



# 第21回岩手大学 COEフォーラム

2004年度から採択されました岩手大学21世紀COEプログラム拠点「熱・生命システム関連学拠点創成」では、月1回のペースで、関連分野において国内外で活発に研究をされている方をお招きして、セミナーを開催することにしました。今回は、「細胞遺伝学」・「FISH」・「遺伝子局在」というキーワードでお話しいただけることになりました。

お忙しいとは思いますが、万障繰り合わせの上、ぜひご参加いただきますようお願い申し上げます。

第21回担当・COE客員教授  
渡辺 正夫 ([nabe@iwate-u.ac.jp](mailto:nabe@iwate-u.ac.jp))

なお、不明な点は、渡辺 ([nabe@iwate-u.ac.jp](mailto:nabe@iwate-u.ac.jp)) までお願いします。

\*\*\*\*\*

日時：2005年11月25日(金) 16:30～18:00  
場所：岩手大学農学部2番講義室

## 鈴木 剛 助教授

(大阪教育大学・教養学科・植物分子遺伝学研究室)

### BAC & FISH

#### ---巨大DNA断片の可視化技術---

100kb程度の巨大DNA断片をクローニングできるBAC(バクテリア人工染色体)ベクターは、ゲノムプロジェクトやポジショナルクローニングに広く用いられ、分子遺伝学の重要なツールとなっている。細胞遺伝学の世界では、染色体上の遺伝子の位置を可視化する技術であるFISH(fluorescence *in situ* hybridization)法のプローブとしてBACクローンは利用される。FISH法の場合、数kbのプラスミドクローンをプローブにしても、感度の問題で一遺伝子座を検出することは難しい。プローブの断片が長ければ長いほど蛍光が強くなり検出が容易になることから、BACクローンが有効利用されているのである。しかしながら、植物のゲノム中に多く含まれている複雑な反復配列が原因で、プローブ断片が長いと特異的に検出できなくなる場合がある。植物種によるFISH解析の難易度の相違などについて、我々の研究室の知見を述べたい。また、「ファイバーFISHを利用したBACコンティグの可視化」、「コーミング法による環状BAC DNAの可視化」、「BIBAC/TACにより植物に遺伝子導入した巨大DNA断片の可視化」など、最近の研究成果を紹介する。