

# NBDC/DBCLSにおける データベース統合化と その活用事例

<http://bonohu.jp/>

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

データサイエンス共同利用基盤施設

ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)

坊農 秀雅

[bono@dbcls.rois.ac.jp](mailto:bono@dbcls.rois.ac.jp)

# 三島から来ました





# Hidemasa Bono, PhD. (坊農秀雅)



- ライフサイエンス統合データベースセンター  
(Database Center for Life Science  
(DBCLS)) 特任准教授

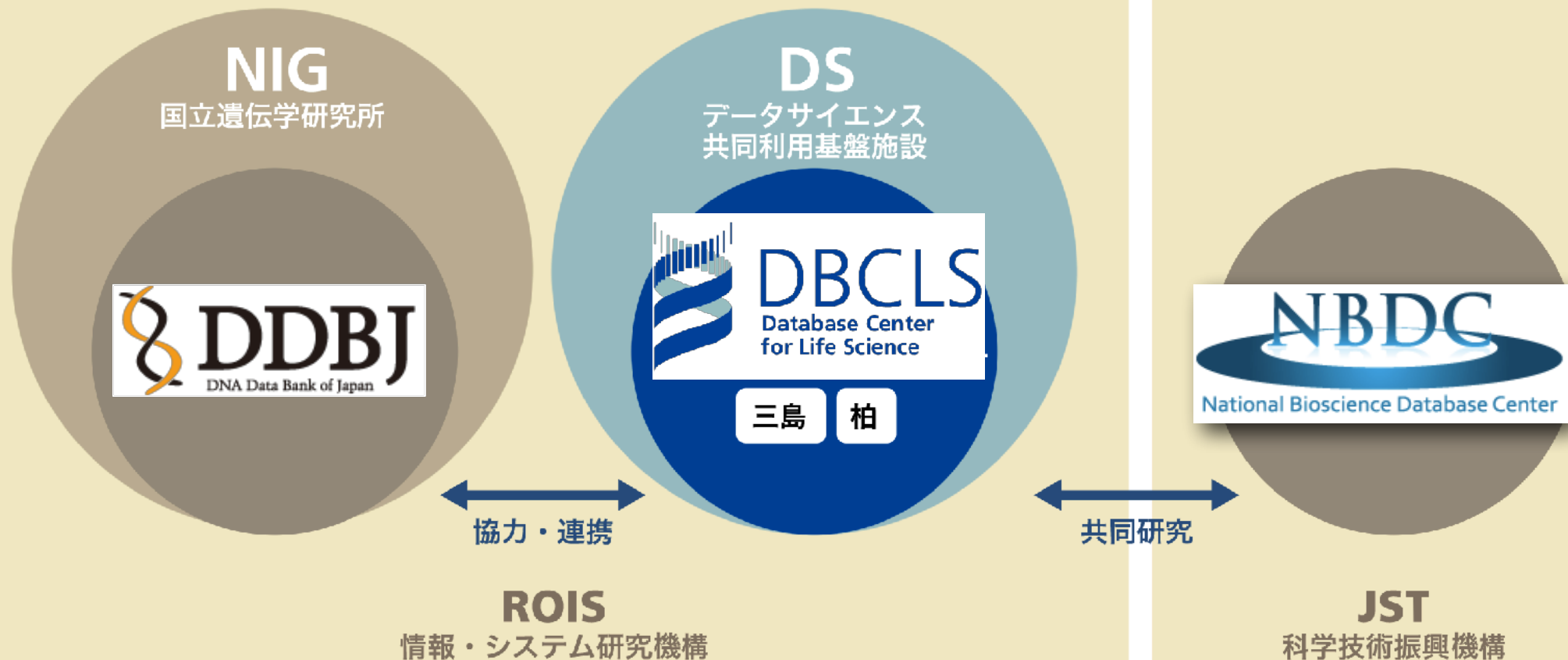


- JSTのバイオサイエンスデータベースセンター  
(NBDC)と共同研究



- 国立遺伝学研究所(静岡県三島市)に居候
  - DNA DataBank of Japan (DDBJ)の隣で協力関係





- DDBJ: DNAデータアーカイブ <http://dbcls.rois.ac.jp/about.html>
- DBCLS: データベース統合基盤技術開発
- NBDC: 戦略立案、funding





# Hidemasa Bono, PhD. (坊農秀雅)

- 専門: バイオインフォマティクス、ゲノム科学(特に遺伝子発現解析)
- **KEGG** の研究室で大学院生(京大化研)
- **FANTOM** の名付け親(理研) 
- **SayaMatcher**(狭山茶)で転写因子結合領域解析 (埼玉医大)  
→ GGRNA, GGGenome, **CRISPRdirect** へ発展中
- 公共データベースを使い倒した生命科学データ解析全般 (DBCLS)
  - **統合TV**、統合データベース講習会AJACS (2007-)
  - 次世代シーケンサー**DRY**解析教本 (2015)
  - Dr.Bonoの**生命科学データ解析** (2017)
  - **統合TV本** (2018)



# 本日のお話



## 1. NBDC/DBCLSによる データベース統合化の成果物紹介

## 2. DB活用事例

- 低酸素刺激による遺伝子発現変動を  
公共DBから収集、メタ解析と応用事例

A cartoon illustration of a male scientist in a white lab coat and blue tie, looking extremely stressed. He is holding his head with both hands, with sweat drops on his face and a large, dark, swirling cloud above his head indicating intense frustration or a headache. On the lab bench in front of him are a microscope, a rack with three test tubes containing blue, orange, and green liquids, a petri dish with a purple stain, and a small box with an orange pill.

7



# 「量」だけでなく、DBの「種類」も増加

GenBank(/DDBJ/EMBL)



GEO (Gene Expression Omnibus)

past



UCSC    SRA    dbGaP  
ENSEMBL    ENA    EGA  
             DRA    JGA

trace archive



present

TCGA

ICGC

SRA

# 無料で使えます

1. DBカタログ ・ 基本的にユーザー登録なし
2. DB横断検索 for profit(企業の方)もタダ
3. DBアーカイブ



# IntegbioDBカタログ

<https://integbio.jp/dbcatalog/>

- 生命科学系データベースを一覧から探す -

English

 integbio.jp

## Integbioデータベースカタログ

[全条件をリセット](#)

データベースのレコード一覧 (全 1644件)

並び替え: [レコード公開順](#)

メニュー

- [ホーム](#)
- [本カタログについて](#)
- [更新履歴](#)
- [データベース関係マップ](#)
- [ダウンロード](#)
- [お問い合わせ](#)
- [類似サイトリンク集](#)

新着情報

2018/02/06: 1件のレコードを追加しました。  
2018/01/23: 3件のレコードを追加しました。  
2018/01/16: 1件のレコードを追加しました。  
2017/11/28: 1件のレコードを追加しました。  
2017/11/28: 1件のレコードを追加しました。

本カタログの使い方



一覧内を検索する



一覧を絞り込む

生物種

- + 動物 (658)
- + 植物 (291)
- + 原生生物 (60)
- + 菌類 (106)
- + 真正細菌 (158)
  - 古細菌 (52)
- ウイルス (54)

タグ<対象>

- ゲノム/遺伝子 (502)
- cDNA/EST (253)
- 遺伝的多様性 (130)
- + 続きを見る

タグ<データの種類>

- 表現型 (46)
- バイオリソース (150)
- 手法 (52)
- + 続きを見る

稼動状況



### Melonet DB

運用機関: 筑波大学生命環境科学研究科

生物種: *Cucumis melo*

説明: 高級マスクメロンの全ゲノム発現遺伝子情報データベースです。「アールスメロンリット春系3号」を対象とし、温室栽培の環境で葉、根、茎、果実部を含む全30組織から約27,000遺伝子の発現部... [詳細へ](#)

[一括ダウンロード可](#)



### 自然毒のリスクプロファイル

運用機関: 厚生労働省

生物種: *Actinopterygii* | *Bivalvia* | *Gastropoda* | *Fungi* | *Magnoliophyta*

説明: 自然毒(動植物が持つ毒成分)のデータベースです。毒を持つ生物種、有毒部位、食中毒発生状況、食中毒症状、毒成分などの情報を収録しています。魚類、二枚貝、巻貝、きのこ、および高等植... [詳細へ](#)



### Mindsガイドラインライブラリ

運用機関: 公益財団法人 日本医療機能評価機構

生物種: *Homo sapiens*

説明: 患者と医療者の双方に向けて診療ガイドラインと関連情報を提供するサイトです。日本で公開された診療ガイドラインを収集し、評価選定の上、著作者の許諾にもとづき掲載しています。医療提供... [詳細へ](#)



### ウェブ版血管炎病理アトラス

運用機関: 難治性血管炎に関する調査研究班

生物種: *Homo sapiens*

説明: 血管炎病理画像のデータベースです。各疾患ごとに病理画像と解説が収録されています。画像はダウンロードして使用することが可能です(使用許諾ルール:<http://www.vas-mhiw.org/html/pathol...>) [詳細へ](#)



### D-iOrgansAtlas

運用機関: Karydo TherapeutiX 株式会社

生物種: *Mus musculus*



ぐ  
ぐ  
る  
な

あ  
ぶ  
な  
い

4/24/2011

# 生命科学DB横断検索

<http://biosciencedbc.jp/dbsearch/>

胃がん

検索

[詳細検索](#) [履歴](#) [ヘルプ](#) [DB一覧](#) [旧バージョン](#) [モバイル](#) [English](#) [クレジット](#)

▼全てのデータベース(15,152)

並び替え▼

[胃がん手術症例の遠隔成績 Long term results of operated gastric cancer.\[日本消化器外科学会雑誌\]](#)

<http://jlc.jst.go.jp/JST.Journalarchive/jjgs1969/18.1620?from=NBDC>

文献 - J-STAGE

[胃がんの補助免疫化学療法 Adjuvant immunochemotherapy for gastric cancer.\[日本消化器外科学会雑誌\]](#)

<http://jlc.jst.go.jp/JST.Journalarchive/jjgs1969/18.1951?from=NBDC>

文献 - J-STAGE

[早期胃がんを併存した胃のう胞の1例 A case of gastric cysts with early gastric cancer.\[日本消化器外科学会雑誌\]](#)

<http://jlc.jst.go.jp/JST.Journalarchive/jjgs1969/19.973?from=NBDC>

文献 - J-STAGE

[7年間経過観察された早期類似進行胃がんの1症例 A case report of an advanced gastric cancer simulating early gastric cancer type, followed by 7 years observation.\[日本消化器外科学会雑誌\]](#)

<http://jlc.jst.go.jp/JST.Journalarchive/jjgs1969/18.1703?from=NBDC>

文献 - J-STAGE

[多発胃癌の臨床病理学的検討 A clinicopathological study on multiple gastric cancer.\[昭和医学会雑誌\]](#)

Jun-ichi Ishii) Abstract. The case of multiple gastric cancer has tended to increase in number in recent years... or unification of multiple lesions are of interest in studying the development and growth of gastric cancer....4%) among 1,116 cases of primary gastric cancer which we had re-sected in the past 26 years (1956-1981) as ....2-6.6%であり、施設による多少の幅はあるようである。ちなみに、第18回 胃癌

☐ 関連語句で検索

翻訳結果

[胃がん] gastric cancer stomach cancer gastric carcinoma cancer of the stomach stomach cancer

キーワード

[胃がん] 胃がん

シソーラス

[胃がん] 胃癌 胃がん 胃ガン スキルス スキルス 胃がん

☐ Best Recommendation

[胃がん]に関するお薦め

Not Found.

☐ 関連遺伝子で検索

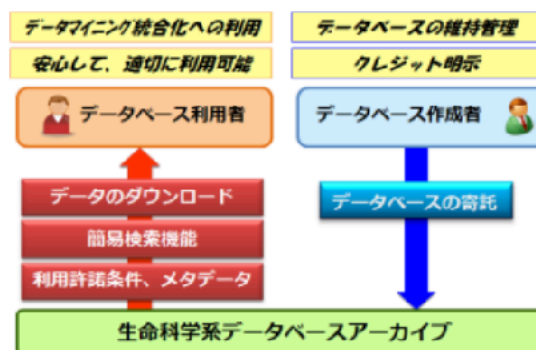
☐ 外部リンク

いくら良質なデータベースでも、説明が十分でない、利用条件が明確でない、ダウンロードできないなどの理由で十分に利用され、引用され、相応しい評価を受ける機会を逃していることがあります。

生命科学系データベースアーカイブは、国内のライフサイエンス研究者が生み出したデータセットをわが国の公共財としてまとめて長期間安定に維持保管し、データ説明（メタデータ）を統一して検索を容易にすると共に、利用許諾条件などの明示を行うことで、多くの人が容易にデータへアクセスしダウンロードを行えるようにするサービスです（詳細説明）。

データを長期にわたり保全し、データベース作成者のクレジットを明示する一方、公的機関や民間等様々なユーザが利用しやすい形にすることで、それぞれの研究の生命科学へのいっそうの貢献を支援します。データベースの寄託を随時募集しています（寄託応募要領）。

なお当アーカイブは、Scientific Data誌の推奨レポジトリにもなっています。



## 新アーカイブ情報

2017/12/15 「KEGG MEDICUS」（京都大学化学研究所 金久實特任教授）を更新しました  
2017/10/27 「PGDBj 登録生物種リスト・マーカーリスト・QTLリスト・DBリンク・ゲノム解析手法」（かずさDNA研究所 田畑哲之所長）を更新しました  
2017/10/11 「GENIUS II」（青山学院大学 諏訪牧子教授）を追加しました。

## 当アーカイブの使い方 (統合TV)



当アーカイブの説明動画です  
(2017/10/03版)

全メタデータをエクスポート

<https://dbarchive.biosciencedbc.jp/>

## アーカイブデータベース一覧 (ヘルプ)

一覧内検索  詳細検索

全 2 件 (1 件から2件) 全 134 エントリからフィルタリング 5 件を表示

最初へ 前へ 1 次へ 最後へ

| データベース                                                                                                                                                              | データベース運用場所                                                                          | 代表者             | データベースカテゴリ      | 生物種 | 要約（キーワードを太字表示）                                            | 利用許諾        |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|-----------------|-----------------|-----|-----------------------------------------------------------|-------------|
|  <b>Open TG-GATEs 病理写真データベース</b><br><a href="#">ダウンロード</a>   <a href="#">簡易検索</a> |  | トキシコゲノミクスプロジェクト | トキシコゲノミクスデータベース | ラット | 160の化合物を用いて実施した動物試験で作製した <b>肝臓および腎臓の病理標本の高解像度画像データベース</b> | CC 表示-継承 詳細 |



一覧内検索

農業

詳細検索

全 20 件 (1 件から20件) 全 142 エントリからフィルタリング

20



件を表示

最初へ

前へ

1

次へ

最後へ

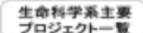
| データベース                                                                             | データベース運用場所                                 | 代表者          | データベース<br>カテゴリ | 生物種                       | 要約（キーワードを太字表示） | 利用許諾                                                                    |                |
|------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------|--------------|----------------|---------------------------|----------------|-------------------------------------------------------------------------|----------------|
|    | <b>eDDASs</b><br>ダウンロード   簡易検索<br>オリジナルサイト | 農業環境変動研究センター | 対馬 誠也          | メタゲノム                     | 糸状菌、細菌、線虫      | 国内の農耕地の <b>土壌微生物を示すeDNA解析情報</b> のデータベース                                 | CC 表示-継承<br>詳細 |
|    | <b>RPD</b><br>ダウンロード   簡易検索                | 農業生物資源研究所    | 小松 節子          | プロテオミクス                   | イネ             | <b>イネの各種器官や細胞内小器官</b> を対象に <b>2次元ゲル電気泳動</b> を行い、そのスポットを収集したデータベース       | CC 表示-継承<br>詳細 |
|    | <b>RED II INAHO</b><br>ダウンロード   簡易検索       | 農業生物資源研究所    | 菊池 尚志          | 植物データベース-イネ、マイクロアレイ、遺伝子発現 | イネ             | <b>60-merのオリゴヌクレオチドマイクロアレイ</b> を用いてイネの <b>遺伝子発現</b> を分析したデータベース         | CC 表示-継承<br>詳細 |
|   | <b>RED</b><br>ダウンロード   簡易検索                | 農業生物資源研究所    | 菊池 尚志          | 植物データベース-イネ、マイクロアレイ、遺伝子発現 | イネ             | イネゲノムプロジェクトにおいて <b>8987ESTアレイ</b> を用いて解析された <b>遺伝子発現</b> データを集約したデータベース | CC 表示-継承<br>詳細 |
|  | <b>RMOS</b><br>ダウンロード   簡易検索               | 農業生物資源研究所    | 菊池 尚志          | 実験解析技術・方法                 | イネ             | <b>イネのマイクロアレイ</b> プロジェクトで作成されたマイクロアレイとその関連情報                            | CC 表示-継承<br>詳細 |
|  | <b>RGP physicalmap</b><br>ダウンロード   簡易検索    | 農業生物資源研究所    | 佐々木 卓治         | YACクローン                   | イネ             | RGPのDNAマーカーで選抜された <b>イネYACクローンの物理マッピング</b>                              | CC 表示-継承<br>詳細 |
|                                                                                    | <b>RGP caps</b>                            |              |                |                           |                |                                                                         |                |

## このデータベースについて

- データベースの説明
- ダウンロード
- 利用許諾
- このデータベースの更新履歴

## データベースの説明

## データベース全般

|                                                                                                        |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|  名称                   | RED                                                                                                                                                                                                                                                               |
|  名称の読み方               | -                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|  別名                   | Rice Expression Database                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|  DOI                  | 10.18908/lbdba.nbdc00315-000                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|  作成者                  | <p>作成者氏名: 菊池尚志  </p> <p>作成者英名: Shoshi Kikuchi</p> <p>作成者所属: 農業生物資源研究所</p> <p>作成者の文献検索: </p> |
|  連絡先                  | <p>〒305-8602 茨城県つくば市観音台2-1-2</p> <p>国立研究開発法人 農業生物資源研究所 作物ゲノム研究ユニット</p> <p>菊池 尚志</p> <p>E-mail : <a href="mailto:skikuchi@nias.affrc.go.jp">skikuchi@nias.affrc.go.jp</a></p>                                                                                                                                                                         |
|  データベース分類             | 植物データベース-イネ                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|  データベース分類             | マイクロアレイ、遺伝子発現                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|  生物種                  | <p>生物種名: Oryza sativa</p> <p>Taxonomy ID: 4530</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|  データベースの説明           | The Rice Expression Database (RED) は、イネゲノムプロジェクトの一環として進められたマイクロアレイプロジェクトにおいて、8987ESTアレイを用いて解析された遺伝子発現データを集約したデータベースです。REDは、イネマイクロアレイプロジェクトと他の研究グループによる実験で得られた発現プロファイルからの生データと正規化されたデータを保持しています。                                                                                                                                                      |
|  データベースの特長・有用性・活用方法 | <p>特定の研究テーマに興味がある場合、red_subject_infoテーブルから適切な「Research ID」を見つけることができます。その後、選択した研究のための実験データを取得します。</p> <p>また、red_estテーブルから特定の遺伝子のためのアクセッション番号を見つけることができます。その後、アレイBLASTの結果に対する様々な実験条件下での発現プロファイルを取得します。</p>                                                                                                                                            |
|  データベースの利用許諾        | CC 表示-継承 <a href="#">詳細</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|  予算的背景・プロジェクト       | <p>名称: 遺伝子発現モニタリング手法を用いたイネ・ゲノム有用遺伝子の機能解明（通称：マイクロアレイプロジェクト）（平成11～15年度）</p> <p></p>                                                                                                                                                                               |
|                                                                                                        | <p>文献名: Rice Expression Database: the gateway to rice functional genomics</p>                                                                                                                                                                                                                                                                        |

# 動画チュートリアル: 統合TV



登録動画数 **1,536**件 (2018年12月現在) <https://togotv.dbcls.jp/>

TOGO TV

生命科学系DB・ツール使い倒し系チャンネル

📌 はじめての方へ▼

📈 再生数ランキング

✉ お問い合わせ・番組をリクエスト▼

『統合TV』は、生命科学分野の有用なデータベースやツールの使い方を動画で紹介するウェブサイトです。

## 📄 目的別に検索

📖 講習会 実習資料 (AJACS)

🧬 ゲノム・核酸 配列解析

🧬 タンパク質 配列・構造解析

🧬 発現制御解析・可視化

📖 文献・辞書・プログラミング

📖 著名データベース

📖 その他講演・講習会

🖼️ 自由に使える画像を探す

## 2018-01-23 ChIP-Atlasを使って既報のChIP-seqデータをまとめて閲覧する ~Peak Browserの使い方~



ChIP-Atlasを使って既報のChIP-seqデータをまとめて閲覧する ~Peak Browserの使い方~

180127版

📺 YouTube版を視聴できない方は[オリジナル版ファイル\(mov形式\)](#)をダウンロードして、ご覧ください。

ChIP-Atlas は、論文などで報告された ChIP-seq データを閲覧し、利活用するためのウェブサービスです。データ処理の知識やスキルがない方でも簡単に利用できます。データソースは、公開 NGS データレポジトリ (NCBI, EMBL-EBI, DDBJ) に登録されたほぼ全ての ChIP-seq データです。ChIP-Atlas は、[九州大学大学院医学研究院発生再生学分野](#) と [ライフサイエンス統合データベースセンター \(DBCLS\)](#) が共同で開発しています。



Licensed under CC-BY 4.0 ©2018 HIDEMASA BONO(DBCLS)



# 生命科学 データベース・ウェブツール

新刊

図解と動画で使い方がわかる！

研究がはかどる定番 18 選

研究に

今日からすぐ使える便利ツール



- 生命科学の研究者にとって、いまやマストなスキルとなったデータベースやウェブツール。ラボで役に立つ定番18ツールの使い方を徹底的にわかりやすく解説
- インターネットの動画サイト「統合TV」の編集部による責任編集。パソコンの操作手順をわかりやすく図解。さらに、動画でも確認できるように、「統合TV」の動画サイトリンクを表示。
- 研究を始めて間もない学部生・院生はもちろん、中堅・ベテラン研究職にも、「こんな使い方があったんだ」と力強い味方に。
- PubMed、Googleドライブ、Primer3Plus、PrimerBLAST、ImageJ、BLAST、Genome Browser、MEGA、Metascape、TCGA、COSMIC、gnomADなど。

監修：坊農秀雅・小野浩雅

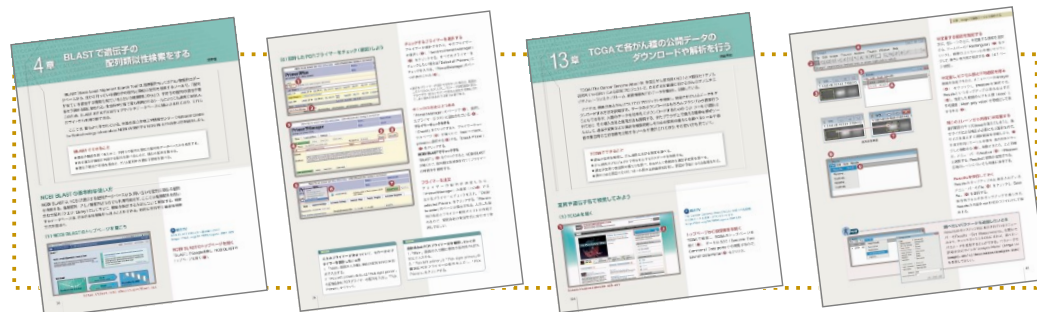
AB判 頁168 図300

ISBN 978-4-8157-0143-7

定価 2,800円+税

統合TV 編集部責任編集  
だから

わかりやすい！



# 統合TV本



MEDI

メディカル・サイエンス・インターナショナル

113-0033 東京都文京区本郷1-28-36 TEL 03-5804-6051 FAX 03-5804-6055 <http://www.meds.co.jp>

# DBCLSの文献情報サービス

<http://dbcls.rois.ac.jp/services>

- ・ 英文: PubMed/PMC
  - **Allie**: 略語検索
  - **inMeXes**: 逐次PubMed/MEDLINE表現検索
- ・ 日本語
  - ライフサイエンス新着論文レビュー
  - ライフサイエンス領域融合レビュー

TOGO●TV 目的別に検索: 文献・辞書・プログラミング  
<http://togotv.dbcls.jp/ja/information.html>

Allie(アリー)は生命科学分野で利用されている  
略語とその展開形を検索するサービス



**Allie** A Search Service for Abbreviation / Long Form

■ 略語/展開形の検索

[Allie Portal](#) | [SOAP/REST APIについて](#) | [English](#)

[検索語] (略語、展開形、もしくはそれらの一部)

Yamamoto Y, Yamaguchi A, Bono H, Takagi T **Allie: a database and a search service of abbreviations and long forms.** *Database*, 2011:bar03.

