

"IDEAL IDP"でググろう!

12 天然変性タンパク質データベース: IDEAL in 2024

Intrinsically Disordered proteins with Extensive Annotations and Literature

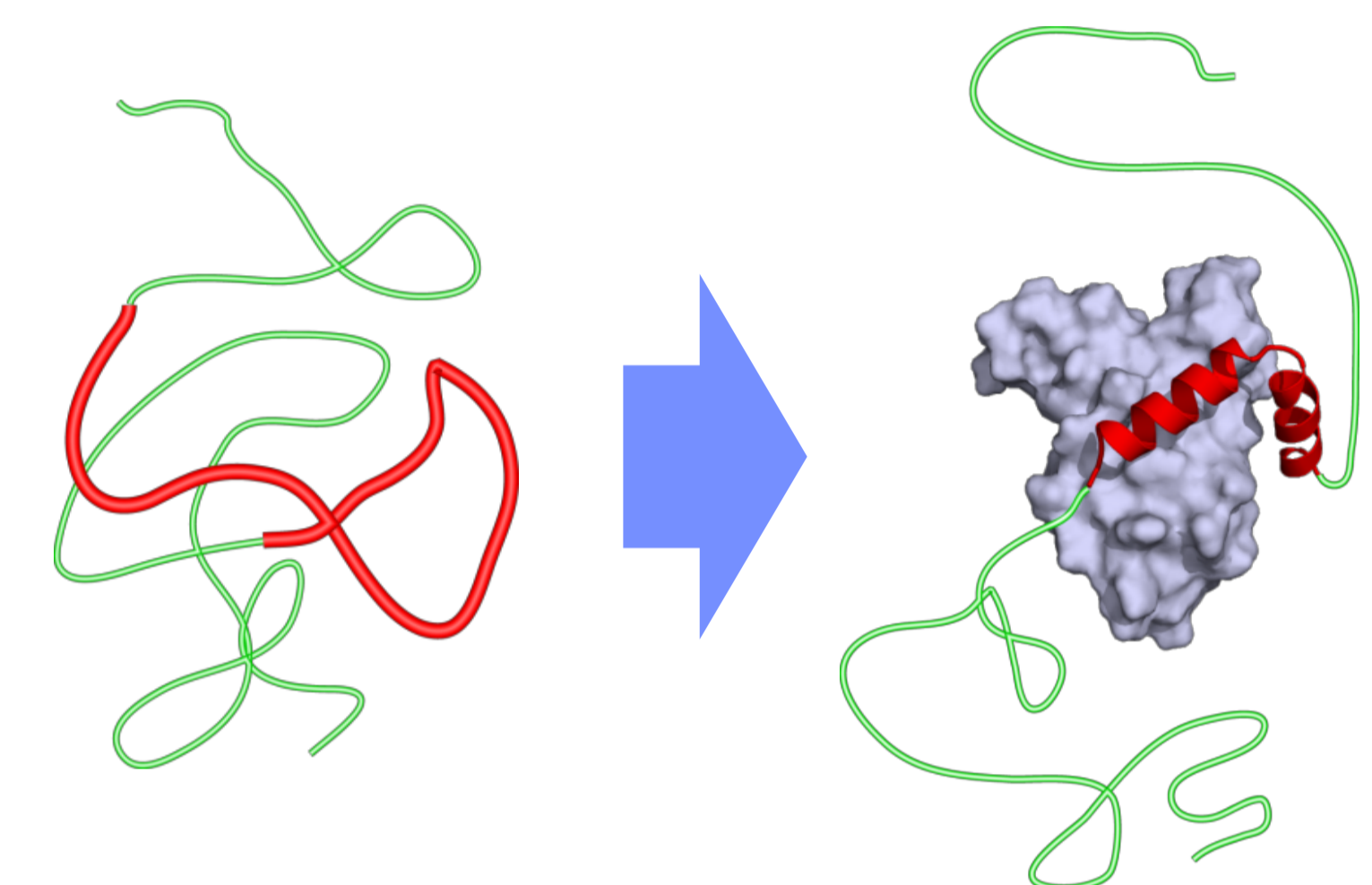
太田元規¹, 安保勲人², 佐久間航也¹, 嘉戸裕美子¹, 坂本盛宇³, 鹿間周子¹, 大安裕美¹,
高木大輔³, 山口敦子^{4,5}, 畠中秀樹⁵, 小池亮太郎¹, 廣明秀一¹, 本間桂一², 福地佐斗志²
(¹名大, ²前工大, ³(株)ホロニクス, ⁴都市大, ⁵DBCLS)

IDEALってなに?

