

ВВЕДЕНИЕ В БИОИНФОРМАТИКУ

Лекция №3

Биологические базы данных

Алексей Константинович Шайтан, к.ф.-м.н.

<http://intbio.org>
alex@intbio.org

Биологические базы данных

Biology is a data-intensive science!

- Нужно уметь хранить данные
- Нужно уметь обрабатывать данные
- Нужно уметь обмениваться данными
- Данные должны быть максимально открыты и доступны научному сообществу.
- Data provenance (“происхождение данных”)

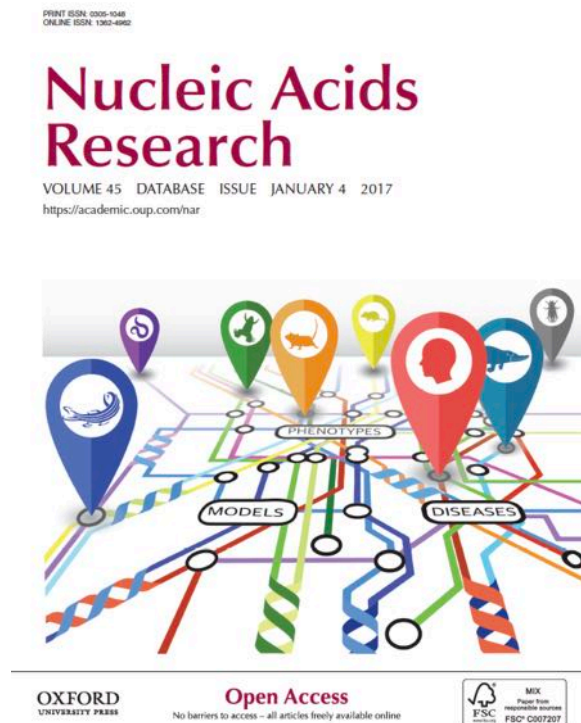
Data provenance [\[edit \]](#)

[Scientific research](#) is generally held to be of good provenance when it is documented in detail sufficient to allow [reproducibility](#).^{[27][28]} [Scientific workflow systems](#) assist scientists and programmers with tracking their data through all transformations, analyses, and interpretations. Data sets are reliable when the process used to create them are

- Кризис воспроизводимости результатов в науке!?
-

Базы данных для биологии

- На данный момент количество не возможно сосчитать – очень много – важно не запутаться и не потеряться при их использовании
- Надежные источники информации о базах данных – научные журналы



Annual Database Issue – информация о ~200 БД каждый год.

Базы данных для биологии

- Бесплатные vs Платные (по подписке)
 - Свободно доступные vs Ограниченно доступные
 - Большие ресурсы (NCBI, EBI/EMBL, etc.)
интегрирующие многие базы данных -
поддерживаются государством
 - Коллаборации между университетами (напр. PDB)
 - Коммерческие компании
 - Локальные базы данных, поддерживаемые силами научных групп
 - База данных vs Web Server – граница размыта.
 - Хорошие БД - информационные ресурсы с возможностями сложного поиска и моделирования.
-

Крупные центры биологических БД



- Bethesda, MD USA
- Более 60 БД включая PubMed, GenBank, DDBJ, SRA



- European Bioinformatics Institute, Cambridge, UK + Switzerland
-

Что храниться?

- БД статей, абстрактов, патентов
- Последовательности ДНК
- Последовательности белков
- 3D структуры молекул
- Геномы
- Данные экспрессии
- Сырые данные с секвенаторов
- Информация о химических соединениях и их активности
- Информация о болезнях, информация о пациентах
- Информация о видах живых организмов
- Информация о метаболических и сигнальных путях
- Информация о взаимодействии молекул
- Много производной информации: базы гомологичных последовательностей, аннотация отдельных классов белков и т.д.

План

- **Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)**
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

Реферативные базы данных

Clinical/Biomedical

PubMed – US National Library of Medicine database (Medline); refers to >25M articles from 5600 biomedical journals, 1940s to present, with some older items, in medicine, nursing, dentistry, veterinary medicine, allied health & pre-clinical sciences

- bibliographic database with author-provided abstracts, added indexing terms from **MeSH** (Medical Subject Headings) thesaurus, & links to other resources

www.pubmed.gov



FREE

Реферативные базы данных

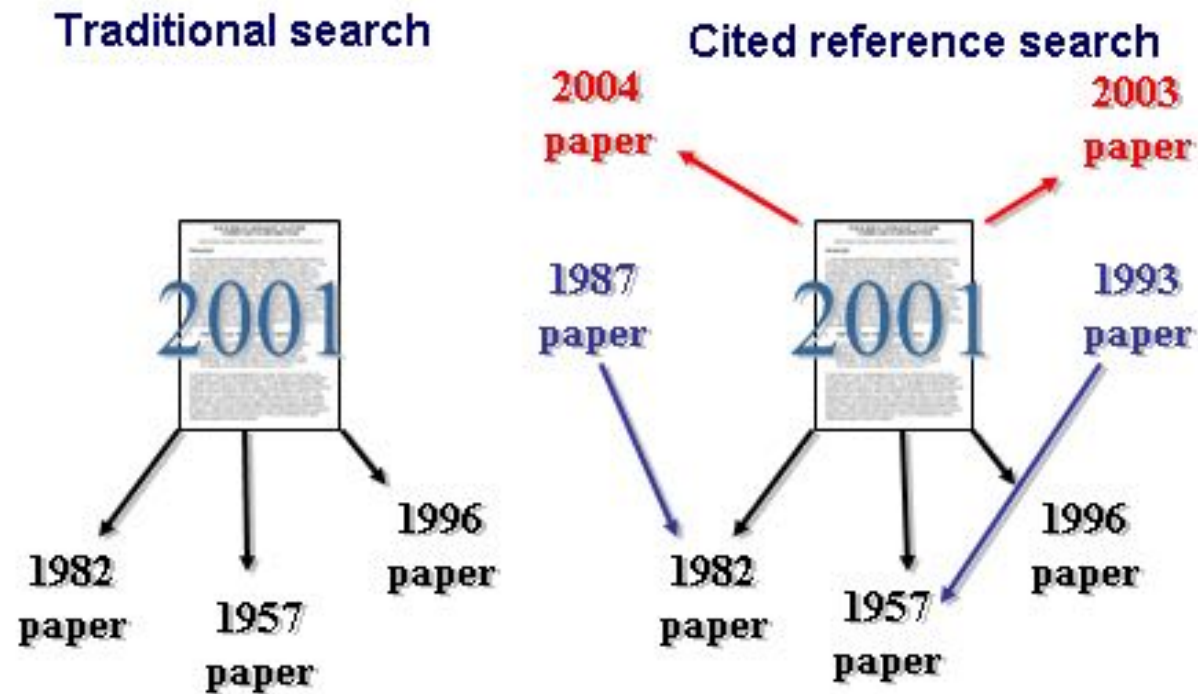
Clinical/Biomedical

Embase – European based, includes all of Medline (database behind PubMed) and more; > 29M records, >8,500 journals, 1940s to present; includes coverage of more basic science journals & pre-clinical topics - especially useful for drug pipeline information, biotechnology, medical devices, conference coverage, toxicology, health policy/management, & alternative/complementary medicine
EMTREE thesaurus includes almost twice as many terms as PubMed

<https://www.elsevier.com/solutions/embase-biomedical-research>

Реферативные базы данных

Cited Reference Searching



Source: ISI

Реферативные базы данных

Общенаучные базы данных цитирований

Web of Science - covers >12,000 journals from 1900 to present; useful for cited reference, **conference information & affiliations** (institutions)

<https://webofknowledge.com/>



PAID

Scopus – covers >18,500 journals from 1823 to present, complete citation counts for indexed articles 1996 to present; a general science database, not a specialized database – useful for cited reference, **conference information & affiliations** (institutions)

<https://www.scopus.com/>

ELSEVIER



PAID

Реферативные базы данных Общенаучные базы данных цитирований



НАУЧНАЯ ЭЛЕКТРОННАЯ БИБЛИОТЕКА eLIBRARY.RU

ЧИТАТЕЛЯМ | ОРГАНИЗАЦИЯМ | ИЗДАТЕЛЬСТВАМ | АВТОРАМ | БИБЛИОТЕКАМ

ОСНОВНЫЕ ПРОЕКТЫ НА ПЛАТФОРМЕ eLIBRARY.RU

Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU - это крупнейший российский информационно-аналитический портал в области науки, технологии, медицины и образования, содержащий рефераты и полные тексты более 26 млн научных статей и публикаций, в том числе электронные версии более 5600 российских научно-технических журналов, из которых более 4800 журналов в открытом доступе. [Подробнее...](#)

РОССИЙСКИЙ ИНДЕКС НАУЧНОГО ЦИТИРОВАНИЯ

Национальная библиографическая база данных научного цитирования, аккумулирующая более 12 миллионов публикаций российских ученых, а также информацию о цитировании этих публикаций из более 6000 российских журналов

SCIENCE INDEX ДЛЯ ОРГАНИЗАЦИЙ

Информационно-аналитическая система Science Index для анализа публикационной активности и цитируемости научных организаций

SCIENCE INDEX ДЛЯ АВТОРОВ

Инструменты и сервисы, предлагаемые для зарегистрированных авторов научных публикаций

RUSSIAN SCIENCE CITATION INDEX

Совместный проект компаний Clarivate Analytics и Научная электронная библиотека eLIBRARY.RU -

НОВОСТИ И ОБЪЯВЛЕНИЯ

- 26.01 Опубликована программа конференции **SCIENCE ONLINE 2018**
- 19.01 Открыта регистрация на семинар: "Использование РИНЦ и Science Index для анализа и оценки научной деятельности" 27 февраля
- 12.01 Открыт свободный доступ к архивам журналов Российской академии наук
- 05.10 Продолжение конкурсной поддержки программ развития научных журналов

Другие новости

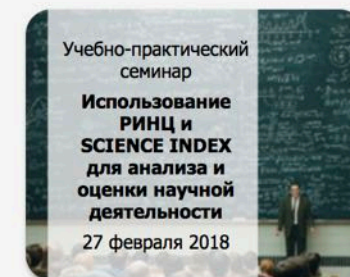
ТЕКУЩЕЕ СОСТОЯНИЕ

Число наименований журналов:	62015
- из них российских журналов:	15351
- из них выходящих в настоящее время:	13115
Число журналов, индексируемых в РИНЦ:	5200
Число журналов с полными текстами:	10721
- из них в открытом доступе:	5537



Российская Академия Наук

Открытый доступ к журналам
Российской академии наук



Подписка научных организаций на
информационно-аналитическую
систему
SCIENCE INDEX

ПОИСК

Найти

Расширенный поиск

ВХОД

IP-адрес компьютера:
128.68.143.128

Название организации:
не определена

Имя пользователя:
ashaytan


Пароль:
.....

Elibrary.ru/РИНЦ

Реферативные базы данных

Общенаучные базы данных цитирований

Google Scholar



Articles Case law

Recommended articles

[Exploring DNA dynamics within oligonucleosomes with coarse-grained simulations: SIRAH force field extension for protein-DNA complexes](#)

A Brandner, A Schüller, F Melo, S Pantano - Biochemical and biophysical research ..., 2017

Базы данных диссертаций

Open DOAR <http://www.opendoar.org/index.html> ;

OpenThesis <http://www.openthesis.org/> ;

BASE – Bielefeld Academic Search Engine -

<http://www.base-search.net/>

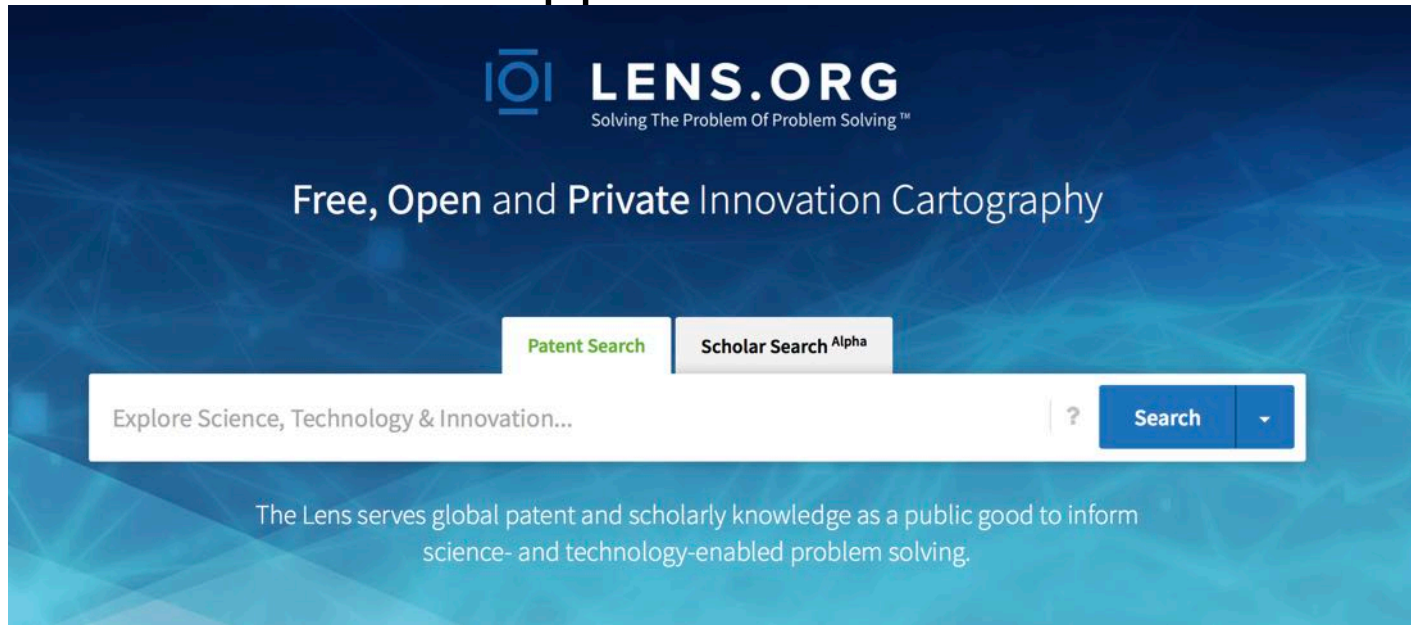
> refine search result > document type > theses

ProQuest Dissertations & Theses

Database <http://www.proquest.com/products-services/pqdt.html> - from 1743

to present; some fulltext since 1990; **fee** with some free search capability

Базы данных патентов



http://www.lens.org/lens/biological_search – ПОИСК
ДНК последовательностей



Search and read the full text of patents from around the world.

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- **Базы данных последовательностей ДНК**
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

Базы данных нуклеотидных последовательностей

Нуклеотидные БД – это хранилища, принимающие данные от научного сообщества и представляющие их широкой общественности. Различные БД отличаются по источнику последовательностей, их надежности, широте аннотирования и т.д. В идеале БД должна содержать все известные последовательности.

