

# 事業

---

# 1. 遺伝資源の増殖・保存

注：・集計期間：平成 25 年 12 月 1 日～平成 26 年 11 月 30 日

・JP 番号：遺伝資源の各アクセスに与えられた固有の ID 番号

・保存番号：遺伝資源の保存を管理するために与えられた ID 番号

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

・アクティブ：配布対象としている遺伝資源

## (1) 植物遺伝資源

【JP 番号による遺伝資源の保存状況】

区分	保存区分		保存形態		
	総保存点数	アクティブ	種子	栄養体	培養系等
稲類	39,589	29,433	39,598	0	0
麦類	58,887	35,238	58,830	57	0
豆類	21,091	15,968	21,091	0	0
いも類	5,468	2,548	429	5,039	0
雑穀・特用作物	16,898	9,840	14,393	2,504	108
牧草・飼料作物	31,106	14,934	28,232	2,933	0
果樹類	8,407	3,623	151	8,278	162
野菜類	25,979	12,710	24,828	1,151	0
花き・緑化植物類	3,760	453	98	3,663	0
茶	6,623	1,478	285	6,338	0
桑	1,376	280	0	638	1,101
熱帯・亜熱帯作物	224	17	38	186	0
その他の植物	2,837	776	1,796	1,040	10
合計	222,245	127,298	189,769	31,827	1,381

【保存番号による保存場所別保存状況】

保存場所	総数	保存形態		
		種子	栄養体	培養系等
センターバンク	146,790	145,594	0	1,196
中央農研	159	159	0	0
作物研	4,369	2,775	1,594	0
生物研	23,873	22,817	862	194
畜草研	4,003	3,807	196	0
果樹研	7,804	123	7,681	0
野茶研	16,703	11,122	5,581	0
花き研	2,034	1	2,033	0
北農研	8,537	5,214	3,323	0
東北農研	2,692	2,147	545	0
近中四農研	2,312	2,180	132	0
九州沖縄農研	16,402	10,851	5,551	0
JIRCAS	1,580	771	809	0
種苗管理センター	11,160	0	11,160	0
NLBC	420	0	420	0
その他	4,038	2,394	1,644	0
合計	252,876	209,955	41,531	1,390

(2) 微生物遺伝資源

微生物種類	H25 実績	H26 計画株数			保存		計	アクティブ率
	保存株数	新規保存	センター移管	アクティブ	非アクティブ			
細菌	10,721	243	136	8,172	2,792	10,964	74.5%	
放線菌	318	0	0	159	159	318	50.0%	
動物マイコプラズマ	197	5	0	115	87	202	56.9%	
ファイトプラズマ	19	0	0	0	19	19	0.0%	
リケッチア	7	0	0	3	4	7	42.9%	
酵母	739	1	1	335	405	740	45.3%	
糸状菌	17,105	552	260	14,987	2,670	17,657	84.9%	
昆虫・動物ウイルス	752	31	0	429	354	783	54.8%	
植物ウイルス	311	47	20	318	40	358	88.8%	
バクテリアファージ	104	3	3	107	0	107	100.0%	
ウイロイド	15	0	0	15	0	15	100.0%	
原虫	62	2	0	18	46	64	28.1%	
線虫	150	1	0	151	0	151	100.0%	
細胞融合微生物	10	0	0	5	5	10	50.0%	
細胞性粘菌	5	0	0	5	0	5	100.0%	
合計	30,515	885	420	24,819	6,581	31,400	79.0%	

885 増  
(対 H25 実績)

事業

89

微生物種類	H26 実績株数			保存			アクティブ率	達成率	
	新規保存	センター移管	登録抹消	アクティブ	非アクティブ	計		センター移管	保存
細菌	275	166	289	7,952	2,755	10,707	74.3%	122.1%	97.7%
放線菌	26	0	0	185	159	344	53.8%	—	108.2%
動物マイコプラズマ	5	0	0	115	87	202	56.9%	—	100.0%
ファイトプラズマ	0	0	0	0	19	19	0.0%	—	100.0%
リケッチア	0	0	0	3	4	7	42.9%	—	100.0%
酵母	124	3	0	458	405	863	53.1%	300.0%	116.6%
糸状菌	1,006	426	17	15,425	2,669	18,094	85.2%	163.8%	102.5%
昆虫・動物ウイルス	31	0	0	429	354	783	54.8%	—	100.0%
植物ウイルス	51	27	2	320	40	360	88.9%	135.0%	100.6%
バクテリアファージ	4	4	23	85	0	85	100.0%	133.3%	79.4%
ウイロイド	2	1	0	17	0	17	100.0%	—	113.3%
原虫	2	0	0	18	46	64	28.1%	—	100.0%
線虫	1	0	8	143	0	143	100.0%	—	94.7%
細胞融合微生物	0	0	0	10	0	10	100.0%	—	100.0%
細胞性粘菌	0	0	1	4	0	4	100.0%	—	80.0%
合計	1,527	627	340	25,164	6,538	31,702	79.4%	149.3%	101.0%

