

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

理研における所属研究室名:

仁科加速器科学研究センター 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。本研究課題ではイネ突然変異体の全ゲノム/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および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。また、本パイプラインをイネ以外の生物種においても利用可能となるよう拡張し、ゲノム解析に基づく変異遺伝子の同定を行う。

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シェルスクリプトを実装し、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 644 系統について主に BWMPc を用いて解析するとともに、検証実験などの高次解析を実施した。また、リファレンスゲノム配列が公開されていない生物種におけるゲノム配列情報の整備を目的に、GWACSL および BWMPc を用いて *de novo assembly* を実施した。2019年度の総 CPU 使用時間は約 238,500 時間であった (2020年1月27日現在)。解析結果の一部は原著論文として発表した。

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の解析を実施予定である。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。

2019 年度 利用研究成果リスト

【雑誌に受理された論文】

1. Ryouhei Morita, Hiroyuki Ichida, Kotaro Ishii, Yoriko Hayashi, Hiroshi Abe, Yuki Shirakawa, Katsunori Ichinose, Kazuhide Tsuneizumi, Tomohiko Kazama, Kinya Toriyama, Tadashi Sato, Tomoko Abe

“*LONG GRAIN 1*: a novel gene that regulates grain length in rice”

Molecular Breeding, *in press*.

【口頭発表】

1. 藤田悠生, 市田裕之, 風間智彦, 阿部知子, 鳥山欽哉

「indica 品種 Lebed に台中 65 号を戻し交雑して得られた雄性不稔性の解析」

国立遺伝学研究所 イネ属近縁種研究会「Oryza 属ゲノム情報を活用した遺伝的多様性研究の推進」,
静岡県三島市, 2019 年 12 月

2. 橋本佳澄, 西浦愛子, 上田純平, 風間裕介, 市田裕之, 阿部知子, 村井耕二

「重イオンビーム照射によって作出された超極早生コムギ変異体 *extra early-flowering 4* における原因遺伝子の同定」

日本遺伝学会第 91 回大会, 福井県福井市, 2019 年 9 月

3. 市田裕之, 阿部知子

「効率的な反復配列除去技術の開発とコムギ全ゲノム解析への応用」

日本育種学会 第 135 回講演会, 千葉県千葉市, 2019 年 3 月