

Δευτεροταγείς βάσεις δεδομένων (Secondary databases)

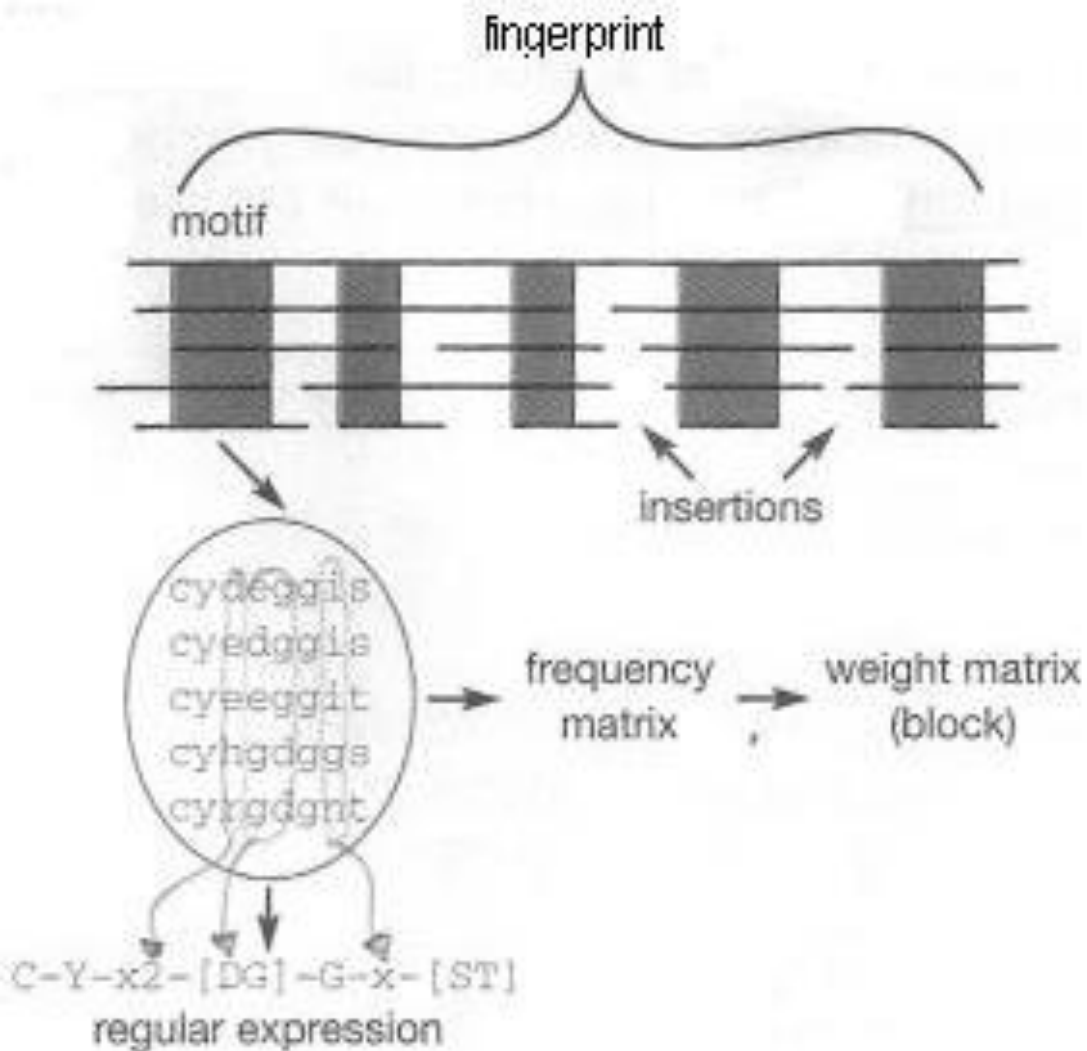
- Οι δευτεροταγείς (pattern) βάσεις δεδομένων (ΒΔ) περιέχουν τα αποτελέσματα από τις αναλύσεις των αλληλουχιών που βρίσκονται στις πρωτοταγείς πηγές πληροφόρησης.
- Επειδή υπάρχουν πολλές διαφορετικές πρωτοταγείς βάσεις δεδομένων και διαφορετικοί τρόποι ανάλυσης αλληλουχιών από πρωτεΐνες, οι πληροφορίες που είναι αποθηκευμένες σε κάθε δευτεροταγή βάση δεδομένων και καθώς και η οργάνωσή τους είναι διαφορετικές.
- Η SWISS-PROT αποτελεί τη βάση για πολλές δευτεροταγείς βάσεις δεδομένων.

Οι πιο σημαντικές δευτεροταγείς βάσεις δεδομένων είναι οι ακόλουθες:

<u>Δευτεροταγής ΒΔ</u>	<u>Κύρια πηγή</u>	<u>Αποθηκευμένη Πληροφορία</u>
PROSITE	SWISS-PROT	Regular expressions (patterns)
Profiles	SWISS-PROT	Weighted matrices (profiles)
PRINTS	OWL	Aligned motifs (fingerprints)
Pfam	SWISS-PROT	Hidden Markov Models (HMMs)
BLOCKS	PROSITE/PRINTS	Aligned motifs (blocks)
IDENTIFY	BLOCKS/PRINTS	Fuzzy regular expressions (patterns)

- Ο τύπος πληροφορίας που είναι αποθηκευμένος σε κάθε δευτεροταγή βάση δεδομένων διαφέρει.
- Οι δευτεροταγείς βάσεις δεδομένων αποθηκεύουν μοτίβα (motifs) (συγκεκριμένοι συνδυασμοί α-ελίκων και β-φύλλων, οι οποίοι παρουσιάζονται επανειλημμένως σε πολλές, ασύνδετες μεταξύ τους, πρωτεΐνες), τα οποία είναι συντηρημένες περιοχές με μικρή διακύμανση μεταξύ των αλληλουχιών και προκύπτουν ως αποτέλεσμα πολλαπλών αντιστοιχιών.
- Οι συντηρημένες αυτές περιοχές έχουν μήκος 10-20 αμινοξέα και συνήθως αντιστοιχούν στα πιο σημαντικά στοιχεία που καθορίζουν τη δομή και τη λειτουργικότητα της πρωτεΐνης.

- Τα μοτίβα χρησιμοποιούνται για τη διάγνωση μελών μιας οικογένειας μέσα από την εφαρμογή μιας σειράς τεχνικών για την ανάλυση αλληλουχιών.
- Μία άγνωστη αλληλουχία αναζητείται και συγκρίνεται με μία βιβλιοθήκη από τέτοια μοτίβα προκειμένου να προσδιοριστεί εάν περιλαμβάνει ή όχι κάποιο μοτίβο. Στη συνέχεια, και με βάση το μοτίβο αυτό, η αλληλουχία αποδίδεται σε μία γνωστή οικογένεια.
- Τα μοτίβα – motifs (ή blocks, ή segments, ή features), αντανakλούν το βιολογικό ρόλο της πρωτεΐνης, δηλαδή προσδιορίζουν τη δομή ή τη λειτουργία της πρωτεΐνης.



Regular expression (pattern) είναι μία σύντομη περιγραφή ενός μοτίβου: το x συμβολίζει ένα οποιοδήποτε αμινοξύ και στις παρενθέσεις είναι τα αμινοξέα που επιτρέπονται σε αυτή τη θέση.

Fingerprint (ή αλλιώς υπογραφή - signature) είναι ένα σύνολο από μοτίβα. Όλες οι πληροφορίες για τα αμινοξέα διατηρούνται με την μορφή *πινάκων συχνοτήτων*.

Block είναι ένα fingerprint όπου στον πίνακα συχνοτήτων προστίθεται μία *βαθμολόγηση*.

Profile είναι ένα block που χρησιμοποιεί τις πληροφορίες από όλη την αντιστοίχιση, δηλαδή συμπεριλαμβάνει και τα κενά.

Hidden Markov Models είναι μοντέλα πιθανοτήτων που παράγονται από τα profiles.

PROSITE

- Η PROSITE διατηρείται στο Swiss Institute of Bioinformatics. Στην PROSITE, οι οικογένειες των πρωτεϊνών μπορούν να χαρακτηριστούν από το μοναδικό, πιο διατηρημένο μοτίβο το οποίο εντοπίζεται σε μία πολλαπλή αντιστοίχιση γνωστών ομολόγων.
 - Τα μοτίβα αυτά περιέχουν κωδικοποιημένες βιολογικές λειτουργίες – κλειδιά: ενεργές περιοχές ενζύμων, θέσεις στις οποίες ο συνδέτης συνδέεται με το υπόστρωμα, κ.λ.π.
- Με αναζήτηση στην PROSITE μπορεί να προσδιοριστεί η οικογένεια πρωτεϊνών στην οποία ανήκει μία νέα αλληλουχία.
- Στην PROSITE, τα μοτίβα κωδικοποιούνται σαν regular expressions ή patterns.

- Η PROSITE λειτουργεί χρησιμοποιώντας ως pattern ένα ήδη αναγνωρισμένο motif (από multiple alignment),
 - πραγματοποιεί μία αναζήτηση στην SWISS-PROT προκειμένου να αναγνωριστούν οι πρωτεΐνες με παρόμοια motifs, και έπειτα
 - ελέγχει την επίδοση του pattern αναζήτησης: πρέπει να υπάρχουν μόνο σωστές αντιστοιχήσεις (αληθινές – θετικές) και καθόλου λανθασμένες αντιστοιχήσεις (λανθασμένες – θετικές).
- Σε περίπτωση που το pattern παράγει πολλές λανθασμένες – θετικές, τότε προτιμάται να χρησιμοποιηθεί κάποιο άλλο pattern.

