

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")

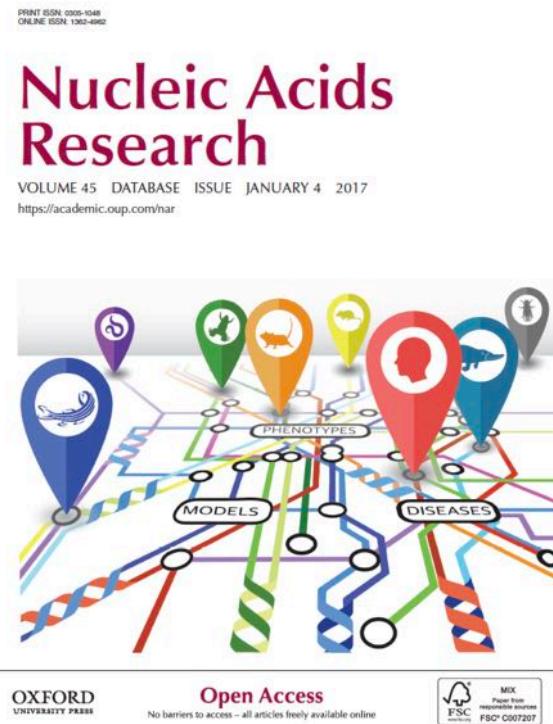
Data provenance [edit]

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



National
Center for
Biotechnology
Information



- Bethesda, MD USA
- Более 60 БД включая PubMed, GenBank, DBGap, 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

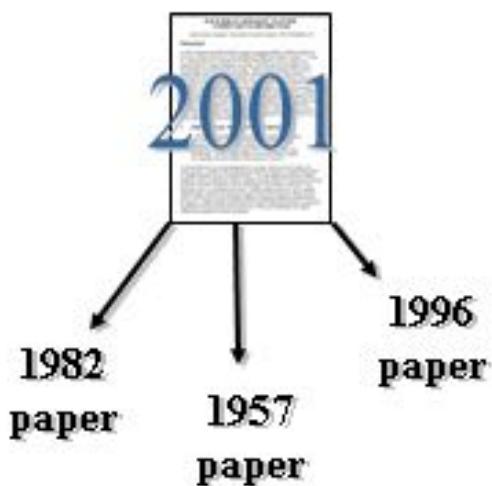
Embase – European based, includes all of Medline (database behind PubMed) and more; > 29M records, >8,500 journals, 1940s to present; includes coverage of more basic science journals & pre-clinical topics - especially useful for drug pipeline information, biotechnology, medical devices, conference coverage, 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>

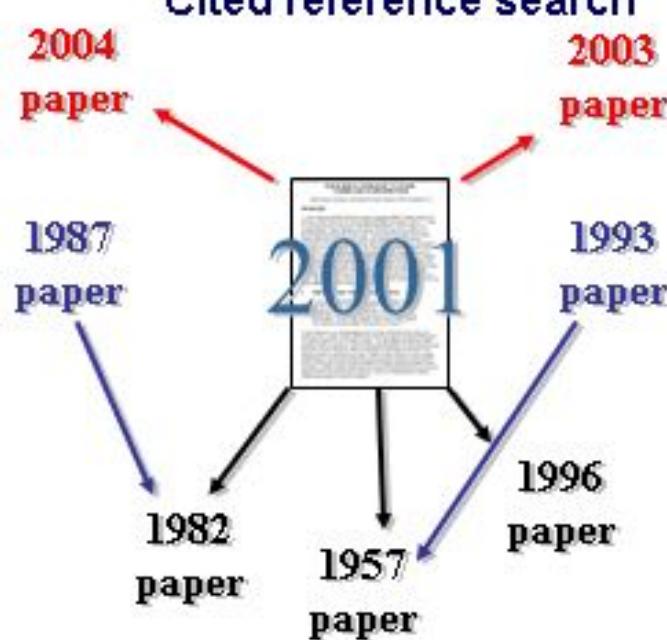
Реферативные базы данных

Cited Reference Searching

Traditional search



Cited reference search



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

Учебно-практический семинар
Использование РИНЦ и SCIENCE INDEX для анализа и оценки научной деятельности
27 февраля 2018

Подписка научных организаций на информационно-аналитическую систему SCIENCE INDEX



Elibrary.ru/РИНЦ

Реферативные базы данных

Общенаучные базы данных цитирований

A search bar with a blue outline and a blue search button containing a white magnifying glass icon.

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.openthalysis.org/> ;

BASE – Bielefeld Academic Search Engine -

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

> refine search result > document type > theses

ProQuest Dissertations & Theses

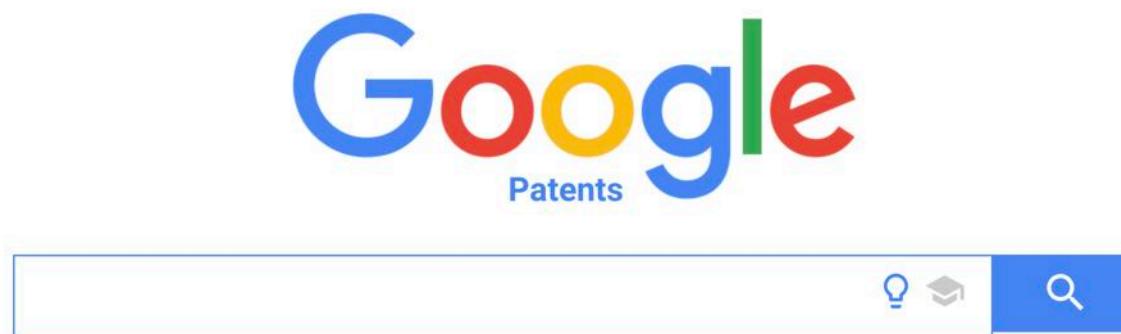
Database <http://www.proquest.com/products-services/pqdt.html> - from 1743

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

The screenshot shows the NCBI GenBank search interface. At the top, there's a blue header bar with the NCBI logo, 'NCBI Resources' dropdown, and 'How To' link. Below it is a grey navigation bar with 'GenBank' selected. A search bar contains 'Nucleotide'. Underneath are several dropdown menus: 'GenBank', 'Submit', 'Genomes', 'WGS', 'Metagenomes', 'TPA', 'TSA', 'INSDC', and 'Other'. The main content area is titled 'Sample GenBank Record'.

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>	SCU49845	5028 bp	DNA	PLN	21-JUN-1999
<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 <i>Saccharomyces cerevisiae</i>				
<u>JOURNAL</u>	<i>Yeast</i> 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>	<i>Genes Dev.</i> 10 (7), 777-793 (1996)				
<u>PUBMED</u>	8846915				

