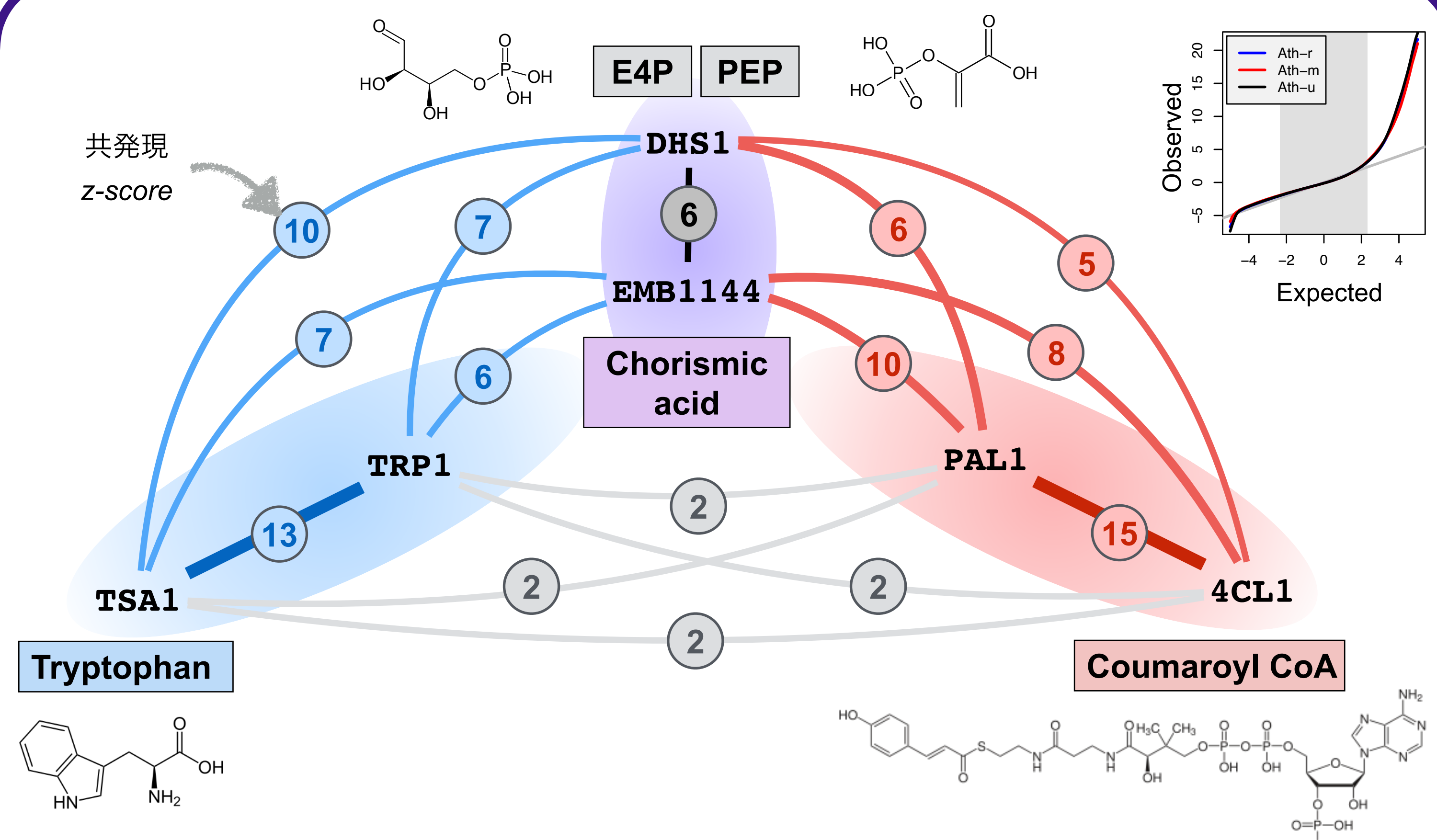


要旨

植物の遺伝子共発現データベースATTED-II v13 [atted.jp] では、対象を19種20系統に拡張し、共発現条件の解釈支援と植物種間比較を強化した。CoexViewerとPC Viewでは、主成分分析によるサンプル条件の可視化に加え、KEGG濃縮解析とサンプルメタデータを大規模言語モデルで要約し、共発現に関連する組織や環境条件の理解を支援する。また、細胞内局在別のCoexMapを導入し、遠縁の植物種間で機能モジュール単位の共発現構造を比較可能にした。これらの機能により、モデル植物の知見を主要作物や非モデル植物の遺伝子機能解析に活用する。

