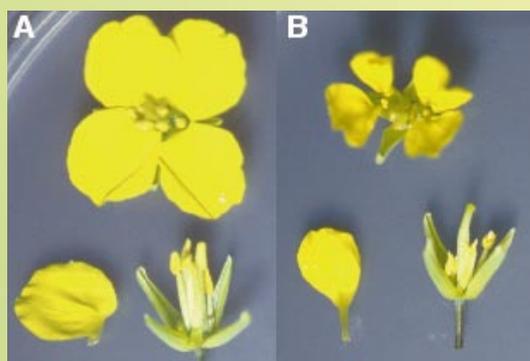


農業生物資源研究所 ニュース

No. **13**

Contents

研究トピックス	1
・ホールゲノムショットガン法による カイコゲノム塩基配列の決定	
・いろいろなアミノ酸から始まるタン パク質を作る	
・Na ⁺ を液胞に隔離する能力を高めてイ ネの耐塩性を改善	
・麻痺ペプチドのカイコの傷口治癒へ の関与	
・ナタネミトコンドリアゲノムの全ゲノム 構造の決定	
・宿主特異性に関与するべん毛タンパ ク質の糖鎖修飾遺伝子	
特集:遺伝子組換えジャガイモ・イ ネの隔離圃場における栽培試験	7
会議報告	11
・NIAS-COE/PROBRAIN/TOKUTEI合 同国際シンポジウム	
・第1回「イネ白葉枯病国際会議」	
イベント報告	12
・公開市民講座「暮らしと生命(いの ち)を支える植物の力 ミレニアム プロジェクト研究がもたらしたもの」	
・平成16年度 一般公開	
・2004 シルクフェア in 岡谷	



ナタネの花の形態(記事は5ページ)
A: 正常な花。おしべが長く、葯と花びらが発達している。
B: 細胞質雄性不稔の花。おしべが短く、葯や花びらが未発達。



一般公開日(4月14日)円形温室見学の様子
(記事は13ページ)

■ 研究の背景

カイコのゲノム情報は、新品種改良や有用物質生産などを通して蚕糸業や昆虫産業に大きく貢献すると期待されています。またカイコは農業害虫の多くが含まれる鱗翅目(蝶・蛾の類)昆虫の代表種であり、害虫防除の観点からもゲノム解読の必要性が世界的に注目されています。日本ではカイコの遺伝学研究が古くから行われており、多くの研究成果が蓄積されています。そこで農業生物資源研究所が中心となって、大学・企業等との共同研究により、**ホールゲノムショットガン(WGS)法**によるカイコの全ゲノム(5億塩基対)の塩基配列解読をめざしました。

■ カイコゲノム塩基配列解読

WGS法によるゲノム解析は、全ゲノム情報を短期間に効率的に獲得できる方法です。この方法ではカイコ(**p50T系統**)の絹糸腺からゲノムDNAを精製し、ランダムに切断した断片から約140万個を選び、それらの両端の約500塩基対の配列を決めました。これらカイコゲノムの約3倍量に相当する280万個の塩基配列断片を東京大学大学院新領域創成科学研究科が開発したコンピュータプログラム(RAMENアセンブラ)を用いてつなぎ合わせました(図1)。

アセンブルした結果、計21万3千個のコンティグが得られました。これらの合計は3億9千万塩基対であり、カイコゲノムの約80%を解読したことになります。

■ 成果の活用

WGS法により得られたカイコゲノム情報を農業生物資源研究所のホームページ (次の段へ続く)

(<http://sgp.dna.affrc.go.jp/>、図2)で公開し、全ての研究者が昆虫機能研究に利用できる体制を整えました。これにより昆虫新産業創出研究の飛躍的な推進が期待できます。私たちは、日本と同様にカイコ塩基配列解読を進めている外国の研究者と情報交換をはかり、カイコゲノムの解読、遺伝子の機能解析に関する国際共同研究において主導的役割を果たしていきます。

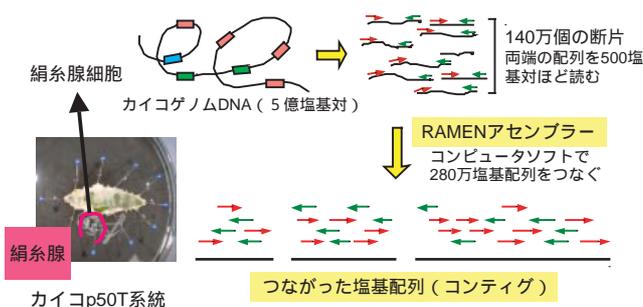


図1. ホールゲノムショットガン(WGS)法の概略



図2. カイコゲノム研究のHP <http://sgp.dna.affrc.go.jp>

表1. アセンブル結果

読んだ塩基配列断片数	280万リード
読んだ塩基配列総数	16億塩基対
シーケンスコンティグ総数	21万3千
シーケンスコンティグ総長	3億9千万塩基対

ことばの解説

ホールゲノムショットガン(WGS)法 全ゲノム解読に常用されている方法で、短期間に低コストで行えるという利点がある。カイコの場合、ゲノムDNAをバラバラにして、各DNA断片の両端の塩基配列を読み取り、読み取った塩基配列断片をコンピュータ上でつなぎ合わせた。

