TargetMine チュートリアルと実習

(独)産業技術総合研究所 関西センター2012年12月26日

Copyright © 2012 The Mizuguchi laboratory (mizuguchilab.org), NIBIO

このチュートリアルは TargetMine v0.99 に基づいて作成したものです。

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。



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。



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。

Home Templates	Lists QueryBuild	ier Data API	MyMine	Contact Us Log in	
			Search: e.g. S	TAT1, TP53 GO	
Searc	h our datab	ase by keyv	rord ① Examples		
apolipoprotein			 Search this entire website. Enter identifiers, no for genes, pathways, authors, ontology terms, embryo, zen, allele) 	ames or keywords etc. (e.g. <i>eve</i> ,	
Back to index			Search Use OR to search for either of two terms (e.g. i or quotation marks to search for phrases (e.g.	fly OR drosophila) "dna binding").	
			 Boolean search syntax is supported: e.g. dros matches or fly AND NOT embryo to exclude a 	term	
セット	Search res		Source of Control of C		
			0.5795		
	Туре	Details	0.5795		Score
Categories	Type Gene	Details 346 APOC4 Short Name:	H. sapiens		Score
Categories by Category Protein: 148	Type Gene Gene	Details 346 + APOC4 Short Name: 336 + APOA2 Short Name:	H. sapiens		Score
Categories by Category Protein: 148 Gene: 136 GeneRIF: 103	Type Gene Gene Gene	Details 346 APOC4 Short Name: 336 APOA2 Short Name: 344 APOC2 Short Name:	H. sapiens H. sapiens H. sapiens		Score
Categories by Category Protein: 148 Gene: 136 Gene: 176 Gene: 176 Gene: 176 UniProt Feature: 59 InteractionExperiment: 51 ProteinStructure: 43	Type Gene Gene Gene Gene	Details 346 APOC4 short Name: 336 336 APOA2 short Name: 344 344 APOC2 short Name: 25649 25649 Apoa2 short Name: 25649	H. sapiens H. sapiens H. sapiens R. norvegicus		Score
Categories by Category Protein: 148 Gene: 136 Gene: 136 InteractionExperiment: 51 ProteinStructure: 43 ProteinDomain: 30 GOTerm: 19	Type Cene Cene Cene Cene Cene	Details 346 APOC4 Short Name: 336 336 APOA2 Short Name: 344 344 APOC2 Short Name: 25649 25649 Apoa2 Short Name: 25680 Short Name: 25680	H. sapiens H. sapiens H. sapiens R. norvegicus R. norvegicus		Score
Categories by Category Protein: 148 Gene: 136 GeneRIF: 103 UniProteature: 59 InteractionExperiment: 51 ProteinStructure: 43 ProteinDomain: 30 GOTerm: 19 ScopClassification: 12 Component: 8	Type Gene Gene Gene Gene Gene Gene	Dettils 346 + APOC4 Short Name: 336 + APOA2 Short Name: 344 + APOC2 Short Name: 25649 + Apoa2 Short Name: 292697 + Apoa4 Short Name:	H. sapiens H. sapiens H. sapiens R. norvegicus R. norvegicus R. norvegicus		Score
Categories by Category Protein: 148 Gene: 136 Gene: 136 Gene: 136 InteractionExperiment: 51 ProteinStructure: 43 ProteinDomain: 30 GOTerm: 19 ScopClassification: 12 Component: 8 • and 2 more values > by Organism	Type Gene Gene Gene Gene Gene Gene Protein Structure	DEEIIIS 346 APOC4 Short Name: 336 APOA2 Short Name: 25649 Apoa2 Short Name: 25080 Apoa2 Short Name: 292697 Apoc2 Short Name: 292697 Apoc2 Short Name: 1ioj Experiment Type:	H. sapiens H. sapiens R. norvegicus R. norvegicus SOLUTION NMR		Score
Categories iby Category Protein: 148 Gene: 136 Gene: 136 Gene: 136 Gene: 136 Gene: 136 Gene: 130 HeractionExperiment: 51 ProteinStructure: 43 ProteinIstructure: 43 Protein	Type Gene Gene Gene Gene Gene Protein Structure Gene	Details 346 APOC4 Short Name: 336 APOA2 Short Name: 344 APOC2 Short Name: 25649 Apoa2 Short Name: 25669 Apoa2 Short Name: 292697 Apoc2 Short Name: 1ioj Experiment Type: 71939 Apol6 Short Name:	H. sapiens H. sapiens H. sapiens R. norvegicus R. norvegicus SOLUTION NMR M. musculus		Score
Categories by Category Protein: 148 Gene: 136 Gene: 136 Gene: 137 UniProtFeature: 59 InteractionExperiment: 51 ProteinStructure: 43 ProteinDomain: 30 GOTerm: 19 ScopClassification: 12 Component: 8 • and 2 more values > by Organism H. sapiens: 122 M. musculus: 99 R. norvegicus: 62	Type Gene Gene Gene Gene Gene Protein Structure Gene Gene Gene	Details 346 + APOC4 Short Name: 336 + APOA2 Short Name: 25649 + ApOC2 Short Name: 25080 + Apoc2 Short Name: 25080 + Apoc2 Short Name: 292697 + Apoc2 Short Name: 110j Experiment Type: 71939 + Apol6 Short Name: 8542 + APOL1 Short Name:	H. sapiens H. sapiens R. norvegicus R. norvegicus SOLUTION NMR M. musculus H. sapiens		Score

