H-DBAS：ヒトの選択的スプライシングデータベース

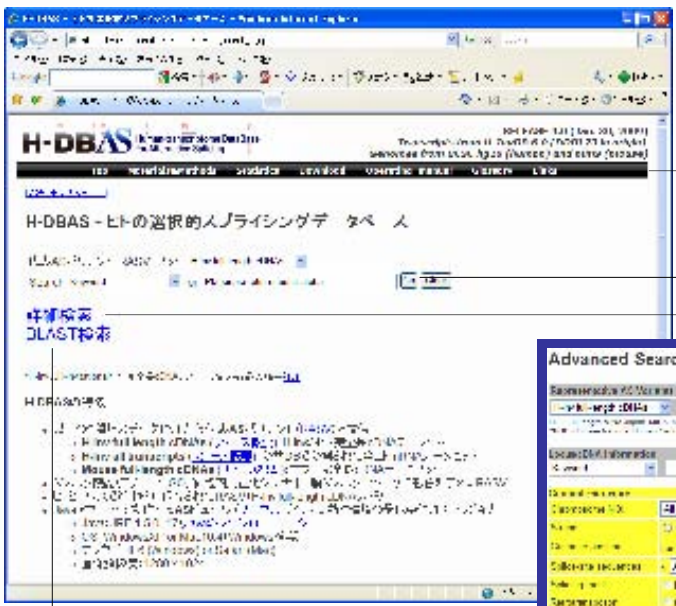
H-DBAS: Human-transcriptome DataBase for Alternative Splicing

○武田淳一(1, 2)、鈴木穣(2)、今西規(1)、菅野純夫(2)、五條堀孝(1, 3)

[1]産総研　バイオメディシナル情報研究センター、[2]東大　新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻、[3]遺伝研　生命情報・DDBJ研究センター

H-DBAS(Human-transcriptome DataBase for Alternative Splicing)はヒト選択的スプライシングの解析に特化したデータベースである。H-InvDBのサテライトデータベースでもあり、オリジナルデータはH-InvDBに登録されているものを用いている。H-DBAS独自のデータ特徴として、1)不完全長転写物候補の除去、2)RASV(Representative Alternative Splicing Variant)の定義によるバリアント冗長性の排除、3)タンパク機能に影響を与えるRASVの同定、4)比較ゲノム解析によるマウスと保存されたRASVの同定が挙げられる。H-DBASにはゲノム情報・タンパク機能情報・AS情報から絞り込みを行う詳細検索画面と、配列情報からRASVとの相同性判定を行うBLAST検索画面がある。また、Javaアプレットで動作するビューワもあり、遺伝子座単位でのRASVの構造図やマウスとのゲノムアラインメント結果が表示される。
H-DBASへは、http://h-invitational.jp/h-dbas/からアクセスできる。

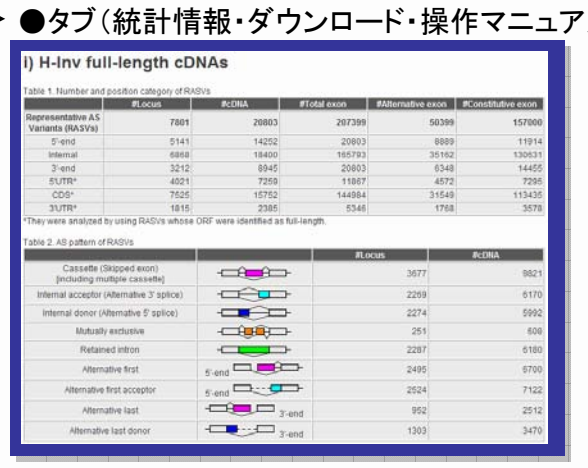
●トップページ(デフォルトは英語版)



○参考文献
バイオデータベースとソフトウェア最前線：第2章RNA 1. 完全長cDNAデータベース
実験医学増刊 Vol.26 No.7 P.90 (1056) – 95 (1061) 2008

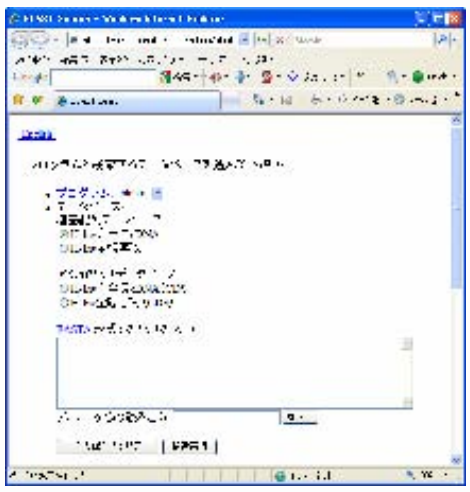
＊質問・要望等がありましたら、j-takeda@aist.go.jpまでご連絡下さい

●タブ(統計情報・ダウンロード・操作マニュアルなど)