「Allieを使って略語の正式名称を検索  
する2017」

<http://doi.org/10.7875/togotv.2017.104>



## Allie A Search Service for Abbreviation / Long Form

### ■ 検索結果 - 略語: SPF

#### 検索条件:

検索語: **SPF**

検索方法: **完全一致**

分野:

(Any)

獣医学

新生物, 腫瘍

皮膚科学

生化学, 生物化学

耳鼻咽喉科, 耳鼻科, 耳鼻咽喉科学, 耳鼻科学

#### 結果:

略語: **SPF**

出現頻度: **2284**

対応する展開形の数: **149**

#### 表示設定:

[件数]

☒ 展開形100件(出現頻度降順)

☐ 展開形全件

[1ページの件数]

20

ページ移動

◀ ◻ ▶ ▶▶

1 / 5 ページ

| 展開形 No. | 展開形                                                  | 分野                                                  | 共起略語                                        | PubMed/MEDLINE情報 (発表年, 題目)                                                                                                                                                |
|---------|------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|---------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1       | specific pathogen-free<br>特定病原体除去<br>(1183 回)        | Veterinary<br>Medicine<br>獣医学<br>(541 回)            | GF (88 回)<br>IBDV (48 回)<br>ELISA (46 回)    | 1961 Swine repopulation. IV. Influence of management upon the growth of specific pathogen-free (SPF) pigs.                                                                |
| 2       | S-phase fraction<br>(482 回)                          | Neoplasms<br>新生物, 腫瘍<br>(270 回)                     | FCM (52 回)<br>DI (38 回)<br>PI (28 回)        | 1978 Subpopulations of breast carcinoma defined by S-phase fraction, morphology, and estrogen receptor content.                                                           |
| 3       | sun protection factor<br>日焼け止め指数, 紫外線防御指数<br>(318 回) | Dermatology<br>皮膚科学<br>(174 回)                      | UV (58 回)<br>UVR (23 回)<br>MED (17 回)       | 1968 Passive transfer of acquired resistance in mice to group B Arboviruses by serum protective factor(s) (SPF) independent of serum neutralizing antibody or interferon. |
| 4       | Supernatant protein factor<br>(21 回)                 | Biochemistry<br>生化学, 生物化学<br>(14 回)                 | alpha-TTP (4 回)<br>CRALBP (2 回)<br>PG (2 回) | 1977 Purification and properties of a soluble protein activator of rat liver squalene epoxidase.                                                                          |
| 5       | synthetic phase fraction<br>(18 回)                   | Biochemistry<br>生化学, 生物化学<br>(5 回)                  | PI (4 回)<br>PCNA (3 回)<br>EGFR (2 回)        | 1991 Multiparametric evaluation of flow cytometric synthesis phase fraction determination in dual-labelled breast carcinomas.                                             |
| 6       | sphenopalatine foramen<br>(12 回)                     | Otolaryngology<br>耳鼻咽喉科, 耳鼻科, 耳鼻咽喉科学, 耳鼻科学<br>(8 回) | FR (3 回)<br>PPF (3 回)<br>PC (2 回)           | 1998 Osteologic classification of the sphenopalatine foramen.                                                                                                             |

## PubMed/MEDLINEに対する incremental searchのサービス

### 逐次PubMed/MEDLINE表現検索 inMeXes

4文字以上入力すると検索が始まります。

(大文字小文字は区別されます。ハイフンとスラッシュは結果に空白として表示されます。入力された情報は暗号化されて送信されます。)

▶ [inMeXesとは?](#)

を含む ▼ 表現を検索。 フィルタを表示

最大結果表示件数:  ▼ , 検索結果のリンク先:  ▼ , [Permalink\(?\)](#)

## 英作文時に非常に便利

「inMeXesを使って文献に頻出する英語  
TOGO TV 表現や関連語を高速に検索する2018」  
<http://doi.org/10.7875/togotv.2018.026>

# inMeXes検索例: cancer

## 逐次PubMed表現検索 inMeXes

3文字以上入力すると検索が始まります。

(大文字小文字は区別されます。ハイフンとスラッシュは結果に空白として表示されます。入力された情報は暗号化されて送信されます。)

### ▶ inMeXesとは?

こちらでinMeXesの使い方を動画で紹介しています。

develop  を含む  表現を検索。   
最大結果表示件数: 20 , 検索結果のリンク先: LSD共起リスト , [Permalink\(?\)](#)

| マッチ<br>頻度 | 関連語<br>表現              | 関連研究分野                                                      |
|-----------|------------------------|-------------------------------------------------------------|
| 1195527   | development of         | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 849563    | the development        | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 774151    | the development of     | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 261683    | to develop             | Medicine / Neoplasms / Nursing                              |
| 228686    | development and        | Molecular Biology / Medicine / Neurology                    |
| 191633    | was developed          | Chemistry Techniques, Analytical / Biochemistry / Chemistry |
| 176391    | in the development     | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 161820    | developed a            | Biochemistry / Medicine / Neoplasms                         |
| 157933    | been developed         | Biochemistry / Chemistry / Chemistry Techniques, Analytical |
| 156464    | in the development of  | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 120283    | for the development    | Medicine / Biochemistry / Neoplasms                         |
| 115081    | developed to           | Biochemistry / Biomedical Engineering / Chemistry           |
| 113871    | for the development of | Medicine / Biochemistry / Neoplasms                         |
| 110609    | development of the     | Neurology / Medicine / Biology                              |
| 107324    | and development        | Medicine / Molecular Biology / Biochemistry                 |
| 106969    | develop a              | Medicine / Pharmacology / Biomedical Engineering            |
| 105441    | developed for          | Chemistry Techniques, Analytical / Biochemistry / Chemistry |
| 97114     | of developing          | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 96103     | to the development     | Medicine / Neoplasms / Neurology                            |
| 95326     | development in         | Biology / Medicine / Molecular Biology                      |



2語前でソート

1語前でソート

集計値を見る

1語後でソート

2語後でソート

通し番号をクリックするとPubMedの該当ページを表示します

1 KCdelta deficiency leads to the survival and development of a B cell  
 2 This discovery prompted the development of a bidirectional  
 3 In vivo, SAA administration induced the development of a CD11c(+)  
 4 evolution of this response that allowed the development of a complete  
 5 This represents a major challenge to the development of a cross-presentation  
 6 There has been a recent commercial development of a DNA microarray  
 7 n of arteries and veins is essential for the development of a functional  
 8 t a role for RA signalling in patterning the development of a longitudinal  
 9 D4 molecule in triggering the activation and development of a monocyte  
 10 d the uncharacterized metagenome through the development of a multi-omic  
 11 y heart disease (CHD), and have prompted the development of a new class  
 12 on of the viral reservoir should lead to the development of a new generation  
 13 Here we report the development of a novel  
 14 We also report the development of a robust fluorescence-based activity assay  
 15 For this reason, the development of a safe, tetravalent vaccine to produce a  
 16 t formulation is a possible strategy for the development of a serotype-independent pneumococcal vaccine  
 17 These deficits are accompanied by impaired development of a single olfactory glomerulus, VALv, which  
 18 view to providing potential targets for the development of a specific, transient therapeutic which d  
 19 or family member, which is essential for the development of a variety of organ systems.  
 20 ous anti-nociceptive pathway and support the development of A3AR agonists as novel therapeutics to tr  
 21 cal meristem are necessary for postembryonic development of aboveground tissues and roots, respective  
 22 tigen-specific T helper 17 cells and promote development of adaptive immunity at discrete mucosal sit  
 23 cidation of many more such functions and the development of additional applications.  
 24 scence is a major factor contributing to the development of aging-related neurodegenerative diseases,  
 25 ity in normal kidney tissues and blocked the development of all types of renal lesions.  
 26 etermine if PSEN1 plays a direct role in the development of alpha-synuclein pathology in these diseas  
 27 maturation into IFN-alpha-producing cells or development of an APC phenotype differentiates the early  
 28 may occur in ocular histoplasmosis from the development of an atrophic scar at the fovea or followin  
 29 The development of an automated assay has recently made poss  
 30 The development of an automated, rapid, and sensitive molecu  
 31 Development of an effective vaccine has been hampered by  
 32 of protection f  
 33 glycoprotein pos  
 34 ctor for norovir

Life  
 Science  
 Dictionary  
 のサイトにリンク

「ライフサイエンス辞書を使い倒す

2011～オンライン辞書編～」

<http://doi.org/10.7875/togotv.2011.075>

on model for human nor  
 on model remain elusiv  
 reapeutics.  
 erapeutics is also fac  
 y.

38 nd could represe  
 39 Investigation of norovir replication and development of antiviral therapeutics in cell culture re  
 40 t the viral life cycle, immune responses and development of antivirals.  
 41 alized formula is presented to unify further development of approaches to quantify spectral differenc  
 42 affold preparation was pursued following the development of appropriate enabling chemical methods.

Nature, Science, Cell などのトップジャーナルに掲載された**日本人を著者とする生命科学分野の論文**について論文の著者自身の執筆による**専門分野の異なる生命科学研究者**にむけた日本語による**レビュー**を、自由に閲覧・利用できるようウェブ上にいち早く無料で公開するサイト

「ライフサイエンス新着論文レビュー

TOGO●TV FirstAuthor's を使い倒す」

<http://doi.org/10.7875/togotv.2011.037>

DOI: 10.7875/first.author.2017.136

# FIRST AUTHOR'S

多能性幹細胞から腎臓の高次構造を構築する 1 user

2017年12月4日

太口敦博・西中村隆一

(熊本大学発生医学研究所 腎臓発生分野)

email:太口敦博,西中村隆一

DOI: 10.7875/first.author.2017.136

## Higher-order kidney organogenesis from pluripotent stem cells.

Atsuhiko Taguchi, Ryuichi Nishinakamura

*Cell Stem Cell*, **21**, 730-746.e6 (2017)

## 目次 [隠す]

## 要約

## はじめに

1. ウォルフ管は発生の進行にともない樹状に分岐する能力を獲得する
2. ウォルフ管前駆細胞はレチノイン酸, Wnt, Fgf, Gdnf のシグナルにより成熟する
3. マウスのES細胞からウォルフ管前駆細胞を分化させる方法の確立
4. マウスのES細胞から形成させた尿管芽は高次構造を形成する
5. ヒトのiPS細胞から尿管芽を形成させる方法の確立

おわりに

## 文献

検索

## DBCLSからの成果発信

- ❖ 遺伝子発現解析の基準となるデータを快適に検索できるウェブツール  
RefEx
- ❖ 統合遺伝子検索GGRNA: 遺伝子をGoogleのように検索できるウェブサーバ

[このサイトについて](#)



トップジャーナルに掲載された日本人を著者とする生命科学分野の論文について、論文の著者自身の執筆による日本語のレビューを、だれでも自由に閲覧・利用できるよう、いち早く公開します。くわしくは、「**新着論文レビュー**」とはをご覧ください。



生命科学において注目される分野・学問領域  
における最新の研究成果について、第一線の  
研究者の執筆による日本語のレビューを、だ  
れでも自由に閲覧・利用できるよう、無料で  
公開します。

<http://leading.lifesciencedb.jp>

「ライフサイエンス領域融合レビュー  
LeadingAuthor'sを使い倒す」

<http://doi.org/10.7875/togotv.2012.088>

## ライフサイエンス 領域統合レビュー



## T細胞の老化と免疫老化

2018年7月18日

**濱崎洋子・湊 長博**

(京都大学iPS細胞研究所 未来生命科学開拓部門)

DOI: 10.7875/leading.author.7.e005

[続きを読む](#)

## がん免疫療法における獲得耐性

2018年5月22日

**小山 正平**

(大阪大学大学院医学系研究科 呼吸器・免疫内科学)

DOI: 10.7875/leading.author.7.e004

[続きを読む](#)

## piRNAの生成機構および作用機序

2018年5月7日

**泉 奈津子・泊 幸秀**

(東京大学定量生命科学研究科 RNA機能研究分野)

DOI: 10.7875/leading.author.7.e003

[続きを読む](#)

## 生細胞イメージングによりとらえるクロマチンの修飾および遺伝子発現の活性化

2018年2月27日

**木村 宏**

(東京工業大学科学技術創成研究院 細胞制御工学研究センター)

DOI: 10.7875/leading.author.7.e002

[続きを読む](#)

## 植物における遺伝子とトランスポゾンとの相互作用と環境への適応

2018年1月18日

**佐瀬 英俊**

(沖縄科学技術大学院大学 植物エピジェネティクスユニット)

DOI: 10.7875/leading.author.7.e001

[続きを読む](#)

## 細胞競合の分子機構とその生理的な意義

2017年12月21日

**谷口喜一郎・井垣達史**

(京都大学大学院生命科学系研究科 高次生命科学専攻システム機能学分野)

DOI: 10.7875/leading.author.6.e008

[続きを読む](#)

## 脳の機能とミクログリア

2017年9月22日

**和氣弘明・堀内 浩・宮本愛喜子・鍋倉淳一**

(神戸大学大学院医学研究科 システム生理学分野)

DOI: 10.7875/leading.author.6.e007

## 集団ゲノミクスからさぐる植物の進化

2017年8月17日

**土松 隆志**

(千葉大学大学院理学研究院 生物学研究部門 植物進化ゲノミクス研究室)

DOI: 10.7875/leading.author.6.e006

## がんに対するキメラ抗原受容体発現T細胞療法の最前線

2017年7月12日

**保仙 直毅**

(大阪大学大学院医学系研究科 癌幹細胞制御学講座)

DOI: 10.7875/leading.author.6.e005

# DBCLSの研究開発

データベース利用者

アプリケーション開発者

大規模データ解析者

データ所有者



アプリケーション開発  
データベース  
統合利用環境の構築



ミドルウェア開発  
データベースの  
効率的な運用と拡張



データベース統合  
データベース統合化のための  
基盤技術開発



データベース統合化支援  
データベース統合化のための  
国際標準整備



広報



教育活動



国内・国際連携



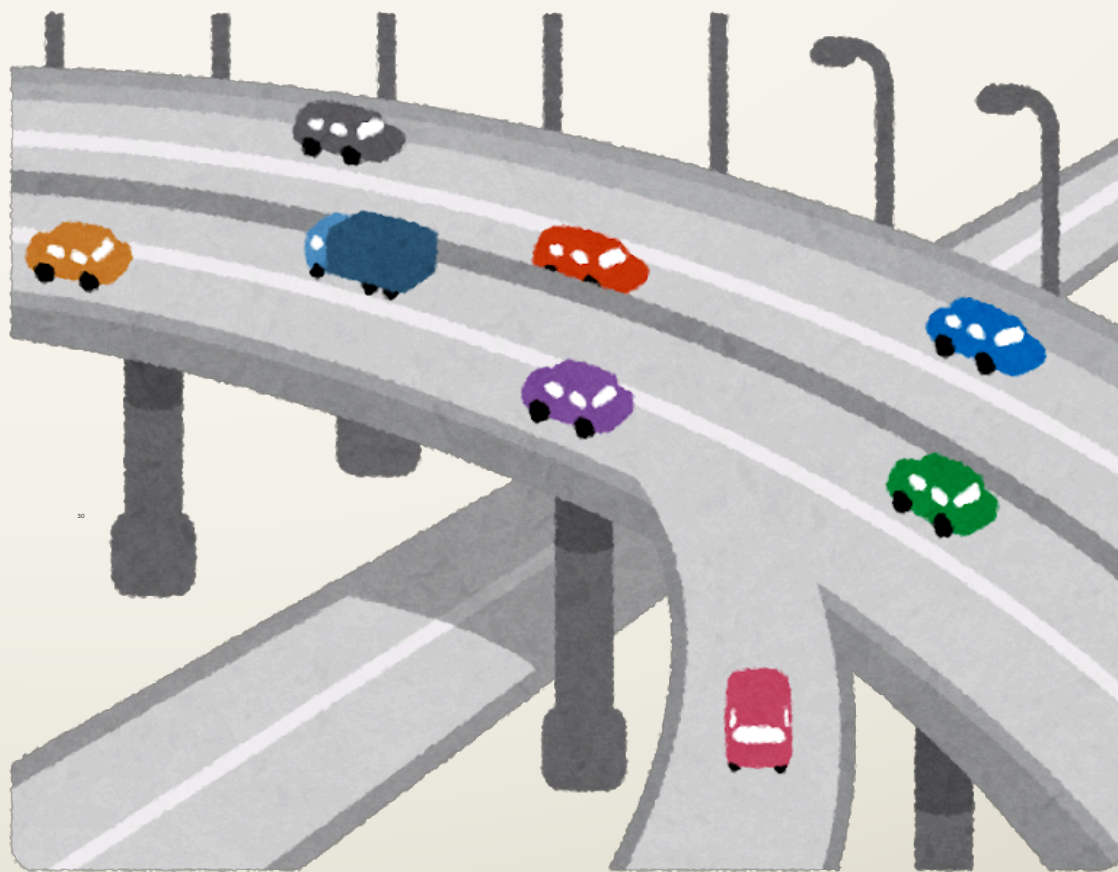
# Sustainability



維持されていることが重要

# 高速道路を使って 目指すこと

1. 医療応用
2. 育種
3. 有用物質生産





# 三島でやってきたこと





# 統合データベースプロジェクト 平成18年度の成果

## I. データベース整備戦略のための研究俯瞰(分野を知りデータを知る)

(1)学会要旨統合サイト(国内研究俯瞰)

(2)データバンク統合目次(分子研究俯瞰)

(3)戦略立案資料(報告)

(4)検索アルゴリズムを含めた知識情報技術の動向調査

(5)臨床情報や医療統計の現状調査

## II. 統合技術開発・提供(統合に足りない技術をつくる)

## III. ポータルサービス(使える情報サイトに案内する)

## IV. 分子データベース整理統合(1次データの統合整理)

(1)ヒト遺伝子発現統合

(2)植物ESTボディーマップ

## V. 人材の育成(長期的な取り組みに向けて)

## International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) since 1987

Refseq

|                            | NCBI                  | EMBL-EBI                          | DDBJ                  |
|----------------------------|-----------------------|-----------------------------------|-----------------------|
| Annotated sequences (trad) | GenBank               |                                   | DDBJ                  |
| Capillary reads            | Trace Archive         |                                   | Trace Archive         |
| Next Generation reads      | Sequence Read Archive | European Nucleotide Archive (ENA) | Sequence Read Archive |
| Samples                    | BioSample             |                                   | BioSample             |
| Studies                    | BioProject            |                                   | BioProject            |

# データバンク統合目次: INSD

**DNAデータベース (DDBJ/EMBL/GenBank=INSD) 総覧と検索** バージョン: DDBJ リリース 83 (2010-09-16) [English page](#)

[DNAデータベースをプロジェクト単位で俯瞰、検索、分析、取得 詳細 >>](#)

トップ キーワード検索 (プロジェクト検索 ☐ レコード検索 ☐)  実行&二元分類 配列検索(blastn):  実行&二元分類 [登録データ数の全容](#) [ダウンロード](#) [HELP](#)

すべてのレコード

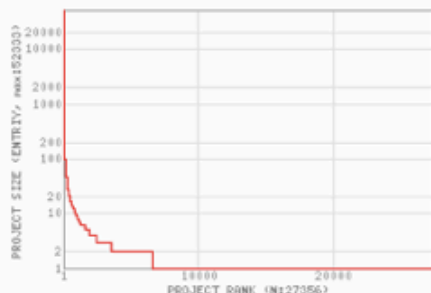
|                        |                 |                       |               |               |               |                 |                   |                   |                 |                |               |               |                |                 |            |            |              |               |                 |
|------------------------|-----------------|-----------------------|---------------|---------------|---------------|-----------------|-------------------|-------------------|-----------------|----------------|---------------|---------------|----------------|-----------------|------------|------------|--------------|---------------|-----------------|
| 生物群区分<br>(研究プロジェクト数)   | ヒト<br>(102504)  | 霊長<br>(8203)          | 霊歯<br>(66421) | 哺乳<br>(26524) | 脊椎<br>(39093) | 無脊椎<br>(65557)  | 植物<br>(134542)    | バクテリア<br>(100065) | ウイルス<br>(43880) | ファージ<br>(2166) | 合成<br>(60051) | 環境<br>(13495) | 未分類<br>(60153) | すべて<br>(668265) |            |            |              |               |                 |
| 研究の型別分類<br>(研究プロジェクト数) | mRNA<br>(27356) | 機能RNA・RNAゲノム<br>(212) |               | 免疫<br>(4441)  | 嗅覚<br>(40)    | マーカー<br>(15894) | エクソン構造<br>(11822) | 集団<br>(722)       | オルガネラ<br>(218)  | EST<br>(1032)  | GSS<br>(443)  | STS<br>(663)  | HTC<br>(447)   | HTG<br>(10812)  | TSA<br>(0) | UNA<br>(0) | CON<br>(202) | 特許<br>(27519) | すべて<br>(102504) |

