

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



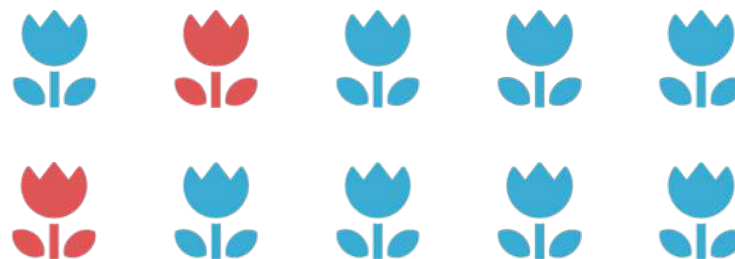
比較

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

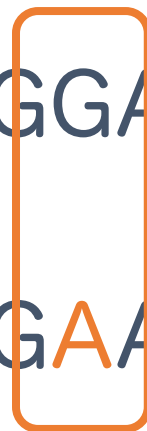


比較

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

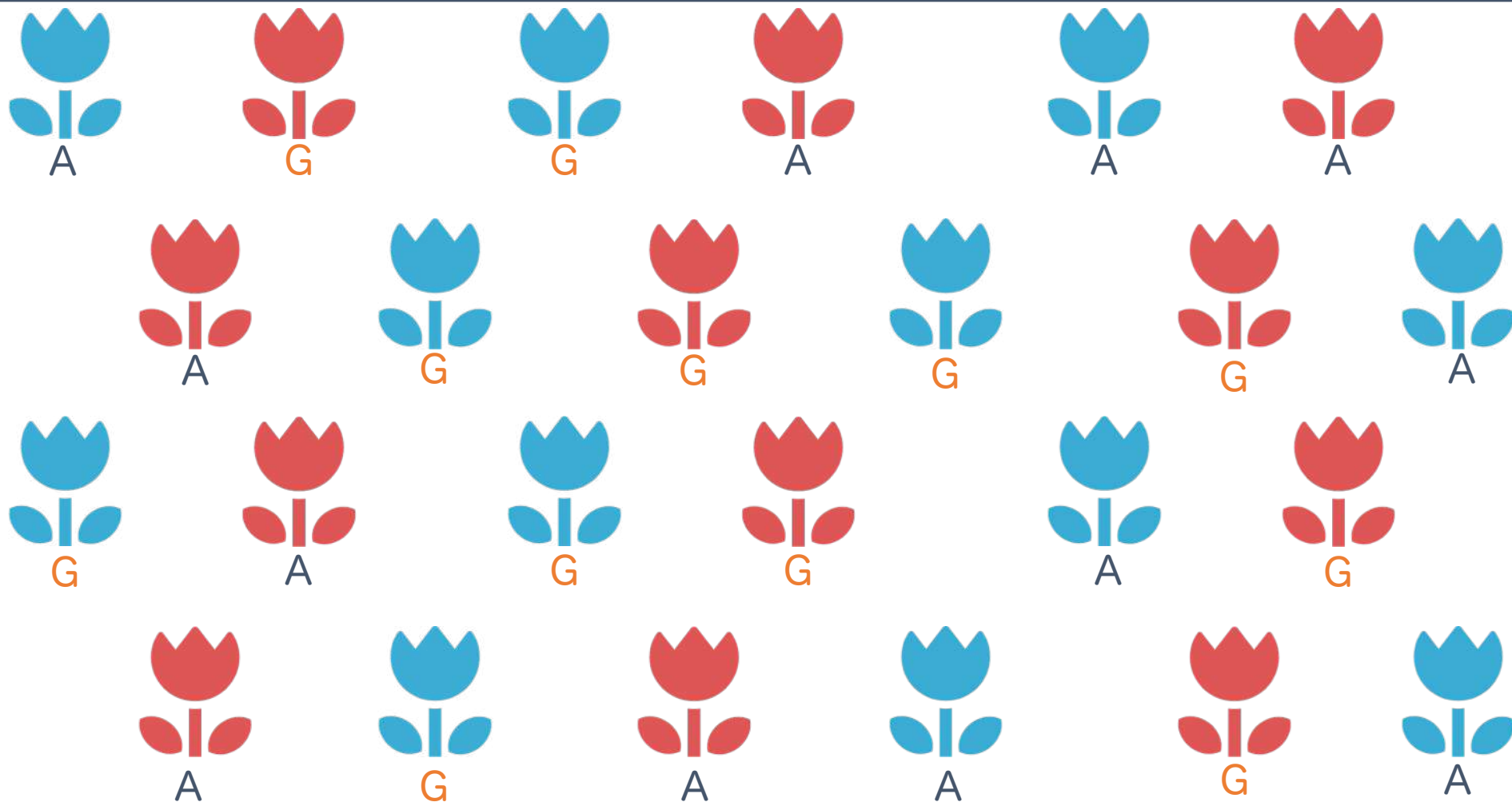
遺伝子座 (locus)

