

課題名 (タイトル) :

NGS による MHC 領域のリシーケンス

利用者氏名 : ○竹嶋 伸之輔

所属 : 分子ウイルス学特別研究ユニット

- | | |
|--|--|
| <p>1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係</p> <p>近年牛白血病ウイルス感染による被害は拡大を続けている。申請者らは特に黒毛和種において発症を規定する主要組織適合クラス II ハプロタイプの同定に成功した。本申請では、黒毛和種の祖先種である見島牛・口之島牛および現存する和牛について、BLV 感受性/抵抗性ハプロタイプの探索を行い、さらにこれらのハプロタイプを構成する 1M 塩基対の塩基配列を次世代シーケンサーを用いて品種ごとに決定し、疾患感受性を規定している遺伝子の本体を探ることを目的とする。我が国の最も重要な遺伝資源である黒毛和種が、現在牛白血病発症を規定するハプロタイプが明らかとなっている唯一の品種である。本品種で牛白血病発症因子を特定できれば、黒毛和種の育種改良の重要な情報源となるだけでなく、世界的に蔓延している本病の克服にも繋がる。</p> <p>2. 具体的な利用内容、計算方法</p> <p>Mi-Seq で得られた Fastq ファイルをウシゲノム BosTau6 にアライメントする。</p> <p>3. 結果</p> <p>まだ正常に解析できていない。</p> <p>4. まとめ</p> <p>NGS のデータは得られたが、インターネット上の資源にアクセスできないことなどから、いくつか問題が発生し、まだ正常に解析できていない。</p> <p>5. 今後の計画・展望</p> <p>現状の問題点を回避して、NGS 解析を成功させる。</p> | |
|--|--|