ライフサイエンスデータベース統合推進事業
統合化推進プログラム
トーゴーの日シンポジウム2013

ゲノム・メタゲノム情報を基盤とした微生物DBの統合

東京工業大学地球生命研究所
黒川　顕

研究開発メンバー

東京工業大学

黒川　顕：微生物DBにおける研究統括

森　宙史：ゲノム、メタゲノムDB、メタデータの構築

山田拓司：メタゲノムDBの構築

山本　希：オントロジーの構築

吉野弘二，竹原潤一：メタデータDBの構築

小西史一：スパコンにおける解析システムの開発および実装

国立遺伝学研究所

中村保一：微生物アノテーションリファレンスの整備と共用化

菅原秀明：微生物ゲノム基盤情報資源の共用化

藤澤貴智：モデル微生物情報の高度化

神沼英里：KazusaAnnotationの拡張

基礎生物学研究所

内山郁夫：比較ゲノム解析に立脚した微生物ゲノム情報の統合化

千葉啓和：MBGDの統合化

西出浩世：MBGDの統合化

統合データベースセンター（技術アドバイザー）

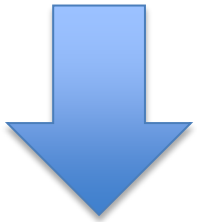
岡本忍，片山俊明，川島秀一，川本祥子，山本泰智：技術協力

微生物研究を取り巻く状況

- 微生物は地球上のあらゆる環境と密接に関与し存在する
- 微生物研究はバイオ分野のみならず，他の多くの分野と連携可能
- 微生物研究分野には多様なDBが多数存在する
- 環境との関連性を記述しているDBは未だ存在しない
- ほとんどのDBは専門知識を持っていないバイオ分野以外の人は利用困難

研究開発の目標・ねらい

ゲノム情報を核として様々な微生物学上の知識を統合し、幅広い分野での微生物学の発展に資することのできる「微生物エンサイクロペディア」の構築を目標とする。



微生物学分野のオミックス研究の発展に寄与
データ駆動型研究による新しい仮説の提唱

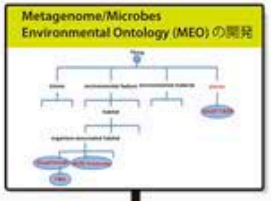
Microbe DB .JP

http://microbedb.jp/MDBdemo/

Microbe DB.jp
MicrobeDB.jp プロジェクトでは様々な微生物学上の知識を、ゲノム情報を核として遺伝子、系統、環境の３つの軸に沿ってセマンティックウェブの技術を駆使して整理統合し、幅広い分野での微生物学の発展に資することの出来るデータベースの構築を目標としています。

Ontology

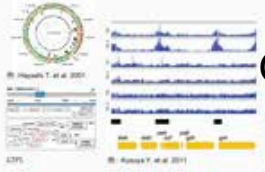
オントロジー: 検索タームの柔軟化＆明確化



Gene

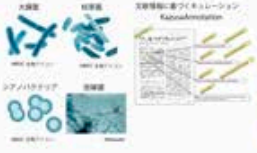
Ortholog: MBGD

オーソログデータ



Genome: GTPS/RefSeq

オミックスデータ



Annotation: TogoAnnotation

モデル微生物の高品質アノテーションデータ

Taxonomy

Taxonomy:
NCBI Taxonomy

系統分類データ

Strain: NBRC/JCM

菌株データ

Environment

Metadata:
GOLD/
SRA

環境のメタデータ

Meta-
genome:
SRA

メタゲノムデータ

多種多様な細菌の情報をゲノム情報を核として統合し、MicrobeDB.jpから情報を一括検索！

微生物における各種DBを統合化し，環境情報との連携を徹底的に記述した新たなDBの構築

- 異分野データの統合化のため、セマンティックウェブの技術を活用
- データ間をリンクするためのゲノム情報、オーソログ遺伝子情報、メタゲノム情報の整備
- 全データのRDF化、各データID間のリンク構築
- 各種オントロジーの開発、各データにマッピング
- アノテーション高度化システムの開発
- ユーザ認証システム
- Stanzaの開発
- ゲノム自動アノテーションシステムMiGAPとの連携

MicrobeDB.jpの基盤データ整備

- Bacteria&Archaea Genome (GTPS, RefSeq, GenBank): 2,516株
- Amplicon seq (NCBI SRA): 15,504サンプル
- Metagenome (NCBI SRA): 3,269サンプル
- Meta-transcriptome (NCBI SRA): 196サンプル
- Ortholog groups (MBGD): 340,439グループ
- Strain data (NBRC): 17,367株
- Strain data (JCM): 13,396株

すべてRDFにて記述

各種データのトリプル数

グラフ名	説明	作成元	トリプル数
refseq	RefSeq Prokaryoteゲノムデータ	DBCLS	550,273,744
mbgd	MBGD Orthologデータ	基生研	291,714,037
gtps	GTPSゲノムデータ	遺伝研	197,069,932
taxonomy	SPARQLthonで作成したNCBI Taxonomyオントロジー改良版	DBCLS,遺伝研,東工大	10,183,714
meta16S	各SRSメタ16Sの系統組成データ	東工大	9,831,600
gazetteer	地理オントロジー	外部機関	7,062,536
srs_metadata	SRSメタ16S・メタゲノムの様々なメタデータ	東工大	4,982,739
srs_ortholog	各SRSメタゲノムのMBGD Ortholog組成	東工大,基生研	2,026,746
go	Geneオントロジー	外部機関	1,211,571
brc	JCM/NBRC菌株データ with NCBI Taxonomy ID	遺伝研,東工大,DBCLS	903,319
gold	GOLDの個別ゲノムのMEO等へのオントロジーマッピングデータ	東工大,DBCLS	150,899
srs	SRSメタ16S・メタゲノムのMEO等へのオントロジーマッピングデータ	東工大	53,691
so	Sequenceオントロジー	外部機関	43,060
pdo	感染症オントロジー + 症状オントロジー + ゲノムへのオントロジーマッピングデータ	東工大	8,809
meo	微生物の生息環境オントロジー	東工大	4,975
msv	SRSメタ16S・メタゲノムのメタデータオントロジー	東工大	1,601
mpo	微生物フェノタイプオントロジー	DBCLS	734
mccv	菌株オントロジー	東工大,DBCLS	293
その他中間データ	いくつかのデータ集計系のSPARQLクエリは遅いため、MSSが集計結果のデータを作成		440,773
合計			1,075,964,773

オントロジー・ボキャブラリ

- 異なるDBの統合化のためには、多様な表現を統一する必要がある
- 特に環境情報は単語の定義および語彙の階層的分類・定義が必須
- メタゲノム情報（メタデータ）や菌株情報などは国際的に標準化されていない

各種オントロジーの開発

ゲノムアノテーション標準のためのオントロジー開発

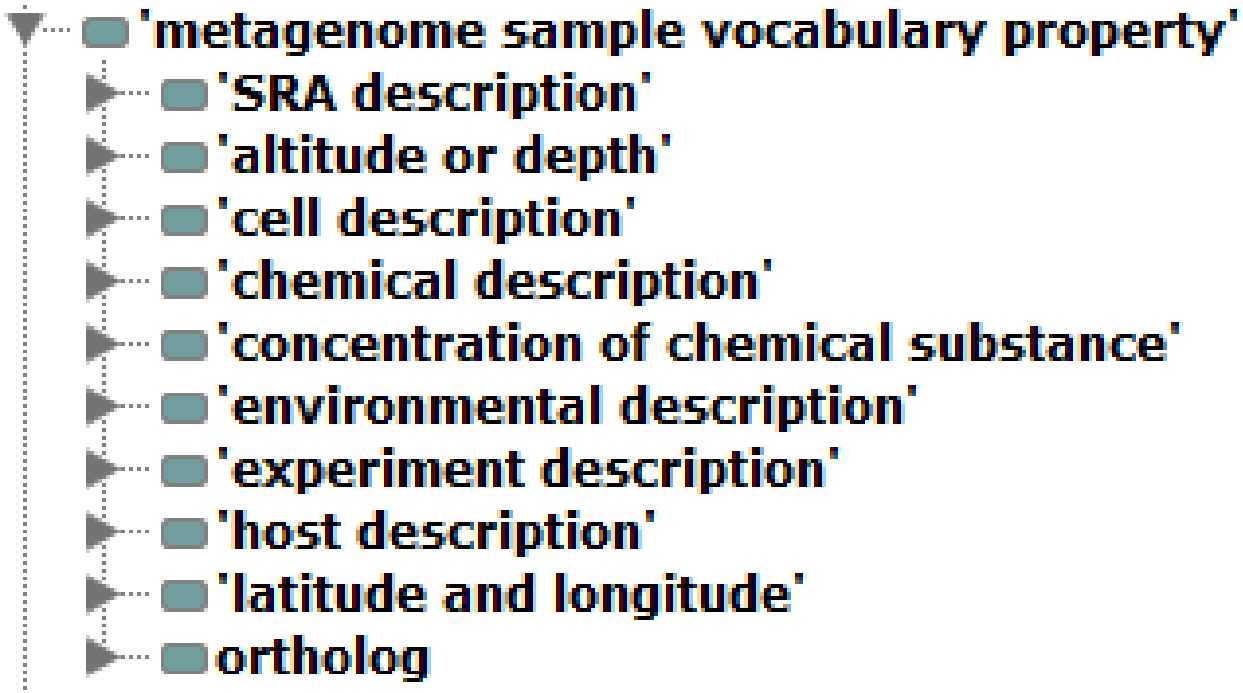
- INSDCオントロジー (w/DBCLS)
  - INSDC配列エントリー(GenBank, EMBL, DDBJ 形式)のRDF化を目的としたオントロジー
    - INSDC Feature Table Definition (Version 10.2) をOWL定義(H24年度)
    - Genomic Standards Consortium (GSC15; April 22-24, 2013. NIH, USA) にて発表
    - SPARQL検索性向上を目的としたアップデートを実施(H25年度)
- FALDOオントロジー (w/BioHackathon)
  - 塩基配列およびタンパク質などbiological featureの複雑な位置情報に関する記述の標準化を目的としたオントロジー
    - BioHackathon2012(2012年9月開催)で開発
    - BioHackathon2013(2013年6月開催)で課題の検討およびアップデート

これらの標準化を目的としたオントロジーを利用することでフェデレーション型の問い合わせでも配列アノテーションの統合が容易となる

MSV (Metagenome Sample Vocabulary)

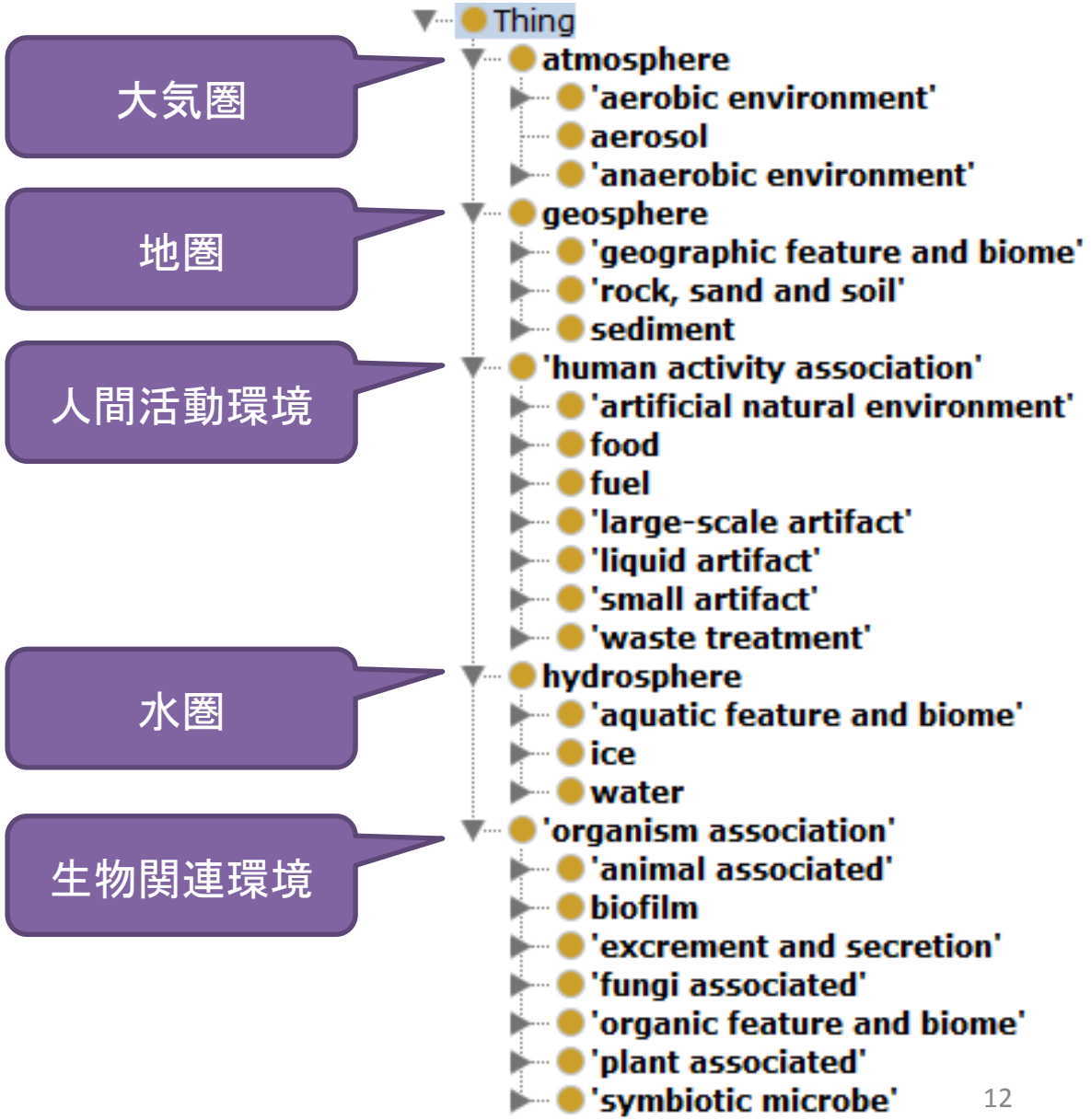
- メタゲノムサンプルのメタデータを整理したオントロジー
  同義語と判断できたメタデータカテゴリ名をまとめた

