

# ランチョンセミナー LS12

■日時：2013年3月26日(火) 12:30～13:20 ■会場：東北大学川内北キャンパス  
講義棟B203 (B23会場)

## シークエンスキヤプチャーと GS FLXによる非モデル作物の SNPマーカー開発

### 講演

#### 福岡 浩之 先生

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構  
野菜茶業研究所 野菜育種・ゲノム研究領域

#### 司会：田中 政道

ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社  
AS事業部 マーケティング部

ナス (*Solanum melongena* L.) は日本をはじめアジア、南欧、中近東諸国では重要な野菜であるが、同じナス属に属し全ゲノム配列の解読が報告されているバレイショおよびトマトに比べゲノム情報リソースの蓄積は遅れている。このような非モデル作物における網羅的なDNAマーカー開発を目的に、ゲノム濃縮とNGSを併用した手法を試みた。

ナスの様々な組織に由来するcDNAをロシュGS-FLXを用いて高速解読したところ、得られた約50万リードのEST配列は総塩基数約24Mb、43,236種の独立配列にアセンブルされた。この配列に基づき、シークエンスキヤプチャー法のためのオリゴプローブを設計したところ、42,957配列(99.4%)について計701,553個のプローブが設計できた。ゲノム断片に含まれる反復配列同士のハイブリダイズに因る濃縮配列のバイアスを避けるため、設計したプローブによるCGHを行い、その結果に基づき著しく高いシグナルを示す129,362プローブ(18.5%)を排除し、42,275配列(97.8%)についてゲノム濃縮を行った。得られた濃縮産物から、51,720コンティグ、平均長1,536bpの配列情報が得られた。

192の暫定SNPサイトについてサンガーフロー法による配列確認を行い、その結果に基づいてリードの重複度、塩基のq値、マイナーリードの出現数などの指標を設定し、4,453の確からしいSNPsを選択した。これらのSNPsの由来遺伝子はそのトマトにおける相同遺伝子がゲノム上のほぼ全域にわたって分布していることから、ナスゲノム上においてもゲノム全体をカバーしうることが示唆された。このうち、1,536個のSNPについてF2分離集団を用いたマッピングを行った結果、これらの座乗位置は想定通りナスゲノム全体に均等に分布し、高密度なSNPマーカー連鎖地図を構築することができた。

以上の結果は、シークエンスキヤプチャー法とGS-FLXの併用によって、ゲノム情報が網羅的に整備されていない非モデル作物においても、極めて効率的に多数のSNPマーカー開発やマーカー連鎖地図構築が可能であることを示している。

ランチョンセミナーへのご参加には  
**整理券 (無料)** が必要です。

整理券発券デスク：A食堂（川内の杜ダイニング内）  
当日の8:30より配布。但し、整理券がなくなり次第終了となります。

■共催：日本農芸化学会 2013年度大会 ロシュ・ダイアグノスティックス株式会社