生物情報工学 Bioinformatics

2 文献データベースと特許データベース

出席確認•課題提出

bioinfo@molbiotech-nagoya.org

出席確認は席に着いたらすぐに送信件名は「出席確認」とする

http://www.agr.nagoya-u.ac.jp/~bioinfo/

にアクセスする。 (ブックマークしておくこと)

検索エンジンをつかう

- まずはなじみのある検索 Googleから
- http://www.google.co.jp/
- http://www.google.com/ncr



演習1

- pUC19 (クローニングベクター)を検索しよう
- 発展課題(つぎのオプションを使おう)
 - フレーズで検索 (検索ノイズをへらす)
 - " で囲む 例 "pUC19 restriction map"
 - ヒットしてほしくないキーワードの前に
 - をつける 例 -pUC18
 - ファイルタイプを指定する
 - 例 filetype:ppt (パワーポイントファイルだけを選ぶ)
 - 例 filetype:pdf (pdfファイルだけを選ぶ)

検索結果

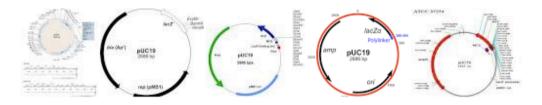
検索結果の数

ウェブ 画像 動画 ショッピング ニュース もっと見る ▼ 検索ツール

約 392,000 件 (0.47 秒)

puc19 の画像検索結果

画像を報告



puc19で見つかった他の画像

pUC18/19 DNA | タカラバイオ株式会社

catalog.takara-bio.co.jp > TOP > ウェブカタログ ▼

pUC18/pUC19は、dideoxy法によるDNAシーケンシングに適したプラスミドベクターで、選択マーカーとしてアンピシリン耐性をもち、M13ファージベクターに比べて大きなDNA 断片をクローニングすることができる。lacZ'領域にマルチクローニングサイトを持って ...

14/10/06 にこのページにアクセスしました。

検索結果

ページタイトル

ページのサマリ

ページのURL

pUC19 DNA (2686 bp) の制限酵素切断地図 | タカラバイオ ...

catalog.takara-bio.co.jp > ... > 制限酵素 > 制限酵素に関して ▼

数字は、TCGCGCGTTTの最初のTを1として、その位置から制限酵素の最初の認識塩基キアの数を表した。四の内側にはませて40を4を新切断する制限酵素を利益した。 ぬ側に

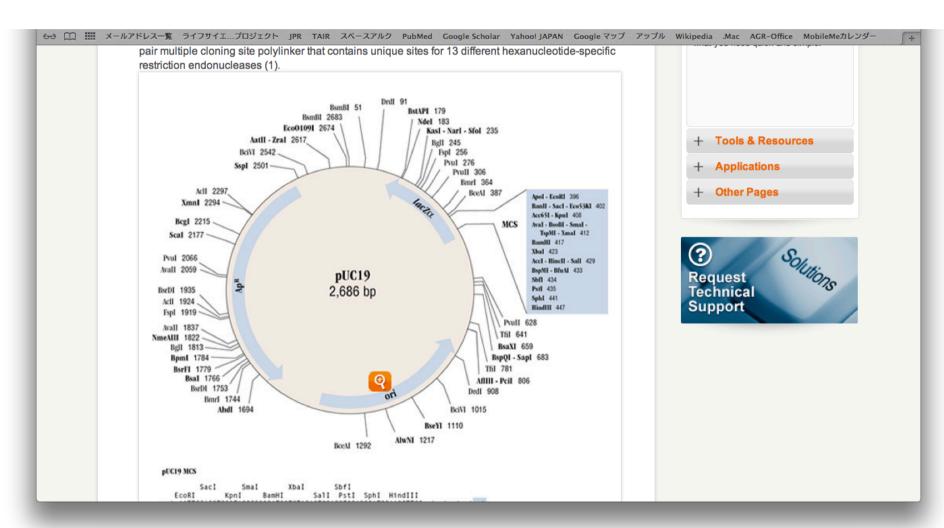
検索されたpageを開いてみる(1)



