微生物遺伝子機能検索データベース
MiFuP マニュアル

MiFuP
Microbial Functional Potential
微生物
遺伝子機能検索DB

https://www.nite.go.jp/nbrc/mifup/

nite
National Institute of Technology and Evaluation
独立行政法人 製品評価技術基盤機構
●バイオテクノロジー分野
Biotechnology Field

NBRC

MiFuPについて

MiFuPとは？

微生物は、食品や医薬品の生産、環境汚染物質の分解など様々なすばらしい機能をもっており、古くから産業利用されています。

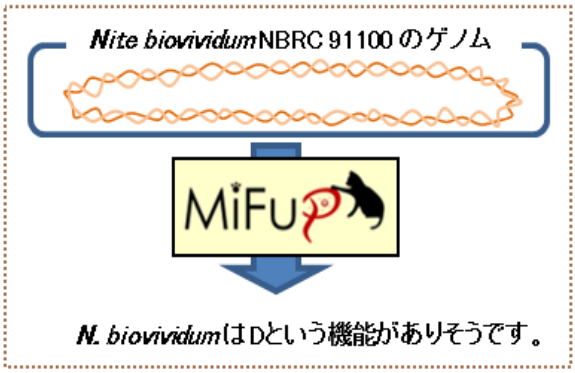
MiFuP(Microbial Functional Potential)は、 ゲノム配列情報から微生物の機能を推定するデータベースです。

- ゲノム配列が読まれている微生物について、その推定機能を収録しており、キーワード検索により、 目的の機能を持つと推定される微生物を手軽に検索できます。
  ..... 微生物を検索するには？ 5ページ参照
- 微生物のゲノム配列・CDS配列を入力すると、その機能を推定できます。
  ..... 機能を検索するには？ 10ページ参照

なお、**微生物がMiFuPで推定された機能を実際に発揮することは保証できません**ので、御注意ください。

MiFuPのしくみは？

ゲノム配列から微生物の機能を予測するためには、機能発揮に関連する遺伝子セットをゲノム配列から探すことが必要です。
MiFuPでは、機能発揮に関連する遺伝子セットをゲノム配列から探すために、各遺伝子が備えるべき特徴及び必要な遺伝子の組み合わせを定義しています。 これにより複数の遺伝子により発揮される機能や、機能を発揮する経路が複数あるものについても対応しています。 アノテーターが手作業で一つ一つ定義付けを行っています。
..... MiFuPのしくみ 3ページ参照



MiFuPを作ったのは？

独立行政法人 製品評価技術基盤機構(NITE)のバイオテクノロジーセンター(NBRC)で開発し、 2014年2月25日から公開しています。NBRCは日本を代表する産業上有用な微生物資源の保存・提供機関です。

NBRC関連のウェブサイトご紹介

製品評価技術基盤機構 https://www.nite.go.jp/
独立行政法人 製品評価技術基盤機構(NITE)の公式サイトです。

NITEバイオテクノロジーセンター https://www.nite.go.jp/nbrc/index.html
NITEバイオテクノロジーセンター(NBRC)の公式サイトです。

NBRC株オンライン分譲依頼サービス https://www.nite.go.jp/nbrc/catalogue/NBRCDispSearchServlet?lang=ja
NBRCオンラインカタログです。NBRCで保有している購入可能な微生物株を検索できます。

DoBISCUIT https://dbarchive.biosciencedbc.jp/jp/dobiscuit/desc.html
放線菌の二次代謝産物合成遺伝子に関する情報を網羅的に集約したデータベースです。 生命科学系データベースアーカイブに移行しました。

2. MiFuPのしくみ

ゲノム配列から微生物の機能を推定するMiFuPのしくみについて説明します。
クエリがゲノム塩基配列の場合【a.ゲノム配列からCDS領域を同定】から、CDS塩基配列の場合【b.塩基配列をアミノ酸配列に変換】から、CDSアミノ酸配列の場合【c.遺伝子検索】からスタートです。

a. ゲノム配列からCDS領域を同定

微生物のゲノム配列からCDS領域の同定を行います。

CDS領域の同定にはProdigal（原核生物用gene-finding program*)を使用しています。

b. 塩基配列をアミノ酸配列に変換

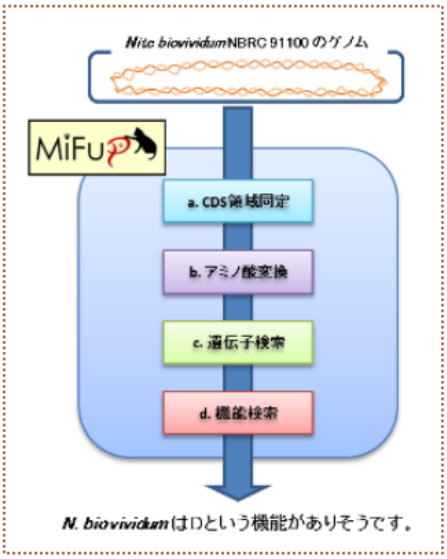
バクテリア・植物プラスチドのコドン表[no.11]を用いて、塩基配列をアミノ酸配列に変換します。

c. 遺伝子検索

ゲノム中から、MifuPで定義した遺伝子条件に当てはまるORFを検索します。
遺伝子条件は、機能解析されている配列が保有するモチーフ（HAMAP, Pfam, TIGRFAMs等)や、 機能解析されている配列との相同性で定義しています。
遺伝子条件は、各遺伝子ページで確認できます。

d. 機能検索

定義されている遺伝子セットの条件を満たす機能を抽出します。
機能を発揮するための経路パターンや遺伝子セットは各機能ページで確認できます。



* [PMID:20211023] Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification.（ BMC Bioinformatics. 2010 ）

FAQ

- 探したい微生物機能が入っていません。希望したらMiFuPに入れてもらえますか？
- 使いたい微生物のデータが入っていません。希望したらMiFuPに入れてもらえますか？
- 未公開の配列について機能を調べたいので、MiFuPまたは機能検索をダウンロードして使用することは可能ですか？
- MiFuPで検索にかけた配列データは、その後どのように取り扱われますか？
- MiFuPへのリンクは自由ですか？
- MiFuPに入っている微生物ゲノム配列はどこから入手したものですか？
- タンパク質名が異なるものが、遺伝子ページで推定機能配列として表示されました。なぜですか？

Q 探したい微生物機能が入っていません。希望したらMiFuPに入れてもらえますか？

A MiFuPでは随時、機能を追加していきます。リクエストに応じて追加を検討いたしますので、お問い合わせください。 ただし、MiFuPに入れることが技術的に不可能な微生物機能もございますので、ご了承ください。

