

```

-191      -181      -171      -161      -151      -141      -131      -121      -111      -101
ttaactccac tatagatccc aactttttctc actataaaaag gaacccatttt cctettttect tcaateactt tatettetta caccaaatet atettegag
aattgagggtg atatctaggg ttgaaaagag tgatattttc cttgggtaaa ggagaaagga agttagttaa atagaagaat gtgggttaga tagaagttct

-91      -81      -71      -61      -51      -41      -31      -21      -11      -1
cttcaacata cttccattct tatatacaac ctttttaaga aaactttgat taatcagatc aaatatttat aaattaaaac acacacacac tttetcaaca
gaagttgtat gaggcaagag atatatgttg gaaaaattct tttgaaacta attagtctag ttataaata tttaattttg tgtgtgtgtg aaagagttgt

10      20      30      40      50      60      70      80      90      100
ATGAGATTCT CTCTTTCTCC CGTACGTCGG CATAGTGTAG TAGTACCTTC ACTACCAAAA CAGGACGTCG TTTCTTATAT AAGTGGTACG ACGTCGAATC
TACTCTAAGA GAGAAAGAGG GCATGCAGGC GTATCACATC ATCATGGAAG TGATGGTTTT GTCCTGCAGC AAAGAAATATA TTCACCATGC TGCAGCTTAG

110     120     130     140     150     160     170     180     190     200
GTCATATGTCG ATGTGTACTT ACACCTTCCTT CTCCTTCAGT TTCCACTTCC CGACCACCGG TTTTACCCAA ACCGGAARCC TGGGAGAGTT TGCTGCTAAA
CAGTTACAGC TACACATGAA TGTGARAGGA GAGGAGATCA AAGGTGARAG GCTGTGGGCC ARAATGGGTT TGGCCTTTGG ACCCTCTCAA ACGACGATTT

210     220     230     240     250     260     270     280     290     300
CCATGATCAA ATTCCAGGCG AATTCTCACC CACTGGTTCG AGTATCCCGG TTAGCTTGGG CCGGAGATGG ATGGAGTATC AAGGGCTTCA AAATTGGGAC
GGTACTAGTT TAAGGTCCGC TTAGAGTGGG GTGACCACAGC TCATAGGGCC AATTCGACCC GGCCTCTACC TACCTCATAG TCCCCGAGT TTTAACCTGG

310     320     330     340     350     360     370     380     390     400
GGTCTTTTAG ACCCATTGGA CGACAACTCTC CGGCAGAGGA TTCTCCGGTA CGGTCAATTT GTCGAATCGG CTTATCAGAC ATTTGATTTT GATCCTTCCT
CCAGAAATC TGGGTAACTT GCTGTTAGAG GCCGCTCTCT AAGAGGCCAT GCCAGTTAAA CAGCTTAGCC GAATAGTTCG TAARCTAAG CTAGGAGGGA

410     420     430     440     450     460     470     480     490     500
CTCCACCTTA CGGGACATGC CGGTTTCCGA GGAGCACGTT GTTAGAGCGA TCCGGTTTAC CCAACTCCGG TTATCGACTA ACGAAGAAC TTCGTGCCAC
GAGGTTGGAT GCCCTGTACG GCCAAGGCT CCTCGTGCAA CAATCTCGCT AAGCCAAATG GGTGAGGCC AATAGCTGAT TGCTTCTTGG AAGCACGGTG

510     520     530     540     550     560     570     580     590     600
GTCAGGTATT AACTTGCCAC GTTGGATTGA GAAGCGCCCA AGCTGGATGG CTACACATC TAGCTGGATT GGTTACGTGG CAGTTTGCCA GGACAAAGAA
CAGTCCATTA TTGARCGGTG CAACTAATCT CTTTCGCGGT TCGACCTACC GATGTGTTAG ATCGACCTAA CCARTGCACC GTCARACGGT CCTGTTTCTT

