

研究開発実施報告

□概要

研究開発課題名	個体ゲノム時代に向けた植物ゲノム情報解析基盤の構築
開発対象データベースの名称 (URL)	Plant Genome DataBase Japan (http://pgdbj.jp)
研究代表者氏名	田畑哲之
所属・役職	公益財団法人かずさDNA研究所 所長 (2018年3月時点)

□目次

§1. 研究実施体制	2	(2) その他の著作物 (総説、書籍など)	9
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等	2	(3) 国際学会および国内学会発表	9
(1) データベース一覧	2	① 概要	9
(2) ツール等一覧	2	② 招待講演	9
§3. 実施内容	3	③ 口頭講演	9
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標	3	④ ポスター発表	9
(2) 進捗状況	4	(4) 知的財産権の出願	10
(3) 追加支援による実施結果 (追加支援 1)	6	(5) 受賞・報道等	10
① 実施タイプ	6	(6) その他 (技術移転など)	10
② 実施内容と結果	7	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等)	
③ 期待される将来的な効果	7	10
① 実施タイプ	8	1. 進捗ミーティング	10
② 実施内容と結果	8	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリー	
③ 期待される将来的な効果	9	チ活動等	11
§4. 成果発表等	9		
(1) 原著論文発表	9		

§1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者氏名	所属機関・役職名	研究題目
かずさDNA 研究所グループ	田畑 哲之	かずさDNA研究所・所長	ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発、カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築、PGDBjコンテンツの更新
大阪大学 グループ	中谷 明弘	大阪大学・特任教授	種を超えたゲノム情報統合のためのデータリンク基盤の構築

§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

(1) データベース一覧

【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	Plant Genome DataBase Japan	PGDBj	http://pgdbj.jp

【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	PGDBj オルソログデータベース		http://pgdbj.jp/od3/
2	PGDBj DNA マーカー・QTL データベース		http://pgdbj.jp/markerdb/marker.html?sbj=m&ln=ja
3	PGDBj カンキツリソースデータベース		http://pgdbj.jp/estui/citrus/CR.html
4	ゲノム解読状況データベース		http://pgdbj.jp/plantdb/plantgenome.html
5	Strawberry GARDEN		http://strawberry-garden.kazusa.or.jp/
6	Sweetpotato GARDEN		http://sweetpotato-garden.kazusa.or.jp/
7	Carnation DB		http://carnation.kazusa.or.jp/
8	Zoysia Genome Database		http://zoysia.kazusa.or.jp/
9	Eggplant Genome DataBase		http://eggplant.kazusa.or.jp/
10	Raphanus sativus Genome DataBase		http://radish.kazusa.or.jp/
11	Buckwheat Genome DataBase (BGDB)		http://buckwheat.kazusa.or.jp/
12	Eucalyptus camaldulensis Genome Database		http://www.kazusa.or.jp/eucaly/
13	Jatropha Genome Database		http://www.kazusa.or.jp/jatropha/
14	CloverGarden		http://clovergarden.jp
15	Lotus japonicus Genome Sequencing Project		http://www.kazusa.or.jp/lotus/
16	Tomato SBM Database		http://www.kazusa.or.jp/tomato_sbm/
17	Kazusa Marker DataBase		http://marker.kazusa.or.jp/
18	KaTomicsDB		http://www.kazusa.or.jp/tomato/
19	Tomato Functional SNP DataBase		http://plant1.kazusa.or.jp/tomato/

(2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1	PGDBj 横断検索システム		http://pgdbj.jp

No.	名称	別称・略称	URL
2	PGDBj 育種向け DNA マーカーページ		http://pgdbj.jp/pages/index.html?dir=ag&page=menu&ln=ja

