

独立行政法人科学技術振興機構
バイオインフォマティクス推進センター事業
追跡評価用資料
(追跡調査報告書)

生命情報データベースの高度化・標準化
(第Ⅰ期)

「ゲノム生物学バックボーンデータベースの構築提供」
(平成 13 年 6 月～平成 18 年 3 月)

代表研究者 菅原 秀明
(国立遺伝学研究所 データベース運用開発研究室 特任教授)

目次

目次	1
はじめに	2
1. 課題の研究成果	3
1.1. 研究開発終了時の成果概要	3
1.2. 研究開発開始時の課題を取り巻く研究・技術水準および分野における課題の位置 づけ	4
1.3. 研究開発課題の目標及び新規性・独創性	5
1.4. 研究開発の達成度	5
2. その後の研究の発展状況	6
2.1. BIRD 終了から現在まで、BIRD で取り組まれた課題に関連した研究の継続状況や 発展状況（国内外の研究者との共同研究へ発展した等）	6
2.2. BIRD 終了後に出た新たな研究成果	6
2.3. 研究開発成果の現在の国際的な評価・位置づけ	6
3. 研究開発成果の波及効果	7
3.1. ライフサイエンス分野へ及ぼした影響（インパクト）	7
3.2. 後のバイオインフォマティクス研究への影響や効果	7
3.3. 想定していなかった分野の発展に与えた影響や貢献	7
3.4. 大学や公的研究機関等で応用に向けて継承あるいは発展した例	8
3.5. 企業等において応用・実用化に取り組んでいる事例、あるいは研究の成果に興味 を持っている企業の有無	8
3.6. その他、社会的、経済的な効果・効用につながる兆し、可能性	8
4. データベース・ソフトウェア等の利用状況	8
4.1. 構築されたデータベースや開発された技術等の活用状況	8
4.2. データベース・ソフトウェア等へのアクセス数／ダウンロード数、visitor 数 ...	10
4.3. データベースや公開サイトへの被リンクサイト数あるいは相互リンクサイト	12
4.4. 第三者による研究成果（データベース等を含む）の活用事例	13
5. 人材育成	15
5.1. 研究人材の養成における貢献（人材のキャリアアップ、活動状況等）	15
5.2. 研究開発に参加した研究者のバイオインフォマティクス分野の学会、国際会議等 での座長、オーガナイザー経験	15
6. その他	16
6.1. 代表研究者からのコメント	16
6.1.1. 研究開発段階で苦労したこと、その困難をどう克服したか	16
6.1.2. BIRD があったおかげで可能であったこと	16
6.2. 有識者コメント	17

はじめに

科学技術振興機構では平成13年度にバイオインフォマティクス推進センター（JST-BIRD）を設置し、統括（勝木元也 自然科学研究機構 基礎生物学研究所 名誉教授）の指導のもと、バイオインフォマティクスの研究開発を支援し、またこれに携わる人材の育成活動を推進することで、バイオインフォマティクスの発展及びそれを基盤とした21世紀の新しい生物科学の創造を目指している。

JST-BIRD では生命情報科学に不可欠で生命情報科学の高度化に資するデータベースの高度化・標準化（データ整備を含む）を対象とした研究開発を行うため、「生命情報データベースの高度化・標準化課題（第Ⅰ期）」として4課題を採択した。これら研究開発課題は平成18年3月に終了したが、構築されたデータベースの機能、開発された技術等、活用状況、波及効果を検証するため追跡調査を実施した。

1. 課題の研究成果

1.1. 研究開発終了時の成果概要

【高品位データベース】

(OASYS によるアノテーション)

OASYS(<http://althea.ddbj.nig.ac.jp/index.jsp>)は、計算機のオペレーティングシステムの linux を代表とするオープン・ソフトウェアの開発過程をモデルとして、INSD の公開エントリーに第 3 者によるアノテーションを付与・集積していくという概念でありシステムであった。本研究開発課題の初年度にあたる平成 13 年度の INSD 国際実務者会議と国際諮問委員会で、米国 NCBI から Third Party Annotation(TPA)が提案され、TPA は OASYS とは異なり独自の実験と論文発表を受付の必要条件としていたが、OASYS は第 3 者アノテーション導入という点で国際動向と同調した構想となった。

OASYS の具体システムとしては、DDBJ サーバーと対話型で実行する Web 版と、ネットワークの状況の如何にかかわらず実行可能なポータブル版を開発したが、システムの検証のために、DDBJ に登録された微生物ゲノム配列データを再評価するプロジェクトである Gene Trek in Prokaryote Space(GTPS)も立ち上げて、そこでの実証実験の結果をフィードバックしながら開発を進めた。また、システム開発の過程で XML 技術と Web サービス技術を利用したが、DDBJ の既存のデータベースの Web サービス化と相乗効果があった。

GTPS としては、2003 年版 124 株、2004 年版 184 株そして 2005 年版 303 株と微生物ゲノム上の全ての Open Reading Frame (ORF) を再評価して、信頼性が高くかつ新規の ORF 候補も同定することができた。また、GTPS から派生して、比較ゲノム解析のためのパッケージ G-InforBIO(<http://www.wdcm.org/inforbio/G-InforBIO/download.html>)も開発した。

(GTOP によるアノテーション)

参照データベースの更新作業を大幅に簡素化し、全ゲノム配列を対象とするタンパク質の立体構造予測、ファミリー分類、機能モチーフ部位予測等を、4 ヶ月ごとに実施することが可能になった。平成 18 年 2 月時点では、真核生物 50、古細菌 21、真正細菌 203、ファージ 172 の合計 446 種の GTOP 解析結果をデータベースとして公開(<http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop.html>)している。GTOP 解析の過程で、ORF の産物が立体構造をとりうる可能性を判定することができ、その結果 ORF の再評価を行うことにより GTOP 解析とそのグラフィック表示を活用して、選択的スプラインシング、偽遺伝子、好熱性・好塩性タンパク質の特徴、進化系統解析ならびに構造ドメインの構成について新たな知見を得ることができた。

【四次元データベース】

(MADB による遺伝子発現情報データベースの構築)

個々の遺伝子の発現情報をマイクロアレイ技術によって大量に取得できるようになったが、実験条件の影響が大きいと、異なる研究室由来の遺伝子発現情報を比較することが困難であった。この解を目指して発足した Microarray Gene Expression Data (MGED) グループは平成 14 年に MGED Society (<http://www.mged.org/>) に発展した。MADB グループはこの一連の活動に積極的に参加し、その間に整備されてきたデータ形式の標準 (MGED フォーマット) に準拠して Center for Information Biology gene Expression database (CIBEX(<http://cibex.nig.ac.jp/index.jsp>)) を設計・開発し、EBI の ArrayExpress ならびに NCBI の GEO と共同して遺伝子発現情報の国際共同データバンクを形成しつつある。具体的には、発現情報の信頼度の指標を開発して情報のデータベースの質の向上を図り、欧米の 2 バンクとのデータ交換のツールも XML 技術を応用してすでに用意した。国内では、データバンクへのデータ登録を促進するために、学術誌の協力を獲得しつつある。さらに、マイクロアレイ由来に限らず EST や SAGE 由来の遺伝子発現情報にも対応し、高度な解析へと移行できるように次項の BSD との相互運用性を実現した。

(BSD による遺伝子発現情報の高度利用)

遺伝子発現情報を空間的な広がりと時間的な広がりの中で解析できるプラットフォームとして BSD(http://bsd.genes.nig.ac.jp/bsd_web/Top.jsp)を開発した。対象は、cDNA マイクロアレイ、DNA チップ、SAGE、EST ならびに in situ ハイブリダイゼーション由来の情報である。このプラットフォームによって、特定の組織で発現する遺伝子や、複数の組織で共通に発現する遺伝子を探索して、その発現情報を 3 次元で表現した生物の形状データに重ねて表示することができ、また、3 次元グラフィック上で発生と分化の段階を追った発現の変化も追うことができる。したがって、BSD によってどの遺伝子がいつ、どこで発現しているのかということを利用者は直感的に理解することが可能であり、BSD は遺伝子間の相互作用とネットワークを理解していくための有力な手段の一つになるであろう。また、BSD には MGED フォーマットのデータや CIBEX からデータを読み込ませることができるので、BSD に登録されている発現情報と BSD の利用者独自の発現情報を比較解析することも可能である。

1.2. 研究開発開始時の課題を取り巻く研究・技術水準および分野における課題の位置づけ

1987 年 7 月、日本 DNA データバンク (DDBJ) は自ら収集していた塩基配列データの提供を開始した。1992 年 1 月には、米国の National Center for Biotechnology Information (NCBI) ならびに欧州の European Bioinformatics Institute (EBI) とデータ交換した国際塩基配列データベース (International Nucleotide Sequence Databases (INSD)) の提供を開始した。それから 2005 年 12 月までに、DDBJ 由来デー

タが INSD に占める割合は、塩基数で 3% から 12% へ、登録件数（エントリー数）で 2% から 17% へと増加して、EBI と肩を並べるところまでに至った。

