

植物ゲノム情報ポータルサイト Plant GARDENの正規版公開

○市原寿子¹、原田大士朗¹、ゲルフィ アンドレア¹、小原光代¹、山田学¹、
白澤沙知子¹、フォーセット ジェフリー¹、田村卓郎²、杉原英志²、中谷明弘³、
中村保一¹、平川英樹¹、田畑哲之¹、磯部祥子¹

1. かずさDNA研究所、 2. 筑波大学プレシジョンメディスン開発研究センター、 3. 東京大学大学院新領域創成科学研究科

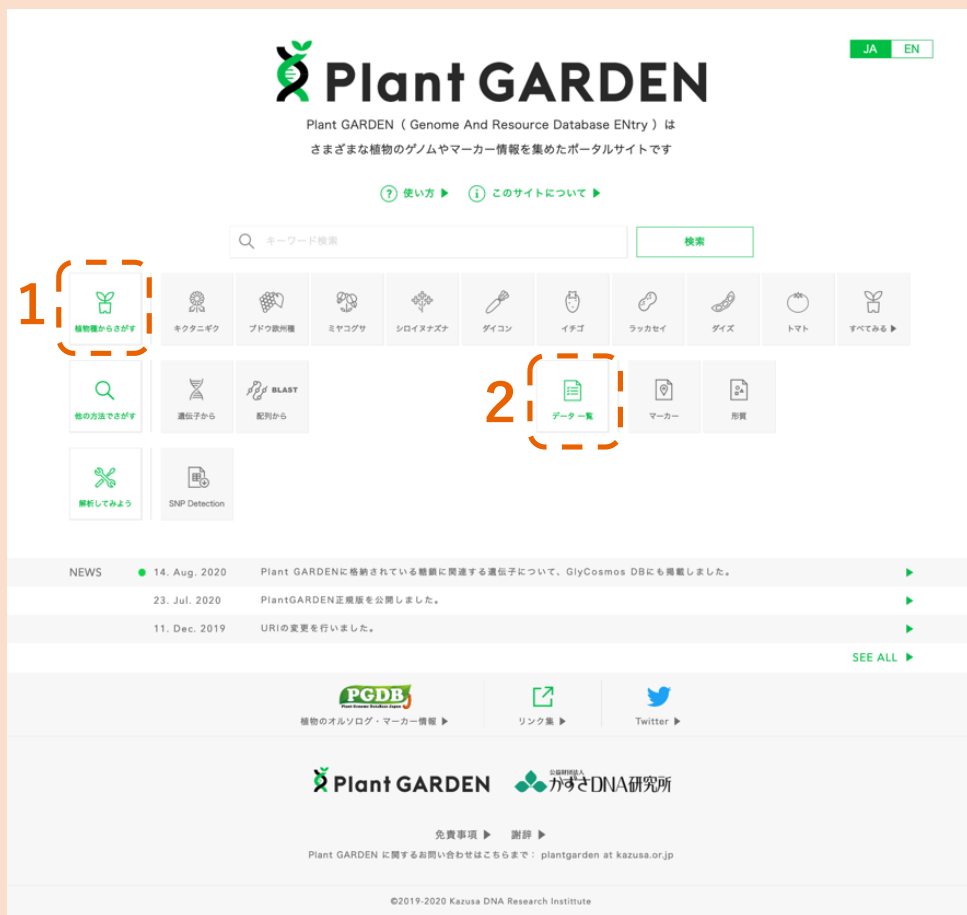
要旨

植物科学分野において、多様な種のシーケンシングや過去に解読された種のリシーケンシングが行われ、同一種内の品種・系統間、種間のゲノム比較による多型・ハプロタイプの解析や、それらの結果を踏まえた育種研究等が加速している。

Plant GARDEN (Genome And Resource Database ENtry) (<https://plantgarden.jp>)では、こうした時代の到来に先んじたデータ整備とシステム開発を進めてきた。2012年に公開した植物ゲノム統合データベースPGDBjの収録データの再整理と共に、2017年から収集を開始した新たな情報と統合し、また、SNPs解析パイプラインや遺伝子アノテーションプログラムを開発した。

