

**Electron cryotomography of
Treponema primitia and its
periplasmic flagellar motor**

**Gavin E. Murphy
Jensen Lab
2006**

California Institute of Technologyの
Grant Jensen教授より許可を得て使用

EM Navigatorの紹介

3D Electron Microscopy (3D-EM) Data Navigator
Top Gallery List Table Contact Help

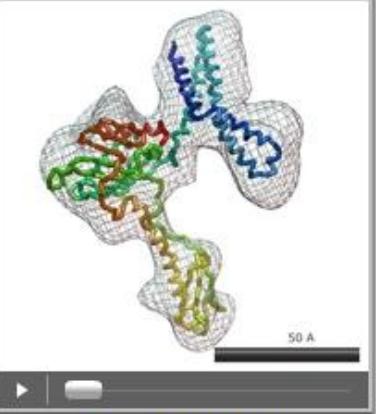
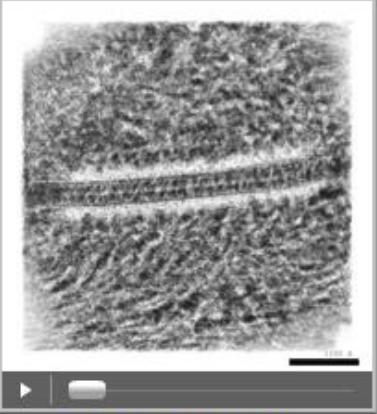
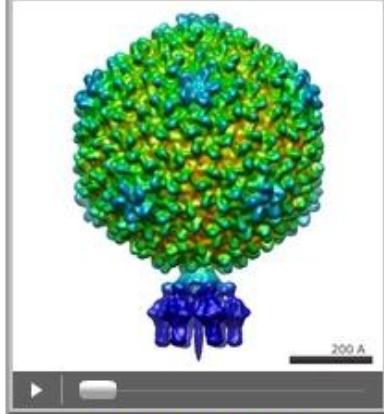
PDBj > EM Navigator - Top Page

Search

- Keywords: Search
- EMDB-ID: Go
- View all as [List](#), [Table](#), or [Gallery](#)

Movie Slots

Play ▶ View > Reshuffle ⚡



EMDB-ID: 1220 [Movie Page](#)

EMDB-ID: 1053 [Movie Page](#)

EMDB-ID: 1010 [Movie Page](#)

About This Site

- EM Navigator is a data browser for biological 3D electron microscopy (3DEM). [More...](#)

日本蛋白質構造データバンク 鈴木博文
蛋白質科学会年会 ランチョンセミナー 2008年6月11日

EM Navigatorは…

#1 あなたのためのウェブサイトです

#2 PDBとはちょっと違うデータです

#3 ムービーが意外に便利です

EM Navigatorとは？

生体の分子や組織の3次元構造を探したり、眺めたりするためのウェブサイト

データは**3次元電子顕微鏡法**によるもの

EM = Electron Microscopy

EM Data Bank に登録されている

誰のためのサイト？

「専門家専用」ではない

非専門家にもPDBが有用であるように

3次元構造を眺めるのは、楽しい（はず）

専門知識はなくても「楽しむ」ことはできる

「楽しむ」のは「知る」の入り口

専門知識なしで眺めるための工夫

YouTubeのようなムービープレーヤー

専門的なソフトのインストールは不要

PDBjトップページからお入りください

PDBj Protein Data Bank Japan

English Japanese Chinese Help Contact Us

Home

Data Deposition >>

ADIT: PDB Deposition
ADIT-NMR

Search >>

Search PDB (xPSSS)
Sequence-Navigator
Structure-Navigator

EM Navigator

Service and Software >>

Protein Globe
ASH
JV: Graphic Viewer

Derived database >>

eF-site/eF-seek/

PDBj (Protein Data Bank Japan) maintains a centralized archive of macromolecular structures and provides integrated tools, in collaboration with the RCSB in USA and the MSD-EBI in EU. PDBj is supported by JST-BIRD.

Deposition

PDB Deposition ADIT! Auto Dep Input Tool

NMR Data Deposition ADIT! NMR

Search

Search PDB xPSSS xml-based Protein Structure Search Service

PDB ID Keywords

Go

Advanced Search >>

Search NMR Data BMRB

Accession number Deposition code

Go

What's new

20-Dec-2007
Data download service via rsync is started.

12-Dec-2007
Effective February 1, 2008, structure factor amplitudes/intensities (for crystal structures) and restraints (for NMR structures) will be a

WORLDWIDE PDB PROTEIN DATA BANK

eProtS Encyclopedia of Protein Structures

Protein Globe

DBCLS Database Center for Life Science

Tanpaku.org

National Project on Protein Structural and Functional Analyses

<http://www.pdbj.org/index.html>

EM Navigator の トップページ

EM Navigator 3D Electron Microscopy (3D-EM) Data Navigator
Top Gallery List Table Contact Help

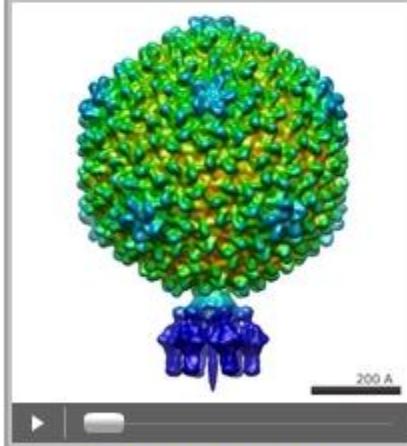
PDBj > EM Navigator - Top Page

Search

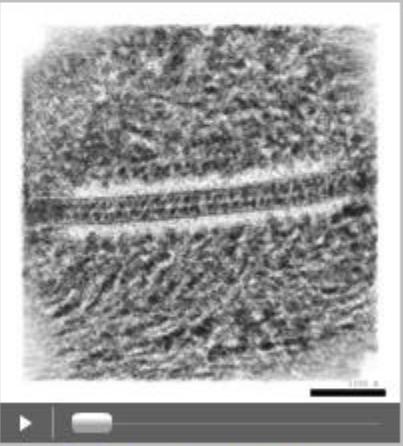
- Keywords:
- EMDB-ID:
- View all as [List](#), [Table](#), or [Gallery](#)

