

# Метаболические пути

KEGG



KEGG ▼

Search

Help

[→ Japanese](#)

#### KEGG Home

[Release notes](#)  
[Current statistics](#)  
[Plea from KEGG](#)

#### KEGG Database

[KEGG overview](#)  
[Searching KEGG](#)  
[KEGG mapping](#)  
[Color codes](#)

#### KEGG Objects

[Pathway maps](#)  
[Brite hierarchies](#)  
[KEGG DB links](#)

#### KEGG Software

[KEGG API](#)  
[KGML](#)

#### KEGG FTP

[Subscription](#)

[GenomeNet](#)

[DBGET/LinkDB](#)

[Feedback](#)

[Copyright request](#)

[Kanehisa Labs](#)

## KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

KEGG is a database resource for understanding high-level functions and utilities of the biological system, such as the cell, the organism and the ecosystem, from molecular-level information, especially large-scale molecular datasets generated by genome sequencing and other high-throughput experimental technologies. See [Release notes](#) (April 1, 2020) for new and updated features.

### Main entry point to the KEGG web service

**KEGG2** [KEGG Table of Contents](#) [[Update notes](#) | [Release history](#)]

### Data-oriented entry points

**KEGG PATHWAY** [KEGG pathway maps](#)  
**KEGG BRITE** [BRITE hierarchies and tables](#)  
**KEGG MODULE** [KEGG modules](#)  
**KEGG ORTHOLOGY** [KO functional orthologs](#) [[Annotation](#)]  
**KEGG GENOME** [Genomes](#) [[Pathogen](#) | [Virus](#) | [Plant](#)]  
**KEGG GENES** [Genes and proteins](#) [[SeqData](#)]  
**KEGG COMPOUND** [Small molecules](#)  
**KEGG GLYCAN** [Glycans](#)  
**KEGG REACTION** [Biochemical reactions](#) [[RModule](#)]  
**KEGG ENZYME** [Enzyme nomenclature](#)  
**KEGG NETWORK** [Disease-related network elements](#)  
**KEGG DISEASE** [Human diseases](#) [[Cancer](#)]  
**KEGG DRUG** [Drugs](#) [[New drug approvals](#)]

### Classification

[Pathway](#)  
[Brite](#)  
[Brite table](#)  
[Module](#)  
[KO \(Function\)](#)  
[Organism](#)  
[Compound](#)  
[Network](#)  
[Disease \(ICD\)](#)  
[Drug \(ATC\)](#)  
[Drug \(Target\)](#)

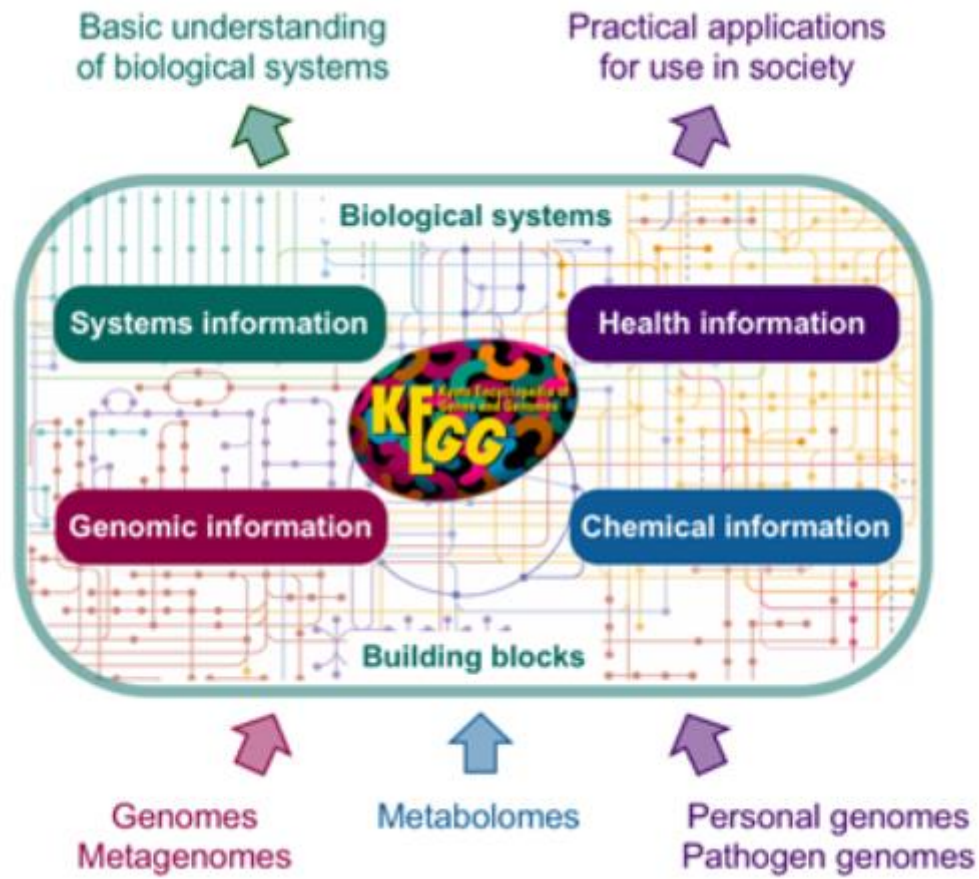
**KEGG MEDICUS** [Health information resource](#) [[Drug labels search](#)]

