

農業生物資源研究所 ニュース

No. **15**

Contents

研究トピックス 1

- 細胞レベルにおける遺伝子の発現解析に植物で初めて成功
- 侵入昆虫ブタクサハムシの寄主植物範囲を規定する化学因子
- イネ完全長cDNAクローンの収集とゲノム配列へのマッピング - 遺伝子の働きを理解するために -
- 植物の乾燥耐性を向上させるペチュニアの遺伝子
- イネの紫外線抵抗性を強くする遺伝子
- 動物組織の切片を機能性培養担体として活用した新しい細胞培養技術

特集 7

- 研究センターの発足

受賞報告 9

- NIAS研究奨励賞、NIAS創意工夫賞
- FAO・IRRI主催 国際コメ年記念科学論文コンテスト - イネ育種関連部門最優秀論文賞ほか

コラム 11

イベント報告 12

- 昆虫産業創出ワークショップ in 富岡
- NIAS/COE国際シンポジウム『節足動物の蛋白質科学の最前線』



侵入昆虫ブタクサハムシ
(記事は2ページ)



FAO本部にて、農業局副局長L.Fresco博士(右)より賞状とメダルを授与される佐々木ゲノム研究グループ長(左)
(記事は12ページ)

■ 研究の背景

高等生物は細胞を分化させ、細胞ごとに特別な機能を分担させています。しかしながら技術的な問題から、特定の細胞においてどのような遺伝子が働いているかについて高精度に研究することはできませんでした。近年、レーザー光の利用により、組織切片から目的とする細胞のみを捕捉することが技術的に可能となりました。この手法は、**レーザーマイクロダイセクション (LCM)** と呼ばれ、これまで癌などのヒトの疾病研究に用いられていましたが、細胞壁構造を持つ植物細胞での成功例はありませんでした。そこで私たちは光合成で作られた産物の輸送に重要な役割を担う**師部**をターゲットとし、LCMによる植物細胞の限定捕捉およびその細胞で働いている遺伝子の発現解析に世界で初めて成功しました。

■ LCM による遺伝子発現解析

イネの葉の組織切片を作成し、LCM 操作により師部を限定捕捉しました (図 1)。

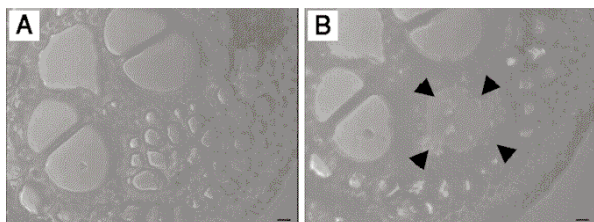


図1. LCMによるイネ師部の限定捕捉の例
A、LCM前；B、LCM後；矢印、LCMにより切り取られた領域。

次に捕捉した細胞から **mRNA** を抽出し、mRNA の増幅などの操作を行い、その後、師部で発現する遺伝子のみを集めた遺伝子ライブラリーを作成しました。この中から任意に選択したクローンの塩基配列を決定することにより、師部で発現する多数の新規な遺伝子を同定することができました。また、いくつかの単離した遺伝子が師部で特異的に発現することを明らかにしました (図 2)。

■ 今後の展望

LCM 技術は、たとえば病原菌に感染した植物細胞と非感染細胞における遺伝子発現の比較など、さまざまな遺伝子発現研究に道を拓くものだと考えています。LCM 技術のポストゲノム研究分野への活用が期待されます。

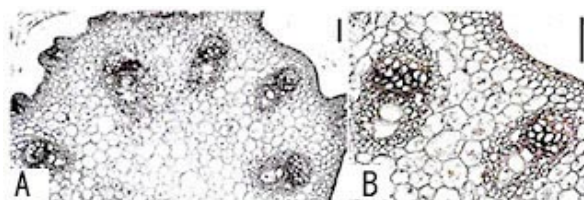


図2. 師部で特異的に発現する遺伝子の例
遺伝子の発現している部位は紫色で表示されます。解析した遺伝子が師部において発現していることがわかります。BはAの拡大図。

ひとこと

この技術を用いて新しい遺伝子を次々に単離しており、宝探しの気分です。

ことばの解説

レーザーマイクロダイセクション (LCM)

レーザー光を用いて組織切片から目的細胞を捕捉する技術です。

師部 水分や養分の輸送の通路となる維管束は木部と師部から構成されます。師部は光合成により作られた物質などの輸送に関わる細胞集団の総称です。

mRNA メッセンジャー RNA の略。DNA の遺伝情報を転写した一本鎖 RNA のことを mRNA と呼びます。



遺伝資源研究グループ遺伝子多様性研究チーム：門脇一 (左) 浅野敬幸* (右)
(*現 分子遺伝研究グループ遺伝子応答研究チーム)

はじめに

地上の昆虫種の半数以上は植食性だといわれています。植食性昆虫の**寄主植物**の範囲は、広い狭いの差はあるものの限定的であり、また、寄主として利用する植物種は、昆虫の種によりそれぞれ異なります。植食性昆虫は、嗅・触・視・味覚などの感覚機能を用いて自分の寄主植物を識別します。

ブタクサハムシ

ブタクサハムシ (*Ophraella communa* LeSage) は1996年に千葉県内のブタクサで最初に発見された北米原産の帰化昆虫です(図1)。幼虫・成虫共に数種のカク科植物の葉を摂食しますが、中でもブタクサを特に好んで摂食し、日本各地に分布を拡大しています。本種は当初、花粉症の原因となるブタクサを減らすための生物素材として注目されましたが、ヒマワリに対する食害が報告されて以来、農作物に及ぼす影響が危惧されるようになりました。ここでは、ブタクサハムシの食草の範囲が植物中のどのような成分により規定されるかを調べました。

