

# 微生物遺伝子機能検索データベース MiFuP マニュアル 実践編



<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**

# 目次

0. はじめに .....	3
1. 微生物を探す .....	4
例：GABA生産能と浸透圧耐性能が予測される微生物を検索して、微生物株を入手する .....	4
2. リストを使う .....	8
例 1：MiFuPに機能推定データがあるストレプトマイセス属放線菌の一覧を調べる .....	8
例 2：MiFuPで定義しているバイオプラスチック関連機能を調べる .....	9
例 3：MiFuPで不凍タンパク質と推定された配列情報を調べる .....	10
3. ゲノム配列から機能を検索する .....	12
例：ユーザー保有ゲノム配列が有する機能を検索し、構成遺伝子推定領域を調べる .....	12
4. 相同性検索する .....	15
例：特定の微生物ゲノム配列に対して相同性検索をする .....	15

# 0. はじめに

## 1. MiFuPとは？

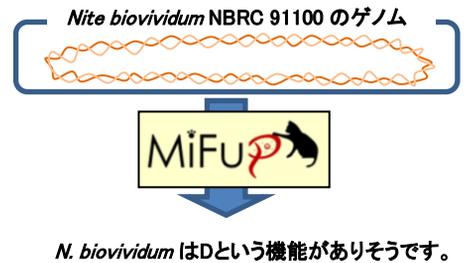
微生物は、食品や医薬品の生産、環境汚染物質の分解など様々なすばらしい機能をもっており、古くから産業利用されています。MiFuP (Microbial Functional Potential) は、ゲノム配列情報から微生物の機能を推定するデータベースです。

- ・ゲノム配列が決定さ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情報を手軽に検索できます。
- ・微生物のゲノム配列・CDS配列を入力すると、その微生物が有する機能を推定できます。

なお、**MiFuPで予測された機能の発現については保証できません**ので、御注意ください。

## 2. MiFuPのしくみは？

ゲノム配列から微生物の持つ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。



## 3. 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関連ウェブサイトのご紹介

☆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オンラインカタログ <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。

# 1. 微生物を検索する

MiFuP のトップページでは、目的の機能が予測される微生物をキーワード検索できます。

例： GABA生産能と浸透圧耐性能の両機能を持つと予測される微生物を検索して、微生物株を入手する。

1. URL: <https://www.nite.go.jp/nbrc/mifup/>にアクセスします。

2. トップページが表示されます。



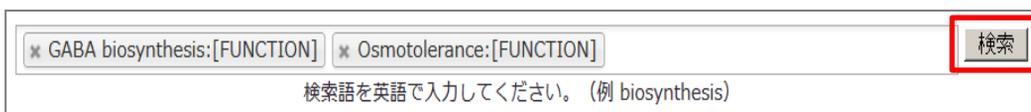
3. 検索ウィンドウに「gaba」と入力すると検索語候補が表示されますので、「GABA biosynthesis」を選択します。



\* 1. 検索キーワードは機能名のほか、微生物名、株名、遺伝子名、タンパク質名などでも検索することができます。

\* 2. MiFuPでは、英語でしか検索できません。

4. 「GABA biosynthesis」に続けて、同様に「Osmotolerance」を入力し、検索ボタンをクリックします。



5. GABA生産能と浸透圧耐性能が予測される微生物が52件ヒットしました。各微生物名の下に、その微生物に推定される機能一覧が表示されます。機能名が途中で切れている場合、カーソルをあてると機能名の全文が表示されます。

**検索結果**

種類	検索語
FUNCTION	GABA biosynthesis → GABA biosynthesis
	Osmotolerance → <ul style="list-style-type: none"> <li>Uptake of osmoprotectant</li> <li>Betaine biosynthesis (from glycine)</li> <li>Betaine biosynthesis (from choline)</li> <li>Ectoine biosynthesis</li> <li>Hydroxyectoine biosynthesis</li> </ul>

1 - 10 of 52 **52件の微生物がヒット**

**Actinoalloteichus cyanogriseus** **微生物名** **微生物に推定される機能一覧**

別名 (シノニム) : Streptomyces caeruleus

- (R)-pantothenate biosynthesis
- Alanine racemization
- Aminoglycoside resistance (...)
- Ampicillin resistance
- Anthranilate biosynthesis
- Bacitracin resistance
- Beta-lactam antibiotic resi...
- D-allose biosynthesis
- Ectoine biosynthesis
- GABA biosynthesis
- Hydroxyectoine biosynthesis
- Macrolide antibiotic resist...
- Penicillin resistance
- Phenol degradation
- Pyrroloquinoline quinone bi...
- Streptomycin resistance
- Trehalose biosynthesis (fro...)
- Uptake of osmoprotectant
- Vitamin B6 biosynthesis (Pd...)

