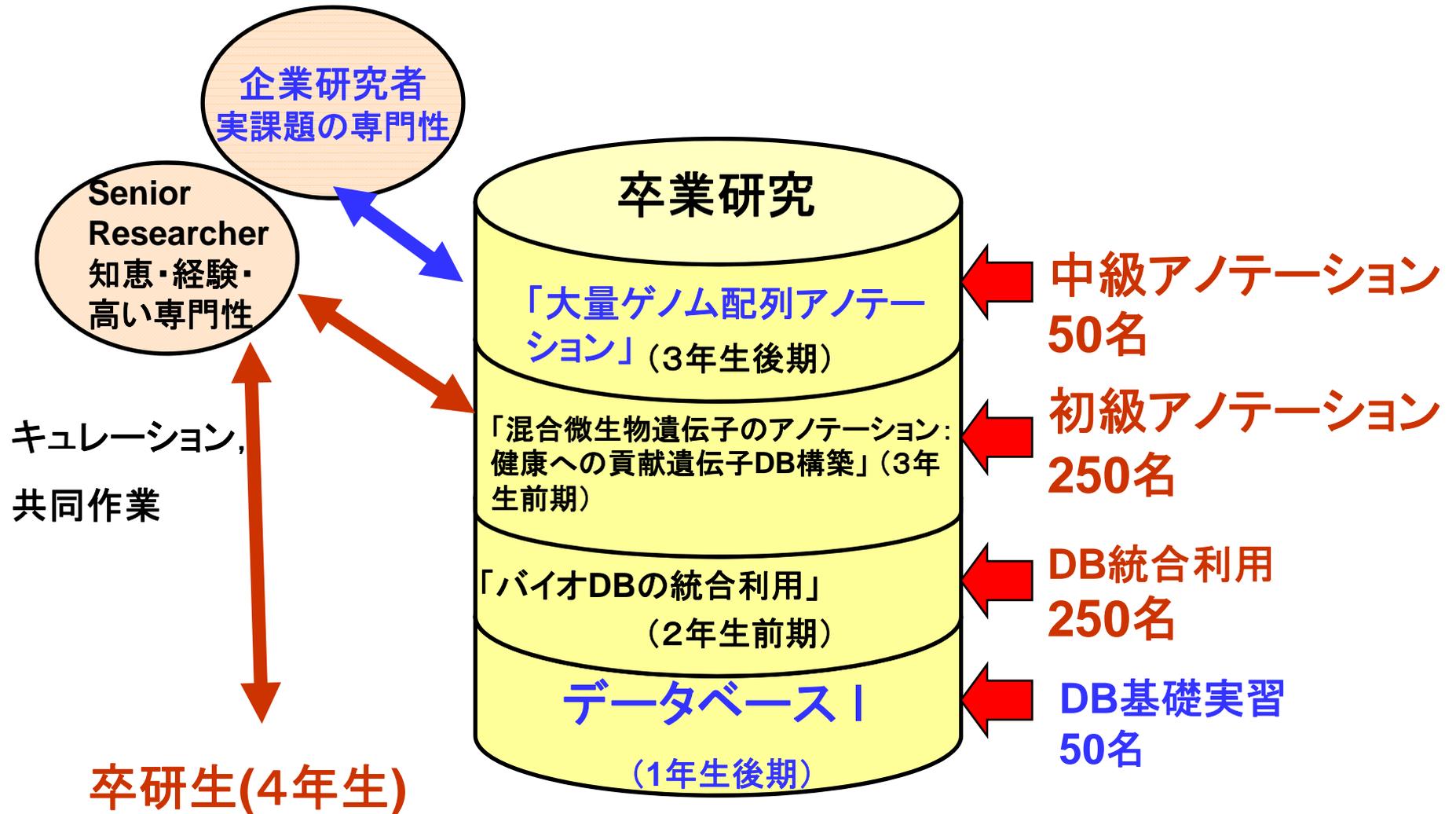


長浜バイオ大本年度の主な変更点

1) 長浜バイオ大では、本年の4月よりコンピュータバイオサイエンス学科を新設し、実習として「データベースI・II・III」を設けたことに伴う変更。本年度は1回生の後期実習DB-Iのみ。

