http://p4d-info.nig.ac.jp/vapros/

トップページ続き

homology search against PDB.

combined with a three-dimensional data of protein-analog interactions in PDB.

COXPRESdb

A database of gene coexpression. DNA microarray or RNA-seq analyses produce information on relative expression levels for thousands of genes simultaneously. In addition, large collections of expression data contain information about concerted changes in transcript levels in these datasets beyond the original purpose of each dataset.

S-VAR

A tool to assess functional impact of missense and multiple mutations on a protein. The assessment enables one to prioritize the mutations for further studies.

Autophagy Database

A database of up-to-date proteins related to autophagy (self-digestion process in eukaryotic cells). The information here includes from protein sequences to protein-protein interactions and is human curated.

Cis-Finder

It is a tool that predicts candidate motifs (called Cis Elements candidates) from DNA sequences in genetic promoter region.

Public DBs

EntrezGene, Taxonomy, UniProtKB, InterPro, GO, ChEMBL, ChEBI, PDBj, BioGRID, IntAct, PID, Reactome, OMIM

Public Tools (powered by)

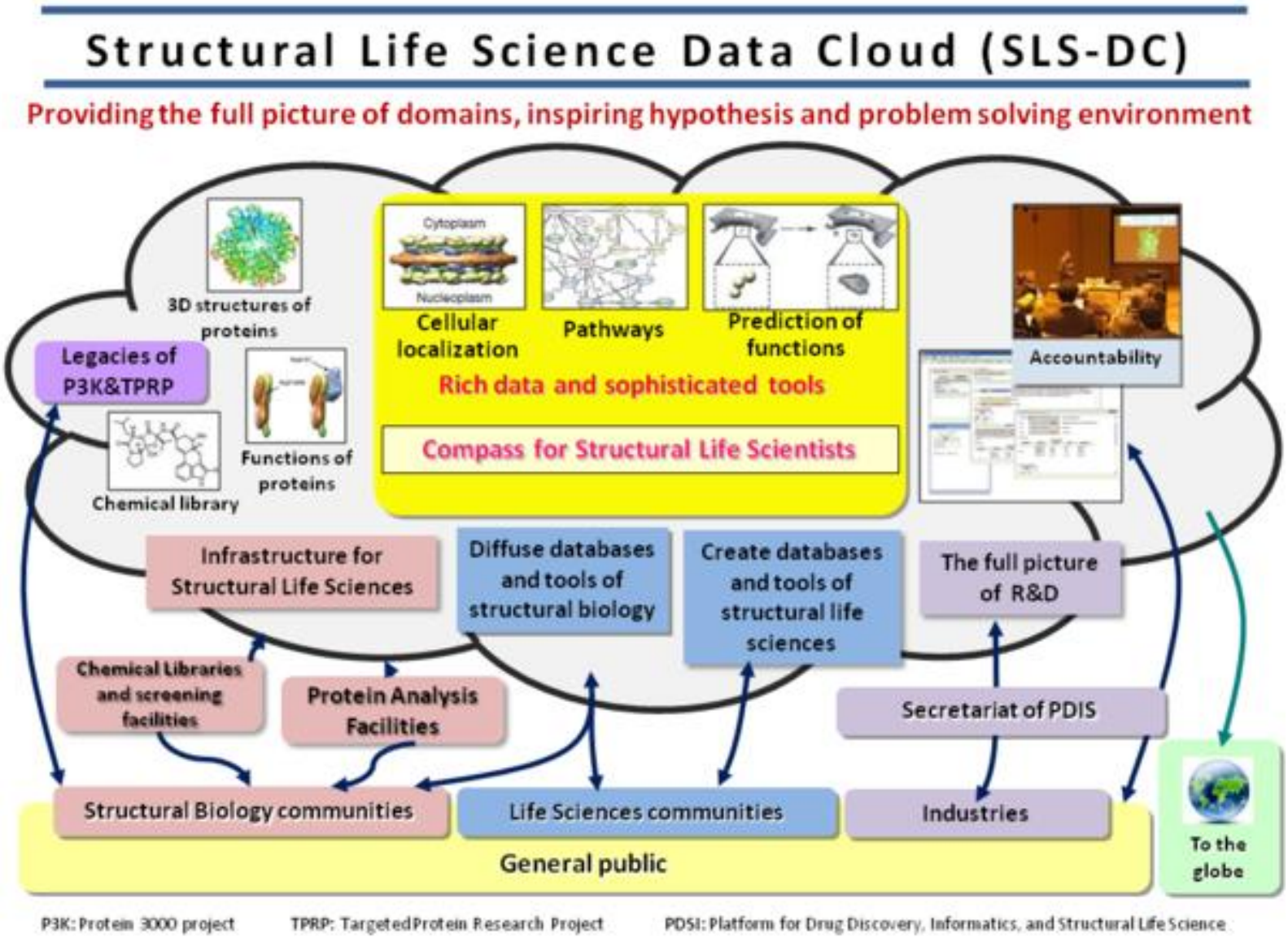
Cytoscape.js, d3-cloud, Wordle (cue.language), PostgreSQL, Neo4j, Sidr, three.js,

For citation:

The following description is recommended for the citation in the work that makes use of this website. "This research (in part) used VaProS, a data-cloud developed by the Information Core of the Platform Project for Supporting Drug Discovery and Life Science Research (latform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science) from Japan Agency for Medical Research and Development (AMED)." For the acknowledgement in an oral presentation, please use (and modify if necessary) the slide in this PowerPoint file.

© 2012-2016 National Institute of Genetics. All Rights Reserved.

コンセプト


Structural Life Science Data Cloud (SLS-DC)
Providing the full picture of domains, inspiring hypothesis and problem solving environment
3D structures of proteins
Legacies of P3K&TPRP
Functions of proteins
Chemical library
Cytoplasm
Nucleoplasm
Cellular localization
Pathways
Prediction of functions
Rich data and sophisticated tools
Compass for Structural Life Scientists
Accountability
Infrastructure for Structural Life Sciences
Diffuse databases and tools of structural biology
Create databases and tools of structural life sciences
The full picture of R&D
Chemical Libraries and screening facilities
Protein Analysis Facilities
Secretariat of PDIS
Structural Biology communities
Life Sciences communities
Industries
General public
To the globe
P3K: Protein 3000 project
TPRP: Targeted Protein Research Project
PDSI: Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science

VaProSで用いられているデータセット

VAriation effect on PROtein Structure and function
VaProS

Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science

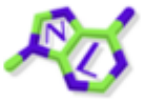
HOME ABOUT STATISTICS MANUAL TUTORIAL

STATISTICS

Update time : Nov 20, 2015

Data Type	DB		Human	Mouse	Rat
Gene	EntrezGene		119,978	106,521	61,147
Protein	UniProtKB	Swiss-Prot	483,452	289,450	105,747
		TrEMBL	1,140,511	502,221	298,014
Interactions	BioGRID		262,216	20,446	4,496
	ChEMBL		2,363,551	129,304	112,050
	DrugBank		17,082	15	8
	GNP		3,357	-	-
	IntAct		174,651	58,126	5,604
	PID		11,971	-	-
	Reactome		5,119	3,602	3,013
Pathway	PID	NCI-Nature Curated	318	-	-
	Reactome		1,887	1,293	1,223
Phenotype	OMIM		8,022	-	-

Data Type	DB	
Ligand	ChEBI	315
	ChEMBL	1,366,593
	DrugBank	8,246

Source		Description	Last Update
	3D Interaction	A database of human proteins with molecular interaction information. Interactions between a human protein and a protein, nucleic acid, or ligand can be obtained which is derived from a homology search against PDB.	Last Update of PDB:20151007, Release of UniProt:2015_09
	**Natural Ligand Database**	A database of protein-ligand interactions in three-dimension. The ligand in the database is a "natural ligand" generated by the knowledge of enzymatic reactions appeared in KEGG combined with a three-dimensional data of protein-analog interactions in PDB.	Oct 5, 2015
	hGtoP	A database of human proteins identified in the genome. This database focuses on a structural annotation of each protein.	Mar 13, 2015
	GNP	The National Institute of Genetics has developed "Genome Network Platform Viewer" to make use of the integrated database of the Genome Network Project. This system integrates experimental data generated from the project in association with the public databases.	May 11, 2012
	COXPRESdb	A database of gene coexpression. DNA microarray or RNA-seq analyses produce information on relative expression levels for thousands of genes simultaneously. In addition, large collections of expression data contain information about concerted changes in transcript levels in these datasets beyond the original purpose of each dataset.	Aug 19, 2014
	S-VAR	A tool to assess functional impact of missense and multiple mutations on a protein. The assessment enables one to prioritize the mutations for further studies.	May 19, 2015

