

「植物オミックス情報および蛋白質構造情報」

20年度 研究成果報告書

平成21年5月

独立行政法人理化学研究所

豊田 哲郎

本報告書は、文部科学省の科学技術試験研究委託事業による委託業務として、独立行政法人理化学研究所が実施した平成20年度「植物オミックス情報および蛋白質構造情報」の成果を取りまとめたものです。

1. 委託業務の目的

シロイヌナズナ由来のデータにおける、大量シーケンサーやタイリングアレイから生産された膨大なトランスクリプトームデータに対して、様々なバイオインフォマティクス解析や、他の植物由来データとの比較解析を行い、アノテーション情報を作成する。フェノームに対しては遺伝子変異体の表現型に関するアノテーション作業を行う。また、ストラクチュロームについては種を限定せず、理研の RSGI がタンパク 3000 プロジェクト等で解明したタンパク質構造データおよび付随する実験データについて、キュレーションやアノテーションを行い、蛋白質の試料調製・結晶化・回折実験に関するデータ、変異導入蛋白質の結晶構造に関するデータ、重原子導入蛋白質の結晶構造に関するデータを利用価値を高めた形で提供する。さらに、上記アノテーション作業に必要なシステムの開発と運用を行い、中核機関の方針に従って文部科学省の統合データベース事業に上記アノテーションデータおよびバイオリソースデータを提供する際に必要となるデータ変換を実施する。平成 22 年度には統合データベースの一部として生命科学分野の幅広い研究者に役立つ体制を確立し、将来的に理研の他のデータベースも統合化していくためのモデルケースをつくる。

2. 平成 20 年度の実施内容

2.1 実施計画

理研の公開データは膨大かつ多岐にわたる為、今回の統合化事業で一度にすべてを統合化することはできないが、今回、シロイヌナズナのオミックスデータとタンパク 3000 プロジェクトの成果データを統合化対象として代表的に選び、本事業への統合化を成功させることで、今後、理研の他のデータベース群を統合化していくためのモデルケースとしての流れを作る必要がある。よって本プロジェクトの意義は、オミックス情報のデータベース統合研究の最初のステップとして情報統合化のプロセスを確立し、植物を含む他分野の研究者が本プロジェクトの結果を参考にしながらオミックス情報を扱えるように基盤指針を提供し、データベース統合化への参加と貢献をより広範囲に広げていくことにある。本プロジェクト自体は、①シロイヌナズナオミックス情報注釈、②高等動植物等由来蛋白質構造のアノテーション、③微生物由来蛋白質構造のキュレーションとアノテーション、④アノテーションシステムの開発運用とデータ変換、の 4 つの大きなサブテーマに分割される。下記にサブテーマ毎の平成 20 年度の実施計画を示す。

①シロイヌナズナオミックス情報注釈

平成 20 年度は、シロイヌナズナ由来のデータにおける、大量シーケンサーやタイリングアレイから生産された膨大なトランスクリプトームデータに対して、様々なバイオインフォマティクス解析を行い、アノテーション情報を作成する。フェノームに対しては遺伝子変異体の表現型に関するアノテーション作業を行う。

② 高等動植物等由来蛋白質構造のアノテーション

平成 20 年度は、タンパク 3000 プロジェクトで解明された高等動植物等由来の蛋白質構造データのアノテーション、およびそれに付随する実験データのキュレーションとアノテーションを行う。

③微生物由来蛋白質構造のアノテーション

平成 20 年度は、蛋白質の試料調製・結晶化・回折実験に関するデータ、変異導入蛋白質の結晶

構造に関するデータ、重原子導入蛋白質の結晶構造に関するデータ、の各々について、理化学研究所の播磨研究所に存在する実験データのキュレーション及びアノテーション作業を進める。

④アノテーションシステムの開発運用とデータ変換

平成20年度は、上記アノテーション作業に必要なシステムの運用を行い、中核機関に上記アノテーションデータ、バイオリソースデータおよび理化学研究所の他のデータを提供する際に必要となるデータ変換を実施する。

2. 2 実施内容 (成果)