既公開のPlant GARDEN・β版のユーザー意見を反映した改良を行い、2020年7月に正規版を公開した。正規版では特に、コンテンツを的確に認識し易いデザインに変更し、また、横断検索エンジンElasticsearchをPlant GARDENで利用するためのAPIを開発、実装した。

トップページ (https://plantgarden.jp)



掲載対象とする生物種の基準

ゲノム配列が染色体レベルにアセンブルされており、かつ遺伝子配列情報が付随しているものを中心に扱った。

主要なコンテンツ

	植物種数	件数
ゲノム	118	133
遺伝子	118	5,890,957
DNAマーカー	34	287,703
QTL: Quantitative Trait Locus	6	2,154
SRA: Sequence Read Archive	61	3,821

1.全植物種リスト (https://plantgarden.jp/ja/list/species)

トップページの「植物種からさがす」または「すべてをみる」ボタンをクリック



全植物種リスト (抜粋) 「和名」でソートした表示

植物種名を入力してさがす

頭文字に飛ぶ

学名 和名

学名 ↓	和名 ↓	科名 ↓
ラ <i>Arachis hypogaea</i>	ラッカセイ	マメ科
<i>Arachis duranensis</i>	ラッカセイ野生種 (duranensis種)	マメ科
<i>Arachis ipaensis</i>	ラッカセイ野生種 (ipaensis種)	マメ科
<i>Arachis monticola</i>	ラッカセイ野生種 (monticola種)	マメ科

行をクリックすると植物別のページへ

45科の作物やその野生系統

各植物種ページ (https://plantgarden.jp/ja/list/t3818)

TOP > 全植物種リスト > *Arachis hypogaea* > この種について

Arachis hypogaea (例: ラッカセイ)

この種について
 科目: Fabaceae マメ科
 属名: *Arachis* ラッカセイ属
 学名: *Arachis hypogaea*
 和名: ラッカセイ
 Taxonomy ID: 3818

① ゲノム配列をみる
 すべて

② 遺伝子をさがす
 すべて

③ 形質からさがす
 全て (9)
 ストレス耐性 (9)
 糖性 (0)
 収穫 (0)
 形態・成長 (0)
 品質・成分 (0)
 その他 (0)
 さがす

④ その他の検索
 BLAST 配列からさがす
 SNPs 変異をさがす

ラッカセイの
 各種コンテンツへの
 リンクボタン

リンク
 他の種類のデータ
 Pretome Xchange
 タンパク質

種に関連するDB
 LIS - Legume Information System
 PGR
 Kazusa Marker DataBase

PGDB
 植物のオルソログ・マーカー情報 ▶

リンク集 ▶

Twitter ▶

① 「ゲノム配列をみる」 をクリック

Arachis hypogaea **ゲノム配列情報**

配列名: Tifrunner.gnm1.KYV3

ゲノム配列の詳細

配列名	Tifrunner.gnm1.KYV3	系統名	cv. Tifrunner
配列数	384	染色体数	2n=40
配列長 (bp)	2,556,916,893	N50長 (bp)	135,150,084
シーケンシングの方法	PacBio	取得した配列量	48x
アセンブリ方法	MECAT v. 2017-07, Arrow v. 2017-07	推定ゲノムサイズ (Mb)	2,807
シーケンシングの方法のコメント		コメント	
論文 (DOIコード)	10.1038/s41588-019-0405-z	責任著者	David J. Bertioli (University of Georgia), Scott A. Jackson (ditto), Jeremy Schmutz (HudsonAlpha Institute of Biotechnology)
データソース名	PeanutBase	データソースURL	https://peanutbase.org/

遺伝子をさがす

キーワードを入力して検索

ゲノム配列を切り出す

染色体 / Scaffolds **特定領域の**

開始位置

終了位置 **切出し機能**

相補鎖を出力する

各植物種ページ (https://plantgarden.jp/ja/list/t3818) の

② 「遺伝子をさがす」 をクリック

詳細検索

Gene Ontology KO(KEGG Ontology) ゲノム配列名

abscisic acid binding:GO:0010427(68) ✕

abscisic acid biosynthetic process:GO:0009688(8) ✕

ここに選択したアイテムが
出ます

abscisic acid binding:GO:0010427(68)

abscisic acid biosynthetic process:GO:0009688(8)