1,187 増  
(新規保存－登録抹消)

1,187 増  
(対 H25 実績)

### (3) 動物遺伝資源

動物種類	H25 保存実績	H26 計画点数				計	アクティブ率
		新規保存	保存		計		
			アクティブ	非アクティブ			
ウシ	462	1	323	140	463	69.8%	
スイギュウ	1	0	1	0	1	100.0%	
ウマ	34	1	35	0	35	100.0%	
ヒツジ	44	1	44	1	45	97.8%	
ヤギ	58	0	58	0	58	100.0%	
ブタ	236	0	219	17	236	92.8%	
ウサギ	110	0	110	0	110	100.0%	
家禽	90	0	69	21	90	76.7%	
ミツバチ	2	0	0	2	2	0.0%	
カイコ	742	12	643	111	754	85.3%	
昆虫培養細胞	113	0	28	85	113	24.8%	
天敵昆虫	4	0	2	2	4	50.0%	
天敵餌用昆虫	2	0	0	2	2	0.0%	
検定用昆虫	10	0	5	5	10	50.0%	
合計	1,908	15	1,537	386	1,923	79.9%	

事業

90

動物種類	H26 実績点数				計	アクティブ率	保存 達成率
	新規 保存	登録 抹消	保存				
			アクティブ	非アクティブ			
ウシ	5	8	323	136	459	70.4%	99.1%
スイギュウ	0	0	1	0	1	100.0%	100.0%
ウマ	2	0	36	0	36	100.0%	102.9%
ヒツジ	2	0	45	1	46	97.8%	102.2%
ヤギ	0	1	57	0	57	100.0%	98.3%
ブタ	0	0	219	17	236	92.8%	100.0%
ウサギ	0	0	110	0	110	100.0%	100.0%
家禽	0	0	69	21	90	76.7%	100.0%
ミツバチ	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
カイコ	12	5	638	111	749	85.2%	99.3%
昆虫培養細胞	0	0	28	85	113	24.8%	100.0%
天敵昆虫	0	0	2	2	4	50.0%	100.0%
天敵餌用昆虫	0	0	0	2	2	0.0%	100.0%
検定用昆虫	0	0	6	4	10	60.0%	100.0%
合計	21	14	1,534	381	1,915	80.1%	99.6%

7 増  
(対 H25 実績)

(4) DNA の受入・保存

【植物 (イネ等) DNA の受入・保存】

区分	アクティブレクシオン				非アクティブレクシオン				配布用DNA (プラスミド)						
	前年度		H26 保存数の増減		前年度		H26 保存数の増減		前年度		H26 保存数の増減				
	未現在	収集	受入	移管	廃棄	H26 未現在	未現在	受入	廃棄	H26 未現在	未現在	増殖	配布	廃棄	H26 未現在
cDNA クローン	274,445	0	0	0	48,582	225,863	0	0	0	0	0	275	275	0	0
RFLP マーカー	1,713	0	0	0	1,713	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFLP マーカーセット*1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YAC クローン	7,606	0	0	0	7,606	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
YAC フィルター*2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PAC&BAC クローン	3,927	0	0	0	0	3,927	172,800	0	0	172,800	0	0	0	0	0
クローン数 計	287,691	0	0	0	57,901	229,790	172,800	0	0	172,800	0	0	0	0	0
セット数 計	2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

\*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 7,606 クローン／1 フィルター (11 年度までは 6,952 クローン／5 フィルター／1 セット)

【昆虫 (カイコ等) DNA の受入・保存】

区分	アクティブレクシオン				非アクティブレクシオン				配布用DNA (プラスミド)						
	前年度		H26 保存数の増減		前年度		H26 保存数の増減		前年度		H26 保存数の増減				
	未現在	収集	受入	移管	廃棄	H26 未現在	未現在	受入	廃棄	H26 未現在	未現在	増殖	配布	廃棄	H26 未現在
cDNA クローン	21,979	0	262,105	0	0	284,084	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	262,105	0	0	328,244	0	0	0	0	0	0	0	0	0

