

好熱菌の全ゲノム配列決定とその意義

増井良治・倉光成紀

はじめに 1997年から1998年にかけて、すさまじい勢いでゲノム全配列決定の報告が相次いでいる。インフルエンザ菌の全ゲノム配列が決定されたのはわずか4年前(1995年)だが、1998年8月現在で全塩基配列がデータベースとして公開されているものは17種(表1)¹⁻¹⁸⁾、現在進行中のもは微生物だけでも30種をこえる¹⁹⁾。ゲノム配列決定の対象となっている生物種は多岐にわたるが、その目的に基づいて大きく3つのグループに分けることができる。

第1は、出芽酵母²⁰⁾や大腸菌、枯草菌など生物研究のモデル生物として長い歴史をもつグループである。唯一の光合成生物 *Synechocystis* もここに含まれる²¹⁾。第2は、インフルエンザ菌²²⁾やピロリ菌²³⁾、結核菌などの病原性微生物で、社会的に大きな問題になっている感染症の病原性解明を目的としている。第3は、メタン生産菌や超好熱菌など極限環境に棲息する微生物である²⁴⁾。これまでに配列が決定されたこのグループに属する生物はすべて(超)好熱菌である。

これらの解析によって得られた情報は多くの分野に波及効果をもたらしているが、学問の流れそのものには、期待されたほどの大きな変革は(とくに日本では)まだ見られていない。本稿では、ゲノム配列決定後を含めた最近のゲノムプロジェクトの流れをふまえつつ、好熱菌ゲノム決定の意義について考えてみたい。

I. なぜ好熱菌か?

一口に好熱菌といっても多種多様で、すべてが古細菌*1ではない。常温菌(mesophile)に対して、一般に

好熱菌(thermophile)とは55°C以上で生育できる菌を指し、生育できる温度によって、中等度好熱菌(75°C以下)、高度好熱菌(75°C以上)、超好熱菌(90°C以上)とよび分けている*2。このうち、超好熱菌(hyperthermophile)のほとんどは古細菌に属するが、一部は真正細菌である。逆に古細菌であっても、耐熱性がそれほど高くない好熱菌もいる(表2)。

では、なぜこれら好熱菌がゲノム解析の対象として選ばれたのだろうか? いくつかの理由が考えられる。まず、地球環境を見つめ直そうとする社会的な動きなかで、極限環境で生きる微生物にも注目しようという背景がある。高温という特殊な環境に生きる生物のさまざまな適応力を知るうえで、超好熱菌は興味深い。また、極限環境で生育する生物から工業的に有用な遺伝子が見つかるのでは、という期待も大きい。PCR法に用いる耐熱性DNAポリメラーゼをはじめとして、安定な酵素の利用価値は高い。

さらに、好熱菌、とくに古細菌に対しては、進化系統学的な興味があげられる。進化系統分類学における古細菌ゲノム決定の意義は、メタン菌のゲノム解析についての山岸らの解説²⁴⁾に詳しいので、ここでは好熱菌という面から述べることにする。

Woeseらが提唱した古細菌という概念は現在では広く認められ、リボソームRNAの塩基配列に基づく分子系統樹では、真核生物は古細菌に近縁である(図1)。しかし、異なる分子の系統樹では異なる結果が得られることも多く、さらに、分子によっては真正細菌のほうに近いという反対の結果が得られることがある。この矛盾は、原始生命から分かれた真正細菌への道と古細菌

