



ナショナルバイオリソースプロジェクトオオムギ

代表機関：岡山大学（分担機関なし）



ナショナルバイオリソースプロジェクト

中核的拠点形成プログラム（オオムギ）令和3年度運営委員会

日時：令和3年12月15（水） 10：00から12：00

実施方法：Zoomによるオンライン会議

資料1_経過報告_事後評価ヒアリング資料

資料2_第4期事業評価結果_オオムギ（抜粋）

資料3_第23回生物遺伝資源委員会資料

資料4_第23回生物遺伝資源委員会（アンケート回答）

資料5_BarleyDBアクセスログ

資料6_BarleyDBゲノムブラウザ

資料7_海外への系統種子配付の手続きについて

資料8_国際コンソシアムからの種子配布について

資料9_NBRPオオムギゲノムリソースの現状

資料10_「今後のライフサイエンス研究支援基盤の在り方について」（NBRP部分抜粋）

参考資料1_第16回ムギ類研究会プログラム分子生物学会ポスター

参考資料2_分子生物学会ポスター

参考資料3_植物生理学会シンポジウムおよび展示（予定）

参考資料4_ジェノムアッセンブリの公開と最新のアッセンブリ技術について

資料1_経過報告_事後評価ヒアリング資料

1.達成状況

1)収集・保存・提供の数値目標と実績について（データ次頁以降）

- ・ 寄託でのリソース収集（4か年度計個体3,464系統, DNA175,872サンプル）
- ・ リソース保存（R2年度個体20,972系統, DNA481,146サンプル）
- ・ リソース提供（4か年度計個体6,161系統, DNA1,258サンプル）
- ・ 利用者数（4か年度計個体76名, DNA6名）

2)リソースの品質管理の体制について

- ・ 分子生物実験に利用可能な系統およびDNAの純度維持
- ・ 系統リソースのゲノム解読
- ・ 変異誘発系統の利用
- ・ 二次補正予算による系統リソース通年栽培保存の実現

3)これまでの評価等に対して行った改善措置

- （1）第3期事後評価：特性情報やゲノム情報の提供、他のリソースとの連携、ドイツIPKとの共同による国際標準となる系統多様性評価法の導入等を実施
- （2）第4期中間評価：海外提供数を増やす工夫：良い論文成果が必要。

(参考)

収集・保存・提供の数値目標と実績

◎個体リソース

		H 2 9 年度		H 3 0 年度		R 1 年度		R2年度	
収集数	目標	484	系統	1, 636	系統	1, 252	系統	100	系統
	実績	484	系統	1, 636	系統	1, 248	系統	96	系統
寄託者数	実績	2 名		1 名		1 名		1 名	
保存数	目標	17, 992	系統	19, 628	系統	20, 880	系統	20, 980	系統
	実績	17, 992	系統	19, 628	系統	20, 876	系統	20, 972	系統
提供数（種子20粒を1系統）	目標	2, 000	系統	2, 000	系統	2, 000	系統	2, 000	系統
	実績	2, 461	系統	1, 530	系統	2, 170	系統	1, 810	系統
利用者数	目標	23 名		25 名		27 名		30 名	
	実績	16 名		23 名		21 名		16 名	

◎DNAリソース

収集数	目標	173, 184	サンプル	1, 536	サンプル	1, 152	サンプル	0	サンプル
	実績	173, 184	サンプル	1, 536	サンプル	1, 152	サンプル	0	サンプル
	実績	1 名		1 名		1 名		0 名	
保存数	目標	478, 458	サンプル	479, 994	サンプル	481, 146	サンプル	481, 146	サンプル
	実績	478, 458	サンプル	479, 994	サンプル	481, 146	サンプル	481, 146	サンプル
提供数	目標	50	サンプル	50	サンプル	50	サンプル	50	サンプル
	実績	274	サンプル	710	サンプル	274	サンプル	110	サンプル
利用者数	目標	5 名		7 名		10 名		10 名	
	実績	1 名		3 名		1 名		1 名	

(参考)

提供先の用途分野・国内外別内訳

課題名：オオムギ高品質バイオリソースの整備

代表機関：国立大学法人岡山大学

リソース名：オオムギ

課題管理者：佐藤和広

H27年度			H28年度			H29年度			H30年度			R01年度			R02年度		
個体リソース（国内）																	
学術	植物育種学	5 名	植物育種学	4 名	作物学	2 名	植物育種学	3 名	オオムギ公的育種	3 名	植物育種学	5 名					
	植物学	2	植物病理学	4	植物病理学	2	作物学	2	植物病理学	3	植物病理学	3					
	植物生理学	2	植物データ科学	3	植物遺伝学	1	植物生理学	2	植物生理学	2	植物分子生物学	2					
	植物分子生物学	2	オオムギ公的育種	2	植物分子生物学	1	植物分子生物学	2	作物学	1	オオムギ公的育種	1					
	オオムギ公的育種	1	食品化学	1	雑草学	1	植物遺伝学	2	植物育種学	1	食品化学	1					
	作物学	1	植物分子生物学	1	植物データ科学	1			植物データ科学	1	植物遺伝学	1					
					穀物化学	1			食品化学	1							
				植物学	1			植物分子生物学	1								
教育・試験			高校教材	1	オオムギ試験栽培	1	オオムギ試験栽培	1									
			公立博物館展示	1													
営利			ビール醸造	1	ビール醸造	1	機能性食品製造			1	民間育種	1					

個体リソース（海外）												
学術	食品化学	1	オオムギ公的育種	3	ゲノム科学	1	植物遺伝学	4	植物遺伝学	2	植物遺伝学	1
	植物育種学	1	食品化学	1	オオムギ公的育種	1	植物育種学	3	植物育種学	1		
	植物遺伝学	1			植物病理学	1	植物ゲノム科学	1	植物ゲノム科学	1		
	植物生理学	1			植物遺伝学	1	植物生理学	1	植物病理学	1		
	植物病理学	1					植物病理学	1	植物分子生物学	1		
	植物分子生物学	1					植物分子生物学	1				
	オオムギ公的育種	1										
営利			オオムギ民間育種	1					ビール醸造	1	ビール醸造	1

DNAリソース（国内のみ）												
学術	植物育種学	1	植物データ科学	1	植物育種学	1	植物生理学	1	植物生理学	1	植物育種学	1
							植物病理学	1				
							植物分子生物学	1				