下記に「植物オミックス情報および蛋白質構造情報」のサブテーマ毎に、平成20年度成果実績を説明する。

業務の実績

① シロイヌナズナオミックス情報注釈

平成21年3月までにトランスクリプトーム4件(RAFL cDNA, Cassava cDNA, Tiling Array 2件)、フェノームの3件(RAPID, Activation, Fox Arabidopsis)、リソース2件(Ds Line, Activation Line)のデータベースを、下記課題④にて運用中のアノテーションシステムに登録し、データを統合化して公開した。これにより、公開対象として計画に掲げたデータベースはすべて公開の運びとなったことになる。この中には完全長cDNAクローン245,946件、トランスポゾン・タグライン18,000系統、4000遺伝子の変異体に関する表現型情報、完全長cDNA高発現型変異体1万系統の情報などが含まれる。今後のアノテーション作業の進捗に伴い、公開可能なレコード件数も増加していく見込みである。計画全体のうちほぼ3分の1にあたる作業が完了したといえる。

② 高等動植物等由来蛋白質構造のアノテーション

高等動植物タンパク質の試料調製に関わる発現検討実験（無細胞タンパク質発現用発現系構築実験3万件、スモールスケール発現実験4万件）に基づいてX線結晶構造解析のための大量調製実験（大量合成および大量発現実験3千件、精製実験3千4百件）を行い、結晶化実験（結晶化条件80万件、結晶観察881万件）へと進め、タンパク3000プロジェクトで解明されたタンパク質構造データのうち平成20年度は2万件の回折実験データを公開した。この2万件は、平成20年度成果目標である「高等動植物由来蛋白質構造データに付随する実験データ30件」についての回折実験の画像データ枚数であり、これにより平成20年度成果目標に達した。

③ 微生物由来蛋白質構造のキュレーションとアノテーション

平成21年3月までに、微生物由来蛋白質に関わる試料調製（発現プラスミド構築実験1万、培養実験5千、精製実験3千）、結晶化実験データ（結晶化条件：90万件、観察1000万件）並びに200件の回折実験データ（データセット数）を下記課題④にて運用中のアノテーションシステムに登録し公開した。また、変異導入蛋白質に関わる実験データ150件、重原子導入蛋白質に関

わるデータ 500 件を下記課題④にて運用中のアノテーションシステムに登録し公開した。以上で平成 20 年度成果目標は全て達成した。

④ アノテーションシステムの開発運用とデータ変換

平成 21 年 3 月までに、平成 19 年度に導入した理研和光研究所をバックアップとする大容量ストレージを安定的に運用する為に、データ導入及び修正を内容とするシステム開発を行った。具体的には 10 テラバイトを超える播磨研の X 線結晶構造解析データを順次システムに導入し、ミラーリング等で不具合が生じた部分を修正し、システムの安定的なバックアップ運用を行った。中核機関が設定したメタデータの仕様に従ったデータ変換結果として、アノテーションシステムに登録している成果データベースのメタデータを作成した。

(参考) 大規模データの安定的バックアップを可能とする大容量ストレージシステムの概要
横浜研究所と和光研究所にはそれぞれ約 200TB の容量を持つストレージマシン群が備わっている。毎週末に横浜研究所側ストレージに追加されたデータが和光研究所側ストレージに複製する機能を実装した。この機能により遠隔地間で大規模データのバックアップが実現され、データを損失させることなくシステムを連続して安定運用させることが可能となった。

2. 3 成果の外部への発表

論文寄稿

業務コード	実施年度	和誌／洋誌	論文タイトル	発表者名	発表誌名	巻	号	ページ	掲載年月	メモ
	20	洋誌	Arabidopsis Transcriptome Anaysis under Drought ,Cold High- Salinity and ABA Treatment Conditions using a Tiling Array	松井 章浩, 石田 順子, 諸澤 妙子, 望月 芳樹, 神沼 英里, 遠藤 高帆, 岡本 昌憲, 南原 英司, 中嶋 舞子, 川嶋 真貴子, 佐藤 将一, 金 鍾明, 小林 紀郎, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄, 関 原明	Plant and Cell Physiology	49	8	1135-1149	2008 年 7 月	

