

目 次

第1章	ゲノム情報とバイオインフォマティクスツール	
第1節	果樹研究のためのゲノム情報	藤井 浩 1
	1) Phytozome	2
	2) TAIR	11
	3) Taxonomy Browser	11
	4) データ閲覧用のソフトウエア.....	14
	5) ローカルBLASTおよびファイル形式変換	15
	6) もうすこし先のバイオインフォマティクス.....	16
第2節	次世代シーケンサを使ったバイオインフォマティクスツールの概要	宮本真理 21
	1) ゲノムアセンブリ.....	21
	2) トランスクリプトアセンブリ.....	24
	3) 遺伝子予測, アノテーション	24
	4) 発現解析.....	26
	5) 変異検出.....	28
	6) SNPジェノタイピング.....	30
	7) SNPの応用.....	31
	8) 統合解析ツールとビューア.....	31
	9) 配列解析ツールとスクリプト言語.....	32
第3節	ゲノムアノテーションウェブサービスMEGANTEの果樹への応用	伊藤 剛・沼 寿隆 39
	1) ゲノムアノテーションとは.....	39
	2) MEGANTEとは	40
	3) MEGANTEを利用するには	45
	4) 応用事例と今後の展望.....	52
第4節	バイオインフォマティクス技術を活用したDNAマーカー開発 ...	奈島賢児 55
	1) DNAマーカー	55
	2) DNAマーカー設計を行う配列の取得	56
	3) バイオインフォマティクス技術を活用したDNAマーカー開発 ...	60
	4) 今後の展望.....	79

第5節	網羅的遺伝子発現解析のためのカスタムマイクロアレイの開発 —ニホンナシを事例として—	西谷千佳子	83
	1) 果樹における網羅的遺伝子発現解析の概況		83
	2) 網羅的発現解析の手法		84
	3) マイクロアレイを用いた網羅的遺伝子発現解析		86
	4) ナシのカスタムマイクロアレイを利用した研究論文		97
	5) 遺伝子の網羅的解析研究の今後		99
第2章	果樹研究への応用		
第1節	カンキツゲノム解析におけるESTの解析とその利用	大村三男	103
	1) EST解析		103
	2) カンキツにおけるEST解析		105
	3) ESTカタログの解析と利用		107
	4) ゲノムマッピングにおけるEST配列の利用		108
	5) カンキツ特有な遺伝子解析におけるゲノム情報解析への期待		121
第2節	リンゴ育種研究の進展とゲノムインフォマティクス	國久美由紀	129
	1) 世界および国内におけるリンゴ生産		129
	2) リンゴ育種におけるDNAマーカー選抜		130
	3) リンゴにおけるDNAマーカー開発の進展		131
	4) 'Golden Delicious'のゲノム解読		135
	5) 遺伝解析の発展 ～連鎖地図作成から形質との連鎖解析, QTL解析, 遺伝子単離まで～		135
	6) 今後のリンゴゲノムインフォマティクスへの期待		139
第3節	遺伝子等の網羅的解析によるモモ研究の進展	立木美保	147
	1) モモ全ゲノム配列解読と公開情報		147
	2) 網羅的解析による果実成熟等の研究		148
	3) 網羅的解析による低温障害の研究		155
	4) 生理機構解明における網羅的解析の活用事例		160
	5) モモの網羅的解析を通じて		166
第4節	ブドウゲノム・遺伝子発現解析による果実成熟機構に関する研究の進展	東 暁史	171
	1) ブドウ果実成熟の基本機構		171

2) ブドウ果実内成分の制御	172
3) 果実成熟における植物ホルモンの役割	186
4) 果実成熟に關与する環境要因	191
5) 今後の研究の展望	194
第5節 <i>d</i> -リモネン合成酵素遺伝子をアンチセンスで導入した遺伝子組換え カンキツの遺伝子発現プロファイリング	島田武彦 203
1) カンキツのゲノム研究とマイクロアレイの開発	203
2) カンキツの果皮に含まれる主要な香気成分と その生合成に關わる遺伝子の構造と発現	205
3) <i>d</i> -リモネン含有量を低下させた遺伝子組換えカンキツの作出と 病害抵抗性の賦与	208
4) カンキツの香気成分と病害抵抗性の關連について	211
5) 今後の展望	213
付 録	
用語解説	
参考図書	
索 引	
頭字語索引	
英語索引	
日本語索引	
謝 辞	

