

課題名	日本産コムギ標準品種のゲノム解析によるコムギ多様性情報の整備
課題管理者	那須田 周平 京都大学 大学院農学研究科
実施期間	2017 年度
概要・実施体制	東アジアのコムギ系統の代表として、広域適応性を持ち日本の研究現場で広く使われているパンコムギ品種農林 61 号の de novo シーケンシングを国際コムギ 10+ゲノムプロジェクトと連動して行う。これにより、コムギの比較ゲノム研究の基盤を形成する。
成果	<p>【概要】</p> <p>日本産コムギ標準品種のゲノム配列を高精度に解読して、レファレンスゲノムとしての活用を図ることを目標とした。NBRP・コムギで整備を進めている日本のコムギの実験系統群の標準系統である農林 61 号を対象として、de novo でゲノム配列をアセンブリし、これを基盤にして、コムギ多様性情報の基盤を構築することを企図した。この目標のため、農林 61 号の幼苗から作成した次世代シーケンス用ライブラリの分与を受け、Illumina 社のシーケンサーにより、ショートリード配列を決定した。具体的には、Illumina Hiseq2500 を用いてインサート長 800 塩基の paired-end library を両端 150 塩基について 2 レーン、Illumina Hiseq4000 を用いてインサート長 3000 塩基の mate pair library を両端 150 塩基について 5 レーンとインサート長 6000 塩基の mate pair library of 6 kb を両端 150 塩基について 5 レーンさらにインサート長 9000 塩基の mate pair library of 6 kb を両端 150 塩基について 5 レーン用いて、ほぼ良好な解析結果を得た。さらに追加で、Illumina Hiseq2500 を用いてインサート長 800 塩基の paired-end library を両端 150 塩基について 3 レーン解読した。得られた配列は、国際コンソーシアムが提供する他の配列情報と標準化した手法を用い国際コンソーシアムの標準に従った手法を用いてアセンブルすべく、分担機関に提供した。本プロジェクトでは国際コムギ 10 ゲノムプロジェクトと連携して日本産コムギ標準品種のゲノム配列を利用し、コムギ品種の最大公約数的な汎ゲノム (Pan Genome) 配列の決定を決定し、比較ゲノム解析を行う計画である。データの解析方法や公開方法について、同プロジェクトの会議に参加し、協議を重ねた。NBRP の情報拠点である国立遺伝学研究所生物遺伝資源センターの川本准教授とも今後協議を進め、NBRP・コムギのデータベース「KOMUGI」へのゲノム配列情報の追加方法を検討する。</p>