

研究課題(テーマ)		光万能植物ダイモンジソウの新規ゲノム構築と光適応遺伝子の探索	
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
	教養教育センター	准教授	鈴木 浩司
研究結果の概要			
<p>ヒトゲノム解読から 20 年経った現在、かつては大プロジェクトであったゲノムシーケンスは、技術的なブレイクスルーによって安価で迅速に行えるようになり、非モデル生物への応用が可能になってきた。ゲノムには生物の進化の痕跡が残されており、それを調べることによって生物が示す多様な形や性質がどのようなプロセスによって獲得してきたのかを推察することができる。多様な生物のゲノム配列を決定し比較すれば、未知の遺伝資源の発見をもたらすことも考えられる。</p> <p>本研究ではユキノシタ科のダイモンジソウに着目した。生育環境に応じて多様な表現型を示す本種は進化的ポテンシャルが非常に高く、ゲノム構造が特異であることが見込まれる。そこで新規にゲノム配列を決定することを第一の目的とした。ONT 社のロングリードシーケンサー (MinION) でのシーケンスを行ったところごくわずかなリード数しか得られず、ゲノムを構築できなかった。この理由には、対象種であるダイモンジソウが多糖類を多く含むことから、シーケンスに使えるほどの高純度かつ長い DNA を得ることができなかったことが考えられる。複数の DNA 抽出法を試してみたものの、結果的にどれも上手くいかなかった。加えて、本研究ではダイモンジソウにおける光生態型に特に着目した。本種は直射日光が当たる明るい草原にもわずかな光しか届かない暗い林床にも生育しており、光の強さに対して柔軟な進化的応答を示すことがわかっている。日本列島の複数地点で平行的に進化してきた光生態型を比較し、共通する/異なる遺伝基盤の有無を検証することを本研究のもう一つの目的にしていた。予定通りサンプリングを完了し、個体から抽出した DNA を Pool-seq することによって、集団内の遺伝的多型を検出することができた。予定では先のゲノム配列を参照するはずだったが、参照配列の構築が完了していないため、これ以上の詳細な解析を進めることはできなかった。</p> <p>本研究は非モデル生物のゲノムを決定するという挑戦的な課題であった。近年、非モデル生物を用いたゲノムシーケンスはプロトコルが確立されつつある。しかし種によっては手法的な困難があり、対象種ごとに適切な手法を確立することが必要であることがわかった。</p>			
今後の展開			
<p>現在はシーケンスに使える高純度な長鎖 DNA の抽出法を探索しているところである。ロングリードシーケンスを行い十分なデータを取得後、ゲノムを構築する。すでに取得済みである光生態型のリードをマッピングすることによって、光生態型間で大きく分化しているゲノム領域および遺伝子の探索を試みる。遺伝子と表現型の分化を対応させながら、光生態型の進化プロセスを解明していく。</p>			