§3. 実施内容

(1) 本年度の研究開発計画と達成目標

① ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発

本研究開発では種、属、科などさまざまな階層間のゲノム関連情報を容易に比較できる仕組みを整備し、特定の種で得られている知見を他の種で参照できる基盤を構築する。第1年次では、まず本研究で再構築する PGDBj の全体デザインについて設計を行う。すなわち、JBrowse によるゲノムビューアをプラットフォームとして、複数の DB にまたがるゲノム塩基配列 (Pseudomolecules、スキヤフォールド) に対し、互いのゲノム配列情報、遺伝子、transcripts 転写産物、多型、DNA マーカー等さまざまな情報を合わせて閲覧、比較できる基盤 DB を構築するための枠組みを開発する。次に「(2) 種を超えたゲノム情報統合のためのデータリンク基盤の構築」と連携して Pseudomolecules が構築されている数種のゲノム情報を相互に表示するためのシステム開発を行う。JBrowse には多数のプラグインが開発されており、その中でも本研究開発で有益だと思われる gwasviewer と multivariantviewer を PGDBj の JBrowse にインストールする。また、さまざまな情報を JBrowse 上に掲載する試みがなされており、新たに開発されたプラグインは The GMOD Plugin Directory で公開されるため、有益なものがあれば採用する。また、これまでにキュレーションした DNA マーカーや QTL 情報等を JBrowse 上で閲覧できるようにする。

② 種を超えたゲノム情報統合のためのデータリンク基盤の構築

かずさ DNA 研究所グループが選択した植物種・系統・アセンブリバージョンのゲノム配列を対象として、各ゲノム DB の遺伝子 ID が付与された遺伝子のアミノ酸配列情報の整備に着手する。整備した配列の類似度関係に基づいた植物種や系統群を超えた対応関係の整理に着手する。配列の対応関係を蓄積するためのデータストアを構築する。

③ カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築

本項目ではユーザが自身のデータを専用のサーバに投げ込み、ゲノム横断的関連情報表示サイトに格納されている配列からリファレンスとなる配列を選択して、GUI 上でプログラムを操作して多型を検出するシステムを構築する。第1年次は SNP 検出パイプラインの構築を完了させるとともに、CNV, SV 検出パイプラインの構築に着手する。SNP 検出パイプラインでは、配列データの品質評価、トリミング、リファレンスへのマッピング、SNP の検出、フィルタリングによる SNP の選抜を予定している。各ステップに必要なプログラムをパイプライン化し、GUI 上で操作できるツールを構築する。構築を計画しているシステムでは、安全のため解析用のサーバを別にたて、そこに PGDBj に格納するために本プロジェクトで収集したゲノム配列情報を参照配列として別途格納する。多型検出では自身が取得した NGS のリードデータをアップロードし、参照配列を選択する。選択した参照配列に対してアップロードした配列をマッピングし、多型を検出する。検出結果をブラウザ上で確認し、結果ファイルをダウンロードする機能を付与する。

問題点としては、第三者からのデータ受け入れに伴うセキュリティ対策、多様な質・量に対する計算の頑健性、ブラウザの結果表示の PGDBj とのリンクなどがある。これらについては担当者間で協議を重ねながら外

部の意見や技術も積極的に取り入れてシステムの構築を行う。

④ PGDBj コンテンツの更新

現在の PGDBj から提供されている植物リソース情報、登録植物種リスト、DNA マーカー関連情報、QTL 関連情報については、引き続き公開する。第二期までは 2000 年以降の文献を調査してきたが、本年度では、2010 年以降の文献を対象としてキュレーションを行う。また、上記の情報のうち新たに文献が公表されればキュレーションを適宜行い、PGDBj に追加する。前期と比べて運用スタッフの人数を大幅に削減し、データ更新の頻度や内容、またキュレーション手法を見直してより効率的な運用に努める。

(2)進捗状況

① ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発

新しく作成する基盤 DB(仮称・PGDBj2)のスキーマ(DB 構成)の原案を策定した。まず、現 PGDBj やこれまでにかずさ DNA 研究所で開発されたゲノム DB に格納されているデータを精査し、各 DB から PGDBj 2 にどのデータを移行し、どういったデータを新たに追加するかを協議した。その結果、関係データベースである MySQL を用いて各データを管理することを決定し、植物種基本情報、ゲノム基本情報、ゲノム配列、遺伝子情報・配列、転写産物情報・配列、SNP 等の多型、マーカー・QTL といったテーブルの設計を行った。さらに、各遺伝子間の対応関係(相同性など)を表したテーブル、他の植物ゲノム関連の DB と連携するためのテーブル、SNP データを用いた様々な解析を可能にするためのテーブルの設計も行った。

