

AJACS オンライン  
必要な配列情報を入手する

# 植物ゲノムポータルサイト Plant GARDENの使い方

かずさDNA研究所・東京大学・筑波大学

発表者：かずさDNA研究所・磯部祥子

# Plant GARDENについて



GARDEN = Genome And Resource Database ENtry

覚えやすさを意識して命名

<https://plantgarden.jp>

B版公開：2019年3月

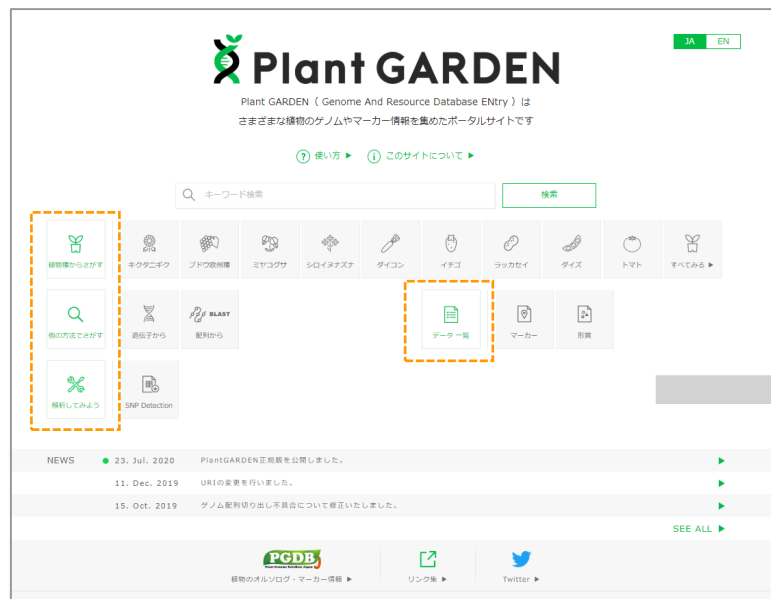
正規版公開：2020年7月

英語版

日本語版

The Japanese version of the Plant GARDEN website features a clean, user-friendly interface. At the top, the logo "Plant GARDEN" is displayed with a green plant icon. Below the logo, a brief description in Japanese states: "Plant GARDEN (Genome And Resource Database ENtry) はさまざまな植物のゲノムやマーカー情報を集めたポータルサイトです". Navigation links for "使い方" (How to use) and "このサイトについて" (About this site) are provided. A search bar with the placeholder "キーワード検索" and a "検索" button is located. The main content area is organized into a grid of icons representing various plant species (e.g., Arabidopsis, Rice, Maize) and genomic data types (e.g., Genes, Sequences, SNPs). A "NEWS" section at the bottom lists recent updates, including the release of the official version in July 2020.

The English version of the Plant GARDEN website mirrors the structure of the Japanese version. It features the same logo and introductory text: "Plant GARDEN (Genome And Resource Database ENtry) is a portal site that curates genome and marker information of various plant species." Navigation links for "How To" and "About this site" are present. A search bar with the placeholder "Keyword search" and a "Search" button are included. The main content area displays a grid of icons for plant species (e.g., Arabidopsis, Rice, Maize) and genomic data types (e.g., Genes, Sequences, SNPs). A "NEWS" section at the bottom lists recent updates, including the release of the official version in July 2020.



□ 「行すべきアクション」が分かりやすい項目表示  
4つのメニュー表示  
シンプルなデザイン・平易な言葉

□ 想定するユーザー  
生物研究者/育種関係者 + 教育機関

□ 高精度なゲノム配列が公開されている植物種は可能な限り網羅する方針

アクセス頻度の高い種をTopに表示（未実装）  
2020年10月現在:119種の植物の全ゲノム・遺伝子情報を格納

格納されている主なコンテンツ  
2020年10月現在

	植物種数	件数
ゲノム	119	133
遺伝子	119	5,890,957
DNAマーカー	34	287,703
形質と連関しているマーカー（QTL）	24	8,217
SNPs（SRAから検出した変異）	61	3,812

現在、検索システムを調整中で、約2週間後に調整が終了する見込みです。

現在のバージョンでは意図した検索結果が出力されないケースもあります。

ご不便をおかけしますが、ご了承ください。

植物種からさがす



## 植物種からさがす

トップページの「植物種からさがす」または「すべてをみる」ボタンをクリック

Plant GARDEN (Genome And Resource Database Entry) は  
さまざまな植物のゲノムやマーカー情報を集めたポータルサイトです

② 使い方 ▶ ① このサイトについて ▶

キーワード検索

植物種からさがす

キクタンゴク ブドウ欧州種 ミヤコグサ シロイヌナズナ ダイコン イモゴ ラッカセイ ダイズ トマト

すべてをみる ▶

他の方法でさがす

遺伝子から 配列から

解析してみよう

SNP Detection

データ一覧 マーカー 形質

NEWS

- 23. Jul. 2020 PlantGARDEN 正規版を公開しました。
- 11. Dec. 2019 URI の変更を行いました。
- 15. Oct. 2019 ゲノム配列切り出し不具合について修正いたしました。

SEE ALL ▶

PCDB

植物のオルソログ・マーカー情報 ▶

リンク集 ▶

Twitter ▶

## 45植物科の作物やその野生種系統のリスト

TOP > 全植物種リスト

よく検索される植物種

キクタンゴク ブドウ欧州種 ミヤコグサ シロイヌナズナ ダイコン ラッカセイ ダイズ トマト

全植物種リスト

植物種名を入力してさがす

漢文字で表示 字名 和名

学名 ↓	和名 ↓	科名 ↓
Acer yangbiense	カエデ	ムクロジ科
Actinidia chinensis	キウイフルーツ (chinensis種), ゴールドキウイ	マタタビ科
Actinidia eriantha	キウイフルーツ (eriantha種)	マタタビ科
Aegilops tauschii	タルホコムギ	イネ科
Amaranthus hypochondriacus	アマランサス	ヒユ科
Ananas comosus	パイナップル	パイナップル科
Antirrhinum majus	キンギョソウ	オオバコ科
Apium graveolens	セロリ	セリ科
Arabidopsis thaliana	シロイヌナズナ	アブラナ科
Arabis alpina	ヤマハタザオ	アブラナ科
Arachis duranensis	ヨウモリ菜野生種 (duranensis種)	マメ科

# 全植物種リスト

<https://plantgarden.jp/ja/list/species>

矢印をクリックするとソート

キーワード入力でリスト表示

全植物種リスト

検索: ラッカセイ

頭文字に飛ぶ 学名 和名

学名 ↑	和名 ↑	科名 ↑
ラ <i>Arachis monticola</i>	ラッカセイ野生種 (monticola種)	マメ科
<i>Arachis ipaensis</i>	ラッカセイ野生種 (ipaensis種)	マメ科
<i>Arachis duranensis</i>	ラッカセイ野生種 (duranensis種)	マメ科
<i>Arachis hypogaea</i>	ラッカセイ	マメ科


「和名」は作物とその野生種が把握  
しやすくなるように情報を整理


頭文字に飛ぶ 学名 和名

アイウエオ カキクケコ サシスセ  
タチツテト ナニネ ハヒフホ  
ミ メモ ヤ ユ ラリレ  
ワ

ソート選択されている学名/和名で頭文字ジャンプ

<https://plantgarden.jp/ja/list/species>


*Lotus japonicus*



この種について

科名: Fabaceae  
マメ科

属名: Lotus  
ミヤコグサ属

学名: Lotus japonicus  
和名: ミヤコグサ

Taxonomy ID: 34305

ゲノム配列をみる

すべて

[▶ LJ2.5\(Miyakojima MG-20\)](#)  
[▶ LJ3.0\(Miyakojima MG-20\)](#)

遺伝子をさがす

すべて

[▶ LJ2.5\(Miyakojima MG-20\)](#)  
[▶ LJ3.0\(Miyakojima MG-20\)](#)

マーカーをさがす

全て (1155)

SSR (1073)

CAPS (52)

SCAR (0)

その他 (0)

形質からさがす

全て (240)

ストレス関連 (28)

花性 (4)

収量 (22)

形態・成長 (70)

品質・成分 (86)

その他 (36)

さがす

その他の検索

BLAST  
配列からさがす

SNPs  
変異をさがす

連鎖地図

リンク

他の種類のデータ

メタボロミクス

タンパク質

Presema Xchange

種に関連するDB

miyakogusa.jp

LIS - Legume Information System

- ゲノム・遺伝子・SNPsは公開されている配列をキュレーション・解析してPlant GARDENに格納
- アセンブルされたゲノム配列はバージョン毎に表示
- DNAマーカー、形質と連関しているマーカー、連鎖地図はPGDBjでキュレーションしたコンテンツを移行中
- 各種に対応するメタボロミクス・タンパク質DBへのリンク
- 各種で整備されている代表的なDBのリンクを整備中

# ゲノム配列情報 変種・亜種の取り扱い

変種・亜種は同一ページにまとめて格納

 *Brassica oleracea*



この種について

科目: Brassicaceae  
アブラナ科

属名: *Brassica*  
アブラナ属

学名: *Brassica oleracea*

和名: ヤセイカンラン, キャベツ, チリメンキャベツ, ブロッコリー, ケール

NCBI Taxonomy ID

Taxonomy ID: 3712

同種でも異なる作物である変種や亜種の名称

ゲノム配列をみる



すべて

▶ *Brassica\_oleracea*.BOL(TO1000DH3, kale-like type)

ケール タイプのゲノム

▶ *B.oleracea\_v1.0.chromosomes*(var. *capitata*, 02-12)

