15

https://plantgarden.jp

植物ゲノム情報ポータルサイト「Plant GARDEN」の改訂（2022年度・第２四半期版）

○市原 寿子[1], 平川 英樹[1], 山田 学[1], 小原 光代[1], 山下 サマッチャヤー[1],
白澤 沙知子[1], 戸田 陽介[1], 中村 保一[1,2], 七夕 高也[1], 田畑 哲之[1], 磯部 祥子[1]

1.（公財）かずさDNA研究所、 2. 国立遺伝学研究所

要旨

近年、多数の植物種のゲノム配列が次々に決定され、また、**一つの植物種でも品種やアセンブリバージョンが異なる多数のゲノム**が公開されている。**Plant GARDEN**（Genome And Resource Database Entry；**https://plantgarden.jp**）は、多数の研究機関から公開されている多種の**ゲノムデータを一元化**し、目的の情報へ簡単にアクセスできるように開発された植物ゲノムポータルサイトである。

提供しているコンテンツは、**ゲノム**、**遺伝子の配列**情報、文献からキュレーションされた**DNAマーカー**、**QTL**、**連鎖地図**、**遺伝子機能センテンス**の情報、SRAデータから算出された**塩基多型**の情報、及び、これらを用いて**ユーザーが保有する情報を解析するためのツール**である。

文献に由来するコンテンツの効率的な更新、拡充のため、キュレーション情報の共有に際し、担当者間の記述表現の揺らぎやミスを最小限に抑えるためのデータ入力システムを構築した。また、これまでのパソコン用に加え、タブレット端末からのアクセスに適した**タブレット端末用インターフェース**を開発し、2022年5月に公開した。本発表では、これらをはじめとした開発状況を紹介する。

