



NBRP イネ

05

NATIONAL BIORESOURCE PROJECT RICE NEWSLETTER

Mar 2022



Contents

第4期NBRPイネの活動を振り返る 2

コラム 3
インドシナ諸国の伝統的稲作を支えていた在来品種の保存

NBRPイネ遺伝資源を利用した最新論文成果概説 5
洪水を克服する浮イネの研究から明らかになった節間の伸長「開始」制御機構

Technical Tips 7
変異体スクリーニングをWebで～NBRP変異体ライブラリーの活用～

2021年度 活動報告 8

お知らせ 8

温室で株保存される野生イネ。野生イネの多くは多年生であり、冬期は暖房の効いた温室で株を維持する必要がある。

第4期NBRPイネの活動を振り返る

国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 植物遺伝研究室
ナショナルバイオリソースプロジェクト・イネ 課題管理者
佐藤 豊

日頃、ナショナルバイオリソース (NBRP) の活動にご理解いただき、また、ナショナルバイオリソースイネ (NBRPイネ) をご利用いただき誠にありがとうございます。バイオリソースにはライフサイエンス研究を支える基盤としての役割があり、NBRPはこれまでに研究者が苦勞して収集・開発したバイオリソースを集約して保存し研究者からのリクエストに応じて配布する業務を文部科学省の事業として行なっています。現在、NBRPでは、戦略的に整備が重要な31のバイオリソースならびにその情報発信拠点が事業を行なっています。そのうちのひとつがNBRPイネになります。NBRPイネでは、他省庁の遺伝資源事業と重複しないユニークな材料を取り扱っています。野生イネと呼ばれる *Oryza* 属遺伝資源を中心に、各種実験系統群 (野生イネ由来の実験系統ならびに突然変異系統) の収集・保存・提供をNBRPイネでは行なっています。これら系統の詳細は、NBRPイネの情報提供サイト Oryzabase (<https://shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/> または QR コード) をご覧ください。

さて、今年度は、第4期NBRP5年間の最終年度に該当します。私は、第3期の最終年度に前任からNBRPイネ業務を引き継ぎました。5年経過し、NBRP事業への応募から評価までの一通りを経験することができました。現在、第4期の最終年度ではありますが、既に最終評価が済んでおり、その結果、第3期の最終評価よりも良い評価を受けることができました。この評価は、NBRPイネを多くの方にご利用いただけたことと、NBRPイネリソースを使った質の高い基礎研究の成果を利用者の方々に多数発表していただいたおかげであると思っています。この場を借りて御礼申し上げます。今から5年前、第4期NBRP事業応募時の公約は、NBRPイネ利用者の増加でした。NBRPイネリソースのことを多くの研究者に知ってもらい、各研究者にご利用いただくためのいくつかの企画を第4期からスタートさせました。このニュースレターの発行や、オープンフィールド見学会などがこれにあたります。また、関連学会でのNBRP植物リソースの合同広報活動や植物バイオリソースに関するワークショップやシンポジウムなども行なってきました。これらの活動はある程度効果的だったようで、第4期NBRPの年間平均利用者は第3期の年間利用者の約1.5倍に増えました。また、第4期NBRPの期間中には、野生イネの遺伝子導入系

の開発や、野生イネ系統の次世代シーケンス解析などにも取り組みました。これら研究基盤整備活動の成果も順次 Oryzabase 等から発信しております。これらの情報が野生イネ等の遺伝資源を使った研究の活性化につながることを期待しております。

私は、NBRPイネを担当することとなり、はじめて野生イネ遺伝資源を直接扱うことになりましたが、その大変さと面白さが身に沁みた5年間でもありました。NBRPイネの業務は、多くのパートタイム技術補助員の皆さんの助けを借りながら進めています。夏季の野生イネの穂への袋がけ、種子の収穫と整理など、多くの方々のサポートにより事業を円滑に進めることができました。野生イネの種子を利用する際は、是非このような方々の献身的な作業のことも少し頭に思い浮かべていただければと思います。研究材料としての野生イネ遺伝資源について、私自身の理解を深める努力をしてきましたが、まだまだわからないことが多いと感じる日々です。野生イネの魅力をイネ研究者に少しでも発信したいと思います。

