

特性表示した品種育成系譜図を簡単に作成するソフトウェア; EvoTree

誌名	育種学研究 = Breeding research
ISSN	13447629
著者名	竹崎,あかね 坂,智広 勝田,真澄
発行元	日本育種学会
巻/号	13巻1号
巻号補足	
掲載ページ	p. 19-24
発行年月	2011年3月

農林水産省 農林水産技術会議事務局筑波産学連携支援センター

Tsukuba Business-Academia Cooperation Support Center, Agriculture, Forestry and Fisheries Research Council
Secretariat



ノート

特性表示した品種育成系譜図を簡単に作成するソフトウェア ; EvoTree

竹崎あかね¹⁾・坂 智広²⁾・勝田真澄³⁾¹⁾ 農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業総合研究センター, つくば市, 〒305-8666²⁾ 横浜市立大学木原生物学研究所, 横浜市, 〒244-0813³⁾ 農業・食品産業技術総合研究機構・作物研究所, つくば市, 〒305-8518

EvoTree; Software for easily drawing the pedigree chart with varietal characteristics

Akane Takezaki¹⁾, Tomohiro Ban²⁾ and Masumi Katsuta³⁾¹⁾ National Agricultural Research Center, Tsukuba, Ibaraki 305-8666, Japan²⁾ Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University, Yokohama, Kanagawa 244-0813, Japan³⁾ National Institute of Crop Science, Tsukuba, Ibaraki 305-8518, Japan

キーワード

系譜図, Windows ソフトウェア, 日本語入力, 系譜抽出, 品種特性表示, 品種

緒言

わが国では組織的な育種事業が開始された明治時代以降, 多くの品種・系統が育成され (白田 2009), それらに関する系譜・表現型データが蓄積されてきた。育成された品種や系統の一部は, 新たな育種目標に応じてスクリーニングされ, 育種素材として新品種の育成に利用されてきた。しかし, 多くの育成品種について育種素材としての利用価値を判定することは困難であり, これらの遺伝資源が十分に有効活用されてきたとはいえない。

育成品種・系統から有用な育種素材を効率的に選定するには, 品種・系統の系譜と表現型データが世代に沿って比較できるように整理されていることが望ましい。図やグラフによるデータの可視化は, 一般的にデータ間の関連解析に有効であり, 育種や遺伝研究では, 品種・系統の親世代, およびそれ以前にさかのぼって親子関係を示した図; 系譜図 (日本育種学会 2005) が, 作物の育成経過や品種・系統相互の類縁関係の可視化に利用されてきた。系譜図は少数品種で構成される場合は市販の描画・表計算ソフトウェアなどを用いて作成できる。しかし, 作物の育成系譜図では, 品種数の多さ, 系譜の循環 (例: 戻し交雑), 交配母本の特定品種への集中 (例: コシヒカリ) により作図が複雑となり, 市販の描画・表計算ソフトウェアでは膨大な時間と労力を要する。一方, 系譜図作成を効率化する日本語対応のソフトウェアはインターネット上に多数存在しているものの, その多くは少数家

系を対象としたものであり複数家系・世代を持つ作物育成系譜図の作成には適していない。そこで, 多数の品種で構成された系譜図でも簡便に作成できる日本語対応ソフトウェア; EvoTree を開発することとした。

系譜図作成ソフトウェアは英語対応のものも多数開発されており, 系譜図の自動作成に加えて, 色・テキストによる特性表示 (Mancosu *et al.* 2003, Makinen *et al.* 2005, van Berloo and Hutten 2005, Min and Wei 2007, Garbe and Da 2008) や特定の系譜抽出 (Mancosu *et al.* 2003, Garbe and Da 2008) 機能を有するものがある。特性表示機能はヒトの疾患の有無や程度を系譜図上に示すことで血縁関係と遺伝的疾患との関連解析に (Mancosu *et al.* 2003, Makinen *et al.* 2005, Min and Wei 2007), 特定の系譜抽出機能 (Mancosu *et al.* 2003, Garbe and Da 2008) は, 複雑な系譜図から解析対象品種, およびその血縁関係にある品種を抽出することで育成経過を容易に追跡することに活用されている。一方, 系譜図上の品種位置を変更する機能は利用者による独自の系譜図作成を可能にするが, 既存のソフトウェアには実装されていない。

