

ILASセミナー2020「ゲノム生物学入門」

# ゲノム解析入門

---

# 研究は「比較」をおこなう

---

サンプルA (基準配列) ACAAATTACAGGAATGTGAATCGTC



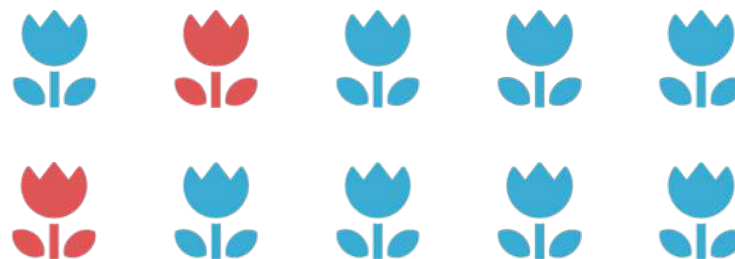
比較

サンプルB ACAA**G**TTACAG**A**AATG**C**GAA**C**CGTC

集団A



集団B



比較



# 生物はゲノムに変異を蓄積している

---

遺伝子座 (locus)

サンプルA (基準配列) ACAAATTACAGGAATGTGAATCGTC

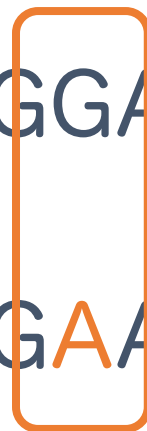


比較

サンプルB

ACAA**G**TTACAG**A**AATG**C**GA**C**CGTC

アリル  
(allele)



# 生物はゲノムに変異を蓄積している

---



サンプルA (基準配列)



比較



サンプルB

遺伝子座 (locus)