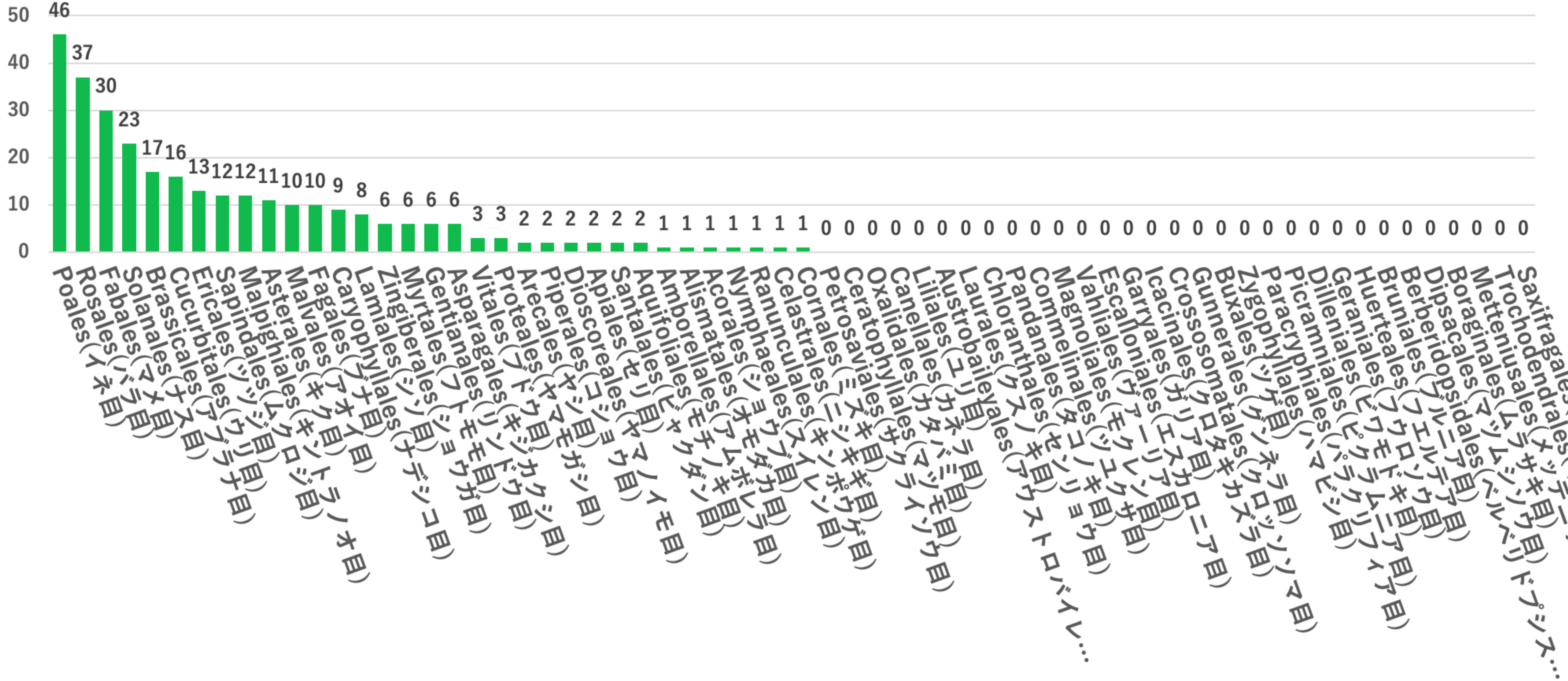
格納されている植物種(他)の種類と数

	Order (目)/件	Species (種)/件
被子植物	33	303
裸子植物	≧3	11
シダ植物	2	2
ゼニゴケ植物	1	1
マゴケ植物	3	4
緑藻植物	5	8
紅藻植物	2	2
キノコ(担子菌門)	1	1

- **裸子植物のマツ綱に属する種に、目名候補が複数ある等不明なものがあった。**
- **Plant GARDENの中で裸子植物に属する綱は３つ→その下の目は３つ以上**
- **キノコは植物ではないが、Plant GARDENから公開**

