

## 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 GARDEN ( <a href="https://plantgarden.jp/ja/index">https://plantgarden.jp/ja/index</a> )
研究代表者氏名	田畑 哲之
所属・役職	かずさ DNA 研究所 所長 (2021 年 3 月時点)

### □目次

§ 1. 研究実施体制 .....	2	① 概要 .....	14
§ 2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等 .....	3	② 招待講演 .....	14
(1) データベース一覧 .....	3	③ 口頭講演 .....	14
【主なデータベース】 .....	3	④ ポスター発表 .....	15
(2) ツール等一覧 .....	3	(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開) ....	15
§ 3. 実施内容 .....	5	出願件数 .....	15
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標 .....	5	⑤ 一覧 .....	16
(2) 進捗状況 .....	6	(5) 受賞・報道等 .....	16
§ 4. 成果発表等 .....	14	§ 5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等) ...	16
(1) 原著論文発表 .....	14	1. 進捗ミーティング .....	16
① 論文数概要 .....	14	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	
② 論文詳細情報 .....	14	等 .....	16
(2) その他の著作物(総説、書籍など) .....	14		
(3) 国際学会および国内学会発表 .....	14		



§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、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、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
東京大学グループ	中谷 明弘	東京大学・特任教授	ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発
筑波大学グループ	田村 卓郎	筑波大学・客員教授	ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発

## §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】

N o.	名称	別称・略称	URL
1	Plant GARDEN	Plant GARDEN	<a href="http://plantgarden.jp">http://plantgarden.jp</a>

#### 【その他のデータベース】

N o.	名称	別称・略称	URL
1	Plant Genome DataBase Japan	PGDBj	<a href="http://pgdbj.jp">http://pgdbj.jp</a>
2	PGDBj オルソログデータベース		<a href="http://pgdbj.jp/od3/">http://pgdbj.jp/od3/</a>
3	PGDBj DNA マーカー・QTL データベース		<a href="http://pgdbj.jp/markerdb/marker.html?sbj=m&amp;ln=ja">http://pgdbj.jp/markerdb/marker.html?sbj=m&amp;ln=ja</a>
4	PGDBj カンキツリソースデータベース		<a href="http://pgdbj.jp/estui/citrus/CR.html">http://pgdbj.jp/estui/citrus/CR.html</a>
5	ゲノム解読状況データベース		<a href="http://pgdbj.jp/plantdb/plantgenome.html">http://pgdbj.jp/plantdb/plantgenome.html</a>
6	Strawberry GARDEN		<a href="http://strawberry-garden.kazusa.or.jp/">http://strawberry-garden.kazusa.or.jp/</a>
7	Sweetpotato GARDEN		<a href="http://sweetpotato-garden.kazusa.or.jp/">http://sweetpotato-garden.kazusa.or.jp/</a>
8	Carnation DB		<a href="http://carnation.kazusa.or.jp/">http://carnation.kazusa.or.jp/</a>
9	Zoysia Genome Database		<a href="http://zoysia.kazusa.or.jp/">http://zoysia.kazusa.or.jp/</a>
10	Eggplant Genome DataBase		<a href="http://eggplant.kazusa.or.jp/">http://eggplant.kazusa.or.jp/</a>
11	Raphanus sativus Genome DataBase		<a href="http://radish.kazusa.or.jp/">http://radish.kazusa.or.jp/</a>
12	Buckwheat Genome DataBase (BGDB)		<a href="http://buckwheat.kazusa.or.jp/">http://buckwheat.kazusa.or.jp/</a>
13	Eucalyptus camaldulensis Genome Database		<a href="http://www.kazusa.or.jp/eucaly/">http://www.kazusa.or.jp/eucaly/</a>
14	Jatropha Genome Database		<a href="http://www.kazusa.or.jp/jatropha/">http://www.kazusa.or.jp/jatropha/</a>
15	CloverGarden		<a href="http://clovergarden.jp">http://clovergarden.jp</a>
16	Lotus japonicus Genome Sequencing Project		<a href="http://www.kazusa.or.jp/lotus/">http://www.kazusa.or.jp/lotus/</a>
17	Kazusa Marker DataBase		<a href="http://marker.kazusa.or.jp/">http://marker.kazusa.or.jp/</a>
18	Tomato Functional SNP DataBase		<a href="http://plant1.kazusa.or.jp/tomato/">http://plant1.kazusa.or.jp/tomato/</a>
19	PGDBj 育種向け DNA マーカーページ		<a href="http://pgdbj.jp/pages/index.html?dir=ag&amp;page=menu&amp;ln=ja">http://pgdbj.jp/pages/index.html?dir=ag&amp;page=menu&amp;ln=ja</a>
20	KusakiDB		<a href="http://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/app/kusakidb">http://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/app/kusakidb</a>

### (2) ツール等一覧

N o.	名称	別称・略称	URL
1	PGDBj 横断検索システム		<a href="http://pgdbj.jp">http://pgdbj.jp</a>
2	PGDBj 育種向け DNA マー		<a href="http://pgdbj.jp/pages/index.html?dir=ag&amp;page=me">http://pgdbj.jp/pages/index.html?dir=ag&amp;page=me</a>

