

動物遺伝研究所  
十年のあゆみ

# 動物遺伝研究所 10年のあゆみ

社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所

社団法人畜産技術協会附属  
動物遺伝研究所

**動物遺伝研究所**  
**10年のあゆみ**

社団法人畜産技術協会附属  
**動物遺伝研究所**



動物遺伝研究所



DNA解析室点描



DNA解析室点描



# 刊行に当たって

社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所長

松川 正

畜産技術協会附属動物遺伝研究所は平成4年の発足から数えて11周年、平成5年の開所式、研究活動の開始から数えて10周年になります。

この間、農林水産省、日本中央競馬会、(財)全国競馬・畜産振興会などをはじめとする多くの関係機関から絶大なご協力、ご支援をいただきながら順調に成長してきました。研究の推進に当たっては、北海道から鹿児島に至る多くの県の研究機関と研究協力を進め、また、大学や国の研究機関の方々とも研究交流を深めてきました。これまでに関係機関、関係者からいただいたご支援に心から感謝いたします。

この10年の間に、ヒトゲノム、イネゲノム、マウスゲノムの解読がほぼ終わり、現在、ウシ、ブタ、ニワトリなど家畜ゲノムの解読が俎上にあがっております。家畜ゲノム研究の重要性、将来に向けての発展性は現在では多くの方々の共通的な認識といえますが、動物遺伝研究所の発足に先立つ当時、この重要性に着目し、設立に向けてご尽力された関係者の慧眼とご努力に対して深く敬意を表します。そして、動物遺伝研究所はこの10年間、多くの方々の期待と支援を背に受けて、国の内外で高い評価を受けるに至っていると思っております。

「動物遺伝研究所10年のあゆみ」は動物遺伝研究所のこれまでの活動を記録としてまとめたものです。それに加えて、動物遺伝研究所の設立、発足に関わってくださった多くの方々の中から特に関係が深いと思われる方々に、当時の思い出や、励ましの言葉を書いていただきました。さらに、「家畜ゲノム研究のこれまでとこれからー動物遺伝研究所10周年記念座談会ー」と題する座談会を開催し、この記念誌に掲載することができました。ご寄稿いただいた方々、座談会にご出席いただいた方々に厚くお礼申し上げます。

10周年を期に、私ども動物遺伝研究所の職員一同初心に戻り、産業界、関係機関の期待に添えるよう最善の努力をしていく所存です。これまでと同様のご支援とご鞭撻をお願いいたします。

平成15年3月

# 動物遺伝研究所 10年のあゆみ

(社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所10周年誌)

## 目 次

刊行に当たって

### I 沿革と現況

#### 1. 設立の経緯

- 1) 時代の背景..... 1
- 2) 設立への動き..... 2
- 3) 発足..... 2

#### 2. 研究体制の整備

- 1) 人員の充実..... 2
- 2) 施設の充実..... 3
- 3) 事業費の推移..... 5

### II 動物遺伝研究所の活動

#### 1. 研究の推進とその成果

- 1) ゲノム解析のための道具立ての開発・充実..... 7
- 2) DNA情報に基づく個体識別・親子鑑定システムの開発..... 9
- 3) 遺伝性疾患原因遺伝子キャリアのDNA診断法の開発.....10
- 4) 肉用牛経済形質のDNA育種手法の開発.....12
- 5) 牛肉の品種鑑別技術の確立.....14
- 6) BSE感受性の遺伝的差異の診断技術の開発.....15
- 7) 委託研究.....15

2. 技術者の養成.....16

3. 特許の取得および出願.....16

4. 栄誉（畜産大賞）.....17

5. 動物遺伝研究所の活動を支える諸種の委員会.....17

Ⅲ 動物遺伝研究所の10周年に寄せて（寄稿、50音順）	23
鎌田 啓二、小宮山鐵朗、関川 賢二、野田 富雄、廣川 治、向山 明幸、 松村 晋、村山 美穂、横山 政廣	
Ⅳ 動物遺伝研究所10周年記念座談会	
家畜ゲノム研究のこれまでとこれから	35
国枝 哲夫、佐々木義之、菅野 純夫、杉本 喜憲、辻 莊一、菱沼 毅、 藤山秋佐夫、三上 仁志、安江 博	
Ⅴ 資料	
1. 職員名簿（現職員、歴代職員）	
1) 現職員	65
2) 歴代職員名簿	65
2. 研究発表	
1) 論文発表	67
2) 学会発表	71
3) 著書、解説、資料等	81
3. 委託研究課題及び委託研究者	83
4. 各種委員会委員名簿	85

# I 沿革と現況



# 1. 設立の経緯

## 1) 時代の背景

附属動物遺伝研究所の設立が決められた平成3年(1991年)は、ゲノム解析が生物学の研究の主流になろうという時期であった。これに先立つ1985年、米国エネルギー省のジンシャイマーらによって、ヒトゲノムの全塩基配列(約30億塩基対)を決定しようというヒトゲノムプロジェクトが正式に提案され検討が始まった。ノーベル賞受賞者のギルバート、ダルベッコ、ワトソンらの分子生物学の有力者達によるバックアップが功を奏し、1986年にはこの計画がまず米国でスタートした。染色体地図を作成し、全塩基配列を解読するという方向性が決められた。1987年に日欧なども加わり、1988年に国際組織HUGO(Human Genome Organization)が作られ、国際的な協調の下に計画を遂行する仕組みができた。

一方、家畜、特にウシの育種を見定めたDNA研究(分子生物学的研究も含む)は1986年頃から、散発的に論文として報告されるようになった。ウシの遺伝子の染色体へのマッピングや多型性のDNAマーカーの開発である。1992年には、ゲノムベンチャーのGenmark社のジョージスとマッセイによって、ウシのDNAマーカー351種(内、マイクロサテライト233種)に関する特許が出願されている。1993年にフリースらは、それまでのウシゲノム研究の状況を集大成する総説を報告しているが、この段階では合計350座(locus)がマップされ、後に主流となるマイクロサテライトは93種に過ぎなかった(しかし、ヒトやマウスの遺伝地図(ゲノム連鎖地図)ではすでにマイクロサテライトに移行しつつあった)。

このような貧弱なウシゲノム解析用のツールであっても、1993年にはジョージスらによって、無角(角形成に関わる表現型)、および、ウィーバー病(乳牛に見られる進行性骨髄脳変性症)の原因遺伝子座のマッピングが報告された。

当研究所の設立に向けての動きが始まった平成3年(1991年)から研究活動がスタートした平成5年(1993年)にかけては、まさにウシゲノム研究の黎明期と位置づけられよう。1994年にチェコスロバキア(現在、チェコ)のプラハで開催された国際動物遺伝学会総会の雰囲気は、当時の情勢を鋭敏に映し出していると思う。ウシゲノムのワークショップ会場として50人くらいの部屋が用意されていたが、参加者が入りきらず、会場が二回変更されて最も大きな500人用の部屋で開催された。まだこれといった成果が上げられたわけではないが、何かが生まれるという熱気が満ちていた。

このような情勢の中で、国内では(社)農林水産先端技術産業振興センターが平成3年11月に農林水産先端技術研究所(STAFF研究所)を発足させ、イネゲノム並びに家畜ゲノム研究をそれぞれ農林水産省農業生物資源研究所並びに畜産試験場との共同研究として開始する運びとなった。平成5年(1993年)には農林水産省畜産試験場で動物DNA研究チームが発足し、ブタゲノムプロジェクトが動き出した。

## 2) 設立への動き

S T A F F研究所の設立が検討されていたのと同じ頃、農林水産省畜産局では、将来における家畜ゲノム研究の重要性から、イネゲノムに併設された家畜ゲノム研究ではなく独立した施設、人員で研究を進めるべきであるとの構想が生まれた。

設立、運営に要する資金は日本中央競馬会の畜産振興資金の助成を受けることとし、組織的には、畜産分野の技術開発支援を業務の重要な柱としていた（社）畜産技術協会に附属させることとなった。新研究所の研究内容は農林水産省家畜改良センターの業務とも密接な関係を有するところから、研究所は家畜改良センター構内に設置されることとなった。用地の借用に当たっては、当時の家畜改良センター関係者の努力に負うところが大きい。

研究所の名称である附属動物遺伝研究所の「動物」には、家畜に限定しないでより広がりのあるものにしたいとの関係者の意図が込められており、提唱者は当時の家畜生産課横山政廣氏とされる。また、名称に「附属」をつけたのは畜産技術協会の意向であった。

研究所の発足にあたって、畜産試験場等試験研究機関の所掌とどのような区分にするかの検討も行われ、畜産試験場等国立試験研究機関はより先端的な研究、動物遺伝研究所は個体識別技術の開発などより応用的な研究との整理がなされた。その後、平成6年度から動物遺伝研究所が「肉用牛経済形質のDNA育種手法の開発」プロジェクトを開始するに当たり、改めて動物遺伝研究所はウシを主体とし、畜産試験場・S T A F F研究所グループはブタを主たる対象とすると整理して大蔵省には説明されることになる。

## 3) 発足

このような動きを経て平成4年9月1日に動物遺伝研究所は発足した。研究拠点となる建物は平成3年度に設計を開始し、平成4年9月着工、平成5年1月に竣工しており、平成5年4月20日には研究所の開所式並びに建物の竣工式が執り行われた。

## 2. 研究体制の整備

### 1) 人員の充実

研究所が発足した平成4年度末、研究員2名、事務職2名、協会本部との兼務1名であった人員は下表に示すようにその後着実に増加し、平成15年3月31日現在の職員数は所長1，管理部3，研究部22（研究員9，補助員13）の計26名である。

## 動物遺伝研究所職員数の推移<sup>1)</sup>

年 度	所 長	管 理 部	研 究 部	
			研 究 員	補 助 員
4	1 <sup>2)</sup>	2 <sup>3)</sup>	2	0
5	1 <sup>2)</sup>	2	3	1
6	1	2	5	2
7	1	2	5	3
8	1	2	6	4
9	1	2	11	9
10	1	3	13 <sup>4)</sup>	13 <sup>4)</sup>
11	1	3	14 <sup>4)</sup>	12 <sup>4)</sup>
12	1	3	12 <sup>4)</sup>	11 <sup>4)</sup>
13	1	3	8	12
14	1	3	9	13

<sup>1)</sup> いずれも年度末職員数

<sup>2)</sup> 協会本部役員兼務、 <sup>3)</sup> うち1名は協会本部役員兼務

<sup>4)</sup> 派遣職員を含む、

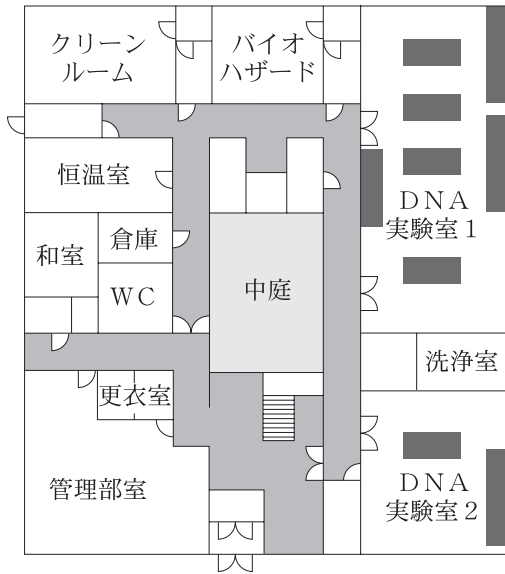
## 2) 施設の充実

研究所の研究棟（現在の本館）は平成4年9月着工、平成5年1月竣工で、鉄筋コンクリート造り2階建て、延べ床面積884m<sup>2</sup>であった。この中には、実験室、研究員室、ドラフトチャンバー、クリーンルーム、会議室等が設置されている。その後平成6年度にR I実験室、動物飼育室の2室計116m<sup>2</sup>が増築された。

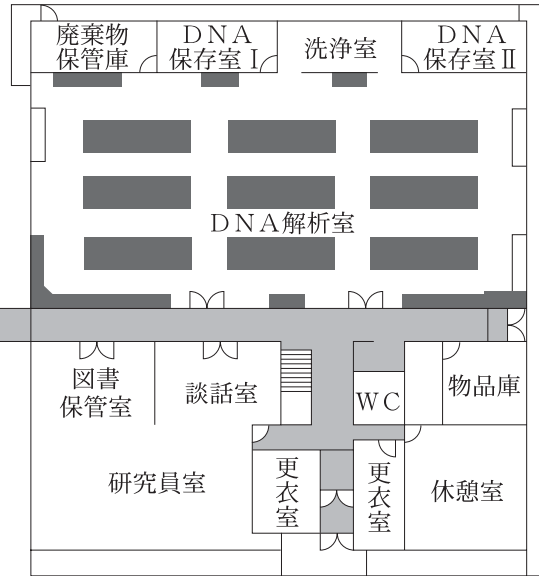
研究プロジェクトの拡大に伴い、実験室が手狭になったことから平成9年度に新たな研究棟（別館）を建設することになった。平成9年9月着工、平成10年2月竣工で、鉄筋コンクリート造り一部2階建て、延べ床面積1094m<sup>2</sup>である。本館と別館は廊下でつながっており、施設は一体的に使うことが出来る。別館の完成に伴い、実験室が広がったほか、新たに設置されたものとして、コンピュータ室、大会議室、図書保管室等がある。

# 研究施設平面図

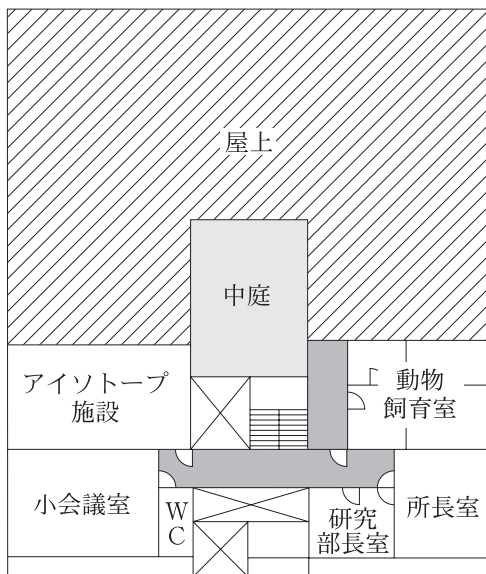
本館 1階 (742m<sup>2</sup>)



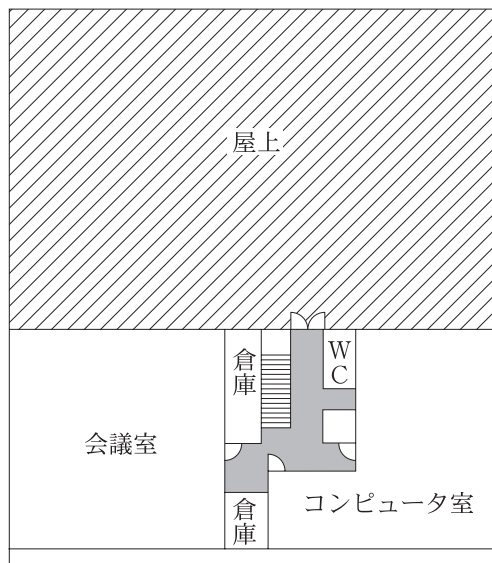
別館 1階 (788m<sup>2</sup>)



本館 2階 (258m<sup>2</sup>)



別館 2階 (306m<sup>2</sup>)



### 3) 事業費の推移

#### 家畜遺伝子の利活用に関する研究開発事業の推移（事業額）

（単位：千円）

事業名	家畜遺伝子情報活用体制整備事業	食肉品種鑑定技術確立事業	肉用牛遺伝資源活用体制整備事業	BSE生体診断技術緊急開発事業	畜産新技術開発活用促進事業	DNA育種基盤整備促進事業	DNA育種技術活用推進事業	年度計	備考
補助元	(財)全国競馬・畜産振興会	(財)日本食肉消費総合センター(委託事業)	(財)全国競馬・畜産振興会	(財)全国競馬・畜産振興会	農畜産業振興事業団	国	国		
平成3	153							153	
4	474,938							474,938	
5	120,589							120,589	
6	576,564							576,564	
7	329,660							329,660	
8	428,719							428,719	
9	1,028,355							1,028,355	
10	813,356	164,951						978,307	
11	928,296	132,536						1,060,832	
12	1,060,544	126,309						1,186,853	
13		51,800	372,980		444,538	16,647		885,965	
14			299,841	135,915		10,486	272,445	718,687	予算額
累計	5,761,174	475,596	672,821	135,915	444,538	27,133	272,445	7,789,622	

## Ⅱ 動物遺伝研究所の活動

# 1. 研究の推進とその成果

研究プロジェクトは、平成4年度から「個体識別システムの開発」、平成6年度から「肉質等経済形質DNAマーカー育種手法開発事業」、平成9年度から「家畜疾病DNAマーカー育種手法開発事業」、平成10年度から「家畜遺伝子解析基盤緊急開発事業」及び「食肉品種鑑別技術の確立」が開始されるなど順次拡大されてきた。このうち「個体識別システムの開発」は所期の目的を達成し平成10年度をもって終了した。このプロジェクトによって数多くのDNAマーカーの開発、遺伝地図上への位置づけを行い、単に個体識別に関する研究に終わるのではなく、その後の研究所のプロジェクトの基盤となる技術に大きく貢献したプロジェクトであった。他のプロジェクトも後述するように順調に成果が得られたが、「食肉品種鑑別技術の確立」事業を除いては、予算上はいずれも平成12年度をもって一区切りとなった。

平成13年度からは予算の仕組みが大きく変わり、「畜産新技術開発活用促進事業」として、ウシのゲノム地図などの基盤技術の開発や遺伝性疾患のキャリア診断技術の開発などを進め、「肉用牛遺伝資源活用体制整備事業」として経済形質QTLの特定と、これを活用した育種手法の開発を目標として研究を進めてきた。また、「畜産新技術実用化対策事業」の一環として道県との共同研究も進めている。「食肉品種鑑別技術の確立」は平成13年度をもって終了した。「畜産新技術開発活用促進事業」として取り組まれてきた内容は、平成14年度以降は「畜産新技術実用化対策事業」に移行している。平成14年度から新たに、BSE感受性の遺伝的差異を診断する技術の開発を目的とした「BSE生体診断技術緊急開発事業」が発足した。

以下にこれらの事業の中で得られた成果について概要を述べるが、事業ごとの整理ではなく、研究内容ごとの整理とする。なお、研究発表リストはV資料編に示してある。

## 1) ゲノム解析のための道具立ての開発・充実

### ゲノム解析のための道具立ての開発・充実

技 術	目 標	こ れ ま で の 成 果
マイクロサテライトマーカーの開発とマッピング	2000個の開発とマッピング	・約2500個開発、うち1500個はUSDA作成の連鎖地図上にマップし、400個を染色体に帰属した。残り600個をマップ中。
ウシYAC及びBACライブラリーの開発とPCRスクリーニング系の開発	YAC:25000 クローン BAC:10万クローン	・YAC、BACとも目標達成。PCRスクリーニング系も開発 ・ホルスタイン白血球DNA由来BACライブラリー及びヘレフォード白血球由来BACライブラリーを入手し、PCRスクリーニング系を開発
ウシESTの開発とPCRプライマーセットの作成	EST1万個の開発と3000遺伝子座のESTの開発	・ウシの各種組織から得たcDNAを両側から読み、36000件の配列を国際的データベース(GenBank)に登録 ・3'-ESTからPCR増幅用プライマーセット4000種を作成
ウシ・ラディエイションハイブリッド(RH)パネルの作成とRH地図の作成	マーカー3000種を用いるRH地図	・RHパネルの作成を完了 ・USDA作成の連鎖地図にマッピングされているマーカー1100種を用いてフレーム作りを行い、2300個のESTをマップした。新規に開発されたマイクロサテライトマーカー約500種を加えてフレームを充実し、さらにEST700個以上をマップする予定。

(1) マイクロサテライトマーカーの開発とマッピング → 遺伝地図の充実

マイクロサテライトは2～10塩基対の短い配列が反復している染色体上の部位で、そのほとんどがCAの2塩基対の繰り返しである。繰り返し数は同じ部位でも牛個体によって、あるいは同じ牛であっても対になっている染色体間で異なっている場合がある（多型性がある）。繰り返し数の違いは遺伝する。この繰り返し数の違いはPCR生成物の長さの違いとして容易に検出できるのでDNAマーカーとして有効である。

動物遺伝研究所ではこれまでに約2500個のマイクロサテライトマーカーを開発し、うち約1500をマップした（染色体上の位置を決めた）。また400個は染色体に帰属した。残り600個はマップ中である。このようにして遺伝地図を精密化することは、連鎖解析で経済形質や遺伝性疾患の遺伝領域を特定する上で必須のものである。この開発作業は現在も継続中であり、アメリカ農務省、ネヴァダ大学等と共同で作業を進めている。（現在公開されているウシ遺伝地図には約1700個のDNAマーカーがマップされており、うち約1500がマイクロサテライトマーカーである。）

(2) YAC（酵母人工染色体）ライブラリーおよびBAC（バクテリア人工染色体）ライブラリーの作成

ウシのDNA断片を酵母、あるいは大腸菌の中で複製されるように操作して組み込み、酵母やバクテリアを培養することによりウシDNA断片を含む人工染色体を多量に得ることができる。この人工染色体がYACクローン、BACクローンである。連鎖解析で目的とする遺伝領域を絞り込んだ後、その領域にさらに細かくマーカーを開発したり、その領域の塩基配列を明らかにしたりする際に用いる。動物遺伝研究所ではYACおよびBACライブラリーを開発し、これらのスクリーニングシステムも構築した。（組み込むことができるDNA断片の長さはYACで800kb前後、BACで120kb前後。PCRで増幅できるDNA断片は10kb程度まで。）

(3) ウシ発現配列座（EST）の開発

ウシの各種臓器、いろいろな発育ステージで発現している遺伝子について、その遺伝子の一部分の塩基配列を決定して、それをその遺伝子のタグ（付け札）としたものがEST（expressed sequence tags）。このESTを後述のRH地図上にマップしておけば連鎖解析で領域を絞り込んだ際の責任遺伝子の有力な候補となりうる。動物遺伝研究所ではESTの高速シーケンシングシステムを確立し、3万6千個のESTを開発し、国際的なデータベース（GenBank）に登録した。（動物遺伝研が登録した時点では登録されたウシESTは300未満であったが、現在は約32万個が登録されている。）

(4) ウシのRHパネル（放射線照射雑種細胞パネル）の作成 → 物理地図の作成

ウシ由来の細胞に放射線を照射し、染色体を断裂させた後にハムスター由来細胞と融合させたものを100種類ほど培養し、そのDNAを回収したものをRHパネルという。

RHパネルは物理地図の一つであるRH地図を作成する素材となる。動物遺伝研究所ではRHパネルを作成し、上記約100種類の雑種細胞がそれぞれウシ染色体のどの領域を保持しているかを1100種のマイクロサテライトマーカーを用いて決定する作業（フレームワーク構築）を行った。さらに、構築したフレーム上に2300個のESTをマップし、計3400個のマーカーからなるRH地図を作成した。これにより、ヒト染色体とウシ染色体の対照が可能となり、ヒト情報に



利用が容易となった。

具体的には、連鎖解析で特定した遺伝領域をBACクローンで埋めていく作業（BACコンティグの作成）の際に、BACクローンをスクリーニングするための遺伝子マーカー情報をヒトの情報から得られるようになった。また、対照となるヒト染色体領域に候補遺伝子を探索することも可能である。しかしながら、現段階のRH地図では、フレームの不完全な領域が残っているため、その周辺領域ではESTがマップできなかつたり、不正確になる傾向がある。

#### (5) データベースの構築

種々の研究の過程で生み出される膨大なデータについて、整理、登録、管理・更新、抽出・加工を目的としたデータベースを構築しつつある。ヒトなど他種生物のDNA情報を利用する上でも有効な武器となる。また、共同研究機関に向けて、DNAマーカー情報や地図情報を公開していく予定である。

## 2) DNA情報に基づく個体識別・親子鑑定システムの開発

### DNA情報に基づく個体識別・親子鑑定システムの開発

#### 1. 研究の手順

- 1) マイクロサテライトマーカーの開発
- 2) 開発されたマーカーの染色体上への位置づけ（マッピング）
- 3) 各マーカーの黒毛和種集団におけるヘテロ接合率の推定、アリアル数の把握
- 4) PCR反応操作の効率化
- 5) 使用すべきマーカーの選択
- 6) 選択したマーカーで個体識別・親子鑑別が行えることの実証

#### 2. 成果

- 1) ヘテロ接合率0.65以上で、異なる染色体上にある（連鎖関係にない）マイクロサテライトマーカー約20種で親子鑑定、個体識別は実用上十分可能
- 2) 全きょうだい8組計20頭の個体識別、父牛10頭、子牛20頭の親子鑑別は間違いなく行われることを実証
- 3) 副産物として、マイクロサテライトマーカーの開発、実験手技の向上、など

#### 3. 成果の活用

- 1) 家畜改良事業団では血液型による親子鑑定の際の補助手段として
- 2) 体細胞クローンの個体であることの証明、など

個体の正確な識別、正確な血統情報は家畜の改良を進める上で最も基本的な情報である。牛の個体識別は主に斑紋、鼻紋で行われており、また親子鑑定は血液型を用いて行われてきた。これをDNA情報に基づく方法で行えばより簡便、正確に行いうると考えられるのでこのプロジェクトはその方法を開発するために開始された。

このプロジェクトの開始当初は、牛のDNAマーカー情報も全く不十分な時代であったため、まずDNAマーカーを開発するところから研究はスタートした。言い換えれば、このプロジェクトの遂行過程で動物遺伝研究所は牛のゲノム解析研究の基盤を徐々に充実させてきたのであり、このプロジェクトが遺伝研のその後に果たした役割ははかりしれない。

ヘテロ接合率0.65以上を目安に、自ら開発したマーカーの他に、他機関で開発されたマーカーを加えた約20種のマーカーを用いれば、個体識別、親子鑑別は実用上支障なく行われうることを実証した。

家畜改良事業団では親子鑑定には現在血液型を用いているが、確認が必要な場合の補助手段としてDNAが用いられている。また、体細胞クローン牛であることの証明（個体識別）などにも使われている。将来はDNAによる親子鑑定に移行すると見られる。

### 3) 遺伝性疾患原因遺伝子キャリアのDNA診断法の開発

#### 肉用牛遺伝性疾患のDNA解析

遺伝性疾患名	チェディアク・ヒガン症候群	クローディン16欠損症（タイプ2欠損症）	モリブデン補酵素欠損症	ウシ軟骨異形成性矮小体躯症
症 状	血液凝固機能の低下、重い貧血	腎臓障害、多くは生後1年以内に発症、死亡	腎、輸尿管、膀胱に結石を生じ死亡	四肢短小、異常歩行を呈し、経済性を損ずる
原因遺伝子	<i>CHS-1</i>	<i>Claudin-16*</i>	<i>MCSU*</i>	<i>LIMBIN*</i>
染 色 体	28番染色体	1 番染色体	24番染色体	6 番染色体
変異の種類	1 塩基置換	37kbの欠損（タイプ2では56kbの欠損）	3 塩基欠損	1 塩基欠損と 1 塩基置換

\*新規発見の遺伝子

近年黒毛和種の生産現場では産地間競争の激化に伴い、地域によっては供用される種雄牛が能力が高いと評価された特定の系統に偏る傾向がある。その結果として近親交配が行われる頻度が高まり、遺伝性疾患が顕在化しやすい状況にある。

牛における遺伝性疾患はほとんどが常染色体性単純劣性遺伝であるため（優性遺伝するものであれば直ちに淘汰の対象になり、疾患原因遺伝子は集団から排除されて残らない）、疾患原因遺伝子（異常遺伝子）をホモに保有する牛のみが発症し、ヘテロに保有する牛（保因牛、キャリア）は正常牛と何ら変わるところがない。そのため従来は、血統情報から異常遺伝子のキャリアの疑いのある個体は遺伝的能力の高い場合であっても、異常遺伝子の拡散を防ぐために淘

汰したり、種雄牛として選抜しなかった経緯がある。このことは黒毛和種集団から優良遺伝子を失わせることになり、育種改良のための遺伝的ポテンシャルを低下させる恐れがあった。

異常遺伝子のキャリアの正確な診断が可能となれば、遺伝性疾患の発症を抑制する交配が可能となり、また、遺伝性疾患を発症した家系からもキャリアでない正常な種雄牛を選抜することが可能となる。

なお、遺伝性疾患のDNA診断法の開発に関する一連の研究について、動物遺伝研究所および共同研究グループは、「黒毛和種牛における遺伝性疾患の病態解析および遺伝子診断法の確立による発病抑制技術の開発」として、(社)中央畜産会が主催する優秀畜産表彰等事業(JRA畜産振興事業)の平成12年度畜産大賞を東京大学小川博之教授らのグループと共に受賞している。

#### (1) チェディアク・ヒガシ症候群

黒毛和種に見られる常染色体性劣性遺伝性疾患で、死亡率は低いものの、血液凝固機能が低下し、皮下に血腫を生じ、重い貧血症状を示す。ヒトやマウスでも同様な症状を示す疾患があり、その遺伝子は*CHS-1*と同定されていた。連鎖解析で同定した遺伝領域とFISHで確かめた位置とが同じであったため、遺伝子*CHS-1*が原因遺伝子と予想した。発症牛と正常牛の当該遺伝子を精査し、一塩基置換が原因であることを突き止め、キャリアのDNA診断法を開発した。鹿児島県と共同で平成10年12月特許出願し、平成13年8月特許が認められた。

#### (2) クローディン16欠損症

この疾患は腎尿細管形成不全症、慢性間質性腎炎とも呼ばれており、黒毛和種の子牛にみられる腎障害を主徴とする発育不全である。多くは生後1年の間に発症し死に至る。遺伝学的な検査から常染色体性劣性遺伝性疾患であった。

発症した家系から得た発症牛、正常牛のDNA試料を解析し、染色体1番に原因遺伝領域を特定した。この領域でYAC整列地図を作りさらに精査した結果、発症牛では37kbの欠落部分があることが明らかとなった。この欠落相当部分に新規の遺伝子を見いだした。この遺伝子は上皮細胞の細胞間輸送に関係するクローディン遺伝子ファミリーの一員であることから*Claudin-16*と命名した。疾患の原因となる欠落を診断する手法を開発し、共同研究機関である岐阜県と共同で平成11年3月に特許出願し、平成13年5月特許が認められた。

この疾患は良質肉を生産するとの評価の高い系統で発生したものであり、この始祖となった種雄牛並びにその後代牛の遺伝子(精液、個体)は広く拡散していた。

#### (3) クローディン16欠損症タイプ2

クローディン16欠損症の診断の過程で、発症した子牛の中にDNA診断で正常と診断された母牛からの子牛が含まれていた。上述の37kbの欠損変異に基づく診断法では見逃す変異が存在する可能性があった。精査した結果、さらに19kb上流から欠損していることを突き止めて、この変異型をタイプ2と名付けた。診断法を開発し、家畜改良事業団および家畜改良センターと共同で平成13年2月特許出願した。

#### (4) モリブデン補酵素欠損症

この疾患は生後1～6ヶ月の黒毛和種子牛で発症する。発症牛は血中および尿中のキサンチン濃度が正常値より高く、腎臓、輸尿管、膀胱にキサンチンを主成分とする結石を生じ死に至

る。発生の状況から常染色体性単純劣性遺伝性疾患と予想された。発症牛の家系について連鎖解析を行い、原因遺伝領域を24番染色体に特定した。平行して生化学的解析を行い、この疾患の発症機構はヒトキサントシン尿症の一つのタイプと類似することが明らかとなった。しかし、この原因遺伝子は未報告であった。情報を広く検索したところ、ショウジョウバエで類似の生化学的症状を示す変異体が報告されていたので、この原因遺伝子の配列情報に基づいて牛の相同遺伝子のcDNA配列を明らかにした。ショウジョウバエの当該遺伝子とはアミノ酸レベルで40%の相同性があった。遺伝子名は推定される機能からモリブデン補酵素硫化酵素、略してMCSUと命名した。そして疾患は3塩基欠損に伴うアミノ酸チロシンの欠損と関係があることを突き止めた。キャリアのDNA診断法を大分県と共同で平成12年1月特許出願し、平成13年12月特許を取得した。