2. 成果

1)知的財産

毎年度はじめ、第一期以来分譲した全てのユーザーのメールアドレスに対して、前年度までの成果を確認している。（データ次頁以降）

* 国際誌論文数:2017年度:10 2018年度:8 2019年度:9 2020年度:12

2)成果のライフサイエンス分野の進展への寄与

4年度計39報中Science1, Nature3および姉妹紙2など世界的に顕著な成果が含まれている。

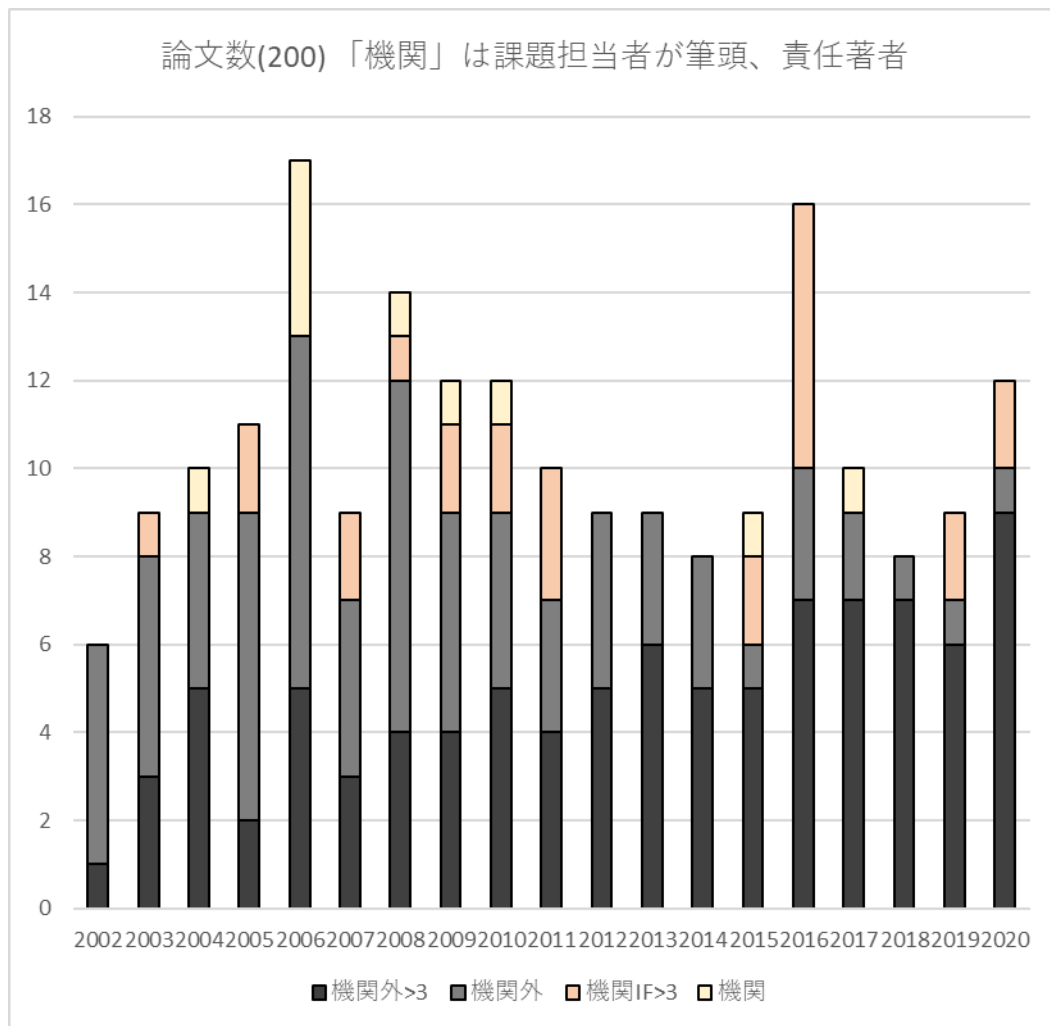
3)成果の社会的ニーズへの対応

- ・国内外の育種事業へのリソース提供
- ・企業へのリソース提供（サッポロビール社、カールスバーグ社等）

4)必要な知的財産の整理

- ・ゲノム編集、形質転換技術の導入
- ・実施機関分の特許取得2件、種苗登録2件

(参考)



2017～2020年度IF 3以上の論文数

Journal	2020 IF	No.
Nature	49.962	3
Science	47.728	1
Nature Genetics	38.330	1
New Phytologist	10.151	1
Cell Reports	9.423	1
Plant Physiology	8.340	2
Plant Journal	6.417	3
Scientific Data	6.444	1
iScience	5.458	1
Frontiers in Plant Science	5.753	5
Frontiers in Microbiology	5.640	1
Plant and Cell Physiology	4.972	4
Appl. Env. Microbiology	4.792	1
DNA Research	4.458	1
Scientific Reports	4.379	2
Plants (Basel)	3.935	1
BMC Plant Biology	4.215	1
Phytochemistry	4.072	1
Nature Food	2020-	1

(参考)

●「オオムギのパンゲノム解析」(Nils Stein・ドイツIPK・教授)

成果概要

2万種類以上のオオムギから、ゲノムの部分配列による遺伝子鑑定で選んだ20品種を、最新の塩基解読法および整列技術で個別に解読し、NBRPで提供している2系統を含むオオムギ系統の染色体レベルのゲノム配列を公開した。

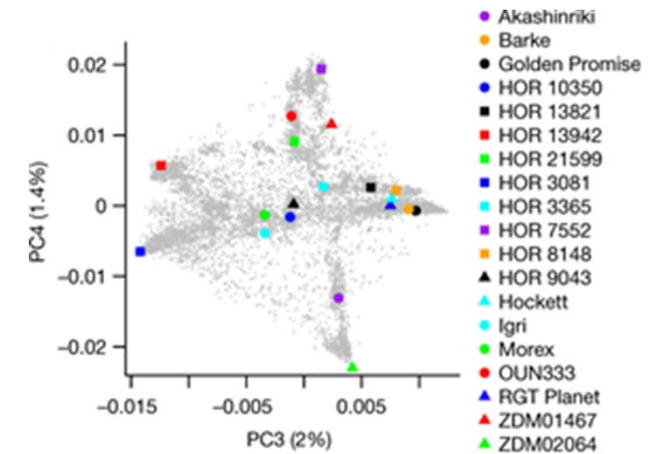
波及効果

オオムギの高精度ゲノム解読にかかるコストと時間が劇的に低下し、世界の主要なオオムギリソースセンターが保存する代表的な系統を解読するプロジェクトが進んでいる。系統間のゲノム比較によって、遺伝子の同定や効率的な育種が可能となる。

掲載論文

Nature, 2020年 588: 284–289.

約2万のオオムギ栽培系統(灰色点)から選抜して高精度ゲノム解析した、19系統の主成分上の分布。



●「オオムギ種子カドミウムの低下する遺伝子の発見」(Jian Feng Ma・岡山大学・教授)

成果概要

オオムギ種子のカドミウム含有率の制御する遺伝子をマップベース法によって同定し、含有率を低くする品種では遺伝子の上流に3300塩基対の転移因子(Sukkula様)が存在していることを明らかにした。

波及効果

カドミウムはイタイイタイ病で知られる有害物質である。我が国の農耕地の土壌はカドミウムの含有率が高く、穀物により人体に吸収される可能性が指摘されている。本遺伝子の導入によって、カドミウムの低下した穀物を栽培すれば、人体に安全な農業生産が可能となる。

掲載論文

Nature Food, 2020年 1: 489–499.

岡山大学の遺伝資源274(SV)系統の収集地域および穀粒カドミウム低下に関与する転写因子(*ProHvHMA3-B*)の有無。

Table 1 | Detection of the Sukkula-like transposable element in the *HvHMA3* promoter region in a worldwide barley collection

Geographical group ^a	n	<i>ProHvHMA3-H</i>	<i>ProHvHMA3-B</i>	Neither
New continent	5	5	0	0
Europe	42	33	9	0
South Europe	17	16	1	0
Turkey	18	16	2	0
North Africa	11	11	0	0
Ethiopia	37	5	31	1
Near East	25	24	0	1
Caucasus	9	9	0	0
Southwest Asia	10	8	0	2
Himalayas	23	22	0	1
China	22	13	0	9
Korea	30	12	0	18
Japan	25	16	0	9
Total	274	190	43	41



3. 実施体制

1)担当別人員体制

課題管理者（教授）、准教授2、技術専門職員1のほかに、NBRPにより非常勤研究員4名および技術補佐員1名を雇用して、リソースの保存を実施した。

2)研究コミュニティとの連携

ムギ類研究会（学会講演、ポスター、WS）、mugi-netメーリングリスト

3)所属機関からの支援

運営費交付金（2017-2020年度5,866 5,820 5,733 5,657千円）が交付され、2名の技術補佐員を雇用し、収集（寄託）、提供事業にあたったほか、貯蔵庫、育成室の電気代、装置の修理費等に充てている。

4)海外類似機関の現状と連携

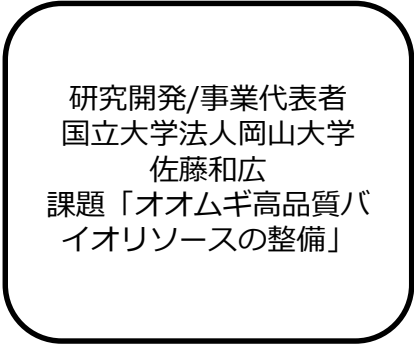
系統：独IPK、米USDA、瑞SLU、国際ICARDA；DNA：仏INRA
NBRP系統コレクションの高い信頼性、学術論文への利用

5)運営委員会メンバー

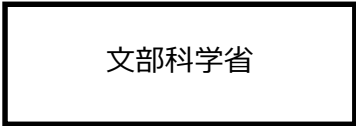
大学6, 国公4, イネ2, コムギ2, ブラキポディウム1, 情報1

(参考)

代表機関（分担なし）



交付申請
----->



佐藤 和広	センター長・教授	補助事業代表者	研究総括、リソースの収集・保存・提供	定員内職員
最相 大輔	准教授	補助事業分担者	リソースの保存	定員内職員
久野 裕	准教授	補助事業分担者	データベース構築・リソースの収集・保存	定員内職員
石井 誠	技術専門職員	補助事業参加者	リソースの収集・保存	定員内職員
山地 奈美	非常勤研究員	補助事業参加者	リソースの保存	N B R P 雇用
宗森 広美	非常勤研究員	補助事業参加者	リソースの保存	N B R P 雇用
濱岡 美香	非常勤研究員	補助事業参加者	リソースの保存	N B R P 雇用
武藤 郁枝	非常勤研究員	補助事業参加者	リソースの保存	N B R P 雇用
三宅美智子	技術補佐員	補助事業参加者	リソースの保存	N B R P 雇用
丸谷 香織	技術補佐員		リソースの収集・提供	運営費交付金雇用
齋藤保奈美	技術補佐員		リソースの収集	運営費交付金雇用