610     620     630     640     650     660     670     680     690     700
GAGATCTCGC GGCTTGGGCG TACAGACGTC GTCATCTCCT TCCGTGGAAC CGCCACGTGT CTCGAGTGGT TAGAGAACCT TCGCGCCACG CTGACTCATC
CTCTAGAGCG CCGAACCCG ATCTCTGCAG CAGTAGAGGA AAGCACCTTG CCGGTGCACA GAGCTCACC ATCTCTTGGA AAGCGCGTGC GACTGAGTAG

710     720     730     740     750     760     770     780     790     800
TCCCTAATGG GCCTACTGGA GCAATCTTAA ACGGGTCTAA CTCTGGGCCC ATGGTTGAGA GCGGGTTTTT AAGCTTGAT ACTTCAGGTG TTCACAGTTT
AGGGATTACC CGGATGACCT CGTTTAGATT TGCCAGATT GAGACCCGGG TACCACTCT CCGCCAAAAA TTCGAACATA TGAGTCCAC AAGTGTCAAA

810     820     830     840     850     860     870     880     890     900
GAGAGACATG GTAAGAGAGG AGATCGCAGG GCTACTCCAA TCTTACGGCG ACGAGCCGTT AAGTGTAAAG ATAACCGGTC ACGGCCTCGG CGCTGCGATC
CTCTCTGTAC CATTCTCTTC TTAGCGTTC CGATGAGGTT AAGATGCCGC TGCTCGGCAA TTCACATTGC TATTGGCCAG TGTGGGAGCC GCGACGCTAG

910     920     930     940     950     960     970     980     990     1000
GCGACACTAG CAGCTTACGA TATCAAAACG ACGTTTAAAC GTGCGCCTAT GGTTACCGTA ATATCTTTTC GAGGTCCACG TGTGGGAAAC AGATGCTTTC
CGCTGTGATC GTCGAATGCT ATAGTTTTGC TGCAAAATTT CACGCGGATA CCARTGGCAT TATAGAAAGC CTCCAGGTGC ACAGCCTTTG TCTACGAAG

1010    1020    1030    1040    1050    1060    1070    1080    1090    1100
GGAACCTCTT TGAGAGGCAA GGACCGAGGG TTCTAAGAAT CGTGAACCTC GACGACGTC TAACCAAGT TCCTGGAGTT GTTTTAGAAA ACAGAGAGCA
CCTTTGAGGA ACTCTTCGTT CCGTGCTTCC AAGATTCTTA GCACCTGAGG CTGCTGCAGT AGTGGTTTCA AAGACCTCAA CAARATCTTT TGTCTCTCGT

1110    1120    1130    1140    1150    1160    1170    1180    1190    1200
AGTAAACGTT AAGATGACAG CGTCGATAAT GCCGAGCTGG ATACAGAGAC GCGTGGAGGA GACGCCGTTG GTTTACGCTG AARTCGGTAA GGAGCTTCGG
TCTATTGCAA TTCTACTGTC GCAGCTATTA CGGCTCGACC TATGCTCTCG CGCACCTCCT CTGCGGCACC CAARTGCGAC TTTAGCCATT CCTCGAGCC

1210    1220    1230    1240    1250    1260    1270    1280    1290    1300
CTGAGTAGCC GTGACTCGCC GCACCTGAGC AGCATCAATG TGCCACGCTG TCATGAGCTG AARACGTATT TACATTTGGT AAGCGGGTTT GTGAGCTCCA
GACTCATCGG CACTGAGCGG CGTGAACCTG TCGTAGTTAC ACCGGTGCAC AGTACTCGAC TTTTGCATAA ATGTRAACCA TCTGCCAAA CACTCGAGGT

1310    1320    1330    1340    1350    1360    1370    1380    1390    1400
CGTGTCCATT CAGAGAAACA GCTCGGAGAG TTCTCCATAG ATGAagattc attgatcega cattedgtaac taatttaatt ttgtgcaaaag aaacactaaa
GCACAGGTAA GTCTCTTTGT CAGGCCCTCT AAGAGGTATC TACTcttaag taactaggct gtaageattg attaaattaa aacacgtttc ttgtgattt

