

# MinimalMarker on web マニュアル

日本語版 1.1 2023年7月12日

農研機構  
高度分析研究センター・果樹茶業研究部門

静岡大学農学部

藤井 浩

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

# 目次

1. MinimalMarker on webの概要
2. MinimalMarker 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例：共優性マーカー（文字列型）
5. 入力データフォーマット例：共優性マーカー（数値型）
6. 入力データフォーマット例：優性マーカー
7. 入力データフォーマット例：遺伝子型データの一部が欠失している場合
8. 操作手順
9. MinimalMarker on webのオプション
10. オプションの指定方法 -v, -n
11. 解析途中の表示とタイムアウト
12. タイムアウトを回避する方法
13. オプション -m2を使用した場合の計算時間
14. 出力データ例 デフォルトの場合
15. 出力データ例 -v4の場合
16. 出力データ例 -n4の場合
17. 引用
18. 著作権
19. 免責
20. お問い合わせ先
21. MinimalMarker on web マニュアルの履歴

# 1. MinimalMarker on webの概要

本サイトでは、MinimalMarkerの解析をWeb上で行っています。MinimalMarker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、全品種を識別するための最少数のマーカーセットを検出するコンピュータプログラムです。対象生物は二倍体生物種のみです。プログラムはperlスクリプトで書かれています。

## 2. MinimalMarker on Webで解析可能なデータ

1. 対象生物は二倍体のみです.
2. 共優性マーカー, 優性マーカーの遺伝子型が解析できます.
3. 遺伝子型はASCII文字で記述されていることが望ましいです.
4. 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', 優性マーカー: '+'など.
5. Web上のMinimalMarkerは, CSVまたはxls/xlsxを入力ファイルとします.
6. データは, 1列目・1行目に'Variety'と記入し, その左に栽培品種名を記述します. 2行目以降は, 1列目にマーカー名を記述し, 左にマーカー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.
7. 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) 文字列の並び順 B) 大文字・小文字の区別 C) 優性マーカー

- A) 文字列の並び：MinimalMarker on webは、遺伝子型'AB'と'BA'を異なる遺伝子型として判断します。ただし、後述のオプション「-g」をONにすると、'AB'と'BA'の区別をしません。一般的には、'AB'と'BA'は区別しないので、デフォルトは -g ON です。
- B) 大文字と小文字の区別：MinimalMarker on webは大文字と小文字を区別しません。しかし、予期しないエラーを避けるために、どちらかに統一することが望ましいです。
- C) 優性マーカー：優性マーカーの遺伝子型を解析することができます。ただし、注意が必要です。この場合、MinimalMarker on webは、品種間ですべての遺伝子型が一致しているかどうかを検出することはできません。そのため、この検証はユーザー側で行う必要があります。

# 4. 入力データフォーマット例 共優性マーカ― (文字列型)

CSV

```
Variety,Akatsuki,Yuuzora,Saotome,Yoshihim  
e,Masahime,Akizora,Natsutome,Gyousei,K  
ouyou Hakutou,Ookubo  
M1a,AB,BA,BB,AB,AA,AA,AB,BA,AA,AB  
M4c,BE,EB,BD,CE,EC,AE,CE,BE,CE,BC  
M6a,AC,CA,BC,AC,CA,AC,CA,AC,CD,CD  
M12a,AB,BB,AB,AB,AB,AB,AB,AB,AB,AB  
M15a,CC,CC,BC,CC,CC,AC,CC,CC,CC,CC  
MA006b,AA,AA,AB,AA,AA,AA,AA,AA,AA,AA  
MA007a,AC,CA,AA,CC,CD,CC,CA,AC,BB,AC  
MA013a,AC,AC,BD,AC,AC,AB,AC,AC,AC,AC  
MA014a,DD,DD,AD,CD,DD,DC,CD,DD,BD,CD  
MA015a,AA,AD,BC,AA,AD,AC,AA,AA,AD,AC
```

xls/xlsx

データの開始位置を認識するため「Variety」を必ず記入すること

Variety	Hara	Yoshiwara	Kanbara	Yui	Okitsu	Ejiri	Fuchu	Mariko	Okabe	Fujieda
M1	AB	AB	BB	AB	AA	AA	AB	AB	AA	AB
M2	BE	BE	BD	CE	CE	AE	CE	BE	CE	BC
M3	AC	AC	BC	AC	AC	AC	AC	AC	CD	CD
M4	AB	BB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB
M5	CC	CC	BC	CC	CC	AC	CC	CC	CC	CC
M6	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
M7	AC	AC	AA	CC	CD	CC	AC	AC	BB	AC
M8	AC	AC	BD	AC	AC	AB	AC	AC	AC	AC
M9	DD	DD	AD	CD	DD	CD	CD	DD	BD	CD
MX	AA	AD	BC	AA	AD	AC	AA	AA	AD	AC