#### (5) ウシ軟骨異形成性矮小体躯症

四肢短小、発育不良、歩行異常を呈する疾患で褐毛和種に見られた。出生時より四肢が短く、起立困難であるが、致命的ではない。生後月齢が進むにつれて、正常牛との発育の差が顕著になり、経済性を損ずる。剖検では、病変は前肢、後肢の長骨に局限しており、病理所見に基づき、軟骨異形成と診断された。家系調査などから常染色体性単純劣性遺伝性疾患と予想された。連鎖解析によって、原因遺伝子座を6番染色体のテロメア近傍にマッピングした。この領域でマーカーの開発を行ってさらに領域を狭め、整列地図を作成し、ヒトとの比較地図と照合することを通して、新規発見の遺伝子LIMBINの異常が発症と関わっていることを突き止めた。停止コドンをもたらす2種類の変異による。この知見に基づいてキャリアの遺伝子診断法を開発し、平成14年3月熊本県と共同で特許出願した。

## 4) 肉用牛経済形質のDNA育種手法の開発

### 黒毛和種経済形質のQTL領域の特定とハプロタイプ効果

形質名	有意水準	ハプロタイプ効果	種雄牛保有機関
脂肪交雑1	p<10 <sup>-5</sup>	BMS 1.0	兵庫県
脂肪交雑2	p<10 <sup>-4</sup>	BMS 1.0	宮崎県
脂肪交雑3	p<10 <sup>-4</sup>	BMS 1.5	家畜改良事業団
脂肪交雑4	p<10 <sup>-5</sup>	BMS 1.0	兵庫県
枝肉重量1*	p<10 <sup>-5</sup>	36kg	鹿児島県
枝肉重量1*	p<10 <sup>-5</sup>	32kg	兵庫県
枝肉重量1*	p<10 <sup>-4</sup>	28kg	兵庫県
枝肉重量1*	p<10 <sup>-5</sup>	27kg	長崎県
枝肉重量2	p<10 <sup>-4</sup>	33kg	家畜改良事業団
枝肉重量3	p<10 <sup>-4</sup>	23kg	家畜改良事業団
枝肉重量4	p<10 <sup>-4</sup>	22kg	家畜改良事業団

\*同一染色体上の同じ領域であり同一QTLによると見られる。

## (1) 研究の目的

発育速度、肉質など肉用牛における重要な経済形質は複数の遺伝子の働きと環境の影響によって表現型値が決まる量的形質である。このような量的形質の遺伝的改良はBLUP等に代表される統計遺伝学的方法によって行われており、成果を挙げている。

一方、近年におけるゲノム解析研究の進展は経済形質に關与する染色体上の遺伝領域、あるいは遺伝子を特定することを可能にしつつある。このようなDNAの情報を育種に取り入れることが出来れば改良の効率は大きく向上する。

本プロジェクトでは脂肪交雑、発育速度などの経済形質について、DNAの情報もとり込んだ改良方法の開発を目的としている。

## (2) 材料と方法

研究に必要な材料・方法・道具は、①父親を同じくする半きょうだい子牛の肥育成績（表現型値）、②これらの牛のDNA試料、③詳細なウシ連鎖地図（遺伝地図）、④DNAの抽出からマーカーの型判定に至るまでに必要な実験器具（PCR装置、DNAシーケンサーなど）、⑤連鎖解析を行うコンピュータプログラム、などである。半きょうだい子牛の肥育成績としては、黒毛和種産肉能力間接検定のデータと、特定の有力種雄牛の産子のフィールドにおける肥育データの双方を用いた。

### ①黒毛和種産肉能力間接検定データの解析

間接検定は1雄牛あたり8～15頭程度の半兄弟去勢息牛を肥育してその成績から雄牛の能力を推定する方法である。後で述べる共同研究機関では年間1～数頭の雄牛について検定が行われており、多くのデータが集積される。欠点は1雄牛あたりの子牛数が少ないことであり、連鎖解析には1雄牛あたりの頭数が不十分である。そこで4代まで遡り、血統図を作り家系を大きくした「共通祖先家系」を構成して解析するなどを試みている。

### ②フィールドの肥育データの解析

黒毛和種では交配はほとんど人工授精により行われる。そのため評価の高い種雄牛は多くの子牛を生産する。これらの子牛のフィールドにおける肥育成績並びにDNA試料を収集して解析に供している。父牛を同じくする子牛（同父半きょうだい）の試料を100頭から1000頭規模で収集し、全ゲノムを対象とした解析を行った。表に示した成果は15の同父半きょうだい家系の解析によって得られたものである。

経済形質に關与する遺伝子（QTL）の染色体上の所在領域を知る手段として連鎖解析がある。まず、父牛で対になっている染色体のどの部分がどの子牛に伝わっているか調べ、父から受け取った染色体部分の違いが子牛の肥育成績の違いと関係しているかどうか調べる、という手順で連鎖解析は行われる。従って、もしその父牛が極めて近交度の高い牛であった場合には、対になっている染色体の遺伝子情報は酷似する可能性が高く、その子牛群は連鎖解析には向かないことになる。

動物遺伝研究所はこのプロジェクト遂行のために以下の22の機関と共同研究を組み、研究を進めた。

家畜改良事業団家畜改良技術研、北海道新得畜試、岩手県畜産研、宮城県畜試、秋田県畜試、山形県農業研究研修セ、福島県畜試、茨城県畜試、山梨県酪試、長野県畜試、岐阜県肉牛試、

兵庫県畜試、鳥取県畜試、島根県畜試、岡山県総合畜産セ、広島県畜産技術セ、山口県畜試、長崎県肉用牛改良セ、熊本県畜産研、大分県畜試、宮崎県畜試、鹿児島県肉用牛改良研。

なお、この共同研究体制は平成12年度をもって一区切りとなり、平成13年度以降は新たな仕組みの共同研究を行っている。新たな共同研究参画機関は、家畜改良事業団家畜改良技術研、北海道畜試、岩手県畜産研、宮城県畜試、秋田県畜試、山形県農業研究研修セ、福島県畜試、山梨県酪試、岐阜県肉牛試、兵庫県畜試、鳥取県畜試、島根県畜試、岡山県総合畜産セ、広島県畜産技術セ、長崎県肉用牛改良セ、熊本県畜産研、大分県畜試、宮崎県畜試、鹿児島県肉用牛改良研の19機関である。

### (3) 成果

連鎖解析の結果、脂肪交雑では4つの家系で、父牛から受け取った染色体領域（ハプロタイプとして把握）の違いによって子牛の脂肪交雑評点が高度に有意な差を生ずる領域が認められた。このことは、これらの染色体領域が脂肪交雑に関して有意なばらつきをもたらすQTL所在領域であることを意味する。これら4家系における染色体領域はそれぞれ違っていた。受け取った染色体領域の違いによる子牛の脂肪交雑評点の差（ハプロタイプ効果）はBMS1.0～1.5であった。

同じく枝肉重量では、4カ所の染色体領域で有意な連鎖が認められた。このうち1カ所は同じ領域が4つの家系で有意となった。ハプロタイプ効果は22kg～36kgであった。

これらの脂肪交雑並びに枝肉重量に関する結果は当該家系ではマーカーアシスト選抜に応用できる。すでに種雄牛候補の生産などの場面で試行している地域もある。

現在これらの領域をさらに絞り込んでQTLに到達するための作業を行っており、一つの家系では脂肪交雑に関与するQTLが所在すると思われる領域を1.9cMにまで狭めている。さらに領域を絞り込むためには解析対象頭数を増加させなければならないが、これが困難なため、新たな解析手法として、ヒトの多因子疾患などの原因遺伝子の同定に用いられている相関解析の手法を用いた解析も試みている。

## 5) 牛肉の品種鑑別技術の確立

### 牛肉の品種鑑別

1. 目的：黒毛和種、ホルスタイン種、F1由来の牛肉のDNA情報による品種鑑別
2. これまでの成果
  - ・ミトコンドリアDNA、毛色関連遺伝子・・・品種鑑別には有効ではない
  - ・RAPD法およびAFLP法によるDNA断片には品種により偏りのあるものがある
  - ・これらの断片を組み合わせることでかなりの精度で品種鑑別は可能
  - ・より高い精度で品種鑑別を行うためのDNA断片の開発とそれらのSNP化が必要

黒毛和種、ホルスタイン種及びこれらとのF1由来の牛肉をDNA情報によって鑑別することを目的とし、これまでにミトコンドリアDNA（D-ループ）の多型、毛色関連遺伝子

(MC1R, Agouti, c-Kit, Steel) の多型について解析比較してきたが、品種鑑別には有効ではないことが明らかとなった。明治年間にヨーロッパから導入したいくつかの品種との交雑を経て成立した黒毛和種は、同じくヨーロッパ原産のホルスタイン種との間に遺伝的共通性が多いことを示している。

そこで、品種鑑別に有効なほどに品種による偏りがあるDNA断片をゲノムDNAからランダムに探索することを目的に、RAPD法（ランダム増幅DNA多型法）及びAFLP法（増幅断片長多型法）によって得たDNA断片に品種による偏りがあるか調べた。その結果、いずれの方法でも、品種によって偏りのある多型を示す断片はあるものの、ある品種で出現率100%、別の品種で出現率0%の多型を示すものは見つからなかった。次に、品種により偏りのある断片をいくつか組み合わせるとどうなるかを検討した結果、RAPD法の場合でも、AFLP法の場合でもかなりの精度で品種の分類が出来ることがわかった。AFLP法の場合、約900本の断片の中から選んだ21本を用いて、黒毛和種46頭、ホルスタイン種48頭、これらの間の交雑種50頭を対象にクラスター分析による系統樹を作成すると、F1の3頭がホルスタイン種に、黒毛和種の1頭がF1に分類されたことを除けば、3品種は正確に分類できた。なお、RAPD法による品種分類の方法については、(株)BMLと共同で平成13年11月特許出願した。

今後はさらに品種の分類に有効なDNA断片を探索すると共に、これら断片のSNP化が課題となる。

## 6) BSE感受性の遺伝的差異の診断技術の開発

ヒト、マウス、ヒツジではプリオンタンパク質のC末端側に、感染型プリオンタンパク質に抵抗性や耐性を示すアミノ酸変異が存在することが知られている。ウシでもそのようなアミノ酸変異が存在すれば、BSE抵抗性の遺伝子診断やBSE抵抗性のウシの育種が可能になる。そこでこの研究では、まずウシのプリオン遺伝子の配列を広くサーベイし、アミノ酸変異を起こす遺伝子配列の変化があるかどうかを検索する。次いでそのアミノ酸変異がBSE抵抗性に関わりを持つかどうかを調べることにしている。

これまでにプリオンタンパク質のC末端側に相当する領域に絞って、黒毛和種、ホルスタイン種各500頭余、褐毛和種、日本短角種各30頭余についてプリオン遺伝子のタンパク翻訳領域のDNA塩基配列を調査したが、アミノ酸置換を伴う変異は見いだされていない。一方、東南アジア在来のウシおよびウシ属家畜（バリ牛）の中にはアミノ酸置換を伴う変異を持つものがあった。BSE抵抗性との関係はまだ調査していない。

## 7) 委託研究

動物遺伝研究所のプロジェクトと深く関わりを持つテーマについて、平成6年度より研究を委託してきた。研究成果は、学会発表、論文発表されるとともに、動物遺伝研究所年報にも毎年次の成果が掲載されている。平成12年度までに終了したものについては畜産技術協会より平成13年3月委託研究報告書が刊行されている。平成14年度までの委託課題数は28課題にのぼる。委託課題名と委託研究者の一覧はV資料編に掲げてある。

## 2. 技術者の養成

平成6年度より「DNA育種手法実用化事業技術者養成研修」として、主として「肉用牛経済形質DNAマーカー育種手法の開発」にかかる共同研究機関の担当者に対して技術研修を行ってきた。この研修制度の発足当初はまさに研修で、システマティックな研修プログラムに従って技術の伝達を主眼として行われた。この制度の技術の伝達、普及に対する貢献は大きなものがある。

その後、共同研究機関の担当者の技術水準が向上するにつれて、この制度は単なる技術研修のみではなく、動物遺伝研究所担当者との情報交換のための来所の手段、あるいは実際の解析作業を当研究所で行うための手段としても活用され、研究の進展に大きく寄与した。

この制度によって、当研究所で研修、研究を行った人数は、平成6年28名、平成7年7名、平成8年14名、平成9年18名、平成10年31名、平成11年22名、平成12年17名、平成13年16名、平成14年31名であった。いずれも延べ人数であり、当研究所での研修期間（滞在期間）も同様ではない。

## 3. 特許取得及び出願

特許取得及び出願中のものは平成15年3月現在次の表の通りである。

### 特許取得及び出願

名 称	発明者	出願日	特許取得月日	備 考
ウシのChediak-Higashi症候群の遺伝子診断法	Agaba M. Kasigwa 杉本 喜憲	H. 10. 12. 15	H. 13. 8. 17 (3222850号) (3222967号)	鹿児島県と共同
ウシのClaudin-16欠損症の遺伝子診断法	平野 貴 杉本 喜憲	H. 11. 3. 26	H. 13. 5. 25 (3192128号)	岐阜県と共同
ウシのモリブデン補酵素欠損症の遺伝子診断法	井原 尚也 渡邊 敏夫 杉本 喜憲	H. 12. 1. 7	H. 13. 12. 21 (3263056号)	大分県と共同
牛の品種鑑別方法	高須賀晶子	H. 13. 1. 12	出願中 特願2001-5368	(株)BMLと共同
ウシのクローディン-16欠損症タイプ2変異の遺伝子診断法	平野 貴	H. 13. 2. 14	出願中 特願2001-37623	(社)家畜改良事業団及び農水省家畜改良センターと共同
ウシ軟骨異形成性矮小体躯症の遺伝子診断法	竹田 晴子 杉本 喜憲	H. 14. 3. 26	出願中 特願2002-86822	熊本県と共同
ウシのHsp70欠損症の遺伝子診断法	杉本 喜憲	H. 14. 12. 24	出願中 特願2002-327856	家畜改良センターと共同



## 4. 荣誉

(社)中央畜産会が主催する優秀畜産表彰等事業（J R A 畜産振興事業）の平成12年度の畜産大賞を東京大学等の研究グループと共同で受賞した（平成13年1月15日）。

畜産大賞（研究開発部門 最優秀賞）

「黒毛和種牛における遺伝性疾患の病態解析及び遺伝子診断法の確立による発病抑制技術の開発」

担当グループ

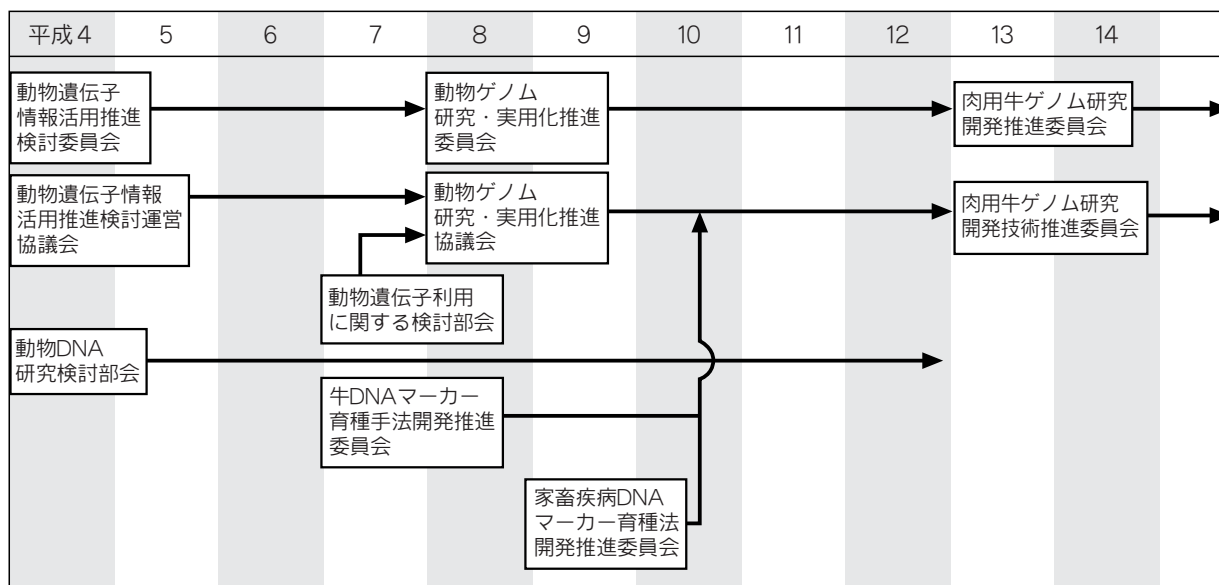
黒毛和種の抗病性育種研究チーム（動物遺伝研究所、岐阜県畜産研究所、鹿児島県肉用牛改良研究所、大分県畜産試験場）及び黒毛和種牛遺伝性疾患研究グループ（東京大学大学院農学生命科学研究科ほか）

## 5. 動物遺伝研究所の活動を支える諸種の委員会

平成4年に動物遺伝研究所が発足すると前後して、動物の遺伝子に関する研究の推進や研究成果の産業への迅速な活用をはかることを目的として、いくつかの委員会や協議会が設置された。その後、当初の機能を維持しつつ名称を変更したものもある。平成13年度から事業の枠組みが大きく変わったこともあり、委員会等の機能も大きく変更された。

その変遷は図に示すとおりである。委員をお願いした方々およびその任期はV資料編に掲載した。

動物遺伝研究所の活動を支援する種々の委員会等



## 1) 動物遺伝子情報活用推進検討委員会

本委員会は学会、大学、国立研究機関、民間の遺伝子関係研究機関の代表者等によって構成され、我が国における動物ゲノム研究の方向性、協力分担関係等について検討することを目的としていた。平成4年度および平成5年度の委員構成は、日本畜産学会会長、日本獣医学会会長、動物遺伝研究会会長、宇都宮大学教授（動物生産学）、農水省畜産試験場長、農水省家畜衛生試験場長、農水省家畜改良センター所長、JRA競走馬総合研究所長、家畜改良事業団専務理事、農林水産先端技術産業振興センター理事の10名であった。その後、平成6年度より次に述べる動物遺伝子情報活用推進検討運営協議会座長が本委員会構成員に加わった。本委員会は平成8年度から、動物ゲノム研究・実用化推進委員会に移行した。

## 2) 動物遺伝子情報活用推進検討運営協議会

この協議会は上述の委員会の下部機関として位置づけられると同時に、動物遺伝研究所の事業に対する評価・助言も重要な任務としていた。主要な論議は、①海外および我が国における動物遺伝子研究の動向についての情報交換、②各機関の連携協力のあり方、③動物遺伝研究所の事業に対する評価・助言であり、ここでの論議の結果は上述委員会に報告される。この協議会の委員は、研究の実務者によって構成されており、平成4年発足時の委員は、農水省家畜改良センター企画調整室長、農水省畜産試験場遺伝子機能研究室長、農水省家畜衛生試験場生物物理研究室長、宇都宮大学教授（動物生産学）、家畜改良事業団家畜改良技術研究所人工授精研究課技師、JRA競走馬総合研究所調査役、ワイエスニューテクノロジー研究所長の7名であった。平成7年度には、ワイエスニューテクノロジー研究所長が退任し、新たに農水省畜産試験場育種部長が委員として加わった。また、家畜改良技術研究所からの委員が血液型検査課長と交代した。

この協議会は平成8年度からは後述する「動物遺伝子に関する検討部会」と共に動物ゲノム研究・実用化推進協議会に移行した。

## 3) 動物遺伝子利用に関する検討部会

平成7年に設置され、わずか一回の開催の後、動物ゲノム研究・実用化推進協議会に移行した。この部会は動物DNA研究の成果を産業への活用に関して検討を行う部会として位置づけられたものであり、委員は上述の動物遺伝子情報活用推進検討運営協議会委員に新たに農林水産先端技術産業振興センターSTAFF研究所研究第2部長を加えたメンバーで、実質的には上記運営協議会と一体的に運営された。平成8年度からは動物ゲノム研究・実用化推進協議会に移行した。

## 4) 動物DNA研究検討部会

動物DNAに関する研究および技術開発の現状についての情報交換、実用化の近い技術につ

いての技術開発体制のあり方、技術開発に関わる規制や社会的批判の現状把握、それへの対応などについて検討する部会として平成4年に発足した。しかし、検討すべき内容が上述の動物遺伝子情報活用推進検討委員会や動物遺伝子情報活用推進検討運営協議会と重複することもあり、委員会開催は平成4年と5年のみで、以後本委員会は開催されていない。平成7年度以降は動物遺伝育種シンポジウム組織委員会による「動物ゲノム解析と新たな家畜育種戦略」を他の団体（日本中央競馬会および農林水産先端技術産業振興センター）と共に後援開催することを主任務としてきた。平成13年度以降はこの組織も廃止することとした。

## 5) 動物ゲノム研究・実用化推進委員会

平成8年にこれまでの動物遺伝子情報活用推進検討委員会を改称したもので、平成12年度まで継続された。委員会機能としては前の委員会とほとんど変わらなかった。また委員の構成も、日本畜産学会会長、日本獣医学会会長、動物遺伝研究会会長、農水省家畜改良センター所長、農水省畜産試験場長、農水省畜産試験場育種部長、農水省家畜衛生試験場長、農林水産先端技術産業振興センター理事、JRA競走馬総合研究所所長、家畜改良事業団専務理事、畜産技術協会附属動物遺伝研究所長の11名で大きな変化はなかった。なお、平成12年に動物遺伝研究会は日本動物遺伝育種学会に発展的に移行したが、平成12年度の本委員会には前動物遺伝研究会会長に出席いただいた。

## 6) 動物ゲノム研究・実用化推進協議会

平成8年に動物遺伝子情報活用推進協議会および動物遺伝子利用に関する検討部会を統合して新設されたもので、機能としてはこの二つの機関の機能を受け継いでおり、平成12年度まで毎年、おおよそ次の内容について協議・検討が行われた。①我が国のゲノム研究の現状と推進上の問題点、②世界のゲノム研究の現状、③今後のゲノム研究・実用化における各機関の連携協力、④動物遺伝研究所の事業の評価・助言。上記動物ゲノム研究・実用化推進委員会の下部機関でもあり、本協議会の議事概要はこの委員会に報告される。

発足時の本協議会の委員は、農水省家畜改良センター統括生産技術調整官、農水省畜産試験場育種部長、農水省畜産試験場動物DNA研究チーム長、農水省家畜衛生試験場生体防御研究部長、宇都宮大学教授（動物生産学）、農林水産先端技術産業振興センターSTAFF研究所研究第2部長、JRA競走馬総合研究所生命科学研究室長、家畜改良事業団家畜改良技術研究所血液型検査課長、畜産技術協会附属動物遺伝研究所動物遺伝研究部長の9名であった。その後、平成10年には家畜改良事業団家畜改良技術研究所の組織改編により、同研究所からの委員は遺伝検査部長と交代し、平成11年には、それぞれの人事異動により、JRA競走馬総合研究所からの委員は同研究所生命科学研究室調査役に、また、宇都宮大学教授は広島大学教授（家畜育種学）と交代した。

## 7) 牛DNAマーカー育種手法開発推進委員会

動物遺伝研究所の事業の一つである肉用牛経済形質のDNAマーカー育種手法の開発プロジェクトの推進のため、学識経験者および事業参画機関の管理者等が集まり、事業の進捗状況、今後の方策等について検討することを目的としている。平成7年度に発足し、平成10年度まで開催されたが、その後本事業が順調に進捗していることから、平成11年度以降は開催していない。

## 8) 家畜疾病DNAマーカー育種手法開発推進委員会

動物遺伝研究所の事業の一つであるウシ遺伝的疾患のDNAマーカー育種手法の開発プロジェクトの推進および関連問題等を検討するため、学識経験者、家畜の育種改良関係機関の管理者等により構成される本委員会は平成9年度に発足した。その後、このプロジェクトは順調に推移していることから平成11年度以降は開催していない。

## 9) 連絡調整会議

家畜DNAマーカー育種手法実用化事業参画機関（家畜改良事業団家畜改良技術研、北海道新得畜試、岩手県畜産研、宮城県畜試、秋田県畜試、山形県農業研究研修セ、福島県畜試、茨城県畜試、山梨県酪試、長野県畜試、岐阜県肉牛試、兵庫県畜試、鳥取県畜試、島根県畜試、岡山県総合畜産セ、広島県畜産技術セ、山口県畜試、長崎県肉用牛改良セ、熊本県畜産研、大分県畜試、宮崎県畜試、鹿児島県肉用牛改良研、動物遺伝研）の研究実務者が集まり、解析結果の検討、その後の解析方針の協議、情報交換、調整などを行う場として年に2～3回動物遺伝研究所で開催してきた。研究推進会議であり、議論は活発に行われてきた。予算の仕組みの変更に伴って、この会議の機能は平成13年度以降、後述する全国DNA育種推進会議に移行した。

## 10) 肉用牛ゲノム研究・開発推進委員会

この委員会は、動物遺伝研究所が行う肉用牛のゲノム研究、開発事業のあるべき方向並びに研究開発成果の応用方向などについて審議し、必要な助言をいただくものとして平成13年度より発足した。

## 11) 肉用牛ゲノム研究・開発技術推進委員会

この委員会は、動物遺伝研究所が行う研究開発について、研究手法など技術的側面から審議し、助言を頂くと共に、研究開発成果の学術的評価も頂くものとして平成13年度より設置され

た。実質的な研究評価委員会と位置づけている。この委員会の審議結果については上記肉用牛ゲノム研究・開発推進委員会に報告される。

## 12) 全国DNA育種推進会議

この会議は畜産新技術実用化対策事業の一環である「DNA育種基盤の確立」にかかる全国推進会議である。平成13年度からは動物遺伝研究所と道県の研究機関との共同研究はこの事業の枠組みの中で実施されることになったもので、前年度までの連絡調整会議に相当する。共同研究参画機関は18の道県（北海道、岩手、宮城、秋田、山形、福島、山梨、岐阜、兵庫、鳥取、島根、岡山、広島、長崎、熊本、大分、宮崎、鹿児島）であり、本事業の枠組み外で動物遺伝研究所と共同研究を行っている家畜改良センターも会議メンバーとして参加している。

### Ⅲ 動物遺伝研究所の10周年に寄せて

## 設立当時の思い出

---

鎌田 啓二

畜産技術協会を去ってからもう4年半が過ぎた。しかし、研究所については、今でも鮮やかに思い出されるものが、いくつもある。その主なものを挙げてみたい。

### その1 「研究所の体制づくりのこと」

そもそも動物遺伝研究所の設立は、平成3年度に、農林水産省畜産局、日本中央競馬会、全国競馬・畜産振興会等関係機関の皆さんのご努力によって認められた「家畜遺伝子情報活用体制整備特別対策事業」といういささか長い名前の事業を畜産技術協会が事業実施主体となって実施することになったことに端を発する。事業の実施に当たって直面した問題は、研究員の確保と研究施設の設置であった。家畜遺伝子に関する知識のほとんどない私どもにとっては、専門家の皆さんにご支援いただかなければどうにもならなかった。そこで、畜産局のご指導のもとに、畜産試験場の村松晋氏と安江博氏、家畜衛生試験場の関川賢二氏、東京大学の塩田邦郎氏、警察庁科学警察研究所の向山明孝氏（後に、日本中央競馬会総合研究所）、雪印乳業生物科学研究所の結城惇氏（後に、ワイ・エス・ニューテクノロジー研究所）の6氏による検討委員会を立ち上げ、この委員会で、研究体制や研究施設について種々ご検討いただくこととした。まず、研究施設の設置場所については、家畜改良センターの敷地内との案もあるなどいろいろな事情からすべて行政サイドにお任せすることとし、協会としては、研究体制、殊に研究責任者の人選と施設内容の検討を急ぐこととした。人選に当たっては、国内外から優秀な人材を求めることとし、まず、委員の村松、結城の両氏のほかに協会から担当部長の鳶野保氏を加えた3人に、アメリカ、スイス、ドイツに出張していただき、家畜遺伝子操作に関する研究組織の実態と成果などの実態調査とともに候補者の面接に当たってもらった。結果としては、はかばかしくなかった。また、施設については、設置場所の最終決定が遅れていることなどもあり検討も遅れ勝ちであった。こうした中で、3年度事業は全体として進捗せず、結局、日本中央競馬会や全国競馬・畜産振興会からのお叱りを受けながらも、予算額のほとんどを翌4年度に繰り越さざるを得なかった。こうして4年度に入ったので、いよいよ研究責任者の件に加え施設内容の検討も急ぐ必要に迫られた。家畜生産課の皆さん（横山政廣氏、広川治氏、頼田勝見氏等）による施設内容の原案をもとに、委員の皆さんから研究者の立場でご検討いただいた。こうして徐々に施設の原型が出来上がっていったが、その過程で、施設内容の最終決定は、研究責任者に委ねるべきだとの意見が大勢を占めた。そこで、それまでに委員の皆さんから推薦いただいていた理化学研究所の杉本喜憲氏を候補とした。関係者の皆さんと協議した結果、7月に杉本氏を研究責任者とするのを内定し、9月に正式に迎えた。杉本氏には、早速内定の段階ではあったが、施設内容の細部について検討をお願いした。そうしないと9月着工に向けた施設設計が間に合わなかったからである。その後、5年2月には、京都大学霊長類研究所から井上美穂氏（後に、村山氏に改姓、岐阜大学に転出）、4月にはつくば大学大学院から渡邊敏夫氏、更

に、7月には京都大学大学院から竹田晴子氏を迎えて、当初の研究布陣が整った。また、事務部門には、既に筒井國安氏のほかパート職員として糸井キヌ子氏が勤務しており、5年の夏頃には何とか研究所としての体裁を整えることができた。こうした状況であったので、研究所の立ち上げ当初の皆さんには、研究課題の設定から機器・器材の調達など、0からの出発で大変なご苦勞をおかけしたと思っている。

### その2 「開所式・竣工式・祝賀会についてのこと」

研究所の建物は、5年1月に竣工した。早速、開所式なり竣工式そしてパーティをと考えたが、関係の方々から桜の花の咲く頃にしたらどうかとのご意見をいただいたので、その日を4月20日と決めた。時節柄、出席案内を極力絞って出すこととしたが、それにしても研究所内に式典等を行なう場所があるはずもない。そこで、早速、家畜改良センターの皆さん(所長石井達郎氏、技術部長青沼明德氏、総務部長高田耕節氏、等)に場所と当日の対応について応援していただくようお願いしたところ、快くお引き受けいただいた。そして、準備を整えている間に、桜の時期を迎えた。式に参加いただく方の中には、前日に白河市内にお泊まりになる方もおられ、また、当日は、会場と新白河駅との間の送迎、パーティ、その後の2次会等のお手伝いなど、センターの皆さんには、役割分担を超えて前日当日ともにいろいろな面でお世話になった。特に、総務部長の高田氏には、非常に細かいところまで気を配っていただき、頭の下がる思いであった。センターの皆さんのおかげで何とか式典等の行事を終えることができた。