**Actinomadura atramentaria**

- Alanine racemization
- Ampicillin resistance
- Anthranilate biosynthesis
- Bacitracin resistance
- Beta-lactam antibiotic resi...
- D-allose biosynthesis
- Ectoine biosynthesis
- GABA biosynthesis
- Hydroxyectoine biosynthesis
- Metallothionein
- Penicillin resistance
- Trehalose biosynthesis (fro...)
- Uptake of osmoprotectant
- Vitamin B6 biosynthesis (Pd...)

機能名にカーソルをあてた場合

biosynthesis Ectoine biosynthesis GABA biosynthesis Hydroxyectoine biosynthesis

radation Pyrroloquinoline quinone bi... Streptomycin resistance

amin B6 biosynthesis (Pd... [NFUNC\_0020] Pyrroloquinoline quinone biosynthesis

**機能名の全文**

6. 微生物株を入手するため、微生物名をクリックします。

**検索結果**

種類	検索語
FUNCTION	Betaine biosynthesis (from glycine) → Betaine biosynthesis (from glycine)

1 - 8 of 8

**Actinopolyspora iraqiensis** **微生物ページへのリンク**

- Alanine racemization
- Anthranilate biosynthesis
- Bacitracin resistance
- Betaine biosynthesis (from ...)
- Betaine biosynthesis (from ...)
- Bioplastic degradation
- Ectoine biosynthesis
- Hydroxyectoine biosynthesis
- Metallothionein
- Phenol degradation
- Trehalose biosynthesis (fro...)
- Uptake of osmoprotectant
- Vitamin B6 biosynthesis (Pd...)
- n-alkane hydroxylation

7. 微生物ページでは、微生物株情報や、その微生物に推定される機能一覧をみることができます。(微生物ページの詳細な見方については、ヘルプページの「10. 微生物ページ説明」を参照してください。)

**微生物 : Actinopolyspora iraqiensis**

微生物株情報 **NBRC番号**

NBRC番号	103187 
学名	Actinopolyspora iraqiensis
別名 (シノニム)	該当データなし
由来	JCM 9891 <- AS 4.1193 <- A.M. Al-Tai, IQ-H1
他保存機関番号	AS 4.1193=DSM 44640=JCM 9891
他株番号	IQ-H1
参考文献	該当データなし

**その微生物に推定された機能一覧の表**

推定保有機能 >>詳細

タイプ	パターン	構成遺伝子	該当CDS
<b>Alanine racemization (NFUNC_0063)</b>			
必須	A	ALR (NRULE_0228) Alanine racemase	ACTIR_217_00030
<b>n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)</b>			
必須	B	ALKB (NRULE_0024) Alkane 1-monooxygenase	ACTIR_660_00010
	C	MMA (NRULE_0027) Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit	ACTIR_471_00320 ACTIR_471_00300
		MMB (NRULE_0028) Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit	ACTIR_471_00300 ACTIR_471_00320
		FDR1 (NRULE_0032) Oxygenase electron transfer component	ACTIR_511_00060 ACTIR_226_00020 ACTIR_208_00060 ACTIR_471_00310 ACTIR_475_00050
	MME (NRULE_0033) Multicomponent monooxygenase effector protein	ACTIR_471_00330	
任意		FDX1 (NRULE_0034) Putative Rieske-type ferredoxin	ACTIR_698_00030 ACTIR_304_00060

8. NBRC番号の隣にある緑の「NBRC」のロゴ(NBRCオンラインカタログへのリンク)をクリックします。

**微生物 : Actinopolyspora iraqiensis**

微生物株情報

NBRC番号	103187 
学名	Actinopolyspora iraqiensis
別名 (シノニム)	該当データなし
由来	JCM 9891 <- AS 4.1193 <- A.M. Al-Tai, IQ-H1
他保存機関番号	AS 4.1193=DSM 44640=JCM 9891
他株番号	IQ-H1
参考文献	該当データなし

9. NBRCオンラインカタログの該当する微生物株のページが表示されます。微生物株の入手方法は、右上の「ヘルプ」から見ることができます。

 **NBRC**  
オンラインカタログ

検索条件 -   ログイン  English

### カタログ検索結果 - 詳細情報 -

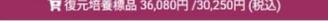
**NBRC 103187: *Saccharomonospora iraqiensis* Nouioui et al. 2018**

NBRC 103187の情報や関連データは以下のバナー(DBRP)からご覧ください。  
日本語での検索も可能です。

 **DBRP**  
Data and Biological Resource Platform

数量・価格 一般/アカデミック 価格の詳細はこちら   
数量: 1 

 乾燥標品 (ガラスアンプル) 11,660円 /5,830円 (税込)

 復元培養標品 36,080円 /30,250円 (税込)

#### General Information

Synonymous Name	<i>Actinopolyspora iraqiensis</i>
Teleomorph	
Anamorph	
Other Culture Collection No.	AS 4.1193=DSM 44640=JCM 9891
Other No.	IQ-H1
Herbarium No.	
Shipping as	Glass ampoule (L-dried)
Type Strain	type
Biosafety Level	L1 
Restriction 	
Conditions of utilization	
Plant Quarantine No.	
Animal Quarantine No.	
Source of Isolation	Saline soil
Locality of Source	
Country/region of Origin	Iraq
Accepted Date	2007/05/08
Isolated Year	
Deposited Year	2007
History	JCM 9891 <- AS 4.1193 <- A.M. Al-Tal, IQ-H1
Comment	

