

研究開発実施報告

□概要

研究開発課題名	データサイエンスを加速させる微生物統合データベースの高度実用化開発
開発対象データベースの名称 (URL)	微生物統合データベース「MicrobeDB.jp」 (https://microbedb.jp/)
研究代表者氏名	黒川 顕
所属・役職	国立遺伝学研究所・情報研究系・教授 (2019年3月時点)

□目次

§1. 研究実施体制	2	① 概要	9
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等	3	② 招待講演	9
(1) データベース一覧	3	③ 口頭講演	10
(2) ツール等一覧	3	④ ポスター発表	11
§3. 実施内容	4	(4) 知的財産権の出願	11
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標	4	(5) 受賞・報道等	11
(2) 進捗状況	5	① 受賞	11
§4. 成果発表等	8	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等)	
(1) 原著論文発表	8	11
① 論文数概要	8	1. 進捗ミーティング	11
② 論文詳細情報	8	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリー	
(2) その他の著作物 (総説、書籍など)	9	チ活動等	12
(3) 国際学会および国内学会発表	9		

§1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者 氏名	所属機関・役職名	研究題目
遺伝研グループ	黒川 顕	国立遺伝学研究所・教授	MicrobeDB.jpの実用化に向けた研究開発と運用
基生研グループ	内山 郁夫	基礎生物学研究所・助教	オーソログデータの構築とそれに基づく比較ゲノム解析機能の開発
東工大グループ	山田 拓司	東京工業大学・准教授	ヒトマイクロバイオームデータの価値最大化を目指したメタデータ構築
千葉大グループ	高橋 弘喜	千葉大学・准教授	真菌類ゲノム・菌株・オミックス情報の収集と高度化

§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

(1) データベース一覧

【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	MicrobeDB.jp		http://microbedb.jp

【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	Microbial genome Database for Comparative Analysis	MBD	http://mbgd.genome.ad.jp

(2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1	Metagenome and Microbes Environmental Ontology	MEO	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/MEO
2	Microbial Culture Collection Vocabulary	MCCV	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/MCCV
3	Pathogenic Disease Ontology with Symptom	PDO-CSSO	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/PDO , http://bioportal.bioontology.org/ontologies/CSSO
4	Metagenome Sample Vocabulary	MSV	http://bioportal.bioontology.org/ontologies/MSV

§3. 実施内容

(1) 本年度の研究開発計画と達成目標

MicrobeDB.jp(MicrobeDB.jp; <http://microbedb.jp>)の実用化を目指した研究開発計画 7 項目は以下の通りである。

① 徹底したユーザビリティの向上

昨年度開発し、ユーザ講習会での利用を目的としてテスト公開を行なったポータルサイト(<https://beta.microbedb.jp>)について、ユーザ会、講習会等によって得られたユーザからのフィードバックを精査し、本公開に向けた実装機能の安定運用のための継続的な改善を実施する。開発された Stanza、解析ツールの組み込み連携やホログenom解析等のユースケース追加を実施する。また、RDF を活用したファセット検索インタフェースの導入によるゲノム・メタゲノムデータの検索性の向上や DDBJ との連携によるデータバリデーション機能を導入、レポジトリ機能の入力インタフェースの高度化にも着手し、さらなるユーザビリティの向上を目指す。

② データ品質の向上

最新のメタ 16S・メタゲノム・ゲノム・菌株のメタデータへの MEO 自動マッピング結果を元に、MEO の語彙及び構造をアップデートし、より詳細に微生物の環境情報を記述できるようにする。また、ヒトマイクロバイオーームデータに関しては、継続して論文のマニュアルキュレーションを行うと共に、得られたメタデータのオンロジーアノテーションを行う。メタデータは MicrobeDB.jp のサンプル ID と紐づけた上で、RDF 化する。

Microbial enome Database for Comparative Analysis (MBD; <http://mbgd.genome.ad.jp/>) におけるオーソログデータ構築プロトコルを、種内比較、属内比較、属間比較と階層的にすすめる方式に切替える。プロトコルの実装と、それに基づくデータ構築は前年度までに終わっていたが、この変更に伴いデータを「ゲノム」単位ではなく「パンゲノム」単位で持つこととなり、それによって MBD のさまざまな機能において修正する必要が生じていた。これらの修正作業を完了させて、新方式を用いて更新したデータベースの公開を行う。

