

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



<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

目次

0. はじめに	3
1. MiFuP wiki を使う	4
例：浸透圧耐性について調べ、機能が推定される微生物を調べる	4
2. 微生物を探す	7
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	7
3. リストを使う	11
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	11
例 2：MiFuPで定義されているバイオプラスチック関連機能を調べる	12
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	13
4. ゲノム配列から機能を検索する	15
例：保有のゲノム配列の機能を検索し、機能が推定された配列を調べる	15
5. 相同性検索する	18
例：特定の微生物ゲノム配列に対して相同性検索をする	18

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。

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。

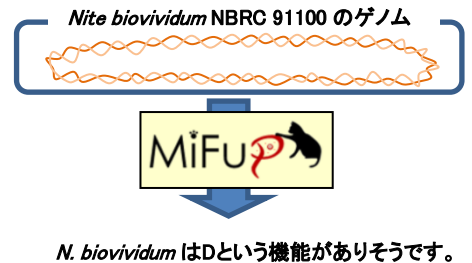
2. MiFuP wikiとは？

- 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。微生物の有用機能情報に関する文献などの知見やその機能の活用情報について集約し、日本語でわかりやすく解説しています。



3. 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必要があります。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。



4. 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関連ウェブサイトのご紹介

- ☆製品評価技術基盤機構 <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/>
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>
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/>
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/>
放線菌二次代謝産物生合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。

1. MiFuP wikiを使う

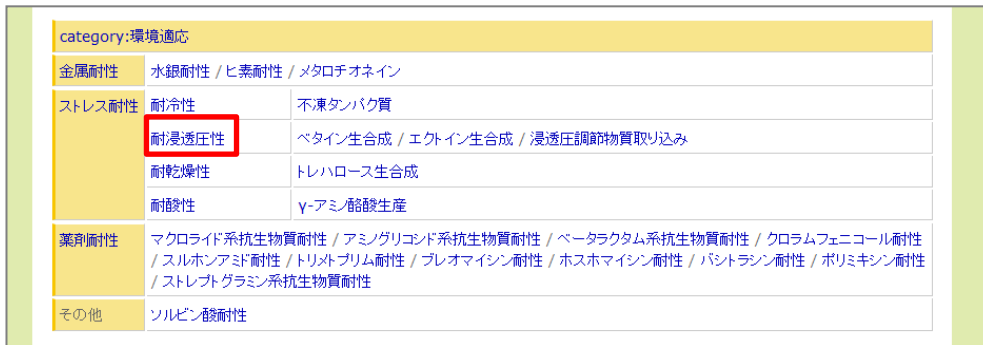
MiFuP wikiでは、微生物の有用機能情報に関する文献などの知見やその機能の活用情報について集約し、日本語でわかりやすく解説しています。

例：浸透圧耐性について調べ、機能が推定される微生物を調べる。

1. URL: <http://www.bio.nite.go.jp/mifup/wiki> を入力します。
2. トップページが表示されます。



3. トップページを下にスクロールすると、MiFuP wiki の記事ページ一覧をカテゴリ別に見ることができます。まず浸透圧耐性について概要を知るために、環境適応カテゴリの耐浸透圧性をクリックします。



4. 微生物の浸透圧耐性の概要をみることができます。

耐浸透圧性

概要

浸透圧ストレスとは細胞周囲の塩濃度（浸透圧）の上昇により細胞内イオン濃度が上昇し、以下の現象が生じること。

- 細胞形態の維持が困難になる。
- 水分活性の低下によりタンパク質立体構造の保持が困難になり、タンパク質の変性が生じる。

浸透圧ストレスに耐える微生物は2つに分類される。

- 好塩菌：至適増殖に0.2M以上のNaCl濃度を要求する原核生物。
- 耐塩性菌：至適NaCl濃度が1.2%以下だが、10-20%の塩にも耐える微生物。

最適増殖塩濃度による菌の分類

分類	至適増殖NaCl濃度
非好塩性	0 - 0.2M (0 - 1.2%)
低度好塩性	0.2 - 0.5M (1.2 - 2.9%)
中度好塩性	0.5 - 2.5M (2.9 - 15%)
高度好塩性	2.5 - 5.2M (15 - 30%)
耐塩菌	1.2%以下で良好に増殖するが、10%以上含む培地でも増殖可能