一方その間 1990 年代後半から徐々に、INSD の遺伝子配列などの既登録データが新規ゲノム配列のアノテーションに利用され、その成果がまた INSD に登録されるというスパイラルが成長し始めた。すなわち INSD はゲノム生物学のバックボーンデータベースとしての色彩を強めてきた。

こうした背景の中で、DDBJ はデータ品質に関する問題点の指摘を受けるようになり、また、INSD のような国際公共データベースが存在していなかった遺伝子発現データへの対応が求められるようにもなった。このため、代表研究者らは、データの品質を高めた高品位データベースと、遺伝子発現データの蓄積から利用までに対応する四次元データベースの概念を提唱した。

1.3. 研究開発課題の目標及び新規性・独創性

高品位データベースとして具体には、データバンクやコミュニティーの知見を幅広く集約することを目指した Open Annotation SYStem（OASYS）の開発と、ゲノム配列からタンパク質産物の構造を予測する Genes TO Proteins（GTOP）の拡充によるゲノム配列のアノテーションの再評価を目指した。

四次元データベースとして具体には、遺伝子発現情報の登録・査定・蓄積・公開さらに空間的・時間的比較解析を可能にする MicroArray expression DataBase（MADB）と Bio-Simulated Database（BSD）の開発と提供を目指した。

将来、これらの高品位データベースならびに四次元データベースと、オリジナルの塩基配列、アミノ酸配列、タンパク質立体構造、パスウェアなどを対象とするバイオ・データベースとの連携が、ゲノム生物学を活かした支える情報環境として発展していくものと想定した。

1.4. 研究開発の達成度

高品位データベースと四次元データベースという概念を、OASYS、GTOP、CIBEX および BSD として具体化した。

OASYS は、DDBJ から入手可能な微生物ゲノム配列データを再解析して ORF の確からしさを情報として付加したデータベース GTPS に到達した。また、新規のゲノム配列に対して比較ゲノム解析によるアノテーションを支援する道具である G-InforBIO の開発へと広がった。加えて、GTOP 解析によって、ORF の信頼性評価に加えて ORF の構造やタンパク質の立体構造について新たな知見を得ることができた。

MADB は CIBEX として、遺伝子発現データを対象とする論文投稿の際に、GEO または ArrayExpress と並んでそのデータを登録すべきデータベースとして位置づけられた。また、データの時間変化と生体の中の位置による相違の解析を支援する BSD を実現した。

さらに、4 データベースに KEGG と PDB を加えた情報資源の統合検索システムを構築した。また、本研究開発課題で培った XML 技術と Web サービス技術は、DDBJ のデータサービスの質の向上をもたらした。

2. その後の研究の発展状況

2.1. BIRD 終了から現在まで、BIRD で取り組まれた課題に関連した研究の継続状況や発展状況（国内外の研究者との共同研究へ発展した等）

Web サービス技術は Web API for Biology (WABI) として、JST BIRD 事業第 2 期受託事業において研究開発を継続し、国内外の関連活動と連携を深めた。例えば、ライフサイエンス統合データベースセンター主催のワークショップに参加し、KEGG ならびに PDBj と共同で 3 か所が提供するサービスを組み合わせた新たなワークフローを構築した。GTOP は国立遺伝学研究所における DDBJ の運営費で更新を継続している。平成 20 年度には GTOP データ更新用の PC クラスタを、ORF 再評価のためのワークフローの一環として JST BIRD 第 2 期で導入し、増え続けるゲノム解析由来の ORF に対応する環境を整えた。GTOP はまた、平成 19 年度から開始されたターゲットタンパク研究プログラムの情報プラットフォームにおいて、その要素データベースの一つとして利用されている。

CIBEX も国立遺伝学研究所における DDBJ の運営費によって運用は継続しているが、遺伝子発現解析の新しい実験技術に応ずる開発への対応は難しい状況である。BSD については、科学研究費（病態のシステムの理解と疾患情報モデルの構築）で開発を継続している。

2.2. BIRD 終了後に出た新たな研究成果

現状調査票データ（論文リスト）参照

2.3. 研究開発成果の現在の国際的な評価・位置づけ

GTPS は、大腸菌ゲノムアノテーションの国際ワークショップにおける ORF 再評価に貢献し GTPS で予測した新規 ORF が 1 件ではあるが認められた。WABI と GTOP は海外から

も利用され、WABI は、Web サービスの先導的研究開発を行ってきた BioMoby や MyGRID プロジェクトにも取り込まれている。CIBEX は ArrayExpress および GEO とともに、遺伝子発現データの国際的レポジトリとして機能している。BSD を応用したホヤデータベースは、ホヤ発生段階のデータアーカイブとして活用されている。

3. 研究開発成果の波及効果

3.1. ライフサイエンス分野へ及ぼした影響（インパクト）

OASYS は国際アノテーションワークショップにて、ORF の再評価に貢献し、GTPS が予測した新規 ORF が採用された。GTOP による ORF の再評価と産物の構造の観点からの分析は独自性が高い。MADB は、遺伝子発現情報の国際公共データベース形成に貢献している。BSD は遺伝子発現情報解析に新たなプラットフォームを提供した。WABI は、主要なバイオ情報資源で Web サービスが急速に広がってきたことと相俟って、DDBJ にとって多様なバイオデータベースの統合に貢献する道を拓いた。

高品位データベースは、そのデータの確からしさを明示することによって、ゲノム生物学に限らず塩基配列データベースを利用するあらゆるバイオ研究に依って足るべき軸を与え、緻密な研究計画を効率よく立てることに貢献するものと期待できる。四次元データベースを目指した CIBEX は遺伝子発現情報のアーカイブの一翼を担うに至り、BSD は異種分散したバイオ情報資源の統合利用への貢献を期待できる。

3.2. 後のバイオインフォマティクス研究への影響や効果

国内機関においてもデータベースや解析ソフトウェアを Web ブラウザー経由の提供に加えて、コンピュータプログラムから直接利用可能な Web サービスとしても提供することが標準になりつつある。

3.3. 想定していなかった分野の発展に与えた影響や貢献

OASYS の提案時では想定していなかった Web サービスの国内における普及に影響を与えたと思われる。

3.4. 大学や公的研究機関等で応用に向けて継承あるいは発展した例

Web サービスは WABI として継続されるとともに PDBj、KEGG など国内機関で広範に導入されライフサイエンス統合データベースプロジェクトにおいても統合実現のための主要な課題の一つとして取り上げられている。

GTPS についてもその知見がライフサイエンス統合データベースプロジェクトにおける微生物ゲノム自動アノテーションシステム Microbial Genome Annotation Pipeline(MiGAP)の研究開発に活かされている。なお、MiGAP は、新世代シーケンサによって爆発的に決定されるであろうゲノム配列のアノテーション支援を目的としている。

GTOP は、ターゲットタンパク研究プログラムにおいてアミノ酸配列に対するオンデマンド自動アノテーションシステムに対しても応用されている。

BSD は、FABA (Four-dimensional Ascidian Body Atlas)へと応用され、FABA を介して BIRD の研究課題「ホヤプロテイン統合データベースの構築」に貢献している。

3.5. 企業等において応用・実用化に取り組んでいる事例、あるいは研究の成果に興味を持っている企業の有無

DDBJ が提供する機能全てに共通であるが、JST BIRD 第 1 期で構築したサービスは民間企業のドメインからも利用がある。

3.6. その他、社会的、経済的な効果・効用につながる兆し、可能性

Web サービスは民間からも利用されているが、より活用されるためには、セキュリティと長期的な運用に対する信頼感の確立が必要である。

4. データベース・ソフトウェア等の利用状況

4.1. 構築されたデータベースや開発された技術等の活用状況

1. OASYS:微生物ゲノム再アノテーションデータベース GTPS は平成 15 年度から毎年度更新し、Web サービスについては現在 JST BIRD 事業第 2 期受託事業における主要課題 WABI として拡充している。

2. GTOP : 更新を継続して現在 621 種のゲノム配列全 ORF の解析結果をデータベースとして提供中
3. CIBEX : 遺伝子発現データに基づいて論文を出版する場合に、そのデータを ArrayExpress、GEO または CIBEX に登録することになっている (Nature (April 25, 2002))。このため、CIBEX は遺伝子発現データの登録データベースとしても機能している。例えば、Hirakata らの論文 (Bioinformatics 23: 2934-2941, 2007) には、CIBEX にデータを登録して登録番号を取得したことが明記されている。2008 年 10 月現在、CIBEX には 1,984,534 の遺伝子と 2,195 種のハイブリダイゼーションの結果が蓄積されている。
4. BSD : ホヤの遺伝子発現データベースに適用し、一部ノウハウをゲノムネットワークプロジェクトのプラットフォームに応用した。
5. BIRD で開発したデータベースに KEGG と PDBj を加えた横断検索の機能は、DDBJ における All-round Retrieval of Sequence and Annotation (ARSA)による塩基配列、アミノ酸配列、タンパク構造データベースおよびパスウエーデータベース 20 種類の横断検索システムへと発展した。

