

## ゲノム解析の対象微生物に係る意見募集に関する

### Q & A 集

平成19年10月3日

製品評価技術基盤機構

バイオテクノロジー本部

Q & A集では、本意見募集にこれまで寄せられた質問と、その回答をご紹介します。皆様に忌憚のないご意見を提出していただく為、ご参考になれば幸いです。

**Q 1** 産業有用な微生物（例えば、環境汚染の浄化に関与する微生物群）を提案したいのですが、どのカテゴリー（区分）に入りますか。

**A.** 産業有用性の高い微生物株は、「B. 潜在的な利用価値の高い微生物群を代表する株」に区分されます。さらに、B-1. 食経験がある微生物群、B-2. 放線菌・糸状菌のなかま、に該当しないものは、B-3. 極限環境・特殊環境に由来するもの、としてご提案下さい。区分が不明の場合は、個別にご相談下さい。

**Q 2** ゲノム解析の対象は、微生物に限られるのでしょうか。例えば、齧歯類はゲノム解析の対象になりませんか。

**A.** N I T Eが実施するゲノム解析は、NBRCが収集・保有する微生物株の利用促進を目的としているため、NBRCが収集対象としているバクテリア、古細菌、酵母、糸状菌および一部の微細藻類以外のものは対象としておりません。ただし、社会的・政策的な意義が明確である場合には、例えば、17年度から解析しているインフルエンザウイルスのように、上記以外を対象とする可能性が全くないわけではありません。

**Q 3** 翌年度のゲノム解析対象株の選定に際し、どのように意見が反映されるのでしょうか。

**A.** ゲノム解析対象株の選定にあたって、本意見募集によって提案された微生物株のほか、寄せられた意見やNBRCの収集方針に基づいて、N I T E独自に論文、学会発表等を調査して発掘した新規分離株、シンポジウムや個別のヒアリング等で情報収集したもの、N I T E内部から提案を募ったものなど

から候補株のリストを作成します。それらを個別の内容について検討し、内部の選定基準に基づいて評価を行い、順位及び優先度を設定いたします。その原案を、産官学の有識者からなる委員会でご審議いただき、所内の手続きを経て決定しております。

つまり、候補株リストの作成から解析対象株の決定に至るまで、お寄せいただいたご意見を幅広く活用させて頂いております。

**Q 4** 翌年度のゲノム解析対象株の選定に際し、どのような観点に注目して判断されるのでしょうか。

**A.** ゲノム解析対象株の選定にあたって、個別の内容を一つ一つ見ていきますが、(a)近縁種のゲノム解析の状況、(b)国内および国外における研究開発の状況、(c)想定される共同研究の体制と内容、(d)ゲノム解析の難易度、(e)株の由来とNBRCへの寄託状況、(f)有用形質・特殊形質の有無、(g)食経験の有無、等の観点から検討し、総合的に判断いたします。ただし、対象とする微生物株の区分（カテゴリー）によって、見方が若干異なります。各カテゴリーの重点項目を意見募集要領に明記しておりますので、ご確認ください。

なお、必ずしも意見提出票の項目すべてを埋めて回答いただかなくとも、検討結果に影響するものではありません。

**Q 5** 個別の内容について、「(d)ゲノム解析の難易度」は解析をしてみても初めで分かることが多く、判断基準にできないのではないのでしょうか。

**A.** ご質問のとおり、事前の予測が難しいことは十分承知しております。しかし、年度計画をたてて解析を進めていくにあたって、ある程度の考慮が必要です。意見提出票の「ゲノムの特徴」の項にゲノムサイズ、G+C 含量、プラスミドの有無等をご記入いただきますが、これを参考にNITEでもできる限り情報収集し、判断材料にしたいと考えております。

**Q 6** 意見提出票の「ゲノムの特徴」について、推定が難しく、ゲノムサイズ、プラスミドの有無など、書けない場合はどうしたらよいのでしょうか。

**A.** ゲノムサイズ等は、事前に正確に掴めないものが多いと思われます。できれば近縁種等から推定していただき、大雑把な推定サイズで結構ですので、ご記入ください。どうしても書けない場合は、「不明」とご記入ください。

**Q 7** 意見を提出すると、「共同研究事業に参加しなくてはならない」などの義務を、提案者が果たさなくてはならないのでしょうか。

**A.** 意見を提出したことにより、提案者に対して責任や義務が発生することは、まったくございません。その点は、ご心配のなさらずに、忌憚のないご意見をお願いします。

**Q 8** 解析精度について、「ドラフト解析」とはどの程度の解析をさすのでしょうか。

**A.** N I T Eにおける塩基配列の決定は、当初ゲノムサイズの8倍程度のデータをホールゲノムショットガン法で取得し、アセンブルしてドラフト解析としております。

**Q 9** 民間企業の場合、「研究材料となる微生物株は、社内に確保しておきたい、ゲノム情報も一般公開したくない。」というケースも多いのでは？

**A.** N I T Eが実施するゲノム解析は、原則、NBRCに株を寄託していただき、ゲノム情報を一般に公開させていただくことを条件としています。一般公開が可能なリファレンス株のゲノム解析を行い、社内保有株との比較検討を通して、研究開発に役立てていただくことは十分に可能と考えております。

**Q10** 以前、提案した微生物株と同じものを提案しても、取り扱ってもらえるのでしょうか。

**A.** 過去に提案のあった微生物株で、再度検討し、採択されたケースもございます。生物遺伝資源の学術・産業利用の促進につながり、意義の高い微生物株であれば、その後の研究の進展状況等を考慮して、再度ご提案下さい。