The **International Nucleotide Sequence Database Collaboration** – совместный проект EMBL-Bank в Европейском Институте Биоинформатики (EBI), японского банка данных ДНК (DDBJ) в Центре Информационной Биологии (CIB) и GenBank в Национальном Центре Биотехнологической Информации (NCBI).



База данных GenBank

Открытая БД нуклеотидных последовательностей, учреждена в 1982 г.

2017: > 300 000 организмов, ~ 203 млн. последовательностей,

~ 240 млрд. пар оснований

NCBI Resources How To

GenBank Nucleotide

GenBank Submit Genomes WGS Metagenomes TPA TSA INSDC Other

Sample GenBank Record

This page presents an annotated sample GenBank record (accession number **U49845**) in its *GenBank Flat File* format. You can see the corresponding [live record for U49845](#), and see [examples of other records](#) that show a range of biological features.

<u>LOCUS</u>	<u>SCU49845</u>	<u>5028 bp</u>	<u>DNA</u>	<u>PLN</u>	<u>21-JUN-1999</u>
<u>DEFINITION</u>	Saccharomyces cerevisiae TCP1-beta gene, partial cds, and Axl2p (AXL2) and Rev7p (REV7) genes, complete cds.				
<u>ACCESSION</u>	U49845				
<u>VERSION</u>	U49845.1 GI:1293613				
<u>KEYWORDS</u>	.				
<u>SOURCE</u>	Saccharomyces cerevisiae (baker's yeast)				
<u>ORGANISM</u>	Saccharomyces cerevisiae Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes; Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomyces.				
<u>REFERENCE</u>	1 (bases 1 to 5028)				
<u>AUTHORS</u>	Torpey,L.E., Gibbs,P.E., Nelson,J. and Lawrence,C.W.				
<u>TITLE</u>	Cloning and sequence of REV7, a gene whose function is required for DNA damage-induced mutagenesis in Saccharomyces cerevisiae				
<u>JOURNAL</u>	Yeast 10 (11), 1503-1509 (1994)				
<u>PUBMED</u>	7871890				
<u>REFERENCE</u>	2 (bases 1 to 5028)				
<u>AUTHORS</u>	Roemer,T., Madden,K., Chang,J. and Snyder,M.				
<u>TITLE</u>	Selection of axial growth sites in yeast requires Axl2p, a novel plasma membrane glycoprotein				
<u>JOURNAL</u>	Genes Dev. 10 (7), 777-793 (1996)				
<u>PUBMED</u>	8846915				

База данных GenBank. Структура файла

```
...
FT      /translation="MGQPGNGSAFLLAPNGSHAPDHDVTQQRDEVWVVGMGIVMSLIVL
FT      AIVFGNVLVITAIKFERLQTVTNYFITSACADLVMGLAVVPFGAAHILMKMWTFGNF
FT      WCEFWTSIDVLCVTASIEITLCVIAVDRYFAITSPFKYQSLLTKNKARVIILMVWIVSGL
FT      TSFLPIQMHWYRATHQEAINCYANETCCDFFTNQAYAIASSIVSFYVPLVIMVYVYSRV
FT      FQEAQRQLQKIDKSEGRFHVQNLSQVEQDGRGTGHGLRRSSKFCLKEHKALKTLGIIMGT
FT      FTLCWLPFFIVNIVHVIQDNLIRKEVYILLNWIGYVNSGFNPLIYCRSPDFRIAFQELL
FT      CLRRSSLKAYNGYSSNGNTGEQSGYHVEQEKENKLLCEDLPGTEDFVGHQGTVPSDNI
FT      DSQGRNCSTNDSLL«
FT variation      46
FT      /gene="ADRB2«
FT      /replace="a«
FT      /note="Arg16 to Gly polymorphism«
XX
...
```

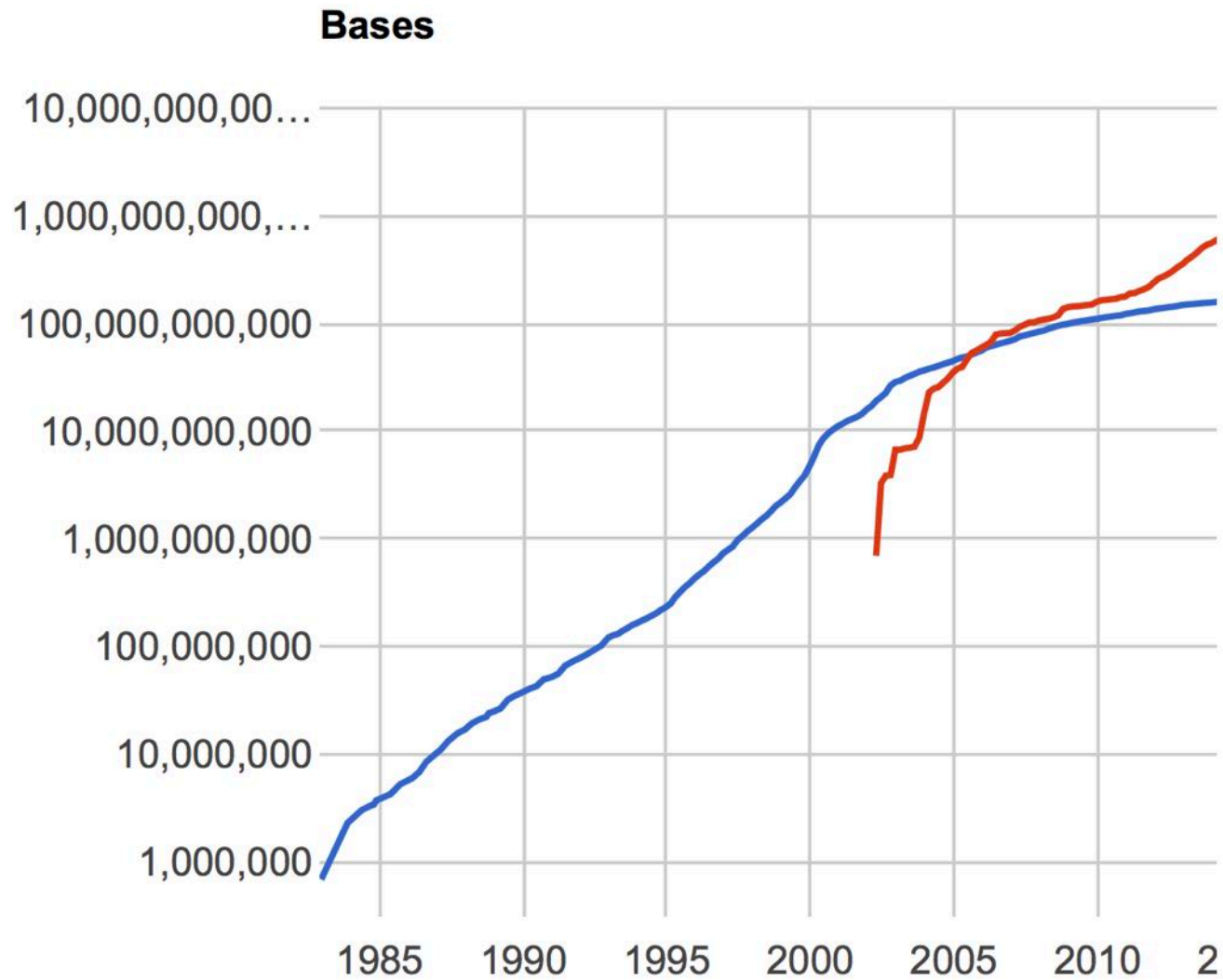
База данных GenBank. Структура файла

...

SQ Sequence 1242 BP; 275 A; 331 C; 326 G; 310 T; 0 other;

```
atggggcaac ccgggaacgg cagcgccttc ttgctggcac ccaatggaag ccatgcgccg 60
gaccacgacg tcacgcagca aagggacgag gtgtgggtgg tgggcatggg catcgtcatg 120
tctctcatcg tcctggccat cgtgtttggc aatgtgctgg tcatcacagc cattgccaag 180
ttcgagcgtc tgcagacggt caccaactac ttcatcactt cactggcctg tgctgatctg 240
gtcatgggcc tggcagtggt gccctttggg gccgcccata ttcttatgaa aatgtggact 300
tttggcaact tctggtgcga gttttggact tccattgatg tgctgtgcgt cacggccagc 360
attgagaccc tgtgcgtgat cgcagtggat cgctactttg ccattacttc acctttcaag 420
taccagagcc tgctgaccaa gaataaggcc cgggtgatca ttctgatggg gtggattgtg 480
tcaggcetta cctccttctt gccattcag atgcaactgg accgggccac ccaccaggaa 540
gccatcaact gctatgcaa tgagacctgc tgtgacttct tcacgaacca agcctatgcc 600
attgcctctt ccatcgtgtc cttctacggt cccctgggtga tcatgggtctt cgtctactcc 660
agggtctttc aggaggccaa aaggcagctc cagaagattg acaaactctga gggccgcttc 720
catgtccaga accttagcca ggtggagcag gatgggcgga cggggcatgg actccgcaga 780
tcttccaagt tctgcttgaa ggagcacaaa gccctcaaga cgtaggcat catcatgggc 840
actttcacc cctgctggct gcccttcttc atcgttaaca ttgtgcatgt gatccaggat 900
aacctcatcc gtaaggaagt ttacatcctc ctaaattgga taggctatgt caattctggg 960
ttcaatcccc ttatctactg ccggagccca gatttcagga ttgccttcca ggagcttctg 1020
tgcttgcgca ggtcttcttt gaaggcctat gggaatggct actccagcaa cggcaacaca 1080
ggggagcaga gtggatatca cgtggaacag gagaaagaaa ataaactgct gtgtgaagac 1140
ctcccaggca cggaagactt tgtgggcat caaggactg tgcctagcga taacattgat 1200
tcacaaggga ggaattgtag tacaatgac tcaactgctgt aa 1242
```

//



GenBank and WGS Statistics

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics/>

Genbank – is an archive! Contains everything.

Nicotiana tabacum chloroplast JLA region, sequence 2

GenBank: Z71230.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

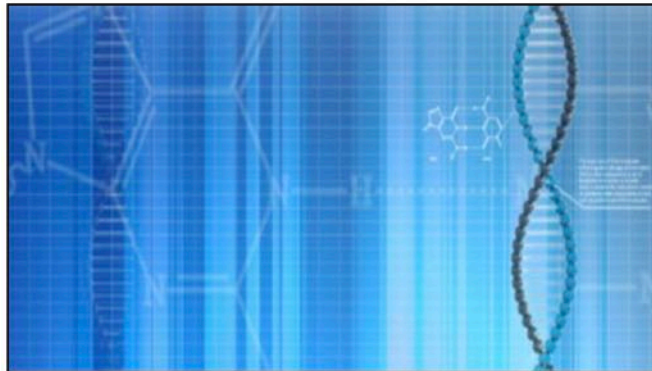
FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..124 /organism="Nicotiana tabacum" /organelle="plastid:chloroplast" /mol_type="genomic DNA" /isolate="Cuban cahibo cigar, gift from President Fidel Castro" /db_xref="taxon: 4097 "

RefSeq – is a reference sequence database!

RefSeq – is a reference sequence database!

NCBI Resources ▾ How To ▾ [Sign in to NCBI](#)

RefSeq



RefSeq: NCBI Reference Sequence Database

A comprehensive, integrated, non-redundant, well-annotated set of reference sequences including genomic, transcript, and protein.

Using RefSeq

[About RefSeq](#)

[Human Reference Genome](#)

RefSeq Access

[Human Genome Resources and Download](#)

RefSeq projects

[Consensus CDS \(CCDS\)](#)

[RefSeq Functional Elements](#)

Если нужен список последовательностей всех генов человека – это вопрос к RefSeq, а не GenBank!

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- **Базы данных последовательностей белков**
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

GenBank/RefSeq is nucleotide centric, but

...

...

```
FT          /translation="MGQPGNGSAFLLAPNGSHAPDHDVTQQRDEVWVVGMGIVMSLIVL
FT          AIVFGNVLVITAIKFERLQTVTNYFITSLACADLVMGLAVVPFGAAHILMKMWTFGNF
FT          WCEFWTSIDVLCVTASIETLCVIAVDRYFAITSPFKYQSLLTKNKARVIILMVWIVSGL
FT          TSFLPIQMHWYRATHQEAINCYANETCCDFFTNQAYAIASSIVSFYVPLVIMVFVYSRV
FT          FQEAKRQLQKIDKSEGRFHVQNL SQVEQDGR TGHGLRRSSKFCLKEHKALKTLGIIMGT
FT          FTLCWLPFFIVNIVHVIQDNLIRKEVYILLNWIGYVNSGFNPLIYCRSPDFRIAFQELL
FT          CLRRSSLKAYGNGYSSNGNTGEQSGYHVEQEKENKLLCEDLPGTEDFVGHQGTVPSDNI
FT          DSQGRNCSTNDSLL«
```

```
FT variation
```

```
46
```

```
FT          /gene="ADRB2«
```

```
FT          /replace="a«
```

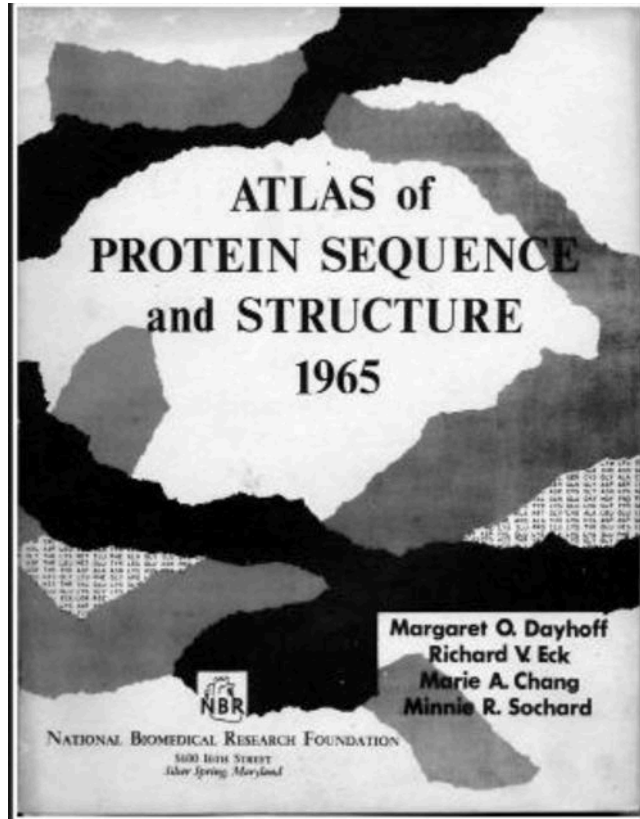
```
FT          /note="Arg16 to Gly polymorphism«
```

```
XX
```

...