菌への道が再び合流して真核生物が生まれたと考えれば説明できる。いわゆる共生説である。今後、ゲノム全体での比較によって、生物進化の研究は大きく進展

することが期待される。

さて、真正細菌と古細菌・真核生物のどちらの枝においても、系統樹の根元に近い菌は超好熱菌である(図

表 1 全ゲノム配列が公開されている生物

生物種	サイズ (Mb)	ORF	報告年	ホームページアドレス (http://)	文献
真正細菌					
<i>Haemophilus influenzae</i> (インフルエンザ菌)	1.83	1,743	1995	www.tigr.org/tdb/mdb/hidb/hidb.html	1
<i>Mycoplasma genitalium</i> (マイコプラズマ)	0.58	470	1995	www.tigr.org/tdb/mdb/mgdb/mgdb.html	2
<i>Synechocystis</i> sp. PCC6803 (シアノバクテリア)	3.57	3,168	1996	www.kazusa.or.jp/cyano/	3,4
<i>Mycoplasma pneumoniae</i> (肺炎マイコプラズマ)	0.82	679	1996	www.zmbh.uni-heidelberg.de/M_pneumoniae/MP_Home.html	5
<i>Escherichia coli</i> (大腸菌)	4.67	4,288	1997	www.genetics.wisc.edu/および mol.genes.nig.ac.jp/ecoli/	6
<i>Helicobacter pylori</i> (ピロリ菌)	1.67	1,590	1997	www.tigr.org/tdb/mdb/hpdb/hpdb.html	7
<i>Borrelia burgdorferi</i> (ライム病菌)	1.23	1,273	1997	www.tigr.org/tdb/mdb/bbdb/bbdb.html	8
<i>Treponema pallidum</i> (梅毒菌)	1.14	1,041	1998	utmmg.med.uth.tmc.edu/treponema/tpall.html	9
<i>Bacillus subtilis</i> (枯草菌)	4.21	4,100	1997	bacillus.tokyo-center.genome.ad.jp:8008/	10
● <i>Aquifex aeolicus</i>	1.55	1,512	1998		11
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> (結核菌)	4.41	3,924	1998	www.sanger.ac.uk/Projects/M_tuberculosis/	12
<i>Chlamydia trachomatis</i> (トラコーマ病菌)	1.04	877	1998	chlamydia-www.berkeley.edu:4231/	
古細菌					
● <i>Methanococcus jannaschii</i> ,	1.67	1,738	1996	www.tigr.org/tdb/mdb/mjdb/mjdb.html	13
● <i>Methanobacterium thermoautotrophicum</i>	1.75	1,855	1997	www.cric.com/genesequences/methanobacter/abstract.html	14
● <i>Archaeoglobus fulgidus</i>	2.18	2,436	1997	www.tigr.org/tdb/mdb/afdb/afdb.html	15
● <i>Pyrococcus horikoshii</i> ^{a)}	1.74	2,061	1998	www.bio.nite.go.jp/ot3db_index.html	16, 17
真核生物					
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (出芽酵母)	12.07	5,885	1997	genome-www.stanford.edu/Saccharomyces/	18

●は好熱菌を示す。a) *Pyrococcus horikoshii* は、*Pyrococcus shinkaj*, *Pyrococcus* sp. OT-3ともよばれる。

表 2 5種の好熱菌とそのゲノムの比較^{a)}

	古細菌				真正細菌
	<i>A. fulgidus</i>	<i>M. jannaschii</i>	<i>M. thermoautotrophicum</i>	<i>P. horikoshii</i>	<i>A. aeolicus</i>
栄養形式	無機独立	有機独立	無機独立	無機独立	無機独立
生育できる上限温度 (至適生育温度) (°C)	~95 (83)	~94 (85)	~70 (65)	~104 (98)	~95 (85)
推定される遺伝子の総数	2,436	1,738	1,855	2,061	1,512
機能が同定・推定できたもの ^{b)}	1,096 (45%)	699 (40%)	844 (45%)	368 (18%)	849 (56%)
機能が未知なもの	1,340 (55%)	1039 (60%)	1,011 (55%)	1,693 (82%)	663 (44%)
機能が未知の遺伝子とマッチしたもの ^{c)}	651 (27%)	551 (32%)	514 (28%)	631 (31%)	256 (17%)
新規の遺伝子	689 (28%)	488 (28%)	497 (27%)	1,062 (51%)	407 (27%)
研究機関 ^{d)}	TIGR (アメリカ)	TIGR (アメリカ)	GTC (アメリカ)	NITE (日本)	Deversa (アメリカ)

a) 数値はそれぞれの文献あるいはホームページによった。b) 機能既知の遺伝子とマッチしたことを意味する。c) 特徴的なモチーフをもつだけのものも含めた。d) TIGR: The Institute for Genomic Research, GTC: Genome Therapeutics Corporation, NITE: National Institute of Technology and Evaluation.

