

ILASセミナー2020「ゲノム博物学入門」

ゲノム解析 イントロダクション

事前準備

事前準備

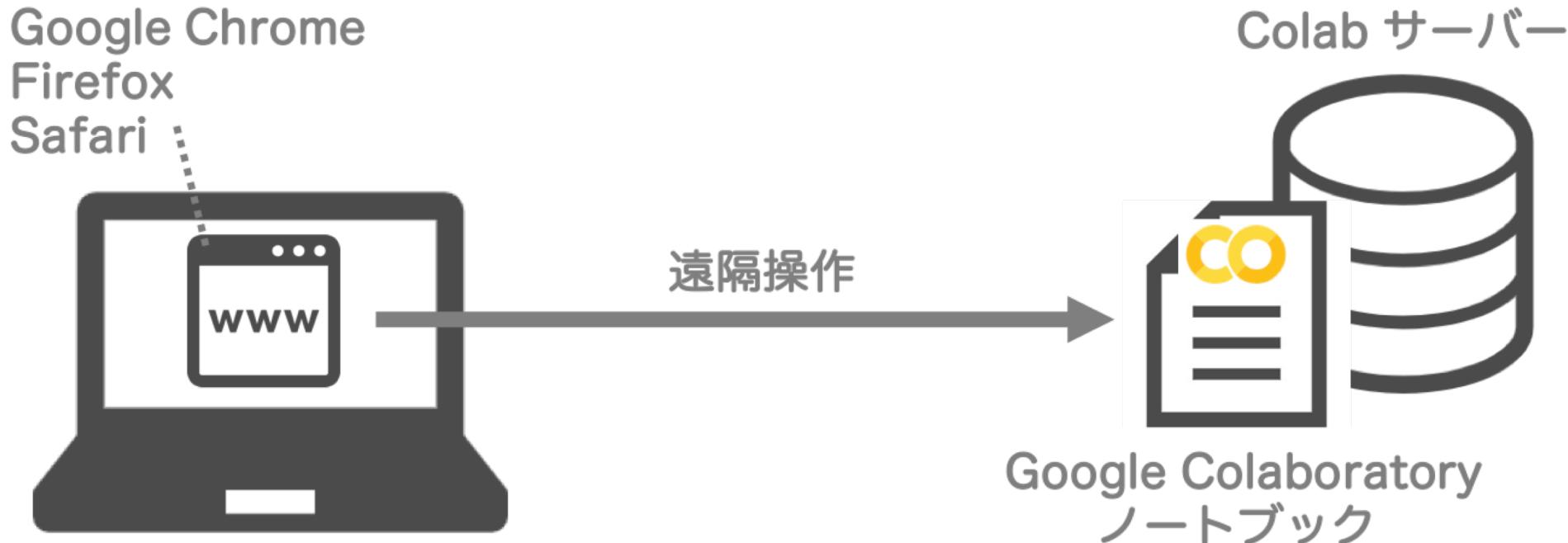
- インターネットに接続されている
- ブラウザがインストールされている

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



②

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

... 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.

お知らせ一覧

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

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 ...

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 ...

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 ...

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

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

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!**

研究室案内

京都大学大学院 農学研究科
応用生物科学専攻
研究生・研究員
募集中

栽培植物起源学分野
CROP EVOLUTION LAB.

» Read More

講義テキスト

ILASセミナー
ゲノム博物学入門
Use of Genomics to Study Natural History

④

ゲノム博物学入門 [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](#)

