

平成 24 年度 研究開発実施報告書

ライフサイエンスデータベース統合推進事業「基盤技術開発プログラム」

研究代表者

小原雄治

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・センター長

データベース統合に関わる基盤技術開発

§1. 研究実施体制

(1)「DBCLS」グループ

- ① 研究代表者: 小原 雄治 (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、センター長)
- ② 研究項目
 - ・ データベースの RDF による統合化
 - ・ 解析プラットフォームによる統合利用環境の整備
 - ・ インターネットを活用した高度検索技術の開発
 - ・ RDF 化に資するオントロジー、辞書、コーパスの整備、標準化
 - ・ 大規模ゲノム配列データの利用技術開発
 - ・ 情報統合化・知識発見のためのキュレーション支援
 - ・ 統合データベースに関わるコンテンツの作成、整備

(2)「CBRC」グループ

- ① 主たる共同研究者: 浅井 潔 (産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター、センター長)
- ② 研究項目
 - ・ 解析プラットフォームによる統合利用環境の整備

(3)「京都大学」グループ

- ① 主たる共同研究者: 五斗 進 (京都大学化学研究所、准教授)



② 研究項目

- ・ DBGET/LinkDB システムの統合利用環境への応用
- ・ メタゲノム・メタメタボローム等新規分野データ活用技術の開発
- ・ 反応オントロジーの整備

§ 2. 研究実施内容

(1) 目的

バイオサイエンスデータベースセンターの推進する統合データベースを実現するために必要な基盤技術の確立を目指し、DBCLS、CBRC、京都大学の 3 機関が共同し、RDF を中心とするセマンティック・ウェブ、オントロジーや自然言語処理、解析ワークフロー、大規模データ活用等の技術をもとに、フェデレーション(分散)型の統合を実現するための研究開発を進める。

(2) 進捗状況

平成 24 年度年次計画に従って、DB の RDF 化や LinkDB の拡充、オントロジーの作成を実施、微生物ゲノムやプロテオーム、自然言語処理分野におけるアプリケーションを開発し試験公開した。オントロジー構築や開発にあたっては、かねてより BioHackathon や国内開発会議を通じて情報共有と標準化に務めてきたが、今年度はさらにクエリ言語 SPARQL に関する研究会を開催し、ノウハウの蓄積と技術共有を図り開発に応用した。また自然文からの SPARQL 生成についてプロトタイプを公開するなど、RDF による統合を実現する基盤整備を着実に進めた。大規模データの利用技術開発として次世代シーケンスデータを対象に引き続きメタデータ検索技術の開発や、公開サービスの整備を行うとともに、遺伝子発現リファレンス DB RefEx を改良公開した。解析ワークフローについては新規ツールの導入とともにマニュアルを整備、統合 TV やライフサイエンス領域融合レビュー、BodyParts3D など利用者向けコンテンツの整備充実化を図った。今後は平成 25 年度 10 月に予定されている成果発表に向けて、開発を進めつつ個別成果の統合を図る予定である。

(3) 研究機関別の研究成果:

1) DBCLSグループ

- ・ データベースの RDF による統合化

DB の RDF による統合化を推進するため、NBDC とともに国際会議 BioHackathon2012 と統合 DB 技術情報交換ワークショップを主催した。国内外の DB 開発者や研究者と連携し RDF 化に関するガイドラインを整備、会議で決定並びに開発された内容について論文投稿を完了し、またジャーナルと連携した関連論文のシリーズ化を予定している。また、RDF データの整備に伴い、SPARQL 検索からウェブアプリケーションまでの連携を行う技術開発を促進するため、研究会 SPARQLthon を月 1 回開催し共同研究グループとの技術共有を行った。自然文からの SPARQL 生成の課題に対しては LODQA のプロトタイプシステムを開発し試験公開した。

- ・ 解析プラットフォームによる統合利用環境の整備

DBCLS Galaxy のサービス形態を見直し、登録不要のサービスとして利用可能なようにウェブサイトを改良した。また、NGS 解析ツールを中心に利用可能なメニューを大幅に更新した。さらに、一部のツールに対して RDF の入出力を可能にする SADI に対応した。



- ・ インターネットを活用した高度検索技術の開発

高度検索技術(統合検索技術)の開発を目指し、有用分野でのアプリケーション開発、可視化技術の検討を継続して実施した。具体的には NBDC や統合化推進プログラム、国内研究者の協力のもと、プロテオーム(TogoTable)、微生物ゲノム(TogoGenome)の統合検索の機能改善をはかり限定的に試験公開した。既開発サービスの高機能化(DB カタログ、横断検索、DB アーカイブ)では他の研究項目や NBDC と連携しデータの RDF 化や TogoDB の高機能化を実施した。

- ・ RDF 化に資するオントロジー、辞書、コーパスの整備、標準化

RDF 化に資するオントロジー、辞書、コーパスの整備、標準化を進めるために、BioPortal に登録されているオントロジーの関係を可視化し公開した。この可視化技術は去年開発した OntoFactory サービスへの統合を進めている。またコーパス・アノテーション開発のプラットフォームである PubAnnotation とアノテーションエディターである TextAE を開発し試験公開した。さらに、統合化推進プログラム「ゲノム・メタゲノム情報を基盤とした微生物 DB の統合」グループと共同で今年度は微生物の表現型オントロジー (MPO) および、日本の菌株保存センターに蓄積されているカルチャーコレクション情報を記述するための統制語彙 (MCCV) の構築を開始した。

