

事業戦略ビジョン

プロジェクト名：CO₂固定微生物利活用プラットフォームの構築

実施者名：bitBiome株式会社

代表名：取締役CSO 細川正人

(共同実施者：製品評価技術基盤機構(NITE) (幹事機関)、
東京大学、茨城大学、京都大学、海洋研究開発機構(JAMSTEC)、
国立遺伝学研究所、データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエ
ンス統合データベースセンター(DBCLS))

目次

0. コンソーシアム内における各主体の役割分担

1. 事業戦略・事業計画

- (1) 産業構造変化に対する認識
- (2) 市場のセグメント・ターゲット
- (3) 提供価値・ビジネスモデル
- (4) 経営資源・ポジショニング
- (5) 事業計画の全体像
- (6) 研究開発・設備投資・マーケティング計画
- (7) 資金計画

2. 研究開発計画

- (1) 研究開発目標
- (2) 研究開発内容
- (3) 実施スケジュール
- (4) 研究開発体制
- (5) 技術的優位性

3. イノベーション推進体制（経営のコミットメントを示すマネジメントシート）

- (1) 組織内の事業推進体制
- (2) マネジメントチェック項目① 経営者等の事業への関与
- (3) マネジメントチェック項目② 経営戦略における事業の位置づけ
- (4) マネジメントチェック項目③ 事業推進体制の確保

4. その他

- (1) 想定されるリスク要因と対処方針

0. コンソーシアム内における各主体の役割分担

全体総括: NITE 上席研究フェロー 石井正治

NITE (幹事機関)

- CO₂固定微生物の探索
- 提供用の微生物の整備
- 培養条件検討等を担当

- 微生物資源提供
- 培養条件等のデータをプラットフォームに掲載・公開等を担当

大阪万博で事業内容のアピールを担当

- 生合成パスウェイ遺伝子検索ツール開発
- 環境サンプルメタデータ収集・整備
- CO₂固定微生物利活用プラットフォームの構築等を担当

- 有用遺伝子データ・検索ツールのプラットフォーム上での公開と運用等を担当

東京大学

- CO₂固定微生物の探索及び整備
- 代謝制御系解析等を担当

- 微生物資源の寄託
- 最適な培養条件情報をプラットフォームに掲載等を担当

遺伝学研究所

- 単離株のゲノム解析
- 環境サンプルからのメタゲノム解析(MAG)
- 配列相同性検索ツールの開発・運用
- 環境サンプルメタデータ収集・整備等を担当

- ゲノムデータの集約と公開
- ツールのプラットフォーム連携等を担当

茨城大学

- CO₂固定微生物の探索及び整備
- 培養条件検討等を担当

- 微生物資源の寄託
- 最適な培養条件情報をプラットフォームに掲載等を担当

DBCLS

- 培地情報データベース機能拡充・データ追加
- 生合成パスウェイモジュールデータの整備
- 環境サンプルメタデータ収集・整備等を担当

- 最適な培養条件データの集約と公開とプラットフォーム連携等を担当

京都大学

- 炭酸固定経路・酵素の生化学的解析
- 遺伝子操作系の確立等を担当

- 新規なCO₂固定代謝系を解析し、プラットフォームに掲載等を担当

JAMSTEC

- 炭酸固定経路のオミックス解析 (代謝機能や物質生産能の評価)等を担当

- 新規なCO₂固定代謝系を解析し、プラットフォームに掲載等を担当

bitBiome

- 既存株のゲノム解析
- 環境サンプルからのシングルセルゲノム解析(SAG)
- 有用酵素3次元構造予測データのデータベース化等を担当

- ゲノムデータの選抜と登録
- 有用酵素の3次元構造データの集約と公開等を担当

共同研究開発

共同研究開発

1. 事業戦略・事業計画

1. 事業戦略・事業計画 / (1) 産業構造変化に対する認識

バイオものづくり基盤技術の飛躍的發展により、全産業がバイオ化する

SDGsとバイオxデジタルの潮流により、バイオエコノミーが勃興

(社会面) CO₂削減が急務

- ・ 温暖化への対応を“経済成長の制約やコスト”と考える時代は終わり、“成長の機会”ととらえる時代に
- ・ 消費者レベルでも世界的にCO₂削減意識が広がる

(経済面) 気候変動対策への取り組みが事業に影響を与える

- ・ 企業の取り組みが評価され、投融資の判断に影響を与える
- ・ カーボンニュートラル・ネガティブな製品が選ばれるように

(政策面) 温室効果ガスへの課税が進む

- ・ 125か国・1地域が2050年までのカーボンニュートラルを表明
- ・ 炭素税など、各種排出量に伴う課税体制が各国で強化

(技術面) バイオxデジタルの潮流が加速

- ・ 遺伝子合成、ゲノム編集等の技術革新
- ・ ゲノム解析、IT・AI 技術の進展

● 市場機会：

- 石油化学由来製品からカーボンニュートラル製品への切り替えニーズが急増
- バイオエコノミー世界市場：200-400兆円(2030-40年*)
- マクロトレンドに大きな変化はなし

環境に優しいバイオものづくり技術に各産業が置き換えられていく
その中で、水平分業による新たな産業構造が作られていく



当該変化に対するbitBiomeの経営ビジョン：
遺伝子・ゲノムデータを集積した膨大なデータベースをもとに、
高品質な遺伝子データ・遺伝子改変支援を提供し、DBTLサイクルを短縮
多様なカーボンニュートラル製品のバイオものづくりに幅広く貢献する

(*出所：Mckinsey “The Bio Revolution: Innovations transforming economies, societies, and our lives”)

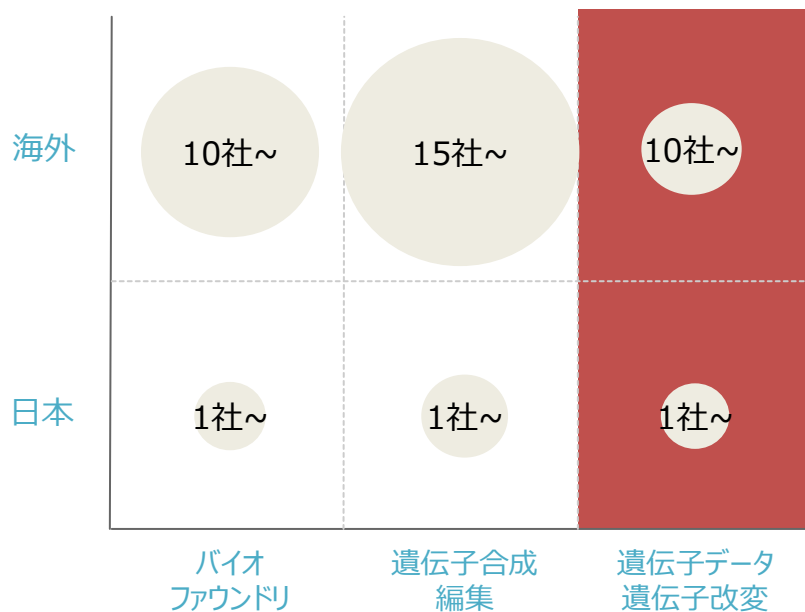
1. 事業戦略・事業計画 / (2) 市場のセグメント・ターゲット

バイオものづくり市場のうち、遺伝子データ・遺伝子改変市場をターゲットとして想定

セグメント分析

1. 設計市場のうち、バイオファウンドリと遺伝子合成市場はすでに投資を大規模に行っている企業もあり、海外中心に競争が激しい
2. ユニークな遺伝子データはバイオものづくり技術の競争力確保・強化には必須であり、DBTLの効率を決定する要素。高精度で膨大なゲノム情報量を有するデータベースは競争力を持つが、米国大型バイオファウンドリのみが保有している。
3. bitBiomeの独自技術である、微生物シングルセルゲノム解析技術bit-MAP®は、従来技術では獲得が困難な遺伝子データを効率的に獲得可能で、共用DBとして提供可能。

設計市場のセグメンテーション*



ターゲットの概要

ターゲット市場の概要と目標とするシェア・時期

- 遺伝子データセットを個社レベルで保有する企業は大型バイオファウンドリに限定。その他の企業には、競争忌避の意識があり公共DBは扱わず、秘匿性を備えたデータセットが業界内で求められている。
- 現在、遺伝子データ・遺伝子改変に特化したプレイヤーが不在であり、大きな市場が空いている。
- 想定顧客像は、発酵・酵素でのバイオものづくりを検討するすべての企業
 - 公共DBには登録されていない、新規の機能/配列を持つ遺伝子情報を求める企業
 - 酵素探索技術（インフォマティクス技術）のノウハウが不足する企業
- 想定シェア（2030年）：遺伝子データ・改変市場 40%

需要家例	CO ₂ 排出量	課題	想定ニーズ
化学	5,600万t	<ul style="list-style-type: none"> • 石油資源原料からバイオマス原料の利用に伴う製造法の変換 • バイオ技術に精通した人材の不足 	<ul style="list-style-type: none"> • バイオマスを活用し、既存製品（ポリマー・樹脂等）の製造を実現できるバイオ製造法の確立 • 高温・高圧の生産プロセスから常温常圧でのプロセスへの切り替え
食品飲料	2,000万t	<ul style="list-style-type: none"> • 代謝経路中にボトルネックになっている反応がある 	<ul style="list-style-type: none"> • 既知の代謝経路に変わる新規な代謝経路の設計とそれを構成する酵素遺伝子
製薬企業	150-200万t	<ul style="list-style-type: none"> • 効率的な合成方法が金属触媒では実現出来ない • 金属触媒ではコスト・副産物等で困難な反応がある 	<ul style="list-style-type: none"> • 基質に対する選択性や反応位置選択性が高く、副生成物が少なく、反応収率、反応速度が高いこと

(出所：アーサーDリトル「生物化学産業に係る国内外動向調査」、自社調べ)

(出所：Straits research, Emergen research, Grand View Research, Market Research Reportの2022年発表のレポートPR, 日本製薬団体連合会「製薬業界の地球温暖化対策」、掲載産業「温室効果ガス排出の現状等」)

1. 事業戦略・事業計画 / (3) 提供価値・ビジネスモデル

微生物シングルセルゲノム解析技術bit-MAP®で構築するゲノム・遺伝子データベースとタンパク質3次元構造予測技術によって、有用微生物の開発に資する遺伝子データ・遺伝子改変を提案する事業を拡大する

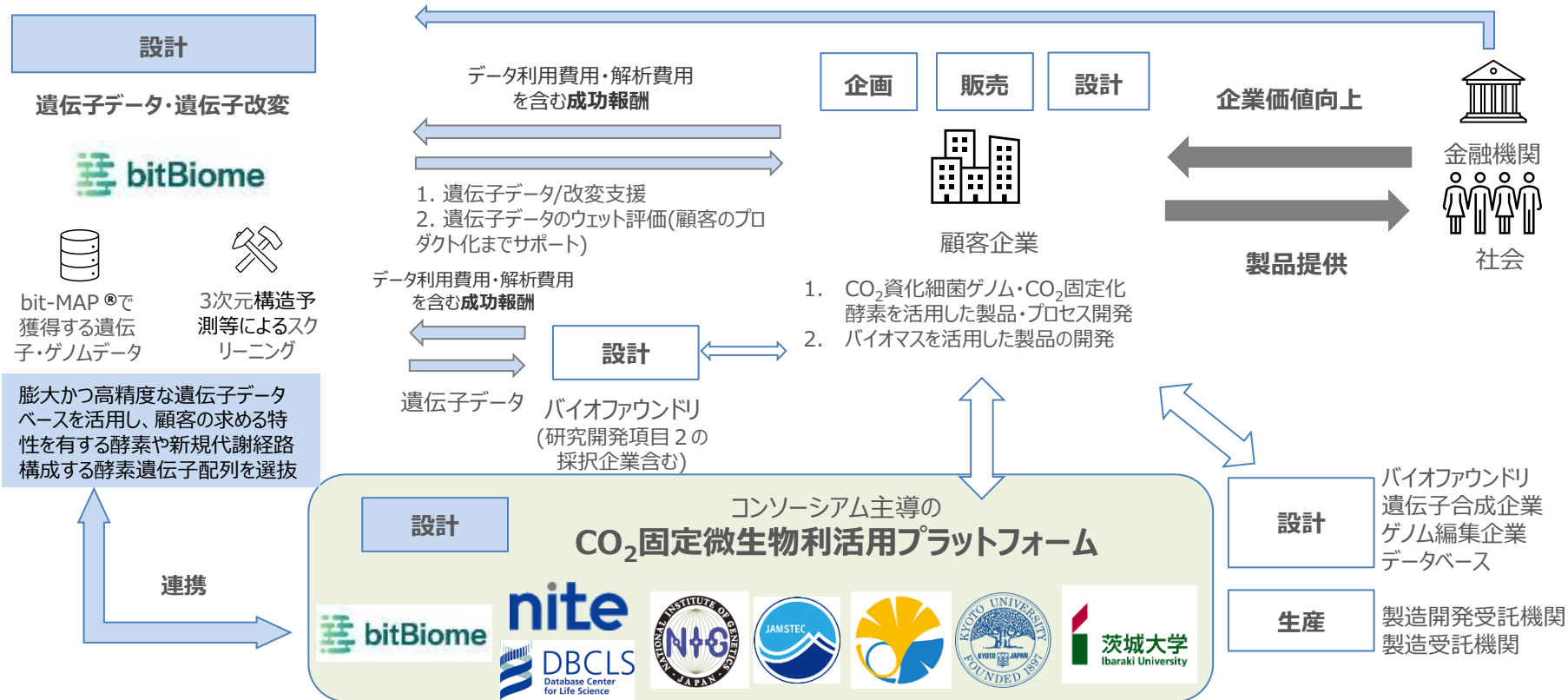
社会・顧客に対する提供価値

顧客自身が遺伝子データ蓄積に必要な高度な解析インフラ・解析能力を持たずとも、膨大な遺伝子データの有効活用が可能になる『遺伝子データ/遺伝子改変』を構築

- bit-MAP®で獲得するユニークなゲノム・遺伝子**
 - 公共データベース等には未収録の遺伝子が多数含まれ、探索可能
 - 従来手法メタゲノム解析の10倍以上の効率で遺伝子収集可能
 - CO₂資化細菌（水素細菌）ゲノムも収集可能であることを実証済み
- タンパク質3次元構造予測技術を駆使した高機能遺伝子のスクリーニング**
 - 有用機能酵素の選抜精度の向上による、顧客企業の試験期間・コストの削減
 - 良質な遺伝子配列からの改変スタートにより、Feasibility検証のサイクルが高速化

