

第43回日本分子生物学会年会
フォーラム「生命科学のデータベース活用法2020」
(2020.12.2)

MicrobeDB.jpの活用法

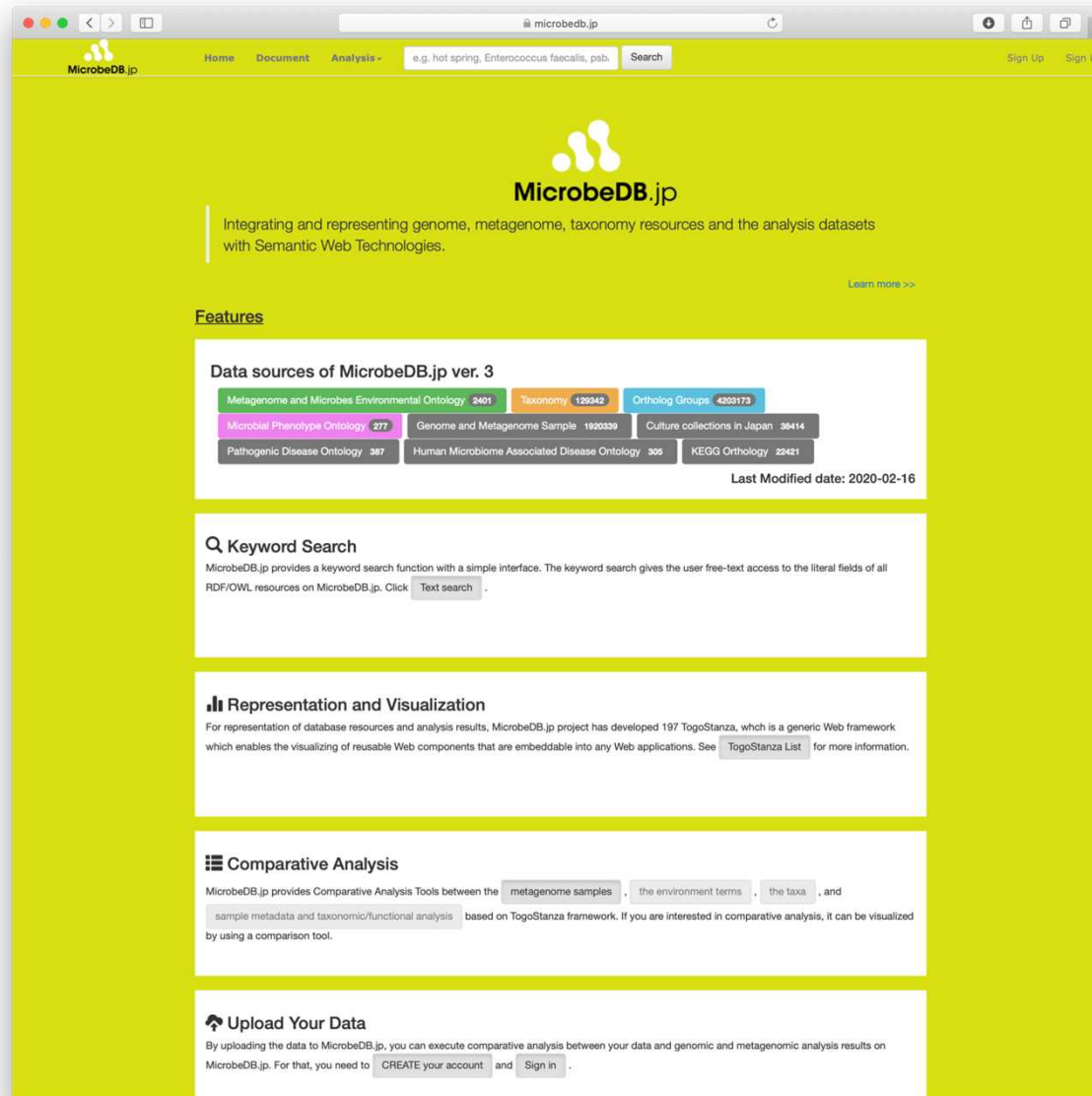
国立遺伝学研究所
黒川 顕

Licensed under a Creative Commons 表示4.0国際ライセンス
©2020黒川 顕(国立遺伝学研究所)



MicrobeDB.jp ver.3

<https://microbedb.jp/>



The screenshot shows the MicrobeDB.jp website interface. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Document', 'Analysis - e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psb', and 'Search'. The main content area has a yellow background and features the MicrobeDB.jp logo and tagline: 'Integrating and representing genome, metagenome, taxonomy resources and the analysis datasets with Semantic Web Technologies.' Below this, there is a 'Features' section with a 'Data sources of MicrobeDB.jp ver. 3' subsection. This subsection displays a grid of data sources with their respective counts: Metagenome and Microbes Environmental Ontology (2401), Taxonomy (129342), Ortholog Groups (4203173), Microbial Phenotype Ontology (277), Genome and Metagenome Sample (1920339), Culture collections in Japan (38414), Pathogenic Disease Ontology (387), Human Microbiome Associated Disease Ontology (305), and KEGG Orthology (22421). The last modified date is 2020-02-16. Other features include 'Keyword Search', 'Representation and Visualization', 'Comparative Analysis', and 'Upload Your Data'.

MicrobeDB.jp

Integrating and representing genome, metagenome, taxonomy resources and the analysis datasets with Semantic Web Technologies.

Learn more >>

Features

Data sources of MicrobeDB.jp ver. 3

Metagenome and Microbes Environmental Ontology	2401	Taxonomy	129342	Ortholog Groups	4203173
Microbial Phenotype Ontology	277	Genome and Metagenome Sample	1920339	Culture collections in Japan	38414
Pathogenic Disease Ontology	387	Human Microbiome Associated Disease Ontology	305	KEGG Orthology	22421

Last Modified date: 2020-02-16

Keyword Search

MicrobeDB.jp provides a keyword search function with a simple interface. The keyword search gives the user free-text access to the literal fields of all RDF/OWL resources on MicrobeDB.jp. Click [Text search](#).

Representation and Visualization

For representation of database resources and analysis results, MicrobeDB.jp project has developed 197 TogoStanza, which is a generic Web framework which enables the visualizing of reusable Web components that are embeddable into any Web applications. See [TogoStanza List](#) for more information.

