

研究課題（テーマ）	高環境適応性植物ダイモンジソウの染色体ゲノム構築		
研究者	所属学科等	職	氏名
代表者	教養教育センター	助教	孫田佳奈
分担者	教養教育センター	准教授	鈴木浩司
研究結果の概要			
ヒトゲノムの解読から 20 年が経過し、かつて膨大な時間と費用を要したゲノムシーケンスは、技術の進歩により迅速かつ安価に実施できるようになった。これに伴い、野生生物を対象としたゲノム解析研究も急速に進展している。進化生物学においてゲノム解析は、進化過程や適応の理解に極めて有用な手法である。具体的には、生物種間のゲノム比較により共通祖先や分岐時期を推定できるほか、自然選択の痕跡、集団の遺伝的多様性や構造、さらに遺伝子重複や新規遺伝子の進化といった多様な現象を分子レベルで解明することが可能となる。 本研究では、野生植物が示す多様な表現型の適応的意義とその進化過程を明らかにすることを目的として、ユキノシタ科のダイモンジソウをモデル種として研究を進めてきた。本種は、日本列島の多様な環境（山地帯の林床、高山帯、溪流沿い、島嶼など）に繰り返し進出・適応してきた分類群であり、各環境への適応に伴う表現型の変異が、どのような遺伝的変異に基づいて生じているのかを明らかにすることが期待される。これらの問いに答えるためには、まず高精度なリファレンスゲノムの構築が不可欠である。これまでに Nanopore シーケンサーを用いた解析によって、本種のゲノム配列は約 100 本のコンティグにまとめられていたが、この段階では遺伝子間の正確な位置関係を把握することが難しく、適応に関与する遺伝子の同定にも限界があった。そこで本研究では、新たに Hi-C 法を用いて染色体スケールのリファレンスゲノムを構築することを試みた。Hi-C 法は、DNA のクロマチン構造に基づいて、ゲノム内の離れた領域間の相互作用をマッピングし、三次元構造を推定する手法である。今回は Dovetail Genomics 社の Omni-C 法（Hi-C 法の改良版）を用いてシーケンスライブラリを作製・シーケンスし、これまでに得られた配列と統合してアセンブリを行った。その結果、ダイモンジソウ（$2n=22$、ゲノムサイズ約 700 Mb）の染色体数に一致する 11 本のコンティグを得ることに成功した。これは、ユキノシタ科における染色体スケールのゲノム配列としては 2 例目となる成果であり、本分類群における遺伝的基盤の理解を大きく前進させるものである。			
今後の展開			
高い環境適応性を示す野生植物のモデル種であるダイモンジソウにおいては、現在、特に光生態型および溪流型に着目し、表現型の分化に対応した遺伝的分化の探索を進めている。本研究で得られたリファレンスゲノムを基盤として解析を行うことで、適応進化に寄与した遺伝領域を高精度で特定することが可能となり、より詳細な進化プロセスの解明が期待される。			