

生体分子情報データベースの開発

Development of Databases for Biomolecular Information

京都大学 化学研究所バイオインフォマティクスセンター化学生命科学 五斗 進

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、生体分子情報データベースおよびバイオインフォマティクス技術の開発に取り組み、その成果をゲノムネット (<http://www.genome.jp/>) として広く公開している。平成 28 年度は、平成 27 年度に公開した改良版 MAPLE (メタゲノム機能評価ツール) [4] に更なる改良を加え、機能アノテーションに使用するホモロジー検索として、BLAST より高速な GHOST を利用できるようにした。また、プロテオームデータのレポジトリとなる jPOSTrepo を開発し、5 月に公開した[2]。jPOSTrepo は、プロテオームデータベースのコンソーシアムである ProteomeXchange に、アジア・オセアニア地域から初めて加入したデータベースであり、2017 年 2 月現在で既に 174 プロジェクトのデータセット (2.9TB) が登録され、対象生物種は 20 種にのぼる。その他、引き続き Virus-Host Database [5]、オーソログクラスタ DB OC、アミノ酸指標 DB AAindex を更新するとともに、ゲノムネットのデータベースを利用した解析を行った [1,3]。

発表論文(謝辞あり)

1. Nishimura, Y., Watai, H., Honda, T., Mihara, T., Omae, K., Roux, S., Blanc-Mathieu, R., Yamamoto, K., Hingamp, P., Sako, Y., Sullivan, M. B., Goto, S., Ogata, H. and Yoshida, T.; Environmental viral genomes shed new light on virus-host interactions in the ocean. *mSphere* **2**:e00359-16 (2017).
2. Okuda, S., Watanabe, Y., Moriya, Y., Kawano, S., Yamamoto, T., Matsumoto, M., Takami, T., Kobayashi, D., Araki, N., Yoshizawa, A. C., Tabata, T., Sugiyama, N., Goto, S. and Ishihama, Y.; jPOSTrepo: an international standard data repository for proteomes. *Nucleic Acids Res.* **45**:D1107-D1111 (2017).
3. Shimizu, Y., Ogata, H. and Goto, S.; Type III polyketide synthases: functional classification and phylogenomics. *ChemBioChem* **18**:50-65 (2017).
4. Takami, H., Taniguchi, T., Arai, W., Takemoto, K., Moriya, Y. and Goto, S.; An automated system for evaluation of the potential functionome: MAPLE version 2.1.0. *DNA Res.* **23**:467-475 (2016).
5. Mihara, T., Nishimura, Y., Shimizu, Y., Nishiyama, H., Yoshikawa, G., Uehara, H., Hingamp, P., Goto, S. and Ogata, H.; Linking virus genomes with host taxonomy. *Viruses* **8**:66 (2016).

発表論文(謝辞なし)

6. Kotera, M. and Goto, S.; Metabolic pathway reconstruction strategies for central metabolism and natural product biosynthesis. *Biophysics and Physicobiology* **13**:195-205 (2016).