

プロジェクト名(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, BWA, Bcftools 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

ソバ及び近縁種の全ゲノム配列を用いた比較ゲノム解析により、ソバの進化の過程で生じた遺伝子重複を多数同定した。また、ソバの栽培種、野生種約 100 系統のシーケンスデータを用いた集団遺伝学的解析により、チベット南西部の野生ソバが、栽培ソバに非常に近縁であることが分かった。さらに、栽培化の過程で重要な役割を果たし、育種的に有用だと考えられる候補遺伝子を同定した。

4. まとめ

ソバ属植物の進化の過程における遺伝子重複の重要性が明らかになった。また、チベット南西部の野生ソバが、ソバの栽培化に寄与したことが分かった。

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。さらに、現在日本および世界各国のソバ在来種のシーケンスデータを生成しており、これらの大規模なシーケンスデータを用いた集団ゲノム解析を行い、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。また、シロイヌナズナについて、共同研究者が実施予定の Hi-C や RNA-Seq など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

2021 年度 利用研究成果リスト

【口頭発表】

「ソバの起源と進化」日本進化学会(2021年8月、オンライン開催)