これらの JST BIRD 事業の成果、DDBJ 事業ならびに他プロジェクトの関連を図 1 にとりまとめた。

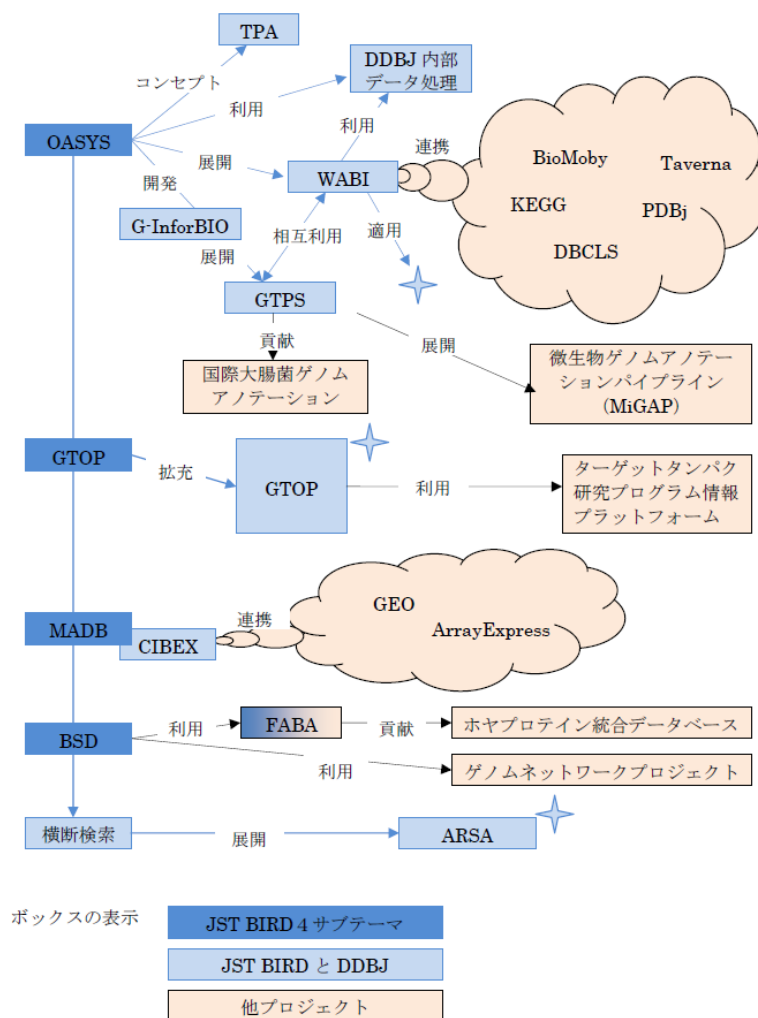


図1 JST BIRD 事業の成果、DDBJ 事業ならびに他プロジェクトの関連

4.2. データベース・ソフトウェア等へのアクセス数／ダウンロード数、visitor 数

1. WABI の年間利用件数

ロボットと開発者によるアクセスを除いたメソッド月当たり利用件数を紹介する。全期間の月平均が 36 万件であるが、稀ではあるが、1 機関から 1 日のうちに 100 万件以上のアクセス集中が発生するため、毎月の利用件数は激しく変動する（図 2）。

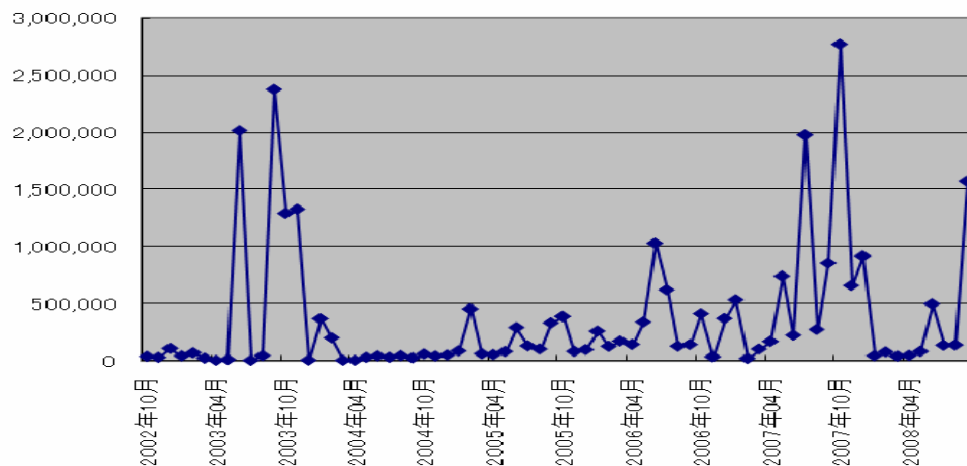


図2 WABI 利用件数の月変動

アクセス元のドメイン分布を全期間でまとめると **ac.jp** からが4分の3程度を占めて、それに **go.jp** と **co.jp** からを加えた国内アクセスが圧倒的に多いが、**com.sg**, **ac.uk**, **edu.au** など海外からも利用されている（図3）。

