

CAS STNext[®]

CAS Sequence Search ガイド

2025 年 8 月

JAICI
化学情報協会

CAS 
A division of the
American Chemical Society

* 目次 *

CAS Sequence Search	1
検索初期画面	2
BLAST 配列検索	3
BLAST 配列検索の結果	4
検索結果の出力	7
(参考) Advanced Sequence Search	8
CDR 配列検索	9
CDR 配列検索の結果	10
Motif 配列検索	11
Motif 配列検索の結果	12
他ファイルへのクロスオーバー	14

CAS Sequence Search

■ CAS Sequence Search は CAS STNext の独自の配列検索機能です。

- ・ 収録している配列情報

- CAS が独自のルールに従い収集した REGISTRY ファイルの配列
- 73 特許発行機関の特許から抽出した配列
- NCBI 由来の配列

- ・ 配列検索プログラム

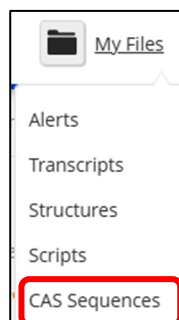
配列検索プログラム	内容
BLAST 配列検索	局所的に類似した配列を検索するプログラム
CDR 配列検索	抗体と T 細胞受容体の CDR を指定し、検索するプログラム
Motif 配列検索	DNA, RNA, タンパク質中の短いパターン配列を検索するプログラム

- ・ 特長

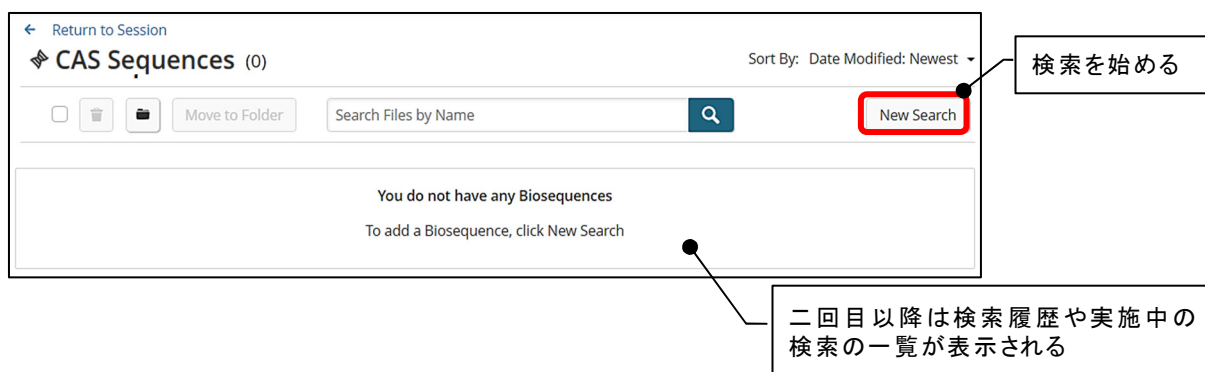
- アライメントの概要図をカラーでわかりやすく表示。Excel 形式でのダウンロードも可能。
- 絞り込みやソートが簡単にできる。
- 配列情報と共に配列の由来となった文献などの情報も表示。
- 配列検索用の特別なソフトウェアのインストール不要。

検索初期画面

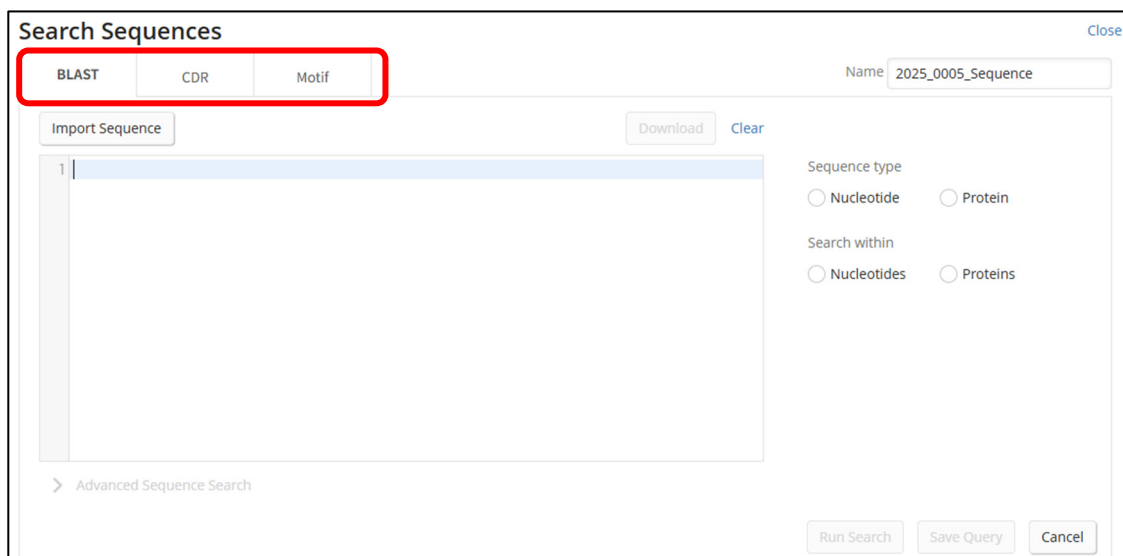
- 画面右上 My Files から CAS Sequences を選択します。



- 最初のアクセスでは何も表示されませんが、二回目以降は検索履歴や実施中の検索の一覧が表示されます。New Search をクリックし検索を始めます。



- 検索したい配列検索プログラムのタブを選びます。BLAST, CDR, Motif の 3 種類の配列検索プログラムを利用できます。



BLAST 配列検索

- BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) は、データベース中の配列の中から、局所的に類似した配列を高速に検索するプログラムです。
- BLAST タブを選び、配列質問式を入力、あるいはアップロードします。次に、質問式の配列、回答の配列、回答の上限数を選択します。Run Search ボタンをクリックし、検索を実行します。
 - ・ 選択した質問式・回答の配列タイプによって自動的にパラメータが設定されます。
 - ・ パラメータを確認あるいは変更する場合は、Advanced Sequence Search をクリックします。

