



TargetMine

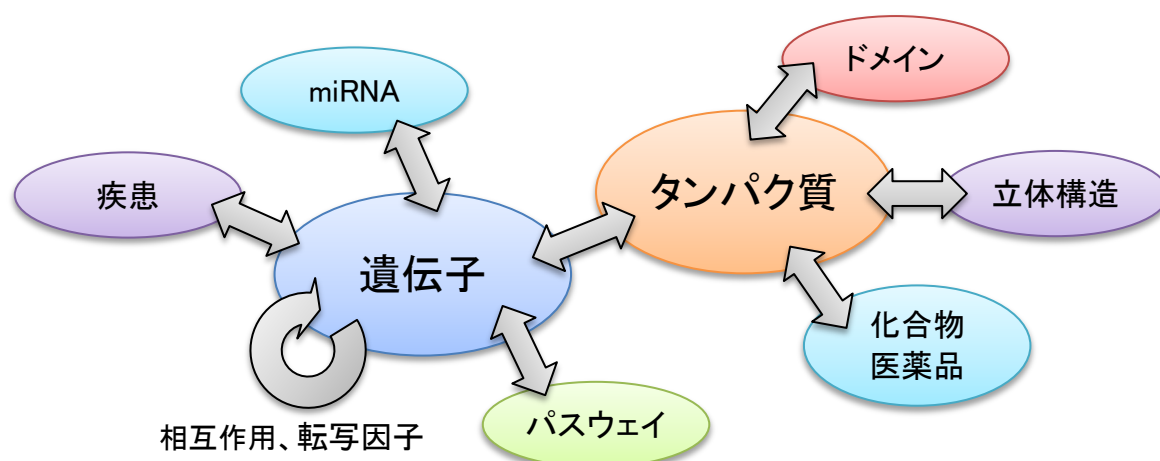
創薬支援の統合データウェアハウス

<http://targetmine.mizuguchilab.org/>

アカデミック／非アカデミックを問わず、無料で利用可能です。

概要：

創薬の初期研究における支援（特にターゲット探索など）を目的として、国際的に広く使用されている 30 以上の公共のデータソースを統合し、効率的な知識発見を可能にしたデータウェアハウス。創薬だけではなく、一般的な生命科学の研究にも使える便利なシステムです。



機能：

1. TargetMine が持つデータに対して全文検索が可能。
2. 誰でも簡単に使える、多数の解析例がテンプレートとして用意されている。
3. テンプレートの一部を改変したり、クエリービルダーで自由自在に独自の解析を組み立てることも可能。
4. 複数の遺伝子・タンパク質からなるリストに対して、各種エンリッチメント解析を行う。
5. 補助解析ツールによって、解析結果を可視化できます。

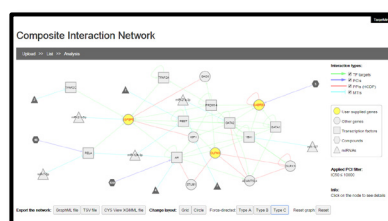
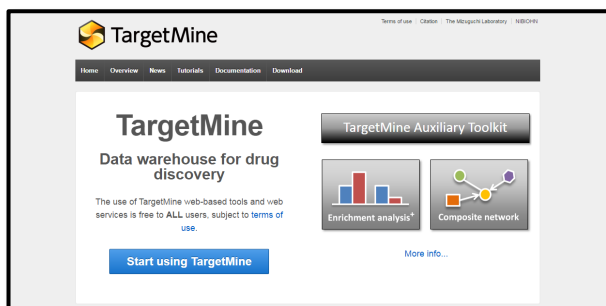
TargetMine で何ができるのか：

既存のツールでの実行が難しい検索／解析例として

1. 与えられた遺伝子リストについて、関連する疾患を検索し、同時にこれらの遺伝子を標的にすることが知られている医薬品（開発化合物）を同定する。さらにそれらの中で、医薬品—標的複合体の立体構造が知られているものを選び出す。
2. 与えられた遺伝子リストについて、それらが関与するタンパク質—タンパク質間相互作用を同定する。
3. 与えられた遺伝子リストについて、タンパク質相互作用ネットワーク中でハブやボトルネックとなっている遺伝子を選び出し、それらを標的にすることが知られている医薬品（開発化合物）を同定する。

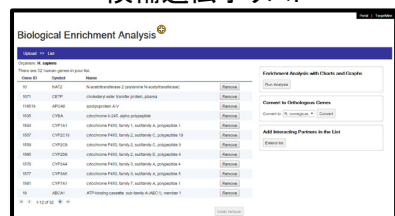
より詳しい説明と多くの例は <http://targetmine.mizuguchilab.org/tutorials> を参照。

TargetMine 補助解析ツール (Auxiliary Toolkit)：



- 異なるタイプの相互作用(タンパク質間、転写制御、化合物、miRNA)をまとめて見ることができます。

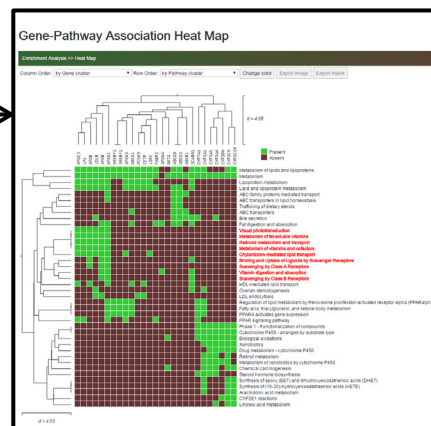
候補遺伝子リスト



エンリッチメント解析



Clustering & Heat Map



オルソログ変換

相互作用タンパク質を追加

- 1-Click で候補遺伝子リストを変換し、解析できます。

TargetMine に統合されたデータベース(一部)：

Category	Data Set	Category	Data Set
遺伝子・タンパク質	Entrez Gene, UniProtKB	相互作用	BioGRID, iRefIndex
パスウェイ	KEGG, Reactome, NCI PID	ドメイン・立体構造	InterPro, wwPDB, SIFTS
転写因子	ORegAnno, Amadeus, HTRI	立体構造分類	SCOP, CATH, Gene3D
疾患	DisGeNet	医薬品	DrugBank, KEGG DRUG
miRNA	miRBase, miRTarBase	化合物	ChEMBL, PubChem, ChEBI