③ キラーアプリケーションの開発

微生物群集の全体像を俯瞰可能な統合可視化ツール LEA の、遺伝子機能組成版を開発する。前年度プロトタイプを作成した「オーソログ検索・ゲノムアノテーション」のアプリケーションを完成させ、利用者ゲノムデータの解析を行うアプリケーションとして実行できるようにする。また、「系統プロファイル解析」を行うアプリケーションの仕様を検討し、プロトタイプの作成を行う。「コアゲノム・パンゲノム解析」アプリケーションについても仕様の検討を開始する。

④ さらなるデータの統合

真菌類の完全長・ドラフトゲノムデータと、RNA-Seq データの収集・整理を進める。これらの RDF 化を進めるとともに、菌株リソースのメタデータの整理と RDF 化を行い、MicrobeDB.jp 上へデータを蓄積する。また、真菌の系統組成に関して、ユーザが MicrobeDB.jp で検索および比較解析が実現できることを目指して、必要な研究開発項目の明確化を行う。まずは、真菌メタ ITS 解析パイプラインの開発に着手する。具体的には、収集した真菌 ITS 配列を用いて、既存の解析手法を検討し、その精度を検証する。系統組成解析に最適な参照配列についても検討を進める。

⑤ 基盤データ解析技術の高度化

メタ 16S の解析パイプラインで用いる系統アサインメント用 Reference16S rRNA 遺伝子配列 DB を最新の分類群情報や配列データを反映したものにアップデートする。

⑥ 効率的運用

これまで公開データ特にオミックスの中でも中心的な役割を担うゲノム情報については、DBCLS と連携して標準的な RDF データモデルを設計し、共通化した RDF を利用してきた。MicrobeDB.jp に対してユーザ

によって登録されたデータについても RDF データモデルを可能な限り共通化し、RDF によるデータ統合のための効率化を図るとともに、MicrobeDB.jp の基盤となるゲノム・メタゲノム・オーソログのデータおよび関連メタデータについて、最新データの追加・更新を実施するために、一次リソースから RDF 変換およびデータベース投入までのデータフローを整理し、更新系についてメジャー更新および差分更新系の開発に着手する。MEO の自動アノテーションのアルゴリズムの見直しまたは教師データの追加・改良を行うことで、MEO 自動アノテーションの精度向上を目指す。

⑦ホログenom対応

昨年度、基礎生物学研究所共生システム研究部門・川口正代司教授、かずさ DNA 研究所との共同研究として開発した、ホログenom解析支援ツールについて、さらなる拡充を図る。具体的には、国立環境研究所や藍藻ゲノムデータベース CyanoBase, 根粒菌ゲノムデータベース RhizoBase のそれぞれの国内外のユーザコミュニティとの連携を図りながら、リファレンスとなるホスト=共生微生物の対象を広げ、メタデータを中心にデータの拡充とその RDF 化を実施し、ホログenom解析支援ツールに追加する。また、解析データに対して、ユーザによる生物分類情報アノテーションを実施する機能を追加する。

(2) 進捗状況

本研究開発では、MicrobeDB.jp の実用化を目指し、中心となる以下の 7 項目について研究開発を実施した。

①徹底したユーザビリティの向上

テスト公開を行なったポータルサイトについて、本公開に向けた実装機能の安定運用のための開発を実施した。具体的には、レポジトリ機能を見直し、ゲノム・メタゲノムのデータ登録 UI を統合したテスト版を構築した。さらに操作性を向上するために、ファセット検索インタフェースから TogoStanza や解析ツールの提示までのナビゲーション機能を簡略化した。また、BioSample メタデータおよびユーザ登録メタデータを統合し、ユーザ会、講習会、学会展示ブースで得られたユーザニーズの一つのファセット検索メニュー拡充の要望を実現するための基盤を構築した。さらに、DDBJ へのデータ登録・公開の接続を目的にユーザ認証連携に着手し、DDBJ BioSample validation API 機能を導入し、レポジトリ機能の入力インタフェースの高度化にも着手した。

