

複雑なバイオデータを自由に組み合わせ利用しよう

1. 研究の背景と開発目標

研究の背景と必要性

バイオのデータは、様々な対象や現象に関する情報を扱うことから、表現方法や整理の仕方がバラバラで、複数のデータを一緒に取り扱うことが非常に困難な状態でした。データを再利用しやすいデータベース環境を構築するためには、これらを統一的に扱うための汎用的なデータ記述様式や用語の統一が必要でした。

技術開発目標

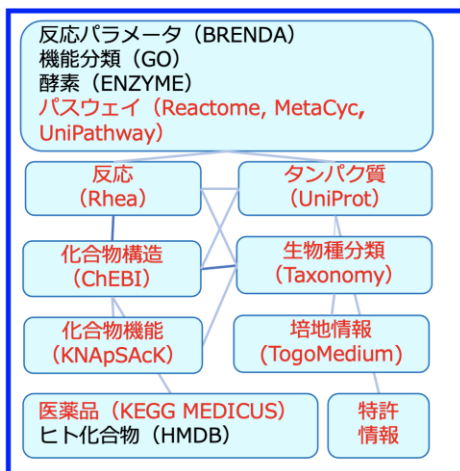
バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築コンソーシアムに関係の深いデータの統合解析環境のために、Resource Description Framework (RDF) という汎用的なデータ記述様式を採用し、微生物や植物の機能に関連する生化学反応データ、化合物データ、酵素タンパク質データ、生物種データ、パスウェイデータ、培地データ、特許情報の統合検索システムの開発を目指しました。

2. 達成した成果の概要

- ①本コンソに参加した各研究機関が整理したRDF化したデータや各コンソーシアムから産出されるデータを国内外のオープンデータと組み合わせ検索できる統合DB群アプリケーションSIP BioDB Searchを開発し、公開しました。（下記参照）
- ②微生物の情報に紐づく、タンパク質、生化学反応、パスウェイ、合成・分解できる化合物、培養培地のデータなどを関連付けて取得できるようになりました。また、特許情報など、企業からのヒアリングで要望のあったデータも取得できます。
- ③RDFデータに効率よくアクセスできる仕組み（SPAQList API）と結果をわかりやすく表示するためのコンポーネント（TogoStanza）を用いており、データへアクセスするための問い合わせ言語の再利用ができる仕組みも提供しているため、データの利用がしやすくなっています。

【具体的成果】 SIP BioDB Searchで扱っているデータの種類とウェブ画面を示します。酵素反応データを中心として複数のデータを繋いだ検索用ウェブツールです。化合物名・酵素名・GO(Gene Ontology、生物学的概念用語)・生物種・EC番号(酵素番号、Enzyme Commission numbers)を用いて検索すると、関連する反応・化合物・酵素・生物種情報が表示されます。

オープンなDB



赤字：RDF化されているデータベース

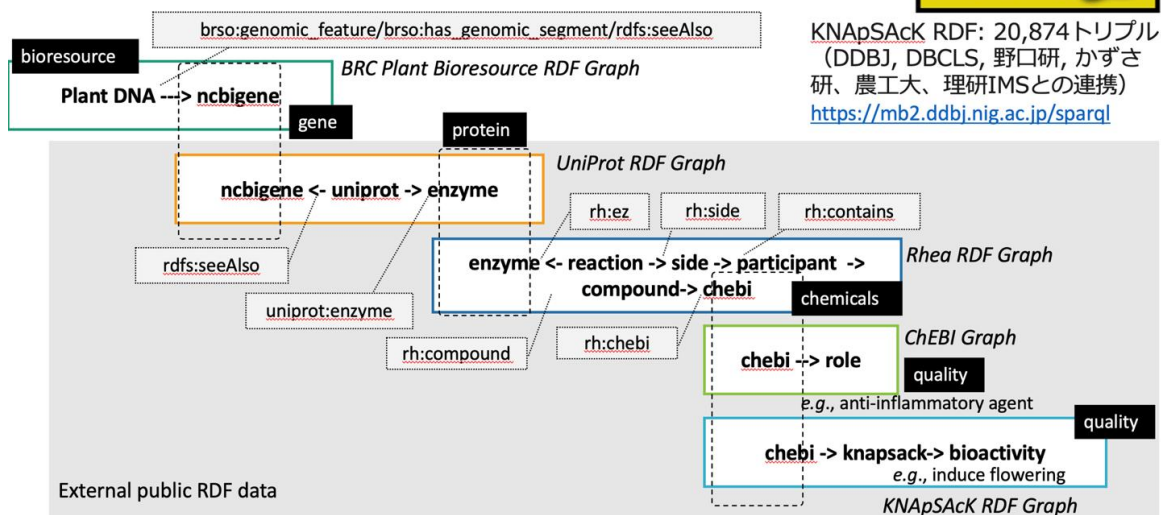
	R	Proteins	Proteins in the Pathways	Pathways
Detail Streptomyces cellostaticus	R	16050	418	284
Detail Streptomyces chattanoogensis	R	14850	368	271
Detail Streptomyces cinnamonensis	R	11408	337	258
Detail Streptomyces clavuligerus	R	14581	372	269
Detail Streptomyces curacoi	R	14228	397	276

