

Development of DNA markers (SNP)



タイトル	セリ科植物の品種識別 [変異解析からSNPマーカークの開発まで]	
提供試料	● 葉 (170検体) □ 種子 ()	
DNA抽出	□ なし	● あり (● 磁気ビーズ法 □ スピнкаラム法 □ ダイレクト法)
情報解析	□ なし (リード配列のみ納品します) ● あり (PCRマーカーク設計)	
作業内容	<p>(1) ddRAD-Seqによる変異解析</p> <ol style="list-style-type: none"> DNA抽出 170サンプル <ul style="list-style-type: none"> DNA自動抽出装置oKtopure (LGC Biosearch Technologies)を使用 両親系統DNAについて、各10個体をバルク化 ddRAD-Seq用ライブラリ作製 (制限酵素: PstI - MspI) <ul style="list-style-type: none"> F1品種70サンプル(7品種×10個体)、両親系統10サンプル(10個体バルク)について、それぞれ異なるタグを付与 配列分析 <p>DNBSEQ-G400RSによる100bpのペアエンド分析×1レーン、 5.6億リード、サンプルあたり平均約700万リード ※リード数は目安</p> 情報解析 <ul style="list-style-type: none"> リードの精査 (QC、トリミング) 参照ゲノム配列へのマッピング (参照配列への指定あり) SNPsの検出 <ul style="list-style-type: none"> * 両親系統間で変異があり、さらにF1系統でヘテロかホモかに関係なく同一系統(各10サンプル)内でDNA型が均一なSNPを抽出 品種識別に有効なSNPを50程度選抜 候補SNP領域の塩基配列抽出 中間報告① 	
	<p>(2) SNPマーカーク開発 [プライマークの設計と確認試験]</p> <ol style="list-style-type: none"> SNPプライマークの設計可否確認 中間報告② (マークの選定) SNPプライマークの合成 [20バリエント] <p>KASP/PACE試薬による解析に適したプライマークを合成します</p> SNPマーカーク解析 [170サンプル×20バリエント] <p>PCRおよびDNA型検出はPACE2.0を使用し、 IntelliQube (LGC Biosearch Technologies) を用いて実施します。</p> 	