

DNA配列情報やオミクスデータの 解析方法～個別と集団の解析～



<https://meijinow.jp/meidainews/news/9895>

学食にやってきたAさんとBさん。

Aさん「今日はお腹すいたからトリプルカレー食べちゃいます！」

Bさん「ところで、カレーの辛さってどうやって感じてるんだろう？」

Aさん「なんか、辛さを感じる受容体があるらしくて、その受容体は痛みや熱刺激にも反応するらしいよ。」

Bさん「へー、そうなんだ。」

バイオインフォマティクスの先生が、カレーの辛さを感じる遺伝子のDNA配列情報を提供してくれました。

何の遺伝子か知りたい..



CACATTGCACATAGAGACTTATATATTTATTTATTTTCTAGCAGATGATGATAAAGTTCTTAAAAATATACTATGAAAATTTTTTTGATAGTTTTAA
AGAAGGGATGCTTTAAAAATAACTTGTACACAGACTGACTGAGCAGGAGGGTGTATGTCAGGGGACTTGGGATATTGGCTTCTAT
CCAGTGGCACCCCGCCCTCCCTGTGCCCTGCTGATTGAAGACGGGAAGAATGACTCCCTGCCGTCTGAGTCCACGTCGCA
CAGGTGGCGGGGGCCTGCCTGCAGGCCGGAAGCTCTAACAGCCTGTACTCCACCTGCCTGGAGCTGTTCAAGTTCACCATCGGCATG
GGCGACCTGGAGTTCACTGAGAACTATCATCATCCTGCTGCTGGCCTATGTAATTCTCACCTACATCCTCCTGCTCAAC
ATGCTCATCGCCCTCATGGGTGAGACTGAGAGCAAGAACATCTGGAAGCTGCAGGTGGGTGGGTGGAGTTGGGGGG
TGGTGAGTGGCGCGGAGAGTGTGGGCGACACAGCTGGCTGCAGGTGGGTGGGTGGTGGGGGGCGGTGTGTGGCCAG
GAGGGTATGGGCCTCTCTATCCGCTGCGCATGAGCCCTGCAGGATTTGAGGAGGGAGCAGAAAGCCCGGCCAGGCCCG
GGGATCCAGCCTCAGCACCTCCCTCAGTCTCCCCTGCCCAGCACCTGCTCAGGGGCAGATGAGCTCAGCTGGTGTTTATA
GACACCGTGCTTGGCTGTGGTCTGGGTGGTGAAGAGGGGGAGGGCTCAGCCCGACAGGGTGTCCACCTCAGAGGAGCCTGGTGT
AAGGTGGGCACCAGAGGCCAGACTCAGGGGAGCAGCTACATGAGGCAGGGCCCTGACAGCTACA

約1,000文字 (塩基数)の断片配列

ヒトの遺伝情報 (DNA): 30億 文字

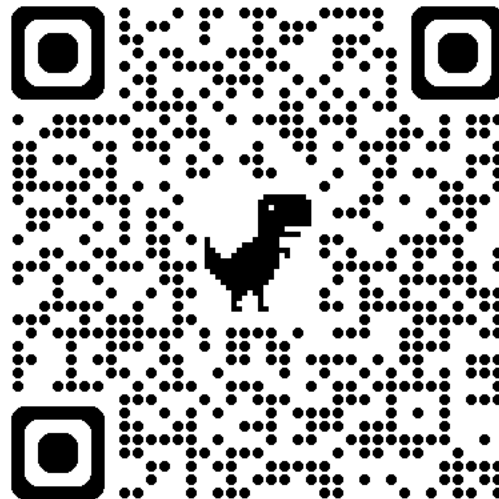
どうするか？

- ・手持ちのDNA配列がどれくらい一致・類似しているかというのをデータベース上のリファレンス配列の中から探す

- ・代表的なツール→NCBIのNucleotide BLAST検索

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

スマホで実践して、何の遺伝子か検索してみましょう!