p50T系統 近親交配を繰り返し、個体間でばらつく形質を分離して遺伝子を均一化した近交系で、ゲノム解析に適している。

シーケンスコンティグ WGSの塩基配列断片のオーバーラップした部分をつなぎ合わせた塩基配列。

ひとこと

世界の昆虫遺伝子情報の発信源となる昆虫遺伝子情報解析センターになることを期待しています。



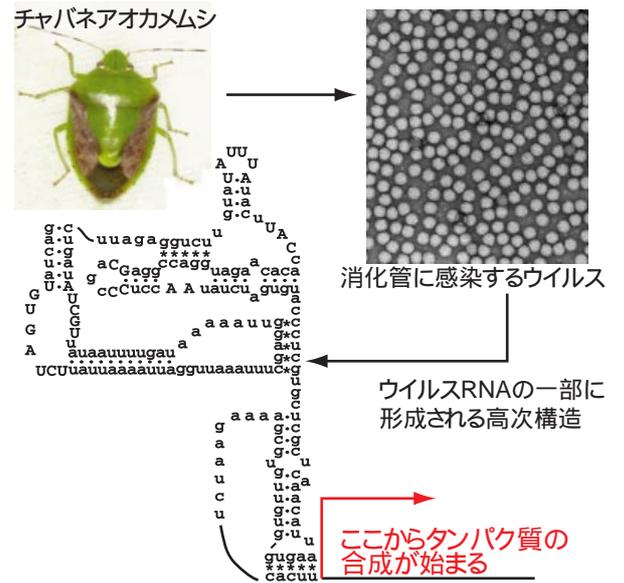
ゲノム研究グループ昆虫ゲノム研究チーム：左から山本公子、三田和英、門野敬子

いろいろなアミノ酸から始まるタンパク質を作る

昆虫ウイルスのゲノムRNAの特異な構造

伝令RNAの塩基配列を転移（運搬）RNAがリボソーム上でアミノ酸配列に変換して生物は必要なタンパク質を作ります。タンパク質の合成開始には開始メチオニン転移RNA (Met-tRNAⁱ)が必要で、これを使わないと生物はタンパク質を合成できません。従って自然界で合成されるタンパク質の先頭には必ずメチオニンが使われています。微生物からヒトに至るまでこの規則に例外は無いとこれまで考えられていました。ところが、昆虫ウイルスの一群にMet-tRNAⁱを使用せずにタンパク質の合成を始めるものがあることがわかりました。このグループのウイルスが使う伝令RNAの配列の中に、特殊な高次構造（図1）を形成する領域があり、この領域が自分の遺伝子からのタンパク質合成開始位置を自発的に決めているのです。この高次構造は昆虫のリボソームだけでなく、植物や脊椎動物のリボソームによっても認識され、それらのリボソームを用いて試験管内でタンパク質の合成を行うことができます。

になりました。最近になって続々とこのタイプのウイルスが報告されるようになり、無脊椎動物に広く分布するウイルスであると考えられています。



任意のコドンからの合成開始

高次構造の下流の部分にいろいろなアミノ酸をコードするコドンから始まる塩基配列を連結してもタンパク質の合成開始が起きることがわかり、天然のリボソームとtRNAを使用して試験管内でいろいろなアミノ酸からタンパク質の合成を始めることが可能

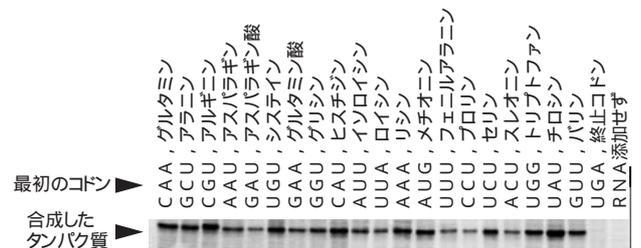


図1. 昆虫ウイルスRNAの高次構造と様々なコドンからのタンパク質合成

ことばの解説

リボソーム 伝令RNAに結合し、転移（運搬）RNAが次々に運んでくるアミノ酸をペプチド結合で連結してタンパク質を合成する働きをします。原核生物（核膜を持たない細菌など）と真核生物（核膜をもつ高等生物）ではリボソームの構造が異なるため、図1のRNA構造は真核生物のリボソームにしか認識されません。

Met-tRNAⁱ 64種類のコドンのうち、メチオニンをコードするのはAUGだけです。ところがAUGを認識するtRNAにはペプチド鎖の合成開始に使われるものと延長反応に使われるものの2種類があります。合成開始に関与するものはMet-tRNAⁱとして区別され、このtRNAは延長因子と相互作用は行いません。逆に延長反応用のtRNAは開始因子と相互作用は行えません。

コドン 遺伝暗号。タンパク質のアミノ酸配列を規定するための情報を持つ核酸塩基の配列。3塩基の連鎖で各アミノ酸に対応します。

ひとこと

昆虫にはまだ知られていないウイルスがたくさんいます。それらの遺伝子の働きを調べて役立つものを探します。



昆虫適応遺伝研究グループ昆虫共生媒介機構研究チーム：中島信彦

■イネの耐塩性を改善するには

塩分が土壤中に集積し、作物の生育に多大な影響を与える塩害は世界的な問題になっています。イネにおいても、多くの主要な品種は耐塩性が低いため、世界的にその生産性や栽培面積に塩害が多大な影響を与えています。塩害の大きな要因として、植物体内に多量に流入したNa⁺やCl⁻が引き起こすイオンストレスが挙げられます。このストレスを回避する機能をイネに付加あるいは強化することが、耐塩性を改善する重要な方法になります。

■液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーターに注目

そこで私たちは、植物において主要なNa⁺輸送体であるNa⁺/H⁺アンチポーターに着目しました。Na⁺/H⁺アンチポーターは、生体膜を介してNa⁺とH⁺の対向輸送を行います。植物では、塩ストレス時に細胞内に流入したNa⁺の排出や液胞への隔離に関与すると考えられ、特に液胞膜型は、細胞容積の大部分を占める液胞内にNa⁺を能動的に輸送するため塩ストレスの回避に重要な働きをされると考えられています(図1)。また、この輸送体の活性や遺伝子はイネに元々存在することを私たちは確認しましたが、その活性や量が低いことが耐塩性の低さの原

因の一つではないかと予想しました。

■イネの液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーターの利用

私たちは、イネの液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーターとしてOsNHX1遺伝子を単離しました。出芽酵母などを用いてこの遺伝子がコードする蛋白質がNa⁺/H⁺アンチポート活性を持つことを確認し、液胞膜に存在することも確認しました。その上で、この輸送体を高発現させた形質転換イネを作出して、その耐塩性を解析しました。その結果、OsNHX1蛋白質を高発現させたイネの懸濁培養細胞では、塩ストレス下で細胞内つまり液胞内のNa⁺量が高発現させていない細胞より増大し、それとともに耐塩性が改善されました。さらに、OsNHX1蛋白質を高発現させた植物体でも耐塩性が改善されました(図2)。これらの結果から、イネの液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーターの高発現がイネの耐塩性改善に有効なことが確認されたのです。



図2. OsNHX1を高発現した形質転換イネに対する塩ストレスの効果。塩ストレス処理7週間後における形質転換イネ植物体の画像。コントロールは、ベクターのみを導入したものの。

