

統合データベースの利用と求めること

ウイルス学からの視点

日尾野 隆大 (北海道大学大学院 獣医学研究科 動物疾病制御学講座 博士課程4年)

近年、遺伝子情報や蛋白質情報のデータベース化が進み、これらは生物学の研究において欠かすことのできないものとなっている。我々が専門とするウイルス学の分野においても、ウイルス遺伝子情報の公的データベースへの集約が進んでいる。特に、新たにウイルス株を分離した場合は、論文公表前にその遺伝子情報を公的データベースへ登録することが多くの論文投稿規定により定められている。北海道大学においても、我々の研究室と人獣共通感染症リサーチセンターが中心となり、保有するインフルエンザウイルス株の情報をデータベース化し公表するとともに、生物資源として利用できる体制を整えてきた (<http://virusdb.czc.hokudai.ac.jp/>)。同時に、新たに決定した遺伝子配列は DDBJ へと速やかに登録し、また DDBJ を介した遺伝子情報の取得と解析もルーチンワークとして行っている。ウイルスの情報を速やかに公開することは、リスク分析に基づく適切な防疫措置を促す上で必須の事柄であり、データベースへの情報の集約は科学的にだけでなく社会的にも重要な責務となりつつある。

一方、我々のような *in vivo* での解析を主とする研究室では、遺伝子以外のデータベースの利用はまだ限られているというのが実情である。これは、我々ユーザーの側が蛋白質の立体構造解析

や糖質そのものに対する理解が足りていないがために、データベースを「閲覧する」段階までは到達できても、「利用する」段階まで至れていないということに起因していると考えられる。すなわち、データベース利用事例を共有し、「このデータベースを利用すると何が分かるのか？」ということを広く知らせれば、新規利用者が増える可能性は高い。その結果としてより多くのユーザーからフィードバックを得ることができれば、ユーザーフレンドリーなデータベースを構築することに繋がるかもしれない。

我々のような動物の研究をする者にとって常に悩ましいのは、マウスやヒトのデータと異なりニワトリやブタ、ウシといった家禽・家畜に関するデータの集約はほとんど進んでいないということである。ゲノムプロジェクトの推進により、種々の動物の遺伝子配列が決定されたが、これらの動物においてそのアノテーションは未だ十分でない。また糖質について述べれば、JCGGDB内のGGDBでは基本的にマウス、ラットおよびヒトなど一部のモデル生物以外の生物種は対象としていない。一方で、家禽・家畜の分野においては集約すべきデータそのものが少なく、我々獣医学に携わる者としては、未だ家禽・家畜の生物学的情報の蓄積を進める段階にあると言わざるを得ない状況である。

上記のような事柄は、我々ライトユーザーのちょっとした「わがまま」である。当日の発表では実際の利用事例を交えつつ、私たちのわがままについて議論をできればと考えている。