

ライフサイエンスデータベース統合推進事業
統合化推進プログラム

ゲノム・メタゲノム情報を基盤とした 微生物DBの統合

東京工業大学大学院生命理工学研究科
黒川 顕

主たる共同研究者

東京工業大学

黒川 顕: 微生物DBにおける研究統括

小西史一: スパコンにおける解析システムの開発および実装

森 宙史: ゲノム、メタゲノムDB、メタデータの構築

国立遺伝学研究所

中村保一: 微生物アノテーションリファレンスの整備と共用化

菅原秀明: 微生物ゲノム基盤情報資源の共用化

神沼英里: KazusaAnnotationの拡張

基礎生物学研究所

内山郁夫: 比較ゲノム解析に立脚した微生物ゲノム情報の統合化

微生物は...

- 地球環境における物質循環の根幹を形成している
- ヒトの健康と密接に関与
- 多様である事が大きな特徴である
- 研究が古く蓄積されたデータや知識は膨大

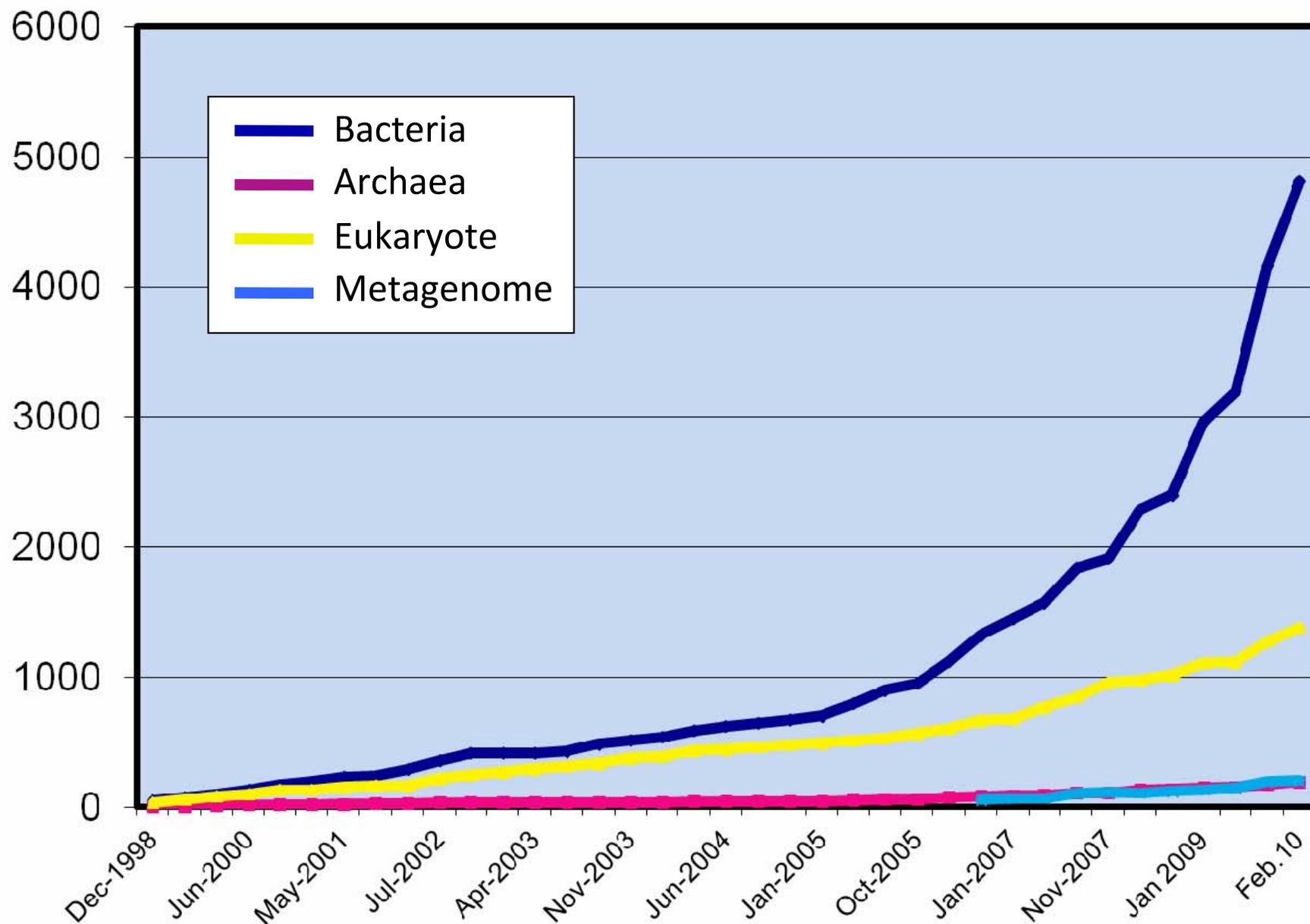
微生物は...