Q 使いたい微生物のデータが入っていません。希望したらMiFuPに入れてもらえますか？

A 機能検索ページで、微生物配列（塩基配列またはアミノ酸配列）をFASTA形式で入力していただくと、その 微生物の推定機能を検索することができます。

機能検索ページの使い方 10ページ参照

Q 未公開の配列について機能を調べたいので、MiFuPまたは機能検索をダウンロードして使用することは可能ですか？

A 申し訳ございませんが、現在、MiFuPのソースコードはご提供しておりません。

Q MiFuPで検索にかけた配列データは、その後どのように取り扱われますか？

A 結果ページを表示するために一定期間、こちらのサーバに保管したのち、破棄いたします。 いかなる目的でも二次利用はいたしません。

Q MiFuPへのリンクは自由ですか？

A 本ホームページへのリンクはNITEのウェブページである旨を明示することによりご自由に設定していただいて結構です。
リンク設定を行った場合には、お手数ですがお問い合わせフォームからリンク元のURLをお知らせいただけると幸いです。
詳細は、製品評価技術基盤機構：ホームページの利用についてをご覧ください。

Q MiFuPに入っている微生物ゲノム配列はどこから入手したものですか？

A DNAデータバンク(DDBJ、 GenBank、EMBL-Bank) に登録されている配列を入手しています。

Q タンパク質名が異なるものが、遺伝子ページで推定機能配列として表示されました。なぜですか？

A 推定機能配列のCDSに表示されているタンパク質名は、MiFuPで付けたものではなく、各DNAデータバンクに登録されているものを用いてます。 またタンパク質名が登録されていなかったものについては、国立遺伝研究所が運用する MiGAPによってアノテーションを付けています。

4. トップページ（微生物を検索）

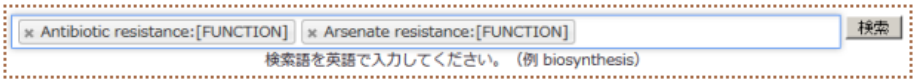
キーワードで、関連する微生物とその推定保有機能を検索します。

a. 検索の仕方

検索窓に、目的の微生物に関連する検索語（微生物機能、微生物名、タンパク質名など）を英語で入力してください。

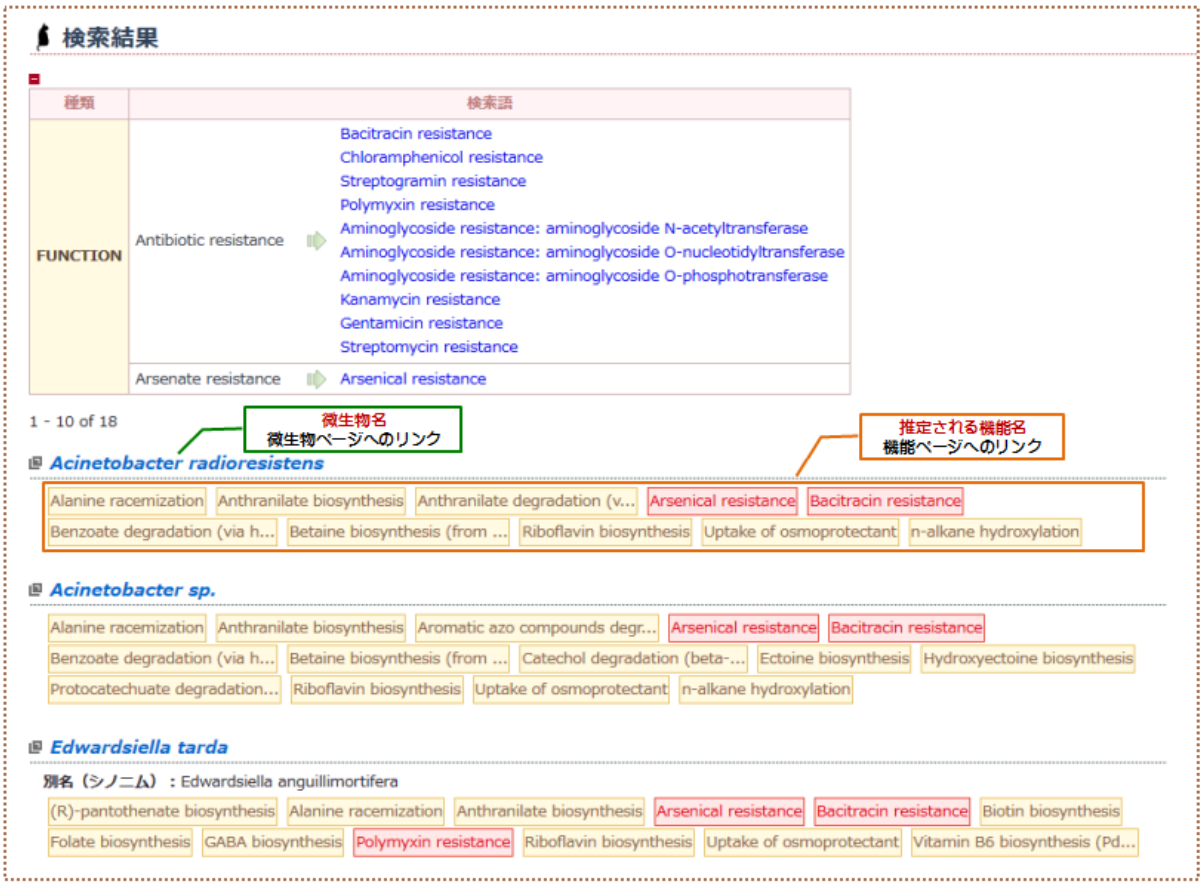
２文字以上入力すると検索語候補と、その検索語候補の種類が表示されるので、目的の検索語を選んでください。

検索語は複数入力することも可能です。×印をクリックすると、検索語を取り消すことができます。
検索ボタンをクリックすると検索を開始します。



b. 検索結果ページ説明

検索語でヒットした微生物一覧とその推定保有機能が表示されます。
微生物名は微生物ページに、機能名は機能ページに、それぞれリンクしています。



5. リスト

リストページでは、MiFuPに収録されている微生物、MiFuPで定義されている機能及び遺伝子の一覧が閲覧できます。

a. 微生物リスト

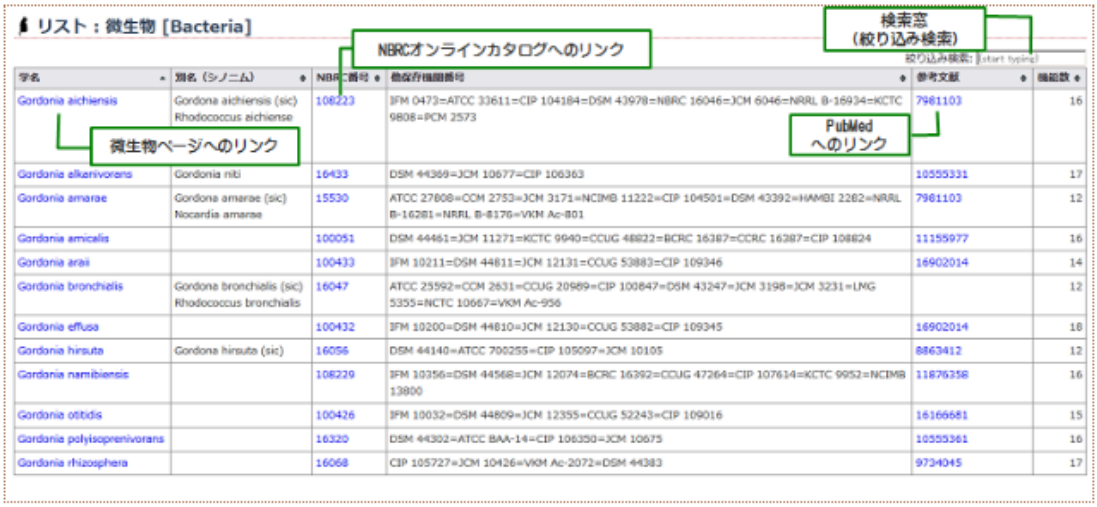
i. 系統分類ツリー

MiFuPにデータが収録されている微生物分類は赤字となっており、収録されている微生物種の数が表示されます。
⊞ボタンで、より詳細な分類をみることができます。 数字の右わきのアイコンは該当する微生物株リストへリンクしています。

