

ILASセミナー2020「ゲノム生物学入門」

# ゲノム解析 イントロダクション

---

事前準備

# 事前準備

---

- インターネットに接続されている
- ブラウザがインストールされている

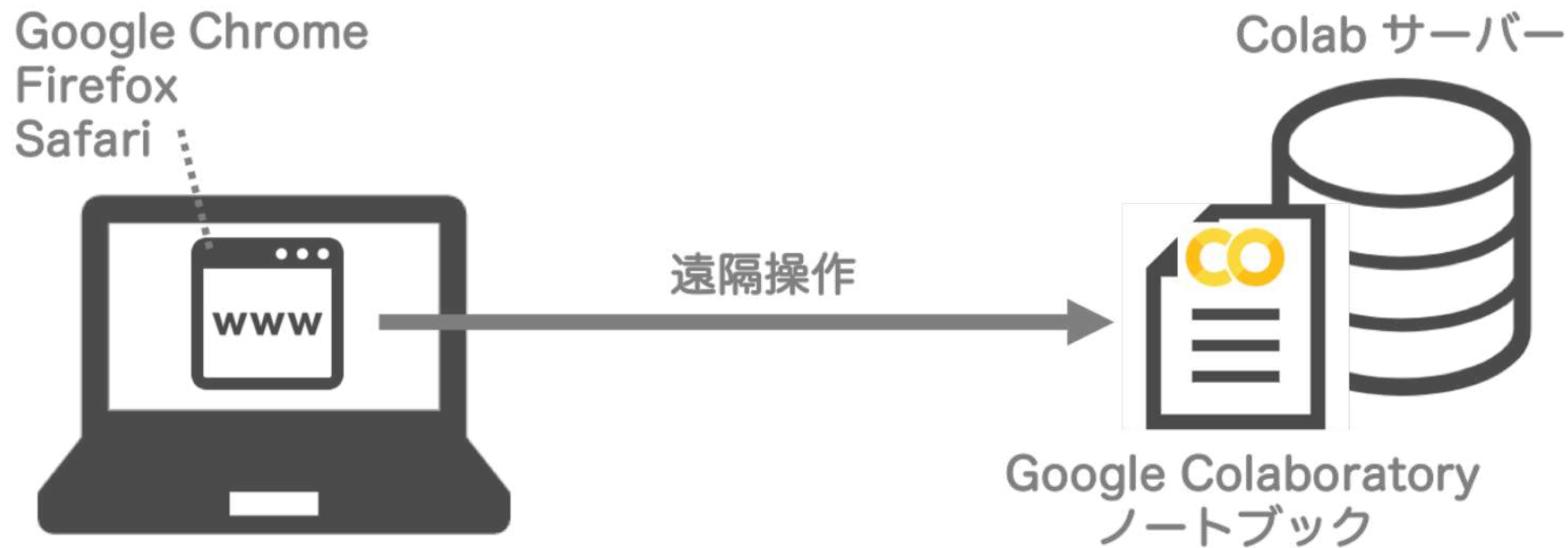
利用可能なブラウザ

- Google Chrome
- Firefox
- Safari (Mac)

- Googleアカウントを持っている

# 解析環境: Google Colaboratory

---



# データ解析の学習サイトへのアクセス

①



🔍 kyoto crop evolution

Google 検索

I'm Feeling Lucky

②

[www.crop-evolution.kais.kyoto-u.ac.jp](http://www.crop-evolution.kais.kyoto-u.ac.jp) > ... ▼

[Crop Evolution Lab. | 京都大学 農学研究科 栽培植物起源学 ...](#)

... 言語: 日本語 サブメニューを展開. 日本語 · English · **Crop Evolution Lab. Kyoto University.**  
京都大学 農学研究科 栽培植物起源学研究室. メニュー. 検索. 京都大学 農学研究科. 栽培植物起源学研究室. Laboratory of **Crop Evolution Kyoto University** ...

## 担当講義

担当講義. 学部 農学部資源生物科学科. 栽培植物起源学, 前期 月曜2限.

## アクセス

アクセス. 本館 (物集女) . 〒617-0001 京都府向日市物集女町中 ...

## メンバー

メンバー. スタッフ. 職名, 名前, メールアドレス (replace [a] with @), 部 ...

## お知らせ一覧

Crop Evolution Lab. Kyoto University ... 京都大学農学研究 ...