The screenshot shows the 'Search Sequences' interface. The 'BLAST' tab is selected. The 'Name' field contains '2025_0003_Sequence_01'. The 'Import Sequence' button is highlighted with a red dashed box. A text box points to the sequence input area, stating: '配列を直接入力するか、Import Sequence から配列をアップロードする (.txt 形式)'. The 'Advanced Sequence Search' link is also highlighted with a red dashed box, with a text box pointing to it: 'パラメータの変更 (任意)'. The 'Run Search' button is highlighted with a red box, with a text box pointing to it: '検索の実行'. The 'Sequence type' is set to 'Nucleotide' and 'Search within' is set to 'Nucleotides'. The 'Name' field is also annotated with a text box: '名前の変更 (任意)'.

- CAS Sequences ページに戻り検索が始まります。画面右の Cancel Search 表示が、View Results 表示になったら、検索結果を確認できます。

The screenshot shows the 'CAS Sequences' page. The top section shows a search in progress for '2025_0002_Sequence' (27 May 2025 1:25 PM). The sequence is displayed, and the 'View' button is highlighted. The 'Cancel Search' button is also visible. A text box points to the 'View Results' button, stating: '配列質問式や検索条件の確認'. The bottom section shows the search completed, with 'View Results' button highlighted and '5226 results' displayed. A text box points to the 'View Results' button, stating: '検索結果の確認'.

BLAST 配列検索の結果

- ヒットした配列に対する配列質問式のアライメントの図や各項目の計算値と共に BLAST 配列検索の結果の一覧が表示されます。

- ・ アライメントは、配列質問式と回答配列のどこが類似した領域か特定できるように並べたものです。

絞り込みフィルター

絞り込み

生物名による絞り込み (NCBI 由来の配列に収録)

ヒットした配列に対する配列質問式のアライメントの図

計算値

ソート

Sort By: Alignment Identity %: Descending

Sequence Alignment	Sequence Length	Alignment Identity %	Query Identity %	Subject Identity %	Number of Documents
	249	99.20	98.80	99.20	8
	258	99.19	98.00	94.96	0
	240	99.17	95.20	99.17	5
	250	98.80	98.80	98.80	2
	250	98.80	98.80	98.80	0
	250	98.80	98.80	98.80	1
	460	98.80	98.40	53.48	2
	408	98.80	98.40	60.29	2
	512	98.80	98.40	48.05	7
	486	98.80	98.40	50.62	8

- ・ ヒットした配列に対する配列質問式のアライメントが Alignment Identity % により色分けされ図で表示されます。

(99-100%, 97-98.99%, 95-96.99%, 90-94.99%, 80-89.99%, 60-79.99%, 0-59.99%)