図版目次

第 1 章			
第 1 節	表1-1-1	温帯果樹のゲノムデータベース	3
	図1-1-1	図1-1-1 Phytozomeから提供されているゲノムデータ	4
	図1-1-2	GDRのモモの遺伝マーカーダウンロード画面	4
	図1-1-3	Phytozomeのトップページ	6
	図1-1-4	Phytozomeにおけるキーワード検索画面	6
	図1-1-5	Phytozomeにおけるキーワード検索結果表示	7
	図1-1-6	Phytozomeのゲノムブラウザ表示	7
	図1-1-7	Phytozomeの遺伝子アノテーション表示	8
	図1-1-8	Phytozomeの遺伝子上流域の表示	9
	図1-1-9	Phytozomeにおけるゲノムデータのダウンロード画面	10
	図1-1-10	Phytozomeのダウンロードファイルの例	10
	図1-1-11	NCBI Taxonomy Browserでの検索画面	12
	図1-1-12	NCBI Taxonomy Browserでの検索結果表示	12
	図1-1-13	NCBI Nucleotideの検索結果表示1	13
	図1-1-14	NCBI Nucleotideの検索結果表示2	14
	表1-1-2	バイオインフォマティクスで用いられるファイル形式	17
	図1-1-15	バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC) のトップページ	19
	図1-1-16	統合TVのトップページ	19
第 2 節	表1-2-1	解読された果樹ゲノムの一部	23
	図1-2-1	ゲノム既知の場合の発現解析とゲノム未知の場合の発現解析の流れ	27
	表1-2-2	変異解析ステップ	29
	表1-2-3	変異解析に利用されるオープンソースツール	30
第 3 節	表1-3-1	MEGANTEでアノテーション可能な果樹ゲノム	41
	表1-3-2	MEGANTE内部で使用している解析プログラムとデータベース	42
	図1-3-1	MEGANTEのゲノムアノテーション解析処理手順	43
	表1-3-3	MEGANTEおよび各遺伝子予測プログラムの遺伝子予測精度	45
	図1-3-2	MEGANTEトップページとユーザ登録画面	46
	図1-3-3	登録確認メールの例	46
	図1-3-4	ゲノム配列一覧画面	46
	図1-3-5	ゲノム配列アップロード画面	47
	図1-3-6	ゲノムブラウザによる解析結果の表示	49
	図1-3-7	遺伝子詳細画面	51
	表1-3-4	解析結果に含まれるファイル	52
第 4 節	図1-4-1	GDRにおけるGbrowse	58
	表1-4-1	代表的なNGSの機種	59

