

植物ゲノムポータルサイト・PGDBjと Plant GARDENの紹介

かずさDNA研究所
大阪大学
筑波大学



Licensed under a Creative Commons表示4.0国際ライセンス
(c)2019 かずさDNA研究所

2種類のDBを開発



H23~28 年度統合化推進プログラムにおいて構築した植物ゲノムリソースのポータルサイト

格納データ

マーカー

オルソログ (遺伝子配列の配列類似性情報)

リソース

オルソログDB

多種多様な植物ゲノム関連情報

様々な目的をもった幅広いユーザー

DNAマーカー他

育種向けDNAマーカー検索



H29年度からの統合化推進プログラムにおいて新たに開発した植物ゲノムのポータルサイト

格納データ

ゲノム・遺伝子配列

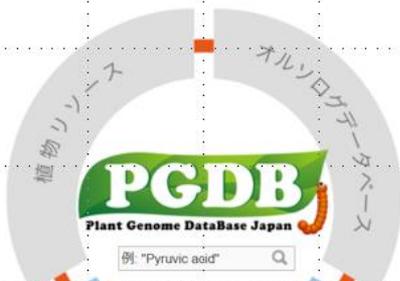
マーカー

遺伝子配列の類似性情報

NGS・個体ゲノムの時代に即したDB構造

シンプルで分かりやすい表示画面

β版を公開中



Marker・QTL・植物種基本情報

- 登録植物種リスト
- マーカーリスト
- QTLリスト
- 植物データベースリンク
- ゲノム解読状況
- 育種向けメニュー
- Marker・QTL・植物種基本情報について

No.	学名	和名	科名	Tax ID	リスト (Marker / QTL)	KNAp SAcK Core	Skewed KNAp SAcK	Mass Base
1	Actinidia chinensis Planch.	キウイフルーツ	マタタビ科	3625				
2	Allium cepa L.	タマネギ	ヒガンバナ科	4679				
3	Allium fistulosum L.	タマネギ	ヒガンバナ科	35875				

80植物種：マーカー、QTL情報、メタボロームDBへのリンク

DNAマーカー：65種・全364,770 マーカー

学名	和名	CAPS / dCAPS	InDel	SCAR	SNP	SSR	Others	Total
Actinidia chinensis	キウイフルーツ	0	0	0	4229	189	0	4418
Allium cepa	タマネギ	0	17	2	46	113	24	270
Allium fistulosum	タマネギ	0	0	0	0	33	0	33
Amborella trichopoda	アンボレラ	0	0	0	0	17	0	17
Allium cepa	タマネギ	0	0	0	0	9895	5232	15127

QTL情報：45種・全18,067 QTLs

学名	和名	anatomy and morphology trait	stature or vigor trait	stress trait	biochemical trait	growth and development trait	yield trait	sterility or fertility trait	quality trait	other miscellaneous trait
Allium cepa	タマネギ	0	3	0	12	3	21	0	0	0
Allium fistulosum	ネギ	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arachis hypogaea	ラッカセイ, ナンキンマメ	0	0	9	0	0	0	0	0	0



育種向けDNAマーカー検索

形質連鎖マーカーを探す

形質と連鎖しているDNAマーカーを集めました。

DNAマーカーを探す

物理位置、連鎖地図位置、検出法などからDNAマーカーを検索できます。

基本DNAマーカーセット

電気泳動で検出できるDNAマーカーを優先し、染色体全域をおおまかに調べられるDNAマーカーを選びました。

外部DNAマーカーデータベースリンク集

PGDBJ以外のDNAマーカーデータベースを集めました。

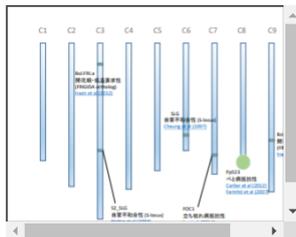


形質連鎖マーカー

形質と連鎖しているDNAマーカーを集めました。

植物種名 Brassica oleracea
植物種別名 キャベツ
アセンブリ名 v2.1

Fine mapped and major QTLs on a physical map



▼最小列を表示 ▲全ての列を表示 ※データダウンロード¹⁾ (詳細) (英語)