各検索結果(オレンジのハイライト)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)。

						Somast of	1 Log m
					Search: e.g.	STAT1, TP53	GO
Gene : APO	B H. sapiens						
ICBI Gene Number 🏻	338		DB identifier	ENSG0000084674			
econdary Identifier ⁰	HGNC:603		Name ⁰	apolipoprotein B (including Ag(x) antigen)			
escription	apo B-100 apoB-100 apoB-48 a	polipoprotein B-	Туре	protein-coding			
CLOBE	Toolabolipoblotein B48/mutant	Apo B 100					
ISHAKE							
uick Links:	Summary Geno	mics Proteins Gene	Ontology Path	ways Interaction	s Disease Enzymes	Other	
Organism						Lists	
lame			Taxon Ic	1		This Gene isn	't in any lists
lomo sapiens			9606			Upload a list.	
						Link to oth	ner Mines
Proteins						YeastMine	
			-			No results fou	nd.
)B identifier	Primary Accession	Name	Organ	iism . Name	Length	FlyMine No results fou	nd
POB_HUMAN	P04114	Apolipoprotein B-100	Homo	sapiens	4563 FASTA	modMine	ing.
						D. melanoga	ster
7 Synonyms						Riabg ^a , C	G 15828 ····
/alue						H. sapiens	
NSG00000084674						APOB A	
IGNC:603						Apob A	
POB						RatMine	
LDB						R. norvegicu:	5
						Apop-	inke
.DLCQ4						EXTERIO	
DLCQ4 1M_000384.2							iiiito
LDLCQ4 NM_000384.2						ensembl:	

 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、化合物などの分類分け、TargetMine 内では"クラス" と呼ばれる)に応じて、より詳細な情報が表示されます。例えば、関連するクラスの 情報や、クラス毎に予め用意された検索例("テンプレート"と呼ばれる)など(これ らの詳細は後述)。

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。

Home	Templates	Lists	QueryBuilder	Data	API	MyMine
Upload	View					

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 を混在させることは構いません(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。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。

次は "Create List" ボタンをクリックしてください。



● 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なされます。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 31 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 31 Genes	2. Click to save.
1 Upload list of identifiers	2 Verify identifier matches	E. List analysis	In your list	
Choose a name for the	list		31 Genes	*
demo	1. Input a name.			

• 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。



● 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。これらの表の上部には Export/Edit オプションと検索ボックスがあり 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 間相互作用 (PPIs) や関連する薬の情報を得ることができます。

Disease Ontology Enrichment				As	sociated Drugs		
Disease ontology enriched for genes in this list. Fo he math used in these calculations, see here. Number of Genes in this list not analysed in this wide	or more informatic get: 7	in ab	out	Dru Num Vi	gs which associated w iber of Genes in this I ew Download	ith genes in the list. ist not analysed in this widget: :	12
Multiple Hypothesis Test Correction	Benjamini and Hochb	erg	s		Drug.drugBankId	Targeted Genes	
Maximum v	alue to display (0.05	-		DB00143	5	
View Download				[77]	DB00157	2	E
DO Term	p-Value		* =	177	DB01213	2	
🔲 pancreatitis [DOID:4989] 🛎	3.3624E- 21	14			DB01296	2	
Departure disease [DOID:26]	2.3565E-	15		100	DB01834	2	
pandreas disease [DOID:20] -	19	15		[117]	DB01907	2	
🔲 endocrine system disease [DOID:28] 🛎	5.6695E- 19	19			DB03431	2	
🔲 alcoholic pancreatitis [DOID:4988] 🛎	6.0003E- 18	9			DB04077 DB04184	2 2	
gastrointestinal system disease [DOID:77]	1.1705E- 12	18			DB04412	2	
acute pancreatitis [DOID:2913]	1.1857E-9	7			DB00005	1	
hypersensitivity reaction type II disease [DOID:417]	1.5571E-9	15			DB00031 DB00051	1	
🔲 diabetes mellitus [DOID:9351] 🛎	1.7371E-9	15		[1001]	DROOOCE	*	-
periodontitis [DOID:824] 🛎	1.9324E-9	8					
vascular disease [DOID:178] 🛎	2.33E-9	17					