**ヒト × トランスクリプトーム型** [詳細 >>](#)

レコード数: 177,367  
研究プロジェクト数: 27,356  
表示切替: [登録国単位](#)

研究プロジェクトの一覧  
サイズ順 / 登録日順

研究プロジェクトのサイズ(レコード数)の分布

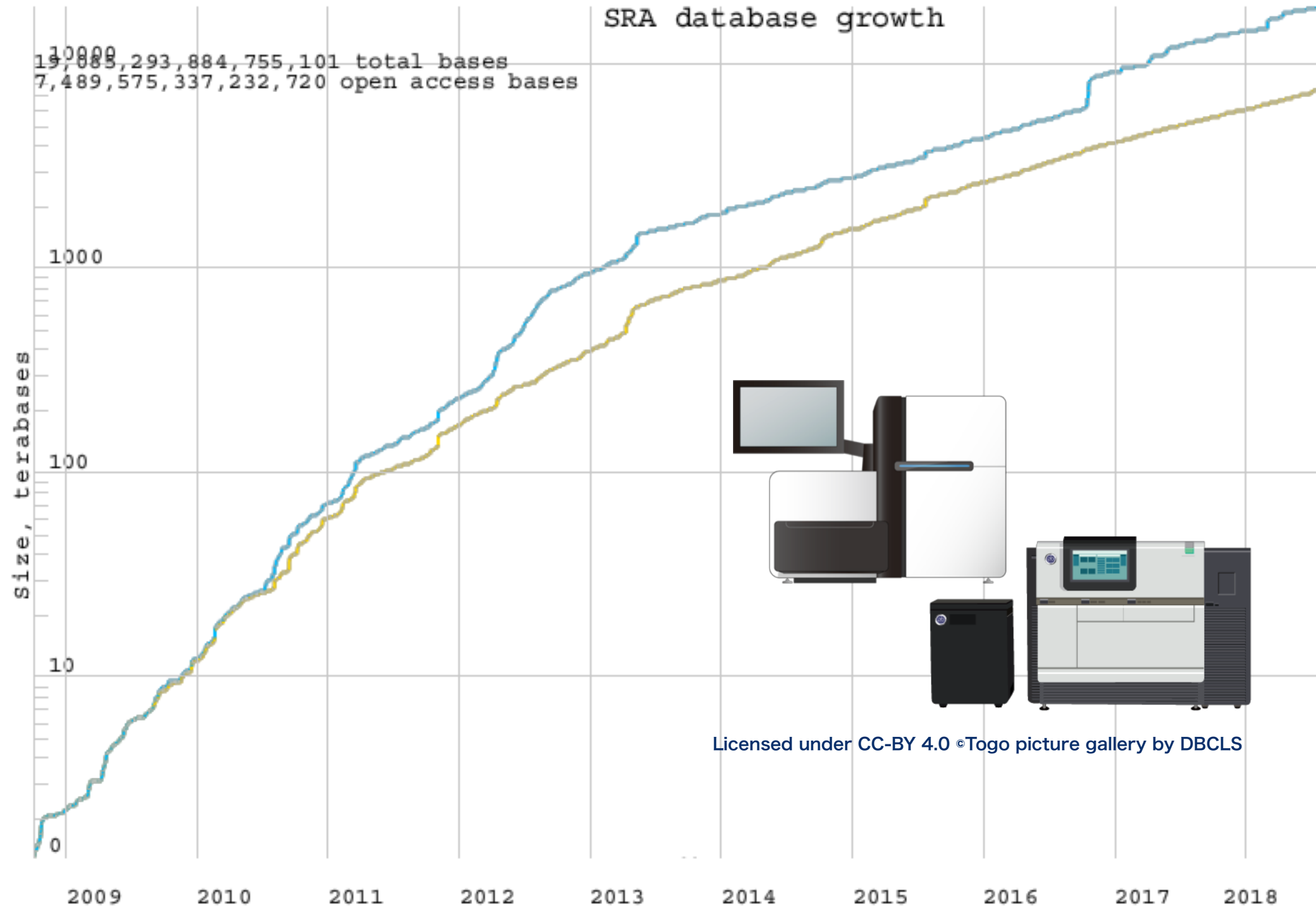


|    | 研究プロジェクト名                                                                                                      | 例                        | サイズ<br>(レコード数) | 比<br>(%) | バンク<br>登録日 |
|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------|----------------|----------|------------|
| 1  | 15000'のネズミとヒトの全長cDNA決定, 15000以上のヒトネズミ全長cDNAの最初の読み取りと解析, ヒトとマウスの15000の全長cDNA:参照データ <a href="#">詳細</a>           | <a href="#">BC000002</a> | 52,333         | 295.05   | 2000-11-03 |
| 2  | 21,243種のヒト完全長cDNAの完全塩基配列決定と特性評価・NEDOヒトcDNA配列決定プロジェクト <a href="#">詳細</a>                                        | <a href="#">AK000863</a> | 17,943         | 101.16   | 2000-02-16 |
| 3  | NEDO human cDNA sequencing project focused on splicing variants <a href="#">詳細</a>                             | <a href="#">AK293122</a> | 11,769         | 66.35    | 2007-10-09 |
| 4  | マウスcDNAクローン IMAGE:6541387の塩基配列 <a href="#">詳細</a>                                                              | <a href="#">BC000856</a> | 2,069          | 11.67    | 2000-11-03 |
| 5  | 全長cDNAのGateWayへの入れ替え <a href="#">詳細</a>                                                                        | <a href="#">CR407601</a> | 1,779          | 10.03    | 2004-05-07 |
| 6  | BDクリエータベクターへのcDNA入れ替え <a href="#">詳細</a>                                                                       | <a href="#">BT006627</a> | 1,227          | 6.92     | 2003-05-13 |
| 7  | オリゴキャッピング法: 真核細胞mRNAのキャップ構造をオリゴリボヌクレオチドに置き換える簡便な方法<br>全長濃縮cDNAライブラリと5'末端濃縮cDNAライブラリの構築と特性評価 <a href="#">詳細</a> | <a href="#">AK222463</a> | 1,174          | 6.62     | 2005-04-22 |
| 8  | 抗体ライブラリの構築と特性評価: 治療用ヒト抗体の分離と機能ゲノミクスへの応用 <a href="#">詳細</a>                                                     | <a href="#">AB063651</a> | 1,153          | 6.50     | 2001-06-25 |
| 9  | UniGeneクラスターの最長クローンの読み直し <a href="#">詳細</a>                                                                    | <a href="#">AF074981</a> | 1,151          | 6.49     | 1998-06-30 |
| 10 | ヒトタンパク質をコードするcDNA <a href="#">詳細</a>                                                                           | <a href="#">AB208780</a> | 1,147          | 6.47     | 2005-03-22 |



## SRA database growth

19,885,293,884,755,101 total bases  
7,489,575,337,232,720 open access bases



Licensed under CC-BY 4.0 ©Togo picture gallery by DBCLS

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/docs/sragrowth/>

Q Keyword :

Q Accession :

Advanced search

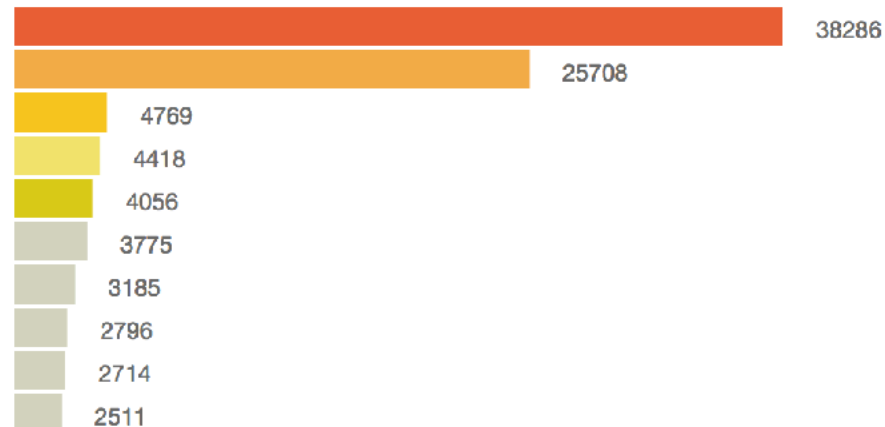
Show  records Sort by

Search

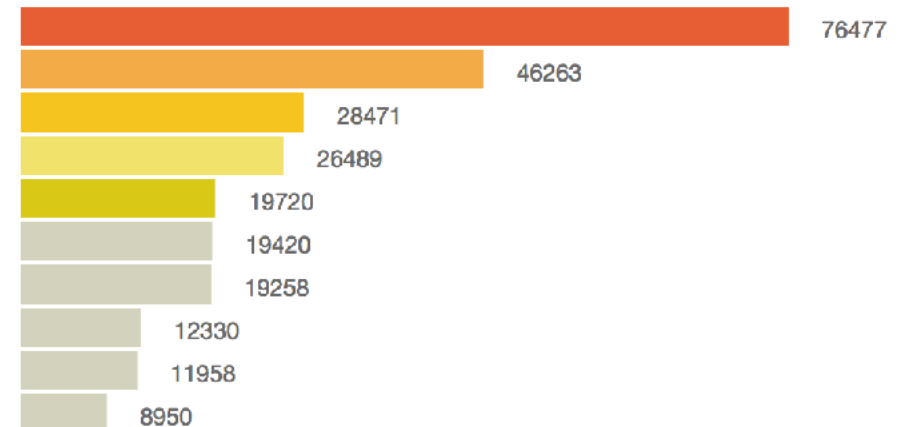
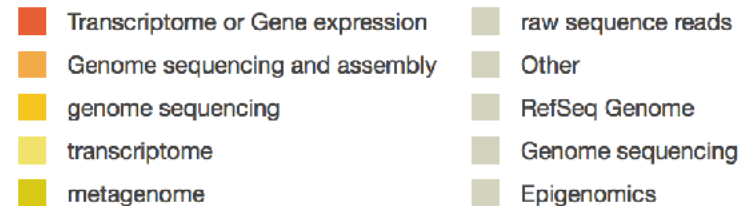
Clear

Data Last Update 2018-07-12

## Organism Name



## Project Datatype



## NBDCヒトデータベースについて

ヒトに関するデータは、次世代シーケンサーをはじめとした解析技術の発達に伴って膨大な量が産生されつつあり、それらを整理・格納して、生命科学の進展のために有効に活用するためのルールや仕組みが必要です。

[国立研究開発法人科学技術振興機構\(JST\)バイオサイエンスデータベースセンター\(NBDC\)](#)では、個人情報保護に配慮しつつヒトに関するデータの共有や利用を推進するために、ヒトに関する様々なデータを共有するためのプラットフォーム『NBDCヒトデータベース』を設立するとともに、[国立遺伝学研究所](#) [DNA Data Bank of Japan](#)  [DDBJ](#)と協力して、ヒトに関するデータを公開しています。

本Webサイトを通じて、ヒトに関する[データの利用](#)及びヒトに関する[データの提供](#)を行うことができます。

なお、本データベースの目的・意義、扱うデータの種類、データ利用者の範囲、責任者については[こちら](#)をご覧ください。

## 新着情報

2018/04/06

[大阪国際がんセンター 生化学部](#)からの制限公開データ (Type I) を公開しました (hum0065)

2018/04/06

[新潟大学大学院 医歯学総合研究科](#)からの制限公開データ (Type I) を公開しました (hum0124)

▶ [ニュース一覧へ](#)

# <https://humandbs.biosciencedbc.jp>



# 日本人多型の統合DB: TOGOVAR



[Home](#) [Datasets](#) [Terms](#) [Contact](#) [About](#) [Help](#)

[Variant Information](#) [Frequency](#) [Genomic context](#) [Transcripts](#) [Publications](#)

## Variant report

ID: **tgV47264307**

### Variant

**Chromosome** 12  
**Position** 112241766  
**Ref allele** G  
**Alt allele** A

### Variant type

**S** SNV

### ClinVar

**P** Pathogenic

### JGA-NGS

52 / 250

0.208

### JGA-SNP

**90026** / 365930

0.246

### 3.5KJPN

**1257** / 6584

0.191

### HGVD

**451** / 1890

0.239

### ExAC

**1878** / 88224

0.021

## Frequency

| Dataset  | Population             | Allele count |         | Alt allele freq | Genotype count |           |           | Filter status |
|----------|------------------------|--------------|---------|-----------------|----------------|-----------|-----------|---------------|
|          |                        | Alt          | Total   |                 | Alt / Alt      | Alt / Ref | Ref / Ref |               |
| JGA-NGS  | Japanese               | 52           | 250     | 0.208           |                |           |           | PASS          |
| JGA-SNP  | Japanese               | 90,026       | 365,930 | 0.246           | 11,778         | 66,470    | 104,717   | N/A           |
| 3.5 KJPN | Japanese               | 1,257        | 6,584   | 0.191           |                |           |           | PASS          |
| HGVD     | Japanese               | 451          | 1,890   | 0.239           |                |           |           | PASS          |
| ExAC     | Total                  | 1,878        | 88,224  | 0.021           |                |           |           | PASS          |
|          | African                | 1            | 7,614   | 1.313e-4        |                |           |           | -             |
|          | East Asian             | 1,860        | 6,992   | 0.266           |                |           |           | -             |
|          | European (Finnish)     | 0            | 4,554   | 0.0             |                |           |           | -             |
|          | European (Non-Finnish) | 3            | 48,388  | 6.200e-5        |                |           |           | -             |
|          | Latino                 | 8            | 7,302   | 0.001           |                |           |           | -             |
|          | Other                  | 3            | 668     | 0.004           |                |           |           | -             |
|          | South Asian            | 3            | 12,706  | 2.361e-4        |                |           |           | -             |

<https://togovar.biosciencedbc.jp>

# 公共DBの遺伝子発現を調べたい

サンプル、実験条件

|       | Sample1 | Sample2 | Sample3 | Sample4 | Sample5 | Sample6 | ... |
|-------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|-----|
| SOD1  |         |         |         |         |         |         |     |
| SOD2  |         |         |         |         |         |         |     |
| HIF1A |         |         |         |         |         |         |     |
| EPAS1 |         |         |         |         |         |         |     |
| ARF   |         |         |         |         |         |         |     |
| ...   |         |         |         |         |         |         |     |

遺伝子

1. リファレンスデータセット
2. 全てのデータセット

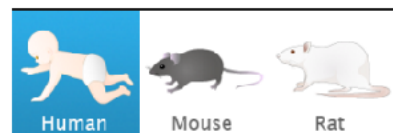
# 1. RefEx (Reference Expression dataset)

<http://refex.dbcls.jp/>

4つの異なる実験手法 (EST、GeneChip、CAGE、RNA-seq) によって得られた40種類の正常組織における遺伝子発現データを統合し並列に表現することで、手法間の比較とともに各遺伝子の発現量を直感的に比較することが可能なリファレンス(参照)データセット

TOGO  TV 「RefExの使い方」  
<http://doi.org/10.7875/togotv.2014.009>



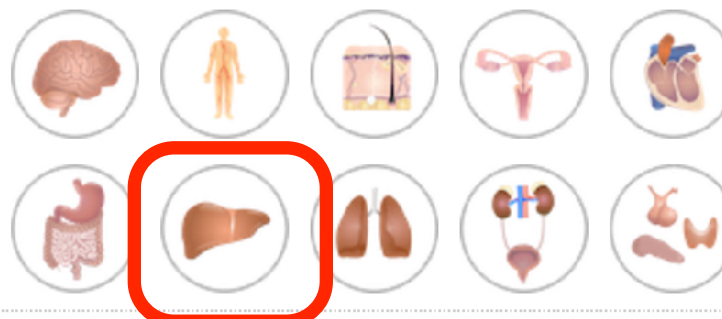


キーワードで検索

検索

ex) troponin, ALB

組織特異的に発現する  
遺伝子を見る



遺伝子オントロジー  
Gene Ontology

- cellular process
- biological regulation
- metabolic process

- multicellular organismal process
- response to stimulus
- developmental process

他のオントロジーを選ぶ

遺伝子ファミリー  
InterPro

- RNA recognition motif, RNP-1
- Pleckstrin homology
- Krüppel-associated box

- Protein kinase-like domain
- Zinc finger, C2H2-like
- GPCR, rhodopsin-like superfamily

他のファミリーを選ぶ

染色体

染色体領域を選ぶ



検 索



結果一覧 470 件中 1 - 10 件を表示

10

最初

<

>

最後

リストをクリア

リストを見る 0

ダウンロード

ソート: Tissue Specificity, high

## 検索条件

### 遺伝子名

条件なし

### 組織

- 肝臓

### オントロジー

条件なし

### ファミリー

条件なし

### その他のキー

条件なし

遺伝子名 ?

3Dマップ ?

相対発現量



## [mannose-binding lectin \(protein C\) 2, soluble \(opsonic defect\)](#)

リストに追加する

リストから削除する

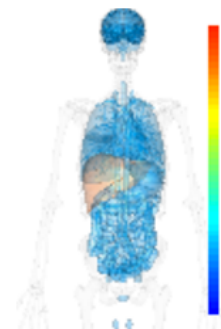
同義遺伝子名 Mannan-binding protein, MBL, MGC116833, MBL2, MBP-C, Mannose-binding protein C precursor, MGC116832, Mannose-binding lectin, COLEC1, HSMBPC, MBP1

Refseq ID NM\_000242

GeneID 4153

Unigene ID Hs.499674

Probe set ID 207256\_at

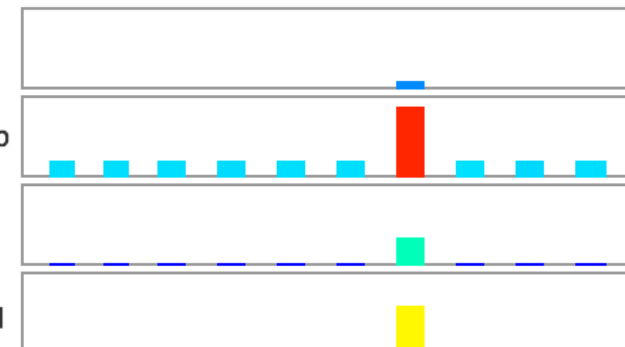


EST

GeneChip

CAGE

RNA-seq



## [fibrinogen alpha chain](#)

リストに追加する

リストから削除する



# fibrinogen alpha chain

詳細情報を見る

同義遺伝子名 MGC119423, FGA, fibrinogen alpha chain, Fibrinogen alpha chain precursor, Fib2, MGC119422, MGC119425

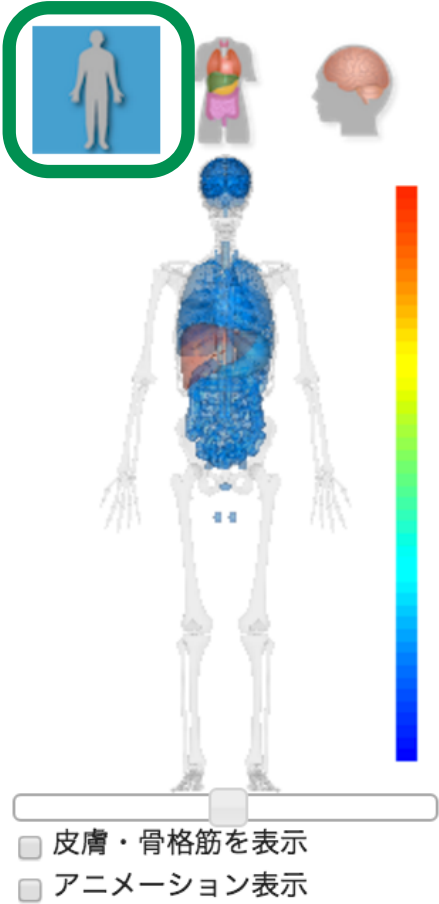
## 発現データ

正常組織・臓器 40分類

細胞株・初代培養細胞・成体組織・胎児組織 (FANTOM5 CAGE)

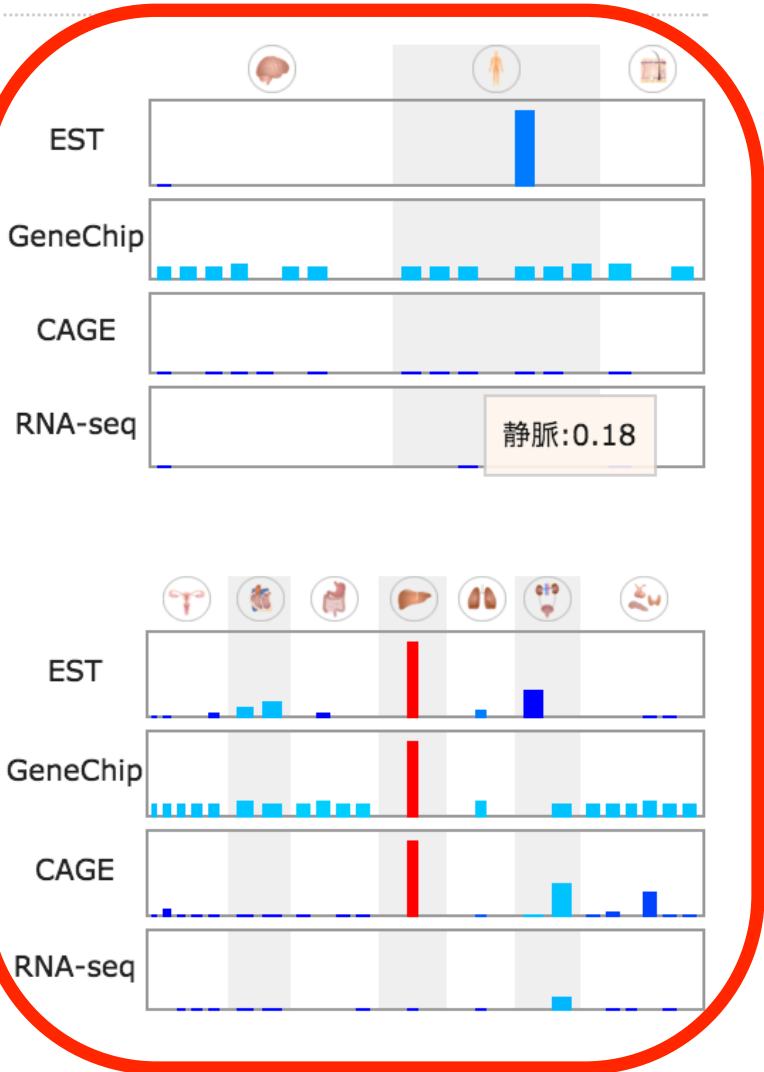
### 発現マップ on BodyParts3D?