- ・ 大規模ゲノム配列データの利用技術開発

大規模ゲノム配列データの利用技術開発として、次世代シーケンスデータの公共リポジトリから信頼性の高いデータの検索を可能にするウェブインターフェース DBCLSSRA の開発を進めた。さらに、大規模配列 DB を高速に検索する統合遺伝子検索 GGRNA と遺伝子発現のリファレンスデータセットを表示提供する RefEx (Reference Expression dataset) の開発を継続して行った。

- ・ 情報統合化・知識発見のためのキュレーション支援

キュレーション支援として、自然言語処理技術、テキストマイニング技術、コンピュータ支援による協働作業手法 (CSCW) により実用的なキュレーション支援システムと協働作業運用技術の整備を行った。整備した手法により、文献キュレーション作業やゲノムアノテーションへの支援を行なった。サービスとして Allie、inMeXes、TogoDoc、OReFil の運用並びに機能追加を行った。

- ・ 統合データベースに関わるコンテンツの作成、整備

統合 DB に関わるコンテンツの作成、整備として、主要サービスである、統合 TV、ライフサイエンス新着論文レビュー、BodyParts3D、TogoPicture Gallery の開発運用を続けると共に、新たにライフサイエンス領域融合レビューを公開した。また、第 35 回日本分子生物学会年会のオンライン要旨集の開発への協力を通じ、テキストマイニングの人材育成やノウハウ蓄積を進めた。

2) CBRCグループ

本グループでは、これまで公開した KNIME のプラットフォーム上にて動作する RNA 解析ワークフローに RNA 相互作用予測ツールを加え、新たにタンパク質と化合物のドッキング計算や分子計算を可能とする分子シミュレーション・ワークフローを公開した。またセマンティック技術に対応し、RDF 入出力機能を備えた SADI サービスによる 13 個の解析ツールを公開している (<http://semantic.cbrc.jp/sadi-services/>)。加えて利用者に、よりワークフローや SADI を使い易くするため、英語版のインストール及びユーザ・マニュアルを作成し HP より公開した。

3) 京都大学グループ

本グループでは、データベース検索のセマンティック化に必要とされる要素技術として LinkDB と反応オントロジーを整備するとともに、様々な解析ツールを開発しメタゲノムなど新規大規模データへ応用することを目指している。H24 年度は REST 形式での LinkDB API を整備するとともに、データベース関連図から二つのデータベースを指定してリンク情報を取得する機能を公開した。また、LinkDB で用いている各種データベースのリンク用 URI リストを整備した。LinkDB は継続的に更新しており、H24 年度末で約 22 億リンクを公開している。反応オントロジーについては、官能基の変換パターンや反応中心の化学構造に基づく分類を公開するとともに、化合物アライメントの結果から類似反応を検索できるようにした。解析ツールの整備として、KEGG GENES に含まれる遺伝子を自動でオーソログ分類した KEGG OC を公開した。

§3. 成果発表等

(3-1) 原著論文発表

- ① 発行済論文数(国内(和文) 0 件、国際(欧文) 11 件):
- ② 未発行論文数(“accepted”、“in press”等)(国内(和文) 0 件、国際(欧文) 1 件)
- ③ 論文詳細情報
 1. Yuki Naito, Hidemasa Bono. GGRNA: an ultrafast, transcript-oriented search engine for genes and transcripts. *Nucleic Acids Res.* 40, W592-W596, 2012 (PMID: 22641850) (DOI: 10.1093/nar/gks448)
 2. Yasunori Yamamoto, Atsuko Yamaguchi and Akinori Yonezawa. Building Linked Open Data towards integration of biomedical scientific literature with DBpedia. *Journal of Biomedical Semantics.* 2013, 4:8, 2013 (PMID: 23497538) (DOI: 10.1186/2041-1480-4-8)
 3. Kiyoko F Aoki-Kinoshita, Hiromichi Sawaki, Hyun Joo An, Jin Won Cho, Daniel Hsu, Masaki Kato, Shin Kawano, Toshisuke Kawasaki, Kay-Hooi Khoo, Jaehan Kim, Jin-Dong Kim, Xianyu Li, Thomas Lütteke, Shujiro Okuda, Nicolle H Packer, James C Paulson, Rahul Raman, René Ranzinger, Huali Shen, Toshihide Shikanai, Issaku Yamada, Pengyuan Yang, Yoshiki Yamaguchi, Wantao Ying, Jong Shin Yoo, Yang Zhang, and Hisashi Narimatsu. The Third ACGG-DB Meeting Report: Towards an international collaborative infrastructure for glycobioinformatics. *Glycobiology*, 23, 144-146, 2013. (PMID: 23271684) (DOI: 10.1093/glycob/cws167)
 4. Mio Hirayama, Daiki Kobayashi, Souhei Mizuguchi, Takashi Morikawa, Megumi



Nagayama, Uichi Midorikawa, Masayo M. Wilson, Akiko N. Nambu, Akiyasu C. Yoshizawa, Shin Kawano, and Norie Araki. Integrated proteomics identified novel activation of dynein IC2-GR-COX-1 signaling in NF1 disease model cells. *Molecular & Cellular Proteomics*, in press. (PMID: 23358504) (DOI: 10.1074/mcp.M112.024802)

