

○市原 寿子¹、平川 英樹¹、ジェルフィアンドレア¹、小原 光代¹、山田 学¹、白澤 沙知子¹、田村 卓郎²、
杉原 英志²、中村 保一¹、中谷 明弘³、田畑 哲之¹、磯部 祥子¹

1 (公財)かずさDNA研究所、2 筑波大・プレシジョンメディスン開発研究センター、3 東大・新領域創成科学

要旨

NGS技術の進歩に伴い、多様な植物種のゲノム配列が次々に決定されている。公開された配列データと複数の品種のリシークエンスデータを比較することによって、種内の多型やハプロタイプの解析ができ、その知見は植物科学や作物育種などの産業へ利用されている。その結果、多くの生物学者やバイオ産業の従事者が日常的にゲノム情報を閲覧、利用するようになった。植物のゲノム配列は、一つの種においても、品種やバージョンの異なるデータセットが複数公開されている。

Plant GARDEN (Genome And Resource Database Entry; <https://plantgarden.jp>) は、そうした多様で多数の植物種のゲノムデータを一元化し、誰でも目的の情報へ簡単にアクセスできることを目指して開発した植物ゲノムポータルサイトである。

主要コンテンツの掲載数（2021.9 現在）

データタイプ	生物種の数	データの数
Genome	134	169
Gene	126	8,136,812
DNA marker	34	313,115
Trait linked DNA marker (QTL)	24	8,255
SNPs and In/dels, detected in datasets from SRA	105	636,047,952

コンテンツの整理と表示システムの改良

1. 遺伝子の機能アノテーション情報
2. 文献からのキュレーション情報と検索システムの改良
 - ① 遺伝子機能に関するセンテンス情報
 - ② 形質、遺伝マーカー、連鎖地図の情報
 - ③ 遺伝子座と形質座を検索できるシステム
3. その他

ゲノム情報に染色体数情報に倍数性情報(例: $2n = 8x = 56$)を追加

1. 遺伝子の機能アノテーション情報

Hayai Annotation Zen ver.2による機能アノテーションを実施

KusakiDB	KusakiDB Accession	KUNI03425235
	KusakiDB バージョン	2
	参照DBにおける蛋白質/転写産物配列の有無	Yes
OrthoDB	DB間における配列の共通性	orthodb-refseq-uniprot
	DBのバージョン	10.1
	配列の説明	Terpene synthase, N-terminal domain
Functional annotation	Gene ID	3847_0006b4d
	Ortholog group unique ID	62841at33090
	出典元のDB	swissprot
	蛋白質名	Tricyclene synthase EBOS, chloroplastic
	Accession	Q672F7 詳細
	Uniprotアクセスに相応するRefseqアクセス	NA
	EC	4.2.3.105
	KEGG エントリー	NA
	KO ID	NA
	Pfam ID	PF03936,PF01397
	Pfam の詳細	詳細
	InterPro ID	IPR008930,IPR036965,IPR001906,IPR005630,IPR008949,IPR034741
	InterPro の詳細	詳細
	GO ID	GO:0009611,GO:0102701,GO:0010333,GO:0016114,GO:0006952,GO:0080027,GO:0009570,GO:0000287,GO:0034768
	GO の詳細	詳細
	GOslim ID	GO:0016829,GO:0043167,GO:0044419,GO:0050896,GO:0009536,GO:0044255
	GO slim の詳細	詳細
	Transcription Factor (TF) family	NA
	TF family の詳細	NA

KusakiDBに対する相同性検索の実施による機能推定
OrthoDB/UniProt/RefSeqの3つのDB情報が統合された
植物のタンパク質配列のオルソログデータベース

ID	Group/Domain	Name	Link
Source Annotation (2 items)			
Q672F7		Tricyclene synthase EBOS, chloroplastic	UniProt
4.2.3.105			BRENDA
OrthoDB (1 item)			
3847_0006b4d	62841at33090	Terpene synthase, N-terminal domain	OrthoDB
Pfam (2 items)			
PF03936		Terpene synthase family, metal binding domain	Pfam
PF01397		Terpene synthase, N-terminal domain	Pfam
InterPro (6 items)			
IPR008930		Terpenoid_cyclase/Pranylase	InterPro
IPR036965		Terpene synthase, N-terminal domain	InterPro
IPR001906		Terpene synthase, N-terminal domain	InterPro
IPR005630		Terpene synthase, metal-binding domain	InterPro
IPR008949		Terpenoid synthase, domain of	InterPro
IPR034741		Terpene cyclase-like, 1_C	InterPro
Gene ontology (9 items)			
GO:0009611	BP	response to wounding	QuickGO
GO:0102701	MF	tricyclene synthase activity	QuickGO
GO:0010333	MF	terpene synthase activity	QuickGO
GO:0016114	BP	terpenoid biosynthetic process	QuickGO
GO:0006952	BP	defense response	QuickGO
GO:0080027	BP	response to herbivore	QuickGO
GO:0009570	CC	chloroplast stroma	QuickGO
GO:0000287	MF	magnesium ion binding	QuickGO
GO:0034768	MF	(E) beta-sitene synthase activity	QuickGO
GO slim (6 items)			
GO:0016829	MF	lyase activity	QuickGO
GO:0043167	MF	ion binding	QuickGO
GO:0044419	BP	interspecies interaction between organisms	QuickGO
GO:0050896	BP	response to stimulus	QuickGO
GO:0009536	CC	plastid	QuickGO
GO:0044255	BP	cellular lipid metabolic process	QuickGO

