
口頭発表 | 2. 育種・遺伝

育種・遺伝2

Chairperson: Masaaki TANIGUCHI, Akira Ishikawa(Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University), Shinji Sasazaki, Norihide Yokoi, Tomokazu Fukuda(Iwate University), Youko Aida

Fri. Sep 16, 2022 1:30 PM - 4:40 PM Zoom会場2 (オンライン)

II-16-19~II-16-22 : 谷口 雅章

II-16-23~II-16-25 : 石川 明

II-16-26~II-16-28 : 笹崎 晋史

II-16-29~II-16-31 : 横井 伯英

II-16-32~II-16-34 : 福田 智一

II-16-35~II-16-37 : 間 陽子

4:30 PM - 4:40 PM

II-16-37]次世代シーケンスデータを用いたヤケイにおける内在性レトロウイルス座位の探索

*Shinya Ishihara¹ (1. NVLU)

【目的】レトロウイルスが生殖細胞に感染し子孫に遺伝すると内在性レトロウイルス(ERV)となる。本研究では、ヤケイから新規 ERVを特定することを目的として実験を行った。【方法】国際塩基配列データベースよりセキショクヤケイ(RJF, n=4)、ハイイロヤケイ(GyJF, n=8)、アオエリヤケイ(GnJF, n=5)およびセイロンヤケイ(CJF, n=10)の次世代シーケンスデータをダウンロードし、参照ゲノム(galgal6)へマッピングした。次に RetroSeqを用いて参照ゲノム上に存在しない ERV座位を推定した。推定された領域のうち標的部重複配列(TSD)を含む座位を IGVによって確認した。TSD近傍のリードに対し CAP3で de novo assemblyを行い Long Terminal Repeatの有無を確認した。さらに各座位の ERVの有無から系統樹を作成した。【結果・考察】 Gallus属4種合計で1040の ERV座位が確認できた。これらの座位のうち5座位はすべての種で確認された。2種間以上で115座位が共通して検出された。また、種に特異的であった座位は RJF, GyJF, GnJFおよび CJFでそれぞれ133, 275, 217および300座位であった。系統樹は過去に報告のある樹形と一致しており ERV座位から過去のヤケイ集団間の関係を推定できる可能性が示唆された。