(参考)

運営委員会構成員(R03年度)

佐藤 和広	事業代表者	岡山大学資源植物科学研究所	事業総括
掛田 克行	委員長	三重大学生物資源学研究科	オオムギ研究
土門 英司	委員	農研機構 遺伝資源研究センター	作物遺伝資源
中村 信吾	委員	農研機構 作物研究部門	オオムギ研究
塔野岡卓司	委員	農研機構 作物研究部門	食用オオムギ育種
辻本 壽	委員	鳥取大学乾燥地研究センター	コムギ研究
寺内 良平	委員	京都大学大学院農学研究科	コムギ課題管理者
佐藤 豊	委員	国立遺伝学研究所	イネ課題管理者
川本 祥子	委員	国立遺伝学研究所	情報センター課題管理者
加藤 鎌司	委員	岡山大学環境生命科学研究科	ムギ類研究
山本 敏央	委員	岡山大学資源植物科学研究所	イネ研究
武田 真	委員	岡山大学資源植物科学研究所	オオムギ研究
持田 恵一	委員	理化学研究所	情報科学研究
最相 大輔	事業分担者	岡山大学資源植物科学研究所	クローン保存
久野 裕	事業分担者	岡山大学資源植物科学研究所	系統保存（ゲノム編集）

4. 今後の見通し

1) 終了後の見通し

系統リソースの収集・保存・提供を継続。系統ゲノム解読との協調。

2) 寄託/保存/提供数・利用者数について

量的な変化は望めないが、成果の質の向上は期待できると考えられる。

3) 今後計画している計画等

- ・ 遺伝子組換えおよびゲノム編集技術は導入・確立しているが、現在の事業規模で、NBRPで変異体作成を実施して提供する体制を構築するのは難しい。
- ・ これまで育成した組換え、編集系統については2021年度寄託が済んでおり、保存および提供の体制が整っている。
- ・ 岡山大学においてゲノム編集ノックアウト個体の野外栽培を予定している。
- ・ 主要な系統についての染色体レベルのゲノム配列情報の取得を進める。
- ・ デジタルバイオリソース化の推進のためDivSeekとの連携を考えたい。

課題評価委員会の質問事項への回答

質問 1：歴史的なリソースが多いと思われるが、ABS への対応などはどのようなになっているのか。民間企業からのフィードバックなどはあるか。

回答：現在提供している海外からのオオムギ系統は1993年以前に導入されたものがほとんどであり、その他寄託等によって海外から導入された系統もNBRPのMTAで提供することが了解されているため、生物多様性保全条約および名古屋議定書に関わる手続きは基本的に不要です。

民間企業からのフィードバックはとくにありませんが、醸造産業等に遺伝資源を提供した場合は、特許を共同出願した岡山大学がライセンス料を受領している例があります。

質問 2：岡山大学資源植物科学研究所共共拠点との連携状況と今後の計画

回答：共同利用共同研究拠点は、令和 4 年度からも 6 年間継続予定が内示されています。拠点の内容も植物遺伝資源・植物ストレス科学研究拠点であり、その中での最も重要な遺伝資源はオオムギなので、今後も拠点共同研究にリソースを提供する予定です。

質問3-1：毎年約2000リソースを提供しているのに、発表論文数が毎年10本程度であり、リソース利用を記載している論文は半分以下、課題管理者が共著なのにリソース利用が記載されていない例（Jayakodi et al. 2020 Nature）があるのはどうしてなのか。

質問3-2：論文著者からリソース利用の報告を得たが論文に記載の無いリソースはどのように利用されたのか。例えば、Mascher et al. 2017 Nature 論文にリソース利用の記載無しだが、どのようにリソースを利用したのか。

回答：論文の少ない主たる原因については、リソースの提供数が多いものの、一部のユーザーが数百単位で変異系統のスクリーニングや進化系統樹作成のためのコアコレクション等に使用しており、提供者数が年間20名程度と少ないためと考えています。

回答：リソース利用の記載については書類不備をお詫びします。すべての論文を再確認し、4報は謝辞にNBRP提供と記載のある○（赤色）に追加します。他の論文は謝辞以外に系統名などが書かれており、リソース名と場所を追記しました。

Mascher et al. (2017) についてはコンソシアムのWhite paperに完全長配列を提供することが記されており、遺伝子アノテーションに使用されています。

Jayakodi et al. (2020) については、系統リソースが2万を超えて、個別記載は省略されました。ただし、図表中にはAkashinriki、OUN333とNBRPで提供した解読系統、完全長配列による遺伝子アノテーションが記されています。

赤字は謝辞に正式な NBRP 表記のないリソースの説明

★Jayakodi M, Padmarasu S, Haberer G, Bonthala V S, Gundlach H, Monat C, Lux T, Kamal N, Lang D, Himmelbach A, Ens J, Zhang X Q, Angessa T T, Zhou G., Tan C, Hill C, Wang P, Schreiber M, Boston L B, Plott C, Jenkins J, Guo Y, Fiebig A, Budak H, Xu D, Zhang J, Wang C, Grimwood J, Schmutz J, Guo G, Zhang G, Mochida K, Hirayama T, Sato K, Chalmers K J, Langridge P, Waugh R, Pozniak C J, Scholz U, Mayer K F X, Spannagel M, Li C, Mascher M, Stein N. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. <i>Nature</i> . 2020, 588, 284–289, 10.1038/s41586-020-2947-8 2万種類以上のオオムギから、ゲノムの部分配列による遺伝子鑑定で選んだ20品種を、最新の塩基解読法および整列技術で個別に解読し、世界中のオオムギに含まれるDNA配列の概要を明らかにした。	系統種子 Fig. 1 : ‘Akashinriki’, ‘OUN333’, 遺伝子アノテーション完全長配列 Methods: full-length cDNA sequences (国際コンソシアム IBSC 分担: 末尾‘参考’参照)	参考：国際オオムギシーケンシングコンソシアム White paper(2007)からの日本チーム分担分の引用 WHITE PAPER: THE INTERNATIONAL BARLEY GENOME SEQUENCING CONSORTIUM (IBSC): A COORDINATED STRATEGY FOR SEQUENCE ANALYSIS OF THE BARLEY GENOME (<i>Hordeum vulgare</i>) JAP U Okayama / NIAS (PI: K Sato / T Matsumoto)
★Mascher M, Gundlach H, Himmelbach A, Beier S, Twardziok SO et al., Achromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome, <i>Nature</i> , 2017, 544, 427433, 10.1038/nature22043 2012年の物理地図作成で同定されたBAC87,075クローンの個別解析結果を、Hi-Cおよび光学マップ法などを駆使して、スキヤフォールド数6,347で4.79Gb(～95%)のゲノム配列を同定し、4.54Gbについて染色体上に位置づけた。	遺伝子アノテーション完全長配列 Methods: ‘barley full-length complementary DNA (fl-cDNA) sequences’ (IBSC 分担)	A program aiming at the developing 35000 full length cDNAs (fl-cDNA) is in progress. The data will be integrated into the IBSC project and thereby facilitate full gene annotation in barley and related grass species. Furthermore, 3000 barley genes have been mapped to the barley linkage groups at low resolution in OU. Access to the latter information by the IBSC project is promised. Status: Funded

ナショナルショナルバイオリソース事業 第 4 期課題 事後評価

プログラム名： 中核的拠点整備プログラム

評価課題名（リソース名／課題名）： オオムギ

（ オオムギ高品質バイオリソースの整備 ）

課題管理者名： 佐藤 和広

課題管理者所属機関名（代表機関名）： 岡山大学

所属機関における職名等： 教授

<総合評価>

▼評価結果：

本事業は計画どおりの進捗が認められ、我が国のライフサイエンスの発展に貢献が期待される成果が得られた。

講評

本事業は、全体として計画通りに進捗しており、年度によって変動はあるものの、収集・保存・提供の目標を概ね達成している。成果論文の数は多くはないが、質の高い論文発表にも貢献しており、着実な取組と認められた。特に代表機関はオオムギ研究やリソースの維持に長い歴史を有しており、活動の質の高さや安定性、国内外の育種事業へのリソース提供などの社会ニーズへの対応等は高く評価できる。実施体制は、分担機関はないが海外の研究機関との連携協力を緊密にとり、運営委員会を通じてコミュニティとの連携もあることから適切に運営されている。

