

# ゲノム情報に基づく植物データベースの統合

かずさDNA研究所植物ゲノム研究部

田畑哲之

平川英樹

中村保一

市原寿子

浅水恵理香

新潟大学・研究推進機構・超域学術院

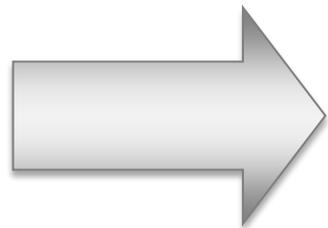
中谷明弘



# 我が国の植物ゲノム研究の現状

## ゲノム・cDNA構造解析

- 単細胞藻類
  - クラミドモナス
  - シアニディオシゾン
- コケ類
  - ヒメツリガネゴケ
  - ゼニゴケ
- シダ類
  - イヌカタヒバ
- 単子葉草本
  - イネ
  - コムギ
  - オオムギ
- 双子葉草本
  - タバコ
  - シロイヌナズナ
  - ミヤコグサ
  - ダイズ
  - トマト
  - ハクサイ
  - キャッサバ
- 樹木
  - ヤトロファ
  - ポプラ



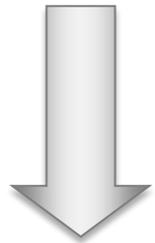
### ゲノム機能解析

- Transcriptomics
- Proteomics
- Metabolomics
- 変異体大規模解析
- DNAマーカー
- 連鎖地図



### 有用遺伝子発見

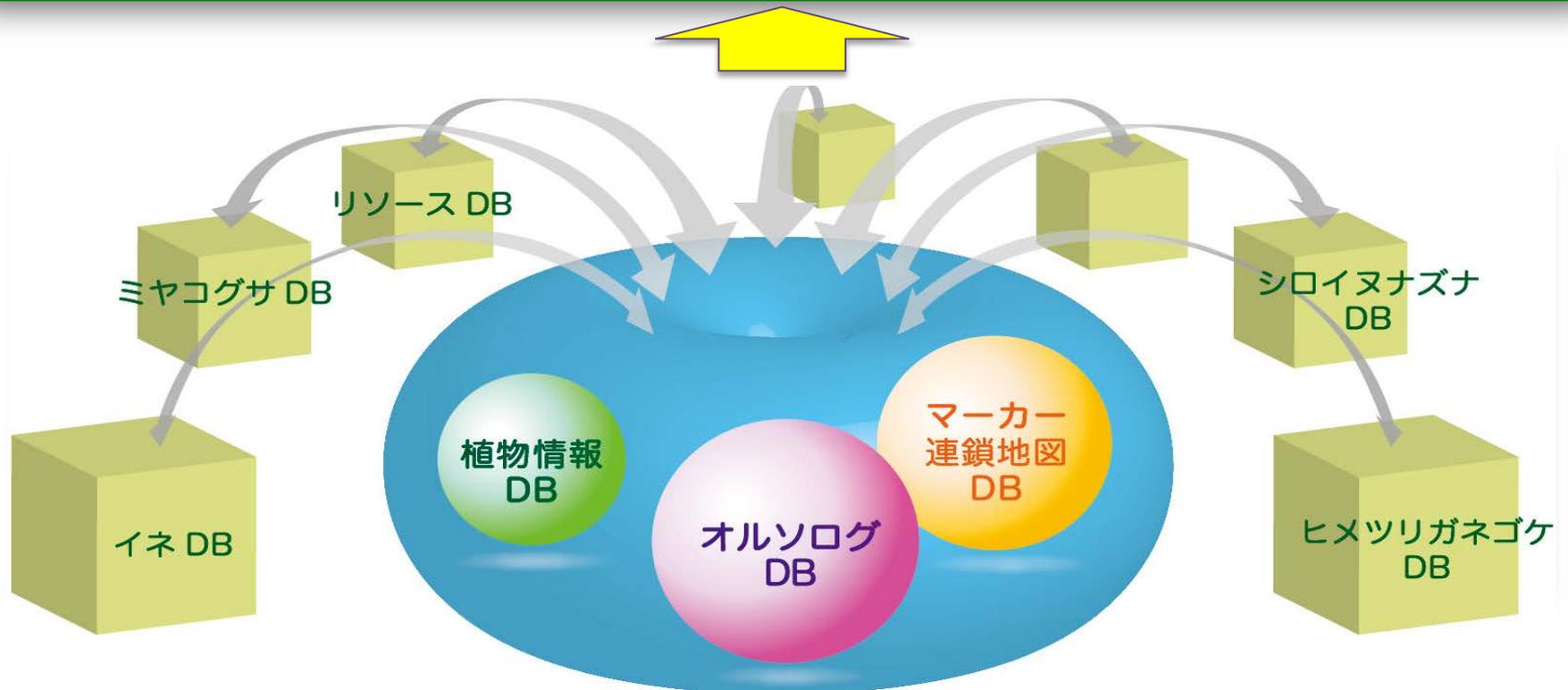
- 遺伝子機能
- ネットワーク
- QTL解析
- 品種改良

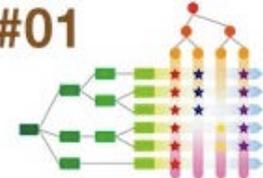


# 研究開発内容

## 日本の植物分子遺伝学、分子育種学研究

- ・ モデル材料から農作物まで研究対象が多種多様である
  - ・ ゲノム構造、ゲノム機能、DNAマーカー、有用遺伝子連鎖解析、育種関連情報など多彩な解析データが生産されDBおよび文献を通して公開されている
- ↓
- ・ 種々雑多な情報が多く、DBや文献に散在していて利便性が低い
  - ・ 情報が分散しているため、国際的なプレゼンスが十分示されない