摂食刺激物質の同定と分布

ブタクサのメタノール抽出物をろ紙に添加してブタクサハムシ成虫に与えたところ、ろ紙を摂食する行動が観察されました。この抽出物を、摂食刺激活

性を指標に精製し、4成分の**摂食刺激物質**を同定しました(図2)。成虫はブタクサ由来のトリテルペノイド(-amyrin acetateもしくは-amyrin acetate)とカフェー酸誘導体(5-caffeoylquinic acidもしくは3,5-dicaffeoylquinic acid)の混合物に摂食行動を示すことが分かりました。次に17種のカク科植物でこれらの物質の有無を調べたところ、ブタクサハムシに加害されない幾つかのカク科植物中にもこれらの物質が存在することが分かりました。検定の結果、摂食刺激物質が存在しながら加害を受けない植物には、摂食阻害因子も同時に含まれている可能性が示唆されました。ブタクサハムシの食草の範囲は、摂食行動を促進させる因子と阻害する因子の両方により規定されると考えられます。

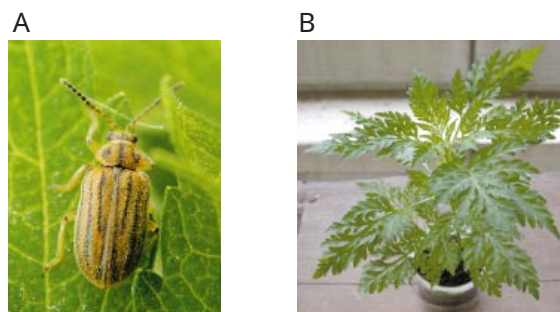


図1. ブタクサハムシ成虫 (A) と寄主植物のブタクサ (B)

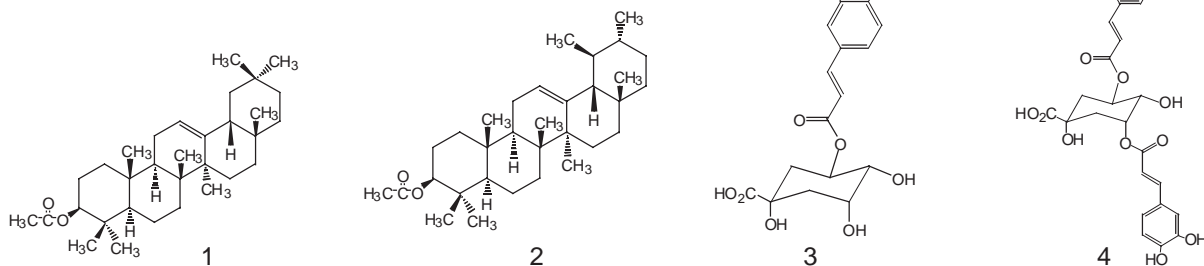


図2. ブタクサハムシの摂食刺激物質

1: -amyrin acetate, 2: -amyrin acetate, 3: 5-caffeoylquinic acid, 4: 3,5-dicaffeoylquinic acid

ひとこと

植食性昆虫の寄主選択機構の研究により、害虫に加害されない作物品種の育成が将来期待できると思います。

ことばの解説

寄主植物 植食性昆虫が餌として利用し、繁殖することのできる植物種。

摂食刺激物質 摂食行動を引き起こす物質。たとえば、アブラナ科植物に含まれるシニグリンなどはモンシロチョウ幼虫の摂食刺激物質であることが知られています。

昆虫適応遺伝研究グループ 昆虫・植物間相互作用研究チーム: 田村泰盛 (右) 同チーム: 服部誠 (左)

はじめに

重要な穀物であるイネを安定的に栽培し、おいしいお米を収穫するためにこれまでいろいろな品種改良がなされてきました。最近、DNA や遺伝子のレベルでイネを理解し、それを人類にとって役立つように改良する技術、いわゆるバイオテクノロジーが発展してきました。イネは約 4 億 3 千万塩基対のゲノム DNA からなっていることが知られており、その完全解読が今年（2004 年）末に終了する状況です。

ゲノム解析からわかったことは

遺伝子の本体は DNA でゲノム配列のある領域から、mRNA（メッセンジャー RNA）がコピーされ、それがタンパク質に翻訳され、いろいろな仕事をするということが明らかとなっています。遺伝子がゲノム上のどこにあって、どんな形をしているのかを知るには、mRNA を試験管内で人工的に DNA に変換する技術が極めて重要です。我が国は世界に先駆けて mRNA をほぼ完全に近い形で DNA に変換する完全長 cDNA クローン化技術をマウスやヒトの系で開発しており、それをイネにも適用してイネの完全長 cDNA クローンの大量収集を行いました。

現時点で、32,127 個の独立な完全長 cDNA のセットが得られており、各クローンの全長にわたる塩基配列の解読も終了しており

ます。さらに、ゲノム配列に対するマッピングを行った結果、約 20,400 力所から読まれたものであることが明らかとなりました。このうちの 13,500 力所から 1 種類の cDNA クローンが収集され、6,500 力所からは複数の cDNA クローンが収集されたことが明らかになりました。

イネの全遺伝子数は約 4 万 ~ 5 万と推定されていますが、現時点でその半数の遺伝子が完全長 cDNA クローンといった形で確保されたこととなります。このことは、イネゲノムの全塩基配列の解読と共に、イネやオオムギ、コムギ、トウモロコシなどの遺伝子を対象とした研究、他の植物との比較研究、さらにはバイオテクノロジーといった応用研究にも役立つことが期待されます。