検索されたpageを開いてみる(2)

pUC19 DNA(2686 bp)の制限酵素切断地図 タカラバイオ株式会社	pUC18/19 DNA:Q&A タカラバイオ株式会社	pUC18/19 DNA:説明書・データシート・MSDS タカラバイオ株式会社 ・				
		that's GOOD science!				
バイオ産業支援 TOP ウェブカタログ	受託サービス 目お知らせ 日 お問い合	わせ WEB会員登録 ログイン English				
クイック検索	使索 製品検索 (製品コー サイト内検索 (キー	ド、製品名、メーカー略称) ワード) ・ 検索について				
TOP > ウェブカタログ > 制限酵素 > 制限酵素に関	見して > pUC19 DNA (2686 bp) の制限酵素切断地図					
pUC19 DNA (2686 bp) 0	pUC19 DNA(2686 bp)の制限酵素切断地図					
		♪ カタログの見方				
数字は、TCGCGCGTTTの最初のTを 1 として、そ	PACE II 3 IN					
pUC19を1ヶ所切断する制限酵素を列挙した。外側にはクローニングサイトおよび2ヶ所と3ヶ所切断する酵素を列挙し、 ()内はその制限酵素の切断数を示した。 ●GenBankへの登録 Accession No.:L09137		参考文献				
************************************		□ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □				
制限酵素切断地図はPDFデータをダウンロー A:切断数 B:制限酵素 C:最初の認識塩基の	・ドすることによりご覧いただけます。 (PDF, 27 K)	0 0 0 0 0 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1				
A · 切断数 B · 制胶醇素 C · 取初の認識堪差の	1位直 D. 塩差数(小さい順)	♀シェア ダツイート 8 ブックマーク 8+1				
(1) Aat II 2617 2686						
A/wN I 1217 2686						
Ava I 412 2686						
Bbe I 235 2686						
Bcg 2215 2686						

検索されたpageを開いてみる(3)



フレーズ検索による絞り込み



puc19 restriction map フレーズ検索しない場合

Q

ウェブ

ニュース

動画

ショッピング もっと見る▼

検索ツール

約 90,300 件 (0.35 秒)

puc19 restriction map の画像検索結果

画像を報告











"puc19 restriction map" フレーズ検索した場合

ウェブ

画像

ニュース

動画

ショッピング

もっと見る▼

検索ツール

約 211 件 (0.41 秒)

[PDF] Attempts to Construct a Rop+ pUC19 by Using Ndel, AatII...

https://www.microbiology.ubc.ca/sites/.../8-40.pdf ▼ このページを訳す

ING 著 - 2005 - 引用元 1 - 関連記事

2434bp in size according to the pUC19 restriction map. (Figure 2), was expected to encode the majority of the. pUC19 plasmid sequence with the exception of the partial rop gene open reading frame (ORF) that was excised in the digestion.

検索オプションを使うと便利

Google				ログイン
検索オプション				
検索するキーワード			検索ボックスを使用して同様の検索を行うには	
すべてのキーワードを含む:	puc19		重要なキーワードを入力します (例: テリア トライカラー)	
語順も含め完全一致:			検索対象と完全に一致するキーワードを二重引用符で囲んで入力します (例: "ヨークシャー テリア")	
いずれかのキーワードを含む			キーワードとキーワードの間に 0% を挿入します (例: 小型 0% 中型)	
含めないキーワード:			検索から除外するキーワードの先頭にマイナス記号 (-) を付けます (例: -紅茶、-"ジャック ラッセル")	
数値の範囲:		~	2 つの数値の間にピリオドを 2 つ挿入し、単位を付記します (例: 515 kg、\$300\$500、20102011)	
検索結果の絞り込み				
言語:	すべての言語	•	検索対象とするページの言語を選択します。	
地域:	すべての地域	▼	特定の地域に属するページのみを検索対象にします。	
最終更新:	指定なし	•	最終更新日時が指定の範囲に該当するページを検索対象にします。	
サイトまたはドメイン:			検索範囲として、特定のサイト (wikipedia.org など) またはドメイン (.edu、.org、.gov など) を指定します。	
検索対象の範囲:	ページ全体	*	検索対象として、ページ全体、ページ タイトル、URL、目的のページへの リンクのいずれかを指定します。	
セーフサーチ:		中強	どの程度までの性的コンテンツを、セーフサーチ によるフィルタリングの 対象とするかを指定します。	
ファイル形式	すべての形式	*	検索対象とするページのファイル形式を指定します。	
ライセンス:	ライセンスでフィルタリングしない	•	自由に使用できるページを検索対象にします。	
		詳級校察		

