

## 第78回昆虫病理研究会のご案内

拝啓 皆様におかれましてはますますご健勝のこととお慶び申し上げます。

さて、今年の昆虫病理研究会はオンラインで開催することが昨年の幹事会で決定されており、日時について幹事で協議し、下記の通り決定いたしました。今回は東京農工大学の仲井まどか先生、住友化学株式会社の諫山真二博士による2題の特別講演、および一般口頭発表が予定されております。研究発表以外にも、旧知の方々との再会、情報交換の場としてのご参加も歓迎いたします。オンライン開催ではございますが、皆様ふるって御出席下さいませようご案内申し上げます。

敬具

### 記

#### 1 日時

2021年11月14日（日） 午後1時～午後5時頃  
(12:30より入室可能、演題数によって、講演時間を変更する可能性があります。)

#### 2 会場 zoom オンライン会議システム

(ホスト：東京大学・勝間進)

zoom アドレスは開催日の数日前に参加者宛にメールする予定です。

#### 3 形式 一般講演(15分程度、講演題数により調整) + 特別講演2題

発表媒体：zoom でのファイル共有にて発表していただきます。

講演者は各自のコンピュータをご用意いただき、会場系の指示に従ってファイル共有後に発表を開始していただきます。参加者も各自のコンピュータで参加していただくこととなります。

4 懇親会は開催しませんが、希望があれば講演会終了後に zoom 会場で自由に議論していただけるようにいたします。

#### 5 その他

プログラム、および要旨集は事前に pdf 形式で配付する予定です。

#### 6 申し込み方法

講演申し込みは、11月1日（月）必着、**発表者名（演者名左に○）、所属略称、演題名、および講演要旨**を、電子メールで浅野眞一郎 ([sangaku@abs.agr.hokudai.ac.jp](mailto:sangaku@abs.agr.hokudai.ac.jp)) 宛にお送り下さい。なお、メールのサブジェクト（見出し）は「昆虫病理研究会講演申込み」として下さいますようお願いいたします。また、開催日の数日前に zoom の URL をお送りしますので、連絡を希望するメールアドレスもメールで連絡してください。講演要旨は要旨例のように、A4 で1ページ以内におさまるように word ファイルで作成してください。なお、**講演する場合は昆虫病理研究会の会員である必要があります**。学生の方で発表を希望し、まだ会員でない場合は、指導教員に相談して早めに会員登録していただければと思います（学生会員の会費は無料です）。

**今回は事前参加申し込みが必要となります**。参加を予定されている方で講演を希望しない場合は、参加申し込みを11月10日（水）までに電子メールで勝間進 ([skatsuma@g.ecc.u-tokyo.ac.jp](mailto:skatsuma@g.ecc.u-tokyo.ac.jp)) 宛にお送り下さい。なお、メールのサブジェクト（見出し）は「昆虫病理研究会参加申込み」として下さいますようお願いいたします。講演・参加申し込みしたにもかかわらず、前日までに勝間より zoom アドレスが送られてこない場合は、勝間までご連絡ください。

講演要旨例：

バキュロウイルスゲノムから転写される長鎖非コード RNA の探索  
○勝間進・嶋田透（東大農）

バキュロウイルスゲノムから転写される mRNA の網羅的解析は、マイクロアレイ (Iwanaga et al., BBRC, 2004; Yamagishi et al., Arch. Virol., 2003; Jiang et al., J. Virol., 2006) や Expressed Sequence Tags (ESTs) 解析 (Okano et al., Virology, 2001) によって行われてきた。しかしながら、これらの方法では、各遺伝子の発現パターンはわかるものの、どの領域が個々の転写産物 (ユニット) なのかを明らかにすることはできない。この問題を解決するため、我々は、カイコ核多角体病ウイルス (*Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus: BmNPV) 感染 BmN 細胞から調製した mRNA を用い、完全長 cDNA ライブラリーを作成した。

5'、および 3' 末端を約 1 万クローンずつシーケンスすることにより、BmNPV から 4679 個のウイルスゲノム由来の転写ユニットを同定した。これらの中には、5 個以上の遺伝子 (ORF) を含む非常に長いユニット (約 8 kb) や既報の ORF を含まないユニットが存在した。後者は、長鎖非コード RNA か短いペプチドをコードする可能性が示唆された。これらのユニットは、初期、または後期プロモーターモチーフから転写されていることから、不完全な逆転写産物がクローニングされた結果ではないことがわかった。今後、プロモーターノックアウトなどにより、ウイルス感染にこれらのユニットが必要かどうかを検討する予定である。