参照DBエントリの詳細情報とリンク

KEGG, Pfam, InterPro, GO, GOslim

Plant Transcription Factor Database v5の情報

遺伝子の機能アノテーション情報ページの変更前後の違い

Brassica oleracea

配列名: B.oleracea_v1.0.chromosomes

遺伝子配列の詳細

物理上の位置	遺伝子名	CDS	BOID
		PEP	BOID22761
ゲノム配列上の位置		Chromosome	C07
		Start Position	7226852
		End Position	7230434

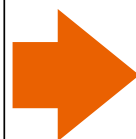
アノテーション情報 (Hayai Annotation ZEN)

データベース	ID	説明
PFAM	PF00059	dual-specificity kinase
InterPro	IPRO08271,IPRO00719,IPRO11009	
Protein Database (NCBI)	Uncharacterized protein	
Gene Ontology	Database source	UniProt
Best hit taxonomy	Database source	UniProt
	Species	Brassica oleracea var. oleracea
	Family	Brassicaceae
	Phylum	Streptophyta
	Superkingdom	Eukaryota

Annotation Details

ID	Group/Domain	Name	Link
Source Annotation (2 items)			
K04293		protein kinase domain-containing protein	UniProt
K04297		dual-specificity kinase	NCBI
OrthoDB (1 item)			
2711_0_000875	072024833090	serine/threonine-protein kinase, active site	OrthoDB(SB)
Pfam (1 item)			
PF00059		kinase	Pfam
InterPro (3 items)			
IPRO08271		Ser/Thr_kinase_AS	InterPro
IPRO00719		Prot_kinase_dom	InterPro
IPRO11009		kinase-like_dom_sf	InterPro

2021.05版



Lotus japonicus

Sequence Name: LJ3.0

Detail of the Gene Sequence

Position on the Genome	Gene Name	CDS	Ljchlorog3v00
		PEP	Ljchlorog3v00
Position on the Genome		Chromosome	LJ3.0_chrC
		Start Position	74875
		End Position	75281
		Strand	+

Annotation (Hayai Annotation ZEN)

データベース	ID	説明
KusakiDB	KusakiDB Accession KUN101842145	
	KusakiDB version	2
	Evidence is present	Yes
	Databases intersection (the sequence exists in multiple databases)	orthodb-refseq
OrthoDB	Database version	10.1
	Description	Cytochrome b6
	Gene ID	42345_0.0064c2
	Ortholog group unique ID	187113a33090
Functional annotation	Source DB	trembl
	Protein name	Cytochrome b6
	Accession	AA155RW41
	CrossRef Refseq from UniProt	NA
	EC	NA
	KEGG entry	NA
	KQ ID	NA
	Pfam ID	PF00032
	Pfam Description	
	InterPro ID	IPRO05870,IPRO00719,IPRO11009
	InterPro Description	
	GO ID	GO:0016021,GO:0005936,GO:0005979
	GO Description	

Annotation Details

ID	Group/Domain	Name	Link
Source Annotation (1 item)			
AA155RW41		Cytochrome b6-f complex subunit 4	UniProt
OrthoDB (1 item)			
42345_0.0064c2	187113a33090	Cytochrome b6/f, C-terminal	OrthoDB(SB)
Pfam (1 item)			
PF00032		Cytochrome b6/f, C-terminal	Pfam
InterPro (3 items)			
IPRO05870		Cyt.b6/f_cplx_suV	InterPro(EB)
IPRO00719		Cytochrome b6/f, C-terminal	InterPro(EB)
IPRO11009		Cyt.b6/f, C-af	InterPro(EB)
Gene ontology (5 items)			
GO:0016021	CC	integral component of membrane	QuickGO(EB)
GO:0005936	MF	electron transporter, transferring electrons within cytochrome b6/f complex of photosystem II activity	QuickGO(EB)
GO:0005979	CC	chloroplast thylakoid membrane	QuickGO(EB)
GO:0005936	BP	photosynthetic electron transport chain	QuickGO(EB)
GO:0005979	MF	electron transporter, transferring electrons within the cyclic electron transport pathway of photosynthesis	QuickGO(EB)
GO slim (6 items)			
GO:0022900	BP	electron transport chain	QuickGO(EB)
GO:0016020	CC	membrane	QuickGO(EB)
GO:0015979	BP	photosynthesis	QuickGO(EB)
GO:0009055	MF	electron transfer activity	QuickGO(EB)
GO:0009536	CC	plastid	QuickGO(EB)
GO:0009579	CC	thylakoid	QuickGO(EB)

2021.09版

- 変更後：UniprotとRefSeqの両方で相同性検索を実施。
変更前：UniprotでhitがあったらRefSeqは参照しない仕様だった(Uniprot or RefSeq)
- 変更後：外部DBとして、GOslim, Plant Transcription Factor DB ver.5を追加
変更前：OrthoDB, Uniprot, RefSeq, Pfam, InterPro, GO, KEGG

