

農業生物資源研究所 ニュース No.4

CONTENTS

研究トピックス

プロテオーム解析技術を用いたイネゲノムの機能解析
イネ白葉枯病菌のゲノム解析

イネゲノム研究の展開

有用遺伝子の単離と機能解明
イネゲノム全塩基配列解析の進展状況と今後の見通し

昆虫ゲノム研究の展開

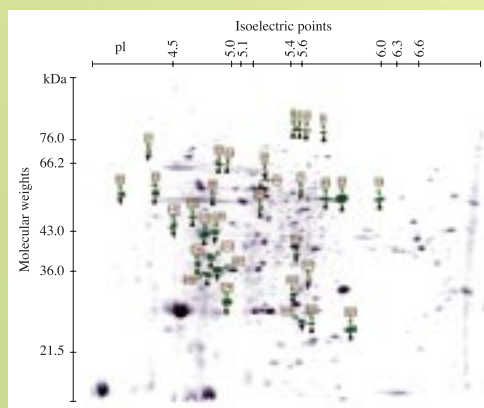
受賞・表彰

平成13年度畜産大賞最優秀賞受賞

研究会から

昆虫工場国際シンポジウム
NIAS-COE/BRAIN国際シンポジウム
NIAS-COE国際シンポジウム
ミレニアム植物科学研究プロジェクト成果報告会
文部科学省・開放的融合研究国際シンポジウム
シルク・サミット 2001 in 桐生
第10回国際イネゲノムフォーラム
平成13年度遺伝資源研究会

特許権等取得一覧



ジベレリン処理したイネ葉鞘タンパク質の二次元電気泳動パターン (矢印は、変動するタンパク質を示す)



83 タンパク質 (イネカルレティキュリン) 遺伝子を導入した形質転換イネ

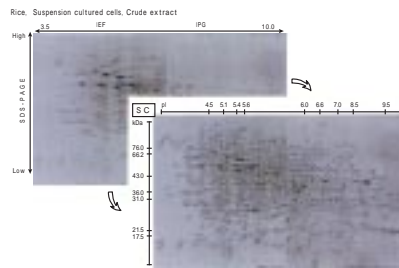
研究 TOPICS プロテオーム解析技術を用いたイネゲノムの機能解析

イネゲノムの構造解析が急速な勢いで進められていますが、配列情報だけから遺伝子の機能を知るには限界があり、有効利用を図るためにはそれらの機能解明が必須です。プロテオーム解析とは、ゲノムに刻まれた生命情報の最終産物であるタンパク質を大規模にかつ総括的に解析することで、ゲノムと生命の関係を解き明かすための情報基盤を提供します。イネゲノムプロジェクトとの連携により、イネプロテオーム研究では、培養細胞や植物組織・生育時期、細胞内局在タンパク質の網羅的解析に加えて、器官形成や分化制御あるいは環境応答機構など植物特有の生物機能をダイナミックに解明し、環境問題や食糧問題の解決につながる機能性タンパク質遺伝子の解析を行っています。研究では、培養細胞や植物組織・生育時期別にタンパク質を抽出あるいは分画し、二次元電気泳動・画像解析後、個々のタンパク質について気相プロテインシーケンサーや質量分析計を用いて精度の高いアミノ酸配列を決定しています。例えば、一つの組織を電気泳動すると1,000種類のタンパク質を分離することができます。現在までに、16,000個のタンパク質を分離しています。二次元電気泳動上で確認されるタンパク質を解析し、得られたアミノ酸配列情報をもとに相同検索を行い、生物機能情報とともにイネ・プロテオームデータファイルを作成しています。

プロテオーム解析技術のうち機能性タンパク質検出法として、二次元電気泳動を用いたディア

レンシャルディスプレイ法があります。この方法で、イネの再分化や生長時に変動のあるリン酸化タンパク質として、カルシウム結合タンパク質であるカルレティキュリンや、ジベレリンと結合する能力を持つビスコアクティベースを検出しました。カルレティキュリンやビスコアクティベースについては、部分アミノ酸配列情報を利用して完全長cDNAを単離し、形質転換イネを作成した結果、イネの分化・生長制御に関与していることを明らかにしました。さらに、抗体等を利用してその生化学的性質を解析したり、相互作用するタンパク質遺伝子も単離し、その情報伝達機構を解析しています。これらの結果は、プロテオーム解析技術が機能性タンパク質の検出にとって有用な手段であることを示唆しています。ゲノム研究と連動してプロテオーム研究を組織的に行うことにより、膨大なタンパク質情報を得ることができ、その生物機能情報と共にデータベース化すること