そこで, EvoTree が育種現場や遺伝研究で活用されるために, 系譜の可視化に有効な系譜図自動作成・品種位置変更機能, 系譜解析に有効な品種特性表示・系譜抽出機能を EvoTree に付与した。本報では, EvoTree の機能の概要を報告し, 育種や遺伝研究における利用場面を提案する。

EvoTreeの機能

EvoTree は, ①系譜図の自動作成, ②パネル配置の変更, ③血縁関係にある品種群の一括抽出, ④系譜図の複

編集委員: 大澤 良

2010年6月16日受領 2010年12月15日受理

Correspondence: akane@affrc.go.jp

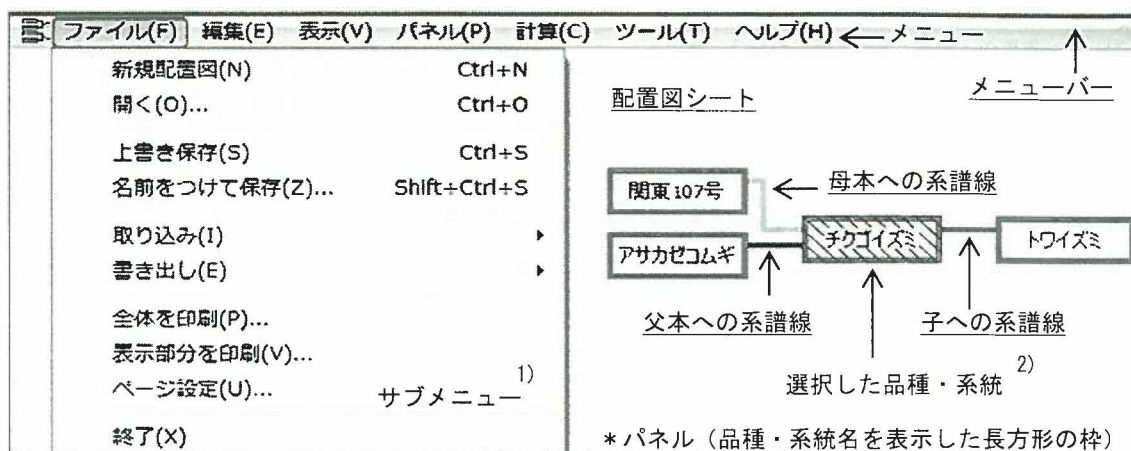


図 1. EvoTree の表示画面例

¹⁾ サブメニューは、メニューバーのプルダウンにより表示される。

²⁾ 品種パネルは、母本、父本、子と繋がる。

表 1. 主なサブメニューと機能

メニュー	サブメニュー	機能
ファイル	新規配置図	新しい配置図シートを開く
	開く	xml 形式、あるいはテキスト形式でファイルを開く
	名前をつけて保存	xml 形式、あるいはテキスト形式でファイルを保存する
	書き出し	系譜図を画像として保存する
	全体を印刷	配置図シート全体を印刷する
編集	切り取り	選択したパネルを切り取る
	コピー	選択したパネルをコピーする
	貼り付け	切り取り、あるいはコピーしたパネルを貼り付ける
	全て選択	系譜図にある全パネルを選択する
表示	拡大	配置図シートを拡大する
	縮小	配置図シートを縮小する
	追加工	基本情報（親子関係等）を入力してパネルを追加する
パネル	編集	選択したパネルの基本情報（親子関係等）を編集する
	削除	選択したパネルを削除する
	検索	品種・系統名を指定してパネルを検索する
	関係するパネルのリストアップ	選択したパネルの系譜にある品種・系統を検索する
計算	パネルと系譜線を自動配置	全パネルの自動配置と全系譜線の自動連結を行う
	系譜線を自動配置	全系譜線を自動連結する
	選択されたパネルの系譜線を自動配置	選択したパネルの系譜線を自動連結する
ツール	凡例のプロパティ	カテゴリーの色、凡例を指定する
	配置図のプロパティ	配置図シートの色、パネルの大きさ等を指定する