①QRコードのリンクを開く

②ここをタップすると、今回調べるDNA配列がコピーされる

DNA配列情報やオミクスデータの解析方法 BLASTを使って何の遺伝子か検索してみましょう！

以下のボタンをクリックすると、辛さを感じる遺伝子の配列がクリップボードにコピーされ、BLAST検索へのリンクが表示されます。

配列をコピー & NCBI BLASTリンクを表示させる

↓ 辛さを感じる遺伝子のDNA配列の断片配列

```
CACATTGCACATAGAGACTTATATATTTATTTTCTAGCAGATGAT  
GATAAAGTTCTTAAAAATATACTATGAAAATTTTTGATAGTTTTAAAGAAGGGATGCTTAAAAATAA  
CTTGTCACAAAGTTATTTGAGACTGACTGAGCAGGAGGGTGTATGTACAGGGACTTGGGATATTGGCTTC  
TATCCAGTGGCACCCCGCCCTCCTGTGCCCTGTAGCGGTGGTGACGCTGATTGAAGACGGGAAGAATGA  
CTCCCTGCCGTCTGAGTCCACGTCGCACAGGTGGCGGGGGCCTGCCTGCAGGCCCCCCGATAGCTCCTAC  
AACAGCCTGTACTCCACCTGCCCTGGAGCTGTTCAAGTTCACCATCGGCATGGGCGACCTGGAGTTCCTG  
AGAACTATGACTTCAAGGCTGCTTCATCATCCTGCTGGCCTATGTAATTCACCTACATCCTCCT
```

DNA配列情報やオミクスデータの解析方法

BLASTを使って何の遺伝子か検索してみましょう！

以下のボタンをクリックすると、辛さを感じる遺伝子の配列がクリップボードにコピーされ、BLAST検索へのリンクが表示されます。

配列をコピー & NCBI BLASTリンクを表示させる

[NCBIのBLAST検索のリンク↓](#)



↓ 辛さを感じる遺伝子のDNA配列の断片配列

```
CACATTGCACATAGAGACTTATATATTTATTTATTTTCTAGCAGATGAT
GATAAAGTTCTTAAAAATATACTATGAAAAATTTTTTGATAGTTTTAAAGAAGGGATGCTTTAAAAATAA
CTTGTCACAAAGTTATTTGAGACTGACTGAGCAGGAGGGTGATGTGTCAGGGGACTTGGGATATTGGCTTC
TATCCAGTGGACCCCGCCCTCCCTGTGCTGTAGCGGTGGTGACGCTGATTGAAGACGGGAAGAATGA
CTCCCTGCCGTCTGAGTCCACGTGCGACAGGTGGCGGGGGCTGCTGACAGGCCCGCGATAGCTCCTAC
AACAGCCTGTACTCCACCTGCCCTGGAGCTGTTCAAGTTACCATCGGCATGGGCGACCTGGAGTTCCTG
AGAACTATGACTTCAAGGCTGCTTCATCATCTGCTGCTGGCCTATGTAATTCTCACCTACATCCTCCT
```

③リンクが作成されるので
タップ

④ここにペースト

⑤ここに半角で“Ho”と入力すると、Homo sapiens (taxid:9606)が候補に出てくるので選択

⑥BLASTボタンをタップ

The screenshot shows the NCBI Standard Nucleotide BLAST interface. The 'Enter Query Sequence' section has a red circle around the text input field containing a DNA sequence. The 'Choose Search Set' section has a red circle around the 'Organism' dropdown menu, which shows 'Homo sapeins (taxid:9606)'. The 'Program Selection' section has a red circle around the 'BLAST' button. The 'BLAST' button is labeled 'BLAST' and has a tooltip that says 'Search database core_nt using Megablast (Optimize for highly similar sequences)'. Below the 'BLAST' button is a checkbox labeled 'Show results in a new window'.

Standard Nucleotide BLAST

blastn blastp blastx tblastn tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. more...

Reset page Bookmark

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) Query subrange

CTGGGTGGTCCTGGAGGGA
AGAAGGGGGAGGGCTCAGCCCGACAGGGTGTCCACCTCAGAGGAGCCTG
GTGTAGGTGGGCACCAAGG
CCAGACTCAGGGGAGCAGCTACCATGAGGCAGGGCCCTGACAGCTACA

From To

Or, upload

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search

☐ Align two or more sequences

Choose Search Set

Database

☒ Standard databases (nr etc.): ☐ rRNA/ITS databases ☐ Genomic + transcript databases ☐ Betacoronavirus
☐ Experimental databases

Core nucleotide database (core_nt)

Organism

Optional

Homo sapeins (taxid:9606) ☐ exclude [Add Organism](#)