②データ品質の向上

最新のメタ 16S・メタゲノム・ゲノム・菌株のメタデータへの MEO 自動マッピング結果を元に、MEO の語彙及び構造をアップデートし、より詳細に微生物の環境情報を記述可能にした。公開データおよびユーザによって入力されるサンプル情報メタデータの品質向上を目的として、バリデーションを実施するために、DDBJ validation API の JSON 入力拡張開発を実施した。ヒトマイクロバイオームデータについては、ヒトのメタゲノム配列データが紐づいている論文約 4,500 報を文献情報データベースから収集し、約 1,200 報についてマニュアルキュレーションによってメタゲノムサンプルのメタデータ抽出を行った。それらのうち、データベースに登録されているメタデータを相補する形で、実際に論文中に比較解析に有用な各サンプルのメタデータが記述されていた論文は 69 報であり、メタデータの項目数は表記揺れ等を除くと 176 項目であった。それらのメタデータを RDF 化した。

新しいオーソログデータ構築プロトコルを用いて構築したデータを、それに伴い必要となる修正作業を完了させた上で、MBD の 2018 年バージョンとして公開した。登録ゲノム数は 6,318 で、2,547 種 1,019 属を含んでいる。新方式により作成したオーソログデータは階層的な構造を持っているが、その RDF 化に当たっては、オーソロジーデータ表現に用いている Orthology Ontology が階層的オーソログデータに対応しているので、それを用いてそのまま行うことができた。また、新バージョン公開にあたり、トップページのデザインを単純化し、遺伝子機能や生物種名での検索を容易に行えるような構成にした。これに伴い、Ela

sticsearch や jQueryUI ライブラリを使ったキーワード検索機能の強化を行った。

③キラーアプリケーションの開発

大量のメタゲノム配列データを持つユーザが、MicrobeDB.jp と同じ解析パイプラインを自らの解析環境で使用可能にするために、系統組成推定ツール VITCOMIC2 ローカル環境版、および解析パイプライン MeAP の Docker コンテナ版を開発した。MicrobeDB.jp 中のメタゲノムサンプルの遺伝子機能組成データを用いて、微生物群集の全体像を俯瞰可能な統合可視化ツール LEA の、遺伝子機能組成版を開発した。しかしながら、MicrobeDB.jp ver. 2 ではメタゲノムデータの数が数千サンプルほどであり、かつその大多数がヒト腸内であるため、約 3 万サンプルの系統組成に基づき構築した LEA と比べて、全地球レベルでの微生物群集の表現が困難であるため、LEA 遺伝子機能組成版の本格開発は、翌年度リリース予定の MicrobeDB.jp ver. 3 のデータを用いて行うことにした。一方で、微生物群集構造と環境との因果関係をより直感的に理解するため、LEA を 3D-VR に拡張すべくプロトタイプを開発した。

オーソログ検索・ゲノムアノテーションアプリケーションは、利用者のゲノム配列中の各遺伝子に対して、MBD のオーソロググループの検索を行って対応付けする機能と、オーソロググループから KE Orthology へのクロスリファレンスを用いて、KE モジュール単位で機能の評価する MAPLE 解析とからなる。配列検索機能としては、昨年度作成した HMMER を用いた HMM 検索に加えて、MMseqs2 を用いたプロフィール検索も実装し、特に後者はゲノム単位の解析においても十分な速度を持つことを確認した。この検索機能は、MBD 2018 の機能としても公開した。この検索機能と、昨年度作成した機能モジュール解析ツール MAPLE とを連動させて、ゲノムアノテーションツールの基礎的部分を作成した。このツールは、MBD におけるユーザーゲノム解析機能である MyMBD 機能の一環として動作する一方で、MicrobeDB.jp のアプリケーションとしても動作するように、MicrobeDB.jp の認証システムとも連携するように設計している。今後、さらに MBD と連携させた比較解析機能の強化を行った上で、公開に向けての準備を進める。一方、系統プロフィール検索アプリケーションについては、利用者が指定した系統プロフィールに対して、類似性の高い系統プロフィールを持つオーソロググループを検索するアプリケーションのプロトタイプ作成を行った。特にメタゲノム解析との連携に向けて、メタゲノム解析から得られた系統プロフィールを入力として検索することを想定し、MicrobeDB.jp に登録されたデータと連携させることを試みた。こちらも今後使いやすいインターフェイスを作成して、公開に向けた準備を進める。

