

2009年2月6日  
産業技術総合研究所  
つくば

## 平成20年度 第3回講習会

# ヒト遺伝子統合データベースH-InvDBと 経産省統合データベースポータルサイトMEDALSの活用法

### 【プログラム】

1. ヒト遺伝子統合データベースH-InvDBとは(20分)  
産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター 今西 規
2. H-InvDBの活用法(40分)  
産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター 山崎 千里
3. 遺伝子発現データベースH-ANGELとDNAProbeLocatorの活用法(30分)  
産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター 野田 彰子
- (休憩15分) ---
4. 比較ゲノムデータベースEvolaの活用法(30分)  
産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター 坂手 龍一
5. 糖鎖統合データベースの活用法(30分)  
産業技術総合研究所糖鎖医工学研究センター 鹿内 俊秀
6. 経産省統合データベースポータルサイトMEDALSの紹介(30分)  
バイオ産業情報化コンソーシアム 村上 勝彦
7. 質疑応答(15分)

データベースURL: [hinv.jp](http://hinv.jp), [medals.jp](http://medals.jp)



## H-InvDB

経産省プロジェクトの成果のうち  
主にヒトに関連する分子データ  
の実質的統合を行う。

hinv.jp



## MEDALS

経産省プロジェクトの成果物の  
データベース便覧を提供するほか、  
成果物の利用促進のための各種  
サービスを提供する。

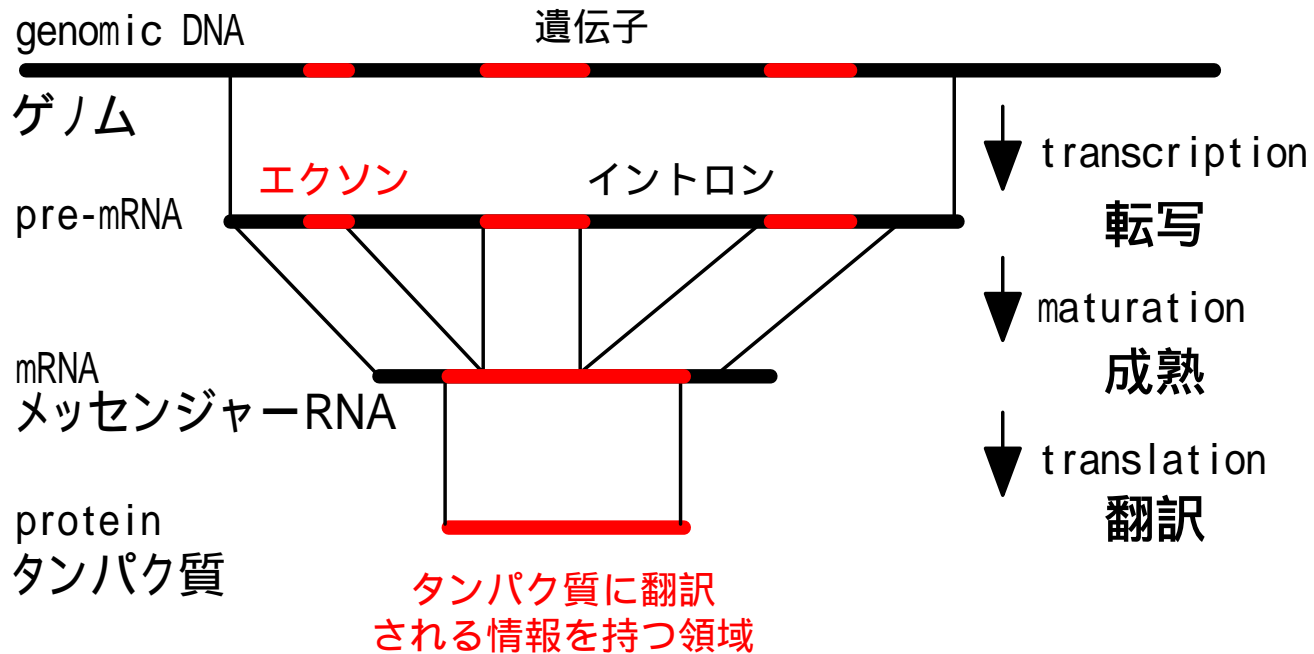
medals.jp

# ヒト遺伝子統合データベース H-InvDBとは

今西 規

産業技術総合研究所 バイオメディシナル情報研究センター  
分子システム情報統合チーム

# 遺伝情報の伝達様式



# 完全長cDNA (FLcDNA)

- 全長の成熟mRNAからクローニングされる。
- FLcDNAsはイントロンを含まない。
- Open reading frames (ORFs)の予測が比較的容易である。
- 選択的スプライシングバリエーションに対応するFLcDNAが入手可能である。

# H-Invitational プロジェクト

ミレニアム  
ゲノム  
プロジェクト

**Human Full-length cDNA Annotation Invitational (H-Invitational)**

世界のヒト完全長cDNAクローン情報を収集し、包括的なアノテーション(注釈付け)を行うことにより、トランスクリプトームの統合データベース構築を目標とする。

生物情報解析研究センター(JBIC、産総研)およびDDBJ(遺伝研)が主催し、世界の44研究機関からの120人以上の研究者が参加した。



H-Invジャンボリー風景  
(2002年8月)