No.	連鎖形質	連鎖遺伝子座・連鎖遺伝子	マーカー名	マーカータイプ	物理地図位置 (v2.1)		遺伝子からの距離・発現アレル
					Chr	Start(bp) End(bp)	
1	立ち枯れ耐性	FOC1 (resistance gene to Fusarium oxysporum f. sp. conglutinans)	V17	indel	C07	38743828 38743987	< 84 kb, FOC1候補領域: V17とS08間の84 kb
2	立ち枯れ耐性	FOC1 (resistance gene to Fusarium oxysporum f. sp. conglutinans)	S9	indel	C07	38827040 38827195	< 84 kb, FOC1候補領域: V17とS08間の84 kb
3	立ち枯れ耐性	FOC (resistance gene to Fusarium oxysporum f. sp. conglutinans)	A1	indel	C07	40493059 40493210	0.6 cM
4	立ち枯れ耐性	FOC (resistance gene to Fusarium oxysporum f. sp. conglutinans)	M10	indel	-	-	1.2 cM
5	立ち枯れ耐性	Foc-Bo1 (fusarium wilt resistance locus)	C8:5033010N1	SSR	C07	40029983 40027078	1.2 cM
6	へち耐性	Pp523 locus (downy mildew resistance to adult plants)	C8:10028	SSR	C08	38878945 38878778	2.4 cM
7	へち耐性	Pp523 locus (downy mildew resistance to adult plants)	C8:10182	SSR	C08	41206785 41206919	8.8 cM

ホーム 基本DNAマーカーセット

基本DNAマーカーセット

電気泳動で検出できるDNAマーカーを優先し、染色体全域をおおまかに調べられるDNAマーカーを選びました。

学名	和名	アセンブリ	マーカー数	平均マーカー間隔	操作
Brassica rapa	ハクサイ	B rapa_v1.5	1,067	0.47Mb	詳細 ダウンロード¹⁾ (utf8 , sjis)
Cucumis sativus	キュウリ	Chinese long_v2	267	1.39Mb	詳細 ダウンロード (utf8 , sjis)
Brassica oleracea	キャベツ	v2.1	663	0.90-1.31 Mb	詳細 ダウンロード (utf8 , sjis)
Citrullus lanatus	スイカ	Watermelon_v1	339	0.96Mb	詳細 ダウンロード (utf8 , sjis)
Cucumis melo	メロン	CM3.5.1	242	1.86Mb	詳細 ダウンロード (utf8 , sjis)
Capsicum annuum L.	トウガラシ	Pepper v.1.55	3,007	1.16 Mb	詳細 ダウンロード (utf8 , sjis)

植物リソース横断検索システム
NBRPの提供する植物リソース (cDNAクローン)を検索(横断検索)追加されたリソースDB(カンキツリソース)植物リソースについて



検索語の例 [トマト](#) [プロテアーゼ](#) [ピルビン酸](#)

PGDB 横断検索

[新着情報](#) | [ご意見](#) ·

Home

オルソログDB ▾

Marker・QTL・基本情報 ▾

植物リソース ▾

DB

- ▶ [すべて \(27580\)](#)
- ▶ [オルソログDB \(281\)](#)
- ▶ [DNAマーカーDB \(22457\)](#)
- ▶ [植物DBリンク集 \(139\)](#)
- ▶ [公開植物情報DB \(1\)](#)
- ▶ [ゲノム解析手法 \(1\)](#)
- ▶ [植物リソース \(60\)](#)
- ▶ [柑橘リソース \(3\)](#)
- ▶ [イチゴリソース \(2574\)](#)
- ▶ [カーネーションリソース \(231\)](#)
- ▶ [KNapSACK \(114\)](#)
- ▶ [MassBase DB \(1719\)](#)

検索結果: 27580件中 1-10 件表示

キーワード: tomato / 翻訳: [追加](#) / 同義語: Lycopersicon esculentum; Lycopersicon esculentum; Solanum lycopersicum; Tomato; トマト; アカナス [解](#)

PGDBの横断検索システムでは、検索クエリーの同義語検索において、[ライフサイエンス辞書 \(LSJ\)](#) を利用しています。

[植物DBリンク集] [TFGD, Tomato Functional Genomics Database](#)

DBの説明 [pgdb.jo/ja/dna-marker-linkage-map/plant-db-link/plant-db-link-detail.html?DB_ID=551](#)

分類 [オミックスデータベース / 分類詳細](#)

学名 [Solanum lycopersicum / 科名 ナス科 / 和名 トマト](#)