Exclude

Optional

☐ Models (XM/XP) ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Limit to

Optional

☐ Sequences from type material

Entrez Query

Optional

Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Optimize for

☒ Highly similar sequences (megablast)
☐ More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
☐ Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm


BLAST

Search database core_nt using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

☐ Show results in a new window

+ Algorithm parameters

待ち時間



National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Log in

BLAST® » **blastn suite** » RID-A075Z9JK015

HomeRecent ResultsSaved StrategiesHelp

Format Request Status






[Formatting options]

Job Title: Nucleotide Sequence




Request ID	A075Z9JK015
Status	Searching
Submitted at	Sat Aug 16 01:53:03 2025
Current time	Sat Aug 16 01:53:06 2025
Time since submission	00:00:03

This page will be automatically updated in 3 seconds

FOLLOW NCBI



Connect with NLM



National Library of Medicine
8600 Rockville Pike
Bethesda, MD 20894

Web Policies
FOIA
HHS Vulnerability Disclosure

Help
Accessibility
Careers

Descriptions		Graphic Summary		Alignments		Taxonomy					
Sequences producing significant alignments								Download			
Select columns								Show 100			
<input checked="" type="checkbox"/> select all		21 sequences selected		GenBank		Graphics		Distance tree of results		MSA Viewer	
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	1862	1862	100%	0.0	100.00%	50966	NG_029716.2		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens chromosome 17, clone R...	Homo s...	1855	1855	100%	0.0	99.90%	127431	AC027796.9		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens vanilloid receptor gene, p...	Homo s...	1851	1851	100%	0.0	99.80%	200237	AF168787.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	2607	DQ177333.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4164	NM_080704.4		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4443	NM_080706.3		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens vanilloid receptor subtype...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	457	AF235160.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4090	NM_080705.4		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4074	NM_018727.5		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4019	BC132820.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens mRNA for vanilloid recept...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	3263	AJ272063.2		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4021	BC136633.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4187	AL136801.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens vanilloid receptor 1 (TRP...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	2520	AY131289.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens capsaicin receptor variant...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4103	AF196176.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens capsaicin receptor mRNA...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	4129	AF196175.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens mRNA for vanilloid recept...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	3164	AJ277028.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens vanilloid receptor variant...	Homo s...	601	601	32%	9e-169	100.00%	2340	AY986821.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	595	595	32%	4e-167	99.69%	2644	DQ177332.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens transient receptor potenti...	Homo s...	590	590	32%	2e-165	99.38%	2520	DQ898279.1		
<input checked="" type="checkbox"/>	Homo sapiens chromosome 17 PCR seq...	Homo s...	379	379	20%	5e-102	100.00%	205	FJ695206.1		

Descriptions Graphic Summary **Alignments** Taxonomy

Alignment view Pairwise ☐ CDS feature ?

[Restore defaults](#)

Download

21 sequences selected ?

[Download](#) [Genbank](#) [Graphics](#) [Next](#) [Previous](#) [Descriptions](#)

Homo sapiens transient receptor potential cation channel subfamily V member 1 (TRPV1), RefSeqGene on chromosome 17

Sequence ID: [U029716.2](#) Length: 50966 Number of Matches: 1

Range 1: 40230 to 41237 [GenBank](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

	Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
	1862 bits(1008)	0.0	1008/1008(100%)	0/1008(0%)	Plus/Plus
Query 1			CACATTGCACATAGAGACTTATATATTTATTTATTTTC		
Sbjct 40230			CACATTGCACATAGAGACTTATATATTTATTTATTTTC		
Query 61			TTAAAAATATACTATGAAAAtttttttGATAGTTTAAAI		
Sbjct 40290			TTAAAAATATACTATGAAAATTTTTGTAGTTTAAAI		
Query 121			CTTGTCACAAAGTTATTTGAGACTGACTGAGCAGGAGGG		
Sbjct 40350			CTTGTCACAAAGTTATTTGAGACTGACTGAGCAGGAGGG		
Query 181			TATTGGCTTCTATCCAGTGGCACCCCGCCCTCCCTGTGCI		
Sbjct 40410			TATTGGCTTCTATCCAGTGGCACCCCGCCCTCCCTGTGCI		
Query 241			ATTGAAGACGGGAAGAATGACTCCCTGCCGTCTGAGTCC		
Sbjct 40470			ATTGAAGACGGGAAGAATGACTCCCTGCCGTCTGAGTCC		
Query 301			CCTGCCTGCAGGCCCCCCGATAGCTCCTACAACAGCCTG		
Sbjct 40530			CCTGCCTGCAGGCCCCCCGATAGCTCCTACAACAGCCTG		

