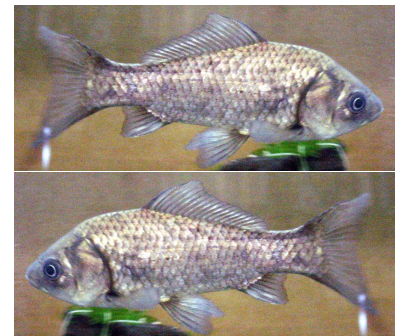
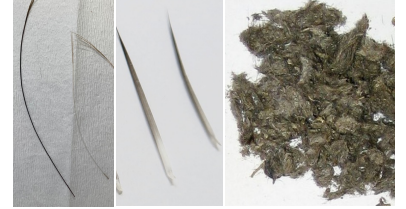


村上 賢 (分子生物学) ・ 松井久実 (動物生理学)

研究の背景

動物生態調査や犯罪捜査などで現場に残された微量組織から動物種を特定したり、異同識別をすることは重要であり、それにはDNA鑑定が利用される。

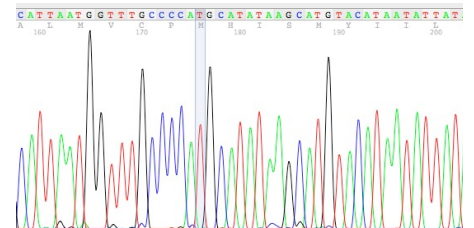
- ・ 魚類、鳥類、哺乳類など様々な動物種を判別するDNA領域としてミトコンドリアDNAのCOI遺伝子領域が一般に利用されている (DNAバーコード領域として知られている)。しかし、解析配列領域がやや大きく、サンプルの状態によっては適当な配列情報が得られないこともある。そこで、新たに、汎用性が高くより小さな領域でのDNA鑑定を行っており、この方法の有用性を確認する。
- ・ 国内の河川に広く生息するギンブナ (銀鮒) は、雌ばかりのクローン集団である。DNAの多型性を簡便に検出するRAPD-PCR法によりクローン個体の異同識別を行い、クローン系統を調べる。



アプローチ

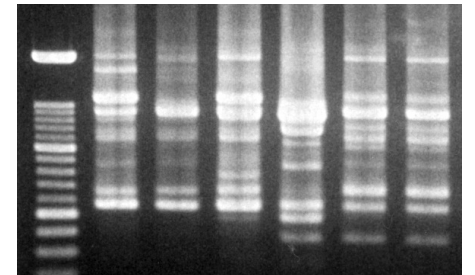
1) DNA配列解析からの動物種の特定

- ・ 獣毛や糞などの微量組織からDNAを抽出する。
- ・ 新規に設定したユニバーサルプライマーを用いて特定のDNA領域をPCR増幅する。
- ・ PCR増幅産物のDNA塩基配列をシーケンサーで決定する。
- ・ コンピューターソフトで塩基配列解析を行う。
- ・ 決定した配列を国際DNAデータベースと照合をする (相同性検索)。



2) DNA増幅パターンからの異同識別

- ・ ギンブナの鱗からDNAを抽出する。
- ・ ランダムプライマーを用いてDNA断片をPCR増幅する。
- ・ PCR増幅産物を電気泳動する。
- ・ 増幅DNA断片の泳動パターンを解析する。



期待される結果

- 1) 微量組織中に存在するDNAから、その動物種やその系統分類を特定することができる。
 - 2) 動物の新たなDNAバーコーディング法を開発できる (かもしれない)。
 - 3) 自然界に生息するギンブナのクローン個体を見つけ出し、クローン集団を分類できる。
- これらを通して、DNAから動物の正体をどこまで明らかにできるのかを学ぶ。

募集方法

募集人員：3名程度

求める学生：DNAから動物の正体を明らかにしたいと考えている人、AGCTの文字を眺めながら地道にこつこつとデータを整理できそうな人、ピペット等を使った細かい作業 (実験) をしたい人、とにかく前向きに頑張ろうとする人。

待っています。