pUC19の情報をさがせ

```
LOCUS
                                    2686 bp
            pUC19
                                               DNA
                                                       circular
                                                                     18-OCT-2007
DEFINITION
           Cloning vector pUC19, complete sequence.
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
            Cloning vector pUC19
  ORGANISM Cloning vector pUC19
            other sequences; artificial sequences; vectors.
            1 (bases 1 to 2686)
REFERENCE
  AUTHORS
            New England Biolabs.
  TITLE
            Direct Submission
            Submitted (18-OCT-2007) Research Department, New England Biolabs,
  JOURNAL
            240 County Road, Ipswich, MA 01938, USA
COMMENT
            See also GenBank accession L09137.
FEATURES
                     Location/Oualifiers
                     1..2686
     source
                     /organism="Cloning vector pUC19"
                     /mol type="other DNA"
                     complement(146..469)
     gene
                     /gene="lacZalpha"
     CDS
                     complement(146..469)
                     /gene="lacZalpha"
                     /codon start=1
                     /product="beta-galactosidase alpha fragment"
                     /translation="MTMITPSLHACRSTLEDPRVPSSNSLAVVLQRRDWENPGVTQLN
                     RLAAHPPFASWRNSEEARTDRPSOOLRSLNGEWRLMRYFLLTHLCGISHRIWCTLSTI
                     CSDAA"
     misc feature
                     396..452
                     /gene="lacZalpha"
                     /note="multiple cloning site (EcoRI-HindIII)"
```

課題

- pUC19のテキスト情報をメールの本分に貼り付けて、提出。 (全塩基配列と配列長の情報を含むこと)
- ・ 件名は「講義2課題1」とする。

論文検索Google Scholarを使う

http://scholar.google.co.jp/

►マイライブラリ マイ引用 マアラート 流統計情報 ☆設定



巨人の肩の上に立つ

演習2

- 実際に論文を検索してみよう
- 例 キーワード human genome



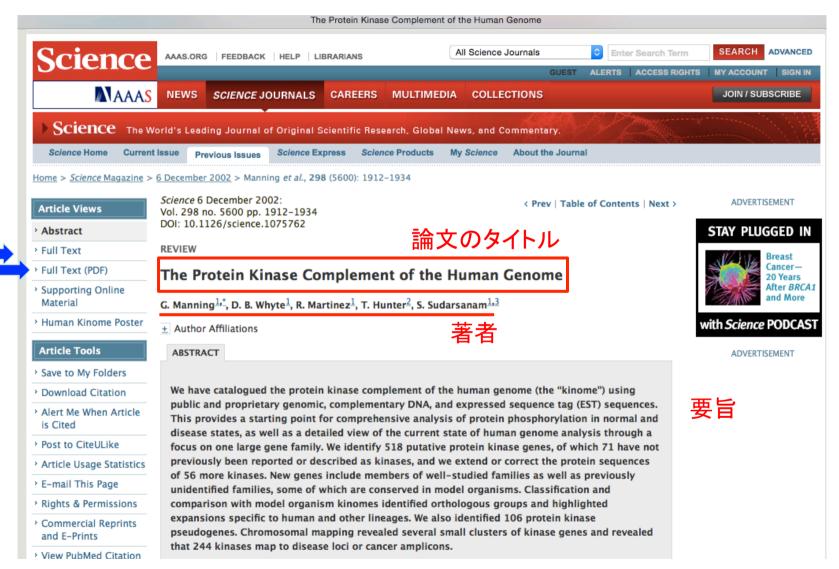
検索結果の表示

論文の年号を指定する場合



サーチワードがハイライトされて表示される

検索された論文を閲覧する



PDFファイルをダウンロードする

REVIEW

The Protein Kinase Complement of the Human Genome

G. Manning, 1* D. B. Whyte, 1 R. Martinez, 1 T. Hunter, 2 S. Sudarsanam 1,3

We have catalogued the protein kinase complement of the human genome (the "kinome") using public and proprietary genomic, complementary DNA, and expressed sequence tag (EST) sequences. This provides a starting point for comprehensive analysis of protein phosphorylation in normal and disease states, as well as a detailed view of the current state of human genome analysis through a focus on one large gene family. We identify 518 putative protein kinase genes, of which 71 have not previously been reported or described as kinases, and we extend or correct the protein sequences of 56 more kinases. New genes include members of well-studied families as well as previously unidentified families, some of which are conserved in model organisms. Classification and comparison with model organism kinomes identified orthologous groups and highlighted expansions specific to human and other lineages. We also identified 106 protein kinase pseudogenes. Chromosomal mapping revealed several small clusters of kinase genes and revealed that 244 kinases map to disease loci or cancer amplicons.