④さらなるデータの統合

真菌類の系統分類に用いる参照 ITS 配列の整備を行うために、千葉大真菌センターが保有する真菌 80 2 株の ITS 配列を DDBJ に登録した。また、真菌類 10 株のドラフトゲノム配列データに遺伝子アノテーション情報の付与を完了した。真菌類の RNA-Seq データについては、DRA に登録されている約 2 万サンプルのうち、約 7,100 サンプルについて、遺伝子発現量の算出を完了した。真菌メタ ITS 解析パイプラインについては、参照配列データとしてよく利用されている UNITE を用いて VITCOMIC2 と同様の解析手法で系統組成を推定する解析パイプラインのテスト版を開発した。

⑤基盤データ解析技術の高度化

メタ 16S データの解析パイプラインで用いる系統アサインメント用の参照 16S rRNA 遺伝子配列 DB を、Ribosomal Database Project の分類体系および配列データを基に構築し、VITCOMIC2 および MeAP から利用できるようにした。

⑥効率的運用

ゲノム、メタゲノムのサンプル情報 RDF に関して、公開 BioSample データおよびユーザ登録サンプルメタ

データの RDF 再設計し、データモデルの共通化を実施した。MicrobeDB.jp データ更新のための情報基盤に関して、一次リソースから RDF 変換およびデータベース投入、検索系のデータフローを整理し、メジャー更新および差分更新系を実施する API の開発に着手した。ユーザのゲノムデータと公開ゲノムデータとの比較解析を実現しユーザ利便性を向上のため、自動ゲノムアノテーションパイプライン DFAST に MBD ID のアサイン機能を実装した。また、MEO の自動アノテーションのアルゴリズムを見直し、教師データの追加および改良を行い、MEO 自動アノテーションの精度向上を行なった。MEO 自動アノテーションの精度向上については、翌年度も引き続き取り組む予定である。

⑦ホロゲノム対応

Lotus japonicus および *Mesorhizobium loti* MAFF303099 のホスト=共生微生物の対象を拡充し、植物ホストおよび RhizoBase の根粒菌 5 株について RDF 化を実施し、ホロゲノム解析支援ツールにおいて利用するメタデータを整備した。また、生物分類情報アノテーションを記載するためのサンプル RDF および解析データ RDF データモデルを設計した。

§4. 成果発表等

(1) 原著論文発表

① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内 (和文)	1 件
	国際 (欧文)	10 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内 (和文)	0 件
	国際 (欧文)	2 件