5. 次に、浸透圧耐性を示す微生物機能の一つであるベタイン生合成をクリックします。

category:環境適応		
金属耐性	水銀耐性 / ヒ素耐性 / メタロチオネイン	
ストレス耐性	耐冷性	不凍タンパク質
	耐浸透圧性	ベタイン生合成 / エクトイン生合成 / 浸透圧調節物質取り込み
	耐乾燥性	トレハロース生合成
	耐酸性	γ-アミノ酪酸生産
薬剤耐性	マクロライド系抗生物質耐性 / アミノグリコシド系抗生物質耐性 / ベータラクタム系抗生物質耐性 / クロラムフェニコール耐性 / スルホンアミド耐性 / トリメトプリム耐性 / プレオマイシン耐性 / ホスホマイシン耐性 / バシトラシン耐性 / ポリミキシン耐性 / ストレプトグラミン系抗生物質耐性	
その他	ソルビン酸耐性	

6. 細菌におけるベタイン生合成の、概要、各生合成経路についての説明、機能を持つことが知られている微生物、実用化例、参考文献や関連外部リンク等について見ることができます。

ベタイン生合成

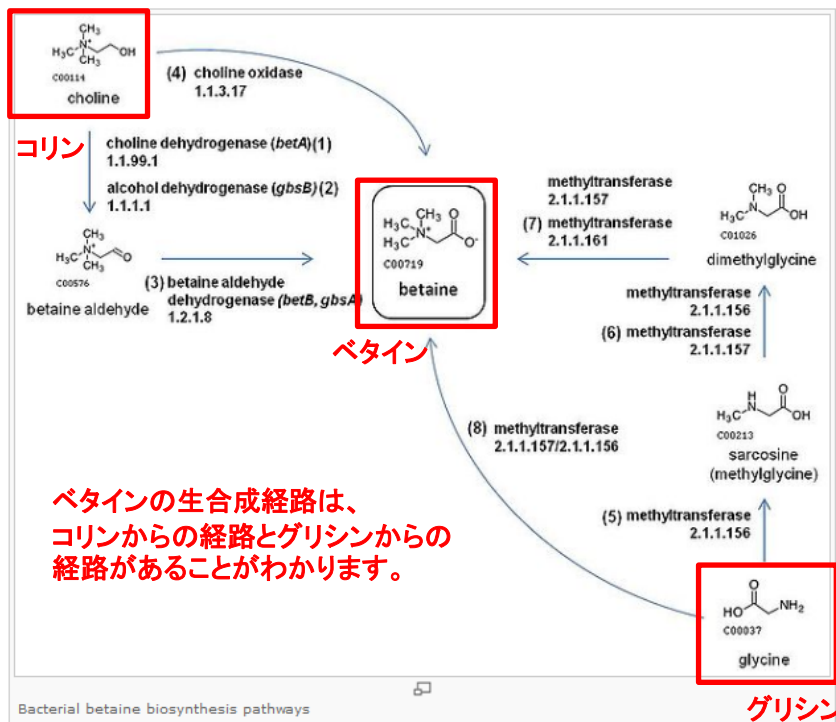
概要

ベタイン (betaine, trimethylglycine, glycine-betaine) は好塩菌が生合成する適合溶質 (compatible solute) の代表的物質で、植物から細菌まで多くの生物体内に存在する。高浸透圧下においてベタインを細胞内に蓄積する機能が浸透圧耐性につながる事が報告されている。

機能に関する知見

機能を示すメカニズム

高浸透圧環境下において、親水性の高いベタインを細胞内に蓄積することで細胞内の水分を維持し、タンパク質などの高分子を浸透圧ストレスから保護する。細菌のベタイン生合成は、コリンからの経路とグリシンからの経路が報告されている。