### Organism-specific entry points

**KEGG Organisms** Enter org code(s)   [hsa](#) [hsa eco](#)

### Analysis tools

**KEGG Mapper** [KEGG PATHWAY/BRITE/MODULE mapping tools](#)  
**BlastKOALA** [BLAST-based KO annotation and KEGG mapping](#)  
**GhostKOALA** [GHOSTX-based KO annotation and KEGG mapping](#)  
**KofamKOALA** [HMM profile-based KO annotation and KEGG mapping](#)  
**BLAST/FASTA** [Sequence similarity search](#)  
**SIMCOMP** [Chemical structure similarity search](#)



## Current Statistics

**KEGG Database** as of 2020/4/29

### Systems information

KEGG PATHWAY	Pathway maps, reference (total)	537 (705,156)
KEGG BRITE	Functional hierarchies, reference (total)	200 (247,573)
KEGG MODULE	KEGG modules	394
	Reaction modules	41

### Genomic information

KEGG ORTHOLOGY	KEGG Orthology (KO) groups	23,354
KEGG GENOME	KEGG organisms (540 eukaryotes, 5659 bacteria, 318 archaea)	6,517
	KEGG selected viruses	341
KEGG GENES	Genes in KEGG organisms and other categories (including 4,057 addendum, 372,625 viral) (see <a href="#">annotation statistics</a> )	31,487,727
KEGG SSDB	Best hit relations within GENES	375,636,238,942
	Bi-directional best hit relations within GENES	18,772,924,969

### Chemical information





KEGG COMPOUND	Metabolites and other small molecules	18,700
KEGG GLYCAN	Glycans	11,040
KEGG REACTION	Biochemical reactions	11,415
	Reaction class	3,165
KEGG ENZYME	Enzyme nomenclature	7,736

### Health information

KEGG NETWORK	Disease-related network elements	1,011
	Network variation maps	114
KEGG VARIANT	Human gene variants	416
KEGG DISEASE	Human diseases	2,420
KEGG DRUG	Drugs	11,255
	Drug groups	2,276
KEGG ENVIRON	Crude drugs and health-related substances	864

### Drug labels

KEGG MEDICUS	Japanese prescription drug labels from JAPIC	14,076
	Japanese OTC drug labels from JAPIC	11,011
KEGG MEDICUS	FDA prescription drug labels linked to DailyMed	27,668
	FDA OTC drug labels linked to DailyMed	36,506