- 地球環境における物質循環の根幹を形成している
- ヒトの健康と密接に関与
- 多様である事が大きな特徴である
- 研究が古く蓄積されたデータや知識は膨大

- ゲノムサイズが小さいので、新型シーケンサーの恩恵を最も受けている
- これまでゲノムに関係の薄い微生物研究者もゲノム解析が可能となった

ゲノム科学の爆発的発展

Genome projects ~ Feb.2010



Microbe.net

Microbiology of the Built Environment Network

What do airplanes, yurts, office buildings, and the space station all have in common?

They all represent the "built environment"... man-made structures where people spend the vast majority of their time. Each individual built environment is unique in that it possesses its own complex microbial ecosystem... in fact, thousands of species of microbes inhabit these spaces, yet we only have a rudimentary understanding of their composition, diversity, and interactions. Consider that even though people spend more than 90 percent of their lives indoors we know more about the microbial ecology of the digestive system of mice than we do about the built environment.

Thanks to continuing advances in DNA sequencing technology, and a recent initiative by the [Alfred P. Sloan Foundation](#), this gap in knowledge is beginning to be addressed. The effort to better understand the built environment has implications for everything from engineering and architecture to biodefense and forensics, and even the concept of probiotics for buildings.

microBEnet is the online destination for resources related to the microbiology of the built environment. Check out our [blog](#), follow us on [Twitter](#), read about [various aspects](#) of the Sloan-funded initiative, connect to our [reference collections](#), and more.

Microbeworld.org

MicrobeWorld

MICROBEWORLD APP

MOST POPULAR

MOST RECENT

PODCASTS

June 2011 Microbe Feature article--Bat White-Nose Syndrome in North America

Features Of Bacteria That Caused Epidemic E. Coli In Europe Revealed By Genomics Analysis

Microbes.info

Microbes.info

HOME | RESOURCES | NEWS | FORUM | ARTICLES | FAQ'S

RESOURCES

FEATURE ARTICLES

SPOTLIGHT

The Facts about Meningitis and Meningococcal Disease

Bug News by Yahoo! News

Microbeproject.gov

The Microbe Project - A Portal to Federal Efforts in Microbial Research

HOME | RESEARCH | EDUCATION | SEQUENCING

Member Agencies

The Microbe Project

Reports

The Microbial World is Vast and Diverse

微生物は...

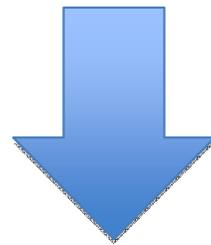
- 多様性に富んだ膨大なデータがあるものの、その反面、これらデータをシームレスに利用する事が困難

例えば、

- モデル微生物間でデータおよび知識の連携ができていない
- 究極の表現型データとも言えるメタゲノムデータは、個別の細菌のゲノムデータなどとうまく連携できていない(細菌間を連携させるオーソログ以外の情報)

研究開発の目標・ねらい

ゲノム情報を核として様々な微生物学上の知識を統合し、幅広い分野での微生物学の発展に資することのできる「**微生物エンサイクロペディア**」の構築を目標とする。



**微生物学分野のオミックス研究の発展に寄与
データ駆動型研究による新しい仮説の提唱**

研究開発内容(概要)

- 日本をはじめ世界中に散在している細菌の各種オミックス情報を広く収集
- 上記データをホモロジー、オーソロジーに基づいて整理し、**遺伝子、ゲノム(生物種)、環境の3つの軸**に沿って整理統合
- 3つの軸に関わる、遺伝子機能、分類学的情報、菌株保存情報、表現型情報などの知識を整理し、**ゲノム情報を核として統合**
- 広く研究者コミュニティからのフィードバックを得るためのシステムの開発
- 研究者が活用しやすいインターフェース等を整備

研究開発内容

まず研究基盤となる6項目のDBを整備し、個々のDBをゲノム情報を核としてシームレスに連携する

1. 分類学的情報(16S rDNAを含む)
2. 菌株保存情報(培養条件含む)
3. モデル微生物(大腸菌、枯草菌、シアノバクテリア、放線菌)における高品質データ
4. 各種オミックスデータ
5. オーソログ遺伝子情報
6. メタゲノムデータ

データ生産者との一体化

- 微生物の専門家、関連分野の研究者に対して、魅力的なコンテンツとツールを、分かり易く、使い易く提供
 - 菌株情報や分類学的情報の効率的探索
 - MiGAP、KazusaAnnotation、MBGDなどの定評あるアプリケーションの利用を支援。データと目的に合わせて解析を最適化
- DDBJの国際塩基配列DB, SRA, その他の公共DBへのデータ登録を支援
- 解析進行中など未公開データの安全なアーカイブ機能を提供
 - データ共有に同意した研究者は、微生物エンサイクロペディアのコンソーシアムに参加
 - コンソーシアムのメンバーは、メタデータが匿名化されたデータも含めてデータを閲覧可能
 - 匿名化は、匿名化する範囲と、匿名化している時期を設定可能とする

