

統合遺伝子検索GGRNA

(<http://GGRNA.dbcls.jp/>)

○ 統合遺伝子検索GGRNAとは

さまざまなキーワードから遺伝子を簡単に検索し、眺めることができる遺伝子検索エンジンです。塩基配列やアミノ酸配列から高速に遺伝子を検索することもできます。



GGRNA トップページ



GGRNA による検索例

○ 統合遺伝子検索GGRNAの特徴

- ・NCBI RefSeq に登録された転写産物の情報を高速に全文検索します。遺伝子名や各種 ID、タンパクの機能など、どのようなキーワードからでも簡単に遺伝子を検索できます。
- ・塩基配列の検索では、N, R, Y などのあいまいな塩基を含むパターンも検索できます。
- ・ヒト、マウス、ラット、ニワトリ、ツメガエル、ゼブラフィッシュ、ホヤ、ショウジョウバエ、線虫、イネ、シロイヌナズナ、出芽酵母、分裂酵母を含め、RefSeq に収録されている全ての生物種に対応しています。

○ 利用例

- ・ある遺伝子について調べたくなったら、まずは GGRNA で検索。
- ・論文の図中に登場する塩基配列・アミノ酸配列から即座に遺伝子を検索。たとえば PCR のプライマー、プローブ、siRNA の配列を検索して標的遺伝子と位置をチェック。
- ・マイクロアレイのプローブ ID を塩基配列に変換して遺伝子を検索。
- ・短いアミノ酸配列のモチーフを検索。

○ 参考文献

- ・Naito Y, Bono H. GGRNA: an ultrafast, transcript-oriented search engine for genes and transcripts. *Nucleic Acids Res.* **40**, W592-W596 (2012).
- ・内藤雄樹・坊農秀雅「統合遺伝子検索 GGRNA : 遺伝子を Google のように検索できるウェブサーバ」ライフサイエンス 新着論文レビュー (2012年5月28日).

○ ご質問やご意見はこちらまで

info@dbcls.rois.ac.jp

(2013年11月現在 ver.3)

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター
〒113-0032 東京都文京区弥生 2-11-16 東京大学工学部 12 号館 TEL: 03-5841-6754(代表) FAX: 03-5841-8090(代表)

本サービスは、文部科学省委託研究開発事業「統合データベースプロジェクト」の成果をもとに、JST ライフサイエンスデータベース統合推進事業『基盤技術開発プログラム』として実施しています。