## 入試情報

... 研究科 栽培植物起源学研究室. メニュー. 検索. 入試情報. [大学院入 ...

## 研究

研究. How the sheer diversity of crops has been generated by ...

# データ解析の学習サイトへのアクセス

③



## 最新のお知らせ

論文リストの更新  
2020年05月13日

メンバー情報の更新  
2020年04月25日

メンバー情報の更新  
2019年10月07日

民族自然誌研究会（第94回例会）のご案内  
2019年04月16日

特別セミナー - Dr. Adeline Harant, Dr. Yohann Petit (The Sainsbury Laboratory, Norwich, UK)  
2019年04月05日

## 研究トピック

Lumi-Map, a real-time luciferase bioluminescence screen of mutants combined with MutMap, reveals Arabidopsis genes involved in PAMP-triggered immunity **New!**

加藤特定助教、小内特任准教授、寺内教授らの共著論文がbioRxivにアップロードされました。

» Read More

イネのいもち病に対する抵抗性の仕組みを解明 - イネ抵抗性タンパク質といもち病タンパク質の結合結晶構造の解明 -

寺内教授らの国際共同研究グループの論文がNature Plantsに掲載されま

## 研究室案内



» Read More

## 講義テキスト



④

## ゲノム生物学入門 [2020年度 ILASセミナー]

### セミナーの実施

- 5月11日（月）～
- 毎週月曜 16:30-18:00
- オンライン通話システム Zoom 上でおこないます

### Pythonプログラミング解析環境

Google Colaboratoryと呼ばれるサービスを利用します。

Googleアカウントが必要です。持っていない場合は作成してください。

→ [Googleアカウント新規作成](#)

1. Googleアカウントにログインする
2. 予定表のリンクをクリックして、Google Colabノートブックページに移動する

### データ解析実習

| No. | 日付       | テキスト                          |
|-----|----------|-------------------------------|
| 01  | 5月18日（月） | 事前準備<br>イントロダクション<br>Python基礎 |
| 02  | 5月25日（月） | Python基礎のつづき                  |
| 03  | 6月1日（月）  | Python発展                      |
| 04  | 6月8日（月）  | ゲノムデータ解析入門                    |

<https://github.com/CropEvol/lecture>

イントロダクション

# 「ゲノム」は生物がもつ遺伝情報

---



ゲノム情報はDNAに書かれている



# 全DNA配列は読み出せる

サンプルから  
抽出したDNA



次世代シーケンサー



<https://jp.illumina.com/>

ゲノムDNA

AGGTCAAT

リード

断片化



シーケンス  
(塩基配列を読む)

シーケンスデータ (リードデータ)

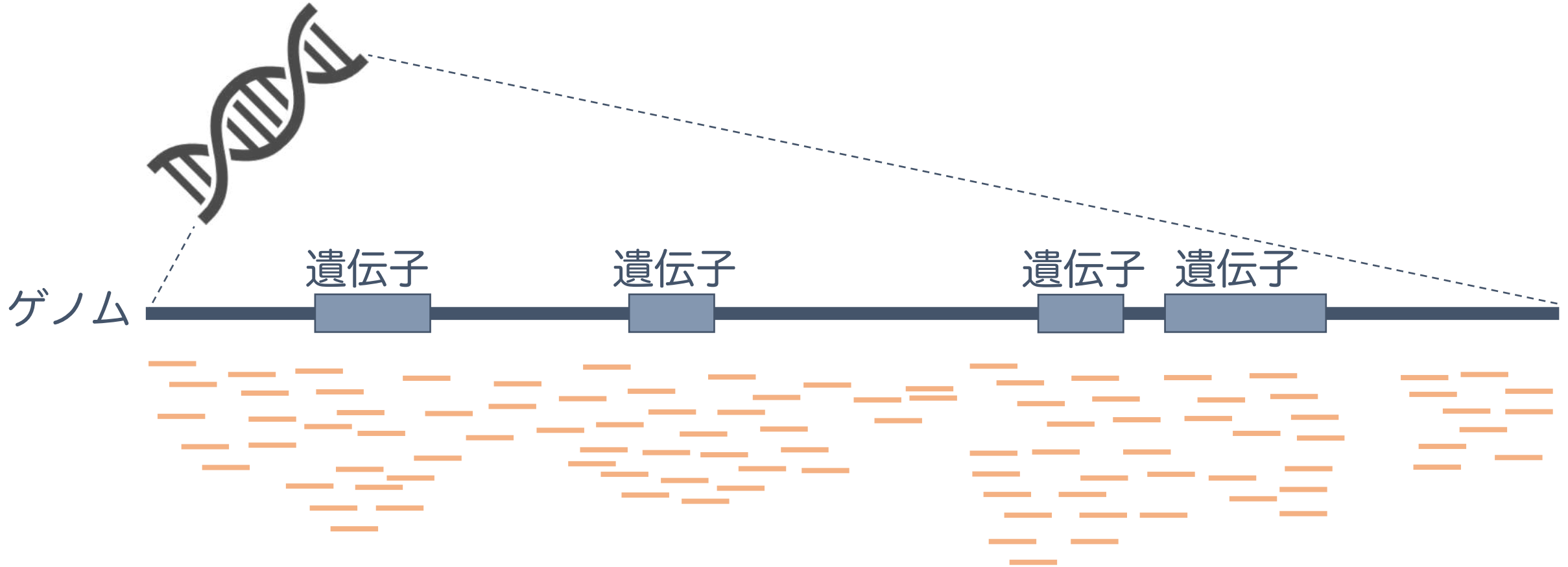
|               |                          |
|---------------|--------------------------|
| read_00000001 | ATTGATC...TTC (50~300塩基) |
| read_00000002 | CCGAGGC...ATG            |
| read_00000002 | AGCTTGG...CCG            |

