

長浜バイオ大学2010年度計画

長浜バイオ大学

2010/06/02

長浜バイオ大学2010年度計画

1. 初級・中級アノテーション

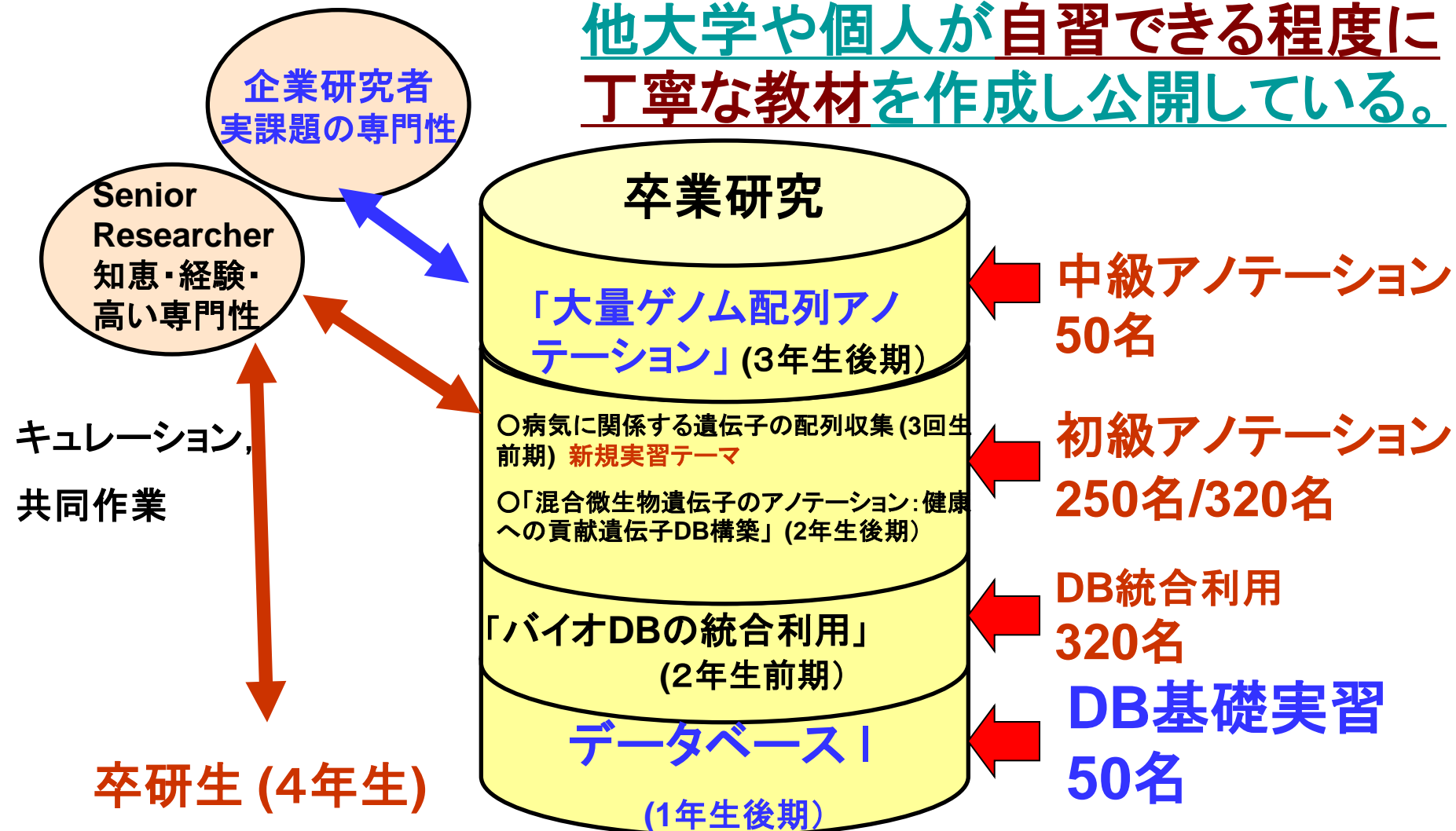
- 集合知形成型の実習形態の確立を目指した教材作成・公開、ならびに、実習の実践
- 集積された情報、ならびに、テキストの公開
- 学会等での広報、他大学での出前実習の実施

2. シニア研究者と学部生とのアノテーション・キュレーションコミュニティモデルの形成

- tRNA遺伝子データベース (tRNADB-CE) 拡充
- 環境・健康に貢献する環境由来の有用タンパク質遺伝子の収集・精査とそのDB公開

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。



「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」 2名

「tRNA遺伝子DB」 1名: 「統合TV作成」 1名

初級アノテーションの教材作成と公開 (1)

1. バイオサイエンス分野におけるDBの統合的な利用

- (2回生320名, 2010/04 ~ 2010/05, 6コマ、実施済)
- 改定版テキストの公開 (~2010/09)、収集情報の公開 (2010年度末)
- 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 を利用した実習。DBコンテンツ作成を通じて、DB作成における責任感を実感させる。