- クラス数　：　306　クラス
  大分類　：　10クラス



MEO (Metagenome Environmental Ontology) ver0.6

- 微生物の生息環境についてのオントロジー
  - クラス数：782
  - プロパティ数：19
- クラス構造
  - 5つの大分類
  - 23の中分類



疾病関連語句オントロジーの開発：PDO

疾病語句を発生部位により分類
⇨DO（Pathogenic Disease Ontology）

クラス数：266

- 'Disease involving body sites'
  - 'Breast disease'
  - 'Cardiovascular disease'
  - 'Digestive system disease'　消化器の疾病
  - 'Immune system disease'
  - 'Musculoskeletal system disease'
  - 'Nervous system disease'
  - 'Reproductive system disease'
  - 'Respiratory system disease'
  - 'Skin disease'
  - 'Systemic disease'　全身性の疾病
  - 'Urinary system disease'
- 'Disease involving unidentified body site'
  感染組織を特定できないもの

SNOMED（国際医療用語集）より同義語を登録
→様々なキーワードで検索可能
階層を考慮した推論検索も可能

疾病関連語句オントロジーの開発：CSSO

症状語句を発生部位により分類
⇨CSSO（Clinical Signs and Symptoms Ontology）

クラス数：272

- 'Abdomen and digestive system symptom'
- 'Circulatory system symptom'
- 'Cognition, perception, emotional state and behavior system symptom'
- 'Food and fluid intake system symptom'
- 'General symptom'
- 'Head and neck symptom'
- 'Immune system symptom'
- 'Musculoskeletal system symptom'
- 'Nervous system symptom'
- 'Reproductive system symptom'
- 'Respiratory system symptom'
- 'Skin symptom'
- 'Speech and voice system symptom'
- 'Thoracic symptom'
- 'Urinary system symptom'

SNOMEDより同義語を登録
→様々なキーワードで検索可能

PDO/CSSOの利用により感染症関連語句の柔軟な検索が可能

開発したオントロジー

- FALDO (Feature Annotation Location Description Ontology)
  - ゲノム中の各featureの位置情報を記述するためのオントロジー（w/BioHackathon）
- INSDC Ontology
  - INSDCエントリのfeatureとqualifierのターム記述のためのオントロジー（w/DBCLS）
- MCCV (Microbial Culture Collection Vocabulary)
  - 菌株データを記述するためのオントロジー
- MEO (Metagenome/Microbe Environmental Ontology)
  - 細菌の生息環境を記述するためのオントロジー
- PDO/CSSO (Pathogenic Disease Ontology with Symptom)
  - 細菌が引き起こす感染症の情報および感染症の症状を連結したオントロジー
- GMO (Growth Media Ontology)
  - 細菌の培地情報を記述するためのオントロジー（w/DBCLS）

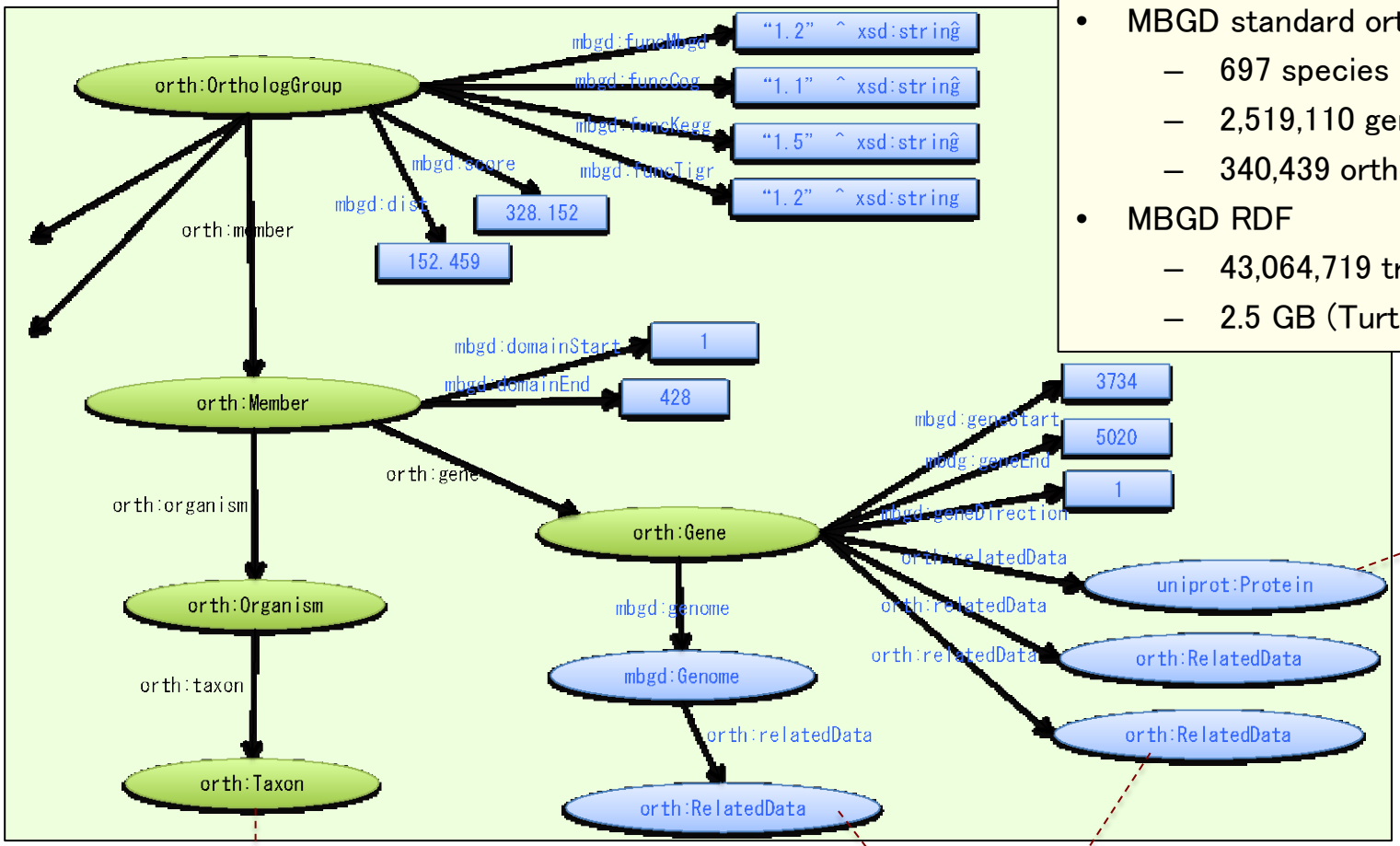
オーソログ遺伝子情報

- ゲノム情報を種間で連結するためには、オーソログ遺伝子情報が有効となる
- MBGDオーソログデータベースをRDF化
- オーソロググループのさらなる精密化
- ドラフトゲノムデータにも対応

MBGDのRDF化

MBGD RDF オーソログ情報のRDF化と それに基づく微生物ゲノムデータの統合

- MBGD standard ortholog groups
  - 697 species
  - 2,519,110 genes
  - 340,439 ortholog groups
- MBGD RDF
  - 43,064,719 triples
  - 2.5 GB (Turtle)



UniProt

Taxonomy

Microbe DB.JP

メタゲノム情報と環境情報の統合

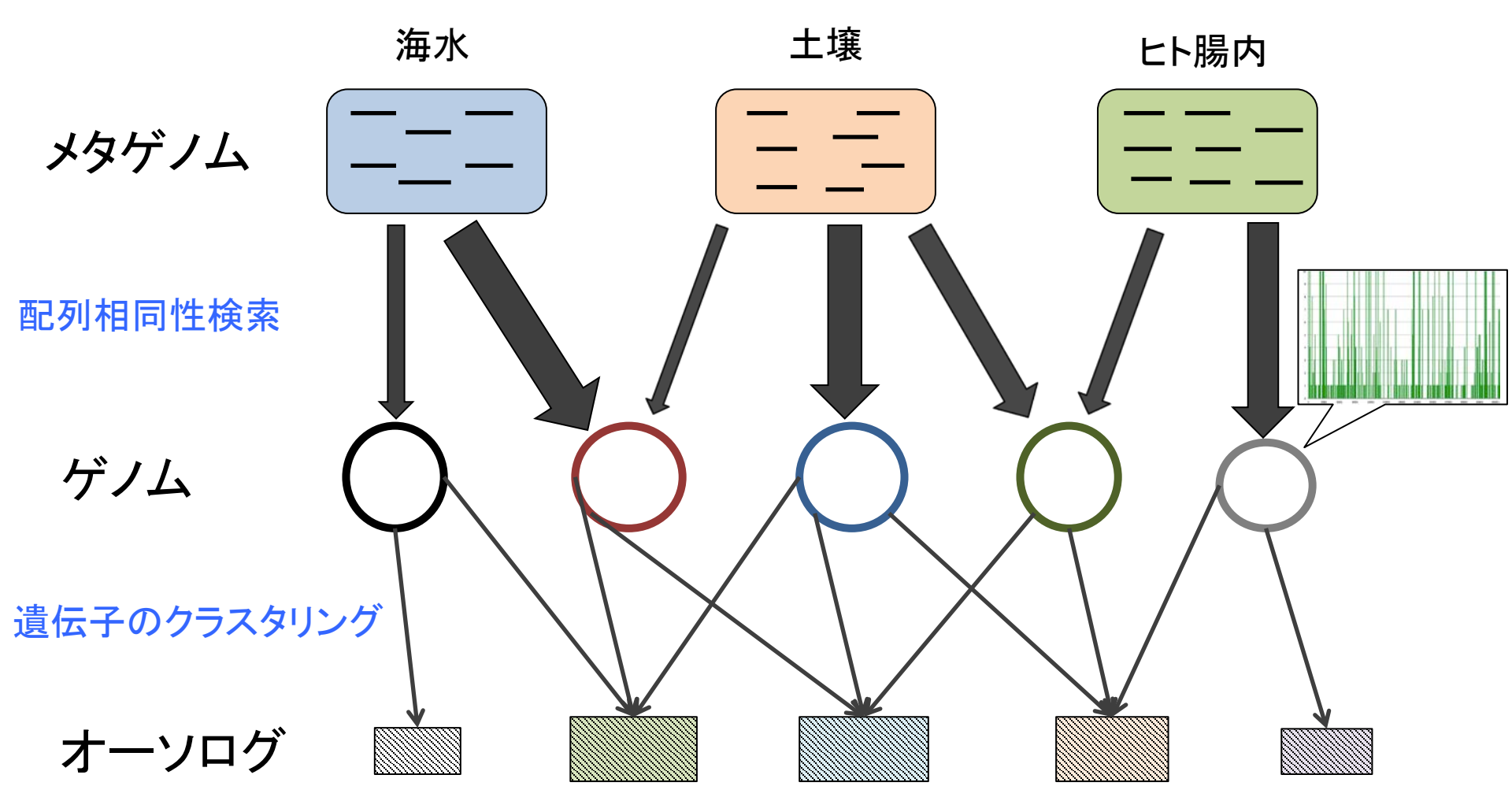
- メタゲノム情報は遺伝子情報と環境情報とをブリッジするユニークなデータ
- メタゲノム情報を通じて異分野との融合が可能となる
- 各メタゲノムデータを解析パイプラインにて統一処理し、遺伝子機能組成データを作成
- 遺伝子機能組成データおよびメタデータ（環境情報）を統合

メタゲノム情報のRDF化

公共データベースにデポジットされている メタゲノムメタデータ

	サンプル数	メタデータのカテゴリー数	メタデータカテゴリーの例
ヒト共生細菌群集	72,236 (18,224)	85	Age , Sex ,Disease stage , Country , Body Habitat , Diet 等
環境細菌群集	6,356 (5,827)	627	pH , Temperature , Wind Speed , Dissolved Oxygen 等