この原稿を書いている現在、第5期NBRPへの応募がちょうど締め切られたタイミングです。NBRPイネ事業を今後も継続できるかどうかまだわかりませんが、もし継続が可能なら、今後もNBRPイネリソースを利用者の皆様の研究に有効活用していただけるような活動を継続する所存であります。



夏季の野生イネ穂への袋がけ作業の様子

OryzabaseへはこのQRコードをご利用ください。



Column

インドシナ諸国の伝統的稲作を支えていた在来品種の保存

神戸大学大学院 農学研究科 植物育種学研究室
石井 尊生

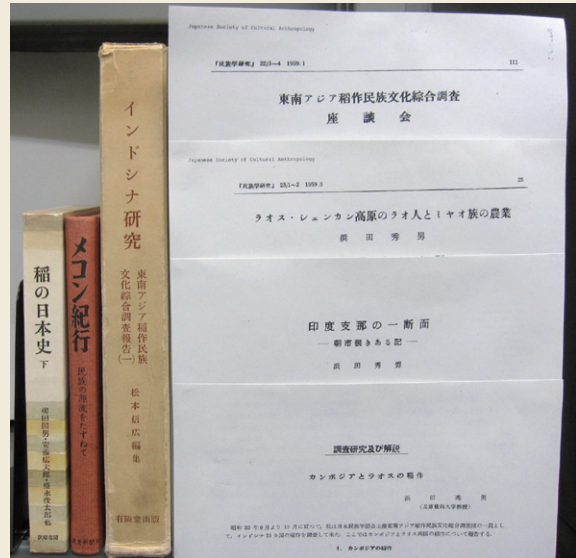
国立遺伝学研究所には、インドシナ諸国の伝統的稲作を支えていた在来品種の種子が保存されています。系統番号ではC6006からC7197の間に含まれる638系統が相当します。遺伝学研究所の記録では、これらの系統は1959年5月9日にH. Hamadaという研究者から入手したとあります。私は2年ほど前に、たまたまH. Hamadaという研究者が神戸大学農学部の前身である兵庫農科大学の浜田秀男教授であることを知りました。そこでこのコラムでは、どのようにして浜田教授がこれらの在来品種を収集したのか、またどうして私が遺伝学研究所で保存されていることを知ったのかについて書かせていただきます。



浜田先生が収集した在来品種の種子と穂の標本

まず浜田秀男教授ですが、明治32年に神戸で生まれています。そして、北海道帝国大学農学部に進学し、昭和13年には京都大学から理学博士の学位が授与されました。その後、台南州立農事試験場技師、ハルビン（ハルビン）農業大学教授、北海道帝国大学教授を経て、戦後に新設された兵庫農科大学の教授として迎えられました。兵庫農科大学には、昭和24年10月から昭和

40年3月まで奉職し、主にイネの研究に従事しています。その中で特筆すべきことのひとつは、日本稲のルーツ探求を目的とした稲作史研究会（主催者：柳田国男、安藤広太郎、森永俊太郎、松本信広）に参加していたことです。この会では、民族学、農学、言語学、考古学などの専門家が昭和30年より8年にわたって議論を行い、それらの記録は筑摩書房の「稲の日本史」に収録・出版されています。特筆すべきことのもう一つは、次に述べるインドシナ諸国での農業に関する調査を行ったことです。



東南アジア稲作民族文化総合調査に関係する本と資料

第2次世界大戦が終わり、復興が一段落した1950年代の半ば、日本でもようやく海外での学術研究や調査への機運が高まりました。そして、1955年に京都大学は木原均先生を隊長とする海外学術探検隊をカラコラム・ヒンズークシに送り出しました。それに引き続き、本格的な学術調査団として組織されたのが、日本民族学協会が主催し文部省が後援した「東南アジア稲作民族文化総合調査団」です。第1次調査団は、言語学、民族学、考古学等の専門家18名からなり、1957年から1958年にかけてベトナム、カンボジア、ラオス、タイの4カ国に派遣されました。その調査団の「農学班」の1人が兵庫農科大学の浜田秀男教授です。浜田教授は、1957年9月から1958年1月にかけて、前述4カ国を主に陸路で廻り、農業関係の現地調査を行うとともに、

