

遺伝子解析

遺伝子解析技術で様々なニーズに応えます



遺伝子解析とは？

ヒトをはじめとする生物の色や形、性質は、その生物特有の遺伝子配列によって決定されています。遺伝子配列は通常、塩基と呼ばれる「A」、「T」、「C」、「G」の連続した4種の文字の組合せで表記され、この文字列を解読することで、種や個体を区別することができるようになります。

鳥類の遺伝子配列の比較例

コガモ <i>Anas crecca</i>	カワセミ <i>Alcedo atthis</i>	キアシシギ <i>Tringa brevipes</i>	プッポウソウ <i>Eurystomus orientalis</i>	カッコウ <i>Cuculus canorus</i>	カシラダカ <i>Emberiza rustica</i>	ウミネコ <i>Larus crassirostris</i>	
種名(学名)	遺伝子配列						
<i>Anas crecca</i>	457	CTCTGAGTACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 556					
<i>Alcedo atthis</i>	476	CTGTCCGAATACCAAAATCCACTTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 575					
<i>Tringa brevipes</i>	476	CTGTGTAATAACCAAAATCCACTTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 575					
<i>Eurystomus orientalis</i>	476	CTATCCGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 575					
<i>Cuculus canorus</i>	489	CTGTCCGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 588					
<i>Emberiza rustica</i>	463	CTTTGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 562					
<i>Larus crassirostris</i>	466	CTTTGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 565					
<i>Dendrocygus major</i>	476	CTTTGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 575					
<i>Ninox scutulata</i>	464	TATCGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 563					
<i>Vanellus cinereus</i>	456	CTTTGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 555					
<i>Accipiter gentilis</i>	476	CTTTGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 575					
<i>Ardea cinerea</i>	459	TATCGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 558					
<i>Phasianus versicolor</i>	471	TATCGAATACCAAAACCCAGTTTGGTGTGATCGGTGTAATTAACCGCATGCTGCTGCTATCGATTCCTGCTCTGCGGCGGCGGATCAAAATGC 570					
<i>Phalacrocorax carbo</i>	496	CGATCGAATACCAAAATATCTGTATATTTGGCCATATATTTATCTATATAATCTTATAGTAACTATCTATTTTGAACGGCGGCTTATATGC 592					
アカゲラ <i>Dendrocygus major</i>	アオバズク <i>Ninox scutulata</i>	ケリ <i>Vanellus cinereus</i>	オオタカ <i>Accipiter gentilis</i>	アオサギ <i>Ardea cinerea</i>	キジ <i>Phasianus versicolor</i>	カワウ <i>Phalacrocorax carbo</i>	

遺伝子解析でできること

▶ 生物痕跡からの種同定分析

組織片、毛、羽、血液、糞などには、解析対象となる生物の細胞が含まれます。本分析では、この細胞に含まれるDNAの遺伝子配列を取得・解析することで解析対象の種同定を行ないます。