7. ページ下部にはMiFuPへのリンクがあります。機能が推定される微生物一覧をみたい場合、各経路ごとのNFUNCIDをクリックします。

MiFuPへのリンク

- [NFUNC_0049](#) [Betaine biosynthesis \(from choline\)](#) **コリンからのベタイン生合成経路**
 - [NRULE_0175](#) [Choline dehydrogenase](#)
 - [NRULE_0176](#) [Alcohol dehydrogenase](#)
 - [NRULE_0177](#) [Betaine aldehyde dehydrogenase](#)
 - [NRULE_0178](#) [Choline oxidase](#)
- [NFUNC_0050](#) [Betaine biosynthesis \(from glycine\)](#) **グリシンからのベタイン生合成経路**
 - [NRULE_0179](#) [Glycine/sarcosine N-methyltransferase](#)
 - [NRULE_0180](#) [Dimethylglycine N-methyltransferase](#)
 - [NRULE_0181](#) [Glycine/sarcosine/dimethylglycine N-methyltransferase](#)

8. MiFuPの機能ページが表示されます。ページ下部に、機能が推定される微生物一覧が表示されます。(機能ページの詳しい見方については、ヘルプページの「11. 機能ページ説明」を参照ください。)

機能 : Betaine biosynthesis (from glycine)

機能情報

ID	NFUNC_0050 wiki
作成日	2013-03-27
説明	Betaine biosynthesis pathway using glycine as starting material. Betaine accumulates as a compatible solute in several halotolerant microorganisms.
コメント	該当データなし
参照	UniPathway UPA00530 Wikipedia Trimethylglycine MetaCyc Betaine Biosynthesis

機能構成

タイプ	パターン	使用遺伝子
■ Betaine biosynthesis (from glycine) (NFUNC_0050)		
必須	1	GSMT (NRULE_0179) Glycine/sarcosine N-methyltransferase
		SDMT (NRULE_0180) Dimethylglycine N-methyltransferase
	2	GSDMT (NRULE_0181) Glycine/sarcosine/dimethylglycine N-methyltransferase

機能が推定される微生物

微生物
Actinopolyspora iraqiensis
Labrenzia aggregata
Saccharomonospora cyanea
Saccharomonospora glauca
Saccharomonospora viridis
Saccharopolyspora erythraea
Saccharopolyspora spinosa
Stackebrandtia nassauensis

2. 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。

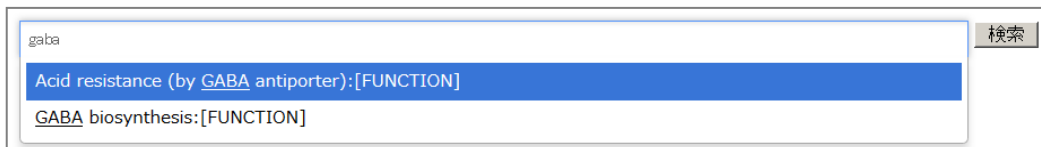
例： GABA生産能と浸透圧耐性能が予測される微生物を検索して、微生物株を入手する。

1. URL: <http://www.bio.nite.go.jp/mifup> を入力します。

2. トップページが表示されます。

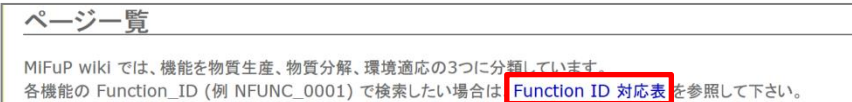


3. 検索ウィンドウに、「gaba」と入力すると、検索語候補が表示されます。

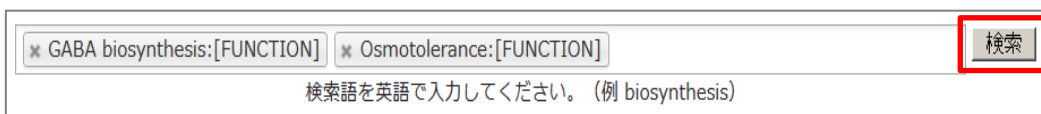


- * 1. 検索キーワードは機能名のほか、微生物名、株名、遺伝子名、タンパク質名などでも検索することができます。
- * 2. MiFuPでは、英語でしか検索できません。機能名の日本語と英語の対応は、MiFuP wiki をご確認ください。各記事ページ下部のMiFuPへのリンク、もしくはFunction ID 対応表により確認できます。

MiFuP wiki トップページ Function ID 対応表へのリンク



4. 「GABA biosynthesis」と「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 → <div style="border: 1px solid red; padding: 2px;"> Uptake of osmoprotectant Betaine biosynthesis (from glycine) Betaine biosynthesis (from choline) Ectoine biosynthesis Hydroxyectoine biosynthesis </div>