\*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、1,078 枚のプレートから成っている。

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

【家畜（ブタおよびウシ等）DNA の受入・保存】

区分	アクティブレクション				非アクティブレクション				配布用DNA（プラスミド）							
	前年度		H26 保存数の増減		前年度		H26 保存数の増減		前年度		H26 保存数の増減					
	未現在	収集	受入	移管	廃棄	H26 未現在	未現在	受入	廃棄	H26 未現在	未現在	増殖	配布	廃棄	H26 未現在	
cDNA クローン	10,147	0	0	0	0	10,147	12,864	0	0	12,864	0	0	0	0	0	0
コスミドクローン	0	0	0	0	0	0	1,800	0	0	1,800	0	0	0	0	0	0
BAC クローン <sup>*1</sup>	153,488	0	0	0	0	153,488	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
// (Super Pool)	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
// (4D Super Pool)	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
クローン数 計	163,635	0	0	0	0	163,635	14,664	0	0	14,664	0	0	0	0	0	0
セット数 計	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

\*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、1,078 枚のプレートから成っている。

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

## 2. 遺伝資源の配布実績

注：集計期間：平成 26 年 4 月 1 日～平成 27 年 3 月 31 日

### (1) 植物遺伝資源

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	35	921	11	204	23	797	28	336	6	117	103	2,375
											(0)	(0)
麦類	44	893	6	102	32	811	20	94	4	7	106	1,907
	8	2,031	1	2	15	325	14	166	4	76	42	2,600
豆類	17	2,286			11	301	4	19	2	474	34	3,080
	22	277	3	11	31	635	15	70	4	92	75	1,085
いも類	11	462	3	7	21	735	6	11	4	353	45	1,568
					4	14	1	1			5	15
雑穀・ 特用作物	5	33	2	5	2	3	1	5			10	46
	8	84			7	42	14	62	1	40	30	228
牧草・ 飼料作物	7	48	4	11	2	11	5	21	1	10	19	101
	10	226			7	36	7	34	1	108	25	404
果樹類	8	52	2	3	5	90	6	9	3	9	24	163
			4	79	3	13	16	58	1	9	24	159
野菜類	1	1	4	7			14	56			19	64
	8	23	3	3	14	283	29	255	4	186	58	750
花き・ 緑化植物	15	144	8	21	6	42	15	68	8	636	52	911
											0	0
茶					1	1			2	11	3	12
	1	1	1	2							2	3
桑							1	3			1	3
			1	2							1	2
熱帯・ 亜熱帯植物											0	0
					1	1					1	1
未定義											0	0
							1	5			1	5
合計	92	3,563	23	301	104	2,145	125	985	21	628	365	7,622
	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)	(0)
	108	3,919	30	158	81	1,995	72	288	24	1,500	315	7,860

種類	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		外国		合計	
	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数	件数	セット数
コアコレク ション	6	9	2	3	15	18	1	1	2	2	26	33
	11	12	1	1	16	22			2	2	30	37

※1 ( ) 内の数字は少量配布 (内数)

※2 下段は前年度実績

## (2) 微生物遺伝資源

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
細胞性粘菌	1	4									1	4
											0	0
細菌	17	88	4	6	25	231	24	73	2	6	72	404
	9	60	5	10	33	580	23	89	3	39	73	778
糸状菌	35	442	21	50	54	143	61	316	6	33	177	984
	43	529	20	65	47	162	68	233	7	24	185	1,013
植物ウイルス	5	45	1	1	6	19	8	23			20	88
	3	12	3	3	5	9	4	4			15	28
動物ウイルス											0	0
											0	0
原線虫					8	14	3	14			11	28
					2	2					2	2
放線菌	1	4					1	2			2	6
			1	2	2	17	3	5			6	24
酵母			1	4	1	1					2	5
	1	4							1	5	2	9
バクテリオファージ											0	0
							1	24			1	24
ウイロイド							1	1			1	1
			1	2							1	2
ファイトプラズマ											0	0
											0	0
合計	59	583	27	61	94	408	98	429	8	39	286	1,520
	56	605	30	82	89	770	99	355	11	68	285	1,880

※ 下段は前年度実績



## (3) 動物遺伝資源

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	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
馬（血液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
馬（生体）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
馬（凍結精液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ブタ（凍結精液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ブタ（毛根）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ブタ（生体）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ヤギ（凍結精液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ヤギ（毛根）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ウサギ（血液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ウズラ（生体）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ウズラ（種卵）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ニワトリ（血液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ニワトリ（種卵）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ニワトリ（凍結精液）	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
天敵昆虫	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
検定用昆虫	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
昆虫培養細胞	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
蚕種	8	170	18	18	6	14	14	35	0	0	46	237
	9	432	15	16	5	17	12	41	0	0	41	506
合計	8	170	18	18	6	14	14	35	0	0	46	237
	9	432	15	16	5	17	12	41	0	0	41	506