ACAAATTACAGGAATGTGAATCGTC

ACAA^GTTACAG^AAATG^CGA^CCGTC

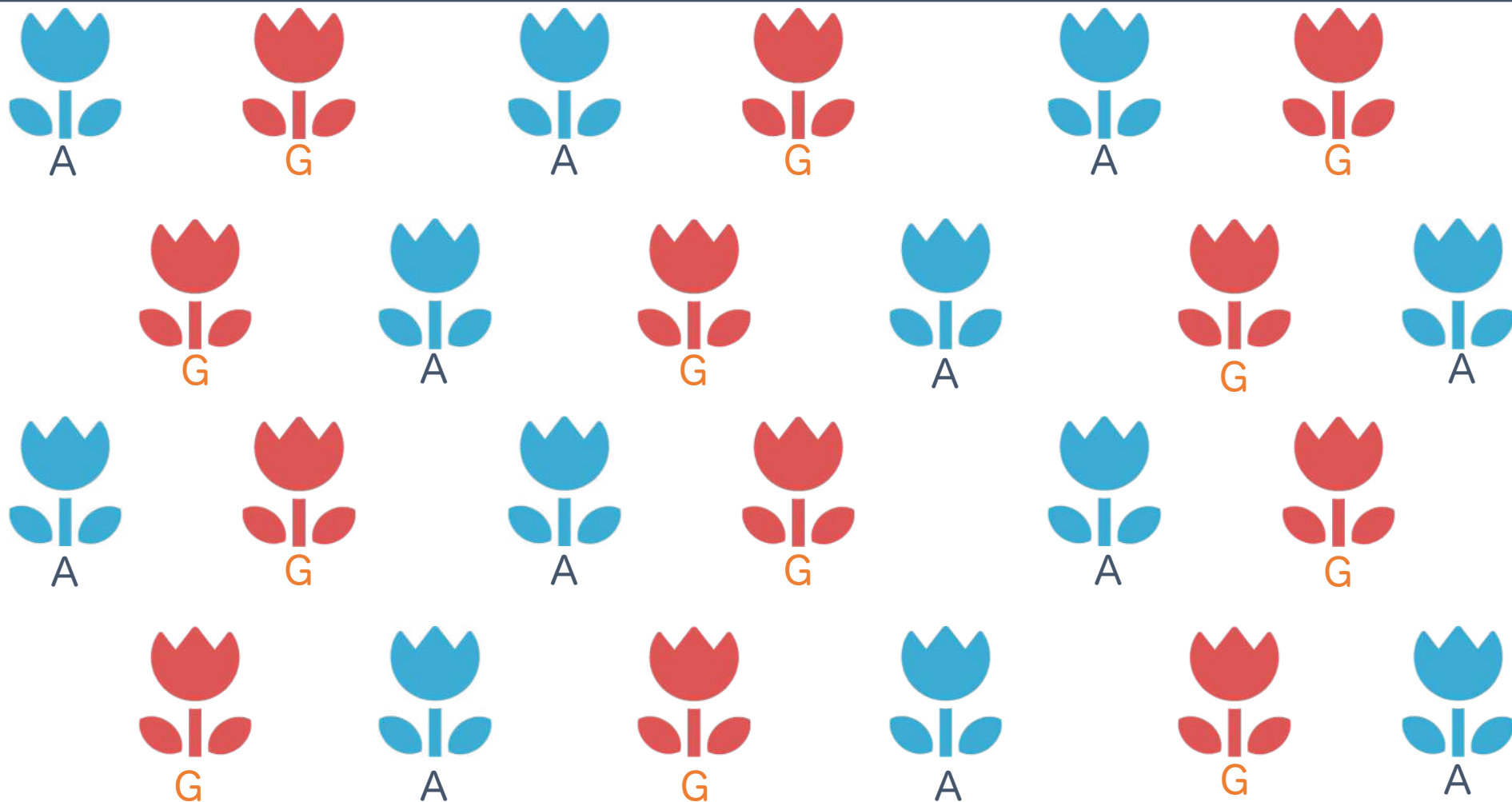
色の違いを決めているのはどの遺伝子座か？

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

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^{1,2,7}, Shunichi Kosugi^{3,7}, Kentaro Yoshida³, Satoshi Natsume³, Hiroki Takagi^{2,3}, Hiroyuki Kanzaki³, Hideo Matsumura^{3,4}, Kakoto Yoshida³, Chikako Mitsuoka³, Muluneh Tamiru³, Hideki Innan⁵, Liliana Cano⁶, Sophien Kamoun⁶ & Ryohei Terauchi³

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 ...

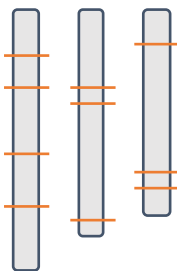
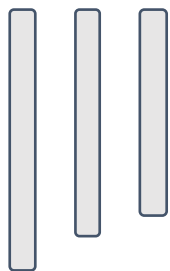
☆ 77 引用元 634 関連記事 全 17 バージョン

ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)