ii. 微生物株リスト

該当する分類に属する微生物株一覧を表示します。検索窓は絞り込み検索ができます。

学名	微生物の学名です。 MiFuPの微生物ページへリンクしています。
別名（シノニム）	微生物の別名です。
NBRC番号	NITEバイオテクノロジーセンター(NBRC)の微生物株番号です。 NBRCオンラインカタログへのリンクしており、該当微生物株の購入が可能です。
他保存機関番号	NBRC以外の保存機関における微生物株番号です。
参考文献	微生物株情報に関する参考文献のPubMed IDです。 PubMedの該当ページにリンクしています。
機能数	微生物にMiFuPで推定された機能の数です。

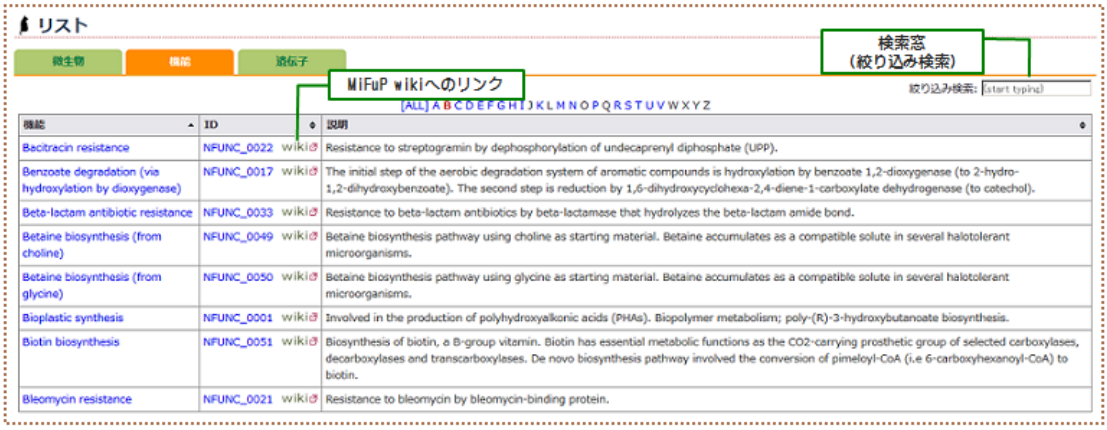


学名	別名（シノニム）	NBRC番号	他保存機関番号	参考文献	機能数
Gordonia aichiensis	Gordona aichiensis (sic) Rhodococcus aichiense	108223	IFM 0473=ATCC 33611=CIP 104184=DSM 43978=NBRC 16046=JCM 6046=NRRL B-16934=KCTC 9808=PCM 2573	7981103	16
Gordonia alkanivorans	Gordonia niti	16433	DSM 44369=JCM 10677=CIP 106363	10555331	17
Gordonia amarae	Gordona amarae (sic) Nocardia amarae	15530	ATCC 27808=CCM 2753=JCM 3171=NCIMB 11222=CIP 104501=DSM 43392=HAMBI 2282=NRRL B-16281=NRRL B-8176=VKM Ac-801	7981103	12
Gordonia amicalis		100051	DSM 44461=JCM 11271=KCTC 9940=CCUG 48822=BCRC 16387=CCRC 16387=CIP 108824	11155977	16
Gordonia araii		100433	IFM 10211=DSM 44811=JCM 12131=CCUG 53883=CIP 109346	16902014	14
Gordonia bronchialis	Gordona bronchialis (sic) Rhodococcus bronchialis	16047	ATCC 25592=CCM 2631=CCUG 20989=CIP 100847=DSM 43247=JCM 3198=JCM 3231=LMG 5355=NCTC 10667=VKM Ac-956		12
Gordonia effusa		100432	IFM 10200=DSM 44810=JCM 12130=CCUG 53882=CIP 109345	16902014	18
Gordonia hirsuta	Gordona hirsuta (sic)	16056	DSM 44140=ATCC 700255=CIP 105097=JCM 10105	8863412	12
Gordonia namibiensis		108229	IFM 10356=DSM 44568=JCM 12074=BCRC 16392=CCUG 47264=CIP 107614=KCTC 9952=NCIMB 13800	11876358	16
Gordonia otitidis		100426	IFM 10032=DSM 44809=JCM 12355=CCUG 52243=CIP 109016	16166681	15
Gordonia polyisoprenivorans		16320	DSM 44302=ATCC BAA-14=CIP 106350=JCM 10675	10555361	16
Gordonia rhizosphera		16068	CIP 105727=JCM 10426=VKM Ac-2072=DSM 44383	9734045	17

b. 機能リスト

MiFuPで定義づけされている微生物機能一覧を、機能名のアルファベット順に表示します。検索窓では絞り込み検索をすることができます。

機能	NBRCで定義した機能名です。
ID	NBRCで付けたIDです。
説明	機能概要の説明です。機能について詳細な説明はMiFuP wikiを参照してください。

