

「イネゲノム機能解析研究」の事後評価における調査・検討事項と農林水産省の説明状況及び委員からの質問等の対応状況

調査・検討事項 ／事前評価の指摘事項	「イネゲノム機能解析研究」の実施状況 (A＝第1回検討会 資料4 農林水産省説明資料、 B＝第2回検討会 資料2 追加説明事項)	備考
1. 研究開発の実施状況		
(1) 目的及び目標		
①研究開発全体の目的及び目標	<p>○研究の目的(A P.4)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. イネゲノム塩基配列を解読し、すべての遺伝子を含むゲノムの構造を明らかにして、植物生命科学研究の基盤を作る。 2. 有用遺伝子を単離・機能解析し、ゲノムの機能を明らかにして、イネの各種形質の改良、植物工場などの産業利用につなげるもの。 <p>○研究の目標(A P.5)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 可能な限り早くイネゲノム全塩基配列を解読し、単子葉植物ゲノムのゴールドデンリファレンスを完成。 2. ゲノムリソースを整備し、遺伝子を単離・機能解明する手法を開発し、有用遺伝子の機能を解明。 3. 重要形質を発現するメカニズムの全容を明らかに。 4. 情報を統合したデータベースを構築するとともに、イネゲノム機能のシミュレータを開発。 5. 品種間・属間ゲノム比較を行い、イネでは認められない形質等に関わる遺伝情報を解明。 <p>○7 農林水産省におけるゲノム研究の施策上の位置付け(A P.63)</p> <p>食料自給率が40%にとどまり、さらなる食料自給率の向上が求められている。軽労化、減農薬などに資する技術開発が期待。100年間で0.74℃の地球温暖化が予想されており、農産物生産適地が北上、あるいは米や果樹の品質劣化などが報告。</p> <p>このような背景の中で、本プロジェクトは農政の問題解決のための重要なツールの1つとして位置付け。</p> <p>なお、農政の方向性は、食料・農業・農村基本計画で示されており、研究の方向性は、農林水産研究基本計画で示されている。</p> <p>○ 1. ① 個別課題の目標に比較して、研究開発全体の目標がはっきりしていないのではないか。また、研究開発全体として1つのプログラムになっているのか。(B P.1)</p>	植物工場については別事業として実施。

	<p>(回答) 研究目標 (事前評価時) は、第 1 回評価検討会資料 4 (以下「資料」という) の P.5 の 5 つであり、総合科学技術会議による事前評価及びフォローアップで承認されている。また、研究開発全体としては、これらの目標を達成するために有機的に関連しあった 12 のプロジェクトを設定し (資料 P.6 参照) 一体的に推進している。</p> <p>○ 3. ② 成果評価について、研究の背景、目的に示されているアウトカムの具体的な指標の設定が不十分であったのではないか。現在成果評価として示されている達成度は当初想定されていたアウトカムと異なるのか、または予算縮減の結果アウトカムとしての目標も縮小されたのか。(B P.6)</p> <p>(回答) 研究目標 (資料 P.5) は、当時の研究レベルを鑑みた目標設定である。個別研究課題の達成目標については平成 15 年度予算が決定された後に設定されたものであり、予算額に鑑みた目標設定を行っている。</p>	
<p>②個別課題 (12 課題) の目的及び目標</p>	<p>各個別課題の目標:</p> <p>① イネ・ゲノムリソースセンターの整備 (H15-19) (A P.20-21)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 研究材料及び情報の一括管理による利便性の向上を図り、研究機関等への円滑な供給体制の確立。 2. 材料・情報の整理・解析により、高度かつ高精度の情報を持つ研究材料及び情報の管理・提供。 <p>② イネ・ゲノムの全塩基配列の解明 (H15-16) (A P.22-23)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. イネ・ゲノムの効率的解析技術を開発。 2. イネ・ゲノムの全塩基配列を解読。 3. イネ・ゲノム塩基配列情報の解明技術を開発。 <p>③イネ・ゲノムシミュレータの開発 (H15-16) (A P.24-25)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. イネ・ゲノム統合データベースの整備。 2. イネ・ゲノムシミュレータの開発。 <p>④タンパク質の構造解析利用型 (H15-16) (A P.26-27)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. タンパク質の構造・機能の網羅的解析と有用遺伝子の単離・機能解明。 2. 立体構造と機能の相関解明。 3. 立体構造と機能を予測する手法の開発。 4. 立体構造に基づく未知遺伝子の機能解明及びタンパク質間相互作用の解明。 <p>⑤イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解析 (A P.28-29)</p>	<p>個別課題の②、③、⑥、⑫は実施期間を短縮。個別課題の⑦、⑧、⑪は、事前評価時の計画ではなく、計画期間の途中から新たに開始。</p>

	<p>5つの形質に関連する遺伝子の単離と機能解明。</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 高品質なコメを作る遺伝子。 2. 機能性物質を作る遺伝子。 3. 光合成機能を高める遺伝子。 4. 病害虫に強い遺伝子。 5. 不良環境に強い遺伝子。 <p>⑥イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 (H15-16) (A P. 30-31)</p> <p>ムギ類、イネ科牧草等イネ科作物を中心に、マメなどの主要作物、カンキツなどの果樹、スギなどの林木を対象とし、各植物ゲノム構造並びに遺伝機構を解明し、品種開発、栽培技術の改善につながる技術開発に結びつける。</p> <p>⑦多様性ゲノム解析研究 (H17-19) (A P. 32-33)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 遺伝子配列情報比較を利用したムギ類の新規機能遺伝子の解明。 2. イネ種分化・生殖的隔離機構の解明。 3. ムギ類の重要形質の比較遺伝学的解明。 <p>⑧QTL 遺伝子解析の推進 (H17-19) (A P. 34-35)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 遺伝子機能解明のための研究基盤を整備し、提供。 2. イネの複雑形質等に関与する遺伝子の単離と機能解明。 <p>⑨遺伝地図及びミュータントパネル利用型 (H15-19) (A P. 36-37)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 遺伝地図利用技術の開発。 2. イネ内在のトランスポゾン <i>Tos17</i> を利用したミュータントパネルの整備。 3. それらを利用したイネ遺伝子の単離と機能解明。 <p>⑩組換え体利用型研究 (H15-18) (A P. 38-39)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 遺伝子組換え体を用いた有用遺伝子の大規模機能解析。 2. 組換え体作出関連技術の開発。 <p>⑪ゲノム育種技術の開発と実証 (H17-19) (A P. 40-41)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. DNAマーカー選抜による遺伝子集積システムの育成。 2. 遺伝子組換えによる実用的優良システムの育成。 <p>⑫DNAマーカーによる効率的な新品種育成システムの開発 (H15-18) (A P. 42-43)</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. イネ、ダイズについて、目的形質の新規のDNAマーカーの作出を進める。目的形質遺伝子を導入した同質遺伝子システムを開発。 2. ムギ類、野菜、牧草、果樹等において目的形質の実用的なDNAマーカーを開発。 3. 開発された効率的なDNAマーカー選抜技術を育種事業に組み込んだ新品種育成システムを構築。 4. イネ、ダイズ、ムギ類、野菜等について、SSRマーカーやSNPsマーカーを用 	
--	---	--

	<p>いる育種技術の開発とその利用を行う。</p> <p>【参考3 農林水産省による事後評価結果】</p>	
③個別課題間の関係	○ イネゲノム機能解析研究の全体構成（課題間の関係）（A P.6）	
<p>④「重点化」の措置状況</p> <p>⑤2つの個別課題について途中で中止した理由及びその翌年から2つの個別課題を実施した理由</p>	<p>○ 重点化の措置状況と進捗状況を踏まえた資源配分等の実施状況（A P.14）</p> <p>1. 事前評価のフォローアップ評価を受けて、研究課題を重点化。具体的には、「イネゲノムシミュレーター・プロジェクト」では、期間内における開発が困難であると判断し中止。「種間・属間比較研究プロジェクト」では、取り扱う材料が多岐にわたり、研究のステージが異なることから中止、ムギ類遺伝子の単離・機能解析に焦点を絞った「多様性ゲノム解析研究プロジェクト」を新たに開始。</p> <p>2. 「全塩基配列の解明」及び「タンパク質の構造解析利用型」は、研究目標を達成したために終了。</p> <p>3. 研究基盤の整備状況、あるいは遺伝子情報の蓄積状況などに鑑みて、QTLと言われる農業上重要な複雑形質の解明及びゲノム情報を利用した育種への展開を行うため、新たに「QTL遺伝子解析」及び「ゲノム育種技術」研究を開始。</p> <p>4. 毎年度、評価の結果を受けて、小課題レベルの予算額や改廃を含めて措置。</p> <p>○ 計画額に対する予算額減の経緯とそれに伴う目標の変更の有無（A P.13）</p> <p>経緯は、当初は研究を一気に加速し、実用化までの期間短縮を目指したが、予算状況に鑑みた研究の優先順位付けを行った。</p> <p>目標は、研究小課題の達成目標を変更。例えば、全塩基配列解明は、海外グループが行うイネゲノム解読との競争状況を鑑みて、テロメアなどの難解読領域については実施せず、解読可能領域の高精度化に特化する戦略に変更。</p> <p>個別研究課題は、優先順位が高いものに絞り、重点化して実施。例えば、林木等のDNAマーカー開発は取りやめ、遺伝子単離目標数（200）の半減等。</p>	
(2) 実施機関		
①受託研究実施機関とその理由	○ 課題担当研究実施機関と参画機関の比率（A P.7）	
②個別課題への実施主体及び責任者	<p>○ 課題担当研究実施機関と参画機関の比率（A P.7）</p> <p>○ イネゲノム機能解析総括リーダー一覧（A P.8）</p>	

