

# 微生物遺伝子機能検索データベース MiFuP マニュアル



<http://www.bio.nite.go.jp/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 wikiとは？

MiFuP wikiとは、微生物が発揮する機能情報（主にMiFuPに収録されている機能）についての情報を日本語でまとめたウェブサイトです。

機能を発揮するメカニズム、実験されている生物とその論文情報、産業利用の例などの情報を得ることができます。

..... [MiFuP wikiについて](#)  [3ページ参照](#)

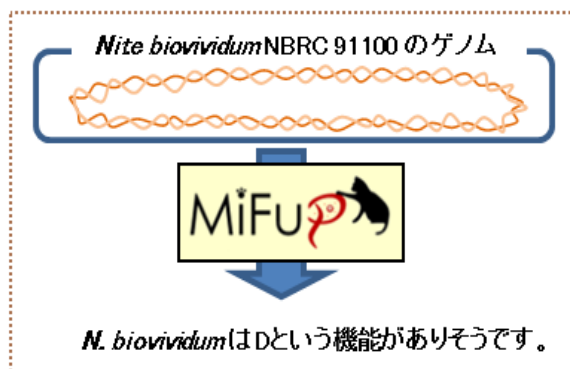


## 🐾 MiFuPのしくみは？

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。アナテーターが手作業で一つ一つ定義付けを行っていきます。

..... [MiFuPのしくみ](#)  [3ページ参照](#)



## 🐾 MiFuPを作ったのは？

MiFuP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・提供機関であり、微生物のゲノム解析も実施しています。

### NBRC関連のウェブサイトご紹介

- 📄 [製品評価技術基盤機構](http://www.nite.go.jp/) <http://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](http://www.bio.nite.go.jp/) <http://www.bio.nite.go.jp/>

NITEバイオテクノロジーセンター(NBRC)の公式サイトです。

- 📄 [NBRC オンラインカタログ](http://www.nbrc.nite.go.jp/index.html) <http://www.nbrc.nite.go.jp/index.html>

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。

- 📄 [DOGAN](http://www.bio.nite.go.jp/dogan/) <http://www.bio.nite.go.jp/dogan/>

ゲノム情報データベースです。NBRCで全長を解読した微生物のゲノム配列を公開しています。プロテオーム解析によるタンパク質発現情報も公開しています。

- 📄 [DoBISCUIT](http://www.bio.nite.go.jp/pks/) <http://www.bio.nite.go.jp/pks/>

放線菌二次代謝産物生成遺伝子データベースです。二次代謝産物（有用物質）を作る放線菌の遺伝子クラスターについて、研究情報を整理し、公開しています。

## 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<sup>\*</sup>)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ード表[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。

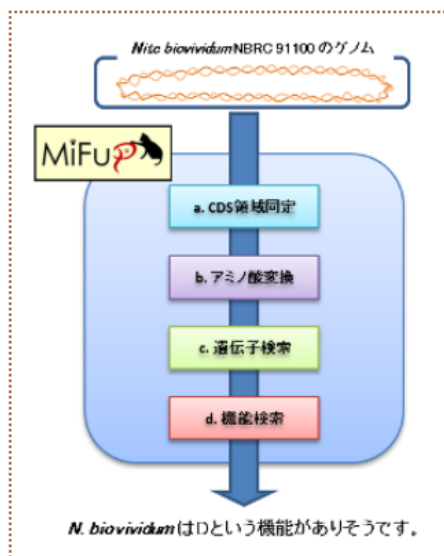
遺伝子条件は、各遺伝子ページで確認できます。

### 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。

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



## 3. MiFuP wikiについて

MiFuP wikiとは、微生物が発揮する機能（主にMiFuPに収録されている機能）についての情報を日本語でまとめたウェブサイトです。機能を発揮するメカニズム実験されている生物とその論文情報、産業利用の例などの情報を得ることができます。