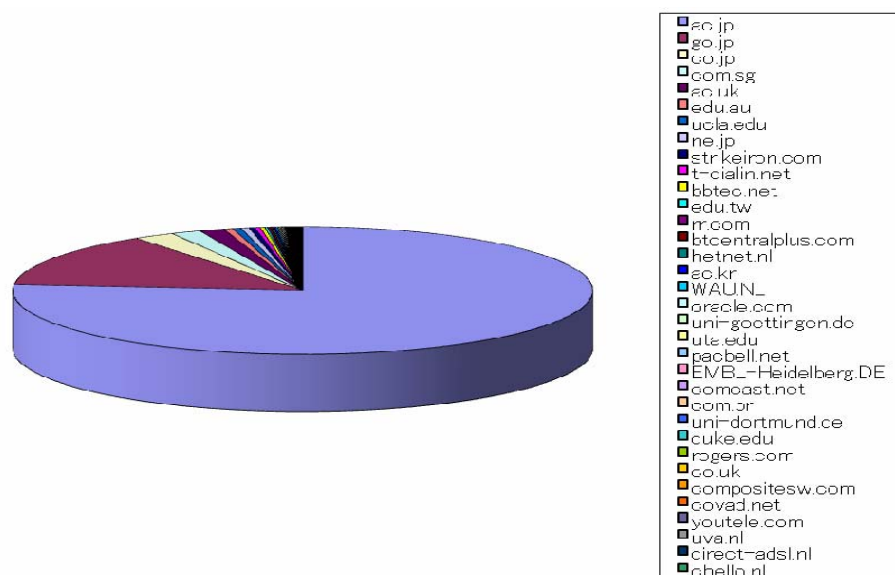


図3 アクセス元ドメインの内訳

2. GTOP のアクセス数

ロボットによるヒットと開発者によるアクセスを除いた年間利用件数を紹介する。グラフの空白部分は、サーバ移行のためログを取得できなかった期間にあたる（図4）。

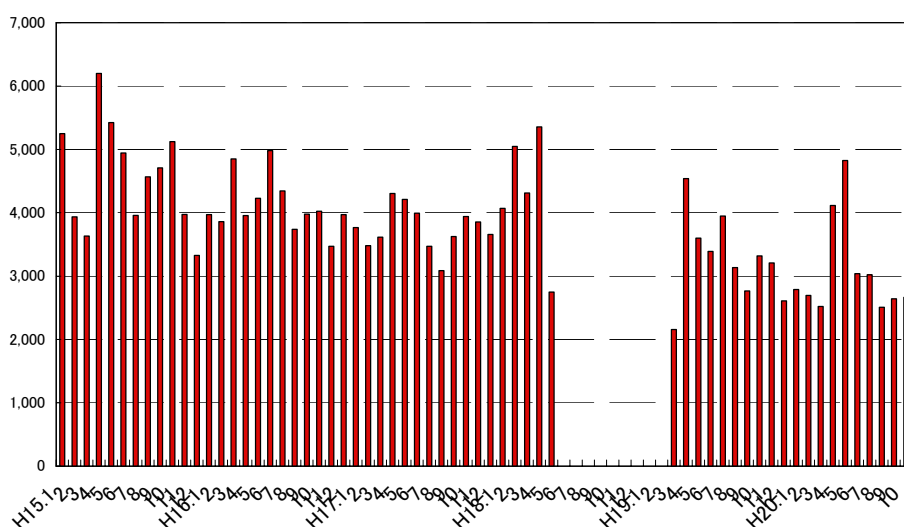


図4 GTOP 利用件数の月変動

3. CIBEX へ登録件数

登録ハイブリダイゼーションの件数（図5）。遺伝子数は2008年10月時点で1,984,534件累積

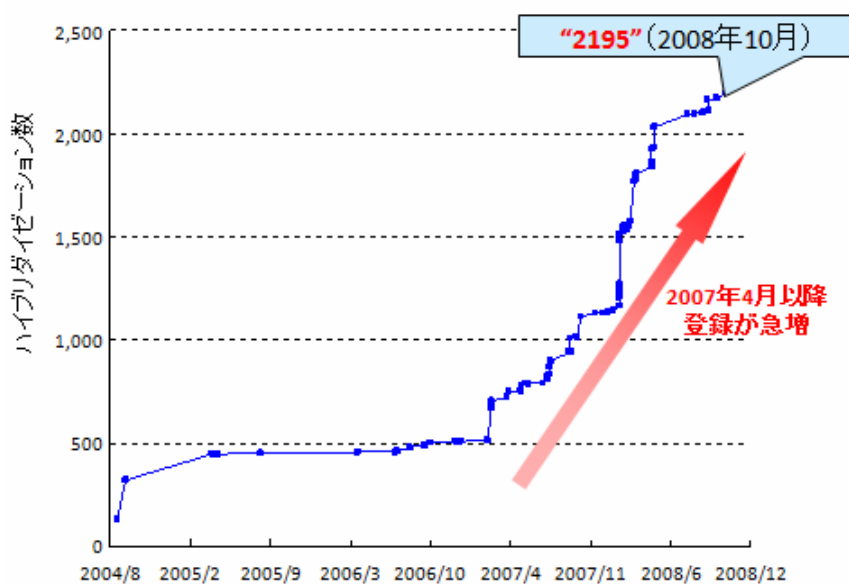


図5 登録ハイブリダイゼーションの件数

4.3. データベースや公開サイトへの被リンクサイト数あるいは相互リンクサイト

現状調査票データ（データベース・公開サイトへの被リンクサイト）参照

4.4. 第三者による研究成果（データベース等を含む）の活用事例

1. 英国の myGrid プロジェクトで開発が続いているワークフローの構築と利用のためのワークベンチである Taverna のチュートリアルに DDBJ のサービスが取り上げられている（図 1、図 2-1、図 2-2 参照）。また、myExperiment (<http://www.myexperiment.org/>) に登録されている 468 のワークフローに我々のワークフロー 5 件が含まれている。

Taverna のチュートリアルから引用 (<http://www.myexperiment.org/files/26/download>)

図 1 新しい Web サービスを加える事例

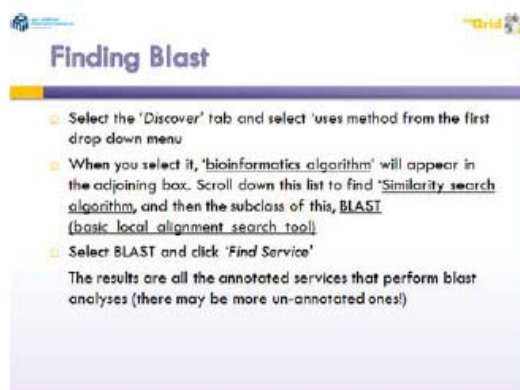


図 2-1 サービスの階層をたどって、必要な Web サービスを探索：
Bioinformatics algorithm
> similarity search algorithm

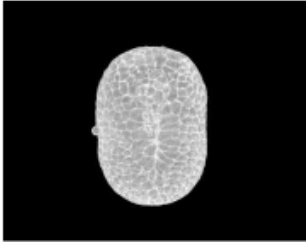


図 2-2 左図の手順で DDBJ WABI の BLAST サービスの中のメソッド searchSimple を選択

2. ホヤのデータベースに BSD のデータベーススキーマと 3 次元オブジェクトの操作インタフェースを応用：Ascidian Body Atlas データベース（左上から時計回りに、トップ画面、発生段階のテーブル、発現情報、細胞系譜、断片像、3 次元像）

Ascidian Body Atlas

[Top](#) | [Developmental Table](#) | [3D](#) | [Slice](#) | [Expression](#) | [Cell lineages](#) | [Link](#) | [Download](#)



This database is the resource of a digital 3D visualization of the multiple cellular expansion in the developmental time course. Ascidian embryo-like larvae consist of only 2,000 cells that differentiated into multiple tissues at the end of embryonic development. By using our database, we can follow each of cell lineage at a single cell level from an egg to a tadpole larvae. Our web-resources will be very much helpful for deciphering the morphogenesis of a body plan in the multi-cellular organism. Although a morphogenesis movement during development is controlled by each cell, the body plan should be understood from the viewpoint of all cells of a whole body. Therefore, to understand dynamics of the body plan, biologists need with a digital and high-resolution platform of multi-cellular organism. In the future, our 3D database can be utilized for integration of molecular data such as gene expression profile and protein localization. We believe that this database must be one of the best resources of developmental biology and systems biology.

System Requirement

- JavaScript must be enabled in the web browser.
- This site requires the latest version of Macromedia Flash Player.
- Please check your flash player version below

[VersionChecker](#)

[Get Adobe Flash Player](#)

Photo: Koji Maeda
For information about this project, contact: [Koji Maeda](#)
For information about this Web site, contact: [Koji Maeda](#)
W9-6, NIGRO 2005

Ascidian Body Atlas

[Top](#) | [Developmental Table](#) | [3D](#) | [Slice](#) | [Expression](#) | [Cell lineages](#) | [Link](#) | [Download](#)

Class: interstitially early embryonic development - from egg to larva =

3D visualization images (Click on the image)

	1.0hr	2.0hr	3.0hr	4.0hr	5.0hr	6.0hr
Time after fertilization	1.0hr	2.0hr	3.0hr	4.0hr	5.0hr	6.0hr
Developmental stage	1-cell	2-cell	4-cell	8-cell	16-cell	32-cell
percentage cell death	0%	0%	0%	0%	0%	0%

Ascidian Body Atlas

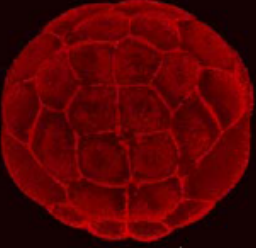
[Top](#) | [Developmental Table](#) | [3D](#) | [Slice](#) | [Expression](#) | [Cell lineages](#) | [Link](#) | [Download](#)

Temporal: hour post fertilization (hpf)

StageName (%Match):

Quality:

Color:



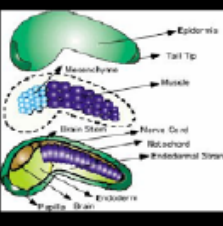
180°

Ascidian Body Atlas

[Top](#) | [Developmental Table](#) | [3D](#) | [Slice](#) | [Expression](#) | [Cell lineages](#) | [Link](#) | [Download](#)

← **Tissue-specific gene search**

please select tissue name



Ascidian Body Atlas

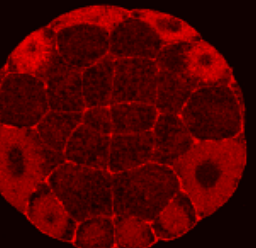
[Top](#) | [Developmental Table](#) | [3D](#) | [Slice](#) | [Expression](#) | [Cell lineages](#) | [Link](#) | [Download](#)

Temporal: hour post fertilization (hpf)

StageName (%Match):

Quality:

Color:



Z-section

Ascidian Body Atlas

[Top](#) | [Developmental Table](#) | [3D](#) | [Slice](#) | [Expression](#) | [Cell lineages](#) | [Link](#) | [Download](#)

Temporal: hour post fertilization (hpf)

StageName (%Match):

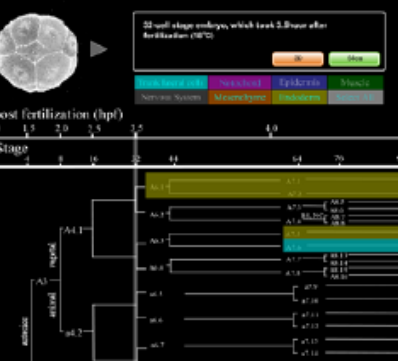
Quality: 100%

Color: 100%

3D well stage embryo, which took 5.0hr after fertilization (hpf)

Hour post fertilization (hpf)

Cell Stage



5. 人材育成

5.1. 研究人材の養成における貢献（人材のキャリアアップ、活動状況等）

BIRD 期間中		現在	
教授	4	教授・特任教授	6
助教授	2	准教授、講師、室長	5
助手	5	助教、特任助教	3
BIRD 研究員	12	研究員、特別研究員 COE フェロー	10
BIRD 研究補助員	5	研究補佐・実験担当	3
BIRD 技術員	4	その他	4

現状調査票データ（参加研究者の活動状況）参照

（現状調査票データ（参加研究者の活動状況）は個人情報が含まれるため非公開）

5.2. 研究開発に参加した研究者のバイオインフォマティクス分野の学会、国際会議等での座長、オーガナイザー経験

菅原秀明

2008 年 3 月 25 日 生物情報資源の相互運用性研究会（通算第 6 回）、国立遺伝学研究所

2007 年 3 月 26 日 生物情報資源相互運用性研究会（通算第 5 回）、東京大学医科学研究所

舘野義男

2002 年から 2008 年まで毎年、日中韓バイオインフォマティクストレーニングコースを韓国（Korea Research Institute for Biotechnology and Bioscience）ならびに中国（Shanghai Center for Bioinformation Technology）と共同で開催