# 1. 遺伝子オルソログDBの構築とそれに基づく植物ゲノムDBの統合

## H25年度 計画

### オルソログDBをハブとした植物ゲノムDBの統合

#### 1. 検索の利便性の向上

- ・オルソログDB単独での検索機能の準備

#### 2. PGDBj 横断検索との連携

- ・検索用URL (API) の提供  
→ ウェブアクセスでSQL文が起動

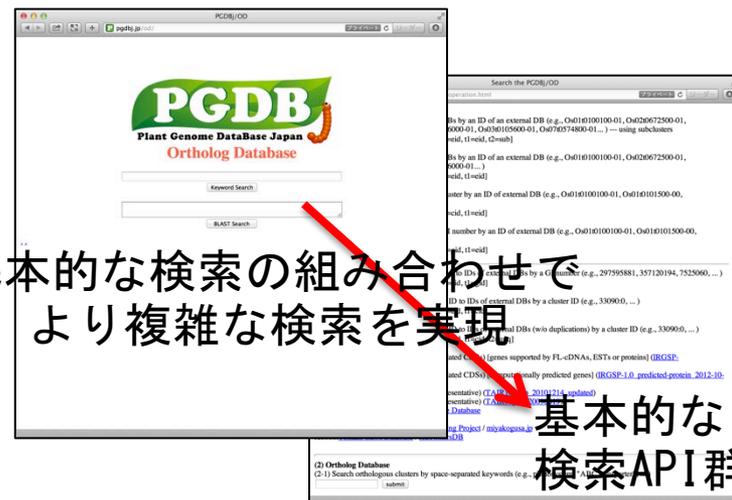
#### 3. ダウンロード用データの整理

- ・全てのデータをRDBに格納 → タブ区切り等の定型形式で出力可能
- ・セマンティック・ウェブ対応に向けた準備

#### 4. オルソログDBの更新 (RefSeq Rel. 57ベース)

- ・緑色植物 (20種・約50万配列) とラン藻 (111種・約50万配列)

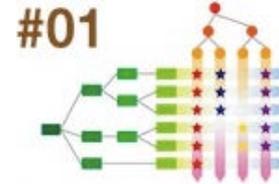
#### 5. 統合対象DBの追加



基本的な検索の組み合わせで  
より複雑な検索を実現

基本的な  
検索API群

※RDB: relational database (e.g., MySQL)



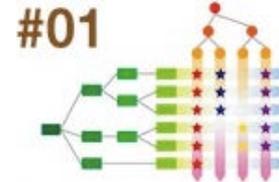
# 1. 遺伝子オルソログDBの構築とそれに基づく植物ゲノムDBの統合

## これまでの成果

### オルソログDBをハブとした植物ゲノムDBの統合

1. オルソログDBの構築と更新
  - ・ 緑色植物（20種） ラン藻（111種）
2. オルソログDBへ統合対象の植物ゲノムDBをリンク
  - ・ アミノ酸/EST配列を取得してBLASTで対応付け
  - ・ 統合対象DB側のアクセス用URLへハイパーリンク
3. 検索用URLやAPIの公開
  - ・ ウェブブラウザでアクセス可能
4. 横断検索に向けたDB（スキーマとSQL）の設計
  - ・ 網羅的なDBスキャンによって横断検索用インデックスを生成
5. セマンティックウェブ（RDF）対応
  - ・ 現状では全てのデータの定型的なタブ区切りデータ化が可能





# 1. 遺伝子オルソログDBの構築とそれに基づく植物ゲノムDBの統合

## 成果内容

### オルソログDBと統合対象DBのリンクと横断検索

#### 統合対象DBの拡充

##### かずさDNA研究所から公開のDB

- ・ ゲノムDB: ユーカリ, ヤトロファ, ミヤコグサ, トマト, ラン藻
- ・ EST DB: クラミドモナス, ミヤコグサ, シロイヌナズナ, スサビノリ, トマト, アカクローバ

##### かずさDNA研究所以外から公開のDB

- ・ RAP-DB, Rice TOGO, RiceXPro, SALAD (生物研)
- ・ TAIR (USA)
- ・ RARGE, RPOPDB, TriFLDB (理研)
- ・ PHYSCObase (基生研)
- ・ KEGG/GENES (京大)

配列データとDBアクセス用URLさえあれば半ば機械的に追加可能



## H25年度 計画

1. 55の植物種を対象として、DBや文献からDNAマーカー、QTL、連鎖地図に関する情報を収集し、ポータルサイトで公開する。
2. ゲノム解読された植物種について、マーカー付随配列を地図上にマッピングすることで、遺伝地図とゲノム配列の対応関係を表示させるシステムを構築する。
3. 機能を充実させた地図表示システムをポータルサイトで公開する。



## これまでの成果

1. DNAマーカーとQTLについて、国内外に充実したDBが存在するものを除く16科33種を対象として、情報収集を推進した。これまでに22種（67%）の情報収集を完了し、ポータルサイトで公開した。残りの11種についても今年度中に完了予定である。
2. 地図情報について、16科33種を対象として、情報整備を推進した。これまでに6種（18%）の情報を公開した。残りの27種についても今年度中に完了予定である。
3. 地図表示システムに対して、プライマーで増幅されるマーカーを含んだ領域の類似度に基づき複数の地図を関連づける機能を追加開発した。



## 2. DNAマーカーおよび連鎖地図情報に基づく植物ゲノムDBの統合

### 成果内容

学名	和名	科名 ▲	Tax ID	マーカー リスト	CMap 表示	アイコン
<a href="#">Arachis hypogaea</a>	<a href="#">ラッカセイ</a>	マメ科	<a href="#">3818</a>	○	○	
<a href="#">Trifolium pratense</a>	<a href="#">赤クローバー</a>	マメ科	<a href="#">57577</a>	○	○	
<a href="#">Trifolium repens</a>	<a href="#">白クローバー</a>	マメ科	<a href="#">3899</a>	○	—	
<a href="#">Glycine max</a>	<a href="#">ダイズ</a>	マメ科	<a href="#">3847</a>	○	準備中	
<a href="#">Lotus japonicus</a>	<a href="#">ミヤコグサ</a>	マメ科	<a href="#">34305</a>	○	○	
<a href="#">Cajanus cajan</a>	<a href="#">キマメ</a>	マメ科	<a href="#">3821</a>	—	—	
<a href="#">Medicago truncatula</a>	<a href="#">タルウマゴヤシ</a>	マメ科	<a href="#">3880</a>	—	—	
<a href="#">Citrus unshiu</a>	<a href="#">ウンシュウミカン</a>	ミカン科	<a href="#">55188</a>	準備中	—	