Protein sequences are annotated within GB records

Protein Centric Sequence Databases



Margaret Oakley Dayhoff

1925-1983

Margaret Dayhoff, a founder of the field of bioinformatics

Invented one-letter amino acid code, substitution matrices, etc.

https://en.wikipedia.org/wiki/Margaret_Oakley_Dayhoff

Protein Centric Sequence Databases



<http://pir.georgetown.edu>

In 2002, PIR along with its international partners, EBI (European Bioinformatics Institute) and SIB (Swiss Institute of Bioinformatics), were awarded a grant from NIH to create UniProt, a single worldwide database of protein sequence and function, by unifying the PIR-PSD, Swiss-Prot, and TrEMBL databases. As of 2010, PIR offers a wide variety of resources mainly oriented to assist the propagation and standardization of protein annotation: PIRSF,^[8] iProClass, and iProLINK.

The Protein Ontology (PRO) is another popular database released by the Protein Information Resource.^{[9][10]}

Белковые базы данных



Number of entries in UniProtKB/Swiss-Prot



UniProt – наиболее всеобъемлющий каталог информации о белках, объединяющий в себе данные из UniProtKB/Swiss-Prot, UniProtKB/TrEMBL и PIR.

Белковые базы данных

The screenshot shows the UniProt website interface. At the top left is the UniProt logo. A search bar contains 'UniProtKB' and has an 'Advanced' dropdown and a 'Search' button. Below the search bar is a navigation menu with links: 'BLAST', 'Align', 'Retrieve/ID mapping', 'Peptide search', 'Help', and 'Contact'. A yellow banner below the navigation menu states: 'From June 20, 2018 all traffic will be automatically redirected to HTTPS. [More information](#) or [view this page using https](#)'. Below the banner is the mission statement: 'The mission of UniProt is to provide the scientific community with a comprehensive, high-quality and freely accessible resource of protein sequence and functional information.' The main content area is divided into several sections: 'UniProtKB UniProt Knowledgebase' with sub-sections for 'Swiss-Prot (556,568) Manually annotated and reviewed.' and 'TrEMBL (107,627,435) Automatically annotated and not reviewed.'; 'UniRef Sequence clusters'; 'UniParc Sequence archive'; 'Proteomes' with icons of a fly, a person, and a cell; 'Supporting data' with sub-sections for 'Literature citations', 'Cross-ref. databases', 'Taxonomy', 'Diseases', 'Subcellular locations', and 'Keywords'; and a 'News' section with social media icons and links to 'Forthcoming changes', 'Planned changes for UniProt', and three news releases: 'UniProt release 2018_01 Zika virus: from petty crime to banditry', 'UniProt release 2017_12 Swiss-Prot in the sky with psilocybin: the biosynthesis pathway of a psychedelic drug unveiled', and 'UniProt release 2017_11'.

Качественно аннотированную информацию о белках
нужно искать в **UniProtKB**

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- **Базы данных 3D структур**
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

Структурные базы данных

RCSB PDB
PROTEIN DATA BANK

A MEMBER OF THE **PDB**

An Information Portal to Biological Macromolecular Structures

As of Tuesday Oct 12, 2010 at 5 PM PDT there are 68562 Structures | [PDB Statistics](#)

Contact Us | Print Search | [Advanced Search](#)

A Resource for Studying Biological Macromolecules

The PDB archive contains information about experimentally-determined structures of proteins, nucleic acids, and complex assemblies. As a member of the **wwPDB**, the RCSB PDB curates and annotates PDB data according to agreed upon standards.

The RCSB PDB also provides a variety of tools and resources. Users can perform simple and advanced searches based on annotations relating to sequence, structure and function. These molecules are visualized, downloaded, and analyzed by users who range from students to specialized scientists.

[Hide Welcome Message](#)

Featured Molecules

([MotM Category View](#) / [Previous](#)) [Hide](#)

Features: [MotM](#) | [PSI](#)

Structural View of Biology

- Protein Synthesis**
-
-
-
-
-
-

Molecule of the Month: Riboswitches
Why use two or more molecules when one

Customize This Page

New Features [Hide](#)

Improved Domain Display on Sequence Tab

Latest features released:

Website Release Archive:

RCSB PDB News [Hide](#)

[Weekly](#) | [Quarterly](#) | [Yearly](#)

2010-10-12

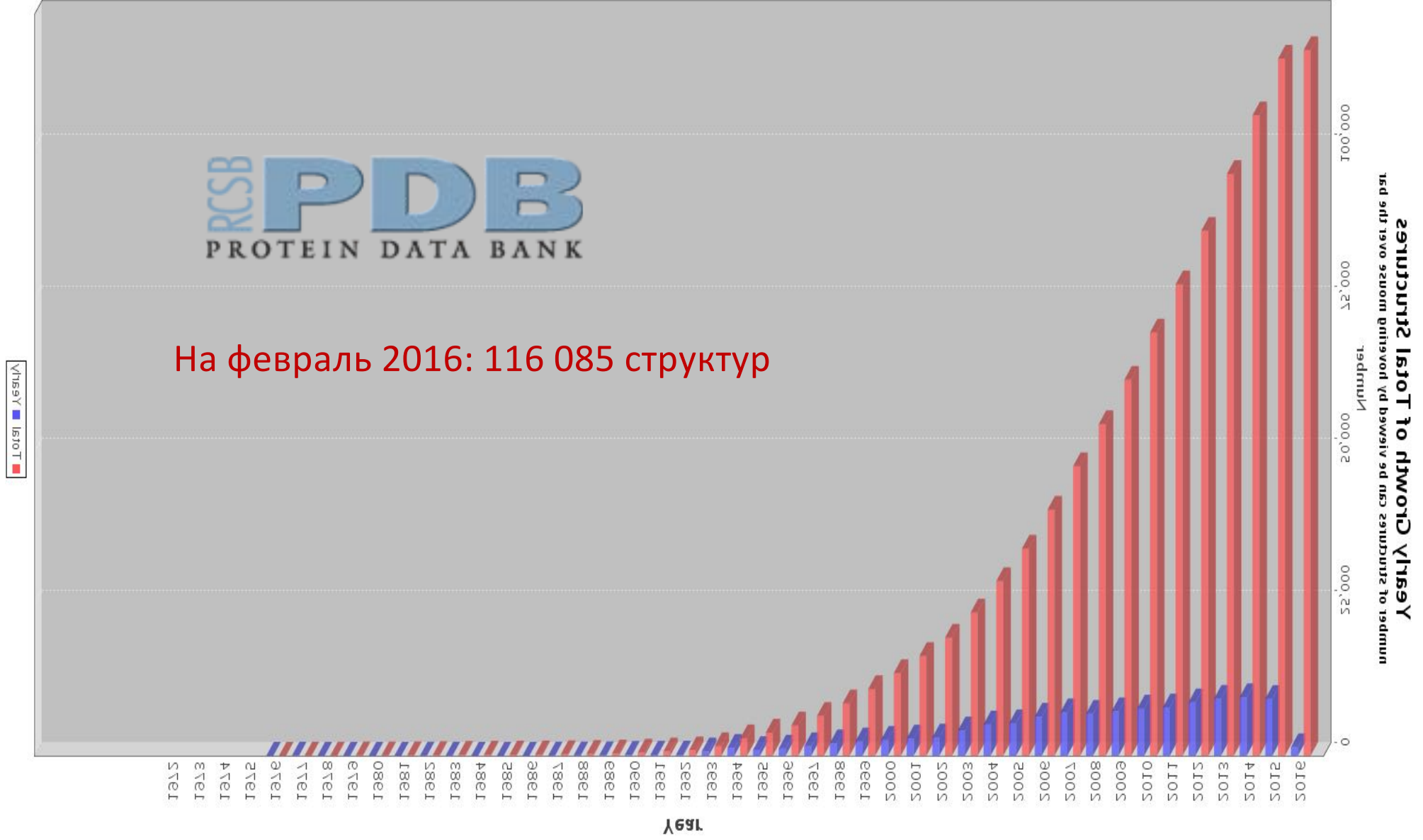
Categorized View of Molecule of the Month

Explore new **Molecule of the Month** feature categories.

- **Latest Website Release**
- **Poster Prize Awarded at ECM**
- **Analyze small molecule interactions in the PDB with**

PDB – содержит информацию об экспериментально определенных структурах белков, нуклеиновых кислот и различных комплексов.

Структурные базы данных



Структурные базы данных

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLAMMONIUM IN HIGH K

MyPDB Hide
Login to your Account
Register a New Account

Home Hide
News & Publications
Usage/Reference Policies
Deposition Policies
Website FAQ
Deposition FAQ
Contact Us
About Us
Careers
External Links
Sitemap
New Website Features

Deposition Hide
All Deposit Services
Electron Microscopy
X-ray | NMR
Validation Server
BioSync Beamline
Related Tools

Search Hide
Advanced Search
Latest Release
New Structure Papers
Sequence Search
Chemical Components
Unreleased Entries
Browse Database

Summary Sequence Derived Data Seq. Similarity 3D Similarity Literature Biol. & Chem. Methods Geometry Links

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLAMMONIUM IN HIGH K

DOI:10.2210/pdb2jk5/pdb

2JK5

Display Files ▾
Download Files ▾
Print this Page
Share this Page +

Biological Assembly ?



Biological Assembly Image for 2JK5

More Images...

View in Jmol SimpleViewer
Other Viewers ▾ Protein Workshop

Biological assembly generated by PISA (software)

Primary Citation

Structure of a Potassium Channel in Complex with Symmetrical Quaternary Ammonium Compounds Reveals a Novel Hydrophobic Binding Site

Lenaeus, M.J., Focia, P.J., Wagner, T., Gross, A.

Journal: To be Published

Not in PubMed

Molecular Description Hide

Classification: Immune System/metal Transport
Structure Weight: 61280.07

Molecule: ANTIBODY FAB FRAGMENT LIGHT CHAIN	Length: 219
Polymer: 1 Type: polypeptide(L)	
Chains: A	
Molecule: ANTIBODY FAB FRAGMENT HEAVY CHAIN	Length: 212
Polymer: 2 Type: polypeptide(L)	
Chains: B	
Molecule: VOLTAGE-GATED POTASSIUM CHANNEL	Length: 124
Polymer: 3 Type: polypeptide(L)	
Chains: C	

Структурные базы данных

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLAMMONIUM IN HIGH K

↓ Deposition Hide

All Deposit Services
Electron Microscopy
X-ray | NMR
Validation Server
BioSync Beamline
Related Tools

↓ Search Hide

Advanced Search
Latest Release
New Structure Papers
Sequence Search
Chemical Components
Unreleased Entries
Browse Database
Histograms

Explorer:

Last Structure: 2JK5

↓ Tools Hide

File Downloads
Compare Structures
FTP Services
File Formats
Services: RESTful | SOAP
Widgets

↓ Education Hide

Understanding PDB Data
Molecule of the Month
Educational Resources

Chain Display

Chain A (polymer 1) [help] [fasta] [text/markup]

Description: ANTIBODY FAB FRAGMENT LIGHT CHAIN
Chain Type: polypeptide(L)
Length: 219 residues
dssp secondary structure: 5% helical (4 helices; 12 residues)
[hide] [reference] 51% beta sheet (22 strands; 112 residues)

More annotations
Select

Sequence Details

dssp
PDB QVQLQQPGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSDWIHWVKQRPGHGLEWIGEIIPSYGRANY
PDB 1 10 20 30 40 50 60

dssp
PDB NEKIQQKATLTADKSSSTAFMQLSSLTSEDSAVYYCARERGDGYFAVWGAGTTVTVSSAK
PDB 61 70 80 90 100 110 120

dssp
PDB TTPPSVYPLAPGSAAQTNMVTLGOLVKGYFPEPVTVTWNSGSLSSGVHTFPAVLQSDLY
PDB 121 130 140 150 160 170 180

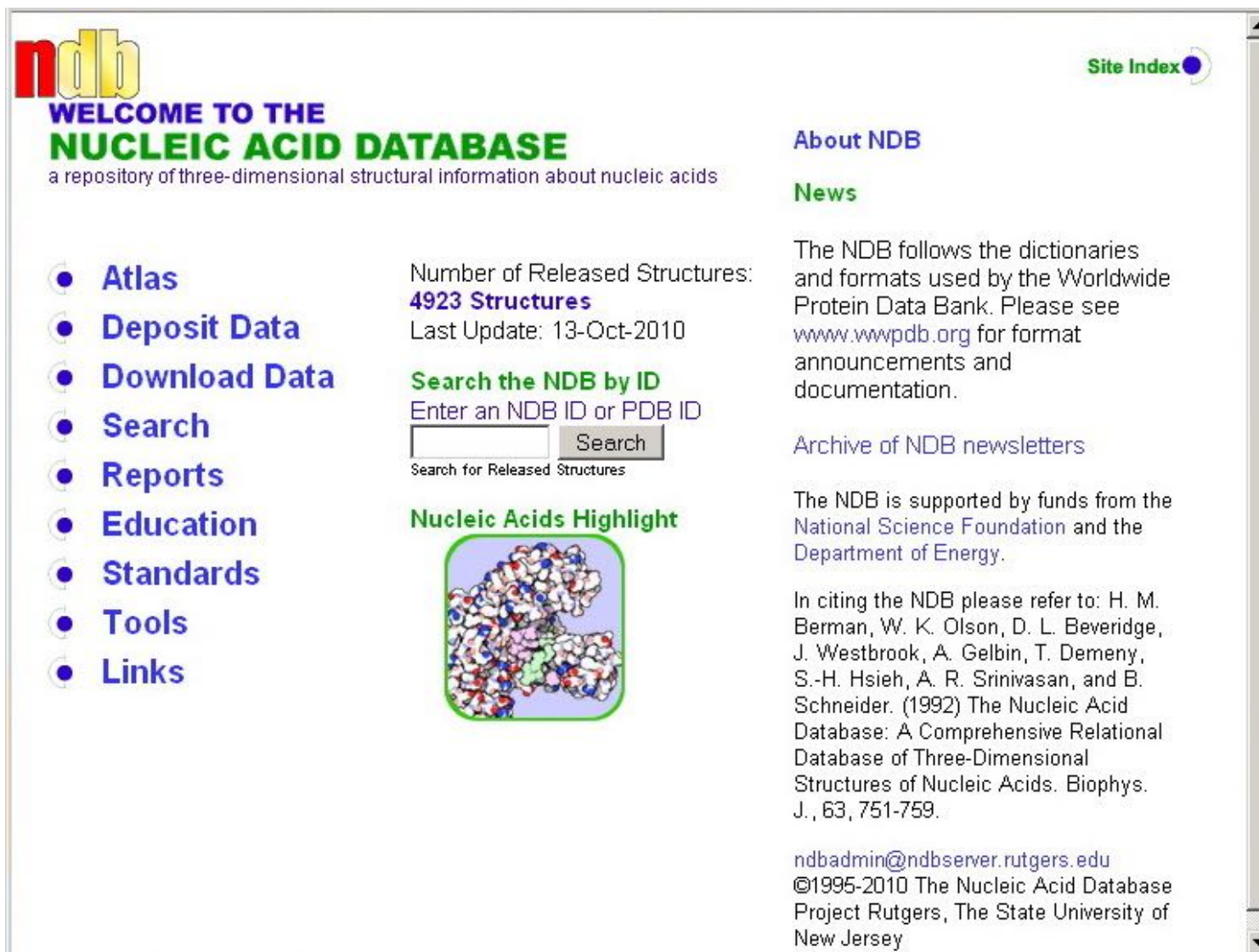
dssp
PDB T L S S S V T V P S S W P S E T V T C N V A H P A S S T K V D K K I V P R D
PDB 181 190 200 210 219