アイコン 

サムネール

該当箇所 [TFGD, Tomato Functional Genomics Database](#) [Solanum lycopersicum](#) [Tomato](#) [Solanaceae](#) [USA](#) [Cornell Uni](#)

[植物DBリンク集] [TGRG, Tomato Genetics Resource Center](#)

DBの説明 [pgdb.jo/ja/dna-marker-linkage-map/plant-db-link/plant-db-link-detail.html?DB_ID=588](#)

[新着情報](#) | [ご意見](#) · [ご要望](#) | [サイトマップ](#) | [🔍](#)

PGDB 柑橘リソース

検索語の例 [Citrus](#) [unshiu](#) [Citrus sinensis](#)

柑橘リソース検索

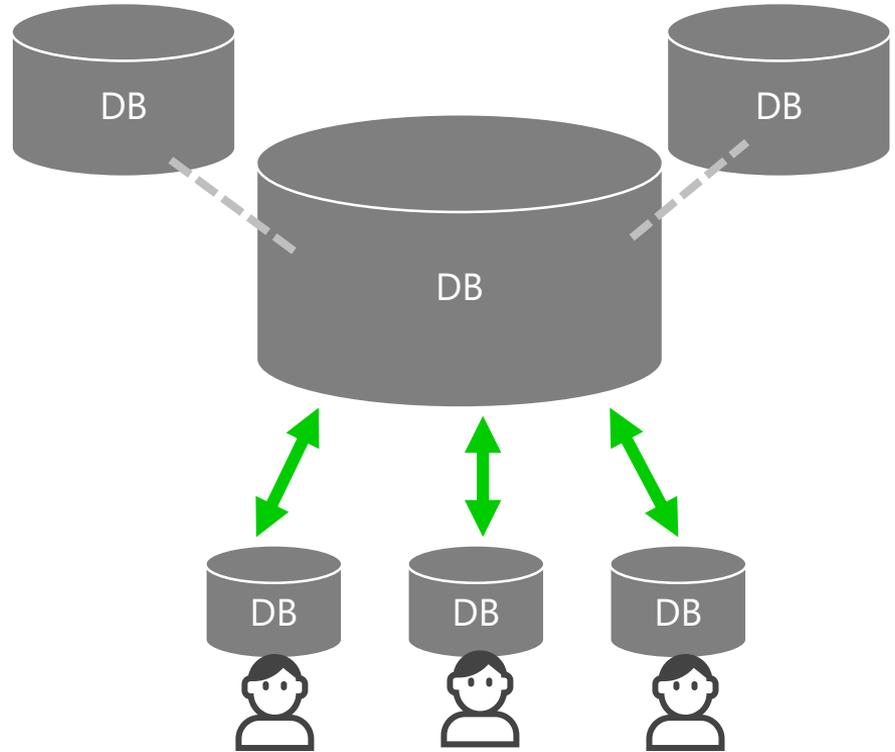
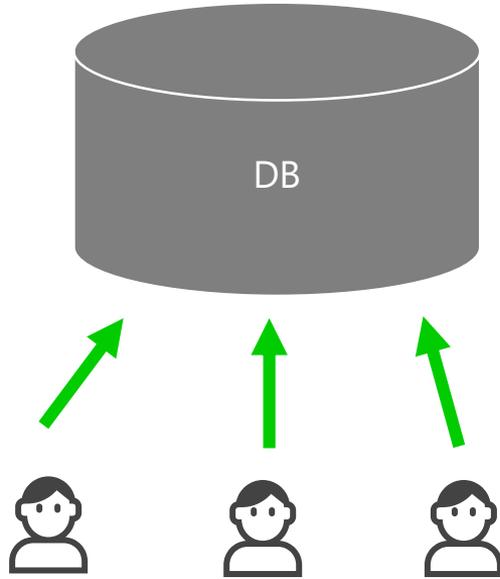
柑橘リソース

- ▶ [CiBase](#)
- ▶ [近畿大学付属清流農場](#)
- ▶ [外部の柑橘類情報リソース](#)
- ▶ [国際DNAデータベース](#)
- ▶ [柑橘リソース検索](#)

CiBase 植物情報 / 説明 (リスト / エントリ) [▶▶](#)