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。

Template results for 'demo'	
The template queries below have been executed for this list. Genomics	
🛞 Gene> Enzyme	18 results
	⇒ Show first 10 rows
🜸 Gene> GO terms.	603 results
	⇒ Show first 10 rows
🜸 Gene> Pathway	619 results
	Show first 10 rows
🌸 Gene> Proteins.	39 results
	⇒ Show first 10 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。

Home Templates	Lists	QueryBuilder	Data	API	MyMine

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

Filter transcription	Filter all categories + Reset	
Gene(s)> Downstream Trans Given a gene or a list of genes relations	cription Target genes , retrieve all downstream transcription target genes from the AMADEUS and ORegAnno compiled TF-Target gene	
Gene(s)> Upstream Transcri Given a gene or a list of genes gene relations	ption Factors , retrieve all upstream regulatory genes (transcription factors) from the AMADEUS and ORegAnno compiled TF-Target	
Gene(s)> Gene Regulatory A Given a gene or a list of genes and ORegAnno compiled TF-Ta	sociations , retrieve all upstream regulators (regulatory transcription factors) and/or downstream targets from the AMADEUS rget 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。

そして、テンプレートは 'Gene(s) --> Upstream Transcription Factors' をクリックしてください。

		Gene(s) Upstream Transcription Factors Given a gene or a list of genes, retrieve all upstream regulatory genes (transcription factors) from the AMADEUS and ORegAn compiled TF-Target gene relations	no
		Gene	
		LOOKUP: 10121 for Organism: H. sapiens	
1. Click the c to select the	heckbox demo list	✓ constrain to be IN saved Gene list demo	
		Show Results 2. Click to show results	эгу

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。次 に、 "Show Results" ボタンを押し、検索を実行します。 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。

"Source" から全ての遺伝子を選択してください。

Total	rows: 26	nplate				
Ed (CREATE LIST	ADD TO LIST	ADD COLUMN CSV FASTA GFF3 PAGE SIZE 25 - << FIRST < PREVIOUS NEXT > L	ast >>		
V	Source E	Source 🗊	Source > Sou	Target > E NCBI Gene Number	<i>Target</i> > ∑ Symbol	Target > Name
V 3	3172	HNF4A	hepatocyte nuclear factor 4, alpha	125	ADH1B	alcohol de
V 3	3175	ONECUT1	one cut homeobox 1	125	ADH1B	alcohol de
V 6	5927	HNF1A	HNF1 homeobox A	125	ADH1B	alcohol de
1	3172	HNF4A	hepatocyte nuclear factor 4, alpha	217	ALDH2	aldehyde
V 1	1385	CREB1	cAMP responsive element binding protein 1	3107	HLA-C	major hist
V 1	1869	E2F1	E2F transcription factor 1	3265	HRAS	v-Ha-ras H
1	7157	TP53	tumor protein p53	3265	HRAS	v-Ha-ras H
1	3175	ONECUT1	one cut homeobox 1	3304	HSPA1B	heat shoc
	3297	HSF1	heat shock transcription factor 1	3304	HSPA1B	heat shock

"CREATE LIST" タブをクリックし, 名前をつけてリストを保存してください。(例: ' 'upstream_TFs')

1. Click on the tab 'CREATE LIST'	CREATE LIST	LIST 📩 ADD COLUMN	EXPORT	
	(WITH SELECTED ITEMS) IN A N	IEW LIST NAMED		
	upstream_TFs	Save selected 2. C	lick 'Save	e selected'
	CANCEL		to sa	ve

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, Constraints 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。

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
LOOKUP: 10121 for Organism: H. sapiens
📺 constrain to be 🛛 🔍 👻 saved Gene list demo
Show Results

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 🖞 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。

Fields selected for output	
Columns to Display Use the SHOWY or SUMMARY I links to add fields to the results table choose a column to sort results by, dick again to select ascending REMOVENLLY	Click and drag the blue output boxes to choose the output column order.Click []] to []] or descending []].Use the RETHOUGALLY link to remove all fields from the results table.
Gene > Protein DNA Interactions > Interact With > NCBI Gene Number Source > ncbiGeneNumber	r 🗞 Gene > Protein DNA Interactions > Interact With > Symbol 🗞 Source > symbol 🖉
Gene > Protein DNA Interactions > Interact With > Name Source > name	NCBI Gene Number > ncbiGeneNumber Target > symbol Target > symbol Target > name Target > name Target > name
Gene > Protein DNA Interactions > Data Sets > Name DataSet > name ♀ ↓	The order of the fields in the column may be changed by drag and drop.