2) 次世代シーケンサの登場に伴う、塩基配列の超大量化の時代に対応したアノテータ・キュレータの教育。3回生の後期実習。

人材育成 (アノテーション・キュレーション実習)



「自己組織化マップによる混合微生物遺伝子アノテーション」 1名

「tRNA遺伝子DB」 1名: 「統合TV作成」 1名

統合DBセンターと相談して決めた基本的な方針

使用するテキストは、実習過程で生じる諸問題を基礎に、他大学や個人が自習できるていどに丁寧な教材を作成する。

作成したDBは、シニア世代の専門家等の協力を得て、公開し、利用価値の高いものを目指す。シニア世代をキュレータとする。

- コンピュータバイオ1回生(約50名)の実習では、DB作成を行える人材養成を目標にしたDB利用。
- 2回生と3回生全員(約250名)への実習では、バイオとコンピュータの両方が出来る学部卒レベルの人材の、バイオの実験系の研究室と産業界への提供を主たる目標とする。
- 生命情報コースの約50名: 大量ゲノム配列アノテーションが行える人材の養成。統合DBセンターやそれと連携する組織、並びに大量配列解析を行う公的機関や企業で必要とする人材の養成を視野に入れる。
- 卒研究生の数名: シニア世代の専門家との共同作業により、品質の高いDB「専門家のキュレートしたtRNA遺伝子DB」等の構築。シニア世代をキュレータとする活動。統合TVの作成。

コンピュータバイオの1回生用の「**データベース I**」実習
統合DBセンターやJSTで作成している
ポータルサイトやコンテンツ「**生物アイコ
ンデータベースシステム**」、「**Webラー
ニングプラザ**」、「**蛋白質核酸酵素全
文検索サービス**」、「**バイオインフォ道
具箱**」、「**バイオ分野で便利なデー
タベース類**」、「**アナトモグラフィ**」等を
積極的に利用し、その利用に関する
実習教材を作成し公開する。

(昨年度の具体的な内容)

2回生(250人/年)

「バイオ分野のデータベースの統合的な利用」

- バイオ分野における多様なデータベースの存在を理解し、その内容を理解する。
- 複数のデータベースを統合的に利用し、有用な情報を抽出・整理することの重要性を理解する。

具体的には、Wing Pro, Jabion, DDBJ, ヒト統合ボ
ディマップ, 統合TV、NBRP(文部科学省ナショナルバイオリソースプ
ロジェクト)、

等を利用して、実習を行っている。

(昨年度の具体的な内容)

3回生 前期(250人/年): 初級アノテーション 「健康への貢献遺伝子データベース構築」

抗生物質や機能性健康食品素材の生合成経路を構成する遺伝子類を、各学生が独自に想定して、環境生物試料に関するメタゲノム解析で得られた大量な配列を対象に、**公的データベースにおいて機能が特定されていない1700万件以上の遺伝子候補に着目して、配列相同性検索等で想定した遺伝子を探索した。探索遺伝子の機能や生物系統、遺伝子の開始や終止位置、既知遺伝子との相同性のレベルに関する情報等を付加し「健康への貢献遺伝子データベース」へと登録した。**

他大学の学生や、興味を持った一般市民にも探索が出来るように丁寧なテキストを作成した。更に、**日本遺伝学会**、**びわこ環境ビジネスメッセ**、**日本分子生物学会**、**日本ゲノム微生物学会**等に於いて、口頭発表やポスター発表を行い、興味を持った人へテキストの配布並びに探索手順の操作説明を行った。LSDBのWebサイトや公開中のデータベースからもテキストをダウンロードできる。