### マーカー・QTL情報がある 生物種件数

- ・ 収集対象：33 種／55 種  
表中の「○」と「準備中」
- ・ 公開：22 種／33 種 (67%)  
表中の「○」

### 地図情報がある生物種件数

- ・ 収集対象：33 種／55 種  
表中の「○」と「準備中」
- ・ 公開：6種／33 種 (18%)  
表中の「○」



## 2. DNAマーカーおよび連鎖地図情報に基づく植物ゲノムDBの統合

# 成果内容：例) 連鎖地図とマーカー情報

LG15

2.3 — MSG0481

11.8 — MSG0581

27.8 — MSG0755

37.3 — MSG0458

50.2 — MSG0699

57.1 — MSG0344

57.1 — MSG0389

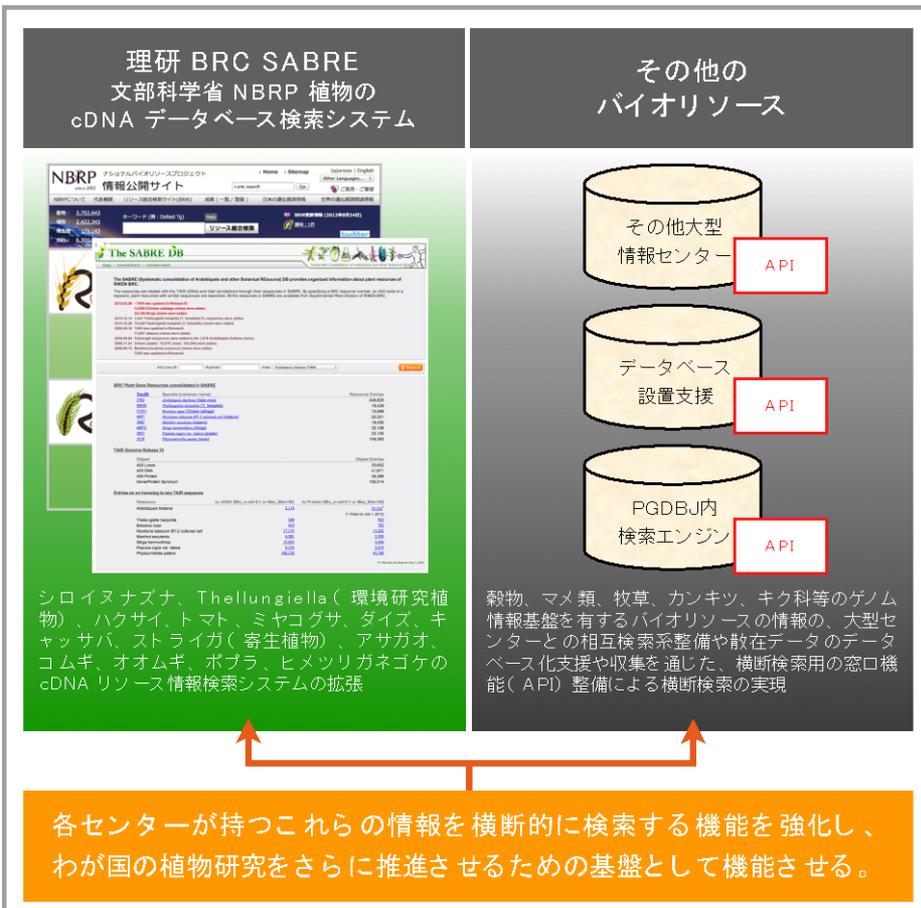
+Marker Data: MSG0481		Source Name
Crop	tea	AB62409
Population	SAK	6 (GenBank)
Linkage Group	LG15	
Marker Type	SSR	
Map Position	2.3	
Annotation		
Source Name	AB62409	
Source Type	genomic	
Source Sequence	ACTCAA	
	GAGGTA	
	AAAGAG	
	GCATTT	
	TTTTATT	
	TTTGTT	
	TATATAT	
	TCTTGG	
	TGTAAC	
	GCAGGC	
CAAGCA		
GGCCTA		
ATGGAG		
ATAACA		
ATAGCT		
AGCAGT		
TTCAAC		
Developer		
Document	PMID: 23	

Trait or Gene	Fwd primer seq.	Rev primer seq.	Amplicon sequence (allele_1)	Amplicon sequence (allele_2)	Amplicon sequence (allele_other)	Amplicon size	PCR condition	Polymerase	Typing method	Typing method gel	Typing
	attaggcaaccttctgccacctt	gtttacagcagcaacagcaacaacag	AATAGGCAACCTTTCTGCCACCTTTTGTAAAGAGACACAAACCTTTGCGACAACGCTGGG			274bp	94C_5min?(94C_30s?62C_60s,-0.5C/cycle?72C_30????14?(94C_30s?55C_60s?72C_30s)x2C	Applied Biosystems AmpliTaq DNA			

### 3. 植物リソースの統合

## H25年度 計画

- ❖ 平成24年度までに、NBRPのリソース情報を配列類似性によりシロイヌナズナ遺伝子と連結、理研BRCの検索システムSABREで検索可能にし、外部利用可能なAPIを整備する開発を行った。
- ❖ 平成25年度は、それまでに実施した、ゲノム情報に関連したバイオリソース横断検索システムの拡充と更新をひき続き行い、永続的に運営するためにデータ更新や相互リンクの維持の自動化を目的とした管理システムを構築する。また、新規な有用バイオリソースの情報についてのデータ収集では、平成24年度に開始したカンキツ類バイオリソース情報のデータベース化を推進するとともに、さらに新規な有用リソース情報収集を行う。植物オルソログDBとの連携による統合環境の活用により種々の植物リソースから望みの遺伝子候補を選抜することが可能なツールの整備を行う。