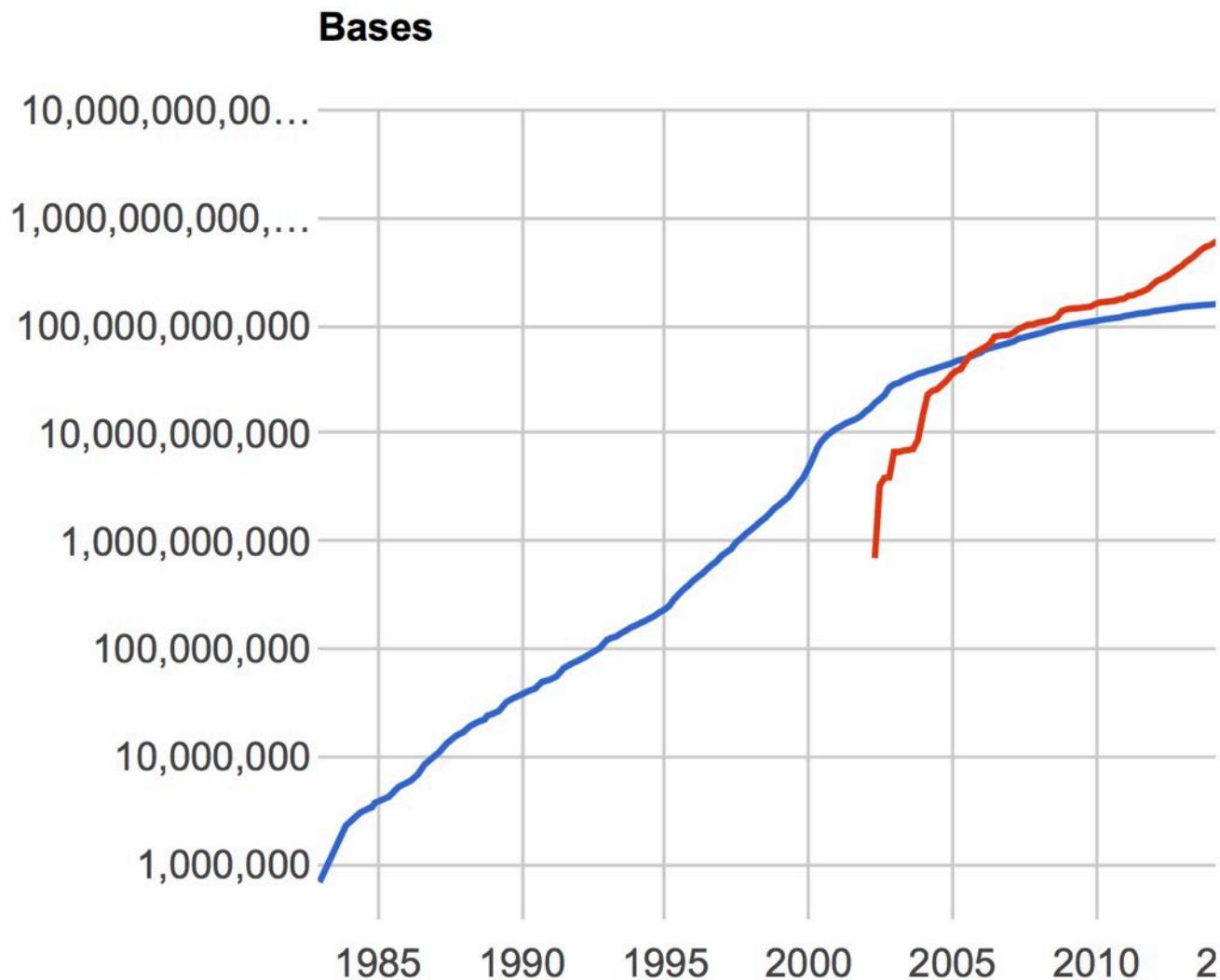
База данных GenBank. Структура файла

```
...
FT      /translation="MGQPGNGSAFL LAPNGSHAPDHDTQQRDEVVVVGIVMSLIVL
FT      AIVFGNVLVITAIAKFERLQTVTNYFITSACADLVMGLAVVPFGAAHILMKMWTFGNF
FT      WCEFWTSIDVLCVTASIETLCVIAVDRYFAITSPFKYQSLLTKNKARVIILMVWIVSGL
FT      TSFLPIQMHWYRATHQEAINCYANETCCDFFTQNQAYAIASSIVSFYVPLVIMVFVYSRV
FT      FQEAKRQLQKIDKSEGRFHVNLSQVEQDGRTGHGLRRSSKFCLKEHKALKTLGIIMGT
FT      FTLCWLPPFIVNIVHVIQDNLIRKEVYILLNWIGYVNNSGFNPLIYCRSPDFRIAFQELL
FT      CLRRSSLKAYGNGYSSNGNTGEQSGYHVEQEKENKLLCEDLPGTEDFVGHQGTVPSDNI
FT      DSQGRNCSTNDSSL<<
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 cagcgcccttc ttgctggcac ccaatggaag ccatgcgccg 60  
gaccacgacg tcacgcagca aaggacgag gtgtgggtgg tggcatggg catcgatcg 120  
tctctcatcg tcctggccat cgtttggc aatgtgctgg tcacacagc cattgccaag 180  
ttcgagcgtc tgcaacggtt caccactac ttcatcaactt cactggcctg tgctgatctg 240  
gtcatggcc tggcagtggc gccctttggg gccgcccata ttcttatgaa aatgtggact 300  
tttggcaact tctggtgca gtttggact tccattgatg tgctgtgcgt cacggccagc 360  
attgagaccc tgtgcgtgat cgcaatggat cgctactttg ccattacttc acctttcaag 420  
taccagagcc tgctgaccaa gaataaggcc cgggtgatca ttctgatggc gtggatttgt 480  
tcaggccta cctccttctt gcccatttag atgcactggc accgggcccac ccaccaggaa 540  
gccatcaact gctatgcca tgagacctgc tgtgacttct tcacgaacca agcctatgcc 600  
attgcctctt ccatcggtc cttctacgtt cccctggta tcattggctt cgtctactcc 660  
agggtcttc aggaggccaa aaggcagctc cagaagattg acaaatctga gggccgcttc 720  
catgtccaga accttagcca ggtggagcag gatgggcggc cggggcatgg actccgcaga 780  
tcttccaagt tctgcttgaa ggagcacaaa gccctcaaga cgttaggcat catcatggc 840  
actttcaccc tctgctggct gcccttcttc atcgtaaca ttgtgatgt gatccaggat 900  
aacctcatcc gtaaggaagt ttacatcctc ctaaattgga taggctatgt caattctgg 960  
ttcaatcccc ttatctactg ccggagccca gatttcagga ttgccttcca ggagcttctg 1020  
tgcctgcgca ggtcttctt gaaggcctat ggaaatggct actccagcaa cggcaacaca 1080  
ggggagcaga gtggatata cgtggAACAG gagaaagaaa ataaactgct gtgtgaagac 1140  
ctcccaggca cggaagactt tgtggccat caaggtactg tgcctagcga taacattgat 1200  
tcacaaggga ggaattgttag tacaaatgac tcactgctgt 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=" <u>Cuban cahibo cigar, gift from President Fidel Castro</u> " /db_xref="taxon: 4097 "

RefSeq – is a reference sequence database!

RefSeq – is a reference sequence database!

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

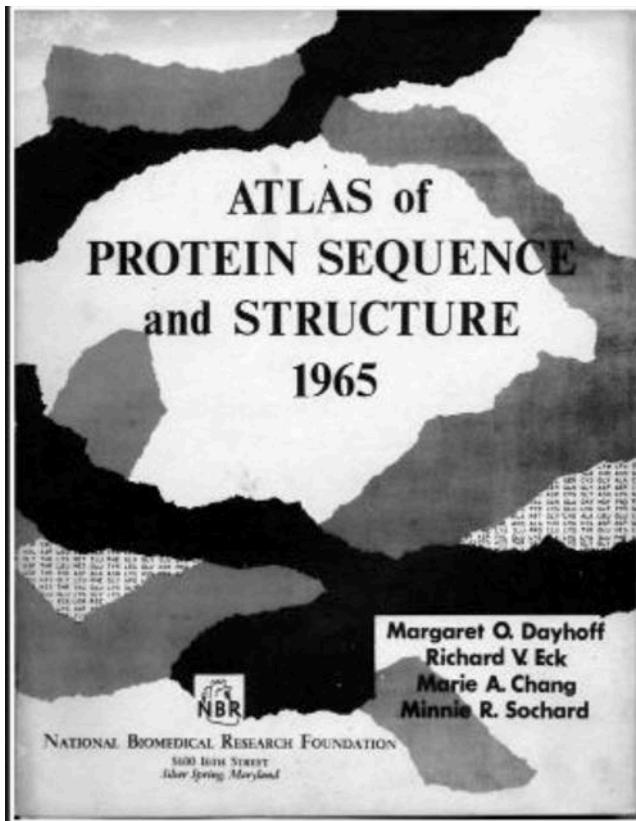
- Библиографические/реферативные базы данных литературных источников (статьи, тезисы, патенты, материалы конференций и т.д.)
- Базы данных последовательностей ДНК
- **Базы данных последовательностей белков**
- Базы данных 3D структур
- Базы данных хим. соединений
- Базы данных геномов и аннотаций
