

研究開発実施報告

□概要

研究開発課題名	データサイエンスを加速させる微生物統合データベースの高度実用化開発
開発対象データベースの名称(URL)	MicrobeDB.jp (https://microbedb.jp/)
研究代表者氏名	黒川 顕
所属・役職	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 情報研究系 教授 (2021年3月時点)

□目次

§ 1. 研究実施体制.....	2	③ 口頭講演.....	10
§ 2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等.....	3	④ ポスター発表.....	10
(1) データベース一覧.....	3	(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開)....	11
(2) ツール等一覧.....	3	① 出願件数.....	11
§ 3. 実施内容.....	4	② 一覧.....	11
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標.....	4	(5) 受賞・報道等.....	11
(2) 進捗状況.....	5	① 受賞.....	11
§ 4. 成果発表等.....	9	② メディア報道.....	11
(1) 原著論文発表.....	9	③ その他の成果発表.....	11
① 論文数概要.....	9	§ 5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等) ...	11
② 論文詳細情報.....	9	1. 進捗ミーティング.....	11
(2) その他の著作物(総説、書籍など).....	9	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等.....	12
(3) 国際学会および国内学会発表.....	10		
① 概要.....	10		
② 招待講演.....	10		



§1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者氏名	所属機関・役職名	研究題目
遺伝研グループ	黒川 顕	国立遺伝学研究所・教授	MicrobeDB.jpの実用化に向けた研究開発と運用
基生研グループ	内山 郁夫	基礎生物学研究所・准教授	オーソログデータの構築とそれに基づく比較ゲノム解析機能の開発
東工大グループ	山田 拓司	東京工業大学・准教授	ヒトマイクロバイオームデータの価値最大化を目指したメタデータ構築
千葉大グループ	高橋 弘喜	千葉大学・准教授	真菌類ゲノム・菌株・オミックス情報の収集と高度化

§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

(1) データベース一覧

【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	MicrobeDB.jp		https://microbedb.jp

【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	Microbial Genome Database for Comparative Analysis	MBGD	http://mbgd.genome.ad.jp
2			
3			
4			
5			

(2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1	Metagenome and Microbes Environmental Ontology	MEO	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/MEO
2	Microbial Culture Collection Vocabulary	MCCV	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/MCCV
3	Pathogenic Disease Ontology with Symptom	PDO-CSSO	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/PDO , http://bioportal.bioontology.org/ontologies/CSSO
4	Metagenome Sample Vocabulary	MSV	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/MSV
5	Latent Environment Allocation	LEA	http://leamicrobe.jp

§3. 実施内容

(1) 本年度の研究開発計画と達成目標

MicrobeDB.jp の実用化を目指した研究開発計画 7 項目は以下の通りである。

① 徹底したユーザビリティの向上

2019 年度末に公開した MicrobeDB.jp version 3 のポータルサイトに、統計解析 Stanza 等のユースケースを追加し、比較解析機能を強化することでユーザビリティの向上を図る。特に、ゲノム比較解析機能については、DFAST および DDBJ における開発と調整しながら連携を通じて、ユーザビリティの向上を図る。また、ヘビーユーザの増加の決め手となる、検索性の向上およびユーザデータの登録・閲覧・比較解析等の機能について、ユーザ会、講習会等によって得られたユーザフィードバックを精査し、継続的な改善を実施する。NBDC RDF Portal では、本グループの開発した RDF がほとんど収録されていない(2015 年時点の MBGD データのみ収録)。一方で、微生物の関与する学際研究や実用研究が急速に発展している状況から、ユーザ利便性を考慮して本プロジェクトにおいて開発した RDF を公開するために独自に SPARQL エンドポイントを立ち上げる。

② データ品質の向上

オーソログやメタゲノム等の解析の精度向上、MEO や HMADO 等のオントロジーを用いたメタデータのアノテーションの精度向上やオントロジーに追加する新規語句のピックアップ、ヒトマイクロバイオーームデータのメタデータの徹底整備を行い、DB に収録するデータのクオリティを向上する。