また、他のゲノム関連の DB を参考に、JBrowse をはじめとする Web 上での表示方法 についても検討した。例えば遺伝子に関しては、遺伝子ごとにページを作成し、各遺伝子のページから、近傍領域の JBrowse での参照、相同遺伝子の表示ならびに相同遺伝子のページへの移動、その遺伝子を扱っている他の DB への移動が可能になるような設計を行った。一方、SNP に関しては現行の JBrowse だけでは限界があり、SNP データを用いた研究をサポートする上で最適な表示方法やツールがまだないとの結論に至り、独自の表示方法やツールの構築を検討している。

上記の原案をもとに、まずはかずさ DNA 研究所でこれまで研究に携わってきたゲノムのうち情報量が多く Pseudomolecules が整備されているミヤコグサ、トマト、イチゴなどを対象として、ゲノム配列、遺伝子、転写産物、多型、DNA マーカー・QTL などのデータの各 MySQL テーブルへの入力や、Web での表示のテストに着手している。

② 種を超えたゲノム情報統合のためのデータリンク基盤の構築

かずさ DNA 研究所で解読した植物を中心に選択された 27 植物種・35 配列(系統、アセンブリバージョンの異なる配列を含む)を対象に、各植物種ゲノム DB の遺伝子 ID が付与された遺伝子のアミノ酸配列の整備を実施した(表1)。整備された配列を用いて NCBI の BLAST+によるアミノ酸配列の相同性検索を実施し、類似度の指標として、二配列間のビットスコア、E 値、%一致度、%類似度、ミスマッチ数、ギャップ数、問い合わせ配列に対してアライメントされた検出配列のカバー率を算出、蓄積し、データストアを構築した。本開発で生成されるデータセットに対する PGDBj のユーザの用途として、「二生物種間のトップヒット同士を調べたい場合」と「複数生物種間の配列群を考慮することで得られる機能情報や関連する配列情報を調べたい場合」が想定されることから、後者にも対応するべく、二配列間の情報に基づいて更に三配列以上

を含む配列間の対応関係を整理しクラスタリングするための方法の検討に着手した。また、相同性検索における将来的な遺伝子配列の追加や修正作業の効率化を目的として、全配列間の類似性およびクラスタリングの計算を軽減するための手法の検証を実施した。特に、検索対象 DB の構成として「植物種ごとに分割された DB」と「全生物種を統合した DB」での比較を実施した。分割された DB は検索対象スペースが格段に小さくなり、逐次的なデータセットの追加や更新が容易となる。一方で、配列間の類似度の指標として重視されることが多い E 値は、検索対象スペースに依存する値であるため、植物種ごとに分割された DB を対象に検索した場合の値同士を比較することはできない。初期データとして用意した 23 植物種・25 配列で検証した結果、同じ組み合わせの配列ペアについて、全生物種を統合した DB に対し、植物種ごとに分割された DB の方が 1-2 桁小さい値を示すことを確認した。同時に、E 値を除いたビットスコアなどの類似度指標は同一の値を示すことを確認した。以上を踏まえて、本開発での相同性検索の対象 DB には「植物種ごとに分割された DB」を採用し、三配列以上を含む配列間のクラスタリングには E 値以外の類似度指標を使用することを決定した。但し、E 値を配列間の類似度指標として重視する研究者が多いことから、本開発における E 値は「植物種ごとに分割された DB」のもと算出された値であることを明記し、情報提供することとした。

表1. 本年度にゲノム情報の統合対象とした植物種 (27 生物種・35 配列)