相対発現量を、人体 3D 画像にマップしたものです。  
Genechip 組織40分類 の発現パターンを使用しています。



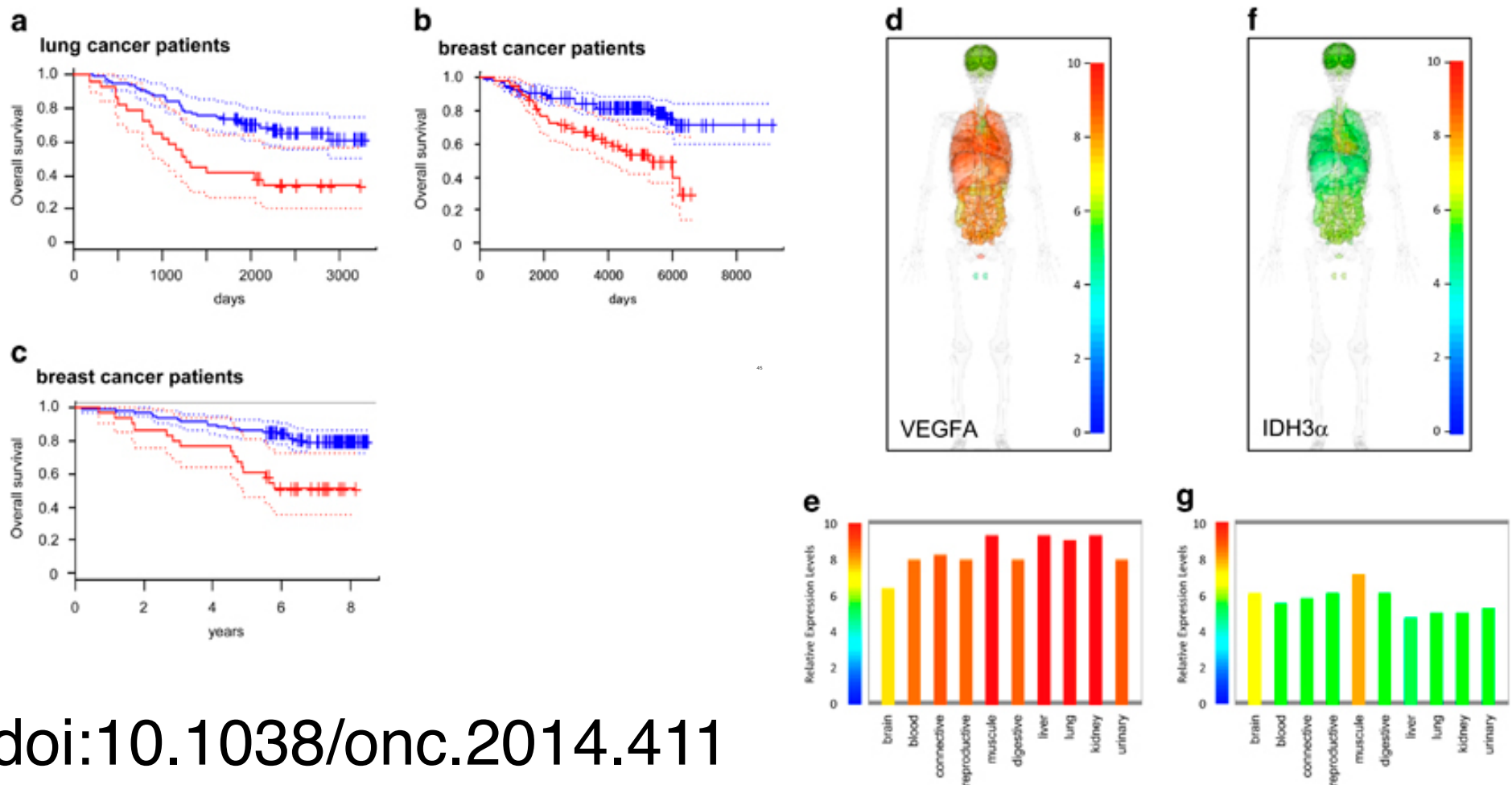
- ☐ 皮膚・骨格筋を表示
- ☐ アニメーション表示

### 組織40分類別データ? Download



# RefEx use case

L Zeng, A Morinibu, M Kobayashi, Y Zhu, X Wang, Y Goto, C J Yeom, T Zhao, K Hirota, K Shinomiya, S Itasaka, M Yoshimura, G Guo, E M Hammond, M Hiraoka and H Harada *Oncogene* **34**, 4758-4766 (2015)



doi:10.1038/onc.2014.411





# RefExデータ利用例：

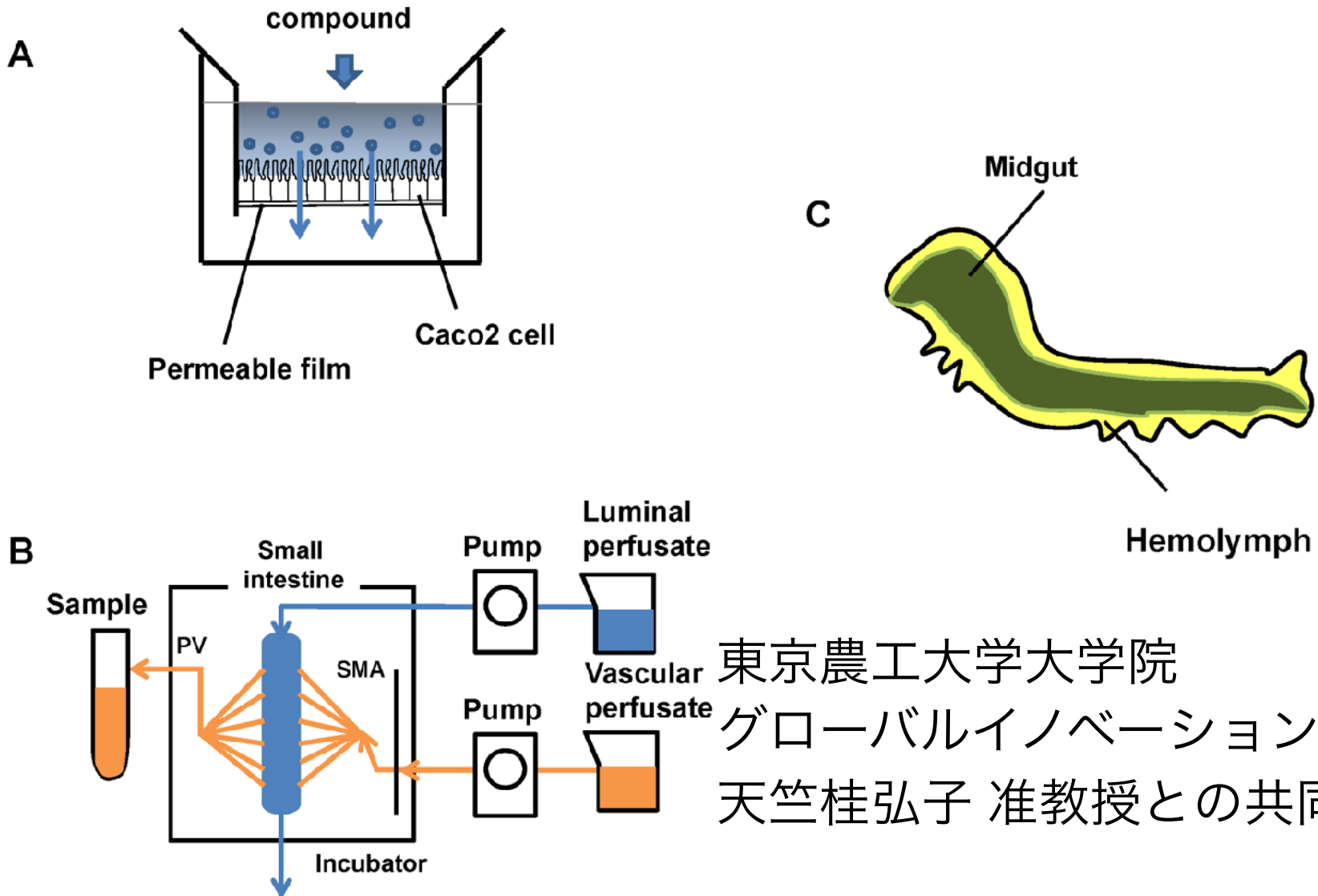
## カイコモデル系を用いてヒト薬物吸収性を評価

*Drug Discov Ther.* 2018;12(1):7-15. (DOI: 10.5582/ddt.2018.01004)

**Construction of a simple evaluation system for the intestinal absorption of an orally administered medicine using *Bombyx mori* larvae.**

Fig.1

Ichino F, Bono H, Nakazato T, Toyoda A, Fujiyama A, Iwabuchi K, Sato R, Tabunoki H



東京農工大学大学院  
グローバルイノベーション研究院  
天竺桂弘子 准教授との共同研究

# 非モデル生物には遺伝子機能アノテーションがない

ないものは作ればいい → Kaiko functional annotation pipeline

Tabunoki H et al. *PLoS One* 2013 8(7):e69130. DOI: 10.1371/journal.pone.0069130

```
tblastx -db Homo_sapiens.fa -query kaiko.fa  
-outfmt 6 -evalue 1e-10 -max_target_seqs 1
```

| <i>B.mori</i> | WT    | op50  | Sequence |
|---------------|-------|-------|----------|
| Ka00003       | 0.1   | 0.5   | CAAATAA. |
| Ka00005       | 0.2   | -1.2  | TAGCGA.  |
| Ka00006       | 0.3   | 1.0   | GGCTTC.  |
| .....         | ..... | ..... | .....    |

**Kaiko array**

**TBLASTX**

| <i>H.sapiens</i> | Sequence    | GOID  |
|------------------|-------------|-------|
| ENST00000373371  | ATTGGCTGC.  |       |
| ENST00000394878  | ATGCCCAGG.  |       |
| ENST00000277541  | GCGCGTGT... |       |
| .....            | .....       | ..... |



**e!Ensembl**

11,285 IDs in *B.mori* (5,854 *H.sapiens* transcript IDs)

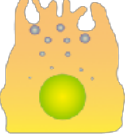
| <i>B.mori</i> | <i>H.sapiens</i> | E-value | Description                 |
|---------------|------------------|---------|-----------------------------|
| Ka00003       | ENST00000373371  | 5e-16   | solute carrier family 2     |
| Ka00005       | ENST00000394878  | 2e-21   | ribosomal protein, large P0 |
| Ka00006       | ENST00000277541  | 2e-12   | notch 1                     |
| .....         | .....            | .....   | .....                       |

**Conversion table**



# Comparative gene expression analysis of transporters in Caco-2 cells, human and *B.mori* intestine

## 公共遺伝子発現データセットを利用

- Caco-2細胞  ヒト小腸 

FANTOM5 human data in RefEx

Processed expression data of all samples for CAGE human PRJDB3010 (FANTOM5)

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.4028613.v4>

- カイコ中腸 

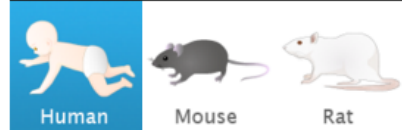
Original data

© 2017 DBCLS Togo Picture Gallery / CC-BY 4.0

 Licensed under CC-BY 4.0 ©2018 HIDEMASA BONO(DBCLS)

Table 1. Human transporter homologs expressed in the *B. mori* larval midgut

| Gene symbol     | Caco-2<br>(CAGE value) | Human<br>(CAGE value) | <i>B. mori</i><br>TPM value) |
|-----------------|------------------------|-----------------------|------------------------------|
| <i>ABCA3</i>    | 2.4                    | 2.2                   | 81.5                         |
| <i>ABCA5</i>    | 0.8                    | 4.2                   | 0                            |
| <i>ABCA13</i>   | 0                      | 0.2                   | 0                            |
| <i>ABCB1</i>    | 2.7                    | 5.3                   | 0                            |
| <i>ABCB4</i>    | 0                      | 0.8                   | 0                            |
| <i>ABCB5</i>    | 0                      | 0.5                   | 13.6                         |
| <i>ABCB6</i>    | 2.5                    | 1.8                   | 8.8                          |
| <i>ABCB7</i>    | 3.1                    | 3.2                   | 1.4                          |
| <i>ABCB8</i>    | 2.6                    | 2.8                   | 1.7                          |
| <i>ABCB10</i>   | 2.9                    | 3.2                   | 2.9                          |
| <i>ABCC1</i>    | 2.4                    | 2.2                   | 0.1                          |
| <i>ABCC3</i>    | 3.2                    | 4.6                   | 0.2                          |
| <i>ABCC4</i>    | 3.7                    | 2.5                   | 40.3                         |
| <i>ABCC8</i>    | 0                      | 0.8                   | 0.4                          |
| <i>ABCC10</i>   | 2.4                    | 2.6                   | 0.2                          |
| <i>ABCD3</i>    | 3.6                    | 3.6                   | 0.5                          |
| <i>ABCG1</i>    | 0                      | 3.7                   | 2.3                          |
| <i>ABCG2</i>    | 2.8                    | 5.2                   | 0                            |
| <i>ABCG4</i>    | 0                      | 0.2                   | 1.2                          |
| <i>ABCG5</i>    | 0                      | 4.5                   | 0.8                          |
| <i>ABCG8</i>    | 0                      | 4.7                   | 0.1                          |
| <i>SLC2A8</i>   | 4.2                    | 3.2                   | 2.4                          |
| <i>SLC15A1</i>  | 2.1                    | 5.9                   | 0.4                          |
| <i>SLC15A2</i>  | 0.5                    | 0.1                   | 17.4                         |
| <i>SLC22A1</i>  | 0                      | 0                     | 0.2                          |
| <i>SLC22A3</i>  | 0.2                    | 1.5                   | 6.2                          |
| <i>SLC22A4</i>  | 0.5                    | 2.7                   | 9.2                          |
| <i>SLC22A5</i>  | 2.2                    | 3.8                   | 1.3                          |
| <i>SLC22A6</i>  | 0                      | 0                     | 220.8                        |
| <i>SLC22A12</i> | 0                      | 0                     | 6.0                          |
| <i>SLC22A13</i> | 0                      | 0.1                   | 6.8                          |
| <i>SLC22A15</i> | 0.1                    | 0.8                   | 0                            |
| <i>SLC22A16</i> | 0                      | 0                     | 0.2                          |
| <i>SLCO3A1</i>  | 0                      | 1.7                   | 0.1                          |
| <i>SLCO4A1</i>  | 1.6                    | 2.1                   | 0                            |
| <i>SLCO5A1</i>  | 0                      | 0.2                   | 0.8                          |
| <i>SVOP</i>     | 0                      | 0.3                   | 0.2                          |



# fibrinogen alpha chain

詳細情報を見る

同義遺伝子名 MGC119423, FGA, fibrinogen alpha chain, Fibrinogen alpha chain precursor, Fib2, MGC119422, MGC119425

## 発現データ

正常組織・臓器 40分類

細胞株・初代培養細胞・成体組織・胎児組織 (FANTOM5 CAGE)

hepat

1/9

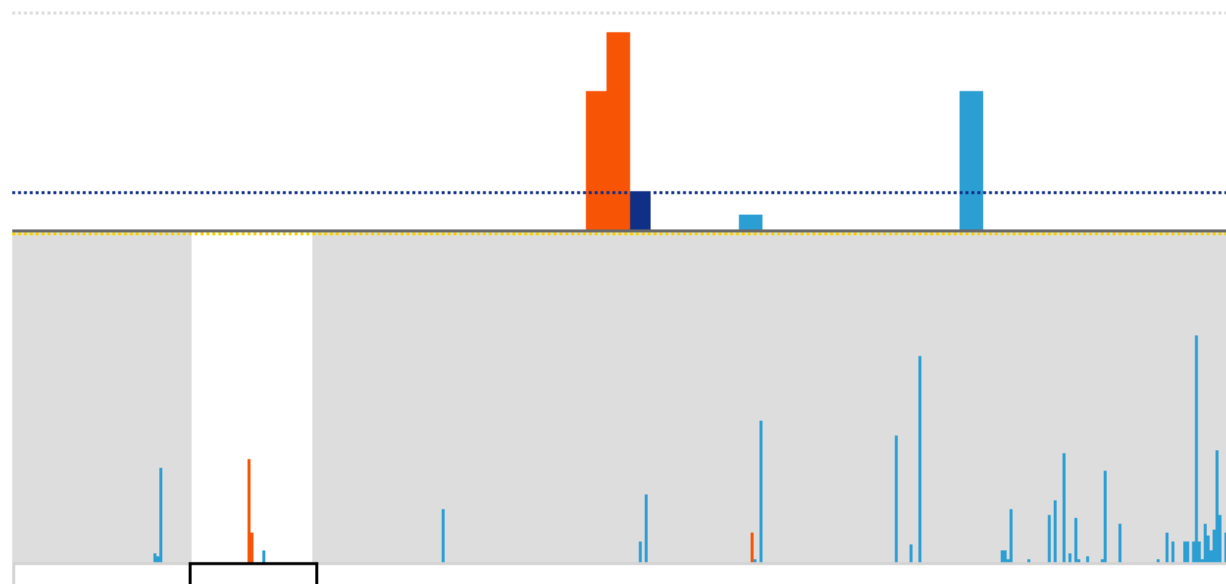


go

FANTOM5 CAGEのサンプル情報一覧はこちら

hepatoma cell line:Li-7

1.32:cell line



## 詳細情報

IDs?

遺伝子オントロジー (GO ID)?

Refseq ID: NM\_000508.4



# OCT4 in RefEx-FANTOM5



## POU class 5 homeobox 1

詳細情報を見る

**同義遺伝子名** Octamer-binding transcription factor 3, Oct-3, MGC22487, Oct4, OTF4, OTF3, POU domain, class 5, transcription factor 1, POU5F1, OCT3, OCT4, Oct-4

### 発現データ

正常組織・臓器 40分類

細胞株・初代培養細胞・成体組織・胎児組織 (FANTOM5 CAGE)

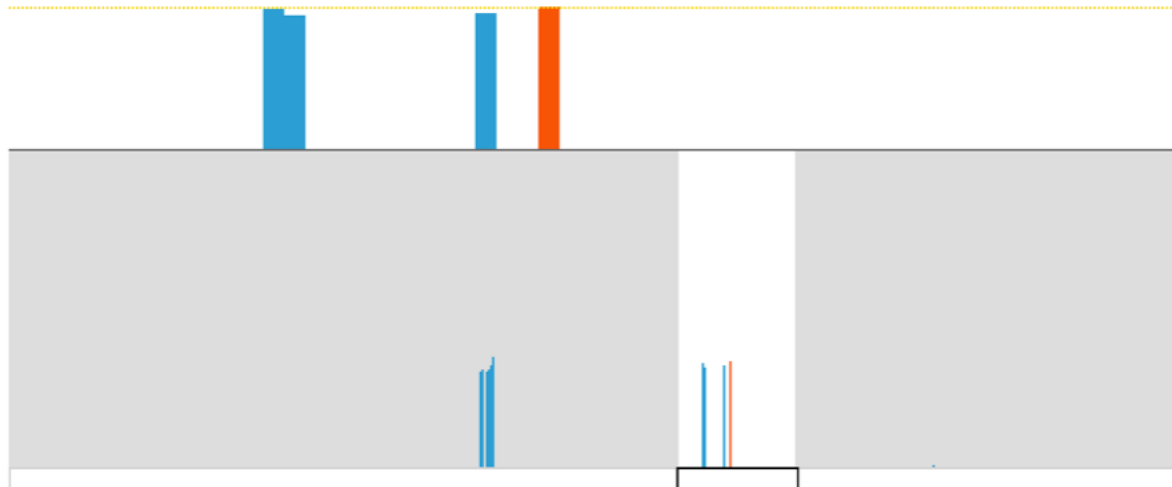
ips

1/1 ↑ ↓ go

[FANTOM5 CAGEのサンプル情報一覧はこちら](#)

mesenchymal precursor cell - bone marrow

0:primary cell



## 2. すべてのデータセット＝公共遺伝子発現DB

### NCBI Gene Expression Omnibus (GEO)

#### Browse Content

Repository Browser

DataSets: 4348

Series:  101765

Platforms: 18854

Samples: 2623981

### EBI ArrayExpress

#### Data Content

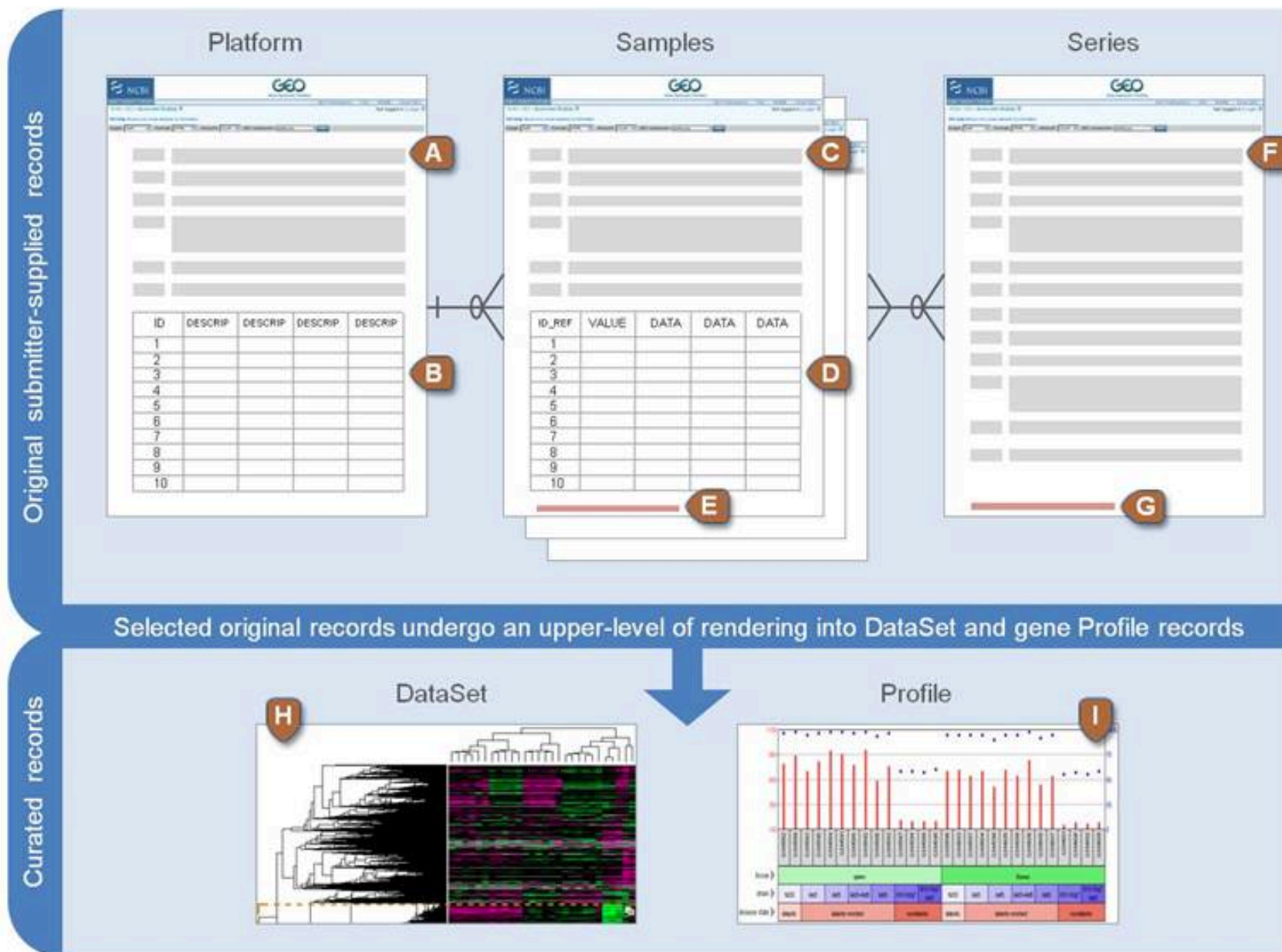
Updated today at 03:00

- 71255 experiments
- 2292202 assays
- 46.83 TB of archived data

As of 2018/08/28

# GEO (Gene Expression Omnibus)

NCBIが提供・維持管理している遺伝子発現情報のDB



# データベース統合目次: GEO

## 遺伝子発現バンク(GEO)目次 バージョン: 2011-05-21 [English page](#)

NCBI Gene Expression Omnibus (GEO) に登録されているデータを、測定技術と材料の属性に基づいて整理しました。

登録データリスト [国別登録データ分布](#) [登録データ推移](#) [登録データ全容](#) [ヘルプ](#)