Ever since the discovery nearly 50 years ago that reversible phosphorylation regulates the activity of glycogen phosphorylase, there has been intense interest in the role of protein phosphorylation in regulating protein function. With the advent of DNA cloning and sequencing in the mid-1970s, it rapidly became clear that a large family of eukaryotic protein kinases exists, and the burgeoning numbers of protein kinases led to the speculation that a vertebrate genome might encode as many as 1001 protein kinases (*I*). The near-completion of the human genome sequence now allows the identification of almost all human protein kinases. The total (518) is about half that predicted 15 years ago, but it is still a strikingly large number, constituting about 1.7% of all human genes.

Protein kinases mediate most of the signal transduction in eukaryotic cells; by modification of substrate activity, protein kinases also control many other cellular processes, including metabolism, transcription, cell cycle progression, cytoskeletal rearrangement and cell movement, apoptosis, and differentiation. Protein phosphorylation also plays a critical

¹SUGEN Inc., 230 East Grand Avenue, South San Francisco, CA 94080, USA. ²Salk Institute, 10010 North Torrey Pines Road, La Jolla, CA 92037, USA. ³Genomics and Biotechnology, Pharmacia Corporation, 230 East Grand Avenue, South San Francisco, CA 94080, USA.

^{*}To whom correspondence should be addressed. E-mail: gerard-manning@sugen.com

Advanced searchによる絞り込み

►マイライブラリ マイ引用 アラート 流統計情報 お設定



human genome

● ウェブ全体から検索 ○ 日本語のページを検索

巨人の肩の上に立つ

Advanced searchによる絞り込み

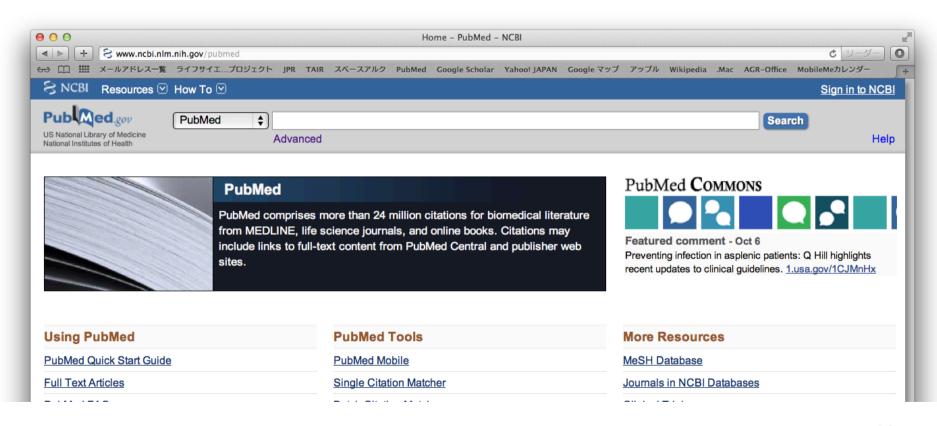
■マイライブラリ マイラマイラー	引用 ■ アラート
検索条件	×
すべて のキーワードを含む	
フレーズを含む	
いずれか のキーワードを含む	
キーワードを 含まない	
検索対象にする箇所	記事全体 ♣
著者を指定:	/ml s/目11/三枝s - 女1 2 .
出典 を指定:	例: "湯川秀樹"、朝永
m x che.	例: 物理学会、Nature
日付を指定:	
	例: 1996
Q	

演習3

- 日本語のキーワードだって検索できる。
- 日本語の文献も。
- 例1: ジベレリン(gibberellin)に関する文献
- 例2: シロイヌナズナ(日本語)を含む文献

