

## 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)	PGDBj (Plant Genome DataBase Japan) ( <a href="http://pgdbj.jp/">http://pgdbj.jp/</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 (2020年3月時点)

### □目次

§1. 研究実施体制.....	2	① 概要.....	9
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等.....	2	② 招待講演.....	10
(1) データベース一覧.....	2	③ 口頭講演.....	10
【主なデータベース】.....	2	④ ポスター発表.....	10
(2) ツール等一覧.....	3	(4) 知的財産権の出願.....	11
§3. 実施内容.....	4	(5) 受賞・報道等.....	11
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標.....	4	§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)	12
(2) 進捗状況.....	5	1. 進捗ミーティング.....	12
§4. 成果発表等.....	9	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリー	12
(1) 原著論文発表.....	9	チ活動等.....	12
① 論文数概要.....	9		
② 論文詳細情報.....	9		
(2) その他の著作物(総説、書籍など).....	9		
(3) 国際学会および国内学会発表.....	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 GARDEN	Plant GARDEN	<a href="http://plantgarden.jp">http://plantgarden.jp</a>

#### 【その他のデータベース】

No.	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>

No.	名称	別称・略称	URL
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>

(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		<a href="http://pgdbj.jp">http://pgdbj.jp</a>
2	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>
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://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/">https://pgdbjsnp.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	Kusaki DB		未公開
9	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3年次では、2019年3月に公開とした Plant GARDEN・β版をベースに正規版の開発をすすめる。全体構成に関する部分では、Plant GARDEN 内に格納したデータをキーワード検索により抽出・表示するシステムを開発する。また、β版は日本語のみの対応となっているため、英語版を作成する。データ表示に関しては、一塩基多型 (SNPs) などのバリエーションをユーザーが認識しやすいスタイルで表示するための viewer の設計と実装を行う。ブラウザ表示に関しては JBrowse だけでなく、TASUKE ([https://tasuke.dna.affrc.go.jp/index\\_jp.html](https://tasuke.dna.affrc.go.jp/index_jp.html)) などバリエーションの表示に優れたブラウザの導入も検討する。また、β版を試用したユーザーの意見を反映して微修正を行う。

#### 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

本研究開発では、複数の生物種に跨ったゲノム情報の統合を目的として、遺伝子の相同性 (アミノ酸配列の類似性) の情報に基づいたデータリンク基盤の構築を行う。第3年次は前年度に引き続き、新規の植物種を追加してアミノ酸配列間の類似度情報の蓄積を行う。また、将来的な植物ゲノムデータの追加や更新の際の処理コストを軽減するための仕組みとして、前年度に検討を行った「配列プロファイル」を活用してのシステム構築を実施する。ここでは、従来からの「配列 vs 配列」を対象とした比較に加えて「配列 vs 配列プロファイル」および「配列プロファイル vs 配列プロファイル」を対象とした比較が実施できるようにする。これによって、配列プロファイルによるアミノ酸配列群の特性や特徴の評価を可能にする。また、配列プロファイルを介して類似したアミノ酸配列群を一括して扱うことによる計算処理の効率化を実現する。

#### ③ カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築

本項目ではユーザーが自身のデータを専用のサーバーに投げ込み、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3年次は前年度まで開発したシステムをβ版として一般ユーザーに公開し、運用することで問題点の検出と改良を行う。また、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 検出パイプラインを開発する。また、前年度までに開発したアノテーションプログラム (Hayai-Annotation) を発展させ、SNP アノテーションや RNA-Seq データを用いたアレル特異的発現解析を実施するツールへと発展させる。さらに同一ゲノムを参照配列として検出・作成された複数の vcf ファイルを連結させるプログラムを開発し、ユーザーが任意の SRA 配列等を用いてバリエーションコールを実施した際に Plant GARDEN に格納されている vcf ファイルと genotype を比較できる体制を整える。

Plant GARDEN では公開されている SRA 配列を収集し、JBrowse 上に表示する体制をとっているが、個体ゲノムの時代において公開されている全ての SRA を Plant GARDEN に格納することは非現実的である。そこで、ローカルで実行しながら Plant GARDEN に格納されているデータとシームレスに連動し、ユーザーの保有する配列データと比較できるブラウザの開発を検討する。具体的には IGV (Integrative Genomics Viewer <http://software.broadinstitute.org/software/igv/>) の japascript 版などを利用しながら Plant GARDEN 内に格納して動作するアプリケーションを作成する。また、第2年次までに開発した SNPs 検出パイプラインを任意のサーバー上で動作させるためにコンテナ化し、上記アプリケーションと連動して操作できる API を開発する。第3年次は国立遺伝学研究所内のサーバーに開発したコンテナを置かせてもらい、β版として一部ユーザーに公開することを目指す。開発したアプリケーションは第4年次にユーザーの意見を収集して改修し、第5年次に完成版をリリースする予定である。

