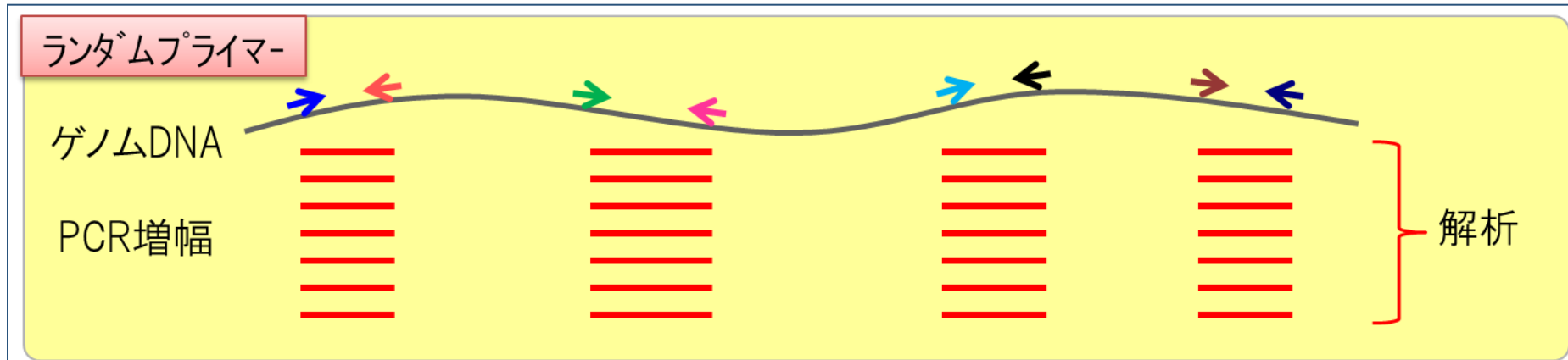


★ GRAS-Di : Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct

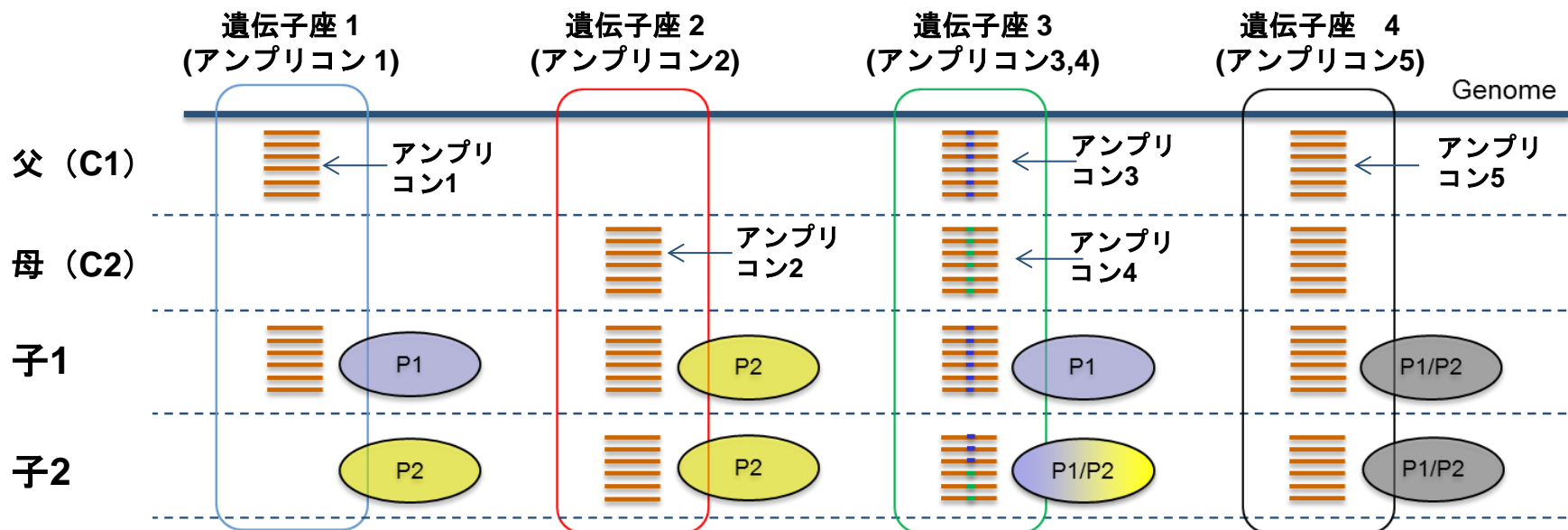
★ランダムプライマーによるゲノムワイドなアンプリコン増幅を利用

ランダムプライマー : Sequence adapter  3塩基の任意配列 (64配列パターン)