キャベツタイプのゲノム

配列名: *Brassica\_oleracea*.BOL

ゲノム配列の総括			
配列名	<i>Brassica_oleracea</i> .BOL	系統名	TO1000DH3, kale-like type
配列数	32,926	染色体数	2n=18
配列長 (bp)	488,622,507	NSD長 (bp)	48,368,897
シーケンシングの方法	Illumina, 454	取得した配列量	94x
アセンブリ方法	SOAPdenovo v. 1.05	推定ゲノムサイズ (Mb)	648
シーケンシングの方法のコメント			
論文 (DOIコード)	10.1186/gb-2014-15-6-177	Research Council Canada	
データソース名	EnsemblPlants	データソースURL	<a href="http://plants.ensembl.org/index.html">http://plants.ensembl.org/index.html</a>


ケールタイプのゲノム配列詳細

配列名: *B.oleracea\_v1.0.chromosomes*

ゲノム配列の総括			
配列名	<i>B.oleracea_v1.0.chromosomes</i>	系統名	var. <i>capitata</i> , 02-12
配列数	9	染色体数	2n=18
配列長 (bp)	385,006,588	NSD長 (bp)	40,895,875
シーケンシングの方法	Illumina	取得した配列量	
アセンブリ方法	SOAPdenovo v. 1.04	推定ゲノムサイズ	~1.1G
シーケンシングの方法のコメント			
論文 (DOIコード)	10.1038/ncomms4930	Agriculture Bioscience	
データソース名	BioBase	データソースURL	<a href="http://www.oar-generomics.org/bioBase/index.html">http://www.oar-generomics.org/bioBase/index.html</a>

キャベツタイプのゲノム配列詳細

# アセンブルされたゲノム配列の情報


 *Brassica oleracea*



配列名 : Brassica\_oleracea.BOL

ゲノム配列の詳細			
配列名	Brassica_oleracea.BOL	系統名	TO1000DH3, kale-like type
配列数	32,928	染色体数	2n=18
配列長 (bp)	488,622,507	N50長 (bp)	48,366,697
シーケンシングの方法	Illumina, 454	取得した配列量	94x
アセンブリ方法	SOAPdenovo v. 1.05	推定ゲノムサイズ (Mb)	648
シーケンシングの方法のコメント		コメント	Kale-like type. A doubled haploid line TO1000DH3 derived from <i>B. oleracea</i> cultivar TO1434.
論文 (DOIコード)	10.1186/gb-2014-15-6-r77	責任著者	系統や形質に関する情報など Agri-Food University of Essex, Andrew G. Sharpe (National Research Council Canada)
データソース名	EnsemblePlants	データソースURL	<a href="http://plants.ensembl.org/index.html">http://plants.ensembl.org/index.html</a>

## 配列のダウンロード

 *Brassica oleracea*

配列名 : Brassica\_oleracea.BOL



### ゲノム配列の詳細

配列名	Brassica_oleracea.BOL	系統名	TO1000DH3, kale-like type
配列数	32,928	染色体数	2n=18
配列長 (bp)	488,622,507	N50長 (bp)	48,366,697
シーケンシングの方法	Illumina, 454	取得した配列量	94x
アセンブリ方法	SOAPdenovo v. 1.05	推定ゲノムサイズ (Mb)	648
シーケンシングの方法のコメント		コメント	Kale-like type. A doubled haploid line TO1000DH3 derived from B. oleracea cultivar TO1434.
論文 (DOIコード)	10.1186/gb-2014-15-6-r77	責任著者	Isobel AP Parkin (Agriculture and Agri-Food Canada), Boulos Chalhoub (Universite Evry Val d'Essonne), Andrew G Sharpe (National Research Council Canada)
データソース名	EnsemblePlants	データソースURL	<a href="http://plants.ensembl.org/index.html">http://plants.ensembl.org/index.html</a>

免責事項に同意してダウンロードしますか？

免責事項:

<https://plantgarden.jp/ja/disclaimer>

同意しない

同意する

### Index of /ja/download/t3712/t3712.G001

- [Parent Directory](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.42.gff3.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.cdna.all.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.cds.all.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.dna.toplevel.fa](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.dna.toplevel.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.dna\\_rm.toplevel.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.dna\\_sm.toplevel.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.ncrna.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea.BOL.pep.all.fa.gz](#)
- [Brassica\\_oleracea\\_t3712.G001\\_zen.v1.0.gz](#)

## JBrowseへの表示

 *Brassica oleracea*

配列名 : Brassica\_oleracea.BOL

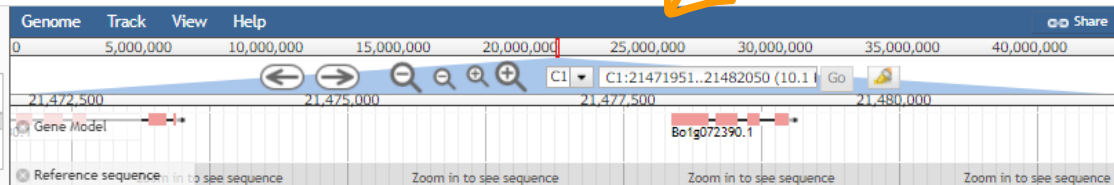
**ゲノム配列の詳細**

配列名	Brassica_oleracea.BOL	系統名	TO1000DH3, kale-like type
配列数	32,928	染色体数	2n=18
配列長 (bp)	488,622,507	N50長 (bp)	48,366,697
シーケンシングの方法	Illumina, 454	取得した配列量	94x
アセンブリ方法	SOAPdenovo v. 1.05	推定ゲノムサイズ (Mb)	648
シーケンシングの方法のコメント		コメント	Kale-like type. A doubled haploid line TO1000DH3 derived from <i>B. oleracea</i> cultivar TO1434.
論文 (DOIコード)	<a href="https://doi.org/10.1186/gb-2014-15-6-r77">10.1186/gb-2014-15-6-r77</a>	責任著者	Isobel AP Parkin (Agriculture and Agri-Food Canada), Boulos Chaieb (Universite Evry Val d'Essonne), Andrew G Sharpe (National Research Council Canada)
データソース名	EnsemblePlants	データソースURL	<a href="http://plants.ensembl.org/index.html">http://plants.ensembl.org/index.html</a>

### Available Tracks

✕ filter tracks

- ☒ Gene Model
- ☐ Reference sequence
- ☒ Reference sequence



## 配列の切り出し

ゲノム配列の詳細	
系統名	1
染色体数	2
N50長 (bp)	4
取得した配列量	5
推定ゲノムサイズ (Mb)	6
コメント	7
責任者	8
データソースURL	9

遺伝子をさがす

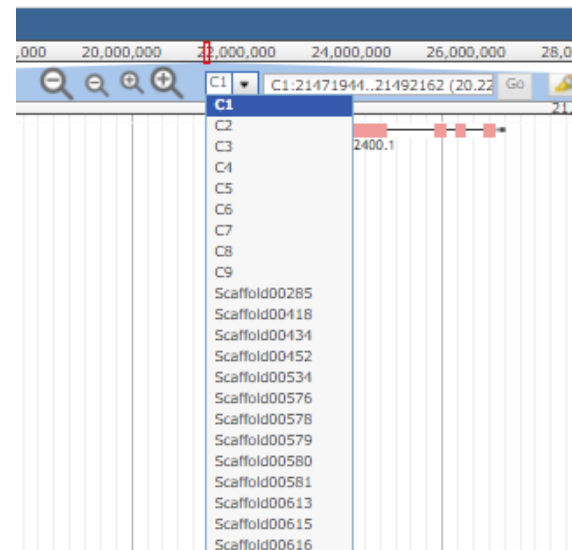
キーワードを入力して検索

検索

▶ 詳細検索


ゲノム配列を切り出す	
染色体 / Scaffolds	C1
開始位置	1000
終了位置	2000
相補額を出力する	<input type="checkbox"/>
リセット	配列を得る

染色体の命名則はゲノムによってまちまち  
矢印該当するゲノムの染色体の命名則が例示  
例示されないScaffoldsはJBrowseで確認できる





# ゲノム配列一覧

 *Brassica oleracea*



この種について

科名: Brassicaceae  
アブラナ科

属名: Brassica  
アブラナ属

学名: Brassica oleracea

和名: ヤセイカンラン, キャベツ, チリメンキャベツ, ブロッコリー, ケール

ゲノム配列をみる



すべて



- ▶ *Brassica\_oleracea.BOL(TO1000DH3, kale-like type)*
- ▶ *B.oleracea\_v1.0.chromosomes(var. capitata, 02-12)*

## アセンブルされた配列

ゲノム配列名	Bio Sample	アセンブリレベル	アノテーション (gff / gff3)	遺伝子 (cds / gene)	Hayai Annotation ZEN	トランスクリプト (cDNA / mRNA)	タンパク (pep / aa)	JBrowse	コメント
<i>Brassica_oleracea.BOL</i>	TO1000DH3, Chromosome	kale-like type	●	●	●	●	●		Kale-like type. A doubled haploid line TO1000DH3 derived from <i>B. oleracea</i> cultivar TO1000.
<i>B.oleracea_v1.0.chromosomes</i>	var. capitata, 02-12	Chromosome	●	●	●		●		Cabbage.

