

比較ゲノムブラウザ G-compass

G-compass (<http://www.hinv.jp/g-compass/>) は、ヒトと他の脊椎動物12種を対象にしたゲノム保存領域を表示する比較ゲノムブラウザで、H-InvDB のサテライトデータベースとして開発されました。ウェブブラウザ上での直感的な操作で、脊椎動物におけるゲノム進化過程の解明、ゲノム保存領域の生物学的意義の解明等に必要な情報を入手可能です。G-compass にアクセスすることにより、ヒトと各生物種間に1対1で保存された orthologous なゲノム領域をグラフィカルに閲覧できます。同時に遺伝子座、リピート領域、コピー数多型領域(CNV)、哺乳類の系統で同定された超保存領域(UCE)、cis-element 等の詳細なゲノム構造も見ることができ、各遺伝子座から H-InvDB のヒト遺伝子アノテーション情報を参照できます。これらの情報を画面上で比較することにより、進化過程で起きたゲノム構造の再構成や遺伝子の並び順の変化を容易に同定できます。また、保存領域のペアワイズアラインメント表示やドットプロットなどもブラウザから閲覧可能です。その一方で、ペアワイズアラインメントのテキストデータをダウンロードしてユーザが独自に配列解析できる環境も整備しています。検索機能を強化した G-compass ver. 2.5 を近日中に公開予定です。

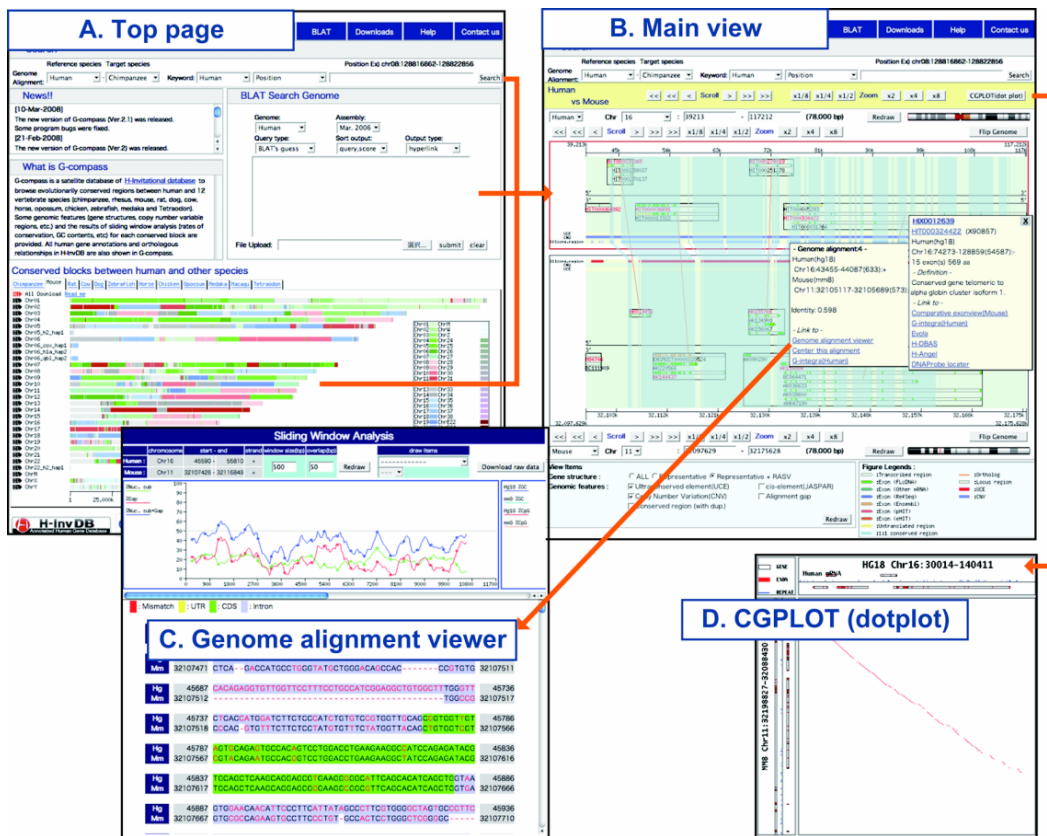


図. G-compass (<http://www.hinv.jp/g-compass/>) の概要

参考文献

Kawahara Y, Sakate R, Matsuya A, Murakami K, Sato Y, Zhang H, Gojobori T, Itoh T, Imanishi T. (2009) G-compass: A web-based comparative genome browser between human and other vertebrate genomes. *Bioinformatics: Advanced Access*