

知のめぐりの良い 生命科学研究者の 10の心得

坊農 秀雅 @bonohu

情報・システム研究機構(ROIS)

ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)

<http://DBCLS.ROIS.ac.jp/~bono/>

おことわり

- 本講演は「統合DB」の宣伝です
- DBCLSのRA(リサーチアシスタント)組織である統合牧場への勧誘も含みます
- ゲル写真等は一切出て来ませんし、ドヤ顔で語れる目覚しい成果もありません
- それでも良ければ続けて聞いて下さい

sound from <http://lefri.cocolog-nifty.com/blog/2006/11/call1.html>

統合DB=ライフサイエンスデータの 「上水処理場」 + 「下水処理場」

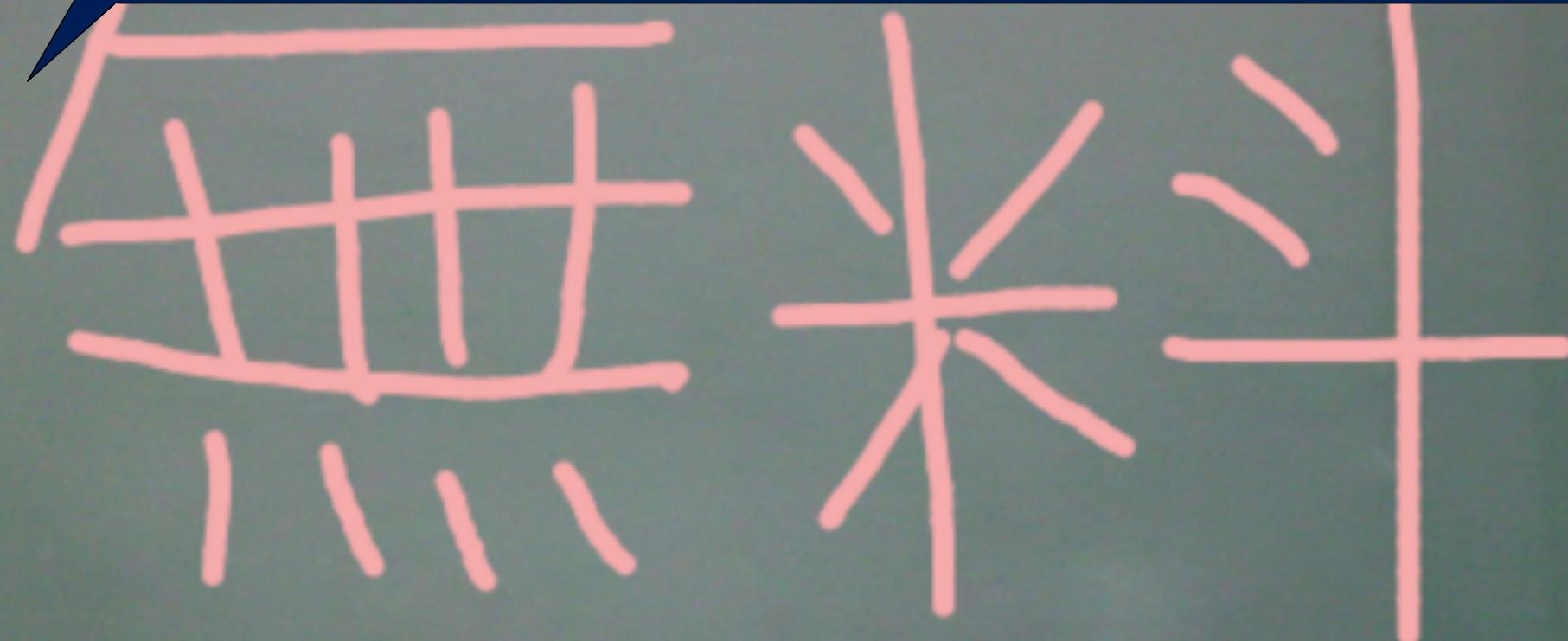
- ・ NBDC/DBCLS/DDBJ を中心に日本中の
さまざまな大学・研究機関が協力
- ・ 安心してすぐに利用できるデータを提供
 - 「ミネラルウォーターを買わなくても飲用できるように」
- ・ 公共DBとして外に出す際にデータを綺麗に
 - 「油を流しに捨てないで！」

ライフサイエンスの
「ライフライン」



<http://rise-eco.jp/recycle.html>

大学を卒業してからも！



ご使えます!!

第五回 ググれカス



sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

1. ググれカス

- 人に訊く前には「必ず」ググろう→それでも解決できなかった時「のみ」、人に訊くべし
- 周りに訊ける人が居ないというあなたへ

The screenshot shows the LSQA platform interface. At the top, there is a navigation bar with links for 'ログイン' (Login), '概要' (Overview), and 'よくある質問' (FAQ). Below the navigation bar, there is a search bar and a '質問する' (Ask a question) button. The main content area displays a list of questions. Each question card includes the title, number of votes, answers, and views, along with a timestamp and a '有効' (Valid) status indicator. A sidebar on the right side of the page displays a message: 'welcome to #LSQA' and 'ただいまベータテスト中です。そのため通知無く停止更新されることがあります。' (Currently in beta test. Therefore, notifications will be disabled and updates will stop.) Below this message, there is a section titled '質問するならライフサイエンスQA' (Ask a question using LSQA) with a sub-section explaining the workflow: '質問する→回答がある→質問と回答が蓄積する→良い質問と回答が増え→よりよいライフサイエンス研究をする時間が増える' (Ask a question → If there is an answer → Questions and answers are accumulated → Good questions and answers increase → More time can be spent on life science research).

投票	回答	閲覧	質問	タグ	ユーザー	バッジ	未回答	検索する	質問する	
1	1	82	すべての質問	統合TVに関する問い合わせ	統合tv	有効	最新	ホット	注目の質問	welcome to #LSQA
0	3	513		リード長の長いRNA-Seqのタグカウント	tophat ngs rna-seq long splicing-junction					ただいまベータテスト中です。そのため通知無く停止更新されることがあります。
1	1	152		上流配列とプロモーター配列って同じ意味?	プロモーター モチーフ					質問するならライフサイエンスQA
0	1	425		プロモーター関連転写因子の抽出						質問する→回答がある→質問と回答が蓄積する→良い質問と回答が増え→よりよいライフサイエンス研究をする時間が増える



FIRST AUTHOR'S

マウス *Rasgrf1* 遺伝子のインプリンティングとDNAメチル化にはpiRNAおよびその標的となる非コードRNAが必要である

2011年5月27日

佐々木裕之¹・渡部聰朗²

(¹九州大学生体防御医学研究所 エピゲノム学分野, ²米国Yale大学 School of Medicine, Department of Cell Biology)
email: 佐々木裕之

Role for piRNAs and noncoding RNA in *de novo* DNA methylation of the imprinted mouse *Rasgrf1* locus.

Toshiaki Watanabe, Shin-ichi Tomizawa, Kohzoh Mitsuya, Yasushi Totoki, Yasuhiro Yamamoto, Satomi Kuramochi-Miyagawa, Naoko Iida, Yuko Hoki, Patrick J. Murphy, Atsushi Toyoda, Kengo Gotoh, Hitoshi Hiura, Takahiro Arima, Asao Fujiyama, Takashi Sado, Tatsuhiko Shibata, Toru Nakano, Haifan Lin, Kenji Ichiyanagi, Paul D. Soloway, Hiroyuki Sasaki
Science, 332, 848-852 (2011)

要約

インプリンティングは雌雄の生殖細胞で確立されるDNAメチル化の違いにもとづき両親に由来する対立遺伝子のうち一方だけが発現する現象である。インプリンティングは哺乳類の正常な発生に必須で、その異常は奇形症候群や腫瘍を起こす。しかしながら、生殖細胞においてどのような機構により特定の遺伝子が選ばれDNAメチル化されているのかはほとんどわかっていない。筆者らは、レトロトランスポゾンを抑制するpiRNA経路がマウスのインプリント遺伝子 *Rasgrf1* のDNAメチル化に必須であることをみつけた。この遺伝子のインプリンティングには雄の生殖細胞におけるDNAメチル化が必要だが、*Rasgrf1* 遺伝子とは別の染色体に存在するレトロトランスポゾン配列から産生されるpiRNAが、*Rasgrf1* 遺伝子の制御領域から転写される非コードRNAと相互作用していることが明らかになった。筆者らは、piRNAが非コードRNAとの相互作用を介してDNAメチル化酵素を特定の配列へとリクルートするモデルを提唱した。

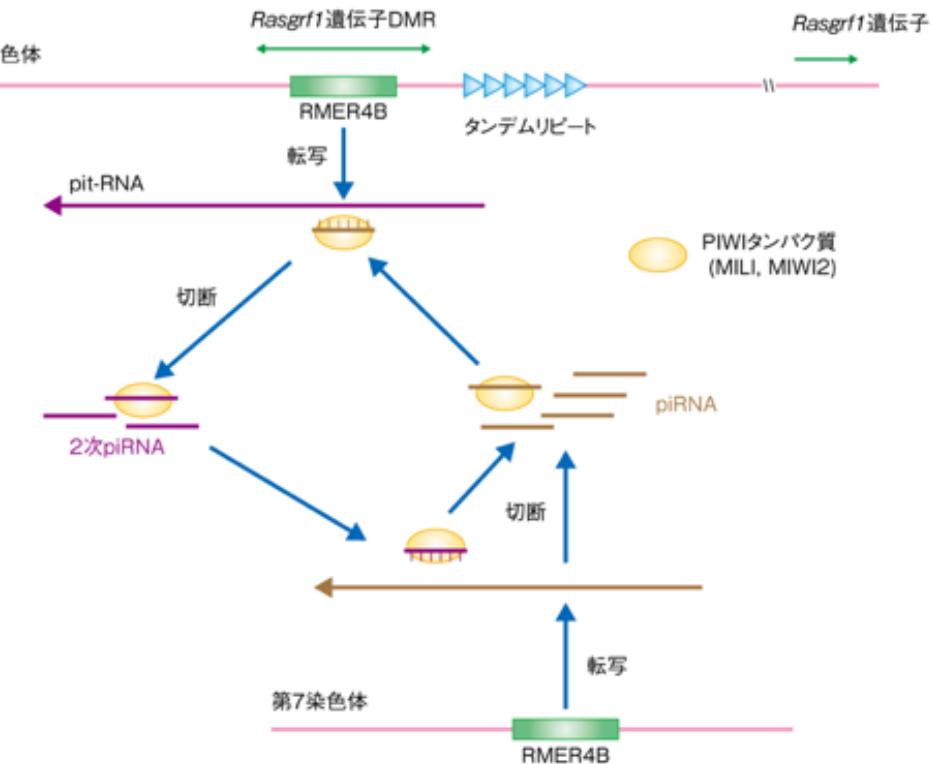
はじめに

ゲノムインプリンティング（以下、インプリンティング）をうける遺伝子の近傍にはメチル化可変領域 (differentially methylated region: DMR) とよばれる領域があり、この領域のDNAメチル化の状態が対立遺伝子に特異的な発現を制御している。メチル化可変領域における両親に由来するDNAメチル化の違いは雌雄の生殖細胞において確立され、これが受精卵にもち込まれて維持されたもので（图1,2）。しかし、これまで遺傳子発現におけるインプリンティングのメカニズムは明確になっていない。

© 2011 佐々木裕之・渡部聰朗 Licensed under a Creative Commons 表示 2.1 日本 License



Edited by
飯田 啓介



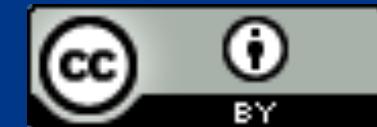
・ノルマーベルヌーのTET4に対するジメチル化は転写因子DAF-16の機能制御を介して線虫 *C. elegans* の寿命を決定する

・チアソリジン誘導体はPPARYに依存するがその転写調節作用にはよらないシグナル伝達経路を介して近位尿細管における再吸収を亢進させる

・マウス *Rasgrf1* 遺伝子のインプリンティングとDNAメチル化にはpiRNAおよびその標的となる非コードRNAが必要である

・抗ウイルスタンパク質 Viperinは形質細胞様樹状細胞におけるTLR7とTLR9を介したI型インターフェロンの产生を促進する

・小鼠の2型T細胞、Treg



クリエイティブ・
コモンズ 表示 2.1
日本

First author'sとは？

Nature, Science, Cell などに代表されるトップジャーナルに掲載された日本人を著者とする生命科学分野の論文について、論文の著者自身の執筆による、専門分野の異なる生命科学研究者にむけた日本語によるレビューを、だれでも自由に閲覧・利用できるようWeb上にいち早く無料で公開するサイト。DBCLS謹製。



第2回 データの 危険

sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

2. ググるな危険

- ・ネット上の情報が全て正しいとは限らない
- ・そこで、ググるな！

GGRNA





GGRNA

遺伝子をGoogleのように検索できるサイトです。

検索例:

- 「homeobox」「claudin」 フリーワード検索
- 「"RNA interference"」 ダブルクオートで囲ってフレーズ検索
- 「RNase "PAZ domain"」 RNase かつ "PAZ domain" のAND検索
- 「NM_001518」「10579」 RefSeq IDやGene IDなど各種IDから検索
- 「symbol:VIM」 遺伝子名(symbolまたはsynonym)から検索
- 「ref:Naito」 文献情報のなかからフリーワード検索
- 「1552311_a_at」 マイクロアレイのプローブIDから塩基配列を検索
- 「aa:KDEL」 アミノ酸配列を検索
- 「caaaqaqaqattq」 塩基配列を検索
- 「seq2:caaaqaqaqattgcc」 2ミスマッチまで許容して塩基配列を検索
- 「comp:caagaagagattq」 相補鎖を検索
- 「iub:aqgtcanntqacct」 N, R, Y 等のあいまいな塩基を含む塩基配列を検索
- 詳細な使い方

新着情報:

- 2012-07-18 データベースをRefSeq rel. 54 (Jul, 2012)に更新。
- 2012-05-29 下記論文の日本語による解説を「DBCLSからの成果発信」に掲載。
- 2012-05-29 GGRNAの論文が*Nucleic Acids Research*に掲載されました。
- 2012-05-14 データベースをRefSeq rel. 53 (May, 2012)に更新。
- 2012-02-25 GGRNA REST APIを公開しました ([ヘルプページ](#)参照)。
- 2011-11-17 Advanced search を公開。検索条件を細かく指定できます。

GGRNA検索例

統合遺伝子検索

[Home](#) | [Help](#) | [Advanced search](#)

GGRNA

seq2:caagaagagattgcc

再検索

Homo sapiens (human)

2012-08-01 12:25:16, GGRNA : RefSeq release 54 (20120713)

Summary:

search term:	hits:	results:
seq2:caagaagagattgcc	328	NM_000034, NM_000119, NM_000167, NM_000259, NM_000523, NM_000593, NM_000721, NM_000833, NM_000845, NM_000888, NM_001001971, NM_001002006, NM_001002920, NM_001005365, NM_001008224, [...]
[AND]	328	NM_000034, NM_000119, NM_000167, NM_000259, NM_000523, NM_000593, NM_000721, NM_000833, NM_000845, NM_000888, NM_001001971, NM_001002006, NM_001002920, NM_001005365, NM_001008224, [...]

Results:

検索語に色がつきます。重なると色が濃く表示されます。

[Homo sapiens aldolase A, fructose-bisphosphate \(ALDOA\), transcript variant 1, mRNA.](#) (2408 bp)

.... cttgcactcagaagtttct**catgaggagattgccatggcgaccgtcacagcgct**

position 1823 (CDS: 1088 - 2182)

Synonym: ALDA; GSD12

NM_000034.3 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx発現量](#)

[Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.2 \(EPB42\), transcript variant 1, mRNA.](#) (2554 bp)

.... ccaaccttagctgcttgct**caggaagacattgccatttgtagaccacacccgtc**

position 2128 (CDS: 301 - 2466)

Synonym: PA; SPHS

NM_000119.2 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx発現量](#)

[Homo sapiens glycerol kinase \(GK\), transcript variant 2, mRNA.](#) (4485 bp)

.... ttgtttttagtaaacgt**taagaaaaagattgccctctaattttttcaat**

position 3199 (CDS: 180 - 1754)

Synonym: GK1; GKD

NM_000167.5 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx発現量](#)

[Homo sapiens myosin VA \(heavy chain 12, myoxin\) \(MYO5A\), transcript variant 1, mRNA.](#) (12238 bp)

.... ctggcggttcctgtct**caggaagaaaattgccaaagctccggaaagacccgtga**

position 3209 (CDS: 245 - 5812)

Synonym: GS1; MYH12; MYO5; MYR12

NM_000259.3 - Homo sapiens (human) - [NCBI](#) - [UCSC](#) - [RefEx発現量](#)

[Homo sapiens homeobox D13 \(HOXD13\), mRNA.](#) (2341 bp)

.... tgccgtctaccgaagaggagg**aaagaagagagtgccttacaccaaactgcagctta**



第参訓

人間は間違え る動物である

sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

3. 人間は間違える動物である

- いつかは必ずタイプミス、見落とします
- そこで！
 - コピペでおk
 - command + C -> command + V
 - command + X -> command + V
 - 眼grep、目search禁止
 - command + F

さらに高度に「デ ラフ」なんてのも

テキスト比較ツール difff (デ ラフ) ver.5

下の枠に比較したい文章を入れてください。差分 (diff) を表示します。

下記の文章を比較してください。

Betty Botter bought some butter,
But, she said, this butter's bitter;
If I put it in my batter,
It will make my batter bitter,
But a bit of better butter
Will make my batter better.
So she bought a bit of butter
Better than her bitter butter,
And she put it in her batter,
And it made her batter better,
So 'twas better Betty Botter
Bought a bit of better butter.

下記の文章を、比較してください。
Betty Botter bought some butter,
But, she said, the butter's bitter;
If I put it in my batter,
That will make my batter bitter.
But a bit of better butter,
That will make my batter better.
So she bought a bit of butter
Better than her bitter butter.
And she put it in her batter,
And it made her batter better.
So it was better Betty Botter
Bought a bit of better butter.

下記の文章を比較してください。

Betty Botter bought some butter,
But, she said, **this** butter's bitter;
If I put it in my batter,
It will make my batter bitter,
But a bit of better butter
Will make my batter better.
So she bought a bit of butter
Better than her bitter butter,
And she put it in her batter,
And it made her batter better,
So '**twas** better Betty Botter
Bought a bit of better butter.

下記の文章を、比較してください。

Betty Botter bought some butter,
But, she said, **the** butter's bitter;
If I put it in my batter,
That will make my batter bitter,
But a bit of better butter,
That will make my batter better.
So she bought a bit of butter
Better than her bitter butter,
And she put it in her batter,
And it made her batter better,
So **it was** better Betty Botter
Bought a bit of better butter.

比較する

• <http://altair.dbcls.jp/difff/>



第四訓

最短経路

を辿れ



sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

4. 最短経路を辿れ

- ・生命科学分野の研究に必要な情報に行き着く手段は複数ある。しかし...
- ・時間ロス防止
- ・途中で別のサイトに行ってしまうの防止

ライフサイエンス横断検索(MEXT)

生命科学データベース横断検索

肥満

データベース一覧 | HELP | 検索結果URL表示

クレジット

NBDC National Bio-Information Center

外部リンク

- [Search by PubMed](#)
- [Search by NCBI](#)
- [Search by Google](#)
- [DNAデータバンク\(INSD\)](#)
- [J-GLOBAL](#)
- [欧州特許](#)
- [米国特許](#)

データベース

全てのデータベース(25977)

統合DBプロジェクト(39)

生命科学系データベースアーカイブ(8)

- プロジェクト公開資料(2)
- 日本の生命科学データベース政策(2)
- 生命科学系主要プロジェクト一覧(0)
- ライフサイエンス新着論文レビュー(FI)
- 統合TV(2)
- BodyParts3D(0)
- 生物アイコン(0)
- WINGpro(12)
- MEDALS(METI database portal for life sciences)
- AgriTOGO (農林水産生物ゲノム情報系統)

文献(325)

学会要旨(172)

特許関連文書(18111)

用語解説(330)

ゲノム・遺伝子・RNA(980)

遺伝子発現・転写制御(1349)

タンパク質(281)

パスウェイ・相互作用・生体反応(1399)

糖・脂質(7)

細胞・組織(65)

共通 お気に入り

検索結果 ALL

Obesity [PharmGKB][pharm_gkb]
 Disease: Obesity PGx Research Overview Is Related To Downloads/LinkOuts Curated Annotations rs32 O Variant Name: C385A; Pro129Thr Related Diseases: Obesity Evidence: PMID:19958092 rs11684454 at chr2:1187630 plootype that has been studied for association with obesity , with conflicting findings. Related Diseases: Obes
<https://www.pharmgkb.org/disease/PA445131>

MacATF3 Tgマウス - JCRB実験動物研究資源バンク[animalbank]
 MacATF3 Tgマウス (MacATF3 Tg #25,MacATF3 Tg #35) 別名:マクロファージ特異的ATF3トランスジェニック ランスジェニックマウスは、対照野生型マウスと比較して、肥満 の脂肪組織におけるマクロファージの炎症性サイトカイン 下しており、マクロファージの活性化が抑制されている。 肥満 あるいは メタボリックシンドロームによる脂肪組織の炎症
http://animal.nibio.go.jp/j_macatf3-tg.html

JoVE Video: Segmentation and Measurement of Fat Volumes in Murine Obesity Models Using X-ray Computed Tomography[jove]
 JoVE Clinical and Translational Medicine Segmentation and Measurement of Fat Volumes in Murine Obesity mention and Measurement of Fat Volumes in Murine Obesity Models Using X-ray Computed Tomography Sasser, T. mention and Measurement of Fat Volumes in Murine Obesity Models Using X-ray Computed Tomography. J. Vis. Ex
<http://www.jove.com/video/3680>

検索結果25977件中 1 - 10件目を表示

データベースの詳細情報

統合TV

収録データ数: 915

収録期間: 2012

Synopsis: 統合TVは、ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS) が発信するデータベース(DB)やツールの使い方を紹介した動画コンテンツです。

遺伝子リスト-->Human

leptin (obesity homolog, mouse) [GENE:3952][GNP:3952][UNP:P41159][HGNC:6553]
 Obesity, susceptibility to, on chromosome 4 [GENE:404683][GNP:404683][UNP:][HGNC:]
 Obesity, susceptibility to, on chromosome 10q [GENE:353126][GNP:353126][UNP:][HGNC:]
 Obesity quantitative trait locus [GENE:8203][GNP:8203][UNP:][HGNC:]
 Sialic acid-binding Ig-like lectin 6 precursor [GENE:946][GNP:946][UNP:O43699][HGNC:10875]
 abdominal obesity-metabolic syndrome QTL2 [GENE:65077][GNP:65077][UNP:][HGNC:]
 Sialic acid-binding Ig-like lectin 5 precursor [GENE:8778][GNP:8778][UNP:O15389][HGNC:10874]
 Abdominal obesity-metabolic syndrome QTL1 [GENE:65076][GNP:65076][UNP:][HGNC:]
 obesity, susceptibility to, on chromosome 10p [GENE:56694][GNP:56694][UNP:][HGNC:]

ライフサイエンス横断検索(METI)

MEDALS 横断検索 キーワード | [?] 表示画面選択 表示件数
高脂血症 MEDALS 30 ▼検索オプション | HELP Powered by DBCLS

データベース 全てのデータベース(9609) 印刷

統合DBプロジェクト(8)
文献(66)
 ライフサイエンス新着論文レビュー (FIRST...) (1)
 蛋白質核酸酵素(21)
 文科省「ゲノム特定領域」年次報告書(5)
 文科省「旧ゲノム特定領域」最終報告書(11)
 BIOPHYS : 生物物理(2)
 科学新聞記事-(2)
 Nucleic Acids Research Issue(13)
 Nucleic Acids Research WebServer Issue(0)
 Nucleic Acids Research DB Issue(2)
 プロトコール
 BioTechniques(0)
 jove(3)
 Nucleic Acids Research(3)
 蛋白質科学会アーカイブ(0)
 東京大学医学部生化学教室ラボマニュアル(0)
 Cell Biology Laboratory Manual(0)
 PepcDB(0)
 SigmaAldrich実験プロトコール(0)
 メルク微生物プロトコール(0)

検索結果 ALL

[Hyperlipidemia, Familial Combined \[PharmGKB\]\[pharm_gkb\]](#)
Disease: Hyperlipidemia, Familial Combined Overview Is Related To Downloads/LinkOuts Overview AI ... ternate Names: Synonym Combined Hyperlipidemia, Familial; Combined Hyperlipidemias, Familial; FCH ... L - Familial combined hyperlipidaemia; FCHL - Familial combined hyperlipidemia; Familial ... Combined Hyperlipidemia; Familial Combined Hyperlipidemias; Familial combi
<https://www.pharmgkb.org/disease/PA444529>

[TXNIP - Wikipedia, the free encyclopedia\[gene_wiki\]](#)
PBBgeneID=10628 Thioredoxin-interacting protein is a protein that in humans is encoded by the TX ... W, et al. title=Positional cloning of the combined hyperlipidemia gene Hyplip1. journal=Nat. Genet. volume=30 issue= ... e=TXNIP gene not associated with familial combined hyperlipidemia in the NHLBI Family Heart Study. journal=Atheroscl
<http://en.wikipedia.org/wiki/TXNIP>

[植物ステロール\[hfnet\]](#)
「健康食品」の安全性・有効性情報 注意!(1) データの無断転用、引用、商用目的の利用は厳禁。(2) 以下の ... る。シトスタンノールを単独で、あるいは他の低脂肪食や抗高脂血症薬とともに摂取した高コレステロール血症患者の88%で、総 ... コリステロール低下作用のあるハーブやサプリメント、抗高脂血症薬との併用で、それらの作用を増強することがある (66)
<https://hfnet.nih.go.jp/contents/detail581.html>

データベースの詳細情報

文科省「ゲノム特定領域」年次報告書

収録データ数: 564

収録期間: --

Synopsis: 2005年?2009年に実施された文部科学省ゲノム特定領域の年次報告書及び最終報告書のPDFをダウンロードして閲覧できます。また2000年?2004年に実施された旧ゲノム特定領域の最終報告書のリストも同様に閲覧可能です。

[肥満にともなう高レフチン血症は肝臓において少量のエンドトキシンに過剰な反応をきたし非アルコール性脂肪肝炎の進展に関与する：ライフサイエンス 新着論文レビュー\[first_author\]](#)
ホーム 「新着論文レビュー」とは 編集人 著作権・クレジット ライフサイエンス 新着論文レビュー First ... れにともない、内臓脂肪の蓄積を原因とする糖尿病、高血圧、高脂血症など複数の疾患が集積し、いわゆるメタボリックシンドrome
<http://first.lifesciencedb.jp/archives/5294>

[JoVE Video: Implantation of a Carotid Cuff for Triggering Shear-stress Induced Atherosclerosis in Mice\[jove\]](#)
JoVE Clinical and Translational Medicine Implantation of a Carotid Cuff for Triggering Shear-str ... and rapid formation of atherosclerotic lesions in hyperlipidemic mice, it cannot be excluded that the observed infl ... y of atherosclerotic plaque development transgenic hyperlipidemic mouse models (e.g. the ApoE knockout mouse) are re ... ithin the same vessel (Fig. 2, ...