Δομή καταχωρήσεων της PROSITE

- Ένα αρχείο δεδομένων που κατασκευάζεται με παρόμοιο τρόπο όπως στη SWISS-PROT
- Ένα αρχείο κειμένου.

Το αρχείο δεδομένων έχει την ακόλουθη μορφή:

```
ID OPSIN; PATTERN.
AC PS00238;
DT APR-1990 (CREATED); DEC-2001 (DATA UPDATE); AUG-2004 (INFO UPDATE).
DE Visual pigments (opsins) retinal binding site.
PA [LIVMFWAC]-[PSGAC]-x(3)-[SAC]-K-[STALIMR]-[GSACPNV]-[STACP]-x(2)-[DENF]-
PA [AP]-x(2)-[IY].
NR /RELEASE=44.2,157002;
NR /TOTAL=197(196); /POSITIVE=192(191); /UNKNOWN=0(0); /FALSE_POS=5(5);
NR /FALSE_NEG=1; /PARTIAL=4;
CC /TAXO-RANGE=??E?; /MAX-REPEAT=2;
CC /SITE=5,retinal;
DR Q9H1Y3, OPN3_HUMAN, T; Q9WUK7, OPN3_MOUSE, T; Q9UHM6, OPN4_HUMAN, T;
DR Q9QXZ9, OPN4_MOUSE, T; P22269, OPS1_CALVI, T; P06002, OPS1_DROME, T;
DR P28678, OPS1_DROPS, T; Q25157, OPS1_HEMSA, T; P35360, OPS1_LIMPO, T;
DR O15973, OPS1_PATYE, T; Q94741, OPS1_SCHGR, T; P08099, OPS2_DROME, T;
DR P28679, OPS2_DROPS, T; Q25158, OPS2_HEMSA, T; P35361, OPS2_LIMPO, T;
DR O15974, OPS2_PATYE, T; Q26495, OPS2_SCHGR, T; P04950, OPS3_DROME, T;
...
DR P28684, OPSV_CHICK, T; P87368, OPSV_ORYLA, T; P51473, OPSV_XENLA, T;
DR O14718, OPSX_HUMAN, T; O35214, OPSX_MOUSE, T; P23820, REIS_TODPA, T;
DR P47803, RGR_BOVIN, T; P47804, RGR_HUMAN, T;
DR P17645, OPS3_DROVI, P; O18911, OPSG_ODOVI, P; O18914, OPSR_CANFA, P;
DR O18912, OPSR_HORSE, P;
DR Q9Z2B3, RGR_MOUSE, N;
DR Q6MLD2, GUAA_BDEBA, F; Q9CL24, OADB_PASMU, F; P22056, POLS_ONNVG, F;
DR Q99NF8, RP17_MOUSE, F; P09009, TERM_BPPRD, F;
3D 1BOJ; 1BOK; 1F88; 1GZM; 1HZX; 1JFP; 1KPN; 1KPW; 1KPX; 1L9H; 1LN6;
DO PDOC00211;
//
```


- ID είναι ένα προσδιοριστικό, ένα ακρώνυμο για την οικογένεια και δείχνει το είδος του διαχωρισμού.
- PATTERN σημαίνει ότι έχει χρησιμοποιηθεί μία regular expression.
- AC είναι ένας αριθμός πρόσβασης (accession number).
- Η γραμμή DE περιέχει περιγραφή της οικογένειας.
- Η γραμμή PA περιέχει την regular expression.
- Η γραμμή NR δίνει τεχνικές λεπτομέρειες και την διαγνωστική αξία του pattern. Έχουν βρεθεί 197 όμοιες αλληλουχίες με 5 λανθασμένες ομοιότητες.
- Οι γραμμές CC παρέχουν πληροφορίες σχετικά με την ταξινόμηση της οικογένειας, το μέγιστο αριθμό επαναλήψεων του pattern σε μία αναζήτηση, κ.λ.π.
- Μετά τα σχόλια ακολουθούν οι γραμμές DR με λίστες με αριθμούς πρόσβασης και προσδιοριστικούς κωδικούς της SWISS-PROT, όπου υπάρχει μία ένδειξη αν το pattern είναι πραγματικό (T), πιθανό (P), λανθασμένα θετικό (F), ή λανθασμένα αρνητικό (N).

PRINTS

- Η PRINTS διατηρείται στο Department of Biochemistry and Molecular Biology του UCL.
- Η PRINTS στηρίζεται στην αρχή ότι οι περισσότερες οικογένειες πρωτεϊνών χαρακτηρίζονται από πολλαπλά διατηρημένα μοτίβα (multiple reserved motifs), και επομένως πολλές, ή ακόμα και όλες, από αυτές πρέπει να χρησιμοποιηθούν προκειμένου να δημιουργήσουν διαγνωστικά patterns (diagnostic signatures, ή αλλιώς fingerprints) για τα μέλη της κάθε οικογένειας.
- Στην PRINTS, εάν μία προς αναζήτηση αλληλουχία δεν μπορέσει να ταιριάξει όλα τα μοτίβα σε ένα δεδομένο fingerprint, επιτρέπει το ταίριασμα με τα εναπομείναντα μοτίβα.

or fingerprint

(a) OPSIN OPSIN SIGNATURE
 Type of fingerprint: COMPOUND with 3 elements *Indication of the number of motifs in the fingerprint*
 Links:
 PRINTS; PR00237 GPCRHRDOPSN; PR00247 GPCRCAMP; PR00248 GPCRMGR
 PRINTS; PR00249 GPCRSECRETIN; PR00250 GPCRSTE2; PR00251 BACTRLOPSIN
 PROSITE; PS00238 OPSIN; PS00237 G_PROTEIN_RECEPTOR
 BLOCKS; BL00238
 SBASE; OPSD_HUMAN
 GCRDB; GCR_0085
 Creation date 20-DEC-1993; UPDATE 2-JUL-1996
 1. APPLEBURY, M.L. and HARGRAVE, P.A.
 Molecular biology of the visual pigments.
 VISION RES. 26 (12) 1881-1895 (1986).

(b) SUMMARY INFORMATION
 73 codes involving 3 elements *73 sequences matched all 3 elements of the fingerprint*
 1 codes involving 2 elements *1 sequence matched only 2 motifs*
 COMPOSITE FINGERPRINT INDEX

3	73	73	73
2	0	1	1

1 sequence matched only motif 2 and motif 3, but not motif 1

1	1	2	3
---	---	---	---

motif

(c) INITIAL MOTIF SETS
 OPSIN1 Length of motif = 13 Motif number = 1
 Opsin motif I - 1 *Location in the parent sequence*

	PCODE	ST	INT <i>number of residues from preceding neighbor</i>
YVTVQHKKLRTP	OPSD_BOVIN	60	60
YVTVQHKKLRTP	OPSD_HUMAN	60	60
YVTVQHKKLRTP	OPSD_SHEEP	60	60
AATMKFKKLRHPL	OPSG_HUMAN	76	76
AATMKFKKLRHPL	OPSR_HUMAN	76	76
YIFATTKSLRTPA	OPS1_DROME	73	73
VATLRYKKLRQPL	OPSB_HUMAN	57	57
YIFGGTKSLRTPA	OPS2_DROME	80	80
WVFSAAKSLRTPS	OPS3_DROME	81	81
WIFSTKSLRTPS	OPS4_DROME	77	77
YLFSKTKSLQTPA	OPSD_OCTDO	58	58
YLFTKTKSLQTPA	OPSD_LOLFO	57	57

 OPSIN2 Length of motif = 13 Motif number = 2
 Opsin motif II - 1 *→ motif 1 to motif 2*

	PCODE	ST	INT
GWSRYIPEGMQCS	OPSD_BOVIN	174	101
GWSRYIPEGLQCS	OPSD_HUMAN	174	101
GWSRYIPQGMQCS	OPSD_SHEEP	174	101
GWSRYWPHGLKTS	OPSG_HUMAN	190	101
GWSRYWPHGLKTS	OPSR_HUMAN	190	101
GWSRYVPEGNLTS	OPS1_DROME	187	101
GWSRFIPEGLQCS	OPSB_HUMAN	171	101
GWSAYVPEGNLTA	OPS2_DROME	194	101
TWGRFVPEGYLTS	OPS3_DROME	194	100
FWDRFVPEGYLTS	OPS4_DROME	190	100
NWGAYVPEGLTS	OPSD_OCTDO	174	103
GWGAYTLEGVLCN	OPSD_LOLFO	173	103

Figure 3.5. Excerpt from the PRINTS database, illustrating three different aspects of an

- Σε κάθε εγγραφή της PRINTS, στην αρχή του αρχείου, σε κάθε fingerprint αποδίδεται ένας
 - ID κωδικός, π.χ. το fingerprint (ή αλλιώς signature) για το opsins είναι OPSIN. Κάθε εγγραφή έχει ένα μοναδικό AC, το οποίο είναι της μορφής PR00000 (μπορεί να χρησιμοποιηθεί ένα AC της PROSITE) , καθώς και μία ένδειξη του αριθμού των μοτίβων στο fingerprint (στην περίπτωση του OPSIN είναι 3).
 - Υπάρχει μία ενότητα με πληροφορίες σχετικά με τη διαγνωστική επίδοση του fingerprint και των μοτίβων που το αποτελούν (για το PS00238, 123 αλληλουχίες ταίριαξαν και τα 3 στοιχεία του fingerprint, ενώ 7 αλληλουχίες ταίριαξαν μόνο 2 μοτίβα).
 - Η επόμενη ενότητα παρουσιάζει όλες τις πρωτεΐνες οι οποίες προσδιορίζονται χρησιμοποιώντας fingerprint όταν το PS00238 αντιστοιχίζεται πολλαπλά στη βάση δεδομένων.

