

平成 23 年度

農業生物資源ジーンバンク事業
実績報告書

平成 24 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バイオテクノロジー等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 年の「生物多様性条約 (CBD)」の発効後、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ついて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 に未加入であるが、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 期中期計画期間において、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、第 3 期中期計画を開始した当事業の平成 23 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 24 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 23 年度連絡協議会	-----	3
3) 平成 23 年度評価委員会	-----	5
II. 各部門の実績	-----	12
1. 植物遺伝資源部門	-----	12
1) 植物遺伝資源の収集・受入	-----	13
2) 植物遺伝資源の増殖・保存	-----	15
3) 植物遺伝資源の特性評価	-----	19
2. 微生物遺伝資源部門	-----	24
1) 微生物遺伝資源の収集・受入	-----	25
2) 微生物遺伝資源の増殖・保存	-----	27
3) 微生物遺伝資源の特性評価	-----	29
3. 動物遺伝資源部門	-----	31
1) 動物遺伝資源の収集・受入	-----	32
2) 動物遺伝資源の増殖・保存	-----	35
3) 動物遺伝資源の特性評価	-----	40
4. DNA部門	-----	42
1) 植物（イネ等）DNAの受入・保存	-----	43
2) 家畜（ブタおよびウシ等）DNAの受入・保存	-----	44
3) 昆虫（カイコ等）DNAの受入・保存	-----	45
5. 生物遺伝資源の配布と情報管理提供	-----	46
1) 生物遺伝資源の配布	-----	47
2) 生物遺伝資源の情報管理提供	-----	58

とりまとめ

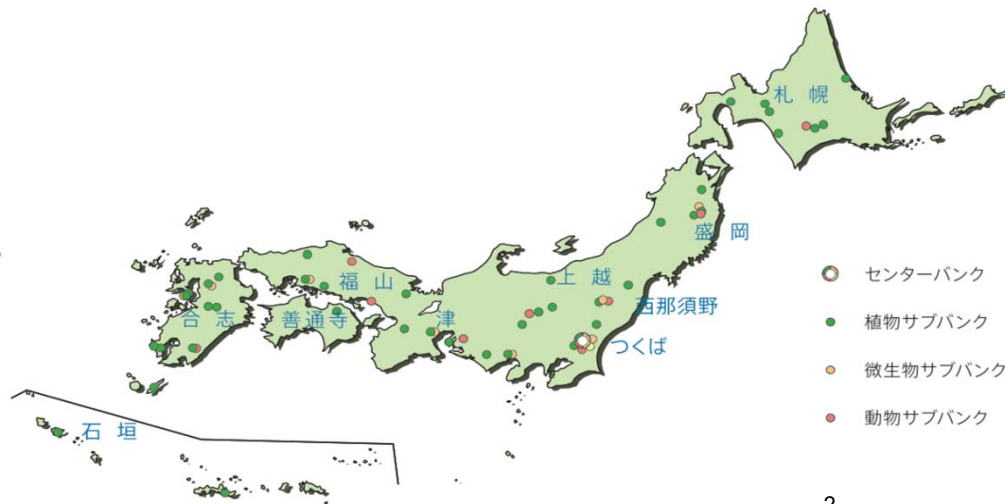
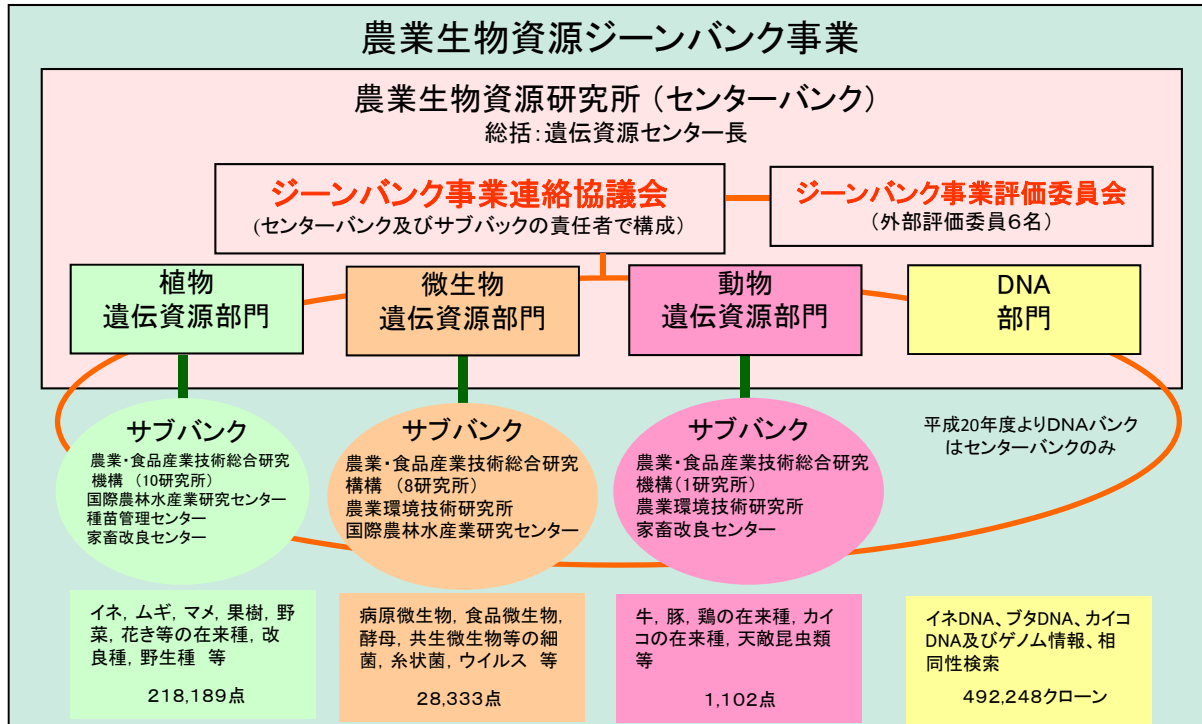
河瀬眞琴・ダンカン ヴォーン・原 哲志
長村吉晃・友岡憲彦・青木孝之・竹谷 勝
江花 薫・知花高志・白石恵子・少貳年章

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23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24年1月26日(木) 午前の部：8:50～11:45
 午後の部：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 研究推進課 課長補佐 サブバンク		田中 弘幸
農業・食品産業技術総合研究機構 本部	研究管理役	竹中 重仁
中央農業総合研究センター 作物研究所	病害虫研究領域 稲作研究領域 畑作物研究領域	水久保隆之 春原 嘉弘 羽鹿 牧太 大潟 直樹 片山 健二 乙部千雅子
果樹研究所研 花き研究所	麦研究領域 品種育成・病害虫研究領域 花き研究領域	池谷 祐幸 山口 博泰
野菜茶業研究所 畜産草地研究所	野菜育種・ゲノム研究領域 家畜育種繁殖研究領域 飼料作物研究領域	小原 隆由 菫澤圭二郎 水野 和彦 山田 俊治
動物衛生研究所 農業環境技術研究所	知的基盤管理室長 農業環境センター長	對馬 誠也 小坂橋基夫
国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点	生物資源・利用領域長	末永 一博 山中 慎介
種苗管理センター 家畜改良センター	業務調整部長 改良部長	中村 利男 岡部 昌博

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
遺伝資源国際連携室長	白田 和人
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) 現状報告- サブバンクとしての今後の方向性および問題点

1) 稲類(作物研・春原氏)

育成中止系統をジーンバンクに登録することによって、品種化に必要な「末渡液性」に問題が生じる可能性がある。このことから、ジーンバンク登録を行わないサブバンクが増えている。この点の改善を望む。

2) 麦類(作物研・乙部氏)

特性情報に DNA 情報を加えてはどうか。「ジーンバンク事業予算」の使い勝手に問題があるというサブバンクが存在する。

3) 豆類(作物研・羽鹿氏)

ゲノム DNA の保存と配布を開始しては、野生種以上に在来サイズの収集保全を緊急に(とくに西日本、普及所等を利用できないか)。RILs 等の実験系統は担当者いなくなると消失(GBで保存できないか)。突然変異系統も同様。TILLING 技術の向上で重要性増加。抵抗性遺伝子や開花期遺伝子などの遺伝子特性評価は今後有用。

4) いも類(作物研・片山氏)

バレイショ、カンショとともに海外からの新遺伝資源を導入・交換できる仕組み(ネットワーク、共同育種プロジェクトなど)を考えてほしい。栄養体保存でウイルス罹病株が増加。ウイルスフリー化と試験管内保存(海外との交換もできる)事業開始を希望。新規形質の特性評価事業再開を希望。

5) 雑穀・特用作物(作物研・大潟氏)

農研機構内で多様な資源作物を対象とすることができるのは、作物研のみとなった。ジーンバンクは、遺伝資源の積極活用、我が国の育種機関の先導といった業務を看板として存在意義を増してほしい。

6) 牧草・飼料作物(畜草研・水野氏)

対象となる植物種が極めて多岐にわたるため、マンパワー不足が問題である。これまでは農研機構と指定試験地に対応してきたが、指定試験事業がなくなったことにより問題がでてきた。現在具体的に問題になっているのは、山口県のイタリアンライグラス、沖縄県のギニアグラスの保存である。育種を進めている草種については、海外遺伝資源の探索・導入を行っていきたい。

7) 果樹類(果樹研・池谷氏)

国内在来遺伝資源はまだ不十分だが、各機関の保存キャパシティは限界に近い(農研機構、種苗管理セとの分担再検討、既保存遺伝資源の仕分け)。旧指定試験地やその他公立研究機関保存遺伝資源の消失(すでに廃棄されはじめている、移管上の権利問題)。既保存遺伝資源のウイルス感染(事業化を希望)。

8) 野菜類(野茶研・小原氏)

野菜の重要性、品目の多さに対し、農研機構内の遺伝資源対応研究者は約20名でマンパワー不足。そのため、種子増殖・更新が遅れ消失を危惧(公立や民間との分担、特性やDNAによる優先保存系統の仕分け)。新病害、不良環境対応のため、新遺伝資源の要望高が海外からの導入が進まない(ジーンバンクの交渉窓口機能に期待)。マニュアルにない新規特性のデータベース登録を希望。

9) 花き・緑化植物類(花き研・山口氏)

現在収集・受入を実施しているのは3品目のみで、その他は維持のみ。栄養体のため保存点数はほぼ限界。外部からの配布依頼は少ないが、内部の研究利用は増加傾向。機構の課題上は花を担当していない人がサブバンク担当(久留米のつつじ、四国のシンビジウム)。指定試験事業廃止のため、富山県のチューリップ2100点は、半数程度にせざるを得ない状況。

10) 熱帯・亜熱帯作物(国際農研・山中氏)

熱帯・亜熱帯作物については、保存担当者を整理した。栄養体の保存に関して、植替えに要する労力や、毎年来襲する台風の問題がある。

11) 家畜・家禽(畜草研・菫澤氏)

生体での保存を優先してきたが、研究需要の変化、支援要員の削減などもあり、飼養数の見直し・検討が必要になっている。今後は、凍結精液や始原生殖細胞での保存が可能なものについては、細胞での保存を基本とする。また、配布対応について、現在は原則できないが他機関からの有償再配布とその一部のジーンバンクへの還元を検討してはどうか。

12) 家畜・家禽(家畜改良セ・岡部氏)

収集・保存について、大幅な点数の増加は見込めない状況であるが、今後は、保有する個体と血縁が近い個体が見出せれば追加収集・保存する。また、保存形態を生体から凍結精液、凍結受精卵等に順次シフトしていく。

13) 線虫遺伝資源について(中央農研・水久保氏)

線虫遺伝資源は農業上重要で農水独法が中心的に維持しているが、主に植物体上にての継代培養で保存する必要がある。年間10件以内の配布であるが、配布の準備に2ヶ月の培養が必要など、継代の手間と時間がかかることが問題点である。

14) 動物病原微生物遺伝資源について(動衛研・山田氏)

動物病原菌には取り扱いに関する多くの規制法令等が存在する。配布先機関の安全管理体制を審査しているが、登録株の公開化推進の一方、バイオセキュリティの観点からは病原菌を広く公開して配布することに矛盾があり、今後整理が必要である。

15) 微生物遺伝資源について(農環研・小坂橋氏)

農環研サブバンクのジーンバンク事業における今年度実績、今期における重点目標、年次計画についての説明があった。基本的に計画をしくしくと実施したいが、人、予算が減り、保存株

等を維持する難しさが予想される。

- (3) 遺伝資源を巡る情勢変化について (技術会議事務局・田中 研究推進課課長補佐)
遺伝資源に関する各条約の位置付け、国内、国外情勢について、情報提供いただいた。
- (4) 平成23年度事業実績及び平成24年度事業計画案 (生物研)
 - 1) 平成23年度事業実績及び平成24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。一部の計画が策定中であること、及び集計方法の一部変更を含めて説明され、了承された。
 - 2) 事業予算の推移等が説明され、今後とも予算は減額の方向にあることから、有効な予算措置・執行を図る必要性が報告された。サブバンクと協力し、事業の質・量を維持したい旨、説明された。
 - 3) NIAS-FAO 国際シンポジウムの開催が報告され、国際連携とくにアジア諸国との連携協力を進めていることが説明された。
- (5) その他質疑より
 - 1) DNA 部門受入クローンのコンタミの危険性は完全に排除することが難しく対策していること、微生物部門では定期検査でコンタミの検出、DNA レベルにて分類学的検証を実施していることが説明された。
 - 2) 今後も節電対策等で微生物部門サブバンクの保存への協力用意はあるが、安全な二重保存の可能性についての検討も必要との見解が示された。
 - 3) 植物遺伝資源のゲノム DNA 配布についての提案に関連して意見が交わされ、種子の遺伝的均一性をどう考えるかという問題もあるが、植物防疫等のある栄養体など有用だという指摘もあった。

平成 23 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 24 年 2 月 22 日 (水) 13:30~17:30
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

甲斐 藏	日本大学 生物資源科学部教授 (欠席：書面審査)
笠井 文絵	国立環境研究所 生物生態系環境研究センター 生物資源保存研究推進室長
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 兼 系統生物研究センター 教授 (欠席：書面審査)
野原 宏	日本種苗協会 専務理事
中川原捷洋	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 教授兼 遺伝子実験センター 教授

農林水産技術会議事務局

田中 弘幸 研究推進課 課長補佐

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. 会議の概要

- (1) 技術会議事務局研究推進課の田中課長補佐から食料及び農業のための植物遺伝資源条約 (ITPGR) 等を巡る内外の情勢と検討の経緯について説明された。
- (2) 連絡協議会の報告
多様性活用研究ユニット長から議事録をもって報告された。
- (3) 本年度からのセンターバンク体制について、当事業第 5 期基本計画、遺伝資源センターの構成、とくに海外対応を考慮しての国際連携室の創設等の説明が、遺伝資源センター長よりあった。
- (4) 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き説明され、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

栄養体のウイルス感染は保存上の問題であることから、クライオプレート法による保存に際してウイルスフリー化の問題も考慮したい。事業としての栄養体ウイルスフリー化については検討が必要。難増殖系統の海外増殖は、今後も増殖のための選択肢として活用していきたい。また、植物工場等を利用した増殖も含め、増殖ができていないままとなっている難増殖系統・発芽不良系統の増殖を解決する方策を検討する必要がある。現在の独法体制では、知的財産権や業務縮小の影響等でサブバンクとセンターバンクとの関係が変化してきた。農水独法統合される場合にはその対応も必要でありまた、今後は、民間と大学との連携も模索する必要がある。外国で行われている民間種苗会社との連携を参考にしたいが、民間との連携にはどのような形が可能か考える必要がある。これまで行ってきた新形質評価・育種素材化の公募課題については、今年度でほぼ終了し、今後はセンターバンクで指定した課題内容についての課題 (ナスコアコレクションなど) に絞って効果的に実施する予定である。

・微生物遺伝資源部門に係る事項

近年、植物病原菌を重点化しており、微生物のジーンバンクでも特徴的な存在である。人的リソースの制約もあるので、ユーザーが希望する病原菌遺伝資源すべてを強化できるとは限らないが、希望があれば対応できるよう努力したい。すべての分類群をセンターバンクのみではカバーできないので、サブバンクや大学との協力関係を活用している。ウイルスについては、OB を専門家として再雇用している。保存と配布に関しては、センターバンクが中心になって行っており、サブバンクの遺伝資源も確実に保存するため、可能な限りセンターバ

ンクに集めて配布する方針である。

・動物遺伝資源部門に係る事項

在来家禽保存に関して、文化庁の国指定文化財としての保存との連携は特でない。家畜については民間の在来家畜保存会等から当バンクへの保存受入がある。

・DNA部門に係る事項

データベースもリソースも継続して利用可能な状態に置くことが必要であるので、可能な部分については、ジーンバンク事業と DNA バンクとの一体化について検討している。多数の生物のゲノム解読が進んでいることから保存すべきクローンが増加し、保存場所や節電対応などの問題点が顕在化してきている。

・配布一般に係る事項

遺伝資源をとりまく情勢の変化や、生物研ジーンバンクの MTA の内容変更については、状況を見ながら検討したいとの回答があった。

(5) 講評

- ・概ね計画通り進展されているとの講評があった。
- ・SMTA への対応などジーンバンクは国際情勢に良く対応しているが、FAO IT や CBD 以外にもさまざまな国際法があり、遺伝資源や知財関連の国際法について、ジーンバンクで積極的に情報収集し問題点を整理してもらいたい。また、日本の遺伝資源の中核たるナショナルジーンバンクとしての位置づけを明確にしていきたい。
- ・世界的に遺伝資源に対する注目度が高まっており、これを機によりよいジーンバンク事業を展開してほしい。東日本震災のようなことにも対処できるように、予算の制約はあろうが遠隔地での二重保存を基本とするような抜本的な検討をお願いしたい。
- ・事業目的が明確で、年度ごとに整備が進んでいる。一方で、日本全体の遺伝資源について総括し、他のコレクション機関との仕分け・協力関係を、今後の方向性として提案してほしい。また、二重保存体制についてはぜひ検討してほしい。
- ・日本学術会議には遺伝資源分科会があり、以前は積極的議論や提言がなされていたが、現在では状況が異なってきている。中核としてジーンバンクには頑張ってもらいたい。ジーンバンク事業は目的は明確だが、ジーンバンクの重要性を認識した優れた研究者でなければ推進できないので、その点に留意して進めていただきたい。

5. 評価方法と評価結果

評価委員会設置規則に基づき評価方法を以下①②とした。評価結果は別表の通り。

- ① 植物、微生物および動物遺伝資源部門は、1) 収集・受入、2) 増殖・保存、3) 特性評価、4) 配布・情報管理提供、DNA 部門は、1) 受入、2) 保存、3) 配布・情報管理提供のそれぞれに係る平成 23 年度事業実績及び平成 24 年度事業計画案の妥当性を、A (適切)、B (概ね適切)、C (やや不適切)、D (不適切) の 4 段階基準により評価を受けた。各評価委員に評価いただく部門は別表の通りとした。
- ② 次いで、A (適切) : 4 点、B (概ね適切) : 3 点、C (やや不適切) : 2 点、D (不適切) : 0 点として集計後、満点を 100 点とした換算値 (=評価点) をもって、A (80~100 点)、B (70~79 点)、C (60~69 点)、D (0~59 点) の 4 段階基準にて評価結果を示した。

6. 改善措置等

評価結果を踏まえ、特に評価委員より寄せられたご指摘に鑑みて講じた改善措置等、以下の通り。

・植物遺伝資源部門に係る事項

<収集・受入>

指摘事項 1 : 国際法や過剰な関心でアクセスや調査が難しい中海外との折衝を適正に行っている。将来の情報研究交換を念頭に国際交流の発展に期待。海外での収集や受入に関しては、資金や人員が限られていることから、大学等の既存の活動との協力も視野に入れた a11 Japan 体制の体系化を考慮してはどうか。

改善措置等 : 共同研究をベースにした遺伝資源の保全と持続的利用に関する国際交流を進展させ、相互理解を深化させることにより、年々困難になっている海外へのアクセスに係る取り組みを戦

略的に行っていきたい。all Japan 体制は当ジーンバンクだけでは解決できないが、ご指摘の点については監督機関である農林水産省と検討していきたい。

指摘事項2：国内遺伝資源はさらに戦略的に計画してほしい。消えつつある国内の在来野菜等の収集を、地方組織と連携して、早期に対応願いたい。日本では、世界中で最も多くのアブラナ科野菜を食べているが、農業環境の変化により栽培が減少し絶滅の恐れもあるので、国内のアブラナ科野菜遺伝資源の再度の収集・受入れを早急にご検討いただきたい。

改善措置等：国内遺伝資源については、ご指摘のアブラナ科野菜も含め、サブバンクや大学等との連携を視野に入れ、戦略的な実施を図りたい。

指摘事項3：アクティブ化を効率よく進める為の特性評価や増殖で民間の種苗生産育種会社との協力態勢を検討してみたいかでしょうか。

改善措置等：今後、遺伝資源の収集やアクティブ化を効率的に進めていくための取組として、ご指摘の点について検討していきたい。

<増殖・保存>

指摘事項：限られた研究資源でよくやっているが、再増殖や無毒化などは現状維持。超低温保存の新規技術開拓は、技術のみならず省力化に資する所大であり、高く評価できる。保存資源点数の15%が栄養体であり、これらの無毒化や超低温保存は必須であるので、既存組織との連携で推進願いたい。資金が限られ負担が大きいが、無毒化には迅速な推進が必要。保存は安全性を生物機能及び安全管理の両面から再構築の準備をする必要あり。

改善措置等：栄養体の保存・無毒化についてはご指摘の点を考慮して検討していきたい。超低温保存技術の研究開発については、外部研究機関との連携も視野に入れ、引き続き鋭意取り組んでいきたい。

<特性評価>

指摘事項：特性形質評価は、毎年進展が有り、利用者にも使い安くなっている。また、遺伝資源配布及び集中管理の観点からコアコレクションが充実しているのは資する所大である。これまで育種素材化のようなアクティブな活動があったが、来年度は、野菜の育種素材化の課題がなく、活用の面ではさびしい。野生種の素材化を阻む交雑不和合等の原理的な要素についての研究支援を関連機関と検討願いたい。採種が難しい遺伝資源については、植物検疫等の配慮は必要なものの、海外での採取の検討は効率化及び省力化に資すると期待される。研究資源の拡大が望まれるが・・・

改善措置等：コアコレクションについては、来年度からナスコアコレクション作成の課題を開始するのに加え、既存のコアコレクションに対しては DNA 情報等新規特性情報の付加を重点的に実施し、今後も利便性を高めていきたい。育種素材化や野生種利用に関する研究課題については、案件によってはジーンバンク事業での対応も考えていく。海外増殖は、現在は豆類を中心に行っているが、今後対象植物を多様化し積極的に進める計画である。研究資源の拡大に関しては、農林水産省と相談して新規プロジェクト化等を図りたい。

<配布・情報>

指摘事項：独法としての情報管理は充実しているので、監督機関の MAFF との連携が強化されることを期待する。MAFF が NFP/Competent authority としてジーンバンクの compliance 維持が柔軟に行える様に随時支援する様にジーンバンクのさらなる decision making の独立性を検討願いたい。関連国際法である、FAOIT や CBD NP に contemporary に対応させた MTA の充実を検討しているが、このことは、利用者のみならず、遺伝資源を国家資産と認知し権利保護を行う為にも重要なことである。

改善措置等：遺伝資源関連国際法に対する compliance を守れるよう、監督機関である農林水産省との連携を強化して迅速な対応ができるように鋭意取り組んでいきたい。

<その他のコメント>

指摘事項1：UNFCCC, CBD, FAI IT, UNCCD, WIPO など生物多様性/遺伝資源にかかわる国際法での生物遺伝資源の検討事項についてジーンバンクとして常に注視分析できる様に専門家の養成を鋭意行っていただきたい。