<https://sip-db.dbcls.jp/bdsearch/>

※メンテナンス中（2026年4月時点）

【具体的成果】（つづき）こちらでは、理化学研究所が持つ植物の遺伝子データを、タンパク質、化合物、反応、代謝物のデータと連携させることで、遺伝子の生物活性を示すことができ、遺伝子の機能についての考察に役立てることができました。

理研データとRhea、およびKNAPSAckのRDFデータとの統合



3. 社会実装の展望と波及効果

想定されるユーザー（成果の受け渡し先）と活用方向

- ・ 育種等の研究開発に必要な統合的に利用可能なデータベースを構築する開発者
- ・ 研究結果の解釈やさらなる研究の方向性を検討するために、インターネット上に公開されている様々なデータを利用できます。

社会実装の実績

統合DB群アプリケーションSIP BioDB Search (<https://sip-db.dbcls.jp/bdsearch/>) を公開しています（2026年4月時点でメンテナンス中）。このアプリを利用したデータの連携の例として「微生物と反応経路等の関係」や「植物遺伝子の機能解析」を実現しています。

今後の発展可能性と期待される波及効果

研究開発に必要なデータは、研究の目的によって変わります。それぞれのニーズに合ったデータベースを自由に選択し、このアプリやRDF化されたデータを利用して組み合わせることで「データによる研究開発の推進」を実現でき、研究の効率化につながると考えられます。

- 研究課題名 : バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築
 実施機関 : 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構
 問い合わせ先 : (電話番号) 04-7135-5508
 (データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエンス統合データベースセンター)

SIPスマートバイオの成果を検索できる

1. 研究の背景と開発目標

研究の背景と必要性

SIP「スマートバイオ産業・農業基盤技術」では、バイオや農業をスマート化するために多くの貴重な研究データが生み出されました。これらを研究者や企業に広く活用していただくためには、利用者がデータを見つけやすく、活用しやすいように示していく必要があります。

技術開発目標

- ・データの概要を把握するためにわかりやすい説明情報を、整理して提示します。
- ・データを生み出した研究グループのプロジェクト概要についても提示します。
- ・検索にかかりやすいデータベースの説明情報を整えます。
- ・SIPの成果以外のデータも併せて検索できるようにします。

2. 達成した成果の概要

①SIP「スマートバイオ産業・農業基盤技術」の研究開発から生み出されたデータの利活用を目的として、どのようなデータがあるのかを国内の研究者の方々に知っていただくため、成果であるデータセットの一覧をまとめ、データ連携ポータル (<https://sip-biodata.dbcls.jp/>) を公開しました。

②各プロジェクト由来のデータに加え、科学技術振興機構が公開しているIntegbioデータベースカタログ (<https://integbio.jp/dbcatalog/>) に掲載されているデータベースの説明情報（メタデータ）が一覧できます。リスト内の情報を検索することにより、SIPデータとSIP以外で公開されているデータベースから、興味あるデータを絞り込んで表示することが可能です。

③SIP内の各プロジェクトでは多種多様なデータが産出されており、誰でも参照できるように公開されるもの、期間限定でコンソーシアム内のみで共有されるもの、個人情報などアクセス制限が必要なものなどがあります。それらの条件とともに各コンソのデータをワンストップで参照できるため、データアクセスの省力化につながります。

【具体的成果】

SIPスマートバイオ産業・農業基盤技術の各コンソの成果であるデータセットの一覧をまとめ、データ連携ポータルを公開しました。

（右図）

<https://sip-biodata.dbcls.jp/>

上部に示したメニューから「データリスト」を選ぶことで、SIPデータと国内外のデータベースのリストを閲覧・検索できます。

SIP「スマートバイオ産業・農業基盤技術」データ連携ポータル データリスト SIP BioDB Search

「スマートバイオ産業・農業基盤技術」の研究開発から生み出されたデータの利活用を目的として、どのようなデータがあるのかを国内の研究者の方々に知っていただくためのサイトです。

