

新規RNA遺伝子発見を支援する機能性RNAデータベースの開発

光山統泰¹、服部恵美²、山田浩一郎²、小野幸輝²、吉澤亜耶³、沖田弘明³、寺井悟朗³、浅井潔^{1,4}

(¹産総研 生命情報工学、²情報数理研究所、³インテックシステム研究所、⁴東大 新領域)

研究の概要

ギガシーケンサーを用いたRNA転写産物の網羅的解析が広く行われている。転写産物の網羅的解析には、既知RNA配列との照合によるアノテーション作業や、ゲノム配列へのマッピングによる遺伝子座の同定作業が不可欠である。我々は、このような大規模RNA転写産物解析を支援するために、RNA配列情報に特化したデータベースである「機能性RNAデータベース」を構築した。機能性RNAデータベースは、配列DB「fRNAdb」とゲノムブラウザ「UCSC GenomeBrowser for Functional RNA」によって構成される。

機能性RNA配列データベース fRNAdb

既知RNA配列と予測RNA配列、ディープシーケンシング配列を網羅的に集積したデータベース



シンプルで使いやすいインターフェース



検索窓 submit

キーワード検索

配列には様々な情報が関連付けられていて、疾患、組織、文献情報、配列長、ゲノムの位置などをキーワードにした検索が可能。データマイニング的な使い方でも目的RNA抽出に使える。

配列の長さで検索

100:200[len]

~100塩基から200塩基まで

生物種で絞り込む

human[org]

~human由来の配列を検索

関連文献のタイトル/要旨から検索

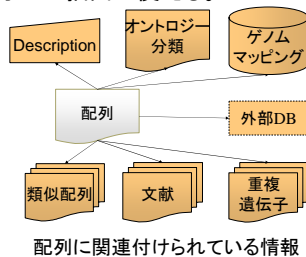
cancer[tiab]

~cancerを関連文献タイトルに含む

ゲノムの位置から検索

"hg18 chr17.q25.1"[map]

~ヒトゲノム(hg18)17番染色体のq25.1にマップされる



"ES cell"[tiab]

~ES cellを関連文献タイトルに含む

同源性検索

BLASTNによる同源性検索サービスを提供している。クエリー配列の長さに応じて最適な検索パラメータが自動決定される。ユーザーによる介入も可能。



機能性RNAゲノムブラウザ

機能性RNAに特化したトラック追加と機能拡張を施したゲノムブラウザ。fRNAdbに登録された配列のゲノムへのマッピング情報だけでなく、様々な非コード因子のゲノム位置を示すトラックを掲載している。



UCSC GenomeBrowser for Functional RNA

独自追加トラック: 56

独自追加テーブル数: 117

対応する生物種: ヒト、マウス、ラット、ハエ、カイコ、線虫(2種)

ヒトゲノムの独自追加トラックに登録された因子の数

予測ncRNA	107,707
マイクロRNA関連	2,325,800
その他のゲノム因子	182,638

RNAに特化した機能拡張

二次構造予測機能

任意の場所でConservationトラックをクリックすると、保存された二次構造を予測し、結果をアラインメントと図で表示する。予測は両ストランドに対して行われる。比較ゲノムの設定によって、予測に使用する生物種のゲノムを選択可能。



イデオグラム作成

テーブルブラウザを介して、任意のゲノム因子の全ゲノムにおける位置的分布を視覚化するためのイデオグラムを作成することができる。



秘匿トラック

ユーザー認証によってユーザーごとに秘匿トラックを持つことが可能。未公開情報の取り扱いに有用で、ゲノムブラウザを用いた共同研究に威力を発揮する(共同研究者のみ)。

参考文献

Mituyama T, Yamada K, Hattori E, Okida H, Ono Y, Terai G, Yoshizawa A, Komori T, Asai K.
The Functional RNA Database 3.0: databases to support mining and annotation of functional RNAs.
Nucleic Acids Res, 2008 Oct, Epub 2008 Oct