TRPV1という遺伝子
であることが判明

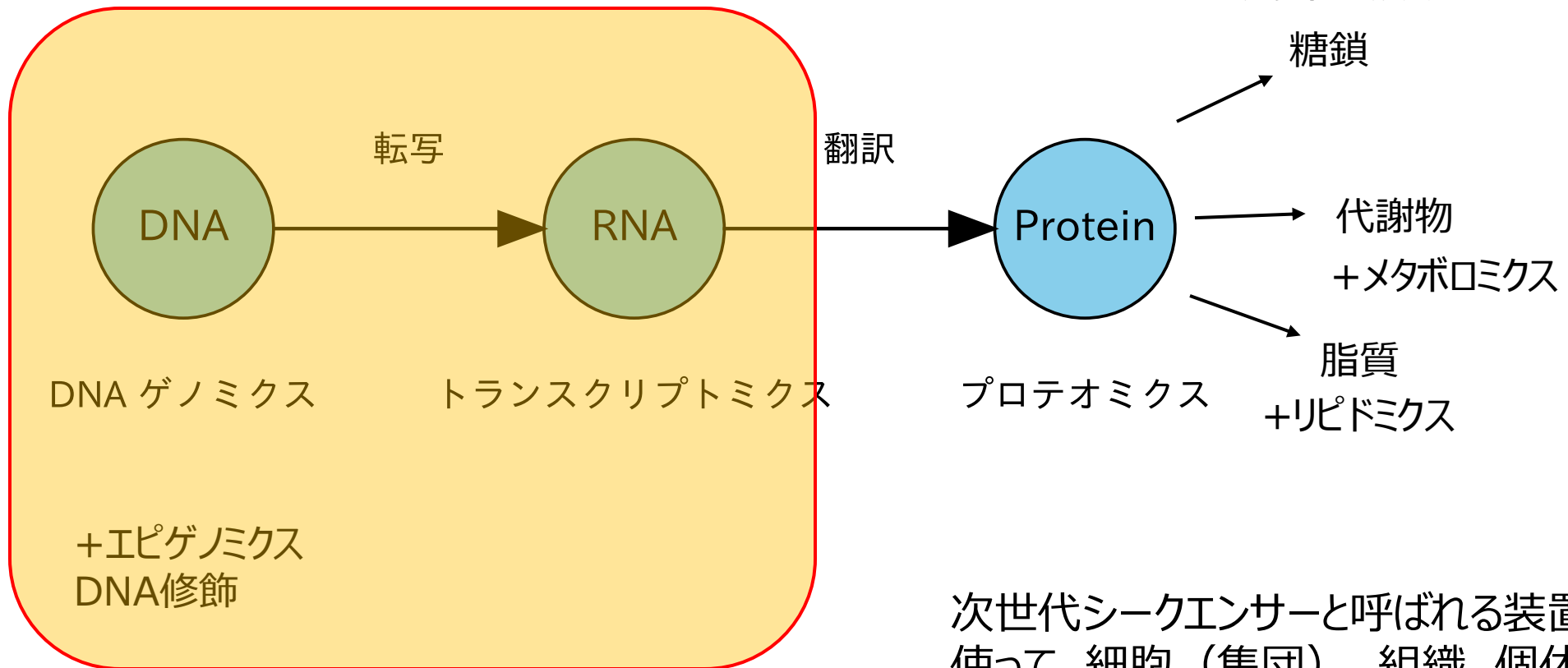
BLASTは『配列の検索エンジン』です。「辛さの遺伝子の配列を入れると、それが『TRPV1』という名前だと教えてくれます。一対一のマッチングが得意です。