Movie Slots

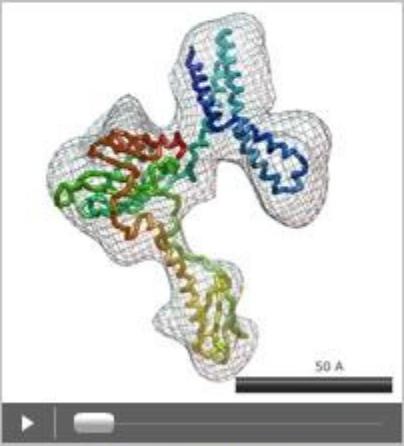
Play ▶ View > Reshuffle ↲



EMDB-ID: 1220
[Movie Page](#)



EMDB-ID: 1053
[Movie Page](#)



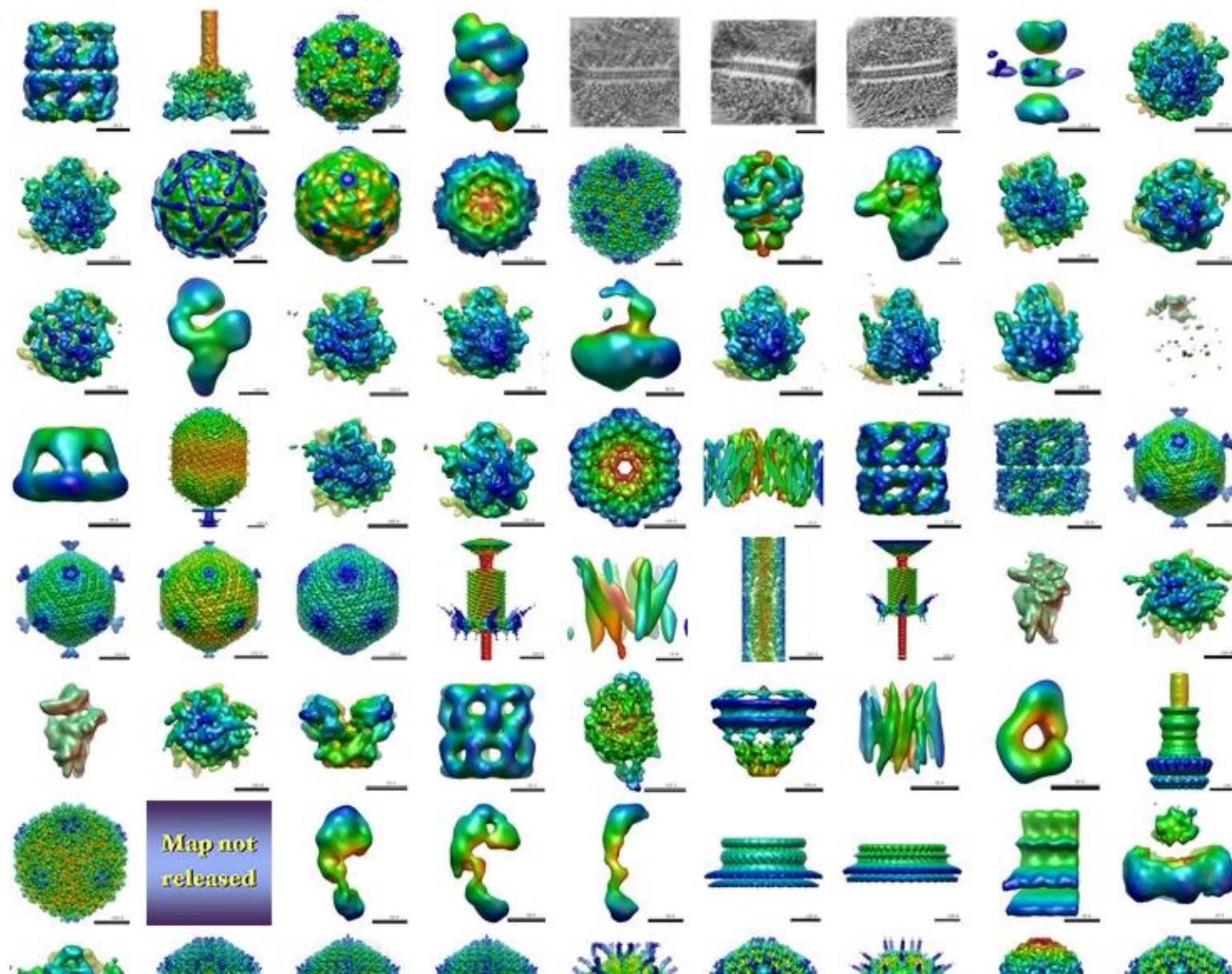
EMDB-ID: 1010
[Movie Page](#)

About This Site

- EM Navigator is a data browser for biological 3D electron microscopy (3DEM). [More...](#)

<http://emnavi.protein.osaka-u.ac.jp/>

ギャラリーページ



EM Navigatorは…

専門外の方でも、気軽に楽しめるように
ガンバっています。

EM Navigatorは…

#1 あなたのためのウェブサイトです

#2 PDBとはちょっと違うデータです

#3 ムービーが意外と便利です

なぜ電子顕微鏡？

「生命のカラクリ」を直接見たい！

- 生命現象の担い手（生体組織・生体分子）はとても小さい
- 「光」では見ることができない
(分解能は100nm程度)
- 「電子線」なら原子も見える
(原理的には1Åよりも高分解能)