	20	和誌	mRNA の転写活性を示す ncRNA 遺伝子の網羅的な探索 Exhaustive search of mRNA-like ncRNA genes	花田 耕介, 川口 修治, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄	日本化学会情報化学部会誌	26	3	62-65	2008年9月	
	20	洋誌	Alterations of lysine modifications on histone H3 N-tail under drought stress conditions in <i>Arabidopsis thaliana</i>	金 鍾明, 藤 泰子, 石田 順子, 諸澤 妙子, 川嶋 真貴子, 松井 章浩, 豊田 哲郎, Kimura Hiroshi, 篠崎 一雄, 関 原明	Plant and Cell Physiology	49	10	1580-1588	2008年9月	
	20	洋誌	Identification of the candidate genes regulated by RNA-directed DNA methylation in <i>Arabidopsis</i> .	栗原 志夫, 松井 章浩, 川嶋 真貴子, 神沼 英里, 石田 順子, 諸澤 妙子, 望月 芳樹, 小林 紀郎, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄, 関 原明	Biochemical and Biophysical Research Communications	21	376	553-557	2008年9月	
	20	洋誌	Quantitative analysis of heterogeneous spatial distribution of <i>Arabidopsis</i> leaf trichomes using micro X-ray computed tomography	Kaminuma E, Yoshizumi T, Wada T, Matsui M, Toyoda T.	The Plant Journal	56	3	470-482	2008年11月	

講演

業務コード	実施年度	国内／国際	講演タイトル	発表者名	講演会名	発表年月日	メモ
	20	国内	Different level of genetic redundancy throughout duplicated genes among various phenotypes in Arabidopsis thaliana	花田 耕介, 黒森 崇, 澤田 有司, 明賀 史純, 豊田 哲郎, 斉藤 和季, 平井 優美, 篠崎 一雄	Society of Molecular Biology and Evolution	2008年6月	
	20	国内	植物 smallRNA データベースの構築と統合化	神沼 英里, 蒔田 由布子, 川口 修治, 平田 直彦, 松下 さとみ, 松井 章浩, 諸澤 妙子, 栗原 志夫, 関 原明, 豊田 哲郎	理研の植物オミックス統合データベースワークショップ	2008年6月	
	20	国内	Integration of Omics Databases and Statistical Inference on the Semantic Web	蒔田 由布子, 小林 紀郎, 豊田 哲郎	Data Integration in The Life Sciences 2008 (DILS2008)	2008年6月	
	20	国内	結晶スクリーニング結果を活用した機械学習による結晶化条件の予測モデルアレイ	堀 千重, 小西 史一, 赤坂 領吾, 行木 信一, 秋山 泰, 横山 茂之, 豊田 哲郎, 村山 和隆	情報処理学会第13回バイオ情報学研究会	2008年6月	
	20	国内	シロイヌナズナにおけるぜんゲノムタイリングアレイを用いた RdDM 標的遺伝子の同定	栗原 志夫, 松井 章浩, 川嶋 真貴子, 諸澤 妙子, 石田 順子, 神沼 英里, 遠藤 高, 望月 芳樹, 小林 紀郎, 篠崎 一雄, 豊田 哲郎, 関 原明	第10回日本RNA学会年会	2008年7月	

