適当数のクローン毎にDNAを混ぜ、スクリーニングしやすい形で配布。

5. 生物遺伝資源の配布と情報管理提供

1) 生物遺伝資源の配布(平成 24 年度実績)

・配布事務の改善

イネゲノムリソースセンターで管理し、配布しているイネゲノムリソースのうち、DNA部分であるイネ完全長cDNA クローンをDNAバンクに組み入れ、その管理と配布を一元化するための配布事務手続きの見直しを行った。平成 25 年度からは、国内外からの支払い方法にクレジット払いを取り入れる等、利用者の利便性が向上するように改定する予定である。また、平成 22 年度から開始したオンライン申込み(植物部門・微生物部門)の利用率は 80%を超えており、効率的な事務処理が図られている。

・植物遺伝資源の配布

過去 10 年(平成 14~23 年度)の配布は、年に約 4,000~15,000 点(約 170~270 件)の間で推移してきた。年平均は 8,568 点(224 件)。平成 23 年度は 6,954 点(235 件)であった。

平成 24 年度は 9,767 点(290 件)で、昨年度の配布点数(6,954 点)に比べ 40 %増、配布件数(235 件)に比べ 23 %増となっている[表 1-1-(1)]。

・微生物遺伝資源の配布

過去 10 年(平成 14~23 年度)の配布は、年に約 700~1,800 点(約 170~270 件)の間で推移してきた。年平均は 1,239 点(216 件)。平成 23 年度は 1,898 点(276 件)であった。

平成 24 年度は 1,495 点(280 件)で、昨年度の配布点数(1,898

点)に比べ 21 %減、配布件数(276 件)に比べ 1 %増となっている[表 1-1-(2)]。

・動物遺伝資源の配布

平成 14 年度から始めた動物遺伝資源の配布は、平成 17 年度まで年に 20~40 点台で推移し、平成 18 年度の組織再編に伴うカイク配布事業の統合・拡充により増加し、平成 22 年度までは、年に約 100~700 点(約 40~50 件)の間で推移してきた。平成 23 年度は 109 点(43 件)であった。

平成 24 年度は、189 点(54 件)で、昨年度の配布点数(109 点)に比べ 73 %増、配布件数(43 件)に比べ 26 %増となっている[表 1-1-(3)]。

・DNA等の配布

DNA 部門は、平成 8 年度からイネ DNA、平成 9 年度から家畜 DNA の配布を開始し、平成 22 年度までに累計で 25,425 点配布した。独法前 5 年間(平成 8 年度~平成 12 年度)の 16,215 点と、独法後 5 年間(1 期:平成 13 年度~平成 17 年度)の 8,986 点で、累計配布点数の 99%(25,201 点)を占める。平成 23 年度の配布実績は、11 点(10 件)であった。

平成 24 年度は、16 点(10 件)で、昨年度の配布点数(11 点)に比べ 45 %増、配布件数(10 件)は同数となっている[表 1-1-(4)]。

表1-1-(1) 植物遺伝資源の平成24年度配布実績【種類別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日)

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数
稲類	50	2,862	5	132	27	1,222	20	97	6	175	108	4,488
	(10)	(967)	(1)	(8)	(4)	(30)	(3)	(20)	(2)	(28)	(20)	(1053)
麦類	25	3,210	12	138	25	1,062	16	326	5	12	83	4,748
	14	400			9	559	6	26	1	117	30	1,102
豆類	(3)	(5)			(2)	(15)					(5)	(20)
	15	739			6	11	4	14	3	12	28	776
いも類	22	729			21	1,467	9	26	5	312	57	2,534
	(5)	(8)			(2)	(8)			(2)	(183)	(9)	(199)
雑穀・特用作物	13	178	2	7	10	50	4	14	2	141	31	390
	1	1			1	1	1	2			3	4
牧草・飼料作物	1	1	1	2			1	4			3	7
	8	148	2	22	3	54	4	7	2	125	19	356
果樹類	8	251			1	4	4	6	2	9	15	270
	5	93			4	15	5	27	4	221	18	356
野菜類	7	36			9	105	3	110			19	251
	3	43	4	16			12	22	2	9	21	90
花き・緑化植物			4	8	3	25	7	12			14	45
	4	579	4	25	5	13	16	66	2	149	31	832
茶	9	355	3	29	9	16	13	51	2	5	36	456
	1	3			1	2	2	3			3	5
桑					1	1	2	2			4	6
											0	0
熱帯・亜熱帯植物											0	0
							1	4			1	4
合計											0	0
	107	4,855	15	195	71	3,333	75	276	22	1,108	290	9,767
	(18)	(980)	(1)	(8)	(8)	(53)	(3)	(20)	(4)	(211)	(34)	(1272)
	79	4,773	22	184	64	1,274	56	544	14	179	235	6,954

※1
※2

※1 ():少量配布(内数)
※2 下段は前年度実績

表1-1-(2) 微生物遺伝資源の平成24年度配布実績【種類別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日)

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数
細菌	16	55	6	22	23	527	22	49	6	39	73	692
	18	384	4	16	20	170	18	48	3	11	63	629
糸状菌	33	270	19	66	43	164	59	151	12	39	166	690
	43	400	13	37	46	515	58	169	12	61	172	1,182
植物ウイルス	5	20	2	3	8	14	8	21	2	8	25	66
	5	11	3	11	9	16	6	11			23	49
動物ウイルス			1	1							1	1
											0	0
原線虫	2	3			3	5	4	12			9	20
					5	5	6	16			11	21
放線菌	1	8			3	14					4	22
	2	2					1	2	1	1	4	5
酵母					1	2			1	2	2	4
	2	11									2	11
バクテリオファージ											0	0
											0	0
ウイロイド											0	0
			1	1							1	1
ファイトプラズマ											0	0
											0	0
合計	57	356	28	92	81	726	93	233	21	88	280	1,495
	70	808	21	65	80	706	89	246	16	73	276	1,898

※ 下段は前年度実績

表1-1-(3) 動物遺伝資源の平成24年度配布実績【種類別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日)

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数
牛(凍結精液)							1	1			1	1
											0	0
馬(血液)											0	0
											0	0
馬(生体)							1	1			1	1
馬(凍結精液)											0	0
											0	0
ブタ(凍結精液)											0	0
											0	0
ブタ(毛根)											0	0
											0	0
ブタ(生体)					1	1					1	1
ヤギ(凍結精液)											0	0
											0	0
ヤギ(毛根)											0	0
											0	0
ウサギ(血液)											0	0
											0	0
ウズラ(生体)											0	0
											0	0
ウズラ(種卵)	1	1									1	1
											0	0
ニワトリ(血液)	1	9									1	9
											0	0
ニワトリ(種卵)	1	1									1	1
											0	0
ニワトリ(凍結精液)	1	4									1	4
											0	0
天敵昆虫											0	0
											0	0
検定用昆虫											0	0
											0	0
昆虫培養細胞					1	5					1	5
					1	1					1	1
蚕種	10	96	15	17	5	8	18	47			48	168
	7	49	11	13	9	17	13	27			40	106
合計	14	111	15	17	6	13	19	48	0	0	54	189
	7	49	11	13	11	19	14	28	0	0	43	109

※ 下段は前年度実績

表1-1-(4) DNA等遺伝資源の平成24年度配布実績【種類別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日)

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数	件数	点数
イネ												
PAC/BACクローン (チューブ)	1	1			2	5			7	10	10	16
	2	3			1	1			4	4	7	8
cDNAクローン (チューブ)					1	1					0	0
											1	1
RFLPマーカー (チューブ)											0	0
											0	0
RFLPマーカー (プレート)											0	0
											0	0
計	1	1	0	0	2	5	0	0	7	10	10	16
	2	3	0	0	2	2	0	0	4	4	8	9
ブタ												
cDNAクローン (チューブ)											0	0
											0	0
完全長cDNAクローン (チューブ)							1	1	1	1	2	2
BACクローン (チューブ)											0	0
											0	0
BACクローン (スーパープール)											0	0
											0	0
BACクローン (4Dプール)											0	0
											0	0
計	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2	2
合計	1	1	0	0	2	5	0	0	7	10	10	16
	2	3	0	0	2	2	1	1	5	5	10	11

※ 下段は前年度実績

表1-2-(1) 植物遺伝資源の平成24年度配布実績【利用目的別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日) [配布点数]

利用目的	国・独法機関	都道府県	大学	民間等	外国	合計
形態特性			2	1		3
栽培特性	395	35	686	96	259	1,471
病虫害抵抗性	806	2	70	17	104	999
ストレス抵抗性	332	119	669		117	1,237
加工特性	107		99	5		211
多様性解析	1,242		413		46	1,701
遺伝子解析	1,331		829	18	1	2,179
新品種開発	137	39	96	125	434	831
教育	3		226	1	56	286
その他	502		243	13	91	849
合計	4,855	195	3,333	276	1,108	9,767

表1-2-(2) 微生物遺伝資源の平成24年度配布実績【利用目的別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日) [配布点数]

利用目的	国・独法機関	都道府県	大学	民間等	外国	合計
分類・同定	154	12	524	4	12	706
物質生産			11	17		28
物質分解		3	8			11
生物間相互作用	27		31	3	6	67
遺伝子解析	14	9	44	8	52	127
形質転換			1	3	1	5
培養・保存・増殖				5		5
薬剤感受性	34		1	6	1	42
病害診断・病原検出・検定	61	18	50	47	15	191
農薬開発・生物防除	27	20	34	101		182
発酵・食品加工						0
木材耐久性・腐朽・加工	3	18				21
きのこ生産				10		10
生理・生態	10		16		1	27
新品種開発	19	12	6	29		66
教育	7					7
その他						0
合計	356	92	726	233	88	1,495

表1-2-(3) 動物遺伝資源の平成24年度配布実績【利用目的別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日) [配布点数]

利用目的	国・独法機関	都道府県	大学	民間等	外国	合計
加工特性				6		6
生理特性	1			9		10
その他特性	5		11	14		30
多様性解析						0
遺伝子解析	97		2			99
品種保存				1		1
教育		17		9		26
その他	8			9		17
合計	111	17	13	48	0	189

表1-2-(4) DNA等遺伝資源の平成24年度配布実績【利用目的別】

(平成24年4月1日～平成25年3月31日) [配布点数]

利用目的	国・独法機関	都道府県	大学	民間等	外国	合計
イネ						
遺伝子機能解析	1		5		10	16
形質転換体作出						0
マーカー利用						0
比較ゲノム解析						0
進化・系統解析						0
教育						0
その他						0
計	1	0	5	0	10	16
ブタ						
遺伝子機能解析						0
形質転換体作出						0
マーカー利用						0
比較ゲノム解析						0
進化・系統解析						0
教育						0
その他						0
計	0	0	0	0	0	0
合計	1	0	5	0	10	16

表2-1 植物遺伝資源配布の推移

①配布先別

[上段:配布点数/下段:配布件数]