により、イネゲノム機能の解明を加速させることができます。



イネ培養細胞のタンパク質の二次元電気泳動パターン
一枚の電気泳動パターン上に1,000種類のタンパク質を検出できる。

ことばの解説

プロテオーム：タンパク質 (protein) とゲノム (genome) を結びつけた造語で、ゲノムにコードされたタンパク質の全体を表します。

ゲノム：各生物がもつ全遺伝情報とそれを含むDNAの総体を表す概念で、生命の設計図として生物の一生を規定しています。

ディアレンシャルディスプレイ法：状態の違う細胞のタンパク質を電気泳動によって分離し、パターン比較により変化するタンパク質を解析します。

リン酸化タンパク質：細胞内情報伝達系の活性・不活性に係わる主要なスイッチとして働いているタンパク質です。

ひとこと

生命が織りなすあらゆる現象を演出するタンパク質のダイナミクスを解析するプロテオーム研究は、生物の機能解明において重要な研究です。



分子遺伝研究グループ
遺伝子応答研究チーム長
小松節子

研究

トピックス
TOPICS

イネ白葉枯病菌のゲノム解析

近年、ヒト、イネはじめ各種生物のゲノム解析が行われてきました。ゲノム解析は生物の構造と機能の全体像を解明する有用な手段です。とりわけ、微生物はゲノムのサイズが植物の約1/100と小さく、また、機能解析が比較的簡単なため大腸菌やヒトの病原微生物、さらに産業用微生物がゲノム解析のターゲットにされてきました。植物病原細菌においても、1998年夏にエディンバラで開催された国際植物病理学会でゲノム解析に関する国際共同研究について緊急ミーティングが開かれました。その会議において我が国はイネ白葉枯病菌を第一候補とすることを示唆しました。そして、平成13年3月にイネ白葉枯病菌の全ゲノム解析を開始し、本細菌のゲノムの概要を明らかにすることができました。

解析に用いた菌株は農業生物資源研究所ジーンバンク保存のレース I の代表菌株 T7174 (MAFF 311018) です。

イネ白葉枯病菌のゲノムの大きさはパルスフィールド電気泳動による解析から約5 Mbpと推定されました。ゲノム解析は、ホールゲノムショットガン法により行い、さらに、遺伝子領域予測プログラムでゲノムの情報解析を行った結果、ゲノム全体で約4,500個の遺伝子の存在が明らかとなりました。特に、病原性関連領域(病原性因子分

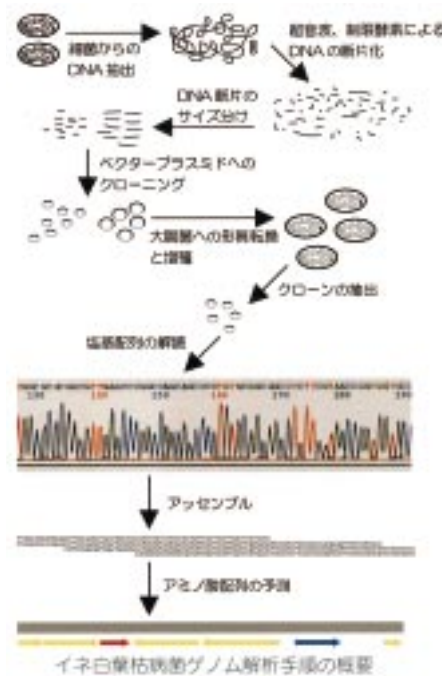
泌システム: hrp 遺伝子クラスター)では160個の遺伝子が明らかとなり、うち30個は新規遺伝子でした。また、本領域では繰り返し配列(トランスポゼースのホモログ)の挿入が顕著で(推定約10%弱)、病原性の多様化機構との関連が示唆

されました。全ゲノム解析が完了しているブドウのピアース病菌(*Xylella fastidiosa*)及びナス科植物青枯病菌(*Ralstonia solanacearum*)との比較を行った結果、比較的高い相同性が認められました。さらに、rRNA 遺伝子は2セット存在することが明らかとなりました。

イネ白葉枯病菌のゲノム解析は主要作物の植物病原細菌としては世界最初であり、これにより植物病原細菌として特有のゲノム構造が明らかになると同時に、宿主植物と病原微生物のセットでゲノム解析が行われる最初の例となります。従って、このイネ白葉枯病菌のゲノム解析の波及効果

は新手法によるバイテク育種や農薬開発など計りしれないと言えます。

このゲノム解析ではイネゲノム解析関係者はじめ多くの方々のサポートを得ました。紙面をお借りして厚くお礼申し上げます。



ことばの解説

イネ白葉枯病菌：世界的に重要なイネの病害である白葉枯病を引起す細菌で、学名は *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* です。本病に対するイネの抵抗性遺伝子も当研究所で研究されています。

病原性：微生物が植物に侵入して組織内で増殖し、毒素を産生したりして発病させる性質です。

レース：作物の品種に対して病原性が異なる菌群で、イネ白葉枯病菌では日本で6、世界では30以上のレースが報告されています。

ひとこと

ゲノムは遺伝情報の宝庫で、イネ白葉枯病菌のゲノム解析によって微生物の新らしい手法による分類や画期的な耐病性品種の育成が期待され、ゲノム創農薬など新しい研究領域が切り開かれます。



遺伝資源研究グループ
(左) 上席研究官 加来久敏
(右) 生物分類研究チーム 落合弘和

イネゲノム研究の展開

有用遺伝子の単離と機能解明

平成9年度からスタートした第2期イネゲノム計画では、ゲノム塩基配列解析に加えて、ゲノム機能解析に重点をおいたプロジェクトもスタートしました。目に見える成果として多数の遺伝子特許取得が期待され、平成12年にミレニアム予算で拡充されました。各分野（略称で表示）の概略と平成13年度の成果の一部を紹介します。

