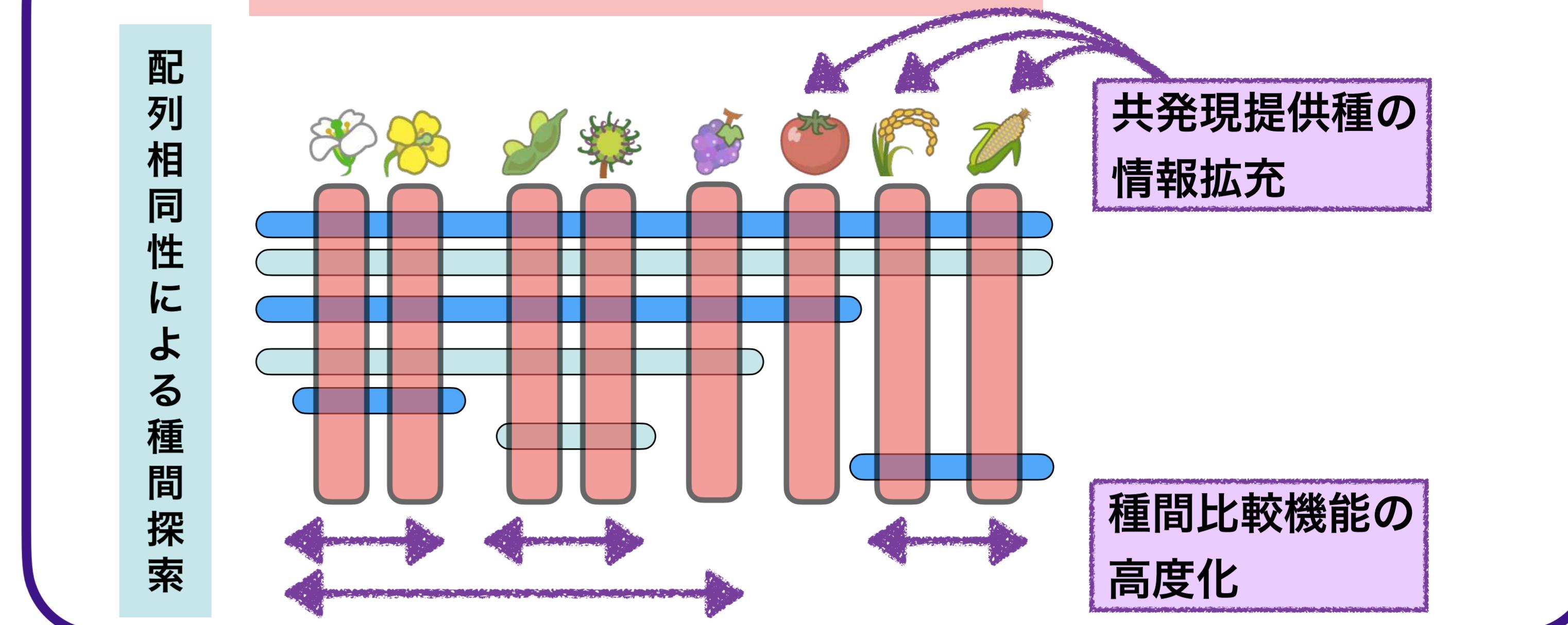


要旨

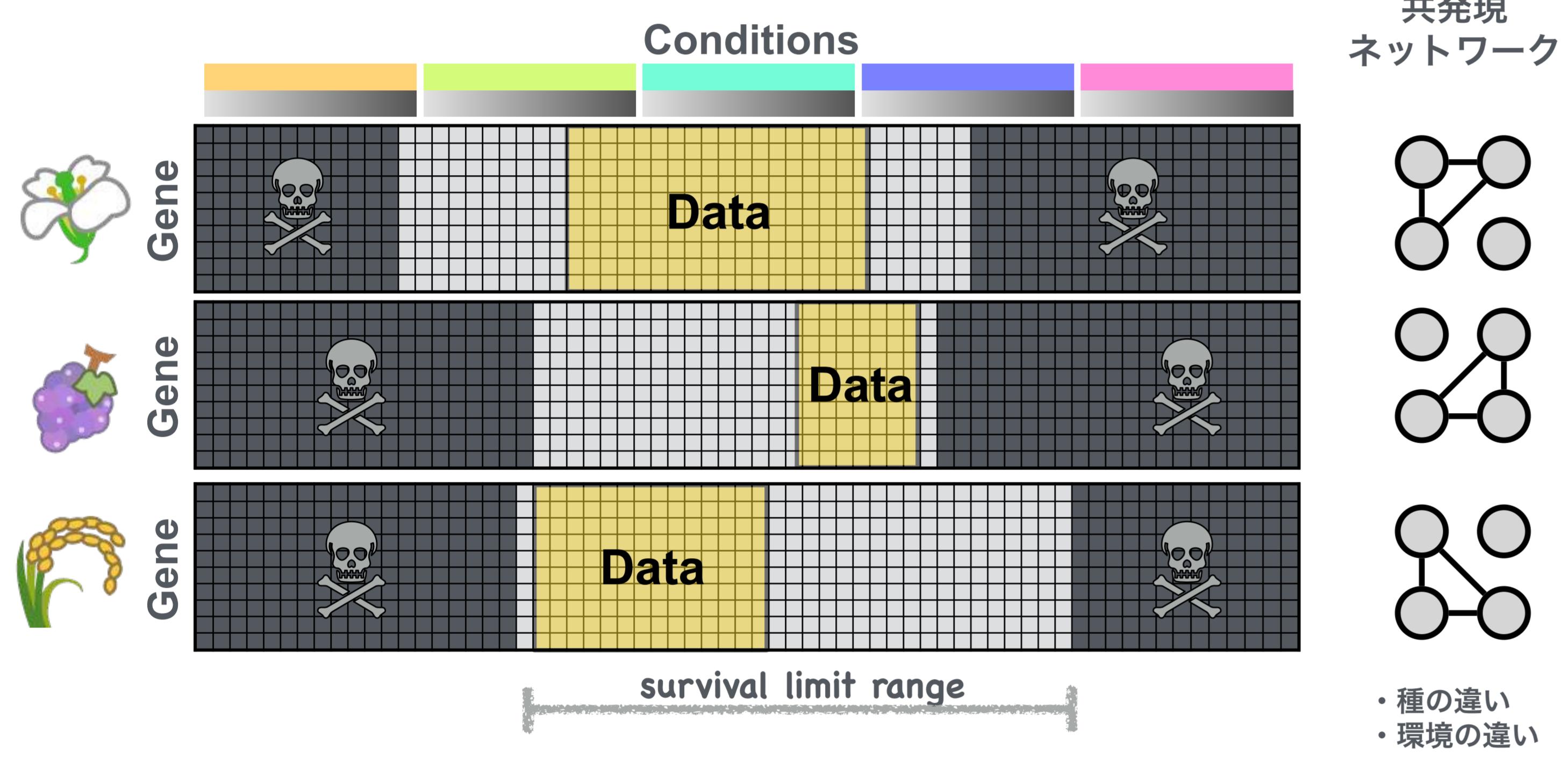
遺伝子共発現データベースATTED-II (<https://atted.jp>) は、公共リポジトリのトランスクリプトームデータを再解析し、植物の遺伝子共発現情報を提供する。version 11.1までに提供してきたシロイヌナズナをはじめとする9種の植物は、モデル植物として非常に有用であるが、非モデル植物の共発現情報をどのように整備していくかは依然として大きな課題である。これに対し、我々は「対象生物種の増加」と「種間比較機能の強化」を軸に、非モデル植物研究のための共発現情報の基盤整備を進めている。共発現情報の種間比較においては、共発現強度の違いが対象生物種の特性だけでなく、サンプリングバイアスによっても生じる可能性があることに注意が必要である。これらの背景を踏まえ、ATTED-II version 12.0では、対象生物種としてコムギおよびオオムギを追加するとともに、着目する遺伝子共発現ペアが機能する条件を簡便に探索するツールを導入し、近縁種間の共発現比較の実効性を向上させた。