配布先	S60~H2 年度計	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
国・独法 機関	36,937 527	5,171 141	7,087 90	3,298 58	5,429 67	4,494 78	4,068 99	4,170 68	5,833 78	5,628 81	4,527 87	21,695 77	7,341 81	3,079 72	3,046 102	4,407 83	6,554 74	4,859 90	14,463 107	8,141 105	7,011 119	4,773 79	4,855 107	176,866 2,470
都道府県	792 52	223 13	158 11	699 11	30 8	627 24	522 21	151 30	473 25	106 25	80 18	302 29	158 37	1,389 28	372 35	245 38	182 35	118 22	208 42	79 27	63 11	184 22	195 15	7,356 579
大学	3,305 123	850 23	505 17	444 12	372 11	802 13	820 49	954 31	290 20	672 17	2,404 21	3,199 35	150 21	7,424 39	621 31	350 16	1,732 41	805 69	451 48	511 55	663 68	1,274 64	3,333 71	31,931 895
民間等	2,389 280	380 53	172 45	283 43	206 39	190 38	254 59	432 68	386 55	226 52	224 36	535 60	143 42	160 19	238 46	171 46	175 42	251 52	258 58	161 46	235 60	544 56	276 75	8,289 1,370
外国	4,561 224	691 43	452 27	1,034 30	692 46	140 19	236 33	1,060 30	342 28	438 13	150 22	98 15	257 14	240 12	166 9	718 6	58 14	117 9	334 15	592 15	25 7	179 14	1,108 22	13,688 667
合計	47,984 1,206	7,315 273	8,374 190	5,758 154	6,729 171	6,253 172	5,900 261	6,767 227	7,324 206	7,070 188	7,385 184	25,829 216	8,049 195	12,292 170	4,443 223	5,891 189	8,701 206	6,150 242	15,714 270	9,484 248	7,997 265	6,954 235	9,767 290	238,130 5,981

②種類別

[上段:配布点数/下段:配布件数]

種類	S60~H2 年度計	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計	
稲類	6,635 358	1,558 88	2,173 53	1,565 46	1,220 39	2,065 55	1,757 66	2,595 66	2,234 67	1,645 54	1,330 57	6,153 70	739 58	1,472 55	1,452 90	951 69	1,782 67	1,591 82	2,320 86	2,723 75	2,317 93	4,748 83	4,488 108	55,513 1,885	
麦類	16,212 213	3,237 43	4,564 29	1,342 23	2,128 33	830 22	858 54	1,009 28	1,282 18	2,689 26	1,753 27	11,522 16	5,580 21	898 19	103 13	2,462 18	2,613 14	2,611 17	2,934 14	3,162 19	3,404 20	776 28	1,102 30	73,071 745	
豆類	17,324 186	677 39	444 23	1,119 19	2,438 22	1,321 16	1,629 17	843 16	1,709 20	1,004 19	3,025 20	6,801 31	1,198 29	8,218 28	2,000 31	780 23	998 27	1,256 34	9,115 40	2,663 41	1,028 38	390 31	2,534 57	68,514 807	
いも類	143 32	26 5	26 5	647 3	72 3		104 5	8 5	36 4	1 1	5 2	107 5	30 12	23 6	9 3	44 4	54 5	55 6	11 5	9 6	8 1	7 3	4 3	1,429 124	
雑穀・特 用作物	1,679 79	913 28	403 13	598 15	488 22	1,368 20	375 42	222 19	400 24	266 19	367 15	227 17	123 16	223 21	348 21	662 25	2,511 18	284 19	484 23	334 23	418 16	270 15	356 19	13,319 529	
牧草・飼 料作物	2,454 108	222 18	403 17	157 8	62 8	232 11	429 14	728 18	374 15	580 14	84 6	200 9	60 9	881 13	38 8	118 10	462 13	114 15	452 22	237 16	270 27	251 19	356 18	9,164 416	
果樹類	150 22	96 7	1 1	76 5	14 4		110 7	37 7	16 6	5 4	5 4	21 6	26 6	20 2	11 3		30 6	21 7	12 10	16 9	53 11	45 14	90 21	855 162	
野菜類	3,383 204	580 43	348 47	175 31	300 37	418 42	578 48	1,275 40	1,241 42	848 37	783 43	765 54	257 39	537 23	476 51	784 33	205 42	133 25	216 39	286 27	439 28	456 36	832 31	15,315 1,042	
花き・緑 化植物	2 2	1 1	12 2	79 4	7 3	8 2	50 6	18 18	9 3	5 1	14 2	21 6	26 4	8 1	1 1	77 5	28 8	33 5	9 5	12 4	3 3	6 4	5 3	434 93	
茶		5 1				3 1		2 1			1 1								7 1		6 1		0 0	24 6	
桑	1 1					8 3	10 2	30 9	18 6	27 13	18 7	12 2	10 1	5 1	5 2	13 2	10 1	15 3	127 5	2 1	10 2	4 1	0 0	325 62	
熱帯・亜 熱帯植物	1 1								5 1					7 1		1 1	1 1					1 1	0 0	16 6	
コアコレ クシオン																		7 4	36 28	27 20	40 27	41 25	(30) (22)	(63) (47)	151 104
合計	47,984 1,206	7,315 273	8,374 190	5,758 154	6,729 171	6,253 172	5,900 261	6,767 227	7,324 206	7,070 188	7,385 184	25,829 216	8,049 195	12,292 170	4,443 223	5,891 189	8,701 206	6,150 242	15,714 270	9,484 248	7,997 265	6,954 235	9,767 290	238,130 5,981	

※セット単位の配布実績。H23年度から種類毎に系統数を計上するため参考配布実績(カウントしない)。

表2-2 微生物遺伝資源配布の推移

①配布先別

[上段: 配布点数/下段: 配布件数]

配布先	S63~H2 年度計	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
国・独法 機関	622 74	418 31	203 32	81 20	266 31	282 41	227 37	411 44	222 36	231 25	261 37	206 39	277 39	251 36	255 38	473 58	428 63	331 46	453 56	595 58	645 72	808 70	356 57	8,302 1,040
都道府県	75 38	27 10	20 7	13 8	13 8	26 13	23 12	56 17	41 14	54 20	51 19	52 18	65 17	165 26	82 27	89 33	116 35	149 38	223 34	125 24	76 18	65 21	92 28	1,698 485
大学	469 49	110 16	141 16	163 18	229 20	37 12	182 23	167 25	140 22	217 31	203 35	324 41	107 33	212 55	540 42	223 54	328 74	258 52	370 62	278 65	509 65	706 80	726 81	6,639 971
民間等	544 162	295 58	170 47	262 60	434 56	244 46	174 50	154 52	168 58	208 60	150 47	137 41	163 57	115 47	263 64	186 58	113 49	149 55	108 41	255 52	296 78	246 89	233 93	5,067 1,420
外国	8 4	32 2	14 2			40 10	30 4	35 10	65 5	8 2	133 17	144 34	143 26	73 11	69 14	114 14	95 20	197 25	188 23	267 17	71 15	73 16	88 21	1,887 292
合計	1,718 327	882 117	548 104	519 106	942 115	629 122	636 126	823 148	636 135	718 138	798 155	863 173	755 172	816 175	1,209 185	1,085 217	1,080 241	1,084 216	1,342 216	1,520 216	1,597 248	1,898 276	1,495 280	23,593 4,208

②種類別

[上段: 配布点数/下段: 配布件数]

種類	S63~H2 年度計	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
細菌	759 139	483 50	260 45	244 41	391 46	266 47	280 42	386 49	239 41	258 39	289 48	204 60	338 61	214 50	285 60	399 65	268 73	388 52	553 56	420 54	607 73	629 63	692 73	8,852 1,327
糸状菌	864 117	354 45	263 50	242 50	508 54	335 58	318 66	384 80	345 75	373 79	454 91	623 97	368 89	569 106	877 106	616 125	754 138	640 135	689 136	1,040 139	890 148	1,182 172	690 166	13,378 2,322
植物 ウイルス	39 19	22 9	11 4	27 12	37 14	19 11	35 15	45 16	46 15	40 10	31 9	22 11	42 17	18 9	31 14	40 14	37 18	35 16	35 9	46 15	81 20	49 23	66 25	854 325
動物 ウイルス	35 34	11 10	10 2	5 2		1 1	1 1		2 1	9 3	4 1		2 1	4 3		1 1	2 2		1 1				1 1	89 64
原線虫	5 5	1 1	2 2			4 2	1 1			2 1		1 1		1 1	5 2	1 1	4 3	11 9	1 1	5 4	1 1	21 11	20 9	86 55
マイコ プラズマ	1 1																							0 0
放線菌	6 6		2 1			2 1		2 2	1 1	17 2	14 3	13 4	4 3	7 3		15 4	10 3	4 1	7 6	4 3	16 5	5 4	22 4	151 56
酵母	9 6	11 2		1 1	6 1	2 2	1 1	6 1	3 2	19 4	6 3		1 1			3 2	1 1	1 1	50 4	5 1		11 2	4 2	140 37
バクテリオ ファージ																	4 3	4 1	5 2				0 0	13 6
ウイロイ ド																		1 1	1 1			1 1	0 0	3 3
ファイトブ ラズマ																					2 1		0 0	2 1
培養細胞 ※														3 3	11 3	10 5								24 11
合計	1,718 327	882 117	548 104	519 106	942 115	629 122	636 126	823 148	636 135	718 138	798 155	863 173	755 172	816 175	1,209 185	1,085 217	1,080 241	1,084 216	1,342 216	1,520 216	1,597 248	1,898 276	1,495 280	23,593 4,208

※H18以降は動物遺伝資源部門にて集約

表2-3 動物遺伝資源配布の推移

①配布先別 [上段: 配布点数 / 下段: 配布件数]

配布先	H14 年度	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
国・独法機関	32 12	18 7	6 3	20 7	181 20	158 20	94 17	648 12	23 7	49 7	111 14	1,340 126
都道府県	5 3	2 1		2 2	5 3	4 4	24 17	38 19	19 17	13 11	17 15	129 92
大学	2 1	19 5	12 2	5 2	21 10	28 9	49 16	28 9	41 15	19 11	13 6	237 86
民間等	10 5	4 3	8 5	13 8	38 18	21 14	19 8	34 16	31 13	28 14	48 19	254 123
外国										0 0	0 0	0 0
合計	49 21	43 16	26 10	40 19	245 51	211 47	186 58	748 56	114 52	109 43	189 54	1,960 427

②種類別 [上段: 配布点数 / 下段: 配布件数]

