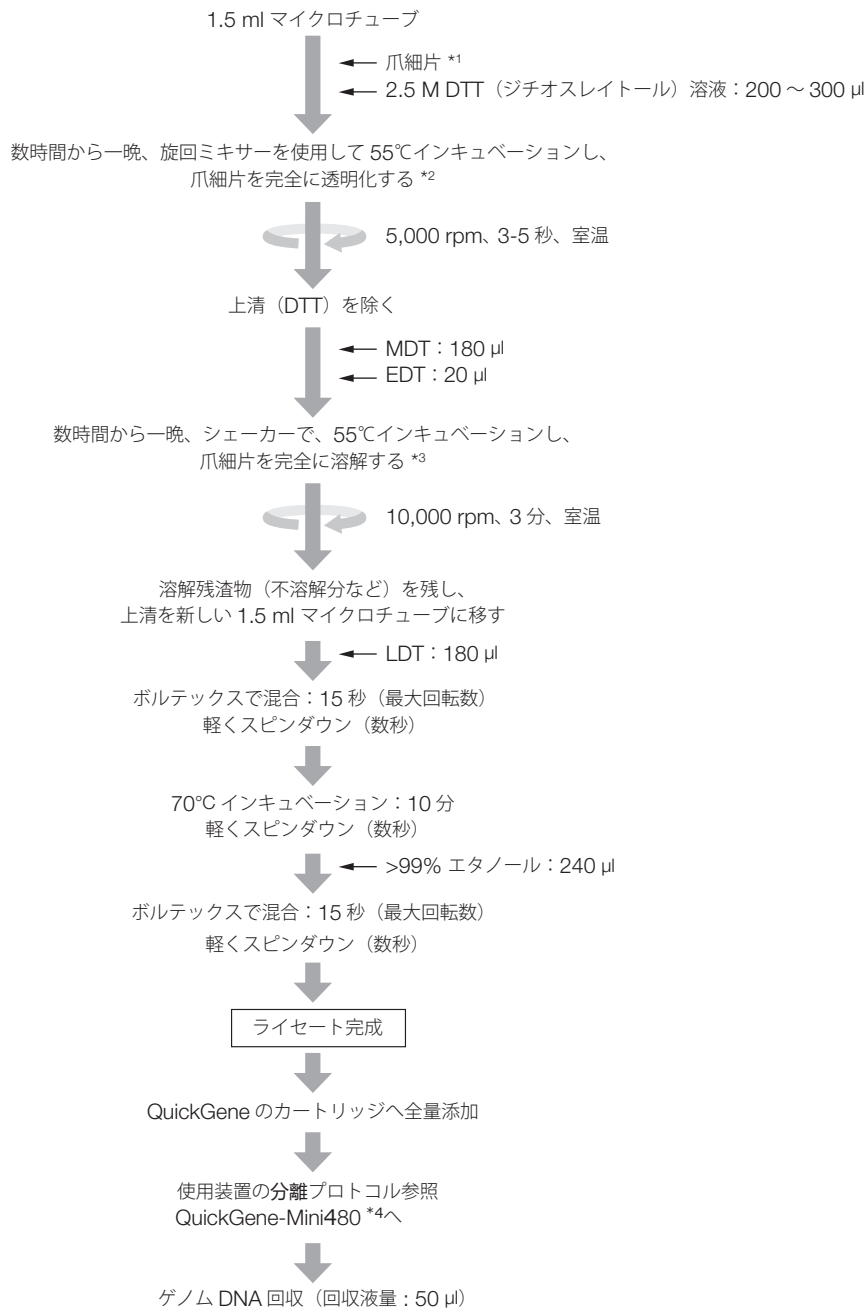


## 爪からのゲノムDNA分離

## プロトコル



\*1 爪 (5 ~ 15 mg) を 100% エタノールで洗浄。次に精製水で洗浄し、細かく切る。できるだけ細かく切った方が溶けやすくなります。

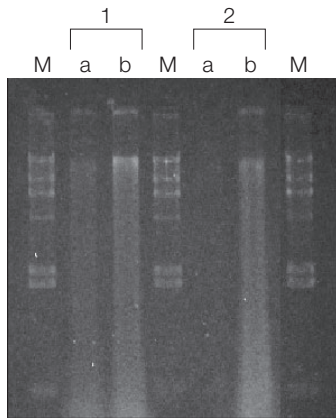
\*2 透明化するまでの時間は爪の量と大きさにより異なります。(細切した爪 5 mg なら約 2 時間)

\*3 爪 15 mg を使用した場合、細切の仕方により一部が溶け残ることがあります。

\*4 本事例は旧機種で取得したデータも含まれます。その他 QuickGene シリーズでもこのプロトコルをご参考頂けます。

## 結果

### 電気泳動図



M :  $\lambda$ -Hind III digest  
 1 : QuickGene (a: 爪 5 mg, b: 爪 10 mg)  
 2 : A 社 (a: 爪 5 mg, b: 爪 10 mg)