Comparative Analysis

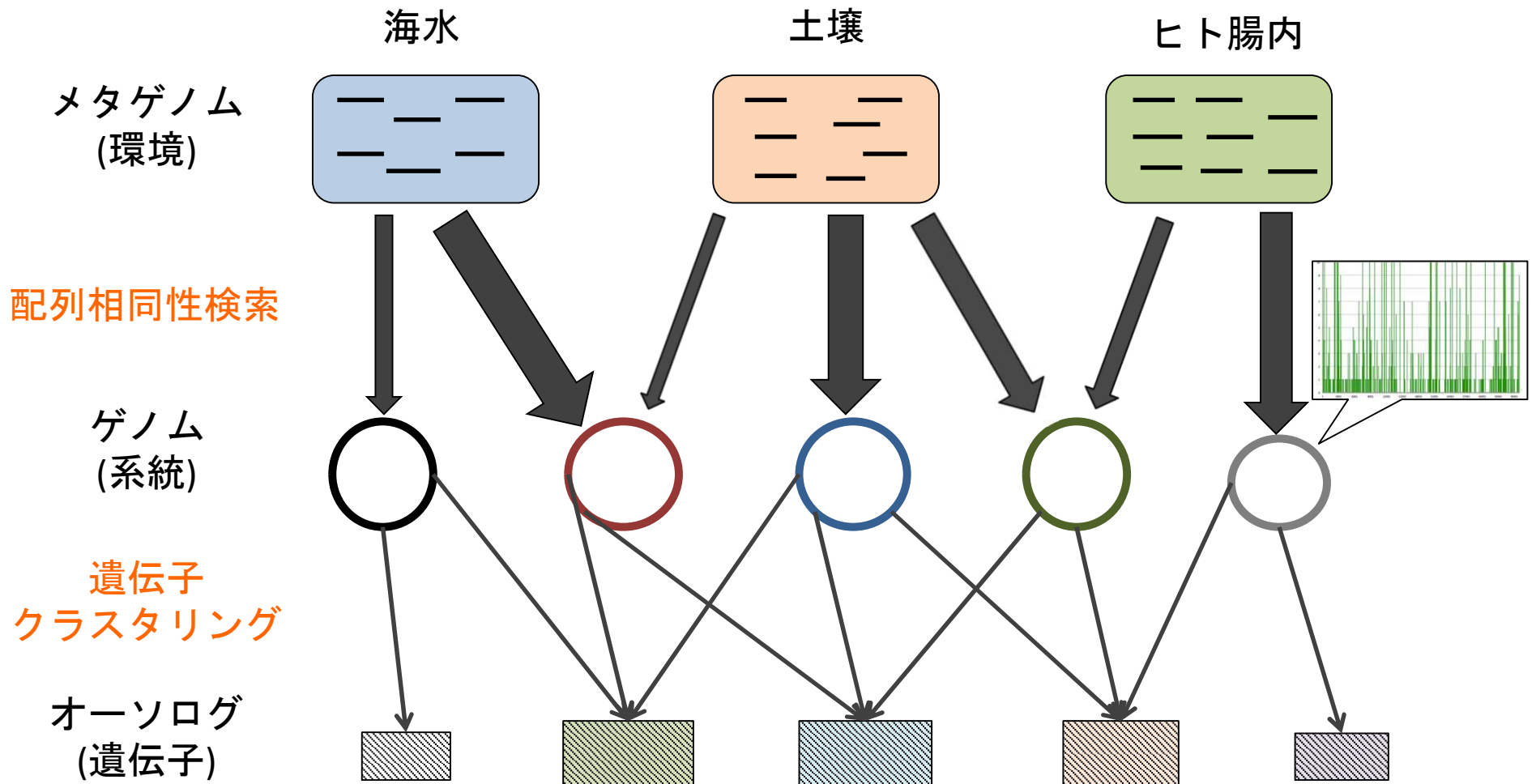
MicrobeDB.jp provides Comparative Analysis Tools between the [metagenome samples](#), the [environment terms](#), the [taxa](#), and [sample metadata and taxonomic/functional analysis](#) based on TogoStanza framework. If you are interested in comparative analysis, it can be visualized by using a comparison tool.

Upload Your Data

By uploading the data to MicrobeDB.jp, you can execute comparative analysis between your data and genomic and metagenomic analysis results on MicrobeDB.jp. For that, you need to [CREATE your account](#) and [Sign in](#).



