

課題名(タイトル):真核生物のゲノム進化及び集団遺伝学解析

利用者氏名:Jeffrey Fawcett

理研における所属研究室名:数理創造プログラム

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

近年、生物学では大量のゲノム配列データが生成されており、これらのデータを用いた大規模解析の重要性が増している。我々は、モデル植物シロイヌナズナとソバにおいて大規模な次世代シーケンスデータを取得しており、バイオインフォマティクスや分子進化の手法により、これらの植物の遺伝・進化に関する知見を得ることを目的として研究を行っている。

2. 具体的な利用内容、計算方法

BLAST, RepeatMasker, Bowtie2, Samtools などの、大規模ゲノム配列データを解析するために開発されたプログラムを実行し、得られた結果を解析した。

3. 結果

Gypsy 型レトロトランスポゾンと呼ばれる転移因子が、ソバのゲノムの大部分を占めることがわかった。また、ソバの進化の過程で、遺伝子の重複やゲノムの重複が生じてきたことがわかった。

4. まとめ

ソバ属植物の進化の過程において、トランスポゾンの増幅や遺伝子・ゲノムの重複が重要な役割を果たしていることが明らかになった。

5. 今後の計画・展望

ソバにおいてはさらに同様の解析を進め、ソバ属植物の進化過程を明らかにする。また、今後取得予定の集団ゲノムデータを用いた解析を行い、ソバの栽培化から世界各地への拡散や日本への伝播の過程について調べる。シロイヌナズナに関しては、今後取得予定のHi-CやATAC-Seqの実験データを用いた解析を行い、ゲノム構造変異の影響について調べる。

6. 利用がなかった場合の理由