

# MARCO マニュアル

日本語版 1.3 2023年12月26日

農研機構 果樹茶業研究部門  
農研機構 高度分析研究センター  
静岡大学農学部

静岡大学農学部

藤井 浩

[mikan@ml.affrc.go.jp](mailto:mikan@ml.affrc.go.jp)

# 目次

1. MARCO on webの概要
2. MARCO on Webで解析可能なデータ
3. 入力データ作成上の注意
4. 入力データフォーマット：文字列型 CSV（Comma Separated Value）形式（文字列型）
5. 入力データフォーマット：文字列型 xls/xlsx形式操作手順
6. 入力データフォーマット：数値型 CSV 形式
7. 入力データフォーマット:数値型 xls/xlsx形式
8. 操作手順
9. 入力ファイルの指定
10. 親および子の指定方法
11. オプションの解説
12. 正常に終了した場合の出力例
13. 出力の解説1
14. 出力の解説2
15. 出力の解説3
16. 出力の解説4
17. エラー表示1
18. エラー表示2
19. エラー表示3
20. 「Searching」が終わらない場合
21. 引用
22. 著作権
23. 免責
24. お問い合わせ先
25. MARCO on web マニュアルの履歴

# 1. MARCO on webの概要

本サイトでは、MARCOの解析をWeb上で行っています。MARCOは、多数の品種に共優性マーカーを適用して得られた多型データから、両親から子供、片親と子供から片親、子供から両親を推定するコンピュータプログラムです。四倍体の生物まで対応します。プログラムはPythonスクリプトで書かれています。

## 2. MARCO on Webで解析可能なデータ

- A) 対象生物は四倍体までです.
- B) 共優性マーカの遺伝子型が解析できます.
- C) 遺伝子型はASCII文字で記述します.
- D) 遺伝子型の表記例は以下の通りです.  
文字列型：‘AB’， SSRのような数値型：‘120/200’.
- E) 入力ファイル形式は， CSVまたはxls/xlsxです.
- F) データは， 1行目の1列目に‘Data’と記入し， その右にマーカ名を記述します. 2行目以降は， 1列目に栽培品種名を記述し， 右にマーカ遺伝子型を記述します. 詳細は， 本マニュアルの入力フォーマット例を参照してください.
- G) 入力ファイル例として， トップページからリンクされたサンプルデータをご覧ください.