英文検索

データ単位: [ [データセット](#) / [サンプル](#) / [プラットフォーム](#) ] 単位の説明>>

[RSS](#) [RSS](#)

各タブ内に表示される数値は、そのタブ分類に属するデータ数です。

|                |             |               |             |             |                |               |                  |              |             |              |                 |
|----------------|-------------|---------------|-------------|-------------|----------------|---------------|------------------|--------------|-------------|--------------|-----------------|
| ヒト<br>(11,004) | 霊長<br>(108) | 齧歯<br>(7,581) | 哺乳<br>(463) | 脊椎<br>(680) | 無脊椎<br>(2,412) | 植物<br>(4,454) | バクテリア<br>(2,042) | ウイルス<br>(42) | ファージ<br>(4) | 未分類<br>(113) | すべて<br>(28,928) |
|----------------|-------------|---------------|-------------|-------------|----------------|---------------|------------------|--------------|-------------|--------------|-----------------|

|                      |                  |                    |              |                      |                     |                    |                   |                   |                  |               |                |                   |             |                 |
|----------------------|------------------|--------------------|--------------|----------------------|---------------------|--------------------|-------------------|-------------------|------------------|---------------|----------------|-------------------|-------------|-----------------|
| SAGE NIAIII<br>(220) | SAGE RsaI<br>(1) | SAGE Sau3A<br>(16) | MPSS<br>(43) | GeneChip<br>(11,221) | タイリングアレイ<br>(2,561) | cDNAアレイ<br>(5,115) | オリゴアレイ<br>(6,989) | ビーズアレイ<br>(1,147) | タンパク質アレイ<br>(32) | 抗体アレイ<br>(22) | RT-PCR<br>(89) | HT-Seq<br>(1,414) | その他<br>(47) | すべて<br>(28,928) |
|----------------------|------------------|--------------------|--------------|----------------------|---------------------|--------------------|-------------------|-------------------|------------------|---------------|----------------|-------------------|-------------|-----------------|

1 | 2 | 3 | 4 | 5 | [\[562\]](#)

| タイトル                                                                                                  | プラットフォーム                                                                                            | 登録機関                 | 登録<br>日    | 生物種                                                                                                                         | データサイズ<br>(プローブ数×サ<br>ンプル数) | 測定サンプル |   |        |        |   |        |   |   |   |        |        |                            |                  |   |             |              |                   | NCBI<br>FTP<br>サイト |        |                  |                             |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------|------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|--------|---|--------|--------|---|--------|---|---|---|--------|--------|----------------------------|------------------|---|-------------|--------------|-------------------|--------------------|--------|------------------|-----------------------------|
|                                                                                                       |                                                                                                     |                      |            |                                                                                                                             |                             | 動物     |   |        |        |   |        |   |   |   |        | 植物     |                            |                  |   |             |              |                   |                    |        |                  |                             |
|                                                                                                       |                                                                                                     |                      |            |                                                                                                                             |                             | 脳      | 血 | 結<br>合 | 生<br>殖 | 筋 | 消<br>化 | 肝 | 肺 | 腎 | 分<br>泌 | 胎<br>児 | 若<br>い<br>地<br>上<br>構<br>造 | 地<br>上<br>構<br>造 | 根 | 成<br>長<br>点 | 花・<br>生<br>殖 | 種<br>子・<br>果<br>実 |                    | 混<br>合 | 分<br>類<br>不<br>能 |                             |
| 1 Neurofibromin (Nf1) is required for skeletal muscle development (GSE29343)                          | [GeneChip] [MoGene-1_0-st] Affymetrix Mouse Gene 1.0 ST Array [transcript (gene) version] (GPL6246) | Max Planck Institute | 2011-05-17 | ハツカネズミ<br>(Mus musculus)<br>            | 284,456<br>(35,557×8)       |        |   |        |        |   |        |   |   |   |        |        |                            |                  |   |             |              |                   |                    |        |                  | by_platform<br>by_series    |
| 2 Gene expression profiling in BCR/ABL expressing LSCs and BCR/ABL expressing Alox5-/-LSCs (GSE29347) | [GeneChip] [MoGene-1_0-st] Affymetrix Mouse Gene 1.0 ST Array [transcript (gene) version] (GPL6246) | Worcester            | 2011-05-17 | ハツカネズミ<br>(Mus musculus)<br>           | 213,342<br>(35,557×6)       |        |   |        |        |   |        |   |   |   |        |        |                            |                  |   |             |              |                   |                    |        |                  | 6 by_platform<br>by_series  |
| 3 Gene expression profiling in WT and Alox15-/- HSCs (GSE29348)                                       | [GeneChip] [Mouse430_2] Affymetrix Mouse Genome 430 2.0 Array (GPL1261)                             | Worcester            | 2011-05-17 | ハツカネズミ<br>(Mus musculus)<br>           | 180,404<br>(45,101×4)       |        |   |        |        |   |        |   |   |   |        |        |                            |                  |   |             |              |                   |                    |        |                  | 4 by_platform<br>by_series  |
| 4 Expression data from colon fibroblasts treated with Sonic hedgehog homolog (SHH) (GSE29316)         | [GeneChip] [HG-U133_Plus_2] Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array (GPL570)                    | Genentech            | 2011-05-16 | ヒト(Homo sapiens)<br>                   | 328,050<br>(54,675×6)       |        |   |        |        |   |        |   |   |   |        |        |                            |                  |   |             |              |                   |                    |        |                  | by_platform<br>by_series    |
| 5 Expression data from diclofenac-treated yeast cells (GSE29331)                                      | [GeneChip] [Yeast_2] Affymetrix Yeast Genome 2.0 Array (GPL2529)                                    | Vrije Universiteit   | 2011-05-16 | 出芽酵母<br>(Saccharomyces cerevisiae)<br> | 109,280<br>(10,928×10)      |        |   |        |        |   |        |   |   |   |        |        |                            |                  |   |             |              |                   |                    |        |                  | 10 by_platform<br>by_series |



## EBIが提供・維持管理している遺伝子発現情報のDB

- NCBI GEOのデータも**取り込んでいた**  
→ こちらをみれば両方が**検索できた**
- が、2017年10月にそれを止めるとアナウンス
- インターフェースが使いやすい

The screenshot shows the ArrayExpress website interface. At the top, there's a navigation bar with 'EMBL-EBI' and a logo, and links for 'Services', 'Research', 'Training', and 'About us'. Below this is the 'ArrayExpress' logo and a navigation bar with 'Home', 'Browse', 'Submit', 'Help', and 'About ArrayExpress'. The main heading is 'ArrayExpress – functional genomics'. Below it, a paragraph states: 'ArrayExpress Archive of Functional Genomics Data stores data from high-throughput experiments, and provides these data for reuse to the research community.' A link 'Browse ArrayExpress' is provided. On the right, a search box contains the text 'cancer', and a dropdown menu shows a list of search results including 'cancer', 'carcinoma', 'central nervous system cancer', 'childhood cancer', 'colorectal cancer', 'eccrine sweat gland cancer', 'gum cancer', 'lymphoid neoplasm', 'mesenchymoma', 'mesothelioma', 'oral cavity cancer', 'pharynx cancer', 'sarcoma', and 'tumour of cranial and spinal nerves'. The 'cancer' option is highlighted. To the right of the search box is a 'Search' button and a link to 'Advanced'. Further right, there are links for 'Feedback' and 'Login'.

# ArrayExpress: 関連語もハイライト

## Search results for cancer

Page [1](#) [2](#) [3](#) [4](#) [5](#) [6](#) .. [657](#)

Showing [1 - 25](#) of [16403](#) experiments

Page size [25](#) [50](#) [100](#) [250](#) [500](#)

| Accession                   | Title                                                                                                                                      | Type                             | Organism     | Assays | Released▼  | Processed                | Raw                      | Views | Atlas                 |
|-----------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|--------------|--------|------------|--------------------------|--------------------------|-------|-----------------------|
| <a href="#">E-MTAB-6488</a> | Gene expression profiling of 48 primary <b>medulloblastoma</b> samples                                                                     | transcription profiling by array | Homo sapiens | 48     | Yesterday  | -                        | <a href="#">Download</a> | -     | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6371</a> | Genotyping by array of 123 IDH WT <b>glioblastomas</b>                                                                                     | genotyping by array              | Homo sapiens | 123    | Yesterday  | -                        | <a href="#">Download</a> | -     | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-3178</a> | Transcriptional profiling of 5T33MM cells treated in vivo with quisinostat, decitabine or the combination                                  | transcription profiling by array | Mus musculus | 16     | 26/02/2018 | <a href="#">Download</a> | <a href="#">Download</a> | 260   | <a href="#">Atlas</a> |
| <a href="#">E-MTAB-5761</a> | Gene expression profiling of peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) 8 hours after exposure to 1 Gy of carbon or iron ions              | transcription profiling by array | Homo sapiens | 16     | 21/02/2018 | -                        | <a href="#">Download</a> | 23    | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6265</a> | Transcription profiling by RNA-seq of murine colon tumours after in situ depletion of Nuak1                                                | RNA-seq of coding RNA            | Mus musculus | 12     | 19/02/2018 | -                        | <a href="#">Download</a> | 28    | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6264</a> | Comparison of the transcriptomic impact of NRF2 depletion with that of NUA1 depletion in SW480 <b>colorectal cancer</b> cells              | RNA-seq of coding RNA            | Homo sapiens | 12     | 19/02/2018 | -                        | <a href="#">Download</a> | 24    | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6401</a> | Microarray transcriptome profiling of peripheral T-cell <b>lymphomas</b> in two groups differentiated by Twist and Slug protein expression | transcription profiling by array | Homo sapiens | 12     | 11/02/2018 | <a href="#">Download</a> | <a href="#">Download</a> | 96    | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6470</a> | MicroRNA profiling by array of oral <b>squamous cell cancer</b> (OSCC) surgical margins defined by narrow band imaging                     | microRNA profiling by array      | Homo sapiens | 44     | 09/02/2018 | <a href="#">Download</a> | <a href="#">Download</a> | 39    | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6382</a> | RNA-seq as a global measure of the similarity between human pluripotent stem cell and fetal liver derived B cell hierarchies               | RNA-seq of coding RNA            | Homo sapiens | 47     | 08/02/2018 | <a href="#">Download</a> | <a href="#">Download</a> | 56    | -                     |
| <a href="#">E-MTAB-6296</a> | microRNAs as predictive biomarkers of response to sunitinib or pazopanib in patients with metastatic <b>renal cell carcinoma</b>           | microRNA profiling by array      | Homo sapiens | 60     | 08/02/2018 | -                        | <a href="#">Download</a> | 64    | -                     |

# ArrayExpress: 'oral cancer'で検索、view でsort



ArrayExpress

colon cancer

Examples: E-MEXP-31, cancer, p53, Geuvadis

 advanced search

[Home](#) | [Browse](#) | [Submit](#) | [Help](#) | [About ArrayExpress](#)

[Contact Us](#) | [Login](#)

 Filter search results

 Show more data from EMBL-EBI

## Search results for colon cancer

Page **1** [2](#) [3](#) [4](#) [5](#) [6](#) .. [38](#)

Showing **1 - 25** of **950** experiments

Page size **25** [50](#) [100](#) [250](#) [500](#)

| Accession                   | Title                                                                                                                       | Type                             | Organism                   | Assays | Released   | Processed                                                                             | Raw                                                                                   | Views  | Atlas                                                                                 |
|-----------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|----------------------------|--------|------------|---------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|
| <a href="#">E-MTAB-513</a>  | RNA-Seq of human individual tissues and mixture of 16 tissues (Illumina Body Map)                                           | RNA-seq of coding RNA            | Homo sapiens               | 48     | 05/05/2011 | -                                                                                     |    | 66751                                                                                     |    |
| <a href="#">E-MTAB-62</a>   | Human gene expression atlas of 5372 samples representing 369 different cell and tissue types, disease states and cell lines | transcription profiling by array | Homo sapiens, Mus musculus | 5372   | 04/08/2010 |    |    | 45664                                                                                     | -                                                                                     |
| <a href="#">E-MTAB-3732</a> | A comprehensive human expression map                                                                                        | transcription profiling by array | Homo sapiens               | 27871  | 23/07/2015 |  | -                                                                                     | 19758                                                                                     | -                                                                                     |
| <a href="#">E-MTAB-2706</a> | RNA-seq of 675 commonly used human cancer cell lines                                                                        | RNA-seq of coding RNA            | Homo sapiens               | 675    | 25/11/2014 | -                                                                                     |  | 18968                                                                                     |  |
| <a href="#">E-MTAB-2836</a> | RNA-seq of coding RNA from tissue samples of 122 human individuals representing 32 different tissues                        | RNA-seq of coding RNA            | Homo sapiens               | 198    | 14/01/2015 | -                                                                                     |  | 17622                                                                                     |  |
| <a href="#">E-MTAB-38</a>   | Genotyping of human cancer cell lines                                                                                       | genotyping by array              | Homo sapiens               | 676    | 17/11/2008 | -                                                                                     |  | 14641                                                                                     | -                                                                                     |
| <a href="#">E-MTAB-37</a>   | Transcriptomics for Cancer Cell Line Project                                                                                | transcription profiling by array | Homo sapiens               | 950    | 01/07/2008 |  |  | 12338                                                                                     | -                                                                                     |

# ArrayExpress: 詳細画面(E-MTAB-3732)

ARRAYEXPRESS / SEARCH RESULTS FOR "COLON CANCER" / E-MTAB-3732

## E-MTAB-3732 - A comprehensive human expression map

|                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |           |                         |
|------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|-------------------------|
| Status           | Submitted on 23 May 2015, released on 23 July 2015, last updated on 1 April 2016                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |           |                         |
| Organism         | Homo sapiens                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |           |                         |
| Samples (27887)  | <a href="#">Click for detailed sample information and links to data</a><br>— found inside: (pool of 16 <a href="#">cancer</a> cell lines), <a href="#">acute monocytic leukaemia</a> cell line, <a href="#">adrenocortical carcinoma</a> cell line, <a href="#">adult T-cell leukaemia</a> cell line, <a href="#">alveolar cell carcinoma</a> cell line, <a href="#">AML</a> cell line, <a href="#">B-cell lymphoma</a> cell line, <a href="#">bone sarcoma</a> cell line, <a href="#">brain cancer</a> cell line, <a href="#">breast cancer</a> cell line, <a href="#">breast tumor</a> cell, <a href="#">breast tumor</a> cell line, <a href="#">bronchioalveolar carcinoma</a> cell line, <a href="#">Burkitt lymphoma</a> cell line, <a href="#">cancer</a> cell lines, cell line derived from primary <a href="#">cancer</a> associated fibroblasts, cell line derived from primary <a href="#">pancreatic ductal adenocarcinoma</a> , <a href="#">cervical carcinoma</a> cell line, <a href="#">chondrosarcoma</a> cell line, <a href="#">chronic lymphocytic leukemia</a> cell, ... |           |                         |
| Protocols (1)    | <a href="#">Click for detailed protocol information</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |           |                         |
| Description      | A compiled human gene expression, ontology-annotated dataset from publicly available data including 27887 Affymetrix HG-U133Plus2 arrays, filtered for quality control. The dataset contains samples from healthy individuals, from individuals with disease (including <a href="#">cancer</a> ) and cell lines.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |           |                         |
| Experiment types | transcription profiling by array, array specific design, cell type comparison design, disease state design, organism part comparison design                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |           |                         |
| Contact          | <a href="#">✉ Aurora Torrente &lt;aurora@ebi.ac.uk&gt;</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |           |                         |
| Citation         | <a href="#">Identification of <a href="#">Cancer</a> Related Genes Using a Comprehensive Map of Human Gene Expression</a> . Aurora Torrente, Margus Lukk, Vincent Xue, Helen Parkinson, Johan Rung, Alvis Brazma. <i>PLOS ONE</i> 11(6):e0157484 (2016)                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |           |                         |
| MIAME            | — * * * *                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |           |                         |
|                  | Platforms                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  | Protocols | Variables Processed Raw |
| Files            | Investigation description <a href="#">↓ E-MTAB-3732.idf.txt</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |           |                         |
|                  | Sample and data relationship <a href="#">↓ E-MTAB-3732.sdrf.txt</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |           |                         |
|                  | Processed data (1) <a href="#">↓ E-MTAB-3732.processed.1.zip</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |           |                         |
|                  | Additional data (1) <a href="#">↓ E-MTAB-3732.additional.1.zip</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |           |                         |
|                  | <a href="#">📁 Click to browse all available files</a>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |           |                         |



# Genomic Expression Archive (GEA)

<https://www.ddbj.nig.ac.jp/gea/>

## Genomic Expression Archive

DDBJ Center Web Sites

Google カスタム検索



[Home](#)

[Submission Overview](#)

[FAQ](#)

[Search \(AOE\)](#)

[Downloads](#)

[About GEA](#)

Genomic Expression Archive (GEA) は遺伝子発現、エピジェネティクスやジェノタイピング SNP アレイ等の機能ゲノムスデータののための公的データベースです。

マイクロアレイとシーケンスによるデータをそれぞれ [MIAME](#) と [MINSEQE](#) ガイドラインに従い [MAGE-TAB](#) 形式で受け付けています。GEA は Experiment に対して E-GEAD-n、アレイデザインに対して A-GEAD-n 形式の [アクセッション番号](#)を発行しています。

GEA から公開されたデータは [EBI ArrayExpress](#) にミラーリングされる予定です。

### Search

[getentry](#)

[ARSA](#)

[DRA Search](#)

[TXSearch](#)

[BLAST](#)

### Analysis

[Vector Screening System](#)

[ClustalW](#)

[WABI \(Web API for Biology\)](#)

[Read Annotation Pipeline](#)

[DDBJ FTP Site](#)

### Databases

[Annotated/Assembled Sequences \(DDBJ\)](#)

[Sequence Read Archive \(DRA\)](#)

[Genomic Expression Archive \(GEA\)](#)

[BioProject](#)

[BioSample](#)

[Japanese Genotype-phenotype Archive \(JGA\)](#)

[Submission portal D-way](#)

### NIG SuperComputer

[NIG SuperComputer](#)

### DDBJ Information

[講習会](#)

[DDBJ RSS](#)

[DDBJ on Twitter](#)

[DDBJ on facebook](#)

[DDBJ on Youtube](#)

[DDBJ on SlideShare](#)

### Partners



# AOE: index of ArrayExpress + GEO + GEA

hypoxia

.g. hypoxia

検索

English

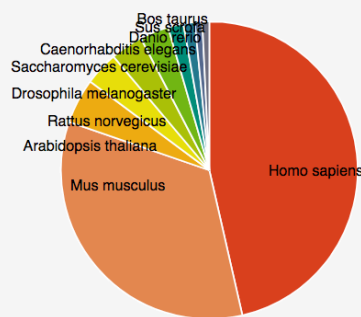
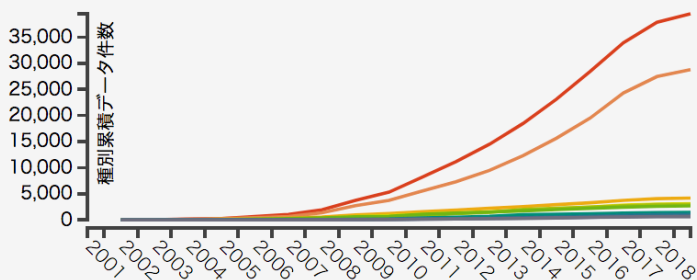
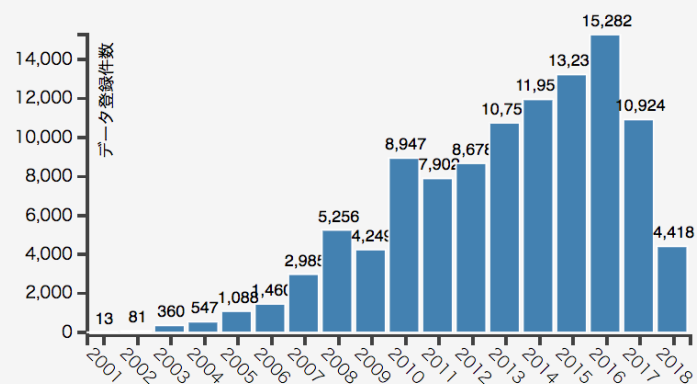
登録データランキング

データリスト

使い方

生物種別登録データランキング

選択した項目でリストを表示



|    |                          |        |                                                                                       |
|----|--------------------------|--------|---------------------------------------------------------------------------------------|
| 1  | Homo sapiens             | 39,474 |    |
| 2  | Mus musculus             | 28,773 |    |
| 3  | Arabidopsis thaliana     | 4,171  |    |
| 4  | Rattus norvegicus        | 3,117  |    |
| 5  | Drosophila melanogaster  | 3,010  |    |
| 6  | Saccharomyces cerevisiae | 2,677  |    |
| 7  | Caenorhabditis elegans   | 1,429  |   |
| 8  | Danio rerio              | 1,054  |  |
| 9  | Sus scrofa               | 685    |  |
| 10 | Bos taurus               | 645    |  |

show more

Togo picture gallery by DBCLS is licensed under a [Creative Commons Attribution 2.1 Japan license \(cc\)](#)