子葉数	科名	属名	学名	アセンブリバージョン	和名	配列数
双子葉	バラ科	イチゴ属	Fragaria x ananassa	FANhybrid_r1.2	オランダイチゴ	45,377
			Fragaria x ananassa	FAN_r1.1		230,838
			Fragaria x ananassa/Reikou	FAN_r2.2		167,721
			Fragaria iinumae	r1.1	野生イチゴ	76,760
			Fragaria nipponica	r1.1	野生イチゴ	87,803
			Fragaria nubicola	r1.1	野生イチゴ	85,062
			Fragaria vesca/Hawaii 4	v1.1.a2	野生イチゴ	33,439
			Fragaria vesca/Hawaii 4	v2.0.a1		33,538
			Fragaria orientalis	r1.1	野生イチゴ	99,674
		サクラン属	Prunus avium/Satonishiki	PAV_r1.0	サクランボ	43,673
	リンゴ属	Malus x domestica	v1.0p	リンゴ	30,294	
		Malus x domestica/Golden Delicious	GDDH13_1-1		45,116	
	ヒルガオ科	サツマイモ属	Ipomoea trifida/0431-1	r1.0	サツマイモ	109,449
			Ipomoea trifida/Mx23Hm	r1.0		62,403
	ナデシコ科	ナデシコ属	Dianthus caryophyllus	r1.0	カーネーション	56,382
	ナス科	ナス属	Solanum melongena	r2.5.1	ナス	85,446
			Solanum lycopersicum	SBM	トマト	77,779
			Solanum lycopersicum	SL3.0		35,768
	タデ科	ソバ属	Fagopyrum esculentum Moench	r1.0	ソバ	286,768
	フトモモ科	ユーカリ属	Eucalyptus camaldulensis	r1.0	ユーカリ	118,501
	トウダイグサ科	ヤトロファ属	Jatropha curcas	r 4.5	ヤトロファ	57,437
	マメ科	シャジクソウ属	Trifolium subterraneum/Daliak	r1.1	サブクローバー	42,706
			Trifolium subterraneum/Woogenellup	r1.0		62,251
		ウマゴヤシ属	Medicago truncatula/A17	Mt4.0	タルウマゴヤシ	50,444
		ミヤコグサ属	Lotus japonicus/MG-20	Lj2..5	ミヤコグサ	21,808
	Lotus japonicus/MG-20		Lj3.0	39,734		
	アブラナ科	ダイコン属	Raphanus sativus	r1.0	ダイコン	80,521
アブラナ属		Brassica rapa/Chifu-401-42	v1.5	ハクサイ	39,608	
シロイヌナズナ属		Arabidopsis thaliana/Col-0	TAIR10	シロイヌナズナ	48,359	
ハス科	ハス属	Nelumbo nucifera/Chinese Antique	mega_gap1M	ハス	26,679	
ウリ科	スイカ属	Citrullus lanatus	v1	スイカ	23,440	
単子葉	イネ科	イネ属	Oryza sativa	IRGSP-1.0	イネ	42,208
		シバ属	Zoysia japonica	r1.1	シバ	59,271
			Zoysia matrella	r1.0	コウシュンシバ	95,079
			Zoysia pacifica	r1.0	コウライシバ	65,252

③ カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築

セキュリティおよび拡張性の観点から解析を実施するシステムは PGDBj サーバとは独立したサーバー上で運用することとした。そのため新規サーバを導入し、OS (Redhad6) やジョブ管理ソフト(UGE)をインストールし、SNPs 解析パイプラインを組み入れる準備を完了した。また、外部データの受け入れのため、かずさ DNA 研究所で使用している通信回線とは別の WWWサーバ専用線(5Mbps~95Mbps)を設置し、ファイアーウォールを新たに設定し、データアップロードとジョブ管理の調整法を検討した。また、外部からのデータアクセスまた、配列データの品質評価、トリミング、リファレンスへのマッピング、SNP の検出、フィルタリングを実施できるパイプラインを構築した。さらに、キラーアプリケーションの拡充をめざして、遺伝子予測やアノテーションを高速で実施するパイプラインの構築に着手した。