Category	Database	Content	Color
Systems information	<b>KEGG PATHWAY</b>	KEGG pathway maps	
	KEGG BRITE	BRITE hierarchies and tables	
	KEGG MODULE	KEGG modules	
Genomic information	KEGG ORTHOLOGY (KO)	Functional orthologs	
	KEGG GENOME	KEGG organisms (complete genomes)	
	KEGG GENES	Genes and proteins	
	KEGG SSDB	GENES sequence similarity	
Chemical information	KEGG COMPOUND	Small molecules	
	KEGG GLYCAN	Glycans	
	KEGG REACTION	Biochemical reactions	
	KEGG RCLASS	Reaction class	
	KEGG ENZYME	Enzyme nomenclature	
Health information	KEGG NETWORK	Disease-related network elements	
	KEGG VARIANT	Human gene variants	
	KEGG DISEASE	Human diseases	
	KEGG DRUG	Drugs	
	KEGG DGROUP	Drug groups	
	KEGG ENVIRON	Health-related substances	

Chemical information category is collectively called **KEGG LIGAND**

Health information category integrated with drug labels is called **KEGG MEDICUS**

## 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

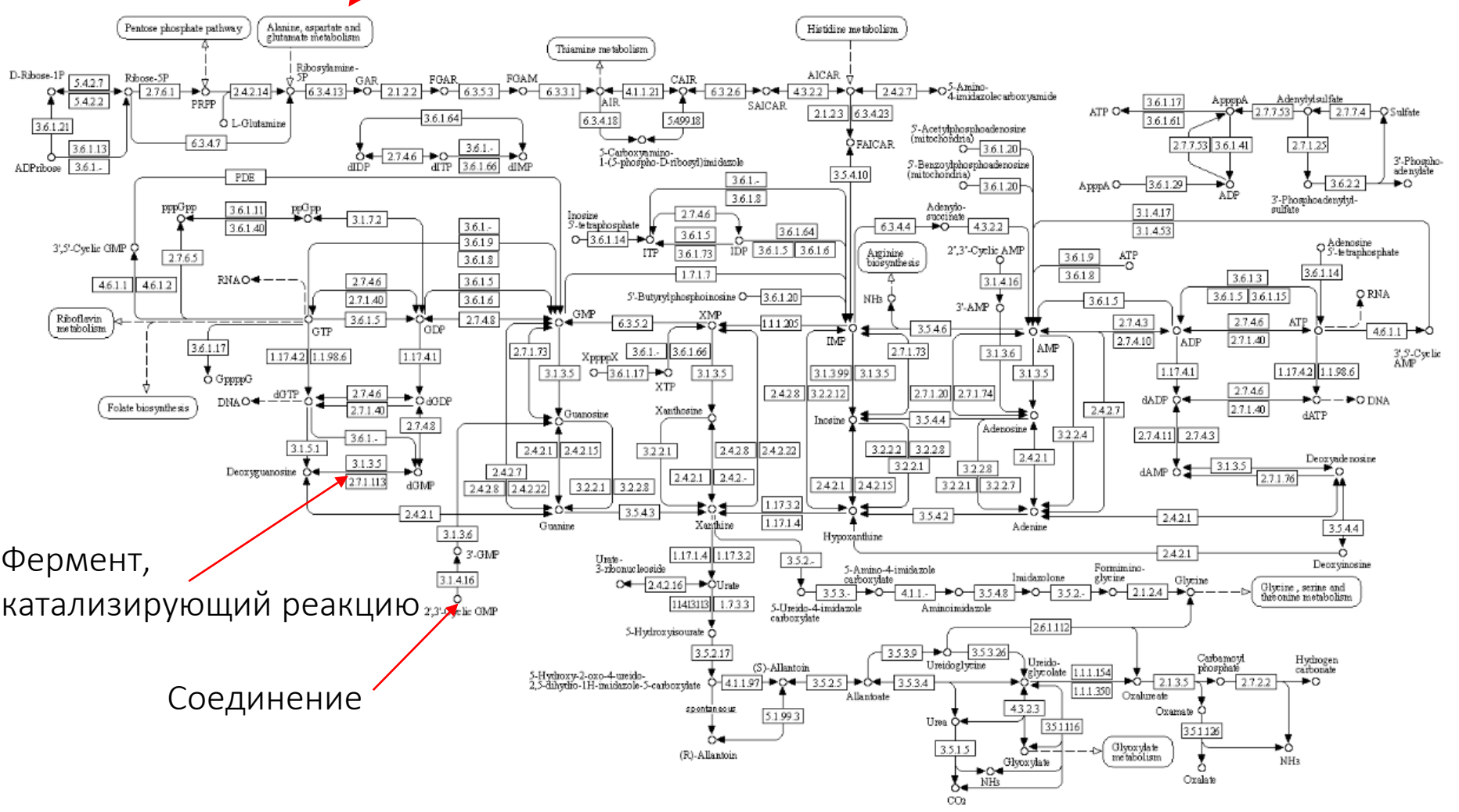
### 5. Organismal Systems

### 6. Human Diseases

### 7. Drug Development

# Другой метаболический путь

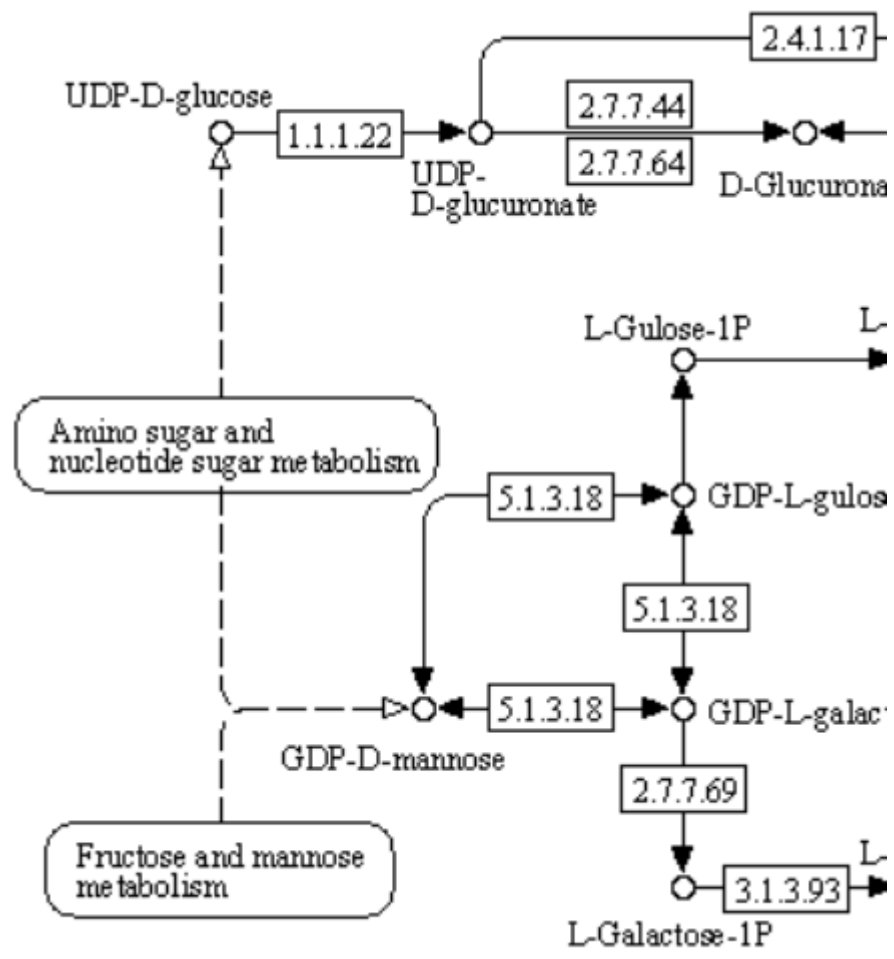
## PURINE METABOLISM



Фермент, катализирующий реакцию

Соединение





<b>Entry</b>	EC 2.7.7.4 Enzyme
<b>Name</b>	sulfate adenylyltransferase; ATP-sulfurylase; adenosine-5'-triphosphate sulfurylase; adenosinetriphosphate sulfurylase; adenylylsulfate pyrophosphorylase; ATP sulfurylase; ATP-sulfurylase; sulfurylase