#### Growth Condition

Rehydration Fluid	707 
Medium	1040 
Cultivation Temp.	28 C
Oxygen Relationship	Aerobe
Information for Users	コロニーバリエーション有り。白色の菌糸をつけるコロニーと、クリーム色の菌糸をつけるコロニーを形成する。

#### Sequence Information

Sequences	16S rDNA 
Accession No.	AICW00000000:Genome
Biosample ID	SAMN02441411
Bioproject ID	PRJNA72401

#### Additional Information

Applications	
Mating Type	
Genetic Markers	
References	5082,  8275,  8276 

## 2. リストを使う

リストでは、MiFuPに配列データがある微生物一覧、MiFuPで定義を作成している機能一覧、機能を構成する遺伝子一覧を見ることができます。

例1: MiFuPに機能推定データがあるストレプトマイセス属放線菌の一覧を調べる。

1. MiFuPのトップページ上部の「リスト」をクリックします。



2. リストページが表示されます。放線菌はBacteriaなので、そのまま「微生物」のタブでBacteriaの隣の赤いアイコンをクリックします。



3. MiFuPにデータがあるBacteriaの一覧が表示されます。

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
<a href="#">Acaricomes phytoseiuli</a>		107788	DSM 14247=JCM 14300=CCUG 49701=CIP 109141	16449459	14
<a href="#">Acaryochloris marina</a>		102967	MBIC 11017	9789086, 10482787, 10354492, 16228493, 10611453, 15016990	11
<a href="#">Acetobacter aceti</a>	<a href="#">Acetobacter (Acetobacter) aceti</a> <a href="#">Acetobacter aceti subsp. aceti</a>	14818	ATCC 15973=CCUG 18122=CIP 103111=DSM 3508=ICMP 8807=JCM 7641=LMG 1261=LMG 1504=NCCB 23001=NCIB 8621=NCIMB 8621	12483586, 10830489	5
<a href="#">Acetobacter pasteurianus</a>		101655	BCC 5443		8
<a href="#">Acetobacter tropicalis</a>		101654	BCC 36194		9
<a href="#">Acholeplasma laidlawii</a>		14400	ATCC 23206=CIP 75.27=NCTC 10116	5487182	2
<a href="#">Acidimicrobium ferrooxidans</a>		103882	DSM 10331=JCM 15462		5
<a href="#">Acidobacterium capsulatum</a>		15755	ATCC 51196=DSM 11244=JCM 7670=NCIMB 13165	23835745	9
<a href="#">Acinetobacter radioresistens</a>		102413	IAM 13186=ATCC 43998=DSM 6976=CIP 103788=LMG 10613=NCIMB 12753=JCM 9326		10
<a href="#">Acinetobacter sp.</a>		100985	MBIC 01332=FERM P-13368	10028249	14
<a href="#">Actinostellium cyanogriseus</a>	<a href="#">Streptomyces caeruleus</a>	14455	AS 4.1159=CIP 106755=DSM 43889=JCM 6095=NRRL B-16252		19

4. 右上の絞り込み検索窓に「Streptomyces」と入力します。



5. MiFuPにデータがあるストレプトマイセス属放線菌の一覧が出ます。各微生物株にMiFuPで推定された機能の数やNBRC番号を見ることができます。推定された機能一覧を見たい場合は、微生物名をクリックして微生物ページへジャンプしてください。（微生物ページの詳細な見方については、ヘルプページの「10. 微生物ページ説明」を参照してください。）NBRC番号はNBRCオンラインカタログへリンクしています。

リスト：微生物 [Bacteria]

