

山田 哲也 教授

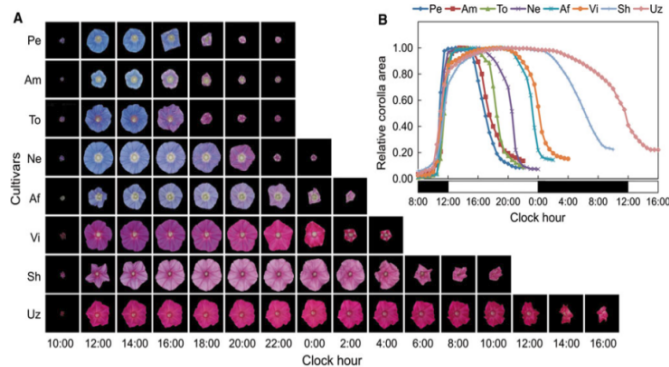
研究概要

比較ゲノム・トランスクリプトーム解析等による植物の有用遺伝子の探索

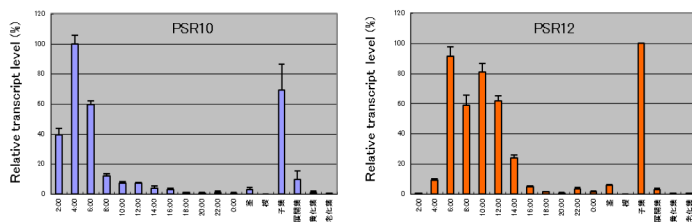
遺伝子組換えやマーカー利用選抜など、植物の品種改良を効率化する分子育種法が確立されている。しかし、それらの手法は、目的形質の改変につながる有用遺伝子が同定されていることが前提となるため、適用可能な形質は限られている。また、有用遺伝子の同定に用いられている既存の手法は、実験系統群の育成や高密度連鎖地図の構築など、多大な労力と費用をかけて整備された研究基盤が不可欠であり、そのような基盤のない植物種には適用できない。そこで、私の研究では、種を問わず有用遺伝子を同定できる新たな手法を確立し、分子育種法の適用が可能な形質を増大させることを主な目標としている。具体的には、プログラム細胞死が関与する二つの遺伝形質(花弁老化および雑種致死)を実験モデルとし、生理遺伝学的解析や次世代シーケンサーを用いた比較ゲノム・トランスクリプトーム解析などで得られた知見に基づいて候補遺伝子を選抜し、それらの遺伝子の機能を逆遺伝学的に解析することで、各形質を支配する遺伝子群の同定を試みている。

主要研究テーマ

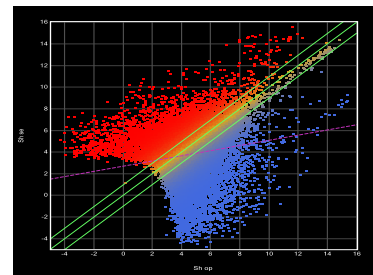
1. 比較ゲノム・トランスクリプトーム解析による花の寿命を支配する遺伝子群の探索
2. 花弁老化の制御機構におけるオートファジーおよびメルトニン関連遺伝子群の機能解析
3. 雑種致死の誘導および高温回避におけるオートファジー関連遺伝子群の機能解析
4. 雑種致死克服機構におけるDNAメチル化等のエピジェネティック制御の関与



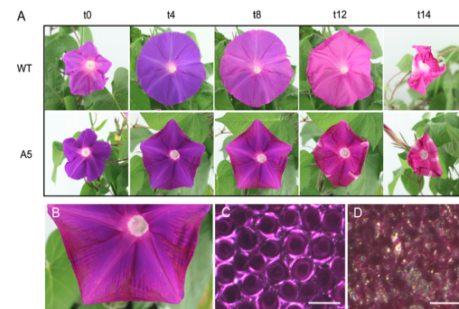
① 新規開発した画像解析法による花弁老化の系統間差異の検出



③ Real-time RT-PCR法による老化関連遺伝子の発現解析



② 系統間差異を利用した比較トランスクリプトーム解析による老化関連遺伝子の探索



④ RNAi法による老化関連遺伝子の機能解析