種類	H14 年度	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
牛(凍結精液)				1 1	4 1		11 2				1 1	17 5
馬(血液)	4 2	1 1	1 1								0 0	6 4
馬(生体)					1 1	1 1				1 1	0 0	3 3
馬(凍結精液)							2 1				0 0	2 1
ブタ(凍結精液)							12 1				0 0	12 1
ブタ(毛根)							2 1				0 0	2 1
ブタ(生体)										1 1	0 0	1 1
ヤギ(凍結精液)							3 2				0 0	3 2
ヤギ(毛根)							1 1				0 0	1 1
ウサギ(血液)							1 1				0 0	1 1
ウズラ(生体)		14 2			4 1	4 1		4 1	4 1		0 0	30 6
ウズラ(種卵)											1 1	1 1
ニワトリ(血液)								16 1			9 1	25 2
ニワトリ(種卵)								1 1			1 1	2 2
ニワトリ(凍結精液)									1 1		4 1	5 2
マウス	17 4	6 1										23 5
天敵昆虫					1 1						0 0	1 1
検定用昆虫	1 1	2 2	4 2								0 0	7 5
昆虫培養細胞※	0 0	3 3	11 3	10 5	11 4	8 3	16 5	7 2	1 1	1 1	5 1	(68)49 (27)17
蚕種	27 14	20 10	21 7	39 18	224 43	198 42	138 44	720 51	108 49	106 40	168 48	1,769 366
合計	49 21	43 16	26 10	40 19	245 51	211 47	186 58	748 56	114 52	109 43	189 54	1,960 427

※H17以前は微生物遺伝資源部門にて集約。累計欄の()はH14年度からの累計

表2-4 DNA等配布の推移

①配布先別

[上段:配布点数/下段:配布件数]

配布先	H8年度	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
国・独法機関	529 20	420 32	673 56	1,697 62	1,234 101	1,283 133	1,468 77	467 42	392 22	243 10	129 2	1 1	2 1	3 2	1 1	3 2	1 1	8,546 565
都道府県						23 4	323 7	41 3	12 1							0 0	0 0	399 15
大学	492 30	393 53	364 49	275 43	160 28	359 34	323 35	62 14	19 4	1 1		1 1	7 5	5 4	22 9	2 2	5 2	2,490 314
民間等	6 3	78 9	30 8	39 8	48 8	162 9	39 5									1 1	0 0	403 51
外国	2,529 170	1,147 154	1,513 148	2,299 163	2,289 145	1,934 113	1,345 93	421 40	26 8	43 6	15 3	21 3	5 5	3 3	9 6	5 5	10 7	13,614 1,072
合計	3,556 223	2,038 248	2,580 261	4,310 276	3,731 282	3,761 293	3,498 217	991 99	449 35	287 17	144 5	23 5	14 11	11 9	32 16	11 10	16 10	25,452 2,017

②種類別

[上段:配布点数/下段:配布件数]

種類	H8年度	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	累計
イネ																		
PAC/BACクローン (チューブ)														9 8	22 12	8 7	16 10	55 37
cDNAクローン (チューブ)	594 167	809 183	899 174	1,755 193	1,451 192	2,205 228	1,965 173	471 64	33 12	50 10	15 3		5 3			1 1	0 0	10,253 1,403
RFLPマーカー (チューブ)	2,944 43	1,168 38	1,606 60	2,465 67	2,119 61	1,325 45	452 16	156 11	50 7									12,285 348
RFLPマーカー (プレート)	2 2	17 15	15 14	9 6	13 12	8 8	1 1	1 1	4 2	1 1								71 62
YACクローン (フィルター)	16 11	17 10	10 8	7 4	8 6	3 3												61 42
合計	3,556 223	2,011 246	2,530 256	4,236 270	3,591 271	3,541 284	2,418 190	628 76	87 21	51 11	15 3	0 0	5 3	9 8	22 12	9 8	16 10	22,725 1,892
ブタ																		
cDNAクローン (チューブ)		27 2	1 1													0 0	0 0	28 3
完全長cDNAクローン (チューブ)												23 5	7 7		10 4	2 2	0 0	42 18
BACクローン (チューブ)			24 1	6 1	112 8	191 6	996 20	329 16	303 8	199 3	129 2		2 1	2 1		0 0	0 0	2,293 67
BACクローン (スーパープール)			24 2	45 3	25 2	22 1	69 4	23 2	44 2	22 1						0 0	0 0	274 17
BACクローン (4Dスーパープール)			1 1	23 2	3 1	7 2	15 3	11 5	15 4	15 2						0 0	0 0	90 20
合計		27 2	50 5	74 6	140 11	220 9	1,080 27	363 23	362 14	236 6	129 2	23 5	9 8	2 1	10 4	2 2	0 0	2,727 125

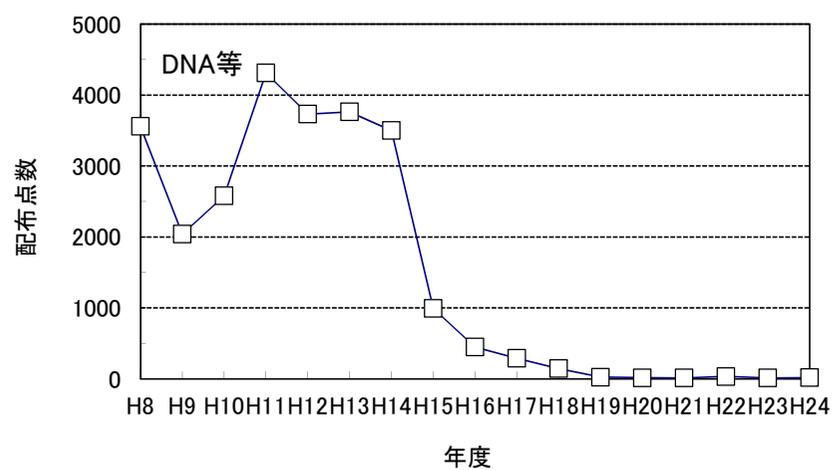
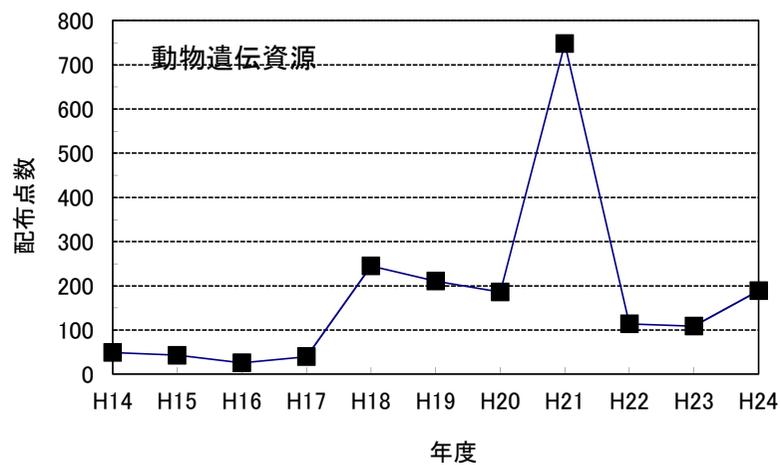
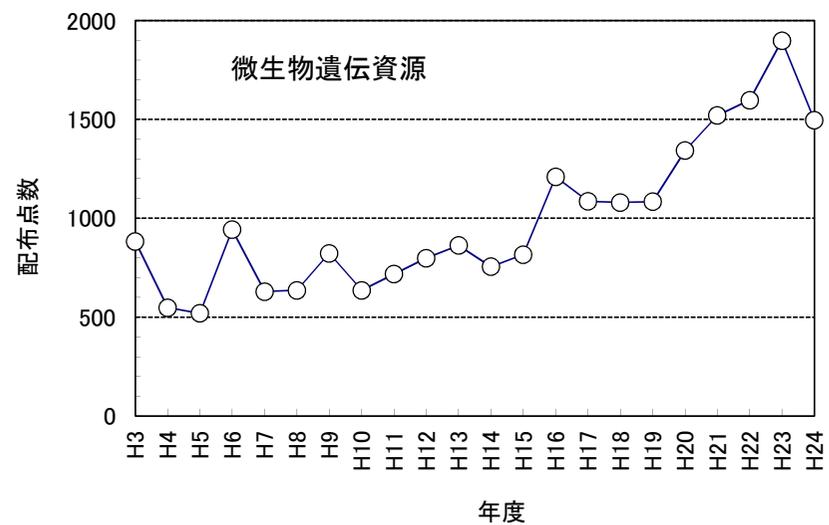
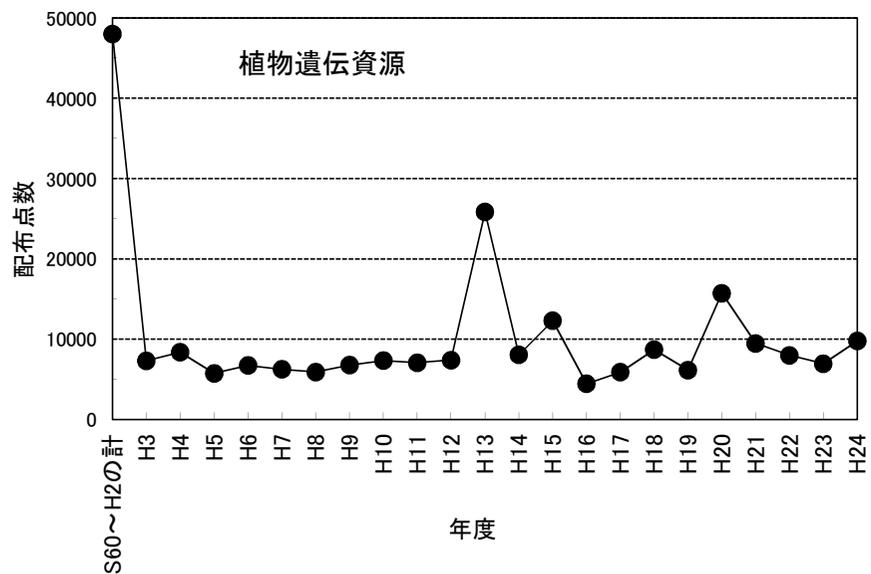


図. 生物遺伝資源配布の推移

2) 生物遺伝資源の情報管理提供

ア) 出版物

<平成24年度実績>

● 植物遺伝資源探索導入調査報告書 (第28巻)

