

エキスパートがキュレートした tRNA データベース

(<http://trna.nagahama-i-bio.ac.jp>)

tRNADB-CE: tRNA gene database curated manually by experts

Takashi Abe¹, Toshihichi Ikemura¹, Junichi Sugahara², Akio Kanao², Yasuo Ohara¹, Hiroshi Uehara¹, Makoto Kinouchi³, Shigetaka Kanaya⁴, Yuko Yamada⁵, Akira Mito⁶, Hachiro Inouchi¹

¹ Nagahama Inst. of Bio-Sci. and Tech. ² Keio Univ. ³ Yamagata Univ. ⁴ NAIST ⁵ Hirozaki Univ.

Top | Keyword | BLAST | Download | HOW TO USE

Introduction

The tRNA Gene DataBase Curated by Experts "tRNADB-CE" was constructed by analyzing 737 complete and 616 draft genomes of Bacteria and Archaea and approximately 17 million DNA sequence entries that originated from environmental metagenomic clones. This exhaustive search for tRNA genes from DDBJ/EMBL/GenBank was performed by running **tRNAscan-SE**, a computer program widely used for tRNA gene searches, in combination with **ARAGORN** and **tRNAfinder**, to enhance completeness and accuracy of the prediction. Discordance of assignment by these three programs was found for approximately 4% of the total of tRNA gene candidates. These discordant cases were manually checked by experts in the tRNA experimental field.

The 171,152 tRNA genes in total (42,611, 33,387 and 95,154 genes from complete genomes, draft genomes, and metagenomes, respectively) were registered in the present database, and sequence information, clover-leaf structure, and results of similarity search among tRNA genes can be browsed. For each of the completely sequenced genome, the number of anticodon and the codon usage frequency and the positioning of individual tRNA genes in each genome along with those of neighboring tRNA genes can be browsed. In the database, users can conduct various sequence analyses including sequence similarity search and oligonucleotide pattern search. This

- **tRNA データベース“tRNADB-CE”** とは
エキスパートが精査を加えた世界的にもっとも精度の高い tRNA 遺伝子データベースで、シニア世代研究者の専門知識の活用と次世代への知識継承のひとつのモデルケースとして長浜バイオ大学で行っている取り組みの産物です。具体的には、既存の複数の tRNA 遺伝子検索プログラムを用いて塩基配列の解読されたほぼすべての原核生物ゲノムから tRNA 遺伝子の網羅的検索を行い、プログラム間で相違のあるケースではエキスパートがマニュアルにより精査しています。

○ tRNA データベース“tRNADB-CE”の特徴

- これまでに **約 17 万件の tRNA 遺伝子**を収録した、世界的にもっとも精度の高い tRNA 遺伝子データベースです。
- バクテリアの 737 の完全長ゲノムや 616 のドラフトゲノム、約 1700 万の環境由来 DNA 配列を対象に、tRNA 遺伝子の網羅的な探索を行って構築しました。
- 古細菌ゲノム tRNA 遺伝子データベース SPLITSdb (<http://splits.iab.keio.ac.jp/splitsdb/>) と連携し、151 のウイルス・ファージゲノムについても tRNA 遺伝子の探索を行っています。
- tRNA 遺伝子の探索には 3 種の予測プログラム (tRNAscan-SE, Aragorn, tRNAfinder) を併用し、予測結果が一致しない場合には**エキスパートによる精査 (キュレーション)**を行っています。
- **生物種ごとにコドン使用頻度と tRNA 遺伝子数との関係**を閲覧することができ、メジャー isoaccepting tRNA が解読するコドン(適合コドン)やマイナー tRNA が解読するコドン (不適合コドン) が調べられます。
- インターネットを最大限に活用して自宅にいながらにして研究に参加できる「**遠隔研究実施システム**」を構築・利用しています。

○ 今後の予定

- メタゲノムから見いだされる新規(奇)な tRNA 遺伝子の発見・追加、植物ゲノム (イネ) について、tRNA 遺伝子に関するデータの拡充を進めていきます。
- 若手研究者が情報科学的な手法によって網羅的な探索を行い、実験系のシニア世代研究者がこれを精査することで、エキスパートのもつ高度な専門知識を次世代に継承することをめざします。

○ ご質問やご意見はこちらまで trna@nagahama-i-bio.ac.jp

参考) Abe, T., et al., (2009). tRNADB-CE: tRNA gene database curated manually by experts. *Nucl. Acids Res.* 2009 37: D159-D162

(2010 年 2 月現在 ver.2)

長浜バイオ大学 生体分子情報学研究室 (池村研究室)

〒526-0829 滋賀県長浜市田村町 1266 TEL 0749-64-8100(内線 425) FAX 0749-64-8126