※トヨタ自動車社発表資料より抜粋

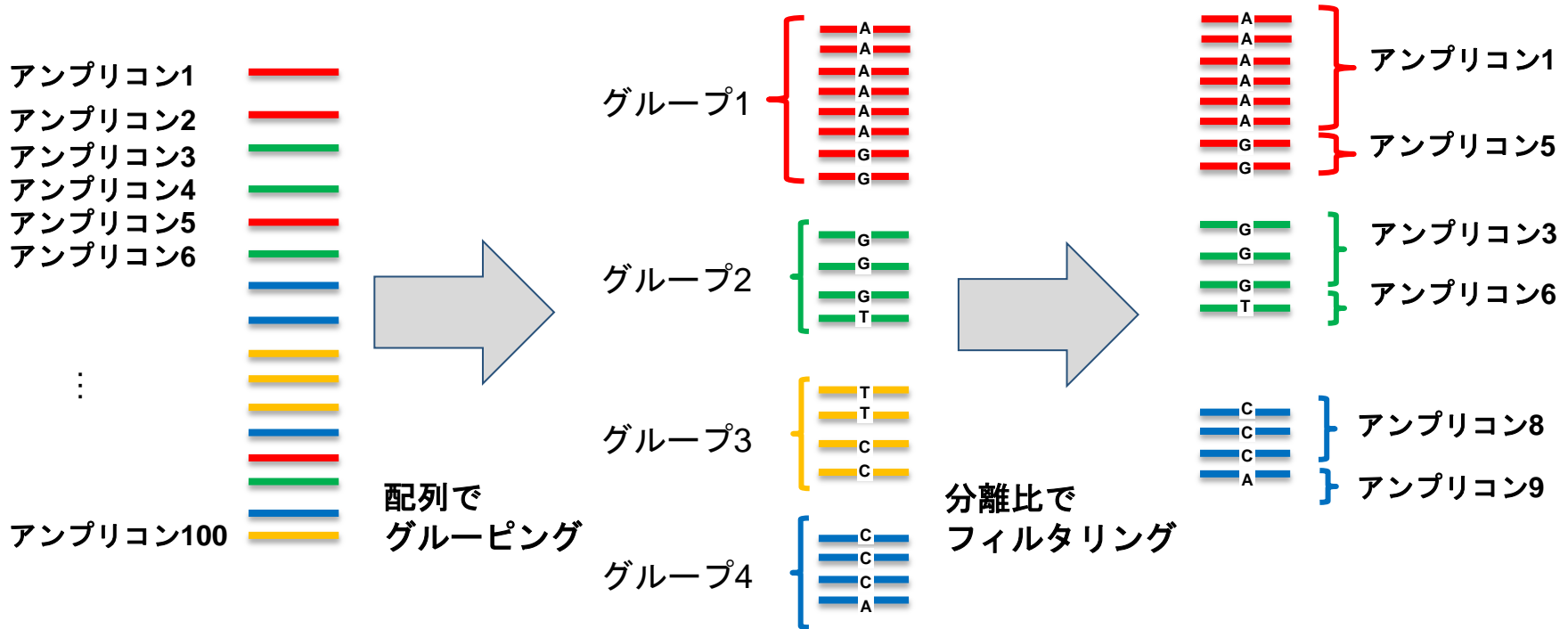
GRAS-Di®解析:ジェノタイピング結果イメージ



PARENT	MARKER	SEQ1	SEQ2	LEN	QUALITY	リード数(補正後)				ジェノタイプ			
						親1 (C1)	親2 (C2)	子1	子2	親1 (C1)	親2 (C2)	子1	子2
C1	アンプリコン1	ATCATGTCCTCCGACGGGAATAACTGTCAATGAA CGGCAATAATCGCTCGTACATTTCCGTCGAGTCCGAC CAATCGGGCGCCGACTGGGCCGACAAC	GACCCGTTTGTGTGCGGCCAGTCGGGCGCCGAT TGCTGGACTCGACGAAATGTACGAGCGATTATTG CCGTTTCATTGACAGTATTATCCCGTCGGG	109	D	59.1	0	39.9	0	H	A	H	A
C2	アンプリコン2	ATCCGTAGTTAGCTTGGGCCTTTGGTGACGTACAA GCGCGACTATAATAATGCTTTTGCCCTACGGGCAT ATAGATCGCTCGTACGCTCATCATCTGC	CGAATCTATGGCACTTTTGTCTCACCTTCCCGCGCC TGCTAAGTGTACGTTTCTAGCGCTATAAGGGCCCA CGTGTTCGATCTGTACACTGAAACGGGG	999	B	0	832.3	888.1	795.3	A	H	H	H
C1	アンプリコン3	ACAGGGTCCACAAGGTGAGAGCGAGTTAGATACGAC CTATATAGTCTAGGGGCTATTTGCCATAGTAAAATGC TCAGCACGCGAGGTT	TCATAGCATACGTTGCTTGATGGACGCCATCAAAG GTCACCTGTAGATCCCAGATTGCGAGCCGATTA GGGTTACTCGGTAACCTCGCATGAGTCCCC	999	A	27.5	0	13.3	39.9	H	A	H	H
C2	アンプリコン4	ACAGGGTCCACAAGGTGAGAGCGAGTTAGATACGAC CTATATAGTCTAGGGGCTATTTGCCATAGTAAAATGC TCAGCACGCGAGGTT	TCATAGCATACGTTGCTTGATGGACGCCATCAAAG GTCACCTGTAGATCCCAGATTGCGAGCCGATTA GGGTTACTCGGTAACCTCGCATGAGTCCCC	999	A	0	27.6	0	35.3	A	H	A	H
ALL	アンプリコン5	GCCTAGTTCGTCGATTGTGCAAGTTCGTTGAGGTT TTTTAATAGTGCCTAACCCAGTTACTAAATGAGTGTAT GAACGTTAAAGCCCGGCCTATGCCCCC	ACTCTGCTTGTAGCTCACAGATTGAGCATTGCTGGCA TGGGGCATAGCCCGGCTTTAACGTTGATACACT CATTTAGTAAGTGGTTAGGCACTATTA	137	C	30.5	18.3	15.4	29.7	H	H	H	H

