

使用サンプル 1: コムギ近縁野生種 (2つの班が担当する)

タルホコムギ *Aegilops tauschii* 12 系統 (表 1) x 遺伝領域 4 箇所 (表 2、図 1)

表 1 タルホコムギ *Aegilops tauschii* 12 系統の情報

サンプル名	国	緯度	経度	草丈	春化要求性	出穂日数	芽生色	実験	解析
At01	USSR	42.06	48.33	57	Winter-type	145	Red	✓	✓
At02	Pakistan	30.15	66.90	70	Spring-type	119	Red	✓	✓
At03	Pakistan	30.69	66.67	55	Spring-type	116	Red	✓	✓
At04	Afghanistan	31.83	66.21	70	Spring-type	122	Red	✓	✓
At05	Afghanistan	33.80	68.41	65	Winter-type	132	Red	✓	✓
At06	Iran	36.76	45.94	60	Winter-type	129	Green	✓	✓
At07	Iran	35.85	51.04	82	Winter-type	129	Red	—	✓
At08	Iran	36.88	53.47	91	Winter-type	138	Red	—	✓
At09	Pakistan	30.15	66.90	55	Spring-type	121	Red	—	✓
At10	Iran	37.10	55.30	70	Winter-type	139	Red	—	✓
At11	Iran	37.67	49.40	60	Winter-type	127	Red	—	✓
At12	Iran	36.76	45.94	70	Winter-type	129	Green	—	✓

表 2 シーケンス解析をおこなう遺伝領域の情報

遺伝領域名	遺伝子コードするタンパク質	PCR 増幅長	A 班	B 班
<i>Vrn1</i> 1F-1R	MADS-box transcription factor 14	1225 bp	✓	
<i>Vrn1</i> 3F-3R	MADS-box transcription factor 14	980 bp		✓
<i>Vrn3</i> 1F-1R	protein HEADING DATE 3A	660 bp		✓
<i>MYC1</i> 1F-1R	transcription factor EAT1-like	923 bp	✓	

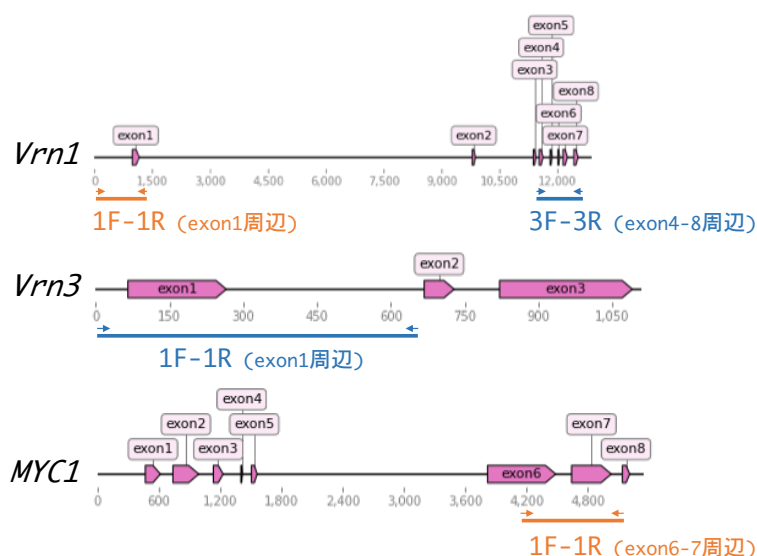


図 2 実習で解析する遺伝領域

おもに調べること

- ・ 種内の系統関係をみる
- ・ 形質との関連をみる
- ・ パンコムギ D ゲノムに近い系統を調べる

使用サンプル 2: アワと近縁野生種 (2つの班が担当する)

計 12 系統 (表 3)

アワ <i>Setaria italica</i>	6 系統	} x 遺伝領域 4 箇所 (表 4)
エノコログサ <i>S. viridis</i>	4 系統	
キンエノコロ <i>S. pumila</i>	2 系統	

表 3 アワと近縁野生種 12 系統の情報

サンプル名	種名、栽培種/野生種	国	実験	解析
Si01	<i>S. italica</i> , 栽培種	日本(岩手県)	–	✓
Si02	<i>S. italica</i> , 栽培種	日本(高知県)	–	✓
Si03	<i>S. italica</i> , 栽培種	台湾	–	✓
Si04	<i>S. italica</i> , 栽培種	ケニア	–	✓
Si05	<i>S. italica</i> , 栽培種	日本(宮崎県)	✓	✓
Si06	<i>S. italica</i> , 栽培種	インド	✓	✓
Sv07	<i>S. viridis</i> , 野生種	A10.1(基準系統)	✓	✓
Sv08	<i>S. viridis</i> , 野生種	日本(愛媛県)	✓	✓
Sv09	<i>S. viridis</i> , 野生種	日本(徳島県)	–	✓
Sv10	<i>S. viridis</i> , 野生種	日本(香川県)	–	✓
Sp11	<i>S. pumila</i> , 野生種	日本(宮崎県)	✓	✓
Sp12	<i>S. pumila</i> , 野生種	インド	✓	✓

表 4 シーケンス解析をおこなう遺伝領域の情報

遺伝領域名	領域の情報	PCR 増幅長	実習用プライマー	C 班	D 班
<i>sh1</i> (<i>shattering1</i>) exon2	核	125 + 855 bp	Ef, Er	✓	
<i>kn1</i> (<i>knotted1</i>) exon1–exon3	核	~630 bp	Hf, Hr		✓
<i>trnL</i> (UAA)– <i>trnF</i> (GAA)	葉緑体	~883 bp	Ff, Fr		✓
intergenic spacer					
<i>rps16</i> – <i>trnQ</i> (UUG)	葉緑体	~895 bp	Gf, Gr	✓	
intergenic spacer					

おもに調べること

- ・栽培種と野生種の系統関係をみる
- ・塩基の多様性を種間や遺伝子間で比較する
- ・核と葉緑体の系統関係の違いをみる