### その3 「研究員の奨学資金返済免除の機関として文部省の指定を受けたこと」

研究員として井上氏を迎えて間もなくのことである。井上氏の奨学資金の返済に関連して、当研究所が文部省の指定を受けないと、返済免除が認められないということがわかった。この問題は、今後研究体制を整備していく中で、該当する研究員にとっては大変大きな問題となる。早速、日本育英会や文部省に問い合わせるなど検討を始めた。その過程で、文部省から、「時節柄、育英資金の扱いも見直しを求められており、審議会の審査も極めて厳しい」とのご意見いただいた。設立後間もない数人の研究所であり、また、研究実績の面からも指定されるかどうか極めて不安であった。研究所の杉本氏に研究実績をまとめてもらうなどして、何とか手続き上必要な書類を整え、7年1月文部省に申請した。そして、何度か文部省に通った後、4月文部省から審査にパスしたとの連絡を受けるとともに指定する旨の文書が届いた。その際、担当官から研究所の設立目的、研究実績、将来性等評価すべきものであると判断された、ということを知った。大喜びしたものである。この間、家畜生産課の皆さん、特に、向井清孝氏には大変お世話になったことを特記しておきたい。

まだまだ思い出は尽きないが、とにかく、研究所開設当初の頃には、いろんな皆さんに大変お世話になったものである。研究所の今の隆盛は、こうした皆さんの支えの上に成り立っている。お世話になった多くの皆さんに改めて感謝申し上げるとともに動物遺伝研究所の益々のご発展を祈念してやまない。

(社)中央畜産会常務理事)



## 動物ゲノム研究に思うこと

---

小宮山 鐵 朗

動物遺伝研究所が、社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所として、平成4年に設立されてから早いもので10年を経過し、今回「遺伝研10年史」を刊行することに心からお祝いを申し上げます。

動物遺伝研には、初代所長鎌田啓二専務理事の後に、平成6年から約3年間所長として勤務させていただいた。

しかし、家畜DNA研究との関わりは、農林水産省畜産試験場の企画連絡室長、場長として勤務していた平成2年頃から始まっている。その当時には、ゲノム解析が生物学研究の中で重要となってきたが、この分野の研究には多くの要員及び予算を必要とすることから、これらの確保が問題となっていた。そこで農業研究の中のゲノム解析に、日本中央競馬会からの資金をもらい、イネゲノム研究を開始させる計画となり、同時に家畜ゲノム研究も組み込まれることとなった。その結果、平成3年に社団法人農林水産先端技術研究所（STAFF研究所）を発足させ、イネゲノム研究を農林水産省の農業生物資源研究所と、また家畜ゲノム研究は畜産試験場と共同で研究することとなった。STAFF研究所の立ち上げに当たって、要員採用のための面接、研究分担の検討などに関与した。

一方、STAFF研と畜産試験場との共同研究のみでなく、家畜ゲノム研究を独立して行う研究所が必要とされ、家畜改良センター構内に動物遺伝研究所が設立された。上記の研究グループとの所掌・分担など、いろいろと複雑なことの検討が行われた。

結果として、国研・STAFF研は先端的研究、動物遺伝研は応用的研究、また主対象家畜は前者はブタ、後者はウシという整理となった。

実際の研究に先端的とか応用的とかの線引きも難しいことから、動物ゲノム研究は大学、STAFF研、国研、動物遺伝研、JRA競走馬総研、家畜改良センター、公立試験研究機関が力を合わせ、同時に競争することで最大の研究成果を上げていくことが必要であろう。ことに国研、家畜改良センターは独立行政法人になったことで、縛りがゆるくなり、協力がより効果的になることが期待される。

いろいろの経過をへ、また、多くの人に支えられて設立され、活動してきた動物遺伝研の10年間の成果は、高い評価を受けていることから、今後もさらに一層動物ゲノム研究の推進役を務めていただきたいものである。

ただ、動物ゲノム研究は、研究上の倫理を問われることが多い分野である。研究に当たっては、独善、思い上がり避け、謙虚な心で持ってほしいものである。

多くの方々の支持と期待のもとで設立された動物遺伝研が、多くの人たちと共に推進していく動物ゲノム研究の中心となるためには、今後も大変なことも多いであろう。

「天が下のすべての事には季節があり、すべてのわざには時がある。」

(財)日本農業研究所参与)

## 動物遺伝研究所への期待

---

関川 賢二

動物遺伝研究所が設立10周年を迎えられたことお祝い申し上げます。短期間で質の高い研究成果をあげられるようになったことまた我が国のウシゲノム研究の中心的役割を果たされていることに敬意を表したいと思います。

この10年間の世界のゲノム研究の進展は過去の生命科学の革命的進歩以上に社会に対して大きなインパクトを与えたと考えられます。その一つはゲノム解析によって生物学と情報科学が結合しバイオインフォマティクス（生命情報科学）と言う領域が新たに出来あがって来たことです。従来情報科学は主として工学部で教育されており、情報と工学は不可分の関係にあります。システム工学では情報（狭義にはコンピューターによる大規模計算）は必要不可欠となっています。

生物学もゲノム情報を統合し、生物をシステムとしてとらえるシステム生物学が重要となってきました。我が国ではバイオインフォマテックスが分かりまた出来る人材が少ないと言われています。ヒトゲノム研究の目的の一つは医薬品開発にあり、個人のゲノム情報に基づくオーダーメイド医療が宣伝されています。我が国ではヒトの集団遺伝学や統計遺伝学が手薄なためゲノムや遺伝子多型あるいは連鎖不平衡によるハプロタイプを用いた疾患の感受性・抵抗性の統計遺伝学的アソシエーション解析が進まないことが弱点となっています。オーダーメイド医療もかけ声倒れになるかも知れません。

我が国の家畜の遺伝学は統計遺伝学が主であったことまた家畜の経済形質がポリジェニックな量的形質遺伝であることから、家畜ゲノム、ゲノムインフォマティクス、統計遺伝学、集団遺伝学および分子生物学のキャリアを積んだ人材がポストゲノムの研究では大変重要となってきます。ヒトゲノム、マウスゲノムあるいはイネゲノムの塩基配列解読宣言を聞いていますと事業が終わったとの印象を強く受けます。動物遺伝研究所にはポストゲノムの遺伝学およびアニマルサイエンスの推進を強く期待したいと思います。

((独)農業生物資源研究所生体防御研究グループ長)

## 遺伝研の一層の発展を期待して

野田 富雄

遺伝研が10歳になったという。振り返れば遺伝研と私とのつきあいは、家畜改良センターの企画調整課長で赴任したのが始まりだ。当時改良センターの新しい技術開発部署として技術部に遺伝子解析による改良業務を行う技術第3課ができ、実質的に遺伝研の指導を受けていたことによる。その後畜産局の家畜生産課（当時）に異動し直接遺伝研の業務とつきあうことになった。この2年強の間に、遺伝性疾患の新規プロジェクトを立ち上げ、①マイクロサテライトマーカーによる個体識別技術②肉質遺伝子解析と3本の大きな柱が同時並行で走り、研究棟も倍増、モノ、カネは潤沢そのもの、ヒトもどんどん優秀な人材が集まりまさにゆけゆけどんどの最も良き時代であった。さらに畜産技術課に在籍した13年4月から14年10月まで、再びBSE耐性育種の事業をお願いすることとなり、都合5年強にわたるつきあいをさせていただいた。

一般に補助事業による技術開発というものは得てして失敗に終わる例がほとんどで、私も数多くの補助事業とか、融資とかの支援事業を担当してきたがそのほとんどはどぶにカネを捨てるがごとくの結果となるのが関の山であった。その中で唯一の例外と言っていいのが遺伝研で、我が国の畜産研究に遺伝子解析を導入し、自らがフロントランナーとなり世界に伍して最先端の技術開発競争すると同時に、家畜改良センターや、都道府県の試験場等国内畜産研究機関に当該技術を幅広く普及、指導した功績は目を見張るものがある。

こうした顕著な業績をあげた理由はなんと言っても人材を得たことだ。まず研究リーダーの人選が的確であった。役人の通例であれば無難な畜産分野の研究者を選定することを考えるところだが、異分野ではあっても基礎技術のしっかりした者を選んだ。この慧眼に心から敬意を表したい。次に、このリーダーが様々の分野の第一線の若手研究者を集めてきた。畜産出身の他に霊長類学、生物学、統計学、医学等の専門家が寄り集まって知的集団を形成しウシの研究を始めた。こうした様々な分野の専門家がゲノム解析というレンズを通して、新しい光をウシの研究に照射したのである。業績があがらないはずがなかった。ゲノム解析という異分野の最先端技術が畜産という野暮ったい分野にも応用可能な画期的技術だということを立証し、さらに関係機関におけるブタ、ニワトリの類似研究の支援まで行うまでになっている。

さて、この遺伝研も10年の節目を迎えたという。ヒトも組織もどうしてもこれくらいから徐々に疲弊してくる。研究者は慢性化し、組織は硬直化・官僚化し始める。これをどうくい止め、活性化し、なお一層の発展を期するか、一方で研究資金もかつてのように潤沢とはいかなくなっている。まさに関係者の踏ん張りどころである。そう言う意味で、安易に浮かれてばかりいてはならない。遺伝研にだけはありきたりの研究機関になりさがって欲しくない。創業時の精神に立ち戻って新たなスタートを開始すべき時であろう。

((独)肥飼料検査所 仙台事務所長)

## ますますのご発展を期待しております——勝負はこれからだ——

廣 川 治

動物遺伝研究所設立10周年おめでとうございます。

この10年間は、我が国にとっては厳しいものでしたが、動物遺伝研にとっては前進に前進を重ねた期間であったと思います。

DNA解析技術を使った個体識別法の開発、各種遺伝疾患の診断法の開発、そして脂肪交雑等量的形質のDNAレベルでの解明と確実に階段を上ってきたと思います。実用技術を開発する傍ら、黒毛和種のDNA解析の基盤整備とも言うべき仕事も行われましたし、学位取得者の輩出もありました。文部省等を背景に持たない新設の研究所としては異例の活躍ぶりといえます。

創設関係者の一人として、創設当時について思い出しますと、この分野での研究開発要請の高まりに反して研究陣・技術陣の不整備が課題だとの認識がありました。

畜産系の大学は、DNAシーケンサーの確保に四苦八苦していましたし、農水省の研究所も、やっと研究者確保に乗り出したところでした。また、解析機器、研究者の不足のほか、解析対象の家畜群も確保されていませんでした。

動物遺伝研は、そんな中から出発したわけですから、これ以上ない順調な発展をしたと思います。

この中で、私が最も評価したいのは、研究マインドを持った研究者集団を作り上げたことです。また、統計学的処理に偏重していた我が国の家畜育種学に、個体の特性に着目する研究の重要性を認識させたということでも大きな貢献をしたと思います。

大活躍だと私は思うのですが、その活躍が世の中には知られていないように思います。

研究所の広報的な努力も必要だと思いますが、周辺にいる私たちの努力の必要性にも、この原稿を書きながら、思い至りました。微力ながら応援したいと思います。

(農畜産業振興事業団企画情報部長)

## 動物遺伝研究所創設時の思い出

---

向山明孝

畜産技術協会附属動物遺伝研究所の創立10周年、まことにおめでとうございます。この10年間における動物遺伝研究所の組織・施設の拡大ならびに多くの研究業績をあげられていることに対して大変うれしく、また敬服しております。

畜産技術協会および動物遺伝研究所と私との係わりは、平成3年私が未だ科学警察研究所に在籍していたとき、畜産技術協会から連絡が入り、我国においてウシのゲノム研究を中心とした新しい研究所を畜産技術協会の附属施設として創設したいので、先行研究しているヒトゲノム研究者としてウシゲノム研究についての助言をお願いしたいとの依頼があったことが始まりでした。

このため、当時畜産技術協会菊地 宏会長および鎌田啓二専務理事、ならびに当時の農林省畜産試験場育種部長の村松 晋先生が中心となり、動物遺伝子情報活用推進検討委員会、動物DNA研究検討部会、ならびに動物遺伝子情報活用推進運営委員会が創設され、私は後者の2つの委員会に所属することになりました。そして、特に動物DNA研究検討部会での最初の仕事は新しい研究所における研究内容とそれに必要な施設の概要をまとめることでした。建設場所は、元農林省白河種畜牧場の敷地の中を予定しているとのことで、その場所の見学にも行きました。

翌年の平成4年4月に、私は日本中央競馬会競走馬総合研究所に移り、ウマのゲノム研究体制の構築とウシ、ブタなどを含む家畜ゲノム研究のための研究会を動物遺伝子情報活用推進検討委員会の委員であった上田八尋所長の支援のもとに創設しました。それらの経験も生かしながら、動物DNA研究検討部会および動物遺伝子情報活用推進運営委員会のメンバーであった村松、館、小松、櫻井、結城、安江、関川の各先生方と共に、動物遺伝研究所の建設プランの協議を続けました。そして、この年に杉本喜現部長が新研究所におけるウシゲノム研究のリーダーとして決まり、私達が検討してまとめたプランの引継ぎを行いました。その後は鎌田研究所長および杉本部長の指揮のもとに、わずか5ヶ月間で動物遺伝研究所の研究施設が完成し、また研究員の募集が行われ、実験研究が開始されました。この際、私の研究室に卒業論文研修に来ていた平野 貴氏を動物遺伝研究所の第1期の研究員として採用していただき、その後杉本研究部長の指導のもとで、研究所の中心的な研究員の一人として活躍してくれていることを大変頼もしく思っております。

また、年1回動物遺伝研究所において開催される動物遺伝子情報活用推進委員会では、各委員からの家畜毎のゲノム解析に関する国内・国外の最新の研究状況報告があり、また意見交換を行うことができました。これによって、共通の研究領域で仕事をしている我々にとっては、ウマ以外の研究情報を直接聞くことができ、大いに役立ちました。

今日、動物遺伝研究所は国際的に「Shirakawa Institute」として名声が高まり、特に和牛の経済形質遺伝子分析のための連鎖解析、またウシ遺伝病の原因遺伝子研究を推進している研究機関として注目されておりますことは、創設期にお手伝いさせていただいた一人として大変うれしく思っております。

どうか、今後も研究員一同が協力して研究を重ね、世界に先駆けた研究業績をあげられることを期待しております。  
(東京農業大学非常勤講師)

## 創立10周年にあたって

---

村 松 晋

(社)畜産技術協会附属動物遺伝研究所（動物遺伝研）の創立10周年にあたり、心よりお祝いの言葉を送る。その設立にかかわった一人としては、まさに「光陰矢の如し」の感ひとしおである。そこで、当時の経緯を少し振り返ってみることにしよう。

家畜ゲノムの研究は、1970年代に確立して普及した組換えDNA技術とそれを利用したヒトゲノム研究の成果を基にして1980年代に欧米各国で始まり、それが国際的な共同研究に発展し、その成果はPigMap、BovMapなどにまとめられてきた。

家畜の遺伝子情報は、その知的所有権、畜産現場への情報の活用をめぐる1987年に提起された競走馬の国際血統登録にみられたように、当初から国益問題への展開が懸念されていた。わが国は、1986年に農林水産省研究機関の研究体制を整備し、バイオテク研究の一環として家畜の遺伝子研究を開始した。これを契機として農林水産省、関連学会、(社)畜産技術協会、農林水産先端技術産業振興センター（STAFF）、日本中央競馬会（JRA）、家畜改良事業団等の関係者による委員会が設置され、わが国の家畜ゲノム研究推進計画が討議された。その結果をふまえて、家畜遺伝子情報の活用体制整備に関する事業が開始され、1991～1992年にかけてSTAFF、JRA、(社)畜産技術協会、家畜改良事業団等に大型の研究施設が設置されることになった。この時(社)畜産技術協会は、わが国の家畜の育種改良事業の中心である農林水産省家畜改良センター構内に附属動物遺伝研究所を設置し、家畜ゲノムの研究を開始したのである。当初を振り返ってみると、研究者の募集、施設や研究計画等すべての点について他の委員の方々と心配したものであった。以来10年、杉本部長を中心に強力な研究チームが結成され、和牛を中心とした遺伝子情報の解析が進められた。その結果、ウシのDNAマーカーの開発、経済形質の連鎖地図作成、遺伝性疾患遺伝子の解析と疾患診断法、BACライブラリーやRHパネルの作成等にわたって次々に膨大な研究成果がもたらされたのである。しかも、それらは個体識別、DNA育種技術に取り入れられ、わが国の肉用牛、そして乳用牛の育種事業が展開しているのは衆知の事実である。動物遺伝研は、この10年間でわが国の家畜牛を中心としたゲノム研究の中心に成長したのである。

一方、これらの研究成果は、世界的にも高く評価されており、欧米各国との共同研究においても重要な位置にあることは注目すべきことである。2年おきに開かれるヨーロッパの家畜細胞遺伝学会に出席するたびに杉本グループの研究への賛辞を聞くが、いつも誇らしく思っている。動物遺伝研が10年間でここまで成長したことを各位と共に喜びたい。しかし、家畜の遺伝子情報の解析はようやく緒についたところであり、動物遺伝研は今後の展開にも中心となって活躍することを期待している。

(社)畜産技術協会技術参与)

私が研究所を初めて訪れたのは、今から丁度10年前の1993年1月だった。駅の階段を下りると、小春日和の東京で東北新幹線に乗ったときには想像もつかない景色が広がっていた。歩道に深く積もった雪は、足跡や自転車の轍のかたちをとどめたままに凍りついており、でこぼこして歩くのも容易でない。その上にさらに降り積もった雪が、身を切るような風にあおられて舞っていた。アパートの窓からは、雄大に広がる真っ白な那須連峰が見えた。研究所の建物は、仕上げ工事の最中だった。向こう端がかすんで見えそうに広い実験室。いくつもの空の冷凍庫や試薬棚。冷たく澄んだ空気の中で、それらは多くの可能性を秘めて、私たちを迎えているように思われた。

仕事は試薬や器具で棚を埋めていくことから始まった。杉本部長が荷を解いてまずしたのは、Natureを書棚に並べることだった。文献のゼミを始めたが、はじめは2人しかいないので、常に準備に追われることになった。実験では遺伝子クローニング、細胞培養と、新たな分野に挑戦し、技術を身につけることができた。春は白河の関を埋めて咲くカタクリ、夏は天の川、雪割橋の紅葉、南湖に飛来する白鳥。季節が移るにつれ、研究も軌道に乗り進展した。理学部出身の私は、向かいの家畜改良センターで飼われている牛や馬や羊を、間近に見られるのが楽しかった。各県の研究機関との共同研究が始まると、訪れる県の研究者から、牛の話や農業の話聞くことができた。黒毛和種の飼い方、肉質の等級など、産業と直結した研究の世界は、新鮮な驚きに満ちていた。

こうして私は、新しい研究所が始動し、順調に育ちゆく場面に立ち会うという、滅多にない機会を得た。そして4年あまり後の1997年4月、私は岐阜大学で、再び空の冷凍庫と試薬棚の前にいた。最初から研究環境を整える際に、動物遺伝研究所での経験は大層役立った。新しい場所では、知識や技術に加えて、「このレベルまでやる」という、「こころざし」あるいは信念のようなものが必要かもしれない。それに、自分はひとりではない、多くの友人や共同研究者がいる、と思えることも重要だ。今もなお、研究所員の方々、県の研究機関の方々、当時の試薬や機器の業者の方々とのつながりに支えられている。

学生のころ、山中でサルの群を追ったことがある。群はいつも決まったルートを通るわけではないが、先輩の研究者と歩くと、必ず群に会える。私には聞こえない距離から、サルの声が聞こえ、見えない姿が見えるのだ。遠くから後ろ姿をちらりと見ただけで、どの個体かもわかる。「10年」だとその先輩は言うのである。10年間続ければ、余人の容易に及ばぬ領域に到達できる。超感覚が身に付くというより、様々な情報から得たヒントを統合して、確度の高い予測ができるようになる、つまり経験のなせるわざであろう。もちろん漠然と続けていては、できるはずもない。動物遺伝研究所の10年目は、私が「研究を生業とするようになって10年」の節目でもある。研究所は10年前と比べ劇的に進化し、成果を発信し続けている。次の10年にはどのような姿が見られるか、ますますの発展を楽しみにしている。私はどう変わったか。遺伝子のハンターとして、聞こえない声が聞こえ、見えない姿が見えているのか、気になるところだ。

(岐阜大学農学部助手)

創立10周年おめでとうございます。

私は、平成2年10月からの3年半、畜産局家畜生産課の生産技術班及びその後の生産技術室の課長補佐として遺伝研の創立のところまで関わりました。そこで、本稿での私の役目は、遺伝研が現在のような立派な活動を始める前のことを書くことだろうと受け止めております。年譜や他の方々の記憶と異なる部分があるかもしれませんがご容赦下さい。

家畜DNA関連技術の実用化を目指して芽出しの予算案を考え始めたのは、平成2年の秋のことだったと思います。受精卵移植に匹敵する価値ある新技術（ポストET）と新生「畜産技術協会」が実施する事業を求めてのことでした。

振り返れば、この前後にDNA研究手法や機材等の急速な発展、軽種馬の国際血統書委員会での取り組み等があり、家畜の分野でも応用技術開発が始まるのは必然の流れだったと感じます。しかし当時は、大学や試験場等での基礎的研究も緒についた段階で、応用技術開発は全くの時期尚早、材料は何もありませんでした。高橋博人係長と予算案を板井家畜生産課長に説明。RFLPのフィンガープリントが入り口、PCRを知らず、DNAシークエンサーもなく、誰に相談すべきかさえ解らず、あえなく敗退しました。あの頃の板井課長の言葉で懐かしいのは、「多々益々弁ず（有ってもいいけれど優先度低い）」、「あんたがたの信じ込み方が足りない（説得力がない）」です。これで奮起していました。

風向きが変わったのは、競馬法の改正が検討され、中央競馬の収入の一部を畜産振興に使える可能性が出てきてからです。堤畜政課長のところまで持ち上げてもらいました。

途中で高橋係長が頼田係長に代わり、板井課長が栄転されて菱沼課長に代わりました。内容が貧弱な予算案なので、西尾主席の課内検討の厳しさは相変わらずでしたが、何度も練り直し、外ではそれ以上に厳しい指摘を受けることはありませんでした。上司の指摘の的確さ・根回しの威力を感じました。平成3年11月に予算案が認められました。

頼田係長は、図書館や書店で科学関係の本の立ち読みを始めたなら時間を忘れるという人で、また、ゲノム研究を始めるSTAFF研究所の設立準備を技術会議で担当していた鋤柄係長と同期でしたから、よく情報を仕入れてきました。また、この時期、家畜体外受精技術に関して家畜改良増殖法の一部改正の作業を行っており、富田育稔総括係長を中心に我々もその一翼を担っていました。毎日なかなか帰れず、帰れそうな時も頼田係長は「富田さんに断ってきます。」と言いに行っては一人で捕まっているような実にいい奴でした。

予算がついても難問は山積でした。本当に施設を作るのか。研究者はどうするのか。いつの間にか雲散霧消してしまうような予算執行をしたくありませんでした。ポストETとなるべき技術でしたから、ET技術の進歩等に貢献してきたのに組織再編で岐路に立っている家畜改良センターの発展にも役立てたいと考え、家畜改良センターの近所に施設用地を確保する案にしていました。「施設を作っても蜘蛛の巣が張るのじゃないか。白河へ来てくれる研究者が



いるのか。技術協会にはDNA関係の実力が無いのだから大学等へ委託してはどうか。」という強い声がありました。ところが大蔵省等への説明・手続きの大変な国有地（家畜改良センター用地）の借用が、家畜改良センター山下所長、高田部長等のご尽力で、わずか数ヶ月のうちに見通しが立ち、施設の建設が決定しました。

研究責任者探しも難儀しました。取組むテーマを決めたし、施設設計は進んで行くし、適任者は見つからないし、ネズミの嫁入りのようにあちこちお尋ねしました。安江氏（畜試）、関川氏（家衛試）、向山氏（警察庁科警研）、結城氏（YS研）等が海外を含め親身になって探してくださいました。安江氏が杉本氏を推薦してくださいました。確か理化学研究所での研究テーマが終了したところということで、実にラッキーでした。

研究責任者を探すにあたっては、「この計画は失敗できないから研究責任者には達成すべき結果と期限を定めねばならない。研究責任者にはその責任に見合う権限と予算が必要だ。予算の使い方、スタッフの選定は研究責任者に任すべき。研究者を雑務に引き込まない。」と考え、技術協会中西副会長にお願いしました。杉本氏にすれば不自由を感じたことが多々あったと思いますが、中西副会長からのご指導（介入？）としては「外部の方に説明するときには、ネクタイを締めてこい。」と言われたようなことしか思い出しません。

今は変わりましたが、研究所の部屋の配置で2階に所長室・庶務を置き、1階に研究室を置いたのは、研究者を外部の雑務から切り離すためです。原案は正面玄関を2階に置き、客は2階から入り庶務担当者が対応する。必要がなければ研究室には入れないで済ますというものでした。実際には玄関は1階に変更される一方、庶務関係の部屋は2階に取り残され、庶務関係が1階に異動できるまでご不便をおかけすることになったと思います。

もう一つご不便をおかけしているのが名称。「動物遺伝研究所」は、家畜のみならず広く動物の分野で有数の研究所になることを願ったことであり、今も違和感を感じません。しかし「附属」は、動物遺伝研究所の上部組織として当時駆け出しだった「畜産技術協会」を目立たせたいという多少品のない発想で上司や協会幹部に相談したもので、「湯島（協会のある緬羊会館）とは離れているし、業務も違うし、附属していないんじゃないか。」とか言われましたが、そのまま決まってしまいました。現在の畜産技術協会本体の活発な活動を見れば、これが大きなお世話だったことは明らかで、反省しています。

畜産局の生産技術班は、遺伝研創立の間に生産技術室となり、2班体制に拡充、初代室長に細見氏が就任されました。室長は酒は得意でなかったようですが、大部分の者はよく飲みました。廣川氏、藤田氏、川島氏、頼田氏、椋田氏、能登氏等といった頃には「知恵出し」とか称して、飲みながらブレインストーミングのまねごとをしました。話題の中心は廣川氏。止めどなく発展するアイデア（ほら話）が楽しかった。菱沼課長は、我々を「僕は君たちを放し飼いにしている。でも、フランスあたりじゃ豚でも山の中でトリュフを見つけたりするんだから、君たちは何か見つけて来なけりゃ豚以下だ。」と激励されました。

この原稿依頼のお陰で、昔の楽しかったことを沢山思い出しました。感謝します。しばらくは後ろを振り返らず、また「現在」と「未来」に取り組むことにしたいと思います。

((独)家畜改良センター 鳥取牧場長)

IV 家畜ゲノム研究のこれまでとこれから  
—動物遺伝研究所10周年記念座談会—

## 家畜ゲノム研究のこれまでとこれから (動物遺伝研究所10周年記念座談会)

日時：平成15年1月21日(火)

場所：東京ガーデンパレス

出席者

国枝 哲夫 (岡山大学農学部教授)  
佐々木義之 (京都大学大学院農学研究科・農学部教授)  
菅野 純夫 (東京大学医科学研究所助教授)  
杉本 喜憲 (動物遺伝研究所動物遺伝研究部長)  
辻 莊一 (神戸大学農学部教授)  
菱沼 毅 (農畜産振興事業団副理事長)  
藤山秋佐夫 (国立情報学研究所教授)  
三上 仁志 (農林漁業金融公庫技術参与、司会)  
安江 博 (農業生物資源研究所上席研究官)

**三上 (司会)** ご指名ですので、本日の座談会の司会役を務めさせていただきます。この座談会は動物遺伝研究所の10周年記念誌に掲載するための座談会ですが、過去を振り返ってと言う話はなるべく軽く流して、家畜ゲノム研究が現在抱えている問題点なり、そういうものを基にして、今後の家畜ゲノム研究がどうあるべきか、どういうことが期待できるのかということを中心に話してお話いただければと思います。

### <動物遺伝研究所発足の頃のゲノム研究の状況>

**司会** 動物遺伝研究所ができた当時、すなわち我が国の家畜ゲノム研究が組織的にスタートした10年前、平成4、5年頃(92年、93年頃)を振り返ってみて、世界あるいは日本の家畜ゲノム研究、あるいは、ヒト、マウスなどのゲノム解析研究がどういうものであったかということから、話を始めたいと思います。

そういう観点から、まず杉本さんにお話ししていただければと思います。

**杉本** ウシゲノムの状況がどうであるかを気にしたのは、動物遺伝研に入ってからで、それまでは縁がありませんでした。10年前はちょうど、ヒトゲノムでもそうだと思いますが、DNAマーカーがミニサテライトやRFLPからマイクロサテライトへ移り変わった時期ではないかと思っています。



ウシの場合、200個以上のマイクロサテライトが特許化されたのが92年です。93年には角の形成にかかわる遺伝子や、ウイバー病という変性脳疾患原因遺伝子のマッピングが報告されています。遺伝研がスタートした2年後、94年にはもう第一世代の連鎖地図が出ました。しかし、マーカー数は200とか300ぐらいのレベルで

す。ちょうど世界的にもウシゲノムの研究が始まった頃で、タイミングが良かったのではないかと思います。

**司会** その頃の研究グループとしてはどういうところがあったのでしょうか。

**杉本** 私は、このフィールドへは新入りだったので、ヨーロッパやアメリカ、特にヨーロッパに目を向けました。マイクロサテライトの特許を取ったミッシェル・ジョージスが、アメリカ・ユタにある会社からベルギーのリエージュ大学に戻ったというので、そこへ会いに行きました。このグループからはその後重要な成果が出ています。また、難しいとされていたウシのFISHを的確に、簡単にやったスイスのルーディ・フリースや、テキサスのジム・ウォーマックのグループがありました。あとは、オーストラリアのCSIROのジェイ・ヘッチェルのグループがゲノム研究の中心になりつつありました。

**司会** いまウシの話がありました。ほかの家畜についてはいかがでしょうか。

**安江** ほぼ同じ頃、1989年から90年代に入って、ブタのゲノムプロジェクト「ピッグマップ」がEUでスタートしました。EU統合という狙いもあって、イタリアから北のスウェーデンに至るEUのブリッジ・プロジェクトとしてスタートしました。



ウシのボブマップとの違いは、ボブマップはオーストラリアが中心になっていたのですが、ピッグマップはEUが中心で、アメリカはinvitedという形で参加していました。

その中でわかったことは、たぶんボブマップも同じことなのですが、マイクロサテライトの開発あるいはマイクロサテライトのマッピングのデータが、各国によって解析精度が異なっていたので、結局、マップをしてみると、すごく長いマップができてしまった。

そのときに、アメリカのUSDAはひそかに、1カ所で全部やろうという計画でマップを進めていました。それが、現在あるUSDAのマップで、ウシでもブタでもスタンダードになっています。

**司会** その頃、日本の大学での家畜の状況はどうだったのでしょうか。

**辻** 先ほどはウシとブタの話で、ニワトリには触れられていなかったのですが、結局、国家のプロジェクトとしてはウシとブタで終わって、ニワトリまでは手をつけられないという状況にありました。大学は、ウシ、ブタはちょっと手が出ないというので、細々とニワトリでやったのがスタートではなかったかと思えます。私のところや広島大学が、ニワトリの研究を若干やり始めました。



そのときは、マップを作るような話ではなくて、一時流行になりましたDNAフィンガープリントでニワトリの系統を分けるなどのことをやって、そのうちにだんだんマイクロサテライトに移行してきたわけです。けれども、日本はそのマップ作りには参加できずに、USDA、オランダのワーゲニンゲン、イギリスのロスリンが中心になってニワトリのマップを作ったという経緯があり、いまだに日本はそれには参加できていないという状況です。ニワトリは、国がそれに参画しなかったということもあって、かなり遅れをとってきています。

**司会** 佐々木先生、ほかに当時の思い出ということで何かありますでしょうか。

**佐々木** その当時の大学の研究状況がどうだったかということで、日本畜産学会の講演要旨集を90年から94年ぐらいのところをパラパラとめくってみますと、90年、91年、92年頃に、DNAフィンガープリントなどの研究がぼつぼつと、辻先生たちのグループによって発表されていて、ちょうど10年前の93年にマイクロサテライトに関する研究が、これはウマでしたが、発表

されまして、その後どんどん出てきました。

そのあたりと一致した動きになっていたのだなと思ったのですが、京都大学の山田先生がラットのゲノム解析を早くから取り上げられて、1985年ぐらいにRFLPやVNTRを取り上げて、88年、89年頃にはもう、病気のチッターラットの原因遺伝子を探索していくという研究に取り組んでいたのです。