イネ完全長 cDNA クローンに関する情報を公開しているページ

<http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cDNA/>

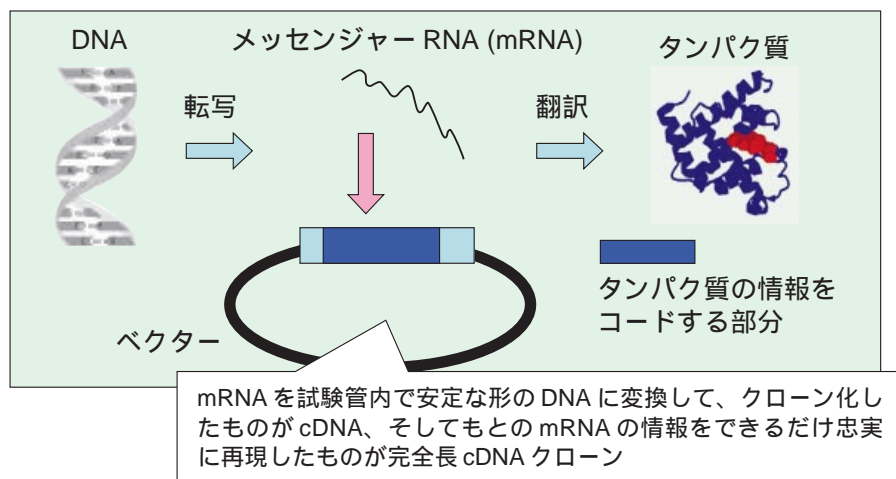


図 1 . 完全長 cDNA クローンに関する説明

ことばの解説

DNA と cDNA 前者がもともとデオキシヌクレオチドが鎖状に連なった分子であるのに対して、後者はリボヌクレオチドが鎖状に連なった RNA を鋳型として DNA に変えたもの。

mRNA RNA にはいろいろな種類があり、遺伝子発現が起こり、タンパク質が作られる際に DNA 上の配列情報を転写によってコピーしたものが mRNA (メッセンジャー RNA)。

ひとこと

イネのゲノム解析研究は単にイネのみでなく多くの植物の研究のリファレンスになることが期待されています。



分子遺伝研究グループ遺伝子発現研究チーム: 菊池尚志

はじめに

乾燥、塩、低温、傷害等のストレスは植物の生育に大きな影響を与えます。近年、植物がストレスに適応する過程で、遺伝子発現の調節に關与する**転写因子**が重要な役割を果たすことが明らかになってきました。本研究では、ペチュニアのジンクフィンガー型転写因子 ZPT2-3 がさまざまなストレスに対する応答に關与し、その遺伝子をペチュニアに導入すると乾燥に対する耐性が向上することを見出しました。

ZPT2-3 遺伝子の発現は乾燥ストレスにより誘導される

ペチュニアの幼植物を乾燥処理すると、ZPT2-3 遺伝子の mRNA レベルが上昇することがわかりました (図 A)。また、ホタル由来の発光遺伝子ルシフェラーゼ (LUC) を**レポーター遺伝子**として用いた実験によって、ZPT2-3 遺伝子の乾燥応答が遺伝子上流の DNA 配列によって制御されていることが明らかになりました (図 B)。一方、成植物の葉では、ZPT2-3 遺伝子の発現は乾燥には応答せず、傷、低温、重金属に対して発現応答することがわかり、本遺伝子が生育段階によって

異なる役割を果たしていることが示唆されました。

ZPT2-3 の導入によって乾燥耐性が向上する

ZPT2-3 遺伝子を導入して ZPT2-3 を全身で常に発現する形質転換ペチュニアを作製し、乾燥耐性を調べました。水やりを 30 日間停止した後、再度水やりした後の生存率を非形質転換体と比較したところ、ZPT2-3 遺伝子導入植物では生存率が顕著に高くなっており、ZPT2-3 導入によって乾燥耐性が向上していることが明らかになりました (表)。多くの場合、転写因子の遺伝子を導入・発現させると生育阻害などの悪影響が見られますが、ZPT2-3 を導入した形質転換体ではそのような悪影響はみられませんでした。これは、本遺伝子の利用に際しての大きなメリットと考えられます。

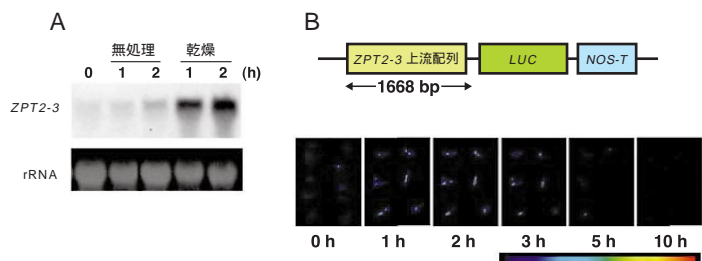


図 ZPT2-3 遺伝子発現の乾燥応答性。

A. 乾燥処理による ZPT2-3 mRNA の変化。

B. ZPT2-3 プロモーターの乾燥応答性。ZPT2-3:LUC レポーター遺伝子を導入したペチュニアの幼苗を乾燥処理し、ルシフェラーゼによる発光を 2D ルミノメーターで経時的に観測しました。

表 ZPT2-3 遺伝子導入によるペチュニアの乾燥耐性の向上

実験	用いた植物	生存数	総個体数	%
実験 1	非形質転換体	5	20	25
	ZPT2-3 導入系統 #34	19	20	95
	ZPT2-3 導入系統 #35	17	20	85
実験 2	非形質転換体	0	18	0
	ZPT2-3 導入系統 #34	17	18	94
	ZPT2-3 導入系統 #35	18	18	100

発芽後 4 週間の植物を 30 日間水をやらずに生育させた後、一週間水をやり、生き残った植物体の数を数えました。

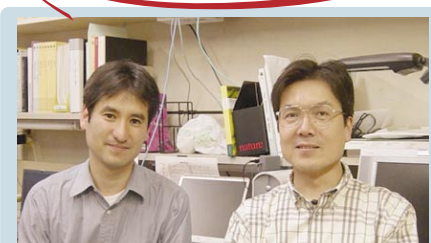
ことばの解説

転写因子 遺伝子の転写が正しい時間・場所で行われるように調節するタンパク質。ZPT2-3 は、ジンクフィンガーモチーフ (亜鉛が結合して指様の構造をとる保存性機能領域) によって DNA に結合するため、ジンクフィンガー型とよべれます。

レポーター遺伝子 DNA 配列がもつ転写調節活性 (プロモーター活性) を測定するための道具として使われる遺伝子で、通常、調べたい遺伝子上流領域 DNA 配列と融合して細胞に導入したときに現れる活性を測定することによって、その DNA 配列が有するプロモーター活性を調べます。