- Googleアカウントにログインする
- 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

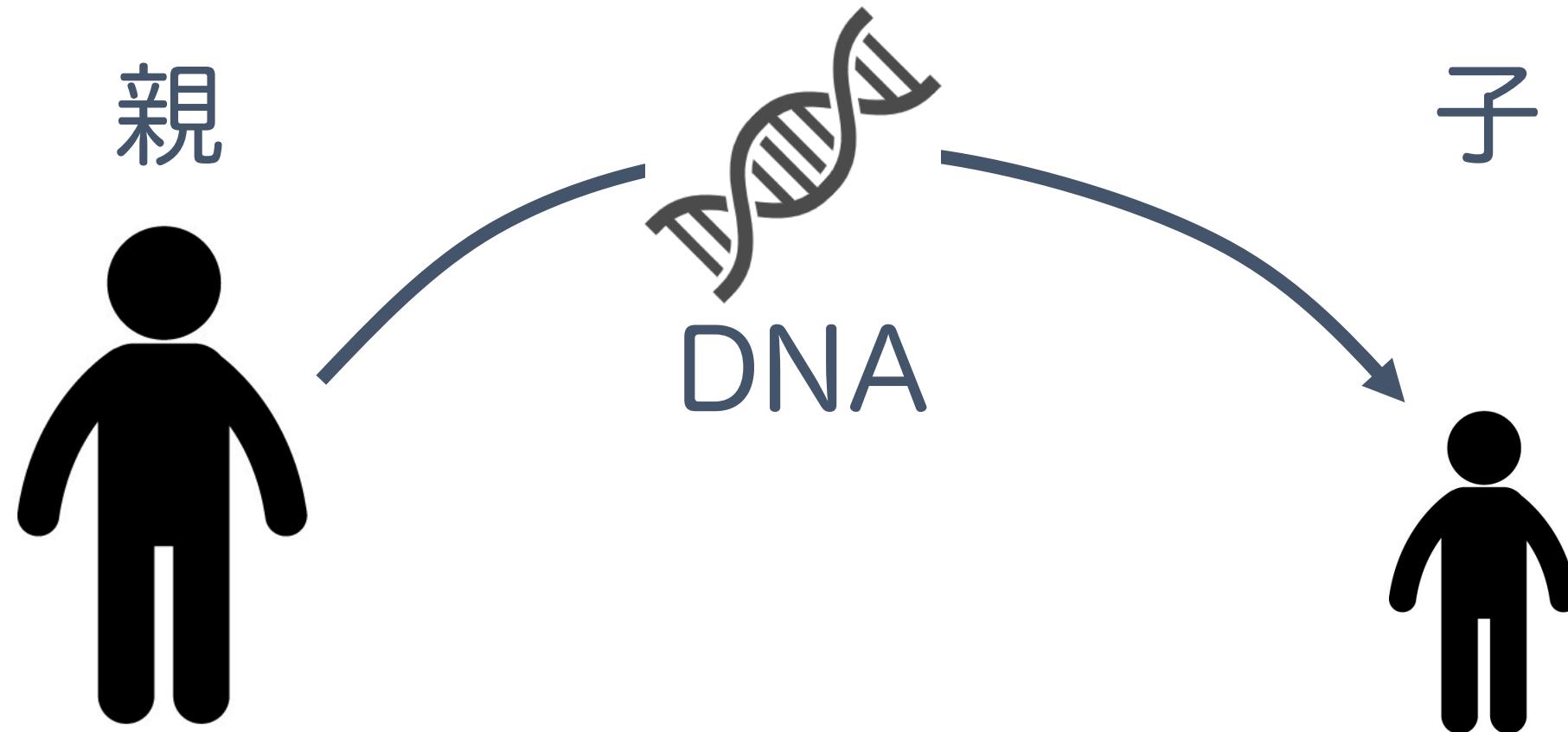
データ解析実習

| No. | 日付 | テキスト |
|-----|----------|-------------------------------|
| 01 | 5月18日（月） | 事前準備 イントロダクション 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



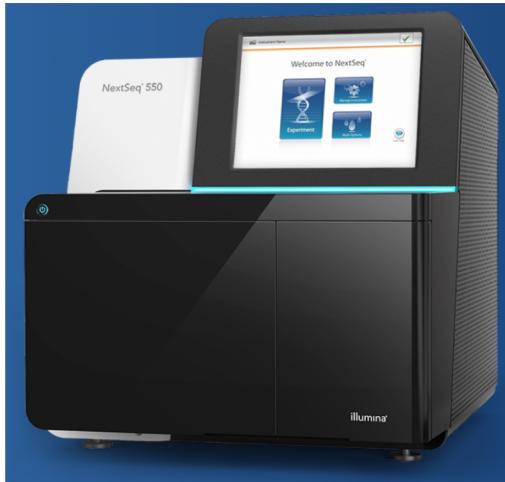
ゲノム情報はDNAに書かれている

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)