画面上部のメニュー

A1：HOME：VaProS のトップ画面へのリンク

A2：ABOUT：VaProS の概要および当プロジェクトの説明ページへのリンク

A3：STATISTICS：VaProS で利用している DB の統計情報（登録数や更新日）へのリンク

A4：MANUAL：VaProS マニュアルへのリンク

A5：TUTORIAL：VaProS チュートリアルへのリンク

検索機能

B1：Keyword：キーワード検索タブ

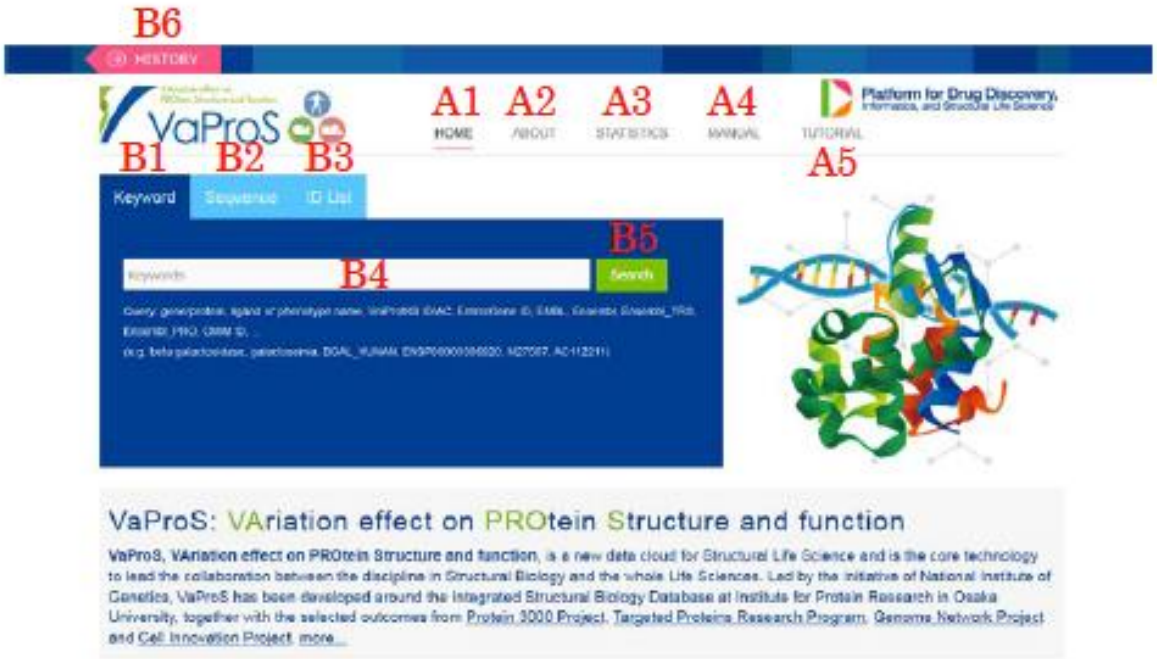
B2：Sequence：配列検索タブ

B3：ID List：ID List 検索タブ

B4：検索窓

B5：Search：検索ボタン

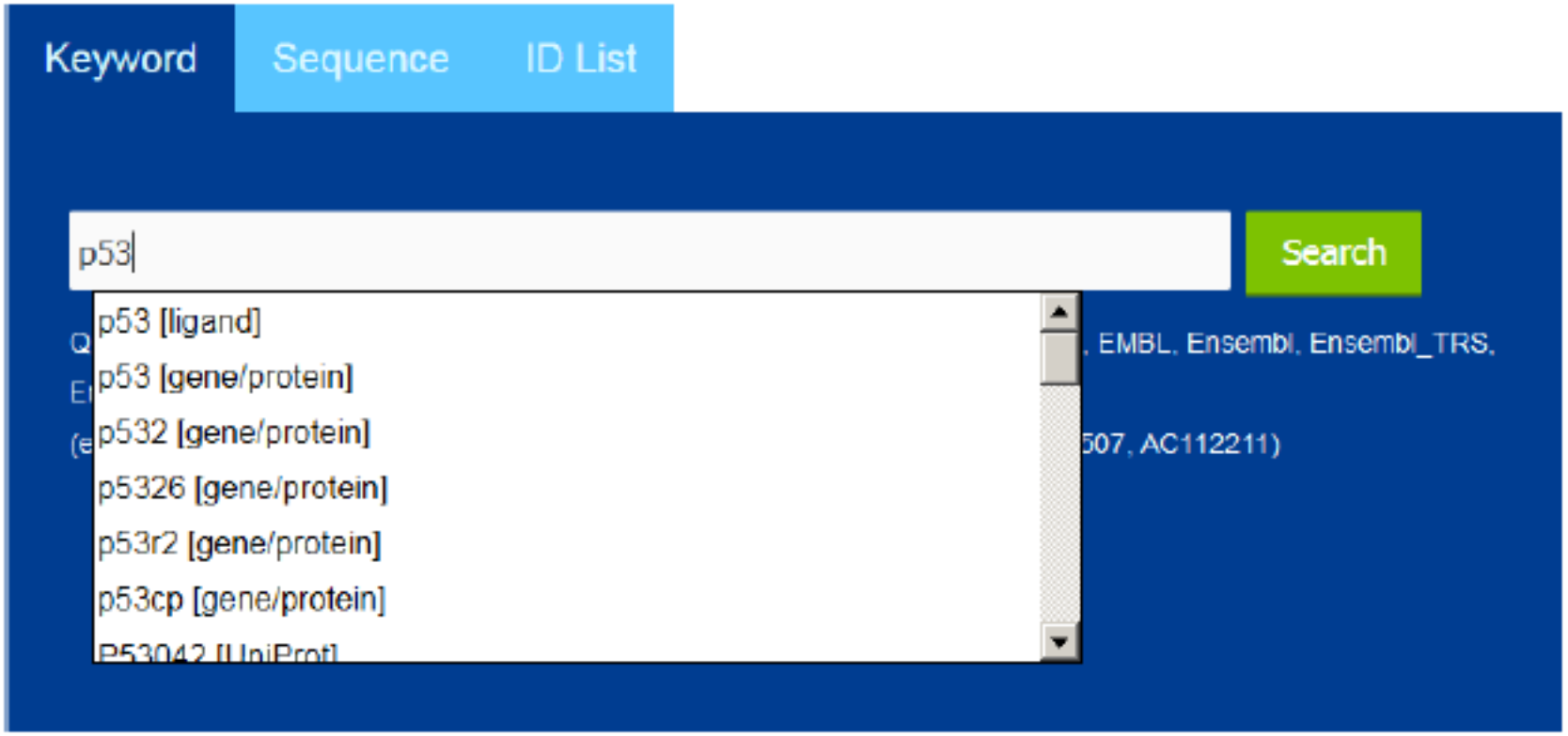
B6：HISTORY：検索履歴



検索の開始

キーワード検索

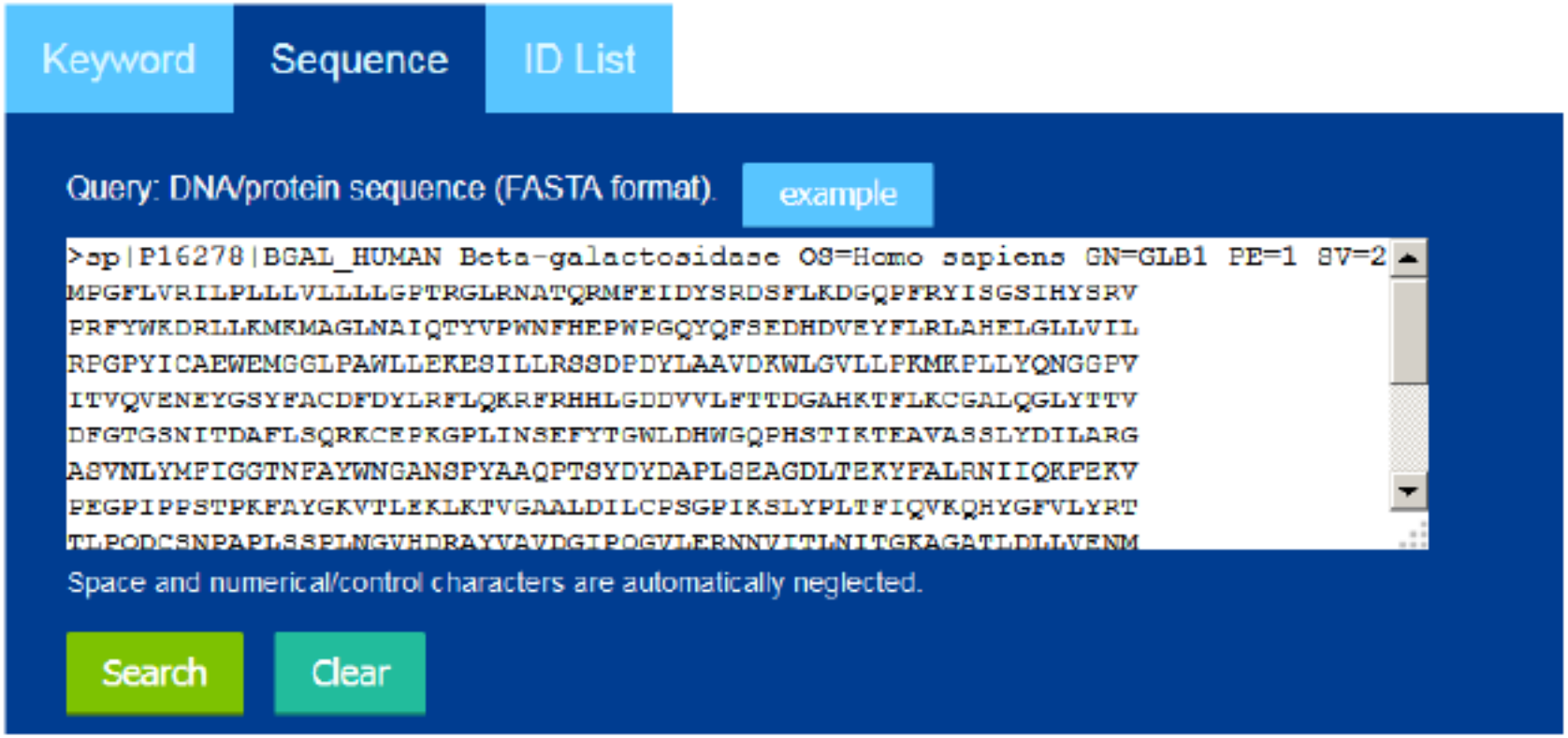
カギ括弧の内容は入力語の属性を表わします。例えば **p53** は、**ligand** および **gene/protein** などの属性を持つことが分かります。



Search ボタンを押すと検索することができます。

配列をクエリとした場合

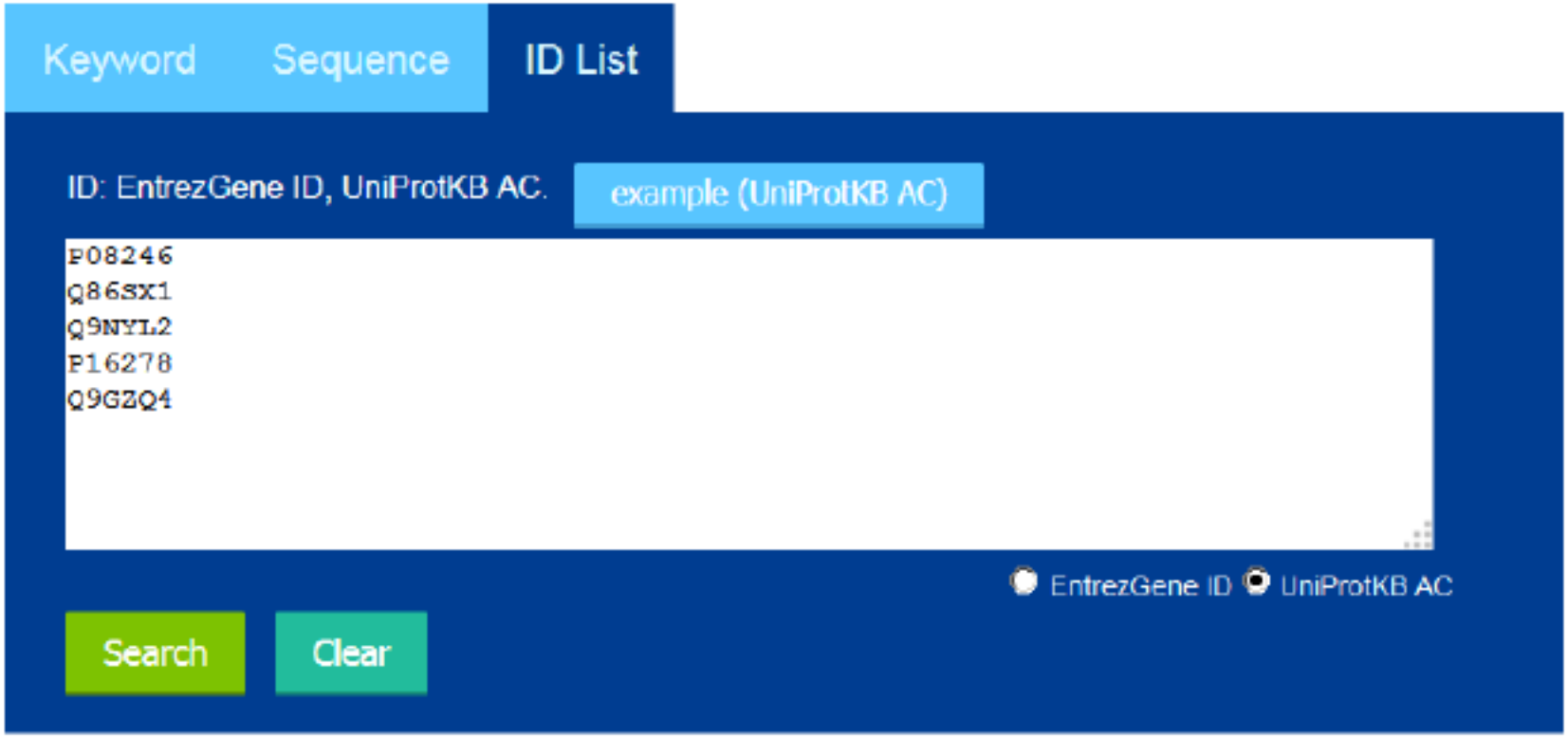
検索窓に DNA あるいはタンパク質のアミノ酸配列を FASTA 形式で入力します。



Search ボタンを押すと検索することができます。

各種IDをクエリにする場合

ID List タブは、UniprotKB AC あるいは EntrezGene ID について複数の ID を受け付けて検索できます。右下のラジオボタンで UniprotKB AC あるいは EntrezGene ID のいずれかを選択し、複数 ID を入力します。



過去の検索履歴

HISTORY は、過去に検索窓に入力された履歴を用いて再度検索することができます。HISTORY の ON/OFF ボタンで検索履歴の保存をするか否かを選択することができます。ON の場合は、Export ボタンで履歴をテキストファイル（json 形式）として保存することができます。さらに Import ボタンで過去に保存された履歴をインポートすることができます。OFF の場合は、 履歴を削除しかつ以降の履歴を残しません。

キーワード検索の結果

- Gene/Protein result – hits

出力項目：

Type、Name、Full Name、Organism、EntrezGene ID、UniProtKB、TrEMBL、Molecular Interactions、PPI、3D Interaction、NLDB、hGtoP、GNP Expression、COXPRESdb、Pathway DB、Phenotype、S-VAR

- Ligand result – hits

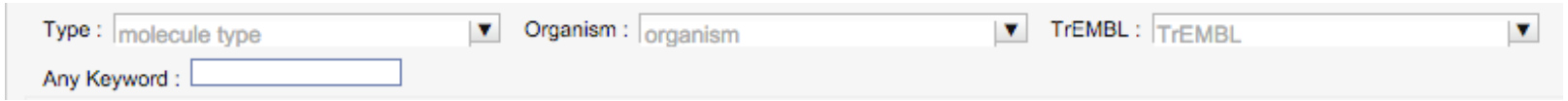
出力項目：

Name、Reference DB、Molecular Interactions、Pathway DB

- Phenotype result – hits

出力項目：

Type、Name、Organism、DB、Molecule Type、Molecule Symbol、EntrezGene ID、UniProtKB、TrEMBL、Molecular Interactions、PPI、3D Interaction、NLDB、hGtoP、GNP Expression、COXPRESdb、Pathway DB、Phenotype、S-VAR



配列を用いて検索した場合

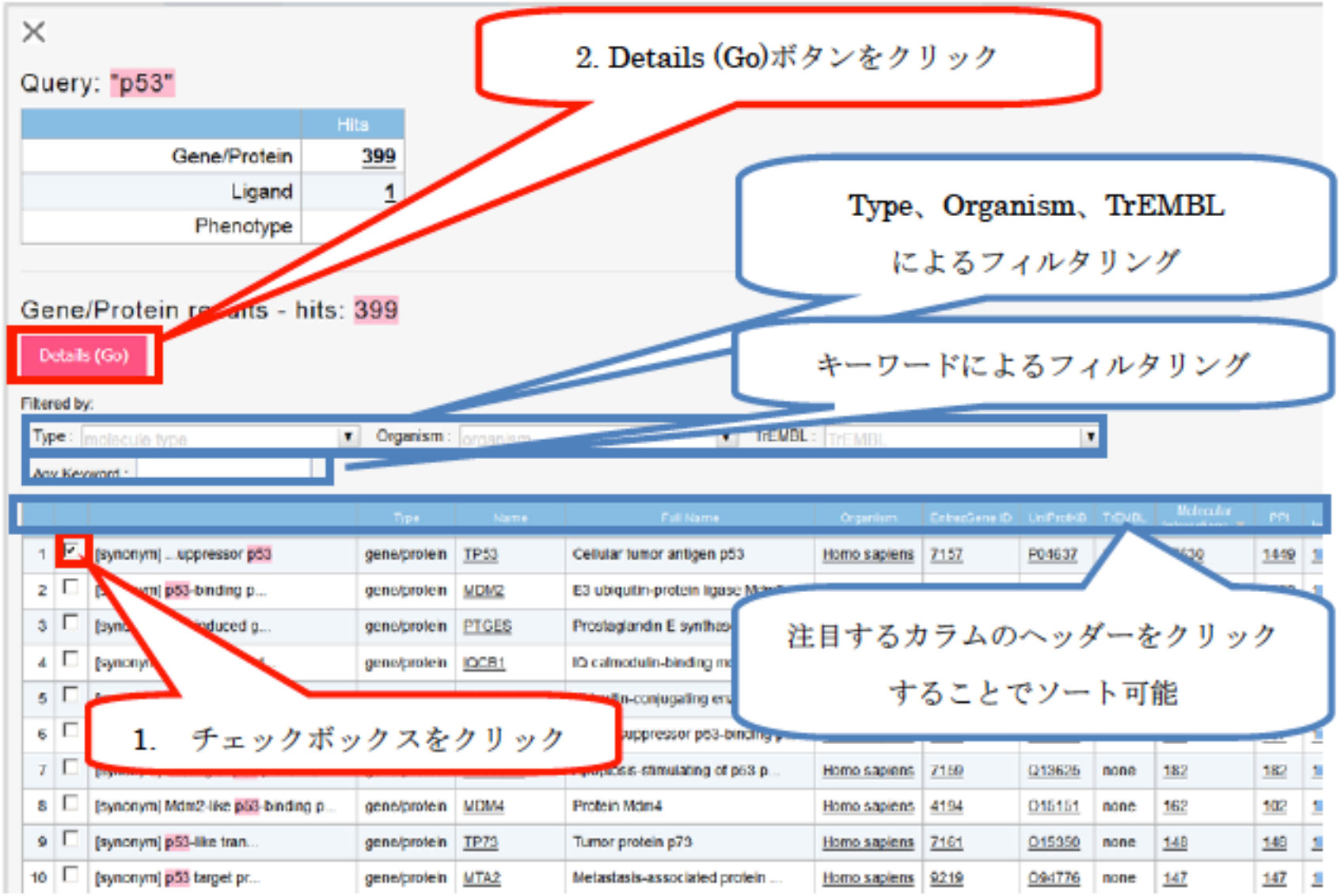
Sequence results - hits:14

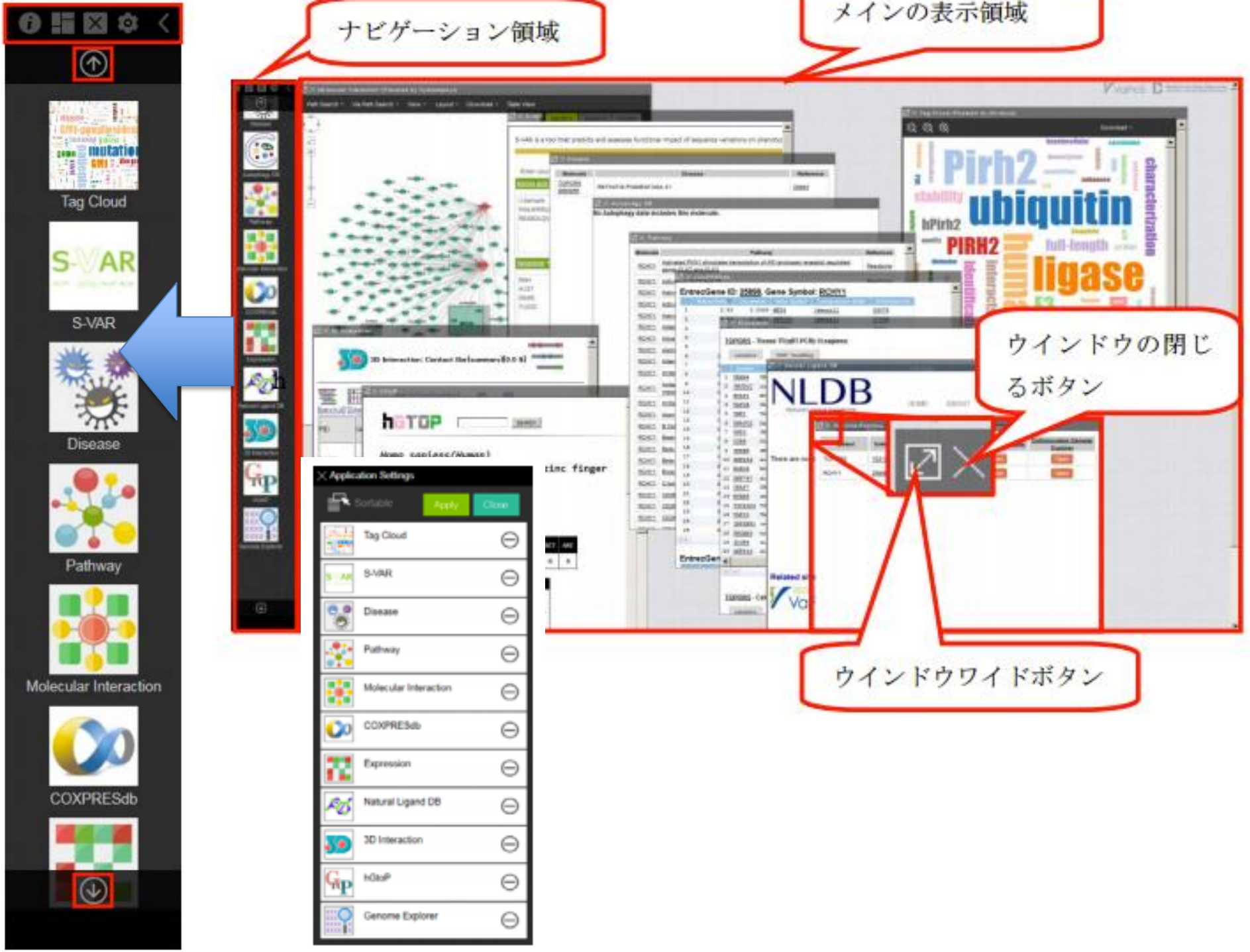
Details (Go)

