

情報科学応用実習Ⅱ テキスト

「バイオ分野のデータベースの統合的な利用」

2007 年度版

長 浜 バ イ オ 大 学
バイオサイエンス学部

バイオ分野のデータベースの統合的な利用

ゲノムの塩基配列は、人類の共通の財産として全世界の人々が利用できる形にデータベース化されています。各国の公的な資金で塩基配列は解読されたものは勿論ですが、個々の企業が配列を解読したものであっても、それを使って論文発表を行う際には、その塩基配列を国際 DNA データバンク (DDBJ/EMBL/GenBank) のいずれかに登録する必要があります。各データバンクは相互にその配列を共有して、全世界に公開しています。世界中の誰でもインターネットを利用して、どの機関からでも家からでも自由にこのデータを参照し、研究し利用することが可能です。ゲノムの塩基配列は大量な情報であり、それを解析し利用するには計算機の利用が不可欠ですが、多様な配列解析や配列検索等を、国際 DNA データバンク (例えば DDBJ) の高機能な計算機を利用して、インターネットを介して自由に行えます。バイオ分野の研究開発において、データベースの利用は益々その重要性を増しています。

バイオ分野には、DNA 塩基配列のデータベース以外にも多様なデータベースが存在します。例えば、色々な生物種についての特徴や形態を収録したデータベース、それらの突然変異体を収録したデータベース、多様な病気とそれに関係する遺伝子に関するデータベース、遺伝子クローンや突然変異体を含む生物材料の配布機関を収録したデータベースもあります。これらのデータベースはバイオの研究開発だけでなく、バイオ分野の産業利用においても重要になります。

バイオ分野のデータベースは多数作成されているので、多様なデータベースの内容を収録したデータベース (データベースのデータベース) も作成されています。現在利用可能なバイオ分野データベース類を紹介する目的で、本実習ではこのデータベースのデータベースを利用します。バイオ分野のデータベースは英語で記載されていることが一般的ですが、中には最新の知識を日本語で紹介した例もあります。ここでは、日本語の説明があるデータベースの例を最初に紹介します。バイオ分野のデータベースのデータベースとして、**WINGpro** を使用します。**WINGpro** は、長浜バイオ大も参画している「文部科学省のライフサイエンス分野の統合データベース整備事業」の一環として運営されています。バイオ分野の多様なデータベースの内容を理解し、その有用さを知ってもらうこと、複数のデータベースを統合的に利用することの重要性を認識してもらうことが可能になります。あわせて、バイオ分野のデータベースは、大きな機関が作成するだけではなく、個々の研究者やそのグループ、さらには産業分野での活動の成果の集積として作成された、特徴のある例が多いことにも気付くことでしょう。皆さんも、このような特徴のあるデータベースを作成する機会に出会うこともあると思います。長浜バイオ大の 3 回生や 4 回生の教育活動のなかでも、特徴のあるデータベースを作成し、国内外へ発信する予定です。

WINGpro (データベースポータルサイト) の利用。

ポータルとは港 (port) から派生した言葉で、多数のデータベースについての情報が収集、整理、分類されており、これらのデータベースを利用する上での玄関や入り口に相当します。

画面 1 は WINGpro のメイページです (<http://wingpro.lifesciencedb.org/>)。検索サイト Google 日本 (<http://www.google.co.jp/>) で、” WINGpro ” を検索項目として検索しても、検索結果に メインページ WINGpro が表示されますので、そちらをクリックしても表示されます。

左側のコンテンツの欄のデータベース一覧 (WINGpro 収録) をクリックすると、WINGpro に収録されている個々のデータベースの特徴や提供機関や国別情報等に関する日本語での説明文が得られます (画面 2)。

アドレス http://wingpro.lifesciencedb.org/dbpwiki/index.php/%E3%83%A1%E3%82%A4%E3%83%B3%E3%83%A9%E3%83%BC%E3%82%B8 ログイン また (画面 1)

本文 ノート ソースを表示 履歴

メインページ

WINGpro(データベースポータルサイト)へようこそ。ライフサイエンス分野のデータベースについての情報が収集、整理、分類されており、現在のところ約557件に及ぶ記事が存在します。ディレクトリからは、データベースの構築法による分類と生物種および対象による分類でデータベースを一覧できます。

2007年7月2日より、ユーザである皆様が記事を投稿および編集できる機能を公開しました。新規データベースに関する記事の投稿、既登録データベース関しても利用方法やTipsに関する追記をしていただけます。記事の投稿・編集には、アカウント作成を行い、メール認証を経る必要があります。また、本サイトに記事を投稿・編集する際には、アカウント作成を行い、メール認証を経る必要があります。また、本サイトに記事を投稿・編集する際には、アカウント作成を行い、メール認証を経る必要があります。

本サイトは文部科学省「ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業平成18年度」の受託業務の一環として運営されています。

コンテンツ

- データベース一覧(構築型分類 簡略版)
- データベース一覧(構築型分類 完全版)
- データベース一覧 (WINGpro収録) **クリックする。**
- 構築型分類について
- ディレクトリについて

ナビゲーション

- メインページ
- コミュニティ・ポータル
- 最近の出来事
- 最近更新したページ
- おまかせ表示
- ヘルプ
- WINGproについて
- WINGproの基本方針
- WINGproの著作権
- プライバシー・ポリシー
- 免責事項
- 連絡先

ディレクトリ

- 構築型分類
- 物質概念による分類
- 生物種による分類
- 核酸関係
- タンパク質関係
- 医学関係
- 構造概念による分類
- 現象概念による分類
- 取扱データによる分類

この一覧表では、大半のデータベース類が、数字、次に A, B, C... の順番に並べられています。

本文 ノート ソースを表示 履歴 (画面 2)

データベース一覧(WINGpro収録)

名称	特徴	提供機関	国別情報	提供形態	生物種
3DPSD (3次元医薬品構造データベース)	医療用の医薬品の3次元構造を格納したデータベースで、全ての構造データをインターネットに公開している。3DPSDは検索法の異なる二つのデータベースから成り、一つは医薬品の一般名(英名)をアルファベット順に収納し、名称により検索できる階層型データベース、そしてもう一つが平面構造式を用いて医薬品を検索できる構造検索システム。階層型データベースが収納する3次元構造データは分子モデリングの手法によって計算された分子の最安定構造や、分子の運動性を表すアニメーション、電子密度面に貼り付けた静電ポテンシャルマップなどである。平成9年11月に公開を開始。医療用日本医薬品集(日本医薬情報センター編、薬事時報社)の掲載する医薬品の中から、単一の有機化合物からなるものを選び出し、各々の医薬品添付文書からその構造式を調べ、構造データを作成した。新たに市販される医療用医薬品については医薬品情報提供ホームページの公開する医薬品	東京薬科大学	日本	Webアプリケーションによる検索および結果の閲覧。 Java Appletによるダウンロード。	

提供サイト Wing pro

コンテンツ

- データベース一覧(構築型分類 簡略版)
- データベース一覧(構築型分類 完全版)
- データベース一覧 (WINGpro収録)
- 構築型分類について
- ディレクトリについて

ナビゲーション

- メインページ
- コミュニティ・ポータル
- 最近の出来事
- 最近更新したページ
- おまかせ表示
- ヘルプ
- WINGproについて
- WINGproの基本方針

まず親しみやすい全世界に生息する鳥に関するデータベース Avibase を例に、データベースの内容を参照します。画面 2 を下にスクロールして、画面 3 の名称欄の Avibase (The World Bird Database) の下の Wing pro の文字をクリックします。

				(画面3)
Avibase (The World Bird Database)	全世界に生息する鳥に関するデータベース。 鳥の分布、分類、同義語、各言語での表記法(日本語もある)等を見ることができる。 分布は世界地図(画像)で見ることができる。 鳥の調査のために世界各地を訪れた際の記録も公開されている。	Bird Studies Canada	カナダ	Webアプリケーションによる検索および結果の閲覧
Barcode of Life	DNAバーコード(生物種を特徴付ける短いDNA配列)のデータベース。	The Consortium for the Barcode of Life (CBOL)	カナダ	Web アプリケーションによるデータの閲覧
	岡山大学の資源生物科学研究所のオオムギの生殖細胞とゲノム解析に関する情報が入っている。文部科学省のナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP; National Bioresource Project)の支援を受けて設計された。 <1> Barley Germplasmデータベースオオムギの生殖細胞に関する情報が入っている。元々は岡山大学名誉教授のDr. Ryuhei Takahashi監督の下、1983年に'Catalog of barley germplasm preserved in Okayama University'として構築された。	岡山大学資源生物科		

すると、Avibase に関する日本語の説明文が得られます (画面4)。
画面右側にある 提供サイトのURLをクリックすると、実際の Avibase データベースへ入れます(画面5)。

データベース一覧(構築型分類 簡略版)
データベース一覧(構築型分類 完全版)
データベース一覧(WINGpro収録)
構築型分類について
ディレクトリについて

バージョン
インページ
コミュニティ・ポータル
最近の出来事
最近更新したページ
ほか表示

Avibase

全世界に生息する鳥に関するデータベース。
鳥の分布、分類、同義語、各言語での表記法(日本語もある)等を見ることができる。
分布は世界地図(画像)で見ることができる。
鳥の調査のために世界各地を訪れた際の記録も公開されている。

目次 [非表示]

1 利用方法

- 1.1 検索インターフェース
- 1.2 入力例
- 1.3 データ一括取得方法
- 1.4 リンクの張り方
- 1.5 関連データベース

別称	The World Bird Database
提供機関	Bird Studies Canada
提供機関の所在(国)	カナダ
URL	http://www.bsc-eoc.org/avibase/avibase.jsp
カテゴリ	その他
提供データ	全世界に生息する鳥に関するデータベース。
取り扱う生物	鳥

アドレス http://www.bsc-eoc.org/avibase/avibase.jsp (画面 5)

Avibase - the world bird database

Bird checklists - taxonomy - distribution - maps - links

Home
Checklists
Search
Families
Birdlinks
Trip reports
Web Service
Contribute

Quick search:

Avibase is also available in the following languages:
 English
 Spanish
 French
 German
 Indonesian
 Italian
 Dutch
 Portuguese
 Swedish
 Catalan

Welcome to Avibase

Avibase is an extensive database information system about all birds of the world, containing over 3.5 million records about 10,000 species and 22,000 subspecies of birds, including distribution information, taxonomy, synonyms in several languages and more. This site is managed by Denis Lepage and hosted by Bird Studies Canada, the Canadian copartner of Birdlife International. Avibase has been a work in progress since 1992 and I am now pleased to offer it as a service to the bird-watching and scientific community.

© Denis Lepage 2007

Enter a bird name (or partial bird name) in any language or select a bird family below to find a taxon. You can use % as a wildcard in the middle of the name to replace any characters (eg, colo%red will return coloured and colored).

Search for:

[Advanced search](#)
[Search by family](#)
[Checklists by regions](#)

クリックする。

Pre-publication Offer
 Vol. 12: Picathartes to Tits and Chickadees

Avibase の場合、データベースはカナダの機関で作成されており、英語での説明や検索が中心になります。しかしながらこのデータベースは世界の広い国での利用を想定しており、画面 5 の Search for: の右横の空白欄の GO の右隣の **Advanced search** をクリックすると、画面 6 に変わり、その **Partial string: All languages** の欄を **Japanese** に変更すると、日本語を使用した検索が可能になります。

Avibase - the world bird database (画面 6)

Bird checklists - taxonomy - distribution - maps - links

Home
Checklists
Search
Families
Birdlinks
Trip reports
Web Service
Contribute

Quick search:

Avibase is also available in the following languages:
 English
 Spanish
 French

Welcome to Avibase

Enter a bird name (or partial bird name) in any language or select a bird family below to find a taxon. You can use % as a wildcard in the middle of the name to replace any characters (eg, colo%red will return coloured and colored).