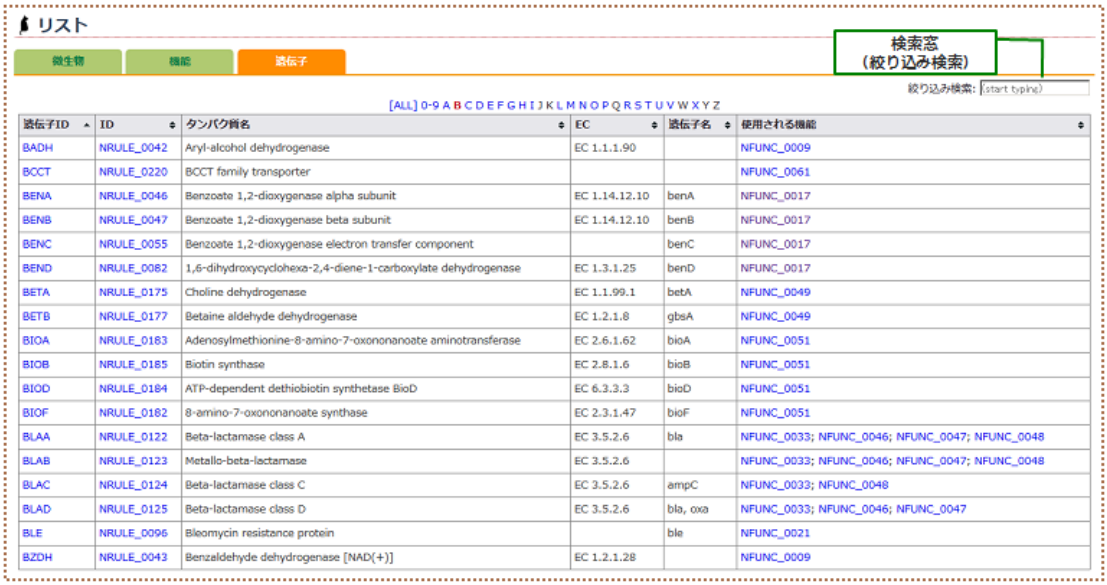


機能	ID	説明
Bacitracin resistance	NFUNC_0022 wiki	Resistance to streptogramin by dephosphorylation of undecaprenyl diphosphate (UPP).
Benzoate degradation (via hydroxylation by dioxygenase)	NFUNC_0017 wiki	The initial step of the aerobic degradation system of aromatic compounds is hydroxylation by benzoate 1,2-dioxygenase (to 2-hydro-1,2-dihydroxybenzoate). The second step is reduction by 1,6-dihydroxycyclohexa-2,4-diene-1-carboxylate dehydrogenase (to catechol).
Beta-lactam antibiotic resistance	NFUNC_0033 wiki	Resistance to beta-lactam antibiotics by beta-lactamase that hydrolyzes the beta-lactam amide bond.
Betaine biosynthesis (from choline)	NFUNC_0049 wiki	Betaine biosynthesis pathway using choline as starting material. Betaine accumulates as a compatible solute in several halotolerant microorganisms.
Betaine biosynthesis (from glycine)	NFUNC_0050 wiki	Betaine biosynthesis pathway using glycine as starting material. Betaine accumulates as a compatible solute in several halotolerant microorganisms.
Bioplastic synthesis	NFUNC_0001 wiki	Involved in the production of polyhydroxyalkonic acids (PHAs). Biopolymer metabolism; poly-(R)-3-hydroxybutanoate biosynthesis.
Biotin biosynthesis	NFUNC_0051 wiki	Biosynthesis of biotin, a B-group vitamin. Biotin has essential metabolic functions as the CO2-carrying prosthetic group of selected carboxylases, decarboxylases and transcarboxylases. De novo biosynthesis pathway involved the conversion of pimeloyl-CoA (i.e 6-carboxyhexanoyl-CoA) to biotin.
Bleomycin resistance	NFUNC_0021 wiki	Resistance to bleomycin by bleomycin-binding protein.

c. 遺伝子リスト

遺伝子リストはNBRCで付けた遺伝子IDがアルファベット順に並んでいます。検索窓では絞り込み検索をすることができます。

遺伝子ID	NBRCで付けた遺伝子IDです。遺伝子名等をもとに付けています。
ID	NBRCで付けたIDです。
タンパク質名	この遺伝子にコードされているタンパク質の名称です。
EC	酵素番号です。
遺伝子名	一般的な遺伝子名です。
使用される機能	該当遺伝子が使用されている機能です。



遺伝子ID	ID	タンパク質名	EC	遺伝子名	使用される機能
BADH	NRULE_0042	Aryl-alcohol dehydrogenase	EC 1.1.1.90		NFUNC_0009
BCCT	NRULE_0220	BCCT family transporter			NFUNC_0061
BENA	NRULE_0046	Benzoate 1,2-dioxygenase alpha subunit	EC 1.14.12.10	benA	NFUNC_0017
BENB	NRULE_0047	Benzoate 1,2-dioxygenase beta subunit	EC 1.14.12.10	benB	NFUNC_0017
BENC	NRULE_0055	Benzoate 1,2-dioxygenase electron transfer component		benC	NFUNC_0017
BEND	NRULE_0082	1,6-dihydroxycyclohexa-2,4-diene-1-carboxylate dehydrogenase	EC 1.3.1.25	benD	NFUNC_0017
BETA	NRULE_0175	Choline dehydrogenase	EC 1.1.99.1	betA	NFUNC_0049
BETB	NRULE_0177	Betaine aldehyde dehydrogenase	EC 1.2.1.8	gbsA	NFUNC_0049
BIOA	NRULE_0183	Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase	EC 2.6.1.62	bioA	NFUNC_0051
BIOB	NRULE_0185	Biotin synthase	EC 2.8.1.6	bioB	NFUNC_0051
BIOD	NRULE_0184	ATP-dependent dethiobiotin synthetase BioD	EC 6.3.3.3	bioD	NFUNC_0051
BIOF	NRULE_0182	8-amino-7-oxononanoate synthase	EC 2.3.1.47	bioF	NFUNC_0051
BLAA	NRULE_0122	Beta-lactamase class A	EC 3.5.2.6	bla	NFUNC_0033; NFUNC_0046; NFUNC_0047; NFUNC_0048
BLAB	NRULE_0123	Metallo-beta-lactamase	EC 3.5.2.6		NFUNC_0033; NFUNC_0046; NFUNC_0047; NFUNC_0048
BLAC	NRULE_0124	Beta-lactamase class C	EC 3.5.2.6	ampC	NFUNC_0033; NFUNC_0048
BLAD	NRULE_0125	Beta-lactamase class D	EC 3.5.2.6	bla, oxa	NFUNC_0033; NFUNC_0046; NFUNC_0047
BLE	NRULE_0096	Bleomycin resistance protein		ble	NFUNC_0021
BZDH	NRULE_0043	Benzaldehyde dehydrogenase [NAD(+)]	EC 1.2.1.28		NFUNC_0009

6. サイト内検索

サイト内検索では、MiFuPサイト内のコンテンツに対して検索できます。

キーワードを英語で入力してください。

サイト内検索

検索 リセット

検索語を英語で入力してください。

結果は以下の分類別にみることができます。

分類	内容
微生物	微生物の株情報、推定保有機能 ..... 微生物ページ説明 13ページ参照
機能	機能について説明、機能発揮に使用される遺伝子、機能を保有する可能性のある微生物一覧 ..... 機能ページ説明 16ページ参照
遺伝子	遺伝子についての説明、その遺伝子が使用される機能、推定機能配列 ..... 遺伝子ページ説明 17ページ参照
CDS	MiFuPに収録されている微生物ゲノム配列のCDS情報、塩基配列・アミノ酸配列、推定遺伝子 ..... CDSページ説明 19ページ参照

検索結果：biosynthesis

全件：7520 | 微生物：0 | 機能：27 | 遺伝子：62 | CDS：7431

1 - 10 of 7520

[CDS] A606_03935 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine biosynthesis protein

[CDS] A606_04380 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: dinucleotide-utilizing enzyme involved in thiamine biosynthesis

[CDS] A606_04390 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: thiamine biosynthesis protein

[CDS] A606_06150 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: amidotransferase involved in pyridoxine biosynthesis

[CDS] A606_06160 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: pyridoxal biosynthesis lyase PdxS