データ連携ポータルについて

戦略的イノベーション創造プログラム (SIP) 第2期「スマートバイオ産業・農業基盤技術」の研究開発から生み出されたデータの利活用を目的として、どのようなデータがあるのかを国内の研究者の方々に知っていただくためのサイトです。未公開のデータであっても、それがどのようなデータか、どのような研究から生み出されたものかを公表することにより、将来的な利活用に結び付けたいと考えています。

データリストについて

SIP「スマートバイオ産業・農業基盤技術」の各プロジェクト由来のデータベースに加え、Integbioデータベースカタログに掲載されているデータベースのメタデータが一覧できます。リスト内の情報を検索することにより、SIPデータとSIP以外で公開されているデータから、興味あるデータを絞り込んで表示することが可能です。

【具体的成果】（つづき）

データリストの先頭部分を右に示しました。

公開されているデータセットは所在へのリンク、そうでないデータセットはデータの種別と連絡担当者等のメタデータを登録しています。

それらと合わせて使える国内外のバイオ分野のデータベースを探せるよう、Integbioデータベースカタログに掲載されているデータベースの一覧が表示・検索できるようにしました。このデータベースカタログは、文科省・厚労省・農水省・経産省の研究機関の協力でデータベースを調査し、まとめているものです。

3. 社会実装の展望と波及効果

想定されるユーザー（成果の受け渡し先）と活用方向

- ・ 研究に活用できるデータベースを探索している研究者（特にバイオ関係）
- ・ 現在利用可能なデータの情報を得て、利用することができます。
- ・ 未公開データについても、概要や連絡先を知ることができるため、共同研究などの連携が早期から可能となります。

社会実装の実績

上記サイトの公開により研究データへのアクセスが容易になりました。

今後の発展可能性と期待される波及効果

SIP2の成果は今後も公開され次第、搭載していきます。未公開のデータについても、どのような研究から生み出されたどのようなデータかを掲載しています。これにより、SIP2スマートバイオの成果の将来的な利活用に結び付けたいと考えています。

研究課題名 : バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築
 実施機関 : 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構
 問い合わせ先 : (電話番号) 04-7135-5508
 (データサイエンス共同利用基盤施設ライフサイエンス統合データベースセンター)

RDF形式データを通じてバーチャルに生物資源の情報を統合する データベースDBRPstanza

1. 研究の背景と開発目標

研究の背景と必要性

生物資源は様々な研究機関で保有されており、ユーザーは個別に各機関で調べる必要があった。各機関の生物資源情報を統合して横断的に検索するためには相互にデータを保有しあう必要があるためデータサイズが大きくなり、データ更新が煩雑という課題があった。