```

## 使用した プライマーの 塩基配列

# AtDAD1

```

-91      -81      -71      -61      -51      -41      -31      -21      -11      -1
atattgtctt caagagaacc agagagactc actctttttac aactctettt ttaatacaaaa atatccataa tctttaaaag cacacactct tetcccaata
tataacagaa gttctcttgg tctctctgag tgagaaaatg ttgagagaat aattagtttt tataggtatt agaaaatttc gtgtgtgaga agagggttat

10       20       30       40       50       60       70       80       90       100
ATGAGATTCT CTCTTTCTCC CGCA GTCCG TACAGTGTAG TACCCTCAGT TCCAAACCAC GACGTTGTTT CTCACGTAAA TGTTACCATG TCGTGGACCC
TACTCTAAGA GAGAAAGAGG GCGTGCAGGC ATGTCACATC ATGGG GTGA TGGTTTGGTG CTGCACAAA GAGTGCATTT ACARTGGTAC AGCACCTTGG

110      120      130      140      150      160      170      180      190      200
GTAAGTGTAG ATGCGTACTT ACTCTTCCTT CTCTACAAAT ATCTACTTCC CGGTCACCCG TTATACCCAA ACCAGAAATG TGGGAGGGTT TGCTGCTAAA
CATTACATC  TACGCATGAA TGAGARGGAA GAGGATGTTA TAGATGARGG GCCAGTGGCC AATATGGGTT TGGTCTTTAC ACCCTCCCAA ACGACGATTT

210      220      230      240      250      260      270      280      290      300
CCAAGATCAC AGTTCGATG AATTGTCGTC CTCTGGTTCC AACRACCCCG TTAGCTAAA CCGTAGATGG AAGGAGTACC AGGGGCTTCA GAACTGGGAA
GGTCTAGTG  TCAAGGCTAC TTAACAGCAG GAGACCARGG TTGTTGGGCC AATTCGATTT GGCACTACC TTCCTCATGG TCCCGAGT CTTGACCTT

310      320      330      340      350      360      370      380      390      400
GGTCTTTTGG ACCCATTTGA CGATAATCTC CGAGGGGAGA TTCTCCGGTA CGGTCAGTTC GTGGARTCGG CTTACCAGTC CTTGATTTT GATCCTTCGT
CCAGAAACC  TGGGTARCTT GCTATTAGAG GCTCCCTCT  AAGAGGCCAT GCCAGTCAAG CACCTTAGCC GAATGGTCAG GARGCTAAG CTAGGAGCA

410      420      430      440      450      460      470      480      490      500
CACCACCTA  CGCACGTCG CGGTTCCCGA GGAACAGGTT GTTAGACCAA TCCGGTTTAC CTRACTCCGG TTATCGAGTG ACGAGAACCC TCCGTGCCAC
GTGGTTGGAT GCGTTGCAGC GCCAAGGGCT CCTTGTGCAA CAATCTGGTT AAGCCAAATG GATTGAGGCC AATAGCTCAC TGCTTCTTGG AAGCACGGTG

510      520      530      540      550      560      570      580      590      600
GTCAGGTATT AACTTACCAC GTTGGATAGA GAAGGCGCCT AGCTGGATGG CTCACAGTTC CAGCTGGATT GGTACGTTGG CAGTATGTCA AGACAAGAA
CAGTCCATAA TTGARTGGTG CACCTATCT  CTTTCGCGGA TCGACCTACC GATGTGTCAG GTCGACCTAA CCAATGCACC GTCATACAGT TCTGTTTCTT

610      620      630      640      650      660      670      680      690      700