浸透圧耐性能を示す微生物機能

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
 adation | 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	使用遺伝子	推定機能配列
Alanine racemization (NFUNC_0063)			
必須	1	ALR (NRULE_0228) Alanine racemase	ACTIR_217_00030
n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)			
必須	1	ALKB (NRULE_0024) Alkane 1-monooxygenase	ACTIR_660_00010
		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	
	2	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番号のわきにある緑の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「How to order」から見ることができます。

National Institute of Technology and Evaluation
独立行政法人
製品評価技術基盤機構

Biotechnology Center

HOME > バイオテクノロジーセンター > NBRC > NBRC Culture カタログ検索 > カタログ検索結果 [ヘルプ](#)

Catalogue Detail Information

How to order

NBRC No.	NBRC 103187
Scientific Name of this Strain	<i>Actinopolyspora iraqiensis</i> Ruan et al. 1994
Synonymous Name	
Type Strain	type
History	JCM 9891 <- AS 4.1193 <- A.M. Al-Tai, IQ-H1
Other Culture Collection No.	JCM 9891=AS 4.1193=DSM 44640
Other No.	IQ-H1
Rehydration Fluid	707
Medium	1040
Cultivation Temp.	28 C
Source of Isolation	saline soil
Locality of Source	
Country of Origin	Iraq
Biosafety Level	
Applications	
Mating Type	
Genetic Marker	
Plant Quarantine No.	
Animal Quarantine No.	
Herbarium No.	
Restriction	
Comment	
References	5082
Sequences	16S rDNA

How to order

3. リストを使う

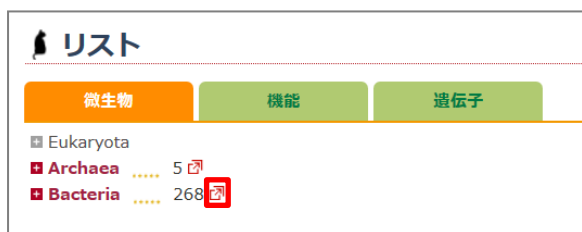
リストでは、MiFuPにデータがある微生物一覧、MiFuPで定義が作成されている機能一覧、機能を構成する遺伝子一覧を見ることができます。

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。



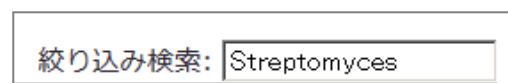
2. リストページが表示されます。そのまま「微生物」のタブで放線菌はBacteria なので、Bacteria のわきの赤いアイコンをクリックします。



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
Acaricomes phytoseiuli		107788	DSM 14247=JCM 14300=CCUG 49701=CIP 109141	16449459	14
Acaryochloris marina		102967	MBIC 11017	9789086, 10482787, 10354492, 16228493, 10611453, 15016990	11
Acetobacter aceti	Acetobacter (Acetobacter) aceti Acetobacter aceti subsp. aceti	14818	ATCC 15973=CCUG 18122=CIP 103111=DSM 3508=ICMP 8807=JCM 7641=LMG 1261=LMG 1504=NCCB 23001=NCIB 8621=NCIMB 8621	12483588, 10830489	5
Acetobacter pasteurianus		101655	BCC 5443		8
Acetobacter tropicalis		101654	BCC 36194		9
Acholeplasma laidlawii		14400	ATCC 23206=CIP 75.27=NCTC 10116	5487182	2
Acidimicrobium ferrooxidans		103882	DSM 10331=JCM 15462		5
Acidobacterium capsulatum		15755	ATCC 51196=DSM 11244=JCM 7670=NCIMB 13165	23835745	9
Acinetobacter radioresistens		102413	IAM 13186=ATCC 43998=DSM 6976=CIP 103788=LMG 10613=NCIMB 12753=JCM 9326		10
Acinetobacter sp.		100985	MBIC 01332=FERM P-13368	10028249	14
Actinoalloteichus cyanogriseus	Streptomyces caeruleus	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. MiFuPiにデータがあるストレプトマイセス属放線菌の一覧がです。MiFuPで各微生物株に推定された機能の数やNBRC番号をみることができます。各微生物に推定された機能一覧を見たい場合、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: Streptomycetes	機能数
Actinoalloteichus cyanogriseus	Streptomyces caeruleus	14455	AS 4.1159=CIP 106755=DSM 43889=JCM 6095=NRRL B-16252		19
Saccharopolyspora erythraea	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
Streptomyces cattleya		14057	JCM 4925=NRRL 8057	761989, 7670640, 21868806	20
Streptomyces clavuligerus		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
Streptomyces ghanensis		15414	ATCC 14672=CBS 544.70=CECT 3210=DSM 40746=JCM 4963=NRRL B-12104	5883490, 19640006	20
Streptomyces mobaraensis	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
Streptomyces pristinaespiralis		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
Streptomyces purpureus	Kitasatoa diplospora Kitasatoa kauaiensis Kitasatoa nagasakiensis Kitasatoa purpurea	13925	ATCC 21405	4886644	20
Streptomyces viceus		13980	NRRL 5439	4790601	24
Streptomyces venezuelae		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で定義され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で定義されている機能一覧が表示されます。

