

バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム (次世代シークエンサ) 速習コース

2. 配列インフォマティクス

2-2 バイオ系データベース概論

小野 浩雅



大学共同利用機関法人 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

2014年9月5日(金)

小野 浩雅

<https://sites.google.com/a/dbcls.rois.ac.jp/hono/>

- ふりがな: おの ひろまさ
- 所属: ライフサイエンス統合データベースセンター
- twitter: h_ono



- もともと実験系
 - 脂肪細胞とか使った分化・脱分化@マイクロアレイ解析
- DBCLS RA第一号 兼 RAから職員第一号
- 統合TV 番組作成人 → 編集人
- 発現データリファレンス RefEx 開発
- 統合データベース講習会AJACS 講師 (遺伝子発現DB)

講習・実習に際してのお願い

- 資料を見ながら自力で進められそうな方はどんどん先に、そうでない方は講師と一緒にすすめていきましょう。
- サイトの反応が悪い時は一呼吸置いてから実行してみましよう
- 反応が無いからと言って何度もクリックするとますます繋がらなくなってしまいます。おおらかな気持ちで臨みましよう。
- わからないことがあったら挙手にてお知らせください。
講師の説明が足りないせいかもしれません。

基本的な各種バイオ系データベースの理解 統合DBの利用法

- 困ったときは、**統合TV** を見る
- 最低限知っておくべきバイオ系DB
 - NCBI
 - UCSC Genome Browser
 - Ensembl, Biomart
 - IGV
- そもそも、**統合DB** とはなにか
- 統合DBのサービスを活用する

分からないときの合言葉は

ま、とにかく、まずは「ググれ」

<http://www.google.co.jp/>

分からない単語
エラーメッセージ
謎のID
etc..

その疑問は、過去に多くの人が
感じた疑問かもしれない(いや、たぶんそう)

とは言っても、モノ知りに人に聞きたい

Hiromasa ONO [@h_ono](#) フォロー

『テキスト中にマッチする単語の「個数」をgrepとwcで数えたいのですがどうしたらよいですか。』というご質問。会場では回答出せませんが、どなたか分かりますか??
#AJACS

返信 リツイート お気に入りに登録 その他

リツイート 1 お気に入り 2

22:20 - 2014年9月1日

崖っぶちのポニヨ(蚊帳の外) [@bonohu](#) · 9月2日
[@h_ono](#) 単語って?

Hiromasa ONO [@h_ono](#) · 9月2日
[@bonohu](#) 今回のケースは塩基配列のデータから、任意の「ATGGCCT」みたいな文字列を取りたい場合です。

崖っぶちのポニヨ(蚊帳の外) [@bonohu](#) · 24時間
[@h_ono](#) ググるのかなw

崖っぶちのポニヨ(蚊帳の外) [@bonohu](#) · 24時間
[@h_ono](#) EMBOSSのdreg使いますね、UNIXコマンドであれば

げんぎいただききゅうけつき [@n0rr](#) · 24時間
[@h_ono](#) [@bonohu](#) sedとtrは使用可ですか?

中村保一 博士(猫) [@yaskaz](#) · 24時間
[@h_ono](#) [@bonohu](#) なるほど。普通の英文+ワードなら「はてな」の最後の解答が正解っぽいけど、塩基配列みたいに区切られてなくてもカウントしたいってことですね #AJACS [q.hatena.ne.jp/1135146114](#)

中村保一 博士(猫) [@yaskaz](#) · 24時間
[@bonohu](#) [@h_ono](#) ですね。わたしならせっかくなので fuzznuc をご紹介するところです

統合TV

<http://togotv.dbcls.jp>

統合TV | 生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル

TOGO TV CURATED 生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル

はじめての方へ 番組ランキング ほかの便利な方法 よくある質問 スタッフ お問い合わせ

使い倒し系チャンネル
統合TV
旧 統合TVはこちらから！

DBCLS Database Center for Life Science

目的別に検索！

- ゲノム・核酸配列解析
- タンパク質配列・構造解析
- 発現制御解析
- 文献検索・辞書情報収集 PC環境構築
- DBCLSサービス講演・講習動画
- データベース別分類

全番組のリストから調べたいDBやウェブツールに関するキーワードで検索！

検索窓にキーワードを入れると、入力たびごとに即座に候補の番組が絞り込まれます。先頭のタイトル行をクリックすると、昇順・降順で並び替えができます。

10 エントリを表示
検索:

| 番組タイトル (YOUTUBEへのリンク) | 番組の概要 (画像をクリックすると番組の再生ページへ移動します。) |
|---|--|
| Wolfram Alpha を高機能関数電卓として使う その3：微分・積分・方程式編 | <p>Wolfram Alphaは、ウルフラム・リサーチ社が開発した質問応答システムです。ユーザがテキストフィールドに質問や計算リクエスト、キーワードなどを入力すると、構造化されたデータを使って計算、検索し、直接答えを返してくれる新型の検索エンジンです。検索可能な分野は、数学をはじめ、統計とデータ解析、化学、物理、天文学、工学、素材、生物学、計算機科学など多岐にわたっており、さまざまな検索方法や使い方があります。今回は、前々回の基本操作編および前回の数式入力編の続編として、微分や積分、方程式などの一見すると入力しづらいような複雑な数式について、どのように検索窓に入力すればよいかについて実例をもとに紹介します。</p> |
| Integrative Genomics Viewer IGVを使い倒す ~マッピングデータを可視化する~ | <p>Integrative Genomics Viewer IGVを使い倒す ~マッピングデータを可視化する~</p> |

生命科学分野の有用なDB
やツールの使い方を 動画
で手取り足取り解説!!

最低限知っておくべき
バイオ系DBを網羅!!
さらに 中級者・上級者
向けの番組も!!

困ったら、**統合TV**!!

データベース別分類 in 統合TV

<http://togotv.dbcls.jp/ia/contents/category/database/>

データベース別分類

NCBI 26本
Ensembl, BioMart 16本
UCSC 10本

- NCBI
- Ensembl, BioMart
- UCSC

NCBI

| 番組タイトル | 概要 | 作成日 |
|--|--|------------|
| NCBI bookshelfの使い方 2013 | 医学、生物学に関する教科書を検索・閲覧する | 2013.5.29 |
| MMDBを使ってタンパク質の構造を知る | タンパク質やRNAの3次元構造のデータベースMMDBの使い方 | 2012.11.05 |
| NCBI GEOの使い方5～GEO2Rを使う～ | マイクロアレイ実験データを、データ解析環境Rをベースにして解析するGEO2Rの解説 | 2012.5.24 |
| PubChemを利用して化学物質やアッセイの結果を調べる | BioAssayを利用したアッセイの結果検索、およびCompoundを利用した化学物質の情報取得 | 2012.3.30 |
| NCBI GEOの使い方4～データセットブラウザの使い方2～2012 | データ解析ツールを用いた目的遺伝子の検索。クラスタリング結果の閲覧、統計解析、発現分布の見方 | 2012.2.27 |
| NCBI GEOの使い方2～遺伝子プロファイルの検索・処理済みデータの取得～ | 興味のある遺伝子のプロファイルを検索および実験データの正規化されたファイルの取得方法 | 2011.10.20 |
| NCBI GEOの使い方2～遺伝子プロファイルの検索・処理済みデータの取得～ | 興味のある遺伝子のプロファイルを検索および実験データの正規化されたファイルの取得方法 | 2011.10.20 |
| NCBI BioProjectの使い方 | ゲノムに関する様々なプロジェクトを調べる | 2011.8.5 |
| NCBI GEOの使い方1～マイクロアレイデータの検索・取得～2011 | 目的のマイクロアレイ実験データセットへのアクセス方法および生データ取得方法 | 2011.7.11 |
| PSI-BLASTで類縁の配列を調べ倒す 2011 | PSI-BLASTで類縁のアミノ酸配列を検索する | 2011.6.7 |
| NCBI Gene Expression Omnibus(GEO)にマイクロアレイデータを登録(Submit)する 2011 | 自分のマイクロアレイデータをGEOに登録する方法について | 2011.4.22 |
| ESTデータベース Entrez Unigeneを使い倒す 2011 | EST配列の取得 | 2011.3.2 |
| 遺伝子のRefSeq IDを調べる 2011 | 目的遺伝子のRefSeq ID取得 | 2011.2.18 |
| Entrez Books検索の使い方 2010 | 医学、生物学に関する教科書の中身を含めた検索と閲覧方法 | |

どんな番組がよく見られているか

<http://togotv.dbcls.jp/ja/rankings/total>

The screenshot shows a web browser window with the URL <http://togotv.dbcls.jp/ja/rankings/total>. The page title is "累計再生数一覧" (Total View Count List). The header features the TOGO TV logo and the text "生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル" (Life Science DB・Tool Mastery Channel). A navigation bar includes links for "はじめての方へ" (For newcomers), "番組ランキング" (Program Ranking), "ほかの便利な方法" (Other convenient methods), "よくある質問" (Frequently asked questions), "スタッフ" (Staff), and "お問い合わせ" (Contact us).