	○ 研究リーダーの選定 (A P. 9)	
③個別課題への参加研究者（又は研究機関）及びその産学官の割合	○ 課題担当研究実施期間と参画機関の比率 (A P. 7)	
④研究開発の実施体制のうち		
(ア) 産学官の幅広い協力と連携の実施状況	<p>○ 参画研究機関の協力と連携 (A P. 10) 独法は、ゲノム情報の整備、研究材料となるリソースの整備、解析手法の開発、中間母本の作出等を実施。大学は、個々の形質の遺伝子単離を中心に実施。地方自治体、民間企業は、有用形質を付与した作物開発を実施。バラバラな研究ではなく、相互に連携してプロジェクトが加速するよう運営。</p> <p>○ 課題担当研究実施期間と参画機関の比率 (A P. 7)</p> <p>○ 4. ② P. 7 及び P. 10 に民間企業の参加と書かれているが、具体的な企業名と企業がどのような研究開発を行ったのか示されたい。 (B P. 7)</p> <p>(回答) 民間企業は、イネ・ゲノムの全塩基配列の解読、ビールオオムギの香味に関する DNA マーカーの開発、イネの低温耐性に関する DNA マーカーの開発等を実施した。</p> <p>○ 2. ⑤ 実施体制について、研究機関数の産学官の割合が示されているが、実際の研究の実施、成果創出はどのセクターが担ったのかを明示されたい。例えば、全塩基配列の解明では産と官が半分ずつとなっているのはどうしてかなど。また、「研究のオールジャパン体制の構築」について具体的に説明願いたい。研究と実用化のリンクの重要性が指摘されているが、12 の研究分野に具体的にどのようなマネジメントシステムがとられたのか。 (B P. 4)</p> <p>(回答) 実際の研究実施及び成果の創出は全てのセクターが互いに連携して実施。例えば、「全塩基配列の解明」の成果のうち、発現遺伝子地図の作成については(独)農業生物資源研究所が、全塩基配列の解読については(社)農林水産先端技術産業振興センターが、cDNA 情報を組み込んだアノテーションは(独)農業生物資源研究所がそれぞれ実施した。</p> <p>当該プロジェクトはそれまでの個別研究をひとまとめにしたようなものではなく、参</p>	

	<p>画する機関が得意とする分野を分担し、そこで得られた成果については関係者で共有し、遺伝子の単離、DNA マーカーの開発、最終的には作物開発へと活用した。</p>	
<p>(イ) 研究代表者の選定、責任の範囲の明確化などの実施状況</p>	<p>○ 研究リーダーの選定(A P.9)</p> <p>○ 2. ⑥ 研究代表者、課題ごとの総括リーダー、個々の研究実施者の役割と権限について示されたい。特に、課題設定、予算配分、特許取得等について。(B P.4)</p> <p>(回答)課題設定、予算配分については、研究代表者、課題毎の研究総括リーダー、農林水産技術会議事務局担当官及び評価委員で協議の上原案を作成し、総合科学技術会議をはじめとする省内外の評価等を受けた上で設定した。 特許取得については研究代表者、課題毎の研究総括リーダー、課題担当で検討し、農林水産技術会議事務局及び評価委員と連携して実施した。</p> <p>○ 2. ⑦ トップによるマネジメント、リーダーシップの重要性が指摘されたが、全体総括リーダーが3人交代している。トップによるマネジメントは適切に行われたのか。全体総括リーダーの交代による影響は無かったのか。(B P.5)</p> <p>(回答)プロジェクトのマネジメントは、全体総括リーダー、課題毎の研究総括リーダー、農林水産技術会議事務局担当官及び評価委員との協議の上で実施したものである。全体総括リーダーの交代については十分な引き継ぎ体制をとっていたため、その交代がプロジェクトに影響を及ぼしたとは考えていない。</p>	<p>フォローアップにおいては、全体の運営管理については、研究代表者に責任と権限を集中し、農林水産省は資金供給と研究評価を実施との説明。</p>
<p>(ウ) 公募課題の選定方法とその結果の状況</p>	<p>【参考3 農林水産省による事後評価結果】</p> <p>○ 大課題3 イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解明(A P.93)</p> <p>○ 研究開発評価個票「植物(イネ)ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究「イネ・ゲノムの種間・属間比較研究」(A P.44)</p> <p>○ プロジェクトの事後評価(自己評価)シート「植物(イネ)ゲノム研究 応用・実用化に向けたゲノム研究「イネ・ゲノムシミュレーターの開発」(A P.42)</p>	
<p>(3) 実施機関と資源配分</p>		

<p>①個別課題別・年代別の計画額及び予算額、執行額（決算額）の推移</p>	<p>○ イネゲノム解析研究予算の推移(P. 12) 全体の当初要求額は合計450億円だったが、実行額は合計142億円で研究を推進。</p> <p>【参考3 農林水産省による事後評価結果】</p> <p>○ ② 予算編成過程での重点化、優先化等の検討の結果、予算額の減少となったとの説明であるが、当時の農水省の予算について、全体、科学技術振興費、当該研究開発について、概算要求額、予算額、決算額（補正予算があればそれを含めて）を示していただきたい。（B P. 1）</p> <p>（回答）別添資料1参照</p> <p>○ ③ 国費等入額が142億円となっているが、これは研究者の人件費、施設の減価償却等の経費までを含んだものなのか。これらの一部が含まれていないのであれば、これらを含んだ、実際にこの成果を得るために要した費用の合計額はどのくらいになると見積もられるか。（B P. 1）</p> <p>（回答）研究者の人件費、施設の減価償却等の経費は含んでおらず、以下の理由により合計額を提示するのは難しい。</p> <ul style="list-style-type: none"> ・ 課題の担当は独立行政法人、大学、民間、公設試など多岐にわたり、年齢、役職などで賃金が異なる上、本プロジェクトへの寄与度（エフォート）も担当者ごとに異なっており、人件費を算出することは困難であるため。 ・ 全ての課題で使用した施設の減価償却費を算出することは困難であるため。 	<p>個別課題毎に、開始から終了までの間の予算額は以下の通り</p> <ul style="list-style-type: none"> ①イネ・ゲノム全塩基配列の解明 105.6億円 ②タンパク質の構造解析利用型 22.3億円 ③イネ・ゲノムシミュレータの開発 29.1億円 ④イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 2.4億円 ⑤DNA マーカーによる効率的な新品種育成システムの開発 23億円 ⑥組換え体利用型 7億円 ⑦イネ・ゲノムリソースセンターの整備 3.8億円 ⑧遺伝地図及びミュータントパネルを利用したイネ遺伝子の単離及び機能解明（遺伝子地図とミュータントパネル利用型） 24.6億円 ⑨イネの重要形質遺伝子の単離と機能解明（重要形質関連遺伝子の機能解明） 33.7億円 ⑩イネの重要形質遺伝子（QTL）の単離と機能解析（QTL遺伝子解析の推進） 15.1億円 ⑪画期的な作物の作出（ゲノム育種技術の開発と実証） 6.6億円 ⑫イネ以外の作物への応用と生殖的隔離の解明（多様性ゲノム解析研究） 20.7億円 <p>計 293.9億円</p>
<p>②計画額に対する大幅な予算額の変更の理由及びそれに伴う目的・目標の変更の有無</p>	<p>○ 計画額に対する予算減額の経緯とそれに伴う目標の変更の有無(A P. 13) 経緯は、当初は研究を一気に加速し、実用化までの期間短縮を目指したが、予算状況に鑑みた研究の優先順位付けを行った。</p>	

