



TOHOKU
UNIVERSITY

植物の遺伝子共発現データベースATTED-IIにおける非モデル生物種展開

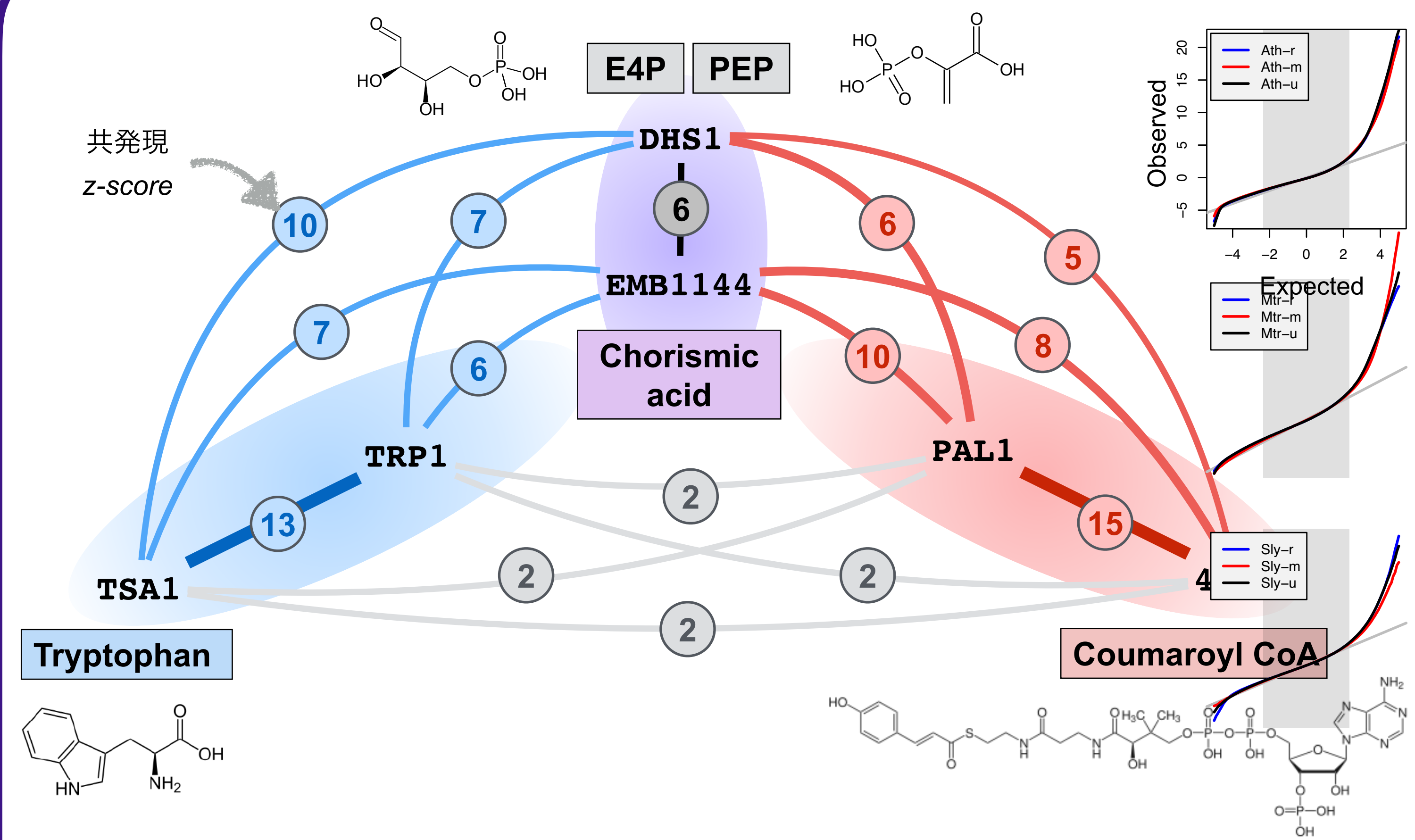
大林 武（東北大学・情報）



要旨

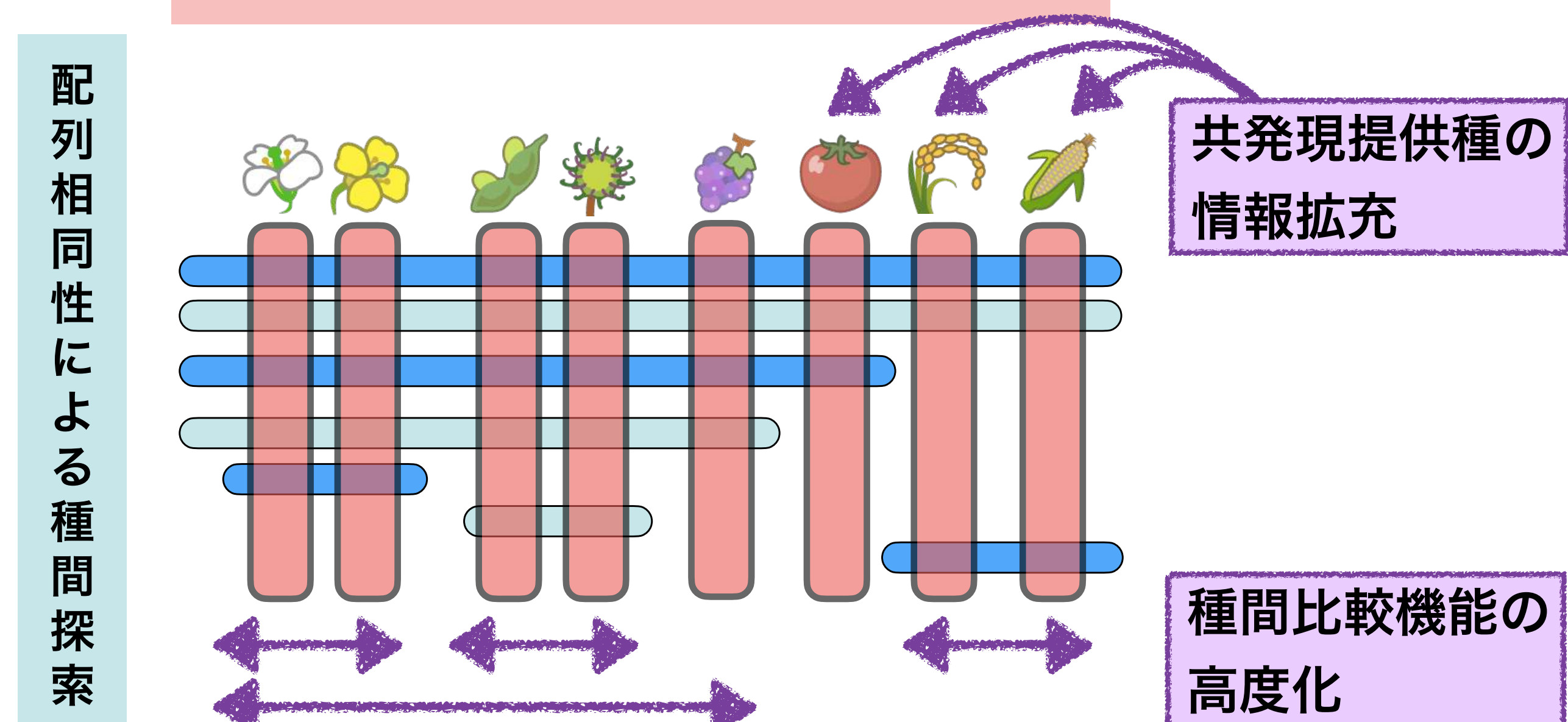
遺伝子共発現データベースATTED-II (<https://atted.jp>) は、公共リポジトリのトランスクリプトームデータを再解析し、植物の遺伝子共発現情報を提供する。現在「対象生物種の増加」と「種間比較機能の強化」を軸に、非モデル植物研究のための共発現情報の基盤整備を進めている。共発現情報の種間比較においては、共発現強度の違いが対象生物種の特性だけでなく、サンプリングバイアスによっても生じる可能性があるため、2024年9月に公開したATTED-II version 12.0より、着目する遺伝子共発現ペアが機能する条件を簡便に探索するツールを導入し、近縁種間の共発現比較の実効性を向上させている。