On the left side, there is a sidebar with the "統合TV" (Integrated TV) logo and a search bar. Below the search bar, there are several categories of content:

- ゲノム・核酸配列解析 (Genome/Sequence Analysis)
- タンパク質配列・構造解析 (Protein Sequence/Structure Analysis)
- 発現制御解析 (Expression Control Analysis)
- 文献検索・辞書情報収集 PC環境構築 (Literature Search/Dictionary Information Collection PC Environment Construction)
- DBCLSサービス講演・講習動画 (DBCLS Service Lectures/Workshop Videos)
- データベース別分類 (Database-specific Classification)

The main content area is titled "累計再生数一覧" and contains a table with the following columns: "順位" (Rank), "番組名" (Program Name), and "累計再生数" (Total View Count).

| 順位 | 番組名 | 累計再生数 |
|----|--|-------|
| 1 | Copyright in the Digital Age and Its Impact on Scientific Data Sharing (日本語字幕付き) | 37995 |
| 2 | Open Refineの使い方 (旧Google Refine) の使い方～導入・基本編～ | 29661 |
| 3 | ImageJを利用して画像を処理・解析する | 29578 |
| 4 | PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方 2011 | 23627 |
| 5 | NCBI BLASTの使い方～基本編～2010 | 19175 |
| 6 | Primer3でPCR用のプライマーを設計する。 | 19126 |
| 7 | MEGAを使って配列アラインメントおよび系統解析をする | 17338 |
| 8 | ライフサイエンス新着論文レビュー FirstAuthor's を使い倒す | 16276 |
| 9 | PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方 | 16138 |
| 10 | Primer BLASTの使い方 | 15544 |
| 11 | Local BLAST の使い方～検索実行・オプション編～2011 | 14038 |
| 12 | GSEA softwareの使い方～基本編～ | 13672 |
| 13 | Ciniiを使って日本語論文を検索する | 11757 |
| 14 | パワーポイントの図形描画機能でイラストをつくる方法 その2 | 11689 |
| 15 | 遺伝子発現バンク(GEO)目次を使い倒す-その壱 | 11530 |
| 16 | 統合TVの作り方 (Windows版) | 10768 |
| 17 | Local BLAST の使い方～導入・準備編 (MacOSX版)～2011 | 10589 |
| 18 | ImageJを利用して画像を処理・解析する-2 | 9891 |
| 19 | 生命科学分野のデータベースを統合する仕事：落ちこぼれ大学生がDB (Doctor of the database) にいたるまで | 9544 |
| 20 | PyMOLを使い倒す | 9425 |
| 21 | Local BLAST の使い方～導入・準備編～2011 | 9136 |
| 22 | 新着論文レビューをテキストマイニング2.0：破 | |

At the bottom right of the page, there is a copyright notice: "©2014 DBCLS Licenced Under CC 表示 2.1".

統合TV YouTube 支店

<https://www.youtube.com/user/togotv>

The screenshot shows the YouTube channel page for 'togotv'. The browser address bar displays 'https://www.youtube.com/user/togotv/featured?view_as=public'. The channel banner features a cartoon character at a desk with a computer monitor displaying the YouTube logo and the text 'TOGO TV'. Below the banner, the channel name 'togotv' is shown with a 'チャンネル登録 641' (Subscribe 641) button. The navigation menu includes 'ホーム', '動画', '再生リスト', 'チャンネル', 'フリートーク', and '概要'. The featured video is titled '生命科学分野の有用なDBやツールの使いかたを動画で手取り足取り解説します' (Useful databases and tools in the field of life sciences explained in a video with hands-on and step-by-step explanations). The video player shows a progress bar at 0:30 / 0:59. To the right of the video, there is a description for the featured video: '統合TV プロモーションムービー' (Integrated TV Promotion Movie), '再生回数 1,304 回 9 か月前' (1,304 views 9 months ago), and a link to the channel website: 'http://togotv.dbcls.jp/2013...'. Below the featured video, the '人気のアップロード' (Popular uploads) section lists three videos: 'PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方' (6 years ago, 21,073 views), 'パワーポイントの図形描画機能でイラストをつくる方法' (3 years ago, 18,939 views), and 'オンライン人体地図サービス「アノトモグラフィ」を使い倒す' (6 years ago, 11,751 views).

togotv - YouTube

https://www.youtube.com/user/togotv/featured?view_as=public

YouTube JP

アップロード

チャンネル登録 641

ホーム 動画 再生リスト チャンネル フリートーク 概要

生命科学分野の有用なDBやツールの使いかたを動画で手取り足取り解説します

統合TV プロモーションムービー
再生回数 1,304 回 9 か月前
本家はこちら <http://togotv.dbcls.jp/2013...>
統合TVは、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。数多くの解説動画の情報をうまく整理し、ユーザーが真に必要な情報に素早く容易にたどりつけるようにまとめています。生命科学研究に頻繁に使われるサイトを知り、その使い倒し術を知る手段として、日々の実験や研究の進展のためぜひ活用ください。

人気のアップロード

PCRプライマー設計ツール Primer3の使い方
6 年前 • 再生回数 21,073 回
高画質版はこちら <http://togotv.dbcls.jp/20080808.html>
Primer3はPCR用のプライマーを設計するためのツールです。PCR実験成功の可否は、プラ...

パワーポイントの図形描画機能でイラストをつくる方法
3 年前 • 再生回数 18,939 回
本家はこちら <http://togotv.dbcls.jp/20110509.html#p01>
スライドやポスター等のプレゼンテーション用資料に「イメージ通りのイラストがみつか...

オンライン人体地図サービス「アノトモグラフィ」を使い倒す
6 年前 • 再生回数 11,751 回
高画質はこちら <http://togotv.dbcls.jp/20080606.html>
アノトモグラフィは統合ホームページで提供されているツールの一つで、器官別の発現...

©2014 DBCLS Licenced Under CC 表示 2.1

統合TV YouTube 支店 統計情報



NCBI

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

- National Center for Biotechnology Information (米国立生物工学情報センター) の略称
- PubMed、核酸(GenBank)、アミノ酸配列、発現データ、PubChem、タンパク質構造、ゲノム、TaxonomyといったNCBIの主要な30以上のデータベースに対して、テキストベースで統合的に検索できる

The image shows two screenshots of the NCBI website. The left screenshot is the NCBI homepage with a search bar containing 'cancer'. The right screenshot shows the search results page for 'cancer', displaying approximately 21,926,690 results. The results are categorized into Literature, Genes, Health, and Genomes.

Search Results for "cancer"

| Category | Count | Description |
|-------------------|------------|--|
| Literature | | |
| Books | 47,261 | books and reports |
| MeSH | 360 | ontology used for PubMed indexing |
| NLM Catalog | 45,768 | books, journals and more in the NLM Collections |
| PubMed | 2,983,889 | scientific & medical abstracts/citations |
| PubMed Central | 784,398 | full-text journal articles |
| Health | | |
| ClinVar | 34,343 | human variations of clinical significance |
| dbGaP | 17,938 | genotype/phenotype interaction studies |
| GTR | 3,253 | genetic testing registry |
| MedGen | 4,404 | medical genetics literature and links |
| OMIM | 2,767 | online mendelian inheritance in man |
| PubMed Health | 8,512 | clinical effectiveness, disease and drug reports |
| Genomes | | |
| Assembly | 27 | genomic assembly information |
| BioProject | 9,024 | biological projects providing data descriptions of biological course |
| BioSample | 207,159 | biological samples |
| Genes | | |
| EST | 3,558,724 | expressed sequence tag sequences |
| Gene | 29,862 | collected information about gene loci |
| GEO DataSets | 325,295 | functional genomics studies |
| GEO Profiles | 10,314,435 | gene expression and molecular abundance profiles |
| HomoloGene | 227 | homologous gene sets for selected organisms |
| PopSet | 833 | sequence sets from phylogenetic and population studies |
| UniGene | 1,038 | clusters of expressed transcripts |
| Proteins | | |
| Conserved Domains | 608 | conserved protein domains |
| Protein | 886,753 | protein sequences |
| Protein Clusters | 14 | sequence similarity-based protein clusters |
| Structure | 7,065 | experimentally-determined biomolecular structures |

NCBIの総エントリー数は?

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gquery/?term=All%5Bfilter%5D>

The screenshot shows the NCBI GQuery search results page for the query 'All[filter]'. The search bar contains 'All[filter]' and the search button is labeled 'Search'. Below the search bar, it states 'About 1,226,289,377 search results for "All[filter]"'. The results are categorized into several sections: Literature, Health, Genomes, Genes, Proteins, and Chemicals. Each section lists various databases and their corresponding counts and descriptions.

| Category | Database | Count | Description |
|-------------------|-------------------|-------------|---|
| Literature | Books | 304,403 | books and reports |
| | MeSH | 252,518 | ontology used for PubMed indexing |
| | NLM Catalog | 1,506,157 | books, journals and more in the NLM Collections |
| | PubMed | 24,068,783 | scientific & medical abstracts/citations |
| | PubMed Central | 3,169,617 | full-text journal articles |
| Health | ClinVar | 111,144 | human variations of clinical significance |
| | dbGaP | 163,233 | genotype/phenotype interaction studies |
| | GTR | 31,919 | genetic testing registry |
| | MedGen | 258,064 | medical genetics literature and links |
| | OMIM | 23,634 | online mendelian inheritance in man |
| | PubMed Health | 48,786 | clinical effectiveness, disease and drug reports |
| Genomes | Assembly | 32,010 | genomic assembly information |
| | BioProject | 132,407 | biological projects providing data to NCBI |
| | BioSample | 2,674,287 | descriptions of biological source materials |
| | Clone | 36,916,420 | genomic and cDNA clones |
| | dbVar | 4,126,864 | genome structural variation studies |
| | Epigenomics | 6,634 | epigenomic studies and display tools |
| | Genome | 10,107 | genome sequencing projects by organism |
| | GSS | 37,613,354 | genome survey sequences |
| | Nucleotide | 143,865,973 | DNA and RNA sequences |
| | Probe | 31,883,086 | sequence-based probes and primers |
| | SNP | 394,164,614 | short genetic variations |
| | SRA | 927,243 | high-throughput DNA and RNA sequence read archive |
| | Taxonomy | 1,278,880 | taxonomic classification and nomenclature catalog |
| | Genes | EST | 75,563,489 |
| Gene | | 17,307,298 | collected information about gene loci |
| GEO DataSets | | 1,254,935 | functional genomics studies |
| GEO Profiles | | 91,392,791 | gene expression and molecular abundance profiles |
| HomoloGene | | 141,268 | homologous gene sets for selected organisms |
| PopSet | | 205,778 | sequence sets from phylogenetic and population studies |
| Proteins | UniGene | 6,473,284 | clusters of expressed transcripts |
| | Conserved Domains | 49,641 | conserved protein domains |
| | Protein | 145,632,691 | protein sequences |
| | Protein Clusters | 820,546 | sequence similarity-based protein clusters |
| | Structure | 101,427 | experimentally-determined biomolecular structures |
| | Chemicals | BioSystems | 612,889 |
| PubChem BioAssay | | 1,048,167 | bioactivity screening studies |
| PubChem Compound | | 52,773,083 | chemical information with structures, information and links |
| PubChem Substance | | 149,338,355 | deposited substance and chemical information |

All[filter] で検索!!