シーケンステータ (リードデータ)

read_00000001 ATTGATC…TTC (50~300塩基)

read_00000002 CCGAGGC…ATG

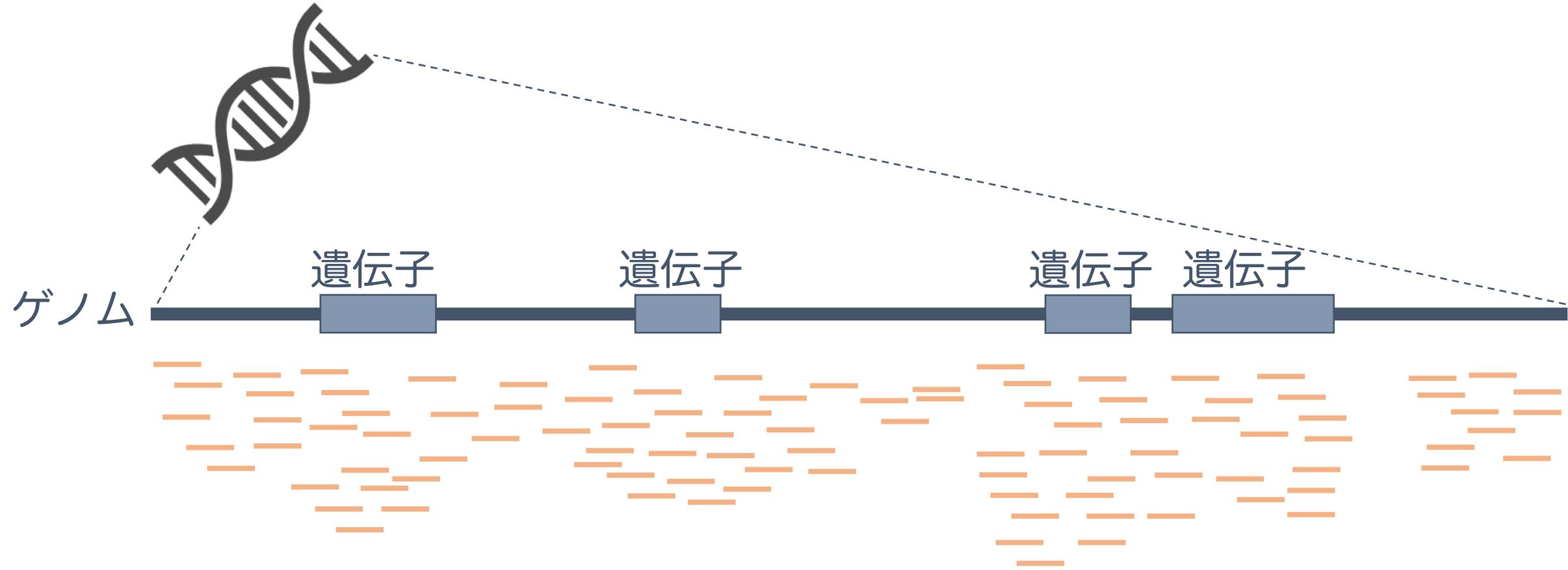
read_00000002 AGCTTGG…CCG

:

:

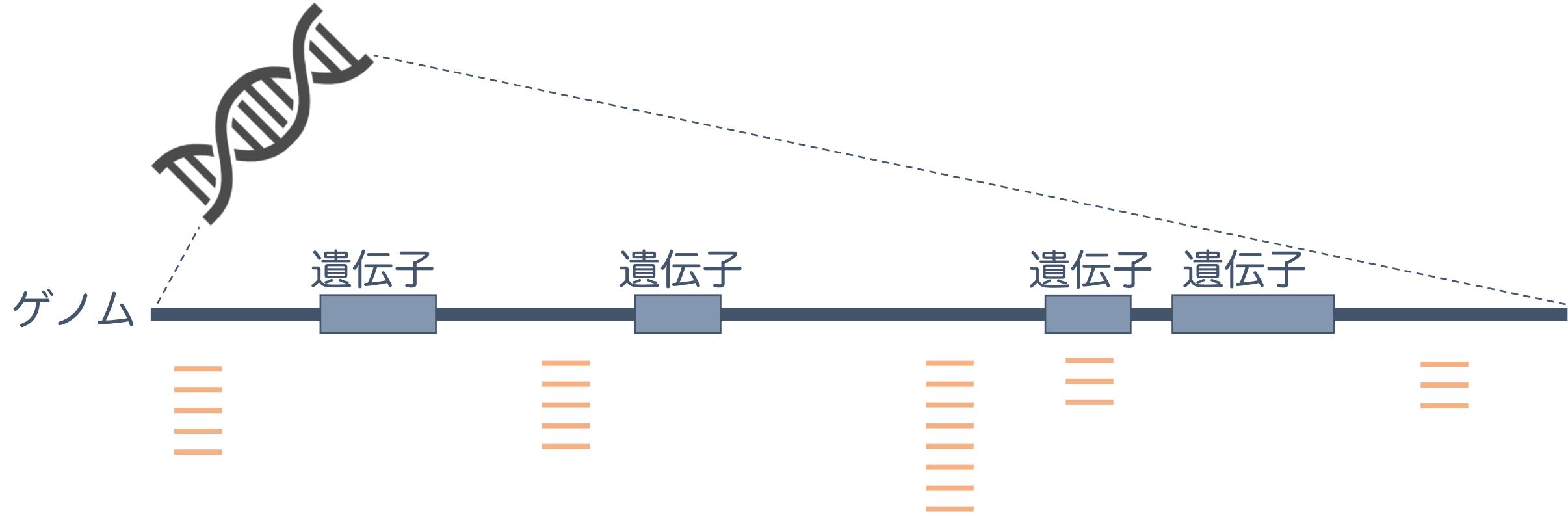
(数百万～数十億リード)