これまでにリスト化したヒトメタゲノム論文に対して引き続きマニュアルキュレーションを行うとともに、新規に追加すべき論文を精査し論文リストを更新する。また、構築した疾患オントロジー HMADO を使用した応用研究の事例として、多数の疾患に関連する腸内細菌情報を疾患横断的に探索する。

③ キラーアプリケーションの開発

微生物群集の全体像を俯瞰可能な統合可視化ツール LEA について、MicrobeDB.jp version 3 のメタ 16S・メタゲノムデータを用いて確率モデルの更新を行い、環境トピック分類や 2・3 次元マップ等を更新した LEA2 の開発を行う。真菌のメタ ITS 配列データから高速かつ正確に系統組成を推定する解析パイプラインを公開し、MicrobeDB.jp 上で既存の真菌のメタ ITS 解析結果を MEO や HMADO 等のオントロジーで整理したメタデータと共に検索や閲覧を可能にする。

ゲノムアノテーションアプリケーションについて、これまでに MBGD のオーソログデータに基づいて、ユーザのゲノムを KEGG 機能モジュール単位で比較する機能を作成したが、これを実際のゲノムデータ解析に適用することによって有用性を高めていく。このため、研究協力者の高見英人博士と共同で、環境微生物のゲノムデータなどからその機能ポテンシャルを評価する目的に本機能を利用して評価し、改善を行う。特に、モジュールの一部の遺伝子が欠けている場合の代替経路の探索をより効果的に行えるようにする。このため、欠けている遺伝子をパラログで代替したり、系統プロファイル検索を用いて代替経路の探索を行ったりする機能の追加を検討する。

新たなアプリケーションとして、「近傍オーソログ検索」アプリケーションと、「コアゲノムアライメント」アプリケーションを作成する。前者は、指定したオーソロググループと多くのゲノム上で近傍にあるオーソロググループを検索する機能で、系統プロファイル検索と組み合わせて関連する機能を持つ遺伝子を探索する目的で使う。後者は近縁ゲノム間で遺伝子の並びが保存された構造を抽出する手法として MBGD にも実装されているが、利用者のゲノムを含めて動的に実行することができなかったので、それを行えるようにする。これに伴って、利用者ゲノムデータの解析と結果の管理を行う MyMBGD モードについて引き続き改善を進め、利用者ゲノムを既存オーソログ

グループに割り当てる解析と、新たなクラスタリングを実行する解析とを統一的に行えるようにする。また、これらの解析を MicrobeDB.jp と連携して行う仕組みづくりも引き続き進める。

④さらなるデータの統合

昨年度に引き続き、真菌類の完全長・ドラフトゲノムデータと、RNA-Seq データの収集・整理を進める。これらの RDF 化を進めるとともに、菌株リソースのメタデータの整理と RDF 化を行い、MicrobeDB.jp 上へデータを格納する。ITS 配列が登録済みの千葉大真菌センター保有菌株から随時メタ情報の整理を進める。真菌類の RNA-Seq データについては、メタデータと共に MicrobeDB.jp 上で検索・閲覧可能にする。

⑤基盤データ解析技術の高度化

公開済みの MicrobeDB.jp version 3 について、追加で解析が完了したメタ 16S・メタゲノムサンプルのメタデータおよび解析結果の、差分更新を行い、解析が終わった分だけ定期的にデータを更新できる仕組みを構築する。

MBGD のオーソログデータ構築時に DomRefine において行うマルチプルアライメントの作成が、巨大なオーソロググループの場合に問題になっているため、大きなオーソロググループについてはプロファイル検索によって処理を簡略化したり、サブグループ化を行ったりして、効率よく処理できるようなプロトコルの改良を検討する。それに基づいて、MBGD のオーソログデータの更新を行う。

⑥効率的運用

昨年度までに開発したコンテナ環境でのデータベースの自動更新システムについて、実際にデータの追加・更新を行ってデータ更新に伴う作業で生じる問題点を洗い出し、ワークフローおよびジョブ管理機能を中心に自動更新システムの改善を行う。