1. 「マップベースクローニング」(平成10年度から)

第1期で作成した精密連鎖地図、各種DNAマーカー、ゲノムDNAライブラリーと物理地図を利用して、有用遺伝子の単離や重要形質のQTL解析が精力的に推進されています。イネの脱粒性を調節する遺伝子(qSH-1)や穂の分枝を調節する遺伝子(LAX)等が単離されました。



左は、脱粒しやすい品種(kasalath)右は、脱粒にくい品種(日本晴)

2. 「ミュータントパネル」(平成10年度から)

遺伝子を破壊(ノックアウト)したイネ突然変異4万系統を作出し、3種類の異なる解析法(突然変異体の原因遺伝子解析、特定の遺伝子ノックアウト系統のPCRスクリーニングと形質評価、トランスポゾン挿入部位隣接配列の解析と形質評価)により、遺伝子単離が進められています。生殖細胞の分化に関与する遺伝子(Msp1)等が単離されました。

3. 「マイクロアレイ」(平成11年度から)

イネ・ゲノムプロジェクト第1期で単離したEST(cDNAの断片)クローンの中から選抜した1,265および8,897種類を小さなガラス板に張り付けたマイクロアレイ2種類を用いて合計約10,000種

類の遺伝子発現の変化を調べて、様々なストレスにตอบสนองする遺伝子、あるいは発生分化の各段階で特異的に発現する遺伝子を見つけます。病原菌感染(エリシター)にตอบสนองして誘導される遺伝子(CIGR1)等が単離されました。

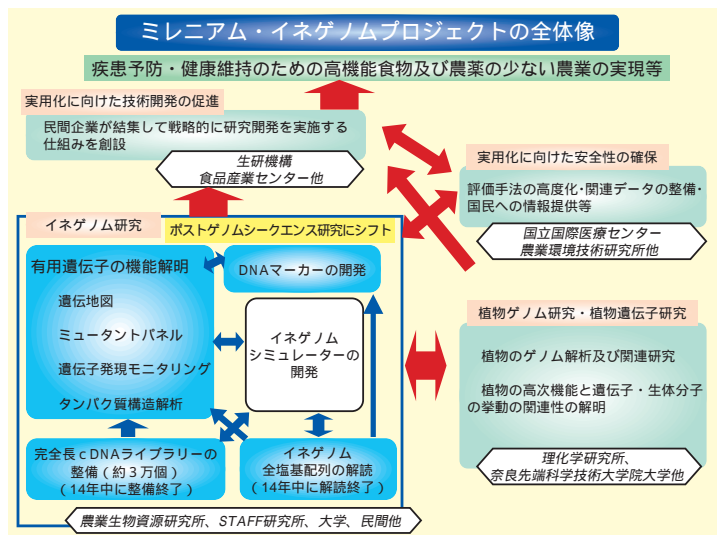
4. 「プロテオーム」(平成12年度から)

イネの各組織のタンパク質を網羅的に解析する研究、タンパク質の高次構造を解析する研究、高次構造などから機能を推定する情報工学的研究などからなります。特異的な発現の見られるタンパク質の遺伝子を単離し、またタンパク質の翻訳後修飾の解析が進められています。塩及び乾燥ストレスにตอบสนองして根で特異的に発現するタンパク質の遺伝子(RO-292)等が単離されました。

5. 「完全長cDNAライブラリー」(平成12年度から)

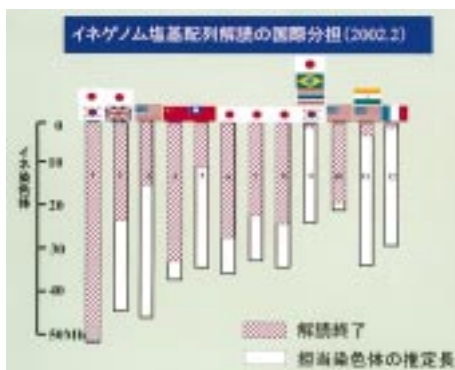
イネの全遺伝子(推定約3万)の中のタンパク質合成に関する領域の情報を集めた完全長cDNA3万種類を単離し、全塩基配列を解析します。生研機構の予算で農業生物資源研究所、理化学研究所と国際科学振興財団が分担しています。平成13年度中に約28,000種類が得られる見込みで、予定よりも早く、平成14年度中には目標が達成できそうです。cDNAは遺伝子の機能解析に大きく貢献すると期待されており、新たなプロジェクト等での利用が計画されています。

(分子遺伝研究グループ長 肥後 健一)