格納されている被子植物の種類と数

被子植物の全64目・全416科(APG IV分類体系)の33目85科303種をカバー

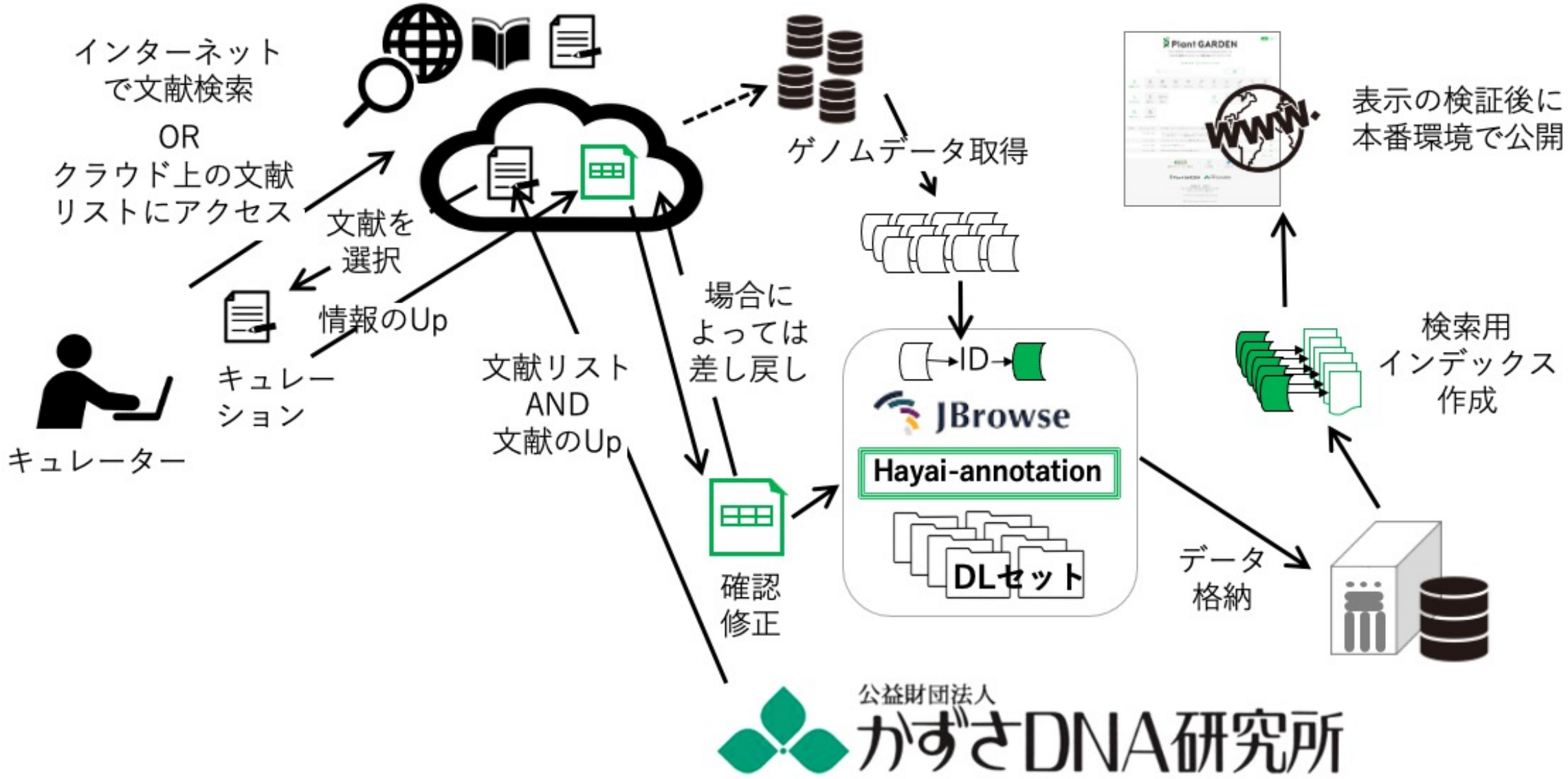


主要コンテンツの公開数（2022.9月現在）

データタイプ	生物種数	データ件数
ゲノム	184	236
遺伝子配列	160	10,948,303
VCF (Variant Call Format) ファイル	106	107
gVCF (Genomic Variant Call Format)ファイル	106	5,981
DNA マーカー	61	373,596
形質連鎖 DNA マーカー (QTL)	28	8,255

- かずさDNA研で解読されたもの
- ユーザーが解析し、掲載依頼のあったもの
- ユーザーから掲載要望のあったもの

キュレーションコンテンツが公開されるまでの流れ



キュレーション体制

メンバー構成

かずさメンバー（４名）
外部キュレーター（10名）

対象情報

DNAマーカー、QTL、遺伝子、連鎖地図
ゲノム情報

現在までの対象種

３３２生物種

着手済み論文数／収集済み論文数

1,１２０件／2,２４４件

キュレーションデータDB登録時の問題点と対策

データベース格納時のUNIX処理でトラブルの原因となる文字やコードの存在

- pdfファイルからのコピー&ペースト操作での文字化け
- pdfファイル由来のテーブルに含まれるセル内の改行文字
- 不適切な空白文字
- スプレッドシート→エクセル→テキスト変換の過程で挿入される文字コード