CO₂資化細菌や有用微生物の開発に資する「遺伝子探索・改変サービス」を提供とし、幅広い事業者がカーボンニュートラルバイオものづくりに取り組める環境を実現。CO₂を吸収・固定化し物質を生産する有用微生物の開発期間を最大 1 / 10 程度に短縮する。

ビジネスモデルの概要（製品、サービス、価値提供・収益化の方法）と研究開発計画の関係性



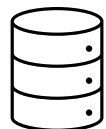
当社ビジネスモデルは、顧客企業が求めるゲノム・遺伝子データを短期間かつ高精度に提供することで、顧客の実施するDBTLサイクルの効率化（開発期間の短縮ならびに開発費用の削減）を実現し、その対価としてデータ利用費用・解析費用を含む成功報酬を得る。

- そのために以下要素の拡大・増強が研究開発として必要になる
 - CO₂資化や有用微生物生産に資する網羅的なゲノム・遺伝子の収集
 - タンパク質3次元構造予測による候補遺伝子の検索・スクリーニング機能の充実
- 顧客企業の利便性向上のため、特に、GI基金事業として進める「CO₂を吸収・固定化し物質を生産する有用微生物の開発に資する、水素細菌・CO₂固定化酵素等のデータ」はコンソーシアム主導のCO₂固定微生物利活用プラットフォームとの連携を予定

1. 事業戦略・事業計画 / (3) 提供価値

本事業において、1. CO₂資化細菌や有用微生物の生産に資する網羅的なゲノム・遺伝子の収集と2. タンパク質3次元構造予測による候補遺伝子の検索・スクリーニング機能の充実を図り、開発期間の短縮に寄与する

顧客の求める特性を有する酵素や新規代謝経路を構成する遺伝子データを、bitBiome独自の1. 膨大かつ高精度なゲノム・遺伝子データと2. タンパク質3次元構造によるスクリーニング技術を活用し、顧客プロジェクトの実現に貢献



1. 微生物シングルセルゲノム解析技術bit-MAP®で獲得するユニークなゲノム・遺伝子



2. タンパク質3次元構造予測を駆使した高機能遺伝子スクリーニング

1 未培養細菌の遺伝子・ゲノムの収集に強み

1 新規酵素を発見

2 既存の技術では解析が難しい環境試料からも遺伝子データを収集可能

2 DB内遺伝子の既知代謝経路との対応付けによる遺伝子探索の効率化

3 酵素構造・機能の高精度な予測に必要な、高品質な遺伝子配列

3 多様な酵素配列から機能向上に資する改変設計を有望度と共に提案

4 膨大かつ持続的に拡張されるデータベースから微生物・配列・構造などの様々なルールで物質検索が可能

4 配列・構造・活性データの学習により、機能性を高めた人工配列設計も可能に

有用微生物の開発期間を最大 1 / 10 程度に短縮可能にする

当社の事業活動が、プラットフォームと連携することで、バイオものづくりを進める上でのインフラとなり、下記が実現される。

1. データセット・設備投資が大幅に軽減
2. ハイスpek的な解析能力を各社が備えるための人材採用・社内教育コストが削減
3. 有望な配列設計の絞り込みにより、短期集中の研究開発が実現

顧客の想定プロジェクト

1 既存の水素細菌をシャーシにして、水素細菌類縁菌の遺伝子を物質生産に活用

2 バイオマスを活用した有用微生物による各種バイオものづくりの効率化

3 bit-MAP®により、水素細菌ゲノムを多く獲得し、より優れた新規水素細菌を発見・単離し、顧客が活用

1. 事業戦略・事業計画 / (3) 提供価値・ビジネスモデル (標準化の取組等)

DSIをはじめとした国際的なルール形成に関係機関と連携して取り組み、バイオものづくりの出発点となるデータプラットフォームとしての標準化を遅滞なく進める

標準化を活用した事業化戦略 (標準化戦略) の取組方針・考え方

- シナリオ 1 : 遺伝子・ゲノムデータベースの検索機能の無償開放
 - 公共データベースのように、世界最大かつ各社権利化が可能な遺伝子・ゲノムの検索機能を(一部)開放し誰でもどこでも利用可能にする
- シナリオ 2 : 日本固有の極限環境等の特殊環境遺伝子資源のデータアーカイブ化
 - コンソーシアム参画機関の協力で、日本固有の特殊環境微生物の遺伝子を大規模収集
- シナリオ 3 : ルール化 他国との連携 : 遺伝子資源収集の広範囲化
 - DSI (Digital Sequence Information) の国際的なルール化に際して、それに準拠した活動を実施
 - 最新状況はNITE他コンソーシアム参画機関とフォローし、CO₂固定化関連微生物やデータベースの有用性、戦略性を高める提言も検討

国内外の動向・自社の取組状況

(国内外の標準化や規制の動向)

- 各国でヒト以外の微生物等のゲノムデータ取得が進む
 - 米国エネルギー省共同ゲノム研究所IMG/M(米)、China National GeneBank (中)等
- 米国を中心としたIT大手企業がAI技術力の実証として、タンパク質3次元構造予測に取り組み。公的機関との連携により、遺伝子DBを発展させたタンパク質立体構造DBの公開が進む。

(これまでの自社による標準化、知財、規制対応等に関する取組)

- 遺伝子・ゲノム高効率収集技術をすでに複数知財化
- 遺伝資源収集のためのパスを関連機関と協議
- タンパク質3次元構造予測の基礎を構築

本事業期間におけるオープン戦略 (標準化等) またはクローズ戦略 (知財等) の具体的な取組内容 (※推進体制については、3.(1)組織内の事業推進体制に記載)

(例 1) 標準化戦略

- 遺伝子・ゲノムDB検索機能の開放に向けたUI構築
- コンソーシアムの1つの機関であるNITEとの連携を強めることで、DSIのルール化に関する最新状況をフォローし、データベースを随時更新
- NITEなどからCO₂固定微生物の提供
- 他国・海外事業者との連携 (外務省等)

(例 2) 知財戦略

- 遺伝子・ゲノム収集技術を知財化
- プラットフォーム上の遺伝子・ゲノムのうち、知財化に必要な配列情報などは非開示とする仕組みづくり
- NITEの海外機関とのコネクションを活用し、海外機関との連携時も他国利益が守られる体制づくり

1. 事業戦略・事業計画 / (4) 経営資源・ポジショニング

微生物シングルセルゲノム解析技術bit-MAP®とタンパク質3次元構造予測技術を始めとしたインフォマティクス技術の強みを活かして、顧客に対して遺伝子データ・改変による開発期間・コスト削減という価値を提供

自社の強み、弱み (経営資源)

1. 顧客企業が求めるゲノム・遺伝子データを短期間かつ高精度に提供することで、顧客の実施するDBTLサイクルの効率化（開発期間の短縮ならびに開発費用の削減）を実現
2. 顧客企業のニーズを把握し、適切なソリューションを提供する経営・チーム体制

自社の強み

1. 世界で唯一、商用化に成功した微生物シングルセルゲノム解析技術 bit-MAP®
2. bit-MAP®にて収集されたユニークなゲノム・遺伝子のデータベース
3. タンパク質3次元構造予測技術を駆使した高機能遺伝子のスクリーニングの基礎技術
4. ドライに加え、ウェット評価を通じた解析技術
5. 研究開発、事業開発部ともに国内外での多様なバックグラウンドを持つ専門家が集結した経営陣・技術チーム

自社の弱み及び対応

1. **知名度の低さ**：海外イベント参加や投資家との面談を通じ積極的な事業開発を行っている途上であり、早期に解消される見込みである
2. **海外拠点・人材不足**：資金調達後、海外拠点の設立も計画中。また海外人材2名のパートタイムでの起用をしている
3. **社会実装実績の少なさ**：バイオものづくり関連の論文掲出、大手企業との提携実績を作るべく技術・事業開発を行っており、早期に解消される見込みである

競合他社に対する比較優位性

	技術	顧客基盤	サプライチェーン	その他経営資源
自社	<ul style="list-style-type: none"> bit-MAP® bit-MAP®で収集するゲノム・遺伝子データベース インフォマティクス解析 ウェット試験系 	<ul style="list-style-type: none"> 化学、合成生物学 	<ul style="list-style-type: none"> R&D向け酵素探索・改変サービス（インフォマティクス解析メイン） 	<ul style="list-style-type: none"> 総額10億円超の資金調達を通じた最新鋭の解析装置 Ph.D人材13名含む高度な専門性を備えたチーム 知名度の高い外部アドバイザー2名と顧問契約
	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;"> <p>2030年までに強化する優位性</p> </div> <div style="text-align: center;"> </div> </div>			
	<ul style="list-style-type: none"> 多様なサンプルへのアクセスでデータベースを強化 3次元構造予測によるスクリーニングの高精度化 酵素開発における一連の要素技術の確立 ウェット試験系の拡充 酵素改変 	<ul style="list-style-type: none"> 化学、合成生物学 製薬、食品、ヘルスケア、酵素開発企業、農業 	<ul style="list-style-type: none"> R&D向け酵素探索・改変サービス（インフォマティクス解析+ウェットスクリーニング） 受託製造（外部提携） 	<ul style="list-style-type: none"> 上場によるネームバリュー、資金力 最新鋭の設備投資 米国含む幅広い海外拠点設立 Scientific Advisory Board設置により得られる最新の技術ノウハウ 社会実装数、論文数
競合A社	<ul style="list-style-type: none"> 酵素改変 	<ul style="list-style-type: none"> 製薬、食品 	<ul style="list-style-type: none"> R&D向け研究開発サービス 受託製造（外部提携） 	<ul style="list-style-type: none"> 上場によるネームバリュー、資金力 最新鋭の設備投資 顧客との人材交流・ネットワーク 社会実装数、論文数
競合B社	<ul style="list-style-type: none"> インフォマティクス技術による酵素探索・改変 	<ul style="list-style-type: none"> 製薬、食品 	<ul style="list-style-type: none"> R&D向け研究開発サービス 	<ul style="list-style-type: none"> 未上場ならではの機動的な経営の舵取り 論文数、実績数

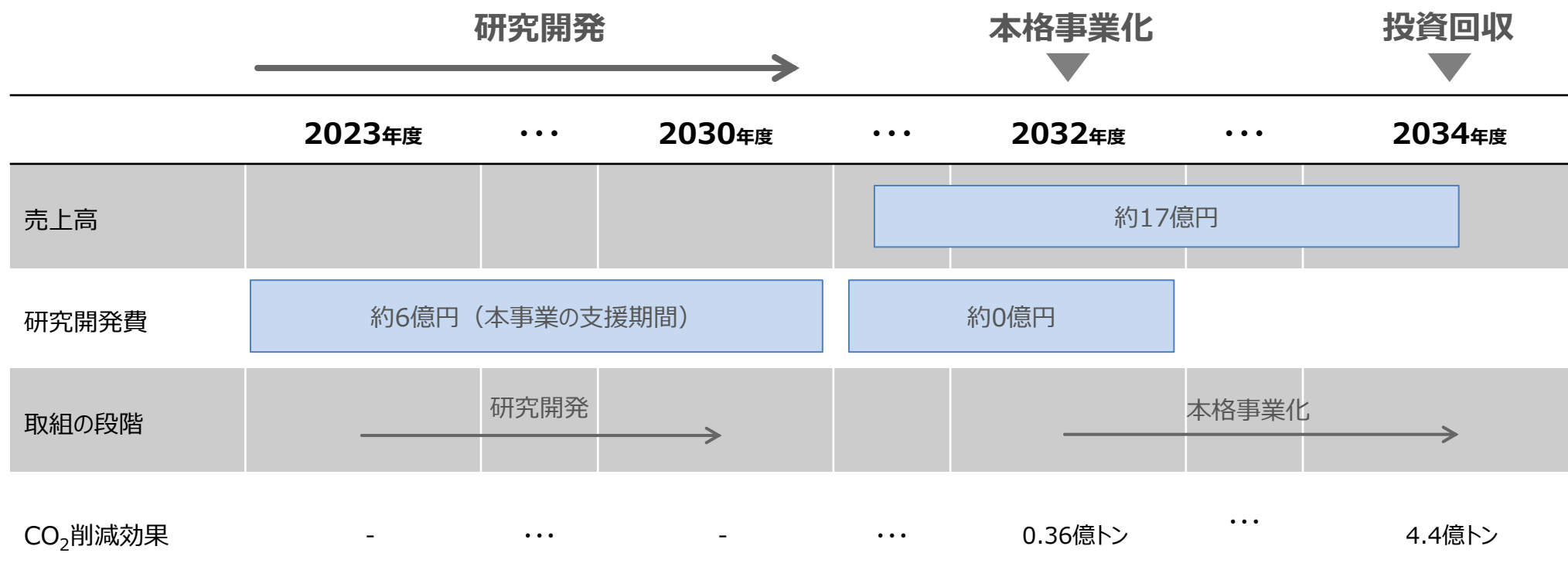
ABSルールによる、遺伝子データ利用の懸念が不要

1. 事業戦略・事業計画 / (5) 事業計画の全体像

8年間の研究開発の後、2032年頃の事業化、2034年頃の投資回収を想定

投資計画

- ✓ 本事業終了後も2年程度研究開発を継続し、2032年頃の事業化を目指す。
- ✓ 遺伝子データ・遺伝子改変市場での販売を図り、2034年頃に投資回収できる見込み。



1. 事業戦略・事業計画 / (6) 研究開発・設備投資・マーケティング計画

研究開発段階から将来の社会実装を見据えた計画を推進し、特にバイオマスを活用する顧客企業のプロジェクトに対するサービス提供により、早期の事業化を図る

研究開発・実証

設備投資

マーケティング

取組方針

- 知財戦略：遺伝子・ゲノム収集技術を知財化、DBの多くはノウハウ化、収集する遺伝子自体のIPは自社から顧客への展開も可
- 標準化戦略：データベース内の遺伝子・ゲノム検索機能の無償開放
- オープンイノベーション：コンソーシアム機関の協力で、日本固有の極限環境等の特殊環境微生物の遺伝子を大規模収集
- 顧客ニーズ確認：
 - DBの一時開放によるフィードバック
 - 開発項目 2 企業との提携