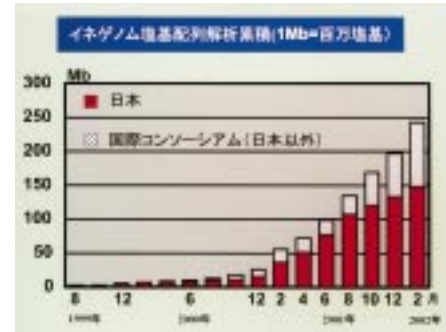
イネゲノム全塩基配列解析の進展状況と今後の見通し

イネの12本染色体、4億3千万塩基の全配列を解読するプロジェクトが開始されてから早や4年になります。開始当初は10年計画でしたが、イネという植物がもつ多様な重要性和配列解析機器の開発・改良、およびゲノム科学を巡る社会の潮流が計画の加速化をもたらしました。ここに至るまでにはわが国の配列解読拠点である生物研・STAFF研における活動と、これを中核とする国際イネゲノム塩基配列解析プロジェクト(国際コンソーシアム)が大きな役割を果たしています。国際コンソーシアムの設立は平成9年秋にシンガポールで開催された国際植物分子生物学会で合意され、翌10年2月に第一回会合がつくばで開催されました。これ以降、年2回の会合をもち、国際協力と解読配列公開の原則のもとにすべての事柄を決定しています。参加国には変遷がありましたが、昨年10月の会合では7か国が継続して解読を行うことになりました。国際コンソーシアムには外部からの働きかけも行われます。平成12年のモンサント社からのデータ提供はその後の解読速度を上げるのに役立っています。また、



「終了」宣言はコンソーシアム全体に危機感を与え、各国に解読加速の決定をもたらしました。この状況下で昨年6月には加

速化の新戦略検討のために臨時のコンソーシアム会合をもちました。この新戦略の採用に



より、わが国は昨年未までに第1染色体の高精度解読終了部分を含めて、担当している第2、第6、第7、第8染色体全体で1億3千万塩基の解読を終了しています。コンソーシアム参加各国においても、米国は第10染色体をほぼ終了し、次いで第3、第11染色体に取組んでおり、中国は第4染色体の85%、台湾は第5染色体の25%を解読し、フランスは第12染色体の解読に本腰をいれています。インドと韓国も小規模ながら担当部分に取組んでいます。この結果、今年2月時点で国際コンソーシアムとして、イネゲノム全体の約56%に相当する2億4千万塩基の解読を終了し、公開しています。昨年10月の会合で、わが国は更に第9染色体を担当することが認められ、国際コンソーシアムの中核としての責任は一層重くなりました。同時にこの会合において、国際コンソーシアムは平成14年末にイネゲノム全体の高精度概要配列終了を合意しました。イネゲノム全塩基配列情報は、「イネ」という植物がもつ研究と実用両面の無限の可能性を、余すところなく引き出すための最強の基本ツールです。今後のイネ研究の新たな局面への展開が大いに期待されます。

(ゲノム研究グループ長 佐々木卓治)

イネゲノム研究推進事務局が設置されました!!

イネゲノム研究は内閣府のミレニアム・プロジェクトの一環として最重要国家プロジェクトの一つに位置づけられています。生物研では、イネゲノムプロジェクトの円滑な運営、農水省農林水産技術会議事務局との連絡体制の強化、プロジェクトの企画・立案への参画、研究成果情報の発信などを目的として、平成13年9月にイネゲノム研究推進事務局を設置しました。事務局では、これらの業務を通じてイネゲノム研究の発展に貢献したいと思っています。イネゲノムプロジェクトの詳しい内容は、事務局のホームページ

(<http://www.nias.affrc.go.jp/project/inegenome/index.htm>) で公開していますので、是非ご覧ください。内容に関する問い合わせ、リクエストなどはイネゲノム研究推進事務局(inegenome@nias.affrc.go.jp)までお寄せ下さい。(企画調整部 企画室 研究調整官 町井博明)

昆虫ゲノム研究の展開

- 昆虫制御物質開発のためのゲノム情報利用研究(ゲノム創農薬)についての意見交換会を終えて -



平成13年12月5日、農業生物資源研究所において標記意見交換会を開催しました。会では、ゲノム情報を利用した創薬、インゲノム研究におけるマイクロアレイの利用及び行政サイドからの環境に配慮した選択的昆虫制御物質の開発への期待についての話題提供があり、さらに、昆虫ゲノム研究の概要、ゲノム情報の昆虫制御剤開発への利用の可能性などについて紹介があった後、マイクロアレイ等を利用した昆虫制御剤開発のためのゲノム情報利用研究の今後の展開方向について意見交換が行われました。当日は、民間企業20社33名を含む100名近くの参加者があり、昆虫ゲノム情報の利用研究に対する関心の高さを改めて認識するとともに、研究を推進する側の責任の重さも痛感しました。

昆虫ゲノム研究については、遺伝地図の構築、機能遺伝子の単離・解明などを目指した農水省のプロジェクト研究が動物ゲノムプロジェクトの一環として平成11年度から進められております。このプロジェクト研究を中心にこれまでに、異なる発育段階の種々の組織のcDNAライブラリーから30,000以上のEST、カイコ全遺伝子の40%以上をカバーする9,500の独立ESTのデータベースの構築、平均インサートサイズが170kbで、重複度が11倍の高品質なBACライブラリーの構築、DNAマーカーが1,000個以上の高密度連鎖地図の作製、6,000個の独立ESTが固定されたESTマイクロアレイの作製、などの成果が得られています。