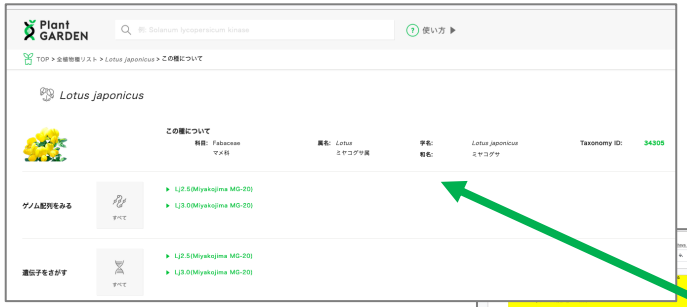
データ入力時の表記ゆらぎ

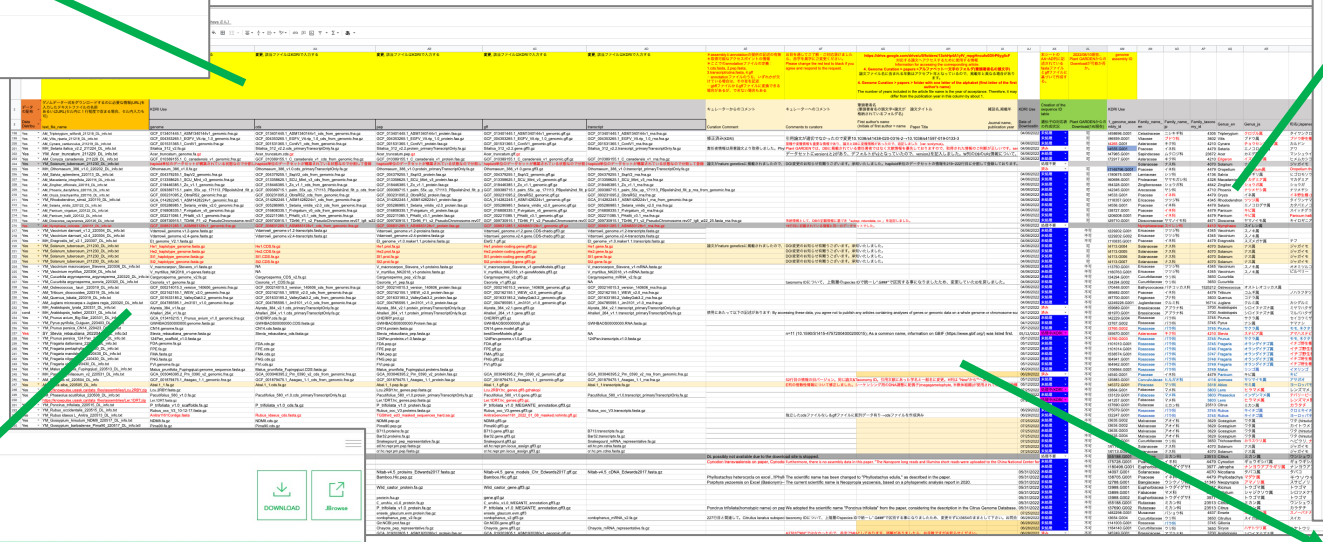
- ルールを決めていても、間違えてしまうことがある

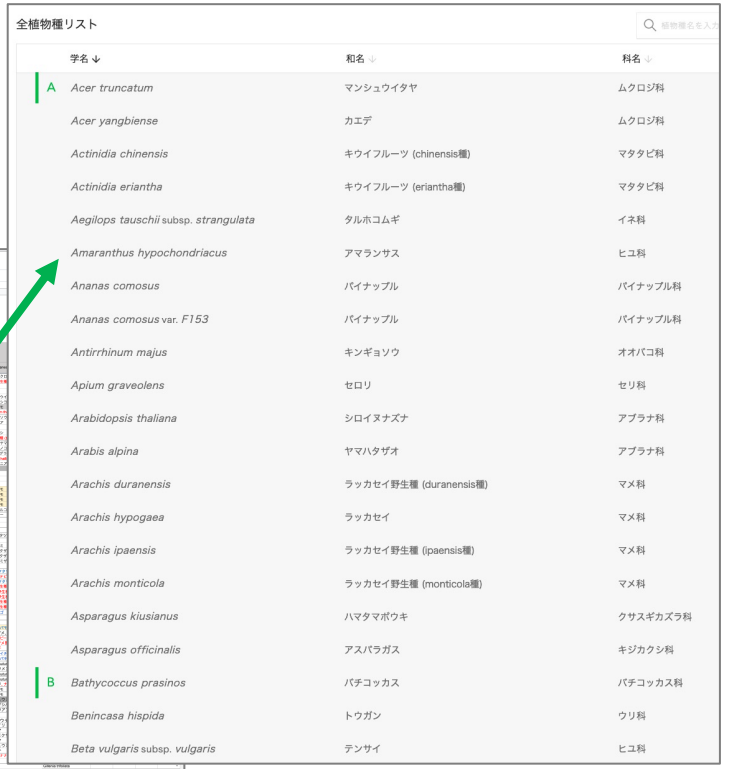
キュレーションデータの入力システムを開発