TRPV1という遺伝子が辛さを感じる受容体であるということを知ったAさんは次に以下のような疑問を持ちました。

カレーの辛さを感じる受容体(TRPV1)を発現しているのはどういう細胞なんだろう？

オミクス解析とは？

- “~omics”=総体的な



オミクスシーケンス解析によるアプローチ

次世代シーケンサーと呼ばれる装置を使って、細胞（集団）、組織、個体の塩基配列情報を総体で解析する

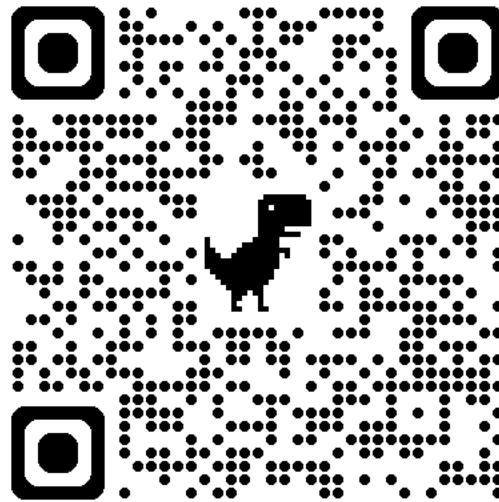
TRPV1を発現する細胞集団で多く発現する遺伝子群 (2014 J. Painより抜粋)

Scn11a,P2rx3,Trpv1,Kcnip4,Grik1,Kcnip2,Scn3b,Trpc3,Kcnh6,Chrna6,Trpa1,Kcnmb1,Trpm8,Kcnc2,Kcnk12,Trpc6,Kcnk13,Kcng2,Gria1,P2rx2,Chrn3,Kcnf1,Cacna1i,Kcnmb2,Trpc4,Cacng3,Trpv3,Kcns2,Kcnj6,Trpc7,Rgs4,Rgs10,Mrgprd,Gnb4,F2rl2,Gna14,Lpar3,Mrgpra3,Rgs3,Mrgprx1,Rgs8,Ptgdr,Mrgprb5,Gpr35,Npy1r,Npy2r,Agtr1a,Lpar5,Sstr2,Cyslr2,Htr1a,Nmur1,Rgs14,Gpr160,Galr1,Gpr68,Avpr1a,Crhr2,Mrgpra4,Mrgpra9,Calca*,Tac1,Calcb*,Adcyap1,Cartpt,Sst,Gal,Nppb,Ccl1,Scg3,Scg2,Synpr,Mal2,Syt7,Nptx2,Syt9,Syt5,Nptxr,Nrsn1,C1ql4,Syt16,Prdm12,Nbl1,Tshz2,Ldb2,Carhsp1,Fos,Junb,Celf6,Runx1,Egr1,Klf5,Paqr5,Bex1,Zfp36,Myt1,Zmat4,Celf3,Samsn1,Zcchc12,Fosb,Bex4,Btg2,Insm2,Prdm8,Grhl3,Timless,Insm1,Irf6,Trim14,Zfp575,Bcl11a,Neurog3,Ascl4,Smyd1,Ovol2,Dll3,Hes3,Pax8,Rpp25,Fxyd2,Aqp1,Atp2b4,Slc4a11,Slc45a3,Slc37a1,Slc10a6,Slc17a8,Slc16a12,Slc47a2,Slc7a3,Osta,Bcl2l14,Slc6a7,Slc5a7,Cd24a,Fgf13,Cd55,sgigsf,Gfra2,Ly86,Cd44,Plxnc1,Gfra3,Stac1,Ccdc68,Cgref1,Osmr,Ilf3,Il31ra,Socs3,Lrrc3,Ceacam10,Nxph3,Cdh9,Isir2,Nell1,Plaur,Dkk1,Tnfr,Otoa,Bmp15,Wnt11,Lrm4,Dcx,Nxph4,Sectm1b,Cxcl1,Bmp8a,Tmem233,Tmem45b,Tubb2b,Rasgrp1,Ctxn3,Ctxn1,Rarres1,Rasgrp,Cpne2,Nrn1l,Tmem158,Rab27b,Arhgap26,Hspa1b,Ms4a3,Plek2,Krt27,Cpne5,Prmt4,Esyt3,Lxn,Prkcd,Acpp,Plcb3,Dusp26,Th,Dgkh,Gpx3,Camk2a,Ppp1r1a,Hs6st2,Prkcq,Mmp25,A3galt2,Dgki,Plcxd3,Dgkg,Ang,Nt5e,Moxd1,Ass1,Pde11a,Ptptr,Cyp4f39,St6galnac5,Cyp2j12,Zdhhc12,Pde4c,Dapk2,Dnase1l3,Car8,Capn9,Ppapdc1a,Wfdc2,Stk32a,Zdhhc23,Tmprss11c,Gm5424,Cpn1,St6gal2,Dgkk,Ada,Rnf182,Mpped1,Fbp2,Gadl1,Ha1,Klk5,Serpina11,Serpina1e,Klk8,Itk,Ak4,Samd14,Fam89a,Fam19a4,Bag2,Bves,Scin,Igh,Ighg,Gm525,Fam167a,Card11,Cmtm8,T2,Rspo4,Fgg,Tnfaip8l3,Sh2d4a,Lrrc10b,Ttc29,Gm7325,Nccrp1,Prr15l,Pigr