### 3. 植物リソースの統合

## これまでの成果

1. NBRPにて収集された植物バイオリソースのうち、塩基配列情報を有するcDNAクローン等について、シロイヌナズナ遺伝子との配列類似により串刺し検索を実施するSABREシステムをPGDBj.jpサーバに受入れ、理研BRC、NBRPそれぞれのサイトの検索とリンクによるリソース情報への誘導を可能とした。  
また、検索機能をPGDBj.jpの提供する横断検索システムに統合し、植物オルソロクDB等との一元的な検索が実施できるよう開発し、公開した。  
データの更新・維持を容易にするためのシステム改善は引き続きすすめている。
2. 我が国が有する重要な追加リソース情報として、カンキツ類リソースとして国内の大学にて維持されている*Citrus*属在来種と、農研機構・果樹研究所で整備されているカンキツ類のcDNAクローンとゲノム塩基配列情報のデータベース集約をすすめている。



# 3. 植物リソースの統合

## 成果内容

**NBRP (遺伝研)**

**BRC (理研)**

**カンキツリソースDB (構築中)**

1. PGDBj 横断検索システムにて、遺伝子IDや遺伝子名等のキーワードサーチを実施することにより、NBRP, BRCに収集されている14植物種150万件のリソースを、検索可能とし、提供している。
2. カンキツリソース情報は、延べ900種程度の在来種の保存株情報のインデックスサイトの構築を実施し、公開予定である。果樹研究所の有するうち、公開可能なcDNAクローンリソースとゲノム塩基配列解析情報から配列データベースを構築し、全遺伝子情報を横断検索に加えるよう開発を実施している。



## 4. 植物研究に関連する情報基盤の構築

# H25年度 計画

1. 平成24年度までに収集した約700件の国内外植物関連DBについて、DBを分類したリンク集を完成させる。
2. ゲノム解読が完了した植物種について、解析手法やアノテーション等の情報更新を進める。
3. 植物とゲノム解析手法に精通したキュレーターとアノテータを育成する。



## 4. 植物研究に関連する情報基盤の構築

### これまでの成果

1. 植物関連ウェブサイト573件を分類したリンク集を完成させ、ポータルサイトで公開した。
2. 55の植物種の基本情報を更新し、ポータルサイトに掲載した。ゲノム  
解読が完了している31種について、解析手法や予測遺伝子数の情報を  
収集し、公開した。
3. 英語版ポータルサイトを完成させ、公開した。
4. プロジェクト補助員（3名）にキュレータ、アナテータとしての教育を行った。



## 4. 植物研究に関する情報基盤の構築

# 成果内容

### 登録生物種リスト

すべて 件/ページ

検索欄の数を指定してください (3以上)

Search lines:  lines

検索方法

セレクトで単語またはフレーズ (AND, OR, NOT) を指定してください。

Search :

Search :

Search :

Search :

Search :

Total:55

First << 1 >> Last

学名	和名	科名	Tax ID	マーカー リスト	Count (SNP)	Count (SSR)	Count (QTL)	Count (Other)	CMap 表示	更新日
<a href="#">Allium cepa L.</a>	 タマネギ	ヒガンバナ科	<a href="#">4679</a>	準備中	0	0	0	0	準備中	2013-07-04
<a href="#">Allium fistulosum L.</a>	 ネギ	ヒガンバナ科	<a href="#">35875</a>	準備中	0	0	0	0	準備中	2013-07-04
<a href="#">Arabidopsis lyrata (L.) O'Kane &amp; Al-Shehbaz</a>	 ミヤマハタザオ	アブラナ科	<a href="#">59689</a>	-	0	0	0	0	-	2013-07-04
<a href="#">Arabidopsis thaliana (L.) Heynh.</a>	 シロイヌナズナ	アブラナ科	<a href="#">3702</a>	-	0	0	0	0	-	2013-07-04
<a href="#">Arachis hypogaea L.</a>	 ラッカセイ	マメ科	<a href="#">3818</a>	<input type="checkbox"/>	0	<a href="#">9893</a>	0	<a href="#">5232</a>	<input type="checkbox"/>	2013-07-04

## ◆ 表示情報

- 学名 (各植物情報ページへのリンク)
- 和名 (同上)
- 科名
- Taxonomy ID (NCBIへのリンク)
- マーカーリスト
- CMap表示

# 4. 植物研究に関連する情報基盤の構築

## 成果内容 植物情報ページ

### トマト (*Solanum lycopersicum* L.)



ナス科ナス属の一年生植物。アンデス高原ペルーの原産で、メキシコで栽培化された。食用の歴史は古いが、欧米で食用栽培が本格化されたのは、18世紀以降である。日本には明治初期にアメリカから導入された桃色大果 'Ponderosa' が広く栽培されるようになり、本品種より「愛知トマト」や「世界一」が育成された。現在、「桃太郎」に代表される生食用桃色大果に加え、ミニトマトや加工用など需要が多様化しており、育種目標も多岐に渡る。年間出荷量64万トンのうち、ミニトマトは10万トン、加工用は3.8万トンである。**(基本情報)**  
 トマトはナス科のモデルと位置づけられており、2012年に国際コンソーシアムによるゲノムが解読された。ゲノム関連情報は [Sol Genomics Network](#) で公開されている。ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) の対象であり、矮性系統マイクロトムの変異誘発系統や完全長cDNAクローンなどが収集、提供されている ([ナショナルバイオリソースプロジェクト-トマト](#))。

- 参考文献
- (1) 世界有用植物事典 (平凡社 2002年 堀田満 編集代表)
  - (2) 植物育種学辞典 (培風館 2005年 日本育種学会編)
  - (3) 農林水産省統計資料「平成24年度春野菜、夏秋野菜等の作付け面積、収穫量及び出荷量」
  - (4) The Tomato Genome Consortium (2012) The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature* 485(7400):635-41. doi: 10.1038/nature11119.

