

## 研究成果

サブテーマ名：① 有用アグリリソースのタンパク質発現解析と制御技術の開発 小テーマ名：①-3 網羅的データベース構築のための基盤技術開発
サブテーマリーダー：(共) 教授 中川 優 <sup>6</sup> 研究従事者：(共) 教授 中川 優 <sup>6</sup> (小テーマリーダー) (共) 教授 瀧 寛和 <sup>6</sup> (共) 准教授 松田憲幸 <sup>6</sup> (共) 講師 村川猛彦 <sup>6</sup> (共) 助教 吉廣卓哉 <sup>6</sup> (共) 助教 三浦浩一 <sup>6</sup> (共) 助教 井上悦子 <sup>6</sup> (共) 担当部長 村田賢太郎 <sup>2,5</sup> (共) 主任エンジニア補 川路英哉 <sup>2,5</sup> (共) エキスパート 剣持聡久 <sup>2,6</sup>
研究の概要、新規性及び目標 ①研究の概要 本研究テーマは、アグリバイオ分野の研究促進のためのデータベースシステムを設計・構築する。ヒアリングにより研究者のニーズを把握し、これを反映した設計を行うことで、幅広い分野で利用価値の高い柔軟構造データベースの構築を目指す。 また、データベースに蓄積された大量のデータから有用な知識を得るための効率的なデータマイニングアルゴリズムを開発する。 ②研究の独自性・新規性 我々が研究開発しているデータベース概念設計法、論理設計法を適用することでニーズの変化に柔軟に対処できるこれまでにない柔軟構造化データベースの構築を目指す。 また、これまでに我々が研究開発を行った独自のデータマイニング手法をアグリバイオ分野に適用することで大量のデータからの知識発見手法として、新たな方向からのアプローチを試みる。 ③研究の目標 フェーズⅠでは、アグリバイオ研究者からニーズをヒアリングし、アグリリソースに関するデータの抽出及び標準化を行うとともに、先ず、生物種毎にプロトタイプデータベースシステムを設計・構築し、利用実験を通じて実用性を確認する。 また、独自のデータマイニング手法をアグリバイオ分野に適用するために、データ構造とアルゴリズムの親和性を確認し、アグリバイオ研究者の創造的な研究を効果的に支援するための解析支援ツールを提供する。 フェーズⅡでは、フェーズⅠで構築したプロトタイプシステムを相互にリンクさせるとともに、外部データベースとの連携を図る。このような相互接続を促進することで、集中管理されたデータベースシステムとして構築し、運用する体制を整える。 また、実用的なデータマイニングアルゴリズムの実現とこれを効率的に活用するための利用者インターフェースを実現する。 フェーズⅢでは、これらのデータベースをセンターとして機能させ、広く研究者の要求に応じることを目標とする。
研究の進め方及び進捗状況 本小テーマでは、独自のデータベース概念設計法/論理設計法を適用することで、生物種個別のデータベースシステムを開発してきた。各研究分野の研究解析手法及びニーズを把握し、これをもとに、イネ、ウメ、マダイ、海藻、ウシの生物種毎にデータベースの設計・構築、及びインターフェースの開発を行った。イネ、ウメ、ウシのシステムについては、利用実験を経て評価を行い、これに基づいたシステムの修正・機能追加を重ねて、実用システムとして完成した。 また、プロテオームデータベースの設計構築については、プロテオーム解析データと実験環境を管理する既存のデータ管理システム (LIMSシステム：日本電気(株)製品「Bio Prism」) の導入が効率的と判断し、小テーマ①-2と共同でコア研内の計算機上に導入した。これから研究者に必要なプロテオームデータを決定し、データベースサーバーに転送するためのプログラムを新規に作成した。こうしてプロテオームデータベースセンターの機能を完成し、ウシなどに関する大規模なタンパク質解析データを逐次蓄積している。 また、タンパク質の解析や発見を効果的に行うために、ゲノム未解読な種に有効なdo novo sequencing解析手法の自動化、及び既知のタンパク質や実験で得られた未知のタンパク質間で相同性検索を行える機能を提供し、未知のタンパク質の同定割合を高めた。 一方、データマイニングに関しては、ヒアリングでデータ形式とニーズを把握し、データ構造を把握した上でいくつかのアルゴリズムを開発し、決定木を用いたデータマイニング手法として計算機上に実用化した。イネの遺伝子解析及びウシのタンパク質解析で利用され、イネの新種の発見、ウシの優良形質の特定や選定に役立っている。この様に、アグリバイオデータベースシステムの実用化は、フェーズ