2. 文献からのキュレーション情報と検索システムの改良

- ① 遺伝子機能に関するセンテンス情報
- ② 形質、遺伝マーカー、連鎖地図の情報
- ③ 遺伝子座と形質座を検索できるシステム

Plant GARDENで扱う 2 種類の遺伝子機能情報について

1. Hayai-annotationによって機能推定された遺伝子機能情報のセット

一般的に、ゲノムデータの作成者によってアノテーションの条件が異なることを考慮し、Plant GARDENでは掲載している全植物ゲノム間で条件を統一して再アノテーションを実施している。これらは、配列類似性に基づいて推定された機能情報が付加される。

→ **遺伝子機能を検索するシステムのコンテンツ**

例) <https://plantgarden.jp/ja/list/t34305/genome/t34305.G002/Ljchlorog3v0010790.1>

2. 文献からのセンテンスキュレーションにより構築された遺伝子機能情報のセット

着目する形質や機能に関与する遺伝子名-遺伝子ID-塩基配列の情報を文献から収集し、遺伝子機能と遺伝子の実体を関連づけることを目的としたデータセット。既知遺伝子の新規機能を見つける手がかりとなることも期待される。

→ **遺伝子座と形質座を検索するシステムのコンテンツ**

2. 文献からのキュレーション情報

- 形質、遺伝マーカー、連鎖地図の情報の掲載文献

Species	Linkage map	Marker	Trait
Brassica napus	8	35	41
Cannabis sativa	1	3	1
Capsicum annuum	4	15	6
Chrysanthemum morifolium	0	7	5
Fragaria x ananassa	4	14	7
Gossypium hirsutum	30	92	82
Jatropha curcas	3	8	4
Malus x domestica	0	8	6
Phoenix dactylifera	1	13	0
Phyllostachys heterocycla	0	1	0
Populus trichocarpa	0	2	3
Prunus persica	0	9	0
Raphanus sativus	1	2	1
Ricinus communis	0	1	0
Setaria italica	3	6	6
Solanum lycopersicum	3	20	15
Solanum melongena	1	3	4
Solanum tuberosum	2	11	10
Spinacia oleracea	2	9	6
Theobroma cacao	1	12	4
Trifolium repens	5	9	2
Vicia faba	1	5	5
Vitis vinifera	2	13	4
Lotus japonicus	3	15	5
合計	24種	75 報	313 報