独法以前の国研ジーンバンクであった時代は、探索収集や入手の交渉手続きの窓口は、MAFF 経由であったが、国研時代の過去の MAFF の PIC/MAT/MTA 等の文書管理が MAFF で十分に認知できておらず、過去の遺伝資源入手について再度・相手国と手続きを確認しようとした事等、国際的手続きとしては慣例に合わない事がおこりかけたことを傍観しています。過去の MAFF 責任が十分な管理のもと MAFF から、現在のジーンバンクへ移管されていないと、傍目には印象を受けます。ジーンバンクそのものは、常に時代に応じた国際対応してきたかと存じます。過去入手した遺伝資源は、その当時に応じた適正な入手を行っているかと存じますので、過去をただす必要はなく、先に向かって今後導入される遺伝資源の文書管理等の充実と MAFF-ジーンバンクの連携の明確化が進めばと存じます。

改善措置等：国際的な取り組みを強化するため、今中期計画では遺伝資源国際連携室を新たに設置したところである。ご指摘にある海外からの遺伝資源の入手にあたっては、今後とも適正な処理および文書管理を実施していきたい。

指摘事項2：国家資産である遺伝資源について、ジーンバンクの位置づけを National Genebank として明確に運営させ、国際交渉等での自立性を向上させるように MAFF で検討いただきたい。

改善措置等：遺伝資源センターおよびジーンバンク事業の位置づけに関しては、農林水産省との協議のもと、明確化を目指していきたい。

指摘事項3：限られた研究資源のなかで総じてよくやっているが、限界もある。予算等今後の飛躍的改善が望まれる。”

改善措置等：恒常的・長期的戦略をもって行われるべき遺伝資源管理に係る取り組み・業務を、持続的に推進できるよう、必要な予算や人的資源の確保を農林水産省と協議・検討していきたい。

・微生物遺伝資源部門に係る事項

<収集・受入>

指摘事項：新規登録株の100%アクティブ化は高く評価できる。植物病原菌の主要な株を収集するという明確な方針も、センターバンクやサブバンクの陣容を考えると妥当。探索収集報告書の定期刊行は評価できる。計画的収集や収集の効率化のための準備も予定されている。さらに新規参入を目指してほしい。”

改善措置等：昨年度の指摘もあり、収集微生物種が我が国の病害防除研究に広く活用されることを念頭に置いて、収集方針を明確にした。今後も、探索収集報告書あるいは微生物遺伝資源利用マニュアル等、ジーンバンク保存の微生物の効率的利用を目指して関連情報の積極的発信に努力したい。外部委託課題も活用して、サブバンク以外の機関や研究者からも微生物をセンターバンクに直接受け入れるなど、コレクションのさらなる充実を図りたい。

<増殖・保存>

指摘事項：難貯蔵性微生物の超低温保存法の開発は今後の収集・保存のブレイクスルーになると考えられ、非常に高く評価できる。ジーンバンクならではの連携による成果と推測する。センターバンクへの移管を進めながらも、サブバンクの特徴を生かした保存が必要とのことだが、この体制を利用して危険分散体制を構築してはどうか。センターバンクへの移管の徹底による保存・配布事業の効率化、合理化、品質検査、分類検証が予定されており適切な計画である。非アクティブ・コレクションの実情考察などの分析もそのうちにまとめる必要がある。

改善措置等：難貯蔵性微生物の超低温保存法の開発はこれまで扱うことのできなかった微生物をコレクション対象とする上で重要な技術的進歩であると考えている。特に植物病原微生物には難貯蔵性微生物も多く、今後も努力したい。保存株の品質を含めた安全な保存を考え、センターバンクへの移管を可能な限り勧めたいが、これは、サブバンクとセンターバンクの保存施設や

保存体制の整備状況、専門家の配置等も考えた上での対応である。保存株のバックアップは大変重要と考えており、その方策については引き続き検討している。サブバンクの活用も含めて、相応の施設、設備、予算、人的資源との兼ね合いがある。災害などのリスク等も考慮し、農水省とも相談の上、検討して参りたい。非アクティブ・コレクションの実情考察の分析は今後実施する方向で検討したい。

<特性評価>

指摘事項：5000点に近い数のバーコーディング、新種記載、外部専門家による分類学的検証、学名のアップデートが非常によく実施され、保存株の信頼性を高めるとともにコレクションの信頼性につながっている。サブバンクによる特性評価も計画的に実施されている。来年度も意欲的な特性評価計画が計画されており、多様な成果が得られることが今後期待される。サブバンクの特性調査の達成率が伸び悩んでいるようだが、要因は何か。

改善措置等：現在センターバンクで積極的に進めている、網羅型のDNA塩基配列整備、及び推奨菌株の選定とDNA塩基配列解析の結果はホームページ等で原則的に公開する前提で進めている。特性評価情報もパブリックドメインとして広く公開する目的でデータベースを構築中であるが、サブバンクの特性調査の達成率が伸び悩んでいることは、問題と捉えている。基本的には、サブバンクは他の独立行政法人に所属しており、サブバンクにとってのジーンバンク事業は生物研との契約に基づいた委託事業である。個々の独立行政法人の本来業務との兼ね合いから、サブバンク参画研究室や担当者が徐々に減少の傾向にあることから、サブバンクにおけるジーンバンク事業への理解をもとめる働きかけがより重要になっていると考えている。

<配布・情報>

指摘事項1：配布は漸増傾向にあるが、配布数を保存菌株数に対する利用率と考えると、高いとはいえない。病原菌が主体という特殊性から利用が限定されることや、保存自体が目的となることも理解できるが、良質なコレクションが多くの人に利用されることが望ましいことから、サービス（利用者側の使い勝手、そのための宣伝など）ということも一考してはどうか。多くの人に利用されることにより、菌株情報が増加し、さらなる高品質化につながると考えられる。

改善措置等：配布実績は永らく年間600～700株程度であったが、平成16年度以降1,000株を安定して超え、ここ3年間は1,500株以上となるなど、上り調子と考えている。分類検証や推奨菌株の選定を通じて保存微生物の品質向上、安定化をはかると共に、微生物配布株カタログに、これまでに構築してきた植物病名データベースもリンクさせるなどして、収集重点対象としている植物病原微生物について一層の宣伝と利用促進を図ってきたい。また、ユーザからの問い合わせ・配布申込に丁寧に対応しつつ、収集、特性評価、保存、情報発信等を図り、配布数が今後とも増加するよう努力したい。多くの人に利用されることで、菌株情報が増え、高品質化につながることはその通りで、利用者側の使い勝手を考えたサービスの向上にも配慮したい。

指摘事項2：Web登録システムの開発が予定されており、収集の効率化が予想される。配布数の予想は困難であるが、目標値として設定しておくことにより、収集・特性評価などに具体的な目標が生まれると考える。

改善措置等：配布はユーザからの任意の申込に基づいており、配布数の予測は困難だが、配布の数値目標設定・計画化と配布数の増加を期待した取り組み自体はユーザにとっても有益と思われる。配布数が今後とも増加するよう、ユーザからの問い合わせや配布申込に対応しつつ、収集、特性評価、保存、情報発信等を図りたい。

<その他のコメント>

指摘事項1：保存方法の研究開発とその施設の拡充が今後の本事業の重点の一つと思われるので、100%アクティブ化と同時に設備の拡充も必要と考えられる。

改善措置等：100%アクティブ化については、動物病原菌などの扱い、安全管理、危機管理、知財管理、ガバナンス等の課題があるが、担当サブバンクや農水省と検討し、期待に応えるよう努力したい。また、設備の拡充については、保存株のバックアップにも関係して、相応の施設、設

備、予算、人的資源との兼ね合いがある。農水省とも相談の上、検討して参りたい。

指摘事項2：分類学的検証がしっかり行われており、コレクションの信頼性の高さに結びついている。センターバンク、サブバンク体制がうまく機能し、収集・保存が行われている。

改善措置等：今後も期待に応えるよう努力したい。

指摘事項3：サブバンクが増えることは事業拡充の為に大変有効なことであり、良好な関係が築かれることを期待する。地理的に離れたサブバンクを活用したバックアップ体制の構築が望まれる。事業として人的資源の充実が欲しい分野である。

改善措置等：センターバンクでの保存が難しい一部微生物を管理するサブバンク等、サブバンクの本来業務と効果的に対応させつつ連携強化を図るとともに、効果的な外部委託も検討し、事業を前広に推進して参りたい。

指摘事項4：事業として人的資源の充実が欲しい分野である。

改善措置等：人的資源を生物研内部に求めるのは昨今の状況から厳しい状況だが、委託課題、菌株登録、材料提供、問い合わせに対する対応などを通じて得た大学、研究独法、都道府県、民間等の人脈を、その後も助言者として保持し続けることも人的資源だと考え、その拡充に努めたい。

・動物遺伝資源部門に係る事項

<収集・受入>

指摘事項：計画8点に対して、実績は7点であり、達成率は87.5であったが、家畜部門の達成率は100%であり、その努力は評価できる。また追加10点を収集したことは評価できる。家畜・家禽を継続的に収集に努めようとしているところは評価できる。危機管理の面からも、可能な限りの収集・受入は遂行すべきである。現状維持に甘んじず新規計画を立てる必要性もあるのではないかと。

改善措置等：収集・受入については、保存施設、設備、予算、及び人的資源との兼ね合いがあるが、家禽などのように、保存技術の開発や保存に伴う飼育労力の軽減などがあることから、可能な限り現状を進展させた新規計画を立てるよう努めていく。

<増殖・保存>

指摘事項：7点の新規導入により保存は1102点に増加した。アクティブコレクションの割合を70.7%に増加させたことは評価できる。家畜個体番号の導入は管理の正確化に資するものであり期待できる。ただしANJP番号の周知徹底は必要である。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。

改善措置等：ANJP番号については、動物遺伝資源を管理する上での識別子としてジーンバンクにおいての徹底を図るとともに、ホームページや印刷物など通して外部利用者への広報を積極的に進めて参りたい。

<特性評価>

指摘事項：1次から新規特性まで含めて224項目の情報を集積されたことは評価できる。達成率の低さはカイコの対象品種の導入ができなかったためだが、計画立案に問題はなかったか。来年度は着実な評価を進めることを期待する。特性評価のさらなる向上を計画している。2つの公募課題が完了したので、その成果の実用面での応用が期待される。評価の外部委託課題は双方にとってメリットがあればうまくいくような気がします。

改善措置等：計画していたカイコ品種の導入が不成立になったのは、提供元に起因する不測事態であったが、今後の計画立案ではより慎重に策定し着実に達成できるよう努めていく。また、外部委託課題については、ニワトリSNP情報及びミツバチ性決定遺伝子を用いた新規特性評価から有効な成果が出ており、保存動物遺伝資源の系統分化の解明や系統維持への適用を検討したい。

を廃棄対象として対応した。

<配布・情報>

指摘事項1：この分野では最も重要なセクションなので、今後も情報入手及び提供に注力してほしい。情報の高度化、連携、一元化は是非積極的に進めていただきたい。

改善措置等：多様なデータベースに関して今後もさらに円滑に利用できるように有機的な統合を図り、効果的な情報提供に努めたい。

指摘事項2：配布件数が非常に少ないが、イネに関しては、遺伝子発現や比較ゲノム DB 等が充実して来ており、研究コミュニティに貢献していることから、これらの情報とクローン情報が有機的に結びつく工夫があれば、配布件数も伸びると思われる。これらの DNA リソースを用いるアイデアのある小規模プロジェクトを募るのも、利用価値を上げる方策として効果があるのである。

改善措置等：ご指摘の点を十分検討し、DNAリソースの利用拡大に努めてまいりたい。

指摘事項3：イネゲノムリソースセンター業務とジーンバンク事業との有機的結合を期待。

改善措置等：ご指摘のゲノムリソースセンターとジーンバンク事業の整理については、今期中に改善を図りたいと考えている。

<その他のコメント>

指摘事項1：配布件数が少ない事は懸念材料である。プロジェクトで作成された DNA クローンのうちどのようなものを保存すべきかの議論が必要と思われる。あるいは、受動的受け入れだけではない、戦略的な保存事業の議論も始める必要がある。

改善措置等：イネESTクローンについては、上位のイネ完全長クローンが存在（平成15年から配布開始）することから、徐々にリクエストが減少した。また、連鎖地図上のDNAマーカーも、平成16年にゲノム解読が完了したことから、リクエストが大幅に減少した。これらイネESTクローンとRFLPマーカーは、平成10～12年がリクエストのピークであり、その使命は十分に果たしたと考えている。ご指摘の点を踏まえ、今後、植物・昆虫・動物プロジェクトで作成されているリソースを十分検討し、戦略的な事業展開を検討してまいりたい。

指摘事項2：イネゲノムセンター事業とジーンバンク事業の一元化を効率よくスピード感を持って達成して欲しい。DNAバンクの今後の戦略についての議論も望まれる。情報化が最大の武器と考えられるため、情報とのリンク、DB公開、バージョンアップは継続的に推進することが、研究基盤にとって必要である。

改善措置等：ご指摘のゲノムリソースセンターとジーンバンク事業の整理については、今期中に改善を図りたい。また、ゲノム関連の情報提供については、研究基盤としての役割を果たせるよう継続して取り組んでまいりたい。

指摘事項3：DNAバンクの存在意義：当DNAバンクの資源を利用した成果の検索を、定期的にしておく必要はないか。

改善措置等：DNAバンクのリソースを利用した研究成果については、フィードバックしていただくようMTAに記載しているが、十分な提供がなされていない。また一部のリソース（例えばTos17）は、検索で情報収集可能であるが、すべてのリソースで情報収集ができる状況にはない。謝辞への記載を義務づける等の措置で定期的な検索が出来るようなシステムを検討してまいりたい。

<配布・情報>

指摘事項：配付実績件数は配布先の要請に基づくものであり、配布件数の減少は要請の減少に依存している。情報としては、論文を活発に発信していることが評価できる。また、Webサイトでは、容易に検索できる遺伝資源検索システムが稼働している点が評価できる。平成22年度に新規開発された動物遺伝資源情報管理プログラムや動物事業実績計画Web登録システムの改修を進める計画の内容が明確に示されていないので、問題点の整理と検討が必要である。

改善措置等：ジーンバンクに対する配布要請を増やしていくため、利用者が必要とする動物遺伝資源の品種・系統や保存形態の調査・把握を検討したい。また、動物遺伝資源情報管理プログラムでは、昆虫培養細胞を他の動物遺伝資源とともにデータベースで管理するため、培養細胞用のデータベース表、及び培養細胞用の入力項目の作成を進める。動物事業実績計画Web登録システムでは、ANJP番号に対応する入力フォームを新設する。

<その他のコメント>

指摘事項1：限られた予算と少ない人員で計画を遂行するには多くの努力を必要とするので、来年度の計画が十分に達成されるのか危惧される。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ろう。

改善措置等：当面、限られた予算と少ない人員であるが、サブバンクや他機関との連携により効果的に進めていく。家畜の生体保存に関しては、大学や民間との交流をすでに実施している場合があり、ご指摘のようにそれらの協力は必要である。

指摘事項2：保存・配布に対するハンドリングなど、日常のルーティン・ワークに問題はないか。

改善措置等：予算や人員の減少はあるが、有期雇用型契約職員の活用、業務の効率化などにより日常のルーティン・ワークに影響がないよう対応している。

・DNA部門に係る事項

<受入>

指摘事項：3・11の大災害のあと電力事情が急変し対応にご苦労があったことと思います。植物、家畜、昆虫等で予定のDNAクローンが適切に受け入れられており、今後も植物、家畜、昆虫等のDNAリソースの受け入れが予定され、基盤構築が進むと思われる。事業の一元化により研究の進展と事業の発展を期待する。

改善措置等：フリーザ台数や電力量等の物理的要因があるが、ご指摘のように研究の進展と事業の発展のために、受け入れを進めてまいりたい。

<保存>

指摘事項1：貴重な資源なので出来るだけ多く保存出来るようにして頂ければと思っています。cDNAクローンは別として、BACなどのサンプルは厳選してバックアップ保存を行う事などを検討すべきではないか。

改善措置等：上述したように無制限の受け入れが不可能なことから、ご指摘の点を踏まえて効率的な配布方法・体制を検討してまいりたい。保存、品質管理は、受け入れ、配布と連動しており、今後何をどこまで増やすか、不要な物との置き換え、情報化のみにする物など、より効率的な業務の検討が必要と考えている。ご指摘のゲノム解析に用いたPACやBACクローン、特に物理地図作成に用いたBACクローンについては、バックアップ保存を早急に検討してまいりたい。

指摘事項2：節電対策での、クローンの整理保管等は適切な対応と思われる。保存に関する具体的な業務内容を説明していただきたい。

改善措置等：3・11の大災害の後の節電対策として、複数台の超低温フリーザ（-80℃）及び低温フリーザ（-30℃）を停止させる必要があった。上位のイネ完全長cDNAクローンを優先的に保存・管理することとし、イネESTクローン（約4万8千）の大腸菌及びそのプラスミド

別表(平成23年度実績及び平成24年度計画の評価)

植物遺伝資源部門	平成23年度 事業実績			平成24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"> ・アクティブ化を効率よく進める為の特性評価や増殖などで民間の種苗生産育種会社と協力態勢は組めないものかどうか検討してみたらいかがでしょうか。 ・国際法や過剰な関心でアクセスや調査が難しい中海外との折衝を適正に行っている。また、国内ユーザーの需要も考え、海外の探索及び収集の候補地を選定している。国内での収集も適正に行っている。 ・国内遺伝資源の収集・受け入れはツルマメに焦点を当てているように見えるが、サイズとの関係で調査研究の深化を期待。海外遺伝資源調査など難しくなった国際情勢の中で努力している。 	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・国内のアブラナ科野菜を再度収集・受入れを考えてみていただきたいと思います。世界中で最も多くのアブラナ科野菜を食べているのがわが日本国民です。農業環境の変化によりその栽培が少なくなり絶滅の恐れもありますので早急に行う必要があります。 ・遺伝資源の海外での収集や海外からの入手について、資金や人員が限られているので、all Japan体制で日本の大学等の既存の活動の協力も体系化ご考慮されてはと存じます。国内の消えつつ有る在来野菜等の収集も地方組織と連携し早期に対応検討願いたい。 ・将来の情報研究交換を念頭に国際交流の発展に期待。国内遺伝資源はさらに戦略的に計画。
増殖・保存	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・超低温保存の新規技術開拓は、技術のみならず省力化に資する所大であり、高く評価できます。増殖についても遺伝資源が増えているにかかわらず効率的に増殖を図っているかと存じます。 ・限られた研究資源でよくやっているが、再増殖や無毒化など現状維持。調査研究には敬意。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・保存資源点数の15%が栄養体ですが、これらの無毒化や超低温保存は遺伝資源の付加価値の向上や省力化には必須であり、これらへの対応も既存の組織との連携で推進願えればと存じます。資金が限られ負担大ですが、無毒化は迅速な推進が必要かと存じます。 ・保存は安全性を生物機能及び安全管理の両面から再構築の準備をする必要。
特性評価	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・特性形質評価は、毎年進展が有り、利用者にも使い安い状態です。また、遺伝資源配布及び集中管理の観点からコアコレクションが充実しているのは資するところ大です。 ・素材化などアクティブな活動あり。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・野菜の育種素材化の課題がないのはさびしい気がします。 ・野生種について、交雑不和合など素材化を阻む原理的な要素についての研究支援を関連機関と検討願えればと存じます。気候変動で、採取が難しい種については、植物検疫等の配慮は必要なものの、海外での採取の検討は効率化及び省力化に資するところ大であります。 ・研究資源の拡大が望まれるが、...
配布・情報	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・独法としての情報管理は、充実しております。監督機関のMAFFとの連携が強化されることを期待します。MAFFがNFP/Competent authorityとしてジーンバンクのcompliance維持が柔軟に行える様子を随時支援する様にジーンバンクのさらなるdecision making独立性を検討願いたい。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・MTAの充実を関連国際法である、FAOITやCBD NPIにcontemporaryに対応させることを検討されており、これは利用者のみならず遺伝資源を国家資産と認知し、権利保護を行う為にも重要なことでもあります。
その他コメント			<ul style="list-style-type: none"> ・UNFCCC, CBD, FAI IT, UNCCD, WIPOなど生物多様性/遺伝資源にかかわる国際法での生物遺伝資源の検討事項についてジーンバンクとして常に注視分析できる様に専門家の養成を鋭意行っていただきたい。独法以前の国研ジーンバンクであった時代は、探索収集や入手の交渉手続きの窓口は、MAFF経由であったことかと存じます。国研時代の過去のMAFFのPIC/MAT/MTA等の文書管理がMAFFで十分に認知できていらず、過去の遺伝資源入手について再度・相手国と手続きを確認しようとした事等、国際的手続きとしては慣例に合わない事がおこりかけたことを傍観しています。過去のMAFF責任が十分な管理のもとMAFFから、現在のジーンバンクへ移管されていないと、傍目には印象を受けます。ジーンバンクそのものは、常に時代に応じた国際対応してきたかと存じます。過去入手した遺伝資源は、その当時に応じた適正な入手を行っているかと存じますので、過去をただす必要はなく、先に向かって今後導入される遺伝資源の文書管理等の充実とMAFF-ジーンバンクの連携の明確化が進めばと存じます。 			<ul style="list-style-type: none"> ・国家資産である遺伝資源について、ジーンバンクの位置づけをNational Genebankとして明確に運営させ、国際交渉等での自立性を向上させるようにMAFFで検討いただきたい。 ・限られる研究資源のなかで総じてよくやっているが、限界もある。予算等今後の飛躍的改善が望まれる。
部門計	96	A		94	A	

微生物遺伝資源部門	平成23年度 事業実績				平成24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	<ul style="list-style-type: none"> ・新規登録の100%アクティブ化は高く評価します。利用者も期待していることと思います。 ・数値目標も達成されている。全てをアクティブ化したことは評価される。また、植物病原菌の主要な株を収集するという明確な方針も、センターバンクやサブバンクの陣容を考えると妥当であろうと考える。 ・概ね目標を達成。探索収集報告書の定期発行は評価。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・計画的な収集が予定されている。さらに、収集の効率化のための準備が予定されている。 ・さらに新規参入を目指す。 		
増殖・保存	100	A	<ul style="list-style-type: none"> ・難貯蔵性微生物の超低温保存法の開発は今後の収集・保存のプレークスルーになると考えられ、非常に高く評価できる。ジーンバンクならではの連携による成果と推測する。センターバンクへの移管を進めながらも、サブバンクの特徴を生かした保存が必要とのことだが、この体制を利用して危険分散体制を構築してはどうか。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・センターバンクへの移管の徹底による保存・配布事業の効率化、合理化、品質検査、分類検証が予定されている。 ・非アクティブ・コレクションの実情考察などの分析もそのうちにまとめる必要。 		
特性評価	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・5000点に近い数のバーコーディング、新種記載、外部専門家による分類学的検証、学名のアップデートが非常によく実施され、保存株の信頼性を高めるとともにコレクションの信頼性につながっている。サブバンクによる特性評価も計画的に実施されている。 ・サブバンクの特性調査の達成率が伸び悩み？それとも別の要因？ 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・意欲的な特性評価計画がアクティブ株に対して計画されている。 		
配布・情報	83	A	<ul style="list-style-type: none"> ・配布が漸増傾向にあることは評価できる。しかし、配布数を保存菌株数に対する利用率と考えると、利用率に関しては高いとはいえない。病原菌が主体という特殊性から利用が限定されることや、保存自体が目的となることも理解できるが、良質なコレクションが多くの人に利用されることが望ましいことから、サービス(利用者側の使い勝手、そのための宣伝など)ということも一考してはどうか。多くの人に利用されることにより、菌株情報が増加し、さらなる高品質化につながると考えられる。 	83	A	<ul style="list-style-type: none"> ・Web登録システムの開発が予定されており、収集の効率化が予想される。配布数の予想は困難であるが、目標値として設定しておくことにより、収集・特性評価などに具体的な目標が生まれると考える。 		
その他コメント			<ul style="list-style-type: none"> ・保存方法の研究開発とその施設の拡充が今後の本事業の重点の一つと思はれますので100%アクティブ化と同時に設備の拡充も必要かと思えます。 ・分類学的検証がしっかり行われており、コレクションの信頼性の高さに結びついている。センターバンク、サブバンク体制がうまく機能し、収集・保存が行われている。 			<ul style="list-style-type: none"> ・サブバンクが増えることは事業拡充の為に大変有効なことと思えます。良好な関係が築かれますことを期待しています。 ・地理的に離れたサブバンクを活用してバックアップ体制を構築することが望まれる。 ・事業全体として人的資源の充実が欲しい分野である。 		
部門計	92	A		90	A			

