

課題名 (タイトル) :

ゲノム配列情報に基づくバイオインフォマティクス解析

利用者氏名 :

市田 裕之

所属 :

仁科加速器研究センター 生物照射チーム

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

理研・仁科加速器研究センターRIBF において供給される高エネルギー重イオンビームを利用した突然変異誘発法は、生物種を問わず適用可能であり、基礎研究ならびに農作物等を対象とした実用品種の作出に広く応用されている。重イオンビームは従来から利用されているエックス線・ガンマ線等のと低エネルギー放射線と比較して格段に大きな線エネルギー付与を有することから、飛跡に沿って局在した DNA 損傷を誘発すると考えられているが、その実態は不明である。本研究課題ではイネ突然変異体のエキソーム塩基配列データセットに基づいて、リファレンス配列へのマッピングおよび複数のアルゴリズムに基づく変異検出を実施し、変異体の原因遺伝子を同定することを目的に、Hokusai GreatWave および RICC を用いたバイオインフォマティクス解析パイプラインを実装して解析した。

2. 具体的な利用内容、計算方法

具体的な利用内容および計算方法は昨年度と同様である。リードデータのリファレンス配列へのマッピング (BWA; Li et al., 2009) および GATK (McKenna et al., 2010), Pindel (Ye et al., 2009), BedTools (Quinlan et al., 2010) による変異検出を行なうパイプラインを実装し、バッチジョブ管理システムを利用して実行した。

3. 結果

本年度は計 161 系統について解析を行い、検証実験などの高次解析を実施した。DNA シーケンサーの性能向上に伴って配列取得量が大幅に増加していることから、高速かつ大容量のメモリを搭載し

たノードの追加が望まれる。

4. 今後の計画・展望

来年度も新規に取得する変異体のゲノム配列情報に基づく解析を実施するとともに、RICC のリブレースに伴う対応やパフォーマンス向上のための各種改修を継続する予定である。また、シーケンス結果等の一次データの保管先として階層型ストレージを継続して利用する予定である。

平成 28 年度 利用研究成果リスト

【国際会議、学会などでの口頭発表】

1. 市田裕之, 森田竜平, 白川侑希, 林依子, 阿部知子
「イネゲノム／エキソーム解析による変異遺伝子の迅速同定と重イオンビーム誘発変異の解析」
日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取県鳥取市, 2016 年 9 月
2. 阿部知子, 風間裕介, 市田裕之
「重イオンビーム品種改良技術の開発と変異体を用いた原因遺伝子解析」
ワークショップ「放射線照射後ゲノム変異の種間比較から深まるヒトゲノム安定性維持機構」
日本放射線影響学会 第 59 回大会, 2016 年 10 月
3. 李鋒, 丹羽紗也佳, 市田裕之, 森田竜平, 阿部知子, 加藤浩, 西村宜之
イネエキソーム解析によるガンマ線誘発突然変異の探索および原因遺伝子の迅速同定
日本育種学会第 131 回講演会, 愛知県名古屋市, 2017 年 3 月 (予定)

【国際会議などの予稿集、proceeding】

1. H. Ichida, Y. Shirakawa, R. Morita, Y. Hayashi and T. Abe “Development of a high-performance bioinformatics pipeline for rice exome sequencing and its application to model rice mutants from carbon- and neon-ion irradiations”, RIKEN Accelerator Progress Report, Vol. 49, *in press*.
2. H. Ichida, Y. Shirakawa, R. Morita, Y. Hayashi and T. Abe “Whole genome sequencing of 12 morphological rice mutants from carbon-ion irradiations”, RIKEN Accelerator Progress Report, Vol. 50, *in press*.