[CDS] A606_06175 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase

[CDS] A606_07295 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: extracellular polysaccharide biosynthesis protein

[CDS] A606_08290 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: molybdenum cofactor biosynthesis protein

[CDS] A606_09600 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: molybdopterin biosynthesis protein MoeB

[CDS] A606_09605 (Corynebacterium terpenotabidum)
Product: molybdenum cofactor biosynthesis protein

1 2 3 4 5 6 7 8 9 次へ 最後へ

7. 機能検索（配列から推定機能を検索）

微生物のゲノム配列・CDS配列から推定機能を検索します。

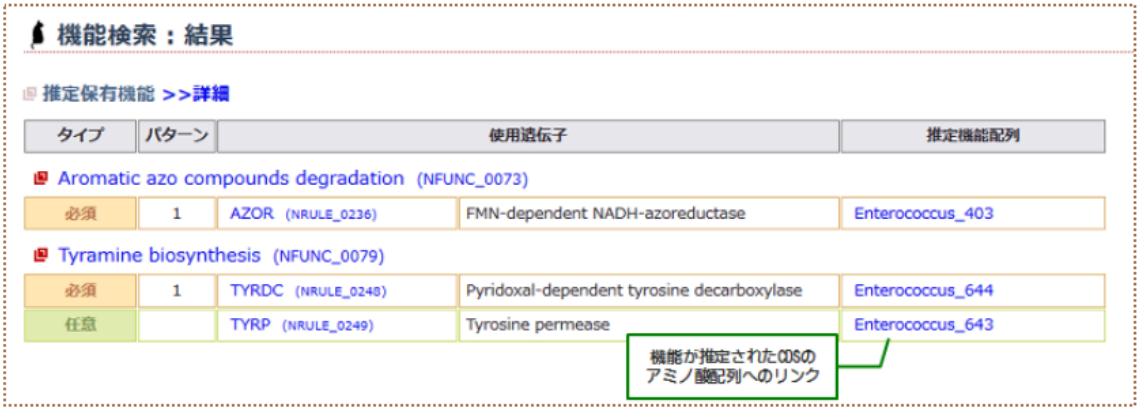
a. 検索の仕方

機能を検索したい微生物のゲノム塩基配列またはCDS配列（塩基配列、アミノ酸配列どちらでも可）を入力ウィンドウに入力するか、 参照ボタンからPC上のファイルを選択してください。
微生物ゲノム配列はDDBJ、 GenBank、EMBL-Bankなどの DNAデータバンクから取得することも可能です。
クエリ配列はFASTA形式で入力してください。複数の配列（たとえばゲノム由来のコンティグ配列）をmulti-FASTA形式で入力することもできます。 また、入力したクエリ配列に合わせて、クエリ種別を選択してください。

b. 検索結果ページ説明

クエリ配列に推定された機能とパターン（遺伝子セット）を表示します。
詳細では、機能を発揮するために必要な遺伝子セットがクエリ配列に揃っていなかった経路パターンを含めて表示します。
なお、**クエリ配列がMiFuPで予測された機能を実際に有することは保証できません**ので、御注意ください。
検索中に表示されるURLで、およそ１ヶ月の間、結果に後からアクセスすることが可能です。

（機能）	入力配列に推定される機能名です。
タイプ	機能発揮に必要とされる遺伝子セットを“必須”、機能発揮に必須ではないが、関連する遺伝子を“任意”と表示しています。
パターン	機能発揮のための遺伝子セットのパターンです。クエリ配列に推定されたパターンを表示します。
使用遺伝子	パターンで使用される遺伝子です。
推定機能配列	MiFuPで推定された、クエリ配列中の機能配列へのリンクです。



8. 相同性検索

MiFuPの配列データに対して相同性検索します。

a. 検索の仕方

MiFuP内のデータに対して相同性検索を行います。入力欄にクエリ配列をFASTA形式で入力するか、参照ボタンからPC上のファイルを選択してください。

クエリ種別	検索プログラム	検索DB種別	説明
アミノ酸配列	blastp (Protein query vs Protein database)	CDSアミノ酸配列	アミノ酸配列をアミノ酸配列データベースと比較
	tblastn (Protein query vs Translated DNA database)	CDS塩基配列	アミノ酸配列に対して、CDS塩基配列データベースを表裏合わせて６通りの読み枠で翻訳しながら比較
		ゲノム塩基配列	アミノ酸配列に対して、ゲノム塩基配列データベースを表裏合わせて６通りの読み枠で翻訳しながら比較
塩基配列	blastn (DNA query vs DNA database)	CDS塩基配列	塩基配列をCDS塩基配列データベースと比較
		ゲノム塩基配列	塩基配列をゲノム塩基配列データベースと比較
	blastntx (Translated DNA query vs Protein database)	CDSアミノ酸変換配列	塩基配列を表裏合わせて６通りの読み枠で翻訳しながら、アミノ酸配列データベースと比較
	tblastx (Translated DNA query vs Translated DNA database)	CDS塩基配列	塩基配列を表裏合わせて６通りの読み枠で翻訳しながら、同様に翻訳されたCDS塩基配列データベースと比較
		ゲノム塩基配列	塩基配列を表裏合わせて６通りの読み枠で翻訳しながら、同様に翻訳されたCDS塩基配列データベースと比較

b. 検索結果ページ説明

BLAST検索結果は、リストとアライメントに分かれて表示されます。
Go!をクリックすると、クエリ配列とその配列のアライメントが表示されます。

相同性検索：結果

Data Set	Gordonia alkanivorans, Gordonia araii, Gordonia hirsuta
Query	example

No.	微生物	CDS	タンパク質名	E-value	score	identity	hsp	
1	Gordonia hirsuta	GOHSU_12_00010	alanine racemase	7e-161	561	100.00%	1	Go!
2	Gordonia alkanivorans	GOALK_112_00030	alanine racemase	1e-92	335	64.25%	1	Go!
3	Gordonia araii	GOARA_021_01480	alanine racemase	1e-90	328	64.43%	1	Go!
4	Gordonia alkanivorans	GOALK_099_00200	hypothetical protein	5.7	26.9	41.03%	1	Go!
5	Gordonia araii	GOARA_036_00670	ATP-dependent RNA helicase HrpA	8.8	26.6	36.36%	1	Go!
6	Gordonia hirsuta	GOHSU_65_00110	putative ABC transporter ATP-binding protein	9.9	26.2	29.51%	1	Go!