- 天然変性タンパク質のデータベース
 - 2009年活動開始 (2011年公開)
 - 1,110 エントリ, 13,097 領域: 多くが**真核, 核内**
- 天然変性領域中の相互作用領域 (ProS) を収集
 - 348 エントリにProSあり
- 全データ, **マニュアルアノテーション**
- 全コンテンツはXML, RDFでダウンロード可能

天然変性タンパク質ってなに?

形をとらない**天然変性領域**を持つタンパク質
機能: シグナル伝達, 転写制御など
多くの翻訳後修飾部位を持つ



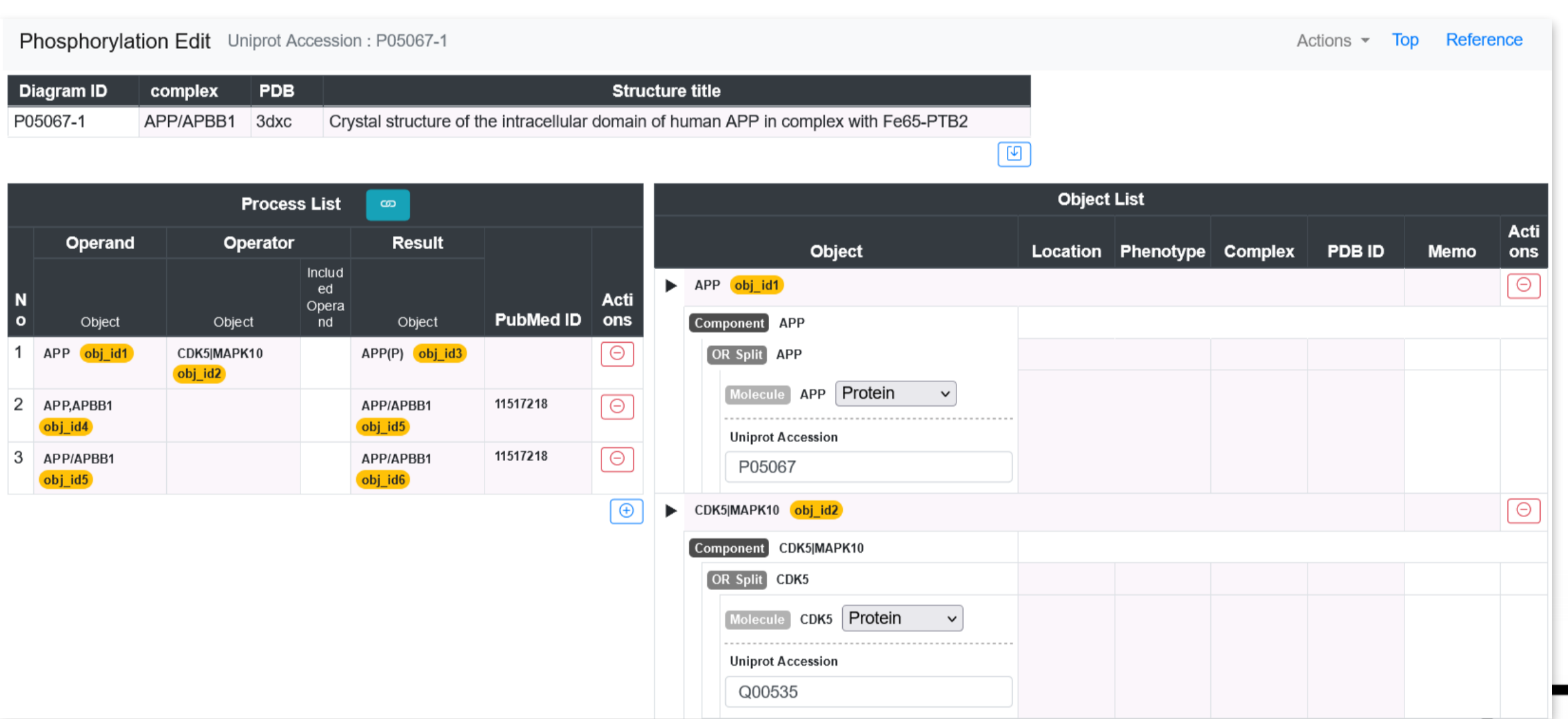
天然変性領域にある機能部位
構造を形成し結合
Protein Segment (ProS)として収集

今年7月に大リニューアル!