目標は、研究小課題の達成目標を変更。例えば、全塩基配列解明は、海外グループが行うイネゲノム解読との競争状況を鑑みて、テロメアなどの難解読領域については実施せず、解読可能領域の高精度化に特化する戦略に変更。

個別研究課題は、優先順位が高いものに絞り、重点化して実施。例えば、林木等のDNAマーカー開発は取りやめ、遺伝子単離目標数（200）の半減等。

○ 重点化の措置状況と進捗状況を踏まえた資源配分等の実施状況（A P.14）

1. 事前評価のフォローアップ評価を受けて、研究課題を重点化。具体的には、「イネゲノムシミュレーター・プロジェクト」では、期間内における開発が困難であると判断し中止。「種間・属間比較研究プロジェクト」では、取り扱う材料が多岐にわたり、研究のステージが異なることから中止、ムギ類遺伝子の単離・機能解析に焦点を絞った「多様性ゲノム解析研究プロジェクト」を新たに開始。

2. 「全塩基配列の解明」及び「タンパク質の構造解析利用型」は、研究目標を達成したために終了。

3. 研究基盤の整備状況、あるいは遺伝子情報の蓄積状況などに鑑みて、QTLと言われる農業上重要な複雑形質の解明及びゲノム情報を利用した育種への展開を行うため、新たに「QTL遺伝子解析」及び「ゲノム育種技術」研究を開始。

4. 毎年度、評価の結果を受けて、小課題レベルの予算額や改廃を含めて措置。

○ 1. ④途中で中止した課題は「イネ・ゲノムシミュレータの開発」と「種間・属間比較研究」の二つとしているが、「全塩基配列の解明」については途中で中止したのではないのか。目標を達成したために終了したと説明されたが、5年計画のものが2年で完成したということなのか。（B P.1）

（回答）イネゲノムの全塩基配列解読に関しては、5年計画のものを2年で目標達成。総合科学技術会議の事前評価での指摘を踏まえ、セントロメア・テロメア部分の解読は中止した。

○ 1. ⑤事前評価において、実用化を視野に入れた「DNAマーカーを用いた効率的な育種システムの開発」は重点的に実施すべきとしているが、当該課題は4年の途中で中止しているがその理由は何か。（B P.2）

（回答）本課題については求められた成果を生み出しており（資料P.43参照）、農林水産

技術会議評価専門委員会においても目標を達成しているとの判断があったため。

- 1. ⑥平成17年度から実施した「ゲノム育種技術の開発と実証」は、平成15年度から平成18年度まで実施した「DNA マーカーを用いた効率的な育種システムの開発」とDNA マーカー育種の技術開発という点で重複はないのか。(B P.2)

(回答) 効率的な研究の進行管理のために、成果の出た課題はより実用化に近い個別研究課題に移行することとしており、「DNA マーカーを用いた効率的な育種システムの開発」のイネの課題のうち、有用形質のDNA マーカーが開発された成果は「ゲノム育種技術の開発と実証」に発展的に移行し、DNA マーカー未開発の個別課題はそのまま続行したため、両課題間の重複はない。

- 1. ⑦平成17年度から実施した「多様性ゲノム解析研究」及び「QTL 遺伝子解析の推進」は、イネの重要形質に係る遺伝子の単離と機能解明という点に関して「イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解明」と研究内容の重複はないのか。(B P.2)

(回答) 「多様性ゲノム解析研究」はムギ類の遺伝子単離、機能解明を実施。複数の遺伝子に支配される遺伝子(QTL)の研究は「QTL 遺伝子解析の推進」で実施。また「イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解明」はイネでQTL以外の遺伝子を対象とする。このため、課題間の重複はないよう調整した。

- 2. ③ 途中で中止した課題について、本来実施すべきものまで中止したのではないか。例えば、「イネ・ゲノムシミュレータの開発」について、事前評価ではシミュレーションプログラム開発等については実現性等から更なる検討が必要としているが、バイオインフォマティクスの基盤整備は重点的に推進すべきとしている。また、フォローアップ時には農林水産省はデータベース構築に関する研究に限定するとしている。このデータベース構築ができたので、課題は2カ年間で中止したとしているが、バイオインフォマティクスの基盤整備としてはさらに発展させるべきではなかったのか。(B P.3)

(回答) フォローアップ評価の時点で、バイオインフォマティクスを含む「イネ・ゲノムシミュレーションの開発」については平成16年度で終了することを明記し、総合科学技術会議の了承を得ているものと認識している。

	<p>○ 2. ④ 「種間・属間比較研究」について、事前評価ではコムギ等との属間比較研究に重点化すべきとしたが、2年間で中止するのではなく、この属間比較研究はさらに推進すべきではなかったのか。DNAマーカーを利用した新品種の開発などで、他植物でイネ以上に多くの新品種が開発されているようであれば、本家のイネを離れて種間・属間比較研究を推進したほうが、産業や経済に及ぼす影響は大きかったということにならないか。(B P.4)</p> <p>(回答)「種間・属間比較研究」に関しては、総合科学技術会議の指摘を受けて中止し、ムギ類の遺伝子単離・機能解析に焦点を絞った「多様性ゲノム解析研究」を新たに開始した。</p>	
<p>(4) 実施機関における実施推進体制</p>		
<p>①個別課題の進捗状況の確認方策と課題等への対処方策、プロジェクト全体の推進体制</p>	<p>○ イネゲノム機能解析研究の評価(A P.15とP.16) 農水省としては事前評価、中間評価と事後評価を実施。</p> <p>○ イネゲノム機能解析研究の評価(実施主体及び農林水産省としての評価)(A P.16) 毎年の進捗状況は実施機関の自己評価で確認。 農林水産省としての評価の評価者は、農林水産技術会議評価専門委員会。 評価の内容は、事前評価の場合は、必要性、効率性、有効性等の観点に基づき、研究の科学的・社会的意義、目標設定、計画等の妥当性等を評価。事後評価では、目標の達成度、実施体制の妥当性等を評価。</p> <p>○プロジェクト全体の推進体制 <ul style="list-style-type: none"> 〔 課題担当研究実施機関と参画機関の比率 (A P.7) イネゲノム機能解析総括リーダー一覧A (A P.8) 研究リーダーの選定(A P.9) 実施体制として、研究実施機関、総括リーダー、リーダーの選定方法を示した。</p> <p>○ 4 ヒトゲノムとイネゲノムの連携(A P.57) ヒトゲノムの研究のノウハウが、イネゲノムの研究で生かされている。 例えば、最新型のシーケンサーについては、理化学研究所と農業生物資源研究所が導入機器を相互に評価・情報交換することにより、実際の解析がスムーズに実施。完全長cDNA作成については、理化学研究所で開発された完全長cDNA作成法を活用</p>	

	し、Rice Annotation Project データベースやマイクロアレイ作成にも利用。	
②参加研究者・研究機関への支援方策	○ 研究者・研究機関への支援(A P.11) 研究の効率化・加速化のための研究支援を実施。例えば、遺伝子単離・機能解明及び遺伝子発現解析では、各種の支援を実施。	
③研究者育成（マーカー育種、遺伝子組み換え育種などの研究者育成、若手研究者育成など）	○ 研究者育成(A P.11) 研究者の育成は、研究成果（ノウハウ、技術）の迅速な普及のための技術研修、研究員・講習生の受け入れを実施。 ○ 2. ⑧ 研究者への支援、研究者の育成などについては、具体的にどのような仕組み（組織、予算、取組みなど）で行ったのかを示されたい。（B P.5） (回答) 遺伝子配列の決定や BAC ライブラリーの作成等研究支援の専門技術者集団を組織(年間予算約 30,000 千円)し、各課題担当者からの依頼に対応した。 研究者育成についてはマイクロアレイオープンラボの開設など先端技術の普及に尽力した。	
(5) 農林水産省の推進体制		
①研究開発進捗状況の把握・確認方策	○ イネゲノム機能解析研究の評価(A P.15) 農水省としては事前評価と事後評価を実施。 ○ イネゲノム機能解析研究の評価（実施主体及び農林水産省としての評価）(A P.16) 毎年の進捗状況は実施機関の自己評価で確認。 農林水産省としての評価の評価者は、農林水産技術会議評価専門委員会。 評価の内容は、事前評価の場合は、必要性、効率性、有効性等の観点に基づき、研究の科学的・社会的意義、目標設定、計画等の妥当性等を評価。事後評価では、目標の達成度、実施体制の妥当性等を評価。 【参考3 農林水産省による事後評価結果】	
②進捗状況を踏まえた資源配分等の実施状況	○ 重点化の措置状況と進捗状況をふまえた資源配分等の実施状況(A P.14) 1. 事前評価のフォローアップ評価を受けて、研究課題を重点化。具体的には、「イネゲノムシミュレーター・プロジェクト」では、期間内における開発が困難であると判断し中止。「種間・属間比較研究プロジェクト」では、取り扱う材料が多岐にわたり、	