② 論文詳細情報

〈国際〉

1. Higashi K, Suzuki S, Kurosawa S, Mori H, Kurokawa K, Latent environment allocation of microbial community data, PLOS Comput. Biol., 14(6), e1006143, 2018.(DOI: [10.1371/journal.pcbi.1006143](https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1006143))
2. Matsuo K, Haku A, Bi B, Takahashi H, Kamada N, Yaguchi T, Saijo S, Yoneyama M, et al, Fecal microbiota transplantation prevents *Candida albicans* from colonizing the gastrointestinal tract., Microbiology and immunology, 63, 5, 2018.(DOI: [10.1111/1348-0421.12680](https://doi.org/10.1111/1348-0421.12680))
3. Toyotome T, Hamada S, Yamaguchi S, Takahashi H, Kondoh D, Takino M, Kanesaki Y, Kamei K, Comparative genome analysis of *Aspergillus flavus* clinically isolated in Japan., DNA Research, 26, 1, pp. 95–103, 2019.(DOI: [10.1093/dnares/dsy041](https://doi.org/10.1093/dnares/dsy041))
4. Shimizu M, Kusuya Y, Alimu Y, Bian C, Takahashi H, Yaguchi T, Draft Genome Sequence of *Aspergillus awamori* IFM 58123^{NT}, Microbiology resource announcements, 8, 4, e01453-18, 2019.(DOI: [10.1128/MRA.01453-18](https://doi.org/10.1128/MRA.01453-18))
5. Naito S, Takeuchi N, Ohkusu M, Takahashi-Nakaguchi A, Takahashi H, Imuta N, Nishi J, Shibayama K, Matsuoka M, Sasaki Y, Ishiwada N, Clinical and Bacteriologic Analysis of Nontypeable *Haemophilus influenzae* Strains Isolated from Children with Invasive Diseases in Japan from 2008 to 2015., Journal of clinical microbiology, 56, 7, pp. e00141-18, 2018.(DOI: [10.1128/JCM.00141-18](https://doi.org/10.1128/JCM.00141-18))
6. Ueda A, Kobayashi A, Tsuchida S, Yamada T, Murata K, Nakamura H, Ushida K, Cecal Microbiome Analyses on Wild Japanese Rock Ptarmigans (*Lagopus muta japonica*) Reveals High Level of Coexistence of Lactic Acid Bacteria and Lactate-Utilizing Bacteria, Microorganisms, 6, 3, pp.77, 2018.(DOI: [10.3390/microorganisms6030077](https://doi.org/10.3390/microorganisms6030077))
7. Darzi Y, Letunic I, Bork P, Yamada T, iPath3.0: interactive pathways explorer v3., Nucleic acids research, 46, W1, pp. W510–W513, 2018.(DOI: [10.1093/nar/gky299](https://doi.org/10.1093/nar/gky299))
8. Watanabe H, Nakamura I, Mizutani S, Kurokawa Y, Mori H, Kurokawa K, Yamada T, Minor taxa in human skin microbiome contribute to the personal identification., PLOS ONE, 13, 7, pp. e0199947–e0199947, 2018.(DOI: [10.1371/journal.pone.0199947](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0199947))
9. Katayama T, Kawashima S, Okamoto S, Moriya Y, Chiba H, Naito Y, Fujisawa T, Mori H, Takagi T, TogoGenome/TogoStanza: modularized Semantic Web genome database, Database, 2019, 2019, bay132, 2019.(DOI: [10.1093/database/bay132](https://doi.org/10.1093/database/bay132))
10. Uchiyama I, Mihara M, Nishide H, Chiba H, Kato M, MBD update 2018: microbial genome database based on hierarchical orthology relations covering closely related and distantly related comparisons, Nucleic Acids Res., 47, D1, D382–D389, 2019.(DOI: [10.1093/nar/gky1054](https://doi.org/10.1093/nar/gky1054))

11. Hayashi T, Yamashita T, Watanabe H, Kami K, Yoshida N, Tabata T, Emoto T, Sasaki N, Mizoguchi T, Irino Y, Toh R, Shinohara M, Okada Y, Ogawa W, Yamada T, Hirata KI, et al. Microbiome and Plasma Microbiome-Related Metabolites in Patients With Decompensated and Compensated Heart Failure., *Circulation journal*, 83, 1, 182-192, 2018 (DOI: [10.1253/circj.CJ-18-0468](https://doi.org/10.1253/circj.CJ-18-0468))
12. Yoshida N, Emoto T, Yamashita T, Watanabe H, Hayashi T, Tabata T, Hoshi N, Hatano N, Ozawa , Sasaki N, Mizoguchi T, Amin HZ, Hirota Y, Ogawa W, Yamada T, Hirata KI, Bacteroides vulgatus and Bacteroides dorei Reduce ut Microbial Lipopolysaccharide Production and Inhibit Atherosclerosis., *Circulation*, 138, 22, pp.2486-2498, 2018 (DOI: [10.1161/CIRCULATIONAHA.118.033714](https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.118.033714))

〈国内〉

1. 高橋 (中口) 梓, 萩原大祐, 高橋弘喜, 酒井香奈江, 豊留孝仁, 渡辺哲, 亀井克彦, 五ノ井透, 次世代シーケンサーを活用したオミクス解析による *Aspergillus fumigatus* 病原因子探索、*Med. Mycol. J.*, 59、2、J35-J40、2018 (DOI:[10.3314/mmj.18.005](https://doi.org/10.3314/mmj.18.005))

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

13. 黒川頭, 森宙史, 東光一, 9 章 メタゲノム解析, よくわかるバイオインフォマティクス入門, 講談社, p p123-pp136, 2018 年.
14. 村上匠, 森宙史, 黒川頭, メタゲノムデータの情報解析とデータベース, 腸内細菌叢 健康と疾患を制御するエコシステム, 実験医学増刊, 羊土社, 37, pp23-28, 2019 年.

