

次世代シーケンサーとmyBaits®ハイブリダイゼーションキャプチャ技術による古代DNAや分解DNAの遺伝子配列決定への革命

次世代シーケンス(NGS)のスケールとハイブリダイゼーションキャプチャによるターゲットDNAの濃縮技術を組み合わせることで、宿主由来でも微生物由来でも、最も重要な内因性DNA領域をシーケンシングでハイライトすることができ、外因性細菌や真菌などのソースからの汚染DNAを排除することができます。これらの技術を組み合わせることで、考古学、古気候学、環境学、歴史学、博物館、植物標本など、以前は手の届かなかった広範な植物、動物、環境ソースへの遺伝子研究が可能になりました。myBaits®のようなテクノロジーを用いた柔軟なインソリューションNGSキャプチャーでは、従来のPCRベースのアンプリコンシーケンスではアッセイ不可能な、極めて希少で損傷した短い分子 (<50bp) でも濃縮することができます。

myBaits®キャプチャーキットを使用することで、参照ゲノム配列が入手できない絶滅動物でさえも、標的配列を決定することが日常的になりました。myBaits®ターゲットキャプチャーソリューションは、ミトコンドリアDNAや単一遺伝子座、数百から数千のカスタム遺伝子座、核ゲノム全体など、あらゆる規模の遺伝子研究に最適です。

Daicel Arbor Biosciences社のサイエンティフィック・チームは古代DNAを扱った豊富な経験を有しており、分解DNAサンプルのユニークな特徴に合わせた実験の詳細なデザインやプロトコールのアドバイスを提供することができます。さらにダイセル・アーバー・バイオサイエンスでは、低インプットの分解核酸に対応した最新のライブラリー調製ケミストリーを駆使した、古代DNAや分解DNAサンプルのNGSサービスを、専用のアンチコンタミネーション設備で提供しています。

論文例

Devault et al. (2017) A molecular portrait of maternal sepsis from Byzantine Troy. *elife* 6: e20983

Duggan et al. (2016) 17th Century Variola Virus Reveals the Recent History of Smallpox. *Curr Biol* 26: 3407-3412

Heinzman et al. (2016) Bison phylogeography constrains dispersal and viability of the Ice Free Corridor in western Canada. *PNAS* 113: 8057-8063

Enk et al. (2014) Ancient Whole Genome Enrichment Using Baits Built from Modern DNA. *Mol Biol Evol* 31: 1292-1294

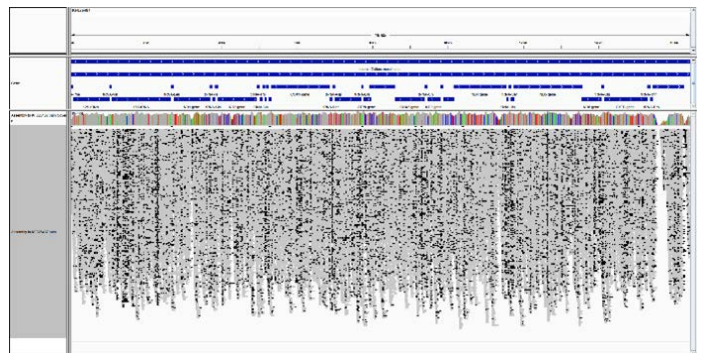


図1. 種特異的なmyBaits Mitoパネルで濃縮に成功した動物考古学的古代DNA標本からの古代DNAライブラリー分子を可視化した、NGSリードアライメント。



web www.arborbiosci.com
 email info@arborbiosci.com
 phone 1-734-998-0751
 X(twitter) @ArborBio

Targeted NGS
arborbiosci.com/products/targeted-ngs/



お問合せ：
プライムテック株式会社
www.primetech.co.jp

ライフサイエンス事業部 バイオ試薬ソリューション部
 東京都文京区小石川1-3-25 小石川大国ビル 2F
 Phone : 03-3816-0851(代表) Fax : 03-3814-5080
 E-mail : reagents@primetech.co.jp



www.primetech.co.jp/mybaits