	<p>研究のステージが異なることから中止、ムギ類遺伝子の単離・機能解析に焦点を絞った「多様性ゲノム解析研究プロジェクト」を新たに開始。</p> <p>2. 「全塩基配列の解明」及び「タンパク質の構造解析利用型」は、研究目標を達成したために終了。</p> <p>3. 研究基盤の整備状況、あるいは遺伝子情報の蓄積状況などに鑑みて、QTLと言われる農業上重要な複雑形質の解明及びゲノム情報を利用した育種への展開を行うため、新たに「QTL遺伝子解析」及び「ゲノム育種技術」研究を開始。</p> <p>4. 毎年度、評価の結果を受けて、小課題レベルの予算額や改廃を含めて措置。</p>	
<p>③研究開発評価の実施状況とその結果の活用状況、特に「プロジェクトの実施過程における評価」に関する実施状況</p>	<p>○ イネゲノム機能解析研究の評価(A P.15) 農水省としては事前評価と事後評価を実施。</p> <p>○ イネゲノム機能解析研究の評価(実施主体及び農林水産省としての評価)(A P.16) 毎年の進捗状況は実施機関の自己評価で確認。 農林水産省としての評価の評価者は、農林水産技術会議評価専門委員会。 評価の内容は、事前評価の場合は、必要性、効率性、有効性等の観点に基づき、研究の科学的・社会的意義、目標設定、計画等の妥当性等を評価。事後評価では、目標の達成度、実施体制の妥当性等を評価。 評価結果の反映は、事前評価は、予算要求の実施、一部内容の見直し。事後評価は、成果を後継プロジェクト等で活用。あるいは、実用品種等の普及、国民に対する成果の普及、浸透への対応について反映。</p>	
<p>2. 研究開発の成果と目標の達成状況、その活用状況</p>		
<p>(1) 個別課題ごとの研究開発成果と目標の達成状況、及びその理由</p>	<p>① イネ・ゲノムリソースセンターの整備(H15-19)(A P.20-21) 成果の例は、研究材料の整備については、イネ完全長cDNA約3万5千クローン、Tos変異体約5万系統、遺伝解析材料10種類を整備。研究材料の提供体制を整備し、マイクロアレイ利用技術の開発を実施。 目標の達成状況は、当初の目標を達成、当初予定以上の成果。その理由は、他のプロジェクト研究やその他の植物ゲノム研究の材料として提供されているため。</p> <p>② イネ・ゲノムの全塩基配列の解明(H15-16)(A P.22-23) 成果例は、イネ・ゲノム上に発現遺伝子地図を完成(6,591マーカー)。平成16年に完全解読を完了、370Mbを99.99%の精度で解読、日本は全体の55%を担当。完全長cDNA情報を組み込んだアノテーションを完成、公開データベースから公開。 達成状況は目標を達成。その理由は、研究目標とした「イネゲノムの全塩基配列の解</p>	<p>課題の③と⑥は、当初計画より早く終了したため、一部は未達成。</p>

読」を達成しているため。

③イネ・ゲノムシミュレータの開発 (H15-16) (A P. 24-25)

成果の例は、1. イネ・ゲノム統合データベースの整備では、完全長cDNAデータベース、マイクロアレイデータベース、プロテオームデータベースをリンクし、統合発現データベースとして公開。2. イネ・ゲノムシミュレータの開発では、イネ葉細胞の基本モデルシステムの構築など。

達成状況は、データベース構築及びソフトウェアの開発は、当初の目標をほぼ達成。理由は、イネゲノム機能解析研究を促進するための各種イネデータベースを構築。

2つ目、シミュレータなどの新しい情報科学的手法の開発については、達成は不十分。その理由は、イネ・ゲノムシミュレータの実現性・実用性が低く、当初予定より早く本プロジェクトを終了したため。

④タンパク質の構造解析利用型 (H15-16) (A P. 26-27)

成果の例は、1. イネで組織特異的、生育時期特異的等のタンパク質を網羅的に解析し、データベースを構築。2. 疎水性タンパク質の構造形成を解析し、構造形成機構のモデルを提案。3. 細胞内局在の予測システム及びイネとアラビドプシスの遺伝子機能予測システムを開発。4. イネのタンパク質を解析し、14個のX線結晶構造、9個のNMR溶液構造を決定。

達成状況は、当初の目標をほぼ達成。理由は、データベースを作成・公開し、さらに新規な解析技術への取り組みも行われたため。

⑤イネ・ゲノムの重要形質関連遺伝子の機能解析 (A P. 28-29)

成果の例は、1. イネの成長を制御するジベレリン受容体を世界で初めて発見。2. 経口ペプチドワクチン米、GABA強化米を開発。3. イネで4種類のC4光合成酵素を高発現させると光合成が促進されることを証明。4. イネの耐病性で重要なOsRac1の遺伝作用機構の解明。5. ケイ酸の吸収を制御する2つの遺伝子の単離・機能を解明するなど成果は多数。

達成状況は、当初の目標を達成、当初想定された以上の成果。理由は、世界最高水準の研究成果が得られ、食料のみならず、環境・エネルギーなど今後の新たな農業の展開の可能性を開く新品種の開発につながる有用な形質に係る遺伝子の単離・機能解明がなされたため。

⑥イネ・ゲノムの種間・属間比較研究 (H15-16) (A P. 30-31)

成果の例は、イネとのシンテニーを利用して、ムギ類で新規マーカーを効率的に開発。アズキで遺伝地図の作成、QTLの同定を実施。果樹、林木で完全長cDNAを解析し、各植物特有の遺伝子を見出した。

達成状況は、未達成。ただし、2年間の研究開発としては予想以上の成果。種間・属

	<p>間比較研究は、計画された課題は緊急を要するものとは考えにくく、当初予定より早い2年で終了したため。</p> <p>⑦多様性ゲノム解析研究 (H17-19) (A P. 32-33) 成果の例は、1. オオムギの二条と六条を支配する条性遺伝子、皮性・裸性を支配する遺伝子の単離に成功。2. 雑種弱性遺伝子を単離。3. オオムギの完全長cDNAの塩基配列解読(25,000クローン)など。 目標の達成状況は、当初の目標を達成。理由は、これまでのイネゲノム研究で得られた知見をオオムギなどイネ科植物にも活用して品種開発につながる遺伝子が単離、ジーンプールの拡大の足がかりになる生殖隔離の機能解明の基礎を築いたため。</p> <p>⑧QTL 遺伝子解析の推進 (H17-19) (A P. 34-35) 成果の例は、1. 研究基盤の整備・提供では、自然変異のカタログ化と実験系統群を整備。2. イネの複雑形質、例えば、低温発芽性等に関与する遺伝子の単離と機能解明などに成功。 達成状況は、当初の目標を達成。予想以上の成果。理由は、研究開始当初は、世界的に植物研究でQTL解析を本格的に行った事例がなく、成果が疑問視する見方もあったが、良食味、環境ストレス耐性、病害虫抵抗性など遺伝子の単離・機能解析が急速に進展。</p> <p>⑨遺伝地図及びミュータントパネル利用型 (H15-19) (A P. 36-37) 成果の例は、1. 遺伝子地図利用技術の開発。2 5個のイネ遺伝子を単離・同定。5万系統を作出により、イネミュータントパネルの整備。ミュータントパネルを利用した40個の遺伝子の単離と機能解明に成功。 達成状況は、当初の目標を達成。予定していた以上の成果。理由は、本研究は独創性が高く、本研究で得られたさまざまな成果は科学的に高い評価を受けるとともに、我が国のイネゲノム研究全体の進展に貢献し、さらには実用的な新品種開発につながるものであったため。</p> <p>⑩組換え体利用型研究 (H15-18) (A P. 38-39) 成果の例は、1. イネ完全長cDNAクローンをイネで過剰発現、約12,000種類のFull-length cDNA Over-expressor (FOX) というイネの系統を作出・解析し、データベースを作成。2. ジーンターゲティング法によるイネの特定遺伝子の改変に成功。 目標の達成状況は、当初の目標を達成。理由は、組換え体を大量作出することによるプロモーターの単離や新たな遺伝子機能解明手法の開発、効率的な遺伝子組換え手法である相同組換えに成功したため。</p> <p>⑪ゲノム育種技術の開発と実証 (H17-19) (A P. 40-41)</p>	
--	--	--

