

蛋白質・核酸相互作用データベース ProNIT

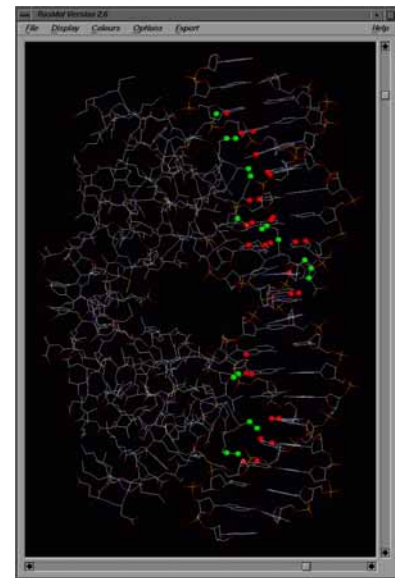
現在、膨大なゲノム情報をもとにした機能解析が注目されています。特に、遺伝子発現制御は最も重要な生物機能のひとつで、創薬や医学への応用にとっても重要な役割を果たすでしょう。遺伝子発現制御のメカニズムを明らかにするには、転写因子の機能解析や分子ネットワークの解析が重要ですが、そのためには基本となる蛋白質と核酸の相互作用の定量的なデータが必要となります。そこで、我々は蛋白質と核酸の相互作用に関する実験データ(結合定数、実験条件、実験方法、文献情報など)を文献から収集しデータベース化しています。すでに約 4,500 件の実験データを収集し、配列、構造、機能情報などと統合しています。

ProNIT の特徴

- 蛋白質と核酸の相互作用に関する 4,500 件を超える実験データ。
- 生体分子統合データベース 3DinSight により、配列、構造、機能、疾病などの情報と統合。
- 柔軟な検索インターフェイスにより高度な検索が可能。
- 定期的なデータの更新(2、3ヶ月に一度は主要な更新)。
- 蛋白質と核酸の相互作用にかかわるアミノ酸や塩基の3次元構造へのマッピングと可視化。
- 主要なデータベースとのリンクにより、より多くの付加情報が得られる。

ProNIT の主な内容

蛋白質情報[名前、由来種、アミノ酸配列、対応する配列や構造などの ID、変異アミノ酸とその位置、2次構造と溶媒接触表面積など]、核酸情報[名前、由来種、塩基配列、対応する配列や構造などの ID]、複合体情報[複合体構造の ID、核酸の配列依存構造パラメータと柔軟性の解析へのリンク、画像データへのリンク、複合体形成に伴う構造変化などの記述]、実験情報[測定方法や、温度、pH、バッファー、イオンなどの実験条件]、熱力学データ[解離定数、結合の自由エネルギー変化、エンタルピー変化、熱容量変化など]、その他のデータ[結合の当量、酵素活性値(Km, kcat)]、文献情報、関連データベースへのリンク[PDB (Protein Data Bank), PIR (Protein Information Resources), SWISS-PROT (アミノ酸配列等情報), 3DinSight, PubMed (文献情報)]、その他情報[キーワード、リマーク等]



蛋白質・核酸複合体の相互作用
アミノ酸・塩基ペアの3次元構造
表示 (RasMol 表示)

参考文献

P. Prabakaran, J. An, M. Gromiha, S. Selvaraj, H. Uedaira, H. Kono and A. Sarai "Thermodynamic Database for Protein-Nucleic Acid Interactions (ProNIT)" *Bioinformatics* 17, 1027-1034 (2001).

九州工業大学 情報工学部 生命情報工学科 〒820-8502 福岡県飯塚市川津 680-4



九州工業大学

Tel: 0948-29-7811, Fax: 0948-29-7841, E-mail: sarai@bse.kyutech.ac.jp

<http://gibk26.bse.kyutech.ac.jp/jouhou/jouhoubank.html>