昆虫類は、地上最大の動物群であり、また、その4億年を超える進化と適応の歴史の中で、生きるための様々な機能を獲得してきました。すなわち、その種の豊富さと環境への適応の多様性から、昆虫は無尽蔵の遺伝子資源として見なすことができます。人との係わりにおいては、農業上あるいは衛生上の害虫として多くの昆虫は防除の対象となってきました。また最近、産業的利用が可能

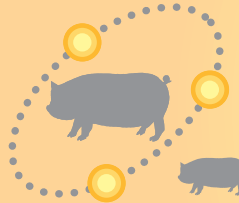
大型昆虫のカイコで形質転換体の作出に成功したことにより、昆虫をバイオリクターとしたインターフェロンなど有用物質の生産への期待が一段と高まっています。こうした事実を背景に、私達が行う昆虫ゲノム研究ではその成果のアウトプットとして、昆虫特異機能の利用、ゲノム情報を活用した昆虫制御剤の開発(ゲノム創農薬)、有用物質生産系の構築を位置付けています。

その内の一つ、ゲノム情報を活用した昆虫制御剤の開発においては、これまで民間企業で蓄積された知見とノウハウが必要不可欠であります。幸い、標記意見交換会、今年1月の新規課題募集の企業説明会を経て、民間企業4社による、創農薬の基盤となるゲノム情報データベースの構築と利用に関する研究が平成14年度から昆虫ゲノムプロジェクトの中でスタートする予定になっております。この課題では、創農薬の基盤となる、主要害虫のESTデータベースとマイクロアレイを利用した既存農薬処理による遺伝子発現プロファイリングを参画企業4社と生物研の共同で作成し、作成されたデータベース等を活用した創農薬ターゲットの探索と解析を参画企業独自のテーマとして行います。いわば製品開発ではライバル関係にある民間企業が、“協力と競争”の下で目的を達成しようとするこれまでにはあまり例をみない試みです。

新しいスタイルの研究が素晴らしい成果をあげられますよう、関係各位のご支援とご指導をお願いいたします。

(生体機能研究グループ長 新保 博)




平成13年度畜産大賞最優秀賞受賞 研究開発部門
 - 体細胞クローン豚の作出 -

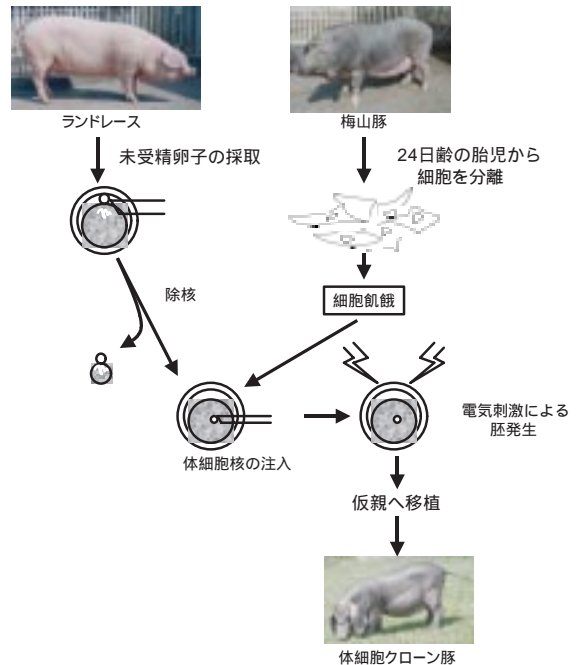
体細胞クローンの技術は、遺伝的に高い能力を持つ家畜の増産を可能にする他、新たな遺伝資源の保存法にも利用できる技術です。さらに、体細胞へ遺伝子導入し、それらの細胞を用いてクローンを作成することにより、トランスジェニック動物の作出も可能となります。特に豚の場合、臓器の大きさおよび生理的特徴が人と類似していることから、慢性的に不足している移植用臓器の代換えとして、豚臓器の利用が考えられています。その際、遺伝子導入により免疫反応を抑制した体細胞を用いたクローン豚の作出が不可欠となります。しかし、当時、体細胞クローン豚の成功例は世界的になく、その技術開発が重要な課題でした。我々の研究グループは、顕微鏡注入法と呼ばれる、体細胞核を直接に除核卵子内に注入する手法を用いた結果、平成12年7月、体細胞クローン豚の作出に成功しました。この成果は、Science誌に、世界で最初の体細胞クローン豚の論文として掲載



されました。その後、さらに数頭のクローン豚を得ることに我々は成功しています。体細胞クローン牛の場合、分娩前後の死亡率が高く、形態形成異常が頻発する問題点を抱えています。しかし、我々のクローン豚においては、これまでのところ異常は認められず、正常な発育能力と繁殖能力を持つことが確認されています。つい最近、外国の2つのグループが、人臓器移植を目的とした遺伝子組み換えクローン豚の作出に成功したことを、相次いで発表しました。体細胞クローン豚の最初の成功例から2年も経ずに遺伝子組み換えクローン豚が誕生したことは、この技術がいかに待望されていたかを示すものです。今後、異種移植の分野での開発競争がますます激化することが予想されます。