..... MiFuP wiki <http://www.bio.nite.go.jp/mifup/wiki>



MiFuPからMiFuP wikiへ以下でリンクしています。

🐾 上部に表示されているバー(wikiのTopページへのリンク)




🐾 機能リスト (wikiの各機能ページへのリンク)

📄 リスト		
微生物	機能	遺伝子
絞り込み検索: <input type="text" value="start typing"/>		
機能	ID	説明
Acid resistance (by GABA antiporter)	NFUNC_0071 <a href="#">wiki</a>	The gad system helps to maintain a near-neutral intracellular pH when cells are exposed to extremely acidic conditions. Imports glutamate inside the cell while simultaneously exporting to the periplasm the GABA produced by GadA and GadB.
Alanine racemization	NFUNC_0063 <a href="#">wiki</a>	Catalyzes the interconversion of L-alanine and D-alanine. May also act on other amino acids.
Alginate degradation	NFUNC_0062 <a href="#">wiki</a>	Depolymerizes alginate by cleaving the beta-1,4 glycosidic bond.

🐾 各機能ページ(wikiの各機能ページへのリンク)

📄 機能 : Alginate degradation	
📄 機能情報	
ID	NFUNC_0062 <a href="#">wiki</a>
作成日	2013-05-28
説明	Depolymerizes alginate by cleaving the beta-1,4 glycosidic bond.
コメント	該当データなし
参照	CAZy Polysaccharide Lyase family classification Wikipedia Poly(beta-D-mannuronate) lyase

- 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？
- 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？
- 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？
- 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？
- Q MiFuPへのリンクは自由ですか？
- 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のですか？
- 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？
- Q 日本語で検索できませんか？

- 
- 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のホームページである旨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をお知らせいただくと幸いです。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います。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。
  - Q 日本語で検索できませんか？
  - A 申し訳ございません。現在、日本語での検索は不可能ですが、[MiFuP wiki](#)では各微生物機能について日本語で説明を記載しています。MiFuPと[MiFuP wiki](#)は該当機能ページ間で相互リンクしています。

## 5. 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。

検索窓:  検索  
検索語を英語で入力してください。（例 biosynthesis）

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。

検索窓:  検索  
検索語候補: 

- Antibiotic resistance:[FUNCTION]
- Arsenate reductase:[RULE]
- Arsenate resistance:[FUNCTION]**
- Arsenic metallochaperone:[RULE]
- Arsenical pump membrane protein:[RULE]
- Arsenical pump-driving ATPase:[RULE]
- Arsenical resistance operon trans-acting repressor ArsD:[RULE]
- Arsenical resistance:[FUNCTION]

検索語候補【種類】

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。

検索窓:  検索  
検索語を英語で入力してください。（例 biosynthesis）

### 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。

### 検索結果

種類	検索語
FUNCTION	Bacitracin resistance
	Chloramphenicol resistance
	Streptogramin resistance
	Polymyxin resistance
	Antibiotic resistance
	Aminoglycoside resistance: aminoglycoside N-acetyltransferase
	Aminoglycoside resistance: aminoglycoside O-nucleotidyltransferase
	Aminoglycoside resistance: aminoglycoside O-phosphotransferase
	Kanamycin resistance
	Gentamicin resistance
Streptomycin resistance	
Arsenate resistance	
Arsenical resistance	

1 - 10 of 18

微生物名: [Acinetobacter radioresistens](#) (微生物ページへのリンク)

推定される機能名: [Arsenical resistance](#) (機能ページへのリンク)

**Acinetobacter radioresistens**

- Alanine racemization
- Anthranelate biosynthesis
- Anthranelate degradation (v...)
- Arsenical resistance**
- Bacitracin resistance**
- Benzoate degradation (via h...)
- Betaine biosynthesis (from ...)
- Riboflavin biosynthesis
- Uptake of osmoprotectant
- n-alkane hydroxylation

