

## 遺伝子多型解析による植物の類縁関係

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2018-06-14 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 大橋, 和義 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="https://doi.org/10.14945/00025278">https://doi.org/10.14945/00025278</a>

# 遺伝子多型解析による植物の類縁関係

大橋 和義

静岡大学 技術部 教育支援部門

## 1. 研修目的

遺伝子解析には様々な方法があるが、PCR法で特定の遺伝子配列を増幅し、電気泳動によりバンドとして可視化する手法はほぼ共通である。本研修を通してPCR法、電気泳動を体験して遺伝子解析の基礎を学ぶことを目的とする。

## 2. 実験内容

植物多型解析キットを使用して、植物コントロールとして「ホウレンソウ」を使用。

サンプルとして見た目から判断して、類縁関係が近いもしくは遠いと想像できる3種の野菜からDNAを抽出、その後、葉緑体ゲノムの特定の遺伝子配列をPCR法で増幅する。増幅したDNAは植物ごとに大きさが違うのでそれを電気泳動にかけて確認する。

## 3. 実験方法

午前：種々の試薬を調整した（DNA抽出液、PCR試薬など）

植物サンプルの調整 コントロールが「ホウレンソウ」なので、サンプルとして、見た目が近い「小松菜」、見た目が少し遠い「レタス」、全く違う「ネギ」を準備した。

6mm程度で切り出し、DNAを抽出した。

PCRで $trnH-psbA$ の遺伝子領域を増幅した。

午後：アガロースゲルの作成

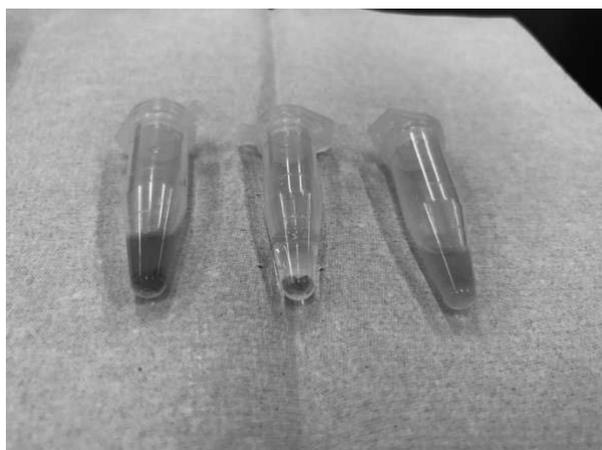
電気泳動、イルミネーター観察



実験のセット



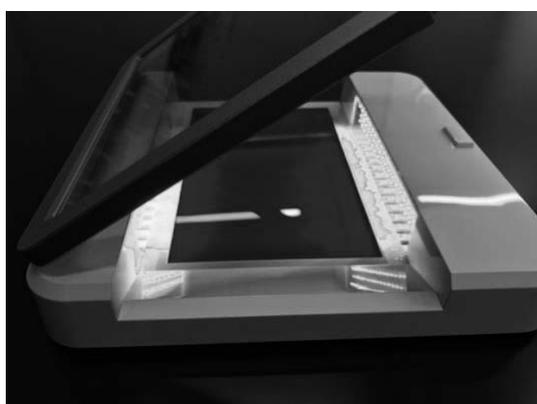
サンプルの調整



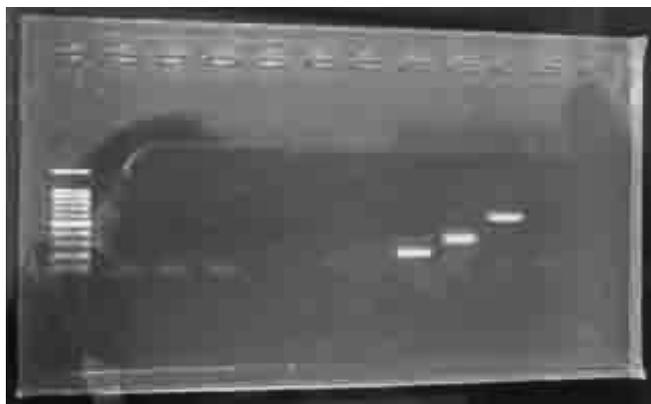
DNA 抽出



PCR



LED イルミネーター



結果

#### 4. 謝辞

本研修に参加していただいた、中本順子さん、清水ひかるさんに感謝いたします。