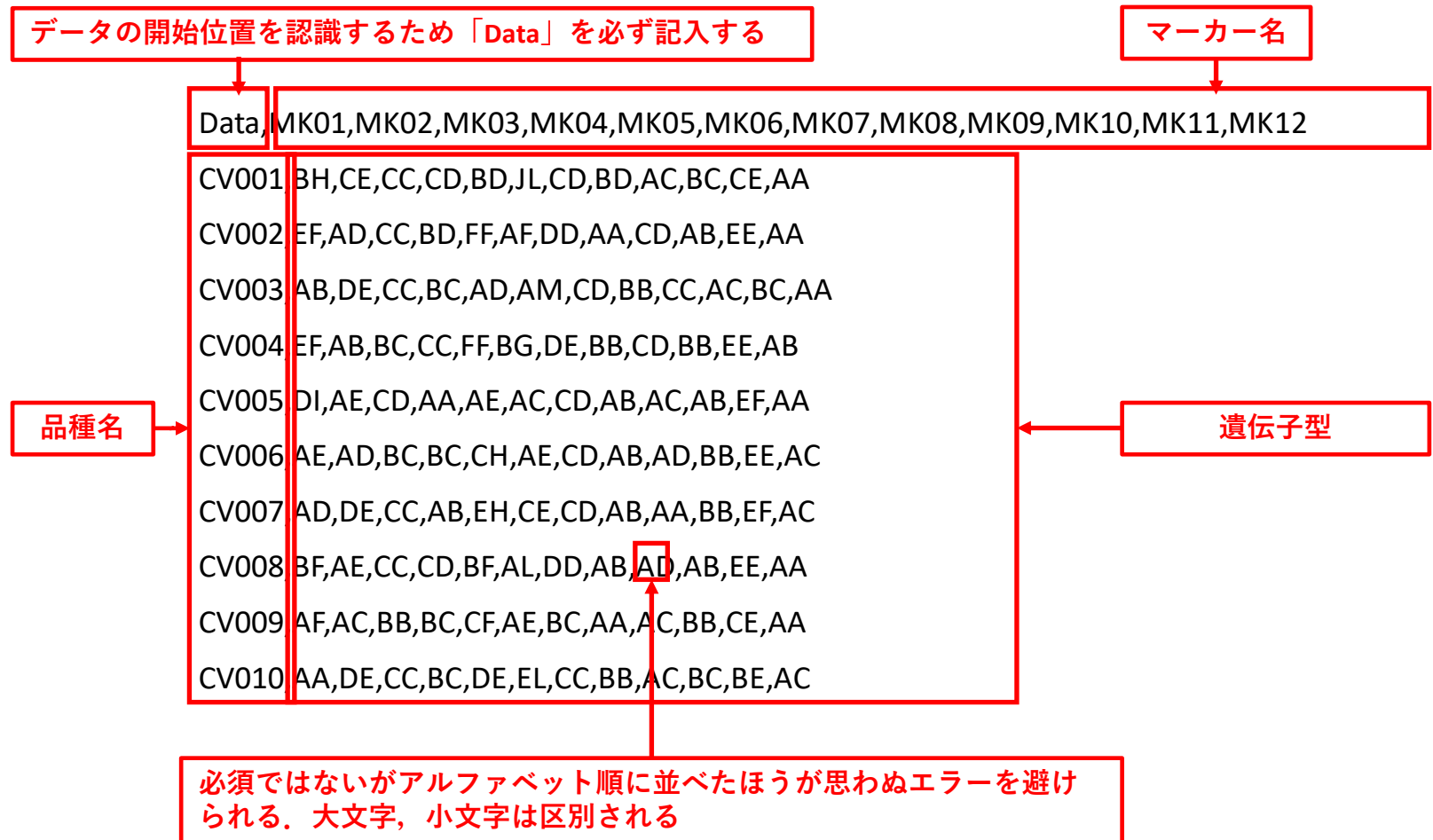
### 3. 入力データ作成上の注意

- A) 共優性マーカーのみに対応し，優性マーカーには対応しません。
- B) 遺伝子型‘AB’ と ‘BA’ の文字の並びを区別しません。
- C) 遺伝子型における大文字と小文字を区別します。 ‘AB’ と ‘Ab’ は異なる遺伝子型として認識されます。
- D) 品種名の大文字と小文字を区別します。 ‘Unshu’ と ‘unshu’ は別の品種として扱われます。これは，後述のオプションの引数としての親指定や子供指定の品種名の記述においても同様です。
- E) 品種名に空白を入れないうでください。例えば， ‘Golden Delicios’ の場合は， ‘Golden\_Delicious’ のようにアンダーバーを入れるか， ‘GoldenDelicios’ のように空白を詰めてください。

# 4. 入力データフォーマット

## 文字列型 CSV (Comma Separated Value) 形式

ASCII文字で記入する。データ内に空白を入れない。



# 5. 入力データフォーマット

## 文字列型 xls/xlsx形式

ASCII文字で記入する。データ内に空白を入れない。

データの開始位置を認識するため「Data」を必ず記入する

マーカー名

Data	MK01	MK02	MK03	MK04	MK05	MK06	MK07	MK08	MK09	MK10
CV001	BH	CE	CC	CD	BD	JL	CD	BD	AC	BC
CV002	EF	AD	CC	BD	FF	AF	DD	AA	CD	AB
CV003	AB	DE	CC	BC	AD	AM	CD	BB	CC	AC
CV004	EF	AB	BC	CC	FF	BG	DE	BB	CD	BB
CV005	DI	AE	CD	AA	AE	AC	CD	AB	AC	AB
CV006	AE	AD	BC	BC	CH	AE	CD	AB	AD	BB
CV007	AD	DE	CC	AB	EH	CE	CD	AB	AA	BB
CV008	BF	AE	CC	CD	BF	AL	DD	AB	AD	AB
CV009	AF	AC	BB	BC	CF	AE	BC	AA	AC	BB
CV010	AA	DE	CC	BC	DE	EL	CC	BB	AC	BC