No	植物名	種名	品種名	分類	日本名
▶ 1	Sweet orange	sp.		Citrus sinensis (L.) Osbeck	スイートオレンジ
▶ 2	Satsuma mandarin	sp.		Citrus unshiu Marcow	
▶ 3	Clementine	sp.		Citrus clementina hort. ex Tanaka	クレメンティン
▶ 4	Lemon	Adampoulos		Citrus limon (L.) Burm. f.	アダモボーロス
▶ 5	Tahiti lime	sp.		Citrus latifolia (Yu. Tanaka) Tanaka	タヒチライム
▶ 6	Tangerina	sp.		C. tangerina	タンジェリーナ
▶ 7	Harumi	cv.		Hybrid	はるみ
▶ 8	Satsuma mandarin	Kawata		Citrus unshiu Marcow	川田温州
▶ 9	Sweet orange	Trovita		Citrus sinensis (L.) Osbeck	トロビタオレンジ
▶ 10	Sweet orange	Washington Navel		Citrus sinensis (L.) Osbeck	ワシントンネーブル
▶ 11	Papeda	Melanesian papeda		Citrus macroptera	メラネシアン/パペダ

ユーザー自身が大規模なデータを持つ時代
百科事典→DB間ネットワークのハブ



2種類のDBを開発



H23~28 年度統合化推進プログラムにおいて構築した植物ゲノムリソースのポータルサイト

格納データ

マーカー

オルソログ (遺伝子配列の配列類似性情報)

リソース

オルソログDB

多種多様な植物ゲノム関連情報

様々な目的をもった幅広いユーザー

DNAマーカー他

育種向けDNAマーカー検索



H29年度からの統合化推進プログラムにおいて新たに開発した植物ゲノムのポータルサイト

格納データ

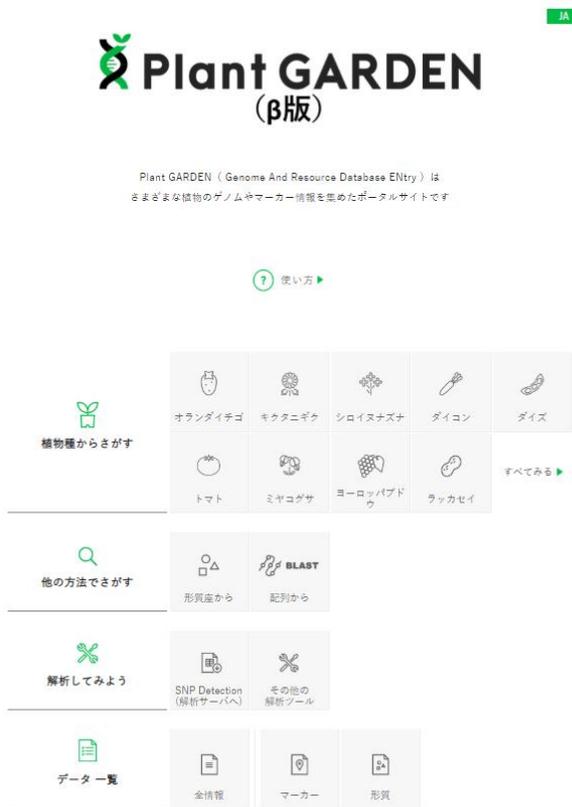
ゲノム・遺伝子配列

マーカー

遺伝子配列の類似性情報

NGS・個体ゲノムの時代に即したDB構造

シンプルで分かりやすい表示画面



The screenshot shows the Plant GARDEN website interface. At the top, there is a navigation bar with 'JA' and 'EN' language options. The main header features the 'Plant GARDEN (β版)' logo. Below the header, a sub-header reads: 'Plant GARDEN (Genome And Resource Database ENtry) はさまざまな植物のゲノムやマーカー情報を集めたポータルサイトです。' A '使い方' (How to use) link is visible. The main content area is organized into several sections:

- 植物種からさがす** (Search by plant species): A grid of icons for various plants like オランダダイダイゴ, キクタンニギク, シロイヌナズナ, ダイコン, ダイズ, トマト, ミヤコガサ, ローロッパドゥ, and ラッカセイ.
- 他の方法でさがす** (Search by other methods): Options for 形質座から (From phenotype) and 配列から (From sequence), including a BLAST search option.
- 解析してみよう** (Try to analyze): Options for SNP Detection (解析サブパヘ) and その他の解析ツール (Other analysis tools).
- データ一覧** (Data overview): Options for 全情報 (All information), マーカー (Marker), and 形質 (Phenotype).

