TargetMine チュートリアルと実習

2014年1月14日編集

Copyright $\ensuremath{\mathbb{C}}$ 2014 The Mizuguchi laboratory (mizuguchilab.org), NIBIO

 このチュートリアルは 2014 年 1 月の時点の TargetMine に基づいて作成したものです。 TargetMine の更新により変更の可能性があります。

内容

- I. 簡単な検索とレポートページの見方について
- II. リストとリストの解析について
- III. テンプレートクエリ
- IV. クエリビルダー

まずは TargetMine ウェブサイトにアクセスしてください。

http://targetmine.nibio.go.jp

全ての機能は TargetMine のページ上部にあるツールバーから操作できます。

TargetMine v.academic Data warehouse for target discovery									
Home	Templates	Lists	QueryBuilder	Data Sources	API	👗 MyMine			

I. 簡単な検索とレポートページの見方について

検索機能はトップページ左のサーチボックス(下図左),または,他のどのページでも右上の検索 ボックスからアクセスできます。検索語を入力すれば,(例:遺伝子名, ID,キーワード), TargetMine が持つデータに対して全文検索ができます。

それでは、 'apolipoprotein' で検索してみてください。



ヒント: ワイルドカード(アスタリスク) "*"を使うと部分一致検索ができます。

検索結果は、左側のファセット(Categoriesと書かれた分類)を用いて絞り込みができます。

W	Targe	tMine v.aca	demic Data warehouse	e for target discovery		
-	ome Templa	tes Lists Qu	eryBuilder 🗍 Data So	urces API 🚨 My	Mine Contact Us Le	og in
					Search: e.g. STAT1, TP53	GO
	Sear	ch our da	atabase by k	eyword	i Examples	
	apolipoprotei	n			 Search this entire website. Enter identifiers, names or keywords for genes, pathways, ontology terms, etc. (e.g. TNF, ADH1A + HUMAN, glucokinase, Alzheimer) 	
	Back to index			Search	 Use OR to search for either of two terms (e.g. human OR mouse) or quotation marks to search for phrases (e.g. "dna binding") 	
					 Boolean search syntax is supported: e.g. trans* for partial matches or human AND NOT transcription to exclude a term 	
	9	Search re	esults 1 to : «	First < Previous N 0.687s	4480 for "apolipoprotein" ext> Last>>	
ノアビッ	71	Туре	Details			Score
Categories		Gene	238055 Apob Organism . Short Name:	M. musculus		•••••
 Publication: 3806 Protein: 193 		Gene	344 APOC2 Organism . Short Name:	H. sapiens		•••••
Gene: 135 GeneRIF: 103 UniProtFeature: 6	51	Gene	346 APOC4 Organism . Short Name:	H. sapiens		•••••
 ProteinStructure: ProteinDomain: 3 GOTerm: 20 	43 1	Gene	336 APOA2 Organism . Short Name:	H. sapiens		
 ScopClassification and 6 m 	n: 12 nore values »	Gene	25080 Apoa4 Organism . Short Name:	R. norvegicus		•••••
H. sapiens: 161 M. musculus: 102 R. porvegicus: 64		Gene	25649 Apoa2 Organism . Short Name:	R. norvegicus		
- K Horvegicus, 04		Gene	292697 Apoc2 Organism . Short Name:	R. norvegicus		•••••
		Protein Structure	1ioj Experiment Type:	SOLUTION NMR		•••••
		Gene	71939 Apol6 Organism . Short Name:	M. musculus		•••••