MicrobeDB.jp version 3 用に開発した MEO および HMADO の自動アノテーションツールの改良を行い、オントロジーに追加すべき新規語句の提案を行えるようにする。

⑦ホロゲノム対応

同じ統合化推進プログラムの植物統合 DB のグループと連携して、微生物と植物を関連づけるデータセットの RDF を共同で開発し、植物統合 DB グループで開発しているデータベース PlantGarden とのさらなる連携を加速させる。また、植物-微生物間相互作用を解析するための支援ツールおよび Stanza の拡充を実施する。

(2)進捗状況

本研究開発では、MicrobeDB.jp の実用化を目指し、中心となる以下の 7 項目について研究開発を実施した。

①徹底したユーザビリティの向上

MicrobeDB.jp version 3 のポータルサイトに、統計解析 Stanza 等のユースケースを追加し、比較解析機能を強化することでユーザビリティの向上を図った。ゲノム比較解析機能については、研究者のデータ登録・公開にかかるコストを軽減するために必要な DDBJ との連携強化を進めた。具体的には、データ登録・公開の接続を目的にサービス間がシームレスにつながる可能性を有するユーザ認証機能について、DDBJ が発行する D-way アカウントを利用して MicrobeDB.jp へのサインインを実現するための開発を実施した。DDBJ において、微生物ゲ

ノム解析パイプライン DFAST ウェブサービスにおいても、同アカウントによる機能開発が実施されており、サービス間連携において必須となるアカウント連携を実施した。また、メタゲノム比較解析機能については、ユーザからの要望を受けて、生息環境等の条件で絞り込んだサンプル群間で系統組成や遺伝子機能組成を比較解析するために、統計解析 Stanza およびナビゲーションページを開発した。さらに、ユーザが持つメタゲノムデータも含めて系統組成や遺伝子機能組成を比較解析するためには、ユーザのメタゲノムデータを事前に MicrobeDB.jp と同一の解析パイプラインで計算しておく必要があるが、ユーザ自身が遺伝研スーパーコンピュータの計算機資源を利用してメタ 16S、メタゲノム解析や ITS 解析パイプラインを実行可能にするために、Singularity コンテナが利用するリファレンスデータ整備やコードレポジトリ、コンテナレジストリの構築を実施し、関連ドキュメントを整備した。MicrobeDB.jp version 3 の RDF データの SPARQL 検索インターフェースの提供を目的として、SPARQL エンドポイントを構築し公開した。

②データ品質の向上

最新のメタ 16S・メタゲノムのメタデータへの MEO および HMADO 自動アノテーション結果を元に、MEO と HMADO への語彙の追加を行うと共に自動アノテーションワークフローの見直しを行い、より詳細かつ正確に微生物の環境情報を記述可能にした。ヒトマイクロバイオーム関連のメタデータ整備を継続して行い、メタゲノム配列が紐付いている論文約 4,500 報を文献情報データベースから収集し、そこからマニュアルキュレーションによってメタデータ抽出をおこない、これまでに 3,500 報について報告されているサンプルの ID とメタデータの関連付けを完了した。疾患群と健常群との比較が可能なサンプルを得ることができた 21 疾患 3,048 サンプルに関しては、応用研究の一例として、アンプリコン・メタゲノム解析データとメタデータを組み合わせて解析することで、それぞれの疾患毎の特徴的な腸内環境因子の推定を行った。

③キラーアプリケーションの開発

微生物群集の全体像を俯瞰可能な統合可視化ツール LEA について、MicrobeDB.jp version 3 のメタ 16S・メタゲノムデータを用いてより精度の高い確率モデルを構築するために、系統組成データからの葉緑体等の混入の除去や、試薬やキットからの菌のコンタミネーションが系統組成に与える影響の除去等の機能開発を行った。前年度までに開発した真菌のメタ ITS 配列データから高速かつ正確に系統組成を推定する解析パイプライン (MycoTAP) について、人工的に作成し系統組成が既知の真菌群集のメタ ITS 配列データを用いて性能評価を行い、系統アサイン法の改良を行うと共に、既存の他の解析パイプラインとの性能比較を行い、真菌メタ ITS 解析パイプラインの論文文化に必要なデータを取得した。