昨年度の3回生が設定したテーマ

- アトピー性皮膚炎の免疫抑制剤 ←
- アレルギー治療薬(免疫抑制剤)
- アンチエイジング
- アンチエイジング(骨粗鬆症予防薬) ←
- 胃腸薬
- インフルエンザ治療薬
- 風邪薬
- アルツハイマー治療薬
- 花粉症治療薬
- 髪の毛の状態維持
- 気管支喘息・C型肝炎
- 機能性食品・睡眠促進
- 機能性食品素材
- 筋肉増強剤
- 血管新生阻害抗体
- 血管新生を促すサイトカインの阻害剤
- 健康機能食品
- 抗アナフィラキシー薬(抗急性アレルギー反応)
- 抗ウィルス薬
- 抗ガン剤
- 抗寄生虫剤
- 抗脂血作用
- 抗腫瘍薬 ←
- 高血圧治療薬 ←
- 抗HIV治療薬
- 抗うつ剤
- 抗炎症効果サプリメント
- 抗炎症作用、抗腫瘍作用
- 抗癌剤
- 抗寄生虫薬
- 抗結核剤
- 抗血栓
- 抗真菌薬
- 抗酸化剤
- 抗腫瘍薬
- 抗ストレス剤
- 抗生物質
- 抗糖尿病剤
- 更年期障害 ←
- 抗肥満
- 抗マラリア剤
- 抗HIVウィルス薬
- 抗インフルエンザ剤
- 骨粗鬆症治療薬
- コラーゲン
- 再生医療素材
- サプリメント
- 寿命延長、テロメラーゼ阻害剤
- 消炎酵素剤
- 視力回復
- 睡眠薬
- ステロイド剤
- ぜんそく治療薬
- ダイエット、肥満
- 点眼薬
- 糖尿病治療薬
- 認知症薬
- パーキンソン病治療薬
- 白血病治療薬
- ピオフェルミン
- 微生物由来縫糸
- 微生物由来のスポーツドリンク
- 美白成分
- 肥満抑止剤
- フィラリアの駆虫薬 ←
- スキンケア
- メラノサイト増殖抑制剤
- 免疫抑制剤
- リウマチ薬
- 臨床検査試薬

約5000の遺伝子を発掘

テーマ 環境	抗癌剤	抗生物質	アンチエイジング	アトピー性皮膚 炎症治療薬	花粉症治療薬	機能性食品素材	臨床検査試薬	(合計)
ハワイ沖海水	1	2						3
鯨骨微生物(深海)	80	61	44	4	7	16	7	219
ミネソタ土壌	122	161	55	3	15	18	2	376
マディソン土壌	44	40	20	2	4	5		115
プリズベン土壌	40	24	38	9	5	7	8	131
ヒト腸内	219	254	130	62	15	14	7	701
マウス腸内	25	43	33	4	6		3	114
シロアリ腸内	37	50	15	2	1	4	6	115
その他	11	62	26	7	2	7	2	117
(合計)	579	697	361	93	55	71	35	1,891

Welcome Guest

メインメニュー

ホーム
データ閲覧
既知遺伝子(様式1)
新規探索遺伝子候補(様式2)
新規登録
テキストダウンロード
ユーザープロフィール

ログイン

ユーザー名:

パスワード:

パスワード紛失

新規登録

トップ > Abstract

Counter: 2258, today: 12, v

[新規データ登録ページ](#) ◀▶ [PCB分解](#)

持続可能型社会への貢献遺伝子データベース "Database for Genes Contributing to Sustainable World"

■テーマ

持続可能型社会に貢献するテーマを下から選択して下さい。

[PCB分解](#) [CO2固定](#) [農薬分解](#) [バイオエタノール](#) [環境ホルモン分解](#) [石油分解](#)
[土壌浄化](#) [重金属除去](#) [ダイオキシン分解](#) [プラスチック分解](#) [有機リン除去](#) [水質浄化](#)
[硝酸性窒素除去](#) [光化学スモッグ](#)

・全テーマの一覧はこちら

[既知遺伝子\(様式1\)](#)

[新規探索遺伝子候補\(様式2\)](#)

テキストのダウンロードが可能。他大学や高校や
企業への出前実習も可能。

● 既知遺伝子 画面の一例 (バイオエタノール生産)

		私のコメント
テーマ	セルロース分解	
検索項目(キーワード)	セルロース分解 acetobutylicum cellulase	
遺伝子orタンパク質名	セルラーゼ	
遺伝子orタンパク質の英語名	Endoglucanase precursor (EC 3.2.1.4) (Endo-1,4-beta-glucanase) (Cellulase).	
遺伝子の略号	eglA	
遺伝子やタンパク質の機能や特徴	エンドグルカナーゼ先駆体(EC 3.2.1.4)(エンド-1.4-ベータ・グルカナーゼ)(セルラーゼ)	
functions and characteristics		
UniProt/Swiss-protのAC(アクセッション番号)	P15704 新規探索遺伝子候補(様式2)	
所属	長浜バイオ大	
グループ名	Hibino Takanori/ Hirano Shinya/ Hirose Takamasa/ Maeda Rie/ Matumoto Takuya/ Miwa Kazuhiro	
コメント		