	<p>成果の例は、1. DNAマーカー選抜による遺伝子集積系統を育成。2. イネの遺伝子組換えによる実用的優良系統を育成。</p> <p>達成状況は、当初の目標を達成。当初の予想を上回る進捗状況。理由は、DNAマーカー育種においては実用品種を、従来育種に比べて大幅に育種期間を短縮して開発し、3品種を品種登録。また、良食味を保持しつつ、いもち病ほ場抵抗性を導入した系統等、従来育種では開発が不可能されていた系統を育成。遺伝子組換え技術を利用した品種育成は、血清コレステロール低下機能や血圧調整機能を持つ成分をコメの可食部に蓄積させたイネを作出するなど、計画どおり進捗。モデル系統を超えて品種登録申請にまで達しているものがあり、その他に現在多数のものが育成中など、ゲノム育種技術を開発し、実証したため。</p> <p>⑫DNAマーカーによる効率的な新品種育成システムの開発 (H15-18) (A P. 42-43)</p> <p>成果の例は、1. イネ、ダイズの新規DNAマーカーを多数作出。2. ムギ類、野菜等で実用的なDNAマーカーを開発。3. 新品種育成システムの構築。4. 高精度DNAマーカーの作出。</p> <p>目標の達成状況は、高い達成度で当初の目標を上回る成果が得られた。理由は、イネ、コムギ、ダイズ、ハクサイ、ナシ等で病害抵抗性等の実用的なDNAマーカーを開発し、イネやダイズについては出穂性や病害抵抗性を導入した同質遺伝子系統を育成したため。また、マーカー育種法開発のための新解析法を開発し、各品目でSSRマーカーやSNPsマーカーを開発したため。</p> <p>○ 5 機能性物質生産及びエネルギー原料作物開発について (植物工場などの産業利用) (A P. 58)</p> <p>遺伝子特許等の知的財産の獲得に重点化し、これを活用した医薬・工業原料等の開発については、別途の事業 (平成16年度アグリバイオ実用化・産業化研究) で実施するように整理。</p>	
<p>(2) プロジェクト全体の目標の達成状況とその理由</p>	<p>○ 研究の成果と目標の達成状況 (全体) (A P. 17)</p> <p>1. 平成16年に日本の貢献度55%により3億7,000万塩基の配列を決定。これにより、当初目標を概ね達成。</p> <p>2. ゲノムリソースを整備し、QTL手法などを開発し、遺伝子の機能解明・単離に貢献。当初目標を、概ね達成。</p> <p>3. 農業上重要な約100の有用遺伝子の機能を解明、当初目標を概ね達成。</p> <p>4. イネゲノムデータベースを構築。イネ・ゲノムシミュレーターの開発については、</p>	

	<p>総合科学技術会議の指摘を踏まえ、時期尚早として事業を中止。</p> <p>5. イネ、ムギに重点を置いて、生殖的隔離機構や穂発芽関連遺伝子の単離等を実施、修正した目標を概ね達成。</p>	
<p>(3) プロジェクトの目標に関連した事項以外の成果（研究者の育成、国民的理解の増進、研究体制の整備なども含めて）</p>	<p>○ イネゲノム研究の副次的な効果(A P. 18)</p> <p>研究のオールジャパン体制を構築。その後の農水省のゲノム関係のプロジェクトのひな型になっている。</p> <p>品種判別技術の開発・普及。さまざまな品種の識別が可能になり、偽装表示の予防に役立っている。</p> <p>将来の植物研究を担う人材の育成は重要。例えば、日本学術振興会賞を受賞した植物の7名の研究者のうち、3名が本プロジェクトの関係者。このように、若手研究者の人材育成にも貢献。</p> <p>知的財産の確保については、重要な成果の知財を確保しつつ、国内外に情報を公開。我が国の優位性を確保しつつ、植物科学研究の進展に貢献。</p> <p>支援専門チームを組織し、予算を手当て。適時的確な研究支援により、問題を解決。</p>	
<p>(4) 研究開発成果の行政施策への活用状況、そのために講じた施策及び今後の見通し</p>	<p>○ 研究成果の行政施策への活用状況(A P. 45)</p> <p>遺伝子検査手法が高度化・普遍化し、さまざまな品種が識別可能に。農学分野では意識が低かった、遺伝子特許や手法特許取得等が加速。</p> <p>今後の見通しは、食品表示Gメンなどによる偽装摘発の科学的な根拠に。国民の食への信頼と知る権利の確保に貢献。知財の確保が加速し、農学分野における知財獲得がさらに進展。</p>	
<p>(5) 研究開発成果の研究開発施策への活用状況、そのために講じた施策及び今後の見通し</p>	<p>○ 研究成果の研究開発施策への活用状況(A P. 46)</p> <p>これまではメンデルの法則に基づく個人の経験と勘に頼る作物育種技術を用いていたが、極短期間で確実に作物育種するDNAマーカー育種法へ発展し、手法やダイズやブタ等へ波及。研究リソースの整備と配布等、研究支援部門の重点整備・基盤強化により、これまでにない研究システムを創設。</p> <p>今後の見通しは、DNAマーカー育種法により、さまざまな農業生物で、極短期間で確実に新品種を次々に作出するものと期待。遺伝子単離と基盤技術の整備によりGMO開発研究が加速。研究システムはさまざまな新規プロジェクトで整備し、研究の加速に貢献。</p> <p>○ 6-1 イネゲノム研究は遅れていた植物研究を押し上げたが、実用化へ向けて必要</p>	

	<p>なステップは何であると考えるか【DNA マーカー育種について】(A P.59) 引き続き有用な遺伝子を発見、DNA マーカーを開発、品種育成を実施することが実用化を加速、拡大するために重要。</p> <p>○ 6-2 イネゲノム研究は遅れていた植物研究を押し上げたが、実用化へ向けて必要なステップは何であると考えるか【GMO 育種について】(A P.60) GMOの育種については、研究の重点化と工程管理体制の強化、研究の円滑・迅速な橋渡しシステムの構築、研究体制等の整備が必要。また、国民理解と双方向コミュニケーションの実施も重要。それらについて着実に対応していくことが、実用化に向けて必要。</p> <p>○ 4. ⑤ 研究開発成果の研究開発関連施策への活用に関して、具体的な施策とその概要を示されたい。行政関連施策は具体的に何か。概要を示されたい。 4. ⑥ 上記の②及び④に関連して説明された今後の見通し(P. 45及びP. 46)について、農林水産省として具体的に講じた又は講じる方策は何か示されたい。(B P.8)</p> <p>(回答) ⑤と⑥は関連する質問なので合わせてお答えする。 本プロジェクトにおいて得られた研究開発成果は、平成20年度より開始した「新農業展開ゲノムプロジェクト」の目標である食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献する作物を作出するための重要な材料として活用している。 DNAによる品種識別については、「食品・農産物の表示の信頼性確保と機能性解析のための基盤技術の開発プロジェクト」により平成18年度より実施中で、精度の向上、対象品種の拡大(野菜・果実等の生鮮品のみならず缶詰・ジュース等の加工品も含む)に努め、今後とも国民の食への信頼と知る権利の確保に貢献できるよう進めていく。</p> <p>○ 4. ⑦ 「アグリバイオ実用化・産業化研究」における実施課題ごとの実施機関、予算額等を示されたい。(B P.9)</p> <p>(回答) 別添資料2参照</p>	
(6) 特に、「知的財産家の戦略的な活用等、成果の使われる道筋の明確化」の実施状況	○ 知的財産の戦略的利活用(A P.47) 農林水産省は、知的財産戦略を平成19年3月に策定。この中で、「遺伝子特許の取得と新品種創出や育種改良の促進」を提示。政府の計画へ反映、政府知的財産推進計画	