Search for:

[Advanced search](#)
[Search by family](#)
[Checklists by regions](#)

Advanced search options

Type of search:

Partial string: **Japanese を選択する**

Year(s) of publication (e.g.: 1990, 1990- or 1990-2000):

Exclude subspecies from results?

Avibase - the world bird database (画面 7)

Bird checklists - taxonomy - distribution - maps - links

Home
Checklists
Search
Families
Birdlinks
Trip reports
Web Service
Contribute

Quick search:

Avibase is also available in the following languages:
 English
 Spanish

Enter a bird name (or partial bird name) in any language or select a bird family below to find a taxon. ①かもめ と入力 ② クリックする
 replace any characters (e.g. colo%red will return coloured and colored).

Search for:

Advanced search options
 Type of search:
 Partial string:
 Year(s) of publication (e.g.: 1990, 1990- or 1990-2000):
 Exclude subspecies from results?

Advanced search
[Search by family](#)
[Checklists by regions](#)

画面 7 の Search for: の横の空白欄へかもめを入力し、[Go]をクリックすると、画面 7 の下の部分に **Search results** として検索結果が表示されます (画面 7-1)。

Search for: [Adv Sea](#) (画面 7-1)
[Checklists by regions](#)

Advanced search options
 Type of search:
 Partial string:
 Year(s) of publication (e.g.: 1990, 1990- or 1990-2000):
 Exclude subspecies from results?

Search results 興味のある鳥の学術名をクリックする

Search results	Language	Scientific name	Status
アイスランドカモメ	Japanese	Larus glaucoides	split
アイスランドカモメ	Japanese	Larus glaucoides	
アカアシミツビカモメ	Japanese	Rissa brevirostris	
アカハシカモメ	Japanese	Larus audouinii	
アカメカモメ	Japanese	Creagrurus furcatus	
アメリカオオセグロカモメ	Japanese	Larus occidentalis	split
アメリカオオセグロカモメ	Japanese	Larus occidentalis	
アメリカカモメ	Japanese	Larus brachyrhynchus	

Scientific name の下に記載された英文字表記の鳥の学術名をクリックすれば、着目する鳥の写真や各国での呼び名 (other synonyms) が得られます (画面 8)。

画面 8 の鳥の写真の上の行に記載された [summary](#) (説明) や [map](#) (生息域) や [images](#) (写真) をクリックすることで、より詳細な情報を得ることが可能になります。

Iceland Gull (*Larus glaucooides*) Meyer, B, 1822 (画面 8)

[summary](#) [map](#) [NatureServe](#) [Google search](#) [Images](#) [Flickr](#) [Audio](#) [ITIS search](#) [Birdlife](#)




photo: jvverde
Photo powered by [flickr.com](#).

Order:
Charadriiformes
Family:
Laridae

English:
Iceland Gull
Scientific:
Larus glaucooides

Protonym:
Larus glaucooides

Czech:
racek polární
German:
Polarmöwe
Danish:
Hvidvinget Måge
Spanish:
Gaviota
Groenlandesa
Finnish:
grönlanninlokki
French:
Goéland arctique
Icelandic:
Bjartmáfur
Italian:
Gabbiano islandico
Japanese:
aisurandokamome
Japanese:
アイスランドカモメ
Dutch:
Kleine
Burgemeester
Polish:
mewa polarna
Portuguese:
Gaivota-polar
Russian:
Полярная чайка

Other synonyms

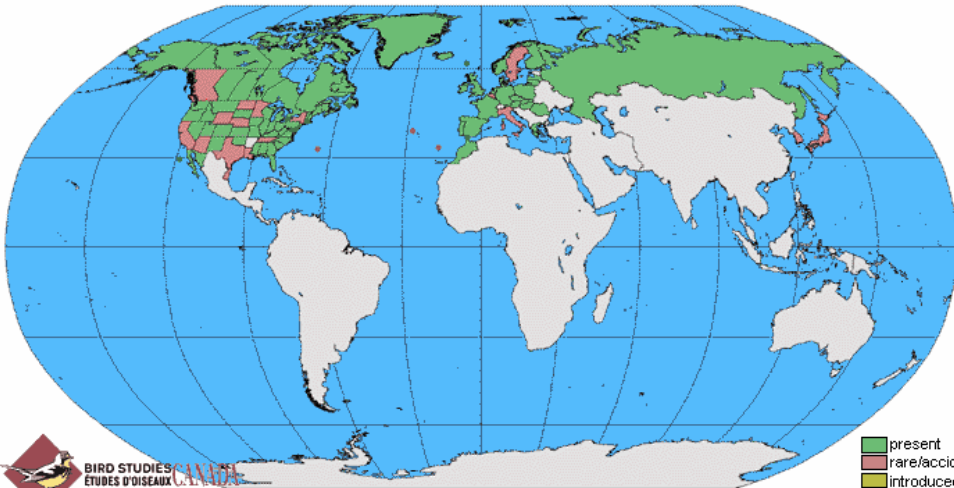
Breton: Ar gouelan arc'hlas
Catalan: Gavinet polar
Catalan (Balears): Gavina polar
Czech: Racek polární
Welsh: Gwylan yr Arctig
Danish: Hvidvinget Måge
German: Polarmöwe
Greek: Ισλανδόγλαρος
English: Iceland Gull, Kumlien's Gull, Thayer's Gull, white-winged gull
Esperanto: blankflugila mevo
Spanish: Gaviota de Kumlien, gaviota de Thayer, Gaviota Esquimal, Gaviota Groenlandesa, Gaviota polar
Spanish (Mexico): gaviota de Thayer

(例) [map](#) をクリックしたときの画面

Iceland Gull (*Larus glaucooides*) Meyer, B, 1822

[summary](#) [map](#) [NatureServe](#) [Google search](#) [Images](#) [Flickr](#) [Audio](#) [ITIS search](#) [Birdlife search](#)

Click on a continent to zoom in



BIRD STUDIES CANADA
ETUDES D'OISEAUX CANADA
understand appreciate conserve
comprendre apprécier conserver

Distribution:

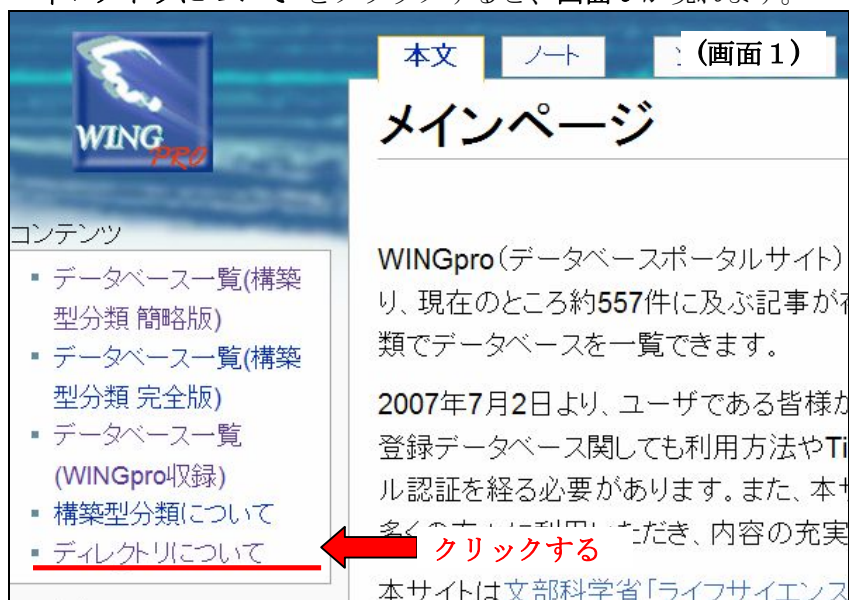
North America	Newfoundland	Prince Edward Island	Saguenay-Lac-St-Jean	Saint Pierre and
North America	Nova Scotia	Québec	Bas-St-Laurent	Miquelon
(US/Can)	Northwest Territories	Outaouais	Côte-Nord	United States of

レポート課題 1) Avibase を用いて、かもめ以外の鳥を自分で設定して、その鳥の学術名と map (生息域) と image (写真) を記載せよ。

全世界に生息する鳥に関するデータベースのように、最近のバイオ分野でのデータベースの中では、画像を中心にしたものもあり、自然の美しさや分子の複雑な構造を知るこ

とが可能になります。画面 2 をスクロールしてアサガオのホームページに入れば、アサガオ (Ipomoea nil) の突然変異系統情報や、突然変異遺伝子のリストやその写真が参照できます。

WINGpro には多数のバイオ分野のデータベースが収録されていますので、自分の関心のあるデータベースを効率的に検索する必要があります。WINGpro の初期画面 (<http://wingpro.lifesciencedb.org/>) (画面 1) に戻って、左欄のコンテンツの欄のディレクトリについて をクリックすると、画面 9 が現れます。



この画面では、データベースを構築型分類、物質概念による分類、構造概念による分類等のデータベース分野での専門的な視点からの分類がなされていますが、自分の関心のあるデータベースを容易に探し出せます(但し、現時点では、残念ながら、データベース一覧

の一部しか分類されていないので注意が必要です)。

レポート課題 2) 物質概念による分類の DNA と RNA の各々の項目について、何種類のデータベースが収録されているかを記載せよ。

物質概念による分類の下のタンパク質(画面 9)をクリックすると、タンパク質に関するデータベースの一覧が得られます (画面 10)。



タンパク質 (画面 10)							
名称	概要	開発機関	国名	型分類	対象	生物	
GTOP 提供サイト Wing pro	Protein fold predictions from genome sequences	遺伝研DBDJ	Japan	プログラム	タンパク質、立 体構造		
PMD 提供サイト Wing pro	Compilation of protein mutant data	遺伝研DBDJ	Japan	辞典	タンパク質、変 異		
Microbial Genome Workbench 提供サイト	ゲノム配列が公開されているバクテリアおよび古細菌を 対象とした遺伝子の検索や各種解析ツール	遺伝研分子遺伝研究系	Japan	プログラム	DNA、配列、タ ンパク質、配列	微生物 微生物 菌	
AAindex 提供サイト Wing pro	Physicochemical properties of amino acids	ゲノムネット	Japan	知識モデ ル	タンパク質、ア ミノ酸特性		
PDBSTR 提供サイト Wing pro	タンパク質、核酸の立体構造データベース。	京大化研	Japan	プログラム	タンパク質、立 体構造		
GENES 提供サイト Wing pro	遺伝子のアミノ酸配列を蓄積したもの。	京大化研	Japan	プログラム	タンパク質、配 列		
eF-site 提供サイト Wing pro	Electrostatic surface of Functional site: electrostatic potentials and hydrophobic properties of the active sites	大阪大学	Japan	プログラム	タンパク質、立 体構造		

(途中略)