※ 下段は前年度実績

(4) DNA 等

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
<b>【イネ】</b>												
完全長 cDNA クローン (チューブ)	11	33	0	0	20	50	1	1	72	299	104	383
	22	44	0	0	21	84	4	5	56	207	103	340
PAC/BAC クローン (チューブ)	0	0	0	0	3	9	1	1	2	2	6	12
	0	0	0	0	3	4	0	0	3	4	6	8
cDNA クローン (チューブ)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFLP マーカー (チューブ)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RFLP マーカー (プレート)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
計	11	33	0	0	23	59	2	2	74	301	110	395
	22	44	0	0	24	88	4	5	59	211	109	348
<b>【オオムギ】</b>												
完全長 cDNA クローン (チューブ)					2	8					2	8
計	0	0	0	0	2	8	0	0	0	0	2	8
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<b>【ブタ】</b>												
cDNA クローン (チューブ)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
完全長 cDNA クローン (チューブ)	0	0	0	0	1	2	0	0	1	4	2	6
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BAC クローン (チューブ)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BAC クローン (スーパープール)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BAC クローン (4D プール)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
計	0	0	0	0	1	2	0	0	1	4	2	6
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
合計	11	33	0	0	26	69	2	2	75	305	114	409
	22	44	0	0	24	88	4	5	59	211	109	348

※ 下段は前年度実績

(5) 原蚕種並びに桑の接穂及び苗木配布実績

区分	国・独法機関		都道府県		大学		民間等		計	
	件数	蛾	件数	蛾	件数	蛾	件数	蛾	件数	蛾
原蚕種	1	190	0	0	0	0	0	0	1	190
交雑原蚕種	1	60	0	0	0	0	1	5	2	65
交雑蚕品種	2	380	1	23	1	6	3	3	7	412
蚕 計	4	630	1	23	1	6	4	8	10	667

桑	件数	本	件数	本	件数	本	件数	本	件数	本
桑 計	0	0	2	30	0	0	6	1,310	8	1,340

(注) 配布単位は蚕が蛾、桑は本

## 3. 放射線育種場における依頼照射一覧

依頼者名	作物名	照射形状	照射方法	一般件数
<b>【独法試験研究機関】</b>				
(独) 生物研	オオムギ	植物体	緩照射	2
(独) 農研機構 作物研	エゴマ	種子	急照射	3
(独) 農研機構 作物研	サツマイモ	種子	急照射	8
(独) 農研機構 野菜研	イネ	花粉	急照射	5
(独) 農環研	トマト	種籾	急照射	1
(独) 農研機構 北陸研	水稲	種子	急照射	3
小計				22
<b>【公立試験研究機関】</b>				
宮崎県総合農業試験場	ウンシュウミカン、キンカン	穂木	急照射	2
島根県農業技術センター	宿根ソバ	植物体	緩照射	1
鳥取県農業試験場	水稲	穂木	急照射	1
岐阜県立岐阜農林高校	ミニバラ	植物体	急照射	3
神奈川県農業技術センター	日本ナシ	穂木	急照射	1
小計				8
<b>【大学法人等】</b>				
東京大学大学院農学生命科学研究科	イネ、大豆、キク、ソバ、水稲	種子	急照射	16
〃	ユリ	花粉	急照射	3
〃	微細藻類	培養体	急照射	7
〃	イネ、ゴボウ	植物体	緩照射	10
〃	日本ナシ	枝	急照射	5
〃	ユリ	小球根	急照射	3
帯広畜産大学	コムギ	種子	急照射	5
新潟大学農学部	ユリ	花粉	急照射	1
香川大学農学部	イネ	種子	急照射	1
岩手大学農学部	ソルガム	種子	急照射	4
小計				55
<b>【民間・個人】</b>				
民間企業	キク	穂木	急照射	6
個人	ナガミノアマナズナ	種子	急照射	1
民間団体	カイコ	蛹	急照射	3
民間企業	シソ	植物体	緩照射	2
民間団体	ツクリタケ	培養体	急照射	6
民間企業	長芋	食用作物球根類	急照射	1
民間企業	高性イベリス	種子	急照射	1
民間企業	ヘリプテラム他	鉢植え物	急照射	7
個人	サクラ	成木	急照射	3
個人	カボチャ	種子	急照射	1
民間企業	イネ	種子	急照射	9
小計				40
合計				125