品種名

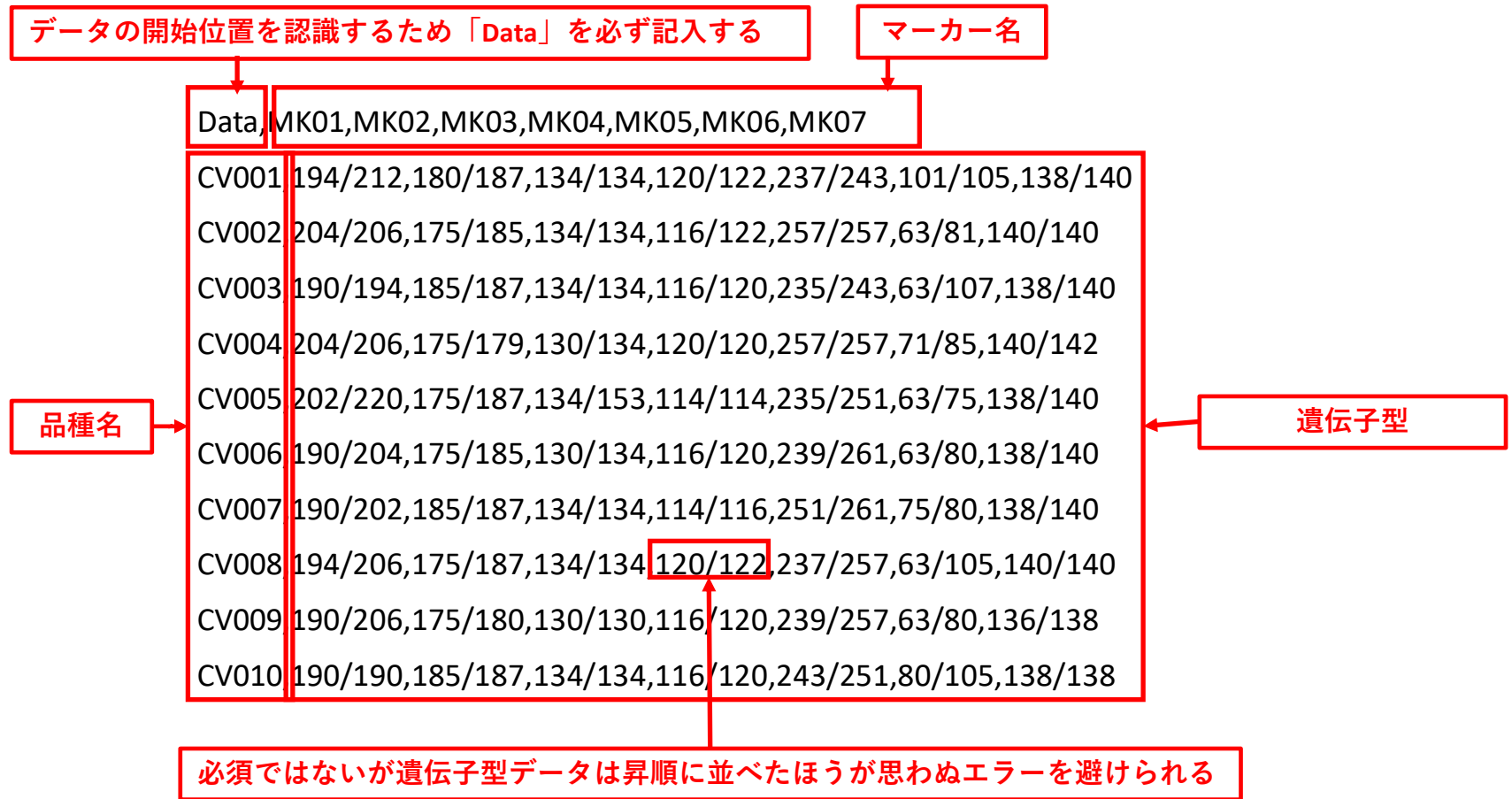
遺伝子型

必須ではないがアルファベット順に並べたほうが思わぬエラーを避けられる。大文字、小文字は区別される

# 6. 入力データフォーマット

## 数値型 CSV (Comma Separated Value) 形式

ASCII文字で記入する。数値間には「/」(スラッシュ)を入れる。データ内に空白を入れない。



# 7. 入力データフォーマット

## 数値型 xls/xlsx形式

ASCII文字で記入する。数値間には「/」（スラッシュ）を入れる。データ内に空白を入れない。

データの開始位置を認識するため「Data」を必ず記入する

マーカー名

Data	MK01	MK02	MK03	MK04	MK05	MK06	MK07
CV001	194/212	180/187	134/134	120/122	237/243	101/105	138/140
CV002	204/206	175/185	134/134	116/122	257/257	63/81	140/140
CV003	190/194	185/187	134/134	116/120	235/243	63/107	138/140
CV004	204/206	175/179	130/134	120/120	257/257	71/85	140/142
CV005	202/220	175/187	134/153	114/114	235/251	63/75	138/140
CV006	190/204	175/185	130/134	116/120	239/261	63/80	138/140
CV007	190/202	185/187	134/134	114/116	251/261	75/80	138/140
CV008	194/206	175/187	134/134	120/122	237/257	63/105	140/140
CV009	190/206	175/180	130/130	116/120	239/257	63/80	136/138
CV010	190/190	185/187	134/134	116/120	243/251	80/105	138/138