リスト

微生物 機能 遺伝子

絞り込み検索: [start type]

[ALL] A B C D E F G H I J K L M N O P Q R S T U V W X Y Z

機能	ID	説明
(R)-pantothenate biosynthesis	NFUNC_0030 wiki	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 wiki	Degradation 1,3-dichloropropene into acetaldehyde via 3-chloroacrylic acid.
4-hydroxyphenylacetate degradation	NFUNC_0068 wiki	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 wiki	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 wiki	Catalyzes the interconversion of L-alanine and D-alanine. May also act on other amino acids.
Alginate degradation	NFUNC_0062 wiki	Depolymerizes alginate by cleaving the beta-1,4 glycosidic bond.
Aminoglycoside resistance (by aminoglycoside N-acetyltransferase)	NFUNC_0041 wiki	Resistance to aminoglycoside antibiotics by acetylation of aminoglycoside catalyzed by aminoglycoside N-acetyltransferase.
Aminoglycoside resistance (by aminoglycoside O-nucleotidyltransferase)	NFUNC_0042 wiki	Resistance to aminoglycoside antibiotics by adenylation of aminoglycoside catalyzed by aminoglycoside O-nucleotidyltransferase.
Aminoglycoside resistance (by aminoglycoside O-phosphotransferase)	NFUNC_0043 wiki	Resistance to aminoglycoside antibiotics by phosphorylation of aminoglycoside catalyzed by aminoglycoside O-phosphotransferase.
Ampicillin resistance	NFUNC_0046 wiki	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 wiki	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。

* MiFuP で定義されている英語名はMiFuP wiki の各記事ページ「MiFuPへのリンク」で調べられます(6ページ参照)。

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へ、wiki アイコンはそれぞれの機能の該当するwiki ページにリンクしています。各機能に関する詳細については、wiki ページで日本語で確認することができます。

機能一覧のスクリーンショット。検索キーワード: bioplastic。機能: Bioplastic degradation (NFUNC_0015), Bioplastic synthesis (NFUNC_0001)。

バイオプラスチック生産能
機能ページへのリンク

wiki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。

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。

遺伝子ID	ID	タンパク質名	EC	遺伝子名	使用される機能
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-monooxygenase	EC 1.14.15.3	alkB	NFUNC_0008
ALR	NRULE_0228	Alanine racemase	EC 5.1.1.1	alr	NFUNC_0063
ALY	NRULE_0227	Alginatase lyase		aly	NFUNC_0062

3. 右上の絞り込み検索に「ice-structuring」と入力します。

* MiFuP で定義されている英語名はMiFuP wiki の各記事ページ「MiFuPへのリンク」で調べられます(6ページ参照)。

絞り込み検索: ice-structuring

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。

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、その遺伝子を使用され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	Protein name Full Ice-structuring protein Synonym 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	Family and domain databases 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	ASXB26 Colwellia sp. SLW05 17651136 An ice-binding protein from an Antarctic sea ice bacterium. (FEMS Microbiol Ecol. 2007) I3QN28 Flavobacterium frigidis 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)

