

遺伝子マッピング法の違い

QTL解析とMutMap (QTL-seq) の比較

QTL解析

伝統的な方法 (1989-)

MutMapやQTL-seq

次世代シーケンスデータを使った
新しい手法 (2012-)

共通点

どちらもDNAマーカーと表現型の間の連関を調べて、
表現型にかかわる遺伝子の位置をマッピングする方法

QTL解析

伝統的な方法 (1989-)

MutMapやQTL-seq

次世代シーケンスデータを使った
新しい手法 (2012-)

QTL解析

(Lander & Botstein, 1989)

1. 交配



Mutant

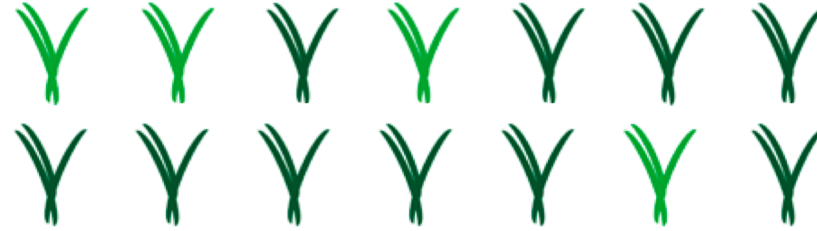
×



原品種

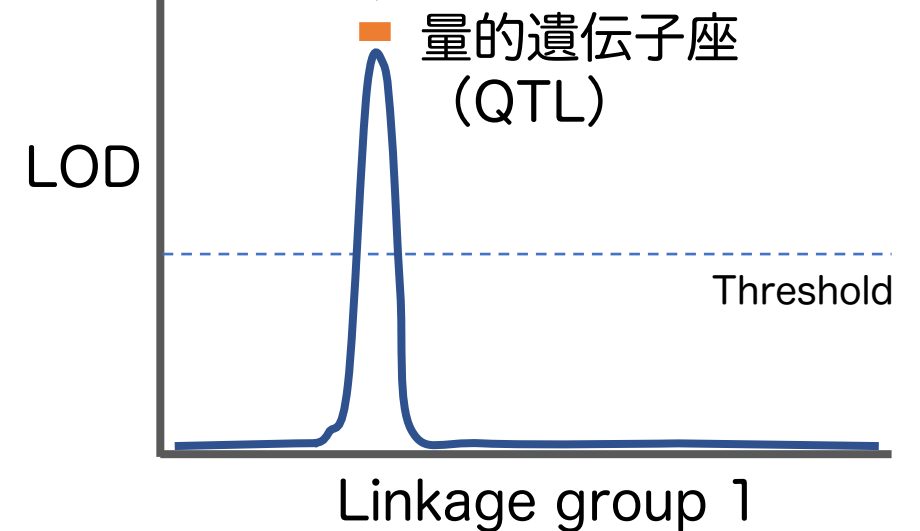
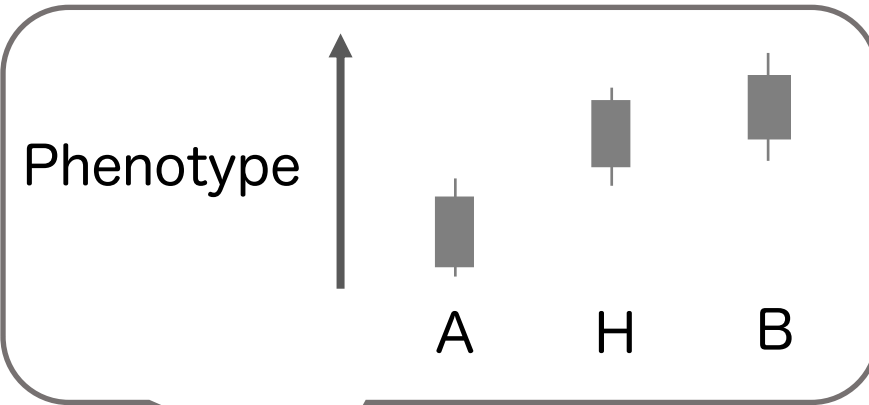


2. F2集団の全個体をシーケンシング(ジェノタイピング)



	Individuals								
SNP	#1	#2	#3	#4	#5	#6	#7	#8	#9
#1	A	A	A	H	B	H	B	H	H
#2	A	A	H	B	B	H	B	A	H
#3	A	A	H	B	B	A	H	A	H
#4	H	H	H	H	H	A	H	A	H
#5	A	A	H	B	H	H	H	A	H
#6	H	H	H	B	B	H	A	H	A
#7	B	H	H	H	H	A	A	B	A
Phenotype	80	95	87	100	110	90	50	75	45