<b>Class</b>	Transferases; Transferring phosphorus-containing groups; Nucleotidyltransferases <a href="#">BRITE hierarchy</a>
<b>Sysname</b>	ATP:sulfate adenylyltransferase
<b>Reaction(IUBMB)</b>	ATP + sulfate = diphosphate + adenylyl sulfate [RN:R00529]
<b>Reaction(KEGG)</b>	R00529; (other) R04929 <a href="#">Reaction</a>
<b>Substrate</b>	ATP [CPD:C00002]; sulfate [CPD:C00059]
<b>Product</b>	diphosphate [CPD:C00013]; adenylyl sulfate [CPD:C00224]
<b>Comment</b>	The human phosphoadenosine-phosphosulfate synthase (PAPS) system is a bifunctional enzyme (fusion product of two catalytic activities). In a first step, sulfate adenylyltransferase catalyses the formation of adenosine 5'-phosphosulfate (APS) from ATP and inorganic sulfate. The second step is catalysed by the adenylylsulfate kinase portion of 3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate (PAPS) synthase, which involves the formation of PAPS from enzyme-bound APS and ATP. In contrast, in bacteria, yeast, fungi and plants, the formation of PAPS is carried out by two individual polypeptides, sulfate adenylyltransferase (EC 2.7.7.4) and adenylyl-sulfate kinase (EC 2.7.1.25).

**All links**

[Pathway \(16\)](#)  
     [KEGG PATHWAY \(14\)](#)  
     [KEGG MODULE \(2\)](#)  
[Chemical substance \(6\)](#)  
     [KEGG COMPOUND \(6\)](#)  
[Chemical reaction \(4\)](#)  
     [KEGG REACTION \(2\)](#)  
     [KEGG RCLASS \(2\)](#)  
[Gene \(106612\)](#)  
     [KEGG ORTHOLOGY \(5\)](#)  