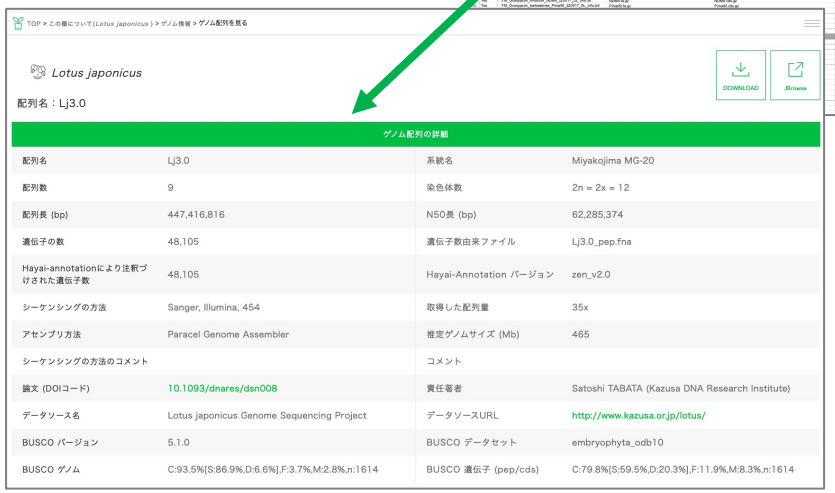
- Webブラウザを介して、指定したフォームへ情報を入力→クラウドDBへ格納
- 不正文字の一部を自動修正する。
- 問題のある入力に対して、受け付けずにエラーメッセージを出し、修正を促す。
- 途中のステップを減らし、不正文字が挿入される機会を下げる。
- 選択肢の設定により、表記揺らぎの頻度を下げる。