		UniProtKB	Organism	Name	Gene ID	Variant Position	Sequence	Molecular Interactions	PPI	3D Interaction	NLDB	hGtoP	GNP Expression	COXPRESdb	Pathway DB	Phenotype	S-VAR
1		P16278	Homo sapiens	galactosidase, beta 1	2720	show	show	81	25	1	15	1	1	1	0	4	link
2		Q8IW92	Homo sapiens	galactosidase, beta 1-like 2	89944	show	show	11	11	1	0	1	1	1	0	0	link
3		Q6UWU2	Homo sapiens	galactosidase, beta 1-like	79411	show	show	3	3	1	0	1	1	1	0	0	link
4		C9J4G9	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
5		C9J539	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
6		C9JF15	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
7		E7EQ29	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
8		F8WF40	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
9		C9JWX1	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
10		F8WEN1	Homo sapiens	galactosidase, beta 1		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
11		C9JE41	Homo sapiens	galactosidase, beta 1-like		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
12		C9J1Y9	Homo sapiens	galactosidase, beta 1-like		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
13		F8WCT5	Homo sapiens	galactosidase, beta 1-like		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link
14		H7BZ46	Homo sapiens	galactosidase, beta 1-like		show	show	0	0	0	0	1	0	0	0	0	link

prev next

詳細情報の見方


2. Details (Go)ボタンをクリック
Query: "p53"
Hits
Gene/Protein 399
Ligand 1
Phenotype
Type、Organism、TrEMBL
によるフィルタリング
Gene/Protein results - hits: 399
Details (Go)
キーワードによるフィルタリング
Filtered by:
Type :
Organism :
TrEMBL :
Any Keyword :
注目するカラムのヘッダーをクリック
することでソート可能
1. チェックボックスをクリック


ナビゲーション領域
メインの表示領域
Tag Cloud
S-VAR
Disease
Pathway
Molecular Interaction
COXPRESdb
Application Settings
Sortable
Apply
Close
Tag Cloud
S-VAR
Disease
Pathway
Molecular Interaction
COXPRESdb
Expression
Natural Ligand DB
3D Interaction
hGtoP
Genome Explorer
hGTOP
NLDB
Pirh2
ubiquitin
ligase
PIRH2
ウインドウの閉じるボタン
ウインドウワイドボタン

文献情報

タグクラウド表示のウインドウ

S-VAR の入力画面

□30残基以上

- PolyPhen2

Prediction Methods: Evolutionary conservation

Score: 0(Benign) ~ 1(Probably damaging)

Cutoff: 0.5

Version: 2.2.2r405b

Developer: Provider: Brigham & Women's Hospital (Harvard Medical School)

Reference: Adzhubei et al., 2010

URL: http://genetics.bwh.harvard.edu/pph2/index.shtml

- SIFT

Prediction Methods: Evolutionary conservation

Score: 0(Deleterious) ~ 1(Tolerated)

Cutoff: 0.05

Version: 1.03

Developer: Provider: J. Craig Venter Institute (Also hosted in A*STAR/GIS)

Reference: Kumar et al., 2009

URL: http://sift.jcvi.org/

- PROVEAN

Prediction Methods: Evolutionary conservation

Score: -

Cutoff: -2.5

Version: 1.1

Developer: J. Craig Venter Institute

Reference: Choi et al., 2012

URL: http://provean.jcvi.org/seq_submit.php

- PANTHER

Prediction Methods: Evolutionary conservation

Score: -10(Deleterious) ~ 0(Neutral)

Cutoff: -3

Version: 1.02

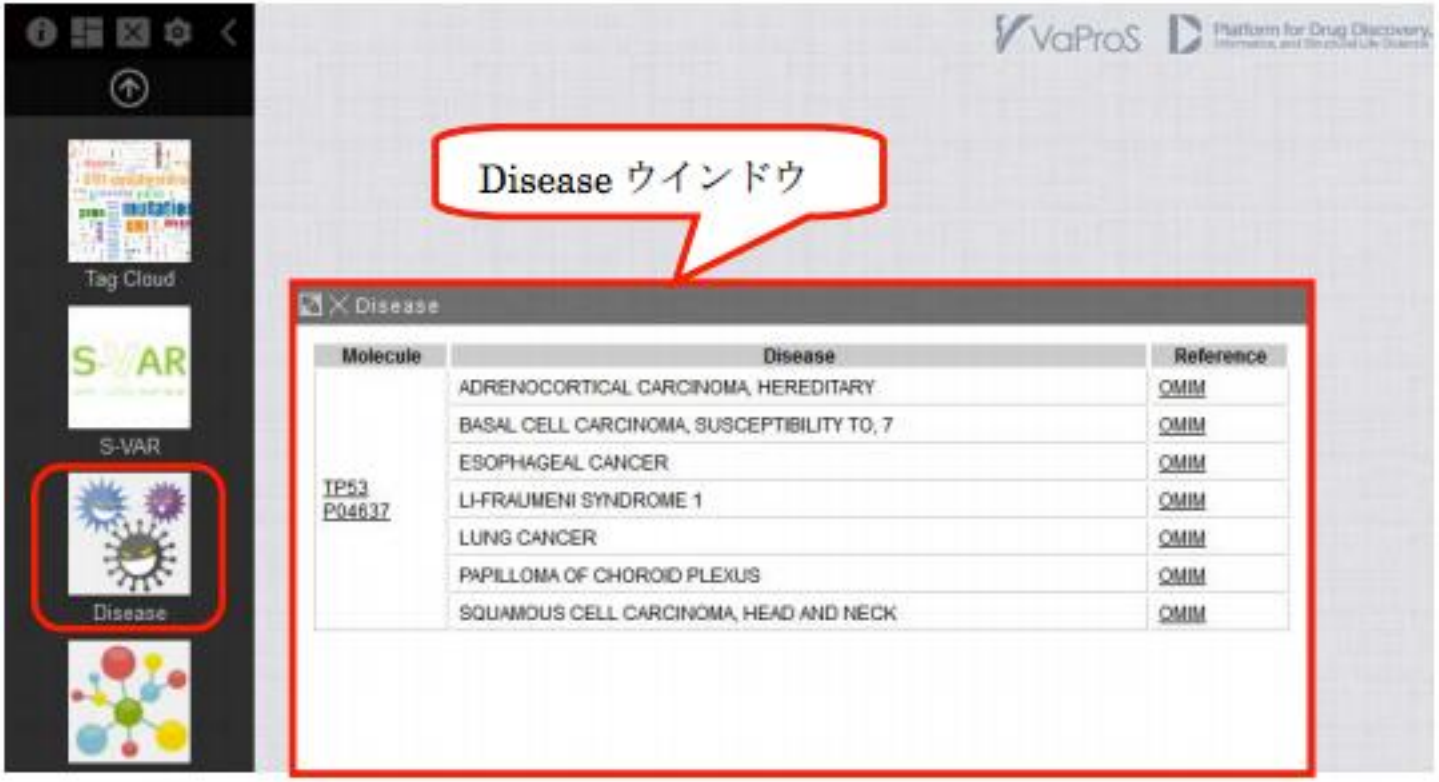
Developer/Provider: University of Southern California (Thomas laboratory)

Reference: Thomas et al., 2003, Mi et al., 2012

URL: http://www.pantherdb.org/tools/csnpScoreForm.jsp

	Min. score	Cutoff	Max. score
PANTHER	-10 (Deleterious)	-3	0 (Neutral)
PolyPhen2	0 (Benign)	0.5	1 (Probably damaging)
PROVEAN	- (Deleterious)	-2.5	- (Neutral)
SIFT	0 (Deleterious)	0.05	1 (Tolerated)

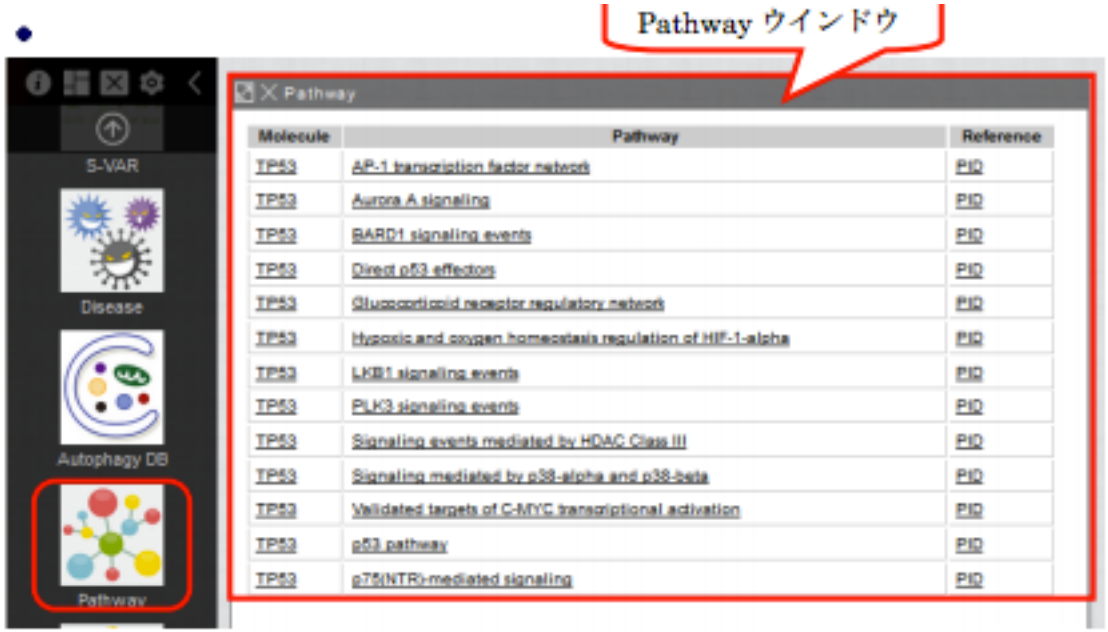
Disease情報



Disease ウインドウの表中のカラムは、以下の通りです。

カラム名	カラムの説明	リンク先
Molecule	タンパク質名 UniProt ID	Network Viewer UniProt
Disease	OMIM に登録されている Disease name	-
reference	OMIM	OMIM

Patheay情報



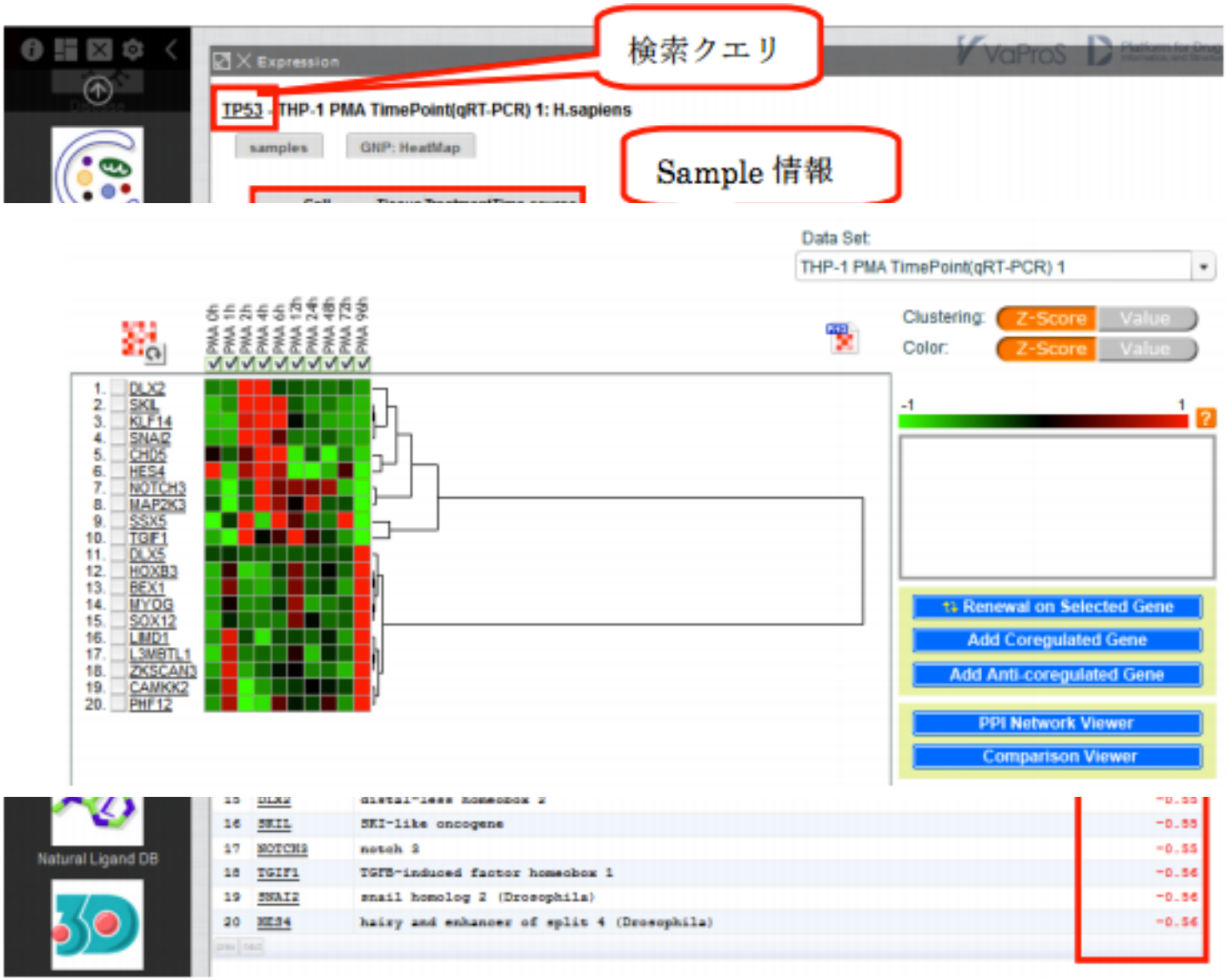
Pathway ウインドウの表中のカラムは、以下の通りです。

カラム名	カラムの説明	リンク先
Molecule	UniProt が定義したタンパク質のシンボル名および UniProtKB AC	UniProtKB AC は、UniProt にリンク
Pathway	PID (Pathway Interaction Database) の pathway name	Network viewer
reference	PID	検索結果の Pathway に対応する NCI 本家(注)が公開している情報へリンク

