CAS STNext®

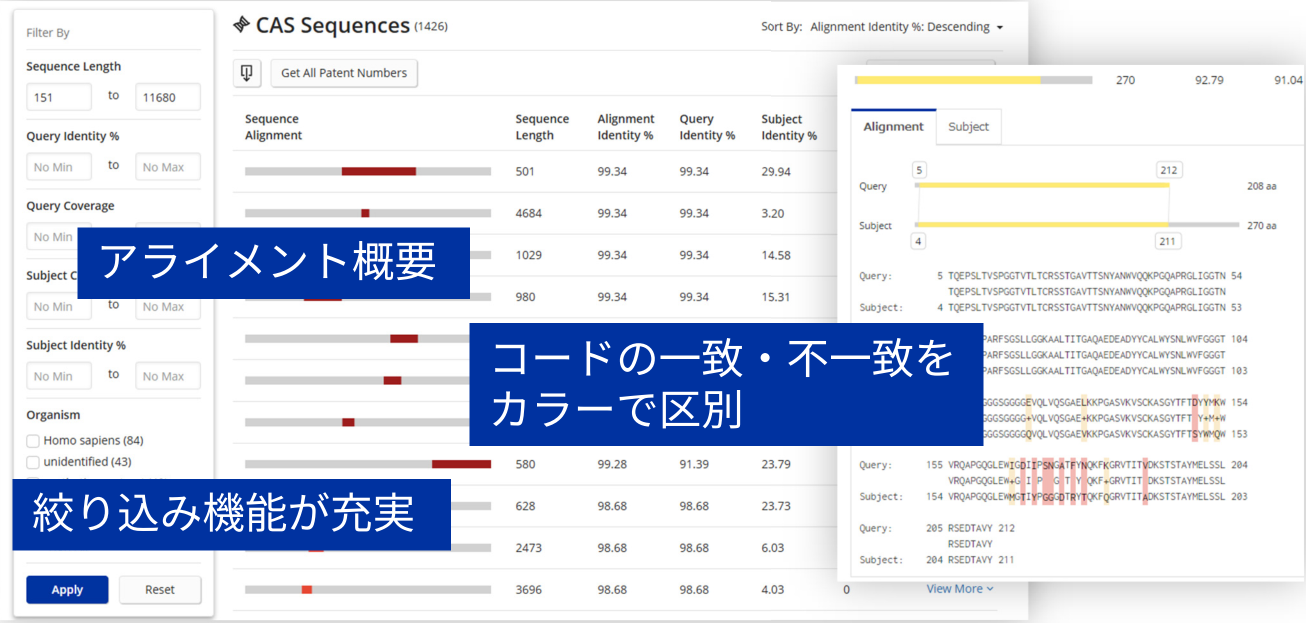
CAS Sequence Search

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

- 以下の収録源から集めた膨大な配列コンテンツを対象に、BLAST、CDR、Motif 配列検索プログラムから検索できます
    - CAS が独自のルールに従い収集した REGISTRY ファイル収録の特許・雑誌由来の配列
    - 73 特許発行機関の特許から抽出した配列
    - NCBI 由来の配列

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



Filter By

Sequence Length: 151 to 11680

Query Identity %: No Min to No Max

Query Coverage: No Min

Subject C

No Min to No Max

Subject Identity %: No Min to No Max

Organism

☐ Homo sapiens (84)

☐ unidentified (43)

Sequence Alignment	Sequence Length	Alignment Identity %	Query Identity %	Subject Identity %
	501	99.34	99.34	29.94
	4684	99.34	99.34	3.20
	1029	99.34	99.34	14.58
	980	99.34	99.34	15.31
	580	99.28	91.39	23.79
	628	98.68	98.68	23.73
	2473	98.68	98.68	6.03
	3696	98.68	98.68	4.03

270 92.79 91.04

Alignment | Subject

Query 5 212 208 aa

Subject 4 211 270 aa

```
Query:     5 TQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNYANWVQQKPGQAPRGLIGGTN 54
             TQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNYANWVQQKPGQAPRGLIGGTN
Subject:   4 TQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTTSNYANWVQQKPGQAPRGLIGGTN 53

PARFSGSLLGGKAALTITGAQAEDEADYYCALWYSNLWVFGGGT 104
PARFSGSLLGGKAALTITGAQAEDEADYYCALWYSNLWVFGGGT
PARFSGSLLGGKAALTITGAQAEDEADYYCALWYSNLWVFGGGT 103

GGGSGGGGEVQLVQSGAELKKPGASVKVSCKASGYTFTDYYMKW 154
GGGSGGGG+VQLVQSGAE+KKPGASVKVSCKASGYTFT Y+M+W
GGGSGGGGQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYWMQW 153

Query:   155 VRQAPGQGLEWIGDIIPSNGATFYNQKFKGRVTITVDKSTSTAYMELSSL 204
             VRQAPGQGLEW+G I P  G T Y QKF+GRVTIT DKSTSTAYMELSSL
Subject: 154 VRQAPGQGLEWMGTIYPGGGDTRYTQKFQGRVTITADKSTSTAYMELSSL 203

Query:   205 RSEDTAVY 212
             RSEDTAVY
Subject: 204 RSEDTAVY 211
```