品種名

遺伝子型

必須ではないが遺伝子型データは昇順に並べたほうが思わぬエラーを避けられる

# 8. 操作手順

1. 「ファイルのアップロード」を選択

2. アップロードファイルを選択

3. 親や子を指定  
指定の組み合わせは以下の三通り  
(1) 両親から子を探す  
(2) 片親と子から片親を探す  
(3) 子から両親を探す

4. 解析から除外する品種の指定：品種名を記載，複数の場合はカンマで区切る。

5. 自殖のON,OFF

6. 解析から除外するマーカーの指定：マーカー名を記載，複数の場合はカンマで区切る

7. 親子関係の探索で許す矛盾数の指定

8. 解析の実行

マニュアルのダウンロード

サンプルデータのダウンロード

サンプルデータのダウンロード

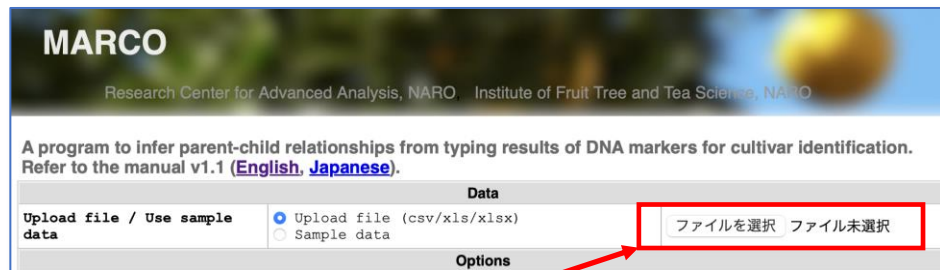
マニュアルのダウンロード

指定ファイル及びオプションのリセット

The screenshot shows the MARCO web interface. At the top, it says 'MARCO Research Center for Advanced Analysis, NARO Institute of Fruit Tree and Tea Science, NARO'. Below that, it states 'A program to infer parent-child relationships from typing results of DNA markers for cultivar identification. Refer to the manual v1.1 (English, Japanese)'. The main area is divided into 'Data' and 'Options' sections. The 'Data' section has 'Upload file / Use sample data' with a dropdown menu showing 'Upload file (csv/xls/xlsx)' and 'Sample data'. The 'Options' section is a table with columns for option names, descriptions, and values. The table includes options like --parents, --child, --excluded, --self-pollination, --marker, and --number. To the right of the table, there are input fields for 'File selection' (with 'File selected' and 'File not selected' buttons), 'Excluded cultivar(s)' (with an example 'CV003,CV004 ...'), 'Self-pollination or not' (with radio buttons for 'OFF' and 'ON'), 'Excluded marker(s)' (with an example 'MK01,MK02 ...'), and 'Number of discrepancies' (with a value of '0'). There are 'Reset' and 'Search' buttons at the bottom right. Red boxes and arrows point to these elements, corresponding to the 8 steps listed. Blue boxes and arrows point to download links for the manual and sample data.

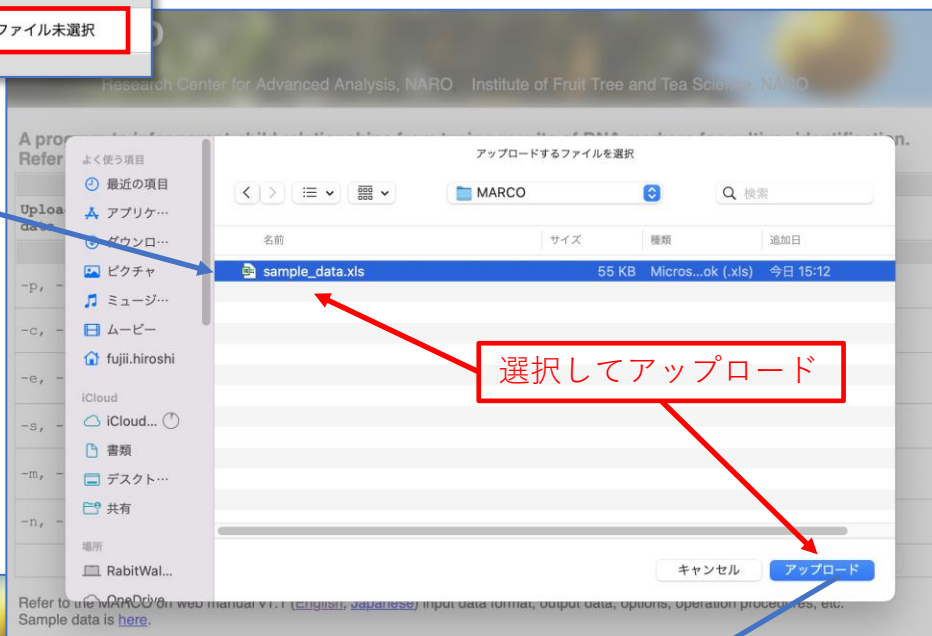
Option	Description	Value
-p, --parents	Designation of parent cultivar(s) (less than or equal to 2)	Either or both
-c, --child	Designation of child cultivar (less than or equal to 1)	Either or both
-e, --excluded	Excluded cultivar(s) (limitless)	
-s, --self-pollination	Self-pollination or not [default: 'OFF']	OFF / ON
-m, --marker	Excluded marker(s) (limitless)	
-n, --number	Number of discrepancies in results to be tolerated [default:0] (limitless)	0

# 9. 入力ファイルの指定

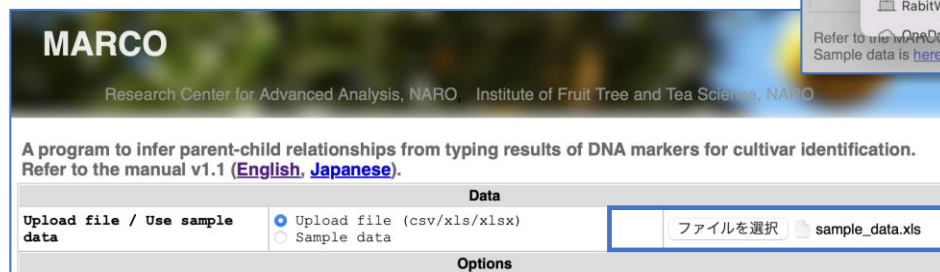


「ファイルを選択」

ファイル選択ウィンドウがポップアップ



選択してアップロード



ファイルがセットされる

# 10. 親および子の指定方法

指定する品種名は入力データと完全に一致している必要がある

## A) 両親を指定して子を推定する場合

Options		
-p, --parents	Designation of parent cultivar(s) (less than or equal to 2)	Either or both
-c, --child	Designation of child cultivar (less than or equal to 1)	

