

長浜バイオ大の本年度の主な変更点

1)本年度よりコンピュータバイオサイエンス学科を開設し、実習として「DB-I・II・III」を設けた。本年度は1回生約50名のDB-Iを終えた。実験と情報解析の両方を習得した人材の育成を目指して、「バイオ技術に関する統合的なDB」を作成するために、各学生が3種類程度の技術を独自に設定し情報収集し、簡単なRDBへ登録を行った。原理、プロトコル、使用した実験例、機器類の画像、操作の動画を収集。

自習用テキストを公開予定。

来年度は、DB-IIでMySQLを習得させる。

学生 (1回生)の各自が選択したバイオ技術用語

- キサントプロテイン反応 / シーケンス / ヒトゲノム計画 (岡本将典)
- Lowry法 / 画線培養 / 形質転換 (森慎太郎)
- キレート滴定 / パッチクランプ法 / マイクロアレイ (村瀬悠平)
- 遺伝子組換え技術 (白川大樹)
- ウインクラー法 / 塩素イオン電極法 / 比色法 (岩井啓祐)
- タンパク質生合成 (前田慧汰)
- 等電点電気泳動 / 二次元電気泳動 (木村遼)
- SDS-PAGEのゲルの電気泳動 / RNA干渉法 / リアルタイムPCR (松本歩美)
- 無菌操作 / 滅菌 / 画線培養 (小倉歩)
- PHの測定 (片桐裕文)
- PCR法 / アガロース・ゲル電気泳動 (西澤太郎)
- ポリアクリルアミドゲル電気泳動 / 二次元電気泳動 / ウェスタンブロットティング (橋本瞳)
- パーティクルガン法 / アグロバクテリウム (坂本光清)
- アガロース・ゲル電気泳動 (日比野嵩之)
- Bradford法 / BCA法 / Lowry法 (草野裕樹)
- タンパク質構造予測 (新川雄也)
- 二次元電気泳動 / サザンブロットティング / ウェスタンブロットティング (田辺和彦)
- 吸光光度法 / ライゲーション (松村研哉)
- アガロースゲル電気泳動 / リン酸イオン濃度測定 (岩田大樹)
- プロテオーム解析 / PCR法 / マトリックス支援レーザー脱離イオン化法 (前田紋見)
- 形質転換 (トランスフォーメーション) / 定性分析 / 酵素反応速度 (尾上和也)
- 画線培養 (北田幹)
- ウインクラー法 / PCR法 / 形質転換 (饗場勇人)
- アポトーシス / 制限酵素 / アガロース・ゲル電気泳動 (白露卓哉)

今まで原理を
理解していな
かった技術、
気になっていた
技術、興味
を持っていた
技術、将来性
がありそうな
技術等を選択
していた。

消化不良
の解消。

学生 (1回生) が選択したバイオ技術用語 (つづき)

- ペニシリン (高橋昌也)
- Lowry法 / DO測定 / アガロース・ゲル電気泳動 (岩熊 宏和)
- 生物化学的酸素要求量 / 化学的酸素要求量 (若松信孝)
- ホモロジーモデリング法 (川端美貴)
- pHメーター (秋丸小百合)
- 遠心分離 / 電気泳動 / 炎色反応 (新堂智也)
- 形質転換 / エレクトロポレーション法 / パーティクルガン法 (岡田一樹)
- 液体培養 (鍛冶詩織)
- 形質転換 / 緑色蛍光タンパク質 (大和典正)
- PCR法 / アガロースゲル電気泳動 (伊藤功征)
- 電気泳動 (青木研一郎)
- 核磁気共鳴分光法 / MALDI法 (秋葉太貴)
- 形質転換 / アガロースゲル電気泳動 (松永崇志)
- マイクロアレイ / ゲルシフト・アッセイ / フローサイトメトリー (山本直弥)
- ELISA法 / ビウレット法 / 放射能・放射線 (香西力也)
- フェノール・クロロホルム抽出 / エタノール沈殿 (三宅雄大)
- 寒天培養法 / RT-PCR法 (松村泰地)
- DNAシーケンシング (柳生慶親)
- 制限酵素 (岡島正和)
- PCR法 / DNAの抽出法 / サンガー法 (馮麗利)
- ウェスタンブロットィング (五十嵐久美子)
- アガロースゲル電気泳動 / 電気浸透 / ゲルシフトアッセイ (吉野竜司)
- オートクレーブ・電気泳動装置 (小川圭祐)
- 制限酵素 (中村卓人)