2007を、平成19年5月に策定。現在、ゲノム科学の新品種育成への応用等により、知財を活用した研究開発を推進。

- 2. ① 「農林水産政策上の位置付けの明確化」に関しては、フォローアップ時に、知的財産権の強化に主眼を置き、得られた特許等については、農産物需要の拡大・生産性の向上等の国内農業振興、食料輸出国に対する競争力向上、途上国への技術支援等の3つの政策手段として活用するとしているが、知的財産の戦略的利活用（P. 47）ではそれが明示されていない。それぞれについての具体的な戦略、例えば、農水省としての特許の許諾の方針等を示されたい。また、特許取得の方針（海外特許までを取得するものとそうでないものとの考え方など）はどのように考えているのか示されたい。（B P.2）

（回答）知的財産推進戦略2007（知的財産戦略本部作成）において、「農林水産分野において知的財産を活用した研究開発を推進する」とされており、具体的には、「戦略的な遺伝子特許の取得による和牛の効果的な育種改良やゲノム科学の新品種育成への応用等により、知財を活用した研究開発の推進」があげられている。

また、日本版バイ・ドール制度の積極的な利用を促進し、「政府資金により得られた研究成果の知財権を政府資金の受領者への帰属を推進する」とされている。

さらに、農林水産知的財産戦略（平成19年3月制定）においても、「遺伝子特許の取得と新品種創出や育種改良の促進」が掲げられており、「品種育成速度を加速できる遺伝子の研究が重要であり、特に有用遺伝子の解明は、新しい付加価値のある生産品開発につながる大きな可能性を有している。これら遺伝子の解明を促進し、特許によって適切に保護した上で活用することによって経済的価値としていくことを戦略的に実施する必要がある」とされている。

農林水産省としては、これらの戦略に即して研究開発の推進を図っているところである。特許の取得及び許諾に関しては、獲得した成果の性格により対処方法は異なるものの、これらの戦略に則して応用性のある成果については、食料輸出国に対する競争力の強化、途上国への技術支援を念頭に海外も含めた知財化及びその活用を、国内農業の抱えている問題解決に資する成果については、国内農業の保護及び振興を念頭に国内特許の取得及びその活用を進める方針である。

また、バイ・ドール制度の積極的な利用を促進することにより、研究者に対し知財獲得のインセンティブを付与するとともに、民間研究機関の研究課題の参画へのインセンティブを付与するよう努めている。

3. 研究開発の成果等による科学技術的・社会経済的・国際的な効果		
(1) 科学技術的な効果		
①「植物生命科学への発展への寄与」の状況及び今後の波及効果の見込み	<p>○ 科学技術的な効果 植物生命科学の発展への寄与(A P.48) 植物生命科学の発展へ寄与。例えば、イネゲノムの高精度塩基配列情報を公開。各種の植物ゲノム研究用リソースを整備・配布。ジーンターゲットング技術等の遺伝子機能解析手法を開発。QTL解析手法を確立するとともに、DNAマーカー情報を公開など。</p> <p>これらにより、ほかの植物種でQTL解析手法等、イネゲノム研究で開発された手法が利用可能に。シロイヌナズナ等解析が進んでいる植物種との比較ゲノム研究に新たな情報を提供。</p>	
②「世界の穀物研究をリード」している状況及び今後の波及効果の見込み	<p>○ 科学技術的な効果 世界の穀物研究をリード(A P.48) 世界の穀物研究をリードしている。例えば、従来なら困難であった遺伝子の単離・機能解明に成功。農業上有用な遺伝子を多数、単離・機能解明。革新的な育種システムを構築。遺伝子組換え手法を開発。ムギ類の有用遺伝子の単離に成功。</p> <p>これらにより、従来の育種法では作出が困難であった新品種が短期間で効率的に誕生。イネ科作物の遺伝子単離・育種が、より迅速・効率的に実施。イネ以外の作物種での品種判別技術の開発・普及に貢献。</p> <p>○ 1 世界、特にアジアとの連携(A P.54) 平成14年に国際コンソーシアムは連携してイネゲノム概要解読を終了。その後、平成16年まで日本は世界各国、特に韓国やブラジルのクローンの解読を引き継ぎ、染色体のゲノム配列を完成。</p> <p>平成16年からは、国際コンソーシアムの構成員が中心となって、イネ機能ゲノムコンソーシアムを設立。会合は主にアジア諸国において開催、イネの機能解明につながるゲノムリソース、情報リソースの現状把握・共有・連携を実施。</p> <p>○ 3. ① 国際的な評価に関して、イネゲノムの塩基配列については同様の時期に解読を実施した中国や多国籍企業よりも高い精度である当該コンソーシアムが決定したものの優位を説明している(農林水産省説明資料のP.55)が、有用遺伝子の単離・解明、マーカー育種などによるイネ新品種(ハイブリドライスなど)の開発などについても、中国等との取り組み状況と比較して示されたい。また、中国における遺伝子組み換えイネの開発と作付けの現状についても比較して示されたい。(B P.6)</p>	

	<p>(回答) 中国におけるイネに関する研究動向として、NAC 型転写因子を過剰発現させることにより乾燥・塩ストレスへの耐性が付与されるという情報を得ている。また、GMO 開発の取り組み状況に関しては、実験室レベルで乾燥耐性を示す GM イネをほ場で栽培し、乾燥耐性の検証を行っているという情報を得ているが、これ以上については、収集できていない。</p>	
<p>③「国際競争下で勝ち抜く研究実施体制の強化ならびに研究の更なる推進」の実施状況</p>	<p>○ 国際競争下で勝ち抜く研究実施体制の強化ならびに研究の更なる推進(A P. 49) オールジャパン体制で研究を実施。研究グループ間で成果を共有。厳格な進行管理を実施。高度な技能を有する支援専門チームを作り、研究の加速に貢献。</p> <p>○ 2 国際的にどのように評価が進められたか(A P. 55) 国際的な評価を受けるための仕組みはない。しかし、基礎・基盤については、ユーザーによる国際的な評価、そして論文による学術的な国際評価を受けている。 例えば、多国籍企業が平成13年に、中国が平成14年に、日本を中心とした国際コンソーシアムに先立ってイネゲノムの塩基配列を決定。しかし、世界の研究者が現在利用している配列は、99.99%の高い精度である当該コンソーシアムが決定したもの。この事実が、世界のユーザーの評価だと考えている。そのほか、個別の学術論文も、高い評価を受けている。</p> <p>○ CGIAR のあり方と当イネゲノム研究との位置づけ(A P. 56) CGIAR のチャレンジプログラム「貧しい人々のための遺伝資源の多様性解明」において、農業生物資源研究所はイネゲノム研究等選択的な研究を推進する Advanced institute として位置付けられ、CGIAR プログラムへの参画が要請された。当該プログラムでは、ミュータントパネルを利用した遺伝子機能解析、マイクロアレイを利用したイネ遺伝子発現解析などを実施。また、バナナの発現遺伝子やゲノムの塩基配列を解析し、耐病性育種の手がかりになる遺伝子領域の同定に貢献。</p>	
<p>(2) 社会経済的な効果</p>		
<p>①「我が国の食料自給率の向上」への貢献の状況及び今後の波及効果の見込み</p>	<p>○ 社会・経済的効果(A P. 50) ここでは、DNA マーカーを利用した新品種の開発の例を提示。 イネで品種登録出願を実施。関東BPH1号、これはトビイロウンカの抵抗性のものだが、この品種はトビイロウンカによる被害の軽減の貢献を期待。例えば、平成17年</p>	

②「新植物産業の創出」の状況及び今後の波及効果の見込み

度のトビイロウンカによる被害額は約50億円超。

「出穂期の早いコシヒカリ」あるいは「出穂の遅いコシヒカリ」のような品種登録を実施。これらの品種は、台風による被害の軽減に寄与を期待。例えば、平成16年度の台風による被害額は約1,000億円。

害虫抵抗性ダイズの例は、ハスモンヨトウ抵抗性系統の育成が期待。平成21年度の品種登録予定。平成16年度虫害発生面積は約5万ヘクタールであり、全作付け面積の3分の1以上が、ハスモンヨトウにより被害。

スイートコムギの開発を実施。マルトースを中心とするオリゴ糖を多く含有、糖度は通常のコムギの2倍以上。スイートコムギを製粉した粉は、パンやケーキなどに独特の風味を加味でき、新たな食品加工素材の可能性。

害虫抵抗性ハクサイの例として、根こぶ病に強度抵抗性を持つ実用品種の育成に成功。平成21年度の品種登録予定。平成3年度の病害発生面積は5,000ヘクタールであり、全作付け面積の6分の1に及ぶ。

- 4. ① 当該研究成果を農業生産現場等での利活用につなげていくためには、公設試験研究機関や民間事業者への成果の移転、普及等が重要であるが、このための具体的な取り組みはどのように行われているのか。この場合、これらの研究機関等においてはゲノム関係の研究を担う体制等は十分であるのか。(B P.7)