Page 1 of 321 検索結果9609件中 1 - 30件目を表示

ライフサイエンス横断検索(MHLW)

国内の医学/生命科学データと生物資源をさがす

Sagaceについて | データベース一覧 | お問い合わせ | English



高血圧



すべて

生物資源

特許

実験プロトコル

文献・用語集・辞書

その他のデータベース

すべて

ヒト

動物(ヒト以外)

植物

微生物

特定生物なし

高血圧の検索結果: 27984 hits

表示オプション: 同義語展開あり(デフォルト)

高血圧症 | 日本サプリメント協会 サプリメントデータベース

<http://www.j-sup.com/> サプリメントデータベース

文献・用語集・辞書 | ヒト, 植物

高血圧症 動脈硬化を促進するサイレントキラー 「血圧」とは心臓から送り出された血液が、動脈の壁を押すことをいいます。この圧力が慢性的に高い状態であるのが高血圧症です。高血圧症には、原因のはっきりしない本態性高血

TRICチャネルの血圧調節への寄与とその遺伝子多型による本態性高血圧のリスク :

ラ...

<http://first.lifesciencedb.jp/> ライフサイエンス新着論文レビュー (FIRST AUTHOR'S)

文献・用語集・辞書 | 特定生物なし

ホーム 「新着論文レビュー」とは 編集人 著作権・クレジット ライフサイエンス 新着論文レビュー

FirsRICチャネルの血圧調節への寄与とその遺伝子多型による本態性高血圧のリスク 2011年8月12日
竹島 浩・山崎大樹 (京都大学大)

Search Result

<http://alterna.cbrc.jp/> ASTRA(Alternative Splicing and Transcription Archives)

その他のデータベース | ヒト, 動物(ヒト以外), 植物, 微生物

ASTRA Home Statistics Human Mouse D. melanogaster C. elegans A. thaliana O. sativa Help
Links Se clone:C730049K16 product:weakly similar to SA RAT hypertension-ASSOCIATED
HOMOLOG [Mus musculus], full insert seq

ライフサイエンス横断検索(MAFF)



農林水産生物ゲノム情報統合データベースは、農林水産省の研究の成果として公開している情報を統合し、より価値の高い情報を発信することを目的としています。



統合検索

公開されているデータベースを横断してキーワード検索できます

もっと見る...

生活習慣病

統合検索



解析ツール

データの解析に役立つツールを紹介しています

[イネ](#) (9件)

[動物](#) (1件)

[カイコ](#) (3件)

[微生物](#) (1件)



統合データベース

各種のデータベースを使いやすく結合しました

[イネ統合データベース \(RiceTOGOBrowser\)](#)

[カイコ統合データベース \(KAIKOBase\)](#)



データベース便覧

研究成果として公開されているデータベースです

[イネ・植物](#) (31件)

[動物](#) (4件)

[カイコ・昆虫](#) (10件)

[微生物](#) (2件)



データダウンロード

様々なデータをダウンロードできます

[イネ](#) (4件)

[動物](#) (1件)

[カイコ](#) (2件)



連携

他省庁の統合データベースです



その他リンク

[農林水産省](#)

[農業生物資源研究所](#)

[DNAバンク](#)

[ゲノムリソースセンター](#)

[新農業展開プロジェクト](#)

もっと見る...

What's new

4省の生命科学系データベースの統合を目指して

このサイトは、文部科学省、厚生労働省、農林水産省、経済産業省による、生命科学系データベース統合のための合同ポータルサイトです。

内閣府 総合科学技術会議ライフサイエンスプロジェクトチーム 統合データベース(推進)タスクフォースの示す方針を踏まえて、平成23年度より、4省の間で生命科学系データベースの統合が推進されています。その統合のためのステップとして、データベースのカタログ、横断検索、アーカイブ構築などの連携を4省合同で進めています(図1)。

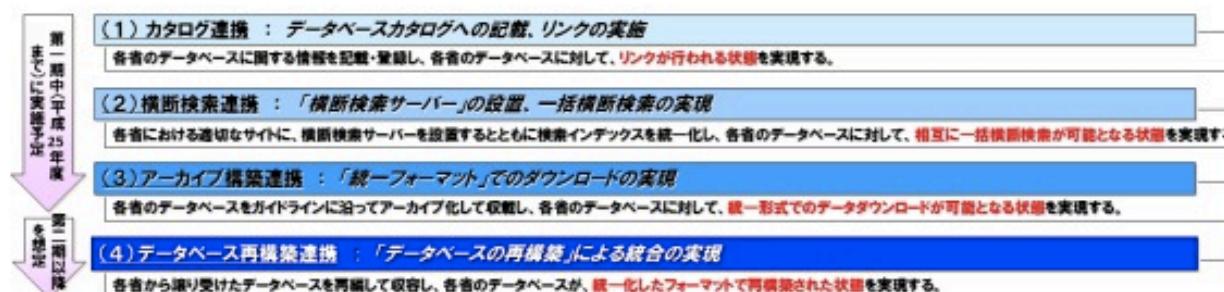
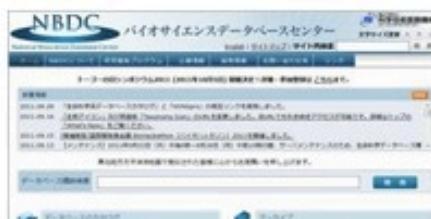


図1.4省データベース統合の段階的進展

以下は、各省で統合を進めている4つの機関それぞれのポータルサイトです。



文部科学省:NBDC-バイオサイエンスデータベースセンター



NBDCは、データベース整備・統合の様々な実務に携わるとともに、ファンディングを介して、統合のための基盤技術開発や、生命科学の各分野のデータベースの統合を進めています。平成22年度までの「文部科学省データベース統合プロジェクト」と平成23年度までの「バイオインフォマティクス推進事業」の流れを継承しています。

URL: <http://biosciencedbc.jp/>



AgriTOGO
農林水産生物ゲノム情報統合データベース

MEDALS
METI database portal for life science

 データベースを探す (カタログ)

一覧 /

 データを探す (横断検索)

 データを使う (アーカイブ)

一覧 /

第五訓

つぶやけ、さ
れば救われん

sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

5. つぶやけ、されば救われん

- 研究関係っぽいアカウント（垢）を探してフォローしてつぶやいてみましょう
- 知り合いがtwitterやっていない？心配無用。
- 統合牧場 #togofarm ハッシュタグ関係や、
- はてなグループの中に「ついた一生物部」にあるアカウントをフォローしてみましょう

ついでた一部

生物部

■ ついた一生物部

生命現象を解き明かすのは人類の夢である!

分子生物学・細胞生物学などのミクロな生命科学から、進化学・遺伝学・生態学などのマクロな生物学まで生物に関する興味がある人は誰でもOK。

「いきもの大好き！」って人は参加すると良いと思います。

活動內容

- TLで時々生物学の話をする
 - 生物の話をするときは、内容を知らない人にも分かり易く読めるつぶやきを心がける
 - 部員が集まる事が、ある・・・？

入部手続

まずついた一部に入ってから、このページの上にある「編集」をクリックし、「部員リスト」のところにTwitter IDなどの情報を追加してください。勝手に追加してOKです。

生物系ハッシュタグ

- #biojp 生命科学一般の話題
 - #f_o_s 科学の将来 (future of science)
 - #Sci_on ツイート上の科学関連突発イベントのときに使用されるタグ
 - #seibutsu 生物学・動物など一般の話題
 - #microb 微生物学の話題
 - #jxtal タンパク質X線結晶構造解析の話題
 - #neuro_j 神経科学の話題
 - #gan 癌の話題
 - #maironn 毎日一報論文読破運動

部員リスト

No.	TwitterID	専攻分野or興味のある生物	一言
1	@Fm7	細胞生物学・分子生物学	生命の不思議を解き明かすだけの簡単なお仕事
2	@Altercel	微生物化学・分子生物学	微生物を培養してわかるやうにするだけの簡単なお仕事



顔がパンパン丸 @Fm7

10年4月3日

ちなみにSouthernが人名なので最初は大文字。そのために Northern BlottingやWestern Blottingも最初のNとWは大文字にするのが決まりだとか。ホントかどうかは知りませんが、確かに小文字でwestern blottingって書いてあることは少ない。

[詳細](#) [返信](#) [リツイート](#) [★ お気に入りに登録](#)

<https://twitter.com/Fm7/status/11526836251>

:

:

:



怒りのボニョ

@bonohu

@mdr52 RAさんの練習問題に丁度いいかも。ありがとう>ネタ

[返信](#) [削除](#) [★ お気に入りに登録](#)

<https://twitter.com/bonohu/status/11527171369>

RA: Research Assistant

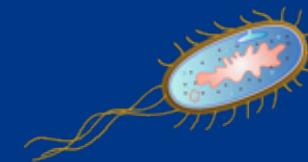
- DBCLSのアルバイトの大学院生。

大学生は技術補佐員と呼ばれる。

-<http://g86.dbcls.jp/>

- 統合牧場 #togofarm

-統合TV制作部



-美術制作部



-技術開発部: 主に自然言語処理技術開発

横山 貴央



(現ワークショップ
オーガナイザー)

小野 浩雅



(統合牧場産 壱号)