タンパク質 (画面 11)		
日本蛋白質構造データバンク (PDBj) 提供サイト Wing pro	蛋白質および生体高分子の立体構造データベースと それに関連する二次データベース	大阪大学 研究センター
eProtS (タンパク質構造百科辞典) 提供サイト Wing pro	タンパク質の構造と機能について解説したもの。 クリックする	大阪大学 研究センター
PRF 提供サイト Wing pro	Protein research foundation database of peptides: sequences, literature and unnatural amino acids	PRF(蛋白 研究)
蛋白質・核酸複合体構造データベース 提供サイト	蛋白質と核酸の複合体構造を集めたデータベースで、 認識モチーフや構造型にしたがって分類	九工大(血 液)

記載の順番には規則性は見られませんが、10 番目ぐらいの順位で記載されている eProtS (タンパク質構造百科辞典) (画面 11) の提供サイトの文字をクリックすると、画面 12 が得られます。

(画面 12)

タンパク質構造百科辞典

タンパク質構造百科辞典とは

eProtS, タンパク質構造百科辞典とは、生物学的に重要なタンパク質を選び、その立体構造を表示するとともに、タンパク質の専門家でない方にも利用していただけるように、日本語版と英語版が用意されています。PDBjViewer という表示ソフトを使用し、操作をリアルタイムで行うこともできます。(IE 5.0 or NN 6.0 以上推奨)


[グループリスト](#) ①興味のあるタンパク質の名前を入れる。

キーワードで検索する

キーワード ②クリックする

[チュートリアル](#) ◀..... これをクリックするとタンパク質構造百科辞典の使用法が表示される。

関心のあるタンパク質の名前、例えばアクチンを入れると、キーワード の横の空白欄へ「アクチン」 のように入力すると、検索結果の画面 13 が現れます。

アドレス①  <http://eprotS.protein.osaka-u.ac.jp/eProtS/KeywordSearch.do> (画面 13)

検索結果

キーワード「 **アクチン** 」の検索結果です。

7 件のタンパク質が見つかりました。そのうち 1 件 ~ 7 件を表示しています。

1. [BMP2/BR1A複合体](#)
2. [DBI相同ドメイン](#)
3. [Forminファミリー蛋白質\(FH2ドメイン\)/アクチン複合体](#)
4. [Ta0583, 古細菌のアクチンホモログ](#)
5. [アクチン](#) ◀ クリックする
6. [ヒト心臓・トロポニン](#)
7. [ミオシンH鎖](#)

[トップに戻る](#)

[アクチン](#) をクリックすると、画面 13-1 が現れます。「左のツリーからタンパク質を選択しクリックするここにタンパク質の情報が表示されます」の表示に従って左の欄のアクチン(1ATN)をクリックするとアクチンの機能や高次構造、文献やそのタンパク質に関する概要が得られます (画面 14)。

アドレス http://eprints.protein.osaka-u.ac.jp/eProtS/ShowKwSearchResult.do?lang=ja&idx=4&pageoffset=0 (画面 13-1)

キーワード「アクチン」の検索結果

左のツリーからタンパク質を選択しクリックするとここにタンパク質の情報が表示されます。

- アクチン
 - [アクチン\(1ATN\)](#) [キーワードの詳細 >>](#)

クリックする

アドレス http://eprints.protein.osaka-u.ac.jp/eProtS/ShowKwSearchResult.do?lang=ja&idx=4&pageoffset=0 (画面 14)

キーワード「アクチン」の検索結果

タンパク質構造名: アクチン
 サイズ [Å]: 長軸: 82
 中軸: 44
 短軸: 28
 機能: 筋肉タンパク質

アミノ酸残基数: 633
 分子量 [Da]: 71853.5

PDB: [1ATN](#)
 PDBML: [1ATN](#)

立体構造表示 (PDBjViewer)
 立体構造表示 (jv3)

※ PDBjViewer の使用にはJava(TM)Plug-in 1.4およびJava3D 1.3が必要です。
 ※ jv3 の使用にはJava(TM)Plug-in 1.4およびJOGL 1.0が必要です。

オリゴマー状態: ヘテロ 3量体 (+エンティティ[1]x1本+エンティティ[2]x1本+エンティティ[3]x1本)

chain list 1 [チェーン アクチン\(A\)](#)
 2 [チェーン アクチン\(B\)](#)
 3 [チェーン アクチン\(C\)](#)

画面 12 のチュートリアル（少数の生徒に教師が集中的に教える事、あるいは家庭教師による一対一の教育を意味します。教育用の書籍やビデオなどの各種メディア、あるいはその入門部分をチュートリアルという場合もある：ウィキペディアより）をクリックすると、このタンパク質構造百科辞典の使用法を学ぶことが出来ます。

レポート課題 3) eProtS (タンパク質構造百科辞典)を用いて、アクチン以外のタンパク質について、その機能と高次構造を記載せよ。

遺伝資源（生物材料）利用のためのデータベース類

生物材料を用いて実験的な研究を行う際、あるいは生物材料を産業的に活用する際には、信頼できる生物材料（例えば、細菌、ウイルス株、突然変異体、遺伝子クローン）を入手することが重要です。それぞれの生物材料、例えば突然変異体や遺伝子クローンの多くは、個々の研究者が作成した例が多いのですが、それらの生物材料を個々の研究者から提供を受けるよりは、それらを組織的に収集している機関を通じて提供を受ける場合が増えてきています。生物材料を生物資源（バイオリソース）としてとらえて、国家レベルで大規模に収集し、保存し、分与するシステムが整ってきています。しかしながら、生物の種類が多様であるだけに、専門的な知識を持った多数の研究グループが、分担しながら生物資源を収集・分与しており、その実態を把握することは容易ではありませんでした。現在では、多岐にわたった生物資源の所在や種類、分与方法等に関するデータベースが作成されていますので、我が国の生物資源に関するデータベースの例を紹介します。

WINGpro の初期画面（メインページ：画面 1）に戻って、左欄のコンテンツとナビゲーション欄のさらに下にある検索の下に空白欄へ SHIGEN と記入して、その下の表示の文字（検索ボタン）をクリックすると、画面 15 が現れ SHIGEN（生物遺伝資源データベース）の目的

等を知ることができます。

- WINGproについて
- WINGproの基本方針
- WINGproの著作権
- プライバシー・ポリシー
- 免責事項
- 連絡先
- 事業ホーム

■ 相乗概念による分類
(WINGpro メインページの下の方)

構築型分類の事例

- データバンク型
- デル型
- エクト型

- DDBJ (塩基配列)
- PDBj (立体構造)
- KEGG (パスウェイ)
- JSNP (一塩基多型)
- IRGSP (イネ)

検索

SHIGEN と記入し
表示ボタンをクリック

←

表示

検索

ツールボックス

- リンク元
- リンク先の更新状況

http://wingpro.lifesciencedb.org/dbpwiki/index.php/SHIGEN

ログインまたはアカウント作成

本文 ノート 編集 履歴

SHIGEN

SHIGEN は遺伝資源情報の提供者と利用者が一緒に作り上げる情報アーカイブ。
SHIGENプロジェクトは

<1> 実験研究に必要な遺伝資源材料の情報公開サイトを網羅的に調べて提供する(WGR)

<2> 国内の利用可能な資源に関しては、関連する様々な情報を含めた統合データベースを構築して利用者の便宜を図る

<3> 日本の生物遺伝資源委員会の活動に関する最新の情報を提供する (GRC)

<4> 国内の遺伝資源に関するデータベース構築を支援する(Databases)

別称	生物遺伝資源データベース
提供機関	国立遺伝学研究所・生物遺伝資源情報センター
提供国	日本
提供機関の所在地(国)	<div style="text-align: center;"> <p style="color: red; font-weight: bold;">クリックする</p> </div>
URL	http://www.shigen.nig.ac.jp/
カテゴリ	その他
提供データ	遺伝資源情報の提供者と利用者が一緒に作り上げる情報アーカイブ。
取り扱い生物種	
提供様式	Webアプリケーションによる検索および結果

データベース一覧(構築型分類 簡略版)

データベース一覧(構築型分類 完全版)

データベース一覧

WINGpro収録)

構築型分類について

ディレクトリについて

バージョン

ホームページ

コミュニティ・ポータル

近の出来事

近更新したページ

まかせ表示

ヘルプ

右側の箱内のURLの <http://www.shigen.nig.ac.jp/> をクリックすると、画面16が現れます。



右上のフィードバックの下に [Japanese](#) | [English](#) において、[Japanese](#) を選択すると、日本語の説明文が得られます (画面 17)。



画面 17 の中央に近い 1. 世界の遺伝資源関連情報をクリックすると、画面 18 が現れ、個別のバイオリソース（生物遺伝資源、実験用生物材料）に関する情報を収集している情報公開サイトの一覧が表示されます。

アドレス http://www.shigen.nig.ac.jp/wgr/top/top.jsp (画面 18)

世界の遺伝資源関連情報サイト

Quick Search And Or Search

ミニアンケートは終了いたしました。ご協力有難うございました。

Japanese | English

- Home
- WGRIについて
- 動物
- 植物
- 微生物 細胞 DNA

検索

- サイト登録
- 推薦サイト
- 情報をお知らせください。
- Staff only

WGR(Worldwide Genetic Resources)は「バイオリソース（生物遺伝資源、実験用生物材料）に関する情報公開サイト」のURL集です。...more

動物	植物	微生物・細胞・DNA	その他
マウス 98	アラビドプシス 27	大腸菌 42	ヒト 8
ラット 37	オオムギ 22	枯草菌 8	水産資源 3
メダカ 13	イネ 86	酵母 31	その他 5
ゼブラフィッシュ 11	コムギ 30	放線菌 6	
フグ 2	アサガオ 4	細胞バンク 23	
両生類 22	サクラ 2	培養微生物 13	
線虫 15	アブラナ科 4	ウイルス 30	
ショウジョウバエ 38	柑橘系植物 9	プラスミド・ベクター 3	
脊索動物 3	キク属植物 2	DNAクローン 4	
刺胞動物 2	マメ類植物 14	藻類(微生物) 17	
カイコ 17	その他の植物 27	その他の微生物 9	
霊長類 23			
粘菌 4	林木資源 2		
その他の動物 25			

Keyword

Material	Information
Strain Stocks	Genome sequences
Mutant	YAC/BAC/PAC/STS
	Pathway
	Expression
	QTL
	Anatomy

動物の欄の**カイコ**をクリックすると画面 19 が現れ、カイコに関する情報を収集している情報公開サイトが得られます。

例えば、動物の欄の**カイコ**をクリックすると画面 19 が現れ、カイコに関する情報を収集している情報公開サイトが得られます。

世界の遺伝資源関連情報サイト Quick Search And (画面 19)