## 4. オープンラボ利用実績

### (1) マイクロアレイ解析室

利用者	件数
生物研内	25
研究所外	12
小計	37

### (2) 昆虫機能解析関連

依頼者名	件数
【遺伝子クローニング】	
生物研内	15
研究所外	9
小計	24

【マイクロアレイ】 マイクロアレイ解析室に統合

【遺伝子組換えカイコの作成】	
生物研内	5
研究所外	16
小計	21

合計	82
----	----

## 5. 生物研が公開しているホームページと主な知的基盤データベース一覧

ホームページ又はデータベース名	アクセス数 (H26年4月～ H27年3月)	担当 ユニット等	データベース等の内容
<b>【ホームページ】</b>			
農業生物資源研究所ウェブサイト	13,955,004	広報室	農業生物資源研究所（生物研）の公式ホームページです。内容は生物研の最新情報、研究分野ごとの研究概要、プロジェクト研究概要、公開データベース情報、知的所有権情報、公募・募集のお知らせ、プレスリリース、情報公開、生物研 Q&A、問い合わせ窓口一覧等です。
<b>【データベース等】</b>			
< 遺伝資源 >（マーカー情報、日本植物病名データベース、及び旧・蚕昆研のコンテンツのアクセス数は、農業生物資源ジーンバンクウェブサイトのアクセス数の内数です。）			
農業生物資源ジーンバンク (以下、3件は内数)	7,455,719	遺伝資源センター	農業生物資源ジーンバンクの概要紹介及び、保存している植物、微生物、動物遺伝資源を試験研究または教育用に利用していただくため、遺伝資源の来歴や特性を提供するサイトです。
- アズキ・ケルアズキの SSR マーカー情報	13,536	遺伝資源センター	アズキおよびケツルアズキの連鎖地図作成に用いた SSR マーカーのリストです。
- 日本植物病名データベース	1,662,449	遺伝資源センター	日本植物病理学会編集の日本植物病名目録を出典としたデータベースです。宿主名、病名、病原からの検索を行うことができます。
- 蚕糸関係遺伝資源データベース (旧蚕昆研のコンテンツ)	256,188	遺伝資源センター	蚕糸関係遺伝資源データベースは、生物研が保存している蚕品種（在来種、突然変異種、および実用蚕品種）情報及び、必要とする特性から蚕品種の検索を行なう品種検索システムが利用可能です。また、保存している桑、昆虫培養細胞株のデータも含んでいます。
農林水産 DNA バンク	1,930,273	ゲノムリソース U	農林水産 DNA バンク（NIAS DNA Bank）は、農林水産省のプロジェクト研究から得られたイネ、カイコ及びブタゲノムの情報を公開しています。また、類似性検索やキーワード検索システムも提供しています。
ゲノムリソースセンター（RGRC）	106,960	ゲノムリソース U	イネゲノムリソースセンターは、グリーンテクノプロジェクトで得られた多様かつ貴重なゲノム研究材料を、国内外の多くの研究コミュニティーに提供しているサイトです。
< ゲノム情報統合データベース >			
農林水産生物ゲノム情報統合データベース（AgriTOGO）	110,888	ゲノムリソース U	農林水産省委託プロジェクトで作成されたイネ、家畜、昆虫のゲノムデータベースを中心に一元管理しています。個々のデータベースの情報が効率的に閲覧出来るようにデータベース間の有機的な連携・統合を図り、ユーザーの利便性の向上を図ったデータベースシステムです。
農畜産物ゲノム情報データベース（AgriD）（新規）	123,884	ゲノムインフォ U	AgriD では、農畜産物にかかわる大量の既存データを検索して研究に必要な情報を素早く発見し、これと、ユーザーが次世代シーケンサーから得た大量のデータを比較・解析することにより、ゲノム研究を行うための有用情報を得ることができます。また、その結果をバックアップを取りながら安全に保存することができます。
< イネゲノム >			
イネアノテーションデータベース（RAP-DB）	8,911,892	ゲノムインフォ U	2004 年にイネの全ゲノム塩基配列が決定された後、アノテーション会議を開催するなどして、専門家によって精査された高精度の遺伝子アノテーション情報を提供しています。NCBI、Gramene、アリゾナ大学などの外部データベースや機関と連携を図り、NCBI アノテーションや OMAP の BAC 端配列のような外部データも順次取り入れています。