⋮

(数百万～数十億リード)

# 次世代シーケンスの種類

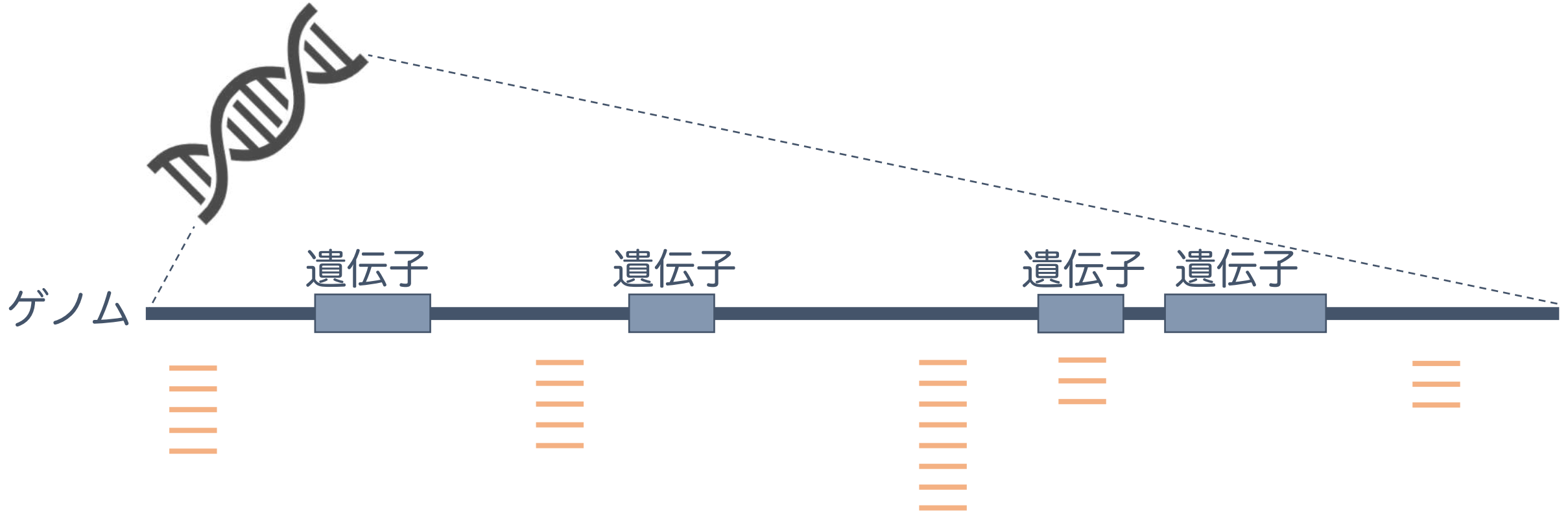
---



全ゲノムシーケンス (ゲノム全域を対象にしたシーケンス)