Ensembl

<http://www.ensembl.org/>

- 英国 Wellcome Trust Sanger Institute と EBI (European Bioinformatics Institute) が共同開発しているゲノムブラウザ
- 遺伝子の注釈(アノテーション)情報をゲノム上で閲覧(ブラウズ)することができる

The image shows a screenshot of the Ensembl Genome Browser interface. The main window displays the summary page for the BRCA2 gene (ENSG00000139618) in Homo sapiens. The page includes a search bar, navigation links (BLAST/BLAT, BioMart, Tools, Downloads, More), and a search for all species. The main content area is divided into several sections:

- Gene-based displays:** A sidebar menu with options like Summary, Splice variants (6), Transcript comparison, Supporting evidence, Sequence, Secondary Structure, External references, Regulation, Expression, Comparative Genomics, Gene tree (image), Gene tree (text), Gene tree (alignment), Gene gain/loss tree, Orthologues (61), Paralogues, Protein families (2), Phenotype, Genetic Variation, Variation table, Variation image, Structural variation, External data, Personal annotation, ID History, and Gene history.
- Gene: BRCA2 ENSG00000139618:** A detailed summary of the gene, including its description (breast cancer 2, early onset), location (Chromosome 13: 32,889,611-32,973,805 forward strand), INSDC coordinates, and transcripts (6 splice variants).
- Summary:** A section providing key information about the gene, such as its name (BRCA2), synonyms (BRCC2, FACD, FAD, FAD1, FANCD, FANCD1), CCDS (CCDS9344), RefSeq (675), LRG (LRG_293), Ensembl version (ENSG00000139618.10), Gene type (Known protein coding), Prediction Method (Automatic annotation from Ensembl and Havana), and Alternative genes (OTTHUMG0000017411).
- What's New in Release 75 (February 2014):** A section highlighting recent updates, including the new VEP interface, 'Age of base' track for human, and new GENCOD basic renderers for human and mouse.
- Latest blog posts:** A section with recent news items, such as the retirement of archives 63 and the variation annotation for C.
- Did you know...?:** A section with a FAQ link and a prompt to check out other resources.

The bottom of the page features a genomic track showing the BRCA2 gene structure and its location on chromosome 13. The track includes a scale bar from 32.88Mb to 32.96Mb and a legend for the gene structure. The footer contains the Wellcome Trust Sanger Institute logo and a copyright notice: ©2014 DBCLS Licenced Under CC 表示 2.1.

BioMart

<http://www.biomart.org>

- Ontario Institute for Cancer Research (OICR) と European Bioinformatics Institute (EBI)、San Raffaele Scientific Institute (SRSI) が共同で開発しているデータ管理システム
- 様々なデータを取得するためのインターフェースとして秀逸

The image shows two browser windows. The left window displays the BioMart homepage at www.biomart.org. The right window shows the BioMart Central Portal search interface at [central.biomart.org/martwizard/#1/Search_by_database_name?mart=Ensembl+75+Genes+\(WTSI%2C+UK\)&step](http://central.biomart.org/martwizard/#1/Search_by_database_name?mart=Ensembl+75+Genes+(WTSI%2C+UK)&step).

BioMart Homepage (Left Window):

- Logo: bio·mart
- Navigation: HOME, TOOLS, COMMUNITY, PUBLICATIONS, NEWS, CREDITS, DOCUMENTATION, VERSION 0.7, CONTACT
- Text: [3rd July 2014] BioMart Portals (0.7 and 0.9) updates:urgi, vectorbase, phytozome, uniprot, ensembl genomes.
- Section: BioMart is a community-driven project to provide unified access to distributed research data to facilitate the scientific discovery process. The project adheres to the open source philosophy that promotes collaboration and code reuse.
- Tools: BROWSE DATA, ID CONVERSION, SEQUENCE RETRIEVAL, ENRICHMENT ANALYSIS
- Footer: 46 DATABASES, 4 CONTINENTS

BioMart Central Portal (Right Window):

- Page Title: BioMart Central Portal
- Search Path: Home > Search by database name (A-Z)
- Navigation: Datasets → Filters → Output | Restart | Previous | Results
- Section: ATTRIBUTES
- Sub-sections: Features, Structures, Transcript Event, Homologs, Variation, Sequences
- Section: GENE: ENSEMBL (select all | select none)
- Attributes (Gene):
 - Ensembl Gene ID
 - Ensembl Protein ID
 - Description
 - Gene Start (bp)
 - Strand
 - Transcript Start (bp)
 - Associated Gene Name
 - Associated Gene DB
 - Transcript count
 - Gene Biotype
 - Source (gene)
 - Status (gene)
 - Ensembl Transcript ID
 - Ensembl Exon ID
 - Chromosome Name
 - Gene End (bp)
 - Band
 - Transcript End (bp)
 - Associated Transcript Name
 - Associated Transcript DB
 - % GC content
 - Transcript Biotype
 - Source (transcript)
 - Status (transcript)
- Section: PHENOTYPE (select all | select none)
- Attributes (Phenotype):
 - Phenotype description
 - Study External Reference
 - Strain gender
 - Source name
 - Strain name
 - P value
- Summary Panel: view XML, Database: Ensembl 75 Genes (WTSI, UK), Datasets: Homo sapiens genes (GRCh37.p13), Filters: no data, Attributes: no data

BioMart

<http://www.biomart.org>

- 【実習】 BioMart v0.9を使って遺伝子情報や配列を取得する

- 【統合TV】

BioMart v0.9を使い倒す ～遺伝子情報や配列を取得する～

http://youtu.be/Cc43P2fz8_k



UCSC Genome Browser

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

- 米国カリフォルニア大学サンタクルーズ校(UCSC)が開発しているゲノムブラウザ、ゲノムアノテーション閲覧システム
- 前述の Ensembl と双璧をなす
 - どちらが使いやすいかは、その人次第!?

Human (Homo sapiens) Genome Browser Gateway

The UCSC Genome Browser was created by the [Genome Bioinformatics Group of UC Santa Cruz](#).
Software Copyright (c) The Regents of the University of California. All rights reserved.

group genome assembly position search term

Mammal Human Feb. 2009 (GRCh37/hg19) chr21:33,031,597-33,041,570 enter position, gene symbol or search terms

[Click here to reset](#) the browser user interface settings to their defaults.

[track search](#) [add custom tracks](#) [track hubs](#) [configure tracks and display](#)

Human Genome Browser – hg19 assembly (sequences)

The February 2009 human reference sequence (GRCh37) was produced by the [Genome Reference Consortium](#). For more information about this assembly, see [GRCh37](#) in the NCBI Assembly database.

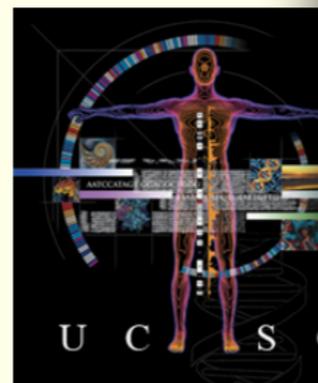
Sample position queries

A genome position can be specified by the accession number of a sequenced genomic clone, an mRNA or EST or STS marker, a chromosomal coordinate range, or keywords from the GenBank description of an mRNA. The following list shows examples of valid position queries for the human genome. See the [User's Guide](#) for more information.

Request:

Genome Browser Response:

| | |
|---|---|
| chr7 | Displays all of chromosome 7 |
| chrUn_gl000212 | Displays all of the unplaced contig gl000212 |
| 20p13 | Displays region for band p13 on chr 20 |
| chr3:1-1000000 | Displays first million bases of chr 3, counting from p-arm telomere |
| chr3:1000000+2000 | Displays a region of chr3 that spans 2000 bases, starting with position 1000000 |
| RH18061;RH80175 15q11;15q13 rs1042522;rs1800370 | Displays region between genome landmarks, such as the STS markers RH18061 and RH80175, or chromosome bands 15q11 to 15q13, or SNPs rs1042522 and rs1800370. This syntax may also be used for other range queries, such as between uniquely determined ESTs, mRNAs, refSeqs, |



Home
(Graphic courtesy of UCSC)

Human chr21:33031597-33041570 – UCSC Genome Browser v303

UCSC Genome Browser on Human Feb. 2009 (GRCh37/hg19) Assembly

move <<< << < > >> >>> zoom in 1.5x 3x 10x base zoom out 1.5x 3x 10x 100x

chr21:33,031,597-33,041,570 9,974 bp. enter position, gene symbol or search terms go

chr21 (q22.11) 21p13 21p12 21p11.2 21q21.1 21q21.2 21q21.3 21q22.11 21q22.2 21q22.3

Scale chr21: | 33,033,000 | 33,034,000 | 33,035,000 | 33,036,000 | 33,037,000 | 33,038,000 | 33,039,000 | 33,040,000 | 33,041,000 | hg19

UCSC Genes (RefSeq, GenBank, CDS, Rfam, tRNAs & Comparative Genomics)

RefSeq Genes

Publications: Sequences in Scientific Articles

Sequences

SNPs

Human mRNAs from GenBank

Human ESTs That Have Been Spliced

Spliced ESTs

Layered H3K27Ac 100

H3K27Ac Mark (Often Found Near Active Regulatory Elements) on 7 cell lines from ENCODE

DNase Clusters

Digital DNaseI Hypersensitivity Clusters in 125 cell types from ENCODE

Txn Factor ChIP

Transcription Factor ChIP-seq (161 factors) from ENCODE with Factorbook Motifs

100 Vert. Cons

100 vertebrates Basewise Conservation by PhyloP

Multiz Alignments of 100 Vertebrates

Rhesus Mouse Dog Elephant Chicken X_tropicalis Zebrafish Lamprey

Common SNPs (138)