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)

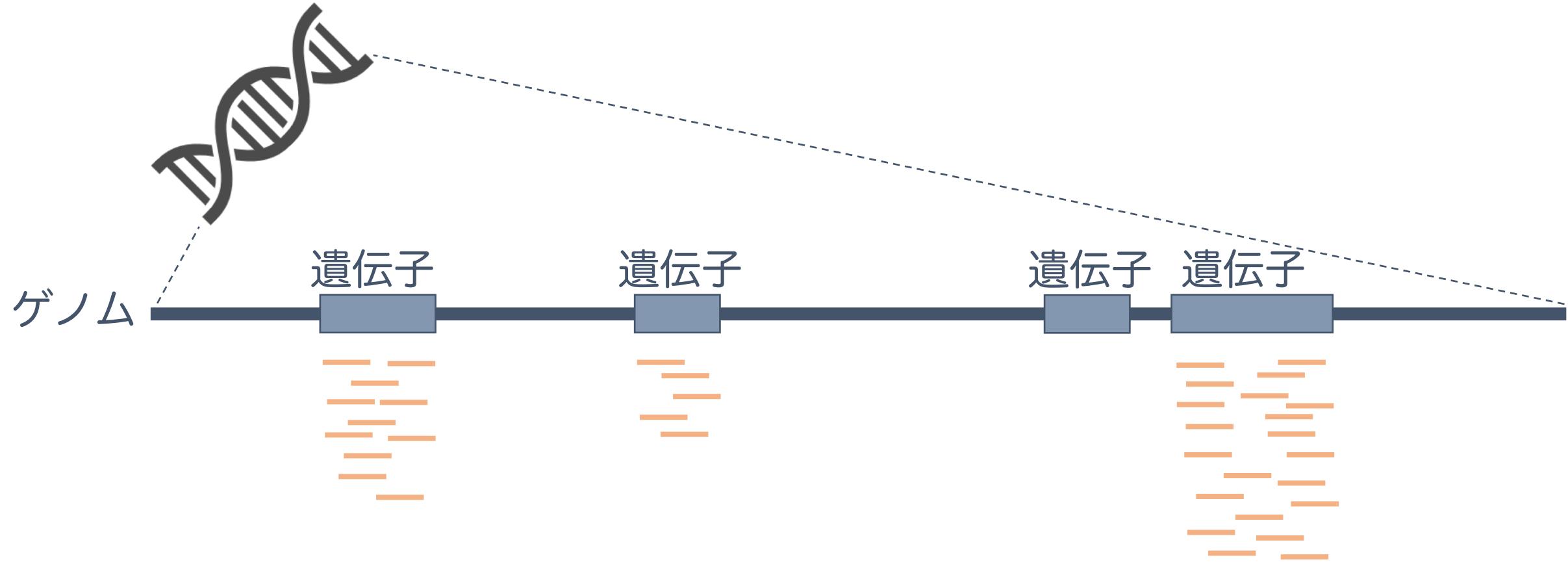
次世代シーケンスの種類



RAD-seq, GBS, GRAS-Diなど

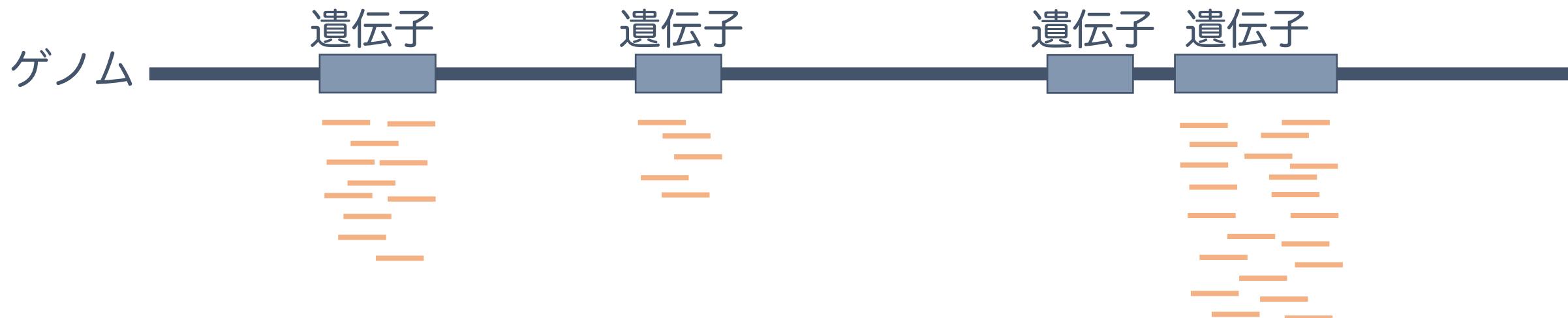
(ゲノムの特定領域のみを対象にしたシーケンス)

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シークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ①



RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ①

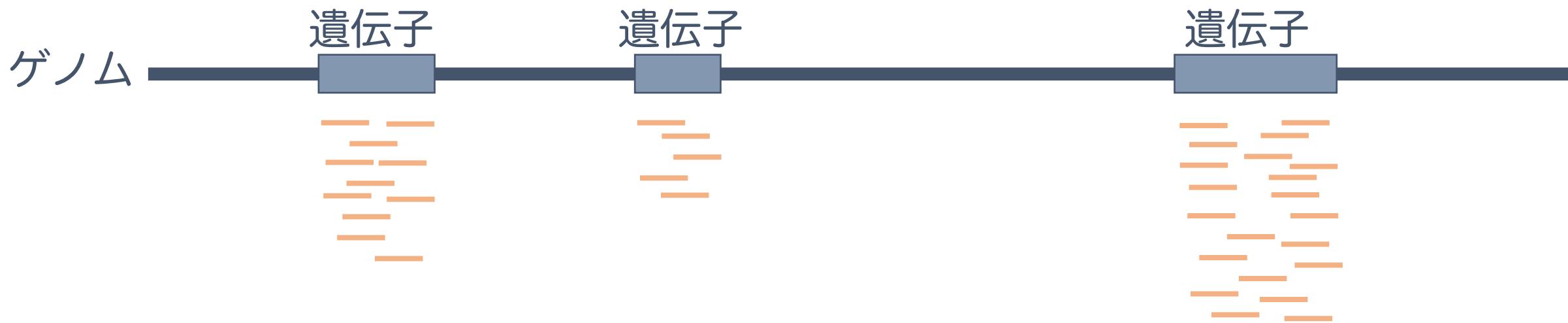
