

課題名	ネットアイツメガエル近交系のゲノム多型情報の整備
課題管理者	荻野 肇 広島大学 両生類研究センター
実施期間	2018 年度
概要・実施体制	ネットアイツメガエルを用いた発生・再生・細胞機能・環境応答のゲノム科学的研究と、それら基礎研究を基盤とした疾患研究を支援する為、野生型近交系 4 系統の全ゲノム配列を決定し、その成果をゲノムブラウザによりユーザに公開することを目的とする。
成果	<p>当初の計画に基づき、illumina 社シークエンサー(Hiseq X 及び Novaseq)を用いて、近交系 4 系統(Nigerian A、Nigerian H、Golden (= Nigerian BH)、Ivory Coast)の雌雄 8 個体について、ゲノム配列のショートリードデータ(50 倍カバレッジ深度)を取得した。加えてゲノム構造多型を同定するため、Nigerian A 系統(ZW 型の性決定様式を持つという知見に基づいて雌を選択)と Nigerian グループから遺伝的にもっとも遠い Ivory Coast 系統の雌雄(性決定様式が Nigerian グループと異なるという知見がある)について、PacBio 社 Sequel ロングリードデータ(20 倍カバレッジ深度)を取得した。データ解析としては、まず各ショートリードデータを、CLC Genomics Workbench を用いて Nigerian A の祖先系統(米国でゲノム配列が解析されたオリジナル Nigerian 系統)のリファレンスゲノムにマッピングし、SNP データを抽出した。その結果、オリジナル Nigerian に対して、雌雄共通で 2,351,862(Nigerian A)~ 10,358,489 (Ivory Coast)箇所の変異を同定できた。これらのデータは、ネットアイツメガエルゲノムブラウザ(<a href="https://xenopus.lab.nig.ac.jp/cg1-bin/gb2/gbrowse/xt_v9/">https://xenopus.lab.nig.ac.jp/cg1-bin/gb2/gbrowse/xt_v9/</a>)に実装して公開中である。ロングリードの解析は、PacBio 社の推奨プログラムを用いておこない、illumina 社のショートリードデータでは同定が困難なゲノム構造多型を、Ivory Coast 系統と Nigerian A 系統の間に同定することができた。ただし、構造多型部位の個別の塩基配列に関しては、シークエンサーの特性に起因するエラーが含まれる可能性があるため、現在、ショートリードデータによる補正を進めている。</p>