遺伝子共発現の例と課題

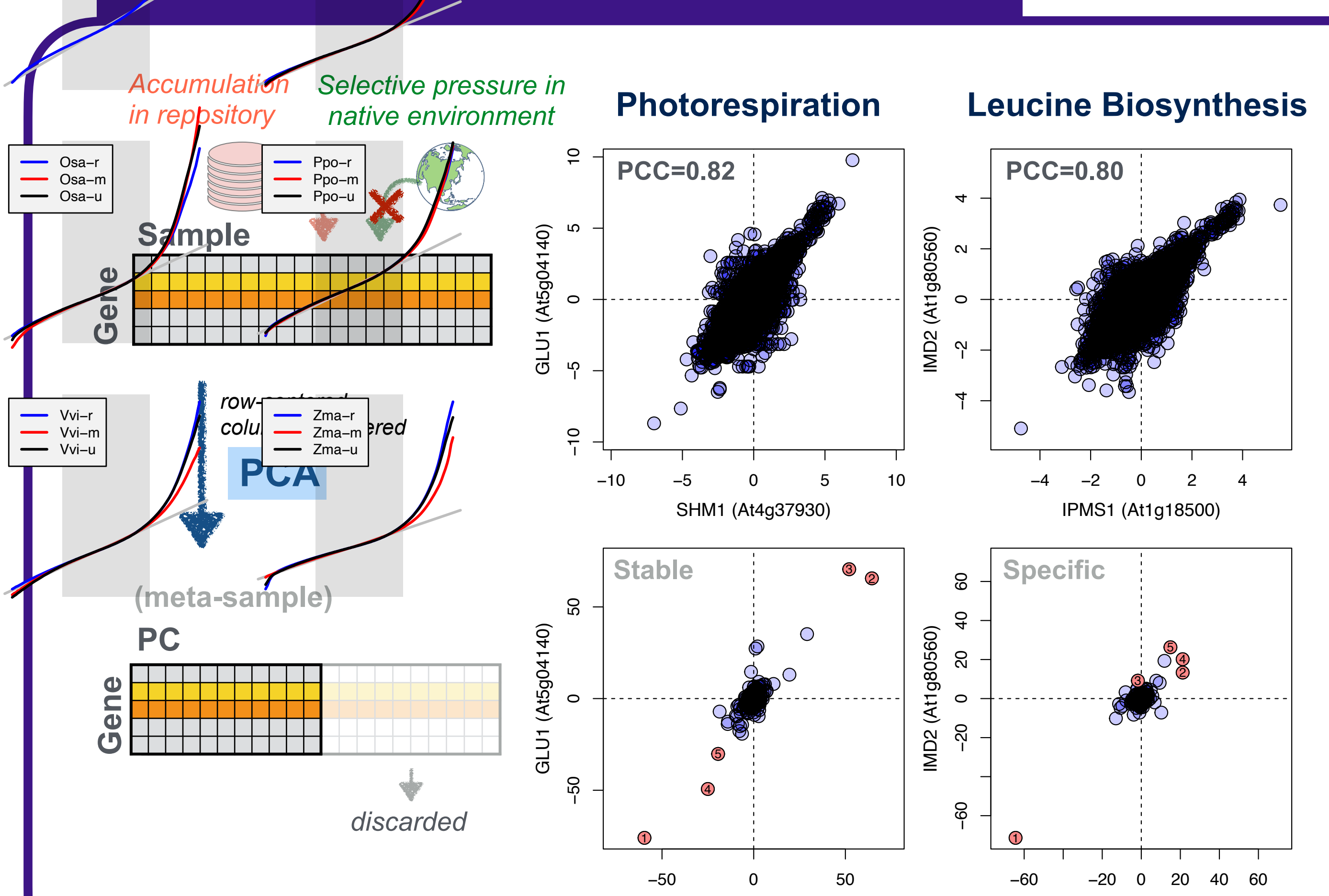


開発コンセプト：縦横無尽の遺伝子探索

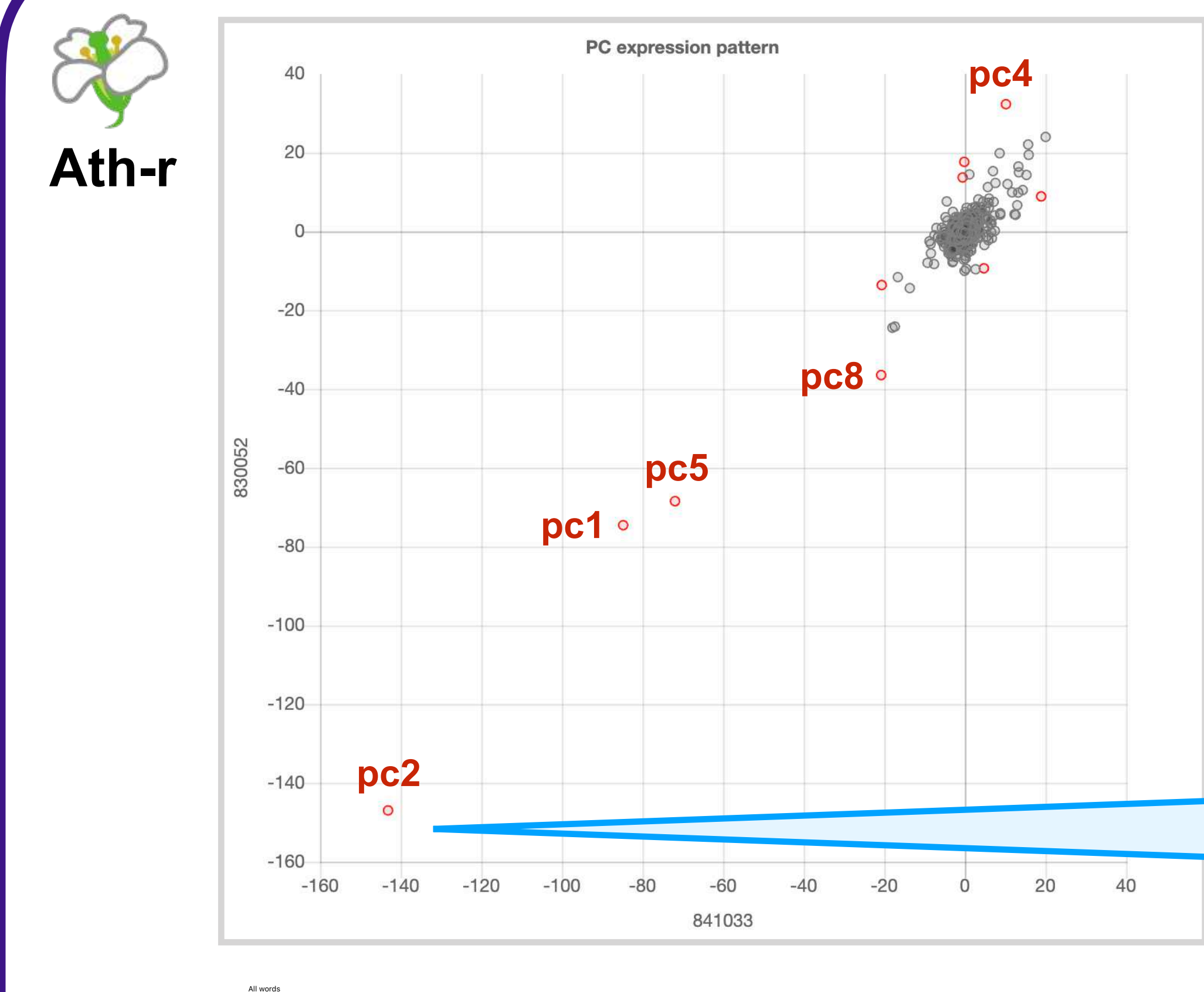
遺伝子共発現による遺伝子の種内探索



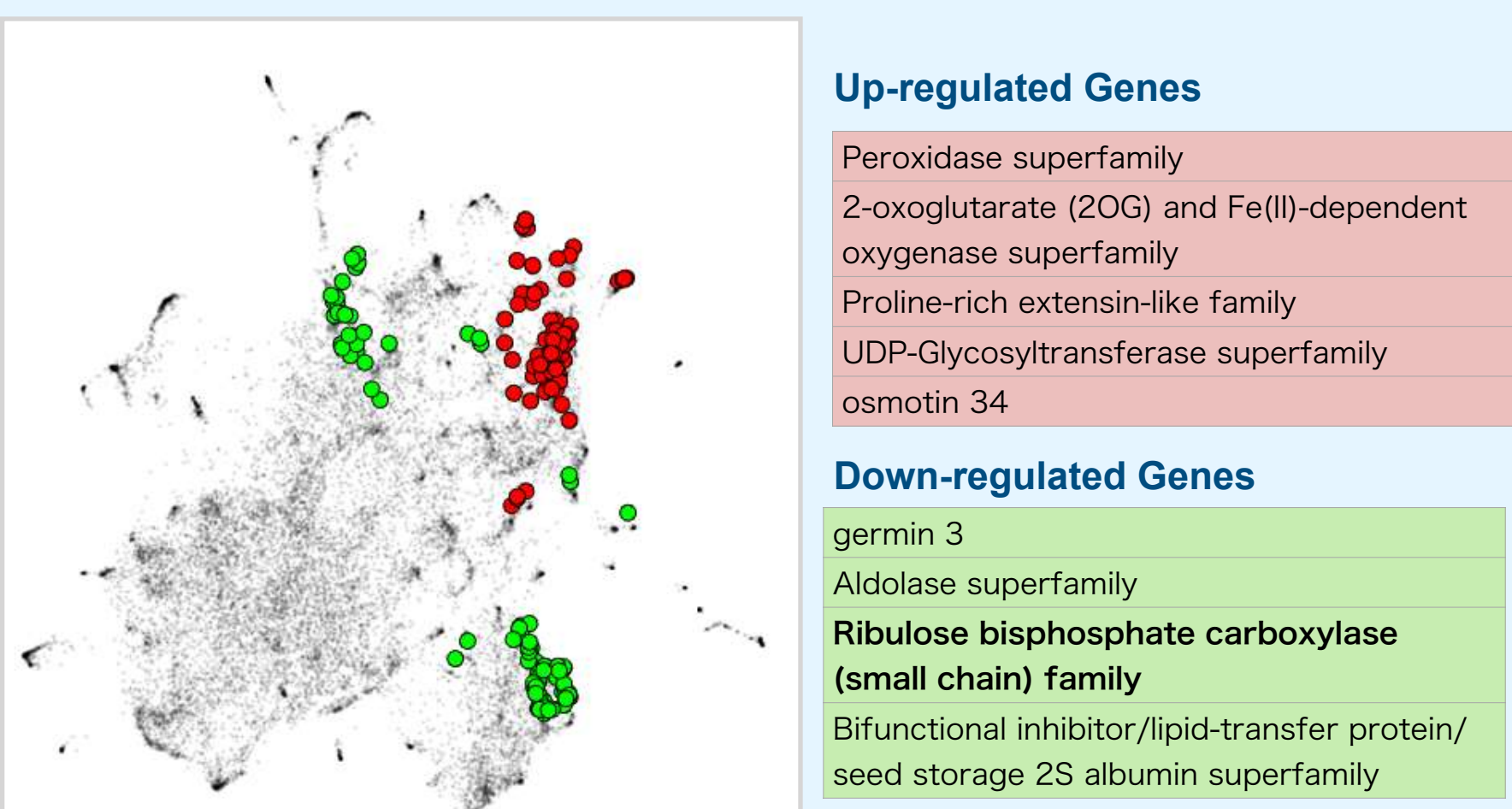
PCAによるサンプルの再構成



再構成サンプルによる遺伝子発現プロファイルの解釈



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
- Sulfur応答ではなく **Root / Shoot** の違い
- 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**, jaz2-1, 0uM MeJA
 - 0.80 SRR925865: **shoot**, wild-type, 0uM MeJA
- MeJA応答ではなく **Root / Shoot** の違い