今回、我々の研究成果が評価され、平成13年度畜産大賞研究開発部門の最優勝賞を受賞することができました。独法化以前の組織における成果のため、「旧農林水産省畜産試験場体細胞クローン豚作出グループ」の名称を用いました。当時のメンバーは、現在、生物研と畜草研に所属が分か

れましたが、それぞれの研究を続けています。受賞にあたり、ご努力下さった関係者の皆様に心より謝意を表します。



顕微鏡注入法による体細胞クローン豚の作出法

れましたが、それぞれの研究を続けています。受賞にあたり、ご努力下さった関係者の皆様に心より謝意を表します。

(発生分化研究グループ発生工学研究チーム 大西 彰)

- | | |
|----------------------|-----------|
| [受賞者：体細胞クローン豚作出グループ] | |
| 発生分化研究グループ | 大西 彰 (代表) |
| " | 岩元 正樹 |
| 畜産草地研究所 | 秋田 富士 |
| " | 武田久美子 |
| " | 花田 博文 |
| ゲノム研究グループ | 美川 智 |
| " | 粟田 崇 |



平成14年1月25日(金) 東京プリンスホテルでの受賞式

研究会から

昆虫工場国際シンポジウム

- 昆虫工場の現状と展望 -



昆虫を用いて有用タンパク質を発現・生産しようとする「昆虫工場」は動物工場、植物工場とともに新しい有用物質生産システムとして注目されており、その「昆虫工場」の現状と将来展望を考える国際シンポジウムが平成13年10月22～23日の両日つくば市の国際会議場で開催されました。

21世紀グリーンフロンティア研究「植物・動物・昆虫を用いた有用物質生産技術系の確立」ではこれまでに植物工場、動物工場をテーマに国際シンポジウムを実施しており、COE「昆虫機能利用研究」では昆虫機能の解明と利用をテーマに

5回の国際シンポジウムを開催しました。

今回の「昆虫工場国際シンポジウム」は動植物工場プロジェクト・昆虫チームとCOE「昆虫機能利用研究」とが合流・協力して、企画・開催されたもので、当日は民間研究所25社、国公立大学・研究機関などから外国人20名を含む198名の参加があり、4セッション17課題の話題を中心に活発な議論が行われ、今後の昆虫工場の研究の発展が期待されました。



(企画調整部企画室 動物企画連絡科長 加藤正雄)

NIAS-COE/BRAIN 国際シンポジウム

平成13年11月21～22日に、つくば国際会議場において生物系特定産業技術研究推進機構との共



催で「植物遺伝子機能解析のためのゲノム学的アプローチ」に関する国際シンポジウムが開催

されました。

近年、イネやシロイヌナズナのゲノム構造解析研究の進展によりゲノム学的アプローチによる遺伝子機能解析研究が開始され、様々な形質に関わる遺伝子の構造や機能の解析が進み、複雑な植物の生命現象が解明されつつあります

本シンポジウムでは、海外から8名、国内から6名の研究者を迎え、遺伝子破壊を活用した解析

ならびに自然変異の利用による遺伝子機能解析研究の現状と展望について議論を行いました。

平成14年末には、イネゲノム配列の概要が決定される予定で、ポストシーケンシングに向けての機能解析研究の大きな流れが起こりつつある時期でもあり、200名近い参加者を迎えて今後の研究方向について議論ができたことは非常に有益でした。



(分子遺伝研究グループ遺伝子機能研究チーム長 廣近洋彦)

研究会から

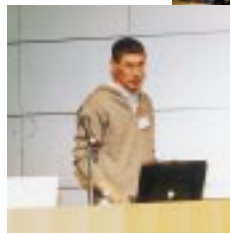
NIAS-COE 国際シンポジウム

- 植物の転写因子研究の新しい時代 -

平成13年11月28～29日の両日に渡り、つくば国際会議場（エポカル）にて約200名の参加者を迎えて開催されました。シンポジウムのテーマは“植物の転写因子研究の新しい時代”で、海外から7名、国内7名の計14名の講演者による講演と質疑応答が行われました。

今回のシンポジウムは、ポストゲノム時代を迎え、情報の充実や実験技術の進歩が著しい21世紀において、植物の様々な現象に係わる転写調節の研究、特に転写因子を中心としたの研究の現状を知り、

今後の進展について考える機会を作るという意図で行われました。オリジナルで最先端の研究成果が多く、議論も活発に行われて有意義な会議だったと思います。なお、このシンポジウムはNIAS/COEプログラムおよび生研機構からの資金によって開催されました。



（生理機能研究グループ形態発生研究チーム長
高辻博志）

ミレニアム植物科学研究プロジェクト成果報告会

ミレニアム植物科学研究プロジェクト研究報告会が平成13年12月3～4日の両日、新宿の安田生命ホールで行われました。この発表会は、12年のミレニアムプロジェクトの発足を機に生物研イネゲノムプロジェクト、理研植物科学研究センタープロジェクト及びJSPS植物遺伝子プロジェクトの研究成果を合同で発表し、ミレニアムプロジェクトを連携して推進するという目的で行われ、今回が2回目になります。