*

5. Katayama T, Wilkinson MD, Micklem G, Kawashima S, Yamaguchi A, Nakao M, Yamamoto Y, Okamoto S, Oouchida K, Chun HW, Aerts J, Afzal H, Antezana E, Arakawa K, Aranda B, Belleau F, Bolleman J, Bonnal RJ, Chapman B, Cock PJ, Eriksson T, Gordon PM, Goto N, Hayashi K, Horn H, Ishiwata R, Kaminuma E, Kasprzyk A, Kawaji H, Kido N, Kim YJ, Kinjo AR, Konishi F, Kwon KH, Labarga A, Lamprecht AL, Lin Y, Lindenbaum P, McCarthy L, Morita H, Murakami K, Nagao K, Nishida K, Nishimura K, Nishizawa T, Ogishima S, Ono K, Oshita K, Park KJ, Prins P, Saito TL, Samwald M, Satagopam VP, Shigemoto Y, Smith R, Splendiani A, Sugawara H, Taylor J, Vos RA, Withers D, Yamasaki C, Zmasek CM, Kawamoto S, Okubo K, Asai K, Takagi T. The 3rd DBCLS BioHackathon: improving life science data integration with Semantic Web technologies. *J Biomed Semantics*. 4(1):6. 2013 (PMID: 23398680) (doi: 10.1186/2041-1480-4-6)

*“セマンティック・ウェブ技術による知識の統合”というテーマを掲げて2010年に東京DBCLSで開催された第3回BioHackathonの成果論文。生命科学系セマンティック・ウェブの分野において代表的な国際開発者会議となった礎の会議。

6. Jin-dong Kim, Ngan Nguyen, Yue Wang, Jun'ichi Tsujii, Toshihisa Takagi and Akinori Yonezawa, The Genia Event and Protein Coreference Tasks of the BioNLP Shared Task 2011, *BMC Bioinformatics* 2012, 13(S11):S1
7. Masaaki Kotera, Yoshihiro Yamanishi, Yuki Moriya, Minoru Kanehisa and Susumu Goto, “GENIES: gene network inference engine based on supervised analysis”, *Nucleic Acids Res.*, vol. 40, pp.W162-W167, 2012 (PMID:22610856) (DOI:10.1093/nar/gks459)
8. Sayaka Mizutani, Edouard Pauwels, Véronique Stoven, Susumu Goto, and Yoshihiro Yamanishi, “Relating drug-protein interaction network with drug side-effects”, *Bioinformatics*, vol. 28, pp.i522-i528, 2012 (PMID:22962476) (DOI:10.1093/bioinformatics/bts383)

9. Masataka Takarabe, Masaaki Kotera, Yosuke Nishimura, Y., Susumu Goto, and Yoshihiro Yamanishi, “Drug target prediction using adversed event report systems: a pharmacogenomic approach”, *Bioinformatics*, vol. 28, pp.i611-i618, 2012 (PMID:22962489) (DOI:10.1093/bioinformatics/bts413)
10. Hideto Takami, Takeaki Taniguchi, Yuki Moriya, Tomomi Kuwahara, Minoru Kanehisa and Susumu Goto, “Evaluation method for the potential functionome harbored in the genome and metagenome”, *BMC Genomics*, vol. 13, pp.699, 2012 (PMID:23234305) (DOI:10.1186/1471-2164-13-699)
11. Akihiro Nakaya, Toshiaki Katayama, Masumi Itoh, Kazushi Hiranuka, Shuichi Kawashima, Yuki Moriya, Shujiro Okuda, Michihiro Tanaka, Toshiaki Tokimatsu, Yoshihiro Yamanishi, Akiyasu C. Yoshizawa, Minoru Kanehisa and Susumu Goto, “KEGG OC: a large-scale automatic construction of taxonomy-based ortholog clusters”, *Nucleic Acids Res.*, vol. 41, pp.D353-D357, 2013 (PMID:23193276) (DOI:10.1093/nar/gks1239)
12. Ai Muto, Masaaki Kotera, Toshiaki Tokimatsu, Zenichi Nakagawa, Susumu Goto and Minoru Kanehisa, “Modular architecture of metabolic pathways revealed by conserved sequences of reactions”, *J. Chem. Inf. Model.*, vol. 53, pp.613-622, 2013 (PMID:23384306) (DOI:10.1021/ci3005379)

(3-2) データベースおよびウェブツール等の構築と公開

公開中のデータベース・ウェブツール等

[別紙を参照](#)

(3-3) その他の著作物(総説、書籍など)

● 詳細情報

1. 内藤雄樹, 坊農秀雅. 統合遺伝子検索 GGRNA: 遺伝子を Google のように検索できるウェブサーバ. *ライフサイエンス 新着論文レビュー* 2012 年 5 月 28 日
http://first.lifesciencedb.jp/from_dbcls/e0001
2. Masaaki Kotera, Yuki Moriya, Toshiaki Tokimatsu, Minoru Kanehisa and Susumu Goto, “KEGG and GenomeNet, new developments, metagenomic analysis”, *Encyclopedia of Metagenomics* (Nelson, K. E., ed.), Springer, 2012.