**ストレプトマイセス属放線菌の一覧**

学名	別名 (シノニム)	NBRC番号	保存番号	絞り込み検索: Streptomyces	機能数
<a href="#">Actinoalloteichus cyanogriseus</a>	Streptomyces caeruleus	14455	AS 4.1159=CIP 106755=DSM 43889=JCM 6095=NRRL B-16252		19
<a href="#">Saccharopolyspora erythraea</a>	Streptomyces erythraeus	13426	ATCC 11635=CBS 727.72=DSM 40517=HUT 6087=IAM 0045=ISP 5517=JCM 4026=JCM 4748=NBRC 12597=NCIB 8594=NCIMB 8594=NRRL 2338=RIA 1387=VKM Ac-1189		24
<a href="#">Streptomyces cattleya</a>		14057	JCM 4925=NRRL 8057	761989, 7670640, 21868806	20
<a href="#">Streptomyces clavuligerus</a>		13307	AS 4.1611=ATCC 27064=BCRC 11518=CBS 226.75=CECT 3125=DSM 40751=DSM 738=JCM 4710=KCTC 9095=NCIMB 12785=NRRL 3585=VKM Ac-602	20889745, 21041678, 20624727	21
<a href="#">Streptomyces ghanaensis</a>		15414	ATCC 14672=CBS 544.70=CECT 3210=DSM 40746=JCM 4963=NRRL B-12104	5883490, 19640006	20
<a href="#">Streptomyces mobaraensis</a>	Streptomyces ladakanum Streptovorticillum ladakanum Streptovorticillum mobaraense	13819	ATCC 29032=BCRC 12165=CBS 199.75=DSM 40847=JCM 4168=NCIMB 11159=NRRL B-3729=RIA 1627=VKM Ac-928	13130042, 16390180	16
<a href="#">Streptomyces pristinaespiralis</a>		13074	AS 4.1352=ATCC 25486=BCRC 12096=CBS 914.69=DSM 40338=ISP 5338=JCM 4507=NBRC 13074=NRRL 2958=RIA 1266	9303382	21
<a href="#">Streptomyces purpureus</a>	Kitasatoa diplospora Kitasatoa kauaiensis Kitasatoa nagasakiensis Kitasatoa purpurea	13925	ATCC 21405	4886644	20
<a href="#">Streptomyces sveticus</a>		13980	NRRL 5439	4790601	24
<a href="#">Streptomyces venezuelae</a>		13096	ATCC 10712=ATCC 25508=BCRC 11512=CBS 650.69=DSM 40230=ISP 5230=JCM 4526=LMG 19308=NBRC 12595=NRRL 2277=RIA 1288=RIA 70=VKM Ac-589	2040427, 20351769	21

↑ 微生物ページへのリンク      ↑ NBRC オンラインカタログへのリンク

例2: MiFuPで定義しているバイオプラスチック関連機能を調べる。

1. リストページの「機能」のタブをクリックします。

リスト

微生物    **機能**    遺伝子

Eukaryota

Archaea ..... 5

Bacteria ..... 268

2. MiFuPで定義している機能一覧が表示されます。

リスト

絞り込み検索: [start type]

機能	ID	説明
(R)-pantothenate biosynthesis	NFUNC_0030 <a href="#">Wiki</a>	Biosynthesis of (R)-pantothenate, also called vitamin B5 or D-pantothenic acid. (R)-pantothenate results from the condensation of beta-alanine and O-pantoate.
1,3-dichloropropene degradation	NFUNC_0012 <a href="#">Wiki</a>	Degradation 1,3-dichloropropene into acetaldehyde via 3-chloroacrylic acid.
4-hydroxyphenylacetate degradation	NFUNC_0068 <a href="#">Wiki</a>	Degrading 4-hydroxyphenylacetate by first converting it into 3,4-dihydroxyphenylacetate (homoprotocatechuate), which is then degraded into TCA cycle intermediates via an inducible meta-cleavage pathway.
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.
Aminoglycoside resistance (by aminoglycoside N-acetyltransferase)	NFUNC_0041 <a href="#">Wiki</a>	Resistance to aminoglycoside antibiotics by acetylation of aminoglycoside catalyzed by aminoglycoside N-acetyltransferase.
Aminoglycoside resistance (by aminoglycoside O-nucleotidyltransferase)	NFUNC_0042 <a href="#">Wiki</a>	Resistance to aminoglycoside antibiotics by adenylation of aminoglycoside catalyzed by aminoglycoside O-nucleotidyltransferase.
Aminoglycoside resistance (by aminoglycoside O-phosphotransferase)	NFUNC_0043 <a href="#">Wiki</a>	Resistance to aminoglycoside antibiotics by phosphorylation of aminoglycoside catalyzed by aminoglycoside O-phosphotransferase.
Ampicillin resistance	NFUNC_0046 <a href="#">Wiki</a>	Class A beta-lactamase TEM (P62593) is used as a marker in many commonly used cloning vectors, such as pBR322 and the pUC series.
Aniline degradation (conversion into catechol)	NFUNC_0075 <a href="#">Wiki</a>	Aniline is converted into catechol by Aniline dioxygenase (NRULE_0240; NRULE_0241; NRULE_0034; NRULE_0049; NRULE_0032). Catechol degraded via beta-ketoadipate pathway.

3. 右上の絞り込み検索に「bioplastic」と入力します。

絞り込み検索:

4. 「bioplastic」がキーワードに入っている機能一覧が表示されます。バイオプラスチック生産能と分解能がヒットしました。機能名は機能ページにリンクしています。

リスト

微生物 機能 遺伝子

絞り込み検索: bioplastic

**バイオプラスチック分解能** [ALL] ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ

機能	ID	説明
<a href="#">Bioplastic degradation</a>	NFUNC_0015 <a href="#">wiki</a>	Degradation of bioplastics by microbial poly(3-hydroxyalkanoate) depolymerase or D(-)-3-hydroxybutyrate oligomer hydrolase.
<a href="#">Bioplastic synthesis</a>	NFUNC_0001 <a href="#">wiki</a>	Involved in the production of polyhydroxyalkonic acids (PHAs).