アセンブル配列された配列の異なる種類の配列一覧

## SRA配列

配列の種類	Bio Sample	配列名	Accession	JBrowse	コメント
全ゲノムシーケンス (ショートリード)	sample_BKL_3712	ERA1462833	ERX2582715		
全ゲノムシーケンス (ロングリード)	sample_BKL_3712	ERR1462833	ERR2582715		

SNP検出 (後述) で用いたSRA配列

# 遺伝子配列の検索

 *Brassica oleracea*



この種について

科名: Brassicaceae  
アブラナ科

属名: Brassica  
アブラナ属

学名: Brassica oleracea

和名: ヤセイカンラン, キャベツ, テリメンキャベツ, ブロッコリー, ケール

Taxonomy 1

---

ゲノム配列をみる

 [すべて](#)

▶ *Brassica\_oleracea*.BOL(TO1000DH3, kale-like type)

▶ *B.oleracea\_v1.0*.chromosomes(var. capitata, 02-12)

---

遺伝子をさがす

 [すべて](#)

▶ *Brassica\_oleracea*.BOL(TO1000DH3, kale-like type)

▶ *B.oleracea\_v1.0*.chromosomes(var. capitata, 02-12)

---

マーカーをさがす

 [全て \(1987\)](#)

 SSR (1040)

 CAPS (282)

 SCAR (26)

 その他 (639)

---

形質からさがす

 [全て \(267\)](#)

 ストレス耐性 (65)

 糖性 (0)

 収量 (1)

 形態・疫病 (54)

 品質・成分 (29)

 その他 (118)

[さがす](#)

---

その他の検索

 BLAST  
[配列からさがす](#)

 SNPs  
[変異をさがす](#)

アセンブルされたゲノム上に推定された遺伝子情報を  
格納→ゲノムのバージョン別に整理

## 遺伝子キーワード検索

遺伝子をさがす



▶ Brassica\_oleracea.BOL(TO1000DH3, kale-like type)  
▶ B.oleracea\_v1.0.chromosomes(var. capitata, 02-12)

例えばゲノムのバージョンを選ぶと該当するゲノム内で絞り込んだキーワード検索ができる

🔍 TOP > 検索 > 遺伝子 > Brassica oleracea > Brassica\_oleracea.BOL

### キーワード検索

▶ 事前絞り込み条件 ☒ 植物種名 Brassica oleracea (ID:t3712) ☒ 配列名 Brassica\_oleracea.BOL (ID:t3712.G001)


kinase

リセット

検索

注意！現在、Safariでは検索が安定しません

# 遺伝子キーワード検索 (ゲノムバージョン毎)

 *Brassica oleracea*

配列名 : Brassica\_oleracea.BOL



ゲノム配列の詳細			
配列名	Brassica_oleracea.BOL	系統名	TO1000DH3, kale-like type
配列数	32,928	染色体数	2n=18
配列長 (bp)	488,622,507	N50長 (bp)	48,366,697
シーケンシングの方法	Illumina, 454	取得した配列量	94x
アセンブリ方法	SOAPdenovo v. 1.05	推定ゲノムサイズ (Mb)	648
シーケンシングの方法のコメント		コメント	Kale-like type. A doubled haploid line TO1000DH3 derived from B. oleracea cultivar TO1434.
論文 (DOIコード)	10.1186/gb-2014-15-6	ゲノムの詳細ページからも検索できます	

データソース名 EnsemblePlants データソースURL <http://plants.ensembl.org/index.html>

遺伝子をさがす

キーワードを入力して検索

検索

▶ 詳細検索

ゲノム配列を切り出す

## 遺伝子検索結果

結果をダウンロード  
(現在、csvは文字化けしやすいのでExcelを推奨)

キーワード検索

事前絞り込み条件 ☒ 植物種名 Brassica oleracea (ID:t3712) ☒ 配列名 Brassica\_oleracea.BOL (ID:t3712.G001)

kinase

リセット 検索

ヒット数

Total (3520 Hit(s))


Excel CSV JSON

URL	Title	ID	keywords
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0227...	Bol022761   Brassica oleracea	t3712	KusakiDB ID KUNII00411397 Tran...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0342...	Bol034275   Brassica oleracea	t3712	repeat OrthoDB unique gene ID ...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0292...	Bol029270   Brassica oleracea	t3712	KusakiDB ID KUNII00296388 Tran...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G001/Bol13...	Bo1g139510.1   Brassica oleracea	t3712	KusakiDB ID KUNII02664958 Tran...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G001/Bol2g06...	Bo2g068160.1   Brassica oleracea	t3712	) KusakiDB KusakiDB ID KUNII01...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G001/Bol7g11...	Bo7g118780.1   Brassica oleracea	t3712	KusakiDB ID KUNII00270254 Tran...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0099...	Bol009944   Brassica oleracea	t3712	KUNII00023270 Transcript or Prot...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0399...	Bol039923   Brassica oleracea	t3712	KusakiDB KusakiDB ID KUNII0065...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0439...	Bol043911   Brassica oleracea	t3712	repeat OrthoDB unique gene ID ...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0428...	Bol042844   Brassica oleracea	t3712	KusakiDB KusakiDB ID KUNII0364...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G002/Bol0181...	Bol018195   Brassica oleracea	t3712	KUNII00475149 Transcript or Prot...
/ja/list/t3712/genome/t3712.G001/Bol8g10...	Bo8g102520.1   Brassica oleracea	t3712	Annotation ZEN) KusakiDB Kusak...

各遺伝子ページへのリンク

検索結果の表示項目については、修正検討中です。

# 遺伝子のページ

 *Brassica oleracea*

配列名: B.oleracea\_v1.0.chromosomes






遺伝子アノテーションはDB内の各遺伝子のアノテーション項目とアノテーション基準を統一させるために、オリジナルのアノテーションではなく、独自に開発したアノテーションツールにより再アノテーションしています。

Hayai-Annotation

Ghelfi et al. (2019) Bioinformatics 35:4427-4429




遺伝子配列の詳細			
物理上の位置	遺伝子名	CDS	Bol022761
		PEP	Bol022761
	ゲノム配列上の位置	Chromosome	C07
		Start Position	7226852
		End Position	7230434
アノテーション情報 (Hayai Annotation ZEN)	KusakiDB	KusakiDB ID	KUNI00411397
		Transcript or Protein existence	YES
	OrthoDB	Protein name	Serine/threonine-protein kinase
		OrthoDB unique gene ID	3711_0:0046d6
		OG unique ID	95186at33090
	UniProt	Protein name	Protein kinase domain-containing protein
		Accession	A0A0D3CM56
		Comment	NA
		EC	NA
		KO ID	NA
		KO Description	NA

PFAM	PFAM ID	PF00069
	PFAM Description	 詳細
InterPro	InterPro ID	IPR011009,IPR017441,IPR008271,IPR000719
	InterPro Description	 詳細
Protein Database (NCBI)	Protein name	Uncharacterized protein
	Accession	NA
Gene Ontology	Database source	UniProt
	GO Description	 詳細
Best hit taxonomy	Database source	UniProt
	Species	Brassica oleracea var. oleracea
	Family	Brassicaceae
	Phylum	Streptophyta
	Superkingdom	Eukaryota

つづき



## アノテーション情報

KusakiDB	KusakiDB ID	KUNI00411397
	Transcript or Protein existence	YES
OrthoDB	Protein name	Serine/threonine-protein kinase
	OrthoDB unique gene ID	3711_0:0046d6
	OG unique ID	95186at33090
UniProt	Protein name	Protein kinase domain-containing protein
	Accession	A0A0D3CM56
	Comment	NA
	EC	NA
	KO ID	NA
	KO Description	NA
PFAM	PFAM ID	PF00069
	PFAM Description	 詳細
InterPro	InterPro ID	IPR011009,IPR017441,IPR008271,IPR000719
	InterPro Description	 詳細
Protein Database (NCBI)	Protein name	Uncharacterized protein
	Accession	NA
Gene Ontology	Database source	UniProt
	GO Description	 詳細
Best hit taxonomy	Database source	UniProt
	Species	Brassica oleracea var. oleracea
	Family	Brassicaceae
	Phylum	Streptophyta
	Superkingdom	Eukaryota





<input type="checkbox"/>	IP	Group/Domain	Name	Link
▼ UniProt Annotation (1 item)				
<input type="checkbox"/>	A0A0D3CM56		Protein kinase domain-containing protein	UniProt
▼ OrthoDB (1 item)				
<input type="checkbox"/>	3711_0:0046d6	95186at33090	Serine/threonine-protein kinase	OrthoDB(SIB)
▼ Pfam (1 item)				
<input type="checkbox"/>	PF00069		Pkinase	Pfam
▼ InterPro (4 items)				
<input type="checkbox"/>	IPR011009		Kinase-like_dom_sf	InterPro(EBI)
<input type="checkbox"/>	IPR017441		Protein kinase ATP_BS	InterPro(EBI)
<input type="checkbox"/>	IPR008271		Ser/Thr_kinase_AS	InterPro(EBI)
<input type="checkbox"/>	IPR000719		Prot_kinase_dom	InterPro(EBI)
▼ Gene ontology (2 items)				
<input type="checkbox"/>	GO:0005524	MF	ATP binding	QuickGO(EBI)
<input type="checkbox"/>	GO:0004674	MF	protein serine/threonine kinase activity	QuickGO(EBI)

☒ Search Checked ID

アノテーション用に開発したDB  
Kusaki DB (under preparation)

OrthoDB、UniProt, PFAM, InterPro,  
Protein DB, GOによるアノテーション

アノテーション時に参照したDB (UniProt  
もしくはProtein DB)でベストヒットだった種

## 他種との配列比較 (予定)

### アノテーションの詳細

main	Name
	Protein kinase domain-containing protein
90	Serine/threonine-protein kinase
	Pkinase
	Kinase-like_dom_sf
	Protein_kinase_ATP_BS
	Ser/Thr_kinase_AS
	Prot_kinase_dom
	ATP binding
	protein serine/threonine kinase activity