(回答) 公設試験研究機関や民間事業者への成果の移転、普及等に関しては、研究分担者としてプロジェクトに参加してもらい情報を共有するとともに、普及に向けて早期から取り組んでいる。またその他技術研修や研究生の受け入れをおこない、技術移転につとめている(資料P.11 参照)。

- 4. ③ 研究開発成果の行政施策への活用に関しては、当該研究開発は我が国が抱える食料・農業の問題に大きく貢献していくことを目指しているのではないか。品種識別や農学分野の知財獲得進展は副次的な効果であって、当初計画で目的・目標とした施策への反映ではないのではないか。我が国の農業生産の生産性の向上や、自給率の向上、さらに、国内農業や食品産業等の国際競争力の向上等の施策に具体的にどのように活用していくのか示されたい。資料のP.63において、食料・農業・農村基本計画と農林水産研究基本計画に触れられているが、これらの内容及び相互の関連などについて具体的に示されたい。(B P.7)

(回答) 食料・農業・農村基本計画及び農林水産研究基本計画については、現在、見

直しのための検討を始めたところである。現行の農林水産研究基本計画において、農林水産研究の重点目標は、「農林水産分野及び関連分野の最近の研究開発動向と食料・農業・農村基本計画、森林・林業基本計画、水産基本計画に示されている農林水産業、食品産業の健全かつ持続的な発展、食の安全・信頼の確保及び農山漁村の進行等に関する農林水産施策の基本的方向並びに技術開発分野に対する政策的要請を踏まえて設定した（Ⅱ 農林水産研究の重点目標 前文）」ものである。即ち、「食料、農業及び農村に関する施策についての基本的な方針」、「目標としての食料自給率」及び「総合的かつ計画的に講ずべき施策」を定めた食料・農業・農村基本計画の技術関連分野における重点目標とそのための施策を定めたものが、農林水産研究基本計画である。

具体的には、食料・農業・農村基本計画において、第3の2の(6)のアに記されているとおり、「ゲノム科学等の先端技術を積極的に取り入れ、生産性の大幅な向上に結びつく革新的な技術や機能性を付与した農産物の開発を進め、国内農業の競争力の強化につなげてゆく」ほか、同基本計画の第3の1の(1)のアの④で「科学的原則に基づいた食品安全行政の推進の観点から、リスク管理措置を検討する上で必要となるモニタリングやリスク低減技術の開発等を強化するため、産学官の連携による調査研究を実施する。」とされているところである。

これを踏まえて、農林水産研究基本計画では、Ⅱの1の(7)の①「ゲノム情報等先端的知見の活用による農林水産生物の開発」とともにⅡの1の(3)の④「農林水産物・食品の信頼確保に資する技術の開発」を、重点目標として進めているところである。

本プロジェクトにおいて、得られた成果については、平成20年度から開始した「新農業展開ゲノムプロジェクト」によって、例えば、乾燥耐性を持つイネなど食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献するための作物開発を行っている他、既に産地偽装防止等「適正な表示を担保するための判別・検知技術の開発」（農林水産研究基本計画Ⅱの1の(3)の④のイ）について、大きな貢献をしているものである。

- 4. ④ 当該研究開発の成果は国内で活用されていて、国内農業生産の生産性向上や食料の安定供給等に貢献しているのか。海外での活用が盛んで、結果として当初の目的と逆の効果になっているということはないのか。（B P.8）

（回答）本プロジェクトで得られた成果を利用して現在実施している「新農業展開ゲノムプロジェクト」において品種育成等を進めており、国内農業生産の生産性向上や食料の安定供給等に貢献する作物開発の礎になっている。

また、リソースについては研究者に活用されることを目的に整備していることから、海外において利用されることは植物ゲノム研究の進展に取って有益であるだけでなく、

	世界の植物ゲノム研究における日本の地位を高めるものであると考える。	
③「農林水産政策上の位置付けの明確化」の実施状況	<p>○ 7 農林水産省におけるゲノム研究の施策上の位置付け(A P.63)</p> <p>食糧自給率が40%にとどまり、さらなる食糧自給率の向上が求められている。軽労化、減農薬などに資する技術開発が期待されている。また、100年間で0.74℃の地球温暖化が予想されており、農産物生産適地が北上する、あるいはコメや果樹の品質劣化などが報告されている。</p> <p>このような背景の中で、本プロジェクトを農政の問題解決のための重要なツールの一つとして位置付けている。</p> <p>なお、農政の方向性は、食料・農業・農村基本計画で提示、研究の方向性については、農林水産研究基本計画で提示。</p> <p>○ 2. ① 「農林水産政策上の位置付けの明確化」に関しては、フォローアップ時に、知的財産権の強化に主眼を置き、得られた特許等については、農産物需要の拡大・生産性の向上等の国内農業振興、食料輸出国に対する競争力向上、途上国への技術支援等の3つの政策手段として活用するとしているが、知的財産の戦略的利活用(P.47)ではそれが明示されていない。それぞれについての具体的な戦略、例えば、農水省としての特許の許諾の方針等を示されたい。また、特許取得の方針(海外特許までを取得するものとそうでないものとの考え方など)はどのように考えているのか示されたい。(B P.2)</p> <p>(回答) 知的財産推進戦略2007(知的財産戦略本部作成)において、「農林水産分野において知的財産を活用した研究開発を推進する」とされており、具体的には、「戦略的な遺伝子特許の取得による和牛の効果的な育種改良やゲノム科学の新品種育成への応用等により、知財を活用した研究開発の推進」があげられている。</p> <p>また、日本版バイ・ドール制度の積極的な利用を促進し、「政府資金により得られた研究成果の知財権を政府資金の受領者への帰属を推進する」とされている。</p> <p>さらに、農林水産知的財産戦略(平成19年3月制定)においても、「遺伝子特許の取得と新品種創出や育種改良の促進」が掲げられており、「品種育成速度を加速できる遺伝子の研究が重要であり、特に有用遺伝子の解明は、新しい付加価値のある生産品開発につながる大きな可能性を有している。これら遺伝子の解明を促進し、特許によって適切に保護した上で活用することによって経済的価値としていくことを戦略的に実施する必要がある」とされている。</p> <p>農林水産省としては、これらの戦略に即して研究開発の推進を図っているところであ</p>	

る。特許の取得及び許諾に関しては、獲得した成果の性格により対処方法は異なるものの、これらの戦略に則して応用性のある成果については、食料輸出国に対する競争力の強化、途上国への技術支援を念頭に海外も含めた知財化及びその活用を、国内農業の抱えている問題解決に資する成果については、国内農業の保護及び振興を念頭に国内特許の取得及びその活用を進める方針である。

また、バイ・ドール制度の積極的な利用を促進することにより、研究者に対し知財獲得のインセンティブを付与するとともに、民間研究機関の研究課題の参画へのインセンティブを付与するよう努めている。

- 4. ⑧ 資料のP. 64において、今後とも研究成果により産業利用を拡大・加速する、と結んでいるが、事前評価でも指摘したように、その道筋が明確になっていないので、農業政策上の位置付けが明確にならない。当該研究開発成果全般について、農林水産省としての研究成果の産業利用を拡大・加速するための道筋・方策を示されたい。
(B P.9)

(回答) 本プロジェクトで得られた成果については、平成20年度より開始した「新農業展開ゲノムプロジェクト」において活用し、多収作物や病虫害抵抗性イネ等新たな作物を作出することとしている。ここで作出された作物は、国内農業の抱えている食料自給率の向上や省力化などの問題解決に役立てるとともに、世界的な食料、環境、エネルギー問題の解決に貢献する。

- 4. ⑨ 農水省説明資料P. 4 目的2の後半に「植物工場などの産業利用につなげる」とあるがこの目的がどのように達成されたのか。具体的にはどのようなことを意味しているのか示されたい。経済産業省がNEDOを通じて行なっている閉鎖系の植物工場における有用物質の生産プロジェクトと重なる内容なのか。(B P.9)

(回答) 本プロジェクトは、遺伝子特許等の知的財産の獲得に重点化し、これを活用した医薬・工業原料等の開発については、別事業(平成16年度アグリバイオ実用化・産業化研究)で実施するように整理された(平成16年6月22日 第32回総合科学技術会議評価専門調査会にて報告)ところである。

- 4. ⑩ P. 41に、血圧調整機能のある遺伝子組換えイネやダイズたんぱく質を蓄積する健康によいイネの開発が成果として上げられているが、これらはニーズと経済的合理性があるのか。例えば、後者についてはダイズを食べればよいのではないか。