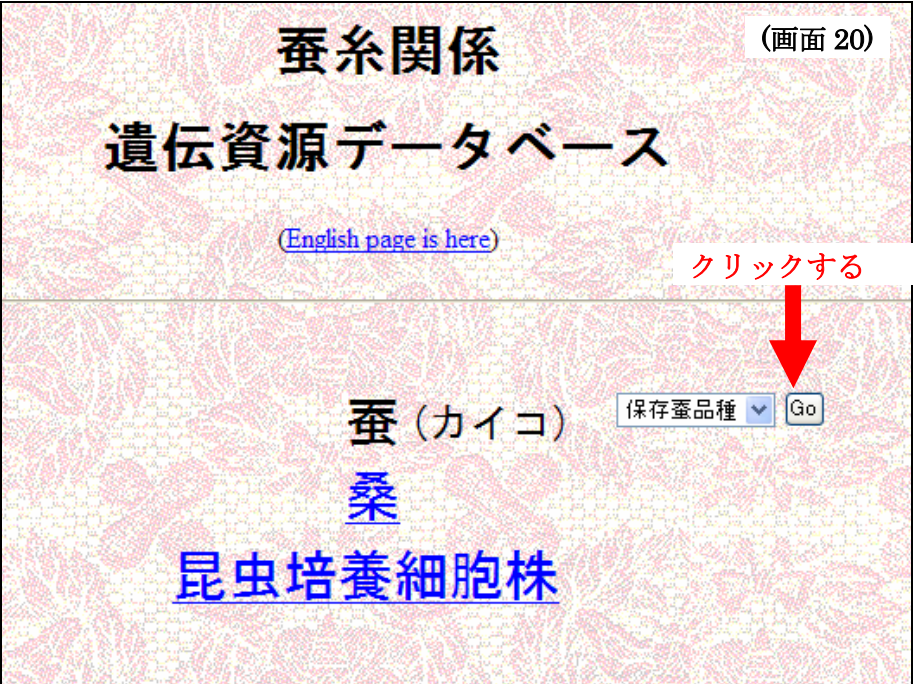
Please enter any sites you recommend here

12 Hits | First Previous 1-12 Next Last

sorted by Database Institution Species url

- 「かいこ」のひみつ
カイコ
JA全農
http://www.zennoh.or.jp/bu/nousan/silk/fream5.htm
- カイコを育てよう ムービーギャラリー
カイコ
JA全農
http://www.zennoh.or.jp/bu/nousan/silk/fream10.htm
- **カイコ遺伝資源データベース** ← クリックする
カイコ
(独) 農業生物資源研究所
http://www.nises.affrc.go.jp/nises/db.html
カイコ遺伝資源データベース
- 蚕糸・昆虫農業技術研究所HP
カイコ

例えば、カイコ遺伝資源データベースをクリックすると、画面 20 が現れ、括弧内の保存蚕品種の横の GO をクリックすると、画面 21 が現れます。



画面中の下線付きの青色文字の在来種や改良種等をクリックすると、各々のカイコ品種の特徴や繭の写真等が得られます(画面 22)。

カイコ遺伝資源
(保存蚕品種)

(画面 21)

[蚕糸関係遺伝資源のトップページへ](#)
[動物ジーンバンクのトップページへ](#)

地域型蚕品種

遺伝資源の分類と品種数

	品種数	突然変異種	品種数
日本種	在来種 49	卵形質 27	
	改良種 52	幼虫形質 49	
中国種	在来種 51	繭形質 10	
	改良種 70	蛹・蛾形質 4	
欧州種	在来種 27	生理的形質 14	
	改良種 19	染色体異常 10	
熱帯種	6	複合形質 44	
眠性種	21	合計 453	

繭質特性から蚕品種を検索します

品種検索のページへ

(例) 日本種 [在来種](#)を選択したときの画面

画面 22


地域型蚕品種の特性

日本種・在来種(春蚕期)

No.	品種名
101	赤熟
102	赤蚕
103	青熟(A)
104	青熟(一宮)
105	栗国蚕
106	千曲
107	中巢乙
108	大如来
109	伊達錦
110	姫蚕
111	杲(尾高)
112	角又(荒粉)
113	古金
114	金光珠

No. 101

品種名 赤熟 (Akajuku)



日本種, 在来種, 春蚕期
日系統, 1化性, 4眠性

最終齢日数 05日17時間
全齢日数 23日00時間



越年卵色 藤鼠

蠶色 黒褐

画面 22 の左側の品種名の欄のから品種を選択すると、その品種に関する情報が得られます。

レポート課題 4) 画面 18 において、カイコ以外の生物をどれかを選択して、わが国で作成されている情報公開サイトやデータベースがあれば、その情報公開サイトやデータベースの名称と、作成している機関や研究グループの名称を記載せよ。

データベースを利用しようとする場合、それを提供している機関の都合でサービスを一時的に停止していることがあります。さらには、同一な IP アドレスからの多数の同時アクセスがあると、そのサイトへの攻撃等の不正アクセスと提供機関側の計算機が判断して、その IP アドレスからのアクセスを拒否することもあります。長浜バイオ大から外部への通信では、同一の IP アドレスが割り当てられていますので、実習中にそのような不都合が起きることがあり得ます。その際は、一時その課題を中止して、次の課題へ進んでください。通常は、ある程度の時間を経過するとアクセスが可能になります。

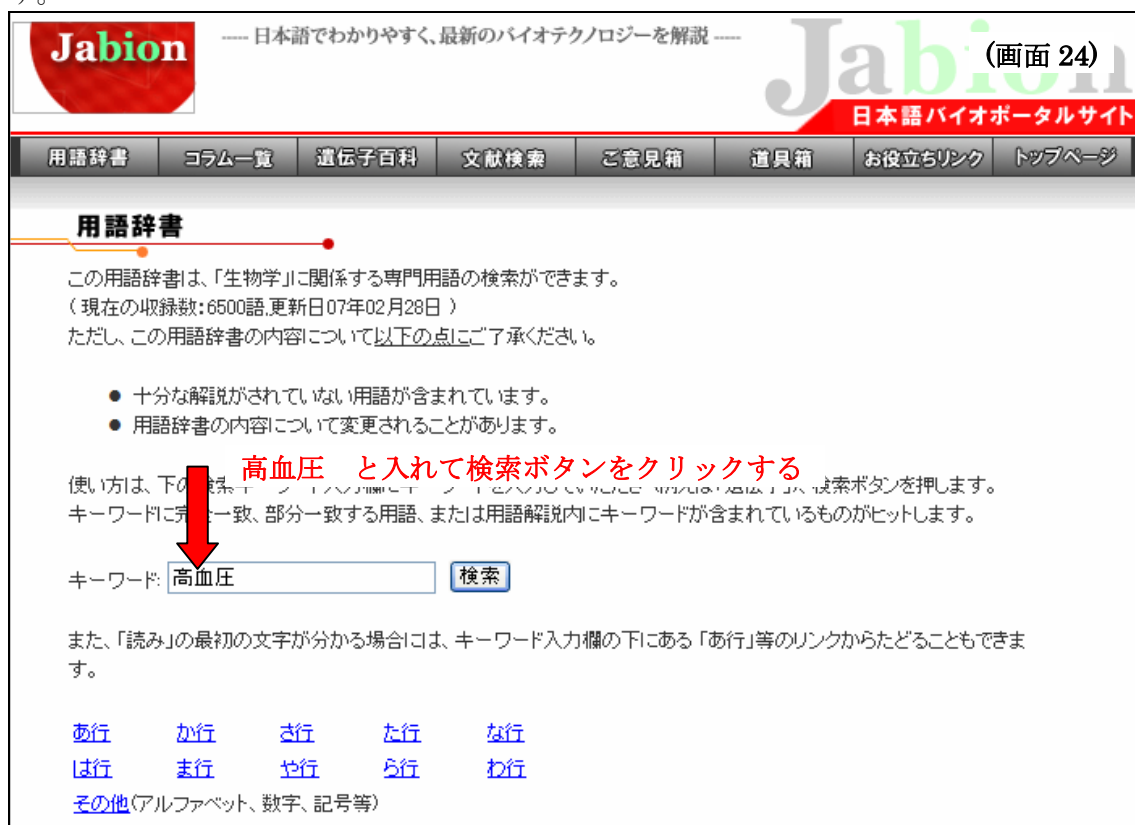
複数のデータベースの統合的な利用：Jabion の利用

データベースはコンピュータを用いて作成していますので、大量のデータを収録でき、高機能な検索機能を持つ便利さだけでなく、定期的に更新すれば、最新の情報を提供することが可能になります。データベースの利用に際しては、複数のデータベースを関連づけながら統合的に利用することも重要になります。例えば、一つの病気に着目した場合に、その病気に関する事柄を理解した上で、その病気に関する遺伝子の配列情報を知り、その遺伝子から創られるタンパク質の高次構造をデータベースで参照し、多様な生物種の高次構造を比較することも可能になります。さらに、そのタンパク質に結合する能力を持つ分子を探索することは薬剤の設計(創薬)につながります。次にこの流れに沿った、データベースの統合的な利用の一部を実習します。

ここでは、日本語で利用できる日本語バイオポータルサイト(Jabion：画面 23：<http://www.bioportal.jp/>)を用いて、複数のデータベースの統合的な利用を試みます。Google 日本(<http://www.google.co.jp/>)で、”Jabion”を検索項目として検索しても、検索結果に Jabion 日本語バイオポータルサイト が表示されます。



画面 23 の Jabion の文字の下ツールバーの用語辞書をクリックすると、画面 24 が現れます。



画面中央部のキーワード：の横の空白欄へ、検索項目を日本語で入力し（この例では 高

血圧 を入力した)、検索ボタンをクリックすると、その用語に関係した説明の画面 25 が得られます。現時点では、この用語辞書の部分は作成の途中の段階に思え、充分とはいえませんが、その用語の意味の概要を知る上で便利です。

用語辞書
(画面 25)

並べ替え: 検索マッチ度順

⊖ 入力キーワードに一致する用語 (0件)
用語が見つかりませんでした。

⊖ 入力キーワードに部分一致する用語 (0件)
用語が見つかりませんでした。

⊖ 入力キーワードが解説文中に含まれる用語 (7件)

用語	同義/類義語	英訳	(英) 同義/類義語	解説	カテゴリ
ありふれた病気		common disease		高血圧、糖尿病など罹患率の高い疾患。	病名 疾患 名治療など
アルドステロン症	高アルドステロン症	aldosteronism	yperaldosteronism	アルドステロンの過剰分泌により引き起こされる疾患で、症状の特徴は高血	病名 疾患 名治療な

今回の実習で重要になるのは、画面 23 の Jabion (<http://www.biportal.jp/>) の文字の下 のツールバーの遺伝子百科の部分で、遺伝子百科の部分をクリックすると画面 26 が表示されます。

わが国初、ビギナーとフ

用語辞書
コラム一覧
遺伝子百科

メニュー

■ **Jabion ガイド**
はじめての方へ、サイトのご利用
法を紹介する窓口です。

└ サイトマップ

└ サイト内検索

powered by Google

■ **学習に役立つ**
バイオの専門用語やニュー
ス、教材、ウェブサイトへの入
口です。

└ **用語辞書**

└ **遺伝子百科** ← クリックする

└ オントロジービューア

└ Be-Learning NAVI

└ コラム

用語辞書 コラム一覧 **遺伝子百科** 文献検索 研究プロジェクト 道具箱 (画面 26)

遺伝子百科

②クリックする。

キーワード検索

高血圧 **検索(キーワード翻訳)** (例: 胃がん hemoglobin)

☐ 英語キーワード候補の選択

① 検索したい項目を入力する。ここでは例として **高血圧** を記入。

遺伝子アトラス

■ Gene Ontology

- 生物学的プロセス別
- 分子機能別
- 細胞構成別

この遺伝子百科は、私達「ヒト」の体の設計図である「遺伝子」の情報をまとめたものです。

例えば、「**アルツハイマー病**」について調べたい場合、上の日本語キーワード入力欄に「アルツハイマー病」と入れ、検索ボタンを押します。日本語のキーワードは自動的に英語(「Alzheimer disease」)に変換され、英語で書かれた遺伝子百科を検索します。検索結果のリストから見たい遺伝子(例えば「**APP遺伝子**」)を選択すると、その遺伝子の最新情報を見ることができます。原文は英語で書かれていますが、英語の単語をクリックすると日本語訳を見ることができます。

