3 未来的发展方向

Reactome项目的长期目标是，为用户提供一个直观表现发生在生物体内的反应及反应途径的图表。为了实现这一目标，Reactome已经研发出了第二代整体水平反应途径可视化工具：通过更强大的“导航”功能，包括扩大缩小画面、滚动鼠标移动页面，对生物学过程进行高亮标注等，这个版本的工具可以为用户展示参与反应的分子之间更加细致的关系（图1D）。

这种对参加反应的分子以及反应过程进行“鸟瞰”式展示的方式，使得用户可以简便地获知每个参加反应的生物分子的细节信息。使用网页上改进后具备自动完成功能的搜索功能可以直接搜索反应名称、信号通路名称、个体名称、标识符和GO分子功能名称等。

Reactome项目正在开发兼具强大导航功能和可视化信号通路搜索功能的用户使用界面。为了达到这个目的，他们最近开发了SBGN工具（http://www.sbgn.org），使用SBGN就可以做出图1E那样的图。目前，他们在http://brie8.cshl.edu:8080/ReactomeTools/AuthorTool/authorToolLaunch.html网站上发布了该工具的测试版供大家测试。

原文检索：*Nucleic Acids Research*, 2009, Vol. 37, Database issue D619–D622

YORK/编译

六 人类基因疾病数据库

癌症相关突变激酶信息数据库MoKCa

图片来源：MoKCa

当人类罹患癌症时，蛋白激酶家族成员是发生基因突变最多的一类基因。这些发生突变的激酶基因和被激活的激酶基因也是抗癌治疗最有效的作用靶点。MoKCa数据库（http://strubiol.icr.ac.uk/extra/mokca）是一个有关癌症相关突变激酶信息的数据库，库中收录了大量与突变激酶基因相关的结构注释信息和功能注释信息，以及当这些激酶发生突变时会产生怎样的结果的预测信息。肿瘤组织和肿瘤细胞系体细胞突变数据被标记在相应的蛋白质晶体结构域上。在蛋白质结构域象形图上以及蛋白质3D结构图上还对发生突变的氨基酸位点进行了突出标记。此外，在网页上还会显示与每一个突变有关的数据以及与该突变分子功能有关的专业注释信息。MoKCa数据库就是将蛋白质资源与功能注释资源相结合，并且加上例如结构域或磷酸化位点等结构和功能方面的注释信息，以此打造一个收录了每一个潜在的癌症相关突变激酶以及伴有权威肿瘤生物学家和结构生物学家注释信息的数据库。

原文检索：*Nucleic Acids Research*, 2009, Vol. 37, Database issue D824–D831

筱玥/编译