abscisic acid metabolic process:GO:0009687(2)

abscisic acid-activated signaling pathway:GO:0009738(71)

acetate-CoA ligase activity:GO:0003987(2)

acetolactate synthase activity:GO:0003984(2)

acetolactate synthase regulator activity:GO:1990610(2)

acetyl-CoA biosynthetic process from pyruvate:GO:0006086(20)

acetyl-CoA carboxylase activity:GO:0003989(23)

acetyl-CoA carboxylase complex:GO:0009317(18)

acetyl-CoA:L-glutamate N-acetyltransferase activity:GO:0004042(9)

acetylglucosaminyltransferase activity:GO:0008375(93)

acetyltransferase activity:GO:0016407(2)

検索

オントロジーのTerm
(ターム)を利用した
遺伝子の検索機能

オントロジータームによる遺伝子の検索結果

検索結果

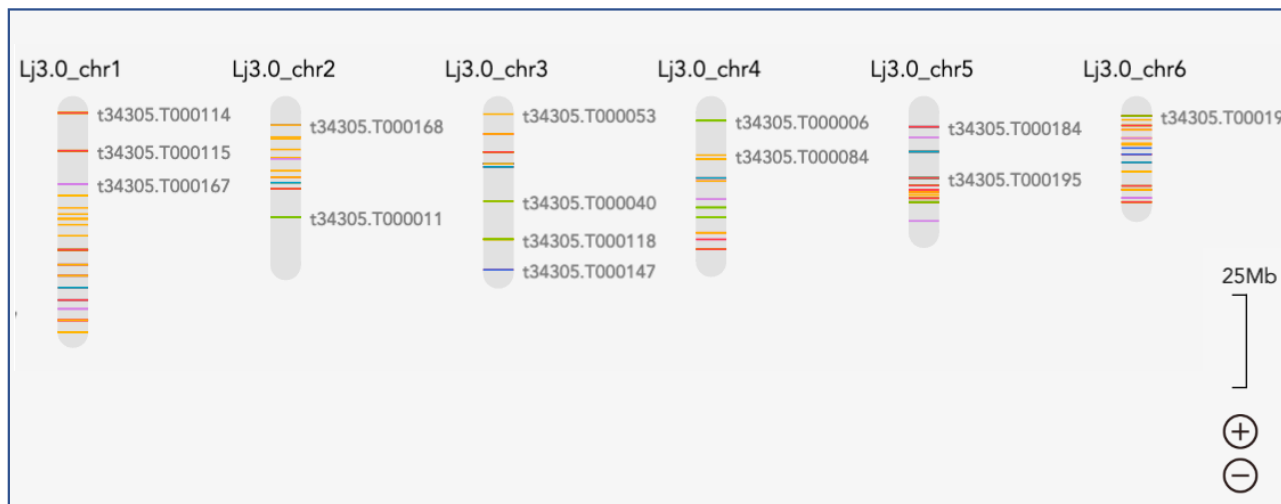
Excel CSV JSON

URL	name	ID	keywords
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.MHSG3V.2	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.A5JFP2.2	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.A5JFP2.1	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.A5JFP2.3	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.MHSG3V.1	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.H1IQ00.1	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.5ITW1B.1	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.5ITW1B.2	t3818.G001	Zeaxanthin epoxidase, chloroplastic
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.306WMH.1	t3818.G001	major allergen Pru ar 1-like
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.0DY23C.1	t3818.G001	major allergen Pru ar 1-like
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.WD2ETH.1	t3818.G001	MLP-like protein 423
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.GR2U56.1	t3818.G001	MLP-like protein 423
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.SKIU1M.1	t3818.G001	MLP-like protein 423
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.MDNW8J.1	t3818.G001	MLP-like protein 423
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.LHUD2K.1	t3818.G001	MLP-like protein 423
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.T78K8J.1	t3818.G001	major allergen Pru ar 1-like
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.SH86H7.1	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.K3284P.1	t3818.G001	major allergen Pru ar 1-like
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.IZV6R2.1	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.BF26J8.1	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.IZV6R2.2	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.GDAP1Y.1	t3818.G001	major allergen Pru ar 1-like
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.ICBT46.1	t3818.G001	major allergen Pru ar 1-like
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.T9G4II.1	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.A983I4.1	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein
/ja/list/t3818/genome/t3818.G001/araha...	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.BNMM5E.1	t3818.G001	Bet v I/Major latex protein