- 「行うべきアクション」が分かりやすい項目表示
4つのメニュー表示
シンプルなデザイン・平易な言葉
- 想定するユーザー
生物研究者/育種関係者 + **教育機関**
- 高精度なゲノム配列が公開されている植物種は可能な限り網羅する方針
- ユーザーのデータ比較のため、解析ツール開発と連携を図る
- 2019年6月に英語版公開
- 正規版公開（2020年3月）に向けて、機能拡充（キーワード検索）やデザイン、不具合の修正



JA
EN

[TOP](#) > 植物種リスト

よく検索される植物種


オランダダイダイ


キクタンニギク


シロイヌナズナ


ダイコン


ダイズ


トマト


ミヤコグサ


ヨーロッパブドウ


ラッカセイ

全植物種リスト

頭文字に飛ぶ
学名
和名

学名 ↓	和名 ↓	科名 ↓
A <i>Arabidopsis thaliana</i>	シロイヌナズナ	アブラナ科
<i>Arachis hypogaea</i>	ラッカセイ	マメ科
B <i>Brachypodium distachyon</i>	ミナトカモジグサ	イネ科
<i>Brassica napus</i>	セイヨウアブラナ	アブラナ科
<i>Brassica oleracea</i>	ヤセイカンラン	アブラナ科
<i>Brassica oleracea</i> var. <i>capitata</i>	キャベツ	アブラナ科
<i>Brassica oleracea</i> var. <i>italica</i>	ブロッコリー	アブラナ科
<i>Brassica oleracea</i> var. <i>sabauda</i>	チリメンキャベツ	アブラナ科
<i>Brassica oleracea</i> var. <i>viridis</i>	ケール	アブラナ科
<i>Brassica rapa</i>	ブラシカラバ	アブラナ科
<i>Brassica rapa</i> subsp. <i>campestris</i>	アブラナ(campestris)	アブラナ科
<i>Brassica rapa</i> subsp. <i>chinensis</i>	チンゲンサイ	アブラナ科
<i>Brassica rapa</i> subsp. <i>oleifera</i>	アブラナ(oleifera)	アブラナ科
<i>Brassica rapa</i> subsp. <i>pekinensis</i>	ハクサイ	アブラナ科
<i>Brassica rapa</i> subsp. <i>rapa</i>	カブ	アブラナ科

- ❑ 植物種毎にデータを格納
- ❑ 公開されているゲノムのうち、pseudomoleculesレベルの高品質のゲノムから優先して収集
- ❑ ユーザーの希望が高い場合はScaffoldsレベルでも格納
- ❑ 2019年3月のβ版公開当初は9種、現在42種を格納
- ❑ 次年度以降、DB整備を自前で実施するのが困難なユーザーに対し、公開前（論文投稿準備時点）での情報受付も呼びかける

Lotus japonicus



この種について

科名: Fabaceae

マメ科

属名: Lotus

ミヤコグサ属

学名: Lotus japonicus

和名: ミヤコグサ, エゴシグサ

Taxonomy ID: 34305

ゲノム配列をみる

一覧

▶ Lj2.5 (MG-20)

▶ Lj3.0 (MG-20)

マーカーをさがす

				
すべて	SSR	CAPS	SCAR	その他

形質との関連をさがす

						
すべて	ストレス耐性	稔性	収量	形態・成長	品質・成分	その他

結果を見る

- 植物種毎のページ
- ゲノム配列はバージョン毎に格納
- ポータルサイトとしての位置づけ
詳細情報は各植物種のDBにてアクセスしてもらおう
- マーカー、QTL、SNPs(variants)情報も同ページからアクセスできるのが特徴

その他の検索

		
配列からさがす	変異をさがす	連鎖地図

リンク

他の種類のデータ



種に関連するDB



ゲノム情報一覧

Plant GARDEN JA EN

TOP > 植物種リスト > Lotus japonicus > ゲノム配列をみる > 一覧

アセンブルされた配列									
ゲノム配列名	Bio Sample	アセンブリレベル	アノテーション (gff / gff3)	遺伝子 (cds / gene)	Hayai Annotation ZEN	トランスクリプト (cdDNA / mRNA)	タンパク (pep / aa)	JBrowse	コメント
Lj2.5	MG-20	Chromosome	●	●	●		●		NA
Lj3.0	MG-20	Chromosome	●	●	●	●	●		NA