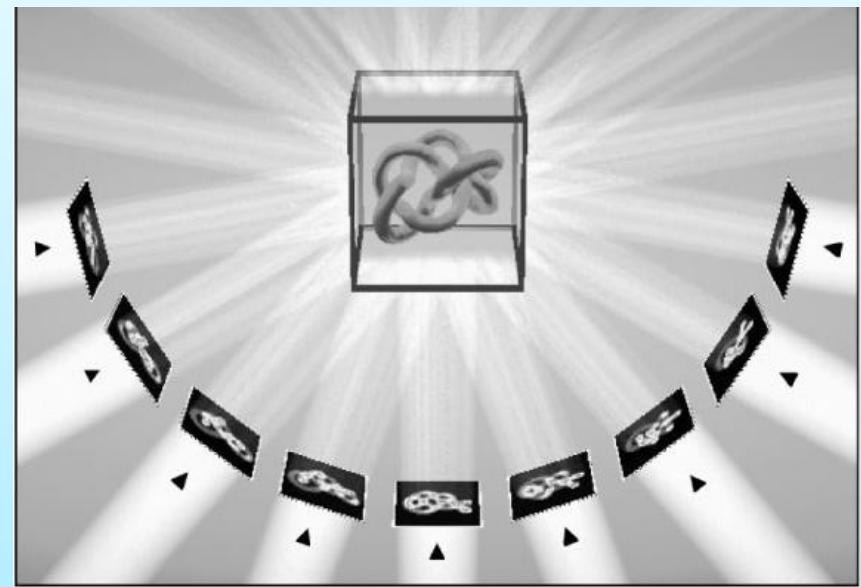
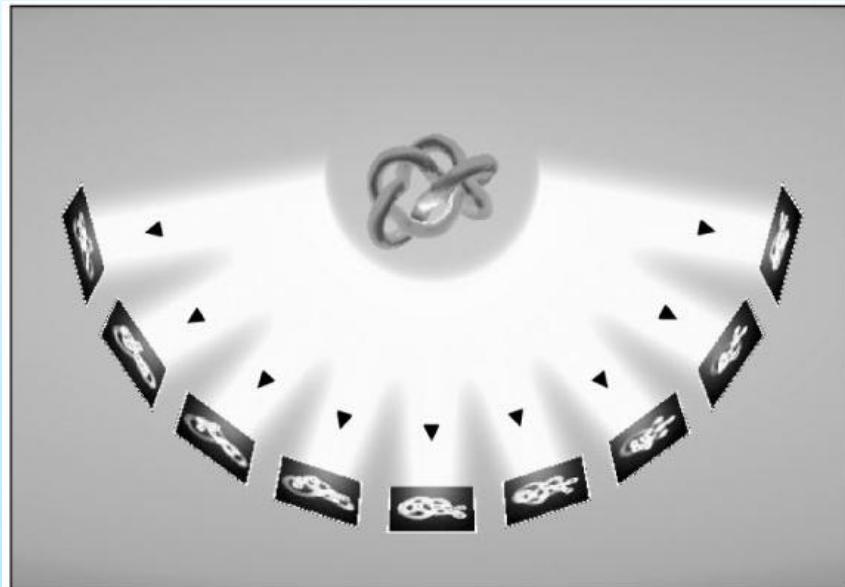
「光」を「電子線」におきかえた顕微鏡