発表にも重点を置いた。

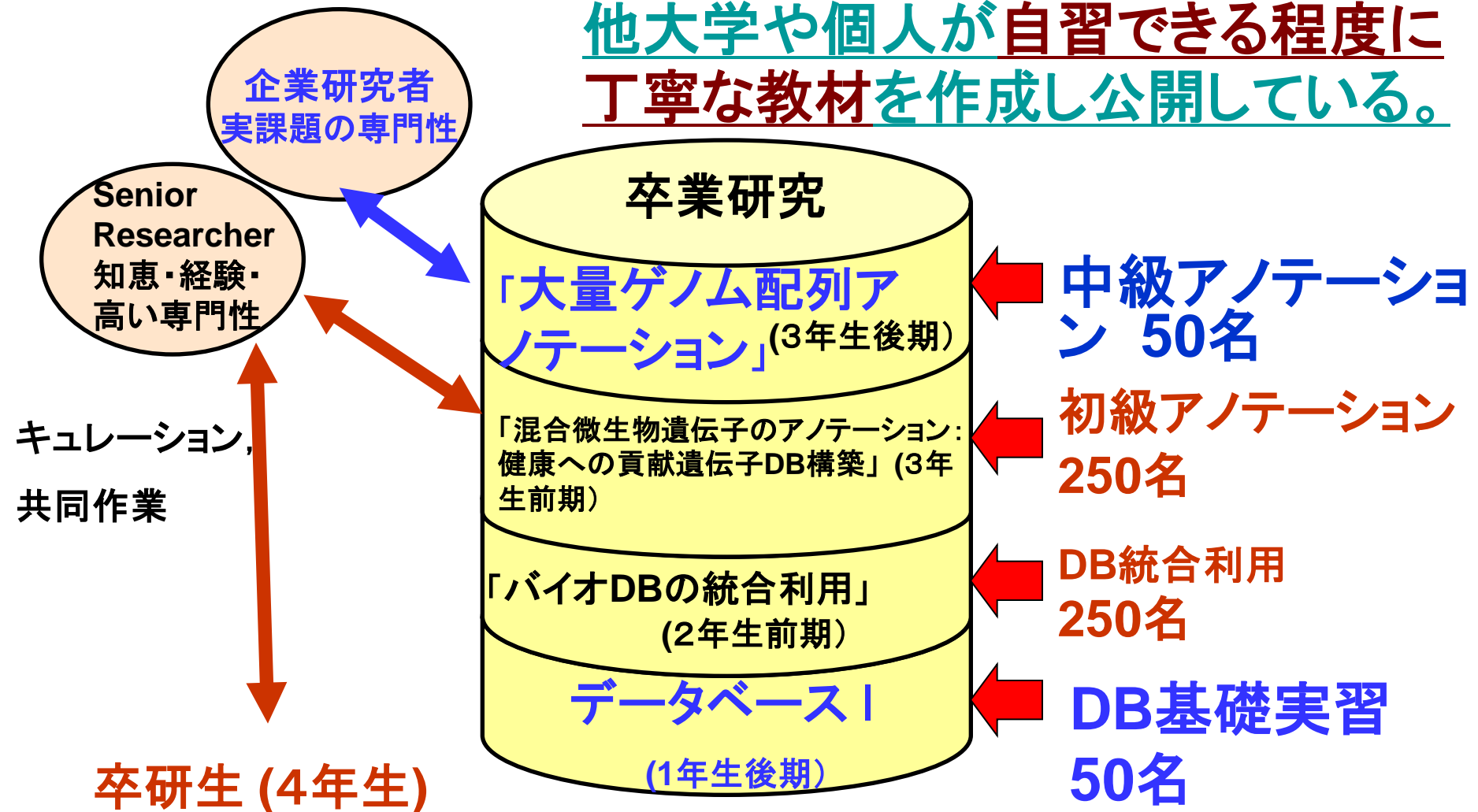
皆で賢くなろう。

来年度はポスター発表と学生間での相互評価を加える予定。

変更点の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・キュレータの教育を3回生約50名の実習に導入。NAISTから入手した、バクテリアの配列約700万本を具体的な対象にし、DDBJの中村・神沼氏と連携を取りながら、世界的に普及している「貼り付け用」ソフトを使用。UNIX, Perl, AWK, シェル・スクリプトの習得(何故必要なのかを納得する)。来年度はアッセンブルに挑戦の計画。