各検索結果(オレンジの文字)をクリックすると、その"オブジェクト"(特定の遺伝子やタンパク質など)のレポートページが表示されます。

TargetMine にはいろいろなタイプのオブジェクトが格納されていますが、レポートの表示は全て同じ形式です(下図)。

т Ж	TargetMine v.academic [ata warehouse for target discovery				
Home	Templates Lists QueryBuil	der 🛛 Data Sources 🛛 API 🕹 I	MyMine		С	ontact Us Log in
					Search: e.g. STAT1, T	P53 GO
Gene : APOB NCBI Gene ID ° 338 Description apoi Secondary Identifier ° HGN	H. sapiens B-100(apoB-100(apoB-48(apolipopr gen)(apolipoprotein B-100(apolipopr c:603	tein B (including Ag(x) tein B48 mutant Apo B 100	DB identifier ¹⁰ Name ¹⁰ Type	338 apolipoprotein B protein- coding		
1 Organism	5	immary Genes Proteins G		actions Dise	ase Other	Lists
Name Homo saniens			Taxon Id			This Gene isn't in any lists.
			5000			
2 Proteins						RatMine R. norvegicus
DB identifier	Primary Accession	Name	Organism . Na	me	Length	Apob
APOB_HUMAN	P04114	Apolipoprotein B-100	Homo sapiens		4563 FASTA	ZFINMine No results found
Q7Z7Q0_HUMAN	Q7Z7Q0	APOB protein	Homo sapiens		825 FASTA	FlyMine
						No results found.
38 Synonyms						MouseMine M. musculus
Value						Apob
HGNC:603						modMine
ENSG0000084674						metabolicMine
APOB						H. sapiens
FLDB						APOB APOB
LDLCQ4						Apob Apob
NM_000384.2						YeastMine
NM_000384						No results found.
ENST00000233242						WormMine No results found
X03326						External Links
M10374					- Show more rowe	Entrez Gene: 338

 ページ上部にはオブジェクトの基本的な情報が表示され、下部にはオブジェクトのカテゴリ (遺伝子やタンパク質,化合物などの分類,TargetMine内では"クラス"と呼びます)に応じ て、より詳細な情報が表示されます。これらの情報には、クラス毎に予め用意された検索例 ("テンプレート"と呼びます)なども含まれています(これらの詳細は後述します)。

II. リストとリストの解析について

リスト機能を使うと自分で指定したリスト(例:遺伝子/タンパク質のリスト)を作成することができ ます。リストは検索結果の一覧からも作成できますし, ID を使ってアップロードすることもできます。 リストは検索の絞り込みや, クエリビルダー(詳細は以下に示します)のテンプレートとして, また, 論理演算を使った検索(Union, Intersect, Subtract)にも使用することができます。リストの検索や コピーも可能です。 リストページは上部メニューバーの "Lists" タブから開くことができます。 "アップロード" タブ はリストを作る専用のページで, ID の入力, またはファイルのアップロードからリストを作ることが できます。



1つのリストには、ドロップダウンメニューから1つのタイプ(例:遺伝子、タンパク質)を指定してくだ さい(タイプの混在したリストは作れません)。オプションで生物種を指定することもできます。また、 複数のタイプの ID を混在させても構いません(例:遺伝子記号と遺伝子 ID)。

このチュートリアルでは、例として遺伝子のリストを作成し、解析します。'List Analysis page' で得られた解析結果は、クエリビルダーを用いて新たなクエリを作るために保存します。

'click to see an example' をクリックしてください(A)。クリックするとサンプルの ID 群が自動的に入力されます。

次に "Create List" ボタンをクリックしてください(B)。

Create a new list Select the type of list to creat identifiers from a file. A search list. • Separate identifiers by a comma, s • Qualify any identifiers that contain skipped".	e and either enter in a list of identifiers or upload n will be performed for all the identifiers in your space, tab or new line. whitespace with double quotes like so: "even
Select Type:	Gene
for Organism:	
Type/Paste in identifiers	(dick to see an example)▼ 1080,125,217,2944,2947,2950,29 52,3106,3106,3107,3115,3119,311 23,3265,3304,3458,3586,3856,42 57,5444,54576,54577,54578,5465 8,5644,6648,6690,7040,7124,847 ,929
or Upload identifiers from a .txt file	Choose File No file chosen
	Remove version tags Reset Create List

● リストの確認

"2 Verify identifier matches"では、入力された ID が TargetMine 中に存在するか、または曖昧さが残らないかなどのチェックが行われます。特にメッセージが表示されなければ、そのまま

リストに名前をつけます。任意の名前でもデフォルトの名前のままでも構いません。 今回はチュートリアルなので 'demo' と入力し, 'Save a list of Genes' ボタンをクリック してください。

before we show you the results	Save a list of Genes
1 Upload list of identifiers 2 Verify identifier matches 🖬 List analysis	
Choose a name for the list	
demol (e.g. Smith 2009)	

• List Analysis Page

'List Analysis' ページでは、リスト中の各メンバーの詳細など多くの情報を得ることができます。 リストが作成されると自動的に 'List Analysis' ページが表示されます。一度作ったリストにつ いては、 'Lists' タブの 'View' をクリックすると、いつでもこのページに戻ることができます (下図)。

List Analysis は3つのセクション(List, Widgets, Templates)に分かれています。

View K	Kome TransetMine v.academic Data warehouse for target discovery Kome Transet Lists Querysleilder Data API MyNine Uplant View
view –	List
	Widgets
	Templates