●新規探索遺伝子候補 画面の一例(バイオエタノール生産)

コメントの入力が可能  私のコメント

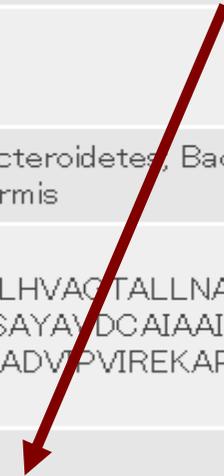
テーマ	セルロース分解 acetobutylicum cellulase
遺伝子orタンパク質の英語名(レポート様式1の遺伝子名と同じものを入れる)	Endoglucanase precursor (EC 3.2.1.4) (Endo-1,4-beta-glucanase) (Cellulase).
遺伝子の略号(レポート様式1と同じものを入れる)	eglA  探索したメタゲノム配列のアクセッション番号
ACCESSION #	AATF01009191
環境由来	organism="mouse gut metagenome"
ストランド(Frame)	+2  読み枠
相同性が得られた領域の開始位置	134
相同性が得られた領域の終止位置	709
一致率(%)	73  一致率
カバー率(%)	45  カバー率
E Value	1e-27  E-Value

全長配列	797
予測された遺伝子領域の配列長	693
予測された遺伝子領域の開始位置	50
予測された遺伝子領域の終止位置	741
相同性検索から予測される種名	cellular organisms; Bacteria; Bacteroidetes/Chlorobi group; Bacteroidetes; Bacteroidetes (class); Bacteroidales; Bacteroidaceae; Bacteroides; Bacteroides uniformis
遺伝子領域のアミノ酸配列	> c Sequence 1 ORF:50..742 Frame +2 MKKHLLCLAIAGALVATTFSCGNSSKTASTSDTDSTATATVSPLHVAC TALLNAEGDTVRLTGPSLGWHS NWGRFYNEGTLRALKEKWGANVTRAAIGAHESGDCVRTFDTDSAYAYDCAIAAIDGAIANDMYIICDWHS HNNTAEDAkkFFKVITEKYGDSPNIIYEIWNPEPLDVEWVGKVEYAADVVPVIREKAPSSVIVGTPKWQDQ DVDVAAESPIEGKKPHVCPST
遺伝子領域の塩基配列	> c Sequence 1 ORF:50..742 Frame +2 ATGAAAAAGCATCTGCTGTGCTCGCCATCGCGGGGGGCACTCGTGGCCACGACCTTCTCGTGTGGCAATT CCTCAAAAACATGCTGACCTCCGATACCGACTCTACCGCTACAGCCACAGTAAGCCCGCTCCATGTGCGC CGGGACAGCTCTGCTTAATGCCGAGGGTGACACCGTGAGGCTCACAGGTCCGTCGCTCGGATGGCATTCC AACTGGGGACGGTTCATAACGAGGGTACCCTGCGCGCCCTCAAAGAGAAGTGGGGCGCCAATGTGACAC GTGCCGCCATCGGCGCACACGAGAGCGGTGACTGCGTGAGAACGTTTCGACACCGACTCGGCCTATGCTGT CGACTGCGCCATAGCAGCCATCGACGGTGCCATCGCCAACGATATGTACATCATCTGCGACTGGCACTCC CACAACAACACCGCCGAGGACGCTAAGAAATTC TTCAAAGTCATCACAGAAAAATACGGAGACTCGCCCA ACATCATATACGAAATCTGGAACGAGCCCTCGATGTGGAATGGAGCGGAGTGAAGGAATATGCCGCCGA CGTGATTCCCGTGATACGTGAGAAAGCTCCCTCATCGGTTCATCATAGTGGGAACACCCAAGTGGGACCAG GATGTGACGCTGGCTGCTGAAAGCCCTATCGAGGGAAAGAAACCTCATGTATGCCCTCCATT
ご所属	長浜バイオ大
お名前	Hibino Takanori/ Hirano Shinya/ Hirose Takamasa/ Maeda Rie/ Matumoto Takuya/ Miwa Kazuhiro