Simple Nucleotide Polymorphisms (dbSNP 138) Found in >= 1% of Samples

Repeating Elements by RepeatMasker

RepeatMasker

Click on a feature for details. Click or drag in the base position track to zoom in. Click side bars for track options. Drag side bars or labels up or down to reorder tracks. Drag tracks left or right to new position.

move start < 2.0 > move end < 2.0 >

[track search](#) [default tracks](#) [default order](#) [hide all](#) [add custom tracks](#) [track hubs](#) [configure](#) [reverse](#) [resize](#) [refresh](#)

[collapse all](#) Use drop-down controls below and press refresh to alter tracks displayed. Tracks with lots of items will automatically be displayed in more compact modes. [expand all](#)

Mapping and Sequencing refresh

UCSC Genes RefSeq Genes AceV

©2014 DBCLS Licenced Under CC 表示 2.1

UCSC Genome Browser

<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

- 【実習】 wig形式のファイルをトラックとして追加して表示する
- 【統合TV】
UCSC Genome Browserの使い方～wig形式のファイルを
トラックとして追加する～
- GSE21365
- 【呪文】 track type=wiggle_0

<http://www.youtube.com/watch?v=St00ZcfEeeo>



Integrative Genomics Viewer (IGV)

<http://www.broadinstitute.org/igv/>

- 米国 Broad Institute が提供するゲノムデータ可視化ツール
- 個別のマシンにインストールして使うので、手元に必要なデータがあれば、それらを高速に表示、閲覧することが可能

The image displays the Integrative Genomics Viewer (IGV) interface. On the left, the website's home page is visible, featuring a navigation menu with links for Home, Downloads, Documents, Hosted Genomes, FAQ, IGV User Guide, File Formats, Release Notes, Credits, and Contact. Below the menu is a search bar and the Broad Institute logo. The main content area of the website includes a 'What's New' section with news items from June 2014, October 2013, and April 2013, an 'Overview' section describing IGV as a high-performance visualization tool, and a 'Downloads' section with a registration link. On the right, the IGV application window is shown, displaying genomic data for Human hg19, chromosome 1. The interface includes a menu bar (File, Genomes, View, Tracks, Regions, Tools, GenomeSpace, Help) and a toolbar with dropdown menus for 'Human hg19', 'chr1', and 'chr1'. Below the toolbar is a genomic scale from 0 to 248 mb. The main display area shows tracks for 'SRR1294107.sorted.sam.tdf' (Tumor_One, Normal_One) and 'SRR1294107.sorted.sam Covera'. A tooltip is visible over the 'Normal_One' track, showing a value of -0.799163 at position 46207857 with a window function of mean. The bottom right corner of the image contains the text '©2014 DBCLS Licenced Under CC 表示 2.1' and Creative Commons license icons.

Integrative Genomics Viewer (IGV)

<http://www.broadinstitute.org/igv/>

- 【実習】 アノテーションデータの読み込み、表示の切替、検索、特定の塩基配列の取得

- 【統合TV】

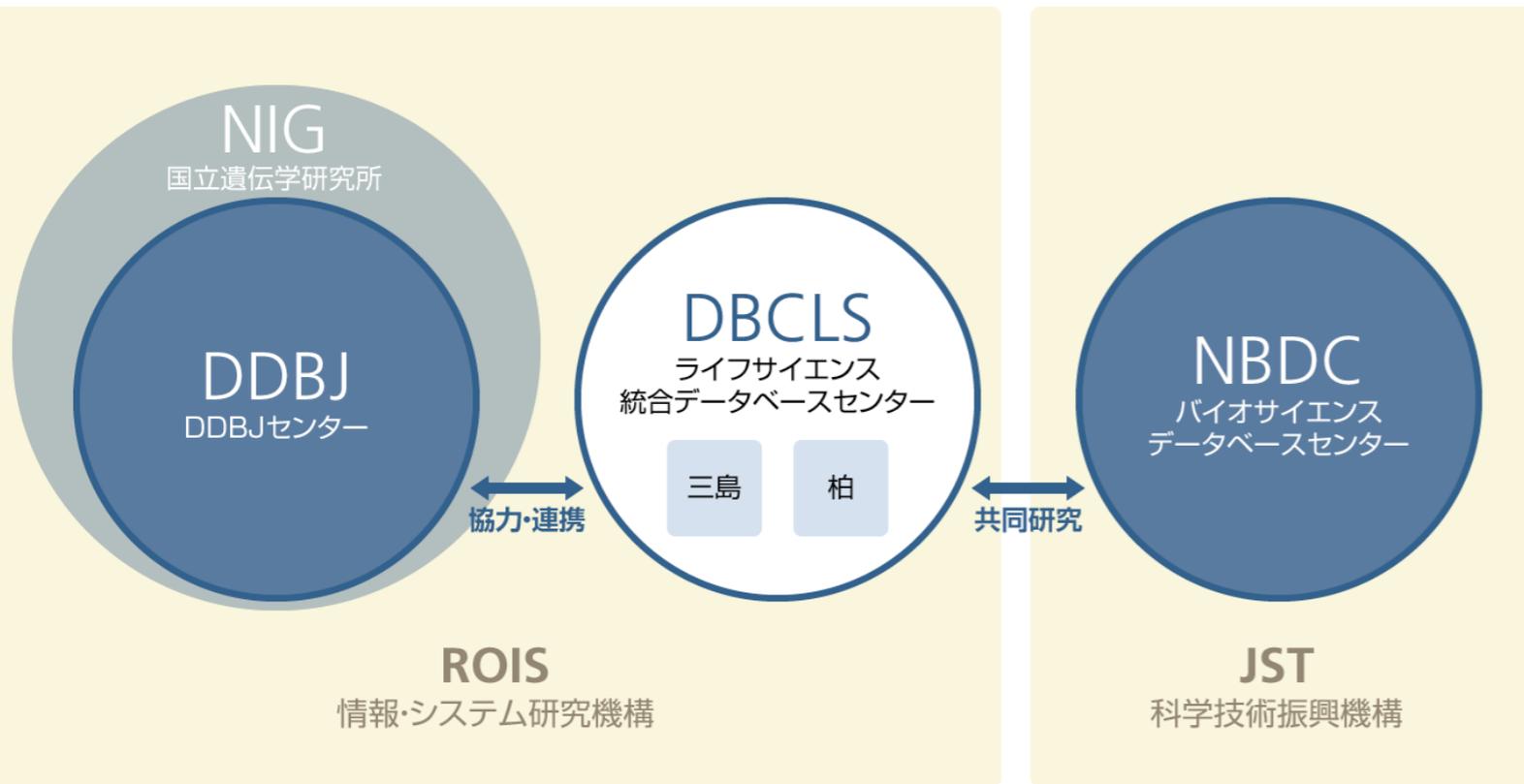
Integrative Genomics Viewer IGVを使い倒す ～基本編～

データ元: http://www.nimblegen.com/downloads/annotation/hg19/human_hg19_september_2011.zip

<http://youtu.be/kHlga3aca0k>



NBDC と DBCLS と 統合DB



- 必要なデータベースが見つからない
- 使い方がわからない
- データを組み合わせた高度な解析ができない



データベースを効率よく
利用するための環境整備



統合データベース

<http://dbcls.rois.ac.jp/about>

| | |
|----------|---|
| 2006年9月 | 文部科学省ライフサイエンス分野の統合データベース整備事業 開始 |
| 2007年4月 | ライフサイエンス統合データベースセンター 設立 初代センター長 高木利久 就任 統合データベースプロジェクトの中核機関として事業を受託（期間4年） |
| 2010年10月 | 第2代センター長 米澤明憲 就任 |
| 2011年4月 | JSTバイオサイエンスデータベースセンター 設立 JSTライフサイエンスデータベース統合推進事業 開始 「基盤技術開発プログラム」開始（期間3年） |
| 2012年4月 | 第3代センター長 小原雄治 就任 ライフサイエンス統合データベースの推進方策について（報告）を公表 |
| 2014年4月 | NBDC「統合データベースにおける基盤技術開発とデータベース運用に係る共同研究」開始 |

<http://dbcls.rois.ac.jp/about/history>

ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)

<http://dbcls.rois.ac.jp>

The screenshot shows the DBCLS website homepage. The browser address bar displays 'dbcls.rois.ac.jp'. The page features a navigation menu on the left with links for 'センターについて', '研究開発', 'サービス', 'イベント', 'メンバー', 'アクセス', and 'お問い合わせ'. Below the menu are social media icons for Twitter and RSS, and a search bar. The main content area is titled 'news' and lists several recent updates with dates and titles, such as 'Open Science Award 2014を開催します' and '全サービス一時停止のお知らせ'. A 'more' button is located at the bottom of the news section. The footer contains a 'site map' with links to 'ホーム', 'センターについて', '沿革', '予算と財源', 'よくある質問', and 'サイトポリシー'. It also lists various services like '統合TV', 'ライフサイエンス 新着論文レビュー', and 'Allie'. The DBCLS logo and name are prominently displayed in the footer, along with the text '大学共同利用機関法人 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'.

バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC)

<http://biosciencedbc.jp>

バイオサイエンスデータベースセンター - NBDC

National Bioscience Database Center

English サイトマップ サイト内検索 検索...