→ 電子顕微鏡

問題点とその解決策（その1）

問題点1：2次元（投影像）なのでわかりにくい

解決策：多方向から見た像を使って3次元再構成



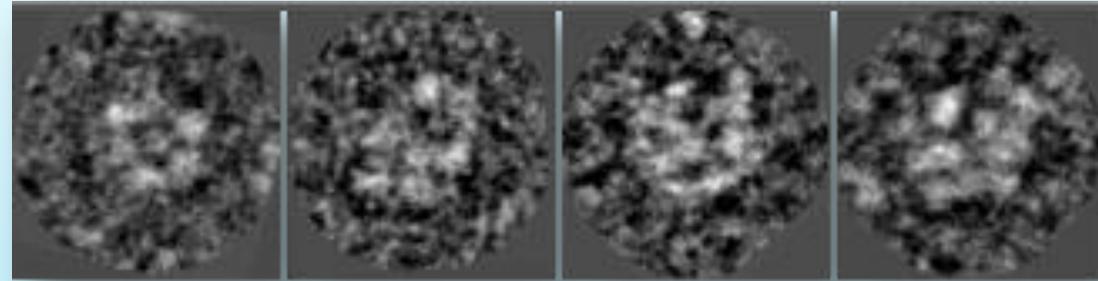
投影 と 逆投影

問題点とその解決策（その2）

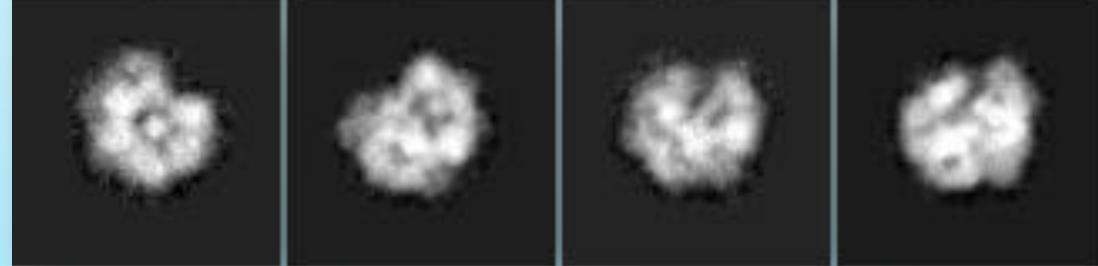
問題点2：ノイズが強くてよく見えない

解決策：多数の像を平均
フィルタ処理

もとの像



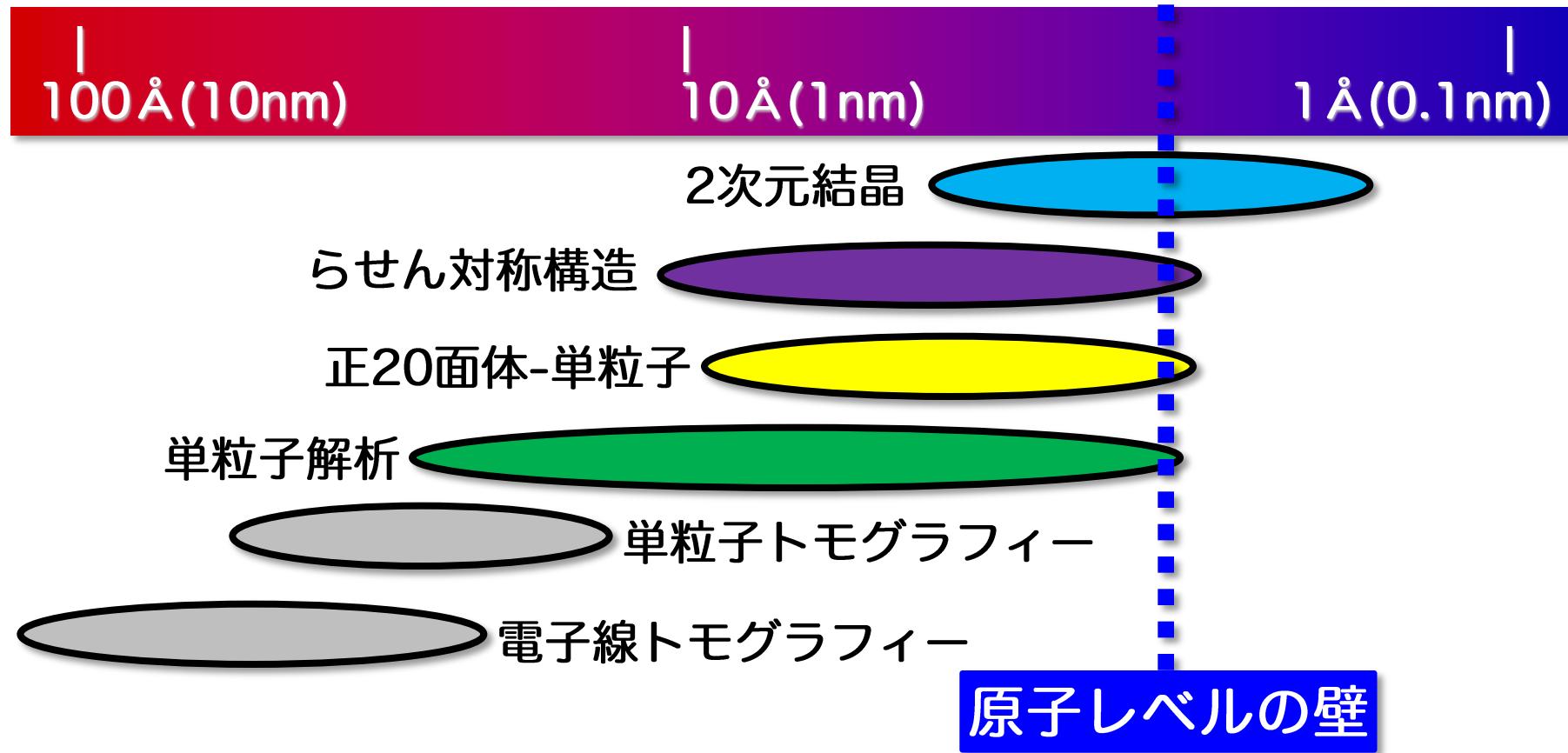
平均像



負染色した クランプはめ込み複合体

解析手法と分解能

X線結晶学



ほとんどの解析は
原子レベルに届かない

3次元電子顕微鏡のデータベース

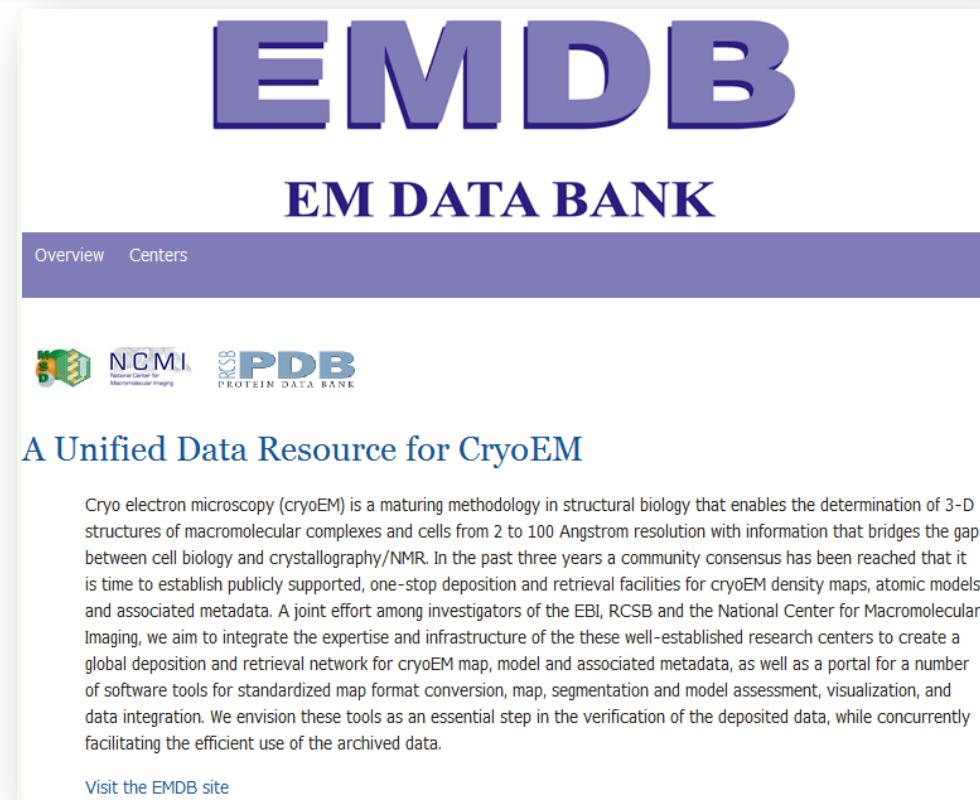
原子モデルを
構築できない



アウトプットは
「3次元マップ」



PDBには登録できない
(原子座標は必須)



The screenshot shows the homepage of the EM Data Bank (EMDB). At the top, there is a large blue logo 'EMDB' followed by the text 'EM DATA BANK'. Below the logo is a purple navigation bar with 'Overview' and 'Centers' options. Underneath the navigation bar, there are logos for NCMI (National Center for Macromolecular Imaging) and PDB (Protein Data Bank). The main content area has a heading 'A Unified Data Resource for CryoEM'. Below the heading is a detailed paragraph about cryoEM, mentioning its resolution, the gap it bridges between cell biology and crystallography/NMR, and the joint effort of EBI, RCSB, and NCMI to create a unified data resource. At the bottom of this section is a link 'Visit the EMDB site'.