	図1-4-2	SSRマーカーによる多型検出法の模式図	61
	図1-4-3	DNAシーケンサを用いたSSRマーカーのフラグメント解析例	61
	図1-4-4	Galaxy/NIASの操作画面	62
	図1-4-5	Galaxy/NIAS内の「MISA + Primer3」のワークフロー	64
	図1-4-6	LTR型レトロトランスポソンの種類とその構造	67
	図1-4-7	LTR型RBIPマーカーの模式図	68
	図1-4-8	RBIPマーカーの電気泳動図	69
	図1-4-9	LTR_FINDER	69
	図1-4-10	ゲノムDNAのショットガンシーケンスからのRBIPマーカー設計の模式図	71
	図1-4-11	5'LTRおよび3'LTRのアラインメント	72
	図1-4-12	CAPS法の模式図	74
	図1-4-13	Galaxy/NIAS内「BWA mapping Illumina」, 「SNP/INDEL Calling」および「SNP Marker」ワークフローを用いたSNP検出に必要なファイルと出力されるファイル	76
	図1-4-14	SNP検出における配列の厚みの重要性	78
第5節	図1-5-1	主要な果樹の網羅的解析のGEO (Gene Expression Omnibus) 登録数	85
	図1-5-2	マイクロアレイ実験の流れ	87
	図1-5-3	NCBIでの配列取得	89
	図1-5-4	GDRのトップページ	90
	図1-5-5	マイクロアレイデザイン手順	92
第2章			
第1節	表2-1-1	カンキツにおける果樹研究所解析のESTカタログ	107
	表2-1-2	カンキツEST及び遺伝子cDNA配列に基づいたDNA多型の検出程度	111
	表2-1-3	交雑集団におけるCAPS遺伝子型分離様式	113
	表2-1-4	カンキツ転写因子様遺伝子候補EST配列に基づいて作製したSTSにおけるCAPS及びSNPマーカーの獲得頻度	116
	表2-1-5	カンキツ品種のCAPSによるグラフ遺伝子型 (第7連鎖群)	119
第2節	表2-2-1	世界のリング生産	129
	図2-2-1	国内品種作付面積比率 (2011年度)	130
	表2-2-2	リングの遺伝解析に用いられたDNAマーカーの種類と変遷	132
	図2-2-2	'Golden Delicious' 公開ゲノムの概要	134
	図2-2-3	公開配列における物理位置と遺伝位置の関係	135
	表2-2-3	リングにおける連鎖解析およびQTL解析の報告例	136
	図2-2-4	リングゲノム情報を利用した第10連鎖群上部へのSSRマーカー設計とカラムナー原因遺伝子領域の絞込み	138
	図2-2-5	将来のリングゲノム情報への期待	141

第3節	図2-3-1	普通モモ, 硬肉モモ (無処理), 硬肉モモ (プロピレン処理) の収穫後果実におけるエチレン生成量と果肉硬度の変化 (模式図)	161
	図2-3-2	PpACS1発現抑制の原因因子を探索するためのマイクロアレイ解析の進め方	162
	図2-3-3	普通モモおよび硬肉モモのS3~S4におけるIAA含量の変化 (模式図)	164
第4節	図2-4-1	ブドウの果粒肥大および果実内成分の経時変化 (模式図)	172
	図2-4-2	アントシアニン生合成経路およびアントシアニン合成関連遺伝子群	174
	図2-4-3	MYB遺伝子座のハプロタイプ構造と着色誘導機能	175
	図2-4-4	MYB遺伝子型とブドウ果皮色の関係 (二倍体)	176
	表2-4-1	四倍体ブドウ品種のMYB遺伝子型と果皮色の関係	177
	図2-4-5	アントシアニン含量に関連するQTLの連鎖地図上の位置	179
	図2-4-6	アントシアニン組成に関連するQTLの連鎖地図上の位置	181
	図2-4-7	MYB遺伝子型とアントシアニン組成 (Dp/Cy比, M/NM比) の関係	182
	図2-4-8	AOMT遺伝子型とアントシアニン組成 (M/NM比) の関係	182
	図2-4-9	MYB遺伝子座, AOMT遺伝子座によるアントシアニン組成の制御機構	182
	表2-4-2	網羅的遺伝子発現解析によるブドウ果実成熟に関する研究例	184
	表2-4-3	植物ホルモンが果実内成分に及ぼす影響	189
	表2-4-4	環境要因が果実内成分に及ぼす影響	189
第5節	図2-5-1	カンキツの香気成分の代謝経路	206
	図2-5-2	代表的なモノテルペン合成酵素遺伝子, セスキテルペン合成酵素遺伝子の発現パターン	208
	図2-5-3	遺伝子組換え体果実におけるサリチル酸 (SA), アブシジン酸 (ABA), ジャスモン酸 (JA) とジャスモン酸の前駆体 (OPDA) の処理後24時間の果実における変動	210
	図2-5-4	カンキツ果皮に含まれる香気成分の標品を用いた青カビ病とカンキツかいよう病に対する抗菌活性の調査	212