GAGATCTCAC GGCTCGGTCG TCGAGACGTA GTCATCTCCT TCCGTGGAAC CGCCACGTGT CTCGAGTGGT TAGAGAATCT CCGCGCCACG CTGGCTCATC
CTTAGAGTG  CCGAGCCAGC AGCTCTGCAT CAGTAGAGGA AAGCACCTTG GCGGTGCACA GAGCTCACCA ATCTTTAGA GGCAGGGTGC GACCCAGTAG

710      720      730      740      750      760      770      780      790      800
TCCCTGATGG GCCGAGTGGG CCAAACCTAA ACGGGTCTAA CTCTGGGCCC ATGGTCGAGA GTGGATTCTT AAGCTTATAC ACATCAGGGG CCCACAGTTT
AGGGACTACC CCGCTCACCC GGTTTGGATT TGCCAGATT  GAGACCCGGG TACCAGCTCT CACCTAGAA TTCGARTATG TGTAGTCCCC GGGTGTCAA

810      820      830      840      850      860      870      880      890      900
GAGAGACATG GTGAGAGAG AATCTCGAG ACTGCTCCAG TCTTACGGCG ACGAGCCGTT GAGTTTACG ATAACGGGC ACAGCCTCGG AGCCGCGATC
CTCTCTGTAC CACTCTCTTC TTAGAGCTC TGACGAGGTC AGAATGCC C TGCTCGGCAA CTCGAATTGC TATTGCCCGG TGTCGGAGCC TCGCGCTAG

910      920      930      940      950      960      970      980      990      1000
GCGACGTTAG CGGCGTACGA TATCAAGAGC ACGTTTAAAC GTGCGCCGAT GGTCAACGTT ATGTCCTTTCG GAGGTCCACG TGTCGGAAC AGATGCTTCA
CGCTGCATC  GCCGCATGCT ATAGTTCTGC TGCAAAATTTG CACGCGGCTA CAGTGGCAA TACAGAAAC CTCCAGGTGC ACAGCCTTTC TCTACGAGT

1010     1020     1030     1040     1050     1060     1070     1080     1090     1100
GGAGACTCCT TGAGARGCAA GGCACCAAGG TGTTGAGGAT CGTTAATCC GACGACGTC TACCAAAGT TCCAGGTGTC GTTTTAGATA ACAGAGAGCA
CCTCTGAGGA ACTCTTCGTT CCGTGGTTCC ACAACTCCTA GCRAATGAGG CTGCTGCAGT AGTGGTTTCA AGTCCACAG CAAATCTAT TGTCTCTCGT

1110     1120     1130     1140     1150     1160     1170     1180     1190     1200
AGATAACGTA AGATGACCGG CGTCAATGCC GAGTTGGATA CAGAAACGAG TTGAGGAGAC GCCGTGGGTT TACGCTGAGG TCGGGAAAGA GCTTCGGCTG
TCTATTGCAC TTCTACTGCC GCAGTTACGG CTCRACCTAT GTCTTTGCTC AACTCCTCTG CGGCACCCAA ATGCGACTCC AGCCCTTCT CGAAGCCGAC

1210     1220     1230     1240     1250     1260     1270     1280     1290     1300
AGCAGCCGTA ACTCGCCTA CCTGAACGGC ATCAATGTGG CCACGTGTCA CGAGCTGAGG ACGTATCTAC ATTTAGTAGA TGGGTTTGTG AGCTCCACGT
TCGTCGGCAC TGAGCGGGAT GGACTTGCCG TAGTTACACC GGTGCACAGT GCTCGACTTC TGCAATGATG TAATCATCT ACCCAACAC TCGAGGTGCA

1310     1320     1330     1340     1350     1360     1370     1380     1390     1400
GTCCATTCAG AGAAACGGCT CGAAGAGTCC TCCATAGATG Aaggttcatt agacattcgt aacctattt taactttgtg cagaaaaaaa aaaacttaaa
CAGGTAGATC TCTTTGCCGA GCTTCTCAGG AAGTATCTAC Ttccaagtaa te tgtaagca ttgggataaa attgaaacac gcttttttt tttgaaatt