<http://emdatabank.org/>

EMDB (現在 524エントリ)

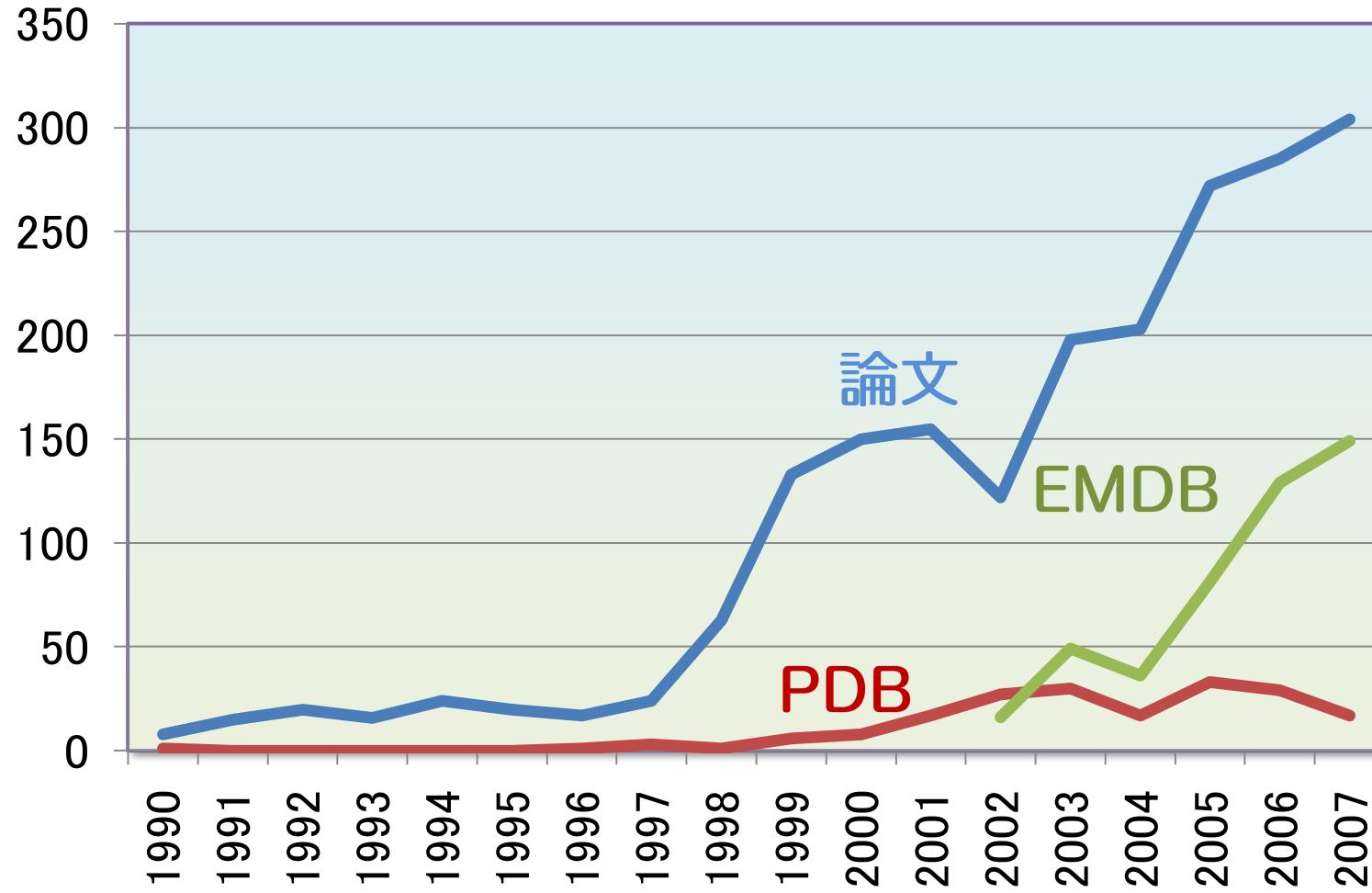
主データは3次元マップ (ccp4形式)

試料の説明、実験条件などのメタデータ、画像など

2002年 EMBL-EBIが設立・運用

2008年から 米国RCSBもデータの収集を開始

データ数の推移



低温電顕の論文数 (Pubmed)

