

課題名 (タイトル) :

ゲノム配列情報に基づくバイオインフォマティクス解析

利用者氏名 :

市田 裕之

理研での所属研究室名 :

仁科加速器研究センター 生物照射チーム

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

理研・仁科加速器研究センターRIBFにおいて供給される高エネルギー重イオンビームを利用した突然変異誘発法は、生物種を問わず適用可能であり、基礎研究ならびに農作物等を対象とした実用品種の作出に広く応用されている。重イオンビームは従来から利用されているエックス線・ガンマ線等のと低エネルギー放射線と比較して格段に大きな線エネルギー付与を有することから、飛跡に沿って局在したDNA損傷を誘発すると考えられているが、その実態は不明である。本研究課題ではイネ突然変異体のエキソーム塩基配列データセットに基づいて、リファレンス配列へのマッピングおよび複数のアルゴリズムに基づく変異検出を実施し、変異体の原因遺伝子を同定することを目的に、Hokusai GreatWave/BigWaterfallを用いたバイオインフォマティクス解析パイプラインを実装して解析した。

2. 具体的な利用内容、計算方法

具体的な利用内容および計算方法は昨年度までと概ね同様である。リードデータのリファレンス配列へのマッピング (BWA; Li et al., 2009) および GATK (McKenna et al., 2010), Pindel (Ye et al., 2009), BedTools (Quinlan et al., 2010), Delly (Rausch et al., 2012), Manta (Chen et al., 2016) による変異検出を行なうパイプラインを実装し、バッチジョブ管理システムを利用して実行した。

3. 結果

本年度は計 379 系統について解析を行い、検証実験などの高次解析を実施した。BigWaterfall 導入後にストレージ障害や性能低下が頻発しており、早期に改善されることを期待している。

4. 今後の計画・展望

来年度も新規に取得する変異体のゲノム配列情報に基づく解析を実施する予定である。また、シーケンス結果等の一次データの保管先として階層型ストレージを継続して利用したい。

平成 29 年度 利用研究成果リスト

【国際会議、学会などでの口頭発表】

1. 森田竜平, 中川繭, 竹久妃奈子, 林依子, 市田裕之, 臼田祥子, 一瀬勝紀, 安部弘, 白川侑希, 東海林英夫, 佐藤雅志, 藤原誠, 伊藤竜一, 阿部知子
重イオンビームで誘発したイネ温度感受性 *virescent* 変異体 *csv1* の原因遺伝子同定と特性解析
日本育種学会 第 131 回講演会, 愛知県名古屋市, 2017 年 3 月
2. 李鋒, 丹羽紗也佳, 市田裕之, 森田竜平, 阿部知子, 加藤浩, 西村宜之
イネエキソーム解析によるガンマ線誘発突然変異の探索および原因遺伝子の迅速同定
日本育種学会第 131 回講演会, 愛知県名古屋市, 2017 年 3 月

【国際会議などの予稿集、proceeding】

1. H. Ichida, Y. Shirakawa, R. Morita, Y. Hayashi and T. Abe “Whole genome sequencing of 12 morphological rice mutants from carbon-ion irradiations”, RIKEN Accelerator Research Progress Report, **50**, 271, 2017.
2. R. Morita, M. Nakagawa, H. Takehisa, Y. Hayashi, H. Ichida, S. Usuda, K. Ichinose, H. Abe, Y. Shirakawa, T. Sato, M. Fujiwara, R. Itoh and T. Abe “Analysis of a temperature sensitive *virescent* mutant of rice induced by heavy-ion beam”, RIKEN Accelerator Research Progress Report, **50**, 272, 2017.