各植物種ページ (https://plantgarden.jp/ja/list/t34305) の

③ 「形質からさがす」 をクリック

(例：ミヤコグサ)



形質カテゴリ別の
 ・形質座の絞り込み
 ・地図上の色分け

1 ストレス耐性
 2 糖性
 3 収量
 4 形態/成長
 5 品質/成分
 6 その他

[形質詳細ページへ](#)

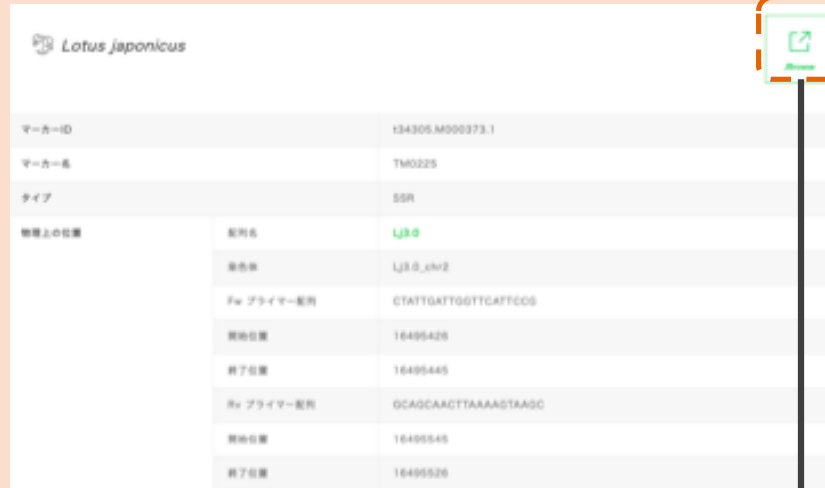
形質名 ↑	カテゴリ ↑	近傍マーカー 1	近傍マーカー 2	形質名 / 解析方法 / 解析集団名 / 解析集団のタイプ	その他の情報		形質座ID ↑
		配列名 ↑	近傍マーカー 1 ↑	染色体番号 ↑	開始位置 ↑	終了位置 ↑	
stem color	品質/成分	Lj3.0	TM0225	Lj3.0_chr2	16495426	16495545	t34305.T000140.1
stem color	品質/成分	Lj3.0	TM0225	Lj3.0_chr2	16495426	16495545	t34305.T000139.1

[マーカー詳細ページへ](#)



形質一覧ページからのマーカー詳細ページ

マーカー詳細ページ
(例：ミヤコグサの
stem colorに関連する
領域近傍に座乗する
マーカーTM0225)