● 画面上部のボックス (List) には概要として, リスト中のメンバーの最初の 10 個が表示されま す。そこには, リストの内容や情報, 変換ツールやリンク先 (存在する場合のみ)が表示されま す。 ● 画面中部 (Widgets) にある一連のボックスからはリストについてのより多くの情報を得ることができます。例えば、このリストと特に強く関係付けられる KEGG パスウェイ、遺伝子オントロジー (GO) ターム、創薬や疾患に関するオントロジー、タンパク質の構造や関連する薬の情報を得ることができます。

athways enriched for genes in this list - data fr	rom KEGG, Reac	tome and N	ICI GC	GO terms enriched for genes in this list. (IEA annotations are excluded)				
Number of Genes in this list not analysed in this	s widget: 1		Nu	ber of Genes in this list not analysed in thi	is widget: 1			
Test Correction Max p-value	DataSet		Te	t Correction Max p-value	Ontology			
Holm-Bonferroni 💌 0.05	All	-	Н	Im-Bonferroni 💽 0.05	biological_	process 💌		
Background population			Ba	kground population				
Default Change View Download			De	ult Change				
Pathways	p-Value 👔	Matches		GO Term	p-Value 🗗	Matches		
Allograft rejection [hsa05330]	6.362023e-12	9		cellular response to chemical stimulus	6.185638e-13	25		
Drug metabolism - cytochrome P450 [hsa00982]	1.320440e-11	10		response to chemical stimulus [G0:0042221]	7.432966e-11	26		
Metabolism of xenobiotics by cytochrome P450 [hsa00980]	4.191564e-11	10	E	xenobiotic metabolic process	1.121957e-9	11		
	6.251164e-11	10		response to venebiatio atimulue	1.006040+ 0			
Chemical carcinogenesis [hsa05204]				[GO:0009410]	1.2903196-9			
Chemical carcinogenesis [hsa05204] Graft-versus-host disease [hsa05332]	1.636438e-9	8						
Chemical carcinogenesis (hsa05204) Graft-versus-host disease (hsa05332) Biological oxidations (REACT_13433)	1.636438e-9 2.184289e-9	8 11		cellular response to xenobiotic stimulus	1.296319e-9	11		

● 画面下部(Templates)には、このリストについて、あらかじめ実行された各種検索(テンプレ ートクエリ)の結果が表示されます。クリックすると検索結果表示します。

Template results for 'demo'
he template queries below have been executed for this list. Genes
é Gene> Upstream miRNA(s) (100 rows) ☆
Genes> DO Annotation (791 rows) ☆
Sene Ontology
gene> GO Slim Annotation (835 rows) ☆

III. テンプレートクエリ

多様な検索(解析)を素早く簡単に実行させるために、TargetMine では事前に定義されたテンプ レートクエリのライブラリを持っています。一般に、TargetMine の検索は、あるクラスについて条件 を指定して(例えば、"遺伝子名がTGFB1である")、関連するクラスのデータ(例えば、知られてい る全ての相互作用タンパク質)を表示する、という形式をとります。テンプレートライブラリは、その ような検索を多数用意したもので、検索例中の一部を変更することもできます。(TargetMine では、 条件を指定することを「制限をかける」constrainという言葉で表現します。) テンプレートクエリのアクセス方法は複数あります:

- テンプレートページには TargetMine のトップページ,もしくは上部のメニューバーのタブから アクセスしてテンプレートの検索や閲覧をすることが可能です。
- テンプレートはレポートページと List Analysis Page にも表示されます。



例としてテンプレートクエリに 'transcription' と入力し, 検索します (C)。

Filter: transcription - all categories - Reset
Actions: Export selected Options: V Show descriptions
You are D d in. Log in to mark items as favourites 🖈. Gene(s)> Upstream Transcription Factors Given a gene or a list of genes, retrieve all upstream regulatory genes (transcription factors) from the AMADEUS and ORegAnno compiled TF-Target gene relations
Gene(s)> Downstream Transcription Target genes Given a gene or a list of genes, retrieve all downstream transcription target genes from the AMADEUS and ORegAnno compiled TF-Target gene relations
Gene(s)> Gene Regulatory Associations Given a gene or a list of genes, retrieve all upstream regulators (regulatory transcription factors) and/or downstream targets from the AMADEUS and ORegAnno compiled TF-Target relations

この検索は、与えられた遺伝子または遺伝子リストについて、上流の転写因子(AMADEUS または OregAnno データベースに収納されている情報)をすべて取得するというものです。