(3-4) 国際学会および国内学会発表

① 招待講演 (国内 15 件、国際 3 件)

〈国内〉

1. 川本祥子, 「ライフサイエンス統合データベースプロジェクトの進捗と課題」, 特定非営利活動法人バイオチップコンソーシアム, 東京, 平成 24 年 4 月 5 日
2. 山本泰智, SPARQL を使い込む, 第 5 回 LinkedData 勉強会, DBCLS, 平成 24 年 7 月 25 日
3. 坊農秀雅, 新型シーケンサーから得られる大規模 DNA 配列データを解釈し活用する:統合データベースからのアプローチ, Ingenuity Pathways Analysis ユーザーミーティング, 品川, 東京, 平成 24 年 8 月 3 日
4. 坊農秀雅, 知のめぐりの良い生命科学研究者の 10 の心得, 第 52 回生命科学夏の学校, 蒲郡, 愛知, 平成 24 年 8 月 24 日
5. 山本泰智, 文献情報活用術, 第 52 回生命科学夏の学校, 愛知県蒲郡市, 平成 24 年 8 月 24 日
6. 福井 一彦, “プラットフォームを用いた解析ツールの統合・連携”, 生命医薬情報連合大会 2012, 平成 24 年 10 月 15 日
7. 五斗進, ゲノムネットにおけるデータベースとツールの統合、生命医薬情報連合大会 2012、東京、平成 24 年 10 月 15 日
8. 坊農秀雅, バイオインフォマティクス:データベース統合化によるアプローチ, 第 57 回日本人類遺伝学会大会, 新宿プラザホテル、東京, 平成 24 年 10 月 26 日
9. 坊農秀雅, ライフサイエンス分野の大規模データを解釈し活用する:統合データベースからのアプローチ, 化学物質評価研究機構 セミナー, 化学物質評価研究機構, 平成 24 年 11 月 20 日
10. 坊農秀雅, データベース統合による知のめぐりの良い生命医科学, 同志社大学大学院生命医科学研究科 セミナー, 同志社大学, 平成 24 年 11 月 20 日
11. 坊農秀雅, 非モデル生物のトランスクリプトーム解析～RNA-seq か?マイクロアレイか?～, 岡



山大学資源植物科学研究所 研究集会, 倉敷、岡山, 平成 24 年 11 月 30 日

12. 坊農秀雅, データベースから始まる分子生物学へトランスクリプトーム解析研究の新しいスタイル, 第 35 回分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
13. 河野信, プロテオームデータベースの現状と今後の課題, 第 1 回 JHUPO サテライトシンポジウム, 京都大学薬学研究科, 平成 25 年 1 月 8 日
14. 小野浩雅, 「道具」としてのバイオインフォマティクス ～公共データベースとウェブツールの使いこなし術～, 日本大学 生物資源科学部 総合研究所 テクニカルワークショップ, 日本大学 生物資源科学部, 平成 25 年 2 月 22 日
15. 山本泰智, 生命科学分野におけるデータベースの 統合化を目指した LOD の構築, セマンティック Web コンファレンス 2013, 慶應義塾大学三田キャンパス, 平成 25 年 3 月 7 日

〈国際〉

1. Toshiaki Katayama, BioNGS: Building NGS data analysis pipeline with BioRuby, Bio-IT World Asia 2012, Short Courses, Marina Bay Sands, Singapore, Jun. 5 2012.
2. K. Fukui, "Development of Bioinformatics Workflows using Platform and Semantic Technologies", ISCB-Asia/SCCG 2012, Shenzhen, China, Dec. 18 2012.
3. K. Fukui, "Workflow Systems using Platform and Semantic Technologies", International Conference on Next Generation Bioinformatics (ICNGB), Tamil Nadu, India, Feb. 25 2013.

② 口頭講演 (国内 21 件、国際 5 件)

〈国内〉

1. 河野信, RDF 技術を利用したデータベース統合, 熊本大学拠点形成研究 B セミナー, 熊本大学医学部, 平成 24 年 6 月 28 日
2. 藤原 豊史, 山口 敦子, 山本 泰智, 生命科学分野のデータベース統合化に向けた略語データベースの公開, 人工知能学会全国大会 (第 26 回), 山口県山口市, 平成 24 年 6 月 5 日 12 日-15 日



3. 片山俊明, Semantic Web 技術によるゲノム情報の統合, 藍藻ゲノム研究交流会 2012, 東京大学駒場キャンパス, 平成 24 年 7 月 14 日
4. 岡本忍, 文献キュレーションの高度化とゲノム情報へのリンク, 藍藻ゲノム研究交流会 2012, 東京大学駒場キャンパス, 平成 24 年 7 月 14 日
5. 川島秀一, LinkedData とオントロジーによる生命科学データの高度検索を目指して, 藍藻ゲノム研究交流会 2012, 東京大学駒場キャンパス, 平成 24 年 7 月 14 日
6. Shin Kawano, BioHackathon Activities, lyco-team 's Preparatory Meeting for BioHackathon 2012, つくば産業技術総合研究所, 平成 24 年 8 月 31 日
7. 鹿内俊秀、梶裕之、鈴木芳典、藤田典昭、前田真砂子、文紅玲、石崎円、澤木弘道、奥田修二郎、鴨さおり、中尾広美、石水毅、川寄伸子、川寄敏祐、山田一作、本庄秀之、森昌子、弘瀬友里子、水野真盛、加藤雅樹、菅秋次、山口芳樹、木下聖子、河野信、成松久, JCGGDB の活動報告, 第 31 回日本糖質学会年会, 鹿児島, 平成 24 年 9 月 17 日-20 日
8. Matthew Campbell、藤田典昭、加藤雅樹、河野信、木下聖子、Thomas Lutteke、成松久、奥田修二郎、Rene Ranzinger、澤木弘道、鹿内俊秀、鈴木芳典、Philip V. Toukach、山田一作, 糖鎖データの標準化に向けた試み, 第 31 回日本糖質学会年会, 鹿児島, 平成 24 年 9 月 17 日-20 日
9. 坊農秀雅, 低酸素刺激によって発現変動する遺伝子群の種横断的トランスクリプトーム解析, 第 71 回日本癌学会学術総会, ロイトン札幌, 平成 24 年 9 月 19 日-21 日
10. Toshiaki Katayama, Development of technologies for information integration in DBCLS, 生命医薬情報連合大会 2012, タワーホール船堀, 平成 24 年 10 月 14 日-17 日
11. 片山俊明, 10 年後に残る技術と廃れる技術 ソフトウェアのデザインとトレンド, NGS 現場の会・オープンバイオ研究会・生命情報科学若手の会・定量生物学の会 4 会合同シンポジウム「これからの生命科学を考える」, タワーホール船堀, 平成 24 年 10 月 14 日-17 日
12. Lucky R. Runtuwene, Shuichi Kawashima, Yutaka Suzuki, Sumio Sugano, Kenta Nakai, Ryuichiro Maeda, Chihiro Sugimoto, Tomohiko Takasaki, Ichiro Kurane and Yuki Eshita, "Validation of 40S ribosomal protein 17S as internal control for