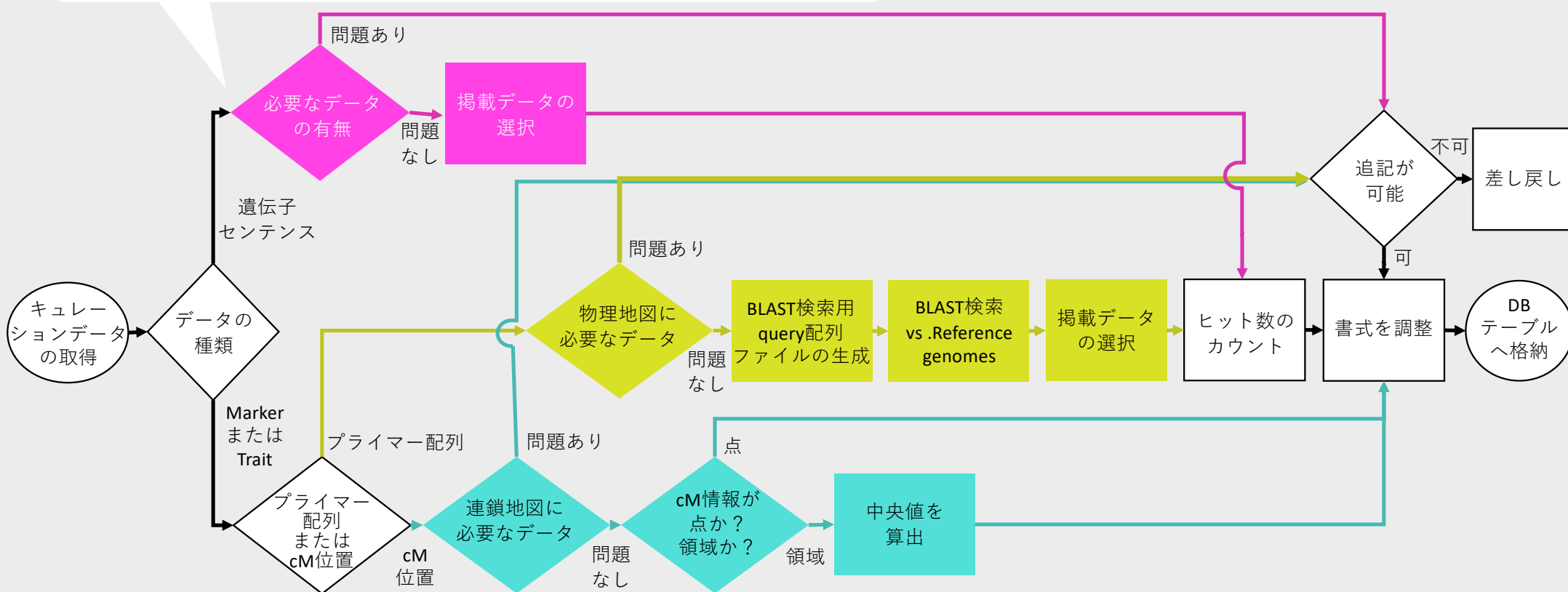
未着手

Species	Linkage map	Marker	Trait
Allium cepa	3	5	1
Allium fistulosum	1	1	2
Beta vulgaris	1	4	2
Brachypodium distachyon	5	5	4
Brassica oleracea	1	7	3
Brassica rapa	4	13	5
Cajanus cajan	6	14	6
Camellia sinensis	3	11	2
Carica papaya	3	7	0
Cicer arietinum	13	40	27
Citrullus lanatus	19	25	19
Citrus sinensis	5	1	0
Citrus unshiu	0	2	0
Cucumis melo	0	12	7
Cucumis sativus	0	8	3
Elaeis guineensis	1	7	7
Eucalyptus camaldulensis	0	3	0
Eucalyptus globulus	1	10	7
Fragaria vesca	0	5	2
Ipomoea batatas	3	6	3
Lactuca sativa	1	4	5
Manihot esculenta	5	21	9
Medicago truncatula	0	7	2
Musa acuminata	0	3	1
Picea abies	0	2	0
Picea glauca	0	4	1
Pinus taeda	2	3	1
Prunus mume	0	1	9
Pyrus communis	2	4	3
Pyrus pyrifolia	0	3	2
Sesamum indicum	4	11	5
Trifolium pratense	2	4	1
合計	32 種	85 報	253 報

進行中 または 実施済み

キュレーションデータのDB格納スキーマ

遺伝子センテンスのデータセットについては、この段階で既にゲノム上のポジションはアサイン済み



キュレーション情報の内容とMySQLのテーブル設計

Webページテーブル上の表示		備考	MySQL		
詳細ページ上の項目名(日)	実例		テーブルカラム名	変数型	制約など
座ID	t3747.T000002		locus_id	varchar(32)	NOT NULL, PRIMARY KEY
データタイプ	Gene	"Gene"か"Marker"の文字列を格納。データ数はマーカーの方が多いので、デフォルト値を"Marker"とする。	gene_or_marker	varchar(32)	NOT NULL DEFAULT 'Marker'
遺伝子名	FaOMT, flavour O-methyltransferase		gene_name	varchar(128)	NOT NULL DEFAULT 'NA'
遺伝子ID	FANhyb_rscf00000219.1.g00012.1	Plant GARDENのgene pageに表示されているMySQLテーブル"gene"の"gene_id"に対応	gene_id	varchar(50)	KEY
遺伝子アクセス番号	AF220491(genbank)	括弧付で由来するDB名を入れる	source_accession	varchar(50)	
形質座名			locus_name	varchar(64)	
形質カテゴリ	[5]品質/成分	複数のカテゴリを保有する場合、カンマ区切りでカテゴリ番号をカラムに格納。未分類のものが含まれるので、デフォルト値をOtherに対応する6とする	category_id	tinyint(1)	NOT NULL DEFAULT '6' COMMENT '6:others'
形質名 / 機能情報	FaOMT, flavour O-methyltransferase		trait_detail	varchar(256)	
オントロジーID	GO:0005694/chromosome, PO:0009001/fruit, TO:0000087/aroma	センテンスから抽出、無い場合にZooaを利用	ontology_id	varchar(256)	KEY
解析方法	QTL analysis, GWASなど		method	varchar(32)	
解析集団名 / 系統名	解析集団の例: Miyakojima MG-20 x Gifu 8-129, 系統の例: Matsukawa	連鎖地図名に相当。地図ビューアのセレクトに表示される文字列と同じ。同じ集団で論文(解析ロット)が異なる場合は、番号を追記して区別できるようにする。	population_name	varchar(256)	NOT NULL, KEY
解析集団のタイプ	RIL		population_type	varchar(64)	
座の位置(論文記載の情報)	配列名	U2.5	curated_seq_name	varchar(64)	
	染色体番号	chr1 やCse_sc022864.1など	curated_chr	varchar(64)	
	開始位置 (bp)	217113	curated_start_pos	int(13)	
	終了位置 (bp)	217274	curated_end_pos	int(13)	
	連鎖群番号	chr1	linkage_group_name	varchar(128)	
	推定位置 (cM)	0.0	estimated_pos (以前: target_position_on_linkage_map)	float	
	最大LOD値	5.42	lod	varchar(32)	
	p値	NA	p_value	varchar(16)	
	配列名	FANhybrid_r1.2	target_name	varchar(128)	NOT NULL DEFAULT 'NA'
	詳細ページでは非表示		gene_id または marker_id_1	varchar(32)	
遺伝子/近傍マーカーの位置(PlantGARDENで実施したRAST検索結果)	遺伝子名または近傍マーカー名 1	遺伝子の例: "FaOMT, flavour O-methyltransferase" や "CsFL13, Chrysanthemum seticuspe FLOWERING LOCUS T 3" Marker の例: TM0008	F7セルに表示されるデータタイプ"gene_or_marker"によって、F29カラムの中身が変わる。"Gene"ならば"gene_name", "Marker"ならば"marker_name_1"を入れる。データタイプが遺伝子の場合、F8セルと重複するが、遺伝子名は重要なので上部での表示と重複しても問題ない。	gene_name または marker_name_1	varchar(50)
	染色体番号	FANhyb_rscf00000219.1	chr_1	varchar(32)	
	Fw プライマー配列	CGGAGCAGGAATTGAAGCC	fwd_primer1_seq	varchar(64)	
	Rv プライマー配列	GCATCCAAATCCAACTAAGCC	rev_primer1_seq	varchar(64)	
	開始位置 (bp)	50071	target_1_start_pos	int(13)	
	終了位置 (bp)	50212	target_1_end_pos	int(13)	
	詳細ページでは非表示		marker_gene_id_2	varchar(32)	
	近傍マーカー名 2		marker_name_2	varchar(32)	
	染色体番号		chr_2	varchar(32)	
	Fw プライマー配列		fwd_primer2_seq	varchar(64)	
	Rv プライマー配列		rev_primer2_seq	varchar(64)	
	開始位置 (bp)		target_2_start_pos	int(13)	
	終了位置 (bp)		target_2_end_pos	int(13)	
	Blast ヒット数	1	blast_hit	int	
文献	10.1104/pp.18.00598	センテンスキュレーションではPMIDで収集。NCBIのコンバーター(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/pmcotopmid/)が利用可能	reference_doi	varchar(128)	
センテンス	FaOMT repression also affected the ratio of feruloyl 1-O-beta-D-glucose and caffeoyl 1-O-beta-D-glucose, indicating a dual function of the enzyme in plants.[PMID:16798852][Chemical:815FaOMT][Species:870(O-beta)[95145(E)gbvrt]-[Eukaryota][Chordata][Actinopteri][Batrachoidiformes][Batrachoididae][Opsanus][Opsanus beta)[902(O-beta)[95145(E)gbvrt]-[Eukaryota][Chordata][Actinopteri][Batrachoidiformes][Batrachoididae][Opsanus][Opsanus beta)]/it.is		curated_sentence	text	
コメント			comments	text	