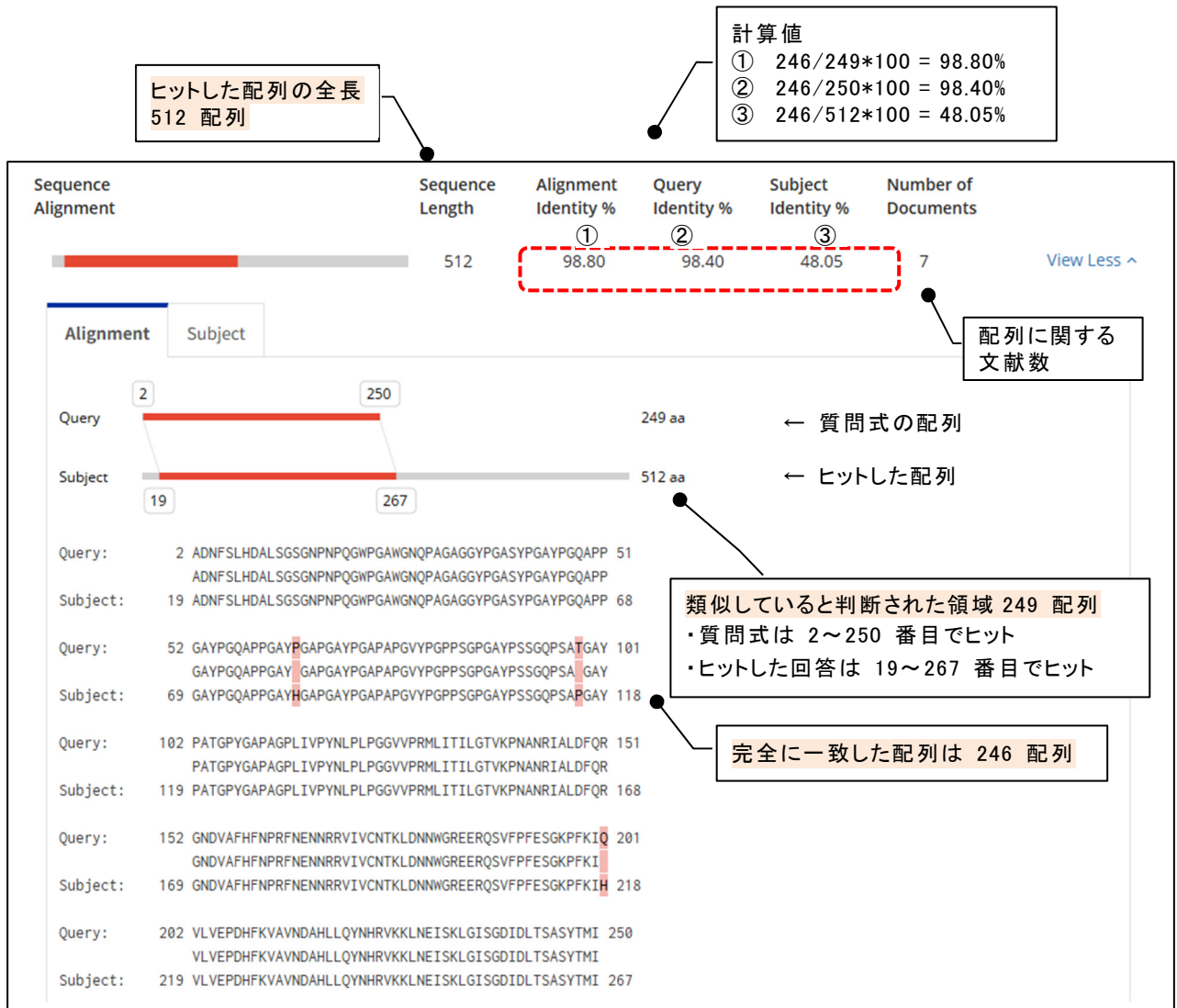
- ・ 各項目の計算値による絞り込みやソートが可能です。

項目	内容	Filter By	Sort By
Alignment Identity %	一致したコード ÷ 類似領域 × 100	-	○ (降順がデフォルト)
Query Identity %	一致したコード ÷ 配列質問式 × 100	○	○
Query Coverage	類似領域 ÷ 配列質問式 × 100	○	○
Subject Identity %	一致したコード ÷ 回答配列 × 100	○	○
Subject Coverage	類似領域 ÷ 回答配列 × 100	○	○

■ View More ボタンをクリックすると、選択した配列について詳細を確認できます。

- ・ Alignment タブ：ヒットした配列に対する配列質問式のアライメントの詳細が表示されます。

(例) 250 配列長の配列質問式で検索してヒットしたタンパク質の回答



- ・ Subject タブ : ヒットした配列の配列長, 配列の詳細, CAS RN®, GenBank Accession 番号が表示されます.
- 配列に該当する CAS RN® や GenBank Accession 番号がある場合は, それらの番号が表示されます. 各ボタンをクリックすると, 配列に関する CAS RN® や GenBank Accession 番号を検索できます.

Alignment Subject

Sequence Length: 1323 aa

CAS Registry Number®: 2416687-06-2

Get CAS Registry Number

Organism: synthetic construct

Sequence: Download Sequence ▾

CAS STNext のコマンドラインに戻り, 配列に関する CAS RN® を検索する

```

1 MATSNPAFDP KNLMQSEIYH FAQNNPLADF SSDKNSILT SDKRSIMGNO
51 SLLWKWKGG SFTLHKKLIV PTDKEASKAW GRSSTPVFSF WLYNEKPIDG
101 YLTIDFGEKL ISTSEAQAGF KVKLDFTGWR TVGVSLNNDL ENREMTLNAT
151 NTSSDGTQDS IGRSLGAKVD SIRFKAPSNV SQGEIYIDRI MFSVDDARYQ
201 WSDYQVKTRL SEPEIQFHNH KPQLPVTPE LAADILIRQR LINEFVGGEK
251 ETNLALEENI SKLKSDFDAL NIHTLANGGT QGRHLITDKQ IIIYQPENLN
301 SQDKQLFDNY VILGNYTLM FNISRAYVLE KDPTQKAQLK QMYLLMTKHL
351 LDQGFVKGSA LVTTHHWGYS SRWWYISTLL MSDALKEANL QTQVYDSLLW
401 YSREFKSSFD MKVSADSSDL DYFNTLSRQH LALLLLEPDD QKRINLVNTF
451 SHYITGALTQ VPPGGKDGLR PDGTAWRHEG NYPGYSFPAF KNASQLIYLL

```

Alignment Subject

Sequence Length: 250 aa

GenBank Accession No.: XP_055145278, XP_055145277

Get Genbank Accession Nos.

Organism: Symphalangus syndactylus

Sequence: Download Sequence ▾

CAS STNext のコマンドラインに戻り, 配列に関する GenBank Accession 番号を検索する

```

1 MADNFSLHDA LSGSANPNPQ GWPGPWGNQP AGAGGYPGAS YPGAYPGQAP
51 PGAYPGHAPP GAYPGAGAY PGAPAGVYP GPPSGPGAYP PPGQPSAPGA
101 YPATGPYGAP AGPLTVPYNL PLPGGVVPRT LITILGTVKP NANRIALDFK
151 RGNDVAFHFN PRFNENRRV IVCNTKLDNN WGREERQSVF PFESGKPFKI
201 QVLVEPNHFK VAVNDAHLLQ YNHRVKNLNE ISKLGISGDI DLTSASYTMI

```

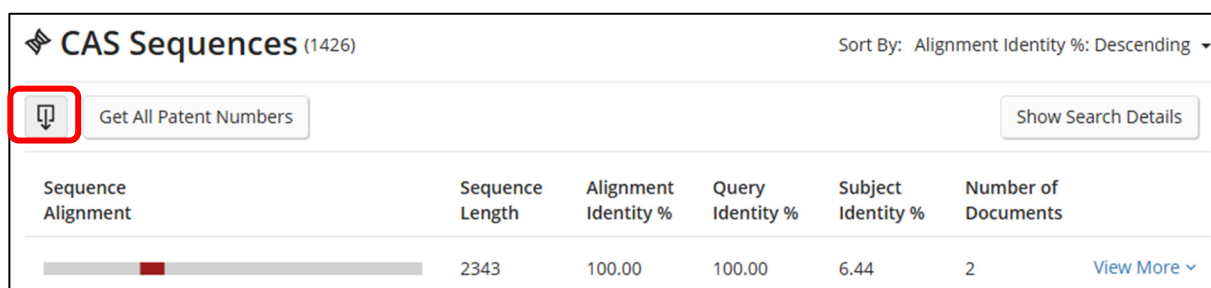
- ・ 得られた配列の参考文献情報はデータをダウンロードしてご確認ください.(次のページ参照)

