

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、比較ゲノム、分子進化の手法により、これらの植物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

ソバとその他の植物種 10 種の全ゲノム配列データを用いた比較ゲノム・分子進化解析を行なった結果、ソバを含むタデ科植物の共通祖先において、約 7,100 万年前と 8,500 万年前の 2 回にわたり、全ゲノム重複が起きていたことが示された。

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、野生種から栽培種への栽培化の過程で、非常に強い人為選抜の対象となった領域を同定した。さらに、日本のソバは朝鮮半島経由で日本に伝播したことが示唆された。

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、気孔の CO₂ 応答に関する遺伝子群の重複時期を推定した。

4. まとめ

タデ科植物の共通祖先で生じた遺伝子重複や全ゲノム重複が、ソバを含むタデ科植物の進化、特にソバにおけるルチン含量や種子のもち性形質、二花柱型自家不和合性といった重要形質の進化に関係していることが分かった。また、チベット南西部が、ソバの栽培化において重要な役割を果たしたことが分かった。

多数の被子植物、裸子植物、コケ植物などのゲノム解析の結果、様々なグループの植物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、気孔関連遺伝子の進化に遺伝子重複、特に全ゲノム重複が大きく関係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、世界各地への拡散および日本への伝播、さらに栽培化や伝播の過程で生じた適応進化の過程を明らかにする。また、特に日本列島における適応進化、生態型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、気孔関連遺伝子群の祖先配列を推定し、それらの遺伝子重複と機能分化の歴史を明らかにする。

6. 利用がなかった場合の理由

2023年度 利用研究成果リスト

【雑誌に受理された論文】

Fawcett et al. Genome sequencing reveals the genetic architecture of heterostyly and domestication history of common buckwheat. *Nat. Plants* 9:1236-1251 (2023).

【口頭発表】

Fawcett et al. Genome sequencing reveals the genetic architecture of heterostyly in common buckwheat. 日本遺伝学会 2023年9月、熊本.

【ポスター発表】

Fawcett et al. Genome sequencing reveals the genetic architecture of heterostyly in common buckwheat. Annual Meeting of Society for Molecular Biology and Evolution July 2023, Italy.

【その他(著書、プレスリリースなど)】

プレスリリース「ソバゲノムの解読 -高精度ゲノム解読がソバの過去と未来を紡ぐ-」(2023/08/17)

<https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2023-08-17>