

	質問事項	回答
1	<p>質問者:研究所勤務 ヒトゲノムの解読プロジェクトで、各国の解読データをマージしようとした時に、構造変異等の存在によりうまくつながらなかった場合があったということでした。 このことは、配列解読に用いたゲノムサンプルは、解読を分担した国々でそれぞれ異なっているとうことを意味するのでしょうか？ もしそうであれば、現在用いられているGRCh37などのリファレンスは、何人分の個人のハプロイドゲノムがキメラとなった状態にあると言えるのでしょうか？</p>	<p>講義資料P.33にも少し記載しましたがRPCI-11ほぼ7割を占めておりますが残りのクローンがどの程度現時点のGRCh38に含まれているかを調べたことはありません。 RPCI-11; 米国人男性 RPCI-13; 米国人女性 CalTech human BAC library; 男性 KB(FLEB); 日本人男性 また、時間の都合上省略しましたが、現在も使われているBACの他にPAC fosmidなども当初は使われておりましたため、現在のリファレンスでクローンのリプレースをしていなければ10人程度のゲノムはミックスされていると思います。ヒトゲノム終了直後は全タイリングクローンデータがありましたので、すぐに調べることができたのですが、先程見ましたが見つかりませんでした。</p> <p>クローンの詳細はここにありますが、現在のリファレンスに全てのクローンは使われていないと思います。 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clone/library/genomic/?taxid=9606</p>