1208系統のイネ在来品種を収集しました。そして帰国後、採集したサンプルについて様々な種子形質を分析し、1965年にその結果を「Rice in Mekong Valleys (インドシナ研究：東南アジア稲作民族文化総合調査報告1)」という報告書にまとめています。また、現地調査に関しては「メコン紀行(読売新聞社)」の他、いくつかの学術論文に記載されています。

私、石井は神戸大学農学研究科に所属しています。農学研究科では2006年に学舎の改修工事が行われました。その際、人の出入りがなかった事務倉庫の奥から多くのイネの種子および穂の標本が出てきました。連絡を受けた私はそれらに関する記録の一部から、インドシナ諸国で浜田先生が収集したイネが含まれていることを知りました。そこで、農学研究科より種子と穂の標本および同包されていた報告書の下書きや手書きのメモを譲り受けました。浜田先生が収集した1208系統のうち、1129系統の種子は確認することができたものの、室温で放置されていたため、残念ながら発芽能力は失われていました。これらの種子は1957-58年に採集されたものですが、その後インドシナ諸国では、1960年代のベトナム戦争ならびに1970年代のカンボジア内戦などの社会が混乱を極めた時期が続きます。また、1960年代のイネの緑の革命の後、多数の改良品種が育成され、インドシナ諸国に導入されました。これらのことを考慮しますと、浜田先生によって収集された種子は、かつてインドシナ諸国の伝統的稲作を支えていた在来品種の膨大なコレクションであるといえます。これらがなぜ神戸大学農学研究科の倉庫に眠っていたのかは不明ですが、譲り受けた資料から、浜田先生が1980年代に研究者を引退するにあたって、それまでの研究に関するものを兵庫農科大学から国立移管した神戸大学農学部へ寄贈されたと思われる。私が浜田先生の経歴やインドシナの調査団に関して詳しいのも、それら資料がもとなっているからです。

話は変わりますが、私は2年ほど前に国立遺伝学研究所で開催された国内イネ遺伝資源に関するミーティングで、参加されていた京都府立大学特別専任教授(総合地球環境学研究所名誉教授)の佐藤洋一郎先生から、浜田先生が収集した種子が遺伝学研究所の保存庫にあるのを見たという話をたまたま耳にしました。佐藤先生は以前国立遺伝学研究所に勤められていたことがあるので、これは朗報です。その後調べてみますと、638系統が栽培イネの遺伝資源として登録されていることがわかりました。これらの原産国は、カンボジア149系統、ベトナム316系統、ラオス84系統、タ

イ89系統です。ただし、これらの種子増殖は1980年代に行われたのが最後という記録が多く、約半分の系統の種子が分譲可能という状況でした。

上記の通り、幸いにも浜田先生が収集された在来品種が遺伝学研究所で眠っていたことが発覚したのですが、実は品種名や収集地点などの来歴に関するパスポートデータが神戸大学の持つ情報と異なる系統が多くあることが判明しました。これらの材料には、現地で採集したサンプルの他、試験場から分譲を受けたものも含まれています。そのため、ベトナムの試験場で分譲を受けたカンボジアやタイの品種がベトナム品種として登録されている例がありました。その他、浜田先生の字が読みづらいためか、タイプミスもまああります。幸い、神戸大学にはその生データと収集情報が記載された種子袋が保存されています。これらは、浜田先生直筆のものであり、来歴として最も信用できるものです。また、調査の状況は「稲の日本史(筑摩書房)」や「メコン紀行(読売新聞社)」にも記述されているので、これらの情報とあわせるとパスポートデータの修正が可能です。