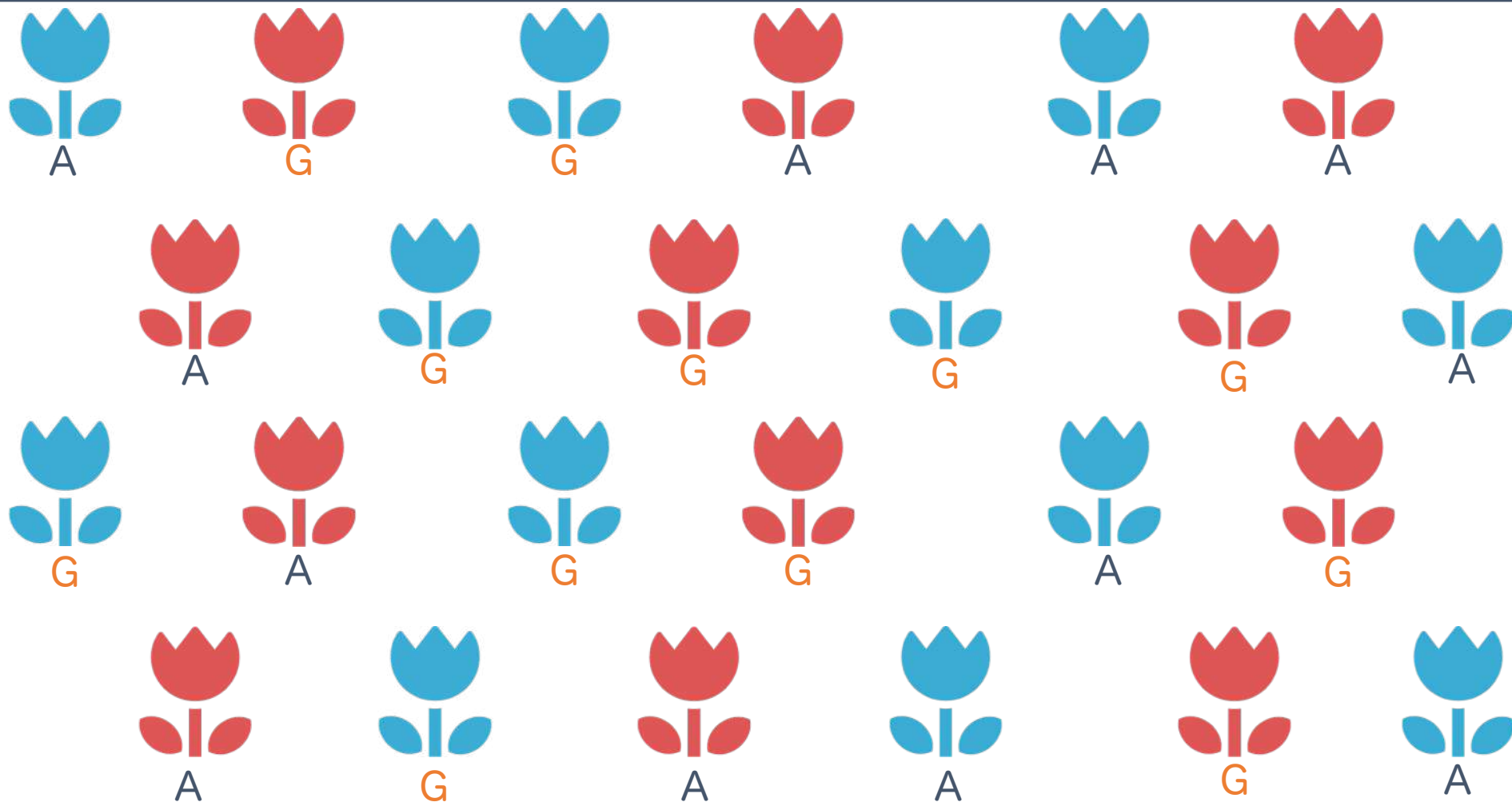
ACAAATTACAGGAATGTGAATCGTC

ACAA<sup>G</sup>TTACAG<sup>A</sup>AATG<sup>C</sup>GA<sup>C</sup>CGTC

色の違いを決めているのはどの遺伝子座か？

# 多くのサンプルを扱う

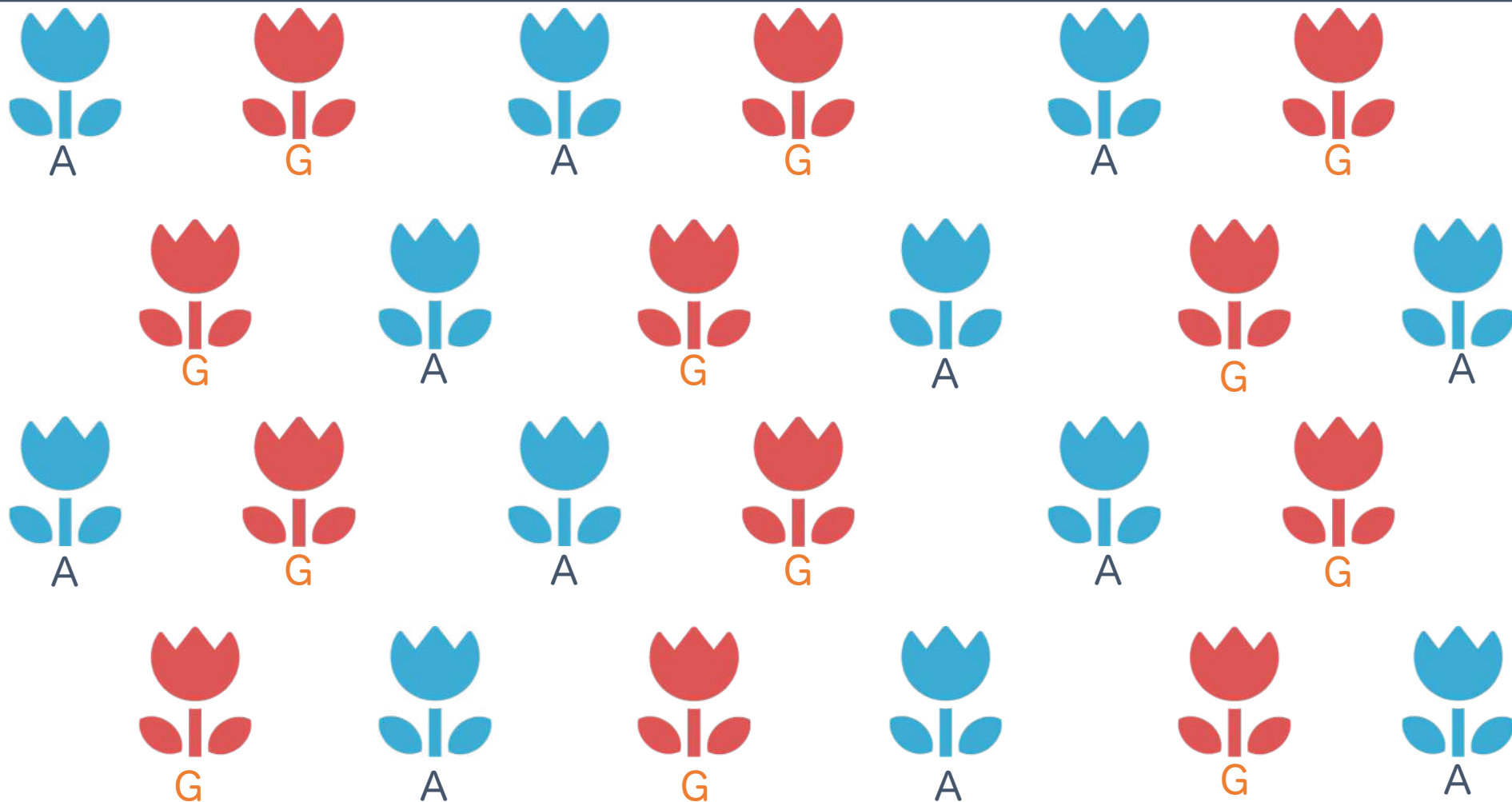
---



色の違いを決めている遺伝子座ではない

# 多くのサンプルを扱う

---



色の違いを決めている遺伝子座かもしれない

# 実サンプルはアリルをペアで持つ

優性アリル：A  
劣性アリル：G



# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)

---

nature  
biotechnology

VOLUME 30 NUMBER 2 FEBRUARY 2012

## Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using MutMap

Akira Abe<sup>1,2,7</sup>, Shunichi Kosugi<sup>3,7</sup>, Kentaro Yoshida<sup>3</sup>, Satoshi Natsume<sup>3</sup>, Hiroki Takagi<sup>2,3</sup>, Hiroyuki Kanzaki<sup>3</sup>, Hideo Matsumura<sup>3,4</sup>, Kakoto Yoshida<sup>3</sup>, Chikako Mitsuoka<sup>3</sup>, Muluneh Tamiru<sup>3</sup>, Hideki Innan<sup>5</sup>, Liliana Cano<sup>6</sup>, Sophien Kamoun<sup>6</sup> & Ryohei Terauchi<sup>3</sup>

Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using **MutMap**

[AAbe](#), [S Kosugi](#), [K Yoshida](#), [S Natsume](#), [H Takagi](#)... - Nature ..., 2012 - [nature.com](#)

The majority of agronomic traits are controlled by multiple genes that cause minor phenotypic effects, making the identification of these genes difficult. Here we introduce **MutMap**, a method based on whole-genome resequencing of pooled DNA from a ...

☆ 77 引用元 634 関連記事 全 17 バージョン



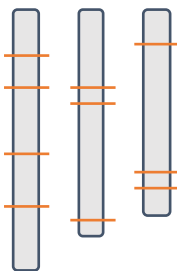
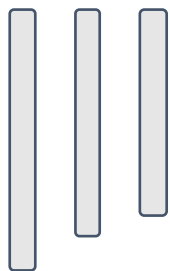
# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)