- 設備・システム導入(1)：20台規模のGPUを搭載したタンパク質立体構造予測サーバーの保有
- 設備・システム導入(2)：遺伝子・ゲノム検索DB公開に必要な設備・システムの導入・開発
- 設備・システム導入(3)：遺伝子機能の小規模機能評価のためのウェットロボティクスの導入
- 部品調達：候補配列を直ちに設計生産にかかるとの遺伝子合成企業との連携
- 立地戦略：海外研究拠点の設置(米)

- バイオマスを活用したものづくり支援は早期に事業化し、将来のカーボンニュートラル製品の開発取り組みの足がかりをつくる
- データベース x 探索技術の複数ユースケース（自社・外部機関との提携含む）の創出
 - 下記項目を定量的に測定し、DBTLサイクルの短縮効果を明示する
 - 開発期間
 - 評価配列（菌株）数 等
 - 水素細菌ゲノム・CO₂固定化酵素を活用したユースケースの創出

進捗状況

- 新規遺伝子・ゲノム収集技術に関する発明の海外国内移行出願（25年4月）
- 自社独自遺伝子データ（極限環境由来）の拡張、累計27億遺伝子到達（25年11月）

- タンパク質立体構造予測サーバー稼働開始済み（23年11月）
- 米国法人設立完了（23年11月）
- 遺伝子合成企業との協業（24年8月）

- 海外市場でのマーケティングを実施
- 国内でもBioJapan2025、関連学会等イベントでの露出、データベースx探索技術に関心がある企業へのアプローチ
- 複数の協業実績を積み上げ（25年11月時点）

国際競争上の優位性

- 遺伝資源は日本固有の環境から取得されるため国外の競合他社DBと差別化
- データベース、遺伝子探索についてはすでに国内外の顧客候補から、独自性・新規性に強い関心が示され、評価が進んでいる
- 配列非公開で、誰でもアクセス可能なオープン・クローズ型タンパク質立体構造DBは不在

- 高度計算環境に加え、一定のウェット評価結果も付与することでDBの信頼性を向上。IT大手が先行するDBにはない特色として、機能データも加える
- 特にCO₂固定などの情報を充実させることで、バイオものづくり産業に特化した情報収集の基盤に

- ユースケースの創出により、当該事業の価値を定量的に示し、価格競争リスクを低減
 - スクリーニング精度の向上により、総開発コスト・期間の圧縮の確実性が示されれば、成功報酬の値上げも検討可能

1. 事業戦略・事業計画／事業化面の取組内容に関する参考資料

GI基金コンソーシアム活動内での研究開発に加え、遺伝子データx探索技術を基盤としたバイオものづくりの社会実装に向け、自社開発及び事業化活動を推進している

研究開発・実証

- 環境試料に対するSAG解析（51サンプル）・タンパク質三次元構造予測（500万遺伝子超）の実施（25年3月、GI基金コンソーシアム活動内）
- 新規遺伝子・ゲノム収集技術に関する発明の海外国内移行出願を完了（25年4月）
- 極限環境由来を含む、自社独自遺伝子データの継続的な拡張を実施、自社保有データベースは27億遺伝子に到達（25年11月）

設備投資

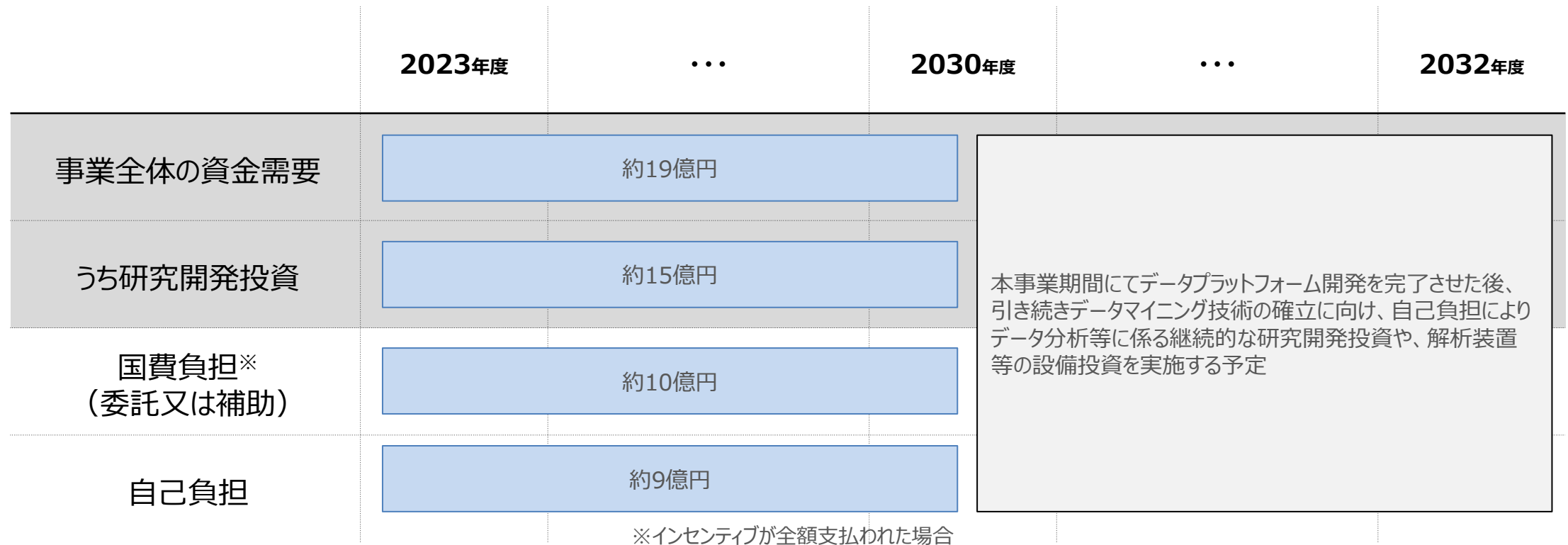
- タンパク質立体構造予測サーバーの構成を設計し、設置。立体構造予測パイプラインの構築後、稼働済み（23年11月、GI基金コンソーシアム活動内）
- 海外拠点の設置に向けて、米国法人の設立済み、活動中（23年11月）

マーケティング

- 海外：SynBioBeta2025に出展、自社独自データベースの海外市場でのマーケティングを実施し、今後の当該事業に関心あるポテンシャルユーザーとのネットワーク構築を進展。
- 国内：BioJapan2025、関連学会・展示、各種イベントでの露出を増やし、データベースx探索技術に関心がある企業へのアプローチを実施。自社事業で複数プロジェクトの協業実績の積み上げ。（25年11月）

1. 事業戦略・事業計画 / (7) 資金計画

国の支援に加えて、9億円規模の自己負担を予定



2. 研究開発計画

2. 研究開発計画 / (1) 研究開発目標

CO₂固定微生物利活用プラットフォームの確立というアウトプット目標を達成するために必要なKPIを設定

研究開発項目

1. 有用微生物の開発を加速する微生物等の改変プラットフォーム技術の高度化

アウトプット目標

「今後様々な事業者の挑戦が期待できる我が国の「微生物によるCO₂の直接資源化」の開発速度を上げ、バイオものづくりを促進する」ために、本事業では、CO₂からのバイオものづくりの開発環境の基盤整備を行い、CO₂固定微生物利活用プラットフォームを構築・運用することで、CO₂固定能を有する生産用微生物の開発期間を最大1/10程度に短縮することを目標にする。

収集したCO₂固定微生物株は生物資源保存・提供機関として実績のある独立行政法人製品評価技術基盤機構（NITE）より安定的に提供するとともに、構築したCO₂固定微生物利活用プラットフォームについては、NITEの既存のデータベース（微生物横断プラットフォーム：DBRP）の管理体制に沿って運営・管理し、情報を継続的に提供し続けるとともに、さらなる情報拡充に努め、CO₂固定微生物を用いたバイオものづくりのための開発基盤として継続的に維持していく。

KPI

「CO₂固定微生物利活用プラットフォーム」を構築する。本プラットフォームに1,500株以上のCO₂固定微生物に関連するデータを格納し、培養情報やゲノム情報をはじめとする様々なデータを国内の産業界やアカデミア等が一元的に検索することを可能にする。また、培地、代謝及び遺伝子モチーフに関する情報を統合及び可視化し、研究開発に適した微生物や遺伝子を選べるようにする。さらに、プラットフォームによるデータ公開と並行して、収集したCO₂固定微生物を安定的に提供するとともに、物質生産にとって有用な遺伝子改変用宿主微生物を利用可能とする。これらの情報、遺伝子、菌株の活用により代謝経路のデザインのハードルを下げ、有用微生物開発にかかる時間や労力の削減を実現する。その結果、従来技術では実現が難しかった機能や特徴をもった物質生産用のCO₂固定微生物を構築できる可能性を高め、その開発期間を短縮することに貢献する。

KPI設定の考え方

多様なニーズに対応するためには、株数は重要な指標になる。情報を付与した上で提供する場合、単離（同一株は除外）や各解析の難易度・必要時間、2030年という期限を考慮すると、提供可能な微生物数は1,000株程度が上限と思われる。

ここまでのプロセスでのKPIを勘案して、プラットフォームにプロジェクトの最終結果として解析結果である遺伝子や培養情報を1,500株分以上提供可能とする。利用候補ユーザーにヒアリングを行い、プラットフォームのバージョンアップを行った上で利用候補ユーザーに3件以上提案し、利用に繋げる。

2. 研究開発計画 / (1) 研究開発目標

KPIを達成するために必要な複数の項目別目標を設定

研究開発項目

1. 有用微生物の開発を加速する微生物等の改変プラットフォーム技術の高度化

研究開発内容

① CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備

② バーチャルCO₂固定微生物・単離菌のゲノム情報収集

③ CO₂固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発

④ CO₂固定微生物利活用プラットフォーム構築

項目別目標*

提供可能なCO₂固定微生物：1,000株以上
CO₂固定経路関連酵素の解析：50種以上

MAG：300サンプル以上
SAG：200サンプル以上
単離菌ゲノム解読：1,000株以上

ツールのプラットフォーム搭載：3件以上
培地DBへのデータ追加：100件以上
三次元構造予測：40M遺伝子産物以上

菌株とその遺伝子・培養情報提供：
1,500株以上（うち有用株100株以上）
プラットフォームのバージョンアップ：2回
プロジェクト参画機関への利用提案：3件

項目別目標設定の考え方

今後CO₂固定微生物は多種多様な用途が見込まれる。これに対応するために、提供可能なCO₂固定微生物数を現保有株数（約100株）の10倍の1,000株として設定。遺伝子操作による物質生産への応用を視野に、CO₂からの物質生産に繋がる代謝経路の解析や代謝経路を構成する酵素の解析を実施する。多様なデータ取得を目指して50種とした。

現保有株数の約100株をもとに、計算機環境やソフトウェアの性能を勘案してメタゲノム解析を行う環境サンプル数や解析するMAG/SAG数を設定。単離菌のゲノム解読は基盤データとしてきわめて重要なため現保有菌株数の10倍を設定。

DBTL加速に有用な①培地、②代謝、③遺伝子モチーフに関する検索ツールを開発し、プラットフォームに掲載する。AI技術等により適した培地を提案できるように100件の培地データを追加し充実を図る。三次元構造予測は現状250遺伝子/(時・サーバー)で解析可能であるが20倍に増強の見込みであることを踏まえ40M遺伝子産物とした。

既存の知見や今回得られた成果をプロトタイププラットフォームとして公開し、ユーザーが利用できるようにすると共に、利用候補ユーザー（研究開発項目2担当グループ等）にヒアリングを行い、ユーザービリティを確認し、改良（バージョンアップ）する。最終バージョンを利用候補ユーザーに提案し、利用に繋げる。

*項目別目標とは、実施計画書においてKPI達成に向けて実施する4つの研究開発内容（①～④）に対して設定された数値目標等を指す

2. 研究開発計画 / (2) 研究開発内容 (全体像)

KPI、各項目別目標の目標達成に必要な解決方法 (1/2)

KPI	現状	達成レベル (2030年)	解決方法	実現可能性 (成功確率)
<p>「CO₂固定微生物活用プラットフォーム」を構築する。本プラットフォームに1,500株以上のCO₂固定微生物に関連するデータを格納し、培養情報やゲノム情報をはじめとする様々なデータを国内の産業界やアカデミア等が一元的に検索することを可能にする。また、培地、代謝及び遺伝子モチーフに関する情報を統合及び可視化し、研究開発に適した微生物や遺伝子を選べるようにする。さらに、プラットフォームによるデータ公開と並行して、収集したCO₂固定微生物を安定的に提供するとともに、物質生産にとって有用な遺伝子改変用宿主微生物を利用可能とする。これらの情報、遺伝子、菌株の活用により代謝経路のデザインのハードルを下げ、有用微生物開発にかかる時間や労力の削減を実現する。その結果、従来技術では実現が難しかった機能や特徴をもった物質生産用のCO₂固定微生物を構築できる可能性を高め、その開発期間を短縮することに貢献する。</p>	<p>NBRCで提供可能なCO₂固定微生物160株程度のデータを提供可能。 (TRL1) CO₂固定微生物の関連情報は乏しくかつ散在しており、特化したプラットフォームはない。 (TRL3)</p>	<p>1,500株のデータを提供可能にする。 (TRL2) DBTLサイクルの短縮に資する情報を効率的に検索できるデータベースとツールを搭載したプラットフォームを構築する。(TRL6)</p>	<ul style="list-style-type: none"> CO₂固定微生物取得が期待される地域から環境サンプルを採取し、スクリーニングを行うとともに、CO₂固定微生物の生育速度、代謝等の関連データを解析する。 単離菌ゲノム解析、MAG/SAG解析を行う。 各種検索ツールを開発しプラットフォームへ搭載する。培地情報をデータベースへ格納すると共に、遺伝子産物の三次元構造予測を行う。 利用候補ユーザーにヒアリングを行い、ユーザービリティを確認し、バージョンアップする。 プラットフォームにより菌株とそのゲノム情報、培養情報等を提供する。 	<p>微生物の収集については、実現可能性が高いと思われるが、これまでない多岐にわたるデータをカバーするプラットフォームの構築は難度が高い。バイオ×デジタルの長年の経験を活用して課題を克服する。(60%)</p>
<p>研究開発内容 <u>項目別目標</u></p> <p>1 CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備</p>	<p>提供可能なCO₂固定微生物：1,000株以上 CO₂固定経路関連酵素の解析：50種以上</p>	<p>1,000株以上、提供可能にする。併せてCO₂固定経路関連酵素の解析を50種以上実施し、代謝経路情報を提供する。 (TRL2)</p>	<ul style="list-style-type: none"> CO₂固定微生物取得が期待される地域から環境サンプルを採取し、スクリーニングを行う <ul style="list-style-type: none"> 海・土壌・温泉地（炭酸泉）・糞便 オミクス解析結果等を基に代謝経路を予測する CO₂固定微生物の培地・培養情報を取得する CO₂固定関連酵素の生化学的解析と代謝産物解析を通して、経路の実証・酵素の有用性を明らかにする。 日本の研究機関に、寄託されていないCO₂固定微生物の寄託を呼びかける。 	<p>左記のスクリーニング・菌株収集を行うことで多様な微生物が確保可能。その結果、CO₂固定代謝/酵素の解析の成果も期待される。(90%)</p>