アンプリコンの有り無しでジェノタイプを判定

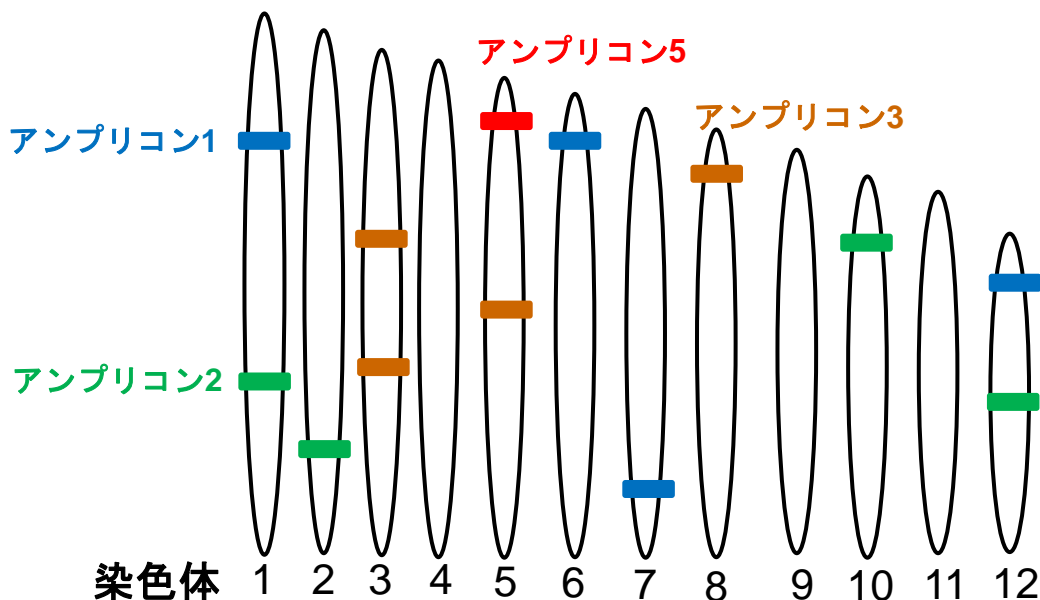
GRAS-Di[®]解析: 共優性マーカー検出イメージ



PARENT	ID	seq1	seq2	length	quality	ペア ID
C1	アンプリコン1	ACAGGGTCCACAAGGTGAGAGCGAGTTAGATACGACCT ATATAGTCTAGGGGCTATTTGCCATAGTAAAATGCTCA GCACGCAGGTT	TCATAGCATACGTTGCTTGATGGACGCCATCAAAGGTCA CTGTAGATCCCACGATTCGAGCCGATTAAGGGTTACT CGGTAACCTCGCATGAGTCCCC	999	A	アンプリコン5
C2	アンプリコン5	ACAGGGTCCACAAGGTGAGAGCGAGTTAGATACGACCT ATATAGTCTGGGGCTATTTGCCATAGTAAAATGCTCA GCACGCAGGTT	TCATAGCATACGTTGCTTGATGGACGCCATCAAAGGTCA CTGTAGATCCCACGATTCGAGCCGATTAAGGGTTACT CGGTAACCTCGCATGAGTCCCC	999	A	アンプリコン1
C2	アンプリコン3	GGATTTTATTGTGAATAGAAAAAATGAATGAAATGG AAAAGAAATGTTGTGGGAAAAATAATGGTAATAAGTAG GATGGTAATGTTAATAATGGGA	AATTATAGAAAGTTAGTTTTAATAAAGGTAATAAATG AAGTATATGATTTGAAATAAAAATTAAGAATGATGAAAAT AAAAAAAAGGTTAGTTATA	999	A	アンプリコン6
C1	アンプリコン6	GGATTTTATTGTGAATAGAAAAAATGAATGAAATGG AAAAGAAATGTTGTGGGAAAAATAATGGTAATAAGTAG GATGGTAATGTTAATAATGGGA	AATTATATAAGTTAGTTTTAATAAAGGTAATAAATG AAGTATATGATTTGAAATAAAAATTAAGAATGATGAAAAT AAAAAAAAGGTTAGTTATA	999	A	アンプリコン3

配列の類似性でグループ分けして、分離比でふるい分け

GRAS-Di®解析: マッピング結果イメージ



id	Seq1	Seq2	ref ID	pos	num mitakes	ref ID	pos	num mitakes	ref ID	Pos	num mitakes	ref ID	pos	num mitakes
