

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、関係する課題との関係

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において、重イオン照射変異体を用いた様々な実験によって得られた大規模データを取得している。またソバにおいては日本および世界各地の在来種の大規模配列データを取得している。そこで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構造並びに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, samtools, Juicer 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

ソバの日本および世界各地の在来種数百系統の全ゲノムシーケンスデータを用いた集団遺伝学解析により、世界のソバ品種が、中国、ロシア・ヨーロッパ、日本・朝鮮半島の3つの集団に大別されることがわかった。またソバが中国南西部で栽培化された後に世界各地に拡散する過程での日長反応性への適応の候補領域を同定した。

シロイヌナズナの多数の重イオン照射変異体の構造変異のパターンを解析することで、シロイヌナズナのゲノムにおける必須遺伝子の分布が、構造変異の遺伝の仕方を強く規定していることが明らかになった。また、変異体を用いた Hi-C, Omni-C や RNA-seq の解析により、構造変異が遺伝子の発現等のエピジェネティクスに影響を及ぼすことがわかった。

4. まとめ

ソバの大規模集団解析により、作物の栽培化や伝播の過程について、またその過程で生じる日長反応性の適応進化の機構について新たな知見が得られた。

またシロイヌナズナにおいて構造変異が遺伝やエピジェネティクスに様々な影響を及ぼすことが明らかとなった。

5. 今後の計画・展望

ソバにおいては日本各地のソバの大規模データ解析により、日本における日長反応性の進化や生態型分化の原因遺伝子の同定を目指す。

シロイヌナズナにおいては、重イオン照射変異体を用いた研究により、構造変異とエピジェネティクス、さらには適応進化の関係を明らかにする。

2024 年度 利用研究成果リスト

【雑誌に受理された論文】

1. Ishii K, Kazama Y, Hirano T, Fawcett JA, Sato M, Hirai MY, Sakai F, Shirakawa Y, Ohbu S & Abe T.
Genomic view of heavy-ion induced deletions associated with distribution of essential genes in *Arabidopsis thaliana*.
Front. Plant Sci. 15:1352564 (2024).

【口頭発表】

1. Fawcett JA. Adaptive evolution during the domestication and dispersal process of common buckwheat.
第 47 回日本分子生物学会、福岡(2024 年 11 月)
2. Fawcett JA et al., Population genetic analysis reveals the domestication and dispersal process of common buckwheat.
日本遺伝学会第 96 回大会、高知(2024 年 9 月)
3. Fawcett JA. Population genetic analysis reveals the domestication and dispersal process of common buckwheat.
日本進化学会第 26 回大会、神奈川(2024 年 8 月)

【ポスター発表】

1. Fawcett JA et al. Population genetic analysis reveals the domestication and dispersal process of common buckwheat.
Annual Meeting of the Society of Molecular Biology and Evolution, Puerto Vallarta, Mexico (July 2024)