MarkerToolKit (Version 1.0 for Windows) 取扱説明書 第2版

2019 年 7月 1 日
藤井　浩
国立研究開発法人農研機構
果樹茶業研究部門カンキツ研究領域

目　次

1 MarkerToolKitの目的 1
2 動作環境 1
3 入力可能なデータ 1
4 入力データ形式 1
5 出力データ形式 1
6 機能 2
7 操作方法 3
8 補足事項 5
9 農研機構職務作成プログラム登録 5
10 免責事項 5
11 著作権その他の権利 6
12 本ソフトウエアの引用 6
13 取扱説明書改訂履歴 6

1 MarkerToolKitの目的

MarkerToolKit（以下，MTKit　と略す）は　DNA　マーカーをさまざまな品種に適用して得た「品種／マーカー型データセット」から派生する 9　つの統計値などを一括して自動的に計算するためのコンピュータ・プログラムです。

2 使用環境

Windows 7, 10 環境での動作を確認しています。また，動作には，Microsoft　Excelが必須です。プログラムは，Microsoft　Visulal　Basic　Ver.6 で記述され，コンパイルされいています。

3 入力可能なデータ

本プログラムは，2　倍体の共有性マーカーを想定して作成されています。他の倍数性や優性マーカーについては，想定していませんが，統計値によっては計算可能なものもあるかもしれません。入力データとしての，共有性マーカーの表記形式
は，SSR マーカーの数値表記でも良いし，文字表記でもかまいません。

4 入力データ形式

入力データは，Microsoft　Excelで記述します。SSR マーカーの数値表記の場合は Excelファイルの「Sample_S.xls」を参照してください。文字表記の場合は
「Sample_C.xls」を参照してください。記述の決まりごとは以下のとおりです。

（1）新しい Excel のシートを開きます。データのタイトルはセル B2 に書きます（計算の結果派生するすべてのシートでもセル B2 に表のタイトルが付加されます）。

(2) 品種名はセル B5 から下に向かって書きます。

(3) マーカー名はセル C4 から右に向かって書きます。

(4) 該当するセルにマーカー型を記入します。なお，SSR 数値表記の場合は，アリルの区切り

記号として ”/（半角のスラッシュ）” が必要です。文字表記の場合は区切り記号は不要です。

(5) データを記入したシート名を「XXX.org」（XXX は任意の文字）としてください。数値表記か文字表記かは，プログラムが自動判別します。

5 出力データ形式

計算結果は，入力データとして作成した Excel のブックに個別のシートとして出力されます。各シートの名前は，入力データのファイル名に，計算結果ごとに決まっている英小文字 3または4文字のアクロニムが付加される形で示されます（「Sample_S.xls」,「Sample_C.xls」参照，ともにYamamoto et al. (2003). Breed. Sci. 53: 35-40 のデータを改変）。

６ 機能

MarkerToolKit には，9つの機能があります。各機能は，英小文字 3または4文字のアクロニムで表現されています。第1表をサンプルの入力データとして，詳しい機能説明を行います。なお，ssr，pek，tssr の3つは，SSR マーカーの数値表記の場合のみに有効な機能です。

ssr

SSR の数値表記の表を最少マーカーセット計算プログラム「MinimalMarker」に入力可能なように，数値の表記順をすべてのセル内において，小／大の昇順に並べ替えます。

cmb

すべての 品種の組合せで，当該22品種を判別可能なマーカー数が何個存在するかを総当りで表示します。判別可能なマーカー数が の場合はセルの色が赤，01の場合は黄， 2の場合は緑で示されます。