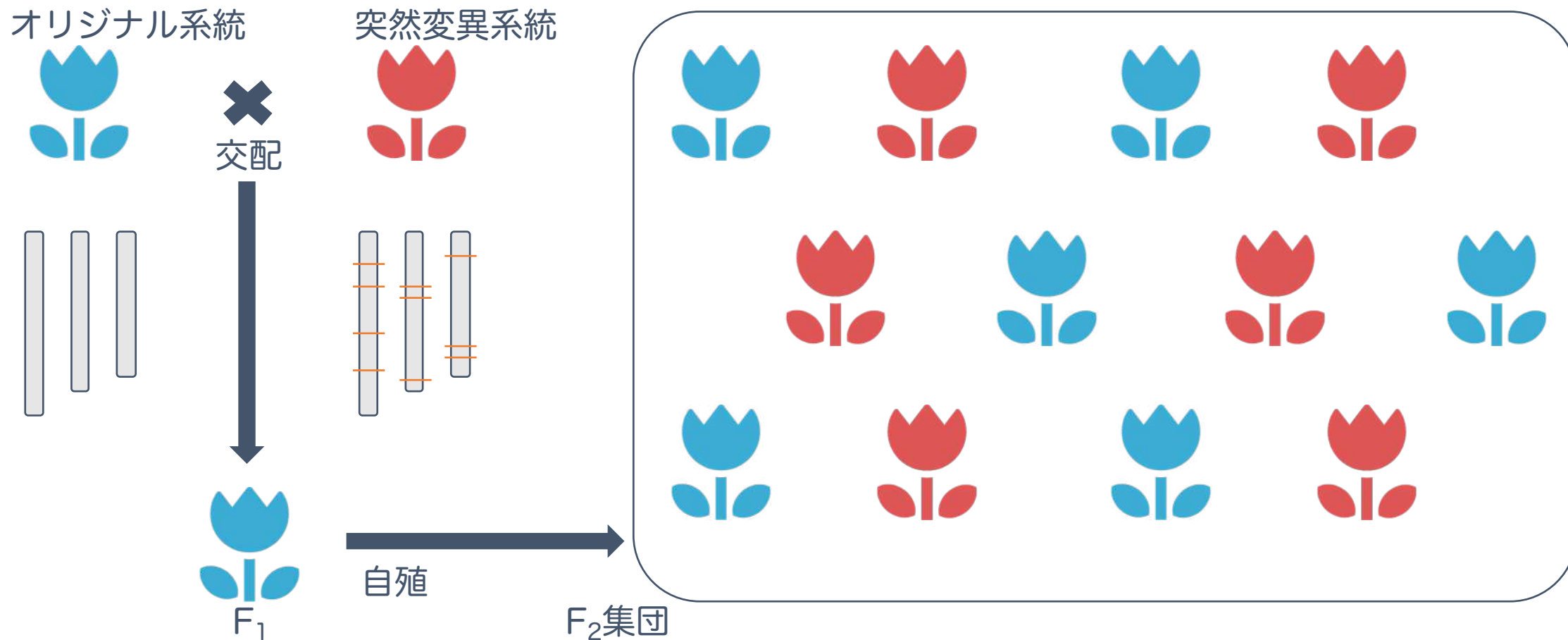
オリジナル系統 突然変異系統



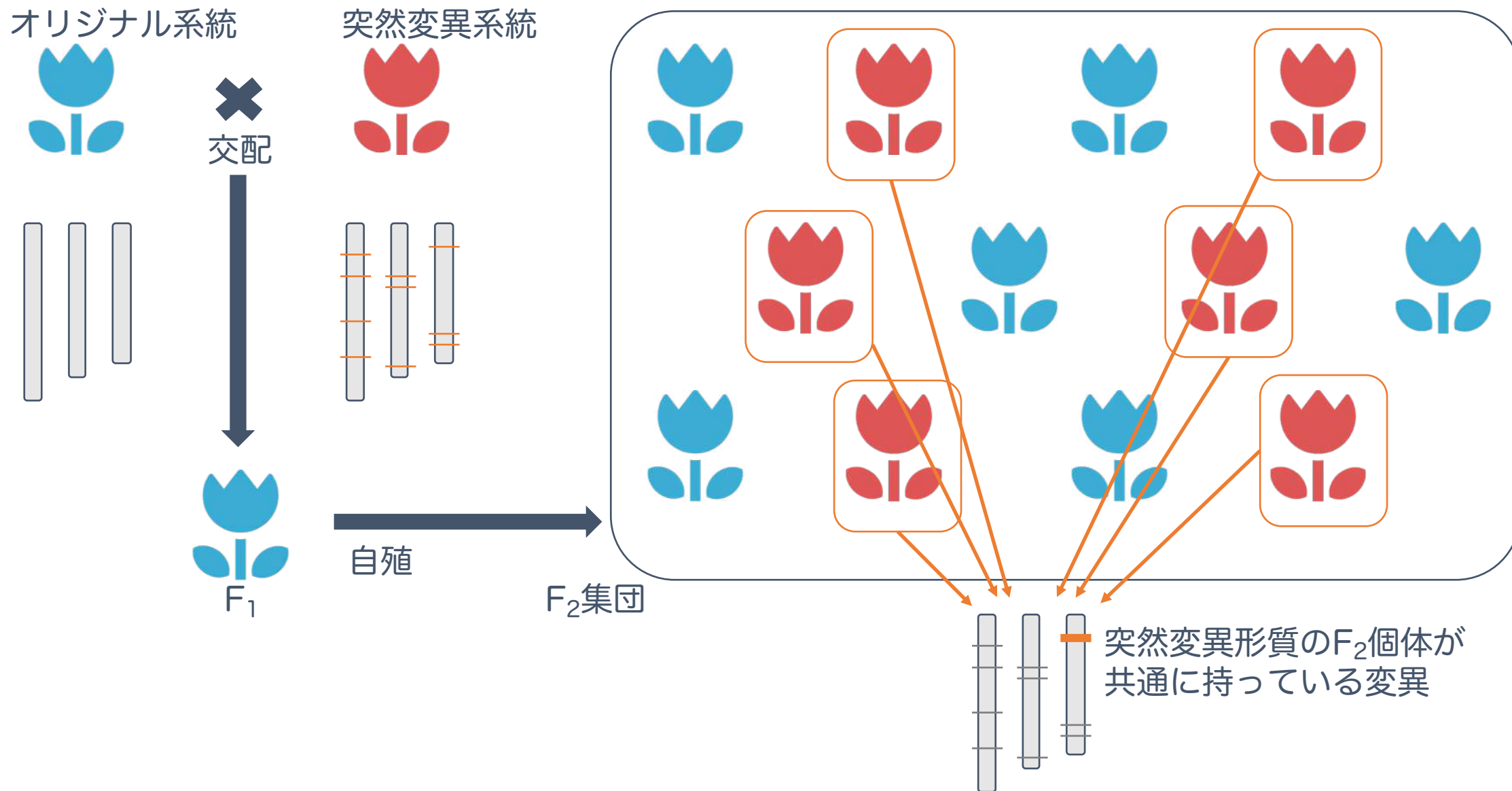
人為的に
突然変異を誘発



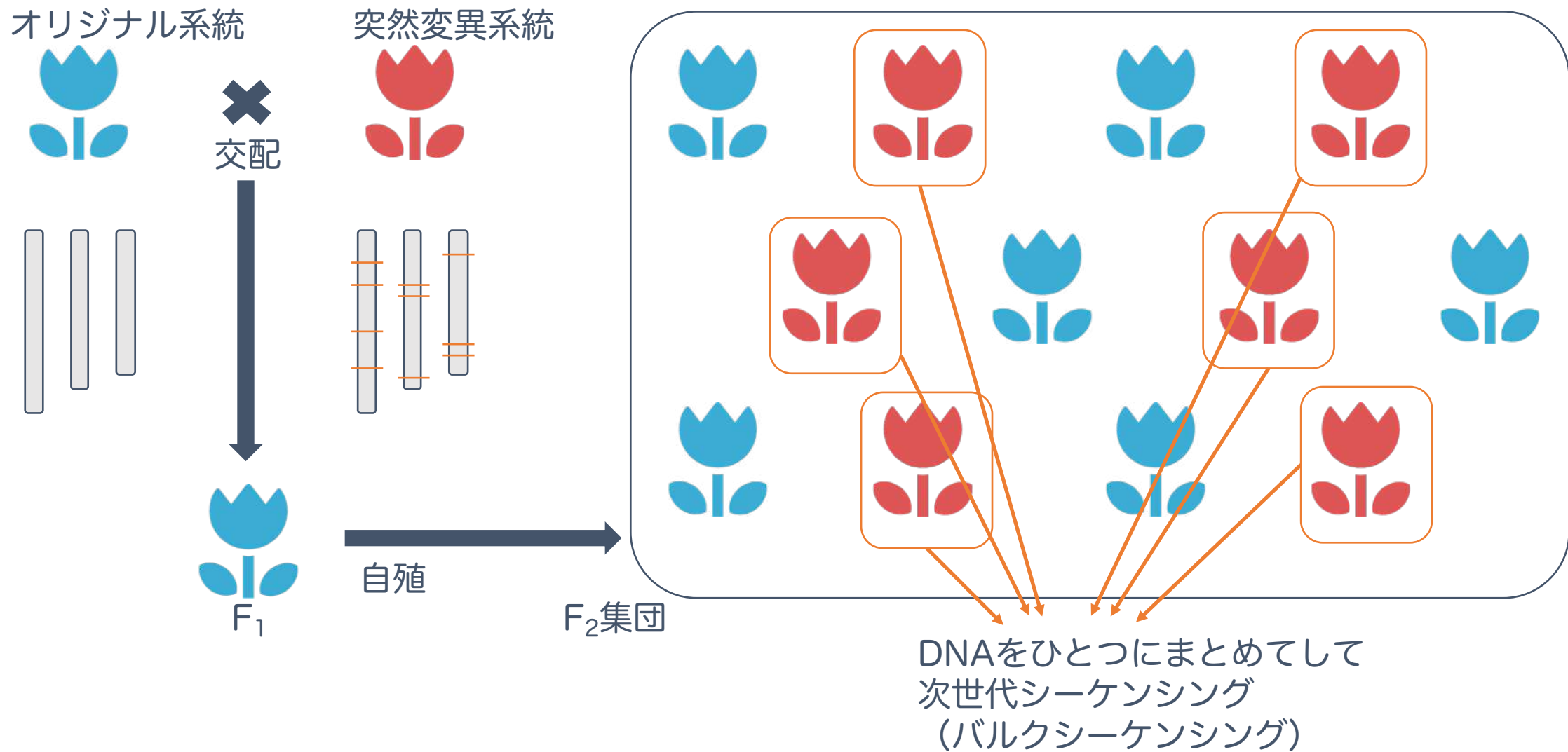
ゲノム解析 – MutMap (Abe et al., 2012)



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)

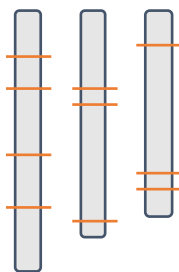
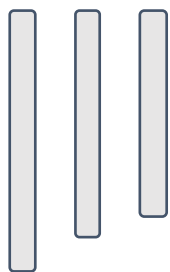
オリジナル系統



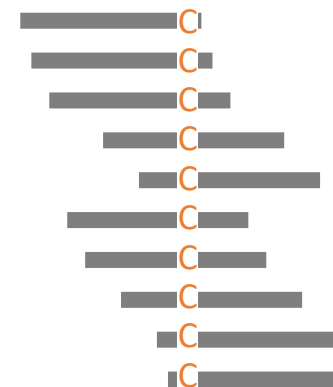
突然変異系統



F₂集団
突然変異個体



バルクシーケンス



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)