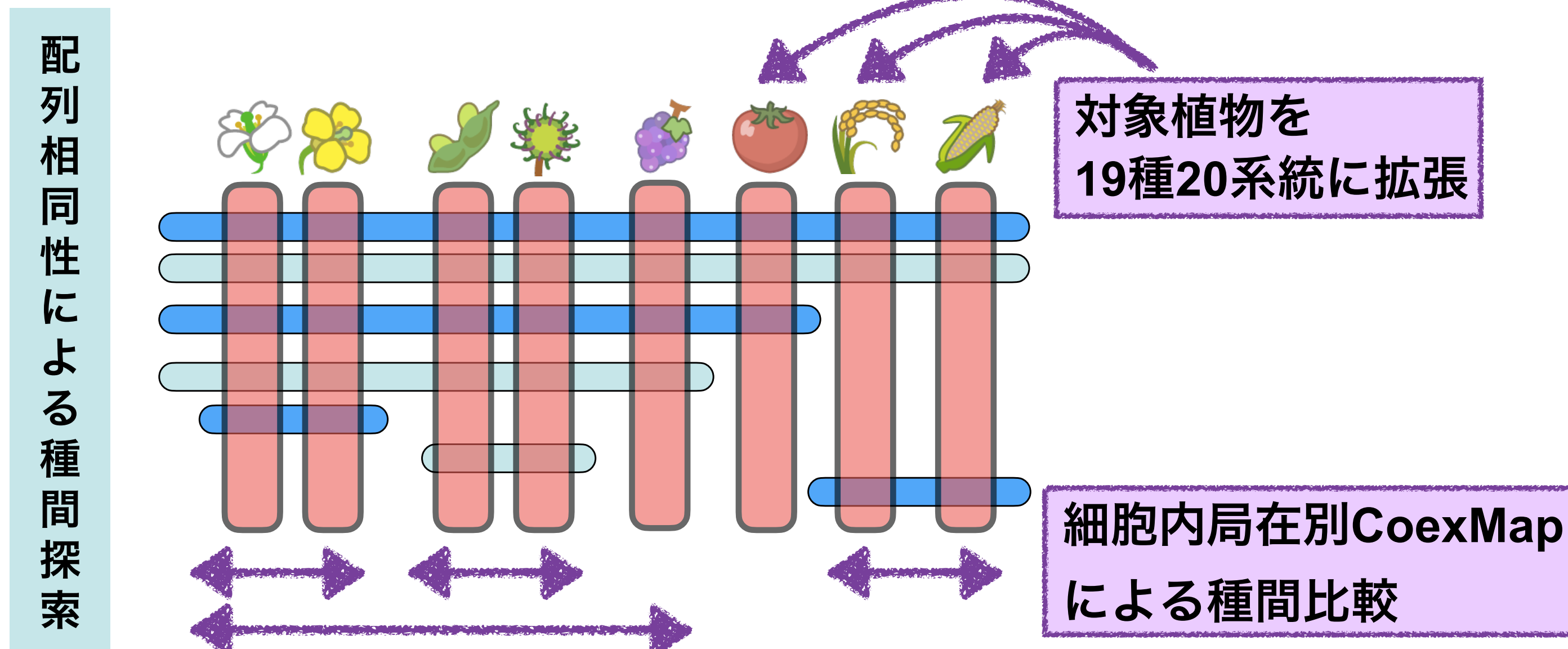
遺伝子共発現の例と課題



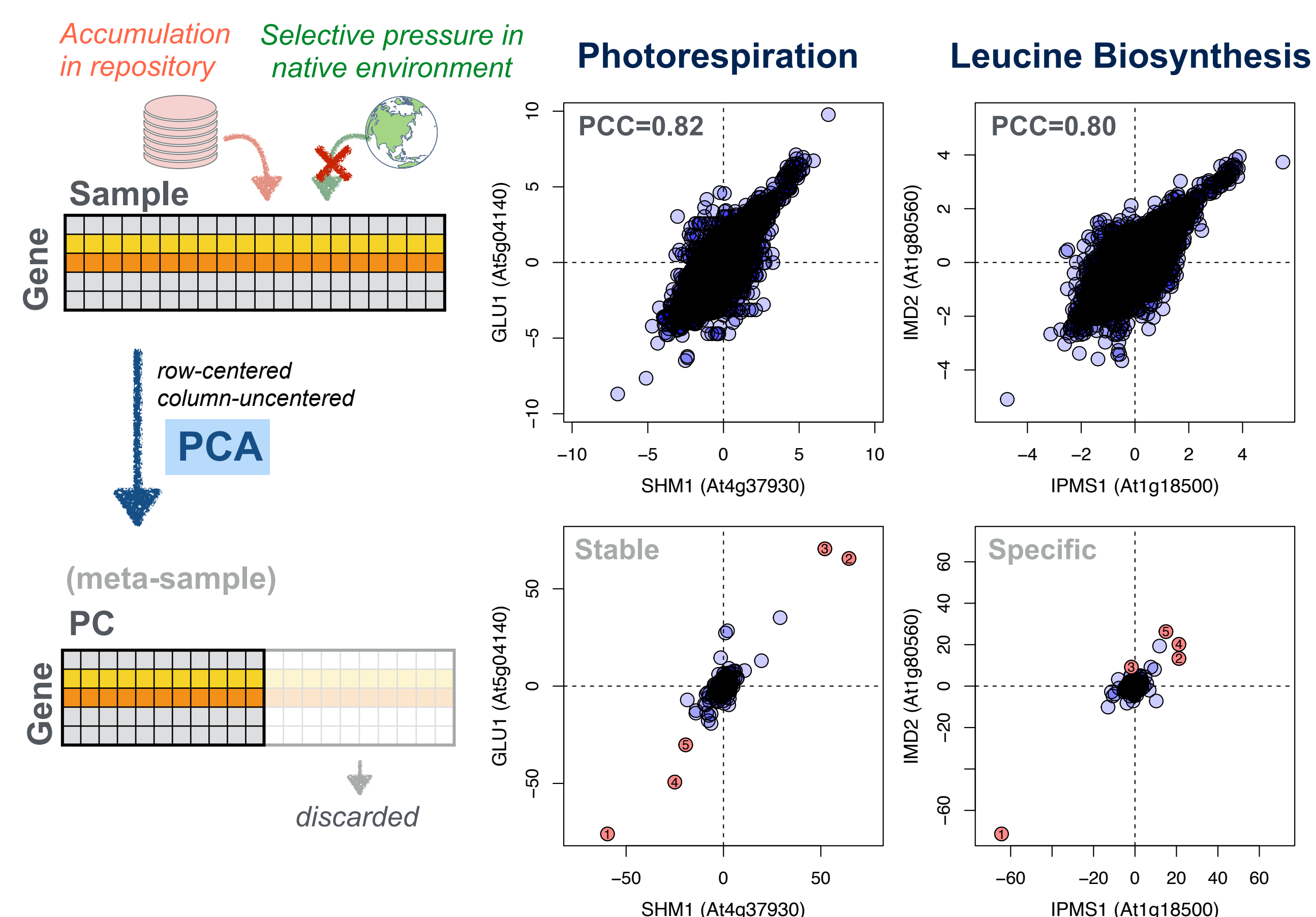
遺伝子共発現は、個々のサンプルの詳細を省くことで、簡便に遺伝子モジュールを検討できるという利点がある。しかし、各遺伝子ペアがどのような環境にตอบสนองして共発現しているのかは明確ではない。特に、RNA-seq などで用いる組織サンプルには複数の環境要因が混在しており、それらを分解して理解することが不可欠である。環境要因の理解は、共発現を単独の種で利用するだけでなく、サンプル条件が異なる種間比較を行う際にも重要となる。