Στο Internet Explorer πληκτρολογείστε την διεύθυνση της PROSITE:
<http://prosite.expasy.org/>.

The screenshot shows the PROSITE database website in Internet Explorer. The browser's address bar displays prosite.expasy.org. The website header includes the Expasy logo and the title "PROSITE". Navigation links for Home, ScanProsite, ProRule, Documents, Downloads, Links, and Funding are visible. The main content area features the PROSITE logo and a description of the database. A search bar is present with the example text "e.g. PDOC00022, PS50089, SH3, zinc finger". A "Browse" section lists search criteria: by documentation entry, by ProRule description, by taxonomic scope, and by number of positive hits. The footer shows the Windows taskbar with various application icons and the system clock indicating 3:26 PM on 3/1/2015.

Αρχείο Επεξεργασία Προβολή Ιστορικό Σελιδοδείκτες Εργαλεία Βοήθεια

Send us general questi... x SPIN x CATH Superfamily 4.1... x Μήνυμα :: Εισερχόμενα x Μήνυμα :: Εισερχόμενα x Μήνυμα :: Εισερχόμενα x Expasy - PROSITE x

prosite.expasy.org prosite

Πιο συχνά αναγνωσμέ... m Ξεκινώντας θεση ειδικότητας αιμα... Suggested Sites Web Slice Gallery

SIB Expasy Bioinformatics Resource Portal

PROSITE Home Contact

[Home](#) | [ScanProsite](#) | [ProRule](#) | [Documents](#) | [Downloads](#) | [Links](#) | [Funding](#)

proSite Database of protein domains, families and functional sites

PROSITE consists of documentation entries describing protein domains, families and functional sites as well as associated patterns and profiles to identify them [\[More... / References / Commercial users\]](#).
PROSITE is complemented by [ProRule](#), a collection of rules based on profiles and patterns, which increases the discriminatory power of profiles and patterns by providing additional information about functionally and/or structurally critical amino acids [\[More...\]](#).

Forthcoming changes to the profile format

Release 20.111 of 04-Feb-2015 contains 1716 documentation entries, 1308 patterns, 1107 profiles and 1105 ProRule.

Search

e.g. PDOC00022, PS50089, SH3, zinc finger

Browse

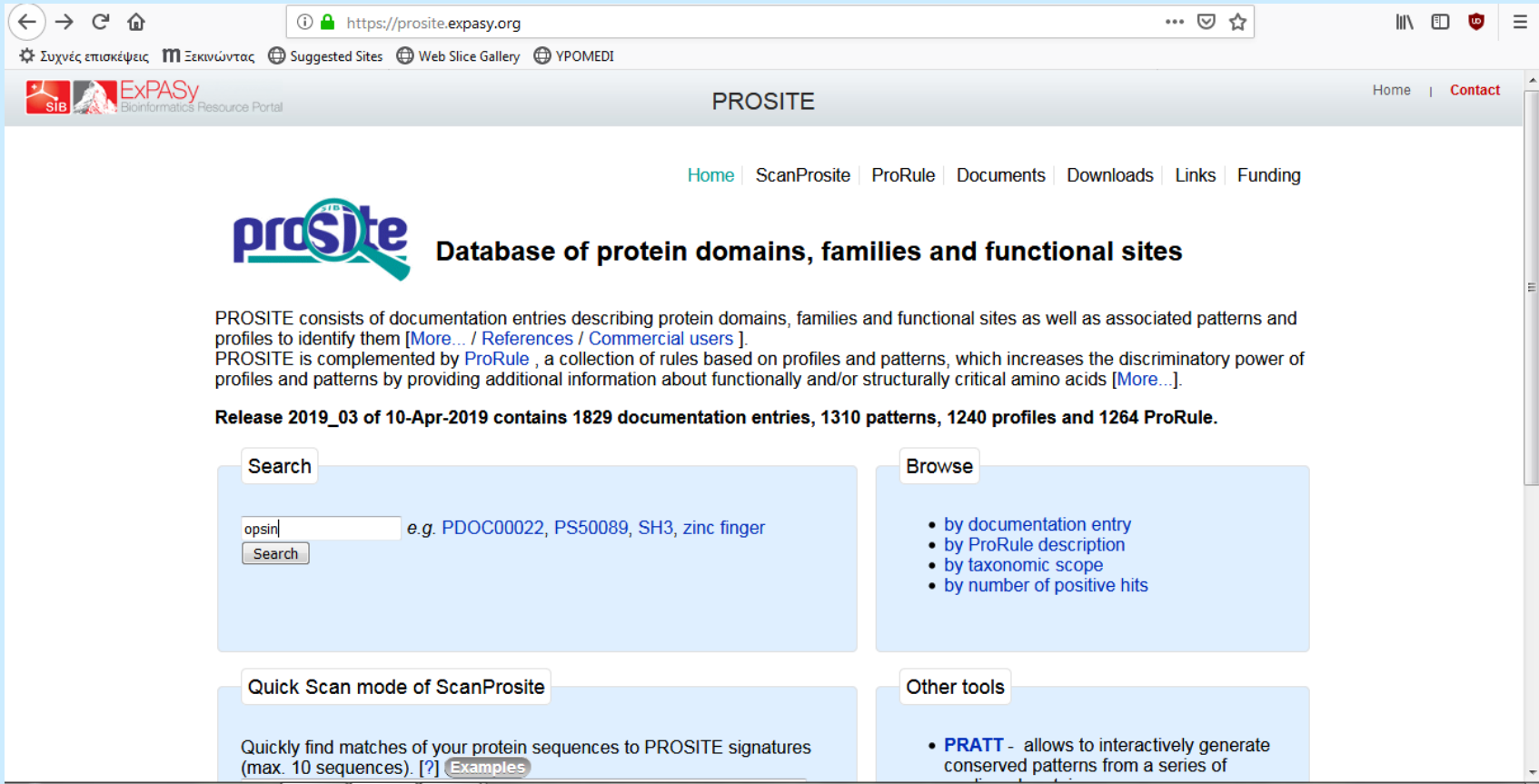
- [by documentation entry](#)
- [by ProRule description](#)
- [by taxonomic scope](#)
- [by number of positive hits](#)

Quick Scan mode of ScanProsite

Other tools

EN 3:26 PM 3/1/2015

Για να αναγνωρίσετε τις πρωτεΐνες που σχετίζονται με την οικογένεια πρωτεϊνών OPSIN βασιζόμενη σε μία regular expression ως διαγνωστικό εργαλείο, πληκτρολογήστε Orpsin στο πλαίσιο παρακάτω και επιλέξτε “Search”.



The screenshot shows the PROSITE website interface. The browser address bar displays <https://prosite.expasy.org>. The website header includes the PROSITE logo and navigation links: Home, Contact, ScanProsite, ProRule, Documents, Downloads, Links, and Funding. The main content area features the PROSITE logo and the text "Database of protein domains, families and functional sites". Below this, a paragraph describes PROSITE and its complementation by ProRule. A release notice states: "Release 2019_03 of 10-Apr-2019 contains 1829 documentation entries, 1310 patterns, 1240 profiles and 1264 ProRule." The interface is divided into four sections: Search, Browse, Quick Scan mode of ScanProsite, and Other tools. The Search section contains a text input field with "opsin" entered, a "Search" button, and a list of example results: "e.g. PDOC00022, PS50089, SH3, zinc finger". The Browse section lists four options: "by documentation entry", "by ProRule description", "by taxonomic scope", and "by number of positive hits". The Quick Scan mode of ScanProsite section includes a description: "Quickly find matches of your protein sequences to PROSITE signatures (max. 10 sequences)." and a link to "Examples". The Other tools section lists one option: "PRATT - allows to interactively generate conserved patterns from a series of".

PROSITE consists of documentation entries describing protein domains, families and functional sites as well as associated patterns and profiles to identify them [\[More... / References / Commercial users\]](#).
PROSITE is complemented by [ProRule](#), a collection of rules based on profiles and patterns, which increases the discriminatory power of profiles and patterns by providing additional information about functionally and/or structurally critical amino acids [\[More...\]](#).

Release 2019_03 of 10-Apr-2019 contains 1829 documentation entries, 1310 patterns, 1240 profiles and 1264 ProRule.