База данных PDB. Структура файла

```
HEADER      IMMUNE SYSTEM/METAL TRANSPORT          15-AUG-08   2JK5
TITLE      POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLAMMONIUM
TITLE      2 IN HIGH K
COMPND     MOL_ID: 1;
COMPND     2 MOLECULE: ANTIBODY FAB FRAGMENT LIGHT CHAIN;
COMPND     3 CHAIN: A;
COMPND     4 ENGINEERED: YES;
COMPND     5 MOL_ID: 2;
...
KEYWDS     IMMUNE SYSTEM METAL TRANSPORT COMPLEX, QUATERNARY AMMONIUM,
...
EXPDTA     X-RAY DIFFRACTION
AUTHOR     M.J.LENAEUS,P.J.FOCIA,T.WAGNER,A.GROSS
REVDAT     1   17-NOV-09 2JK5   0
JRNL       AUTH   M.J.LENAEUS,P.J.FOCIA,T.WAGNER,A.GROSS
JRNL       TITL   STRUCTURE OF A POTASSIUM CHANNEL IN COMPLEX WITH
JRNL       TITL 2 SYMMETRICAL QUATERNARY AMMONIUM COMPOUNDS REVEALS
JRNL       TITL 3 A NOVEL HYDROPHOBIC BINDING SITE
JRNL       REF    TO BE PUBLISHED
JRNL       REFN
REMARK     2
REMARK     2 RESOLUTION.      2.4  ANGSTROMS.
REMARK     3
REMARK     3 REFINEMENT.
REMARK     3 PROGRAM      : REFMAC 5.5.0051
...
```


Структурные базы данных

NDB – основана в 1992 г. для сбора и распространения информации о структуре нуклеиновых кислот. Формат хранения данных идентичен PDB.



The screenshot shows the NDB website homepage. At the top left is the 'ndb' logo. Below it, the text reads 'WELCOME TO THE NUCLEIC ACID DATABASE' and 'a repository of three-dimensional structural information about nucleic acids'. On the right side, there is a 'Site Index' link. The main content area is divided into several sections: a navigation menu on the left with links for Atlas, Deposit Data, Download Data, Search, Reports, Education, Standards, Tools, and Links; a central section titled 'Search the NDB by ID' with a search box and a 'Search' button; and a 'Nucleic Acids Highlight' section featuring a 3D molecular model of a nucleic acid structure. On the right side, there are sections for 'About NDB', 'News', and 'Archive of NDB newsletters'. The 'News' section contains a paragraph about the NDB's format and a link to the Worldwide Protein Data Bank. The 'Archive of NDB newsletters' section contains a paragraph about the NDB's funding. The 'About NDB' section contains a paragraph about the NDB's history and a list of authors and a reference.

ndb
WELCOME TO THE
NUCLEIC ACID DATABASE
a repository of three-dimensional structural information about nucleic acids

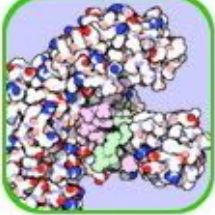
[Site Index](#)

- Atlas
- Deposit Data
- Download Data
- Search
- Reports
- Education
- Standards
- Tools
- Links

Number of Released Structures:
4923 Structures
Last Update: 13-Oct-2010

Search the NDB by ID
Enter an NDB ID or PDB ID

Search for Released Structures

Nucleic Acids Highlight


About NDB

News

The NDB follows the dictionaries and formats used by the Worldwide Protein Data Bank. Please see www.wwpdb.org for format announcements and documentation.

[Archive of NDB newsletters](#)



The NDB is supported by funds from the National Science Foundation and the Department of Energy.

In citing the NDB please refer to: H. M. Berman, W. K. Olson, D. L. Beveridge, J. Westbrook, A. Gelbin, T. Demeny, S.-H. Hsieh, A. R. Srinivasan, and B. Schneider. (1992) The Nucleic Acid Database: A Comprehensive Relational Database of Three-Dimensional Structures of Nucleic Acids. *Biophys. J.*, 63, 751-759.


ndbadmin@ndbserver.rutgers.edu
©1995-2010 The Nucleic Acid Database Project Rutgers, The State University of New Jersey

Структурные базы данных

EMBL-EBI [Terms of Use](#) | [Privacy](#) | [Cookies](#)

[Databases](#) | [Tools](#) | [Research](#) | [Training](#) | [Industry](#) | [About Us](#) | [Help](#) | [Site Index](#)  

[Home](#) **EMD-1367** [Mirrors](#) [Contact us](#)




Title: Three-dimensional structure of a voltage-gated potassium channel at 2.5 nm resolution.

Authors: Olga Sokolova, Ludmila Kolmakova-Partensky and Nikolaus Grigorieff

Sample: Shaker B channel

Aggregation state: Single particle (25 angstroms resolution)

 **Latest update:** 2011-05-26

- [Summary](#)
- [Experimental details](#)
- [Visualization](#)
- [Map information](#)
- [Downloads](#)

Summary

Status: Released

Deposition date: 2007-05-24

Header release date: 2007-05-30

Map release date: 2007-05-30

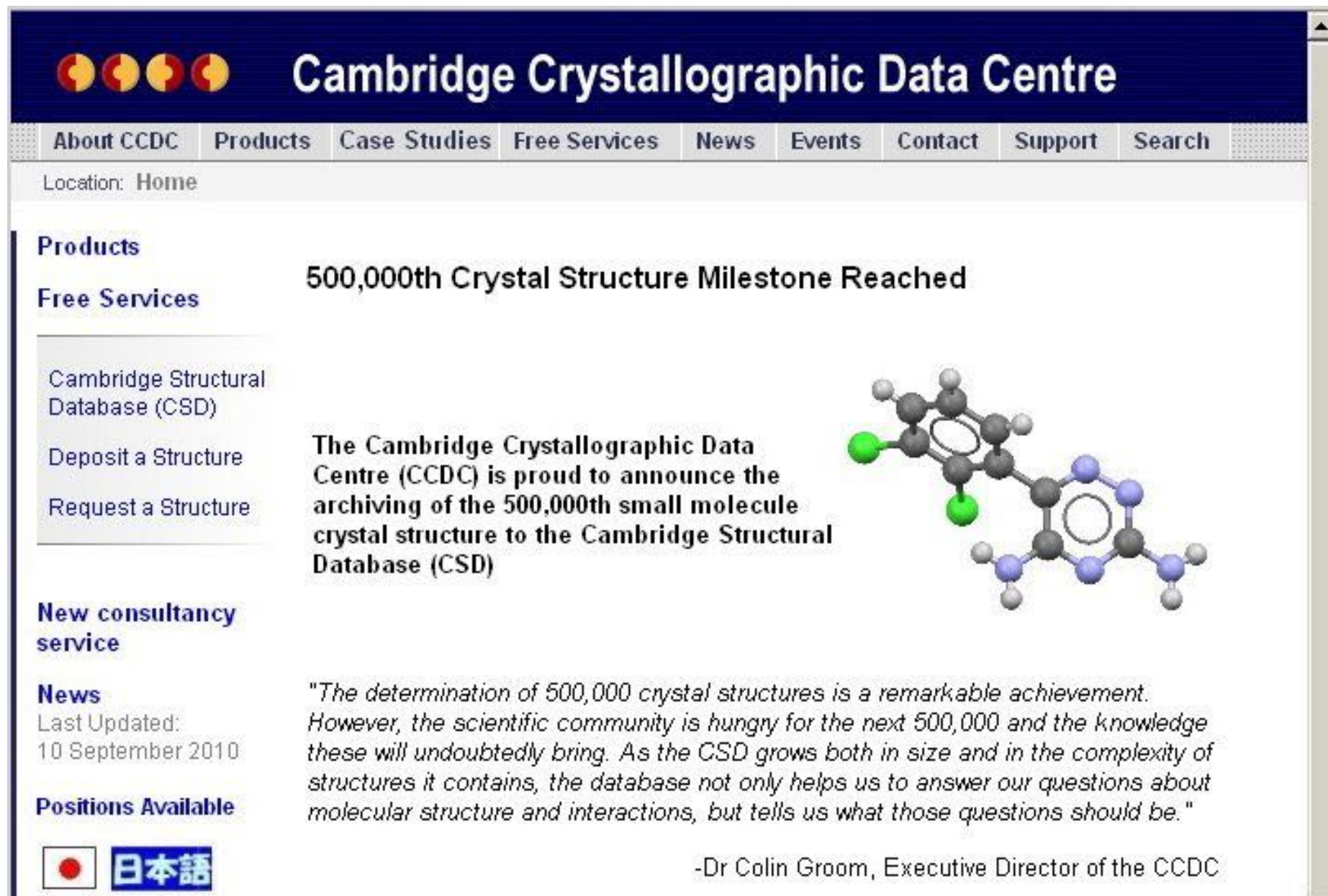
Primary citation: Sokolova O, Kolmakova-Partensky L, Grigorieff N: Three-dimensional structure of a voltage-gated potassium channel at 2.5 nm resolution. *STRUCTURE* (2001) **9**, pp. 215-220 [PubMed 11286888]

Sample: Shaker B channel

Resolution: 25 Å (determined by FSC at 0.5 cut-off)

Fitted PDB:	PDB Authors	PubMed Status
1b18	Doyle, D.A., Cabral, J.M., Pfuetzner, R.A., Kuo, A., Gulbis, J.M., Cohen, S.L., Chait, B.T., Mackinnon, R.	9525859 Released
1a68	Kreusch, A., Pfaffinger, P.J., Stevens, C.F., Choe, S.	9582078 Released

Структурные базы данных



Cambridge Crystallographic Data Centre

About CCDC | Products | Case Studies | Free Services | News | Events | Contact | Support | Search

Location: Home

Products


Free Services

- Cambridge Structural Database (CSD)
- Deposit a Structure
- Request a Structure

New consultancy service


News
Last Updated:
10 September 2010

Positions Available



500,000th Crystal Structure Milestone Reached

The Cambridge Crystallographic Data Centre (CCDC) is proud to announce the archiving of the 500,000th small molecule crystal structure to the Cambridge Structural Database (CSD)



"The determination of 500,000 crystal structures is a remarkable achievement. However, the scientific community is hungry for the next 500,000 and the knowledge these will undoubtedly bring. As the CSD grows both in size and in the complexity of structures it contains, the database not only helps us to answer our questions about molecular structure and interactions, but tells us what those questions should be."

-Dr Colin Groom, Executive Director of the CCDC

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- **Базы данных хим. соединений**
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

Базы данных химических соединений

[Databases](#) | [Deposition](#) | [Services](#) | [Help](#) | [more](#)


PubChem

[BioAssay](#) [Compound](#) [Substance](#)










[Advanced search](#)

[Chemical structure search](#) | [BioActivity analysis](#)

New Structures from **Zancheng Functional Chemicals** are now available in PubChem.

[more ...](#) 

[Write to Helpdesk](#) | [Disclaimer](#) | [Privacy Statement](#) | [Accessibility](#)
National Center for Biotechnology Information
NLM | NIH | HHS

- Bioactivity summary 
- Bioactivity datatable 
- Bioactivity structure-activity 
- Chemical structure search 
- 3D conformer viewer 
- Chemical structure clustering 
- Deposition gateway 
- Structure download 
- PubChem FTP 

Базы данных химических соединений

NCBI **PubChem Compound** My NCBI [Sign In] [Register]

Search PubChem Compound for epinephrine Go Clear Save Search

Advanced Search Preview/Index History Clipboard Details

Display Summary Show 20 Sort By Send to

Tools:    Links: [Related Structures](#), [BioAssays](#), [BioSystems](#), [Literature](#), [Other Links](#)

All: 120 Rule of 5: 62

Items 1 - 20 of 120 Page 1 of 6 Next

1: CID: 5816 [Related Structures](#), [BioAssays](#), [BioSystems](#), [Literature](#), [Other Links](#)


epinephrine; Adrenalin; adrenaline ...
IUPAC: 4-[(1R)-1-hydroxy-2-(methylamino)ethyl]benzene-1,2-diol
MW: 183.204420 g/mol | MF: C₉H₁₃NO₃
Tested in BioAssays: All: 274, Active: 22; [BioActivity Analysis](#)
[Vasoconstrictor Agents...](#) more

2: CID: 838 [Related Structures](#), [BioAssays](#), [Literature](#), [Other Links](#)


epinephrine; DL-Adrenaline; Racepinefrine ...
IUPAC: 4-[1-hydroxy-2-(methylamino)ethyl]benzene-1,2-diol
MW: 183.204420 g/mol | MF: C₉H₁₃NO₃
Tested in BioAssays: All: 17, Active: 1; [BioActivity Analysis](#)
[Vasoconstrictor Agents...](#) more

