

Hyperlink management system

<http://biodb.jp/>

無料

「リンク自動管理システム (Hyperlink Management System, HMS)」は、生命科学分野の多数のデータベース間のリンクを自動で更新・管理するための仕組みです。遺伝子やタンパク質等の情報を対象として、データ識別子 (ID) の対応表を毎日自動で更新しており、各データベースの各データへのリンクに必要な URL の情報を、1 億個以上持っています。データベースやホームページを作成する際に、本サイトで提供している CGI を呼び出すことによって、簡単に「切れないリンク」を設定することができます。

リンク記述方法

※詳しくはヘルプページをご参照下さい

[http://biodb.jp/hfs.cgi?id=\[ID\]&type=\[ID Type\]&db=\[Database name\]](http://biodb.jp/hfs.cgi?id=[ID]&type=[ID Type]&db=[Database name])

The screenshot displays the 'All Database Search' page of the biodb.jp system. It features a navigation bar at the top with six numbered tabs. The main content area includes a search form with a text input for 'Accession Number' containing 'AK096628' and a 'Search' button. Below the search form, there are several columns of database links and their associated IDs, such as 'Homo sapiens IDs', 'HUGO', 'NCBI', 'UniProt', etc. The interface is designed to help users find and manage links between different biological databases.

主な機能

リンク自動管理システムでは主に6種の機能が利用できます。

- ① **全データベース検索**: 全てのデータベースをIDで一括検索できます
- ② **ID一括変換システム**: IDの一括変換ができます
- ③ **ダウンロード**: IDの対応表をダウンロードできます
- ④ **ID識別システム**: データベースのIDを自動識別できます
- ⑤ **データ更新情報**: 各データベースの更新件数が参照できます
- ⑥ **リンク情報**: 各データベースのリンク件数を参照できます

経済産業省統合データベースポータルサイト (MEDALS) に登録されています

MEDALS
METI database portal for life science

MEDALS (METI Database portal for Life Science) は、経済産業省のライフサイエンス関連プロジェクトの成果であるデータベース、解析ツールの情報を整理したポータルサイトです。リンク自動管理システムは、主要なMEDALSツールとして維持・改良を続けています。 <http://medals.jp/>

H-InvDB ヒト遺伝子統合データベース [hinv.jp]

H-InvDB (<http://www.h-invitational.jp/>) 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バリエーション、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のサテライトデータベースおよびツール群

H-InvDB は、専門的なアノテーション情報を提供する 7 つのサテライトデータベース、2 つの独自開発のアノテーションツールおよびウェブサービス提供しています。



LEGENDA [疾患情報テキストマイニングデータベース]
<http://h-invitational.jp/legenda/>

LEGENDA は文献から機械的に抽出した疾患と遺伝子の関係のデータベースです。PubMed 全体の文献の要旨中で、遺伝子名と疾患名を識別し、用語の共起関係に基いて遺伝子と疾患の関係を網羅的に解析し、公開しています。



H-Exp [ヒト遺伝子発現プロファイルデータベース]
<http://h-invitational.jp/H-Exp/>

ヒト遺伝子の発現プロファイルデータベースです。遺伝子間の発現頻度情報の比較や発現パターンによるソートが可能です。



H-DBAS [選択的スプライシングバリエーションデータベース]
<http://h-invitational.jp/h-dbas/>

H-InvDBの各遺伝子座に存在する同一エクソン構造を持つ複数のASバリエーションから選抜した「代表ASバリエーション (RASV)」を定義し機能情報を付与することで、膨大なAS情報を体系的にまとめています。



DNAProbeLocator [マイクロアレイプローブデータベース]
<http://h-invitational.jp/DNAProbeLocator/>

アフィニティ、アジレント、ならびにDNAチップ研究所から提供された多様なプラットフォームのマイクロアレイプローブ配列すべてを、完全長cDNA配列に対してマッピングした結果を格納しています。



VarySysDB [注釈付けられたヒト多型情報のデータベース]
<http://h-invitational.jp/varygene/>

転写領域やスプライス・サイト上の一塩基多型、挿入欠失多型、STR多型、単一アミノ酸多型、構造多型、連鎖不平衡領域について、H-InvDBの転写産物と機能ドメインに関連づけて整備して公開しています。



H-InvDBウェブサービス [SOAP & REST APIs]
<http://h-invitational.jp/hinv/hws/doc/>

H-InvDBウェブサービスでは、H-InvDBのデータを利用することができる様々なSOAPおよびREST APIを提供しています。どなたでもH-InvDBウェブサービスを利用したアプリケーションの開発が可能になります。



G-compass [比較ゲノムブラウザ]
<http://h-invitational.jp/g-compass/>

G-compassは独自の比較ゲノム解析にもとづくヒトとチンパンジー、マウス、ラットなどの保存領域を表示する比較ゲノムブラウザです。保存領域に対して配列相同性検索 (BLAT) や遺伝子名検索を行うことができ、ゲノムアラインメントごとに塩基置換率などを表示します。



TACT [統合自動アノテーションツール]
<http://h-invitational.jp/tact/>

TACTはH-InvDBでの自動解析 (相同性検索、ORF予測、モチーフ検索) 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-GOLD (GDBS) [遺伝子多様性データベース公開システム]
<http://h-invitational.jp/gdb/>

ゲノム配列を元に *in silico* でゲノムワイドに検出し、実際に日本人集団において多型性を確認した約3万のマイクロサテライトマーカーの情報を格納したデータベースです。



HEAT [H-InvDB Enrichment Analysis Tool]
<http://hinv.jp/HEAT/>

H-InvDBが持つ豊富なアノテーションを利用し、利用者が指定したヒト遺伝子の集合 (遺伝子リスト) に対して、その特徴を機械的に判定するデータマイニング・ツールです。

H-InvDBのデータベース・ツールについては“クイックガイド”をご参照下さい。

http://hinv.jp/hinv/ahg-db/tools_ja.jsp



メールマガジンにご登録下さい！！

H-InvDBデータベースの活用方法や統計情報、更新情報、ツールやデータの紹介、学会発表・講習会のお知らせなど、様々な情報を発信するメールマガジンを配信しています。是非ご登録下さい。 <http://hinv.jp/hinv/mag/>