```

使用した  
プライマーの  
塩基配列

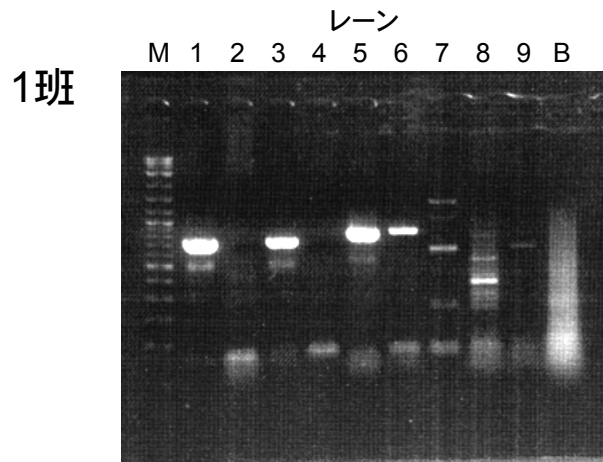
BrDAD1

10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
ATGTTACGTC	CTGTAGAAC	CCCAACCCGT	GAAATCAAAA	AACTCGACGG	CCTGTGGGCA	TTCAGTCTGG	ATCGCGAAAA	CTGTGGATT	GATCAGCGTT
110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
GGTGGGAAG	CGCGTTACAA	GAAAGCCGGG	CAATTGCTGT	GCCAGGCAGT	TTTACGATC	AGTTCGCCGA	TGCAGATATT	CGTAATTATG	CGGGCACCGT
210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
CTGGTATCAG	CGCGAGTCT	TTATACCGAA	AGGTTGGGCA	GGCCAGCGTA	TCGTGCTGCG	TTTCGATGCG	GTCACCTCATT	ACGGCAAGT	GTGGGTCAAT
310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
AATCAGGAG	TGATGGAGCA	TCAGGGCGGC	TATACGCCAT	TTGAGCCGA	TGTCACGCCG	TATGTTATTG	CCGGGAAGAG	TGTACGTATC	ACCGTTTGTG
410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
TGACACACGA	ACTGAACGG	CAGACTATCC	CGCCGGGAA	GGTGATTACC	GACGAAACG	GCAAGAAAA	GCAGTCTTAC	TTCCATGATT	TCTTTACTA
510	520	530	540	550	560	570	580	590	600
TGCCGGATC	CATCGCAGCG	TAATGCTCTA	CACCACGCCG	AACACCTGGG	TGGACGATAT	CACCGTGGTG	ACGCATGTCG	CGCAGACTG	TAACACGCCG
610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
TCTGTTGACT	GGCAGGTGGT	GGCCAAATGGT	GATGTCAGCG	TTGAACTGCG	TGATGCCGAT	CAACAGGTGG	TTGCACTGG	ACAAGGCACT	AGCGGGACTT
710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
TGCAAGTGGT	GAACTCCGAC	CTCTGGCAAC	CGGGTGAGG	TTATCTCTAT	GAACTGTGCG	TCACAGCCAA	AAGCCAGACA	GAGTGTGATA	TCTACCCGCT
810	820	830	840	850	860	870	880	890	900
TCGCGTCGCG	ATCCGGTCAG	TGCAGTGAA	GGGCGACAG	TTCTGATA	ACCACAACC	GTTCTACTTT	ACTGGCTTTG	GTCGTCATGA	AGATGCGGAC
910	920	930	940	950	960	970	980	990	1000
TTGCGTGGCA	AAGGATTCGA	TACCGTGC	ATGGTGCACG	ACCACGCATT	AATGGACTGG	ATTGGGGCCA	ACTCCTACCG	TACCTCGCAT	TACCCTTACG
1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090	1100
CTGAGAGAT	GCTCGACTGG	GCAGATGAC	ATGGCATCGT	GGTGATTGAT	GAACTGCTG	CTGTCCGGCTT	TAACCTCTCT	TTAGGCATTG	GTTCGAGC
1110	1120	1130	1140	1150	1160	1170	1180	1190	1200
GGGCACACAG	CCGAAGGAC	TGTACAGCGA	AGAGGCACTC	AACGGGGAAA	CTCAGCAGC	GCACTTACAG	GCGATTAAG	AGCTGATAGC	GCGTGACAAA
1210	1220	1230	1240	1250	1260	1270	1280	1290	1300
AACCAACCA	GCCTGGTGAT	GTGGAGTATT	GCCACAGAC	CGGATACCCG	TCCGCAAGGT	GCACGGGAT	ATTCGCGCC	ACTGGCGGAA	GCAACGCGTA
1310	1320	1330	1340	1350	1360	1370	1380	1390	1400
AACTCGACCC	GACGCGTCCG	ATCACCTGCG	TCARTGTAA	GTTCTGCGAC	GCTCACCCG	ATACCATCAG	CGATCTCTTT	GATGTGCTGT	GCCTGACCG
1410	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500
TTATTACGGA	TGGTATGTCC	AAAGCGGCGA	TTTGAAACG	GCAGAGAGG	TACTGGAAAA	AGAACTTCTG	GCCTGGCAGG	AGAACTGCA	TCAGCCGATT
1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
ATCATCACCG	AATACGGCGT	GGATACGTTA	GCCGGGCTGC	ACTCAATGTA	CACCGACATG	TGGAGTGAAG	AGTATCAGTG	TGCATGGCTG	GATATGTATC
1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670	1680	1690	1700
ACCGCGTCTT	TGATCGCGTC	AGCGCCGTCG	TCGGTGAAAC	GGTATGGAA	TTCCCGGATT	TTGCGACCTC	GCAAGGCATA	TTGCGCGTTG	GCGGTARCAA
1710	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780	1790	1800
GAAAGGGATC	TTCACCTCGG	ACCGCAACCC	GAACTCGGCG	GCTTTTCTGC	TGCAAAACG	CTGGACTGGC	ATGAACTTCG	GTGAAAACCC	GCAGCAGGGA
1810	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900
GGCAACCAAT	GAGcttagag	ctegaatttc	cccgatcggt	caaacatttg	gcaataaagt	ttettaagat	tgaatctgt	tgccggtett	gcatgatta

