

**H-InvDB: 統合的ヒト遺伝子アノテーションデータベース**

山崎 千里<sup>1</sup>, 村上 勝彦<sup>2</sup>, 武田 淳一<sup>1</sup>, 野田 彰子<sup>1</sup>, 坂手 龍一<sup>1</sup>, 羽原 拓哉<sup>1</sup>, 小川 誠<sup>2,3</sup>,  
松矢 明宏<sup>2,4</sup>, 今西 規<sup>1</sup>, 五條 堀 孝<sup>1,5</sup> (<sup>1</sup>産総研・バイオメディカル情報研究センター, <sup>2</sup>バイオ産業情報化コンソーシアム, <sup>3</sup>株式会社ダイナコム, <sup>4</sup>日立公共システムエンジニアリング(株), <sup>5</sup>遺伝研 生命情報・DDBJ研究センター)

**H-InvDB: a comprehensive annotation resource for human genes and transcripts**

Chisato Yamasaki<sup>1</sup>, Katsuhiko Murakami<sup>2</sup>, Jun-ichi Takeda<sup>1</sup>, Noda Akiko<sup>1</sup>, Ryuichi Sakate<sup>1</sup>, Takuya Habara<sup>1</sup>, Makoto Ogawa<sup>2,3</sup>, Akihiro Matsuya<sup>2,4</sup>, Tadashi Imanishi<sup>1</sup>, Takashi Gojobori<sup>1,5</sup> (<sup>1</sup>BIRC, AIST, <sup>2</sup>JBiC, <sup>3</sup>DYNACOM Co., Ltd., <sup>4</sup>Hitach GP, <sup>5</sup>CIB-DDBJ, NIG)

H-Invitational Database (H-InvDB) はヒトの遺伝子と転写産物を対象とした統合データベースです。ヒトのすべての転写産物の配列をあらゆる手法で解析することにより、ヒト遺伝子の構造、選択的スプライシング変異体、機能性 RNA、タンパク質としての機能、機能ドメイン、細胞内局在、代謝経路、立体構造、疾病との関連、遺伝子多型(SNP、マイクロサテライト等)、遺伝子発現プロファイル、分子進化的特徴、タンパク質相互作用、遺伝子ファミリー などの精査されたアノテーション(注釈付け)情報を提供しています。H-InvDBはH-Invitationalヒト完全長 cDNA アノテーションプロジェクトで確立したヒト完全長 cDNA 配列のアノテーション技術を基礎として、ゲノム情報統合プロジェクト(2005-2008)、経済産業省統合データベースプロジェクト(2008-)の主要データベースとして、構築・更新されています。

2004年4月20日の一般公開開始以来、5年以上が経過しました。この5年間に H-InvDB release 1.0, 2.0, 3.0, 4.0, 5.0, 6.0 の6回のメジャーリリースを公開し、Evola(分子進化アノテーション), PPI view(ヒトタンパク質間相互作用), Gene family/group(遺伝子ファミリー)などのサブデータベースを新規に公開するなど、精査されたアノテーション情報の追加を行ってきました。最新の H-InvDB release 6 では、合計 219,765 本のヒト mRNA 配列をヒトゲノム(NCBI b36)上にマップし、43,159 のヒト遺伝子クラスター(遺伝子座)を定義したアノテーション結果を、<http://www.h-invitational.jp>より公開しています。なお、H-InvDB のデータをプログラムから利用することができる web サービスや、遺伝子構造・機能・発現・進化など 16 のコンテンツの任意の組み合わせで複合検索ができる検索ナビゲーションシステムも提供しており、さまざまな研究ニーズに対応しています。



図 H-InvDB トップページ [[http://h-invitational.jp/hinv/ahg-db/index\\_ja.jsp](http://h-invitational.jp/hinv/ahg-db/index_ja.jsp)]

## 参考文献

- 1) H-InvDB in 2009, extended database and data mining resources for human genes and transcripts. Yamasaki C, Murakami K, et al. (2010) *Nucleic Acids Research* 38 (Database Issue) (in press).
- 2) The H-Invitational Database (H-InvDB), a comprehensive annotation resource for human genes and transcripts. Yamasaki C, Murakami K, et al. (2008) *Nucleic Acids Research* 36, Database issue D793-D799.
- 3) Integrative Annotation of 21,037 Human Genes Validated by Full-Length cDNA Clones. T. Imanishi et al. (2004) *PLoS Biology* 2 (6), 856-875.