キュレーション情報のWeb上の詳細ページ表示

形質座ID	t34305.T000003	
形質座名	SL	
形質名	Stem length	
形質カテゴリ	[4]形態/成長; [6]その他	
解析方法	QTL analysis	
解析集団名 / 系統名	解析集団の例: Miyakojima MG-20 x Gifu B-129 系統の例: Mutsukawa	
解析集団のタイプ	RIL	
物理地図上の位置	配列名	Lj3.0
	近傍マーカー 1	TM0088
	染色体番号	Lj3.0_chr1
	開始位置 (bp)	217113
	終了位置 (bp)	217274
	近傍マーカー 2	NA
	染色体番号	NA
	開始位置	0
連鎖地図上の位置	連鎖番号	chr1
	推定位置 (cM)	0
	最大LOD値	5.42
	p値	NA
文献	10.1007/s10265-011-0459-1	
コメント	analysis of symbiotic nitrogen fixation activity.	

2021.09版

項目の追加/削除
名称の変更

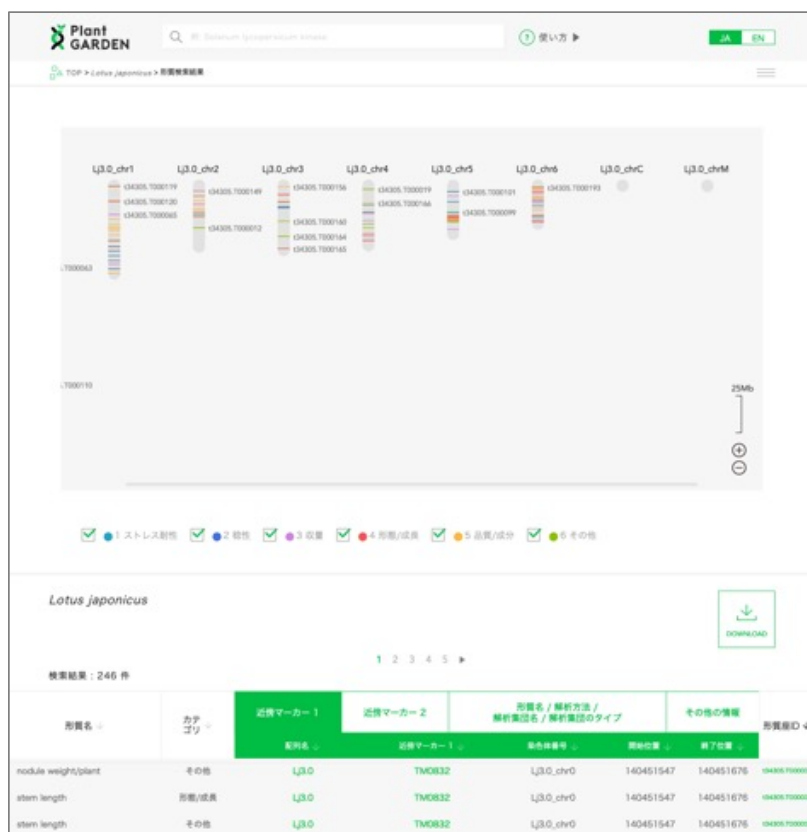
座ID	t3747.T000002	
データタイプ	Gene	
遺伝子名	FaOMT, flavour O-methyltransferase	
遺伝子ID	FANhyb_rscf00000219.1.g00012.1	
遺伝子アクセッション番号	AF220491[genbank]	
形質座名		
形質カテゴリ	[5]品質/成分	
形質名 / 機能情報	FaOMT, flavour O-methyltransferase	
オントロジーID	GO:0005694/chromosome, PO:0009001/fruit, TO:0000087/aroma	
解析方法	QTL analysis, GWASなど	
解析集団名 / 系統名	解析集団の例: Miyakojima MG-20 x Gifu B-129, 系統の例: Mutsukawa	
解析集団のタイプ	RIL	
座の位置 (論文記載の情報)	配列名	Lj2.5
	染色体番号	chr1 4Cse_sc022864.1など
	開始位置 (bp)	217113
	終了位置 (bp)	217274
	連鎖群番号	chr1
	推定位置 (cM)	0.0
	最大LOD値	5.42
	p値	NA
	配列名	FANhybrid_r1.2
	詳細ページでは非表示	
	遺伝子の例: "FaOMT, flavour O-methyltransferase" や "CaLIT3, Chrysanthemum seticusus FLOWERING LOCUS T 3"	
	連鎖子名または近傍マーカー名 1	Markerの例: TM0088
	染色体番号	FANhyb_rscf00000219.1
	Fw プライマー配列	CGGAGCAGGAATTGAGGCC
遺伝子/近傍マーカーの位置 (PlantGARDENで実施したBLAST検索結果)	Rv プライマー配列	GCATCCAAATCCAACTAAGCC
	開始位置 (bp)	50071
	終了位置 (bp)	50212
	詳細ページでは非表示	
	近傍マーカー名 2	
	染色体番号	
	Fw プライマー配列	
	Rv プライマー配列	
	開始位置 (bp)	
	終了位置 (bp)	
	Blastヒット数	1
文献	10.1104/pp.18.00598	
センテンス	FaOMT repression also affected the ratio of feruloyl 1-O-beta-D-glucose and caffeoyl 1-O-beta-D-glucose, indicating a dual function of the enzyme in planta.[PMID:16798852][Chemical:815(FaOMT)][Species:870(O-beta)[95145][Eigbvtl]-[Eukaryota][Chordata][Actinoptera][Batrachoidiformes][Batrachoididae][Opsanus][Opsanus beta][902(O-beta)[95145][Eigbvtl]-[Eukaryota][Chordata][Actinoptera][Batrachoidiformes][Batrachoididae][Opsanus][Opsanus beta]]/It is	
コメント		