URL 目次

URL1-1-1	Phytozome http://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html JGIによって運営されている植物ゲノムDB	2, 203
URL1-1-2	Citrus sinensis Annotation project http://citrus.hzau.edu.cn/orange/index.php 華中農業大学のスイートオレンジのゲノムDB	2
URL1-1-3	Pear Genome Project http://peargenome.njau.edu.cn チュウゴクナシのゲノムDB	2, 86, 88
URL1-1-4	GDR https://www.rosaceae.org/ バラ科植物のゲノムDB	2, 57, 88 132, 148
URL1-1-5	BLAST http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi NCBI によって提供されている相同性検索ツール	5, 25
URL1-1-6	BLAT http://genome.ucsc.edu/FAQ/FAQblat 質問配列がゲノム配列中のどの部分にゲノムランディング探索するかを調べるツール	5
URL1-1-7	PANTHER http://pantherdb.org キュレーションによる遺伝子の機能を分類しているDB	5
URL1-1-8	Pfam http://pfam.xfam.org タンパク質ドメインのDB	5
URL1-1-9	KOG http://genome.jgi.doe.gov/Tutorial/tutorial/kog.html 真核生物のオーソログ遺伝子DB	5
URL1-1-10	GO http://geneontology.org 遺伝子の生物学的機能を共通辞書としてまとめたDB	5
URL1-1-11	TAIR https://www.arabidopsis.org シロイヌナズナのゲノム情報を提供しているDB	11
URL1-1-12	Taxonomy Browser http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/taxonomyhome.html/ 生物分類に基づいて整理されたNCBIのDB	11, 88
URL1-1-13	Entrez http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gquery/ NCBIの統合データベース	11
URL1-1-14	Mery	14

	http://www.vector.co.jp/soft/winnt/writing/se476839.html テキストエディタ	
URL1-1-15	Mkeditor for Windows http://www.vector.co.jp/soft/win95/writing/se083554.html テキストエディタ	14
URL1-1-16	秀丸エディタ http://hide.maruo.co.jp/software/hidemaru.html テキストエディタ	14
URL1-1-17	Vector http://www.vector.co.jp ソフトウェア流通サイト	15
URL1-1-18	Giga Text Viewer http://www.vector.co.jp/soft/win95/writing/se485479.html 巨大テキストを閲覧できるテキストビューワ	15
URL1-1-19	FileMaker Pro http://www.filemaker.com/jp/products/filemaker-pro/ データベース構築ソフトウェア	15
URL1-1-20	GENETYX https://www.genetyx.co.jp/index.html 核酸・アミノ酸配列解析用の遺伝情報処理ソフトウェア	15
URL1-1-21	CLC Main Workbench http://www.clcbio.co.jp/index.php?id=66 DNA, RNA, タンパク質解析のためのソフトウェア	15
URL1-1-22	VMware Fusion http://www.vmware.com/jp/products/fusion Macの内部でWindowsが使える仮想化ソフトウェア	16
URL1-1-23	R https://www.r-project.org/ 無料配布されている統計解析ソフト	16, 26
URL1-1-24	Bioconductor https://www.bioconductor.org ゲノムデータ解析用のRのパッケージ	16, 26
URL1-1-25	Galaxy https://usegalaxy.org/ Webベースでの統合解析プラットフォーム	17, 32, 62
URL1-1-26	Galaxy/NIAS http://galaxy.dna.affrc.go.jp/ 農作物のゲノムデータがセットされているGalaxy	18, 62
URL1-1-27	DDBJ Annotation Pipeline https://p.ddbj.nig.ac.jp/pipeline/Login.do NGS配列のクラウド型データ解析プラットフォーム.	31
URL1-1-28	NBDC http://biosciencedbc.jp バイオサイエンスデータベースセンターのポータルサイト	18