(注) NCI(National Cancer Institute): http://pid.nci.nih.gov/

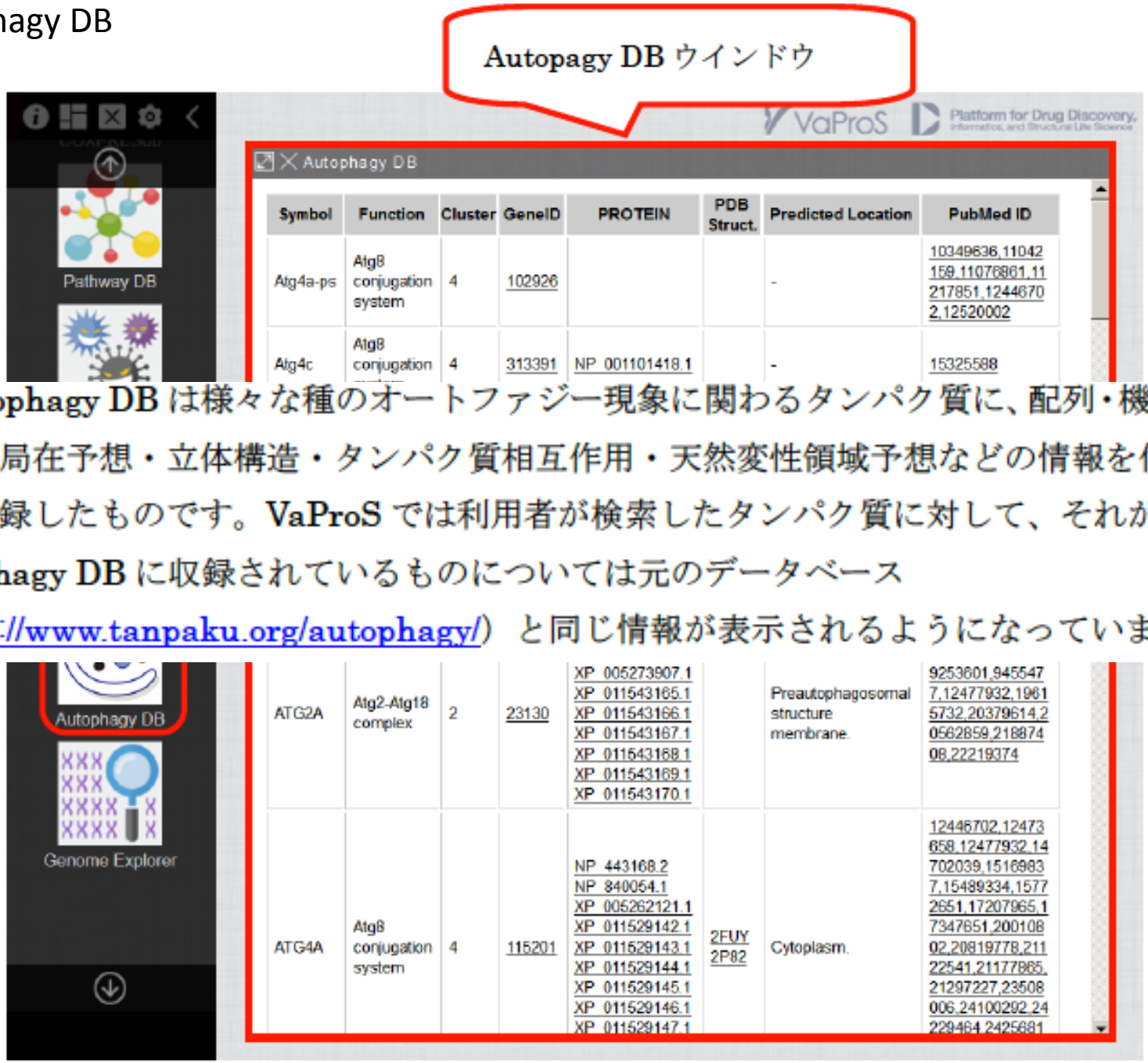
	Symbol	Full Name	Correlation
1	HOXB3	homeobox B3	0.96
2	CAMKK2	calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 2, beta	0.96
3	BEX1	brain expressed, X-linked 1	0.93
4	DLX5	distal-less homeobox 5	0.92
5	L3MBTL1	l(3)mbt-like 1 (Drosophila)	0.91
6	MYOG	myogenin (myogenic factor 4)	0.91
7	SOX12	SRY (sex determining region Y)-box 12	0.91
8	PHF12	PHD finger protein 12	0.91
9	ZKSCAN3	zinc finger with KRAB and SCAN domains 3	0.90
10	LIMD1	LIM domains containing 1	0.90
11	CHD5	chromodomain helicase DNA binding protein 5	-0.54
12	SSX5	synovial sarcoma, X breakpoint 5	-0.54
13	KLF14	Kruppel-like factor 14	-0.55
14	MAP2K3	mitogen-activated protein kinase kinase 3	-0.55
15	DLX2	distal-less homeobox 2	-0.55
16	SKIL	SKI-like oncogene	-0.55
17	NOTCH3	notch 3	-0.55
18	TGIF1	TGFB-induced factor homeobox 1	-0.56
19	SNAI2	snail homolog 2 (Drosophila)	-0.56
20	HES4	hairy and enhancer of split 4 (Drosophila)	-0.56

遺伝子発現



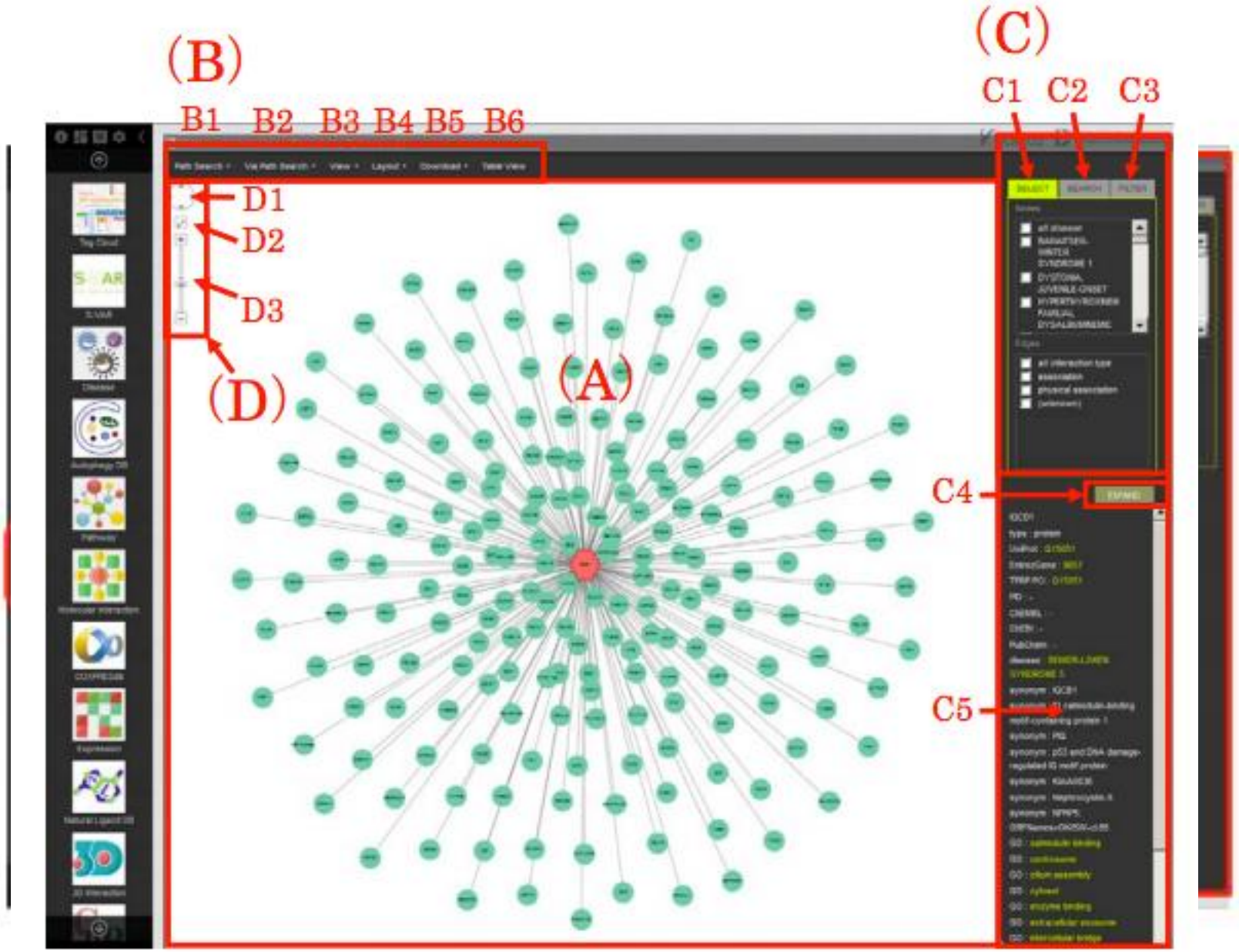
Genomenetwoek:http://genomenetwork.nig.ac.jp

Autophagy DB



Autophagy DB は様々な種のオートファジー現象に関わるタンパク質に、配列・機能・細胞内局在予想・立体構造・タンパク質相互作用・天然変性領域予想などの情報を付加し、収録したものです。**VaProS** では利用者が検索したタンパク質に対して、それが **Autophagy DB** に収録されているものについては元のデータベース（http://www.tanpaku.org/autophagy/）と同じ情報が表示されるようになっています。

ネットワーク　ビューワ



(A) ネットワーク表示領域：

ノードやエッジをクリックすると赤色に変化します

(B) メニュー選択領域：

B1：Path Search

B2：Via Path Search

B3：View

B4：Layout

B5：Download

B6：Table View

(C) ナビゲーション表示領域：

C1：SELECT

C2：SEARCH

C3：FILTER タブ

C4：EXPAND ボタン

C5：ネットワーク表示領域で選択されたノードあるいはエッジに対応する詳細情報の表示領域

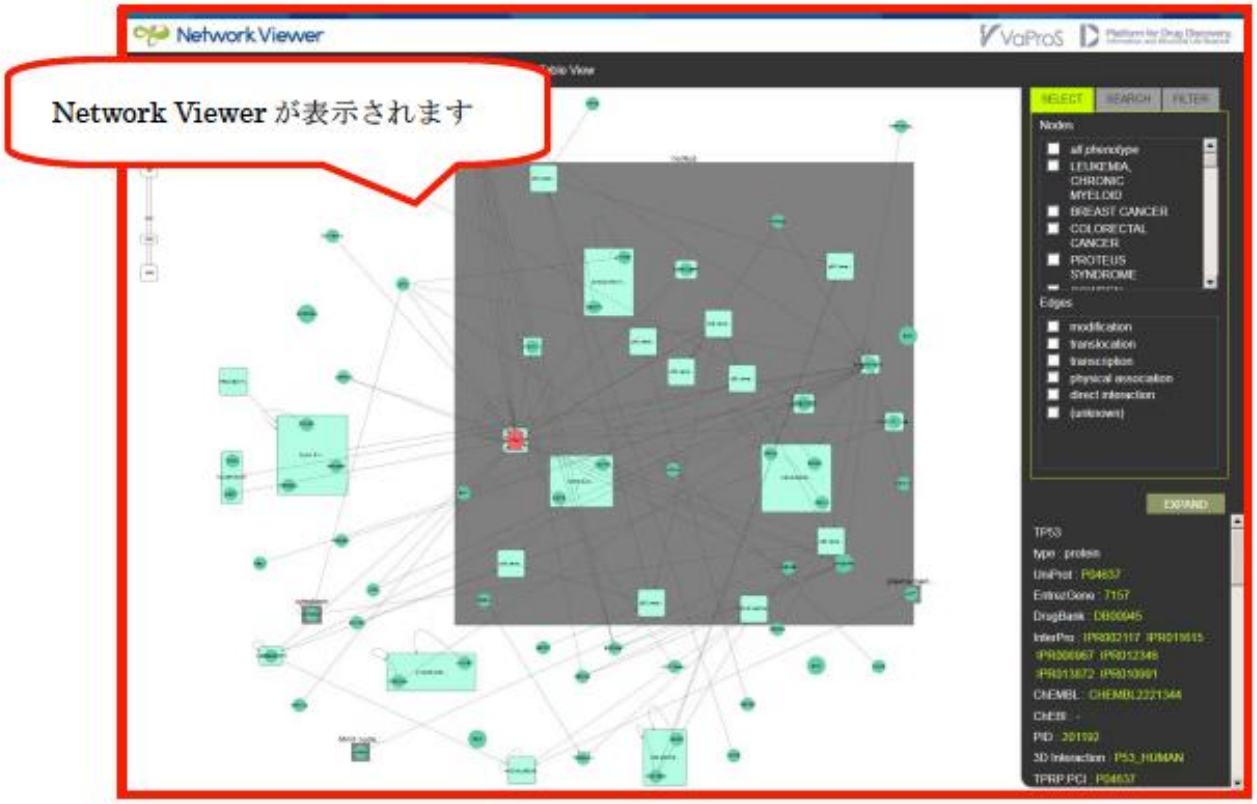
(D) ネットワーク表示のコントロール：

D1：スクロール用方向キー

D2：デフォルトサイズに戻すボタン

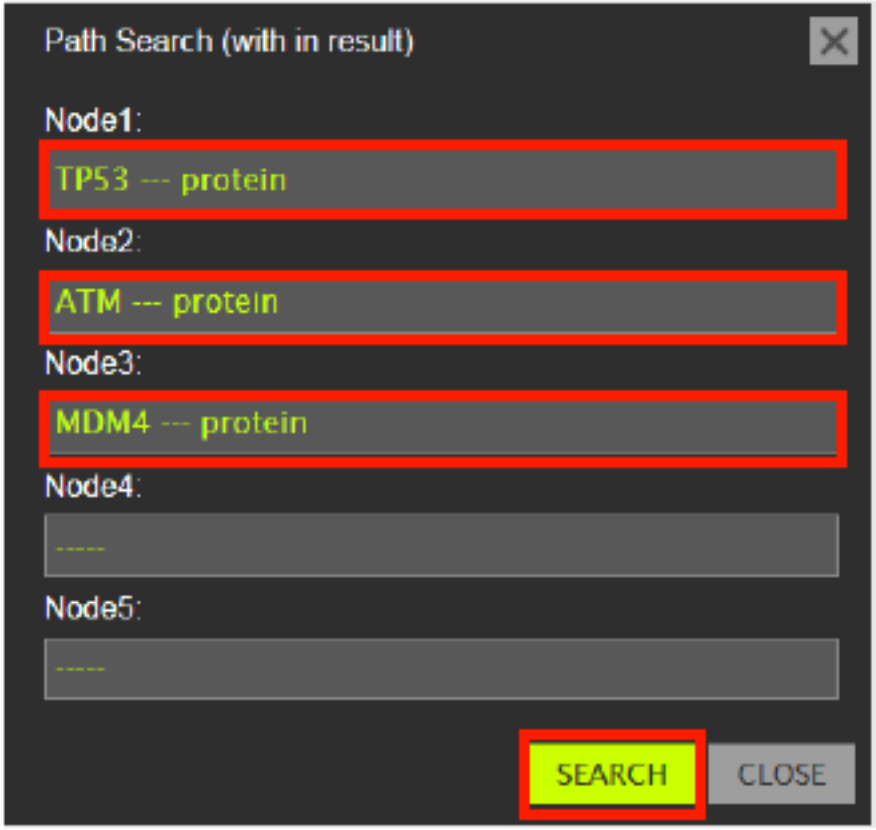
D3：拡大・縮小用スライドバー

GNP Expression
COXPRESdb
Pathway DB
Pathway DB
VaProS
Molecule
Pathway
Reference
TP53 AP-1 transcription factor network PID
TP53 Aurora A signaling PID
TP53 BARD1 signaling events PID
TP53 Direct p53 effectors PID
TP53 Glucocorticoid receptor re PID
TP53 Hypoxic and oxygen home PID
TP53 LKB1 signaling events PID
TP53 PLK3 signaling events PID
TP53 Signaling events mediate Class III PID
TP53 Signaling mediate 38-alpha and p38-beta PID
TP53 Validated gets of C-MYC transcriptional activation PID
TP53 p53 pathway PID
TP53 p75(NTR)-mediated signaling PID
p53 pathway をクリック

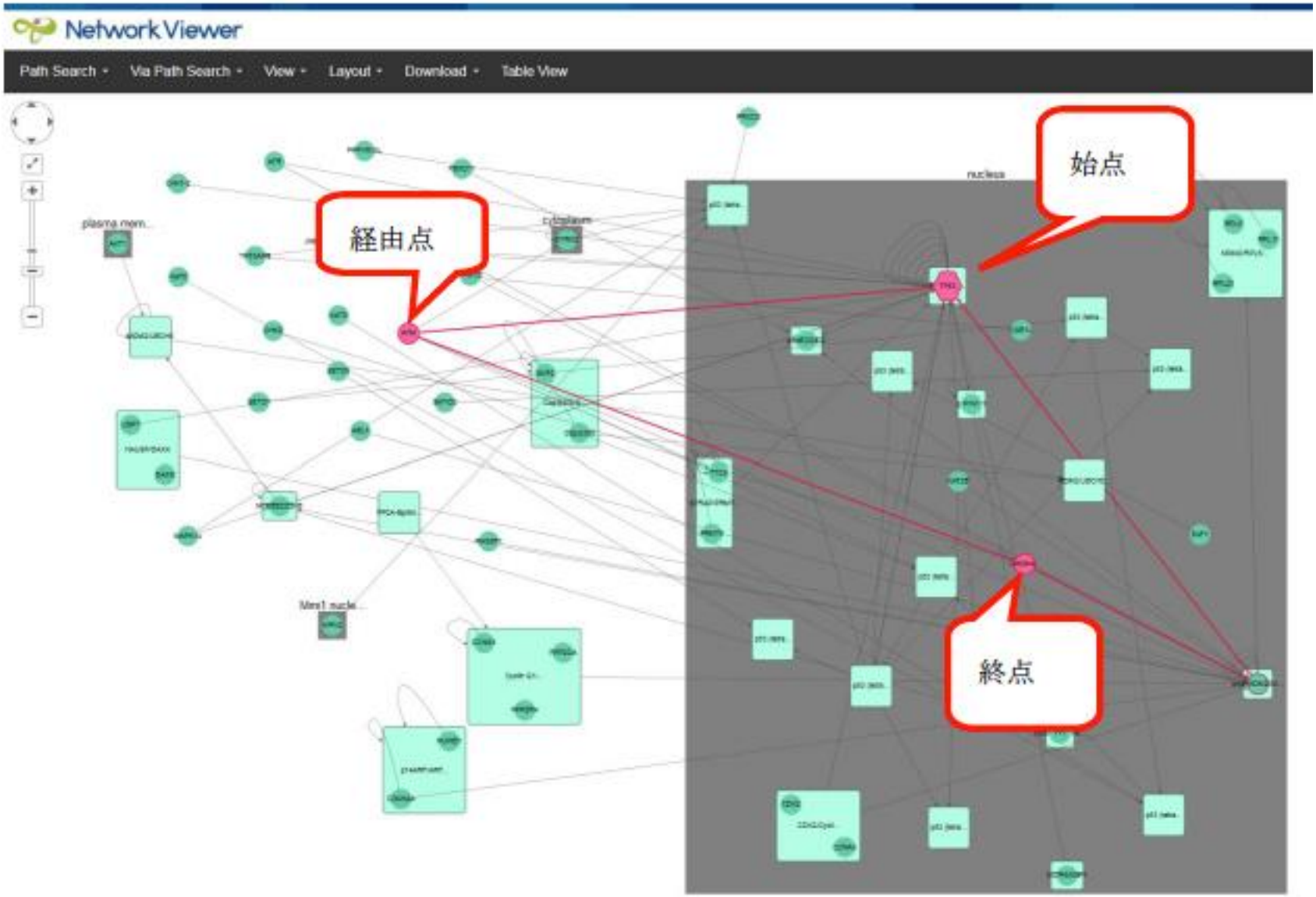

Network Viewer
VaProS
Network Viewer が表示されます
SELECT
SEARCH
FILTER
Nodes
all phenotype
LEUKEMIA CHRONIC MYELOID
BREAST CANCER
COLORECTAL CANCER
PROTEUS SYNDROME
Edges
modification
translocation
transcription
physical association
direct interaction
(unknown)
EXPAND
TP53
type : protein
UniProt : P04637
EntrezGene : 7157
DrugBank : DB00945
CHEMBL : CHEMBL2221344
PID : 201102
3D Interaction : P53_HUMAN
TPRP PCI : P04637