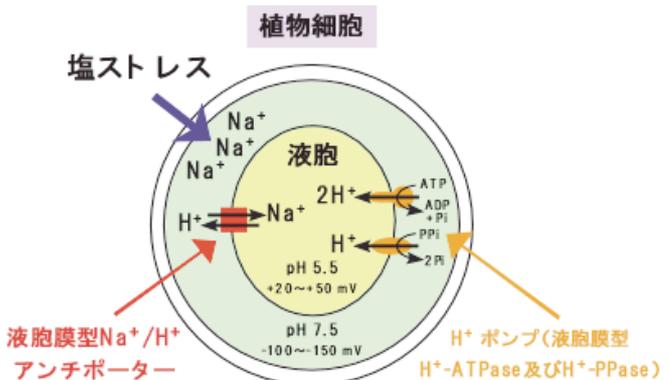
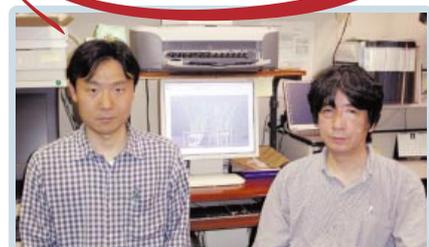


図1. 塩ストレス下における植物細胞内での液胞膜型Na⁺/H⁺アンチポーターの働きの模式図

ひとこと

塩害と一言で言っても様々なことが植物の体内で起こっています。この成果がそれを理解する一助になればと思います。



(右) 生理機能研究グループ 上席研究官：田中喜之、(左) 同グループ 耐病性研究チーム：福田篤徳

ことばの解説

対向輸送 生体膜を介してイオン(ここではH⁺)などの物質をエネルギーを利用して輸送すると、膜内外に電気化学ポテンシャルの勾配が形成されます。その勾配に従った輸送と共役して、他の物質(ここではNa⁺)が同じ輸送体により逆向きに輸送される現象を指します。

麻痺ペプチドのカイコの傷口治癒への関与

■カイコ麻痺ペプチドとは？

カイコ麻痺ペプチド (Paralytic Peptide : 以下「PP」と略) は23アミノ酸からなる生理活性ペプチドで、カイコ幼虫に対する麻痺活性を指標に同定されました (図1)。我々は、PPの活性化機構やPPの生理機能について研究を行いました。

■麻痺ペプチドの活性化機構と生理機能

活性化機構に関しては、生化学・分子生物学的解析から、PPが108アミノ酸からなる不活性な前駆体として体液中に存在し、外傷を負うと速やかに加水分解を受けてC末端部にある23アミノ酸の活性型ペプチドが遊離することがわかりました。

また、生理機能については、麻痺活性に加えて、血球の1種プラズマ細胞に対する伸展刺激活性、複数のカイコ培養細胞株に対する細胞増殖促進活性、造血阻害活性、カイコ幼虫に対する成長阻害活性などの複数の活性を持つことがわかり、PPが非常に多機能な生理活性ペプチドであることが明らかになりました。

■麻痺ペプチドによる傷口治癒のモデル

我々は以上の結果から、PPがカイコ幼虫の傷口治癒に重要な役割を果たしているものと考えています (図2)。すなわち、PPは幼虫の体液中に不活性な前駆体として存在し、表皮に外傷が生じると速やかに活性型ペプチドに変換され、傷口付近で局所的な筋収縮を引き起こして出血を防ぎ ()、血球の付着・伸展を促して傷口を覆って細菌などの感染を防ぐと同時に () 皮膚細胞の増殖を誘導して損傷修復を行い () さらに一時的に造血器官から

の新生血球の供給をストップして新生血球の損失を防ぐ () という一連の作用を想定しています。また、その間に一時的に幼虫成長を遅らせる () ことにより多くのエネルギーを傷口修復に使えるようにしているのかもしれませんが。今後は、この仮説をトランスジェニック蚕などの手法を使って証明していきたいと考えています。

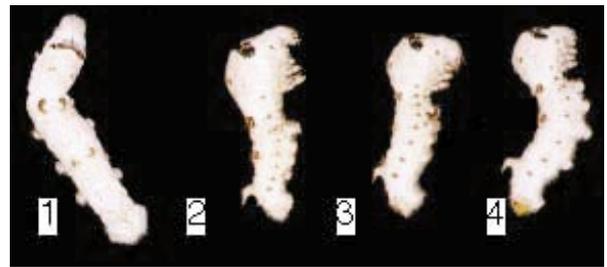


図1. 麻痺ペプチドによるカイコ幼虫の麻痺誘導
1は生理食塩水を、2~4は100 ngを5齢0日幼虫に注射した。

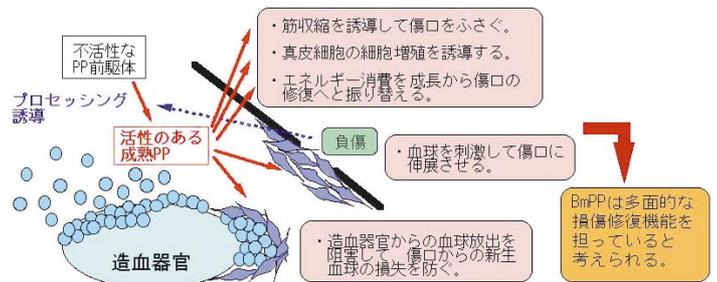


図2 カイコ麻痺ペプチドによる傷口修復機構のモデル

ひとこと

今後はPPを分子遺伝学的に利用することにより、昆虫の成長、休眠、免疫などを制御する手法を開発したいと思います。

ことばの解説

ペプチド アミノ酸が複数連結した分子で、通常分子量が5000 Da以下のものをいい、それ以上大きな分子をタンパク質と呼びます。

造血 カイコ幼虫では翅原基に付着している造血器官で血球細胞が作られ、体液中に放出されます。

発生分化研究グループ成長制御研究チーム：
神村学

はじめに

おしべができなくなってしまう性質（細胞質雄性不稔性）は、作物育種、特にハイブリッド品種育成にとって極めて有用な性質の一つです（表紙写真）。この性質は、細胞中のミトコンドリアの遺伝子によって引き起こされるのですが、その機能はまだわかっていません。私たちは、細胞質雄性不稔性の機構を明らかにする出発点として、ナタネのミトコンドリアの全ゲノム構造を決定しました。これは、高等植物では世界で4例目の成果です。