2. 研究開発計画 / (2) 研究開発内容 (全体像)

KPI、各項目別目標の目標達成に必要な解決方法 (2/2)

研究開発内容	項目別目標	現状	達成レベル (2030年)	解決方法	実現可能性 (成功確率)	
2	バーチャルCO ₂ 固定微生物・単離菌のゲノム情報収集	MAG: 300サンプル以上 SAG: 200サンプル以上 単離菌ゲノム解読: 1000株以上	CO ₂ 固定微生物に特化した単離菌ゲノム及びMAG/SAGデータの網羅的な収集は行われていない。データ取得に向けたルールを整備したところ。(TRL4)	CO ₂ 固定微生物に特化した単離菌ゲノム1,000株、MAG300サンプル、SAG200サンプルの各データの充実が図られている。	<ul style="list-style-type: none"> MAG構築 <ul style="list-style-type: none"> 開発したメタゲノムリード検索ツール・データベースを最適化・拡張(3TB→5TB) SAG解析 <ul style="list-style-type: none"> bitBiomeのリソース・ノウハウを活用 単離菌ゲノム解読 <ul style="list-style-type: none"> 遺伝研の解読リソースとノウハウを活用 	MAG/SAG構築で扱うデータが膨大なために困難だが新規サーバーとDB拡張で対応(70%)
3	CO ₂ 固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発	ツールのプラットフォーム搭載: 3件以上 培地DBへのデータ追加: 100件以上 三次元構造予測: 40M遺伝子産物以上	培地情報のDB化を開始したがデータの記述の標準化が必要。三次元構造予測も始めて数年で研究レベル。(TRL4)	培地データ(100件)及び代謝情報等がDB化され、搭載された3件のツールを用いて検索可能となる40Mの三次元構造予測データからCO ₂ 固定遺伝子をDB化する(TRL6)	<ul style="list-style-type: none"> 各種検索ツールの開発とプラットフォーム搭載 <ul style="list-style-type: none"> 検証時の優先度合いが高い①培地・培養条件、②代謝、③遺伝子モチーフに関する検索ツールを開発 培地DBへのデータ追加 <ul style="list-style-type: none"> 新たに開発した培地DBを活用 三次元構造予測 <ul style="list-style-type: none"> 現時点で最高レベルの解析サーバー20台を導入 	難易度の高いツールの開発や計算が必要。長年のノウハウと最高レベルのサーバーを活用(70%)
4	CO ₂ 固定微生物利活用プラットフォーム構築	菌株とその遺伝子・培養情報提供: 1,500株以上(うち有用株100株以上) プラットフォームのバージョンアップ: 2回 プロジェクト参画機関への利用提案: 3件	CO ₂ 固定微生物の関連情報は乏しくかつ散在しており、特化したプラットフォームはない。文献やDBから関連情報の収集に着手したところ。(TRL3)	DBTLサイクルの短縮に資する1,500株以上(うち有用株100株以上)の菌株とその遺伝子・培養情報を搭載したプラットフォームを構築、3件の参画機関への利用提案を行う(TRL6)	<ul style="list-style-type: none"> プラットフォームによる菌株とその遺伝子・培養情報の提供 <ul style="list-style-type: none"> 既存の微生物株DBをもとにCO₂固定微生物に関する情報に特化したDBを開発 プロトタイプ公開とユーザーヒアリング <ul style="list-style-type: none"> プラットフォームのプロトタイプ完成後に候補ユーザーに公開し、ヒアリングを通じて改良を行いユーザービリティを順次向上させる 	これまでない多岐にわたるデータをカバーすることが必要。バイオ×デジタルの長年の経験を活用する(60%)

2. 研究開発計画 / (2) 研究開発内容 (これまでの取組)

各KPIの目標達成に向けた個別の研究開発の進捗度 (1/2)

KPI

直近のマイルストーン

SG1までのプラットフォームプロトタイプでは、CO₂固定微生物400株以上の生育速度等の基本特性、培地情報や遺伝子情報を格納する。プラットフォームプロトタイプは、国内の産業界やアカデミア等がその格納情報を参照・比較検討することで、研究開発目的に合致する微生物の選択が可能となることを目指す。また、必要に応じてそれらの微生物が利用できる環境を整備する。その結果、一例として、国内の産業界やアカデミア等が、生育の速い選抜株を改変用の宿主として利用し、プラスチック原料等の生産株として用いることでCO₂固定微生物を利活用する研究開発の促進に貢献する。



これまでの (前回からの) 開発進捗

- 微生物分離のための環境サンプル取得 (関東や東北の温泉や土壌) と新規CO₂固定微生物の分離 **非公表** (①)
- 既存CO₂固定微生物の代謝経路や産物に関する解析 (①)
- 遺伝子操作系構築のためのマーカー遺伝子に関する知見の整理 (①)
- 単離菌ゲノム解析 **非公表**、MAG解析 **非公表**、SAG解析 **非公表** (②)
- TogoMediumにデータ追加 **非公表** (③)
- タンパク質三次元構造予測データの取得 **非公表** (③)
- 提供可能なCO₂固定微生物リスト **非公表** と文献からのCO₂固定微生物リスト **非公表** をGIフォーラム向けに公開 (④)
- CO₂固定微生物利活用プラットフォーム (POMIC) 第1版 (微生物版) の開発完了 (④)
- 万博展示開始 (④)

進捗度

○ (理由) 全ての研究開発内容で、活動を進めた。また、菌株及び関連情報の提供とニーズのヒアリングを効果的に行うための新たな仕組み (GIフォーラム) を運営し、情報提供を進めるとともに、菌株利用につなげた。

研究開発内容

- 1 CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備

直近のマイルストーン

提供可能となるCO₂固定微生物:400株以上
CO₂固定経路関連遺伝子候補の選定・解析着手: 25種類以上



これまでの (前回からの) 開発進捗

- 微生物分離のための環境サンプル取得と新規CO₂固定微生物の分離 **非公表** [1.2, 1.3]
- 新規CO₂固定微生物の提供株の生育検討 [1.2, 1.3]
- 既存好熱性水素酸化細菌の各種培養条件における応答・耐性機構の解析 [1.4]
- 既存超好熱菌のCO₂が関与するアミノ酸生合成経路やC1化合物代謝に関する解析 [1.5]
- CE-MSを用いたCO₂固定能解析、GC・LCによる培養ガス・産物の解析 [1.6]
- 候補株の選定及び遺伝子操作系構築のための知見の整理 [1.7]

進捗度

○ (理由) これまでに既存株に加え新規分離株を **非公表** 取得 (SG1目標をクリア済み) しており、株取得は順調である。CO₂固定経路解析に関連した研究も計画通り進捗 **非公表** している。

2. 研究開発計画 / (2) 研究開発内容 (これまでの取組)

KPI及び各項目別目標達成に向けた個別の研究開発の進捗度 (2/2)

研究開発内容	直近のマイルストーン	これまでの (前回からの) 開発進捗	進捗度
2 バーチャルCO ₂ 固定微生物・単離菌のゲノム情報収集	MAG : 80サンプル以上 SAG : 50サンプル以上 単離菌ゲノム:300株以上	<ul style="list-style-type: none">単離菌ゲノムの解析 非公表 と自動アノテーションによるCO₂固定関連酵素遺伝子の予測 [2.1]温泉地や土壌、海底熱水噴出孔等の環境サンプルからのMAG解析 非公表 及びSAG解析 非公表 [2.2, 2.3]	○ (理由) MAG及びSAG解析はSG1目標をクリア済み、単離菌ゲノム解析も計画通り進捗している。
3 CO ₂ 固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発	ツールのプラットフォーム搭載 : 1件以上 培地DBへのデータ追加 : 20件以上 三次元構造予測 : 10M遺伝子産物以上	<ul style="list-style-type: none">NBRC、JCM、DSMZの培地に関して培地成分の記述を比較し、非公表 の記述 (別名含む) を培地用語としてTogoMediumに追加 [3.1, 3.2]7種類の既知CO₂固定経路の存在をゲノムから予測するツールを開発。プロジェクトで調査して得られた 非公表 のゲノムについて適用し、従来ツールと比較して予測精度の優位性を確認 [3.3, 3.4]CO₂固定関連パスウェイの鍵酵素遺伝子を対象に配列からモチーフのパターンを試作 [3.5]プロジェクトで扱っている単離菌/MAG/SAGから得られた遺伝子を対象に 非公表 非公表 タンパク質三次元構造予測シミュレーションを実施 [3.6]	○ (理由) 代謝パスウェイ、ゲノム、遺伝子、ドメイン・モチーフ情報と多面的にCO ₂ の鍵酵素情報をとりまとめてツール化を進めた。培地DB、タンパク質三次元構造予測シミュレーションもプラットフォームの相互連携に向け仕様を検討。
4 CO ₂ 固定微生物利活用プラットフォーム構築	プロトタイプDB開発	<ul style="list-style-type: none">CO₂固定微生物利活用プラットフォームPOMIC (Platform of Microbial CO₂ fixation) のプロトタイプ第1版 (微生物版) を開発。2025年5月にGIフォーラムユーザー向けに限定公開。7月、10月にデータ追加[4.1]CO₂固定微生物に関する 非公表 文献を収集。CO₂固定のエビデンスの記載が論文にある、あるいは実験的に確認した770種1,335株について培養情報や菌株の性質等の菌株情報をPOMICデータとして収載 [4.1]GIフォーラムキックオフミーティング、NITEかずさ見学会を実施 [4.2]CO₂固定微生物リスト 非公表 をGIフォーラム向けに公開 [4.1, 4.2]GIフォーラムに 機関 参画、非公表 にデータ提供アカウント発行、機関 に 株 を提供 [4.2]万博展示を開始 [4.3]	○ (理由) 有用な菌株についていち早く提供してほしいというニーズを踏まえ、CO ₂ 固定微生物利活用プラットフォームを開発し、1,000株を越える菌株について情報を一元的にとりまとめた。また早期に提供する仕組み (GIフォーラム) を運営し、情報提供を進めるとともに、菌株利用につなげた。

2. 研究開発計画 / (2) 研究開発内容 (今後の取組)

個別の研究開発における技術課題と解決の見通し (1/2)

研究開発内容

直近のマイルストーン

1 CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備

提供可能となるCO₂固定微生物:400株以上
CO₂固定経路関連遺伝子候補の選定・解析着手:25種類以上



残された技術課題

- ・微生物分離の効率化
- ・多様な環境サンプルの取得
- ・生育や代謝産物等の情報付与
- ・CO₂固定に関連した生化学的解析
- ・実用化を見据えた有望株（遺伝子破壊系構築株）の選定



- ・MAG/SAG解析用環境サンプルの取得
- ・単離菌ゲノム解析のための候補株（NBRC株等既存株及び新規取得株）の選定
- ・解析データの授受及び登録、一元的保管等のルール化

解決の見通し

以下のような手段を用いて順次解決していく。

- ・新規設備導入
- ・多様な環境サンプルの取得・取扱に関するコンソ内情報交換
- ・日本各地の環境サンプル取得のため、土地所有者等からのサンプル取得許可、取り扱い同意取得。
- ・分離微生物数の増加してきており、ゲノムの解析結果も参照することで、生化学的な研究や有望株の選定も加速する。

2 バーチャルCO₂固定微生物・単離菌のゲノム情報収集

MAG:80サンプル以上
SAG:50サンプル以上
単離菌ゲノム:300株以上

以下のような手段を用いて順次解決していく。

- ・日本各地の環境サンプル取得のため、土地所有者等からのサンプル取得許可、取り扱い同意取得。
- ・「①CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備」において新規分離株の収集に併せて、単離菌ゲノム解析も進めている。
- ・コンソ内で定めたサンプル移動やデータ授受・保管等のルールに則り、サンプルやデータの授受を進める。

2. 研究開発計画 / (2) 研究開発内容 (今後の取組)

個別の研究開発における技術課題と解決の見通し(2/2)

研究開発内容

直近のマイルストーン

3 CO₂固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発

ツールのプラットフォーム搭載：1件以上
培地DBへのデータ追加：20件以上
三次元構造予測：10M遺伝子産物以上

4 CO₂固定微生物利活用プラットフォーム構築

プロトタイプDB開発

残された技術課題

・文献中に記載された培地・培養情報のDBへの反映
・代謝情報の記述の多様性
（回路状のパスウェイの描画方法、反応の可逆性等）
・三次元構造シミュレーションのための入力データ、出力結果の共有

・通常の菌株情報（培養温度、pH、培地等）以外の、CO₂固定微生物独自に取得すべきデータ（一例として増殖速度、炭素源等）の検討
・各菌株のゲノム・遺伝子の側面からの情報提供
・ユーザーにいち早く情報提供するためのデータ共有方法

解決の見通し

・LLMを用いて文献中から効率よく培地・培養情報を取得する。適宜、マニュアルキュレーションでサポート
・代謝情報の記述の多様性：既存の代謝パスウェイDBや類似の表現をしたDBでの例を参考にしつつ仕様を検討。描画方法等試作を実施
・三次元構造シミュレーションでのデータ共有：NextCloudを利用して入力用データを共有する。データに系統立てて採番し、効率よくシミュレーションを行う。結果はNextCloudかbitBiome側の可視化エンジンを呼び出す形式とする。

・CO₂固定微生物独自に取得すべきデータ：情報源や網羅性については文献や各種データベースを調査した。実際にどんな要望が出て、それに対して対応するかについてはGIフォーラムでの今後のヒアリングを通じて検討する
・ゲノム・遺伝子の側面からの情報提供：各菌株ゲノムの情報やCO₂固定パスウェイの有無についてPOMICの追加開発を実施中
・ユーザーへのデータ共有方法：GIフォーラムでの今後のヒアリングを通じて、よりよいデータ共有方法や仕組みを検討する