     [KEGG GENES \(8508\)](#)  
     [KEGG MGENES \(61373\)](#)  
     [RefGene \(36726\)](#)  
[Protein sequence \(77269\)](#)  
     [UniProt \(40770\)](#)  
     [SWISS-PROT \(457\)](#)  
     [RefSeq\(pep\) \(35969\)](#)  
     [PDBSTR \(54\)](#)  
     [PMD \(19\)](#)  
[DNA sequence \(141864\)](#)  
     [RefSeq\(nuc\) \(127520\)](#)  
     [GenBank \(7103\)](#)  
     [EMBL \(7241\)](#)  
[3D Structure \(24\)](#)  
     [PDB \(24\)](#)  
[Protein domain \(9\)](#)  
     [InterPro \(8\)](#)  
     [Pfam \(1\)](#)  
[All databases \(325804\)](#)

[Download RDF](#)

## Код фермента

**Класс** – код первого уровня: 1-7. Номер одного из семи главных классов ферментов

**Подкласс** – код второго уровня. Номер характеризует основные виды субстратов, участвующих в данном виде химических реакций.

**Под-подкласс** – код третьего уровня. Номер определяет более частные подгруппы, отличающиеся природой химических соединений доноров или акцепторов, участвующих в данной подгруппе реакций.

**Код четвертого уровня** – все ферменты, относящиеся к данному под-подклассу получают свои порядковые номера.

**Пример:** глюкозооксидаза – 1.1.3.4

**КФ 1** — Оксидоредуктазы

**КФ 1.1** — Алкогольоксидоредуктазы

**КФ 1.1.3** — Оксидоредуктазы, окисляющие группу СН-ОН и восстанавливающие кислород.

**КФ 1.1.3.4** — Оксидоредуктазы, окисляющие глюкозу в присутствии кислорода. Всего известно 3 глюкозооксидазы из разных организмов.