平成25年1月発行

I. 国内探索収集調査報告

1. Collection and conservation of wild leguminous crop relatives on Oki islands, Shimane, Japan, 2011 (鳥根県隠岐島におけるマメ科植物遺伝資源の探索収集、2011年) Tomooka Norihiko・Hirashima Shinya・Inoue Junji (友岡憲彦・平島信也・井上順二)
2. Collection and conservation of wild leguminous crop relatives on Ishigaki-jima, Iriomote-jima and Kuro-shima islands, Okinawa, Japan, 2011 (沖縄県石垣島、西表島、黒島におけるマメ科植物遺伝資源の探索収集、2011年) Tomooka Norihiko・Yoshida Yutaro・Naito Ken・Akatsu Tetsuya・Yokoyama Tadashi (友岡憲彦・吉田裕太郎・内藤健・赤津哲也・横山正)
3. 紀伊半島におけるツルマメの探索・収集 山田哲也・羽鹿牧太・山田直弘・平田香里・坪倉康隆
4. 九州南部および種子島における野生大豆(ツルマメ)の収集 大木信彦・河野雄飛
5. 宮城県及び山形県におけるジュズダマ探索・収集 本田 裕
6. 宮城県北東部、大分県東部および鹿児島県薩摩半島南部の沿岸地域におけるサトウキビ野生種の探索と収集 服部太一朗・境垣内岳雄・松崎直哉・山下浩
7. 温暖地におけるクサヨシ遺伝資源の収集(2011年) 上山泰史・久保田明人
8. 沖縄県先島諸島における在来カンキツ遺伝資源の探索収集 喜多正幸・與那嶺 要・棚原 尚哉・竹内 誠人・照屋 真紀子・粟國佳史
9. 屋久島におけるブルーベリー近縁種シャシャンボの探索・収集 伊藤祐司

II. 海外共同調査報告

1. Collection and conservation of leguminous crops and their wild relatives in Cambodia, 2011 (カンボジアにおけるマメ科植物遺伝資源多様性の保全、2011年) Tomooka Norihiko・Thong Ra・Thun Vathany・Ty Channa・Ouk Makara (友岡憲彦・Thong Ra・Thun Vathany・Ty Channa・Ouk Makara)

その他

1. 北海道におけるオギ遺伝資源の探索・収集 眞田康治・小路 敦・田村健一・奥村健治
2. ラオス北部における伝統的作物および有用植物の共同現地調査(2011年) 河瀬真琴・Souvanh THADAVONG・渡邊和男
3. Collaborative Exploration for Panicum maximum Genetic Resources in Kenya, March, 2012 Masumi EBINA, David Miano MWANGI, George KEYA and Hisato OKUIZUMI

● 微生物遺伝資源利用マニュアル

平成24年12月刊行

12号 改訂第2版「青枯病菌 *Ralstonia solanacearum*」

堀田 光生・土屋 健一 (農環研・九大)

31号「植物ウイルスの特性とその保存について」

花田 薫 (生物研)

32号「野菜に病原性を示す *Sclerotium* 属菌」

窪田 昌春 (野茶研)

イ) 生物遺伝資源を利用して得られた成果

<植物遺伝資源部門>

原著論文

1. Asano Kenji, Akira Kobayashi, Shogo Tsuda, Mio Nishinaka, Seiji Tamiya (2012) DNA marker-assisted evaluation of potato genotypes for potential resistance to potato cyst nematode pathotypes not yet invading into Japan **Breeding Science** 62 (2) 142-150
2. Eda M, Izumitani A, Ichitani K, Kawase M, Fukunaga K (2012) Geographical variation of foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. based on rDNA PCR-RFLP **Genetic Resources and Crop Evolution** (Online First)
3. Iketani H., Katayama H., Uematsu C., Mase N., Sato Y. and Yamamoto T. (2012) Genetic structure of East Asian cultivated pears (*Pyrus* spp.) and their reclassification in accordance with the nomenclature of cultivated plants. **Plant Systematics and Evolution** 298: 1689-1700.
4. Isemura T, Kaga A, Tabata S, Somta P, Srinives P, Shimizu T, Jo U, Vaughan D.A, Tomooka N (2012) Construction of a genetic linkage map and genetic analysis of domestication related traits in mungbean (*Vigna radiata*) **PLoS ONE** 7(8):e41304
5. Iwanami, H., S. Moriya, N. Kotoda, N. Mimida, S. Takahashi-Sumiyoshi, K. Abe (2012) Mode of inheritance in fruit acidity in apple analysed with a mixed model of a major gene and polygenes using large complex pedigree. **Plant Breeding** 131: 322-328
6. Iwanami, H., Y. Moriya-Tanaka, C. Honda, M. Wada, S. Moriya, K. Okada, T. Haji, K. Abe (2012) Relationships among apple fruit abscission, source strength, and cultivar. **Scientia Horticulturae** 146: 39-44.
7. Katayama Hironori & Miho Tachibana & Hiroyuki Iketani & Shao-Ling Zhang & Chiyomi Uematsu (2012) Phylogenetic utility of structural alterations found in the chloroplast genome of pear: hypervariable regions in a highly conserved genome **Tree Genetics & Genomes** 8:313-326
8. Kongjaimun, A. A. Kaga, N. Tomooka, P. Somta, T. Shimizu, Y. Shu, T. Isemura, D.A. Vaughan, P. Srinives. (2012) An SSR-based linkage map of yardlong bean [*Vigna unguiculata* (L.) Walp. ssp. *unguiculata* cv.-gr. *sesquipedalis* (L.) Verdc.] and QTL analysis for pod length. **Genome** 55(2)81-92
9. Kongjaimun A, Somta P, Tomooka N, Kaga A, Vaughan D.A, Srinives P (2012) QTL mapping of pod tenderness and total soluble solid in yardlong bean [*Vigna unguiculata* (L.) Walp. subsp. *unguiculata* cv.-gr. *sesquipedalis*] **Euphytica** 189:217-223
10. Kusano M, Fukushima A, Fujita N, Okazaki Y, Kobayashi M, Fujita Oitome N, Ebana K, Saito K (2012) Deciphering starch quality of rice kernels using metabolite profiling and pedigree network analysis **Molecular Plant** 5(2):442-451
11. Kushida A, Tazawa A, Aoyama S, Tomooka N (2012) Novel sources of resistance to the soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*) found in wild relatives of azuki bean (*Vigna angularis*) and their characteristics of resistance. **Genetic Resources and Crop Evolution** (Online First)
12. Lee, H-S., Sasaki, K., Higashitani, A., Ahn S-N., Sato, T. (2012) Mapping and characterization of quantitative trait loci for mesocotyl elongation in rice (*Oryza sativa* L.) **Rice** 5:13
13. Matsubara K, Ogiso-Tanaka E, Hori K, Ebana K, Ando T, Yano M (2012) Natural variation in Hd17, a homolog of Arabidopsis ELF3 that is involved in rice photoperiodic flowering **Plant and Cell Physiology** 53(4):709-716
14. Matsuda F, Okazaki Y, Oikawa A, Kusano M, Nakabayashi R, Kikuchi J, Yonemaru J, Ebana K, Yano M, Saito K (2012) Dissection of genotype-phenotype associations in rice grains using metabolome quantitative trait loci analysis **The Plant Journal** 70(4):624-636

15. 松井勝弘・原貴洋・手塚隆久・森下敏和 (2013) 暖地・西南暖地向け秋ソバ品種「さちいずみ」の育成 *九州沖縄農業研究センター報告* (印刷中)
16. Matsunami, M., Matsunami, T., Ogawa, A., Toyofuku, K., Kodama, I., Kokubun, K. (2012) Genotypic variation in biomass production at the early vegetative stage among rice cultivars subjected to deficient soil moisture regimes and its association with water uptake capacity. *Plant Prod. Sci.* 15(2): 82-91
17. Moriya, S., H. Iwanami, N. Kotoda, T. Haji, K. Okada, S. Terakami, N. Mimida, T. Yamamoto, K. Abe (2012) Aligned genetic linkage maps of apple rootstock cultivar 'JM7' and *Malus sieboldii* 'Sanashi 63' constructed with novel EST-SSRs. *Tree Genetics & Genomes* 8: 709-723.
18. 大川雅央, 新野孝男, 白田和人, 長峰司(2012)食料農業植物遺伝資源条約の遵守と標準材料移転契約における紛争解決に関する考察 *熱帯農業研究* 5(1):25-32
19. 大川雅央, 新野孝男, 白田和人, 長峰司 (2012) 農民の権利に係る国際状況とわが国の現状に対する提言 *育種学研究* 14(1):1-8
20. Okuda, S., M. Okuda, M. Sugiyama, Y. Sakata, M. Takeshita and H. Iwai H (2013) Resistance in melon to Cucurbit chlorotic yellows virus, a whitefly-transmitted crinivirus. *European Journal of Plant Pathology* 135:313-321.
21. Pandiyan M, Senthil N, Anitha M, Raveendran M, Sudha M, Latha M, Nagarajan P, Toomoka N, Balasubramanian P (2012) Diversity analysis of *Vigna sp* through morphological markers. *Wudpecker Journal of Agricultural Research* 1(8):335-340.
22. Park Y-J, Nemoto K, Nishikawa T, Matsushima K, Minami M, Kawase M (2012) Origin and evolution of the waxy phenotype in *Amaranthus hypochondriacus*: evidence from the genetic diversity in the Waxy locus. *Molecular Breeding* 29(1):147-157
23. Park Y-J, Nishikawa T (2012) Rapid identification of *Amaranthus caudatus* and *Amaranthus hypochondriacus* by sequencing and PCR-RFLP analysis of two starch synthase genes. *Genome* 55(8): 623-628
24. Park Y-J, Nishikawa T, Tomooka N, Nemoto K (2012) Molecular cloning and expression analysis of a gene encoding soluble starch synthase I from grain amaranth (*Amaranthus cruentus* L.) *Molecular Breeding* 30(2):1065-1076
25. Takamiya T, Hosobuchi S, Seetharam K, Murakami Y, Okuizumi H (2012) Inheritance of DNA methylation in plant genome by *DNA Methylation - From Genomics to Technology* (4):69-92.
26. Taniguchi F, Fukuoka H, Tanaka J (2012) Expressed sequence tags from organ-specific cDNA libraries of tea (*Camellia sinensis*) and polymorphisms and transferability of EST-SSRs across *Camellia* species. *Breeding Science* 62(2): 186-195
27. Taniguchi F, Furukawa K, Ota-Metoku S, Yamaguchi N, Ujihara T, Kono I, Fukuoka H, Tanaka J (2012) Construction of a high-density reference linkage map of tea (*Camellia sinensis*) *Breeding Science* 62(3): 263-273
28. 谷川奈津・伴 雄介・森田裕将・中山真義・柴田道夫. (2013) 葉緑体DNA 多型によるツバキ属園芸品種‘炉開き’と‘田毎の月’の母系祖先種の解明. *園芸学研究* 12: 印刷中.
29. Tsuruta Shin-ichi, Masumi Ebina, Makoto Kobayashi, Taiichiro Hattori and Takayoshi Terauchi (2012) Analysis of genetic diversity in the bioenergy plant *Erianthus arundinaceus* (Poaceae: Andropogoneae) using amplified fragment length polymorphism markers. *Grassland Science* 58(3) 174-177.
30. Vaughan DA, Yoshida Y, Takeya M, Tomooka N (2012) Collecting the wild relatives of crops in the tropics. *Conservation of tropical plant species* pp. 27-41. Springer
31. Vaughan, D.A. (2012) The impacts of conservation of rice genetic resources. *Plant Genetic Resources for Food and Agriculture in Asia and the Pacific: Impacts and future directions* pp. 41-54 Proceedings of a symposium held in Tsukuba, Japan. FAO Regional Office for Asia and the Pacific, Bangkok, Thailand. RAP Publication 2012/1