製、⑤品種特性の表示、⑥系譜図の複数表示、⑦テキスト形式データファイルの読み込み・保存を主な機能とする。

EvoTree を起動しデータファイルを読み込むと、上部にメニューバーを持つ配置図シートに系譜図が自動作成される（図 1）。メニューバーは、“ファイル”、“編集”、“表示”、“パネル”、“計算”、“ツール”、“ヘルプ”の 7 種類のメニューから成り、各メニューをプルダウンするとサブメニューが表示される（図 1、表 1）。EvoTree の操作は、サブメニューを選択して実行する。系譜図は、品種の名称が表示された長方形の枠（以下パネルとする）と、パネル間を結ぶ系譜線から構成される。パネルは、

左側面で親パネル（上部は母本、下部は父本）、右側面で子パネルと結ばれる。EvoTree で作成・編集した系譜図は、印刷や、画像ファイルとして保存ができる。また、テキスト形式のデータファイルの読み込み・保存ができるので、外部ソフトウェアでもデータが編集できる。

1. 系譜図の自動作成

EvoTree でデータファイルを読み込むと、パネル間が自動的に系譜線で結ばれ、系譜図が完成する。図 2 にデータファイルの読み込み・系譜図の作成に要する作業時間と読み込むイネ品種データ数との関係を示す。処理速度の検証には、OS が Windows Vista、CPU が Intel Pentium 4;

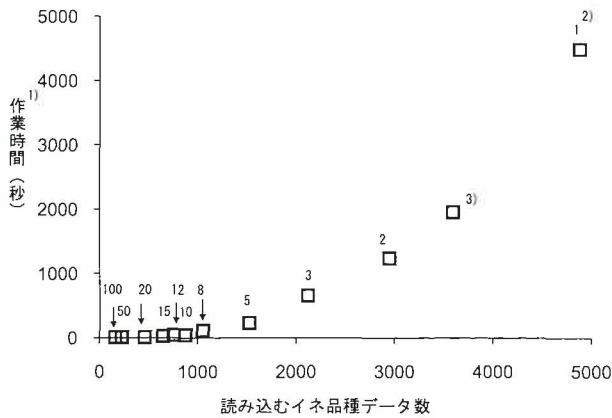


図2. 読み込む品種データ数の増加に伴う作業時間の上昇
¹⁾ 作業時間は、データファイルの読み込み・系譜図の作成に要する時間を示す。
²⁾ グラフ中の数字は、数字以上の品種で交配母本に利用された品種、およびその親データを読み込んだことを示す。
³⁾ 数字無しは、1 品種以上で交配母本に利用された 3,000 品種、およびその親データを読み込んだことを示す。

2.33 GHz, メモリが 6 GB の性能を持つ PC コンピュータと、各イネ品種につき名称・母本名・父本名を入力した品種データを用いた。読み込むデータには、イネ品種・特性データベース検索システム（作物研究所 2010 <http://ineweb.narcc.affrc.go.jp/>）を参照し、交配母本としてよく利用されていた品種を優先的に選定した。100 品種以上で交配母本に利用された品種、およびその親、計 147 品種データでは、データファイルの読み込み、系譜図の作成作業が 3 秒で完了した。50, 20, 15, 12, 10, 8, 5, 3, 2, 1 品種以上で交配母本に利用された品種、およびその親データで各々作業時間を測定したところ、データ数の増加に伴い作業時間は増大した。ただし、1,043 品種データ（8 品種以上で交配母本に利用された品種、およびその親データ）までは、作業は 2 分以内に完了した。これらのことから、1,000 品種データ程度であれば、EvoTree による系譜図の作成は短時間で完了すると考えられる。