SRA配列					
配列の種類	Bio Sample	配列名	Accession	JBrowseへの接続	コメント
全ゲノム配列 (ショートリード)	Miyakojima MG-20	DRA001236	DRX013249		
全ゲノム配列 (ショートリード)	Miyakojima MG-20	DRA001236	DRX013250		
全ゲノム配列 (ショートリード)	nrsym1-1	DRA005940	DRX090745		
全ゲノム配列 (ショートリード)	nrsym1-1	DRA005940	DRX090746		
全ゲノム配列 (ショートリード)	nrsym1-2				
全ゲノム配列 (ショートリード)	nrsym1-2				

Chromosome 0: Chr0:163219068..16585067 (256 kb)

16,450,000 16,500,000

Annotations: LjT19k02.30.v2.d, LjT19k02.50.v2.d, LjT19k02.70.v2.d, LjT19k02.100.v2.d, LjT19k02.120.v2.d, LjT19k02.140.v2.d, LjT19k02.90.v2.d

JBrowse

ゲノム配列Version毎の情報表示

Lotus japonicus
Genome Assembly ID : t34305.G002
配列名 : Lj3.0

ゲノム配列の詳細

学名	<i>Lotus japonicus</i>
配列名	Lj3.0
系統名	MG-20
アセンブリレベル	Chromosome
配列数	9
染色体数	
配列長(bp)	
N50長(bp)	
シーケンシングの方法	
シーケンシングの方法	
取得した配列量	
アセンブリ方法	
推定ゲノムサイズ(Mb)	
登録者	
論文	
コメント	

その他の配列			
配列の種類	ファイル名	ダウンロード	コメント
遺伝子 (cds / gene)	Lj3_0_cds.fna.gz		
ゲノム	Lj3_0_pseudomol.fna.gz		
アノテーション (gff / gff3)	Lj3_0_gene_model.gff3		
Hayai Annotation ZEN	hayai_annotation_zen_PlantGARDEN_Lj3_0.tsv.gz		
タンパク (pep / aa)	Lj3_0_pep.fna.gz		
トランスクリプト (cdDNA / mRNA)	Lj3_0_dna.fna.gz		

 *Arabidopsis thaliana*

配列名 : TAIR10

遺伝子情報

遺伝子配列の詳細

	遺伝子名	CDS	AT1G22300.1
		PEP	AT1G22300.1
	物理上の位置	染色体	NA
		開始位置	0
終了位置		0	
	フレーム位置	NA	
アノテーション情報 (Hayai Annotation ZEN)	遺伝子機能ID	Uniprot	14310_ARATH
		OrthoDB (non-plants)	NA
	遺伝子機能		14-3-3-like protein GF14 epsilon
	E-value		8e-138
	スコア		497.7
	一致率		100
	アライメント長		254
	ミスマッチ数		0

類似している他種の配列

比較する遺伝子 (Query)			抽出された配列 (Subject)				配列の類似性				
開始位置	終了位置	種名	遺伝子名	開始位置	終了位置	e-value	Alignment Length	Identity	Cover rate	JBrowse	
7878759	7881395	R.sativus	Rs333540	29842574	29844545	8.6e-125	253	92.9	99.6		
7878759	7881395	R.sativus	Rs415500	4997551	4999116	3.1e-122	240	95.4	94.5		

- ❑ 遺伝子情報はゲノムバージョン毎
- ❑ 遺伝子検索機能を開発中
- ❑ アノテーションは独自に開発したアノテーションプログラム< Hayai Annotation, Ghelfi et al. 2019, Bioinformatics>で再アノテーション→DB内でアノテーション情報の基準を統一するため
- ❑ DBに格納されている他種の遺伝子配列との比較をし、「類似している他種の配列」を表示

Lotus japonicus

該当するマーカー数 : 1155

マーカーをさがす

すべて
 SSR
 CAPS
 SCAR
 その他

マーカーID ↓	マーカー名 ↓				
134305.M000001.1	BM0631				
134305.M000002.1	BM1082				
134305.M000003.1	BM1153				
134305.M000004.1	BM1174	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr6	39385093
134305.M000005.1	BM1184	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr6	45588156
134305.M000006.1	BM1187	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr9	1191471
134305.M000007.1	BM1196	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr9	24840586
134305.M000008.1	BM1204	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr9	73355375
134305.M000009.1	BM1206	SSR	NA	NA	0
134305.M000010.1	BM1229	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr1	61321067
134305.M000011.1	BM1232	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr0	37738747
134305.M000012.1	BM1279	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr0	176166547
134305.M000013.1	BM1375	SSR	Lj3.0	Lj3_0_chr2	26642020