( ) 内は実際に配列が存在したエントリ



ゲノムを軸に遺伝子・系統・環境の情報を統合化したことで、

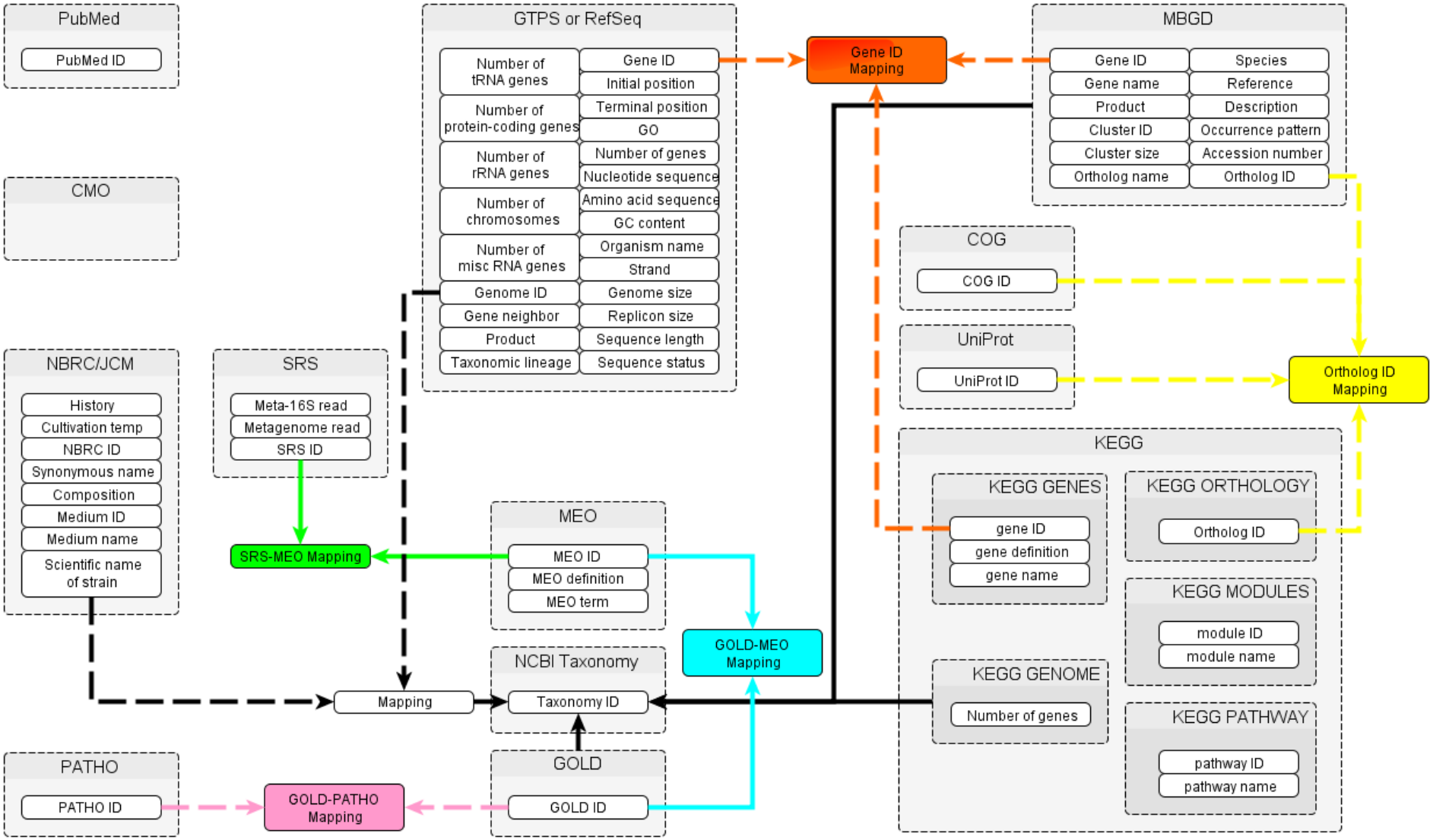
・ある環境にどのような遺伝子が多いのか？
・それらの遺伝子はどのような機能を持っているのか？
・それらの遺伝子はどのような系統群に多いのか？

等の情報が簡単に得られるようになった

Stanza開発

- データベース利用のためのテンプレート
- 異なるデータベースを横断的に利用するため、各データのID対応関係を整理
- TogoStanzaの仕様をDBCLSと共に策定
- MicrobeDB.jpにて58種類のStanzaを開発（さらにDBCLSで開発された34種類の Stanzaを導入）

単一DB or 複数DB由来のStanza



複数のDB由来のデータからStanzaを作るには、DB間のID対応関係を整理する必要がある

Stanzaの例（遺伝子・ゲノム）

- Gene Annotation
- Ortholog list
- Genome Information

Feature

[http://purl.obolibrary.org/obo/SO_0000704]

dbxref	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/897644
feature_gene	polC
feature_locus_tag	TM0576
location	605923..610026
isPartOf	http://genome.db/uuid/b4d48cd7-00ef-4e03-9adb-fda7de39e078
type	http://purl.obolibrary.org/obo/SO_0000704
label	TM0576

[http://purl.obolibrary.org/obo/SO_0000316]

dbxref	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/897644
dbxref	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/15643342
exons	nodeID://b71582

Ortholog

ID	Genome	Description	Protein	UniProt	GTPS	RefSeq
aac:AACI_1427	aac	DNA polymerase III subunit alpha	YP_003184842.1	C8WWI2	AACI_ACIDOCALDARIUSDSM446:ST2344	NC_013205.1
aar:ACEAR_1599	aar	DNA polymerase III catalytic subunit, PolC type	YP_003828170.1		AARA_DSM5501:ST105	
acl:ACL_0247	acl	DNA polymerase III subunit alpha	YP_001620249.1	A9NEU3	ALAI_PG8A:ST588	NC_010163.1
afl:AFLV_1700	afl	DNA polymerase III PolC	YP_002316046.1	B7GG80	AFLA_WK1:ST2505	NC_011567.1
afn:ACFER_1370	afn	DNA polymerase III subunit alpha	YP_003399045.1		AFER_DSM20731:ST1519	NC_013740.1
amt:AMET_2678	amt	DNA polymerase III subunit alpha	YP_001320489.1	A6TRL2	AMET_QYMF:ST2214	NC_009633.1

Genome

length	1860725
location	1..1860725
molecularType	genomic DNA
organism	Thermotoga maritima MSB8
sequence	http://genome.db/uuid/b4d48cd7-00ef-4e03-9adb-fda7de39e078.fasta
start	1
stop	1860725
strain	MSB8
version	NC_000853.1
modified	2012-02-13
type	http://purl.obolibrary.org/obo/SO_0000340
type	http://purl.obolibrary.org/obo/SO_0000988
comment	Thermotoga maritima MSB8 chromosome, complete genome.

Stanzaの例（系統・菌株）

・Taxonomic Hierarchy

・ Strain Metadata

・Related Strain in Other Culture Collection

Taxonomy Tree

superkingdom	Bacteria
phylum	Firmicutes
class	Bacilli
order	Lactobacillales
family	Enterococcaceae
genus	Enterococcus
species	Enterococcus faecalis

Metadata

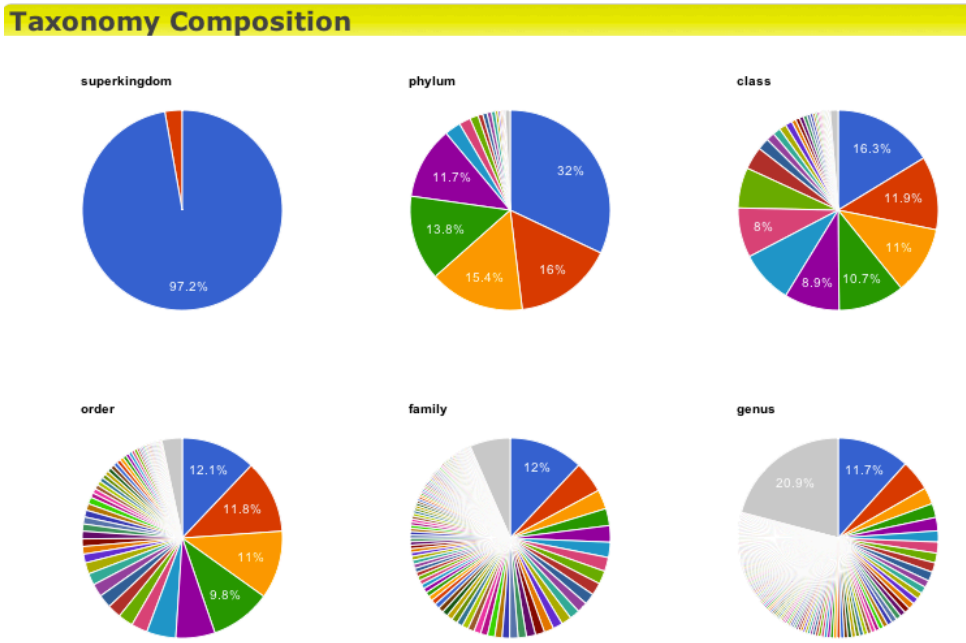
Medium	http://www.nbrc.nite.go.jp/NBRC2/NBRCMediumDetailServlet?NO=227
Strain number	NBRC 12841
Application	Thienamycins production ; Vitamin B12 (Cyanocobalamine) production ; Steroid conversion
Isolated from	Soil
Strain name	Streptomyces griseus subsp. griseus (Krainsky 1914) Waksman and Henrici 1948
History of deeposit	IFO 12841 <-- SAJ <-- OWU (ISP 5226) <-- Squibb & Sons (F. Arnow, MD 2428, ETH 24234, NIHJ 501)
Taxonomy	http://purl.uniprot.org/taxonomy/67263
Temperature for growth	28

Other Collection Numbers

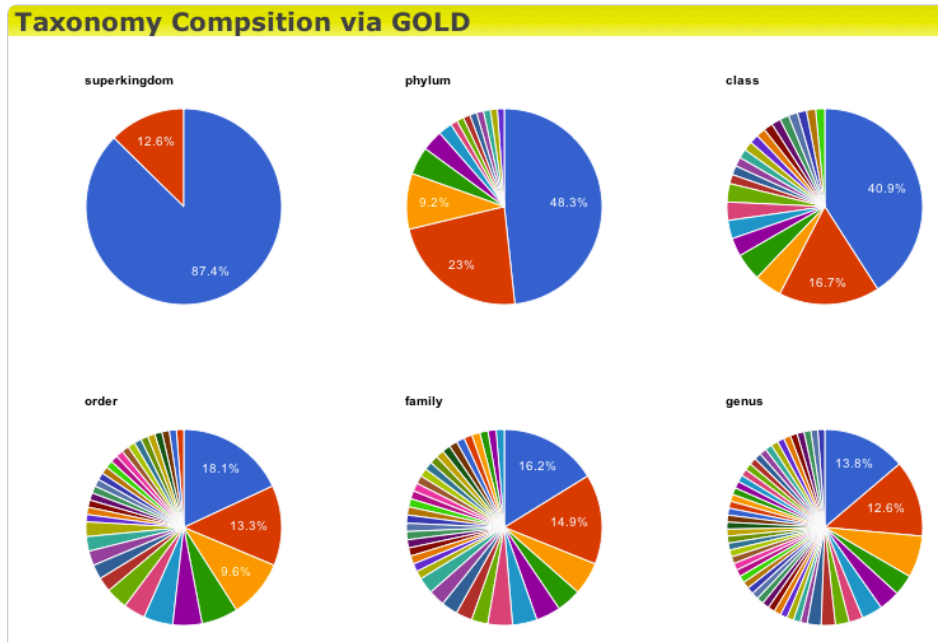
AS 4.1693
ATCC 11009
ATCC 23882
BCRC 11815
CBS 662.68
DSM 40226
ISP 5226
JCM 4229
JCM 4623
KCTC 1742
LMG 5967
NCIMB 9625
NRRL B-1806

Stanzaの例（環境）

- Taxonomic Composition of the Environment from the Metagenome



- Taxonomic Composition of the Environment from the Genome-sequenced Strains

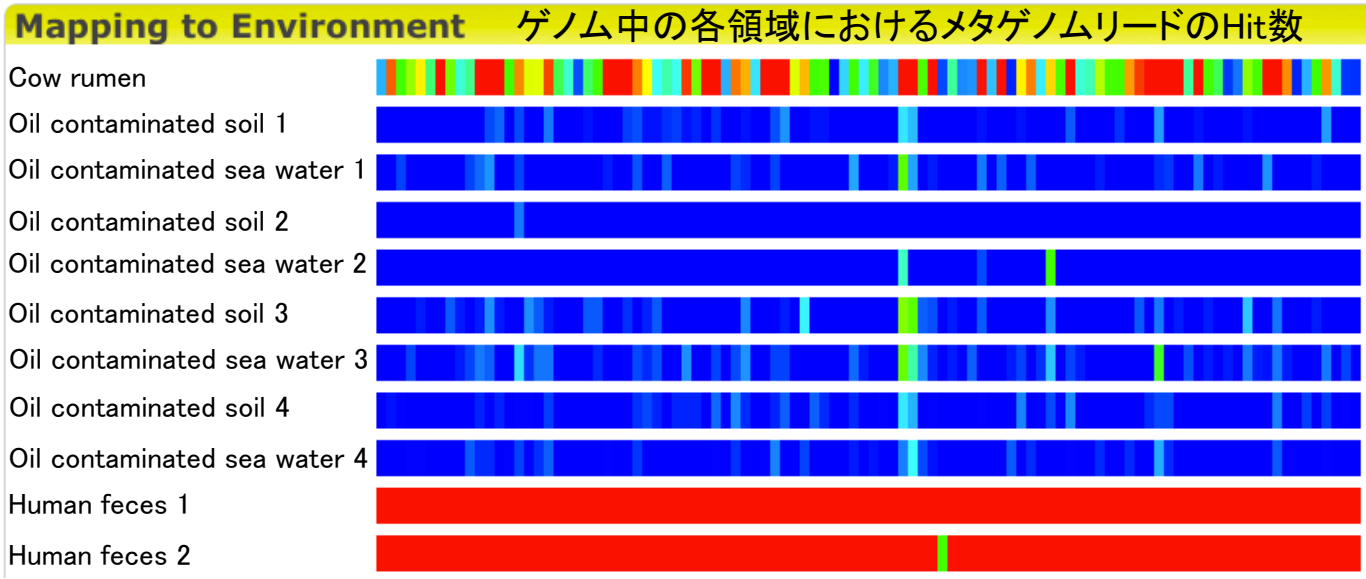


Stanzaの例（環境）

・ Gene Abundance of the Genome from Several Metagenomes

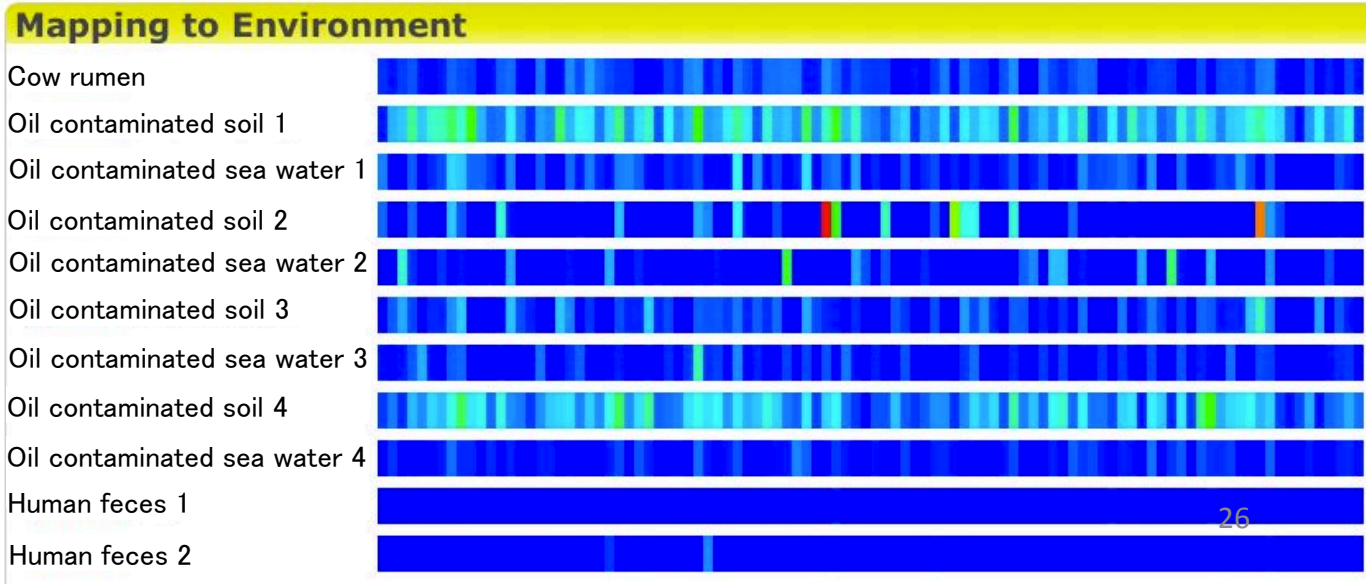
例1: *Bacteroides thetaiotamicron* VPI-5482