研究者コミュニティフィードバック

- 微生物統合DBコンソーシアムの設置
 - 各関連学会から参加して頂く
- 各関連学会、研究者コミュニティとの連携
 - 学会での積極的な啓蒙活動
 - 利用者のニーズを収集
 - データ収集に対する協力の要請
- 各種講習会の実施
- SNSをはじめとするインターネットツールを利用し、細かなニーズも積極的に収集

微生物 エンサイクロペディア



研究社会
|
一般社会

国内外の 微生物 情報資源

基生研
比較ゲノム
MBGD

遺伝研

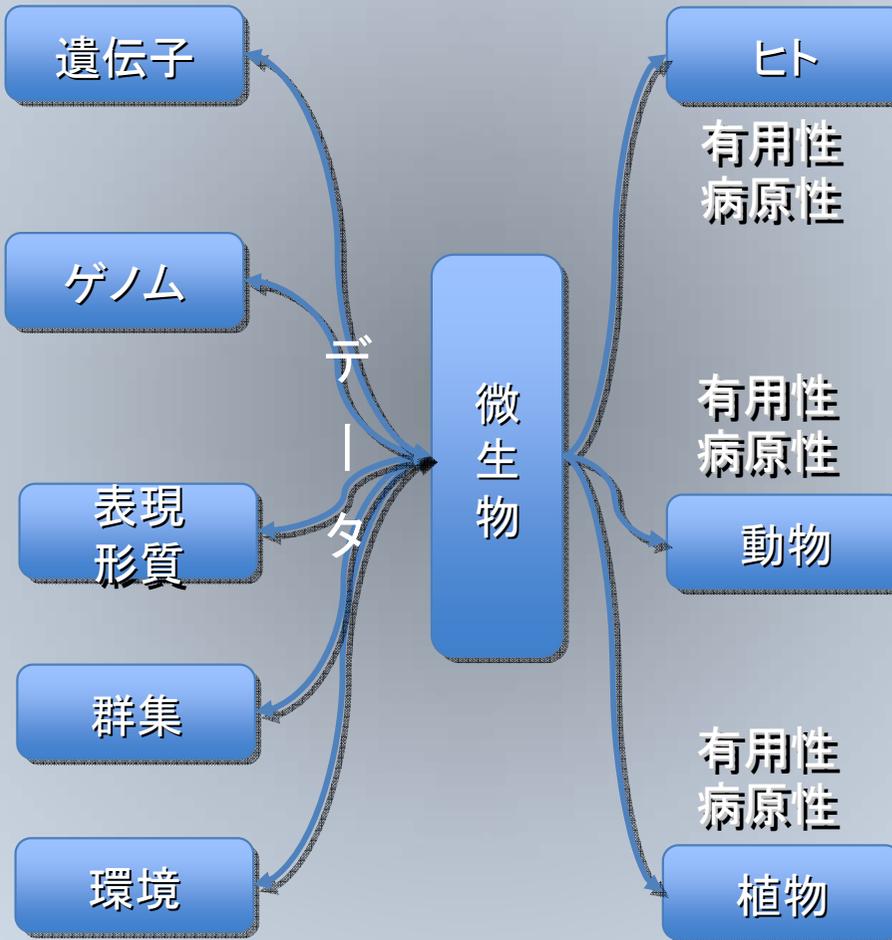
ゲノムDB
GIB, GTPS
アノテーション
MiGAP
KazusaAnnotation

東工大
メタゲノム
HumanMeta
BodyMap

微生物の世界

データ

知識



有用酵素を
見つけたい

生合成経路
を創製したい

病原性を迅速
判定したい

有機栽培を
したい

環境や健康
状態をモニタ
リングしたい

データ生産者との連携

- 新学術領域研究「ゲノム支援」を通じて、大規模データ生産者と連携
- 日本微生物資源学会、日本菌学会保有の表現型データとの連携
- 各関連学会およびモデル微生物研究者コミュニティとの連携
- MiGAP、KazusaAnnotation、MBGD連携による微生物ゲノム解析サービス

将来展望

- 東工大地球DBセンター、遺伝研、基生研生物機能解析センターにより、継続的な運用に取り組む
- 細菌のみならず、ウイルス、真核微生物も同様に「**微生物エンサイクロペディア**」に収録する
- プロテオームやメタボロームなどのDBとも連携をとる
- 細菌は、より上位の生物と共生関係にあるため、植物や動物、ヒトなどの他の基盤DBとも連携が可能と考える
- 環境メタデータを介して、バイオ以外のDBとも連携が可能