

# 使える データベース・ ウェブツール

日本発のデータベース戦略から、  
ゲノム・疾患情報の有効活用まで

序

有田正規

## 第1章 データベースはどのように変化していくのか —データベースの最前線

概論

### 新たな段階に突入したわが国のデータベース

—バイオサイエンスデータベースセンターの設立とこれからの課題

高木利久 14 (2348)

1. これまでの取り組み 2. 新たな段階へ 3. これからの課題と展望

### 1. KEGGデータベースとゲノムネット

五斗 進 21 (2355)

1. 知識集約型データベース 2. 新しい技術によるデータへの応用 3. 医療への応用

### 2. DDBJの現在：継承と変革

28 (2362)

中村保一, 小笠原理, 神沼英里, 菅原秀明, 高木利久, 大久保公策

1. DDBJの積み上げてきたもの 2. DDBJの新たな展開

### 3. 仮想ラボセンターSciNetSの活用と未来： 創資源と知識薬の開発に向けて

33 (2367)

1. セマンティック・ウェブに準拠した統合データベースの構築 2. SciNetSを支える推論検索エンジン, GRASE 3. SciNetSへのプログラミング言語からのアクセスを可能にする“セマンティックJSON” 4. SciNetSからの創資源への応用をめざすウェブアプリケーション“GenoCODE”的開発

### 4. NBRPデータベースの現状と将来展望

40 (2374)

1. NBRPの現状紹介 2. データベースの変化 3. リソースDBの将来像 4. 危機管理体制

# CONTENTS

## 5. 欧米におけるバイオデータベースの整備・利活用の動向

福士珠美, 川口 哲, 山本雄士 49 (2383)  
1. 米国におけるバイオインフォマティクスの現状と、医学、医療分野への展開戦略 2. 欧州分子生物学研究所 (EMBL) におけるインフォマティクスデータの管理と共有事例 3. 欧州におけるバイオインフォマティクスの将来戦略

## 6. MEDALS：経済産業省ライフサイエンスデータベース・解析ツールのポータルサイト

村上勝彦, 今西 規 54 (2388)  
1. MEDALS コンテンツ 2. データベース・ツール便覧 3. プロジェクト便覧 4. MEDALS 横断検索 5. ダウンロードページ 6. MEDALS ツール

## 第2章 生物医学研究に役立つデータベースとリソース

### 概論

#### 次世代シークエンスデータの解析の実際

—エキソーム, ChIP-Seq, RNA-Seqを中心にして 鈴木 穣 60 (2394)  
1. 全ゲノムリシークエンスとエキソンリシークエンス（エキソーム解析） 2. ChIP-Seq 解析およびクロマチン構造解析 3. RNA-Seq およびトランскriプトーム解析 4. 次世代シークエンスデータの複合的解析

### 1. 次世代シークエンサー時代のゲノムプラウザとSRAs

神田将和 70 (2404)  
1. ゲノムプラウザの種類 2. UCSC と Ensembl Genome Browser の差異 3. 論文化されたデータがすべてゲノムプラウザで閲覧可能なわけではない 4. SRA (NCBI) /DRA (DDBJ) /ENA (EBI) : 3つのNGSデータレポジトリ

### 2. 転写制御解析のために有用な公共データベースとツールの紹介

田中義章, 山下理宇 76 (2410)  
1. 転写制御解析に有用な生配列データの利用 (SRA, ENA, DRA) 2. 転写因子結合・ヒストン修飾サイトの探索 (hmChIP) 3. 既知転写因子結合配列の探索 (TRANSFAC, JASPAR) 4. 新規のモチーフ検索 (Melina II) 5. 転写開始点との比較 (DBTSS) 6. ブロモーター領域データベース (MPromDb)

### 3. タンパク質の構造・機能ドメイン、相互作用データベース

崎山則征, 富井健太郎, ポールホートン 84 (2418)  
1. 構造・機能ドメイン 2. タンパク質間相互作用 3. 膜タンパク質の構造とトポロジー

### 4. 遺伝子発現データベースの利用と応用の最前線

大林 武 91 (2425)  
1. GEO, ArrayExpress のコンテンツ 2. アノテーションの整備されたデータを利用する 3. GEO, ArrayExpress : 大量にダウンロードをして利用する 4. GEO と ArrayExpress の比較のまとめ 5. 遺伝子共発現データベース

### 5. タンパク質の立体構造データベース

金城 玲 98 (2432)  
1. worldwide Protein Data Bank (wwPDB) 2. PDBj を使ったデータの取得と解析 3. PDBj Mine を利用した高度な検索 4. タンパク質の類似性検索と解析サービス 5. PDBj の二次データベースとプラウザ 6. RCSB PDB と PDBe のサービス