2. パネル配置の変更

EvoTree では、系譜図のパネル位置を変更して利用者独自の系譜図に作り替えることができる。利用者独自の系譜図は、パネルを移動後、移動パネルとその親・子パネル間の系譜線を自動連結することで完成する。この機能により育成年代・地域など目的に応じたパネル配置ができ、品種群比較からその特性が明確になる。

3. 血縁関係にある品種群の一括抽出

EvoTree では、選択した品種、およびその祖先・後代を系譜図上に強調表示して血縁関係にある品種群を一括抽出できる。血縁関係にある品種群は、選定したパネルの祖先・後代の世代数を指定して抽出する。この機能により大量データを含む複雑な系譜図の場合でも、品種の育成経過を簡便に辿ることができる。

4. 系譜図の複製

EvoTree は、系譜図表示画面でパネルを選定して新しい系譜図を作成できる。選定したパネルを複製・貼り付けすると、パネル間の位置関係を保持したまま配置図シートにパネル群が複製できる。選定パネルで構成された系譜図は、パネル間系譜線の自動連結により完成する。この機能により一つの系譜図から様々な系譜図の作成が可能である。また、抽出した系譜（機能 3）で系譜図が作成でき、大量データを含む複雑な系譜図でも品種の育成経過が簡便に確認できる。

5. 品種特性の表示

EvoTree は、品種パネルを色分けすることで、系譜図上に品種特性を示すことができる。パネルは、品種特性（例：病害抵抗性）におけるカテゴリーの名前（例：極強、強、……、極弱）、番号（例：極強は 1）、パネル色（例：極強は濃赤色）を指定することで、カテゴリーに応じた色分けができる。パネル色は、48 基本色から選定、あるいは任意の RGB 値で指定できる。利用者が自由に色を