↑ **バイオプラスチック生産能**  
機能ページへのリンク

### 例3: MiFuPで推定された不凍タンパク質コード配列情報を調べる。

1. リストページの「遺伝子」のタブをクリックします。

リスト

微生物 機能 **遺伝子**

Eukaryota

Archaea 5 [wiki](#)

Bacteria 268 [wiki](#)

2. MiFuPで定義した機能を構成する遺伝子の一覧が表示されます。

リスト

絞り込み検索:

[ALL] 0-9 ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ

遺伝子ID	ID	タンパク質名	EC	遺伝子名	関与する機能
2HMSD	NRULE_0060	2-hydroxymuconic semialdehyde dehydrogenase	EC 1.2.1.-		NFUNC_0011
40D	NRULE_0062	4-oxalocrotonate decarboxylase	EC 4.1.1.77		NFUNC_0011
40T	NRULE_0061	4-oxalocrotonate tautomerase	EC 5.3.2.-		NFUNC_0011
AAC3	NRULE_0149	Aminoglycoside N(3')-acetyltransferase	EC 2.3.1.81	aacC	NFUNC_0041; NFUNC_0052; NFUNC_0053
AAC6	NRULE_0150	Aminoglycoside N(6)-acetyltransferase	EC 2.3.1.82	aacA	NFUNC_0041; NFUNC_0052
ACDH	NRULE_0065	Acetaldehyde dehydrogenase	EC 1.2.1.10		NFUNC_0011
AFP	NRULE_0089	Ice-structuring protein			NFUNC_0019
ALGL	NRULE_0226	Alginate lyase	EC 4.2.2.3	algl	NFUNC_0062
ALKB	NRULE_0024	Alkane 1-monoxygenase	EC 1.14.15.3	alkB	NFUNC_0008
ALR	NRULE_0228	Alanine racemase	EC 5.1.1.1	alr	NFUNC_0063
ALY	NRULE_0227	Alcinase		aly	NFUNC_0062

3. 右上の絞り込み検索に「ice-structuring」と入力します。

絞り込み検索:

4. 「ice-structuring」がキーワードに入っている遺伝子が表示されます。不凍タンパク質と推定された配列一覧を見るため、遺伝子IDまたはNRULE IDをクリックします。

リスト

絞り込み検索: ice-structuring

[ALL] 0-9 ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ

遺伝子ID	ID	タンパク質名	EC	遺伝子名	関与する機能
<a href="#">AFP</a>	<a href="#">NRULE_0089</a>	Ice-structuring protein			NFUNC_0019

↑ ↑ **不凍タンパク質遺伝子**  
遺伝子ページへのリンク

5. 遺伝子ページでは、遺伝子の定義情報、その遺伝子が関与する機能名が表示されます。また、ページ下部に定義に該当する配列一覧が表示されます。(遺伝子ページの詳細な見方については、ヘルプページの「12. 遺伝子ページ説明」を参照ください。)配列情報を見るためには、CDS ID をクリックします。

**遺伝子 : Ice-structuring protein (AFP)**

遺伝子情報

ID	NRULE_0089
遺伝子ID	AFP
作成日	2012-11-30
タンパク質名	<b>Protein name</b> Full Ice-structuring protein <b>Synonym</b> Full Antifreeze protein
遺伝子名	該当データなし
遺伝子条件	PFAM; PF11999; hit=1
参照	<b>Family and domain databases</b> InterPro IPR021884, DUF3494 Pfam PF11999, DUF3494, 1
配列の特徴	該当データなし
注釈	該当データなし
参考文献	<b>ASXB26 Colwellia sp. SLW05</b> 17651136 An ice-binding protein from an Antarctic sea ice bacterium. (FEMS Microbiol Ecol. 2007) <b>I3QNZ8 Flavobacterium frigidis</b> 22750870 Crystallization and preliminary X-ray crystallographic analysis of an ice-binding protein (IFBP) from Flavobacterium frigidis PS1. (Acta Crystallogr Sect F Struct Biol Cryst Commun. 2012)

関与する機能

機能名
Freeze resistance (by antifreeze protein)

該当CDS

微生物	CDS	タンパク質名
Cellulomonas flavigena	Cfla_2847	hypothetical protein
Conexibacter woesei	Cwoe_3132	hypothetical protein
	Cwoe_3142	hypothetical protein
Cytophaga hutchinsonii	CHU_0232	CHU large protein; antifreeze-related protein
Kribbella flavida	Kfla_2946	hypothetical protein
Marivirga tractuosa	Ftrac_0100	antifreeze-related protein
Sanguibacter keddleii	Sked_05680	hypothetical protein
Streptomyces svaceus	SSEG_04317	conserved hypothetical protein
Streptosporangium roseum	Sros_6489	hypothetical protein