MBGD と MAPLE を連携させて利用者のデータを解析するゲノムアノテーションアプリケーションについて、オーソログ解析に基づいてアサインされた機能モジュールにおいて、一部の遺伝子が欠けている場合に、MBGD の比較ゲノム解析機能を用いて代替経路を探索する機能を開発した。具体的には、欠けている遺伝子に対する相同なオーソロググループ (パラログ) や系統プロファイルの類似したオーソロググループ、近傍に存在する遺伝子が類似したオーソロググループのそれぞれを検索して表示することで、機能を代替する遺伝子の候補を表示するようにした。一方、利用者ゲノムを登録してオーソログ解析する MyMBGD モードにおいて、今回開発したアノテーションアプリケーション向けのインターフェースを拡張して、新規のオーソログクラスタリング解析も実行できるようにした。その際、ホモロジー検索を高速化するため、従来の BLAST に加えて DIAMOND, MMSeqs, UBLAST などを選んで実行できるようにした。また、オーソログ解析の結果をもとに CoreAligner を実行して、遺伝子の並び順が保存された構造を抽出して表示するコアゲノムアライメント機能を実装した。合わせて、利用者が生物種群

を指定して系統プロファイル解析を行うアプリケーションにおいて、表現系によって生物種群を選べるインターフェースの作成も行った。こうした開発と並行して、共同研究者の高見博士と共同で、データベースの活用事例研究を進めている。メタゲノムから再構築された嫌気的アンモニア酸化細菌のゲノムデータについて、MAPLE による代謝ポテンシャル評価と MBGD のコアゲノム解析とを組み合わせ比較ゲノム解析を行い、その代謝能の獲得における進化的な考察を行った。

④さらなるデータの統合

真菌のメタ ITS 解析パイプライン MycoTAP の参照配列データとして利用している UNITE データベースの独自の系統 ID と、MicrobeDB.jp で用いている系統 ID である NCBI Taxonomy ID 間での対応付けを行う方法を検討し、真菌のメタ ITS 解析パイプラインの解析結果をスムーズに MicrobeDB.jp で RDF 化するためのワークフロー整備を行った。

千葉大真菌センターの菌株リソースの MicrobeDB.jp 上への登録については、今年度新たに DDBJ と千葉大真菌センターが連携することとなったため、菌株ごとに BioSample ID を付与し、千葉大真菌センターが持つ菌株リソースのメタデータを一括して DDBJ の BioSample DB に登録する形式で作業を進めた。MicrobeDB.jp では BioSample のメタデータの RDF 化を既に行っているため、DDBJ BioSample DB に菌株データが登録されれば、MicrobeDB.jp における菌株メタデータの RDF 化も自動的に実現可能になった。

RNA-Seq データの整備に関しては、SRA (NCBI) に登録されているデータを調査し、55,224 件の真菌 RNA-Seq データの登録を確認した。これら全データの MicrobeDB.jp への格納に向けて、検討した RNA-Seq 解析パイプラインを用いて解析を進め、2020 年度は、8,111 件のデータについて遺伝子ごとの発現量である TPM を算出し、現在までに合計約 24,000 件 (43%) について、TPM の算出を完了した。真菌 RNA-Seq 解析データの MicrobeDB.jp への格納に向けて、データを MicrobeDB.jp 上でどのように検索・閲覧するか、メタデータを含めた RDF 化の実作業等について議論を重ね、MicrobeDB.jp における真菌 RNA-Seq 解析データの Stanza の仕様を決定しテスト版を開発した。

⑤基盤データ解析技術の高度化

爆発的に増加を続けるメタ 16S・メタゲノムデータについて、追加で解析が完了したメタ 16S・メタゲノムサンプルのメタデータおよび解析結果の MicrobeDB.jp 上での差分更新を行うために、遺伝研のスーパーコンピュータ上で計算が終わったサンプルについて、自動的に結果をダウンロードし系統組成と遺伝子機能組成の RDF 化を行う処理系の開発を行った。