ホーム NBDCについて 研究開発 公募情報 採用情報 広報 お問い合わせ リンク

NBDCは、日本の生命科学研究を推進するために、データベースをつなげて使い易くします。そのためにNBDCや協力機関は、以下のようなサービスやウェブサイトを作成・提供しています。

【メンテナンス案内】2014年9月4日(木)、ネットワーク機器メンテナンスの為、NBDC全サービスの通信断(7:00-9:00の間に5秒ほど数回)が発生いたします。ご迷惑をおかけします。

生命科学全体のデータベース統合
Integbioデータベースカタログ
データベース横断検索 国内外DBを一括検索
生命科学系データベースアーカイブ

日本語や動画でわかりやすく
新着論文レビュー / 領域融合レビュー
統合TV

論文をもっと読みやすく、書きやすく
Allie / inMeXes / TogoDoc

大量の配列データを扱いやすく
DBCLS SRA / 鎖鋸 (β)
RefEx / 統合遺伝子検索 GGRNA

さまざまな統合コンテンツ
生物アイコン
生命科学系主要プロジェクト一覧
Webリソースポータルサイト
ゲノム解析ツールリンク集
HOWDY / GenLibi

開発ツール
TogoDB / TogoWS
DBCLS Galaxy
BodyParts3D / Anatomography

統合のための連携
integbio.jp: 4省合同ポータルサイト
BioHackathon

分野ごとのデータベース統合

ヒトと医・薬
NBDCヒトデータベース
ヒトゲノムバリエーションデータベース
ヒト疾患脳画像データベース
KEGG MEDICUS: 疾患・医薬品統合リソース

生命を支える分子
DDBJ: 日本DNAデータバンク
PDBj: 日本蛋白質構造データバンク
TogoProt: 蛋白質関連データベース統合検索
JCGGDB: 日本糖鎖科学統合データベース
MassBank / Bio-MassBank / KNApSAcK Family

ゲノムから個体へ
PGDBj: 植物ゲノム統合データベース
MicrobeDB.jp: 微生物関連データベース
ゲノムネット
BioLOD: Biophenome Linked Open Databases
SSBD: 生命動態システム科学統合データベース

NBDCパンフレット
(PDF: 3.75MB/
2014/06/30更新)

新着情報 twitter RSS

2014/07/23
「おもしろい糸状菌」(農研機構 北海道農業研究センター)を「生命科学系データベースアーカイブ」に追加しました。

2014/07/18
「統合化推進プログラム」H26年度採択課題キックオフミーティングの発表資料を掲載しました。

2014/07/18
平成26年度ライフサイエンスデータベース統合推進事業「統合データ解析トライアル」の募集は終了いたしました。

2014/07/18
「PLACE」(農業生物資源研究所)を「生命科学系データベースアーカイブ」に追加しました。

2014/07/18
統合データベース講習会: AJACS 阿波(2014年8月20日)の参加申し込みを開始しました。

ニュース一覧へ

Gender-Equal Society
男女共同参画

研究倫理
Research Integrity

Integbio データベースカタログ

<http://integbio.jp/dbcatalog/>

The image shows a screenshot of the Integbio database catalog website. The browser address bar shows the URL http://integbio.jp/dbcatalog/dbsearch?cck=database_catalog&order=1&dbcat_search_all=&tag2=%7C遺伝子%7C&tag3. The page title is "Integbio データベースカタログ". The search results show 62 items, with filters for "ヒト" (Human), "遺伝子" (Gene), and "配列" (Sequence). The search results are displayed in a list format, with each item showing a thumbnail, title, and description. The items include:

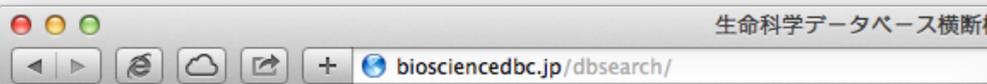
- Raphanus sativus Genome**: 運用機関: かずさディー・エス・エー. 生物種: *Raphanus sativus*. 説明: ダイコン (Raphanus sativus) の EST-SSR、Isozyme marker の配列情報を収録... [詳細へ](#)
- Carnation DB**: 運用機関: かずさディー・エス・エー. 生物種: *Dianthus caryophyllus*. 説明: カーネーション (Dianthus) のデータベースです。遺伝子、UniProtなどの... [詳細へ](#)
- 日本人由来B細胞株・DN**: 運用機関: 独立行政法人 医科研究開発機構. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 約2,000名の日本人由来分譲しています。 [詳細へ](#)
- ヒト組織バンクデータベース**: 運用機関: 独立行政法人 医科研究開発機構. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 患者への十分な説明と関係する手続きを厳格に行った上... [詳細へ](#)
- KNapSack Bicycle: KNapSack**: 運用機関: 奈良先端科学技術大学院大学. 生物種: *Stramenopiles* | *Cyano*. 説明: 藻類のタンパク質と二次代謝産物のタンパク質情報がある96,641個のタンパク質情報が調べられ... [詳細へ](#)
- TradMPD: 伝統医薬データベース**: 運用機関: 富山大学 和漢医学研究センター. 生物種: 未指定. 説明: 生薬や漢方薬、およびその製剤の学術情報や関連植物・動物の漢方方剤を調べ... [詳細へ](#)
- NCBNカタログデータベース**: 運用機関: 国立高度専門医療研究センター. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 国立高度専門医療研究センターで実施された研究から得られる患者、感染症・代... [詳細へ](#)
- 病気の解説 難病情報センター**: 運用機関: 難病医学研究財団. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 難病に関する情報を提供... [詳細へ](#)
- NBDCヒトデータベース**: 運用機関: 独立行政法人科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 本サイトはヒトに関する様々なデータを共有するためのプラットフォームです。次世代シーケンサーをはじめとした解析技術の発達に伴い産生されつつある膨大な量のヒト関連データを整理・格... [詳細へ](#)
- ASPiCDB: Alternative Splicing Prediction Data Base**: 運用機関: Consorzio Interuniversitario per le Applicazioni di Supercalcolo per Universita e Ricerca. 生物種: *Homo sapiens* | *Mus musculus* | *Rattus norvegicus* | *Gallus gallus* | *Bos taurus* | ... 説明: オルタナティブスプライシング (選択的スプライシング) を受ける遺伝子とタンパク質に関するデータベースです。オルタナティブスプライシングパターンによる条件絞込み検索が可能で、それぞ... [詳細へ](#)
- miRTarBase**: 運用機関: Institute of Bioinformatics and Systems Biology, National Chiao Tung University. 生物種: *Homo sapiens* | *Mus musculus* | *Rattus norvegicus* | *Gallus gallus* | *Bos taurus* | ... 説明: 世界最大規模および最新のmiRNA-ターゲット相互作用 (miRNA-target interaction; MTI) を蓄積しているデータベースです。MTIの収集は、miRNAの機能解析に関する文献からテキストマイニング... [詳細へ](#)
- CCDB: Cervical Cancer Gene Database**: 運用機関: Institute of Cytology and Preventive Oncology. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 子宮頸癌に関する遺伝子のカタログデータベースです。実験結果をもとに子宮頸癌の様々なステージに関与するであろうと考えられる遺伝子及びmiRNAの情報を、手作業のキュレーションにより収集... [詳細へ](#)
- Mutation Database**: 運用機関: 独立行政法人科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 疾患原因遺伝子や関連遺伝子の変異に関する情報とそれに伴う疾患の臨床情報をアーカイブし共有することを目的としたレポジトリデータベースです。ラボでの独自の解析結果と文献から抽出した... [詳細へ](#)
- Human Variation DB: human genome variation database**: 運用機関: 独立行政法人科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: 次世代シーケンサーによって検出された健常者変異、疾患関連変異、及び、文献に発表されている疾患関連変異を抽出・登録し、GUIにより閲覧できるようにしています。また、日本人健常者の参... [詳細へ](#)
- ASAP II: the Alternative Splicing Annotation Project II**: 運用機関: Universita di Padova. 生物種: *Homo sapiens*. 説明: ... [詳細へ](#)

生命科学データベース横断検索

<http://biosciencedbc.jp/dbsearch/>

講習会用

http://biosciencedbc.jp/dbsearch_new/



生命科学データベース横断検索

ヘルプ

生命科学データベース横断検索

統合DBプロジェクト
文献

データベース ヒット

Information

2014.06.17 横断検索のページが新しくなりました。旧バージョンをご覧ください。旧バージョンいただけます。

What's New

2014.07.01 XDB (カテゴリ: [ゲノム・遺伝子]) を追加しました。

2014.07.01 真菌・放射菌ギャラリー (カテゴリ: [細胞・組織]) を追加しました。

2014.07.01 LIPS (カテゴリ: [細胞・組織]) を追加しました。

2014.07.01 SEVENS(アーカイブデータ) (カテゴリ: [生命科学系データベースアーカイブ]) を追加しました。

2014.07.01 wiki.jscpb.org - Who's Who (カテゴリ: [生命科学系データベースアーカイブ]) を追加しました。

2014.07.01 微生物系統保存施設 (カテゴリ: [細胞・組織]) を追加しました。

2014.07.01 PepBase (カテゴリ: [タンパク質]) を追加しました。



生命科学データベース横断検索 **高血圧** DB一覧 旧バージョン モバイル English クレジット

全てのデータベース(95857) 検索結果URL表示

高血圧 の検索結果: 95826 hits

[TRICチャンネルの血圧調節への寄与とその遺伝子多型による本態性高血圧のリスク:ライフサイエンス新着論文レビュー \[ライフサイエンス新着論文レビュー \(FIRST AUTHOR'S\)\]](#)

(京都大学大学院薬学研究科 生体分子認識学分野) email: 竹島 浩 TRIC-A channels in vascular smooth muscle 次 要 約 はじめに 1.TRIC-Aノックアウトマウスにおける**高血圧** 2.TRIC-Aチャンネルを欠損した血管平滑筋の収縮とCa²⁺動 過分極シグナル障害 4.ヒトにおけるTRIC-A遺伝子多型と**高血圧** 5.ヒトにおけるTRIC-A遺伝子多型と降圧薬の薬理効果 お

<http://first.lifescience.jp/archives/3333>

統合DBプロジェクト
文献

[肺動脈性肺高血圧症 \(公費対象\) | 難病情報センター \[病気の解説 難病情報センター\]](#)

この病気は公費負担の対象疾患です。公費負担の対象となるには認定基準があります。認定基準臨床調査個々の調査研究班 (研究代表者:三嶋理晃) では、「**原発性肺高血圧症 (PPH)**」の名称変更および認定基準を含む内容の改訂を行った。PPHを「**肺動脈性肺高血圧症 (PAH)**」に変更したことに伴い、その臨床分類を明確に「**症**」調査研究班は、**原発性肺高血圧症 (Primary pulmonary hypertension: PPH)** の疫学、診断、病理所見などを明らかにすることを 不全に関する調査研究班でも、その事業の一部として**肺高血圧症**に関する臨床研究・基礎研究が継続され、その成果とし