# 次世代シーケンスの種類

---

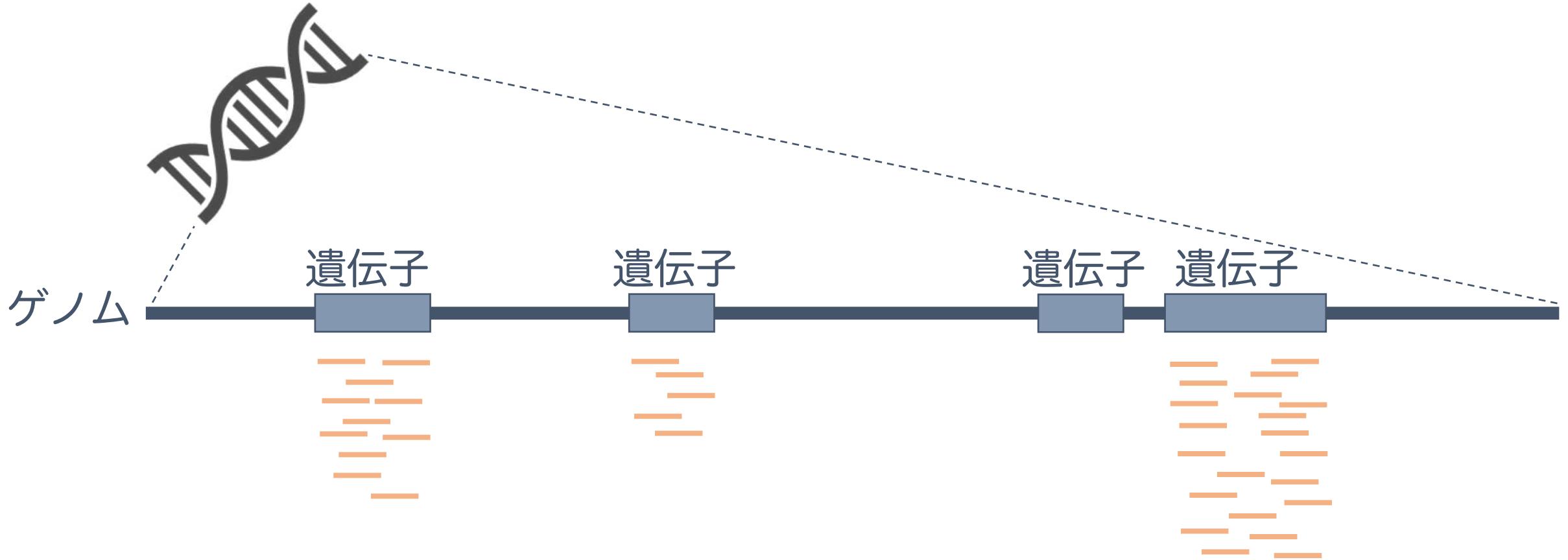


**RAD-seq, GBS, GRAS-Diなど**

(ゲノムの特定領域のみを対象にしたシーケンス)

# 次世代シーケンスの種類

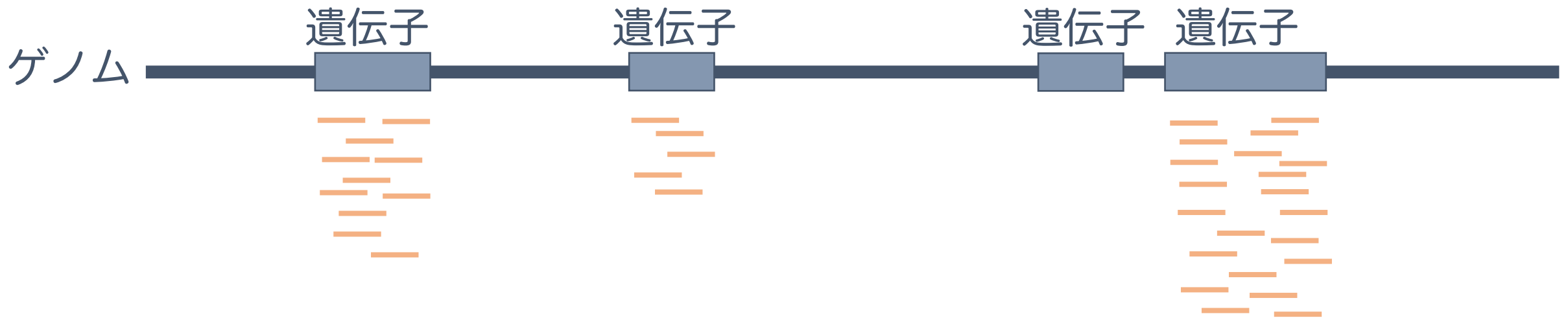
---



**RNAシーケンス** (発現している遺伝子を対象にしたシーケンス)

# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ①

---



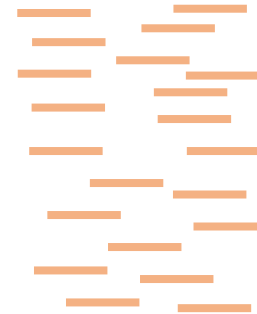
# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ①