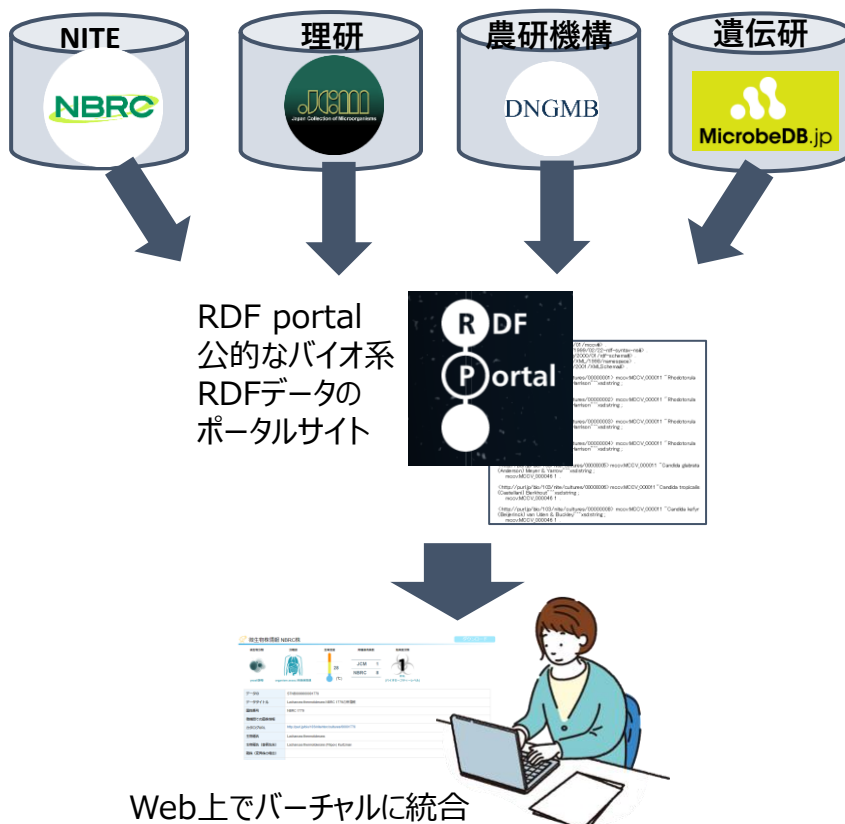
技術開発目標

各機関で共通のRDF形式で生物資源データを記述することで、生物資源データを横断的に検索・閲覧することを可能にする。


2. 達成した成果の概要

- ①生物資源に関する基本的なデータのRDF形式での記載方法についてとりまとめ、各機関が共通のRDF形式で保有する生物資源の情報を記述し、オープンなバイオ系RDFデータのポータルサイトであるRDF portalからデータを公開した。
- ② RDF形式の生物資源データを横断的に検索・閲覧するためのウェブアプリである「DBRP stanza」の開発を行い製品評価技術基盤機構（NITE）の生物資源データプラットフォーム（DBRP）のサブシステムとして公開した。
- ③ 遺伝研の保有するメタゲノムデータとの連携機能として、微生物の生育環境を選択することで、その環境のメタゲノム解析結果から検出される微生物の頻度を属ごとにグラフ表示する機能を追加し公開した。

【具体的成果】



【具体的成果】（つづき）



DBRP STANZA

Strain ID:

Organism Name:

Environment:

Application:

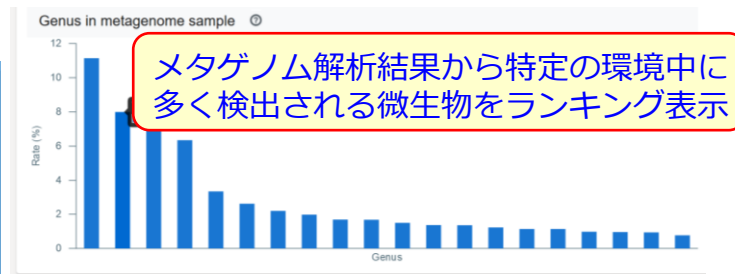
Search [Clear]

Organisms Environment Statistics

Strain List

Showing 1 to 6 of 6 entries

Strain No.	Organism name	Environment	Applications	Type strain	Other collections
NBRC 16916	Saccharomyces	water		No	CDG 7996
NBRC 16917	Saccharomyces	water		No	CDG 7997
NBRC 1997	Saccharomyces cerevisiae	olive mill wastewater		No	ATCC 14058, BCRC 21568, CBS 3982, CCIVPG 0001, MUCJ 38487, NBRC Y-55237, NRRL Y-5878
NBRC 1998	Saccharomyces cerevisiae	olive mill wastewater		No	ATCC 16044, CBS 3381, DRVPG 4002, MUCJ 38486, FARR Y-5879, NBRC Y-52
NBRC 1994	Saccharomyces cerevisiae	olive mill wastewater		No	ATCC 16043, BCRC 21569, CBS 4903, DRVPG 0301, NBRC Y-5677
NBRC 1836	Saccharomyces cerevisiae	olive mill wastewater		No	ATCC 16041, CBS 5378, MUCJ 38488, NBRC Y-52056



Search result by Genus: Tenacibaculum

Showing 1 to 20 of 21 entries

Strain ID	Organism name	
NBRC 112903	Tenacibaculum aestuarivum	
NBRC 16310	Tenacibaculum amyolyticum	
NBRC 111225	Tenacibaculum ascidiaceticola	KCTC 42702
NBRC 112382	Tenacibaculum hallots	KCTC 52419
NBRC 112783	Tenacibaculum insulae	KCTC 52749
NBRC 110778	Tenacibaculum maritimum	ATCC 43398, CCUG 35198, CIP 103528, LMG 11612, NCIMB 2154
NBRC 15991	Tenacibaculum maritimum	CIP 103530, LMG 13038, NCIMB 2158

ランキングの微生物と同属のNBRC株を一覧表示

3. 社会実装の展望と波及効果

想定されるユーザー（成果の受け渡し先）と活用方向

生物資源を利用して研究や製品開発を行う国内の研究機関、バイオ系企業等がDBRPstanzaを用いて検索を行う。検索結果として得られる各機関の生物資源から選択して、生物資源を利用する。