アライメント概要

コードの一致・不一致をカラーで区別

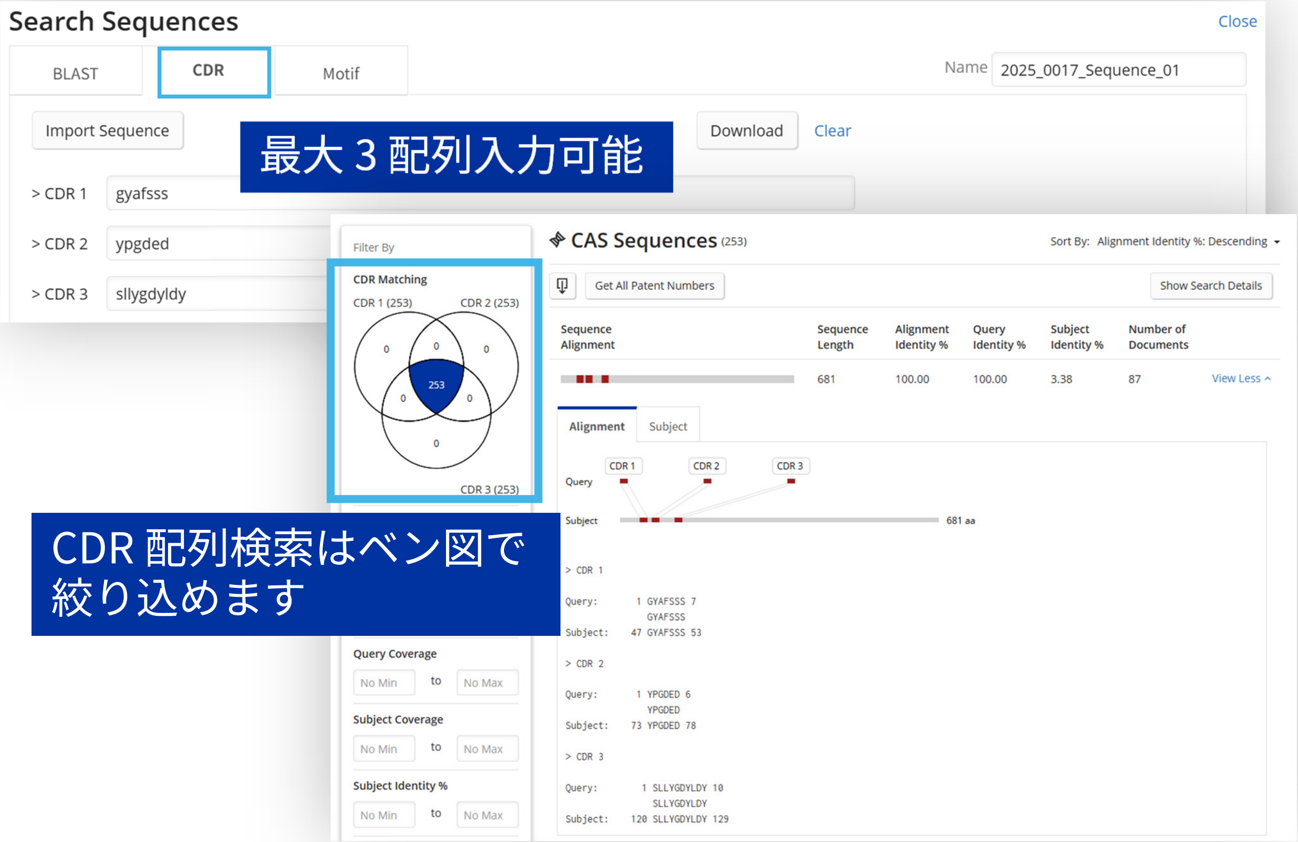
絞り込み機能が充実

JAICI 化学情報協会

CAS
A division of the American Chemical Society

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



最大 3 配列入力可能

CDR 配列検索はベン図で絞り込めます

Name 2025_0017_Sequence_01

> CDR 1 gyafsss
> CDR 2 ypgded
> CDR 3 sllygdyldy

Sort By: Alignment Identity %: Descending

Sequence Alignment	Sequence Length	Alignment Identity %	Query Identity %	Subject Identity %	Number of Documents
	681	100.00	100.00	3.38	87

```
> CDR 1

Query:      1 GYAFSSS 7
              GYAFSSS
Subject:   47 GYAFSSS 53

> CDR 2

Query:      1 YPGDED 6
              YPGDED
Subject:   73 YPGDED 78

> CDR 3

Query:       1 SLLYGDYLDY 10
               SLLYGDYLDY
Subject:   120 SLLYGDYLDY 129
```

Query Coverage: No Min to No Max

Subject Coverage: No Min to No Max

Subject Identity %: No Min to No Max

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

[ ] で代替残基を指定

Name 2025_0004_Sequence

```
GIIAIFGTT[SB]YAQKFQG
```

Sequence type

○ Nucleotide ● Protein

☑ Combine Motif Results

202508