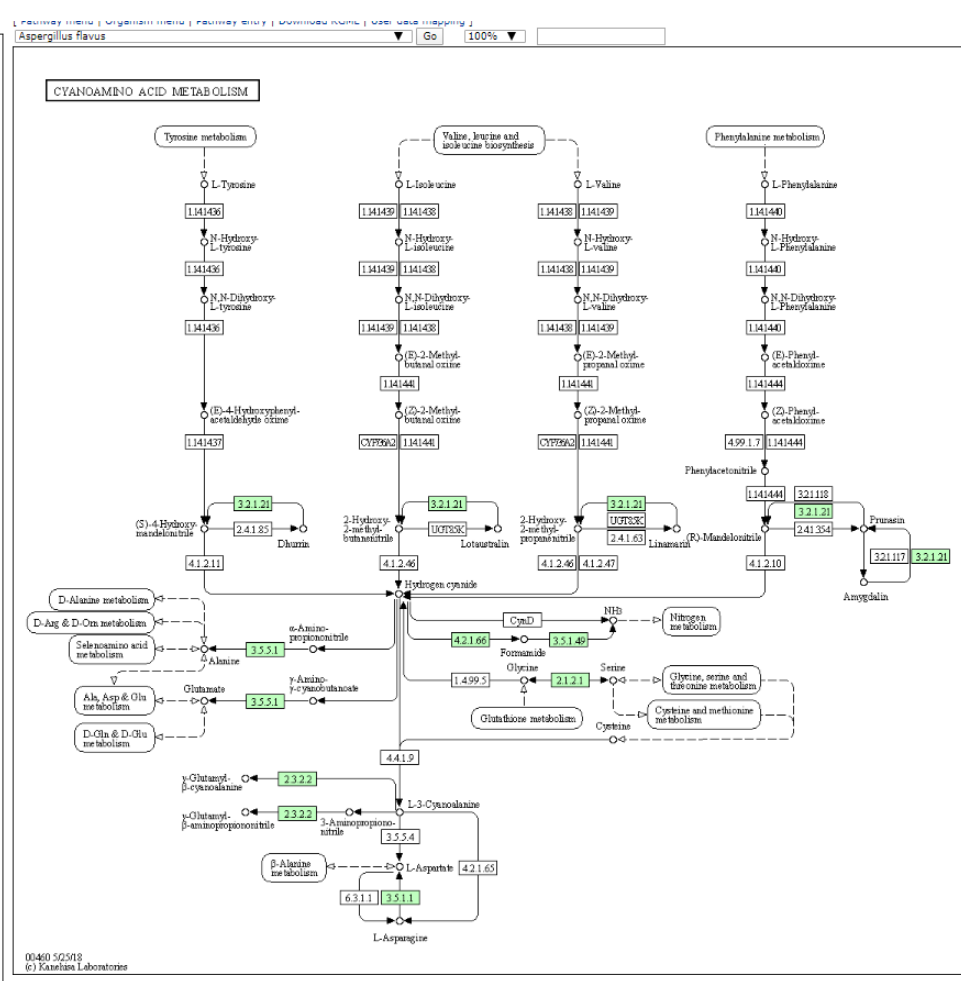
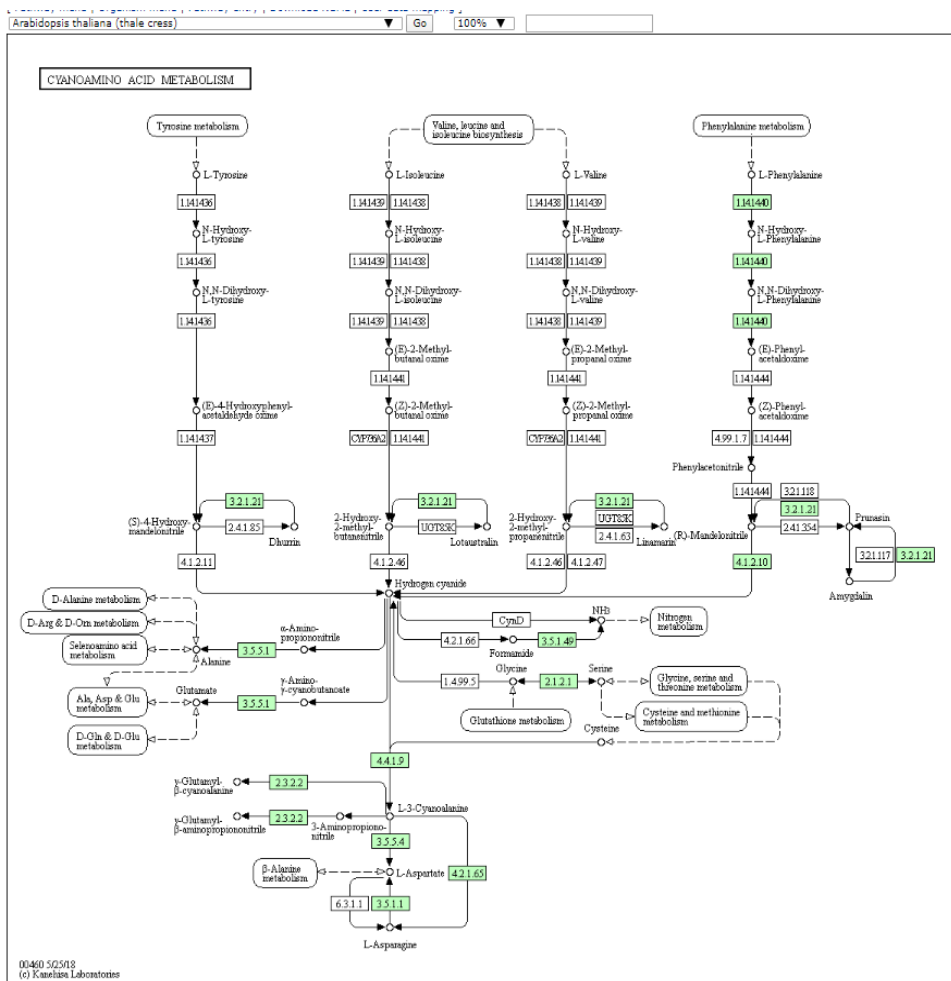
[https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A8%D0%B8%D1%84%D1%80\\_%D0%9A%D0%A4](https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%A8%D0%B8%D1%84%D1%80_%D0%9A%D0%A4)