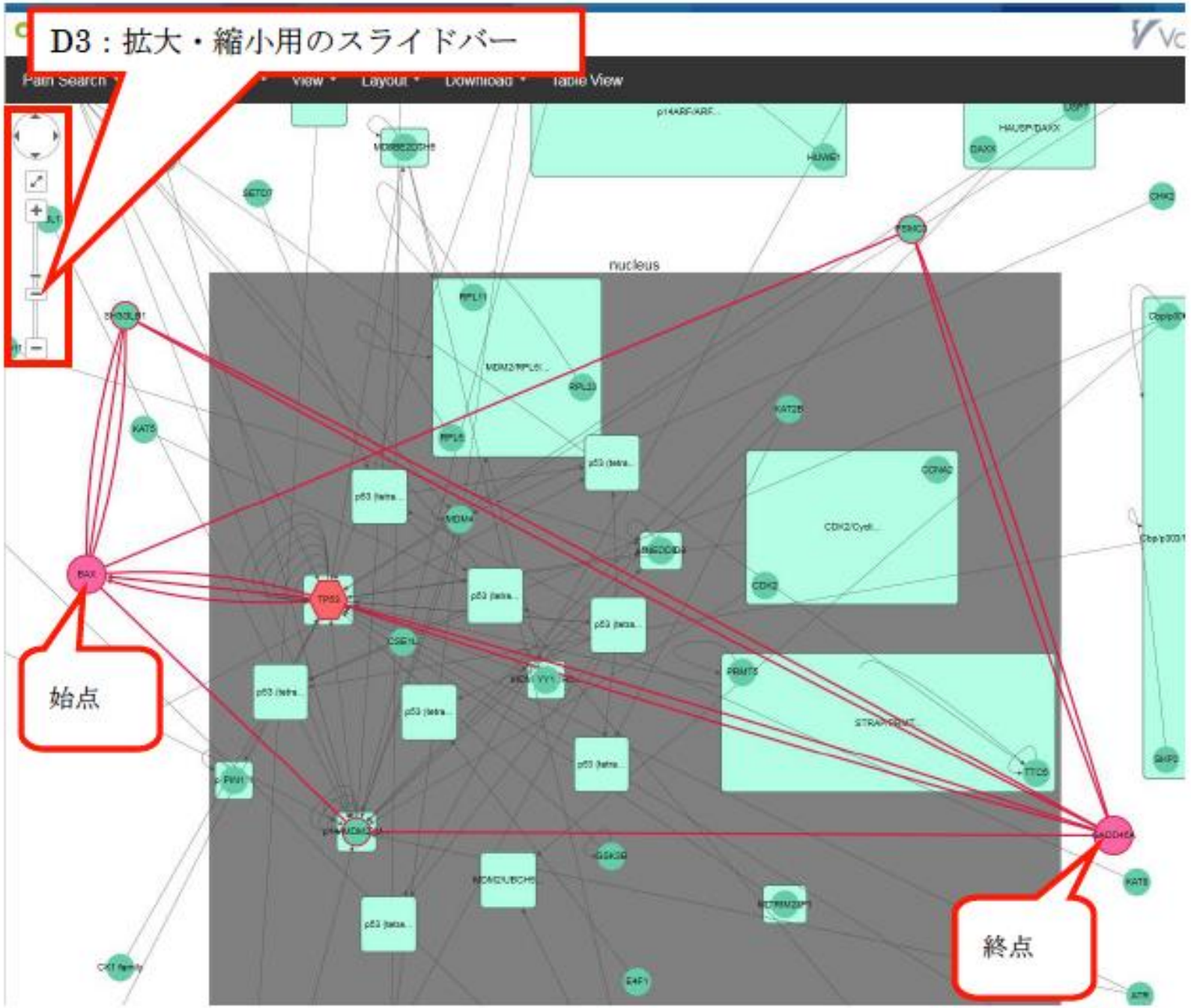
(B1) Path Search－with in result の場合

例えば以下のように 3 つのノードを指定します。その後、SEACH ボタンを押します。

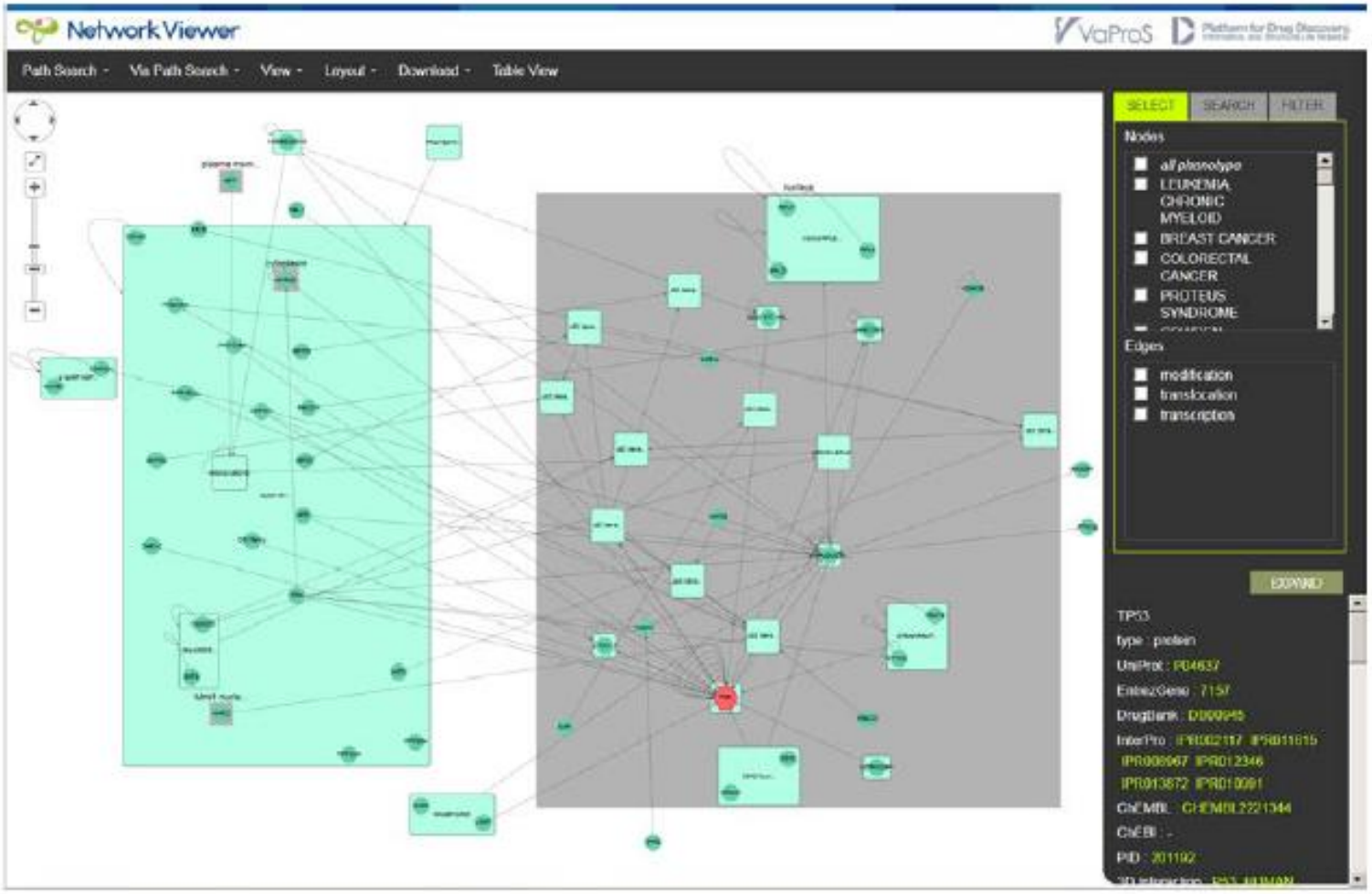


以下のように、入力された 3 つのノードを含む経路が赤色で強調表示されます。




D3：拡大・縮小用のスライドバー
Path Search
View
Layout
Download
Table View
nucleus
始点
終点

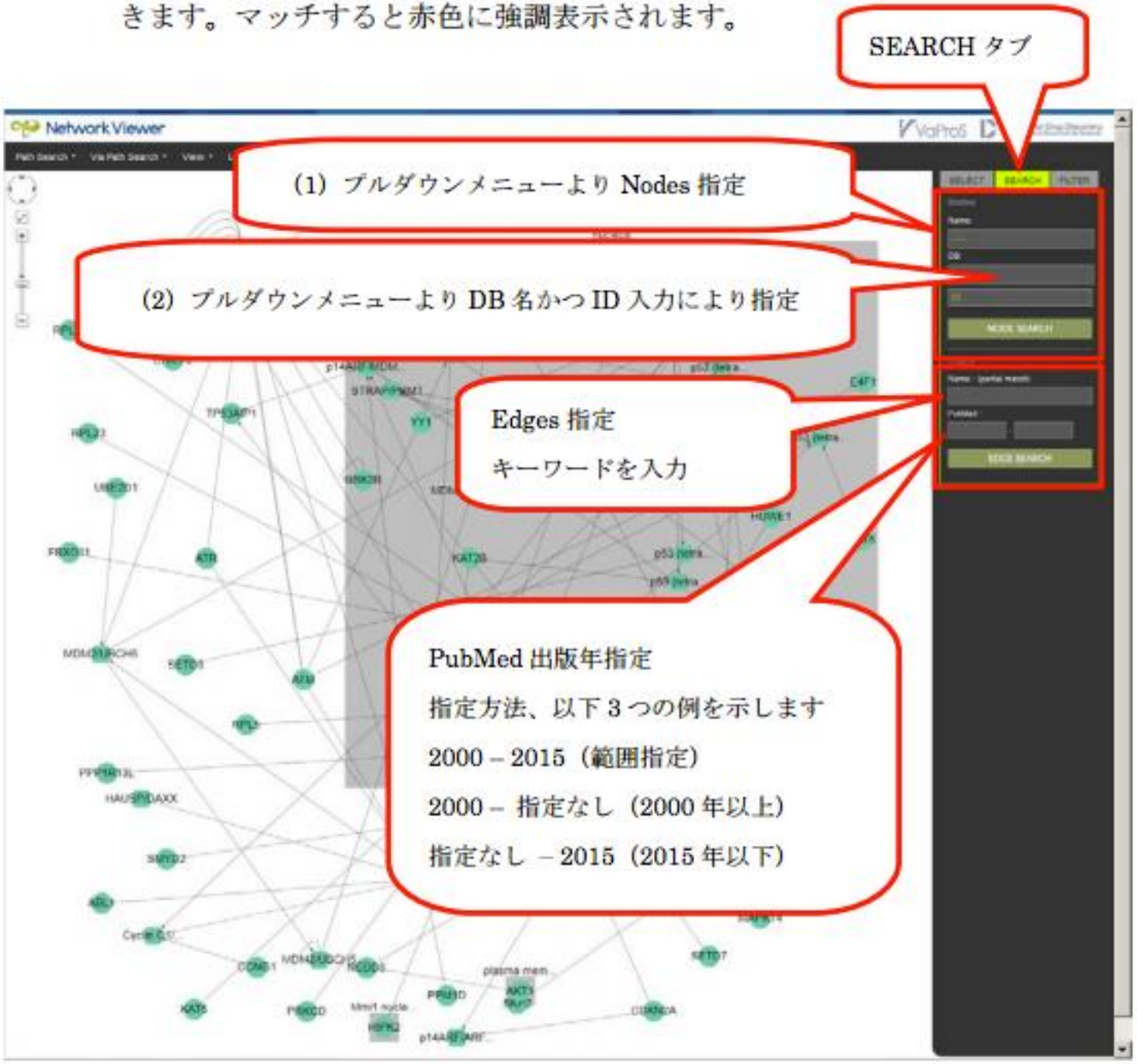
Network Viewer
Path Search
Via Path Search
View
Layout
Dow
cellular component


Network Viewer
VaProS
Path Search
Via Path Search
View
Layout
Download
Table View
SELECT
SEARCH
FILTER
Nodes
all phenotype
LEUKEMIA CHRONIC MYELOID
BREAST CANCER
COLORECTAL CANCER
PROTEUS SYNDROME
Edges
modification
translocation
transcription
EXPAND
TP53
type : protein

DOWNLOAD ボタンを押すことで、ネットワーク表示領域のネットワーク情報すべてについてタブ区切り形式のテキストファイルでダウンロードすることができます。また、4 つのフィルター機能（Query Type、Target Type、Query Taxonomy、Target Taxonomy）は、表示されている表中のデータについて各フィルター機能を組み合わせることにより条件付きで限定表示することができます。

	Query: Type	Query: Name	Query: Taxonomy	Target: Type	Target: Name	Target: Taxonomy	Target:
1	protein	AKT1	Homo sapiens	complex	MDM2/UBCH5	-	-
2	complex	MDM2/UBCH5	-	complex	MDM2/UBCH5	-	-
3	protein	PRMT5	Homo sapiens	complex	STRAP/PRMT5	-	-
4	protein	DYRK2	Homo sapiens	protein	DYRK2	Homo sapiens	8445
5	protein	KAT2B	Homo sapiens	protein	MDM2	Homo sapiens	4193
6	protein	CDKN2A	Homo sapiens	complex	p14ARF/MDM2	-	-

