クモ類大規模遺伝子発現量解析に向けたサンプル調整法の検証

河野暢明1・中村浩之2・伊藤雄介2・冨田勝1・荒川和晴1（1慶大・先端生命研、2スパイバー(株)）

近年急速に発展してきたいわゆる次世代シーケンサーを用いることで、様々な生物の大規模な遺伝子発現量解析や、新規遺伝子探索が可能になってきた。このような解析には安定かつ高品質なRNAが不可欠であるが、実験室環境下と違い、野外から取得したサンプルにおいては採取・保存条件に品質が大きく左右される。そこで我々はオオヒメグモを対象とし、サンプリング条件がRNA品質に与える影響、およびRNA品質が発現量解析に与える影響を網羅的に検討した。サンプリングの条件としては保存溶媒（エタノール、RNAlater、RNAlater-ICE,、TRIzol）、保存温度（室温、4℃、−20℃、−80℃）、そしてクモ殺処理の有無について検討し、total RNAの品質指標であるRIN（RNA integrity number）値で評価を行った。加えて、遺伝子発現量解析の精度に関してはアセンブル後のコンティグ品質や、遺伝子発現量の変動から評価した。本発表では以上の条件検討をまとめ、今後クモ類の遺伝子発現量解析を行う上で必要なサンプリング方法や解析手法について議論する。