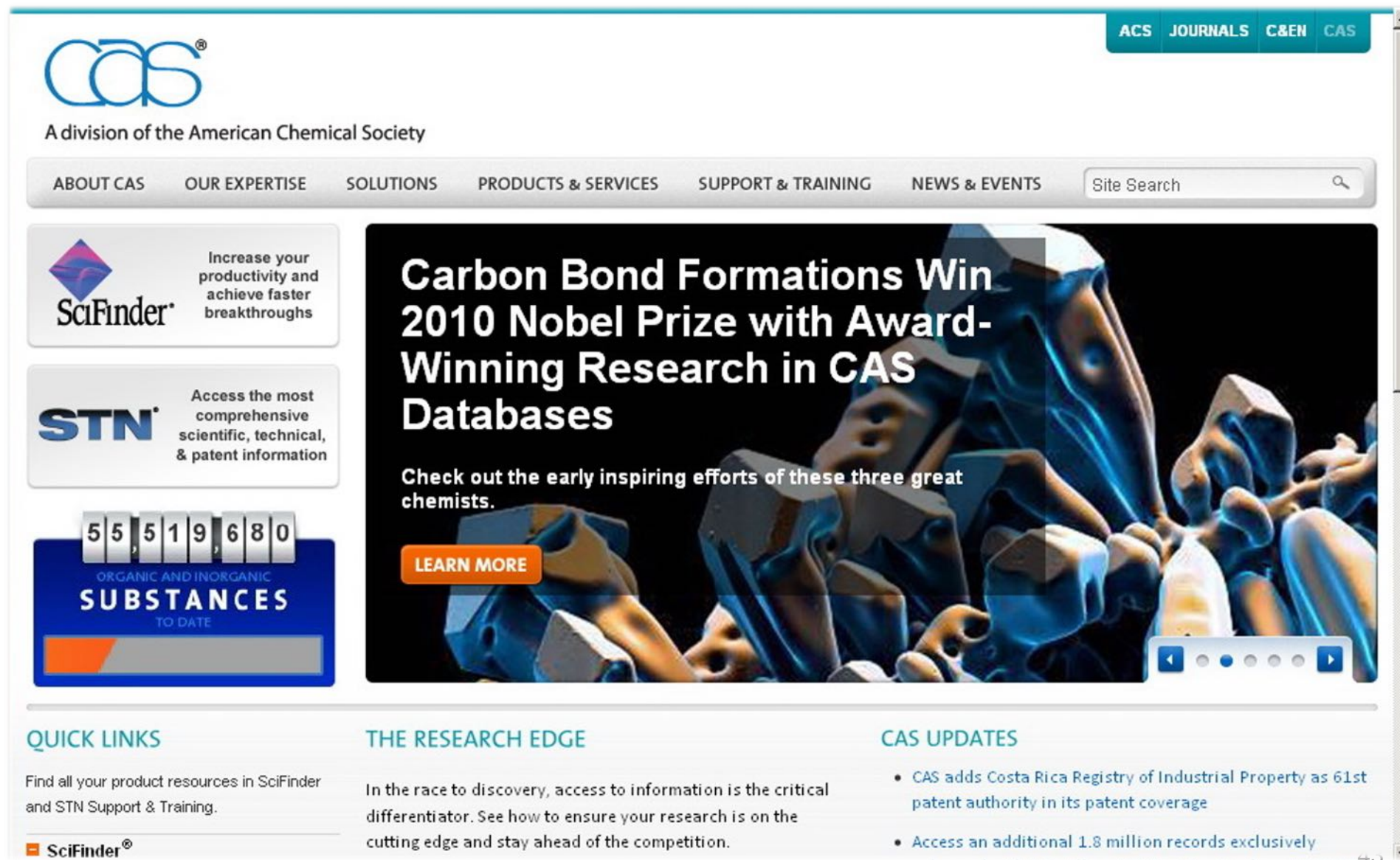
3: CID: 247704 [Related Structures](#), [BioAssays](#), [Literature](#), [Other Links](#)

Selected Compounds	Compound Count
BioActivity Experiments	
BioAssays, Active	39
BioAssays, Tested	60
Protein 3D Structures	6
Crystal Structure Of Dipeptide...	1
BioMedical Annotation	
Pharmacological Actions	69
Sympathomimetics	37
BioSystems	16
Depositor Category	
Biological Properties	120
Chemical Vendors	55
Journal Publishers	47
NIH Molecular Libraries	52

Recent activity Turn Off Clear

Базы данных химических соединений

Chemical Abstract Service – в регистре содержится 130 млн соединений (2018)



The screenshot shows the homepage of the Chemical Abstract Service (CAS) website. At the top left is the CAS logo, with the text "A division of the American Chemical Society" below it. In the top right corner, there are navigation links for "ACS", "JOURNALS", "C&EN", and "CAS". Below the logo is a horizontal menu with links for "ABOUT CAS", "OUR EXPERTISE", "SOLUTIONS", "PRODUCTS & SERVICES", "SUPPORT & TRAINING", and "NEWS & EVENTS". To the right of this menu is a "Site Search" input field with a magnifying glass icon.

Below the menu are three promotional boxes:

- SciFinder:** "Increase your productivity and achieve faster breakthroughs".
- STN:** "Access the most comprehensive scientific, technical, & patent information".
- Substances:** A blue box with a white bar containing the numbers "55,519,680" and the text "ORGANIC AND INORGANIC SUBSTANCES TO DATE".

The main banner features a 3D molecular model of a complex organic structure. The text reads: "Carbon Bond Formations Win 2010 Nobel Prize with Award-Winning Research in CAS Databases". Below this, it says "Check out the early inspiring efforts of these three great chemists." and includes a "LEARN MORE" button.

At the bottom, there are three columns of content:

- QUICK LINKS:** "Find all your product resources in SciFinder and STN Support & Training." with a SciFinder logo.
- THE RESEARCH EDGE:** "In the race to discovery, access to information is the critical differentiator. See how to ensure your research is on the cutting edge and stay ahead of the competition."
- CAS UPDATES:** A list of two items:
 - CAS adds Costa Rica Registry of Industrial Property as 61st patent authority in its patent coverage
 - Access an additional 1.8 million records exclusively

Базы данных химических соединений



SEARCH CART MENU

Reaxys[®]

Reaxys retrieves literature, compound properties and chemical reaction data faster than any other solution.

[Get started](#)



Already a Reaxys customer?

If you already have a Reaxys account, please click the link below to sign in.

[> Reaxys sign in](#)

Life is chemistry: Meet the Reaxys team

Our technologists and chemists combine their expertise to create a high-quality information database.

[> Watch the video](#)

Teaching chemistry info literacy

Are you doing enough to prepare future chemists for their careers in research?

[> Take the assessment](#)

[Why choose Reaxys](#)

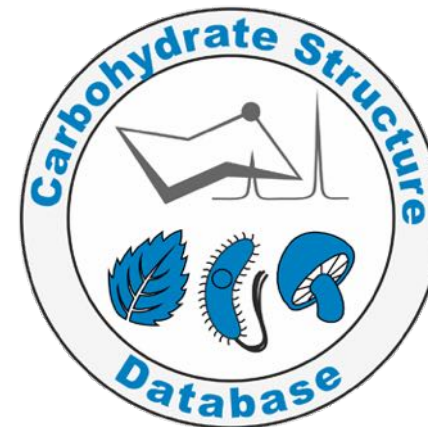
[How Reaxys works](#)

[Who we serve](#)

[Customer stories](#)

[Learn & support](#)

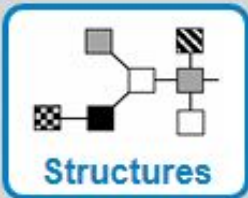
Базы данных углеводов



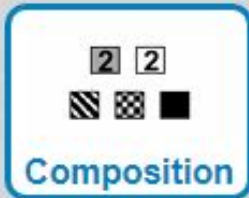
For 2017:

7005 publications for 18924 compounds from 8859 organisms


Database search




Structures



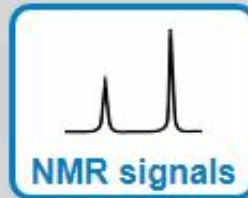
Composition



Organisms




Publications



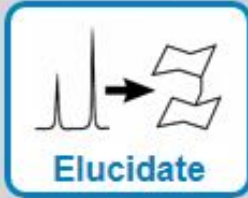
NMR signals

Additional operations are available from the [left menu](#). If you don't see it [click here](#)

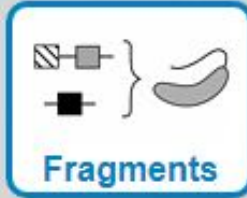
Useful tools



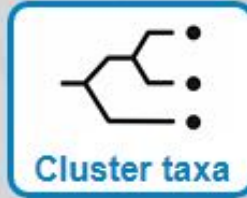
Predict NMR




Elucidate




Fragments



Cluster taxa



GT activities



Examples

Структурные базы данных

7009 структур липидов и сходных соединений – не поддерживается в настоящее время ☹

LipidBank

Vitamin A

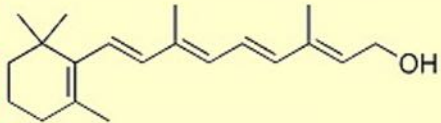
DATA No : VVA0001 **INFORMANT** : Hiroyuki Kagechika

NAME : ((2E,4E,6E,8E)-3,7-Dimethyl-9-(2,6,6-trimethyl-cyclohex-1-enyl)-nona-2,4,6,8-tetraen-1-ol

COMMON NAME : all-trans-retinol

SYMBOL : ROH

FORMULA : C₂₀H₃₀O **MOL.WT (average)** : 286.452



[Download ChemDraw structure data](#)

BIOLOGICAL ACTIVITY

Relative physiological activity for All trans-retinyl acetate is 100%.[\(Ref. 0046\)](#) New physiological functions of vitamin A have been identified in addition to its role in vision [\(Ref. 0005\)](#), namely its role in immune defence reducing morbidity of measles, [\(Ref. 0006\)](#) of respiratory and possibly HIV infections [\(Ref. 0007\)](#), in gene regulation [\(Ref. 0008\)](#), in cell differentiation [\(Ref. 0009\)](#) and morphogenesis.[\(Ref. 0010/0011\)](#)

PHYSICAL AND CHEMICAL PROPERTIES

MELTING POINT : 62-64°C[\(Ref. 0013\)](#)

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- **Базы данных геномов и аннотаций**
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

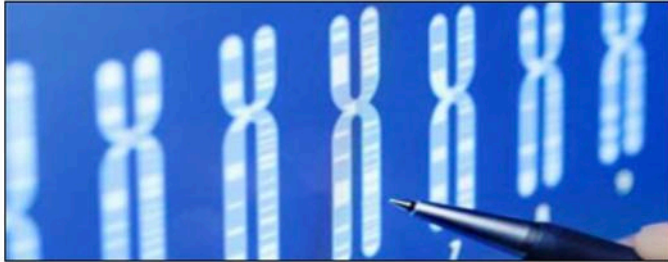
Genome

Genome ▾

Search

[Limits](#) [Advanced](#)

[Help](#)



Genome

This resource organizes information on genomes including sequences, maps, chromosomes, assemblies, and annotations.

Using Genome

[Help](#)

[Browse by Organism](#) **UPDATED**

[Download / FTP](#)

[Download FAQ](#)

[Submit a genome](#)

Genome Tools

[BLAST the Human Genome](#)

[Microbial Nucleotide BLAST](#)

Custom resources

[Human Genome](#)

[Microbes](#)

[Organelles](#)

[Viruses](#)

Genome Annotation and Analysis

[Eukaryotic Genome Annotation](#)

[Prokaryotic Genome Annotation](#)

[PASC \(Pairwise Sequence Comparison\)](#)

Other Resources

[Assembly](#)

[BioProject](#)

[BioSample](#)

[Map Viewer](#)

[Genome Data Viewer](#) **NEW**

External Resources

[GOLD - Genomes Online Database](#)

[Bacteria Genomes at Sanger](#)

[Ensembl](#)



Search: for

e.g. **BRCA2** or **rat 5:62797383-63627669** or **rs699** or **coronary heart disease**

Browse a Genome

Ensembl is a genome browser for vertebrate genomes that supports research in comparative genomics, evolution, sequence variation and transcriptional regulation. Ensembl annotate genes, computes multiple

[Find a Data Display](#)



Not sure how to find the data visualisation you need? With our

What's New in Ensembl Release 91 (December 2017)

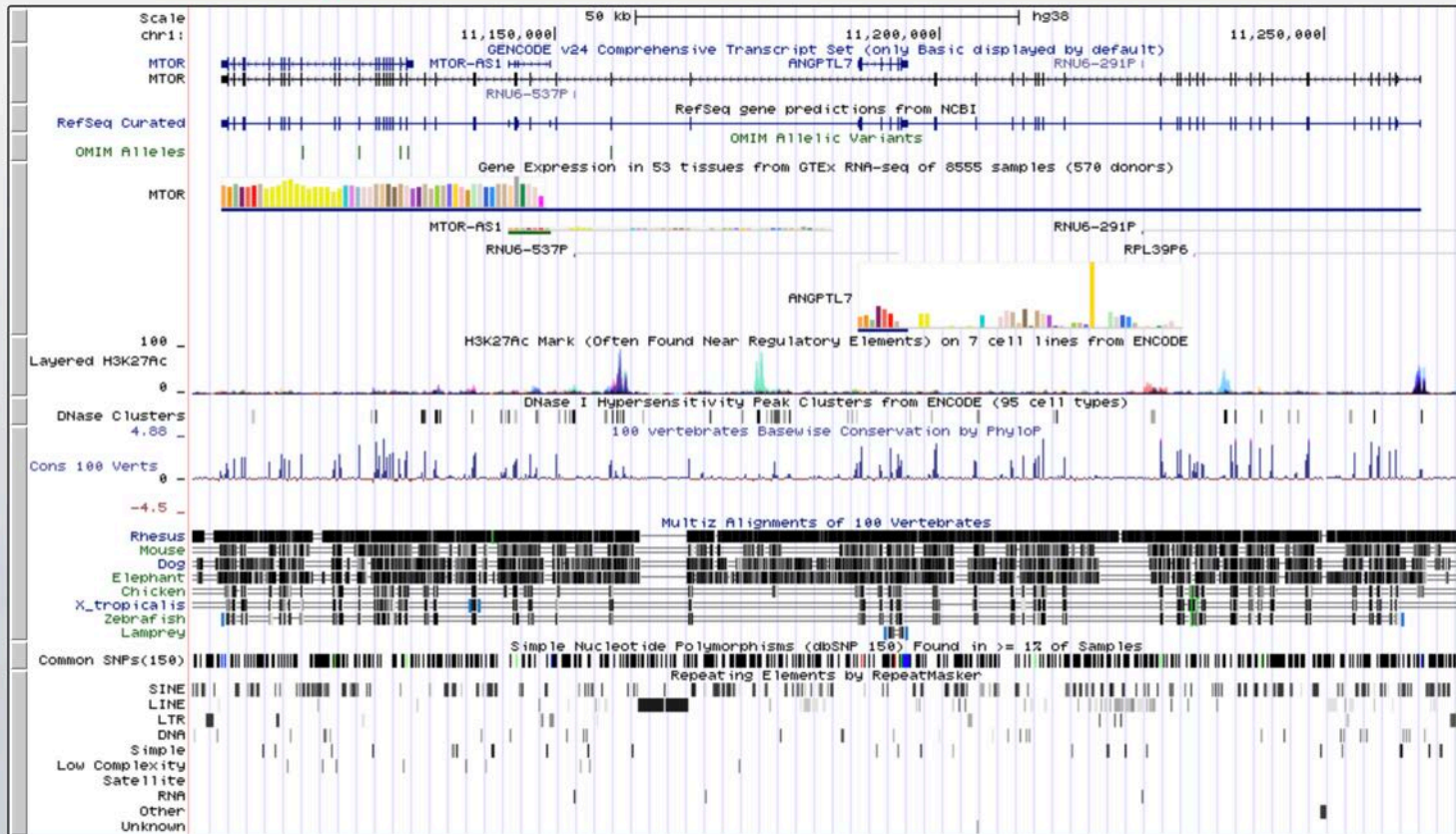
- [New Primate Species](#)
- [Update of cat assembly and genebuild to Felis_catus_8.0](#)
- [Mouse: update to Ensembl-Havana GENCODE gene set](#)
- [New and updated probe mapping data for primates](#)
- [Microarray Probe Mapping Update](#)

[Full details](#) | [All web updates](#), by

UCSC Genome Browser on Human Dec. 2013 (GRCh38/hg38) Assembly

move <<< << < > >> >>> zoom in 1.5x 3x 10x base zoom out 1.5x 3x 10x 100x

chr1:11,102,837-11,267,747 164,911 bp. go [Request onsite workshops](#)



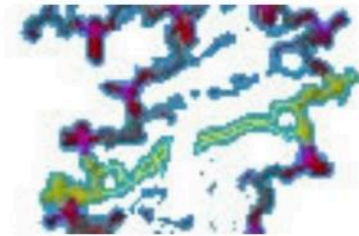
План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- **Базы данных вариаций генома**
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии



dbSNP

Short Genetic Variations



dbVar

ClinVar

GaP

PubMed

Nucleotide

Protein

Search small variations in dbSNP or large structural variations in dbVar

Search Entrez for

Have a question about dbSNP? Try searching the SNP FAQ Archive!