きます。マッチすると赤色に強調表示されます。



Nodes（疾患名）についてチェックボックスを選択すると、それに対応するノードが赤色で強調表示されます。

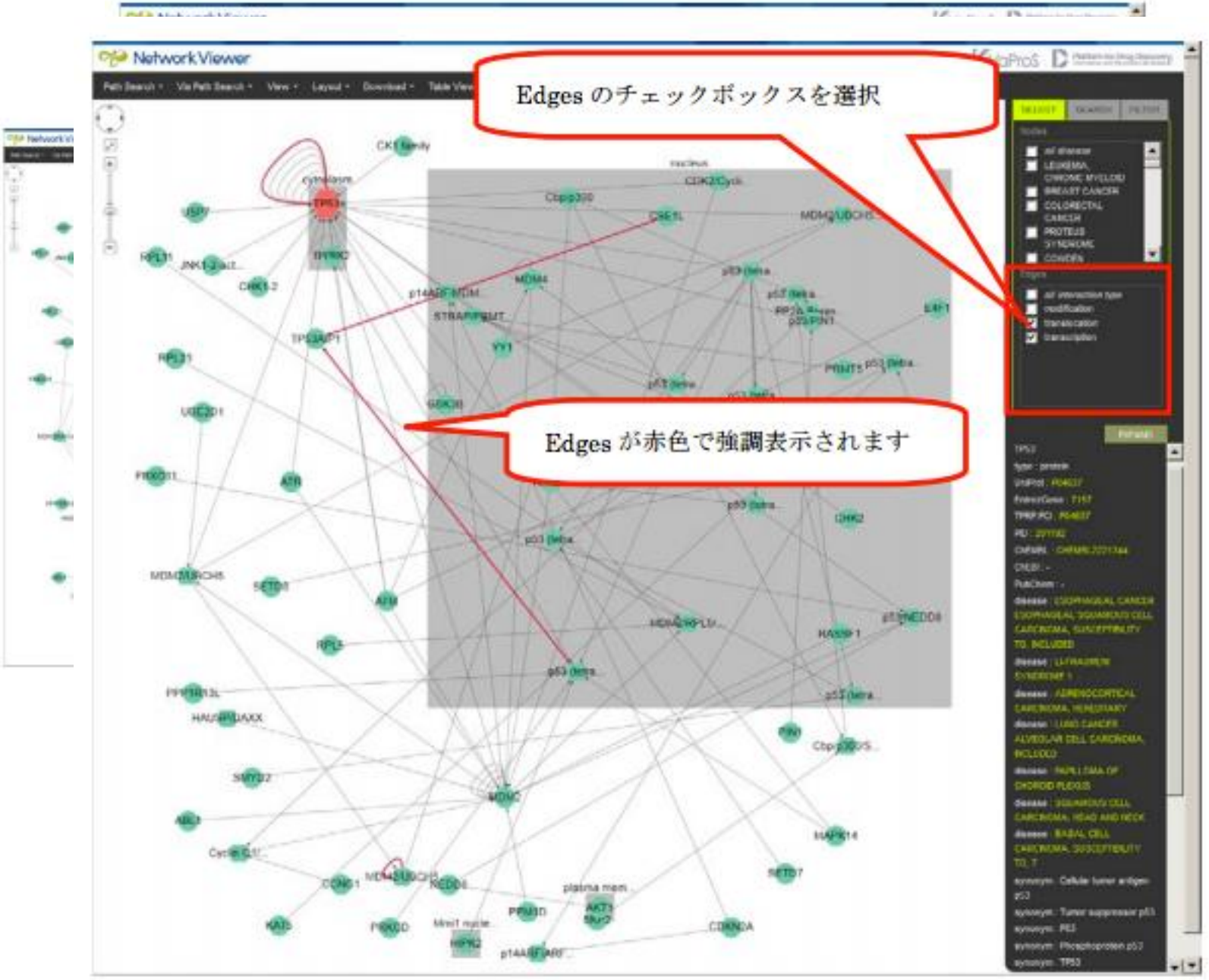
Edges(インタラクションタイプ)についてチェックボックスを選択すると、それに対応するエッジが赤色で強調表示されます。