	<p>(B P.9)</p> <p>(回答)機能性成分を高めた農作物の研究開発に関しては、近年、国民の健康志向の高まりを受けて、全国の産地では機能性を有した様々な農作物の栽培や商品開発が行われている。これら新食品等の規模は今後さらに拡大の見込みであり、これらを通じ、我が国農業や食品産業の活性化を図ることが重要と考えられる。</p> <p>従来の交配育種では達成困難な、栄養価や成分等の面で画期的な形質を付与した健康増進効果のある機能性を有した農作物(例えば、血圧や中性脂肪の調整に効果のある主食としてのコメ)の開発を目指し、平成20年度より「新農業展開ゲノムプロジェクト」で研究開発を行っている。</p>	
<p>④「遺伝子組み換え作物の問題」への対応状況</p>	<p>○ 6-2 イネゲノム研究は遅れていた植物研究を押し上げたが、実用化へ向けて必要なステップは何であるか【GMO育種について】(A P.60)</p> <p>GMOの育種については、研究の重点化と工程管理体制の強化、研究の円滑・迅速な橋渡しシステムの構築、研究体制等の整備が必要。また、国民理解と双方向コミュニケーションの実施も重要。それらについて着実に対応していくことが、実用化に向けて必要。</p> <p>○ 新たな理解増進活動の概要(H19~)(A P.61)</p> <p>理解増進活動は、平成7年から実施、特に平成19年度からは、大規模コミュニケーション、これは1回当たりの参加者が200~300名程度のものを年に2回、小規模コミュニケーション、これは1回当たりの参加者が数十名のものを年に約30回程度、連携コミュニケーション、これは1回当たりの参加者が数十名のものを年20回程度開催。この3つのアプローチでコミュニケーション活動を実施。</p> <p>○ 遺伝子組換え食品に対する意識の変化(A P.62)</p> <p>遺伝子組換え食品に対する意識の変化の調査結果例によると、少しずつ不安の程度が減少、意識が変化。</p> <p>○ 7 農林水産省におけるゲノム研究の施策上の位置付け(A P.63)</p> <p>食糧自給率が40%にとどまり、さらなる食糧自給率の向上が求められている。軽労化、減農薬などに資する技術開発が期待されている。また、100年間で0.74℃の地球温暖化が予想されており、農産物生産適地が北上する、あるいはコメや果樹の品質劣化などが報告されている。</p>	

このような背景の中で、本プロジェクトを農政の問題解決のための重要なツールの一つとして位置付けている。

なお、農政の方向性は、食料・農業・農村基本計画で提示、研究の方向性については、農林水産研究基本計画で提示。

○ 新たな理解増進活動の概要 (H19～) (A P.61)

理解増進活動は、平成7年から実施、特に平成19年度からは、大規模コミュニケーション、これは1回当たりの参加者が200～300名程度のものを年に2回、小規模コミュニケーション、これは1回当たりの参加者が数十名のものを年に約30回程度、連携コミュニケーション、これは1回当たりの参加者が数十名のものを年20回程度開催。この3つのアプローチでコミュニケーション活動を実施。

○ 2. ⑨ GMOに関する国民的な理解は進んでいないのではないか。GMO問題への対応については、事前評価で指摘したのに取組が平成19年度と遅くなったこともその要因であるのではないか。取組が遅れた理由は何か。(B P.5)

(回答) 平成20年12月のBT戦略推進官民会議で、最重点課題として、特に遺伝子組み換えの有用性や必要性、安全性などをはじめとしたバイオテクノロジー技術に関する国民理解の促進を挙げているが、農林水産省では、これに先立って平成7年度より、シンポジウムの開催、出前講座の開催等、国民理解の増進のための施策を実施しているところである。しかしながら、国民理解の視点からすると、十分なものとは考えておらず、総合科学技術会議や他省庁とも連携し、引き続き国民の理解増進に取り組んでまいりたい。

○ 2. ⑩ 当該研究開発で目指しているイネの各種形質の改良(特に、QTLのような複数形質)や産業利用のためには、マーカー育種ではなく遺伝子組換え技術による育種が必要ではないのか。計画段階からもっと遺伝子組換えの活用や国民的受容等への取り組みをより積極化させるべきではなかったか。

2. ⑪ マーカー育種で実現できる最も重要な改良はどんなものか。それに対する道筋はこの研究開発で見通しを得たのか。一方、GMOを使う必要がある形質もあると思われるが、その具体例とそれに対する取り組み例、さらに想定される実現可能性を示されたい。(B P.5)

(回答) ⑩と⑪は関連する質問なので合わせてお答えする。

	<p>交配育種が可能な形質についてはマーカー育種を推進する。これまで耐冷性、病害抵抗性、病虫害抵抗性等、多数の育種上重要な DNA マーカーを開発するとともに、マーカー育種技術を確立している。GMO については、バイオレメディエーション、機能性成分の付与など、遺伝子組換えでなければ実現できない課題について、平成 24 年度の作出を目指して平成 20 年度より「新農業展開ゲノムプロジェクト」を実施している。</p> <p>国民的受容への取り組みと遺伝子組換えの活用とは並行して行っている。具体的には、平成 7 年度より、シンポジウムの開催、出前講座の開催等、国民理解の増進のための施策を実施している。</p> <p>○ 2. ⑫ GMO 育種について、国民理解と双方向コミュニケーションの実施の具体的な活動概要が説明されているが、大規模コミュニケーション、小規模コミュニケーション、連携コミュニケーションは期待する効果を上げるために適切に設計されていると考えているのか。適切に設計されていると考えられるとすると、その根拠は何か示されたい。(B P.6)</p> <p>(回答) コミュニケーションは、外部有識者等からのコミュニケーションの具体的な進め方に関する提言を頂き、実施している。P. 62 に示すように、徐々にではあるが国民理解も進みつつあると認識している。今後も、外部有識者等からの提言を頂く中、国民理解の増進に向けたコミュニケーション活動に積極的に取り組んで参りたい。</p>	
<p>⑤「機能性物質関連遺伝子及びエネルギー原料植物」への対応状況</p>	<p>○ 機能性物質生産及びエネルギー原料作物開発について(A P.58)</p> <p>遺伝子特許等の知的財産の獲得に重点化、これを活用した医薬・工業原料等の開発については、別途の事業(平成16年度アグリバイオ実用化・産業化研究)で実施するよう整理。</p> <p>なお、当該事業では、実施する研究課題について、実用化を目指す民間企業のみが提案できるものとし、ビジネスの専門家が市場性・実現性の観点から審査し、決定。これは、フォローアップの際、平成16年に報告。</p>	
<p>(3) 国際的な貢献</p>	<p>○ 国際的な意義と効果(A P.51)</p> <p>イネゲノム塩基配列解読国際コンソーシアムを、日本が主導して組織し、研究を実施。日本の貢献度は55%。</p> <p>リソースセンターによるリソースの配布を実施。これは、完全長cDNAの配布数の例。海外からのリクエストは、全体の56%。</p> <p>イネゲノムデータベースの構築は、世界中から利用されるデータベースの構築を实</p>	

	<p>施。データベースのアクセス数は1日当たり約10万件。 このように、世界レベルの高度な基礎・基盤研究の実施と植物研究の発展に貢献。</p>	
<p>①「発展途上国の支援」の状況及び今後の波及効果の見込み</p> <p>②「世界の食料安定供給への寄与」の状況及び今後の波及効果の見込み</p>	<p>○ 国際的な貢献(A P.52) 平成19年度までの成果として、乾燥耐性遺伝子、収量関連遺伝子、病害虫抵抗性遺伝子など多数を単離。 これらの成果は、平成20年度から研究実施中の課題で、農作物の開発を行っております。これにより、耕作不適切地でも耕作が可能になる作物、食料生産量が飛躍的に増加する作物、農薬の使用が大幅に低減された作物などの育種を期待。 必要な知的財産の確保を行いつつ、発展途上国への支援を行い、世界の食料安定供給へ寄与するものと考えている。</p> <p>○ 2. ② P. 52に「知的財産の確保→発展途上国への支援」とあるがなぜ知的財産の確保が途上国への支援になるのか不明わからない。支援目的というのであれば、研究成果を公開のみでだけして知財権確保を行わずせず、自由に使用できるようにして使った方がよいのではないか。(B P.3)</p> <p>(回答) P.52の該当部分は、「研究成果については、必要な知的財産を確保しつつ、途上国へ支援をする」ことを意味している。</p>	