アミノ酸配列の場合、一致するアミノ酸は一致アミノ酸と共に赤色で表示します。
アミノ酸置換行列を基に、類似度が高いと判断されたアミノ酸は、“+”と共に黄色で表示します。
塩基配列の場合、一致する塩基を“｜”と共に赤色で表示します。

アミノ酸配列の場合

```
Query:  example sequence (pep) (Length = 380)
Subject: lcl|GOARA_021_01480 ( Length = 381)
         alanine racemase OS=Gordonia rhizosphera NBRC 16068 GN=alr PE=3

                Score = 345 bits (885), Expect = 8e-96
        Identities = 185/357 (51%), Positives = 220/357 (61%), Gaps = 2/357 (0%)

Query: 18  HNVRVVAEHAGAPVLAVVKADGYGHXXXXXXX XXXXXXXXXXXXXHLTEALALRSAGIDA 77
           HN+RV+++ AGA VLAVVKADGYGH                     H+TEALALR GIDA
Sbjct: 22  HNLRVLSDVAGAGVLAVVKADGYGHGALPVARTLVDAGAVGLGVAHITEALALREGGIDA 81

Query: 78  HITSWLHTPATDFAAGVAAGIDLAVSSPEQLAAVAQAAGELGRTAVVTVKVDTGMGRSGV 137
           ITSWLH P TDF AG+AA +D+AVSS QLAAV AAG G TA +TVKVDTGM RSGV
Sbjct: 82  PITSWLHAPDTDFEAGIAADVDIAVSSTRQLAAVVDAAGRRGETATLTVKVDTGMNRSGV 141

Query: 138 AADRWEQTXXXX XXXXXXXXXXXXXMTHLPF GDEPDHPINSXXXXXXXXXXXXXXXXX 197
           A D W                    M HL  GDEP +P+N
Sbjct: 142 ARDEWSDFVDAF ARARAAGAVRLRGVMAHLAC GDEPANPVNDAQAAALTAAVADLRKTGA 201

Query: 198 XPEVMHLSNSPASLTRPDLSRDLVRPGLALYGGDPIPGR-DFGLVPAMTLTAQVALIKRI 256
           E++HL+NSPA+LTRPDL+ D VRPG+A+YG +P+P D L+PAMTL +V+L+K++
Sbjct: 202 IAELVHLANSPAALTRPDLAFDAVRPGIAVYGLNPVPQHSDADLIPAMTLRTRVSLVKKV 261

Query: 257 AAGQGVSYGHMWVAPHDTTVAVLPAGYADGIPRLLSGRFEVTINGRRFPGVGRICMDQXX 316
           AAG+GVSYGH +VAP DT VAV+P GYADG+PR LSGR V I+GR FPG+GRICMDQ
Sbjct: 262 AAGEGVSYGHTF VAPVDTVVAVIPVGYADGVPRALSGRLRVRIDGRDFPGIGRICMDQFV 321

Query: 317 XXXXX XXXXXAEGDLAVLLGPEPDQN-RAVDWAQTIGTIDYEIITGIGGRTERRYLG 372
           EGD +G D A +WA TIDYEI+TGIG R RRYLG
Sbjct: 322 VDLGP DGGGVGEGDEVTVFGTGIDGGPTAREWADLTDTIDYEIVTGIGPRIARRYLG 378
```

塩基配列の場合

```
Query:  example sequence (nuc) (Length = 1071)
Subject: lcl|7:GOALK116 ( Length = 23391)
         No definition line found

                Score = 32.2 bits (16), Expect = 2.6
                Identities = 16/16 (100%)
                Strand = Plus / Minus

Query: 490  gatgctgatcatcccc  505
            ||||||||||||||||
Sbjct: 2601 gatgctgatcatcccc  2586
```

9. 微生物ページ説明

a. 微生物株情報

NBRC番号	NITEバイオテクノロジーセンター(NBRC)の微生物番号です。 本のアイコンはNBRCオンラインカタログへリンクしており、該当微生物の購入が可能です。
学名	微生物の学名です。
別名（シノニム）	微生物の別名です。
由来	微生物株がNBRCに保存されるまでの由来です。
他保存機関番号	NBRC以外の保存機関における微生物株番号です。
他株番号	保存機関番号以外の株番号です。
参考文献	微生物株情報に関する参考文献です。文献のPubMed IDを記載しています。

b. 推定保有機能

当微生物のゲノム配列に推定された機能とパターン（遺伝子セット）を表示します。
詳細では、機能を発揮するために必要な遺伝子セットが当微生物に揃っていなかった経路パターンを含めて表示します（詳細ページ説明 ❓）。15ページ参照
なお、**当微生物がMiFuPで推定された機能を実際に発揮することは保証できません**ので、御注意ください。

（機能）	該当微生物に推定される機能名です。
タイプ	機能発揮に必要とされる遺伝子を"必須"、機能発揮に必須ではないが、関係する遺伝子を"任意"と表示しています。
パターン	機能発揮のための遺伝子セットのパターンです。該当微生物に推定されたパターンを表示します。 複数パターンが表示される場合は、いずれかの遺伝子セットのみでも機能を発揮できると推定されます。
使用遺伝子	各パターンで使用される遺伝子です。
推定機能配列	MiFuPで推定された、該当微生物の推定機能配列のIDです。