2. 研究開発計画／参考資料

参考資料：コンソーシアムの研究進捗概要

研究開発におけるアウトプットイメージ

課題

利用可能な
CO₂固定微生物株の不足

培養関連の情報の不足

菌株関連情報の不足

- ・ゲノム情報
- ・代謝系情報
- ・有用酵素情報
- ・遺伝子操作系

既存データの未整理

- ・有用微生物情報
- ・生息環境
- ・文献情報

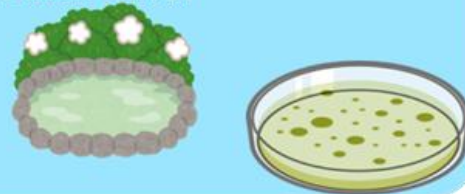
情報の一元化・検索容易性
の不備

我が国の事業者による、合成生物学的手法等を用いた生産用微生物の開発を促進し、我が国のCO₂からのバイオものづくりを活性化することに貢献

CO₂固定微生物利活用プラットフォームの構築と運用

CO₂固定微生物の探索
及び有用情報整備

- ① 環境サンプル（温泉水など）からの新規微生物の取得
- ② 微生物の培養情報の取得
- ③ CO₂固定に関連する代謝経路や酵素の解析



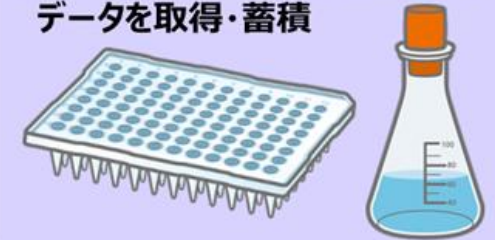
バーチャルCO₂固定
微生物及び単離菌の
ゲノム情報収集

- ① 単離菌のゲノム解析
- ② 環境サンプルから直接ゲノム情報を取得

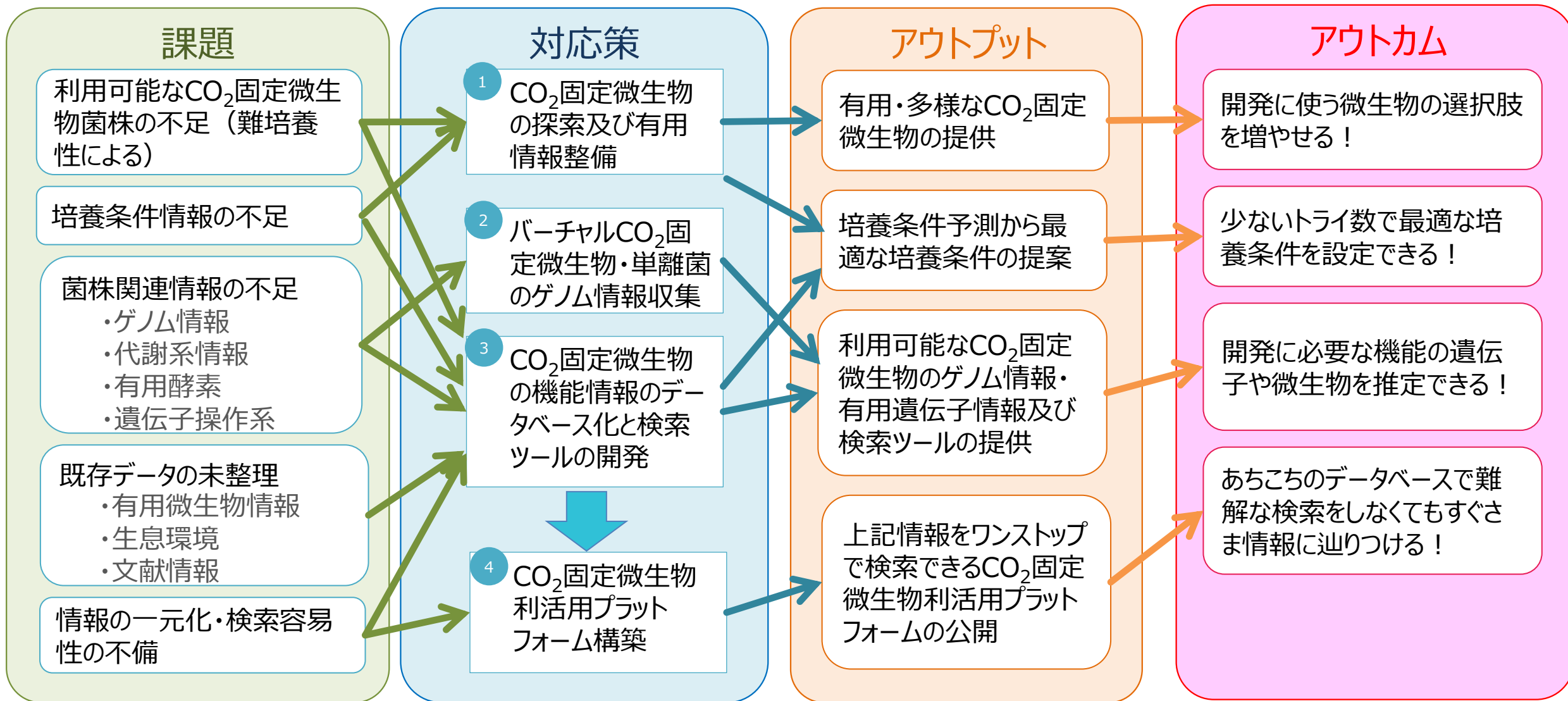


CO₂固定微生物の機能
情報のデータベース化
と検索ツールの開発

- ① 培地、代謝、遺伝子モチーフを検索するツールを開発
- ② タンパク質の三次元構造予測データを取得・蓄積



全体で目指す姿



CO₂固定微生物の分離

CO₂固定微生物の探索

多様な分離源からのサンプル採取

土壌、河川水、海水、温泉水、
海底熱水噴出口、動物糞

分離手法の多様化

- ✓ グラム陽性菌の選択的な分離
- ✓ ドロップレットシステムによる分離
- ✓ Hybrid biological-inorganic system(HBIシステム)による分離

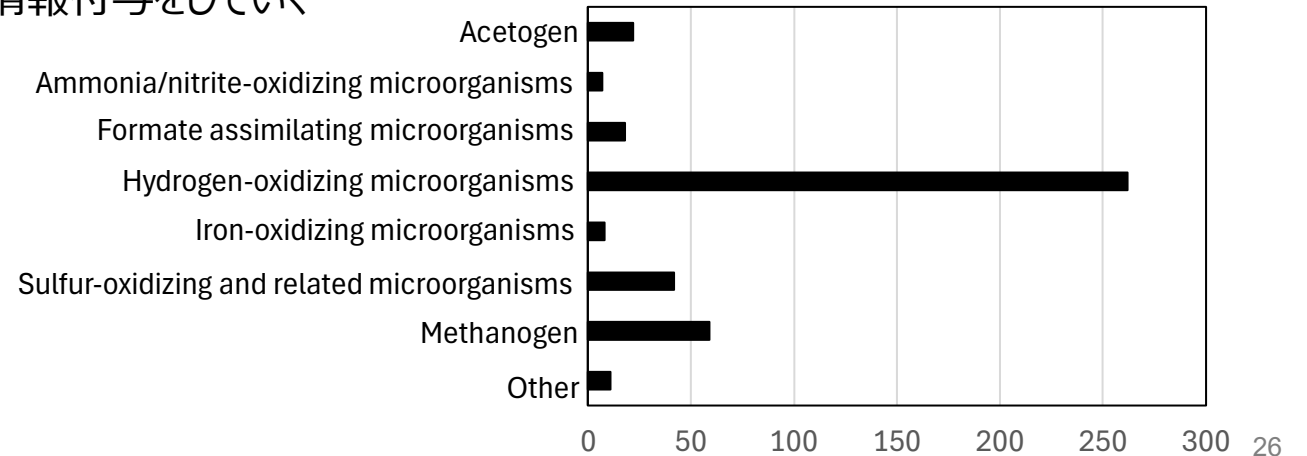


ステージゲート1
400株以上
(達成済み)

2030年
1,000株以上

分離状況：全分離株数 非公表

- ✓ 中温性の水素酸化細菌が中心
 1. *Cupriavidus necator* 非公表 や
*Xanthobacter*属など、既存有用種の類縁株を多数獲得
 2. 報告の少ないグラム陽性の水素酸化細菌を分離（グラム陰性におけるエンドトキシン）
 3. 既知種であるが独立栄養性として新規報告
 4. 系統的に新規な水素酸化細菌
- ✓ ギ酸資化性菌
- ✓ 高温性などより多様性を拡大していく
- ✓ 水素酸化細菌以外も分離していく
- ✓ 情報付与をしていく



GIフォーラム提供株のうちわけ

CO₂固定に関わる代謝関係トピック

¹³Cを用いたCO₂固定経路の検証

- ✓ メタン生成古細菌におけるCO₂固定経路解析(Fukuyama *et al.* ISME Communications)
- ✓ *Thermococcus*における新規アスパラギン酸合成酵素を含む代謝経路解析 (Su *et al.* Appl Environ Microbiol)

既存水素酸化細菌の代謝経路解析

- ✓ *Hydrogenobacter thermophilus*における酸素等への応答解析
- ✓ *Hydrogenophilus thermoluteolus*における呼吸に関する遺伝子発現の解析

水素酸化細菌モデル株CO₂固定経路解析

Hydrogenophilus thermoluteolus

- ✓ ¹³Cを用いたCO₂固定経路の解析
- ✓ RNA-seqにより*H. thermoluteolus*の基本的な培養条件におけるトランスクリプトームデータの収集

NITE分離株*Hydrogenophaga*属

- ✓ ¹³Cを用いたCO₂固定経路の解析

水素酸化細菌NITEコンソ分離株への代謝情報付与

*Cupriavidus necator*類縁株

- ✓ 独立栄養条件での増殖検討、増殖速度検討
- ✓ CO₂消費量の確認



GIフォーラムを通してデータの提供へ

GI基金参画事業者への
ヒアリングによるニーズの
把握

ゲノム情報の解析 & 集積状況

既存のNBRC株
NITEコンソによる全分離株
環境試料由来MAG
環境試料由来SAG

ステージゲート 1
単離菌ゲノム: 300株以上
MAG: 80サンプル以上
SAG: 50サンプル以上
(年度末 達成)

2030年
1,500株以上

ゲノム解析状況：

既存のNITE保有株
NITEコンソ分離株

非公表

MAG
SAG

- ✓ アノテーション情報を付与して、ゲノム情報解析、代謝解析（CO₂固定経路、物質生産）、遺伝子組換え系構築検討、タンパク質の三次元構造予測のソースとする
- ✓ GIフォーラムへの提供

ゲノムを用いた7種類の既知のCO₂固定経路の推定ツールの開発

- 実験で機能遺伝子の働きが確認された15リファレンスゲノムを基盤とした文献情報と遺伝子の系統プロファイルによる各CO₂固定経路のマーカー酵素遺伝子の選定

358種の菌株が所持するCO₂固定経路

	CBB	rTCA	WL	3HP	3HP/4HB	DC/4HB	rGly	Total
<i>Actinomycetota</i>	11							11
<i>Aquificota</i>		23						23
<i>Bacillota</i>	7		56				2	65
<i>Campylobacterota</i>		19						19
<i>Chloroflexota</i>				1				1
<i>Deferribacterota</i>		1						1
<i>Methanobacteriota</i>			61					61
<i>Nitrososphaerota</i>					10			10
<i>Nitrospinota</i>		3						3
<i>Nitrospirota</i>		3						3
<i>Pseudomonadota</i>	112	1	1					114
<i>Spirochaetota</i>			1					1
<i>Thermodesulfobacteriota</i>		1	29				1	31
<i>Thermodesulfobiota</i>	2							2
<i>Thermomicrobiota</i>	1							1
<i>Thermoproteota</i>					9	7		16
<i>Thermosulfidibacterota</i>		1						1
Total	131	52	148	1	19	6	3	363

- CBB: 3遺伝子
- rTCA: 3遺伝子
- WL: 7遺伝子
- 3HP: 2遺伝子
- 3HP/4HB: 5遺伝子
- DC/4HB: 4遺伝子
- rGly: 11遺伝子
- ゲノムからのルールベースでのCO₂固定経路推定ツールAutoFixMarkの開発
- NITEを中心に手動アノテーションした358種のCO₂固定株を用いたツールの性能評価

プログラムを用いた7種類の既知のCO₂固定経路の 推定ツールの開発と性能評価

- 開発したツールAutoFixMarkは、既存ツール（gapseqとMETABOLIC）と比べてほとんどの経路で正答率・検出率共に最高性能
- 単離菌ゲノム・MAG・SAGから高精度にCO₂固定経路の推定が可能

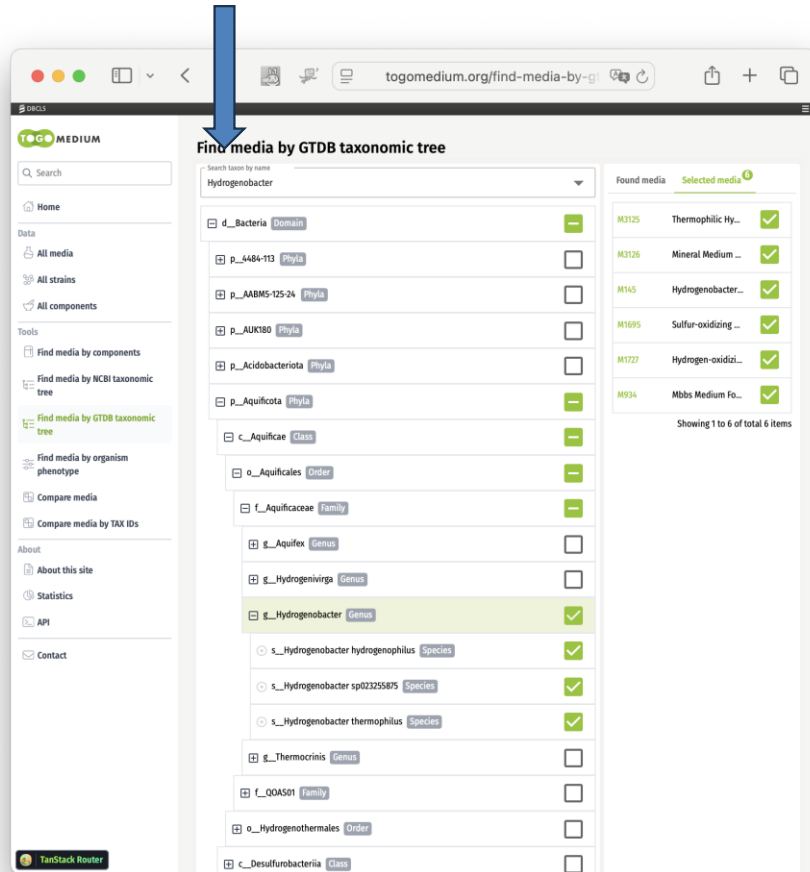
CO ₂ 固定経路	AutoFixMark		gapseq		METABOLIC	
	正答率	検出率	正答率	検出率	正答率	検出率
CBB	96.9	95.4	98.4	91.6	97.5	90.1
rTCA	95.2	81.6	88.1	75.5	100	67.3
WL	100	87	98.9	61	91.9	93.8
3HP	100	100	50	100	1.1	100
3HP/4HB	100	94.1	0	0	23.2	94.1
DC/4HB	66.7	80	N.A.	N.A.	N.A.	N.A.
rGly	18.2	66.7	0	0	N.A.	N.A.