ナタネミトコンドリアゲノムの特徴

高等植物のミトコンドリアゲノムは、動物などの他の生物のミトコンドリアに比べて著しく大きなことが知られています。例えば、昨年、当所で構造決定されたイネのミトコンドリアゲノムは491kbであり、ヒトのミトコンドリアゲノム（16kbp）の約30倍も大きなものです。今回解析したナタネミトコンドリアゲノムは、その大きさは222kbpで、ヒトの14倍ではありますが、イネの半分以下の大きさでした。この大きさは、これまでにミトコンドリアゲノムの大きさが推定されている植物の中では、最も小さいものです。これは、細胞質雄性不稔性など、ミトコンドリアが引き起こすさまざまな遺伝現象を解明していくための格好のモデル系として利用できると思われます。

植物ミトコンドリアゲノムの動的構造

ナタネミトコンドリアゲノムが、これまでに解析された高等植物の中で最も小さいことが明らかになりましたが、持っている遺伝子の種類や数は他の植物と大きな差はありませんでした。例えば、ナタネに近縁なシロイヌナズナの大きさは367kbとナタネの約1.5倍ですが、持っている遺伝子に差はありませんでした。さらに、テンサイ（369kb）を加え

た3種の双子葉植物間で比較したところ、3種で共通な部分はわずか62kbの既知の遺伝子領域のみに限られることがわかりました（図2）。言いかえると、大きな植物ミトコンドリアゲノムの大部分を、それぞれの植物種に固有の配列が占めているわけです。私たちが目標としている細胞質雄性不稔性なども、この種固有配列の部分にその機構を解明する鍵があるのかもしれません。

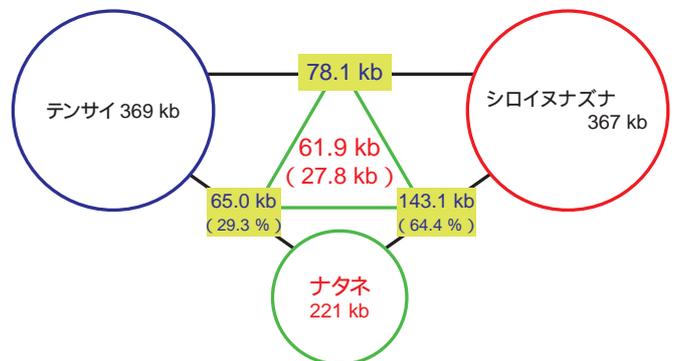


図2．3種の植物ミトコンドリアゲノムで共通している配列。同じ科に属するナタネとシロイヌナズナの場合を除くと、ゲノムの大きさに対する共通する配列の割合が小さいことがわかります。

ひとこと

これまでに構造決定された4種の植物ミトコンドリアゲノムのうち、2種（ナタネ、イネ）は当研究所で解析されたものです。植物ミトコンドリアゲノム研究の世界的拠点として注目されています。



新生物資源創出研究グループ新機能開発チーム：半田裕一

はじめに

細菌の多くは、べん毛を回転させて動き回ります。べん毛の繊維はフラジェリンとよばれるタンパク質で構成されています。一方、動植物はこのフラジェリンを認識することで細菌の存在を感知し、防御応答を発動させます。植物病原細菌の一つで、農業上問題となっている *Pseudomonas syringae* には、宿主の異なる多くの病原型が存在します。私たちは、その一つであるダイズ斑点細菌病菌を用い、フラジェリンの糖鎖修飾を司る遺伝子が**宿主特異性**に関与することを明らかにしました。

フラジェリン糖鎖修飾関連遺伝子とその欠損変異株

近年、いくつかの動植物の病原細菌において、フラジェリンが糖鎖修飾を受けている報告がなされています。今回、ダイズ斑点細菌病菌のフラジェリンをコードする遺伝子上流に、糖転移酵素遺伝子と相同性を示す遺伝子を2つ見いだしました(図1)。相同組換えとよばれる方法により、この遺伝子を特異的に欠損させた変異株では、フラジェリンに糖鎖修飾を行うことができなくなります。

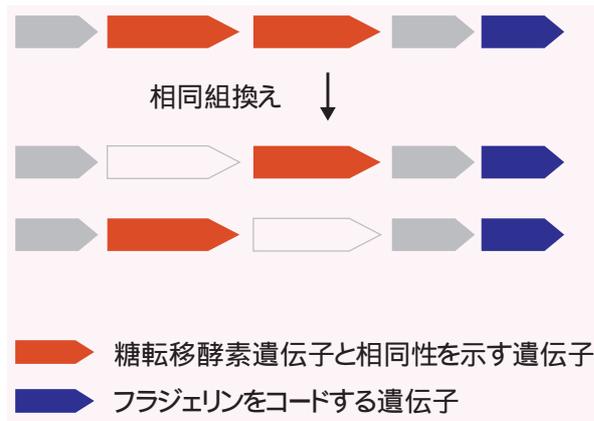


図1. フラジェリン糖鎖修飾遺伝子とその欠損変異株の作出

植物に対する病原性の変化

このフラジェリン糖鎖欠損変異株を用い、植物に対する病原性について調べました(図2)。本来ダイズはこの野生型の病原細菌にとって宿主ですので病気になるりますが、変異株を接種した場合には病徴の低下がみられました。一方、タバコは非宿主ですので病気にはならないのですが、変異株に対しては病徴様の変化がみられました。このように、フラジェリンの糖鎖修飾遺伝子が動植物との相互作用に関与することについて、はじめて明らかにしました。植物にとって細菌が病原性か否かを判断する上で、フラジェリンの糖鎖が重要なのかもしれません。(この研究は、岡山大学農学部との共同研究で行われました。)

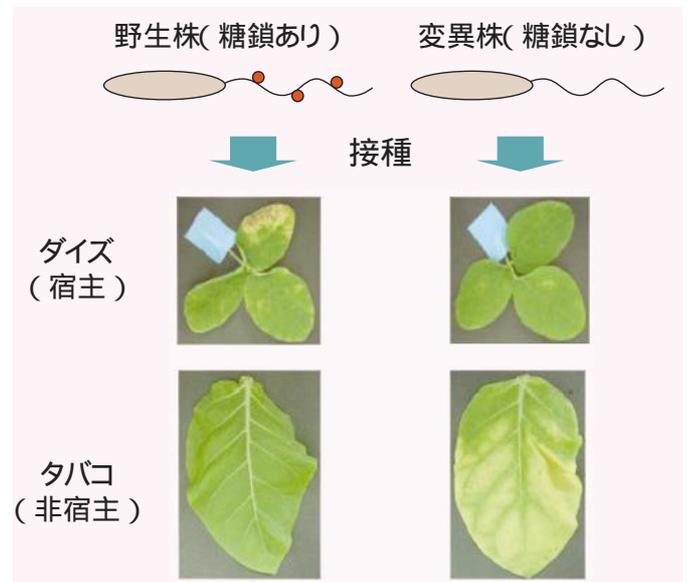
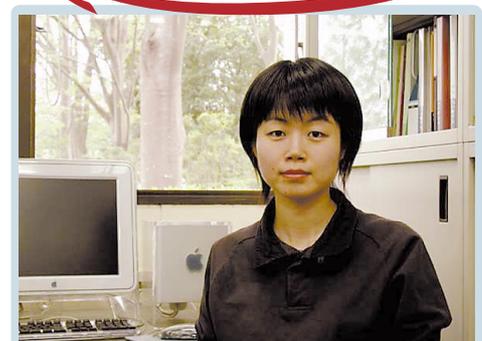