発表会では200名を超える参加者の前で、各プロジェクトの推進状況と主要な成果が報告され、イネゲノムプロジェクトからもプロジェクトの概要説明（肥後健一 分子遺伝研究グループ長）の後、「イネゲノム塩基配列解析の進捗状況（佐々

木卓治 ゲノム研究グループ長）、「NMRによる植物蛋白質の複合体形成機構の解明（加藤悦子 生体高分子研究グループ主任研究官）」など6課題が報告されました。各プロジェクトとも世界をリードする高い成果が得られており、熱の入った意見交換となり、大変有意義な会議となりました。

総合討論では、植物ゲノム科学の研究が順調に進む中で、社会対応をよりいっそう考えていく必要があることなどが議論されました。ミレニアムという国家プロジェクトに位置付けられたイネゲノム研究においては、社会にいかにか還元できるのかということが問われています。プロジェクトの成功には、立場の異なる研究機関同士が連携することにより大きな成果をあげ、広く社会への責任を果たしていくことが重要と感じられました。

（企画調整部企画室 主任研究官
立石 剣）



研究会から

文部科学省・開放的融合研究国際シンポジウム

平成13年12月10～12日までの3日間、「水素・水和構造を含めた新しい構造生物学の開拓」と題した第3回開放的融合研究国際シンポジウムが、つくば国際会議場エポカールにおいて行われました。本シンポジウムは文科省・開放的融合研究プロジェクトの一環として生物研と日本原子力研究所とが共同で主催する会議で、今年度で第3回を迎えました。海外より11名、国内より12名の第一線で活躍している研究者による招待講演と21件のポスター発表がありました。講演は、中性子線解析、X線解析、NMR分光法、計算機科学のそれぞれの分野を代表する研究者によるものであり、タンパク質、核酸等に含まれる水素原子、水和構造の解析についての最新の成果が発表されました。今回はシンポジウムの趣旨をより深く理解していただ



くため、初日にワークショップが新たに設けられました。2日目のポスターセッションでは、若手研究者の発表が目立ち、熱心な議論が繰り広げられていました。初日にはウェルカムレセプション、2日目の夜は場所を山水亭に移してバンケットが開催され、なごやかな雰囲気の下、和気あいの研究交流、情報交換が行われました。シンポジウム期間中の参加登録者は96名と比較的少人数ではありましたが、その分、著名な研究者と交流する機会が増え、研究者にとっては中身の濃いシンポジウムであったと思います。

(生体高分子研究グループ 蛋白機能研究チーム長
水野 洋)

シルク・サミット 2001 in 桐生



桐生市市民文化会館

「シルクへの想いを新しい波に - ミュージアムを核にした人々の集い - 」をテーマに、平成13年12月12～13日の両日、桐生市市民文化会館において2回目となるシルク・サミットを開催しました。今回は、群馬県及び桐生市から多大なご協力を頂き、蚕糸に関する博物館関係者やシルクに関心を抱いている270名が全国から集いました。

1日目は、記念講演として群馬県立日本絹の里館長田島弥太郎氏とファッションデザイナー岡正子氏より、蚕糸やシルクに寄せる熱い思いを語っていただきました。次に、「地域に息づくシルクの文化と技術」をテーマとして、北村企画室長の司会のもと、記念講演の講師と博物館関係者をパネラーとして、各博物館で抱えている問題点や取り組みについて、会場と一体となった議論を行いました。その後、博物館関係者を中心としたシルク・ミュージアム・ミートを行い、今後の具体的な取り組みについて検討しました。2日目は、見学会

として織物参考館やシルクニット工場等を巡りました。

この2日間を通じシルクの新しい息吹と文化にふれることができ、また関係者の連帯の輪も広がり、充実したサミットになったものと思っております。平成14年度は、丹後の網野町で行う予定です。この輪が次第に大きな波になることを期待しています。



(昆虫生産工学研究グループ 生活資源開発研究チーム長
高林 千幸)

研究会から

第10回国際イネゲノムフォーラム



平成14年2月8日第10回国際イネゲノムフォーラムがつくば国際会議場に国内外から268名の聴衆を集め

て開催されました。最初の講演者のTimothy Hall (米国)氏は植物に導入した遺伝子が不活化される現象(サイレンシング)について、そのメカニズムと関与する因子の解析について講演しました。つぎにJiming Jian氏(米国)がFISH法を駆使してイネ染色体セントロメアの構造を見事に浮き彫りにしました。Bradly Walsh氏(豪州)はプロテオーム解析を用いた小麦のdough(小麦粉を練ったもの)の強度に関与するタンパクを同定する手法を述べました。Roger Beachy氏(米国)はイネのDNA型ウイルスであるRTBV上のプロ

モータを活性化する転写因子についてin vitroの系を構築して詳細に解析しました。最後に篠崎氏(JIRCAS)



が多くのストレス応答現象を制御する転写因子を導入することによって、植物を複数のストレスに対して耐性することに成功した成果について発表されました。イネに関しては、ゲノム塩基配列が解明されてもなお残る課題、あるいはゲノム配列情報をどのように次の段階に活用していくかの示唆に富むフォーラムであったと思います。本フォーラムの成功に尽力された生物研・STAFF・生研機構の各関係者の方に感謝いたします。