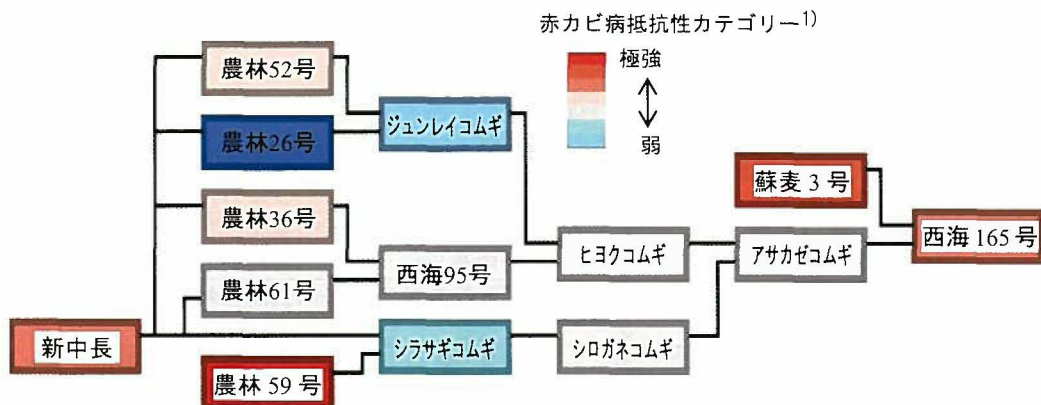


図3. 赤かび病抵抗性品種の育成系譜図

¹⁾ 品種パネルは赤かび病抵抗性のカテゴリーに応じて色分けした。

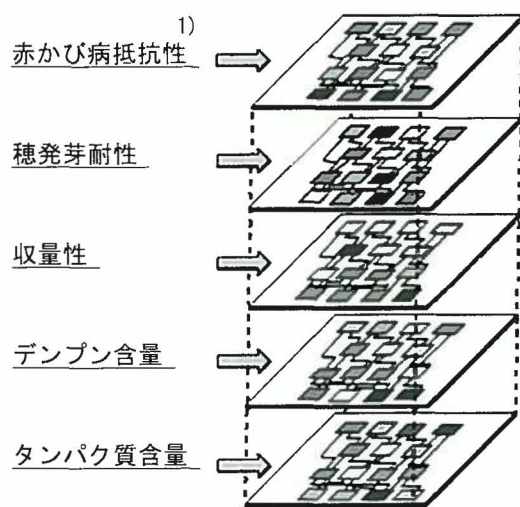


図4. 異なる品種特性で色分けした系譜図のイメージ
 1) 各系譜図の品種パネルを、赤かび病抵抗性、穂発芽耐性、収量性、デンプン含量、タンパク質含量の категорияに色分けしたイメージ。

指定できることから、品種特性を色のグラデーションで表現したり、花色や果実色などの色特性をその類似色で示すことが可能である。

図3は、Ban *et al.* (2008) らのコムギ赤かび病抵抗性強度に従い品種パネルを色分けした系譜図である。ここでは、濃赤色の品種パネルが赤かび病抵抗性強度が高いことを示す。系譜図において、赤かび病抵抗性強度が高い近代品種“西海165号”が、抵抗性強度が高い日本品種“新中長”・“農林59号”、中国品種“蘇麦3号”を祖先品種に持つことが確認できる。この機能により、品種特性を視覚的に確認でき、親子関係と品種特性の関連解析、交配母本の直感的な選定が容易になる。

6. 系譜図の複数表示

EvoTree は、系譜図を描画した複数の配置図シートを画面表示することで系譜図を比較できる。図4は、複製したコムギ系譜図を5枚の配置図シートで表示したイメージ図である。このような系譜図は、複製元となる系譜図の全パネルを選定・複写し、4枚の配置図シートに各々貼り付けることで作成できる（機能4）。ここでは、

各系譜図のパネルを、「赤かび病抵抗性」、「穂発芽耐性」、「収量性」、「デンプン含量」、「タンパク質含量」の категорияに応じて色分けしたイメージを示す。これらの複数の系譜図は、系譜を参照しながら解析対象品種の複数特性を確認できることから、育種素材選択の際に有効である。

7. テキスト形式データファイルの読み込み・保存

EvoTree は、独自の xml 形式データファイル、および汎用性が高いテキスト形式（タブ区切り）データファイルの読み込み・保存ができる。テキスト形式データファイルの読み込み機能により、表計算ソフトウェアやテキストエディタで作成された既存のデータセットを再利用することが可能である。

品種データの作成・編集は EvoTree 上でも可能だが、大量データの場合は、Microsoft Excel 等の表計算ソフトウェアを用いるのが効率的である。表計算ソフトウェアでは各品種につき「名称」・パネルの色分け基準となる「カテゴリー番号」・親品種（「母本」・「父本」）などの品種データをタブ区切りで1行に入力しテキスト形式で保存する（図5）。この際、親品種が不明の品種は「母本」、「父本」を空欄にし、突然変異系統・純系選抜系統は「母本」にその原品種を記載する。品種の「名称」は一意的データとし、親品種名が必ず「名称」データに含まれているようにする。

EvoTree にテキスト形式データを読み込み、系譜図の作成・編集を行うと、系譜図での品種パネルの位置・配置図の特性（グリッドの大きさ等）・系譜線の特性（色・太さ等）・パネルの特性（大きさ・色等）等のデータが新たに作成される。EvoTree では、これら全ての情報を xml 形式データファイルに保存できるが、テキスト形式データファイルには品種データと品種パネル位置しか保存できない。一方、Microsoft Excel では EvoTree で作成した xml 形式ファイルを読むことはできるが、EvoTree 独自の xml 形式で保存できない。このため、Microsoft Excel 等の表計算ソフトウェアで作成した品種データを EvoTree 上で読み込み、系譜図を作成・編集後に xml 形式で全データを保存することを推奨する。