既知生物種との類縁情報



メタゲノム配列データより新規探索した遺伝子候補の塩基配列



探索者の所属・名前入りで登録



(昨年度の具体的な内容)

3回生 後期(50人/年): 中級アノテーション 「微生物ゲノムのアノテーション」

- ゲノムアノテーションでは、同じ操作(例えば相同性検索や配列の切り出し操作等)を多数回繰り返す必要がある。このような繰り返し操作は、プログラムを作成して一括処理するのが望ましいので、独自にプログラムを作成して手作業の部分を減らすようにする。
- プログラムの作成が出来るようにする為に、本ゲノムアノテーション実習を始める前に、準備として以下のUNIXを使った操作を習得させる。
 - ・ UNIX入門(ディレクトリ構成, テキスト関連のUNIXコマンド, ネットワーク関連のコマンド等)
 - ・ テキストエディタ(vi)の使い方と簡単なcsh(シーシェル)の実習
 - ・ Cシェルスクリプトを使った一括処理
 - ・ Bioinformatics用ソフトウェアのインストール(BLAST, Glimmer, ps_scan, Rasmol, ClustalW, NJprot 等)

本年度は大量ゲノム情報のアノテーションを学ぶ。

学部生とシニア世代の共同作業としての高品質DBの作成

tRNA遺伝子DB

エキスパートRetired(?)ScientistsがキュレートしたtRNA遺伝子DB

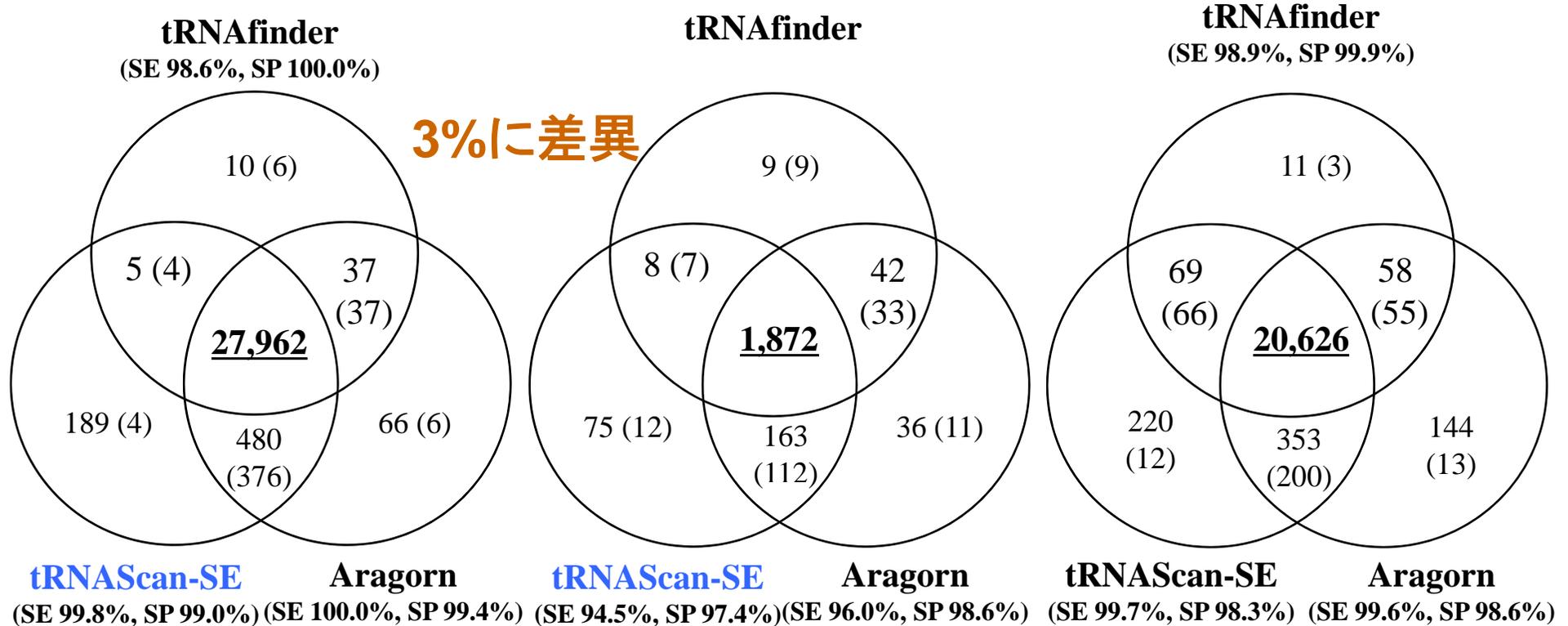
<http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp>