KusakiDB

OrthoDB

UniProt

今後の開発項目として、OrthoDB（オルソログ配列のDB）中のオルソログ情報を利用して、配列が類似する他種の遺伝子情報を表示することを計画している

KusakiDB ID	KUNI00411397
Transcript or Protein existence	YES
Protein name	Serine/threonine-protein kinase
OrthoDB unique gene ID	3711_0:0046d6
OG unique ID	95186at33090
Protein name	Protein kinase domain-containing protein
Accession	A0A0D3CM56
Comment	NA
EC	NA
KO ID	NA
KO Description	NA

### 類似している他種の配列

類似している他種の配列は登録されていません。



# 遺伝子配列の取得



osomes

遺伝子配列の詳細		
上の位置	CDS	BoI022761
	PEP	BoI022761
	Chromosome	C07
	Start Position	7226852
	End Position	7230434
	Strand	+
	KusakiDB ID	KUNI00411397
	Transcript or Protein existence	YES
	Protein name	Serine/threonine-protein kinase
	OrthoDB unique gene ID	3711_0:0046d6
	OG unique ID	95186at33090
	Protein name	Protein kinase domain-containing protein
	Accession	A0A0D3CM56
	Comment	NA
	EC	NA

Brassica oleracea

CDS 配列	
遺伝子名	BoI022761
説明	[mRNA] locus=C07:7226852:7230434:+
配列	<p>ATGAATTACTTCTCATGCTTTTATTTCCATGAAAGAAAGAACTCCCAAAGATTGAGAT  AACACAGCCGCCGAGAAATGGCAGGTGACCGGTGAGACACACAAACACACCCCT  GAGATTCCACTATACTGTGGTTAGAGAGACAGACACATGATCGAAGAAAGAAATC  ACGACACACATTGCTGCACAGACATTCACCTTCAGGAGCTGGCTACTGCTACCAAGAAAT  TTGACACAGAGATGCTGTGATGCTGAAGCAATTAGATAGAAATGGGCTGCAGAGGACAAA  GAGTTCATGTTGAGAGTGTGATGTTTAAAGTCTGCTGATCAGACAGATGCTGATGCTC  ATTGGTTATTTGCTGATGAGAGACAGAGACTTCTTGTATGATACATGCTGCTGCTGCT  TGACTTGAGAGTCACTCTCTGATCTAACACCTGATCAAGTACCGTTGGATTGGGACACA  AGATTCAGAAATTCCTTGAAGAGCCGATGAGTGTGTTGATATCTTCATGACAGAGCCAGAT  CCTCCAGTGATCTATAGAGATCTCAGGAGCTAACATCTCTTTTGGACAGTGACTTCAAC  GCCAAGTTATCCGATTTTGGGCTGCAAGCTAGTCTCTCTGAGACAGACACATGCTG  TCTTCAAGAGTAAAGGAGCTTACAGGAGTCTGCTCCAGATGATCAAGAGACCGGTCAG  TTACACCTTAAATCTGATGTTTACAGCTTTGAGGTTGTGTTTGGAGTTGATACCTGGA  CGAGAGTTATTGACACACACCGGCCCAAGATGACAGACAACTAGTGACTTGGGACACA  CTGTGTTCAAGAGAACGAGTAGATTCCCGAGGTTAGCGGATCCAGTCTGAGAGGAGTG  TTCCCGAGAAAGCTTACACAGCCGCTGGGCGCTGGGCGCATCTGTATACAGAGAG  GCCACTGTACGGCACTCATGAGGAGCTTGTGACCACTCTGGTTTCTTGGGAAGTCTGCT  CTGATGGCTATCTCTGTGTTTACACTACGGGAGCTTCTCTCTCTCAGCAGACGGCT  GAACTCTCGGTGAGGGCCCTGTGAGGGCTGA</p>
アミノ酸配列	
遺伝子名	BoI022761
説明	[mRNA] locus=C07:7226852:7230434:+ [translate_table: standard]
配列	<p>MYFSCPYFHEKKRTPKDSNNRRRNGEVTGRDNNKTHPEIPTITEVKKNNNDAAKEI  THNIAAGTFTHPELATAHFRSGCLIVQLDRNGLQNKETPIVEVLMLSLHHKHUNL  IGVCADGQQLIVFVYSGRSLHKLMLTPQVPLNMTETRLGAGGVFVREKAD  PFVYLRDLKAANILLSDFNKLSDFHAKLGVPGDKQHVSRVMGTGYCAPEYQTGQ  LTKSDVYSFGVLLITGRVIDTTRPKDEQNLVWMAQPVFKESRFPLEADPSLEGV  FPEKALQAVAVAMCLQEATVPTMSDVVITLGLGTAIPDGSISVSRIGVFPVPPQTA  EFGSGPVTC</p>
Transcript 配列	
遺伝子名	NA
説明	NA
配列	NA

## 遺伝子配列のJBrowse表示

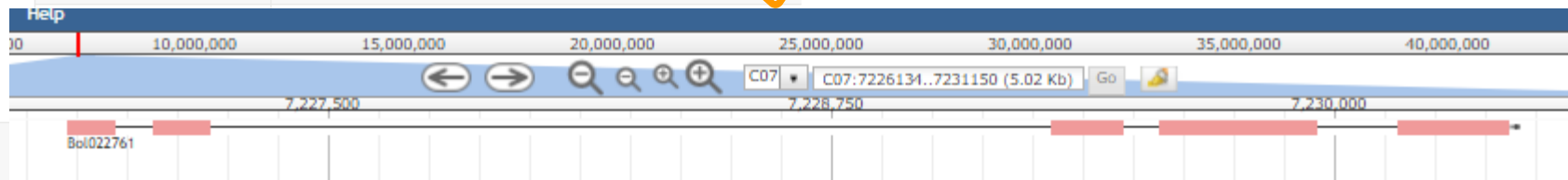
osomes

上の位置



### 遺伝子配列の詳細

CDS	BoI022761
PEP	BoI022761
Chromosome	C07



Protein name	Serine/threonine-protein kinase
OrthoDB unique gene ID	3711_0:0046d6
OG unique ID	95186at33090
Protein name	Protein kinase domain-containing protein
Accession	A0A0D3CM56
Comment	NA
EC	NA

## 遺伝子機能からの詮索

遺伝子をさがす



- ▶ `Brassica_oleracea.BOL(TO1000DH3, kale-like type)`
- ▶ `B.oleracea_v1.0.chromosomes(var. capitata, 02-12)`

遺伝子機能 (GO, KEGG) からの検索も可能  
(Hayai-annotationによるアノテーション結果に基づきます)

詳細検索

Gene Ontology

KO(KEGG Ontology)

ゲノム配列名

abaxial cell fate specification:GO:0010158(2) × abscisic acid binding:GO:0010427(3) × ここに選択したアイテムが出ます

abaxial cell fate specification:GO:0010158(2)

abscisic acid binding:GO:0010427(3)

abscisic acid biosynthetic process:GO:0009688(4)


abscisic acid glucosyltransferase activity:GO:0010294(1)

abscisic acid homeostasis:GO:1902265(2)

abscisic acid metabolic process:GO:0009687(1)

()内の数字はヒットした遺伝子数

# DNAマーカー情報の検索

 *Brassica oleracea*



この種について

科名: Brassicaceae  
アブラナ科


属名: Brassica  
アブラナ属






学名: Brassica oleracea







Taxonomy 1



和名: ヤセイカンラン, キャベツ, テリメンキャベツ, ブロッコリー, ケール

PCRベース（プライマー情報あり）のマーカーを格納


遺伝子をさがす  [すべて](#)

マーカーをさがす  [全て \(1987\)](#)  [SSR \(1040\)](#)  [CAPS \(282\)](#)  [SCAR \(26\)](#)  [その他 \(639\)](#)

形質からさがす  [全て \(267\)](#)  [ストレス耐性 \(65\)](#)  [味性 \(0\)](#)  [収穫 \(1\)](#)  [形態・疫病 \(54\)](#)  [品種・系統 \(29\)](#)

その他の検索  [BLAST](#) [配列からさがす](#)  [SNPs](#) [変異をさがす](#)

マーカー一覧

 *Brassica oleracea*

該当するマーカー数: 1956

1 2 3 4 5 ... ▶

1-50 件表示 ▼


マーカーID ↓	マーカー名 ↓	タイプ ↓	Fw プライマー配列 開始位置		
			配列名 ↓	染色体 ↓	開始位置 ↓
t3712.M000001.1	BoAP1-B	Others	NA	NA	0
t3712.M000002.1	bo2	Others	NA	NA	0
t3712.M000003.1	BoCAL-a	CAPS	BOL_v1.0	C03	40353865
t3712.M000004.1	BoAP1-a	Others	NA	NA	0
t3712.M000005.1	BoCAL-a_SSR	SSR	BOL_v1.0	C03	40355283
t3712.M000006.1	bo4	Others	NA	NA	0
t3712.M000007.1	bo5	Others	BOL_v1.0	C06	40488687
t3712.M000008.1	bo10	Others	NA	NA	0
t3712.M000009.1	bo12	Others	BOL_v1.0	C05	3915816
t3712.M000010.1	bo13	Others	NA	NA	0

一覧のダウンロード



各マーカーのページへ

# DNAマーカーのページ


 *Brassica oleracea*



JBrowse

マーカーID		t3712.M000003.1
マーカー名		BoCAL-a
タイプ		CAPS
物理上の位置	配列名	BOL_v1.0
	染色体	C03
	Fw プライマー配列	CATACAAACGCAAAACATCTC
	開始位置	40353865
	終了位置	40353884
	Rv プライマー配列	GGACAAAGCCACCTACATG
	開始位置	40354608
	終了位置	40354589
ターゲット配列		NA
アレル [検出された系統]		digested [var. botrytis (cauliflower)]; digested and not digested bands [var. botrytis (cauliflower) x var. italica (broccoli)]; not digested [var. italica (broccoli)]
制限酵素		SpeI
コメント		
文献 (DOI)		10.1023/A:1011370525688
文献 (PubMed)		NA