# Search with keyword 'hypoxia'

hypoxia

検索

English

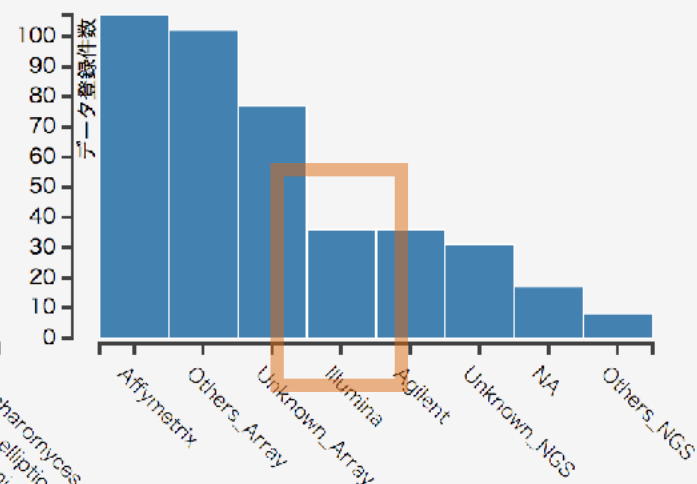
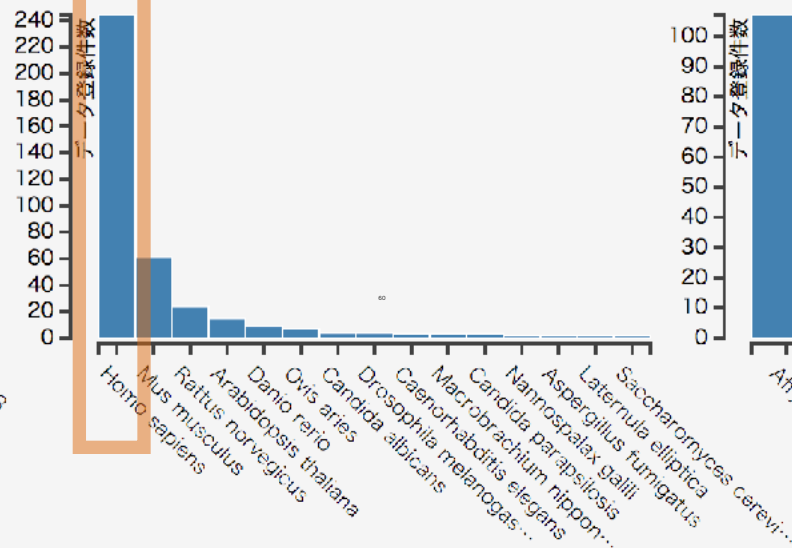
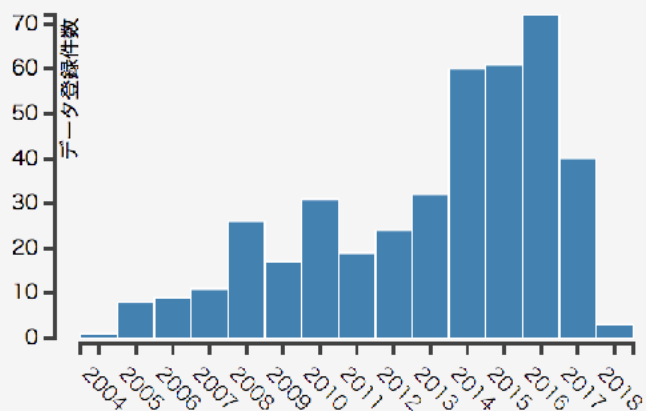
登録データランキング

データリスト

使い方

 hypoxia の検索結果 (414件)

選択した項目でリストを表示



# Filter 'Homo sapiens' + Illumina

hypoxia

検索

English

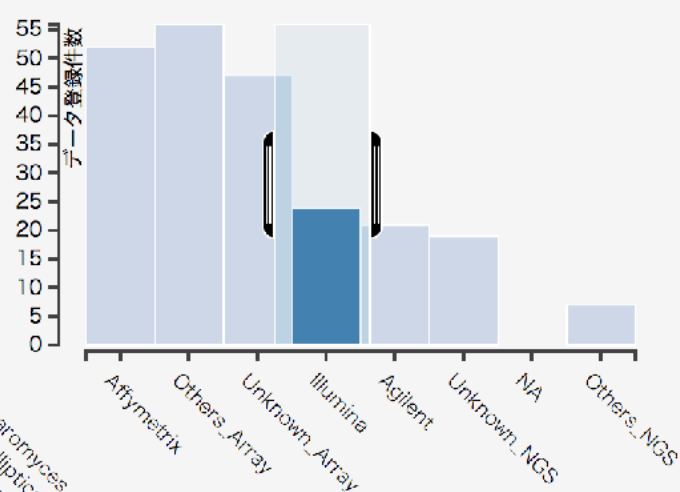
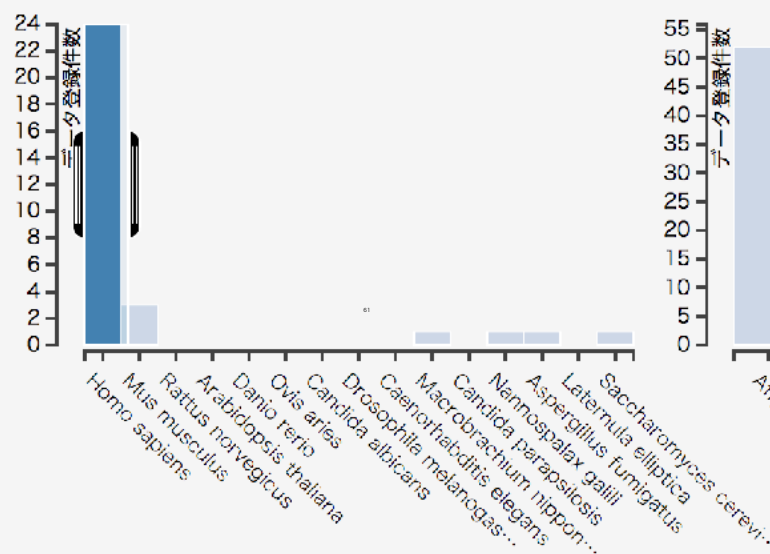
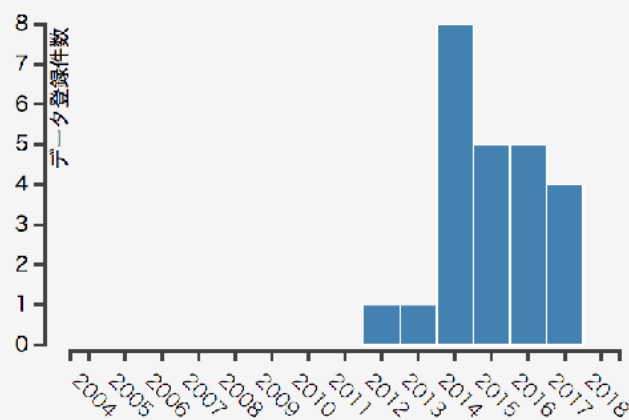
登録データランキング

データリスト

使い方

 hypoxia の検索結果 (414件)

選択した項目でリストを表示





# List filtered entries (‘hypoxia’ + human +Illumina)

| ArrayExpress | Project     | GEO       | Description                                                   | Organism     | Array Group | Technology        | Instrument         | Last update |
|--------------|-------------|-----------|---------------------------------------------------------------|--------------|-------------|-------------------|--------------------|-------------|
| NA           | PRJNA421706 | GSE107848 | Systematic Analysis of Transcriptomic Profile of Renal C...   | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | NextSeq 500        | 2017-12-08  |
| NA           | PRJNA412005 | GSE104193 | Hypoxia-mediated translational activation of ITGB3 in br...   | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2017-09-25  |
| NA           | PRJNA407731 | GSE103940 | Integration of metabolomics and transcriptomic expressi...    | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2017-09-18  |
| NA           | PRJNA363011 | GSE93988  | Gene expression in PANC-1 and AsPC-1 human pancre...          | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2017-01-24  |
| E-MTAB-4264  | NA          | NA        | Tuning the transcriptional response to hypoxia through ...    | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2016-10-25  |
| E-GEOD-76743 | PRJNA9558   | GSE76743  | Implication of Long noncoding RNAs in the endothelial c...    | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2016-08-25  |
| E-GEOD-81513 | PRJNA9558   | GSE81513  | Splicing towards noncoding isoforms in colorectal carcin...   | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2016-07-28  |
| NA           | PRJNA326167 | GSE83501  | Human Single Cells - Local lung hypoxia determines epit...    | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2016-06-19  |
| E-GEOD-81579 | PRJNA9558   | GSE81579  | Transcriptome analysis of human cumulus cells reveals ...     | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2016-05-19  |
| NA           | PRJNA297441 | GSE73625  | Expression profiles of microRNAs in Glioma-Initiating Ce...   | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2015-09-30  |
| NA           | PRJNA291093 | GSE71401  | Tumor hypoxia causes DNA hypermethylation by reduci...        | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2015-07-27  |
| E-GEOD-67237 | PRJNA279384 | GSE67237  | Heterogeneous effects of massive hypoxia pathway acti...      | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2015-07-10  |
| E-GEOD-70330 | PRJNA288326 | GSE70330  | ncRNA (non-coding RNA) signature in endothelial cells ...     | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2015-07-01  |
| NA           | PRJNA285956 | GSE69599  | Transcriptome analysis of PC9 cells with gefitinib or/and ... | Homo sapiens | NA          | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2015-06-05  |
| E-GEOD-60156 | PRJNA9558   | GSE60156  | The oncogenic microRNA hsa-mir-155-5p targets the tra...      | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2014-12-04  |
| E-MTAB-2580  | NA          | NA        | Effect of hypoxia on the Represser Element-1 Silencing ...    | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2014-11-24  |
| E-GEOD-61740 | PRJNA262005 | GSE61740  | H3K27me3 ChIP-seq profiling in MCF7 cell lines under h...     | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina Geno...   | 2014-09-26  |
| E-GEOD-59987 | PRJNA257214 | GSE59987  | TET1 regulates hypoxia-induced epithelial-mesenchyma...       | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2014-08-01  |
| E-GEOD-59989 | PRJNA257214 | GSE59989  | TET1 regulates hypoxia-induced epithelial-mesenchyma...       | Homo sapiens | Others      | sequencing ass... | Illumina HiSeq ... | 2014-08-01  |

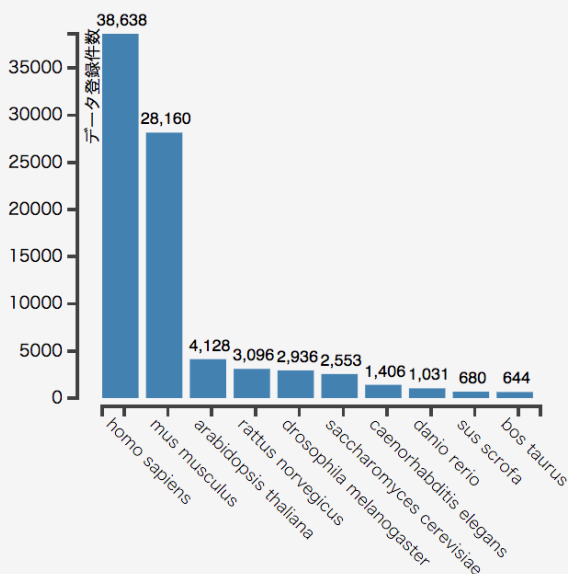
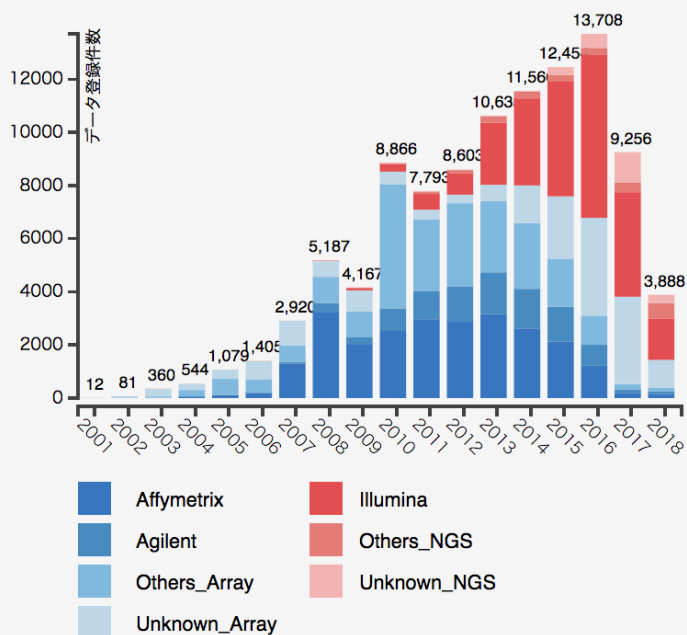


# AOE

## 手法別登録データランキング

手法別登録データランキング

選択した項目でリストを表示



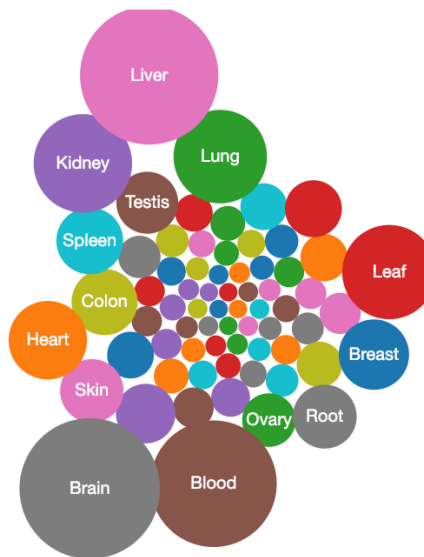
|   |               |        |
|---|---------------|--------|
| 1 | Affymetrix    | 24,840 |
| 2 | Illumina      | 23,351 |
| 3 | Others_Array  | 22,881 |
| 4 | Unknown_Array | 17,532 |
| 5 | Agilent       | 9,232  |
| 6 | Unknown_NGS   | 2,482  |
| 7 | Others_NGS    | 2,206  |

[Home](#)[Browse](#)[Submit Data](#)[API](#)[Database](#)[Help](#)[Login](#)[Advanced](#)[Search](#)

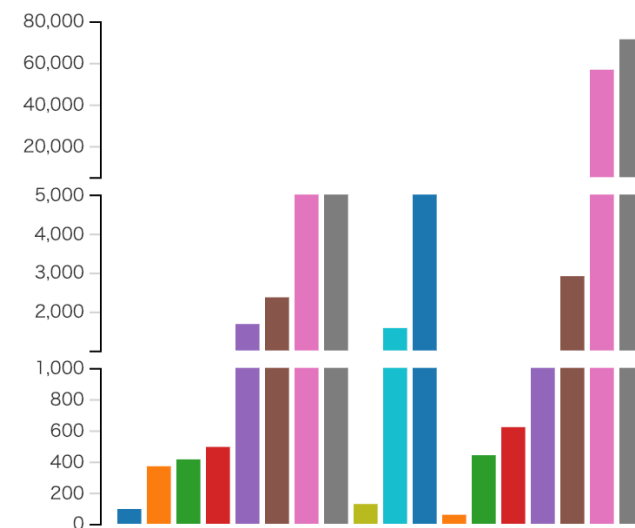
Examples: [Cancer](#), [Homo sapiens](#), [Orbitrap](#), [Q9HAU5](#), [Phospho](#), [Hela](#), [PXD001416](#)



Description ☒ Sample ☐ Data ☐



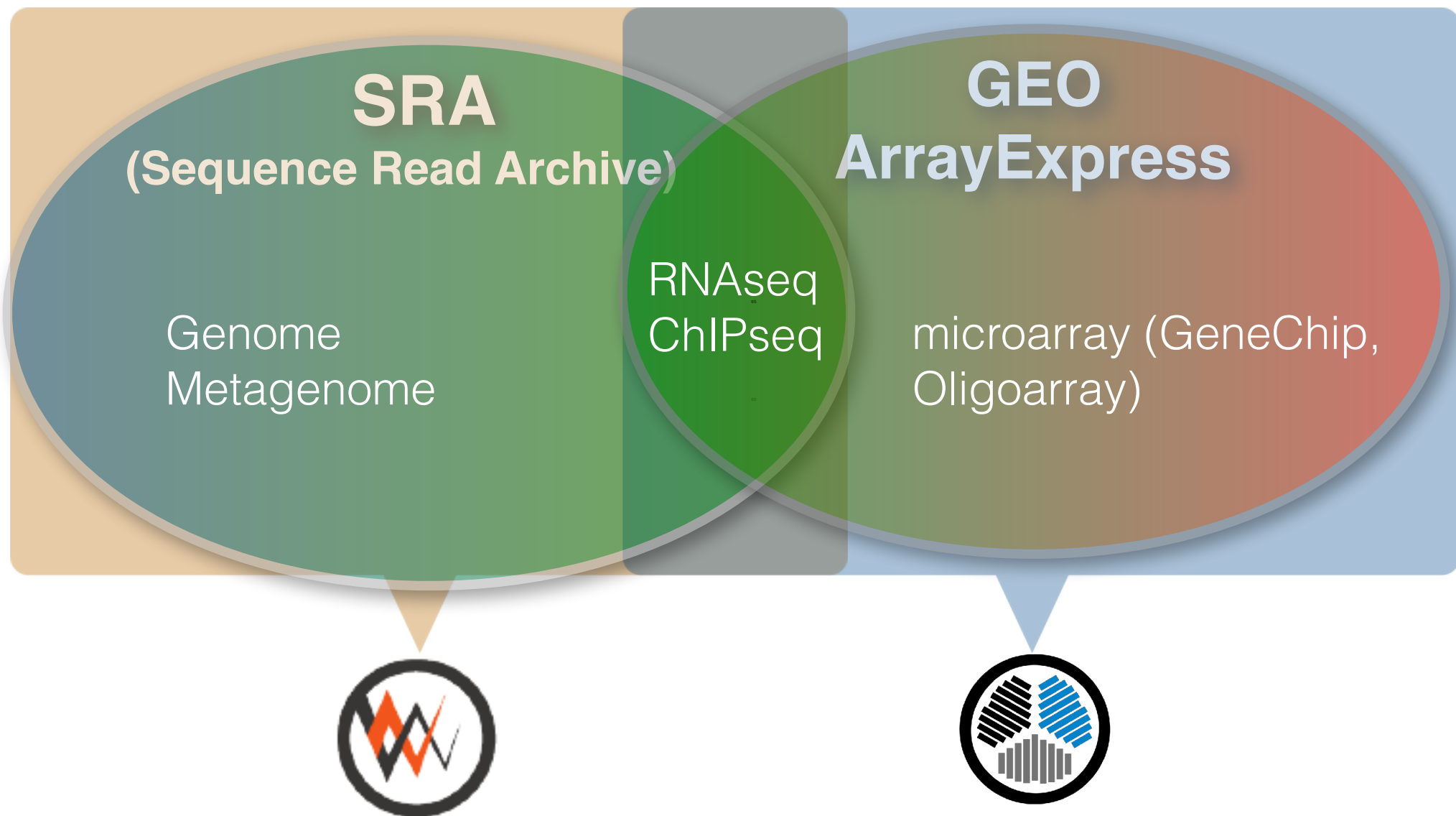
Tissues ☒ Organisms ☐ Diseases ☐



Resources ☒ Omics ☐

[Latest Datasets](#)[Most Accessed Datasets](#)[11,000](#)[2,400](#)

# SRAとGEO,ArrayExpressの関係

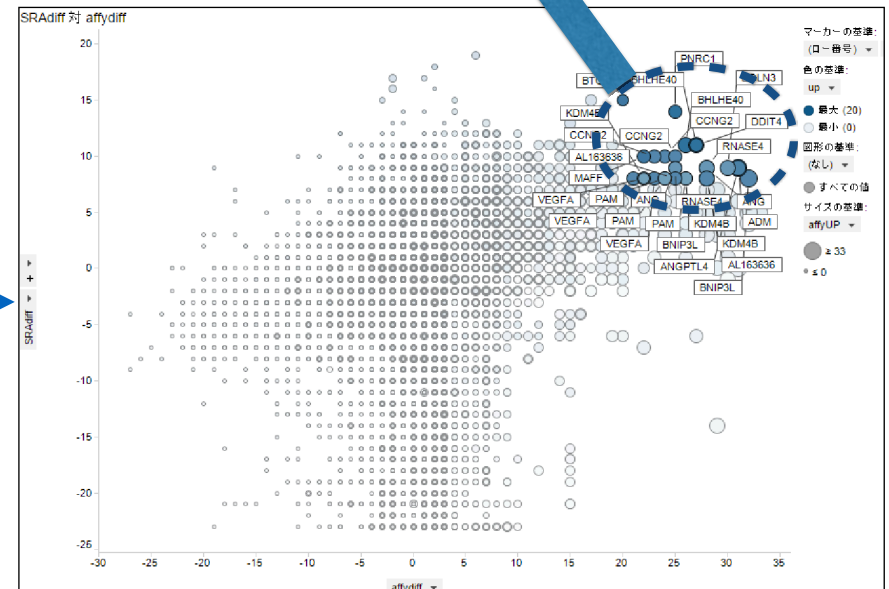




# 低酸素(hypoxia)



The diagram illustrates the workflow from data generation to public access. On the left is a GeneChip (Affymetrix) with technical specifications: 256,768 probes, 128,384 genes, 128,384 transcripts, and 128,384 proteins. In the center is a large cylinder labeled 'public DB', representing a public database. On the right is a computer monitor displaying a genome browser interface with a 'P1000' label and a blue bar chart, representing the data being analyzed or visualized.