開発コンセプト：縦横無尽の遺伝子探索

遺伝子共発現による遺伝子の種内探索

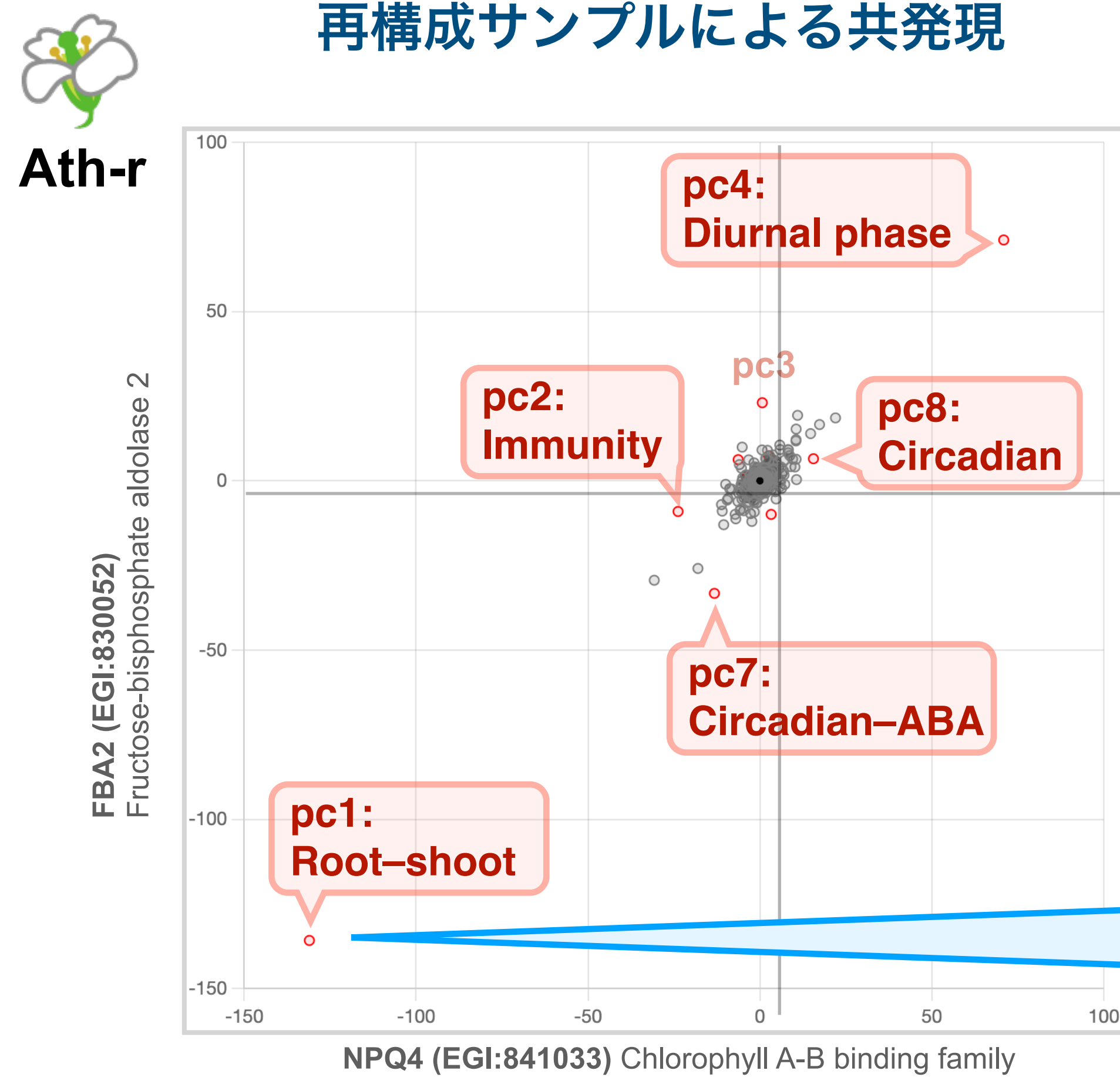


PCAによるサンプルの再構成

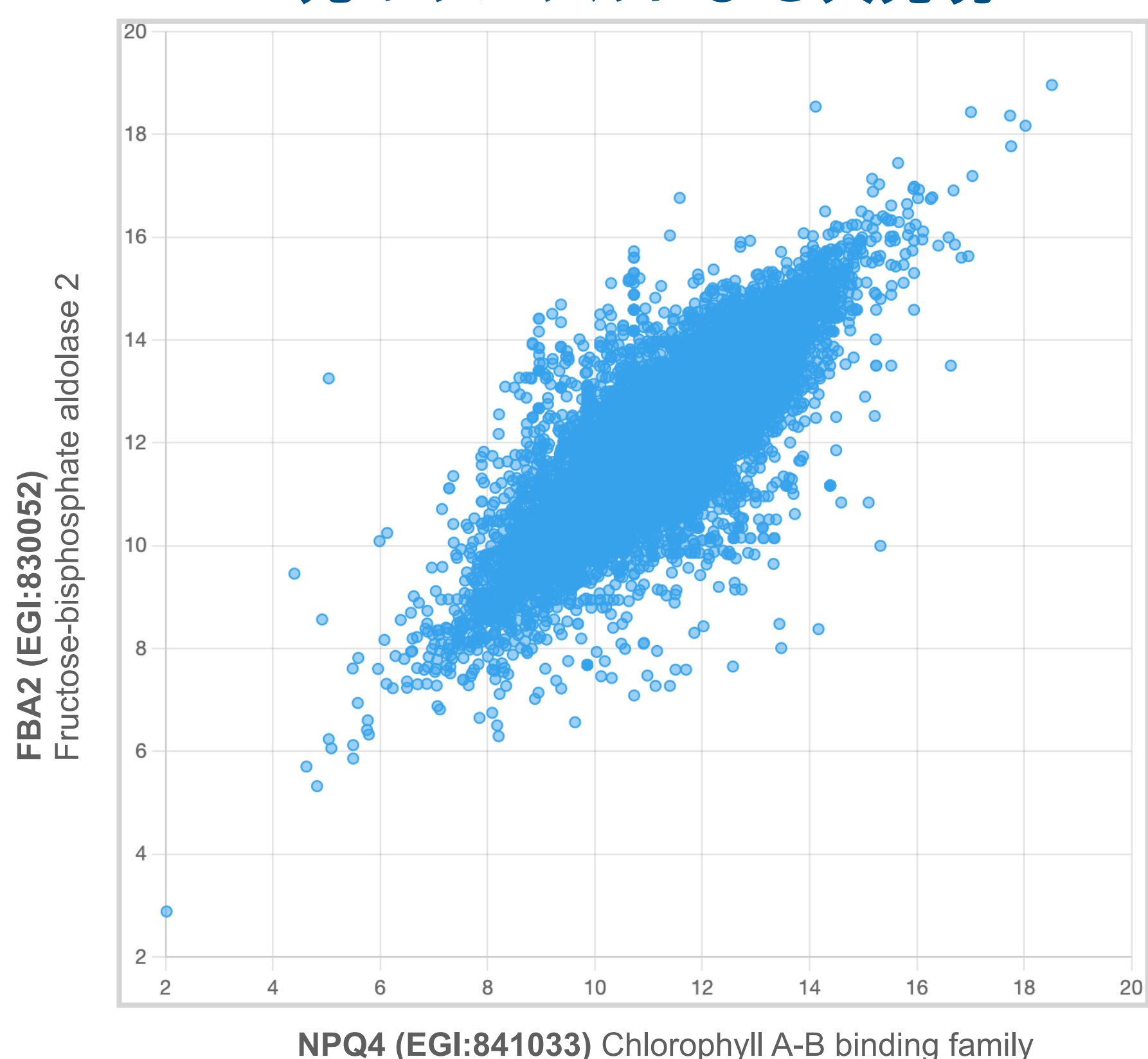


再構成サンプルによる遺伝子発現プロファイルの解釈

再構成サンプルによる共発現

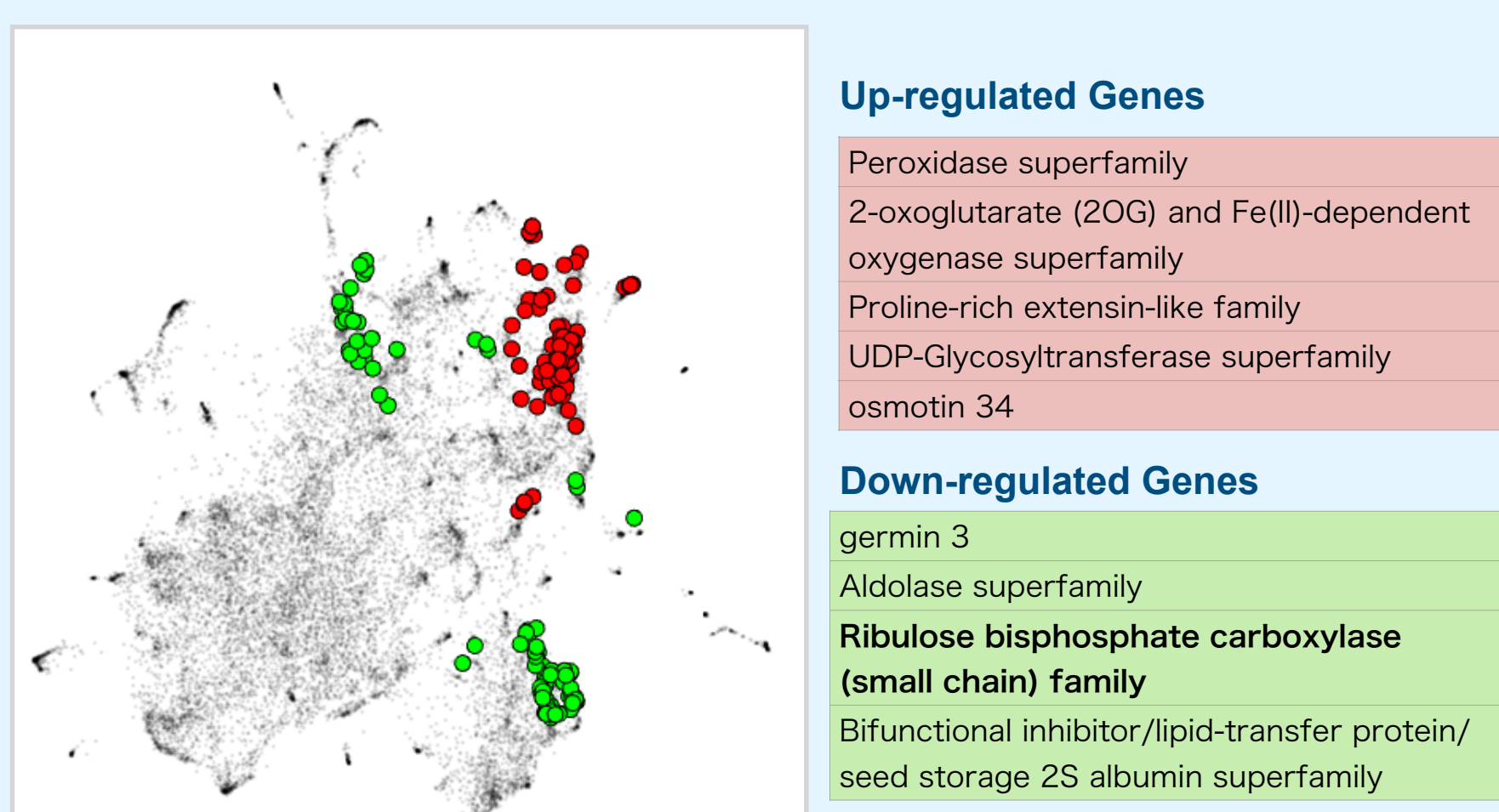


元のサンプルによる共発現

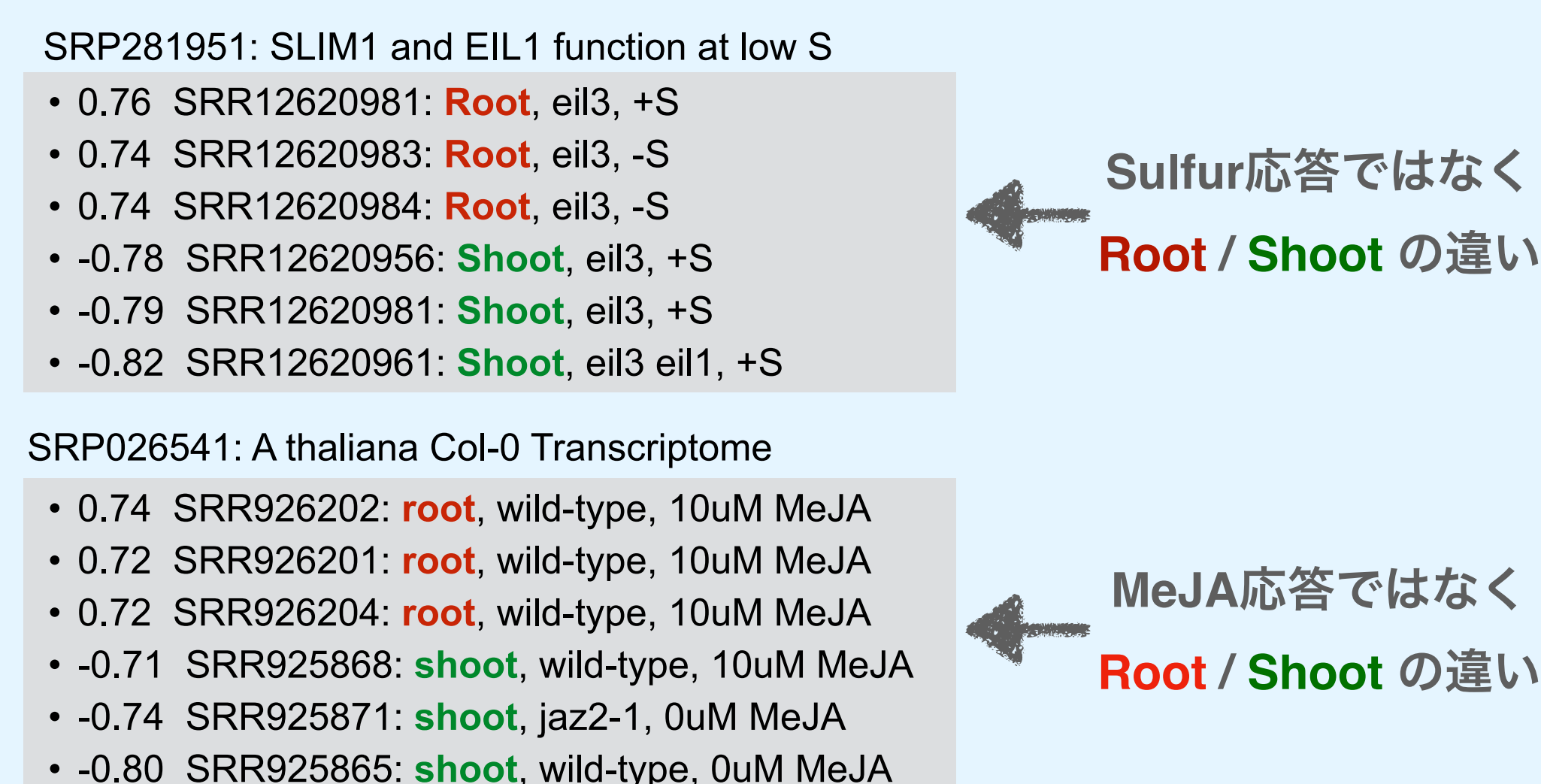


Ath-r PC1の意味付け

メタサンプル (PC1) で変動する遺伝子 (PC score)



メタサンプル (PC1) のサンプル構成 (PC loading)