キュレーションデータが反映されるページの例



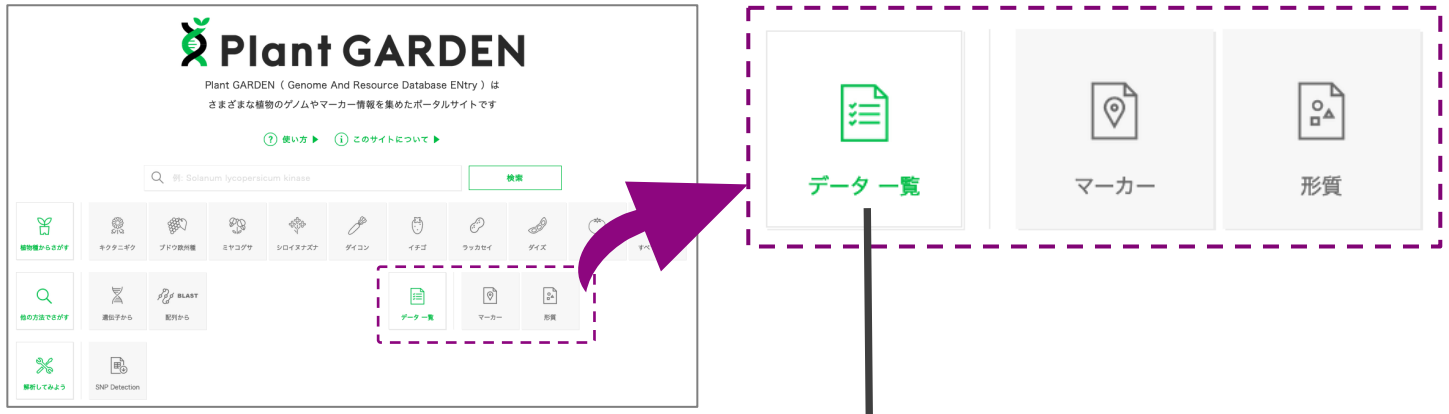






Plant GARDENから取得できるデータの種類の見方

トップページ



2022年9月現在、*Neopyropia yezoensis*（スサビノリ）のゲノム情報は、アセンブリ配列のみが公開されており、アノテーション情報は未公開

- **ゲノム列にのみ●**
- **cdsやpepは空欄**

アセンブリ配列とアノテーションの情報の公開パターン

1. アセンブリ配列 & アノテーション情報の**両方を一つのDB**で一緒に公開

"Genome assembly and annotation have been deposited in GenBank under BioProjects PRJNA680555 (‘Oaxaca’), PRJNA680556 (‘Pawnee’), PRJNA680557 (‘Lakota’), and PRJNA680558 (‘Elliott’). Genomes and annotations are also available through phytozome: Pawnee, Elliott, Lakota, and Oaxaca."（10.1038/s41467-021-24328-w）→ NCBI has assembly and annotation data

2. アセンブリ配列とアノテーション情報を、**別々のDBやウェブサイトから**公開

"The coast redwood v2.2 assembly was deposited at NCBI as GenBank accession VDFB02000000, BioProject PRJNA542879. The genome assembly, annotation, and functional assessment are also available in the TreeGenes database (https://treegenesdb.org/)." → NCBI has the assembly data and TreeGenes database has the annotation data.

3. **アセンブリ配列のみ**を**一つのDB**から公開

"Genomic assembled sequences, ONT raw reads, and raw short reads have been deposited to NCBI database under Bioproject accession no. PRJNA781352." (10.1093/gbe/evac060) →NCBI has assembly data.

4. 論文に記述されているIDなどが見つからず、データを取得できない

"Genome sequences, assembly, and annotation data have been deposited at NCBI GenBank under BioProject/BioSample numbers PRJNA727440/SAMN19020793."（10.1016/j.xplc.2021.100247）→ No corresponding data in NCBI

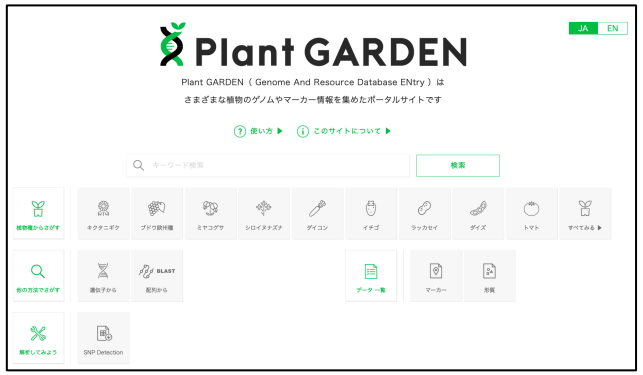
5. 論文に記述されているリンクが機能しておらず、データを取得できない

"The genome assembly file is available at NCBI. All the annotation tables containing results of the draft genome analysis are available at figshare" (doi.org/10.6084/m9.figshare.14790132) → NCBI has assembly data, but annotation data was inaccessible because the link was dead.

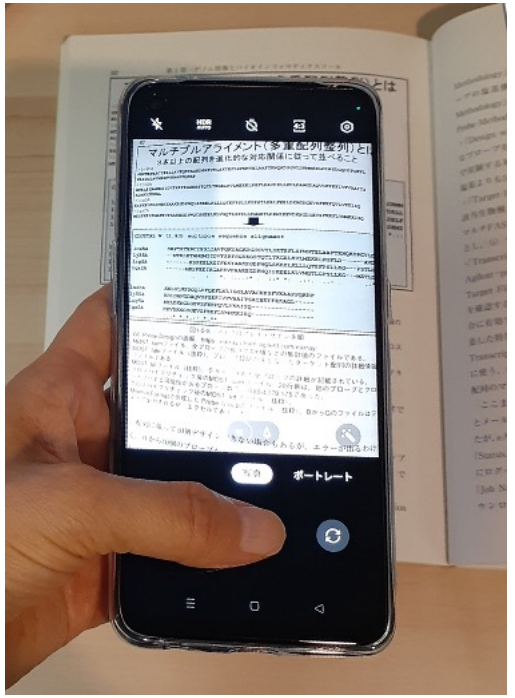
オリジナルで分かれて登録されているデータをPlant GARDENから一つのセットとして取得可