**Acinetobacter sp.**

- Alanine racemization
- Anthranelate biosynthesis
- Aromatic azo compounds degr...
- Arsenical resistance**
- Bacitracin resistance**
- Benzoate degradation (via h...)
- Betaine biosynthesis (from ...)
- Catechol degradation (beta-...)
- Ectoioine biosynthesis
- Hydroxyectoioine biosynthesis
- Protocatechuate degradat...
- Riboflavin biosynthesis
- Uptake of osmoprotectant
- n-alkane hydroxylation

**Edwardsiella tarda**

別名 (シノニム) : *Edwardsiella anguillimortifera*

- (R)-pantothenate biosynthesis
- Alanine racemization
- Anthranelate biosynthesis
- Arsenical resistance**
- Bacitracin resistance**
- Biotin biosynthesis
- Folate biosynthesis
- GABA biosynthesis
- Polymyxin resistance**
- Riboflavin biosynthesis
- Uptake of osmoprotectant
- Vitamin B6 biosynthesis (Pd...

## 6. 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。

■ Eukaryota

- Archaea ..... 5
- Bacteria ..... 268
- Actinobacteria ..... 88
- Aquificae
- Armatimonadetes
- Bacteroidetes/Chlorobi group ..... 24
- Caldiseptica
- Chlamydiae/Verrucomicrobia group
- Chloroflexi
- Chrysiogenetes
- Cyanobacteria ..... 1
- Deferribacteres ..... 1
- Deinococcus-Thermus ..... 6
- Dictyoglomi
- Elusimicrobia
- Fibrobacteres/Acidobacteria group ..... 1
- Firmicutes ..... 58
- Fusobacteria
- Gemmatimonadetes
- Nitrospinae
- Nitrospirae
- Planctomycetes ..... 1
- Proteobacteria ..... 72
- Spirochaetes
- Synergistetes
- Tenericutes ..... 10
- Thermodesulfobacteria
- Thermotogae ..... 6
- unclassified Bacteria

## 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。
他保存期間番号	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。

### リスト : 微生物 [Bacteria]

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
<a href="#">Gordonia aichiensis</a>	Gordonia 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
<a href="#">Gordonia alkanivorans</a>	Gordonia niti	16433	DSM 44369=JCM 10677=CIP 106363	10555331	17
<a href="#">Gordonia amarae</a>	Gordonia amarae (sic) Nocardia amarae	15530	ATCC 27808=CCM 2753=JCM 3171=NCIMB 11222=CIP 104501=DSM 43392=HAMB1 2282=NRRL B-16281=NRRL B-8176=VKM Ac-801	7981103	12
<a href="#">Gordonia amicalis</a>		100051	DSM 44461=JCM 11271=KCTC 9940=CCUG 48822=BCRC 16387=CCRC 16387=CIP 108824	11155977	16
<a href="#">Gordonia araii</a>		100433	IFM 10211=DSM 44811=JCM 12131=CCUG 53883=CIP 109346	16902014	14
<a href="#">Gordonia bronchialis</a>	Gordonia 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
<a href="#">Gordonia effusa</a>		100432	IFM 10200=DSM 44810=JCM 12130=CCUG 53882=CIP 109345	16902014	18
<a href="#">Gordonia hirsuta</a>	Gordonia hirsuta (sic)	16056	DSM 44140=ATCC 700255=CIP 105097=JCM 10105	8863412	12
<a href="#">Gordonia namibiensis</a>		108229	IFM 10356=DSM 44568=JCM 12074=BCRC 16392=CCUG 47264=CIP 107614=KCTC 9952=NCIMB 13800	11876358	16
<a href="#">Gordonia otitidis</a>		100426	IFM 10032=DSM 44809=JCM 12355=CCUG 52243=CIP 109016	16166681	15
<a href="#">Gordonia polyisoprenivorans</a>		16320	DSM 44302=ATCC BAA-14=CIP 106350=JCM 10675	10555361	16
<a href="#">Gordonia rhizosphaera</a>		16068	CIP 105727=JCM 10426=VKM Ac-2072=DSM 44383	9734045	17