私のところの学生にも、山田先生のおられた動物実験施設で研究していたものがいたのですが、その卒業論文や修士論文を見ますと、ゲノム解析研究をすでにその時点でやっていたということで、やはり畜産関係は少し出遅れたのかなと、過去をさかのぼってみても感じました。

**司会** 我が国の家畜のゲノム解析研究のスタートの頃の、ヒトのほうの状況はどうだったのでしょうか。

**藤山** もうちょっと昔の話をさせていただきますと、ヒトの遺伝地図作りの事業は、ヒトゲノムプロジェクトが始まる以前から、ジョンズホプキンス大学のマッキュージック先生に代表されるヒトの病気を対象とする遺伝学者や染色体分染技術を武器とする細胞遺伝学者により行われておりました。たとえばリストラクション・フラグメントの長さのポリモルフィズムのマーカーは1980年代の初期から開発をされていて、マーカーの数としては非常に少ないのですがそれを使った最初のマップができたのも、たぶん80年代の前半だったと思います。そうした研究が、HGMという国際会議の核になっていて、そこは何年かに一回集まっては遺伝学者たちが、その時期の最新データを基に地図作りを行っていました。

ヒトのゲノムの塩基配列を全部決めたらどうかという話が最初に出たのは、1986、7年頃のことです。1987年のコールドスプリングハーバーの研究所で「ヒトの分子生物学」というシンポジウムがあったのですが、たぶんそのときにヒトゲノムの構造決定を全部やったらどうかという動きが表面化しました。

計画そのものはアメリカがずっと先行してしまっていて、技術的なフィージビリティ・スタディをやる、OTAだったか、そういう名前の組織があって、そこがそういうスタディをやって、スタートしたのが、確か1989年、DOE（エネルギー庁）とNIHが、当初は別個にスタートして、のちほど一体化されています。

日本の状況がどうなっていたかといいますと、ちょうどその頃、当時は大阪大学におられた松原先生が、1989年から文部省の総合研究Aの御支援により、「我が国におけるヒトゲノム解析の推進に関する調査研究」というのをやりまして、当時の我が国で何がどの程度までできそうか、何をやるべきかといった問題を中心にフィージビリティ・スタディを行いました。これに引き続いて、「ヒトゲノム解析研究」という5年間の計画がスタートしたわけです。

動物遺伝研が発足した1993年という時期は、ちょうどいろいろな準備を行っていたフェーズIがそろそろヒトでは終わりかけていた時期になっております。

**司会** 国枝先生、マウスのほうは何か。



**国枝** 実験動物の場合は、ほぼヒトと並行する形で、連鎖地図などは作られてきたのではないかと思います。マウスの遺伝学は数十年の歴史がありますので、マウスに関しては、いわゆるDNAレベルでのゲノム解析のはるか以前から、たとえばタンパク質の多型ですとか毛色ですとか、あるいはいろいろなミュータントの遺伝子座を用いて、ほぼ全染色体を網羅する連鎖地図は作られています。そういう意味では、ほ乳類の遺伝学ではマウスがいちばん進

んでいたでしょう。

そういう状況の中で、1980年代の後半ぐらいに、いま話が出ましたミニサテライトがジェフリースやミシェル・ジョージなどによって報告されました。その後マイクロサテライトに移行して、連鎖地図が作られてきました。その成果として、当然いろいろなミュータントの原因遺伝子のポジショナル・クローニングが、連鎖地図ができ始めてすぐ始まるわけです。

マウスでは1990年代の前半ぐらいから、ポジショナル・クローニングはいくつか成功例がありました。有名なところだと、1994年肥満のミュータントであるobマウスからレプチン遺伝子がポジショナル・クローニングされている。1980年代から90年代前半にかけて、実験動物の遺伝学的な解析がかなり急速に進展してきたと思います。その時点では、少なくともヒトよりはだいぶ先を進んでいたと考えています。

**司会** あとでまた菱沼さんから、動物遺伝研究所の立ち上げの頃のお話を伺いたいと思いますが、その時代に畜産関係で、この研究を立ち上げたときいちばん困ったのが、人材の問題でした。大学の畜産関係のところでゲノム解析の出来る研究者を養成できていなかったため、よその分野からお願いしなければなりませんでした。

菅野先生、こういう分野の人材教育について、当時の状況はどうだったのでしょうか。

**菅野** ヒトゲノムでも本当に人材がいなかったと思います。こんなことを言ったら怒られますが、分子生物学であまり成功しなかったような人が、榭先生とか偉い先生は別ですが、若い食い詰め者が、しょうがなく行ったというような……。僕も典型だと思いますが（笑）、そういう感じがありました。



あの頃は、いま思うとゲノム研究の黎明期なのですが、実は、サイトカインや癌遺伝子、シグナル・トランスダクションなどの分子生物学研究がものすごく華やかで、今はきら星のように教授になっていらっしゃる方たちが若くてガンガンやられていた頃ですから、ゲノムの研究というのは何となく、ちょっと、「まあ…」という感じがあったと思います。

ですから、畜産の分野に、ゲノムあるいはDNAといった技術を持った人が入ってくるというのは、非常にまれなことだったのではないかと、正直、思います。ヒトゲノムのほうでも、結局、あまり経験のない若いのが、実際のところを担いました。

ちょうど1992年頃に、私も松原先生の先ほどの班に入れていただきました。その1年目の班員には分子生物学研究のすごい先生たちが大勢いたのですが、誰もゲノム研究には熱心でないで、次の年に松原先生が班員を組み換え、まだ比較的若い40歳前後の連中を計画班員にし、結局その人たちがずっとヒトゲノムを担った。そういう歴史があります。

### <動物遺伝研究所発足の経緯、他の研究機関の組織化など>

**司会** 先ほど話がありましたように、その当時は外国から入ってくる情報もEU中心で、USDAの状況というのはまったくつかめない中で、また国内的にも、いま話をいただいたような状況の中で、動物遺伝研究所やその他の研究組織が設立されたわけです。



動物遺伝研究所の立ち上げの背景や目的について、その当時家畜改良センターにおられた菱沼さんからご紹介したいと思います。

**菱沼** やはり一番の転機は、平成3年に牛肉の輸入自由化が起きたということでしょう。技術屋として、ウマやウシの親子鑑定の問題など、そういうことをもっと技術的に正確に分析できないものかと考えました。それから、

和牛のサシが、どの和牛にもうまく入るようになったら、産業振興上も、あるいは需要のほうからも、非常にいいことではないかと言う色気もありました。さらには、乳牛で、乳房炎にかかりやすい系統とかかりにくい系統があるということが、東北の現場の獣医さんや共済から、情報として流れてくる。あるいは、ニワトリでも抗病性といいますか、病気に強い系統もある。そういうものを、何とかもって科学的に解明をして、産業に応用できないものか。こういうことが、私どもの立場といいますか、考えだったということです。

それともう一つは、我々は全国各地で優良な種畜を作る事業をやっておりますが、交配と選抜淘汰だけではいずれにしても行き詰まるといふか、なかなか時代のテンポに追いついていけないといった要請もありまして、それを何とか変えなければいけないということがありました。

牛肉がいちばん焦眉の急でして、関税率も下がるということで、何としても和牛の、サシを中心とした肉質のアップをはかり、もちろん増体その他の問題もありますが、競争力を強めていきたいという時代背景もありました。

たまたま、当時は中央競馬の売り上げが急速に、3兆円から4兆円ぐらいにダーンと伸びる時代でして、時代の背景に合わせて競馬法の改正もしなければいけないとなったときに、我々の運動もあり、競馬の収益金をいろいろなことに使える道が、法律の中に組み入れられることになりました。それを使わない手はないといち早く手を挙げたのがイネゲノムです。

競馬の上がりというのは、法律に書いてありまして、畜産振興に寄与するものに使う。イネゲノムは畜産振興には寄与しない、いや、あれは将来的には寄与するだとか、いろいろ議論がありました。我々は、コメにやっけて畜産にやらないという手はないでしょうと、だいたい法律事務官などとやりあいました。コメはイネ科として、ぐるぐる回りで結局畜産に寄与するといふのですが、我々はダイレクトに畜産に、特に強調したのは、和牛を何とかしてやらなければいけないということでした。それから乳房炎の問題。今もそうですが、当時は乳価の算定にしても、乳汁中の細胞数とか細菌数が非常に厳しくなってきた時代でした。

ではどこにやっていただくか。畜試は国研で、そういうお金が当時はまだ使えない。STAFFは、イネ中心に違いない。それと、研究用の材料を持っているのは、我々国の牧場や都道府県の畜産試験場である。そこで無理を願って畜産技術協会に、「とにかくゲノム関係の施設を持ったかどうか」と投げかけました。

持ったらどうかといっても、土地も、建物も、人もない。白河には広大な国の牧場がありますが、民間の団体には土地は貸さないことが、不文律みたいにあった。これも、いろいろと強行突破しまして、タダとは言いませんが格安にその敷地を提供しました。後は人です。我々にはわかりませんので、当時の担当者があちこち走り回って、畜試や大学でお名前をたびたび見るような先生方に接触したりして、人選を進めた。そういった経緯です。

和牛中心で行ったことが一つの正解でしょう。我々が当初期待したところまではまだ到達していませんが、一部においては相当活用できる成果を得ているということで、短い期間でよくやっているなという感じです。

ますます国際競争も厳しくなってきた、それぞれの畜種が、日本独自の競争力のある能力をもう一つ持つ必要がある。欲張りですが、そういう期待をしております。

**司会** 動物遺伝研究所の立ち上げの頃の話がありましたが、ちょうど時を同じくして、つくばではSTAFF研究所、畜産試験場、家畜衛生試験場でもゲノム研究が組織的にスタートしています。そのへんを安江さんから簡単に紹介してください。

**安江** 先ほど菱沼さんからもお話がありましたが、結局、STAFF研究所でも、イネだけではな

くて家畜もやろうということでスタートしました。そのときの議論の一つが、ウシをやるべきか、ブタをやるべきか。

当初、技術会議からは、ウシのほうがいいのではないかとということでしたが、サンプルがどれだけ集まるか、世代間隔はどうか、産子数、家系をどれくらい短時間で作れるかなどを考えると、まずブタでやろうということになりました。その成果が家畜で有効だということになれば、次にウシへ進展していただろうとの判断でした。日本にとっては、経済的なこと、遺伝資源を考えるとブタよりもウシのほうが重要性は高いと考えられますが、いきなりウシを始めると息切れするところもあるのではないかと、そういう議論がありました。

ニワトリという選択肢もあったのです。現時点では、ゲノム解析はニワトリがいちばん先行していますが、その当時は、ニワトリはマイクロサテライトが非常に少ないということもあって、世界的にもブタ、ウシで進んでいました。日本でも家系を作らなければいけないとなると、ウシの家系を作るのは畜産試験場では不可能ですので、まずブタで家系を作って、先べんをつけて行こうというのが、当時の状況でした。

**司会** 当時、私は畜産試験場の担当研究部長で、いろいろ組織化に苦労した思い出があります。つくばでは、STAFFの動物部門と、畜産試験場、家畜衛生試験場で共同研究が一つスタートしました。もう一つ、JRAの中央研究所と国の畜産試験場、家畜衛生試験場との共同研究もスタートしました。こういうことで何となく、つくばではブタとウマ、白河ではウシという仕分けでスタートしたと記憶しております。ニワトリについては、辻先生から話がありましたように、大学ということだったと思っております。

先ほどから話にありますように、お金の面と同時に人の面でも非常に苦労がありました。杉本さんも安江さんも皆よその分野から来た人でした。これは畜産の世界にとっては非常に画期的なことで、その頃から理学部、医学部、工学部などを出た人が畜産の分野に入ってくるきっかけになったと思っています。

### <家畜育種とゲノム研究>

**司会** 今も言いましたように、家畜の場合は当初は人を自前で調達できなくて、よその分野の方にもお願いしたわけです。それと同時に、従来、家畜育種学を勉強していた人が、この分野に入ってきたのも、畜産分野の非常に大きな特徴ではないかと思えます。

大学では、家畜育種の中でゲノム研究をどのようにとらえてきたか、佐々木先生、ご紹介願えますか。

**佐々木** 家畜育種について、私が学生時分には、家畜を選ぶのに外貌を見てその良し悪しを判断するという状況でした。その後、統計遺伝学的方法で、その個体の遺伝的な能力を予測してそれを利用していく、そういう体制をつくるという大きな変革がありました。それがある程度日本でも定着してきて、それによって改良は大きな期待が持てる、そういうところに至ったときに、ちょうどゲノム解析が進展してきました。

それまでは、遺伝子は見えないものだとかきかめて数式などを使って遺伝的な能力を推定するというので取り組んできたのが、その遺伝子そのものが見える、とらえられるのだということに入ってきた。私たちが統計遺伝学的にやっているときには、どうしても超えられない部分を感じながらも、それしかないということで取り組んできたのが、遺伝子そのものが見えることになりました。

このまま統計遺伝学的方法だけで進めていくのは良くないということで、ゲノム解析と連



携していくことが大切だと言うことになりました。一方、ゲノム解析研究の分野でもQTL解析など、統計遺伝学的研究の中で培われてきた統計理論やコンピュータスキルを必要としていました。

我々も、どういう取り組みをしたらいいかを考えました。当時、統計遺伝学的アプローチをとる研究者は家畜育種研究会に、生理遺伝学的、さらには分子遺伝学的アプローチをとる研究者は動物遺伝研究会に、また新たに台頭してきた分子生物学的アプローチをとる研究者は動物ゲノム研究会にというように、それぞれ別々に研究活動を進めていました。まず、これらの研究者が相互に情報交換をし、共に討論をする場が必要であるということになり、95年に3つの研究会が一緒になって、第1回動物遺伝育種シンポジウムが開催されました。その後毎年1回のシンポジウムを開催し、150名から200名の参加者があり、所期の目的は達せられたかに思われました。そこで2000年には動物遺伝育種学会を立ち上げて、統計遺伝学的アプローチと分子遺伝学的アプローチが連携を強めております。そしてゲノム解析の情報をこれからの育種にどう取り込むかと言うところが、私たち統計遺伝学的な育種をやってきた者の任務だと思っています。

**司会** 植物のほうは、ゲノム関係の研究をやっている人と育種をやっている人とは別の分野でやっていて、その連携に問題があると聞くのですが、家畜では両方が融合してやられているのではないかと私は思っております。

### <この10年を振り返る>

**司会** こういうことでスタートして10年経過したのですが、この10年間の研究成果や、その間の問題点について、これからの展開方向も見据えて、ご紹介願えればと思います。

自分で自分のことを話すのも、しづらいとは思いますが、せつかくの場ですから、遠慮なくご紹介願えればと思います。

**杉本** 私は最初から脂肪交雑の遺伝子を取るために遺伝研に来ました。先ほど安江さんから話がありましたように、私が遺伝研に来た当時、ウシのゲノム連鎖地図を作らないと、マッピングができない状況でしたが、ウシの家系を自前で作るということは不可能である。そこで、EU・オーストラリアのボブマップに乗るか、USDAのマップ作りに参加するか、どちらかだと思って、94年にプラハであった国際動物遺伝学会のときに、USDAの責任者に話しかけてみたら、簡単に断られました。USDAは自分たちだけでやるというのです。

それでやむなくボブマップに入って、97年に発表された第2世代のウシ連鎖地図の作成に関与したのですが、結局、その後自分たちだけでUSDAの地図にもう一回置き直すマッピングをしてきました。

ボブマップでは30以上のラボが参加しているため、タイピングエラーが多くありますが、それを直すことは誰も出来ません。このままでは脂肪交雑のマッピングもできないという危機感に襲われて、どうしてもUSDAとの協力が必要であり、向こうと契約を結んだりしました。軌道修正にすごく時間がかかったのが、ばかばかしかったという気がします。

**国枝** 私は8年前に岡山大学に来て、それまでのラット、マウスの実験動物の仕事に加えて家畜の仕事をしたのですが、当時は、たぶんウシでも実験動物と同じようにできるだろう、特定の病気の形質があれば、ポジショナル・クローニングは時間がかかるとしてもマッピングはすぐできるだろうと思って、ウシの遺伝病の仕事を開始したわけです。

ところが、いざ始めて見ると、当時のウシのマイクロサテライトマーカーの数、あるいは連

鎖地図は本当に貧弱なもので、これではちょっと難しいかなという感じを強く持ちました。

その時点で動物遺伝研究所が、まず最初にマイクロサテライトマーカーを多数単離して連鎖地図を作るという方向で戦略を立てたわけです。その方向は、当時としては非常に先見の明があったのではないかと思います。その成果を私たちはウシの遺伝病のマッピングに利用させていただいているわけです。

そういう意味では、動物遺伝研究所だけでなく、USDAもボブマップもそうでしょうが、まずマイクロサテライトをクローニングして連鎖地図を作ることが、最初に始めなければいけなかったことですし、その結果、多数のマーカーからなる正確な連鎖地図が作られたことは、この10年間の大きな成果だと思います。

**辻** 私どもも、マイクロサテライトが確かに有用なことはわかったのですが、それをクローニングしてシーケンスするだけの予算と人が大学にはなかったのです。とても一つの研究室で手が出るようなものではなかったのだから、それを横目に見ながら、ミトコンドリアのゲノムのシーケンスをやるなど、自分の手に合った仕事をやってきたわけです。

その途中でAFLP法が開発されましたので、それによるマッピングを試みまして、ニワトリでは、1000を少し超すマーカーのマップを作って、たぶん世界で4番目ぐらいのハイデンシティー・マップになっていると思います。

現在は、ウズラも同じようにやっています、もう1000ぐらいの領域に達している。ウズラは、世界的にも、日本唯一の家畜ですから、マップをやっているところはほとんどないのです。ですから、それに関してはトップに行けるかなという感じではあります。

そういうニッチをやることで、私としては研究を進めてきたという感じです。

**司会** 遺伝性疾患の原因遺伝子の探求が、かなり具体的な成果を挙げています。QTLについては、先般、ウシで世界で初と思われる乳量、乳脂肪率に関与する遺伝子が特定されたという報告がありました。そこで、これまでの成果をどういうふうにか考えるか、どなたかお話し願えればと思います。かなり着実に来ているのか、それとも、難しいということを再認識したのか。

最初、我々が10年前に始めた頃は、EUのピッグマッププロジェクトでも、2センチモルガンあたりでマップした地図を作れば、そういうQTLがかなり見つかるのではないかということからスタートしたわけです。現在はもっと進んできていると思いますが、そういうことになっても、またさらに難しいということがわかってきたのか、あるいは、かなり具体的に成果が上がる段階まで来ているのか、どうなのでしょう。

**杉本** 乳量に関することや、ピエトレンの増体に関することは、どちらもベルギーのミッシェル・ジョージスのグループがやった仕事で、それは彼のラボで特定の領域について組織的に力を注いだからできたわけです。ちょうどヒトゲノムで言えば、cystic fibrosisを20カ所ぐらいで競争してやっていたのと、状況はほとんど一緒だと思います。いろいろなツールがそろっていたからできたのではなくて、その領域だけをやったからできたわけです。

我々も、脂肪交雑に関しては特定の2領域しかやっていません。これを5カ所も6カ所も新たにやるとなると、同じことを繰り返す労力はとてもないので、もう一方では全ゲノムを対象にしたマーカーを開発するとか、染色体地図を作るとか、ヒトゲノムの展開と似ていると思います。いつどういう領域が必要になるかわからない。いかに経済的にツールを整えていくかという、ランダムなほうがいいに決まっています。

**司会** その二つを両立させるのは非常に難しい。これはこれからの話でしょうけれども。

**杉本** 乳量を定める遺伝子が見つかったのは、ずっと先行している話であって、基盤ができ

あがっているから見つかったわけではないのです。ですから、先ほどの研究所の報告でふれましたが、肉牛の経済形質のQTLで、ゲノムワイズの有意水準で1%に達したものがないわけです。その程度の解析しかまだできていないのが現状です。そこから先どうやっていくかが、これから考えなければいけないところです。

**辻** 私も、ニワトリの筋ジストロフィーをやっていますが、マッピングして染色体の場所を決めるまでは比較的簡単です。そこからナローダウンするのに、ものすごい労力がかかります。

ニワトリでは、とにかくマイクロサテライト・マーカがない、BACも十分そろっていない、いろいろな社会的な背景が十分そろっていないということもあって、最初、場所が決まって、これなら原因遺伝子にすぐ行くと思ってから、3年、4年という年がたって、いまだに全然決まらない。7センチモルガンぐらいにはなってきましたが、それでも決まらない。そこには、ヒトに相当する遺伝子としては50種類ぐらいあるということですから、先ほどの例のように集中したからといって行くということではないのです。研究所の規模であるとか、ニワトリゲノム全体の社会的基盤の整備とか、いろいろ整っていないと、なかなか順調には行かない。

6カ月後ぐらいにはニワトリゲノムのドラフト・シーケンスが出るということですから、そうすると一挙に行ってしまうということもないではない。期待は持っていますが、なかなか一挙に行かないというのが、私の感じるところです。

**杉本** その場合のゲノムのシーケンスが、ドラフトでもいいからわかれば、状況はまるっきり変わってくると思います。

**国枝** 遺伝病と、QTLなどの経済形質では、その解析方法が全然違うと思います。遺伝病では単純劣性の遺伝様式をとりますし、これは実験動物の延長線上で比較的単純な連鎖解析でマッピングすることが出来ます。遺伝病の原因遺伝子のポジショナルクローニングの場合は、正確にマッピングするためには、連鎖解析のための個体数をどれだけ増やせるか、症例をどれだけ増やせるかというのが大きな要素です。実際には、かなり頑張っても100例集めるのがやっとで、多くの場合は、20例とか30例で連鎖解析しなければいけないわけですから、結局、かなり大ざっぱなマッピングしかできないのが現状です。

それに対して、QTLの場合は、経済形質について理論的にはどんなウシからもデータが得られるわけで、そういう意味では、アソシエーション・スタディを行うのであれば、遺伝病の場合と違って、材料はいくらでもあることになります。

そうすると、どれだけ精密な地図ができていくか、どれだけ多くのSNPsあるいはマイクロサテライト・マーカのような連鎖マーカが得られるかということや、さらには、データの統計的な処理の仕方というのが、かなり大きな位置を占めてくると思います。

## <ゲノム研究と研究材料>

**司会** それからも一つ、研究材料を得るために、県や家畜改良センターとの共同研究を動物遺伝研究所は進めてきたわけです。この現状はどうなっているか、ご紹介ください。

**杉本** 94年に、ウシのDNA育種事業が立ち上がったときに、雄牛作りのための後代検定家系を解析する方向が畜産局によって整えられ、そのため後代検定を実施している県との共同研究が行われました。

最初は、12道県だったと思いますが、それぞれの機関の担当職員はDNAをまったく扱ったことがない。後代検定の家系は、父親が同じで母親の違う半兄弟子牛がたった8頭です。そういう小さい家系がたくさん出来ます。その家系の解析によって、脂肪交雑や増体に影響する染色体

領域を見つけようと取り組んだわけです。しかし、なにしろマーカーが少ない。これでは信頼できるマッピングができないということで、途中から方針を変えました。人気のある種雄牛の子牛は多く生産されるはずですから、200頭とか500頭の規模の、いわゆる父方半兄弟家系を作り、その中で連鎖解析する。親から子どもの1代だけですから、比較的親のハプロタイプが保存された状態で遺伝し、貧弱なマーカー密度でもマッピングできる。家系規模を大きくするためには多くのサンプルを集める必要がありましたが、各方面のご協力があって、サンプル収集がやっと軌道に乗り始めました。

家畜改良センターでは、動物遺伝研ができてすぐのときでしたが、ウシのリソースファミリーを作ろうという夢のような計画を始めました。全国の和牛の種雄牛のベスト5に入るようなウシと、雌はリムジンという外国の肉用牛で、非常に早く成長するのですが脂肪交雑はまったく入らない品種。そのF2家系、F2の200頭を作ろうという計画です。

もう10年ぐらいたってしまっていて、今年か来年には枝肉成績も全部取れるはずですよ。家畜改良センターの組織力を使わないとできない家系ができていますので、これからの解析のいい対象になると思います。

作ることを計画してからできるまで10年ぐらいたっているわけで、動物遺伝研ができる10年ぐらい前に始めてくれれば、もっと良かったと思います（笑）。

**菱沼** 私は、当時改良センターの所長でしたが、ゲノム解析にはリソースファミリーがベストだと聞いて、うちならできる。和牛でサシのいちばんいいもの、これは某県のトップの種雄牛。普通は精液はくれないのですがひそかにもらいました。リムジンは、宮城県で趣味で飼っているような人がいまして、その牛を分けてもらった。

生体のデータをはじめ、各種のデータを極力集めていますが、これらの解析は改良センターだけで手に負えるようなものではありません。作るのは物理的な話でしたが、今後の解析をどうするかは、関係者が一丸となって解析のプロジェクトを打ち立てて、やっていかなければいけないと思っています。

**司会** 今、ウシのリソースファミリーの話がありましたが、ブタやニワトリでも、県、大学、家畜改良センターで、かなりの数のリソースファミリーができています。そういう、ヒトではできない、目的を持った交配が家畜だとできるということで、いつもヒトゲノムの後追いではなくて、家畜だとこういうことができる……、そういうこともあるのではないかと思います。

**菅野** ヒトから見ると、率直にうらやましい。ヒトでは、ようやく今、何万人という人を登録して、その人々のカルテ等を全部電子化して、コホートを設定する。そして、その人たちが持っている遺伝情報と突き合わせながら、これから10年、20年と見ていくことで、病気の遺伝子などを見つけようとしはじめた状況です。

今のお話を伺うと、家畜ではもうそういう体制が、ある意味ではできている状況です。これからゲノムのドラフトデータなども出てくるようですから、そうすると突然にいろいろなことがわかりやすくなる。ある地点を越えると急に物事がカタカタカタッとわかるような、その直前の時代にあるのではないかと。うまくそのチャンスをつかまえる準備が、いま整えられつつある途中かなという気がしました。

**安江** 現在持っているブタの家系の中には、いろいろな遺伝子群、あるいは形質にバラエティーがあって、かつ、マウスのように産子数が多いので、遺伝子解析のいい材料になり得るだろうと思われまます。

菅野先生が触れられましたように、ある程度情報量が集まって、ドラフトも出て、どうい

遺伝子が発現しているかもわかってくれば、すごく速く進んでいくのではないかと思います。

1週間前(03年1月)のサンディエゴの会議で、プロモーター領域の1塩基の置換(SNP)が、ピエトレンというブタの成長に強く関与しているという発表があり、こうした報告は初めてであり、皆さんびっくりしていました。情報がたくさん集まれば、コンピューターを用いた解析でかなりのところまでいけると思います。

### <ツールの整備>

**司会** ツールがかなり整備されてくるのは、世界的に見てたぶん数年後には可能であると見ていいのか。ウシ、ニワトリ、ブタいずれもだいたい同じような状況ですか。

**安江** 先週、サンディエゴで開催されたゲノムのワークショップに参加していたのですが、ヒトが終わったあと家畜関係で何をシーケンスすべきか、あるいは、どういうことをやるべきかという話題がありました。我が国では畜産に分類されているミツバチのシーケンスがいま始まっています。

それもすぐ終わるということで、次にはウシが最初の候補に挙がり、その次にブタ、ニワトリの順だったのですが、いろいろな思惑もあって、結局、ニワトリが先行することになりました。本格的なシーケンスが3月から始まり、9月に終わることになっています。10月以降6カ月かけてアノテーションをするという状況です。

ウシについては、2月に予算が確定するそうですが、ハイプライオリティーとされています。それが動き出すと、2年以内には確定するということです。

ブタはその次という状況でしたが、イヌがその間に入ってきました。アカデミックなグループから、同じ偶蹄目ばかりやらないで、いろいろな目もやるべきだとの意見があったのと、もう一つは、400万ドルも寄付した人が、イヌの愛好家であった(笑)。

そういう状況をにらんで我々も作戦をたてていかなければいけないと思っています。(その後、テキサス州からの働きかけがあり、2003年3月には、ブタの全塩基配列解析は、ウシと並ぶハイプライオリティーとして位置づけられました。従って、ウシと並行して進むものと思われる。解析場所にはサンガーセンターが候補にあがっています。)

**菅野** ブタは、中国はどのようなのですか。

**安江** 中国のBGI(Beijing Genome Institute)がやりたいといっています。しかし、それに必要な資金がないとのこと。人と機械は提供する。どこかお金を供給すれば開始すると、この前、PRをしていました。ニワトリは3カ月、ウシは1年でやれるぐらいの能力があるとのことでした。ただ、ホールゲノム・ショットガンなので、それがどれくらい有効かなど疑問なところもあると思います。

それともう一つ、アメリカはいま不況になりつつあって、6%の失業率のなかで、お金を中国に出してまでやるべきかどうかの議論があるそうです。

**藤山** BGIに関しては、シーケンシングが中心となっており、確かデンマークとブタは組んでいたと思います。いまだに資金を探しているとか、データが出てこないというのは、そもそも公開を行っていないのか、それとも何か他の問題があるのではないのでしょうか。

**菅野** ホールゲノム・ショットガンで出てくるデータは、どれくらい信用できますか。

**藤山** アセンブリーの問題については、ヒトのデータを参照しながらやれるから、少しはましかなという気はしますが、100%信用できるものではないです。それから、ホールゲノム・ショットガンの場合の問題は、DNAやクローンといった「もの」と必ずしも連結していないと

いう問題があると思います。必ずどこかで別のライブラリーを持って、それできちんとしたもののクローン化する操作をもう一度どこかでやらないといけません。そういう意味では、きちんとしたリソースを持っていると言うのが最後には重要なポイントになるのだと思います。

**菅野** だから、データとしてはそこにあるけれども、それは注意をして使いながら、ちゃんとこっちはそれなりのものを独自に持っていないと、かえって使いにくい。

**藤山** 先ほど伺ったように、日本でウシのデータを持って、試料を持っているというのは、非常にいいリソースですね。

**辻** 質問ですが、ドラフト・シーケンス、ウシ、ブタ、ニワトリなどこれから出てくるのでしょうか、それはオープンになって誰でも使えることになるのでしょうか。

**安江** リアルタイムでオープンになっていくというわけではなくて、時間を区切って、まとまった段階でオープンになると思います。

**辻** それは誰でもアクセスできますか。

**藤山** 最近の流れとしては、ヒトゲノム解読を行っているNIHとイギリスのグループが、とにかく即時公開というのを強力に押しているのです。彼らは、データは出ても後の解析で勝てるという自信があるのでしょうか、「即時公開」を強く主張し続けています。基本的には、自分たちの国の利益になることしか考えていない様な気がしていますが、科学の進歩のためと主張されると、なかなか表立って反対はしづらいという状況です。

**菅野** シーケンス・キャパシティーは、日本は十分にあるのです。ヒトゲノムも、世界で3番目に、ちゃんとやりました。早いという意味では最も早いグループに入っているわけで、ノウハウもキャパも持っているのです。ただ、それが各省庁に分かれて分散してあるというのが現状かと思います。

ですから、ランニングコストさえあれば日本も、たとえばウシのドラフト・シーケンスを1年で出せとか、ブタを1年半でやれとか、そういうふう決めて、必要なお金、たぶん、1ベース1円として30億円ぐらいですが、そういうお金が出れば、十分にできます。

ここは、どちらかという、日本のサイエンスのレベルというよりは、政策決定レベルの問題でしょう。ヒトゲノムの場合は、それを決めること自体に、誰も文句がつけられない意義があったわけですが、これからは、ゲノムを決めたあとに何をするかをある程度考えた上でやらないといけない。そうすると、その生き物を研究しているコミュニティーとか産業界、そういうところが一致して、ここは大切だからやらないといけないというコンセンサスを配列利用者側が取って、うまく中央とやり取りする。そういうプロセスが日本でないことのほうが、残念ながら、問題です。逆に言うと、そういうことをやれば、日本は十分できると思います。

