

植物遺伝子共発現データベース

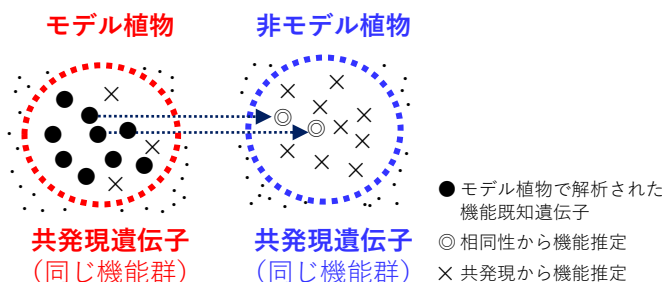


ATTEO-II

<https://atted.jp/>



ATTEO-IIは共発現遺伝子を探索・解析するためのデータベースとして、2004年11月から開発されています。特定条件下で協調して発現する遺伝子群は一連の生理的機能を担っていることが多いことから、共発現関係に基づいて機能のまとめりや複雑な遺伝子の制御関係が理解できるようになるものと考えられます。



ATTEO-II v13には19種20系統の植物種の遺伝子共発現情報が掲載されています。

また、着目した遺伝子が共発現する条件や環境要因を調べたり、その遺伝子が担う生理学的な機能やその制御関係を調べることができるツールや、異なる種間の共発現遺伝子を比較解析するツールなどが実装されています。

<双子葉植物>

- ・シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*)
- ・トマト (*Solanum lycopersicum*)
- ・タルウマゴヤシ (*Medicago truncatula*)
- ・ダイズ (*Glycine max*)
- ・ポプラ (*Populus trichocarpa*)
- ・ブドウ (*Vitis vinifera*)
- ・セイヨウアブラナ (*Brassica napus*)
- ・アブランドワタ (*Gossypium hirsutum*)
- ・ジャガイモ (*Solanum tuberosum*)
- ・タバコ (*Nicotiana tabacum*)
- ・オレンジ (*Citrus sinensis*)

<単子葉植物>

- ・コメ ジャポニカ米 (*Oryza sativa subsp. japonica*)
- ・コメ インディカ米 (*Oryza sativa subsp. indica*)
- ・トウモロコシ (*Zea mays*)
- ・コムギ (*Triticum aestivum*)
- ・オオムギ (*Hordeum vulgare*)
- ・タカキビ (*Sorghum bicolor*)
- ・ミナトカモジグサ (*Brachypodium distachyon*)

<緑藻類>

- ・クラミドモナス (*Chlamydomonas reinhardtii*)

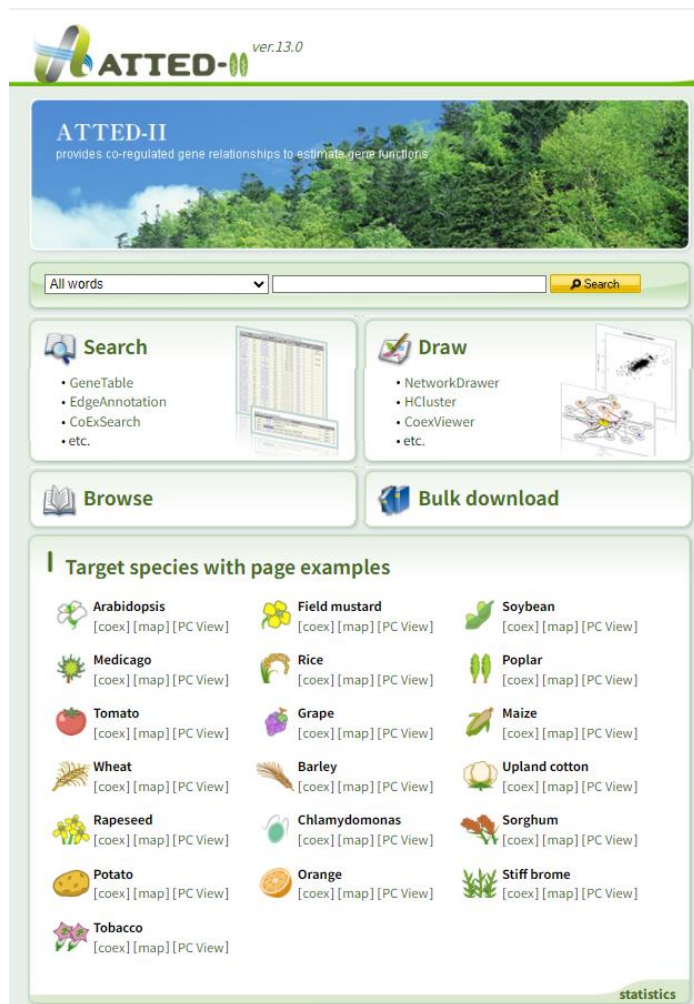


図1 ATTEO-II v13のトップページ

GeneTable、EdgeAnnotation、CoExSearchなどの検索機能 (Search) と NetworkDrawer、CoexMap、Hclusterなどの解析機能へのリンク (Draw) のほか、掲載されている19種20系統の植物ごとの主なサンプルページへのリンク (Target species with page examples) やダウンロードページ (Bulk download) へのリンクがある。