全てのデータをゲノムを核として統合する



微生物統合DB「MicrobeDB.jp」

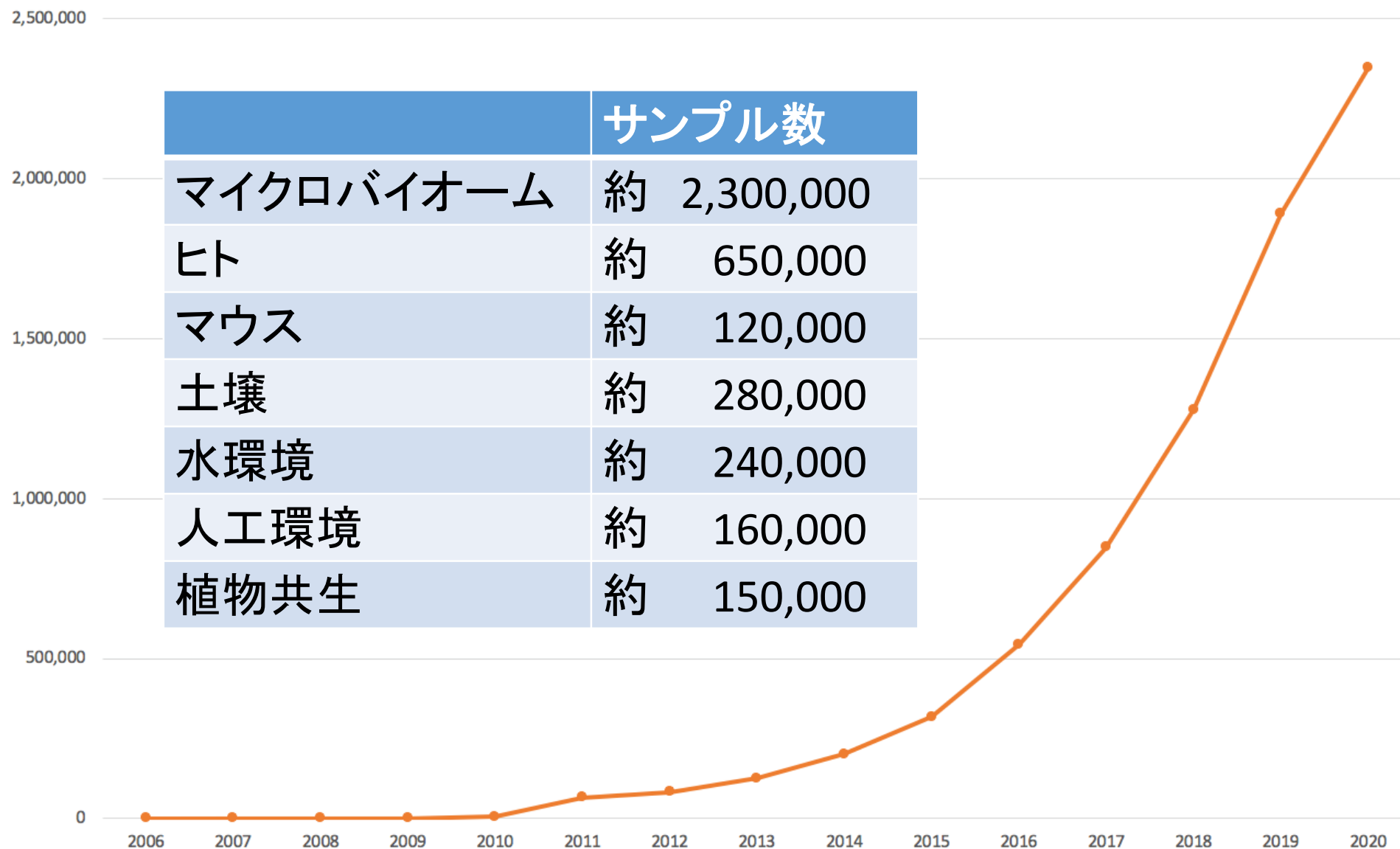


JST NBDC統合化推進プログラムを通じて、微生物学の専門家のみならず非専門家も、微生物のゲノムやメタゲノム情報を容易に利活用できるDBを目指し開発。

- 微生物に関するデータを系統・遺伝子・環境の3つの軸に沿って整理・統合し、フルRDFのDBを構築
- 約90億トリプルから構成
- 12種類のオントロジー&ボキャブラリの開発
- 公開済みの約17万サンプルのメタゲノムデータ、約1万7千株のゲノム・ドラフトゲノムデータを収録
- 195種類のStanzaの開発
- 解析プロトコルの標準化および解析パイプラインの開発
- 単細胞の真菌類(28種)・藻類(26種)のゲノムデータも整理・統合
- 自動更新技術の開発



INSDC DRA/ERA/SRAで公開されたマイクロバイ オームサンプル数（積算・2020年8月時点）



MicrobeDB.jp version 3 data

Data category	Number of entry
Genome metadata (from RefSeq)	290,208 genomes
Ortholog cluster data (from MBGD)	375,228 clusters
Culture collection strain data from JCM/NBRC (RDF-Portal)	38,414 strains
Microbiome metadata (from INSDC DRA)	1,631,611 samples
Microbiome taxonomic composition data	96,766 samples
Microbiome functional composition data	4,784 samples



Comparison between projects?

	Admin	Database URL	Sequence data	Separate amplicon and shotgun?	Taxa	Function	Number of samples in 2019
NCBI Taxonomy + SRA	NCBI, USA		○	×	△	×	>1,600,000
GOLD	JGI, USA	https://gold.jgi.doe.gov/	×	×	×	×	50,821
IMG/M	JGI, USA	https://img.jgi.doe.gov/cgi-bin/m/main.cgi	○	×	○	○	31,406
MG-RAST	Chicago U. USA	http://www.mg-rast.org/	○	○	○	○	408,442
MGNify	EBI, EU	https://www.ebi.ac.uk/metagenomics/	×	○	○	○	215,082
MicrobeDB.jp v.3	NIG, Japan	https://microbedb.jp/	×	○	○	○	1,631,611

データを検索する際の問題点と解決策

ヒト腸内環境に関連した語彙

- human gut (ヒト消化官)
- human digestive tract (ヒト消化器官)
- human gastrointestinal tract (ヒト消化官)
- human intestine (ヒト腸): gutの一部
- human intestinal lumen (ヒト腸管腔): gutの一部
- human colon (ヒト大腸): gutの一部
- human stomach (ヒト胃): gutの一部
- human feces (ヒト糞便): gutと関連
- human stool (ヒト糞便): gutと関連

フリーワード検索の問題点

- 同義語や関連語が多数存在するため対象の選択的取得が不可能
- 文字の一致だけを調べるため不要な情報も取得してしまう



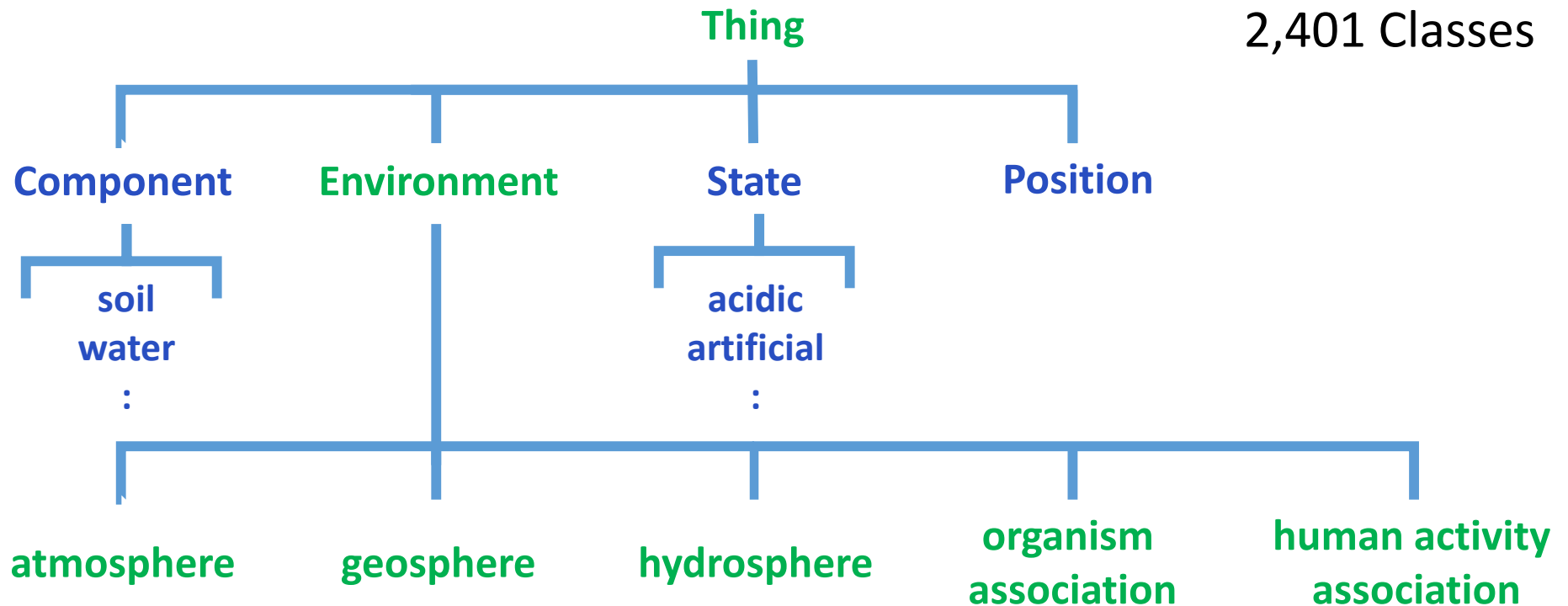
メタゲノムデータを網羅的に取得するためには
単語の意味、単語間の意味的關係性、階層性を定義する必要がある