Search

opsin e.g. PDOC00022, PS50089, SH3, zinc finger

Browse

- by documentation entry
- by ProRule description
- by taxonomic scope
- by number of positive hits

Quick Scan mode of ScanProsite

Quickly find matches of your protein sequences to PROSITE signatures (max. 10 sequences). [\[?\] Examples](#)

Other tools

- **PRATT** - allows to interactively generate conserved patterns from a series of



← prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/prosite-search-ac?PDOC00211

↻

🔍 prosite

☆ 📁 ⬇️ 🏠 💬 ☰


🖨️ Πιο συχνά αναγνωσμέ... 📖 Εκκινώντας 🔗 Θεση ειδικότητας αιμα... ☐ Suggested Sites ☐ Web Slice Gallery

  **ExPASy**
Bioinformatics Resource Portal

PROSITE

Home | **Contact**

Home | ScanProsite | ProRule | Documents | Downloads | Links | Funding

 **PROSITE documentation PDOC00211**

Visual pigments (opsins) retinal binding site

Description

Technical section

References

Copyright

Miscellaneous

Description

Visual pigments [1,2] are the light-absorbing molecules that mediate vision. They consist of an apoprotein, opsin, covalently linked to the chromophore cis-retinal. Vision is effected through the absorption of a photon by cis-retinal which is isomerized to trans-retinal. This isomerization leads to a change of conformation of the protein. Opsins are integral membrane proteins with seven transmembrane regions that belong to family 1 of G-protein coupled receptors (see <PDOC00210>).

In vertebrates four different pigments are generally found. Rod cells, which mediate vision in dim light, contain the pigment rhodopsin. Cone cells, which function in bright light, are responsible for color vision and contain three or more color pigments (for example, in mammals: red, blue and green).

In Drosophila, the eye is composed of 800 facets or ommatidia. Each ommatidium contains eight photoreceptor cells (R1-R8): the R1 to R6 cells are outer cells, R7 and R8 inner cells. Each of the three types of cells (R1-R6, R7 and R8) expresses a specific opsin.

Proteins evolutionary related to opsins include:

Πατώντας AC PS00238 στην παραπάνω σελίδα, παρουσιάζονται τα αποτελέσματα της αναζήτησης στην PROSITE, τα οποία περιλαμβάνουν όλες τις σχετιζόμενες πρωτεΐνες με το συντηρημένο μοτίβο.

The screenshot shows a web browser window with the PROSITE database search results for AC PS00238. The browser's address bar shows the URL prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/prosite-search-ac?PDOC00238. The page has a navigation bar with tabs: Description, Technical section, References, Copyright, and Miscellaneous. The 'Technical section' tab is active.

PROSITE method (with tools and information) covered by this documentation:

OPSIN, PS00238: Visual pigments (opsins) retinal binding site (PATTERN)

- Consensus pattern:
[LVMFWAC]-x-[G]-x-[SAC]-K-[STALMR]-[GSACPNV]-[STACP]-x(2)-[DENF]-[AP]-x(2)-[Y]
K is the retinal binding site
- Sequences in UniProtKB/Swiss-Prot known to belong to this class: 220
 - detected by PS00238: 215 (true positives)
 - undetected by PS00238: 5 (2 false negatives and 3 'partials')
- Other sequence(s) in UniProtKB/Swiss-Prot detected by PS00238: 10 false positives.
- Retrieve an alignment of UniProtKB/Swiss-Prot true positive hits:
Clustal format, color, condensed view / Clustal format, color / Clustal format, plain text / Fasta format
- Retrieve the sequence logo from the alignment
- Taxonomic distribution of all UniProtKB (Swiss-Prot + TrEMBL) entries matching PS00238
- Retrieve a list of all UniProtKB (Swiss-Prot + TrEMBL) entries matching PS00238
- Scan UniProtKB (Swiss-Prot and/or TrEMBL) entries against PS00238
- View ligand binding statistics of PS00238
- Matching PDB structures: 1F88 1G2M 1HZX 1JFP ... [ALL]

References

prosite.expasy.org/PS00238 Authors Applebury M.L., Haigraive P.A.

motif in protein sequence - Go

Sequence motif - Wikipedia

PROSITE

prosity.expassy.org/PS50262.bt

PRINTS

https://prosity.expassy.org/PDOC00211

Συχνές επισκέψεις

Ξεκινώντας

Suggested Sites

Web Slice Gallery

YPOMEDI

Description

Technical section

References

Copyright

Miscellaneous

2

Title

Source

PubMed ID

The evolution of rhodopsins and neurotransmitter receptors.

J. Mol. Evol. 33:367-378(1991).

[1663559](#)

3

Authors

Title

Source

PubMed ID

Shen D. Jiang M. Hao W. Tao L. Salazar M. Fong H.K.W.

A human opsin-related gene that encodes a retinaldehyde-binding protein.

Biochemistry 33:13117-13125(1994).

[7947717](#)

Copyright

PROSITE is copyright. It is produced by the SIB Swiss Institute Bioinformatics. There are no restrictions on its use by non-profit institutions as long as its content is in no way modified. Usage by and for commercial entities requires a license agreement. For information about the licensing scheme send an email to [Prosity License](#) or see: [prosity_license.html](#).

Miscellaneous

[View entry in original PROSITE document format](#)

[View entry in raw text format \(no links\)](#)

SIB Swiss Institute of Bioinformatics | Disclaimer

Back to the Top

motif in protein sequence - Go X

Sequence motif - Wikipedia X

PROSITE: PDOC00211 (docume X

prosite.expasy.org/PS50262.txt X

PRINTS X

+

← → ↺ ↻

https://prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/get-prodoc-entry?PDOC00211

📄 ⋮ 📌 ⭐

🏠 📄 📄 📄



⚙️ Συχνές επισκέψεις

🏠 Εξικλώντας

🌐 Suggested Sites

🌐 Web Slice Gallery

🌐 YPOMEDI



Bioinformatics Resource Portal

PROSITE

Home | [Contact](#)

PROSITE: PDOC00211 (documentation)

[View entry in NiceSite format](#)

```
{PDOC00211}
{PS00238: OPSIN}
{BEGIN}
*****
* Visual pigments (opsins) retinal binding site *
*****
```

Visual pigments [1,2] are the light-absorbing molecules that mediate vision. They consist of an apoprotein, opsin, covalently linked to the chromophore cis-retinal. Vision is effected through the absorption of a photon by cis-retinal which is isomerized to trans-retinal. This isomerization leads to a change of conformation of the protein. Opsins are integral membrane proteins with seven transmembrane regions that belong to family 1 of G-protein coupled receptors (see <PDOC00210>).

In vertebrates four different pigments are generally found. Rod cells, which mediate vision in dim light, contain the pigment rhodopsin. Cone cells, which function in bright light, are responsible for color vision and contain three or more color pigments (for example, in mammals: red, blue and green).

In Drosophila, the eye is composed of 800 facets or ommatidia. Each ommatidium contains eight photoreceptor cells (R1-R8): the R1 to R6 cells are outer cells, R7 and R8 inner cells. Each of the three types of cells (R1-R6, R7 and R8) expresses a specific opsin.

Proteins evolutionary related to opsins include:

- Squid retinochrome, also known as retinal photoisomerase, which converts various isomers of retinal into 11-cis retinal.
- Mammalian opsin 3 (Enkephalopsin) that may play a role in encephalic photoreception.
- Mammalian opsin 4 (Melanopsin) that may mediate regulation of circadian rhythms and acute suppression of pineal melatonin.

Send us general questions... SPN CATH Superfamily 4.1... Myryas : Εισαγωγή... Myryas : Εισαγωγή... Myryas : Εισαγωγή... PROSITE P500238