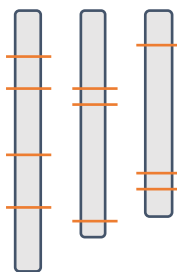
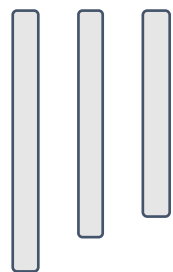
オリジナル系統



突然変異系統



F₂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

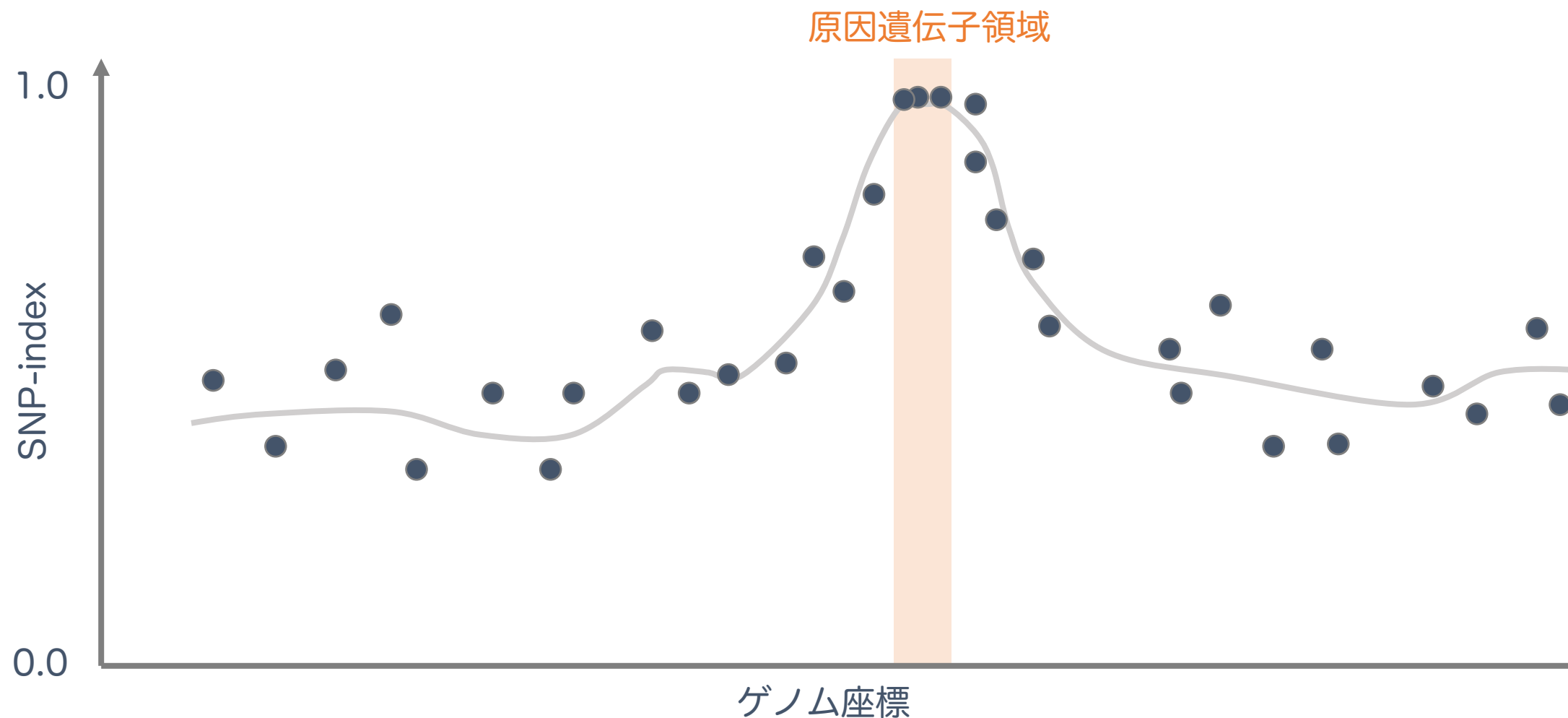
SNP-index
= 10/10
= 1.0

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)