次世代シーケンサーによる個人ゲノム解読を含む大量配列解析の時代に必要となる人材の育成、並びにシニア世代研究者との共同作業によるデータベースの高品質化

（URL：http://dbcls.nagahama-i-bio.ac.jp/ ， http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp/ ）

○阿部貴志[1]、上原啓史[1]、中泉友紀[1]、池田俊[2]、金谷重彦[2]、池村淑道[1]

[1]長浜バイオ大学、[2]奈良先端大

n-bio Nagahama Institute of Bio-Science and Technology

大 量 配 列 解 析 の 時 代 に 必 要 な 人 材 の 育 成

初級アノテーション教育用 教材 の 作成 並びに 教育活動実践

これまでに、他大学等や自習用で使用することをも想定した 5種 の教材を作成し公開している （http://dbcls.nagahama-i-bio.ac.jp/health/modules/pukiwiki/?text）。

教材を活用した教育活動を他大学や高校生に出前実習を行い実践している。その成果の一部を、「持続可能型社会への貢献遺伝子」ならびに「健康への貢献遺伝子データベース」として公開している（http://dbcls.nagahama-i-bio.ac.jp/ ）。

① コンピュータとバイオ実験に習熟した人材の育成を目的にした、「バイオ分野の実験技術に関する統合的なデータベース作成」

説明：計算機とバイオ実験の両方に習熟した人材の育成を目的に、一回生の情報実習で実験技術の原理やマニュアルや機器画像や動画等に関する情報収集を行い、各学生に発表させる。他大学等での利用を想定して、誰でもが何処からでも利用可能な自習用教材を公開している。学生が収集データは2回生で行うSQL実習等の題材とする。各学生が独自に対象の実験技術を設定しているが、既に実習で行った実験で理解が不十分であった技術、授業や教科書に出てきた技術で興味を持ったもの、新聞や雑誌に出ていて興味を持ったもの等を選択していた。技術の原理だけでなく、マニュアルや機器画像や動画等を収集しているので実験技術の総合的な理解が深まり、また、他の学生の収集した結果を聞くことで、知識の幅が広まると考えている。

対象： 大学1年生 標準実習時間 9時間（3時間/回×3回）

② 初級アノテーション教育としての、「バイオ分野のデータベースの統合的な利用」

説明：データベースのアノテーション教育においては、多様なデータベースの統合的な利用やポータルサイト利用の便利さや重要さを理解し、実感することが重要である。この目的で、2回生用の実習教材を作成した。統合DBセンターやJSTで作成したコンテンツ、バイオリソースに係わる我が国のDBの紹介を行っている。他大学等での利用を想定して、誰でもが何処からでも利用可能な自習用教材を公開している。

対象： 高校生～大学2年生 標準実習時間 9時間（3時間/回×3回）

③ 初級アノテーション教育としての、「病気に関係する遺伝子の探索」

説明：次世代シーケンサーの登場で、個人ゲノム解析が現実的になった。この課題に取り組める人材の育成が必要である。個人ゲノム配列から、発症する可能性の高い疾患を推定する上で必要となる、病気に関係する遺伝子配列の収集についての実習を行い、教材を公開した。各学生が独自に対象の病気を設定するが、メルクマニアル家庭用医学百科で設定した病気を十分に理解した上で、その病気と関係する遺伝子の配列を取得するので、理解が不十分のままに実習を進めることが避けられている。最終的には、米国で作成された病気に関係する遺伝子についてのDBであるOMIMを利用することになるが、ライフサイエンス分野で英語を学ぶことの重要さを実感していることが、実習後のアンケート（教材ダウンロード画面に添付）で明らかになった。

対象： 大学2～3年生 標準実習時間 9時間（3時間/回×3回）

④ 初級アノテーション教育としての、「健康への貢献遺伝子の探索」

説明：各学生が、抗生物質やサプリメント等の生産に関係すると考えられる遺伝子を独自に設定し、メタゲノム配列から既知遺伝子と相同な配列を発掘して、アノテーション情報を付加しシニア世代研究者が精査してデータベース化している。探索者の所属、名前入りで公開している。メタゲノム配列を対象とすることで、実習でありながら新規発見が行え、名前入りで発表出来ることに意欲を持つ学生が多く見られる。 **対象： 大学1～3年生 標準実習時間 18時間（3時間/回×6回）**

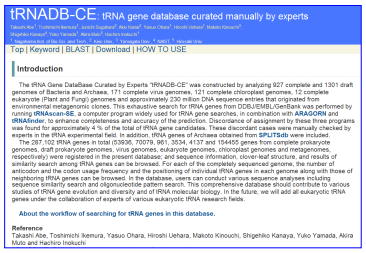
⑤ 初級アノテーション教育としての、「持続可能型社会への貢献遺伝子の探索」

説明：各学生が、環境汚染物質の分解除去やバイオ燃料生産等に関係すると考えられる遺伝子類を独自に設定し、メタゲノム配列から既知遺伝子と相同な遺伝子を発掘して、アノテーション情報を新規に付加しデータベース化している。探索者の所属、名前入りで公開している。メタゲノム配列を対象とすることで、実習でありながら新規発見が行え、名前入りで発表出来ることに意欲を持つ学生が多く見られる。環境問題は多数の学生が興味を持つ課題であり、教員側が想定しない課題を設定することも多い。各自が設定した課題なので、難しい問題でも、持続的に取り組む姿勢が見られる。