使用される機能

機能名	Freeze resistance (by antifreeze protein)
-----	---

推定機能配列

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)
YRRGTSEPHHGVLRRDGRVFFVLGTLAECYLVFLALTI IAVLPLALGNGGYSVOTGCMR
PHIQDGVYVSTGLRDESPVPLGGVVEFRTYVAPGGERTYVHRIVAEQVWGEVYTAGDA
NALDQDPLTRESITIGRRLYRWGLPSTLRLDGMFGLHGVAVLTAANALRAASGPP
RDGTRPGARPASGAGAAAASRRTEFLAAAFAYTAGGMAISHEPVWAGSARTSTGRNT
FRYGTVP LALGRLASFAILAAITRYTNEAFGLIGSSVNGSVGVSPGTTVSGFV IWDITGS
TERNTTTARNAR TDALALYDAYRARPATRAATATYTGTLTPGVWHRTPGVQVGTGLTLD
RGSASALFVLTGTLTFAAGSAVYLANGASADRVLFLSTGTSASVAESAQLRGLYLAQNDV
TVSRAAVTGRIVSTGGVLLTRATVTSF+
```

推定遺伝子

推定遺伝子	使用される機能
AFP (NRULE_0089)	Ice-structuring protein Freeze resistance (by antifreeze protein) (NFUNC_0019)

4.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で定義され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: 保有のゲノム配列の機能を検索し、機能が推定された配列を調べる。

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
CCCCAACTGCTAAAATCGTTAGTATGGTTAAAGCCAATGCTTACGGACATGGAATCAAAGACTGTCTTGC
AGCCTTAAATCAACGGATAACTTTGGTGTGCTTGTCTAGAAGAGGCGCTGAAATACGTAAATTAGGT
TATCAGCAACCAATTACCTTAATTGAAGGGATATTTTCTGAAGAGGAAATGGATAGCGTTATTCAGTACG
GTCTTGAATGCGTTATACATCAATCAGCACAACCTAGATTGGTTAAAAGCCGTAAGAAGAGTATATTAC
AAAAAATCTGAAAGTCTGGGTAACAACTGAATAGTGGTATGAACCGCTTAGGTTTAAAGTTCTCGAGATT
ATCGAGATTATTAACCTCTAAAGGCTGAAGGCTTTAGCTGTGTGCTAGCCATGCATTTTGCAAAATGCTG
ATGCTGATCATCCCCTGAATGAACAACAAAAAACTCAATCTTGCAGGTTAAAGAGGCTTGTGATCCTGT
ACTTGCCTCCTGTTGTAATTCGCTGCGATTTTCAAATGGCCAGAGCTAAATTTGATTATGTGCGTCCC
```

* 5~6MB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。

```
AGAC TCC TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATGCACAATGGGGCAAGCC TGA TGCAGCGACGGCGG T
GAGGGATGACGGGCTTCGGGTGTAAACCTCTTCACCAGGGACGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGGAGA
AGAAGCACCGGCCAACTACGGTGCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGTGCAGCGTTGTCCGGAATTACT
GGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGCGTTTGTTCGGCTCGTCTGTGAAATTCGCAACTCAATTGTAGGCGTGCA
GGCGATACGGGCAGACTTGAGTACTACAGGGGAGACTGGAATTCCTGGGTAGCGGTGAAAATGGCGAGAT
```

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/fbb9de28ab1f59f89a7cc41bf7b15ccc>

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・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。)機能を構成する遺伝子だと推定された配列部分を見たい場合、推定機能配列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	使用遺伝子	推定機能配列
n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)			
必須	1	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit example2_58 example2_56
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit example2_58 example2_56
		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component example2_222 example2_80 example2_57
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein example2_59
Phenol degradation (NFUNC_0028)			
必須	1	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit example2_58 example2_56
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit example2_58 example2_56
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component example2_57 example2_222 example2_80
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein example2_59