アンプリコン1	ATCATGTCTCCCGACGGGAATAACTGTCAATG AACGGCAATAATGGCTCGTACATTTCCGTCGAGT CCAGCAATGGGGCGCCCGACTGGGCGCAAC	GACCGTTTTGTTGTCCGCCAGTCGGGGCCCGA TTGCTGGAAGTGCACGGAAATGTACGAGCGATTATT GCCGTTTATTGACAGATTATTCCCGTCGGG	Chr 01	43,216,785	4	Chr 07	334,562	4	Chr 12	16,339,644	4	Chr 06	19,715,592	5
アンプリコン2	ATCCGTAGTTAGCTTGGGCTTTGGTGCACGTAC AAGCGCGACTATAATAATGCTTTTGCCTTACGG GCATATAGATCGCTCGTACGCTCATCATCTGC	CGAATCTATGCACTTTGTCTCACCTTCCCGCGC CTGCTAAGTGTACGTTTCTAGCGCTATAAGGGGCC ACGTGTTCCGATCTGTACACTGAAACGGG	Chr 02	1,155,876	1	Chr 12	25,516,783	2	Chr 10	14,005,983	2	Chr 01	26,208,751	2
アンプリコン3	ACAGGGTCCACAAGGTGAGAGCGAGTTAGATAC GACCTATATAGTCTAGGGGCTATTTGCCATAGTA AAATGCTCAGCACGCGAGTT	TCATAGCATACGTTGCTTGTATGGACGCCATCAAAG GTCACCTGTAGATCCACGATTTCGAGCCGATTA GGTTACTCGGTAACCTCGCATGAGTCCCC	Chr 03	613,758	1	Chr 03	616,789	1	Chr 08	617,946	2	Chr 05	11,003,782	3
アンプリコン4	ACAGGGTCCACAAGGTGAGAGCGAGTTAGATAC GACCTATATAGTCTAGGGGCTATTTGCCATAGTA AAATGCTCAGCACGCGAGTT	TCATAGCATACGTTGCTTGTATGGACGCCATCAAAG GTCACCTGTAGATCCACGATTTCGAGCCGATTA GGTTACTCGGTAACCTCGCATGAGTCCCC	-											
アンプリコン5	GCCTAGTTCGTCGATTGTGCAAGTTCGTTCCAGG TTTTTTAATAGTGCCTAACCGAGTTACTAAATGAG TGATGACGTTAAAGCCCGCCATATGCCCCC	ACTCTGCTTTAGCTCACAGATTACGCAATGCTGGC ATGGGGCATAGCCGGGCTTAAACGTTTCATACAC TCATTTAGTAAGTGGTATGGCACTAATAAAA	Chr 05	9,994,255	0									

アンプリコンのマッピング位置について複数の候補を記載