

1. 担当教員：牛田千里

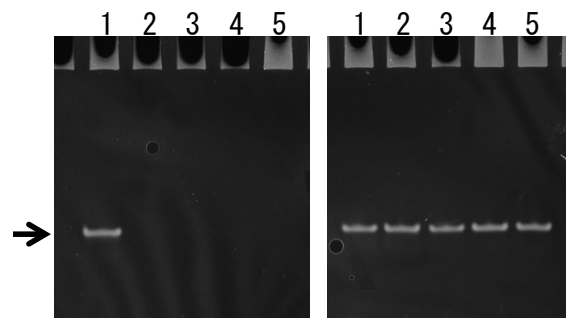
2. 課題名：有害線虫検出用新規 DNA マーカーの開発

3. 概要：※300 字程度

農学作物や環境への線虫被害は多大な損害を引き起こす。青森県においても例外ではない。従来の被害に加え、最近では以前に報告がなかった暖地性ネコブセンチュウのメロンやつくね芋線での発生が県内で確認されている。被害の拡大を防ぐためには線虫の早期発見と種類の判別が必要である。PCR を用いた有害線虫の検出・判別方法は線虫に対する専門知識と技術を持っていなくても実行できる汎用性の高い方法として普及するものと期待できる。しかし、現時点では指標となる DNA マーカーが限られており、必ずしも多様な線虫に対して明快な検査結果が得られるとはいえない。本課題では有害線虫の検出に適用するための新たな指標遺伝子を探索し、DNA マーカーを開発する。

4. 参考資料：※図や写真とそのキャプション

図. 土壤線虫 *Caenorhabditis elegans* の遺伝子 X1 とそのホモログ X2 の転写産物に由来する cDNA の PCR による区別。遺伝子 X1 と X2 は 96% の類似性を示す。左の写真は遺伝子 X1 の cDNA に対する PCR 産物を電気泳動にかけた結果を、右の写真は遺伝子 X2 の cDNA に対する PCR 産物を電気泳動にかけた結果を示す。それぞれ X1、X2 に特異的なプライマーを実験に使用した。写真の上に記した



た 1～5 の番号は実験に用いた線虫株の違いを示す。詳細は割愛するが、この遺伝子は配列類似性が高くても PCR により区別することができ、新規 DNA マーカーの候補の一つである。