④ PGDBj コンテンツの更新

今期から新しいポータルサイトを作るため、新たにサーバを購入した。また、課題(3)に用いる SNP 解析用サーバを購入した。さらに、上記の2台の新しいサーバのテストサーバもそれぞれ購入し、データベースのシステム構成を検討した。また、これまでにキュレーションした DNA マーカーや QTL、植物のゲノム情報、リソース情報に関するコンテンツを見直し、不要な項目を削除した。これにより新たにデータベース上のスキーマを作成した。また、PGDBj のコンテンツをゲノムブラウザに集約するため JBrowse を導入し、連鎖不平衡(LD)ブロックを表示する「multivariantviewer」や Genome-Wide Association Study(GWAS)のマンハッタンプロットを表示する「gwasviewer」といったプラグインを組み込んだ。JBrowse へのコンテンツの掲載はコンテンツが豊富なミヤコグサから開始した。ミヤコグサの最新版 rel 3.0 をリファレンスとして掲載し、これまでに Kazusa Marker DataBase で公開していた DNA マーカーの位置を調べ JBrowse 上に表示した。また、約 140 のミヤコグサ野生種のリシークエンスデータを JBrowse 上に掲載し、それらの SNP の位置を表示した。また、前期において、文献からの DNA マーカーや QTL に関するマニュアルキュレーションが終了していなかった植物種について、キュレーションを継続して実施した。また、文献の自動キュレーションを行うため、PGDBj で公開している約 40 種の植物種について、PubMed に登録されている文献の Abstract を調べ、TO (Trait Ontology)、GO (Gene Ontology)、PO (Plant Ontology)、EO (Environmental Ontology) のキーワードを含む文献を自動的に抽出するスクリプトを作成した。ミヤコグサについて、それらの文献の PDF ファイルを入手した後、各種オントロジー (TO、GO、PO、EO) のキーワード、NCBI に登録されている遺伝子名リスト、オリジナルの遺伝子の通し番号、NCBI で公開されている EST、CDS、PEP の配列名の辞書を作り、それらのキーワードを含むセンテンスを本文から自動的に抽出するスクリプトを作成した。今後、スクリプトを改良し精査するプログラムを作る必要はあるが、センテンスキュレーションの自動化に向けた体制を整えることができた。また、植物と相互作用する微生物のゲノム配列に関する文献を調べることでメタゲノムとホログゲノムに関する情報の収集に着手した。これにより、微生物グループとの連携を図る。

(2) 追加支援による実施結果

(追加支援 1)

① 実施タイプ

タイプ B: 共同研究に向けた活動強化

② 実施内容と結果

植物関連学会の大会・年会において PGDBj を紹介するブース展示を行い、データベースの広報やユーザの意見収集、共同研究開発のパートナーの獲得に努めた。具体的には、DB 管理者への共同開発の提案や本プロジェクトの研究開発項目である多型検出プラットフォームの公開前限定利用(共同研究)の募集など、訪問者との意見交換を通して要望を聞き取りつつ、共同研究に向けて適宜さまざまな取り組みを実施した。展示を行った学会は下記のとおりである。

1. 第 35 回日本植物細胞分子生物学会

日時:2017 年 8 月 29 日(火)~31 日(木)

会場:大宮ソニックシティ(さいたま市)

参加人数:2 名(Fawcett、平川)

2. 第 132 回日本育種学会(秋季大会)

日時:2017 年 10 月 7 日(土)~8 日(日)

会場:岩手大学

参加人数:3 名(Fawcett、市原、平川)

3. 第 40 回日本分子生物学会年会(生命科学系学会合同年次大会 ConBio2017)

日時:2017 年 12 月 6 日(水)~9 日(土)

会場:神戸ポートアイランド

参加人数:3 名(Fawcett、市原、平川)

4. PAG XXVI(Plant & Animal Genome Conference)

日時:2018 年 1 月 13 日(土)~17 日(水)

会場:Town and Country(サンディエゴ)

参加人数:2 名(Fawcett、平川)

5. 第 133 回日本育種学会(春季大会)

日時:2018 年 3 月 25 日(日)~26 日(月)

会場:九州大学

参加人数:2 名(市原、平川)

6. 第 59 回日本植物生理学会年会

日時:2018 年 3 月 28 日(水)~30 日(金)

会場:札幌コンベンションセンター

参加人数:2 名(市原、平川)

③ 期待される将来的な効果

学会では PC を用いたデモやチラシで PGDBj の利用法を伝えるとともに今後の DB 開発に対する要望を聞き取った。特に今季から開発を目指している JBrowse の構築に対し、ゲノム配列だけでなく RNA-Seq や Bisulfite-Seq などこれまで取り扱っていなかった種類の配列にも対応してほしいなど、新たな DB 利用法に対する要望が寄せられた。

(追加支援 2)

① 実施タイプ

タイプ B: 共同研究に向けた活動強化

② 実施内容と結果

実施内容: 応用現場に向けたデータベース利用をサポートするためのワークショップを開催し、参加者及び参加機関に対して PGDBj の共同開発や PGDBj をベースとした共同研究に向けた働きかけを行った。具体的には、国内の種苗会社やバイオ関連企業、公的研究機関の育種担当者を対象として、ゲノム関連情報の活用法や PGDBj の利用法に関するワークショップ(1日)を実施した。この中で、共同開発や共同研究についての情報提供を行い、そのような試みに対する企業や公的機関の意見や希望を聴取した。