(ゲノム研究グループ植物ゲノム研究チーム長 松本 隆)

平成13年度遺伝資源研究会

- ゲノムからのアプローチによる遺伝資源研究の新展開 -

平成14年2月6日に標記研究会が農業生物資源研究所第2本館3階会議室において開催されました。従来この研究会は生物資源研究推進会議の一環として行われてきましたが、独法化に伴い今年度からは、広く遺伝資源研究関係者の参加を求め、今後の遺伝資源研究の益々の進展を期してシンポジウム形式で開催することといたしました。

シンポジウムはイネ及びマメ科植物の植物関係4題、根粒菌、イネ白葉枯病菌及びいもち病菌の微生物関係3題という構成でした。いずれもゲノム情報、モデル生物、多様性をキーワードに、ゲノム・遺伝子情報を有効に利用した研究を展開し、知的基盤の高度化を目指す内容で、熱の入った講演が行われました。ゲノム解析が完了もしくは進行中の生物を主な対象にして、しかも植物とその寄生・共生微生物という組み合わせもあったため、総合討論では生物間相互作用・共進化にまで論議が及びました。若手研究者の参加も多く、

全国の大学、公立・民間研究機関から約130名の参加者を得て、盛会裏に終了しました。今後も、遺伝資源研究の展開を考える場として、また、私たちの研究成果紹介の場として、この研究会を発展させていきたいと考えています。



(遺伝資源研究グループ長 栗崎純一)

【特許権等取得一覧】

(13. 4. 1~13. 12. 31)

種類	発 明 の 名 称	特許登録番号	登録日	発 明 者	備 考
国内特許	微生物除草剤及び除草方法	第3,184,967号	13. 5. 11	佐藤 守・渡部賢司・塚田益裕	
"	シグナル配列を用いた遺伝子のクローニング方法	第3,194,008号	13. 6. 1	門脇光一	
"	C 4 植物の光合成酵素を発現する C 3 植物体	第3,210,960号	13. 7. 19	松岡 信・徳富光恵・土岐精一・モーリス スノーベンクウ	
"	コンニャクモザイクウイルスのゲノムおよびその使用	第3,215,863号	13. 8. 3	西口正通・下山 淳・花田 薫・酒井淳一	
"	改質蛋白質繊維又はその繊維製品の製造法	第3,230,200号	13. 9. 14	塚田益裕・小林雅夫	三菱レイヨン(株と共有)
外国特許	ペチュニアの転写因子PetSPL2の遺伝子の導入によって花序の節間を短縮させる方法 (アメリカ)	第6,215,043号 (特開2002-027992)	13. 4. 10	高辻博志・中川 仁	
"	創傷被覆材 (ベトナム)	第2,085号 (2997758)	13. 5. 18	坪内紘三	
"	植物の形態を変化させる転写因子の遺伝子およびその利用 (韓国)	第298,877号 (3054694)	13. 6. 5	高辻博志・中川 仁	
"	いもち病抵抗性遺伝子 (アメリカ)	第6,274,789号 (出願中)	13. 8. 14	矢野昌裕・岩本政雄・片寄裕一・佐々木卓治 王子 軒・山内歌子・石丸理佐	(社)農林水産先端技術産業振興センターと共有
"	絹フィブロイン微粉末の製造方法 (イギリス, ドイツ, フランス, イタリア)	第0,753,533号 (2615440)	13. 10. 10	坪内紘三	
"	細胞死抑制遺伝子が導入されたストレス抵抗性植物およびその作出方法 (アメリカ)	第6,310,272号 (特開2000-023583)	13. 10. 30	大橋祐子・光原一朗・カマル エイ マリク	
"	フェロモン結合タンパク質及びその製造方法 (アメリカ)	第6,316,221号 (3054692)	13. 11. 13	レアルバルター スアレス・ヒューバート ヴォイタセク	
"	イネのいもち病抵抗性遺伝子の核酸マーカート、このマーカートによって得られるイネいもち病抵抗性遺伝子 (アメリカ)	第6,333,151号 (特開平07-163371)	13. 12. 25	桂 直樹・川崎信二・斉藤 彰・佐藤征弥・安東郁男	科学技術振興事業団と共有
"	メイロード (エニシダ) (アメリカ)	第PP12,047号 (出願中)	13. 8. 14	永富成紀・勝俣和子・安西弘行	明治製菓(株)と共有
"	メイキング (エニシダ) (アメリカ)	第PP12,048号 (出願中)	13. 8. 14	永富成紀・勝俣和子・安西弘行	明治製菓(株)と共有
"	ゴールド二十世紀 (なし) (オランダ)	第19,974号 (品種登録2932)	13. 9. 12	西田光夫・藤田晴彦・池田富喜夫・真田哲朗 壽 和夫	

「特許登録番号」欄の下端は、国内の登録番号等です。



農業生物資源研究所ニュース No.4

平成14年3月1日

編集・発行 独立行政法人農業生物資源研究所
National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)
事務局 企画調整部広報普及課 TEL0298-38-7004
〒305-8602 茨城県つくば市観音台2-1-2
<http://www.nias.affrc.go.jp>