大田 達郎

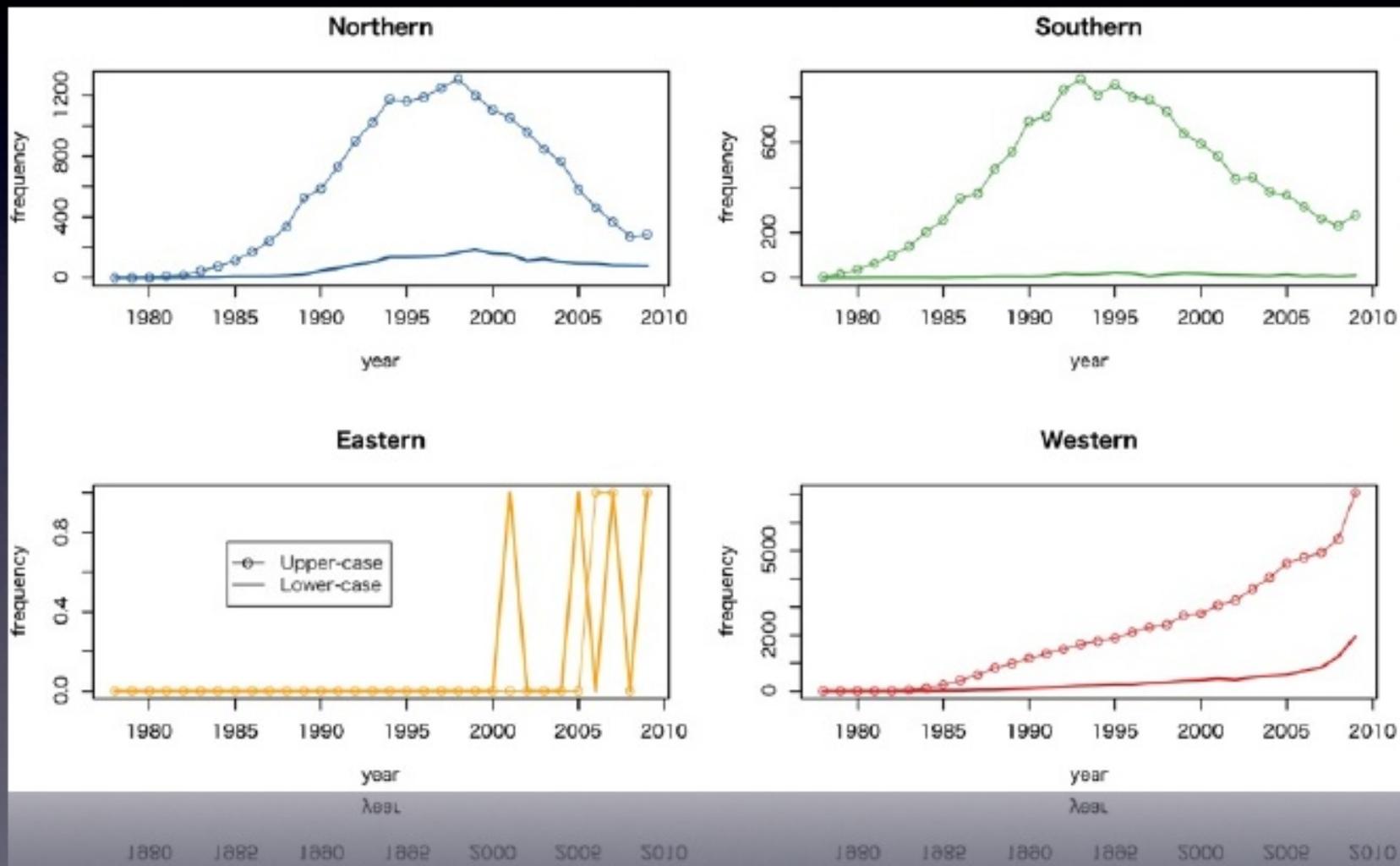


(統合牧場産 弐号)