qRT-PCR of dengue-infected *Aedes aegypti*", 第 65 回日本寄生虫学会南日本支部大会・第 62 回日本衛生動物学会南日本支部大会 合同大会, 長崎大学, 平成 24 年 11 月 10 日-11 日

13. 江下優樹, Lucky R. Runtuwene, 大塚 靖, 松原祥恵, 小林隆志, 川島 秀一, 服部正策, 倉石 武, 甲斐智恵子, Rawewan Srisawat, Narumon Komalamisra, Yupha Rongsriyam, Arthur E. Mongan, 前田龍一郎, 杉本千尋, 牛島廣治, 高崎智彦, 倉根一郎, "リバーズシマカの系統確立および奄美大島・鹿児島県佐多岬でのその生息環境", 第 65 回日本寄生虫学会南日本支部大会・第 62 回日本衛生動物学会南日本支部大会 合同大会, 長崎大学, 平成 24 年 11 月 10 日-11 日
14. 福井 一彦, 浅井 潔;"解析ツール・データベースの統合化と秘密検索", 日本製薬工業協会、トリイ日本橋ビル、平成 24 年 11 月 21 日
15. 坊農秀雅, 種横断的低酸素応答遺伝子群のトランスクリプトーム解析, 第 10 回がんとハイポキシア研究会, 横浜市開港記念会館, 平成 24 年 12 月 6 日-7 日
16. 川名夏生, 天竺桂弘子, 伴野豊, 嶋田透, 坊農秀雅, 佐藤準一, カイコ尿酸代謝における DJ-1 の役割, 第 85 回日本生化学会大会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 14 日-16 日
17. 武藤愛, 大域的代謝ネットワーク中で保存された化学反応モジュールからみる代謝パスウェイの進化, 第 85 回日本生化学会大会, 福岡, 平成 24 年 12 月 14-16 日
18. Lucky R. Runtuwene, Shuichi Kawashima, Yutaka Suzuki, Takashi Kobayashi and Yuki Eshita, "The application of next generation sequencer in investigating the relationship of dengue virus and its vector", 第 6 回寄生虫感染免疫研究会, 大分大学, 平成 25 年 3 月 9 日
19. 小寺正明, 代謝パスウェイ予測サーバー GENIES、バクテリアシステム及び合成生物学ワークショップ、淡路島、H25 年 3 月 13-15 日
20. 天竺桂弘子, 川名夏生, 伴野豊, 嶋田透, 中村有希, 山本公子, 坊農秀雅, 佐藤準一, カイコ DJ-1 の尿酸代謝系における役割の解析, 日本薬学会第 133 年会, パシフィック横浜, 平成 25 年 3 月 27 日-3 月 30 日
21. 川島秀一, 菌株情報記述オントロジーと LOD の構築, 第 52 回 人工知能学会 分子生物情



報研究会(SIG-MBI), 北陸先端大学, 平成 25 年 3 月 29 日-30 日

〈国際〉

1. Masaki Kato, Shin Kawano, Kiyoko F. Aoki-Kinoshita, Shujiro Okuda, Hiromichi Sawaki, Daisuke Sugahara, Toshihide Shikanai, and Issaku Yamada, Effort for Semantic Web of Glycoscience in Japan, 3rd ACGG-DB meeting, Okinawa, 平成 24 年 4 月 23 日-24 日
2. Shin Kawano and Jin-Dong Kim, Database Integration toward Semantic Web: Development of Ontologies and RDF databases, 3rd ACGG-DB meeting, Okinawa, 平成 24 年 4 月 23 日-24 日
3. Toshiaki Katayama, Semantic Web for the Integrated Genomic Data, EU Codefest 2012, Lodi, Italy, 平成 24 年 7 月 19 日-20 日
4. Yasunori Yamamoto and Shoko Kawamoto, Building Linked Open Data of the Life Science Dictionary, Semantic web applications and tools for life sciences, フランス、パリ, 平成 24 年 11 月 28 日-30 日
5. Yuki Eshita, Lucky R. Runtuwene, Raweewan Srisawat, Narumon Komalamisra, Yupha Rongsriyam, Shuichi Kawashima, Junya Yamagishi, Yutaka Suzuki, Sumio Sugano, Kenta Nakai, Ryuichiro Maeda, Chihiro Sugimoto, Tomohiko Takasak, Ichiro Kurane, "New emerging technology for use in vector control", Joint International Tropical Medicine Meeting 2012 (JITMM 2012) and The 7th Seminar on Food - and Water - Borne Parasitic Zoonoses (FBPZ7), Centara Grand & Bangkok Convention Centre At CentralWorld, Bangkok, Thai-land, 平成 24 年 12 月 12 日-14 日