---

遺伝子の場所がわからないとすると...

ゲノム

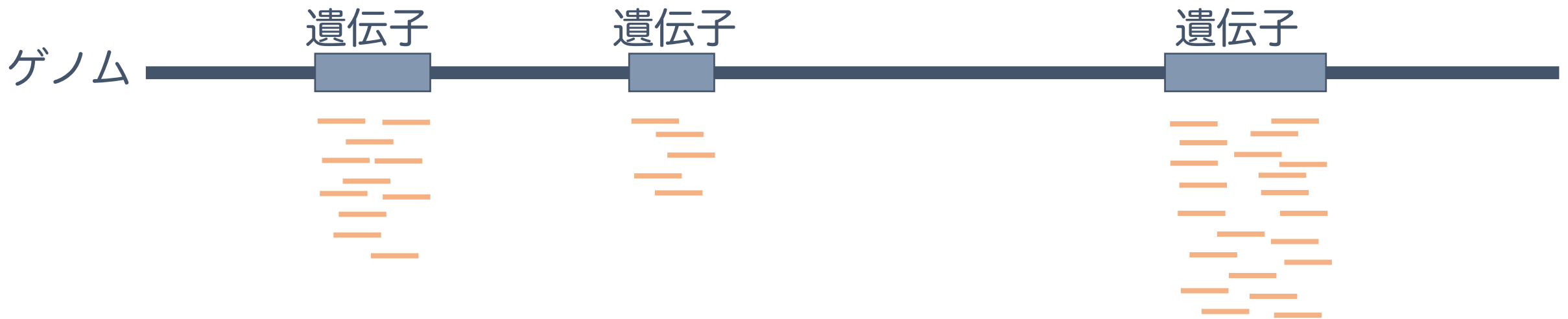
---



# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ①

---

遺伝子の場所がわからないとすると...



ゲノムデータに遺伝子情報を付加できる  
(アノテーション)

# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ②

---

ゲノム情報自体がない場合でも...

ゲノム





# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ②

---

ゲノム情報自体がない場合でも...