URL1-1-29	統合TV http://togotv.dbcls.jp/ja/ 生命科学分野のツールの使い方を動画で紹介	18
URL1-1-30	DDBJing http://www.ddbj.nig.ac.jp/ddbjing/ddbjing.html DDBJ をより有効に活用するための講習会	18
URL1-1-31	統合データベース講習会 http://events.biosciencedbc.jp/training/ajacs58 NBDCが主催するバイオインフォマティクス講習会	18
URL1-2-1	The Human Genome Project http://www.genome.gov/11006943 ヒトゲノムプロジェクト完了の詳細が記載されている	21
URL1-2-2	HiSeq X http://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet-hiseq-x-ten.pdf Illumina社によるHiSeq X Ten システムの紹介	22
URL1-2-3	Velvet http://www.ebi.ac.uk/~zerbino/velvet/ NGSのためのアセンブルプログラム	22
URL1-2-4	PacBio RS II http://www.pacb.com/wp-content/uploads/2015/09/PacBio_RS_II_Brochure.pdf Pacific Bioscience社のPacBio RS II シークエンサ	22
URL1-2-5	SOAP denovo http://soap.genomics.org.cn/soapdenovo.html <i>de novo</i> アセンブルツール.	23
URL1-2-6	ALLPATHS-LG http://www.broadinstitute.org/software/allpaths-lg/blog/ ゲノムアセンブルのためのパイプライン	23
URL1-2-7	Platanus http://platanus.bio.titech.ac.jp/ ヘテロ接合体を対象にしたアセンブリソフト	23
URL1-2-8	FastQC http://www.bioinformatics.bbsrc.ac.uk/projects/fastqc/ FASTQに記されたリードの精度を可視化するツール	24
URL1-2-9	FASTX-toolkit http://hannonlab.cshl.edu/fastx_toolkit/ FASTQのクオリティコントロールのためのツール	24
URL1-2-10	Phrap (Phred, Phrap, Consed) http://www.phrap.org/ サンガー法による配列のアセンブリなどができるツール	24
URL1-2-11	CAP3 http://doua.prabi.fr/software/cap3 サンガー法で得られた配列のアセンブリツール	24

URL1-2-12	Trinity https://github.com/trinityrnaseq/trinityrnaseq/wiki Illumina社のRNA-seqのためのアセンブリツール	24
URL1-2-13	Oases https://www.ebi.ac.uk/~zerbino/oases/ RNA-seqのためのアセンブリツール	24
URL1-2-14	SOAPdenovoTrans http://soap.genomics.org.cn/SOAPdenovo-Trans.html de novo Transcriptomeアセンブリツール	24
URL1-2-15	Rebase http://www.girinst.org/rebase/ 様々な種の反復配列が登録されているDB	25
URL1-2-16	Tandem repeats finder https://tandem.bu.edu/trf/trf.html 反復配列探索ツール	25
URL1-2-17	RepeatMasker http://www.repeatmasker.org/ 反復領域を特定するツール	25
URL1-2-18	Augustus http://augustus.gobics.de/ ゲノム配列の遺伝子予測を行うツール	25
URL1-2-19	GlimmerHMM https://ccb.jhu.edu/software/glimmerhmm/ ゲノム配列の遺伝子予測を行うツール	25
URL1-2-20	PASA http://pasapipeline.github.io/ 真核生物ゲノムのためのアノテーションツール	25
URL1-2-21	MAKER http://www.yandell-lab.org/software/maker.html ゲノムアノテーションパイプライン	25
URL1-2-22	Blast2GO https://www.blast2go.com/ GeneOntologyアノテーションを行うツール	25
URL1-2-23	Rでマイクロレイデータ解析 http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r.html 東京大学大学院門田幸二先生のウェブサイト	26
URL1-2-24	edgeR https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/edgeR.html Rの遺伝子発現解析ツール	28
URL1-2-25	Deseq http://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/DESeq.html 発現変動遺伝子検出用ツール	28
URL1-2-26	Stacks http://catchenlab.life.illinois.edu/stacks/	30