図2. 野生株および変異株の接種を行ったダイズとタバコの様子

ひとこと

細菌が植物に病気を起こすしくみを明らかにし、植物保護に役立てたいと考えています。



ジーンバンク微生物資源研究チーム：竹内香純

ことばの解説

糖鎖修飾 タンパク質が作られた後、十分な機能を発揮するには、多くの場合さらに修飾を受けることが重要です。この修飾を翻訳後修飾とよびますが、その一つとして糖鎖修飾が挙げられます。糖鎖は細胞間の認識などに関わっています。

宿主特異性 微生物と動植物の相互作用の場で、微生物が全ての動植物(宿主)に対して感染や共生を行うのではなく、種類によって宿主範囲が決まっている特異性のこと。ここでは、植物病原細菌の宿主特異性について述べています。

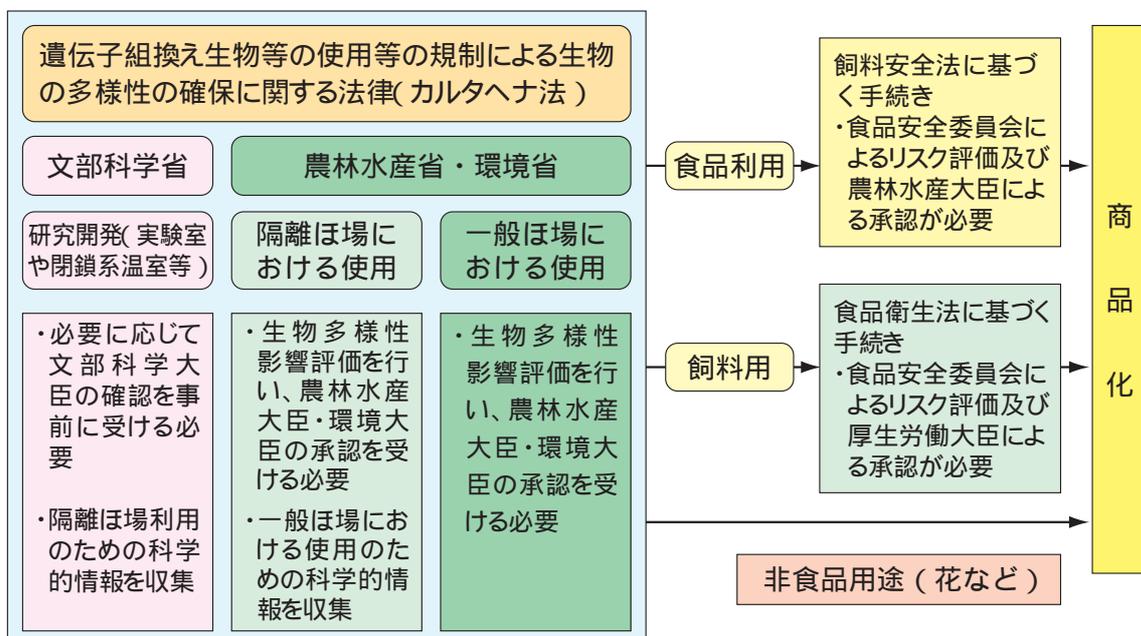
遺伝子組換えジャガイモ・ における栽培試験

遺伝子組換え農作物の安全性評価

遺伝子組換え技術は、基礎的な研究を進めるための重要な技術だけではなく、従来の品種改良の限界を超えて、有用な品種を開発する技術として極めて重要な役割を果たしています。しかし、日本では遺伝子組換え農作物に対して食品としての安全性や環境への影響などを心配する消費者が多く、十分に受け入れられているとは言えない状況です。この原因は、最初に商品化された組換え農作物が除草剤耐性ダイズや害虫抵抗性トウモロコシなどであったため、生産者には極めて有用な性質であっても、農業を知らない多くの日本の消費者には、その重要性が理解できなかったためではないかと考えられます。また、遺伝子組換え農作物の安全性に疑問を持つ消費者も多いとのことですが、実際にはどのような安全性評価を行っているかを十分に理解しないで不安がっている人も多いようです。そこで、まず日本における

遺伝子組換え農作物の安全性評価について概略を紹介します。

遺伝子組換え農作物を商業的に利用するためには、「遺伝子組換え生物等の使用等の規制による生物の多様性の確保に関する法律」(以下、「カルタヘナ法」という。)に基づいて、遺伝子組換え農作物の栽培による周辺生物の多様性への影響評価を行い、悪影響が認められないと判断された組換え農作物のみが一般ほ場などで栽培できます。また、遺伝子組換え農作物を食品として利用する場合には「食品衛生法」に基づき組換え食品としての安全性を確認し、さらに家畜の飼料に使われる場合は「飼料安全法」によりその安全性を確認する必要があります。今回行う遺伝子組換えジャガイモやイネの栽培試験は、隔離ほ場で行うものです。



