

プロジェクト名(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 植物ゲノム進化研究チーム

1. 本プロジェクトの研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

仁科加速器研究センターRIBF で生成される高速重イオンビームは、効率的な物理的変異原として多くのユーザーに利用されている。変異原処理によって細胞の DNA に誘発された変異を同定することは、遺伝子の機能や制御機構の解明に役立つばかりでなく、有用変異体を識別するための DNA マーカーとしても有用である。本プロジェクトでは、植物および微生物に由来する DNA 配列データに基づいて効率的かつ網羅的に変異検出を行う変異解析パイプラインを開発し、様々な生物種を対象とした変異解析を実施した。

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、昨年度までと同様である。リードデータをリファレンス配列にマッピングし、変異検出とフィルタリングを行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

主に BWMPD を用いた並列処理によって変異解析を行うとともに、検証実験などの高次解析を実施した。また、ロングリード型シーケンサーの高性能化と普及に伴い、今年度は昨年度までと比較して *de novo* ゲノムアセンブリの実施件数が増加した。2022 年度の総 CPU 使用時間は約 210,250 時間であった(2023 年 2 月現在)。解析結果の一部は原著論文として発表した。

4. まとめ

幅広い生物種を対象とした変異ゲノム解析技術を開発し、変異体の形質を支配する原因遺伝子を多数同定した。また、階層型ストレージを用いてシーケンス結果等の一次データを安定的に保管した。

5. 今後の計画・展望

引き続き様々な生物種を対象に変異ゲノム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。

6. 利用がなかった場合の理由

該当しない。

2022 年度 利用研究成果リスト

【雑誌に受理された論文】

1. Hiroyuki Ichida, Tomohiko Kazama, Shin-ichi Arimura, and Kinya Toriyama
“The mitochondrial and plastid genomes of *Oryza sativa* L. cv. Taichung 65”
Plant Biotechnology, *in press*.

【口頭発表】

1. 高塚歩, 風間智彦, 市田裕之, 阿部知子, 鳥山欽哉
「Tadukan 型細胞質雄性不稔性イネのミトコンドリア RNA プロセッシングに関わる PPR 遺伝子の推定」
第 10 回 植物 RNA 研究ネットワーク シンポジウム, 東京都文京区, 2022 年 12 月
2. 市田裕之, Ni Lei, 森田竜平, 阿部知子
「機械学習による変異バリデーション法の開発と検証」
日本育種学会 第 142 回講演会, 北海道帯広市, 2022 年 9 月
3. 稲田裕介, 高塚歩, 市田裕之, 鳥山欽哉
「CW 型細胞質雄性不稔性イネに対するインディカ品種 Samba Mahsuri 由来の新規稔性回復遺伝子のマッピング」
日本育種学会 第 142 回講演会, 北海道帯広市, 2022 年 9 月
4. 高塚歩, 風間智彦, 市田裕之, 阿部知子, 鳥山欽哉
「Tadukan 型細胞質雄性不稔性イネを稔性回復させる遺伝子の探索」
日本育種学会 第 142 回講演会, 北海道帯広市, 2022 年 9 月
5. 高塚歩, 風間智彦, 市田裕之, 阿部知子, 鳥山欽哉
「Tadukan に由来する細胞質雄性不稔性イネの稔性回復候補遺伝子」
第 39 回日本植物バイオテクノロジー学会(堺)大会, 大阪府堺市, 2022 年 9 月
6. 武田信哉, 市田裕之, 阿部知子, 有村慎一, 風間智彦, 陳孫祿, 金岡義高, 貴島祐治, 鳥山欽哉
「台中 65 号の細胞質とアフリカイネの核を持つ TG-CMS の原因遺伝子とその稔性回復様式の調査」
第 39 回日本植物バイオテクノロジー学会(堺)大会, 大阪府堺市, 2022 年 9 月

【その他(プレプリント)】

1. Hiroyuki Ichida, Hitoshi Murata, Shin Hatakeyama, Akiyoshi Yamada, and Akira Ohta
“Complete *de novo* assembly of *Tricholoma bakamatsutake* chromosomes revealed the structural divergence and differentiation of *Tricholoma* genomes”
bioRxiv, doi: 10.1101/2023.02.12.528224