gnt

各マーカーごとの遺伝子型の種類と頻度を表示します。

all

各マーカーごとのアリルの種類と頻度，ヘテロ接合度，多型情報含有値（PIC 値）を表示します。

chr

SSR マーカーの数値表記が入力データの場合は，SSR マーカー数値表記を文字表記に変換した形で表示します。このとき，各マーカーの数値が小さい順にアルファベッ

トがアルファベット順に割り当てられます。例えば，あるマーカーのアリルの数値で100 が一番小さく，次に 110 が小さい場合は，100 に A が 110 に B が割り当てられます。表の下に各マーカーごとのアリル数，遺伝子型数が表示され，さらに，品種数とマーカー数が表示されます。
入力データが文字表記の場合は，入力した「品種／遺伝子型データセット」の下にアリル数，遺伝子型数，品種数，マーカー数が追加されます。

pek

SSR マーカーの数値表記の場合に有効です。この場合，ひとつの遺伝子型内の 2 つのアリルの数値の差の絶対値を表示します。各遺伝子型のピーク間の差を一覧することができます。

tssr

SSR マーカーの数値表記を相対表記します。第 1 行目に記述された品種の遺伝子型の小さいほうのアリルの数値を 0 として，各マーカーごとにアリルの数値表記を計算しました。

ukai

鵜飼の品種判別理論値（鵜飼保雄 2004 植物における品種同定理論．農業および園芸 79:194-198．参照）:P1 が各マーカーごとの値です。

zoo

「PAUP」「MEGA」「NTsys」などの系統樹解析ソフトへのデータ入力に必要な0/1 表記をすべてのマーカーについて自動的に行います。

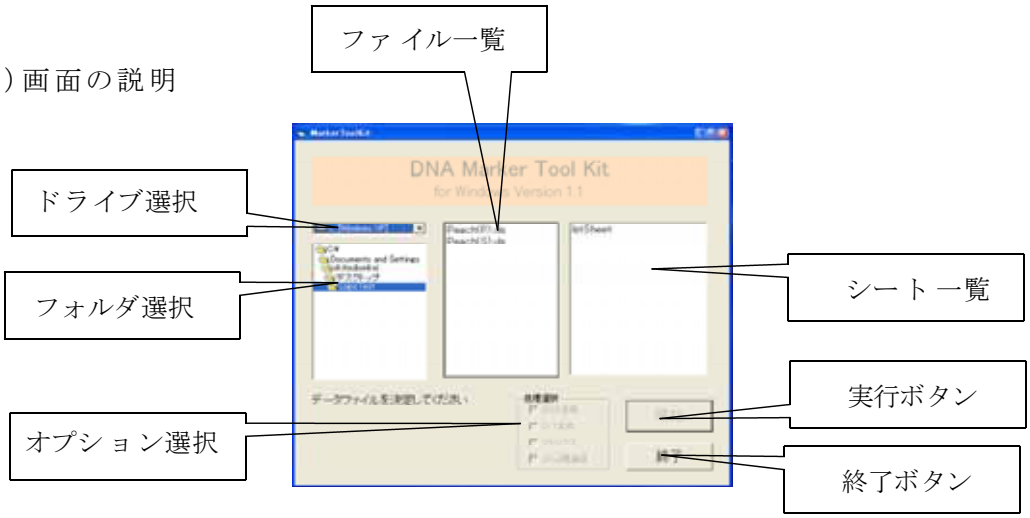
err

入力値のエラーが出力されます。MarkerToolKitでは，欠測値やヌル値がある場合，正しい結果を出力しない可能性がありますが，このようなデータがあったとしても，計算は最後まで行い，errのシートに入力値にエラーがあった旨を出力します。したがいまして，計算終了後，必ずこのシートを見て，入力値にエラーがなかったか確認してください。