ヒト腸内における優占種



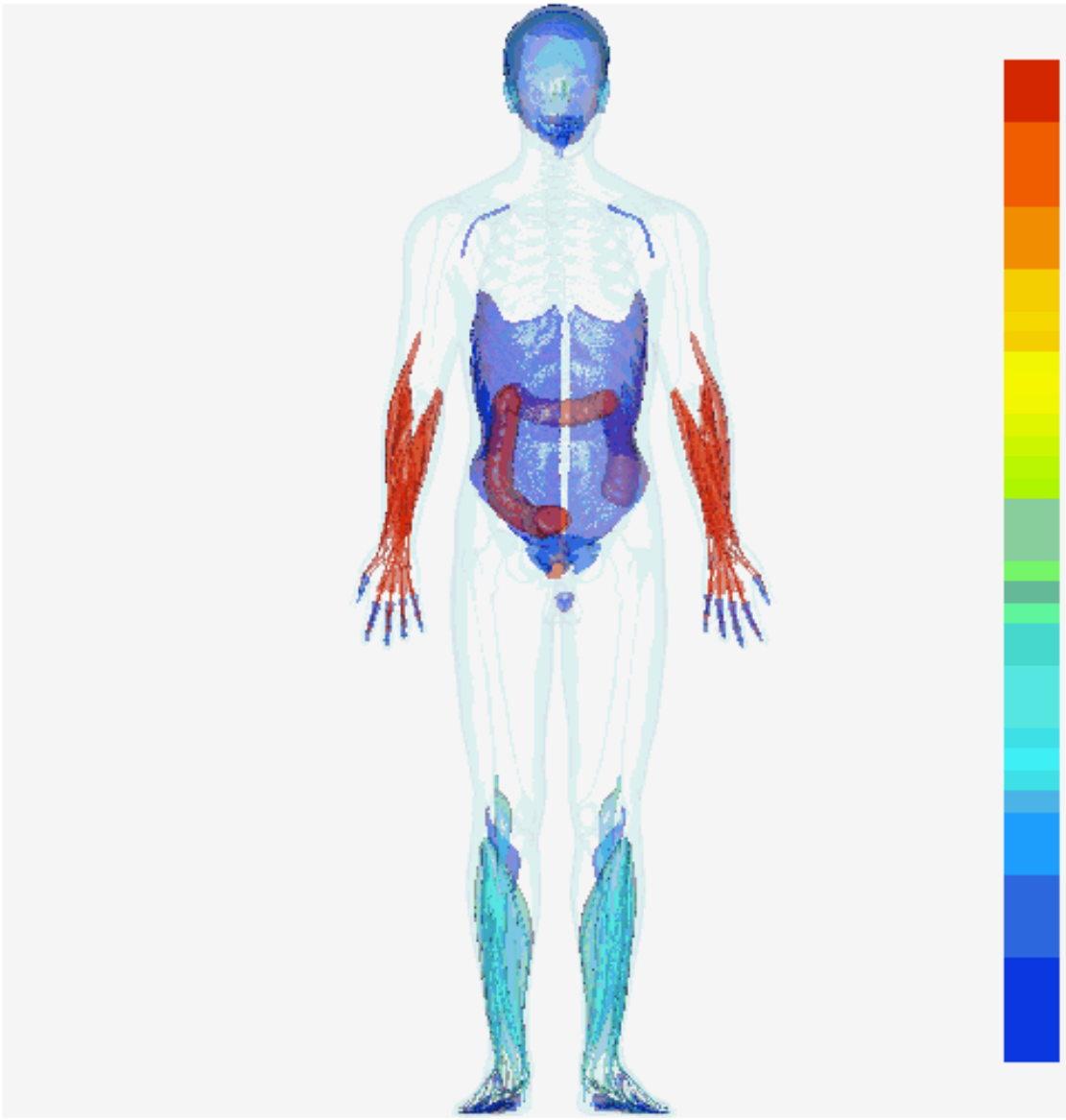
例2: *Burkholderia multivorans* ATCC 17616

芳香族分解関連遺伝子を多数持つ



Stanzaの例（ヒトメタゲノム）

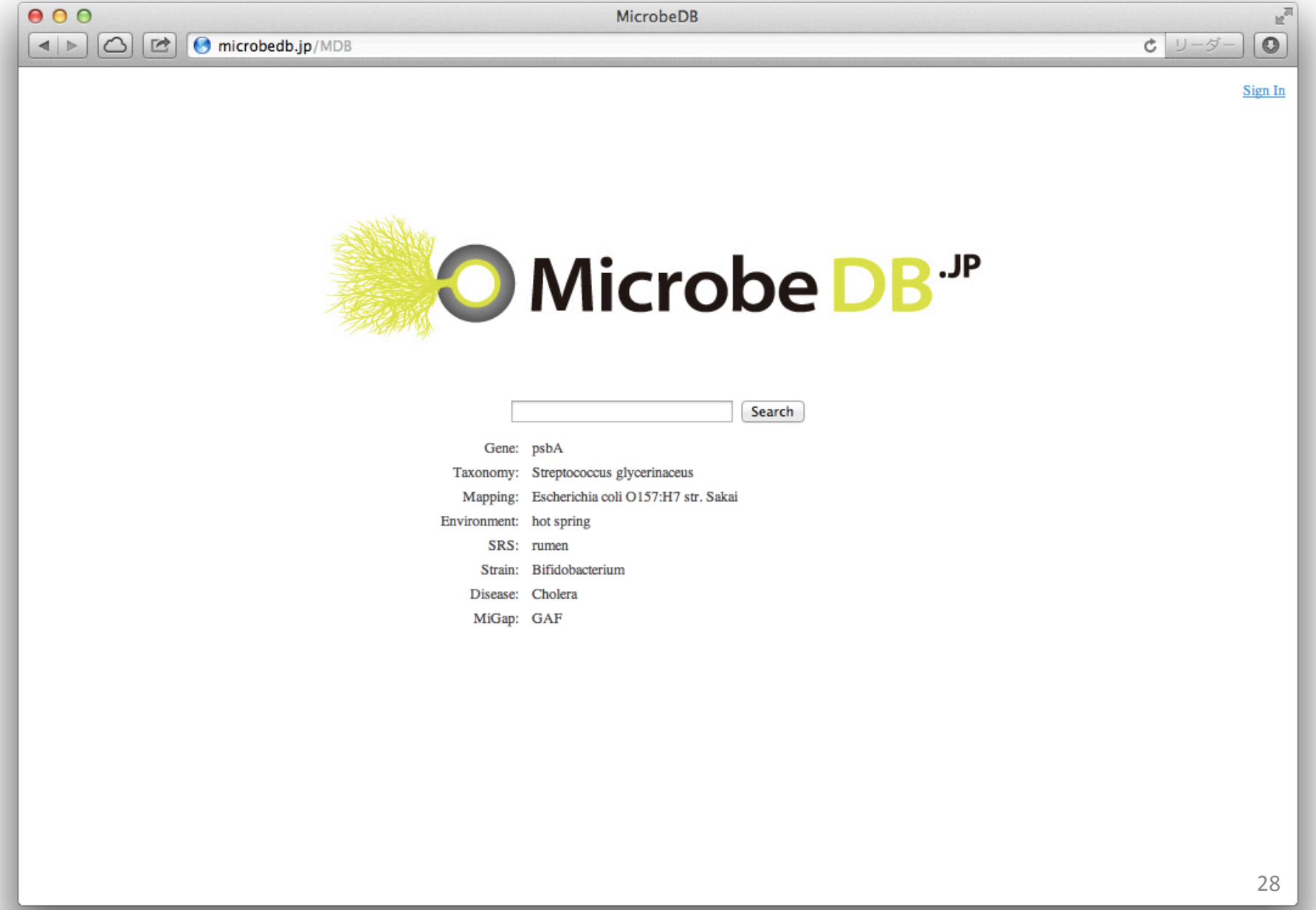
Body Mapping



Anatomy Name	Hit Value
Feces (unvisualized)	0.84051325986689
Milk (unvisualized)	0.585317462682724
Gut	0.362513891694809
Arm	0.110064819613473
Cecum	0.093869656324387
Colon	0.090222145120303
Right external naris	0.045853955671191
Left external naris	0.043376094428822
Leg	0.032520323991776
Ear	0.02869155324353
Nose	0.027815662800968
Portion of mucus (unvisualized)	0.022045172407877
Mucosa (unvisualized)	0.015296295285225
Right popliteal fossa	0.013866629324515
Hair	0.013750255660852
Left palm	0.012587714675729
Canal for right auditory tube	0.01234339691499
Throat	0.011534477907475
External nose	0.009956159861758

reload | Check All | Release All

http://microbedb.jp/



検索ワード: lake

MEO OWL

lake → meo:pond is_a meo:lake

菌株ーMEOマッピングRDF

Strain_A mccv:isolation_source meo:pond → Strain_A

のようなオントロジーを介した推論検索を実行

lake由来のゲノム解読済み株

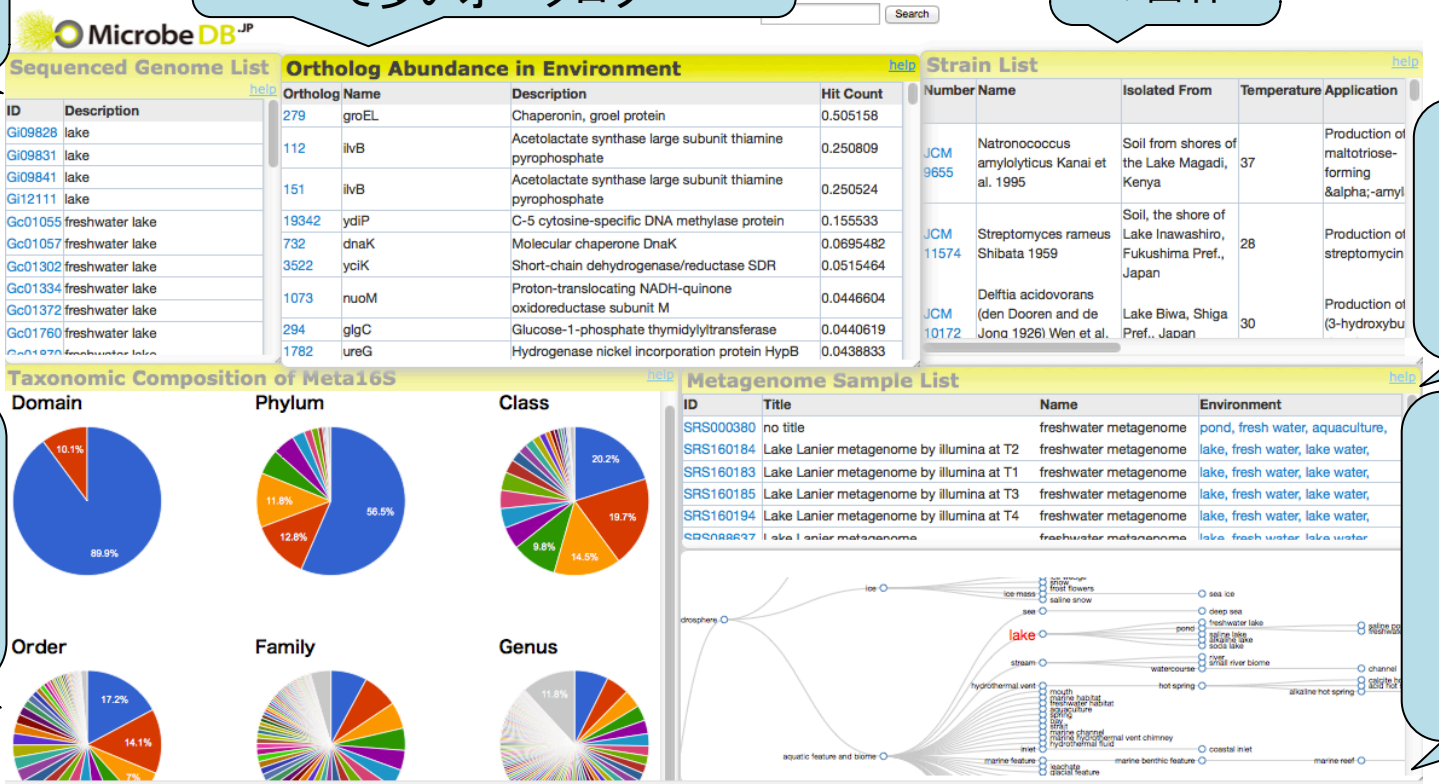
lake由来のメタゲノムサンプルで多いオーソログ

lake由来の菌株

lake由来のメタゲノムサンプル

lake由来のメタ16Sサンプルの平均的な系統組成

lakeと他の語彙のMEO中での位置関係



検索ワード: *Streptococcus pyogenes* MGAS2096（ゲノム解読済みの、病原連鎖球菌）

Microbe DB JP

Definition help

Streptococcus pyogenes MGAS2096

Genome Information help

BioProject:58573

Description	RefSeq	Type	Size	Gene	tRNA	rRNA	Other
Streptococcus pyogenes MGAS2096 chromosome, complete genome.	NC_008023.1	chromosome	1860355	1979	63	18	0