今後は、海外リソース機関等との連携協力を通じた国際展開や、分担機関の設置による総活動容量の確保、民間企業との連携などにより、利用者の拡大に向けた取組の実施が期待される。

2021年11月5日

【オオムギ】生物遺伝資源事業 2021年度の活動報告及び今後の活動方針

NBRP 事業名【オオムギ高品質バイオリソースの整備】

代表機関名【岡山大学】 氏名【佐藤和広】

分担機関名 なし

報告者：機関名【岡山大学】 氏名【佐藤和広】

◎リソースの現状・活動報告

1. NBRP 事業について

NBRP リソースの種類、NBRP リソース総数、NBRP リソース提供数

リソース種類	総数	提供数					
	2020 末	H28	H29	H30	2019	2020	2021. 8
系統種子	20, 972	1, 835	2, 461	1, 530	2, 170	1, 810	1, 218
cDNA クローン	5, 000	0	0	1	0	0	0
系統 DNA	3, 346	274	274	709	274	110	0
BAC クローン	472, 800	0	0	0	0	0	0

(系統種子には変異体系統を含む)

2. NBRP 事業以外の国内リソースに関する動向

NBRP 以外の国内リソースの状況：近年の開発や展開の状況、学会での動き等

オオムギのゲノム編集技術の実施例が複数得られており、論文成果として出版された（岡山大学）。現在野外試験栽培に向けて準備を進めているが、それに先立って、オオムギのオルソログで確認された形質を六倍体の栽培コムギでゲノム編集し、同様の形質を得るゲノム編集プロジェクトが農水省で実施されており、その野外試験栽培の届出を終了した（農研機構、岡山大学）。形質転換能力に関わる複数の遺伝子座を導入して他の遺伝子型でも形質転換することが可能となっており、形質転換およびゲノム編集に利用できる複数の実験系統の開発、遺伝子座の同定作業が進んでいる（岡山大学）。

3. 海外リソースに関する動向

海外種子保存提供連携：米国農務省、ドイツ IPK、北欧生物多様性センター、国際乾燥地研究センター（これら機関とはコアコレクションの提供で分担）

DNA リソース提供：BAC クローン フランス INRA

デジタルバイオリソース化：DivSeek (<https://divseekintl.org/>) にドイツ IPK が genebank genomics（系統の部分ゲノム配列解読）で参加している。このような情報を NBRP

オオムギにも付加して、相互にデータを共有することで、系統リソースの国際的な分担提供が可能となると考えられる。

4. 各リソースの小委員会、NBRP 運営委員会で議論された内容、今後の審議予定等

令和 2 年度運営委員会 日時：令和 3 年 1 月 26 日 13:30-15:30、Zoom によるオンライン会議、出席者：課題管理者、委員長（三重大学掛田克行教授）、委員 14 名、P0、文部科学省担当官、AMED 担当主幹、NBRP 広報室長、機関事務担当者

報告事項：2019 年度の事業および成果についての説明があった。さらに、SMTA での種子配付について、パンゲノム解析の予定などについて質問があった。

協議事項：第 4 期プロジェクトの推進と第 5 期プロジェクトについて、特に今後必要なリソースの内容を協議した。P0、担当官、AMED よりコメントがあった。

令和 3 年度運営委員会は令和 4 年 1 月開催予定。

5. その他関連するリソース、情報、DB、方法論などに関する国内外の動き等

5Gb のオオムギゲノムを染色体スケールで解読する手法が確立し、国際コンソシアムでは Pan-Genome 解析によって変異を代表する 20 品種の精密解読ならびにトランスクリプト解析が進められ、NBRP で提供している複数のリソースを含むゲノム配列公開が完了した。次期 Pan-Genome 解析プロジェクトでは、ゲノムの多様性を系統の部分ゲノム配列解読結果に基づいて評価し、優先順位の高い系統から解読を進める予定である。

6. リソースの収集方法(収集の方針、寄託制度の有無、寄託契約内容など)

現在のところ、国内外で開発されたリソースの寄託による収集を中心に実施している。国内からの寄託については理研の雛形に基づいて岡山大学が作成した契約書を利用して実施している。また、これまで岡山大学資源植物科学研究所で育成した形質転換およびゲノム編集系統のうち論文公開された系統の一部は寄託が済み、NBRP で保存し提供する体制が整っている。

◎今後の活動方針

NBRP で保存提供する主要な系統については、染色体レベルのゲノム配列情報が取得できること、さらに、重要なマップ集団については密度の高いゲノムの位置のついたマーカー情報があることが望ましいと考える。

系統リソースについてはゲノム解読に対応できるよう高純度化し、将来的にデジタルバイオリソース化を進めたい。特に、我が国の参加機関として遺伝研が含まれている DivSeek との連携を考えたい。その際に必要となるのはゲノム解読の結果と一致した系統種子を使用することであり、さらに一部の研究者には高純度な DNA が必要となると考えている。

資料4

新型コロナウイルス感染拡大に伴う各機関リソースへの影響に関する アンケートの実施について

標題の件について、下記3点についてご回答いただけますようご協力お願いいたします。なお、ご回答いただいた内容については情報共有を目的とし、生物遺伝資源委員会で紹介させていただきますので、支障のない範囲でご回答くださるようお願い申し上げます。

■機関名（リソース名）：岡山大学（オオムギ）

- （１） 新型コロナウイルス感染拡大に伴い各機関が所有するリソースの管理・運用等に影響が出たまたは出ている場合には、その内容についてご記載願います。

ユーザーからのリソースのリクエストが減少していると感じる。特に海外からのリクエストの減少が顕著である。

- （２） リソースに影響が出ている機関において、その管理・運用方法に何らかの対策を講じている場合や検討している対策の内容についてご記載願います。

職員が全く出勤できない状況は発生しなかったが、（１）種子貯蔵庫、フリーザーの警報発報、（２）フリーザー、育成室のWEBカメラ設置、（３）圃場のライブおよび録画用高解像ビデオモニタリング装置の導入（令和2年度二次補正）、（４）育成材料の年度内再栽培装置の導入（同）によって、最小限のスタッフで管理可能な体制が整っている。

- （３）（２）にて講じた対策等により改善されたこと、また効率化されたことなど事例があればご記載願います。

WEBカメラによる画像モニターによって、オオムギ系統栽培圃場における職員不在時の鳥獣害の内容が判明し、防止のための対策を講じることができた。

【2021年】Barley DB アクセス数



年月 ^	アクセス数 ⇅	利用者数(日別) ⇅	利用者数 (月別) ⇅	平均アクセス数 / 1 日 ⇅	平均利用者数 / 1 日 ⇅
2021/01	14,005	1,005	680	452	32
2021/02	5,165	699	556	184	25
2021/03	3,457	707	535	112	23
2021/04	4,822	659	455	161	22
2021/05	5,393	597	419	174	19
2021/06	3,422	604	449	114	20
2021/07	2,326	691	498	75	22
2021/08	7,731	790	603	249	25
2021/09	4,728	717	561	158	24
2021/10	3,946	734	513	127	24
2021/11	15,136	1,176	805	522	41

- アクセス数: コンテンツの表示回数. 画像や一部プログラムファイル含む
- 利用者数(日別): 利用者のIPアドレスを1日1回とカウントし1ヶ月を積算したもの
- フィンランド、ロシア経由はいずれも機械的アクセス

Barley DB アクセス 国別ランキング

2020年(2020/1～2020/12)

国名	アクセス数	利用者数
Finland	62180	44
Japan	31888	1001
United States	13487	1143
Russia	4156	270
Vietnam	3043	83
Republic of Korea	2208	111
China	1689	244
Germany	1531	173
France	1419	139
Singapore	1393	68
Hong Kong	1370	86
India	1225	285
United Kingdom	1112	221
Indonesia	1059	58
South Korea	661	26
Netherlands	620	98
Turkey	591	55
Iran	562	31
Thailand	533	72
Brazil	526	87