---

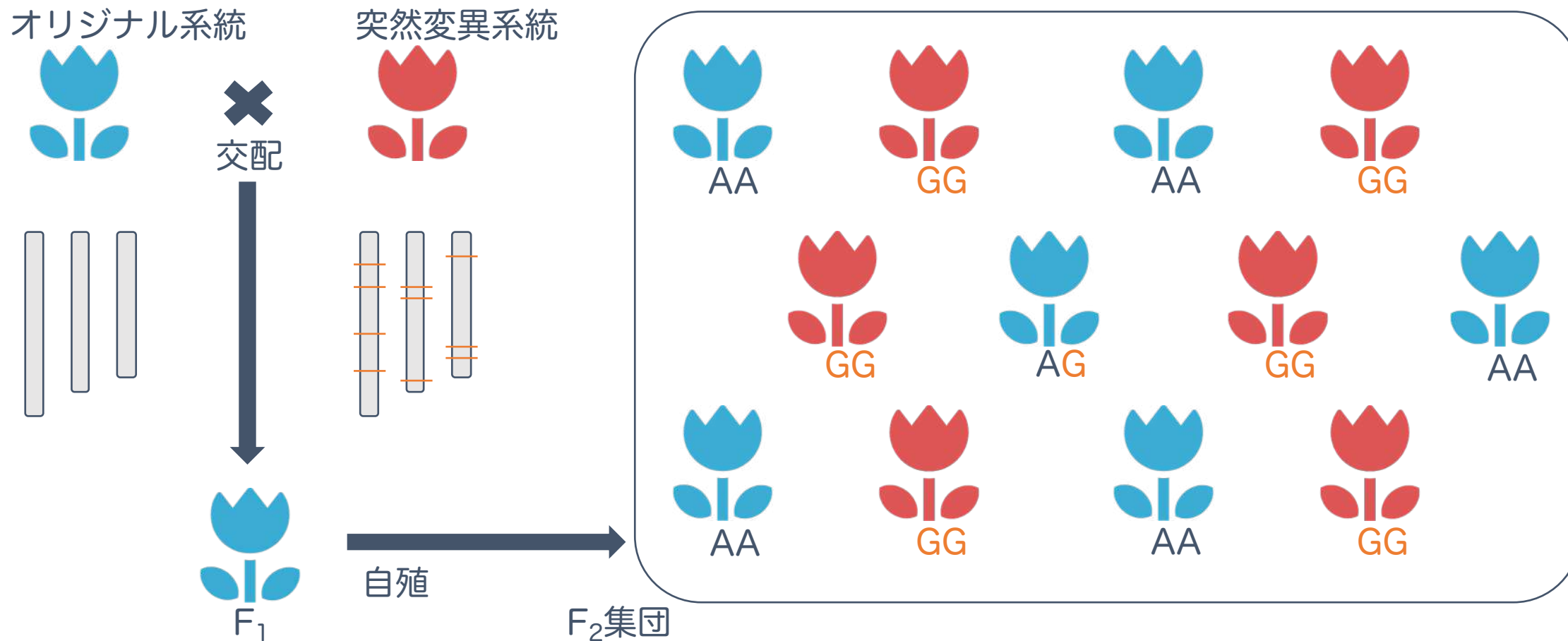
オリジナル系統      突然変異系統



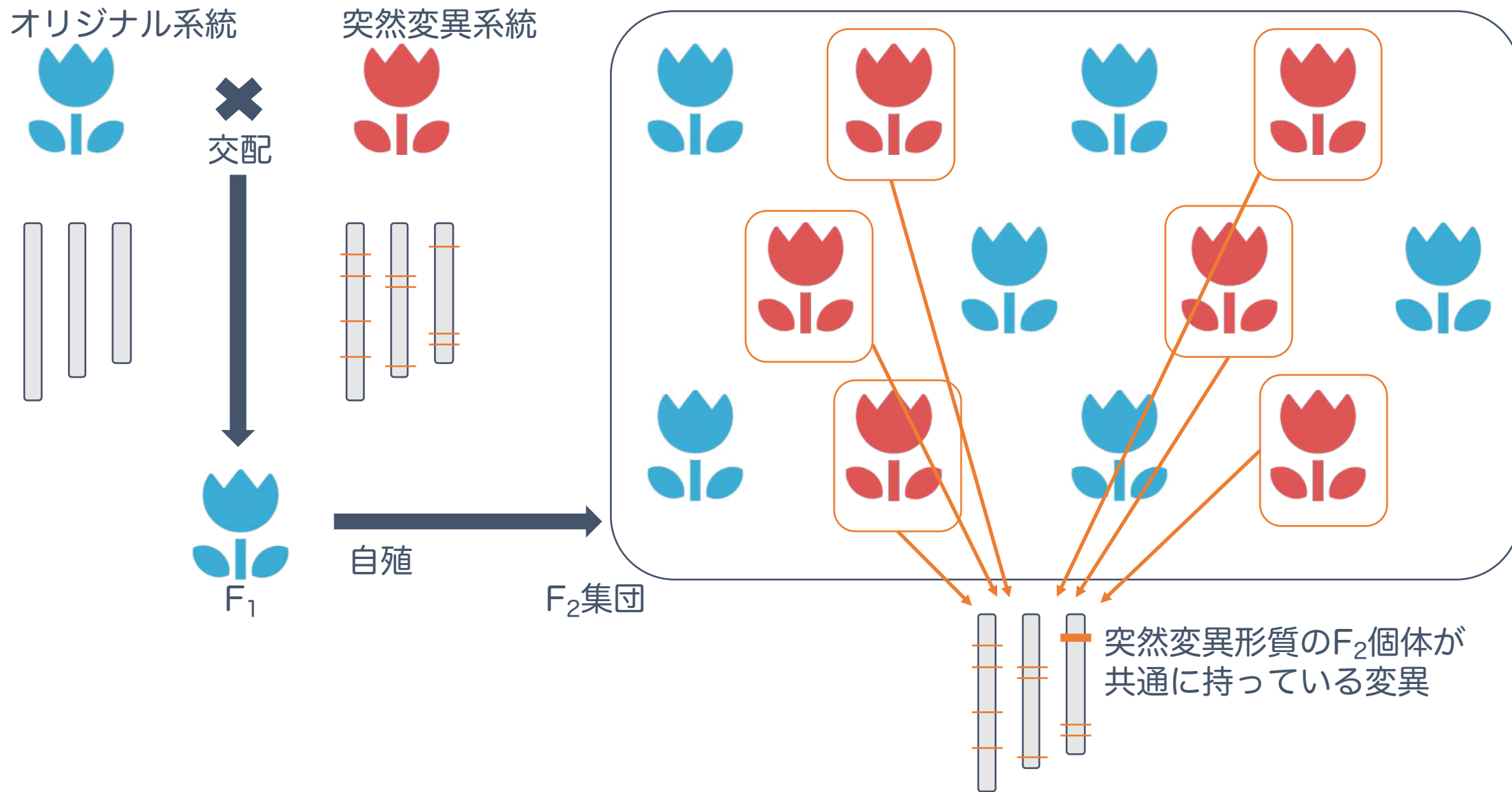
→  
人為的に  
突然変異を誘発



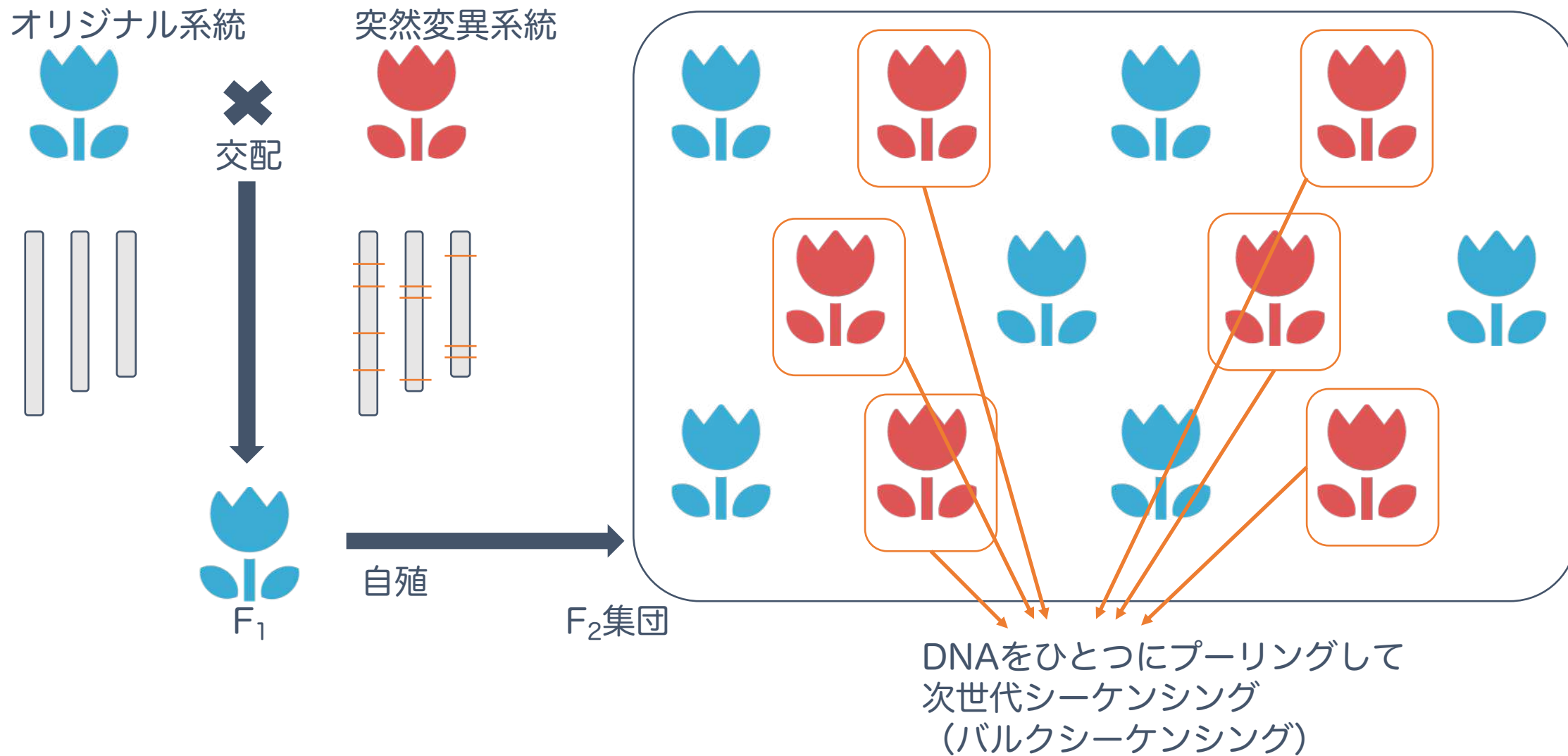
# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)



# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)



# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)



# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)

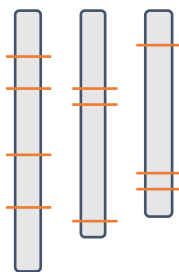
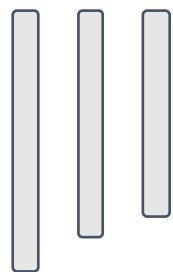
オリジナル系統



突然変異系統



F<sub>2</sub>集団  
突然変異個体



バルクシーケンス

— A —  
— A —  
— G —  
— A —  
— G —  
— A —  
— A —  
— G —  
— G —  
— A —

— C —  
— C —  
— C —  
— C —  
— C —  
— C —  
— C —  
— C —  
— C —  
— C —

— A —

— T —

オリジナル系統のシーケンス

# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)

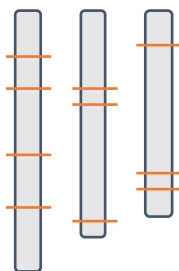
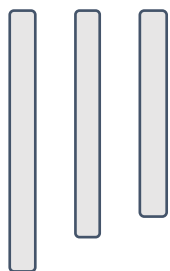
オリジナル系統