オーソログデータの更新において DomRefine の実行に多大な時間がかかっていることから、ボトルネックを調査し、修正しながら更新作業を進めた。当初想定した長大なマルチプルアライメントの計算だけでなく、さまざまな箇所でも時間がかかっていることがわかったため、効率を改善する修正を施しつつ更新をすすめたが、途中で不具合が発生して作業のやり直しが発生したこともあり、現在も更新作業を継続中である。当面は最小限の修正による対処で更新完了を急ぎつつ、次回以降の更新に向けて抜本的な更新手続きの見直しを進めている。また、更新作業と並行して、所属機関のセキュリティポリシーに対応するため、MBGD サーバを DMZ 上の公開サーバへの移設作業を行なった。

⑥効率的運用

ゲノム・メタゲノム対象データの拡張および全ての RDF を更新したデータセットを格納した MicrobeDB.jp version 3 は 2020 年 2 月にリリース実施したが、この MicrobeDB.jp データ更新のための情報基盤に関して、一

次リソースから RDF 変換および DB 投入、検索系のデータフローを整理し、メジャー更新および差分更新系を実施する API として開発した。さらに、入力データの変換・更新および自動アノテーション API の実行フローを見直しと実行するコンテナ構成を調整し、RDF データセット生成の自動化を図った。また、コンテナが参照する複数のコードレポジトリを跨いだ定義情報を環境変数化し、またその依存関係を整理することにより、簡便に MicrobeDB.jp ミラーデータベース構築を可能にし、環境構築を効率化した。

⑦ホログenom対応

ヒト-微生物叢ならびに植物-微生物叢の全体像解明を目的としたホログenom解析支援系の構築を目標に、ホログenom研究の基盤として MicrobeDB.jp を利用可能にするためのユースケースとして、同様にセマンティックウェブ技術を用いて植物のデータの統合化を進めているかずさ DNA 研究所のグループと定期的な実務ミーティングを実施し、密な連携を実施した。具体的には、微生物と植物を関連づけるデータセットの RDF を共同で開発し、植物統合 DB グループで開発しているデータベース PlantGarden とのデータ統合を進めた。これらのデータについて、MicrobeDB.jp および PlantGardern の SPARQL エンドポイントから統合データセットを取得し、植物ホスト単位でのデータを集約し、遺伝子等の絞り込み検索が可能で、植物-微生物間相互作用を解析に資する支援ツールの開発に着手した。

§4. 成果発表等

(1) 原著論文発表

① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	6 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内(和文)	0 件
	国際(欧文)	2 件

② 論文詳細情報

(直接的な成果論文のほかに開発対象データベースを利用した間接的な成果論文を含む場合があります)