=オントロジー



Microbes/Metagenomes Environmental Ontology (MEO) ver. 0.9.2

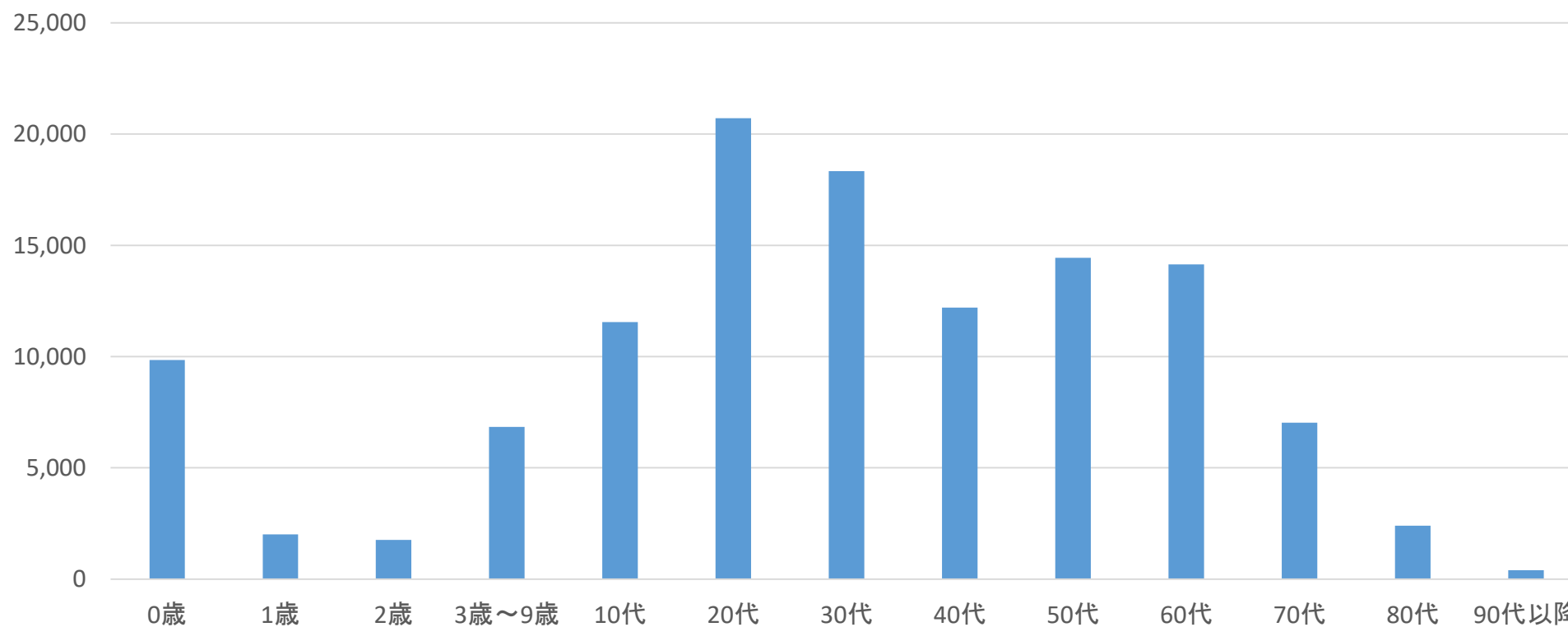
2,401 Classes



メタゲノムおよび菌株データの新規環境に対応するため、
クラスを約20追加 (cloud, floral nectar等)