また、遺伝子百科は、遺伝子の種類別に整理された形で見ることができます。[遺伝子アトラス](#)をクリックし、例えば、Gene Ontology → biological process → physiological processes → metabolism → alcohol metabolism の順に +マークをクリックして、最後に[alcohol metabolism](#)の右側に付いた遺伝子数をクリックすると、[アルコールの分解に関わる遺伝子](#)を見ることができます。

キーワード検索の下空白欄へ検索項目を日本語で入力し(この例でも **高血圧** を入力した)、**検索(キーワード翻訳)** のボタンをクリックすると、その用語「**高血圧**」に関係した遺伝子の一覧画面が得られます。(画面 27)

遺伝子百科 (画面 27)

キーワード検索

高血圧 **検索(キーワード翻訳)** (例: 胃がん hemoglobin)

☐ 英語キーワード候補の選択

検索結果:

クリックする。

(ここをクリックすると英語での詳細な説明画面が表示される)

遺伝子シンボル	遺伝子名	生物種	Link
ADD2	adducin 2 (beta)	human	NCBI
ADD3	adducin 3 (gamma)	human	NCBI
AGT	angiotensinogen (serpin peptidase inhibitor, clade A, member 8)	human	NCBI
ARTS-1	type 1 tumor necrosis factor receptor shedding aminopeptidase regulator	human	NCBI
Bm259	BM259 protein	rat	NCBI
BMPRI1B	bone morphogenetic protein receptor, type IB	human	NCBI
BMPRI2	bone morphogenetic protein receptor, type II (serine/threonine kinase)	human	NCBI
CMA1	chymase 1, mast cell	human	NCBI

高血圧に関係する遺伝子は複数知られているので、それらの遺伝子の**遺伝子シンボル**(遺伝子名の略号)、**遺伝子名**、その遺伝子が知られて**生物種名**等を知ることが出来ます。**遺伝子シンボル**の下に遺伝子名の略号(例えば **ADD2**)をクリックすると、**画面 28**が表示されます。

※画面 27 において、ADD2 の行の Link 欄の NCBI (米国の国立バイオテクノロジー情報センターの略称) をクリックすることでも、ADD2 に関する詳細情報を得ることが可能になりますが、全てが英語による説明なので、今回はこの機能は使いません。

ADD2 遺伝子に関する画面 28 が現われます。この場合は遺伝子 ADD2 に関する日本語での要約を含む、この遺伝子の詳細情報を得ることが可能になります。

ADD2

(画面 28)

Homologeneの相同遺伝子(HomoloGene:1221)

H.sapiens ADD2 adducin 2 (beta). NP_001608.1 726 aa (NM_001617.2)	P.trogodytes ADD2 adducin 2. XP_001143954.1 726 aa (XM_001143954.1)
C.familiaris LOC610670 similar to Beta adducin (Erythrocyte adducin beta subunit). XP_866676.1 750 aa (XM_861583.1)	M.musculus Add2 adducin 2 (beta). NP_038486.2 725 aa (NM_013458.2)
R.norvegicus Add2 adducin 2 (beta). NP_036623.1 562 aa (NM_012491.1)	

Conserved Domains
Phenotypes
Related Homology Resources
UniGene

H.sapiens
P.trogodytes
M.musculus
R.norvegicus
C.familiaris
G.gallus

Basic Information

遺伝子シンボル: **ADD2(ADDB)**
遺伝子名: **adducin 2 (beta)**

要約

アダジュシはα、β、およびγアダジュシとよばれる異なるサブユニットで構成されたタンパク質である。3個のサブユニットは、別々の遺伝子により指令され、表皮組織における《細胞》-細胞接触部位での赤血球における《スペクトリン》-アクチンネットワークの

ゲノム配列上位置

chromosome	2
base	from 70742770 to 70848837
strand	-

Chr. 2
70.74 M

2 番染色体

H.sapiens
P.trogodytes
M.musculus
R.norvegicus
C.familiaris
G.gallus

Basic Information

遺伝子シンボル: **ADD2(ADDB)**
遺伝子名: **adducin 2 (beta)**

要約

アダジュシはα、β、およびγアダジュシとよばれる異なるサブユニットで構成されたタンパク質である。3個のサブユニットは、別々の遺伝子により指令され、表皮組織における《細胞》-細胞接触部位での赤血球における《スペクトリン》-アクチンネットワークの構築に与する膜骨格タンパク質の《ファミリー》に属す。αおよびγアダジュシは普遍的に発現されるが、βアダジュシの《発現》は脳と造血組織に制限される。ヒト赤血球から精製したアダジュシは、αおよびβアダジュシの《ヘテロ二量体》であることがわかった。これら2個のサブユニットの《アミノ酸置換》で生じる《多型》は、《高血圧症》の動物モデルにおける血圧の調整に関連している。αおよびγサブユニットからなるヘテロ二量体も知られている。構造的に、各サブユニットは2つの異なる《領域》からなる。アミノ末端領域は、《タンパク質分解酵素》抵抗性で、球形であるが、カルボキシル末端領域はタンパク質分解酵素反応性である。後者は、《カルモジュリン》の結合部位である《タンパク質リン酸化酵素C》のためのリン酸化部位を多数含み、スペクトリンとアクチンの結合に必要とされる。3'末端の選択的スプライシングや遺伝子内部でのスプライシングを受け、異なる《アイソフォーム》を指令するさまざまなアダジュシβmRNAが知られている。すべてのアイソフォームの機能は不明。

ゲノム配列上位置

chromosome	2
base	from 70742770 to 70848837
strand	-

Chr. 2
70.74 M

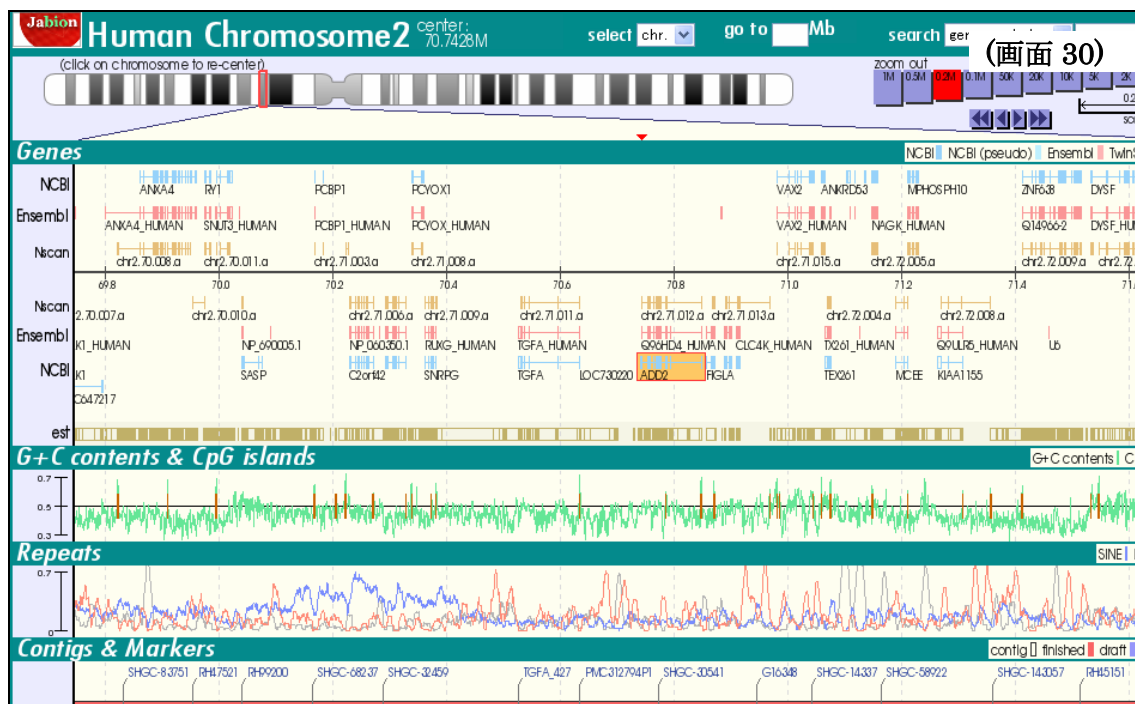
エクソン・イントロン構造(クリックするとゲノムビューアへジャンプします)

カーソルを、この画面上のどこでもよいので、持ってきてクリックする。

オリジナルDBにおけるID・ACC(クリックするとオリジナルDBへジャンプします)

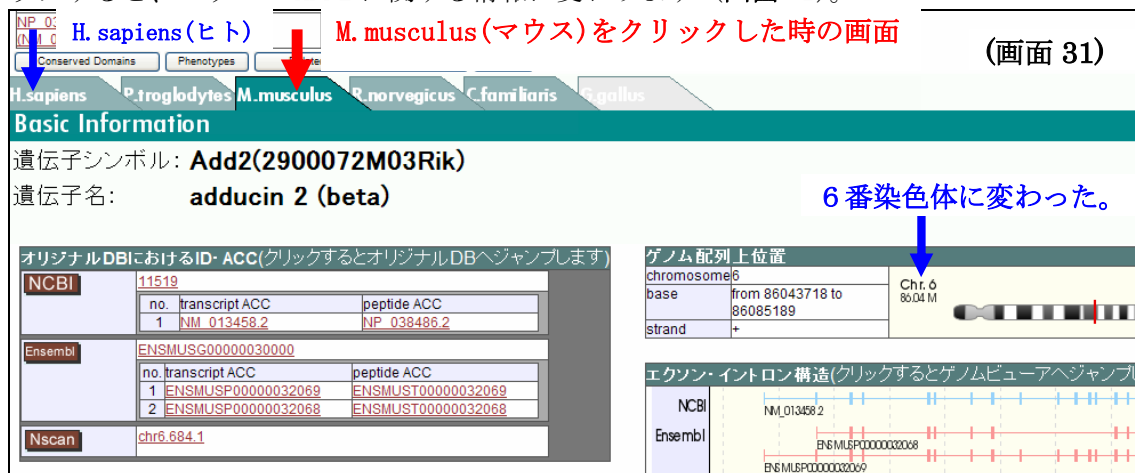
NCBI	119
------	-----

画面 28 を下へスクロールして得られる、日本語での要約を含む画面下の部分が画面 29 です。ここには ADD2 遺伝子のゲノム配列上の位置が染色体(この場合はヒト 2 番染色体)上の位置まで図示された形式で表示され、エクソン・イントロン構造も表示されます(エクソンよりエキソンの方が一般的な名称)。エクソン・イントロン構造(クリックするとゲノムビューアへジャンプします)に従ってクリックすると、この遺伝子近傍のゲノム構造、例えば近傍の他の遺伝子の位置や、それらのさらに詳細な遺伝子構造が得られます(画面 30)。



画面 30 の **Genes** の下の欄には、異なった 3 つのゲノム情報解析機関 (NCBI, Ensembl, N-scan) で推定している遺伝子が記載されていますが、3 機関で同様な結果を推定している遺伝子は信頼性が高いと考えられます。ゲノム配列上の位置を数字で表示している横線の上側には、データベースに登録されている配列側がコーディング鎖となっている遺伝子類が記載され、横線の下側には逆鎖側がコーディング鎖となっている遺伝子類が記載されています。