No.	名称	別称・略称	URL
	カーページ		nu&ln=ja
3	Hayai-Annotation Plants		<a href="https://github.com/kdri-genomics/Hayai-Annotation-Plants">https://github.com/kdri-genomics/Hayai-Annotation-Plants</a>
4	SNP Detection		<a href="https://pgdbjstnp.kazusa.or.jp/">https://pgdbjstnp.kazusa.or.jp/</a>
5	ASE-pipeline		未公開
6	Hayai-annotation ZEN		未公開
7	Hayai-gene prediction		未公開
8	GS modeling		未公開

### §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4年次は2020年3月に公開を予定している Plant GARDEN の正規版の修正やコンテンツの追加を行う。特に遺伝子検索システムや SNPs のグラフィカルな表示、RNA-Seq データの JBrowse への掲載など、ユーザーの要望が高い項目について対応を行う。また、遺伝子検索システムにおいては「(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」で開発したシステムをベースとして、ゲノム配列中での位置関係や進化系統中での対応関係あるいは配列の類似関係に従って遺伝子や配列変異が構成する階層的なネットワーク構造を直観的に把握できるようなデータ可視化のための情報処理手法の開発を行う。また、特定の形質や特性に関連する情報をマッピングすることにより種や系統を跨がった比較ができるような手法の開発も併せて行う。さらに、2019年度に開発したキーワード検索する検索システムの動作確認を詳細に実施し、不具合に対する改良や新規コンテンツへの対応を行う。

##### (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

OrthoDBに格納されているオルソログ遺伝子配列をベースとした植物遺伝子の機能アノテーションを実施する際の参照データセットとして2019年度より開発を着手した KusakidB の整備を引き続き実施する。また、2019年度まで大阪大学で開発した「配列プロファイル」作成システムを用いて追加された遺伝子情報に対して「配列プロファイル」の更新を行い、KusakidB に格納された情報とリンクさせる。さらに KusakidB を軸として複数種間の遺伝子情報を比較するシステムを開発する。

##### (3) カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築

ユーザーが独自で取得した NGS データをシステムに投入し、多型 (SNP、In/del、CNV、SV) や LD、ハプロタイプを検出するシステムを構築する。第4年次は Plant GARDEN 内のデータと連動しつつ任意のサーバーで実行できる SNP 検出パイプラインのコンテナ化を引き続き実施するとともに、リードのマッピングやマップされたリードのカウントなど RNA-Seq 解析の実施にも対応できるように複数のコンテナを整備する。さらに、ユーザー自身のデータと Plant GARDEN のデータをユーザーのローカル PC で比較表示できるツールの開発 (仮称: My GARDEN) を引き続き実施する。My GARDEN を実現するための1つのステップとして、すでにユーザー自身のデータを格納する DB (BreedBase <https://breedbase.org/>、GOBii <http://cbsugobii05.biohpc.cornell.edu/wordpress/>) 上で Plant GARDEN の情報を呼び出す API を BrAPI (<https://brapi.org/>) の定義を用いて開発する。さらに第3年次には実施ができなかったローカル PC で動作するゲノム viewer との連携やクラウド上に置いた SNP 解析コンテナと連動して操作できる API の開発に引き続き取り組む。

#### (4) PGDBj コンテンツの更新

PGDBj および Kazusa Marker DataBase に格納されているデータの Plant GARDEN への移行を終了する。また、全ゲノム配列やマーカー、QTL 情報など Plant GARDEN に格納するためのマニュアルキュレーションを引き続きすすめる。QTL 情報のキュレーションについては、前年度まで検討を行った QTLTable Miner++ をベースとしたオートキュレーションも活用する。また、オートキュレーションの精度をさらに上げるためにシステムの改良を行うとともに、マニュアルキュレーションと連携したキュレーション体制により、キュレーション作業を加速する。格納した遺伝子については Hayai-Annotation ZEN による再アノテーションを実施するとともに、JBrowse 等に掲載するためのリシーケンス（ゲノム）配列を収集し、vcf ファイル等の作成を引き続き進める。

### (2) 進捗状況

#### (1) ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発

一昨年度に開発を実施した「Plant GARDEN (Genome And Resource Database Entry)」の正規版について、当初計画では 2020 年 3 月に公開することで準備を進めた。しかし想定以上に不具合が多発し実装に時間がかかったこと、かつ新型コロナウイルスの感染拡大による業務体系の変更も相まって計画よりも作業が難航したが、2020 年 7 月に公開することができた。また、英語版の開発もすすめ、2019 年 6 月に B・英語版として公開を行った。正規版にむけては、学会等の展示で収集したユーザー意見の他、NBDC で実施されたユーザービリティ評価にも参加し、そこで得られた意見を反映しながら、コンテンツや Web ページデザインなどを改良した。

