

課題名	NBRP・コムギで整備中の東アジアコムギ NAM 集団親系統のゲノム多型解析
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	2019 年度
概要・実施体制	<p>NBRP・コムギで整備中の東アジアのコムギの nested association mapping(NAM)集団の親系統のリシーケンシングにより SNPs を網羅的に探索し、NAM 個体の遺伝子型調査に向けたゲノム情報的研究基盤を整備することを目的とする。この目的を達成するために、分担機関と連携して、3 機関で以下の 5 項目を行う。</p> <p>(1)ゲノム DNA の調製:NAM 親系統の幼葉よりゲノム DNA を抽出し、品質をチェックする。(2)塩基配列解読:ゲノム DNA を用いてシーケンシング用ライブラリを作成して、次世代シーケンサーでゲノム配列を決定する。(3)配列情報解析:同祖配列識別プログラム EAGLE-RC を用いて、同祖遺伝子配列を区別しつつ、品種間の SNPs をコールする。SNPs のゲノム配列上の位置を特定する。(4)進化生物学的解析:配列多型に関する基本的な統計情報を獲得する。進化遺伝学的パラメーターを推定し、選択等に関する統計的検定を行う。(5)データ公開方法の検討: 国立遺伝学研究所の系統情報研究室の協力を得て、データ公開の方法を検討する。</p>
成果	