動物遺伝資源部門	平成23年度 事業実績				平成24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	<ul style="list-style-type: none"> ・計画8点に対して、実績は7点であり、達成率は87.5%であったが、家畜部門の達成率は100%であり、その努力は評価できる。また追加10点を収集したことは評価できる。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・家畜・家禽を継続的に収集に努めようとしているところは評価できる。危機管理の面からも、可能な限りの収集・受入は遂行すべきである。 ・現状維持から新規計画の必要性。 		
増殖・保存	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・7点の新規導入により保存は1102点に増加した。アクティブコレクションの割合を70.7%に増加させたことは評価できる。家畜個体番号の導入は管理の正確化に資するものであり期待できる。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・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。 ・ANJP番号の周知徹底 		
特性評価	83	A	<ul style="list-style-type: none"> ・対象品種の受け入れ不成立は残念でした ・1次から新規特性まで含めて224項目の情報を集積されたことは評価できる。達成率の低さはカイコは8品種の導入ができなかったことによるものであり、次年度を期待したい。 ・計画立案に問題はなかったか。 	92	A	<ul style="list-style-type: none"> ・評価の外部委託課題は相手先のこともありご苦労も多いかと思えますが双方にとってメリットがあればうまくいくような気がします ・特性評価のさらなる向上を計画している。2つの公募課題が完了したので、その成果の実用面での応用が期待される。 ・着実な評価を期待。 		

配布・情報	92	A	・配付の実績は配布先の要請に基づくものであり、件数の減少はそれに依存している。情報としては、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、容易に検索できる。	83	A	・平成22年度に新規開発された動物遺伝資源情報管理プログラムや動物事業実績計画Web登録システムの改修が進める計画である。しかし、その内容が明確には示されていないので、今後問題点の整理と検討が必要である。
その他コメント						・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か危惧される。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ろう。 ・保存・配布に対するハンドリングなど、日常のルーティン・ワークに問題はないか。
部門計	90	A		90	A	

DNA部門	平成23年度 事業実績			平成24年度 事業計画		
	集計 評価点	評価	講評	集計 評価点	評価	講評
受入	92	A	・3・11の大災害のあと電力事情が急変し対応にご苦労があったことと思います。 ・植物、家畜、昆虫等で予定のDNAクローンが適切に受け入れられている。	92	A	・事業の一元化により研究の進展と事業の発展を期待しています。 ・植物、家畜、昆虫等のDNAリソースの受け入れが予定され、基盤構築が進むと思われる。
保存	100	A	・貴重な資源ですので出来るだけ多く保存出来るようにして頂ければと思っています。 ・震災への節電対策で、クローンの整理保管等は適切な対応と思われる。	92	A	・cDNAクローンは別として、BACなどのサンプルは厳選してバックアップ保存を行う事などを検討すべきではないか。 ・具体的な業務内容を。
配布・情報	92	A	・配布件数が非常に少ない。イネに関しては、遺伝子発現や比較ゲノムDB等が充実して来ており、研究コミュニティに貢献している。これらの情報と、クローン情報がより有機的に結びつく工夫があれば、配布件数も伸びると思われる。 ・この分野では最も重要なセクション。今後とも情報入手及び提供に注力。	100	A	・これらのDNAリソースを用いるアイデアのある小規模プロジェクトを募るのも、利用価値を上げる方策として効果があるのでは？ 情報の高度化、連携、一元化は是非積極的に進めていただきたい。 ・情報アクセスのさらなる円滑化、効率化。イネゲノムリソースセンター業務とジーンバンク事業との有機的結合を期待。
その他コメント			・配布件数が少ない事は懸念材料である。プロジェクトで作成されたDNAクローンのうちどのようなものを保存すべきかの議論が必要と思われる。あるいは、受動的受け入れだけではない、戦略的な保存事業の議論も始める必要がある。			・イネゲノムセンター事業とジーンバンク事業の一元化を効率よくスピード感を持って達成して欲しい。DNAバンクの今後の戦略についての議論も望まれる。情報化が最大の武器と考えられるため、情報とのリンク、DB公開、バージョンアップは継続的に推進することが、研究基盤にとって必要である。 ・DNAバンクの存在意義：当DNAバンクの資源を利用した成果の検索を、定期的しておく必要はないか。
部門計	94	A		94	A	

全部門	平成23年度 事業実績 集計		平成24年度 事業計画 集計	
	評価点	評価	評価点	評価
収集・受入	94	A	94	A
増殖・保存	96	A	92	A
特性評価	92	A	92	A
配布・情報	90	A	90	A
総合	93	A	92	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

●探索収集調査 <平成23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23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	ダイズ (<i>Glycine max</i>) ツルマメ (<i>Glycine soja</i>) アズキ (<i>Vigna angularis</i>) ヤブツルアズキ (<i>Vigna angularis</i> var. <i>nipponensis</i>)	島根県 隠岐	2011年10月24日から10月28日までの日程で合計66点のマメ科植物遺伝資源を収集した。その内訳は、ダイズ1点、ツルマメ7点、アズキ3点、ヤブツルアズキ54点、その他のマメ類(<i>Amphicarpaea bracteata</i>)1点である。
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)	豆類	その他のマメ類	沖縄県 (石垣島、西表島、黒島)	2011年6月28日から7月2日までの日程で石垣島、西表島、黒島の3島を探索し、合計27点の遺伝資源を収集した。マメ類27点の内訳は、(<i>V. luteola</i> 1点, <i>V. reflexo-pilosa</i> 1点, <i>V. marina</i> 10点, <i>V. riukiensis</i> 13点, <i>Lotus</i> sp. 1点, <i>Glycine koidzumii</i> 1点)である。
3	作物研究所 畑作物研究領域 大豆育種研究分野 (羽鹿牧太、山田哲也)	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>) ダイズ (<i>Glycine max</i>)	和歌山県、三重県、奈良県、茨城県、他	紀伊半島を中心に、ツルマメ56点、ヤブツルアズキ7点を探索・収集した。その他に福島県、静岡県農産物直売所でダイズ5点を購入した。
4	九州沖縄農業研究センター 作物開発・利用研究領域 (大木信彦)	豆類	ツルマメ (<i>Glycine soja</i>)	鹿児島県 (本土及び種子島)	鹿児島県本土において8点、種子島において15点、計23点のツルマメの収集を行い、収集地点のGPS情報を記録した。
5	東北農業研究センター 畑作物園芸研究領域 (本田裕)	雑穀・特用作物	ジュズダマ ハトムギ	宮城県、山形県、岩手県	ジュズダマについては、宮城県(4点)、山形県(4点)、岩手県(1点)を、ハトムギについては宮城県(1点)を収集した。
6	九州沖縄農業研究センター 作物開発・利用研究領域 (服部太一郎、境垣内岳雄、石川葉子)	雑穀・特用作物	サトウキビ野生種 (<i>Saccharum spontaneum</i>)	宮崎県北部、大分県東部、薩摩半島南部	2011年8月下旬に実施した宮崎県および大分県での探索では、宮崎市の一ツ瀬川近辺から北上して国東半島の杵築市から国東市にかけて、鹿児島県での探索では、南九州市から枕崎市、南さつま市にかけて、いずれも、海岸線や河川の河口付近を中心に調査した。その結果、日向市小倉ヶ浜の赤岩川河口付近、延岡市南部の沖田川流域、および、枕崎市塩屋北町の馬迫川河口付近の計3か所にてサトウキビ野生種群落を発見し、3点の遺伝資源を収集した。 現場での特性調査の結果、延岡市で発見した群落においてブリックスが18%近くまで達する個体が見られるなど、収集した遺伝資源は交配素材として有望であると考えられた。
7	東北農業研究センター 畜産飼料作物研究領域 (藤森雅博、秋山征夫、久保田明人)	牧草・飼料作物	クサヨシ (<i>Phalaris arundinacea</i>)	静岡、島根	当所、東北の太平洋側のサンプリングを予定していたが、前年の津波被害のため、収集場所を静岡に変更して収集を行い、4系統を収集した。また、それと併せて島根で収集を行った種子10系統を分譲してもらった。
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</i> sp.)	沖縄県先島諸島地域 (石垣島・黒島・西表島・与那国島)	平成23年11月6日～15日にかけて探索・収集を実施した。28点について樹体の特性調査を行い、18点の収集を達成した。 探索地域はカンキツグリーン病発生地域のため、苗木の持ち出しは禁止されていることから、果実採取のできた9点を種子導入とし、他の9点については沖縄県農業研究センターの協力を得て、接ぎ木を行い、伸長後に那覇植物防疫所で検疫を受ける予定である。検疫後、カンキツグリーン病フリー樹のみ導入する計画である。

9	北海道農業研究センター 水田作研究領域果樹育種班 (伊藤祐司)	果樹類	シヤンヤンボ (<i>Vaccinium bracteatum</i>)	南九州島嶼部 (屋久島)	屋久島の照葉樹林においてブルーベリー近縁野生種シヤンヤンボを探索し、5個体から小枝を採取した。5個体のうち2個体には少量の果実が着生していたので、種子も収集できた。 計画していた北海道東部湿原のハスカップ野生種の収集は、調査候補地が3月の震災による津波被害地に近い河川流域にあり、立ち入りの危険性が懸念されたため中止とした。
GB 事業外	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	栄養体71点を収集した。ジーンバンクへの登録は、次年度に定着を確認後、実施する。種子も採取したが、発芽は今後調査する。 * 本実績は、昨年度計画があげられていなかった課題で、ジーンバンク事業では予算化されていない。

(イ)海外共同調査

	主実施機関	植物種類	対象植物	対象地域	平成23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	ササゲ(<i>Vigna unguiculata</i>) その他のマメ類	カンボジア	2011年11月8日から11月19日にかけてカンボジアを訪問し、カンボジア農業開発研究所(CARDI)と共同研究協定(Letter of Agreement)を締結した。締結した協定に基づき、カンボジア内の調査を実施し、ササゲ5点、その他のマメ類11点(Lablab purpureus 1点、 <i>Vigna minima</i> 7点、 <i>Vigna radiata</i> var. <i>sublobata</i> 1点、 <i>Vigna umbellata</i> 2点)、合計16点のマメ科植物遺伝資源を収集し、CARDIジーンバンクに保存するとともに、SMTAに基づいて我が国に導入した。
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、 熱帯・亜熱帯作物	ソルガム及び近縁野生種 サトウキビ及び近縁野生種	ラオス	ラオス植物遺伝資源現地調査については、2011年5-6月に中部地域のソルガム等雑穀及びバイオマス資源作物(エリアンサス及び近縁種等)を対象に実施した。その結果、合計50点の調査を行い、雑穀遺伝資源は種子として、バイオマス資源作物は栄養体として現地国立研究所(NAFRI)傘下のイネ・換金作物研究センターに保存した。 2012年1月18日にMOAの延長を前提として、これまでの共同調査研究の成果発表会を、ヴィエンチャンにおいて開催した。★参加者 総計40名、日本側、生物研から4名、JICAラオスから3名、合計7名、ラオス側、農林省から2名、ラオス科学技術省から2名、その他NAFRIから29名、合計33名であった。 本ワークショップにより、両国の相互理解が大きく進展し、MOAの延長および今後の研究協力の方向性について議論を深めることができた。
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	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。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議論を行った。 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ミレット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。
GB 事業外	野菜茶業研究所 野菜育種・ゲノム研究領域 (杉山充啓)(田中克典)	野菜類	メロン(<i>Cucumis melo</i>) きゅうり(<i>Cucumis sativus</i>) すいか(<i>Citrullus vulgaris</i>) 西洋カボチャ(<i>Cucurbita maxima</i>) ペポカボチャ(<i>Cucurbita</i>)	カザフスタン共和国	科研費基盤A海外学術調査「東アジアに渡来・起源した作物資源の遺伝的評価と開発研究」において、共同研究協定に基づき、2011年8月9日から8月24日にかけてカザフスタンを調査し、メロン123点、きゅうり2点、スイカ17点、西洋カボチャ4点、ペポカボチャ5点の野菜遺伝資源を収集し、MTAに基づいて我が国に導入した。導入した遺伝資源はジーンバンク事業に登録した。

2) 植物遺伝資源の増殖・保存

JP番号による各植物種類別保存点数の集計値（集計期間：2010/12/01～2011/11/30）

区分	総保存点数		保存区分						保存形態					
	JP	増減	ワーキング	増減	ベース	増減	アクティブ	増減	種子	増減	栄養体	増減	その他（培養系・超低温）	増減
稲類	37080	29	703	▲ 35	36377	64	26685	165	37080	29	0	0	0	0
麦類	57940	317	1259	▲ 10	56681	327	34016	17	57882	317	58	0	0	0
豆類	19858	1725	618	▲ 162	19240	1887	14078	1897	19857	1725	1	0	0	0
いも類	5532	▲ 1	434	1	5098	▲ 2	2522	0	427	▲ 1	5104	▲ 1	1	0
雑穀・特用作物	16936	115	1195	▲ 67	15741	182	9599	190	14317	110	2619	5	85	0
牧草・飼料作物	31223	126	6071	88	25152	38	14443	48	26743	202	4543	▲ 77	0	0
果樹類	8313	19	2750	6	5563	13	3540	32	224	2	8117	17	0	0
野菜類	25319	206	7144	▲ 10	18175	216	11105	245	24270	165	1050	41	0	0
花き・緑化植物類	4280	▲ 73	2621	▲ 76	1659	3	346	17	94	0	4187	▲ 73	0	0
茶	6632	0	1367	0	5265	0	1291	0	148	0	6484	0	0	0
桑	1592	0	478	0	1114	0	762	0	0	0	1545	0	1101	0
熱帯・亜熱帯作物	221	▲ 2	43	▲ 2	178	0	15	1	38	0	183	▲ 2	0	0
その他の植物	3263	91	1517	65	1746	26	560	21	1802	1	1463	91	10	0
合計	218189	2552	26200	▲ 202	191989	2754	118962	2633	182882	2550	35354	1	1197	0

JP番号：遺伝資源の各アクセッションに付与されたID番号

保存番号：遺伝資源の保存を管理するために付与された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：ベースコレクションの中で配布可能な状態になった遺伝資源

保存番号による植物遺伝資源の各保存場所ごとの保存点数 [集計期間：2010/12/01～2011/11/30]

区分	総保存点数と増減			保存区分			保存形態		
	前年度末計	増減	本年度計	ワーキング	ベース	アクティブ	種子	栄養体	その他(培養系・超低温)
センターバンク	138585	1003	139588	689	138899	109632	138392	0	1196
中央農業総合研究センター	228	▲ 64	164	15	149	103	164	0	0
作物研究所	4400	131	4531	789	3742	1342	2934	1597	0
農業生物資源研究所	24384	611	24995	1736	23259	9067	22956	2038	1
畜産草地研究所	2091	666	2757	1121	1636	114	1558	1199	0
果樹研究所	8147	▲ 24	8123	2736	5387	3595	210	7913	0
野菜茶業研究所	17055	13	17068	6998	10070	3318	11388	5680	0
花き研究所	2222	▲ 8	2214	1166	1048	172	1	2213	0
北海道農業研究センター	8316	2	8318	5360	2958	1630	5150	3168	0
東北農業研究センター	2402	▲ 11	2391	788	1603	449	1929	462	0
近畿中国四国農業研究センター	2575	▲ 37	2538	321	2217	1256	2312	226	0
九州沖縄農業研究センター	18561	369	18930	2447	16483	4385	12437	6493	0
国際農林水産業研究センター	1688	38	1726	1289	437	164	771	955	0
種苗管理センター	11045	93	11138	2051	9087	5192	0	11138	0
家畜改良センター	422	▲ 1	421	0	421	332	0	421	0
旧指定試験地等	4427	0	4427	874	3553	2723	2782	1645	0
合計	246548	2781	249329	28380	220949	143474	202984	45148	1197

JP番号：遺伝資源の各アクセッションに付与されたID番号

保存番号：遺伝資源の保存を管理するために付与されたID番号

注) ある1種類の遺伝資源が、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：ベースコレクションの中で配布可能な状態になった遺伝資源

●種子再増殖

実施機関	H23		達成率
	計画 点数	実績 点数	
生物研	1,567	1,711	109.2%
農研機構	2,455	2,315	94.3%
中央農研 作物研	80	51	63.8%
畜草研	585	497	85.0%
果樹研	72	72	100.0%
野菜研	0	0	—
花き研	273	250	91.6%
北海道農研	0	0	—
東北農研	143	120	83.9%
近中四農研	218	285	130.7%
九沖農研	586	610	104.1%
国際農研	498	430	86.3%
国際農研	0	0	—
種苗管理センター	862	816	94.7%
家畜改良センター	130	130	100.0%
都道府県等委託	50	50	100.0%
海外委託	600	536	89.3%
合計	5,664	5,558	98.1%

植物種類	H23		達成率
	計画 点数	実績 点数	
稲類	900	896	99.6%
麦類	1,253	1,150	91.8%
豆類	2,018	2,178	107.9%
いも類	0	0	—
雑穀・特用作物	531	451	84.9%
牧草・飼料作物	502	467	93.0%
果樹	0	0	—
野菜	460	416	90.4%
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	5,664	5,558	98.1%

●無毒化

実施機関	対象植物	H23計画 処理数	H23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	100	129	124	水稲80点、野生稲49点の栽培を実施し、不発芽5点を除いた計124点を無毒化できる見込である。無毒化数の確定は植防検査後になる。
果樹研究所 カンキツ研究領域 (喜多正幸)	カンキツ類 (Citrus sp.)	90	68	29	無毒化処理を行い、合計15品種(系統)、68個体の接ぎ木個体を獲得した。また、一定の大きさに生育した茎頂接ぎ木個体についてウイルス・ウイロイド検定をPCR法により行い、17品種(系統)、29個体のフリー化を確認した。 (備考) 茎頂接ぎ木に成功した個体数を処理点数としたが、接ぎ木不活着等を含めた総処理個体数は150点以上となる。カンキツの場合、無毒化処理を行い、無毒化の成否の検定を行うには、接ぎ木した植物の育成を待ち、少なくとも1年後に再度ウイルス・ウイロイドの検定が必要のため、完了点数については昨年度以前に処理を行った個体となる。(今年度処理した個体について、完了(および報告)するのは、次年度以降となる。
果樹研究所 品種育成・病虫害研究領域 (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	7 10 13 1 11 16 6 2 25 5 96	6 12 12 1 6 15 4 3 25 3 86	5 0 3 1 0 1 0 13 0 23	5 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、ウイルスを保毒していないことが判明した個体は隔離解除になるが、ウイルスを保毒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。 (備考) 処理点数は品種・系統数で記入。処理個体数ではさらに多くなる。
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)	イチゴ	20	20	15	保存しているイチゴ遺伝資源20点について、生長点を摘出し、B5培地で培養した。 (備考) 培養庫の温度調節機能の不調により、培養中の個体が被害を受けた。処理点数を増やすためには、抜本的な培養庫の改善が必要である。

3) 植物遺伝資源の特性評価

<平成23年度実績>

※集計期間:平成22年12月1日～平成23年11月30日

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	15,730	16,813	106.9%	256	233	91.0%	1,910	1,910	100.0%	17,896	18,956	105.9%
農研機構	75,123	71,236	94.8%	16,303	15,668	96.1%	17,480	16,812	96.2%	108,906	103,716	95.2%
中央農研	2,246	1,909	85.0%	420	417	99.3%	1,204	1,036	86.0%	3,870	3,362	86.9%
作物研	13,025	12,424	95.4%	3,021	2,749	91.0%	2,145	2,342	109.2%	18,191	17,515	96.3%
畜草研	3,186	3,212	100.8%	484	484	100.0%	0	0	—	3,670	3,696	100.7%
果樹研	2,715	2,303	84.8%	1,784	1,616	90.6%	1,928	2,076	107.7%	6,427	5,995	93.3%
野茶研	12,514	12,549	100.3%	2,322	2,402	103.4%	3,730	3,748	100.5%	18,566	18,699	100.7%
花き研	320	352	110.0%	20	22	110.0%	0	22	—	340	396	116.5%
北海道農研	5,862	5,376	91.7%	1,811	1,665	91.9%	479	183	38.2%	8,152	7,224	88.6%
東北農研	3,687	3,510	95.2%	1,410	1,287	91.3%	1,779	1,634	91.8%	6,876	6,431	93.5%
近中四農研	9,895	9,762	98.7%	1,043	1,056	101.2%	2,780	2,768	99.6%	13,718	13,586	99.0%
九沖農研	21,673	19,839	91.5%	3,988	3,970	99.5%	3,435	3,003	87.4%	29,096	26,812	92.2%
種苗管理センター	9,913	9,797	98.8%	3,745	3,723	99.4%	1,615	1,504	93.1%	15,273	15,024	98.4%
家畜改良センター	24	24	100.0%	16	16	100.0%	0	0	—	40	40	100.0%
都道府県等委託	750	750	100.0%	250	250	100.0%	0	0	—	1,000	1,000	100.0%
海外委託	10,267	8,829	86.0%	0	0	—	0	0	—	10,267	8,829	86.0%
合計	111,807	107,449	96.1%	20,570	19,890	96.7%	21,005	20,226	96.3%	143,115	138,736	96.9%

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)

●新規形質の特性評価と評価法の開発に関する課題(公募)