ひとこと

本遺伝子を利用してさまざまな植物の乾燥耐性を改善できることを期待します。



生理機能研究グループ形態発生研究チーム：高辻博志 (右)・菅野正治 (左)

■これまでの研究

紫外線に対する抵抗性の程度に関してイネの品種間には変異があります。材料に用いた日本型品種の‘日本晴’は強い紫外線照射下では葉の上に小さな褐変が生じる程度ですが、インド型品種の‘カサラス’は激しい褐変を生じ枯死します(図1)。これまでの私たちの研究により、イネの12対の染色体のうち第10染色体上に位置する $qUVR-10$ と命名した遺伝子が、この品種間差の主な原因であることが分かっています。

■紫外線抵抗性に関わる遺伝子の単離

$qUVR-10$ の効果を調べるために $qUVR-10$ を含む日本晴の第10染色体の一部を‘カサラス’に置換した系統[NIL($qUVR-10$)]を作成し、紫外線照射したところ日本晴と比べて激しい褐変を生じました(図1、2)。イネの塩基配列情報を利用して作成したDNAマーカーを用いて、 $qUVR-10$ の正確な染色体上の位置を決定しました。遺伝子予測の結果、この染色体領域には紫外線によりDNA鎖上に生じた損傷を光エネルギーを用いて修復する酵素(光回

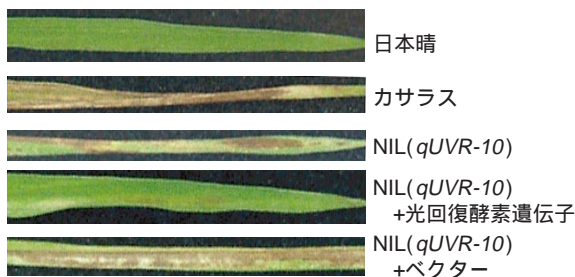


図1. 紫外線照射したイネの葉上に見られる褐変

復酵素)をコードする遺伝子が存在していることが分かりました。NIL($qUVR-10$)に‘日本晴’の光回復酵素遺伝子のみを含むゲノム断片を形質転換したところ、その個体の後代は‘日本晴’と同等の紫外線抵抗性を示しました(図1)。このことから $qUVR-10$ の正体は光回復酵素遺伝子であると結論しました。

■これからの展開

フロンガス等によるオゾン層の破壊により地上に届く紫外線量の増加が予測され、作物の生育にも影響を与えるのではないかと危惧されています。紫外線量が多い熱帯地方で栽培されている多くのインド型品種は‘カサラス’と同じタイプの光回復酵素を持っており、紫外線感受性のイネだと思われます。将来の紫外線量の増加により、特にインド型品種の生育・収量の減少が問題になるかもしれません。‘日本晴’のもつ光回復酵素遺伝子をこれらのインド型品種に導入することにより紫外線量が増加したとしても生育・収量が減少しないイネを育成できるのではないかと期待しています。

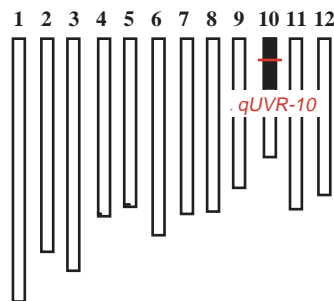


図2. $qUVR-10$ の染色体上の位置とNIL($qUVR-10$)の遺伝子型
白い部分は‘日本晴’の染色体断片、黒い部分は‘カサラス’の染色体断片を表します。

ことばの解説

紫外線 200~400nmの波長の光で、波長の長い順にA B Cに分かれています。地表に届く紫外線の大部分は紫外線Aで、紫外線Bはオゾン層により吸収されるため現在のところごく微量しか地表に届きません。また紫外線Cは大気に吸収され全く届きません。紫外線Aと比べて、短波長の紫外線Bは生物に大きな影響を与えます。この研究に用いている‘紫外線’は紫外線Bで、現在の自然界での紫外線B量の1.3~1.5倍量をイネに照射しています。

DNAマーカー DNAの塩基配列の違いをもとに作成した特定の染色体領域の目印。遺伝子の染色体上での位置を決めるのに利用します。

ひとこと

イネゲノム研究の進展によりイネの品種間の違いに関わる遺伝子の単離・同定が容易になってきました。農業上有用またはその可能性のある遺伝子の解析により、不良環境下でも生育できるイネを作りたいと思います。



分子遺伝研究グループ応用遺伝研究チーム：上田忠正

はじめに

動物の細胞を分離して生体外容器内で成長させる培養技術は、誕生してから一世紀を迎えようとしています。この間に生命科学の基礎分野の発展のみならず医薬品の開発や再生医療の分野に大きく貢献してきました。生体内の健全組織を構成している細胞は、血液に浮遊している血球細胞以外は**細胞外マトリックス**と呼ばれる「細胞の足場」に接着して組織の特異的な機能と形態を維持しています。生体外の細胞培養系では、**培養担体**が「細胞の足場」の役割を果たします。私は、生体外の細胞培養系で生体内の細胞応答を再現するために、可能な限り生体を反映した培養担体を開発したいと考えました。

培養細胞は切片担体のシグナルを認識して細胞挙動を決定する

病理診断に使用される動物組織を薄切した切片には生体組織の微細構造と成分が保持されていることに着目して、スライドガラスに伸展した組織切片を培養担体として動物細胞を培養する技術を開発しました（図1）。ウシ胎盤より作製した切片担体上でPC-12細胞（ラット褐色細胞腫）を培養した結果、胎児側絨毛部域には神経網様構造を形成する細胞分化誘導活性があることが分かりました（図2）。また、成熟ラットの各種臓器（肝臓、心臓、脾臓、肺臓、腎臓、および脳）より作製した切片担体上でPC-12細胞およびHepG2細胞（ヒト肝癌細胞株）を培養した結果、細胞の局在性と形態は、培養する細胞が同じ細胞でも切片に用いた臓器に依存して異なること、さらに切片に用いた臓器が同じ臓器でも培養する細胞に依存して異なることが分かりました。