Taxon Hierarchy help

Superkingdom	Bacteria
Phylum	Firmicutes
Class	Bacilli
Order	Lactobacillales
Family	Streptococcaceae
Genus	Streptococcus

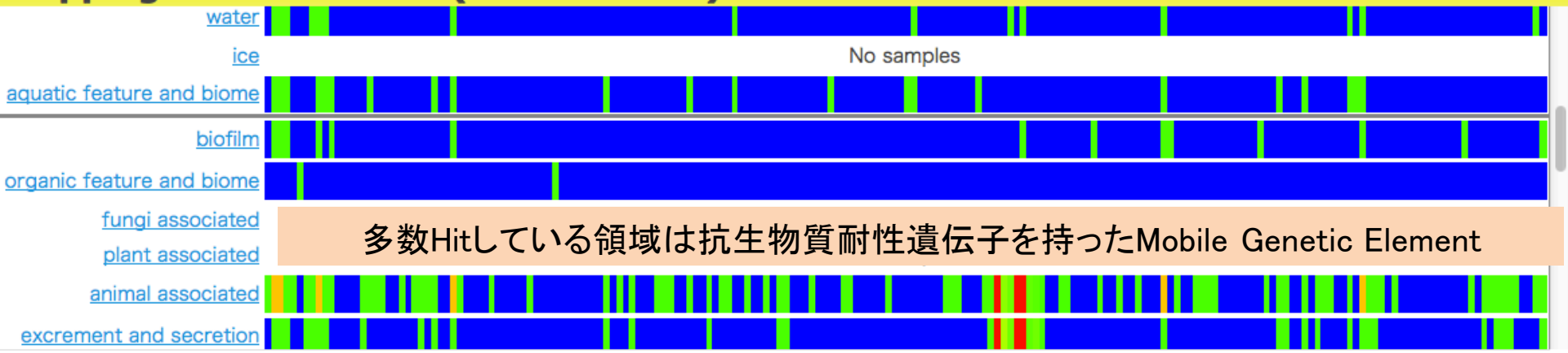
Pathogen Information help

Taxonomy Name	Disease Name	Infectious Type	Strain Type
Streptococcus pyogenes MGAS2096	Glomerulonephritis, Necrotizing fasciitis, Streptococcal toxic shock syndrome, Vulvovaginitis, Scarlet fever, Septicemia		

Phenotype Information help

Cell shape	Coccus
Oxygen requirement	Facultative anaerobe
Temperature	Mesophile

Mapping to Environment(Chromosome) help



多数Hitしている領域は抗生物質耐性遺伝子を持ったMobile Genetic Element

Streptococcus pyogenes MGAS2096株は健常な動物の体には多くは居ないが、ゲノム中の、抗生物質耐性遺伝子を多数持ったMobile Genetic Elementは動物の体内の細菌間で広く飛び回っている？

検索ワード: *Clostridium difficile* 630（ゲノム解読済みの、腸炎の原因菌）

Microbe DB JP

Definition
help

Clostridium difficile 630

Taxon Hierarchy
help

Superkingdom	Bacteria
Phylum	Firmicutes
Class	Clostridia
Order	Clostridiales
Family	Peptostreptococcaceae
Species	[Clostridium] difficile

Genome Information
help

BioProject:57679

Description	RefSeq	Type	Size	Gene	tRNA	rRNA	Other
Clostridium difficile 630, complete genome.	NC_009089.1	chromosome	4290252	4008	87	32	102
Clostridium difficile 630 plasmid pCD630, complete sequence.	NC_008226.1	plasmid	7881	11	0	0	6

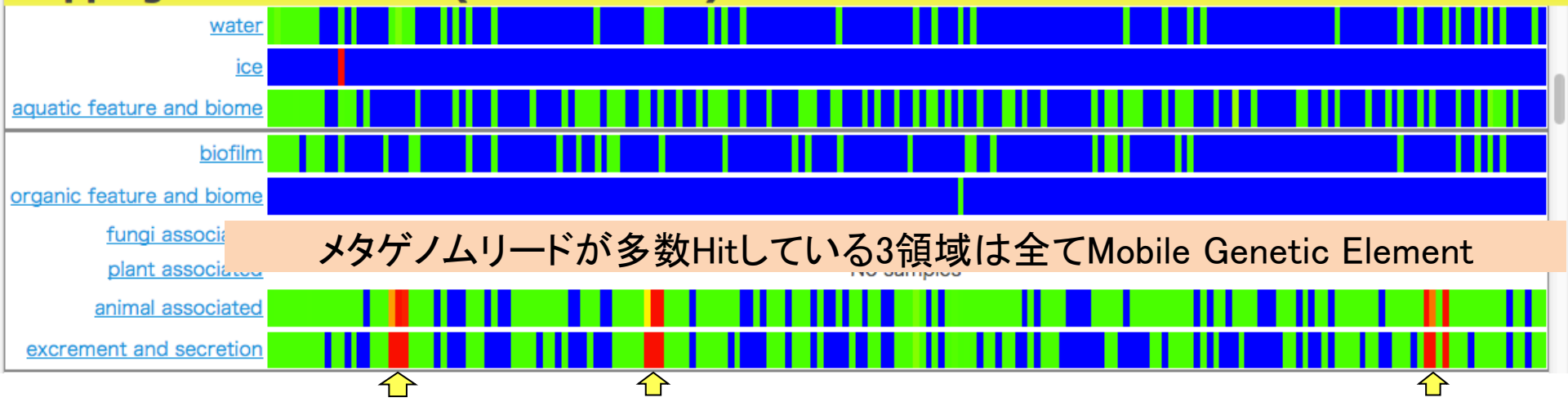
Pathogen Information
help

Taxonomy Name	Disease Name	Infectious Type	Strain Type
Clostridium difficile 630	Colitis, Peritonitis, Diarrhea		

Phenotype Information
help

Cell shape	Rod
Oxygen requirement	Obligate anaerobe
Temperature	Mesophile

Mapping to Environment(Chromosome)
help



メタゲノムリードが多数Hitしている3領域は全てMobile Genetic Element

Clostridium difficile 630株は健常な動物の体には多くは居ないが、
ゲノム中のMobile Genetic Elementは動物の体内の細菌に広く共有されている？

ドラフトゲノム解析への対応

- 新型シーケンサーの浸透により、誰でもゲノム解読が可能となった
- しかしその多くが完成ゲノム配列ではなく、ドラフトゲノム配列
- シングルセルゲノミクス技術も発達し、ドラフトゲノム配列が爆発的に増加している
- ドラフトゲノム配列を公共DBに登録する際、遺伝子アノテーションは不要
- ドラフトゲノム配列の段階で、自動アノテーションを実施し、同時に新たな知識を発見する事が重要

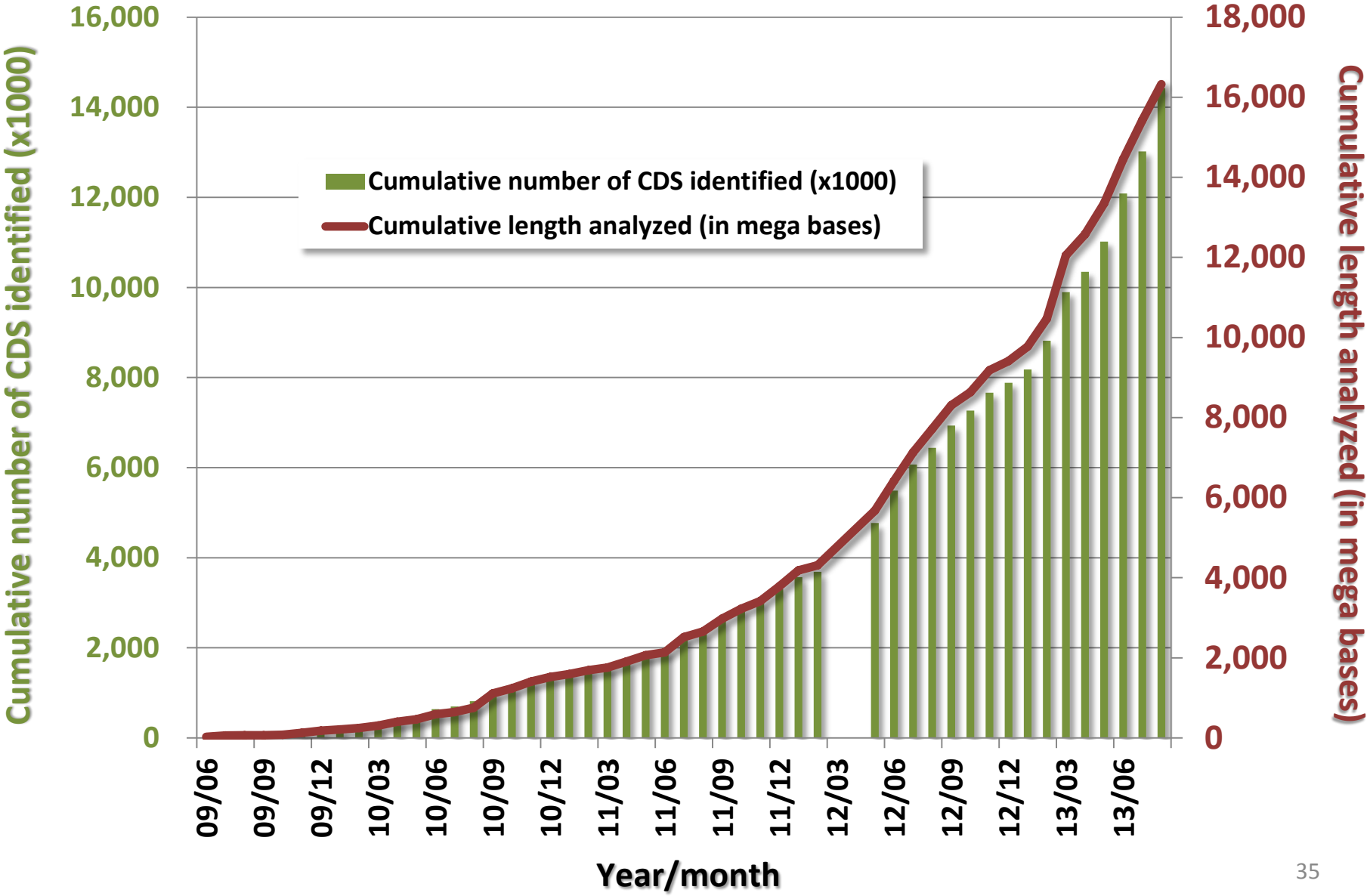
自動アノテーションシステムMiGAPとの連携

微生物ゲノム解析の流れ

www.MiGAP.org

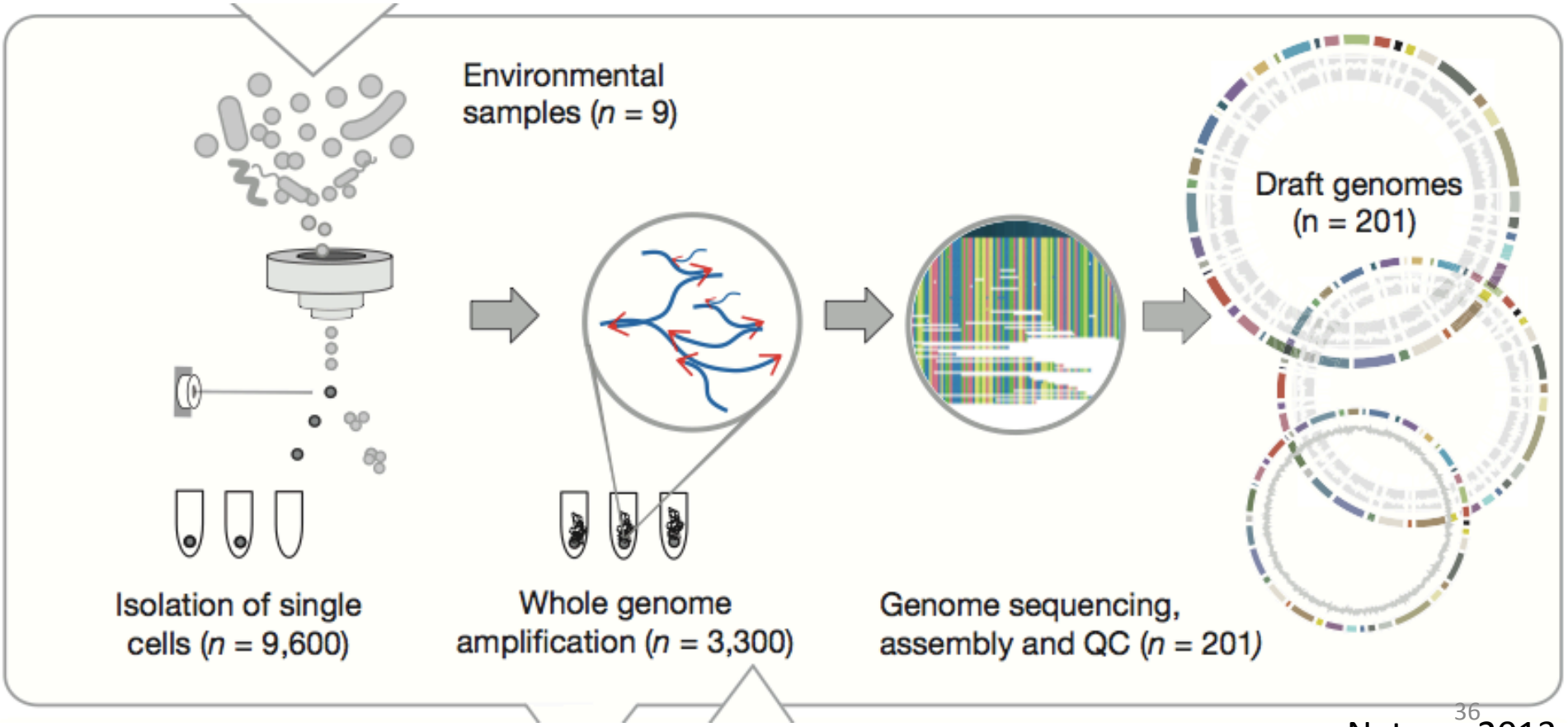
パイプライン
入口

MiGAP利用統計


Cumulative number of CDS identified (x1000)
Cumulative length analyzed (in mega bases)
16,000
14,000
12,000
10,000
8,000
6,000
4,000
2,000
0
18,000
16,000
14,000
12,000
10,000
8,000
6,000
4,000
2,000
0
Cumulative number of CDS identified (x1000)
Cumulative length analyzed (in mega bases)
09/06
09/09
09/12
10/03
10/06
10/09
10/12
11/03
11/06
11/09
11/12
12/03
12/06
12/09
12/12
13/03
13/06
Year/month