阿部貴志、池村淑道、小原康雄、上原啓史、
(平野、中泉)、木ノ内誠、金谷重彦、武藤昱、
山田優子、井口八郎

a) Complete genome, Bacteria

b) Complete genome, Archaea

c) Draft genome



28,448 reliable genes

2,096 reliable genes

20,975 reliable genes

53 essential genes undetected by computer programs were added.

40 essential genes undetected by computer programs were added.

Numbers in Venn diagram show numbers of tRNA genes found by individual programs, and those in parenthesis show numbers after manual checks by experts. Abbreviations: SE, sensitivity level ; SP, specificity level.

Figure 2

真正細菌での不足必須tRNA遺伝子の探索

1. プラスミド等に含まれていないか。(9件)
2. イントロンを持つ可能性は？(38件、系統に特異的で系統分子マーカーとして有用)
3. とりあえずクローバ構造を組めそうな候補がないか。
4. 近縁種に存在していれば、その近縁種tRNAを用いて、相同性検索を実施。
5. 文献情報も追加。

tRNADB-CE: tRNA gene database curated manually by experts, "Retired (?)Scientists"

[Top](#) | [Keyword](#) | [BLAST](#) | [Download](#) | [HOW TO USE](#)

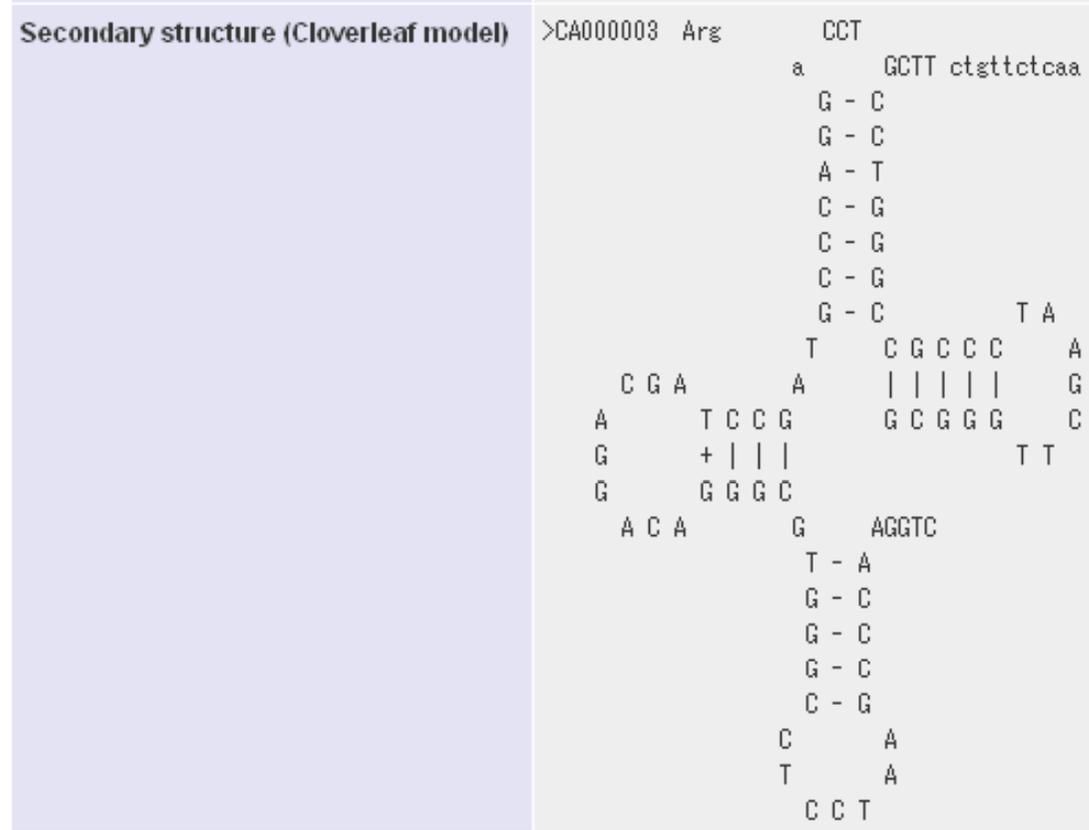
Introduction <http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp/>