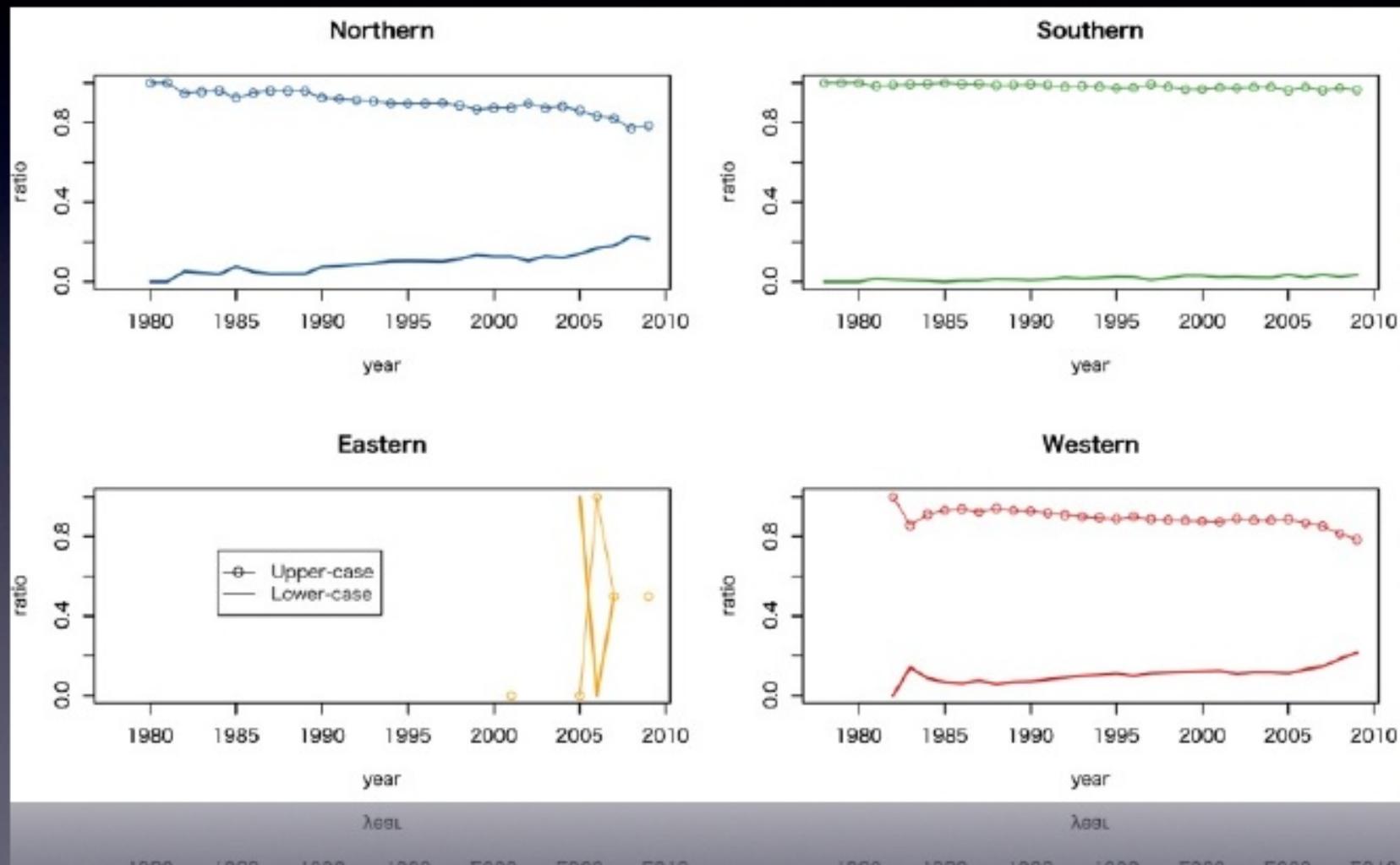
敬称略 順意図的w



各年の論文数

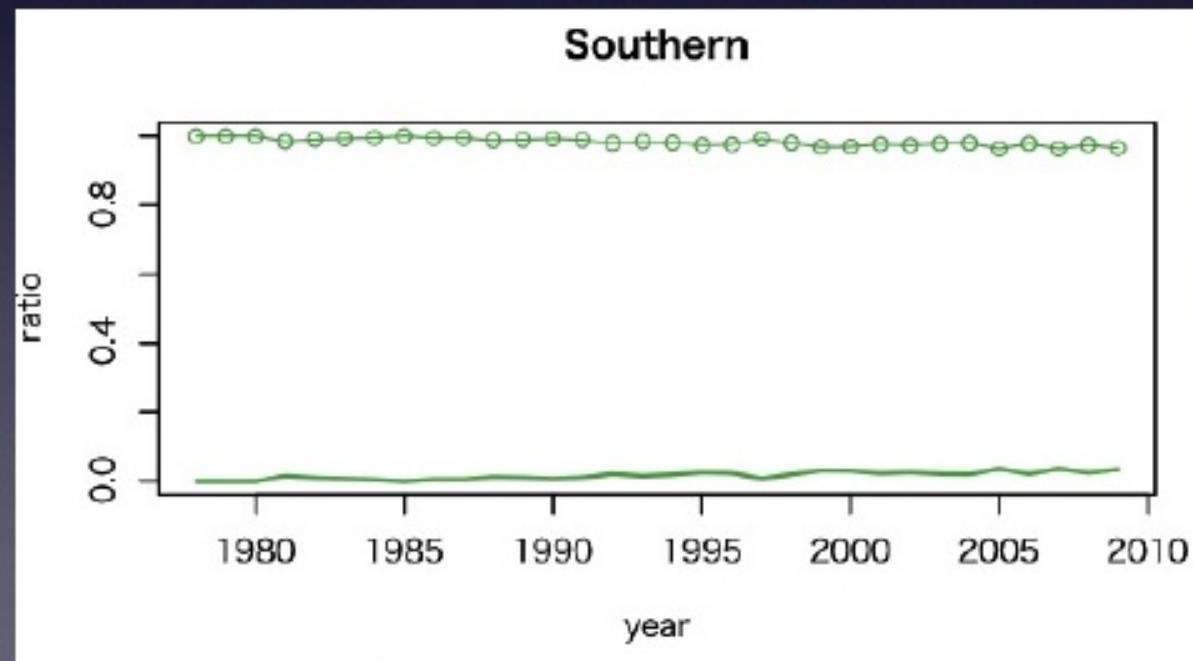


大文字 : 小文字



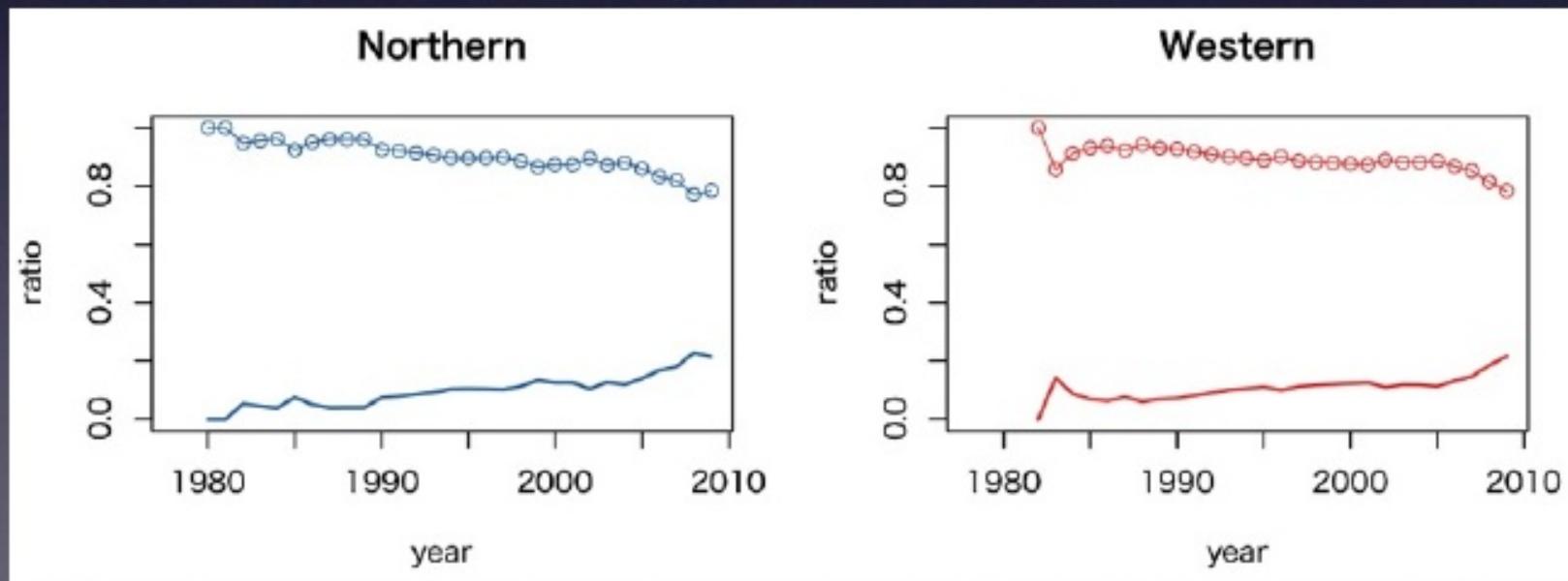
Southernの場合

- ほぼ大文字
- その傾向は昔と変わらない



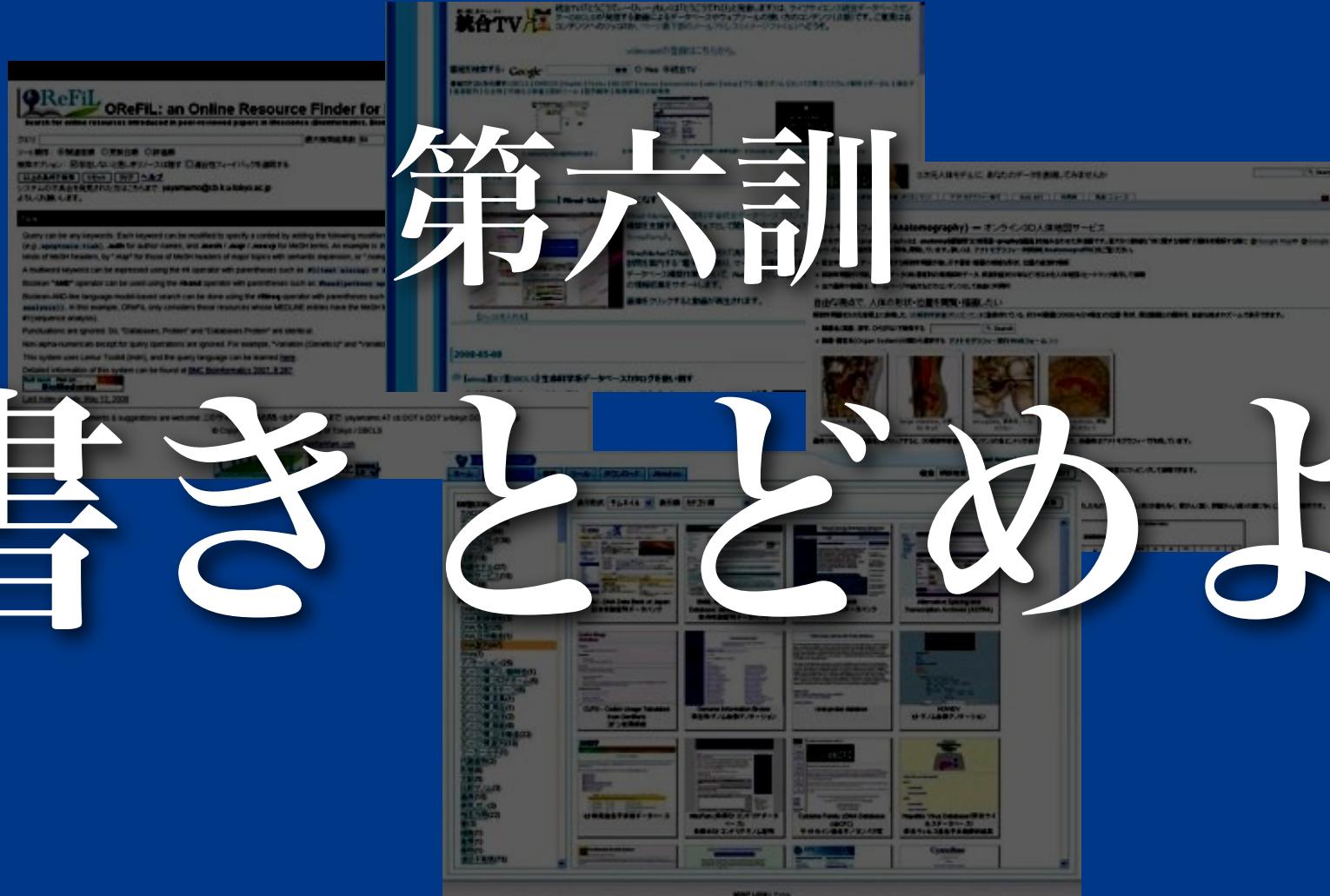
Northern, Westernの場合

- 大文字の方が多い
- 近年その傾向が変わりつつある



第六訓

書きとどめよ



sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

6. 書きとどめよ 議論したことは 風の中に吹き飛ばしてはいけない
- 重複も情報である
 - twitter, blog等々
 - もちろん論文も :)

twitterに書き留めると...

Mentions Conversation

bonohu @wakuteka よろ 1 day

wakuteka @bonohu 木曜にやります 1 day

bonohu .@wakuteka お願いできますか？ “@bonohu: #togoafp 誰かに調査してもらおうかな。やりたい人？ CummeRbund is an R package that is designed to aid and.. htn.to/pcEAFF” 1 day

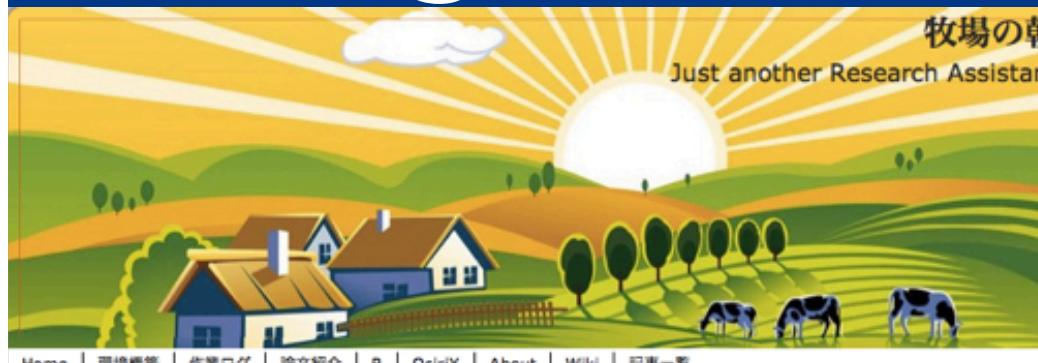
bonohu #togoafp 誰かに調査してもらおうかな。やりたい人？ CummeRbund is an R package that is designed to aid and simplify the task of analyzing C... htn.to/pcEAFF 1 day

Profile icons: bonohu (man with wind turbine), wakuteka (pink-haired girl), and a placeholder icon.



ブログとして書き留めると...

- 例： @wakuteka



Home | 環境構築 | 作業ログ | 論文紹介 | R | OsiriX | About | Wiki | 記事一覧

RでMRIデータを可視化する

4月 22nd, 2011 | Author: wakuteka

フリーの統計解析・可視化環境であるRには、さまざまな分野に特化したパッケージが豊富に存在しています。今回紹介するoro.niftiパッケージは、MRI画像を扱うことができる主要なフォーマット(DICOM, NIFTI, ANALYZE, AFNI)のうちNIFTI, ANALYZE, AFNIの三つを読み書きすることができます。また、DICOMパッケージを読み込むにはoro.dicomパッケージが使用できます。

パッケージのインストール

Rを立ちあげて、以下のコマンドを入力します。

```
> install.packages("oro.nifti", repos="https://cran.md.tsukuba.ac.jp/")
> install.packages("oro.dicom", repos="https://cran.md.tsukuba.ac.jp/")
```

パッケージを使う前に

パッケージをインストールすると、サンプルデータやドキュメントも同時にインストールされます。これらのパッケージ付属ファイルの位置は、以下のようにして取得できます。

```
> dir(system.file(package="oro.nifti"))
[1] "COPYING"      "DESCRIPTION"   "INDEX"       "Meta"        "NAMESPACE"
[6] "R"             "afni"         "anlz"        "demo"       "doc"
[11] "help"          "html"         "nifti"
> dir(system.file("nifti", package="oro.nifti"))
[1] "ffd.nii.gz"   "ffdL.nii.gz"  "mriL.nii.gz" "zstat1.nii.gz"
```

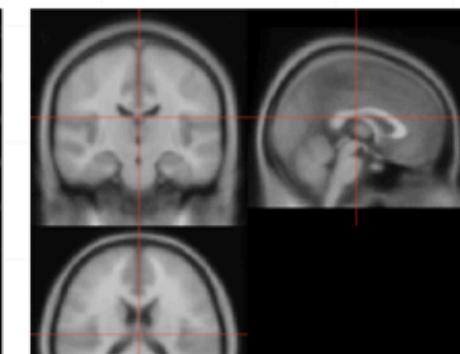
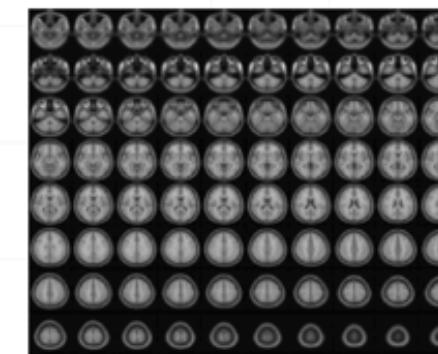
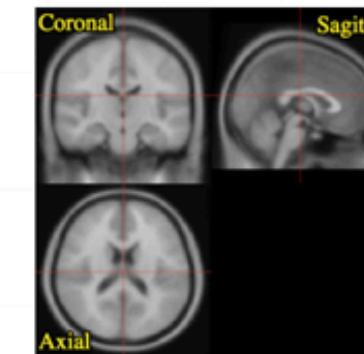
具体的な使用例

ANALYZE形式の読み込み

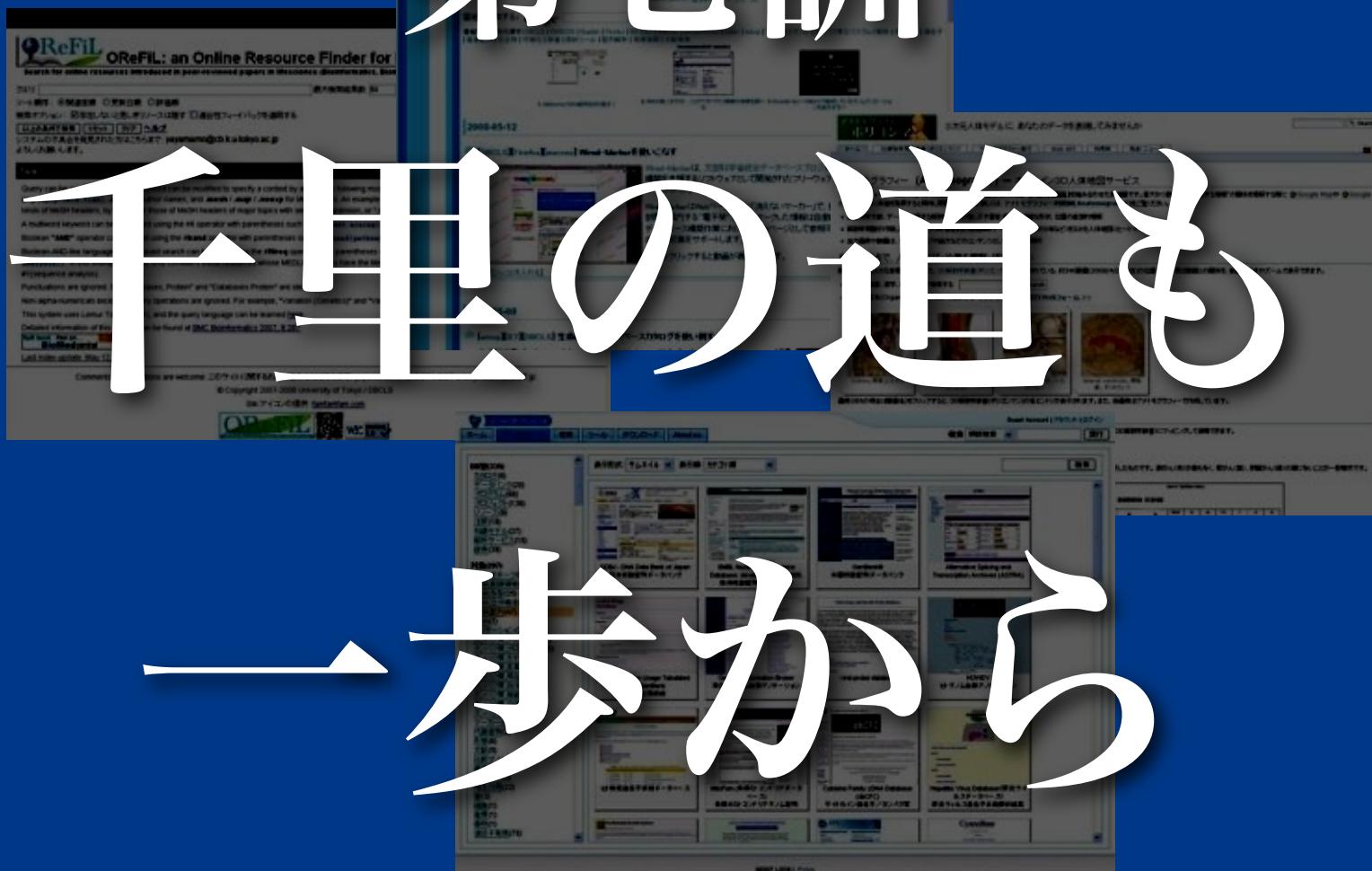
標準脳MNI152のデータを例に読み込みを行います。

```
> library(oro.nifti)
> avg152T1 <- readANALYZE(file.path(system.file("anlz", package="oro.nifti"), "avg152T1"))
> is.analz(avg152T1)
[1] TRUE
> avg152T1
ANALYZE 7.5 format
  Type           : anlz
  Data Type     : 2 (UNSIGNED_CHAR)
  Bits per Pixel: 8
  Orient         : (unknown)
  Dimension    : 91 x 109 x 91 x 1
  Pixel Dimension: -2 x 2 x 2 x 0
  Voxel Units   : mm
> image(avg152T1)
> orthographic(avg152T1)
```

image()関数で軸状断(Axial)の全画像を、orthographic()関数で中心での冠状断(Coronal),矢状断(Sagittal),軸状断(Axial)を表示できます。



第七訓



sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

7. 千里の道も一歩から

- 繼続してやっていくことが大事
- 流行りに踊らされずに、な
- 統合DBでの継続的なコンテンツ作成
 - 新着論文レビュー（第壱訓で言及）
 - Since 2010/09-, 250以上のレビュー
 - ??
 - Since 2007/07-, 600本以上の??