新規版

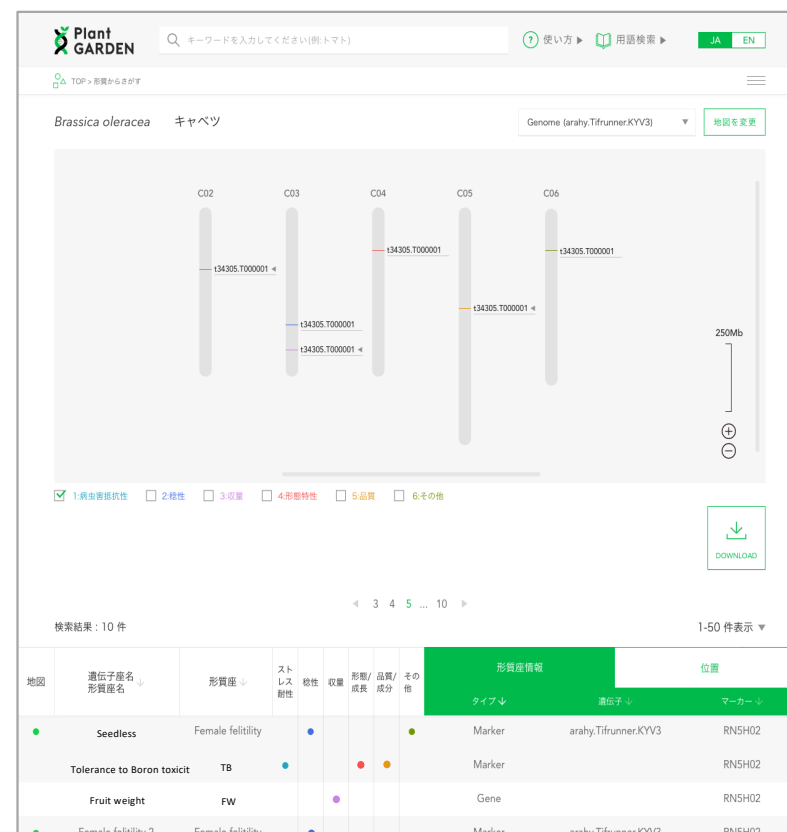
形質検索 → 遺伝子座と形質座を検索できるシステム

形質連鎖マーカーの情報
遺伝子の情報(センテンスキュレーション)

同一の表示システムで管理できるように変更
(表示系と提示内容を変更)