PDBの電顕データの登録件数

EMDBの登録件数の推移

欠点 と 利点

欠点：分解能が低い

「3次元化」と「ノイズ低減」で分解能が犠牲

利点：「生き生きとした」姿を見ることができる

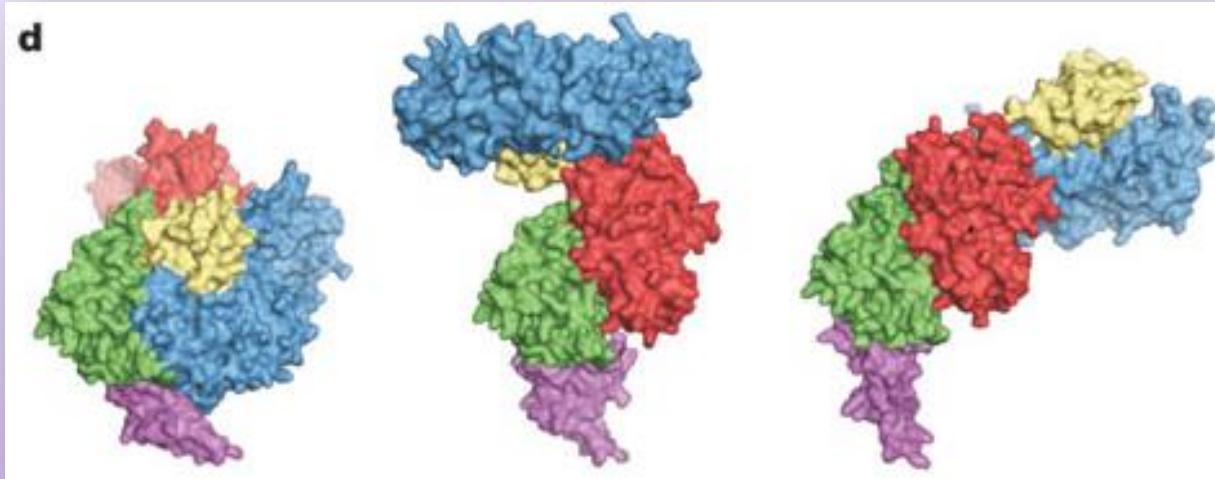
試料調整のハードルが低い（一般に）

コンピュータの中での「抽出・精製」も可能
大きな試料が得意

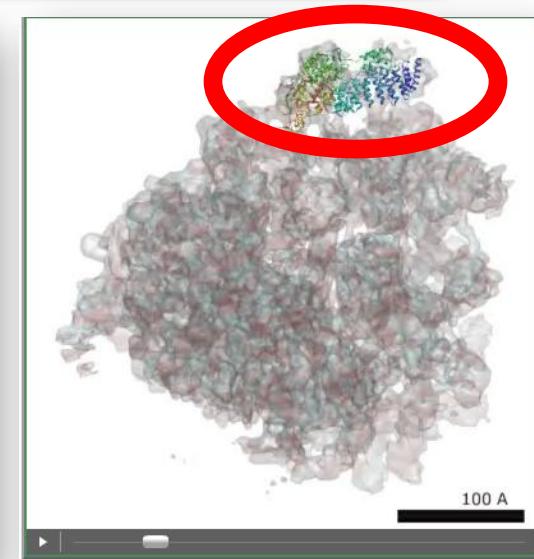
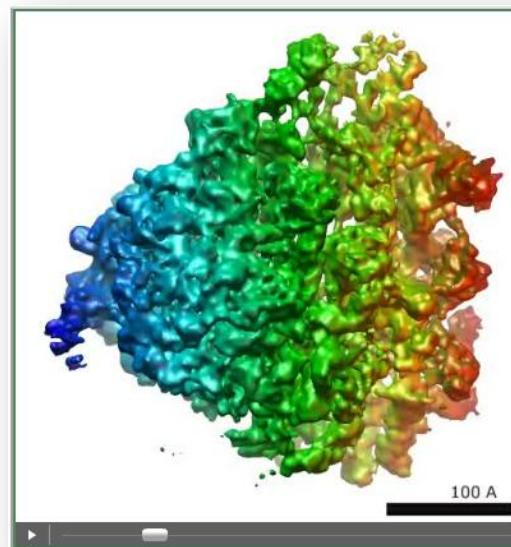
X線結晶学・NMRとは真逆で相補的

「生き生きとした」構造

eEF3の構造 <Andersen *et al.*, Nature 2006>
X線結晶学 X線溶液散乱 電子顕微鏡



EMDB-ID-1233
と
PDB-ID-2ix8



EM Navigatorでは…

「生き生きとした」構造を見られる
3次元電子顕微鏡のデータ

を扱っています。

EM Navigatorは…

#1 あなたのためのウェブサイトです

#2 PDBとはちょっと違うデータです

#3 ムービーが意外と便利です

EM Navigator を楽しむのに必要なもの

一般的なウェブブラウザ

IE6/7、Firefox1/2、Opera9、Safari3にてテスト

Adobe Flash Player 9 (Macromedia Flash)

ムービー閲覧に必要

知らぬ間にインストールされていることが多い

Nintendo Wiiでも見られる
→よほど特殊な環境でない限りOK

SGIなどは対応するFlashが存在しない
64bit-Linuxでは工夫が必要

EM Navigator を楽しむのに必要なもの



第8回日本蛋白質科学会年会

The 8th Annual Meeting of the Protein Science Society of Japan

2008

6/10
tue

6/11
wed

6/12
thu

- 会場：タワーホール船堀（東京・江戸川区）
電車利用で東京駅から約20分、新宿駅から約30分です。
- 年会長：田中 啓二（東京都臨床医学総合研究所）



これが
Flash

top

開催概要

日程表

プログラム

演題登録

参加者へのご案内 発表者へのご案内

アクセス

What's New

2008/05/28 5月23日（金）に事前登録（入金済）の方に要旨集・参加章を発送いたしました。
発行後の訂正点・追加点はこちらをご覧下さい。

2008/05/15 プログラム、日程表を更新しました。
ポスター・パネル図を追加しました。

演題募集時期

詳細はこちらへ

2008. 2月20日（水）

~~~3月18日（火）~~

~~~3月25日（火）~~

17:00まで

事前登録

2008. 2月20日（水）

EM Navigator を楽しむのに必要なもの

一般的なウェブブラウザ

IE6/7、Firefox1/2、Opera9、Safari3にてテスト

Adobe Flash Player 9 (Macromedia Flash)

ムービー閲覧に必要

知らぬ間にインストールされていることが多い

Nintendo Wiiでも見られる
→よほど特殊な環境でない限りOK

SGIなどは対応するFlashが存在しない
64bit-Linuxでは工夫が必要

リストページ（検索結果）

EM Navigator

3D Electron Microscopy (3D-EM) Data Navigator
Top Gallery List Table Contact Help

PDBj > EM Navigator > Search Result

Keywords: virus 20 /page Search

81 - 100 of 184 for "virus" < Previous 1 2 3 4 [5] 6 7 8 9 10 Next >

EMDB-ID: 1351 Movie Page Download Map

SH1 subviral particle VP36-
in 'icosahedral' state, at 10.5 Å resolution
2007-04-02
Jaalinoja H. T., Roine E., Laurinmaki P., Kivela H. M., Bamford D. H., Butcher S. J.