20	国内	Arabidopsis transcriptome analysis under drought, cold, high-salinity and abscisic acid treatment conditions using a tiling array	松井 章浩, 石田 順子, 諸澤 妙子, 望月 芳樹, 神沼 英里, 遠藤 高帆, 岡本 昌憲, 南原 英司, 中嶋 舞子, 川嶋 真貴子, 佐藤 将一, 金 鍾明, 小林 紀郎, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄, 関 原明	19th International Conference on Arabidopsis Research	2008年7月	
20	国内	Whole-genome transcriptome analysis in Arabidopsis seeds using tiling array	岡本 昌憲, 松井 章浩, 石田 順子, 諸澤 妙子, 遠藤 高帆, 望月 芳樹, 豊田 哲郎, 南原 英司, 篠崎 一雄, 関 原明	19th International Conference on Arabidopsis Research	2008年7月	
20	国内	ゲノム設計学に必須となるセマンティックウェブ技術	豊田 哲郎	分子計算研究会サマーセミナー	2008年8月	
20	国内	タイリングアレイを用いた環境ストレス応答に関するトランスクリプトーム解析	関 原明, 松井 章浩, 石田 順子, 諸澤 妙子, 金 鍾明, 栗原 志夫, 岡本 昌憲, 中南 健太郎, 藤 泰子, 川嶋 真貴子, 田中 真帆, 神沼 英里, 遠藤 高帆, 望月 芳樹, 小林 紀郎, 花田 耕介, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄	日本進化学会第10回大会ワークショップ「ゲノム・トランスクリプトーム」	2008年8月	
20	国際	Arranging Biological Resource Information on the Semantic Web, An Information Platform Towards Genome Design in	豊田 哲郎	SEB Plant Symposium/GARNet2008	2008年9月	

			Arabidopsis				
	20	国内	植物形状 Template Model を用いた LucTag Line の時空間遺伝子発現定量解析	神沼 英里, 吉積 毅, 栗山 朋子, 越 智子, 武藤 周, 松井 南, 豊田 哲郎	日本植物学会第 72 回大会	2008 年 9 月	
	20	国際	Small RNA expression profiling during seed germination in Arabidopsis thaliana	Tatematsu Kiyoshi, 松井 章浩, 諸澤 妙子, 神沼 英里, 岡本 昌憲, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄, 神谷 勇治, 関 原明, 南原 英司	The 55th NIBB Conference Arabidopsis Workshop 2008 on Frontiers of Plant Science in the 21st	2008 年 9 月	
	20	国際	Genome-wide suppression of mRNA-like noncoding RNAs by NMD in Arabidopsis	栗原 志夫, 松井 章浩, 花田 耕介, 川嶋 真貴子, 石田 順子, 諸澤 妙子, 田中 真帆, 望月 芳樹, 松嶋 明宏, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄, 関 原明	The 55th NIBB Conference Arabidopsis Workshop 2008 on Frontiers of Plant Science in the 21st	2008 年 9 月	
	20	国内	タイリングアレイ、超高速シーケンスシステムを用いた植物の環境ストレス応答における全ゲノムトランスクリプトーム解析	関 原明, 松井 章浩, 石田 順子, 諸澤 妙子, 金 鍾明, 栗原 志夫, 岡本 昌憲, 中南 健太郎, 藤 泰子, 川嶋 真貴子, 田中 真帆, 神沼 英里, 遠藤 高帆, 望月 芳樹, 小林 紀郎, 花田 耕介, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄	第 26 回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム	2008 年 9 月	
	20	国内	シロイヌナズナのサイレンシング因子 MOMI によるエピジェネティックな制御を受ける内在性領域の網羅的検出	土生芳樹, 吉川学, 栗原志夫, 松井章浩, 篠崎一雄, 沼 寿隆, 豊田 哲郎, 関原明	日本遺伝学会第 80 回大会	2008 年 9 月	
	20	国	Arranging	蒔田 由布子, 吉田	SB4.0: The forth	2008	

		際	Biologocal Resource Information on the Semantic Web, An Information Platform Towards Genome Design Arabidopsis	有子, 石井学, 小林 紀郎, 豊田 哲郎	International Conference on Synthetic Biology	年 10 月	
	20	国内	理研におけるセマンティックウェブ技術の応用とライフサイエンス統合 DB への貢献	豊田 哲郎	第 5 回バイオインフォマティクス学会オントロジー研究会	2008 年 10 月	
	20	国内	理研ライフ系 DB を繋ぐ総合データベースの進捗	豊田 哲郎	理事長ファンドワークショップ 理研ライフサイエンス系統合データベースの整備と戦略的研究の推進 – チャンス発見の情報テクノロジー、大規模情報とその活用 –	2008 年 10 月	
	20	国内	A semantic Web-based database integration system as an infrastructure of biomedical informatics	神沼 英里, 小林 紀夫, 蒔田 由布子, 平田 直彦, 松下 さとみ, 吉田 有子, 望月 芳樹, 石井 学, 梅津 亮, 松嶋 明宏, 豊田 哲郎	CBI Annual meeting 2008	2008 年 10 月	
	20	国際	A transcriptome analysis for endogenous targets of Morpheus' Molecule 1, an epigenetic regulator of transcriptional gene silencing in Arabidopsis	土生芳樹、吉川学、栗原志夫、松井章浩、篠崎一雄、沼寿隆、豊田哲郎、関原明	XIth France-Japan Workshop on Plant Sciences 2008 on Genome-wide Omics Analysis in Plant	2008 年 10 月	
	20	国内	超高速シーケンサーによる植物	神沼 英里, 平田 直彦, 松下 さと	第 31 回日本分子生物学会、第 81 回日本生	2008 年 12 月	