推定保有機能 >>詳細　詳細ページへのリンク

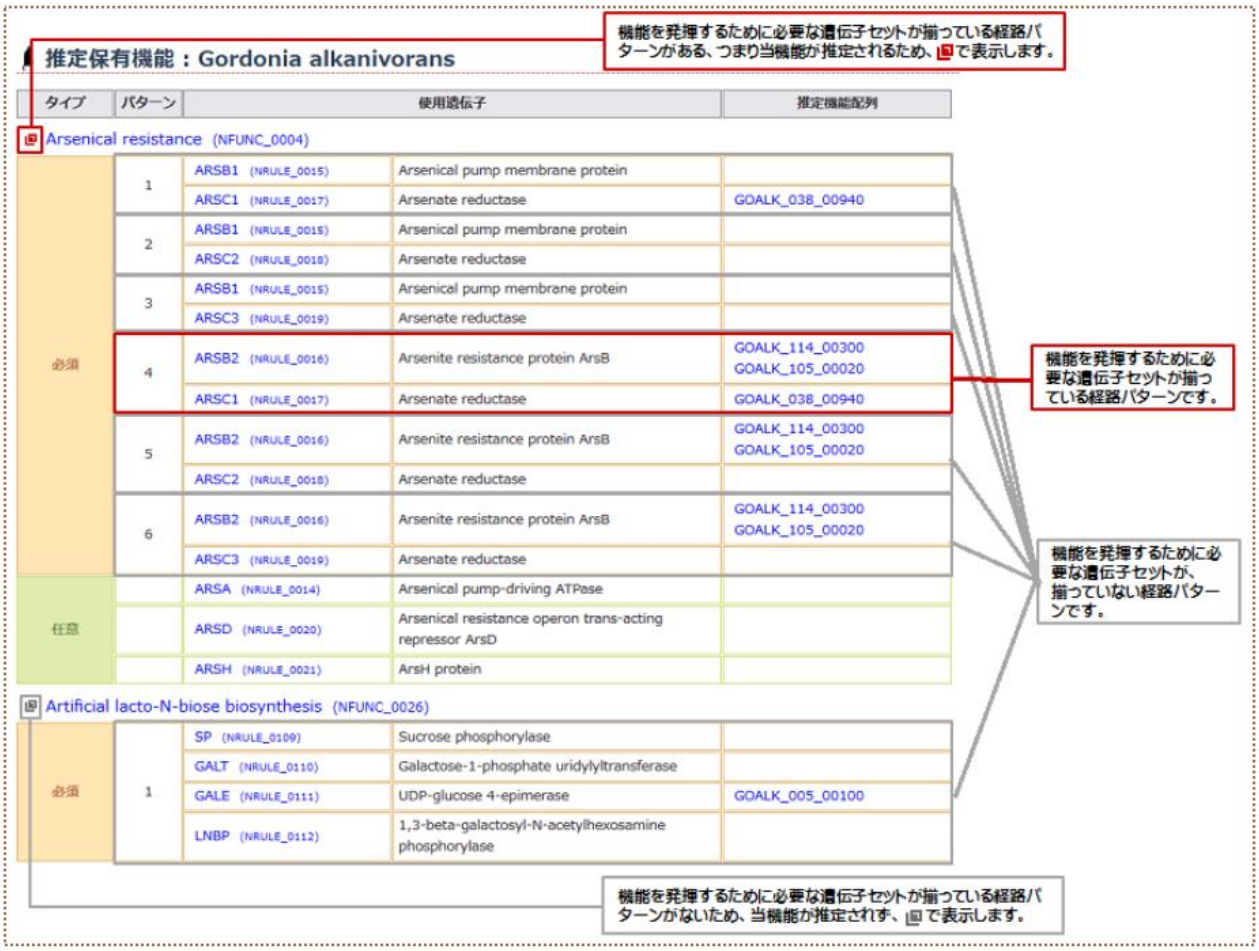
タイプ	パターン	使用遺伝子		推定機能配列
Phenol degradation (NFUNC_0028)				
必須	1	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit	GOALK_097_00590 GOALK_097_00610
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit	GOALK_097_00610 GOALK_097_00590
	2	PHEA1 (NRULE_0003)	Aromatic ring hydroxylase	GOALK_065_00040 GOALK_038_00960
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component	GOALK_092_00710 GOALK_056_01700 GOALK_050_02720 GOALK_047_00140 GOALK_046_00030 GOALK_026_00820 GOALK_122_00020 GOALK_118_00240 GOALK_118_00150 GOALK_097_00840 GOALK_097_00600 GOALK_097_02350 GOALK_120_01060
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein	GOALK_097_00620
		FDX1 (NRULE_0034)	Putative Rieske-type ferredoxin	GOALK_056_01250 GOALK_002_01210 GOALK_026_00690 GOALK_035_00050 GOALK_045_00600 GOALK_047_00120 GOALK_050_01650 GOALK_086_00020 GOALK_092_00560
		FADR1 (NRULE_0101)	NADH-dependent flavin reductase	GOALK_067_00250 GOALK_110_00430 GOALK_092_00120 GOALK_079_00080 GOALK_026_00060 GOALK_026_00790 GOALK_033_01250 GOALK_038_00980 GOALK_050_01680 GOALK_065_00050

当微生物にはフェノール分解能を発揮するために必須な遺伝子セットのパターンが2セットあります。パターン1またはパターン2の、いずれかの遺伝子セットのみでもフェノール分解能は推定されます。

当微生物には、また、フェノール分解能に関係する任意の遺伝子は4種類あります。こちらは、機能の発揮に必須ではありません。

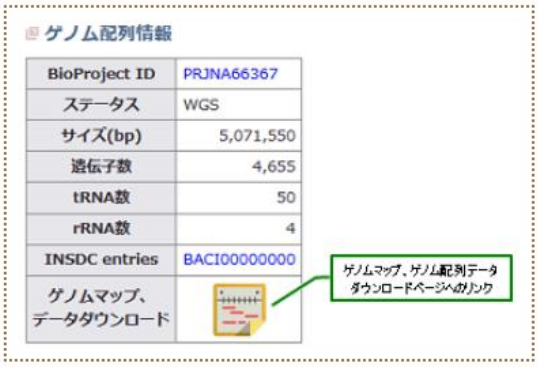
c. 推定保有機能詳細ページ

詳細では、機能を発揮するために必要な遺伝子セットが当微生物に揃っていなかった経路パターンを含めて表示します。



d. ゲノム配列情報

当微生物の国際塩基配列データベース(INSDC)に登録されているゲノム配列情報を表示します。



10. 機能ページ説明

a. 機能情報

ID	NBRCで付けたIDです。
作成日	データを作成した日です。
説明	機能概要の説明です。機能について詳細な説明はMiFuP wikiを参照してください。
コメント	機能を構成する遺伝子のサブユニット構成や経路の属性などの情報です。
参照	関連物質や経路などのデータベースへのリンクです。

機能：Phenol degradation

機能情報

MiFuP wiki へのリンク

ID	NFUNC_0028 wiki
作成日	2013-01-17
説明	The initial step of the aerobic degradation system of phenol derivatives is hydroxylation by monooxygenases (to catechol derivatives).
コメント	**Subunit structure** The multicomponent monooxygenase consists of oxygenase components(NRULE_0027, NRULE_0028), electron transfer component (ferredoxin and ferredoxin reductase)and effector protein (NRULE_0033)
参照	UniPathway UPA00728

b. 機能構成

タイプ	機能発揮に必要とされる遺伝子を“必須”、機能発揮に必要ではないが関連する遺伝子を“任意”と表示しています。
パターン	機能発揮のための遺伝子セットのパターンです。“必須”の遺伝子セットのパターンのうち、いずれか一つのパターンの遺伝子セットが揃っていれば機能を発揮する可能性があります。
使用遺伝子	各パターンで使用される遺伝子です。

機能構成

Phenol degradation (NFUNC_0028)

タイプ	パターン	使用遺伝子	
必須	1	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit
	2	PHEA1 (NRULE_0083)	Aromatic ring hydroxylase
	3	PHEA2 (NRULE_0084)	Aromatic ring hydroxylase
任意		MMG1 (NRULE_0029)	Multicomponent monooxygenase gamma subunit
		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein
		FDX1 (NRULE_0034)	Putative Rieske-type ferredoxin
		FADR1 (NRULE_0101)	NADH-dependent flavin reductase

フェノール分解能を発揮するための必須な遺伝子セットのパターンは3セット定義されています。

フェノール分解能に必須ではないが関係する任意の遺伝子は5つあります。

c. 機能が推定される微生物

微生物	機能を発揮する可能性のある微生物です。 機能構成の“必須”のパターンのうち、いずれかの遺伝子セットがそろっていた微生物です。

機能が推定される微生物

微生物		
Alicyclobacillus acidocaldarius subsp. acidocaldarius	Arthrobacter globiformis	Bacillus amyloliquefaciens
Bacillus subtilis subsp. subtilis	Beutenbergia cavernae	Cellulomonas fimi
Clostridium kluyveri	Conexibacter woesei	Corynebacterium glutamicum
Deinococcus proteolyticus	Enterobacter aerogenes	Enterobacter cloacae subsp. cloacae
Escherichia coli	Escherichia coli	Escherichia fergusonii
Gordonia aichiensis	Gordonia alkanivorans	Gordonia amarae
Gordonia amicalis	Gordonia bronchialis	Gordonia namibiensis
Gordonia otitidis	Gordonia polyisoprenivorans	Gordonia rhizosphera
Gordonia rubripertincta	Gordonia sihwensis	Gordonia soli
Gordonia sputi	Gordonia terrae	Halobacillus halophilus
Kyrpidia tusciae	Meiothermus ruber	Meiothermus silvanus
Micrococcus luteus	Nakamurella multipartita	Rhodobacter sphaeroides
Rubrobacter xylanophilus	Salinispora tropica	Shimwellia blattae
Sphingomonas wittichii	Starkeya novella	Thermomonospora curvata
Thermoproteus neutrophilus	Thermus thermophilus	Thermus thermophilus