画面 29 の要約の上の **Basic Information** の文字の上の **H. sapiens** (ヒト) や **M. musculus** (マウス) は生物種名を表します。画面 29 では **H. sapiens** が選択されており、ヒトの **ADD2** に関する情報が記載されています。**Basic Information** の文字の上の行の **M. musculus** をクリックすると、マウスの **ADD2** に関する情報に変わります (画面 31)。



ゲノム配列上の位置を見ると 6 番染色体に変わっているのが、**ADD2** はマウスの 6 番染色体上の位置することが分かる。

画面 29 (**H. sapiens** ヒトの **ADD2**) のオリジナル DB における ID・ACC の下の **Ensembl** の **peptide ACC** の下の番号が複数個ある場合には、選択的スプライシング等で複数の成熟 mRNA ができ、一種類の遺伝子から複数種類のタンパク質ができることを示しています。

オリジナルDBIにおけるID・ACC(クリックす (画面 29 の真ん中左の方))		
NCBI	119	
	no.	transcript ACC
	1	NM_001617.2
	2	NM_017482.2
	3	NM_017484.2
	4	NM_017488.2
	5	NM_017483.2
		peptide ACC
		NP_001608.1
		NP_059516.2
		NP_059518.2
		NP_059522.1
		NP_059517.1
Ensembl	ENSG00000075340	
	no.	transcript ACC
	1	ENSP00000348971
	2	ENSP00000264436
	3	ENSP00000264439
	4	ENSP00000264440
	5	ENSP00000264438
	6	ENSP00000347972
		peptide ACC
		ENST00000356565
		ENST00000264436
		ENST00000264439
		ENST00000345706
		ENST00000349307
		ENST00000355733
Nscan	chr2.71.012.a	

レポート課題 5) 画面 26 において、高血圧以外の病気名をキーワードとして用いて、その病気に関係する 2 種類の遺伝子を検索し、**遺伝子シンボル**と**遺伝子名**を記載せよ。次に、それらの遺伝子の一例に関して、ヒトの何番目の染色体に位置しているのかを、画面 28 の**ゲノム配列上の位置表示**の形式で図示せよ。また得られた病気に関する遺伝子のどちらでも良いが、エクソン・イントロン構造を画面 28 の**エクソン・イントロン構造**の形式で図示して、エクソン部分とイントロン部分がどこであるのかを示せ。一般的に、エクソンとイントロンのどちらが長い配列なのかも述べよ。

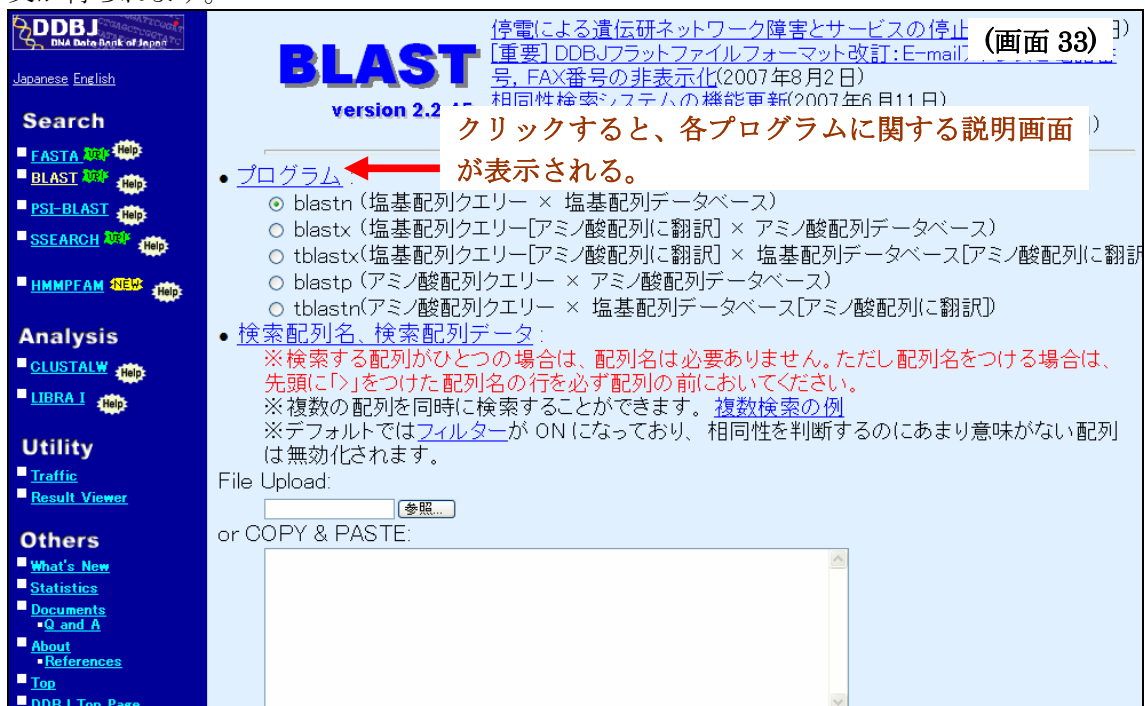
公的機関の高機能な計算機を用いた配列解析

国際 DNA データバンク (DDBJ/EMBL/GenBank) 等の公的機関では、塩基配列ならびにアミノ酸配列の公開以外にも、これら配列についての多様な情報解析プログラムを公開しており、一般ユーザーによるこれら機関の高機能な計算機を用いた情報処理を可能にしています。

DDBJ(日本 DNA データバンク)の場合には、日本語による使用法の解説もあるので、初心者には特に便利です。画面 32 は DDBJ の Home page です。(日本 DNA データバンク <http://www.ddbj.nig.ac.jp/> Google で DDBJ と記入して検索しても、検索結果のトップに表示されます。)



左側の欄の Search(検索)・Analysis(解析)の下に記載された下線付きの英語名は、キーワード検索や配列解析用のプログラム名です。例えば BLAST は配列相同性検索に使用される最も有名なプログラムです。この BLAST の文字をクリックすると、画面 33 が現れ、BLAST プログラムに関する日本語による簡単な使用説明があります。青文字で下線の付された プログラム の文字をクリックすると、各プログラムに関するさらに詳しい日本語による説明文が得られます。



画面 33 の中央部の or COPY & PASTE: の下の空白欄へ配列を COPY & PASTE すれば、その配列と相同性の高い配列をデータベース中から探し出してくれます。画面 29(真ん中左のほう)の NCBI の transcript ACC の下の番号をクリックして、次の手順によって得られた、遺伝子の塩基配列を COPY & PASTE して下さい。

オリジナルDBIにおけるID・ACC (画面 29 真ん中 左のほう)
 プレします)

NCBI		119	
no.	transcript ACC		
1	NM_001617.2	← 例えば、これをクリックする。	
2	NM_017482.2	NP_059516.2	
3	NM_017484.2	NP_059518.2	
4	NM_017488.2	NP_059522.1	
5	NM_017483.2	NP_059517.1	

Ensembl		ENSG00000075340	
no.	transcript ACC	peptide ACC	
1	ENSP00000348971	ENST00000356565	
2	ENSP00000264436	ENST00000264436	
3	ENSP00000264439	ENST00000264439	
4	ENSP00000364440	ENST00000345706	

次のように、[1](#) CoreNucleotide records が表示される。[1](#)をクリックします。

NCBI (画面 34)

Entrez
Nucleotide
FAQ
Tools
Sequence
History

History has expired.

Found 1 nucleotide sequence

Please choose one of the following:

[1](#) ← CoreNucleotide records
0

クリックする。

次の画面の [NM_001617](#) をクリックします。

NCBI (画面 35)

CoreNucleotide for NM_001617.2

Limits Preview/Index History Clipboard Details

Found 1 nucleotide [1]

Display Summary Show 20 Sort by

All: 1 bacteria: 0 RefSeq: 1 mRNA: 1

☐ 1: [NM_001617](#) Reports
 Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2), transcript variant beta-1, mRNA
 gi89276783|ref|NM_001617.2|[89276783]

クリックする。

次のように、NM_001617 の Flat file の画面が表示されます。
 Display の中の FASTA を選択すると、FASTA 形式の塩基配列情報が表示されます。

NCBI (画面 36)

Search CoreNucleotide for

Limits Preview/Index History Clipboard Detail

Display GenBank Show 5 Send to Hide: sequ

Range

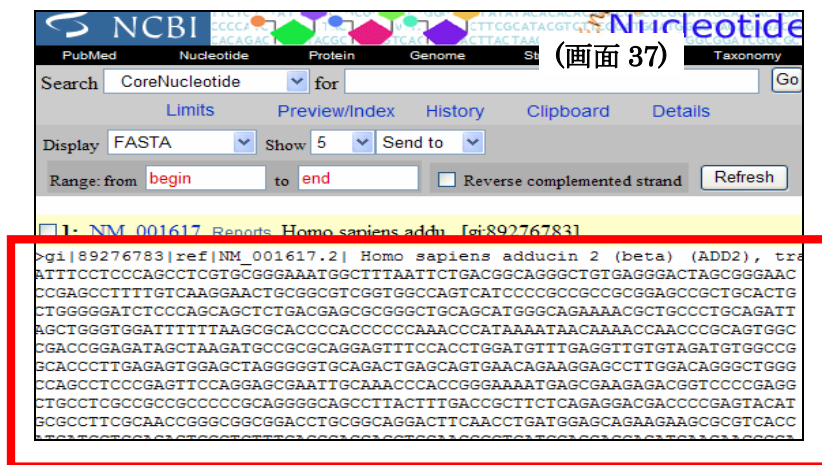
☐ 1: [NM_001617](#) Reports Ho
 Comr
 FASTA
 XML
 TinySeq XML
 INSDSeq XML
 Graph

FASTA を選択する

FASTA Sequence

LOCUS NM_001617 3957 bp mRNA
 DEFINITION Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2),
 mRNA.
 GCESSION NM_001617

次の画面の、>gi の行も含めて、塩基配列情報をコピーします。



コピーする。

Windows を使用の方は、赤色の線で囲まれた塩基配列を含む部分をドラッグした後に、マウスの右クリックをして、コピーを選び、画面 38 の貼り付けたい位置へカーソルを移してから、右クリックして貼り付けを選びます。

注) ブラウザを Internet Explorer (IE) を使用のかたは、上記の通りで問題ありませんが、**Netscape を使用の方は** BLAST の結果が上手く表示されない場合があります。その場合は、>で始まるコメント行の余分なコメントを削除して、貼り付けた後のコメント行を 1 行に収めると上手く処理されます。

コピーした塩基配列を、画面 38 (画面 33 と同じ) の or COPY & PAST の欄に貼り付ける。

BLAST
version 2.2.15

停電による遺伝研ネットワーク障害とサービスの停止 (2007年8月20日)
【重要】 DDBJフラットファイルフォーマット改訂:E- (2007年8月2日)
相対性検査システムの機能更新 (2007年6月11日)
2007年2月のシステム移行に伴うお知らせ(重要) (2007年3月23日)

(画面 38)

• プログラム:

- ☒ blastn (塩基配列クエリー × 塩基配列データベース) ←
- ☐ blastx (塩基配列クエリー [アミノ酸配列に翻訳] × アミノ酸配列データベース)
- ☐ tblastx (塩基配列クエリー [アミノ酸配列に翻訳] × 塩基配列データベース [アミノ酸配列に翻訳])
- ☐ blastp (アミノ酸配列クエリー × アミノ酸配列データベース)
- ☐ tblastn (アミノ酸配列クエリー × 塩基配列データベース [アミノ酸配列に翻訳])

• 検索配列名、検索配列データ:

※検索する配列がいくつかの場合は、配列名は必要ありません。ただし配列名をつける場合は、先頭に「>」をつけたの前面にしてください。

※複数の配列を同時に検索することができます。複数検索の例

※デフォルトではフィルターが ON になっており、相同性を判断するのにあまり意味がない配列は無効化されます

File Upload:

or COPY & PASTE:

```
>gi|89276783|ref|NM_001617.2| Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2),
transcript variant beta-1, mRNA
ATTTCTCTCCAGCCCTCGTGGGAAATGGCTTTAATTCTGACGGCAGGGCTGTGAGGGACTAGCGGGAA
C
CCGAGCCTTTTGTCAAGGAAGTGGCGGTCGGTGGCCAGTCATCCCGCGCGCGGAGCCGCTGCAGT
G
CTGGGGGATCTCCAGCAGCTCTGACGAGCGCGGGCTGCAGCATGGGAGAAAACGCTGCCCTGCAGAT
T
AGCTGGGTGGATTTTTTAAGCGCACCCACCCCAACCCCAATAAATAACAAAACCAACCCGCACTGG
C
```

①画面 37 でコピーした塩基配列を貼り付ける。

• 検索結果:

- ☒ WWW ☒ Graphical View (<= 100 sequences)
- ※WWW指定時にGraphical Viewをチェックすると、アラインメントがグラフィカルに表示されます。
- ☐ E-Mail ☒ HTML format

• 検索対象データベース

- 塩基配列データベース
 - ☒ DDBJ 全データ (DDBJ 定期リリース + 新着データ) ←
 - ☐ DDBJ 新着データ
 - ☐ EMBL (European Bioinformatics Database)

②クリックする。

画面 38 で ・ 塩基配列データベースの下の

- DDBJ 全データ (DDBJ 定期リリース + 新着データ) の○内を選択すれば、DDBJ 全塩基配列データを対象に、COPY & PASTE した塩基配列と配列の相同性 (類似性) の高い配列を選び出してくれます。

長方形の括弧内の「入力内容の送信」のボタンをクリックすることで、相同性検索が開始され、次の画面が表示されます。(画面 39)

受付番号は、【20070912113024_5965】です。(画面 39)

↑ クリックする。

program	blastn
data lib	dna
scores	100
alignments	100
expect	10
gap	1
division	ddbjhum+ddbjpri+ddbjrod+ddbjmam+ddbjvrt+ddbjin
filter	1
html	1

begin

```
>gi|89276783|ref|NM_001617.2| Homo sapiens adducin 2 (beta)
ATTTCTCTCCAGCCCTCGTGGGAAATGGCTTTAATTCTGACGGCAGGGC
TCTCAGCCCACTAGCCCAACCCCAACCCCAATAAATAACAAAACCAACCCGCACTGG
C
```

「**View Result**」ボタンをクリックすると、配列相同性検索の結果が表示されます(画面 40)。少し時間のかかる場合もあります。

受付番号は、【20070912113024_5965】です。 (画面 40)

[CLUSTALW SETUP ([Graphical View](#)(<= 100 sequences) | [Text View](#)(sequences))]

BLASTN 2.2.15 [Oct-15-2006]

Reference: Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schaffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997), "Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs", Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.

Query= gi|89276783|ref|NM_001617.2| Homo sapiens adducin 2 (beta) (ADD2), transcript variant beta-1, mRNA (3957 letters)

Database: /b/DNA.DATA/ddbjhum1.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum2.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum3.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum4.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum5.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum6.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum7.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum8.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum9.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum10.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum11.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum12.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum13.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum14.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum15.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum16.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum17.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum18.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum19.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum20.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum21.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum22.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum23.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum24.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum25.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum26.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum27.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum28.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum29.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum30.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum31.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum32.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum33.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum34.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum35.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum36.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum37.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum38.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum39.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum40.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum41.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum42.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum43.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum44.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum45.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum46.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum47.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum48.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum49.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum50.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum51.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum52.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum53.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum54.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum55.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum56.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum57.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum58.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum59.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum60.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum61.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum62.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum63.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum64.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum65.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum66.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum67.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum68.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum69.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum70.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum71.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum72.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum73.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum74.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum75.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum76.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum77.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum78.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum79.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum80.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum81.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum82.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum83.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum84.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum85.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum86.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum87.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum88.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum89.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum90.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum91.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum92.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum93.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum94.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum95.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum96.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum97.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum98.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum99.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum100.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum101.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum102.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum103.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum104.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum105.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum106.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum107.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum108.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum109.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum110.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum111.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum112.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum113.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum114.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum115.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum116.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum117.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum118.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum119.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum120.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum121.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum122.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum123.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum124.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum125.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum126.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum127.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum128.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum129.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum130.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum131.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum132.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum133.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum134.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum135.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum136.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum137.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum138.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum139.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum140.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum141.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum142.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum143.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum144.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum145.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum146.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum147.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum148.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum149.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum150.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum151.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum152.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum153.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum154.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum155.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum156.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum157.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum158.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum159.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum160.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum161.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum162.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum163.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum164.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum165.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum166.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum167.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum168.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum169.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum170.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum171.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum172.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum173.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum174.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum175.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum176.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum177.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum178.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum179.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum180.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum181.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum182.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum183.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum184.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum185.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum186.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum187.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum188.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum189.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum190.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum191.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum192.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum193.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum194.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum195.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum196.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum197.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum198.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum199.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum200.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum201.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum202.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum203.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum204.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum205.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum206.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum207.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum208.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum209.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum210.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum211.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum212.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum213.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum214.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum215.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum216.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum217.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum218.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum219.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum220.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum221.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum222.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum223.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum224.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum225.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum226.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum227.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum228.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum229.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum230.seq;
 /b/DNA.DATA/ddbjhum2

(中 略)

```

149 1E-38 AC159549|AC159549.11 Mus musculus 6 BAC RP2
103 5e-18 AC159549|AC159549.11 Mus musculus 6 BAC RP2
103 5e-18 AC159549|AC159549.11 Mus musculus 6 BAC RP2
93.7 5e-15 AC159549|AC159549.11 Mus musculus 6 BAC RP2
** WARNING: ONLY 100 SEQUENCES OUT OF 241 ARE SHOWN. TO SELECT
GO TO CLUSTALW

Go to top
>BC010237.1 Homo sapiens adducin 2 (beta), mRNA (cDNA clone
IMAGE:4153471), partial cds.
Length = 2572

Score = 5061 bits (2553), Expect = 0.0
Identities = 2553/2553 (100%)
Strand = Plus / Plus

Query: 21 gggaaatggctttaattctgacgscaggsgctgtgaggsgactagcgggaacccgagccttt 80
Sbjct: 1 gggaaatggctttaattctgacgscaggsgctgtgaggsgactagcgggaacccgagccttt 60

Query: 81 tgtcaaggaactgcggcgctcggtgccagtcattccccgccgccgcggagcccgctgactg 140
Sbjct: 61 tgtcaaggaatgagcctgctgctgagcctatctccggccggcgagcccgctgactg 120

```

検索対象 DIVISION : [DDBJ 全データ]、[DDBJ 新着データ] 選択時に有効です の下の括弧でヒトと霊長類のみを指定すれば、ヒトと霊長類の配列データセットのみに検索対象を限定できます(画面 41)。

CGACCGGAGATAGCTAAGATGCCGCGCAGGAGTTTCCACCTGGATGTTTGAAGTTGTGTAGATGTGGCC

- **検索結果:** (画面 41: 画面 33 の下, 画面 38 の下)
 - WWW ☒ Graphical View (<= 100 sequences)
 - ※WWW指定時にGraphical Viewをチェックすると、アラインメントがグラフィカルに表示されます
 - E-Mail ☒ HTML format
- **検索対象:**
 - 塩基配列データベース
 - DDBJ 全データ (DDBJ 定期リリース + 新着データ)
 - DDBJ 新着データ
- **検索対象 DIVISION:** [DDBJ 全データ]、[DDBJ 新着データ] 選択時に有効です

チェックされたdivisionが検索対象になります [default](#) [select-all](#) [clear-all](#)

<input checked="" type="checkbox"/> ヒト	<input checked="" type="checkbox"/> 霊長類	<input type="checkbox"/> 齧歯類	<input type="checkbox"/> 哺乳類	<input type="checkbox"/> 脊椎動物	<input type="checkbox"/> 無脊椎動物
<input type="checkbox"/> 植物	<input type="checkbox"/> バクテリア	<input type="checkbox"/> ウィルス	<input type="checkbox"/> ファージ	<input type="checkbox"/> 未注釈データ	<input type="checkbox"/> GSS
<input type="checkbox"/> HTG	<input type="checkbox"/> 特許データ	<input type="checkbox"/> STS	<input type="checkbox"/> 合成配列	<input type="checkbox"/> HTC	<input type="checkbox"/> ENV

EST division [select-all](#) [clear-all](#)

COPY & PASTE した配列が長い場合や、検索対象 DIVISION が [DDBJ 全データ] のように検索対象が広範囲の場合、さらには DDBJ を多数の人が利用している場合等には、相同性検索の結果が得られるのに時間がかかります。画面 41(画面 33 の下, 画面 38 の下)の**検索結果:** の下の ☐ E-Mail の ☐ 内を選び、E-Mail アドレスを括弧内に記載してから入力内容の送信の文字をクリックすれば、結果は E-Mail で送られて来ます。研究を目的とした解析では、データの整理をする上で E-Mail を用いる方が便利です。

レポート課題 6) 画面 29 の中央部の NCBI の下の peptide ACC の下の番号をクリックすると、タンパク質のアミノ酸配列が得られる。画面 32 と画面 33 の選択項目をどのように変更すれば、このアミノ酸配列と相同性の高いタンパク質配列を探し出せるかを記載せよ。

レポート課題 7) レポート課題 5 で選択した病気に関する 2 種類の遺伝子について、その遺伝子由来のタンパク質と相同性の高いアミノ酸配列を持つタンパク質配列類を、齧歯類(げっし類: ネズミ目 (Rodentia) でリス、ネズミ、ヤマアラシなどが含まれる)を対象に検索し、検索結果を E-Mail で取得して画面 40 の形式で記載せよ。なお結果が A4 用紙で 3 枚を超える際は、3 枚分を提出せよ。

余裕のある人への追加課題)

画面 42 と 43 は、遺伝資源に関するデータベースを公開しているサイトです。多くのデータベースは日本語での使用が可能です。興味のある遺伝資源に関するデータベースにアクセスして、そのデータベースに関する印象と、何故その遺伝資源のデータベースに興味を持ったのかを記載せよ。

文部科学省 ナショナルバイオリソースプロジェクト

(URL <http://www.nbrp.jp/index.jsp>) Google で NBRP を検索しても出てきます。

ドレス(D) <http://www.nbrp.jp/index.jsp> **クリックする。** (画面 42)