2. 環境由来メタゲノム配列からの環境・健康に関する有用遺伝子探索

- (2回生320名, 2010/10 ~ 2010/12, 14コマ, 後期に実施する)
- 改定版テキストの公開 (~2010/09)、収集情報の公開 (2010年度末)
- 自己組織化マップを用いた環境生物種類等のアノテーション結果の公開
- 前年度に学生が収集したデータをシニア研究者が精査を実施中
- 前年度までと同様に、学会等での宣伝を通じ、他大学での本実習テキストの利用促進を図る (中央大学、東邦大学、松本大学等から問い合わせあり)

初級アノテーションの教材作成と公開 (2)

1. (新規) 病気に関係する遺伝子配列の収集

- (3回生250名, 2010/06~2010/07, 14コマ, 前期に実施する)
- 「次世代シーケンサー」の登場により、個人ゲノム解読も進行し、「テーラーメイド医療や予防医学」も現実化しつつある。学生の関心も高い「ヒトの病気に関係する遺伝子配列情報」の取得、ならびに知識集積をDB化する実習を行う。
- テキストを作成し公開する(~2010/09)

2. バイオ技術データベース構築の実習 (前年度から開始)

- 実験と情報解析の両方の知識と技術を備えた人材の育成を目指し、実験装置や実験技術に関するデータベースコンテンツ収集 (1年次50名、後期)、データベース構築 (2年次50名、後期)、システム開発 (3年次50名、次年度) を行う。情報収集、アノテーションから情報提供までを行える人材育成を目標としている。
- テキストを更新し公開する(~2010/09)
- 前年度に収集したコンテンツの公開 (~2010/09)

中級アノテーション教材の作成と公開

1. 大量ゲノム配列情報を対象にしたアノテーションのための情報抽出法の習得を目指し、次世代シーケンサー配列データの解析実習を前年度から開始

(3回生50名, 2010/10~2011/01, 20コマ, 後期に実施する)

- 前年度に作成した学内用テキストを学外用に改定し、公開を行う (~2010/09)
- Re-sequencing, ChIP解析やSNP解析などでは、リファレンスゲノムへのマッピングが重要となる。DDBJと連携し、次世代配列データに特化した有用なマッピングツール (SOAP, BWA etc) を使用し、大量配列データ利用技術習得を目標
- 次世代シーケンサー配列の生データからの形式変換などのハンドリングに必要な技術習得 (UNIX, perl, etc)、ならびに、リファレンスゲノムへのマッピング方法を中心とした実習の実施。
- アドバンスとして、アセンブルソフト (velvet) を利用

初級アノテーションの他大学や他 教育機関での出前実習と授業

- **環境・健康への貢献遺伝子探索用の教材を使用**
 - 松本大学 人間健康学部 健康栄養学科 (2010/09 実施予定日が決定)。
 - 前年度に引き続き、実習を含む講習会や授業を年度末までに数回実施する。
- **バイオ分野のデータベースの統合利用の教材を使用**
 - 滋賀県立 虎姫高校 (2010/09 実施予定日が決定)。
 - 前年度に引き続き、実習を含む講習会や授業を年度末までに数回実施する。

シニア研究者と学部生とのアノテーション・キュレーション コミュニティモデルの形成 (1)

- コミュニティ・知識継承モデル構築と広報活動
 - tRNA遺伝子データベース拡充
 - 解析するゲノム範囲の拡充と生物系統分子マーカーとしての活用のための基礎データ収集
 - メタゲノム解析由来の環境微生物ゲノムの拡充
 - 次世代シーケンサー配列データからの情報を追加
 - イネゲノムアノテーションDB(RAP)へのアノテーション情報提供 (提供サイトより公開済)
 - 前年度に引き続き、シニア研究者からの提案に基づく、データベース内の解析機能の拡充する

シニア研究者と学部生とのアノテーション・キュレーションコミュニティモデルの形成 (2)

- 有用遺伝子に関するキュレーション
 - シニア研究者の参加拡充
- ライフサイエンス分野の技術や装置に関するデータベースの作成。
 - 実験と情報解析の両方の知識と技術を持つ人材の育成を行う。産業界のシニア研究者を加えたコミュニティを形成し、産業に直結した知識のDB化と若手への知識継承を目指す。

有用遺伝子に関するキュレーション例: 抗生物質(構造による分類)

β-ラクタム系 (3) クラブラン酸 ペニシリンG セファロスポリン

アミノグリコシド系 (11) ストレプトマイシン カナマイシン ネオマイシン ゲンタマイシン トブラマイシン アストロマイシン パロモマイシン カスガマイシン クロモマイシン ジノスタチン リボスタマイシン

テトラサイクリン系 (2) テトラサイクリン デメチルクロルテトラサイクリン

クロラムフェニコール系 (1) クロラムフェニコール

マクロライド系 (12) エリスロマイシン キタサマイシン プリスタナマイシン エバーメクチン オレアンドマイシン ナタマイシン ノボビオシン ピクロマイシン アンサミトシン テリスロマイシン ナイスタチン リンコマイシン スピラマイシン