#名称	カテゴリー番号	母本	父本
アサカゼコムギ	5	ヒヨクコムギ	シロガネコムギ
ジュンレイコムギ	7	農林52号	農林26号
シラサギコムギ	6	新中長	農林59号
ヒヨクコムギ	5	ジュンレイコムギ	西海95号
新中長	3		
西海165号	3	蘇麦3号	アサカゼコムギ
西海95号	5	農林36号	農林61号
蘇麦3号	2		

図5. Microsoft Excel で作成した品種データのイメージ

考 察

品種育成系譜図を簡単に作成するソフトウェア EvoTree を開発し、EvoTree が系譜や品種特性の可視化により育成記録の整理や系譜解析を支援することを確認した。第3図の系譜図は、コムギの育成系譜図から“西海165号”の祖先品種を抜き出し、育成年代（横方向：右に行くほど近年開発されたことを示す）、育成場所〔縦方向：中国（“蘇麦3号”）と日本（それ以外の品種）〕に従って品種パネルを再配置して作成した。この作業によって赤かび病抵抗性品種の育成経過がより明確になった。すなわち赤かび病抵抗性が強い“西海165号”は、抵抗性が強い日本品種“新中長”・“農林59号”を3世代前の祖先に持つ“アサカゼコムギ”と中国品種“蘇麦3号”の交配により育成されたことを表現できた。また、この系譜図は“西海165号”の赤かび病抵抗性に関連する遺伝子が日本と中国の遺伝資源に由来することを示しており、坂（2001）が“西海165号”の赤かび病抵抗性には3つの遺伝子が関与し、そのうち2つは“蘇麦3号”に、1つは“アサカゼコムギ”に由来するとして報告と一致する。さらに、日本品種由来の赤かび病抵抗性は“新中長”、“農林59号”から“アサカゼコムギ”を経て“西海165号”に導入されたと推定できた。

ヒトや動物の QTL 解析では、DNA マーカーデータとともに系譜情報（IBD・近縁係数など）を利用した遺伝統計学的手法（連鎖解析・アソシエーション解析など）が広く活用されている。一方、作物では主に2品種交配に由来した集団を対象に DNA マーカーデータを利用した連鎖解析が行われており（Jannink *et al.* 2001）、系譜情報の重要性は低かった。しかし、近年作物においても豊富な遺伝資源が持つ多様な形質変異を解析する必要性が高まり（Jannink *et al.* 2001）ヒトや動物のアソシエーション解析が作物に導入されたことから（Iwata *et al.* 2007）解析に用いる系譜情報の重要性が再認識されている。EvoTree は品種間の類縁関係などの系譜情報を効率的に整理できることから、アソシエーション解析で品種集団の遺伝的背景を確認するのに有効なツールとなる。また、本報では表現型データ（赤かび病抵抗性）を表示した系譜図を例に挙げたが、EvoTree ではカテゴリー化すれば DNA マーカーデータを系譜図上に表示できる。DNA マーカーデータを表示した系譜図は、祖先品種から近代品種へ多数の優良遺伝子が導入・蓄積した過程を辿り育種で選抜された遺伝子座を同定したり（Russell *et al.* 2000）、DNA マーカーデータと系譜データの矛盾検出の手がかりを提供する。以上のように EvoTree は品種データの整理や DNA マーカーデータの系譜図上への表示により、統計遺伝学的手法等を用いた遺伝解析を間接的に支援する。