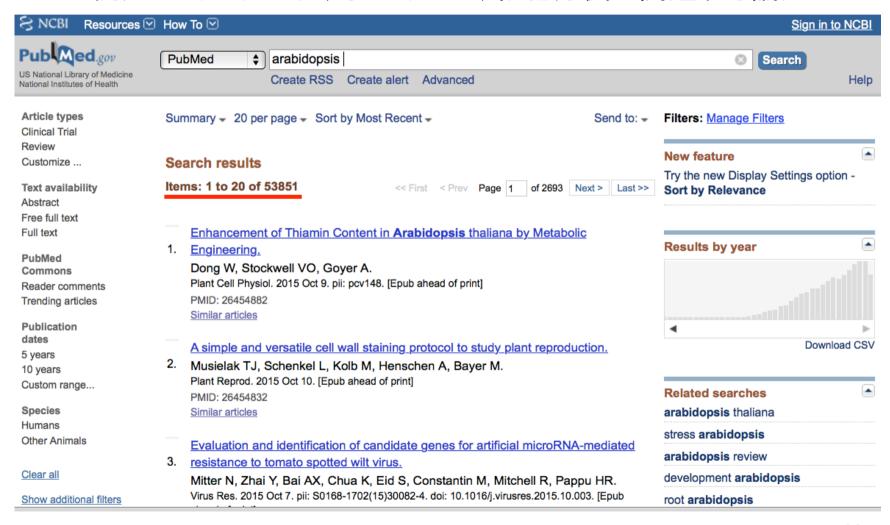
PubMedを使おう!!

 米国立医学図書館(NLM: National Library of Medicine)の編纂する医学文献データベース Medlineに、その他の生命科学分野の文献を追加