品種名

マーカ―名

遺伝子型

データはアルファベット順に並べ、予期せぬエラーを避けるため、大文字か小文字のどちらかを使用してください。また、データ中のスペースは削除してください。

# 5. 入力データフォーマット例 共優性マーカー（数値型）

CSV

```
Variety,Akatsuki,Yuuzora,Saotome,Yoshihime,Masahime,Akizora,Natsutome
,Gyosei,Kouyou Hakutou,Ookubo

M1a,80/84,80/84,84/84,80/84,80/80,80/80,80/84,80/80,80/84

M4c,78/94,78/94,78/88,80/94,80/94,74/94,80/94,78/94,80/94,78/80

M6a,193/197,193/197,195/197,193/197,193/197,193/197,193/197,193/197,193/197
,197/201,197/201

M12a,177/195,195/195,177/195,177/195,177/195,177/195,177/195,177/195,177/19
5,177/195,177/195

M15a,136/136,136/136,132/136,136/136,136/136,116/136,136/136,136/13
6,136/136,136/136

MA006b,295/295,295/295,295/301,295/295,295/295,295/295,295/295,295/
295,295/295,295/295

MA007a,111/133,111/133,111/111,133/133,133/135,133/133,111/133,111/
133,121/121,111/133

MA013a,197/213,197/213,211/227,197/213,197/213,197/211,197/213,197/
213,197/213,197/213

MA014a,167/167,167/167,150/167,163/167,167/167,163/167,163/167,167/
167,160/167,163/167

MA015a,178/178,178/263,180/185,178/178,178/263,178/185,178/178,178/
178,178/263,178/185
```

xls/xlsx

データの開始位置を認識するため「バラエティ」を必ず記入すること

Variety	Hara	Yoshiwara	Kanbara	Yui	Okitsu	Ejiri	Fuchu	Mariko	Okabe	Fujieda
M1	80/84	80/84	84/84	80/84	80/80	80/80	80/84	80/84	80/80	80/84
M2	78/94	78/94	78/88	80/94	80/94	74/94	80/94	78/94	80/94	78/80
M3	193/197	193/197	195/197	193/197	193/197	193/197	193/197	193/197	197/201	197/201
M4	177/195	195/195	177/195	177/195	177/195	177/195	177/195	177/195	177/195	177/195
M5	136/136	136/136	132/136	136/136	136/136	116/136	136/136	136/136	136/136	136/136
M6	295/295	295/295	295/301	295/295	295/295	295/295	295/295	295/295	295/295	295/295
M7	111/133	111/133	111/111	133/133	133/135	133/133	111/133	111/133	121/121	111/133
M8	197/213	197/213	211/227	197/213	197/213	197/211	197/213	197/213	197/213	197/213
M9	167/167	167/167	150/167	163/167	167/167	163/167	163/167	167/167	160/167	163/167
MX	178/178	178/263	180/185	178/178	178/263	178/185	178/178	178/178	178/263	178/185

品種名

マーカー名

遺伝子型

SSRなどの数値型データの場合、遺伝子型は'/'で区切ります。また、予期せぬエラーを避けるため、数値は昇順で記載してください。また、データ中のスペースは削除してください。