特に検索システム機能の実装においては、Plant GARDEN 用に開発された Elastic Search を利用した横断検索システム(pges)のサービスを提供する API(pges-api)とインデックスの調整を重ね、意図した検索が可能な限り速やかに実行できるようシステムの改良と実装を行った（図 1）。開発したシステムを用いて全ページのクローリングを実施し、Plant GARDEN 内の情報検索が行える状態を確立した。検索システムに関しては、クローリングの効率化や検索するページや検索キーワードにより表示される結果の順位を変えるなど、さらなる改良も計画しており、次年度にこれを実施する。なお、正規版のデザインについては、2020 年の公開後も一層の利便性を与えるために、一覧表のソート機能の改良やページ表示の高速化など改良を日々加えている。特に形質に関連するマーカー（形質ページ）については、格納しているマーカーの物理地図上の位置情報を Map 表示する機能を持たせているが、現在は 1 種類の物理地図の表示にのみ対応しているため、複数の連鎖地図表示にも対応できるようにするなど、大幅な改良を行っている。

また、新たな開発事項として、スマートフォンに対応したシステムの表示デザインと実装作業を着手した。これは特にスマートフォンによる情報検索を日常的に行う若いユーザーをターゲットとしており、スマートフォン対応とすることでユーザー数の増加が図られることを狙っている。小さい画面でも効率的に検索ができるよう、表示デザインや検索ステップを現行の PC 版より大きく変更するとともに、BLAST 検索時の配列入力はカメラ機能で撮影した配列情報の画像データから文字変換する機能など、スマートフォンならではの機能を盛り込むことで検討している。なお、PC 版とのデザインの統一性を図るために、デザインおよび実装作業の一部を（株）バスキュールに委託した（図 2）。