(ア)完了課題

実施機関	課題名	平成23年度実績	全期間における実績
北海道農研 機能性利用研究北海道 サブチーム (鈴木達郎) (平成21～23年度)	ソバ重要成分包括的スクリーニング方法のマニュアル化と有用素材開発	スクリーニング用材料として、北農研所有の自殖性ソバ系統にEMSを用いて突然変異処理を行い、M2分離世代400系統を獲得した。 北海道内での栽培が比較的容易な40系統をもとに約600系統を獲得した。 スクリーニングを行い、ルチン含量、リパーゼ活性、アレルゲンタンパク質、緑色について有望な素材を獲得し、一部を系統化し農業特性を調査した。	ソバ重要成分包括的スクリーニング方法のマニュアルを完成させた。 他殖性ソバの個体選抜系統、自殖性ソバ系統(突然変異系統)等合計1070系統をスクリーニングした(見込み)。 スクリーニングにより有望素材を見出し、一部を系統化した。 完成したソバ重要成分包括的スクリーニング方法のマニュアルは、ジーンバンク成果として公開する。また、一部計画を前倒して行った予備的なスクリーニングで見出した有用な個体・系統について形質の固定を確認後ジーンバンクに移管し、国内ソバ研究者に公開することでジーンバンク遺伝資源を利用した高品質ソバ品種育成に貢献できる。
北海道農研 畑作研究領域 (串田篤彦) 北海道立十勝農試 (田澤暁子) (平成21～23年度)	アズキ近縁野生種におけるダイズシストセンチュウ(SCN)抵抗性の評価と育種素材化	近縁野生種のSCN抵抗性スクリーニングから、高い抵抗性が期待できる4遺伝資源(<i>V. minima</i> JP205886、205891、210806、 <i>V. nakashimae</i> JP107879)を選抜した。これらは、国内に分布するSCNのレース1、3、5およびダイズの線虫抵抗性を打破する能力が高いレース2の個体群に対し、いずれも高い抵抗性を示した。 これら抵抗性遺伝資源での抵抗性発現の一要因は、SCNに対する栄養供給阻害であると考えられた。 感受性アズキに <i>V. riukuensis</i> のSCN抵抗性を導入した「十交0635」後代において、3系統34個体のBC1F5世代を栽培し、3系統群29系統のBC1F6世代系統を得た。そのうち3系統については、接種検定によりSCN抵抗性が確認されたことから、野生種の抵抗性はアズキゲノム内で安定して発現することが確認できた。	アズキと交雑可能な近縁野生種8種(<i>V. angularis</i> var. <i>nipponensis</i> 、 <i>V. hirtella</i> 、 <i>V. minima</i> 、 <i>V. nakashimae</i> 、 <i>V. nepalensis</i> 、 <i>V. riukuensis</i> 、 <i>V. umbellata</i> 、 <i>V. tenuicaulis</i>)の計342遺伝資源についてSCNに対する抵抗性を調査した結果、 <i>V. hirtella</i> 、 <i>V. minima</i> 、 <i>V. nakashimae</i> 、 <i>V. riukuensis</i> 、 <i>V. tenuicaulis</i> からSCNに対する抵抗性遺伝資源を新たに見出した。 この中から選抜した <i>V. minima</i> JP205886、205891、210806、 <i>V. nakashimae</i> JP107879は、国内に分布する全てのレース個体群に対して安定して抵抗性を示しことから、これらの遺伝資源は、SCN総合防除への利用において有用性が高いと考えられた。 <i>V. riukuensis</i> (JP235878)とアズキ「十育150号」の種間交雑後代において、単交配系統群「十交0321」を作成し、さらに「十交0321」F3をアズキ「きたろまん」に交配した「十交0635」の後代において抵抗性検定による選抜と系統育成を行った。その結果、「十交0321」のF5世代においてSCN抵抗性が固定した系統を作出した。また、「十交0635」後代系統ではBC1F6系統を育成し、SCN抵抗性の固定が確認された。固定系統は、ジーンバンクに移管し、遺伝資源として利用可能にする。

●育種素材化課題(公募)

(ア)完了課題

実施機関	課題名	平成23年度実績	全期間における実績
<p>北海道農研 水田作研究領域 (伊藤祐司)</p> <p>(平成19～23年度)</p>	<p>近縁野生遺伝資源を利用したブルーベリーのアントシアニン色素高含有系統の開発</p>	<p>ブルーベリー栽培品種と日本に自生する近縁種の1つで果実アントシアニン色素含有量が多いオオバスキ(Vaccinium smallii)との交雑において、母本とする栽培種ブルーベリーの品種によって交雑親和性が異なることを確認した。</p> <p>日本に自生するブルーベリー近縁野生種のうち、2005年にジーンバンク国内探索・収集した屋久島固有稀少種アキシパモドキについて果実のアントシアニン色素組成を分析した。</p> <p>小果のカナダの野生種の1つはシアニジン色素の割合がブルーベリー栽培品種よりも多いことがHPLC分析で明らかとなり、それとブルーベリー栽培品種との交雑個体の果実はすべて小さめであったが、シアニジン色素の割合がブルーベリー栽培品種よりも多い個体があり、ブルーベリー育種素材としての可能性が高いと考えられた。今後さらに検討して育種素材化を図る計画である。</p>	<p>日本に自生するブルーベリー近縁種の果実アントシアニン組成の解析をジーンバンク事業国内探索で収集した5種の素材も含めて行い、機能性のあるシアニジン系色素含有量が多い種を見いだした。</p> <p>それら及び外国の野生種とブルーベリー栽培種との種間交雑を行い、ブルーベリー栽培品種と日本自生近縁種の1つで果実アントシアニン含有量が多いオオバスキ(Vaccinium smallii)との交雑において種間雑種個体を得るとともに、母本とする栽培種ブルーベリーの品種によって交雑親和性が異なることを明らかにした。ブルーベリー栽培品種とオオバスキとの種間交雑実生は生育促進によってかなり大きくなったがプロジェクト研究期間内に着花は認められなかった。</p> <p>カナダの野生種の1つとの種間雑種に機能性が高いとされるアントシアニン色素画分が多い個体が見いだされたので、ブルーベリー育種素材候補として有望と考えられた。種間雑種についても生育促進技術を改良しつつあるので、本プロジェクトで育成した実生と獲得した種子を用いて機能性の高いアントシアニン色素を多く含むブルーベリー育種素材系統の育成を図る計画である。</p> <p>ジーンバンク国内探索・収集によって収集した素材を含むブルーベリー近縁野生種の特性評価及び素材化研究が本課題の中で大きく進捗した。</p>
<p>新潟大学農学部附属 フィールド科学教育研究センター (岩本 嗣)</p> <p>(平成21～23年度)</p>	<p>野生種を利用したプチナス育種素材の開発</p>	<p>Solanum sanitwongseiと‘水ナス’のF1(♀S. sanitwongsei × ♂S. melongena)に‘水ナス’を戻し交雑したBC1F1世代を圃場で栽培し、形質調査を実施した。その結果、BC1F1世代の個体間で、花序当たりの花数、果形、果肉特性、果実の大きさや重さなどの点で大きなバリエーションが認められ、様々な形質を有する有望な育種素材を得ることができた。</p> <p>一方、S. sanitwongseiの果実には、ラジカル捕捉活性に関与する未知の成分の存在が推定され、果皮にはカロテンの蓄積も認められたことから、栽培ナスに機能性成分を導入できる育種素材であることが明らかとなった。</p> <p>以上の結果から、育種利用価値の高いナスの育種素材を作出することができた。</p>	<p>ナス近縁野生種Solanum sanitwongseiと6品種のナスとの種間交雑(♀S. sanitwongsei × ♂S. melongena)により、全ての組合せでF1種子の獲得に成功した。また、花粉親の品種、種子親の株齢、交雑時期等を検討し、効率的なF1作出条件を明らかにした。F1は自殖によるF2の作出が可能で、F1に‘水ナス’を戻し交雑すると採種性が高まった。</p> <p>BC1F1世代を圃場で栽培したところ、BC1F1世代の個体間で、房成り性、着果性、稔性、果実形質などのバリエーションが認められた。一方、S. sanitwongseiの果実には、ラジカル捕捉活性に関与する未知の成分の存在が示唆され、果皮にはカロテンの蓄積も認められたことから、栽培ナスに機能性成分を導入するための育種素材として、今後の利用が期待される。</p> <p>生食用ナスの素材である‘水ナス’とS. sanitwongseiのF2ならびに2方向のBC1F1の作出に成功し、放任受粉で着果可能なBC1F1世代において、花序当たりの花数、果形、果肉特性、果実の大きさや重さなどの形質のバリエーションが生じていた。これらの系統の中には、房成り性や一口サイズの果実特性を示す有望な素材が認められ、当初の計画を達成できた。</p> <p>本研究で作出したF1は、2倍体の種間雑種でありながら稔性を有しており、自殖によるF2ならびに戻し交雑によるBC1F1の作出が可能で、他のナス栽培品種との交雑も容易である。以上の点から、ジーンバンクに登録・公開し、育種母本として広く活用できる素材であり、ジーンバンク事業に貢献する成果である。</p>

●育種素材化課題(公募)

(ア)完了課題

実施機関	課題名	平成23年度実績	全期間における実績
<p>大阪府立大学大学院生命環境科学研究科 (森川利信)</p> <p>九沖農研 (桂真昭・立石靖)</p> <p>(平成21～23年度)</p>	<p>ネコブセンチュウ抵抗性エンバクの探索とその育種素材化</p>	<p>地中海沿岸地域産普通エンバク地方品種19系統について、接種60日後に根系に残存するサツマイモネコブセンチュウ卵嚢数を調べ、国別にセンチュウ増殖抑制効果について評価した。抵抗性品種‘たちいぶぎ’なみに線虫増殖性が低いといえる新たな抵抗性系統は得られなかったが、4カ国別に見た接種60日後の卵嚢数について、エンバクの地方品種には大きく2つの異なる国別センチュウ抑制効果グループ(罹病性と抵抗性系統を入れると4グループ)が存在することが分かった。</p> <p>前年度の結果と同様に、南ヨーロッパと北アフリカを結ぶ地域、すなわち、地中海沿岸地域のエンバク地方品種のもつセンチュウ抑制効果は、南の地中海沿岸地域で強く、北の北欧地域で弱くなる地理的分布を支持するものと思われた。</p> <p>チェコ産の抵抗性2系統4個体(7-26-E3)と2個体(7-24-E2b)について、夏播き栽培により種子増殖を試みた結果、両系統は低温要求性のない春まき性であり、九州沖縄地方でのサツマイモ作付体系に組み込める系統であることが分かった。</p>	<p>農業生物資源ジーンバンクと大阪府大に保存されている北アフリカ産とヨーロッパ産エンバク地方品種の遺伝資源について、サツマイモネコブセンチュウ抵抗性の検定を継続的に行ってきた。二つの抵抗性系統がうまくスクリーニングできたので、平成21、22および23年度の結果を合わせて、国や地域別に抵抗性系統の頻度(1.57%)を算出し、センチュウ抵抗性の地理的分布を明らかにした。</p> <p>検出された二つの抵抗性系統(7-24E2bおよび7-26-E3)、および卵嚢数が0であった抵抗性個体をすべて圃場で栽培し、種子増殖を行った。さらに、それらの系統に関して、子実・青刈り収量などの特性評価を行った。これら抵抗性系統の収穫種子はジーンバンクに移管し、保存する計画である。</p> <p>平成23年度の後期には抵抗性系統‘たちいぶぎ’×罹病性系統‘スーパーハヤテ’の交雑を行ってF2分離世代の抵抗性検定から、センチュウ抵抗性の遺伝様式を明らかにしつつある。その際に、F2バルク分離法を使って、サツマイモネコブセンチュウ抵抗性遺伝子とリンクするDNAマーカーを探索中である。平成23年度末までにその結果を出したい。</p> <p>研究に用いた普通エンバクの地方品種、東ヨーロッパ産90系統、北アフリカ産38系統およびスラブヨーロッパ産12系統をジーンバンクに登録する。</p>
<p>野菜茶業研究所 野菜育種研究チーム (石田正彦)</p> <p>宇都宮大学農学部生物生産科学植物育種学研究室 (金子幸雄)</p> <p>静岡大学農学部応用生物科学植物利用機能学研究室 (原正和)</p> <p>(平成21～23年度)</p>	<p>グルコラファニンを高含有するダイコン育種素材の開発</p>	<p>グルコエルシンにグルコラファニンと同程度の機能性が期待できることを明らかにし、スプラウト時にグルコラファニンおよびグルコエルシン含量が高いS3世代6系統を選抜した。</p> <p>振とう抽出を不要とするより簡易なGSLの抽出法を検討した。</p> <p>ブロッコリー1染色体添加型ダイコン(2n=19)群を選抜し、CゲノムSSR特異マーカーの有無から、添加されたブロッコリーの染色体をa～hの8種類に分類するとともに、花粉母細胞減数分裂第一中期の染色体対合から、これらの添加染色体は、ダイコン染色体と対合しないことを明らかにした。しかし、これら添加型ダイコンでグルコラファニン含量の上昇は認められなかった。</p> <p>Cゲノム染色体添加ダイコン個体を用いて昨年度開発したブロッコリーGSL-OXID(BoGSOXAsp2-1)選抜マーカーの実用性を検証した。その結果、ブロッコリー染色体を含まないダイコンにおいてBoGSOXAsp2-1断片が増幅され、本マーカーは有効に機能しなかった。</p> <p>ダイコンGSL-OXID遺伝子には、転写されても翻訳されることがないRNAが存在する、スプライシングバリエーションの存在の可能性が見いだされた。</p>	<p>グルコエルシンにグルコラファニンと同程度の第二相解毒酵素誘導活性が期待できることを明らかにし、スプラウト時にダイコンに一般に含まれる4メチルチオ-3-β-テニルグルコシノレート含有せず、グルコラファニンおよびグルコエルシン含量が高いS3世代6系統を選抜した。</p> <p>GSLの抽出に際して一般的に使用される熱MeOH抽出は不要なことを明らかにし、新たに常温MeOH抽出法を開発した。</p> <p>ダイコン(RR)×ブロッコリー(CC)のF1植物の倍加により育成した複二倍体F1植物(2n=36、RRCC)にダイコンを戻し交雑し、添加されたブロッコリーの染色体がa～hの8種類に分類されるブロッコリー1染色体添加型ダイコン(2n=19)個群を育成したが、これら添加型ダイコンでグルコラファニン含量の上昇は認められなかった。</p> <p>ブロッコリーゲノムに特異的なGSL-OXID遺伝子(BoGSOXAsp2-1)を見だし、ブロッコリーGSL-OXID選抜マーカーを設計した。Cゲノム染色体添加ダイコン個体を用いて本マーカーの実用性を検証したところ、ブロッコリー染色体を含まないダイコンでBoGSOXAsp2-1断片が増幅され、本マーカーは有効に機能しなかった。</p> <p>ダイコンGSL-OXID遺伝子には、転写されても翻訳されることがないRNAが存在する、スプライシングバリエーションの存在の可能性が見いだされた。</p> <p>ジーンバンク事業の一環の成果として、「グルコラファニンを高含有するダイコン系統の作出方法」について日本国およびPCT国際特許出願を行った。また、その成果に基づいて、グルコラファニンを高含有するダイコン系統が育成される可能性が高く、品種登録または遺伝資源としてジーンバンクへ登録する予定である。ダイコン×ブロッコリーからのCゲノム染色体添加型ダイコン系統について、有用形質を有した系統が育成された際は遺伝資源としてジーンバンク登録する予定である。</p>

●コアコレクション作成課題

(ア)完了課題

実施機関	課題名	平成23年度実績	全期間における実績
<p>生物研 遺伝資源センター 多様性活用研究ユニット</p> <p>(加賀秋人)</p> <p>(平成22～23年度)</p>	<p>栽培ダイズコアコレクションの作成</p>	<p>遺伝子型データと形質データを組み合わせたデータに基づいたヒューリスティックアプローチにより、母集団より日本および海外のダイズについてそれぞれ96系統をコアコレクションとして選出した。</p> <p>選出した系統の種子増殖を実施した。</p>	<p>ジーンバンクに保存されているダイズ遺伝資源を育種や多様性研究への利用促進を図るため、コアコレクションを開発した。地理的分布に基づいて、日本のダイズ998系統、アジア16カ国より341系統、日本および海外のツルマメ264系統、総数1603系統からなる母集団を選定した。</p> <p>日本品種間で多型性が高く、ゲノムに広範に分布するSNPマーカーを191種類選出し、各系統のSNP遺伝子型を決定した。日本のダイズの遺伝的多様度は海外のダイズに比べてやや低いものの、日本のダイズ、海外のダイズツルマメの間には明瞭な遺伝的分化が認められた。国内のダイズは地理的な分布ではなく、種子や感光性などの農業形質の特徴に従った系統群に分類されることがわかった。</p> <p>遺伝子型データと形質データを組み合わせたデータに基づいたヒューリスティックアプローチにより、母集団より日本および海外のダイズについてそれぞれ96系統をコアコレクションとして選出した。選出した系統の種子増殖を実施中である。</p> <p>開発したコアコレクションは母集団の変異を包括できており、育種、多様性研究、有用遺伝子の発掘などに利用できる。</p>
<p>作物研 表研究領域麦育種研究分野</p> <p>(小島久代)</p> <p>(平成21～23年度)</p>	<p>日本のコムギコアコレクションの作成</p>	<p>H21年度とH22年度に目標量を確保できなかった品種について、再度増殖を行った。なお、採種をする際には、他個体からの受粉による交配種子の混入を防ぐため、袋がけ採種を行った。各品種100穂を目安として袋がけを行った。その結果、配付用種子に関しては、全ての品種で目標量である100gを確保できたが、増殖元用の種子では、一部の品種について目標量を確保することができなかった。</p>	<p>増殖元用の種子については一部の品種を除いて目標量である100gを確保することができた。配付用種子については、全ての品種で、目標量である100gを確保することができた。</p> <p>今後ジーンバンクに移管し、配布を開始する。</p>

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23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	371	0	371
センターバンク	300	0	300
サブバンク	71	0	71
農研機構	386	0	386
中央研	38	0	38
果樹研	11	0	11
花き研	10	0	10
野茶研	36	0	36
畜草研	46	0	46
動衛研	225	0	225
食総研	20	0	20
北農研	—	—	—
農環研	81	0	81
国際研	3	0	3
合計	841	0	841

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
382	0	382	103.0%	—	103.0%
273	0	273	91.0%	—	91.0%
109	0	109	153.5%	—	153.5%
395	0	395	102.3%	—	102.3%
40	0	40	105.3%	—	105.3%
12	0	12	109.1%	—	109.1%
11	0	11	110.0%	—	110.0%
36	0	36	100.0%	—	100.0%
46	0	46	100.0%	—	100.0%
225	0	225	100.0%	—	100.0%
25	0	25	125.0%	—	125.0%
—	—	—	—	—	—
74	0	74	91.4%	—	91.4%
3	0	3	—	—	—
854	0	854	101.5%	—	101.5%

微生物種類	計画株数		
	アクティブ	非アクティブ	計
細菌	314	0	314
放線菌	0	0	0
動物マイコプラズマ	20	0	20
ファイトプラズマ	0	0	0
リケッチア	0	0	0
酵母	1	0	1
糸状菌	436	0	436
昆虫・動物ウイルス	63	0	63
植物ウイルス	3	0	3
バクテリオファージ	1	0	1
ウイロイド	0	0	0
原虫	2	0	2
線虫	1	0	1
細胞融合微生物	0	0	0
細胞性粘菌	0	0	0
合計	841	0	841

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
269	0	269	85.7%	—	85.7%
3	0	3	—	—	—
20	0	20	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
1	0	1	100.0%	—	100.0%
489	0	489	112.2%	—	112.2%
64	0	64	101.6%	—	101.6%
5	0	5	166.7%	—	166.7%
0	0	0	0.0%	—	0.0%
0	0	0	—	—	—
2	0	2	100.0%	—	100.0%
1	0	1	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
854	0	854	101.5%	—	101.5%

● サブバンクの主な成果

- 1 ワサビ白さび病菌、ナズナ白さび病菌等（生物研）
- 2 日本産*Pyricularia grisea* 菌株、*Ralstonia solanacearum* 等（中央農研）
- 3 果樹類に対する病原菌*Armillaria mellea*、リンゴ黒点病菌等（果樹研）
- 4 花きに病原性を有する*Botrytis* 様糸状菌（花き研）
- 5 *Alternaria brassicicola*、*Xanthomonas* 属、*Pantoea* 属細菌等（野茶研）
- 6 *Lactobacillus* sp. 等（畜草研）
- 7 トウモロコシ赤かび病菌*Fusarium proliferatum* 等（畜草研）
- 8 大腸菌、ウェルシュ菌、サルモネラ菌、牛コロナウイルス、アカバネウイルス等（動衛研）
- 9 *Escherichia coli*、*Penicillium expansum* 等（食総研）
- # *Botrytis cinerea*、*Botrytis allii*、*Xanthomonas campestris* 等（農環研）
- # 窒素固定細菌*Paenibacillus* 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
北海道立総合研究機構 道南農試	糸状菌	41
弘前大学農学生命科学部	糸状菌	16
筑波大学生命環境科学研究科	糸状菌	13
香川県農業試験場	糸状菌	10
鳥取県農林総合研究所 園芸試	糸状菌	8
横浜植物防疫所	糸状菌	5
高知県農業技術センター	糸状菌	4
サカタのたね	糸状菌	4
沖縄県農業研究センター	糸状菌	4
神奈川県農業技術センター	糸状菌	4
神奈川県立生命の星・地球博物館	糸状菌	3
愛媛県東予地方局今治支局	糸状菌	3
兵庫県農林水産技術センター	糸状菌	2
富山県農水総技センター 園芸研	糸状菌	2
佐賀県上場営農センター	糸状菌	1
琉球大学農学部	糸状菌	1
長野県南信農業試験場	糸状菌	1
沖縄県農業研究センター名護支所	糸状菌	1
産業総合技術研究所	糸状菌	1
愛媛県農林水産研究所 果樹研	細菌	8
福井県農業試験場	細菌	5
農環研(非サブバンク担当職員)	放線菌	3
個人(3名)	糸状菌等	133
	合計	273

2)微生物遺伝資源の増殖・保存

<平成23年度実績>

実施機関	H22実績 保存 株数	H23計画株数						アクティブ 率	H23実績株数						達成率		
		新規 保存	センター 移管	保存			アクティブ 率		新規 保存	センター 移管	登録 抹消	保存			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	計						アクティブ	非アクティブ	計			
生物研	23,564	371	—	19,990	4,173	24,163	82.7%	382	—	40	19,978	4,192	24,170	82.7%	—	—	
センターバンク	23,537	300	—	19,965	4,173	24,138	82.7%	273	—	40	19,919	4,192	24,111	82.6%	—	—	
サブバンク	27	71	73	25	0	25	100.0%	109	77	0	59	0	59	100.0%	105.5%	138.8%	
農研機構	3,725	386	154	1,602	2,355	3,957	40.5%	395	189	14	1,562	2,355	3,917	39.9%	122.7%	99.9%	
中央研	202	38	35	205	0	205	100.0%	40	63	14	165	0	165	100.0%	180.0%	95.0%	
果樹研	40	11	9	42	0	42	100.0%	12	9	0	43	0	43	100.0%	100.0%	102.0%	
花き研	4	10	10	4	0	4	100.0%	11	11	0	4	0	4	100.0%	—	107.1%	
野茶研	0	36	36	0	0	0	—	36	36	0	0	0	0	—	100.0%	100.0%	
畜草研	27	46	44	29	0	29	100.0%	46	45	0	28	0	28	100.0%	102.3%	100.0%	
動衛研	3,452	225	0	1,322	2,355	3,677	36.0%	225	0	0	1,322	2,355	3,677	36.0%	—	100.0%	
食総研	0	20	20	0	0	0	—	25	25	0	0	0	0	—	125.0%	125.0%	
北農研	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	
農環研	264	81	71	241	33	274	88.0%	74	72	20	212	34	246	86.2%	101.4%	92.2%	
国際研	0	3	3	0	0	0	—	3	3	0	0	0	0	—	—	—	
合計	27,553	841	301	21,833	6,561	28,394	76.9%	854	341	74	21,752	6,581	28,333	76.8%	113.3%	99.8%	

841 増
(対 H22実績)

780 増
(新規保存－登録抹消)

780 増
(対 H22実績)

微生物種類	H22実績 保存 株数	H23計画株数						アクティブ 率	H23実績株数						達成率		
		新規 保存	センター 移管	保存			アクティブ 率		新規 保存	センター 移管	登録 抹消	保存			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	計						アクティブ	非アクティブ	計			
細菌	9,962	314	111	7,484	2,792	10,276	72.8%	269	112	41	7,398	2,792	10,190	72.6%	100.9%	99.2%	
放線菌	313	0	0	154	159	313	49.2%	3	0	0	157	159	316	49.7%	—	101.0%	
動物マイコプラズマ	147	20	0	80	87	167	47.9%	20	0	0	80	87	167	47.9%	—	100.0%	
ファイトプラズマ	19	0	0	19	0	19	100.0%	0	0	0	0	19	19	0.0%	—	100.0%	
リケッチア	4	0	0	0	4	4	0.0%	0	0	0	0	4	4	0.0%	—	100.0%	
酵母	614	1	1	210	405	615	34.1%	1	1	0	210	405	615	34.1%	100.0%	100.0%	
糸状菌	15,331	436	187	13,097	2,670	15,767	83.1%	489	227	21	13,128	2,671	15,799	83.1%	121.4%	100.2%	
昆虫・動物ウイルス	560	63	0	269	354	623	43.2%	64	0	0	270	354	624	43.3%	—	100.2%	
植物ウイルス	260	3	0	224	39	263	85.2%	5	1	0	226	39	265	85.3%	—	100.8%	
バクテリオファージ	98	1	1	99	0	99	100.0%	0	0	0	98	0	98	100.0%	—	99.0%	
ウイロイト	15	0	0	15	0	15	100.0%	0	0	0	15	0	15	100.0%	—	100.0%	
原虫	54	2	0	10	46	56	17.9%	2	0	0	10	46	56	17.9%	—	100.0%	
線虫	161	1	1	162	0	162	100.0%	1	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%	—	—	
合計	27,553	841	301	21,833	6,561	28,394	76.9%	854	341	74	21,752	6,581	28,333	76.8%	113.3%	99.8%	