イネの隔離ほ場等

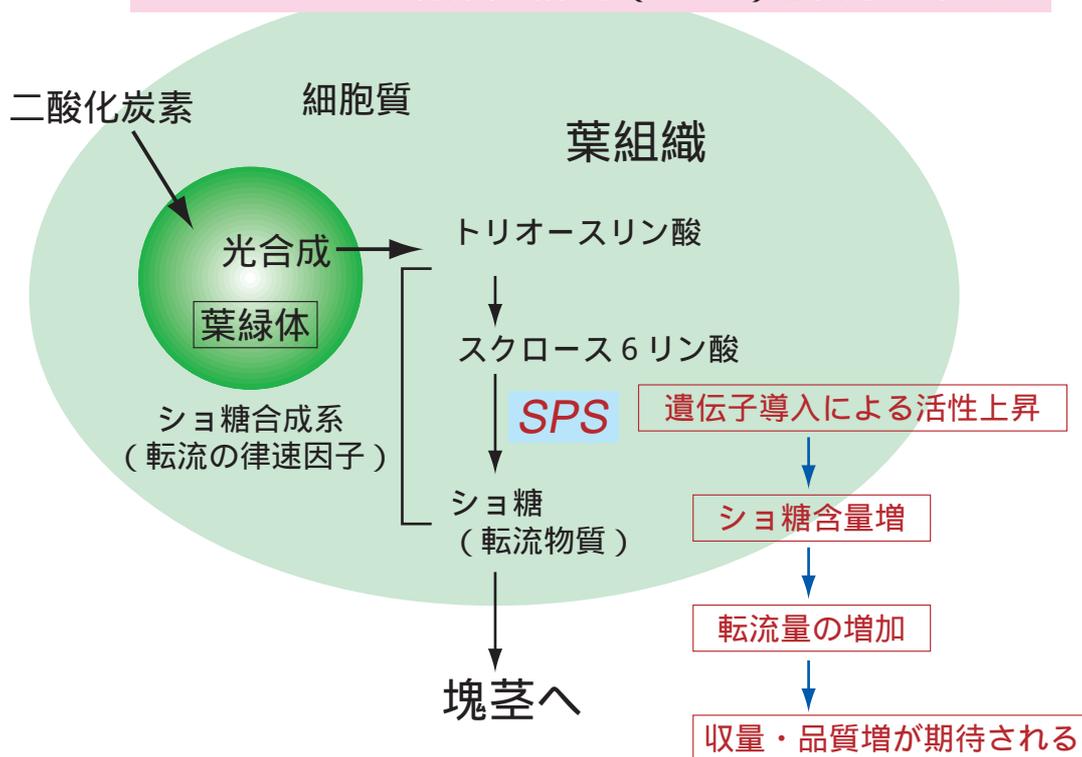


遺伝子組換えジャガイモの開発と栽培試験の目的

コメやイモは、光合成により生産された炭水化物がショ糖として種子や塊茎あるいは根に運ばれ蓄えられたものです。現在までにトマト等を用いた研究において、スクロースリン酸合成酵素遺伝子（以下、「SPS 遺伝子」という。）を導入し酵素量を増加させることにより、ショ糖の合成速度が高められ収量や品質特性が向上することが報告されています。

今回の試験では、ジャガイモの収量や品質を決定するメカニズムを解析し、優れた品種の作出に向けた知見を得るために、トウモロコシの SPS 遺伝子をジャガイモ（品種「メークイン」）に導入した組換え体を作成し、SPS 遺伝子導入がジャガイモの収量及び品質特性に及ぼす効果を解析する基礎的な研究を行います。

スクロースリン酸合成酵素(SPS)遺伝子の働き



草型を改変した遺伝子組換えイネの開発と栽培試験の目的

日本で最も多く栽培されている「コシヒカリ」をはじめ多くの栽培品種は、背丈が高い（長稈）ため倒伏しやすく、収量や品質の低下、作業性が問題になります。そこで、倒れにくさ（耐倒伏性）などの特性を付与し栽培上の問題点を改善することを目的に、植物ホルモンであるジベレリンを不活性化するジベレリン二酸化酵素遺伝子を導入して半矮性を示すイネと、植物ホルモンのブラシノライドの受容体

に変異を入れた改変型ブラシノライド受容体遺伝子を導入することで、直立葉のイネを開発しています。平成16年6月初旬から平成17年3月末まで、独立行政法人農業環境技術研究所の隔離ほ場を用いて、野外の環境条件下で栽培試験を行い、生物多様性への影響を評価するとともに、草型を改変したことによる収量性への影響も解析する予定です。

ジベレリンの作用を弱くして矮性にした組換えイネ（G系統）



どんこい(対照)
組換えイネ

ブラシノライドの作用を弱くして半矮性直立葉にした組換えイネ（B系統）



両写真とも 左側:組換えイネ、右側:非組換えイネ(対照)

スギ花粉症緩和米の開発と栽培試験の目的

スギ花粉症は、国民病といってよいほど日本では最も良く知られたアレルギー疾患であり、その患者は現在国民の約20%にも及んでいます。スギ花粉症は2月から4月までの短期間であるにも係わらず、医療保険などに出費される医療費は少なくとも2,800億円にもなり、花粉症患者の方の生活の質