今後の展開

この培養技術は切片担体と培養する細胞の組み合わせ方を工夫することで、細胞の分化誘導や無血清培養、有用生理活性物質の探索や生産、細胞特性の解析、遺伝子機能の予測、あるいは組織再生など生命科学の応用分野の研究に幅広く展開できると期待しています。

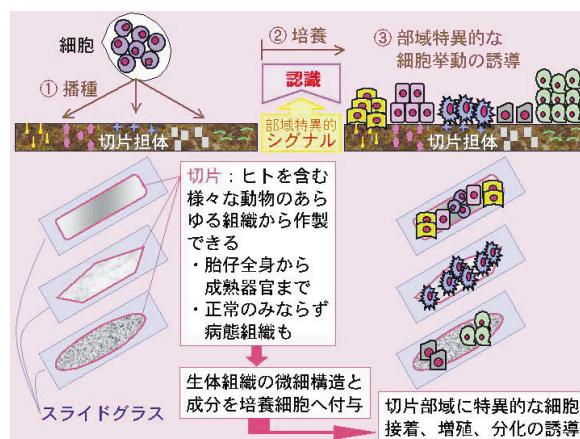


図1 切片培養担体を用いた動物細胞の新しい培養技術の概略

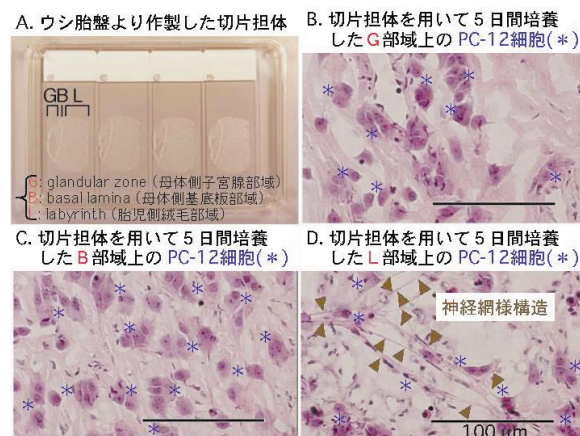


図2 ウシ胎盤より作製した切片担体上におけるPC-12細胞の培養

ことばの解説

培養担体 生体外の細胞培養系において、細胞が接着して成長していくための「細胞の足場」のことです。

細胞外マトリックス 生体内組織を構成する個々の細胞の外側にあるコラーゲンなどの不溶性の組織構成成分のことで、「細胞の足場」の役割を演じながら組織の構造や機能を維持しています。

細胞挙動 培養下にある細胞の運動やふるまいのことで、特に培養担体上で細胞が接着や増殖あるいは分化したときに示す細胞形態の変化のことです。

ひとこと

切片担体を用いた培養技術は、異なる細胞の挙動を網羅的に解析する研究に役立つと考えています。



生体機能研究グループ動物細胞機能研究チーム：竹澤俊明

特集 研究センターの発足

農業生物資源研究所は、「QTLゲノム育種研究センター」、「遺伝子組換え技術開発・情報センター」、「昆虫遺伝子機能解析研究センター」の3つの新しい組織を平成16年4月より発足させました。農業生物資源研究所は平成13年4月に独立行政法人となりましたが、独立行政法人というのは、農水大臣より与えられた5年間の目標（中期目標）に対して計画（中期計画）をたててそれを実行し、結果に対して評価を受けるといふ、5年間（中期目標期間）を区切りとして運営していくシステムです。17年度までの現中期目標期間が残り2年間を切った今、中期計画達成のために重点的に研究を推進していくことが重要です。

このような背景の下、既存の組織とは別の新たな組織で、研究所として特に重要な研究を効率的に推進しようというのが3研究センター設立の目的です。ここでは、イネゲノム研究の蓄積を背景としたイネ有用遺伝子の単離・機能解析とそれを利用した実用品種の育成、消費者等の懸念に配慮した遺伝子組換え技術の開発と利用、および遺伝子組換えに関する研究サイドからの情報発信の促進、昆虫分野におけるポストシーケンス研究情報や技術の開発・集積と遺伝子・タンパク質の機能解析を目的とした研究を行います。

QTLゲノム育種研究センター

- 有用遺伝子の発掘にむけて -

イネやコムギなどの作物の品種改良において注目される性質、たとえば、たくさん穫れる、おいしい、低温や高温（環境ストレス）に強いなどは、複数の遺伝子（量的形質遺伝子：QTL 遺伝子）によって決定されています。世界のさまざまな環境で生育しているイネの品種は、その特有の環境に適応するために、保持しているQTL 遺伝子もそれぞれ異なります。その中には、私たちにとって好ましい性質を付与する遺伝子も含まれています。当研究所が1991年から推進してきたイネゲノム解析研究では、埋もれ隠れている有用遺伝子を発掘し、品種改良に利用するためのツールや情報を開発しました。これからはそれらのツールを利用して、役に立つ遺伝子の発掘や新しい特性を備えた品種開発が期待されています。QTLゲノム育種研究センターは、イネゲノム研究によって創出されたツールを基に、研究所内のあるいは他の研究機関の異なる分野の知識や技術をうまく繋げて、農業上有用な遺伝子の発掘とその利用を効率的に進めるための中核として設置されました。現在、イネの開花時期（出穂期）、いもち病（重

要病害）に対する抵抗性、品質の低下を引き起こす穂発芽に対する耐性、冷害を回避するための耐冷性等の重要形質に関与する遺伝子の研究や有用遺伝子の発掘のための植物材料（実験系統）の作出に取り組んでいます。世界中のイネ品種や近縁野生種を積極的に利用し、これまでに見いだされていない有用遺伝子の発掘や機能解析を通じて、作物の品種改良に貢献したいと考えています。

QTLゲノム育種研究センター長：矢野昌裕



世界的なイネの分布と重要形質の例

遺伝子組換え技術開発・情報センター

世界における組換え農作物の作付け面積は、2003年には6,770万ヘクタールとなり、日本の耕地面積の14倍にも達しています。しかし、日本では組換え農作物の商業栽培は行われておらず、組換え農作物の利用に対して不安や懸念を示す人が多いようです。その理由は、情報不足や誤った情報による誤解、組換え植物に導入された遺伝子が花粉飛散を通して生態系へ無制限に広がるなどの誤解に基づく懸念によると思われます。