7 操作方法

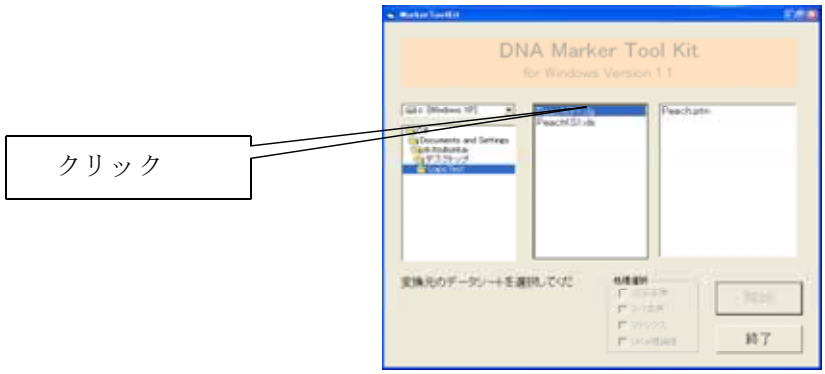
（1）プログラムである MarkerToolKit.exe をダブルクリックします。サンプルデータとして，「Sample_S.xls」あるいは「Sample_C.xls」を利用してください。

（2）画面の説明



（3）ファイルを選ぶ

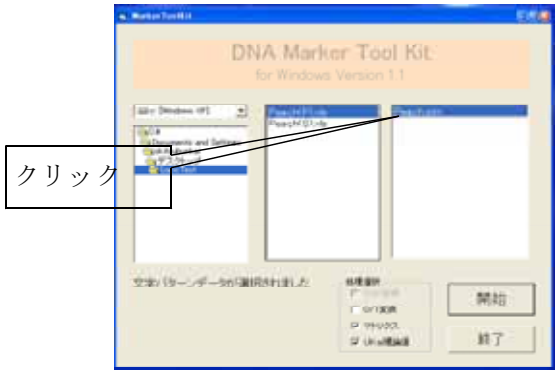
目的のファイルを探して
ファイルをクリック



（4）データを選ぶ

ファイルにあるシートの一覧が表示されたら処理対象のシート名をクリック

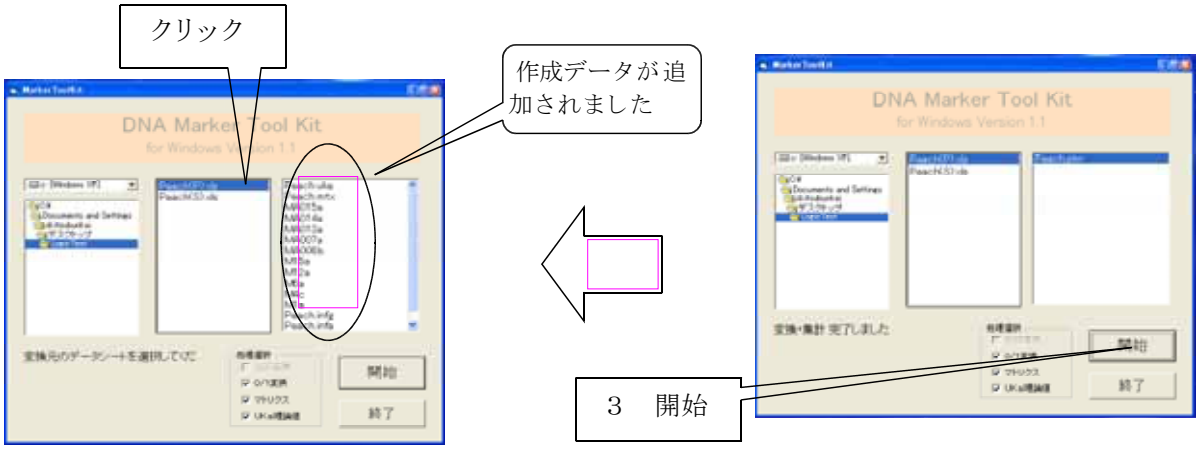
＊処理対照シート名の末尾に「*.org」がないとクリックできません。



オプションを確認して

開始ボタンをクリック

ファイル名をクリックすると
シート一覧を最新の状態に更新



（計算の終了）

計算が終了すると，計算が終了した旨を伝えるポップアップが現れます。開始ボタンをクリックした後，ポップアップが現れるまでお待ちください。なお，入力データに欠測値やヌル値などのエラーがありますと，ポップアップにエラーがあることが表示されます。また，err シートにエラーの内容が出力されますので，点検してください。