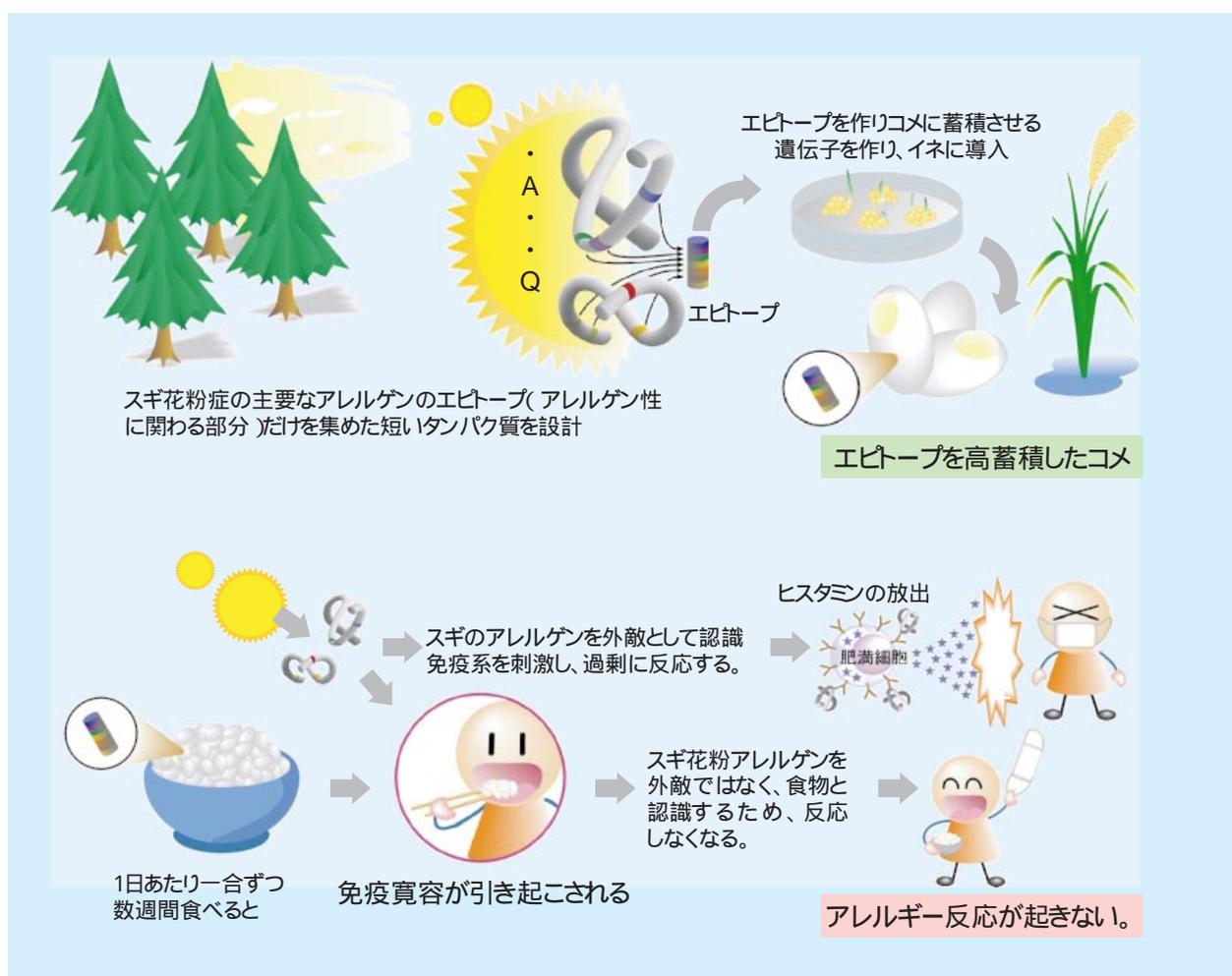
の低下を招くことなどから、スギ花粉症の根治的治療法が開発が国家的に急務な課題となっています。現在の花粉症の一般的な治療法には、ヒスタミンなど抗アレルギー剤やステロイドホルモンの使用といった対症療法が中心です。

新たな治療法として、アレルギーの原因物質（ア

レルゲン)の一部のアミノ酸配列(ペプチド)である「T細胞エピトープ」を経口投与するペプチド免疫療法が開発されています。この原理をスギ花粉症の予防・治療に活用し、コメを食べることでT細胞エピトープを経口投与できるように、T細胞エピトープを高濃度でコメに蓄積するイネの開発を進め

ています。

今後、ヒトに対する有効性や安全性、炊飯米として加工品にした場合の有効性などを調べる必要があります。当面、全国農業協同組合連合会のガラス温室においてこれらの試験に用いるコメを確保します。



遺伝子組換えジャガイモ及びイネについての情報提供

これらの遺伝子組換え農作物に関する詳細な情報は、農業生物資源研究所のホームページ(<http://www.nias.affrc.go.jp/gmo/gmotop.html>)から閲覧することが可能です。また、希望者に

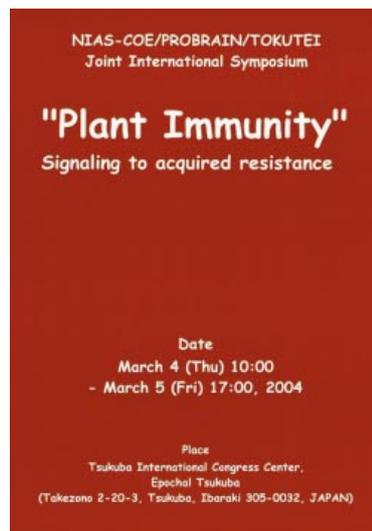
は随時見学を受け付けていますので、情報広報課までご連絡ください。

企画調整部遺伝子組換え研究推進室長：田部井豊

NIAS-COE/PROBRAIN/TOKUTEI 合同国際シンポジウム

上記の国際シンポジウムが2004年3月4, 5日の両日に、つくば市竹園のつくば国際会議場ホールで開催されました。今回は「植物の免疫機構(Plant Immunity)」というテーマのもとで、外国からの招待講演者7名を含む合計22名による口頭発表と、38のポスター発表がありました。植物も病原菌という外敵と戦いながら暮らしています。しかしその戦いぶりは動物とはかなり違うということが、最近の研究によって明らかになってきました。このシンポジウムでは、シロイヌナズナ、ミヤコグサというモデル植物から、イネやリンゴのような実用作物までの幅広い研究材料について、病原菌毒素のような小さな分子、遺伝子・タンパク質のような大きな分子、さらに葉緑体・ミトコンドリア・細胞壁のような細胞レベルでなにが起きているか、について最新の成果が報告されました。260名以上の参加者が2日間にわ

たって活発な討論を行い、農業生物資源研究所のCOE(Center of Excellence)プロジェクトの最後を飾り、次への飛躍につながるシンポジウムでした。



(生理機能研究グループ特待研究員：大橋祐司、生体高分子研究グループ糖鎖機能研究チーム：南栄一)

第1回「イネ白葉枯病国際会議」について

イネ白葉枯病はアジア各国でハイブリッドライスの普及とともに大発生が続き大きな問題となっており、また、研究面では宿主植物と病原、双方のゲノム解析が完了した最初の系となりました。このような背景の下、2004年3月17～19日、つくば国際会議場「エポカルつくば」において第1回イネ白葉枯病国際会議を開催しました。会議には米国、フィリピン、中国、フランス、ベルギー、インド、タイなど世界各国から140名のイネ白葉

枯病研究者が参加し、最新の研究成果を発表しました。初日はイネ-白葉枯病菌相互作用の分子生物学、2日目が耐病性育種戦略、3日目はゲノムを中心としたセッションでしたが、各セッションとも白熱した論議で盛り上がりました。今回の会議の特徴は第一線で活躍する研究者に加えて、我が国のみならず米国および中国の若手研究者の参加が目立ったことで、イネ白葉枯病の病害としての、また生物間相互作用の分子生物学的研究における最先端分野としての世界的な重要度が再確認され、さらにポストゲノム研究の将来的展望が開けていることを実感しました。最後にJ. S. Wang博士が3年後の2007年秋に第2回イネ白葉枯病国際会議を中国・南京市で開催することを宣言し、本会議を閉じました。