The tRNA Gene DataBase Curated by Experts "tRNADB-CE" was constructed by analyzing 543 complete and 394 draft genomes of Bacteria and Archaea and approximately 6.2 million DNA sequence entries that originated from environmental metagenomic clones. This exhaustive search for tRNA genes from DDBJ/EMBL/GenBank was performed by running **tRNAscan-SE**, a computer program widely used for tRNA gene searches, in combination with **ARAGORN** and **tRNAfinder**, to enhance completeness and accuracy of the prediction. Discordance of assignment by these three programs was found for approximately 4 % of the total of tRNA gene candidates. These discordant cases were manually checked by experts in the tRNA experimental field.

The 144,061 tRNA genes in total (30,544, 20,975 and 92,542 genes from complete genomes, draft genomes, and metagenomes, respectively) were registered in the present database; and sequence information, clover-leaf structure, and results of homology search among tRNA genes can be browsed. For each of the completely sequenced genome, the number of anticodon and the codon usage frequency and the positioning of individual tRNA genes in each genome along with those of neighboring tRNA genes can be browsed. In the database, users can conduct various sequence analyses including sequence homology search and oligonucleotide pattern search. This comprehensive database should contribute to various studies of tRNA gene evolution and diversity and of tRNA molecular biology. In the future, we will add all eukaryotic tRNA genes under the collaboration of experts of various eukaryotic tRNA research fields.

***Nucl. Acids Res.*, 37 (DB issue), D163-168, 2009.**

Species	Archaeoglobus fulgidus DSM 4304
Number of tRNA on genome	2
Start position on genome	367982
End position on genome	368058
Amino Acid	Arg
Anticodon	CCT
Upstream region at tRNA start position	ctggaaaga
tRNA gene sequence	GGACCCGTAGCCTAGCAGGACAGGGCGTGGGCCTCCTAAGCCCAAGGTCGCGGGTTCGAA TCCCGCCGGGTCCGCTT
Downstream region at tRNA end position	ctgttctcaa



予想しなかった効果
シニア世代の提案
によるデータベース
機能の強化

約14万件のこの種
のデータが収録して
あるだけでなく、それ
らの全tRNA配列に
対する**相同性検索**
や、ループやステム
部分を指定した**オリ
ゴヌクレオチド検索**
が可能。**アンチコドン**
と**コドン**テーブルの
比較

自己組織化マップによる混合微生物遺伝子アノテーション

- インフルエンザ A型ウイルスの全ゲノム配列の俯瞰的可視化と感染の時系列変化の可視化 (1名の卒研究生)。
- 環境微生物由来の約1,000件の有用遺伝子候補の、配列相同性検索によらない生物系統の推定 (1名の卒研究生)。

H21年度の新たな取り組みで既に日程まで決定済み

講習会型ミニシンポジウム(日本遺伝学会)の開催。

テーマは、「自分が興味を持つ遺伝子がどの範囲の環境微生物に存在するのかをデータベースから探索する方法;環境微生物ゲノム配列からのお宝遺伝子発掘の学部や高校教育における活用」。

高校生(1~2年後の学部生)を対象にした講習会の開催(学振のひらめき・ときめきサイエンスプロジェクト)。

テーマは、「生命の謎にコンピュータで挑戦 ~バイオ分野のデータベースの利用~」。

データベースに登録されている環境微生物ゲノム配列からのお宝遺伝子発掘。

JSTへ申請中:学生と一般とシニア世代群の共同作業でDB作成