			SmallRNA 解析のためのセマンティックウェブ統合データ構築と機能アノテーション	み, 蒔田 由布子, 望月 芳樹, 小林 紀郎, 松井 章浩, 栗原 志夫, 諸澤 妙子, 関 原明, 豊田 哲郎	学会大会合同大会 BMB2008	月	
20	国内		セマンティックウェブによるデータ公開化の推進	豊田 哲郎	第 31 回日本分子生物学会、第 81 回日本生化学会大会合同大会 BMB2008	2008 年 12 月	
20	国内		Alterations of lysine modifications on histone H3 N-tail under drought stress conditions in Arabidopsis	金 鍾明, 藤 泰子, 石田 順子, 諸澤 妙子, 川嶋 真貴子, 松井 章浩, 豊田 哲郎, Kimura Hiroshi, 篠崎 一雄, 関 原明	第 31 回日本分子生物学会、第 81 回日本生化学会大会合同大会 BMB2008	2008 年 12 月	
20	国内		Genome-wide suppression of mRNA-like noncoding RNAs by nonsense-mediated mRNA decay in Arabidopsis	栗原 志夫, 松井 章浩, 花田 耕介, 川嶋 真貴子, 石田 順子, 諸澤 妙子, 田中 真帆, 望月 芳樹, 松嶋 明宏, 篠崎 一雄, 豊田 哲郎, 関 原明	第 31 回日本分子生物学会、第 81 回日本生化学会大会合同大会 BMB2008	2008 年 12 月	
20	国内		シロイヌナズナのサイレンシング因子 MOM1 によるエピジェネティックな制御を受ける内在性領域の網羅的検出	土生 芳樹, 吉川 学, 沼 寿隆, 栗原 志夫, 松井 章浩, 篠崎 一雄, 豊田 哲郎, 関 原明	第 31 回日本分子生物学会、第 81 回日本生化学会大会合同大会 BMB2008	2008 年 12 月	
20	国内		超ペタフロップス級コンピュータによるスーパーブレイン開発への挑戦と大規模データガバナンスの実現	豊田 哲郎	理研シンポジウム, 超ペタフロップス級コンピュータと実験生物学の連携による生命現象への挑戦	2009 年 2 月	

20	国内	データベース、情報化学を利用した創薬研究	豊田 哲郎	第 13 回理事長ファン ドワークショップ 「創薬研究基盤システムの構築の展開」ーライフサイエンス研究から創薬研究への展開とその研究システムの確立ー	2009 年 2 月	
20	国内	有用生物資源を情報資源から創造するための設計学	豊田 哲郎	第 14 回理事長ファン ドワークショップ「持続可能な社会を構築するための科学は何か」ー環境・エネルギー・食糧分野の研究推進のための未来予想図を描くー	2009 年 3 月	
20	国内	多重タイリングアレイデータに基づく遺伝子構造予測プログラム ARTADE2.0を用いたシロイヌナズナのゲノムワイド遺伝子発現解析	川口 修治, 花田 耕介, 関 原明, 松井章浩, 篠崎 一雄, 豊田 哲郎	第 50 回日本植物生理学会年会	2009 年 3 月	
20	国内	シロイヌナズナのオミックス統合データベース	豊田 哲郎, 神沼 英里	第 51 回日本植物生理学会年会	2009 年 3 月	
20	国内	タイリングアレイを用いた植物の環境応答に関する全ゲノムトランスクリプトーム解析	関 原明, 松井章浩, 栗原 志夫, 金 鍾明, 岡本昌憲, 石田 順子, 諸澤妙子, 藤 泰子, 中南 健太郎, 川嶋真貴子, 田中 真帆, 南原 英司, 神沼英里, 遠藤 高帆, 望月 芳樹, 小林 紀郎, 花田 耕介, 川口 修治, 豊田	第 52 回日本植物生理学会年会	2009 年 3 月	