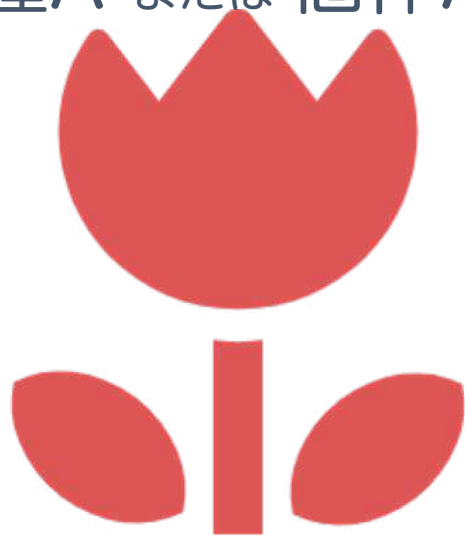


シーケンスデータから  
遺伝子配列を再構築できる

# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ③

---

種A または 個体A



100 遺伝子a 100

0 遺伝子b 100

100 遺伝子c 10

種B または 個体B

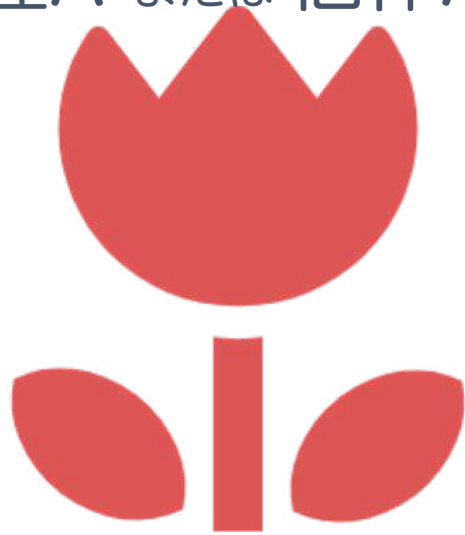


遺伝子発現量の違いを調べることができる

# RNAシーケンス (RNA-seq) で どんなことができるか ③

---

種A または 個体A



花:      100                      10

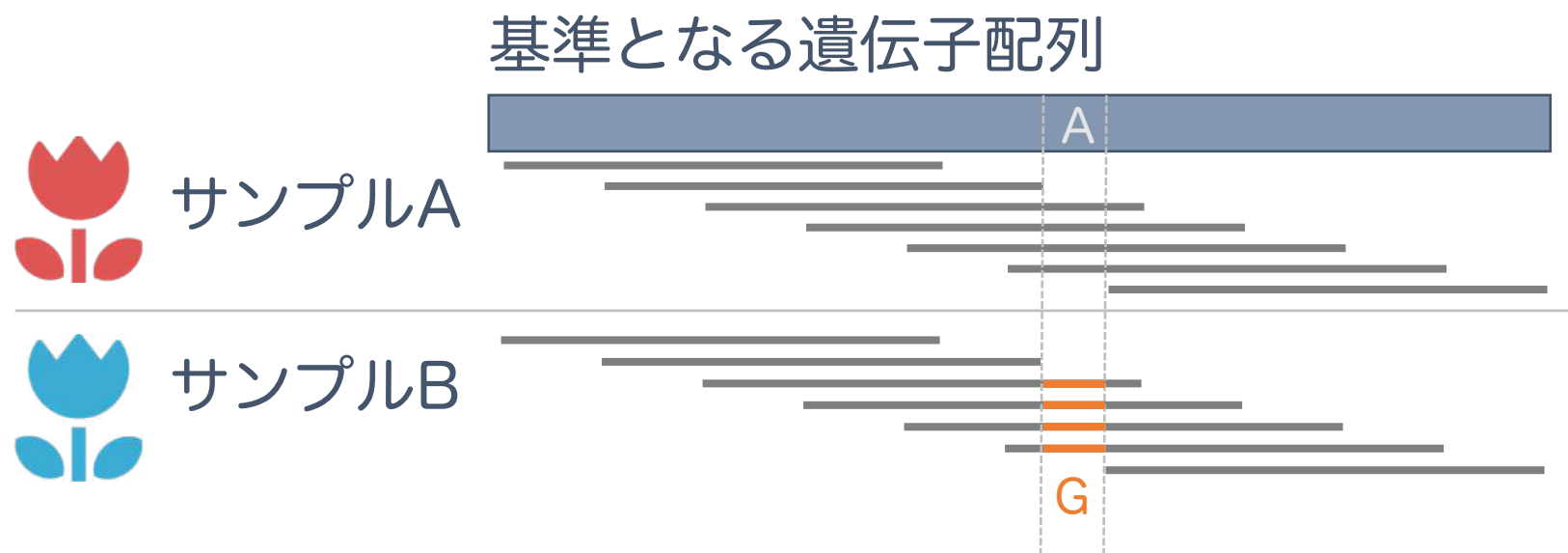
遺伝子a                      遺伝子b

葉:                      0                      100

遺伝子発現量の違いを調べることができる

# RNAシーケンス（RNA-seq）で どんなことができるか ④

---



遺伝情報の違い（変異）を検出できる

※1塩基の違いのことを 一塩基多型（SNP）という

# RNAシーケンス（RNA-seq）で どんなことができるか [まとめ]

---

- ① ゲノムデータに遺伝子情報を付加
- ② 遺伝子配列を再構築
- ③ 遺伝子発現量の違いを調べる
- ④ 遺伝情報の違い（変異）を検出

↳ "生物学的な問い" を明らかにする

# RNAシーケンスのサンプル

---

① コムギの近縁野生植物

② ヤマノイモ属植物

# ゲノム解析は「ビッグデータ解析」

シーケンスデータ

```
read_000000001  ATTGATC...TTC
read_000000002  CCGAGGC...ATG
read_000000002  AGCTTGG...CCG
```

⋮

(数百万～数十億リード)

## ゲノム解析

知識

生物学、情報学、数学

技術

パソコン(スパコン) 操作  
ソフトウェア操作  
プログラミング

ILASセミナーで  
おこなう