IDEALのめざすもの
天然変性タンパク質の**構造と機能**を提示

機能する様子をダイアグラム表示

バイオロジカルプロセス入力エディタを開発

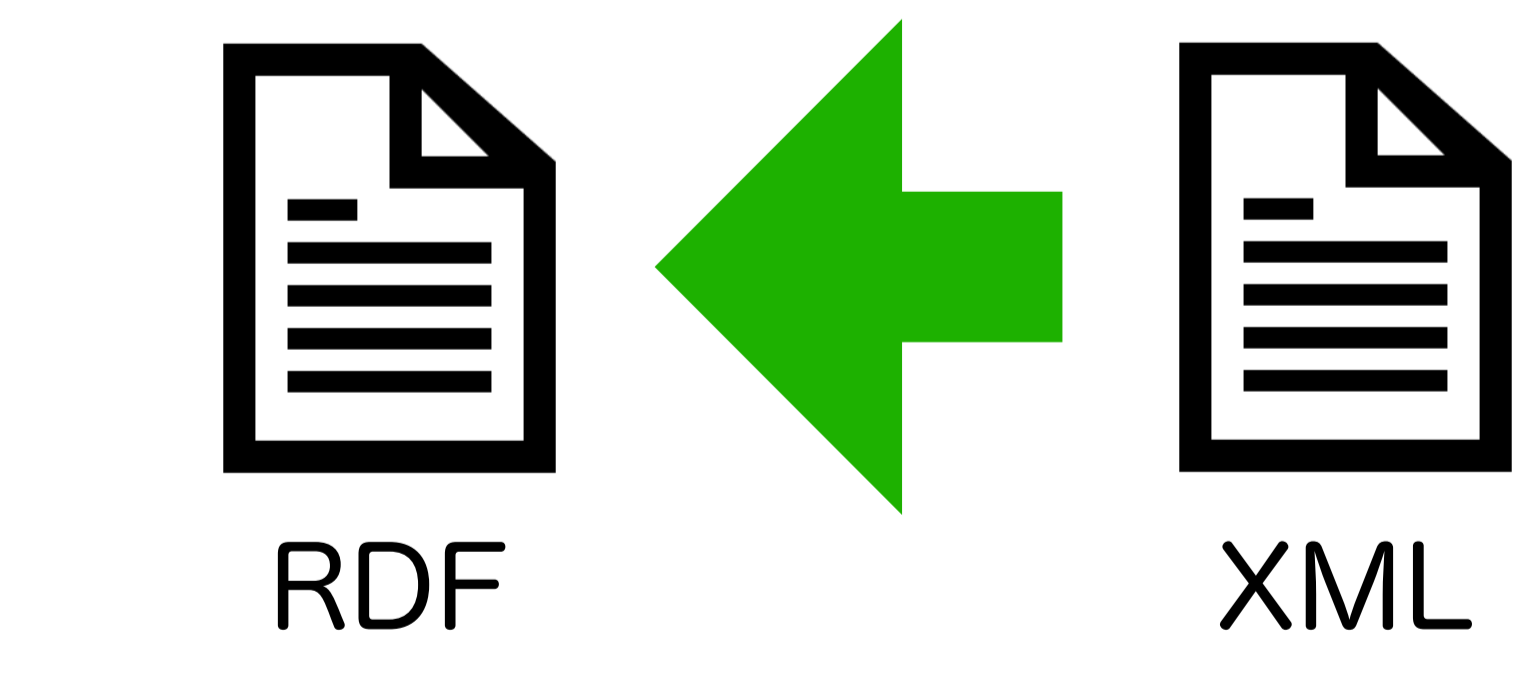
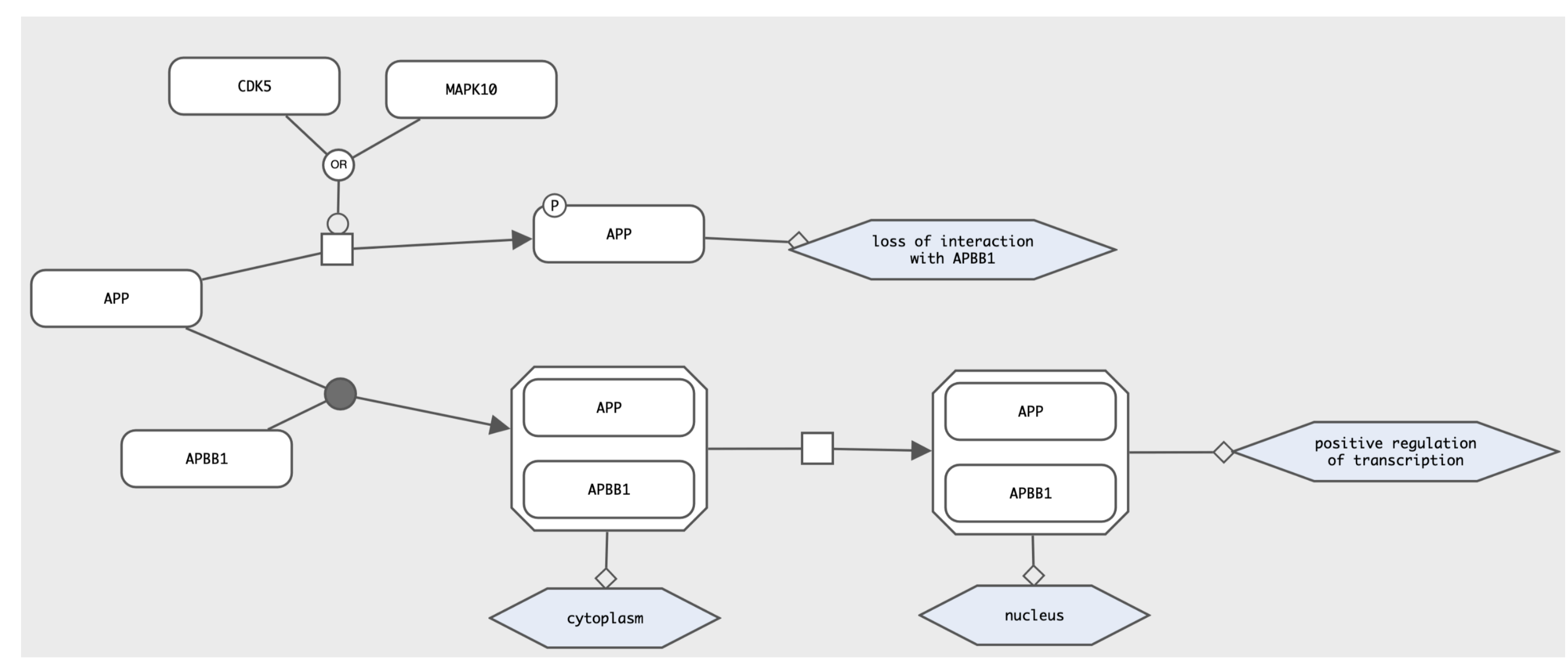