この情報から連鎖地図を作成することが可能
= ゲノム配列がなくても遺伝子マッピングが可能



QTL解析

伝統的な方法 (1989-)

利点

完全なゲノム配列が利用できなくとも使える
(非モデル植物でも使える)

欠点

すべての個体をシーケンシングするため、費用がかかる

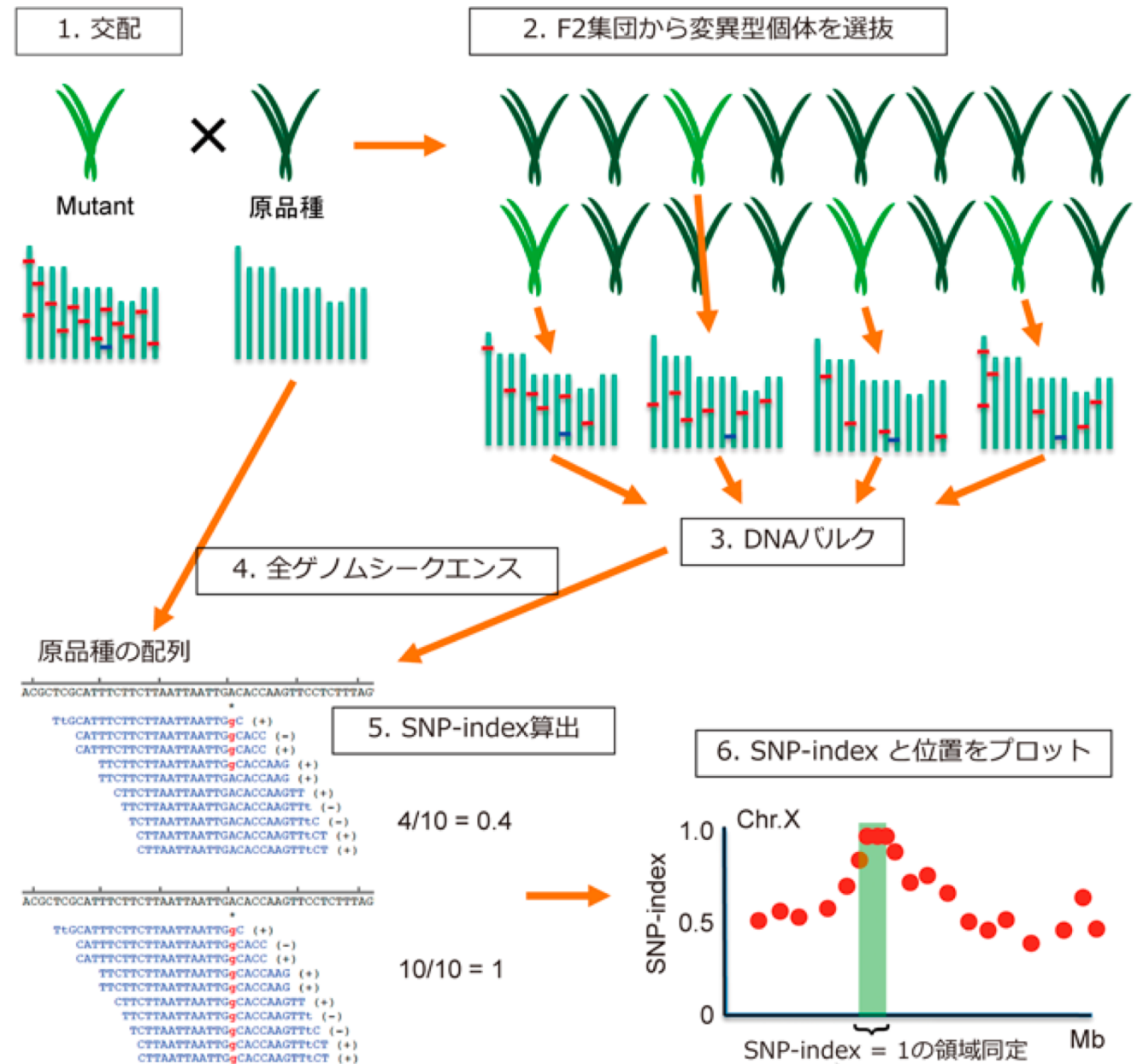
MutMapやQTL-seq

次世代シーケンスデータを使った新しい手法 (2012-)

MutMap (Abe et al., 2012)