prosite.expasy.org / go-bin/prosite/get-prosite-entry/P500238

prosite

Expasy
European Bioinformatics Institute

PROSITE

Home | Contact

PROSITE: P500238

ID C992H: PATTERN,
AC P500238;
DT APR-1990 (CREATED); DEC-2004 (DATA UPDATE); DEC-2014 (INFO UPDATE).
DE Visual pigments (opsins) retinal binding site.
EA [LIVMFKAC]-[PQQAC]-x-(G)-x-[SAC]-K-[STALING]-[SSACFV]-[STAC]-x(2)-
FA [DEFT]-[AP]-x(2)-[EY]-
NR /RELEASE=2015_02,547599;
NR /TOTAL=226(225); /POSITIVE=216(215); /UNKNOWN=0(0); /FALSE_POS=10(10);
NR /FALSE_NEG=2; /PARTIAL=3;
CC /TAXO-RANGE=?E??; /MAX-REPEAT=2;
CC /SITE=7,retinal;
CC /VERSION=1;
DR Q9W4A9, C9131_DABRE, T; Q9W4A9, C9132_DABRE, T; Q9W4Y3, C993_HUMAN, T;
DR Q9W4X7, C993_MOUSE, T; Q9W4X9, C994A_DABRE, T; Q9W4X9, C994A_GALNO, T;
DR Q9W4Q2, C994B_GALNO, T; C97422, C994B_XENLA, T; Q1J954, C9943_DABRE, T;
DR Q9W4K9, C994_FELCA, T; Q9W4M4, C994_HUMAN, T; Q9W4T9, C994_MOUSE, T;
DR Q9W4F2, C994_FROBU, T; Q9W4G2, C994_FOGS1, T; Q9W4H4, C994_RAT, T;
DR Q9W4L9, C994_FUTAU, T; Q9W4M4, C995_HUMAN, T; Q9W4N2, C995_MOUSE, T;
DR P22249, C991_CALVI, T; P06002, C991_DROME, T; P28678, C991_DROPS, T;
DR O02464, C991_MOUSE, T; Q94741, C991_SCHER, T; P06099, C992_DROME, T;
DR P28679, C992_DROPS, T; Q24495, C992_SCHER, T; P04950, C993_DROME, T;
DR P28680, C993_DROPS, T; P08255, C994_DROME, T; P29404, C994_DROPS, T;
DR P17446, C994_DROVI, T; P01457, C995_DROME, T; O01465, C996_DROME, T;
DR P01471, C996_AMOCA, T; P00480, C996_AFINX, T; P01472, C996_ASTYA, T;
DR P01490, C996_BOVIN, T; P02310, C996_CABAU, T; P28682, C996_CHICK, T;
DR O13227, C996_CONCO, T; P05357, C996_GECSE, T; P03999, C996_HUMAN, T;
DR P01490, C996_MOUSE, T; P07345, C996_ORYLA, T; P00573, C996_PANPA, T;
DR P00018, C996_PANTR, T; Q94652, C996_RAT, T; O13092, C996_SALIB, T;
DR Q29157, C9961_MENSA, T; Q29158, C9962_MENSA, T; Q99373, C9963_BORNO, T;
DR Q99214, C9964_ANGAN, T; O15973, C9965_MIZYE, T; Q99215, C9966_ANGAN, T;
DR O15974, C9967_MIZYE, T; Q42294, C9968_ARYYO, T; P02202, C9969_ALLMI, T;

```
DR P32712, CP502_CARAG, T; Q6AYH8, CP502_DANKE, T; P51474, CP503_ASTTA, T;
DR Q6AYH7, CP503_DANKE, T; Q9W6A6, CP504_DANKE, T; Q98024, CP505_CAVPO, T;
DR P28483, CP506_CHICK, T; P33358, CP507_GEOSE, T; P04001, CP508_HUMAN, T;
DR O55599, CP509_MOUSE, T; P57346, CP510_GRYLA, T; O18910, CP511_RABIT, T;
DR O58476, CP512_RAT, T; O58478, CP513_SCICA, T; P34989, CP514_CALCA, T;
DR P35340, CP515_LINPO, T; P35341, CP516_LINPO, T; Q77327, CP517_RUTRO, T;
DR O13018, CP518_SALSA, T; P51475, CP519_CHICK, T; P51476, CP520_COLLI, T;
DR Q62266, CP521_ICIFU, T; Q62490, CP522_PETRA, T; Q9W6A7, CP523_DANKE, T;
DR Q6AYH9, CP524_DANKE, T; P41592, CP525_AMOCA, T; P22302, CP526_ASTTA, T;
DR Q98017, CP527_BOVIN, T; O18914, CP528_CANFA, T; Q95170, CP529_CAFBI, T;
DR P32913, CP530_CAGAU, T; P22329, CP531_CHICK, T; O18913, CP532_FELCA, T;
DR P04000, CP533_HUMAN, T; P57347, CP534_GRYLA, T; O12948, CP535_XENLA, T;
DR Q61303, CP536_AFIME, T; Q90309, CP537_CARAG, T; Q97605, CP538_MELUD, T;
DR P28484, CP539_CHICK, T; P57348, CP540_GRYLA, T; P51477, CP541_XENLA, T;
DR O14718, CP542_HUMAN, T; O58314, CP543_MOUSE, T; P22320, REIS_TOOPA, T;
DR P47803, RGR_BOVIN, T; P47804, RGR_HUMAN, T;
DR P17645, CP53_DROVI, F; O18911, CP50_OOOVI, F; O18912, CP58_HORSE, F;
DR Q63114, CP54_SHASE, X; Q92383, RGR_MOUSE, X;
DR A1W917, EFTS_ACIST, F; Q40WMS, GPR11_HUMAN, F; Q9CL24, GAD6_FASNU, F;
DR Q1WQY3, POLS_CHICK, F; Q67UX3, POLS_CHICK, F; P22056, POLS_OBRYO, F;
DR Q90370, POLS_OBRYO, F; Q90369, POLS_OBRYO, F; P0C211, POL_STILL, F;
DR Q988F8, RRP17_MOUSE, F;
SD 1F59: 1G2M: 1L2X: 1GFF: 1L2H: 1L2K: 1G19: 2D87: 2HFF: 2I35: 2I36: 2I37:
SD 2J4Y: 2FED: 2K72: 2I73: 2I2Y: 3AXH: 3AYH: 3C9L: 3C9H: 3CAF: 3QGB: 3OAN:
SD 3PQR: 3PQO: 4A4H: 4BXY: 4BEZ: 4Z4Q: 4FXF:
DO P00000211;
//
```

NiceSite - a user-friendly view of this PROSITE entry

Επιλέγοντας PDOC00211 στην παραπάνω σελίδα, παρουσιάζεται σε ελεύθερη μορφή κειμένου το αρχείο για την OPSIN.

```
DR: P32312, O9502, CARRAT, T; Q8AYM7, O9503, DANKX, T; P51474, O9503, ASTFA, T;
DR: Q8AYM7, O9503, DANKX, T; Q9W4A4, O9504, DANKX, T; Q9W024, O950, CAVPO, T;
DR: P28483, O950, CHICK, T; P55358, O950, GEORG, T; P04001, O950, HUMAN, T;
DR: O35339, O950, MOUSE, T; P87346, O950, ORYLA, T; O18915, O950, RABIT, T;
DR: O35476, O950, RAT, T; O35478, O950, SCICA, T; P34989, O950, CALFA, T;
DR: P35340, O950, LIMPO, T; P55341, O950, LIMPO, T; Q773Q7, O950, BUTRU, T;
DR: O19018, O950, SALSA, T; P51475, O950, CHICK, T; P51476, O950, COLLI, T;
DR: O42246, O950, ICTIB, T; O42490, O950, FEDGA, T; Q9W4A7, O950, DANKX, T;
DR: Q8AYM7, O950, DANKX, T; P51592, O950, ASOCA, T; P22332, O950, ASTFA, T;
DR: Q9W027, O950, BOVIN, T; O18914, O950, CANFA, T; Q95170, O950, CAPRI, T;
DR: P32313, O950, CARRAT, T; P22329, O950, CHICK, T; O18913, O950, FELCA, T;
DR: P04000, O950, HUMAN, T; P87347, O950, ORYLA, T; O12948, O950, XENLA, T;
DR: O45303, O950, AFINE, T; Q9W029, O950, CARRAT, T; O57608, O950, XENLA, T;
DR: P28484, O950, CHICK, T; P87348, O950, ORYLA, T; P51473, O950, XENLA, T;
DR: O14718, O950, HUMAN, T; O35214, O950, MOUSE, T; P23820, KEIS, TOOPA, T;
DR: P47803, ROR, BOVIN, T; P47804, ROR, HUMAN, T;
DR: P17448, O950, DRONI, F; O18912, O950, COOVI, F; O18912, O950, MOUSE, F;
DR: Q48114, O950, BRABE, S; Q92283, ROR, MOUSE, S;
DR: A1W917, EFTS, ACISJ, F; Q4W0M3, O950, HUMAN, F; Q9W024, O950, PASHO, F;
DR: Q9W029, O950, CHICK, F; Q9W029, O950, CHICK, F; P22054, O950, OMRV, F;
DR: Q9W029, O950, OMRV, F; Q9W029, O950, OMRV, F; P0C211, O950, HTLL, F;
DR: Q9W029, O950, MOUSE, F;
SD: 1F58; 1G2H; 1E2X; 1EFP; 1E9H; 1E9H; 1G18; 2G87; 2MPT; 2I35; 2I34; 2I37;
SD: 2G4Y; 2FED; 2K72; 2E78; 2E1Y; 3ATH; 3AYH; 3C9L; 3C9H; 3CAF; 3DQ8; 3OAX;
SD: 3PQ2; 3PQ3; 4A4H; 4SEY; 4SE2; 4J4Q; 4PXF;
DO:
PDOC00211;
//

NiceSite - a user-friendly view of this PROSITE entry
```


PROSITE: PDOC00211 (documentation)

[View entry in NiceSite format](#)

(PDOC00211)
(PDOC00238) (CDOC234)
(PDOC00239)

* Visual pigments (opsins) retinal binding site *

Visual pigments [1,2] are the light-absorbing molecules that mediate vision. They consist of an apoprotein, opsin, covalently linked to the chromophore 11-cis-retinal. Vision is effected through the absorption of a photon by 11-cis-retinal which is isomerized to trans-retinal. This isomerization leads to a change of conformation of the protein. Opsins are integral membrane proteins with seven transmembrane regions that belong to family 1 of G-protein coupled receptors (see [#RC000021:00](#)).

In vertebrates four different pigments are generally found. Rod cells, which mediate vision in dim light, contain the pigment rhodopsin. Cone cells, which function in bright light, are responsible for color vision and contain three or more color pigments (for example, in mammals: red, blue and green).

In *Drosophila*, the eye is composed of 800 facets or ommatidia. Each ommatidium contains eight photoreceptor cells (R1-R8): the R1 to R6 cells are outer cells, R7 and R8 inner cells. Each of the three types of cells (R1-R6, R7 and R8) expresses a specific opsin.

Proteins evolutionary related to opsins include:

- Squid retinochrome, also known as retinal photoisomerase, which converts various isomers of retinal into 11-cis retinal.

Send us general questions... SP91 CATH Superfamily 41... Μήνυμα : Εισαγωγή... Μήνυμα : Εισαγωγή... Μήνυμα : Εισαγωγή... PROSITE PDOC00211 ...

← → prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/get-prosite-entry/PRODOC00211

Προσέβα αναζήτησης... Σελήνη... Εύρεση ενδιαφερόντων σημείων... Suggested Sites Web Slice Gallery

Developed according to the following:

```

-Consensus pattern: [LIVMFWAC]-[PSAC]-x-[GI]-x-[SAC]-E-[STALNKR]-[QDACPQV]-
                    [STACP]-x(2)-[DENF]-[AF]-x(2)-[IV]
                    [K is the retinal binding site]
-Sequences known to belong to this class detected by the pattern: ALL.
-Other sequence(s) detected in Swiss-Prot: 2.
-Last update: December 2004 / Pattern and text revised.

```

[1] Applebury M.L., Margrave P.A.
 "Molecular biology of the visual pigments."
 Vision Res. 24:1881-1895(1984).
 PubMed=3303660

[2] Fryxell K.J., Meyerowitz E.M.
 "The evolution of rhodopsins and neurotransmitter receptors."
 J. Mol. Evol. 33:367-378(1991).
 PubMed=1663559

[3] Shen D., Jiang M., Mao W., Tao L., Salazar M., Fong H.K.W.
 "A human opsin-related gene that encodes a retinaldehyde-binding
 protein."
 Biochemistry 33:13117-13125(1994).
 PubMed=7947717

-----+
 PROSITE is copyright. It is produced by the SIB Swiss Institute
 Bioinformatics. There are no restrictions on its use by non-profit
 institutions as long as its content is in no way modified. Usage by and
 for commercial entities requires a license agreement. For information
 about the licensing scheme send an email to
 Prosite.License
 or
 see: prosite_license.html.
 -----+
 (KPD)

Windows taskbar: 3:37 PM 3/3/2015

motif in protein sequence - Google X Sequence motif - Wikipedia X PROSITE X prosite.expasy.org/PS50262.bt X PRINTS X


https://prosite.expasy.org/PDOC00211

Συχνές επισκέψεις m Ξεκινώντας Suggested Sites Web Slice Gallery YPOMEDI

SIB ExpASY Bioinformatics Resource Portal

PROSITE Home | Contact

Home | ScanProsite | ProRule | Documents | Downloads | Links | Funding

 **PROSITE documentation PD0C00211**

Visual pigments (opsins) retinal binding site

Description Technical section References Copyright Miscellaneous

Description

Visual pigments [1,2] are the light-absorbing molecules that mediate vision. They consist of an apoprotein, opsin, covalently linked to the chromophore cis-retinal. Vision is effected through the absorption of a photon by cis-retinal which is isomerized to trans-retinal. This isomerization leads to a change of conformation of the protein. Opsins are integral membrane proteins with seven transmembrane regions that belong to family 1 of G-protein coupled receptors (see <PD0C00210>).

In vertebrates four different pigments are generally found. Rod cells, which mediate vision in dim light, contain the pigment rhodopsin. Cone cells, which function in bright light, are responsible for color vision and contain three or more color pigments (for example, in mammals: red, blue and green).

In Drosophila, the eye is composed of 800 facets or ommatidia. Each ommatidium contains eight photoreceptor cells (R1-R8): the R1 to R6 cells are outer cells, R7 and R8 inner cells. Each of the three types of cells (R1-R6, R7 and R8) expresses a specific opsin.

Proteins evolutionary related to opsins include:



https://prosite.expasy.org/scanprosite/ Squid retinochrome, also known as retinal photoisomerase, which converts various isomers of retinal into 11-cis-retinal.

EN 12:39 AM 5/8/2019

motif in protein sequence - Google X Sequence motif - Wikipedia X ScanProsite X prosite.expasy.org/PS50262.txt X PRINTS X


← → ↻ 🏠 <https://prosite.expasy.org/scanprosite/> 📄 ⋮ 📌 ☆ 🏠 📄 📌 1 ☰

⚙️ Συχνές επισκέψεις 📄 Εκκινώντας 🌐 Suggested Sites 🌐 Web Slice Gallery 🌐 YPOMEDI

  **Expasy**
Bioinformatics Resource Portal

ScanProsite Home | **Contact**

Home | [ScanProsite](#) | ProRule | Documents | Downloads | Links | Funding

 **ScanProsite tool**

This form allows you to scan proteins for matches against the [PROSITE collection of motifs](#) as well as against your own patterns.

- ☒ **Option 1 - Submit PROTEIN sequences to scan them against the PROSITE collection of motifs.**
- ☐ Option 2 - Submit MOTIFS to scan them against a PROTEIN sequence database.
- ☐ Option 3 - Submit PROTEIN sequences and MOTIFS to scan them against each other.

STEP 1 - Submit PROTEIN sequences [\[help\]](#)

- ☒ Submit PROTEIN sequences (max. 10) [Examples](#)
- ☐ Submit a PROTEIN database (max. 16MB) for repeated scans (The data will be stored on our server for 1 month).

Enter UniProtKB accessions or identifiers or PDB identifiers or sequences in FASTA format

<https://prosite.expasy.org/scanprosite/>

Για τον προσδιορισμό των οικογενειών πρωτεϊνών οι οποίες σχετίζονται με την OPSD_SHEEP, στην πρώτη σελίδα της PROSITE πληκτρολογήστε τον κωδικό (AC) που έχει αυτή στη SWISS-PROT

(P02700) στο αντίστοιχο πεδίο και επιλέξτε “Quick Scan”.

motif in protein sequence - Go X Sequence motif - Wikipedia X ScanProsite X prosite.expasy.org/PS50262.txt X PRINTS X

https://prosite.expasy.org/scanprosite/

Συχνές επισκέψεις Ξεκινώντας Suggested Sites Web Slice Gallery YPOMEDI

☒ Submit PROTEIN sequences (max. 10) [Examples](#)
☐ Submit a PROTEIN database (max. 16MB) for repeated scans (The data will be stored on our server for 1 month).

P02700

Supported input:

- UniProtKB accessions e.g. P98073 or identifiers e.g. ENTK_HUMAN
- PDB identifiers e.g. 4DGJ
- Sequences in FASTA format

STEP 2 - Select options [\[help\]](#)

☒ Exclude motifs with a high probability of occurrence from the scan
☐ Exclude profiles from the scan
☐ Run the scan at high sensitivity (show weak matches for profiles)

STEP 3 - Select output options and submit your job

Output format: Graphical view

EN 12:41 AM 5/8/2019

motif in protein sequence - Go X

Sequence motif - Wikipedia X

ScanProsite X

prosite.expasy.org/PS50262.bt X

PRINTS X

+

← → ↺ ↻

https://prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/ScanView.cgi?scanfile=593692871606.scan.gz

📄 ⋮ 📧 ☆



⚙️ Συχνές επισκέψεις

🏠 Ξεκινώντας

🌐 Suggested Sites

🌐 Web Slice Gallery

🌐 YPOMEDI




Bioinformatics Resource Portal

PROSITE

Home | **Contact**

Home | **ScanProsite** | ProRule | Documents | Downloads | Links | Funding



ScanProsite Results Viewer

Output format: Graphical view - this view shows ScanProsite results together with ProRule-based predicted intra-domain features [\[help\]](#).


Hits for all PROSITE (release 2019_03) motifs on sequence P02700 [UniProtKB/Swiss-Prot (release 2019_03 of 10-Apr-19: 559634 entries)]:

[found: 3 hits in 1 sequence](#)


P02700 OPSP_SHEEP (348 aa)
RecName: Full=Rhodopsin;. *Ovis aries* (Sheep)

```
MNGTEGPNFYVFSNKTGVVRSPFEAPQYYLAEPWQFSMLAAYMFLILVLGFPINFLTLYVTVQHK
KLRTPLNYILLNLAVADLFMVFGGFTITLYTSLHGYFVFGPTGNCNLEGGFATLGGEIALNSLVLA
IERYVVVCKPMSNFRFGENHAIMGVAFITWVMALACAAPPVLVGSRYIFQGMQCSGALYFTLKPEI
NNESEFVIYMFVVHESIPLIVIFFCYGQLVFTVKEAAAQQQESATTQKAEKEVTRMVIIMVIAFLIC
WLPYAGVAFYIFTRQGSDFGPIFMIIFAFFAKSSSVYNPVIYIMMNKQFRNCMLTTLCCGRNPLGD
DEASTVSKTETSQVAPA
```


Legend:




disulfide bridge



active site



other 'ranges'



other sites

Please note that the graphical representations of domains displayed hereafter are for illustrative purposes only, and that their colors and shapes are not intended to indicate homology or shared function.
For more information about how these graphical representations are constructed, go to <https://prosite.expasy.org/mydomains/>.

motif in protein sequence - Go X Sequence motif - Wikipedia X ScanProsite X prosite.expasy.org/PS50262.txt X PRINTS X

https://prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/ScanView.cgi?scanfile=593692871606.scan.gz


Συχνές επισκέψεις Ξεκινώντας Suggested Sites Web Slice Gallery YPOMEDI

For more information about how these graphical representations are constructed, go to <https://prosite.expasy.org/mydomains/>.

hits by profiles: [1 hit (by 1 profile) on 1 sequence]

Upper case represents match positions, lower case insert positions, and the '-' symbol represents deletions relative to the matching profile.

ruler: 1 100 200 300 400 500 600 700 800 900 1000

P02700 (OPSD_SHEEP)  (348 aa)

RecName: Full=Rhodopsin; Ovis aries (Sheep)

PS50262 G_PROTEIN_RECEP_F1_2 G-protein coupled receptors family 1 profile :

54 - 306: score = 41.596

INFLTLVTVQHKKLRTPNLNVLNLAVALFMVFGGFTTILVTSLHGYPVFGPTGCNLE
GFFATLGGEIALNSLVLAIERVYVVKPMNSFR-FGENHAIMGVAFTVMALACAAPP
YG-WSRYIPQGMQSCGALYFtlkpEINNESFVIYMF-VVHFSIPLIVIFFCYGQLVFTV
KEAAQQQ--ESATTQKAEKVTRMVIIMVIAFLICNLPLPYAGVAFYIFTH---QSSDFGP
IFMTIIPAFFAKSSSVYMFVIY

Predicted feature:

DISULFID	110	187	[condition: C-x*-C]
----------	-----	-----	---------------------

Absent feature:

DISULFID	180	186	[condition not true: C-x*-C]
----------	-----	-----	------------------------------

hits by patterns: [2 hits (by 2 distinct patterns) on 1 sequence]

ruler: 1 100 200 300 400 500 600 700 800 900 1000

Η PROSITE παρέχει όλα τα δυνατά μοτίβα τα οποία σχετίζονται με την αλληλουχία αυτή.