検索結果の出力

検索結果は、レポート作成や結果の共有に適した Excel 形式で出力できます。
得られた配列の参照文献情報も Excel に含まれます。

■ CAS Sequences 画面の Download Results ボタンをクリックし、ダウンロードします。

- ・ダウンロードの上限は 1,000 件です。



CAS Sequences (1426) Sort By: Alignment Identity %: Descending ▾

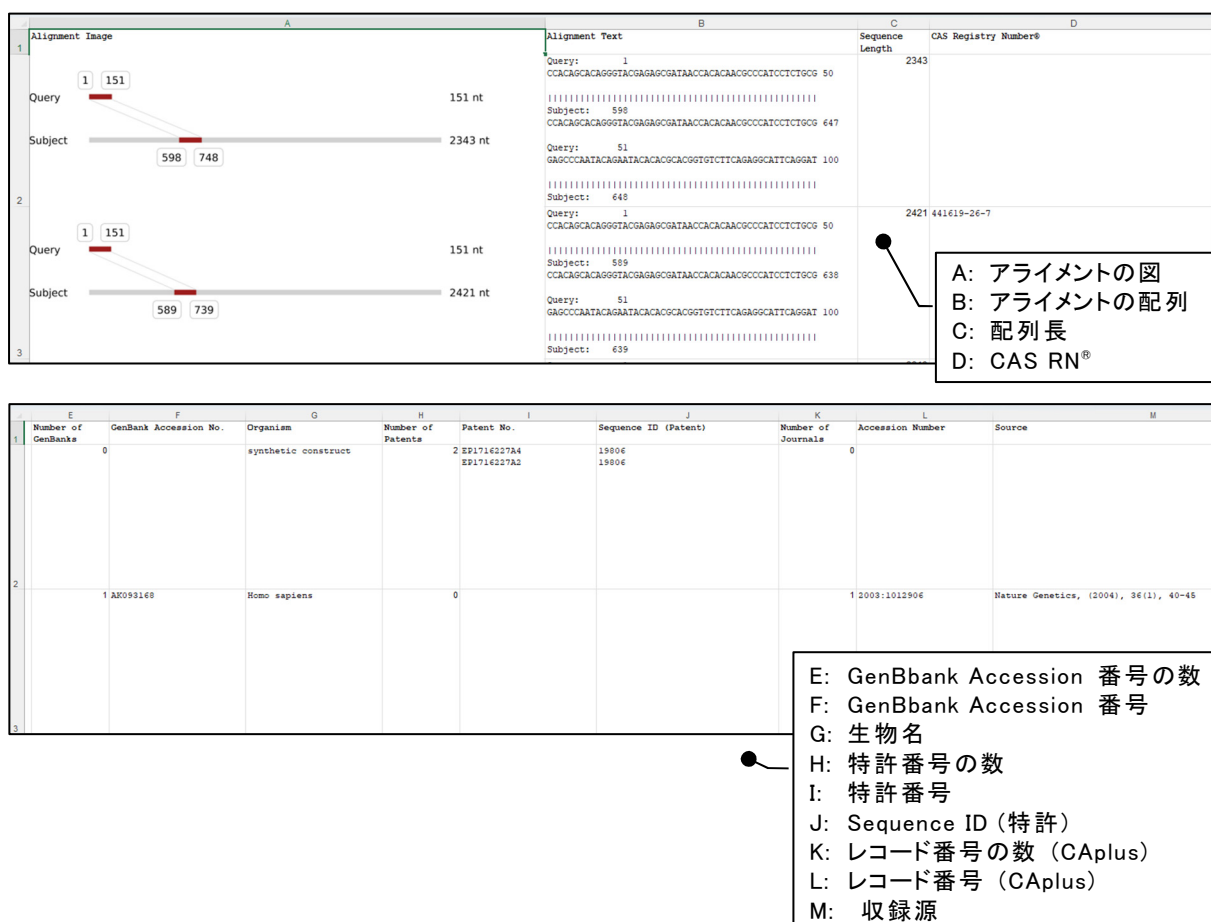
Download Results Get All Patent Numbers Show Search Details

Sequence Alignment	Sequence Length	Alignment Identity %	Query Identity %	Subject Identity %	Number of Documents
	2343	100.00	100.00	6.44	2

[View More ▾](#)

■ Excel 形式ダウンロード例

- ・回答集合に項目に対応する情報がない場合、その項目が Excel に含まれません。



Alignment Image

Query: 151 nt
Subject: 2343 nt

Alignment Text

Query: 1
CCACAGCAGGGTACGAGGCGATACACACACAGGCCATCTCTGCG 50
|||||
Subject: 598
CCACAGCAGGGTACGAGGCGATACACACACAGGCCATCTCTGCG 647

Query: 51
GAGCCCAATACAGATACACAGCGGCTCTTCAGAGGATTCAGGAT 100
|||||
Subject: 648

Query: 1
CCACAGCAGGGTACGAGGCGATACACACACAGGCCATCTCTGCG 50
|||||
Subject: 589
CCACAGCAGGGTACGAGGCGATACACACACAGGCCATCTCTGCG 638

Query: 51
GAGCCCAATACAGATACACAGCGGCTCTTCAGAGGATTCAGGAT 100
|||||
Subject: 639

Sequence Length

2343

CAS Registry Numbers

2421 441619-26-7

Excel Output

E	F	G	H	I	J	K	L	M
Number of GenBanks	GenBank Accession No.	Organism	Number of Patents	Patent No.	Sequence ID (Patent)	Number of Journals	Accession Number	Source
0		synthetic construct	2	EP1716227A4 EP1716227A2	15806 15806	0		
1	AZ059168	Homo sapiens	0			1	2003:1012906	Nature Genetics, (2004), 36(1), 40-45

Legend:

- A: アライメントの図
- B: アライメントの配列
- C: 配列長
- D: CAS RN®
- E: GenBank Accession 番号の数
- F: GenBank Accession 番号
- G: 生物名
- H: 特許番号の数
- I: 特許番号
- J: Sequence ID (特許)
- K: レコード番号の数 (CAplus)
- L: レコード番号 (CAplus)
- M: 収録源

- ・Motif 配列検索で Combine Motif Results にチェックを入れた場合は、Number of Motif Child の項目が含まれます。

(参考) Advanced Sequence Search

- 選択した質問式の配列、回答の配列によって自動的にパラメータが設定されます。確認あるいは変更する場合は、Advanced Sequence Search をクリックします。

(例) blastp のパラメータ

Advanced Sequence Search

Reset Parameters

1

BLAST Algorithm

4

E-Value

7

Scoring Matrix

blastp

10

BLOSUM62

2

Query Coverage %

5

Word Size

8

Gap Costs

90 to 100

3

Existence: 11, Extension: 1

3

Match with Gaps?