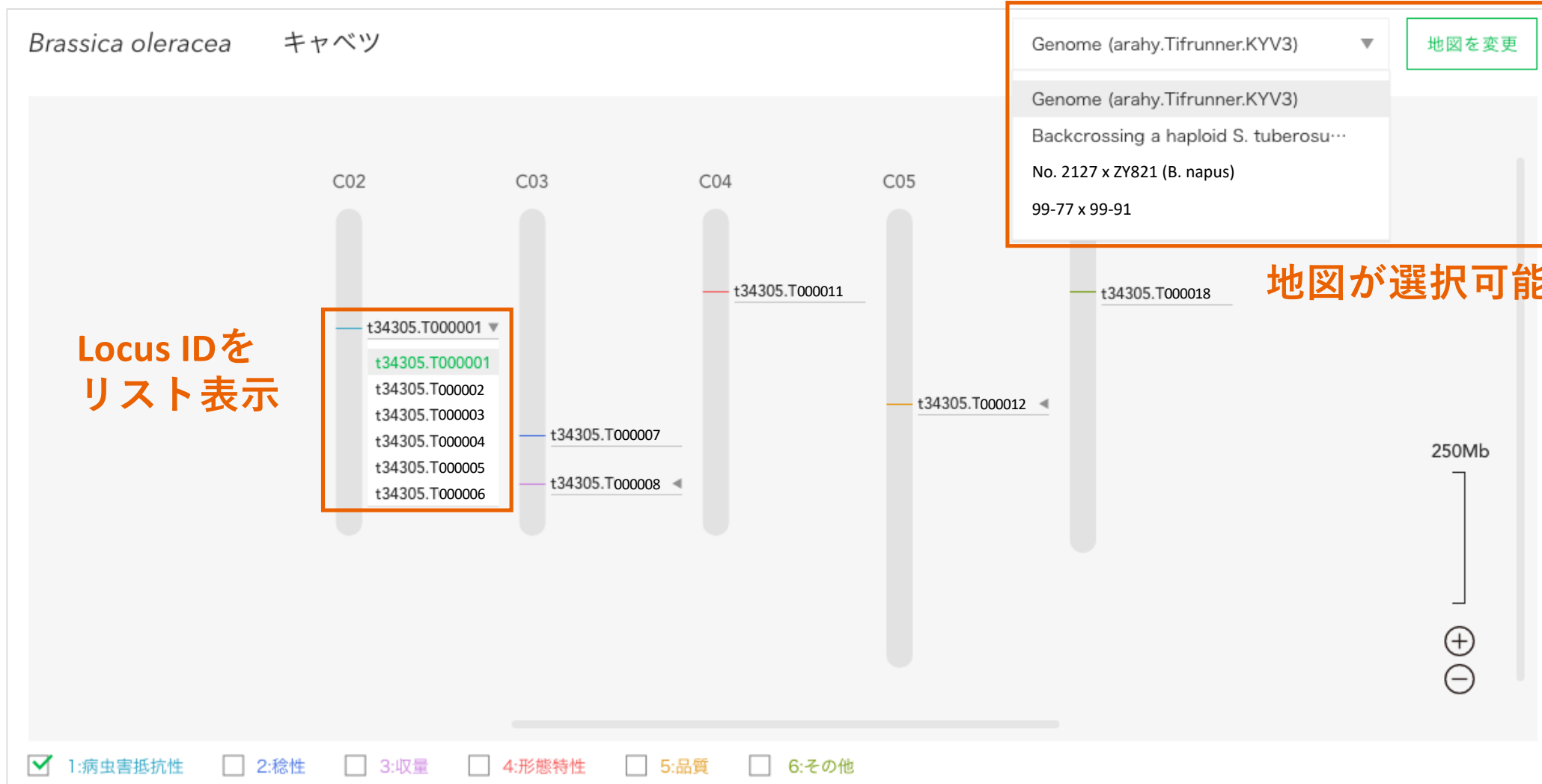


2021.09版



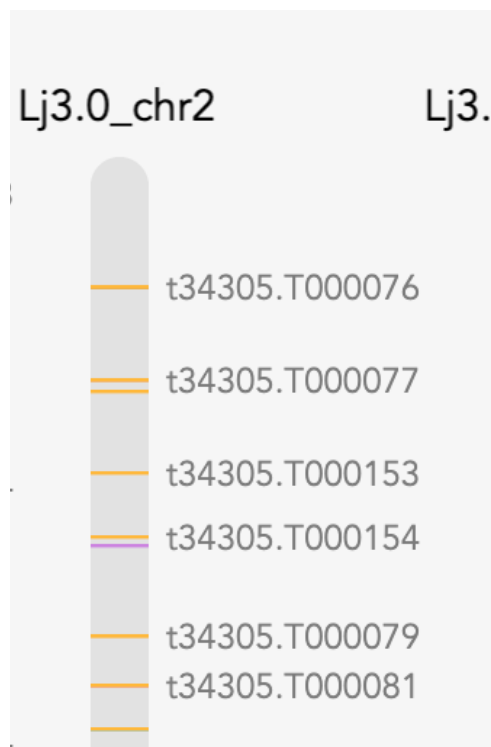
新規版

地図ビューア



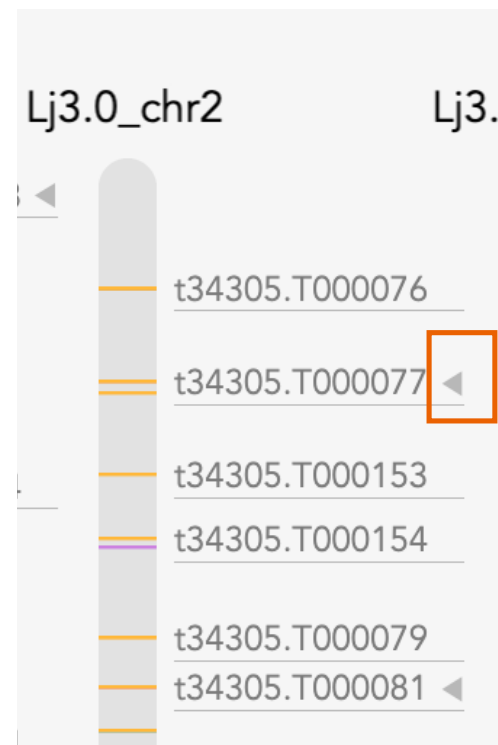
地図ビューアのLocus IDリスト

変更前



視認性を重視して近接する
Locus IDは非表示

変更後



非表示となっているLocus情報の
存在を明示する**マーク**を追加
→クリックによって全表示

Locusテーブル

検索結果：10 件										1-50 件表示 ▼		
地図	遺伝子座名 形質座名 ↓	形質座 ↓	スト レス 耐性	稈性	収量	形態/ 成長	品質/ 成分	その他	形質座情報		位置	
									タイプ ↓	遺伝子 ↓	マーカー ↓	
●	Seedless	Female felility		●				●	Marker	arahy.Tifrunner.KYV3	RN5H01	
	Tolerance to Boron toxicity	TB	●			●	●		Marker		RN5H02	
	Fruit weight	FW			●				Marker		RN5H03	
●	Female felility 2	Female felility		●		●			Marker	arahy.Tifrunner.KYV3	RN5H04	

情報タブを2種類に簡素化
「形質座情報」と「位置情報」

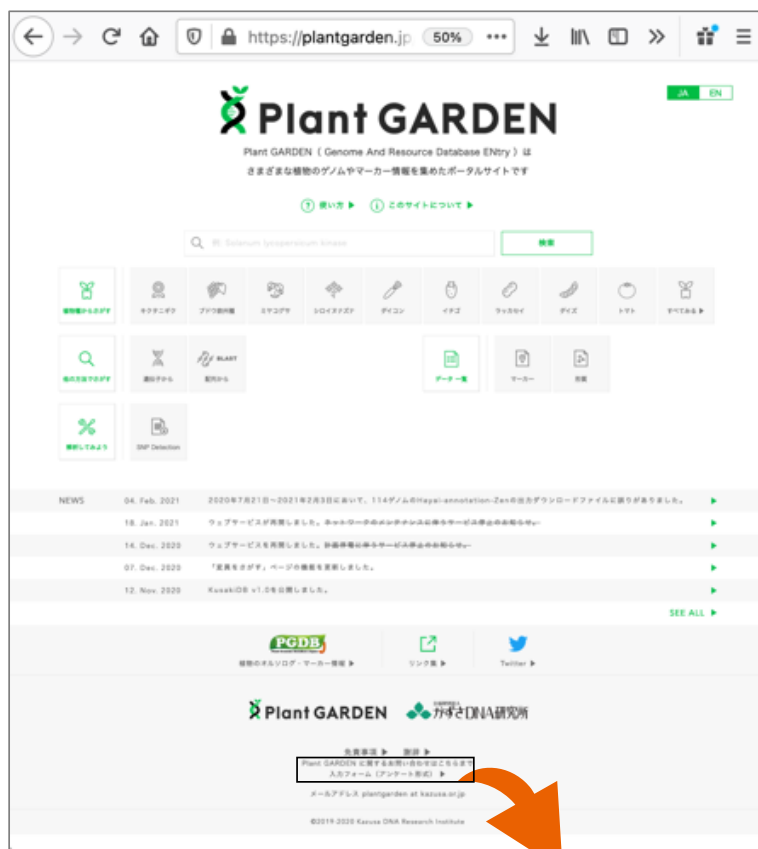
検索結果：10 件										1-50 件表示 ▼			
地図	遺伝子座名 形質座名 ↓	形質座 ↓	スト レス 耐性	稈性	収量	形態/ 成長	品質/ 成分	その他	形質座情報		位置		
									配列名 ↓	染色体番号 ↓	開始位置 ↓	終了位置 ↓	