# 形質と連関するマーカー情報の検索

 *Brassica oleracea*



この種について

科名: Brassicaceae  
アブラナ科

属名: Brassica  
アブラナ属

学名: Brassica oleracea

Taxonomy 1

和名: ヤセイカンラン, キャベツ, テリメンキャベツ, ブロッコリー, ケール

ゲノム配列をみる



すべて

- ▶ *Brassica\_oleracea*.BOL(TO1000DH3, kale-like type)
- ▶ *B.oleracea\_v1.0*.chromosomes(var. capitata, 02-12)

遺伝子をさがす



すべて

- ▶ *Brassica\_oleracea*.BOL(TO1000DH3, kale-like type)
- ▶ *B.oleracea\_v1.0*.chromosomes(var. capitata, 02-12)

マーカーをさがす



全て  
(1987)



SSR  
(1040)



CAPS  
(282)



SCAR  
(26)



その他  
(639)

形質からさがす



全て  
(267)



ストレス耐性  
(65)



味性  
(0)



収量  
(1)



形態・病害  
(54)



品質・成分  
(29)



その他  
(118)

さがす

その他の検索



配列からさがす

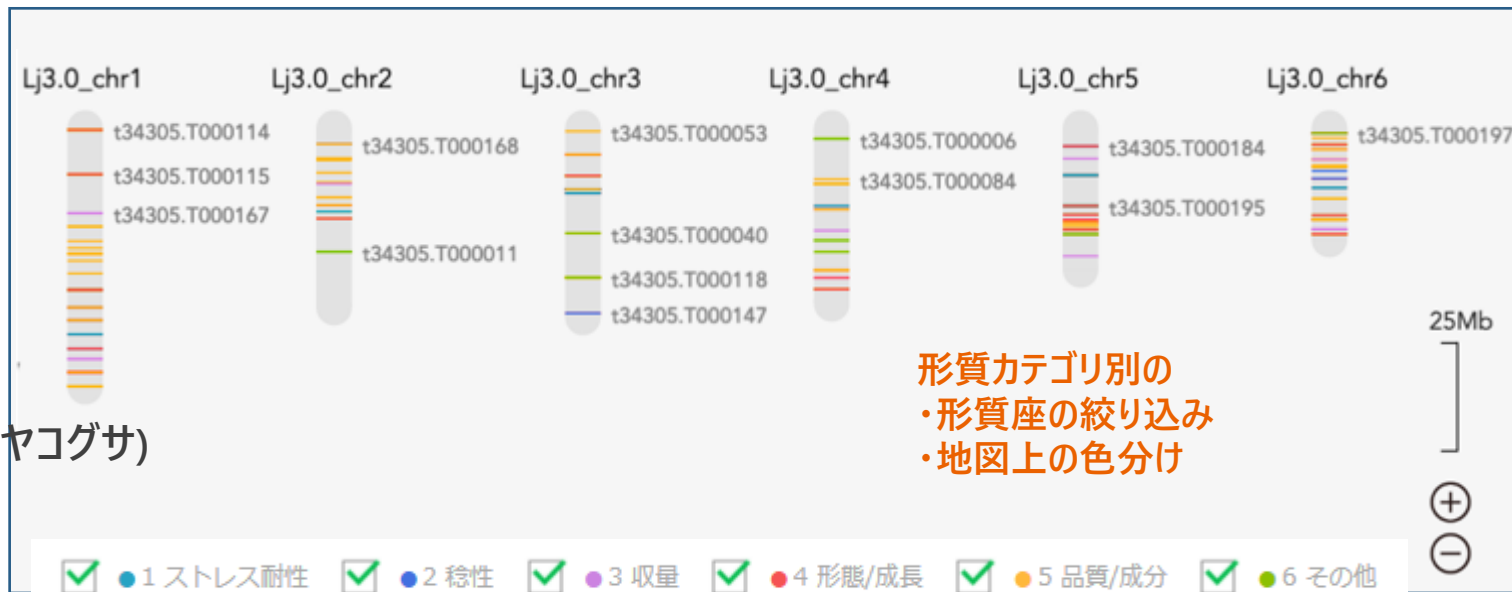


変異をさがす

形質と連関したマーカー（QTL, GWAS解析で連関が有意となったマーカー）の検索

## 形質ページ

(例：ミヤコグサ)




形質名 ↑	カテゴリー ↑	近傍マーカー 1	近傍マーカー 2	形質名 / 解析方法 / 解析集団名 / 解析集団のタイプ		その他の情報	形質座ID ↑
		配列名 ↑	近傍マーカー 1 ↑	染色体番号 ↑	開始位置 ↑	終了位置 ↑	
stem color	品質/成分	Lj3.0	TM0225	Lj3.0_chr2	16495426	16495545	t34305.T000140.1
stem color	品質/成分	Lj3.0	TM0225	Lj3.0_chr2	16495426	16495545	t34305.T000139.1

マーカー詳細ページへ

形質詳細ページへ

形質一覧ページからの  
マーカー詳細ページ表示

## マーカー詳細ページ

 Lotus japonicus

## ゲノムブラウザ JBrowseへのリンクボタン



(例：ミヤコグサの  
Stem colorに関連する  
領域に座上するマーカーTM0225)

マーカーID	t34305.M000373.1
マーカー名	TM0225
タイプ	SSR
物理上の位置	配列名 LJ3.0
	染色体 LJ3.0_chr2
	Fw プライマー配列 CTATTGATTGGTTCATTCCG
	Rv プライマー配列 TTATGAGGACCACTCCTG

## JBrowse表示画面



周辺に位置する遺伝子や塩基多型などを俯瞰できる



- 現在はPGDBj(Plant Genome DataBase japan, <http://pgdbj.jp/>)のデータを再整理・移行中
- 今後はキュレーションによりコンテンツを拡充

## 形質詳細ページ

形質座ID		t3712.T000001
形質座名		
形質名		regeneration from protoplasts_O2/C8, A trait contributing to the
形質カテゴリ		[6]その他
解析方法		QTL analysis
解析集団名		360-7 x no. 3-1
解析集団のタイプ		F2
物理地図上の位置	配列名	NA
	近傍マーカー 1	XsORA43-185/178
	染色体番号	NA
	開始位置	0
	終了位置	0
	近傍マーカー 2	Xe38m13-657
	染色体番号	NA
	開始位置	0
	終了位置	0
連鎖地図上の位置	連鎖群	360-7 x no. 3-1 LG_O02/C8
	LODピーク位置(cM)	17
	最大LOD値	4.75
	p値	
文献		10.1007/s00122-003-1570-z
コメント		no. 3-1 (rapid-cycling line of B. oleracea):high plant-regeneration ability, high responding; 360-7 (broccoli):low plant-regeneration ability, low-responding

# BLAST検索

 *Brassica oleracea*

**この種について**

科名: Brassicaceae  
アブラナ科

属名: Brassica  
アブラナ属

学名:  
和名:

**ゲノム配列をみる**

 [すべて](#)

**遺伝子をさがす**

 [すべて](#)

**マーカーをさがす**

 [全て \(1987\)](#)

 SSR (1040)

 CAPS (282)

 SCAR (26)

**形質からさがす**

 [全て \(267\)](#)

 ストレス耐性 (65)

 抗性 (0)

 収穫 (1)

**その他の検索**

 BLAST  SNP

配列からさがす 形質からさがす

プログラムを選択して下さい

- ☒ BLASTN (核酸配列 に対する 核酸配列の検索)
- ☐ BLASTP (タンパク配列に対するタンパク配列の検索)
- ☐ BLASTX (タンパク配列に対する翻訳核酸配列の検索)
- ☐ TBLASTN (翻訳核酸配列に対するタンパク配列の検索)
- ☐ TBLASTX (翻訳核酸配列に対する翻訳核酸配列の検索)

対象とする配列を選んでください

種名

- ☐ Brassica\_oleracea\_TO1000\_cds
- ☐ Brassica\_oleracea\_TO1000\_genome
- ☐ Brassica\_oleracea\_TO1000\_pep (protein)
- ☐ Brassica\_oleracea\_TO1000\_transcript
- ☐ Brassica\_oleracea\_02\_12\_cds

検索する配列を入力してください  
(FASTA形式を推奨)

検索する配列を入力してください  
(FASTA形式を推奨)

表示する検索結果の件数 (オプション)

検索結果 最大

配列のアライメント 最大

その他の設定 (オプション)

☐ 問い合わせ配列のフィルタリング (BLASTNではDUST, その他はSEG)

☐ ギャップアライメントを実行しない

期待値(E-value)

## SNP (Indelsを含む)

その他の検索



2種類のファイルがダウンロードできる  
 vcf: 比較した系統間で多型のあった個所だけをリスト  
 gvcf: 多型がないゲノムポジションも記載

ID	集団名	解析個体 リスト	変異の 種類	参照配列	配列の種類	SNP数	データ作成者	ダウンロード		JBrowse
								Vcf file	SNP Viewer	
t3712.SNP000001	Brassica_oleracea_SRA_100_lines_20191119		SNPs, Indels	BOL_v1.0	WGS	26,965,708	Plant GARDEN			

Bio Sample	配列名	Accession	gVCF ダウンロード	コメント
Badger Inbred	SRA476457	SRX2184910		Cabbage
BOL909	SRA476457	SRX2184913		Cauliflower
HRIGRU009617	SRA476457	SRX2184912		Kohlrabi