**6. パスウェイデータベースの選び方と使い方** ..... 小寺正明 104 (2438)

1. パスウェイ DB の引用数ランキング 2. パスウェイ DB の共通点と相違点 3. より自由度の高い DB 利用法

**7. 学術文献データベース活用術** ..... 山本泰智 110 (2444)

1. 文献データベース類型 2. 実際のデータベース

**8. 糖鎖科学データベースの現状** ..... 鹿内俊秀, 成松 久 117 (2451)

1. 糖鎖科学実験プロトコル集 2. 糖鎖構造データベース 3. 糖タンパク質データベース  
4. 糖鎖標準品の合成支援ツール 5. 感染症と糖鎖に関連したデータベース 6. 実験研究ツールとしてのデータベース

**9. メタボロームデータベース：多様な研究への対応とデータの共有化**

金谷重彦, 平井 晶, 旭 弘子, 高橋弘喜, 中村建介, Md. Altaf-Ul-Amin,  
二瓶義人, 池田 優, 尾高雄也, 西岡孝明 126 (2460)

1. KNApSack 生物種一代謝物関係データベース (KNApSack Core) 2. KNApSack を引用した研究事例 3. 代謝物データベース：情報の共有に向けて

### 第3章 疾患・臨床情報リソース

## 概論

**全ゲノム多様性とゲノムワイド関連解析の歴史、現在、未来**

角田達彦 137 (2471)

1. SNP データベースと GWAS 2. GWAS を支える疾患情報の整理 3. 次世代の GWAS

**1. 疾患症状データベース** ..... 大坪正史, 清水信義, 萩島伸生 144 (2478)

1. OMIM 2. KEGG DISEASE 3. UR-DBMS/Syndrome Finder 4. POSSUM web 5. SYMPHONIE と MutationView 6. SYMPHONIE 7. 疾患遺伝子変異データベース MutationView

**2. 疾患メカニズムに挑むゲノムデータベース** ..... 平川美夏 152 (2486)

1. ヒト遺伝子と疾患データベース 2. 病原体データベースを集約するポータルサイト 3. 宿主—病原体相互作用データベース

**3. ゲノムワイド関連解析データベースとデータ共有**

小池麻子, 德永勝士 160 (2494)

1. 海外の GWAS DB 2. 統合データベースプロジェクトでの GWAS DB 3. データ公開のポリシー 4. データのレポジトリ 5. Human Genome variation DB への拡張にむけて

**4. 医療情報の統合に向けた臨床情報データベースの構築**

山本景一, 松田文彦 167 (2501)

1. 医療機関の臨床情報データベースの現状 2. 臨床情報に関する公共データベースの現状 3. 臨床情報データベースの地域ベースのコホート研究への適用可能性と問題点 4. 今後の展望

## 第4章 最新解析手法とウェブツール・ソフトウェア



### バイオインフォマティクスのソフトウェアとサービスにおける標準化

片山俊明 174 (2508)

1. オープンバイオ
2. ウェブサービス
3. 統合データベース

### 1. 解析プラットフォーム紹介 中尾光輝, 藤澤貴智 182 (2516)

1. Galaxyはゲノム配列データ解析ウェブアプリケーション
2. Cytoscapeはネットワーク解析ソフトウェア
3. BioMartはデータベースから必要な部分(データセット)を抽出するためのウェブアプリケーション

### 2. 第二世代アセンブラの選び方と使い方 中村昇太 188 (2522)

1. 第二世代用アセンブラ
2. 次世代シークエンサーを用いたゲノム解析の実際

### 3. ゲノムマッピングとビューワ

#### —研究目的に応じたマッピングツールの選択と評価 八谷剛史 194 (2528)

1. マッピングツールのアプローチと性能特性
2. 目的特化型のマッピングツール群
3. マッピング・ビューワ

### 4. DDBJの塩基配列解析ツールと登録システム

長崎英樹, 神沼英里 203 (2537)

1. DDBJの検索/解析ツール
2. DDBJのクラウド型解析ツール:DDBJバイオライン
3. DDBJの塩基配列登録ツール

### 5. 最尤法による分子系統解析の実際 田村浩一郎 210 (2544)

1. 系統樹推定法の概要
2. 最尤系統樹推定のためのソフトウェア
3. 最尤系統解析の実際

### 6. 創薬標的タンパク質解析と医薬品探索 広川貴次 216 (2550)

1. 創薬標的タンパク質同定
2. 特定の創薬標的タンパク質データベース
3. タンパク質立体構造に基づく化合物探索

### 7. 文献管理・文献推薦 岩崎 涉, 山本泰智, 高木利久 222 (2556)

1. 文献管理のポイント
2. 文献推薦のポイント
3. 代表的な文献管理・文献推薦ツール

### 8. 二次構造に基づくRNA配列解析ソフトウェアの進展 加藤有己 229 (2563)

1. RNA二次構造予測
2. RNAシードノット構造予測
3. RNA間相互作用予測

### ● 略語一覧 237 (2571)

### ● 索引 240 (2574)