ゲノム遺伝解析学研究室

応用植物科学コース

教授
田原 誠

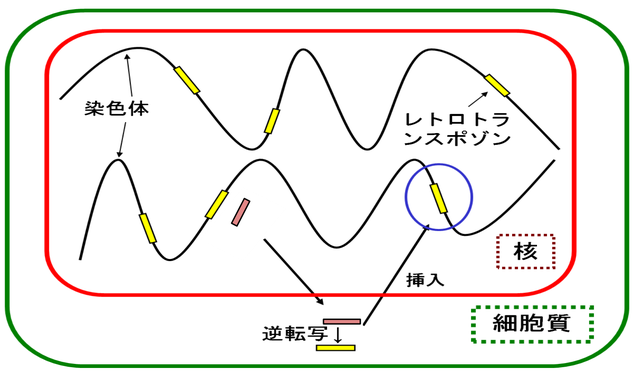
この研究室では…

「レトロトランスポゾン」、「次世代DNAシーケンサー」をKey Wordに作物のゲノム全体を対象に遺伝解析を行います。
研究のゴールは、

1）作物品種を特定する実用的なDNA検査技術を開発し、新品種の保護や食品表示の適正化を進めます。
2）これまで研究対象にできなかった栄養繁殖性作物で、ゲノムマップを作成し、遺伝的な改良を飛躍的に促進します。

レトロトランスポゾンとは？

コピー・ペーストで増殖する遺伝子です。
生物のゲノムには、多種類のものが、多数のコピーとして存在します。
現在でも増殖を繰り返す“元気なもの”を発見すると、ユニークな遺伝分析が可能になります。



次世代DNAシーケンサーとは？

従来の数千倍の効率でDNAの配列を決定する革命的な技術です。
レトロトランスポゾンのコピーが存在する部分のDNAを　ゲノム全体を網羅する形で抽出する技術を開発しました。一度の次世代シーケンサー解析で、100種類以上の品種でもその存在部位のDNA配列をもれなく決定できるようにしました。
次世代シーケンサーの利用技術を開発したことで、“元気なレトロトランスポゾン”を発見し、品種判定マーカーの開発やゲノムマップが可能になりました。

研究テーマ1

元気なレトロトランスポゾンの探索

　イチゴや果樹を対象に、遺伝解析に利用できる“元気なレトロトランスポゾン”を発見します。

研究テーマ2

品種判定DNA マーカーの開発

　加工食品を調べ、使われた品種を特定できる実用的なマーカーを開発します。

研究テーマ3

サツマイモの連鎖地図作成

　レトロトランスポゾンの挿入部位を次世代シーケンサーで調査し、連鎖地図（遺伝子やDNAマーカーの位置関係を示すもの）を作成します。

対象とする作物

サツマイモ、イチゴ、リンゴ、カンキツ、シイタケなど

特任助教
門田 有希