*1 本稿では、生物界を真正細菌 (Eubacteria), 古細菌 (Archaeobacteria), 真核生物 (Eukaryotes) の3つに分ける Woese らの分類法に従った。のちに Woese らが提唱した Archaea (アーキア) という名称に対しても“古細菌”の訳語が慣用的に使用されている。古細菌については、成書⁴⁰⁾によられたい。
 *2 至適生育温度による分類はあくまで人為的なものであり、とくに定義はされていない。常温菌 (中温菌ともよぶ) と好熱菌の境界を 45°C, 好熱菌と超好熱菌の境界を 80°Cとする分け方もある。

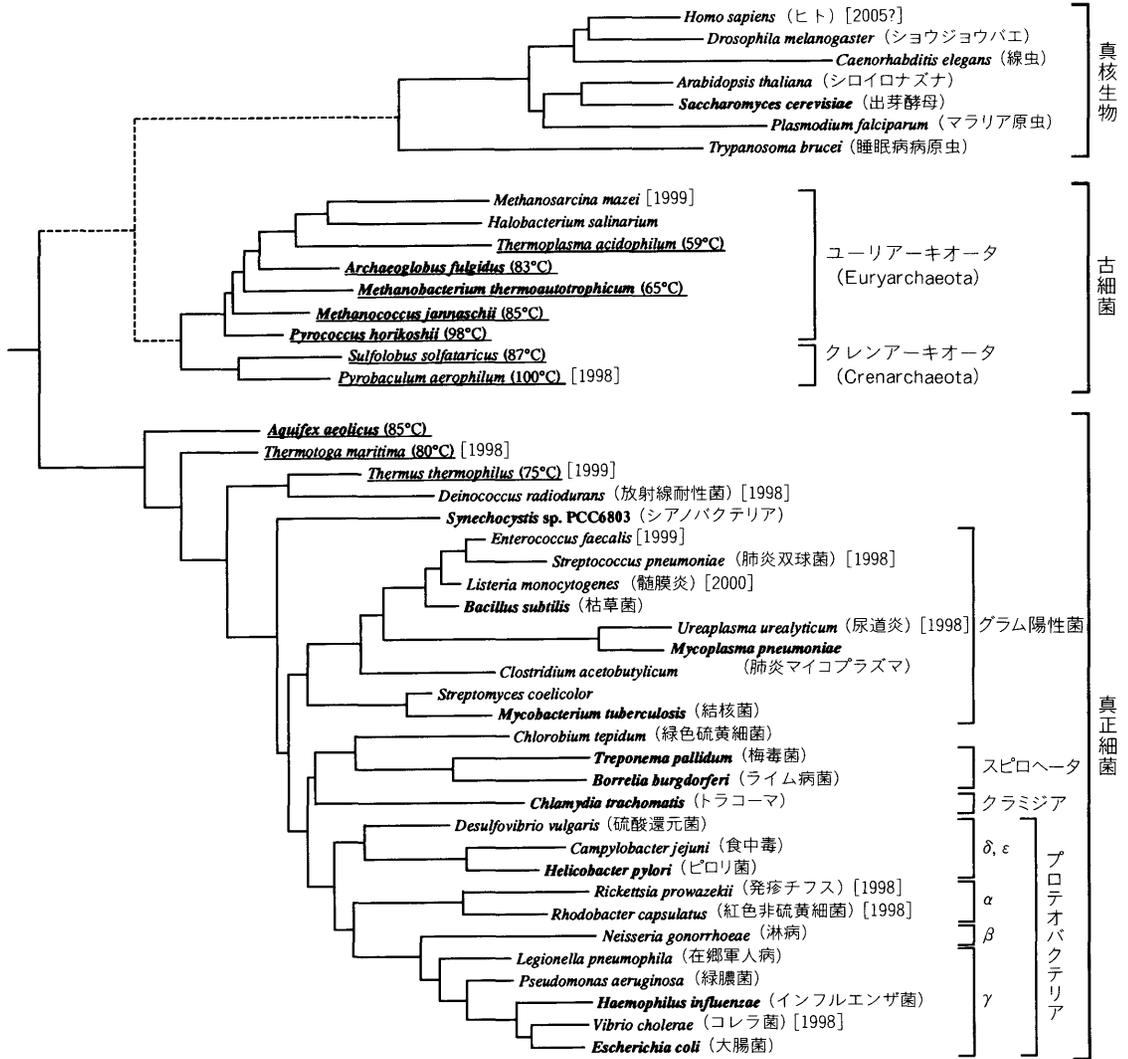


図 1 生物界の分子系統樹

全ゲノム配列データが公開されているもの(太字), およびゲノム配列決定が進行中のものの一部をあげた。下線は好熱菌を表す。() 内には生物の慣用名あるいは性質 (病原となる病名など, 好熱菌では最適生育温度), []内には配列決定が完了する予定年を示した。古細菌と真正細菌の系統樹については文献 42 より, 真核生物については文献 43 より改変した。対応する生物が文献にない場合には, 近縁種をあてはめた。2つの系統樹を結びつけたため, 系統樹の根に対する古細菌と真正細菌の分岐点は正確ではない。また, 枝の長さの単位も, 真核生物と他の2つでは同じではない。