(3) 国際学会および国内学会発表

① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	15 件
	国際	5 件
口頭発表	国内	2 件
	国際	1 件
ポスター発表	国内	4 件
	国際	2 件

② 招待講演

〈国内〉

1. 高橋弘喜, 進歩が著しいマイクロバイームおよび微生物ゲノム研究法, 第 117 回日本皮膚科学会総会, 広島市, 2018 年 6 月 2 日.
2. 中村保一, 塩基配列データの爆発的増加と DDBJ をとりまく現状, 遺伝研研究会・生命情報データの拡大と分子進化研究の進展, 三島, 2018 年 8 月 4 日.
3. 内山郁夫, 非コア遺伝子に着目した水平移動遺伝子の検出、遺伝研研究集会「DNA 水平伝搬」、遺伝研、2018 年 8 月 20-21 日
4. 内山郁夫, オースログを探索する: Quest for Orthologs 会議について、日本進化学会第 20 回大会、東京大学駒場キャンパス、2018 年 8 月 22-25 日
5. 千葉啓和、オースログデータベースに基づくドメイン融合解析、日本進化学会第 20 回大会、東京大学

駒場キャンパス、2018年8月22-25日

6. 中村保一, ゲノム解析手法のトレンドと DDBJ・遺伝研スーパーコンピュータ, 第二回木村資生記念進化学セミナー, 八王子, 2018年9月3日.
7. 黒川顕, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp, JBA 発酵と代謝研究会, 東京, 2018年9月3日.
8. 黒川顕, メニーコアプロセッサが可能とするリアルタイムメタゲノム解析, アクセラレーション技術発表討論会, 油津, 2018年9月7日.
9. 森宙史, Metagenome informatics to understand microbial communities, イルミナマイクロバイオリジーワークショップ 2018『メタバーコーディングからショットガンメタゲノムによる全ゲノムへの展望』, 東京コンファレンスセンター品川, 2018年9月18日.
10. 高橋弘喜, 病原真菌 *Aspergillus fumigatus* の環境応答能の解析, 第101回日本細菌学会関東支部総会, 東京都, 2018年11月1日.
11. 黒川顕, マイクロバイオームと未来社会, 第2回経団連・産業連携セミナー, 東京, 2019年2月25日.
12. 中村保一, INSDC の一員としての DDBJ 事業の紹介と塩基配列決定の国際動向と INSDC への塩基配列データの登録と管理の実際, 製品評価技術基盤機構 NITE バイオテクノロジーセンターセミナー, 木更津, 2019年2月22日.
13. 黒川顕, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp, 第11回日本ゲノム微生物学会, 東京, 2019年3月8日.
14. 高橋弘喜, 病原真菌アスペルギルスフミガタスの表現型解析および遺伝型解析, 感染症診断と治療におけるゲノム解析, 伊勢原市, 2019年3月15日.
15. 黒川顕, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp, 日本農芸化学会, 東京, 2019年3月26日.

〈国際〉

1. 中村保一, DDBJ/INSDC/DFAST, CM 2.0 workshop, 北京, 2018年6月26日.
2. 黒川顕, Integrated database for microbe "MicrobeDB.jp", JSME2018&10thASME, 沖縄, 2018年7月13日.
3. 中村保一, enome analyses using NS for next -generation model species, The 16th CJK (日中韓) Bioinformatics Symposium, 葉山, 2018年8月30日.
4. 中村保一, DDBJ / the INSDC is ready for CM 2.0, 8th WDCM / CM 2.0 meeting, 北京, 2018年11月21日.
5. 中村保一, Introduction of the INSDC, data submission & genome annotation, CM 2.0 training course, 北京, 2018年11月26日.