コンセプト：縦横無尽の遺伝子探索

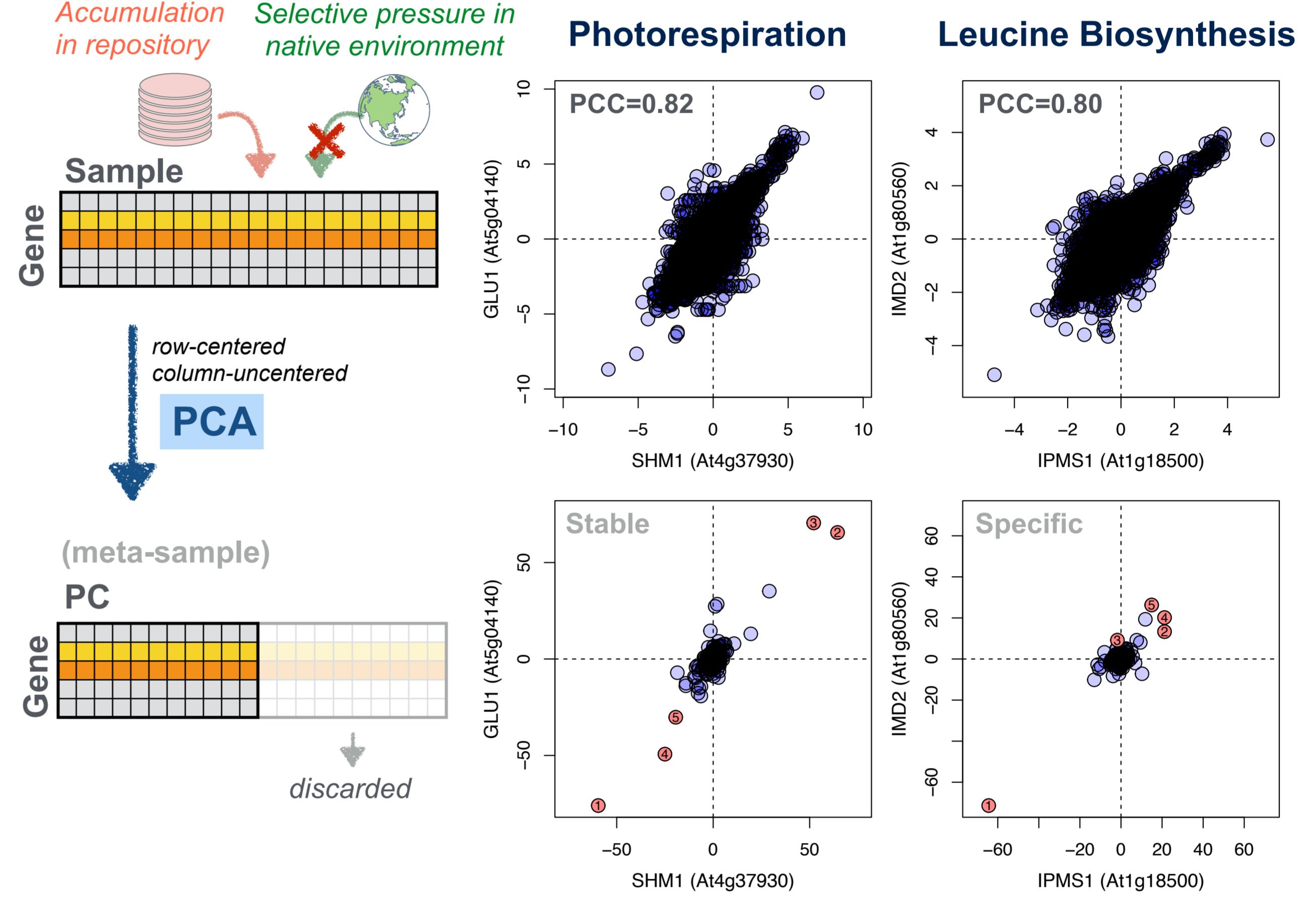


課題：遺伝子共発現の種間比較

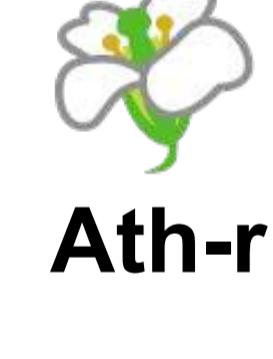
遺伝子共発現は、個々のサンプルの詳細を省いているため、簡便に遺伝子モジュールを検討できる。しかし、遺伝子発現データは常に偏っているので、種間比較を行う場合には、サンプルの概要を理解する必要がある。



