

さまざまな生物種の全ゲノム解析の最前線

◆ゲノムからみた柑橘類の進化：多品種のゲノムの相互比較

ゲノム解析が高速で安価になったため、多くの生物種で全ゲノム解析が行われている。その相互比較から進化の歴史など、新たな展望が得られる。

2018年2月に、米国、スペイン、フランス、日本の共同研究により、60種の柑橘類の全ゲノムの比較が行われ、その始原と進化に関する解析結果が発表された。柑橘類は、約800万年前のモンスーンが弱まった時代に、東南アジアから急速に拡散し、約400万年前には、ウォレス線を越えて、オーストラリアにも広まった。マンダリンオレンジなどの品種は相互に深い関係をもっており、長い栽培の歴史を反映している。ブンタンとマンダリンオレンジの掛け合わせにより、果実の大きさと酸味が変化することがわかり、品種選択との関係が明らかになった。

柑橘類の進化をゲノムレベルで解析した今回の結果は、果実の大きさ、香り、油成分などに関わる遺伝子とも対応付けられているので、進歩の著しいゲノム編集技術などにより、品種改良を進める上でも、役立つ情報となるであろう。

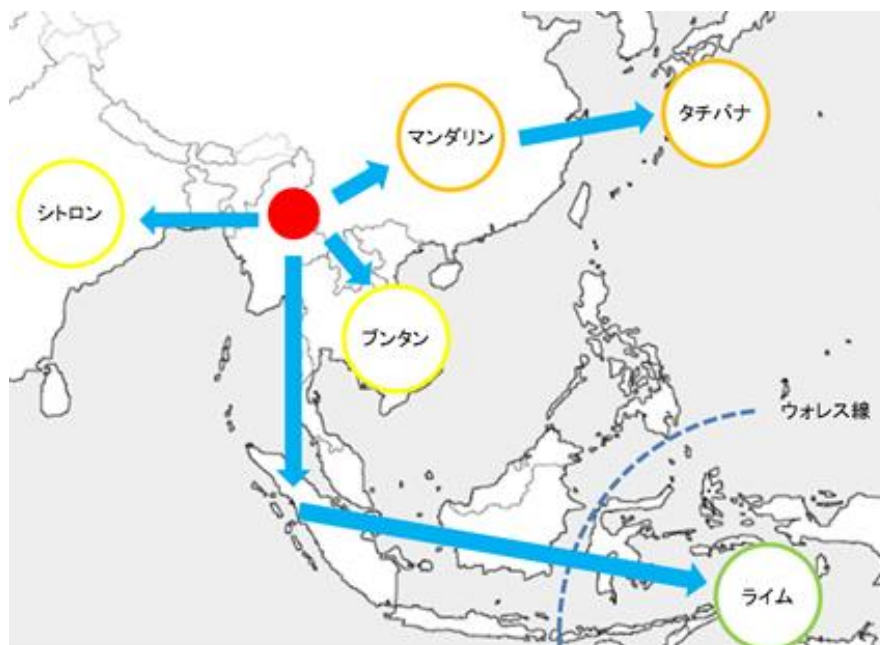


図1. 柑橘類の進化と拡散

◆ プラナリアとウーパールーパーの全ゲノム：長い塩基配列を読む装置

多くの生物種の全ゲノム解析が進み、大規模な相互比較も可能になる中で、繰り返し配列を多く有する生物種の全ゲノム解析は遅れていた。長い繰り返し配列の解析が難しかったのは、ゲノム解析の高速化、コストダウンに貢献した最初の技術が、イルミナ社のシーケンサなどのように、ゲノムを短い断片にして、数多くの配列を重ね合わせてゆく手法（ショートリード）を用いていたためである。図2に示すように、ショートリードでは、断片化された繰り返し配列を区別することが難しい。しかし、近年、パックバイオ社のシーケンサなどのように、長い塩基配列を解読（ロングリード）することを可能にする装置が開発されており、この問題の解決に用いられている。図2に示すように、ロングリードなら、繰り返し配列全体を越えて解析することが可能になる。

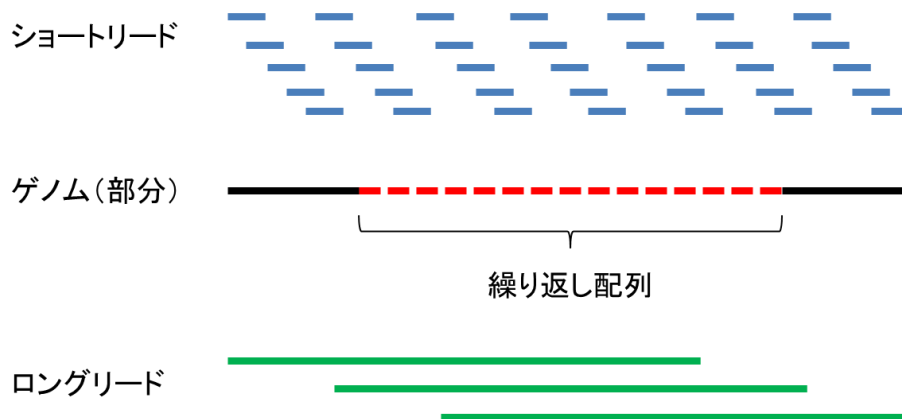


図2. 繰り返し配列と解読可能な配列の関係

ロングリード装置を活用して、長い繰り返し配列をもつプラナリアとウーパールーパーの全ゲノムを解析した結果が、18年2月に発表された。プラナリアはドイツと英国の共同研究により、ウーパールーパーはドイツ、オーストリア、中国、米国、英国、メキシコの共同研究により、全ゲノム解析が実施された。プラナリアもウーパールーパーも自己再生能力が高いことが知られている生物種であり、組織再生のモデル生物として用いられてきた。今回の解析結果は、再生医療の研究に役立つ可能性がある。 【戸澗一孔】