1)。それらの生化学的な性質や惑星科学などの知見から, 全生物の共通の祖先は好熱菌であるとする仮説が提唱されている²⁵⁾。その説に従えば, 好熱菌の研究は, 原始生命の基本的な性格の解明, すなわち「生命とは何か」という根本的な問いに直結するものとなる。

基本的生命現象の解析に好熱菌が適していることは, ゲノムにコードされる遺伝子の数からも支持される。最少培地で独立に棲息できる生物が最小限必要とする基本的遺伝子数は約1,000個と見積もられている^{20,25)}。表

1に示した原核生物のゲノムサイズと遺伝子数を比較すると, 1遺伝子あたり約1kbになる。これまでに全塩基配列が決定された好熱菌のゲノムサイズは約2Mb, 遺伝子数にして約2,000個である。したがって, これら好熱菌には, 生命活動に最小限必要な基本的生命現象が“濃縮”されているといえる。このような好熱菌の特徴を生かした最近のゲノムプロジェクトについてはのちほど述べる。

II. 決定された好熱菌ゲノムの特徴

1. ゲノムの全体像

真核生物ゲノムの特徴のひとつであるイントロンは、古細菌 *Methanobacterium thermoautotrophicum* と *Archaeoglobus fulgidus* の tRNA にそれぞれ 4 個と 5 個ずつ見つかった。*Methanococcus jannaschii* のゲノムに 18 個も見つかって注目されたインテインは、*Pyrococcus horikoshii* (11 個) 以外には見つからない。また近縁な種間でさえ、ゲノム上の遺伝子の並び方にはほとんど保存性は見られなかった。

ゲノムサイズに関しては、細胞生命の生存に必要な遺伝子の数はどれくらいかという問いがよくなされる。いまのところ、寄生性のマイコプラズマの遺伝子数が最小 (470 個) だが、インフルエンザ菌との比較から最小必要数を 256 個とした報告もある²⁶⁾。好熱菌を含む 9 種の細菌ゲノムすべてにおいて保存されていた遺伝子の数は 34 個であった²⁷⁾。しかし、これらの数値は配列の相同性に基づいた共通遺伝子の数にしかすぎない。たとえば、同一の活性をもつ異なる生物種由来の酵素が、アミノ酸配列の相同性がわずかに 10% 程度にもかかわらず、X 線結晶解析で立体構造を決定してみても、初めて相同蛋白質であることがわかった例がある^{28,29)}。このように、配列の類似性からだけでは、相同遺伝子の数を少なく見積もることになるので、より正確な数を求めるためには、蛋白質のアミノ酸配列だけでなく、それらの立体構造や機能も考慮に入れる必要がある。現段階では、基本的生命現象に必要な不可欠な遺伝子の数を約 1,000 個とする前述の見積もりは、妥当なものと考えられる。

2. 機能別にみた各ゲノムの特徴

A. エネルギー代謝系・生合成系など

A. fulgidus と *M. thermoautotrophicum* はエネルギー代謝系の遺伝子 (機能未知のものも含む) の数が多い。これは前者が硫酸還元を行なう任意独立栄養細菌、後者が電子供与体として水素を利用する無機栄養細菌であることに起因している。

複雑な電子伝達系のために多くの補酵素をもっているが、それらの合成に必要な遺伝子が見つからない場合も多い。他の生合成系についても、たとえば、真

正細菌でありながら古細菌と同じくエーテル型脂質をもつ *Aquifex aeolicus* では、エーテル型脂質の合成に働く遺伝子は同定されていない。これらのことは新しい経路・酵素の存在を示唆している。

B. 転写・翻訳・複製など

古細菌のエネルギー・物質代謝や細胞分裂に関連した遺伝子は真正細菌のものにより似ているが、DNA 代謝関連のものは基本的に真核生物型である。ただし、真核生物のシステムに含まれる因子のいくつかは見つからない。またすべての好熱菌ゲノムは、Gln-tRNA シンテターゼを欠いているが、Glu-tRNA をアミド化する酵素遺伝子は同定されている。*P. horikoshii* を除けば、Asn に対する酵素も見あたらない。これらは耐熱化機構に関連するものと考えられる (後述)。