# 1. Data collection & curation (GeneChip)

- Searched by 'hypoxia' or 'hypoxic' in NCBI Gene Expression Omnibus (GEO)
  - Limit array type for 'normalization'
    - Human: Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GPL570>
    - Mouse: Affymetrix Mouse Genome 430 2.0 Array  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GPL1261>
- Pair 'hypoxia vs normoxia' experiment by manual curation

|       | curated hypoxia-normoxia pairs      |
|-------|-------------------------------------|
| human | <b>37</b> pairs from 11 data series |
| mouse | <b>53</b> pairs from 8 data series  |



# Data collection & curation (RNA-seq)

- Manually collecting RNA-seq data using public DB
- 23 pairs in 7 series from human

Hypoxia vs normoxia dataset in human (NGS) ★

ファイル 編集 表示 挿入 表示形式 データ ツール アドオン ヘルプ 変更内容をすべてドライブに保存しました

コメント 共有

100% 123 Arial 10 B I U A

|    | B           | C            | D                | E         | F            | G                                        | H             | I             | J                | K                 | L          | M                 | N   |
|----|-------------|--------------|------------------|-----------|--------------|------------------------------------------|---------------|---------------|------------------|-------------------|------------|-------------------|-----|
| 1  | human       | hypoxia(GSM) | normoxia(GSM)    | SRP       | hypoxia(SRX) | hypoxia(SRR)                             | normoxia(SRX) | normoxia(SRR) | single_or_paired | NGS               | sample     | hypoxia condition |     |
| 2  | GSE70330    | GSM1724090   | GSM1724087       | SRP059925 | SRX1074658   | SRR2079880                               | SRX1074655    | SRR2079883    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 0.1-0.2% O2       |     |
| 3  |             | GSM1724091   | GSM1724088       |           | SRX1074659   | SRR2079881                               | SRX1074656    | SRR2079884    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 0.1-0.2% O2       |     |
| 4  |             | GSM1724092   | GSM1724089       |           | SRX1074660   | SRR2079882                               | SRX1074657    | SRR2079885    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 0.1-0.2% O2       |     |
| 5  | GSE59987    | GSM1463076   | GSM1463078       | SRP045156 | SRX667431    | SRR1533836                               | SRX667433     | SRR1533838    | single           | Hiseq2000         | FADU       | 1% O2             |     |
| 6  | GSE55391    | GSM1335296   | GSM1335295       | SRP038987 | SRX476317    | SRR1177128                               | SRX476316     | SRR1177127    | single           | Hiseq2500         | SK-N-BE(2) | 1% O2             |     |
| 7  | GSE44801    | GSM1091924   | GSM1091922       | SRP019229 | SRX248415    | SRR771372                                | SRX248413     | SRR771370     | NA               | AB SOLiD 4 Syst   | HeLa       | 1% O2             |     |
| 8  | E-MTAB-4264 | MCF7_Hypoxia | MCF7_Normoxia_R2 |           | ERX1622160   | ERR1551404                               | ERX1622164    | ERR1551408    | paired           | Hiseq2000         | MCF7       | 0.5% O2           | 16h |
| 9  |             | MCF7_Hypoxia | MCF7_Normoxia_R2 |           | ERX1622161   | ERR1551405                               | ERX1622165    | ERR1551409    | paired           | Hiseq2000         | MCF7       | 0.5% O2           | 16h |
| 10 | GSE76743    | GSM2037124   | GSM2037122       | SRP068307 | SRX1527121   | SRR3096874                               | SRX1527119    | SRR3096872    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 1% O2             | 24h |
| 11 |             | GSM2037125   | GSM2037123       |           | SRX1527122   | SRR3096875                               | SRX1527120    | SRR3096873    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 1% O2             | 24h |
| 12 |             | GSM2037126   | GSM2037128       |           | SRX1527123   | SRR3096876                               | SRX1527125    | SRR3096878    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 1% O2             | 48h |
| 13 |             | GSM2037127   | GSM2037129       |           | SRX1527124   | SRR3096877                               | SRX1527126    | SRR3096879    | paired           | Hiseq2000         | HUVEC      | 1% O2             | 48h |
| 14 | GSE81513    | GSM2155007   | GSM2155004       | SRP075272 | SRX1769924   | SRR3535659,SR                            | SRX1769921    | SRR3535647,SR | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 1h  |
| 15 |             | GSM2155008   | GSM2155005       |           | SRX1769925   | SRR3535663,SR                            | SRX1769922    | SRR3535651,SR | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 1h  |
| 16 |             | GSM2155009   | GSM2155006       |           | SRX1769926   | SRR3535667,SR                            | SRX1769923    | SRR3535655,SR | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 1h  |
| 17 |             | GSM2155010   | GSM2155004       |           | SRX1769927   | SRR3535671,SRR3535672,SRR3535673,SRR3535 |               |               | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 2h  |
| 18 |             | GSM2155011   | GSM2155005       |           | SRX1769928   | SRR3535675,SRR3535676,SRR3535677,SRR3535 |               |               | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 2h  |
| 19 |             | GSM2155012   | GSM2155006       |           | SRX1769930   | SRR3535679,SRR3535680,SRR3535681,SRR3535 |               |               | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 2h  |
| 20 |             | GSM2155013   | GSM2155004       |           | SRX1769931   | SRR3535683,SRR3535684,SRR3535685,SRR3535 |               |               | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 24h |
| 21 |             | GSM2155014   | GSM2155005       |           | SRX1769932   | SRR3535687,SRR3535688,SRR3535689,SRR3535 |               |               | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 24h |
| 22 |             | GSM2155015   | GSM2155006       |           | SRX1769932   | SRR3535691,SRR3535692,SRR3535693,SRR3535 |               |               | paired           | Hiseq2500         | HCT116     | 1% O2             | 24h |
| 23 | E-MTAB-2580 | MC1          | MC3              | ERP005876 | ERX472413    | ERR507061                                | ERX472421     | ERR507060     | single           | Hiseq2000         | HEK293     | 1% O2             | 24h |
| 24 |             | MC5          | MC7              |           | ERX472422    | ERR507062                                | ERX472412     | ERR507057     | single           | Hiseq2000         | HEK293     | 1% O2             | 24h |
| 25 |             | MC9          | MC11             |           | ERX472416    | ERR507058                                | ERX472415     | ERR507063     | single           | Hiseq2000         | HEK293     | 1% O2             | 24h |
| 26 | GSE68297    | GSM1667181   | GSM1667173       |           |              |                                          |               |               |                  | Ion Torrent Proto | HCT116     | 1% O2             | 24h |
| 27 |             | GSM1667182   | GSM1667174       |           |              |                                          |               |               |                  | Ion Torrent Proto | HCT116     | 1% O2             | 24h |

## 2. Data processing (GeneChip)

- Normalization: justRMA() (R/Bioconductor affy package)
- Threshold: >1.5 fold for up/down regulated
- Ortholog gene mapping by Biomart (Ensembl)

| human_id    | human_UP | human_DOWN | huma... | human ...  | mous...  | Affy mouse4... | mouse_UP | mouse_DOWN | mouse_UNC... | CIS_hypoxia |
|-------------|----------|------------|---------|------------|----------|----------------|----------|------------|--------------|-------------|
| 202912_at   | 32       | 1          | 4       | ADM        | Adm      | 1416077_at     | 35       | 2          | 16           | 64          |
| 209183_s_at | 23       | 2          | 12      | C10orf10   | 84304... | 1433837_at     | 37       | 0          | 16           | 58          |
| 209182_s_at | 19       | 0          | 18      | C10orf10   | 84304... | 1433837_at     | 37       | 0          | 16           | 56          |
| 202364_at   | 32       | 0          | 5       | MXI1       | Mxi1     | 1425732_a_at   | 21       | 0          | 32           | 53          |
| 227337_at   | 33       | 1          | 3       | ANKRD37    | Ankrd37  | 1436538_at     | 24       | 5          | 24           | 51          |
| 202364_at   | 32       | 0          | 5       | MXI1       | Mxi1     | 1450376_at     | 16       | 0          | 37           | 48          |
| 211527_x_at | 24       | 1          | 12      | VEGFA      | Vegfa    | 1451959_a_at   | 29       | 4          | 20           | 48          |
| 212171_x_at | 23       | 1          | 13      | VEGFA      | Vegfa    | 1451959_a_at   | 29       | 4          | 20           | 47          |
| 201631_s_at | 15       | 4          | 18      | IER3       | Ier3     | 1419647_a_at   | 37       | 2          | 14           | 46          |
| 210513_s_at | 23       | 2          | 12      | VEGFA      | Vegfa    | 1451959_a_at   | 29       | 4          | 20           | 46          |
| 202464_s_at | 32       | 1          | 4       | PFKFB3     | Pfkfb3   | 1456676_a_at   | 14       | 0          | 39           | 45          |
| 222847_s_at | 31       | 0          | 6       | EGLN3      | Egln3    | 1418649_at     | 18       | 4          | 31           | 45          |
| 210512_s_at | 22       | 3          | 12      | VEGFA      | Vegfa    | 1451959_a_at   | 29       | 4          | 20           | 44          |
| 219232_s_at | 30       | 0          | 7       | EGLN3      | Egln3    | 1418649_at     | 18       | 4          | 31           | 44          |
| 201313_at   | 33       | 0          | 4       | ENO2       | Eno2     | 1418829_a_at   | 11       | 1          | 41           | 43          |
| 221009_s_at | 31       | 0          | 6       | ANGPTL4    | Angptl4  | 1417130_s_at   | 15       | 3          | 35           | 43          |
| 221031_s_at | 11       | 4          | 22      | APOLD1     | Apold1   | 1441228_at     | 38       | 2          | 13           | 43          |
| 222847_s_at | 31       | 0          | 6       | EGLN3      | Egln3    | 1418648_at     | 14       | 2          | 37           | 43          |
| 218274_s_at | 30       | 1          | 6       | ANKZF1     | Ankzf1   | 1419817_s_at   | 13       | 0          | 40           | 42          |
| 219232_s_at | 30       | 0          | 7       | EGLN3      | Egln3    | 1418648_at     | 14       | 2          | 37           | 42          |
| 200632_s_at | 31       | 0          | 6       | NDRG1      | Ndrg1    | 1450977_s_at   | 15       | 5          | 33           | 41          |
| 202284_s_at | 10       | 1          | 26      | CDKN1A     | Cdkn1a   | 1424638_at     | 34       | 2          | 17           | 41          |
| 202620_s_at | 29       | 0          | 8       | PLOD2      | Plod2    | 1416686_at     | 13       | 1          | 39           | 41          |
| 202733_at   | 30       | 0          | 7       | AC063976.6 | P4ha2    | 1417149_at     | 15       | 4          | 34           | 41          |
| 202733_at   | 30       | 0          | 7       | P4HA2      | P4ha2    | 1417149_at     | 15       | 4          | 34           | 41          |
| 204284_at   | 23       | 1          | 13      | PPP1R3C    | Ppp1r3c  | 1433691_at     | 21       | 2          | 30           | 41          |

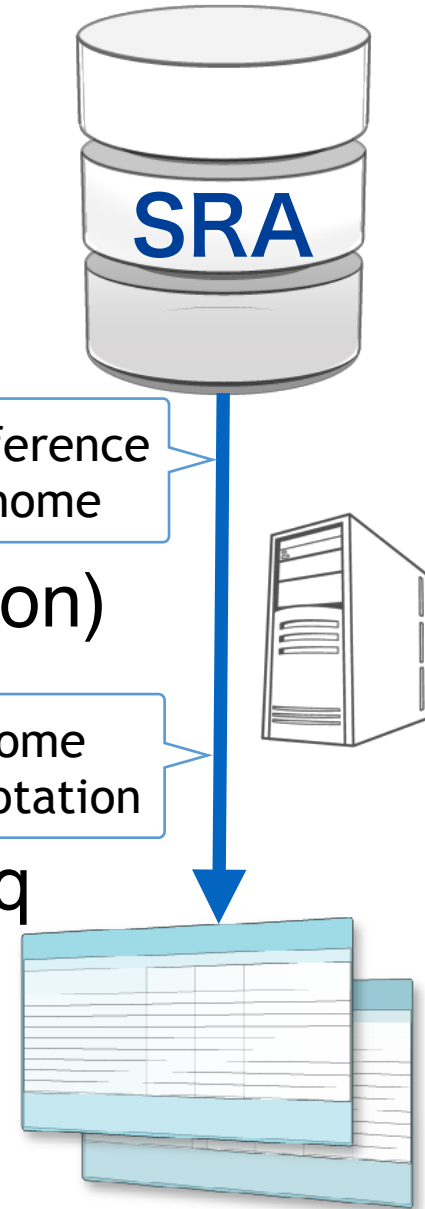


# Data processing (RNA-seq)

1. Data download from DDBJ FTP site
2. fastq-dump (.sra -> .fastq)
3. trim\_galore (trimming -> fastqc)
4. RSEM (RNA-Seq by Expectation Maximization)
  - [https://github.com/bli25ucb/RSEM\\_tutorial](https://github.com/bli25ucb/RSEM_tutorial)
5. Differential Expression Analysis using EBSeq
  - Hypoxia vs Normoxia

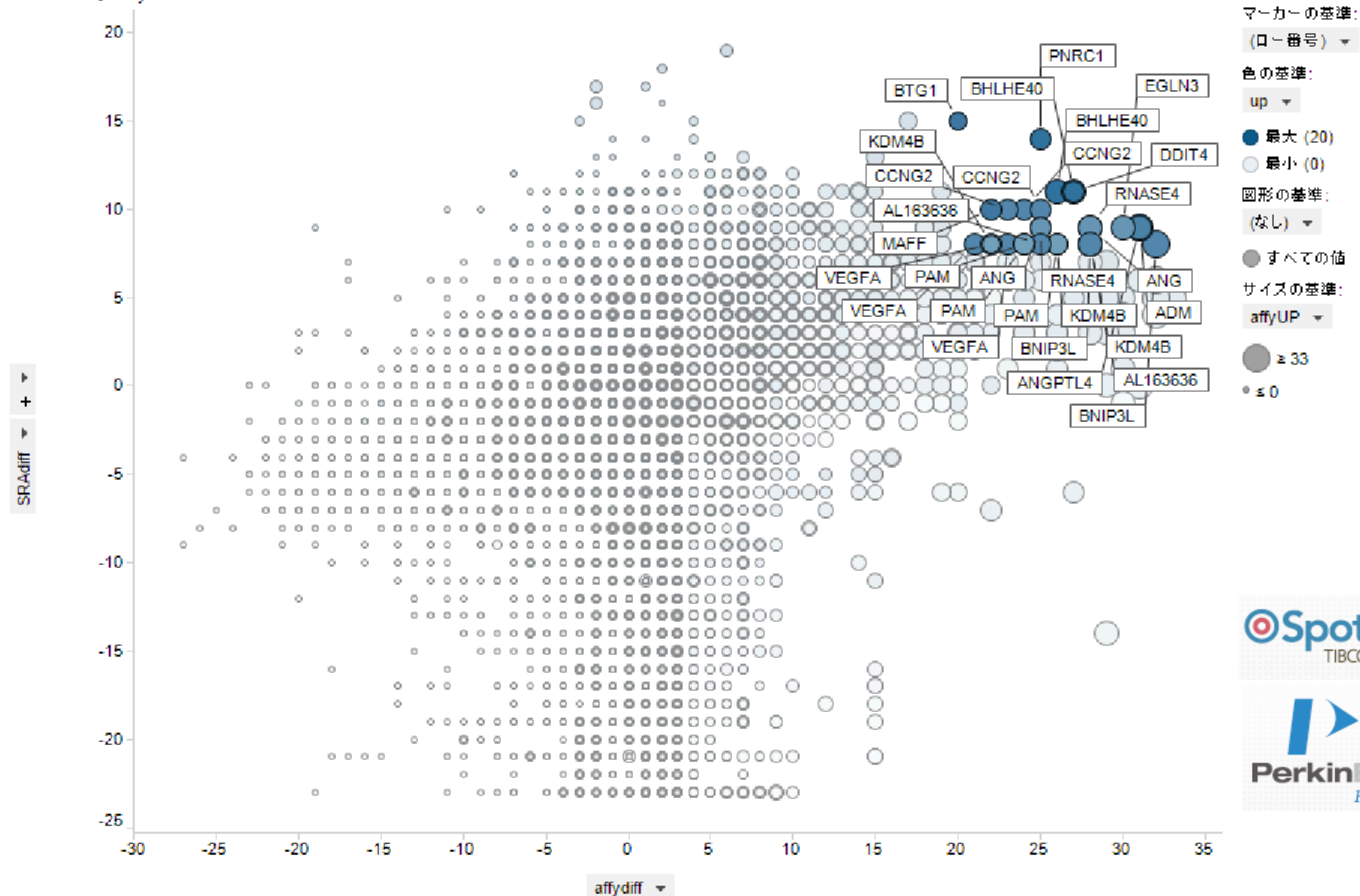
Reference  
genome

Genome  
annotation



### 3. Data visualization & validation (GeneChip vs RNA-seq in human)

SRAdiff 対 affydiff



# Data validation

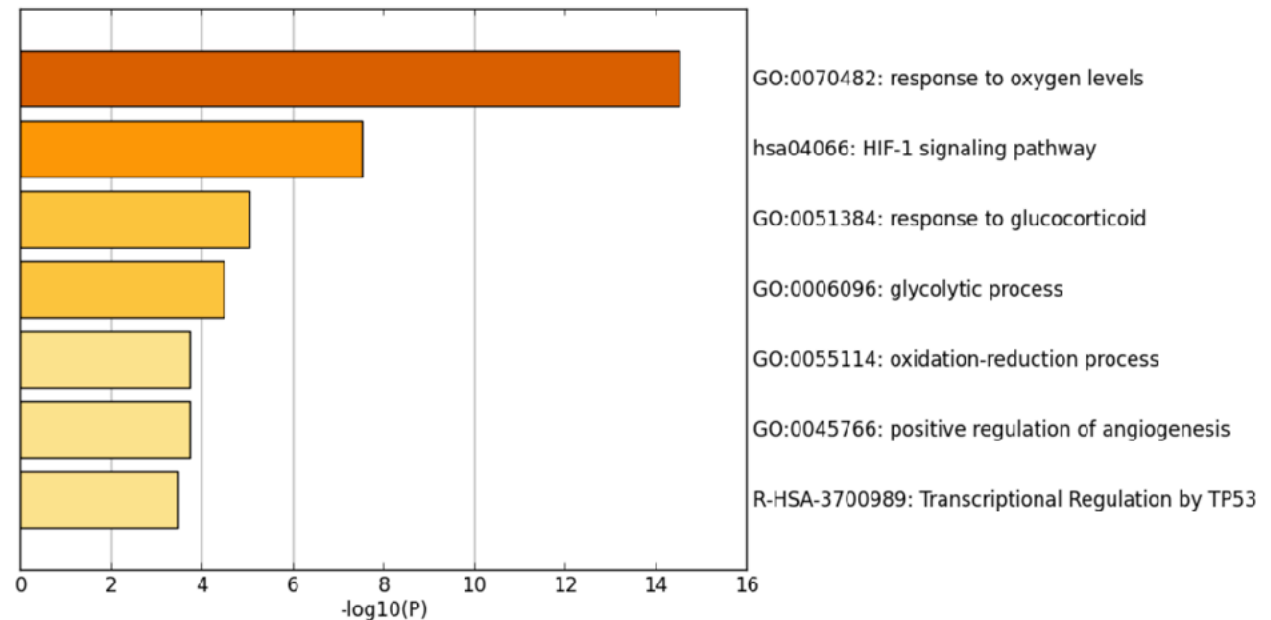
- metascap でエンリッチメント解析
  - Dr.Bono の生命科学データ解析p171 図5.8
  - 発現上昇の上位21遺伝子



|          |         |         |
|----------|---------|---------|
| ADM      | ANGPTL4 | ANKRD37 |
| ANKZF1   | APOLD1  | BNIP3L  |
| C10orf10 | CDKN1A  | DDIT4   |
| EGLN3    | ENO2    | FOXO3   |
| IER3     | MAFF    | MXI1    |
| NDRG1    | P4HA2   | PFKFB3  |
| PLOD2    | PPP1R3C | VEGFA   |

## Enrichment Summary

Figure 1. Heatmap of enriched terms across input gene lists, colored by p-values.



## 4. Data availability

<https://doi.org/10.1101/267310>



**bioRxiv**  
THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

[HOME](#) | [ABOUT](#) | [SUBMIT](#) | [ALERTS / RSS](#) | [CHANNELS](#)



[Advanced Search](#)

New Results

### Meta-analysis of hypoxic transcriptomes from public databases

Hidemasa Bono

**doi:** <https://doi.org/10.1101/267310>

This article is a preprint and has not been peer-reviewed [what does this mean?].

**Abstract**

[Info/History](#)

[Metrics](#)

[Preview PDF](#)

[< Previous](#)

[Next >](#)

Posted February 23, 2018.

**Download PDF**

Share

Email

Citation Tools

Tweet

いいね! 0

G+

Subject Area

**Bioinformatics**

### Subject Areas

#### All Articles

[Animal Behavior and Cognition](#)

[Biochemistry](#)

[Bioengineering](#)

[Bioinformatics](#)

[Biophysics](#)

[Cancer Biology](#)

[Cell Biology](#)

### Abstract

Hypoxia is an insufficient level of oxygen supply in the cell, and hypoxia-inducible factor is a central regulator of oxygen homeostasis. In order to elucidate functional insights in hypoxic response in data-driven way, we attempted meta-analysis of hypoxic transcriptome for public expression data which have been archived as microarray and RNA-seq data in public databases, NCBI Gene Expression Omnibus (GEO) and EBI ArrayExpress. While various hypoxic conditions (oxygen concentration and duration of hypoxia) and cell lines are taken in the stored data, we manually curated possible pairs of transcriptome before and after hypoxic stress from microarray and RNA-seq data. As a result, we got 37 pairs in human and 53 pairs in mouse from microarray and 23 pairs in human from RNA-seq. We counted the number of experiments for all genes and classified into three categories, which are up-regulated, down-regulated, and unchanged. We then compared human and mouse in microarray, and microarray and RNA-seq in human. Genes up-regulated in all records contained well-studied



# Data uploaded to figshare

[Browse](#)[Upload](#)[Sign up](#)[Log in](#)

## Meta-analysis of hypoxic transcriptomes from public databases

**Version 2** ▾ Published on 23 Jan 2018 - 15:21 by **Hidemasa Bono**

Manually annotated possible pairs of transcriptomes before and after hypoxic stress from public expression data. The data process details are described in BioRxiv (<https://doi.org/10.1101/267310>).

CITE THIS COLLECTION

DataCite ▾

Bono, Hidemasa (2018): Meta-analysis of hypoxic transcriptomes from public databases. figshare.