ヒトマイクロバイオームについて、特に詳細にメタデータをキュレーション

	サンプル数
ヒト	約 420,000
ヒト (年齢情報あり)	約 120,000

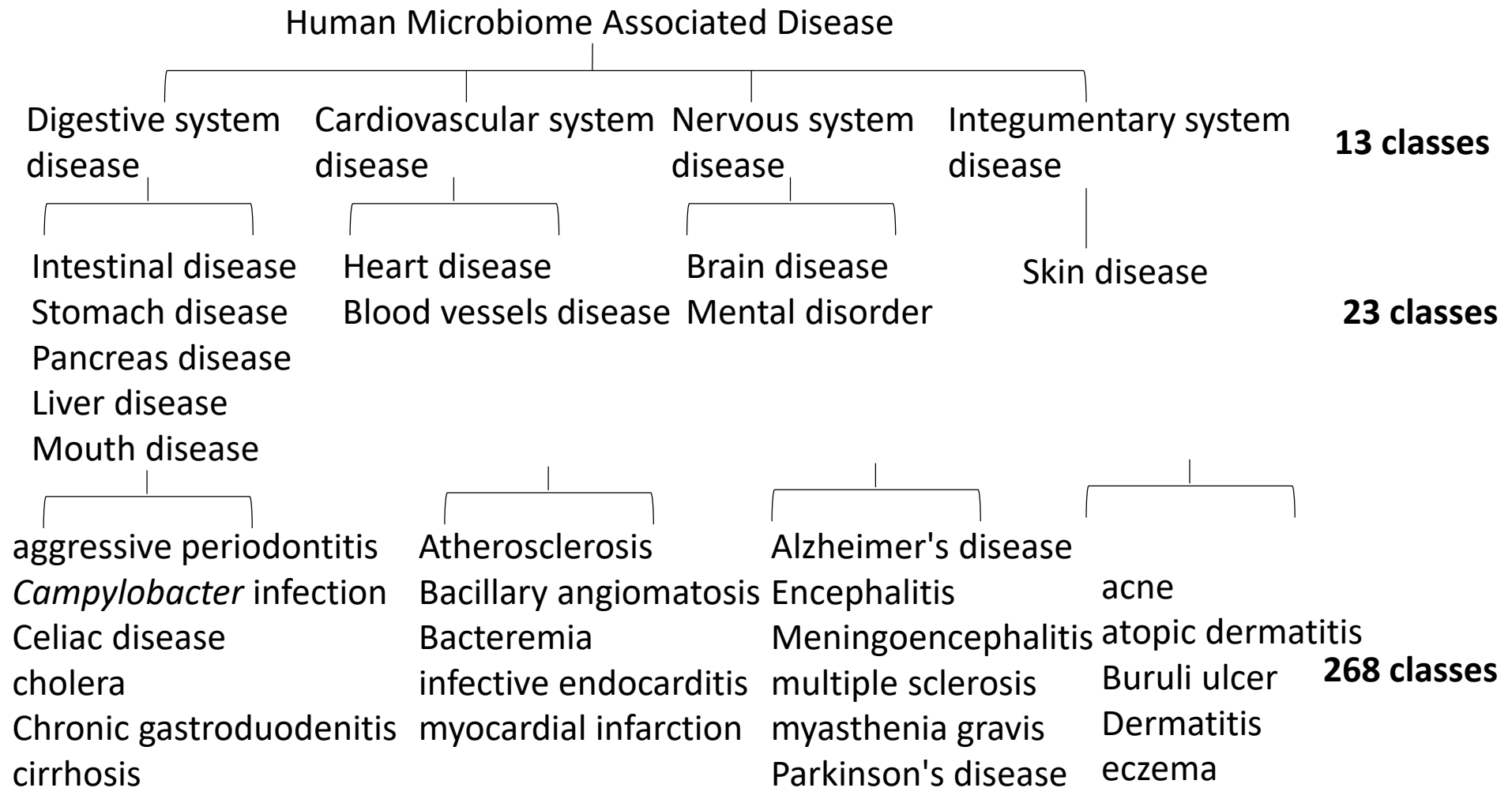


ヒトマイクロバイオームについて、特に詳細にメタデータをキュレーション

ヒトの体の部位	サンプル数
gut (feces)	243,958
oral cavity	55,990
respiratory system	45,655
skin	41,381
vagina	21,761

- 抗生物質投与（約2-3万サンプル）
- Probiotics投与（約5千サンプル）
- Ethnicity（約5千サンプルを、Ethnicity ontologyとGAZETTEERでアノテーション）

Human Microbiome Associated Disease Ontology (HMADO)



感染症なのか否かなど、微生物群集が関係するヒトの病気の分類



INSDC DRA/ERA/SRAで公開された疾患患者のマイクロバイオームサンプルサイズ（2019年9月時点）

サンプルサイズが100以上ある疾患は約50疾患

サンプルサイズが1,000以上ある疾患が右表の18疾患（未熟児と肥満は除外）

疾患名 (Disease Ontology)	サンプルサイズ
IBD	37,094
皮膚炎	13,219
にきび	7,488
喘息	6,178
乾癬	5,151
大腸炎	4,453
嚢胞性線維症	4,040
アレルギー	3,902
下痢	2,684
大腸がん	2,085
細菌性膣炎	2,030
アテローム性動脈硬化	1,968
赤痢	1,918
パーキンソン病	1,760
腺がん	1,742
統合失調症	1,712
歯周炎	1,555
虫歯	1,370



Japanese由来マイクロバイームサンプルの絞り込み検索

MicrobeDB.jp Home Document Analysis - e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psb. Search

Index
 facet_sample 1539

hasMetagenomeAnalysis
 taxonomy 1385

Search id ...

attribute name
Search attribute name ...

attribute value
Search attribute value ...

hasMEO (Text)
Search MEO terms ...

hasMEO: Component
Component for environment 4

hasMEO: Env
Environment for microbes 1539

taxonomy (Text)
Search taxonomy terms ...

taxonomy
root 1539

hasHostTaxonomy (Text)
Search HostTaxonomy...

hasHostTaxonomy
root 1539

HMADO (Text)

Metagenomic samples

1539 results found in 147ms

HostEthnicity: japan x Clear all filters

Previous 1 2 3 4 ... Next

10 Select All Deselect All

Select	MDB SampleID	title	organism.name	organism.identifier	BioProjectID	SRAID	SRRID	BioSampleID	publishedDate
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00079966	Japanese469	human gut metagenome	408170	PRJDB4360	DRS057897	DRR092102	SAMD00079966	2018-01-19T00
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00024579	Yms34	human gut metagenome	408170	PRJDB3417	DRS020590	DRR028771	SAMD00024579	2015-08-24T00
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00058608	Microbiota of the fecal sample from subject 516	human gut metagenome	408170	PRJDB4998		DRR068403	SAMD00058608	2016-11-17T22
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00035679	NA40	human gut metagenome	408170	PRJDB4064		DRR041845	SAMD00035679	2016-06-30T22
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00043213	Japanese371	human gut metagenome	408170	PRJDB4360		DRR049363	SAMD00043213	2016-05-30T13
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00036348	TS-41	human gut metagenome	408170	PRJDB3601		DRR042663	SAMD00036348	2016-03-08T11
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00079965	Japanese468	human gut metagenome	408170	PRJDB4360	DRS057896	DRR092101	SAMD00079965	2018-01-19T00
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00079964	Japanese467	human gut metagenome	408170	PRJDB4360	DRS057895	DRR092100	SAMD00079964	2018-01-19T00
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00079963	Japanese466	human gut metagenome	408170	PRJDB4360	DRS057894	DRR092099	SAMD00079963	2018-01-19T00
<input type="button" value="Add"/>	SAMD00079962	Japanese465	human gut metagenome	408170	PRJDB4360	DRS057893	DRR092098	SAMD00079962	2018-01-19T00

Metagenome sample comparison analysis Please select items within range 2 - 100



HMADO(cancer)由来マイクロバイームサンプルの絞り込み検索

Home Document Analysis - Sign Up

Index

facet_sample 3587

hasMetagenomeAnalysis

taxonomy 41

attribute name

attribute value

hasMEO (Text)

hasMEO: Env

Environment for microbes 3587

taxonomy (Text)

taxonomy

root 3587

hasHostTaxonomy (Text)

hasHostTaxonomy

root 3542

HMADO (Text)

x

HMADO

Metagenomic samples

3587 results found in 43ms

HMADO (Text): cancer x

Previous 1 2 3 4 ... Next

10

Select	MDB SampleID	title	organism.name	organism.identifier	BioProjectID	SRAID	SRRID	BioSampleID	publishedDate
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452485	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409846	SRR5903357 SRR5903369 SRR5903386 SRR5903748	SAMN07452485	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452484	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409841	SRR5903342 SRR5903368 SRR5903385 SRR5903757	SAMN07452484	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452483	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409840	SRR5903336 SRR5903367 SRR5903384 SRR5903756	SAMN07452483	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452482	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409834	SRR5903329 SRR5903366 SRR5903383 SRR5903761	SAMN07452482	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452481	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409835	SRR5903330 SRR5903365 SRR5903382 SRR5903760	SAMN07452481	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452480	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409832	SRR5903327 SRR5903345 SRR5903381 SRR5903759	SAMN07452480	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452479	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409833	SRR5903328 SRR5903346 SRR5903380 SRR5903758	SAMN07452479	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452478	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409830	SRR5903325 SRR5903375 SRR5903379 SRR5903765	SAMN07452478	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452477	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409831	SRR5903326 SRR5903337 SRR5903378 SRR5903764	SAMN07452477	2017-08-06T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07452476	MIMS Environmental/Metagenome sample from human gut metagenome	human gut metagenome	408170	PRJNA397219	SRS2409828	SRR5903323 SRR5903338 SRR5903377 SRR5903763	SAMN07452476	2017-08-06T00:00:00.000