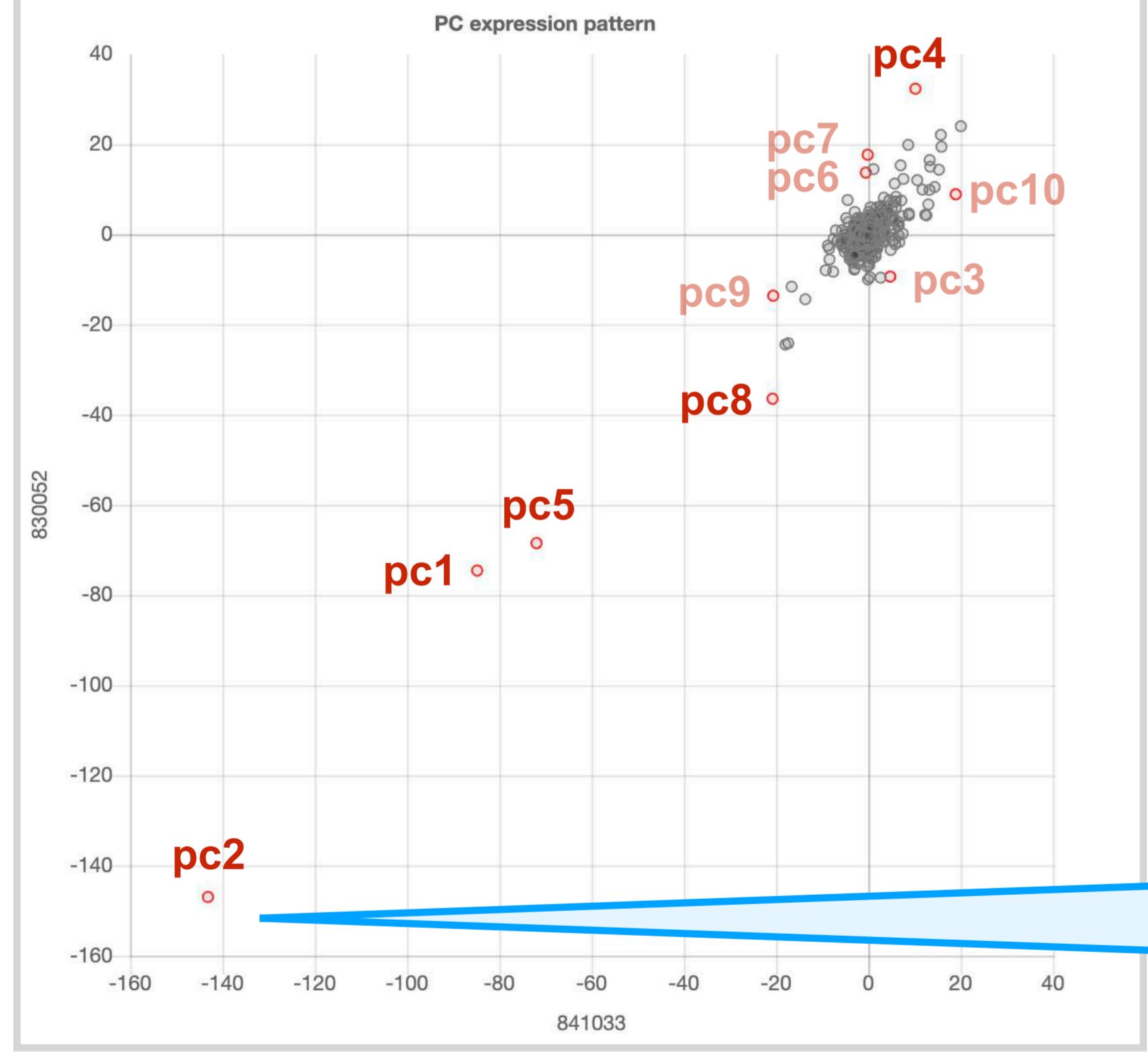
PCAによるサンプルの再構成



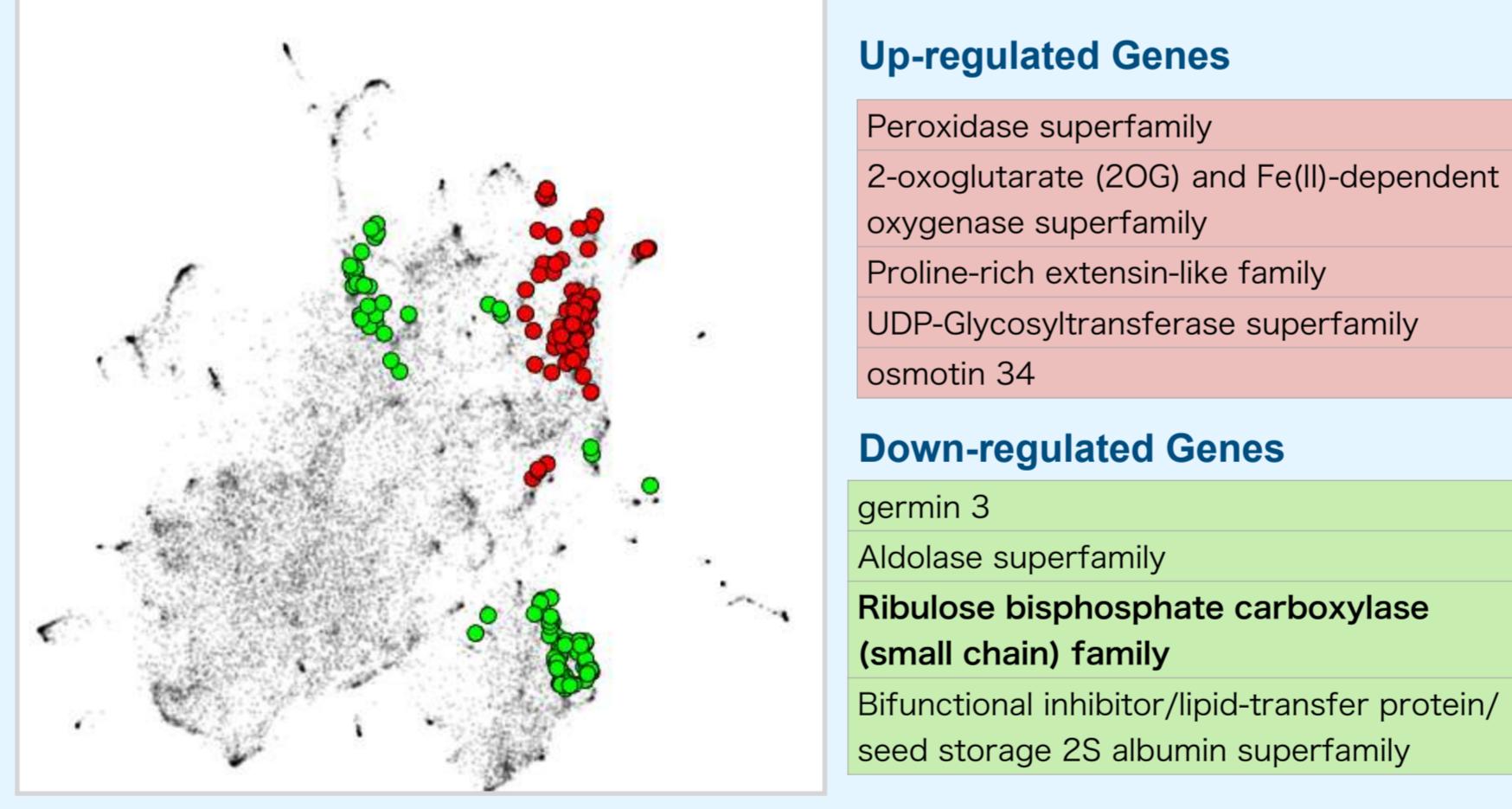
再構成サンプルによる遺伝子発現プロファイルの解釈



Ath-r



メタサンプル (PC2) で変動する遺伝子



メタサンプル (PC2) のサンプル構成

SRP281951: SLIM1 and EIL1 function at low S

- 0.76 SRR12620981: Root, eil3, +S
- 0.74 SRR12620983: Root, eil3, -S
- 0.74 SRR12620984: Root, eil3, -S
- 0.78 SRR12620956: Shoot, eil3, +S
- 0.79 SRR12620981: Shoot, eil3, +S
- 0.82 SRR12620961: Shoot, eil3 eil1, +S

SRP026541: A thaliana Col-0 Transcriptome

- 0.74 SRR926202: root, wild-type, 10uM MeJA
- 0.72 SRR926201: root, wild-type, 10uM MeJA
- 0.72 SRR926204: root, wild-type, 10uM MeJA
- 0.71 SRR925868: shoot, wild-type, 10uM MeJA
- 0.74 SRR925871: shoot, jazz2-1, 0uM MeJA
- 0.80 SRR925865: shoot, wild-type, 0uM MeJA

Sulfur応答ではなく
Root / Shoot の違い

MeJA応答ではなく
Root / Shoot の違い