841 増
(対 H22実績)

780 増
(新規保存－登録抹消)

780 増
(対 H22実績)

● 増殖・保存課題

<平成23年度実績>

農業生物資源ジー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23年度

Cercospora属とその関連属菌548株について、その学名を検討し修正を行った。また、うち339株については培養による汚染の有無を判断した。その後、125菌株の塩基配列を解析し、特にPseudocercospora属菌70菌株に関しては受託者らが開発中のACT部分領域を用いた分子系統分類手法にて所属を再検討し、株に関連する種が、ほぼ固有の配列を持つことが明らかになり、種バーコーディングへ大きな一歩を踏み出した。

農業生物資源ジーンバンク事業が保存するErwinia carotovoraナス科系統の分類検証

実施機関 静岡大学・創造科学技術大学院

実施年度 平成23年度

Erwinia carotovora 菌群の新たな分類体系における簡易同定法を開発するため、静岡大学保存株22株の遺伝子mdh, recAをシーケンス解析した。その結果Pectobacterium carotovorum の3つの亜種(Pcc, Pccodo, Pccbra)およびP. wasabiae (Pw)、P. atrosepticum (Pa)などが区別できた。さらにAlu I、Bgl I、Hic II、Hae II、Dde Iなどの制限酵素を用いたPCR-RFLPによってこれらの種を簡易に判別する手法を開発した。この成果をジーンバンク保存のナス科分離株75株に応用したところ、Pcc、Paの他にPwが含まれることを明らかにし、種名を確定することができた。

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

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23年度

Azospirillum属細菌のMAFF株は、大部分はA. brasilenseとA. lipoferumに2分された。一方、MAFF 210353, 210357, 210362, 550168, 550173, 550197は新種の可能性がある。また、MAFF 550172と550224はBacillus属細菌と同定された。Bradyrhizobium sp.から、別種に分類した菌株の根粒形成能を検証し、MAFF 210188, 210201, 210202, 210491, 210533, 210534は、新規の根粒菌である可能性が示された。

農業生物資源ジーンバンク事業が保存するRalstonia属細菌のphyloptype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23年度

ジーンバンク保存の主要なRalstonia属細菌種であるRalstonia solanacearumは、4つの遺伝系統(phyloptype I~IV)に類別され、特にphyloptype Iの株が多数を占めることが明らかとなった。国内産株では、ジャガイモ分離株の一部がphyloptype IVに類別されたが、それ以外の分離株はいずれもphyloptype Iであった。海外産株は3つのphyloptype (I, II, III)に類別された。各phyloptypeは病原性関連遺伝子の多型に基づいて複数の系統(sequevar)に細分されることが報告されており、この視点に基づいた整理が今後必要である。

農業生物資源ジーンバンク事業が保存するBipolaris属糸状菌の分類検証

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23年度

ジーンバンク保存のBipolaris属糸状菌の多くは、一部学名変更が必要だったものの、概ねジーンバンク登録学名通りと同定された。しかし、一部のBipolaris属菌については、形態および分子系統から明らかにDrechslera, CorynesporaあるいはCurvularia属菌であり、学名を変更した。また、形態および分子系統から、明らかに未記載種と思われる菌株もあり、今後の対応が必要である。

3) 微生物遺伝資源の特性評価

<平成23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	473	0	473
農研機構	1,228	0	1,228
中央研	44	0	44
果樹研	18	0	18
花き研	20	0	20
野茶研	72	0	72
畜草研	191	0	191
動衛研	826	0	826
食総研	57	0	57
北農研	—	—	—
農環研	522	0	522
国際研	6	0	6
合計	2,229	0	2,229

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
467	0	467	98.7%	—	98.7%
874	0	874	71.2%	—	71.2%
52	0	52	118.2%	—	118.2%
13	0	13	72.2%	—	72.2%
14	0	14	70.0%	—	70.0%
73	0	73	101.4%	—	101.4%
230	0	230	120.4%	—	120.4%
443	0	443	53.6%	—	53.6%
49	0	49	86.0%	—	86.0%
—	—	—	—	—	—
534	0	534	102.3%	—	102.3%
6	0	6	100.0%	—	100.0%
1,881	0	1,881	84.4%	—	84.4%

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	1,222	0	1,222
放線菌	0	0	0
動物マイコプラズマ	60	0	60
ファイトプラズマ	0	0	0
リケッチア	0	0	0
酵母	5	0	5
糸状菌	660	0	660
昆虫・動物ウイルス	196	0	196
植物ウイルス	2	0	2
バクテリオファージ	60	0	60
ウイルス	0	0	0
原虫	2	0	2
線虫	22	0	22
細胞融合微生物	0	0	0
細胞性粘菌	0	0	0
合計	2,229	0	2,229

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
978	0	978	80.0%	—	80.0%
0	0	0	—	—	—
20	0	20	33.3%	—	33.3%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
4	0	4	80.0%	—	80.0%
660	0	660	100.0%	—	100.0%
137	0	137	69.9%	—	69.9%
1	0	1	50.0%	—	50.0%
60	0	60	100.0%	—	100.0%
0	0	0	—	—	—
2	0	2	100.0%	—	100.0%
19	0	19	86.4%	—	86.4%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
1,881	0	1,881	84.4%	—	84.4%

※ 延べ特性数＝特性種別の数×調査株数

● サブバンクの主な成果

1 (生物研)

Colletotrichum acutatum 種複合体55菌株のコロニー色と分生子形態を明らかにした。準同質遺伝子系統を用いたイネ白葉枯病菌のレース判別とエフェクター解析を行った。

2 (中央農研)

日本国内の *Pyricularia grisea* のレースを調査した。*Ralstonia solanacearum* 等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るとともに、*Sporobolomyces* spp. のカンキツ葉での病徴発現を確認した。

4 (花き研)

花きに病原性を有する *Botrytis cinerea* の単離と評価を行った。

5 (野茶研)

トマト葉かび病菌 *Passarola fulva* のレース判別を行うとともに、チャ輪斑病菌 *Pestalotiopsis longiseta* のQol剤感受性を調査した。

6 (畜草研)

野菜やサイレージから分離した乳酸菌の同定、特性評価を行った。トウモロコシ赤かび病菌等の *Fusarium* 属菌を各地から採集し、同定のためTEF-1a遺伝子配列を調べた。

7 (動衛研)

大腸菌のO抗原型、志賀毒素生産性、2種の抗生物質の耐性・感受性をそれぞれ凝集反応、PCR検査、培養試験によって調べた。サルモネラ菌のゲノムのPFGE型を調べるとともに、*floR*, *spvC*, *invA*, *intl*, 162-bp ampliconの5遺伝子をPCRによって調べた。アンピシリンをはじめとする16種類の抗生物質・抗菌剤の耐性・感受性を調べた。

8 (食総研)

Escherichia coli についてRAPD解析および塩素系殺菌剤感受性試験を実施した。空気中から分離された *Aspergillus versicolor* の毒素生産性等を調査した。

9 (農環研)

Botrytis cinerea についてアゾキシストロビン耐性(薬剤耐性)を、*Glomerella cingulata* についてクワに対する植物病原性を調査した。*Burkholderia glumae* のアシルホモセリンラクトン生産性、*Ralstonia solanacearum* のナス科およびショウガ科植物病原性を調査した。

(国際農研)

Paenibacillus 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。

3. 動物遺傳資源部門

1) 動物遺伝資源の収集・受入

<平成23年度実績>

動物種類／実施機関	計画点数		
	アクティブ	非アクティブ	計
全体			
ウシ	0	3	3
スイギュウ	0	0	0
ウマ	0	1	1
ヒツジ	0	0	0
ヤギ	0	0	0
ブタ	0	0	0
ウサギ	0	0	0
家禽	0	0	0
ミツバチ	0	0	0
カイコ	0	2	2
昆虫培養細胞	0	1	1
天敵昆虫	0	0	0
天敵餌用昆虫	0	0	0
検定用昆虫	0	1	1
合計	0	8	8

実績点数			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
0	3	3	—	100.0%	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	100.0%	100.0%
0	1	1	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	50.0%	50.0%
0	0	0	—	0.0%	0.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	100.0%	100.0%
0	7	7	—	87.5%	87.5%

動物種類／実施機関	計画点数		
	アクティブ	非アクティブ	計
生物研			
ウシ	0	0	0
ブタ	0	0	0
家禽	0	0	0
カイク	0	2	2
昆虫培養細胞	0	1	1
計	0	3	3
農研機構 畜草研			
ウシ	0	3	3
スイギュウ	0	0	0
ヒツジ	0	0	0
ヤギ	0	0	0
ブタ	0	0	0
家禽	0	0	0
ミツバチ	0	0	0
計	0	3	3
農環研			
天敵昆虫	0	0	0
天敵餌用昆虫	0	0	0
検定用昆虫	0	1	1
計	0	1	1
家畜改良センター			
ウシ	0	0	0
ウマ	0	1	1
ヒツジ	0	0	0
ヤギ	0	0	0
ブタ	0	0	0
ウサギ	0	0	0
家禽	0	0	0
計	0	1	1

実績点数			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
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	50.0%	50.0%
0	0	0	—	0.0%	0.0%
0	1	1	—	33.3%	33.3%
0	3	3	—	100.0%	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	3	3	—	100.0%	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	100.0%	100.0%
0	1	1	—	100.0%	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	100.0%	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	1	1	—	100.0%	100.0%
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	0	0	—	—	—
0	2	2	—	200.0%	200.0%

●収集・受入の主な成果

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	カイク	茨城県/生物研	1	E^AI 突然変異種
(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/県畜産センター肉用牛研究所	3	茂波系、1月導入予定
(独)家畜改良センター	ウマ(生体)	沖縄県/与那国馬保存	1	与那国馬(雌)
	ヒツジ(凍結精液)	北海道/民間	1	ヒルラドナー種
(独)農業環境技術研究所	ミカンキイロアザミウマ(生体)	栃木県	1	栃木県宇都宮市で野生系統を収集
新規合計			7	

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)	長野県/木曾馬保存会	1	木曾馬
	ヒツジ(凍結精液)	北海道/民間	7	テクセル種、フィニッシュランドレース種、メリノ種、ブラックフェイス種、フライスランド種、マンクスロフトン種、ラッフェル種
	ヤギ(凍結精液)	沖縄県/沖縄県畜産試験場	1	ボア一種
	鶏(始原生殖細胞)	愛知県/岡崎牧場	1	横斑プリマスロック種
追加合計			10	

廃棄

実施機関	対象動物	対象地域/機関	収集点数	備考
(独)農業環境技術研究所	ササカワハモグリコマユバチ		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23年度実績>

動物種類／実施機関	H22 保存 実績	H23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	73	3	27	49	76	35.5%
スイギュウ	1	0	1	0	1	100.0%
ウマ	5	1	5	1	6	83.3%
ヒツジ	12	0	3	9	12	25.0%
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	720	2	578	144	722	80.1%
昆虫培養細胞	110	1	38	73	111	34.2%
天敵昆虫	5	0	2	3	5	40.0%
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%
検定用昆虫	9	1	5	5	10	50.0%
合計	1,096	8	760	344	1,104	68.8%

H23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		
3	0	41	35	76	53.9%	100.0%
0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
1	0	5	1	6	83.3%	100.0%
1	0	3	10	13	23.1%	108.3%
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%
1	0	593	128	721	82.2%	99.9%
0	0	28	82	110	25.5%	99.1%
0	1	2	2	4	50.0%	80.0%
0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
1	0	5	5	10	50.0%	100.0%
7	1	779	323	1,102	70.7%	99.8%

6 増
(対 H22実績)

動物種類／実施機関	H22 保存 実績	H23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	720	2	578	144	722	80.1%	
昆虫培養細胞	110	1	38	73	111	34.2%	
計	934	3	659	278	937	70.3%	
農研機構 畜草研							
ウシ	23	3	11	15	26	42.3%	
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	62	3	37	28	65	56.9%	
農環研							
天敵昆虫	5	0	2	3	5	40.0%	
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%	
検定用昆虫	9	1	5	5	10	50.0%	
計	16	1	7	10	17	41.2%	
家畜改良センター							
ウシ	24	0	5	19	24	20.8%	
ウマ	5	1	5	1	6	83.3%	
ヒツジ	11	0	3	8	11	27.3%	
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	84	1	57	28	85	67.1%	

H23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		
0	0	11	15	26	42.3%	100.0%
0	0	10	17	27	37.0%	100.0%
0	0	22	29	51	43.1%	100.0%
1	0	593	128	721	82.2%	99.9%
0	0	28	82	110	25.5%	99.1%
1	0	664	271	935	71.0%	99.8%
3	0	11	15	26	42.3%	100.0%
0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
0	0	0	1	1	0.0%	100.0%
0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
0	0	7	1	8	87.5%	100.0%
0	0	17	9	26	65.4%	100.0%
0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
3	0	37	28	65	56.9%	100.0%
0	1	2	2	4	50.0%	80.0%
0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
1	0	5	5	10	50.0%	100.0%
1	1	7	9	16	43.8%	94.1%
0	0	19	5	24	79.2%	100.0%
1	0	5	1	6	83.3%	100.0%
1	0	3	9	12	25.0%	109.1%
0	0	19	0	19	100.0%	100.0%
0	0	4	0	4	100.0%	100.0%
0	0	4	0	4	100.0%	100.0%
0	0	17	0	17	100.0%	100.0%
2	0	71	15	86	82.6%	101.2%

2) 動物遺伝資源の増殖・保存(ANJP番号版)

＜平成23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実績点数				H23実績点数(ANJP番号版)				増加率
	保存			アクティブ 率	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	41	35	76	53.9%	324	154	478	67.8%	528.9%
スイギュウ	1	0	1	100.0%	1	0	1	100.0%	0.0%
ウマ	5	1	6	83.3%	27	0	27	100.0%	350.0%
ヒツジ	3	10	13	23.1%	35	1	36	97.2%	176.9%
ヤギ	20	0	20	100.0%	58	0	58	100.0%	190.0%
ブタ	21	18	39	53.8%	197	17	214	92.1%	448.7%
ウサギ	4	0	4	100.0%	110	0	110	100.0%	2650.0%
家禽	56	38	94	59.6%	66	29	95	69.5%	1.1%
ミツバチ	0	2	2	0.0%	0	2	2	0.0%	0.0%
カイコ	593	128	721	82.2%	593	128	721	82.2%	0.0%
昆虫培養細胞	28	82	110	25.5%	28	82	110	25.5%	0.0%
天敵昆虫	2	2	4	50.0%	2	2	4	50.0%	0.0%
天敵餌用昆虫	0	2	2	0.0%	0	2	2	0.0%	0.0%
検定用昆虫	5	5	10	50.0%	5	5	10	50.0%	0.0%
合計	779	323	1,102	70.7%	1,446	422	1,868	77.4%	69.5%

動物種類／実施機関	H23実績点数				H23実績点数(ANJP番号版)				増加率
	保存			アクティブ 率	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		
生物研									
ウシ	11	15	26	42.3%	131	92	223	58.7%	757.7%
ブタ	10	17	27	37.0%	143	12	155	92.3%	474.1%
家禽	22	29	51	43.1%	31	20	51	60.8%	0.0%
カイコ	593	128	721	82.2%	593	128	721	82.2%	0.0%
昆虫培養細胞	28	82	110	25.5%	28	82	110	25.5%	0.0%
計	664	271	935	71.0%	926	334	1,260	73.5%	34.8%
農研機構 畜草研									
ウシ	11	15	26	42.3%	11	10	21	52.4%	-19.2%
スイギュウ	1	0	1	100.0%	1	0	1	100.0%	0.0%
ヒツジ	0	1	1	0.0%	0	1	1	0.0%	0.0%
ヤギ	1	0	1	100.0%	1	0	1	100.0%	0.0%
ブタ	7	1	8	87.5%	5	5	10	50.0%	25.0%
家禽	17	9	26	65.4%	18	9	27	66.7%	3.8%
ミツバチ	0	2	2	0.0%	0	2	2	0.0%	0.0%
計	37	28	65	56.9%	36	27	63	57.1%	-3.1%
農環研									
天敵昆虫	2	2	4	50.0%	2	2	4	50.0%	0.0%
天敵餌用昆虫	0	2	2	0.0%	0	2	2	0.0%	0.0%
検定用昆虫	5	5	10	50.0%	5	5	10	50.0%	0.0%
計	7	9	16	43.8%	7	9	16	43.8%	0.0%
家畜改良センター									
ウシ	19	5	24	79.2%	182	52	234	77.8%	875.0%
ウマ	5	1	6	83.3%	27	0	27	100.0%	350.0%
ヒツジ	3	9	12	25.0%	35	0	35	100.0%	191.7%
ヤギ	19	0	19	100.0%	57	0	57	100.0%	200.0%
ブタ	4	0	4	100.0%	49	0	49	100.0%	1125.0%
ウサギ	4	0	4	100.0%	110	0	110	100.0%	2650.0%
家禽	17	0	17	100.0%	17	0	17	100.0%	0.0%
計	71	15	86	82.6%	477	52	529	90.2%	515.1%

●増殖・保存課題(公募)

完了課題

実施機関	支場・部・科・課	課題名	平成23年度実績	今後の成果の利用について
農研機構 畜草研	家畜育種増殖研究チーム	ウズラ遺伝資源の始原生殖細胞による超低温保存法の開発(平成21~23年)	<p>1) 凍結保存したドットッド・ホワイトウズラのPGCの融解後の回収率は47.8%で、回収PGCの生存率は89.9%であった。各100個のPGCを野生系ウズラ胚に性を一致させ移植ふ化させた(孵化率は71.4%)。凍結しない場合は孵化率は77.8%であった。</p> <p>2) 融解PGCを移植したウズラ13羽の交配試験では、1羽(7.7%)でPGC由来の産子を得た。移植PGC由来の産子は0.8%であった。非凍結PGCでは、10羽の交配試験の結果、8羽(80.0%)で移植されたPGC由来の産子が得られ、PGC由来の産子は最高で46.3%であった。非凍結PGCキメラ同士の交配から、ドットッドウズラを再生した。</p> <p>3) 乳化ブスルファン100μg卵黄内へ投与した。5.5日目胚の生殖巣のPGC数は無処置区の0.8%にまで減少していた。</p>	<p>今後の成果の利用について</p> <p>本研究ではこれまで開発してきたニワトリにおけるPGC凍結法に準じてウズラPGC凍結保存を行ったが、凍結融解PGCを移植したウズラにおける移植PGC由来の後代の割合は非常に低かった。従って、新たなウズラPGC凍結保存技術を開発する必要がある。</p> <p>ニワトリ同様に乳化ブスルファンの卵黄内投与法はウズラレシピエント胚の内在性PGCの除去に有効である可能性があるが、ブスルファン投与胚の孵化率および移植PGCへの影響を調査する必要がある。</p>

3) 動物遺伝資源の特性評価

<平成23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	—	4	4	100.0%	4	4	100.0%
カイコ	130	0	0.0%	40	0	0.0%	88	0	0.0%	0	49	—	258	49	19.0%
昆虫培養細胞	0	0	—	0	0	—	0	0	—	0	0	—	0	0	—
小計	130	0	0.0%	40	0	0.0%	88	0	0.0%	4	53	1325.0%	262	53	20.2%
農研機構 畜草研															
家畜・家禽	71	74	104.2%	20	20	100.0%	4	4	100.0%	0	0	—	95	98	103.2%
農環研															
検定用昆虫	2	2	100.0%	1	1	100.0%	0	3	—	0	0	—	3	6	200.0%
家畜改良センター															
家畜・家禽	4	4	100.0%	20	20	100.0%	43	43	100.0%	0	0	—	67	67	100.0%
計	207	80	38.6%	81	41	50.6%	135	50	37.0%	4	53	1325.0%	427	224	52.5%

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)

* カイコの1次、2次、3次特性については、対象とする8品種の受入が不成立となったため実施できなかった。

●特性評価課題(公募)

完了課題

実施機関	支場・部・科・室	課題名	平成23年度実績	今後の成果の利用について
鹿児島大学	生物生産学科家畜育種研究室	ニワトリSNPs情報を用いた品種および系統分化の解明(平成21～23年)	<p>ハイロヤケイ・セイロンヤケイ・アオエリヤケイについてDigiTag2法によるSNP解析を実施し、ヤケイに本解析手法の有効性を検証した。また、昨年度のデータを合わせて多様性を比較した。その結果は以下のとおりである。</p> <p>1) DigiTag2解析で解析できた72座位のうち、多型的だった座位数は、ハイロヤケイで14、セイロンヤケイで9、アオエリヤケイで6であった。</p> <p>2) 平均ヘテロ接合体率は、ハイロヤケイで0.057、セイロンヤケイで0.055、アオエリヤケイで0.024でいずれも低かった。したがって、セキショクヤケイ以外のヤケイでは本SNPでの多様性解析への応用は難しいと考えられた。</p> <p>3) これまで解析した14集団からFST遺伝距離を算出し、近隣結合法による集団の系統樹を描くと、ヤケイとニワトリのグループに分けられた。</p>	<p>DigiTag2法は、セキショクヤケイとニワトリの多様性解析や品種識別に有効であることが示唆された。したがって、まだ実施されていない外国品種、日本在来鶏、アジア在来鶏において利用可能である。また、本研究の結果、鹿児島県の薩摩鶏において、品種内が2種類の遺伝的集団に分けられることを報告した。それゆえ、今後も継続して同集団を調査することで、集団の遺伝的構造のモニタリングも可能とあると思われる。</p>
農研機構 畜草研	家畜育種増殖研究チーム	ミツバチ性決定遺伝子(csd)の集団遺伝学的解析と系統維持への応用(平成21～23年)	<p>1) 蜂群3群を6月、8月に女王を更新した、女王は自然交尾させた。世代毎に、働き蜂、雄蜂及び、女王蜂を3世代分サンプリングした。これらの蜂サンプルを使用して、csdが世代にまたがってどのように変化したかを昨年度までに開発したPCR-RFLP法を用いて、年度末まで解析する。</p> <p>2) 昨年開発したニホンミツバチ用csdの多型検出法で、ニホンミツバチ集団内の対立遺伝子数の計測を試みた。ニホンミツバチ3群から、働き蜂をサンプリングして多型を調べたところ、それぞれ、8, 9(2群)種類の多型を示した。</p> <p>3) セイヨウミツバチ5群から、働き蜂、雄蜂のサンプルを収集し、PCR-RFLP法によってバンドパターンを求めた。雄蜂と働き蜂のパターンを比較し、女王が交尾した雄蜂の匹数の解析に用いる。</p>	<p>1) csdのPCR-RFLP解析法を使って、特別な形質を持つ系統維持に利用できる。</p> <p>2) この方法は系統維持のみならず、csdがホモ化しないような選抜育種法に応用が可能である。</p> <p>3) csdの多型頻度が明かになったので系統維持における集団の大きさを考える重要な知見を与える。</p>