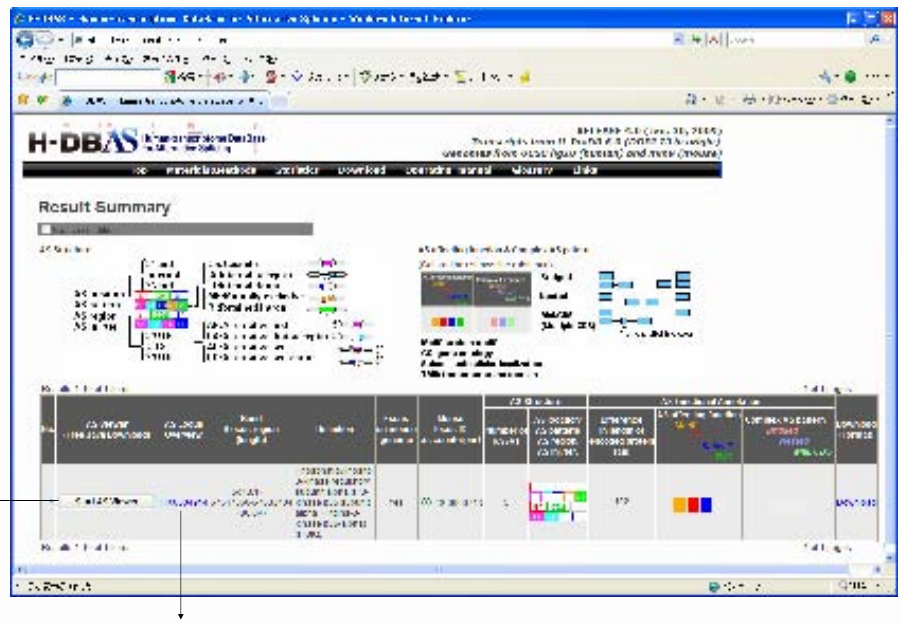


●詳細検索

●BLAST検索



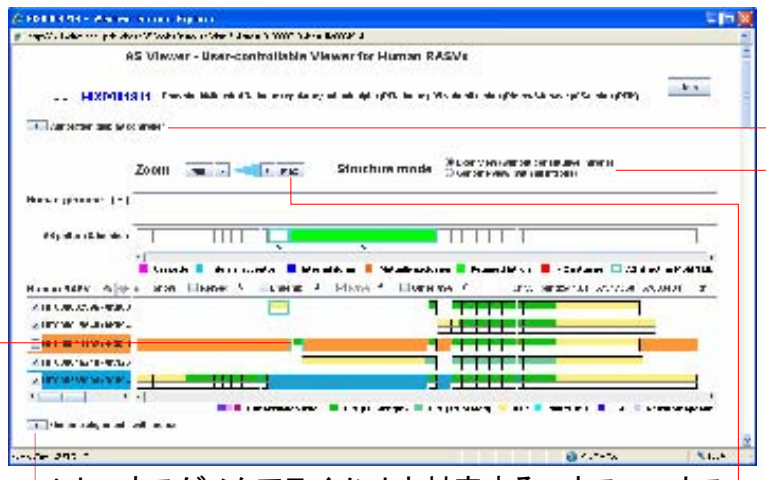
●結果概要(ローカス単位)



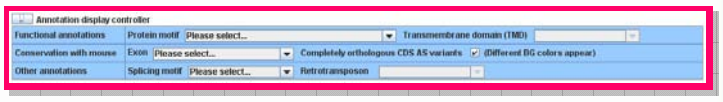
●ローカス概観(代表ASバリアント[RASV]の詳細情報)　省略

エクソン情報
(ダイアログ)

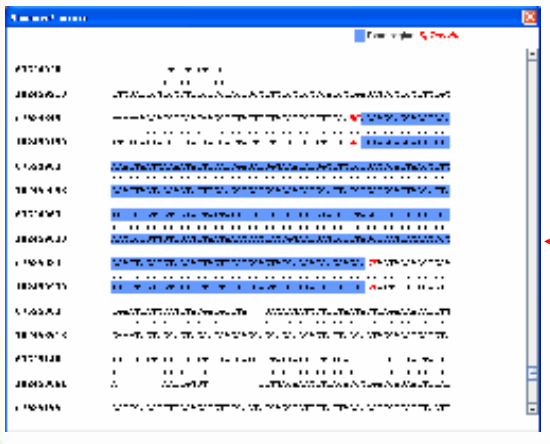
●ASビューワ(Javaアプレット)



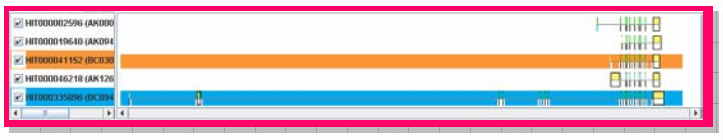
各種アノテーション表示コントローラ
(デフォルトは非表示)



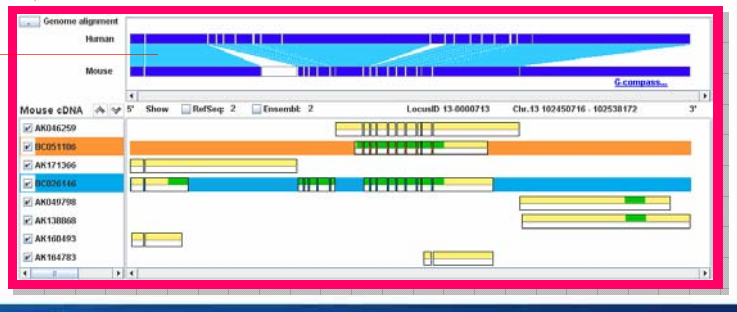
ゲノムアライメント配列
(ダイアログ)



実際のゲノム構造図
(デフォルトは構成的イントロンを除去した構造図)



ヒトマウスゲノムアライメントと対応するマウスローカス
(デフォルトは非表示)。背景色のあるcDNAは保存AS



拡大して塩基配列・アミノ酸配列まで表示可能

産業技術総合研究所　バイオメディシナル情報研究センター(BIRC)　分子システム情報統合チーム(IDB)
〒135-0064 東京都江東区青海2-42 産総研　臨海副都心センター別館　バイオ・IT融合研究棟7階　http://unit.aist.go.jp/birc2/idb/