NBRP ナショナルバイオリソースプロジェクト 情報公開サイト

Home Sitemap Japanese | English

>site search Go  ご意見・ご要望

NBRPについて 中核機関 リソース総合検索サイト(BRW) 成果(一覧・登録) 日本の遺伝資源情報 世界の遺伝資源関連情報

生物種: 全生物種 カテゴリー: 全種類  Rss Help

キーワード: リソース総合検索  ヘルプ

リソース中核機関

- DB マウス (理研BRC)
- DB ラット (京都大学)
- DB アフリカツメガエル (広大)
- DB メダカ (産研)
- DB ショウジョウバエ (京工繊大)
- DB ゼブラフィッシュ (理研BSI)
- DB 線虫 (東京女医大)
- DB カイコ (九大)
- DB ニホンザル (生理学研)
- DB ホヤ (京都大学) **New!**
- DB シロイヌナズナ (理研BRC)
- DB オオムギ (岡山)
- DB イネ (遺伝研)
- DB コムギ (京大)
- DB アサガオ (九大)
- DB 広義キク属植物 (広大)
- DB 藻類 (筑波大)
- DB ミヤコグサ・ダイズ (宮崎大)
- DB トマト (筑波大) **New!**
- DB 大腸菌 (遺伝研)
- DB 酵母 (大阪市立大)
- DB 病原微生物 (千葉大)

お知らせ

■ 理研BRCの細胞材料開発室(細胞:NBRP中核機関)と、微生物材料開発室(一般微生物:NBRP中核機関)が、ISO 9001認証を受けました。>>プレスリリース

■ 日本遺伝学会第79回大会(9月19日-21日)においてNBRPブース展示を行います。

■ 平成19年度NBRPにおいて新規実施課題13件が採択されました。選定結果については[こちら](#)に掲載されています。

その他のお知らせ

- 細胞工学の連載「使ってみたい! バイオリソース大集合」
- 読売新聞(4月16日朝刊 科学しよう!)に
- NBRPの関連記事が掲載されました。(芹川先生より)
- 日本分子生物学会2006フォーラム【NBRP展示 報告書】

Event Information

<< 2007/9 >>

Su	Mo	Tu	We	Th	Fr	Sa
-	-	-	-	-	-	1
2	3	4	5	6	7	8
9	10	11	12	13	14	15
16	17	18	19	20	21	22
23	24	25	26	27	28	29
30	-	-	-	-	-	-

reset

BioResource collection

RSS NBRP-RESOURCE

全リソースを閲覧できます

動物	804,543
植物	1,035,594
微生物	71,944
合計:	1,912,081

NBRPについて

「ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)」は、ライフサイエンスの研究に用いられるバイオリソースの収集・保存・提供体制の整備を目的とした国家プロジェクトです。  more...

NBRP実施体制

21世紀型ライフサイエンス知識の基盤整備で拓く新たな展開

「日本の遺伝資源情報」をクリックすると次の画面が表示されます。

JGR 日本の遺伝資源提供サイト Quick Search And Or (画面 43)

Japanese | English

各生物種へ移動します 動物 | 植物 | 微生物 細胞 DNA

- Home
- 動物
- 植物
- 微生物 細胞 DNA
- 検索**
- サイト登録
- URL List
- Staff only

生物種	データベース名/機関名	URLアドレス
動物		
マウス	実験動物(実験動物協会)	http://www.shigen.nig.ac.jp
	遺伝研マウス(NIG)	http://www.shigen.nig.ac.jp
	理研 GSC	http://www.gsc.riken.go.jp
	CARD R-BASE	http://cardb.cc.kumamoto-u.ac.jp
	理研 BRC	http://www.brc.riken.jp/lab
	JMSR(統合検索システム)	http://shigen.lab.nig.ac.jp/m
	実験動物の維持・開発	http://animal.nibio.go.jp/
	Japanese Agency of Taconic	http://www.ibl-japan.co.jp/
	日生研 NIBS(Laboratory animal DB)	http://www.shigen.nig.ac.jp
ラット	理研 BRC	http://www.brc.riken.jp/lab
	JMSR(統合検索システム)	http://shigen.lab.nig.ac.jp/m
	NBRP-Rat	http://www.anim.med.kyoto-u.ac.jp
	Japanese Agency of Taconic	http://www.ibl-japan.co.jp/
	日生研 NIBS(Laboratory animal DB)	http://www.shigen.nig.ac.jp
メダカ	NBRP Medaka Genome	http://www.shigen.nig.ac.jp
	NBRP Medaka	http://shigen.lab.nig.ac.jp/m
ゼブラフィッシュ	NBRP Zebrafish	http://shigen.lab.nig.ac.jp/zf
両生類	NBRP アフリカツメガエル	http://home.hiroshima-u.ac.jp

<レポート課題>

レポート課題 1) Avibase を用いて、**かもめ**以外の鳥を自分で設定して、その鳥の学術名と map (生息域) と image (写真) を記載せよ。

レポート課題 2) 物質概念による分類の **DNA** と **RNA** の各々の項目について、何種類のデータベースが収録されているかを記載せよ。

レポート課題 3) eProtS (タンパク質構造百科辞典) を用いて、アクチン以外のタンパク質について、その機能と高次構造を記載せよ。

レポート課題 4) 画面 18 において、カイコ以外の生物をどれかを選択して、わが国で作成されている**情報公開サイト**や**データベース**があれば、その**情報公開サイト**や**データベース**の名称と、作成している機関や研究グループの名称を記載せよ。

レポート課題 5) 画面 26 において、高血圧以外の病気名をキーワードとして用いて、その病気に関係する 2 種類の遺伝子を検索し、**遺伝子シンボル**と**遺伝子名**を記載せよ。次に、それらの遺伝子の一例に関して、ヒトの何番目の染色体に位置しているのかを、画面 28 の**ゲノム配列上の位置表示**の形式で図示せよ。また得られた病気に関する遺伝子のどちらでも良いが、エクソン・イントロン構造を画面 28 の**エクソン・イントロン構造**の形式で図示して、エクソン部分とイントロン部分がどこであるのかを示せ。一般的に、エクソンとイントロンのどちらが長い配列なのかも述べよ。

レポート課題 6) 画面 29 の中央部の NCBI の下の **peptide ACC** の下の番号をクリックすると、着目タンパク質のアミノ酸配列が得られる。画面 32 と画面 33 の選択項目をどのように変更すれば、このアミノ酸配列と相同性の高いタンパク質配列を探しだせるかを記載せよ。

レポート課題 7) レポート課題 5 で選択した 2 種類の遺伝子に関して、その遺伝子由来のタンパク質と相同性の高いアミノ酸配列を持つタンパク質配列を、齧歯類 (げっし類: ネズミ目 (Rodentia) でリス、ネズミ、ヤマアラシなどが含まれる) を対象に検索し、検索結果を画面 40 の形式で記載せよ。なお結果が A4 用紙で 3 枚を超える際は、3 枚分を提出せよ。

レポート課題 8) 課題 5~7) で使用したアミノ酸配列のどちらか一方を用いて、【脊椎動物、無脊椎動物、バクテリア】の各々のカテゴリーを検索対象のデータベースとして別々に選択し、BLAST プログラム (tblastn) による相同性検索を実施せよ。このとき相同性が得られた配列の中で e-value が「 $1e^{-10}$ 」以下のものがあつた場合、この相同性が見られた配列の生物種名を記載せよ。なお、一個のカテゴリーのデータベースについて、 $1e^{-10}$ 以下の検索結果が 5 件以上あつた場合には、そのカテゴリーのデータベースについては上位 5 件の結果のみで良い。得られた検索結果をもとに、どの程度の生物系統にまでこの着目遺伝子の進化的な保存関係が存在しているのかを考察せよ。なお、この場合の e-value は、相同性検索に用いていた塩基配列の相互間で、類似配列が偶然に生じたと仮定した場合のその出現確率を意味している。e-value が「 $1e^{-10}$ 」以下であれば、偶然にこれらの似た配列が出現する確率が極めて低いので、進化的に共通の遺伝子配列から由来したことを示している。

生物種名を調べるためのヒント：DDBJ から得られるフラットファイル中【ORGANISM】行に生物種名（学術名）が記載されている。日本語への変換は、取得した生物種名を使いインターネット検索を行うとよい。

レポート課題 9) 今までの実習課題では、日本語の使えるデータベースを使用してきた。しかしながら、目的とする情報を得るためのデータベースで日本語が使えない場合も多い。そのデータベースの使用法に関する英文の説明文(Announcement や README)を参照して使用する必要がある。その具体例として、課題 9) では Codon Usage (遺伝暗号使用)に関するデータベースを使用する。遺伝暗号(Codon)の使用パターンには生物種に関する特徴があり、同一の生物種（特に同一の微生物種の場合）の遺伝子類の同義コドンの使用パターンがかなり似ている。興味深いことに、異なった生物種間ではその同義コドンの使用パターンは異なっている。この性質は、ゲノム配列が解読された際に、得られた多数の ORF (Open Reading Frame) の内で、どれが本物の遺伝子であるのかを情報学的に知る上での指針となる。この意味からも、各生物種の Codon Usage (遺伝暗号使用)パターンを知ることはゲノム研究において重要である。Codon Usage (遺伝暗号使用)に関するデータベースでは、各生物種別にその時点で知られている全遺伝子の遺伝暗号使用回数を集計して、千分率としてその生物種の Codon Usage (遺伝暗号使用)の特徴パターンの指標として公開している。

ここでは、課題 8)で見つけた生物種名について、【脊椎動物、無脊椎動物、バクテリア】の3カテゴリーについて、各カテゴリー別に3つの生物種を選び、その生物種の Codon Usage (遺伝暗号使用)の特徴を以下のようにして知る(無脊椎動物やバクテリアで見つかっていないければ、その部分は省略せよ)。まず「WINGpro」の検索機能を使用して、「遺伝暗号」に関するデータベースを探し出し、そこでの Announcement の文章を参考にして、上記の生物種ごとに遺伝暗号頻度表を取得せよ。次に【脊椎動物、無脊椎動物、バクテリア】のカテゴリー間とカテゴリー内の生物種の遺伝暗号頻度表を比較して、どちらで類似性が高いかを考察せよ。

レポート課題 10) 以下のいずれかについて記述せよ。

- ① 現在、公開されているバイオ分野のデータベース（データ資源や生物資源）を用いて、自分が行ってみたい、あるいは関わってみたい研究について
- ② バイオ分野において、どのようなデータベースがあればよいか

余裕のある人への追加課題 1)

画面 42 と 43 は、遺伝資源に関するデータベースを公開しているサイトです。多くのデータベースは日本語での使用が可能です。興味のある遺伝資源に関するデータベースにアクセスして、そのデータベースに関する印象と、何故その遺伝資源のデータベースに興味を持ったのかを記載せよ。

余裕がある人への追加課題 2)

遺伝子の発現レベルを知ることは、遺伝子間の制御やそれらの間の相互作用などに関わる生命現象を知る上で重要となる。【ヒト統合ボディーマップ】(http://okubolab.genes.nig.ac.jp/bodymap_i/)は、ヒト遺伝子の臓器や組織別の遺伝子発現パターンを収録した統合サイトです。レポート課題 5 にて記述した**遺伝子シンボル**を用いて、その着目遺伝子がどの組織で発現が高いのかを調べ、記述し図示せよ。他に同じ組織で発現している遺伝子についても調べて、記述せよ。

以 上