統合TV(togotv)



togotv 開

チャンネル 動画: 564 本 - 作成日: 2007/08/08 - 全期間の再生回数: 213,392

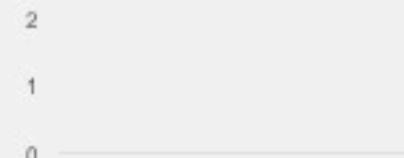
全期間 (2007/08/08~2012/08/07)

パフォーマンス



213,392

再生回数



\$0.00

推定総収益

視聴者の反応



141

高評価数



13

低評価数



59

コメント



38

共有数



440

お気に入りへの追加数



155

登録者数の増減

上位 10 本の動画

[すべての動画を閲覧](#)

動画	再生回数 ↓	登録者数の増減	推定総収益
1. PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方	18,608	1	\$0.00
2. オンライン人体地図サービス「アナトモグラフィー」 ...	10,936	3	\$0.00
3. blastの使い方	5,152	0	\$0.00
4. 統計解析ソフト「R」の使い方 ~導入編~	4,627	2	\$0.00
5. PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方 2011	3,952	1	\$0.00
6. PyMOLを使い倒す	3,947	0	\$0.00
7. 遺伝子発現情報データベース NCBI Gene Expression ...	3,778	0	\$0.00
8. 配列のアライメント作成ツールClustalWを使い倒す	3,372	0	\$0.00
9. 統計解析ソフト「R」の使い方 ~ヒートマップ編~	3,291	2	\$0.00
10. Primer BLASTの使い方 2010	3,238	2	\$0.00

Top10 movies@YouTube



すべてのトラフィック
ソースからの再生回数

165,876

YouTube での再生回数

55,780

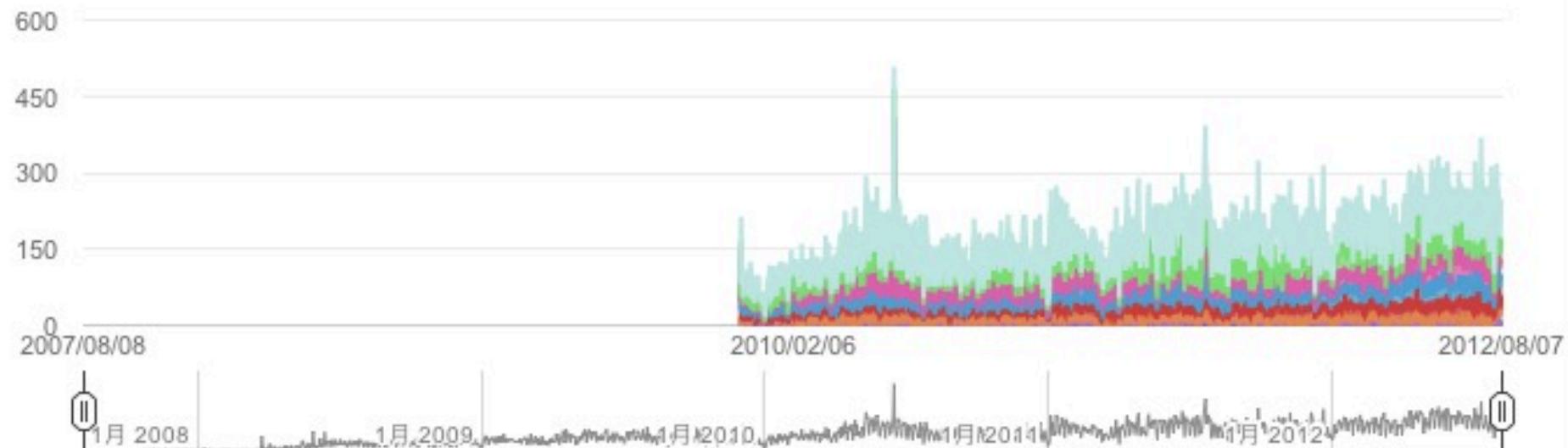
YouTube 外での再生回数

81,498

モバイル アプリやノーリ
ファラー

28,598

日別 ▼



トラフィック ソース ?

再生回数 ↓

全表示に対する割合

● 外部のウェブサイト

42,679

25.7%

● Google 検索

38,819

23.4%

● YouTube 関連動画 ?

31,152

18.8%

● モバイル アプリやノーリファラー (参照元不明) ?

22,273

13.4%



sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

8. publish or perish

- outputがなかったら死んでいるのと同じ
- →ウェブ上で発信しましょう
- 例えば、Read&Researchmap, Linked in

The screenshot shows a researcher profile page for 坊農秀雅 (Bono Shuya). The page includes a photo of the researcher, his name, handle, URL, affiliation, department, title, degree, and research grant number. It also lists other researchers he follows and a link to his LinkedIn profile.

日本語 | English 新規登録 | ログイン

◀Read & ▶Researchmap

ホーム 研究者検索 コミュニティ検索

坊農秀雅

▶マイポータル

おとなりの研究者

仲里 猛留 松田秀雄

04/19 更新 07/02 更新

NO IMAGE NO IMAGE

坊農秀雅

研究者氏名: 坊農秀雅
ハンドル: bonohu
URL: <http://dbcls.rois.ac.jp/~bono/>
所属: 大学共同利用機関法人情報・システム研究機構
部署: ライフサイエンス統合データベースセンター
職名: 特任准教授
学位: 博士(理学)(京都大学)
科研費研究者番号: 20364789

更新日: 12/07/03 16:52

プロフィール

現在、大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)にて、遺伝子発現情報を中心とした大規模データの利用技術開発ならびに生命科学における統合データベースに関するコンテンツの作成・整備を担当。データベースやウェブツールの使い方を動画で紹介する統合TVや、遺伝子発現解析に役立つ発現リファレンスデータセット(RefEx)を構築維持管理するかたわら、それらのコンテンツの利用を普及する統合データベース講演会・講習会の講師を務めるなど、日本のバイオサイエンス分野のデータベース統合化に微力を尽している。

研究キーワード

[代謝変動\(1\)](#) , [低酸素\(40\)](#) , [がん\(116\)](#) , [パーキンソン病\(133\)](#) , [ゲノム\(196\)](#) , [トランскриプトーム\(16\)](#) , [転写因子結合サイト\(1\)](#) , [バイオインフォマティクス\(151\)](#) , [データベース\(257\)](#) , [オープンソースソフトウェア\(14\)](#)^② , [配列解析\(4\)](#) , [ゲノム配列解析\(3\)](#) , [機能アノテーション\(1\)](#) , [パスウェイ解析\(1\)](#) , [マイクロアレイ\(76\)](#) , [遺伝子\(299\)](#) , [ゲノム情報解析\(6\)](#)

研究分野

- [ゲノム科学 / 応用ゲノム科学\(245\)](#) /

経歴

[テキストで表示](#)

2007年7月	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター 特任准教授
2007年4月 - 2007年6月	埼玉医科大学 ゲノム医学研究センター 准教授
2005年4月 - 2007年3月	埼玉医科大学 ゲノム医学研究センター 助教授
2003年10 - 2005年3月 月	埼玉医科大学 ゲノム医学研究センター 講師
2003年4月 - 2003年9月	埼玉医科大学 ゲノム医学研究センター 助手
2000年4月 - 2003年3月	理化学研究所横浜研究所ゲノム科学総合研究センター 基礎科学特別研究员

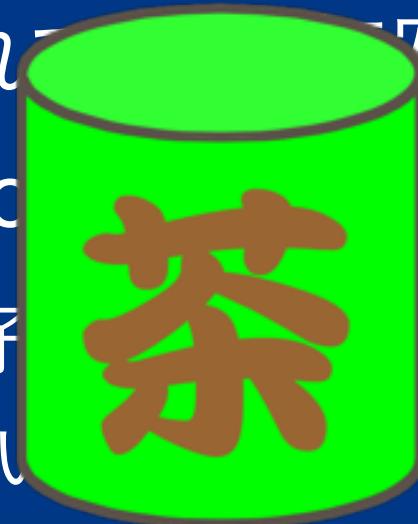
論文

[テキストで表示](#)

1 2 3 >

遺伝子発現の制御？

- ・これまでに知られている転写因子結合サイト(TFBS:transcription factor binding sites)の利用
 - あるTFBSを遺伝子パターンの特徴はない
- ・共発現遺伝子群から
 - プロモーター配列にパターンはないか?
⇒ 哺乳類では難しい（予想以上のスプライスバリエントの存在、マイクロアレイの技術的限界）



低酸素(hypoxia)



comparative transcriptomics



	Species	Gene Chip	Oligo array	other
Human	<i>Homo sapiens</i>	27	12	15
Rodents	<i>Mus musculus</i>	14	1	8
	<i>Rattus norvegicus</i>	3	1	0
Vertebrates	<i>Gallus gallus</i>	1	0	0
	<i>Danio rerio</i>	1	2	0
Invertebrates	<i>Drosophila melanogaster</i>	2	0	2
	<i>Caenorhabditis elegans</i>	0	0	1
Fungi	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	1	0	0
	<i>Shizosaccharomyces pombe</i>	0	1	0
	others	0	7	1
Plants	<i>Arabidopsis thaliana</i>	10	0	0
	others	1	0	0
Bacteria	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	0	3	0
	<i>Mycobacterium bovis BCG</i>	0	1	0
	<i>Caulobacter vibrioides</i>	1	0	0

HUMAN

Dwarf Recessive White Chicken and Shouguang Chicken



human



rat



mouse

GSE6701 Expression data from ischemia and reperfusion events in NRVMs using Coverslip Hypoxia

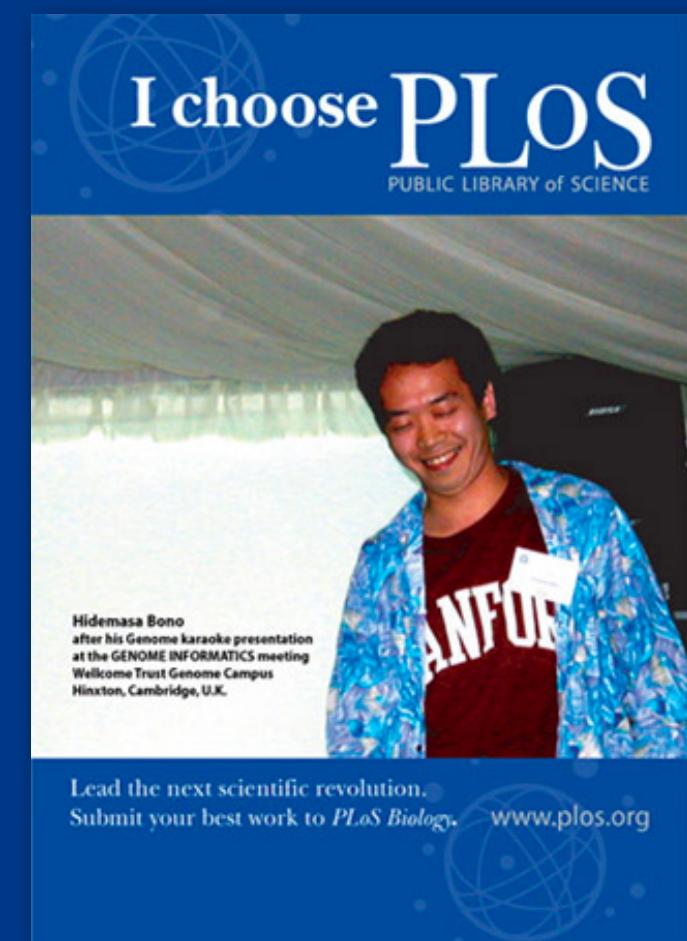
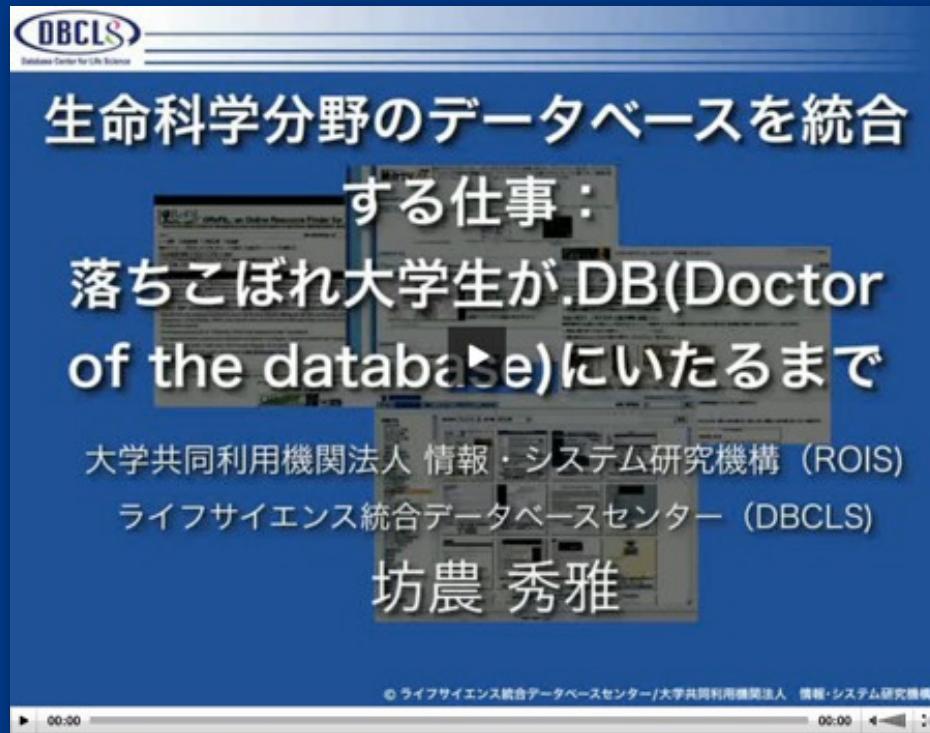
第九訓

参加だけじゃ
なく△せよ

sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

9. 参加だけじゃなく△せよ

- △といわれるレベルに
- 自ら積極的にコンテンツに



Journal Suggestion using MeaIINe (JSMN)

論文のアブストラクトかキーワードを英語で入力して下さい(少ないと検索が失敗する場合があります)

GGRNA (<http://GGRNA.dbcls.jp/>) is a Google-like, ultrafast search engine for genes and transcripts. The web server accepts arbitrary words and phrases, such as gene names, IDs, gene descriptive annotations of gene and even nucleotide/amino acid sequences through one simple search box.