# Основные классы ферментов

## Коды первого уровня

Класс	Катализируемая реакция	Тип реакции	Важнейшие подклассы
<b>КФ 1</b> <i>Оксидоредуктазы</i>	Окислительно-восстановительные реакции. Перенос атомов Н и О или <b>электронов</b> от одного субстрата на другой	$AH + B \rightarrow A + BH$ (восстановленный) $A + O \rightarrow AO$ (окисленный)	дегидрогеназа, оксидаза, пероксидаза, редуктаза, монооксидаза, диоксигеназа
<b>КФ 2</b> <i>Трансферазы</i>	Перенос функциональной группы от одного субстрата на другой. Это может быть метильная, ацильная, фосфатная группа или аминогруппа.	$AB + C \rightarrow A + BC$	аминотрансфераза, фосфотрансфераза, С1-трансфераза, гликозилтрансфераза
<b>КФ 3</b> <i>Гидролазы</i>	Образование двух продуктов из одного субстрата в результате гидролиза.	$AB + H_2O \rightarrow AOH + BH$	эстераза, гликозил-гидролаза, пептидаза, амидаза
<b>КФ 4</b> <i>Лиазы (синтазы)</i>	Негидролитическое добавление или удаление группы к или от субстрата. Образование С-С, С-Н, С-О или С-С связи.	$RCO_2COOH \rightarrow RCOH + CO_2$	С-О-лиаза, С-S-лиаза, С-N-лиаза, С-С-лиаза
<b>КФ 5</b> <i>Изомеразы</i>	Внутримолекулярная перестановка, то есть <b>изомеризация</b> молекулы субстрата.	$AB \rightarrow BA$	эпимераза, цис-транс-изомераза, внутримолекулярная оксидоредуктаза и др.
<b>КФ 6</b> <i>Лигазы (синтазы)</i>	Соединение двух молекул в результате синтеза новой С-О, С-S, С-N или С-С связи, сопряженное с одновременным гидролизом АТФ.	$X + Y + ATP \rightarrow XY + ADP + P_i$	С-О-лигаза, С-S-лигаза, С-N-лигаза, С-С-лигаза
<b>КФ 7</b> <i>Транслоказы</i>	Перенос ионов или молекул через мембраны или их разделение в мембранах.	$AB + C_{[side\ 1]} \rightarrow AB^* + C_{[side\ 2]}$	EC 7.1 - транслокация H <sup>+</sup> ; EC 7.2 - транслокация неорганических катионов и их хелатов; EC 7.3 - транслокация неорганических анионов; EC 7.4 - транслокация аминокислот и пептидов; EC 7.5 - транслокация углеводов и их производных; EC 7.6 - транслокация других соединений. <sup>[2]</sup>