対象： 大学1～3年生 標準実習時間 18時間（3時間/回×6回）

上級アノテーション・キュレーション教育としての、“tRNADB-CE: tRNA gene database curated manually by experts”の構築

学部学生とシニア世代研究者との共同作業として、これまでに 約29万件のtRNA遺伝子(昨年度のデータベースの2倍に相当)を探索収録し、世界で最も精度の高い最大規模のtRNA遺伝子データベースとして公開している。シニア世代の若手への知識継承の場となり、シニア世代も良いキュレーターとなっている。



URL: http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp/

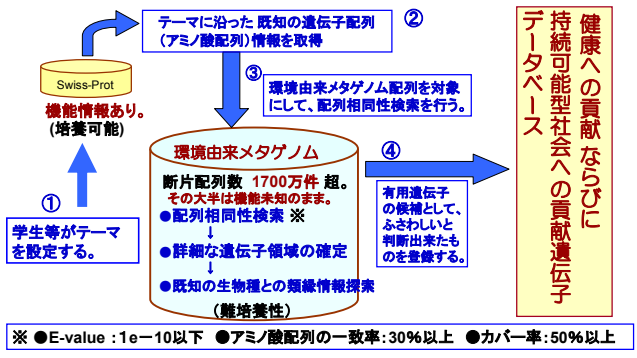
tRNA遺伝子の網羅的特徴把握を目標に、原核生物の927の完全長ゲノム、1301のドラフトゲノム、171のウイルス、121の葉緑体、5の真核生物、ならびに210のメタゲノムプロジェクトに由来する大量配列を対象に網羅的な探索を行い、約28万件のtRNA遺伝子について公開した(http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp)。tRNA遺伝子検索を完全にするため、3種の予測プログラム（tRNAscan-SE, Aragorn, tRNAfinder）を併用して検索を行った。予測領域が一致しない場合が全予測tRNA遺伝子の約5%あったが、これらについてはシニア世代のtRNA研究者がマニュアルにて精査を行った。

世界最大規模の登録件数で、信頼性の高いDBであり、tRNAの分子生物学的な研究や微生物の進化を研究するための新規情報と解析手法を提供している（NAR, 37, D163-168, 2009）。

中級アノテーション教育としての、「次世代シーケンサー時代の超大規模ゲノム情報解析実習」

次世代シーケンサーの登場で情報爆発の時代を迎えた。大規模情報を解析できる人材の育成が急務である。次世代シーケンサーで解読した微生物ゲノム配列のアノテーション実習を行っている。数百万本単位の大量配列を各学生に与えるので、Linuxを用いたプログラム処理の必要性や便利さを実感させることが出来る。 本年度後期に2回目の実習を行うが、その経験を追加して自習用教材を作成し公開をする。

対象： 大学3～4年生 標準実習時間 18時間（3時間/回×6回）

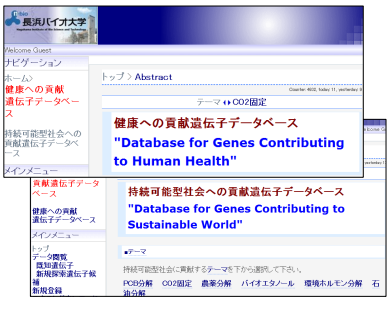


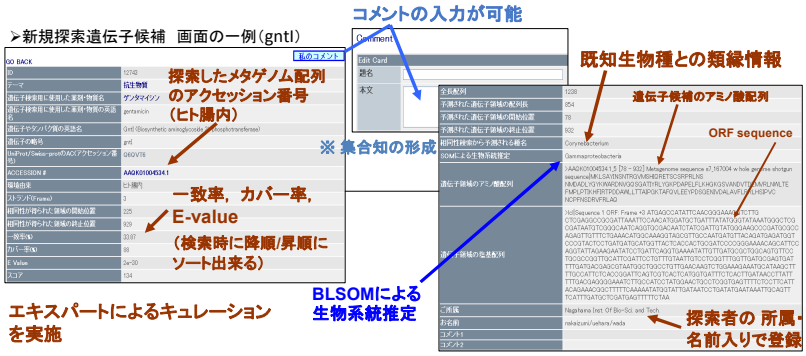
学部教育としての「“健康” ならびに “持続可能型社会” への 貢 献 遺 伝 子 データベース」構築 ～エキスパートと学生との共同作業～

初級アノテーション教育活動実践成果の一部は、「持続可能型社会ならびに健康への貢献遺伝子データベース」として公開している（http://dbcls.nagahama-i-bio.ac.jp/ ）。

各学生が独自に医薬品・機能性健康食品素材・臨床検査試薬等の生産に役立つ遺伝子類や、自然環境の浄化や保全に役立つ遺伝子類を想定して、世界で進行している環境生物の混合試料に関する大規模シークエンシング(メタゲノム解析)で得られた**1,700万件を超えるメタゲノム配列**から遺伝子の発掘を試みている。

想定した有用遺伝子の候補が発掘できた場合、データベースに探索者の所属、名前を入れて登録し公開を行っている。





※ 講習会・出前実習の依頼，ご意見 等がございましたら、 h_uehara@nagahama-i-bio.ac.jp 長浜バイオ大学 上原 迄 ご連絡下さい。