I、IIの目標を十分達成できた。

フェーズIIIでは、和歌山県や関係機関とともに和歌山アグリバイオデータベースセンターの開設に努める。またアグリバイオ研究者と今後も連携を深め、新規研究開発計画を立案する。

主な成果

具体的な成果内容：

- ・アグリバイオデータベースシステム及びデータマイニング  
(特許2件、国際会議1件、口頭発表2件)
  - ・イネのトランスポゾンディスプレイ解析を支援するデータベースシステムの構築と利用実験を経た数度の改良  
(小テーマ①-1と共同発表：特許1件、論文1件、国際会議3件、口頭発表4件)
  - ・植物の育種栽培試験のためのデータ分析支援システム  
(論文1件、口頭発表3件：小テーマ②-1と共同発表)
  - ・プロテオーム解析法及びマダイのcDNA配列データベース  
(論文1件、口頭発表8件：小テーマ①-2と共同発表)
- 特許件数：国内2件 論文数：3件 口頭発表件数：15件

研究成果に関する評価

①国内外における水準との対比

対外発表では、イネ、ウメのデータベースは、これまでになかった独自の視点でシステムを開発しており、競合するシステムが見当たらない。また、中心的なアグリバイオ研究者の一人は、独自性の面で優れているとの評価である。

また、実用化したデータマイニング手法は、イネ及びウシの研究で成果が出始めており、今後の評価が期待される。

②実用化に向けた波及効果

イネのデータベースは、トランスポゾンディスプレイを行っている研究者には利用価値が高いため利用目的が一致すれば、広く適用できる可能性がある。また、ウメのデータベースは、育種分野全般に類似したニーズが存在するため、普及の手間をかければ、関連分野へ適用の可能性がある。

プロテオームデータベースセンターとして日本初に実用化されたことから、今後、関係者の努力により、食糧事情の改善に役立つ中心的なデータベースセンターとなる可能性がある。

残された課題と対応方針について

今後は、JSTの多大な協力で構築したアグリバイオデータベースセンターをいかに運用・展開するかが課題となる。県及び関係者の具体的な企画立案に協力し、日本の農業の発展に研究者の立場から最大限に協力していきたいと考えている。

	JST負担分(千円)							地域負担分(千円)							合計
	15年度	16年度	17年度	18年度	19年度	20年度	小計	15年度	16年度	17年度	18年度	19年度	20年度	小計	
人件費	0	0	0	0	0	0	0	3,897	18,392	14,100	9,600	12,960	9,845	68,794	68,794
設備費	0	33,842	31,793	22,439	18,480	0	106,554	0	0	0	0	0	0	0	106,554
その他研究費	300	4,291	4,228	3,634	5,755	2,640	20,849	870	300	600	600	600	0	2,970	23,819
旅費	0	184	46	281	0	0	511	0	0	0	0	0	0	0	511
その他	0	0	0	1,260	0	0	1,260	0	0	0	0	0	0	0	1,260
小計	300	38,318	36,067	27,614	24,235	2,640	126,173	4,767	18,692	14,700	10,200	13,560	9,845	71,764	200,937

代表的な設備名と仕様 [既存(事業開始前)の設備含む]

JST負担による設備：データベースサーバー

地域負担による設備：パソコン

※研究員氏名中の(雇)は雇用研究員、(共)は共同研究員、(技)は雇用技術員を示す。また、数字は、所属を示す。別表を参照。

※表中、その他研究費は、消耗品費、材料費等。