- Базы 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="MGQPGNGSAFLLAPNGSHAPHDVTQQRDEVVVGMGIVMSLIVL  
FT      AIVFGNVLVITAIKFERLQTVTNYFITSLACADLVMGLAVVPFGAAHILMWMWTFGNF  
FT      WCEFWTSIDVLCVTASIELCVIAVDRYFAITSPEFKYQSLLTKNKARVIIILMVWIVSGL  
FT      TSFLPIQMHWYRATHQEAINCYANETCCDFFTQNQAYAIASSIVSFYVPLVIMVFVYSRV  
FT      FQEAKRQLQKIDKSEGRFHVNQNLSQLVEQDGRTGHGLRRSSKFCLKEHKALKTGIIIMGT  
FT      FTLCWLPPFIVNIVHVIQDNLIRKEVYILLNWIGYVNSGFNPLIYCRSPDFRIAFQELL  
FT      CLRRSSLKAYGNGYSSNGNTGEQSGYHVEQEKENKLLCEDLPGTEDFVGHQGTVPSEN  
FT      DSQGRNCSTNDSSL<<  
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 mission of UniProt is to provide the scientific community with a comprehensive, high-quality and freely accessible resource of protein sequence and functional information.

UniProtKB
UniProt Knowledgebase

Swiss-Prot (556,568)
Manually annotated and reviewed.

TrEMBL (107,627,435)
Automatically annotated and not reviewed.

UniRef
Sequence clusters

UniParc
Sequence archive

Proteomes

Supporting data

Literature citations

Cross-ref. databases

Taxonomy

Diseases

Subcellular locations

Keywords

News

Forthcoming changes
Planned changes for UniProt

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

UniProt release 2017_11
News archive

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 | [RSS](#) | [PDB Statistics](#)

Contact Us | Print | PDB ID or Text | 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

Customize This Page

New Features Hide
Improved Domain Display on Sequence Tab
Latest features released:
Website Release Archive:

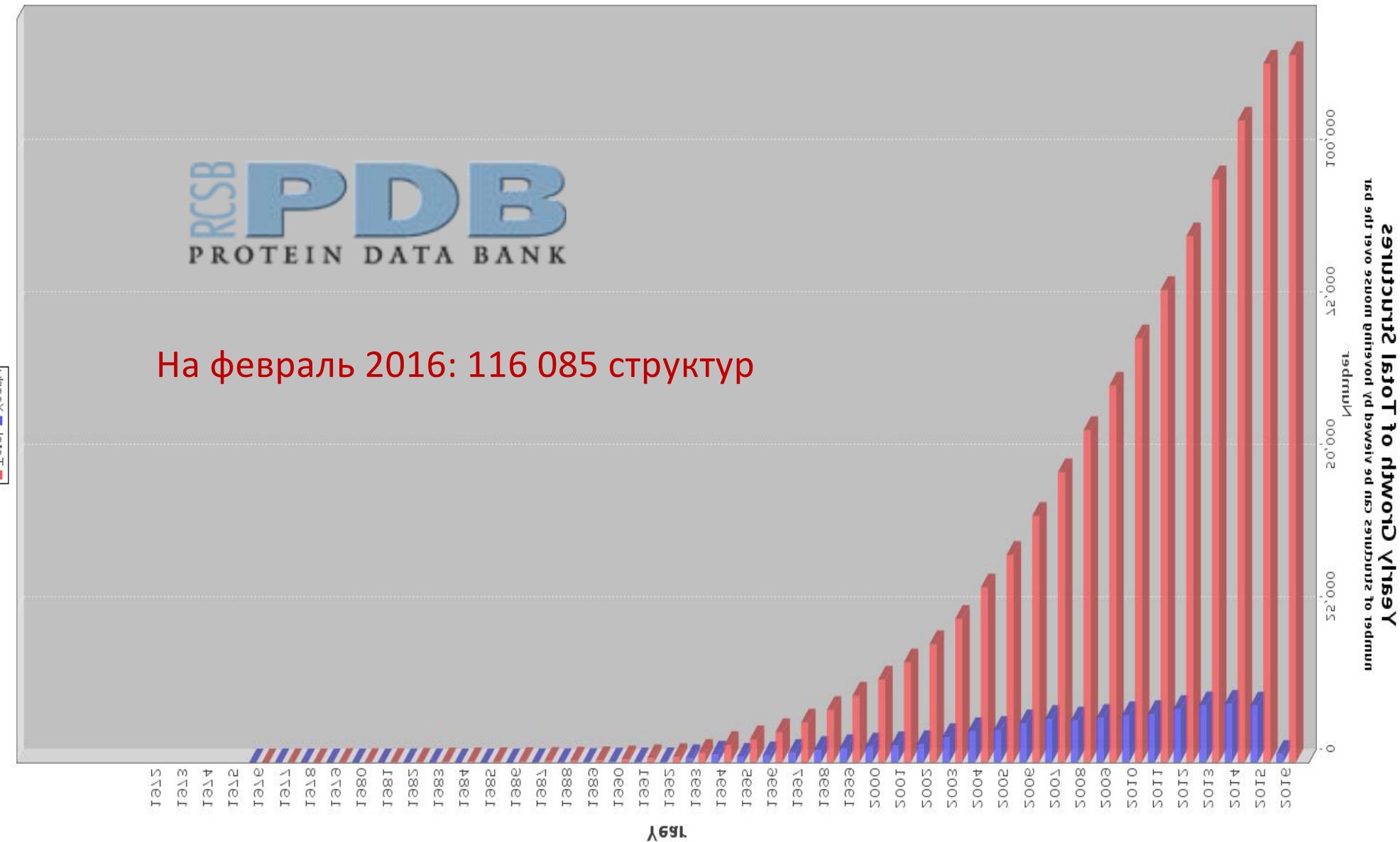
RCSB PDB News Hide
Weekly | Quarterly | Yearly
2010-10-12
Categorized View of Molecule of the Month


Explore new Molecule of the Month feature categories.

Featured Molecules (MotM Category View / Previous
Features: MotM | PSI)
Structural View of Biology | Protein Synthesis |  |  |  | 
Molecule of the Month:
Riboswitches
Why use two or more molecules when one

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

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

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

Classification: Immune System/metal Transport

Structure Weight: 61280.07

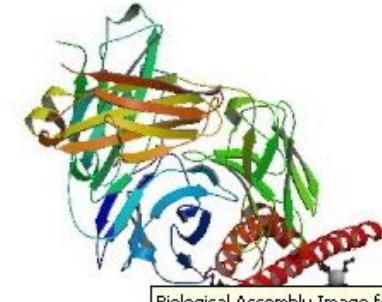
Molecule: ANTIBODY FAB FRAGMENT LIGHT CHAIN **Length:** 219
Polymer: 1 **Type:** polypeptide(L)
Chains: A

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

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)

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 [hide] [reference]
5% helical (4 helices; 12 residues)
51% beta sheet (22 strands; 112 residues)

More annotations Select

Sequence Details

dssp

PDB QVQLQQPGAEELVKPGASVKLSCKASGYTFTSDWIHWVKQRPGHGLEWIGEIIIPSYGRANY
PDB 1 10 20 30 40 50 60

