

NBRP ランチョンセミナー

=Luncheon Seminar (in Japanese) by NBRP =

July 25 (Tue) 11:30-12:30, Room BC (2F・Hagi)

ナショナルバイオリソースプロジェクト紹介

センチュウバイオリソース：

末廣勇司、吉名佐和子、出嶋克史、吉田慶太、伊豆原郁月、酒井奈緒子、三谷昌平（東京女子医科大学・医学部・生理学講座 東京女子医科大学・総合医科学研究所）

線虫 (*C. elegans*) は、初期胚から成体までの全細胞系譜が完全解明されている多細胞動物であり、過去3度のノーベル賞受賞にも貢献した発生生物学に適したモデル生物である。NBRP 線虫では、現在この線虫の遺伝子変異体を 13,263 系統収集、配布しており、ヒト遺伝子と相同な 5,182 遺伝子を含む 11,232 のタンパク質翻訳遺伝子の機能解析が可能となっている。また、発生に関わる遺伝子の変異はしばしば致死など重篤な表現型をもたらすケースがあるが、こうした変異を簡易に維持・解析するために、特殊な染色体（バランサー染色体）をもつ系統、および組織特異的に Cre リコンビナーゼを発現する遺伝子組換え系統の作出、配布も行っている。このほか冬には線虫の実験に関する講習会を開催し、初心者でも簡単に遺伝発生学の研究を始められる環境整備を行っている。

メダカバイオリソース：

成瀬 清（基礎生物学研究所）・松田 勝（宇都宮大学）・工樂樹洋（国立遺伝学研究所）

NBRP Medaka では生体・ゲノム・孵化酵素と様々なデータベース等も提供してきた。第5期ではこれらに加え、ゲノム及びオミクス情報を整備・提供するため国立遺伝学研究所が加わった。現在はゲノム及びオミクス情報を統合的に提供できるサイトを構築している。2022年度には野生由来系統等を含む約 130 系統の全ゲノム塩基配列情報も決定した。様々な系統のゲノム・オミクス情報を整備・提供する事で遺伝子型—表現型相関に加えて表現型多様性を司る環境変化とゲノム多型との関係を統合的に解析できる研究基盤構築を目指している。

ホヤバイオリソース：

佐藤ゆたか（京都大学大学院理学研究科）

ホヤは脊椎動物に最も近縁な無脊椎動物として知られ、脊椎動物とともに脊索動物門に属している。発生の研究材料としては約 140 年の歴史を持つが、近年は、その系統学的位置から進化を考えるうえでの比較の対象として利用されることが多い。海産の生物ということで利用が敬遠されがちであるが、実は NBRP のホヤを利用すればホヤの研究は簡単に始められる。本セミナーではその実例を紹介しつつ、ホヤ胚で利用可能な技術や利用方法などを紹介したい。

ニワトリ・ウズラバイオリソース：

西島謙一（東海国立大学機構名古屋大学大学院生命農学研究科鳥類バイオサイエンス研究センター）

センターで長年にわたり維持してきた近交系などのリソースに加え、SHH シグナル伝達異常などの変異系やトランスジェニック系を提供している。受精卵だけでなく、希望に応じて成体や固定組織、DNA 等での提供も可能。ライブイメージングに利用できる蛍光レポーター発現ニワトリ・ウズラに加え、CRISPR/Cas9 発現ニワトリを近々提供開始予定である。また、ニワトリは始原生殖細胞の *in vitro* 培養が可能であり、センターで樹立した雌雄細胞株の提供も行っている。生殖系列の研究や遺伝子変異に有用である。