11. 遺伝子ページ説明

a. 遺伝子情報

ID	NBRCで付けたIDです。
遺伝子ID	NBRCで付けた遺伝子IDです。遺伝子名等をもとに付けています。
作成日	データを作成した日です。
タンパク質名	この遺伝子にコードされているタンパク質の名称です。
遺伝子名	一般的な遺伝子名です。
遺伝子条件	遺伝子を推定するための条件です。
参照	他のデータベースの関係情報（遺伝子オントロジー、モチーフなど）です。
配列の特徴	代表的な遺伝子配列の、活性中心等の重要な位置情報を伴うアミノ酸配列情報です。 配列のUniProtIDと微生物名を記載しています。
注釈	その他の関連情報です。
参考文献	代表的な遺伝子配列についての参考文献です。 配列のUniProtIDと微生物名、文献のPubMedIDを記載しています。

遺伝子：Streptogramin A acetyltransferase (VAT)

遺伝子情報

ID	NRULE_0113
遺伝子ID	VAT
作成日	2013-01-17
タンパク質名	Protein name Full Streptogramin A acetyltransferase EC EC 2.3.1.- Synonym Full Virginiamycin acetyltransferase
遺伝子名	vatD
遺伝子条件	BLASTP; P26839; hit=1; score=500; pid=50
参照	Gene Ontology GO GO:0016746, F:transferase activity, transferring acyl groups, IEA:UniProtKB-KW GO:0046677, P:response to antibiotic, IEA:UniProtKB-KW Family and domain databases InterPro IPR001451, Hexapep_transf IPR018357, Hexapep_transf_CS IPR011004, Trimer_LpxA-like Pfam PF00132, Hexapep, 1 PROSITE PS00101, HEXAPEP_TRANSFERASES, 1
配列の特徴	P50870 *Enterococcus faecium* ACT_SITE 62
注釈	Function Inactivates the A compounds of virginiamycin-like antibiotics, thus providing resistance to these antibiotics Sequence similarities Belongs to the transferase hexapeptide repeat family
参考文献	P26839 *Staphylococcus aureus* 8344533 Sequence of a staphylococcal gene, vat, encoding an acetyltransferase inactivating the A-type compounds of virginiamycin-like antibiotics. (Gene. 1993) P50870 *Enterococcus faecium* 8257133 Identification of the satA gene encoding a streptogramin A acetyltransferase in Enterococcus faecium BM4145. (Antimicrob Agents Chemother. 1993)

b. 使用される機能

機能名	この遺伝子が使用される機能です。

使用される機能

機能名
Streptogramin resistance

c. 推定機能配列

微生物	MiFuPでこの遺伝子が推定された微生物名です。
CDS	MiFuPで機能が推定されたCDSのIDです。
タンパク質名	DNAデータバンクに登録されている該当CDSのタンパク質名です。 タンパク質名の登録がなかった配列については、MiGAPによりタンパク質名をつけています。

推定機能配列

微生物	CDS	タンパク質名
Bacillus cereus	BC_2611	Virginiamycin A acetyltransferase
Clostridium kluyveri	CKR_2247	hypothetical protein
Clostridium thermocellum	Cthe_1678	transferase hexapeptide repeat containing protein
Escherichia hermannii	EH105704_16_00320	putative acetyltransferase
Leadbetterella byssophila	Lbys_0916	transferase hexapeptide repeat containing protein

12. CDSページ説明

a. CDS情報

CDS	DNAデータバンクに登録されているローカスタグです。
タンパク質名	アノテーションされているタンパク質名です。
遺伝子名	アノテーションされている遺伝子名です。
コンティグ	このCDSが存在するコンティグです。
location	ゲノム上のlocationです。
NBRC番号	このCDSを有する微生物のNBRC番号です。
微生物	このCDSを有する微生物名です。
解析状況	ゲノム配列の解析状況です。

CDS : ACRAD_20_01460

CDS情報

CDS	ACRAD_20_01460
タンパク質名	anthranilate 1,2-dioxygenase large subunit
遺伝子名	antA
コンティグ	ACRAD20
location	152097..153512
NBRC番号	102413
微生物	Acinetobacter radioresistens
解析状況	High-Quality Draft

NBRCオンラインカタログへのリンク

微生物ページへのリンク

アミノ酸配列　塩基配列　アミノ酸配列と塩基配列をタブで切り替え

```
>ACRAD_20_01460 anthranilate 1,2-dioxygenase large subunit
MASRSVTEWQDFVAGCIDFRPNDGVFRIARDNFTQPELFDLEMEFIFEKVWIYACHESEIPNNHDFLTVQIGRQPIIISR
DGKGELHAMVNACEHRGATLTRVAKGNQSTFTCPFHAWCYKSDGRLVKVKAPSEYCEDFDKSSRGLKQGRIASYRGFVFV
SLDVQATDSLEDFLGDAKVFLDLMVEQSPTGELEVLQGKSAYTFAGNWKLQNENGLDGYHVSTVHYNYVSTVQHRQQVNA
AKGSDLDTLDYSKLGAGDNETDDGWFSFKNGHSVLFSDMPNPTVRPGYETVMPYLVEKYGPKRAEWAMHRLRNLNLYPSL
FFMDQISSQLRIVRPVAVNKTEVISQCIGVKGESAEARRNRIRQFEDFFNVSGLGTPDDLVEFREQQKGFQARLERWSDI
SRGHHTWCYGPTQNSQDLGIEPVITGREFTHEGLYVNGHGHWQQLMLDGLKKKALKLHDITYENHTVTDEV
```

b. 推定遺伝子

推定遺伝子	MiFuPで推定された遺伝子です。
使用される機能	該当遺伝子が使用される機能です。

推定遺伝子

推定遺伝子		使用される機能
ANTA (NRULE_0044)	Anthranilate 1,2-dioxygenase large subunit	Anthranilate degradation (via hydroxylation) (NFUNC_0018)
FDX1 (NRULE_0034)	Putative Rieske-type ferredoxin	Anthranilate degradation (via hydroxylation) (NFUNC_0018)
		Benzoate degradation (via hydroxylation by dioxygenase) (NFUNC_0017)
		n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)

お問合せ先
独立行政法人　製品評価技術基盤機構
バイオテクノロジーセンター　バイオデジタル推進課
E-mail : bio-it-safe@nite.go.jp
〒 151-0066 東京都渋谷区西原2-49-10
TEL: 03-3481-1972

ご質問、ご要望など、お気軽にお問合せください。

2025年3月