4. DNA部門

1) 植物(イネ等)DNAの受入・保存

<平成23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	H23保存数の増減					前年度 末現在	H23保存数の増減			前年度 末現在	H23保存数の増減			
		収集	受入	移管	廃棄	H23末 現在		受入	廃棄	H23末 現在		増殖	配布	廃棄	H23末 現在
cDNAクローン	70,313	0	167,000	0	0	237,313	0	0	0	0	0	1	1	0	0
RFLPマーカー	1,713	0	0	0	0	1,713	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFLPマーカーセット *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	0	0	0	0	8	8	0	0
クローン数 計	80,810	0	167,000	0	0	247,810	0	0	0	0	0	9	9	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マーカーセット: 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

<平成23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	H23保存数の増減					前年度 末現在	H23保存数の増減			前年度 末現在	H23保存数の増減			
		収集	受入	移管	廃棄	H23末 現在		受入	廃棄	H23末 現在		増殖	配布	廃棄	H23末 現在
cDNAクローン	10,147	0	0	0	0	10,147	12,864	0	0	12,864	0	2	2	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	2	2	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。

3) 昆虫(カイコ等)DNAの受入・保存

<平成23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	H23保存数の増減				前年度 末現在	H23保存数の増減			前年度 末現在	H23保存数の増減				
		収集	受入	移管	廃棄		H23末 現在	受入	廃棄		H23末 現在	増殖	配布	廃棄	H23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
BACクローン *1	44,160	0	0	0	0	44,160	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

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 23 年度実績)

・配布事務の改善

ジーンバンク事業で配布した生物遺伝資源が、東日本大震災により滅失し試験研究等が継続できない場合に、無料で再配布を行うこととし、Web サイト上で公表した。ITPGR の SMTA による食料農業植物遺伝資源の配布に備え、当該遺伝資源を無料で SMTA により配布することとし規程を改正した。また、種子入出庫システムの改修により、出庫作業の迅速化が図られた。その他、海外からの申込み入力フォーマットの改善等、利用者の利便性を高めるしくみを構築中である。なお、昨年度開始したオンライン申込み(植物部門・微生物部門)の利用率が 80% に達し、事務処理の効率化も図られた。

・植物遺伝資源の配布

過去 10 年(平成 13~22 年度)の配布は、年に約 4,000~25,000 点(約 170~270 件)の間で推移してきた。年平均は 10,455 点(222 件)。平成 22 年度は 7,997 点(265 件)であった。

平成 23 年度は 6,954 点(235 件)で、昨年度同時期に比べ配布点数は 13%減、配布件数は 11%減となっている[表 1-1-(1)]。

・微生物遺伝資源の配布

過去 10 年(平成 13~22 年度)の配布は、年に約 700~1,500 点(約 170~240 件)の間で推移してきた。年平均は 1,135 点(206 件)。平成 22 年度は 1,597 点(248 件)であった。

平成 23 年度は 1,898 点(276 件)で、昨年度同時期に比べ配布点数は 19%増、配布件数は 11%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 22 年度は 114 点(52 件)であった。

平成 23 年度は 109 点(43 件)で、昨年度同時期に比べ配布点数は 4%減、配布件数は 17%減となっている[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 22 年度の配布実績は、32 点(16 件)であった。

平成 23 年度は 11 点(10 件)で、昨年度同時期に比べ配布点数は 66%減、配布件数は 38%減となっている[表 1-1-(4)]。

表1-1-(1) 植物遺伝資源の平成23年度配布実績【種類別】

(平成23年4月1日～平成24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	25 (1)	3,210 (22)	12 (2)	138 (4)	25 (7)	1,062 (98)	16 (5)	326 (158)	5 (1)	12 (4)	83 (16)	4,748 (286)	※1
	39	1,904	3	16	29	292	16	90	6	15	93	2,317	※2
麦類	15 (3)	739 (155)			6 (1)	11 (2)	4 (1)	14 (1)	3 (2)	12 (10)	28 (7)	776 (168)	
	12	3,363			7	40	1	1			20	3,404	
豆類	13	178	2	7	10 (1)	50 (20)	4 (1)	14 (10)	2	141	31 (2)	390 (30)	
	24	948			4	44	9	26	1	10	38	1,028	
いも類	1	1	1	2			1	4			3	7	
							1	8			1	8	
雑穀・特用作物	8	251			1	4	4	6	2	9	15	270	
	7	139	2	36	3	219	4	24			16	418	
牧草・飼料作物	7	36			9	105	3	110			19	251	
	18	251			5	14	4	5			27	270	
果樹類			4	8	3	25	7	12			14	45	
			3	8	1	21	7	24			11	53	
野菜類	9	355	3	29	9	16	13	51	2	5	36	456	
	11	388			3	8	14	43			28	439	
花き・緑化植物	1	3			1	1	2	2			4	6	
	1	1	2	2							3	3	
茶											0	0	
	1	6									1	6	
桑							1	4			1	4	
							2	10			2	10	
熱帯・亜熱帯植物							1	1			1	1	
											0	0	
コアコレクション	7	9	2	2	11	16	2	3			22	30	※3
	6	11	1	1	16	25	2	4			25	41	
合計	79 (4)	4,773 (177)	22 (2)	184 (4)	64 (9)	1,274 (120)	56 (7)	544 (169)	14 (3)	179 (14)	235 (25)	6,954 (484)	
	119	7,011	11	63	68	663	60	235	7	25	265	7,997	

※1 ():少量配布(内数)。

※2 下段は前年度実績

※3 セット単位の参考配布実績(カウントしない)。当年度から植物の種類毎に系統数を計上する。

表1-1-(2) 微生物遺伝資源の平成23年度配布実績【種類別】

(平成23年4月1日～平成24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	18	384	4	16	20	170	18	48	3	11	63	629
	18	146	7	15	22	372	24	63	2	11	73	607
糸状菌	43	400	13	37	46	515	58	169	12	61	172	1,182
	40	449	11	61	35	103	52	228	10	49	148	890
植物ウイルス	5	11	3	11	9	16	6	11			23	49
	13	44			3	22	2	5	2	10	20	81
動物ウイルス											0	0
											0	0
原線虫					5	5	6	16			11	21
					1	1					1	1
放線菌	2	2					1	2	1	1	4	5
	1	6			3	9			1	1	5	16
酵母	2	11									2	11
											0	0
バクテリオファージ											0	0
											0	0
ウイロイド			1	1							1	1
											0	0
ファイトプラズマ											0	0
					1	2					1	2
合計	70	808	21	65	80	706	89	246	16	73	276	1,898
	72	645	18	76	65	509	78	296	15	71	248	1,597

※

※ 下段は前年度実績

表1-1-(3) 動物遺伝資源の平成23年度配布実績【種類別】

(平成23年4月1日～平成24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)											0	0
											0	0
馬(血液)											0	0
											0	0
馬(生体)							1	1			1	1
											0	0
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
											0	0
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
					1	4					1	4
ウズラ(種卵)											0	0
											0	0
ニワトリ(血液)											0	0
											0	0
ニワトリ(種卵)											0	0
											0	0
ニワトリ(凍結精液)											0	0
			1	1							1	1
天敵昆虫											0	0
											0	0
検定用昆虫											0	0
											0	0
昆虫培養細胞							1	1			1	1
							1	1			1	1
蚕種	7	49	11	13	9	17	13	27			40	106
	7	23	16	18	13	36	13	31			49	108
合計	7	49	11	13	11	19	14	28	0	0	43	109
	7	23	17	19	15	41	13	31	0	0	52	114

※ 下段は前年度実績

表1-1-(4) DNA等遺伝資源の平成23年度配布実績【種類別】

(平成23年4月1日～平成24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)	2	3			1	1			4	4	7	8
	1	1			5	12			6	9	12	22
cDNAクローン (チューブ)					1	1					1	1
											0	0
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	2	3	0	0	2	2	0	0	4	4	8	9
	1	1	0	0	5	12	0	0	6	9	12	22
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
					4	10					4	10
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	1	1	1	1	2	2
	0	0	0	0	4	10	0	0	0	0	4	10
合計	2	3	0	0	2	2	1	1	5	5	10	11
	1	1	0	0	9	22	0	0	6	9	16	32

※ 下段は前年度実績

表1-2-(1) 植物遺伝資源の平成23年度配布実績【利用目的別】
(平成23年4月1日～平成24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	23		1	3		27
栽培特性	187	9	266	170	5	637
病虫害抵抗性	314	2	4	7	1	328
ストレス抵抗性	313	50	245	119		727
加工特性	137	4	4	5		150
多様性解析	3,075		215	1	134	3,425
遺伝子解析	240	5	402	1	23	671
新品種開発	466	34	5	178	13	696
教育	5	73				78
その他	13	7	132	60	3	215
合計	4,773	184	1,274	544	179	6,954

表1-2-(2) 微生物遺伝資源の平成23年度配布実績【利用目的別】
(平成23年4月1日～平成24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	380	18	487	31	21	937
物質生産	107		44	5	18	174
物質分解						0
生物間相互作用	15	8	26	14	10	73
遺伝子解析	36		69	3	8	116
形質転換	8		3			11
培養・保存・増殖				5		5
薬剤感受性	6	1	8	10		25
病害診断・病原検出・検定	188	18	17	30	15	268
農薬開発・生物防除	10	6	31	116		163
発酵・食品加工						0
木材耐久性・腐朽・加工		12	2	3		17
きのこ生産			1	4		5
生理・生態	5		8		1	14
新品種開発	32	2	8	25		67
教育	21		2			23
その他						0
合計	808	65	706	246	73	1,898

表1-2-(3) 動物遺伝資源の平成23年度配布実績【利用目的別】
(平成23年4月1日～平成24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				4		4
生理特性	8		2	3		13
その他特性			10	2		12
多様性解析						0
遺伝子解析	23		6	1		30
品種保存			1	1		2
教育		10		8		18
その他	18	3		9		30
合計	49	13	19	28	0	109

表1-2-(4) DNA等遺伝資源の平成23年度配布実績【利用目的別】
(平成23年4月1日～平成24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	3		1		4	8
形質転換体作出						0
マーカー利用						0
比較ゲノム解析			1			1
進化・系統解析						0
教育						0
その他						0
計	3	0	2	0	4	9
ブタ						
遺伝子機能解析				1	1	2
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	1	1	2
合計	3	0	2	1	5	11

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	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	172,011 2,363
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	7,161 564
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	28,598 824
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	8,013 1,295
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	12,580 645
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	228,363 5,691

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	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	51,025 1,777	
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	71,969 715	
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	65,980 750	
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	1,425 121	
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	12,963 510	
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	8,808 398	
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	765 141	
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	14,483 1,011	
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	429 90	
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	325 62	
熱帯・亜 熱帯植物	1 1								5 1					7 1			1 1	1 1				1 1	16 6	
コアコレク ション※																		7 4	36 28	27 20	40 27	41 25	(23) (16)	151 120
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	228,363 5,691	

※セット単位の配布実績。当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	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	7,946 983
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	1,606 457
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	5,913 890
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	4,834 1,327
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	1,799 271
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	22,098 3,928

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	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	8,160 1,254
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	12,688 2,156
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	788 300
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			0 0	88 63
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	66 46
マイコ プラズマ	1 1																					0 0	1 1
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	129 52
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	136 35
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	3 3
ファイト プラズマ																					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	22,098 3,928

※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	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	1,229 112
都道府県	5 3	2 1		2 2	5 3	4 4	24 17	38 19	19 17	13 11	112 77
大学	2 1	19 5	12 2	5 2	21 10	28 9	49 16	28 9	41 15	19 11	224 80
民間等	10 5	4 3	8 5	13 8	38 18	21 14	19 8	34 16	31 13	28 14	206 104
外国										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	1,771 373

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	累計
牛(凍結精液)				1 1	4 1		11 2			0 0	16 4
馬(血液)	4 2	1 1	1 1							0 0	6 4
馬(生体)					1 1	1 1				1 1	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	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)										0 0	0 0
ニワトリ(血液)								16 1		0 0	16 1
ニワトリ(種卵)								1 1		0 0	1 1
ニワトリ(凍結精液)									1 1	0 0	1 1
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	(68)44 (27)16
蚕種	27 14	20 10	21 7	39 18	224 43	198 42	138 44	720 51	108 49	106 40	1,601 318
合計	49 21	43 16	26 10	40 19	245 51	211 47	186 58	748 56	114 52	109 43	1,771 373

※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	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	8,545 564
都道府県						23 4	323 7	41 3	12 1								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	2,485 312
民間等	6 3	78 9	30 8	39 8	48 8	162 9	39 5										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	13,604 1,065
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	25,436 2,007

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	累計
イネ														9 8	22 12	8 7	39 27
PAC/BACクローン (チューブ)																	
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	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	22,709 1,882
ブタ																	
cDNAクローン (チューブ)		27 2	1 1														28 3
完全長cDNAクローン (チューブ)												23 5	7 7		10 4	2 2	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			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							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							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	2,727 125

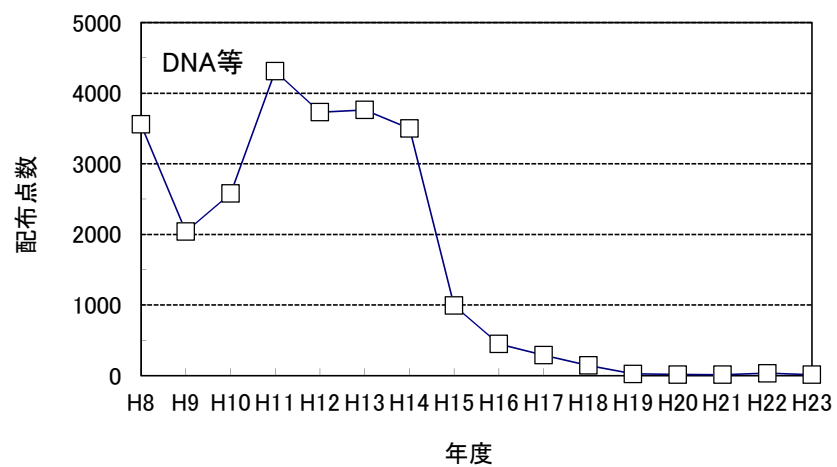
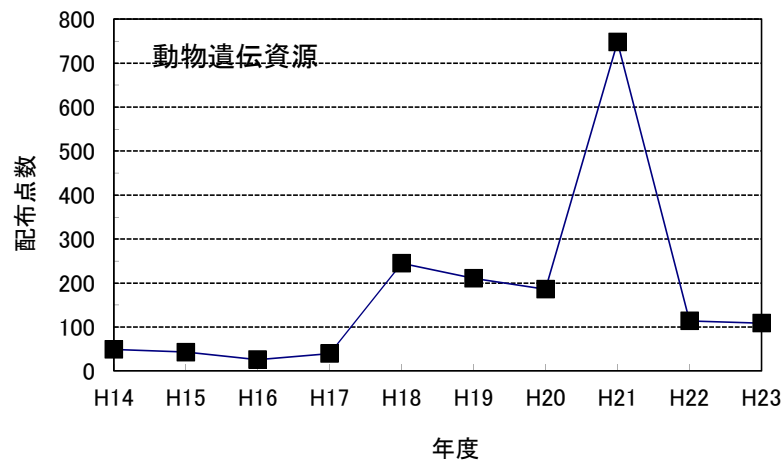
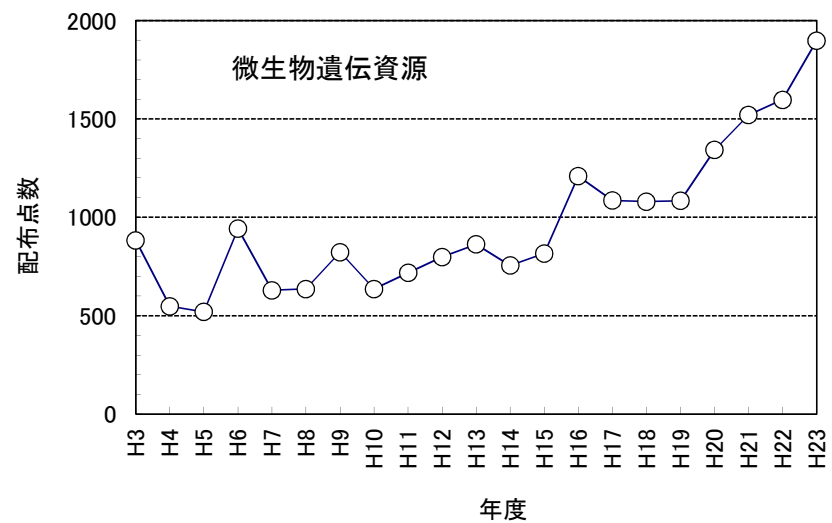
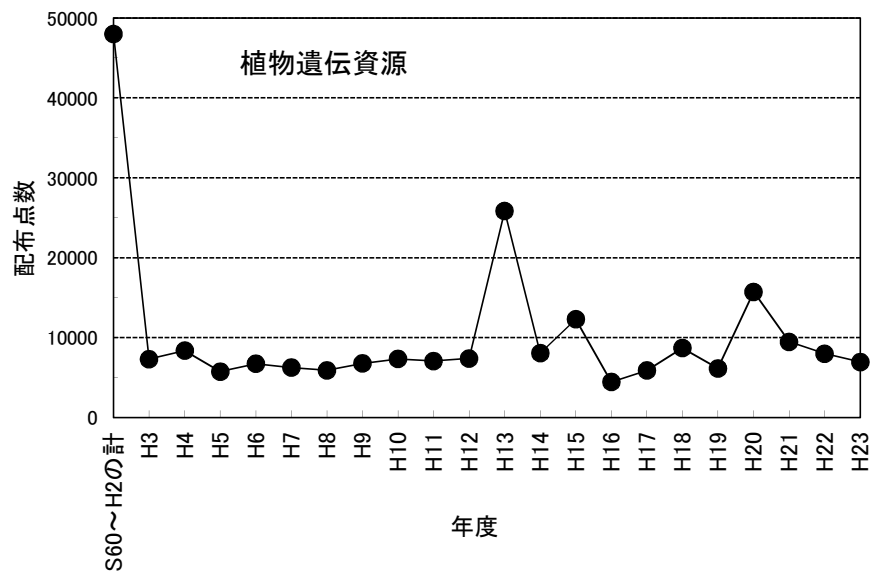


図. 生物遺伝資源配布の推移

2) 生物遺伝資源の情報管理提供

ア) 出版物

<平成 23 年度実績>

● 植物遺伝資源探索導入調査報告書 (第 27 巻)

平成 24 年 2 月発行

I. 国内探索収集調査報告

1. 新潟県 (佐渡) におけるツルマメおよびヤブツルアズキの探索
友岡 憲彦・伊東義弘・田口哲彦
2. 北海道大雪山におけるブルーベリー近縁種ヒメクロマメノキの探索・収集
伊藤 祐司
3. 北海道東部の湿原におけるクロミノウグイスカグラの探索・収集
伊藤 祐司
4. Exploration and Collection of Wild and Locally Cultivated Peach Genetic Resources in Iwate Prefecture
Hiroyuki Iketani, Takashi Haji, Yuko Suesada and Nobuko Mase
5. 東京都青ヶ島における在来カンキツ遺伝資源の調査およびDGPSを利用した位置情報の検証
喜多正幸・金川利夫・宮下千枝子
6. 近畿・中国・四国地域におけるススキ族自生株の探索と収集
山下浩・我有満・上床修弘・高井智之
7. 和歌山市内におけるキシユウスズメノヒエ自生株の探索と収集
山下浩・我有満・上床修弘・高井智之
8. 千葉県内房におけるサトウキビ野生種の探索と収集
石川葉子・境垣内岳雄・服部太一郎・上床修弘・我有満・松岡伸一
9. 四国東部における野生大豆 (ツルマメ) の探索・収集
猿田正恭・高田吉丈・岡部昭典

II. 海外探索収集及び共同調査報告

1. ミャンマー北部における伝統的作物の調査と収集(2) (2009年)
河瀬真琴・Wunna ・渡邊和男

2. ミャンマー北部における伝統的作物の調査と収集(3) (2011年)
山本伸一・Moe Kyaw Aung・渡邊和男・Wunna ・河瀬真琴

3. インド・タミルナドゥ州におけるマメ類遺伝資源の共同調査
友岡 憲彦・Muthaian Pandiyan・Senthil

4. ラオスにおけるソルガム、トウモロコシ、サトウキビ類遺伝資源の共同調査
奥泉久人

● 微生物遺伝資源探索収集調査報告書 (第 24 巻)

平成 23 年 12 月発行

1. クリシギゾウムシ幼虫に強い病原力を有する昆虫病原糸状菌の探索
井原 史雄・柳沼 勝彦 (果樹研)
2. 材質腐朽菌3種の果樹類における発生調査およびナシ枝に対する病原性の評価
中村 仁 (果樹研)
3. キクのピシウム立枯病菌の同定と病原性
月星 隆雄 (畜草研)
4. 数種アブラナ科植物に病原性を有する*Alternaria brassicicola*の収集
窪田 昌春 (野茶研)
5. ライグラスなどグラス類もち病菌の分子系統と病原性
月星 隆雄 (畜草研)
6. 乳児糞便からの乳酸菌の分離・同定と特性解析
鈴木 チセ (畜草研)
7. 優れた発酵特性を有する酵母の探索
安藤 聡・中村 敏英 (食総研)
8. 伝統的黒酢製造時に生成される膜状堆積物中の細菌
木村 啓太郎 (食総研)

9. 北日本地域におけるダイズシストセンチュウの探索・収集
相場 聡 (北農研)
10. *Penicillium oxalicum*による日本新発生のトマト青かび病
小板橋 基夫 (農環研)
11. 沖縄県で分離されたサトウキビ白すじ病菌の分子系統解析
對馬 誠也 (農環研)
12. ヒアシンス腐敗病, ナルコユリ炭疽病およびマダラハウチワマメ灰色
かび病

- 富岡 啓介 (生物研)
13. アサガオ類白さび病菌の分子系統と宿主特異性
佐藤 豊三 (生物研)
14. 納豆菌バクテリオファージのタイピングと特性調査
永井 利郎 (生物研)