dssp

PDB NEKIQKKATLTADKSSSTAFMQLSSLTSEDSAVYYCARERGDGYFAVWGAGTTVTVSSAK
PDB 61 70 80 90 100 110 120

dssp

PDB TTPPSVYPLAPGSAAQTNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVWNSGSLSSGVHTFPPAVLQSDLY
PDB 121 130 140 150 160 170 180

dssp

PDB TLSSSVTPSSSWPSETVTCNVAHPASSTKVDDKKIVPRD
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.

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

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

News

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 

Enter Text Here 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
1bl8	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

 日本語

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

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

Базы данных химических соединений

NCBI  My NCBI [Sign In] [Register]

Search PubChem Compound for epinephrine Go Clear Save Search

Advanced Search Preview/Index History Clipboard Details

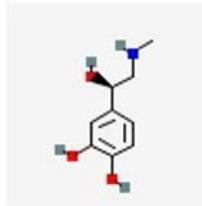
Display Summary Show 20 Sort By Send to

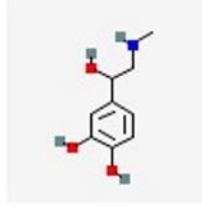
Tools:    Links: Related Structures, BioAssays, BioSystems, Literature, Other Links

All: 120 Rule of 5: 62 

Items 1 - 20 of 120 Page 1 of 6 Next

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

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-[(1R)-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

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 right, there is a navigation bar with links for ACS, JOURNALS, C&EN, and CAS. Below the navigation bar, the CAS logo is displayed, followed by the text "A division of the American Chemical Society". A horizontal menu bar contains links for ABOUT CAS, OUR EXPERTISE, SOLUTIONS, PRODUCTS & SERVICES, SUPPORT & TRAINING, and NEWS & EVENTS. To the right of the menu is a "Site Search" input field with a magnifying glass icon. On the left side of the page, there are three promotional boxes: one for SciFinder (with the tagline "Increase your productivity and achieve faster breakthroughs"), one for STN (with the tagline "Access the most comprehensive scientific, technical, & patent information"), and one for the CAS database (with the tagline "55,519,680 ORGANIC AND INORGANIC SUBSTANCES TO DATE"). The main content area features a large banner with the headline "Carbon Bond Formations Win 2010 Nobel Prize with Award-Winning Research in CAS Databases" and a subtext "Check out the early inspiring efforts of these three great chemists." Below the banner is a "LEARN MORE" button and a navigation slider. At the bottom of the page, there are three columns: "QUICK LINKS", "THE RESEARCH EDGE", and "CAS UPDATES". The "QUICK LINKS" column contains a link to product resources in SciFinder and STN Support & Training. The "THE RESEARCH EDGE" column contains a link to information on how to ensure research is on the cutting edge. The "CAS UPDATES" column lists two recent additions to the database.

