

課題名	有用ゼブラフィッシュ系統のゲノム情報整備による高品質化
課題管理者	川上 浩一 国立遺伝学研究所 発生遺伝学研究室
実施期間	2018 年度
概要・実施体制	遺伝子トラップ法・エンハンサートラップ法を用いて作製されたトランスジェニックゼブラフィッシュのトランスポゾン挿入部位を決定する。近交系ゼブラフィッシュのゲノム塩基配列を決定する。
成果	<p>(1)トランスジェニックゼブラフィッシュのゲノム情報整備遺伝子トラップ法、エンハンサートラップ法により作製した、F1 世代あるいはそれ以降の世代のトランスジェニックゼブラフィッシュ系統約 600 について、サザン・ロット解析を行った。これにより、トランスジェニックフィッシュがゲノムにもトランスポゾン挿入の数を明らかにし、単一の挿入をもつトランスジェニックフィッシュ系統約 500 について、インバース PCR 法による解析を行い、トランスポゾン挿入部位近傍のゲノム塩基配列を決定した。それらゲノム塩基配列データをゼブラフィッシュリファレンスゲノム情報(ensembl)と照合することにより、トランスポゾン挿入部位を染色体上にマップしつつある。データベースは現在サーバー移行のため、メンテナンス中であるが、それらゲノム情報をデータベース zTrap 上で公開・閲覧可能にする。(2)ゼブラフィッシュ近交系のゲノム情報整備 AB 系統を 20 世代兄妹交配して作成した近交系 ABM 系統と、India 系統を 37 世代兄妹交配した 1M 系統に対して、ゲノム塩基配列決定を行った。イルミナ用のペアエンドライブラリ作製後、HiSeq2500 (250bPX 2) で塩基配列を決定した。ABM については、ゲノムサイズの 63X 程度がシーケンスできた。1M については、65X 程度をシーケンスした。現在、得られた配列情報のゼブラフィッシュのリファレンスゲノムのマッピングとゼブラフィッシュ近交系データベース ZIGS での公開の準備を進めている。</p>