

ヒラメ B A C ライブラリーの作出及びシンテニーの確認

メタデータ	言語: Japanese
	出版者: 水産総合研究センター
	公開日: 2024-06-04
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者: 中山, 一郎
	メールアドレス:
URL	所属:
	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006790

This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.



ヒラメBACライブラリーの作出及びシンテニーの確認

水産遺伝子解析センター

背景・目的

1. 近年、数種の魚類においても全塩基配列の遺伝子解析の結果、各生物種間で相同な染色体上の領域(シンテニー領域)が存在することが分かってきた。
2. ヒラメの遺伝子領域を検索して、シンテニーを検討する。

成果

1. ヒラメ由来のXY染色体を含むBACライブラリー(図1)を作製し、スーパープールスクリーニング系を確立した。
2. SNP(一塩基多型)候補を検索し、検出系を検討し約120個のマーカーを開発した。

ヒラメ雄(XY)精子由来BACライブラリー

総クローン数 (384×288枚) 110, 592クローン

平均クローンサイズ 140.7 kb

全ゲノムの15.6倍をカバー



図1 ヒラメ雄(XY)精子由来BACライブラリー

波及効果

1. 水産生物のシンテニーが明らかとなり、ヒトをはじめとする全ゲノムが分かっている種の既知遺伝情報が水産生物に応用可能となる。

連絡先

中山 一郎 TEL: 045-788-7667