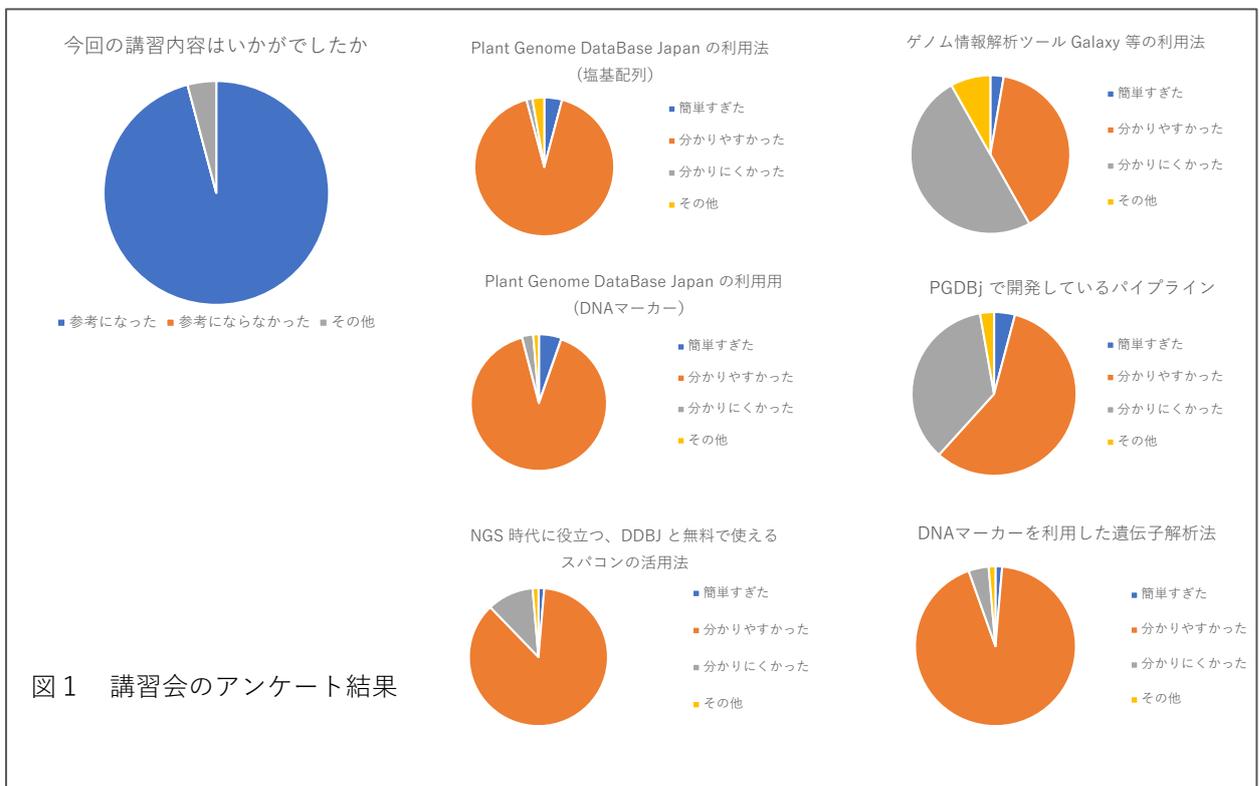
結果: 2018年3月9日にフクラシア東京ステーションにおいて午前10時～午後4時30分まで「植物ゲノム情報活用に向けたデータベース利用法」のタイトルで講習会を実施した。講習会内容は下記のとおりである。

Plant Genome DataBase Japan の利用法(塩基配列データ、講師・平川英樹・かずさDNA研究所)

Plant Genome DataBase Japan の利用法(DNA マーカー、講師・磯部祥子・かずさDNA研究所)
NGS 時代に役立つ、DDBJ と無料で使えるスパコンの活用法紹介(講師・中村保一・国立遺伝学研究所)

ゲノム情報解析ツール Galaxy の利用法 (講師・長崎英樹・かずさDNA研究所)

DNA マーカーを利用した遺伝解析法 (講師・白澤健太・かずさDNA研究所)