EvoTree は、品種の血縁関係や特性の可視化により利用者が直感的に有用育種素材を発見したり、親子関係と品種特性の関連解析の手掛かりを得ることを期待してい

る。しかし、これは利用者のひらめきに依存したものであり、厳密に解析する場合は数量的指標が必要である。作物家系分析ソフトウェアは簡単な系譜図表示機能のほかに家系における祖先数、近交係数、任意の2品種間の近縁係数などの算出機能を有し（水田・吉田 1996、吉田ら 2009）、算出された数値は農業形質との関連解析に利用されている（水田・吉田 1996）。以上のことから EvoTree が今後育種や遺伝研究においてさらに有用な可視化解析ソフトウェアとなるためには、系譜に基づく品種間の近縁係数の算出機能は必須であると考えられ、表現型データと DNA マーカーデータなどのデータ間の関連を統計的に解析する機能も含め、今後実装を検討する必要がある。

データの整備

EvoTree での系譜図作成には、各品種につき、「名称」、親品種（「母本」・「父本」）等を収録したデータセットが必要である。今後は、利用者の利便性を高めるため、イネ等の主要作物におけるデータセットの整備を行う予定である。

配布

EvoTree は、登録すれば <https://www04.affrc.go.jp/evotree/index.php> から無料で入手し、利用することができる。

動作環境

EvoTree は、Delphi 2007（ボーランド社製）の環境下で Object Pascal を用いて開発した。EvoTree は、Windows XP、Windows Vista、Windows7 の OS 上で作動し、動作環境として Intel Pentium 4; 2 GHz 以上の CPU、2 GB 以上のメモリ、100 MB 以上のディスク空き容量が必要である。

謝 辞

本稿を作成するにあたり、EvoTree の開発にご協力いただいたベストシステムズの松山慎氏、CMS コミュニケーションズの寺田学氏、シリアルゲームズの細川淳氏、農林水産研究情報総合センターの皆様、ベータ版利用アンケートにご協力いただいた皆様に感謝いたします。

参考文献

- 坂 智広（2001）九州農試報告 38: 27-78.
- Ban, T., N. Kawada, A. Yanagisawa and A. Takezaki (2008) Cereal Research Communications 36: 23-29.
- Garbe, J.R. and Y. Da (2008) Department of Animal Science, University of Minnesota. http://animalgene.umn.edu/pedigraph/pedigraph%20manual_2.4.pdf.
- Iwata, H., Y. Uga, Y. Yoshioka, K. Ebana and T. Hayashi (2007)

- Theor. Appl. Genet. 114: 1437–1449.
- Jannink, J.L., M.C.A.M. Bleek and R.C. Jansen (2001) *Trends Plant Sci.* 6: 337–342.
- Mäkinen, V.P., M. Parkkonen, M. Wessman, P.H. Groop, T. Kanninen and K. Kasai (2005) *European Journal of Human Genetics* 13: 987–989.
- Mancosu, G., G. Ledda and P.M. Melis (2003) *Bioinformatics* 19: 669–670.
- Min, H. and L. Wei (2007) *Bmc Medical Genetics* 8: 31.
- 水田一枝・吉田智彦 (1996) *農業情報研究* 5: 57–67.
- 日本育種学会編 (2005) “植物育種学辞典”, 培風館, 東京.
- Russell, J.R., R.P. Ellis, W.T.B. Thomas, R. Waugh, J. Provan, A. Booth, J. Fuller, P. Lawrence, G. Young and W. Powell (2000) *Mol. Biology* 6: 553–568.
- 作物研究所低コスト稲育種チーム (2010) “イネ品種・特性データベース検索システム” <http://ineweb.narcc.affrc.go.jp/>.
- 白田和人 (2009) *農業生物資源研究所研究資料* 8: 1–96.
- Van Berloo, R. and R. C. B. Hutten (2005) *Journal of Heredity* 96: 465–468.
- 吉田智彦・Anas・稲葉 輝 (2009) *日作紀* 78: 92–94.