機能 が 推定された配列へのリンク

6. 使用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
VDVQDPERHLTQGWYIGFGNGGGYPOEWTAAKSSNWHAFDPNEEWEQTIIFRNNSAVV
HOVDLCLONAKRARVYDGNPWLKFIERNLGAWMHAESGMGLHVFTSIQRSAPTNNSAVV
AVAVSAHKLRFADLALFNLDAEAEAFDGSANKEVWQSAPEWQPTREAVERTAIIGD
WAKLLFCNTNIYFEQLVGLSFRTELIMQVAARNGDYITPTIVGTIGEYDPRDLNYTRALFL
MLSRDEEYGAQRALFGEWLSEWVPRCLDAARGLOPIWSPADKSVTFATSLAAATEKFR
DVLKATEYDIPEELNQ*
```

(おまけ)

7. 必要な遺伝子セット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、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	使用遺伝子	推定機能配列
<input checked="" type="checkbox"/>		n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)	
		MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase example2_58 example2_222

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	使用遺伝子	推定機能配列
<input checked="" type="checkbox"/>		n-alkane hydroxylation (NFUNC_0008)	
必須	1	MMA (NRULE_0027)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase alpha subunit example2_56 example2_58
		MMB (NRULE_0028)	Multicomponent monooxygenase hydroxylase beta subunit example2_56 example2_58
		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component example2_57 example2_80 example2_222
		MME (NRULE_0033)	Multicomponent monooxygenase effector protein example2_59
<input checked="" type="checkbox"/>		Aniline degradation (conversion into catechol) (NFUNC_0075)	
必須	1	FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component example2_222 example2_80 example2_57
<input checked="" type="checkbox"/>		Anthranilate degradation (via hydroxylation) (NFUNC_0018)	
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component example2_57 example2_222 example2_80
<input checked="" type="checkbox"/>		Aromatic hydrocarbon degradation 1 (via hydroxylation by dioxygenase) (NFUNC_0016)	
任意		FDR1 (NRULE_0032)	Oxygenase electron transfer component example2_80 example2_222 example2_57

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

5. 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、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： 保有のアミノ酸配列と同源性がある配列を、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
MGLLRITPLYRLYERRLERALSNAKPRHVGVIIDGNRRWARLSGLSSPKEGHRAGAEIFELLDWCDEVGVO
VVTLWLLSTDNLARPPEELEPLFEI IENTVRRLCNEGRRVNPMPGALDLLPASTAQVMKEAGTTTERNPGLLV
NVAVGYGGRREIADAVRSLLEEAAGTTLEELAEERLDLDDIAKHLYTRGQDPDLLIRTSGEQRLSGFLLW
QSAHSEFYFCVFWPAFRKIDFLRALRSYSVRQRRFGC
```

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

3. 系統分類によるツリー表示になっていますので、展開し、相同性検索の対象としたい微生物にチェックします。

対象の微生物の系統的な位置づけは、NCBI のtaxonomy ページで調べることができます。

NCBI taxonomy ページ: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>

例としてCorynebacterium ammoniagens を選択します。

Data Set

All clear

- Eukaryota
- Archaea 5
- Bacteria 268

* MiFuP に入っている全ての微生物を対象とする場合は、Archaea、Bacteria にチェックします。



クリックして展開

Data Set

All clear

- Eukaryota
- Archaea 5
- Bacteria 268
 - Actinobacteria 88
 - Actinobacteria 88
 - Acidimicrobidae 1
 - Actinobacteridae 84
 - Actinomycetales 83
 - Actinomycineae 1
 - Actinopolysporineae 1
 - Catenulesporineae 1
 - Corynebacterineae 25
 - Corynebacteriaceae 7
 - Corynebacterium 7
 - Corynebacterium accolens
 - Corynebacterium acetoacidophilum
 - Corynebacterium afermentans
 - Corynebacterium alkanolyticum
 - Corynebacterium ammoniagenes 1
 - Corynebacterium amycolatum
 - Corynebacterium appendicis

* 単一の種レベルのほか、複数選択や上位分類(属、科、門など)での選択も可能です。



検索対象としたい微生物にチェック

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。

VVTLWLLSTDNLARPPPELEPLFETIENTIVRRKLCNEGRRVNPIMGALDLLPASTAQVMKEAGTTTERNPGLLV
 NVAVGYGGRREIADAVRSLLEAAKGTTLLEELAERLDLDDIAKHLYTRGQPPDLLIRTSGEQRLSGFLLW
 QSAHSEFYFCEVFWPAFRKIDFLRALRSYSVRQRRFGC

Example **pep nuc**

5. *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 情報解析課

E-mail: bio@nite.go.jp

東京都渋谷区西原2-49-10

TEL: 03-3481-8423 FAX: 03-3481-1962

ご質問、ご要望など、お気軽にお問合せください。