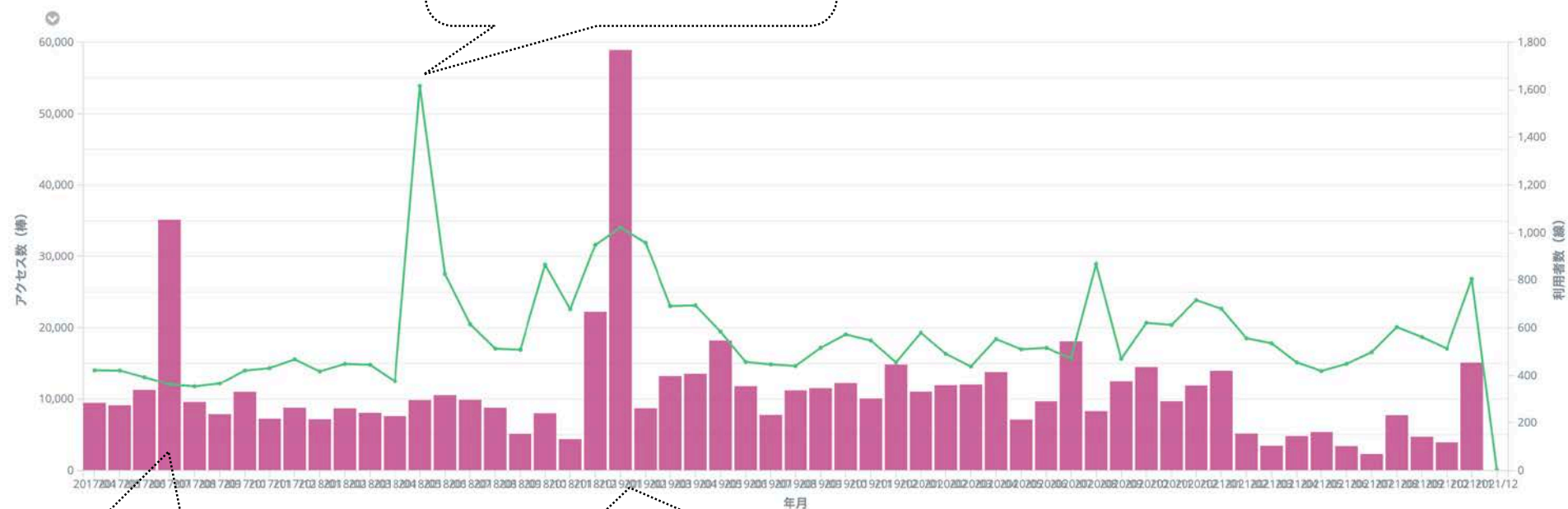
2021年(2021/1～2021/11)

国名	アクセス数	利用者数
Japan	24341	790
Russia	11061	662
Finland	8264	12
China	5971	537
United States	4092	1001
Sweden	1587	32
United Kingdom	1151	217
Poland	1056	66
Germany	1006	134
France	996	70
India	936	270
Italy	676	37
Austria	675	8
Denmark	654	22
Taiwan	547	31
Australia	468	57
Mexico	449	42
Iraq	415	8
Netherlands	400	59
Philippines	378	36

【NBRP第4期】Barley DB アクセス数

アクセス数一棒グラフ
利用者数一折れ線

2018年5月の利用者数増加は、海外からの利用者が増加したもの。
US,UK,ロシア,インド,韓国,トルコ,インドネシア,ドイツ等



2017年7月のアクセス数増加は、岡山大学学内利用の増加等

2019年1月のアクセス数増加は中国経由以降の集計より、同様のアクセスは除外

【NBRP第4期】Barley DB アクセス

国内／海外

国内/海外	アクセス数	利用者数
海外	444810	21082
国内	171302	3788
不明	6554	604

機関別

機関区分	アクセス数	利用者数
その他	516781	20528
外国の研究機関	66090	3904
国立大学	14846	332
民間の研究機関	14220	307
独立行政法人等の公的研究機関	5626	110
公立大学	3535	19
私立大学	1419	65
大学共同利用機関法人	149	15

国別

国名	アクセス数	利用者数
Japan	171302	3788
Finland	101446	87
China	81744	3304
United States	71824	4494
Russia	28007	1577
France	12168	555
Germany	12102	636
United Kingdom	10306	911
Australia	9942	219
Vietnam	8314	330
India	7841	1082
Turkey	7204	289
Singapore	7203	301
Republic of Korea	7063	357
Italy	4762	206
Hong Kong	4538	286
Indonesia	4146	281
Brazil	3808	521
Netherlands	3782	333
Poland	3337	247
Canada	3278	293
Switzerland	2959	102
Sweden	2940	126
Thailand	2812	247
Ukraine	2474	407
Spain	2388	166
Iran	2387	176
South Africa	1930	123
Denmark	1887	72
Taiwan	1799	228

資料6

野生オオムギOUH602のゲノム情報



Download

OUH602 pseudomolecules v1

- 200720_OUH602_pseudomolecules_v1.fasta (1.2 Gb, gz file)
- 200720_OUH602_pseudomolecules_v1_AGP.bed (1.1 Mb, gz file)
- ouh602.release.cds.fa (14 Mb, gz file)
- ouh602.release.gff (4.4 Mb, gz file)
- ouh602.release.protein.fa (8.4 Mb, gz file)



Blast / Blat

Query sequence in FASTA format

Query sequence input area (FASTA format).

File upload

ファイルを選択 選択されていません

*Maximum length is 100kb

Query type

☒ DNA ☐ Protein

Search database

☒ DNA database 200720_OUH602_pseudomolecules_v1(BLAST only) ▼

Search program

☒ Blast Program blastn (DNA v.s. DNA) ▼

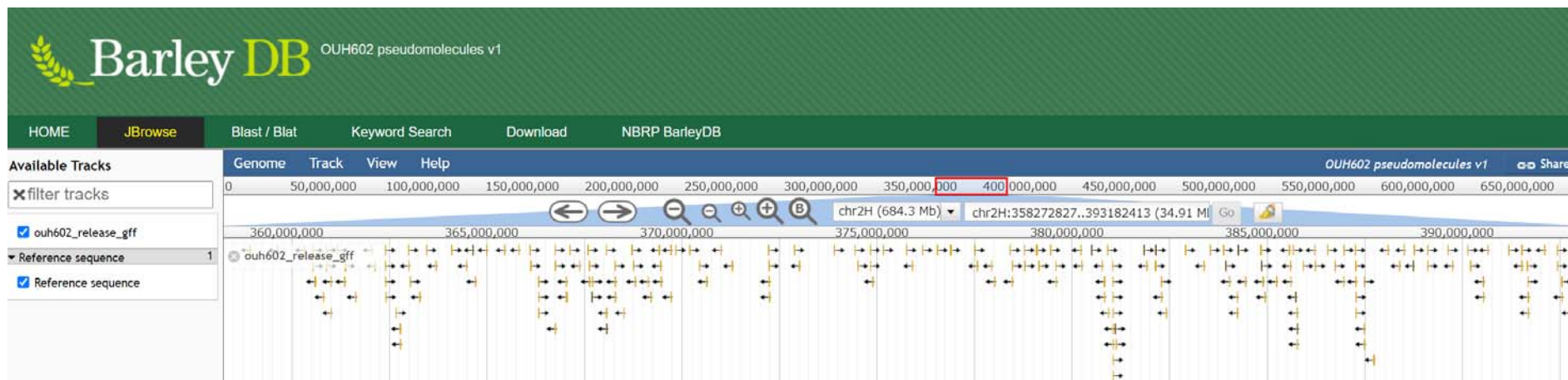
E-value 1e-10 ▼

Filter ☒

☐ Blat

Submit

Reset



はるな二条のゲノム情報とブラウザ(公開準備中)

Barley DB Haruna Nijo pseudomolecules v1

HOME JBrowse Blast / Blat Keyword Search Download NBRP BarleyDB

Available Tracks

✕filter tracks

TrackList1 2

- ☐ Haruna_Nijo_pseudomolecules_v1
- ☒ harunanijo_release_gff

TrackList2 5

- ☒ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.predicted_plastid_protein.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.predicted_protein.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.protein_coding.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.transposable_element.gff3

TrackList3 3

- ☒ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.high.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.high_longest.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.longest.gff3

TrackList4 2

- ☒ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.low.gff3
- ☐ HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.low_longest.gff3

Genome Track View Help

100,000,000 200,000,000 300,000,000 400,000,000 500,000,000

chr1H (528.4 Mb) chr1H:1991001..2090700 (99.7 Kb) Go

2,000,000 2,025,000 2,050,000 2,075,000

harunanijo_release_gff Horvu_HAR_1H01G006000.1 Horvu_HAR_1H01G006100.1 Horvu_HAR_1H01G006200.1 Horvu_HAR_1H01G006300.1