私はこれまで主に野生イネの研究を行ってきましたが、遺伝学研究所より多くの野生系統を研究材料として分譲してもらいました。これらは、岡先生や森島先生達が現地で収集し、遺伝学研究所で維持されてきたもので、大変感謝しております。上述の通り、神戸大学農学部の前身である兵庫農科大学教授の浜田秀男先生も60年以上前にインドシナ諸国で在来品種を収集しました。そして、それらの半分近くが遺伝学研究所で継代・維持されていることを知ったときは、かなりの驚きでした。たまたまとはいえ、私にはそれらをつなぐ使命が与えられたような気がします。そこで、来歴等の情報を更新するとともに基礎農業形質データも追加し、インドシナ諸国の伝統的稲作を支えていた在来品種遺伝資源の維持に少しでも貢献できればと考えています。



浜田先生直筆の種子袋(品種名、収集場所、収集日が記載)

洪水を克服する浮イネの研究から明らかになった 節間の伸長「開始」制御機構

名古屋大学 生物機能開発利用研究センター
永井 啓祐・芦苺 基行

はじめに

世界三大穀物であるイネ、コムギ、トウモロコシの中でイネは唯一、湛水（水田）環境で栽培が可能である。その中でも東南アジアを中心に栽培されている浮イネと呼ばれるイネは、雨季に発生する水深が数メートルにも達する長期の洪水環境において、水位に応じて茎（節間）を伸長させて葉を水面に抽出し、呼吸や光合成を維持することで洪水という過酷な環境でも生存ができる（図1A）。これまでに我々は、浮イネの節間伸長を促進する転写因子 *SNORKEL1*、*SNORKEL2*¹⁾、および浮イネが特異的に保持するジベレリン生合成酵素遺伝子 (*GA20ox2*) のハプロタイプを同定²⁾することで、浮イネが節間伸長を促進するメカニズムの一端を明らかにしてきた。しかし、これらはいずれも伸長を開始した節間の伸長「促進」制御機構であり、そもそもなぜイネという植物が節間の伸長を開始できるのかは未解明であった。一般的な水田イネは栄養成長期から生殖成長期に移行する相転換期に節間伸長を開始するが、浮イネは栄養成長期から節間伸長が可能であることから、我々は浮イネは独自の節間伸長「開始」制御機構が存在すると考え、その分子機構の解明を試みた。また、本研究で得られた知見を、オオムギなどのイネ科作物においても検証したところ、浮イネという特殊なイネより発見された節間の伸長開始制御機構が、イネ科作物に普遍的に保存された機構である可能性が示された。

1. 早期節間伸長を制御する QTL の検出

これまでに我々はバングラデシュ由来の浮イネ‘C9285 (Dowai38/9)’と台湾由来の一般的な水田イネ‘Taichung 65 (T65)’のF₂集団を用いて、節間伸長性に関するQTL解析を行なった。その結果、洪水環境下における伸長した節間の長さの総和である総節間長 (TIL: Total Internode Length) を制御する *qTIL1* と *qTIL12* を

それぞれ第1染色体と第12染色体に検出し、早期節間伸長の指標である最低伸長節間 (LEI: Lowest Elongated Internode) を制御する *qLEI3* と *qLEI12* をそれぞれ第3染色体と第12染色体に検出した (図1B)。その後の解析により *qTIL1* の原因遺伝子としてジベレリン生合成酵素の一つである *GA20ox2* を同定した²⁾。一方、*qTIL12* と *pLEI12* はともに第12番染色体末端の同様の位置に検出されたが、*qTIL12* の原因遺伝子である *SNORKEL1* および *SNORKEL2* の過剰発現植物では節間長は長くなるもののLEIの低下 (早期節間伸長) は見られなかった。このことから、*SNORKEL1* および *SNORKEL2* の機能は伸長を開始した節間の長さを促進することであり、早期節間伸長を制御する *qLEI12* の原因遺伝子は別に存在することが考えられた。また、それぞれのQTLに関して準同質遺伝子系統 (NIL: Nearly Isogenic Line) を作出し、ジベレリン処理を行ったところ、*qLEI3* または *qLEI12* を保持するNIL3とNIL12は、それぞれジベレリンに反応した早期節間伸長を誘導した。これらの結果から、浮イネでは洪水環境下において *GA20ox2* によりジベレリンの生合成量が増加し、*qLEI3* および *qLEI12* の原因遺伝子によってジベレリン応答性が促進されることによって節間伸長が開始されるものと推察された (図1C)³⁾。