<http://www.nanbyou.or.jp/entry/253>

用語解説
医療・薬 - 医学

[Search Result \[ASTRA\(Alternative Splicing and Transcription Archives\)\]](#)

ASTRA Home Statistics Human Mouse D. melanogaster C. elegans A. thaliana O. sativa Help Links Se clone:C730049K16 productweakly similar to SA RAT **HYPERTENSION** -ASSOCIATED HOMOLOG [Mus musculus], full insert seq a:1 c:1 e2:1 viewer Mm.334199 Mus musculus SA rat **hypertension** -associated homolog (Sah), transcript variant 1, mRNA

<http://alterna.cbrc.jp/search.php?sp=1,m&type=a>

遺伝子発現・転写制御 - 転写モチーフ

[KNASack-Family DietNavi: 高血圧 \[KNASack Family DietNavi\]](#)

アスパラサス・リネアリス Aspalathus linearis 南アフリカのアスパラサス・リネアリスの葉を乾燥させたものをルイボスティという。肝臓機能の改善、**高血圧**の改善、血中の中性脂肪を下げ、善玉コレステロールを上 既往歴のないヒトにおいてその発症リスクを低下させる。**[高血圧]**食事にオリーブ油を使うことで、有意に血圧が低下した

<http://kanaya.naist.jp/DietNavi/result2.isp?word=F040&mode=list2>

- 関連遺伝子で検索
acyl-CoA synthetase medium-chain family member 3
[GENE:6296][GNP:6296][UNP:][HGNC:10522]

Hypertension, essential, susceptibility to
[GENE:50986][GNP:50986][UNP:][HGNC:10522]

Hypertension, essential, susceptibility to
[GENE:444980][GNP:444980][UNP:][HGNC:10522]

Hypertension, essential, susceptibility to
[GENE:387575][GNP:387575][UNP:][HGNC:10522]

primary pulmonary hypertension 2
[GENE:89873][GNP:89873][UNP:][HGNC:15733]

Hypertension, essential, susceptibility to
[GENE:117191][GNP:117191][UNP:][HGNC:10522]

hypertension with brachydactyly
[GENE:8080][GNP:8080][UNP:][HGNC:10522]

Renal failure, progressive, with hypertension
[GENE:59331][GNP:59331][UNP:][HGNC:10522]

- 関連語句で検索
検索クエリ
高血圧 | "hypertension"

翻訳結果
[高血圧]
hypertension
hypertensive
ht



生命科学系データベース アーカイブ

<http://dbarchive.biosciencedbc.jp>



[クレジット]



生命科学系データベースアーカイブ | LSDb Archive

[Japanese | English] 寄託者専用サイトログイン

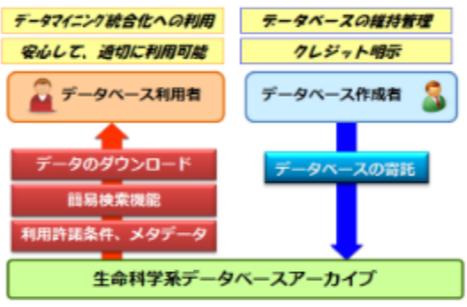
-あのデータベースが、丸ごとダウンロード可能に!-

生命科学系データベース アーカイブ

アーカイブ内を横断検索

☞ 相同性検索 ☞ 画像検索

ホーム | **アーカイブの説明** | 寄託応募要領 | 更新履歴 | 利用状況 | ヘルプ | お問い合わせ



新アーカイブ情報

2014/07/23 「おもしろい糸状菌」 (農研機構 北海道農業研究センター) を追加しました

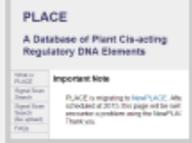
2014/07/17 「PLACE」 (農業生物資源研究所) を追加しました

2014/06/10 「SEVENS」 (青山学院大学 諏訪牧子教授) を追加しました

アーカイブデータベース一覧 (ヘルプ)

一覧内検索

全 87 件 (1 件から10件) 10 件を表示 ◀ Previous Next ▶

| データベース | データベース運用場所 | 代表者 | データベースカテゴリ | 生物種 | 要約 (キーワードを太字表示) | 利用許諾 | |
|---|--|-------------------------------------|------------|-------|--|--|----------------|
|  | おもしろい糸状菌 ダウンロード 簡易検索 | 独立行政法人 農業・食品産業技術総合研究機構 北海道農業研究センター | - | 菌類 | 海洋性の糸状菌17種について、顕微鏡写真、学名、形態の説明をまとめたデータベース | CC 表示-継承 詳細 | |
|  | PLACE ダウンロード 簡易検索 オリジナルサイト | 農業生物資源研究所 | 肥後 健一 | 発現制御 | 植物 | 高等植物遺伝子のプロモーター等の発現制御に関わる領域の塩基配列モチーフを論文から収集し、解説等を付加したデータベース | CC 表示-継承 詳細 |
|  | SEVENS ダウンロード 簡易検索 オリジナルサイト | 産業技術総合研究所 ゲノム情報研究センター | 諏訪 牧子 | タンパク質 | 真核生物 | 7本膜貫通ヘリックス型タンパク質のGPCR遺伝子を網羅的に収めたデータベース | CC 表示-継承 詳細 |
|  | KNapSack Bicycle ダウンロード 簡易検索 オリジナルサイト | 奈良先端科学技術大学院大学 情報科学研究科 計算システムズ生物学研究室 | 金谷 重彦 | 代謝 | 各種藻類 | 藻類のタンパク質と二次代謝反応の情報を集めたデータベース | CC 表示-継承 詳細 |

統合データベース講習会 AJACS, MotDB

<http://motdb.dbcls.jp/>

ライフサイエンス分野のデータベース統合を担う人材
AJACS (All Japan Annotator/Curator/System DB administrator) 向けの教材

「もっとでいーびー」と発音、**Master of the database**【データベースの達人】の略

実践的な講習資料、手順書



新着論文レビュー、領域融合レビュー

<http://first.lifesciencedb.jp/>

<http://leading.lifesciencedb.jp/>

次世代シーケンサーによる日本人全ゲノム配列のはじめての包括的な解析
2010年11月8日
角田 達彦
(理化学研究所ゲノム医科学研究センター 情報解析研究チーム)
email: 角田達彦

トップジャーナルに掲載された**日本人を著者とする**生命科学分野の論文について、**論文の著者自身の執筆による日本語のレビュー**を、だれでも自由に閲覧・利用できるサービス

野外の環境における生物の環境応答の理解にむけて：トランスクリプトームデータと気象データの統合
2014年7月22日
永野 惇・工藤 洋
(京大大学生態学研究センター)
email: 永野 惇

領域融合レビュー, 3, e009 (2014) DOI: 10.7875/leading.author.3.e009
Atsushi J. Nagano & Hiroshi Kudoh: **Integration of transcriptomics and meteorology.**

目次

- 要約

生命科学において注目される分野・学問領域における最新の研究成果について、**第一線の研究者の執筆による日本語のレビュー**を、だれでも自由に閲覧・利用できるサービス

Allie: 生命科学分野の略語 / 展開形検索

<http://allie.dbcls.jp/ia/>

MEDLINE (米国立医学図書館が開発・維持している生物医学文献書誌情報データベース) を利用して、文献中に登場する**略語とその正式名称の組およびその付随情報を検索**できる

ある略語が最初に文献に登場した時期を知る

新たな略語をつくらうとしたとき、その略語がすでに存在しているかどうかを調べる

Allie (アリー): 生命科学分野の略語 / 展開形検索

Allie A Search Service for Abbreviation / Long Form

■ 略語 / 展開形の検索

[検索語] (略語、展開形、もしくはそれらの一部)

検索 リセット

[ヘルプ] [略語一覧]

"SPF"で試す 検索オプション

Allieとは?

Allie(アリー)は生命科学分野において利用されている略語とその展開形を検索するサービスです。文献中に多く出現する略語は多義語であることが多く、特に専門外の読者には理解するのに困難を伴うことがあります。Allieはこの問題に対する一つの解となるよう開発されています。Allieは米国国立保健図書館(National Library of Medicine, NLM)の生物医学分野における書誌情報データベースであるMEDLINE®に含まれる全ての題目と要旨を対象として略語とその展開形を検索します。MEDLINEは2000万件を超える書誌情報を収めており、実際の文献中に出現する領域固有の略語とその展開形を抽出するのに相応しいものとなっています。

Allieで何が出来るのか?

- 略語の展開形もしくはある表現の略語を知ることが出来ます。
- 検索結果の略語もしくは展開形を題目あるいは要旨を含むPubMed/MEDLINE書誌情報が得られます。
- 検索結果の略語もしくは展開形を含む題目あるいは要旨に共起する他の略語が得られます。
- 利用者のプログラムからAllieの機能が容易に使えるよう、SPARQL/REST/SOAPインターフェースを備えています。

動画チュートリアル

Allieの使い方を

新着情報ブログ

データを更新し

関連文献

Allieの詳細について
Y. Yamamoto, A. PubMed Entry |
また、AllieはAL
H. Ao and T. Tak
PubMed Entry |

更新

最終更新日: 201

ダウンロード

Allieで利用して

目録等

NGS - Allie (アリー): 略語からの検索結果

Allie A Search Service for Abbreviation / Long Form

■ 検索結果 - 略語: NGS

| 展開形 No. | 展開形 | 分野 | 共起略語 | PubMed/MEDLINE情報 (発表年, 題目) |
|---------|--|---|---|--|
| 1 | next-generation sequencing (DNA集団全体の配列を短時間で決定する新技術) 次世代シーケンシング (1170回) | Molecular Biology 分子生物学 (170回) | SNPs (34回) miRNAs (28回) SNP (26回) | 2008 Next-generation sequencing: the race is on. |
| 2 | next-generation sequencing technologies 次世代シーケンス技術 (16回) | Medicine 医学, 医薬 (4回) | AC (1回) ARNSHL (1回) CLIA (1回) | 2010 Whole methylome analysis by ultra-deep sequencing using two-base encoding. |
| 3 | natural guide star (8回) | Ophthalmology 眼科学 (8回) | MCAO (4回) LGS (3回) WFS (3回) | 2001 Methods for correcting tilt anisoplanatism in laser-guide-star-based multiconjugate adaptive optics. |
| 4 | normal goat serum (7回) | Allergy and Immunology アレルギー・免疫 (3回) | B cell (1回) BDNF (1回) CDV (1回) | 1979 In vivo effects of antiserum to IgD on surface immunoglobulins, serum immunoglobulins and lymphocyte blastogenesis in rhesus monkeys. |