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 K, Yamasaki M, Takuno S, Miura K, Katagiri S, Ito T, Doi K, Wu J, Ebana K, Matsumoto T, Innan H, Kitano H, Ashikari M, Matsuoka M (2011) Artificial selection for a green revolution gene during *japonica* rice domestication *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108(27):11034-11039
2. Djedidi S, Yokoyama T, Tomooka N, Ohkama-Ohtsu N, Risal C.P, Abdelly C, Sekimoto H (2011) Phenotypic and genetic characterization of rhizobia associated with alfalfa in the Hokkaido and Ishigaki regions of Japan *Systematic and Applied Microbiology* 34(6):453-461
3. Ebana K, Shibaya T, Wu J, Matsubara K, Kanamori H, Yamane H, Yamanouchi U, Mizubayashi T, Kono I, Shomura A, Ito S, Ando T, Hori K, Matsumoto T, Yano M (2011) Uncovering of major genetic factors generating naturally occurring variation in heading date among Asian rice cultivars *Theoretical and Applied Genetics* 122(6):1199-1210
4. Harada K, Kaga A, Katayose Y, Tsubokura Y, Sato S, Watanabe S, Xia Z, Hayashi M, Kanamori H, Shimizu T, Machita K, Ikawa H, Ito T, Kurita K, Ito K, Wu J, Matsumoto T, Tabata S, Sasaki T (2011) Genetic and Molecular Analysis of Soybean Genome. In *Proceedings of 14th NIAS International Workshop on Genetic Resources - Genetic Resources and Comparative Genomics of Legumes (Glycine and Vigna)-* , pp.23-32, NIAS.
5. Hem S. Bhandari, Masumi Ebina, Malay C. Saha, Joseph H. Bouton, Sairam V. Rudrabhatla and Stephen L. Goldman (2011) Panicum, in Wild Crop Relatives: *Genomic and Breeding Resources* (ed. C. Kole), Springer-Verlag Berlin Heidelberg
6. Hirano R, Naito K, Fukunaga K, Watanabe K.N, Ohsawa R, Kawase M (2011) Genetic structure of landraces in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) revealed with transposon display and interpretation to crop evolution of foxtail millet *Genome* 54(6):498-506
7. Honjo, M., Nunome, T., Kataoka, S., Yano, T., Yamazaki, H., Hamano, M., Yui, S., Morishita, M. (2011) Strawberry cultivar identification based on hypervariable SSR markers. *Breeding Science* 61:420-425
8. Iketani H. and Katayama H. (2012). Introgression and long-term naturalization of archaeophytes into native plants - underestimated risk of hybrids. In: Povilitis, T. (ed.) *Conservation Biology*, InTech, Vienna, ISBN 979-953-307-437-4.
9. Javadi F, Tun Tun Y, Kawase M, Guan K, Yamaguchi H (2011) Molecular phylogeny of the subgenus *Ceratotropis* (genus *Vigna*, Leguminosae) reveals three eco-geographical groups and Late Pliocene–Pleistocene diversification: evidence from four plastid DNA region sequences *Annals of Botany* 108(2): 367-380
10. Kaga A, Shimizu T, Watanabe S, Tsubokura Y, Katayose Y, Harada K, Vaughan D, Tomooka N (2012) Evaluation of soybean germplasm conserved in NIAS genebank and development of minicore collections. *Breeding Science* 61(5), in press
11. Kaga A, Isemura T, Shimizu T, Somta P, Srinives P, Tabata S, Tomooka N, Vaughan D (2011) Asian *Vigna* Genome Research. In *Proceedings of 14th NIAS International Workshop on Genetic Resources - Genetic Resources and Comparative Genomics of Legumes (Glycine and Vigna)-* , pp.33-40, NIAS.
12. Kasajima I, Ebana K, Yamamoto T, Takahara K, Yano M, Kawai-Yamada M, Uchimiya H (2011) Molecular distinction in genetic regulation of nonphotochemical quenching in rice *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108(33):13835-13840
13. Kondo N, Tomooka N (2011) New sources of resistance to *Cadophora gregata* f. sp. adzucicola and *Fusarium oxysporum* f. sp. adzucicola in *Vigna* species. *Plant Disease*. (Published online)
14. Kongjaimun A, Kaga A, Tomooka N, Somta P, Shimizu T, Shu Y, Isemura T, Vaughan D, Srinives P (2011) An SSR-based linkage map of yardlong

- bean [*Vigna unguiculata* (L.) Walp. Ssp. *Unguiculata* cv.-gr. *Sesquipedalis*] and QTL analysis of pod length. *Genome* (Accepted)
15. Kusano M, Fukushima A, Fujita N, Okazaki Y, Kobayashi M, Fujita Oitome N, Ebana K, Saito K (2011) Deciphering starch quality of rice kernels using metabolite profiling and pedigree network analysis *Molecular Plant* (Advance Access):published online
 16. Matsubara K, Ebana K, Mizubayashi T, Itoh S, Ando T, Nonoue Y, Ono N, Shibaya T, Ogiso E, Hori K, Fukuoka S, Yano M (2011) Relationship between transmission ratio distortion and genetic divergence in intraspecific rice crosses *Molecular Genetics and Genomics* 286(5-6):307-319
 17. Matsunaga, H., T. Saito and A. Saito (2011) Evaluation of Resistance to Bacterial Wilt and Phytophthora Blight in Capsicum Genetic Resources Collected in Myanmar. J. Japan. *Soc. Hort. Sci.* 80: 426-434.
 18. Moriya S, Iwanami H, Okada K, Yamamoto T, Abe K. (2011) A practical method for apple cultivar identification and parent-offspring analysis using simple sequence repeat markers. *Euphytica*, 177, 135-150.
 19. 野口友嗣, 細渕朗子, 飯塚弘明, 加藤晃, 高宮知子, 山下秀次, 村上康文, 奥泉久人 (2011) コンニャクの育成品種識別マーカーの開発 *DNA 多型* 19:75-81
 20. Oda Atsushi, Takako Narumi, Tuoping Li, Takumi Kando, Yohei Higuchi, Katsuhiko Sumitomo, Seiichi Fukai and Tamotsu Hisamatsu (2012). CsFTL3, a chrysanthemum FLOWERING LOCUS T-like gene, is a key regulator of photoperiodic flowering in chrysanthemums. *Journal of Experimental Botany*. doi:10.1093/jxb/err387
 21. Park Y-J, Nishikawa T, Tomooka N, Nemoto K (2011) The molecular basis of mutations at the Waxy locus from *Amaranthus caudatus* L.: evolution of the waxy phenotype in three species of grain amaranth *Molecular Breeding* (Online First)
 22. Park Y-J, Nishikawa T, Tomooka N, Nemoto K (2011) Molecular cloning and expression analysis of a gene encoding soluble starch synthase I from grain amaranth (*Amaranthus cruentus* L.). *Molecular Breeding* (Accepted)
 23. Redestig H, Kusano M, Ebana K, Kobayashi M, Oikawa A, Okazaki Y, Matsuda F, Arita M, Fujita N, Saito K (2011) Exploring molecular backgrounds of quality traits in rice by predictive models based on high-coverage metabolomics *BMC Systems Biology* 5:176
 24. Taguchi-Shiobara F, Kojima Y, Ebitani T, Yano M, Ebana K (2011) Variation in domesticated rice inflorescence architecture revealed by principal component analysis and quantitative trait locus analysis *Breeding Science* 61(1):52-60
 25. Takahashi Y, Shimamoto K (2011) Heading date 1 (*Hd1*), an ortholog of Arabidopsis CONSTANS, is a possible target of human selection during domestication to diversify flowering times of cultivated rice. *Genes and Genetic Systems* 86(3) 175-182.
 26. Tomooka N, Kaga A, Isemura T, Kuroda Y, Vaughan D, Srinives P, Somta P, Thadavong S, Bounphanousay C, Kanyavong K, Inthapanya P, Pandiyan M, Senthil N, Ramamoorthi N, Jaiwal PK, Jing T, Umezawa K, Yokoyama T (2011) *Vigna* Genetic Resources. In *Proceedings of 14th NIAS International Workshop on Genetic Resources - Genetic Resources and Comparative Genomics of Legumes (Glycine and Vigna)-* , pp.11-21, NIAS.
 27. Tsuruta Shin-ichi, Makoto Kobayashi and Masumi Ebina (2011) *Zoysia*, in Wild Crop Relatives: *Genomic and Breeding Resources* (ed. C. Kole), Springer-Verlag Berlin
 28. Vaughan D, Tomooka N, Kaga A, Isemura T Kuroda Y (2011) *Glycine* Genetic Resources. In *Proceedings of 14th NIAS International Workshop on Genetic Resources - Genetic Resources and Comparative Genomics of Legumes (Glycine and Vigna)-* , pp.1-10, NIAS.
 29. Yamamori M, Yamamoto K (2011) Effects of two novel Wx-A1 alleles of common wheat (*Triticum aestivum* L.) on amylose and starch properties. *Journal of Cereal Science* 54,229-235.
 30. Yoshioka Satoshi, Ryutaro Aida, Chihiro Yamamizo, Michio Shibata and Akemi Ohmiya (2012)The carotenoid cleavage dioxygenase 4 (CmCCD4a) gene family encodes a key regulator of petal color mutation in chrysanthemum. *Euphytica*. doi:10.1007/s10681-011-0602-z

品種登録

1. ハトムギ新品種「とりいずみ」の育成（種苗登録出願受理）
平成23年11月21日付け官報（号外第249号）で告示
記
農林水産植物の種類 Coix ma-yuen Roman.（はとむぎ種）
出願品種の名称 とりいずみ
出願者 独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 出
願番号及び年月日 第26196号 平成23年8月10日
由来: 韓国からの導入品種「光州(JP83421)」を母本、岡山在来の短
稈突然変異系統を父本にして交配
特性: 中生多収。葉枯病に対しては育成品種でもっとも強い。関東
から九州までの広い地域に適する。

<微生物遺伝資源部門>

原著論文

1. Ashizawa, T., Takahashi, M., Moriwaki, J. and Hirayae, K. (2010) Quantification of the rice false smut pathogen *Ustilaginoidea virens* from soil in Japan using real-time PCR. *Eur. J. Plant Pathol.*, 128: 221-232
2. Chaverri, P., Salgado, C., Hirooka, Y., Rossman, A.Y. and Samuels, G.J. (2011) Delimitation of *Neonectria* and *Cylindrocarpon* (Nectriaceae, Hypocreales, Ascomycota) and related genera with *Cylindrocarpon*-like anamorphs. *Stud. Mycol.*, 68(1): 57-78
3. Damm, U., Baroncelli, R., Cai, L., Kubo, Y., O'Connell, R., Weir, B., Yoshino, K. and Cannon, P.F. (2010) *Colletotrichum*: species, ecology and interactions. *IMA Fungus*, 1(2): 161-165
4. 藤 晋一・大段隆史・花田 薫 (2011) 農業生物資源ジーンバンクに保存されているタバコネクロシスウイルスの分子分類. *日植病報*, 77(3): 227
5. Fujinaga, M., Yamagishi, N., Ogiso, H., Takeuchi, J., Moriwaki, J. and Sato, T. (2011) First report of celery stunt anthracnose caused by *Colletotrichum simmondsii* in Japan. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(4): 243-247
6. 秦 英司 (2010) マイコプラズマによる牛乳房炎. *家畜診療*, 57(3): 145-152

特許

1. 国際 PCT 特許出願
「グルコラファニンを高含有するダイコン系統の作出方法」
石田正彦、小原隆由、柿崎智博、畠山勝徳、森光康次郎、中原清隆
国際出願番号：PCT/JP2011/075538（平成23年11月7日出願）
7. Hirayama, K. and Tanaka, K. (2011) Taxonomic revision of *Lophiostoma* and *Lophiotrema* based on reevaluation of morphological characters and molecular analyses. *Mycoscience*, 52(6): 401-412
8. Hirooka, Y., Rossman, A.Y. and Chaverri, P. (2011) A morphological and phylogenetic revision of the *Nectria cinnabarina* species complex. *Stud. Mycol.*, 68(1): 35-56
9. 池田健太郎・桑原克也・古屋 修・三木静恵・柴田 聡・田島明美 (2010) *Phoma* 属菌によるアジサイ枝枯れ症状. *関東東山病害虫研報*, 57: 1-3
10. 池田健太郎・坂野真平・三木静恵・柴田 聡・窪田昌春・漆原寿彦・小林逸郎・藤村 真 (2011) キャベツピシウム腐敗病菌 *Pythium ultimum* var. *ultimum* による結球期の茎腐敗症状(病徴追加). *日植病報*, 77: 28-32
11. 景山幸二 (2010) 日本の亜熱帯域および冷温帯域の糸状菌類相の多様性とその比較. *IFO Res. Commun.*, 24: 117-156
12. Kajitani, Y. and Masuya, H. (2011) *Ceratocystis ficicola* sp. nov., a causal fungus of fig canker in Japan. *Mycoscience*, 52(5): 349-353
13. Kano, S., Kurita, T., Kanematsu, S. and Morinaga, T. (2011) *Agrobacterium*

- tumefaciens*-mediated transformation of the violet root-rot fungus, *Helicobasidium mompa*, and the effect of activated carbon. *Mycoscience*, 52(1): 24-30
14. 窪田昌春 (2010) *Alternaria* 属と *Phoma* 属の野菜類病原菌. 微遺資利用マニュアル, 30: 1-22
 15. Makizumi, Y., Igarashi, M., Gotoh, K., Murao, K., Yamamoto, M., Udonsri, N., Ochiai, H., Thummabenjapone, P. and Kaku, H. (2011) Genetic diversity and pathogenicity of cucurbit-associated *Acidovorax*. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(1): 24-32
 16. 三澤知央 (2010) 北海道で発生した *Colletotrichum acutatum* による萎凋性のイチゴ炭疽病. 植物防疫, 64(6): 386-389
 17. 三澤知央 (2010) *Botrytis squamosa* によるニラ白斑葉枯病に対する数種化学農薬および生物農薬の防除効果と残効期間. 北日本病害虫研報, 61: 85-89
 18. 三好孝典・清水伸一・篠崎 毅・澤田宏之 (2011) リアルタイム定量 PCR 法によるイチジク株枯病菌の絶対定量および検出. 日植病報, 77(2): 96-104
 19. Mochizuki, S., Saitoh, K., Minami, E. and Nishizawa, Y. (2011) Localization of probe-accessible chitin and characterization of genes encoding chitin-binding domains during rice-*Magnaporthe oryzae* interactions. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77: 163-173
 20. Moses, L.M., Marasas, W.F.O., Vismer, H.F., De Vos, L., Rheeder, J.P., Proctor, R.H. and Wingfield, B.D. (2010) Molecular characterization of *Fusarium globosum* strains from south African maize and Japanese wheat. *Mycopathologia*, 170(4): 237-249
 21. Nakashima, C., Araki, I. and Kobayashi, T. (2011) Addition and re-examination of Japanese species belonging to the genus *Cercospora* and allied genera. X: newly recorded species from Japan (5). *Mycoscience*, 52(4): 253-259
 22. 中山喜一・青木孝之 (2010) *Fusarium solani* f. sp. *eumartii* によるトマトフザリウム株腐病とその発生生態. 植物防疫, 64(10): 639-642
 23. Nekoduka, S., Tanaka, K. and Sano, T. (2010) Pathogenicity of *Mycochaetophora gentianae*, causal fungus of gentian brown leaf spot, as affected by host species, inoculum density, temperature, leaf wetness duration, and leaf position. *J. Gen. Plant Pathol.*, 76(6): 370-376
 24. 大城 篤・比屋根真一・澤岷哲也・高江洲賢文・佐藤豊三 (2011) *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goidanich によるヤブガラシ類の炭腐病 (新称) の発生. 日植病報, 77(3): 143-147
 25. Raja, H.A., Tanaka, K., Hirayama, K., Miller, A.N. and Shearer, C.A. (2011) Freshwater ascomycetes: two new species of *Lindgomyces* (Lindgomycetaceae, Pleosporales, Dothideomycetes) from Japan and USA. *Mycologia*, 103(6): 1421-1432
 26. Sakaguchi, A., Tsuji, G. and Kubo, Y. (2010) A Yeast STE11 Homologue CoMEKK1 Is Essential for Pathogenesis-Related Morphogenesis in *Colletotrichum orbiculare*. *Mol. Plant-Microbe Interact.*, 23(12): 1563-1572
 27. 佐藤豊三・埋橋志穂美・細矢 剛・保坂健太郎 (2010) 小笠原諸島産菌類リスト. 小笠原研究, 35: 59-160
 28. 佐藤豊三・埋橋志穂美 (2010) アサガオ類白さび病の国内発生と病原菌の宿主特異性. 植物防疫, 64(3): 174-180
 29. 佐藤豊三・窪田昌春・富岡啓介 (2010) 数種のハナハッカ属園芸植物に対するオレガノ葉腐病菌 *Rhizoctonia solani* AG-1 IB の病原性. 関東東山病害虫研報, 57: 51-53
 30. 澤田宏之・功刀幸博・綿打享子・工藤 晟・佐藤豊三 (2011) *Xanthomonas arboricola* によるブドウ斑点細菌病 (新称). 日植病報, 77(1): 7-22
 31. 澤田宏之・綿打享子・功刀幸博 (2011) ブドウ斑点細菌病菌 (*Xanthomonas arboricola*) と核果類せん孔細菌病菌 (*X. arboricola* pv. *pruni*) の多相的な比較. 日植病報, 77(4): 265-277
 32. 下元祥史・森田泰彰・竹内繁治・曳地康史・木場章範・佐藤豊三 (2011) ナス黒枯病菌の再同定. 日植病報, 77: 105-108
 33. Shimomoto, Y., Sato, T., Hojo, H., Morita, Y., Takeuchi, S., Mizumoto, H., Kiba, A. and Hikichi, Y. (2011) Pathogenic and genetic variation among isolates of *Corynespora cassiicola* in Japan. *Plant Pathol.*, 60(2): 253-260
 34. 塩谷 浩 (2010) カンキツかいよう病菌 *Xanthomonas citri* subsp. *citri*. 微遺資利用マニュアル, 29: 1-11
 35. Sotome, K., Hattori, T. and Ota, Y. (2011) Taxonomic study on a threatened polypore, *Polyporus pseudobetulinus*, and a morphologically similar species, *P. subvarius*. *Mycoscience*, 52(5): 319-326

36. Takemoto, S., Nakamura, H., Sasaki, A. and Shimane, T. (2011) Species-specific PCRs differentiate *Rosellinia necatrix* from *R. compacta* as the prevalent cause of white root rot in Japan. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(2): 107-111
37. Tanaka, E., Kumagawa, T., Tanaka, C. and Koga, H. (2011) Simple transformation of the rice false smut fungus *Villosiclava virens* by electroporation of intact conidia. *Mycoscience*, 52(5): 344-348
38. Tanaka, K., Endo, M., Hirayama, K., Okane, I., Hosoya, T. and Sato, T. (2011) Phylogeny of *Discosia* and *Seimatosporium*, and introduction of *Adisco* and *Immersidisco* genera nova. *Persoonia*, 26: 85-98
39. Tanaka, K., Mel'nik, V.A., Kamiyama, M., Hirayama, K. and Shirouzu, T. (2010) Molecular phylogeny of two coelomycetous fungal genera with stellate conidia, *Prosthemia* and *Asterosporium*, on fagales trees. *Botany*, 88(12): 1057-1071
40. Tayone, W.C., Honma, M., Kanamaru, S., Noguchi, S., Tanaka, K., Nehira, T. and Hashimoto, M. (2011) Stereochemical investigations of isochromenones and isobenzofuranones isolated from *Leptosphaeria* sp. KTC 727. *J. Nat. Prod.*, 74: 425-429
41. Tomioka, K. and Sato, T. (2011) Gray mold of yacon and sunflower caused by *Botrytis cinerea*. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77: 217-219
42. Tomioka, K. and Sato, T. (2011) Fruit rot of sweet pepper caused by *Stemphylium lycopersici* in Japan. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(6): 342-344
43. Tomioka, K., Hirooka, Y., Nagai, T., Sawada, H., Aoki, T. and Sato, T. (2011) Plectosporium blight of monkshood caused by *Plectosporium tabacinum*. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(4): 266-268
44. Tomioka, K., Hirooka, Y., Takezaki, A., Aoki, T. and Sato, T. (2011) Fusarium root rot of prairie gentian caused by a species belonging to the *Fusarium solani* species complex. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(2): 132-135
45. Tomioka, K., Nishikawa, J., Moriwaki, J. and Sato, T. (2011) Anthracnose of snapdragon caused by *Colletotrichum destructivum*. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(1): 60-63
46. Usami, T., Kanto, T., Inderbitzin, P., Itoh, M., Kisaki, G., Ebihara, Y., Suda, W., Amemiya, Y. and Subbarao, K.V. (2011) *Verticillium tricorpus* causing lettuce wilt in Japan differs genetically from California lettuce isolates. *J. Gen. Plant Pathol.*, 77(1): 17-23
47. 埋橋志穂美 (2010) *Pythium* 属の新たな分類システム. *日微資源誌*, 26(1): 19-27
48. Watanabe, T. (2010) Pictorial atlas of soil and seed fungi, third edition. pp.1-404
49. Watanabe, T., Tagawa, M., Tamaki, H. and Hanada, S. (2011) *Coprinopsis cinerea* from rice husks forming sclerotia in agar culture. *Mycoscience*, 52(2): 152-156

<動物遺伝資源部門>

原著論文

○家畜家禽

1. Tagami, T. and Y. Nakamura (2011) Improving rates of germline transmission in chimeric chickens using busulfan solubilised sustained-release emulsion. *Avian Biology Research* 4, 74-77
2. Yoshiyama, M. and K. Kimura (2010) Characterization of antimicrobial peptide genes from Japanese honeybee *Apis cerana japonica* (Hymenoptera: Apidae). *Applied Entomology and Zoology* 45 (4), 609-614
3. Murata, K., Y. Wakabayashi, K. Sakamoto, T. Tanaka, Y. Takeuchi, Y. Mori and H. Okamura (2011) Effects of Brief Exposure of Male Pheromone on Multiple-Unit Activity at Close Proximity to Kisspeptin Neurons in the Goat Arcuate Nucleus. *Journal of Reproduction and Development* 57(2), 197-202
4. Murata, K., Y. Wakabayashi, K. Sakamoto, T. Tanaka, Y. Takeuchi, Y. Mori and H. Okamura (2011) Effects of Brief Exposure of Male Pheromone on Multiple-Unit Activity at Close Proximity to Kisspeptin Neurons in the Goat Arcuate Nucleus. *Journal of Reproduction and Development* 57(2), 197-202

5. Komatsu, M., T. Itoh, Y. Fujimori, M. Sstoh, Y. Miyazaki, H. Takahashi, K. Shimizu, A. E. O. Malau-Aduli and M. Morita (2011) Genetic association between GHSR1a 5' UTR-microsatellite and nt-7(C>A) loci and growth and carcass traits in Japanese Black cattle. *Animal Science Journal*, 82(3), 396-405

6. 小松正憲、藤森裕紀、伊藤智仁、佐藤洋一、埜和靖俊、西尾元秀、岡村裕昭、佐々木修、高橋秀彰、佐藤正寛 (2011) ウシ・グレリン受容体遺伝子の塩基多型、分子進化およびその塩基多型と産肉形質との関連性. *動物遺伝育種研究*, 39(2)、59-74

○カイコ

1. Daimon et al. (2010) The silkworm *Gree b* locus encodes a quercetin 5-O-glucosyltransferase that produces green cocoons with UV-shielding properties. *PNAS* 107(25) :11471-11476.

○昆虫培養細胞

1. Nakamura Y, Gotoh T, Imanishi S, Mita K, Kurtti T.J, Noda H (2011) Differentially expressed genes in silkworm cell cultures in response to infection by *Wolbachia* and *Cardinium* endosymbionts *Insect Molecular Biology* 20(3):279-289.

2. Iwanaga M, Hitotsuyama T, Katsuma S, Ishihara G, Daimon T, Shimada T, Imanishi S, Kawasaki H (2011) Infection study of *Bombyx mori* macula-like virus (BmMLV) using a BmMLV-negative cell line and an infectious cDNA clone *Journal of Virological Methods* (In Press):Corrected Proof.

3. 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.

4. 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*(In Press).