人材育成 (アノテーション・キュレーション実習)

他大学や個人が自習できる程度に
丁寧な教材を作成し公開している。



卒研究生 (4年生)

「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

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。

- 他大学が作成しているDBへの支援を通じて、DB作成における責任感を実感させる。NAISTが作成している代謝物DBと関係した、LunchBox (食用植物のDB) へのデータを提供済み。学生名入りで公開予定。来年は食用動物。

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200万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、日本生化学会、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。

反響として、他大学での実習に取り入れたとの意向があるので、積極的な支援を行う。

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
- ビオフェルミン
- 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

健康への貢献遺伝子データベース "Database for Genes Contributing to Human Health"

テーマ

健康に貢献するテーマをこちらで表示。

データベース概要

健康への貢献を想定して、世界で進行している環境生物試料に関する大規模シーケンシング(メタゲノム解析)で得られた大量な塩基配列を対象に、公的データベースにおいて未だ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、想定した遺伝子の探索を試みています。
ご興味を持って頂いた方が、ご自宅からでも参加可能な丁寧な**テキスト**を用意しています。この**テキスト**を用いれば、高機能なコンピュータが無くても、特定の酵素や遺伝子、それらに関連する遺伝子類に関して、膨大な環境由来ゲノム(メタゲノム)配列データからの探索が可能となります。学生が発掘した遺伝子群や、皆様が発掘された遺伝子群に関して、相互に情報交換を持ちながら知識発見を行い、集合知の形成を目標に学生の個人名や皆様のお名前入りで、公開を行っています。

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。(遺伝学会、生化学学会、分子生物学会に於いて)
テキストの採用: 東邦大学 理学部、他一件。
出前実習: 松本大学 2010年6月(予定)

実習の自習用教材

統合DBセンターやJSTが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**」、「**バイオインフォ工具箱**」、「**バイオ分野で便利なデータベース類**」、「**アナトモグラフィ**」、「**統合TV**]等を積極的に実習に利用し、その**利用に関する自習用教材**を作成し公開している。

バイオ分野の統合データベースの 高校生への啓蒙活動

環境の改善に役立つ、お宝遺伝子の探索(実習)

- 文科省・ひらめきときめきサイエンス(長浜バイオ大), 2009年8・10月.
- 岐阜県立 大垣東高等学校(岐阜), 2009年7月.
- 滋賀県立 虎姫高等学校(本学), 2009年9月.
- 岐阜県立 岐阜農林高等学校(岐阜), 2009年11月.

統合DBの紹介を含む模擬授業の実施

- 滋賀県立 水口東高等学校(滋賀), 2009年7月.
- 京都府立 福知山高等学校(京都), 2009年10月.
- 京都府立 朱雀高等学校(京都), 2009年10月.
- 京都私立 東山高等学校(京都), 2009年11月.
- 京都府立 園部高等学校(京都), 2009年11月.
- 岐阜県立 岐阜農林高等学校(岐阜), 2009年12月.
- 滋賀県立 大津高等学校(滋賀), 2009年12月.
- 京都府立 綾部高等学校(京都), 2010年2月(予定).
- 滋賀県立 長浜北星高等学校(滋賀), 2010年3月(予定).

高校生向けに自習
可能なテキストを
作成し配布

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、三崎、木ノ内誠、金谷重彦、武藤昱、山田優子、井口八郎

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	cttgaaaga
tRNA gene sequence	GGACCCGTAGCCTAGCAGGACAGGGCGTGGGCCTCCTAAGCCCAAGGTCGCGGGTTCGAA TCCC GCCGGGTCCGCTT
Downstream region at tRNA end position	ctgttctcaa
Secondary structure (Cloverleaf model)	>CA000003 Arg CCT a GCTT ctgttctcaa G - C G - C A - T C - G C - G C - G G - C T A T C G C C C A C G A A G A T C C G G C G G G C G + T T G G G C A C A G A G G T C T - A G - C G - C G - C C - G C A T A C C T

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

配列データを収録して
いるだけでなく、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。系統マーカーと
なる同一配列グループ
の**特定**。

高機能画像のDBへの導入

自己組織化マップ(BLSOM)による 微生物遺伝子解析と可視化

インフルエンザ A型ウイルスを含む全ウイルス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名の卒研究生とM1)。