参加人数は合計で 85 名だった。参加者にアンケート調査をしたところ、概ね公表であったがゲノム配

列解析に関わる内容では「分かりにくかった」という回答の割合が増える傾向にあった。

③ 期待される将来的な効果

本講習会の参加人数は予想を大きく上回る規模であり、ユーザーがゲノム配列情報に対して高い関心をもっていることがうかがえた。一方、NGS の普及により DB 内に占めるゲノム配列情報の割合が今後増加することが予想され、格納するデータの内容や解析方法をより丁寧にユーザーに説明する必要がある。講習会は DB の利用率向上に有効であり、今後も可能な範囲で開催したいと考えている。しかし、異なる専門性のユーザーに対して同一に講習会を実施することは難しく、今後は専門性の異なるコースにわけてより小規模にハンズオン形式で講習をするなどしてきめ細かな対応を図りたい。

§4. 成果発表等

(1) 原著論文発表

該当なし

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

該当なし

(3) 国際学会および国内学会発表

① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	0 件
	国際	0 件
口頭発表	国内	0 件
	国際	0 件
ポスター発表	国内	3 件
	国際	1 件

② 招待講演

該当なし

③ 口頭講演

該当なし

④ ポスター発表

〈国内〉

1. 市原 寿子, 菊地 正隆, 長谷川 舞衣, 小原 光代, 平川 英樹, 磯部 祥子, 田畑 哲之, 中谷 明弘、種を超えたゲノム情報のためのデータリンク基盤の構築、トーゴの日シンポジウム 2017、東京大学弥生講堂、2017 年 10 月 4 日
2. 市原 寿子, 菊地 正隆, 長谷川 舞衣, 小原 光代, 平川 英樹, 磯部 祥子, 田畑 哲之, 中谷 明弘、

Construction of a data link system for integrating genomic information across species、第 40 回日本分子生物学会年会、神戸国際展示場、2017 年 12 月 8 日

〈国際〉

1. Developing a Plant Genome Database PGDBj in the NGS Era, Fawcett JA, Hirakawa H, Kohara M, Ghelfi A, Fujishiro T, Ichihara H, Nakaya A, Isobe S, Tabata S, Animal Genome XXVI Conference, P0022, San Diego, California, 2018/1/13-17.

植物関連学会での出展による広報活動

〈国内〉

1. 第 35 回 日本植物細胞分子生物学会(埼玉)、2017 年 8 月 29～31 日
2. 日本育種学会 第 132 回講演会(盛岡)、2017 年 10 月 7～8 日
3. 2017 年生命科学系学会合同年次大会(ConBio2017)(神戸)、2017 年 12 月 6～9 日
4. 日本育種学会 第 133 回講演会(福岡)、2018 年 3 月 25～26 日
5. 第 59 回 日本植物生理学会年会(北海道)、2018 年 3 月 28～30 日

〈国際〉

1. Plant & Animal Genome XXVI (San Diego, CA), Jan 13-17, 2018

(4) 知的財産権の出願

該当なし

(5) 受賞・報道等

該当なし

(6) その他(技術移転など)

該当なし

§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2017 年 8 月 3 日	平成 29 年度第一回統合化推進プログラムアドバイザー委員会	東京ステーション コンファレンス	25 人	プロジェクトの開始にあたって 10 名の外部アドバイザーより計画に対して意見をいただく会議
2017 年 10 月 4 日	担当者ミーティング	東京大学	7 人	プロジェクトの進捗報告と協議を行う担当者会議。トーゴーの日にあわせて実施した。
2018 年 1 月 26 日	担当者ミーティング	東京ステーション コンファレンス	7 人	プロジェクトの進捗報告と協議を行う担当者会議
2018 年 2 月 8 日	第2回アドバイザー委員会	東京ステーション コンファレンス	22 人	2017 年度の進捗に対して外部アドバイザーより意見をいただく会議

2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2018年 3月9日	植物ゲノム情報活用に向けたデータベース利用法	フクラシア東京ステーション会議室	85人	PGDBj ユーザーの獲得増加を目指し、PGDBj、DDBJの利用法とゲノム配列・マーカー解析法の講習会を実施した。

以上

別紙 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	Plant Genome Database Japan	PGDBj	植物ゲノム関連情報を統合化するハブとして構築したポータルサイトである。進化情報、リソース情報、ゲノム上の位置や構造情報を軸に遺伝子機能等を検索できる。横断検索を用いることで植物に特化した多種類のDBへ効率的にアクセスできる。	http://pgdbj.jp		維持・発展	データベース等	