32. 八重垣英明・土師岳・末貞佑子・中村ゆり・京谷英壽・西村幸一・三宅正則・吉田雅夫・山口正己. (2012)ウメにおける緑萼性の遺伝様式. **園芸学研究** 11: 195-198.
33. Yamamori M and Guzman C (2012) SNPs and an insertion sequence in five Wx-A1 alleles as factors for variant Wx-A1 protein in wheat. *Euphytica* (Published online: 13 December 2012).
34. Yonemaru J, Yamamoto T, Ebana K, Yamamoto E, Nagasaki H, Shibaya T, Yano M (2012) Genome-wide haplotype changes produced by artificial selection during modern rice breeding in Japan *PLoS ONE* 7(3):e32982
35. 萬屋宏・田中淳一 (2012) チャ遺伝資源におけるチャノミドリヒメヨコバイの食害被害程度と食痕数について **九州病害虫研究会報** 58: 93-99

<微生物遺伝資源部門>

原著論文

1. Addy, H.S. Askora, A. Kawasaki, T. Fujie, M. and Yamada, T. (2012) The filamentous phage ΦRSS1 enhances virulence of phytopathogenic *Ralstonia solanacearum* on tomato. *Phytopathol.*, 102(3):244-251
2. Addy, H.S. Askora, A. Kawasaki, T. Fujie, M. and Yamada, T. (2012) Loss of virulence of the phytopathogen *Ralstonia solanacearum* through infection by ΦRSM filamentous phages. *Phytopathol.*, 102(5):469-477
3. Aoki, T. Scandiani, M.M. and O'Donnell, K. (2012) Phenotypic, molecular phylogenetic, and pathogenetic characterization of *Fusarium crassistipitatum* sp. nov. a novel soybean sudden death syndrome pathogen from Argentina and Brazil. *Mycoscience*, 53(3):167-186
4. Aoki T, Tanaka F, Suga H, Hyakumachi M, Scandiani M.M, O'Donnell K (2012) *Fusarium azukicola* sp. nov., an exotic azuki bean root-rot pathogen in Hokkaido, Japan *Mycologia*, 104(5):1068-1084
5. Aoki T, Ward T J, Kistler C H, O'Donnell K (2012) Systematics, phylogeny and trichothecene mycotoxin potential of *Fusarium* head blight cereal pathogens *Mycotoxins* 62(2):91-10
6. Gappa-Adachi, R. Yano, K. Takeuchi, S. Morita, Y. and Uematsu, S. (2012)

著作物

1. 浅野賢治・黒田洋輔・鈴木達郎・森下敏和・石黒浩二 (2012)北海道農業研究センターにおけるジーンバンク事業の取り組み ― ばれいしょ、テンサイ、ソバ、キクイモ― 特産種苗 第14号

品種登録

1. いちご「PM10号」. 出願番号 27457、出願日 2012年10月12日
2. いちご「PM11号」. 出願番号 27458、出願日 2012年10月12日
3. のあさがお種「IRBl1 ライトブルー」. 出願番号 27040、出願日 2012年5月16日、出願公表の年月日 2012年9月12日、育成者の氏名 古川明美、藤田和義、森下敏和、山口博康

- Phytophthora blight of southern star (*Oxypetalum caeruleum*) caused by *Phytophthora palmivora* in Japan. *J. Gen. Plant Pathol.*, 78(1):39-42
7. 橋本 陽・佐藤玄樹・田中和明・栗原祐子 (2012) 日本新産種 *Koorchaloma madreya* および *K. novojournalis* (子のう菌門、フンタマカビ綱) の記載. *青森自然誌研究*, 17:62-64
8. Hirooka, Y. Rossman, A.Y. Samuels, G.J. Lechat, C. and Chaverri, P. (2012) .A monograph of *Allantonectria*, *Nectria*, and *Pleonectria* (*Nectriaceae*, *Hypocreales*, *Ascomycota*) and their pycnidial, sporodochial, and synnematosous anamorphs. *Stud. Mycol.*, 71(1):1-210
9. Kanamaru, S. Honma, M. Murakami, T. Tsushima, T. Kudo, S. Tanaka, K. Nihei, K. Nehira, T. and Hashimoto, M. (2012) Absolute stereochemistry of altersolanol A and alterporriols. *Chirality*, 24:137-146
10. Kushiro M, Saitoh H, Sugiura Y, Aoki T, Kawamoto S, Sato T (2012) Experimental infection of *Fusarium proliferatum* in *Oryza sativa* plants; fumonisin B₁ production and survival rate in grains *International Journal of Food Microbiology* 156(3):204-208
11. 三澤知央 (2012) 北海道で発生した園芸作物の新病害・その3 カブ根

- 腐病. 北農, 79(1):22-26
12. 三好孝典・清水伸一・澤田宏之 (2012) ファゼオロトキシン産生能を失ったキウイフルーツかいよう病菌 (*Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae*) の愛媛県における出現と分布. 日植病報, 78(2):92-103
 13. Nagai, T. (2012) Bacteriophages of *Bacillus subtilis* (*natto*) and their contamination in natto factories. Bacteriophage, 95-110
 14. Nekoduka, S. Kanematsu, S. Tanaka, K. Harada, Y. and Sano, T. (2012) .Valdensia leaf blight of highbush blueberry caused by *Valdensinia heterodoxa*, a new fungal disease in Japan.. J. Gen. Plant Pathol. 78(3):151-159
 15. Santana, B.G. Lopes, C.A. Alvarez, E. Barreto, C.C. Allen, C. and Quirino, B.F. (2012) Diversity of Brazilian biovar 2 strains of *Ralstonia solanacearum*. J. Gen. Plant Pathol., 78(3):190-200
 16. 佐々木幸江・田中和明・中村文葉・中島千晴 (2012) イヌエンジュ斑点病菌 *Pseudocercospora cladrastidis* の同定と分子系統解析. 青森自然誌研究, 17:55-61
 17. 澤田宏之・功刀幸博・綿打享子 (2012) Xanthomonas arboricola によるブドウ斑点細菌病の発生. 植物防疫, 66(1):24-30
 18. Seo, M.Y. Matsuda, Y. Nakashima, C. and Ito, S. (2012) Taxonomic reevaluation of *Raffaelea quercivora* isolates collected from mass mortality of oak trees in Japan. Mycoscience, 53(3):211-219
 19. 鈴木文彦・藤 晋一・古場文子・中島 隆・荒井治喜 (2012) SSR マーカーによる西日本から分離されたイネいもち病菌の多様性と集団解析. 日植病報, 78(1): 10-17
 20. 竹内香純 (2012) 細菌の力を生かして植物を守る-拮抗細菌の small RNA の発現を指標にして-. バイオサイエンスとインダストリー, 70(1):23-26
 21. Tashiro, N. Manabe, K. and Ide, Y. (2012) .First report of whisker mold, a postharvest disease on citrus caused by *Penicillium ulaiense* (in Japan). J. Gen. Plant Pathol., 78(2):140-144
 22. Tashiro, N. Uematsu, S. Ide, Y. and Matsuzaki, M. (2012) First report of *Phytophthora palmivora* as a causal pathogen of citrus brown rot in Japan. J. Gen. Plant Pathol., 78(3):233-236
 23. Tomioka, K. Sato, T. Moriwaki, J. Terasawa, Y. and Koganezawa, H. (2012) Anthracnose of bacopa caused by *Colletotrichum destructivum*. J. Gen. Plant Pathol., 78(2):133-135
 24. Uematsu, S. Kageyama, K. Moriwaki, J. and Sato, T. (2012) *Colletotrichum carthami* comb. nov. an anthracnose pathogen of safflower, garland chrysanthemum and pot marigold, revived by molecular phylogeny with authentic herbarium specimens. J. Gen. Plant Pathol., 78(5):316-330
 25. Watanabe, K. Nakazono, T. and Ono, Y. (2012) Morphology evolution and molecular phylogeny of *Pestalotiopsis* (*Coelomycetes*) based on ITS2 secondary structure. Mycoscience, 53(3):227-237
 26. Watanabe, T. Kanno, M. Tagawa, M. Tamaki, H. and Kamagata, Y. (2012) Primary simple assays of cellulose-degrading fungi. Mycoscience, 53(1):45-48
 27. Yamada, T. (2012) Bacteriophages of *Ralstonia solanacearum*: their diversity and utilization as biocontrol agents in agriculture. 113-138
 28. Yamamoto, J. Tanaka, K. Ohtaka, N. and Sato, T. (2012) Black leaf spot of Japanese persimmon (*Diospyros kaki*) a new disease caused by *Adiscisco kaki* sp. nov.. J. Gen. Plant Pathol., 78(2):99-105
 29. Askora, A. Kawasaki, T. Fujie, M. and Yamada, T. (2011) Resolvase-like serine recombinase mediates integration/excision in the bacteriophage ϕ RSM. J. Biosci. Bioeng., 111(2):109-116
 30. Baaj, D.W. and Kondo, N. (2011) Genotyping *Cephalosporium gramineum* and development of a marker for molecular diagnosis. Plant Pathol., 60(4):730-738
 31. Fournier, J. Flessa, F. Persoh, D. and Stadler, M. (2011) Three new *Xylaria* species from southwestern Europe. Mycol. Progress., 10(1):33-52
 32. Fujiwara, A. Fujisawa, M. Hamasaki, R. Kawasaki, T. Fujie, M. and Yamada, T. (2011) Biocontrol of *Ralstonia solanacearum* by treatment with lytic bacteriophages. Appl. Env. Microb., 77(12):4155-4162
 33. Hasegawa, E. Ota, Y. Hattori, T. Sahashi, N. and Kikuchi, T. (2011) Ecology of *Armillaria* species on conifers in Japan. Forest Pathol. 41(6):429-437
 34. Inderbitzin, P. Davis, R.M. Bostock, R.M. Subbarao, K.V. (2011) The ascomycete *Verticillium longisporum* is a hybrid and a plant pathogen with an expanded host range. PLoS ONE, 6(3):e18260

