

課題名	ロングリードを用いたキク属モデル系統のゲノム解析
課題管理者	草場 信 広島大学 大学院理学研究科附属植物遺伝子保管実験施設
実施期間	2018 年度
概要・実施体制	キク属モデル系統として開発したキクタニギク自家和合性純系系統 Gojo-O について PacBio Sequel によるロングリード・Hi-C によるスキャフォールディングなどにより高精度全ゲノム塩基配列を取得する。
成果	<p>広島大学では、日本原産の二倍体野生ギクであるキクタニギク(<i>Chrysanthemum seticuspe</i>) の自家和合性突然変異体を繰り返し自殖・選抜することにより、遺伝的に純系化された Gojo-O 系統を育成し、キク属モデル植物と位置付けている。本課題では、この系統をモデル系統として確立するために、染色体の高次構造解析や全ゲノム塩基配列決定におけるスキャフォールディングに用いられる Hi-C 解析と呼ばれる手法を用いて全ゲノム塩基配列解読を実施し、高完成度の全ゲノム塩基配列の構築を目指した。Gojo-O 系統の若い葉から抽出した高純高分子・高純度のゲノム DNA を illumina HiSeq2500 シーケンサーおよび PacBio Sequel を用いて塩基配列決定を行った。データ量は、illumina シーケンサで約 3,174 億塩基(ゲノムサイズの約 99 倍)、PacBio での約 3,430 億塩基(ゲノムサイズの約 107 倍)に相当した。アセンブルの結果、総塩基数が 30.5 億塩基、N50 が 27.7 万塩基という結果が得られた。一方、スキャフォールディングのために Gojo-O から Hi-C ライブラリを作成し、約 4 億リードペアのシーケンスを得た。上記アセンブル配列を用いて Hi-Rise 法を用いてスキャフォールディングを行ったが、目標としていたスキャフォールド長を得ることは出来なかった。今後、アセンブル配列の高度化・高精度化をさらに進め、再度スキャフォールディングを行うことで目標としていたレベルの精度の全ゲノム塩基配列を得ることを目指す。</p>