Go

ANNOUNCEMENT

dbSNP and dbVar no longer accept submissions for non-human organism data. Please read more [here](#).

GENERAL

[RSS Feed](#)

[Contact Us](#)

[Organism Data](#)

[dbSNP Homepage](#)

Search by IDs on All Assemblies

Note: `rs#` and `cp#` must be prefixed with "rs" or "cp" respectively (i.e.

dbVar

dbVar 

Search

[Advanced](#)

[Help](#)



dbVar

dbVar is NCBI's database of human genomic structural variation — insertions, deletions, duplications, inversions, mobile elements, and translocations

Getting Started

[Overview of Structural Variation](#)

Accessing Data

[Structural Variation Data Hub](#)

Other NCBI Resources

[dbSNP](#)

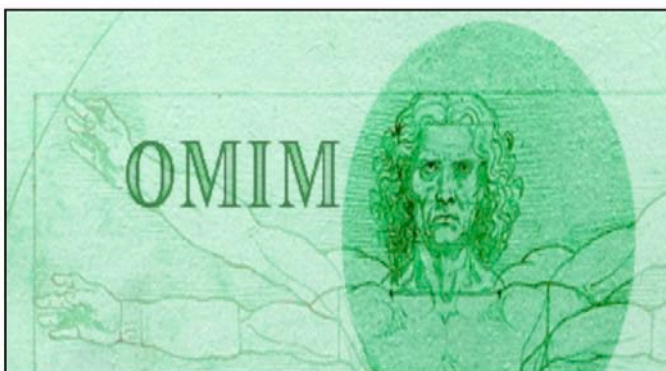
OMIM

OMIM ▾

Search

[Limits](#) [Advanced](#)

[Help](#)



OMIM

OMIM is a comprehensive, authoritative compendium of human genes and genetic phenotypes that is freely available and updated daily. OMIM is authored and edited at the McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, Johns Hopkins University School of Medicine, under the direction of Dr. Ada

Using OMIM

[Getting Started](#)

[FAQ](#)

OMIM tools

[OMIM API](#)

Related Resources

[ClinVar](#)

[Gene](#)

[GTR](#)

[MedGen](#)

ClinVar

ClinVar ▾

Search ClinVar for gene symbols, HGVS expressions, conditions, and more

Search

[Advanced](#)

[Help](#)

[Home](#)

[About ▾](#)

[Access ▾](#)

[Help ▾](#)

[Submit ▾](#)

[Statistics ▾](#)

[FTP ▾](#)

ACTGATGGTATGGGGCCAAGAGATATATCT
CAGGTACGGCTGTCATCACTTAGACCTCAC
CAGGGCTGGGCATAAAAGTCAGGGCAGAGC
CCATGGTGCATCTGACTCCTGAGGAGAAGT
GCAGGTTGGTATCAAGGTTACAAGACAGGT
GGCACTGACTCTCTGCTATTGGTCTAT

ClinVar

ClinVar aggregates information about genomic variation and its relationship to human health.

Using ClinVar

[About ClinVar](#)

[Data Dictionary](#)

[Downloads/FTP site](#)

[FAQ](#)

[Contact Us](#)

[RSS feed/What's new?](#)

[Factsheet](#)

Tools

[ACMG Recommendations for Reporting of Incidental Findings](#)

[ClinVar Submission Portal](#)

[Submissions](#)

[Variation Viewer](#)

[Clinical Remapping - Between assemblies and RefSeqGenes](#)

[RefSeqGene/LRG](#)

Related Sites

[ClinGen](#)

[GeneReviews®](#)

[GTR®](#)

[MedGen](#)

[OMIM®](#)

[Variation](#)

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- **Базы данных геном-фенотип**
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии


Authorized Access Portal

[Log In](#) to dbGaP

dbGaP Data Download

The management portal to request and download individual level data

Click [here](#) to login to the dbGaP controlled-access portal and to begin a project request. For guidance on the development of a data access request to complete project requests, please see

 [Tips for preparing a successful Data Access Request.](#)

[Who can apply for access?](#)

[How does one apply?](#)

[Why is Access Controlled?](#)

dbGaP Data Browser – View Only

With dbGaP Data Browser approval through the [simplified controlled-access](#) application, users may view the collection “[Compilation of individual-level data from general research use \(GRU\).](#)”

[What is the purpose of the dbGaP Data Browser; why is it useful?](#)

[How does one apply?](#)

[Additional help.](#)



ICGC



[Data Portal](#)
Get Cancer Data



[Data Access Compliance Office](#)
Apply for Access to Controlled Data

[Contact Us](#)

[Log In](#) | [Create an Account](#)



International
Cancer Genome
Consortium

Enter keywords

Search

Home

Cancer Genome Projects

Committees and Working Groups

Policies and Guidelines

Media

Publications

ICGC Cancer Genome Projects

Committed projects to date: [90](#)

Sort by:

[Biliary Tract Cancer](#)

Japan

[Biliary Tract Cancer](#)

Singapore

[Bladder Cancer](#)

China

[Bladder Cancer](#)

United States

[Blood Cancer](#)

China

[Blood Cancer](#)

Singapore

ICGC Goal: To obtain a **comprehensive** description of **genomic, transcriptomic and epigenomic changes** in **50 different tumor types and/or subtypes** which are of clinical and societal importance across the globe.

[Read more »](#)

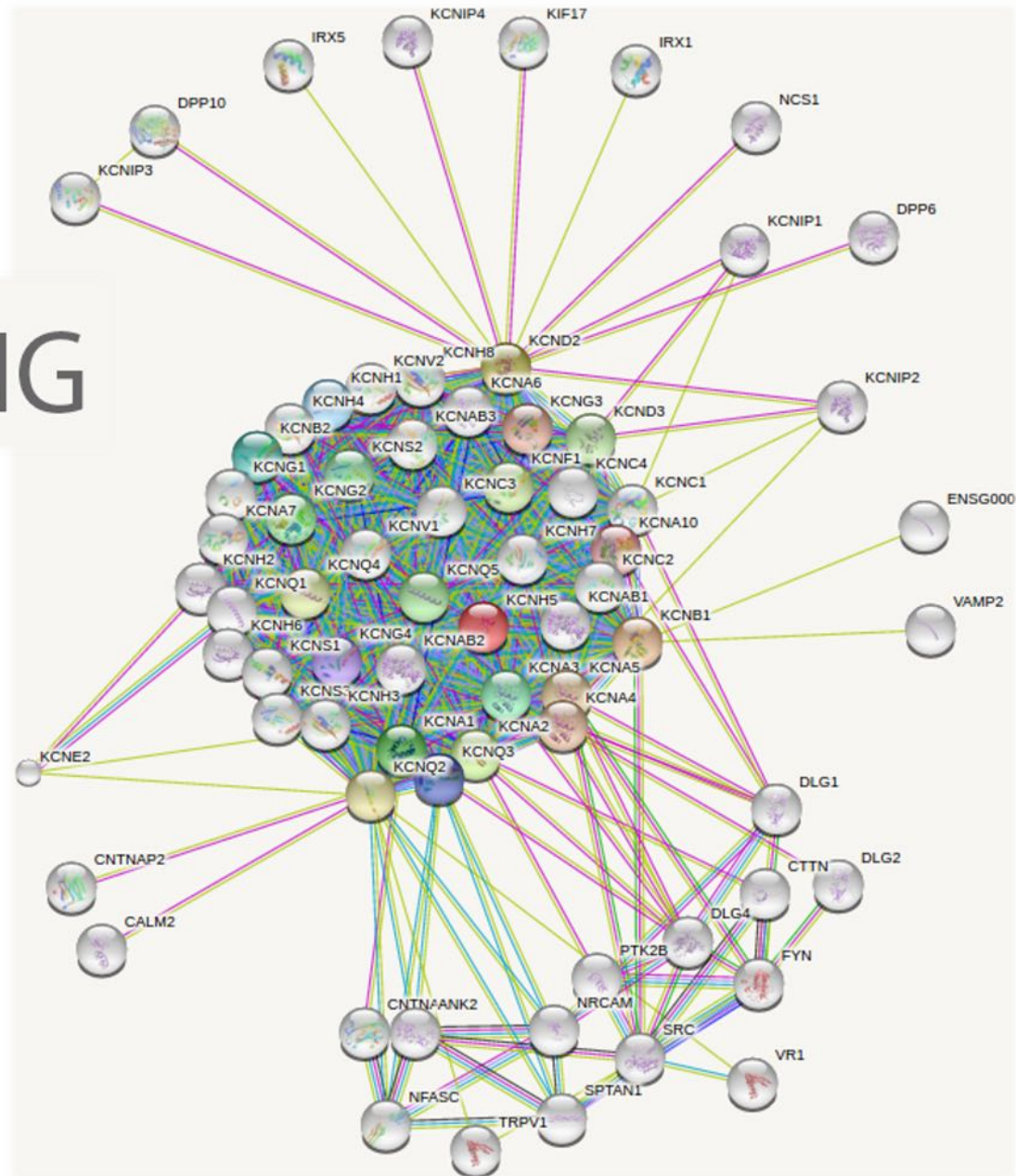
[Launch Data Portal »](#)

[Apply for Access to Controlled Data »](#)

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- **Базы данных взаимодействий**
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

Базы данных взаимодействий

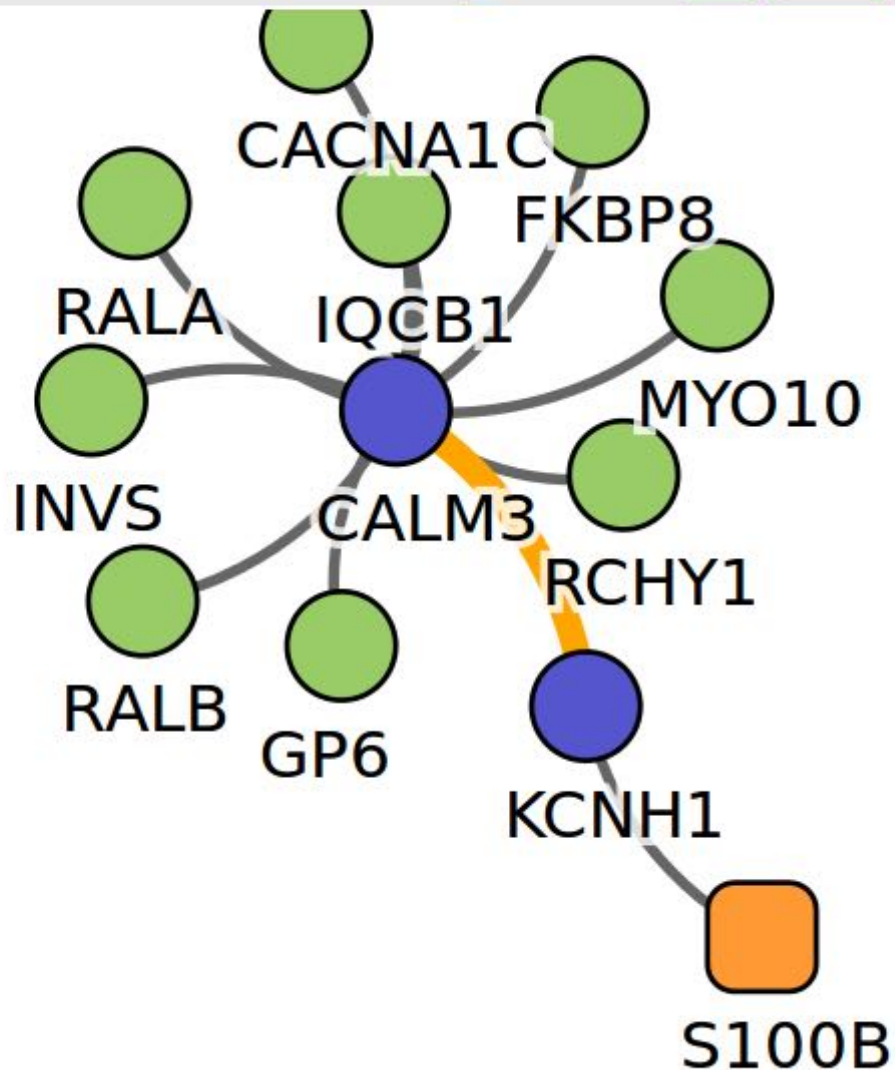


Базы данных взаимодействий

[Home](#)[Search](#)[Statistics](#)[Download](#)[Administration](#)[Contacts/Links](#)[About MINT](#)