著作物

○家畜家禽

1. 芳山三喜雄、中原雄一、木村澄 (2011) ニホンミツバチ消化管から単離されたアメリカ腐蛆病菌を抑制する細菌 *畜産技術* 679, 33-38

ウ) Web サイトの運用・開発

<平成 23 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。23 年度は、植物遺伝資源について、日本のアズキ（栽培種と野生種）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収集地点情報や種子画像を公開した。微生物遺伝資源については、DNA 塩基配列データを公開するため、微生物遺伝資源 Web 検索システムの検索結果に含まれる MAFF 菌株の遺伝子領域ごとの Multi-FASTA 形式ファイルをダウンロードするシステムを開発した。動物遺伝資源については、動物 Web 検索システムにおいて遺伝資源関連データ公開の拡充を図るため、検索結果から画像と特性評価データを表示する機能を開発した。また、日本植物病名データベースにおいては、宿主の科名・種類による検索機能、及び微生物遺伝資源 Web 検索システムからのリンク機能を新設した。さらに、非公開の遺伝資源を含めたジーンバンク関係者による詳細な検索に対応するためのシステム開発を進めて、動物遺伝資源用を新規開発し植物遺伝資源用を全面リニューアルした。

Web アクセス件数は、平成 23 年 11 月までの 1 年間で 7,256,717 件であり、昨年同期の 6,237,692 件に比べて 16.3%増加した。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。

トップページ	68,412	動物検索	5,592
植物検索	674,089	動物画像	30,705
植物画像	120,836	植物病名	3,174,784
微生物検索	1,112,620	その他	2,069,679

月日 - 内容

11/26 - サービス停止の告知

12/03 - 出版物（微生物遺伝資源利用マニュアル 29, 30 を掲載 / パスワードによる保護を適用）

12/20 - 出版物（微生物遺伝資源探索収集調査報告書 Vol.23 を掲載）

12/24 - 配布申込関係スクリプトおよび共通 function のコードを修正

12/27 - 関係者専用微生物 Web 検索を新規開発・公開

01/06 - 日本植物病名データベース（追録データ統合）

01/27 - 関係者専用植物 Web 検索を新規開発・公開

02/02 - 微生物取り扱いマニュアル（凍結乾燥標品の復元を加筆修正）

02/15 - 出版物（植物遺伝資源探索導入調査報告書 Vol.26 を掲載）

02/15 - トップページ画像を差し替え（JP174251 八重咲寒紅）

02/16 - 関係者専用動物 Web 検索を新規開発・公開

02/23 - リンク（FAO トラストファンドを追加）

02/28 - 病名 DB（収録データをアップデート）

03/15 - おしらせ（震災関係。サーバの運用状態について）

03/16 - 遺伝資源の配布について（exchange fee 修正）

03/18 - おしらせ（サーバの運用状態について更新）

03/18 - 配布手続き英語版（様式）

03/28 - 関係者用 Web 検索（検索結果の zip ファイルへ CSV 読み込みマクロを同梱）

03/30 - CSV 読み込みマクロ Mac 版を追加

03/31 - 国際情勢（アップデート）

04/05 - 関係者専用植物 Web 検索（保存担当者による検索において移管・廃棄済のものもマッチさせるかどうか選べるように改良）

04/08 - 組織名変更対応

04/28 - 遺伝資源の受入（データシート差し替え）

04/28 - トップページ画像差し替え（八重咲きのツバキ）

05/09 - 微生物塩基配列を公開（微生物 Web 検索の拡張）

05/18 - 平成 22 年度事業実績報告書掲載

05/18 - センターバンクとサブバンク（アップデート）

05/18 - 遺伝資源の受入（データシート記述例および早見表追加）

05/18 - 微生物部門概要（公開点数のリアルタイム表示）

05/23 - Javascript 修正（MSIE9 対策）

05/23 - 微生物 Web 検索（細分類の表示）

05/25 - 植物・動物部門概要（公開点数のリアルタイム表示等）

06/03 - 遺伝資源をめぐる国際情勢（リンク追加）

06/08 - 動物画像データベース（詳細画面表示方法の変更）

- 06/15 - 病名 DB (収録データをアップデート)
- 06/23 - 植物 Web 検索 (KML ファイルの改良 - 学名ごとの自動フォルダ分け、サムネイルの追加)
- 06/23 - 微生物 Web 検索 (病名 DB へのリンク機能)
- 06/28 - 生物遺伝資源管理規程周辺の更新
- 07/01 - 組織名変更対応
- 07/06 - お問い合わせフォームへの独自開発 captcha 設置
- 07/21 - 病名 DB (収録データをアップデート。主に科名)
- 08/03 - 配布ページ英語版 (How to order 修正、メールアドレスの再掲)
- 08/04 - 関係者用 Web 検索 (検索条件の柔軟性を向上)
- 08/04 - MSIE6 対応 (トップページ英語版における表示崩れ)
- 08/08 - 植物 Web 検索 (短縮学名の利用)
- 08/09 - Captcha 入力時の注意点が目立つように javascript を改良
- 08/15 - 微生物 Web 検索 (塩基配列追加)
- 08/16 - 病名 DB (宿主の科名 / 種類(「食用作物」「野草」等)による検索機能等を追加)
- 08/16 - トップページ画像差し替え (「蒙古稲」の花)
- 08/16 - 関係者専用植物 Web 検索 (オプション「品種登録が有効である遺伝資源に限定」を追加)
- 08/22 - DNS レコードを利用したユーザ入力のメールアドレスチェック機能を追加
- 08/26 - 微生物 Web 検索 (文献欄の表示ルール変更)
- 09/01 - 微生物 Web 検索 (塩基配列追加)
- 09/13 - NIAS-FAO Workshop の告知 および 参加登録ページの設置
- 09/14 - 微生物 Web 検索 (塩基配列追加)
- 09/16 - 微生物 Web 検索 (塩基配列追加)
- 09/16 - リンク (微生物分野に 3 サイト追加)
- 09/16 - 配列整備の進行管理用プログラムを新規開発 (センターバンク限定公開)
- 09/20 - 沿革詳細 (第 5 期)
- 09/27 - NIAS-FAO Workshop 講演者等変更対応
- 10/05 - NIAS-FAO Workshop 講演者等変更対応
- 10/06 - KML 出力プログラム改修
- 10/11 - NIAS-FAO Workshop 演題反映
- 10/14 - NIAS-FAO Workshop 参加登録フォームを締切、当日受付も可能な旨告知
- 10/14 - アズキコアコレクション公開
- 10/14 - トップページ画像差し替え (かぼちゃ「大島在来」)
- 10/21 - 微生物 Web 検索 (塩基配列データ Readme ファイル更新)
- 10/24 - 種子庫改修工事に伴う配布の遅延について告知
- 10/28 - 種子庫改修工事に伴う配布の遅延について追記
- 11/01 - 動物 Web 検索 (登録された画像の表示機能)
- 11/01 - 各種 Web 検索 (JP 番号等の数値フィールドのチェック機能)
- 11/02 - 微生物受入 (Readme ファイル更新)
- 11/02 - 出版物 (「動物遺伝資源保存管理マニュアル」から「未定稿」の表記を削除)
- 11/07 - 各種 Web 検索 ([U+xxxx]の形式で入力された Shift-JIS 外の文字を表示する機能を追加)
- 11/16 - 関係者用微生物 Web 検索 (再同定者名 (+同定データ入力年)の表示、シノニムの明示)
- 12/05 - 動物 Web 検索 (特性データの表示機能、特性データを持つもののみを検索する機能)

エ) 生物遺伝資源データベースシステムの開発状況

<平成 23 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、MTA、SMTA、MOU などの導入契約資料の保管場所や電子ファイル名を登録し、各契約資料と JP 番号の対応付けを入力するための植物導入資料データ登録プログラムを新規開発した。微生物遺伝資源については、日本植物病名データベースのデータ追加・修正を効率的に行うための植物病名データベース更新用システム、及び一般微生物来歴情報管理プログラムなどの機能更新を行った。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）に特性評価項目の選択機能を追加して操作性を向上させた。

また、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、JP 番号・MAFF 番号別配布実績、サブバンク担当者一覧など使用頻度の高い 11 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

(機能変更等)

配布作業プログラム

配布遺伝資源試験研究結果報告書督促システム

カプログラム、発芽試験リスト印刷プログラム、配布庫出庫プログラム、配布庫入庫プログラム、永年庫入庫プログラム、コアコレ用ラベル印刷プログラム、種子カード検索プログラム

植物遺伝資源部門

(新規開発)

植物導入資料データ登録プログラム

配布庫ボトル移動プログラム

仮登録特性評価マニュアル本番移行プログラム

(機能変更等) 13 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、植物保存管理情報管理プログラム、植物保存管理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、植物特性評価マニュアル PDF 出

微生物遺伝資源部門

(機能変更等)

植物病名データベース更新用システム

一般微生物来歴情報管理プログラム

微生物特性データ管理プログラム

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

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> 研究結果報告書回収率、サブバンク担当者一覧
- <植 物> JP 番号別配布実績、植物配布申込作業番号の内訳
- <微生物> MAFF 番号別配布実績、微生物ロット一覧 (生残率、保存アドレス等)、植防株在庫データ (ロット情報+

許可番号等)、再同定された MAFF 株の一覧 (登録時/最新同定時の学名および同定者の比較)、CB 移管一覧、特性データシート一覧、人名一覧

(機能変更等)

- <植 物> 植物保存点数 (保存担当者・形態別、産地・来歴別)、MLS クロップリスト該当点数
- <微生物> 学名一覧 (属名・科名・目/綱/門)

オ) DNA 情報の管理・提供

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、家畜関連及びカニコ関連のデータベースを一元化し、利便性の向上を図った農林水産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6800件である (図1)。ロボットのアクセス数は除外。

2. イネ関連データベース群

2006年12月にイネ日本晴のゲノム塩基配列が公開されて以降、DNA 情報データベースから転写・発現情報データベース、変異体及び表現型データベースに至るまで多種多様なデータベースが作成されている。イネのゲノム配列データベースは、RAP-DB (国際コンソーシアムのデータベース、日本) と MSU-DB (元 Tiger、米国) の2つが公開されていたが、昨年末、ゲノム配列が統一された An united Rice Genome Sequence (Os-Nipponbare-Reference-IRGSP-1.0) として公開された。ゲノム配列情報及びアノテーション情報をもつ RAP-DB をはじめ約19種類のデータベースが存在し (図2)、必要なデータベースを有機的に結合、またデータ間のダイレクトリンクを行うなど統合化を図り、利便性の向上を図った。

3. 比較ゲノム解析データベース: SALAD (図3)

本データベースは、公共データベースに登録されている1次情報 (DNA 情報、アミノ酸情報等) を利用した2次データベース・解析ツールである。植物の蛋白質配列をゲノムワイドに比較でき、その保存領域 (モチーフ) 情報をグラフィカルにみることのでき、また保存モチーフ毎に分子進化系統樹 (NJ 樹) を作成できる優れたもののツールである。

4. イネ遺伝子発現データベース RiceXPro に搭載した根の詳細発現プロファイル情報の公開

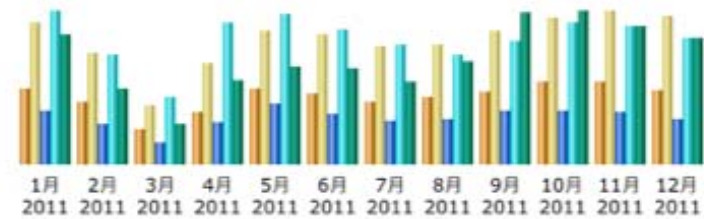
この根の詳細発現情報は、マイクロアレイ解析技術とレーザーマイクロダイセクション (LMD) 技術を組み合わせてデータ収集が行われている。イネの根で特異的に発現している遺伝子が、さらに根のどの部位でどの程度発現しているかを容易に調べることが出来る (図4)。

5. オオムギ完全長 cDNA データベースの公開

オオムギ (はるな2条) の12ライブラリーから17200クローンのオオムギ完全長 cDNA セットが作成された。両末端の配列解析 (EST) 後、クラスタリングされたユニークなクローン 24,783 コの全長配列が決定され、データベース化・公開された (図5)。本データベースの FL-cDNA は、配布可能である。



平均 6800訪問者/月



月	訪問者	訪問数	ページ	件数	バイト
1月 2011	7699	14303	62674	176554	17.19 G b
2月 2011	6227	11335	46239	126641	10.03 G b
3月 2011	3464	5902	24490	77905	5.27 G b
4月 2011	5210	10195	47250	163675	11.04 G b
5月 2011	7603	13509	69640	174017	12.94 G b
6月 2011	7188	13224	57005	155361	12.73 G b
7月 2011	6355	11982	50691	137534	10.85 G b
8月 2011	6725	12184	51296	127214	13.54 G b
9月 2011	7289	13451	62232	141633	20.10 G b
10月 2011	8353	14801	61061	163519	20.18 G b
11月 2011	8269	15459	59134	160161	18.30 G b
12月 2011	7404	15010	52246	145808	16.75 G b
合計	81786	151355	643958	1750022	168.92 G b

図1 生物研DNAバンクHP と アクセス数

図2 イネ関連DB群:19

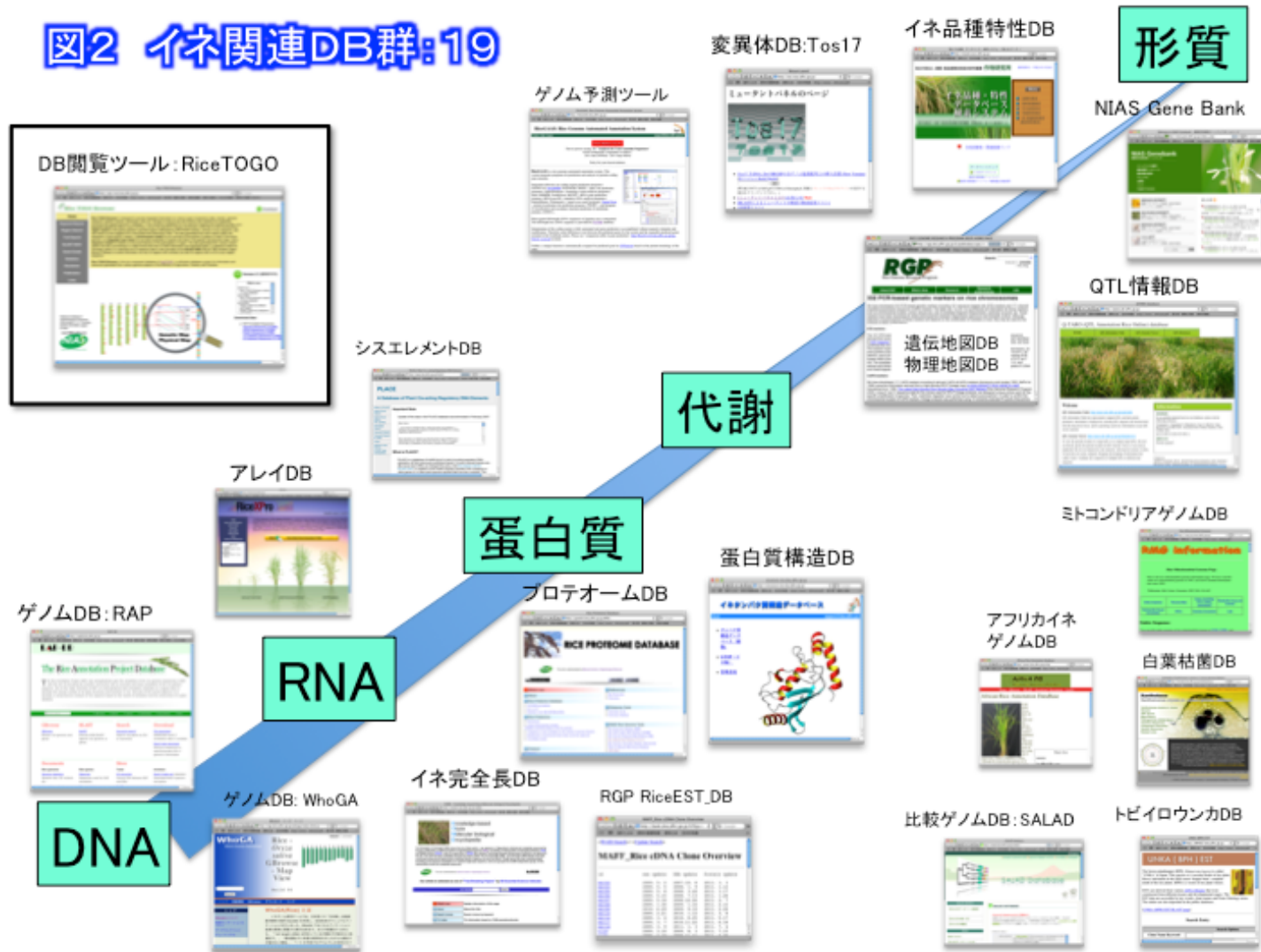
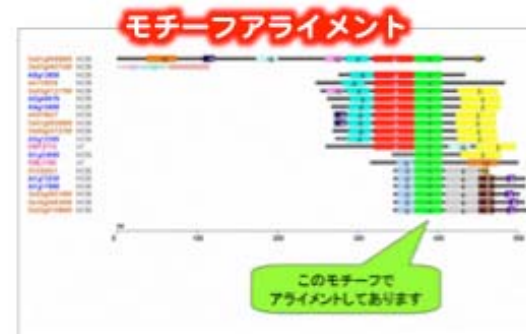
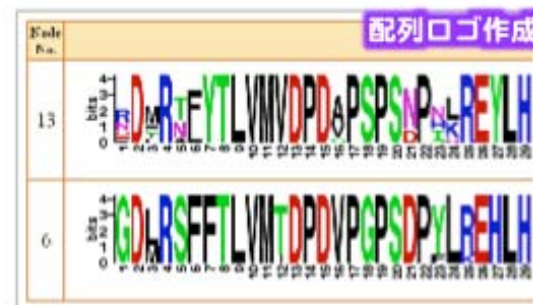


図3 比較ゲノム解析ツール: **SALAD**



モチーフグラフィカルビューワ



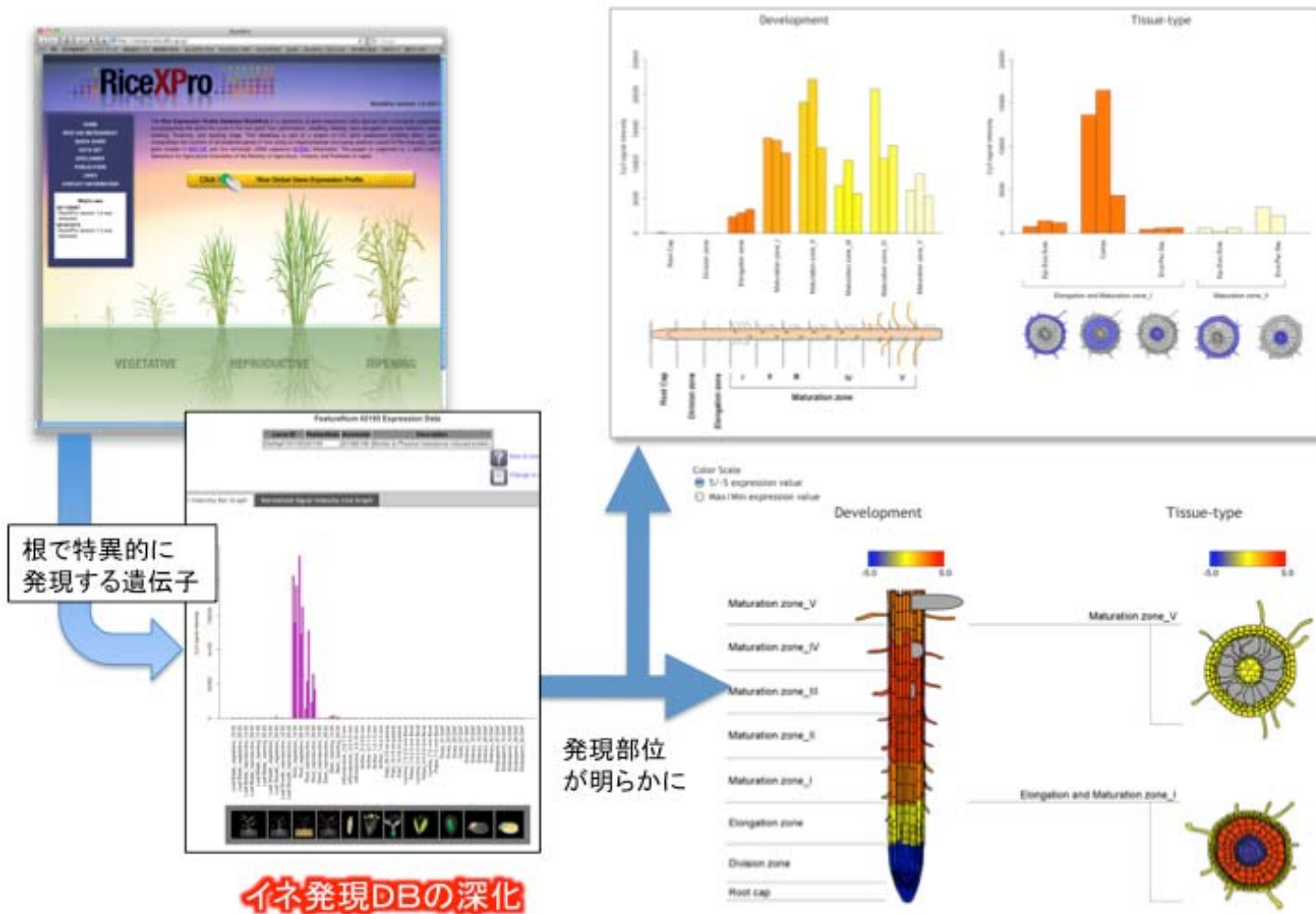


図4 イネ根の詳細な発現プロファイル

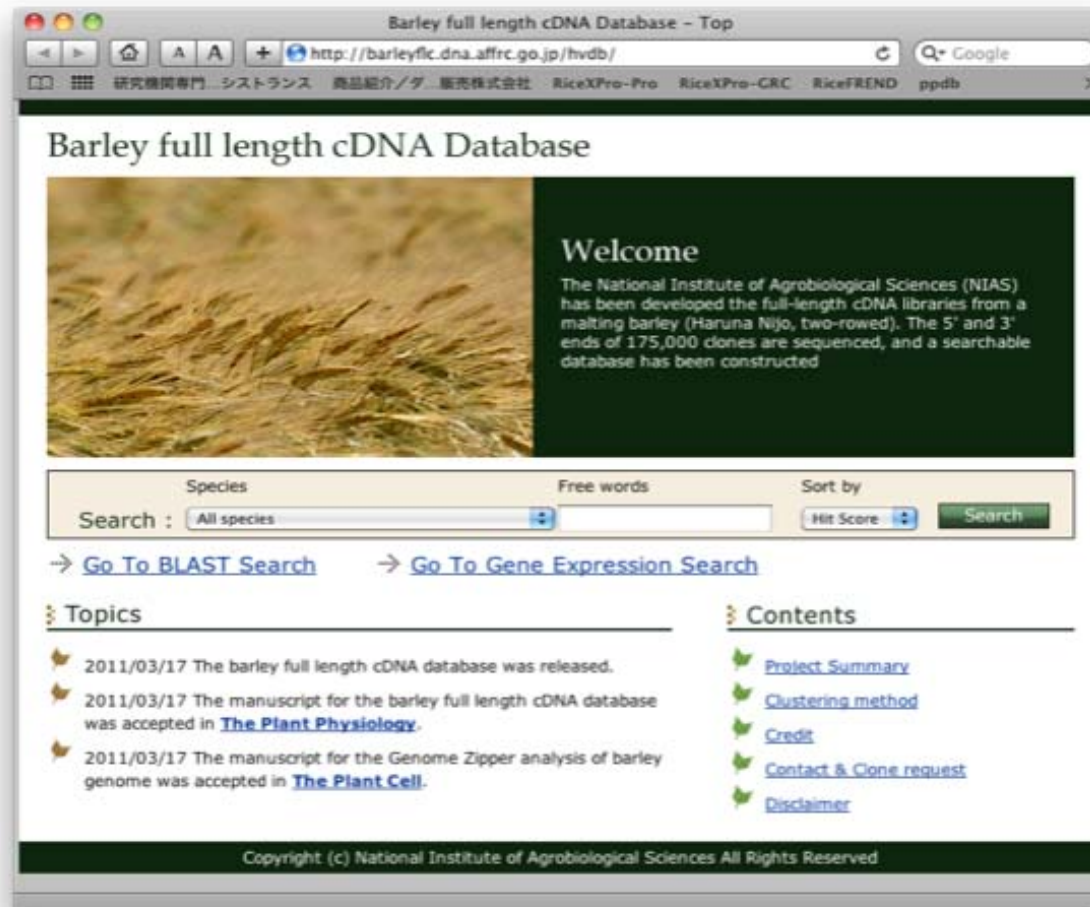


図5 オオムギ完全長cDNAデータベース

平成 23 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