Metagenome sample comparison analysis Please select items within range 2 - 100



MEO(soil)由来マイクロバイームサンプルの絞り込み検索

MicrobeDB.jp Home Document Analysis - e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psb. Search

Index
 facet_sample 247853

hasMetagenomeAnalysis
 taxonomy 8500
 function 246

Search id ...

attribute name
 Search attribute name ...

attribute value
 Search attribute value ...

hasMEO (Text)
 x

hasMEO: Component
 Component for environment 237292

hasMEO: Env
 Environment for microbes 171749

taxonomy (Text)
 Search taxonomy terms ..

taxonomy
 root 247853

hasHostTaxonomy (Text)
 Search HostTaxonomy...

hasHostTaxonomy
 root 30348

pH

Metagenomic samples 247853 results found in 527ms

hasMEO (Text): soil x Clear all filters

Previous 1 2 3 4 ... Next

50 Select All Deselect All

Select	MDB SampleID	title	organism.name	organism.identifier	BioProjectID	SRAID	SRRID	BioSampleID	publishedDate
<input type="button" value="Add"/>	SAMN02898402	MIMS Environmental/Metagenome sample from soil metagenome	soil metagenome	410658		SRS666697		SAMN02898402	2014-07-08T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN08408074	Metagenome or environmental sample from soil metagenome	soil metagenome	410658	PRJNA431674	SRS2872044	SRR6516229	SAMN08408074	2018-01-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN08408073	Metagenome or environmental sample from soil metagenome	soil metagenome	410658	PRJNA431673	SRS2872043	SRR6516228	SAMN08408073	2018-01-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281069	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317230	SRR5760457	SAMN07281069	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281068	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317229	SRR5760458	SAMN07281068	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281067	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317207	SRR5760480	SAMN07281067	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281066	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317228	SRR5760459	SAMN07281066	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281065	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317227	SRR5760460	SAMN07281065	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281064	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317226	SRR5760461	SAMN07281064	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281063	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317205	SRR5760482	SAMN07281063	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281062	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317206	SRR5760481	SAMN07281062	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281061	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317214	SRR5760473	SAMN07281061	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281060	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317215	SRR5760472	SAMN07281060	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281059	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317212	SRR5760475	SAMN07281059	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281058	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317213	SRR5760474	SAMN07281058	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281057	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317210	SRR5760477	SAMN07281057	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281056	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317211	SRR5760476	SAMN07281056	2017-06-27T00:00:00
<input type="button" value="Add"/>	SAMN07281055	crop soil	soil metagenome	410658	PRJNA392052	SRS2317208	SRR5760479	SAMN07281055	2017-06-27T00:00:00



dnaAの キーワード 検索

MicrobeDB.jp Home Document Analysis - e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psbA Search Sign Up Sign

Keyword search

DnaA x

Related keywords

Displaying related keywords . Please press for change to the new term instead of "DnaA"

Environment	0	
Taxonomy	0	
Gene	697	default:110688 default:1462 default:2063 default:2391 default:2642 default:279534 default:286151 default:3033 default:3161 default:3946 default:5118 default:5449 default:60088 default:647 default:6623 default:6795 default:777 default:821 default:8356 default:90
Phenotype	0	
Kegg	2	DnaA-homolog protein DnaA initiator-associating protein
HMADO	0	
PDO	0	
Strain	0	
Sample	0	

hot springの キーワード 検索

MicrobeDB.jp Home Document Analysis - e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psbA Search Sign Up Sign

Keyword search

hot spring x

Related keywords

Displaying related keywords . Please press for change to the new term instead of "hot spring"

Environment	9	hot spring calcite hot spring acid hot spring alkaline hot spring hot spring water serpentine hot spring acidic hot spring water artificial hot spring neutral hot spring
Taxonomy	1	hot springs metagenome
Gene	0	
Phenotype	0	
Kegg	0	
HMADO	0	
PDO	0	
Strain	0	
Sample	1277	small RNA library in Yunohama Hot spring Soil metagenome isolated from a hot spring microbiota of hot spring water qSeq_replicate1 microbiota of hot spring water qSeq_replicate2 microbiota of hot spring water qSeq_replicate3 microbiota of hot spring Geothermal sediment in Onikobe hot spring area genus novel hyperthermophilic archaea from hot spring Trebouxioophyceae sp. KSI-1 is a green alga isolated from the seashore hot spring in Satsuma-Iojima, a volcanic island, in Kagoshima, Japan. This strain is highly tolerant to oxidative stress caused by methyl viologen and copper ion. hot spring water metagenome Kinyu sample hot spring water metagenome Yamanohiro sample hot spring water metagenome Nonoykoya sample hot spring water metagenome Miyama sample hot spring water metagenome Kurinodake sample hot spring water metagenome loudani sample hot spring water metagenome Torigigoku sample hot spring water metagenome Ginyu sample hot spring water metagenome Nonoyufunki sample Marine metagenome isolated from Miyuki hot spring Hot spring microbial communities from Tufshi shyam1



Search and compare microbiome samples from soil

MicrobeDB.jp

Home Document Analysis e.g. hot spring, Enterococcus faecalis, psbA Search Sign Up Sign in