しかし、配列決定の先は、ゲノムに限らずライフサイエンスはアメリカが非常に強い力を持っています。ですから、先を見るとけっこう大変です。配列決定の先を進めるための芽は、集中した中央の研究所よりは、大学などにあるのです。大学の個々の研究室でひっそりとやっているような研究のほうが、規模は小さいけれど内容は高いことが多くあるので、配列決定の先を見ると、どうしても大学の研究室と連携を取りながらやっていくという仕組みが必要です。

畜産も、ちょうどヒトゲノムのシーケンスが出る前夜みたいな状況かと思うのです。ヒトゲノム配列が出たあとは、中央集権できたゲノム研究を、ある程度分散・連携型にした方が、研究としては効率が良さそうな感じがしてきているので、集中化した配列決定を当面考えながら、配列を利用してその先をやる分散・連携型の仕組みも作ったほうが、かえっていいかなという気はします。

**杉本** 先ほど辻先生も言われたように、ゲノムのドラフト配列まで行けば、不満はあるかもしれないけれど、飛躍的に仕事は進むはずなのです。安江さんの情報を聞くと、ウシはこれから2年もかかるそうですが、2年も待ちきれない。

国内で見てみた場合に、こんなことを言っているかどうか知りませんが、生物資源研とかSTAFF研のイネゲノムのシーケンシングの能力をウシやブタに回してくれれば、1年ぐらいで終わるのではないかと。イネにこだわる必要はどこにもないと思います。むしろイネの改良は都道府県の応用レベルになっているのではないのでしょうか。あれだけの人と経験がある組織があるのですから、家畜ゲノムの、たとえば染色体の何番を分担するとか、そういうことをやってくれればいいと思います。

**司会** そういうことを国としてどこで決めるのでしょうか。農業分野でのゲノムをどうすべきかという論議はあまりされていないと聞いています。そのへんはどうなるのか。

**佐々木** 菅野先生のお話のように、ヒトではもう終わってきているわけです。それを生かす次のステップとしては、家畜が入ってもいいのではないかと。実際、ミレニアムプロジェクトでやられたホヤでは3カ月でやってしまっている。

ウシについてアメリカでもまだスタートしていないのであれば、和牛などは日本独特のもので、脂肪交雑ということになれば、外国のウシはその遺伝子を持っていないわけですから、それは分析材料にならないわけですね。そういう意味で和牛は非常にユニークなものなので、そのドラフト・シーケンシングを日本でやりましょう。

**菅野** 決められた領域だけでもバーツとやってしまおう。

**藤山** 配列を決めるという観点から見ると、やはり技術の蓄積とコストダウンによる配列決定のスピードへの影響というのは非常に大きくて、計算機の世界におけるムーアの法則とほぼ同じで、ほぼ数年で一桁の増加が見られています。

我々は今チンパンジーに取りかかっています。3年ぐらい前にチンパンジーをやろうかと言ったときに、60億あればドラフトが出せると言っていたのですが、その後の進歩を計算に入れると、現在ではもっと少なくなるでしょう。

**安江** USDAで去年の1月に計算したところ、ウシは70億円でできるということでした。今年はまだもう少し下がっているかもしれませんが、というのは、シーケンサーにしろ、PCRにしろ格段に進歩しているからです。

**司会** かつて、ブタでは、国際共同でやろうというので、たとえば染色体を分担するという話があったと思いますが、そういう方向はもうなくなったのですか。

**安江** 過去にはありました。現在は、ホールゲノム・ショットガンを半分、残りをBACのcontigで解析する方向にあるので、現在の方向としては、1施設で解析を行うことになってきている様です。

**藤山** 私たちはチンパンジーをやっていますが、ヒトのきれいな配列が出て来る状況下では、それを参照しながらフィニッシングを行うのが効率的な方法です。違いの見つかるところは徹底的にしらべますが、たとえば21番染色体の全配列を決めるのは、ヒトでは結局数年はかかったのですが、たぶん1年ちょっとで終わる予定です。ブタとかウシも、本格的に始めればほぼ同じ状況になると思います。

しかも、概要配列だけでいいとなると、ちゃんとした連鎖地図があれば、相当いいものができると思います。たとえば25億円いただければ、5億円を機械の更新に使わせていただいて、あと20億で、けっこういけるのではないかと僕は思います。

**菅野** できますよね。今、それは本当に、自信を持って「できる」(笑)。

**藤山** 自信を持って「できる」と言い切れるバックグラウンドは、やはり、ヒトでの経験と技術の蓄積があるからです。それから、バイオインフォマティクスの基盤もかなりできていますから、データが出ればアセンブルを行いきれいなマップができるまで、かなりのスピードでできる程度の実力は日本には既に備わっています。あとは、それをどう生かすかでしょう。

**菱沼** 私はまさにぼう然として、話に十分ついていけないのですが、日本国内にある関係機関が一斉に、ある統一した行動をとれば、一気に1年とか半年で問題が解決する。そのためにはシーケンサーが何台必要だ、あるいは、予算が70億と言ってみたり30億と言ってみたり、いろいろあるようです。

そういうものは、たとえば行政側、あるいは、どこかに、このプロジェクトはこれだけ予算があれば一気に出来ますよみたいなデータは、存在するのですか。

おそらくコメやヒトでは、これだけの予算とこれだけの年限があれば全部やりますと公表して、それに向かって進んだと思います。こういう話はやはり検討しておく必要がある。30億であれば、場合によっては安いかもしれない。こういうのは常に発信しておかないといけないのではないか。

そういうことがないから、結局、細切れの予算を取ることになってしまい、統一的に一気にできない。国家プロジェクトでもいいし、国際的なプロジェクトでもいい。ある年限と予算とその他の仕掛けを、どうするか今はわかりませんが、誰かが言っていないとだめだと思います。

ゼロからのスタートを考える必要はなく、現状、ある立脚点があって、それから先の話なのです。現状でもかなりのところに行っている。これをするためには、あといくらかかる、この場合にはいくらというものを、誰かが作っておかないと……。誰かというのは、こういうメンバーかもしか分かりませんが……。

**菅野** たぶん、日本では、理研の榊先生か、あとは遺伝研の小原さん。それに、農水省イネゲノムの佐々木さんでしょう。

問題なのは、農林省がこれをやりたいといってお金を取ってきて、そのお金を他省庁の施設にかなり自由に使うことを許すかどうかということです。これが実は意外に難しい。ここは僕たちが考えるのではなくて、菱沼さんたちに考えていただかなければいけないところかもしれません。そのへんがうまくいくのだったら、頼むところはほとんどその3カ所に、見積もりを取って業者みたいに……(笑)。

**菱沼** どこそこの予算とか誰々ということではなくて、まずオープンに、いくらかかるか。誰がどの段階で担うか、あるいは拠出するかというのは、後で段取りを考える。最初からきちんと決めてやると、応用も利かないし幅もできません。その仕事はいったいどの程度の大きさのものであるかということをもまず考える。

そのためには全体が見えないと、仕掛けのしようがないのではないかと思います。

**国枝** ヒトゲノムは、いわばアポロが月へ行くようなもので、目標に向かって、どんなにお金をつぎ込んでもいいから、とにかくやるのだということやってきたと思います。そのようにしてヒトの全ゲノムが決められた次の段階では、たとえばウシの全ゲノムを決めたときに、現実的にどれだけの経済的な価値があるかということが、かなり大きな意味を持つのではないのでしょうか。

家畜など農業関係のものは、メダカのようなモデル生物のゲノムとは違って、ゲノム解析の



結果がダイレクトに経済効果に結びついてくるものではないかと思います。そうすると、たとえばウシの全ゲノムが決まればこれだけのことができますよということを示すことが、かなり重要になってくると思います。

たとえば遺伝研が行っている経済形質であるマッピングの遺伝子のマッピングであれば、それが今ここまで進んでいるから、あとはウシの全ゲノムの情報が得られればこのような結果が得られるというストーリーを、今の段階ではっきり示しておくことが必要なのだという気がします。

**菱沼** 全く同感です。農家での販売価格が、たとえばサシが良くなったおかげで、ウシの枝肉が1キロ200円高くなった。500キロあるから1頭10万円高くなった。それ掛けることの百何十万頭はいくらかとか。それは乳量にしても同じです。たとえば1キロ80円とすると、年間1000リッター乳量が上がったら……。もちろんコスト分は引きますが、それで所得がいくらアップしたかということになると、計算はしやすい。

**司会** 少し整理すると、ドラフトマップを作るという作業については、世界ですぐに終わりそうところは日本でやる必要もないでしょうし、世界でまだ2年も3年も先の話というならば、日本としても検討する余地がある。その場合には、いま畜産陣営の研究所ではなくて、むしろ、お金があれば、既存のヒトゲノムなりマウスゲノムなりで先行しているグループに頼んでしまったほうが早い。そういう話でしょうか。

**藤山** 理化学研究所は来年度から独立法人になります。一般の国立大学は平成16年度から国立大学法人で法人化されます。一応、会社ですよ。公式的には、ある意味では省庁の枠はなくなるはずなのです。

私はいま情報研ですが、こちらでもそういう仕事を探さなければいけなくなると言われていて、えらい目に遭っているのです。そういうことをやれないかという話があれば、どこも喜んで手は挙げると思います。

**司会** 本来的には、最終的な生産物からいくらか吸い上げて、つまりチェックオフ・システムで、そういう研究費まで出せる仕組みがとれれば、それがいちばんいいのですが、日本ではそういうシステムがまだないわけです。

したがって、やはり行政的な立場で手当てしていかなければならない、そういうところをお願いしなければならないだろうと思います。

**安江** アメリカでは農家と言うより、むしろ企業、たとえばカーギルとかモンサントなどが積極的です。アメリカ政府側、USDAから見れば、カーギルがこれだけ進んでいる、モンサントもBACで10万クロンのcontigを作って、それを提供しようと言う。企業が提供するのだったら、その予算を国が補助して、全部やっつけましようというシナリオ。アメリカの国益という考え方でやっていると思います。日本ではそういう企業が存在するかどうかというのが一つの問題で、難しいところです。

**司会** 動物遺伝研と国際的なマップを作るグループとの融合があるのかなのかという話がありました。そのへんの方向性はこれから決まる話なのですか。

**杉本** あとで編集できるから言いますが（笑）、2年前にバンクーバーで、BACのcontigを国際協力で作ろうというのがアメリカの農務省の働きかけで始まったときに、私も行こうとしたのですが、ちょっと事情があって行けなかったのです。畜産技術協会は弱小団体で、とても日本を代表する立場ではない、むしろ農林水産技術会議が行くべきであるということでした。

米国の農務省には、潜在的に我々は協力者であるという認識があったようで、それ以降、E

メールでのディスカッションでどういうことがやりとりされているか、ミーティングでどんなことが決まって、誰が何を言ったかというのは、全部送ってくれています。

ですから、今どういうふうな状態になっているかはわかっていましたし、先週あったサンディエゴの学会のときに、ウシのBAC contigのレポートが出たのですが、土曜日に会議があって月曜日にもう来ていましたから、どういうことを話したのかはわかりました。

USDAのリーダーの人が、遺伝研はいつ参加するのだといつも聞いてくるのです。どういふところで実際に参加するかという問題が残っていますが、我々の作っている連鎖地図や染色体地図の情報を、みんな欲しがっているわけです。国際協力というのはオフィシャルには今できていないので、これからの問題です。

**安江** ブタのほうは、バンクーバー会議のようなはっきりしたものはなくて、大学、企業レベルでBAC contigを作って持ち寄ろうという段階です。ナショナルプロジェクトとしてやるというところまではまだ確定していませんが、そこへ向かって助走し始めているという状況です。(その後、前にも述べました様に2003年3月には、ブタの全塩基配列解析は、ウシと並ぶハイプライオリティーとして正式に位置づけられました。)

**藤山** そういうときに、ヒトの経験から言って大事だろうと思うのは、そうやって自分たちでcontigを作ったところは、最後まで自分たちでやり通すということです。作ったけれど、あと取られちゃったというのが、いちばんつまらない(笑)。そこはぜひ頑張っ、最後までその領域はやり通す。そういう資金サポートと行動が必要だと思います。

**菅野** 国内に畜産ゲノムを推進しようという企業がないのは、案外、そういう国際協力を考えるときにいい面もある。つまり、こう言うは何ですが、アメリカと仲良くやっても日本の不利益になるとは限らないわけです。ですから、そういう立場は十分有利に生かされたらどうでしょうか。

**杉本** ウシの国際協力体制の中に動物遺伝研は入っていないことは事実なので、それが、2年前とか1年前は非常に残念でした。今は、実質的には同じことなので、むしろ、その中に入ってBACのエンドシーケンスを、あなたのところは5万やれとか、そういうことをやらされなくてよかったかもしれません。

ただ、このあとドラフト・シーケンスをいかにして早く終わらせるかというのには、やはり何か協力しなければ……。2年もかかるようでは困るという気持ちです。

**菅野** 案外、日本がやるというと、すぐにやり出したりするかもしれません。

**司会** 私も、今、立場がわりに自由で、はたから見ているのですが、やはり畜産はいろいろな問題があって力が若干弱まっているのかなという気がしています。技術会議でも、動物ゲノムの中心はカイコみたいな話がしょっちゅう出てきて、プロジェクトの研究費もカイコのほうが動物よりずっと多いというので、いつから農水省の動物は昆虫になったのだ。これはあとでカットしてください(笑)。

そういうことで、畜産陣営としては、ふんどしを締め直して頑張らないといけないなという気が多分にしているところです。

**安江** カイコは中国もやっているのです。中国がドラフト・シーケンスをどこまでやるかわかりませんが、向こうも賢いですから、コンペティティブな形でやっているわけで、負けてしまったにならないように、十分注意してからやらないといけないと思います。

**菅野** カイコは、「中国だけでやるけれどいいか」と言いに来たんじゃないですか。

**安江** だけど、日本でもカイコゲノムの解析を行うことになっていますから……。

**司会** やることになっているけれど、自分たちが直接やると言っているのでしょうか。そういう労力のかかるところはどこか別のところへお願いしてということなのでしょうか。

さて、そういうことで、ツールの話は、予算面が伴えば、世界の状況を見ながらそれなりに対応できるのではないかという話かと思います。

### <バイオインフォマティクスの重要性>

**司会** 先ほどバイオインフォマティクスの話が出ましたが、このことについてもう少しお話ください。

**菅野** インフォマティクスはすごく大切です。ゲノム配列を決めるためのインフォマティクスでは後発部隊は追いつけない。だから、理研のセンターなど今あるセンターの独占なのです。世界で七つか八つのところしか、できなくなっている。

しかし、動物遺伝研も、インフォマティクスはこれから少し、意識的にやる必要が出てくるのではないかという気はします。

なぜそう思うかという、病気の遺伝子を見つけるために医学部の先生からサンプルをもらって、結果を出して、それを医学部の先生に返すのだけれど、医学部の先生は何もできなくて、データを持ってもぼう然としている（笑）。たぶん同じことが、いろいろな場面で、データを県に戻したとき、あるいは大学に戻したとき、起こる。データをどう使うかというのをちゃんと教えたり、あそこに行けば何とかしてくれるという場所があることがすごく大切です。

畜産の分野も、少し工学部と仲良くするといいと思います。これから解析の方法も工学的になっていきますし、情報の扱いも工学的になる。まさにバイオ工学みたいに全体がなっていますので、そのへんをうまくやるといいと思います。

**佐々木** 杉本さんのほうで、今、フィールドの産肉性形質とともにDNA解析サンプルの収集をやっているとのことですが、芝浦卸売市場などで集める産肉性記録データは、性とか季節とか年とか農家の影響があって、そのままでは使えないですね。

それらのデータが本当に生きてくるのは、バックの情報を合わせてとり、そういうバックの環境的な要因の影響をうまく取り除くということが大前提だと思います。フィールドのデータを使ってQTL解析をする場合、環境的な要因の補正をしないで分析しますと、大まかに何か関係がありそうだというのが出てくる。QTL解析に使っているのは200とか300のデータですが、バックのデータには何万という枝肉情報の記録がある。これを使って、環境要因を取り除いて分析すると、結果が非常にシャープに出てくると言うケースを経験しております。

このような情報を今から集めているのは、先見の明があって非常にいいことだと思いますが、DNA解析には費用と労力がかかりますので、効率と言う点から、使えるデータと使えないデータを見分けるといい。使えるデータというのは、そのバックのデータが使えるもの、つまり、バックでそういう遺伝的な評価をきちんとやっている県なり団体から来ているものです。データベースをこれから構築していくときに、有効な情報を蓄積するという体制づくりが重要だと感じています。

とりわけ、今後ゲノムのシーケンス情報などが全部出てくることになれば、畜産の分野は、大量のデータが使えるので非常に有利な条件にあるわけです。その有利な条件を生かすためには、有効な情報が引き出せる体制が重要です。インフォマティクスの取り組みは非常に重要だと思うし、そこへ行くまでに、その情報を集める体制づくりをしておくのがいいと思っています。

**杉本** まだまだ、そんなにたくさん集まっているわけではありません。その中で使えないデータもけっこうあることは事実なのですが、それも含めて、あとで選べばいいというところです。なにしろ、と場に行ってそれが手に入るようにしたのは、ごく最近の話なのです。

**藤山** 私の所属は、国立情報学研究所でありまして、そういうITをどのように使うかというのが研究対象の一つなのです。その中で、今立ち上げようとしているプロジェクトに、どこかで聞かれたことがあるかもしれませんが、「ユビキタスコンピューティング」というのがあります。これは簡単に言うと「どこでも計算機」、どこにでもあるどこでも計算機、どこでもコンピューティングというのがタイトルです。

ところで、ウシの全個体にマイクロチップを埋めるようになるのですか。

**菱沼** ウシはマイクロチップではなくて耳標です。生まれてすぐ耳標を付けて、それが死ぬまで続く。ヨーロッパでもやっています。

**藤山** それを、マイクロチップ化することはできるはずですね。するとウシ1頭1頭ごとにデジタル化された情報が全部くっついて歩き回るということが、技術的には十分実現可能な時代になっているわけです。と場に来たものは、そのマイクロチップの情報をデータベースに移せば、先ほど言った必要な情報はすべてコピーできるはずですから、あとは要るものと要らないものはいくらかでも分けられます。

**菱沼** BSEの関連で、法律でもって、ウシは生まれたらただちに耳標を付けて、そのデータを、白河にある家畜改良センターに送らなければならない。さらに、これからのトレーサビリティは店頭まで行くことになっていますが、一連のものが一つの番号で管理されることになっています。

マイクロチップは公衆衛生上の問題その他がありまして、ウシにはマイクロチップは埋められないということで、今のところ統一見解は出ているようです。

**司会** バイオインフォマティクスは人が足りなくてということを知っていますが、畜産関係ではどういう状況なのですか。

**杉本** 動物遺伝研はソフト会社と契約して、システムエンジニアの人に常駐してやっています。とても自前ではできません。

**安江** STAFF研究所にも生物資源研にも家畜に関しては特にいません。STAFF研究所は、昔から、コンピューター会社と契約してやっています。

**藤山** ある意味では、ヒトゲノムにお金をつぎ込んだスピノフの成果だと思えますが、日本の場合、企業がけっこう力を付けてきているのです。いろいろなセンターに、SEや共同研究という形で人を派遣していたところが、経験と技術をたくわえてきたという状況が生まれています。

**国枝** 実際、食肉市場から得られた産肉形質のデータを使ってアソシエーション・スタディを行うに当たっては、バイオインフォマティクスがかなり重要になってくると思います。

当然、バイオインフォマティクスではヒトは家畜に比べて先行していますが、集団の遺伝的な構成は、ヒトと家畜では全然違うわけです。そうすると、はたしてヒトのものがそのまま使えるかということは、なかなか難しいという気がします。

ですから、日本の家畜、たとえば和牛という集団の遺伝的構成に見合った解析方法を独自に開発する必要があると私は前から思っているのですが、それに関してはどうですか。

**菅野** まさにそういうのが、大学が非常に大きく貢献できる場所ではないでしょうか。たぶん、解析手法も一様ではありませんから、何人かの先生たちが自分のこれこそというものを

プログラム化して、実際に杉本さんが持っているデータに当てはめる。そういう共同研究が大切ではないでしょうか。

**杉本** いま実際、会社から来ているシステムエンジニアの人は、佐々木先生のところの卒業生なのです。だから和牛には詳しいはずですよ（笑）。

**司会** 統計遺伝学というフィールドの人で、そちらへ流れた人もあるでしょうが、統計遺伝学そのものも、家畜の場合は、かなり研究勢力が小さくなってきていますね。そこまで回せるだけの余裕があるかどうか。

**佐々木** でも、それにはやはり対応していかないといけないと思います。

### <研究成果の実用化>

**司会** バイオインフォマティクスの話はそのくらいにして、次に、出口に近いほうの話をしていただきたいと思います。

#### ①遺伝病の診断

**司会** ではまず、現在いちばん実用に近い、遺伝病の診断技術、あるいは、それが治療まで結びつくものなのかどうか、そういう点についてはいかがでしょうか。

**藤山** 家畜の場合には治療はするわけですか。むしろ系統から外すということではないのですか。

**国枝** 疾患原因遺伝子を持つかどうかを診断して、キャリア個体を集団からできるだけ排除するように努力することになると思います。そう簡単に排除はできないでしょうが、長い時間をかけて徐々に排除することが重要だと思います。

**司会** ただ、優良遺伝子とリンケージしているゆえに残っている場合に、どうやって排除するかというのは、また難しいところがあると思います。

**国枝** 確かに優良な形質に関するQTLが本当にその遺伝病の遺伝子の近くにあるような場合は単純に排除するというわけにはいきませんが、そのようなことが具体的に証明されている例は、まだないように思います。

**辻** 黒毛和種のいくつかの遺伝病は、キャリアの診断技術が確立されていて、実用レベルに達しています。基本的には遺伝病のキャリアはなるべく使わない形で、遺伝病を終息させていこうという動きです。

以前は、遺伝病があると隠すという傾向が非常に強かったのです。遺伝病はネガティブな印象が非常に強い。ところが、遺伝子診断ができるようになってからは、生産現場の人も、あまり怖くないという印象を持ってきたというのが、遺伝病のキャリア診断技術が出来たいちばん大きなメリットではないかと思っています。

診断さえすればわかるので、疑心暗鬼にとられることはなくなって、的確に、排除したり、交配計画を立てることができるようになったのが、非常に大きなメリットです。

これからさらに遺伝病は見つかってくるでしょうが、それらに対する不安は、たぶん現場にはあまりないのではないかと。これまでは、遺伝病に対する恐怖心は非常に大きかったわけですが、遺伝子診断ができるようになってから、皆さんわりに安心して対応していると感じています。

我々は、一つひとつの遺伝病がどれほどの経済的な影響を及ぼすかの判断をして、国のレベルでそれを排除するかどうかを決めるという作業を、菱沼さんを座長にして話し合いをしてい

ます。

**菱沼** ホルスタインですと、全国で年間、種をつけるべき、子どもをとるべき雌が、120万頭ぐらいです。雄はたったの40頭です。40頭が120万頭の子どもを生産する。したがって、キャリア雄には印を付け明確にしておけば、心配であれば自分の雌も調べて、交配の選択が出来ます。

和牛でも本当に使っているのは100頭。雌は70万頭程度です。雄牛は、統計上は1000頭ぐらいいることになっていますが、実際には、使ってもしょうがない親父は使わないという仕掛けになっております（笑）。しかも、雄を管理しているところでは雄の名簿があって、これは何とかのキャリアという事が示されている。そういうものは極力、世代交代するたびに落としていくということになっていきます。

**司会** まだこれからもかなり、黒牛では遺伝病が出てくる可能性が高いと考えてもいいのですか。

**国枝** 遺伝病の原因遺伝子の解析と遺伝子診断の確立ということでは、日本の成果は世界のトップクラスであることは間違いのないと思います。でも、逆に言ってしまえば、それだけ日本の和牛の生産では遺伝病がたくさん出ているということになります。

ほ乳類であっても、昆虫であっても、普通の野生動物の集団では、一つの個体は、ゲノムの中に平均して四つや五つぐらいの遺伝子に突然変異を持っているといわれています。そうすると、このような集団である程度の近親交配が行われれば遺伝病が出てこないわけがないと考えられます。すなわち、和牛の場合は、生産様式が比較的小さな集団で、近交係数が高まるような交配様式をとる場合も多いことから、どうしても遺伝病が発生するチャンスが多くなってきます。今後も、まだまだ遺伝病が出てくる可能性は高いのではないかと思います。

そうすると、それに対してどうやって対処していくかということが重要になってきます。遺伝病が発生したときに即座に原因遺伝子を同定し、遺伝子診断法を確立することで、その遺伝病を解決できるシステムをちゃんと作っておくことがまず必要なことです。今までですと、病気が顕在化したあと、原因遺伝子が分かって遺伝子診断を確立するまでに5年も6年もかかったのですが、顕在化してから1年ぐらいで遺伝子診断法が確立できる、そういうツールやシステムができてくれば、それは一つの有効な解決方法だと思います。しかし、それ以外に、もっと根本的なところで、遺伝病の発生を予防するためには、近交化を避けるように日本の家畜の生産様式をもう少し考えて、改善していかなければいけないのかなという気もしています。

**司会** 現在は、生まれたあとで異常と判定されたものについて研究されています。私の専門のブタでもそうですが、かなり死産があつて、出生前に働いているような遺伝病もかなりあるのではないのでしょうか。ですから、見た目の異常だけではなくて、生産、繁殖率といいますか、そういうもの自体にも影響しているものも今後見つかっていく可能性があるのではないかと思います。

**辻** たぶん、そのとおりだと思います。いま遺伝病としてわかっているのは、生まれて以降の子どもの異常、発育の異常とか、そういうところから見つかっているわけで、受胎初期の死産というものには、原因が遺伝病のものがたくさんあると思います。しかし、それを調べる方法は今のところありません。それをどう見つけるかというのが、今後の大きな課題だと思います。

**安江** その方法として、連鎖不平衡を手がかりにして解析するのが新しい方法の一つでしょう。

**国枝** ノックアウト・マウスの例などを見ても、ある一つの遺伝子に突然変異を導入したと

きに、30～50%ぐらいは胎生致死になります。発生停止になってしまっているわけです。

実際生まれてきて、病気として顕在化するの、ある意味では、それほど決定的に重要でない遺伝子に突然変異が生じたときに限られます。私たちがいま家畜の遺伝病として見ているのはそういう例だとすると、日本でここ10年ぐらいで10近くの遺伝病が報告されていますが、おそらくその何倍もの胎生致死なり発生停止といった、表に出てこない遺伝子の突然変異が和牛の集団の中にはあるのではないのでしょうか。

そのような突然変異をどうやって見つけるかは、一つは先ほど安江さんの言ったような、全ゲノムを網羅したアソシエーション・スタディが最も有効な方法と考えられますが、これは非常に大変な作業です。

**杉本** 我々も、受精卵移植をやっているところから過排卵処理に反応しない雌牛の問題を解決してほしいと頼まれています。血統的に非常に優秀な雌牛を買ってきて、いざそれを受精卵移植の商売に使おうと思って卵を採ろうとしたら、全然採れない。そういうのがたくさん出てくる。いろいろな血統の雌牛で、特定の種雄牛の子どもばかりではありません。今のところ、サンプルでいただいたのは300頭ぐらいいるのですが、それでも、特定の種雄牛の娘に限ると5、6頭ぐらいしかいないのです。

ですから、普通の意味での連鎖解析は無理なので、国枝先生が言われたように、やはりアソシエーション・スタディをやらなければいけない。そうすると、猪子先生（東海大）たちみたいに3万個ぐらいマイクロサテライトをとるか、中村先生（東大）みたいに7、8万個のSNPでやるか、そういう話になってきます。

それをやれば、ちょっと得体の知れない、採卵できないのはなぜなのかという問題は解決するはずなので、利益は結構なものだと思います。その3万個のマイクロサテライトをランダムでとるのは、誰もやったことがないわけで、ドラフト・シーケンスを決めれば3万個をとるのは簡単なのです。

**藤山** それは、猪子先生にしる中村先生にしる、ヒトゲノムの概要配列データがあってこそ数です。

**杉本** ランダムにやっているわけではない。ゲノムのドラフト・シーケンスをやるというのは、アソシエーション・スタディをウシでも可能にするし、出生前のいろいろな時期での欠陥を見つけるというのも、それだったら可能な感じがします。

**安江** SNPsを集めるために、ともかくいろいろな個体からのcDNAをたくさん集めてきて、配列情報をアラインメントし、1ベース違うところを探すというのは、すでにいろいろなところで始めつつあって、そういう情報も役に立ってくるのではないかと思います。

**司会** ニワトリでは昔から、死ごもりとかいろいろ、そういう研究材料としては非常によく使われてきたものがあるので、ニワトリでやってもらうとある程度の情報は集まるのかなという気もするので、ニワトリのグループに検討してもらえればと思います。

**辻** うちの、雄1羽でニワトリのマップを作りました。そうすると、致死というか、分離がおかしなところが、11カ所ぐらいありました。11カ所に関して子どもがとれていないということ、分離がおかしいというのがありましたから、家畜の場合、一つの個体を見ると10カ所ぐらいの致死遺伝子を持っているのではないのでしょうか。

**司会** 遺伝病についても、考え方によっては広がりがある、今後まだまだあるということになるかと思っています。

## ②経済形質

**司会** それでは、今度は経済形質です。いちばん難しい問題でしょうが、家畜の経済形質はQTL解析を含めて今後どのように仕事を進めていくのか、あるいは、どういうことが期待できるのか。

**辻** ドラフト・シークエンスができることが前提ですが、そうしますと、大学の研究室で、それぞれ独自の興味を持って経済形質を追求するということが、かなり容易にできるようになると私は楽しみにしています。動物遺伝研がすべてを掌握してやるのは不可能なことなので、いろいろな動物について、いろいろな経済形質について、おのおの、いろいろなところの研究室、大学の研究室が、そういうものにアプローチして、これから成果が出てくるのではないかと期待はしています。

**藤山** 基本的な数字を教えてほしいのですけれども、ウシの経済規模というのはどのくらいなのですか。生産、売り上げ、そういう経済活動としての……。

**菱沼** ファームゲートで、ホルスタインの乳が7000億、肉牛を入れると1兆2、3000億でしょうか。農家段階です。乳代と枝肉代と合わせまして。末端に行きますと、乳業メーカーの販売額が、大手3社プラス中小入れて、2兆7000億ぐらい。バター、チーズ、牛乳で。

牛肉は、子牛の段階で3500億ぐらいですか。和牛が、40万として、 $4 \times 5 = 20$ で2000億。ホルスタインが100万頭の、10万円というか、ですから3500億。それに牛代が、130万頭殺されまして1頭40万円ぐらいで売れますが、それを掛け算しますと5000億ぐらいになりますか。

というのが農家段階の産業規模です。その間にいろいろ、各種セクターに関連産業が入っていますし、末端に行くとそれは大変な経済規模になるわけです。

**藤山** 0.5%でも、ゲノムのような基盤形成研究に回していただきたい（笑）。

**菱沼** 決して小さい数字ではないと理解してもらうことが大切です。

**司会** ブタも、だいたい、農家段階で6000か7000億。

**菱沼** そうです。畜産は3兆円です。トリを入れて、農家段階で。

**藤山** 薬はどのくらいですか。

**菅野** 怪しいですが、薬は8兆円ですかね。それは薬だけです。医療費は43兆円ですからね（笑）。

**菱沼** 農業全体、最近価格が下がっていますが、5、6年前ですと、農業のアウトプットはファームゲートで10兆円。今は、9兆7000億ぐらい。コメの価格が下がったからです。今や、作目別でのトータルでは、畜産がコメを抜いてトップに上がっています。