# 6. 入力データフォーマット例 優性マーカー

CSV

```
Variety,Akatsuki,Yuuzora,Saotome,Yoshihim
e,Masahime,Akizora,Natsutome,Gyousei,K
ouyou,Hakutou,Ookubo
M1a,+,-,-,+,+,+,-,+
M4c,-,+,-,+,+,+,-,+
M6a,+,+,-,+,+,+,+,+
M12a,+,-,+,+,+,+,+,+
M15a,+,+,-,+,+,+,+,+
MA006b,+,+,+,+,+,+,+,+
MA007a,+,+,+,+,-,+,+,-,+
MA013a,+,+,-,+,+,+,+,+
MA014a,-,-,+,+,-,+,-,+
MA015a,+,+,-,+,+,+,-,+
```

xls/xlsx

データの開始位置を認識するため「バラエティ」を必ず記入すること

Variety	Hara	Yoshiwara	Kanbara	Yui	Okitsu	Ejiri	Fuchu	Mariko	Okabe	Fujieda
M1	+	-	-	+	+	+	+	-	+	+
M2	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-
M3	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
M4	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+
M5	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
M6	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
M7	+	+	+	+	-	+	+	+	-	+
M8	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
M9	-	-	+	+	-	-	+	-	-	+
MX	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+

品種名

マーカー名

遺伝子型

優性マーカーの場合、MinimalMarker on webでは、品種間ですべての遺伝子型が一致するかどうかを検出することができません。そのため、ユーザー自身が検証する必要があります。また、データ中のスペースは削除してください。

# 7.入力データフォーマット例 遺伝子型データの一部が欠失している場合

## CSV

Variety,Akatsuki,Yuuzora,Saotome,Yoshihim  
e,Masahime,Akizora,Natsutome,Gyousei,K  
ouyou Hakutou,Ookubo

M1a,#,BA,BB,AB,AA,AA,AB,BA,AA,AB

M4c,BE,#,BD,CE,EC,AE,CE,BE,CE,BC

M6a,AC,CA,#,AC,CA,AC,CA,AC,CD,CD

M12a,AB,BB,AB,AB,AB,AB,AB,AB,AB

M15a,CC,CC,BC,CC,CC,AC,CC,CC,CC,CC

MA006b,AA,AA,AB,AA,AA,AA,AA,AA,AA,AA

MA007a,AC,CA,AA,CC,CD,CC,CA,AC,BB,AC

MA013a,AC,AC,BD,AC,AC,AB,AC,AC,AC,AC

MA014a,DD,DD,AD,CD,DD,DC,CD,DD,BD,CD

MA015a,AA,AD,BC,AA,AD,AC,AA,AA,AD,AC

## xls/xlsx

Variety	Hara	Yoshiwara	Kanbara	Yui	Okitsu	Ejiri	Fuchu	Mariko	Okabe	Fujieda
M1	#	AB	BB	AB	AA	AA	AB	AB	AA	AB
M2	BE	#	BD	CE	CE	AE	CE	BE	CE	BC
M3	AC	AC	#	AC	AC	AC	AC	AC	CD	CD
M4	AB	BB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB
M5	CC	CC	BC	CC	CC	AC	CC	CC	CC	CC
M6	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
M7	AC	AC	AA	CC	CD	CC	AC	AC	BB	AC
M8	AC	AC	BD	AC	AC	AB	AC	AC	AC	AC
M9	DD	DD	AD	CD	DD	CD	CD	DD	BD	CD
MX	AA	AD	BC	AA	AD	AC	AA	AA	AD	AC

遺伝子型に欠失値がある場合は、遺伝子型の代わりに'#'を使用し、オプション'-k'をオンにします。'#'を使用した場合、MinimalMarker on webは最少マーカセットであることを保証しません。また、品種間ですべての遺伝子型が一致するかどうかを検出できません。そのため、品種間ですべての遺伝子型が一致するかどうかは、ユーザー自身で確認する必要があります。また、データ中のスペースは削除してください。

# 8. 操作手順

## Minimal Marker

National Agriculture and Food Research Organization

A computer program to detect the minimal marker set to identify all cultivars from a DNA marker genotype table obtained by applying cultivar identification markers to many cultivars

Initially, the default analysis is recommended. In case of timeout, refer to the manual ([English](#), [Japanese](#)).