#### ④ PGDBj コンテンツの更新

PGDBj および Kazusa Marker DataBase に格納されている全データを整理し、Plant GARDEN へ移行する。また、前年度に引き続き 2010 年以降の文献を対象として新たなマーカー情報のキュレーションを行う。さらに公開されている全ゲノム配列のキュレーションを進め、Pseudomolecule が構築されているなど、精度の高い配列から優先して、Plant GARDEN への格納と Hayai-Annotation ZEN による再アノテーションを実施する。また、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進める。センテンスキュレーションでは、PubMed を利用してイチゴ、ミヤコグサで遺伝子のオートキュレーション手法を確立させる。また、QTL のキュレーションでは QTM の導入をはかるため、マニュアルキュレーションと連携してキュレーション体制を構築する。

### (2)進捗状況

#### ① ゲノム横断的関連情報表示サイトの開発

昨年度末にβ版を公開した「Plant GARDEN(Genome And Resource Database Entry)」の正規版を 2020 年 3 月に公開することで準備を進めた。また、英語版の開発もすすめ、2019 年 6 月にβ・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。なお、デザインの作業の一部は(株)バスキュールに委託した。β版では全体に余白の多いデザインであったことから、トップページならびに各ページに遷移した際に Top view から格納されているコンテンツをよりの確に把握できるよう、アイコンや表形式、文字の配置などを変更した。また、ダウンロードや JBrowse へのリンクがより直観的にわかるようにデザインを更新した。さらに、Elastic Search 利用横断検索システムによるキーワード検索機能を Plant GARDEN 内に実装するため、各ページの REST(REpresentational State Transfer)を定義して URI の RESTful 化を行った。また、http から https への変更を行い SSL へ対応するとともにサーバーの脆弱性評価をクラウド型脆弱性診断ツールである Vaddy を用いて実施し、安全性の強化を図った。さらに Plant GARDEN の機能拡張をより迅速に行うために PHP フレームワークを Lumen から Laravel に変更した。検索システム機能の実装においては、Plant GARDEN 用 Elastic Search 利用横断検索システム(pges)のサービスを提供する API(pges-api)及びインデックス更新システムを開発した。予定以上に修正作業に手間がかかってしまったため、正規版の公開は予定より遅れているが、2020 年 6 月中に公開できる見込みである。