③ ポスター発表 (国内 43 件、国際 3 件)

〈国内〉

1. 大田達郎, 公共 NGS データベース Sequence Read Archive におけるシーケンスクオリティによるデータ検索, NGS 現場の会, ホテル阪急エキスポパーク, 平成 24 年 5 月 24 日-25 日
2. 仲里 猛留、大田 達郎、坊農 秀雅, 「使える」SRA データにすばやくたどりつくために, NGS 現場の会, ホテル阪急エキスポパーク, 平成 24 年 5 月 24 日-25 日

3. 川島秀一, マラリア感染ステフェンスハマダラカの遺伝子発現解析, NGS 現場の会, ホテル阪急エキスポパーク, 平成 24 年 5 月 24 日-25 日
4. Hidemasa Bono, Cross species analysis of hypoxia responsive transcriptomes from public gene expression database, 第 33 回内藤コンファレンス「酸素生物学:酸素濃度に対する生物応答とその制御破綻による疾患」, シヤトレーゼガトーキングダムサッポロ, 平成 24 年 6 月 26 日-29 日
5. 和田 智、坊農 秀雅、江口 英孝、西山 正彦, TRA2B による癌関連遺伝子バリエントの探索, 第 71 回日本癌学会学術総会, ロイトン札幌, 平成 24 年 9 月 19 日-21 日
6. NBDC/DBCLS BioHackathon オーガナイザ(山口敦子、岡本忍、川島秀一、河野信、金進東、呉紅艶、山本泰智、王悦、片山俊明), NBDC/DBCLS BioHackathon 2012 報告, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
7. 呉 紅艶、藤原豊史、山本泰智、山口 敦子, 生命科学データに適したトリプルストア調査, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
8. 金進東、王 悦、Simon Kocbek, OntoFinder/OntoFactory - 生命科学オントロジー構築支援サービス, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
9. 川島秀一、岡本忍、森宙史、藤澤貴智、神沼英理、中村保一、菅原秀明、片山俊明、山本泰智、市原正巳 4、吉野弘二、竹原潤一、山本希、黒川顕、, LinkedData とオントロジーによる生命科学データの高度検索, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
10. 岡本 忍、山本泰智, 情報統合化・知識発見のためのキュレーション支援, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
11. 河野信、渡辺敦、水口惣平、荒木令江、片山俊明、山口敦子, TogoTable: RDF 技術を利用したテーブル形式データへの自動アノテーション付加ツール, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
12. 片山俊明、岡本忍、川島秀一、藤澤貴智、森宙史, RDF ゲノム:セマンティックウェブによるリファレンスとしてのゲノム知識基盤の開発, トーゴーの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール,

平成 24 年 10 月 5 日

13. 大久保公策、藤枝香、三橋 信孝 , **BodyParts3D/Anatomography** , トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
14. 飯田 啓介, 新たな日本語 Web コンテンツ「ライフサイエンス 領域融合レビュー」, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
15. 大田達郎、坊農秀雅, **Sequence Read Archive** における公共 NGS データのシーケンスクオリティとメタデータ, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
16. 仲里 猛留、坊農 秀雅, 疾患の切り口から公共データベース中の NGS データを利活用する, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
17. 小野浩雅、坊農秀雅, 遺伝子発現リファレンスデータセット『**RefEx**』, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
18. 坊農秀雅, **GEO** 目次による低酸素刺激前後のトランスクリプトームの種横断的解析, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
19. 内藤 雄樹、坊農 秀雅, 統合遺伝子検索 **GGRNA**, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
20. 鹿内俊秀、梶裕之、鈴木芳典、藤田典昭、前田真砂子、文紅玲、石崎円、澤木弘道、奥田修二郎、鴨さおり、中尾広美、石水毅、川寄伸子、川寄敏祐、山田一作、本庄秀之、森昌子、弘瀬友理子、水野真盛、加藤雅樹、菅秋次、山口芳樹、木下聖子、河野信、成松久, 日本糖鎖科学コンソーシアム・データベース(**JCGGDB**), トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
21. 福井 一彦、田代 俊行、矢葺 幸光、浅井 潔;“解析プラットフォームによる統合利用環境の構築“, トーゴの日シンポジウム 2012, 時事通信ホール, 平成 24 年 10 月 5 日
22. 時松敏明、ゲノムネットにおける反応オントロジーの整備と応用ツールの開発、トーゴの日シンポジウム 2012、時事通信ホール、平成 24 年 10 月 5 日
23. 小寺正明、アブイニシオ代謝経路再構築のための酵素反応オントロジー、第 7 回メタボローム