入力データに記載された両親の品種名を指定する

## B) 片親を指定して片親と子を推定する場合

Options		
-p, --parents	Designation of parent cultivar(s) (less than or equal to 2)	Either or both
-c, --child	Designation of child cultivar (less than or equal to 1)	

入力データに記載された片親の品種名を指定する

## C) 子を指定して両親を推定する場合

Options		
-p, --parents	Designation of parent cultivar(s) (less than or equal to 2)	Either or both
-c, --child	Designation of child cultivar (less than or equal to 1)	

入力データに記載された子の品種名を指定する

## D) 両親と子を指定して親子関係を確認する場合

Options		
-p, --parents	Designation of parent cultivar(s) (less than or equal to 2)	Either or both
-c, --child	Designation of child cultivar (less than or equal to 1)	

入力データに記載された両親と子の品種名を指定する

# 11. オプションの解説

親子推定で除外したい品種をカンマ区切りで記入します。たとえば、清見の親を推定する場合、清見の子のはるみや不知火を両親推定から排除する場合に使います。

-e, --excluded	Excluded cultivar(s) (limitless)	<input type="text" value="CV003,CV004"/> (Example: CV003,CV004 ...)
-s, --self-pollination	Self-pollination or not [default: 'OFF']	<input type="radio"/> OFF <input checked="" type="radio"/> ON
-m, --marker	Excluded marker(s) (limitless)	<input type="text" value="MK01,MK02"/> (Example: MK01,MK02 ...)
-n, --number	Number of discrepancies in results to be tolerated [default:0] (limitless)	<input type="text" value="5"/>

ONにすると自殖の場合も計算に含まれます。

親子推定で除外したいマーカーをカンマ区切りで記入します。たとえば、既知の親子関係で矛盾が示されるマーカーの場合、マーカーに問題があると判断して、計算から除外できます。

正しい親子関係でも、マーカーに問題があると矛盾が生じます。このオプションで指定した数の矛盾を許して、親子関係を推定することができます。

# 12. 正常に終了した場合の出力例

**MARCO**  
Research Center for Advanced Analysis, NARO. Institute of Fruit Tree and Tea Science, NARO

[Download](#) [Close](#) ← このページを閉じる

```
#input file
citrus.csv

#optional arguments(s),#your description(s)
p
c,Unshu
e
s,OFF
n,0
m
##p: parent(less than or equal to 2)
##c: child(less than or equal to 1)
##e: cultivar(s) to be excluded (limitless)
##s: self-pollination ('OFF' by default)
##n: number of inconsistency(y/ies) allowed (0 by default)
##m: marker(s) to be excluded (limitless)

#detected parent-child combination(s)
3

#result
Pa/Ch,Cultivar,Error,A10302-2,Bf0036-3,Bf0158-3,Gn0048-2,Gn0073-2,Mf0090-2,Mf0097-2,TF0300-3,Tf0150-2,Tf0271-2,Tf0293-4,Tf0318-2,Tf0419-2,Tf0420-2
Pa,Harehime,0,AB,AB,AB,AA,AB,AB,AB,BB,AB,AB,AA,BB,BB,AA
Pa,Natsumikan,0,AA,BB,BB,AB,AB,AA,AB,AB,AB,AA,AB,BB,AB
Ch,Unshu,0,AB,BB,AB,AA,BB,AA,BB,AB,AB,AB,AA,BB,BB,AB

Pa,Kiyomi,0,BB,AB,AB,AB,AB,AB,AB,AA,AB,BB,BB,AA
Pa,Natsumikan,0,AA,BB,BB,AB,AB,AA,AB,AB,AB,AA,AB,BB,AB
Ch,Unshu,0,AB,BB,AB,AA,BB,AA,BB,AB,AB,AB,AA,BB,BB,AB

Pa,Natsumikan,0,AA,BB,BB,AB,AB,AA,AB,AB,AB,AA,AB,BB,AB
Pa,Reikon,0,AB,AB,AB,AA,AB,AB,BB,AB,BB,AA,AA,AB,BB,AA
Ch,Unshu,0,AB,BB,AB,AA,BB,AA,BB,AB,AB,AB,AA,BB,BB,AB
##<> denotes genotypes that are inconsistent with assumed parent-child relationship.
##[] denotes triploid or higher genotypes.
```

結果をダウンロードする

[Download](#) [Close](#)

©2023 National Agriculture and Food Research Organization All Rights Reserved.