Metagenomic samples 8531 results found in 155ms

hasMetagenomeAnalysis: taxonomy X hasMEO (Text): soil X Clear all filters

10 Select All Deselect All

Select	MDB SampleID	title	organism_name	organism_identifier	BioProjectID	SRAID	SRRID	BioSampleID	publishedDate
<input type="button" value="Remove"/>	SAMD00003586	Urease gene-containing Archaea dominate autotrophic ammonia oxidation in two acid soils	soil metagenome	410658	PRJDB1924	DRS001577	DRR002212	SAMD00003586	2012-07-04T00:00:00.000
<input type="button" value="Remove"/>	SAMD00009749	Active ammonia oxidizers in an acid soil are phylogenetically closely related to neutrophilic Nitrososphaera viennensis	soil metagenome	410658	PRJDB2274	DRS012638	DRR014314	SAMD00009749	2013-10-30T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMEA1559038	RMgM_Sample_16S	soil metagenome	410658	PRJEB3363	ERS184934	ERR186224	SAMEA1559038	2012-11-01T00:00:00.000
<input type="button" value="Remove"/>	SAMEA1559037	RMR_Sample_16S	soil metagenome	410658	PRJEB3363	ERS184936	ERR186222	SAMEA1559037	2012-11-01T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMEA1559036	RMgR_Sample_16S	soil metagenome	410658	PRJEB3363	ERS184935	ERR186225	SAMEA1559036	2012-11-01T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMEA1559035	RRR_Sample_16S	soil metagenome	410658	PRJEB3363	ERS184933	ERR186223	SAMEA1559035	2012-11-01T00:00:00.000
<input type="button" value="Remove"/>	SAMD00018981	MIMARKS Survey related sample from rhizosphere metagenome	rhizosphere metagenome	939928	PRJDB2986		DRR021946 DRR021947 ORR021948	SAMD00018981	2015-01-16T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN02054434	MIMARKS Survey related sample from Soil metagenome		410658	PRJNA198445	SRS416341	SRR835396 SRR835397 SRR835398	SAMN02054434	2013-04-23T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN02054433	MIMARKS Survey related sample from Soil metagenome		410658	PRJNA198445	SRS416342	SRR835399 SRR835400 SRR835401	SAMN02054433	2013-04-23T00:00:00.000
<input type="button" value="Add"/>	SAMN02054432	MIMARKS Survey related sample from Soil metagenome		410658	PRJNA198445	SRS416340	SRR835402 SRR835403 SRR835404	SAMN02054432	2013-04-23T00:00:00.000

Metagenome sample comparison analysis 1

Taxonomic composition (bar) Taxonomic composition (heatmap) Diversity index Hierarchical clustering PCoA Functional composition (bar) Functional composition (heatmap)

Samples Taxonomic Composition

Composition rate

1/51

SAMD00003586 SAMD00009749 SAMD00018981 SAMEA1559037

- unclassified Anaerolineaceae
- Gemmatimonas
- unclassified Xanthomonadac...
- unclassified Veillonellaceae
- Stenotrophomonas
- Geobacter
- unclassified Pseudomonadac...
- Sideroxydans
- unclassified Bradyrhizobiaceae
- Azomonas
- unclassified Ignavibacteriaceae
- Nitrospira
- Geothrix
- unclassified Rhodospirillaceae
- unclassified Acetobacteraceae
- Thermosporothrix
- unclassified Planctomycetac...
- unclassified Sinobacteraceae

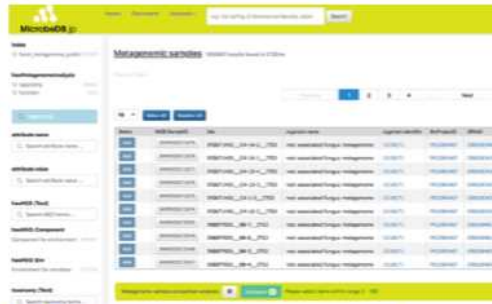


MicrobeDB.jp ver. 3の使い方

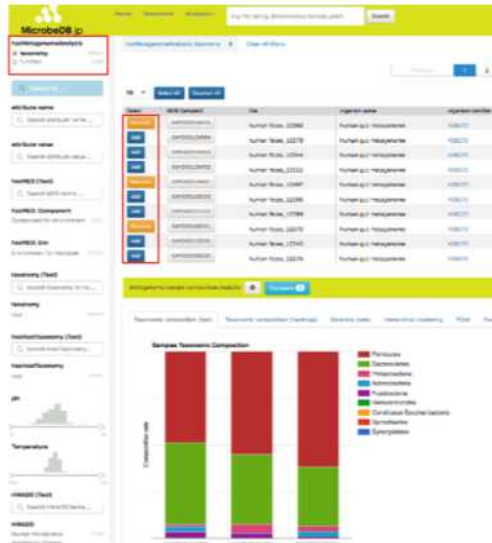


マイクロバイオームサンプルの絞り込み検索

1. Webブラウザで下記にアクセス
<https://microbedb.jp>
2. 最上段のAnalysis → Metagenomic samples を選択



3. サンプル (BioSample) の絞り込み検索画面が表示
4. 左側のファセット検索用の選択窓でサンプルを絞り込む (詳細は右)



