

## H-DBAS: ヒトの選択的スプライシングデータベース

武田 淳一<sup>1,2</sup>, 鈴木 穰<sup>2</sup>, 今西 規<sup>1</sup>, 菅野 純夫<sup>2</sup>, 五條堀 孝<sup>1,3</sup> (1産総研・バイオメディカ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

Jun-ichi Takeda<sup>1,2</sup>, Yutaka Suzuki<sup>2</sup>, Tadashi Imanishi<sup>1</sup>, Sumio Sugano<sup>2</sup>, Takashi Gojobori<sup>1,3</sup> (1BIRC,AIST, 2Department of Medical Genome Sciences, Graduate School of Frontier Sciences, the University of Tokyo, 3Center for Information Biology and DDBJ, National Institute of Genetics)

H-DBAS (Human-transcriptome DataBase for Alternative Splicing) は、ヒトの選択的スプライシングのデータベースです。H-Invitational 会議でアノテーションされた 65,158 のヒト完全長 cDNA のうち、20,803 の RASV (代表選択的スプライシングバリエント) を同定し、登録しています。タンパク機能に影響を与えるヒトの選択的スプライシングや、比較ゲノム解析によってヒトとマウスで保存された選択スプライシングなどを検索し、専用のビューワからゲノム構造を表示することが可能です。また、2009年9月より、新たに RNA-Seq 解析のデータを公開しました。ヒト DLD-1 細胞の細胞質、核およびポリソームの各分画より Illumina GA でシークエンスされた合計約 1 億 5 千万のショートリード (RNA-Seq タグ) を用い、RefSeq のユニークな選択的スプライシングジャンクションで特異的に発現する分画を調べました。その結果、254 のユニークな選択的スプライシングジャンクションが核で特異的に、299 のユニークな選択的スプライシングジャンクションがポリソームで特異的に発現し、そのジャンクションを持つ RefSeq が DLD-1 細胞内でそれぞれ翻訳されない (核にあるため)・翻訳される (ポリソームにあるため) ということが分かりました。これらの結果は、<http://h-invitational.jp/h-dbas/> の URL で公開しています。

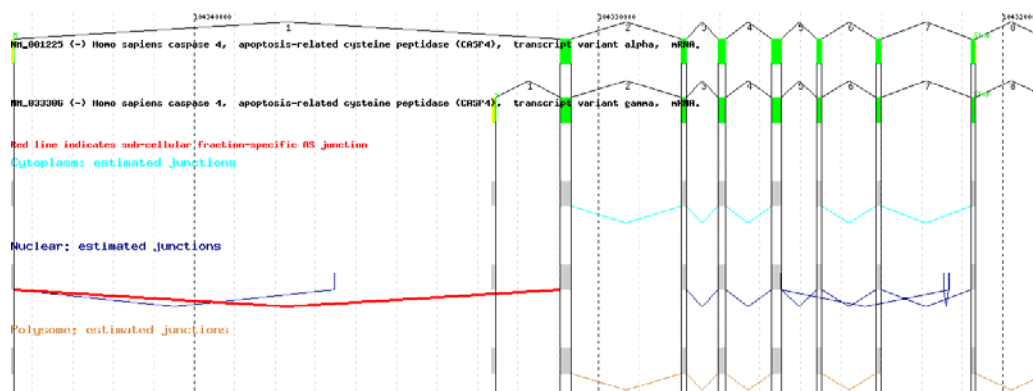


図 核 (Nucleus) で特異的に発現される選択的スプライシングのジャンクション (赤線)

#### 参考文献

- 1) Takeda, J. et al. (2009) H-DBAS: human-transcriptome database for alternative splicing: update 2010. *Nucleic Acids Res.*, in press.
- 2) Takeda, J. et al. (2008) Low conservation and species-specific evolution of alternative splicing in humans and mice: comparative genomics analysis using well-annotated full-length cDNAs. *Nucleic Acids Res.*, **36** (20), 6386-6395.
- 3) Takeda, J. et al. (2007) H-DBAS: Alternative splicing database of completely sequenced and manually annotated full-length cDNAs based on H-Invitational. *Nucleic Acids Res.*, **35** (Database issue), D104-D109
- 4) Takeda, J. et al. (2006) Large-scale identification and characterization of alternative splicing variants of human gene transcripts using 56,419 completely sequenced and manually annotated full-length cDNAs. *Nucleic Acids Res.*, **34** (14), 3917-3928.