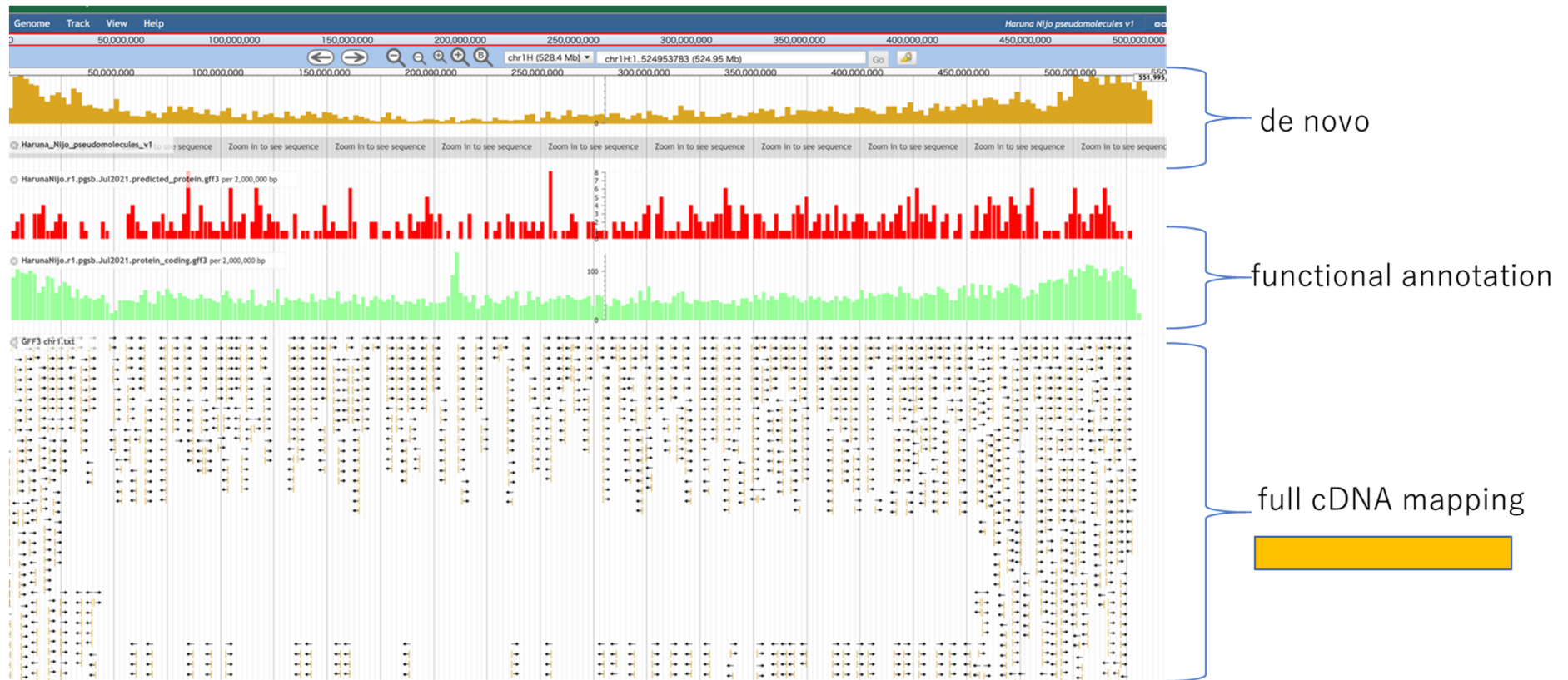
HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.gff3 HarunaNijo.r1.1HG00001120.1 HarunaNijo.r1.1HG00001120.2 HarunaNijo.r1.1HG00001130.1 HarunaNijo.r1.1HG00001130.1 HarunaNijo.r1.1HG00001140.1 HarunaNijo.r1.1HG00001140.1 HarunaNijo.r1.1HG00001160.1 HarunaNijo.r1.1HG00001160.1 HarunaNijo.r1.1HG00001180.1 HarunaNijo.r1.1HG00001180.1

HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.high.gff3 HarunaNijo.r1.1HG00001120.1 HarunaNijo.r1.1HG00001120.2 HarunaNijo.r1.1HG00001130.1 HarunaNijo.r1.1HG00001130.1 HarunaNijo.r1.1HG00001140.1 HarunaNijo.r1.1HG00001140.1 HarunaNijo.r1.1HG00001160.1 HarunaNijo.r1.1HG00001160.1 HarunaNijo.r1.1HG00001180.1 HarunaNijo.r1.1HG00001180.1

HarunaNijo.r1.pgsb.Jul2021.low.gff3 HarunaNijo.r1.1HG00001130.1 HarunaNijo.r1.1HG00001130.1 HarunaNijo.r1.1HG00001140.1 HarunaNijo.r1.1HG00001140.1 HarunaNijo.r1.1HG00001150.1 HarunaNijo.r1.1HG00001150.1 HarunaNijo.r1.1HG00001170.1 HarunaNijo.r1.1HG00001170.1

はるな二条のゲノムブラウザ

full length cDNA mapping : chr1H



海外への系統種子発送の手順 2021.12.15現在

- 1) 海外から系統種子のリクエスト受付(メール)
- 2) MTAのファイル送付、課金額の提示
- 3) サインしたMTAの受領、MTAの決済と岡山大学側のサイン
- 4) 系統種子の準備
- 5) 岡山大学の当該国への輸出手続き申請と承認
- 6) EMS(国際郵便)への送付先情報の登録
- 7) 植物防疫所への連絡と検査日の調整
- 8) 発送用梱包を含む植物防疫所への種子の持ち込みと検査、
植物防疫証明書の発行
- 9) 課金額の請求
- 10) EMSでの発送

カード決済経費内訳(2019年～)

オオムギリソース送付に関わる経費					岡山大学	カード手数料	合計	カード手数料積算根拠
		積算基礎	数量	単価				
発送手数料			1	1,400	2,800	1,496	4,296	1,375+(郵送料×0.055)
リソース手数料								リソース手数料×割増率×0.253
	(1)系統種子	系統	10	520	10,400	2,630	13,030	
	(2)集団種子	系統		210	0	0	0	
	(3)DNAクローン	クローン		2,000	0	0	0	
	(4)DNAフィルター	枚		22,000	0	0	0	
	(5)プレートDNA	プレート		3,700	0	0	0	
手数料割増率			2.0	*				
郵送料			1	2200	2,200			
合計					15,400	4,126	19,526	
郵送料	国内	520						
実費、300gまでは	アジア(第一地帯)	1,400						
右のとおり	米豪中東(第二地帯)	2,000						
	欧(第二地帯)	2,200						
	アフリカ南米(第三地帯)	2,400						
*発送手数料および	国内学術	1.0						
リソース手数料	国内営利	2.0						
に対する割増率	海外学術	1.0						
	海外営利	2.0						



Institute of Plant Science and Resources

Okayama University

Kurashiki 710-0046 Japan

Tel +81-86-434-1244

Fax +81-86-434-1249

Contact email : kzsato@okayama-u.ac.jp

Order and Assurance Form for Barley Materials

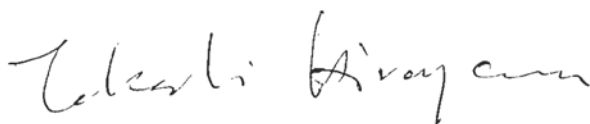
Destination:

Dear **Recipient of Barley Resources**,

We are required to have the Material Transfer Agreement (MTA) with all recipients of seed samples and DNA clones from our project. Before samples can be shipped from Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, the recipient must sign a statement agreeing to adhere to the limitations on the MTA. The recipient's retention of the material constitutes such acceptance. Please sign and return the order and assurance form to Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, 2-20-1 Chuo, Kurashiki, 710-0046, Japan.

Thank you for your cooperation.

Sincerely yours,



Takashi Hirayama, Director

Institute of Plant Science and Resources

Okayama University

Institute of Plant Science and Resources

Okayama University

MATERIAL TRANSFER AGREEMENT

(MTA)

This Material Transfer Agreement sets forth the terms and conditions under which Institute of Plant Science and Resources, Okayama University (hereinafter referred to as the 'INSTITUTE') will provide with the RECIPIENT, and the RECIPIENT will receive, the biological material specified as described in the assurance form and/or its derivatives (hereinafter referred to as the 'MATERIAL') in response to the RECIPIENT's request, and with which the RECIPIENT staff and organization agree before the RECIPIENT receives the MATERIAL:

The RECIPIENT shall inform the INSTITUTE for its written consent on the usage of the MATERIAL for any other purposes than the purpose specified in the assurance form.