遺伝子組換え技術開発・情報センターは、遺伝子組換え技術に関する的確な情報の発信による不安の解消と生態系への悪影響回避に必要な技術開発をとおして、組換え農作物の安全・安心な利用につなげることを目的に設立されました。組換え農作物を野外で試験栽培する場合、説明会や見学

会などを開いて周辺住民等へ情報を提供することにより、適切にリスク・コミュニケーションを行うことや、正しい情報をホームページ等で伝えることで、遺伝子組換え技術について正しい理解を進めようと考えております。また技術開発としては、染色体の目的の位置に遺伝子を導入するためのターゲティング技術や、導入した遺伝子が後代で発現しなくなる現象（ジーンサイレンシング）を回避するための技術開発、さらに遺伝子拡散による生態系への影響を防ぐために、花粉を作らせない性質（雄性不稔）の付与や葉緑体への遺伝子導入系の開発などの研究に取り組むことで、組換え農作物の安全で安心な利用を、技術面から支えたいと考えています。

遺伝子組換え技術開発・情報センター長:田部井豊

昆虫遺伝子機能解析研究センター

近年、昆虫分野でも遺伝子の情報が明らかにされつつあり、遺伝子情報に基づいて、昆虫の有用機能の利用や害虫の新しい防除法が考えられています。

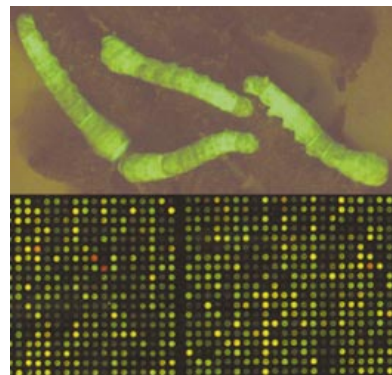
農業生物資源研究所では世界に先駆けてカイコのゲノム解析を行っています。当センターでは、現在10名ほどの職員により、遺伝子の配列情報解読、多くの遺伝子の発現を一度に調査できるマイクロアレイの作製とその解析手法の開発、タンパク質の分析・同定、昆虫への遺伝子の導入などを行っています。そして、昆虫のどのような組織でいつどのような遺伝子が活性化するか、そして実際に機能を担うタンパク質にはどのような特徴があるかを調べています。その目的は、昆虫の発育がどのように制御されているかを明らかにすること、安全で効果的な害虫防除剤の標的分子を探すこと、昆虫と餌となる植物との相互作用を明らかにして、害虫の加害につよい作物開発に役立つ

情報を得ることなどです。

また、研究所内の研究の活性化や研究所外の研究者との交流促進を目指して、研究セミナー・勉強会などを開催しています。

昆虫遺伝子機能解析研究センター長：野田博明

図 上：光る遺伝子を入れたカイコ、下：マイクロアレイ上の蛍光（丸いスポット上に一つ一つの昆虫遺伝子が載っており、測定する試料側の遺伝子には赤あるいは緑の蛍光をつけ、二種類の試料を比較する。同じ遺伝子同士が結合するので、赤く光れば赤い蛍光をつけた試料のなかでその遺伝子の活性が高い。黄色は赤と緑の試料で遺伝子の活性は同じくらいである。）



平成16年度「NIAS研究奨励賞」および「NIAS創意工夫賞」の受賞者決定

農業生物資源研究所は、顕著な研究業績を挙げた若手研究者を表彰する「NIAS 奨励賞」、および業務の推進上有益な発明、考案、改良をした職員を表彰する「NIAS 創意工夫賞」を創設しました。第1回となる平成16年度の受賞者を次のとおり決定しました。

NIAS研究奨励賞

膜翅目昆虫カブラハバチにおけるトランスポゾンベクターを利用した形質転換系の開発

発生分化研究グループ発生機構研究チーム：畠山正統

植物の乳液成分が耐虫性に果たす役割の解明

昆虫適応遺伝研究グループ昆虫・植物間相互作用研究チーム：今野浩太郎

短日植物の光周性花芽形成の分子機構の解明

分子遺伝研究グループ応用遺伝研究チーム：井澤毅

低グルテリン遺伝子Lgc1発現メカニズムの解明

放射線育種場突然変異遺伝子研究チーム：草場信

NIAS創意工夫賞

セリシン蚕繭糸の簡易大量回収技術の開発

企画調整部業務第1科(松本)：熊井敏夫・和泉清二

種子出入力作業の効率化のための出入庫作業プログラムの運用改善とマニュアル化並びに高発芽率種子保存のためのモニタリング法の改善と水分率の確認

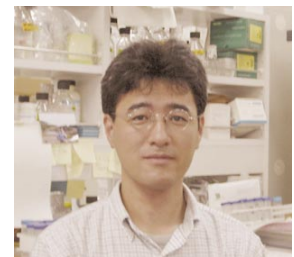
ジーンバンク遺伝資源管理課：知花高志

NIAS研究奨励賞の紹介

植物はいかに日の長さを認識しているのか？

- 短日植物の光周性花芽形成の分子機構の解明 -

分子遺伝研究グループ応用遺伝研究チーム：井澤毅



多くの植物は、日の長さを認識し、子孫を残すのに適切な時期に花を咲かせる能力をもっています。いわゆる、光周性反応です。近年、ゲノム研究が進み、モデル植物である長日植物シロイヌナズナや短日植物イネを材料に用いた分子遺伝学が盛んに行われています。我々は、主にイネを材料に開花期(出穂期)がどのような分子メカニズム

で決定されているかを遺伝子レベルで解析しています。明らかになった知見をもとに、シロイヌナズナの分子機構と比較することで、植物がどのように日の長さを認識しているのかを分子の言葉で説明することができるようになってきました。簡単に説明すると、植物は生物時計の位相(体内時計の針に相当。これにより、生物は朝か夕方かの