**司会** 今の藤山先生の質問に関連するのですが、どういう経済形質について何を目的に研究するのか。たとえば、今のところ、肉牛について言えば脂肪交雑と枝肉重量が主なものですが、今後もそういう方向で行くのか。あるいは、それ以外にこういうものもあると考えるのか。そのへんいかなものでしょうか。

**安江** ブタでは、やはりテーブルミートではないかと思います。ハムなどは輸出されてきますから、その中でフレッシュミートという形で食べる時の形質。そのへんが、日本としてフォーカスを当てていくところではないでしょうか。

**司会** おいしさということですね。

**安江** そうです。

**菱沼** 牛肉では自給率が40%を切って、6割前後は輸入に頼っています。豚肉でも、6割の自給率。卵は自給率がかなり高い。コスト的にも対抗している。そういう状況の中で、日本の生産者が頑張っていくためには、どうしても日本産のテーブルミートを質的に高めていって、



量と価格で勝負してくる海外のものに対抗することになる。しかも、国境措置はだんだん塀の高さが低くなっていきますから、どうしても肉質とかフレッシュさとか、そういう方向に行かざるを得ません。

**佐々木** これからさらに、脂肪交雑だけではなくおいしさということになっていくと思いますが、その解析をやろうとすると記録を取るのが大変です。やはり、脂肪交雑なりを手がかりにやっついていかざるを得ないのが、現状ではないでしょうか。

**菅野** 輸出はどれぐらいしているのですか。たとえば日本からアメリカに。

**菱沼** 牛肉はアメリカにアンテナショップをつくったりして、数十トンの単位です。価格が大きく違います。

**菅野** 僕はニューヨークにいたのですが、意外と向こうでも神戸肉はものすごいブランドでした。

**菱沼** 自由化のときに3工場ほど、USDAの指定を受けまして、それで、ニューヨークの瀬里奈には鹿児島か宮崎か群馬の牛肉が行っています。

意地を張って対抗して、「日本のウシはこんなにうまいんだ、あなた方のはうまくない」ということのデモンストレーションのために行ったようなものなのです。数十トンに行っているのですが、輸入している数十万トンに比べればお話になりません。

**司会** ブタの例で言いますと、私は30年ぐらいブタに関係しているのですが、その間ずっと、赤肉を多くする、脂肪を少なくする方向で改良してきました。これは世界的傾向だったのです。ところが最近になって、豚肉の食べ方が、しゃぶしゃぶとか角煮とか方向が変わってきて、ある程度脂肪があったほうがテーブルミートとしていいという話になってきた。そうすると、アメリカから種ブタを輸入しても使い物にならない、ヨーロッパから入れてもどうしようもない、じゃあどうするんだというのが、いま問題になっているわけです。

やはり、日本独特の食生活に合ったものがあると思うのです。脂肪はいかんと思っていたら、今になってみたら、方向転換しなければいけない。そういう長期的な見通しは非常に重要で、今になってみれば、パークシャー、黒豚、あんな効率の悪いものが生き残って、どんどん増えているわけです。鹿児島があれを30年間我慢して、歯を食いしばって持ってきたということが、いま評価されている。やはり、ある程度長期的に見通すということが非常に重要ですね。

そのへん、佐々木先生いかがですか。

**佐々木** 見通しですか（笑）。将来を見通すというのは本当に難しいです。和牛の場合も同じような話があります。昭和40年代、鳥取系統が発育が優れているということで重視され、その一方で、兵庫系統の牛は発育も悪いし、放牧にも適さないということであまり評判はよくありませんでした。ところが、50年代に入り、肉質が重視されるようになると一気に但馬牛が脚光を浴びるようになりました。牛肉輸入の自由化後は、その傾向に一層の拍車がかかったことは記憶に新しいところです。

ところで和牛の将来についてですが、和牛の場合には、筋肉の中に特異的に脂肪が入ってくる。これは非常な特徴ですね。アンガスをはじめ外国種は、筋肉の中にも脂肪は入ってくるのですが、そのときには皮下や筋間にもものすごくたくさんの脂肪をためて、初めて筋肉の中にも入ってくる。その点では和牛は優れた特徴がある。健康的でなおかつおいしい牛肉となると、この遺伝子は非常に重要なのではないかと。やはり味には脂肪が非常に大きくかかわっております。

**司会** そういう見通しで、家畜改良センターで十何年前から、脂肪交雑を目的としてファミ

リーを作っているわけですね。研究所の戦略として、ああいうものが今後核になっていくのですか。

**杉本** あの家系でないとマップできないところがけっこうあるのではないかと思います。黒毛は品種の中で、脂肪交雑でばらつきはありますが、入らないものでも、アンガスと比べて破格に脂肪交雑が入っている。脂肪交雑QTLの主要な遺伝子はほとんどホモ化しているのではないかと。そういう遺伝子は連鎖解析でとれるわけがない。それはリムジンなどとの交雑でやればわかるのではないかと思います。

それから、あれは、2頭の黒毛の血統が違っていると聞いていますので、かなり和牛を代表する家系の構成ができていないのではないかと思います。

**菱沼** 本当は1頭だけでやろうと思ったのですが、いろいろなことがあって2頭にばらしてファミリーを作りました。日本が国際的に牛肉の世界で強いというのは、黒毛を持っているからなのです。黒毛は、特殊な遺伝的な能力を持っているのだと思います。

いま家畜改良センターが持っているリソースファミリーは、誰が音頭を取るのかは別ですが、研究機関にもいろいろとところに協力してもらって、何か大きな解析プロジェクトみたいなものを作るべきではないか。和牛の後代検定のときに取りデータ以上の測定をしています。かなり労力のかかる測定をやっており、貴重なデータが集まりつつあるという状況だと思います。同じ方式で肥育もし、種付けから何から全部データを取ってありますし、そろそろ解析に入らなければいけない。肥育だけでF2は二百数十頭やっていますでしょう。センターも、自分たちだけでやろうと思っても、とてもそんな能力はありません。

**辻** あれがスタートするときに、ワシントン・ステートがリソースファミリーを作っているという話がありました。あれはどうなってしまったのですか。それ以後全然聞かないのですが。

**杉本** あれは、F2を作るのではなくて、F1の雄にたくさんの雌を交配する、父方半兄弟家系です。普通のウシのリソースファミリーで今までにあるのが、ケニアの国際畜産研究所が作ったトリパノゾーマ抵抗性のF2ファミリーです。これも200頭ぐらい。これが唯一の例で、家畜改良センターは経済形質で最初の例です。そのあとに続く家系は、たぶんありません。

**佐々木** こういうリソースファミリーについては詳細なデータを取ることができるわけで、先ほどのおいしさのようなものとか、実際にフィールドでは取れないような情報も含めて取る。そういう方向でみんな全面的に協力をしてやるという方向を、ぜひとってもらいたいと思います。

**司会** QTL解析ですけれども、先ほどから話は、少なくともある程度のメジャーな働きをしている遺伝子を見つけようということが最終的な目的なのでしょう。そうではなくてマーカーで選抜するという、マーカー育種とかマーカー選抜とか、そういうことがその前に利用できるのではないかと考え方を、みんな持ってきたと思います。そのへんの可能性は、実際問題としてどうなのでしょう。

**杉本** 和牛の育種改良というのは、残念なことながら県単位でやっており、県同士はすごい競争をしているわけです。鹿児島県と宮崎県は、非常によく似た構成の系統を持っているのですが、その2県は絶対に交流しないとか、兵庫県は絶対兵庫県でしかやらないとか、そういうのがあります。

兵庫、宮崎、鹿児島に関して言えば、自前で家系解析をやってマッピングし、ハプロタイプを作って、優良型かそうでないかで、次の種雄候補牛の選抜に実際使っています。

それ以外の県はどうしているかといいますと、家畜改良事業団の種雄牛に関して、共同研究

の中で、その種雄牛だけ例外的に全部公開したのです。アリアルまで全部。そうすると、山形とか広島とかそういうところは、その情報を使って種雄牛の選抜をやって、しかもそれが県のホームページに載ったものだから、家畜改良事業団はびっくりして、こんなことをさせるなどか……。

期待は非常に大きい。現在、候補種雄牛や種雄牛を選ぶのに使ったわけですから、これから交配して子が生まれて、その次の子を出すと、その結果は4、5年後に出てくるわけで、いま使っている情報に意味があったかどうか、そのときにやっとわかる。非常に息の長いことでもあります。

**司会** ブタもやっていたと思いますが、ブタはQTL解析で終わっているのですか。マーカー育種を実際にやってみようという動きはあるのですか。

**安江** まず実験家系で、椎骨数等で選抜できるところまでは行っています。ただ、いま問題のテーブルミートのおいしさについては、現在、肉質として取り組んでいる状況です。脂肪酸の組成や脂肪の硬さで測られているのですが、それらがどのように美味しさに関わっているかはこれからの問題だと思います。

**司会** 私は、マーカー育種は、どこかが成功例をまず一つ示さなければいけないと思います。それは中小家畜でも何でもいいのですが、やってみてうまくいったという例が、とにかく必要。ニワトリでもブタでもいいのですが、やってみたらこういうふうに関係が改良されたという成功例を作ってくれと言っているのですが、なかなか出てこないのです。

**佐々木** それについて思うのですが、一つのQTLの解析で関連が見つかったからといって、それだけについて選抜するのでは、うまくいかないのではないかと。種雄牛作りのために、いい雄牛といい雌とを選んで交配して、その生まれた子どもにでも、分離があるわけです。その分離しているものを予備選抜するところに、このQTLあるいはマーカーを使うというのであれば、これは、実証が比較的早くできるのではないかと。本当に連鎖しているのであれば、できると思います。そのあたりで示していくのが一番でしょう。

量的形質である以上、一つの遺伝子座が単独に関与しているのは、特殊のケースであるかもしれない。多くの場合には、遺伝子座と遺伝子座との間の相互作用があると思うので、選抜に使うためのQTLとしたら、ちょっと手前みそになって恐縮ですが、我々の研究室でも取り組んでいる複数のQTLを取り上げて、同時に解析して、その遺伝子座間の相互作用までも取り上げる必要があります。

我々がやっているので見ますと、個々のQTLの遺伝子座については効果を持たない、主効果を持たない、しかし相互作用だけは持っているというのものもあるわけです。ですから、やはり、選抜に利用するためのQTLということになると、複数のQTL解析を狙う必要があります。

そうなると、やはりフィールドのデータを大量に集める。大量にフィールドのデータを集めると、これには環境要因が大きく関与しているので、それをうまく取り除くシステムを作る。そういうところが重要になります。

**司会** あまり司会が話すのはいけませんが、非常に小さい集団で、イントログレッションみたいな格好で、バッククロスで新しい形質を取り入れる。植物の場合はだいたいそれを目的としてマーカー育種を考えています。和牛とホルスタインは全然別の世界だと思いますが、中小家畜の場合は、梅山豚の多産性の性質を大ヨークシャーに取り入れるとか、そういうケースで、マーカー育種というのは実用性があるのではないのでしょうか。

**佐々木** そうですね。私がいま申し上げた計画交配とイントログレッションあたりは、いち

ばん効果の出しやすいケースと思います。

**司会** いずれにせよ、マーカー育種も宣伝してから少し時間がたっているのですが、これまでの結果を集約し、そのへんももう一回おさらいしておく必要があるのではないかという気がします。

**杉本** 去年の畜産学会で宮崎県が、脂肪交雑の領域について、それを保有している種雄牛が何頭かいて、後代検定ですが、その家系の中の産子で持っているか持っていないかの検定をやったところ、ちゃんと有意差が出たというので、非常に喜んでいました。

そこのQTLだけですべてやろうとするのは無理ですけど、宮崎の種雄牛の中でその領域をホモ化しようとするのは、べつにかまわないと思います。

ところが、なにしろ時間がかかるものですから、一回選抜してその効果がどうだったか。実際にどの県がどういうふう実践して、どういう結果を得たかは、まとめなければいけないと思います。

**司会** そのほか、この関連分野で何かありますか。

**杉本** 家畜改良センターがブタのリソースファミリーを作って、ブタの筋肉内脂肪QTLのBACの整列化に成功しました。我々がやっているウシの脂肪交雑と同様に、マーカーの間隔を密にして、アソシエーション・スタディに持っていこうかと考えたのですが、ブタの場合、肥育したブタからの試料をと場で採ることが事実上不可能だというのは本当ですか。

ブタは三元交配ですから、デュロック由来の遺伝子型はたいていの肉豚で見られます。デュロックがかかっている系統豚で肥育された成績と、そのDNAサンプルさえ集まれば、アソシエーション・スタディが可能なのですが、と場でどうやってそのサンプルを採るか。

**司会** 大きなと場で、流れ作業でやっているようなところはたぶん難しいでしょうが、中規模以下のと場で、そのと場で立ち会いながら採れば、採れるでしょう。

**国枝** マーカーアシステッド選抜やQTLのアソシエーション・スタディでは、和牛などの集団はそんなに大きくないので、その集団中にあるハプロタイプを網羅的に同定すること、あるいは、いくつかのマーカーを組み合わせたハプロタイプ・ブロックを網羅的に同定するのは可能なのではないかと思います。それができると、特定の形質と関連しているハプロタイプを特定することで、アソシエーション・スタディもずいぶん楽になってくるのではないのでしょうか。

そのためにはもちろん、マイクロサテライト・マーカーはかなりたくさん、それこそ数万ぐらい必要となりますが、そのような条件が整えば、染色体の特定の領域については和牛の集団の中にはどのようなハプロタイプがあるというようなことが全部データベース化されて、アソシエーション・スタディやマーカーアシステッド選抜も、飛躍的に進んでくるといった感じがします。

しかしそのためには、また先ほどの話に戻って、どれだけマイクロサテライト・マーカーが得られるかと言うことが重要になってきます。そうすると結局、ゲノムの全配列の決定、ドラフト・シーケンスを得ること必要だということになります。

### <今後の展望と期待>

**司会** そろそろ時間も迫ってきていますので、この座談会の締めくくりとして、今後の家畜ゲノム研究の展望、期待するもの、あるいは、こういうことに注意したらいいという点など、お願いしたいのですが。

**菅野** 育種の中核は遺伝学で、ゲノム配列は究極の遺伝子地図ですから、ゲノム研究を応用

した方法は育種の中心を占めるようになると考えられます。これに素早く対応すると、育種の世界で優位に立てるでしょう。そのためには、第一に研究材料の地道な整備が必要。これに加え、遺伝子タイピングの技術の整備と情報解析の中核形成が必要です。特に、情報解析を实地に即した形で、しかも高度な内容も加味したものとして整備していく必要があります。情報分野では、基礎と応用が意外に近いのも注意を要することです。情報部分は従来の農学教育の中に無かったものなので、啓蒙も必要になるでしょう。

以下は独り言として聞いていただければいいのですが、正直、魔法はなく、やるべきことをやっ行って行くしかないのです。ゲノムが現場を変えるのは、配列が出てから10年、つまりこれからです。しかも、分子生物学とか情報科学とか従来経験しなかったものが入ってきます。これに対応するのは本来国研の仕事ですが、今までの実績が大切で、それに積み上げる形でないと生きたものにはなりません。日本の農業と言った観点からの、取り組み・支援が本当に必要だと思います。日本人はすぐ付和雷同するので、目先、目先と言われると、すぐその気になりますが、2-3年先の目先は純粋な民間がやればよい。今は腹をくくって、目先のふりをしながら、10年先を見てやる場所でしょう。それが結局日本のためになる。他があるなら良いが、畜産は、ここ(動物遺伝研)だけなので、がんばるしかないと思います。

もう一つ、今とは全く違う観点ですが、バイオの利用という広い観点から言うと、例えば牛乳の中にワクチンを含ませる、卵の中に大量の有用タンパクを作るという動物工場についてはどう考えているのでしょうか。生き物を生き物として使うものというのは、農林水産省の守備範囲かと思いますが。そうすると、そのへんについてのフィロソフィーも必要になってくると思いました。

**藤山** 私はわりと食べるのが好きなほうなのですが、食べ物に対する嗜好というのは年を追って変わっていくと思うのです。つまり時代によってです。だから、サシが入るのがいい肉なのか、それとも、ほどほどに入って、なおかつ全体として味があるのがいいのかというのは、遺伝子を持って、そういう選抜ができるというシステムを組んでいけば、上手に対処できるのではないのでしょうか。そういう意味で、大事なことをやられているのだと思いました。

それから、畜産の範ちゅうに入るのかどうか、たぶん入らないと思いますが、もう一つ日本人の主要な食糧源は魚ですね。養殖とか放流とかいうのにも、りゲノムの観点をどこかで入れていったほうが良いような気がします。たとえば、変な話ですが、サケなどは回遊してくるわけですから、その回遊のしくみがわかれば、アメリカが放流したのをちょっといただいってくるとか、そういうこともできるかな(笑)。

**安江** 魚のゲノム解析の対象としては、ヒラメが考えられています。その大きな理由として、ヒラメは人工海水を用いて、陸上に設置したプールで比較的容易に飼えること、更には、輸送も容易であることなどです。従って、先ず、産業魚としてヒラメで解析を展開しようという考えを持っているようです。

**司会** 今度は畜産の先生方に。

**辻** ここ数年の間に、全ゲノム塩基配列が決まり、個々の遺伝子の制御領域も含めた構造も明らかになるでしょう。現在、幾つかの遺伝子を対象に研究をしていますが、現在はこれにかなりの時間と労力を費やしているのですが、それらの遺伝子座の究明を行う必要もなくなる。また、現在企画していますアソシエーションスタディーの結果得られる、DNAマーカーと関連する経済形質を支配する複数の遺伝子を容易に推定できる事になり、これまでとは比べ物にならないくらい、研究時間と経費を節約できるものと期待されます。それによって、ここ数年でマ

ーカーアシスト選抜の出口が見えてくると期待しています。

**佐々木** 家畜のゲノム研究を進めていく上で、ヒトや実験動物と比べていろいろとハンディがあることも確かですが、家畜の場合はフィールドで多数の個体の表現型値の記録が得られること、何世代にもわたって祖先の血統情報が整理されていること、等の利点もあります。この利点を活用して、QTL解析のための家系を選択して、DNA上法を収集すれば、ヒトや実験動物よりは格段に質の高いQTL解析系を構築することが出来ると考えられます。そこで、多くのQTLおよびそれらの相互作用の情報が得られれば、マーカーアシスト選抜が家畜育種の選抜効率を飛躍的に高めてくれると期待されます。

一方、QTL解析により検出された経済形質遺伝子座の位置情報を基に有用遺伝子を同定・クローニングするには、家畜の場合まだまだ整備しなければならない多くの課題があります。今後家畜のゲノム解析における特徴と限界をよく吟味して、家畜に最もフィットした遺伝子の同定・クローニング戦略を構築し、その戦略に必要な基盤を国を挙げて集中的に整備することが喫緊の課題であると思います。

**国枝** 今後、ウシの全ゲノムが明らかとされれば、連鎖マーカーの数は今と比べものにならないほど増えるでしょう。また、タイピングの技術もDNAチップの利用など、どこかで画期的なブレイクスルーがおこり、飛躍的に多量のタイピングが可能となると思われます。

このような技術的発展によって、将来は和牛生産集団のかなりの個体について、全染色体を網羅したマーカーのタイピングにより、一頭一頭の遺伝的プロファイルの作成が可能となるのではないのでしょうか。このような遺伝的プロファイルが作成できれば、それに生産形質、疾患に関する記録や繁殖成績等の各個体のデータを統合したデータベースを構築することで、アソシエーション・スタディによって、肉質等はもちろんのこと、胎生致死や疾患感受性、繁殖障害のような形質を支配する遺伝子の染色体上の位置を、生産集団よりルーチンで得られたデータを用いて特定することが可能となると期待できます。

そのために必要なことは、全ゲノムの解析と、タイピング技術の革新、そして家畜生産集団を対象としたデータの解析のためのバイオインフォマティクスの確立と考えています。

**司会** 今度は動物遺伝研の研究について、何かご注文なり期待するものなりあれば、どうぞ。

**佐々木** ぜひ基盤的な部分をやっていただきたい。我々には、細かい解析等はいろいろできる人もいるし時間もあるので、そういう形での連携がとれるような体制に持って行っていただけたらありがたいと思います。

**辻** まったく同意見です。個々の大学では、基盤整備というようなことはとても手が出ませんから、遺伝研に頑張ってもらって、その成果を大いに利用させていただくという形で研究に取り組ませていただきたいと思います。

**国枝** 私も基盤整備についてはまったく同意見です。それに加えて、先ほどもゲノム解析にはまだ人材が十分ではないという話がでましたが、人材の育成と言うことは、いわば大学の役目であり、バイオインフォマティクスも含めたゲノム解析に対応した人材を育成して、畜産の世界にどんどん輩出しなければいけないと考えています。そういう人材の育成と言った面でも、大学から学生を動物遺伝研に派遣したり、逆に遺伝研の研究員を大学に受け入れたりという形で、遺伝研と大学は協力できるのではないかと考えています。

**司会** では、行政サイドとっていいのかわかりませんが……。

**菱沼** 今後は中央競馬会の資金、あるいは、行政の畜産の予算もかなり厳しい時代がやってくるのではないかと考えておりますので、ほかの資金を使うにしても、調達というか、入手で

きる実績とPR、あるいは同種の仕事関連の方達の協力が必要なのではないか。それが一つです。

それから、我が国は和牛を持っているので、やはり和牛に力を入れて、県と協力したデータを、国レベル、全体で活用できるような方向を、今後考えていかなければいけない。

せっかく家畜改良センターで、世界的にも貴重なリソースファミリーができて、データも収集されて来たので、それをどういうふうに皆さんと一緒に解析していくか。

それから、今年度からですか、BSE関係の研究。BSEの耐性牛。しばらくはBSEも、いろいろな方面で関連した仕事の発展性もあるし可能性もあるので、そういった事業にどうやってうまく取り組んでいくのかということもあるのではないかと思います。

先にも話しましたが、誰が、あるいはどこが全体の音頭を取るかということ、もう一回考えてみる必要があるかと思います。しかも早急にやる必要がある。つまり、旗をたてることが重要なのです。そのためには、家畜改良センターのリソースファミリーなどを使って成果を早く世に出すことが重要です。

**司会** 最後に、私も思いを述べさせていただきますが、家畜のゲノム研究は、第一義的に畜産という産業のニーズに応える研究分野であるという認識を研究者が持つことがまず必要であると考えています。そして、各種生産組織、生産団体等にゲノム研究の進展状況を紹介すると共に、ニーズをくみ取る機会を作ることが大切なことだと思っています。



この座談会の終わりに当たって、これまでの皆さんのお話を集約するということはしませんけれども、いずれにせよ家畜ゲノム研究はこの10年間非常に成果を上げてきて、もうちょっと頑張れば実用化まで行くようなところまで来ている。ところが、逆に予算的な面では非常に厳しい状況に置かれているということです。

目の前に成果が実りつつあるわけですから、何とかみんな、畜産陣営が一体化して頑張っていく必要があるのではないかと思います。

もう一つ、動物の遺伝育種の研究陣営が学会まで立ち上げてここまでやってきたことには、畜産技術協会なり研究所に負うところが多分にあります。これからも、我々のゲノム研究の求心力ある組織として活躍していただけることを期待して終わります。どうもありがとうございました。

# V 資 料



# 1. 職員名簿

## 1) 現職員

(平成15年3月31日現在)

所 属	職 名	氏 名
所 長 管 理 部	所 長	松 川 正
	部 長	高 田 耕 節
	補 助 員	浅 比 紀 子
	補 助 員	芳 賀 元 子
動物遺伝研究部	部 長	杉 本 喜 憲
	主 任 研 究 員	高 須 賀 晶 子
	主 任 研 究 員	高 渡 邊 敏 夫
	研 究 員	溝 口 康 子
	研 究 員	竹 田 晴 子
	研 究 員	平 野 貴 也
	研 究 員	井 原 尚 也
	研 究 員	伊 藤 智 仁
	研 究 員	高 野 淳 子
	補 助 員	高 渡 辺 恵 美 子
	補 助 員	塚 澤 浩 子
	補 助 員	藤 田 郁 子
	補 助 員	伊 藤 千 代 子
	補 助 員	藤 井 友 子
	補 助 員	鳴 島 亜 希 子
	補 助 員	金 内 由 美 子
	補 助 員	緑 川 淑 枝 子
	補 助 員	丸 山 久 美 子
	補 助 員	真 船 文 恵 子
	補 助 員	高 田 亜 紀 子
	補 助 員	星 優 美 裕 子
	補 助 員	相 馬 千 裕 子

## 2) 歴代職員名簿

氏 名	職 務	在 職 期 間
ア行 青 木 靖 子	補 助 員	9.8.16~10.4.15
浅 比 紀 子	補 助 員	9.1.16~現在
阿 部 桂 子	補 助 員	10.9.1~12.12.31
石 田 充 代	研 究 員	10.10.1~13.4.30
伊 藤 千代子	補 助 員	8.11.16~現在
伊 藤 智 仁	研 究 員	9.9.1~現在
井 上 美 穂	研 究 員	5.2.1~9.3.31
井 原 尚 也	研 究 員	8.4.1~現在

氏名	職務	在職期間
カ行	Agaba M. Kasigwa	9.4.1~10.12.31
	鎌田啓二	所長(兼) 4.9.1~6.8.1
	金内由美子	補助員 9.9.1~現在
	神田寛子	補助員 12.4.1~12.9.14
	菊地五月	補助員 8.2.16~8.11.15
	糸井キヌ子	補助員 5.3.22~8.6.15
	車田馨	総務課長 10.4.1~13.6.30
	小宮山鐵朗	所長 6.8.2~9.6.24
サ行	佐々木慎二	研究員 11.3.1~13.8.31
	塩野谷亜紀	研究員 11.2.1~13.7.31
	杉本喜憲	動物遺伝研究部長 4.9.1~現在
	鈴木春美	補助員 10.9.1~12.4.15
	相馬千裕	補助員 14.4.1~現在
タ行	高須賀晶子	主任研究員 9.8.1~現在
	高田亜紀	補助員 10.9.1~現在
	高田耕節	管理部長 13.6.1~現在
	高野淳	研究員 14.6.1~現在
	竹田晴子	研究員 5.7.12~現在
	地頭蘭綾子	研究員 11.4.1~13.3.31
	塚澤浩子	補助員 5.4.12~6.2.28/6.10.16~現在
	辻村とし美	補助員 5.2.8~5.3.17
	筒井國安	管理部長 4.8.1~10.4.30
ナ行	鳴島亜希子	補助員 9.5.16~現在
	二瓶里恵	補助員 10.10.1~11.12.15
ハ行	芳賀元子	補助員 8.6.16~9.1.16/10.4.1~現在
	原一夫	研究員 8.4.1~12.11.20
	平野貴	研究員 6.4.1~現在
	広常真治	主任研究員 10.3.16~13.7.31
	藤井友子	補助員 9.5.16~現在
	藤田郁子	補助員 8.11.16~現在
	星優美	補助員 13.12.1~現在
マ行	穂積洋子	補助員 13.7.16~13.11.15
	松川正	所長 9.8.1~現在
	真船文恵	補助員 12.4.16~現在
	丸山久美子	補助員 10.10.1~現在
	水野純子	補助員 9.5.16~10.9.15
	溝口康	研究員 9.4.1~現在
	緑川淑枝	補助員 10.6.16~現在
ヤ行	山本尚子	補助員 13.11.16~14.3.15
ワ行	渡辺恵美子	補助員 6.1.21~現在
	渡邊敏夫	主任研究員 5.4.1~現在

## 2. 研究発表

### 1) 論文発表

(平成6年度)

1. 井上美穂、渡邊敏夫、塚澤浩子、杉本喜憲：和牛のマイクロサテライトDNA多型解析、DNA多型、2：178-180, 1994

(平成7年度)

2. 井上美穂、渡邊敏夫、平野貴、塚澤浩子、渡辺恵美子、杉本喜憲、山口浩、森田光夫：和牛個体識別マーカーの検索、DNA多型、3：237-240, 1995

3. 山口浩、井上美穂、渡邊敏夫、平野貴、塚澤浩子、渡辺恵美子、杉本喜憲：和牛の親子判定および全兄弟の個体識別、DNA多型、3：241-244, 1995

4. Ohashi, M., Oyanagi, M., Hatakeyama, K., Inoue, M. and Kominami, R.: The gene encoding PBP74/CSA/Mortalin-1, a novel mouse hsp70. *Genomics*, 30:406-407, 1995

5. Inoue, M., Hirano, T., Nakane, S., Watanabe, T., Takeda, H., Yamakuchi, H., Morita, M., Barendse, W. and Sugimoto, Y.: Five bovine polymorphic dinucleotide microsatellite loci (DIK008, DIK010, DIK015, DIK016 and DIK020). *Animal Genetics*, 26:447-448, 1995

6. Watanabe, T., Hirano, T., Nakane, S., Inoue, M., Takeda, H., Mizoshita, K., Ximin, L., Barendse, W. and Sugimoto, Y.: Five bovine polymorphic dinucleotide microsatellite loci (DIK021, DIK023, DIK024, DIK026, and DIK028). *Animal Genetics*, 26:448-449, 1995

7. Inoue, M.: Application of paternity discrimination by DNA polymorphism to the analysis of the social behavior of primate. *Human Evolution*, 10:53-62, 1995

(平成8年度)

8. 平野貴、中根悟、村山(井上)美穂、渡邊敏夫、杉本喜憲：和牛多型性マイクロサテライトを用いる半自動化個体識別システム、DNA多型、4：127-131, 1996

9. Hirano, T., Nakane, S., Mizoshita, K., Yamakuchi, H., Inoue-Murayama, M., Watanabe, T., Barendse, W. and Sugimoto, Y.: Characterization of 42 highly polymorphic bovine microsatellite markers. *Animal Genetics*, 27:365-368, 1996

10. Sugimoto, Y. and 54 others: Comparative genome organization of vertebrates. *Mammalian Genome*, 7:717-734, 1996

(平成9年度)

11. Hirano, T., Sugimoto, Y. and 12 others: A comparative linkage map of human chromosome 13 and bovine chromosome 12. *Genomics*, 39:47-54, 1997

12. Sugimoto, Y., Agaba, M., Hirano, T., and 64 others: A medium density genetic linkage map of the bovine genome. *Mammalian Genome*, 8:21-28, 1997

13. Mizoguchi, Y., Kim, J.Y., Enami, J. and Sakai, S.: The regulation of the prolactin receptor gene expression in the mammary gland of early pregnant mouse. *Endocrine Journal*, 44:53-58, 1997

14. Kim, J.Y., Mizoguchi, Y., Yamaguchi, H., Enami, J. and Sakai, S.: Removal of milk by suckling acutely increases the prolactin receptor gene expression in the lactating mouse mammary gland. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 131:31-38, 1997

15. Mizoguchi, Y., Yamaguchi, H., Aoki, F., Enami, J., and Sakai, S.: Corticosterone is required for the prolactin receptor gene expression in the late pregnant mouse mammary gland. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 132:177-183, 1997
16. 溝口康：泌乳開始における乳腺プロラクチン受容体遺伝子発現の役割、動物遺伝研究会誌、6：26-30, 1997
17. Nagasaki, H., Yamamoto, K., Shomura, A., Koga-ban, Y., Takasuga, A., Yano, M., Minobe, Y. and Sasaki, T.: Rice class III chitinase homologues isolated by random cloning of rice cDNA. *DNA Research*, 4:379-385, 1997
18. Inoue-Murayama, M., Hirano, T., Watanabe, T., Mizoshita, K., Yamakuchi, H., Nakane, S., and Sugimoto, Y.: Individual identification and paternity control of Japanese Black cattle based on microsatellite polymorphism. *Animal Science and Technology*, 68:443-449, 1997
19. 矢澤滋人、青柳敬人、溝下和則、猪八重悟、杉本喜憲：核移植由来黒毛和種牛におけるマイクロサテライトDNA多型領域の解析、日本畜産学会報、68：1166-1169, 1997
20. 山本あや、佐藤周二、杉本喜憲：鶏のNramp様遺伝子の単離について、畜産生物工学研究、3：1-9, 1977
21. Kohno, K., Oshiro, T., Kishine, H., Wada, M., Takeda, H., Ihara, N., Imamoto, F., Kano, Y. and Schlessinger, D.: Construction and characterization of a rad51rad52 double mutant as a host for YAC libraries. *Gene*, 188:175-181, 1997  
(平成10年度)
22. Takeda, H., Yamakuchi, H., Ihara, N., Hara, K., Watanabe, T., Sugimoto, Y., Oshiro, T., Kishine, H., Kano, Y. and Kohno, K.: Construction of a bovine yeast artificial chromosome(YAC) library. *Animal Genetics* 29:216-219, 1998
23. Taylor, J.F., Eggen, A., Aleyasin, A., Armitage, S.M., Barendse, W., Beever, J.E., Bishop, M.D., Breneman, R.A., Burns, B.M., Davis, S.K., Elo, K., Harlizius, B., Kappes, S.M., Keele, J.W., Kemp, S.J., Kirkpatrick, B.W., Lewin, H.A., Ma, R.Z., McGraw, R.A., Pomp, D., Stone, R.T., Sugimoto, Y., Tearle, A.J., Vaiman, D., Vikki, J., Williams, J.M., Yeh, C.C. and Zanotti, M.C.: Report of the first workshop on the genetic map of bovine chromosome 1. *Animal Genetics* 29:228-235, 1998
24. Nakajima, E., Itoh, T., Suzuki, K., Kawakami, K., Takeda, A., Onishi, A. and Komatsu, M.: Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the  $\alpha$  subunit of porcine eight component of complement. *Animal Genetics* 29:377-380, 1998
25. Ihara, N., Yamakuchi, H., Hirano, T., Takeda, H., Taniguchi, Y., Sasaki, Y., Davis, S.K., Taylor, J.F., Barendse, W. and Sugimoto, Y.: Physical and genetic mapping of bovine CEBPA and PPARG genes. *Animal Genetics* 29:398-400, 1998
26. 金井芳之、佐々木慎二、黒沢良知、三浦恵二：ヌクレオバインディンとPN様血管炎。腎と透析45：221-228, 1998  
(平成11年度)
27. Pirottin, D., Poncelet, D., Grobet, L., Royo, L.J., Brouwers, B., Masabanda, J., Takeda, H., Fries, R., Sugimoto, Y., Womack, J.E., Dunner, S. and Geroges, M.: High-

resolution, human bovine comparative mapping based on a closed YAC contig spanning the bovine mh locus. *Mammalian Genome* 10:289-293, 1999

**28.** Wakui, S., Furusato, M., Sasaki, S., Muto, T., Takahashi, H., Masaoka, T. and Ushigome, S. : Expression of vascular endothelial growth factor in N-butyl-N-(4-hydroxybutyl)nitrosamine induced rat bladder carcinogenesis. *Veterinary Pathology* 36:111-116, 1999

**29.** Wakui, S., Furusato, M., Muto, S., Sasaki, S., Takahashi, H., Masaoka, T. and Ushigome, S.: Expression of sialic acid residues in renal tubule of streptozotocin-induced diabetes rats. *Journal of Toxicologic Pathology* 11:49-53, 1999

**30.** Hirotsume, S., Fleck, M.W., Gambello, M.J., Bix, G.J., Amy Chen, Clark, G.D., Ledbetter, D.H., McBain, C.J. and Wynshaw-Boris, A.: Graded reduction of Pafah $\beta$ Lis1 gene activity results in neuronal cell autonomous migration defects and early embryonic lethality. *Nature Genetics* 19:333-339, 1999

**31.** Kimber, W., Hsieh, P., Hirotsume, S., Yuva-Paylor, L., Sutherland, H.S., Amy Chen, Ruitz-Lozano, P., Liyanage, M., Hoogstraten-Miller, S., Chien, K., Paylor, R., Scambler, P.J., and Wynshaw-Boris, A.: Deletion of 150 kb in the minimal DiGeorge/velocardiofacial syndrome critical region in mouse. *Human Molecular Genetics*, 12:2229-2237, 1999.