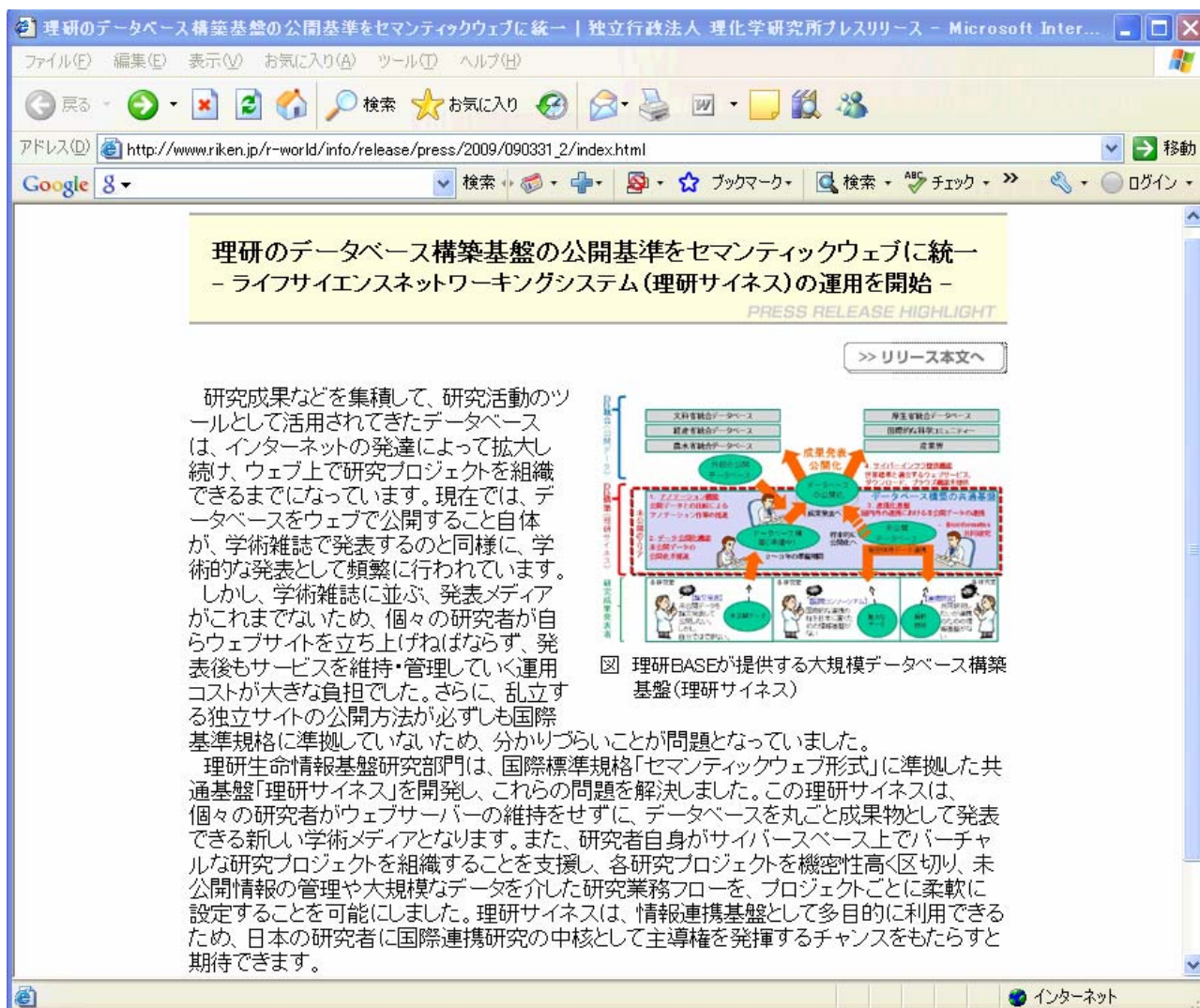
				哲郎, 篠崎 一雄			
	20	国内	シロイヌナズナタイリングアレイを用いた乾燥・低温・塩ストレス・ABA処理条件下での全ゲノムトランスクリプトーム解析	松井 章浩, 石田 順子, 諸澤 妙子, 望月 芳樹, 神沼 英里, 遠藤 高帆, 岡本 昌憲, 南原 英司, 中嶋 舞子, 川嶋 真貴子, 佐藤 将一, 金 鍾明, 小林 紀郎, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄, 関 原明	第 53 回日本植物生理学会年会	2009年3月	
	20	国内	植物ゲノム中に存在する coding small open reading frames (sORF) の網羅的探索方	花田 耕介, 松井 章浩, 岡本 昌憲, 関 原明, 豊田 哲郎, 篠崎 一雄	第 54 回日本植物生理学会年会	2009年3月	
	20	国内	数理的オミックス統合解析による植物システムバイオロジー	豊田 哲郎	様々なゲノム情報に基づいた植物進化の研究	2009年3月	
	20	国内	播磨研における進捗と今後の予定	国島 直樹	理研の植物オミックス統合データベースワークショップ	2008年6月	
	20	国内	Summary of Protein 3000 Project in the Protein Crystallography Research Group and the next perspective	国島 直樹	理研シンポジウム 高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト第7回連携研究会	2008年9月	
	20	国内	微生物由来蛋白質構造のアノテーション進捗	国島 直樹	理事長ファンドワークショップ 理研ライフサイエンス系総合データベースの整備と戦略的研究の推進 - チャンス発見	2008年10月	
	20	国内	放射光科学総合研究センターにお	浅田 征彦, 水谷 尚志, 菅原 道泰, 海	第 31 回日本分子生物学会、第 81 回日本生	2008年12	