シンポジウム、鶴岡、平成 24 年 10 月 10-12 日

24. Yoshimi Tokuzawa, Ken Yagi, Yzumi Yamashita, Yutaka Nakachi, Itoshi Nikaido, Hidemasa Bono, Yuichi Ninomiya, Yikiko Kanasaki-Yatsuka, Masumi Akita, Hiromi Motegi, Shigeharu Wakana, Tetsuo Noda, Fred Sablitzky, Shigeki Arai, Riki Kurokawa, Toru Fukuda, Takenobu Katagiri, Christian Schönbach, Tatsuo Suda, Yosuke Mizuno, Yasushi Okazaki, Id4, a New Candidate Gene for Senile Osteoporosis Acts as a Molecular Switch Promoting Osteoblast Differentiation, 生命医薬情報学連合大会 2012, タワーホール船堀, 平成 24 年 10 月 14 日-17 日
25. 小寺正明, GENIES: gene network inference engine in GenomeNet, 生命医薬情報連合体会, 東京, 平成 24 年 10 月 15-17 日
26. K. Fukui, T. Tashiro, Y. Yabuki, K. Asai; "Development of a workflow system using integrated information platform technology", BiWo2012, CBRC Tokyo, Oct.31-Nov.2, 2012.
27. 小野浩雅, 坊農秀雅, 遺伝子発現リファレンスデータセット『RefEx』の低酸素発現制御研究への応用, 第 10 回がんとハイポキシア研究会, 横浜市開港記念会館, 平成 24 年 12 月 6 日-7 日
28. 仲里猛留, 低酸素研究での公共データベースのさらなる活用を目指して, 第 10 回がんとハイポキシア研究会, 横浜市開港記念会館, 平成 24 年 12 月 6 日-7 日
29. Tazro Ohta, Takeru Nakazato, Hidemasa Bono, Advance search interface of public NGS database for efficient data search, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
30. 仲里 猛留、大田 達郎、坊農 秀雅, Functional interface for quick access to high-quality omics data, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
31. 小野浩雅, 坊農秀雅, 遺伝子発現解析のためのリファレンスデータセット『RefEx』, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
32. 内藤 雄樹, 坊農 秀雅, 統合遺伝子検索 GGRNA: 遺伝子を Google のように検索できるウ



ウェブサーバ, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日

33. Yasunori Yamamoto, Atsuko Yamaguchi, Shoko Kawamoto, Building Life Science Databases Using Resource Description Framework To Improve Reusability, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
34. 片山俊明, 岡本忍, 川島秀一, 森宙史, 藤澤貴智, セマンティック・ウェブによるゲノム情報の統合化, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
35. 河野信, 渡辺敦, 水口惣平, 荒木令江, 片山俊明, 山口敦子, TogoTable: RDF 技術を利用したテーブル形式データへの自動アノテーション付加ツール, 第 35 回分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
36. 川本祥子, 医学・薬学予稿集全文データベースの公開, 第 35 回分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
37. 杉崎 太一郎, 牧口 大旭, 奥村 利幸, 川本 祥子, RDF を活用した横断検索システムのプロトタイプ開発と検索サービスの現状第 35 回分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡, 平成 24 年 12 月 11 日-14 日
38. 時松敏明, 反応オントロジーおよび解析ツール群の整備を中心としたゲノムネットの開発の最新状況, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, 平成 24 年 12 月 11-14 日
39. 守屋勇樹, KEGG OC: 系統関係に基づいた大規模オーソログクラスタの自動生成, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, 平成 24 年 12 月 11-14 日
40. 西村陽介, 後生動物 10 生物種におけるイントラジェニック miRNA と宿主遺伝子の機能解析, 第 35 回日本分子生物学会年会, 福岡, 平成 24 年 12 月 11-14 日
41. 岡本忍, 藤澤貴智, 川島秀一, 片山俊明, TogoGenome/TogoStanza: ゲノム情報統合と再利用のためのプラットフォーム, 第 7 回日本ゲノム微生物学会年会, 長浜バイオ大学, 平成 25 年 3 月 8 日-10 日

42. 川島秀一、岡本忍、片山俊明、森宙史、竹原潤一、山本希、市原正巳、藤澤貴智、中村保一、菅原秀明、黒川顕、セマンティックウェブ技術を応用した、微生物ゲノム情報とメタデータの統合、第7回日本ゲノム微生物学会年会、長浜バイオ大学、平成25年3月8日-10日
43. 時松敏明、代謝反応オントロジーデータベースの整備およびその植物二次代謝反応への応用、第53回日本植物生理学会年会、福岡、H25年3月21-23日

〈国際〉

1. K. Fukui, T. Tashiro, Y. Yabuki, K. Asai: "A Composition of Bioinformatics Workflows using Platform and Semantic Technologies", Bio-IT World Conference & Expo 2012, Boston, April 24-26, 2012.
2. Jin-Dong Kim and Yue Wang, CSAF - a community-sourcing annotation framework, the ACL Workshop (LAW VI), Jeju Island, South Korea, Jun, 2012
3. 小寺正明、GENIES: A web-based application for supervised gene network inference、GIW2012 The 23rd International Conference on Genome Informatics、台南、平成24年12月12-14日

(3-5) 知財出願

- ① 平成24年度特許出願件数(国内 0件、海外 0件)
- ② 平成23、24年度の累積件数(国内 0件、海外 0件)
- ③ その他の知的財産権

他に記載すべき知的財産権があればご記入下さい。(実用新案 意匠 プログラム著作権 等)
—該当無し。

(3-6) 受賞・報道等

—該当無し。



§4. 研究開発期間中に主催した活動(主催したワークショップ等)