Data		
Upload file / Use sample data	<input checked="" type="radio"/> Upload file (csv/xls/xlsx) <input type="radio"/> Sample data	ファイルを選択 ファイル未選択
Options (Specifying multiple options may produce unexpected results, so please verify your results.)		
<b>Algorithm</b>		
0: enumeration method [slow]		<input type="radio"/> 0: enumeration method [slow]
-m 1: branch and bound [fast] (default)		<input checked="" type="radio"/> 1: branch and bound [fast]
2: greedy algorithm	Use when a timeout occurs in -m1 (default) mode. It is not guaranteed to be the minimal marker set and to output all minimal marker sets. However, it outputs a sufficiently small number of marker sets that identify all the cultivars in a short time.	<input type="radio"/> 2: greedy algorithm
<b>Number of markers identifying all 2-cultivar combinations</b>		
1: (default)		1
2:	In the minimal marker set, for any combination of two cultivars in a given genotype table, the marker set is organized so that there is at least one marker that identifies the two cultivars. This "at least one marker" can be changed to "at least two markers" by setting -w2 . 2 or more can also be specified.	
n: (max: 5)		
-g <b>Ignore order of characters (default: '-g')</b>	When '-g' is turned on, genotypes 'AB' and 'BA' are considered to be the same genotype. Not case sensitive, but case-sensitive is preferable to avoid unexpected errors.	<input type="checkbox"/> Consider the order of genotype strings
-b 1: <b>Bitwise operation [fast] (default)</b>	0: arithmetic operation [slow] 1: bit operation [fast]	<input type="checkbox"/> 0: Arithmetic operation [slow]
-k <b>Replace a missing value (default: none)</b>	'#' is used when genotypes has a missing value. It is not guaranteed to be the minimal marker set and to output all minimal marker sets.	<input checked="" type="checkbox"/> Replace a missing value with '#'
-v <b>Identify specified cultivar(s) from other cultivars</b>	Specify the cultivar(s) to be distinguished from other cultivars. Specify the numerical value of the order of the cultivars (columns) in the genotype table. Multiple entries can be specified.	Outputs minimal marker set(s) to identify specified cultivars and other cultivars  (Example: 3 or 3,4)
-s <b>Number of markers start searching (default: 1, max: 30)</b>		1
-n <b>Specify the marker(s) the user wants to use</b>	Specify the numerical value of the order of the markers (lines) in the genotype table. Multiple entries can be specified.	Outputs a minimum marker set(s) that includes the specified marker(s)  (Example: 3 or 3,4)
-l <b>Specifies the number of outputs of the minimum marker set</b>	By default, MinimalMarker does not stop analyzing until all minimal marker sets are detected. However, if the computation time becomes too long, it times out. To avoid this, specify the number of output minimal marker sets.	Outputs minimal marker set(s) to identify specified cultivars and other cultivars  (Example: 10)
-p <b>Print data table / Search (default: Search)</b>		Reset Print only Print and Search Search

す。

最初は、デフォルトの解析をお勧めします

3. オプションを選択します。デフォルトのままでも結果を得ることができます。オプションの説明については、マニュアルを参照してください。

4. 解析を実行します

判別可能表の出力と解析を実行します

# 9. MinimalMarker on webのオプション

Options	Argument	Description
-m	<b>Algorithm</b>	
	0: enumeration method [slow]	
	1: branch and bound [fast] (default)	
	2: greedy algorithm	Use when a timeout occurs in -m1 (default) mode. It is not guaranteed to be the minimal marker set and to output all minimal marker sets. However, it outputs a sufficiently small number of marker sets that identify all the cultivars in a short time.
-w	<b>Number of markers identifying all 2-cultivar combinations</b>	
	1: (default)	
	2: n:	In the minimal marker set, for any combination of two cultivars in a given genotype table, the marker set is organized so that at least one marker identifies the two cultivars. This "at least one marker" can be changed to "at least two markers" by setting -w2. 2 or more can also be specified.
-g	<b>Ignore order of characters (default: '-g' is ON)</b> Genotypes 'AB' and 'BA' are considered to be the same genotype	When '-g' is turned on, genotypes 'AB' and 'BA' are considered to be the same genotype. Not case-sensitive, but case-sensitive is preferable to avoid unexpected errors.
-b	<b>Operation method</b>	
	0: arithmetic operation [slow] 1: Bitwise operation [fast] (default)	
-k	<b>Replace a missing value (default: none)</b>	#' is used when genotypes have missing values. It is not guaranteed to be the minimal marker set and to output all minimal marker sets.
-v	<b>Identify specified cultivar(s) from other cultivar</b>	
	Specify the cultivar(s) to be distinguished from other cultivars.	
	Specify the numerical value of the order of the cultivars (columns) in the genotype table. Multiple entries can be specified.	Outputs minimal marker set(s) to identify specified cultivars and other cultivars
-s	<b>Number of markers start searching (default: 1)</b>	
-n	<b>Specify the marker(s) the user wants to use</b>	
	Specify the numerical value of the order of the markers (lines) in the genotype table. Multiple entries can be specified.	Outputs a minimal marker set(s) that includes the specified marker(s)
-l	<b>Specifies the number of outputs of the minimal marker set</b>	By default, MinimalMarker does not stop analyzing until all minimal marker sets are detected. However, if the computation time becomes too long, it times out. To avoid this, specify the number of output minimal marker sets.
-p	<b>Print data table / Search (default: Search)</b>	See Table 2 in Fujii et al. 2013 Journal of Bioinformatics and Computational Biology 11(2):1250022 for "print data".

