



IMSUT & RCAST  
**GCOE 特別セミナー**  
〈キャリアパス支援テクニカルセミナー〉

**「Web サービス利用法講習会」開催のご案内**

(医科研ヒトゲノム解析センター・スーパーコンピュータ室 主催)

この度「Web サービス利用法講習会」と題しまして、ヒトゲノム解析センターで利用可能な Web サービスを紹介致します。日程と内容は下記の通りです。本年度は特に参加条件を設けておりません。広く皆様のご参加をお待ちしております。

日時：2010年8月5日(木) 10:30 - 17:00

会場：東京大学医科学研究所ゲノムセンター4階セミナー室

定員：34名（事前申込者を優先、空席があれば当日参加も可能）

参加費：無料

On August 5 (Thursday), we will be holding a workshop titled "Using Web Services", in which we will introduce, in omnibus format, the web services that can be used at the Human Genome Center. The workshop will be held in Japanese. If you are interested in attending, please contact us at [hgc-lect@hgc.jp](mailto:hgc-lect@hgc.jp).

System Administrator, Super Computer System, Human Genome Center

- 10:30 - 11:00 HiGet & SSS
- 11:00 - 11:30 GeneCards の紹介
- 11:30 - 12:00 DBTBS データベースの紹介とバクテリアにおける転写制御
- 12:00 - 13:00 休憩
- 13:00 - 13:30 DBTSS データベースの紹介
- 13:30 - 14:00 共発現データベース COXPRESdb
- 14:00 - 14:10 休憩
- 14:10 - 14:40 PSORT : タンパク質の細胞内局在部位予測システム
- 14:40 - 15:10 PDBj & eF-site の紹介
- 15:10 - 15:30 休憩
- 15:30 - 16:00 KEGG データベースの紹介
- 16:00 - 16:30 Cell Illustrator Online の紹介
- 16:30 - 17:00 ライフサイエンス統合 DB のサービス紹介

## 【HiGet & SSS】 システムエンジニア

### [HiGet]

HiGet は GenBank、RefSeq、UniProt、PDB、PROSITE、OMIM などの主要なデータベースに対する全文検索サービスである。エン트리全体の検索だけでなく、各エン트리の中で検索対象となるフィールドを指定することにより、きめ細かな絞り込み検索を高速に行うことができる。講習会では、HiGet の紹介とコマンドラインベースの使用方法の実習を行いたい。

### [SSS]

SSS (Sequence Similarity Search) は BLAST、FASTA、SSEARCH、EXONERATE、TRANS の配列類似性検索プログラムを一つのインターフェイスに統合したサービスで、ヒトゲノム解析センターで利用可能な GenBank、RefSeq、EMBL、UniProt、Ensembl などの主要なデータベースを検索できる。講習会では、SSS の利用法を解説したい。

## 【GeneCards の紹介】 小池麻子((株)日立製作所中央研究所)

GeneCards は Weizmann Institute で構築されている統合型データベースである。遺伝子の配列情報だけでなく、蛋白質相互作用、遺伝子機能情報、SNP 情報化合物情報など様々な情報を一度に検索することができる。GeneCards に含まれる情報と効率的な検索方法について解説する。

## 【DBTBS データベースの紹介とバクテリアにおける転写制御】

蒔田由布子(理化学研究所)

DBTBS は、グラム陽性菌モデル生物である枯草菌 (*Bacillus subtilis*) の転写関連データを集めたデータベースである。データベース中のデータは全て文献から集められ、転写の制御関係、転写開始点、終結点、オペロンなど転写に関連するデータを幅広く集めている。講習会では、DBTBS を中心にバクテリア全般の転写データベースの紹介と、このような転写関連データを用いた実際の研究例を紹介したい。

## 【DBTSS データベースの紹介】

山下理宇(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター特任助教)

DBTSS は、ヒトゲノム解析センターで提供している、ヒト・マウスを中心とした網羅的な転写開始点データベースである。従来までのデータベースに比べ、より正確な遺伝子の転写開始点付近の情報、すなわち、プロモータ領域の情報を得ることができる。講習会では、DBTSS からプロモータ領域の取り出しを行う。また、プロモータ領域の解析の演習として、JASPAR を用いた既知モチーフ発見法、さらに、Melina を用いた未知モチーフの発見法について紹介する。

## 【共発現データベース COXPRESdb】

大林武(東北大学大学院情報科学研究科応用情報科学専攻助教)