6

Low Complexity Filter?

☐ Yes ☒ No

☐ Yes ☒ No

① 検索タイプ

検索タイプ	検索機能	質問式 配列	回答 配列
BLASTn	塩基配列質問式に類似した塩基配列を検索	核酸	核酸
BLASTp	アミノ酸配列の質問式に類似したアミノ酸配列を検索	タンパク質	タンパク質
BLASTp-fast	アミノ酸配列の質問式に類似したアミノ酸配列を高速で検索		
BLASTp-short	短いアミノ酸配列の質問式に類似したアミノ酸配列を検索		
tBLASTn-fast	データベース中の塩基配列をアミノ酸に翻訳した配列の中からアミノ酸配列質問式に類似した配列を高速で検索	タンパク質	核酸
BLASTx-fast	塩基配列質問式をアミノ酸配列に翻訳して、これに類似したアミノ酸配列を高速で検索	核酸	タンパク質

- ② Query Coverage % : 配列質問式に対する回答配列の類似領域の割合
- ③ ギャップを考慮してマッチさせる/させない
- ④ E-Value (期待値) : データベース中の配列に対してマッチする際の統計的有意性の閾値
- ⑤ 検索用の文字列の長さ ⑥ 低複雑度領域のマスクフィルタリングを使用する/しない
- ⑦ 置換行列マトリックス ⑧ Open Gap Cost と Extend Gap Cost の組み合わせ

- ### ■ 短い配列質問式を検索する場合のパラメータ設定

- ・ 30 より短いタンパク質の場合、BLASTp-short を選択します。
- ・ 50 より短い核酸の場合、BLASTn を選択し、短い配列検索用のボックスにチェックします。
☒ Automatically adjust parameters for short sequences (less than 50 nucleotides)
- ・ E-value の上限は 1,000 です。

CDR 配列検索

- CDR (Complementarity determining region) 配列検索は、抗体と T 細胞受容体の CDR を指定し検索できるプログラムです。BLAST アルゴリズムをベースとしています。

- ・ CDR 配列検索では、検索対象を CDR 領域を持つ可能性のある配列に限定しています。

(例) アダリムマブの軽鎖の CDR

```
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNYLAWYQQKPGKAPKLLIYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTDFLTISL  
QPEDVATYYCQRYNRAPYTFGQGTKVEIKRTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNAL  
QSGNSQESVTEQDSKSTYLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
```