# Сравнительная геномика



# Можно искать от организма



Search

KEGG



for neurospora crassa

Go

Clear

Database: KEGG - Search term: neurospora crassa

## KEGG GENES

cmi:CMM\_2688

no KO assigned | (GenBank) unnamed protein product; putative acetyl xylan esterase (XP\_330314.1) hypothetical protein [Neurospora crassa]; AAC39371.1| acetyl xylan esterase II precursor [Penicillium purpurogenum]), pfam01083, Cutinase, Cutinase.; Conserved hypothetical protein

vg:1449901

no KO assigned | (RefSeq) MSV087, MseVgp087; Melanoplus sanguinipes entomopoxvirus; ORF MSV087 putative thioredoxin, similar to Neurospora crassa GB:D45892

vg:1449935

no KO assigned | (RefSeq) MSV144, MseVgp144; Melanoplus sanguinipes entomopoxvirus; ORF MSV144 putative ubiquitin, similar to Neurospora crassa GB:U01220

## KEGG GENOME

→ T01034

ncr, 367110; Neurospora crassa OR74A

## KEGG MGENES

T30455:18971

similarity to hypothetical protein CAD21257.1 - neurospora crassa

T30456:15058

similarity to hypothetical protein CAD21257.1 - neurospora crassa

T30579:1733

similarity to hypothetical protein CAD21257.1 - neurospora crassa

## KEGG ENZYME

3.1.30.1

Aspergillus nuclease S1; endonuclease S1 (Aspergillus); single-stranded-nucleate endonuclease; deoxyribonuclease S1; deoxyribonuclease S1; nuclease S1; Neurospora crassa single-strand specific endonuclease; S1 nuclease; single-strand endodeoxyribonu •••



## GENOME: *Neurospora crassa*

[Help](#)

<b>Entry</b>	T01034	Complete Genome
<b>Name</b>	ncr, 367110	
<b>Definition</b>	Neurospora crassa OR74A	
<b>Category</b>	Reference genome	
<b>Annotation</b>	yes <a href="#">Show organism</a>	
<b>Taxonomy</b>	TAX:367110	
<b>Lineage</b>	Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Sordariomycetidae; Sordariales; Sordariaceae; Neurospora <a href="#">Taxonomy</a>	
<b>Data source</b>	RefSeq (Assembly:GCF_000182925.2) BioProject:132	
<b>Original DB</b>	Broad	
<b>Statistics</b>	Number of protein genes:	9758
	Number of RNA genes:	416
<b>Created</b>	2007	
<b>Reference</b>	PMID:12712197	
<b>Authors</b>	Galagan JE, Calvo SE, Borkovich KA, Selker EU, Read ND, Jaffe D, FitzHugh W, Ma LJ, Smirnov S, Purcell S, et al.	
<b>Title</b>	The genome sequence of the filamentous fungus <i>Neurospora crassa</i> .	
<b>Journal</b>	Nature 422:859-68 (2003) DOI:10.1038/nature01554	

### All links

[Ontology \(43\)](#)  
[KEGG BRITE \(43\)](#)  
[Pathway \(297\)](#)  
[KEGG PATHWAY \(119\)](#)  
[KEGG MODULE \(178\)](#)  
[Genome \(1\)](#)  
[ASSEMBLY \(1\)](#)  
[Gene \(15422\)](#)  
[KEGG GENES \(10174\)](#)  
[KEGG MGENES \(613\)](#)  
[RefGene \(4635\)](#)  
[Literature \(1\)](#)  
[PubMed \(1\)](#)  
[Taxonomy \(1\)](#)  
[TAX \(1\)](#)  
[All databases \(15765\)](#)

[Download RDF](#)



<https://www.kegg.jp/kegg/rest/keggapi.html>

<https://www.genome.jp/linkdb/>