オブジェクト(特定の遺伝子やタンパク質など)またはリストを指定する(「特定のオブジェクトまた はリストに制限する」)という型のテンプレートクエリでは、オブジェクトのIDを入力するボックスと共 に、リストを制限するためのオプションが提供されます。

ここでは、テンプレートは 'Gene(s) → Upstream Transcription Factors' をクリックしてください (D)。

Siven a gene or a list of genes, retrieve all upstream regulatory genes (transcription factors) from the AMADE compiled TF-Target gene relations	JS and ORegAnno
Gene LOOKUP: 10121 for Organism: H. sapiens T If constrain to be IN T saved Gene list demo T	
Show Results F export XML Peri Python Ruby Java [help] export XML	Deter State Contract
	iven a gene or a list of genes, retrieve all upstream regulatory genes (transcription factors) from the AMADEI ompiled TF-Target gene relations Gene LOOKUP: 10121 for Organism: H. sapiens v Constrain to be IN v saved Gene list demo v Show Results F Geo web service URL Perl Python Ruby Java [help] export XML

チェックボックスをクリックし, 先ほど保存したサンプルリスト "demo"を選択してください(E)。次に, "Show Results" ボタンを押し, 検索を実行します(F)。

その結果、先ほど作ったリストの遺伝子をターゲットとする転写因子が表示されます。

結果の一覧から新しいリストを作ることもできます。この検索結果から List Analysis ページや他のテンプレートに使用するための転写因子のリストを保存できます。

表の右上にある「Create/Add to List」ボタンをクリックすると、メニューが表示されます(G)。次に、 「All 16 Genes」をクリックして、上流の転写因子を選択します(H)。

I Manage Col	umns T 2 Filters			🗖 C	reate / Add to Li	st - 🔺 🕹 Download
Chausina d	to 25 of 26 yours	Roy	Create New I	List A	dd to Existing Li	st the state of th
Showing 1	to 25 of 26 rows		All 16 Gen	es	, by	
≜ 0 @ Ⅲ			All 12 Gen	es	0	A H
Interact With »	Protein DNA Interactions »	Interact With »	Both Datas	Sets		• m
NCBI Gene ID	Interact With . Symbol	Name	Choose inc	dividual if	ems from the ta	ble ^{ne}
	-			ID		
3172	HNF4A	hepatocyte nuclear factor 4, alpha		125	ADH1B	alcohol dehydrogenase 1B (class I), beta polypeptid
3175	ONECUT1	one cut homeobox 1		125	ADH1B	alcohol dehydrogenase 1B (class I), beta polypeptic
6927	HNF1A	HNF1 homeobox A		125	ADH1B	alcohol dehydrogenase 1B (class I), beta polypeptic
3172	HNF4A	hepatocyte nuclear factor 4, alpha		217	ALDH2	aldehyde dehydrogenase 2 family (mitochondrial)
1385	CREB1	cAMP responsive element binding protein 1		3107	HLA-C	major histocompatibility complex, class I_C

名前をつけて(I)リストを保存してください(J)。(例: 'upstream_TFs')

List Details	MINIMISE C	LOSE
Name upstream_TFs Description		
an optional description		
	Create Cancel	Reset

ー群のオブジェクト全体の情報を得るために、リストの使用は大変効果的です。この方法を使うと 以下の様なリストも作成できます。

- 選択した遺伝子(産物)の相互作用タンパク質
- これらの遺伝子の疾患オントロジー (DO) アノテーション

他にも色々と試してみてください。

IV. クエリビルダー

ここからは上級者向け応用編です。'クエリビルダー'を使用すると、以下のようなことができます。

- TargetMine 上の複数のデータ・ソースを任意に組み合わせた新しいクエリの構築
- 既存のテンプレートクエリを修正することで出力を変え、制限を加える。

以下のような例から実際に操作をしてみてください。

先ほど使用したテンプレート 'Gene(s) → Upstream Transcription Factors' を選択してください。 クエリビルダーを実行するために, 'Edit Query' をクリックしてください。

Given a gene or a list compiled TF-Target gene	Jpstream Transcription Factors of genes, retrieve all upstream regulatory genes (transcription factors) from the AMADEUS and ORegAnno ne relations
Gene	
LOOKUP: 10121	for Organism: H. sapiens
🔲 constrain to be 🛽	v saved Gene list demo v
Show Results	Edit Query
📾 web service URL	Perl Python Ruby Java [help] export XML