## b. 機能リスト

MiFuPで定義づけら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。

**リスト**

検索窓  
(絞り込み検索)

MiFuP wikiへのリンク

機能	ID	説明
<a href="#">Bacitracin resistance</a>	NFUNC_0022 <a href="#">wiki</a>	Resistance to streptogramin by dephosphorylation of undecaprenyl diphosphate (Upp).
<a href="#">Benzoate degradation (via hydroxylation by dioxygenase)</a>	NFUNC_0017 <a href="#">wiki</a>	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).
<a href="#">Beta-lactam antibiotic resistance</a>	NFUNC_0033 <a href="#">wiki</a>	Resistance to beta-lactam antibiotics by beta-lactamase that hydrolyzes the beta-lactam amide bond.
<a href="#">Betaine biosynthesis (from choline)</a>	NFUNC_0049 <a href="#">wiki</a>	Betaine biosynthesis pathway using choline as starting material. Betaine accumulates as a compatible solute in several halotolerant microorganisms.
<a href="#">Betaine biosynthesis (from glycine)</a>	NFUNC_0050 <a href="#">wiki</a>	Betaine biosynthesis pathway using glycine as starting material. Betaine accumulates as a compatible solute in several halotolerant microorganisms.
<a href="#">Bioplastic synthesis</a>	NFUNC_0001 <a href="#">wiki</a>	Involved in the production of polyhydroxyalkanoic acids (PHAs). Biopolymer metabolism; poly-(R)-3-hydroxybutanoate biosynthesis.
<a href="#">Biotin biosynthesis</a>	NFUNC_0051 <a href="#">wiki</a>	Biosynthesis of biotin, a B-group vitamin. Biotin has essential metabolic functions as the CO <sub>2</sub> -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.
<a href="#">Bleomycin resistance</a>	NFUNC_0021 <a href="#">wiki</a>	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。

**リスト**

検索窓  
(絞り込み検索)

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, oxo	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



## 7. 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 ..... <a href="#">微生物ページ説明</a> <a href="#">13ページ参照</a>
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 ..... <a href="#">機能ページ説明</a> <a href="#">16ページ参照</a>
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 ..... <a href="#">遺伝子ページ説明</a> <a href="#">17ページ参照</a>
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 ..... <a href="#">CDSページ説明</a> <a href="#">19ページ参照</a>

### 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

## 8. 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。

### 機能検索

**クエリ配列 (FASTA 形式)**  
Upload File  ファイルが選択されていません。  
Or, Enter Sequence(s)

**クエリ種別**  
 ゲノム塩基配列  CDS塩基配列  CDSアミノ酸配列

### 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。

<input checked="" type="checkbox"/> (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。

### 機能検索 : 結果

推定保有機能 >> 詳細

タイプ	パターン	使用遺伝子	推定機能配列
<input checked="" type="checkbox"/> Aromatic azo compounds degradation (NFUNC_0073)			
必須	1	AZOR (NRULE_0236)	FMN-dependent NADH-azoreductase
<input checked="" type="checkbox"/> Tyramine biosynthesis (NFUNC_0079)			
必須	1	TYRDC (NRULE_0248)	Pyridoxal-dependent tyrosine decarboxylase
任意		TYRP (NRULE_0249)	Tyrosine permease

機能が推定されたCDSのアミノ酸配列へのリンク

## 9. 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	

### 相同性検索

#### クエリ配列 (FASTA 形式)

Upload File  ファイルが選択されていません。

Or, Enter Sequence(s)

Example pep nuc

#### Program & Database type

	CDS		Genome
	protein	nucleotide	nucleotide
protein query	<input checked="" type="radio"/> blastp	<input type="radio"/> tblastn	<input type="radio"/> tblastn
nucleotide query	<input type="radio"/> blastx	<input type="radio"/> blastn	<input type="radio"/> blastn
		<input type="radio"/> tblastx	<input type="radio"/> tblastx

#### Data Set

- 
- Eukaryota
- Archaea ..... 5
- Bacteria ..... 268

検索対象の生物を選択することが可能です。  
検索したい生物にチェックを入れてください。

#### Options

Default  オプションでは、詳細な検索設定が可能です。

E-value

Filter  T  F

Additional

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

Table with 2 rows: Data Set (Gordonia alkanivorans, Gordonia araii, Gordonia hirsuta) and Query (example)

Table with 8 columns: No., 微生物, CDS, タンパク質名, E-value, score, identity, hsp. Lists search results for alanine racemase and other proteins.