**32.** Paylor, R., Hirotsume, S., Gambello, M.J., Yuva-Paylor, L., Crawley, J.N., Wynshaw-Boris, A.: Impaired learning and motor behavior in heterozygous Pafahlbl(Lis 1) mutant mice. *Learning and Memory*, 5:521-537, 1999.

**33.** Gambello, M.J., Hirotsume, S., and Wynshaw-Boris, A.: Murine modeling of classical lissencephaly. *Neurogenetics*, 2:77-86, 1999.

**34.** van Hooft, W. F., Hanotte, O., Wenink, P. W., Groen, A. F., Sugimoto, Y., Prins, H. H., and Teale, A.: Applicability of bovine microsatellite markers for population genetic studies on African buffalo (*Syncerus caffer*). *Animal Genetics*, 30: 214-220, 1999.

**35.** Yamakuchi, H., Agaba, M., Hirano, T., Hara, K., Todoroki, J., Mizoshita, K., Kubota, C., Tabara, N., and Sugimoto, Y.: Chediak-Higashi syndrome mutation and genetic testing in Japanese Black cattle (Wagyu). *Animal Genetics*, 31:13-19, 2000.

(平成12年度)

**36.** Kobayashi, N., Hirano, T., Maruyama, S., Matsuno, H., Mukoujima, K., Morimoto, H., Noike, H., Tomimatsu, H., Hara, K., Itoh, T., Imakawa, K., Nakayama, H., Nakamaru, T., Sugimoto, Y.: Genetic mapping of a locus associated with the bovine chronic interstitial nephritis to chromosome 1. *Animal Genetics*, 31:91-95, 2000.

**37.** Watanabe, T., Ihara, N., Itoh, T., Fujita, T. & Sugimoto, Y.: Deletion mutation in *Drosophila* ma-1 homologous, putative molybdopterine cofactor sulfhydrylase gene is associated with bovine xanthinuria type II. *J. Biological Chemistry*, 275(29):21789-21792, 2000.

**38.** Hirano, T., Kobayashi, N., Itoh, T., Takasuga, A., Nakamaru, T., Hirotsume, S. & Sugimoto, Y.: Null mutation of PCLN-1/Claudin-16 results in bovine chronic

interstitial nephritis. *Genome Research*,10:659-663, 2000.

**39.** Sasaki,S., Shionoya, A., Ishida, M., Gambello.M., Yingling,J., Wynshaw-Boris,A. & Hirotsune,S.: A LIS1/NUDEL/cytoplasmic dynein heavy chain complex in the developing and adult nervous system. *Neuron*,28:681-696, 2000.

**40.** Sugai.N., Sawazaki,T., Itoh,T., Mikawa,S., Wada,Y. & Yasue,H.: Physical assignment of markers, SJ017,SJ042 and SJ065 to swine chromosome X. *Animal Genetics*,31:240-241,2000

**41.** Fleck,M.V., Hirotsune,S., Gambello,M.J., Phillips-Tansey,E., Soares,G., Mervis R.F., Wynshaw-Boris,A. & McBain,C.J.: Hippocampal abnormalities and enhanced excitability in a murine model of human lissencephaly. *J.Neurosci.*,20:2439-2450, 2000.

**42.** Inoue-Murayama,M., Sugimoto,Y., Niimi,Y. & Aso,H.: Type XVIII collagen is newly transcribed during bovine adipogenesis. *Differentiation*,65:281-285,2000.

(平成13年度)

**43.** Takasuga, A., Hirotsune, S., Itoh, R., Jitohzono, A., Suzuki, H., Aso, H. & Sugimoto, Y.: Establishment of a high throughput EST sequencing system using poly(A) tail-removed cDNA libraries and determination of 36000 bovine ESTs. *Nucleic Acids Res.* 29(22), e118, 2001

**44.** Iwashita,S., Itoh,T., Takeda,H., Sugimoto,Y., Takahashi,I., Nobukuni,T., Sezaki,M., Masui,T. & Hashimoto,K.:Gene organization of bovine BCNT that contains a portion corresponding to an endonuclease domain derived from an RTE-1 (Bov-B LINE), non-LTR retrotransposable element: duplication of an intramolecular repeat unit downstream of the truncated RTE-1.

*Gene* 268:59-66, 2001

**45.** 小林 直彦、平野 貴、揖斐 隆之、大谷 健、杉本 喜憲：黒毛和種におけるウシ Claudin-16(CL-16)欠損症遺伝子型と産肉成績との間のアソシエーション解析  
*日本畜産学会報*, 73: 19-23, 2002

**46.** Hirano,T., Hirotsune, S., Sasaki,S., Kikuchi,T. & Sugimoto,Y.: A new deletion mutation in bovine Claudin-16 (CL-16) deficiency and diagnosis.

*Animal Genetics*, 33: 118-122, 2002

(平成14年度)

**47.** Takeda, H., Takami, M., Oguni, T., Tsuji, T., Yoneda, K., Sato, H., Ihara, N., Itoh, T., Kata, S. R., Mishina, Y., Womack, J. E., Moritomo, Y., Sugimoto, Y., and Kunieda, T.: Positional cloning of the gene LIMBIN responsible for bovine chondrodysplastic dwarfism. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 99, 10549-54, 2002

**48.** Reed,K.M., Ihara,N., Mariani,P., Mendoza, K.M., Jensen, L.E., Bellavia, R., Ponde de Leon, F.A., Bennett,G.L., Sugimoto,Y. and Beattie,C.W.: High-resolution genetic map of bovine chromosome 29 through focused marker development. *Cytogenet Genome Research* 96:210-216 (2002)

**49.** Reed,K.M., N.Ihara,N., Ponde de Leon,F.A., Songstegard,T.S., Smith,T.P.L., Bennett, G.L., Sugimoto,Y. and Beattie,C.W.: Development of 47 new microsatellite

markers from a BTA6 library. *Animal Biotechnology* 13:195-202, 2002

50. Fujisaki, S., Mizoguchi, Y., Takahashi, S., Chen YZ, Suzuki, K., Asakawa, S., Soeda, E., Shimizu, N., Sugimoto, Y. and Yasue, H.: Construction of a bovine bacterial artificial chromosome library from fibroblasts used for cloned cattle.

*Animal Genetics* 33,379-381,2002

51. Kiuchi-Saishin, Y., Gotoh, S., Furuse, M., Takasuga, A., Tano, Y. and Tsukita, S.: Differential expression patterns of claudins, tight junction membrane proteins, in mouse nephron segments. *J. Am. Soc. Nephrol.* 13:875-886, 2002

## 2) 学会発表

(平成5年度)

1. 井上美穂、渡邊敏夫、塚沢浩子、杉本喜憲：和牛のマイクロサテライトDNA多型解析について、第2回DNA多型研究会、1993年11月、新潟市

2. 渡邊敏夫、井上美穂、塚沢浩子、杉本喜憲：マイクロサテライト多型解析による和牛の個体識別の試み、1993年12月、第16回日本分子生物学会年会、千葉幕張

(平成6年度)

3. Inoue, M., Watanabe, T., Tsukazawa, H., Morita, M., and Sugimoto, Y.: Isolation of polymorphic microsatellite loci from Japanese Black cattle and their application to individual identification. 24th International conference on Animal Genetics, July, 1994, Prague.

4. 井上美穂、渡邊敏夫、平野貴、山口 浩、塚澤浩子、渡辺恵美子、森田光夫、杉本喜憲：和牛の個体識別マーカーの検索、第3回DNA多型研究会、1994年12月、東京

5. 山口 浩、井上美穂、渡邊敏夫、平野 貴、塚澤浩子、渡辺恵美子、杉本喜憲：和牛の親子判定および全兄弟の個体識別、第3回DNA多型研究会、1994年12月、東京

6. 平野 貴、井上美穂、渡邊敏夫、山口 浩、塚澤浩子、渡辺恵美子、森田光夫、杉本喜憲：和牛の個体識別用マイクロサテライトの検索とその実証試験、第17回日本分子生物学会年会、1994年12月、神戸

7. 杉本喜憲、井上美穂、渡邊敏夫、Wadha, R., Kaul, S.C.: 細胞レベルの老化における mortalin の役割について、第17回日本分子生物学会年会、1994年12月、神戸

8. 山本あや、佐藤周史、杉本喜憲：鶏のマウスNramp様cDNAの単離、第90回日本畜産学会大会、1995年3月、宮崎

9. 竹田晴子、杉本喜憲、大城智子、今本文夫、河野享子：RAD変異酵母宿主-YACベクター系を用いた和牛ゲノムYACライブラリー作成の試み、第90回日本畜産学会大会、1995年3月、宮崎

10. 井上美穂、渡邊敏夫、平野 貴、竹田晴子、熊谷光洋、中嶋達彦、渋谷弥生、溝下和則、塩崎達也、藤原 努、佐藤静子、原田佳典、藤川 朗、陰山 聡、広瀬 啓、田邊義弘、森田光夫、中根 悟、杉本喜憲：和牛half-sib familyを用いた連鎖解析の有効性の検討、第90回日本畜産学会大会、1995年3月、宮崎

11. 平野 貴、井上美穂、渡邊敏夫、竹田晴子、中根 悟、溝下和則、李錫民、杉本喜憲：和牛のマイクロサテライトDNAの探索とそれらの連鎖地図へのマッピング、第90回日本畜産学会大会、1995年3月、宮崎
12. 渡邊敏夫、井上美穂、平野 貴、山口 浩、森田光夫、杉本喜憲：多型性マイクロサテライトを用いた和牛の親子判定および全兄弟の個体識別、第90回日本畜産学会大会、1995年3月、宮崎
13. 杉本喜憲、和牛DNA育種研究グループ：DNA多型性マーカーを用いた連鎖解析による和牛DNA育種研究について、第90回日本畜産学会大会、1995年3月、宮崎  
(平成7年度)
14. 平野 貴、中根 悟、村山(井上)美穂、渡邊敏夫、杉本喜憲：和牛多型性マイクロサテライトを用いる半自動化個体識別システム、第4回DNA多型研究会、1995年11月、高槻
15. Hirano, T., Nakane, S., Komatsu, M., Satoh, S., Mizoshita, K., Murayama-Inoue, M., Watanabe, T., & Sugimoto, Y.: A semi-automated genotyping of bovine microsatellite markers. HUGO workshop on "Comparative Mapping", Dec., 1995, Australia.
16. Hirano, T., Nakane, S., Mizoshita, K., Barendse, W., Hetzel, J., McGraw, R., Kirkpatrick, B., Miller, R., Williams, J., Olsaker, I., Schwenger, B., Georges, M., Soller, M., Tearle, A. & Sugimoto, Y.: The second version of the bovine genetic linkage map. 第18回日本分子生物学会年会、1995年12月、名古屋
17. 渡邊敏夫、平野 貴、中根 悟、村山(井上)美穂、杉本喜憲、藤川 朗、熊谷光洋、鈴木英作、高橋達男、小林直彦、龍田 健、岩尾 健、藤原 努、高橋典子、江崎 大、中嶋達彦、広瀬啓二、児玉州男、溝下和則、田邊義弘：和牛経済形質の連鎖解析、第18回日本分子生物学会年会、1995年12月、名古屋
18. 足立 仁、鈴木英作、及川俊徳、平野 貴、杉本喜憲、太田 実、山岸敏広：牛4品種におけるマイクロサテライト座位の遺伝子構成、第91回日本畜産学会大会、1996年3月、名古屋
19. 鈴木暁之、熊谷光洋、日野杉妙子、峰松 泉、小野寺勉、平野 貴、杉本喜憲：日本短角種におけるDNAマイクロサテライトマーカーの多型性、第91回日本畜産学会大会、1996年3月、名古屋
20. 小松真由美、内山美智子、杉本喜憲：牛におけるNramp c DNAの単離、第91回日本畜産学会大会、1996年3月、名古屋
21. 村山(井上)美穂、Kvasz, A., Coppieters, W., 久保川達也、平野 貴、中根 悟、佐藤周史、渡邊敏夫、杉本喜憲：和牛の量的遺伝子をマッピングするための新しいプログラム、第91回日本畜産学会大会、1996年3月、名古屋
22. 平野 貴、中根 悟、佐藤周史、村山(井上)美穂、Kvasz, A., Coppieters, W., Georges, M., 杉本喜憲：新開発プログラムによる和牛経済形質の連鎖解析の試み、第91回日本畜産学会大会、1996年3月、名古屋
23. 竹田晴子、杉本喜憲、山口 浩、河野享子：和牛YACライブラリーの作製、第91回日本畜産学会大会、1996年3月、名古屋  
(平成8年度)
24. Barendse, W., Sugimoto, Y., Hirano, T. and 64 others: A genetic linkage map of the bovine genome II. 25th international conference on Animal genetics, July 1996,



Tours, France

25. Sun, H.S., Hirano, T., Sugimoto, Y. and 11 others: A comparative linkage map of human chromosome 13 and bovine chromosome 12. 25th International Conference on Animal Genetics, July 1996, Tours, France
26. Takeda, H., Ihara, N., Sugimoto, Y., Kohno, K.: A yeast artificial chromosome (YAC) library of the bovine genome. 25th International Conference on Animal Genetics, July 1996, Tours, France
27. Hirano, T., Nakane, S., Hara, K., Satoh, S., Inoue-Murayama, M., Kubokawa, T., Kuvasz, A., Coppieters, W., Georges, M., Sugimoto, Y.: Linkage analysis of Wagyu meat quality. 25th International Conference on Animal Genetics, July 1996, Tours, France
28. 平野 貴、中根 悟、原 一夫、佐藤周史、井上(村山)美穂、久保川達也、Kuvasz, A., Coppieters, A., Georges, M., 杉本喜憲: 和牛経済形質遺伝子の探索、第19回日本分子生物学会年会、1996年8月、札幌
29. 竹田晴子、井原尚也、杉本喜憲、山口 浩、河野享子: ウシYACライブラリーの作製、第19回日本分子生物学会年会、1996年8月、札幌
30. Watanabe, T., Inoue-Murayama, M., Tanabe, Y., Morita, M., Kuvasz, A., Coppieters, W., Georges, M., Kubokawa, T., Sugimoto, Y.: Linkage analysis of Wagyu (Japanese Black cattle) QTL. The 8th AAAP Animal Science Congress, October 1996, 幕張、千葉
31. Tanabe, Y., Katsumoto, K., Sugimoto, Y., Morita, M.: Genetic variation of the microsatellite loci in three cattle breeds. The 8th AAAP Animal Science Congress, October 1996, 幕張、千葉
32. Sumantri, C., Sugimoto, Y., Watanabe, T., Morita, M., Boediono, A., Suzuki, T.: Blood typing and microsatellite DNA typing of tetraparental chimeric cattle. The 8th AAAP Animal Science Congress, 幕張、千葉
33. 溝下和則、山口 浩、窪田 力、轟木淳一、猪八重悟、杉本喜憲: ウシミトコンドリアDNAのD-ループ領域の変異について、第92回日本畜産学会大会、1997年3月、川崎
34. 麻生 久、中島郁世、野村将、山口高弘、村山美穂、杉本喜憲: 牛筋肉内脂肪前駆細胞(BIP細胞)株に対するモノクローナル抗体の作製(1) - 樹立した抗体株とその特性、第92回日本畜産学会大会、1997年3月、川崎
35. 米倉真一、中島郁世、野村 将、萩野顕彦、山口孝弘、村山美穂、杉本喜憲、佐々木康之、麻生 久: 牛筋肉内脂肪前駆細胞(BIP細胞)株に対するモノクローナル抗体の作製(2) - 細胞増殖期に出現する12H抗原について、第92回日本畜産学会大会、1997年3月、川崎
36. 村山(井上)美穂、杉本喜憲、中島郁世、麻生 久: 黒毛和種牛培養脂肪前駆細胞の分化に関連する遺伝子の単離、第92回日本畜産学会大会、1997年3月、川崎
37. 井原尚也、山口 浩、平野 貴、竹田晴子、谷口幸雄、佐々木義之、Davis, S., Barendse, W., 杉本喜憲: 牛C/EBP $\alpha$ およびPPAR $\gamma$ 遺伝子近傍からのマイクロサテライトの単離とFISH法による牛C/EBP $\alpha$ およびPPAR $\gamma$ 遺伝子のマッピング、第92回日本畜産学会大会、1997年3月、川崎  
(平成9年度)
38. Hisamatsu, N., Sawazaki, T., Itoh, T., Mikawa, S., Kobayashi, E., Wada, Y. and Yasue, H.: Assignment of 6 microsatellites and extension of current linkage map on

porcine chromosome X. Internatl. Conf. of Animal Biotechnology, June 1997, Beijing

39. 新開浩樹、谷口幸雄、杉本喜憲、Davis, S., 佐々木義之： ウシPPAR $\gamma$  2プロモーター領域とその発現の解析、第93回日本畜産学会大会、1997年8月、帯広
40. 高須賀晶子、菊地慶司、安本 茂： HPV16不死化ヒトケラチノサイトにおける接着によるEGFレセプターと初期遺伝子erg-1発現の調節—足場依存性における役割、第56回日本癌学会総会、1997年9月
41. 井原尚也、山口 浩、平野 貴、竹田晴子、谷口幸雄、笹木義之、Davis, S.K., Barendse, W., 杉本喜憲： ウシC/EBPファミリー ( $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\delta$ ) およびPPAR $\gamma$  遺伝子のマッピング、第20回日本分子生物学会年会、1997年12月
42. 平野 貴、小林直彦、中丸輝彦、原一夫、杉本喜憲： 和牛経済形質遺伝子の探索、第20回日本分子生物学会年会、1997年12月
43. 竹田晴子、井原尚也、原 一夫、渡邊敏夫、杉本喜憲： ウシYACライブラリースクリーニングシステムの構築、第20回日本分子生物学会年会、1997年12月
44. 井上(村山)美穂、杉本喜憲、中島郁世、麻生 久： 黒毛和種牛培養脂肪前駆細胞の分化に関する遺伝子の単離、第20回日本分子生物学会年会、1997年12月
45. 地下 健、井原尚也、岸 努、加納康正、河野享子： 核分裂異常を起こす出芽酵母菌の温度感受性変異を相補する遺伝子の単離と構造解析、第20回日本分子生物学会年会、1997年12月
46. 井上(村山)美穂、杉本喜憲、中島郁世、麻生 久： 黒毛和種牛培養脂肪前駆細胞の分化に関する遺伝子の単離と機能解析、第94回日本畜産学会大会、1998年3月
47. 原 一夫、渡邊敏夫： 血縁関係にある複数の半兄弟を対象にした連鎖解析の手法、第94回日本畜産学会大会、1998年3月
48. Yanai, S., Harumi, T., Itoh, T., Matsumoto, T., Sugiyama, C., Muladono, Mikawa, S., Kobayashi, E., Minezawa, M., Wada, Y., and Yasue, H.: Development of PRE-1(porcineSINEs) markers and their assignment to linkage map and to chromosome. The 6th World Conf. on Genetics Applied to Livestock Production. Jan. 1998, Armidale. (平成10年度)
49. Berghmans, S., Segers, K., Beckers, M.C., Shay, T.L., Takeda, H., Sugimoto, Y., Cockett, N. and Georges, M.: Contribution to the cloning of the ovine callipyge locus using physical and genetic fine mapping of the region. 26th International Conference on Animal Genetics. August 1998, Auckland, NZ.
50. Mizoguchi, Y., Hara, K., Watanabe, T., Fujikawa, A., Suzuki, T., Kikuchi, T., Takahashi, T., Kobayashi, N., Tatsuda, K., Iwao, K., Fujiwara, T., Harada, K., Kosugi, N., Hirose, K., Satoh, H., Hara, Y., Mizoshita, K., Tanabe, Y. and Sugimoto, Y.: Linkage analysis of quantitative trait loci in Wagyu(Japanese Black)cattle. 26th International Conference on Animal Genetics. August 1998, Auckland, NZ.
51. Hirano, T., Kobayashi, N., Nakamaru, T., Hara, K., and Sugimoto, Y.: Linkage analysis of meat quality in Wagyu. 26th International Conference on Animal Genetics. August 1998, Auckland, NZ.
52. Fujikawa, A., Kawamoto, S., Miyazaki, H., Mori, K., Kawasaki, T. and Sugimoto, Y.: A project for mapping QTLs controlling resistance to *Theileria sergenti* - Evaluation of

resistance to *Theileria sergenti* in beef calves -. 26th International Conference on Animal Genetics. August 1998, Auckland, NZ,

53. Sato, S., Atsuji, K., Oyamada, Y., Hara, K., Komatsuda, A., Mitsuhashi, T. and Sugimoto, Y.: Genetic mapping of dominant black coat color and spotting traits in pigs. 26th International Conference on Animal Genetics. August 1998, Auckland, NZ.

54. 都築政起、高橋秀彰、西堀正英、山本義雄、杉本喜憲： 大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析のための標準家系作出、親世代の成長形質並びにマイクロサテライトマーカータイプについて、 日本畜産学会関西支部大会、1998年10月、高知

55. 都築政起、高橋秀彰、西堀正英、山本義雄、杉本喜憲： 大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析のための標準家系の作出、親世代の体重、産卵率並びにマイクロサテライトマーカータイプについて、 日本家禽学会秋季大会、1998年11月、つくば

56. Hirotsune, S., Fleck, M. W., Gambello, M. J., Bix, G. J., Amy Chen, Clark, G. D., Ledbetter, D. H., McBain, C. J. and Wynshaw-Boris, A: Graded reduction of Pafah $\beta$ Lis1 gene activity results in neuronal cell autonomous migration defects and early embryonic lethality. American Society of Neuroscience Meeting, November 1998, Los Angeles, USA.

57. 井上美穂、杉本喜憲、中島郁世、新美陽子、麻生 久： 黒毛和種牛培養脂肪前駆細胞分化に伴うCollagen XVIIIの発現、 第21回日本分子生物学会年会、1998年12月、横浜

58. 佐々木慎二、三浦恵二、和久井信、黒沢良知、金井芳之： 抗DNA抗体産生におけるDNA結合蛋白質nucleobindinの作用動態、 第28回日本免疫学会総会・学術集会、1998年12月、神戸

59. 都築政起、西堀正英、山本義雄、杉本喜憲： 大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析のためのリソースファミリーの作成、親世代における卵形質について、 日本家禽学会大会、1999年3月、 東京

60. 都築政起、西堀正英、山本義雄、杉本喜憲： 大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析のためのリソースファミリーの作成、親世代の卵殻色及び卵黄色について、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

61. 藤川 朗、川本 哲、宮崎 元、杉本喜憲： 黒毛和種とヘレフォードのバッククロスにおける小型ピロプラズマ病抵抗性形質の分離、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

62. 鈴木暁之、野口龍生、千葉 伸、杉本喜憲、田中修一： 日本短角種におけるウシ筋肥大症 (Double muscling: DM)原因遺伝子の解析、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

63. 竹田晴子、アガバ M. カシグア、杉本喜憲： 磁気ビーズを用いたマイクロサテライトDNAの単離、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

64. 亀田幸雄、菊地 武、千葉美保、沼辺 孝、杉本喜憲、山岸敏宏： 宮城県における黒毛和種牛の肉質に関するDNA育種の検討、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

65. 溝下和則、原 一夫、山口 浩、窪田 力、轟木淳一、杉本喜憲、田原則夫： マーカーハプロタイプ再構成による経済形質のQTLマッピング、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

66. 原 一夫、溝下和則、杉本喜憲： 半兄弟家系・マーカーハプロタイプ再構成のための連鎖解析プログラム (Explorer/Half-sib) の作成、 第95回日本畜産学会大会、1999年3月、東京

67. 原 一夫： ウシ経済形質マッピングのためのプログラム、 家畜育種研究会シンポジウム、1999年3月、東京  
(平成11年度)
68. 伊藤智仁、杉本喜憲：染色体マッピングツールとしてのSomatic Cell Hybrid Panel の作成、 第96回日本畜産学会大会、1999年10月、鹿児島市
69. 喜田篤志、石川 明、小堤聖人、西堀正英、杉本喜憲：QTL解析のための大シャモと白色レグホーンとの交雑F<sub>2</sub>リソースファミリーの作出-両親および正逆F<sub>1</sub>世代における体重成長の特徴、 第96回日本畜産学会大会、1999年10月、鹿児島市
70. 小堤聖人、西村敏英、石川 明、西堀正英、杉本喜憲、都築政起：大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析用リソースファミリーの作成-親世代の腿肉および胸肉におけるpHならびにミオグロビン含量について、 第96回日本畜産学会大会、1999年10月、鹿児島市
71. 小堤聖人、西村敏英、石川 明、西堀正英、杉本喜憲、都築政起：大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析用リソースファミリーの作成-親世代における腿肉中の遊離アミノ酸含量、 第96回日本畜産学会大会、1999年10月、鹿児島市
72. 小堤聖人、西村敏英、石川 明、西堀正英、杉本喜憲、都築政起：大シャモと白色レグホーンを用いたニワトリQTL解析用リソースファミリーの作成-親世代における胸肉中の遊離アミノ酸含量、 日本家禽学会1999年度秋季大会、1999年10月、鹿児島市
73. 喜田篤志、石川 明、小堤聖人、西堀正英、杉本喜憲、都築政起：QTL解析のための大シャモと白色レグホーンとの交雑F<sub>2</sub>リソースファミリーの作出-両親および正逆F<sub>1</sub>世代における卵殻色および卵黄色の特徴、 日本家禽学会1999年度秋季大会、1999年10月、鹿児島市
74. 伊藤智仁、藤井友子、平野桂子、杉本喜憲：ウシ/ハムスターSomatic Cell Hybrid パネルによる染色体マップの作成、 第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
75. 平野 貴、小林直彦、伊藤智仁、高須賀晶子、中丸輝彦、広常真治、杉本喜憲：ウシ慢性間質性腎炎遺伝子PCLN-1/Claudin-16 の同定と遺伝子診断法の確立、 第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
76. 広常真治、高須賀晶子、伊藤礼子、地頭園綾子、鈴木春美、麻生 久、杉本喜憲：高速ESTシーケンスシステムの確立とウシにおける30,000ESTの同定、第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
77. 塩野谷亜紀、石田充代、佐々木慎二、Wynshaw-Boris, A., 広常真治：Lis 1 と相互作用する蛋白質のTwo Hybrid System による検索、第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
78. 石田充代、佐々木慎二、塩野谷亜紀、広常真治：Insertional Mutationによる脊椎の骨変型を特徴とするMouseの原因遺伝子単離、第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
79. 高須賀晶子、広常真治、伊藤智仁、伊藤礼子、地頭園綾子、鈴木春美、二瓶理恵、杉本喜憲：ウシESTの大量塩基配列決定-ウシ/ヒト比較地図の作成に向けて、第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
80. 小林直彦、平野 貴、丸山 新、松野 弘、野池洋行、原 一夫、伊藤智仁、今川和彦、中丸輝彦、杉本喜憲：連鎖解析によるウシ慢性間質性腎炎遺伝子座のマッピング、 第22回日本分子生物学会年会、1999年12月、福岡市
81. Hirano, T., Kobayashi, N., Itoh, T., Takasuga, A., Nakamaru, T., Hirotsune, S., Sugimoto, Y.: Mutation of Claudin-16/PCLN-1 associated with the bovine chronic

- interstitial nephritis, *Plant & Animal Genome VIII*, Jan., 2000, San Diego, USA
- 82.** Ihara, N., Watanabe, T., Itoh, T., Takeda, H., Fujita, T., Finnerty, V.: Genetic mapping and identification of a novel gene associated with Xanthineuria type II in Japanese Black cattle. *Plant & Animal Genome VIII*, Jan. 2000, San Diego, USA.
- 83.** Yamakuchi, H., Agaba M. Kasigwa, Hirano, T., Hara, K., Mizoshita, K., Todoroki, J., Kubota, C., Tabara, N., Sugimoto, Y.: Chediak-Higashi syndrome mutation and genetic testing in Japanese Black Cattle(Wagyu), *Plant & Animal Genome VIII*, Jan., 2000, San Diego, USA
- 84.** Kobayasi, N., Hirano, T., Maruyama, S., Matsuno, H., Mukoujima, K., Noike, H., Hara, K., Itoh. T., Imakawa. K., Nakamaru, T., Sugimoto, Y.: Genetic mapping of a locus associated with bovine chronic interstitial nephritis to chromosome 1, *Plant & Animal Genome VIII*, Jan., 2000, San Diego, USA
- 85.** 原 一夫、溝口 康: DNAを利用できない個体のDNAマーカーアレルの推定、第97回日本畜産学会大会、2000年3月、京都市
- 86.** 高須賀晶子、広常真治、伊藤智仁、伊藤礼子、地頭園綾子、鈴木春美、平野桂子、杉本喜憲: ウシESTの大量塩基配列決定とウシ/ヒト比較地図の作成、第97回日本畜産学会大会、2000年3月、京都市
- 87.** 溝下和則、原 一夫、山口 浩、窪田 力、轟木淳一、杉本喜憲、田原則雄: 枝肉重量遺伝子座領域(CW-1)有用な最小ハプロタイプの推定とその効果、第97回日本畜産学会大会、2000年3月、京都市
- 88.** 小堤聖人、西村敏英、喜田篤志、西堀正英、石川 明、杉本喜憲、山本義雄、都築政起: ニワトリのQTL解析用F2リソースファミリーの作成: 親世代およびF1世代における屠体重量ならびに肉質分析、第97回日本畜産学会大会、2000年3月、京都市
- 89.** 喜田篤志、小堤聖人、阿部祐也、井上大輔、中村一成、西堀正英、石川 明、杉本喜憲、山本義雄、都築政起: ニワトリのQTL解析用F2リソースファミリーの作成—両親およびF1世代の300日齢時における卵形質について、第97回日本畜産学会大会、2000年3月、京都市  
(平成12年度)
- 90.** Itoh, T., Takeda, H., Fujii, T., Hirano, T. & Sugimoto, Y.: Preparation and characterization of bovine/hamster somatic cell hybrid panel. 27th International Conf. on Animal Genetics, July, 2000. Minneapolis, USA.
- 91.** Takasuga, A., Hirotsune, S., Itoh, T., Itoh, R., Jitohzono, A., Suzuki, H., Hirano, T. & Sugimoto, Y.: Large scale bovine cDNA sequencing toward the construction of the bovine/human comparative map. 27th International Conf. on Animal Genetics. July, 2000, Minneapolis, USA.
- 92.** Mariani, P., Sugimoto, Y. & Beattie, C. W.: A new whole-genome radiation hybrid (WG-RH) panel for cattle. 27th International Conference on Animal Genetics, July, 2000, Minneapolis, USA.
- 93.** Tsudzuki, M., Nishibori, M., Takahashi, H., Sugimoto, Y., Yamamoto, Y. & Tanimoto, H.: Development of an F2 resource family between Oh-Shamo (Japanese Large Game) and White Leghorn for chicken QTL analysis. 27th International Conference on

Animal Genetics, July, 2000, Minneapolis, USA.