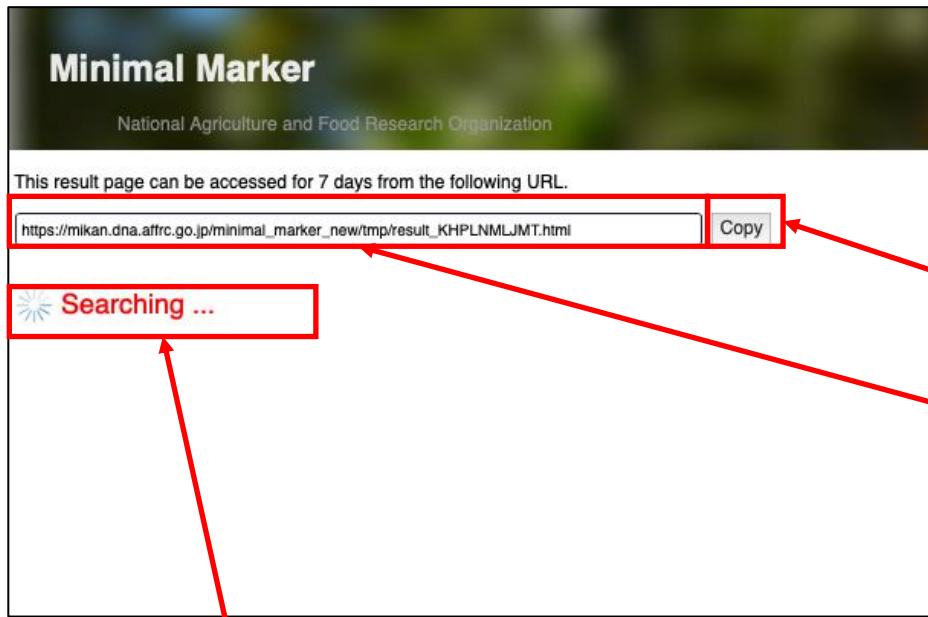
# 10. オプションの指定方法 -v, -n

特定の品種を他の品種から識別するには、「-v」オプションを使用します。品種を指定するには、その品種がある列の番号を、最初の列を除いて数えるように指定します。例えば、「ゆうぞら」を指定する場合は、「2」を指定します。複数指定も可能で、「ゆうぞら」と「おおくぼ」は「2,10」となります。

「-n」オプションを使用すると、ユーザーが必要とする特定のメーカーを指定することができます。メーカーを指定する場合は、メーカーが記載されている行番号（先頭行を除く）を指定します。例えば、「M4c」を指定する場合は、「4」を指定します。複数指定も可能です。例えば、「M4c」と「MA015a」は「2,10」となります。

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	Variety	Hara	Yoshiwara	Kanbara	Yui	Okitsu	Ejiri	Fuchu	Mariko	Okabe	Fujieda
1	M1	AB	AB	BB	AB	AA	AA	AB	AB	AA	AB
2	M2	BE	BE	BD	CE	CE	AE	CE	BE	CE	BC
3	M3	AC	AC	BC	AC	AC	AC	AC	AC	CD	CD
4	M4	AB	BB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB	AB
5	M5	CC	CC	BC	CC	CC	AC	CC	CC	CC	CC
6	M6	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
7	M7	AC	AC	AA	CC	CD	CC	AC	AC	BB	AC
8	M8	AC	AC	BD	AC	AC	AB	AC	AC	AC	AC
9	M9	DD	DD	AD	CD	DD	CD	CD	DD	BD	CD
10	MX	AA	AD	BC	AA	AD	AC	AA	AA	AD	AC