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

BLAST alignment details for a peptide sequence. Includes query and subject information, score (345 bits), and a multi-line alignment showing amino acid matches in red and substitutions in yellow.

塩基配列の場合

BLAST alignment details for a nucleotide sequence. Includes query and subject information, score (32.2 bits), and an alignment showing base matches in red with vertical lines.


## 10. 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。


### 微生物 : *Gordonia alkanivorans*

#### 微生物株情報


NBRC番号	16433  <a href="#">NBRCオンラインカタログへのリンク</a>
学名	<i>Gordonia alkanivorans</i>
別名(シノニム)	<i>Gordonia niti</i>
由来	IFO 16433 <- DSM 44369 <- Hans-Knoll Inst., Jena (C. Kummer, HKI 0136)
他保存機関番号	DSM 44369=JCM 10677=CIP 106363
他株番号	HKI 0136
参考文献	<a href="#">10555331</a> <i>Gordonia alkanivorans</i> sp. nov., isolated from tar-contaminated soil. (Int J Syst Bacteriol. 1999) <a href="#">PubMed へのリンク</a>


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い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。該当微生物にすいて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_0083)	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)
	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い経路パターンを含めて表示します。

**推定保有機能 : Gordonia alkanivorans**

機能を発揮するために必要な遺伝子セットが揃っている経路パターンがある、つまり当機能が推定されるため、■で表示します。

タイプ	パターン	使用遺伝子	推定機能配列	
<b>■ Arsenical resistance (NFUNC_0004)</b>				
必須	1	ARSB1 (NRULE_0015)	Arsenical pump membrane protein	
		ARSC1 (NRULE_0017)	Arsenate reductase	GOALK_038_00940
	2	ARSB1 (NRULE_0015)	Arsenical pump membrane protein	
		ARSC2 (NRULE_0018)	Arsenate reductase	
	3	ARSB1 (NRULE_0015)	Arsenical pump membrane protein	
		ARSC3 (NRULE_0019)	Arsenate reductase	
	4	ARSB2 (NRULE_0016)	Arsenite resistance protein ArsB	GOALK_114_00300 GOALK_105_00020
		ARSC1 (NRULE_0017)	Arsenate reductase	GOALK_038_00940
	5	ARSB2 (NRULE_0016)	Arsenite resistance protein ArsB	GOALK_114_00300 GOALK_105_00020
		ARSC2 (NRULE_0018)	Arsenate reductase	
	6	ARSB2 (NRULE_0016)	Arsenite resistance protein ArsB	GOALK_114_00300 GOALK_105_00020
		ARSC3 (NRULE_0019)	Arsenate reductase	
任意		ARSA (NRULE_0014)	Arsenical pump-driving ATPase	
		ARSD (NRULE_0020)	Arsenical resistance operon trans-acting repressor Arsd	
		ARSH (NRULE_0021)	Arsh protein	
<b>■ Artificial lacto-N-biose biosynthesis (NFUNC_0026)</b>				
必須	1	SP (NRULE_0109)	Sucrose phosphorylase	
		GALT (NRULE_0110)	Galactose-1-phosphate uridylyltransferase	
		GALE (NRULE_0111)	UDP-glucose 4-epimerase	GOALK_005_00100
		LNBP (NRULE_0112)	1,3-beta-galactosyl-N-acetylhexosamine phosphorylase	