1. Yuumi Nakamura, Hiroki Takahashi, Akiko Takaya, Yuzaburo Inoue, Yuki Katayama, Yoko Kusuya, Tatsuma Shoji, Sanami Takada, Seitaro Nakagawa, Rena Oguma, Nobuko Saito, Naoko Ozawa, Taiji Nakano, Fumiya Yamaide, Eishika Dissanayake, Shuichi Suzuki, Amer Villaruz, Saranyarajan Varadarajan, Masanori Matsumoto, Tomoko Kobayashi, Michihiro Kono, Yasunori Sato, Masashi Akiyama, Michael Otto, Hiroyuki Matsue, Gabriel Núñez and Naoki Shimojo, "Staphylococcus Agr virulence is critical for epidermal colonization and associates with atopic dermatitis development", *Sci Transl Med*, 12(551), eaay4068, 2020 (DOI: 10.1126/scitranslmed.aay4068)
2. Isato Yoshioka, Hiroki Takahashi, Yoko Kusuya, Takashi Yaguchi and Kohtaro Kirimura, "Draft Genome Sequence of *Aspergillus tubingensis* WU-2223L, a Citric Acid-Producing Filamentous Fungus Belonging to *Aspergillus* Section *Nigri*", *Microbiol Resour Announc*, 9(33), e00702-20, 2020 (DOI: 10.1128/MRA.00702-20)
3. Masahiko Imashimizu, Yuji Tokunaga, Ariel Afek, Hiroki Takahashi, Nobuo Shimamoto and David B Lukatsky, "Control of Transcription Initiation by Biased Thermal Fluctuations on Repetitive Genomic Sequences", *Biomolecules*, 10(9), 1299, 2020 (DOI: 10.3390/biom10091299)
4. Amit Rai, Hideki Hirakawa, Ryo Nakabayashi, Shinji Kikuchi, Koki Hayashi, Megha Rai, Hiroshi Tsugawa, Taiki Nakaya, Tetsuya Mori, Hideki Nagasaki, Runa Fukushi, Yoko Kusuya, Hiroki Takahashi, Hiroshi Uchiyama, Atsushi Toyoda, Shoko Hikosaka, Eiji Goto, Kazuki Saito and Mami Yamazaki, "Chromosome-level genome assembly of *Ophiostoma pumila* reveals the evolution of camptothecin biosynthesis", *Nat Commun*, 12(1), 405, 2021 (DOI: 10.1038/s41467-020-20508-2)
5. Tatsuma Shoji, Akiko Takaya, Yoko Kusuya, Hiroki Takahashi and Hiroto Kawashima, "Ribosome Profiling in *Streptococcus pneumoniae* reveals the Role of Methylation of 23S rRNA Nucleotide G748 on Ribosome Stalling", *J Genet Genomic Sci*, 6, 024, 2021 (DOI: 10.24966/GGS-2485/100024)
6. Naoki Tsukuda, Kana Yahagi, Taeko Hara, Yohei Watanabe, Hoshitaka Matsumoto, Hiroshi Mori, Koichi Higashi, Hirokazu Tsuji, Satoshi Matsumoto, Ken Kurokawa and Takahiro Matsuki, "Key bacterial taxa and metabolic pathways affecting gut short-chain fatty acid profiles in early life", *ISME J*, in press (DOI: 10.1038/s41396-021-00937-7)
7. Takashi Okubo, Atsushi Toyoda, Kohei Fukuhara, Ikuo Uchiyama, Yuhki Harigaya, Megumi Kuroiwa, Takuma Suzuki, Yuka Murakami, Yuichi Suwa, Hideto Takami, "The physiological potential of anammox bacteria as revealed by their core genome structure", *DNA Res*, vol. 28, issue 1, 2021 (DOI: 10.1093/dnares/dsaa028)
8. Hiroshi Mori, Hitoshi Ishikawa, Koichi Higashi, Yoshiaki Kato, Toshikazu Ebisuzaki and Ken Kurokawa, "PZLAST: an ultra-fast amino acid sequence similarity search server against public metagenomes", *Bioinformatics*, accepted.

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

1. 森宙史、黒川顕、ヒトマイクロバイオーム統合データベースの構築、ヒトマイクロバイオーム Vol. 2、NTS 出版、pp111-119、2020 年。
2. 森宙史、メタゲノム解析における機械学習的手法、機械学習を生命科学に使う!、実験医学増刊、羊土社、

(3) 国際学会および国内学会発表

① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	0 件
	国際	1 件
口頭発表	国内	4 件
	国際	1 件
ポスター発表	国内	3 件
	国際	0 件

② 招待講演

〈国内〉

該当なし

〈国際〉

1. Hiroshi Mori, MicrobeDB.jp: integration of microbial data from microbiome point of view, AC M17 Online, September 9, 2020.