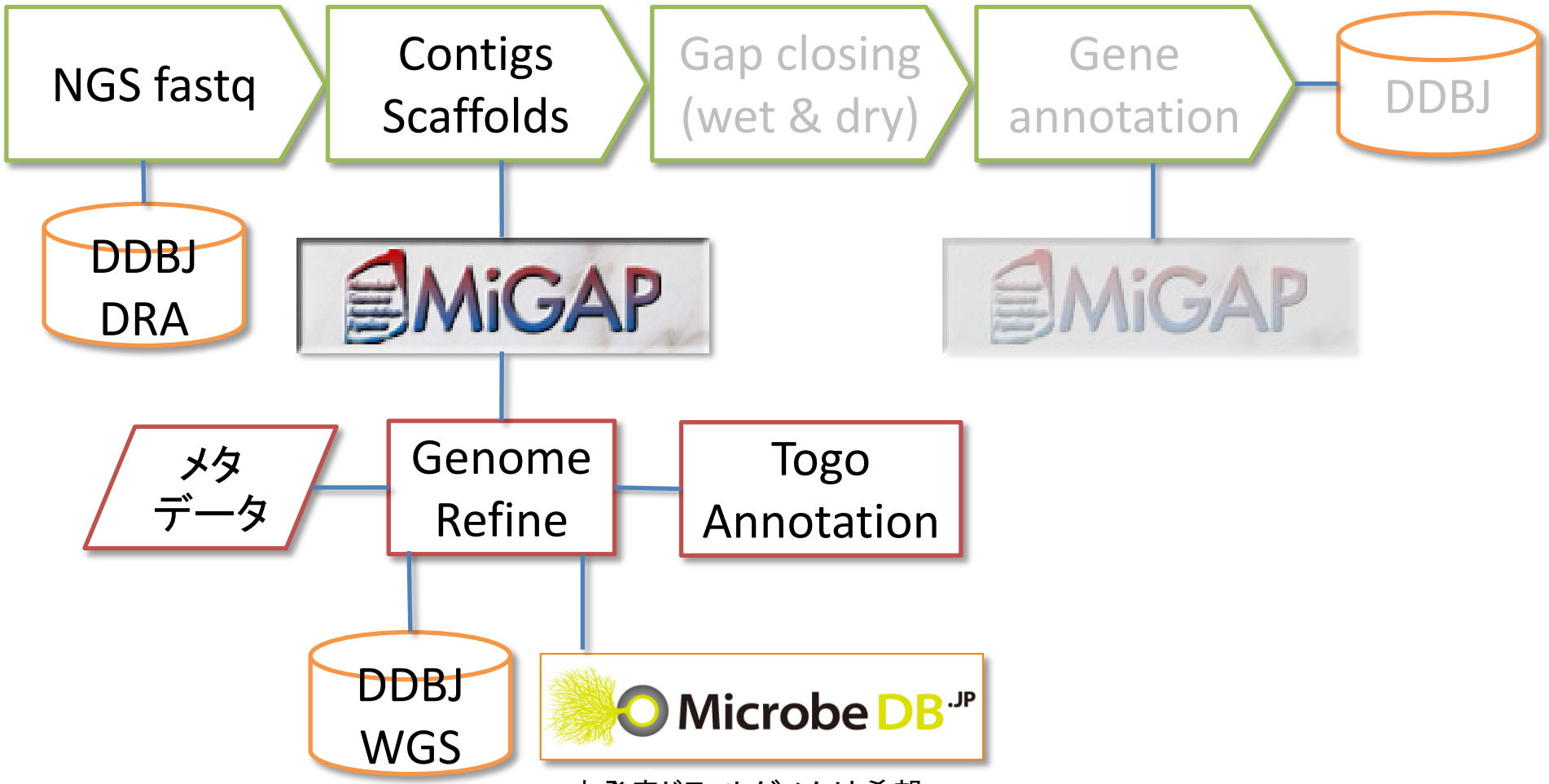
Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter

Christian Rinke[1], Patrick Schwientek[1], Alexander Sczyrba[1,2], Natalia N. Ivanova[1], Iain J. Anderson[1]‡, Jan-Fang Cheng[1], Aaron Darling[3,4], Stephanie Malfatti[1], Brandon K. Swan[5], Esther A. Gies[6], Jeremy A. Dodsworth[7], Brian P. Hedlund[7], George Tsiamis[8], Stefan M. Sievert[9], Wen-Tso Liu[10], Jonathan A. Eisen[3], Steven J. Hallam[6], Nikos C. Kyrpides[1], Ramunas Stepanauskas[5], Edward M. Rubin[1], Philip Hugenholtz[11] & Tanja Woyke[1]



Nature, 2013

ドラフトゲノム解析

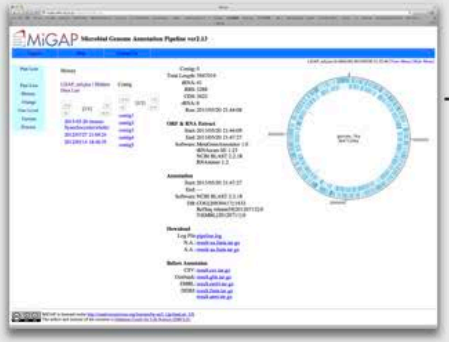


未発表ドラフトゲノムは希望
によりアクセスコントロール

Genome Refineを介したサービス連携

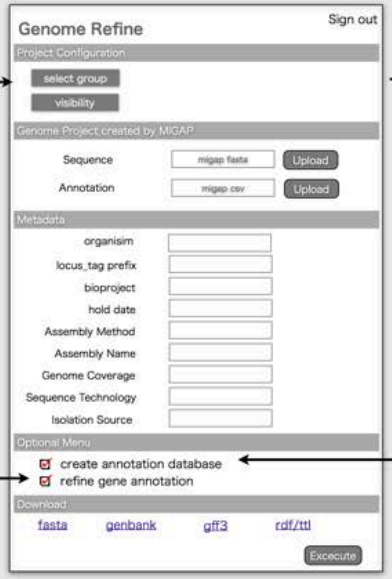
MiGAP

微生物ゲノム解析において定評あるデータベースと定評あるアルゴリズムを組み合わせたアノテーション実行パイプライン



fasta,csvを入力

Genome Refine



未公開genome RDFのデータ共有

isolation_sourceに基づく比較解析

MicrobeDB.jp

微生物に関する多種多様な情報を遺伝子・系統・環境の3つの軸に沿って整理統合し，セマンティックWeb技術を利用して単一の検索ウィンドウからそれらの情報を検索可能な統合DB

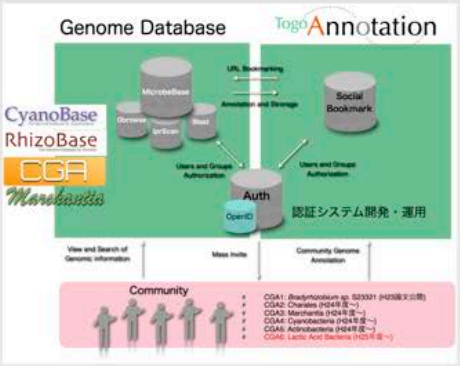
TogoAnnotator

自動機能アノテーションの高精度化

テキストマイニング技術を用いて遺伝子産物名称のアノテーション高精度化ツール。NITE標準アノテーション辞書を利用。

データベースおよびアノテーション環境の提供

ゲノムアノテーション編集環境



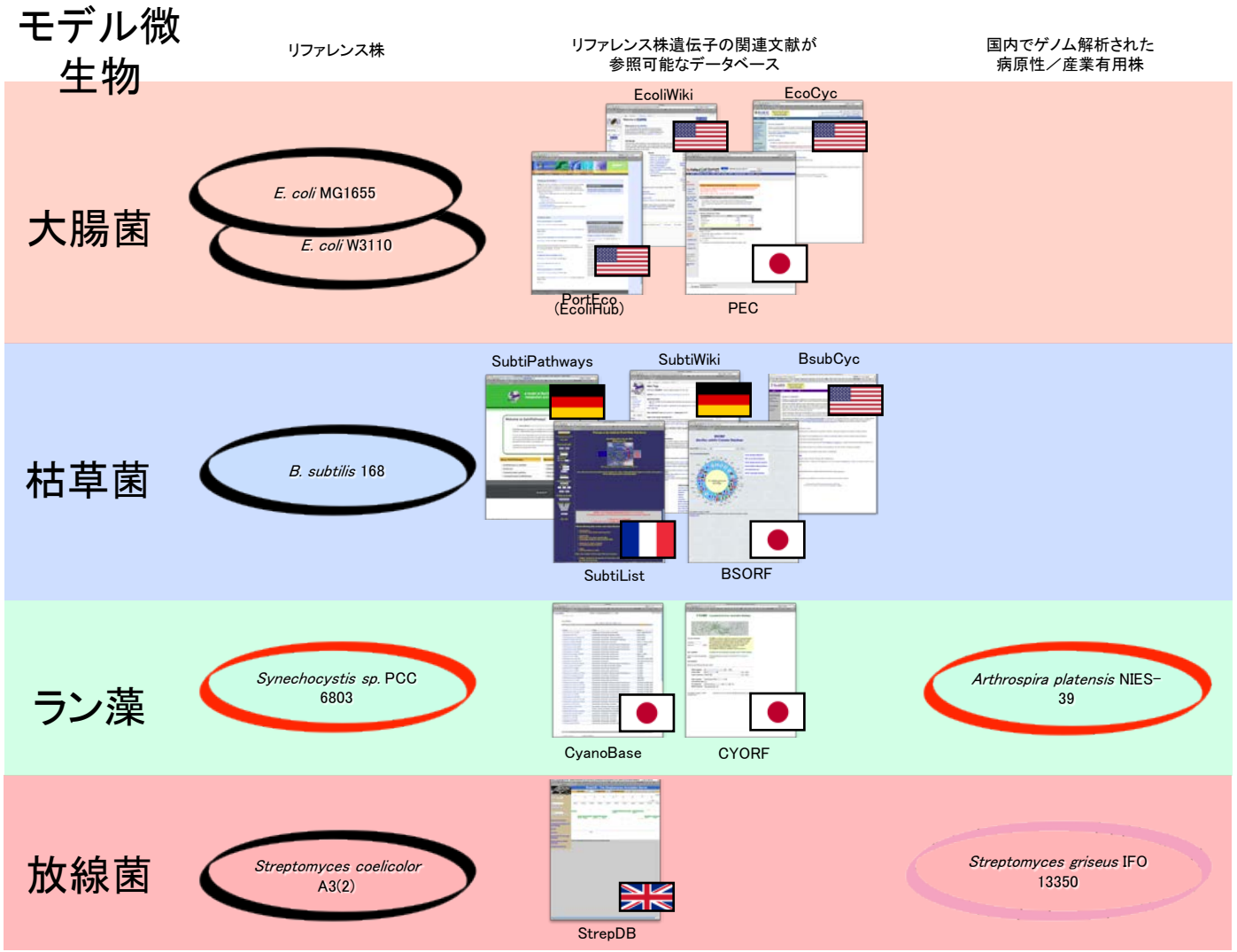
CyanoBaseで用いられているゲノムDBとソーシャルブックマークの仕組みでアノテーションを行なうTogoAnnotationを組み合わせて、コミュニティゲノムアノテーション環境を提供。DDBJ登録、データベース公開等のゲノムアノテーション支援も実施。