タブレット端末用のウェブページを公開

パソコン画面表示



スマートフォン画面表示

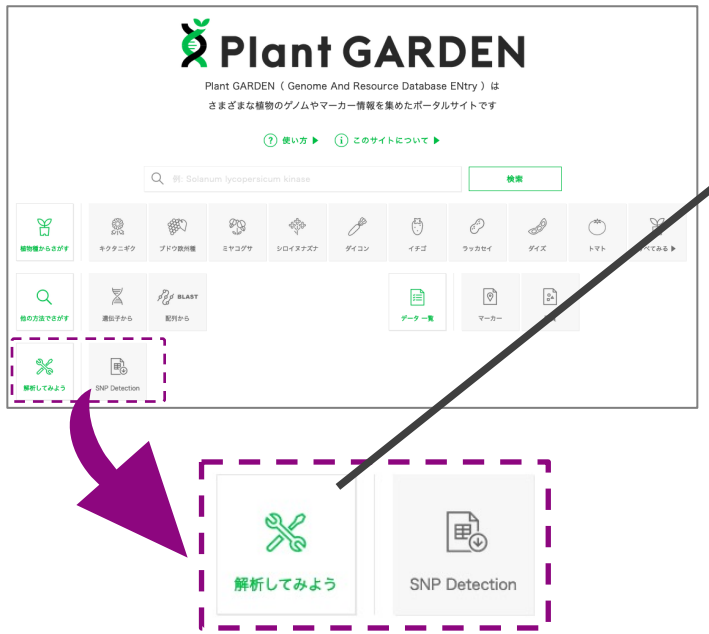


- 身近な情報収集のツールとして日常的に使用される**スマートフォンから、Plant GARDENにアクセス**しやすくするインターフェースを開発した。
- 検索先として、**植物学の正確な情報の基盤**となることで、タブレット端末の**学習ツール**としての可能性を高めることが期待できる。