**定義に該当する配列一覧**



**CDSページへのリンク**

6. CDSページでは、CDS 情報、配列情報、MiFuPで推定された遺伝子機能が表示されます。(CDS ページの詳細な見方については、ヘルプページの「13. CDSページ説明」を参照してください。)

**CDS : Cfla\_2847**

CDS情報

CDS	Cfla_2847
タンパク質名	hypothetical protein
遺伝子名	
コンテイング	CP001964
location	3162203..3163549
NBRC番号	3775
微生物	Cellulomonas flavigena
解析状況	

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**

```
>Cfla_2847 position=PRJNA19707CP001964:3162203..3163549 (+ strand)
YRRGTSEPHHGVLRRDGRVFFVLTGLAECYLVFLLALTIIVLPLALGNGGYSVOTGCMR
PHIQOPGDVYLSTGLREDSYVPLGGVFEFRTVAPGGGERTVWHRIVAEQVRRGEVYTAGDA
NALDQDPLTRESITIGDRLVYRWGLPSITLIDGNTGHLGVAVLTAAVALRAASGPP
RDGTRPGARSPAGAAAASVSRRTFLAAFAVYTAGGMAISHEPVNAGSARTSTGRNT
FRVGTVPVTLALGRLASFAILAAITRYTNEAFGLIGSSVNGSVGVSPGTTVSGFVWDITGS
TERNTTARNARTDALALYDAYRRPATAAATATYTGTLTPGVWHRTPGVQVGTGLTLDL
RGSASALFVLTGTLTFAAGSAVYLANGASADRVLFLSTGTSASVAESAGRLVLAQNDV
TVSRAAVTGRIVSTGGVLLTRATVTSF+
```

推定遺伝子

該当遺伝子定義	関与する機能
AFP (NRULE_0089)	Ice-structuring protein    Freeze resistance (by antifreeze protein) (NFUNC_0019)

### 3.ゲノム配列から機能を検索する

機能検索により、ゲノム配列(またはCDS配列、アミノ酸配列)から、MiFuPで定義している機能について網羅的に検索することができます。

例: ユーザー保有のゲノム配列が有する機能を検索し、構成遺伝子が推定された領域を調べる。

1. MiFuPのトップページ上部の「機能検索」をクリックします。



2. 機能を検索したい微生物のゲノム塩基配列を入力ウィンドウに入力するか、参照ボタンからPC上の配列ファイルを選択してください。配列はFASTA形式で入力してください。複数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。

**機能検索**

クエリ配列 (FASTA 形式)

配列ファイルをアップロード

または、配列を入力してください。

```
>example1
GTGCGTCAAGCAACAGTTTATATTGACAGTCAGGCTCTGCAATATAATTTAAACCGTGTAAACAACCTTG
CCCCAACTGCTAAATCGTTAGTATGGTTAAAGCCAATGCTTACGGACATGGAATCAAAGACTGTCTTGC
AGCCTTAAATCAACGGATAACTTTGGTGTGCTTGTCTAGAAGAGGCGCTGAAATACGTAAATTAGGT
TATCAGCAACCAATTACCTTAATTGAAGGGATATTTCTGAAGAGGAAATGGATAGCGTTATTTCAGTACG
GTCTTGAATGCGTTATACATCAATCAGCACAACCTAGATTGGTTAAAAGCCGTAAGAAGAGTATATTAC
AAAAAATCTGAAAGTCTGGGTAAGTGAATAGTGGTATGAACCGCTTAGGTTTAAAGTTCTCGAGATT
ATCGAGATTATTAAGCTTAAAGGCTGAAGGCTTTAGCTGTGTGCTAGCCATGCATTTTGCAAAATGCTG
ATGCTGATCATCCCTGAATGAACAACAAAAAACAATCTTGCAGGTTAAAGAGGCTTGTGATCCTGT
ACTTGCCTCCTGTTGTAATCTGCTGCGATTTTCAAATGGCCAGAGCTAAATTTGATTATGTGCGTCCC
```

\* 9~10MBまでの大きさの配列をクエリとすることが可能です。

3. クエリ種別で、「ゲノム塩基配列」にチェックしてください。

クエリ種別

ゲノム塩基配列  CDS塩基配列  CDSアミノ酸配列

4. クエリ配列入力ボックスの下にある検索ボタンをクリックしてください。

```

TGTTGTTTGCAGCTGATGCGCCATTCTTTTCGATAAACCCTCTGTCCTTTTCCAAATC
TTCTATTGAAACGCTGTCTATTCTAGAGAATTCTCCGGGATGCGGTGTTACAATGATCGG
AGCTTTGCGCTTTGGATAAGAACGCTTTGTGAGGGCGCCGGCTCGAGAATGACGGGGCA
ATCCCAGCGATCACATGATCAACGGCCCGCTGAACGCTTTTCGTTTGCGGCAGGCCCGA
TCCAATCGCCGCGCCCGATAAAGATTCCCTCGAGCGCGGATTGTGCGGCTTTTTCCATCC