358種のCO₂固定菌株
データを用いた
ツールの性能評価結果

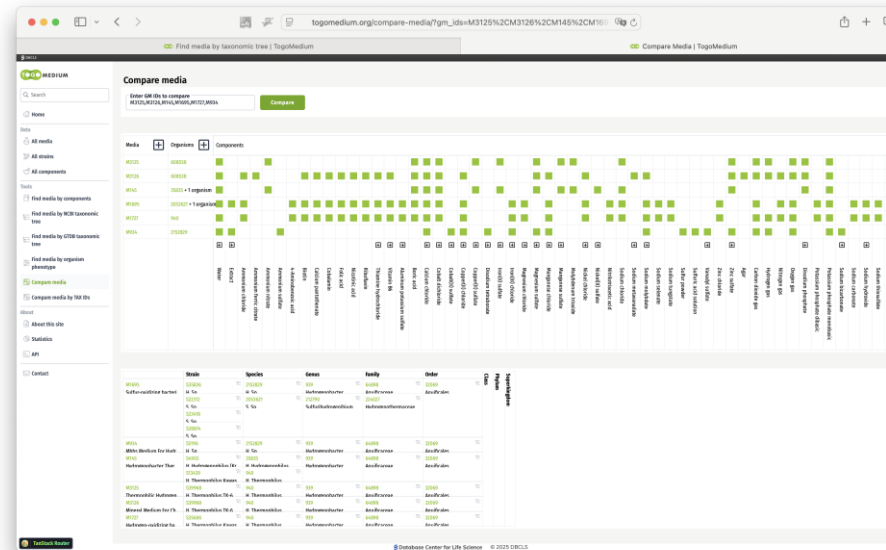
CO₂固定経路の酵素遺伝子の充足率等を元に7種類のCO₂固定経路の亜型（type）を含めて推定可能なツールも現在開発中

TogoMedium / パスウェイ可視化ツールの開発

生物種名からの直接検索にも対応

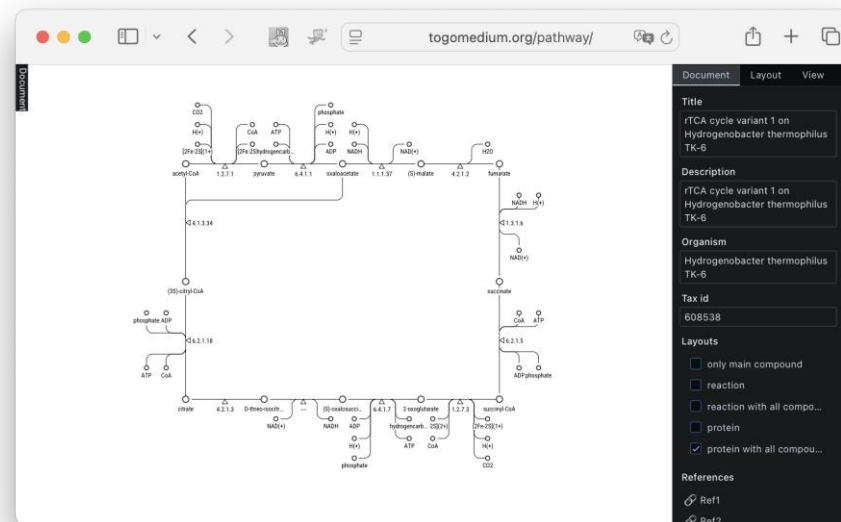


NCBI Taxonomyに加え、新たに GTDB階層からの培地検索に対応



CO₂固定株用の培地を追加 **非公表**

培地成分のDSMZとの相互参照の開始



7種のCO₂固定パスウェイの可視化データの整備

タンパク質三次元構造予測データ集積、解析ツール整備

三次元構造解析システム

◆ データセンター（高セキュリティ、高可用）

非公表

◆ Bioinformatics tools

非公表

◆ Cheminformatics tools

非公表

◆ High Performance Computing System



非公表

◆ システムパフォーマンス

三次元構造推定

非公表

三次元構造データベース

NextCloudにより、遺伝研とゲノム/遺伝子データを随時共有

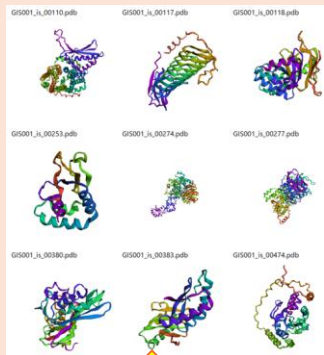
由来	ゲノム数	共有遺伝子	三次元構造
単離株	非公表	非公表	非公表
MAG			
SAG			
Total			

As of Nov 2025

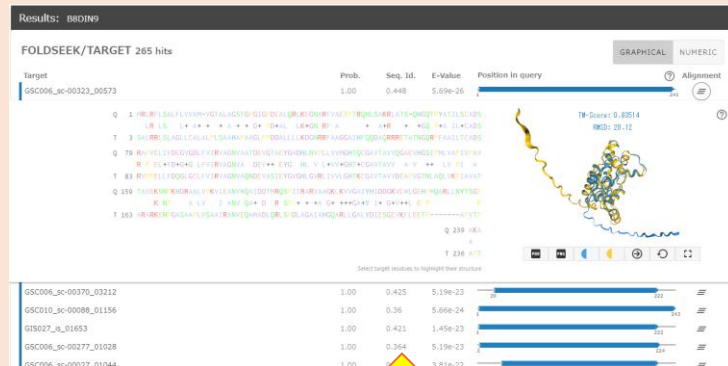
2026年3月までに **1000万遺伝子** の三次元構造データを取得

◆ ユーザに向けた基本サービス

構造の表示（2025年度）



類似構造遺伝子検索（2026年度以降）

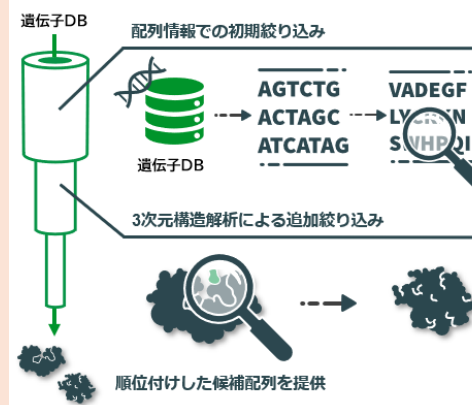


POMICと連携

◆ 三次元構造データの活用事例の作成

提供サービス/データ活用

三次元構造データを用いた酵素スクリーニング手法の開発と評価（2025年度）



スクリーニングステップ

- 配列ホモロジー検索
- ホモログのクラスタリング
- 三次元構造推定によるフィルタリング
- ドッキングモデルの妥当性検証
- 遺伝子ランキング

WET実験による方法論の検証

高活性、熱耐性等の酵素提供が可能に

POMICプロトタイプ第1版（微生物版）の開発と公開

- **CO₂固定微生物利活用プラットフォームPOMIC**（Platform Of Microbial CO₂ Fixation）のプロトタイプ第1版（微生物版）を開発し、2025年5月にGIフォーラムユーザー向けに限定公開を開始した（5月）
GIフォーラム提供株、新たに文献等の調査でCO₂固定が見込まれる株のデータ追加を行った（7月、10月）
- 有用な菌株を検索したい、使ってみたいというニーズを踏まえ、CO₂固定微生物（種、株）の特性や培養情報等を閲覧・検索できる機能を先行開発、新規分離株情報は随時更新予定
- 2025年度からゲノムやCO₂固定鍵酵素等の詳細な情報を提供する「ゲノム・遺伝子版」を開発



POMIC第1版ポータル画面



- 酢酸** 嫌気的環境で水素と炭酸から酢酸を生成することでエネルギー生産を行う微生物
- アモニア** アンモニア酸化菌、亜硝酸酸化菌を含み、 $\text{NH}_3 \Rightarrow \text{NO}_2 \Rightarrow \text{NO}_3$ の経路に関わる微生物
- ギ酸** ギ酸を炭素源やエネルギー源として利用できる微生物
- 水素** 水素を酸化してエネルギーを獲得し炭酸固定を行うことができる微生物
- 鉄** 鉄イオンを酸化してエネルギーを獲得して生育できる微生物
- メタン** 水素と二酸化炭素、酢酸、メタノールなどの有機物からメタンを生成する微生物
- 硫酸** 硫酸還元菌、亜硫酸還元菌、チオ硫酸還元菌を含む
- 硫黄** 硫黄酸化菌以外に、チオ硫酸酸化菌も含む
- その他** 酸化（エネルギー獲得）、還元（電子受容体）に関わらず、上記カテゴリーに含まれないCO₂固定微生物

POMIC収録内容

- 分類情報
- 種特性情報：エネルギー源、酸素要求性等
- 株情報：分離源、原産国、CO₂利用情報等
- 株ゲノム情報：ゲノム、16S rRNA遺伝子、配列類似性等
- 株培養情報：培地情報、pH、温度、倍加時間等
- 論文情報

今後、培養データ、代謝実験データ等の各種実験情報も追加予定

収載されている
CO₂固定微生物
770種
1,335株

文献調査に基づくCO₂固定微生物候補株

非公表

既存株の中でNITEが保有するCO₂固定微生物候補株（NBRC株、RD株）

非公表

非公表

GI基金事業にてNITEコンソが新規に分離した株（RD株）

非公表

「GIフォーラム微生物」
として無償提供中

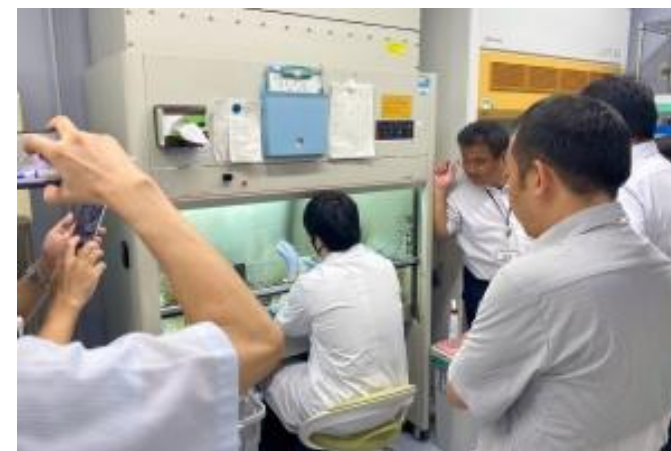
グリーンイノベーションフォーラム（GIフォーラム）の活動

GIフォーラムの主な活動内容：

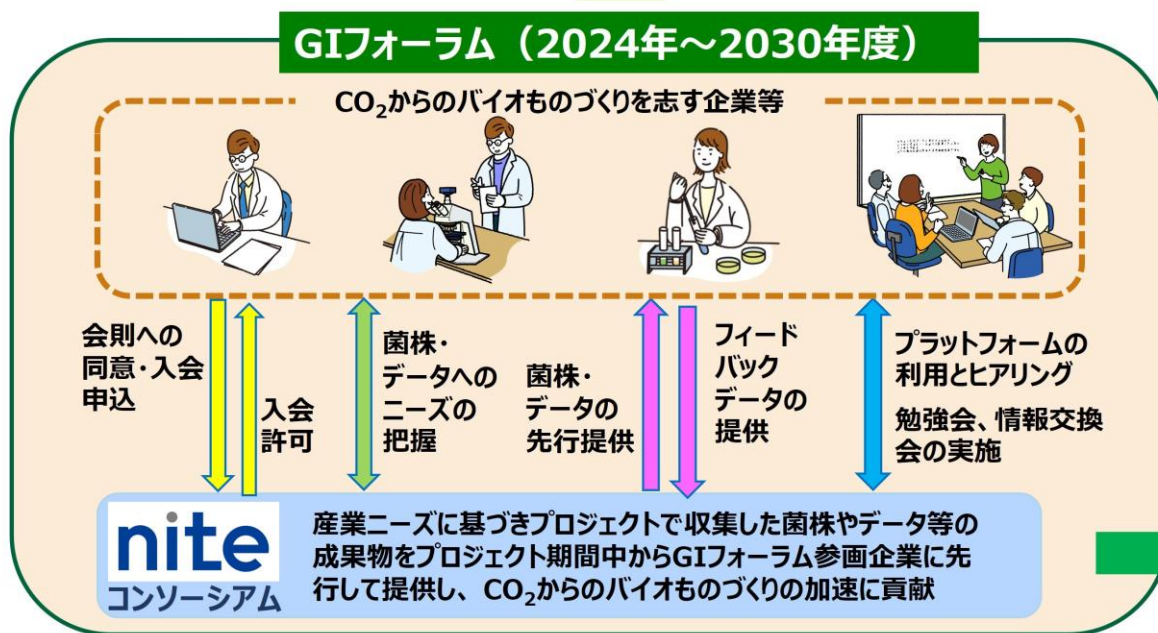
- ・コンソーシアムで得られた成果物（菌株・データ・プラットフォーム）を参画機関に先行提供
- ・参画機関による社会実装を目的とした成果物の利活用とともにデータの一部をフィードバック
- ・CO₂からのバイオものづくり等に関する勉強会や情報交換の実施