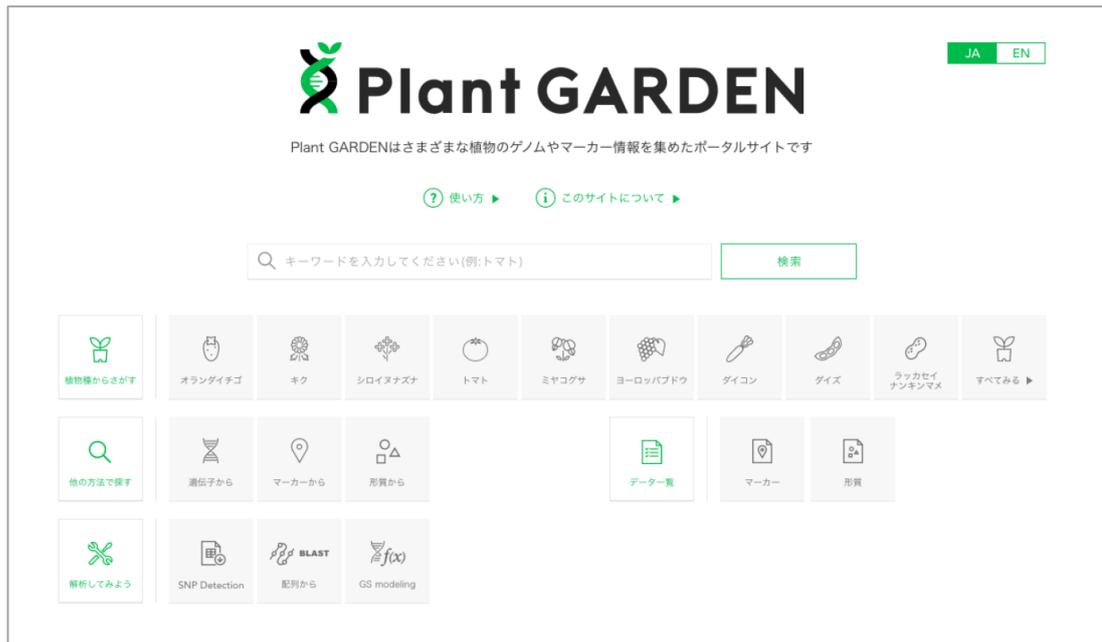


図 改正した Plant GARDEN・正規版のトップページ

## 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

前年度に引き続き、新しい植物種と配列を追加してアミノ酸配列の相同性検索を実施し、類似度指標の情報を算出して蓄積した(28 ゲノムから 52 ゲノムに増加)。蓄積された類似度に基づく遺伝子クラスタリングの処理に際してはバリエーション配列に対応できるように拡張を行った。従来は各遺伝子から選択した代表配列のみを対象としていたが、バリエーション配列の全てを対象として類似配列セットを生成できるようになり、より自然な形態で転写産物の情報を扱えるようになった。また、配列データの既存の類似配列セットへの逐次的な追加方法の開発を進めた。ここでは、対象とする生物種を近縁関係に基づいて複数の部分群に分割し、その部分群ごとに上記の遺伝子クラスタリングを行って類似配列セットを生成する。生成した類似配列セットごとに配列プロファイルを作成し、配列プロファイルを部分群間で対応付けることにより、全ての生物種を網羅して類似配列をリンクすることが可能となっている。新規の配列は、類似配列セットごとに保持する配列プロファイルと比較することによって、各類似配列セットとの関係性の度合いを評価することができる(最も関係性の高かった類似配列セットが追加先の候補となる)。一定以上の類似関係を保つ場合にのみ類似配列セットに新規の配列を追加することにより、追加による配列プロファイルの変化が軽微であることが期待されるため、全ての配列を含んだ大域的な情報を考慮することなく配列データの追加が一定の範囲で可能である。部分群ごとの配列プロファイルを使用した方法を従来の結果を比較することによって、逐次的な追加方法の得失の評価を行った。評価には、Uniref50 (<https://www.uniprot.org/help/uniref>) 等のクラスタ情報を用いて、従来の方法で生成されたものと同等程度の結果が得られていることを確認した。

## ③ カスタム型多型・ハプロタイプ検出システムの構築

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。特にユーザーログインの認証システムのセキュリティ向上やファイルアップロードの利便性を高めるためにシステムに大幅な改良を加えた。一方、任意のサーバー環境上で動作する SNPs 解析パイプラインの構築のため、上記パイプラインのコンテナ化に着手した。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も行い、Plant GARDEN との連携を検討した。さらに、同パイプラインで得られた SNP 情報(vcf ファイル形式)を用いた遺伝学解析ツールの開発として、かずさ DNA 研究所で開発をすすめていた Genomic Selection を実施する

ための予測モデル作成ツールの Web アプリ化を行った。

ユーザーの保有するデータの比較では、他機関で開発されているユーザー自身のデータを格納する DB である BreedBase (<https://breedbase.org>) や GOBii (<http://cbsugobii05.biohp.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ことで関係者と協議を行い開発を開始した。BreedBase や GOBii はコーネル大学/USDA で開発されているシステムであるが、CIMMIT や ICRISAT など国際研究機関も積極的に導入を開始しているシステムである。これらの国際グループと共同開発を進めることで、Plant GARDEN の国際ユーザーが増えることを期待している。

また、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」の開発では、アノテーションの精度と情報量を向上させるために、OrthoDB (<https://www.orthodb.org/>) 内に格納されているオルソログ遺伝子配列をベースとして Uniprot (<https://www.uniprot.org/>) の Protein level 情報を含むアノテーション情報を格納した植物遺伝子アノテーションのための DB「Kusaki DB」を開発した。Plant GARDEN 内に格納されている遺伝子配列に対して Kusaki DB を用いた再アノテーションを実施中であり、Plant GARDEN 正規版では遺伝子アノテーション情報が大幅に追加される予定である。