機能を発揮するために必要な遺伝子セットが揃っていない経路パターンです。

機能を発揮するために必要な遺伝子セットが揃っている経路パターンがないため、当機能が推定されず、■で表示します。

### 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。

**■ ゲノム配列情報**

BioProject ID	PRJNA66367
ステータス	WGS
サイズ(bp)	5,071,550
遺伝子数	4,655
tRNA数	50
rRNA数	4
INSDC entries	BACI00000000
ゲノムマップ、データダウンロード	

ゲノムマップ、ゲノム配列データダウンロードページへのリンク

# 11. 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 <a href="#">wiki</a>
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	<b>Subunit structure</b> 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

タイプ	パターン	使用遺伝子
-----	------	-------

#### Phenol degradation (NFUNC\_0028)

タイプ	パターン	使用遺伝子	説明
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		
<a href="#">Alicyclobacillus acidocaldarius subsp. acidocaldarius</a>	<a href="#">Arthrobacter globiformis</a>	<a href="#">Bacillus amyloliquefaciens</a>
<a href="#">Bacillus subtilis subsp. subtilis</a>	<a href="#">Beutenbergia cavernae</a>	<a href="#">Cellulomonas fimi</a>
<a href="#">Clostridium kluyveri</a>	<a href="#">Conexibacter woesei</a>	<a href="#">Corynebacterium glutamicum</a>
<a href="#">Deinococcus proteolyticus</a>	<a href="#">Enterobacter aerogenes</a>	<a href="#">Enterobacter cloacae subsp. cloacae</a>
<a href="#">Escherichia coli</a>	<a href="#">Escherichia coli</a>	<a href="#">Escherichia fergusonii</a>
<a href="#">Gordonia aichiensis</a>	<a href="#">Gordonia alkanivorans</a>	<a href="#">Gordonia amarae</a>
<a href="#">Gordonia amicalis</a>	<a href="#">Gordonia bronchialis</a>	<a href="#">Gordonia namibiensis</a>
<a href="#">Gordonia otitidis</a>	<a href="#">Gordonia polyisoprenivorans</a>	<a href="#">Gordonia rhizosphaera</a>
<a href="#">Gordonia rubripertincta</a>	<a href="#">Gordonia sihwensis</a>	<a href="#">Gordonia soli</a>
<a href="#">Gordonia sputi</a>	<a href="#">Gordonia terrae</a>	<a href="#">Halobacillus halophilus</a>
<a href="#">Kyrpidia tusciae</a>	<a href="#">Meiothermus ruber</a>	<a href="#">Meiothermus silvanus</a>
<a href="#">Micrococcus luteus</a>	<a href="#">Nakamurella multipartita</a>	<a href="#">Rhodobacter sphaeroides</a>
<a href="#">Rubrobacter xylanophilus</a>	<a href="#">Salinispora tropica</a>	<a href="#">Shimwellia blattae</a>
<a href="#">Sphingomonas wittichii</a>	<a href="#">Starkeya novella</a>	<a href="#">Thermomonospora curvata</a>
<a href="#">Thermoproteus neutrophilus</a>	<a href="#">Thermus thermophilus</a>	<a href="#">Thermus thermophilus</a>