ホームページ又はデータベース名	アクセス数 (H26年4月～ H27年3月)	担当 ユニット等	データベース等の内容
イネ統合ブラウザ (RiceTOGO Browser)	395,693	ゲノムリソース U	農林水産省委託プロジェクトで作成されたイネのゲノムデータベースを中心に一元管理しています。個々のデータベースの情報が効率的に閲覧出来るようにデータベース間の有機的な連携・統合を図り、ユーザーの利便性の向上を図ったデータベースシステムです。
イネ遺伝子発現データベース (RiceXPro)	3,102,299	ゲノムリソース U	イネの生育過程を通して様々な器官・組織のサンプリングを実施し、マイクロアレイ解析によって遺伝子発現情報を収集しました。RiceXProはその遺伝子発現情報を公開するために構築されたデータベースです。2011年4月現在、器官・組織網羅的遺伝子発現データ、及び田植えから刈取りまでの期間における定期的な葉の遺伝子発現データを閲覧することができます。このデータベースは、簡単な解析ツールも実装しているため、目的とする遺伝子の発現情報に容易にアクセスすることができるようになっています。
イネ遺伝子共発現データベース (RiceFRIEND)	345,481	ゲノムリソース U	イネ共発現解データベースは、イネの発現情報を利用して遺伝子間ネットワークを調べることが可能なデータベースです。データセット毎にデータの正規化を行った後、1つに統合し共発現解析を実施して、具体的には、Weighted PCCs を算出し、さらに Mutual Rank(MR) を算出して共発現性を示す指標としています。得られた結果は、HyperTree、Graphviz、CytoscapeWeb の3通りの形式でグラフを閲覧できます。
圃場におけるイネ遺伝子発現データベース (FiT-DB)	79,715	植物機能 U	圃場におけるイネ (日本晴・農林8号) の葉の遺伝子発現データと、その変動の背景にある要因の統計モデリング解析結果のデータベースです。それぞれの遺伝子の発現が、気象条件 (気温、日射量など)、概日時計、日齢からどのような影響を受けているかを調べることができます。また、逆に「気温の影響を受けている遺伝子」のような、様々な条件から遺伝子を検索することも可能です。
イネ完全長 cDNA データベース (KOME)	2,529,964	作物ゲノム U	イネゲノムプロジェクトの一環として2000年1月から、2003年9月末までに遂行された「イネ完全長 cDNA プロジェクト」で収集、マッピング、意味づけされた約28,000の完全長 cDNA クローンの情報を公開しています。
イネ遺伝子発現データベース (RMOS)	210,046	作物ゲノム U	約32,000存在するイネ遺伝子の網羅的発現解析を行うためにマイクロアレイ法という技術が1999年来立ち上げられています。その技術紹介と9,000、22,000、44,000の遺伝子を固定したマイクロアレイデータを紹介しています。
ミュータントパネルデータベース (Tos17)	299,720	ゲノムリソース U	農業生物資源研究所で作出された遺伝子破壊系統 (5万系統) の表現型と破壊された遺伝子を整理したデータベースです。RAP-DBでアノテートされたすべてのイネの遺伝子情報も保持しており、それぞれの遺伝子の破壊部位と対応する系統、及びその表現型情報が閲覧できます。33,000か所を上回る破壊部位情報が登録されており、種子が必要な場合は、系統のリンクよりゲノムリソースセンターへ分譲依頼ができます。
QTL アノテーションオンラインデータベース (Q-TARO)	685,934	イネゲノム U	イネの QTL 研究に関する1214件の論文から5,096件のイネ QTL 情報を抽出し、冗長性の少ない代表的 QTL として整理された QTL データベース。加えて、イネの遺伝子機能が表現型と関連づけられた702の機能既知遺伝子を、表現型、機能解析の方法およびゲノム位置の情報とともに整理した機能遺伝子情報データベース (OGRO) も Q-TARO データベースと同一のゲノムブラウザで構築されています。
シスエレメントモチーフ検索データベース (PLACE)	126,328	ゲノムリソース U	高等植物遺伝子のプロモーター等の発現制御に関わる領域 (シスエレメント) の塩基配列モチーフ (特定の塩基配列パターン) を論文から収集し、解説や文献などの情報を付加したデータベースです。キーワード検索機能、解析ツール SignalScan による検索機能などを有します。