C. シグナル伝達系・シャペロンなど

M. thermoautotrophicum は、いわゆる thermosome を構成する 2 つの古細菌型シャペロニンに加えて、真正細菌の *dnaK*, *dnaJ*, *grpE* ホモログももっている。この菌と *A. fulgidus* は、真正細菌に広く見られる制御因子の 2 成分系 (two-component system) の遺伝子群も多数もっている。これは、これらの菌が複雑なエネルギー代謝系をもつことに関係すると思われる。全体的にみて好熱菌では、炭素・窒素の欠乏や DNA 傷害などに反応して遺伝子の発現を制御するためのシステムが欠けているか、少ないようである。

D. 膜輸送・その他

アミノ酸配列の解析から、ゲノムにコードされている蛋白質の 2 割近くは膜蛋白質と推定される。そのなかには膜輸送に関与するトランスポーターも多数含まれるが、何を輸送するのかわかっていないものも多い。

3. 耐熱化機構

100°C で生育する超好熱菌からゲノムの 2 本鎖 DNA を単離し、100°C にすると DNA は 1 本鎖になってしまう。それを防ぐために、*Sulfolobus* (図 1) は、既知の染色体結合蛋白質とは相同性のない DNA 結合蛋白質 (*Sso7d*³⁰⁾ など) をもっている。ゲノム解析されたものには、ヒストン様蛋白質あるいは HU 蛋白質は存在したが、*Sso7d* のホモログは見つからない。しかし、高温下での DNA の構造維持に必須と考えられているリパースジャイレース^{*3} は、至適生育温度の低い *M. thermoautotrophicum* を除くすべての好熱菌で見つかった。

*3 真正細菌の DNA ジャイレースとは逆に、正の超らせんを導入する I 型トポイソメラーゼの一種。なお、好熱性古細菌の酵素のなかには、*Sulfolobus acidocaldarius* のリパースジャイレースのように、室温では活性を示さないものがある⁴¹⁾。

好熱菌の蛋白質では、アミノ酸残基のうち、高温で化学的に不安定な Cys, Asn, Gln, Met などの含量が少ないといわれている。実際に、好熱菌の全遺伝子産物の平均アミノ酸組成を常温菌のものと比較すると、Gln が大きく減少しており、Asn も同様の傾向を示した。逆に、Glu と Asp の割合は増加していたが、これは蛋白質の表面にイオン対や水素結合が多いという好熱菌の立体構造の特徴を反映したものかもしれない。蛋白質の熱安定性に寄与している因子を調べるためには、好熱菌・常温菌（さらには低温菌）の蛋白質についての可逆な熱変性実験のほか、水和水を含めた詳細な立体構造の情報が不可欠であろう。

4. 機能未知の遺伝子

どの好熱菌においても、全遺伝子の 1/3~1/2 が機能未知なものに分類されている(表 2)。好熱菌の場合、これまでよく研究されてきた真正細菌や真核生物とは進化的に遠縁であるために類似性を見つけられなくなっている可能性もあるほか、異なる経路や機構をもっている可能性も考慮する必要がある。しかし、以上の議論はあくまで配列の類似性だけにに基づいており、個々の遺伝子の同定については、前述のように、立体構造や機能を含めた検討が必要である。

III. ゲノムからプロテオームへ

ゲノム配列決定は生物全体を理解するためのスタートラインにすぎず、各遺伝子によってコードされる蛋白質の全体像の解明すなわちプロテオーム解析が次の課題となる。機能未知なものを含めた蛋白質の細胞機能を解明するためには、これまでの生化学的・分子生物学的な手法はもとより、新しい方面からの取り組みも必要となってくる。そこで、蛋白質の安定性が高い³¹⁾という好熱菌の特色が注目されるようになってきた。たとえば、酵素蛋白質の機能を原子レベルで理解する際には、まずできるだけ広い範囲の pH や温度で反応速度論的測定を行ない、反応過程の分子種を速度論的に解析しておく。次に、その反応過程における安定な分子種については、X 線結晶解析や NMR を利用して立体構造を決定する。これらの結果を総合し、酵素反応機構を推定する。さらに、分子生物学的手法を用いて、部位特異的変異導入による反応モデルの検証³²⁾や、欠失変異体による細胞内での機能解析を行なう。