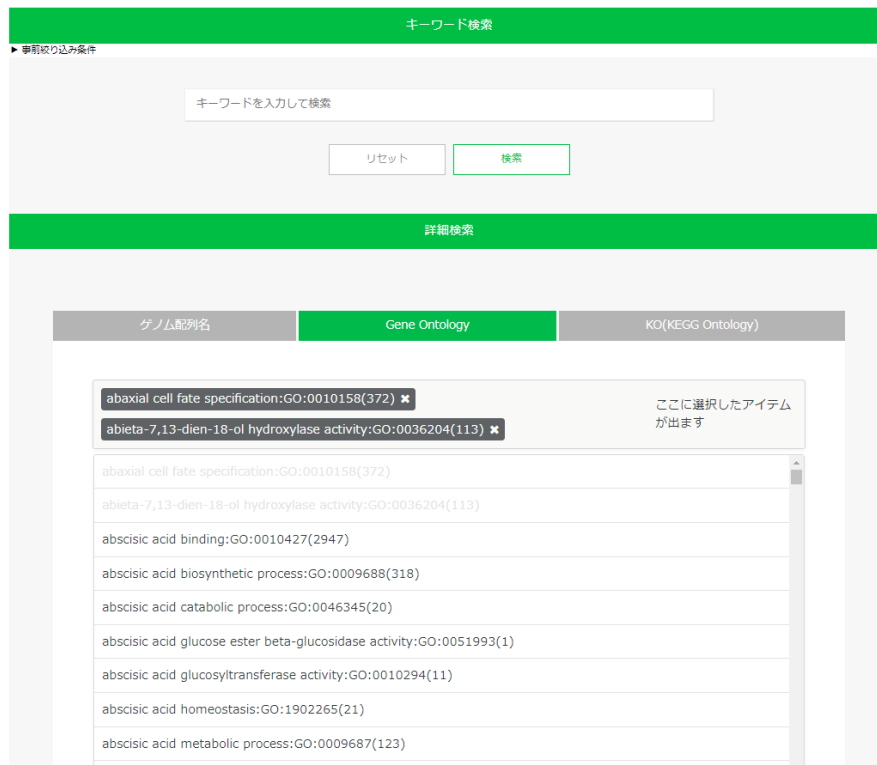


図1 遺伝子検索ページの例。キーワード検索だけでなく、GOやKEGGにより分類された機能から遺伝子を検索することができる。

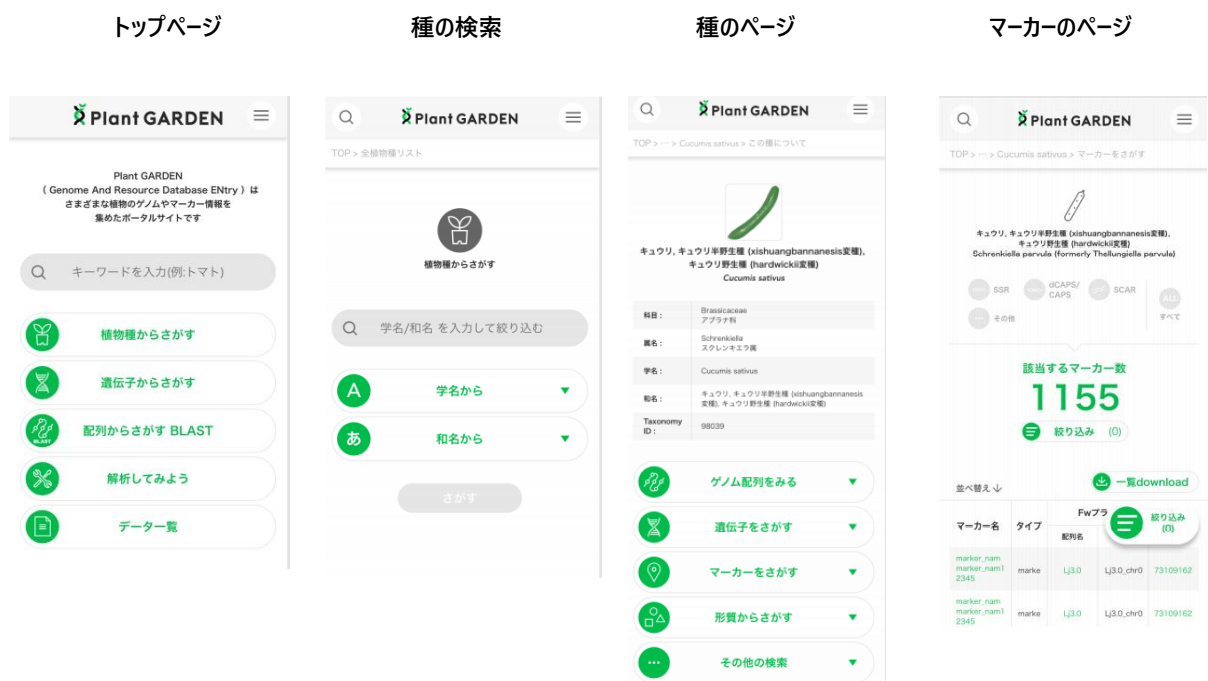


図2 スマートフォンに対応したシステムのデザイン例

## (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

OrthoDBに格納されているオルソログ遺伝子配列をベースとした植物遺伝子の機能アノテーション

ンを実施する際の参照データセットとして 2019 年度より開発を着手した KusakiDB の整備と、KusakiDB を用いた遺伝子機能アノテーションプログラム「Hayai-Annotation」の改良を引き続き実施した（図 3）。

現在のバージョン Hayai-Annotation v2.0 は、検索データベースとして構築した KusakiDB を対象に、InterPro、PFAM、遺伝子オントロジー（分子機能、生物学的プロセス、細胞の構成要素）などの情報を検索するための新しい検索エンジンを実装した。KusakiDB は 3 つの重要なデータベース OrthoDB、UniProt、RefSeq の情報が統合された、植物のタンパク質配列のオルソログデータベースである。種分化に伴い生じた Orthologous Group (OG) に着目し、OG を推定する機能（OG Assessment）と、その推定のためのパラメータを調節する機能（OG Management）を備えており、植物ゲノムの遺伝子機能の解析に用いることができる。本システムを用いて OG を比較すると、種や科に特有の OG を見つけたり、1 つの OG が複数の機能を持っているかどうかを調べることができる。この機能を用いて、ユーザーが任意の遺伝子に対して類似した配列を有する他種、もしくは他ゲノムの遺伝子情報を抽出できるシステムの開発に着手した。