検索条件:

検索語: NGS
検索方法: 完全一致

分野:

(Any)
分子生物学
医学, 医薬
眼科学
アレルギー・免疫
生物学
分析化学法

結果:

略語: NGS
出現頻度: 1271
対応する展開形の数: 52

表示設定:

[1ページの件数]
20

ページ移動
1 / 3 ページ

inMeXes: 逐次PubMed/MEDLINE表現検索

<http://docman.dbcls.jp/im/>



Incremental PubMed/MEDLINE Expression Search: inMeXes (インメクセス)

docman.dbcls.jp/im/

API仕様 | English

逐次PubMed/MEDLINE表現検索 inMeXes

4文字以上入力すると検索が始まります。
(大文字小文字は区別されます。ハイフンとスラッシュは結果に空白として表示されます。入力された情報は暗号化されて送信されます。)

▼ inMeXesとは?

be associated に続く前置詞として相応しいものは何か? そしてその具体的な利用例は? といった問いに素早く答えられるように inMeXes (インメクセス) は作られました。 PubMed/MEDLINE®に含まれる書誌情報の題目および要旨に10回以上出現する2語以上から成る表現を逐次的 (incremental) に検索します。 結果はPubMed/MEDLINE中での出現頻度と共に表示され、ヒット表現のリンクを辿ることで以下の情報を取得できます。

- ヒット表現が出現するPubMed/MEDLINE中の文 (LSD projectの提供による共起リスト又はDBCLS提供による一文)
- LSDまたは英辞郎 on the WEBを利用した和訳
- 統合データベースプロジェクト (LSDB) 横断検索結果
- ウィキペディアエントリ

こちらでinMeXesの使い方を動画で紹介しています。

検索欄: を含む 表現を検索。 フィルタを表示

最大結果表示件数: 20, 検索結果のリンク先: LSD共起リスト, Permalink(?)

生命科学系の文献
(PubMed/MEDLINEに含まれるタイトルとアブストラクト) に頻出する
英語表現を、1文字の入力ごとに高速に検索



inMeXes はDBCLSにより提供されています。ご利用に際してサイトポリシーをご覧ください。
『英辞郎 on the WEB』とは、EDP制作の英和・和英データベース (英辞郎) をウェブブラウザ経由で利用できるサービスです。
*『英辞郎』は道端早知子氏の登録商標です。
ご意見等ございましたらこちらまでお寄せください。support AT dbcls.rois.ac.jp

Incremental PubMed/MEDLINE Expression Search: inMeXes (インメクセス)

docman.dbcls.jp/im/?q=be%20associated%20&d=20&o=begw&a=LSDconc

API仕様 | English

逐次PubMed/MEDLINE表現検索 inMeXes

4文字以上入力すると検索が始まります。
(大文字小文字は区別されます。ハイフンとスラッシュは結果に空白として表示されます。入力された情報は暗号化されて送信されます。)

▶ inMeXesとは?

be associated | で始まる 表現を検索。 フィルタを表示

最大結果表示件数: 20, 検索結果のリンク先: LSD共起リスト, Permalink(?)

| | | |
|--------|---|---|
| 127521 | be associated with | Neoplasms / Neurology / Medicine |
| 17839 | be associated with the | Biochemistry / Neoplasms / Neurology |
| 12975 | be associated with a | Neoplasms / Medicine / Neurology |
| 5864 | be associated with an | Neoplasms / Medicine / Neurology |
| 4119 | be associated with increased | Neoplasms / Cardiology / Medicine |
| 2994 | be associated with an increased | Neoplasms / Medicine / Vascular Diseases |
| 2020 | be associated with an increased risk | Neoplasms / Medicine / Vascular Diseases |
| 1638 | be associated with an increased risk of | Neoplasms / Medicine / Vascular Diseases |
| 1595 | be associated to | Medicine / Neurology / Biochemistry |
| 1532 | be associated with the development | Neoplasms / Medicine / Allergy and Immunology |
| 1431 | be associated with the development of | Neoplasms / Medicine / Allergy and Immunology |
| 1188 | be associated with significant | General Surgery / Pediatrics / Medicine |
| 1157 | be associated with higher | Medicine / Neoplasms / Psychiatry |
| 1018 | be associated with reduced | Neoplasms / Neurology / Medicine |
| 947 | be associated with a higher | Neoplasms / General Surgery / Medicine |
| 919 | be associated with increased risk | Neoplasms / Epidemiology / Vascular Diseases |
| 891 | be associated with other | Medicine / General Surgery / Pediatrics |
| 888 | be associated with lower | Medicine / Nutritional Sciences / Neoplasms |
| 836 | be associated with poor | Neoplasms / Medicine / Psychiatry |
| 831 | be associated with high | Neoplasms / Medicine / General Surgery |

検索結果から用例や
関連情報を容易に取得する
ことができる

RefEx

<http://refex.dbcls.jp>

Reference Expression Dataset
English | 日本語

臓器ごとの発現比較を
4つの実験手法と
ボディパーツ3Dで。
▼もっと詳しく

キーワードで検索 検索 ex) troponin, ALB

組織特異的に発現する遺伝子を見る

遺伝子オントロジー

- cellular process
- biological regulation
- metabolic process
- multicellular organismal process
- response to stimulus
- developmental process

他のオントロジーを選ぶ

serpin peptidase inhibitor, clade C (antithrombin), member 1

同義遺伝子名 MGC22579, Antithrombin-III precursor, SERPINC1, ATIII, clade C (antithrombin), antithrombin III, PRO0309, AT3

発現データ ヒートマップ on Bodyparts3D 組織40分類別データ Download

相対発現量を、人体 3D 画像にマップしたものです。Genechip 組織 40分類 の発現パターンを使用しています。

EST

GeneChip

CAGE

RNA-seq

EST

GeneChip

CAGE

RNA-seq

4つの異なる実験手法 (EST、GeneChip、CAGE、RNA-seq) によって得られた **40種類の正常組織における遺伝子発現データを直感的に比較**することが可能なリファレンスデータセット

遺伝子発現解析などで見出された不詳な遺伝子群の関係性を知るためのツールとしても有用

GGRNA、GGGenome

<http://ggrna.dbcls.jp/ja/>

<http://gggenome.dbcls.jp/>

統合遺伝子検索
GGRNA ver.2

検索 Zoo (All organisms in RefSeq)

遺伝子をGoogleのように検索できるサイトです。NCBI RefSeq の transcript を全文検索します。

検索例：

- 「homeobox」 「claudin」 フリーワード検索
- 「RNA interference」 ダブルクオートで囲ってフレーズ検索
- 「Argonaute "PAZ domain"」 Argonaute かつ "PAZ domain" のAND検索
- 「NM_001518」 「10579」 RefSeq IDやGene IDなど各種IDから検索
- 「symbol:VIM」 遺伝子名(symbolまたはsynonym)から検索
- 「ref:Naito」 文献情報のなかからフリーワード検索
- 「1552311_a_at」 マイクロアレイのプローブIDから塩基配列を検索
- 「aa:KDEL」 アミノ酸配列を検索
- 「caagaagagattg」 塩基配列を検索
- 「comp:caagaagagattg」 相補鎖を検索
- 「lub:aggtcannrtgacct」 N, R, Y 等のあいまいな塩基を含む塩基配列を検索
- 詳細な使い方

超絶高速ゲノム配列検索
GGGenome

検索 Human genome, GRCh37/hg19 (Feb, 2009)

許容するミスマッチ/ギャップの数: 0 (検索する塩基配列の長さの20%まで)

検索例：

- [TTCATTGACAACATT] 塩基配列を検索
- 詳細な使い方

検索結果へのリンク：

- [http://GGGenome.dbcls.jp/db/k/sequence\[.format\]\[.download\]](http://GGGenome.dbcls.jp/db/k/sequence[.format][.download])
 - db → hg19, mm10, rn5, calJac3, susScr3, galGal4, xenTro3, danRer7, ci2, dm3, ce10, TAIR10, rice, sorBic, bmor1, sacCer3, refseq, hs_refseq, mm_refseq, prok, ddbj. 省略時は hg19
 - k → 許容するミスマッチ/ギャップの数。あまり大きいとしぼりする。省略時は 0
 - sequence → 塩基配列。大文字・小文字は区別しない
 - format → html, txt, json. 省略時は html
 - download → URLの最後に付加すると検索結果をファイルとしてダウンロードできる
- 例1: <http://GGGenome.dbcls.jp/TTCATTGACAACATT>
 - ヒトゲノム hg19 (省略可) で
 - ミスマッチ/ギャップを許容せず (省略可)
 - TTCATTGACAACATT を検索し
 - html 形式 (省略可) で結果を返す
- 例2: <http://GGGenome.dbcls.jp/mm10/2/TTCATTGACAACATTGCGT.txt>
 - マウスゲノム mm10 で
 - 2 ミスマッチ/ギャップまで許容して
 - TTCATTGACAACATTGCGT を検索し
 - txt 形式 (タブ区切りテキスト) で結果を返す

