

TACT: 統合的自動アノテーションシステム

[\[http://h-invitational.jp/tact/index_jp.html\]](http://h-invitational.jp/tact/index_jp.html)

Transcriptome Auto-annotation Conducting Tool (TACT)は 相同性検索、ORF 予測、モチーフ検索解析を統合し、真核生物遺伝子の機能を自動予測できる統合的自動アノテーションシステムです。H-Invitational プロジェクトの一環として開発され、ヒト遺伝子アノテーション統合データベース H-Invitational Database (H-InvDB)の構築・発展に貢献しています。

TACT は、3つのメイン画面(トップページ、Data submission、Annotation view)から構成される web ベースの解析システムです。FASTA ファイル、DDBJ 形式、塩基配列 ID のいずれかの形式で、塩基配列データを入力することにより、(1)リピート配列マスク、(2)タンパク質データベース(UniProt および RefSeq)に対する相同性検索(FASTY、BLASTX)、(3)独自に開発したタンパク質コード領域の予測、(4)タンパク質としての機能予測、(5)モチーフ検索(InterProScan)、(6)自動遺伝子機能予測プログラムを実行し、解析結果をブラウザで表示することができます。解析画面の URL は解析完了時に TACT システムからメールで連絡します。

TACT は 2006 年 7 月 1 日より一般に公開し、定期的なデータ更新を行っています。最新の TACT 1.9.2 では、日本語および英語のインターフェースと 42 種のモデル生物の専用解析用オプションを提供しています。

The screenshot shows the TACT web interface. At the top, there is a navigation bar with 'Help', 'Home', and 'Contact us' links. Below the navigation bar, the main content area is titled '塩基配列クエリのTACTアノテーション実行'. It contains two numbered instructions: 1. '下記入力方法のいずれかに従って、クエリデータを入力してください' (Follow one of the following input methods to enter query data) and 2. 'クエリ送信'ボタンを押してSubmit view画面にお進みください (Press the 'Query Submission' button to proceed to the Submit view screen). Below the instructions is a form with three radio buttons: 'FASTA/Multi-FASTA 形式ファイルのCopy&Paste' (selected), 'ファイルアップロード', and 'DDBJ/EMBL/GenBank accession number'. To the right of the form is a text area containing '>ID 1', 'SEQUENCE 1', '>ID 2', and 'SEQUENCE 2'. Below the form are buttons for 'クエリ送信' and 'クリア'. At the bottom of the form, there are two asterisked notes: '* TACTに投入できるクエリ配列の最大長は30,000 bpです。' and '* TACTに投入できるマルチFASTAの数は最大で10です。'.

図 TACT トップページ [\[http://h-invitational.jp/tact/index_jp.html\]](http://h-invitational.jp/tact/index_jp.html)

参考文献

"TACT: Transcriptome Auto-annotation Conducting Tool of H-InvDB"

Yamasaki C. et al. Nucleic Acids Research 34 (Web Server issue) W345-W349.