### ゲノム DNA の収量 (ng)

サンプル量	5 mg	10 mg	15 mg
QuickGene	235	655	835
スピнкаラム法 (A 社)	165	725	800

### タンパク質の混入 : A260/280

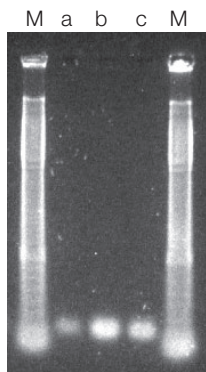
サンプル量	5 mg	10 mg	15 mg
QuickGene	1.81	1.93	1.76
スピнкаラム法 (A 社)	1.77	1.78	1.47

### カオトロピック塩の混入 : A260/230

サンプル量	5 mg	10 mg	15 mg
QuickGene-800	1.57	1.62	0.95
スピнкаラム法 (A 社)	0.73	0.90	0.35

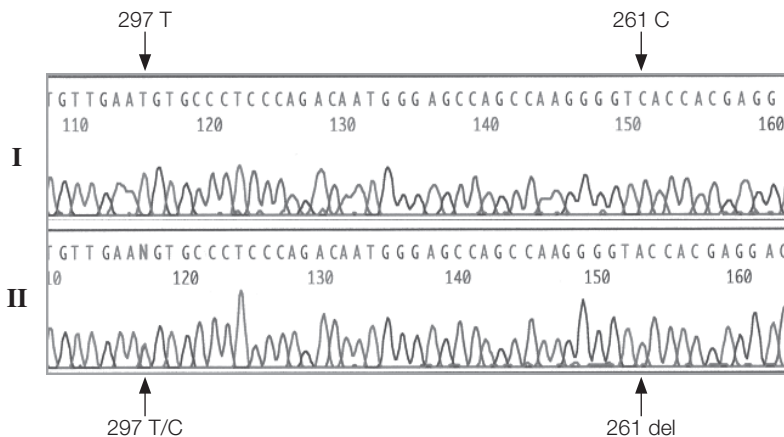
### その他

#### PCR



ターゲット : ABO 遺伝子 Exon 6  
 M : 100 bp ladder  
 a : ゲノム DNA 0.1 ng/ul  
 b : ゲノム DNA 0.4 ng/ul  
 c : ゲノム DNA 1.0 ng/ul

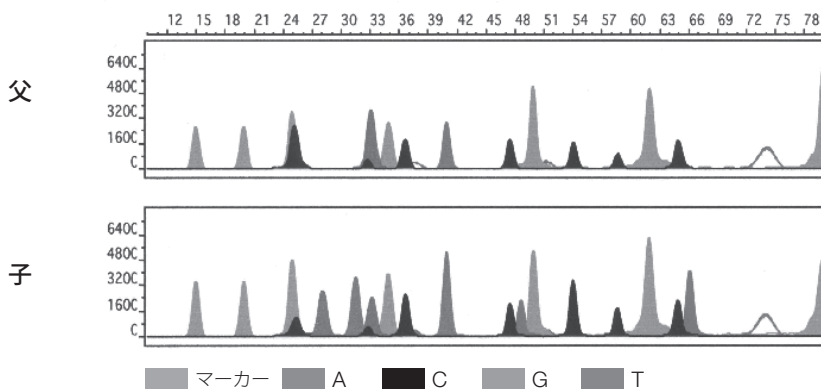
• シーケンス



I : A/A 型  
 II : O<sup>A</sup>/O<sup>G</sup> 型  
 (リバース・サイド (reverse side) のシーケンスを示す)

ABO 遺伝子 Exon 6 をターゲットにシーケンシングを行った。  
 I (A/A 型) では 261 番目が C、297 番目が T であるのに対して、II (O<sup>A</sup>/O<sup>G</sup> 型) では 261 番目が失欠、297 番目が T/C となっている。

• SNPs 解析



塩基数 (bp)	261	297	703	判定
父	C	A	G	A/A 型
子	A/C	A/G	G	A/O <sup>G</sup> 型

主な遺伝子型には、A、B、O<sup>A</sup>、O<sup>G</sup> の 4 遺伝子から成る 10 種類 (AA, AB, AO<sup>A</sup>, AO<sup>G</sup>, BB, BO<sup>A</sup>, BO<sup>G</sup>, O<sup>A</sup>O<sup>A</sup>, O<sup>A</sup>O<sup>G</sup>, O<sup>G</sup>O<sup>G</sup>) があります。QuickGene-810 システムを用いて分離したゲノム DNA で、SNPs 解析による親子鑑定を行うことができます。

共通プロトコルサンプル

データなし