公開データを収集してSNPを検出 (最大100件分)

Genomic Variant Call Format (GVCF) ファイルとしてダウンロード可能

→ユーザーは計算済みのデータとの自分のデータの比較が可能

Topページから

その他の検索

# Plant GARDEN

Plant GARDEN ( Genome And Resource Database ENtry ) は  
さまざまな植物のゲノムやマーカー情報を集めたポータルサイトです

[? 使い方 ▶](#) [i このサイトについて ▶](#)

 tomato

検索



植物種からさがす



キクタニギク



ブドウ欧州種



ミヤコグサ



シロイヌナズナ



ダイコン



イチゴ



ラッカセイ



ダイズ



トマト



すべてみる ▶



他の方法でさがす



遺伝子から



配列から



データ一覧



マーカー



形質



解析してみよう



SNP Detection



Plant GARDEN内全体を検索します。キーワードを入力して下さい。

検索モード: 逐層検索 (部分一致)

tomato

検索

☒ 全て ☐ 遺伝子 ☐ マーカー ☐ 形質

## カテゴリーで絞り込みできる

Total (236 Hit(s))			
<div> <div>Excel</div> <div>CSV</div> <div>JSON</div> </div>			
URL	Title	ID	keywords
/ja/search/trait/t4081.T000169	Bacterial Spot Resistance to Xanthomonas euvesicatoria race T3   t4081.T000...	t4081	euvesicatoria race T3 カテゴリー 1 解析...
/ja/search/trait/t4081.T000857	Fruit diameter, Fruit diameter (FD)   t4081.T000857   Solanum lycopersicum	t4081	Heirloom Chr2 LODピーク位置(cM) 最...
/ja/search/trait/t4081.T000778	fruit quality, Beta-carotene (B-c, g/g DW)   t4081.T000778   Solanum lycoper...	t4081	Moneymaker: a well-characterized cult...
/ja/search/trait/t4081.T000554	Fruit cracking, Concentric fruit cracking (CFC)   t4081.T000554   Solanum lyco...	t4081	E6203:open pollinated cultivar; Solan...
/ja/search/trait/t4081.T000766	Fruit quality (chemical measurement), LYC (lycopene content)   t4081.T00076...	t4081	cM) 24 最大LOD値 5.5 p値 文獻 10.10...
/ja/search/trait/t4081.T000056	Bacterial Spot Resistance, Bacterial Spot Resistance to Xanthomo   t4081.T00...	t4081	Resistance to Xanthomo 形質カテゴリ ...
/ja/search/trait/t4081.T000816	fruit quality, Total soluble solids (TSS, Brix)   t4081.T000816   Solanum lycope...	t4081	Moneymaker: a well-characterized cult...
/ja/search/trait/t4081.T000058	Bacterial Spot Resistance, Bacterial Spot Resistance to Xanthomo   t4081.T00...	t4081	Resistance to Xanthomo 形質カテゴリ ...
/ja/search/trait/t4081.T000584	Fruit weight, Fruit weight (FW)   t4081.T000584   Solanum lycopersicum	t4081	E6203:open pollinated cultivar; Solan...
/ja/list/t4081	この種について   Solanum lycopersicum	t4081	Skewed KnapSack MassBase Food ...
/ja/search/trait/t4081.T000810	Resistance to two-spotted spider mite   t4081.T000810   Solanum lycopersicum	t4081	pimpinellifolium accession TO-937:res...

## Top Pageからの検索

The image shows the Plant GARDEN website interface. At the top, the logo "Plant GARDEN" is displayed. Below it, a search bar with a magnifying glass icon and the text "キーワードを入力して検索" (Enter keyword to search) is shown. To the right of the search bar is a green button labeled "検索" (Search). Above the search bar, a dropdown menu shows "検索モード: 通称検索 (部分一致)". Below the search bar, there are four radio buttons: "全て" (All), "遺伝子" (Gene), "マーカー" (Marker), and "形質" (Trait). The "全て" button is selected. Below these buttons, there are several icons representing different search methods: "検索からさがす" (Search from search), "キクタンニク" (Kikutaniku), "ブドウ欧州種" (Grape European variety), "ミヤコグサ" (Miyakogusa), "シロイヌ" (Shiroinu), "他の方法でさがす" (Search by other methods), "遺伝子から" (From gene), "配列から" (From sequence), and "解析してみよう" (Try to analyze). A dashed orange box highlights the "他の方法でさがす" button, and an orange arrow points from it to a larger inset showing a detailed search interface. This inset shows a search bar with the text "キーワードを入力してください" (Please enter a keyword), a "リセット" (Reset) button, and a green "検索" (Search) button. Below this, there is a section titled "詳細検索" (Detailed search) with tabs for "Gene Ontology", "KO(KEGG Ontology)", and "ゲノム配列名" (Genome sequence name). The "Gene Ontology" tab is selected, and a list of search results is shown, including "abaxial cell fate specification:GO:0010158(372)", "abietic acid:GO:0036204(113)", and "abscisic acid binding:GO:0010427(2947)".

Plant GARDEN

Plant GARDEN内全体を検索します。キーワードを入力して下さい。

検索モード: 通称検索 (部分一致)

キーワードを入力して検索

検索

全て 遺伝子 マーカー 形質

検索からさがす

キクタンニク

ブドウ欧州種

ミヤコグサ

シロイヌ

他の方法でさがす

遺伝子から

配列から

解析してみよう

こちらからも検索できます

キーワード検索

キーワードを入力してください

リセット 検索

詳細検索

Gene Ontology KO(KEGG Ontology) ゲノム配列名

ここに選択したアイテムが出ます

- abaxial cell fate specification:GO:0010158(372)
- abietic acid:GO:0036204(113)
- abscisic acid binding:GO:0010427(2947)

## TopページからのBLAST検索

Plant GARDEN (Genome)  
さまざまな植物のゲノム

使い方

tomato

植物種からさがす

キクタニギク

ブドウ欧州種

ミヤコグサ

シロイヌナ

他の方法でさがす

遺伝子から

BLAST 配列から

解析してみよう

SNP Detection

ゲノム横断的なBLAST検索

プログラムを選択して下さい

☒ BLASTN (核酸配列 に対する 核酸配列の検索)

☐ BLASTP (タンパク配列に対するタンパク配列の検索)

☐ BLASTX (タンパク配列に対する翻訳核酸配列の検索)

☐ TBLASTN (翻訳核酸配列に対するタンパク配列の検索)

☐ TBLASTX (翻訳核酸配列に対する翻訳核酸配列の検索)

対象とする配列を選んでください

種名 例) トマト 検索

☐ Amaranthus\_hypochondriacus\_459\_v2.0\_genome

☐ Amaranthus\_hypochondriacus\_459\_v2.1\_cds

☐ Amaranthus\_hypochondriacus\_459\_v2.1\_pep (protein)

☐ Amaranthus\_hypochondriacus\_459\_v2.1\_transcript

消去 全て選択



ここはリンクなしです！

## マーカー・形質一覧の表示

### 情報の有無のみ表示

検索条件: 検索範囲: 検索結果: 1000 (Sequence Read Archive)

学名	和名	検索結果	検索範囲	検索結果	検索結果
<i>Acer yangbiense</i>	カエデ				
<i>Actinidia chinensis</i>	キウイフルーツ (chinensis種), ゴールドキウイ				



### カテゴリごとの数の表示

検索結果: 280405 件

学名	和名	SSR	CAPS/dCAPS	SCAR	その他
<i>Actinidia chinensis</i>	キウイフルーツ (chinensis種), ゴールドキウイ	189	0	0	4229
<i>Arachis hypogaea</i>	ラッカセイ	14088	0	0	1039

学名	和名	ストレス耐性	特性	収穫	形態・成長	品質・成分	その他	全て
<i>Arachis hypogaea</i>	ラッカセイ	5	0	0	0	0	0	5
<i>Brassica napus</i>	セイヨウアブラナ	312	0	415	686	666	474	2553
<i>Brassica oleracea</i>	ヤセイカンラン, キャベツ, ブリメン, キャベツ, ブロッコリー, ケール	65	0	1	54	29	118	267
<i>Brassica rapa</i>	アブラナ, 在来ナタネ, ハクサイ, カブ, イエローサルソング, コウサイタイ, タイサイ, チンゲンサイ, アブラナ (oleifer a 亜種), アブラナ (campestris 亜種)	30	22	3	352	74	161	642
<i>Cajanus cajan</i>	キマメ	0	0	0	7	0	6	13
<i>Capsicum annuum</i>	トウガラシ (annuum 変種), トウガラシ 野生種 (glabrusculum 変種)	9	0	35	38	13	162	257
<i>Oleria arietinum</i>	ヒヨコマメ	31	0	16	85	0	1	133
<i>Citrullus lanatus</i>	スイカ	11	0	0	23	21	12	67
<i>Cucumis melo</i>	メロン, メロン 野生種 (agrestis 亜種), ザツソウメロン	26	0	12	112	64	120	334
<i>Cucumis sativus</i>	キュウリ, キュウリ 半野生種 (xishuan gbannanensis 変種), キュウリ 野生種 (hardwickii 変種)	72	0	28	174	19	94	387