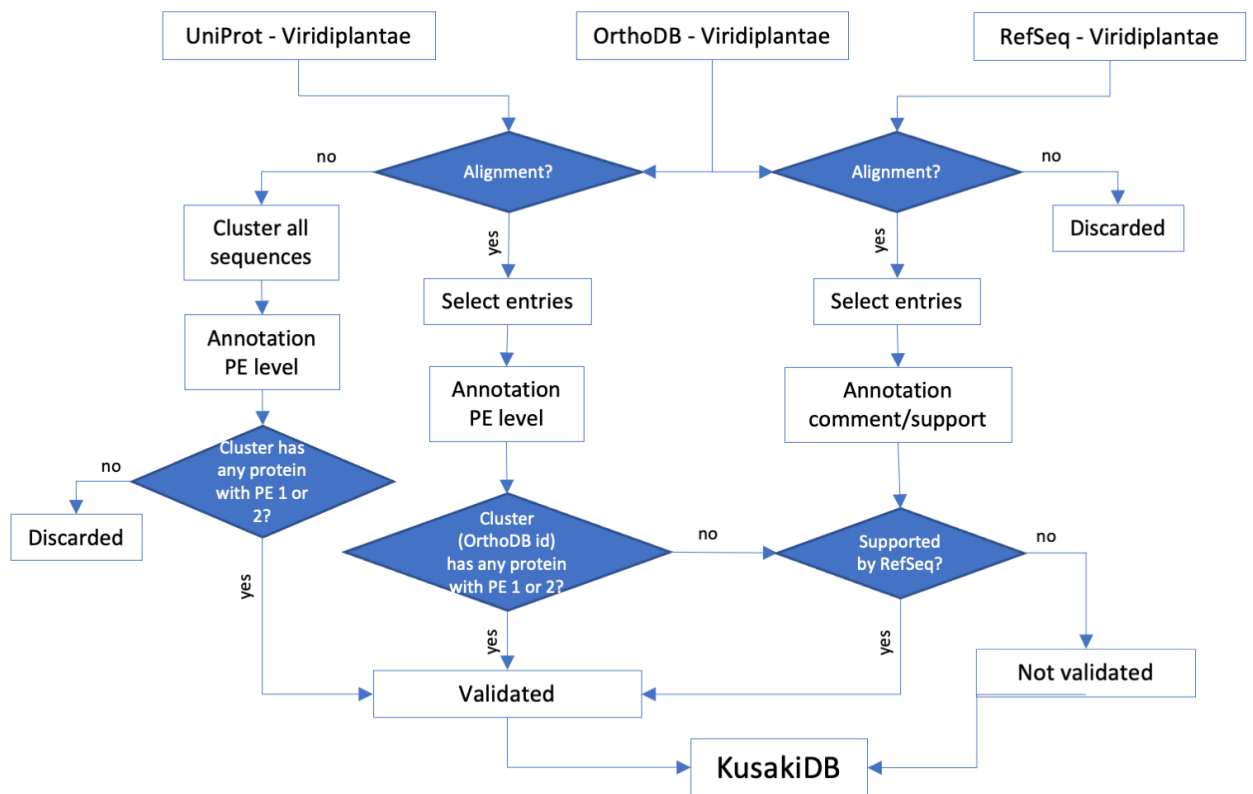


図 3 開発した KusakiDB の概要図

### (3) カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築

本年度は正規版の公開と改良に多くの開発資源を多く割いたため、本項目の進捗は想定よりも当初計画から遅延している。SNPs 解析パイプラインについては、2018 年度に整備・公開したかずさ DNA 研究所内に設置したサーバー上で計算を実行するシステムの運用と改良を引き続き実施した。また、国立遺伝学研究所ですでに設置されている SNPs 解析用のコンテナの動作確認と Plant



GARDEN との連携検討を継続した。一方、遺伝子機能アノテーションを高速に実施するツール「Hayai-Annotation」と本ツールを実施する際に用いる KusakiDB に関しては、ShinyProxy を利用してツールのコンテナ化を実現した（図4）。これにより、ユーザーは個人の計算機環境内において、保有する配列データを用いた機能アノテーションを実行できる。次の2つのコンテナリポジトリの URL

<http://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/app/hayai2>,

<http://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/>

をクリックすることで、KusakiDB を用いた機能アノテーションを実施することができる。

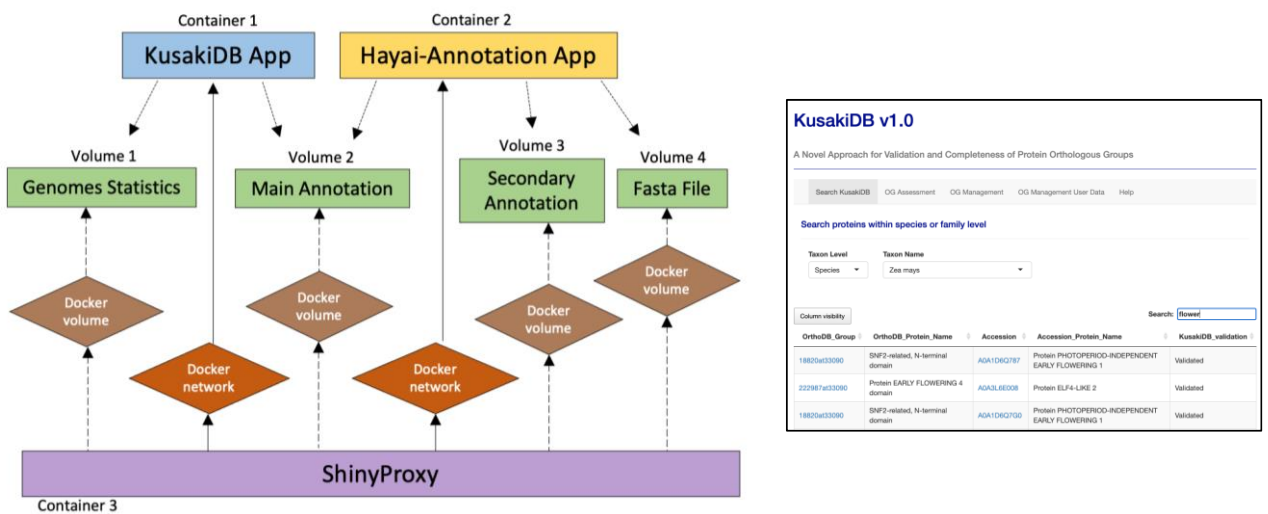


図4 開発した KusakiDB と Hayai-Annotation のコンテナ

一方、ユーザー自身のデータを格納する DB 上で Plant GARDEN の情報を呼び出す API の開発については、データベースの URI の Restful 化を行い、BrAPI 等の定義による API を介したデータ呼び出しに対応できる体制を整えた。

#### (4) PGDBj コンテンツの更新

PlantGARDEN 正規版の公開に伴って PGDBj のデータ更新を終了し、本年度は Plant GARDEN のコンテンツ拡充を図った。Plant GARDEN 内のコンテンツ拡充については、ゲノム配列を中心に染色体レベルにアセンブルされており、かつ遺伝子配列情報が付随しているデータを中心にキュレーションと格納を引き続き実施した。その結果、2019年3月のβ版公開当初に格納されたゲノム情報は9種、前年度の報告時（2020年2月）では80種だったのに対し、2021年3月現在で125種158ゲノムの情報を格納できた（表1）。これは Phytozome など主要な植物ゲノム DB を凌ぐ最大級の数であり、データ規模においても世界トップクラスの植物ゲノムポータルサイトを確立できたと考える。