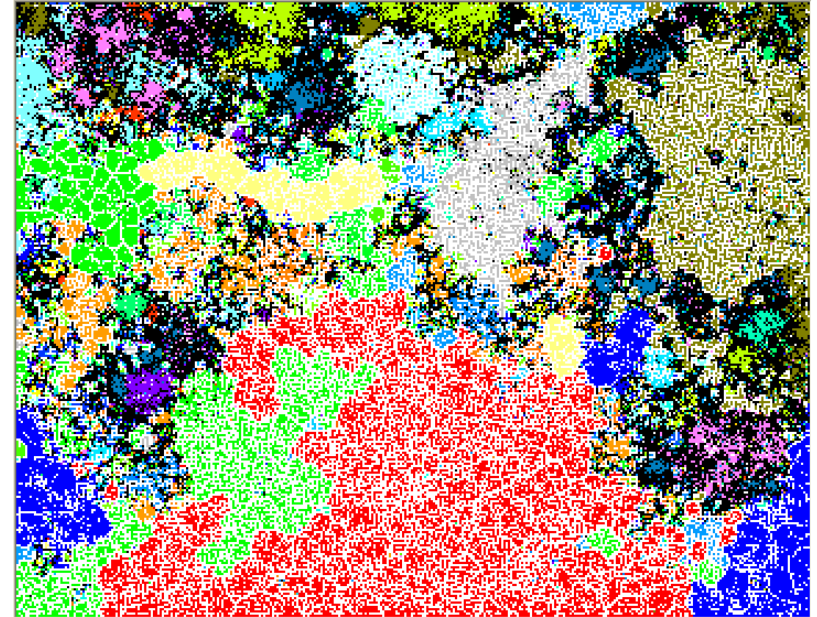
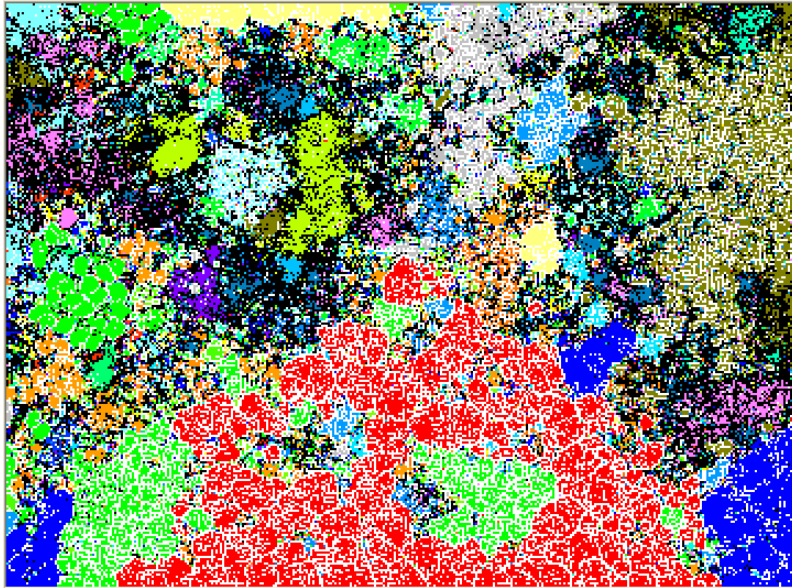
変化の方向性が予測できる？。

来年度：新型インフルエンザゲノム配列の変化予測結果のDB化

全ウイルスを対象としたBLSOM解析(500b)

