

バイオ・ライフサイエンス



キーワード：ゲノム情報学 細胞内共生進化 巨大ウイルス ゲノム編集

応用ゲノム生物学

農学部 応用生物科学科 准教授

松尾 充啓 MATSUO Mitsuhiro

研究の内容

ゲノム進化の原理の探求、
ゲノム育種・ゲノム視点からの環境アセスメント

背景

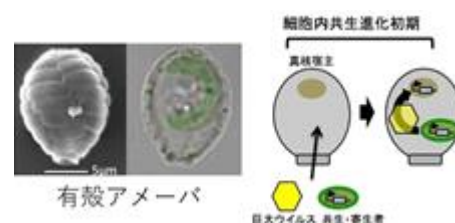
- ・生命の設計図であるゲノムを解析することで、生物の機能を遺伝子レベルで詳細に解析することができます。
- ・生物、ウイルスゲノムを比較解析することで、生物がどのように進化してきたのかを知ることができます。
- ・環境中には多種多様な未知のウイルスが多く存在しています。
- ・環境DNAサンプルを解析することで、環境中にどのような微生物・ウイルスがいるのかを調べることができます。

目的

- ・ゲノム情報を鍵に、生物の進化の原理や植物誕生の謎を解き明かします。
- ・ゲノム解析技術を用いて、市場価値のある有用植物の創出や、土壌・水質のアセスメント手法の開発に取り組みます。

主な成果

- ・若い光合成オルガネラを持つ有殻アメーバの核ゲノムを解読しました。
- ・有殻アメーバのゲノム解析から、細胞内共生進化について巨大ウイルスが関わる新仮説を提示しました。
- ・分子遺伝学の手法により、植物の酸化ストレス応答を制御する転写因子の機能を明らかにしました。



細胞内共生進化の3者 (宿主・共生者・ウイルス) モデル

細胞内共生進化初期においては、
巨大ウイルスが共生者と共に宿主に入り込み、
共生者から宿主への遺伝子転移が加速した。



植物の酸化ストレス応答の解析

酸化ストレス応答のキー因子RRTF1を発現させると、
植物は環境ストレスに過剰に反応して葉を黄化させる。

産学連携・社会連携へのアピールポイント

【農業との連携】ゲノム情報とゲノム編集技術を用いて、強い環境ストレス耐性を持つ農作物や市場価値の高い有用植物の創出に取り組みたいと考えています。

【環境ビジネスとの連携】未同定の環境ウイルスを検出する新しい環境ゲノム学手法の開発と、それらを用いた環境アセスメント手法の開発に取り組みます。

研究室名（ゲノム生物学研究室）

URL : <https://www.setsunan.ac.jp/gakubu-in/nogaku/>