太田元規

2008 年 11 月 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, Philadelphia, PC member

2008 年 9 月 第 4 回「タンパク質・ゲノム構造勉強会」富山白樺ハイツ

2008 年 6 月 第 8 回 蛋白質科学会ワークショップ「ヒト・マウスのゲノムから蛋白質までをバイオインフォマティクスで徹底解析する」タワーホール船堀

2007 年 11 月 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, Silicon Valley, PC member

2006 年 4 月 GSIC 国際シンポジウム「Structural Bioinformatics: Hot and Cool」東京工業大学

6. その他

6.1. 代表研究者からのコメント

6.1.1. 研究開発段階で苦労したこと、その困難をどう克服したか

国際的な動きに同調しつつ独自性を保つ努力が必要であった。

OASYS は、DDBJ/EMBL/GenBank データベースのエントリーについては各エントリーのサブミッターだけに追加変更が許されていたことに対して、第3者による情報付加を許すことによって集合知を形成しようというコンセプトであった。一方で、JST BIRD の課題として採択された直後の DDBJ/EMBL/GenBank の国際実務者会議において NCBI からの Third Party Annotation (TPA) カテゴリー新設の提案が採択されて平成 14 年 9 月からはその運用が始まった。このため、DDBJ としては従来の登録受付の枠組みで TPA の受け付けを進めつつ、OASYS においては DDBJ 自身がアノテーションを実行しその結果を独自データベースとして提供することに重点を置いた。

MGBD データベース (CIBEX) についても EBI の ArrayExpress データベースならびに NCBI の GEO データベースとの協調が必要であった。このため、欧州主導で開発されたデータフォーマットを採用した上で、欧米の担当者と電子メールや面談によって密接に連携をとりながらデータベース、データ入力ソフトならびに Web サイトにおいて CIBEX 独自の機能を開発した。

6.1.2. BIRD があったおかげで可能であったこと

本研究課題によって、国際協調への貢献、DDBJ 独自サービスの強化および新規サービスの展開を実現することができた：

1. 国際協調

- 1) OASYS のコンセプトおよび研究開発において得た知見や技術を、国際塩基配列データベース事業における TPA の受付や大量登録システムの拡充に活かして国際塩基配列データベースの安定運用に資することができた。
- 2) CIBEX を具体化することが可能になり、これによって遺伝子発現データに対して、EBI の ArrayExpress ならびに NCBI の GEO と協調してアクセッション番号を発行して遺伝子発現データレポジトリの一翼を担うことができた。

2. DDBJ 独自サービスの強化

ゲノム配列の全 ORF の解析結果を蓄積したデータベースである GTOP の継続的更新と提供が可能になった。

3. 新規サービスの展開

- 1) OASYS 開発の過程で、微生物ゲノム解析の標準的ワークフローを確立してそれによる微生物ゲノムの再アノテーション結果を蓄積したデータベースを開始することができた (Gene Trek in Prokaryote Space (GTPS))。また、ワークフロー開発の過程で Web サービスとその利用について理解を深めることができ、現在の Web APIs for Biology (WABI)へと展開することができた。
- 2) BSDによってバイオデータベース利用のための3次元インターフェースを開発しマウスやホヤの遺伝子発現データベースに適用することができた。

6.2. 有識者コメント

(有識者1)

生物学的データを蓄積する上での新規のフレームワークの開発という点で興味深い。OASIS は、Wiki 的なアプローチを生物学的データに適用するという意味で世界に先駆けていた (現在ヒトゲノムに限っては Wiki で同様のアプローチがある)。また国内でマイクロアレイのデータのデータベース化にいち早くとりくんだ点 MADB もその先進性は評価されるべきである。Biosimulated database はある意味、生物データベースの最終ゴールであると思う。本データベースにおいては、一つの生物種の様々なデータが一ヶ所に集約されている点が良い。国際的な動きも考慮した非常に良いフレームワークが構築されたと思う。しかし、まだ十分に活用されているとは言いがたい。既に、個別には本システムを利用した応用研究が既にあり、その意味では十分成果はあがっているが、せっかく良いシステムが構築されているので、今後もさらなる活用がはかれることを期待する。

(有識者2)

本プロジェクトは、国立遺伝学研究所の研究者が中心となり推進され、アノテーション支援、ゲノム関連のデータベース構築、遺伝子発現データベース作成などのシステムを構築することを目的としている。具体的には、OASYS (Open Anotation SYstem) および WABI (Web API for Biology)、GTOP (Genomes TO Protein structures and functions)、MADB (Micro Array Data Base) および CIBEX (Center for Information Biology EXpression database)、BSD (BioSimulated Database) の4つのシステム開発がなされている。WABI は主にデータ検索やデータベース利用の支援を行うシステム、GTOP は各種生物のゲノムにコードされた全タンパク質の情報をまとめたデータベース、CIBEX は Microarray のデータの登録・管理システム、BSD は3次元グラフィックスを用いた遺伝子発現データベース (ホヤ、マウス) である。このようなシステムやデータベースは、生物学の分野で加速度的に蓄積しつつある遺伝子関連の各種情報を取り扱う上で将来的にも必

要となるものであり、その開発および改良には一定の意味がある。この点で、本プロジェクトの方向性および成果は十分評価できる。システムやデータベースを継続的に維持・管理・改良することも大変重要であるが、本プロジェクトの研究グループには DDBJ (DNA Data Bank of Japan) の管理・運営の実績があり、今後の発展も十分期待できる。

<表注記>

- 「代表研究者」欄…著者に代表研究者が含まれている論文に「○」を表記。
- 「報告書への記載」欄…実施報告書に、BIRD期間中の成果として記載のある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- 「BIRD credit」欄…論文中にBIRDでの取り組みであることを示すクレジットのある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- Document type、被引用件数の「ー」は、データなしを表す。

No	Title	Author	Journal	Volume	ISUUE	Start Page	End Page	Published Year	代表研究者	報告書への記載	BIRD credit	Document Type (Scopus)	Document Type (WOS)	被引用件数 (Scopus)	被引用件数 (WOS)	備考
1	Protein surface amino acid compositions distinctively differ between thermophilic and mesophilic bacteria	Fukuchi S., Nishikawa K.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	309	4	835	843	2001		あり		Article	Article	50	50	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
2	Knowledge-based potential defined for a rotamer library to design protein sequences	Ota M., Isogai Y., Nishikawa K.	PROTEIN ENGINEERING	14	8	557	564	2001		あり		Article	Article	14	14	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
3	DNA Data Bank of Japan (DDBJ) for genome scale research in life science	Tateno Y., Imanishi T., Miyazaki S., Fukami-Kobayashi K., Saitou N., Sugawara H., Gojobori T.	Nucleic Acids Research	30	1	27	30	2002	○	あり		Article	Article	22	20	
4	Genome Information Broker (GIB): Data retrieval and comparative analysis system for completed microbial genomes and more	Fumoto M., Miyazaki S., Sugawara H.	Nucleic Acids Research	30	1	66	68	2002	○	あり		Article	Article	12	12	
5	Induction of a noggin-like gene by ectopic DV interaction during planarian regeneration	Ogawa K., Ishihara S., Saito Y., Mineta K., Nakazawa M., Ikeo K., Gojobori T., Watanabe K., Agata K.	DEVELOPMENTAL BIOLOGY	250	1	59	70	2002		あり		Article	Article	26	24	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
6	The evolutionary position of nematodes	Blair J.E., Ikeo K., Gojobori T., Blair Hedges S.	BMC Evolutionary Biology	2	1			2002		あり		Article	-	37	-	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
7	The evolutionary position of nematodes.	Blair J.E., Ikeo K., Gojobori T., Hedges S.B.	BMC evolutionary biology [electronic resource]	2	1			2002		あり		Article	-	76	-	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
8	Dissecting planarian central nervous system regeneration by the expression of neural-specific genes	Cebria F., Nakazawa M., Mineta K.	Development Growth and Differentiation	44	2	135	146	2002		あり		Article	Article	42	42	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
9	The expression of neural-specific genes reveals the structural and molecular complexity of the planarian central nervous system	Cebria F., Kudome T., Nakazawa M., Mineta K., Ikeo K., Gojobori T., Agata K.	MECHANISMS OF DEVELOPMENT	116	1-2	199	204	2002		あり		Article	Article	38	30	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
10	FGFR-related gene nou-darake restricts brain tissues to the head region of planarians	Cebria F., Sanchez Alvarado A., Agata K., Kobayashi C., Umesono Y., Nakazawa M., Mineta K., Ikeo K., Gojobori T., Itoh M., Taira M.	Nature	419	6907	620	624	2002		あり		Article	Article	59	55	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
11	GTOP: a database of protein structures predicted from genome sequences	Kawabata T., Fukuchi S., Homma K., Ota M., Araki J., Ito T., Ichiyoshi N., Nishikawa K.	Nucleic Acids Research	30	1	294	298	2002		あり		Article	Article	35	35	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
12	A systematic investigation identifies a significant number of probable pseudogenes in the Escherichia coli genome	Homma K., Fukuchi S., Kawabata T., Ota M., Nishikawa K.	Gene	294	1-2	25	33	2002		あり		Article	Article	19	19	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
13	Identification of amino acids involved in protein structural uniqueness: implication for de novo protein design	Isogai Y., Ota M., Ishii A., Ishida M., Nishikawa K.	PROTEIN ENGINEERING	15	7	555	560	2002		あり		Article	Article	7	4	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
14	Multiple sequence alignment with the Clustal series of programs	Chenna R., Sugawara H., Koike T., Lopez R., Gibson T.J., Higgins D.G., Thompson J.D.	Nucleic Acids Research	31	13	3497	3500	2003	○	あり		Article	Article	1096	1070	
15	AHMI1: Agent to help microbial information integration	Sugawara H., Miyazaki S.	Nucleic Acids Research	31	13	3727	3728	2003	○			Article	Article	0	0	
16	Biological SOAP servers and web services provided by the public sequence data bank	Sugawara H., Miyazaki S.	Nucleic Acids Research	31	13	3836	3839	2003	○	あり		Article	Article	13	10	
17	DNA Data Bank of Japan (DDBJ) in XML	Miyazaki S., Sugawara H., Gojobori T., Tateno Y.	Nucleic Acids Research	31	1	13	16	2003	○	あり		Review	Article	31	25	
18	Search for the evolutionary origin of a brain: Planarian brain characterized by microarray	Nakazawa M., Cebria F., Mineta K., Ikeo K., Agata K., Gojobori T.	Molecular Biology and Evolution	20	5	784	791	2003		あり		Article	Article	26	24	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
19	Origin and evolutionary process of the CNS elucidated by comparative genomics analysis of planarian ESTs	Mineta K., Nakazawa M., Cebria F., Ikeo K., Agata K., Gojobori T.	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	100	13	7666	7671	2003		あり		Article	Article	52	53	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記

