

2. 遺伝・育種

データ閲覧・コメント入力可能期間：2021年3月28日0時～4月3日24時（予定）

[P2-26]シバイヌの参照ゲノム配列 CanFam_JSB1.0の構築

○松本 悠貴¹、石原 玄基¹ (1.アニコム先進医療研)

国際基準ゲノム配列（参照配列）は現代のゲノム解析では必須の情報である。現行のイヌの代表的な参照配列である CanFam3.1はボクサーに由来する配列であるが、未知の配列が多い。また、この配列だけでは現在確認されている300以上の多様な犬種をカバーできないことから、品種の成り立ちや疾患に関する研究の進展を妨げている。本研究では、日本原産の人気犬種の一つであるシバイヌの高精度な参照配列の構築を目的とした。予備解析で国内のシバイヌの代表的な遺伝的背景をもつ1個体を選抜し、この個体のDNAから PacBio Sequel II で CCS（circular consensus sequencing）モードにより、高精度かつ長い配列長の HiFiリードを取得した。解析プログラムの Flye および RaGOO によりアセンブリを行った後、ゲノム配列の品質を示す統計値を、既存のイヌの参照配列と比較した。構築した CanFam_JSB1.0は全長2,452,236,119bp、スキップフォールドの長さの中央値である N50は62,171,032bp、スキップフォールド数は554であり、すでに報告されている参照配列とほぼ同等かそれ以上の精度であった。今後、トランスクリプトームデータや in silico解析を用いた遺伝子のアノテーションを行い、分子系統解析や遺伝子の機能解析に必須の情報基盤を整備していく必要がある。