Nodes と Edges のチェックボックスを組み合わせて同時に強調表示すると効果的です。

Nodes 検索 (1)の場合

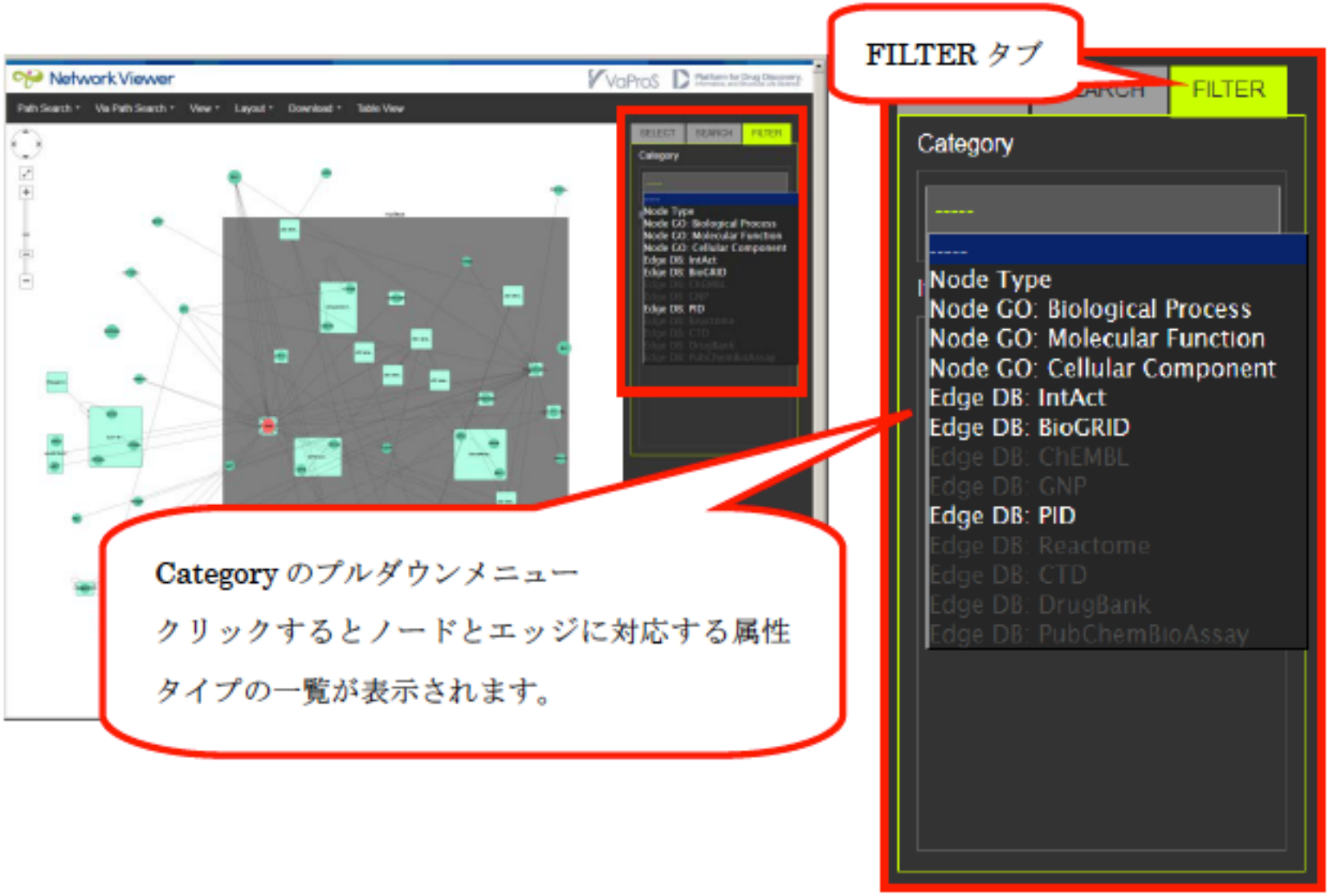
Nodes 検索 (2)の場合

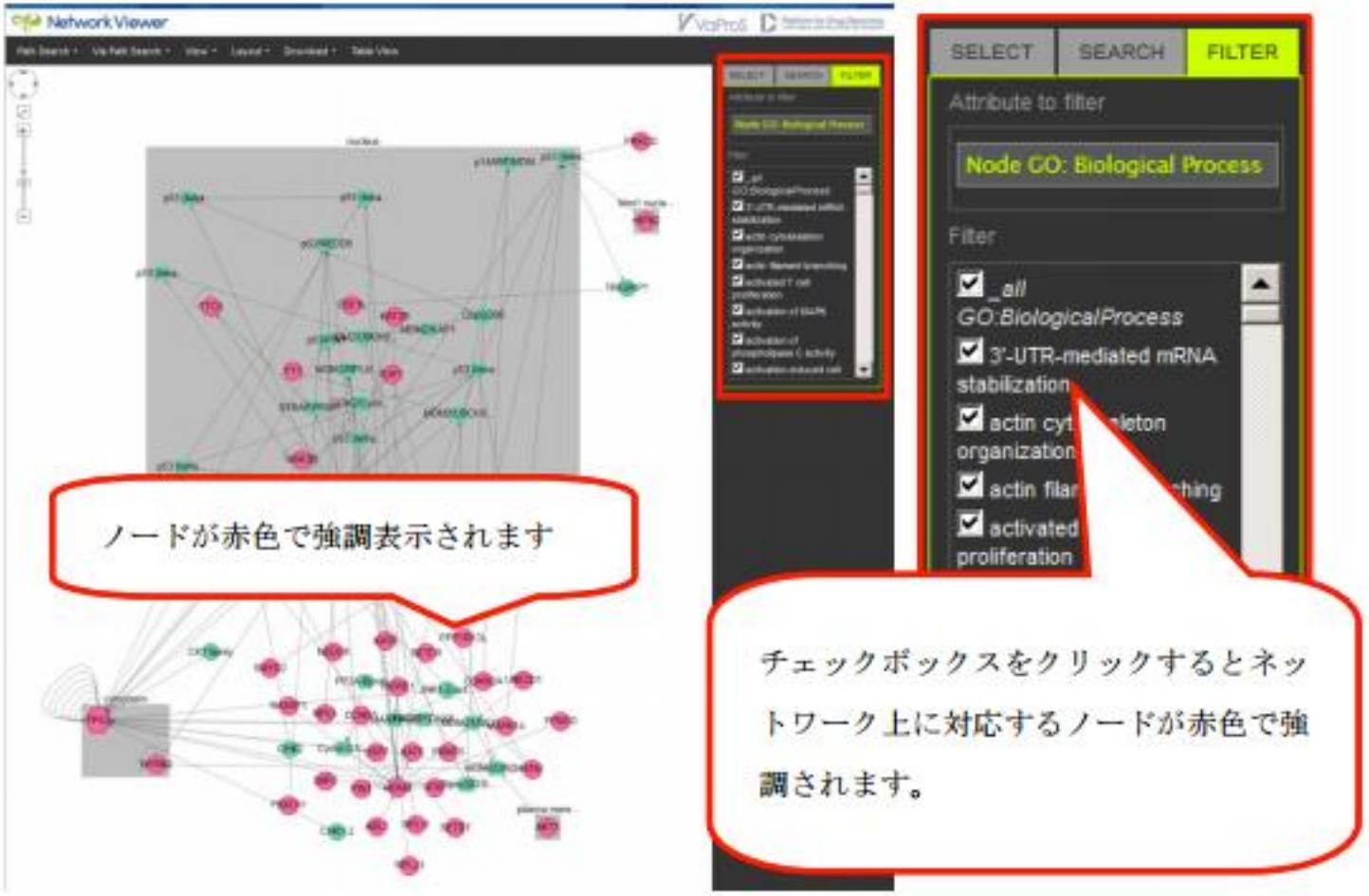
Edges 検索 (2)の場合

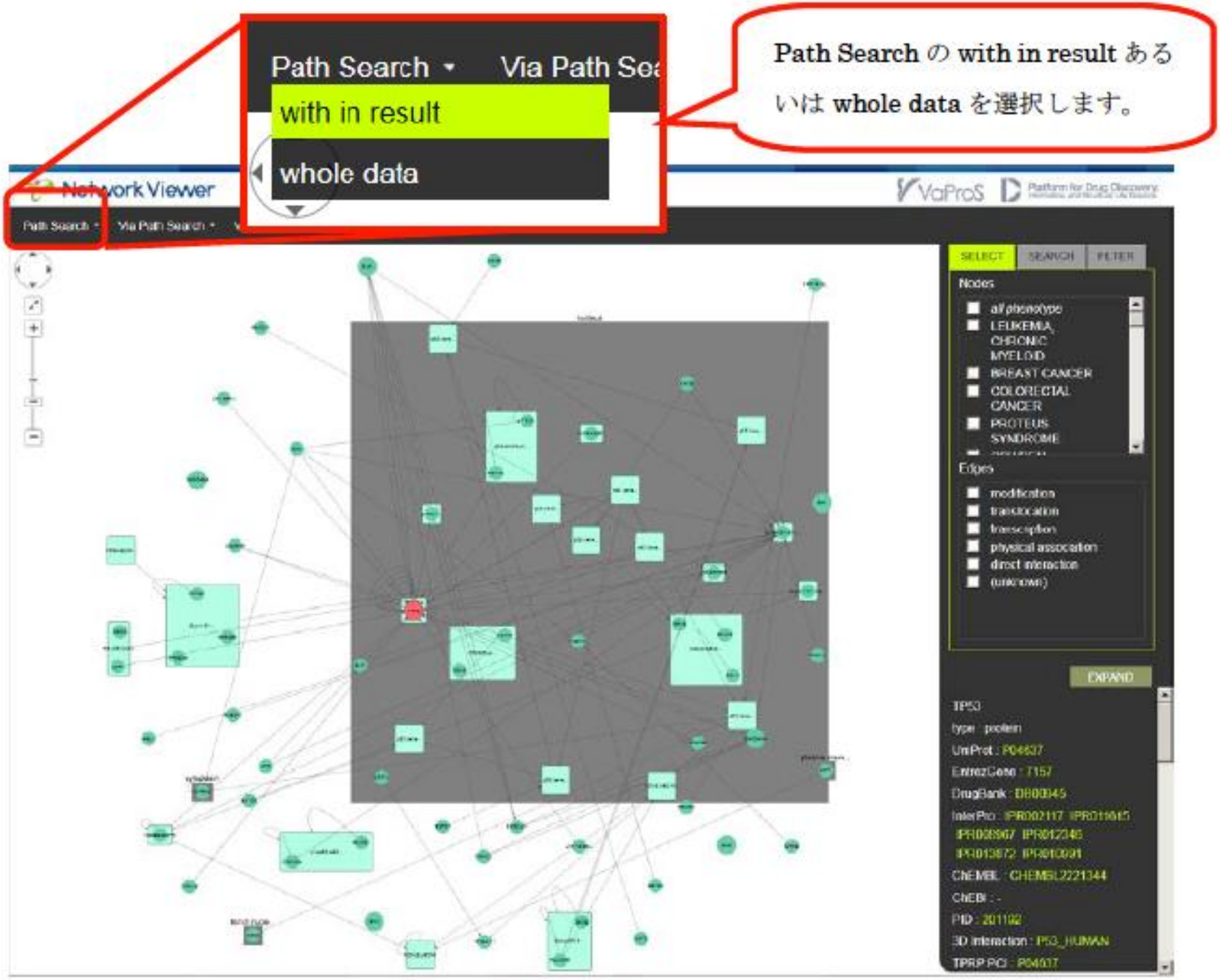

Network Viewer
Edges のチェックボックスを選択
Edges が赤色で強調表示されます

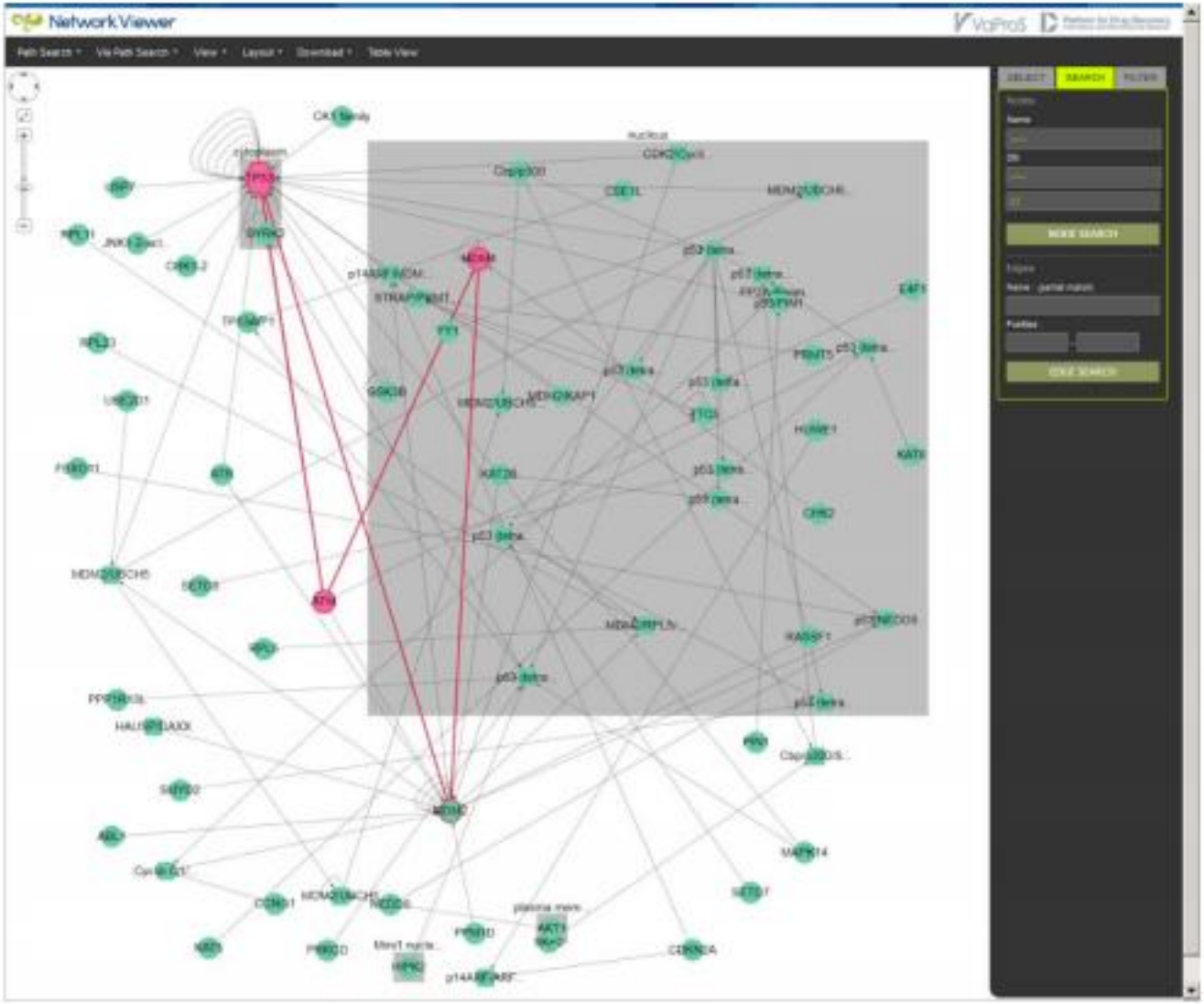
ノードとエッジに対応する属性でフィルタリングすることができます。

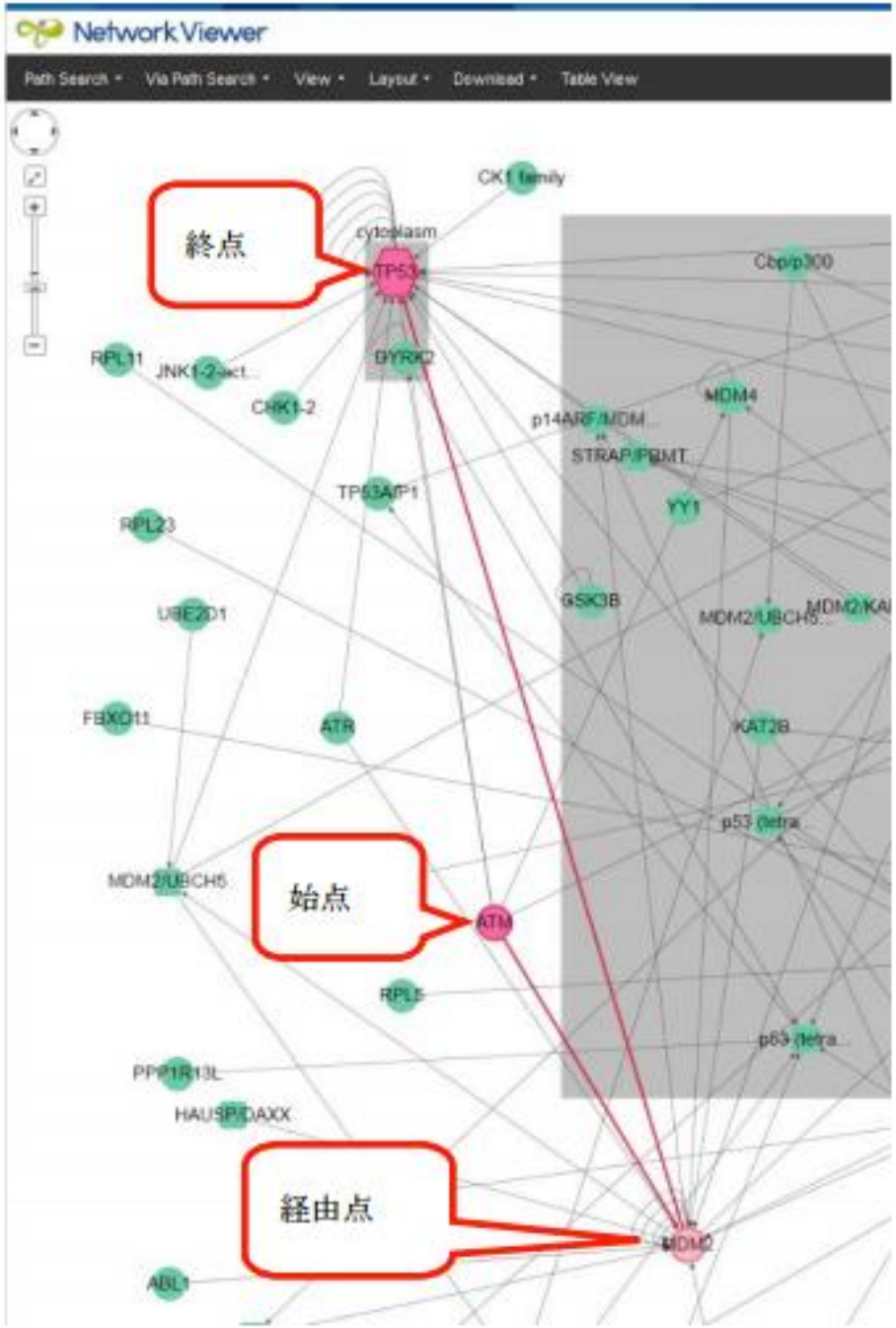
例えば、**p53 pathway** について表示されているネットワークのノードとエッジの属性のタイプは、**Attribute to Filter** のプルダウンメニューで確認できます。

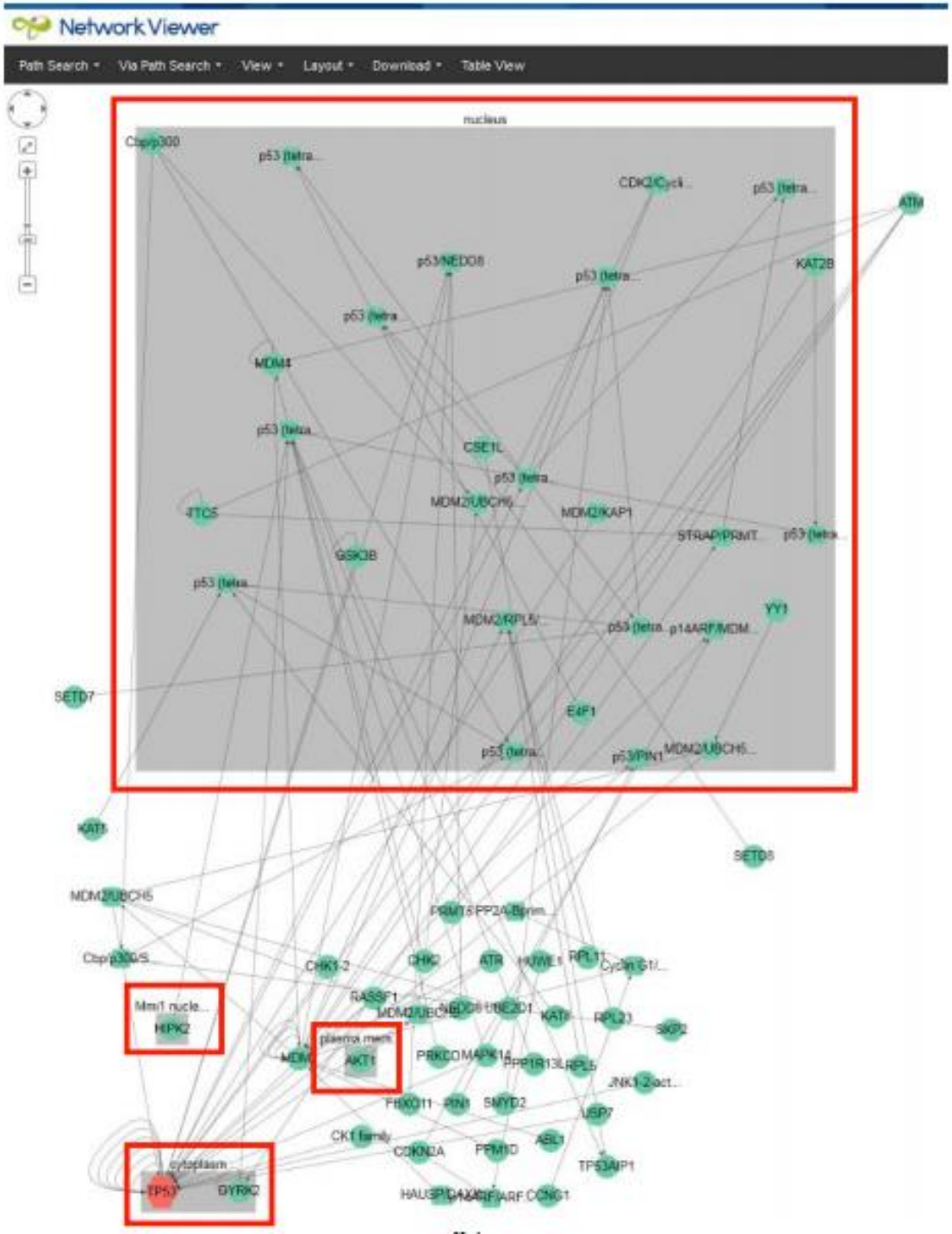


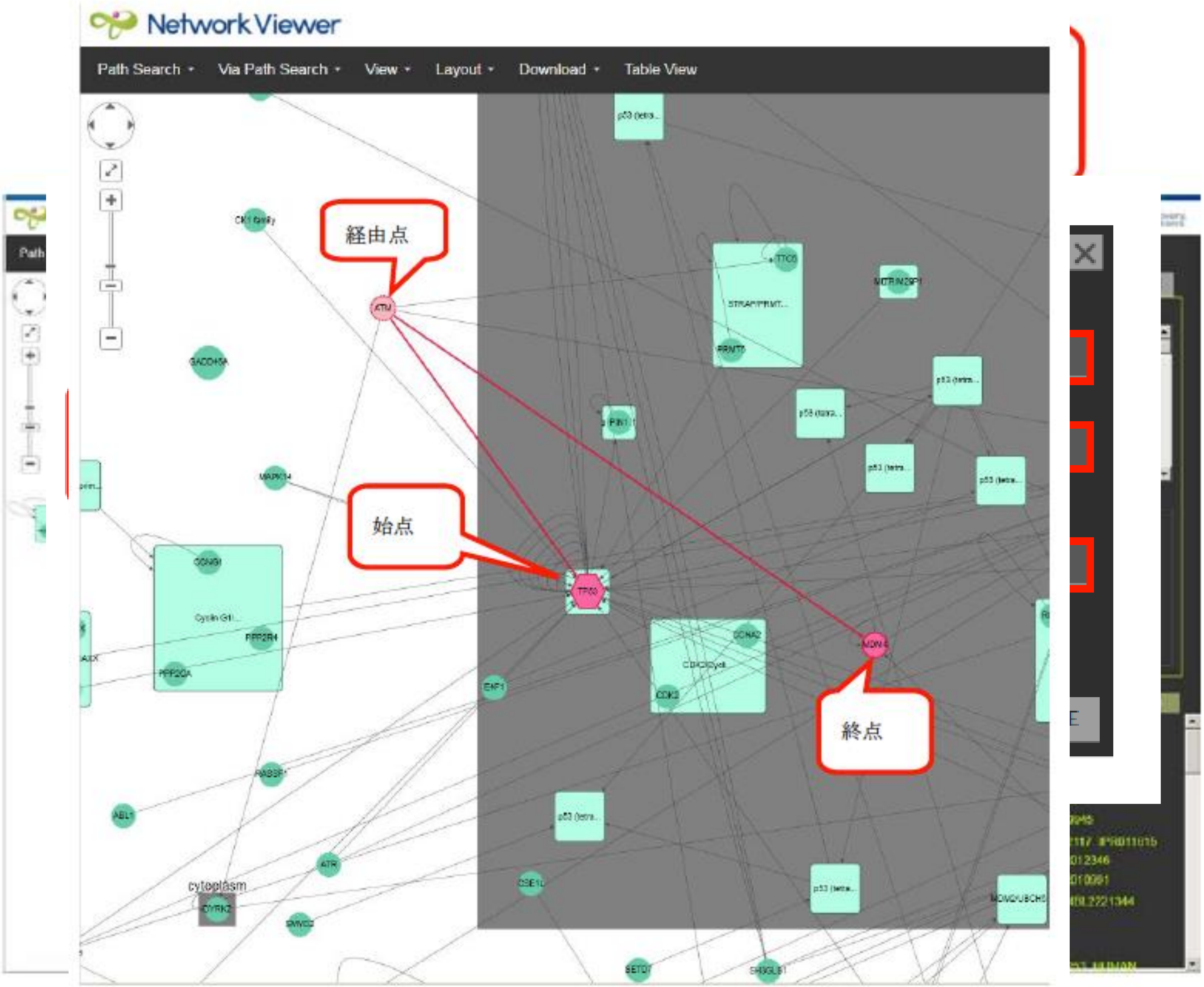

Network Viewer
SELECT
SEARCH
FILTER
Attribute to filter
Node GO: Biological Process
Filter
_all
GO:BiologicalProcess
3'-UTR-mediated mRNA stabilization
actin cyt leton organization
actin filar hing
activated proliferation
ノードが赤色で強調表示されます
チェックボックスをクリックするとネットワーク上に対応するノードが赤色で強調されます。


Path Search
Via Path Sea
with in result
whole data
Path Search の with in result あるいは whole data を選択します。
Network Viewer
VaProS
Path Search
Via Path Search
SELECT
SEARCH
FILTER
Nodes
all phenotype
LEUKEMIA, CHRONIC MYELOID
BREAST CANCER
COLORECTAL CANCER
PROTEUS SYNDROME
Edges
modification
translocation
transcription
physical association
direct interaction
(unknown)
EXPAND
TP53
type : protein
UniProt : P04637
EntrezGene : 7157
DrugBank : DB00945
InterPro : IPR002117 IPR011615
IPR008967 IPR012346
IPR013872 IPR010991
ChEMBL : CHEMBL2221344
ChEBI : -
PID : 201102
3D interaction : P53_HUMAN
TPRP PCI : P04637

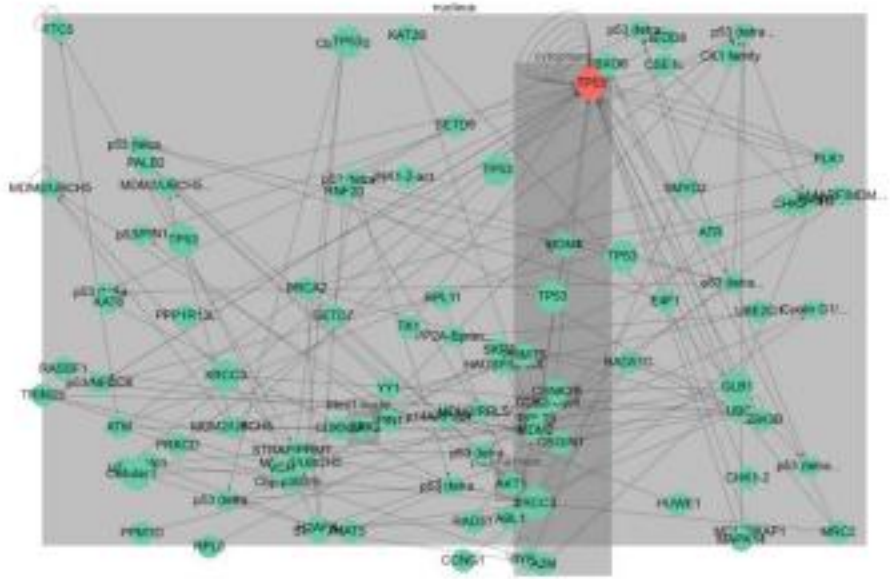

Network Viewer
Path Search
Via Path Search
View
Layout
Download
Table View
SELECT
SEARCH
FILTER
NODE SEARCH
EDGE SEARCH