- CDR タブを選び、配列質問式を入力します。次に、回答の上限数を選択します。Run Search ボタンをクリックし、検索を実行します。

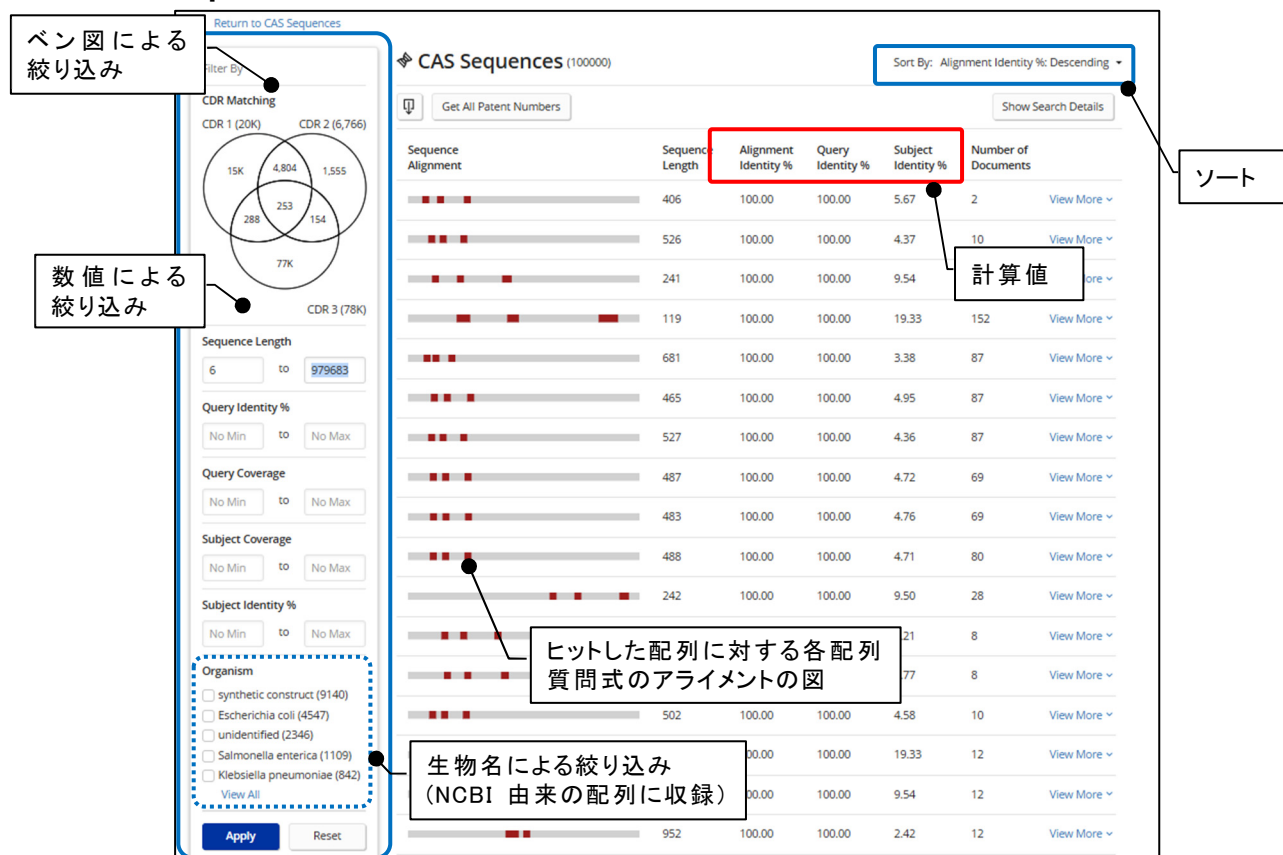
- ・ CDR 配列検索では、パラメータ設定はありません。

- CAS Sequences ページに戻り検索が始まります。画面右の Cancel Search 表示が、View Results 表示になったら、検索結果を確認できます。

CDR 配列検索の結果

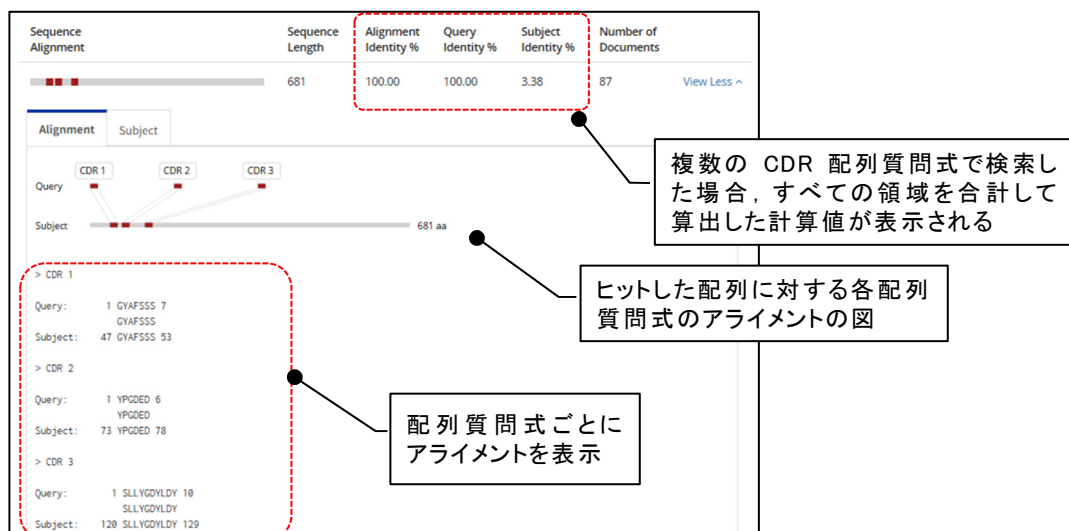
- CDR 配列検索の結果一覧が、ヒットした配列に対する配列質問式のアライメントの図と、各項目の計算値と共に表示されます。

- ・ CDR 配列検索の結果の場合、各項目の計算値の絞り込みだけでなく、ベン図の領域をクリックして絞り込むことが可能です。



- View More ボタンをクリックすると、選択した配列について詳細を確認できます。

- ・ BLAST 配列検索の結果と同様に表示されますが、CDR の配列質問式ごとのアライメントが表示されます。



Motif 配列検索

- Motif 配列検索は、DNA、RNA、タンパク質中の短いパターン配列を検索するプログラムです。BLAST アルゴリズムをベースとしています。

(例)

代替残基を [] で指定した配列パターンの配列質問式 : **[L][ALKV]G[FL][V]D[AG]DG**

- Motif タブを選び、配列質問式を入力、あるいはアップロードします。次に、質問式の配列を選択します。Run Search ボタンをクリックし、検索を実行します。

- ・ Motif 配列検索では、代替残基 [] などの記号を利用できます。100 質問式の組み合わせまで検索可能です。利用できる記号については、こちらの資料をご覧ください。

<https://www.cas.org/sites/default/files/documents/stnextmotif.pdf>

The screenshot shows the 'Search Sequences' window with the 'Motif' tab selected. Annotations include:

- 名前の変更 (任意)**: Points to the 'Name' field containing '2025_0004_Sequence_01'.
- 質問式の配列**: Points to the 'Sequence type' section where 'Protein' is selected.
- 回答表示のオプション**: Points to the 'Combine Motif Results' checkbox, which is checked.
- 検索の実行**: Points to the 'Run Search' button.
- パラメータの変更 (任意)**: Points to the 'Advanced Sequence Search' link, with a note: 'Motif 配列検索のパラメータは Query coverage% と E-Value のみ変更できる'.

- ・ 回答表示のオプション Combine Motif Results のチェックを入れると、代替残基などを使った配列質問式の場合でも、全ての組み合わせの回答をまとめて表示します。チェックをはずすと、生じた配列質問式ごとに回答が表示されます。

- Biosequences ページに戻り検索が始まります。画面右の Cancel Search 表示が、View Results 表示になったら、検索結果を確認できます。

The screenshot shows the Biosequences page with two search entries. Annotations include:

- 配列質問式や検索条件の確認**: Points to the search query '[L][ALKV]G[FL][V]D[AG]DG' in the first entry.
- 検索結果の確認**: Points to the 'View Results' button in the first entry, which shows '8320 results'.
- Combine Motif Results のチェックをはずした時の表示**: Points to the 'View Results' button in the second entry, which shows '64 of 64 searches complete' and '50000 results'.