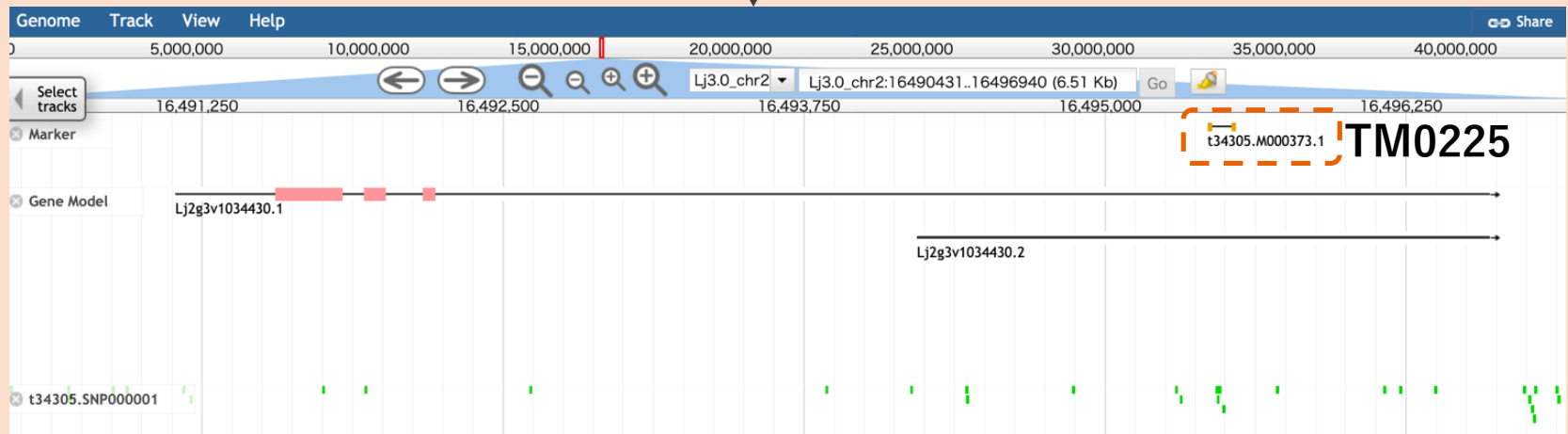


Lotus japonicus	
マーカーID	t34305.M000373.1
マーカー名	TM0225
タイプ	SSR
物理上の位置	染色体
	Lj3.0
	染色体
	Lj3.0_chr2
	5' プライマー配列
	CTATTGATTTGGTTCATTCDS
	開始位置
	16495426
	終了位置
	16495445
	3' プライマー配列
	GCAAGCAACTTAAAAATRAAGC
	開始位置
	16495545
	終了位置
	16495526

ゲノムブラウザ
JBrowseへのリンクボタン

周辺に位置する遺伝子や塩基多型
などを俯瞰できる

JBrowse表示画面



各植物種ページ (https://plantgarden.jp/ja/list/t3712) の




④ 「SNPs 変異をさがす」をクリック

👉 *Brassica oleracea* (例: キャベツ)

ID	集団名	解析個体 リスト	変異の 種類	参照配列	配列の種類	SNP数	データ作成者	ダウンロード			JBrowse
								表	Vcf file	SNP Viewer	
t3712.SNP000001	Brassica_oleracea_SRA_100_lines_20 191119		SNPs, I h/dels	BOL_v1.0	WGS	26,965,708	Plant GARDEN				

(例: キャベツ, カリフラワー, コールラビ) 同じ植物種で異なる作物 (= 表現形質が大きく異なる)

👉 *Brassica oleracea*

Bio Sample	配列名	Accession	gVCF ダウンロード	コメント
Badger Inbred	SRA476457	SRX2184910		Cabbage
BOL909	SRA476457	SRX2184913		Cauliflower
HRIGRU009617	SRA476457	SRX2184912		Kohlrabi

NCBIのSRAデータベースから公開データを収集してSNPを検出 (最大100件分/種)

Genomic Variant Call Format (gVCF) ファイルとしてダウンロード可能

→ 計算済みのデータとユーザーデータの比較が可能に。

2. 各植物種が保有するデータの一覧 (https://plantgarden.jp/ja/list)

トップページの「データ一覧」ボタンをクリック



(抜粋)

学名 ↓	和名 ↓	参照配列			
		ゲノム	連鎖地図/マーカー/ 変異/形質との関連	SRA (Sequence Read Archive)	タンパク (pep / aa)
 <i>Brassica oleracea</i>	ヤセイカンラン, キャベツ, チリメンキャベツ, ブロッコリー, ケール	●	●	●	●
 <i>Brassica rapa</i>	アブラナ, 在来ナタネ, ハクサイ, カブ, イエローサルソン, コウサイタイ, タイサイ, チンゲンサイ, アブラナ (<i>oleifera</i> 亜種), アブラナ (<i>campestris</i> 亜種)	●	●	●	●

タブの切替によりDNAマーカーやSRAデータの有無情報とリンクボタンを表示

まとめ

ユーザーが着目する形質に関連した遺伝子や領域のターゲット選択および育種の選抜に利用するマーカー候補の選択の効率化などを促進することを目指し、特に、形質や系統の情報に着目したデータの整備と生成を実施した。

また、それらの情報をユーザーが効率的に活用できるシステムを開発した。

今後、各種データコンテンツの格納と対象植物種の拡充を進める。

謝辞

本研究は、JST・NBDCのDatabase Integration Coordination Program (DICP)の支援を受けて実施しています。