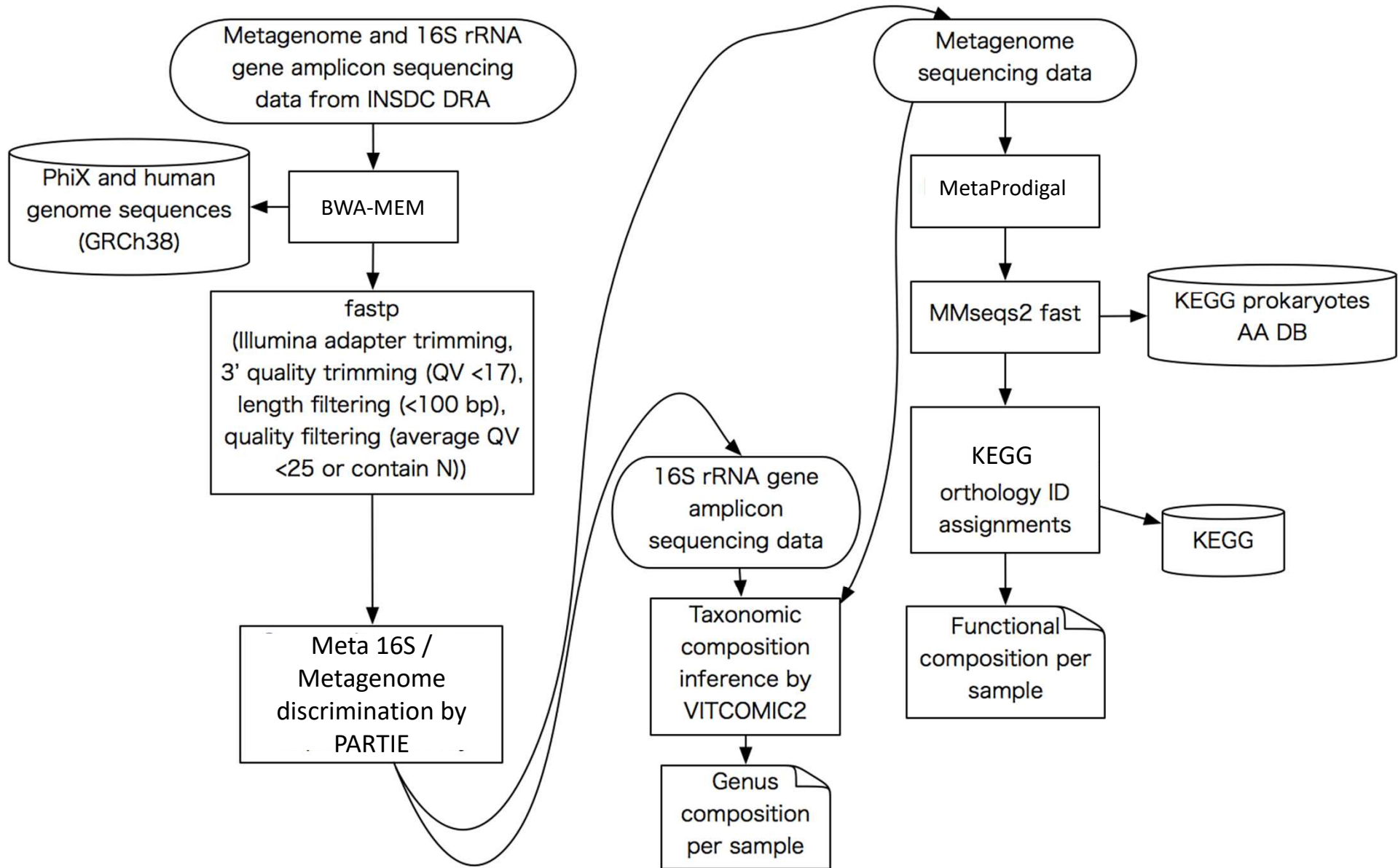
5. 絞り込んだサンプルのうち、左上のhasMetagenomeAnalysisでtaxonomy (系統組成) かfunction (遺伝子機能組成) を選択し、それらのデータが計算済みのサンプルのみ表示する
6. サンプルリストから、比較解析したいサンプルを複数選択し、Compareを押す
7. 系統組成等のグラフが表示される

ファセット検索用の検索窓の説明



1. Search id: BioSample IDでサンプルを検索
2. attribute name: RDFの述語名で検索 (玄人向け)
3. attribute value: RDFの目的語で検索 (玄人向け)
4. hasMEO (Text): 微生物の生息環境オントロジーであるMEOに対するテキスト検索 (例: soil)
5. hasMEO: Component: MEOの階層構造からMEO Componentクラスを選択して検索
6. hasMEO: Env: MEOの階層構造からMEO Environmentクラスを選択して検索
7. taxonomy (Text): メタゲノムのNCBI Taxonomyに対するテキスト検索 (例: soil metagenome)
8. taxonomy: NCBI Taxonomyのクラスを選択して検索
9. hasHostTaxonomy (Text): 宿主の系統についてNCBI Taxonomyをテキスト検索 (Homo sapiens)
10. hasHostTaxonomy: 宿主の系統についてNCBI Taxonomyのクラスを選択して検索
11. pH: サンプルが由来した環境のpHを範囲指定
12. Temperature: サンプルが由来した環境の温度を範囲指定
13. HMADO (Text): 微生物が関係するヒトの病気の病名オントロジーであるHMADOに対するテキスト検索 (例: cancer)
14. HMADO: HMADOのクラスを選択して検索
15. HostEthnicity: サンプルが由来したヒトのethnicityに対するテキスト検索 (例: Japanese)
16. HostAge: サンプルが由来した宿主のageを範囲指定
17. HostBMI: サンプルが由来した宿主のBMIを範囲指定
18. AntibioticRegimen: サンプルが由来したヒトの抗生物質投与の有無を選択

MeGAP3 (MicrobeDB.jp ver. 3のパイプライン)



平均リード長 <100 bpのサンプルでは計算を実行しない。



16S rRNAアンプリコンについては、結果のファイルサイズでフィルタリング、メタゲノムについては、アサインされたKOの種類数 <100のサンプルを除外

MicrobeDB.jp を使って公共の微生物のゲノム・メタゲノム解析データを検索する

後で見る 共有

MicrobeDB.jpを使って 公共の微生物のゲノム・ メタゲノム解析データを検索する

190814版



2019.09.02 4分41秒 作者: 伊藤 光平 編集: Hiromasa Ono

MicrobeDB.jp を使って公共の微生物のゲノム・メタゲノム解析データを検索する

MicrobeDB.jpは国立遺伝学研究所 黒川研究室・ゲノム進化研究室を中心に開発されている、「遺伝子」「系統」「環境」の3つを軸とした微生物学のデータを統合し作成したデータベースです。様々なデータを統合化するにあたって、データ間のメタデータ(生息環境、表現型等)の意味合いの差異などを作成者らで整理し情報を統合しています。MicrobeDB.jpではDRA/ERA/SRAに登録されているメタゲノムの配列データを再解析することでデータにアノテーションをして公開しています。

見どころダイジェスト

- 0分10秒 1. MicrobeDB.jp を開く
- 0分35秒 2. Rickettsia を検索する
- 1分52秒 3. arsA 遺伝子を検索する
- 2分45秒 4. マイクロバイオームのデータを比較する

この動画のタグ

- データベース
- ゲノム
- メタゲノム
- 微生物

動画ファイルのダウンロード

190902_microbedbjp.mov

DOI

<https://doi.org/10.7875/togotv.2019.118>

再利用時のライセンス

クリエイティブ・コモンズ CC-BY-4.0



主たる共同研究者

国立遺伝学研究所

- 黒川 顕：微生物DBにおける研究統括
- 中村保一：DDBJ&植物統合DBの連携
- 森 宙史：統合DB構築、オントロジー&Stanza開発
- 藤澤貴智：セキュリティの高度化
- 東 光一：機械学習による統合データ解析技術開発

基礎生物学研究所

- 内山郁夫：オーソログデータの構築
- 千葉啓和：オーソログ情報のRDF化、Stanza開発 (DBCLS)
- 西出浩世：オーソログデータの構築補助

東京工業大学

- 山田拓司：ヒトマイクロバイオームデータのメタデータ構築
- 中川善一：ヒトマイクロバイオームデータのメタデータ構築

千葉大学

- 高橋弘喜：真菌類ゲノム・菌株・オミックス情報の収集と高度化
- 矢口貴志：真菌類分類情報の整理