ATTEO-IIは、2022～2025年度、JST統合化推進プログラムの研究開発課題「非モデル植物のための遺伝子ネットワーク情報活用基盤 (研究代表者 大林 武 東北大学 大学院情報科学研究科 教授)」で支援していました。



国立研究開発法人科学技術振興機構 (JST)
情報事業部 NBDC事業推進室

Tel: 03-5214-8491 E-mail: nbdc-dicp@jst.go.jp



Creative Commons 表示4.0国際ライセンス

(2026年4月)

ATTED-IIに実装されている解析機能



ATTED-II

<https://atted.jp/>



ATTED-II に実装されている解析機能

共発現遺伝子の主成分分析の結果をもとに、着目する遺伝子が共発現する条件や環境要因を調べたり、その遺伝子が担う生理的機能やその制御関係を調べたりすることができます。また、異なる種間の共発現遺伝子を比較解析することもできます。

▼共発現の全体構造の把握

・ **CoexMap** : 任意の数の遺伝子について、種レベルの共発現マップで表示し、全体構造が把握できるように提示するツール。

▼共発現遺伝子の詳細な機能の吟味

- ・ **CoexViewer** : 任意の遺伝子ペアについて、主成分スコアの変動パターンにより、どのような条件で共発現するか（しないか）を見るツール。
- ・ **PC View** : CoexViewerをサポートする位置付けで、主成分ごとに整理された細胞環境と遺伝子機能の関係を提示するツール。

▼機能分化を探索

・ **NetworkDrawer** : 共発現（発現類似性）とパラログ情報（配列類似性）を組み合わせ提示するツール。

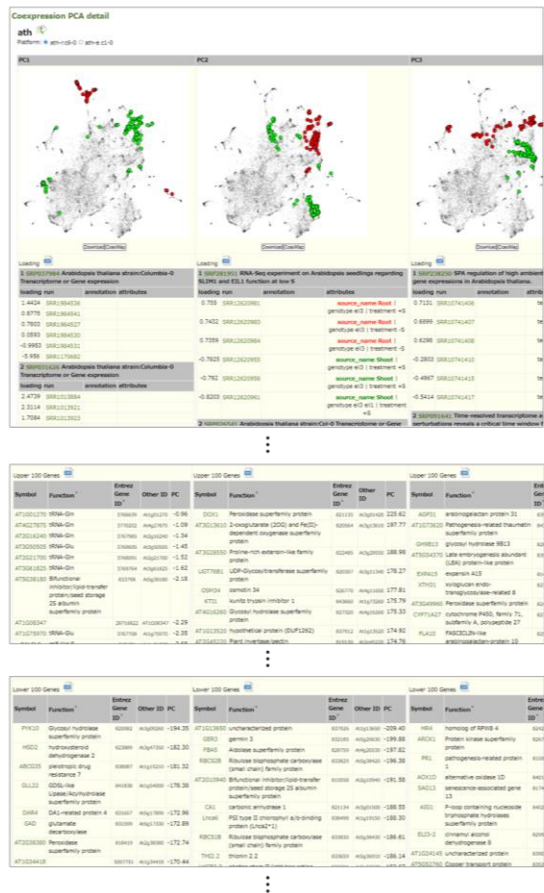
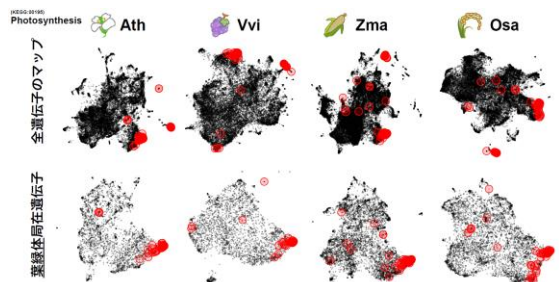


図2 PC Viewの一例（シロイヌナズナ）

- (1) サンプルの発現量データに対する主成分分析の結果。(2) 第1~第10までの各主成分に強く寄与する条件。(3) 主成分スコア上位100遺伝子のリスト。(4) 主成分スコア下位100遺伝子のリスト。

(A) 葉緑体に局在する光合成関連遺伝子



(B) 細胞核に局在するリボソーム生成関連遺伝子

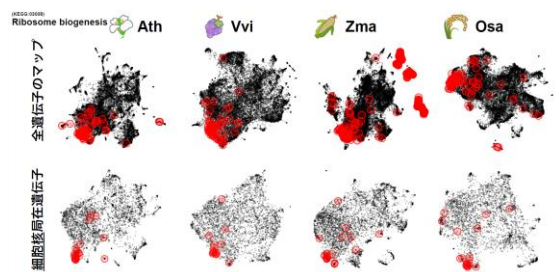


図3 種をまたいだ比較解析ツール
(オルガネラ単位でのCoexMap)

葉緑体(A)と細胞核(B)で共発現する遺伝子の植物間比較。左からシロイヌナズナ(Ath)、ブドウ(Vvi)、トウモロコシ(Zma)、コメ(Osa)。全遺伝子(上段)とオルガネラ(下段)に局在するタンパク質の遺伝子の共発現マップ。(A)の赤丸は光合成関連遺伝子(KEGG:00195)。(B)の赤丸はリボソーム生成関連遺伝子(KEGG:03008)。全遺伝子では局在に一貫性が見られないが、各オルガネラに着目すると種間で一貫した配置を示すことがわかる。