表 1 Plant GARDEN に格納されている主なコンテンツ (2021 年 3 月現在)

	植物種数	件数
ゲノム	125	158
遺伝子	119	6,021,417
DNA マーカー	34	313,115
形質と関連しているマーカー (QTL)	28	8,255
SNPs, In/dels (SRA から検出した変異)	119	5,050,162,644

特に SRA 由来の SNPs と In/dels 情報は本プロジェクトが公開されている SRA から独自に検出した Plant GARDEN 固有のコンテンツであるが、119 種で情報を整備することができた。また、追加予算を得て高速に SNP 解析を実施できるサーバー (Dragen) を整備することができた。Dragen の設置はすでに終了しており、現在これまでの手法との検出結果の違いなどを検討している。これらの検討が終了次第、Dragen の運用を本格化させる。

センテンスキュレーションの検討では、QTL 情報のキュレーションとしてこれまで検討した QTLTableMiner++(QTM、Singh et al, 2018, BMC Bioinformatics)の結果を精査した結果、出力結果に対しマニュアルキュレーションによる補正が必要なことが分かった。そこで、学会などの場を通じてマニュアルキュレーションをする人材を募集し、キュレーションの本格化に向けた体制を整えた。さらに、遺伝子機能に関するオートキュレーション法に関しても改良を重ね、キーワードリストの更新や生物種の追加を行った。遺伝子機能のキュレーション結果に関しては、「遺伝子ページ」「形質ページ」の両方に格納することで、検討中である。

2019 年 3 月の Plant GARDEN・6 版公開以降、アクセスログの取得を開始した。6 版公開を行った 2019 年 3 月から 2021 年 3 月までのアクセス数は平均で 1,286、延べで 33,438 である (表 2)。

表 2 Plant GARDEN の月別のアクセス数

年度	年月	訪問者	訪問数	ページ
2018年度	201903	710	851	3,950
2019年度	201904	794	913	2,960
	201905	632	804	1,880
	201906	333	604	133,201
	201907	384	756	3,309
	201908	336	554	3,587
	201909	361	603	4,065
	201910	546	1,257	4,386
	201911	1,726	2,557	7,508
	201912	949	1,431	16,897
	202001	901	1,436	7,600
	202002	1,019	1,473	3,290
	202003	592	1,822	4,296
2020年度	202004	524	1,177	3,697
	202005	592	1,035	3,493
	202006	567	903	3,460
	202007	623	1,127	3,707
	202008	633	1,014	3,450
	202009	641	1,452	5,576
	202010	1,242	1,999	9,863
	202011	910	1,416	5,620
	202012	804	1,471	6,441
	202101	943	1,662	13,047
	202102	1,063	1,775	11,544
	202103	1,209	2,060	9,664

## (5) 統合化推進プログラムの他課題との連携

### ①微生物ゲノム統合データベース MicrobeDB.jp との連携

MicrobeDB.jp (<https://microbedb.jp>) では NCBI の SRA などの公共データベースに格納されているメタゲノムデータの解析が行われており、植物種とその器官における菌叢や土壌などにおける菌叢データが公開されており、RDF 化が実施されている。これまでに Plant GARDEN と MicrobeDB.jp との間での連携を図るため、Plant GARDEN で公開されている植物種のゲノム、遺伝子、アノテーション、DNA マーカー、QTL 情報といったデータについて RDF 化を進めている。これまでに SPARQL 検索に必要な SPARQL エンドポイントを MicrobeDB.jp と Plant GARDEN のそれぞれで作成した。第 5 年度では Plant GARDEN で公開されているデータと MicrobeDB.jp の菌叢データを SPARQL 検索できるよう連携させる。

### ②メタボローム統合データベース MetaboBank との連携

これまでにかずさ DNA 研究所ではチャボイナモリ（生薬）やトマトをはじめとする植物についてのメタボロームデータを取得しており、各植物種にみられる代謝化合物が同定されている。これにより植物種と Plant GARDEN の植物種でデータを繋ぐことで代謝化合物と遺伝子（酵素）との関連性を調べることができると考えられる。Plant GARDEN では上記の通り各コンテンツのデータの意味付けを進

めており、一方、遺伝研で公開されているメタボローム統合データベース **MetaboBank** (<https://mb.ddbj.nig.ac.jp>) では、RDF を介して実験メタデータや実験生データが結び付けられている。これにより、植物種名を介して Plant GARDEN と MetaboBank のデータとの間で連携ができると考えている。第 5 年度は連携に向けて、Plant GARDEN における遺伝子機能に関する情報の体系化を図る。