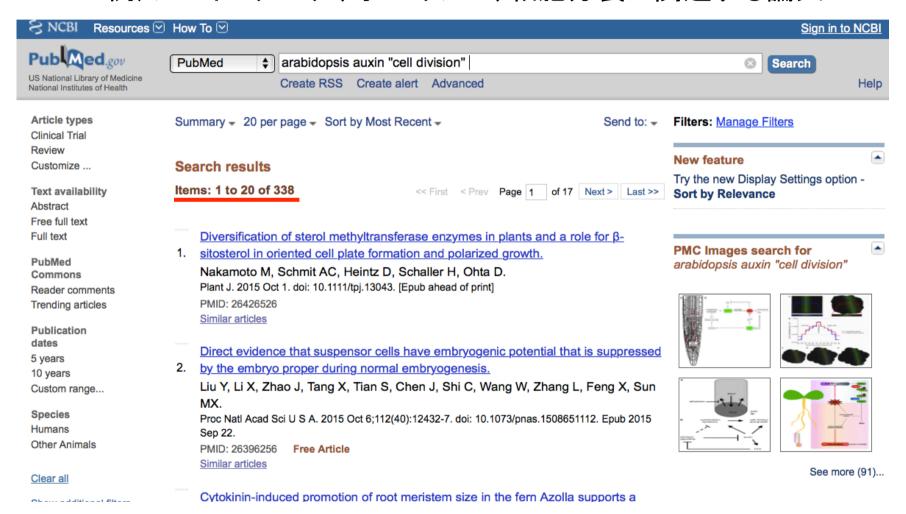
演習4:実際に検索しよう

例)シロイヌナズナ、オーキシン、細胞分裂に関連する論文

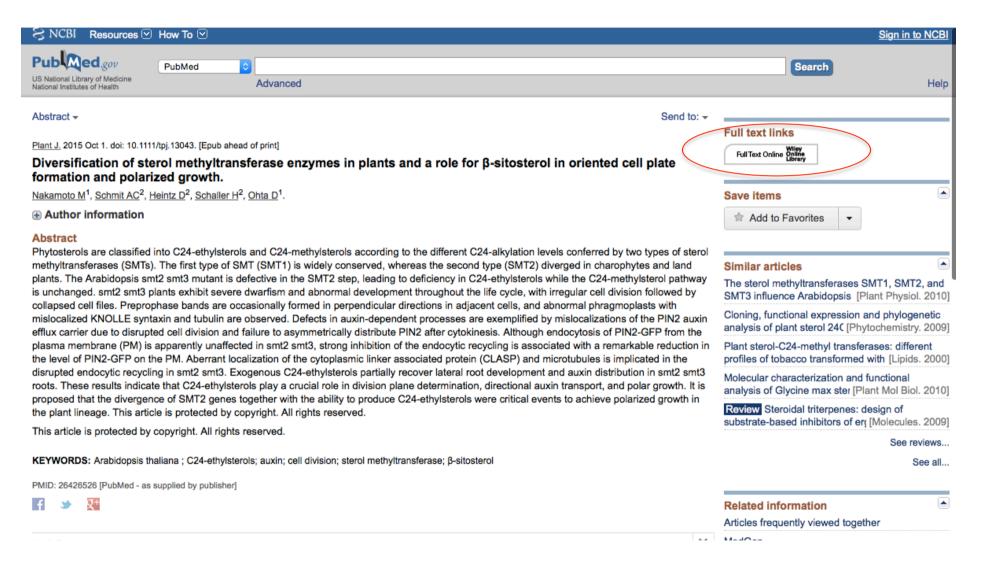


演習4:実際に検索しよう

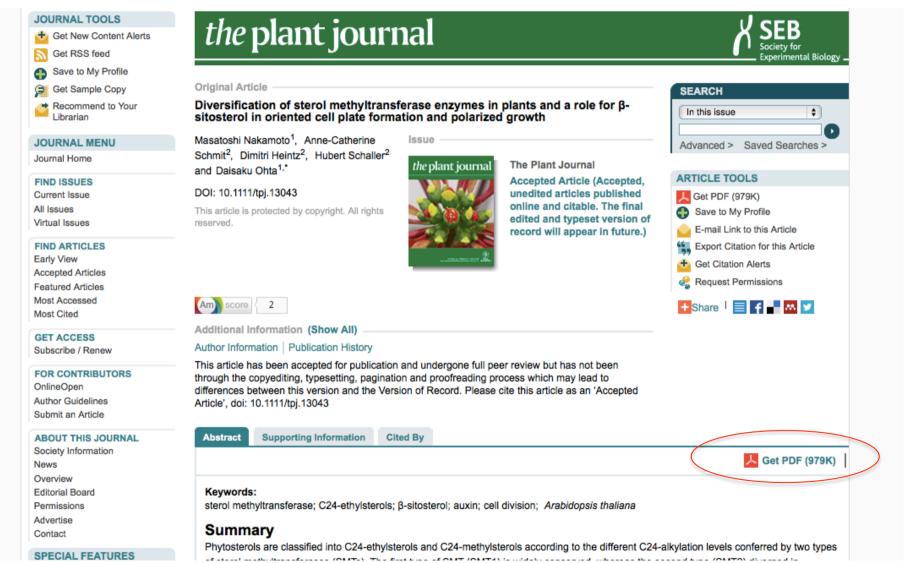
例)シロイヌナズナ、オーキシン、細胞分裂に関連する論文



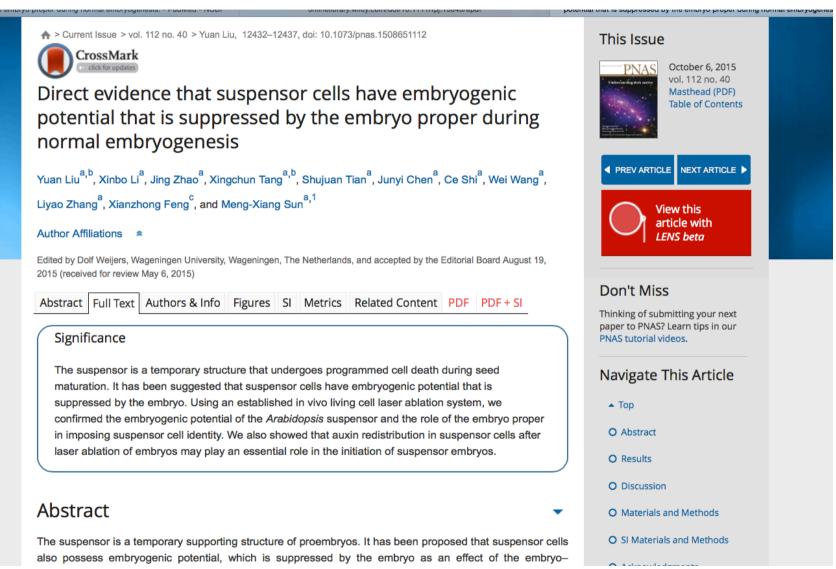
検索された論文を閲覧する(1)



検索された論文を閲覧する(2)



検索された論文を閲覧する(3)



検索された論文を閲覧する(4)



Direct evidence that suspensor cells have embryogenic potential that is suppressed by the embryo proper during normal embryogenesis

Yuan Liu^{a,b}, Xinbo Li^a, Jing Zhao^a, Xingchun Tang^{a,b}, Shujuan Tian^a, Junyi Chen^a, Ce Shi^a, Wei Wang^a, Liyao Zhang^a, Xianzhong Feng^c, and Meng-Xiang Sun^{a,1}