	RAD シークエンスデータから SNPs を検出するツール	
URL1-2-27	PLINK http://pngu.mgh.harvard.edu/~purcell/plink/ SNPのゲノムワイド関連解析のためのツール	31
URL1-2-28	IGV https://www.broadinstitute.org/igv/ BROAD Instituteが提供するゲノム情報の可視化ツール	32, 50
URL1-2-29	EMBOSS http://emboss.sourceforge.net/ ゲノム・遺伝子解析用ソフトウェアパッケージ	32
URL1-2-30	BioPerl http://www.bioperl.org/wiki/Main_Page 生命科学分野用のPerlのプログラムのライブラリ	33
URL1-2-31	BioRuby http://www.bioruby.org 生命科学分野用のRubyのプログラムのライブラリ	33
URL1-2-32	BioPython http://biopython.org/wiki/Main_Page 生命科学分野用のPythonのプログラムのライブラリ	33
URL1-3-1	MEGANTE https://megante.dna.affrc.go.jp/ 農作物の自動ゲノムアノテーションウェブサイト	40
URL1-4-1	NCBI http://www.ncbi.nlm.nih.gov 米国の総合的なバイオインフォマティクスDB	57, 132, 203
URL1-4-2	DDBJ http://www.ddbj.nig.ac.jp/index-j.html 日本の国立遺伝学研が運営している国際塩基配列DB	57, 203
URL1-4-3	EMBL http://www.ebi.ac.uk/ EMBLが運営している国際塩基配列DB	57
URL1-4-4	Gbrowse http://gmod.org/wiki/Gbrowse ゲノム配列のアノテーション情報を可視化するツール	57
URL1-4-5	VvGDB http://www.plantgdb.org/VvGDB/ ブドウのゲノム配列情報DB	57
URL1-4-6	Citrus Genome Database https://www.citrusgenomedb.org カンキツのゲノムDB	57
URL1-4-7	SRA (Sequence Read Archive) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra NCBIの運営するNGS配列出力データのDB	58
URL1-4-8	DRA	58

	http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index.html DDBJが運営するNGS出力データのDB	
URL1-4-9	ENA http://www.ebi.ac.uk/ena EMBLが運営するNGS出力データのDB	58
URL1-4-10	MISA http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/ SSRを同定するツール	62
URL1-4-11	LTR_FINDER http://tlife.fudan.edu.cn/ltr_finder/ LTR型レトロトランスポゾンを検出するためのツール	69
URL1-4-12	BLASTclust http://toolkit.tuebingen.mpg.de/blastclust 配列相同性によるクラスタリングツール	70
URL1-4-13	BWA http://bio-bwa.sourceforge.net/ マッピングプログラム	75
URL1-4-14	SAMtools http://samtools.sourceforge.net/ SNP検出プログラム	76
URL1-5-1	GEO https://ncbi.nlm.nih.gov/geo NCBIの遺伝子発現情報DB	84, 88
URL1-5-2	eArray http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=29443 Agilent社によるカスタムアレイのページ	87
URL1-5-3	Pyrus communis Genome v1.0 https://www.rosaceae.org/species/pyrus/pyrus_communis/genome_v1.0 セイヨウナシのゲノム情報DB	88
URL2-1-1	dbEST http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/dbest/dbest_summary/ NCBIが提供しているEST DB	106
URL2-2-1	HiDRAS http://www.hidras.unimi.it/ リングの病気抵抗性関連マーカー情報DB	132
URL2-3-1	GenBank http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/ NCBIの国際塩基配列DB	150
URL2-3-2	ChillPeachDB http://bioinfo.ibmcp.upv.es/genomics/ChillPeachDB モモのゲノム情報DB	150
URL2-4-1	Grape Genome Browser http://www.genoscope.cns.fr/externe/GenomeBrowser/Vitis/	172

URL2-5-1	Genoscopeによって運営されているDB Affymetrix http://www.affymetrix.com カンキツ, ブドウなどのDNAチップを販売	204
----------	---	-----