		るタンパク質 X 線 結晶構造解析実験 データの公開	老原 章郎, 新海 暁 男, 倉光 成紀, 国 島 直樹	学会大会合同大会 BMB2008	月	
--	--	----------------------------------	------------------------------------	---------------------	---	--

プレス発表

業務コード	実施年度	発表タイトル	掲載新聞名	掲載日
	20	理研のデータベース 構築基盤の公開基準 をセマンティックウ ェブに統一	理化学研究所プレ スリリース	2009 年 3 月 31

図 1：プレス発表文のスクリーンショット



2. 4 活動（運営委員会等の活動等）

本補完課題実施機関である理化学研究所が関係するシンポジウム／ワークショップ開催、運営委員会の開催状況として、下記に 10 件の活動実績を示す。運営委員会の活動実績として、理化学研究所と中核機関の間でデータ受渡に関する具体的な仕様が詰められた。

概要	開催日	活動内容	参加者（敬称略）
ワークショップ	2008/5/2	補完課題と中核機関の活動紹介	研究代表者：豊田 中核機関関係者：高木
ワークショップ	2008/6/25	補完課題の活動紹介 「植物オミックス統合DBワークショップ」	研究代表者：豊田 研究分担者：関、松井、有田、櫻井、黒森、花田、蒔田、神沼
運営委員会	2008/8/1	補完課題と中核機関の連携体制の話し合い	研究代表者：豊田 研究分担者：神沼 中核機関関係者：西川、川本、中村、八塚、大野
ワークショップ	2008/10/2-3	委託費内容説明（理研理事長ファンドワークショップ）	研究代表者：豊田 研究分担者：小林、神沼 中核機関関係者：西川、坊農
運営委員会	2008/10/10	作業部会	研究分担者：神沼 中核機関関係者：高木、大久保、他
運営委員会	2008/10/24	補完課題と中核機関の連携体制の話し合い	研究代表者：豊田 中核機関関係者：永井、西川、中村、八塚
運営委員会	2009/1/29	平成 20 年度進捗報告	研究代表者：豊田 研究分担者：国島、浅田、神沼 中核機関関係者：高木、大久保、永井、西川、田畑、中村
運営委員会	2009/2/26	理研補完課題「シロイヌナズナオミックス情報注釈」のための打合せ	研究代表者：豊田 研究分担者：神沼 中核機関関係者：藤澤、岡本、中尾
運営委員会	2009/3/10	同上	研究代表者：豊田 研究分担者：神沼、蒔田 中核機関関係者：藤澤、岡本、中尾
シンポジウム	2009/3/23	第 50 回日本植物生理学会（名古屋大学）にて、「シロイヌナズナのオミックス統合データベース」	研究代表者：豊田 研究分担者：関、櫻井、松井