グリコペプチド系 (4) グラミシジンS ブレオマイシン テイコプラニン バンコマイシン

核酸系 (1) ピューロマイシン

キノロン系 (1) サフラマイシン

ポリペプチド系 (8) バシトラシン ポリミキシン アクチノマイシン エンラマイシンA カプレオマイシン サイクロセリン ダプトマイシン バイオマイシン

アントラサイクリン系 (3) アクラルビシン ダウノマイシン ドキソルビシン

アミノサイクリトール系 (2) スペクチノマイシン パクタマイシン

ステロイド系 (1) フシジン酸

ピロールニトリン系 (1) ピロールニトリン

ホスホマイシン系 (1) ホスホマイシン

マイトマイシン系 (1) マイトマイシン

ポリケチド系 (1) ムピロシン

アンサマイシン系 (1) リファマイシン

● 抗生物質55種を精査

● 生合成経路を構成する遺伝子数は、1,101

● 遺伝子候補数 45,305

以下、「平成21年度業務計画評価
結果」中のコメントに対する回答

「JSTに引継ぐに値する成果か」中でのコメントに対する回答

1. アノテーションをDBとしてまとめて論文成果を出している点は良い。一般にデータベース構築は、個別DBとして統合DB活動とは区別されるべきで、本来は競争的資金で行うべき活動だが、非専門家の参加を促して、高度な目標を達成する活動はJSTでアウトリーチとして継続してもよいと思われる。
2. tRNAのアノテーションレベルの手作業での分析を教えることには意義を感じる。ただこのような初歩的な教育や啓蒙活動をどこまで拡大すべきかは、熟考すべきで。

回答：tRNADB-CEの構築作業は、個別DBの構築が目標ではなく、「シニア研究者と学部生とのアノテーション・キュレーションコミュニティモデルの形成、ならびに、知識継承モデル構築のモデルケース」としての先導的役割を担っている。シニア研究者の参加を促すには、成果としてDB公開のみならず、学術論文としての発表、ならびに、継続的な活動が行えることを示す必要があると考えている。シニア研究者との継続的な共同作業を行うことで、利用者の立場に立ったシニア側からの提案に基づいて、DB機能向上が可能になった。DBの機能と品質の向上に関する活動のプロトタイプと考えられる。

「達成可能性」中でのコメントに対する回答

1. どのレベルまで育てるのか不明

回答: 1回生から4回生まで、連続したDBに関する人材育成を行っている(プログラミング実習等は別途行っている)。

●1回生から2回生までは、DBの利用とコンテンツの収集を行う。コンピュータバイオサイエンス科の2回生は、後期実習では収集したコンテンツを対象にRDBの作成を行う。

●3回生では、次世代シーケンサーのデータを含むゲノム配列データへのアノテーションを行う。実験系の3回生はDB用のコンテンツの収集を行う。

●4回生では、アノテーション・キュレーションに関するシニア世代との共同作業で、高品質で世界最大規模のtRNA遺伝子のDB作成・更新を行う。高機能画像表示機能を備えたDBの構築も行う。

「業務内容と予算計画の妥当性」中でのコメントに対する回答

1. お茶大との連携をより強化し、すそ野を広げる対策・計画が必要。

回答：今までも、講習会での講師の相互派遣や教材提供を行っていましたが、さらに積極的に取り組みます。特に、関東と関西との地域性の差を考え、相互の活動を補う合う関係も重要と考えています。

「総合的な意見、コメント」に対する回答 (1)

1. 次世代シーケンサーのデータ処理等の高度な分析までもできるとしているが、問題の難しさを理解していない勇み足のクレーム。

回答

- 前年度から開始した、次世代シーケンサーのデータ解析については、生の大量配列データを与えることで、それまでに教えて来たUNIX, perl, awk, シェルスクリプト等の利さや有用性を実感してもらえ、現在のゲノム配列研究の実態の理解にもつながり、教育的な効果が高いと感じている。
- 次世代シーケンサーのデータ解析については、DDBJや他大学と情報交換をしながら教材を作成しているが、学生のスキルアップだけでなく、教員側のスキルアップにもつながっている。

「総合的な意見、コメント」に対する回答 (2)

- コンピュータバイオサイエンス科が設立されたことから、これまでに整備したカリキュラムと教材を中心に、自律的に人材育成に取り組むことも考えられる。
- アノテータ、キュレータの育成は統合DBPJにおいて重要な課題の1つ、継続して進めるべき部分。

回答：他大学や他の教育機関でも使用可能な教材を作成し、長浜バイオ大で実習を実践しながら修正・追加・更新をすることは、我が国の学部レベルでのアノテータ・キュレータ人材育成に着実に貢献すると考えている。DBCCLSやJSTで作成したコンテンツ利用を実践する実習も重要と考えている。