```

FASTA形式のヘッダ行のID部分 (">"のすぐ後から最初に出てくるスペースまでの文字列) に括弧を使用しないでください。

検索    リセット

5. 検索中の画面が表示されます。結果が出るまでに少し時間がかかります。結果URLを保存しておくと、後からアクセスすることも可能です。

### 機能検索：結果

ただいま検索中です。

結果は以下のURLに表示されます。検索が終了したら自動で遷移します。

**検索結果が表示されるURL**

<http://bio.nite.go.jp/mifup/potentials/result/fbb9de28ab1f59f89a7cc41bf7b15cc>

6. 機能の発揮に必要な遺伝子セットが揃っていると、その機能・構成遺伝子が表示されます。(表の詳細な見方については、ヘルプページの「10. 微生物ページ説明 b.推定保有機能」を参照ください。) 構成遺伝子だと推定された配列部分を見たい場合は、「該当CDS」のリンクをクリックします。(検索にゲノム塩基配列を使用した場合、自動でCDS IDが付けられます。)

### 機能検索：結果

推定保有機能 >> 詳細

タイプ	パターン	構成遺伝子	該当CDS
<b>n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)</b>			
必須	A	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit <a href="#">example2_58</a> <a href="#">example2_56</a>
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit <a href="#">example2_58</a> <a href="#">example2_56</a>
		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component <a href="#">example2_222</a> <a href="#">example2_80</a> <a href="#">example2_57</a>
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein <a href="#">example2_59</a>
<b>Phenol degradation (NFUNC_0028)</b>			
必須	A	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit <a href="#">example2_58</a> <a href="#">example2_56</a>
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit <a href="#">example2_58</a> <a href="#">example2_56</a>
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component <a href="#">example2_57</a> <a href="#">example2_222</a> <a href="#">example2_80</a>
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein <a href="#">example2_59</a>

構成遺伝子が推定された領域へのリンク

6. 構成遺伝子であると推定された配列は、アミノ酸配列で表示されます。クエリ配列がゲノム塩基配列の場合、該当領域がクエリ配列中の何塩基目にあたるか表示されます。以下の図の場合、クエリ配列中の63552番目～64682番目までの塩基が該当部分になります。

```
>example2_58 63552..64682 クエリ配列中の位置情報
MSAPTAPKSSPGSPQREKSFPTIEFTDAEAGAKEFPSSKSRYSYQPAKKRATVYEDVT
VDVQDPERHLTQGWYIGFGNGGGYPOEWTAAKSSNWHAFLDPNEEWEQTIFRNNSAVV
HOVDLCLONAKRARVYDGNPWLKFIERNLGAWMHAESGMGLHVFTSIQRSAPTNNINN
AVAVSAHKLRFADLALFNLDLAEAEAFDGSANKEVWQSAPEWQPTREAVERTAIGD
WAKLLFCNTIYFEQLVGLSFRTELIMQVAARNGDYITPTIVGTGEYDYDRDLNYTRALFL
MLSRDEEYGAQNRALFGEWLSEWVPRCLDAARGLOPIWSPADKSVTFATSLAATEKFR
DVLKATEYDIPEELNQ*
```

(おまけ)

7. 必要な遺伝子セットが全てはそろっていないが一部の遺伝子はあると推定された機能も含めて表示させたい場合は、詳細をクリックします。

**機能検索：結果**

推定保有機能 > **詳細**

タイプ	パターン	構成遺伝子	該当CDS
<input checked="" type="checkbox"/>		n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)	
		MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase

8. 機能発揮に必要な遺伝子セットがそろっている機能は、機能名の前のアイコンが赤で、そろっていない機能はアイコンが黒で表示されます。機能発揮に必要な遺伝子セットの情報は、機能ページで確認できます。

**機能検索：結果**

推定保有機能 → **機能ページへのリンク**

タイプ	パターン	構成遺伝子	該当CDS
<input checked="" type="checkbox"/>		n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)	
必須	A	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit
		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein
<input checked="" type="checkbox"/>		Aniline degradation (conversion into catechol) (NFUNC_0075)	
必須	A	FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component
<input checked="" type="checkbox"/>		Anthranilate degradation (via hydroxylation) (NFUNC_0018)	
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component
<input checked="" type="checkbox"/>		Aromatic hydrocarbon degradation 1 (via hydroxylation by dioxygenase) (NFUNC_0016)	
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component

機能発揮に必要な遺伝子がそろっていない場合のアイコン

## 4. 同源性検索する

同源性検索により、MiFuPIに入っているゲノムデータの中から、ユーザー保有の配列と同源性がある配列を検索することができます。

例：ユーザー保有のアミノ酸配列と同源性がある配列を、MiFuP内の特定のゲノム配列中から検索する。

1. MiFuPのトップページ上部の「同源性検索」をクリックします。



2. 同源性検索したいアミノ酸配列を入力ウィンドウに入力するか、参照ボタンからPC上の配列ファイルを選択してください。配列はFASTA形式で入力してください。

**同源性検索**

クエリ配列 (FASTA 形式)