EMDB-ID: 1350 Movie Page Download Map

SH1 virion
in 'icosahedral' state, at 9.6 Å resolution
2007-04-02
Jaalinoja H. T., Roine E., Laurinmaki P., Kivela H. M., Bamford D. H., Butcher S. J.

EMDB-ID: 1339 Movie Page Download Map

Syn5
in 'icosahedral' state, at 18 Å resolution
2007-03-09
Pope WH, Weigle PR, Chang J, Pedulla ML, Ford ME, Houtz JM, Jiang W, Chiu W, Hatfull GF, Hendrix RW, King J.

EMDB-ID: 1337 Movie Page Download Map

Complete model of bacteriophage K1-5
in 'single particle' state, at 17 Å resolution
2007-03-08
P. G. Leiman, A. J. Battisti, V. D. Bowman, K. Stummeyer, M. Muehlenhoff, R. Gerardy-Schahn, D. Scholl, I. J. Molinoux

EM Navigator

PDBj > EM Navigator > EMDB-ID: 1180 (Details / Movies) < >

GroEL-ATP7-GroES
in 'single particle' state, at 7.7 Å resolution

50 Å

▲ ▶ ▶ ▶ ▶

- Entry
- Article
- Map
- Supplement
- Sample
- Experiment
- Processing
- Download

Entry

Database / ID EM DATA BANK (EMDB) / 1180
Last Update 2005-11-22
Map release 2006-02-14
Sample Name / Map Annotation GroEL-ATP7-GroES
GroEL-ATP7-GroES complex

EMDB figure

supplied by Neil Ranson

Movies

Fitted PDB data

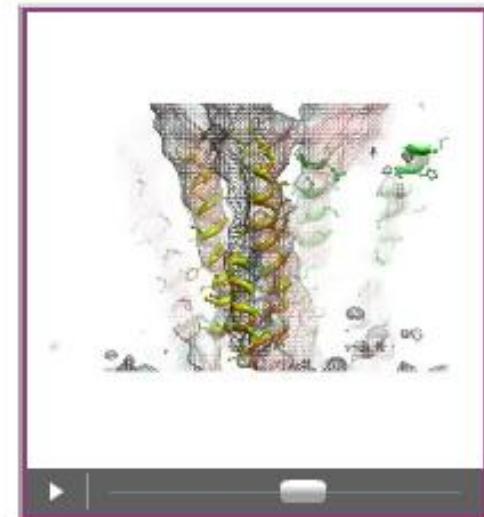
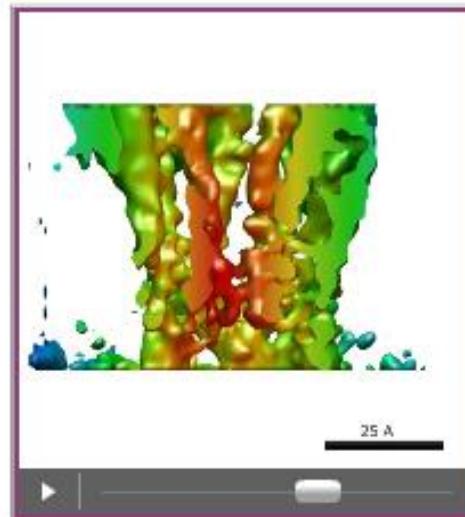
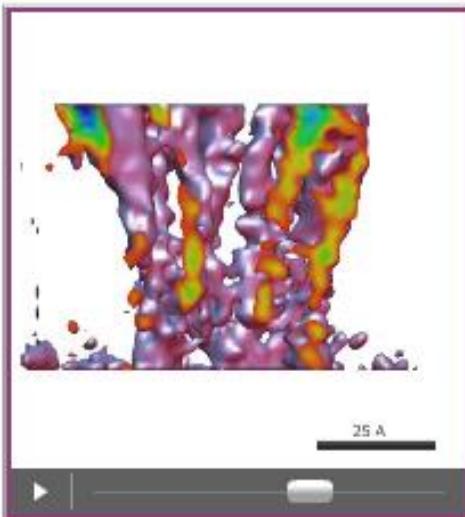
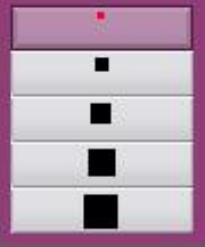
[2c7c](#)

EM Navigator

3D Electron Microscopy (3D-EM) Data Navigator

[Top](#) [Gallery](#) [List](#) [Table](#) [Contact](#) [Help](#)(on vaio-sz) [PDBj](#) > [EM Navigator](#) > EMDB-ID: 1044([Detail Page](#) / [Movie Page](#))

Crystalline postsynaptic membrane from *Torpedo marmorata* electric organ in 'helical' state, at 4.0 Å resolution

Movie:[Play ►](#)[Pause ■](#)[Reset □](#)**View:**[Front](#) [Back](#) [Right](#) [Left](#) [Top](#) [Bottom](#) [Cut](#) **Size:**

#1: Surface view. Threshold, 2.19.
Bar, 25 Å (2.5 nm).

Download: [\[map data\]](#), [\[Chimera session\]](#), movie-[[flv](#)] [[ASF](#)] [[mov](#)]

#2: Colored surface.
Download: [\[map data\]](#), [\[Chimera session\]](#), movie-[[flv](#)] [[ASF](#)] [[mov](#)]

#3: Mesh view of the map file
with coordinates, PDB-ID: [1OED](#).