35. Ishii, H. Miyamoto, T. Ushio, S. and Kakishima, M. (2011) Lack of cross-resistance to a novel succinate dehydrogenase inhibitor, fluopyram, in highly boscalid-resistant isolates of *Corynespora casicola* and *Podosphaera xanthii*. Pest Manag. Sci. 67(4):474-482
36. Masunaka, A. Hyakumachi, M. and Takenaka, S. (2011) Plant growth-promoting fungus, *Trichoderma koningi* suppresses isoflavonoid phytoalexin vestitol production for colonization on/in the roots of *Lotus japonicus*. Microbes Environ., 26(2):128-134
37. 三澤知央 (2011) 北海道で発生した園芸作物の新病害・その2 ブロッコリーピシウム腐敗病. 北農, 78(4):409-413
38. 三澤知央・小松 勉 (2011) 北海道の農家圃場で発生した *Rhizoctonia solani* AG-2-2IVによるダイズリゾクトニア根腐病および *R. solani* AG-1 IBによるアズキリゾクトニア根腐病. 北日本病害虫研報, 62:50-54
39. 三澤知央・黒川太郎 (2011) *Rhizoctonia solani* AG-2-2 III Bによるミツバ立枯病. 北日本病害虫研報, 62:85-88
40. 永井利郎 (2011) 納豆菌バクテリオファージのタイピングと特性調査. 微探収報, 24:99-104
41. Nimitkeatkai, H. Shishido, M. Okawa, K. Ohara, H. Ban, Y. Kita, M. Moriguchi, T. Ikeura, H. Hayata, Y. and Kondo, S. (2011) Effect of jasmonates on ethylene biosynthesis and aroma volatile emission in Japanese apricot infected by a pathogen (*Colletotrichum gloeosporioides*). J. Agric. Food. Chem., 59(12):6423-6429
42. 佐藤 衛・築尾嘉章・松下陽介・小林光智衣 (2011) *Colletotrichum acutatum* によるヒマラヤユキノシタ炭疽病 (新称). 関西病虫研報, 53:71-72
43. Smith, J.A. O'Donnell, K. Mount, L.L. Shin, K. Peacock, K. Trulock, A. Spector, T. Cruse-Sanders, J. and Determann, R. (2011) A novel *Fusarium* species causes a canker disease of the critically endangered conifer, *Torreya taxifolia*. Plant Dis., 95(6):633-639
44. 鈴木啓史・黒田克利・貴田健一・松澤章彦・高垣真喜一 (2011) メパニピリム耐性灰色かび病菌の発生. 日植病報, 77: 1-6
45. Tamamura, Y. Uchida, I. Tanaka, K. Okazaki, H. Tezuka, S. Hanyu, H. Kataoka, N. Makino, S. Kishima, M. Kubota, T. Kannno, T. Hatama, S. Ishihara, R. Hata, E. Yamada, H. Nakaoka, Y. and. (2011) .Molecular epidemiology of *Salmonella enterica* serovar *typhimurium* isolates from cattle in Hokkaido, Japan: Evidence of clonal replacement and characterization of the disseminated clone. Appl. Env. Microb., 77(5):1739-1750
46. Watanabe, M. Yonezawa, T. Lee, K. Kumagai, S. Sugita-Konishi, Y. Goto, K. and Hara-Kudo, Y. (2011) Molecular phylogeny of the higher and lower taxonomy of the *Fusarium* genus and differences in the evolutionary histories of multiple genes. BMC Evol. Biol., 11:322
47. 佐藤豊三 (2011) MAFF 240422 (農業生物資源研究所、NIAS Genebank) . 日微資源誌, 27(2):99
48. 澤田宏之 (2011) 還暦を迎えた微生物株 (2) MAFF 301072 (農業生物資源研究所、NIAS Genebank) . 日微資源誌, 27(2):100
49. 澤田宏之 (2011) MAFF 301072 (農業生物資源研究所、NIAS Genebank) . 日微資源誌, 27(2):100
50. 窪田昌春・太田 泉 (2011) 日本におけるルリジサ菌核病 (新称) の確認. 日植病報, 77(3):148-150

<動物遺伝資源部門>

原著論文

○家畜家禽

1. Takeda K, Tasai M, Iwamoto M, Oe M, Chikuni K, Nakamura Y, Tagami T, Nirasawa K, Hanada H, Pinkert CA and Onishi A (2012) Comparative proteomic analysis of liver mitochondrial proteins derived from cloned adult pigs reconstructed with Meishan pig fibroblast cells and European pig enucleated oocytes. Journal of Reproduction and Development, 58(2):248-253.
2. Matsumoto T, Okumura N, Uenishi H, Hayashi T, Hamashima N and Awata T (2012) Population structure of pigs determined by single nucleotide

- polymorphisms observed in assembled expressed sequence tags. 83(1):14–22.
3. Myint SL, Shimogiri T, Kinoshita K, Nirasawa K, Saitoh N, Watanabe H, Kawabe K, Maeda Y, Okamoto S (2012) Analysis of egg white lysozyme polymorphisms among Japanese quail populations in Japan and France. *The Journal of Poultry Science*, 49(2):74-78.
 4. Ramadan S, Kayang BB, Inoue E, Nirasawa K, Hayakawa H, Ito S, Inoue-Murayama M (2012) Evaluation of genetic diversity and conservation priorities for Egyptian chickens. *Open Journal of Animal Sciences*, 2(3):183-190.
 5. Yoshiyama M, Wu M, Sugimura Y, Takaya N, Kimoto-Nira H, Suzuki C. (2013) Inhibition of *Paenibacillus* larvae by lactic acid bacteria isolated from fermented materials. *Journal of Invertebrate Pathology*, 112(1):62-67.
 6. Wu M, Sugimura Y, Takaya N, Takamatsu D, Kobayashi M, Taylor D, Yoshiyama M. (2013) Characterization of bifidobacteria in the digestive tract of the Japanese honeybee, *Apis cerana japonica*. *Journal of Invertebrate Pathology*, 112(1):88-93.
 7. Kojima M, Degawa M (2012) Serum androgen level is determined by autosomal dominant inheritance and regulates sex-related CYP genes in pigs. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, in Press, Available online 28 November 2012, pii: S0006-291X(12)02235-8. doi: 10.1016/j.bbrc.2012.11.060.
 8. Mitsumori M, Shinkai T, Takenaka A, Enishi O, Higuchi K, Kobayashi Y, Nonaka I, Asanuma N, Denman SE and McSweeney CS (2012) Responses in digestion, rumen fermentation and microbial populations to inhibition of methane formation by a halogenated methane analogue. *British Journal of Nutrition*, 108(3):482 – 491.
 9. Wakabayashi Y, Yamamura T, Sakamoto K, Mori Y, Okamura H (2012) Electrophysiological and morphological evidence for synchronized GnRH pulse generator activity among kisspeptin/neurokinin B/dynorphin A (KNDy) neurons in goats. *Journal of Reproduction and Development*. <http://dx.doi.org/10.1262/jrd.2012-136>
 10. Harumi T, Sano A, Minematsu T and Naito M (2011) Allele-specific PCR typing and sequencing of the mitochondrial D-loop region in four layer breeds. *Animal Science Journal*, 82(2):223–226.
- カイコ
1. Hirokawa M, Tatematsu K (2011) The order of four homeotic-mutant genes, *Nc*, *E^{Cw}*, *E^{Kp}* and *E^{Mu}*, on the 6th-linkage group of *Bombyx mori*. *Journal of Insect Biotechnology and Sericology*, 80:41-48.
- 昆虫培養細胞
1. Imanishi S, Kobayashi J, Sekine T (2012) Serum-free culture of an embryonic cell line from *Bombyx mori* and reinforcement of susceptibility of a recombinant BmNPV by cooling. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal* 48(3):137-142.
 2. Kayukawa T, Minakuchi C, Namiki T, Togawa T, Yoshiyama M, Kamimura M, Mita K, Imanishi S, Kiuchi M, Ishikawa Y, and Shinoda T (2012) Transcriptional regulation of juvenile hormone-mediated induction of Krüppel homolog 1, a repressor of insect metamorphosis. *PNAS*, 109(29):11729-11734.
 3. Shirai H, Kamimura M, Yamaguchi J, Imanishi S, Kojima T, Fujiwara H (2012) Two Adjacent cis-Regulatory Elements Are Required for Ecdysone Response of *Ecdysone Receptor (EcR) B1* Transcription. *PLoS ONE*, 7(11):e49348. doi:10.1371/journal.pone.0049348
 4. Nagata Y, Sakashita K, Imanishi S, Lee J.M, Kusakabe T (2012) Expression of glycosylated mucin-like domain using baculovirus expression system in silkworm, *Bombyx mori*. *Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University* 57(1):83-86.
 5. Iwanaga M, Hitotsuyama T, Katsuma S, Ishihara G, Daimon T, Shimada T, Imanishi S, Kawasaki H (2012) Infection study of *Bombyx mori* macula-like virus (BmMLV) using a BmMLV-negative cell line and an infectious cDNA clone. *Journal of Virological Methods* 179(2):316-324.
 6. Tomimoto K, Fujita K, Ishibashi J, Imanishi S, Yamakawa M, Tanaka H (2012) A novel method to convert a DNA fragment inserted into a plasmid to an inverted repeat structure. *Molecular Biotechnology* 50(1):18-27.

ウ) Web サイトの運用・開発

<平成 24 年度実績>

情報提供を広く効率的に行うため Web サイト(<http://www.gene.affrc.go.jp/>)を運用・開発している。24 年度は、植物遺伝資源について、コムギ（日本）とダイズ（日本・世界）のコアコレクションのページを作成し、元系統品種の来歴・特性評価データとともに公開した。また、植物遺伝資源 Web 検索システムに、一粒由来ダイズの検索機能およびイネ SNP 情報の公開機能を作成した。微生物遺伝資源については、DNA 塩基配列データ公開の拡充を図るため、塩基配列の追加・更新、及び遺伝子領域の追加を遺伝資源データベースに行った。動物遺伝資源については、平成 21 年度完了委託課題報告集を編集し、Web サイトから公開した。また、日本植物病名データベースにおいては、外部関連サイトと病名ごとにリンク機能を構築し、病徴写真や防除法などを参照可能にした。現在リンクする外部関連サイトの数は 8 であり、外部リンクがある病名数:は 1527 (病名総数は 11398 なので 13.4%)である。

Web アクセス件数は、平成 24 年 11 月までの 1 年間で 6,251,487 件であり、昨年同期の 7,256,717 件に比べると減少したが、依然として多くのアクセスがある。内訳は右のとおりである。また、コンテンツを含めた更新履歴は以下のとおりである。

月日 - 内容

- 12/22 - 病名 DB (収録データをアップデート / 外部サイトリンク機能 / Host Family 検索@英語版)
- 12/22 - リンク (微生物分野)
- 12/22 - トップページ画像差し替え (冬の圃場)
- 12/22 - リンク (学協会情報発信サービス終了対応)
- 01/05 - 出版物 (微生物遺伝資源探索収集調査報告書 vol.24 を掲載)
- 01/10 - 病名 DB ↔ 微生物検索の対応関係更新
- 01/10 - イベント等 (NIAS-FAO International Symposium の写真を掲載)
- 02/01 - 出庫業務再開について告知
- 02/17 - 植物画像データベースリニューアル
- 02/17 - オンライン配布申込 (遺伝資源詳細画面からの配布申込機能)
- 02/17 - 国際的活動 (The 14th NIAS International Workshop of Proceedings)
- 02/17 - トップページ画像を差し替え (JP174251 八重咲寒紅 + 雪)
- 02/17 - URL チェック機能の強化
- 02/20 - リンク (微生物分野アップデート)
- 03/07 - 動物部門概要 (黄色・はばたきをカウントに追加)
- 03/14 - 各種 Web 検索 (SQL Error 対策強化)
- 03/15 - 植物画像データベース (茶、かきの追加)