統合データベース: H-InvDB  
2004年4月公開

# H-InvDB リリース 6.0 (2008年12月公開)

[www.h-invitational.jp](http://www.h-invitational.jp) ([hinv.jp](http://hinv.jp))

ヒトの全遺伝子と転写産物を対象とした統合データベース。合計219,765件の完全長cDNAとDDBJ/EMBL/GenBankに登録されたmRNAの情報を含む。

The image shows a screenshot of the H-InvDB website. The top part displays the main page with navigation links and a search bar. A yellow box labeled 'トップページ' (Top Page) points to the main content area. Below the main page, a diagram titled 'Main views in H-InvDB' shows two primary views: 'Transcript view' and 'Locus view'. Below this, a section titled 'Subdatabases in H-InvDB' lists several sub-databases: Evols (分子進化データベース), G-integra (ゲノム統合データベース), PPI view (タンパク質相互作用情報), H-ANGEL (遺伝子発現プロファイル), Gene family/group (遺伝子ファミリー詳細データベース), and DiseaseInfo Viewer (疾患関連データベース). A yellow box labeled 'データベース構成' (Database Structure) points to this diagram.

## H-InvDBのアノテーション項目

- 遺伝子構造
- スプライシング変異体
- 機能性RNA
- タンパク質の機能
- 機能ドメイン
- 細胞内局在
- 代謝パスウェイ
- タンパク質立体構造
- 疾患との関連
- 遺伝的多型 (SNPs)
- 遺伝子発現パターン
- 分子進化的特徴
- タンパク質間相互作用

RSS 1.0

Human Chromosome Map

[English]

H-InvDBとは？

[プロジェクト](#)  
[論文](#)  
[データベース](#)  
[更新情報](#)  
[データダウンロード](#)  
[Webサービス](#)  
[アノテーション・トピックス](#)  
[遺伝子ファミリー・グループ](#)  
[ニュース](#)  
[メンテナンス情報](#)  
[よくある質問](#)

H-InvDBとは？ [Sample view](#)

ヒト遺伝子アノテーション統合データベース

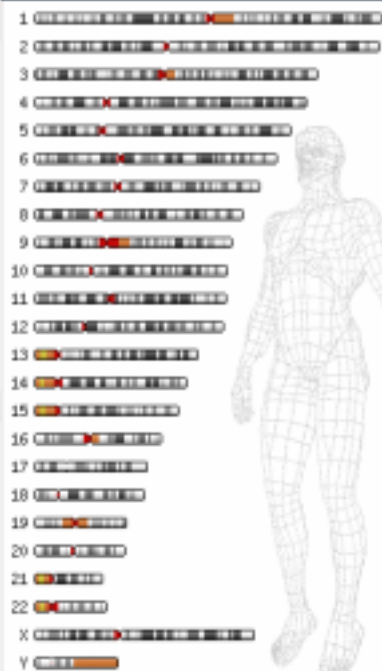
H-InvDBはヒトの遺伝子と転写産物を対象とした統合データベースです。ヒトのすべての転写産物の配列をあらゆる手法で解析することにより、[ヒト遺伝子の構造](#)、[選択的スプライシング変異体](#)、[機能性RNA](#)、[タンパク質としての機能](#)、[機能ドメイン](#)、[細胞内局在](#)、[代謝経路](#)、[立体構造](#)、[疾病との関連](#)、[遺伝子多型 \(SNP、マイクロサテライト等\)](#)、[遺伝子発現プロファイル](#)、[分子進化的特徴](#)、[タンパク質相互作用](#)、[遺伝子ファミリー](#)などの精査されたアノテーション(注釈付け)情報を提供しています。このデータベースは、H-Invitational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-)によって構築されました。

[\[more\]](#)

ニュース

- 2008-12-18 ヒト全遺伝子アノテーションデータベース「H-InvDB 6.0」をリリース
- 2008-12-04 BMB2008にてH-InvDB関連ポスター発表
- 2008-10-30 経済産業省統合データベース・ポータルサイト(medals.jp)公開
- 2008-09-30 BioJapan2008にてH-InvDBデモ開催
- 2008-03-28 H-InvDB URL変更のお知らせ
- 2008-01-30 new Advanced Search (pre release)公開
- 2007-12-26 ヒト全遺伝子アノテーションデータベース「H-InvDB 5.0」をリリース

[\[more\]](#)



# 謝辞

- ・「経済産業省統合データベースプロジェクト」(経産省、H20-H22)
- ・「ゲノム情報統合プロジェクト」(経産省、H17-H19)
- ・「バイオインフォマティクス関連データベース整備事業」(経産省、H12-H16)
- ・バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)
- ・産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター(BIRC, AIST)

## 産総研・JBIC「ゲノム情報統合プロジェクト」



H-InvDBのURLは、こちら。

[hininv.jp](http://hininv.jp)