### 一覧ヘルク

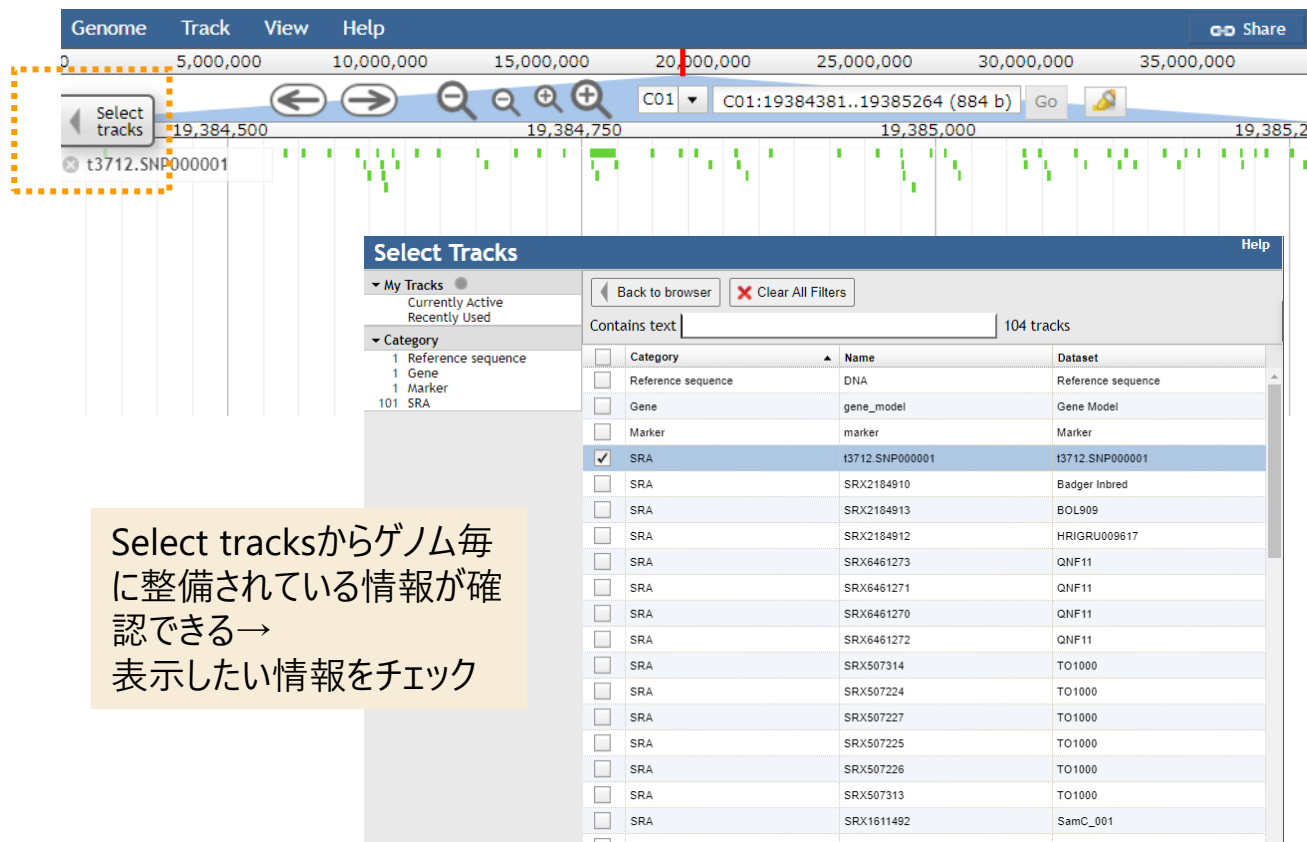
該当するマーカー数: 189

1-50 件表示

マーカーID	学名	和名	SSR	変異体	変異体数
3625.M000001.1	Ke115	SSR	NA	NA	0
3625.M000003.1	Ke101	SSR	RedS_P51_1.69.0	LG6	11272400
3625.M000004.1	Ke181	SSR	NA	NA	0
3625.M000005.1	UDK96-001	SSR	RedS_P51_1.69.0	LG21	13141818
3625.M000006.1	UDK97-421	SSR	RedS_P51_1.69.0	LG24	13679215

<i>Capsicum annuum</i>	トウガラシ	11908	13	14	346
<i>Chrysanthemum seticosus</i>	キクタニギク	9605	0	0	0

## JBrowseで表示するデータを選ぶ



The image shows the JBrowse genome browser interface. The main window displays a genomic track with a red vertical line at position 20,000,000. A 'Select tracks' button is highlighted with an orange dashed box. The 'Select Tracks' dialog is open, showing a list of tracks with checkboxes. The 'SRA' track is selected.

**Select Tracks**

My Tracks: Currently Active, Recently Used

Category:

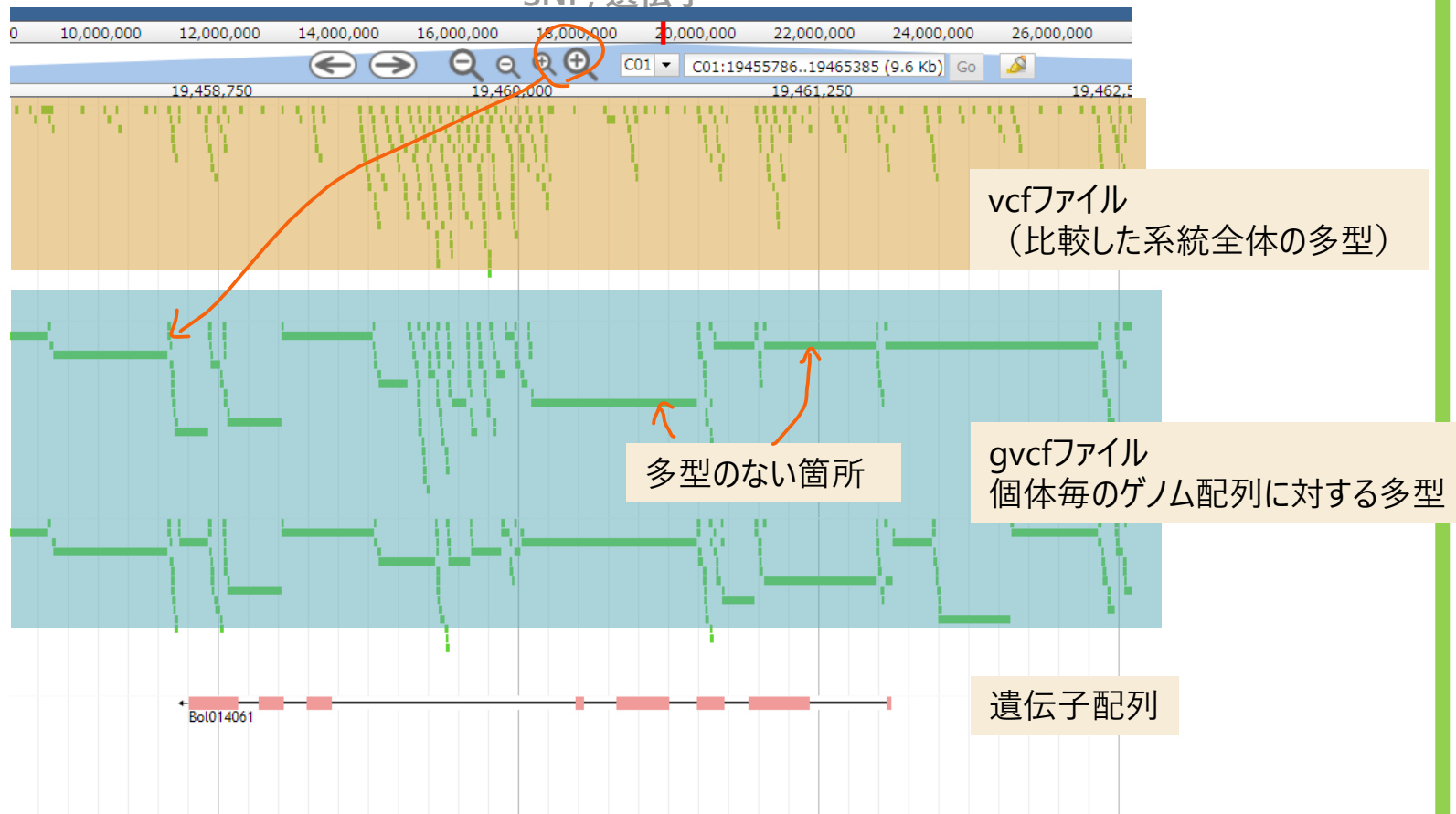
- 1 Reference sequence
- 1 Gene
- 1 Marker
- 101 SRA