The screenshot displays the PROSITE ScanView interface in a web browser. The address bar shows the URL: prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/ScanView.cgi?scanfile=J18235324341.scan.gz. The browser tabs include 'ScanProsite', 'PROSITE: P0000211 (doc...', 'PROSITE', and 'PROSITE'.

The main content area shows search results for a protein sequence. It includes a table with the following data:

Feature	Start	End	Condition	
DISULFID	110	117	[condition: C-x*-C]	
Absent feature	DISULFID	180	186	[condition not true: C-x*-C]

Below the table, a green bar indicates: **hits by patterns:** [2 hits (by 2 distinct patterns) on 1 sequence].

A ruler at the bottom shows the protein sequence alignment. The ruler is labeled from 1 to 1000. The protein sequence is shown as a horizontal line with a black dot at position 110 and an orange dot at position 117. The sequence is labeled: P02700 (OPSD_SHEEP) (348 aa). Below the ruler, the RecName is given: RecName: Full=Rhodopsin; Ovis aries (Sheep).

The search results are listed below the ruler:

- PS00237 G_PROTEIN_RECEP_F1_1 G-protein coupled receptors family 1 signature
- 123 - 139: [confidence level: 0] IALMSVYLAIERIVYV
- PS00238 OPSIN Visual pigments (opsins) retinal binding site
- 290 - 306: [confidence level: 0] IFATIAQ33Pyg2vLT

At the bottom, there are controls for the display: horizontal scaling: 0.6, do not show text labels: ☐, do not show sites in hits: ☐, do not show ranges in hits: ☐, and a redisplay button.

motif in protein sequence X Sequence motif - Wikipedi X ScanProsite X PROSITE X prosite.expasy.org/PS5026 X PRINTS X

https://prosite.expasy.org/cgi-bin/prosite/ScanView.cgi?scanfile=593692871606.scan.gz

Συχνές επισκέψεις Μ Εκκινώντας Suggested Sites Web Slice Gallery YPOMEDI

Hits for all PROSITE (release 2019_03) motifs on sequence P02700 [UniProtKB/Swiss-Prot (release 2019_03 of 10-Apr-19: 559634 entries)]:

found: 3 hits in 1 sequence

P02700 OPSD_SHEEP (348 aa)
RecName: Full=Rhodopsin;. *Ovis aries* (Sheep)

```

MNGTEGPNFYVPFSNKTGVVRSPFEAPQYYLAEPWQFSMLAAYMFLILVLGFFINFLTLVIVQHK
KLRTPLNYILLNLAVADLFMVFGGFITITLYTSLHGYFVFGPTGCNLEGGFFATLGGEIALNSLVLA
IERVYVVCKEPMSNFRFGENHAIMGVAFITWMLACAAAPLVGNSRYIPQGMQCSGALYFTLKPEI
NNESEFVIYMEFVHFSIPLIVIFFCYGLVFTVKEAAQQQESATIQKAEKEVIRMVIIIMVIAFLIC
WLPYAGVAFYIETHQGSDFGPIFMTIPAFFAKSSSVYNFVIYIMNKKQFRNCMLTTLCCGKIPLGD
DEASTIVSKTETSQVAPA
  
```

Legend:


- disulfide bridge
- active site
- other 'ranges'
- other sites

Please note that the graphical representations of domains displayed hereafter are for illustrative purposes only, and that their colors and shapes are not intended to indicate homology or shared function. For more information about how these graphical representations are constructed, go to <https://prosite.expasy.org/mydomains/>.

hits by profiles: [1 hit (by 1 profile) on 1 sequence]

Upper case represents match positions, lower case insert positions, and the '-' symbol represents deletions relative to the matching profile.

ruler: 1 100 200 300 400 500 600 700 800 900 1000

P02700
(OPSD_SHEEP)  (348 aa)

RecName: Full=Rhodopsin;. *Ovis aries* (Sheep)

PS50262 G_PROTEIN_RECEP_F1_2 G-protein coupled receptors family 1 profile :

PRINTS

- Η PRINTS διατηρείται στο Department of Biochemistry and Molecular Biology του UCL.
- Η PRINTS στηρίζεται στην αρχή ότι οι περισσότερες οικογένειες πρωτεϊνών χαρακτηρίζονται από πολλαπλά διατηρημένα μοτίβα (multiple reserved motifs), και επομένως πολλές, ή ακόμα και όλες, από αυτές πρέπει να χρησιμοποιηθούν προκειμένου να δημιουργήσουν διαγνωστικά patterns (diagnostic signatures, ή αλλιώς fingerprints) για τα μέλη της κάθε οικογένειας.
- Στην PRINTS, εάν μία προς αναζήτηση αλληλουχία δεν μπορέσει να ταιριάξει όλα τα μοτίβα σε ένα δεδομένο fingerprint, επιτρέπει το ταίριασμα με τα εναπομείναντα μοτίβα.

motif in protein sequence ×

Sequence motif - Wikiped ×

ScanProsite ×

PROSITE ×


prosite.expasy.org/PS5026 ×

PRINTS ×

+

130.88.97.239/PRINTS/index.php

Συχνές επισκέψεις Μεκινώντας Suggested Sites Web Slice Gallery YPOMEDI



PRINTS is a compendium of protein **fingerprints**. A fingerprint is a group of conserved motifs used to characterise a protein family; its diagnostic power is refined by iterative scanning of a *SWISS-PROT*/*TrEMBL* composite. Usually the motifs do not overlap, but are separated along a sequence, though they may be contiguous in 3D-space. Fingerprints can encode protein folds and functionalities more flexibly and powerfully than can single motifs, full diagnostic potency deriving from the mutual context provided by motif neighbours. [References](#)

Direct PRINTS access:

- ◆ [By accession number](#)
- ◆ [By PRINTS code](#)
- ◆ [By database code](#)
- ◆ [By text](#)
- ◆ [By sequence](#)
- ◆ [By title](#)
- ◆ [By number of motifs](#)
- ◆ [By author](#)
- ◆ [By query language](#)

PRINTS search:

- ◆ [FPScan](#) - search PRINTS with a query sequence/ID
- ◆ [GRAPHScan](#) - search a sequence with a named fingerprint
- ◆ FingerPRINTScan source is available: [contact attwood@bioinf.man.ac.uk](mailto:contact.attwood@bioinf.man.ac.uk)

PRINTS BLAST search

- ◆ Run a [BLAST search](#) of sequences in PRINTS

BLOCKS/PRINTS Search:

- ◆ Search by [user query sequence](#)

motif in protein sequence

Sequence motif - Wikiped

ScanProsite

PROSITE

prosite.expasy.org/PS5026

PRINTS

130.88.97.239/PRINTS/QuizPRINTSTI.php

Συχνές επισκέψεις

Ξεκινώντας

Suggested Sites

Web Slice Gallery

YPOMEDI

Home

Databases

Services and Tools

Projects

Education

Research Group

Videos

Societies

DbBrowser

DBPROM26L

Search database titles

Construct a query by supplying a text string in the box provided: *e.g.*, *rhodopsin* lists entries in which 'rhodopsin' appears in the source database title lines. Modify the result by changing the qualifier: *e.g.*, */info rhodopsin* shows the titles in which the query has been identified. See [SMITE documentation](#) for more information.