●	Seedless	Female felility		●				●	arahy.Tifrunner.KYV3	NA	38743828	38743967	
	Tolerance to Boron toxicity	TB	●			●	●		arahy.Tifrunner.KYV3	NA	38827040	38827195	
	Fruit weight	FW			●				arahy.Tifrunner.KYV3	NA	-	-	
●	Female felility 2	Female felility		●		●			arahy.Tifrunner.KYV3	NA	38743828	38743967	

情報タブを2種類に簡素化
「形質座情報」と「位置情報」

1 locusの形質カテゴリを1行に集約（2021.8版は複数行にわたって表示）

ユーザーからのご意見

アンケートページの設置とページを介してのご連絡



Plant GARDEN に関するお問い合わせはこちらまで
入力フォーム（アンケート形式）▶

- 機能の不備についてのお知らせ
- 掲載を希望する植物種や系統、データの種類についてのご連絡
- ゲノム配列の解析後にPlant GARDENでの掲載のご希望

等々

まとめ

- データの更新と追加を実施した。
- 既存コンテンツをより実用的にするための情報整理と表示変更の準備を実施した。現在未公開のものについては、近日中の公開予定である。
- 分業化を含めた効率化を目的とした作業スキーマを作成した。
- アンケートページ設置後、ユーザーからのご意見を頂きやすくなった。

謝辞

■ DNA マーカー ・ QTL のキュレーション

文屋 慧亮

Nyok Sean Lau

嶋本 育泰

- 本研究は、JST・NBDCの統合化推進プログラムDatabase Integration Coordination Program (DICP)の支援を受けて実施しています。