その他の検索

BLAST
 SNPs
 連鎖地図

配列からさがす 変異をさがす 連鎖地図

Lotus japonicus

ID	集団名	集団リスト	変異の種類	参照配列	配列の種類	SNP数	文献	データダウンロード		SNP Viewer	JBrowse
								表	Vcf file		
134305.SNP000001	multi_mapped_sra_20190621	[L]	SNPs	Lj3.0	WGS	2632353	NA	[D]	[D]		[L]

形質との連携をさがす

すべて
 ストレス耐性
 糖性
 収量
 形態・成長
 品質・成分
 その他

[結果をも見る](#)

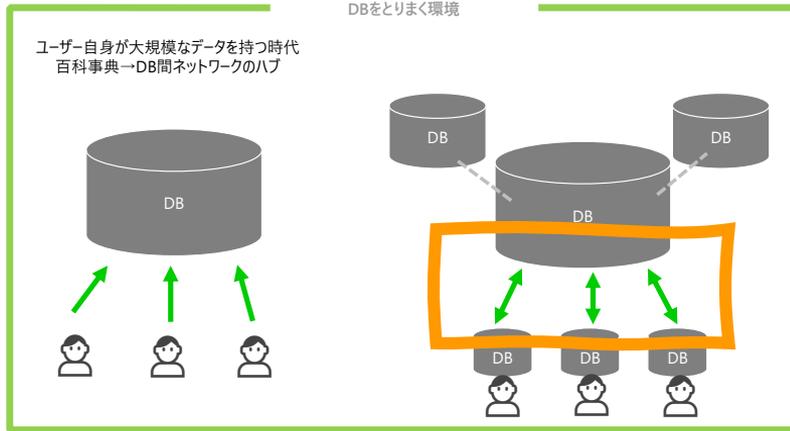


検索結果 : 199 件

形質ID ↓	形質名 ↓	カテゴリ ↓	形質 / 解析方法 / 解析集団名 / 解析集団のタイプ	近傍マーカー-1	近傍マーカー-2	その他の
134305.T000001	NA	6	ARA/P (acetylene reduction activity per plant)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL
134305.T000002	NA	6	ARA/P (acetylene reduction activity per plant)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL
134305.T000003	NA	6	ARA/P (acetylene reduction activity per plant)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL
134305.T000004	NA	6	ARA/P (acetylene reduction activity per plant)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL
134305.T000005	NA	6	ARA/NN (acetylene reduction activity per nodule number)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL
134305.T000006	NA	6	ARA/NN (acetylene reduction activity per nodule number)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL
134305.T000007	NA	6	ARA/NW (acetylene reduction activity per nodule number)	QTL analysis	LjMG RIL population (Myeokoji ma MG-20 x Gifu B-129)	RIL

つないで使う

Plant GARDEN



カスタム型データ解析システム

Plant GARDEN内のデータを参照データとし、
ユーザーのデータとできるだけシームレスに比較
できるツールの開発

SNPs検出パイプライン

解析してみよう	SNP Detection (解析サーバへ)	その他の解析ツール	
配列の確認	配列の品質チェック		
配列の前処理	品質でトリミング	アダプター除去	ベアリードの検出
ゲノムへのマッピング	マッピング	アップロードされた参照配列のファイル名 SLch01.1-100kb.fa.gz	
マッピング結果の解析	変異検出		



かずさ内の解析サーバ
に実装



コンテナ化実施中

- ゲノム解析ユーザーのすそ野を広げるため、できるだけ初心者配慮した設計
 - DNAマーカーや形質関連マーカー（QTL）、SNPs情報を格納
 - 遺伝子配列を介して、DB内の種間のデータを比較
-
- ユーザーが自分のデータと比較するための解析ツールの充実と連携
 - よりDownstreamユーザー向けとして、PhytozomeやEnsemblとは競争ではなく、共存する方針で機能とデータの拡充
 - RNA-Seqデータなどへの対応

ご意見・ご要望をお待ちしています

plantgarden@Kazusa.or.jp