遺伝子の場所がわからないとすると...

ゲノム



RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ①

遺伝子の場所がわからないとすると...

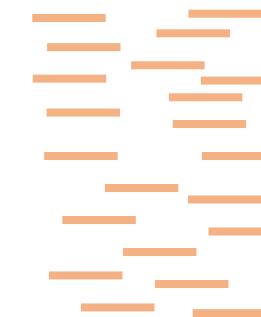


ゲノムデータに遺伝子情報を付加できる
(アノテーション)

RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ②

ゲノム情報自体がない場合でも...

ゲノム



RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ②

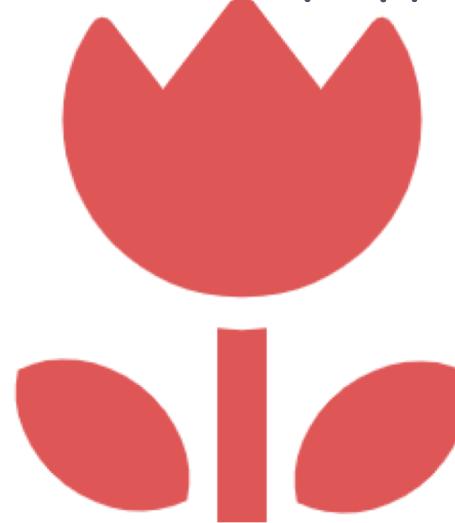
ゲノム情報自体がない場合でも...