差異遺伝子の探索・可視化 ～ Enrichment解析（どういう遺伝子が多く含まれているか？）

Metascapeというサイト (<https://metascape.org/gp/index.html>)で手軽にどういう遺伝子が多いかというのを調べることができる

スマホで実践。どういうの
遺伝子が多く含まれている
か解析してみましょう！



①QRコードのリンクを開く

Metascapeエンリッチメント解析ツール

以下のボタンをクリックすると、指定の遺伝子リストがクリップボードにコピーされ、Metascapeサイトへのリンクが表示されます。

遺伝子リストをコピー & Metascapeへ

②ここをタップすると、今回調べる遺伝子のリストがコピーされる

Metascapeエンリッチメント解析ツール

以下のボタンをクリックすると、指定の遺伝子リストがクリップボードにコピーされ、Metascapeサイトへのリンクが表示されます。

遺伝子リストをコピー & Metascapeへ

[Metascapeサイトを開く](#)



③リンクが作成されるので
タップ



Step 1

☐ Multiple Gene Lists

Drag & drop your file (.xls,.xlsx,.csv,.txt)

Select File...

Or paste a gene list

Accept Gene ID/Symbol/RefSeq/
Ensembl/UniProt/UCSC

④ここにペースト

Upload File Format

Single List:

[.xls/xlsx](#)
[.csv](#)
[.txt](#)

Multiple List:

[.xls/xlsx](#)
[.csv](#)
[.txt](#)

Test Upload

single list

Step 1

Or paste a gene list

Ttc29
Gm7325
Nccrp1
Prr15l
Pigr

Submit Cancel

⑤"Submit"ボタンをタップ

Upload File Format

Single List:

[.xls/xlsx](#)
[.csv](#)
[.txt](#)

Multiple List:

[.xls/xlsx](#)
[.csv](#)
[.txt](#)

Test Upload

single list
3 gene lists

Test Identifiers

Gene Symbol
try it!
RefSeq
Entrez
Gene ID

Gene ID

Step 2 Optional if you only consider human species in your study.

Input as species: Any Species ▼

Analysis as species: H. sapiens (252) ▼

Step 3

Express Analysis Custom Analysis

Batch Analysis?

⑥ "Express Analysis" ボタンをタップ

Step 2 Optional if you only consider human species in your study.

Input as species: Any Species ▼

Analysis as species: H. sapiens (252) ▼

Step 3

Express Analysis Custom Analysis

Batch Analysis?

Please click the button below to see reports

Analysis Report Page

100

⑦ "Analysis Report Page" ボタンをタップ

Gene List Report Excel Sheets

Gene List Report PPT file

All in One Zip File

Warning: this report page can be accessed within the next 72 hours; all data (session id: tgot1zjf) will be deleted afterwards.

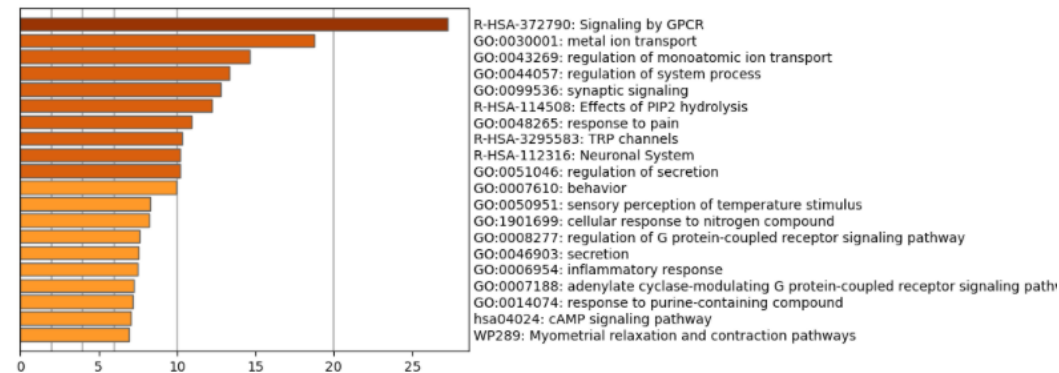
Due to database update, bug fix, and continuous features improvement, Metascape does not provide a mechanism to reproduce the exact same analysis results for the same input data. It is important to save the .zip file as your complete record.