種同定分析フロー（鳥類の例）



実施例
活用例

- 風力発電に係るバード/バットストライクの状況調査
- 配電設備等の短絡に係る原因生物特定
- 養殖エビのウイルス等病原体検出

サンプル

- ミイラ化/腐敗化組織片
- 羽、糞等
- 組織片/リンパ液

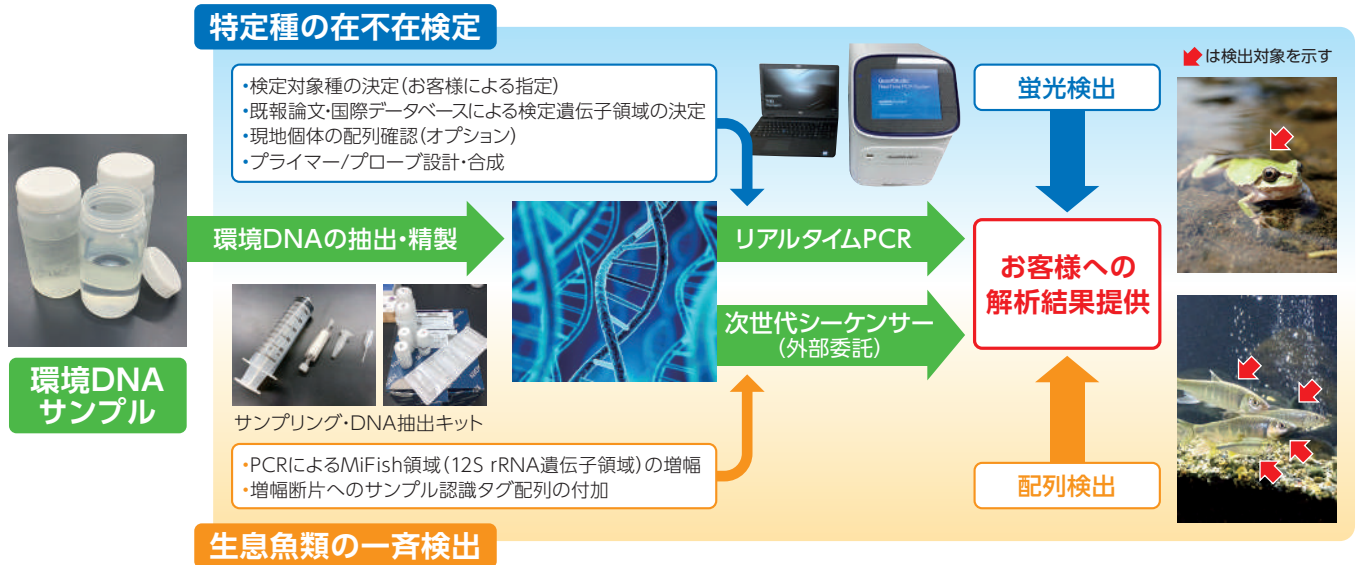
▶環境DNA分析

環境DNAとは環境水中に含まれる、様々な生物由来のDNAを指します。本分析はこれを足がかりに、そこに生息する生物種を明らかにする技術です。労力やコストがかかる従来法(捕獲調査)とは異なり、1リットルの水をご提供いただくだけで分析が可能となります。



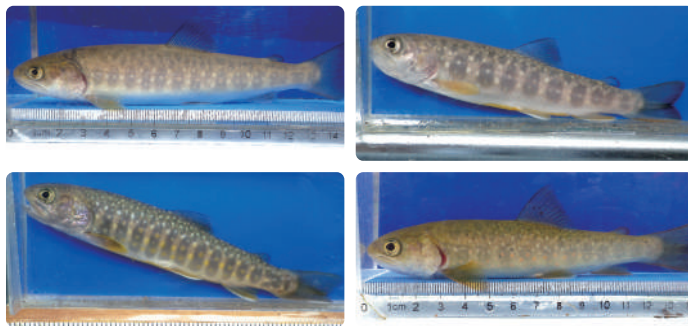
従来生物調査

環境DNA分析フロー(特定種の在不在検定/生息魚類の一斉検出)

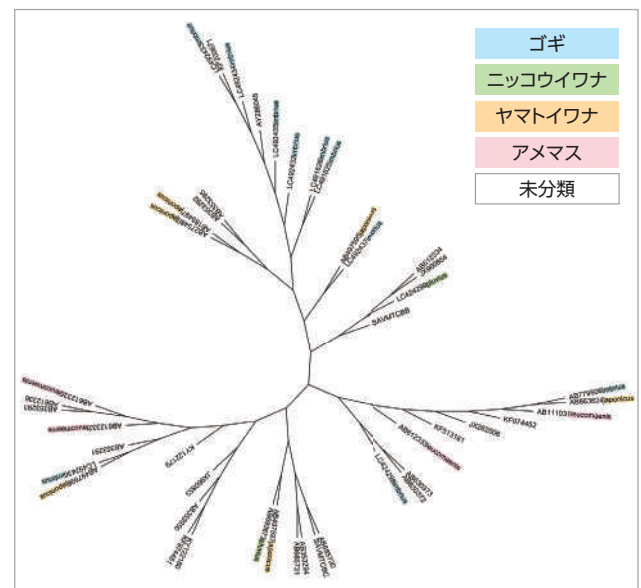


▶遺伝的多様性分析

生息地域や遺伝子攪乱に起因する交雑等により、同種の中でも各個体固有の遺伝子配列が認められる場合があります。また形態学的分類が、必ずしも遺伝子配列の類似性を反映するとは限りません。本分析では地域個体群等の遺伝的差異を検出し、その多様性を調査します。



異なる模様を持つイワナのバリエーション



イワナ(*Salvelinus leucomaenis*)の系統樹例

その他実績

- ハヤブサ個体判別用マイクロサテライト領域のスクリーニング
 - ヒトのアルコール/アルデヒド代謝に関するSNP解析(お酒に強いか弱いかの判定)
- …その他分析に関してもお気軽にお問い合わせください。
- 当社技術コンサルタントが、分析方法の設計、配列取得、データ解析までの一連の流れを、丁寧にご提案いたします。

当社では従来型、次世代型を問わずDNAシーケンス(DNAサンプルから配列を読む)に係る作業については外部委託をしております。当該作業は日進月歩の技術革新と先進機器による自動化がすすんでおり、専門業者への部分委託により、大幅なコストカットを図っています。また、当社では信頼のおける委託業者との契約締結により、お客様の大切な情報を安全に管理いたします。