（プログラムの終了）

終了ボタンをクリックしてください。

＊オプション選択についての説明

下記の計算結果が必要な場合はチェックを入れてください。下記の計算を行うと計算時間が長くなります。

0/1 変換	チェックを入れると系統樹解析のための 0/1 変換表も出力します
コンビネーション	チェックを入れるとすべての 2 品種間での判別可能なマーカー数の総当りの表を出力します
Ukai 理論値	チェックを入れると鵜飼の品種判別理論に基づく確率が計算されます。

8 補足事項

・品種数 500 以上、マーカー数 250 以上、アリル・遺伝子型 52 以上(1マーカー当り)のデータには対応していません。

・ＳＳＲデータを選択した時、変換オプションをはずすことはできません。

・文字表記データを選択した時、変換オプションをつけることはできません。

・シート名の任意[XXXX]の部分に半角ドット“.”を使用しないでください。

・ＳＳＲの標準化変換では最初の品種を基準品種として扱います。

・ＳＳＲピーク間距離では、0のセルを灰、1-2のセルを赤、3-4のセルを黄で色分けしています。

・品種間差異マトリクスでは、0を赤、1を黄、2を緑、3を青で色分けしています。

・出力結果のシートには、罫線以外の書式設定を一切してありません。
セル幅等各自で調整をお願いします。

9 農研機構職務プログラム登録

本プログラムは農研機構職務作成プログラムです。

2007年(平成19年)10月25日　プログラム作成届提出
作成者　藤井浩、山下浩之

2008年(平成20年)2月29日　農研機構職務作成プログラム登録
機構登録番号　機構ーＤ０３

2008年(平成20年)3月21日　職務作成プログラム提供許可

10 免責事項

・独立行政法人 農業・食品産業技術総合研究機構 (以下農研機構と記します)は、本プログラムに関して不具合やエラーや障害が生じないことを一切保証いたしません。
・農研機構は、本プログラム及び本プログラムのダウンロードに起因してご使用者に直接または間接的損害が生じても、いかなる責任をも負わず、一切の損害賠償を行わないものとします。
農研機構は、本プログラムに不具合、不備等があっても、程度の如何にかかわらず訂正、修補する義務を負わないものとします。

11 著作権その他の権利

・本プログラムの著作権その他の知的財産権一切は、農研機構に帰属します。本プログラムを無断で複製、転載、改変などに類する行為と無断で解析(逆コンパイル、逆アセンブル、リバースエンジニアリング等)することを禁止します。

・本プログラムを販売、貸与、再使用許諾、営業使用することなどはいずれもできないものとします。事前の告知なしに本プログラムの変更、又は配布を中止する場合があります。また、このページは予告無く加筆修正されることがあります。

12 本プログラムの引用

本プログラムを用いて得られた計算結果を使用して,学術雑誌等への論文等発表する場合は,論文等の中にMarkerToolKitを使用したことを記載すると共に下記の文献の引用をお願いします。

(和文)

藤井浩、山下浩之、島田武彦、遠藤朋子、清水徳朗、山本俊哉(2008) DNAマーカー型一覧表に関する各種計算を自動的に行うソフトウエアMarkerToolKitの開発. DNA多型 16: 103-107

(英文)

Hiroshi Fujii, Hiroyuki Yamashita, Takehiko Shimada, Tomoko Endo, Tokurou Shimizu, Toshiya Yamamoto(2008) MarkerToolKit: an analysis program for data sets consist of DNA maker types obtained from various varieties. DNA Polymorphism 16: 103-107.

13 取扱説明書改訂履歴

2007年(平成19年)10月25日　第1版作成

2019年(令和1年)　7月　1日　第2版改訂