

課題名	<i>Oryza</i> 属に関するゲノム情報整備
課題管理者	佐藤 豊 国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系
実施期間	2019 年度
概要・実施体制	<i>Oryza rufipogon</i> 集団を用いた新規遺伝子単離に近年は GWAS 解析がイネ研究でも多用されているが、これまでに報告されたゲノム情報では精度の高い解析が難しい。そこで、精度の高い GWAS 解析を可能にするための情報を取得する。具体的には、遺伝研が保有する <i>Oryza rufipogon</i> 約 600 系統について、15x 程度のゲノム情報を遺伝研の NovaSeq6000 により取得する。遺伝子導入が可能な FF ゲノムを持つ野生イネ(<i>Oryza brachyantha</i>)1 系統を選抜し、PacBio Sequel による 80x 程度のロングリード情報と 50x 程度のショートリード情報を組み合わせて、高精度参照ゲノム配列を取得する
成果	