

バイオ・ライフサイエンス



キーワード：遺伝子解析、バイオインフォマティクス、薬用資源

遺伝子解析による薬用植物の起源と進化の解明

薬学部 薬学科 准教授
伊藤 優 ITO Yu

研究の内容

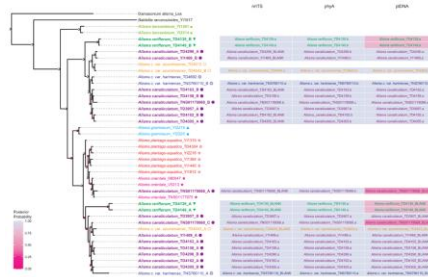
有史以降、人類は外見の特徴をもとに数多の野生生物を識別し、その中から我々の生活を豊かにする有用、薬用資源を見出し利用してきた。近年、遺伝子解析技術の進歩により、外見の特徴では困難であった種や系統を識別することが可能となり、野生生物の多様性が次々と解明されている。

本研究室においても、世界各地の様々な植物のDNA塩基配列を決定し、その起源と進化を明らかにしてきた。具体的には、遺伝子バンクとのデータ比較による新種の発見・記載や、分子進化の中立説に基づいて計算した遺伝子の進化速度を用いた薬用植物の起源の推定、またDNAクローニング法により単離した遺伝子データの解析による種間交雑の進化過程の解明などがあげられる。

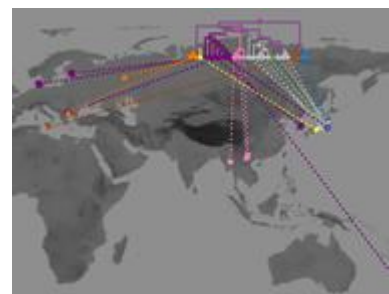
現在は、従来のDNA塩基配列データをはるかに凌駕する大量の次世代シーケンスデータをバイオインフォマティクスによって解析することで、高精度な個体識別法の確立を進めている。



製薬原料植物クサミズキ



ゲノムデータを用いた高解像度系統樹



地理情報を紐づけた系統樹

産学連携・社会連携へのアピールポイント

現在、世界全体で取り組みが求められている持続可能な開発目標（SDGs）において、天然薬用資源を含む陸域生態系の保護と利用が一つの目標となっている。本研究室が持つ遺伝子データ解析技術は、野生植物及び栽培植物の基礎生物学的知見を可能とするため、保護対象種や要保全区域の選定や見直しなどの具体的な政策決定に貢献することが出来る。

統合薬学生物研究室

URL : <https://www.setsunan.ac.jp/~p-togo/ito.html>