Motif 配列検索の結果

■ Motif 配列検索の結果一覧が、ヒットした配列に対する配列質問式のアライメントの図と、各項目の計算値と共に表示されます。

- ・ Combine Motif Results にチェックを入れた場合、代替残基などを使った配列質問式の場合でも、全ての組み合わせの回答をまとめて表示します（デフォルト）。

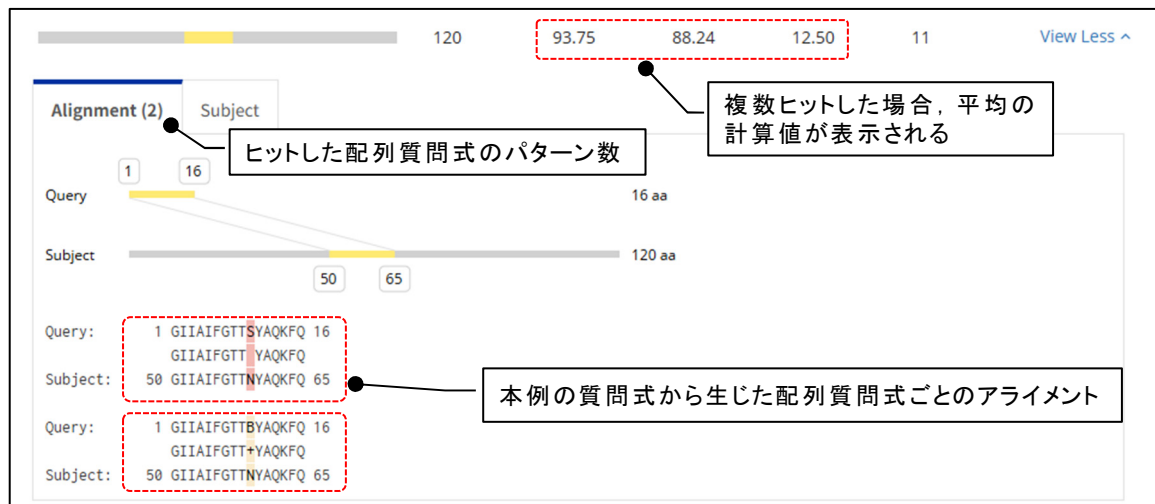
The screenshot shows the 'CAS Sequences' search results page. The left sidebar contains a 'Filter By' section with options for Sequence Length, Query Identity %, Query Coverage, Subject Coverage, Subject Identity %, and Organism. The 'Organism' section is highlighted with a blue dashed box and labeled '絞り込みフィルター' (Filter). Below it, a list of organisms is shown, including 'Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (6814)', 'synthetic construct (6456)', 'unidentified (2712)', 'Homo sapiens (2653)', and 'Mus musculus (38)'. The 'Apply' button is also visible. The main table displays search results with columns: Sequence Alignment, Sequence Length, Alignment Identity %, Query Identity %, Subject Identity %, and Number of Documents. A red box highlights the 'Alignment Identity %', 'Query Identity %', and 'Subject Identity %' columns, labeled '計算値' (Calculation values). A blue box highlights the 'Sort By' dropdown menu, labeled 'ソート' (Sort). A yellow box highlights the 'Sequence Alignment' column, labeled 'ヒットした配列に対する各配列質問式のアライメントの図' (Diagram of alignment for each query sequence against the hit sequence). A green box highlights the 'Organism' section, labeled '生物名による絞り込み (NCBI 由来の配列に収録)' (Filter by organism name (sequences recorded from NCBI)).

- ・ Combine Motif Results のチェックをはずした場合、生じた配列質問式ごとに表示します。プルダウンで選択して、回答を確認します。

The screenshot shows the 'CAS Sequences' search results page. The 'Query Sequence' section is highlighted with a red box and labeled '生じた配列質問式ごとの表示' (Display by generated query sequence). It shows two sequences: 'Sequence 1: GIAIFGTTSYAQKFQG' and 'Sequence 2: GIAIFGTTBYAQKFQG'. The 'Sort By' dropdown menu is set to 'Alignment Identity %: Descending'.

■ View More ボタンをクリックすると、選択した配列について詳細を確認できます。

- ・ BLAST 配列検索の結果と同様に表示されますが、Combine Motif Results にチェックを入れた場合で、複数のヒットがあると、生じた配列ごとのアライメントが表示されます。



他ファイルへのクロスオーバー

- ヒットした配列の由来となった特許番号を STN の各種特許データベースで検索することができます。抽出できる特許番号の上限は 5,000 件です。

CAS Sequences (1426) Sort By: Alignment Identity %: Descending

全回答の特許番号を検索する Show Search Details

Sequence Alignment	Sequence Length	Alignment Identity %	Query Identity %	Subject Identity %	Number of Documents
	2343	100.00	100.00	6.44	2

[View More](#)

- ・ ボタンをクリックし、検索したいデータベースを選択後 Continue ボタンをクリックすると、コマンドラインに移動し検索が実行されます。

Get Patent Numbers from STN File

STN File 検索するファイルを選択する

☐ AUPATFULL
 ☐ HCAPLUS
 ☐ RUFULL

☐ CANPATFULL
 ☐ IFIALL
 ☐ TWFULL

☐ CAPLUS
 ☐ INFULL
 ☐ USGENE

☐ CNFULL
 ☐ INPADOCDB
 ☐ USPATFULL

☐ DEFULL
 ☐ INPAFAMDB
 ☒ WPINDEX

☐ EPFULL
 ☐ JPFULL
 ☐ WPIX

☐ FRFULL
 ☐ KRFULL
 ☐ ZCAPLUS

☐ GBFULL
 ☐ PATGENE

☐ GENESEQ
 ☐ PCTFULL

☐ Save Script Save Script にチェックを入れると、検索式のスクリプトが My Files - Scripts に保存される

Each request is limited to 5000 Patent Numbers.