The RECIPIENT agrees to expressly describe the acknowledgement of the INSTITUTE with support of National Bio-Resource Project of the MEXT, Japan as the source of the MATERIAL (example: (barley material) was provided by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University with support in part by the National Bio-Resource Project of the MEXT, Japan) in any publication reporting the use thereof and the RECIPIENT shall send a copy of such publication to the INSTITUTE. The INSTITUTE may disclose publicly, copy or otherwise use such publication to promote the contribution by the INSTITUTE.

The RECIPIENT shall bear, if applicable, the cost of shipping, handling, part of production and other expenses necessary for preparation or distribution of the MATERIAL for the RECIPIENT.

The INSTITUTE agrees with the access to the MATERIAL only to those co-workers and students who work for the purpose specified in the assurance form under the direct supervision and responsibility of the RECIPIENT.

The RECIPIENT shall not distribute, resell or otherwise dispose of the MATERIAL and ITS DERIVATIVES to any third party. The disposition hereunder shall include any acts to transfer all or any part of the intellectual property or grant a license thereunder with respect to the MATERIAL.

Nothing in this AGREEMENT shall be interpreted that the INSTITUTE grants the RECIPIENT any rights under any patents or other intellectual property, or licenses thereunder with respect to the MATERIAL.

The RECIPIENT assumes all liability for claims against the RECIPIENT and the INSTITUTE by third parties relating to alleged infringement of any patent, copyright, trademark or other intellectual property rights, which may arise from the use, storage or disposal by the RECIPIENT of the MATERIAL, except for the case that the claim is caused by the gross negligence or willful misconduct of the INSTITUTE.

The RECIPIENT acknowledges that the MATERIAL delivered pursuant to this AGREEMENT may have defective, hazardous or faulty properties and may not necessarily fit for a particular purpose and that the RECIPIENT assumes all liability for any consequences resulting from the use by the RECIPIENT of the MATERIAL.

The RECIPIENT agrees that any handling or other activities undertaken in their laboratory with the MATERIAL and ITS DERIVATIVES shall be conducted in compliance with all applicable laws, regulations and guidelines. The RECIPIENT shall, if necessary, take any steps or procedures to comply with legal requirements for handling of the MATERIAL.

Both parties shall discuss to enable amicable resolution of any accidents during shipment of the MATERIAL.

Where the RECIPIENT is in breach of this AGREEMENT, the INSTITUTE may request the RECIPIENT to cease its subsequent use of the MATERIAL and other resources of the INSTITUTE.

Both parties shall discuss in good faith to enable the amicable resolution of matters, arising in connection with the interpretation or performance hereof as well as the matters which are not expressly set forth in this AGREEMENT.

Any matter or dispute, which cannot be settled through said amicable discussion, shall be subject to the exclusive jurisdiction of Tokyo District Court, Japan. This AGREEMENT shall be governed in accordance with the laws of Japan.

Order and Assurance Form

I request the following Barley Material

Akashinriki(OUJ647)

I accept and sign a statement agreeing to adhere to the limitations on the Institute of Plant Science and Resources, Okayama University MATERIAL TRANSFER AGREEMENT.

Accepted Research Investigator:

Signature:

Printed Name:

Title:

Affiliation:

Department:

Address:

Phone:

Fax:

Email:

Purpose of the study:

Date:

***** Please complete this form and return to *****

Kazuhiro Sato, Professor
Institute of Plant Science and Resources
Okayama University
Kurashiki 710-0046 Japan
Tel +81-86-434-1244 Fax +81-86-434-1249

資料9

NBRPオオムギゲノムリソース

2021.12.15現在

種別	解析品種	配布可否	配列	点数	備考
cDNA端読み(EST)	はるな二条、OUH602、赤神力	廃棄	Barley DB, DDBJ	55,142	科研特定領域で開発
cDNA端読み(EST)	はるな二条	廃棄	Barley DB, DDBJ	20,268	CRESTで開発
完全長cDNA(全長)	はるな二条	配布中	Barley DB, DDBJ	5,006	NBRPで開発
完全長cDNA端読み	はるな二条	未公開	未公開	47,142	NBRPで開発
BAC	はるな二条	配布中		294,912	CRESTで開発
BACプレートプールDNA	はるな二条	配布中		768	NBRPで開発
BACスーパープールDNA	はるな二条	配布中		28	NBRPで開発
BACフィルター(小型)	はるな二条	配布中		96	NBRPで開発
BACフィルター(大型)	はるな二条	配布中		16	NBRPで開発
BAC	Morex	未配布	アセンブリ公開済	294,912	米国より導入
BACフィルター(大型)	Morex	未配布		17	米国より導入
BAC Minimal Tilling Path	Morex	未配布		69,888	IPK,INRAから導入
BAC	H602	配布中	アセンブリ公開済	172,800	H18年度外注開発
SV	コアコレクション		ゲノムDNA	274	H28
Golden Promise Mutant	イオンビーム処理		ゲノムDNA	3,072	H29-R1
染色体スケールアッセンブリ	はるな二条	公開準備中	Short read TRITEX	Sakkour et al. 投稿準備中 Sato et al. 2021	
染色体スケールアッセンブリ	OUH602	公開済み	Short read TRITEX	G3	
染色体スケールアッセンブリ	赤神力	公開済み	Short read TRITEX	Jayakodi et al. 2020 Nature	
染色体スケールアッセンブリ	OUN333	公開済み	Short read TRITEX	Jayakodi et al. 2020 Nature	
染色体スケールアッセンブリ	Morex	公開済み	Short read TRITEX	Mascher et al. 2017 Nature	

完全長cDNAについて

解析品種: はるな二条

農研機構のクローンはデータベースも含めて
次年度以降の維持が困難

実施機関	端読みクローン数	全長解析数	新規配列数
(1)NBRP	47,000	5,006	4,999
(2)農研機構	172,000	24,783	17,773

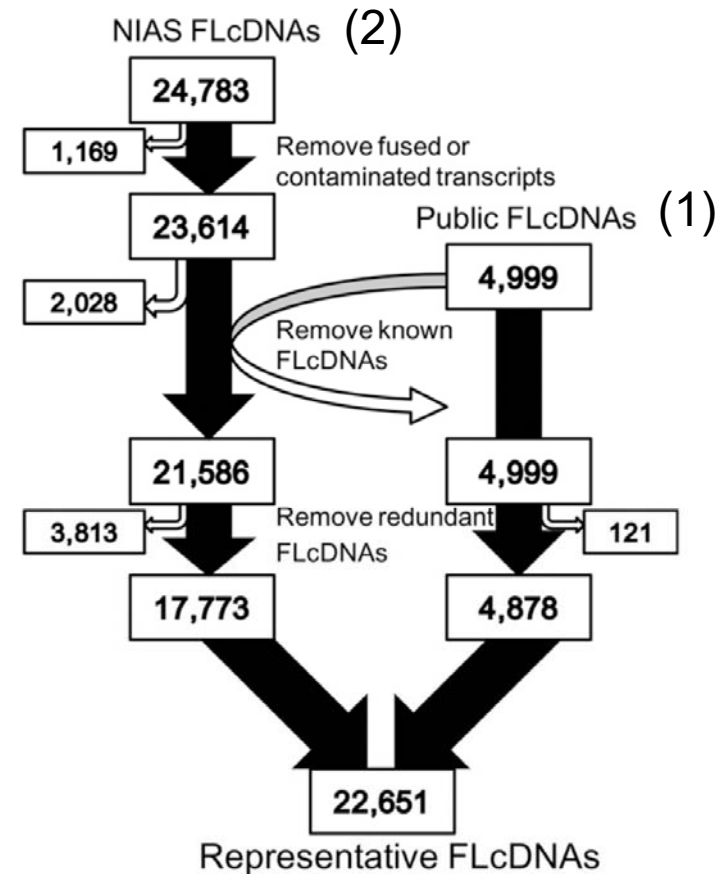


Figure 1. Determination of the representative barley FLcDNAs obtained in this study.