③ 口頭講演

〈国内〉

1. 新居鉄平, 高橋弘喜, 楠屋陽子, 渡辺哲, 亀井克彦, *Aspergillus fumigatus* のアゾール耐性に関わる新規因子について, 第 64 回日本医真菌学会総会, オンライン開催, 2020 年 10 月 9 日-10 日
2. 萩原大祐, 老木紗予子, 楠屋陽子, 高橋弘喜, 輸入植物球根から分離されたヒト病原真菌における農薬耐性進化の可能性, 日本農薬学会第 46 回大会, オンライン開催, 2021 年 3 月 8 日-10 日
3. 前川尚輝, 板寺健悟, 石原潤一, 梶谷颯希, 田中大器, 関口哲志, 庄子習一, 石橋正己, 高橋弘喜, 高屋明子, ATP 依存型 Lon プロテアーゼによるパーシスタンス制御機構, オンライン開催, 第 94 回日本細菌学会総会, 2020 年 3 月 23 日-25 日
4. 吉岡育哲, 高橋弘喜, 楠屋陽子, 矢口貴志, 桐村光太郎, クエン酸高生産菌 *Aspergillus tubingensis* WU-2223L のドラフトゲノムの決定, 日本農芸化学会 2021 年度大会, オンライン開催, 2021 年 3 月 18 日-21 日

〈国際〉

1. Hiroshi Mori, Metagenome informatics for microbiome researches, The 43rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan, Online, December 2, 2020

④ ポスター発表

〈国内〉

1. 森宙史, 藤澤貴智, 西出浩世, 矢口貴志, 高橋弘喜, 中川善一, 山田拓司, 内山郁夫, 中村保一, 黒川頭, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp version 3, トーゴの日シンポジウム 2020, オンライン, 2020 年 10 月 5 日
2. 平川英樹, 藤澤貴智, 森宙史, ゲルフィアンドレア, 市原寿子, 中村保一, 磯部祥子, 田畑哲之, 黒川頭, 生物間相互作用の解明に向けた植物・微生物統合データベース間の連携, トーゴの日シンポジウム 2020, オンライン, 2020 年 10 月 5 日
3. 森宙史, 藤澤貴智, 西出浩世, 矢口貴志, 高橋弘喜, 中川善一, 山田拓司, 内山郁夫, 中村保一, 黒川頭, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp version 3 とマイクロバイオーム解析, 第 15 回日本ゲノム微生物学会年会, オンライン開催, 2021 年 3 月 4 日-6 日
4. 山崎由里子, 田中麻里, 楠屋陽子, 青山礼華, 大曾根義輝, 高橋弘喜, 中村悠美, 高屋明子, 黄色ブ

ド球菌は Agr のサイレンシングにより院内感染でのパーシステンスとコンピテンシーを獲得する, 第 94 回日本細菌学会総会, オンライン開催, 2020 年 3 月 23 日-25 日

〈国際〉

該当なし

(4) 知的財産権の出願

① 出願件数

種別		件数
特許出願	国内	0 件
	国外	0 件
その他の知的財産出願		0 件

② 一覧

1) 国内出願

該当なし

2) 海外出願

該当なし

3) その他の知的財産権

該当なし

(5) 受賞・報道等

① 受賞

該当なし

② メディア報道

該当なし

③ その他の成果発表

該当なし

§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2020 年 4 月 10 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年 6 月 25 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	5 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年 7 月 9 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	3 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年 7 月 14 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年 8 月 25 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年 9 月 28 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年 10 月 15 日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4 人	進捗報告のためのミーティング
2020 年	チーム内ミーティング	オンライン	4 人	進捗報告のためのミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
11月19日	(非公開)			
2021年 2月22日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	3人	進捗報告のためのミーティング
2021年 3月18日	チーム内ミーティング (非公開)	オンライン	4人	進捗報告のためのミーティング

2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	MicrobeDB.jp		ゲノムを軸にして微生物学の様々なデータをセマンティックウェブ技術を用いて統合した微生物統合データベース。	https://microbedb.jp	2011/12/12	維持・発展	データベース等	
2	Microbial Genome Database for Comparative Analysis	MBGD	オーソログ解析に基づいて微生物ゲノムの比較解析を行うためのデータベース。公開されたゲノム全体を含む標準オーソログテーブルに基づいて、各オーソロググループの系統プロファイルの比較などを行えるほか、動的なオーソログ解析機能によって、利用者自身が持つゲノム配列も含めて、興味のある生物種セットを対象を絞った比較を行うことも可能。	http://mbgd.genome.ad.jp	1997/7/1	維持・発展	データベース等	