<表注記>

- 「代表研究者」欄…著者に代表研究者が含まれている論文に「○」を表記。
- 「報告書への記載」欄…実施報告書に、BIRD期間中の成果として記載のある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- 「BIRD credit」欄…論文中にBIRDでの取り組みであることを示すクレジットのある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- Document type、被引用件数の「ー」は、データなしを表す。

No	Title	Author	Journal	Volume	ISUUE	Start Page	End Page	Published Year	代表研究者	報告書への記載	BIRD credit	Document Type (Scopus)	Document Type (WOS)	被引用件数 (Scopus)	被引用件数 (WOS)	備考
20	Microarray analysis of embryonic retinoic acid target genes in the ascidian Ciona intestinalis	Ishibashi T., Nakazawa M., Ono H., Satoh N., Gojobori T., Fujiwara S.	Development Growth and Differentiation	45	3	249	259	2003		あり		Article	Article	13	11	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
21	Cloning and functional analysis of ascidian Mitf in vivo: Insights into the origin of vertebrate pigment cells	Yajima I., Goding C.R., Yamamoto H., Endo K., Sato S., Toyoda R., Wada H., Shibahara S., Numakunai T., Ikeo K., Gojobori T.	MECHANISMS OF DEVELOPMENT	120	12	1489	1504	2003		あり		Article	-	9	-	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
22	CIBEX: Center for information biology gene EXpression database	Ikeo K., Ishi-i J., Tamura T., Gojobori T., Tateno Y.	Comptes Rendus - Biologies	326	10-11	1079	1082	2003		あり		Article	Article	48	49	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
23	Unique amino acid composition of proteins in halophilic bacteria	Fukuchi S., Yoshimune K., Wakayama M., Moriguchi M., Nishikawa K.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	327	2	347	357	2003		あり		Article	Article	25	30	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
24	Compositional changes in RNA, DNA and proteins for bacterial adaptation to higher and lower temperatures	Nakashima H., Fukuchi S., Nishikawa K.	Journal of Biochemistry	133	4	507	513	2003		あり		Article	Article	23	21	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
25	Prediction of catalytic residues in enzymes based on known tertiary structure, stability profile, and sequence conservation	Ota M., Kinoshita K., Nishikawa K.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	327	5	1053	1064	2003		あり		Article	Article	33	30	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
26	Splicing profile based protein categorization between human and mouse genomes by use of the DDBJ Web services.	Vastermark A., Shigemoto Y., Abe T., Sugawara H.	Genome informatics series : proceedings of the ... Workshop on Genome Informatics. Workshop on Genome Informatics	15	2	13	20	2004	○	あり		Article	-	1	-	
27	DDBJ in the stream of various biological data	Miyazaki S., Sugawara H., Ikeo K., Gojobori T., Tateno Y.	Nucleic Acids Research	32	DATABA SE ISS.	D31	D34	2004	○	あり		Article	Article	30	21	
28	An open letter on microarray data from the MGED Society	Ball, C: Brazma, A	INTERNATIONAL JOURNAL OF SYSTEMATIC AND EVOLUTIONARY MICROBIOLOGY	54	Part6	1917	1918	2004		あり		Letter	Letter	-	0	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
29	Eigenvalue analysis of amino acid substitution matrices reveals a sharp transition of the mode of sequence conservation in proteins	Kinjo A.R., Nishikawa K.	Bioinformatics	20	16	2504	2508	2004		あり		Article	Article	10	10	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
30	Alternative splice variants encoding unstable protein domains exist in the human brain	Homma K., Kikuno R.F., Nagase T., Ohara O., Nishikawa K.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	343	5	1207	1220	2004		あり		Article	Article	6	6	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
31	Estimation of the number of authentic orphan genes in bacterial genomes	Fukuchi S., Nishikawa K.	DNA Research	11	4	219	231	2004		あり		Article	Article	5	5	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
32	Proteomic signatures and aberrations of mouse embryonic stem cells containing a single human chromosome 21 in neuronal differentiation: An in vitro model of Down syndrome	Kadota M., Oshimura M., Nishigaki R., Wang C.C., Toda T., Shirayoshi Y., Inoue T., Gojobori T., Ikeo K., Rogers M.S.	NEUROSCIENCE	129	2	325	335	2004		あり		Article	Article	7	7	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
33	Microarray data standards: An open letter	Ball C., Ringwald M., Sansone S.-A., Sherlock G., Spellman P., Stoeckert C., Tateno Y., Taylor R., White J., Winergarden N., Brazma A., Causton H., Chervitz S., Edgar R., Hingamp P., Matese J.C., Parkinson H., Quackenbush J.	ENVIRONMENTAL HEALTH PERSPECTIVES	112	12	A666	A667	2004		あり		Letter	Letter	11	10	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
34	Submission of microarray data to public repositories	Ball C.A., Ringwald M., Sansone S.-A., Sherlock G., Spellman P., Stoeckert C., Tateno Y., Taylor R., White J., Winegarden N., Brazma A., Causton H., Chervitz S., Edgar R., Hingamp P., Matese J.C., Parkinson H., Quackenbush J.	PLOS BIOLOGY	2	9	1276	1277	2004		あり		Review	Editorial Material	42	43	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
35	Novel phylogenetic studies of genomic sequence fragments derived from uncultured microbe mixtures in environmental and clinical samples	Abe T., Sugawara H., Kinouchi M., Kanaya S., Ikemura T.	DNA Research	12	5	281	290	2005	○	あり		Article	Article	8	7	
36	Gene trek in procaryote space powered by a GRID environment	Sugawara H.	Lecture Notes in Bioinformatics (Subseries of Lecture Notes in Computer Science)	3370		1	7	2005	○			Conferen ce Paper	-	0	-	

<表注記>

- 「代表研究者」欄…著者に代表研究者が含まれている論文に「○」を表記。
- 「報告書への記載」欄…実施報告書に、BIRD期間中の成果として記載のある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- 「BIRD credit」欄…論文中にBIRDでの取り組みであることを示すクレジットのある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- Document type、被引用件数の「-」は、データなしを表す。

