

研究課題情報

研究課題名	代表的なアサガオ100系統の多型と遺伝子変異の情報整備
課題管理番号	20km0210171j0001
統合プロジェクト	<u>ゲノム・データ基盤プロジェクト</u>
事業名	<u>ナショナルバイオリソースプロジェクト</u>
タグ（2020）	<u>/研究の性格/その他</u> <u>/開発フェーズ/基礎的</u> <u>/対象疾患/該当なし<対象とする疾患なし></u>
代表研究機関	大学共同利用機関法人自然科学研究機構基礎生物学研究所
研究代表者	(2020) <u>星野敦</u> ，大学共同利用機関法人自然科学研究機構基礎生物学研究所，基礎生物学研究所・助教
研究期間	2020年度-2020年度

課題への総配分額	5,750
----------	-------

（単位：千円）	2020年度	5,750
---------	--------	-------

研究概要（2020）

NBRPアサガオでは約3,000系統を保存している。このうち、東京古型標準型のゲノム配列だけが高精度に解読されており、NBRPで整備したデータベースから情報を公開している。一方、最も利用されているリソースである標準系統のムラサキや、国際的に評価の高いアサガオの研究に利用されてきた突然変異体のゲノム情報は全く整備されていない。そこで本課題では、アサガオリソースのうち、標準系統ムラサキ並びに主要な突然変異を網羅する国内の系統と、それらとは日長感受性や開花時期などの特性が大きく異なる国外の自然集団由来の系統など、100の代表系統についてリシーケンスを行い、多型や遺伝子の変異についての情報を整備して公開することを目的とする。この目的を達成するために当年度は、(1)代表的な100系統からのサンプリングとDNA抽出、(2)コミュニティからの既存のリシーケンスデータ収集、(3)シーケンスライブラリの構築、(4)塩基配列分析、(5)ゲノム情報解析による多型の同定、を行う。

研究成果情報

2020

【成果報告書】

— 成果の概要

代表機関において以下の成果が得られ、マイルストーンとした100系統のDNA抽出と複数系統のリシーケンスデータの収集を達成した。

(1) 代表的な100系統からのサンプリングとDNA抽出

研究者コミュニティの声やニーズも反映して100の代表系統を選抜した。それぞれの系統の葉を、代表機関とNBRPアサガオ（中核的拠点整備プログラム）の代表機関である九州大学（課題管理者：仁田坂英二）でサンプリングした。サンプリングした葉より、代表機関でDNA抽出を行った。

(2) コミュニティからの既存のリシーケンスデータ収集

研究者コミュニティより、のべ47系統、重複を除いて41系統分の既存のリシーケンスデータを収集した。47のデータのうち、41はアサガオ、6はマルバアサガオなど近縁種のデータであった。

(3) 普及活動

日本植物学会第84回大会、第43回日本分子生物学会年会、第62回日本植物生理学会年会やメーリングリストで本事業の広報を行い、潜在的なユーザーが求めている遺伝子の変異を調査した。

さらに分担機関では以下の成果が得られ、マイルストーンとした100系統を上回る、147系統のSNPs、Indel、CNVs、ならびにTpn1ファミリーのトランスポゾンによる多型の同定を達成した。

(1) シークエンスライブラリの構築

上述の100系統のゲノムDNAを約300 bpに切断し、DNAをPCRで増幅しない方法で、各系統を互いに識別できる塩基配列を付加した十分量のシークエンスライブラリを構築した。

(2) 塩基配列分析

次世代シークエンサーを使用し、150塩基長のペアエンド法にて塩基配列分析を行った。1系統あたり平均21.2 Gb（平均70.7百万リード）のデータを取得した。得られたデータ量はゲノムサイズ（750 Mb）の28倍以上に相当し、計画していた20倍を上回った。

(3) ゲノム情報解析による多型の同定

塩基配列を分析した100系統に加え、代表機関が収集した既存の47系統分のデータを合わせ、合計147系統のデータについてゲノム情報解析を行った。その結果、2.5万遺伝子座のTpn1ファミリーのトランスポゾンによる挿入多型を同定し、Tpn1トランスポゾンのフットプリントを含む2,500万遺伝子座のSNPs、Indels、およびCNVsを見出した。

(4) 普及活動

アサガオリソースのユーザー拡大を図るため、日本植物学会第84回大会、第62回日本植物生理学会年会等で本事業の広報を行った。

なお、本課題で得られた成果は、令和3年度中に以下の通り公開する予定である。

1. ゲノム情報データベース（遺伝研、情報センター）に、各系統のリシーケンスデータを追加。
2. 系統データベース（遺伝研、情報センター）の系統情報に、変異遺伝子の情報を付加。
3. Plant GARDEN（かずさDNA研）に、東京古型標準型とリシーケンスデータを追加。

学会・シンポジウム等における口頭・ポスター



1.アサガオの珍花奇葉の理解に向けた100系統のゲノム情報整備， 星野敦，白澤健太，豊田敦，仁田坂英二，日本植物学会第84回大会，2020/9/21，国内，口頭。

2.NBRPアサガオ：100系統のゲノム情報整備， 星野敦，ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）オンラインフォーラム2020：全リソース課題の紹介講演，第43回日本分子生物学会年会，2020/12/3，国内，口頭。

3.大規模リシーケンスによるアサガオの変異データベース作成， 星野敦，白澤健太，豊田敦，仁田坂英二，第62回日本植物生理学会年会，2021/3/15，国内，口頭。