# 13. 出力の解説 1

両親をCV001とCV002に，子をCV008に指定してオプションをデフォルトで親子関係を確認した例

```
#input file
```

```
marco_20231212104729.csv
```

入力ファイル名

```
#optional arguments(s),#your description(s)
```

```
p,CV001,CV002  
c,CV008
```

指定した両親と子の表示

```
e  
s,OFF  
n,10  
m
```

指定したオプションの表示

```
##p: parent(less than or equal to 2)  
##c: child(less than or equal to 1)  
##e: cultivar(s) to be excluded (limitless)  
##s: self-pollination ('OFF' by default)  
##n: number of inconsistenc(y/ies) allowed (0 by default)  
##m: marker(s) to be excluded (limitless)
```

オプションの説明

```
#detected parent-child combination(s)
```

```
1
```

検出された親子関係の数

計算結果

```
#result
```

```
Pa/Ch,Cultivar,Error,MK01,MK02,MK03,MK04,MK05,MK06,MK07,MK08,MK09,MK10,MK11,MK12,MK13,MK14,  
MK15,MK16,MK17,MK18,MK19,MK20,MK21,MK22
```

```
Pa,CV001,0,BH,CE,CC,CD,BD,JL,CD,BD,AC,BC,CE,AA,EE,CC,AB,AA,CD,AD,BD,CC,BE,AE
```

```
Pa,CV002,0,EF,AD,CC,BD,FF,AF,DD,AA,CD,AB,EE,AA,BD,CC,AA,AA,CC,AB,AE,CD,BD,AE
```

```
Ch,CV008,0,BF,AE,CC,CD,BF,AL,DD,AB,AD,AB,EE,AA,DE,CC,AB,AA,CC,BD,DE,CC,BB,AE
```

```
##<> denotes genotypes that are inconsistent with assumed parent-child relationship.
```

```
##[] denotes triploid or higher genotypes.
```

記号の説明

# 14. 出力の解説 2

条件に叶う親子関係はすべて出力するので、2組以上の親子組み合わせを出力する場合もある

## 結果 1

```
#result
Pa/Ch,Cultivar,Error,MK01,MK02,MK03,MK04,MK05,MK06,MK07,MK08,MK09,MK10,MK11,MK12,MK13,MK14,MK15,MK16,MK17,MK18,MK19
Pa,CV008,0,BF,AE,CC,CD,BF,AL,DD,AB,AD,AB,EE,AA,DE,CC,AB,AA,CC,BD,DE
Pa,CV013,0,AA,DE,CC,BC,DH,AC,CC,AA,AC,BC,EF,AC,BD,BC,AB,DD,DD,BC,AD
Ch,_Smp02,0,AB,AE,CC,CD,BD,[ACL],CD,AA,AD,BC,EF,AC,[BDE],CC,AB,AD,CD,BC,AE
```

## 結果 2

```
Pa,CV008,0,BF,AE,CC,CD,BF,AL,DD,AB,AD,AB,EE,AA,DE,CC,AB,AA,CC,BD,DE
Pa,_Smp07,0,AG,BE,CC,BC,DG,AK,CD,AC,AC,BC,EF,AA,BD,BC,AB,AD,CD,BC,AD
Ch,_Smp02,2,AB,AE,CC,CD,BD,<ACL>,CD,AA,AD,BC,EF,<AC>,[BDE],CC,AB,AD,CD,BC,AE
```

# 15. 出力の解説 3

## MARCOの出力結果

```
#result
Pa/Ch,Cultivar,Error,MK01,MK02,MK03,MK04,MK05,MK06,MK07,MK08,MK09,MK10,MK11,MK12,MK13,MK14,MK15,MK16
Pa,CV008,0,BF,AE,CC,CD,BF,AL,DD,AB,AD,AB,EE,AA,DE
Pa,_Smp07,0,AG,BE,CC,BC,DG,AK,CD,AC,AC,BC,EF,AA,BD
Ch,_Smp02,2,AB,AE,CC,CD,BD,<ACL>,CD,AA,AD,BC,EF,<AC>,[BDE]
```

### 出力結果をCSVに変換してエクセルで表示した

	Pa/Ch	Cultivar	Error	MK01	MK02	MK03	MK04	MK05	MK06	MK07	MK08	MK09	MK10	MK11	MK12	MK13
親	Pa	CV008	0	BF	<AE>	CC	CD	BF	AL	DD	AB	AD	AB	EE	AA	DE
	Pa	_Smp07	0	AG	BE	CC	<BC>	DG	AK	CD	AC	AC	BC	EF	AA	BD
子	Ch	_Smp02	2	AB	<BC>	CC	<AD>	BD	<ACL>	CD	AA	AD	BC	EF	<AC>	[BDE]

各親から見た矛盾数

マーカー名

品種名

子から見た矛盾数

矛盾：子に上段の親のアレルが伝達されていない

矛盾：子に下段の親のアレルが伝達されていない

矛盾：子に両親にないアレルCが存在する

<>は矛盾があることを示す

表内のAB, BCなどは遺伝子型を示す

[]は3倍体であることを示す

# 16. 出力の解説 4

## 指定したオプションの表示

#optional arguments(s),#your description(s)

p, CV001, CV002	指定した両親
c, CV008	指定した子
e, CV003, CV004	除外した品種
s, ON	自殖をON
n, 4	親子推定の矛盾数
m	除外したマーカー

##p: parent(less than or equal to 2)  
##c: child(less than or equal to 1)  
##e: cultivar(s) to be excluded (limitless)  
##s: self-pollination ('OFF' by default)  
##n: number of inconsistencies allowed (0 by default)  
##m: marker(s) to be excluded (limitless)