モデル微生物アノテーション高度化

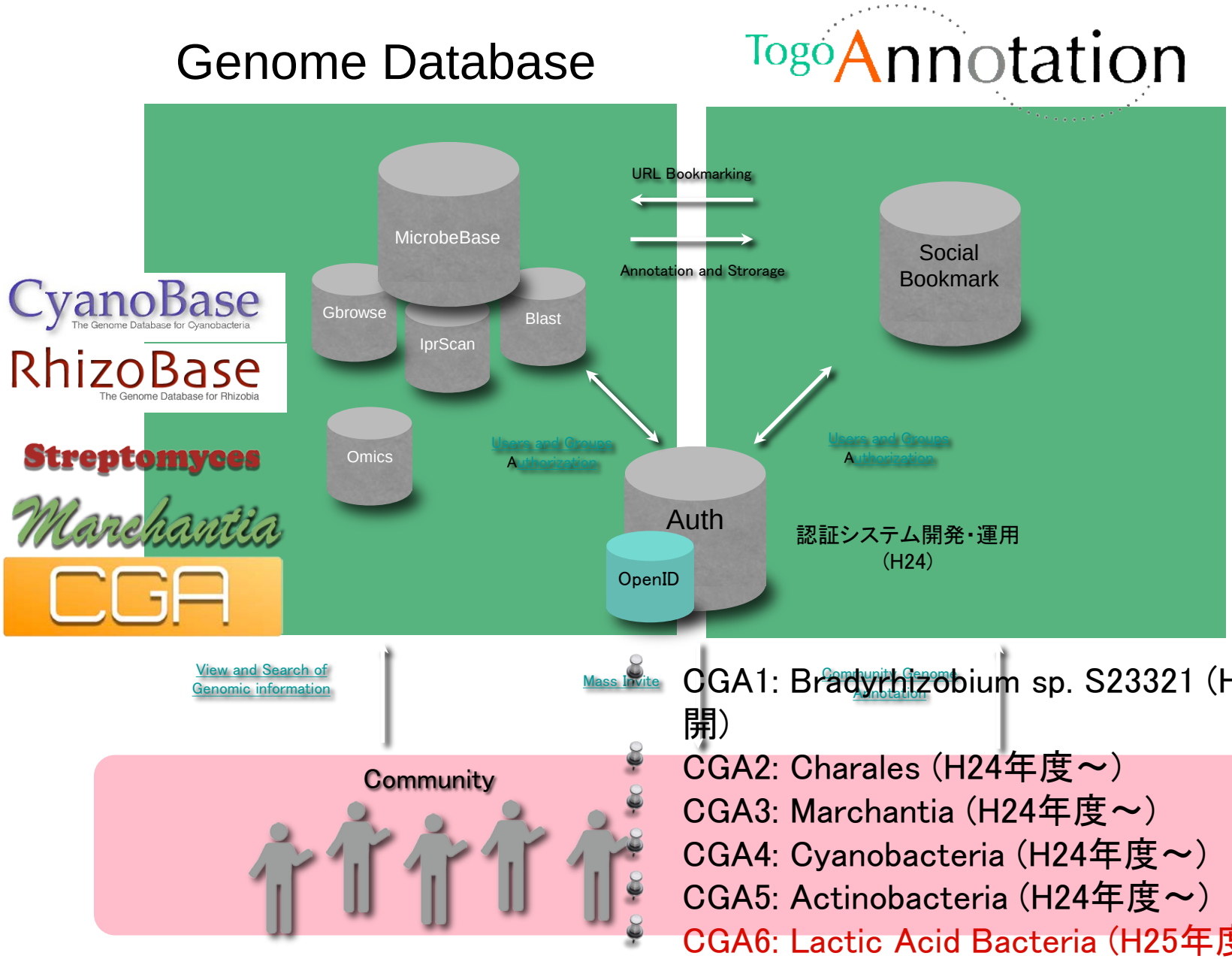
- 研究者コミュニティの規模が大きく、多数の研究成果が期待できるモデル微生物をターゲットとする
- 日々更新されるデータを文献情報から収集するとともに、研究者およびキュレータによる高度アノテーションをデータに付加
- 得られた高度なアノテーション情報をMicrobeDB.jpと統合するため、オミックス情報など全情報をRDF化

TogoAnnotationシステムの開発

文献情報に基づくモデル微生物ゲノムデータベースの現状



ゲノムアノテーションプラットフォームによる研究コミュニティー連携・支援



CGA1: Bradyrhizobium sp. S23321 (H23論文公開)
CGA2: Charales (H24年度～)
CGA3: Marchantia (H24年度～)
CGA4: Cyanobacteria (H24年度～)
CGA5: Actinobacteria (H24年度～)
CGA6: Lactic Acid Bacteria (H25年度～)

モデル微生物遺伝子の文献リファレンス集積

Phylum	Organism	Literatures	Annotations	Annotated genes	Total genes
cyanobacteria	*Synechocystis sp.* PCC 6803	2346	80204	3064	3725
	Anabaena sp. PCC 7120	959	29154	2754	6223
	Synechococcus elongatus PCC 7942	815	17060	794	2715
	Thermosynechococcus elongatus BP-1	270	6768	2528	2528
	Synechococcus sp. PCC 7002	264	3999	265	3235
	Nostoc punctiforme ATCC 29133	151	3349	768	6794
	Chlorobium tepidum TLS	143	5532	751	2310
	Anabaena variabilis ATCC 29413	119	1731	258	5724
	Prochlorococcus marinus MED4	64	2155	390	1756
	Gloeobacter violaceus PCC 7421	52	5600	4483	4484
	Prochlorococcus marinus MIT9313	44	919	248	2326
	Prochlorococcus marinus SS120	37	539	135	1928
	Arthrospira platensis NIES-39	9	787	260	6676
	Trichodesmium erythraeum IMS101	5	22	14	4498
	Synechococcus sp. WH8102	5	38	22	2579
	Synechococcus elongatus PCC 6301	2	5	2	2580
actinobacteria	*Streptomyces coelicolor* A3(2)	161	1185	18703	8300
	Streptomyces griseus NBRC 13350	116	311	12970	7224

2013.08.31現在

シアノバクテリア 5,285 papers, 放線菌 277 papers

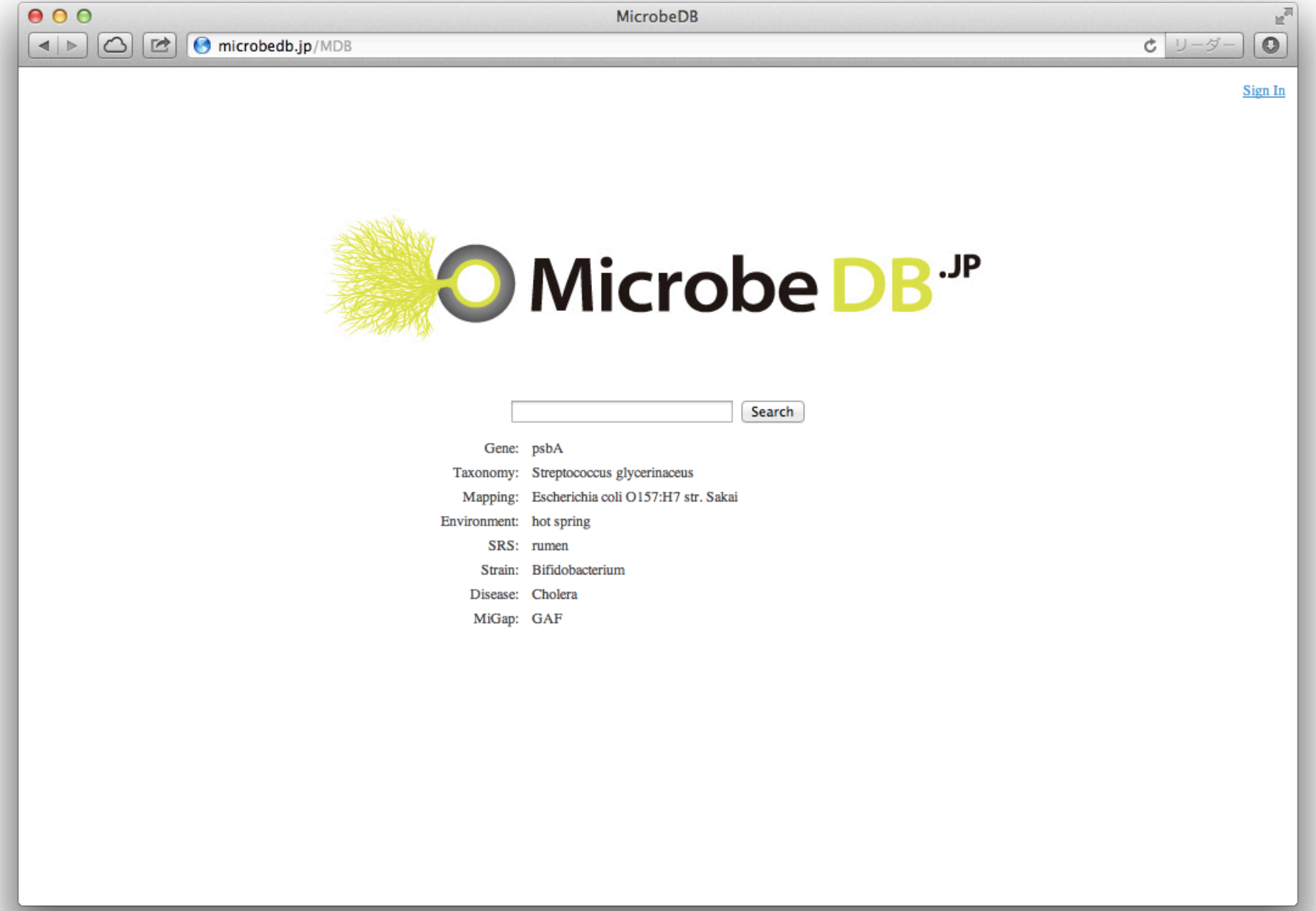
モデル微生物ゲノム情報と
オミックスデータのRDFによる統合

シアノバクテリアの例

Data type	The number of resource	RDF
genome project	39	○
gene	138896	○
publication	5285	*
operon*	86	○
protein complex*	68	○
protein-protein interaction	3054	○

* RDF data model is under development

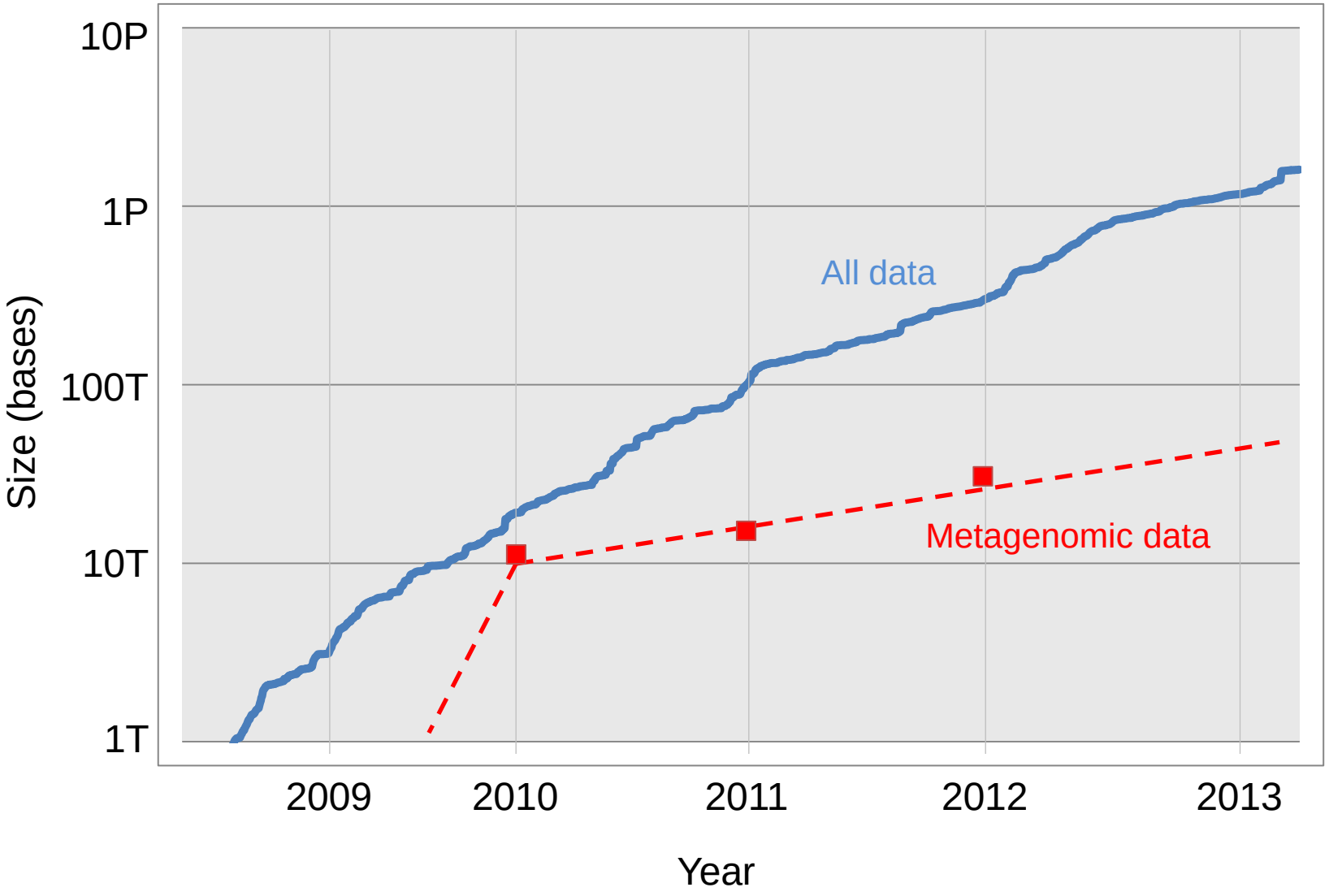
http://microbedb.jp/



MicrobeDB.jpの国際化

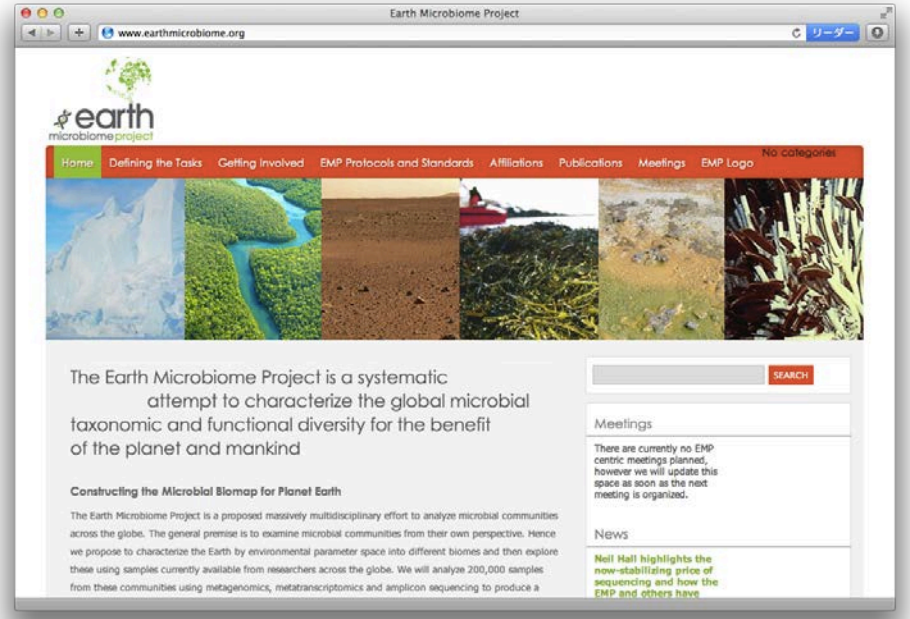
- International Council for Science (ICSU) Committee on the Data for Science and Technology (CODATA) Task Group on Advancing Informatics for Microbiology (TG-AIM)
  - 微生物情報の標準化にむけて
- GBIF(DarwinCore) およびGenomic Standards Consoritum (GSC) (MIxS)
  - 共同でオントロジーを設計
- WFCC-MIRCEN World Data Center for Microorganisms (WDCM)
  - Global Catalogue of Microorganismsにおいてオントロジーの採用を検討中
- Microbial Resrouce Research Infrastructure (MIRRI@EU)
  - 用語の標準化/オントロジー開発にむけて議論
- Quest for Ortholog MTG
  - オーソログの標準形式開発においてRDFを検討