使用した  
プライマーの  
塩基配列

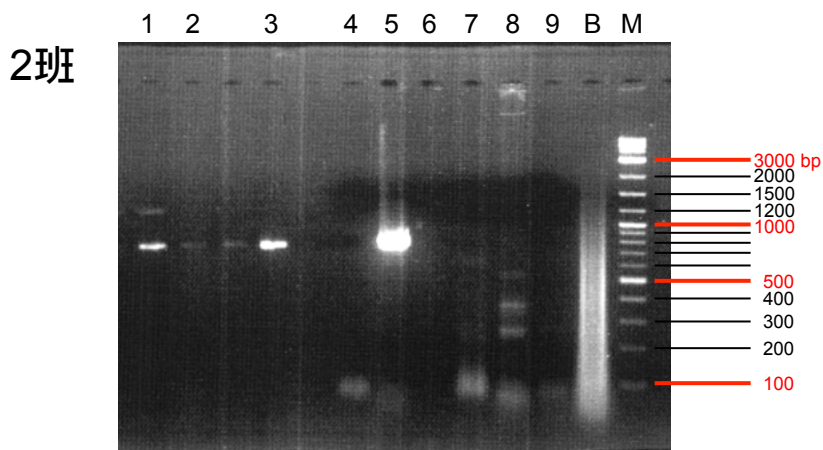
GUS

# 今回の結果



B: ブロココリーDNA (5 $\mu$ l)

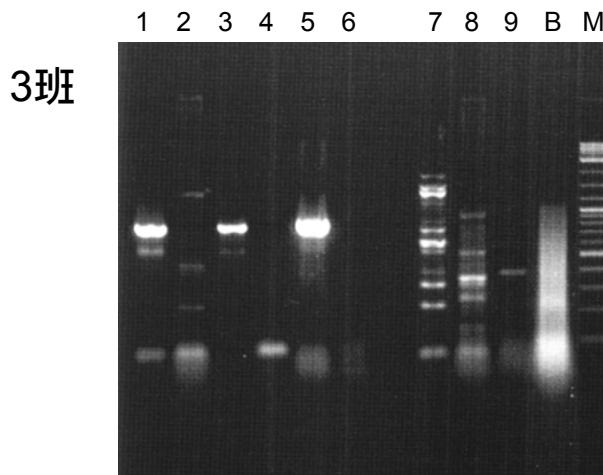
M: 分子量マーカー



B: ブロココリーDNA (5 $\mu$ l)

M: 分子量マーカー

分子量マーカーは、明るいバンドを赤で示す。



B: ブロココリーDNA (5 $\mu$ l)

M: 分子量マーカー

注1: レーン10~12の実験は、今回は行わなかった。

注2: レーン7~9で正しい増幅が見られないのは、プライマーを取り違えて使用してしまったため。