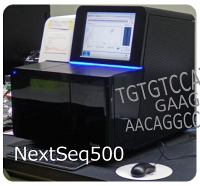
岩手生物工学研究センター　研究トピック　　2016年5月

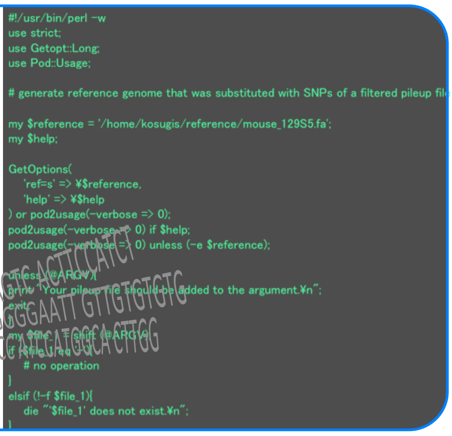
バイオインフォマティクスでビッグデータを解析
遺伝子同定解析プログラムの開発

成果のポイント

バイオインフォマティクス (bioinformatics) とは、生物学 (biology) と情報科学 (informatics) が融合した研究領域です。次世代シーケンサーで得られる大量のDNA配列データから、迅速に有用な遺伝子を見つける解析手法を開発しました。

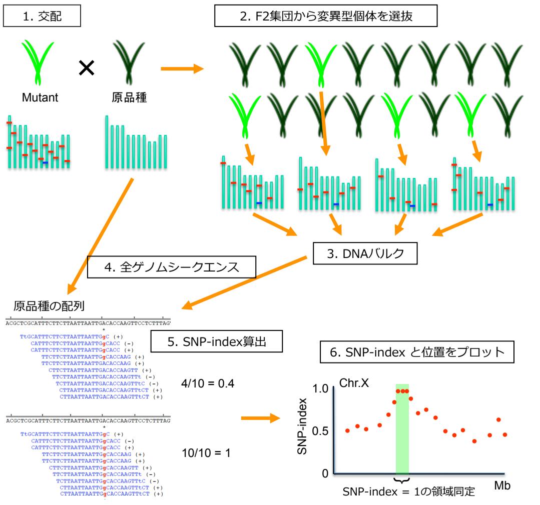
開発したMutMap法やQTL–seq法は、従来の解析技術に置き換わる画期的な技術として研究者に広く活用されています。


NextSeq500
TGTGTCCATT CTCGCCAGTC ACTTCCATCT
GAAGGAATTT GTGGGGAATT GTTGTGTGTG
AACAGGCCCT GCTCCTATCC ATCCATGGCA CTTGG


```
#!/usr/bin/perl -w
use strict;
use Getopt::Long;
use Pod::Usage;

# generate reference genome that was substituted with SNPs of a filtered pileup fil

my $reference = '/home/kosugis/reference/mouse_129S5.fa';
my $help;

GetOptions(
    'ref=s' => ¥$reference,
    'help' => ¥$help
) or pod2usage(-verbose => 0);
pod2usage(-verbose => 0) if $help;
pod2usage(-verbose => 0) unless (-e $reference);

unless (@ARGV){
print "Your pileup file should be added to the argument.¥n";
exit;
}
my $file_1 = shift (@ARGV);
if ($file_1 eq '-'){
    # no operation
}
elsif (!-f $file_1){
    die "'$file_1' does not exist.¥n";
}
```

MutMap

突然変異体から突然変異形質の原因遺伝子を迅速に特定できる技術です。


1. 交配
2. F2集団から変異型個体を選抜
Mutant
×
原品種
3. DNAバルク
4. 全ゲノムシークエンス
原品種の配列
ACGCTCGCATTTCTTCTTAATTAATTGACACCAAGTTCCTCTTTAG
5. SNP-index算出
4/10 = 0.4
10/10 = 1
6. SNP-index と位置をプロット
Chr.X
1.0
0.5
0
SNP-index
Mb
SNP-index ＝ 1の領域同定

A. Abe, S. Kosugi *et al*. (2012) Nature Biotechnol. 30: 174-178

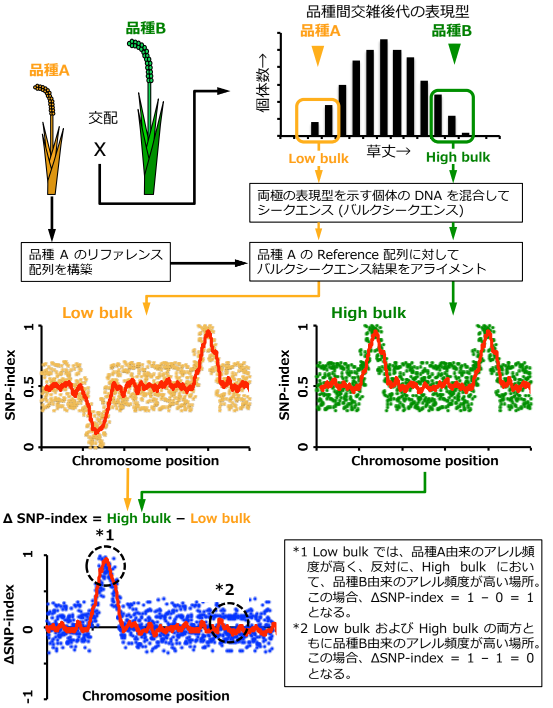
・派生技術も開発し、適用範囲や精度が向上しました

MutMap＋
Fekih *et al*. (2013)
PLoS One. 8:e68529

MutMap-Gap
Takagi *et al*. (2013)
New Phytol. 200:276–83

QTL–seq

品種の特性を決めている遺伝子領域を迅速に特定できる技術です。


品種A
品種B
交配
X
品種間交雑後代の表現型
品種A
品種B
個体数→
草丈→
Low bulk
High bulk
両極の表現型を示す個体の DNA を混合してシークエンス (バルクシークエンス)
品種 A のリファレンス配列を構築
品種 A の Reference 配列に対してバルクシークエンス結果をアライメント
Low bulk
High bulk
SNP-index
0
0.5
1
Chromosome position
Δ SNP-index = High bulk − Low bulk
*1
*2
ΔSNP-index
-1
0
1
Chromosome position

*1 Low bulk では、品種A由来のアレル頻度が高く、反対に、High bulk において、品種B由来のアレル頻度が高い場所。この場合、ΔSNP-index ＝ 1 − 0 ＝ 1 となる。

*2 Low bulk および High bulk の両方ともに品種B由来のアレル頻度が高い場所。この場合、ΔSNP-index ＝ 1 − 1 ＝ 0 となる。

H. Takagi *et al*. (2013) Plant Journal 74: 174–183

成果の活用

- 農業上有用な特性をもつ突然変異系統や品種を解析することで、特性を決定している遺伝子が特定できます。
- 遺伝子が特定できると、効率的な育種が可能になります。

公益財団法人 岩手生物工学研究センター・ゲノム育種研究部
Iwate Biotechnology Research Center
TEL: 0197-68-2911　FAX: 0197-68-3881
Web: http://www.ibrc.or.jp　Facebook: https://www.facebook.com/iwate.ibrc

生工研ホームページ