

別紙1 構築、公開したデータベース等

研究代表者名: 豊田哲郎
 研究開発課題名: 生命と環境のフェノームデータベース

名称	概要	URL	公開日	レコード数	レコード数の定義、説明等	NBDCアーカイブへのデータ提供	備考
マウス 系統リソース	表現型（フェノタイプ）情報をもとに、マウス系統を探索可能なデータベース。国内で入手可能な、理研バイオリソースセンターから提供されているマウス系統を公開している。同等なフェノタイプを示すマウス系統などは、Amazonの「お勧め情報」を模して、各系統の示す表現型の一致度が高い順番に提示される	http://database.riken.jp/sw/en/Mouse_Strain/cria315s1i/	2012年1月16日	5380	マウス系統数。 （これらの系統に付随するフェノタイプ件数は、10129件）	提供相談中	データダウンロードサイト: http://biolod.org/class/cria315s1i/BRC_Mouse_Strain
細胞株 リソース	理研バイオリソースセンターから提供されている細胞株について、その特性（フェノタイプ）を整理して提供している	http://database.riken.jp/sw/en/Cell_lines/cria322s1i/	2012年3月10日	3774	細胞株数。 （これらの株に付随するフェノタイプ件数は、5873件）	提供相談中	データダウンロードサイト: http://biolod.org/class/cria322s1i/BRC_Cell_Resource
微生物株 リソース	理研バイオリソースセンターから提供されている微生物株について、その特性（フェノタイプ）を整理して提供している	http://database.riken.jp/sw/en/JCM_Strains/cria381s1i/	2013年10月25日	14353	微生物株数。 （これらの株の環境情報としての培地情報は、1014件）	提供相談中	データダウンロードサイト: http://biolod.org/class/cria381s1i/JCM_Strains
BioLOD.org	生命科学関連の公開データを、W3CのLODプロジェクト(World Wide Web Consortium Linking Open Data project)に準拠した標準形式で提供している。	http://biolod.org	2011年7月	データベース216件、 インスタンス数 10,003,939	インスタンス数：統合化されたそれぞれのDBに含まれるデータアイテムを総計した。	提供相談中	
BioSPARQL	BioSPARQLは、RDF/OWLデータ構造を解析して適切なSPARQLクエリを容易に構築するためのフレームワークである。既存のクエリ生成補助ツールとは異なり、BioSPARQLはRDF/OWLデータを論理的に解析して、適切なクエリのひな形をグラフィカルにユーザーに提示する。生成されたテンプレートに必要な応じてキーワードを入力することで、ユーザーは実行可能なSPARQLクエリを容易に得られる。また、PosMedシステムを統合し、本プロジェクトで作成したセマンティックウェブデータをもとに、バイオリソースなどをSWAS検索できるようにした。	http://biosparql.org	H23年11月			対象外	

研究開発課題名: 生命と環境のフェノームデータベース

名称	概要	URL	公開日	レコード数	レコード数の定義、説明等	NBDCアーカイブへのデータ提供	備考
シロイヌナズナフェノームデータベース	文献キュレーションによって収集したシロイヌナズナフェノーム情報および理研内で開発されたシロイヌナズナのバイリソース（変異体）のフェノームを統合した。さらにPlantOntologyを基盤とする検索メニューを整備して、研究者が興味あるフェノーム情報に簡単にアクセスできるようにした。	http://database.riken.jp/db/Arabidopsis_phenome	H25年9月	文献キュレーションによるフェノーム情報823件、シロイヌナズナ変異体フェノーム情報14631件	ここでのフェノーム情報とは、表現型・遺伝子型間、あるいは表現型・変異体間の対応関係を表現するインスタンスである。それぞれのインスタンスは、表現型の性質に応じて環境条件に対応するインスタンスや各種オントロジーへのリンクを持つ。	提供相談中	ダウンロードサイト: http://purl.jp/bio/13/class/cria143u1i/observation_of_Arabidopsis_phenotype http://purl.jp/bio/13/class/cria224u1i/Plant_abnormality
promoterCAD	遺伝子発現する組織やタイミングの調節を可能にする人工プロモーターの配列設計ができるwebアプリである。統合化されたシロイヌナズナ・マウス・細胞系統の遺伝子・発現プロファイルなどのデータベースが利用され、利用者の設定した遺伝子発現条件に応じて、関連性が強いと予想されるモチーフ配列を組み合わせて配列設計を行う。研究者はプログラミングなどの専門知識がなくてもこのアプリを容易に利用でき、また、自由にデータを追加したり、プログラムをカスタマイズすることもできる。					対象外	