最終更新日: 2013-08-23

### <生物情報 (Organism Information)>

Taxonomy ID	4081
科名 (Family)	ナス科 (Solanaceae)
属名 (Genus)	Solanum
種名 (Species)	lycopersicum
一般名 (Common name)	トマト (Tomato)
Synonym	
Links	NCBI: <a href="#">Taxonomy browser - Solanum lycopersicum</a> , DFCI: <a href="#">Tomato Gene Index</a>
リソース情報	<a href="#">International Tomato Genome Sequencing Project</a>

**(系統分類)**

### <ゲノム情報 (Genome Information)>

染色体数 (Chromosome number)	2n=24
ゲノムサイズ (Genome size)(Mb)	950
ゲノム解読(年) (Year)	2012
シーケンシング方法 (Sequencing method)	Sanger (Clone-based and WGS), Roche/454 Titanium
リード長/リード数 (Reads count)	24.3 Gb
カバー領域 (Covered genome region)(Mb)	782
シーケンス深度 (Sequence depth)	25x
配列アセンブリ方法 (Assembly method)	Newbler and CABOG
スキヤフォールド数 (Scaffolds)(≥N50)	225
コンティグ数 (Contigs)	-
遺伝子アノテーション方法 (Gene annotation method)	EuGene
予測遺伝子数 (Gene number)	64,727
参考文献 (References)	DOI Pub Med

**(ゲノム解析に関する情報)**

最終更新日: 2013-04-08

### <マーカー情報 (Marker list)>

Single nucleotide polymorphism (SNP)	5776
Simple sequence repeat (SSR)	21100
Quantitative trait locus (QTL)	0
その他のマーカー類 (Others)	685
マーカーリスト	○
CMapマップ	○