左側の 'Model browser' を用いて、データモデルをユーザーが操作することができます。この 例では、 'Model browser' 上には、Gene(遺伝子)と名付けられたクラスとその全ての属性 (例:名前、シンボル)および関連するクラス(例:生物種、タンパク質)が表示されます。 TargetMine では、オブジェクトベースのデータモデルを使用し、生物学的なタイプは '**クラス'**、 個々のエントリは '**オブジェクト'** と呼んでいます。

関連するクラスと属性を見るためには 田 をクリックしてください。 SHOW+ タブは出力にフィールド を追加するために使用します。 CONSTRAIN+ タブでは絞り込み(フィルタ)を追加することができま す。



▶ 関連するクラス

Model Browser の下には、ユーザーが選択したフィールドが **'Fields selected for output'**として表示されます。それぞれのフィールドは、検索結果ページの各列に対応します。フィールドの順序はドラッグ・アンド・ドロップで変更することができます (K)。

Fields selected for output	
Columns to Display Use the SHOW+ or SUMMARY + links to add fields to the results to choose a column to sort results by, dick again to select ascend	able. Click and drag the blue output boxes to choose the output column order.Click []] to fing [] or descending [].Use the removenue link to remove all fields from the results table.
REMOVEALL+ Gene > Protein DNA Interactions > Interact With > NCBI Gene ID Source > ncbiGeneId Image: Source > name Source > name Image: Sour	Gene > Protein DNA Interactions > Interact With . Symbol S Gene > NCBI Gene ID S Target > ncbiGeneId P Image: Target > symbol P Target > symbol P Target > symbol P Image: Target > symbol P

右側の 'Query Overview' では、クエリに適用された絞り込み条件を示しています。その内の 1 つには、 'Gene' で 'LOOKUP 10121 IN H. sapiens' と書かれています。これは、 ID 10121 を持つヒトの遺伝子のみにクエリが絞り込まれた(制限された)ということを示しています。

もし, この遺伝子をターゲットにするものだけでなく, 全ての転写因子について調べたくなった時に は, 絞り込み条件を外して, もう一度クエリを走らせれば解除できます。

絞り込み条件を解除するためには、 **'LOOKUP 10121 IN H. sapiens'**の隣にある ³ ボタン をクリックしてください (L)。

Query Overview	
Gene LOOKUP 10121 IN H. sapien Name 3 NCBI Gene ID 3 Symbol 3	s ?? (A) Remove this constraint

そして, 'Show results' をクリックしてください。



そうすると、(TargetMine に格納されている)全ての転写因子とそのターゲット遺伝子を得ることができます。

💷 サマリーボタンをクリックするとその列に関する概要の情報を得ることができます (M)。

Trail: Query								
I Manage Co	Manage Columns T 1 Filters						Create / Add to List • 🛓 Get Code 🔹 🛃 Download	
Showing 1	1 to 25	of M rows			Rows per page: 25 \checkmark \leftarrow p. 1 \rightarrow \Rightarrow \neg			
÷ 8 @ III	+ C • M + C • M				* 8 • • • • • •		÷ 🛛 👁 🖩	
Interact With » NCBI Gene ID	Protei Inter i Symt	84 Gene Symbols			NCBI Gene ID	Symbol	Name	
3172	HNF4A			ha	1	A1BG	alpha-1-B glycoprotein	
3175	ONECL	C Filter values			1	A1BG	alpha-1-B glycoprotein	
1044	CDX1	Item Count	0014		100	ADA	adenosine deaminase	
2626	GATA4		1470		100	ADA	adenosine deaminase	
3651	PDX1	ETS1	1175	box 1	100	ADA	adenosine deaminase	
4782	NFIC	REST	910	ng transcription factor)	100	ADA	adenosine deaminase	
7528	YY1	NANOG	702		100	ADA	adenosine deaminase	
6657	SOX2	VY1	694	-box 2	1000	CDH2	cadherin 2, type 1, N-cadherin (neuronal)	
2113	ETS1	NRF1	669	s E26 oncogene homolog 1	10001	MED6	mediator complex subunit 6	
5460	POU5F	SOX2	560 -		10003	NAALAD2	N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase 2	
6657	SOX2	Filter ▼ Ð ≓	Save	-box 2	10003	NAALAD2	N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase 2	
79923	NANOG	Nanog homeobox			10003	NAALAD2	N-acetylated alpha-linked acidic dipeptidase 2	