2. 節間伸長の開始を制御する *qLEI3* と *qLEI12* の原因遺伝子の同定と機能解析

我々は *qLEI3* と *qLEI12* の原因遺伝子の同定を目指し、ポジショナルクローニングを行なった。その結果、*qLEI3* の原因遺伝子として機能未知のタンパク質をコードする *ACCELERATOR OF INTERNODE ELONGATION1 (ACE1)* と、*qLEI12* の原因遺伝子として C₂H₂ 型 zinc-finger 転写因子をコードする *DECELERATOR OF INTERNODE ELONGATION1 (DEC1)* を同定した³⁾。節間伸長の開始は節間介在分裂組織の活性化が必要であるが、*ACE1* と *DEC1* の機構解析によりこれ

らの因子は節間介在分裂組織の活性化に関与することが明らかとなった。*ACE1* はジベレリンによって発現が上昇することで節間の介在分裂組織における細胞分裂を活性化するのに対して、*DEC1* はジベレリン存在下で

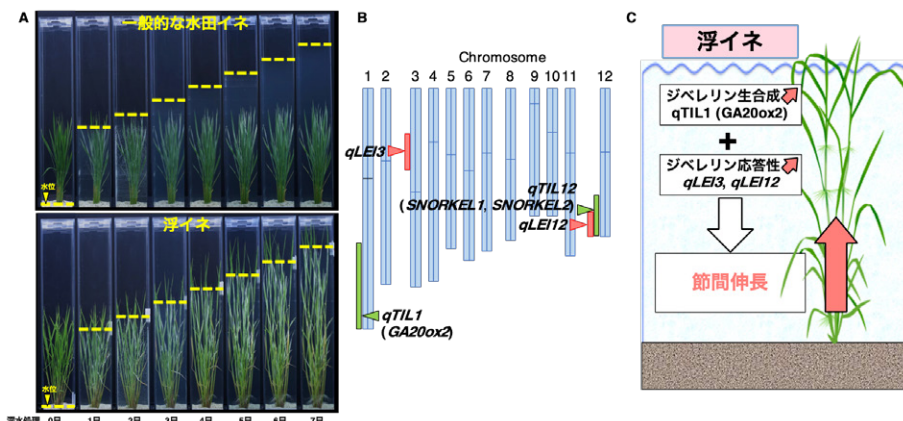


図1. 浮イネの節間伸長
(A) 一般的な水田イネと浮イネの洪水時における伸長性の比較
(B) 浮イネ節間伸長を制御する QTL
(C) QTL と浮イネ節間伸長の関係

発現が減少し、これにより節間の介在分裂組織における細胞分裂活性が上昇した(図2)。これらの結果は、節間介在分裂組織の細胞分裂制御に対して相反する機能を有する分子スイッチの存在を明らかにした初めての報告となった。一方で一般的な水田イネでは、*ACE1*のコード配列に突然変異が生じており、機能的な*ACE1*タンパク質が作られないことに加え、栄養成長期ではジベレリン存在下でも*DEC1*が高発現しているために節間伸長が起これないと考えられた(図2)。しかし、一般的なイネにおいても生殖成長期になると*ACE1*遺伝子のホモログである*ACE1-LIKE1*の発現量が増加するとともに、*DEC1*の発現量が減少することで節間伸長が開始することが明らかとなった(図2)。

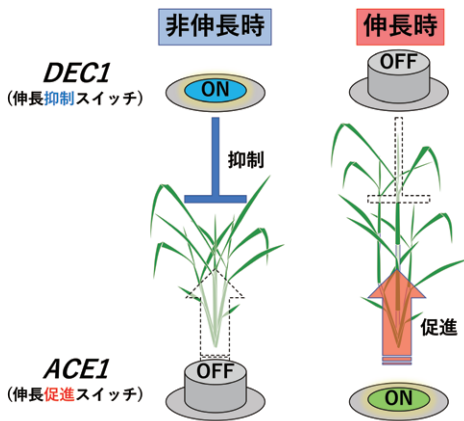


図2. *ACE1* と *DEC1* による相反する節間伸長制御
ACE1 は節間伸長の促進スイッチとして機能し、*DEC1* は抑制スイッチとして機能していると考えられる。