No	Title	Author	Journal	Volume	ISUUE	Start Page	End Page	Published Year	代表研究者	報告書への記載	BIRD credit	Document Type (Scopus)	Document Type (WOS)	被引用件数 (Scopus)	被引用件数 (WOS)	備考
37	A complete set of Escherichia coli open reading frames in mobile plasmids facilitating genetic studies	Saka K., Tadenuma M., Nakade S., Tanaka N., Sugawara H., Nishikawa K., Ichiyoshi N., Kitagawa M., Mori H., Ogasawara N., Nishimura A.	DNA Research	12	1	63	68	2005	○			Article	Article	4	5	
38	DDBJ in collaboration with mass-sequencing teams on annotation	Tateno Y., Saitou N., Okubo K., Sugawara H., Gojobori T.	Nucleic Acids Research	33	DATABA SE ISS.	D25	D28	2005	○			Article	Article	21	15	
39	Development of a spot reliability evaluation score for DNA microarrays	Matsumura Y., Shimokawa K., Hayashizaki Y., Ikeo K., Tateno Y., Kawai J.	Gene	350	2	149	160	2005		あり		Article	Article	1	0	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
40	Recoverable one-dimensional encoding of three-dimensional protein structures	Kinjo A.R., Nishikawa K.	Bioinformatics	21	10	2167	2170	2005		あり		Article	Article	11	13	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
41	Predicting absolute contact numbers of native protein structure from amino acid sequence	Kinjo A.R., Horimoto K., Nishikawa K.	Proteins: Structure, Function and Genetics	58	1	158	165	2005		あり		Article	Article	15	14	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
42	Genome-wide survey of transcription factors in prokaryotes reveals many bacteria-specific families not found in Archaea	Minezaki Y., Homma K., Nishikawa K.	DNA Research	12	5	269	280	2005		あり		Article	Article	6	7	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
43	Exploration and grading of possible genes from 183 bacterial strains by a common protocol to identification of new genes: Gene trek in prokaryote space (GTPS)	Kosuge T., Abe T., Okido T., Tanaka N., Hirahata M., Maruyama Y., Mashima J., Tomiki A., Kurokawa M., Himeno R., Fukuchi S., Miyazaki S., Gojobori T., Tateno Y., Sugawara H.	DNA Research	13	6	245	254	2006	○		あり	Article	Article	1	1	
44	A novel bioinformatics tool for phylogenetic classification of genomic sequence fragments derived from mixed genomes of uncultured environmental microbes	Abe T., Sugawara H., Kanaya S., Ikemura T.	Polar Bioscience		20	103	112	2006	○			Article	-	0	-	
45	G-InforBIO: Integrated system for microbial genomics	Tanaka N., Abe T., Miyazaki S., Sugawara H.	BMC Bioinformatics	7				2006	○		あり	Article	Software Review	2	0	
46	Self-Organizing Map (SOM) unveils and visualizes hidden sequence characteristics of a wide range of eukaryote genomes	Abe T., Sugawara H., Kanaya S., Kinouchi M., Ikemura T.	Gene	365	1-2 SPEC. ISS.	27	34	2006	○			Conferen ce Paper	Article	3	2	
47	DDBJ in preparation for overview of research activities behind data submissions	Okubo K., Sugawara H., Gojobori T., Tateno Y.	Nucleic Acids Research	34	Databa se issue	D6	D9	2006	○			Article	Article	22	18	
48	Molecular characterization of the developmental gene in eyes: Through data-mining on integrated transcriptome databases	Choy K.W., Chung T.K.H., Pang C.P., Wang C.C., Ogura A., Lau T.K., Rogers M.S., Ikeo K., Gojobori T., Tang L.Y., Lam D.S.C.	CLINICAL BIOCHEMISTRY	39	3	224	230	2006		あり		Article	Article	0	0	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
49	Intrinsically disordered loops inserted into the structural domains of human proteins	Fukuchi S., Homma K., Minezaki Y., Nishikawa K.	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	355	4	845	857	2006		あり		Article	Article	6	6	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
50	Escherichia coli K-12: a cooperatively developed annotation snapshot - 2005	Riley M., Kosuge T., Mori H., Perna N.T., Plunkett III G., Rudd K.E., Serres M.H., Thomas G.H., Thomson N.R., Wishart D., Wanner B.L., Abe T., Arnaud M.B., Berlyn M.K.B., Blattner F.R., Chaudhuri R.R., Glasner J.D., Horiuchi T., Keseler I.M.	Nucleic Acids Research	34	1	1	9	2006		あり		Article	Article	63	60	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
51	Identification of discriminative characteristics for clusters from biologic data with InforBIO software	Tanaka N., Uchino M., Miyazaki S., Sugawara H.	BMC Bioinformatics	8				2007	○		あり	Article	Article	0	0	
52	Genome Information Broker for Viruses (GIB-V): Database for comparative analysis of virus genomes	Hirahata M., Abe T., Tanaka N., Kuwana Y., Shigemoto Y., Miyazaki S., Suzuki Y., Sugawara H.	Nucleic Acids Research	35	SUPPL. 1	D339	D342	2007	○			Article	Article	2	2	

<表注記>

- 「代表研究者」欄…著者に代表研究者が含まれている論文に「○」を表記。
- 「報告書への記載」欄…実施報告書に、BIRD期間中の成果として記載のある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- 「BIRD credit」欄…論文中にBIRDでの取り組みであることを示すクレジットのある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- Document type、被引用件数の「-」は、データなしを表す。

No	Title	Author	Journal	Volume	ISUUE	Start Page	End Page	Published Year	代表研究者	報告書への記載	BIRD credit	Document Type (Scopus)	Document Type (WOS)	被引用件数 (Scopus)	被引用件数 (WOS)	備考
53	DDBJ working on evaluation and classification of bacterial genes in INSDC	Sugawara H., Abe T., Gojobori T., Tateno Y.	Nucleic Acids Research	35	SUPPL. 1	D13	D15	2007	○			Article	Article	5	3	
54	DDBJ with new system and face	Sugawara H., Ogasawara O., Okubo K., Gojobori T., Tateno Y.	Nucleic Acids Research	36	SUPPL. 1	D22	D24	2008	○			Article	Article	1	0	
55	The H-Invitational Database (H-InvDB), a comprehensive annotation resource for human genes and transcripts	Genome Information Integration Project And H-Invitational 2(137Authors)	Nucleic Acids Research	36		D793	D799	2008	○			Article	Article	3	0	
56	Visualization of features in the Flat File by use of DDBJ-XML	Miyazaki, S. and Sugawara, H	Currents in computational molecular biology			249	250	2001		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
57	A Prototype of PubMed Central Japan.	Sugawara, H., Gojobori, T., Konno, T., Shigemoto, Y. and Ymaguchi, M.	Genome Informatics	14		671	672	2003		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
58	Analysis of Hrizontal Gene Transfer and Clustering of Microbial ORFs by Use of a GRID Environment.	Sugawara, H., Nakamura, Y., Ikeo, K., Miyazaki, S., Gojobori, T., Satou, K. and Konagaya, A.	Genome Informatics	14		567	568	2003		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
59	Enhancement of the SOAP Server in DDBJ Web services to Process Tsunami of Biological Data.	Shigemoto, Y., Ymaguchi, M., Miyazaki S., Sugawara, H.	Genome Informatics	14		669	670	2003		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
60	Tsunami of data: Data resources and utilization.	Sugawara, H	Kurtboke, I. and Swings, J. (ed.) Microbial Genetic Resources and Biodiscovery. National Library of Australia			40	56	2004		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
61	Genomic annotation of 15,809 ESTs identified from pooled early gestation human eyes.	Choy KW, Wang CC, Ogura A, Lau TK, Rogers MS, Ikeo K, Gojobori T, Lam DS, Pang CP.	Physiol Genomics		Epub ahead of print PMID: 16368877			2005		あり		-	-	-	-	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
62	A Novel Bioinformatics Strategy for Phylogenetic Study of Genomic Sequence Fragments, Self-Organizing Map (SOM) of Oligonucleotide Frequencies.	Abe, T., Ikemura, T., Kanaya, S., Kinouchi, M., Sugawara, H	Proceedings of Workshop 2005 on Self-Organizing Maps			669	676	2005		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
63	Biological Data Analysisi using DDBJ Web services	Sugawara, H., Miyazaki, S., Abe, T., and Shigemoto, Y	Proceedings of BIOINF02005			379	382	2005		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
64	Development of the reliability index for the measurement value of each spot in a DNA microarray (RIESM) and addition of RIESM to READ of CIBEX.	Matsumura, Y., Shimokawa, K., Ikeo, K., Tateno, Y., Hayashizaki, Y., Kawai, J.	Gene					accepted		あり		-	-	-	-	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
65	Genome Information Broker for Data Retrieval and Comparative Analysis of Microbial Genomes	Goto, K., Miyazaki, S. and Sugawara, H.	Journal of Japan Society of Information and Knowledge	10	4	4	13	2001		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
66	Visualization of features in the Flat File by use of DDBJ-XML	Miyazaki, S. and Sugawara, H.	Currents in computational molecular biology			249	250	2001		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
67	Structural features of a wheat plastome as revealed by complete sequencing of chloroplast DNA	Ogihara, Y; Isono, K; Kojima, T; Endo, A; Hanaoka, M; Shiina, T; Terachi, T; Utsugi, S; Murata, M; Mori, N; Takumi, S; Ikeo, K; Gojobori, T; Murai, R; Murai, K; Matsuoka, Y; Ohnishi, Y; Tajiri, H; Tsunewaki, K	Molecular Genetics and Genomics	266	5	740	746	2002		あり		Article	Article	45	43	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
68	In silico chromosome staining: Reconstruction of Giemsa bands from the whole human genome sequence	Niimura, Y; Gojobori, T	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	99	2	797	802	2002		あり		Article	Article	16	16	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記