**(DNAマーカー情報)**

### <DBリンク>



クリックして、データベース分類を選択できます

●分類: 情報提供

●名称: Alabama Plant Atlas

●分類: 情報統合

●名称: Arctos, Multi-Institution, Multi-Collection Museum Database

●分類: データベース

●名称: Atlas of Florida Vascular Plants

●分類: データベース

●名称: BGCI

●分類: 分類

●名称: BioLib.cz

●分類: 情報提供

●名称: British Townsand Villages Network

**(トマト関連サイトリンク)**

# 4. 植物研究に関する情報基盤の構築

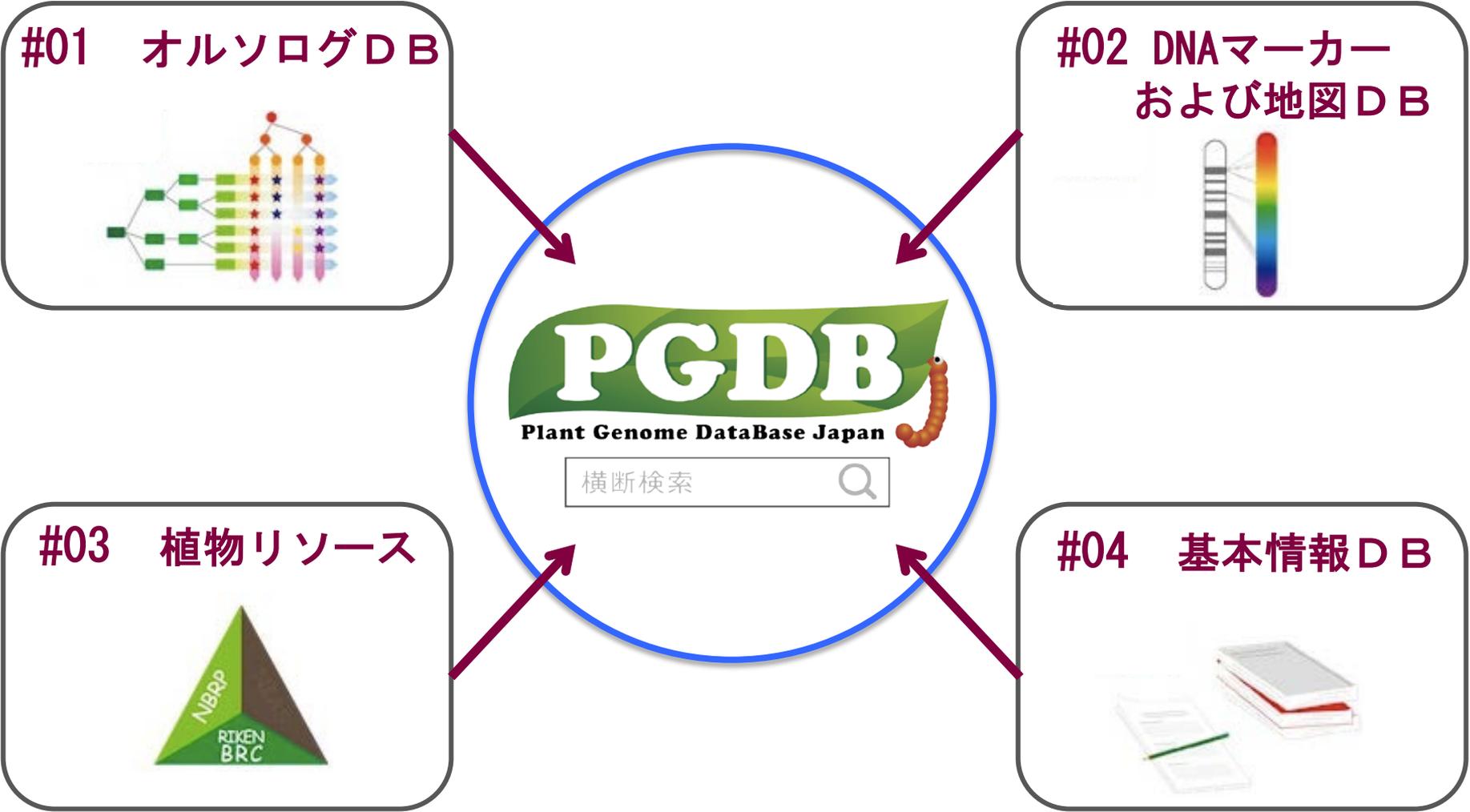
## 成果内容

### PGDBj 英語版

The screenshot shows the PGDBj website interface. At the top left is the PGDBj logo (Plant Genome DataBase Japan). To the right are links for 'News', 'Contact us', and a language selector (English flag). Below the logo is a navigation bar with buttons for 'Home', 'Cross Search', 'Ortholog DB', 'Maps & Markers', and 'Resources'. The main content area features a decorative green and white pattern. On the left side, there are three vertical navigation menus: 'Contents' (with links to Cross search, Ortholog DB, Maps & Markers, Registered plant list, Plant DB link, and Resources), 'About PGDBj' (with links to Home, Outline, News, and Links), and 'Contact us' (with a link to Contact us). The main text area displays the breadcrumb 'Home > Maps & Markers' followed by the title 'Basic concepts of the DNA marker and linkage map database'. The text discusses the integration of plant genome DBs with DNA marker and linkage map information, explaining that DNA markers and genetic linkage maps are prerequisite tools for molecular genetic studies. It notes that such information is useful for mapping loci of agronomic importance. A diagram on the right illustrates the process of curating plant genome-related information from existing databases (like GenBank, EMBL, DDBJ, etc.) to unify genome sequence information and agronomically important loci on linkage maps, leading to the acceleration of breeding processes. At the bottom, there are links for '▲ Top' and 'Back', and the NBDC (National Bioscience Database Center) logo is visible in the footer.

# 5. 横断検索

## 概要



# 5. 横断検索

H25年7月～ サービス開始

9月～ 検索速度と絞り込み機能の改良

The screenshot shows the PGDB search interface. At the top left is the PGDB logo. The search bar contains the text "ammonium transporter" and the button "PGDBj 横断検索". On the right, there are links for "新着情報", "ご意見・ご要望", "サイトマップ", and "English".

On the left side, there is a "DB" menu with the following items: "すべて (191)", "オルソログDB (182)", "遺伝マーカーDB (2)", "植物DBリンク集 (0)", "公開植物情報DB (0)", "ゲノム解析手法 (0)", "植物リソース (7)", "KNAPSAck (0)", and "Massbase(0)".

The main content area shows search results for "ammonium transporter". It indicates "検索結果: 191件中 1-10 件表示" with navigation buttons. The keyword is "ammonium transporter" and the translation is "ammonium transporter".

The first result is titled "[ 植物リソース ] Homologs of AT2G38290.1". It includes the gene model "AT2G38290.1 / 分子タイプ protein coding" and the description "ammonium transporter 2". Below the description are several small images representing different plant species. The "該当箇所" (relevant sections) are listed as: "[agi\_gene\_model\_id] AT2G38290.1 [molecular\_type] protein\_coding [sources] A. thaliana, T. haloph, pds17187, pds22702, pds18539 [short\_description] ammonium transporter 2 [curator\_summary] encodes a high-affinity ammoniulation, respectively. [computational\_description] ammonium transporter 2 (AMT2); FUNCTIONS IN: ammonium transmembrane traING: 13 growth stages; CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Ammonium transporter (InterPro:IPR001905), Blood group Rhesus C/E/D polypeptide (InterPro:IPR002229), Ammonium transporter, conserved site (InterPro:IPR018047); BEST Arabido".

The second result is titled "[ 植物リソース ] Homologs of AT2G38290.2". It includes the gene model "AT2G38290.2 / 分子タイプ protein coding" and the description "ammonium transporter 2". Below the description are several small images representing different plant species. The "該当箇所" (relevant sections) are listed as: "[agi\_gene\_model\_id] AT2G38290.2 [molecular\_type] protein\_coding [sources] A. thaliana, T. haloph, pds17187, pds22702".

検索結果の  
絞り込みボタン  
検索直後はDB名

” ammonium transporter ” での検索例

## 6. ポータルサイト

<http://pgdbj.jp>

新着情報 | ご意見・ご要望 | サイトマップ | ● | 日 | 英

**コンテンツメニュー**

- ▶ 植物リソース  
NBRPの提供する植物リソース (cDNAクローン)を検索

**PGDB**  
Plant Genome DataBase Japan

Enter Keywords

**植物リソース**

**オルソログデータベース**

**Marker・Map・基本情報**

**コンテンツメニュー**

- ▶ オルソログテーブル  
遺伝子のアミノ酸配列の階層的な相互リンクテーブル
- ▶ キーワード検索  
オルソログDBの関連データをキーワード検索
- ▶ BLAST検索  
オルソログDBの関連データをアミノ酸配列で相同性検索
- ▶ データダウンロード
- ▶ How to Use