3. イネの栽培化および環境適応における *ACE1* と *DEC1* の選抜

栽培イネ1203種と野生イネ (*O. rufipogon*) 28種の遺伝子情報の比較による、*ACE1*および*DEC1*の進化的・栽培的選抜過程の検証を行なった。その結果、浮イネ型*ACE1*(節間伸長促進効果あり)と一般的な水田イネ型の*ace1*(変異により節間伸長促進効果なし)、および浮イネ型*DEC1*(発現低下により節間伸長促進)と一般的な水田イネ型の*DEC1*(高発現による節間伸長抑制タイプ)のそれぞれが野生イネの時点から存在しており、草丈を小さくするための栽培化過程では一般的な水田イネ型の*ace1*と*DEC1*が選抜され、雨季に洪水が発生するような環境では浮イネ型*ACE1*と*DEC1*が選抜されてきたことが明らかとなった(図3A)³⁾。この結果は、*ACE1*と*DEC1*はイネの洪水環境への適応戦略において重要な役割を果たしてきており、一般的なイネにこれらの遺伝子を交配によって導入することで、洪水耐性イネを育種できるものと考えられる。

4. *ACE1*および*DEC1*のイネ科植物における機能

イネ科植物の茎は節と節間が垂直方向に積み重なることで構成されており、各節間の基部側に位置する介在分裂組織での細胞分裂とその後の細胞伸長によって茎が伸長する。そこで、イネと同様の茎構造を有するイネ科植物の節間伸長における*ACE1*および*DEC1*の機能を検証した³⁾。コムギの近縁種であるミナトカモジグサや、オオムギ、サトウキビにおいて、イネ*ACE1*を過剰発現したところイネと同様に節間伸長が促進された(図3B)。またミナトナモジグサが保持する*ACE1*ホモログをRNAiによって発現低下させた植物では節間伸長が抑制された。さらに、オオムギにおいてイネの*DEC1*を過剰発現させたところ節間の伸長が抑制された(図3C)。これらのことから、イネにおいて発見した*ACE1*と*DEC1*による節間伸長の開始制御機構はイネ科植物において共通しているものと考えられる。

本研究では浮イネという特殊なイネの研究が一般的なイネや他のイネ科植物の茎伸長の制御機構を紐解く鍵となった。今回明らかになった成果を応用することにより、高収量の浮イネ品種の開発や、様々な環境変化に応じてイネやその他のイネ科作物の草丈を調整する技術の確立が期待される。

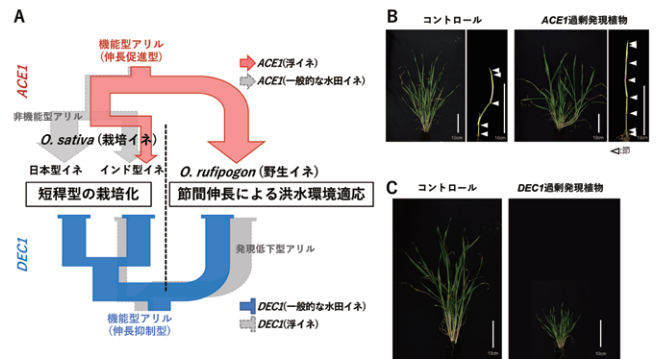


図3. *ACE1* および *DEC1* の選抜過程と機能の普遍性
(A) イネの短稈による栽培化と節間伸長による洪水環境適応における *ACE1* および *DEC1* の選抜過程
(B) オオムギにおけるイネ *ACE1* 過剰発現植物の表現型
(C) オオムギにおけるイネ *DEC1* 過剰発現植物の表現型
図は Nagai et al. (2020)³⁾ より改変

謝辞

本研究では国立遺伝学研究所 (NBRP イネ) から浮イネおよび野生イネの分譲を受けました。オオムギを用いた研究では岡山大学資源生物額研究所 (NBRP オオムギ) の支援を受けました。また、故森島啓子博士 (国立遺伝学研究所) には浮イネ・野生イネに関する貴重なご助言を数多く賜りました。心より感謝申し上げます。

参考文献

- Hattori et al. (2009) The ethylene response factors *SNORKEL1* and *SNORKEL2* allow rice to adapt to deep water. *Nature* 460: 1026-1030.
- Kuroha et al. (2018) Ethylene-gibberellin signaling underlies adaptation of rice to periodic flooding. *Science* 361 (6398): 181-186.
- Nagai et al. (2020) Antagonistic regulation of the gibberellic acid response during stem growth in rice. *Nature* 584: 109-114.