判断をしている。)と外からの光信号(自然界では太陽光。)の相互作用がもとになって、短日が長日を判断していることを明らかにしました。さらに、短日植物イネと長日植物シロイヌナズナが進化上共通な花芽形成経路を利用していること(図1)、進化上同じ祖先をもつ遺伝子(シロイヌナズナではCONSTANS 遺伝子/イネでは *Heading date 1* (*Hd1*) 遺伝子)の機能が逆転していること(図2)、その活性を制御する光信号伝達系が違うこと、また、シロイヌナズナには存在しない遺伝子(*Early heading date 1* 遺伝子)が進化上保存された経路に組み込まれる形でイネの花芽形成が制御されていることなどを明らかにしました。こういった研究から植物の花芽形成の多様な分子メカニズムが明らかとなり、将来的には、花咲いさんのように、人間が開花のタイミングを自由に制御できるようになるかもしれないと、夢を見ながら研究を進めています。

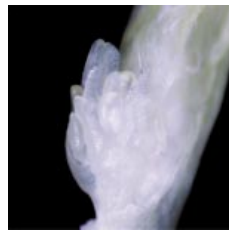


図1 進化上保存された花芽形成スイッチ遺伝子(*FTL* 遺伝子)の過剰発現により形成されたイネの穂。本来ひとつの穂に相当する部分がひとつの花(小穂)に変化しています。



図2 *Hd1* 遺伝子の作用で長日条件で遅咲きになった形質転換イネ(右)節間伸長が顕著。コントロール(左)。

NIAS 創意工夫賞の紹介

セリシン蚕繭糸の簡易大量回収技術の開発

企画調整部業務第1科(松本): 熊井敏夫(左)・和泉清二(右)

カイコの繭糸はフィブロインとセリシンから構成されており、その構成比はおよそ3:1です。セリシンには保湿性、メラニン色素合成阻害作用、生体親和性等があることから化粧品素材や再生医療分野の新素材として注目されています。

新蚕糸技術研究チームで育成した蚕品種「セリシンホープ」の繭は98%以上のセリシンが含まれています。しかしながら、「セリシンホープ」の繭の中の蛹を取りだし、繭層と蛹を分離するの

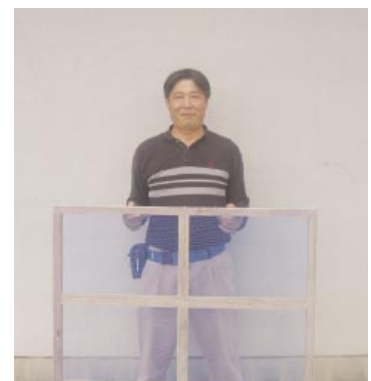


はこまごまとしてわずらわしく手間のかかる作業です。そこで、私たちはセリシン蚕に通常の繭を作らせず、平面上に吐糸させる(平面繭)こ

とにより、セリシン層の部分のみを大量に回収することに成功しました。

主に工夫した点は2つあります。1つは、吐糸枠にポリエチレン製のネットを用いたことにより、セリシンがネットに固着せず平面繭を容易に吐糸枠から剥がすことができました。2つめは、吐糸枠に排出を済ませた熟蚕をのせ、吐糸させる際の周りの環境を無風・暗条件にしたことにより、平面吐糸枠上に均一に糸を吐かせることができました。

本業績により NIAS 創意工夫賞を受賞しましたことを誇りに、今後も日々の仕事に邁進する所存です。



種子出入力作業の効率化のための出入庫作業プログラムの運用改善とマニュアル化並びに高発芽率種子保存のためのモニタリング法の改善と水分率の確認



ジーンバンク遺伝資源管理課：知花高志

今回の創意工夫賞受賞に当たっては、日々の仕事にご理解ご協力を下さった上司の方やまわりの方また、共に植物遺伝資源管理現場で頑張っている非常勤職員の方に心からお礼を申し上げます。

今回、創意工夫として表彰して頂くに至った背景には、データベースの知識と植物に対する人一倍の愛情と責任感があります。常にアイデアを模索し新たなチャレンジを心がけ、この姿勢がベースとなり、今回の受賞に至ったと思われまふ。これまで改善し続けた単発のさまざまな工夫とは異なり、今回の創意工夫は、下記の三つに重点を置いたシステム的な工夫と考えています。

1. 種子の多様な利用目的に応じた出庫材料の選定法
2. 受入種子のコンタミ等状態のチェック・評価

方法および長期間高発芽率維持のための管理作業手順のシステム化

3. 植物種類によって異なる長期保存のための種子含水率とモニタリング法

これらを、物・情報・利用の観点から有機的に管理し、維持管理や利用者サービスの向上に役立てています。

今回システム化に当たって、大変な困難と多数の新しいアイデア、多くの人の協力を必要としましたが、お陰を持ちまして植物遺伝資源の維持管理と種子・データの提供に自信と責任の持てる仕事出来るようになりました。

このことを励みとし、これからも「やるべき事はきっちとやる」姿勢で利用者の信頼を職場の仲間と共に勝ち取って行きたいと考えています。

コラム

【緒言】 4回の脱皮を経て十分に大きくなったカイコは繭を作る。頭を左右に8の字型に振りながら1秒間に1cmの速さで、約1,400m程の糸を切れ目なく2昼夜以上かけて吐き続け、1本の糸で1個の繭を作る。したがって、どこかに出発点があり終点がある。繭から糸をひく時には、稲の穂先を使って、その端っこを探し出す。この作業を「索緒」といい、その端っこを「緒」という。「いとぐち」の意である。端緒、緒戦、そして緒言、はじまりの意味がある。

【割愛】 繭から出たカイコの雄は雌の出すフェロモンに惹かれて雌に近づき交尾する。雄は鉤状になった交尾器で雌の交尾器をしっかりとつかみ、連結を確実にする。1回の交尾は約40分続く。卵(蚕種)を採る場合は、2、3時間交尾させた後、交尾中の雌と雄とを引き離し、雌を円形の容器に移して産卵させる。この雌雄を分ける作業を「割愛」という。雄は雌をしっかりとつかんでいるので、割愛は、丁寧に行わないといけない。広辞苑には「割愛：惜しく思うものを思いきって手放したり省略したりすること」とある。