ACS JOURNALS C&EN CAS

A division of the American Chemical Society

ABOUT CAS OUR EXPERTISE SOLUTIONS PRODUCTS & SERVICES SUPPORT & TRAINING NEWS & EVENTS Site Search

SciFinder Increase your productivity and achieve faster breakthroughs

STN Access the most comprehensive scientific, technical, & patent information

55,519,680 ORGANIC AND INORGANIC SUBSTANCES TO DATE

Carbon Bond Formations Win 2010 Nobel Prize with Award-Winning Research in CAS Databases

Check out the early inspiring efforts of these three great chemists.

LEARN MORE

QUICK LINKS

Find all your product resources in SciFinder and STN Support & Training.

SciFinder®

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

- 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](#)

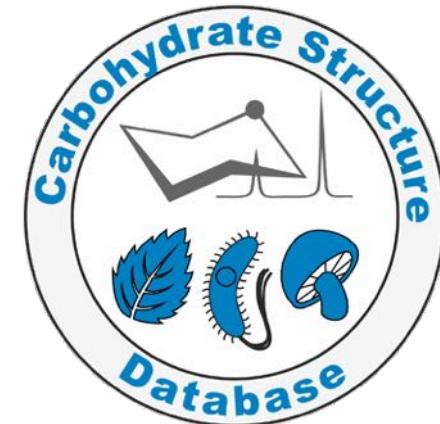
[How Reaxys works](#)

[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

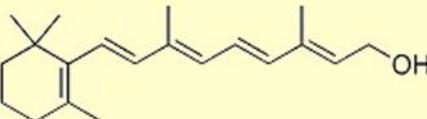
DATA No : VVA0001 INFORMANT : Hiroyuki Kagechika

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

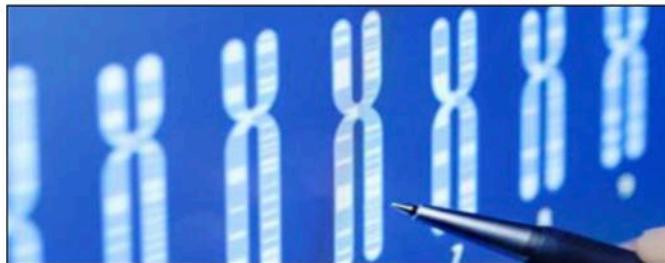
MELTING POINT : 62-64°C (Ref. 0013)

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

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

Custom resources

[Human Genome](#)[Microbes](#)[Organelles](#)[Viruses](#)

Other Resources

[Assembly](#)[BioProject](#)[BioSample](#)[Map Viewer](#)[Genome Data Viewer](#) NEW

Genome Tools

[BLAST the Human Genome](#)[Microbial Nucleotide BLAST](#)

Genome Annotation and Analysis

[Eukaryotic Genome Annotation](#)[Prokaryotic Genome Annotation](#)[PASC \(Pairwise Sequence Comparison\)](#)

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 annotates 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



Genomes

Genome Browser

Tools

Mirrors

Downloads

My Data

View

Help

About Us

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

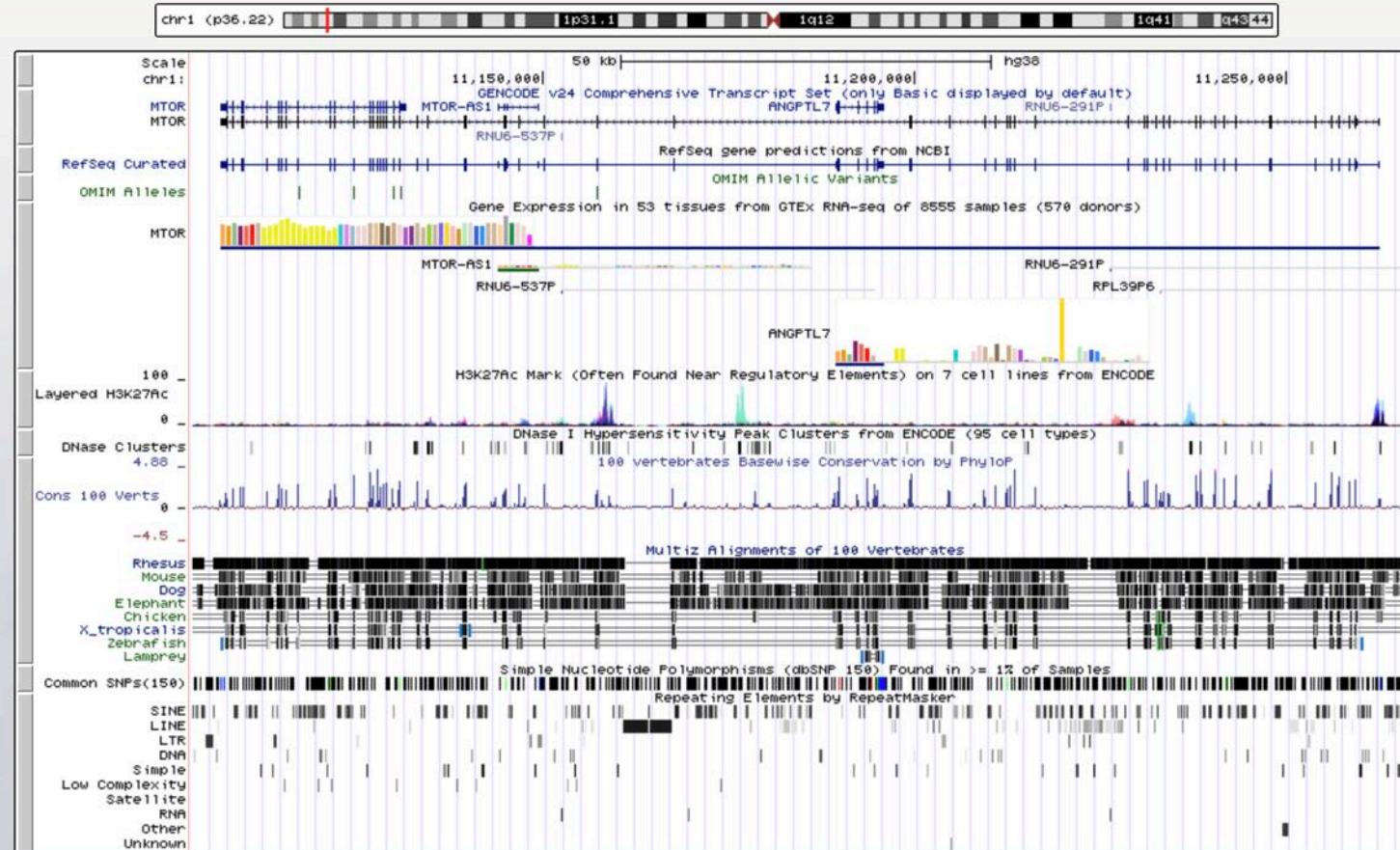
move <<< << < > >> zoom in 1.5x 3x 10x base zoom out 1.5x 3x 10x 100x

chr1:11,102,837-11,267,747 164,911 bp.

enter position, gene symbol, HGVS or search terms



go

[Request onsite workshops](#)

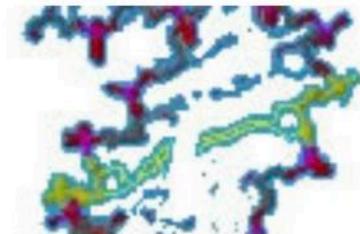
План

- 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

dbSNP

for



Go

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 `omim#` must be prefixed with "Uni" or "MIM", respectively. (e.g.



NCBI Resources ▾ How To ▾

[Sign in to NCBI](#)

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](#)

[Contact Us](#)

Accessing Data

[Structural Variation Data Hub](#)

