

## 研究開発課題別事後評価結果

### ➤ 課題情報

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
研究代表名	田畑 哲之（かずさ DNA 研究所 所長）

### ➤ 事後評価結果

1. 総合評価	<p>一部を除き、当初の実施計画は概ね達成され、一定の成果が得られた。</p> <p>多くの植物種を収録した点が大きな成果である。使いやすくデータが統合されており、今後の活用拡大が期待される。国内だけでなく、世界の植物ゲノム科学をリードする解析基盤となることを期待する。</p> <p>植物ゲノムのデータポータルとして、Phytozome や Ensembl Plants 等の海外のデータベースとの差別化が重要だが、Plant GARDEN の新規性・独自性につながる機能の実装が期間中に完了しなかった。特に My GARDEN はユーザーデータと Plant GARDEN のデータをシームレスに統合分析するツールとして Plant GARDEN の大きな強みとなるものと期待されることから、今後の着実な開発が望まれる。</p> <p>PGDBj を更新せずに維持していく方針は、既存ユーザーのサポートという点で好ましいが、Plant GARDEN のデータ・機能と一部重複しており、利用者の混乱を招くおそれがある。利用者にロードマップを示し、早期に集約を進めていただきたい。</p> <p>認知度を高め利用を拡大していくために、Plant GARDEN の論文発表は早期に進めていただきたい。また、例えば、データベースを活用した研究成果を分析し、Plant GARDEN の貢献を示していくことも有効と思われる。国際連携や協力を積極的に進めることで、海外からの利用者を増やす工夫も期待する。</p>
2. 研究コミュニティを含むデータ提供者やDB利用者との連携・協業	<p>アドバイザー委員会やアンケートサイトを設置し、専門家や利用者の意見を取り入れて開発が推進された。学会発表や展示活動や講習会なども多数実施し、研究コミュニティとの協議・連携・協力が適切に実施された点を評価する。</p>
3. 利用者にとって有用なデータ基盤、持続的なDB運用体制構築に向けた取り組み	<p>分かりやすく使いやすいインターフェースの提供が志向された。微生物やメタボロームチームとの連携によって統合データベース連携検索システムの構築にも取り組まれた点を評価する。</p>
4. 生命科学的研究やイノベ	<p>アクセス数からは利用者の増加傾向がうかがえる。今後、Plant GARDEN の活用</p>

ーションへの波及効果（DBを利用して得られた研究成果）

事例を創出したり、紹介したりしていくことで、利用者拡大につながることを期待される。更新が停止した PGDBj を今も利用しているユーザーが多いことから、これらのユーザーを Plant GARDEN に誘導していく工夫も必要である。

5. その他特記すべき事項

バイオインフォマティクス、データサイエンス、作物育種等の各分野の専門家が多く参画しており、適切な研究開発体制のもとで研究開発がおこなわれた。国際研究コンソーシアム Earth Biogenome Project に Affiliated project として参画し連携が図られた。

4名の特任研究員のうち3名が他の機関のポジションを得る等、参加メンバーのキャリアパス支援にも繋がった点も評価する。

6. 実施計画の達成状況

Plant GARDEN を研究開発対象とし、1) ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発、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、3) カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築、4) コンテンツ更新を目的として、研究開発が実施された。

1)については、第2期までに構築した PGDBj の DNA マーカー、QTL、連鎖地図情報に加え、多数の植物種のゲノム・遺伝子情報を格納し、Plant GARDEN が公開された。独自に SNP と InDel、SSLP 候補を検出し、ゲノムブラウザ上に集約された。ゲノムや植物を専門としない研究者や産業界・教育現場などでも活用できるサンプルで直感的に分かりやすいインターフェースが提供された。

2)については、OrthoDB 情報を利用してオルソログが紐づけられた。OrthoDB のオルソログ遺伝子配列に基づく遺伝子機能アノテーションの参照データセットとして KusakidB が整備され、遺伝子機能をアノテーションする Hayai-Annotation ZEN が開発された。これらを用いて Plant GARDEN の遺伝子情報が再アノテーションされ、系統群を指定してオルソログ情報が閲覧できるようにされた。

3)については、SNP 検出用サーバーが整備され、ユーザー配列の SNP を検出できるようになった。さらに、SNP 解析パイプラインのコンテナ化とユーザーデータと Plant GARDEN 内のゲノムデータ等を比較解析できる My GARDEN の開発はプロトタイプの開発に留まった。Hayai-Annotation と KusakidB をコンテナ化し、ユーザーの計算機環境内で配列データのアノテーションができるようになった。

4)については、染色体レベルでアセンブルされたゲノムを中心に拡充された。2021年9月時点で134種169ゲノムが格納され、データ量・質ともに世界トップクラスの植物ゲノムポータルサイトが確立された。

上記の通り、一部を除き、当初の実施計画は概ね達成された。