これらはいずれも、養蚕が生活文化の中に息づいている証である。もっと書くことがあるが、紙数が尽きたので割愛する。

理事：北村實彬

- FAO・IRRI主催 国際コメ年記念科学論文コンテスト - イネ育種関連部門最優秀論文賞ほか



2004年は国連が定める「国際コメ年」(IYR)です。コメが国連を挙げてのキャンペーンの対象とされた理由は、世界の人口の半数以上の主食がコメであり、食糧安全保障と貧困の撲滅においてコメが果たす役割を改めて考えることにあります。しかし、このキャンペーンが、コメの育種分野での著しい科学的進展の裏付けがなくて行われるわけがありません。キャンペーンの対象はムギでもトウモロコシでもなくコメ(イネ)であった理由がここにあります。この10年の間に、日本が中心になり世界中でイネの遺伝情報の解読と遺伝子機能の研究が大いに進展しました。また、これらの情報がムギやトウモロコシにも有効に利用できることも明らかにされてきました。このような育種の基本となる情報の集積を、世界各国は今後の食糧増産に向けた切り札として利用できると考え、熱いまなざしで見ているのです。IYRが国際イネゲノム塩基配列解読プロジェクト(IRGSP)の完全解読終了年と重なったのも偶然ではないでしょう。IYRを記念

して、食糧農業機構(FAO)と国際イネ研究所(IRRI)は、過去7年間に出版されたイネ栽培およびイネ育種に関連する科学論文の中からもっとも優秀な論文各1編の推薦を広く世界中に求めました。その結果、当研究所とSTAFF研究所の研究者で構成するイネゲノム研究チーム(RGP)が中心となって著した「イネ第1染色体のゲノム塩基配列解読結果に関する論文」が、イネ育種部門の最優秀論文賞を授けられました。世界食糧デー記念式典の一環として10月14日、ローマにあるFAO本部において授賞式が行われました。また、IYRを記念する催しはアジアを中心とした世界各国で開催されており、タイ王国では世界第1位のコメ輸出国として、今後もコメ生産を基幹産業として継続して推進することを国内外にアピールする目的で国際会議を開催し、その一環としてGolden Sickle Award(「黄金の鎌」賞)を設け、RGP代表の佐々木を含め、3名を表彰しました。関係各位のご支援に感謝いたします。

ゲノム研究グループ：佐々木卓治



イベント報告

昆虫産業創出ワークショップ in 富岡

10月7日午後、群馬県富岡市主催・農業生物資源研究所後援で開催されました。近年カイコおよびシルクは、従来の利用にとどまらず、バイオテクノロジーの活用による有用物質や新機能繊維生産などを視野に入れた新生物産業創出に可能性が見込まれ期待されています。製糸業で栄えた富岡市はこのトレンドに注目するとともに、明治以来の地場産業である養蚕業の将来に希望をつなげることをねらい、このワークショップを市制施行50周年記念事業として開催しました。講演会は、まず市長の挨拶に始まり、引き続きカイコおよびシルクの活用による新生物産業創出を目指し、田村俊樹遺伝子工学研究チーム長が「組換えカイコによる有用物質の生産」、玉田靖生体機能模倣研究チーム長が「絹フィブロイン・セリシンの新たな利用」、間瀬啓介新蚕糸技術研究チーム長が「新用途カイコ品種の開発と展望」と題して講演を行いました。先導的で将来性あふれる研

究内容を盛り込んだ講演に、参加者(製糸協同組合、蚕桑研究会、繊維会社、製糸普及機関、研究機関、関係市会議員、行政、大学、報道機関等97名)から盛んな拍手がありました。会場を近くのホテルに移しパネル展示や意見交換会が開催され、盛会でした。企画調整部研究企画官：平井一男

メイン会場：片倉工業(株)
富岡工場



富岡工場ブリューナ館
講堂での講演

NIAS/COE国際シンポジウム

『節足動物の蛋白質科学の最前線』



標記シンポジウムは平成16年9月6日(月)午後～7日(火)午後4時まで、つくば国際会議場中ホールで開催されました。参加者は国内外合わせ約80名でした。農業生物資源研究所が掲げている生物機能の高度利用という目標達成には、各種生物の特異機能とそれを担う蛋白質の分子機構の解明が重要とされています。今回のシンポジウムでは、カイコやクモ、カブトガニなど節足動物に特異的な蛋白質をテーマに取り上げ、3つのセッションを設け最新の研究成果に関して討議を行いました。

「節足動物由来蛋白質の構造化学」のセッション

ンでは、X線結晶回折法や核磁気共鳴(NMR)法による昆虫核内レセプターやカブトガニ由来抗菌蛋白質の分子構造の解明と機能に関する講演などが行われました。「クモやカイコの繊維蛋白質」のセッションでは、遺伝子組換え技術を用いた絹蛋白質の品質改変や、その素材化に関する講演などが行われました。また「昆虫の蛋白質科学」のセッションでは、昆虫のキチン合成やホルモン受容蛋白質の遺伝子機能などに関する研究について講演が行われました。

節足動物の蛋白質科学という比較的限定された研究領域をシンポジウムのテーマとしたので、参加者は例年と較べそれほど多くありませんでしたが、カイコゲノム解析の急速な進展に伴い、ポストゲノムとしての蛋白質科学の重要性を参加者が強く意識し、どの講演でも熱のこもった論議が交わされました。

昆虫新素材開発研究グループ素材開発研究チーム：
宮澤光博、生体防御研究グループ先天性免疫研究
チーム：石橋純



農業生物資源研究所ニュース No.15

平成16年12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 企画調整部情報広報課 TEL029-838-7004
〒305-8602 茨城県つくば市観音台2-1-2
<http://www.nias.affrc.go.jp/>