## (6) 国内学会大会ブース出展

2020 年度は新型コロナウイルスの世界的な蔓延により、各種学会が中止、もしくは Web 上での開催となった。そのため他の年に比べて学会展示の機会が減ったが、以下の学会でブース展示を行った。出展した 5 件の年会のうち 4 件について、展示ページのユニーク訪問者数は 100 件を超えており、育種学会、分子生物学会年会ともに例年の現地開催での展示よりも来訪者数が多い結果となった。

### 1. 第 138 回日本育種学会（秋季大会）

日時：2020 年 10 月 10 日（土）～11 日（日）

会場：オンライン

参加人数：3 名（磯部、平川、市原）

ユニーク訪問者数：163 件

### 2. 第 43 回日本分子生物学会年会

日時：2020 年 12 月 2 日（水）～4 日（金）

会場：オンライン

参加人数：3 名（磯部、平川、市原）

ユニーク訪問者数：104 件

### 3. 第 61 回日本植物生理学会年会

日時：2020 年 3 月 14 日（日）～16 日（火）

会場：オンライン

参加人数：3 名（磯部、平川、市原）

ユニーク訪問者数：37 件

### 2. 第 139 回日本育種学会（春季大会）

日時：2021 年 3 月 19 日（金）～21 日（日）

会場：オンライン

参加人数：3 名（磯部、平川、市原）

ユニーク訪問者数：168 件

### 3. 令和 3 年園芸学会春季大会

日時：2021 年 3 月 24 日（水）～30 日（火）

会場：オンライン

参加人数：3 名（磯部、平川、市原）

ユニーク訪問者数：127 件

さらに、Plant GARDEN の概要を説明する講習会・学会講演の場を NBDC より頂戴し、下記の講習会を行った。特に AJACS 2 講習会で取得した動画は統合 TV から公開いただくとともに、NBDC および DBCLS の協力のもと、Plant GARDEN 上からも「Plant GARDEN の使い方」として整備・公開を行うことができた。また、オンライン展示のコンテンツとしても活用し、来訪者からの好評を得た。

1. AJACS2 オンライン 日時：2020 年 10 月 14 日

統合 TV 「植物ゲノムポータルサイト・Plant GARDEN の使い方@AJACS オンライン 2」

doi: 10.7875/togotv.2020.087

2. 第 43 回日本分子生物学会年会 フォーラム企画 2020 年 12 月 2 日

#### §4. 成果発表等

##### (1) 原著論文発表

###### ① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0件
	国際(欧文)	0件
未発行論文 (accepted, in pres s 等)	国内(和文)	0件
	国際(欧文)	0件

###### ② 論文詳細情報

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	4件
	国際	0件
口頭発表	国内	2件
	国際	0件
ポスター発表	国内	5件
	国際	0件

###### ② 招待講演

〈国内〉

1. 磯部祥子. 植物ゲノムポータルサイト・PGDBj と Plant GARDEN の紹介第 9 回生命医  
薬情報学連合大会 (IIBMP2020) ワークショップ, Web 開催、2020 年 9 月 3 日
2. 磯部祥子、植物ゲノム情報統合ポータルサイト Plant GARDEN の構築、第 43 回日本分  
子生物学会年会 生命科学のデータベース活用法 2020、Web 開催、2020 年 12 月 2 日
3. 磯部祥子、植物ゲノムポータルサイト・Plant GARDEN の使い方、AJACS オンライン  
2, 必要な配列情報を入手する、Web 開催、2020 年 10 月 14 日
4. 磯部祥子. ゲノム解析から植物の多様性を考えるバーチャル研究会 生物多様性の DNA 情  
報学~自然の計測と生命の理解のために. 2020 年 12 月

〈国際〉

該当なし

###### ③ 口頭講演

〈国内〉

1. 市原 寿子, 原田 大士朗, ジェルフィ アンドレア, 小原 光代, 山田 学, 白澤 沙知子, フォー  
セット ジェフリー, 田村 卓郎, 杉原 英志, 中谷 明弘, 中村 保一, 平川 英樹, 田畑 哲之, 磯

部祥子. 植物ゲノム情報ポータルサイト Plant GARDEN の正規版公開. 第 138 回育種学会講演会. Web 開催、2020 年 10 月

2. 市原 寿子, 小原 光代, 山田 学, ジェルフィ アンドレア, 平川 英樹, 白澤 沙知子, 田村 卓郎, 杉原 英志, 中村 保一, 中谷 明弘, 田畑 哲之, 磯部祥子. 植物ゲノム情報ポータルサイト Plant GARDEN の改訂 (2020 年度・第 4 四半期版) . 第 139 回育種学会講演会. Web 開催、2021 年 3 月