- (1) 各PCを特徴づける遺伝子機能とサンプル情報を、手続きが明確な統計解析で抽出する。AIは、抽出された情報の要約のみを担う。
- (2) 一度作成した要約を同一共発現プラットフォーム内で繰り返し利用することで、要約内容を検証し、必要に応じて修正できる。

AI要約 (Ath-r PC1: Root-shoot)

Summary:
PC1 separates **roots (positive)** from **shoots/leaves/rosettes (negative)**: **roots** show cell wall remodeling, transport and defense/phenylpropanoid programs, whereas **leaves** show chloroplast, photosynthesis and Calvin-cycle carbon fixation.

具体的な環境や遺伝子名
(検証可能)

Explanation:
Loading polarity is highly consistent across independent BioProjects: samples annotated as **root/Roots** **always have strong positive PC1 loadings**, while **shoot/leaf/rosette/whole-rosette samples have strong negative loadings**. Treatments (Fe deficiency, shade, nanoplastics, sulfur status, MeJA) and genotypes (eil, spl7, pho1, pi4kb1b2, IMA1 OE, jaz2-1) do not determine the sign, indicating PC1 primarily captures tissue identity. The upper (positive) gene set is enriched for root-typical, surface- and interaction-oriented functions: abundant extensins/HRGPs (EXT3, LRX1 and multiple proline-rich extensins), cell wall remodeling enzymes (後略)