

T2T 時代に植物ゲノムを俯瞰する

白澤 健太

かずさ DNA 研究所 植物ゲノム生物学研究室

要旨

ロングリード技術による DNA の配列分析技術の発達に伴い、染色体の片方のテロメア末端から逆のテロメア末端までを連続してゲノムを解読できるようになった。このようにして解読されたゲノム配列はテロメア・ツー・テロメア (T2T)配列と呼ばれる。演者らはこれまで 100 を超える植物の全ゲノム配列解析を実施しており、最近ではさまざまな試行錯誤の末に T2T ゲノム配列の解読にも成功した。それらのゲノム情報は Kazusa Genome Atlas (<https://genome.kazusa.or.jp>)から公開している。しかしながら、被子植物では未だに半数の目（もく）ではゲノム解読がなされていない。本講演では、研究が手つかずの植物のゲノム配列を T2T で解読しようとする演者らの「かずさゲノムプロジェクト」の取り組みから、植物ゲノムを俯瞰したときに一体何が解明できるのかについて紹介したい。