〈国際〉

該当なし

#### ④ ポスター発表

〈国内〉

1. 平川 英樹, 藤沢 貴智, 森宙史, ゲルフィ アンドレア, 市原 寿子, 中村 保一, 磯部 祥子, 田畑 哲之, 黒川 顕. 生物間相互作用の解明に向けた植物・微生物統合データベース間の連携. トーゴーの日シンポジウム 2020. Web 開催、2020 年 10 月
2. ゲルフィ アンドレア, 中村 保一, 磯部 祥子. KusakiDB v1.0: New protein database of orthologous genes in plant species. トーゴーの日シンポジウム 2020. Web 開催、2020 年 10 月
3. 市原 寿子, 原田 大士朗, ジェルフィ アンドレア, 小原 光代, 山田 学, 白澤 沙知子, フォーセット ジェフリー, 田村 卓郎, 杉原 英志, 中谷 明弘, 中村 保一, 平川 英樹, 田畑 哲之, 磯部祥子. 植物ゲノム情報ポータルサイト Plant GARDEN の正規版公開. トーゴーの日シンポジウム 2020. Web 開催、2020 年 10 月
4. Ichihara Hisako, Harada Daijiro, Ghelfi Andrea, Kohara Mitsuyo, Yamada Manabu, Shirasawa Sachiko, Fawcett Jeffrey, Tamura Takuro, Sugihara Eiji, Nakaya Akihiro, Nakamura Yasukazu, Hirakawa Hideki, Tabata Satoshi, Isobe Sachiko. Release of the official version of Plant GARDEN, a plant genome information portal site. 第 43 回日本分子生物学会. Web 開催、2020 年 12 月
5. Ghelfi Andrea, Nakamura Yasukazu, Isobe Sachiko. KusakiDB: a database of orthologous proteins specialized in plant species. バーチャル研究会 生物多様性の DNA 情報学~自然の計測と生命の理解のために. Web 開催、2020 年 12 月

〈国際〉

該当なし

#### (4) 知的財産権の出願

出願件数

種別		件数
特許出願	国内	0 件
	国外	0 件

種別	件数
その他の知的財産出願	0 件

⑤ 一覧

1) 国内出願

該当なし

2) 海外出願

該当なし

3) その他の知的財産権

該当なし

(5) 受賞・報道等

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
2020 年 10 月 1 日	2020 年度第 1 回アドバイザー委員 (非公開)	ステーションコンファレンス東京および Web 開催	26 人	外部アドバイザー委員と進捗に対する意見交換を行うためのミーティング
2021 年 3 月 10 日	2020 年度第 2 回アドバイザー委員 (非公開)	Web 開催	27 人	外部アドバイザー委員と進捗に対する意見交換を行うためのミーティング
随時				関係者が一同に会してのミーティングは開催しなかったが、検索システム、オルソログ情報表示など解決問題に応じて、随時 web ミーティングを実施した。

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
該当なし				

以上



別紙1 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。	<a href="http://pgdbj.jp">http://pgdbj.jp</a>	2012/8/20	維持・発展	データベース等	1. Asamizu E, Ichihara H, Nakaya A, Nakamura Y, Hirakawa H, Ishii T, Tamura T, Fukami-Kobayashi K, Nakajima Y, Tabata S, Plant Genome DataBase Japan (PGDBJ): a portal website for the integration of plant genome-related databases. Plant Cell Physiol. 55(1):e8 (2014) 2. Nakaya A, Ichihara H, Asamizu E, Shirasawa S, Nakamura Y, Tabata S, Hirakawa H., Plant Genome DataBase Japan (PGDBJ), Methods Mol
2	Plant GARDEN		植物ゲノム関連情報を格納したポータルサイトである。PGDBjでは格納されていなかった全ゲノム配列情報を基軸に、植物種毎に情報を閲覧できるページを基軸としている。他に遺伝子配列、アノテーション、PCRベースのDNAマーカー、SNPs、形質関連マーカー等の情報を格納し、ゲノムブラウザ (browse) 上で横断的に情報を検索することも可能である。また、異なる植物種間で類似する遺伝子配列を検索することも可能である。現在はβ版として公開中である。	<a href="https://plantgarden.jp">https://plantgarden.jp</a>	2019/3/11	新規	データベース等	
3	Hayai-Annotation Plants		植物を対象に遺伝子機能アノテーションを実施するツール。ローカル環境で動作し、実行速度が極めて速く、正確かつ包括的なアノテーションが可能である。	<a href="https://github.com/kdri-genomics/Hayai-Annotation-Plants">https://github.com/kdri-genomics/Hayai-Annotation-Plants</a>	2018/11/20	新規	ツール等	Ghelfi A, Shirasawa K, Hirakawa H, Isobe S, Hayai-Annotation Plants: an ultra-fast and comprehensive functional gene annotation system in plants, Bioinformatics, btz380, <a href="https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz380">https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz380</a>
4	SNP Detection		配列の精査、マッピングおよび変異検出を実施する解析パイプラインである。Plant GARDENのユーザーを対象にβ版として公開中。FTPを通じてユーザーがリード配列とリアレンス配列をかずきDNA研究所のサーバーにUploadして解析を実行する。実行にはユーザー登録が必要である。	<a href="https://pgbjsnp.kazusa.or.jp/">https://pgbjsnp.kazusa.or.jp/</a>	2019/3/11	新規	ツール等	
5	Kusaki DB		植物の遺伝子アノテーションを高精度に実施するための遺伝子情報を格納したDB。遺伝子オルソログ情報をOrtho DB, Uniprot, NCBI nrの情報を一元化した。	<a href="http://pgbjsnp.kazusa.or.jp/app/kusakidb">http://pgbjsnp.kazusa.or.jp/app/kusakidb</a>			データベース等	