2. 5 実施体制

アノテーション作業と中核機関へのデータ提供を円滑に行うために、理研ゲノム科学総合研究センターの豊田が責任者として全体のとりまとめを行い、下記アノテーション作業のインフラシステムの運用とデータ管理、および生成されたアノテーションデータの変換等の中間作業を主に担当する。トランスクリプトームについては理研植物科学研究センターの関・櫻井・花田がデータの解析に基づくアノテーションの作成を担当する。リソースについては理研バイオリソースセンターの深海がシロイヌナズナの保有リソース情報のデータ変換と提供を担当する。タンパク3000のデータについては理研ゲノム科学総合研究センターの横山が責任者となり、中山、寺田が中心となって高等動植物等由来の蛋白質構造のアノテーションとそれに付随する実験データのキュレーションを担当する。また微生物由来の蛋白質構造については理研放射光科学総合研究センターの国島が責任者となり、キュレーションは浅田が、アノテーションは国島・菅原が主に担当し、必要に応じて倉光・海老原が補助する。また、プロジェクト全期間を通じて可能な限り新たなデータを追加することで、データベースのさらなる充実を図る。また、中核機関と連携して、データ変換ツールやインターフェース等を作成する。

平成20年度に於ける実施体制

研究項目	担当機関等	研究担当者
サブテーマ① シロイヌナズナオミックス情報注釈	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・部門長	◎○豊田哲郎
	(独) 理化学研究所植物科学研究センター・チームリーダー	関原明
	(独) 理化学研究所植物科学研究センター・ユニットリーダー	櫻井哲也
	(独) 理化学研究所植物科学研究センター・研究員	花田耕介
	(独) 理化学研究所植物科学研究センター・副グループディレクター	有田正規
	(独) 理化学研究所植物科学研究センター・グループディレクター	松井南
	(独) 理化学研究所植物科学研究センター・研究員	黒森崇
	(独) 理化学研究所バイオリソースセンター・室長	深海薫
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・技師	平田直彦
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・リサーチアソシエート	松下さとみ
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・研究員	蒔田由布子

	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・研究員	神沼英里
サブテーマ② 高等動植物等由来蛋白質構造のアノテーション	(独) 理化学研究所生命分子システム基盤研究領域・プロジェクトディレクター	○横山茂之
	(独) 理化学研究所生命分子システム基盤研究領域・上級技師	中山朋子
	(独) 理化学研究所生命分子システム基盤研究領域・上級研究員	寺田貴帆
	(独) 理化学研究所生命分子システム基盤研究領域・特別研究員	吉良 聡
サブテーマ③ 微生物由来蛋白質構造のキュレーションとアノテーション	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・グループ副ディレクター	○国島 直樹
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・研究員	菅原 道泰
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・リサーチアソシエイト	浅田 征彦
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・グループディレクター	倉光 成紀
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・チームリーダー	海老原 章郎
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・チームリーダー	新海 暁男
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・パートタイマー	水谷 尚志
	(独) 理化学研究所放射光科学総合研究センター・パートタイマー	西村 友男
サブテーマ④ アノテーションシステムの開発運用とデータ変換	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・部門長	◎○豊田哲郎
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・客員研究員	小西史一
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・上級研究員	小林紀郎
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・技師	吉田有子
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・技師	望月芳樹
	(独) 理化学研究所生命情報基盤研究部門・テクニカルスタッフ	石井 学