[Find Structural Variation](#)

Other NCBI Resources

[dbSNP](#)

[OMIM](#)



NCBI Resources ▾ How To ▾

[Sign in to NCBI](#)

OMIM

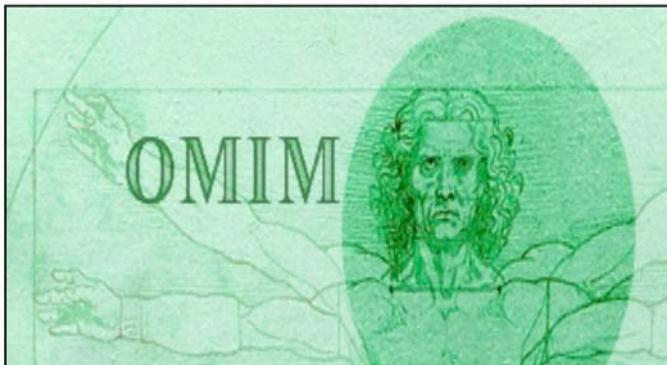
OMIM



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](#)

NCBI Resources ▾ How To ▾ Sign in to NCBI

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

Home About ▾ Access ▾ Help ▾ Submit ▾ Statistics ▾ FTP ▾

ACTGATGGTATGGGCCAAGAGATATATCT
CAGGTACGGCTGTCACTTAGACCTCAC
CAGGGCTGGGCATAAAAGTCAGGGCAGAGC
CCATGGTGCATCTGACTCCTGAGGAGAAGT
GCAGGTTGGTATCAAGGTTACAAGACAGGT
GGCACTGACTCTCTGCCTATTGGTCTAT

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



Browse/Search

Authorized Access

Help

[Log In](#)

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.](#)

[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: [Project](#) ▾

[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 »](#)

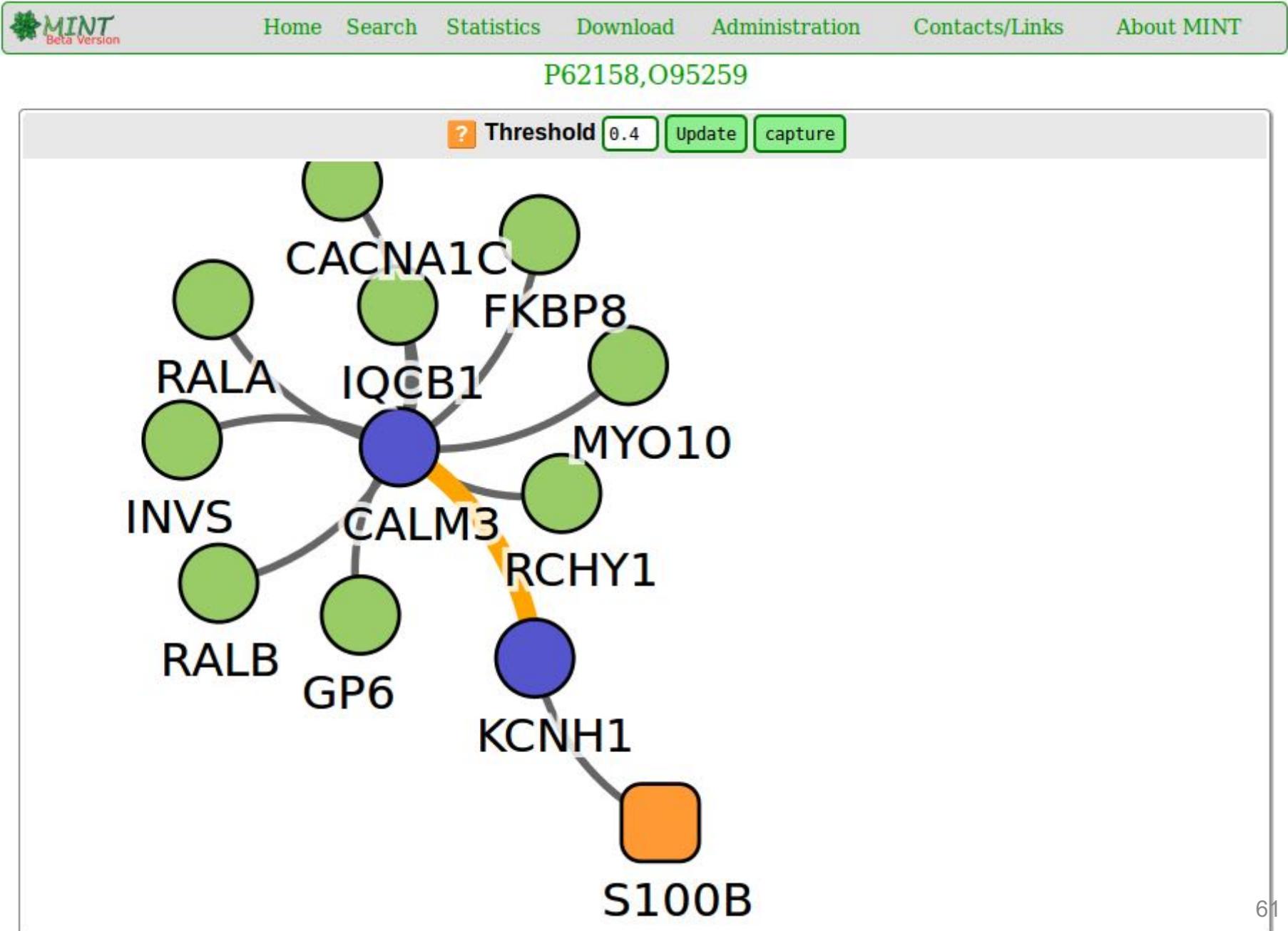
План

- 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



Базы данных взаимодействий

Kalium
Database of potassium channel toxins from scorpion venom

Molecular Institute of Biochemistry and Biophysics
Russian Academy of Sciences

ИБХ

Help & FAQs About & Contact

174 toxins shown Clustal align

<input type="checkbox"/>	Organism ▾ ↑↓	Name ▾ ↑↓	Synonyms <input type="text"/>	UniProt ID	Sequence	PDB <input type="button" value=""/>	Mass ↑↓	Pub. Date ↑↓	Activity ▾	
<input type="checkbox"/>	<i>Leiurus quinques...</i>	α-KTx 1.1	ChTX; ChTX-Lq...	P13487	ZFTNVSCTTSKE C WSV C QRLHNTSRGK C MNKK C R ^Y S	1BAH,1C1	4295.05	1988	Shaker,Kv1.1,Kv1.2,	
<input type="checkbox"/>	<i>Leiurus quinques...</i>	α-KTx 1.2	ChTX-Lq2, ChTx...	P45628	ZFTQES C TASNQ C WSI C KRLHNTNRGK C MNKK C R ^Y S	1LIR	4335.08	1989	Kv1,KCa1.1	
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus tam...</i>	α-KTx 1.3	IbTx; Iberiotoxin	P24663	ZFTDVDCSVSK C WSV C KDLFGVDRGK C MGKK C R ^Y Q		4230.02	1990	KCa1.1	
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus mart...</i>	α-KTx 1.5	BmTX1, Neuroto...	Q9NI16	ZFTDVKCTGS C WPV C KQMFGKPN C MNGK C R ^Y S	1BIG	4169.04	1997	Kv1,Kv1.3,KCa1.1	
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus mart...</i>	α-KTx 1.6	BmTX2, Neuroto...	Q9NI15	ZFTNVSCASSQ C WPV C KKLFGTYRGK C MNSK C R ^Y S	2BMT	4178.97	1997	Kv1,Kv1.3,Kv11.1,K	
<input type="checkbox"/>	<i>Parabuthus trans...</i>	α-KTx 1.10	PBTx3; Parabuto...	P83112	EVDMR C KSSKE C LVK C QATGRPNGK C MNRK C YPR		4274.23	2002	Kv1.1,Kv1.2,Kv1.3,K	
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides nox...</i>	α-KTx 1.11	SloTx; Slotoxin	P0C182	TFIDVDCTSKE C WAP C KAAGFVDRGK C MGKK C CYV		4085.98	2001	KCa1.1	
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus eup...</i>	α-KTx 1.16	Toxin MeKTx11-1	C0HJQ8	ZFTDVKCTGT C WPV C KKMFGRPNGK C MNGK C R ^Y P		4221.16	2015	Kv1.1	