# 17. エラー表示 1

両親と子供のいずれも指定がなかった場合

**MARCO**

Research Center for Advanced Analysis, NARO, Institute of Fruit Tree and Tea Science, NARO

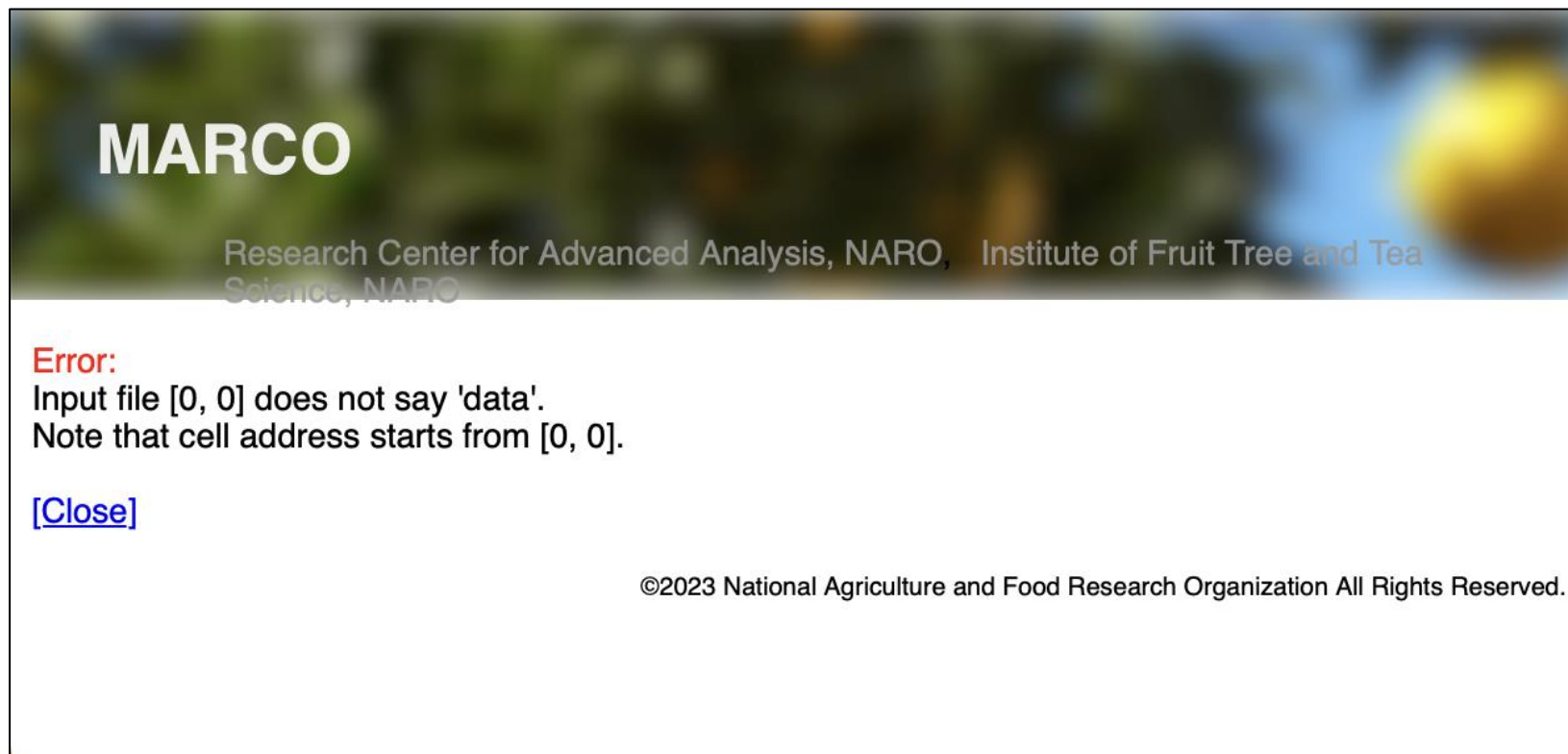
**Error:**

Both parent and child are absent.

[\[Close\]](#)