94. 岩本英治、龍田 健、太田垣進、溝口 康、原一夫、杉本喜憲：但馬牛における Q T L (量的形質座) の遺伝的解析 第38回肉用牛研究会、2000年8月、淡路島
95. 阿部祐也、中村一成、小堤聖人、西村敏英、西堀正英、杉本喜憲、山本義雄、谷本一志、都築政起：ニワトリのQTL解析用家系における肉質分析?親世代およびF1世代におけるpH値について 関西畜産学会大会、2000年9月、広島
96. 中村一成、阿部祐也、小堤聖人、西村敏英、西堀正英、杉本喜憲、山本義雄、谷本一志、都築政起：ニワトリのQTL解析用家系における肉質分析—親世代およびF1世代が示す肉色について 関西畜産学会大会、2000年9月、広島
97. 井原尚也、溝口 康、平野 貴、竹田晴子、小松真由美、Reed, K.M., Bennett, G.L., Beattie, C.W., 杉本喜憲：ウシマイクロサテライトマーカーの開発 日本動物遺伝育種遺伝学会第1回大会、2000年11月、東広島市
98. 小林直彦、平野 貴、大谷 健、杉本喜憲：ウシClaudinn-16欠損症遺伝子型と肥育牛の肉質、種雄牛の産肉成績に関する遺伝能力との関連について、 日本動物遺伝育種学会第1回大会 2000年11月、東広島市
99. 高須賀晶子、平野桂子、伊藤礼子、地頭蘭綾子、杉本喜憲：ウシE S Tマーカーの大量開発 第23回日本分子生物学会年会、2000年12月、神戸
  
100. 塩野谷亜紀、佐々木慎二、石田充代、A. Wynshaw-Boris, 広常真治：Lis1と相互作用する蛋白質Nudelはcdk5/p35の基質である 第23回日本分子生物学会年会、2000年12月、神戸
101. 佐々木慎二、塩野谷亜紀、石田充代、M.J. Gambello, A. Wynshaw-Boris, 広常真治：Nudelノックアウトマウスの解析 第23回日本分子生物学会年会、2000年12月、神戸
102. 石田充代、佐々木慎二、伊藤智仁、Amy Chen, L. Garrette, A. Wynshaw-Boris, 広常真治：変異マウスにおいて骨変形と嚢胞腎を特徴とする新規imprinting geneの単離 第23回日本分子生物学会年会、2000年12月、神戸
103. 平野 貴、広常真治、佐々木整輝、印牧美佐生、菊池 工、杉本喜憲： CL-16欠損症の新たな変異の同定と遺伝子診断法 第98回日本畜産学会大会、2001年3月、仙台
104. 溝口 康、溝下和則、田原則雄、杉本喜憲：黒毛和種の脂肪壊死における Q T L 解析 第98回日本畜産学会大会、 2001年3月、仙台
105. 小林直彦、平野 貴、大谷 健、杉本喜憲：ウシClaudin-16欠損症遺伝子型と肥育牛の肉質に関する遺伝的能力との関連について 第98回日本畜産学会大会、 2001年3月仙台
106. 井上(村山)美穂、山崎肇史、田原浩司、長石広志、斎藤剛、高野昇一、杉本喜憲、麻生久：ウシ脂肪前駆細胞の分化に伴い発現増加する遺伝子群の単離と解析 第98回日本畜産学会大会、2001年3月、仙台
107. 喜田篤志、石川明、蔵場修平、桑原徹平、西堀正英、谷本一志、杉本喜憲、都築政起：ニワトリのQTL解析用F2リソースファミリーにおける300日齢時の卵形質について 第98回日本畜産学会大会、2001年3月、仙台
108. 佐藤周史、小松田厚、興津美恵、杉本喜憲、葦澤圭二郎：梅山豚とデュロック種のF2家系における繁殖形質のQTL解析 第98回日本畜産学会大会、2001年3月、仙台
109. 小倉弘子、結城洋美、阿部正博、伊藤智仁、杉本喜憲、小林正人、半澤直人：黒毛和種筋肉内脂肪の融点に関わる Q T L 解析 第98回日本畜産学会大会 2001年3月、仙台

- 110.** 齊藤 剛、長石広志、高須賀晶子、田原浩司、山崎肇史、福島仁司、杉本喜憲、麻生 久、高野昇一： 食肉の品種鑑別法 第98回日本畜産学会大会、2001年3月、仙台  
(平成13年度)
- 111.** 伊藤智仁、渡邊敏夫、藤田郁子、藤井友子、緑川淑枝、伊藤千代子、高須賀晶子、C.W.Beattie、杉本喜憲：ウシRadiation Hybrid(RH) Panelのフレームワーク構築  
第99回日本畜産学会大会、2001年9月 長野県南箕輪村
- 112.** 溝口康、鳴島亜希子、渡辺恵美子、荻野 敦、杉本喜憲：黒毛和種の間接検定家系を用いたIBD based QTL解析  
第99回日本畜産学会大会 2001年9月、長野県南箕輪村
- 113.** 都築政起、西堀正英、石川 明、高橋秀彰、松田洋一、杉本喜憲、谷本一志：日本初のニワトリの基準家系、Hiroshima家系の完成、関西畜産学会大会、2001年9月、広島。
- 114.** 伊藤智仁、渡邊敏夫、藤田郁子、藤井友子、緑川淑枝、伊藤千代子、高須賀晶子、C.W.Beattie、杉本喜憲：ウシRH地図作製のためのフレームワーク構築  
第2回日本動物遺伝育種学会大会 2001年11月 東京
- 115.** 井原尚也、K. M. Reed、F. Abel Ponce de Leon、G. L. Bennett、C. W. Beattie、杉本喜憲：高密度なウシ29番染色体連鎖地図の作製  
第2回動物遺伝育種学会、2001年11月、東京
- 116.** 溝口 康、岩本 英治、龍田 健、太田垣 進、杉本 喜憲：兵庫県エリート種雄牛の半きょうだい家系を用いた経済形質のQTL解析  
第2回日本動物遺伝育種学会大会 2001年11月、東京
- 117.** 高須賀晶子、渡邊敏夫、伊藤智仁、森下真一、杉本喜憲：ヒトゲノムドラフト配列上でのウシ/ヒトゲノム比較地図の作成ーウシ/ヒト相同遺伝子5400個の同定と1500遺伝子のウシ染色体への帰属 第2回動物遺伝育種学会大会、2001年11月、東京
- 118.** 伊藤智仁、渡邊敏夫、藤田郁子、藤井友子、緑川淑枝、伊藤千代子、C.W.Beattie、杉本喜憲：ウシRH地図の全染色体フレームワーク構築  
第100回日本畜産学会大会 2002年3月 東京
- 119.** 平野 貴、井上和也、原 好宏、原 一夫、竹内真弓、児玉州男、中原高士、浜口定男、杉本喜憲：黒毛和種のQTL解析  
第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京
- 120.** 井上和也、平野 貴、原 一夫、原 好宏、竹内真弓、児玉州男、中原高士、浜口定男、杉本喜憲：宮崎県における間接検定家系を利用した黒毛和種の経済形質解析  
第100回日本畜産学会大会、2002年3月
- 121.** 有光誠司、笹崎晋史、井藤健介、万年英之、高須賀晶子、杉本喜憲、辻 莊一：DNA多型を用いたウシ品種鑑定技術の確立  
第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京
- 122.** 高見まり香、竹田晴子、小邦朋子、米田一裕、森友靖生、杉本 喜憲、J. Womack、S. Kata 、国枝哲夫： 褐色和種牛における軟骨異形成性矮小体軀症の原因遺伝子の解析(1)：原因遺伝子の染色体マッピングと候補領域の特定  
第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京
- 123.** 竹田晴子、高見まりか、小邦朋子、米田一裕、佐藤敬明、伊藤智仁、井原尚也、松本道夫、森友靖生、国枝哲夫、杉本喜憲： 褐色和種における軟骨異形成性矮小体軀症の原因遺伝子の

解析（2）：原因遺伝子の同定

第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京

**124.** 竹田晴子、辻岳人、高見まりか、小邦朋子、三品祐司、杉本喜憲、国枝哲夫：褐色和種における軟骨異形成性矮小体駆症の原因遺伝子の解析（3）：単離された疾患原因遺伝子の機能解析

第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京

**125.** 小邦朋子、竹田晴子、高見まりか、佐藤 敬明、森友 靖生、国枝哲夫、杉本喜憲、松本道夫：褐色和種における軟骨異形成性矮小体駆症の原因遺伝子の解析（4）：キャリア診断の確立及びその利用

第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京

**126.** 須貝正昭、菊地 武、猪股永治、高田直和、西田 茂、内田 宏、杉本喜憲、篠原久、西田 朗：宮城県の種雄牛造成におけるQTL情報活用の検討

第100回日本畜産学会大会、2002年3月、東京

(平成14年度)

**127.** Takeda, H., Takami, M., Oguni, T., Tsuji, T., Yoneda, K., Sato, S., Ihara, N., Itoh, T., Moritomo, Y., Sugimoto, Y. & Kunieda, T.: Positional cloning of a Novel Gene, Limbin, Responsible for a Bovine Chondrodysplastic Dwarfism. 28th Conference of the International Society of Animal Genetics ISAG, August, 2002. Gottingen, Germany.

**128.** Itoh, T., Watanabe, T., Ihara, N., Beattie, C.W. & Sugimoto, Y.: Construction of a framework map of the Shirakawa/University of Nevada Reno Bovine Radiation Hybrid (SUN-bRH7) panel. 28th Conference of the International Society of Animal Genetics ISAG, August, 2002. Gottingen, Germany.

**129.** Ihara, N., Takasuga, A., Mizoshita, K., Takeda, H., Sugimoto, M., Mizoguchi, Y., Bennett, G.L., Reed, K.M., Beattie, C.W., Sugimoto, Y.: Mapping of over 1100 bovine polymorphic microsatellite markers to the USDA-MARC cattle linkage map. 28th Conference of the International Society of Animal Genetics ISAG, August, 2002. Gottingen, Germany.

**130.** 小林直彦、平野 貴、栃本洋子、兼子栄美子、大谷 健、杉本喜憲：黒毛和種の父方半きょうだい家系におけるQTL解析、2002年 第3回日本動物遺伝育種学会、2002年10月、京都

**131.** Takasuga, A., Ihara, N., Itoh, T., Mariani, P., Watanabe, T., Takeda, H., Mizoshita, K., Sugimoto, M., Mizoguchi, Y., Bennett, G. L., Reed, K. M., Beattie, C. W. and Sugimoto, Y. : Development of genomic tools, a bovine microsatellite-based linkage map and an EST-RH map.

Plant & Animal Genome XI, San Diego, CA, USA, 2003

**132.** 佐分淳一、阿部剛、中川哲夫、河村正、齊藤邦彦、熊谷周一郎、久保岳史、口田圭吾、林武司、杉本喜憲、小林栄治：黒毛和種とリムジン種のF2家系における画像解析を利用したと体形質のQTL解析、日本畜産学会第101回大会、2003年3月、つくば

**133.** 佐藤周史、佐藤慎一、長谷部浩行、杉本喜憲、小林栄治：豚の粗脂肪含量QTL領域におけるBACコンテグ作製とSNP探索、日本畜産学会第101回大会、2003年3月、つくば

**134.** 伊藤智仁、高須賀晶子、渡邊敏夫、井原尚也、杉本喜憲：ウシRHパネルを利用した全染色体ウシ・ヒト比較地図の作製、日本畜産学会第101回大会、2002年3月、つくば



135. 小邦朋子、成田暁、井原尚也、松本道夫、杉本喜憲、佐々木義之：ハーフシブデザイン家系を用いたQTL解析における環境要因補正の効果、日本畜産学会第101回大会、2003年3月、つくば
136. 溝口康、岩本英治、杉本喜憲：黒毛和種における脂肪交雑連鎖領域のBACコンティグの作成、日本畜産学会第101回大会、2003年3月、つくば
137. 阿部 剛、高須賀晶子、杉本喜憲、小林栄治：ウシプリオン遺伝子のSNP検出、日本畜産学会第101回大会、2003年3月、つくば
138. 谷口幸雄、高野 淳、杉本喜憲、山田宣永、佐々木義之：ウシADM12遺伝子のクローニング、日本畜産学会第101回大会、2003年3月、つくば

### 3) 著書、解説、資料等

#### 1. 著書

- 1) 井上美穂：性の人類学 ― サルとヒトの接点を求めて（共著）、世界思想社、1994
- 2) 小宮山鐵朗：昭和農業技術発達史、第4巻、畜産／蚕糸編（共著）、農林水産技術情報協会、1995
- 3) 杉本喜憲、広常真治、溝口 康、原 一夫、平野 貴：「家畜ゲノム解析と新たな家畜育種戦略（動物遺伝育種シンポジウム組織委員会編）」の部分を担当執筆、（社）畜産技術協会、2000
- 4) 杉本喜憲、原 一夫、平野 貴、広常真治：「動物遺伝育種学事典」の執筆を担当、（社）畜産技術協会 2001

#### 2. 資料・解説

- 1) 小宮山鐵朗：環境保全・持続型農業の技術開発（畜産編）、農業技術49:No. 8からNo11, 1994
- 2) 小宮山鐵朗：技術・経営の分化、そして総合化、畜産の情報63, 1994
- 3) 杉本喜憲：ケニア（ILRI）における牛ゲノム解析とマッピング、畜産技術1996年1月
- 4) 杉本喜憲：日本における牛ゲノム研究の現状、畜産技術1996年1月
- 5) 平野 貴：家畜ゲノムQTL解析の最前線、畜産技術1997年3月
- 6) 竹田晴子：遺伝子工学ツールの開発を中心に、畜産技術1997年3月
- 7) 竹田晴子・杉本喜憲：ウシYACライブラリー、組織培養工学23：96-99, 1997
- 8) 井上（村山）美穂・杉本喜憲：マイクロサテライトを用いたウシ経済形質の連鎖解析、組織培養工学、23：100-104, 1997
- 9) 杉本喜憲：家畜ゲノム研究の現状と将来展望、Technoinnovation, 1998年4月
- 10) 杉本喜憲：ウシの経済形質のゲノム解析とマーカーアシスト選抜、家畜診療1998年6月
- 11) 松川正：第8回世界畜産学会議参加記、畜産技術1998年9月
- 12) 高須賀晶子：ゲノム解析研究の最前線。畜産技術1998年9月
- 13) 杉本喜憲：ウシの疾病対策のためのゲノム解析とその現状、畜産技術1999年12月
- 14) 溝口康：ウシ経済形質QTL解析の現状、畜産技術1999年2月

- 15) 井原尚也：家畜疾病のゲノム解析の現状、畜産技術1999年2月
- 16) 杉本喜憲：動物ゲノム研究の流れ（1）牛ゲノム解析の歴史的背景①、畜産技術1999年3月
- 17) 杉本喜憲：同上（1）－②、畜産技術1999年4月
- 18) 溝口康：同上（2）DNAマーカーを用いたウシ遺伝地図の作成、畜産技術1999年5月
- 19) 平野貴：同上（3）連鎖解析：単一遺伝子による形質、畜産技術1999年6月
- 20) 原一夫：同上（4）連鎖解析：方法とその原理、畜産技術1999年7月
- 21) 井原尚也：同上（5）経済形質の解析、畜産技術1999年8月
- 22) 竹田晴子：同上（6）DNA解析用ツール、畜産技術1999年9月
- 23) 渡邊敏夫：同上（7）遺伝子のファンクショナルクローニング、畜産技術1999年10月
- 24) 広常真治：同上（8）遺伝子の機能と解析方法、畜産技術1999年11月
- 25) 杉本喜憲：同上（12）家畜ゲノム解析の現状、畜産技術2000年3月
- 26) 松川正：胚発達と着床に関する国際ワークショップ参加記、畜産技術1999年5月
- 27) 杉本喜憲：畜産の先端技術の未来－黒毛和種牛産業の未来は先端技術によって切り開かれるか、獣医畜産新報2000年1月
- 28) 平野 貴：家畜のゲノム研究の最近の動向、 畜産技術2000年4月
- 29) 高須賀晶子：用語解説「EST」、 畜産技術2000年6月
- 30) 高須賀晶子：第27回国際動物遺伝学会の概要（ウシ）、 畜産技術2001年1月
- 31) 井原尚也：第27回国際動物遺伝学会の概要（経済形質のマッピング）、 畜産技術2001年1月
- 32) 高須賀晶子：用語解説「SNP」 畜産技術2001年5月
- 33) 松川 正：水牛振興のためのアジア地域ワークショップの概要 畜産技術2001年7月
- 34) 杉本喜憲：用語解説「プロテオーム」 畜産技術2001年9月
- 35) 杉本喜憲：家畜ゲノム解析の現状と展望、農業および園芸2001年10月
- 36) 杉本喜憲：ウシゲノム解析の現状と展望、畜産の情報（国内編）2002年149号

### 3. 委託研究課題および委託研究者一覧（平成6年～平成14年）

1. R L G S spot scanning 法を用いた実験動物における高速全ゲノム地図作製（平成6年～平成7年）  
委託研究者：林崎亮英（理化学研究所ライフサイエンス筑波研究センター）
2. 酵母人工染色体YACクローンの安定化とその応用について（平成6年～平成9年）  
委託研究者：今本文夫、大幡勝也（京都薬科大学）
3. 量的遺伝子座の統計的推測に関する研究（平成7年～平成9年）  
委託研究者：久保川達也（東京大学経済学部）
4. 家畜の繁殖性の分子生物学的研究（平成8年～平成10年）  
委託研究者：竹家達夫（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科）
5. 和牛脂肪細胞分化関連遺伝子の研究（平成8年～平成10年）  
研究委託者：佐々木義之、谷口幸雄（京都大学農学部）

6. 黒毛和種牛の遺伝的疾患の遺伝学的生化学的研究（平成9年－平成12年）  
研究委託者：齋藤博水（山形県農業共済組合連合会）
7. 反芻類における妊娠の認識と成立（平成9年－平成10年）  
研究委託者：酒井仙吉（東京大学大学院農学生命科学研究科）
8. 母系遺伝を活用した黒毛和種改良（平成9年－平成10年）  
研究委託者：辻 壮一、向井文夫、万年英之、石田孝史（神戸大学農学部）
9. ニワトリゲノム連鎖地図作製のための標準家系の作製並びに本家系における経済形質の解析（平成9年－平成12年）  
研究委託者：都築政起（広島大学生物生産学部）
10. ほ乳類初期胚の発生と着床を制御する受容体遺伝子の解析（平成9年－平成10年）  
研究委託者：国枝哲夫（岡山大学農学部）
11. 黒毛和種牛の脂肪細胞分化・脂肪壊死症に関連する遺伝子の研究（平成9年）  
研究委託者：村山（井上）美穂（岐阜大学農学部）
12. 有用動物作成のための遺伝子操作技術の開発（平成10年－平成12年）  
研究委託者：相沢慎一（熊本大学医学部）
13. 家畜疾病の統計学的解析：遺伝病が疑われる疾病の血統並びに分子生物学的研究（平成10年－平成12年）  
委託研究者：中出哲也（酪農学園大学獣医学部）
14. ウシBACライブラリーの作製とその応用（平成10年－平成12年）  
委託研究者：清水信義（慶應義塾大学医学部）
15. R L G S法を用いた家畜連鎖地図作製とF I S H法を用いた連鎖地図作製に関する研究（平成10年－平成12年）  
委託研究者：松田洋一（名古屋大学大学院生命農学研究科、平成11年度から北海道大学理学部）
16. 家畜のマイクロサテライトマーカーの開発（平成10年－平成12年）  
委託研究者：伊藤真一（岐阜大学農学部）
17. ウシのラディエイションハイブリッド（RH）パネルの作成およびマイクロサテライトマーカーの開発（平成10年－平成12年）  
委託研究者：Craig W. Beatie（ミネソタ大学セントポール校）
18. 乳牛における乳房炎抵抗性の遺伝学的解析（平成11年－平成12年）  
委託研究者：平林利夫（十勝農業共済組合）
19. ウシ脂肪交雑に関する混合遺伝モデルによるQTL解析法の確率（平成11年－平成12年）  
委託研究者：佐々木義之（京都大学大学院農学研究科）
20. ほ乳類初期胚の発生と着床を制御するサイトカイン遺伝子の解析（平成11年－平成12年）  
委託研究者：今川和彦（東京大学大学院農学生命科学研究科）
21. 筋肉内脂肪細胞の分化制御と関連遺伝子の解明（平成13年－平成14年）  
委託研究者：麻生 久（東北大学大学院農学研究科）
22. 量的形質遺伝領域マッピングのための数理的解析手法の開発（平成13年）  
委託研究者：佐々木義之（京都大学大学院農学研究科）
23. ウシ品種間において発現量を異にする筋組織遺伝子の解析（平成13年－14年）  
委託研究者：万年英之（神戸大学農学部）

24. 大規模データに基づく黒毛和種牛における経済形質のゲノム解析（平成13年）  
委託研究者：印牧美佐生（家畜改良技術研究所）
25. 子牛の発育不全症に関わる遺伝的研究（平成13年－平成14年）  
委託研究者：斉藤博水（形農業共済組合連合会）
26. 和牛ゲノム大腸菌人工染色体（BAC）ライブラリーの迅速スクリーニング方の構築と遺伝子物理地図の作成（平成13年）  
委託研究者：添田栄一（(有)ジェノティックス）
27. 遺伝子判定技術を用いた品種鑑別に関する研究（平成13年）  
委託研究者：辻 壮一（神戸大学農学部）
28. 量的形質遺伝領域マッピングのための数理的解析手法の開発（平成14年）  
委託研究者：林 武司（農業生物資源研究所）
29. 和牛ゲノムBACライブラリーの迅速スクリーニング方の構築と遺伝子物理地図の作成（平成14年）  
委託研究者：安江 博（農業生物資源研究所）

## 4. 各種委員会委員

### 動物遺伝子情報活用推進検討委員会委員

氏名	所属	在任年次
石井 達郎	農林水産省家畜改良センター所長	平成4～5
上田 八尋	JRA競走馬総合研究所長	4
岡田 育穂	動物遺伝研究会会長、広島大学教授	4～7
貝塚 一郎	農林水産先端技術産業振興センター理事	4～7
小宮山 鐵朗	農水省畜産試験場長	4～5
長岡 正二	家畜改良事業団専務理事	4～7
松山 茂	農水省家畜衛生試験場長	4～7
水野 秀夫	日本畜産学会会長 静岡大学教授	4～7
光岡 知足	日本獣医学会会長、日本獣医畜産大学教授	4～7
村松 晋	宇都宮大学教授（動物生産学）	4～7
山岡 貞夫	JRA競走馬総合研究所長	5～6
森地 敏樹	日本畜産学会会長 日本大学教授	5～6
菱沼 毅	家畜改良センター所長	5～7
三上 仁志	農水省畜産試験場育種部長	6～7
松川 正	農水省畜産試験場長	6～7
渡邊 誠喜	日本畜産学会会長 東京農業大学教授	7
田谷 与一	JRA競走馬総合研究所長	7

### 動物ゲノム研究・実用化推進委員会

氏名	所属	在任年次
小川 信雄	農林水産先端技術産業振興センター理事	平成8～12
柏崎 守	農水省家畜衛生試験場長	8～10
金井 俊男	農水省家畜改良センター所長	8
小宮山 鐵朗	畜産技術協会附属動物遺伝研究所長	8
田谷 与一	JRA競走馬総合研究所長	8
辻 壮一	動物遺伝研究会会長、神戸大学教授	8～12
長岡 正二	家畜改良事業団専務理事	8～10
松川 正	農水省畜産試験場長、畜産技術協会附属動物 遺伝研究所長	8～12
三上 仁志	農水省畜産試験場育種部長	8
光岡 知足	日本獣医学会会長 東京大学名誉教授	8
渡邊 誠喜	日本畜産学会会長 東京農業大学教授	8
大石 孝雄	農水省畜産試験場育種部長	9～12
菅野 茂	日本畜産学会会長 東京大学教授	9～10

氏 名	所 属	在 任 年 次
高 橋 迪 雄	日本獣医学会会長 東京大学教授	9～11
信 国 卓 史	農水省家畜改良センター所長	9～11
山 下 良 弘	農水省畜産試験場長	9～10
渡 邊 脩	J R A競走馬総合研究所長	9～11
板 井 康 明	家畜改良事業団専務理事	11～12
上 原 孝 吉	日本畜産学会会長	11～12
寺 門 誠 致	農水省家畜衛生試験場長	11～12
横 内 罔 生	農水省畜産試験場長	11～12
土 井 邦 男	日本獣医学会会長	12
藤 井 吉 昭	農水省家畜改良センター所長	12
吉 田 武 徳	J R A競走馬総合研究所長	12

動物遺伝子情報活用推進検討運営協議会委員

氏 名	所 属	在 任 年 次
板 原 隆 夫	農水省家畜改良センター企画調整室長	平成4
関 川 賢 二	農水省家畜衛生試験場生物物理研究室長 (生体防御研究部長)	4～7
浜 野 光 市	家畜改良事業団家畜改良技術研究所 人工授精研究課	4～6
向 山 明 孝	J R A競走馬総合研究所調査役 (生命科学研究室長)	4～7
村 松 晋	宇都宮大学教授 (動物生産学)	4～7
安 江 博	農水省畜産試験場遺伝子機能研究室長 (動物DNA研究チーム長)	4～7
結 城 淳	ワイエスニューテクノロジー研究所長	4～6
石 原 哲 雄	農水省家畜改良センター企画調整室長	5～6
三 上 仁 志	農水省畜産試験場育種部長	5～7
栗 本 共 明	農水省家畜改良センター 統括生産技術調整官	7
森 田 光 夫	家畜改良事業団家畜改良技術研究所 血液型検査課長	7

動物ゲノム研究・実用化推進協議会委員

氏 名	所 属	在 任 年 次
小澤周二	農林水産省家畜改良センター 統括生産技術調整官	平成8
川端習太郎	農林水産先端技術産業振興センター 農林水産先端技術研究所研究第2部長	8～11
杉本喜憲	畜産技術協会附属動物遺伝研究所 研究第2部長	8～12
関川賢二	農水省家畜衛生試験場生体防御研究部長	8～12
三上仁志	農水省畜産試験場育種部長	8
向山明孝	JRA競走馬総合研究所生命科学研究室長	8～10
村松 晋	宇都宮大学教授（動物生産学）	8～10
森田光夫	家畜改良事業団家畜改良技術研究所 血液型検査課長	8～9
安江 博	農水省畜産試験場動物DNA研究チーム長 （上席研究官）	8～12
大石孝雄	農水省畜産試験場育種部長	8～12
下平乙夫	農水省家畜改良センター統括生産技術調整官	8～11
印牧美佐生	家畜改良事業団家畜改良技術研究所 遺伝検査部長	10～12
石田信繁	JRA競走馬総合研究所研究役	11～12
山本義雄	広島大学生物生産学科教授	11～12
日原 宏	農林水産先端技術産業振興センター	12
廣川 治	農林水産先端技術研究所研究第2部長 農水省家畜改良センター統括生産技術調整官	12

肉用牛ゲノム研究・開発推進委員会委員

氏 名	所 属	在 任 期 間
板井康明	家畜改良事業団専務理事	平成13～現在
甲斐知恵子	東京大学医科学研究所教授	13～現在
川口将志	全国競馬・畜産振興会常務理事	13～現在
佐々木義之	京都大学大学院農学研究科教授	13～現在
下瀬川吉治	全国食肉業務用卸協同組合連合会 専務理事	13～現在
諏訪 勇	栃木県畜産試験場長 （全国畜産関係場所長会会長）	13～現在
辻 壮一	神戸大学農学部教授	13～現在
南波利昭	家畜改良センター理事長	13～現在
菱沼 毅	農畜産振興事業団副理事長	13～現在
藤山秋佐夫	国立情報学研究所教授	13～現在
横内 圀生	畜産草地研究所所長	13～現在

肉用牛ゲノム研究・開発技術推進委員会委員

氏 名	所 属	在 任 期 間
猪 子 英 俊 菅 野 純 夫	東海大学医学部分子生命学科教授 東京大学医科学研究所 ヒトゲノム解析センター助教授	平成14～現在 13～現在
新 山 正 隆	家畜改良センター理事	13～現在
野 村 哲 郎	京都産業大学工学部生物工学科教授	13～現在
安 江 博	生物資源研究所ゲノム研究グループ 上席研究員	13～現在 13～現在





動物遺伝研究所  
10年のあゆみ

平成15年3月発行

発行 (社)畜産技術協会

〒113-0034 東京都文京区湯島3-20-9 緬羊会館内

電話 03-3836-2301

F A X 03-3836-2302

編集及び連絡先 (社)畜産技術協会附属動物遺伝研究所

〒961-8061 福島県西白河郡西郷村大字小田倉字小田倉原1

電話 0248-25-5641

F A X 0248-25-5725

印刷 (有)ワタベ印刷所

〒961-0936 福島県白河市大工町18

電話 0248-22-3241