**コンテンツメニュー**

- ▶ 登録生物種リスト
- ▶ 植物データベースリンク
- ▶ ゲノム解析手法
- ▶ How to Use

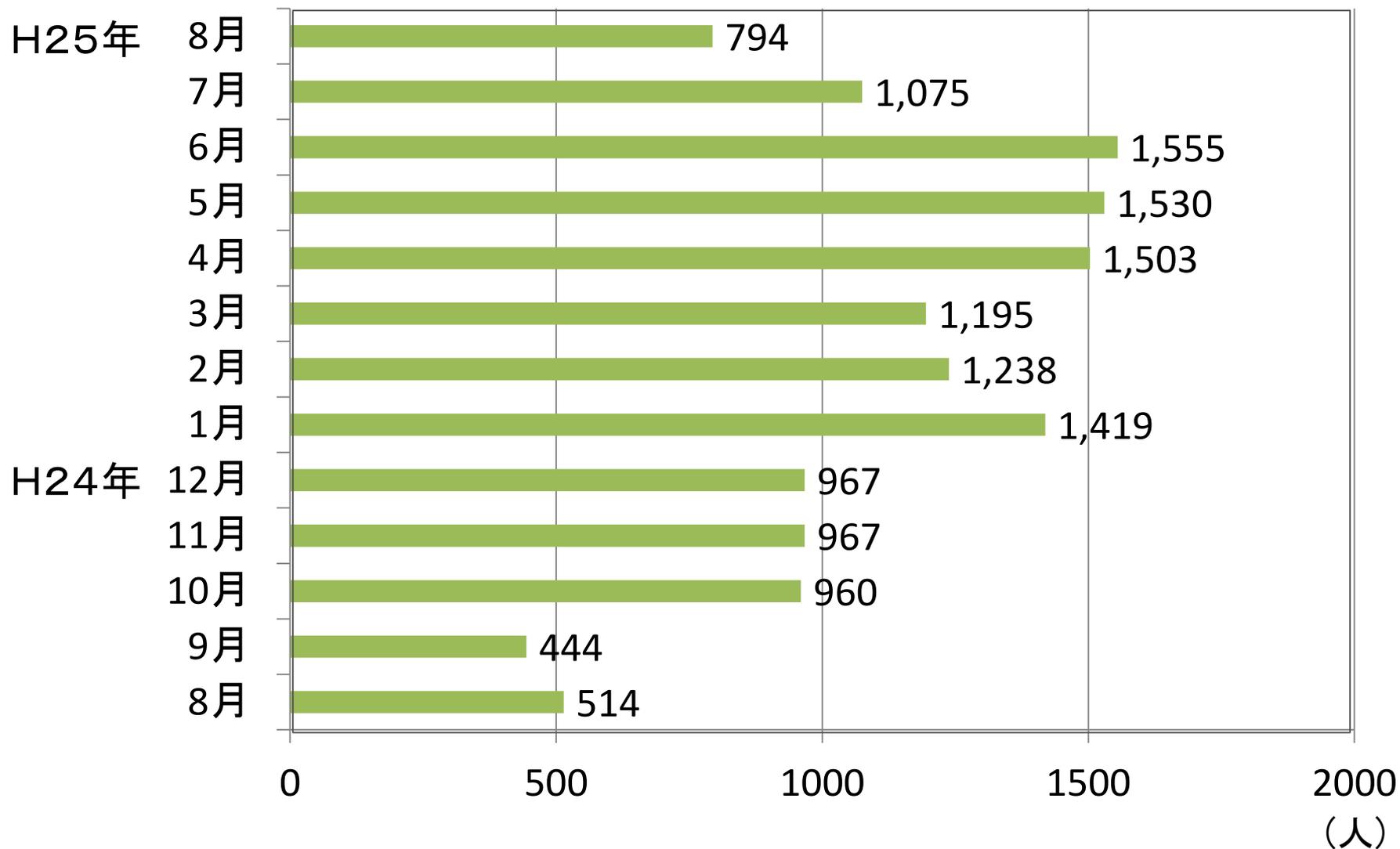
かずさ DNA 研究所 植物ゲノム研究部 / 植物統合 DB プロジェクト代表機関  
〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足 2-6-7 E-mail: pgdbj@kazusa.or.jp