<input type="checkbox"/>	<i>Mesobuthus eup...</i>	α-KTx 1.17	Toxin MeKTx11-3	C0HJQ7	ZFTDVKCTVT C WPV C KKMFGRPNGK C MNGK C R ^Y S		4253.21	2015	Kv1.1	
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides nox...</i>	α-KTx 2.1	NTx; Noxiustoxin...	P08815	TIINVKCTSP C SKP C KELYGSSAGAK C MNGK C CYNN-NH ₂	1SX ^M	4195.06	1982	Shaker,Kv1.1,Kv1.2,	
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides mar...</i>	α-KTx 2.2	MgTX; Margatoxin	P40755	TIINVKCTSP C CLPP C KAQFGQSAGAK C MNGK C CYPH	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	ITINVKCTSP C CLRP C KDRFG C HAGGK C INGK C CYP		4191.06	1994	Kv1	
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides nox...</i>	α-KTx 2.4	NTx-2, NTx2; No...	Q9TXD1	TIINEKCFATS C WTP C KKAI C LSQSK C MNGK C CYNG		4183.05	1996	Kv1	
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides lim...</i>	α-KTx 2.5	HgTX1; Hongoto...	P59847	TVIDVKCTSP C CLPP C KAQFG C IRAGAK C MNGK C CYPH	1HLY	4220.20	1998	Kv1.1,Kv1.2,Kv1.3,K	
<input type="checkbox"/>	<i>Centruroides lim...</i>	α-KTx 2.7	CIITx2; Toxin II, T...	P45630	TVIDVKCTSP C CLPP C KEIYGRHAGAK C MNGK C C		3905.82	1994	Kv1	

Базы данных химических соединений

The screenshot shows the DRUGBANK search interface. At the top left is the DRUGBANK logo. On the right is a menu icon consisting of three horizontal lines. Below the header is a pink banner with the text "WHAT ARE YOU LOOKING FOR?". A search input field contains the text "Tylenol". To the right of the search input is a magnifying glass icon. Below the search bar are four 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

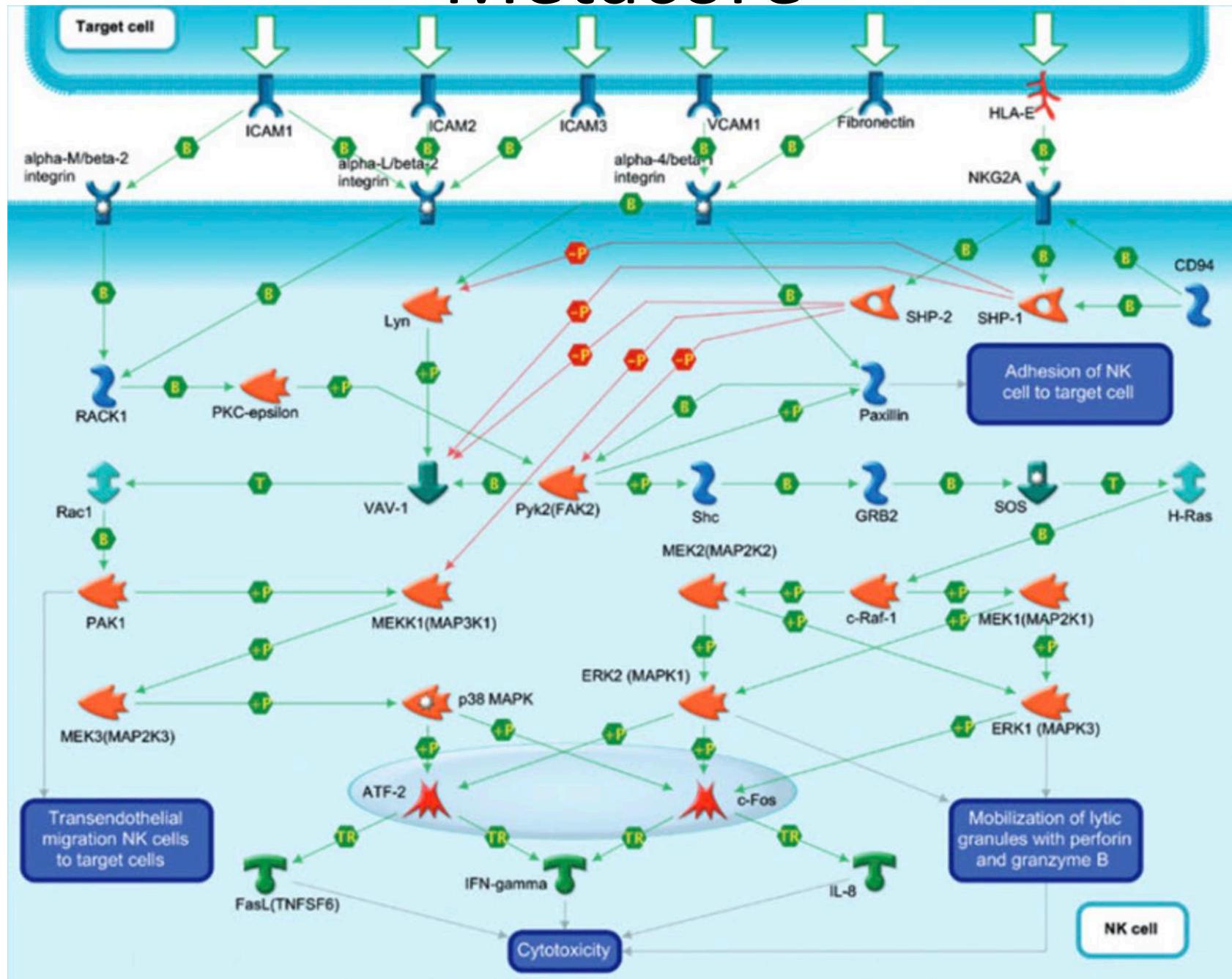
5. Organismal Systems

6. Human Diseases

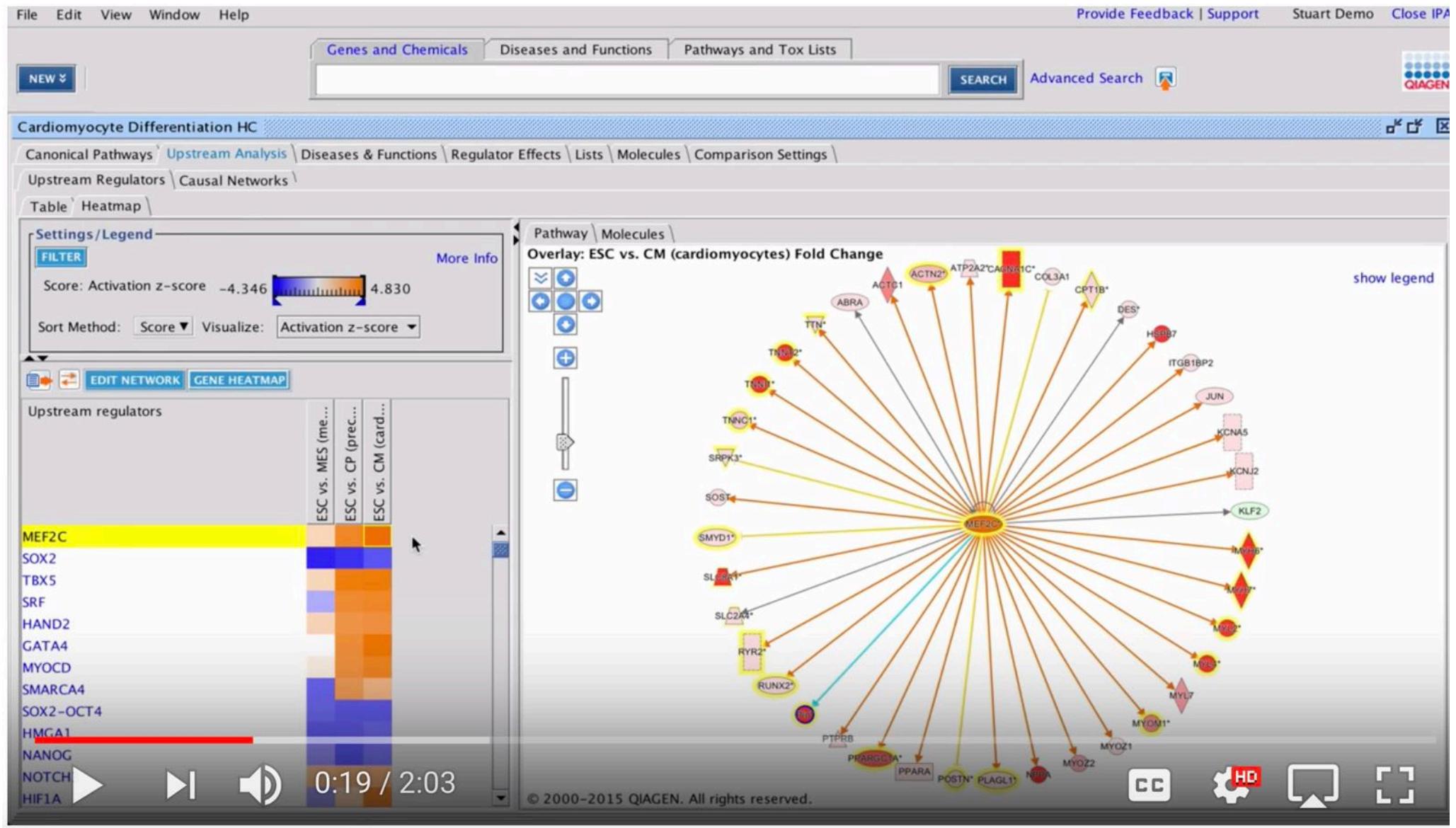
7. Drug Development

KEGG PATHWAY is a reference database for [Pathway Mapping](#).

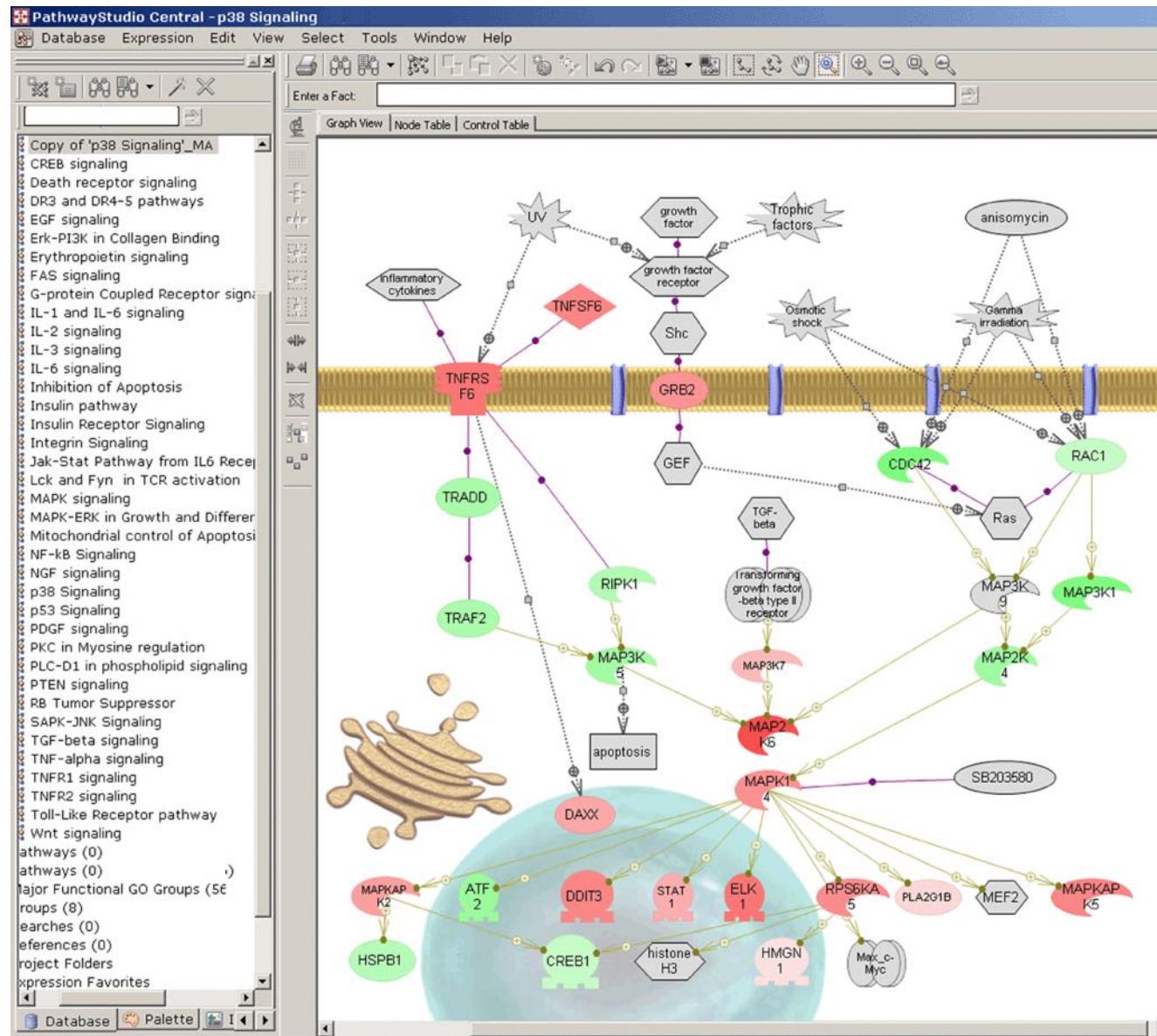
Metacore



Ingenenuity 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



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

Expression Atlas

Enter gene query...

Examples: ASPM, REACT_200624, ENSMUSG00000021789, "zinc finger"

Home Release notes FAQs Download Help About Feedback

Strand-specific RNA-seq of nine chicken tissues
Organism(s): *Gallus gallus*

Gene query ? KCNA1 Exact match

Organism part ? (any organism parts) Specific ?

Expression level cutoff ? 0.4

Showing 1 of 1 genes found:

Gene	brain	colon	heart	kidney	liver	lung	skeletal muscle	spleen	testis
KCNA1									



Базы данных экспрессии генов

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

GEO Home Documentation Query & Browse Email GEO

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.



Keyword or GEO Accession

Search