トップページ	61,040	動物検索	7,234
植物検索	652,277	動物画像	24,166
植物画像	186,329	植物病名	2,158,911
微生物検索	723,763	その他	2,437,767

- 03/27 - 微生物 Web 検索 (植物ウイルスの塩基配列追加)
- 03/29 - リンク (九州沖縄農業研究センター URL 修正)
- 04/03 - オンライン配布申込 (郵便番号からの住所入力補助機能)
- 04/03 - リンク (微生物分野アップデート)
- 04/10 - 病名 DB (収録データをアップデート。ゆれの大幅な修正)
- 04/10 - 概要 (パンフレットデータ差し替え)
- 04/10 - トップページ画像を差し替え (エドヒガン)
- 04/13 - 出版物/国際的活動 (NIAS-FAO symposium proceedings - FAO サイトへのリンク)
- 04/16 - 関係者用植物 Web 検索 (来歴 CSV ファイルにおいて英語データを極力併記するように改修)
- 04/18 - 配布申込ページ (種子庫改修工事についての言及を削除)
- 04/23 - おしらせ (一般公開の開催報告)
- 05/01 - 病名 DB (関連微生物株の更新)
- 05/10 - リンク (微生物・植物分野リンク切れの修正)
- 05/16 - 遺伝資源の受入 (IPOD → NITE の件対応)
- 05/25 - オンライン配布申込 (すでに申込み予定リストに加えられた状態のものについては「申込」の代わりに「削除」ボタンを表示する)
- 05/25 - 出版物 (植探報 27 掲載)

- 05/25 - トップページ画像を差し替え (ばれいしょの花)
- 06/01 - 病名 DB (収録データをアップデート)
- 06/01 - 微生物 Web 検索 (再同定者名の公開)
- 06/07 - 病名 DB (外部サイト「新発生病害虫/北海道病害虫防除所」追加)
- 06/13 - オンライン配布申込 (点数が200を超えるような場合のバグ修正)
- 06/13 - 病名 DB (関連微生物株の更新等)
- 06/19 - 病名 DB (外部サイト「病害虫データベース/島根県農業技術センター」追加)
- 06/26 - 病名 DB (外部サイト「有用植物病害診断ファクトデータベース/中央農業総合研究センター」追加)
- 06/27 - 微生物部門概要 (属数、種数を含めた自動集計)
- 07/03 - コムギコアコレクション公開
- 07/03 - 植物 Web 検索 (収集地点の表示機能 w/Google Maps)
- 07/03 - トップページ画像を差し替え (ダイコンの花)
- 07/04 - 植物 Web 検索英語版 (収集地点の表示機能 w/Google Maps)
- 07/04 - 微生物 Web 検索 (病名 DB へのリンク生成条件拡張)
- 07/09 - コムギコアコレクション英語版公開
- 07/25 - 微生物 Web 検索 (塩基配列追加。3460 点→5417 点)
- 07/31 - 植物 Web 検索 (植物サムネイルダウンロード、分離派生元参照機能)
- 08/10 - 植物 Web 検索 (一粒由来の遺伝資源が標準配布不可である件に対応)
- 08/10 - 微生物 Web 検索 (Plectosporium 属菌塩基配列)
- 08/28 - 植物 Web 検索 (一粒由来検索機能追加 / 親系統が非公開である場合の「元 JP 番号」非表示)
- 08/28 - 病名 DB (外部サイト追加。高知県農業振興部・大阪府植物防疫協会・愛知県農業総合試験場・やまがたアグリネット)
- 08/28 - トップページ画像を差し替え (棚田@愛媛県愛南町)
- 09/07 - 病名 DB (発生区分による検索機能を追加)
- 09/13 - 病名 DB (微生物遺伝資源とのリンクを更新)
- 10/02 - 植物 Web 検索英語版 (一粒由来の表示)
- 10/14 - 微生物 Web 検索 (EF1- α の追加、一部 ITS の差し替え更新)
- 10/18 - 病名 DB (関連菌株/関連宿主があるもののみ限定するオプション追加、英語版外部サイト名を英語表記に変更)
- 10/23 - 植物 Web 検索 (イネ SNP の公開、グラフィカルジェノタイプ、特性検索オプション追加)
- 11/02 - 病名 DB (こうち農業ネットのリニューアルによるリンク切れを修正)
- 11/08 - ダイズコアコレクション(日本・世界)公開
- 11/08 - 平成 23 年度事業実績報告書掲載
- 11/08 - トップページ画像を差し替え (3 種類のダイズ - エンレイ・青端豆・新丹波黒)
- 11/12 - 出版物 (植物遺伝資源探索導入調査報告書について、本文の言語に合わせてタイトル表記を変更)
- 11/12 - 日本ダイズコアコレクション(2012 年版)の配布終了を告知 (予定数量に達したため)
- 11/19 - 関係者用動物 Web 検索 (保有担当による検索機能および詳細画面における情報表示)
- 11/21 - 微生物 Web 検索 (塩基配列追加 195 点、更新 66 点)
- 11/28 - ダイズコアコレクション (論文 URL 更新)
- 11/28 - 国際的活動 (The 14th NIAS International Workshop 目次ファイル更新)
- 12/11 - 出版物 (微生物遺伝資源利用マニュアル No.12 の改訂版および No.32 を掲載)
- 12/13 - 出版物 (動物遺伝資源部門完了委託課題報告集 平成 21 年度を掲載)

エ) 生物遺伝資源データベースシステムの開発状況

<平成 24 年度実績>

遺伝資源データベース等の開発状況では、植物遺伝資源については、植物特性評価マニュアルの改訂に伴い、植物特性評価データ管理プログラムと植物事業実績計画 Web 登録システムの機能更新を行った。微生物遺伝資源については、微生物遺伝資源のオンライン登録フォーム（微生物遺伝資源 Web 登録システム）を開発し運用を開始した。動物遺伝資源については、サブバンクが行う年間事業実績計画のオンライン登録フォーム（動物事業実績計画 Web 登録システム）に ANJP 番号に対応する入力フォームを新設した。また、微生物遺伝資源において開発・使用している、論文や単行本などの文献データと MAFF 番号との対応付けを管理するシステムを、植物・動物でも利用できるように共通化を図った。そのために、文献等管理のテーブルを共通用に更新し、各文献と JP 番号・ANJP 番号との対応付けを入力・管理する植物・動物文献データ管理プログラムを新規開発した。

センターバンクの業務効率化を支援する、集計リストを Excel 用ファイルとしてダウンロードする機能については、メーリングリスト一覧、増殖依頼発芽率(再増殖前後の発芽率比較)、在庫僅少株など使用頻度の高い 5 件を新規開発した。

新規開発および機能変更等は以下のとおりである。

部門共通

(新規開発)

植物・動物文献データ管理プログラム

(機能変更等)

配布作業プログラム

グラム、植物特性評価マニュアル PDF 出力プログラム、仮登録特性評価マニュアル本番移行プログラム、植物画像登録プログラム、貯蔵種子在庫状況検索プログラム、新規受入プログラム、増殖受入プログラム、管理作業プログラム、センターバンク発芽試験材料選定プログラム、発芽試験リスト印刷プログラム、再増殖特性評価申込仮登録プログラム、永年庫入庫プログラム、永年庫出庫プログラム

植物遺伝資源部門

(新規開発)

発芽試験作物リスト出力プログラム

(機能変更等) 17 件

植物事業実績計画 Web 登録システム、植物遺伝資源来歴情報管理プログラム、植物遺伝資源来歴情報検索専用プログラム、植物特性評価データ管理プログラム、植物特性評価データ管理ロック解除プロ

微生物遺伝資源部門

(新規開発)

微生物遺伝資源 Web 登録システム
公開菌株の通知機能

(機能変更等)

一般微生物来歴情報管理プログラム

一般微生物来歴情報検索専用プログラム
微生物関連コード管理プログラム
微生物特性評価データ管理プログラム
微生物受入株入庫場所登録プログラム

動物遺伝資源部門

(機能変更等)

動物事業実績計画 Web 登録システム
動物遺伝資源情報管理プログラム
動物特性評価データ管理プログラム

センターバンク用 Web 検索システム

Excel 用ファイル出力機能

(新規開発)

<共 通> メーリングリスト一覧
<植 物> 増殖依頼発芽率(再増殖前後の発芽率比較)
<微生物> 在庫僅少株、同名菌株、花き病害→病名 DB リンク
作成用

(機能変更等)

<植 物> 植物特性評価マニュアル CSV 版の URL リスト
<GB 事業推進室> 配布点数のカウント

オ) DNA 情報の管理・提供に関する主要事項及びトピックス>

1. NIAS DNA バンクホームページの維持・公開

DNA バンクホームページ上で、収集した DDBJ の定期リリース情報を加工・再構築し、ホモロジー検索 (BLAST 検索) システム、キーワード検索システムを通して、情報提供した。また、農林水産省のプロジェクトで開発されたイネ関連、家畜関連及びカイク関連のデータベースを一元化して、統合データベースとして公開している。NIAS DNA バンクHPへのアクセスは、1ヶ月平均 約7000件である(図1)。ロボットのアクセス数は除外。

2. イネ遺伝子発現データベース; RiceXPro Ver3 (図2)

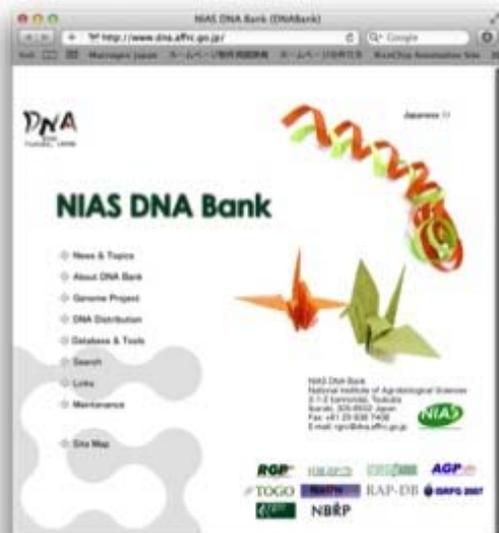
本データベースは、これまで3種類のデータセットで公開されてきたが、農水受託プロジェクトの終了に合わせて、論文発表とともに全データが公開され、データベースもバージョンアップされた。公開データは、フィールドデータ 572、植物ホルモンデータ 143 データ及び組織・器官タイプデータ 38、合計 753 データである。多種類のデータを遺伝子名、染色体ローカス名で一括して閲覧するインターフェース機能も装備されており、利便性の向上が図られている。