NCBI SRA DataBase Growth



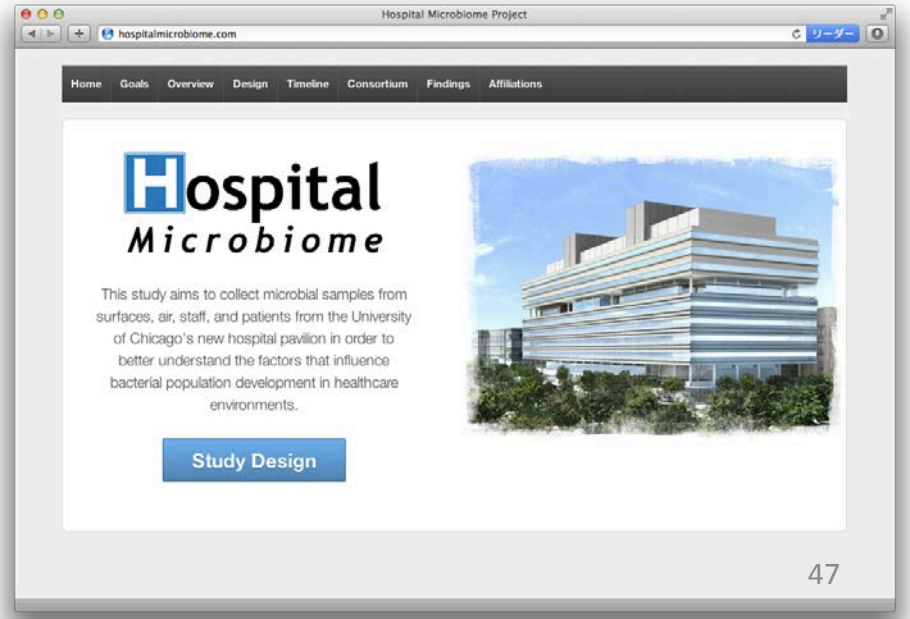
Marine Phage Sequencing Project

Earth Microbiome Project



Home Microbiome Study

Hospital Microbiome Project



MicrobeDB.jpの今後の展開

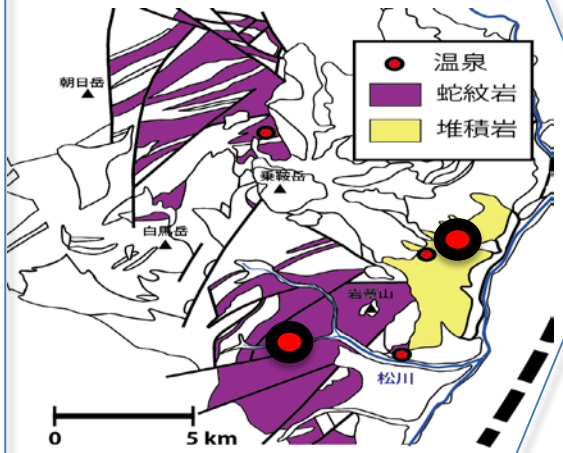
- 上位生物データの統合化（藻類、菌類 etc.）
  - Hologenomicsの到来に備える必要性
- より高度な環境データとの連携の模索（地質学データ、地球化学データ、リモートセンシングデータ etc.）
  - 各分野のオンロジーとの連携

Global COE program
Earths
Tokyo Tech／Univ.Tokyo

EARTH-LIFE
SCIENCE
INSTITUTE

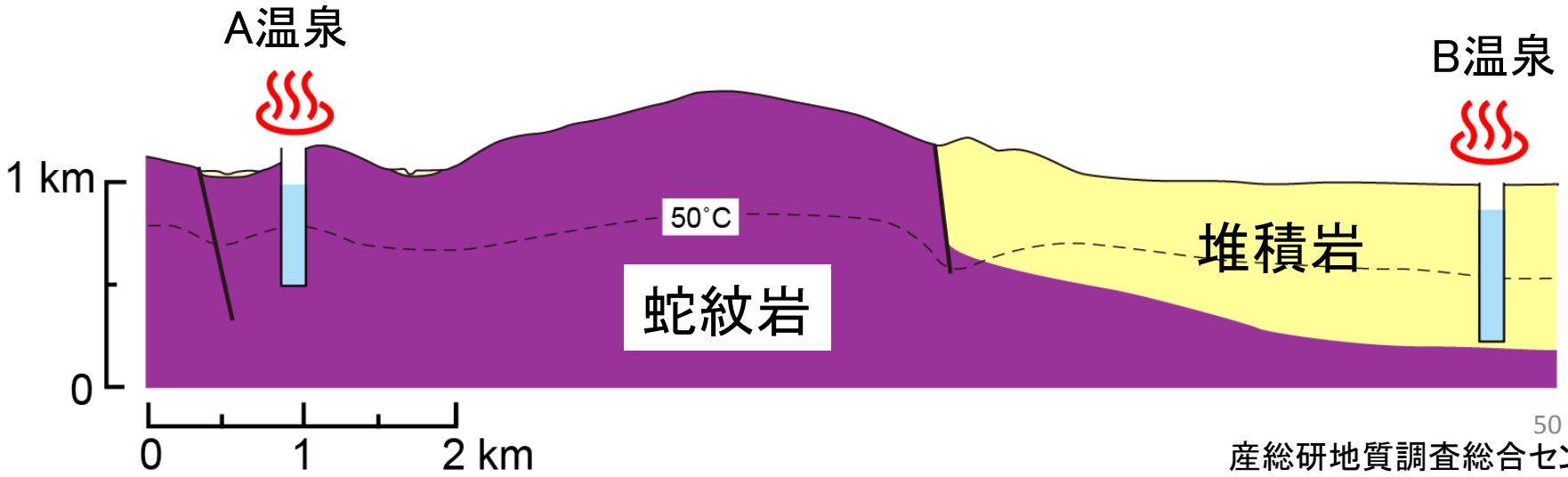
蛇紋岩体を貫く熱水環境

Geological survey

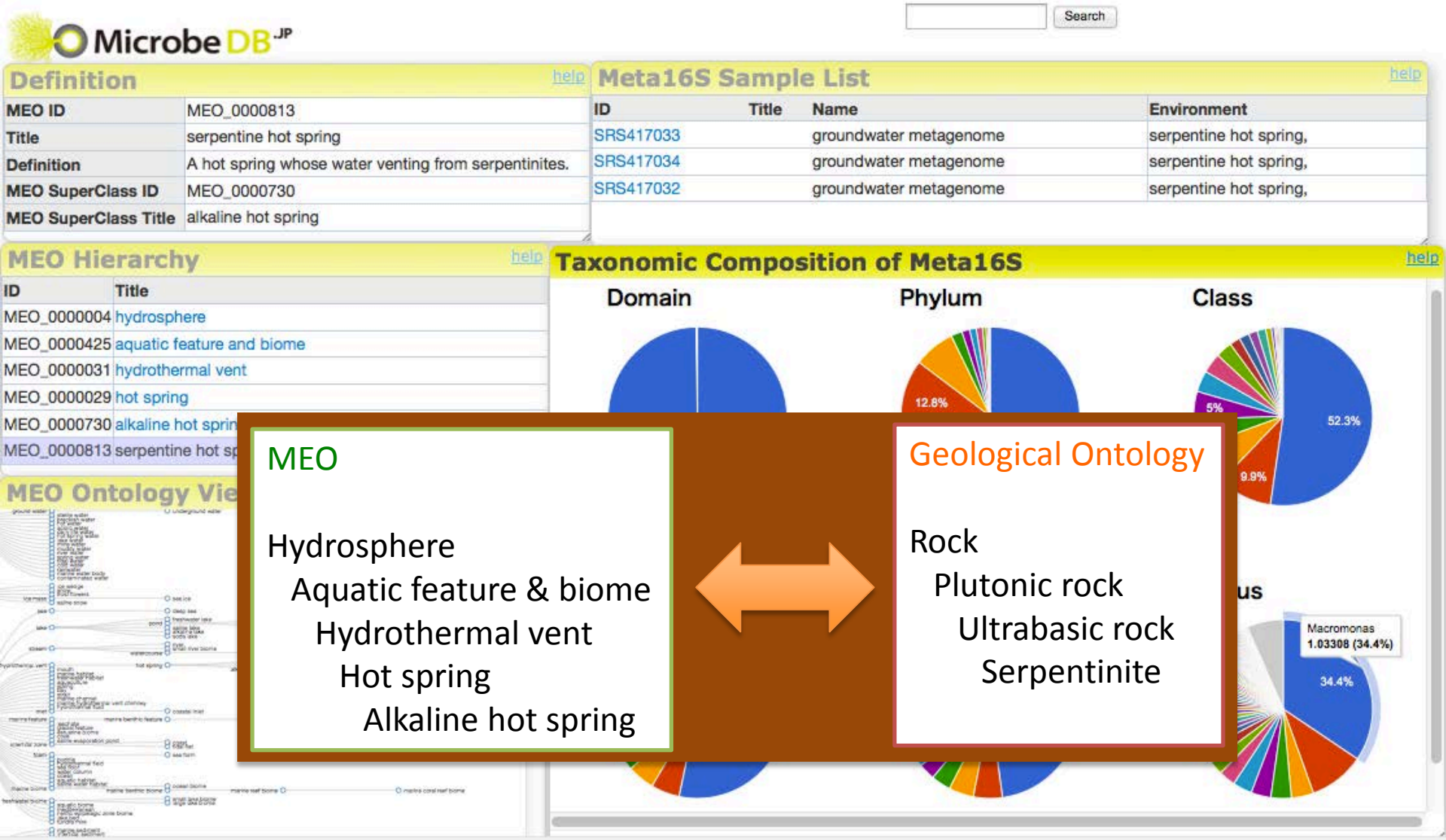


Sample collection
Env. measurements

Metagenomic sequencing by NGS



検索ワード: serpentine (蛇紋岩)



蛇紋岩熱水由来の細菌群集の系統組成等の情報が容易に得られる

MicrobeDB.jpの今後の展開

- 上位生物データの統合化（藻類、菌類 etc.）
  - Hologenomicsの到来に備える必要性
- より高度な環境データとの連携の模索（地質学データ、地球化学データ、リモートセンシングデータ etc.）
  - 各分野のオンロジーとの連携
- ビッグデータ次世代基盤技術開発との連携
  - 次世代基盤開発に至適な課題

謝辞

- NBRC、JCM
- 日本微生物資源学会、日本ゲノム微生物学会、日本微生物生態学会、日本農芸化学会、日本細菌学会
- DBCLS、豊田フェノームG


Microbe DB .JP

参考資料

3年間の活動実績

内部開発会議	30 回
SPARQLthon	12 回
BioHackathon(国内版含む)	4 回
学会等でのブース出展	7 回
国内学会発表	23回
国際学会発表	5 回

Role of microorganisms in the evolution of animals and plants: the hologenome theory of evolution

Ilana Zilber-Rosenberg[1] & Eugene Rosenberg[2]

[1]Teaching at the Open University of Israel, Raanana, Israel; and [2]Department of Molecular Microbiology and Biotechnology, Tel Aviv University, Ramat Aviv, Israel

FEMS Microbial Rev, 2008

Hologenomics & Hologenome Sequencing Applications

Hologenome[$] , [*Holo* Greek, from *holos*, whole;] a term borrowed from evolutionary biology is defined as the sum of the genetic information of an organism, or in rather words, the organism and its microbiota. The Hologenome thus signifies a mixed population of genomes. Hologenomics deals with the genomics of a hologenome of mixed populations of genomes, as in the case of interacting populations in host-pathogen and commensals. Hologenome differs from the widely popular term Metagenome, which involves the study of communities of microbes directly in their natural environments.

The availability of next-generation sequencing (NGS) technology has enabled the scale and ease of addressing biological questions on a genomics perspective. The throughput of sequencing enables deep sequencing of nucleic acids, adequate to provide for enough reads of the pathogen, even while the interference of the host genetic material is very high. Metagenomics has been one of the major applications of NGS technology for understanding the composition and dynamics of mixed population of organisms.

Publications

Application of Hologenome Sequencing in Microbiology

Patowary A, Chauhan RK, Singh M, Shamsudheen KV, Periwal V, Kushwaha KP, Sapkal GN, Bondre VP, Gore MM, Sivasubbu S and Scaria V

De novo identification of viral pathogens from cell culture hologenomes

*BMC Research Notes 2012, **5**:1*

http://vinodscaria.rnabiology.org/hologenomics-hologenome-sequencing-applications