

ヤマトゲノムプロジェクトの流れ

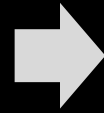
STEP 1:

非汚染地域のゲノムの解析

まずは、比較対象となる非汚染地域に生息するヤマトシジミのゲノムを解析します。DNA配列を決定し、そのDNAのどの部分が遺伝子領域なのか、また、その遺伝子にはどのような機能があるのかを予測します。ステップ2の汚染地域のゲノム配列を決定する際には、この非汚染地域のゲノム配列を型(リファレンス配列)として用います。

作業の流れ

- ① 採卵用個体の採集(野外)
- ② 幼虫の飼育(2世代近親交配)
- ③ DNA抽出・精製
- ④ 次世代シーケンサーによるシーケンス
- ⑤ 個体の用意(卵から成虫まで飼育)
- ⑥ RNA抽出・精製
- ⑦ 次世代シーケンサーによるシーケンス
- 8. 遺伝子領域の予測 ← **今ここ!** (2015/3/3)
- 9. 遺伝子の機能予測



STEP 2:

汚染地域のゲノムの解析

すでに明らかになっている非汚染地域のヤマトシジミのゲノム配列を型として、汚染地域のヤマトシジミでゲノムが異なっている部位を探索します。異なっている部分と線量との関係や異なっている遺伝子の機能などを考察します。

作業の流れ

- ① 採卵用個体の採集(福島県などで)
- ② 採卵及び幼虫の飼育
- 3. DNA抽出・精製
- 4. 次世代シーケンサーによるシーケンス
- 5. 非汚染地域の配列を参考にシーケンスの結果(短い配列)の整列と結合
- 6. 汚染地域個体と非汚染地域個体との比較