COXPRESdb は 1000 以上の公共のマイクロアレイデータから計算したヒト・マウス・ラ

ット、他4種の共発現遺伝子データベースである。

各生物種について約20000遺伝子の共発現情報を参照することが可能であり、任意の遺伝子群に対して遺伝子ネットワークを描画することができる。自前のマイクロアレイデータ等の大規模データの解析に利用することも可能であり、講習会ではGeneChipを用いた実験を行った後どのようにCOXPRESdbを利用するかを紹介する。

#### 【PSORT : タンパク質の細胞内局在部位予測システム】

中井謙太(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター教授)

PSORTは約20年前に大学院生だった中井が開発したタンパク質の細胞内局在部位予測プログラムである。予測したいタンパク質の前駆体アミノ酸配列とそのタンパク質の由来生物の分類名を入力すれば、その配列中に存在する既知のソーティングシグナルの存在を検出し、アミノ酸組成等のその他の情報と組み合わせることで、可能性の高い局在部位を予測してくれる。その後、PSORTはいくつもの異なるプログラムを含むファミリーの総称となった。それぞれのプログラムの特徴や使い分け方などを紹介する。

#### 【PDBj & eF-site の紹介】

木下賢吾(東北大学大学院情報科学研究科応用情報科学専攻教授)

蛋白質立体構造情報は蛋白質の機能を理解する上で非常に有用な情報である。近年、たんぱく3000に代表されるような構造ゲノム科学プロジェクトの進展により、大量の立体構造情報が利用できるようになってきた。本講習では、蛋白質立体構造情報の利用法の入門編として、立体構造情報の一次データベースであるProtein Data Bankの日本支部(PDBj)で利用できるサービスの紹介と立体構造から計算できる分子表面と静電ポテンシャルのデータベースeF-siteの紹介を行う。

#### 【KEGG データベースの紹介】

川島秀一(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター助教)

KEGG(Kyoto Encyclopedia Genes and Genomes)は、京都大学化学研究所および東京大学医科学研究所で開発されている、ゲノム配列の決定された生物の遺伝子カタログ、生体内化合物、細胞内パスウェイ情報等を中心とした統合データベースである。複数のデータベースがどのように統合されているのかを中心に、基本的な検索方法および、解析に役立つツール群について解説する。

#### 【Cell Illustrator Online(セルイラストレータオンライン) の紹介】

長崎正朗(東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター助教)

生体内パスウェイを描く機能とシミュレーションの機能が一体となっているソフトウェアです。CIOは、「生物系の研究室に所属する研究者が実験をするかたわら、パスウェイの情報を知識整理し、その知識整理したモデルをシミュレーションすることで次の実験に何をするかを決められる」ことを目標として開発しています。

講習会を通して、CIOを用いて基本的な生体内反応のモデル化の方法を学習するとともに、サーカディアンなどのモデルのシミュレーションを行う。

**【ライフサイエンス統合 DB のサービス紹介】**

片山俊明（東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター助教）

文部科学省ライフサイエンス統合 DB プロジェクトでは、様々な生命科学データベースの統合と新しい技術開発に取り組んでいます。データベースの横断検索をはじめ、文献検索、統合 TV、統合 WS、受け入れデータベースシステムなどの紹介を行うとともに、DBCLS(Database Center for Life Science)で主催した国際開発者会議 Biottackathon の成果をご報告します。

□申し込み方法：

事前の参加申込は、8月3日(火) 17:00 迄にヒトゲノム解析センター・スーパーコンピュータ室まで E-mail または FAX にてお願い致します。

また、本講習会についてご要望がございましたら、お申し込みの際にご記入をお願い致します。

**E-mail: hgc-lect@hgc.jp**

□必要事項： 1 氏名 2 所属 3 E-mail 4 TEL

**FAX : 03-5449-5133** 下記の FAX 申込書をご利用下さい。

□問い合わせ先：ヒトゲノム解析センター・スーパーコンピュータ室

E-mail: hgc-lect@hgc.jp

---

**「Web サービス利用法講習会」参加申込書**

(8月5日 10:30-17:00 開催 )

申込先 :

医科学研究所ヒトゲノム解析センター・スーパーコンピューター室

**F A X : 0 3 - 5 4 4 9 - 5 1 3 3**

氏名 :

所属 :

E-mail :

Phone :

要望等 :