P62158,O95259

? Threshold 0.4 Update capture



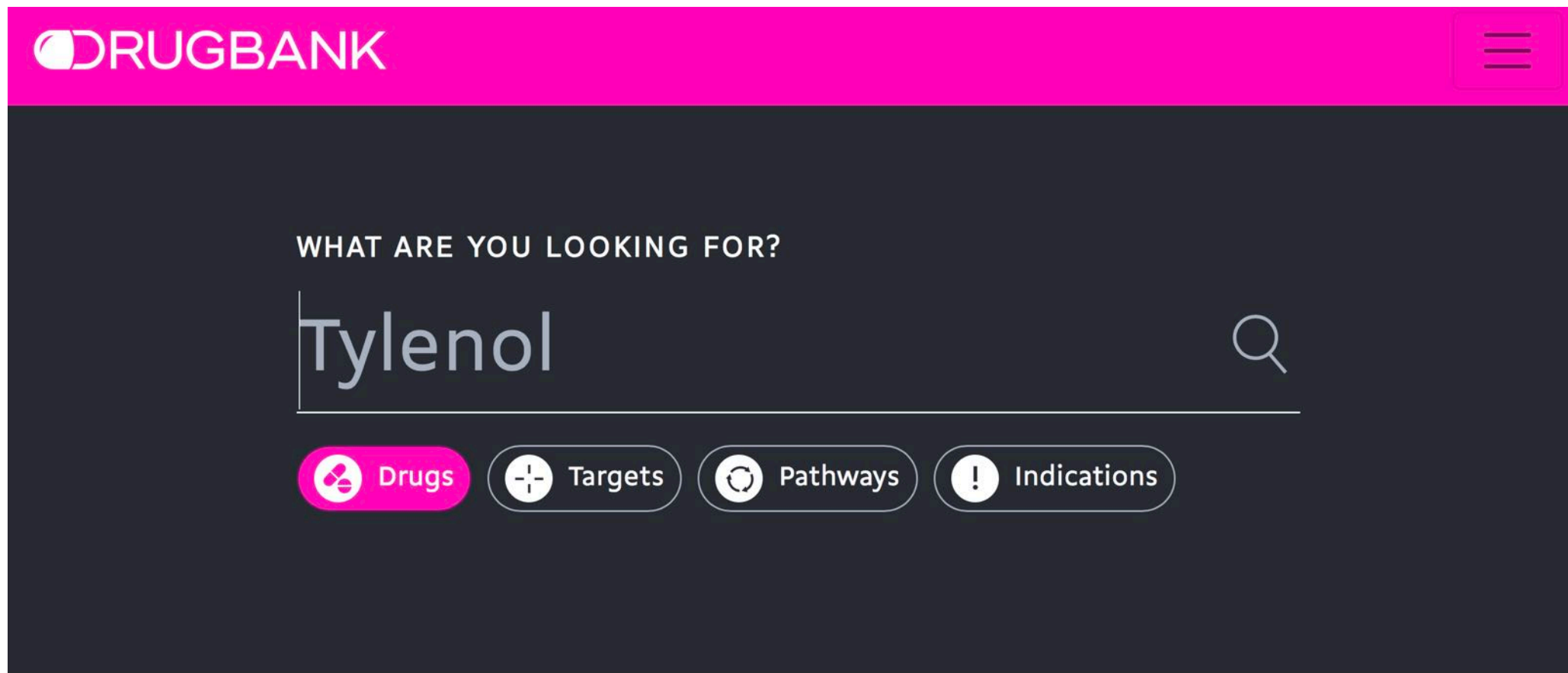
Базы данных взаимодействий

Kalium
Database of potassium channel toxins from scorpion venom

174 toxins shown

<input type="checkbox"/>	Organism <input type="text"/>	Name <input type="text"/>	Synonyms <input type="text"/>	UniProt ID	Sequence	PDB <input type="text"/>	Mass <input type="text"/>	Pub. Date <input type="text"/>	Activity <input type="text"/>
<input type="checkbox"/>	<i>Leiurus quinques...</i>	α-KTx 1.1	ChTX; ChTX-Lq...	P13487	ZFTNVSC TT SKE C WSV C QRLHNTSRGK CM NKK C R C YS	1BAH.1CM	4295.05	1988	Shaker,Kv1.1,Kv1.2,
<input type="checkbox"/>	<i>Leiurus quinques...</i>	α-KTx 1.2	ChTX-Lq2, ChTx...	P45628	ZFTQES CT ASN C WSI C KRLHNTNRGK CM NKK C R C YS	1LIR	4335.08	1989	Kv1,KCa1.1
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus tam...</i>	α-KTx 1.3	IbTx; Iberiotoxin	P24663	ZFTD VD CSVSKE C WSV C KDLFGVDRGK CM GKK C R C YQ		4230.02	1990	KCa1.1
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus mart...</i>	α-KTx 1.5	BmTX1, Neuroto...	Q9NII6	ZFTD VK CTGSK C Q WP V C KMF GP NGK CM NGK C R C YS	1BIG	4169.04	1997	Kv1,Kv1.3,KCa1.1
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus mart...</i>	α-KTx 1.6	BmTX2, Neuroto...	Q9NII5	ZFTNV SC SASS C Q WP V C KKLFGTYR GK CMNSK C R C YS	2BMT	4178.97	1997	Kv1,Kv1.3,Kv11.1,Kv11.2,
<input type="checkbox"/>	<i>Parabuthus trans...</i>	α-KTx 1.10	PBTx3; Parabuto...	P83112	EVD MR CKSSKE GL V K CKQATGR PN GK CM NRK C K C YPR		4274.23	2002	Kv1.1,Kv1.2,Kv1.3,Kv1.4,
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides nox...</i>	α-KTx 1.11	SloTx; Slotoxin	P0C182	TFID VD CTVSKE C WAP C KA AF GVDRGK CM GKK C K C YV		4085.98	2001	KCa1.1
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus eup...</i>	α-KTx 1.16	Toxin MeKTx11-1	C0HJQ8	ZFTD VK CTGT KQ C WP V C CKM FGR PN GK CMNGK C R C YP		4221.16	2015	Kv1.1
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus eup...</i>	α-KTx 1.17	Toxin MeKTx11-3	C0HJQ7	ZFTD VK CTVT KQ C WP V C CKM FGR PN GK CMNGK C R C YS		4253.21	2015	Kv1.1
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides nox...</i>	α-KTx 2.1	NTx; Noxiustoxin...	P08815	TIIN VK CTSP KQ CSK P CKEL YG SSAGAK CM NGK C K C YNN-NH ₂	1SXM	4195.06	1982	Shaker,Kv1.1,Kv1.2,
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides mar...</i>	α-KTx 2.2	MgTX; Margatoxin	P40755	TIIN VK CTSP KQ CL PP CKA Q FG SAG AK CM NGK C K C YPH	1MTX	4179.11	1993	Shaker,Kv1.1,Kv1.1,
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides lim...</i>	α-KTx 2.3	CIITx1, Toxin I, T...	P45629	ITIN VK CTSP Q CL RP CK DR FG HAG GK CI NGK C K C YP		4191.06	1994	Kv1
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides nox...</i>	α-KTx 2.4	NTx-2, NTx2; No...	Q9TXD1	TIIN EK CFAT SQ C WP T PK KA IG SL Q SK CM NGK C K C YNG		4183.05	1996	Kv1
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides lim...</i>	α-KTx 2.5	HgTX1; Hongoto...	P59847	TVID VK CTSP KQ CL PP CKA Q FG IR AGAK CM NGK C K C YPH	1HLY	4220.20	1998	Kv1.1,Kv1.2,Kv1.3,Kv1.4,
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides lim...</i>	α-KTx 2.7	CIITx2; Toxin II, T...	P45630	TVID VK CTSP KQ CL PP CK EI YGR HAG AK CM NGK C K C		3905.82	1994	Kv1

Базы данных химических соединений



The screenshot shows the DrugBank website interface. At the top left is the DrugBank logo. On the right is a hamburger menu icon. Below the logo is a search bar with the text "WHAT ARE YOU LOOKING FOR?" and the word "Tylenol" entered. To the right of the search bar is a magnifying glass icon. Below the search bar are four filter buttons: "Drugs" (highlighted in pink), "Targets", "Pathways", and "Indications".

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- **Базы данных сигнальных/метаболических путей**
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии



KEGG PATHWAY Database

Wiring diagrams of molecular interactions, reactions and relations

[Menu](#) [PATHWAY](#) [BRITE](#) [MODULE](#) [KO](#) [GENES](#) [LIGAND](#) [NETWORK](#) [DISEASE](#) [DRUG](#) [DBGET](#)

Select prefix

map

Organism

Enter keywords

Go

[Help](#)

[\[New pathway maps | Update history \]](#)

Pathway Maps

KEGG PATHWAY is a collection of manually drawn [pathway maps](#) representing our knowledge on the molecular interaction, reaction and relation networks for:

1. Metabolism

[Global/overview](#) [Carbohydrate](#) [Energy](#) [Lipid](#) [Nucleotide](#) [Amino acid](#) [Other amino](#) [Glycan](#)
[Cofactor/vitamin](#) [Terpenoid/PK](#) [Other secondary metabolite](#) [Xenobiotics](#) [Chemical structure](#)

2. Genetic Information Processing

3. Environmental Information Processing

4. Cellular Processes

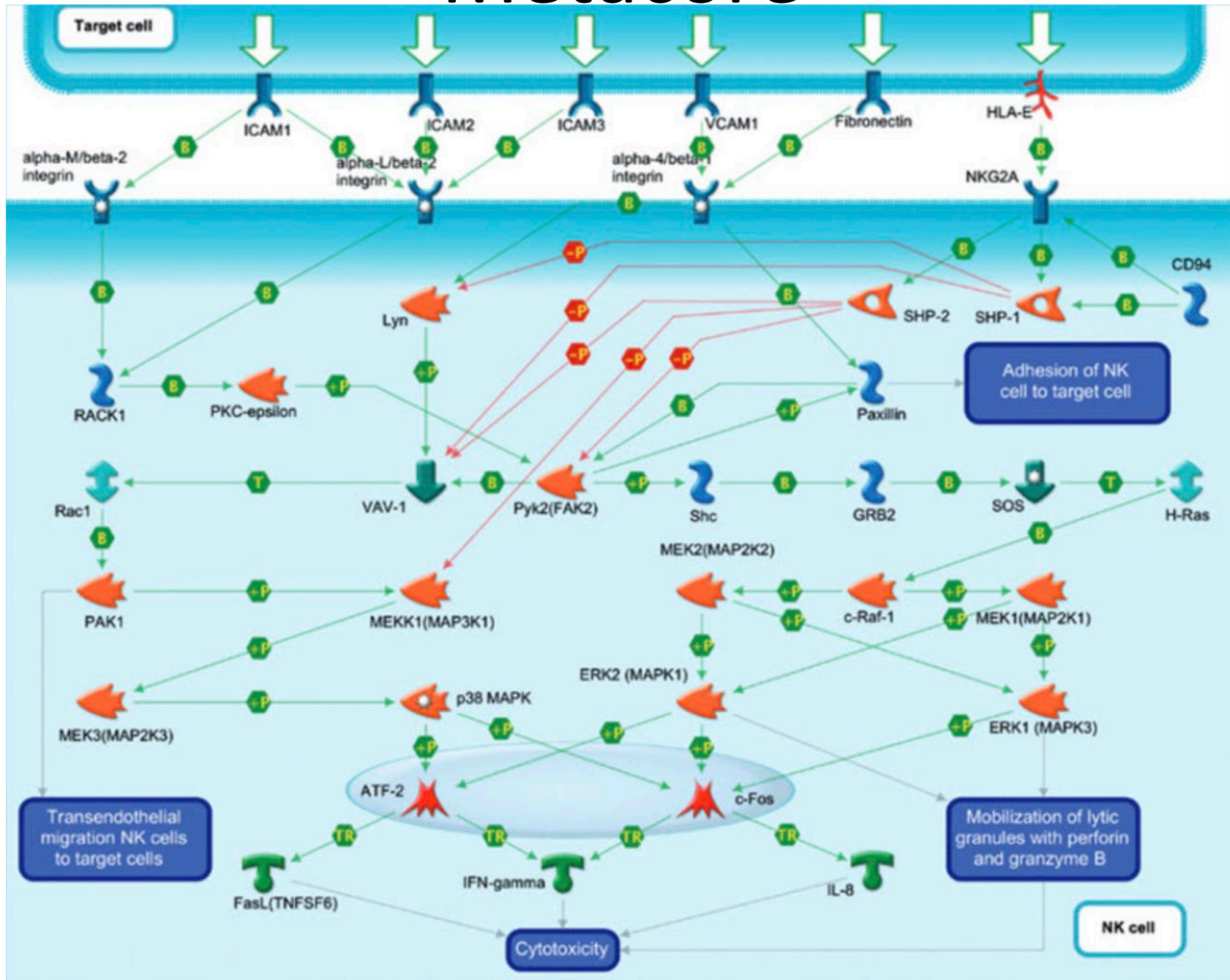
5. Organismal Systems

6. Human Diseases

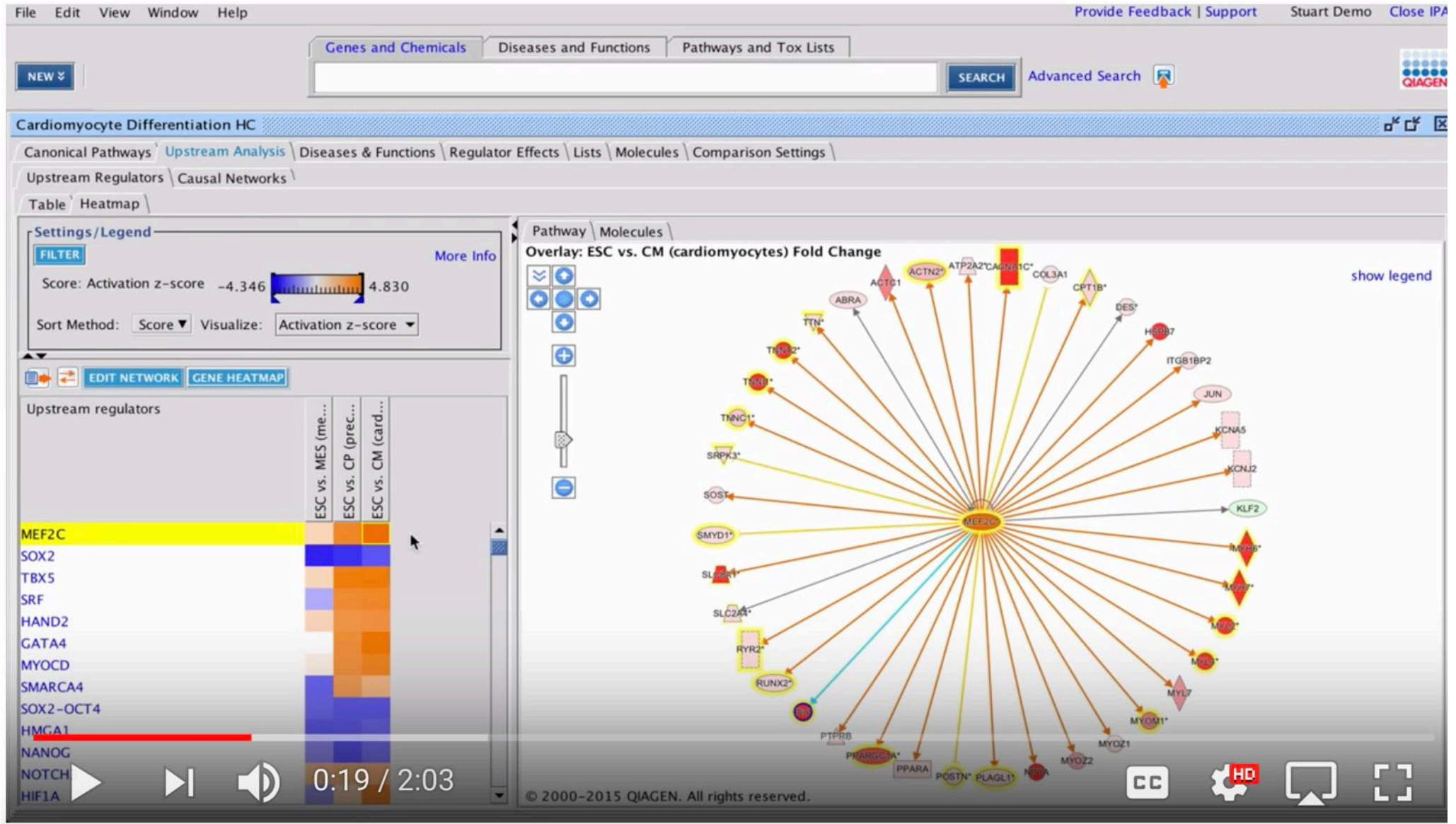
7. Drug Development

KEGG PATHWAY is a reference database for **Pathway Mapping**.