Result

Common distinctive words

genes, gene, nucleotide, sequence, sequences

	Journal title	Similarity	Distinctive words	Quasi impact factor
入力例は GG	Journal of molecular evolution	0.2868	amino, acids, acid, analysis	3.500
About	Nucleic acids research	0.2807	transcripts, jp, tools, server, nt	3.566
	Virus genes	0.2807	amino, nt, acids, acid, analysis	-
	Genome research	0.2452	transcripts, wide, provide, annotations, analysis	5.633
入力された英語	Genome biology and evolution	0.2166		-
推薦には200	Acta virologica	0.1954	amino, keywords, nt, words	-
表示している	BMC proceedings	0.1450	wide, provided, powerful, analysis	-
PubMedのデータ	Genetic testing and molecular biomarkers	0.1434	probe, analysis	-
	Journal of nutrigenetics and nutrigenomics	0.1405	acids, acid	-
	The Journal of general virology	0.1372	amino, nt	1.375
	top			

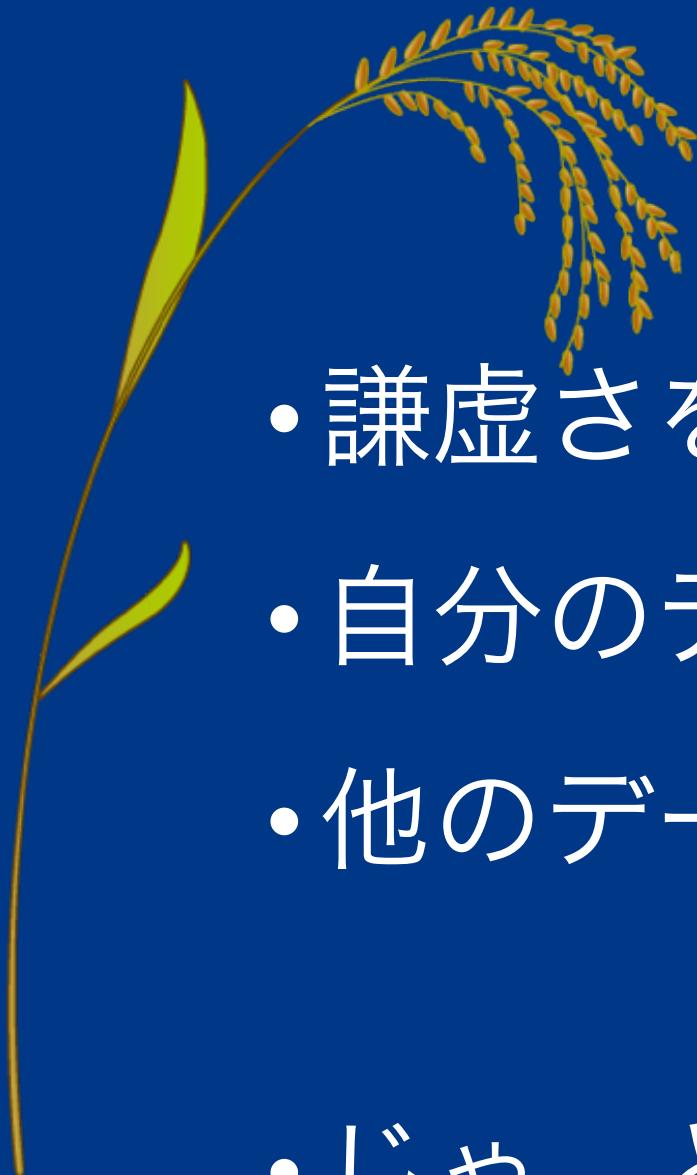
- <http://g86.dbcls.jp/JSMN/>
 - initiated by @y_benjo, maintained by @twittoru

第拾訓

実るほど頭を垂 れる穂穂かな

sound from <http://maoudamashii.jokersounds.com/list/se4.html>

10. 実るほど頭を垂れる稲穂かな



- 謙虚さを忘れずに
- 自分のデータを過信せず、
- 他のデータも日々チェック
- じゃ、どうやって？

GEO目次

- <http://lifesciencedb.jp/geo/>

遺伝子発現バンク(GEO)目次 バージョン:2012-07-28 English page

NCBI Gene Expression Omnibus (GEO) に登録されているデータを、測定技術と材料の属性に基づいて整理しました。

登録データリスト	国別登録データ分布	登録データ推移	登録データ全容	ヘルプ	英検索
----------	-----------	---------	---------	-----	-----

データ単位 : [データセット / サンプル / プラットフォーム] 単位の説明>>



各タブ内に表示される数値は、そのタブ分類に属するデータ数です。

ヒト (432,700)	雲長 (4,238)	齧歯 (159,580)	哺乳 (13,928)	脊椎 (15,480)	無脊椎 (32,802)	植物 (80,395)	バクテリア (36,045)	ウィルス (1,241)	ファージ (101)	未分類 (4,515)	すべて (782,111)
SAGE Nialli (1,683)	SAGE Rsal (3)	SAGE Sau3A (54)	MPSS (416)	GeneChip (334,324)	タイリングアレイ (18,517)	cDNAアレイ (99,440)	オリゴアレイ (207,557)	ビーズアレイ (85,072)	タンパク質アレイ (5)	抗体アレイ (1,006)	RT-PCR (3,161)
HT-Seq (25,336)	HT-Seq (5,421)	その他 (5,421)	すべて (782,111)								

脳 (54,612)	血 (145,459)	結合 (42,926)	生殖 (33,285)	筋 (21,706)	消化 (27,171)	肝 (46,953)	肺 (27,258)	腎 (16,414)	分泌 (51,009)	胎児 (15,770)	地上構造 (9,806)	若い地上構造 (7,970)	根 (4,212)	成長点 (2,015)	花・生殖 (2,644)	種子・果実 (2,723)	混合 (43,434)	分類不能 (226,744)	すべて (782,111)
---------------	----------------	----------------	----------------	---------------	----------------	---------------	---------------	---------------	----------------	----------------	-----------------	-------------------	--------------	----------------	-----------------	------------------	----------------	-------------------	------------------

1 | 2 | 3 | 4 | 5 > [39106]

サンプルID	タイトル	データ数	登録機関	登録日	プラットフォーム	サンプルタイプ	生物種	臓器分類	分類の根拠
1 GSM738733	hy1-2-dcl1-20_flower_8week	28,114,835	Pennsylvania State University	2011-06-07	[HT-Seq] AB SOLiD 4 System (Arabidopsis thaliana) (GPL14599)	SRA	シロイヌナズナ (Arabidopsis thaliana)	花・生殖	flowers and flower buds, hy1-2/dcl1-20
2 GSM738734	hy1-2-dcl1-21_flower_8week	24,264,574	Pennsylvania State University	2011-06-07	[HT-Seq] AB SOLiD 4 System (Arabidopsis thaliana) (GPL14599)	SRA	シロイヌナズナ (Arabidopsis thaliana)	花・生殖	flowers and flower buds, hy1-2/dcl1-21
3 GSM738732	hy1-2_flower_8week	19,648,148	Pennsylvania State University	2011-06-07	[HT-Seq] AB SOLiD 4 System (Arabidopsis thaliana) (GPL14599)	SRA	シロイヌナズナ (Arabidopsis thaliana)	花・生殖	flowers and flower buds, hy1-2
4 GSM738730	hy1-2-dcl1-21_rosetteleaf_5week	19,060,497	Pennsylvania State University	2011-06-07	[HT-Seq] AB SOLiD 4 System (Arabidopsis thaliana) (GPL14599)	SRA	シロイヌナズナ (Arabidopsis thaliana)	葉	rosette leaves, hy1-2/dcl1-21
5 GSM822758	Testes, P14 Miwi +/- [MR09]	17,578,027	EMBL Grenoble Outstation	2011-	[HT-Seq] Illumina Genome Analyzer IIx (Mus musculus) (GPL11002)	SRA	ハツカネズミ (Mus musculus)	精巣	Testes, P14 Miwi +/-

SRAs(Survey of Read Archives)



SRAs:
Survey of
Read
Archives

What's SRAs? - SRAsって何?

Survey of Read Archives (SRAs) is an index of next-generation sequencing data as yellow pages. Researchers can search and browse records by projects, platforms and species.

SRAs は、公共データベース ([SRA \[NCBI\]](#), [ENA \[EBI\]](#), [DRA \[DDBJ\]](#)) に登録された「次世代シーケンサ」データについての目次サイトです。プロジェクトやプラットフォームごとに各レコードの情報をることができます。

Simple Lists - まずは見てみる

- [by Studies](#)
- [by Experiments](#)
- [by Runs](#)

<http://sra.dbcls.jp/>

Search studies - まずは検索してみる

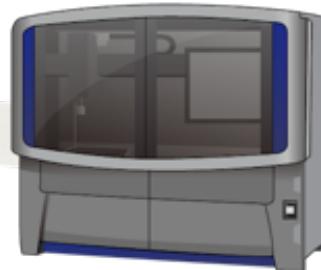


Search by statistics - 統計値から探す

The number of projects are indicated in "Study Types" table. The totals in "Platforms" and "Species of Samples" are larger than one of "Study Types" because a project can contain some platforms and sample species.

実際のプロジェクト数は"Study Types"に書かれているものです。"Platforms"や"Species of Samples"のtotalの値は、複数のプラットフォームで行われた実験が1つのプロジェクトでなされる場合が多くあり、ダブルカウントしているので、数字が大きくなっています。

2012-07-26 updated.



Study Types

© 2011 DBCLS Licensed under CC 表示 2.1 日本

Whole Genome Sequencing	6272
Transcriptome Analysis	1733
Metagenomics	1327
Epigenetics	918
Other	873
Resequencing	626
RNASeq	616
Population Genomics	165
Gene Regulation Study	72
Pooled Clone Sequencing	70
Cancer Genomics	42
Exome Sequencing	41
Forensic or Paleo-genomics	9
Synthetic Genomics	6
Total	12770 (studies)

Platform

Platform

Illumina Genome Analyzer II	3780	Illumina HiSeq 2000	46957
454 GS FLX Titanium	3087	Illumina Genome Analyzer II	37869
Illumina HiSeq 2000	2471	454 GS FLX Titanium	12939
454 GS FLX	1765	454 GS FLX	9649
Illumina Genome Analyzer	1192	Illumina Genome Analyzer IIx	9572
Illumina Genome Analyzer IIx	615	Illumina Genome Analyzer	9200
454 GS 20	326	AB SOLiD 4 System	2024
AB SOLiD System 3.0	186	AB SOLiD System 3.0	1120
AB SOLiD 4 System	85	454 GS 20	701
Illumina MiSeq	72	Complete Genomics	642
unspecified	62	unspecified	468
AB SOLiD System 2.0	62	AB SOLiD System 2.0	367
Ion Torrent PGM	59	PacBio RS	353
AB SOLiD System	38	Helicos HeliScope	332
PacBio RS	34	Illumina MiSeq	270
Helicos HeliScope	25	AB SOLiD System	163
454 GS	17	454 GS	140
454 GS Junior	14	Ion Torrent PGM	76
Complete Genomics	12	454 GS Junior	57
Illumina HiSeq 1000	7	AB SOLiD 5500	22
AB SOLiD 5500	4	AB SOLiD 5500xl	15
AB SOLiD 5500xl	3	Illumina HiSeq 1000	14
Total	13916 (studies)	Total	132950 (experiments)