Qualifier:
(none)

Text string:
opsin

Send Query

Reset

Contact us: or, for more info, visit [Bioinformatics at Manchester](#), [Faculty of Life Sciences](#), [School of Computer Science](#), [The University of Manchester](#).

motif in protein sequence
Sequence motif - Wikiped
ScanProsite
PROSITE

130.88.97.239/cgi-bin/dbbrowser/PRINTS/DoPRINTS.pl?cmd_a=D

Συχνές επισκέψεις
Ξεκινώντας
Suggested Sites
Web Slice Gallery
YPOMEDI

WORKLIST ENTRIES (1):

GPCRRHODOPSN [View alignment](#) Rhodopsin-like GPCR superfamily signature
Type of fingerprint: COMPOUND with 7 elements

Links:

PRINTS; [PR00247](#) [GPCRCAMP](#); [PR00248](#) [GPCRMGR](#); [PR00249](#) [GPCRSECRETIN](#)
PRINTS; [PR00250](#) [GPCRSTE2](#); [PR00899](#) [GPCRSTE3](#); [PR00251](#) [BACTRLOPSIN](#)
PRINTS; [PR01101](#) [5HTRECEPTOR](#); [PR00424](#) [ADENOSINER](#); [PR01103](#) [ADRENERGICR](#)
PRINTS; [PR00241](#) [ANGIOTENSINR](#); [PR01104](#) [ANPHYLATOKNR](#); [PR01416](#) [APJRECEPTOR](#)
PRINTS; [PR00358](#) [BOMBESINR](#); [PR00425](#) [BRADYKININR](#); [PR00362](#) [CANNABINOIDR](#)
PRINTS; [PR00657](#) [CCCHEMOKINER](#); [PR00524](#) [CCYSTOKININAR](#); [PR01533](#) [CYSLTRECPTR](#)
PRINTS; [PR00242](#) [DOPAMINER](#); [PR00366](#) [ENDOTHELINR](#); [PR00526](#) [FMETLEUPHER](#)
PRINTS; [PR01562](#) [FRACTALKINER](#); [PR01563](#) [G2ARECEPTOR](#); [PR00663](#) [GALANINR](#)
PRINTS; [PR00527](#) [GASTRINR](#); [PR01417](#) [GHSRECEPTOR](#); [PR00373](#) [GLYCHORMONER](#)
PRINTS; [PR00529](#) [GNADOTRPHINR](#); [PR01147](#) [GPR4RECEPTOR](#); [PR00530](#) [HISTAMINEH1R](#)
PRINTS; [PR00427](#) [INTRLEUKIN8R](#); [PR01728](#) [KISS1RECEPTR](#); [PR01568](#) [LYMPHOTACTINR](#)
PRINTS; [PR01527](#) [LPARECEPTOR](#); [PR01476](#) [LTBRECEPTOR](#); [PR00533](#) [MASONCOGENE](#)
PRINTS; [PR01783](#) [MCHRECEPTOR](#); [PR00534](#) [MCRFAMILY](#); [PR00857](#) [MELATONINR](#)
PRINTS; [PR00243](#) [MUSCARINICR](#); [PR00244](#) [NEUROKININR](#); [PR01565](#) [NEUROMEDINUR](#)
PRINTS; [PR01570](#) [NPFFRECEPTOR](#); [PR01012](#) [NRPEPTIDEYR](#); [PR01855](#) [NRPEPTIDEWR](#)
PRINTS; [PR01479](#) [NEUROTENSINR](#); [PR00664](#) [OCTOPAMINER](#); [PR01564](#) [OGR1RECEPTOR](#)
PRINTS; [PR00245](#) [OLFACTORYR](#); [PR00384](#) [OPIOIDR](#); [PR00238](#) [OP SIN](#); [PR01064](#) [OREXINR](#)
PRINTS; [PR01157](#) [F2YPURNOCPTR](#); [PR01153](#) [PAFRECEPTOR](#); [PR01788](#) [PROSTANOIDR](#)
PRINTS; [PR01152](#) [PROTEASEAR](#); [PR01018](#) [PRPRECEPTOR](#); [PR01649](#) [PSYCHOSINER](#)
PRINTS; [PR01739](#) [RELAXINR](#); [PR01523](#) [S1PRECEPTOR](#); [PR00246](#) [SOMATOSTATINR](#)
PRINTS; [PR00429](#) [THROMBOXANER](#); [PR01846](#) [TRHRFAMILY](#); [PR01830](#) [TRACEAMINER](#)
PRINTS; [PR01654](#) [TRHRECEPTOR2](#); [PR01655](#) [UDPGLCUCOSER](#); [PR00647](#) [UROTENSIN2R](#)
PRINTS; [PR00896](#) [VASOPRESSINR](#); [PR01534](#) [VOMERONASL1R](#); [PR01126](#) [DEZORPHANR](#)
PRINTS; [PR01559](#) [DUFFYANTIAGEN](#); [PR00643](#) [G10DORPHANR](#); [PR00644](#) [GPRORPHANR](#)
PRINTS; [PR01146](#) [GPR10RPHANR](#); [PR01421](#) [GPR37ORPHANR](#); [PR01067](#) [F2Y5ORPHANR](#)
PRINTS; [PR00646](#) [RDC1ORPHANR](#); [PR01904](#) [GPR40FAMILY](#)
INTERPRO: [IPR000276](#)
PROSITE; [PS00237](#) [G PROTEIN RECEPTOR](#)
PFAM: [PF00001](#) [7tm_1](#)

Creation date 12-JUL-1992; UPDATE 04-FEB-2009

1. ATTWOOD, T.K. AND FINDLAY, J.B.C.
Fingerprinting G protein-coupled receptors.
PROTEIN ENG. 7(2) 195-203 (1994).

2. ATTWOOD, T.K. AND FINDLAY, J.B.C.

- Σε κάθε εγγραφή της PRINTS, στην αρχή του αρχείου, σε κάθε fingerprint αποδίδεται ένας
 - ID κωδικός, π.χ. το fingerprint (ή αλλιώς signature) για το opsins είναι OPSIN. Κάθε εγγραφή έχει ένα μοναδικό AC, το οποίο είναι της μορφής PR00000 (μπορεί να χρησιμοποιηθεί ένα AC της PROSITE) , καθώς και μία ένδειξη του αριθμού των μοτίβων στο fingerprint (στην περίπτωση του OPSIN είναι 3).
 - Υπάρχει μία ενότητα με πληροφορίες σχετικά με τη διαγνωστική επίδοση του fingerprint και των μοτίβων που το αποτελούν (για το PS00238, 123 αλληλουχίες ταίριαξαν και τα 3 στοιχεία του fingerprint, ενώ 7 αλληλουχίες ταίριαξαν μόνο 2 μοτίβα).
 - Η επόμενη ενότητα παρουσιάζει όλες τις πρωτεΐνες οι οποίες προσδιορίζονται χρησιμοποιώντας fingerprint όταν το PS00238 αντιστοιχίζεται πολλαπλά στη βάση δεδομένων.

motif in protein sequence X Sequence motif - Wikiped X ScanProsite X PROSITE X prosite.expasy.org/PSS026 X PRINTS Search X

130.88.97.239/cgi-bin/dbbrowser/PRINTS/DoPRINTS.pl?cmd_a=Display&qua_a=/Full&fun_a=Code&qst_a=Gl

Συχνές επισκέψεις m Εκκινώντας Suggested Sites Web Slice Gallery YPOMEDI

fail to match one or more motifs. A more representative seed alignment containing 43 sequences has also been developed.

SUMMARY INFORMATION

2375	codes involving	7	elements
1086	codes involving	6	elements
752	codes involving	5	elements
535	codes involving	4	elements
706	codes involving	3	elements
1206	codes involving	2	elements

COMPOSITE FINGERPRINT INDEX

7		2375	2375	2375	2375	2375	2375	2375
6		864	1030	895	739	891	1032	1065
5		444	604	551	417	447	632	665
4		290	360	315	189	234	356	396
3		354	285	428	109	286	231	425
2		373	294	646	65	313	197	524

True positives..

A6H6N8 MOUSE	SSR5 MOUSE	Q9JK40 MOUSE	Q3UZM7 MOUSE
SSR5 RAT	Q541E0 HUMAN	SSR5 HUMAN	Q7YWB7 PERAM
DOPR2 DROME	Q6YFY1 FIG	Q08JR9 BOMMO	OAR1 LOCMI
OAR2 LOCMI	Q16GY1 AEDAE	Q9PSA6 FUGRU	Q0GMY3 MANSE
Q8MI04 SHEEP	Q61730 DROME	Q9VDJ6 DROME	Q70TB0 APIME
Q6DGJ2 DANRE	Q8AWE1 DANRE	Q7PR28 ANOGA	A0PF25 BRAFL
Q17RM3 HUMAN	SSR4 HUMAN	Q810T4 CAVPO	Q8BQ97 MOUSE
SSR4 RAT	Q8UWL5 FUGRU	GFR9 BALAM	A9ZLX7 BOMMO
ALX3A8 APIME	A9YZQ5 CHICK	A9YZQ8 CHICK	A9YZQ6 CHICK
Q178M5 AEDAE	Q90WQ6 ONCMY	Q90WQ7 ONCMY	Q7QC98 ANOGA
Q5TLF1 9NEOP	Q2V625 PANIN	ADA1A ORYLA	ADA1B MESAU
Q9DBL0 MOUSE	Q6IRH4 RAT	ADA1B RAT	Q7JQF1 DROME
OAR DROME	Q1RKQ4 DROME	SSR4 MOUSE	Q8H2N7 9PRIM
Q8TOY4 APIME	SSR2 RAT	OAR HELVI	A2A6M9 MOUSE
SSR2 MOUSE	Q7PRQ0 ANOGA	Q8H2N4 CERPY	GFR18 BALAM
DRD2A XENLA	Q334G8 CHICK	OAR1 LYMST	Q8H2N5 MACMU
Q9BMA9 MAMBR	DRD2 CERAE	ADA1B HUMAN	DRD2 MELGA
A1XYV7 ANGAN	Q5Y5R4 ORENI	A1XYV8 ANGAN	Q9MY18 RABIT
DRD2 MUSFF	DRD2L FUGRU	Q9PSA7 FUGRU	DRD2 BOVIN