社会実装の実績

DBRPstanzaはNITEで提供している生物資源データプラットフォームDBRPのサブシステムとして運用を行っている。（<https://www.nite.go.jp/nbrc/dbrp/dbrpstanza/top.html>）2024年3月現在、NITE NBRC、理研JCM、遺伝研（メタゲノム）、農研機構ジーンバンクのデータを統合的に検索できる。

今後の発展可能性と期待される波及効果

国内の生物資源を提供する他機関ともRDFデータの作成によりデータ連携し、横断検索できる範囲を拡大する。国内のユーザーが広範な生物資源を横断的に検索できることで、選択の範囲が広がり、生物資源の利用の拡大を通じてイノベーションが促進される。

研究課題名 : バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築
 実施機関 : 独立行政法人 製品評価技術基盤機構
 問い合わせ先 : (電話番号) 03-3481-1972 (バイオテクノロジーセンター)

セレウス菌グループの同定を支援するアプリケーションcereco

1. 研究の背景と開発目標

研究の背景と必要性

セレウス菌グループは食品の製品開発において検出されることがあるものの、従来の遺伝子による判別方法では同定が困難な場合がある。また、セレウス菌グループには危害菌が含まれるため、企業間で同定方法や技術の共有が進みにくい現状がある。

技術開発目標

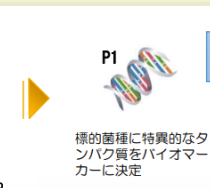
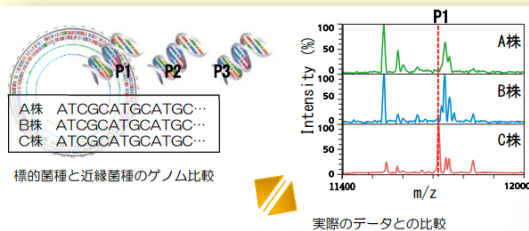
質量分析計の計測結果を用いてセレウス菌の判別を行うツールを通じて企業とのデータ連携の仕組みについて検討する。ツールの開発及び利用を通じて企業の保有する前競争領域データの活用につなげるための方策を検討する。

2. 達成した成果の概要

食品・飲料関連企業からのニーズがある質量分析計（MALDI-TOF MS）によるセレウス菌グループの迅速判別を支援するためのツールを製品評価技術基盤機構（NITE）において開発した。これを用いて食品企業を対象にデモとヒアリングを実施し、利用を希望した企業に各社で測定したデータに対して活用されている。

【具体的成果】

～質量分析計による微生物同定法の一つであるバイオマーカー法～



セレウス菌に特徴的なリボソームタンパク質を特定し、MALDI-TOF MSを用いた識別に利用できることを発見
(特許6917019：NITEとマルハニチロの共同開発)