H24年 8月 一般公開開始

H24年 9月 本格運用

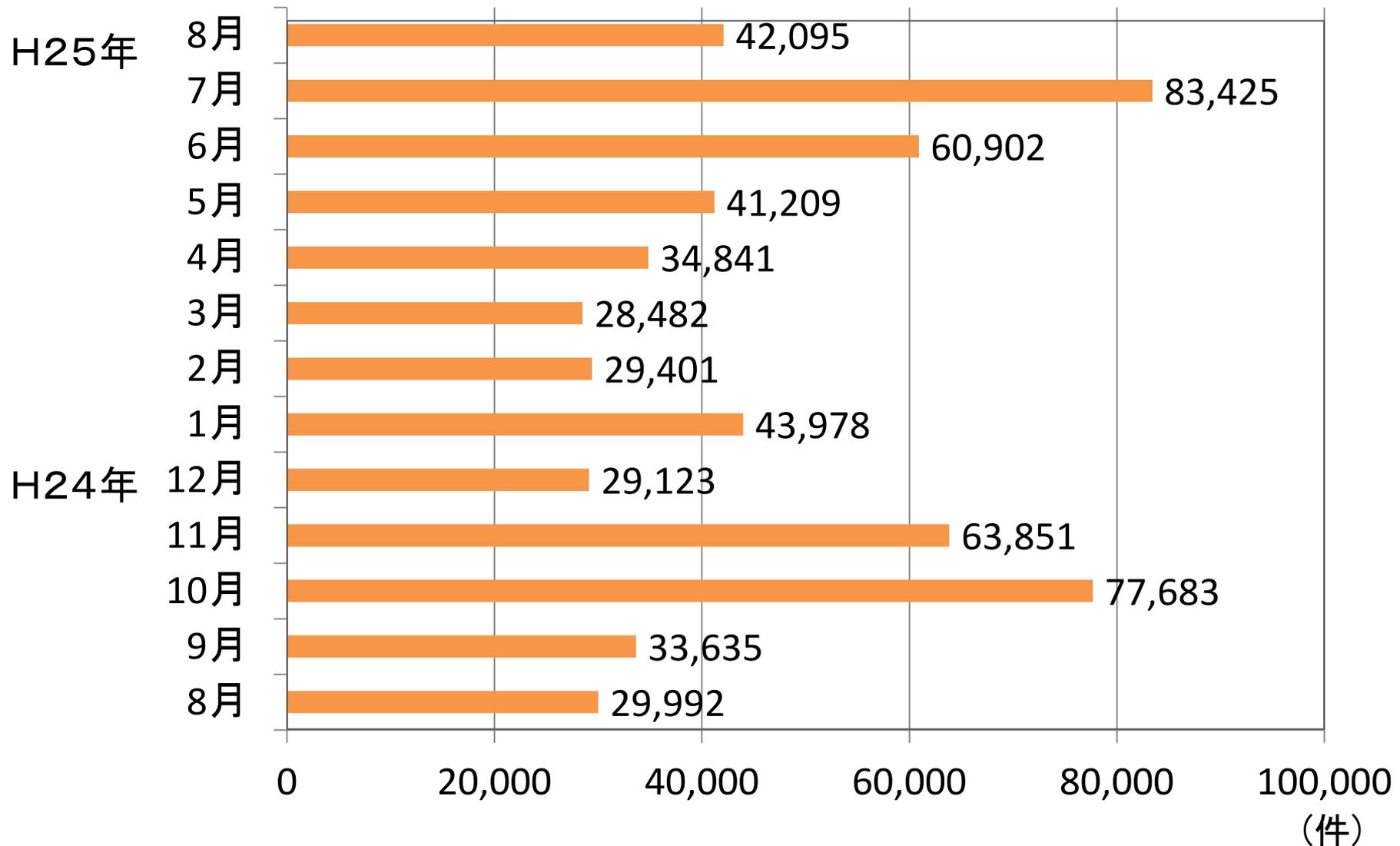
H25年10月 サイトリニューアル

# アクセス実績：訪問者数（ユニークIP）



## 6. ポータルサイト

### アクセス実績：アクセス数



# 6. ポータルサイト

## 「メタボローム・データベースの開発」との連携

ホーム・分類植物情報・登録生物種リスト・植物種詳細表示

### 植物種詳細表示

#### シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh.)



アブラナ科シロイヌナズナ属の一年生草本。アジア、ヨーロッパ、アフリカの温帯から亜寒帯に広く分布しており、日本では帰化植物である。草型が小さい、世代時間が約2ヶ月と短い、形質転換が容易、突然変異体の作出が可能である等の特徴から、20世紀中頃から研究材料として広く用いられてきた。日欧米の国際コンソーシアムによって、2000年に全ゲノムが解読された。シロイヌナズナ自体は道徳に生える草であり産業上の価値はないが、高等植物の構造、機能上の基本的特徴を備えているため、様々な生命現象（形態形成、分化、植物ホルモンの、環境や病害応答など）の研究モデルと位置づけられ、植物の基礎研究やゲノミクス研究の発展を牽引してきた。

参考文献  
 (1) 植物ゲノム科学辞典 (朝倉書店 2009年 駒藤 穂 総編集)  
 (2) Arabidopsis Genome Initiative (2000) Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature* **408**(6814):796-815. [PMID:11130711](#)  
 (3) Lamesch P et al. (2012) The Arabidopsis Information Resource (TAIR): improved gene annotation and new tools. *Nucleic Acids Research* **40**:D1202-10. [PMID:22140109](#)

最終更新日: 2013-08-29

#### <生物情報 (Organism information)>

Taxonomy ID	3702
科名 (Family)	アブラナ科 (Brassicaceae)
属名 (Genus)	<i>Arabidopsis</i>
種名 (Species)	<i>thaliana</i>
一般名 (Common name)	シロイヌナズナ (Thale cress, mouse-ear cress)
Synonym	
Links	NCBI: <a href="#">Taxonomy browser - Arabidopsis thaliana</a> , DFCI: <a href="#">Arabidopsis Gene Index</a>
リソース情報	<a href="#">追加</a>

最終更新日: 2013-08-29

#### <ゲノム情報 (Genome information)>

染色体数 (Chromosome number)	2n=10
ゲノムサイズ (Genome size)(Mb)	120
ゲノム解読(年) (Year)	2000
シーケンシング方法 (Sequencing method)	Sanger (Clone-based)

PGDBjの植物種詳細ページに代謝産物情報等の項目とリンクを追加

### <代謝産物情報>

KNAPSAcK: 検出化合物データ  
 MassBase: 質量分析データ

### <生理活性情報>

KNAPSAcK: 生理活性データ

# 6. ポータルサイト

## 「メタボローム・データベースの開発」との連携



The screenshot shows the PGDB search results page for the keyword "ammonium transporter". The search results are displayed in a table format with columns for "DB", "検索結果: 191件中 1-10", and "キーワード: ammonium transporter". The "DB" column lists various databases, including "すべて (191)", "オルソログDB (182)", "遺伝マーカーDB (2)", "植物DBリンク集 (0)", "公開植物情報DB (0)", "ゲノム解析手法 (0)", "植物リソース (7)", "KNApSack (0)", and "Massbase(0)". The "植物リソース (7)" row is highlighted with a red dashed box, and a red arrow points from this box to the text "KNApSack MassBase" in the adjacent diagram. The search results table shows the following entries:

DB	検索結果: 191件中 1-10	キーワード: ammonium transporter
[ 植物リソース ]	<a href="#">Homologs</a>	
	遺伝子モデル <a href="#">AT2G38290.1</a>	
	遺伝子説明 <a href="#">ammonium tr</a>	
	該当箇所 [agi_gene_model pds18539 [short_ respectively. [com traING: 13 growt Rhesus C/E/D pol Arabido	
[ 植物リソース ]	<a href="#">Homologs</a>	
	遺伝子モデル <a href="#">AT2G38290.2</a>	
	遺伝子説明 <a href="#">ammonium tr</a>	
	相同リソース 	
	該当箇所 [agi_gene_model	

PGDBj横断検索システムの  
検索対象DBとして登録

KNApSack  
MassBase

- ・ キーワード：化合物名  
取得情報：合成している植物・ラン藻
- ・ キーワード：植物やラン藻の学名  
取得情報：合成している化合物

## DB更新情報配信

## 学会発表、学会展示

- ・ 第31回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム（札幌）  
DB講習会、一般口頭発表、展示（2013年9月10日～12日）
- ・ 日本植物学会第77回大会（札幌）（2013年9月13日～15日）  
展示

## アドバイザー委員会

- ・ 目的：コミュニティへの周知、意見収集
- ・ 外部委員9名（植物DB関係者、植物関連学会幹事等）
- ・ H25第一回委員会は7月30日に開催

## オントロジー整備WG

- ・ 目的：整備と普及に向けた戦略策定、学会への働きかけ
- ・ 外部委員3名
- ・ 第一回委員会は10月17日開催予定



DB関連情報、文献情報の更新方法

PGDBjの特徴付けのためのユーザ意見の収集方法

サーバに蓄積される情報をどのようにユーザに見せていくか  
ウェブブラウザが扱える範囲では、網羅的なデータを対象とするには  
通信帯域的にも情報表現力的にも限界がある。単なるデータファイルの配布に  
しても一定サイズ（例えば数百GB）以上になると必ずしも現実的ではない。

リソース情報の永続的な維持・更新・新規追加

維持が容易にできるよう開発物を工夫するとともに、NBRP、BRC、他の  
機関と協調しながら、リソース情報とゲノム情報を併せた形での最新情報の  
追加と維持を実施する必要がある。

Ontologyの導入と普及