ChiSE グラフツール

ChiSE is a library with an API based on [SBGNViz.js](#), which in turn is based on pathway models represented by process description (PD) and activity flow interaction format (SIF).

Symbols

- Protein
- Nucleic acid
- Others
- Complex
- Catalyze
- Translocate
- Associate
- Dissociate
- Comment



液滴関連DBとのリンク

IID00451

Uniprot | P35637
Protein | RNA-binding protein FUS
Gene | FUS
Organism | Homo sap.

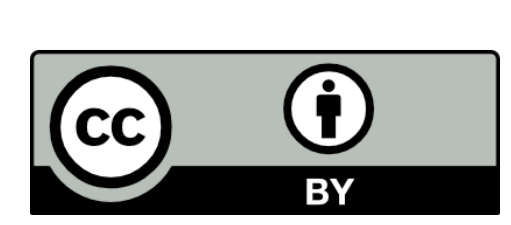
Sequence | LLPS

LLPS databases

- PhaSepDB
- PhaSePro
- LLPSDB
- DrLLPS

イベントの**データ化・可視化・標準化**
(同じデータからは同じ図が描かれる)

天然変性タンパク質の
信頼性の高い一次情報の継続的提供



Licensed under a Creative Commons 表示4.0 国際ライセンス
(c) 2024 太田元規 (名古屋大学)

Ref: NAR, Fukuchi et al. (2012, 2014)