(遺伝資源研究グループ上席研究官：加来久敏)



いのち 暮らしと生命を支える植物の力 ミレニアムプロジェクト研究がもたらしたものの

この公開市民講座は、2000年から5カ年計画で始まった大型の国家プロジェクトであるミレニアム・ゲノム・プロジェクトの中で「イネゲノムプロジェクト」と総称される植物科学研究プロジェクトに参画している（独）農業生物資源研究所、（独）日本学術振興会「植物遺伝子」研究推進委員会、（独）理化学研究所植物科学研究センターの共催で、5月8日（土）に東京大学農学部弥生講堂・一条ホールで開催されました。

植物は昔からそして今も私たちの身の回りで役立っています。衣食住のどれにも、また医薬にも植物は大きく貢献しています。最近の植物の研究でいろいろなことが判ってきました。そして植物の利用についての新しい展望も見え始めました。その一端を紹介することが目的で、今回が初めての試みです。植物研究のおもしろさと重要性を高校生・大学生や市民の皆さんに是非伝えたいとの研究者たちの熱い思いから企画されました。

講演では、まず、「遺伝子の宝庫“野生植物”を科学する」と題したお話が横田明穂・奈良先端科学技術大学院大学教授からありました。さらに、福田裕穂・理化学研究所植物科学研究センターグループディレクターは「植物のかたちを設計する：植物の生産性の向上に向けて」と題して話しました。そして最後は、当研究所の肥後が「世界のトップを走る日本のイネゲノム研究：世界の食糧事情改善へ向けて」と題して話しました。

土曜日にもかかわらず、遠くは岩手県から、また薬剤師・企業の研究者・ニュースメディアの方々、大学生や大学院生や一般など幅広い分野の方々約100名にご来場頂きました。

講演に対しては、学会などの同業者の集会で出てくるような質問とは違った視点の質問もありました。また、講演後に聴衆の方々にかがったところ、「今まで知らなかったことが判った」「おもしろかった」という声と、「話の内容が難しい」「専門用語が多すぎる」とご意見がありました。今後もこのような催しなどを通じて、高校生・大学生や市民の皆さんにいろいろな情報を提供して行きたいと思いません。さらに「わかりやすい話し方」とこのような催しについての効果的な宣伝のあり方について、私たちのより一層の努力と工夫が必要と感じています。（理事：肥後健一）



いのち
暮らしと生命を支える植物の力
—ミレニアムプロジェクト研究がもたらしたものの—



公開市民講座のお知らせ

主催：イネゲノムプロジェクト／独立行政法人農業生物資源研究所
未来開拓学術研究推進事業／独立行政法人日本学術振興会
「植物遺伝子」研究推進委員会
植物ゲノム最新プロジェクト／独立行政法人理化学研究所
植物科学研究センター

日時：2004年5月8日（土）1pm—4pm

場 所：東京大学農学部 弥生講堂・一条ホール（収容人員300名）
（地下鉄：有楽町線「東大前」駅下車徒歩1分、
手代田線「池袋」駅下車徒歩10分）
（都バス：茶臼山1号線、王子駅または、
東43周辺川上子行「農学部前」バス停 徒歩1分）

参加費：無料（どなたでも参加できます。事前申し込みは不要です。）

プログラム

開会：開会挨拶（独立行政法人農業生物資源研究所 理事）

13:00—13:10 開会の挨拶：杉山達夫（理化学研究所植物科学研究センター）
「ミレニアムプロジェクトの概要」

山田康之（日本学術振興会「植物遺伝子」研究推進委員会 委員長）

13:10—13:55 「遺伝子の宝庫“野生植物”を科学する」
横田明穂（奈良先端科学技術大学院大学教授）

開会：開会挨拶（理化学研究所 理事）

13:55—14:40 「植物のかたちを設計する：
植物の生産性の向上に向けて」
福田裕穂（理化学研究所植物科学研究センター グループディレクター）

開会：開会挨拶（理化学研究所 理事）

14:40—15:25 「世界のトップを走る日本のイネゲノム研究：
世界の食糧事情改善へ向けて」
肥後健一（農業生物資源研究所 理事）

15:25—15:35 閉会の挨拶：岩瀬雅樹（農業生物資源研究所 理事）






平成16年度 一般公開

科学技術週間中の4月14日(水)「豊かな食と生活をめざして - 生命の多様性を探る - 」をメインテーマに研究所の一般公開を開催しました。

「本部地区」では、メイン会場でブロッコリーのDNA抽出実験やトマトの植継ぎ実験(写真左)などの体験のほか遺伝子組換えカーネーションの展示を、ジーンバンクでは、毎年恒例の種子当てクイズで出題者がひねりを効かせた難問に多くの方が挑戦していました。また、円形温室ではたわわに実ったバナナの房を珍しそうに見上げていました(表紙写真)。



「大わし地区」では、実験昆虫やカイコなどの展示のほか、繭の糸繰り実演、乾燥状態で十数年も休眠するネムリユスリカ幼虫の観察(写真右)や昆虫の機能を真似たフェロモン追跡ロボットなどに興味が注がれていました。

当日心配された雨も、何とか午後過ぎまで持ちこたえ、例年並みの見学者が来所されました。一般公開は研究をご理解いただく良い機会ですので、体験や実演を増やし、分かりやすくかつ興味を持って楽しんで頂けるような内容を来年も計画していきます。

(企画調整部情報広報課)



2004 シルクフェア in 岡谷

岡谷市では4月29日を「シルクの日」と定め、日本の近代化の礎となったシルクを広く市民に知って頂くため、8年前から糸繰りや機織りなどの体験を通して、シルクに親しんでもらうイベントを行っています。今年も4月29日に当研究所をメイン会場に、市内5カ所の会場で趣向を凝らした催しが行われました。

当研究所の催しの中のいろいろなカイコや果実用桑の展示コーナーでは、カイコに触れたり桑の実ジャムを食べることができたので、子供達の人気を集めていました。また、繭人形づくり、糸繰り、ハンド機織りの体験コーナーは順番待ちができるほど盛

況で、糸繰りでは昔なつかしいという声が年配の方から多く聞かれ、繭人形やハンド機織りでは自分で作った作品を持ち帰り、とても満足そうでした。(昆虫生産工学研究グループ生活資源開発研究チーム：中島健一)