セレウス菌グループ18種についてMALDI-TOF MSを用いた微生物識別法を確立（NITE）

**ツール化
(cereco)**

マーカータンパク質の抽出

ファイルの選択 ファイルが選択されていません

測定値は小数点第2位を四捨五入した数値で計算されます

解析アプリケーション Biolyser/SARAMIS Xevo その他

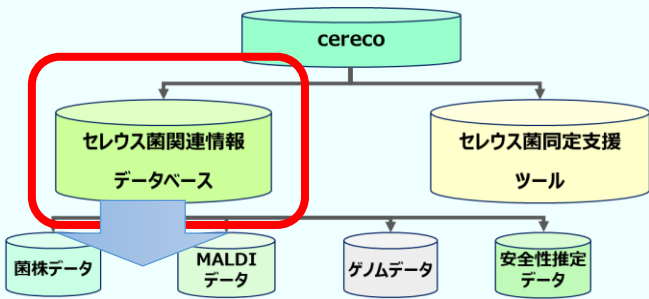
分子誤差量 ± m/z

	Genome ID	L33-1	L33-2	L33-3	L30	L29	S18	L31 typeB	S20	S16	S15	L23	S6	L22	S13	protein X(P1)	protein Y(P2)	protein Z(P3)
測定値																		
測定値																		
B. cereus NBRC13305T		585.8	642.6	776.1	862.3			918.3	921.6	996.5	1042.9	1114.1	1130.9	1235.7	1367.8			960.0
B. albus NBRC 113917T	5720.7	585.8	599.0	642.6	776.1	862.3		918.3	921.6	996.5	1042.9	1114.1	1129.0	1235.7	1367.8			954.0
B. thuringiensis ATCC 10972	CM000745	585.8		643.6	776.0	862.3		9157.3	9226.5	9986.5	10429.0	11141.1	11284.9	12355.7	13661.8			
B. toyonensis BCT-7112	NC_022781	585.8		643.6	776.1	869.3		9157.3	9210.6	9986.5	10429.0	11141.1	11284.9	12355.7	13592.7			9594.0
B. mitralis/duocens NBRC 113921T		585.8		643.6	776.1	869.3		9156.3	9210.6	9986.5	10429.0	11086.0	11300.9	12355.7	13675.8			9606.0
B. paramyoides NBRC 113922T		585.8		643.6	776.1	869.3		9156.3	9210.6	9986.5	10429.0	11071.9	11284.9	12355.7	13675.8			
B. proteolyticus NBRC 113920T		585.8		643.6	776.1	869.3		9156.3	9210.6	9986.5	10429.0	11086.0	11300.9	12355.7	13675.8			9579.0
B. mycoides ATCC 4462	CP009692	585.8		642.6	771.0	869.3		9156.3	9270.6	9971.6	10429.0	11086.0	11300.9	12363.8	13661.8			5410.0
																		5525.0

※特許6917019

MALDI-TOF MSを用いるパチルス・セレウス種及びその近縁種の識別及び／または同定方法 NITE、マルハニチロ

【具体的成果】（つづき）



セレウス菌グループのタイプ株についての、

- 同等株情報
- 16S rRNA 配列
- ゲノム配列（Complete, WGS）
- MALDI-MSデータ
- 安全性推定（MiFuP Safety）

情報を集約

セレウス類縁菌25種のタイプ株についての情報を集約

データID	菌株名	分類	ゲノム	MALDIデータ	MiFuP Safetyデータ
STCE00000000000001	Bacillus albus N35-10-2	Sediment, China	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000002	Bacillus anthracis Vollum	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000003	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000004	Bacillus cytotoxicus NVH 391-98	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000005	Bacillus fungorum 17-SMS-01	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000006	Bacillus hominis RMI-RC059	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000007	Bacillus pasteurii	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000008	Bacillus pumilus	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000009	Bacillus subtilis	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000010	Bacillus thuringiensis	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000011	Bacillus toyonensis	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000012	Bacillus weizmannii	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000013	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000014	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000015	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000016	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000017	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000018	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000019	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000020	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000021	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000022	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000023	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000024	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000025	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000026	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000027	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000028	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000029	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000030	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000031	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000032	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000033	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000034	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000035	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000036	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000037	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000038	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000039	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000040	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000041	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000042	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000043	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000044	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000045	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000046	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000047	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000048	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000049	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000050	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000051	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000052	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000053	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000054	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000055	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000056	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000057	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000058	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000059	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000060	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000061	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000062	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000063	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000064	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000065	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000066	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000067	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000068	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000069	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000070	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000071	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000072	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000073	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000074	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000075	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000076	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000077	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000078	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000079	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000080	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000081	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000082	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000083	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000084	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000085	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000086	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000087	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000088	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000089	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000090	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000091	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000092	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000093	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000094	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000095	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000096	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000097	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000098	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000099	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence
STCE00000000000100	Bacillus cereus ATCC 14579	France	16S	WGS	complete sequence

3. 社会実装の展望と波及効果

想定されるユーザー（成果の受け渡し先）と活用方向

食品関連企業や食品関連の検査受託企業が、品質管理や製品開発等で得られたサンプルに対してセレウス菌グループの同定を行うために利用する。

社会実装の実績

2023年7月にcerecoを正式に公開し、アカウント利用申請の受付を開始した。2023年8月からシンポジウム等で紹介し、cerecoの利用を呼びかけている。2024年2月現在で10社が品質管理や製品開発でのセレウス菌グループの同定を想定してcerecoを利用している。

今後の発展可能性と期待される波及効果

さらに食品企業を中心にcerecoの利用を拡大するとともに、より使いやすいように利用手引きの作成や利用アドバイスを行う。セレウス菌グループの同定を支援することで品質管理や製品開発におけるリスクを未然に防止する。

研究課題名 : バイオ・デジタルデータ統合流通基盤の構築
 実施機関 : 独立行政法人 製品評価技術基盤機構
 問い合わせ先 : (電話番号) 03-3481-1972 (バイオテクノロジーセンター)