このように、構造生物学と分子生物学とを融合させ

て、基本的生命現象を原子レベルで解明するためには、“蛋白質が安定であること”と“遺伝子操作系が確立していること”との 2 つの条件を満たすことが不可欠である。遺伝子操作系が確立した超好熱菌は存在しないため、上記の条件を満たす生物としては、現時点では高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 が最適である。そこで、この *T. thermophilus* HB8 をモデル生物とし、可能な限り多くの生体分子の立体構造を決定し、その立体構造を基にして、原子レベルで細胞全体の生命現象を解析しようという壮大な“高度好熱菌丸ごと 1 匹プロジェクト”が日本で始まりつつある^{33,34)}。

国外では、とくに生物種を特定せずに、蛋白質の超 2 次構造に出現する約 1,000~8,000 個のパターン^{35,36)}を網羅しようとする構造生物学的プロジェクトが計画されている^{37,38)}。しかし、日本の“高度好熱菌丸ごと 1 匹プロジェクト”の目的は、そのような分子の立体構造解析だけにとどまらない。多くの研究者がボランティア的に協力しつつ、決定された構造に基づいて機能解析を行ない、最終的には 1 つの細胞全体の生命現象を原子レベルで理解しようという壮大な計画である³⁹⁾。

本稿の冒頭では、好熱菌を極限環境に棲息するグループとして位置づけたが、プロテオーム解析における有利さをふまえて考えれば、好熱菌はこれからの“ポストゲノム時代”を拓く新たなモデル生物として最も適している。このような新たな展開を可能にしたことこそが、好熱菌ゲノム決定の最も大きな意義といえるのではないだろうか。

文 献

- 1) Fleischmann, R. D., Smith, H. O., Venter, J. C. *et al.* : *Science*, **269**, 496-512 (1995)
- 2) Fraser, C. M., Smith, H. O., Hutchinson, C. A., Venter, J. C. *et al.* : *Science*, **270**, 397-403 (1995)
- 3) Kaneko, T., Tabata, S. *et al.* : *DNA Res.*, **3**, 109-136 (1996)
- 4) Kaneko, T., Tabata, S. *et al.* : *DNA Res.*, **3**, 185-209 (1996)
- 5) Himmelreich, R., Hilbert, H., Plagens, H., Pirkl, E., Li, B. C., Herrmann, R. : *Nucl. Acids Res.*, **24**, 4420-4449 (1996)
- 6) Blattner, F. R., Plunkett, G. III, Shao, Y. *et al.* : *Science*, **277**, 1453-1474 (1997)
- 7) Tomb, J.-F., Berg, D. E., Smith, H. O., Venter, J. C. *et al.* : *Nature*, **388**, 539-547 (1997)
- 8) Fraser, C. M., Casjens, S., Venter, J. C. *et al.* : *Nature*, **390**, 580-586 (1997)