# 18. エラー表示 2

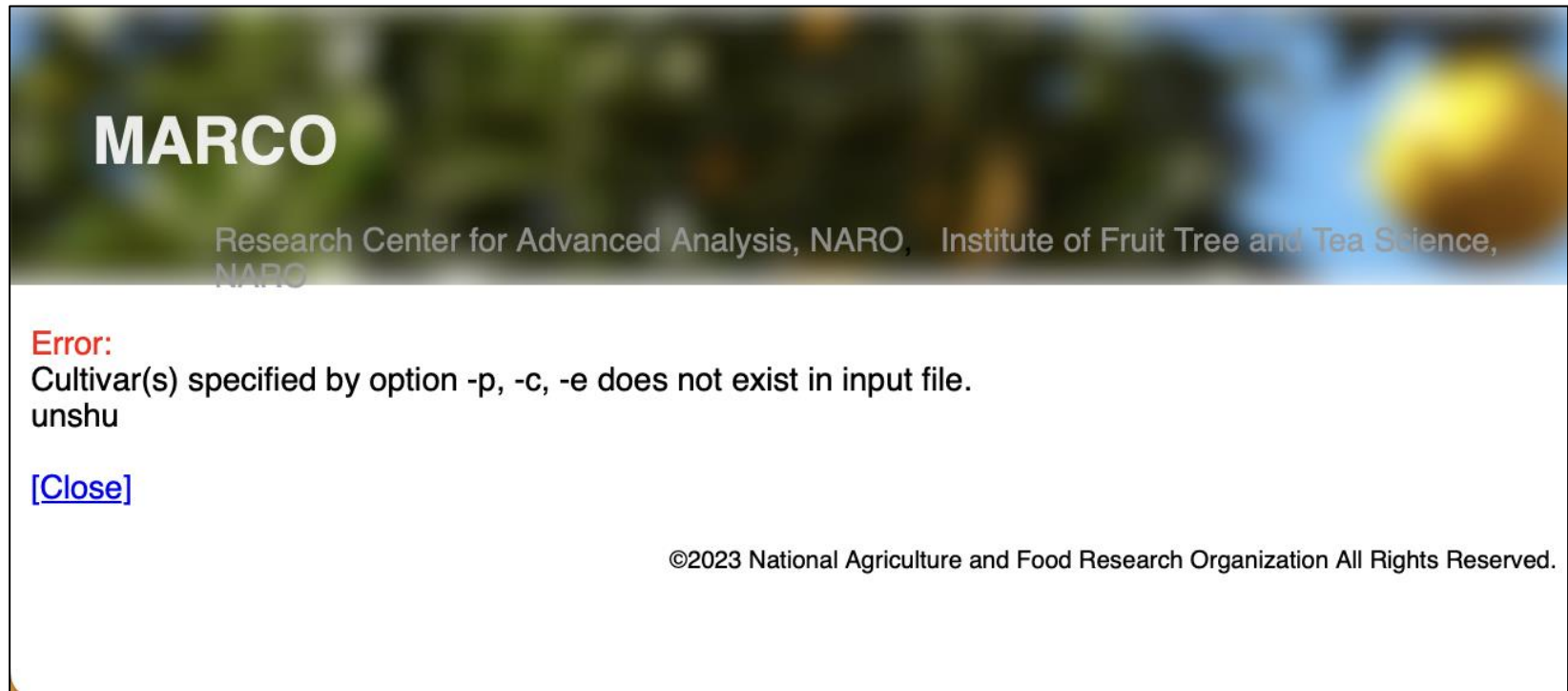
入力データの記述が正しくなかった場合



入力フォーマットを参考に入力データを修正してください。

## 19. エラー表示 3

オプションで記入した親または子の品種名が入力データの品種名と一致しなかった場合



入力データに記載された品種名を正確に記入してください。

## 20. 「Searching」が終わらない場合

**MARCO**  
Research Center for Advanced Analysis, NARO, Institute of Fruit Tree and Tea Science, NARO

This result page can be accessed for 7 days from the following URL.

Searching ...

©2023 National Agriculture and Food Research Organization All Rights Reser

右側の「Copy」ボタンをクリックすると左欄のURLがクリップボードにコピーされます。これを保存してください。計算結果が、このURLで表示されます。計算結果は7日間保存されます。ブラウザを閉じて、PCをシャットダウンしても、他の端末からでも閲覧できます

# 21. 引用

MARCOを使用して得られた結果を用いて学術論文を発表される場合は、論文中に**MARCO**を使用したことを記載し、以下の文献を引用してください。

- MiGD

KAWAHARA Yoshihiro, ENDO Tomoko, OMURA Mitsuo, TERAMOTO Yumiko, ITHO Tsuyoshi, FUJII Hiroshi, SHIMADA Takehiko (2020) Mikan Genome Database (MiGD): integrated database of the genome annotation, genomic diversity, and CAPS marker information for mandarin molecular breeding. Breeding Science.

doi: 10.1270/jsbbs.19097

## 22. 著作権

- コンピュータプログラムMARCOは，著作権により保護されています。したがって，明示的に許可されている場合を除き，農研機構の事前の書面による許可なく，本ソフトウェアのいかなる部分も，いかなる手段，いかなる形式によっても，配布または複製することを禁じます。
- 著作権表示  
©農研機構

## 23. 免責

- 農業・食品産業技術総合研究機構（NARO）が提供するMARCOは、以下の免責事項を条件に利用することができます。
- MARCOは、出力結果に関して、いかなる保証をするものではありません。
- 作者は、MARCO上のプログラムのバグを発見し修正するよう努めますが、MARCOの使用または誤用により生じたいかなる種類の損害または損失に対しても、責任を負いません。
- 作者は、MARCOのサポート、サービス、修正、またはアップグレードを提供する義務を負いません。

# 24. お問い合わせ先

[mikan@ml.affrc.go.jp](mailto:mikan@ml.affrc.go.jp)

## 25. MARCOマニユアルの履歴

- 日本語版 1.0      2023年11月29日
- 日本語版 1.1      2023年11月30日
- 日本語版 1.2      2023年12月21日
- 日本語版 1.3      2023年12月26日