3. イネの共発現解析データベース; RiceFRIEND (図3)

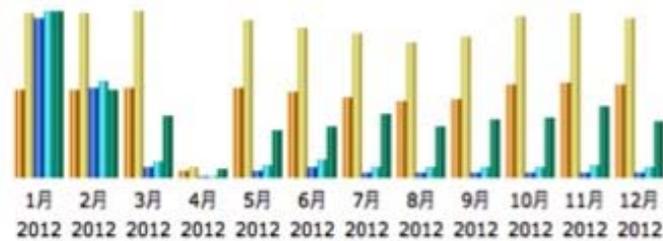
本データベースは、イネの未知遺伝子の機能予測や特定の現象にかかわる新規遺伝子の探索に利用できる共発現データベースである。本データベースの特徴1: 使用したマイクロアレイデータは、公的データベースから収集したものではなく、1研究室、1プラットフォーム (Agilent 社アレイシステム)、同一解析室で収集した遺伝子発現データであり、より信頼性の高い解析結果が得られる。本データベースの特徴2: 機能未知遺伝子の生物学的機能を予測するため、2つの統計解析ツール、Gene Ontology (GO) enrichment 解析機能 (共発現遺伝子群の中に有意に濃縮された GO term を見つけ出すツール) およびシスエレメント解析機能 (共発現遺伝子群の上流域にユーザが指定した配列が統計的に有意に存在するか調べるツール) を装備している。本データベースの特徴3: 解析データの閲覧のために、グラフィカルユーザインターフェースを多用し、遺伝子ネットワークを視覚的に理解し易くするため、3つのビューワ、HyperTree, CytoscapeWeb, Graphvizformats を装備している。(図4)。

4. イネフィールドトランスクリプトームデータベース: FiT-DB (図4)

本データベースは、圃場で育成させたイネの葉の遺伝子発現データ (マイクロアレイデータ) とその変動の背景にある要因 (特に気象データ) の統計モデリング解析結果のデータベースである。個々の遺伝子の発現が、気象条件 (気温、日射量など)、概日時計、日齢からどのような影響を受けているかを調べることのできるデータベースである。



H24年月平均 訪問者数:7037(昨年度:6815)



月	訪問者	訪問数	ページ	件数	バイト
1月 2012	7719	14466	2055146	2146979	41.66 Gb
2月 2012	7656	14425	1168871	1254930	22.04 Gb
3月 2012	7829	14558	126798	205815	15.55 Gb
4月 2012	491	830	1442	2364	1.97 Gb
5月 2012	7872	13786	72478	162769	11.83 Gb
6月 2012	7520	13145	126689	214720	12.73 Gb
7月 2012	7106	12708	53415	139393	15.87 Gb
8月 2012	6717	11903	58967	123562	12.70 Gb
9月 2012	6892	12304	52602	122347	14.73 Gb
10月 2012	8139	14144	54390	142215	15.19 Gb
11月 2012	8333	14540	57158	143172	18.04 Gb
12月 2012	8174	14037	56935	129206	14.28 Gb
合計	84448	150846	3884891	4787472	196.59 Gb

図1 生物研DNAバンクHP公開とアクセス件数

つくば圃場で生育させた稲、日本晴の遺伝子発現情報。
組織・器官別データ、日の出・日の入の経時的データ、
2時間毎の48時間連続データ等
アレイデータ数:572アレイデータ

イネ全成育過程、圃場発現データの閲覧



6種類の植物ホルモン処理日本晴の
地上部、根の発現情報が閲覧できる。
アレイデータ数:143アレイデータ

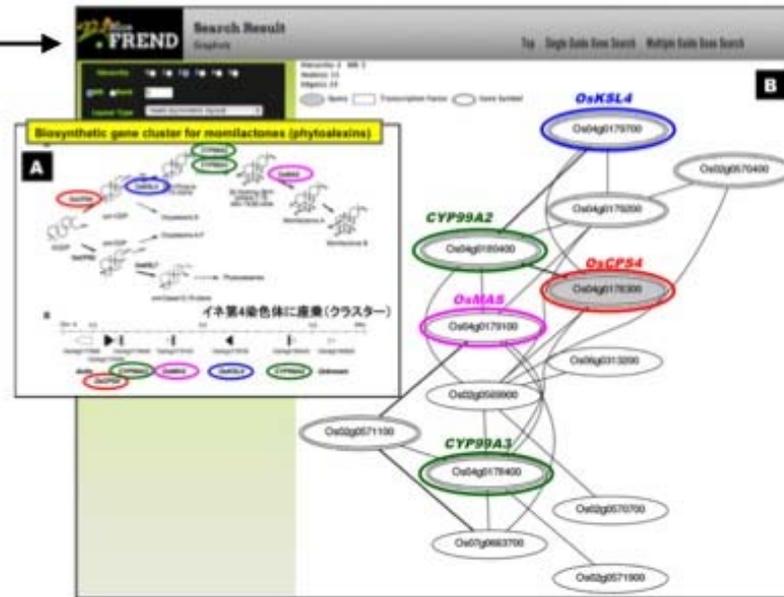
植物ホルモン処理データの閲覧



図2 イネ遺伝子発現データベース;RiceXPro Ver3 の公開

共発現解析の一例

モミラクトン生合成遺伝子群の共発現
 A: イネ第4染色体上のモミラクトン生合成系
 遺伝子クラスター
 B: Os04g0178300(OsCPS4)をクエリーとした
 共発現解析結果



RiceFRENDのトップページ

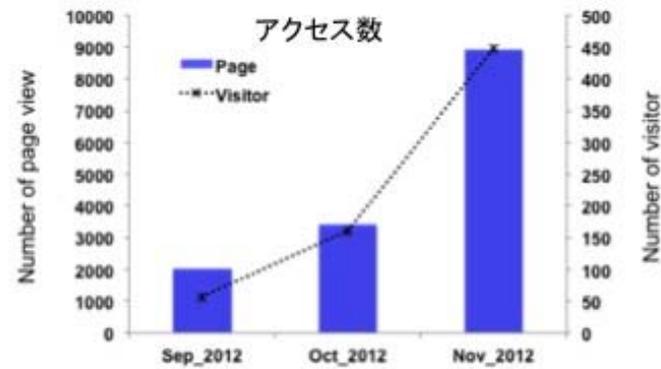


図3 イネの共発現解析データベース; RiceFREND

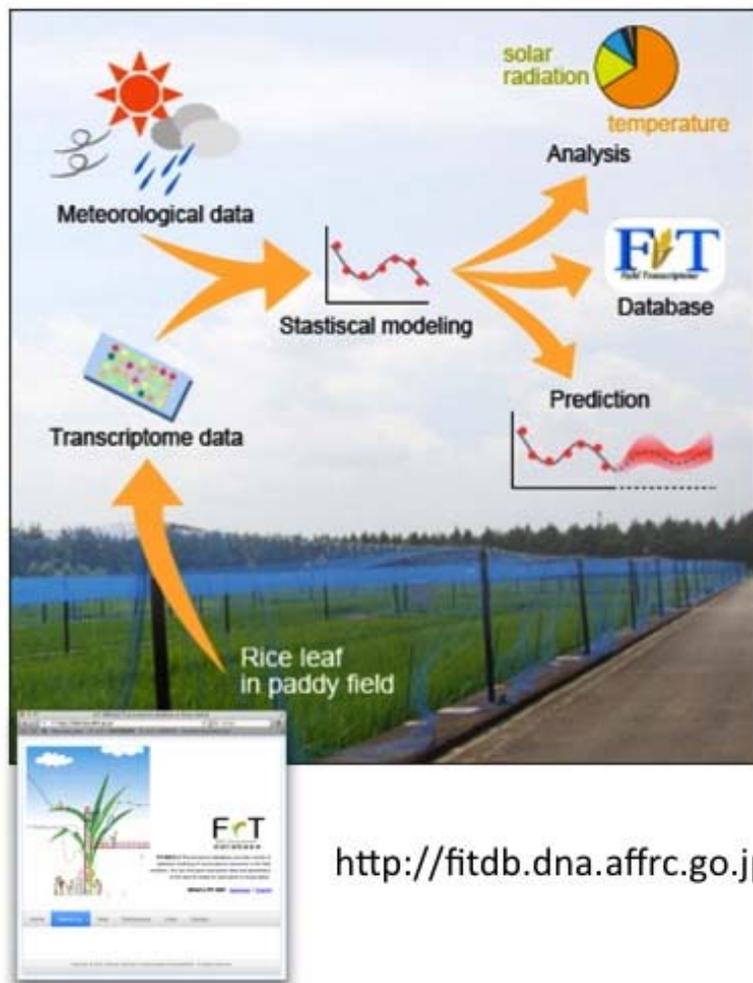


図4 Field Transcriptome Database (FiT-DB)

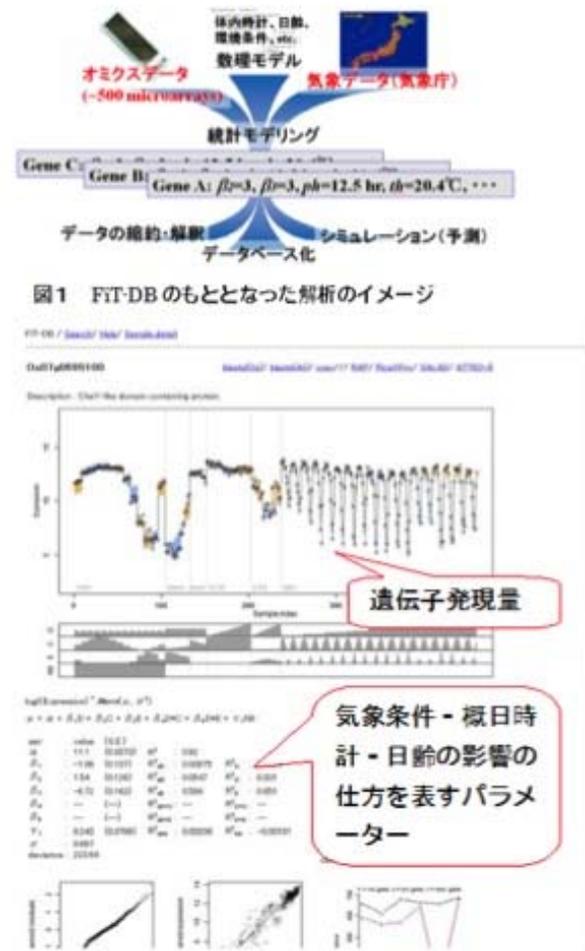


図2 各遺伝子のページの例

平成 24 年度農業生物資源ジーンバンク事業実績報告書

編集・発行 独立行政法人 農業生物資源研究所
〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2-1-2