<表注記>

- 「代表研究者」欄…著者に代表研究者が含まれている論文に「○」を表記。
- 「報告書への記載」欄…実施報告書に、BIRD期間中の成果として記載のある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- 「BIRD credit」欄…論文中にBIRDでの取り組みであることを示すクレジットのある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。
- Document type、被引用件数の「ー」は、データなしを表す。

No	Title	Author	Journal	Volume	ISUUE	Start Page	End Page	Published Year	代表研究者	報告書への記載	BIRD credit	Document Type (Scopus)	Document Type (WOS)	被引用件数 (Scopus)	被引用件数 (WOS)	備考
69	Early detection of G+C differences in bacterial species inferred from the comparative analysis of the two completely sequenced Helicobacter pylori strains	Bellgard, M; Schibeci, D; Trifonov, E; Gojobori, T	Journal of Molecular Evolution	53	4-5	465	468	2001		あり		Article	Article	9	8	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
70	Intragenic variation of synonymous substitution rates is caused by nonrandom mutations at methylated CpG.	Tsunoyama, K; Bellgard, MI; Gojobori, T	Journal of Molecular Evolution	53	4-5	456	464	2001		あり		Article	Article	6	7	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
71	Preface.	Osawa, S. and Gojobori, T.	Journal of Molecular Evolution	53	4-5	257		2001		あり		Editorial	-	0	-	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
72	Positively selected amino acid sites in the entire coding region of hepatitis C virus subtype 1b	Suzuki, Y; Gojobori, T	Gene	276	1	83	87	2001		あり		Conference Paper	Article	11	11	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
73	ADAPTSITE: detecting natural selection at single amino acid sites	Suzuki, Y; Gojobori, T; Nei, M	Bioinformatics	17	7	660	661	2001		あり		Article	Article	34	33	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
74	Codon and base biases after the initiation codon of the open reading frames in the Escherichia coli genome and their influence on the translation efficiency	Sato, T; Terabe, M; Watanabe, H; Gojobori, T; Hori-Takemoto, C; Miura, K	Journal of Biochemistry	129	6	851	860	2001		あり		Article	Article	20	20	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
75	Networking of Biological Resource Centers: WDCM experiences	Miyazaki, S. and Sugawara, H	Data Science Journal	1	2	102	107	2002		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
76	FGFR-related gene nou-darake restricts brain tissues to the head region of planarians	Cebria, F; Kobayashi, C; Umesono, Y; Nakazawa, M; Mineta, K; Ikeo, K; Gojobori, T; Itoh, M; Taira, M; Alvarado, AS; Agata, K	Nature	419	6907	620	624	2002		あり		Article	Article	59	56	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
77	Multiple sequence alignment with the Clustal series of programs	Chenna, R; Sugawara, H; Koike, T; Lopez, R; Gibson, TJ; Higgins, DG; Thompson, JD	Nucleic Acids Research	31	13	3497	3500	2003		あり		Article	Article	1154	1131	実施報告書より転記
78	Enhancement of the SOAP Server in DDBJ Web Services to Process Tsunami of Biological Data.	Shigemoto, Y., Ymaguchi, M., Miyazakim S. and Sugawara, H.	Genome Informatics			669	670	2003		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
79	Analysis of Horizontal Gene Transfer and Clustering of Microbial ORFs by Use of a GRID Environment.	Sugawara, H., Nakamura, Y., Ikeo, K., Miyazaki, S., Gojobori, T., Satou, K. and Konagaya, A.	Genome Informatics			567	568	2003		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
80	A Prototype of PubMed Central Japan.	Sugawara, H., Gojobori, T., Konno, T., Shigemoto, Y. and Ymaguchi, M.	Genome Informatics			671	672	2003		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記
81	Genetic polymorphism of the swine major histocompatibility complex (SLA) class I genes, SLA-1, -2 and -3	Ando, A; Kawata, H; Shigenari, A; Anzai, T; Ota, M; Katsuyama, Y; Sada, M; Goto, R; Takeshima, S; Aida, Y; Iwanaga, T; Fujimura, N; Suzuki, Y; Gojobori, T; Inoko, H	Immunogenetics	55	9	583	593	2003		あり		Article	Article	12	11	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
82	Comparative sequencing of human and chimpanzee MHC class I regions unveils insertions/deletions as the major path to genomic divergence	Anzai, T; Shiina, T; Kimura, N; Yanagiya, K; Kohara, S; Shigenari, A; Yamagata, T; Kulski, JK; Naruse, TK; Fujimori, Y; Fukuzumi, Y; Yamazaki, M; Tashiro, H; Iwamoto, C; Umehara, Y; Imanishi, T; Meyer, A; Ikeo, K; Gojobori, T; Bahram, S; Inoko, H	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	100	13	7708	7713	2003		あり		Article	Article	46	43	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
83	A genome-wide survey of the genes for planar polarity signaling or convergent extension-related genes in Ciona intestinalis and phylogenetic comparisons of evolutionary conserved signaling components	Hotta, K; Takahashi, H; Ueno, N; Gojobori, T	Gene	317	1-2	165	185	2003		あり		Conference Paper	Article	11	9	Authorに代表研究者なし 実施報告書より転記
84	Tsunami of data: Data resources and utilization."Kurtboke, I. and Swings, J. (ed.) Microbial Genetic Resources and Biodiscovery	Sugawara, H.	National Library of Australia			40	56	2004		あり		-	-	-	-	実施報告書より転記

＜表注記＞

■「代表研究者」欄…著者に代表研究者が含まれている論文に「○」を表記。

■「報告書への記載」欄…実施報告書に、BIRD期間中の成果として記載のある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。

■「BIRD credit」欄…論文中にBIRDでの取り組みであることを示すクレジットのある論文に「あり」を表記。ない場合は空欄。

■Document type、被引用件数の「-」は、データなしを表す。

[illegible]

<国立遺伝学研究所JST-BIRDポータルサイト>

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)

公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://www.jst-bird.nig.ac.jp	http://www.jst-bird.nig.ac.jp	0	1	1	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fwww.jst-bird.nig.ac.jp%2F&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2

内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。

<Genome Information Broker(GIB)>

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)

公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://gib.genes.nig.ac.jp	http://gib.genes.nig.ac.jp	10	83	93	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fgib.genes.nig.ac.jp%2F&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2

内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。

<G-InforBIO>

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)

公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://www.wdcm.org/inforbio/G-InforBIO/download.html	http://www.wdcm.org/inforbio/G-InforBIO/download.html	0	0	0	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fwww.wdcm.org%2Finforbio%2FG-InforBIO%2Fdownload.html&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2

内部リンク件数はwdcm.orgからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。

<OASYS>

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)

公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://althea.ddbj.nig.ac.jp/index.jsp	http://althea.ddbj.nig.ac.jp/index.jsp	—	—	—	内部サーバーからのみアクセス可能となっており、未公開のため検索結果なし

<Gene Trek in Prokaryote Space(GTPS)>

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)

公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://gtps.ddbj.nig.ac.jp	http://gtps.ddbj.nig.ac.jp	2	1	3	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fgtps.ddbj.nig.ac.jp%2F&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2

内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。

<DDBJ-XML>

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)

公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://www.xml.nig.ac.jp/index.html	http://www.xml.nig.ac.jp/index.html	7	7	14	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fwww.xml.nig.ac.jp%2Findex.html&hl=ja&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2

内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。

< Genomes TO Protein structures and functions (GTOP) >

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)					
公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop.html	http://spock.genes.nig.ac.jp/~genome/gtop.html	4	12	16	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fspock.genes.nig.ac.jp%2F%2Fgenome%2Fgtop.html&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2
内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。					

< 国際公共遺伝子発現データベース (CIBEX) >

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)					
公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://cibex.nig.ac.jp/index.jsp	http://cibex.nig.ac.jp/index.jsp	9	31	40	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fcibex.nig.ac.jp%2Findex.jsp&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2
内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。					

< BioSimulated DataBase (BSD) >

Googleリンクサイト検索結果(2008年7月時点)					
公開URL	被リンク対象URL	内部リンク件数	外部リンク件数	リンク件数合計	Googleリンクサイト検索結果
http://bsd.genes.nig.ac.jp/bsd_web/Top.jsp	http://bsd.genes.nig.ac.jp/bsd_web/Top.jsp	0	0	0	http://www.google.co.jp/search?as_lq=http%3A%2F%2Fbsd.genes.nig.ac.jp%2Fbsd_web%2FTop.jsp&btnG=%E6%A4%9C%E7%B4%A2
内部リンク件数はnig.ac.jpを含むページからのリンク件数、外部リンクはそれ以外からのリンク件数を表す。					