シークエンステータから
遺伝子配列を再構築できる

RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか 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 |

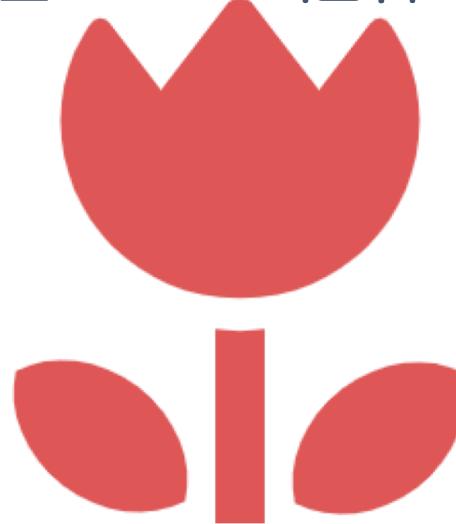
種B または 個体B



遺伝子発現量の違いを調べることができます

RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ③

種A または 個体A



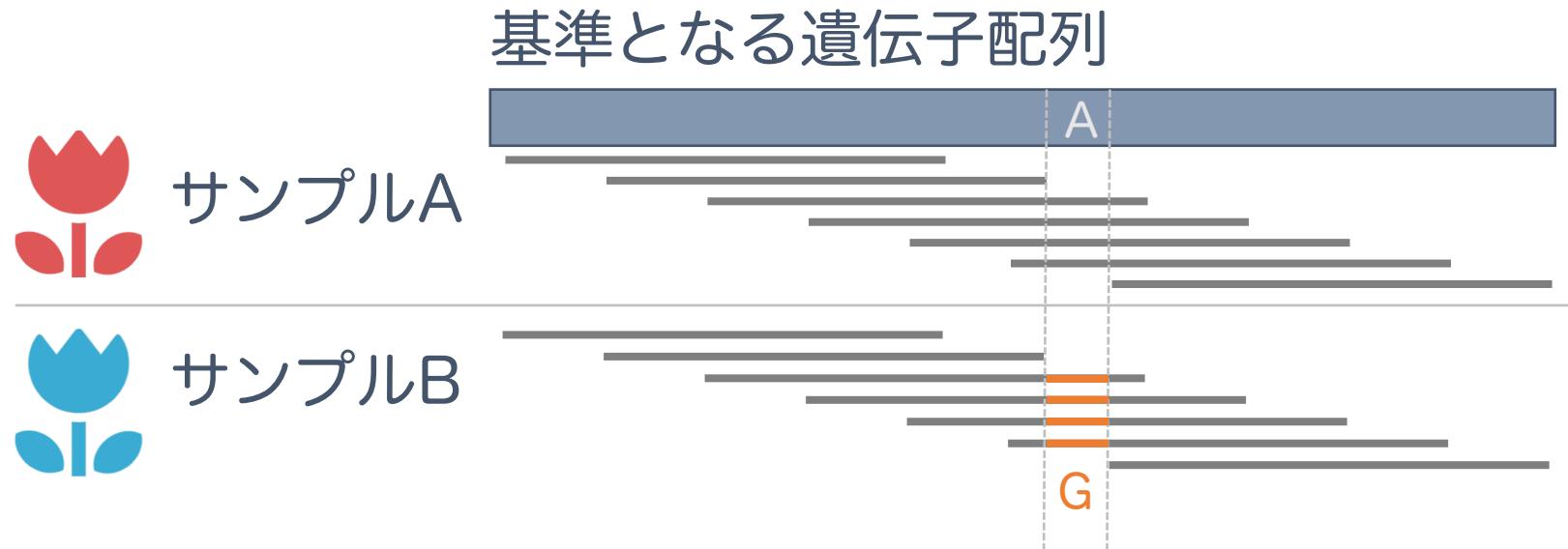
花: 100 10

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ます

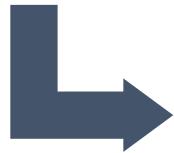
RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか ④



遺伝情報の違い（変異）を検出できる

RNAシークエンス (RNA-seq) で どんなことをできるか [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



生物学的現象のメカニズムを解明する

RNAシークエンスのサンプル

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_00000001 | ATTGATC…TTC |
| read_00000002 | CCGAGGC…ATG |
| read_00000002 | 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(スペコン)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