CO₂からのバイオものづくりを志す企業等とコンソーシアムが
GIフォーラムを介して連携するwin-winの関係の実現

CO₂からのバイオものづくりに必要な技術基盤の整備を進め、我が国のCO₂を直接原料とした
バイオものづくり産業の活性化とカーボンニュートラルに貢献



NITE見学会の様子



2031年度以降



構築したプラットフォームから菌株・データの一般公開

大阪・関西万博での展示

- 2024年10月21日付でNEDOとの変更契約を締結。
- 日本館展示コンソーシアムと展示コンテンツについて調整を重ね、日本政府館内の「Plant Area（プラントエリア）」、「Farm Area（ファームエリア）」において、微生物の働きによる資源循環に関する展示・演出協力を実施。
- 2025年1月に、日本館公式ウェブサイトよりNITEエリアの展示概要が公表。その後NITEからもプレスリリース発出。
- 4月13日から大阪・関西万博での展示開始、10月13日に展示終了。



日本政府館(画像提供：経済産業省)

- 「Plant Area（プラントエリア）」の展示では、微生物の力により、生ごみ等が分解され、他の生物に必要な水、CO₂、養分（リン・窒素）、電気や熱などが生成される過程を株式会社メディコム・トイの「BE@RBRICK（以下、ベアブリック）」（世界中で人気のクマ型フィギュア）を通してわかりやすく紹介した。
- 「Farm Area（ファームエリア）」の展示では、ベアブリックに扮した水、CO₂、養分（リン・窒素）、電気や熱が微生物の働きにより私たちの生活を支える製品へと生まれ変わるプロセスを紹介した。

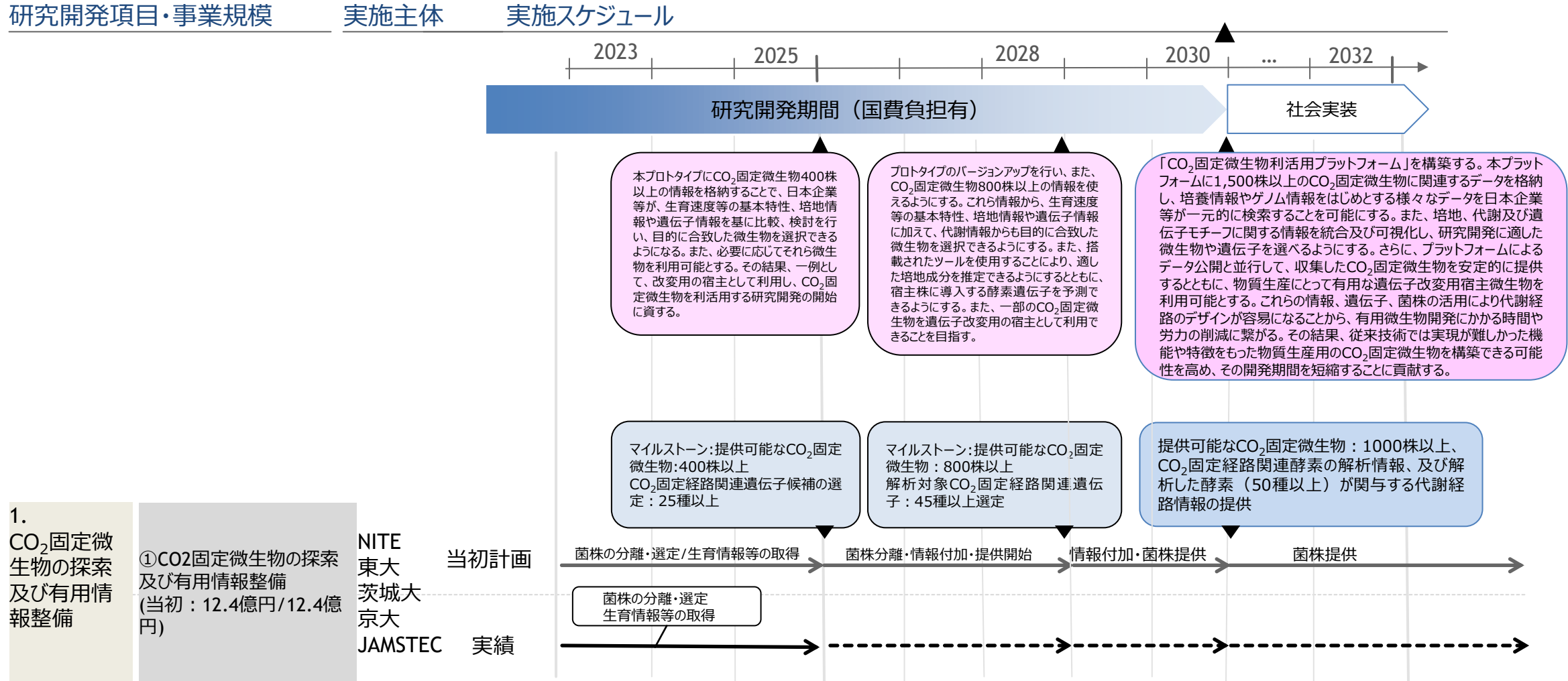


©2026 MEDICOM・TOY

循環の過程をナビゲートするベアブリック
紫色（CO₂） オレンジ（窒素・リン） 水色（水） 赤色（熱） 黄色（電気）

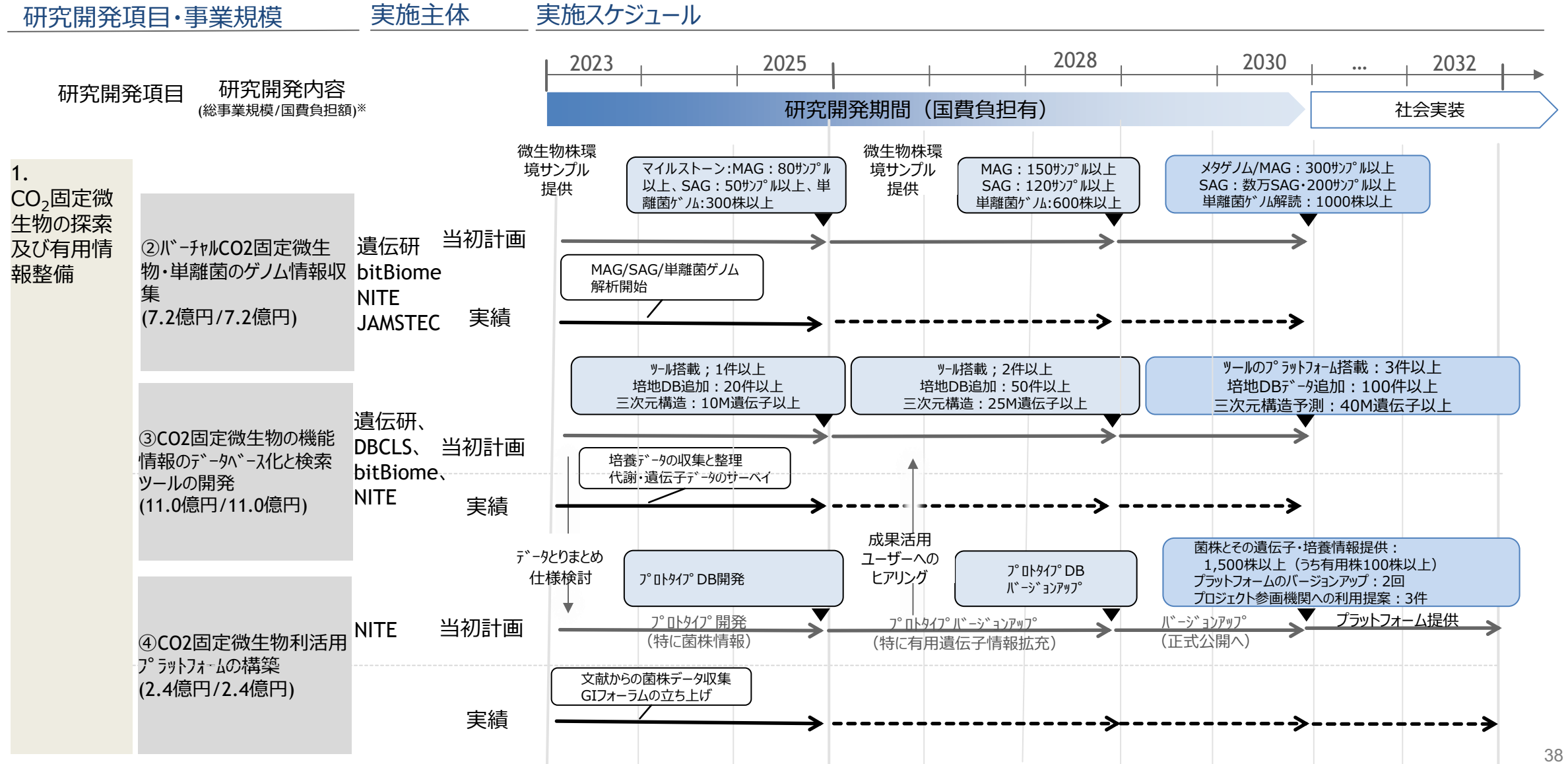
2. 研究開発計画 / (3) 実施スケジュール

複数の研究開発を効率的に連携させるためのスケジュールを計画 (1/2)



2. 研究開発計画 / (3) 実施スケジュール

複数の研究開発を効率的に連携させるためのスケジュールを計画 (2/2)



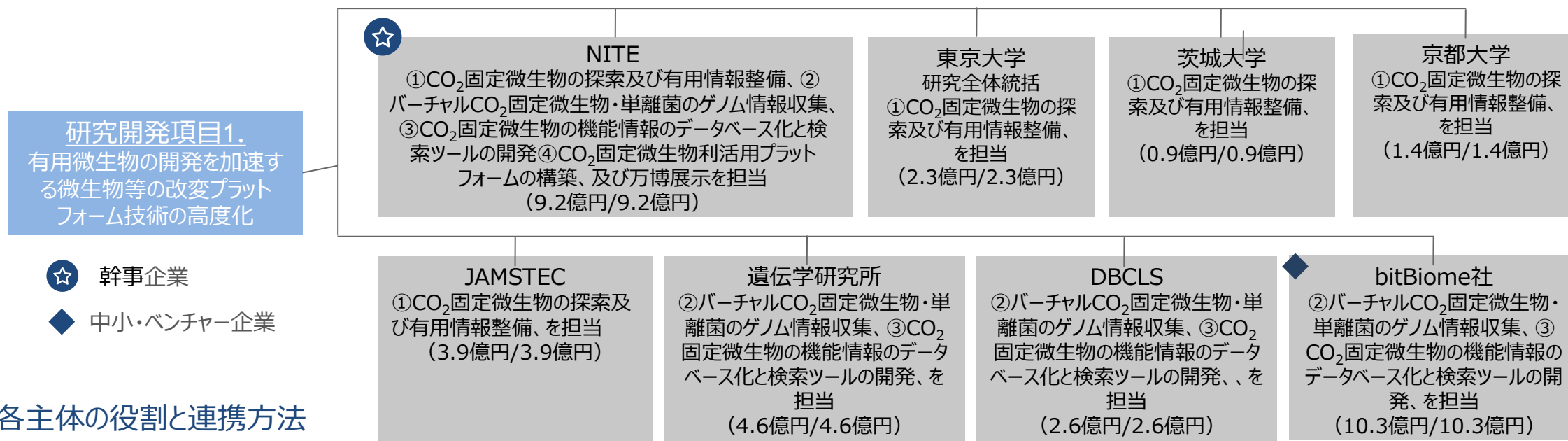
※総事業規模は、実施者の自己負担も含めた総投資額、国費負担額はNEDOからの委託費・補助金の額

2. 研究開発計画 / (4) 研究開発体制

各主体の特長を生かせる研究開発実施体制と役割分担を構築

実施体制図

※金額は、総事業費/国費負担額



各主体の役割と連携方法

各主体の役割

- 研究開発項目1全体の取りまとめは、NITEが行う
- 東京大学は、研究開発全体の統括と、①CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備を担当する
- NITEは、①CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備、②バーチャルCO₂固定微生物・単離菌のゲノム情報収集、③CO₂固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発、④CO₂固定微生物利活用プラットフォームの構築、及び万博展示を担当
- 茨城大学は、①CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備を担当する
- 京都大学は、①CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備を担当する
- JAMSTECは、①CO₂固定微生物の探索及び有用情報整備を担当する
- 遺伝学研究所は、②バーチャルCO₂固定微生物・単離菌のゲノム情報収集、③CO₂固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発を担当する
- DBCLSは、②バーチャルCO₂固定微生物・単離菌のゲノム情報収集、③CO₂固定微生物の機能情報のデータベース化とゲノム情報の開発を担当する
- bitBiome社は、②バーチャルCO₂固定微生物・単離菌のゲノム情報収集、③CO₂固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発を担当する

研究開発における連携方法（共同実施者間の連携）

- ①で採取した環境サンプルは②の環境ゲノム解析に活用する
- ①及び②で整備したCO₂固定微生物に関する有用情報・ゲノム情報を③のデータベース化・ツール開発に活用する
- ①、②で整備したCO₂固定微生物に関する有用情報・ゲノム情報のデータベース、及び③で開発した検索ツールを④のCO₂固定微生物利活用プラットフォームに収載・実装する

中小・ベンチャー企業の参画

- bitBiome社

2. 研究開発計画 / (5) 技術的優位性

国際的な競争の中においても技術等における優位性を保有

研究開発項目	研究開発内容	活用可能な技術等	競合他社に対する優位性・リスク
1 有用微生物の開発を加速する微生物等の改変プラットフォーム技術の高度化	1 CO ₂ 固定微生物の探索及び有用情報整備	<ul style="list-style-type: none"> 様々な微生物の培養実績 (NITE) 様々な微生物の保存・提供実績 (NITE) 水素酸化細菌の分離・培養技術、代謝解析技術 (東京大学・茨城大学) 極限環境微生物の代謝経路・生化学的解析 (京都大学・JAMSTEC) 遺伝子操作系構築 (京都大学・東京大学) 	<ul style="list-style-type: none"> → 企業の産業推進 (特許) に関連した業務遂行 (NITE) → 水素細菌の産業化に向けた研究実績 (茨城大) → 水素細菌代謝/酵素の研究実績 (東大・茨城大) → 新奇代謝経路解析実績 (京大・JAMSTEC) <リスク> 中国などに多額の資金に基づいた解析をされると、データ量で負けるかもしれない。
	2 バーチャルCO ₂ 固定微生物・単離菌のゲノム情報収集	<ul style="list-style-type: none"> 遺伝研開発済メタゲノム解析プラットフォーム PZLAST/MicrobeDB.jp (Mori et al. Bioinformatics. 2021) bitBiome社シングルセルゲノム解析技術 (Chijiwa R et al. Microbiome. (2020)等) 	<ul style="list-style-type: none"> → 遺伝研先端ゲノム推進センターでの設備と実績 → 遺伝研スパコンによる解析環境 → ハイスループットに高品質なSAGを取得する技術を保有 (bioBiome社特許登録済)
	3 CO ₂ 固定微生物の機能情報のデータベース化と検索ツールの開発	<ul style="list-style-type: none"> DBCLSでサンプル情報DBのBioSampleデータについて、提供元のDDBJと連携して長年クレンジングを検討 DBCLSプロトタイプ開発済培地DB : TogoMedium bitBiome社で3次元構造予測した遺伝子数2万配列以上 	<ul style="list-style-type: none"> → DBCLSで10年以上テキストマイニングを利用したクレンジングのノウハウを蓄積 → DBCLS TogoMediumにより培地データ蓄積の素地を確立 → bitBiomeで3次元構造予測を利用した実績30件以上
	4 CO ₂ 固定微生物利活用プラットフォーム構築	<ul style="list-style-type: none"> NITE開発微生物資源データプラットフォームDBRP 微生物遺伝子機能検索DB (MiFuP) 	<ul style="list-style-type: none"> → 58,000微生物株の情報を提供(NITE) → ゲノム配列情報から微生物の機能を推定するデータベースを運用(NITE)

