

# MIG-seq法：次世代シーケンサーを用いた手軽なゲノムワイド塩基配列分析

演者 陶山 佳久 先生 東北大学大学院農学研究科

司会 大場 利治 タカラバイオ株式会社

**3月26日（火） 12:30-13:20**

**E5会場**

**（東京農業大学1号館5階 543）**

MIG-seq (Multiplexed ISSR genotyping by sequencing) 法は、次世代シーケンサー (NGS) を利用した手軽なゲノムワイドSNPジェノタイピング技術として開発された (Suyama and Matsuki 2015; Scientific Reports)。その原理は、一般的なゲノムDNA中に多数存在する単純反復配列に挟まれた領域 (ISSR; inter-simple sequence repeat) を対象として、ユニバーサルなマルチプレックスPCRプライマーによって数千以上のゲノム領域を同時に増幅し、これらをNGSによって分析してゲノムワイドな塩基配列情報を取得する技術である。その特徴として、生物種を問わず広く適用が可能で、例えば標準的な解析では、1度に数百サンプルの少量のDNA試料を対象として、迅速 (3日) ・ 簡単 (2回のPCRとNGSラン) ・ 経済的 (消耗品は~1000円/サンプル) に数百座以上のSNP分析が可能である。特にこの手法では、PCRによってライブラリー構築をスタートすることができるため、従来は分析が難しかった微量・低品質DNAサンプル等についても、ゲノムワイドな塩基配列分析の道が開けた点が大きな特徴と言える。本講演では、その基礎から最新の改良法をはじめ、適用研究として個体・種識別、集団遺伝、分子系統解析等の事例を含めて解説する。

## 使用商品のご紹介

- ・マルチプレックスPCRをより迅速に！high-plexにも対応

**Multiplex PCR Assay Kit Ver.2** (製品コード RR062A/B)

- ・バイアスの少ない正確な定量が可能！イルミナ社NGS用ライブラリー定量キット

**Library Quantification Kit** (製品コード 638324)

★詳細は・・・

タカラバイオ 製品コード〇〇〇

検索

## タカラバイオ株式会社

東京支店 TEL 03-3271-8553 FAX 03-3271-7282  
関西支店 TEL 077-565-6969 FAX 077-565-6995  
テクニカルサポートライン  
TEL 077-565-6999 FAX 077-565-6995  
Website <http://www.takara-bio.co.jp>  
Facebook <http://www.facebook.com/takarabio.jp>