活用例：
✓タブレット端末のカメラ機能を使って紙媒体から配列を取得→配列相同性を検索

解析ツールを追加開発

トップページ



解析ツール一覧のページへ

解析ツールを選ぶ

お持ちのデータをアップロードしてブラウザ上で解析する

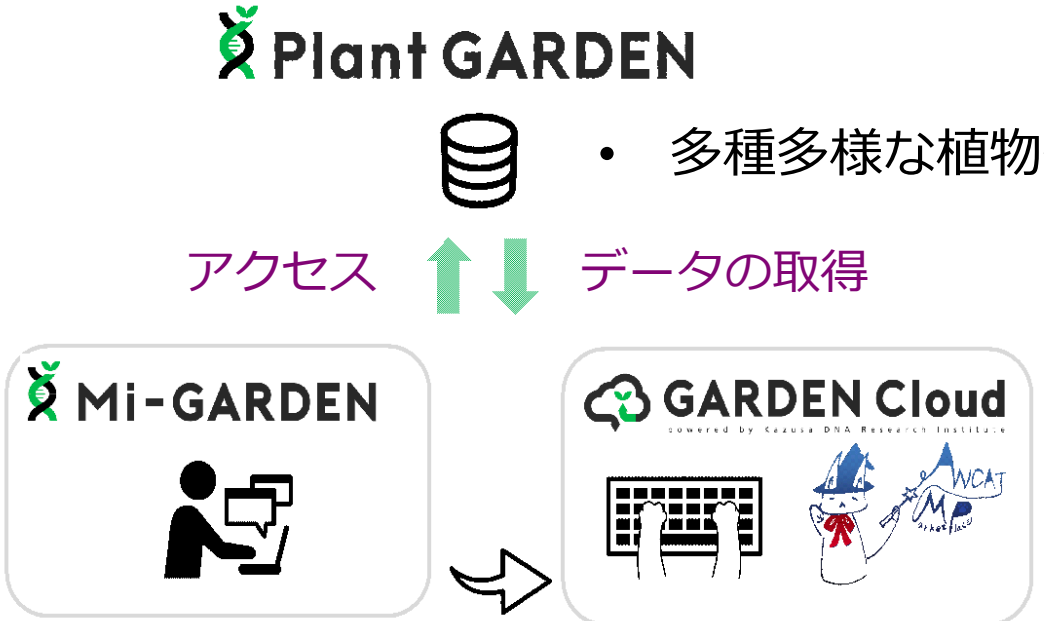
解析ツールをダウンロードしてローカル環境で解析する

ANPLAT社 ANCATプラットホームで解析する

SNP Detection	SNPやIn/Delを検出する解析パイプライン
SNP Workflow (bwa)	Docker-compose版 SNP解析パイプライン
RNA-Seq Workflow (hisat2)	Docker-compose版 RNA-seq解析パイプライン
JBrowseContainer	Docker-compose版 JBrowseセットアップ/実行ツール
Hayai-Annotation	遺伝子配列のアノテーション
Hayai-Annotation Plants v2.0	植物種に特化した機能アノテーションシステム
KusakiDB v1.0	タンパク質同族体群の検証と完全性のための新しいアプローチ
merge-gvcf	複数個のvcf(variant call format)またはgVCF(genomic VCF)ファイルを１つに統合するツール
gz2bgz	ドラッグドロップで、bcftools 等で用いるBgzip形式のファイルに変換するツール

- ダウンロード版の変異検出のための解析パイプライン
  Plant GARDENのデータを参照してユーザーの植物ゲノムデータをローカルで解析できる。
- コンテナ技術(Docker)を用いて、解析パッケージを一括インストールして使用。

Plant GARDENデータとユーザーデータを比較解析する仕組み



- Plant GARDENのゲノム配列情報などとユーザーデータを比較し、SNP検出やRNA-Seq解析などを実施するプラットホーム
- コンテナ化されたツールイメージからローカルに解析環境をセットアップして起動。
- セットアップおよびプログラム起動後は、ウェブブラウザ上で解析操作できる。

- 「Mi-GARDEN」をクラウド上で実施できる有料のシステム
- 面倒なセットアップが不要で、普段使いのPCでは難しい大きなデータも解析可能。
- （株）ANPLAT社が提供するサービスを介してシステムを公開。

まとめ

1. ゲノムデータの追加を実施した。被子植物の分類体系である**APG IVに基づいて見た場合、半数以上の目をカバー**できた。カバーしきれていない目の中には、絶滅危惧種などの希少植物であるためにゲノム解読が困難であるなどの理由で、今後もカバーしきれない可能性の高いものも含まれる。
2. 複数の異なるデータベースに分けられて登録されているゲノムデータセットについて、可能なかぎり**Plant GARDENから一括で取得できる**ようにした。
3. Plant GARDENに格納されているデータをリファレンスとして、ユーザーが保有するNGSデータを解析するための仕組みを新たに公開した。これまでは、かずさDNA研究所の解析サーバー上にデータをアップロードして解析する必要があった。今回追加されたのは、**ユーザー自身が解析環境をローカルマシン上でセットアップ**するものと、**セットアップ不要でクラウド上で解析できるサービス**である。
4. これまでのパソコン用に加え、タブレット端末からのアクセスに適した**タブレット端末用インターフェース**を開発し、公開した。

謝辞

■　**キュレーター（敬称略, アルファベット順、５０音順）**

Koilkonda Padmalatha
Lau Nyok Sean
池崎　由佳
磐佐　まりな
岡田　眞銀
嶋本　育泰
嶋　羊子
畠山　剛臣
文屋　慧亮
三輪　晃敬

いつも大変丁寧なキュレーション業務を実施くださいます。
誠に有難うございます。