遺伝子データの項目			
遺伝子名	Gene Name	CS5	
	PEP		
	Position on the Genome	Chromosome	
		Start Position	
		End Position	
Frame			
アノテーション情報	KusakiDB	cluster validation	Validated/Not validated
	OrthoDB	Protein name	Ribulose biphosphate carboxylase large chain
UniProt	OrthoDB unique gene id	100262_0:000004	
	OG unique id	31525haE3390	
	Protein name	Glutathione transferase	
	Accession	A0A029N17	
	Curator	Lacks conserved residues required for the propagation	
	EC		
	KD_ID		
	KD_Description		
	PFAM_ID		
	PFAM_Description		
Protein Database (NCBI)	Protein name		
	Accession		
Gene Ontology	Database source	uniprot/gene/orthodb	
	Biological Process	GO:002627	
		ceramide transport	
	Molecular Function	GO:190387	
	ceramide		
Cellular Component	GO:0005229		
	cytosol		
Taxonomy	Database source	uniprot/gene/orthodb	
	Species		
	Family		
	Phylum		
	Superkingdom		
Statistics: sequence identification (database: kusakiDB)	E-value		
	Bitscore		
	Sequence identity		
	Alignment length		
	Number of Mismatch		
Number of Gaps			

図 KusakiDB を用いたアノテーションにより更新された遺伝子ページの項目

#### (4) PGDBj コンテンツの更新

PGDBj 内に格納されているマーカー、QTL 情報を Plant GARDEN へ移行させるため、PGDBj 内のコンテンツを精査し、Plant GARDEN に移行する情報を抽出して移行を開始した。また、前年度に引き続き 2010 年以降の文献を対象として新たなマーカー情報のキュレーションを実施した。

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を実施した。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 種だったのに対し、2020 年 2 月現在で 80 植物種・91 ゲノム配列が Plant GARDEN 内に格納できた。ゲノム情報を格納した植物種の多さからは世界最大規模の DB となった。さらにゲノム情報を格納した種に対し、公開されている SRA 情報を収集し、系統名の情報の確かさなどから 1 種あたり最大 100 の SRA を用いて、参照ゲノム配列へのマッピングと variants の検出を行い、vcf のフォーマットで出力して Plant GARDEN 内に格納した。

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 QTLTableMiner++ (QTM, Singh et al, 2018, BMC Bioinformatics) を用いることを決定し、同プログラムをルーチンワークとして実施する体制を整えた。作業の並列化による解析の高速化もすすめ、Plant GARDEN および PGDBj 内に情報を格納した種に対するオートキュレーションを実施した。一方、QTLTableMiner++ が対象とする論文 DB は限られていること、ならびにオートキュレーションの結果が必ずしも正確でないことから、マニュアルキュレーションを併用する体制を今後調える必要がある。また、遺伝子機能に関するオートキュレーション法においては、キーワードリストを更新し、新たに生物種名と耐ストレス性に関する情報を追加した。

Plant GARDEN・β 版公開に伴って、アクセスログの取得を開始した。β 版公開を行った 2019 年 3 月 11

日から2020年3月31日までのアクセス数は延べで9,283である。

表 Plant GARDEN のアクセス数

年月	訪問者	訪問数	ページ
201903	710	851	3,950
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
合計	9,283	15,061	189,343

#### (5)国内学会大会ブース出展

2019年度は以下の学会にブース展示を行った。

1. 第136回日本育種学会(秋季大会)  
日時:2019年9月5日(木)~7日(土)  
会場:近畿大学(奈良市)  
参加人数:3名(原田、市原、磯部)
2. 第37回日本植物細胞分子生物学会  
日時:2019年9月7日(土)~8日(日)  
会場:京都府立大学(京都市)  
参加人数:2名(原田、平川)
3. 園芸学会令和元年度秋季大会  
日時:2019年9月15日(日)~17日(火)  
会場;島根大学(松江市)  
参加人数:3名(原田、市原、平川)
4. 第42回日本分子生物学会年会  
日時:2019年12月3日(火)~6日(金)  
会場;福岡国際会議場(福岡市)  
参加人数:3名(原田、市原、平川)
5. PAG ASIA2019

日時:2019年6月6日(木)~8日(土)  
会場;Futian Shangri-La(Shenzhen, China)  
参加人数:2名(原田、磯部)

#### 6. Plant and Animal Genome XXVIII Conference

日時:2020年1月11日(土)~15日(水)  
会場;Town and Country Hotel(San Diego, USA)  
参加人数:2名(原田、磯部)

また、以下の学会にブース展示を行う予定であったが、COVID-19の流行に伴い会場での学会開催が中止となったため展示を行うことができなかった。

#### 1. 第61回日本植物整理学会年会

日時:2020年3月19日(水)~21日(土)  
会場:大阪大学(吹田市)  
参加人数:2名(原田、市原)

#### 2. 令和2年園芸学会春季大会

日時:2020年3月21日(土)~22日(日)  
会場:東京農工大学(小金井市)  
参加人数:1名(平川)