CAS STNNext

Transcript ON 2025_0141_Transcript

File WPINDEX

```

1 IL29440A/PN
  (IL293446/PN)
1 US20210252122A1/PN
  (US20210252122/PN)
1 KR20220149505A/PN
  (KR2022149505/PN)
1 EP4069284A1/PN
  (EP4069284/PN)
1 AU2020395765A1/PN
  (AU2020395765/PN)
1 US20210205428A1/PN
  (US20210205428/PN)
1 US20230414733A1/PN
  (US20230414733/PN)
1 CN115551537A/PN
  (CN115551537/PN)
1 US20220257737A1/PN
  (US20220257737/PN)
1 IN202217037098A/PN
  (IN202217037098/PN)
  
```

L42 126 L27 OR L28 OR L29 OR L30 OR L31 OR L32 OR L33 OR L34 OR L35 OR L36 OR L37 OR L38 OR L39 OR L40 OR L41

STN のコマンドラインに移動し、選択したファイルで検索が実行される

Session

```

US20130288236A1 OR EP3603661A2
OR EP317
L34 QUE (CN110431232A OR
WO2018-168600A1 OR JP7143596B2
OR US202001
L35 QUE (WO2006-033972A2 OR
BR112016019636A2 OR
US20170016067A1 OR
L36 QUE (WO2007-084187A3 OR
WO2007-084187A2 OR
US20050287570A1 OR W
L37 QUE (IL293446A OR
US20210252122A1 OR
KR20220149505A OR EP406928
L38 QUE (BRP1081831888/PN
L39 QUE (BRP10818318A2/PN
L40 QUE (BRP10818318B1/PN
L41 98 S L1 OR L2 OR L3 OR L4
OR L5 OR L6 OR L7 OR L8 OR L9
OR L10 OR
L42 126 S L27 OR L28 OR L29
OR L30 OR L31 OR L32 OR L33
OR L34 OR L35 O
  
```

Submit

Draw

Scripts

■ Subject タブ : ヒットした配列の由来となった CAS RN®, GenBank Accession 番号を抽出できます。

- 抽出できる番号の上限は 5,000 件です。ボタンをクリックし、検索したいデータベースを選択後 Continue ボタンをクリックすると、コマンドラインに移動し検索が実行されます。

The screenshot displays the 'Subject' tab of a bioinformatics interface. The main panel shows sequence details: 'Sequence Length: 250 aa', 'CAS Registry Number®: 481240-84-0, 845221-29-6, 536783-46-7, 137468-59-8, 14101206213-45-7, 1802533-87-4, 1802533-89-6, 676294-80-7, 1845186-36-9, 502777-88-0, 906828-52-6, 474181-77-6, 47811036773-97-3, 1202604-86-1, 581038-02-8, 478611-93-7, 46', and 'GenBank Accession No.: AAA35607, M57710, AAA36163, AIC54698, AAH53667, SJJX3'. Below this, the 'Organism' is listed as 'synthetic construct, Homo sapiens, unidentified'. A 'Download Sequence' button is present. A red box highlights the 'Get All CAS Registry Numbers' button, and another red box highlights the 'Get Genbank Accession Nos.' button. Two pop-up windows are shown on the right. The first window, titled 'Get CAS Registry Numbers from STN File', has radio buttons for 'REGISTRY' (selected), 'CAPLUS', 'ZREGISTRY', and 'HCAPLUS'. It also has a 'Save Script' checkbox (checked) and a 'Script Name' field containing '2025_0001_Script'. The second window, titled 'Get GenBank Accession Numbers from STN File', has radio buttons for 'GENBANK' (selected), 'CAPLUS', 'MEDLINE', 'REGISTRY', 'ZCAPLUS', 'ZREGISTRY', and 'HCAPLUS'. It also has a 'Save Script' checkbox (checked) and a 'Script Name' field containing '2025_0010_Script'. Both windows have 'Continue' and 'Cancel' buttons. Arrows point from the buttons in the main panel to the corresponding pop-up windows.

Alignment Subject

Sequence Length: 250 aa

CAS Registry Number®: 481240-84-0, 845221-29-6, 536783-46-7, 137468-59-8, 14101206213-45-7, 1802533-87-4, 1802533-89-6, 676294-80-7, 1845186-36-9, 502777-88-0, 906828-52-6, 474181-77-6, 47811036773-97-3, 1202604-86-1, 581038-02-8, 478611-93-7, 46

Get All CAS Registry Numbers

GenBank Accession No.: AAA35607, M57710, AAA36163, AIC54698, AAH53667, SJJX3

Get Genbank Accession Nos.

Organism: synthetic construct, Homo sapiens, unidentified

Sequence: Download Sequence ▾

1 MADNFSLHDA LSGSGNPNPQ GWPQAWGNQP AGAGGYPGAS YPGAYPGQAP
51 PGAYPGQAPP GAYHGAPGAY PGAPAGVYP GPPSGPGAYP SSQPSAPGA
101 YPATGPYGPAG AGPLIVPYNL PLPGGVVPRM LITILGTVKP NANRIALDFQ
151 RGNDVAFHN PRFNENRRV IVCNTKLDNN WGREERQSVF PFESGKPFKI
201 QVLVEPDHFK VAVNDAHLQ YNHRVKKLNE ISKLGISGDI DLTSASYTMI

配列に関する CAS RN® を抽出し検索

Get CAS Registry Numbers from STN File

STN File

☒ REGISTRY ☐ CAPLUS
☐ ZREGISTRY ☐ HCAPLUS

☒ Save Script

Script Name
2025_0001_Script

Each request is limited to 5000 CAS Registry Numbers.

Continue Cancel

配列に関する GenBank Accession 番号を抽出し検索

Get GenBank Accession Numbers from STN File

STN File

☒ GENBANK ☐ CAPLUS ☐ MEDLINE
☐ REGISTRY ☐ ZCAPLUS
☐ ZREGISTRY ☐ HCAPLUS

☒ Save Script

Script Name
2025_0010_Script

Each request is limited to 5000 GenBank Accession Numbers.

Continue Cancel



化学情報協会

〒113-0021 東京都文京区本駒込6-25-4 中居ビル

TEL: 0120-003-462

URL: www.jaici.or.jp

E-mail: support@jaici.or.jp