SRAの統計値



SRAの統計値2



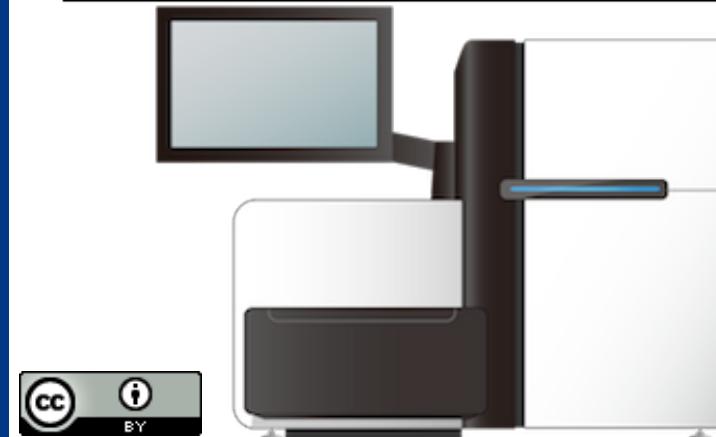
© 2011 DBCLS Licensed under CC 表示 2.1 日本



Species of samples (top 15)

<i>Homo sapiens</i>	458
unidentified	456
<i>Mus musculus</i>	265
metagenome sequence	170
<i>Drosophila melanogaster</i>	160
marine metagenome	115
<i>Caenorhabditis elegans</i>	100
<i>Escherichia coli</i> str. K-12 substr. MG1655	78
<i>Arabidopsis thaliana</i>	65
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	52
ecological metagenomes	38
<i>Danio rerio</i>	24
synthetic construct	23
hydrocarbon metagenome	23
human metagenome	22
Total	6774 (studies)

<i>Homo sapiens</i>	32977
unidentified	3928
<i>Mus musculus</i>	2529
human metagenome	2485
<i>Drosophila melanogaster</i>	1594
<i>Plasmodium falciparum</i>	1263
marine metagenome	867
<i>Oryza sativa</i>	611
<i>Danio rerio</i>	517
<i>Caenorhabditis elegans</i>	464
hydrocarbon metagenome	463
<i>Arabidopsis thaliana</i>	439
human gut metagenome	406
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	337
synthetic construct	299
Total	63479 (experiments)



Search by publications - 文献から探す

→ Publications referring to NGS data

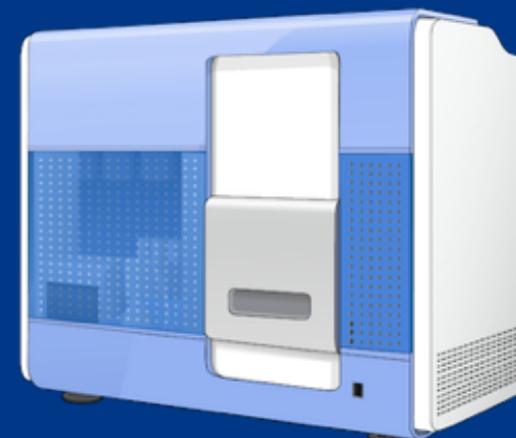


Search NGS data by disease

← → ⌂ sra.dbcls.jp/cgi-bin/diseasetree.cgi

Disease Tree for searching for corresponding NGS data

- + Bacterial Infections and Mycoses (0 / 62)
- + Virus Diseases (2 / 35)
- + Parasitic Diseases (0 / 11)
- + Neoplasms (3 / 116)
- + Musculoskeletal Diseases (0 / 6)
- + Digestive System Diseases (0 / 51)
- + Stomatognathic Diseases (0 / 5)
- + Respiratory Tract Diseases (0 / 15)
- + Otorhinolaryngologic Diseases (0 / 5)
- Nervous System Diseases (1 / 25)
 - Autoimmune Diseases of the Nervous System (0 / 1)
 - Demyelinating Autoimmune Diseases, CNS (0 / 1)
 - Multiple Sclerosis (1 / 1)
 - Central Nervous System Diseases (0 / 5)
 - Brain Diseases (1 / 5)
 - Brain Neoplasms (2 / 2)
 - Dementia (0 / 2)
 - Alzheimer Disease (2 / 2)
 - Chronobiology Disorders (1 / 1)
 - Demyelinating Diseases (0 / 1)
 - Demyelinating Autoimmune Diseases, CNS (0 / 1)
 - Multiple Sclerosis (1 / 1)
 - Nervous System Malformations (0 / 1)
 - Hereditary Sensory and Motor Neuropathy (0 / 1)
 - Charcot-Marie-Tooth Disease (1 / 1)
 - Nervous System Neoplasms (0 / 4)
 - Central Nervous System Neoplasms (0 / 2)
 - Brain Neoplasms (2 / 2)
 - Peripheral Nervous System Neoplasms (0 / 2)
 - Nerve Sheath Neoplasms (2 / 2)
 - Neurodegenerative Diseases (0 / 4)
 - Heredodegenerative Disorders, Nervous System (0 / 2)
 - Hereditary Sensory and Motor Neuropathy (0 / 1)
 - Charcot-Marie-Tooth Disease (1 / 1)
 - Rett Syndrome (1 / 1)



NGS data titles corresponding to diseases

Disease Type: ANY [→ back to SRAs top](#)

Total: 4 << first < prev 1 next > last >> 10 40

SRA ID	SRA Title	Disease	疾患名	PMID
SRA028404	GSE24320: Genome-wide Analysis Reveals MeCP2-dependent Regulation of MicroRNAs in a Mouse Model of Rett Syndrome (high-throughput sequencing)	Rett Syndrome	Rett症候群	20921386
SRA027308	Whole transcriptome sequencing reveals gene expression and splicing differences in brain regions affected by Alzheimer's disease	Alzheimer Disease	Alzheimer病	21283692
SRA012516	Multi tissue small RNA	Alzheimer Disease	Alzheimer病	20507594
SRA010811	Complete Genome Sequencing and SH3TC2 Mutations Causing CMT1 Neuropathy	Charcot-Marie-Tooth Disease	Charcot-Marie-Tooth病	20220177

Total: 4 << first < prev 1 next > last >> 10 40 [→ back to SRAs top](#)



Search NGS data by publication

Publications referring to NGS data

→ back to SRAs top

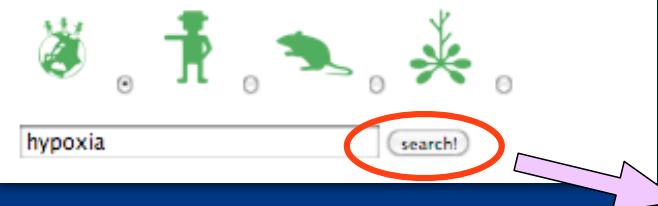
Study Type: Transcriptome Analysis Platform: Illumina Genome Analyzer II Species:

<< first < prev 1 2 3 4 5 next > last >> 10

PMID	Article Title	Journal	Vol	Issue	Page	Date	SRA ID	SRA Title
21697827	XUTs are a class of Xm1-sensitive antisense regulatory non-coding RNA in yeast.	Nature	475	7354	114-7	2011-Jul-7	SRA030505	XUT, a novel class of antisense regulatory ncRNA in yeast
21516085	Metabolic labeling of RNA uncovers principles of RNA production and degradation dynamics in mammalian cells.	Nat Biotechnol	29	5	436-42	2011-May	SRA026486	GSE25432: Temporal response of DCs to LPS stimulation: 4sU_sequencing
21408104	A portrait of the transcriptome of the neglected trematode, <i>Fasciola gigantica</i> —biological and biotechnological implications	PLoS neglected tropical diseases	5	2	e1004	2011	SRA024257	Transcriptome of <i>Fasciola gigantica</i>
21408104	A portrait of the transcriptome of the neglected trematode, <i>Fasciola gigantica</i> —biological and biotechnological implications.	PLoS Negl Trop Dis	5	2	e1004	2011	SRA024257	Transcriptome of <i>Fasciola gigantica</i>
21390249	A comparison of single molecule and amplification based sequencing of cancer transcriptomes.	PLoS One	6	3	e17305	2011	SRA028835	A Comparison of Single Molecule and Amplification Based Sequencing of Cancer Transcriptomes: RNA-Seq Comparison
21368835	X chromosome dosage compensation via enhanced transcriptional elongation in <i>Drosophila</i> .	Nature	471	7336	115-8	2011-Mar-3	SRA036003	GSE25887: X chromosome dosage compensation via enhanced transcriptional elongation in <i>Drosophila</i> males (Control & MSL2 RNAi)
21325135	Regulation of alternative splicing by the core spliceosomal machinery.	Genes Dev	25	4	373-84	2011-Feb-15	SRA029165	GSE26463: Regulation of alternative splicing by the core spliceosomal machinery
21282658	Aphid genome expression reveals host-symbiont cooperation in the production of amino acids.	Proc Natl Acad Sci U S A	108	7	2849-54	2011-Feb-15	SRA023619	Aphid genome expression reveals host-symbiont cooperation in the production of amino acids
21247443	Identification of fusion genes in breast cancer by paired-end RNA-sequencing.	Genome Biol	12	1	R6	2011-Jan-19	SRA023117	Identification of fusion genes in breast cancer by paired-end RNA-sequencing
21182800	De novo assembly and characterization of root transcriptome using Illumina paired-end sequencing and development of cSSR markers in sweet potato (<i>Ipomoea batatas</i>).	BMC Genomics	11		726	2010	SRA022988	De novo assembly and characterization of root transcriptome using Illumina paired-end sequencing and SSR Marker identification in sweet potato (<i>Ipomoea batatas</i>)

<< first < prev 1 2 3 4 5 next > last >> 10

find the dataset from SRA, which exactly you want.
How to use



SRA029258

[link to this entry](#)

Deep-sequencing of endothelial cells exposed to [hypoxia](#) reveals the complexity of known and novel microRNAs

2012-Mar / RNA (New York, N.Y.)

In order to understand the role of microRNAs (miRNAs) in vascular physiopathology, we took advantage of deep-sequencing techniques to accurately and comprehensively profile the entire miRNA population expressed by endothelial cells exposed to [hypoxia](#). SOLID sequencing of small

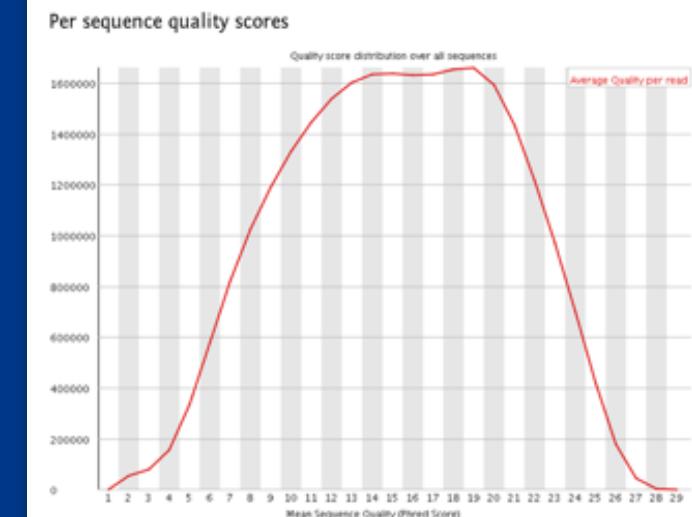
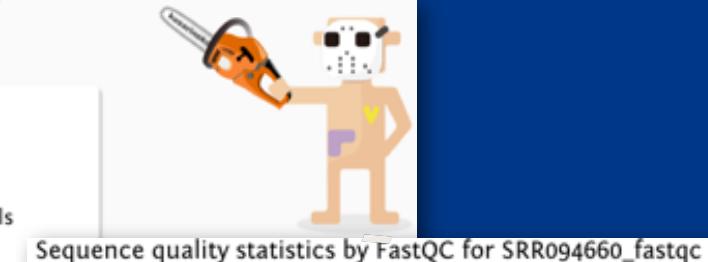
鎖錫

kusarinoko:

Search SRA Entries with
PubMed Article

run id: SRR094660
ftp download from DDBJ

- number of spots: 26,597,799
- number of bases: 930,922,965
- average read length: 35
- quality check summary by FastQC for SRR094660_fastqc



• RA・アルバイト募集

一 学部生1000円弱/h、修士課程1100円/h、

一 博士後期課程1200円/h

一 基本決めた曜日に契約した時間数(max

20h/週)で。月締めでフレックスに対応

一 交通費全額支給(関東近辺)

一 坊農(@bonohu)までご相談を(D or @)

•twitter > email >>> tel

まとめ

1.ググれカス

2.ググるな危険

3.人間は間違える動物

4.最短経路を辿れ

5.つぶやけ、されば救
われん

6.書きとどめよ

7.千里の道も一歩から

8.publish or perish

9.参加だけじゃなく△

10.実るほど頭を垂れる
稻穂かな

スライドの在り処は今つぶやく @bonohu