# 11. 解析途中の表示とタイムアウト



計算中は「Searching」が表示され、進捗インジケータが回ります。

正確には、毎日03:10に、7日より前の結果ファイルを削除します。

- 「9. 操作手順」で示した操作画面の右下の「Search」ボタンを選択すると、左記の画面が別画面で表示されます。
- 計算が終了すると、この画面は結果の出力で上書きされます。
- データの内容によっては、計算時間が長くなる場合があります。その場合は、左記の画面の「COPY」ボタンを選択して、「URL」をコピー・保存してください。
- 7日以内であれば、当該URLから結果を表示することができます。
- 使用端末の電源を落としてもサーバ側で保持していますので閲覧可能です。

## □ タイムアウト

計算開始24時間経過後の午前0時にタイムアウトとなり計算を終了させます。タイムアウトを回避する方法は次ページをご覧ください。

# 12. タイムアウトを回避する方法

- MinimalMarkerは、デフォルトで、すべての最少マーカセットを検出するように設定されています。そのため、マーカ数や品種数が多い場合、検討する組み合わせ数が増えてしまい、計算が完了せず、タイムアウトします。
- この場合、オプション“-m2”を指定して、greedy法を使用することをお勧めします。
- greedy法は最少マーカセットであることと、すべての最少マーカセットを出力することを保証しないので、正しく最少マーカセットを検出したい場合は、下記のリンクからMinimalMarkerのPerlスクリプトをダウンロードし、高性能な端末で実行してください。

[https://www.naro.go.jp/english/laboratory/nifts/minimal\\_marker/index.html](https://www.naro.go.jp/english/laboratory/nifts/minimal_marker/index.html)

# 13. オプション -m2 (greedy algorithm) を使用した場合の計算時間

## □ 条件

- ◆ SNPマーカー
- ◆ マーカー数 : 227
- ◆ 品種数 : 101

## □ オプションと経過時間

- ◆ デフォルト : Timeout
- ◆ オプション -m2 : 94 秒  
(greedy algorithm)

### ■ Result

- 最少マーカーセット数 : 87
  - 最少マーカーセットを  
構成するマーカー数 : 7
- 
- 目安です.

# 14. サンプルデータでの出力例 デフォルトの場合

```
*Time stamp
Started on Wed Feb 22 09:10:26 2023
*Input data
Inputfile name: Sample_data.xlsx
Number of markers: 10
Number of varieties: 10
```

```
*Option
-m Algorithm: 1
-w Number of markers identifying all 2-cultivar combinations: 1
-g Ignore order of characters: On
-b bitwise operation: 1
-k replace missing value:
-v Identify specified cultivar(s) from other cultivars:
-s Number of markers start searching: 1
-e Number of markers stop searching: 0
-n Specify the marker(s) the user wants to use:
-x Specify the marker(s) the user does not want to use:
-p Print/ Print & Search/ Search: Search
```

```
*Result
```

```
!!!!Caution!!!!
No marker can discriminate between the varieties listed below!
Akatsuki x Gyousei
Under the above conditions, the computation of the MINIMAL MARKER SET(s)
continues!
But recommend adding the marker(s) to resolve the above condition!
```

```
Number of minimal marker set(s) found: 3
The list of minimal marker sets found by MinimalMarker
```

```
M4c,M12a,MA007a
M4c,MA007a,MA015a
MA007a,MA014a,MA015a
```

```
*Time stamp
Completed at Wed Feb 22 09:10:26 2023
Elapsed time: 0 sec.
```

オプションの設定状態を示します

識別不能な2品種の組み合わせが存在する場合には表示されます。なお、優性マーカーの場合、特定できない組み合わせがあっても、この部分は出力されません。オプションによっても表示されない場合がありますので、注意してください。このため、まずデフォルトで計算することを進めます。