ホームページ又はデータベース名	アクセス数 (H25年4月～ H26年3月)	担当 ユニット等	データベース等の内容
イネゲノムアノテーションデータベース (RiceGAAS)	110,101	ゲノムリソース U ゲノムインフォ U	このシステムは、イネゲノムの自動アノテーションシステムです。このシステムは、タンパク質をコードする遺伝子構造の予測と解析を行う統合プログラムです。
イネプロテオームデータベース (Rice Proteome Database)	523,097	(独) 農研機構 作物研 (畑作物研究領域)	イネの生育時期・器官特異的、および細胞内局在性を示すタンパク質群に関するデータベースです。二次元電気泳動上のタンパク質群の配列情報、分子量や等電点情報のみならず、検索機能も有しています。
イネミトコンドリアゲノム情報 (RMG information)	11,643	遺伝資源センター、 ゲノムリソース U	イネミトコンドリアゲノムの情報を公開しているページです。生物研と東京大学は 2002 年にイネのミトコンドリアゲノム全構造を決定し、その詳細と特徴について解説しています。単子葉植物で初めて、農作物で初めての例であり、イネの研究に加え、コムギ、トウモロコシなどの研究にも役立っています。
アフリカイネアノテーションデータベース (AfRicA DB)	18,264	ゲノムインフォ U	アフリカイネは乾燥、病気、害虫への抵抗性が強く、そのゲノム情報はアフリカ栽培イネとアジア栽培イネの両方の改良に貢献することが期待されます。本データベースではアフリカイネとアジアイネを塩基配列レベルで詳細に比較表示し、分子マーカーの情報を提供し、さらには BLAST による配列検索も可能にしています。
イネタンパク質構造データベース	36,093	ゲノムリソース U	イネタンパク質構造データベースは、イネ、ソルガム、トウモロコシ、大麦、小麦、シロイヌナズナ、大豆のタンパク質 357 種の構造のデータベースです。また、イネのゲノムにコードされる全タンパク質の配列データを解析した結果をまとめた GTOP データベースも含まれます。
植物のゲノム断片配列アノテーションパイプライン (Flowering Plant Gene Picker)	1,244,534	ゲノムインフォ U	植物のゲノム断片配列アノテーションパイプライン (FPGP) は植物のゲノム断片配列を自動アノテーション (注釈づけ) するために開発されたウェブサービスです。1Mbp 以下のゲノム配列に対して、完全長 cDNA による遺伝子構造予測とたんぱく質データベースを利用したアミノ酸配列の予測を行います。異種のデータに基づく遺伝子構造予測を基盤としていることから、転写産物情報が乏しい生物種のゲノム断片配列アノテーションに向いております。
<b>&lt; 昆虫ゲノム &gt;</b>			
カイコゲノム情報データベース (KAIKObase)	1,758,231	昆虫ゲノム U	カイコゲノム情報データは、2009 年 2 月に日本と中国、双方で解読したデータを東京大学のコンピュータプログラムでつなぎ合わせて、ほぼ完全な塩基配列情報としたものです。KAIKObase は統合化されたゲノムブラウザで、4 つの地図ブラウザと 1 つの遺伝子ビューアから構成されています。
カイコプロテオームデータベース (KAIKO2DDB)	39,636	生体分子 U	カイコプロテオームデータベースはカイコの各遺伝子がいつどこで発現しているか、時系列的・網羅的に調べたものです。このデータベースは 8 つの主要組織で発現しているタンパク質を同定するばかりでなく、時系列的に成虫までの 22 日間に渡って調査をしています。本データベースはカイコゲノム情報その他と直接リンクできるように設計しています。
カイコゲノムデータ BLAST 検索 (KAIKOBLAST)	116,656	昆虫ゲノム U	WGS (Whole Genome Shotgun) 法によるカイコゲノムシーケンスデータ、日本、中国で公開されている EST 情報、カイコ末端シーケンス情報に対して BLAST によるホモロジー検索が行えます。
カイコゲノムアノテーションデータベース (KAIKOGAAS)	334,461	昆虫ゲノム U	KAIKOGAAS はカイコゲノム解析用に設定された自動アノテーションシステムです。このシステムは遺伝子予測とタンパク質コード領域の構造解析機能を持っています。含まれるソフトウェアは、コード領域予測プログラム、スプライスサイト予測プログラム、DNA シーケンスホモロジー検索プログラム、tRNA 遺伝子予測プログラム、繰り返し配列解析プログラム、膜タンパク質分類および二次構造予測プログラムを含んでいます。