突然変異系統



F<sub>2</sub>集団  
突然変異個体



バルクシーケンス

A  
A  
G  
A  
G  
A  
A  
G  
G  
A

SNP-index  
= 4/10  
= 0.4

C  
C  
C  
C  
C  
C  
C  
C  
C  
C

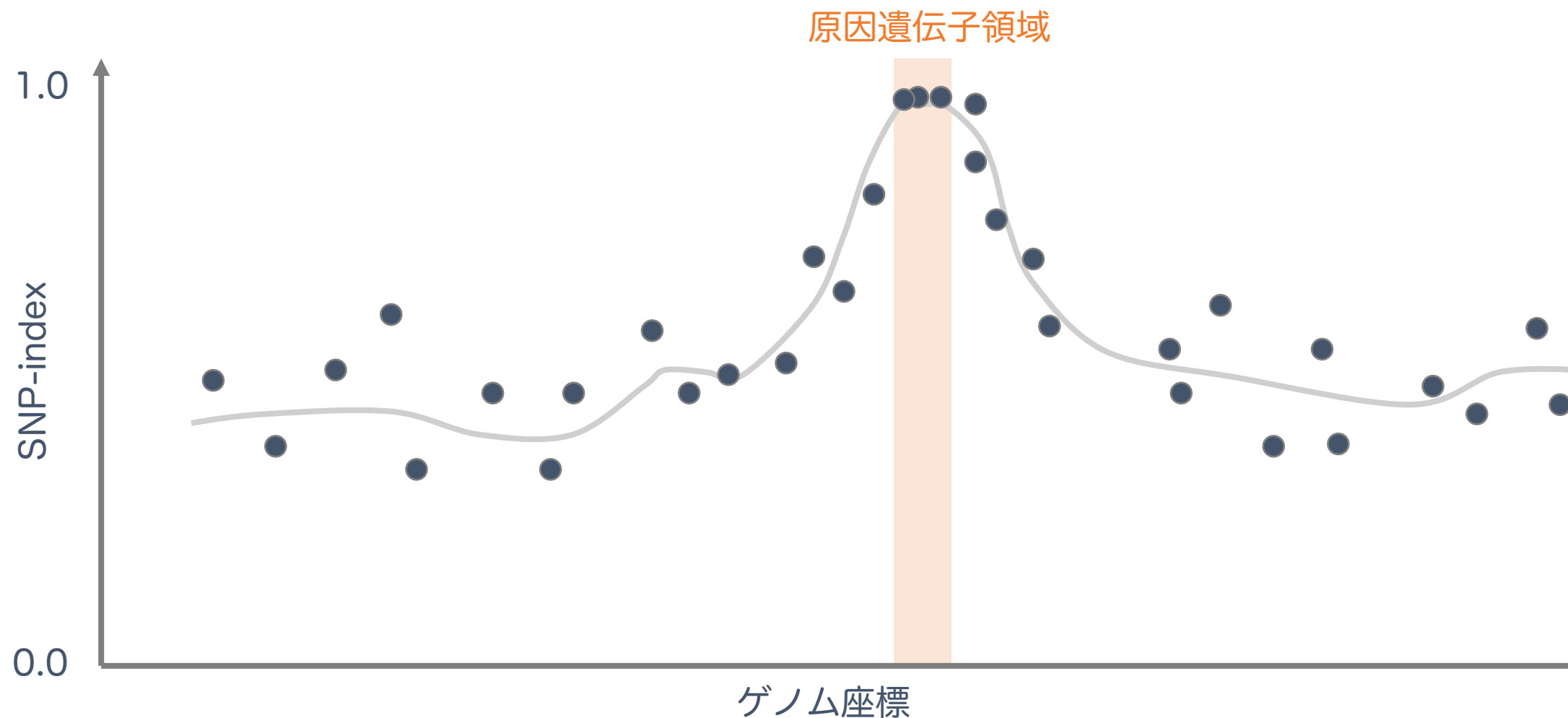
SNP-index  
= 10/10  
= 1.0

A

T

オリジナル系統のシーケンス

# ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)



# ゲノム解析入門 実習テキスト

---

## データ解析実習

No.	日付	テキスト
01	5月18日（月）	事前準備 イントロダクション(PDF) Python基礎(Google Colab)
02	5月25日（月）	Python基礎のつづき
03	6月1日（月）	Pythonデータ解析(Google Colab) 補足: データセットの準備方法
04	6月8日（月）	ゲノム解析入門イントロダクション(PDF) ゲノム解析入門(Google Colab)