新着情報：

- 2014-07-20
- 2013-07-24
- 2013-07-08
- 2012-05-29
- 2012-05-29
- 過去の新着情報

GGRNA ver.2 by @me
This page is licensed

【GGRNA】NCBI RefSeq
に登録された**転写産物の情報**
を**高速に全文検索**

遺伝子名や各種ID、タンパクの機能など、どのようなキーワードからでも簡単に遺伝子を検索

【GGGenome】ゲノムや転写産物から**塩基配列**を**高速に検索**

BLASTやBLATでは検索の難しい**20塩基以下の短い配列の検索が得意**

ミスマッチやギャップを含む塩基配列にも対応

テキスト比較ツール diff 《デューブ》

<http://diff.jp>

diffコマンドを使った比較結果をWeb上に表示するツール

テキストボックスに比較したい文章をコピーしてボタンを押すだけで**2つの文章**で**どこが変更されたのか、差分の確認**ができる

日本語のテキストも対応

Word文章はもちろんソースコード、遺伝子リストなどの比較も可能

The screenshot shows the diff.jp website interface. At the top, there's a navigation bar with "diff 《デューブ》 ver.6" and language options "English | Japanese | 旧バージョン". Below the navigation bar, there's a main heading "テキスト比較ツール diff 《デューブ》 ver.6" and a sub-heading "下の枠に比較したい文章を入れてください。差分 (diff) を表示します。". The main content area is divided into two columns. The left column contains a text box with the following text: "下記の文章を比較してください。 Betty Botter bought some butter, But, she said, this butter's bitter; If I put it in my batter, It will make my batter bitter, But a bit of better butter Will make my batter better. So she bought a bit of butter Better than her bitter butter, And she put it in her batter, And it made her batter better, So 'twas better Betty Botter Bought a bit of better butter." Below this text box is a "比較する" button. The right column contains a text box with the following text: "下記の文章を、比較してください。 Betty Botter bought some butter, But, she said, the butter's bitter; If I put it in my batter, That will make my batter bitter. But a bit of better butter, That will make my batter better. So she bought a bit of butter Better than her bitter butter. And she put it in her batter, And it made her batter better. So it was better Betty Botter Bought a bit of better butter." Below this text box is a "比較する" button. Below the two text boxes, there's a section showing the result of the comparison. The left column shows the original text with some words highlighted in blue: "Betty Botter bought some butter, But, she said, **this** butter's bitter; If I put it in my batter, **It** will make my batter bitter, But a bit of better butter **Will** make my batter better. So she bought a bit of butter Better than her bitter butter, And she put it in her batter, And it made her batter better, So **'twas** better Betty Botter Bought a bit of better butter." Below this text is a statistics section: "文字数: 308 空白数: 63 空白込み文字数: 371 改行数: 12 改行込み文字数: 383 単語数: 72". The right column shows the modified text with some words highlighted in blue: "Betty Botter bought some butter, But, she said, **the** butter's bitter; If I put it in my batter, **That** will make my batter bitter, But a bit of better butter, **That will** make my batter better. So she bought a bit of butter Better than her bitter butter, And she put it in her batter, And it made her batter better, So **it was** better Betty Botter Bought a bit of better butter." Below this text is a statistics section: "文字数: 316 空白数: 62 空白込み文字数: 378 改行数: 12 改行込み文字数: 390 単語数: 74". At the bottom of the page, there's a footer with "結果のみ表示 (印刷用)" and three radio buttons: "カラー1" (selected), "カラー2", and "モノクロ".

DBCLS SRA

<http://sra.dbcls.jp>

The image shows two browser windows from the DBCLS SRA website. The top window displays the homepage with the DBCLS SRA logo and the text "DISCOVER Interesting & Available SRA Data". Below this, there are four charts under the heading "Trends in SRA data": "Species" (a line chart showing trends for various species), "Study Type" (a line chart showing the number of studies over time), "Platform" (a line chart showing the number of studies over time for different sequencing platforms), and "Disease" (a horizontal bar chart showing the number of studies for various diseases). The bottom window shows a search results page for "DBCLS SRA Metadata Search" with a search query of "undefined". It displays a table of 630 projects, with the following data visible:

| Study ID | Study Title | Study Type | Sequencing Instrument | Scientific Name | Number of Sequencing | PubMed ID |
|-----------|--|------------------------|------------------------------|-----------------------------|----------------------|----------------|
| DRP000315 | Transcriptome analysis of rice seedlings during Pi-starvation and Pi-sufficient stress | Transcriptome Analysis | Illumina Genome Analyzer IIx | Oryza sativa Japonica Group | 25 | no publication |
| DRP000375 | Analysis of TCR repertoire in beta5t-deficient mice | Transcriptome Analysis | Illumina Genome Analyzer IIx | Mus musculus | 1 | no publication |
| DRP000376 | Analysis of TCR repertoire in beta5t-deficient mice | Transcriptome Analysis | Illumina Genome Analyzer IIx | Mus musculus | 1 | no publication |

公共データベース（SRA [NCBI], ENA [EBI], DRA [DDBJ]）に登録された「次世代シーケンサ」データについて、さまざまな統計情報から閲覧、比較、データのダウンロードができる目次サイト

複数に分かれた登録でも同じプロジェクトの実験ならば一度に表示

目的別、機器別、生物種別に登録データを検索可能

ライフサイエンスQA

<http://qa.lifesciencedb.jp/>

ライフサイエンス研究にまつわる疑問や質問、それらへの回答を共有するウェブサイト

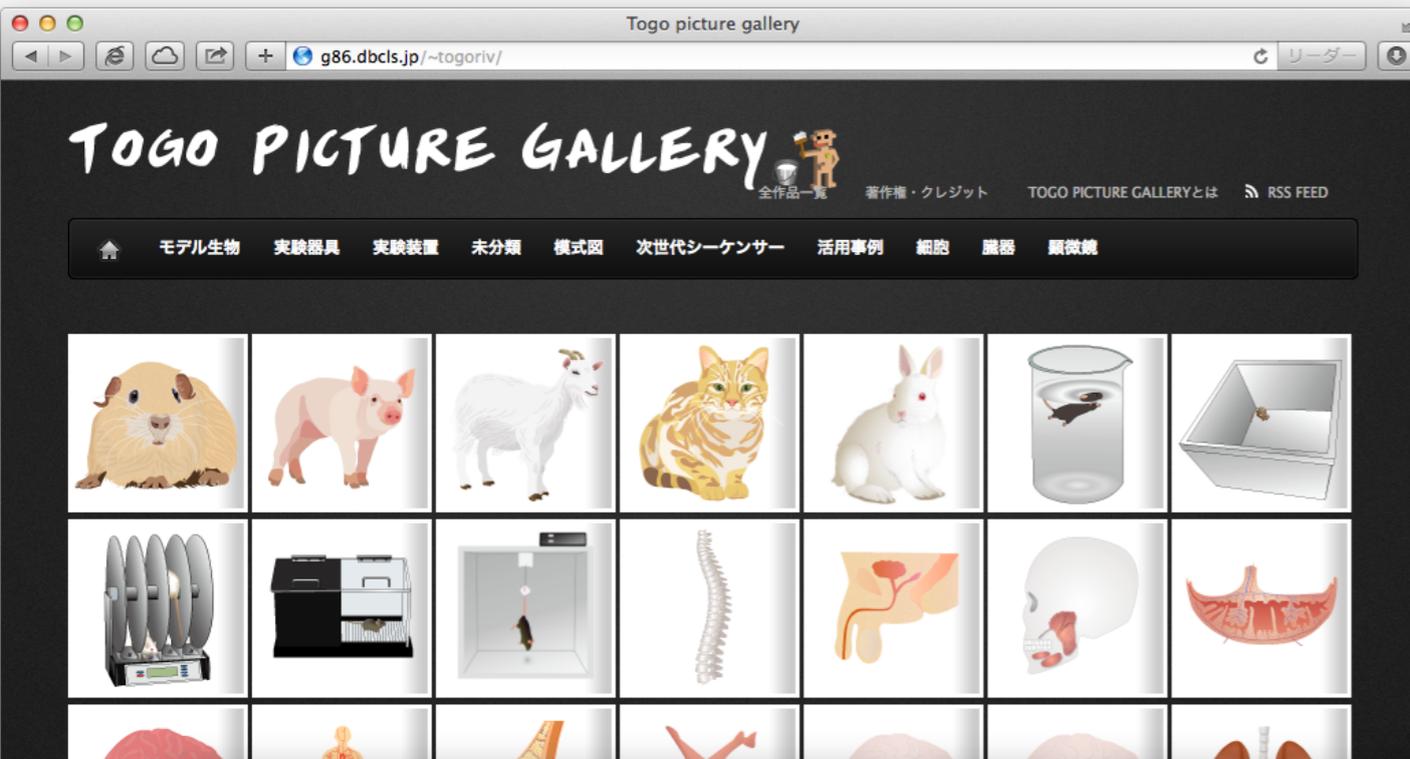
- ライフサイエンス研究
- バイオインフォマティクス研究
- DDBJのサービス
- DBCLSのサービス

対象ユーザーは、ライフサイエンス研究に携わっている人を想定

The screenshot shows the LifescienceQA website interface. At the top, there's a navigation bar with '質問' (Questions), 'タグ' (Tags), 'ユーザー' (Users), and 'バッジ' (Badges). Below this is a search bar and a list of questions. The main content area displays a question titled 'RNA-seq データの定量と可視化の、ツールの組み合わせ' (RNA-seq data quantification and visualization, tool combination) posted by user 'mequ' on April 10 at 19:06. The question text discusses the difficulty of visualizing RNA-seq data with IGV and asks for tool recommendations. The answer section shows one response from user 'mequ' explaining that the question is not a 'king's move' and suggesting a workflow: (1) use Bowtie for mapping, (2) use TopHat for transcript assembly, and (3) use cufflinks for transcript quantification. The right sidebar contains a 'welcome to #LSQA' message, a 'follow this question' section, and a 'tags' section listing 'bowtie', 'cufflinks', 'express', 'rna-star', and 'rpkm'.

togo picture gallery

<http://g86.dbcls.jp/togopic/>



だれでも自由に閲覧・利用できるように、Web上にて無料で公開している**ライフサイエンス分野のイラスト集**

モデル生物、実験器具、実験装置、模式図、次世代シーケンサー、細胞、顕微鏡があり、幅広い資料に利用可能

Creative Commons ライセンスで提供されているので、クレジットを記載するだけで、どのように利用してもOK