- 9) Fraser, C. M., Smith, H. O., Venter, J. C. *et al.* : *Science*, **281**, 375-388 (1998)
- 10) Kunst, F., Ogasawara, N., Danchin, A. *et al.* : *Nature*, **390**, 249-256 (1997)
- 11) Deckert, G., Swanson, R. V. *et al.* : *Nature*, **392**, 353-358 (1998)
- 12) Cole, S. T., Barrell, B. G. *et al.* : *Nature*, **393**, 537-544 (1998)
- 13) Butl, C. J., Woese, C. R., Venter, J. C. *et al.* : *Science*, **273**, 1058-1073 (1996)
- 14) Smith, D. R., Nöling, J., Reeve, J. N. *et al.* : *J. Bacteriol.*, **179**, 7135-7155 (1997)
- 15) Klenk, H. P., Woese, C. R., Venter, J. C. *et al.* : *Nature*, **390**, 364-370 (1997)
- 16) Karabayashi, Y. *et al.* : *DNA Res.*, **5**, 55-76 (1998)
- 17) Karabayashi, Y. *et al.* : *DNA Res.*, **5**, 147-155 (1998)
- 18) *Nature*, **387** (Suppl.), 5-105 (1997)
- 19) <http://www.tigr.org/tdb/tdb.html>
- 20) 小笠原直毅・村上康文：蛋白質 核酸 酵素, **42**, 673-678 (1996)
- 21) 池内昌彦：蛋白質 核酸 酵素, **41**, 2579-2583 (1996)
- 22) 小笠原直毅：蛋白質 核酸 酵素, **41**, 366-370 (1996)
- 23) 中澤晶子：蛋白質 核酸 酵素, **43**, 81-85 (1998)
- 24) 山岸明彦・大島泰郎：蛋白質 核酸 酵素, **42**, 174-177 (1997)
- 25) 大島泰郎：生命は熱水から始まった, 東京化学同人 (1995)
- 26) Mushagian, R., Koonin, E. V. : *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **93**, 10268-10273 (1996)
- 27) Huynen, M. A., Bork, P. : *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **95**, 5849-5856 (1998)
- 28) Nakai, T., Okada, K., Kawaguchi, S., Kato, R., Kuramitsu, S. : *Acta Cryst. Sec. D*, **54**, 1032-1034 (1998)
- 29) Nobe, Y., Kawaguchi, S., Ura, H., Nakai, T., Hirotsu, K., Kato, R., Kuramitsu, S. : *J. Biol. Chem.*, **273**, 29554-29564 (1998)
- 30) Gao, Y.-G., Su, S.-Y., Robinson, H., Padmanabhan, S., Lim, L., McCrary, B. S., Edmondson, S. P., Shriver, J. W., Wang, A. H.-J. : *Nature Struct. Biol.*, **5**, 782-786 (1998)
- 31) Jaenicke, R., Schurig, H., Beaucamp, N., Ostendorp, R. : *in* Advances in Protein Chemistry (ed. Adams, M. W. W.), Vol. 48, pp. 181-269, Academic Press, San Diego (1996)
- 32) 倉光成紀：蛋白質 核酸 酵素, **37**, 2243-2256 (1992)
- 33) 倉光成紀・河口真一：バイオサイエンスとインダストリー, **54**, 34-36 (1996)
- 34) <http://www.bio.sci.osaka-u.ac.jp/~kuramitsu/>
- 35) Chothia, C. : *Nature*, **357**, 543-544 (1992)
- 36) Orengo, C. A., Jones, D. T., Thornton, J. M. : *Nature*, **372**, 631-634 (1994)
- 37) Gurrhard, R. : *Structure*, **6**, 259-263 (1998)
- 38) Gaasterland, T. : *Nature Biotech.*, **16**, 625-627 (1998)
- 39) 倉光成紀・柴田武彦・井上頼直・横山茂之：蛋白質合同年会 (長岡 98) 要旨集, 30-33 (1998)
- 40) 山岸明彦：古細菌の生物学 (古賀・亀倉 編), pp. 16-39, 東京大学出版会 (1998)
- 41) Kikuchi, A., Asai, K. : *Nature*, **309**, 677-681 (1984)
- 42) Olsen, G. J., Woese, C. R., Overbeek, R. : *J. Bacteriol.*, **176**, 1-6 (1994)
- 43) Douglas, S. E., Murphy, C. A., Spencer, D. F., Gray, M. W. : *Nature*, **350**, 148-151 (1991)

お知らせ

第1回 開放的融合研究公開シンポジウム 個体発生のゲノム機能と分子機構の解明

期 日：平成 11 年 3 月 18 日(木)・19 日(金)

会 場：駒場エミナス (東京都目黒区大橋 2-19-5/Tel. 03-3458-1411)

GTP 結合蛋白質の介在する新規シグナル伝達経路

堅田利明 (東大)

細胞死シグナルの制御機構

一條秀憲 (東医歯大)

動物の初期発生における臓器形成と遺伝子発現

浅島 誠 (東大)

血液と血管の発生

西川伸一 (京大)

ゲノムインプリンティングの機構と個体発生

佐々木裕之 (遺伝研)

細胞を操作して個体を作る

角田幸雄 (近畿大)

ゲノム機構の解析系としての突然変異マウス

山村研一 (熊本大)

妊娠の認識と成立のメカニズム：着床におけるサイトカイン遺伝子の発現制御

今川和彦 (東大)

連絡先：〒154-8509 東京都世田谷区太子堂 3-35-31

国立小児病院小児医療研究センター

実験外科生体工学部 鈴木盛一

Tel. 03-3414-8121 ext. 2773

〒305-0901 茨城県稲敷郡茎崎町池の台 2

農林水産省畜産試験場 企画調整部 松本光人

Tel. 0298-38-8617