Contains text: 104 tracks

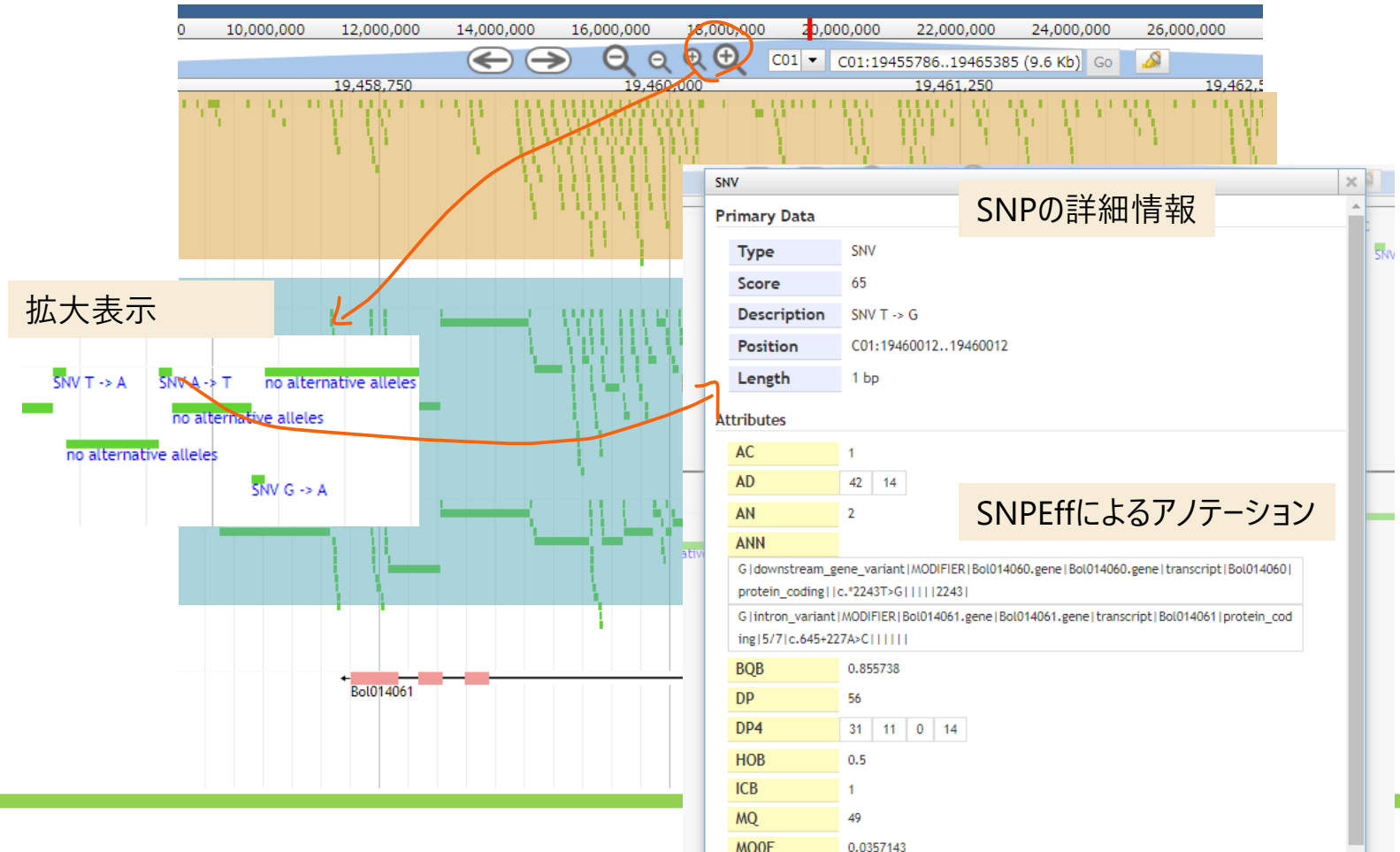
Category	Name	Dataset
<input type="checkbox"/>	Reference sequence	DNA
<input type="checkbox"/>	Gene	gene_model
<input type="checkbox"/>	Marker	marker
<input checked="" type="checkbox"/>	SRA	t3712.SNP000001
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX2184910
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX2184913
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX2184912
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX6461273
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX6461271
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX6461270
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX6461272
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX507314
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX507224
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX507227
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX507225
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX507226
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX507313
<input type="checkbox"/>	SRA	SRX1611492

Select tracksからゲノム毎に整備されている情報が確認できる→  
表示したい情報をチェック

## JBrowseの表示例 SNP, 遺伝子



# Jbrowse上のSNP表示

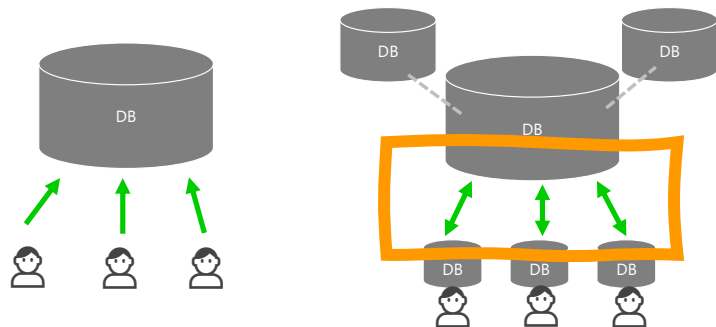


# 解析ツール

# Plant GARDEN

DBをとりまく環境

ユーザー自身が大規模なデータを持つ時代  
百科事典→DB間ネットワークのハブ



## カスタム型データ解析システム

Plant GARDEN内のデータを参照データとし、  
ユーザーのデータとできるだけシームレスに比較  
できるツールの開発

[? 使い方](#) [i このサイトに](#)

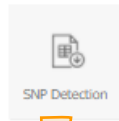
植物種からさがす	キクタニキク	ブドウ歐洲種	ミヤコグサ	シロイヌナズナ	ダイコン
他の方法でさがす	遺伝子から	配列から			
解析してみよう	SNP Detection				

解析ツールを選ぶ

- お持ちのデータをアップロードしてブラウザ上で解析する
- 解析ツールをダウンロードしてローカル環境で解析する

SNP Detection	SNPやIn/Delを検出する解析パイプライン		
Hayai-Annotation	遺伝子配列のアノテーション		

# SNP検出パイプライン



かずさ内の解析サーバーに実装



配列解析システム 1.03	
アカウント	sisobe
パスワード	*****
ログイン	
●アカウントの新規登録はここをクリック	

パスワードを忘れてしまった場合はplantgarden-at-kazusa.or.jpまでお問い合わせ下さい。(データはリセットされます)

アカウント登録をして  
ログインします

## ログイン後の画面

ログインアカウント = [ sisobe ]

[初めてご利用の方は\[?\]こちら\(使い方\)\]をご確認ください。](#)

現バージョンでは、お手持ちのデータ(リードの配列ファイル)やマッピング時に用いる参照配列ファイルを予めFTP over SSL/TLS(暗号化FTP)で解析サーバーへ送る必要があります。また解析結果の受けとりも暗号化FTPを通じて行います。

データのアップロードと解析結果のダウンロードはFTPクライアントツール([Filezilla](#), [CyberDuck](#)等)の操作で行います。[?] [データ移動の方法](#) ]

右のボタンでテスト用サンプルデータをセットできます[?] [デモデータの実行方法](#) ]

アップロードされたリード配列のファイル名

ファイルが表示されない場合: [?] [ファイル名について](#) ]

- ・ sampleA\_R1.fastq.gz
- ・ sampleA\_R2.fastq.gz
- ・ sampleB\_R1.fastq.gz
- ・ sampleB\_R2.fastq.gz

ファイルはgzipもしくはbzip2で圧縮してください。 [?] [ファイルの圧縮について](#) ]





# SNP検出パイプライン

解析項目の選択

ONOFF

Data版では「品質でトリミング」「アダプター除去」「ペアリードの検出」はセットでの選択のみとなります

配列の確認

🔍

配列の  
品質チェック

配列の前処理

✂️

品質でトリミング

✂️α

アダプター除去

💚

ペアリードの検出

ゲノムへのマッピング

==

マッピング

アップロードされた参照配列のファイル名

SLch01.1-100kb.fa.gz

マッピング結果の解析

⚙️

変異検出

(ボタンが機能していない場合はセレクトで選択してください)

トリミングとマッピング: PRINSEQによるトリミング → fastx\_clipperによるアダプター除去 → ペア/シングルの仕分け → マッピング(bowtie2) → SNP検出

解析する ▶

受け付けました。処理開始時と終了時にメールを送信します。

解析受付ページに戻る

sisobe 様

処理を受け付けました。(受付番号 201008104518-15015)

処理終了時にもメールを送信します。  
しばらくお待ちください。

○クエリー

sampleA\_R1.fastq.gz

sampleA\_R2.fastq.gz

sampleB\_R1.fastq.gz

sampleB\_R2.fastq.gz

○マッピング・SNP検出用リファレンスFASTA

SLch01.1-100kb.fa.gz

sisobe 様

処理が終わりました。

FTPサーバに結果データ (out.tar.gz) を置きましたので  
ダウンロードしてください。

--

配列解析システム

[pgdbjsnp@kazusa.or.jp](mailto:pgdbjsnp@kazusa.or.jp)

最後に

### 植物ゲノムのDB関連で具体的に知りたいこと

- DBを活用して新たな価値を生んだ事例があれば  
→DB開発側にも直接レポートが来るわけでないので、分からないのですが、研究開発者の＜調べる＞行為のサポート役と考えています
- ストレス関連遺伝子
- フェノミクスとゲノミクスを含む統合データベース  
→現在、DNAマーカーについては一部形質との関連情報を掲載しています。遺伝子に関しても同様の情報収集を始めており、今後掲載する予定です
- 植物種からアミノ酸配列 C 末側100AA程度の 配列をみつめたい。  
→残念ながらDB機能としては対応していません。pep配列ファイルをダウンロードしていただき、そこからの切り出しになると思います。
- どのような手順（研究スケジュール的な視点）で利用するか  
→目的によって異なりますので一概にはいえませんが、まずは対象とする植物種を決めて格納されているデータを確認されるのが良いと思います。
- マイクロアレイの結果/eFP browserにおける検索ID
- 共発現データベース
- 選択的スプライシング 動物と植物のゲノム間での大きな違い。動物におけるゲノム情報の多様性と、植物におけるゲノム情報の多様性の差異  
→こちらはPlant GARDEN外の内容のなりますので、今回対応できず申し訳ありません。NBDCで次回の講習会に取り上げて下さればと思います。

ユーザーの皆様へ

<https://plantgarden.jp>



- Plant GARDENは、発展途上のDBです。不具合、もしくは機能不足が生じてご迷惑をおかけすることもあると思いますが、お使いになってみて問題点があれば、ぜひお知らせください。
- 格納するデータについては、できるだけユーザーの意見を取り入れたいと思います。格納をご希望するデータがございましたらお知らせください。優先的に格納してまいります。

ご意見・ご要望をお待ちしています  
[plantgarden@Kazusa.or.jp](mailto:plantgarden@Kazusa.or.jp)