3連続塩基頻度

4連続塩基頻度

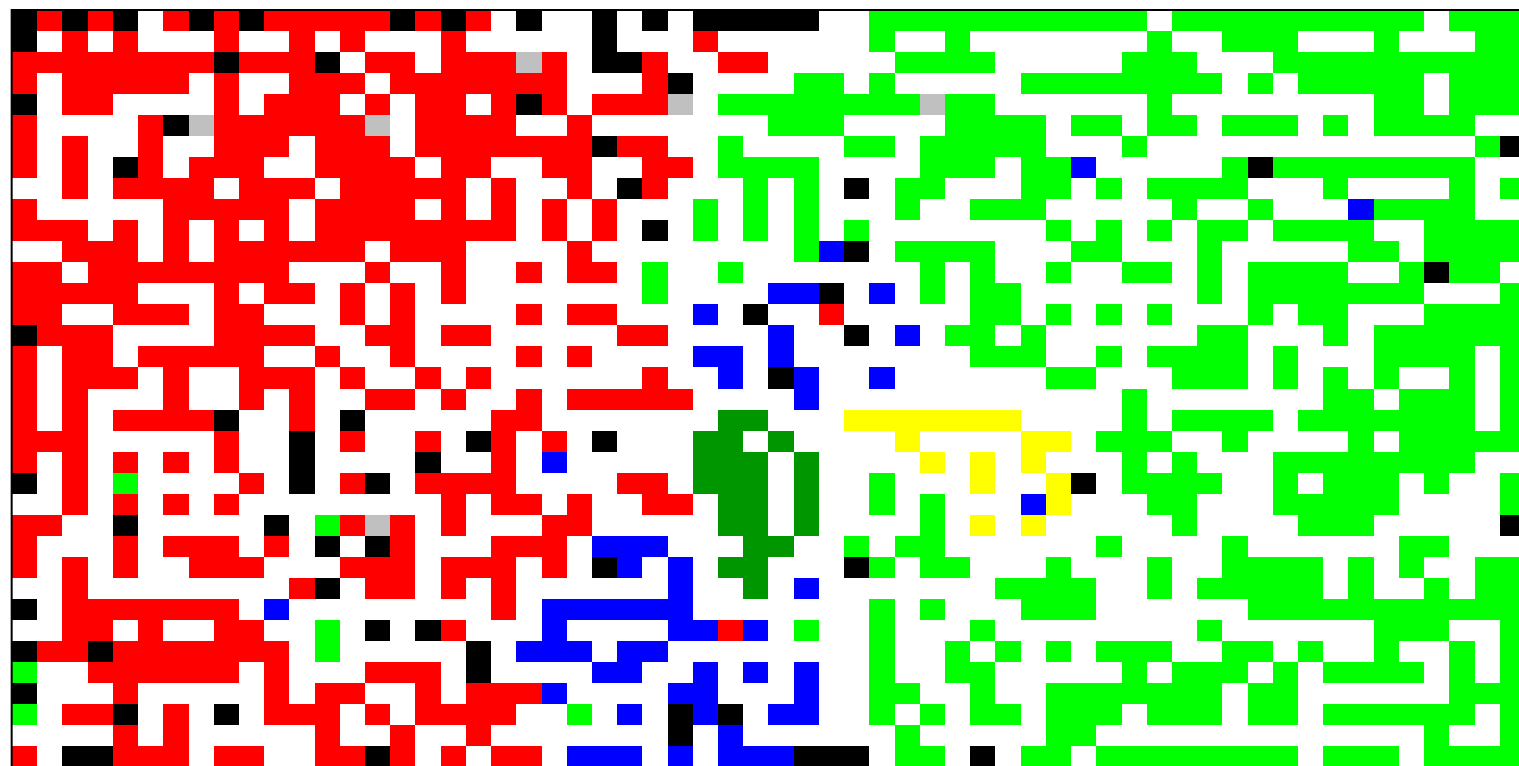


Order
■:Orthomyxoviridae
■:Herpesviridae
■:Hepadnaviridae
■:Retroviridae
■:Flaviviridae
■:Siphoviridae

Family
■:Coronaviridae 他71 families
■:Poxviridae
■:Picornaviridae

GIB-Vに登録されている全ウイルスゲノム(43,828件)配列を500bごとに断片化した390,727配列の4連続塩基頻度のBLSOM。格子点が単一のfamilyの配列みで構成されていた場合には、カテゴリー別の色で着色し、複数のfamilyが混在している場合には黒にしている。

全インフルエンザAウイルス5350株を対象とした 4連続塩基頻度に基づいたBLSOM解析



■ : Avian, 1948株 ■ : Human, 2955株 ■ : **新型** ■ : Equine, 68株
■ : Swine, 249株 ■ : Other (Seal, Tiger etc), 130株

単一の宿主生物に由来する配列のみが分離していた格子点は宿主カテゴリー別の色を着色し、複数の宿主由来配列が混在している場合には黒で示している。どの配列も分類されていない格子点は白色。

感染宿主ごとにウイルスゲノムの特徴が異なっていた。

全インフルエンザAウイルス5350株を対象とした Codon使用頻度を用いたBLSOM解析



■ : Avian ■ : Human ■ : Equine ■ : Swine ■ : Other

人材育成

- 1回生ならびに、2回生と3回生全員（約250名）への実習では、**実験と情報処理の両方**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**する。
- 生命情報コース（コンピュータバイオ学科）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。

来年度に新たに加える活動として、**高機能画像技術（立体視）のDBへの活用。**