ホームページ又はデータベース名	アクセス数 (H26年4月～ H27年3月)	担当 ユニット等	データベース等の内容
トビイロウンカ EST 情報 (UNKA (BPH) EST)	14,077	昆虫ゲノム U	イネ害虫トビイロウンカの 18 の組織・ステージ別 cDNA ライブラリーから任意のクローンの塩基配列を解読した、5 万以上のクローンからデータを整理し、最終的に 37,122 の EST を選び出したものです。このトビイロウンカのサイトでは EST のクローン名でデータを取り出す他に、EST に対する BLAST 検索、geneontology による検索も可能です。
トビイロウンカマーカー データベース	8,372	昆虫ゲノム U	トビイロウンカマーカーデータベースでは、トビイロウンカの連鎖地図とマーカー情報を提供しています。現在公開している連鎖地図は、474SSR マーカー、43SNP マーカー、及び 1STS マーカーの合計 518 マーカーより構成されています。本データベースでは連鎖地図の閲覧、マーカーの検索、詳細情報の閲覧が出来るようになっています。
コナガゲノムデータベース (新規)	226,165	昆虫ゲノム U	コナガのゲノム情報データベースでは、ドラフトゲノム配列、予測遺伝子配列、発現遺伝子配列 (EST, RNA-seq)、アノテーション情報 (各モデル昆虫との配列比較結果、Gene Ontology ID、HMMER による予測ドメイン・モチーフ結果等) 等を公開しています。キーワード検索、BLAST による相同性検索、ゲノムブラウザによる 閲覧、データのダウンロードが可能です。
<b>&lt; 家畜ゲノム &gt;</b>			
ブタ cDNA (EST) 情報 (PEDE)	8,396,009	家畜ゲノム U	ブタ各種臓器の完全長 cDNA ライブラリー (発現している遺伝子を収集したもの) を構築し、それらを用いて解読した発現遺伝子の断片 16 万個以上、また全長 cDNA 配列 1 万個以上について、ヒト、マウス、ウシ、イヌなど他の動物種の遺伝子との相同性検索を行うことで、遺伝子の機能について明らかにした結果など、ブタの総合的な発現遺伝子情報を提供するシステムです。
ブタの DNA マーカー情報 (Swine Marker Viewer)	5,959	家畜ゲノム U	マイクロサテライトマーカーなどのブタゲノム上に存在する DNA 多型マーカーについて、その PCR 増幅のためのプライマーやマーカーの位置情報について提供しています。連鎖地図、及び放射線雑種細胞パネルで作製された地図 (RH マップ) の情報にもリンクしています。
<b>&lt; その他 &gt;</b>			
比較ゲノムデータベース (SALAD)	780,891	植物機能 U	比較ゲノムデータベースは、主要作物であるイネ、実験植物であるシロイヌナズナ、比較対照の紅藻の 3 種類の植物について全ゲノム情報を整理整頓しました。そして、ユーザーが一目で判断できるように、タンパク質の違いを色違いでビジュアル的に簡単に分かるように表示しました。
オオムギ完全長 cDNA データベース (BEX-DB)	328,038	作物ゲノム U	農水プロから得られた、栽培オオムギの 24,783 の完全長 cDNA の配列を、キーワード検索・個々の配列のアノテーション等を付加して公開しています。
ダイズゲノム物理・連鎖 地図データベース (DAIZUbase)	108,585	ダイズゲノム U	国産ダイズゲノム (品種名: エンレイ) の解析のため作製した、BAC ライブラリーの 10 万クローンの末端塩基配列解読を行ないました。これらを米国で解読された Williams82 genome assembly 上にマッピングを行い、ダイズゲノムの 91% をカバーする BAC 物理地図を作製しました。この地図情報と、さらに DNA マーカーを連鎖地図上に表示し、それぞれ DNA マーカー、BAC 末端塩基配列をダウンロード可能としました。今後は他の国産品種のゲノム情報などを充実させ、国産品種間での SNP マーカーなどをユーザーに提供します。
生体内分子の三次元構造 データベース (3DMET)	79,472	生体分子 U	生体内の物質は多数のキラル中心を持つため、絶対配置の正しい構造を集めることは重要です。これまで種々の構造コンバータにより生体内低分子物質の構造を三次元化してきており、その結果自動的に変換不可能な構造が多数あることが判明していました。このデータベースはマニュアル入力・修正による構造作成を行っており、自動的に作成できなかった天然物質構造の収録を進めて公開しています。

ホームページ又はデータベース名	アクセス数 (H26年4月～ H27年3月)	担当 ユニット等	データベース等の内容
イネいもち病菌 EST データベース (MgNEST-DB)	79,789	ゲノムインフォ U	イネいもち病菌 cDNA クローン 18,821 を作製し、それらのクローンの両端から数百塩基の配列を決定し、読み取った約 3 万 5 千の EST 配列情報をデータベース化しました。公開したデータベースには、解読した EST 配列のほか、コンピューター解析により得られた遺伝子の構造や機能に関する情報が格納されています。また、このデータベースは遺伝子の名前や機能に関連するキーワードで検索ができ、検索結果を分かりやすく表示できるブラウザを備えています。
イネ白葉枯病菌ゲノム データベース (Xanthobase)	97,932	植微 U	農業生物資源研究所でゲノム解析を行ったイネの重要な細菌病、イネ白葉枯病の病原細菌 ( <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i> ) のゲノムデータベースです。ゲノム解読菌は、本所微生物ジーンバンク保存の MAFF311018 (レース I) 株です。ゲノムの概要、ORF、BLAST 検索、他の <i>Xanthomonas</i> 属細菌との比較解析等があります。