人為的に誘導した突然変異形質の原因遺伝子をマッピングする手法

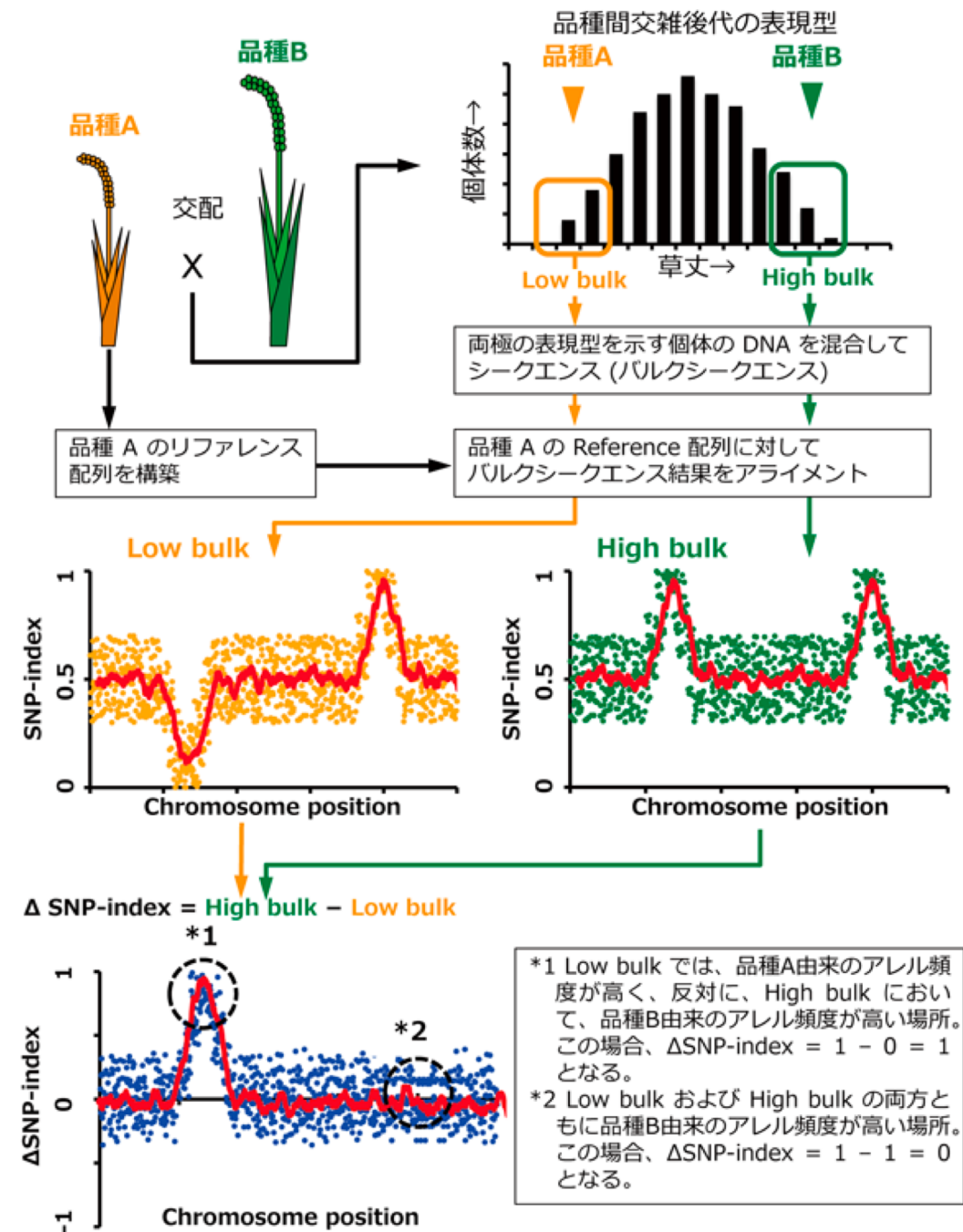
バルクしたDNAをシーケンシング



QTL-seq (Takagi et al. 2013)

品種間の形質の違いにかかわる量的遺伝子座 (QTL) をマッピングする手法

バルクしたDNAをシーケンシング



QTL解析

伝統的な方法 (1989-)

利点

完全なゲノム配列が利用できなくとも使える
(非モデル植物でも使える)

欠点

すべての個体をシーケンシングするため、費用がかかる

MutMapやQTL-seq

次世代シーケンスデータを使った新しい手法 (2012-)

欠点

完全なゲノム配列が解析に必要
(主にモデル植物で使える)

利点

バルクしたDNAをシーケンシングするため、少ない費用でできる