もう少し他の操作もしてみましょう。

左上にある 'Query' をクリックして、クエリビルダーに戻ります。

	TargetMine v.academic Data warehouse for target discove	ery	
	Home Templates Lists QueryBuilder Data Sources API	MyMine	Contact Us Log in
			Search: e.g. STAT1, TP53 GO
(Trail: Query		
	Here wanage Columns T 1 Filters		Create / Add to List Get Code Code Download
	Showing 1 to 25 of 11,149 rows	Rows per page: 25	$\bullet \qquad \bullet \qquad$

それでは, "Gene → Protein DNA Interactions → Data Sets → Name"の順でパスを 実行してみてください。次に Name の横の CONSTRAIN→ タブをクリックするとポップアップが表示さ れます(N)。 'ORegAnno' をドロップダウンリストから選択し 'Add to query' ボタンをクリックし ます。

そうするとデータセットに 'ORegAnno' データベースの絞り込みをかけることができます(O)。



'Show results' をクリックし, もう一度実行してみましょう。

	Home	Templates Lists QueryBuilder Data Sources	APT Any MyMine		Contact US Log in	
					Search: e.g. STAT1, TP53 GO	
ail: Query ⊞ Manage Column Showing 1 to	ns ▼2 Filters				Create / Add to List Create / Add to List Control Control Create / Add to List Control Contro	Lownload → *
• 0 •	÷ 0 ® M	÷ 0 ® M	* 🖸 👁 🖬	÷ 0 @ III	÷ © ® M	÷ 0 ® T III
Interact With = NCBI Gene ID	Protein DNA Interactions = Interact With . Symbol	Interact With » Name	NCBI Gene ID	Symbol	Name	Data Sets » Name
044	CDX1	caudal type homeobox 1	100	ADA	adenosine deaminase	ORegAnno
626	GATA4	GATA binding protein 4	100	ADA	adenosine deaminase	ORegAnno
1651	PDX1	pancreatic and duodenal homeobox 1	100	ADA	adenosine deaminase	ORegAnno
1782	NFIC	nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)	100	ADA	adenosine deaminase	ORegAnno
528	YY1	YY1 transcription factor	100	ADA	adenosine deaminase	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	100130418	CECR7	cat eye syndrome chromosome region, candidate 7 (non-protein coding)	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	100130873	CARM1P1	coactivator-associated arginine methyltransferase 1 pseudogene 1	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	1002	CDH4	cadherin 4, type 1, R-cadherin (retinal)	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10021	HCN4	hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 4	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10044	SH2D3C	SH2 domain containing 3C	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10135	NAMPT	nicotinamide phosphoribosyltransferase	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	1014	CDH16	cadherin 16, KSP-cadherin	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10143	CLEC3A	C-type lectin domain family 3, member A	ORegAnno
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10218	ANGPTL7	angiopoietin-like 7	ORegAnno
4782	NFIC	nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)	1026	CDKN1A	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)	ORegAnno
5667	SP1	Sp1 transcription factor	1026	CDKN1A	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)	ORegAnno
5670	SP3	Sp3 transcription factor	1026	CDKN1A	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)	ORegAnno
5772	STAT1	signal transducer and activator of transcription 1, 91kDa	103	ADAR	adenosine deaminase, RNA-specific	ORegAnno
978	REST	RE1-silencing transcription factor	10307	APBB3	amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 3	ORegAnno
978	REST	RE1-silencing transcription factor	10368	CACNG3	calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 3	ORegAnno
978	REST	RE1-silencing transcription factor	10369	CACNG2	calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 2	ORegAnno

検索結果には、 ORegAnno データベースから取得した転写因子の情報のみが表示されます。

このようにクエリビルダーを使うと細かく条件を指定して調べることが出来るので, ぜひ利用してみ てください。

TargetMineのホームページには、チュートリアル動画があります。ぜひご活用ください。

🚻 Та	rgetMine		The Mizuguchi Laboratory NIBIO
Home News	rehouse for target discovery	_	
Home News	Internal Documentation Videos Implates Quick search Implates Lists QueryBuilder Workshops Its rargetMine academic of for academic and non-prommercial usage, please ee, start using Target	Introductory movie Search in TargetMine Using Template Queries An overview of the list function The QueryBuilder OPT Version on this profit use only. contact us. TgetMine http://targetmine	List of sandidates • Enrichment analysis • Manipulate candidates • TargetMine data warehouse system gaga wasucyones exarcut gaga masucyones exarcut exarcu