



日本畜産学会第 122 回大会 共催ランチョンセミナー

日時：2017年3月29日（水）12：00～13：00

会場：神戸大学・鶴甲第1キャンパス・B棟・第I会場（B109 講義室）

招待講演

演題：和牛のゲノム解析：エキソーム解析から
長鎖 DNA 解読へ

演者：東京大学 新領域創成科学研究所 メディカルゲノム情報生命専攻
鈴木 穰 先生

企業講演

演題：次世代シーケンシングと
次世代ジェノタイピング：
家畜育種にもたらすインパクト

演者：イルミナ株式会社 マーケティング本部
藤原 鈴子

（要旨詳細は裏面へ）

■ セミナーに関するお問い合わせ先 contactJPN@illumina.com

和牛のゲノム解析：エキソーム解析から長鎖DNA解読へ

東京大学 新領域創成科学研究所 メディカルゲノム情報生命専攻

鈴木 穰 先生

演者のグループでは動物遺伝研のグループと共同して、和牛エキソームデータの集積による和牛ゲノム遺伝子多型のカタログ化を行っている。現在までに300頭を超える個体についてデータの収集を完了し、その解析を進めている。本講演では、カタログ化の進捗状況を報告し、また解析を進める過程で明らかになりつつある疾患関連遺伝子素因について紹介する。また、昨年、長鎖DNA解読技術について技術革新が相次いで報告された。10X Genomics社が上市したGemCodeでは、数十万個の油滴中に個別に封入した長鎖DNA分子を個別のオリゴでバーコーディング、イルミナシークエンサーでのシークエンス読み取り後に、バーコード配列を指標に計算機的に長鎖DNA配列を再構成する、いわゆる"synthetic long read"法を実現している。本講演では、その和牛ゲノム解析におけるハプロタイプフェージング、遺伝子モデルの詳細なカタログ化にむけての有効性について議論もしたい。

次世代シーケンシングと次世代ジェノタイピング： 家畜育種にもたらすインパクト

イルミナ株式会社 マーケティング本部

藤原 鈴子

ゲノム情報を用いた遺伝能力評価（ゲノミック評価）には、表現型が既知であるリファレンス集団のSNPデータを用いて予測式を構築し、予測式に基づいてゲノム育種価を算出します。より高精度のゲノム育種価を得るには、外来品種集団で探索されたSNPマーカーではなく対象としている品種集団のSNPを利用すること、リファレンス集団のサイズを大きくすることなどが有用と考えられます。本講演では、日本の家畜集団特異的SNP探索のための全ゲノムシーケンスから、より大規模なジェノタイピングを可能にする低コストカスタムマイクロアレイまで、最新のソリューションをご紹介します。