## 12. 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	<p><b>Protein name</b></p> <p>Full Streptogramin A acetyltransferase</p> <p>EC EC 2.3.1.-</p> <p><b>Synonym</b></p> <p>Full Virginiamycin acetyltransferase</p>
遺伝子名	vatD
遺伝子条件	BLASTP; P26839; hit=1; score=500; pid=50
参照	<p><b>Gene Ontology</b></p> <p>GO <a href="#">各データベースへのリンク</a></p> <p>GO:0016746, F:transferase activity, transferring acyl groups, IEA:UniProtKB-KW</p> <p>GO:0046677, P:response to antibiotic, IEA:UniProtKB-KW</p> <p><b>Family and domain databases</b></p> <p><b>InterPro</b></p> <p><a href="#">IPR001451</a>, Hexapep_transf</p> <p><a href="#">IPR018357</a>, Hexapep_transf_CS</p> <p><a href="#">IPR011004</a>, Trimer_LpxA-like</p> <p><b>Pfam</b></p> <p><a href="#">PF00132</a>, Hexapep, 1</p> <p><b>PROSITE</b></p> <p><a href="#">PS00101</a>, HEXAPEP_TRANSFERASES, 1</p>
配列の特徴	<p><b>P50870 Enterococcus faecium</b></p> <p>ACT_SITE   02   <a href="#">UniProtへのリンク</a></p>
注釈	<p><b>Function</b></p> <p>Inactivates the A compounds of virginiamycin-like antibiotics, thus providing resistance to these antibiotics</p> <p><b>Sequence similarities</b></p> <p>Belongs to the transferase hexapeptide repeat family</p>
参考文献	<p><b>P26839 Staphylococcus aureus</b></p> <p><a href="#">8344533</a> Sequence of a staphylococcal gene, vat, encoding an acetyltransferase inactivating the A-type compounds of virginiamycin-like antibiotics. (Gene. 1993)</p> <p><b>P50870 Enterococcus faecium</b></p> <p><a href="#">8257133</a> Identification of the satA gene encoding a streptogramin A acetyltransferase in Enterococcus faecium BM4145. (Antimicrob Agents Chemother. 1993)</p> <p><a href="#">PubMed へのリンク</a></p>

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データベース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
<a href="#">Bacillus cereus</a>	<a href="#">BC_2611</a>	Virginiamycin A acetyltransferase
<a href="#">Clostridium kluyveri</a>	<a href="#">CKR_2247</a>	hypothetical protein
<a href="#">Clostridium thermoCELLUM</a>	<a href="#">Cthe_1678</a>	transferase hexapeptide repeat containing protein
<a href="#">Escherichia hermannii</a>	<a href="#">EH105704_16_00320</a>	putative acetyltransferase
<a href="#">Leadbetterella bysophila</a>	<a href="#">Lbys_0916</a>	transferase hexapeptide repeat containing protein

### 13. CDSページ説明

#### a. CDS情報

CDS	DNAデータベース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 <a href="#">NBRCオンラインカタログへのリンク</a>
微生物	<a href="#">Acinetobacter radioresistens</a>
解析状況	High-Quality Draft <a href="#">微生物ページへのリンク</a>

##### 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
MASRSVTEWQDFYAGCIDFRPNDGVFRIRADMFTQPELFDLEMEFIFEKYWIYACHESEIPNNHDFLTVOIGRQPIIISR
DGKGLHAMYNACEHRGATLTRVAKNGSGTFTQPFHAWCYKSDGRLVYKAPSEYCEDFDKSSRGLKQGRIASYRGFVY
SLDVOATDSDLEDFLGDAKVFLLDMVEQSPTELEVLQKGSAYTFAGNWKLNENGLDGYHVTVHYNYVSTVQHRQOVNA
AKGSDLDLTDYSKLGAGDNETDDGWFQKNGHSVLFSDMNPNTVRPGYETVMPYLVEKYGPKRAEWAMHRLRMLNLYPSL
FFMDQISSQLRIVRPVAVNKTEVVISQCIQYKGESAEARRNRIRQFEDFFNVSGLGTPDOLVEFREQQKGFQARLERWSDI
SRGHHTVWYQPTQNSDGLGIEPVITGREFTHEGLYVNOHGHVQQLMGLKIKKALKLHDITYENHTYTDEV
```

#### 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	該当遺伝子で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)

ご不明な点やご要望等は電話(以下のお問合せ先参照)いただくか、  
MiFuPに設置されているお問合せフォームより、お気軽にお問合せください。

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 情報解析課  
E-mail: [bio@nite.go.jp](mailto:bio@nite.go.jp)  
東京都渋谷区西原2-49-10  
TEL: 03-3481-8423 FAX: 03-3481-1962