Technical Tips

変異体スクリーニングをWebで ～NBRP変異体ライブラリーの活用～

九州大学大学院農学研究院
久保 貴彦・山形 悦透

PCR選抜から*in silico*選抜へ

近年、ゲノム編集技術の開発と普及によって遺伝子機能の解明に期待が高まっています。しかしながら、とりわけ屋外での栽培がメインになる作物種では、ゲノム編集個体の取扱いに関する規制や、遺伝子操作に必要な労力や時間等、が課題として残されています。このような状況下において、気軽に栽培できる突然変異体リソースは、依然として機能解析の際の選択肢のひとつになるかと思えます。九州大学では化学変異原MNUに由来する突然変異体リソースの収集に取組み、その種子の提供を行ってきました。これらは受精卵処理に由来するため、種子処理由来の変異体と比較すると変異率が高く、キメラ出現頻度が低い、といった特徴を持ちます。逆遺伝学手法の場合、PCRスクリーニング (TILLING法) 等で目的とする変異体の探索を進めますが、数千個体規模の選抜には1～2週間程度の作業時間や、試薬消耗品代などのコストも考慮する必要がありました。NGSの開発以降、そのデータ解析量の増加と低コスト化が急速に進んだため、多検体からなる変異体集団の全ゲノム解読によって、変異箇所をすべて決定した変異体ライブラリーの構築も現実的になってきました。

MiRiQ database. 変異体スクリーニングを簡便に

九州大学では、全ゲノム情報に基づきWeb上で変異体のスクリーニングを行える*in silico* TILLINGシステム (以降、本データベースの名称であるMiRiQ databaseと呼ぶ) の整備を開始しました。系統材料には、リファレンスゲノム品種「日本晴」を用い、その受精卵のMNU処理によって得られた日本晴突然変異体プール (M1世代) について全ゲノム解読を進めています。SNP変異を含む配列情報はデータベース化されており、検索機能やゲノムブラウザを用いて興味のある遺伝子の変異体を探し出すことが可能です。ゲノムブラウザにはJBrowseを使用しており、位置情報や遺伝子ID (RAP ID & MSU7 IDともに可) をキーワードとして、遺伝子構造上のSNPの位置はもとより、遺伝子/タンパク質機能への影響や、ショートリードのアライメントまで幅広い情報を視覚的にとらえることができます。また検索機能から変異体の個体番号に基づいて、その変異個体もつゲノム全体のSNP変異を閲覧することも可能です。MiRiQ databaseは感覚的に使用できるWebシステムであるため、特別な技術や知識を必要とせず簡単に欲しい変異体の検索が行えます。現時点 (2022年1月現在) では、253個体の小規模プールで試運転を進めていましたが、近々実施予定のアップデートを含め、今後も順次、変異体プールおよびデータベースの拡張を進める予定です。目下の目標は、1000個体以上からなる変異体ライブラリー構築としていま

す。なお、本系統リソースは、ユーザー登録制での運用になります。配布試料は、M2, M3世代の変異体種子です。MiRiQ databaseの利用をご希望の方は、下記QRコードからお願いします。