③ 口頭講演

〈国内〉

1. 山田拓司, 大腸がん発病に伴うヒト腸内環境のマルチオミクス解析, 第45回日本毒性学会学術年会, 大阪国際会議場, 2018年7月19日.
2. 森宙史, 黒川顕, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp の活用法, ワークショップ「生命科学のデータベース活用法 2018」, 第41回日本分子生物学会年会, パシフィコ横浜, 2018年11月28日.

〈国際〉

1. Hiroshi Mori, Ken Kurokawa, VITCOMIC2: Visualization and analysis tool for the phylogenetic composition of microbial communities based on 16S rRNA gene sequences, ASM Microbe 2018, Georgia World Congress Center, Atlanta, USA, June 7-12, 2018.

④ ポスター発表

〈国内〉

1. 豊留孝仁, 高橋弘喜, 亀井克彦, 日本臨床分離 *Aspergillus flavus* 株と *A. flavus* NRRL3357 株および *A. oryzae* RIB40 株とのゲノムワイド SNP 比較解析, 日本マイコキシン学会第 82 回学術講演会, 帯広市, 2018 年 8 月 24 日.
2. 森宙史, 黒川顕, MicrobeDB.jp のメタゲノム解析パイプライン, トーゴーの日シンポジウム 2018, 日本科学未来館, 2018 年 10 月 5 日.
3. 森宙史, 藤澤貴智, 西出浩世, 矢口貴志, 高橋弘喜, 山田拓司, 内山郁夫, 中村保一, 黒川顕, 微生物統合データベース MicrobeDB.jp の更新とヒトマイクロバイオームデータの統合, 第 13 回日本ゲノム微生物学会年会, 首都大学東京南大沢キャンパス, 2019 年 3 月 6-8 日.
4. 内山郁夫, 非コア遺伝子の並び順の保存性に基づくゲノミックアイランドの抽出, 第 13 回日本ゲノム微生物学会年会, 首都大学東京南大沢キャンパス, 2019 年 3 月 6-8 日

〈国際〉

1. Hiroshi Mori, Ken Kurokawa, VITCOMIC2 and MicrobeDB.jp: Analyzing taxonomic composition of microbial communities based on 16S rRNA gene sequences without sequence clustering, ISME17, Congress Center Leipzig, Leipzig, Germany, August 13-17, 2018.
2. Hiroshi Mori, Ken Kurokawa, VITCOMIC2 and MicrobeDB.jp: Analyzing and comparing microbial community sequencing data, Frontiers of Genome Science 2019, Ito International Research Center, University of Tokyo, Japan, January 9-10, 2019.

(4) 知的財産権の出願

該当なし

(5) 受賞・報道等

① 受賞

1. Linked Open Data チャレンジ Japan 2018 プログレス賞, 山本泰智, 藤澤貴智, 小林巖生, 2018 年 12 月 8 日

§5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2018 年 4 月 25 日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	4 人	研究進捗報告のためのミーティング
2018 年 5 月 16 日	チーム内ミーティング (非公開)	東工大	3 人	同上
2018 年 6 月 20 日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	3 人	同上
2018 年	チーム内ミーティング	遺伝研	3 人	同上

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
7月5日	(非公開)			
2018年 9月6日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	4人	同上
2018年 11月5日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	4人	同上
2018年 11月21日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	3人	同上
2018年 12月25日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	7人	産業応用のためのミーティング
2018年 12月26日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	4人	研究進捗報告のためのミーティング
2019年 1月30日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	3人	同上
2019年 2月19日	チーム内ミーティング (非公開)	遺伝研	3人	同上

2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

該当なし

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	MicrobeDB.jp		ゲノムを軸にして微生物学の様々なデータをセマンティックウェブ技術を用いて統合した微生物統合データベース。	http://microbedb.jp	2011/12/12	維持・発展	データベース等	
2	Microbial Genome Database for Comparative Analysis	MBGD	オーソログ解析に基づいて微生物ゲノムの比較解析を行うためのデータベース。公開されたゲノム全体を含む標準オーソログテーブルに基づいて、各オーソロググループの系統プロファイルの比較などを行えるほか、動的なオーソログ解析機能によって、利用者自身が持つゲノム配列も含めて、興味のある生物種セットを対象を絞った比較を行うことも可能。	http://mbgd.genome.ad.jp	1997/7/1	維持・発展	データベース等	