配列ファイルをアップロード

ファイルが選択されていません。

または、配列を入力してください。

```
>sp|Q47SS3|ZFPP_THEFY (2Z, 6E)-farnesyl diphosphate synthase
OS=Thermobifida fusca (strain YX) GN=Tfu_0456 PE=1 SV=1
MGLLRITPLYLRYERRLERALSNAKPRHVGVIIDGNRRWARLSGLSSPKEGHRAGAEIFELLDWCDEVGVO
VVTLWLLSTDNLARPPEELEPLFEI IENTVRRLCNEGRRVNPMPGALDLLPASTAQVMKEAGTTTERNPGLLV
NVAVGYGGRREIADAVRSLLEEAAGTTLEELAEERLDLDDIAKHLYTRGQDPDLLIRTSGEQRLSGFLLW
QSAHSEFYFCEVFWPAFRKIDFLRALRSYSVRRRFFGC
```

Example pep nuc

3. アミノ酸配列をクエリとし、同源性があるCDS配列から検索するにあたり、blastp にチェックを入れてください。

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



5. クエリ配列入力ボックスの下にある検索ボタンをクリックしてください。

VVTLWLLSTDNLARPPPELEPLFETIENTIVRRKLCNEGRRVNPIMGALDLLPASTAQVMKEAGTTTERNPGLLV  
 NVAVGYGGRREIADAVRSLLEAAKGTLEELAERLDLDDIAKHLYTRGQDPDLLIRTSGEQRLSGFLLW  
 QSAHSEFYFCEVFWPAFRKIDFLRALRSYSVRQRRFGC

Example pep nuc

検索
リセット

6. *Corynebacterium ammoniagens* のゲノム配列に対して相同性検索した結果が表示されます。

検索結果は最大50件まで表示されます。

### 🔍 相同性検索 : 結果

Data Set ■ Bacteria ..... 1 🗄

Query sp\_Q47SS3\_ZFPP\_THEFY

No.	微生物	CDS	タンパク質名	E-value	score	identity	hsp	
1	<i>Corynebacterium ammoniagens</i>	HMPREF0281_00682	di-trans,poly-cis-decaprenylcistransferase	6e-67	246	55.51%	1	Go!
2	<i>Corynebacterium ammoniagens</i>	HMPREF0281_02375	di-trans,poly-cis-decaprenylcistransferase	8e-28	116	35.56%	1	Go!
3	<i>Corynebacterium ammoniagens</i>	HMPREF0281_01549	RNA methyltransferase, TrmH family	0.70	27.3	28.26%	1	Go!
4	<i>Corynebacterium ammoniagens</i>	HMPREF0281_01242	helicase C-terminal domain protein	5.0	24.3	28.57%	1	Go!

---

Query: sp\_Q47SS3\_ZFPP\_THEFY (22,6E)-farnesyl diphosphate synthaseOS=Thermobifida fusca (strain YX) GN=Tfu\_0456 PE=1 SV=1 (Length = 254)

Subject: lcl|HMPREF0281\_00682 ( Length = 256)

di-trans,poly-cis-decaprenylcistransferase

Score = 238 bits (608), Expect = 1e-64

Identities = 121/236 (51%), Positives = 153/236 (64%), Gaps = 2/236 (0%)

Query: 20 L S N A P K P R H V G V I L D G N R R W A R L S G L S P K E G H R A G A E K I F E L L D W C D E V G V Q V V T L W L L 79

L P + P + H V V + D G N R R W A R + G G H R G A + K I E + + W C + V + V V T + + L L

Sbjct: 20 L K G K P Q P K H V A V M A D G N R R W A R E A G F E D I S H G H R Q G A K K I S E M V S W C A D T E V E V V T I Y L L 79

Query: 80 S T D N L A R X X X X X X X X X X X N T V R R L C N E G R - - R V N P M G A L D L L P A S T A Q V M K E A G T T T E 137

S T + N L R V L + + V + G L D L L P M A T

Sbjct: 80 S T E N L K R S K N E V S L L F D I I T E V V D H L S H G D L N C Q V R L V G H L D L L P D E V T N A M C S A A D D T R 139

Query: 138 R N P G L L V N V A V G Y G G R R E I A D A V R S L L L E E A A K G T T X X X X X X X X X X X I A K H L Y T R G Q P D 197

N G + + V N + A V G Y G G R + E I A D A V + + + L + E G T I + K H L Y T + G P D

Sbjct: 140 D N D G V I V N I A V G Y G G R Q E I A D A V K A M L K K E V E A G A T P E E L V E S I T V D S I S K H L Y T K G L P D 199

Query: 198 P D L I R T S G E Q R L S G F L L W Q S A H S E F Y F C E V F W P A F R K I D F L R A L R S Y S V R Q R R F G 253

P D L + I R T S G E Q R L S G F L L W Q + A + S E + F + + W P A F R K I D F L R A L R + S R R R F G

Sbjct: 200 P D L V I R T S G E Q R L S G F L L W Q A A Y S E I W F T D T Y W P A F R K I D F L R A L R D F S Q R S R R F G 255

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](mailto: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。