Download: [\[map data\]](#), [\[Chimera session\]](#), movie-[[flv](#)] [[ASF](#)] [[mov](#)]

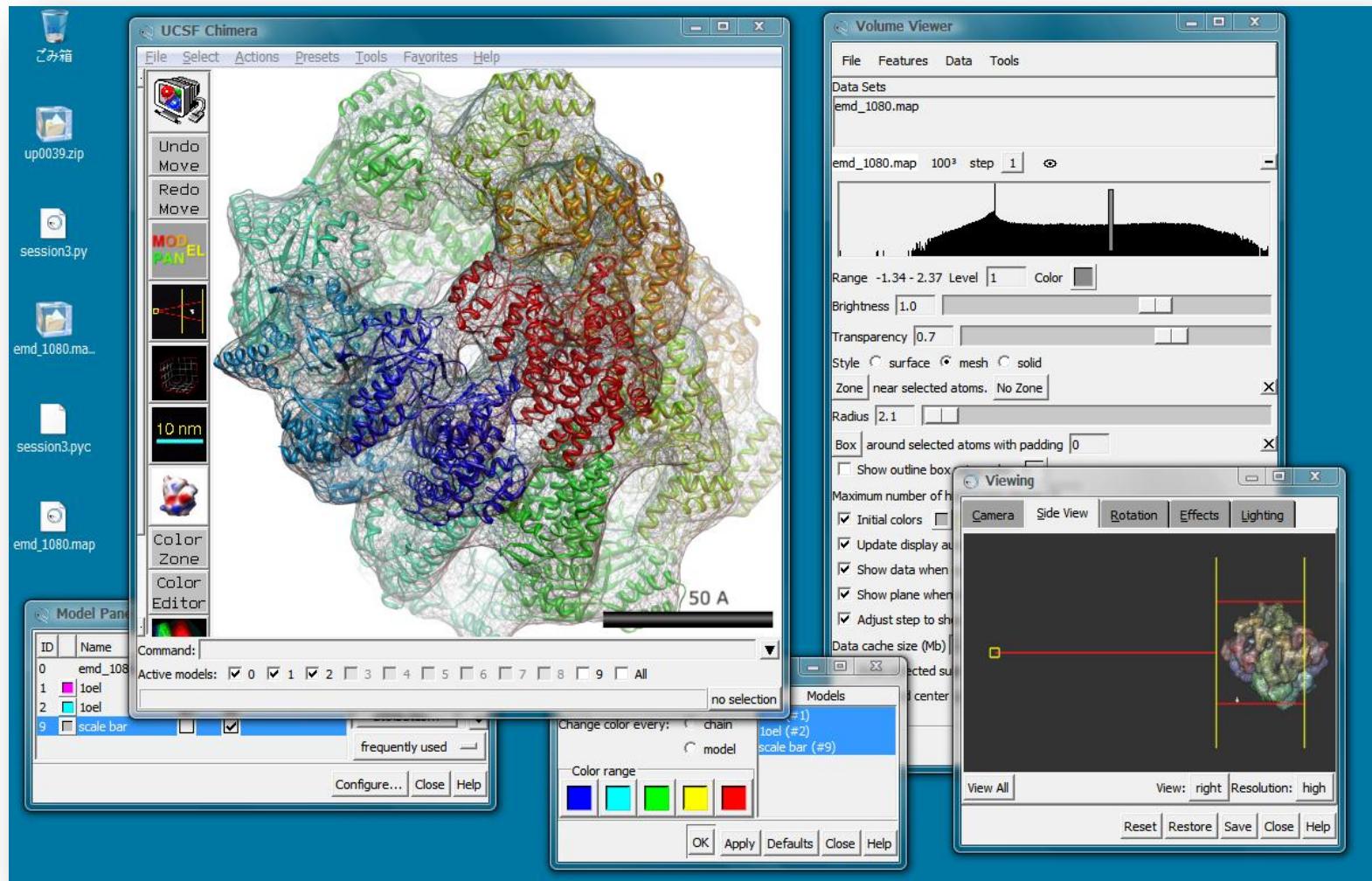
ムービーじゃ不満？ それなら・・・

セッションファイル と マップファイル
をダウンロードして UCSF-Chimeraで開く



ムービーじゃ不満？ それなら・・・

セッションファイルとマップファイルをダウンロードして UCSF-Chimeraで開く



EM Navigatorは…

ムービーが自慢ですが、

それだけではありません

「ブンカイノウ」について

分解能は高いほど良いモノ

じゃあ、
分解能が低いデータはダメなデータ？

データベースに聞いてみよう

テーブルルページ

EM Navigator

PDB > EM Navigator > Table View

(Click the column header to sort)

Column 4:

Aggregation State

Column 5:

Resolution

Column 6:

Authors

Keywords:

| ID | Movie | Sample Name | Agg State | Resolution | Authors |
|----------------------|-------|---|----------------------|------------|--|
| 1001 | Movie | Rigor insect flight muscle from <i>Lethocerus maximus</i> | individual structure | 40 | L. F. Taylor, Irene Spaliogi, Joachim H. S. Stuifbergen, W. W. F. Zemlin, A. G. M. Gupta, M. Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1003 | Movie | FMet-tRNAMet 70S Ribosome from <i>E.coli</i> | single particle | 11.5 | Irene Spaliogi, Joachim H. S. Stuifbergen, W. W. F. Zemlin, A. G. M. Gupta, M. Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1004 | Movie | Kirromycin stalled 70S Ribosome from <i>E.coli</i> | single particle | 13 | H. S. Stuifbergen, W. W. F. Zemlin, A. G. M. Gupta, M. Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1005 | Movie | release factor RF2 bound to <i>E.coli</i> ribosomes | single particle | 14 | B. P. Mya, E. Ehrenberg, Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1006 | Movie | <i>E.coli</i> 70s ribosome | single particle | 11.3 | Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1007 | Movie | <i>E.coli</i> 70s ribosome-RF2(wild type) complex | single particle | 12.9 | Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1008 | Movie | <i>E.coli</i> 70s ribosome-RF2(mutant) complex | single particle | 10.9 | Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1009 | Movie | RF2 (GAQ) mutant from <i>E.coli</i> | single particle | | Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| 1010 | Movie | RF2(GGQ) wild type from <i>E.coli</i> | single particle | | Urmila Rawat, A. V. Zavialov, J. Sen Gupta, M. Valle, R. A. Grassucci, J. Linde, B. Vestergaard, M. Ehrenberg, J. Frank |
| | | | | | C. San Martin, T. T. Huijskens, T. K. Bamford. |

分解能原理主義は利口じゃない

(日本は「低分解能」の研究で後れている)

たくさん論文を読んでも分からぬことが

データベースならすぐ分かる