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



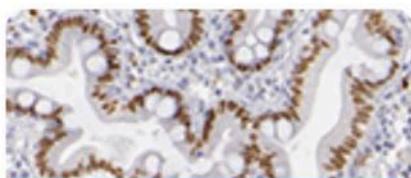
≡ MENU HELP NEWS

SEARCHⁱ

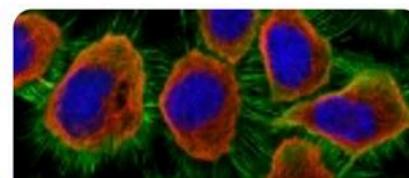
Search

Fields »

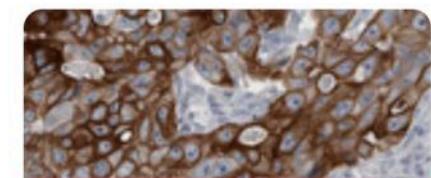
e.g. RBM3, insulin, CD36



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.

The screenshot shows the NCBI Taxonomy Browser interface. At the top, there's a navigation bar with links to PubMed, Entrez, BLAST, OMIM, Taxonomy, and Structure. Below the bar is a search bar with options to search for a complete name, lock the search, and perform a search or clear it. To the left, a sidebar provides links to various taxonomic resources like Archaea, Bacteria, Eukaryota, Viroids, Viruses, and more. The main content area features a title 'The NCBI Taxonomy Homepage' and a section titled 'These are direct links to some of the organisms commonly used in molecular research projects:' followed by a grid of organism names.

Taxonomy browser	Arabidopsis thaliana	Escherichia coli
Archaea	Bos taurus	Pneumocystis carinii
Bacteria	Caenorhabditis elegans	Rattus norvegicus
Eukaryota	Chlamydomonas reinhardtii	Saccharomyces cerevisiae
Viroids	Danio rerio (zebrafish)	Schizosaccharomyces pombe
Viruses	Dictyostelium discoideum	Takifugu rubripes
Taxonomy common tree	Drosophila melanogaster	Xenopus laevis
Taxonomy information		Zea mays
Taxonomy resources		
Taxonomic advisors		
Genetic codes		

Видовые базы данных

Содержат таксономическую, библиографическую, географическую, визуальную и прочую информацию

 AlgaeBase content about team notulae algarum links contact search
genus · species · literature · journals · images · common names · distribution · glossary · taxonomy browser · higher taxonomy

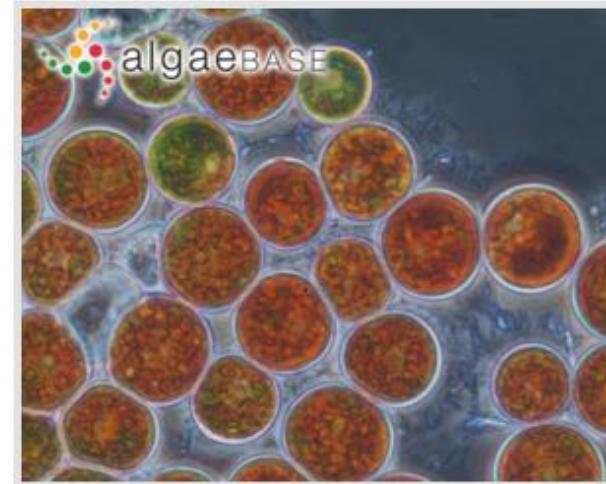
143,152 species and infraspecific names are in the database, 18,634 images, 54,056 bibliographic items, 314,920 distributional records.

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.



The image shows a cluster of spherical, greenish-brown algae cells, likely Haematococcus pluvialis, arranged in a somewhat organized pattern. The cells appear to have internal structures visible through a microscope. The AlgaeBase logo is overlaid on the top left of the image.

↑ **Haematococcus pluvialis Flotow India**

Classification:
Empire Eukaryota
Kingdom Plantae
Subkingdom Viriplantae
Infrakingdom Chlorophytina
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>

Микроорганизмы и грибы Растения

RU EN Справка

О системе Коллекции Контакты Ссылки

Вход в систему

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

Поиск

Выше рода

Род / Вид

Расширенный поиск

Таксономический браузер

Коллекции

Акроним

Ключевое слово

Персоналия

2015-2017

Подать образец