

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

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、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・進化および植物全体のゲノム進化に関する知見を得ることを目的として研究を行なっている。

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

ソバの栽培種、野生種数百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。また、ソバの世界各地への拡散・伝播の過程についても新しい知見が得られた。日本のソバについては、西日本と東日本のソバが遺伝的に分化しており、特に北海道のソバにおいて分化の度合いが顕著であった。

シロイヌナズナに関しては、Omni-C 実験によって得られたデータの解析を行なった。また、シロイヌナズナを含む植物種数十種におけるゲノム内、ゲノム間のシンテニーを同定し、種間・種内のオーソログや重複遺伝子を同定した。特に、植物の進化過程における MAP キナーゼ遺伝子群の重複のタイミングを明らかにした。

4. まとめ

チベット南西部の野生ソバが、栽培ソバの成立に大きく寄与していることが分かった。また、世界各国に伝播したソバが、いずれもチベット南西部で成立した栽培種に起原したことが分かった。

多数の被子植物のゲノム解析の結果、多くの被子植物のゲノム進化において全ゲノム重複が生じていることが確認できた。また、MAP キナーゼ遺伝子群の進化に全ゲノム重複が大きく貢献していることがわかった。

5. 今後の計画・展望

ソバにおいては、日本および世界各国のソバ在来種の大規模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をさらに明らかにし、西日本と東日本のソバの分化の遺伝的要因を調べる。

シロイヌナズナについては、共同研究者が実施予定の Omni-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。また、植物界全体における遺伝子重複のパターンを精査し、MAP キナーゼなどの遺伝子群の進化の歴史を明らかにする。

6. 利用がなかった場合の理由

2022年度 利用報告書

2022年度 利用研究成果リスト

【口頭発表】

「全ゲノム SNP 解析による栽培ソバの起原の解明」日本進化学会(2022年8月、沼津)

「全ゲノム SNP 解析による栽培ソバの起原の解明」日本進化学会(2022年9月、札幌)