^aDepartment of Cell and Developmental Biology, College of Life Science, State Key Laboratory of Hybrid Rice, Wuhan University, Wuhan 430072, China; ^bCollege of Life Sciences, Hubei University, Wuhan, 430062, China; and ^cNortheast Institute of Geography and Agroecology, Key Laboratory of Soybean Molecular Design Breeding, Changchun, 130102, China

Edited by Dolf Weijers, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands, and accepted by the Editorial Board August 19, 2015 (received for review May 6, 2015)

The suspensor is a temporary supporting structure of proembryos. It has been proposed that suspensor cells also possess embryogenic potential, which is suppressed by the embryo as an effect of the embryo-suspensor interaction. However, data to support this hypothesis are not yet available. In this report, using an in vivo living cell laser ablation technique, we show that Arabidopsis suspensor cells can develop into embryos after removing the embryo proper. The embryo proper plays a critical role in maintaining suspensor cell identity. However, this depends on the developmental stage; after the globular embryo stage, the suspensors no longer possess the potential to develop into embryos. We also reveal that hypophysis formation may be essential for embryo differentiation. Furthermore, we show that, after removing the embryo, auxin gradually accumulates in the top suspensor cell where cell division occurs to produce an embryo. Auxin redistribution likely reprograms the fate of the suspensor cell and triggers embryogenesis in suspensor cells. Thus, we provide direct evidence that the embryo suppresses the embryogenic potential of suspensor cells.

pioneering studies showed that the active dividing embryo is more seriously injured than the highly differentiated suspensor, and a second embryo may be observed after several days of ovule culture. However, the exact origin of the second embryo has remained unclear and whether the radiation or the acid treatment leads to gene mutation in the suspensor cells has remained unknown (16–18).

Phenotypes of some mutants suggest that the embryo proper suppresses the developmental potential of the suspensor. When the embryo proper is abnormal, the suspensor cells can start dividing. Some mutant suspensors can develop into proembryos (e.g., twin, twin2, iyo) or globular embryo-like structures (e.g., SUS, raspberry). These data provide circumstantial evidence for this hypothesis; however, the role of the gene mutation itself or the abnormal embryo in triggering suspensor cell division requires further study (7, 12, 13, 15, 19, 20). In addition, some available data are contradictory. Expressing LTP1::DTA (LTP1, lipid transfer protein 1; DTA, diphtheria toxin A chain) in the protoderm domain of em-

発展課題

- 論理演算が使える(AND, OR, NOT)
 - 例: E. coli OR Bacillus (A<u>または</u>Bで検索)
- フレーズ検索
 - 例えば"escherichia coli K12"といれると語順がこのとおりのものが選ばれる。
 - しかし、フレーズ検索できる言葉は
 MeSH(Medical Subject Headings)と呼ばれるN
 LMが作成した語彙の中に存在するフレーズの
 み

課題

- 「シロイヌナズナにおける気孔の開閉」に関する論文を検索し、<u>重要と思われる論文</u>を選出せよ(全文が読める英語の論文)。著者名、論文名、雑誌名、巻、ページ(開始と終わり)、発表年を明記し(書式を整えること)、論文のPDFファイルを添付して、メールで時間内に提出する。
- 件名は「講義2課題2」とする。

日本の特許データベース

- 特許電子図書館:IPDL
- 特許庁に出願後、公開・登録された特許を検索、閲覧できる。
- 特許情報プラットホーム
- https://www.j-platpat.inpit.go.jp/web/all/top/BTmTopPage

特許、実用新案検索を選択



特許、実用新案をキーワードで検索



検索の手順

- 特許・実用新案から
- テキスト検索→広報全文を選ぶ。
- 検索項目を指定し、キーワードを入れる。
- 複数指定し、検索内容を絞り込む。
- ・ ヒット件数が適当な数になったら、一覧表示を する。
- 関心のある特許を選択し、閲覧する。

参考: その他のデータベース(NCBI)

29種類あるデータベースの統合検索システム.

主なデータベースは、先に紹介したPubMedに加えヌクレオチドシークエンスデータベース・タンパク質シークエンスデータベース・ゲノムシークエンスデータベース・3D高分子構造データベース等.

それぞれのデータベースは、関連付けがされており一度に多くのことが調べられる.

アドレス http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gquery