(1) Sato et al. 2009

(2) Matsumoto et al. 2011

今後のライフサイエンス研究支援基盤の在り方について

令和 3 年 6 月 22 日
科学技術・学術審議会
研究計画・評価分科会
ライフサイエンス委員会
基礎・横断研究戦略作業部会

1. はじめに

文部科学省は、これまで大学・研究機関等を中心としたライフサイエンス分野の基礎的な研究開発及びそれらを支える研究支援基盤の充実に取り組んでおり、様々な成果に貢献してきたところだが、本分野の研究の更なる発展のためには、オールジャパンで活用できる研究支援基盤の一層の充実として、①先端研究設備やバイオリソースの整備・共用の加速、②データ駆動型研究・大規模データ解析を支えるデータ基盤の見直し及び人材の育成・活用が求められる。

今般、「創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業（BINDS）」、「老化メカニズムの解明・制御プロジェクト」及び「ナショナルバイオリソースプロジェクト」が令和 3 年度に事業終了年度を迎えることから、近年のライフサイエンス研究のビッグサイエンス化（ハイスループットな機器による膨大なデータの産出と研究単位当たりの高コスト化）、世界的な潮流であるオープンサイエンス化の動きが加速している¹ことなどを踏まえ、各事業のこれまでの成果及び課題を整理し、さらに相互の取組を発展的に融合することで、更なる研究の発展を促進することとする。

¹ 国立研究開発法人科学技術振興機構 研究開発戦略センター [編] (2019)『研究開発の俯瞰報告書 ライフサイエンス・臨床医学分野 (2019 年)』国立研究開発法人科学技術振興機構 研究開発戦略センター

4. ナショナルバイオリソースプロジェクト

(概要)

本事業は、ライフサイエンス研究を支える基盤として、国が戦略的に整備することが重要な実験動植物や微生物等のバイオリソース（以下「リソース」という。）の整備を行う事業である。

リソースの収集・保存・提供を行うとともに、ゲノム情報等の解析や保存技術等の技術開発によるリソースの付加価値や質の向上により、時代の要請に応えたリソースの整備を行っている。また、リソースの所在情報等を提供する情報センター機能について、リソースの中核機関や関連データベースとも連携して強化を図っている。

本事業で整備すべきリソースや、その体制を担う中核的機関等については、AMED において公募を行い、専門家による評価を踏まえて選定した。本事業は、令和 2 年度までが AMED、令和 3 年度からは文部科学省が補助事業として実施している。また、理化学研究所バイオリソース研究センターが整備している 5 種類のリソースについても、他のリソースと同様に AMED において、専門家による評価を受け、実施している。

第 1 期（平成 14-18 年度）、第 2 期（平成 19-23 年度）、第 3 期（平成 24-28 年度）においては、リソースの収集・保存・提供を体系的に行うための体制の確立と、リソースの収集に注力しつつ、付加価値や質の向上を進めてきたところである。

第 4 期（平成 29-令和 3 年度）においては、さらに利便性と有用性に優れたリソースの質の向上と利活用に重点を置き、各生物種の特色を踏まえて、「基幹的なバイオリソース」と「維持を必要とするバイオリソース」の 2 つに分類し、今後の目指すべき方向性を明確化した上で、戦略的に収集・保存・提供を行い、必要とされている品質管理水準の向上等に取り組み、ライフサイエンス研究の基盤として一層の充実を図っている。

(これまでの成果)

本事業は、ライフサイエンス研究の基礎・基盤となる、質の高いリソースを提供することにより、我が国のライフサイエンス研究の発展に大きく貢献した。主な成果は以下のとおりである。

- ・ 本事業により整備された高品質なリソースを利用して得られる研究成果論文は、第 4 期中の年間平均で約 2,600 件が出されており、インパクトファクターが 10 以上の科学雑誌に掲載された研究成果論文も直近の過去 3 年間の年間平均で約 180 件が出版されているなど、研究成果論文は量・質ともに安定した実績を上げている。
- ・ 高品質のリソースを維持管理するための品質管理や保存技術の向上に係る技術開発については、例えば、ショウジョウバエの「系統保存の信頼化を可能にする基盤技術整備」において、長期的かつ安定的に系統を保存する新技術として始原生殖細胞の凍結保存法を実用レベルまで効率化する等、顕著な成果が上がっている。
- ・ リソースの付加価値を高めるための、リソースのゲノム配列等の遺伝情報の整備については、例えば、マウスの「日本産愛玩由来 JF1/Ms 系統の高精細ゲノム情報整備」において、エピジェネティッ

ク研究や疾患遺伝子検索に汎用されている実験用マウスのゲノム情報整備を行ったことで、今後、日本産マウスのゲノム多型情報を基盤とした生命科学研究、特に疾患遺伝子探索に対する大きな貢献となることが期待される。

- ・ COVID-19 拡大の影響を受け、令和 2 年度補正予算により、職員に出勤のリスク等を負わせることなく、貴重なリソースの着実な維持・提供が可能となるよう、特に喫緊の対応を要するリソースについて、自動飼育／成育設備やテレモニタリング（リモートセンシング）環境を構築した。

（課題）

主な課題としては以下が挙げられる。

- ・ ゲノム編集等の技術革新により、全てをモデル生物として整備しなければならない時代ではなくなってきている。このような現状や、ヒト・動物由来細胞株、微生物、遺伝子クローン等の幅広い研究分野で利用されるリソースやマウス、ショウジョウバエ、シロイヌナズナのようにモデル生物として国内外で広く使われているリソースに加え、研究開発の急速な進展や社会ニーズの変化により求められる新規のリソースをどのように加味していくか、そのバランスが重要である。そのためには、利用者数や成果、将来性などの要件の検討が必要となってくる。第 4 期までの利用実績等を踏まえ取捨選択しつつ、新たなリソースの整備という観点も視野に入れた上で、我が国として真に維持すべきリソースを見定める必要がある。一方で、リソースの維持については、一旦途絶えると復元できない、または復元に多大な時間を要するというジレンマがある。
- ・ また、本事業は従来生体の提供を主眼としていたが、近年の利用目的の多様化に対応して付加価値をつけていく必要がある。
- ・ 感染症の蔓延や自然災害等により職員が出勤できないといった事象によって、リソースの安定的な維持・提供が危機に陥らないように対応が必要である。

（対応の方向性）

① リソースの分類について

- 本事業は、これまでリソースそれぞれの特色を生かすために、「基幹的なバイオリソース（分類 1）」と「維持の必要なバイオリソース（分類 2）」の 1 つに分類している。リソースそれぞれの特色を生かすために、今後は次の運用をすることが好ましいと考えられる。
- 分類 1 は世界的規模で活用されるモデル生物等、リソースとしての基幹的地位が確立しており、今後、より戦略的な品揃えの整備、品質確保、マネジメントの高度化などが必要なりソースであることを踏まえ、現状の 5 年間の実施期間をより長期間（例えば、10 年間）とし、期間中に評価を行い必要に応じて計画の見直しを行うことで安定的かつ計画的な事業実施を可能とすることを検討すべきである。
- 分類 2 は、学問的な重要性や我が国の独自性を発揮した研究等他に代えがたい優位性を有し、今後、基幹的なリソースになる可能性を有するもので、より積極的な活用を目指し、リソースの維持のみならず発展性、将来性を考慮した「発展が見込まれるバイオリソ

ース」とすることが考えられる。

② リソースの収集・保存・提供について

- 高品質で付加価値の高いリソースを安定的に維持し提供を可能とするためには、中核拠点によるリソースの収集・保存・提供機能と併せて、リソースの保存技術の開発・ゲノム情報の整備を中核拠点において一体的に進めることを検討するべきである。
- 近年の利用目的の多様化に応じ、生体だけでなく組織やゲノム DNA 等の付加や、加齢や成育環境との関係といった様々な情報と結合したリソースの提供を検討する必要がある。
- また、リソースの種類のみならず、同一のリソースであってもその作製・栽培方法等の違いによって価値が異なる場合には、幅広いリソースの提供を可能とするような柔軟な仕組みを検討し、あわせて新規リソースについてはパイロットプロジェクトで開始することも検討するべきである。
- なお、リソースの選定に当たっては、ゲノム編集技術等の向上等により生体で収集・保存・提供する必要性の低いリソースが出てくることが新たなリソースがモデル生物になる可能性があるため、今後のライフサイエンス研究の動向を踏まえ、拠点で収集・保存・提供することによる研究者のコスト低減の度合い、利用実績や見込み等を考慮し支援するリソースの見直しを適宜行うべきである。その際、例えば老齢個体など、従来のリソース事業では扱っていなかったものの、新たな利用分野（老化研究や疾病研究等）が考えられるものについては、規制等を十分考慮した上で、リソースとして利用可能となるよう検討するべきである。
- 既存リソースの見直しにあたっては、一度途絶えたと同じ条件のリソースは復元できないことから、凍結保存といった長期安定保存も視野に入れたうえで、極めて慎重な検討を行う必要がある。
- さらに、将来の新興・再興感染症等のパンデミックや自然災害等に備え、リソースを安定的に維持し、提供を可能とするように、今後は全てのリソースに係る設備・機器について、管理運用の遠隔化や自動化を推進するための整備を行うべきである。