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つは、'Gene' で 'LOOKUP 10121 IN H. sapiens' と書かれているものです。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 ♀ ボタンを クリックしてください。

Query Overview	
Gene LOOKUP 10121 IN H. sapiens Name NCBI Gene Number Symbol	(A) nove 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。

		Sum	mary	button				
Source >	Source > Name		_		Σ			
HNF4A Get Glumn Summary ar factor 4, alpha								
ONECUT1	one cut	homeobo	x 1					
CDX1	caud Co	olumn Sun	nmary	×	۰			
GATA4	GAT/							
PDX1	panc Tabal association 3000 Ce > Symbol							
NFIC nude Total rows:11149								
YY1	YY1 I	ocar uniqu	ue valu	63. 04				
SOX2	SRY	Value	Count					
ETS1	v-ets	CREB1	2314		n)			
POU5F1	POU	HNF4A	1470					
SOX2	SRY	ETS1	1175					
NANOG	Nand	REST	910					
SOX2	SRY	NANOG	702					
ETS1	v-ets	YY1	694		n)			
SOX2	SRY	NRF1	669					
ETS1	v-ets	SOX2	560		n)			
SOX2	SRY	ESR1	488					
NANOG	Nand	HSF1	328					
E2F4	E2F1							
CREB1	CAME	Note: sho	wing or	ly the first 10 rows of summary.				
ETS1	v-ets	new all			n)			
HNF4A	hepator	yte nucle	ar facto	or 4, alpha				

もう少し他の操作もしてみましょう。

'Query' をクリックして、クエリビルダーに戻ります。

Home	Templates	Lists	QueryBuilder	Data	API	🚢 MyMine

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。'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。



Model browser

Query overview

'Show results' をクリックし、もう一度実行してみましょう。

And Column GOV FASTA CLED Pace are 25 • << Front < Persona New > >							
Source	E Source E	Scote > Name	E Target > (E) NCBI Gene Number	(Ē) Tarpet ≯ (Ē) Symbol	Tagat > Name	🗊 🗖 DataSet > [Name	
1044	CDX1	caudal type homeobox 1	EI 100	ADA	adenosine deaminase	CRegAnno CRegAnno	
2626	GATA4	GATA binding protein 4	100	ADA	adenosine deaminase	CRegAnno	
3651	PDX1	pancreatic and duodenal homeobox 1	100	ADA	adenosine deaminase	CRegAnno CRegAnno	
4782	NFIC	nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)	100	ADA	adenosine deaminase	CRegAnno	
7528	YY1	YY1 transcription factor	100	ADA	adenosine deaminase	CRegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	100130418	CECR7	cat eye syndrome chromosome region, candidate 7 (non-protein coding)	CRegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	E 100130873	CARM1P1	coactivator-associated arginine methyltransferase 1 pseudogene 1	CRegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	1002	CDH4	cadherin 4, type 1, R-cadherin (retinal)	CRegAnno	
5970	REST	RE1-silencing transcription factor	10021	HCN4	hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 4	CRegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10044	SH2D3C	SH2 domain containing 3C	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10135	NAMPT	nicotinamide phosphoribosyltransferase	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	1014	CDH16	cadherin 16, KSP-cadherin	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10143	CLEC3A	C-type lectin domain family 3, member A	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10218	ANGPTL7	angiopoietin-like 7	C ORegAnno	
4782	NFIC	nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor)	1026	CDKN1A	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)	C ORegAnno	
6667	SP1	Sp1 transcription factor	1026	CDKN1A	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)	C ORegAnno	
6670	SP3	Sp3 transcription factor	1026	CDKN1A	cyclin-dependent kinase inhibitor 1A (p21, Cip1)	C ORegAnno	
6772	STAT1	signal transducer and activator of transcription 1, 91kDa	103	ADAR	adenosine deaminase, RNA-specific	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10307	APB83	amyloid beta (A4) precursor protein-binding, family B, member 3	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10368	CACNG3	calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 3	CRegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	E 10369	CACNG2	calcium channel, voltage-dependent, gamma subunit 2	CRegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	0 10381	TUB83	tubulin, beta 3 class III	C ORegAnno	
5978	REST	RE1-silencing transcription factor	10394	PRG3	proteoglycan 3	C ORegAnno	
7157	TP53	tumor protein p53	104	ADARB1	adenosine deaminase, RNA-specific, B1	C ORegAnno	
6772	STAT1	signal transducer and activator of transcription 1, 91kDa	10410	IFITM3	interferon induced transmembrane protein 3	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。