Webから3ステップで

1. MiRiQデータベースにアクセス
2. TOPページから“Search”もしくは“Genome browser”をクリック (図1)
3. キーワードや位置情報を入力 (図2)

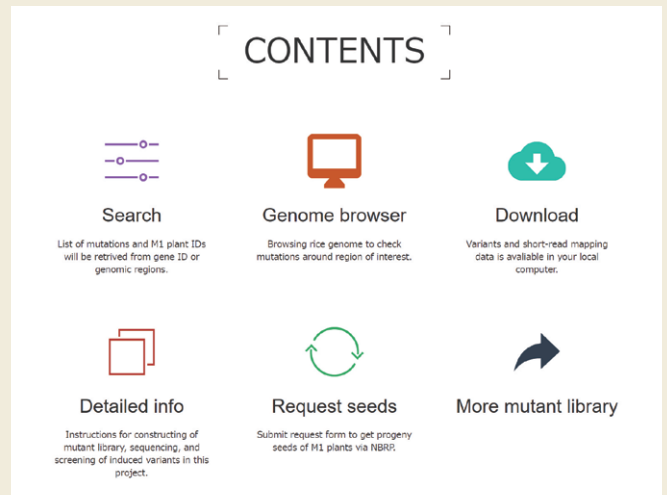


図1：変異体データベース MiRiQ のコンテンツ画面

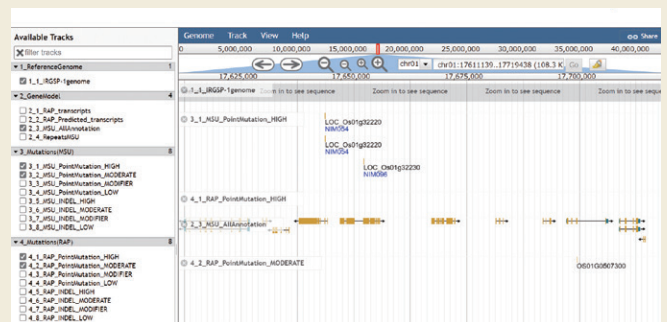


図2：MiRiQ から開いた Genome browser 画面。SNP のある系統番号が表示される。

2021 年度 活動報告

特別展 植物 地球を支える仲間たち

2021年7月10日から9月20日にかけて、国立科学博物館にて「特別展 植物 地球を支える仲間たち」が開催され、遺伝研の野生イネが標本として展示されました。脱粒した野生イネの穂と脱粒しない栽培イネの穂の展示の前で足を止める方もいらっしゃいました。



特別展 植物 地球を支える仲間たち



栽培イネと野生イネの穂を比較した展示

野生イネ関連の研究集会

遺伝研研究会「イネ属近縁野生種研究会～生態・遺伝・進化～」が3月に開催される予定です。皆さまのご参加をお待ちしております。

学術誌“Breeding Science”にて
NBRP イネの活動を紹介

日本育種学会の学術誌にてNBRPイネの活動を紹介しました。掲載号の表紙には野生イネの穂の写真が採用されました。

学会での広報活動

日本植物学会第85回大会（9月にオンライン開催にて）
第45回日本分子生物学会年会（11月に幕張メッセにて）
第63回日本植物生理学会年会（3月にオンライン開催予定）

NBRP イネ運営委員会

本年度は、10月26日にウェブ会議にて、NBRP イネ運営委員会を開催しました。

お知らせ

NBRP イネの遺伝資源を紹介するシンポジウムやオープンフィールド（見学会）等のイベントをオンライン開催も含めて検討中です。詳細が決まり次第、お知らせします。

NBRP
イネ広報活動

各種学会等でNBRP イネ遺伝資源を紹介するイベント等を行う予定です。ご興味のある方はぜひお立ち寄りください。

バックナンバーに
ついて

本ニュースレターのバックナンバーや英語版はOryzabase (<https://shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/>) または下記のQRコード) よりご覧ください。



Vol. 4

- ・コラム「イネ遺伝資源と共に～染色体からゲノムまで」
- ・NBRP イネ遺伝資源を利用した最新論文成果概説
「Cゲノムを持つ野生イネ *Oryza officinalis* のリファレンスゲノム」
- ・Oryzabase Now 「野生イネゲノムの公開データの現状」
- ・Technical Tips 「野生イネの未熟胚を用いた形質転換体の作出」

Oryzabaseへは
こちらから。

ナショナルバイオリソースプロジェクト
国立遺伝学研究所

〒411-8540 静岡県三島市谷田1111

NBRP

2022年3月 発行



発行者
佐藤 豊