各列が1つの最少マーカーセットです。ここでは3つあります。

# 15. サンプルデータでの出力例

## -v4の場合

```
*Time stamp
Started on Mon Feb 20 11:16:35 2023
*Input data
Inputfile name: Sample_data.xlsx
Number of markers: 10
Number of varieties: 10

*Option
-m Algorithm: 1
-w Number of markers identifying all 2-cultivar combinations: 1
-g Ignore order of characters: On
-b bitwise operation: 1
-k replace missing value:
-v Identify specified cultivar(s) from other cultivars: Yoshihime
-s Number of markers start searching: 1
-e Number of markers stop searching: 0
-n Specify the marker(s) the user wants to use:
-x Specify the marker(s) the user does not want to use:
-p Print/ Print & Search/ Search:
```

```
*Result
Number of minimal marker set(s) found: 5
The list of minimal marker sets found by MinimalMarker
```

```
M1a,MA007a
M4c,MA007a
M15a,MA007a
MA007a,MA013a
MA007a,MA015a
```

```
*Time stamp
Completed at Mon Feb 20 11:16:35 2023
Elapsed time: 0 sec.
```

オプション-v4で指定した "Yoshihime" が表示されません。

オプション-vを指定すると、遺伝子型がすべて同一の品種の組み合わせがあっても、表示されません。まずはデフォルトの設定で解析することをお勧めします。

各列が1つの最少マーカーセットです。ここでは3つあります。

# 16. サンプルデータでの出力例

## -n4の場合

```
*Time stamp
Started on Mon Feb 20 11:55:11 2023
*Input data
Inputfile name: Sample_data.xlsx
Number of markers: 10
Number of varieties: 10
*Option
-m Algorithm: 1
-w Number of markers identifying all 2-cultivar combinations: 1
-g Ignore order of characters: On
-b bitwise operation: 1
-k replace missing value:
-v Identify specified cultivar(s) from other cultivars:
-s Number of markers start searching: 1
-e Number of markers stop searching: 0
-n Specify the marker(s) the user wants to use: M12a
-x Specify the marker(s) the user does not want to use:
-p Print/ Print & Search/ Search: Search
*Result
```

```
!!!!Caution!!!!
No marker can discriminate between the varieties listed below!
Akatsuki x Gyousei
Under the above conditions, the computation of the MINIMAL MARKER SET(s)
continues!
But recommend adding the marker(s) to resolve the above condition!
```

```
Number of minimal marker set(s) found: 1
The list of minimal marker sets found by MinimalMarker
M4c.M12a.MA007a
```

```
*Time stamp
Completed at Mon Feb 20 11:55:11 2023
Elapsed time: 0 sec.
```

オプション-n4で指定した  
"M12aマーカー"が表示され  
ます。

識別不能な2品種の組み合わ  
せが存在する場合には表示され  
ます。優性マーカーの場合、  
特定できない組み合わせがあ  
っても、この部分は出力され  
ないことに注意なお、オブ  
ションの設定によっては表示  
されない場合があります。そ  
のため、まずはデフォルトの  
設定で解析することをお勧め  
します。

各列が1つの最少マーカー  
セットです。ここでは3つあ  
ります。

# 17. 引用

MinimalMarker on webを使用して得られた結果を用いて学術論文を發表される場合は、論文中にMinimalMarker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。

- MinimalMarker

FUJII Hiroshi, OGATA Tatsushi, SHIMADA Takehiko, ENDO Tomoko, IKETANI Hiroyuki, SHIMIZU Tokurou, YAMAMOTO Toshiya and OMURA Mitsuo (2013) Minimal marker: an algorithm and computer program for the identification of minimal sets of discriminating DNA markers for efficient variety identification. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology* 11(2):1250022.

doi: 10.1142/S0219720012500229

- 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

# 18. 著作権

- コンピュータプログラムMinimalMarker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、NARO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

# 19. 免責

- 農業・食品産業技術総合研究機構（NARO）が提供するMinimalMarker on webは、以下の免責事項を条件に利用することができます。
- MinimalMarker on Web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、MinimalMarker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、MinimalMarker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、MinimalMarker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。

## 20. お問い合わせ先

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

# 21. MinimalMarker on web マニュアルの履歴

- 日本語版 1.0      2023年3月8日
- 日本語版 1.1      2023年7月12日