Network Viewer
Path Search
Via Path Search
View
Layout
Download
Table View
終点
始点
経由点
CK1 family
cytoplasm
TP53
Cbp/p300
RPL11
JNK1-2
CHK1-2
GYRK2
MDM4
p14ARF/MDM
STRAP/PRMT
TP53AIP1
YY1
RPL23
GSK3B
MDM2/UBCH5
UBE2D1
FBXO11
ATR
KAT2B
p53 tetra
MDM2/UBCH5
ATM
RPL5
p53 tetra
PPP1R13L
HAUSP/DAXX
MDM2
ABL1

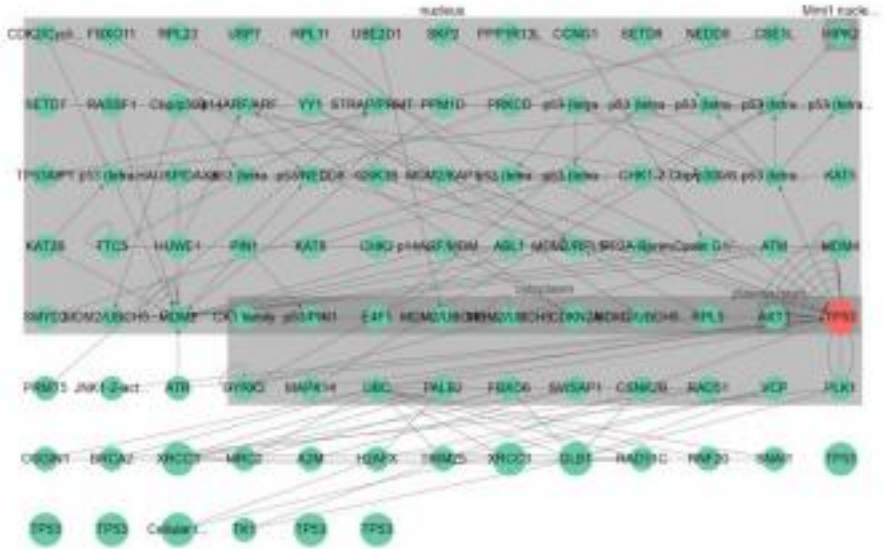

Network Viewer
Path Search
Via Path Search
View
Layout
Download
Table View
nucleus
Cbp/p300
p53 (tetra...
CDK2/Cycli...
p53 (tetra...
ATM
p53/NEDD8
p53 (tetra...
KAT2B
p53 (tetra...
MDM4
p53 (tetra...
CSE1L
p53 (tetra...
MDM2/UBCH5...
MDM2/KAP1
TTC5
STRAP/PRMT...
p53 (tetra...
GSK3B
p53 (tetra...
YY1
MDM2/RPL5/...
p53 (tetra...
p14ARF/MDM...
SETD7
E4F1
p53 (tetra...
p53/PIN1
MDM2/UBCH5...
KAT1
SETD8
MDM2/UBCH5
PRMT5/PP2A-Bprim...
Cbp/p300/S...
CHK1-2
CHK2
ATR
HUWE1
RPL11
Cyclin G1/...
RASSF1
Mm/1 nucle...
HIPK2
MDM2/UBCH5
NEDD8
UBE2D1
KAT1
RPL23
SKP2
plasma mem
AKT1
PRKCD
MAPK14
PPP1R13L
RPL5
JNK1-2-oct...
FBXO11
PIN1
SMYD2
USP7
CK1 family
CDKN2A
PPM1D
ABL1
TP53AIP1
cytoplasm
TP53
DYRK2
HAUSP/D4XRF
ARF
CCNG1


Network Viewer
Path Search
Via Path Search
View
Layout
Download
Table View
経由点
始点
終点
ATM
TP53
cytoplasm

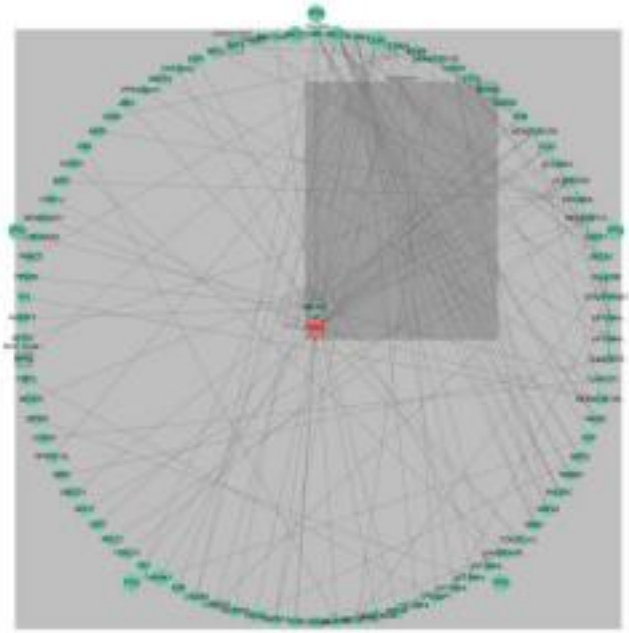
random

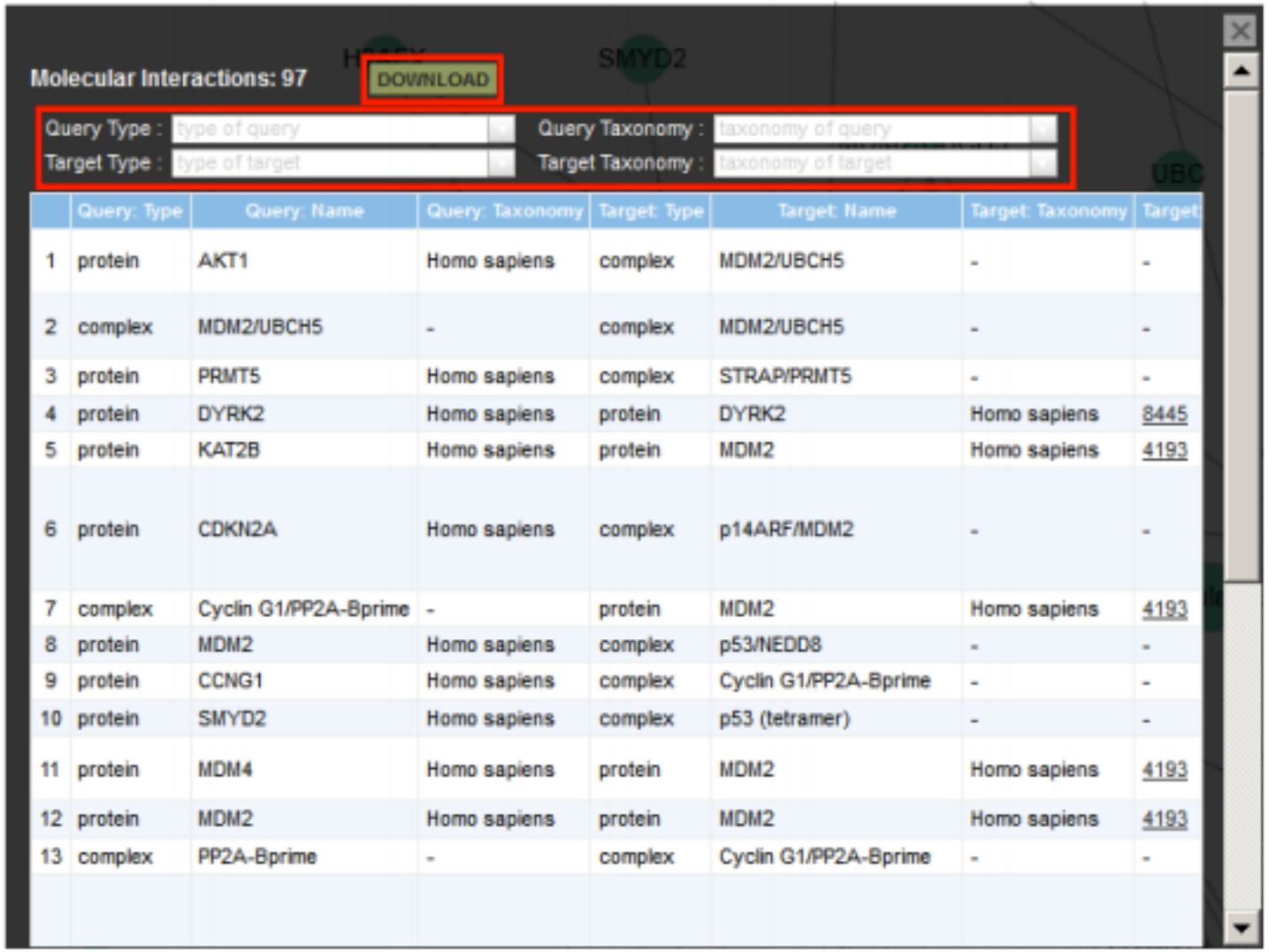


grid



concentric





Molecular Interactions: 97 DOWNLOAD

Query Type : type of query Query Taxonomy : taxonomy of query

Target Type : type of target Target Taxonomy : taxonomy of target

	Query: Type	Query: Name	Query: Taxonomy	Target: Type	Target: Name	Target: Taxonomy	Target:
1	protein	AKT1	Homo sapiens	complex	MDM2/UBCH5	-	-
2	complex	MDM2/UBCH5	-	complex	MDM2/UBCH5	-	-
3	protein	PRMT5	Homo sapiens	complex	STRAP/PRMT5	-	-
4	protein	DYRK2	Homo sapiens	protein	DYRK2	Homo sapiens	8445
5	protein	KAT2B	Homo sapiens	protein	MDM2	Homo sapiens	4193
6	protein	CDKN2A	Homo sapiens	complex	p14ARF/MDM2	-	-
7	complex	Cyclin G1/PP2A-Bprime	-	protein	MDM2	Homo sapiens	4193
8	protein	MDM2	Homo sapiens	complex	p53/NEDD8	-	-
9	protein	CCNG1	Homo sapiens	complex	Cyclin G1/PP2A-Bprime	-	-
10	protein	SMYD2	Homo sapiens	complex	p53 (tetramer)	-	-
11	protein	MDM4	Homo sapiens	protein	MDM2	Homo sapiens	4193
12	protein	MDM2	Homo sapiens	protein	MDM2	Homo sapiens	4193
13	complex	PP2A-Bprime	-	complex	Cyclin G1/PP2A-Bprime	-	-

(A1) Genome タブ
(A2) Search タブ
Cell Innovation - Genome Explorer -
Genome
Search
(B1)
(B2)
(B4)(B5)
(B3)トラック表示領域
ナビゲーション領域

Cis-Finder

Cis Elements Finder

Cis-Finder

Cis Elements Finder

Query

Input multi fasta sequence.

Copy & Paste

Get sample sequence

Get sequence from biomart.

Get sequence by gene id-list

Get ortholog sequence by gene id or gene symbol

File upload

ファイルを選択 選択されていません

Parameter

Ab Initio Tools

CONSENSUS

MEME

GIBBS

MDSCAN

TFSCAN

TFSCAN

TRANSFAC

TRANSFAC

Execute

Motif Information

Ab Initio Tools

Motif ID	Motif Logo
consensus1	
consensus2	
meme1	
gibbs1	
mdscan1	

Motif Search & Clustering

Selected Motifs

Order No	Motif Sequence(*)

Choose Search Set

- (•) Query
- ( ) Database

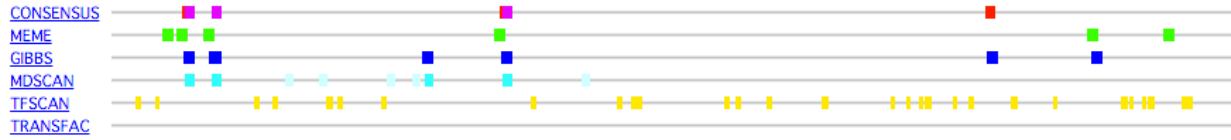
Human Ensembl 1000bp Upstream

Search & Clustering | Clear

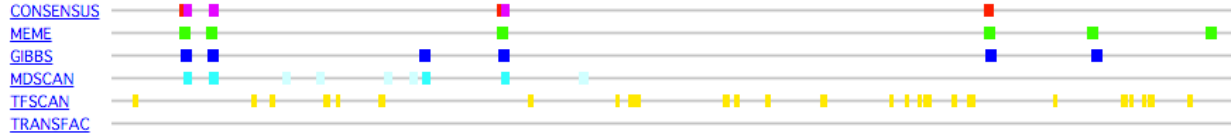
(*)Motif Sequence Pattern
A: Adenine
C: Cytosine
G: Guanine
T: Thymine

Motif View

Query1:ENSG00000141510



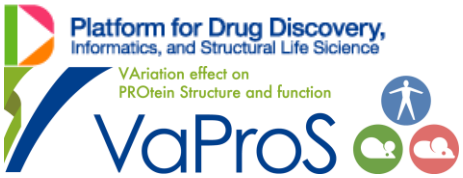
Query2:ENSPTRG00000008703



Query3:ENSRNOG00000010756

Acknowledgement

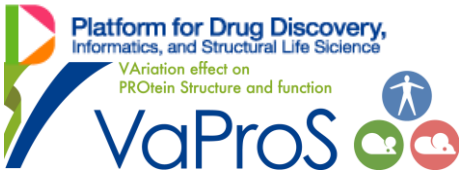
This research (in part) used VaProS, a data-cloud developed by the Information Core of the Platform Project for Supporting Drug Discovery and Life Science Research（Platform for Drug Discovery, Informatics, and Structural Life Science）from Japan Agency for Medical Research and Development (AMED).



http://pford.info/vapros/

謝辞

この研究（の一部）は、国立研究開発法人日本医療研究開発機構創薬等ライフサイエンス研究支援基盤事業（創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業）の情報拠点が開発したデータクラウドVaProSを利用して実施しました。



http://pford.info/vapros/

http://p4d-info.nig.ac.jp/vapros/about.html

創薬等支援技術基盤プラットフォーム ››› 情報拠点

情報拠点は、これまでの構造生物学関連ナショナルプロジェクトから継承したデータベース・解析ツールの拡充に加えて、
構造生命科学データクラウドを新たに開発・提供することによって、創薬等支援技術基盤プラットフォーム (PDIS) の一翼を担って行きます。

VaProS

構造生命科学データクラウド
VAriation effect on PROtein Structure and function
Ver 2.1.0

役に立つデータベースと解析ツール

情報拠点 Web サイトを含む Web サイトで
提供されている有用な情報資源
Ver 2.0

ニュースウォッチ

構造生命科学関連ニュースと
情報拠点からの新着情報
最終更新日 2016.03.08

情報拠点を知る

私達が考えていること

代表機関
五條堀 孝 教授
国立遺伝学研究所
遺伝情報分析研究室

分担機関
金城 玲 准教授
大阪大学蛋白質研究所
蛋白質情報科学研究室

分担機関
木下 賢吾 教授
東北大学大学院
情報科学研究科
生命情報システム科学分野

分担機関
近藤 るみ 准教授
お茶の水女子大学
人間文化創成科学研究科

分担機関
永田 宏次 准教授
東京大学大学院
農学生命科学研究科
応用生命化学専攻

新着情報

2016.02.09　VaProS(構造生命科学データクラウド)のチュートリアルページに新たなチュートリアルが追加されました。(チュートリアルページはこちら)

2016.01.19　2016年3月15日（火）にH27年度 PDBj & 創薬等PF情報拠点VaProS第4回利用講習会「生命科学のための立体構造データ・ビッグデータの使い方入門」が大阪大学蛋白質研究所で開催されます(詳細はこちら)。

2015.12.13　VaProS(構造生命科学データクラウド)のマニュアルを公開しました(マニュアルはこちら)。

2015.09.01　「第3回（平成27年度）創薬等支援技術基盤プラットフォーム公開シンポジウム～知って、使って、進む　あなたの研究～」のご案内

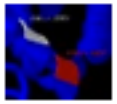
2015.08.10　2015年10月14日に構造生命科学データクラウド第３回利用講習会を開催いたします。(詳細はこちら)

情報拠点のツールとデータベース

ツール 詳細はこちらから

アミノ酸置換がタンパク質機能にもたらす影響は？(S-VAR)

アミノ酸配列からの2D/3D予測(FUJI)



SNPsマッピング・タンパク質構造オンデマンド解析

タンパク質複合体構造推定(ToSY)

HOMCOS

相同複合体の検索・モデリングサーバ

データベース 詳細はこちらから

オートファジーDB

eSOL DB

実験方法DB

AT Atlas

TP Atlas(旧称ネットワークDB)

蛋白化合物相互作用DB (PCI)

網羅的アミノ酸配列DB (CASA)

トリパノソーマDB

ThermusDB