Metascape Gene List Analysis Report

metascape.org¹

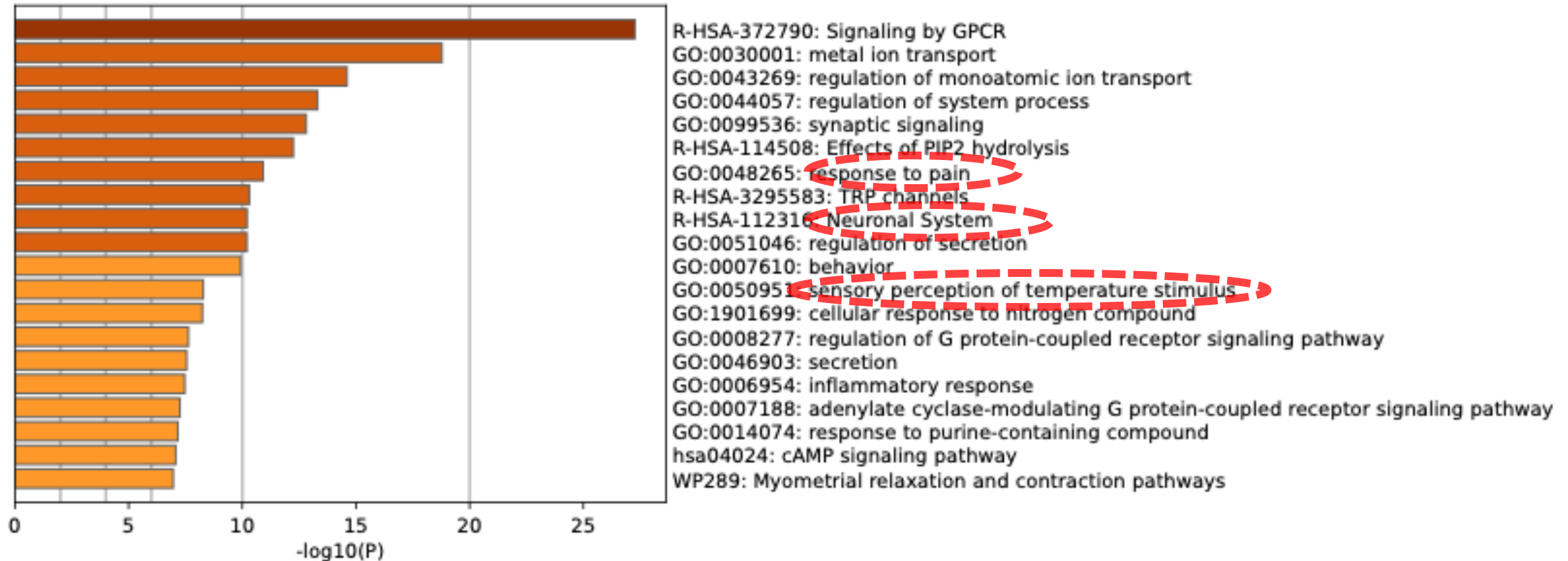
Bar Graph Summary

Figure 1. Bar graph of enriched terms across input gene lists, colored by p-values.



⑧ "Analysis Report Page"が表示される

神経細胞の機能に必要な遺伝子や痛み応答や温度刺激受容に関わる遺伝子がエンリッチしていることがわかる



まとめ

DNA配列情報解析

目的：個別の遺伝子の正体を知る

問い：「これ なあに？」

ツール：BLASTなど

オミクス解析

目的：遺伝子リスト全体の意味を解釈する

問い：「このグループ なあに？」

ツール：Metascapeなど