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.3983880>

Select your citation style and then place your mouse over the citation text to select it.

or [cite all items](#)

REFERENCES

- <https://doi.org/10.1101/267310>

262  
views

1  
citations



AUTHORS

**Hidemasa Bono**

CATEGORIES

- Gene Expression (incl. Microarray and other genome-wide approaches)**

KEYWORD(S)

human

mouse

genechip

RNA-seq

Hypoxia

meta-analysis

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.3983880>



DATASET



DATASET



DATASET



DATASET

**Mouse microarray log ratio data before and after hypoxic stress**

Hidemasa Bono

23/01/2018

**Mouse list of counts after hypoxic stress (up/down/unchanged)**

Hidemasa Bono

23/01/2018

**Human RNA-seq ratio data before and after hypoxic stress**

Hidemasa Bono

23/01/2018

**Human list of counts after hypoxic stress by RNA-seq (up/down/unch...**

Hidemasa Bono

23/01/2018



DATASET



DATASET



DATASET



DATASET

**Human microarray log ratio data before and after hypoxic stress**

Hidemasa Bono

23/01/2018

**Human list of counts after hypoxic stress (up/down/unchanged)**

Hidemasa Bono

23/01/2018

**Mouse list of microarray datasets before and after hypoxic stress**

Hidemasa Bono

23/01/2018

**Human list of microarray datasets before and after hypoxic stress**

Hidemasa Bono

23/01/2018



DATASET

**Human list of RNA-seq datasets before and after hypoxic stress**

Hidemasa Bono

23/01/2018

<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.3983880>



| id           | UP | DOWN | UNCHANGED |
|--------------|----|------|-----------|
| 1007_s_at    | 7  | 0    | 30        |
| 1053_at      | 2  | 10   | 25        |
| 117_at       | 5  | 0    | 32        |
| 121_at       | 2  | 1    | 34        |
| 1255_g_at    | 1  | 0    | 36        |
| 1294_at      | 2  | 0    | 35        |
| 1316_at      | 1  | 0    | 36        |
| 1320_at      | 2  | 0    | 35        |
| 1405_i_at    | 10 | 1    | 26        |
| 1431_at      | 3  | 0    | 34        |
| 1438_at      | 6  | 3    | 28        |
| 1487_at      | 0  | 0    | 37        |
| 1494_f_at    | 1  | 0    | 36        |
| 1552256_a_at | 9  | 0    | 28        |
| 1552257_a_at | 0  | 10   | 27        |
| 1552258_at   | 1  | 1    | 35        |
| 1552261_at   | 0  | 2    | 35        |
| 1552263_at   | 6  | 3    | 28        |
| 1552264_a_at | 3  | 4    | 30        |
| 1552266_at   | 1  | 1    | 35        |

|            |   |   |    |
|------------|---|---|----|
| 1552269_at | 2 | 4 | 31 |
| 1552271_at | 2 | 0 | 35 |

[Explore more content](#) ▼

humanUDN1.5.txt (956.13 kB)

A A

MD5: 66b88cc4cb4dec44d5d5c2c142be3306

Cite

Download (956.13 kB)

Share

Embed

+ Collect (you need to log in first)



## 5. Data utility

### • GeneChip(human)

### • さらにCancer / non-cancerに分けて

**S6 Table.** Hypoxic down-regulation of DNA damage recognition and repair genes in cancer and non-cancer cells analyzed using the NCBI Gene Expression Omnibus database.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192136.s006>

| No | ID          | UP | In cancer cells |    |    | In Non-cancer cells |    |    | Gene Symbol | Description                                                                                                          |
|----|-------------|----|-----------------|----|----|---------------------|----|----|-------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|    |             |    | DOWN            | UN | UP | DOWN                | UN |    |             |                                                                                                                      |
| 1  | 223758_s_at |    | 0               | 23 | 6  | 1                   | 6  | 3  | GTF2H2      | general transcription factor IIH, polypeptide 2, 44kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:4656]                                 |
| 2  | 223758_s_at |    | 0               | 23 | 6  | 1                   | 6  | 3  | GTF2H2C     | general transcription factor IIH, polypeptide 2C [Source:HGNC Symbol;Acc:31394]                                      |
| 3  | 227766_at   |    | 0               | 21 | 8  | 0                   | 6  | 4  | LIG4        | ligase IV, DNA, ATP-dependent [Source:HGNC Symbol;Acc:6601]                                                          |
| 4  | 209903_s_at |    | 0               | 20 | 9  | 0                   | 5  | 5  | ATR         | ataxia telangiectasia and Rad3 related [Source:HGNC Symbol;Acc:882]                                                  |
| 5  | 209902_at   |    | 0               | 19 | 10 | 1                   | 5  | 4  | ATR         | ataxia telangiectasia and Rad3 related [Source:HGNC Symbol;Acc:882]                                                  |
| 6  | 223511_at   |    | 0               | 19 | 10 | 1                   | 5  | 4  | SPRTN       | SprT-like N-terminal domain [Source:HGNC Symbol;Acc:25356]                                                           |
| 7  | 204531_s_at |    | 1               | 19 | 9  | 0                   | 4  | 6  | BRCA1       | breast cancer 1, early onset [Source:HGNC Symbol;Acc:1100]                                                           |
| 8  | 222889_at   |    | 0               | 19 | 10 | 0                   | 3  | 7  | DCLRE1B     | DNA cross-link repair 1B [Source:HGNC Symbol;Acc:17641]                                                              |
| 9  | 204768_s_at |    | 2               | 19 | 8  | 1                   | 2  | 7  | FEN1        | flap structure-specific endonuclease 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:3650]                                                 |
| 10 | 201202_at   |    | 1               | 19 | 9  | 0                   | 2  | 8  | PCNA        | proliferating cell nuclear antigen [Source:HGNC Symbol;Acc:8729]                                                     |
| 11 | 209804_at   |    | 0               | 19 | 10 | 0                   | 1  | 9  | DCLRE1A     | DNA cross-link repair 1A [Source:HGNC Symbol;Acc:17660]                                                              |
| 12 | 230177_at   |    | 0               | 18 | 11 | 0                   | 7  | 3  | GTF2H2C     | general transcription factor IIH, polypeptide 2C [Source:HGNC Symbol;Acc:31394]                                      |
| 13 | 206235_at   |    | 3               | 18 | 8  | 1                   | 5  | 4  | LIG4        | ligase IV, DNA, ATP-dependent [Source:HGNC Symbol;Acc:6601]                                                          |
| 14 | 209421_at   |    | 0               | 18 | 11 | 1                   | 5  | 4  | MSH2        | mutS homolog 2, colon cancer, nonpolyposis type 1 (E. coli) [Source:HGNC Symbol;Acc:7325]                            |
| 15 | 209849_s_at |    | 0               | 18 | 11 | 0                   | 4  | 6  | RAD51C      | RAD51 homolog C (S. cerevisiae) [Source:HGNC Symbol;Acc:9820]                                                        |
| 16 | 204767_s_at |    | 1               | 18 | 10 | 1                   | 1  | 8  | FEN1        | flap structure-specific endonuclease 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:3650]                                                 |
| 17 | 201523_x_at |    | 0               | 18 | 11 | 0                   | 1  | 9  | UBE2N       | ubiquitin-conjugating enzyme E2N [Source:HGNC Symbol;Acc:12492]                                                      |
| 18 | 222233_s_at |    | 0               | 17 | 12 | 0                   | 6  | 4  | DCLRE1C     | DNA cross-link repair 1C [Source:HGNC Symbol;Acc:17642]                                                              |
| 19 | 213007_at   |    | 1               | 17 | 11 | 0                   | 4  | 6  | FANCI       | Fanconi anemia, complementation group I [Source:HGNC Symbol;Acc:25568]                                               |
| 20 | 206066_s_at |    | 0               | 17 | 12 | 1                   | 4  | 5  | RAD51C      | RAD51 homolog C (S. cerevisiae) [Source:HGNC Symbol;Acc:9820]                                                        |
| 21 | 202330_s_at |    | 4               | 17 | 8  | 1                   | 2  | 7  | UNG         | uracil-DNA glycosylase [Source:HGNC Symbol;Acc:12572]                                                                |
| 22 | 205394_at   |    | 3               | 17 | 9  | 0                   | 1  | 9  | CHEK1       | checkpoint kinase 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:1925]                                                                    |
| 23 | 205162_at   |    | 0               | 17 | 12 | 0                   | 0  | 10 | ERCC8       | excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 8 [Source:HGNC Symbol;Acc:25568] |
| 24 | 235215_at   |    | 1               | 16 | 12 | 0                   | 5  | 5  | ERCC4       | excision repair cross-complementing rodent repair deficiency, complementation group 4 [Source:HGNC Symbol;Acc:25568] |
| 25 | 202907_s_at |    | 0               | 16 | 13 | 1                   | 5  | 4  | NBN         | nibrin [Source:HGNC Symbol;Acc:7652]                                                                                 |
| 26 | 212751_at   |    | 0               | 16 | 13 | 0                   | 5  | 5  | UBE2N       | ubiquitin-conjugating enzyme E2N [Source:HGNC Symbol;Acc:12492]                                                      |
| 27 | 208694_at   |    | 1               | 16 | 12 | 0                   | 3  | 7  | PRKDC       | protein kinase, DNA-activated, catalytic polypeptide [Source:HGNC Symbol;Acc:9413]                                   |
| 28 | 204603_at   |    | 2               | 16 | 11 | 0                   | 2  | 8  | EXO1        | exonuclease 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:3511]                                                                          |
| 29 | 235609_at   |    | 4               | 16 | 9  | 0                   | 1  | 9  | BRIP1       | BRCA1 interacting protein C-terminal helicase 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:20473]                                       |
| 30 | 218689_at   |    | 0               | 16 | 13 | 0                   | 1  | 9  | FANCF       | Fanconi anemia, complementation group F [Source:HGNC Symbol;Acc:3587]                                                |
| 31 | 223785_at   |    | 2               | 16 | 11 | 1                   | 1  | 8  | FANCI       | Fanconi anemia, complementation group I [Source:HGNC Symbol;Acc:25568]                                               |
| 32 | 206554_x_at |    | 0               | 16 | 13 | 0                   | 1  | 9  | SETMAR      | SET domain and mariner transposase fusion gene [Source:HGNC Symbol;Acc:10762]                                        |
| 33 | 205393_s_at |    | 4               | 16 | 9  | 1                   | 0  | 9  | CHEK1       | checkpoint kinase 1 [Source:HGNC Symbol;Acc:1925]                                                                    |
| 34 | 221540_x_at |    | 0               | 15 | 14 | 0                   | 6  | 3  | GTF2H2      | general transcription factor IIH, polypeptide 2, 44kDa [Source:HGNC Symbol;Acc:4656]                                 |
| 35 | 221540_x_at |    | 0               | 15 | 14 | 0                   | 6  | 4  | GTF2H2C     | general transcription factor IIH, polypeptide 2C [Source:HGNC Symbol;Acc:31394]                                      |
| 36 | 208643_s_at |    | 0               | 15 | 14 | 1                   | 5  | 4  | XRCC5       | X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 5 (double-strand-break rejoin                   |



RESEARCH ARTICLE

# Differentiated embryo chondrocyte plays a crucial role in DNA damage response via transcriptional regulation under hypoxic conditions

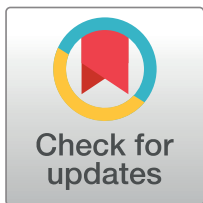
**Hideaki Nakamura<sup>1,2,3,4</sup>, Hidemasa Bono<sup>5</sup>, Keiko Hiyama<sup>2</sup>, Takeshi Kawamoto<sup>6</sup>, Yukio Kato<sup>6</sup>, Takeshi Nakanishi<sup>7</sup>, Masahiko Nishiyama<sup>8</sup>, Eiso Hiyama<sup>2</sup>, Nobuyuki Hirohashi<sup>1</sup>, Eisaburo Sueoka<sup>3</sup>, Lorenz Poellinger<sup>4</sup>, Keiji Tanimoto<sup>1\*</sup>**

**1** Department of Radiation Medicine, Research Institute for Radiation Biology and Medicine, Hiroshima University, Hiroshima, Japan, **2** Natural Science Center for Basic Research and Development, Hiroshima University, Hiroshima, Japan, **3** Department of Laboratory Medicine, Saga University Hospital, Saga, Japan, **4** Cell and Molecular Biology, Medical Nobel Institute, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden, **5** Database Center for Life Science, Joint Support-Center for Data Science Research, Research Organization of Information and Systems, Mishima, Japan, **6** Department of Dental and Medical Biochemistry, Hiroshima University, Hiroshima, Japan, **7** Nippon Kayaku Co., Ltd., Tokyo, Japan, **8** Department of Molecular Pharmacology and Oncology, Gunma University Graduate School of Medicine, Gunma, Japan

\* [ktanimo@hiroshima-u.ac.jp](mailto:ktanimo@hiroshima-u.ac.jp)

## Abstract

Tumor hypoxia contributes to a biologically aggressive phenotype and therapeutic resistance. Recent studies have revealed that hypoxia reduces expression of several DNA damage recognition and repair (DRR) genes *via* both hypoxia-inducible factor (HIF)-independent and -dependent pathways, and this induced genomic instability in cancer cells. We



## OPEN ACCESS

**Citation:** Nakamura H, Bono H, Hiyama K, Kawamoto T, Kato Y, Nakanishi T, et al. (2018) Differentiated embryo chondrocyte plays a crucial role in DNA damage response via transcriptional regulation under hypoxic conditions. PLoS ONE 13 (2): e0192136. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192136>



高校生・受験生の方

広大へ留学希望の方

一般・地域の方

企業・研究者の方

卒業生の方

在学生・保護者の方

大学案内

入試情報

教育・学生生活  
・就職

研究

社会・産学連携

留学・国際交流

学部・大学院等

研究所・施設等

[Home](#) > 【研究成果】放射線の感受性を細胞内でコントロールする分子を発見 - 放射線治療効果を高め、障害から守る方法の開発へ -

広報・報道

採用情報

校友会・同窓会

広島大学基金

公益財団法人広島大学教育  
研究支援財団

図書館・博物館等

東京オフィス

大学病院

附属学校

ストリートビュー

キャンパスカメラ

学内ポータル

## 【研究成果】放射線の感受性を細胞内でコントロールする分子を発見 - 放射線治療効果を高め、障害から守る方法の開発へ -

### 本研究成果のポイント

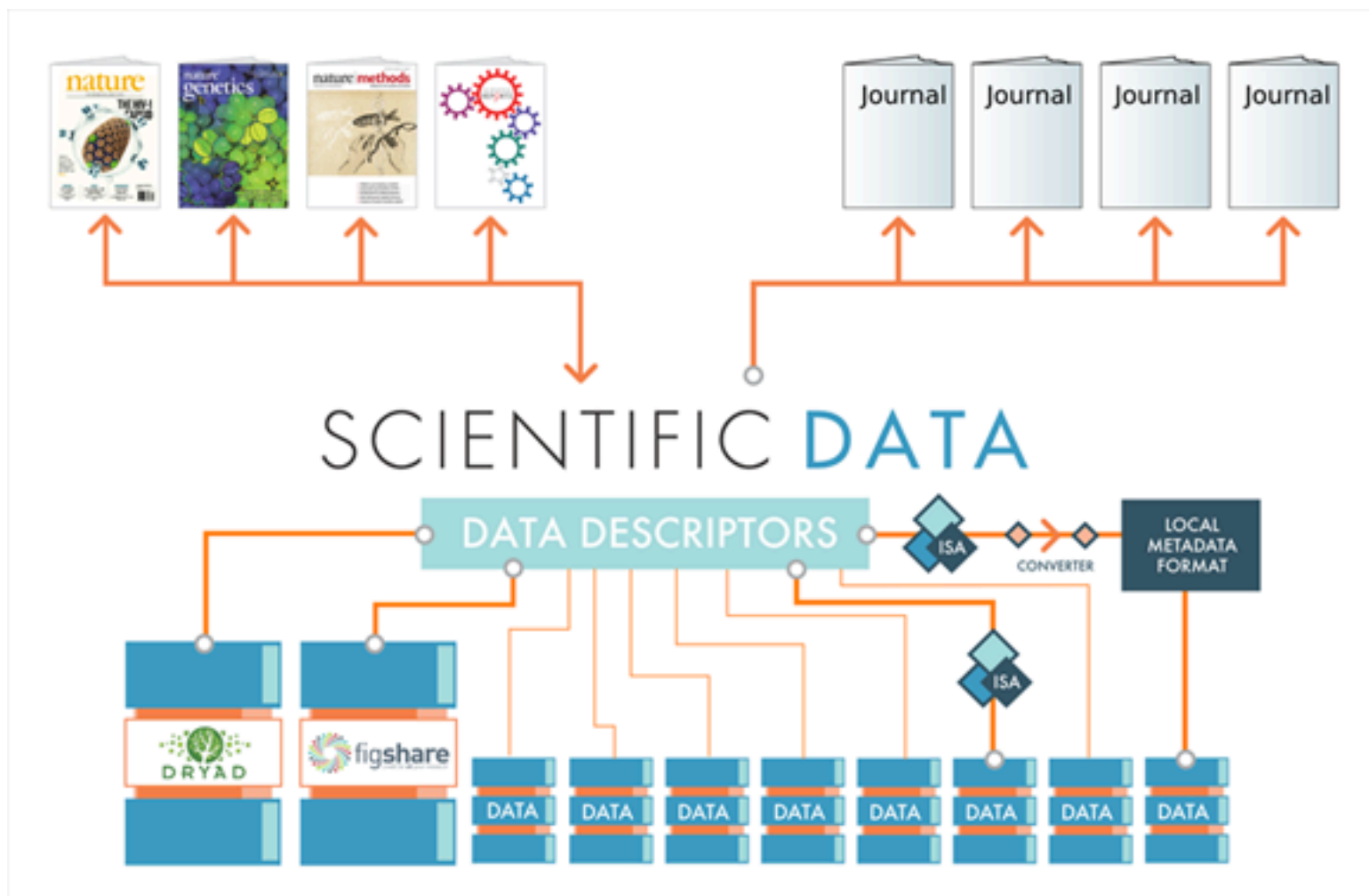
- 低酸素などのストレス環境下にある細胞の中ではDNAの傷を見つけて治したり、治せない時はその細胞を排除したりする働きに関わる一連の遺伝子群の発現量が減ることを発見しました。
- DECという様々なストレスにより活性化するタンパク分子が、それら一連の遺伝子群の量の調節を行なっていることを明らかにしました。
- DECの働きを調節すると、DNAに傷をつける放射線などの効果を調節することが可能なことから、放射線治療や放射線防護法への応用が期待されます。

### 概要

広島大学原爆放射線医科学研究所の谷本圭司研究所内講師、廣橋伸之教授、大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設 ライフサイエンス統合データベースセンターの坊農秀雅特任准教授らの研究グループは、ヒト細胞を用いた網羅的な遺伝子解析（※1）から、低酸素環境下（※2）にある細胞では、DNAの傷を見つけて治したり、治せない時はその細胞を排除したりする働きに関わる一連の遺伝子群（DNA損傷応答関連遺伝子群）の遺伝子発現量（※3）が抑制されていることを発見しました。

また、公共遺伝子発現データベースの集合知解析（※4）により、その反応が、多くの種類の細胞で共通する一般的な反応であることを見出しました。さらに、DNA損傷応答関連遺伝子群の発現量抑制について、DEC（※5）というストレス応答、概日リズム（※6）、細胞分化などに関わる転写調節因子（※7）が重要な役割を果たしていることを証明しました。そして、DECの量を人工的に調節すると、DNAに傷をつける放射線やある種の抗がん剤に対する細胞応答が変化することを確認しました。

# Thanks to archived data



<https://www.natureasia.com/ja-jp/scientificdata/blog/scientific-data-to-complement-and-promote-public-data-repositories>

タダ乗り禁止。「みんながやる」ことが重要

# Reminder to deposit DNA sequences

nature.com : Publications A-Z index : Browse by subject

 Cart : [Login](#) : [Register](#)

**nature**  
International weekly journal of science

[Go](#)[► Advanced search](#)

[Home](#) | [News & Comment](#) | [Research](#) | [Careers & Jobs](#) | [Current Issue](#) | [Archive](#) | [Audio & Video](#) | [For Authors](#)

[Archive](#) > [Volume 533](#) > [Issue 7602](#) > [Correspondence](#) > [Article](#)

## ARTICLE PREVIEW

[view full access options](#) ►

NATURE | CORRESPONDENCE



## Databases: Reminder to deposit DNA sequences

**Steven L. Salzberg**

*Nature* **533**, 179 (12 May 2016) | doi:10.1038/533179a

Published online 11 May 2016

 [Citation](#)  [Reprints](#)  [Rights & permissions](#)  [Article metrics](#)

As members of the Advisory Committee to the International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC), which includes the DNA Data Bank of Japan (DDBJ), European Nucleotide Archive (ENA) and GenBank databases, we wish to remind the research community of the importance of depositing complete DNA-sequence data in these databases on publication...

### Editors' pick



**The truth about reproducibility: A survey of over 1,500 researchers shows that 70% have failed to reproduce another's experiment** ►

Science jobs

Science events

**naturejobs.com**

**Research Engineer / Research Scientist in Renewable Energy**

King Fahd University of Petroleum & Minerals

**Faculty Positions at IDG / McGovern Institute for Brain Research at Peking University**



### LETTERS

## Reminder to deposit DNA sequences

Mark Blaxter<sup>1</sup>, Antoine Danchin<sup>2</sup>, Babis Savakis<sup>3</sup>, Kaoru Fukami-Kobayashi<sup>4</sup>, Ken Kurokawa<sup>5</sup>, Sumio Sugano<sup>6</sup>, Richard J. Roberts<sup>7</sup>, Steven L. Salzberg<sup>8,\*</sup>, Chung-I Wu<sup>9,10</sup>

+ Author Affiliations

↩\*Corresponding author. Email: [salzberg@jhu.edu](mailto:salzberg@jhu.edu)

*Science* 13 May 2016:  
Vol. 352, Issue 6287, pp. 780  
DOI: [10.1126/science.aaf7672](https://doi.org/10.1126/science.aaf7672)

Article

Figures & Data

Info & Metrics

eLetters

PDF

You do not have access to the full text of this article, the first page of the [PDF](#) of this article appears below.

INSIGHTS | LETTERS

**LETTERS**

Edited by Jennifer Sills

*Reminder to deposit*



for the article's inappropriate placement and to henceforth refrain from publishing articles that suggest Crimea to be under Russian jurisdiction.

The News story invokes a picture that is very different from the reality in Crimea: Occupation authorities prosecute everyone who dares express an opinion opposing the



**Science**

Vol 352, Issue 6287  
13 May 2016

[Table of Contents](#)  
[Print Table of Contents](#)  
[Advertising \(PDF\)](#)  
[Classified \(PDF\)](#)  
[Masthead \(PDF\)](#)

### ARTICLE TOOLS

Email

Print

Alerts

Citation tools

Download Powerpoint

Save to my folders

Request Permissions

Share

### SIMILAR ARTICLES IN:

- [PubMed](#)
- [Google Scholar](#)



# まとめ

- 利用可能なオープンデータ(公共データベース)は量、種類とも増えてきている
- 電子化した手持ちのデータと合わせて公共データをどう農業研究に活かすか？