DBCLS グループ

年月日	名称	場所	参加人数	概要
H24年1月7日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年3月4日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年4月16日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年5月7日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年5月21日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年6月4日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年6月18日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年6月30日-7月1日	AJACS 宮崎	宮崎大学	101人	NBDC 主催 DBCLS 共催として講師を派遣した・
H24年7月2日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年7月23日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年7月27日-28日	AJACS 名古屋	名古屋大学	41人	NBDC 主催 DBCLS 共催として講師を派遣した・
H24年8月6日-7日	AJACS 筑波 2	果樹研究所	21人	NBDC 主催 DBCLS 共催として講師を派遣した・
H24年8月23日-24日	AJACS みちのく 2	東北大学	33人	NBDC 主催 DBCLS 共催として講師を派遣した・
H24年8月27日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年9月2日	BioHackathon H24 シンポジウム	富山国際会議場	78人	第5回国際開発者会議 BioHackathon のシンポジウムとして、セマンティック・ウェブ技術のライフサイエンスへの応用について国内外から8件の講演があった。
H24年9月3日-7日	BioHackathon H24	インテック大山研修センター	75人	第5回国際開発者会議 BioHackathon を主催し、セマンティック・ウェブを利用したライフサイエンスの情報統合について技術開発を行った。
H24年9月10日	チーム内ミーティ	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミ

日	ング(非公開)			ーティング
H24年10月1日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年10月30日-31日	SPARQLthon1	DBCLS	15人	DBCLSと共同研究機関の実務者同士で、SPARQL検索を利用したアプリケーション構築のための技術開発を行った。
H24年11月5日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年11月8日	AJACS 京都	京都大学 iPS 細胞研究所	27人	NBDC 主催 DBCLS 共催として講師を派遣した・
H24年11月14日	SPARQLthon2	DBCLS	18人	DBCLSと共同研究機関の実務者同士で、SPARQL検索を利用したアプリケーション構築のための技術開発を行った。
H24年11月19日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年12月4日-5日	SPARQLthon3	DBCLS	14人	DBCLSと共同研究機関の実務者同士で、SPARQL検索を利用したアプリケーション構築のための技術開発を行った。
H24年12月13日	データベースから始まる分子生物学~研究の新しいスタイルを模索する~(公開)	福岡国際会議場	300人	第35回日本分子生物学会年会のワークショップの1つとして、データベースを出発とした新しいスタイルの研究を進めている方にご講演いただき、議論した。
H24年12月17日	チーム内ミーティング(非公開)	DBCLS	30人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年12月19日-21日	統合データベース技術情報交換ワークショップ (BH12.12)	DBCLS	56人	第3回目となる統合データベース技術情報交換ワークショップ を主催し、国内のライフサイエンスデータベースの構築者と利用者向けの技術勉強会を行った。
H25年1月12日-13日	AJACS 駿河	静岡県立大学	29人	NBDC 主催 DBCLS 共催として講師を派遣した・
H25年1月18日	SPARQLthon4	DBCLS	10人	DBCLSと共同研究機関の実務者同士で、SPARQL検索を利用したアプリケーション構築のための技術開発を行った。
H25年2月15日	大規模データ解	国立遺伝学研究所	31人	DBCLS および DDBJ の

日	析技術開発と塩基配列データアーカイブの橋渡しとこれから(非公開)	所 生命情報研究センター		研究開発に携わる実務者同士の連携推進と、中長期的な研究開発の方向性を議論した。
H24年2月18日	マウスフェノタイプDB&オントロジーの勉強会(非公開)	DBCLS	30人	理研・バイオリソースセンター榊屋先生による勉強会
H25年2月19日-20日	SPARQLthon5	DBCLS	16人	DBCLSと共同研究機関の実務者同士で、SPARQL検索を利用したアプリケーション構築のための技術開発を行った。
H25年3月14日-15日	SPARQLthon6	DBCLS	19人	DBCLSと共同研究機関の実務者同士で、SPARQL検索を利用したアプリケーション構築のための技術開発を行った。
H25年3月22日	AJACS 本郷13(第4回統合牧場収穫祭)	DBCLS	40人	DBCLSにおいてRAとして統合DBプロジェクトの開発やコンテンツ作成を担う大学生、大学院生の成果発表会並びに活動紹介。

CBRC グループ

年月日	名称	場所	参加人数	概要
H25年3月11日	解析ツール・ミーティング(非公開)	DBCLS	4名	SADIとGalaxy連携に関するミーティング
H25年11月1日	BiWoH24	CBRC	100名	解析ツールの紹介及びデモンストレーション
H24年7月3日	研究総括サイト・ビジット(非公開)	CBRC	6名	研究進捗報告及び意見交換のため
H24年6月28日	解析ツール・ミーティング(非公開)	DBCLS	3名	研究進捗報告のため
H24年6月15日	セミナー	つくばAIST情報技術研究部門	20名	研究紹介

京都大学グループ

年月日	名称	場所	参加人数	概要
H24年4月20日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年5月17日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング

H24年5月30日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年6月13日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年6月28日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年7月12日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年8月3日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	7人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年8月24日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	8人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年9月13日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	9人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年10月2日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	9人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年10月23日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	8人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年11月9日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	9人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年11月30日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	9人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年12月25日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	8人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年1月17日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	8人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年1月31日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	9人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年2月19日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	9人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年3月6日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	8人	研究進捗報告のためのミーティング
H24年3月28日	チーム内ミーティング(非公開)	京都大学化学研究所	8人	研究進捗報告のためのミーティング