#### 3. 第136回日本育種学会(春季大会)

日時:2020年3月27日(金)~29日(日)  
会場:東京大学(文京区)  
参加人数:2名(原田、平川)

## §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)	1件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内(和文)	0件
	国際(欧文)	0件

#### ② 論文詳細情報

- 1 Ghelfi A, Shirasawa K, Hirakawa H, Isobe S, (2019) Hayai-Annotation Plants: an ultra-fast and comprehensive gene annotation system in plants, *Bioinformatics* 35(21) 4427-4429

### (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	2件
	国際	2件
口頭発表	国内	4件
	国際	0件
ポスター発表	国内	1件
	国際	2件

## ② 招待講演

〈国内〉

1. 磯部祥子. 大規模データ時代に育種が向かう先は？～遺伝解析からデータ科学へ～. 千葉県バイオ・ライフサイエンスネットワーク会議. 2019年5月
2. Isobe S. Plant GARDEN: a portal site for plant genome and DNA marker information. データ駆動型育種のためのデータ管理システム: 現状と展望. 2019年12月

〈国際〉

1. Isobe S. Kazusa DNA Research Institute Data Base construction. GOBii workshop, Tokyo University, 2019年6月
2. Isobe S. "PlantGarden: a database for assisting plant breeding and genetics, Data management systems for data-driven breeding: the current status and prospect, TKP Ochanomizu Conference Center, 2019年12月

## ③ 口頭講演

〈国内〉

1. 原田 大士朗, 市原 寿子, 中谷 明弘, ジェル フィ アンドレア, 藤代 継一, 小原 光代, 平川 英樹, 田畑 哲之, 磯部 祥子, 植物ゲノム統合ポータルサイト PlantGARDEN の開発と公開, 第 37 回日本植物分子生物学会大会, 京都, 2019年9月
2. 原田 大士朗, 市原 寿子, 中谷 明弘, ジェル フィ アンドレア, 藤代 継一, 小原 光代, 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 PlantGARDEN の 拡張, 第 136 回育種学会秋季大会, 奈良, 2019年9月
3. 原田 大士朗, 市原 寿子, 中谷 明弘, ジェル フィ アンドレア, 藤代 継一, 小原 光代, 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 PlantGARDEN の 拡張. 令和元年園芸学会秋季大会. 2019年9月
4. 平川英樹, 原田大士朗, 市原寿子, Ghelfi Andrea, Fawcett Jeffrey, 白澤沙知子, 杉原英志, 田村卓郎, 中村保一, 中谷明弘, 磯部祥子, 田畑哲之. 植物ゲノム情報統合ポータルサイト Plant GARDEN の構築. 第 42 回日本分子生物学会年会フォーラム. 福岡, 2019年12月

## ④ ポスター発表

〈国内〉

1. 市原寿子, 磯部祥子, 平川英樹, 原田大士朗, Ghelfi Andrea, 小原光代, 山田学, 白澤沙知子, 中村保一, 田村卓郎, 杉原英志, 田畑哲之, 中谷明弘, 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, トーゴの日シンポジウム 2019, 日本科学未来館, 10月5日

〈国際〉

1. Harada D, Ichihara H, Nakaya A, Ghelfi A, Fujishiro T, Kohara M, Hirakawa H, Tabata S, Isob

e S, Development of plant a genome portal site, Plant GARDEN, PAG Asia 2019, 中国・深圳、  
2019年6月

2. Harada D, Ichihara H, Nakaya A, Ghelfi A, Hirakawa H, Tabata S, Sachiko I. Development of  
Plant Genome Portal Site PlantGARDEN. Plant and Animal Genome XXVIII, PE0190, San Diego,  
USA, 2020年1月

**(4) 知的財産権の出願**

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
2019年 4月15日	担当者ミーティング(非公開)	TKP 品川カンファレンスセンター	9人	研究進捗報告と今後の進め方の協議のためのミーティング
2019年 8月7日	2019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	25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
2020年 3月11日	2019年度第2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		開催を予定していたが、COVID-19の流行に伴い、中止とした。

### 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
2019年12月	Data management systems for data-driven breeding: the current status and prospect	TKP 御茶ノ水カンファレンスセンター	80人	データ駆動型システムの開発に向けた世界的な動向を把握し、かつ、開発に向けた世界的な協働の道を探ることを目的としてこうしたシステム開発を先導している研究者に現況と展望について話題提供をお願いする

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 Biol. 1533:45-77 (2017)
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 (Jbrowse) 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ファレンス配列をかずさ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://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/">https://pgdbjsnp.kazusa.or.jp/</a>	2019/3/11	新規	ツール等	