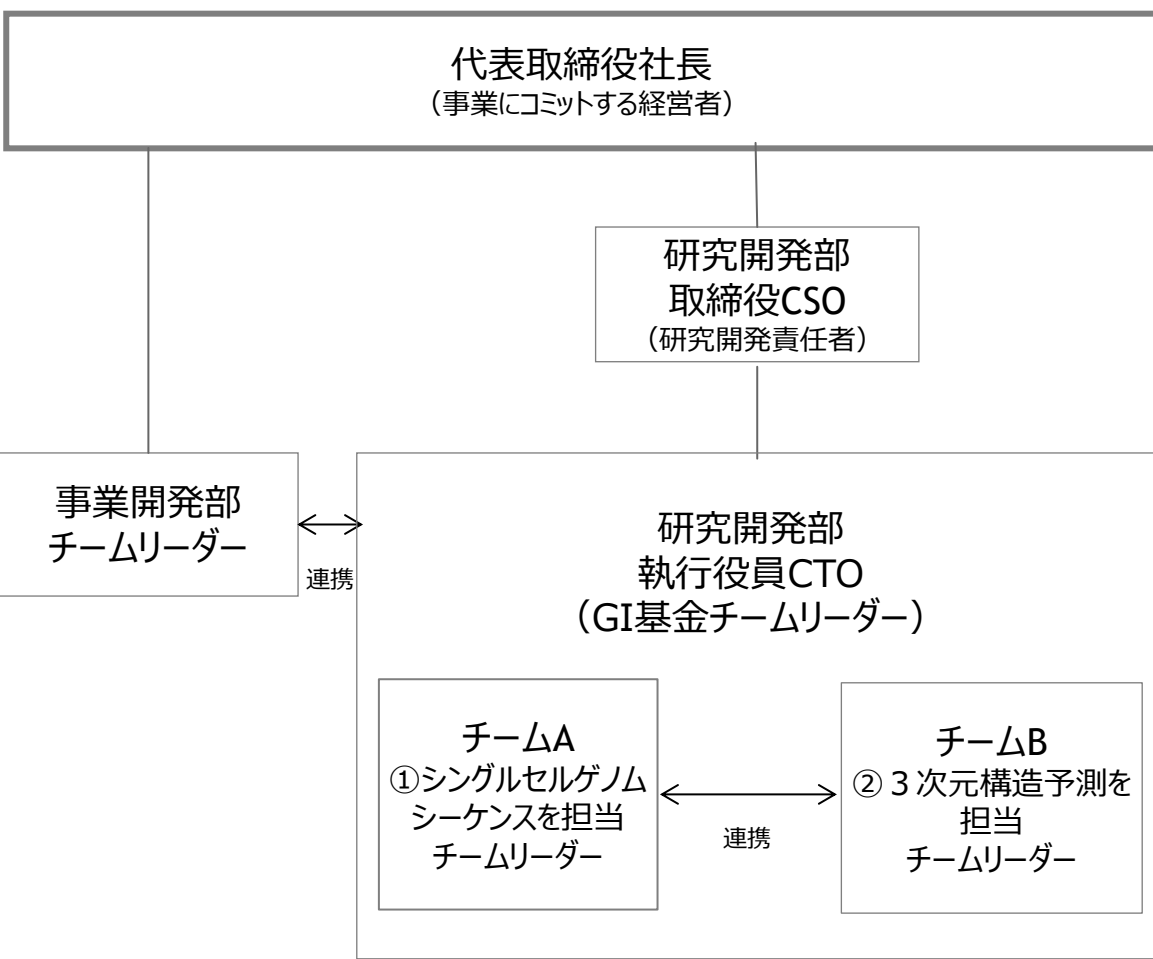
3. イノベーション推進体制

(経営のコミットメントを示すマネジメントシート)

3. イノベーション推進体制 / (1) 組織内の事業推進体制

経営者のコミットメントの下、専門部署に複数チームを設置

組織内体制図



組織内の役割分担

研究開発責任者と担当部署

- 研究開発責任者
 - 取締役CSO：研究開発統括を担当
- GI基金チームリーダー
 - 執行役員CTO
- チームA：微生物シングルセルゲノム解析を担当
 - チームリーダーA
- チームB：タンパク質3次元構造予測を担当
 - チームリーダーB
- 事業化（社会実装）/標準化担当
 - チームリーダー

部門間の連携方法

- 経営者直轄の専門チーム（GI基金チーム）を設置
- 定期MTG
 - GI基金チーム内隔週定期MTG
 - 研究開発部 <-> 事業開発部 連携月次定期MTG

3. イノベーション推進体制／（2）マネジメントチェック項目① 経営者等の事業への関与

経営者等によるカーボンニュートラル事業への関与の方針

経営者等による具体的な施策・活動方針

- 経営者のリーダーシップ
 - 当社は、バイオエコノミーの到来に向け、遺伝子・ゲノムデータを集積した膨大なデータベースをもとに、高品質な遺伝子データ・遺伝子改変支援する事業を全社戦略としている。カーボンニュートラルに向け、国内のあらゆる製造業がバイオ化を検討する中で課題となる「プロダクトの価値や生産効率の向上」を解消できるプラットフォームを提供する。
 - 経営者は遺伝子収集、遺伝子探索・改良事業の重要性を対外・対内的に発信し、特に当事業へ必要な経営資源を優先的に投入するべく強力なリーダーシップを取っている。具体的には、下記「事業のモニタリング」を通じ、継続して資源が効果的に投入されるよう差配する。
 - ガバナンスイノベーションとして、バイオものづくり関連の国内外の会合に参加を開始した。必要に応じ国に対し遺伝子データが国力となるよう、国際的なルール作りに積極関与する。
- 事業のモニタリング・管理
 - 遺伝子収集と、遺伝子探索・改良事業は当社中心事業であるため、CEOを筆頭とした経営層が事業進捗をリードしている。
 - CSO(最高科学責任者)、CTO(最高技術責任者)が研究開発を牽引し、研究開発をマネジメントしている。
 - バイオものづくり関連で複数名の国内外アドバイザーと顧問契約を締結しアドバイスを受けている。
 - 2023年以降に海外KOLを含むサイエンティフィックアドバイザリーボードを設立予定
 - 事業化判断のため、社内でR&Dマイルストーン・事業マイルストーンを設定し適時に取締役会で活発な議論を行い、適宜更新している。
 - KPI例：ゲノム・遺伝子データ収録数、実証プロジェクト数、商業利用契約数など

経営者等の評価・報酬への反映

- 本事業は事業報告内で株主に進捗報告され、経営者や担当役員・執行役員の貢献度が適切に評価や報酬に反映される体制となっている。

事業の継続性確保の取組

- 当事業は当社の中核であるため、持続可能な成長を実現するため、後継者の育成を行う。
- 長期的な事業継続に向け、現場での後継者育成・海外派遣人材の選抜などを進める。
 - 具体的には、通常研究開発業務に加え、学会・論文執筆等の発表を通じて現場研究員の育成機会を強化、海外の経験豊富な人材も採用しチーム力強化
- データベースの保守、事業開発・営業の強化により事業収益性を高め、海外でのサービス展開等事業の拡大・継続性を確実とし、拠点を多様化することで事業継続性を確保する。

3. イノベーション推進体制／（3）マネジメントチェック項目② 経営戦略における事業の位置づけ

経営戦略の中核に遺伝子収集・探索技術改良事業を位置づけ、企業価値向上とステークホルダーとの対話を推進

取締役会等コーポレート・ガバナンスとの関係

- カーボンニュートラルに向けた全社戦略
 - 当社は微生物の遺伝子情報を用いバイオものづくりに貢献することを全社戦略としており、遺伝子収集および酵素探索・改良事業は将来の中核として位置づけられる。当該事業の成功が売上をもたらし、企業価値を高めると考えられる。
- 経営戦略への位置づけ、事業戦略・事業計画の決議・変更
 - 2050年カーボンニュートラルの実現に向けて、本研究計画を中核とした事業戦略につき取締役会にて承認を受け、実行する意思決定を行っている。事業方針は、定期的な全社集会にて周知している。
 - 事業の進捗状況や課題を取締役会等でモニタリングし、事業環境の変化等に応じて見直しを行う
 - 決議された事業戦略・計画において、研究開発計画が不可欠な要素として、最優先として位置づけており、R&Dマイルストーンは取締役会にて策定されている
- コーポレートガバナンスとの関連付け
 - 事業進捗は毎月の取締役会において報告される
 - 取締役の報酬は、株主総会にて上限が定められ、その範囲内で適切に設定されている。当該事業への貢献は事業報告を通じて株主に報告され、妥当な報酬となるよう設計される。

ステークホルダーとの対話、情報開示

- 中長期的な企業価値向上に関する情報開示
 - SDGs17項目のうち関連性の高い項目を事業計画内で明示している。同様にバイオものづくりにより削減可能な国内のCO₂排出量を調査し、当社の収益機会に直結していることを明示している。
 - 本事業採択時および重要な研究マイルストーン達成時には、研究開発の概要や事業の効果を関係各所とともにリリースし、幅広く継続的に発信する。
- ステークホルダーとの対話
 - 現状は事業報告を通じて事業進捗が報告され、投資家・金融機関に伝達される。今後上場を果たした後は適時開示を通じて事業パイプラインを開示しステークホルダーとの積極的な対話を行っていく。
 - 全体事業では2027年に収支均衡を計画しており、以降はこれまで棄損していた純資産が回復し、これに応じて企業価値が高まっていくことが想定される結果、PBRは1倍以上となる見込みである。
 - 当社としては企業価値を継続的に高めるため、カーボンニュートラルに向けた新酵素を続々と発見・評価し、社会実装へのパイプライン数を重視し情報を積極開示することで、投資家へのアピールを行っていく。

3. イノベーション推進体制／（4）マネジメントチェック項目③ 事業推進体制の確保

機動的に経営資源を投入し、社会実装、企業価値向上に繋ぐ組織体制を整備

経営資源の投入方針

- 全社事業ポートフォリオにおける本事業への人材・設備・資金の投入方針
 - bit-MAP®解析サービス、酵素探索・改良サービスを事業ポートフォリオとして設定している。酵素探索・改良サービスを成長分野と想定しているため、本事業に集中的に経営資源を配分する。
 - 国費負担以外で、海外含む事業開発・営業の推進、海外拠点の形成、自社での酵素開発に関する実証試験などに資金を投下
- 機動的な経営資源投入、実施体制の柔軟性確保
 - CSO/CTOが現場状況を理解しており、事業の進捗や環境変化を踏まえ、開発体制や手法等の見直し、追加的な資源投入等を行うことが可能（26年3月時点で大きな見直しは発生していない。）
 - 事業達成に必要な国内外の外部リソースを積極活用する
 - プロトタイプとなるDBやビジネスモデルはすでに潜在顧客に提供しており、フィードバックを受けており、アジャイルに方針を見直すカルチャーが醸成されている

専門部署の設置と人材育成

- 専門部署の設置
 - 全社としてバイオものづくり事業に取り組んでおり、各部署は経営層直轄でありスタートアップならではの機動的な意思決定を可能としている（→バイオものづくりチーム（事業開発部・研究開発部横断）定例会にてニーズとソリューションの方向性を検証しながら事業を進行している。）
 - バイオものづくり分野では新たにNEDOバイオものづくり革命推進事業に参画。設備、体制の強化に着手（25年10月）。
- 人材育成
 - 当該事業を中長期的に担う若手人材に対して成長機会を提供している（実績例：論文執筆、学会発表）
 - 社会の変革をリードする博士人材を育成するために、全社員を対象にした博士号取得支援制度「bitBiome Ph.D. Support Program」を導入（24年3月）
 - 本コンソーシアムには当社以外はアカデミア機関が参画していることもあり、アカデミアの若手や大学発スタートアップとの人材交流を活発化させる
 - 常に最先端のバイオ技術に触れさせる方針であり、国内外の学会・展示会の参加を促している。女性をプロジェクトリーダーに任命し女性管理職比率を高める

4. その他

4. その他／（1）想定されるリスク要因と対処方針

様々なリスクを想定し、事前に十分な対策を講じる

研究開発（技術）におけるリスクと対応

- 米中からの革新的な遺伝子収集技術の登場によるリスク
→ 継続的な遺伝子収集技術の開発を維持し、収集速度とDB充実性での競争力を維持する。
→ ユーザーとしてそれらの技術を取り込む

社会実装（経済社会）におけるリスクと対応

- DSI規制による遺伝子資源のグローバル展開障害へのリスク
→ 主要国での取引・データ収集のため海外拠点の設立や支援国・海外企業との提携等を実施
- 米国を中心とした合成生物学市場の急速な冷え込みによる資金調達リスク
→ 国内事業会社との提携や国費の有効活用
- データを利活用可能な企業が不在のリスク
→ アカデミア含む、パートナーとのオープンイノベーションによる社会実装を検討

その他（自然災害等）のリスクと対応

- 自然災害による研究開発活動停止のリスク
→ 長期的に国内での研究開発を停止せざるを得ない状況が生じた場合には、海外データサーバーを利用し、ウェットR&Dを伴わないデータサービスで事業開発を継続し、競争力を失わない。



- 事業中止の判断基準： 市場全体の悪化等による事業性の観点から国費以外の資金調達が困難となった場合