Metacore

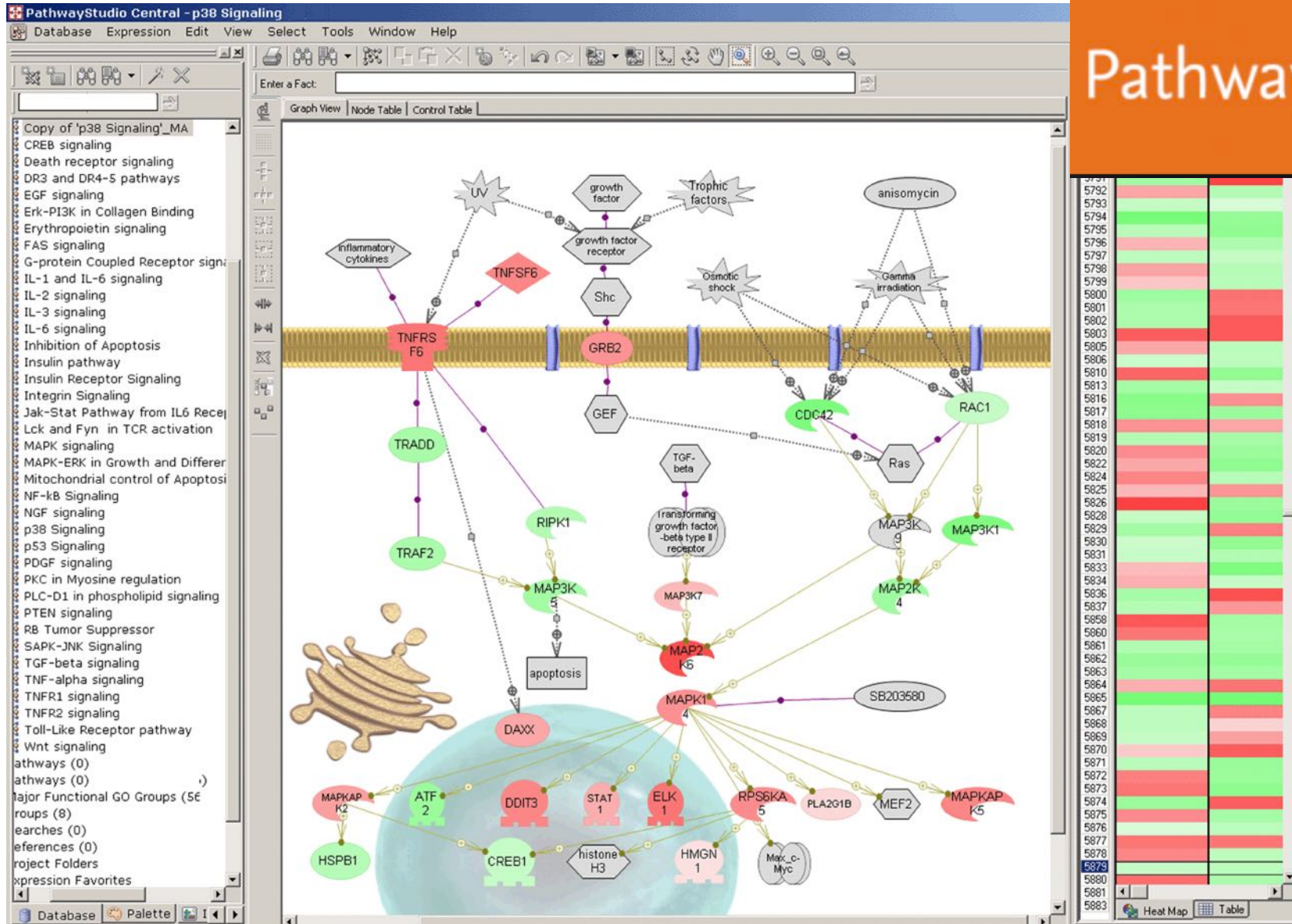


Ingenuity Pathway Analysis



ELSEVIER

Pathway Studio®



План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- **Базы данных секвенирования**
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

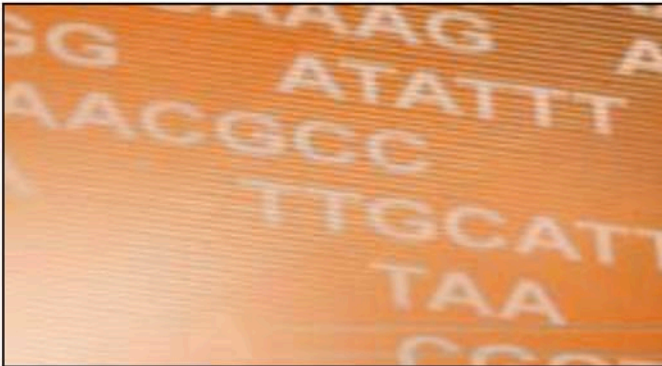
SRA

SRA ▾

Search

[Advanced](#)

[Help](#)



SRA

Sequence Read Archive (SRA) makes biological sequence data available to the research community to enhance reproducibility and allow for new discoveries by comparing data sets. The SRA stores raw sequencing data and alignment information from high-throughput sequencing platforms, including Roche 454 GS System®, Illumina Genome Analyzer®, Applied Biosystems SOLiD System®.

Getting Started

[How to Submit](#)

[Log in to SRA \(for updating and troubleshooting submissions\)](#)

[Log in to Submission Portal \(for submitting sequence data\)](#)

Tools and Software

[Download SRA Toolkit](#)

[SRA Toolkit Documentation](#)

[SRA-BLAST](#)

[SRA Run Browser](#)

Related Resources

[Submission Portal](#)

[Trace Archive](#)

[dbGaP Home](#)

[BioProject](#)

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- **Базы данных клинических исследований и лекарств**
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- Базы данных по таксономии

NIH U.S. National Library of Medicine

ClinicalTrials.gov

[Find Studies](#) ▼

[About Studies](#) ▼

[Submit Studies](#) ▼

[Resources](#) ▼

[About Site](#) ▼




ClinicalTrials.gov is a database of privately and publicly funded clinical studies conducted around the world.

Pharmaprojects: track pharma R&D

End-to-end tracking of the global pharma R&D pipeline from bench to patient, including company development trends, global development status, and therapeutic class status.

The industry's most trusted drug development database, Citeline's Pharmaprojects has been covering pharma R&D across global markets for 35+ years. With 68,000+ drug profiles including 15,000 drugs in active development, it's the go-to resource for preclinical, clinical, and pipeline coverage, and lifecycle management tracking.

[Request a free demo](#) [Product login](#)

-  Curated by experts
-  Drug R&D landscape
-  Historical trends



План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- **Базы данных по экспрессии генов/гистологии**
- Базы данные по таксономии

Базы данных экспрессии генов

Gene Expression Omnibus



GEO is a public functional genomics data repository supporting MIAME-compliant data submissions. Array- and sequence-based data are accepted. Tools are provided to help users query and download experiments and curated gene expression profiles.

Getting Started

[Overview](#)

[FAQ](#)

[About GEO DataSets](#)

[About GEO Profiles](#)

Tools

[Search for Studies at GEO DataSets](#)

[Search for Gene Expression at GEO Profiles](#)

[Search GEO Documentation](#)

Browse Content

[Repository Browser](#)

DataSets: 4348

Series:  94968

Platforms: 18150

THE HUMAN PROTEIN ATLAS

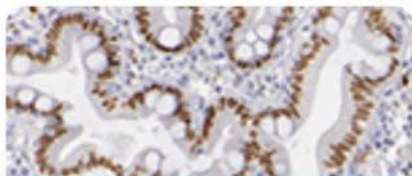
☰ MENU HELP NEWS

SEARCHⁱ

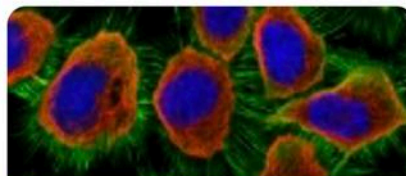
Search

[Fields »](#)

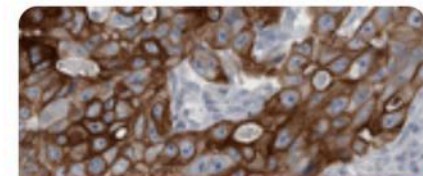
e.g. [RBM3](#), [insulin](#), [CD36](#)



TISSUE ATLAS



CELL ATLAS



PATHOLOGY ATLAS

План

- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- Базы данных последовательностей белков
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы данных вариаций генома
- Базы данных геном-фенотип
- Базы данных взаимодействий
- Базы данных сигнальных путей
- Базы данных секвенирования
- Базы данных заболеваний и медицинской информации
- Базы данных по экспрессии генов/гистологии
- **Базы данных по таксономии**

Таксономические базы данных

Taxonomy Browser – знаменитая таксономическая БД, имеющая иерархическую структуру, основанную на анализе последовательностей и призванная упорядочить классификацию организмов, для которых известна хотя бы одна последовательность ДНК или белка.



NCBI Taxonomy Browser

PubMed Entrez BLAST OMIM Taxonomy Structure

Search for As complete name lock Go Clear

Taxonomy browser
Archaea
Bacteria
Eukaryota
Viroids
Viruses

Taxonomy common tree

Taxonomy information

Taxonomy resources

Taxonomic advisors

Genetic codes

The NCBI Taxonomy Homepage

These are direct links to some of the organisms commonly used in molecular research projects:

Arabidopsis thaliana	Escherichia coli	Pneumocystis carinii
Bos taurus	Hepatitis C virus	Rattus norvegicus
Caenorhabditis elegans	Homo sapiens	Saccharomyces cerevisiae
Chlamydomonas reinhardtii	Mus musculus	Schizosaccharomyces pombe
Danio rerio (zebrafish)	Mycoplasma pneumoniae	Takifugu rubripes
Dictyostelium discoideum	Oryza sativa	Xenopus laevis
Drosophila melanogaster	Plasmodium falciparum	Zea mays

Видовые базы данных

Содержат таксономическую, библиографическую, географическую, визуальную и прочую информацию



[content](#) [about](#) [team](#) [notulae](#) [algarum](#) [links](#) [contact](#) [search](#)
[genus](#) · [species](#) · [literature](#) · [journals](#) · [images](#) · [common names](#) · [distribution](#) · [glossary](#) · [taxonomy browser](#) · [higher taxonomy](#)

143,152 species and infraspecific names are in the database, 18,634 images, 54,056 bibliographic items, 314,920 distributional records.

Haematococcus pluvialis Flotow

Publication details

Haematococcus pluvialis Flotow 1844: 415, 537, pls XXIV, XXV

Published in: Flotow, J. von (1844). Beobachtungen über *Haematococcus pluvialis*. *Verhandlungen der Kaiserlichen Leopoldinisch-Carolinischen Deutschen Akademie der Naturforscher* 12(Abt. 2): 413-606, 3 pls.

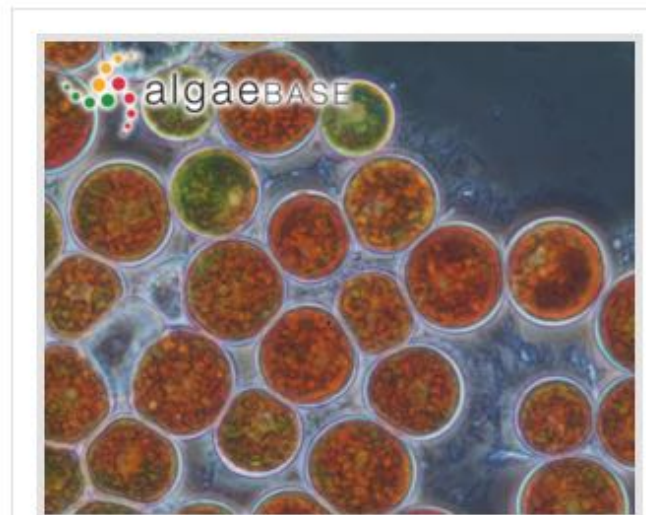
[Download PDF](#)

Type species

This is the type species (lectotype) of the genus *Haematococcus*.

Status of name

This name is of an entity that is currently accepted taxonomically.



[Haematococcus pluvialis](#) Flotow India

Classification:

Empire Eukaryota
Kingdom Plantae
Subkingdom Viridiplantae
Infrakingdom Chlorophyta
infrakingdom
Phylum Chlorophyta
Subphylum Chlorophytina
Class Chlorophyceae
Order Chlamydomonadales
Family Haematococcaceae
Genus [Haematococcus](#)

[Taxonomy](#)


[References](#)

[Submit Feedback](#)

[Submit Reference](#)

Links

Видовые базы данных <https://plant.depo.msu.ru>



ДЕПОЗИТАРИЙ
ЖИВЫХ СИСТЕМ
«НОЕВ КОВЧЕГ»

Микроорганизмы и грибы | **Растения**

RU EN [Справка](#)

[Вход в систему](#)

[О системе](#) [Коллекции](#) [Контакты](#) [Ссылки](#)

Сейчас в базе данных:

Объектов: 501892 | Изображений: 501892 | Видов: 9141

Национальный банк-депозитарий живых систем

Проект Московского университета "Ноев ковчег" посвящен созданию многофункционального сетевого хранилища биологического материала.

Планируется работа с материалом всех возможных типов - от отдельных биологических молекул до целых живых организмов.

Создание депозитария позволит сохранить биоразнообразие нашей планеты и создать новые способы полезного использования биологического материала.

Фото дня



Geum coccineum

Организм недели



Juncus compressus

2015-2017



Подать образец 