ライフサイエンス・データベース 講習会
in 名大，名古屋大学, 2010年8月10日

日本蛋白質構造データバンク（PDBj: Protein Data Bank Japan）とwwPDB（worldwide PDB）

大阪大学蛋白質研究所
PDBj 日本蛋白質構造データバンク
中村　春木
harukin@protein.osaka-u.ac.jp

http://www.pdbj.org/

PDBj
Protein Data Bank Japan


WORLDWIDE PDB
PROTEIN DATA BANK
http://www.wwpdb.org/
Welcome to the Worldwide Protein Data Bank
Home
wwPDB Agreement
Statistics
FAQ
News
Contact Us
Access the PDB FTP:
RCSB PDB | PDBe | PDBj
Archive Download
Chemical Component Dictionary
Deposit Data to the PDB:
RCSB PDB | PDBe
PDBj | BMRB
Search for Structures:
RCSB PDB | PDBe
PDBj | BMRB
PDB Archive Snapshots:
RCSB PDB | PDBj
Instructions to Journals
Documentation
Format
Annotation and Policies
Workshops
X-ray Validation
wwPDBAC
The Worldwide Protein Data Bank (wwPDB) consists of organizations that act as deposition, data processing and distribution centers for PDB data. The founding members are RCSB PDB (USA), PDBe (Europe) and PDBj (Japan)[1]. The BMRB (USA) group joined the wwPDB in 2006. The mission of the wwPDB is to maintain a single Protein Data Bank Archive of macromolecular structural data that is freely and publicly available to the global community.
This site provides information about services provided by the individual member organizations and about projects undertaken by the wwPDB.
wwPDB Statement on Retraction of PDB Entries
18-February-2010
Changes to the wwPDB Policy for Depositing Polypeptide Structures
The wwPDB now accepts polypeptide structure depositions of all gene products; all naturally-occuring, non-ribosomally synthesized peptides, such as antibiotics; and all peptidic repeat units of larger polymers, such as fibrous and amyloid polymers. In addition, non-naturally occurring synthetic peptides with at least 24 residues will be accepted for deposition.
Consistent with earlier policy, depositions of polynucleotide and polysaccharide structures of 4 or more residues are also accepted. For more information, see the wwPDB Policy Guide at http://www.wwpdb.org/policy.html.
2-February-2010
wwPDB FTP Advisory Notice
The PDB archive can be accessed at FTP sites at the RCSB PDB, PDBe, and PDBj. The update schedules for these sites have been coordinated to be simultaneous. All updates now occur at the target time of Wednesday 00:00 UTC (Coordinated Universal Time).

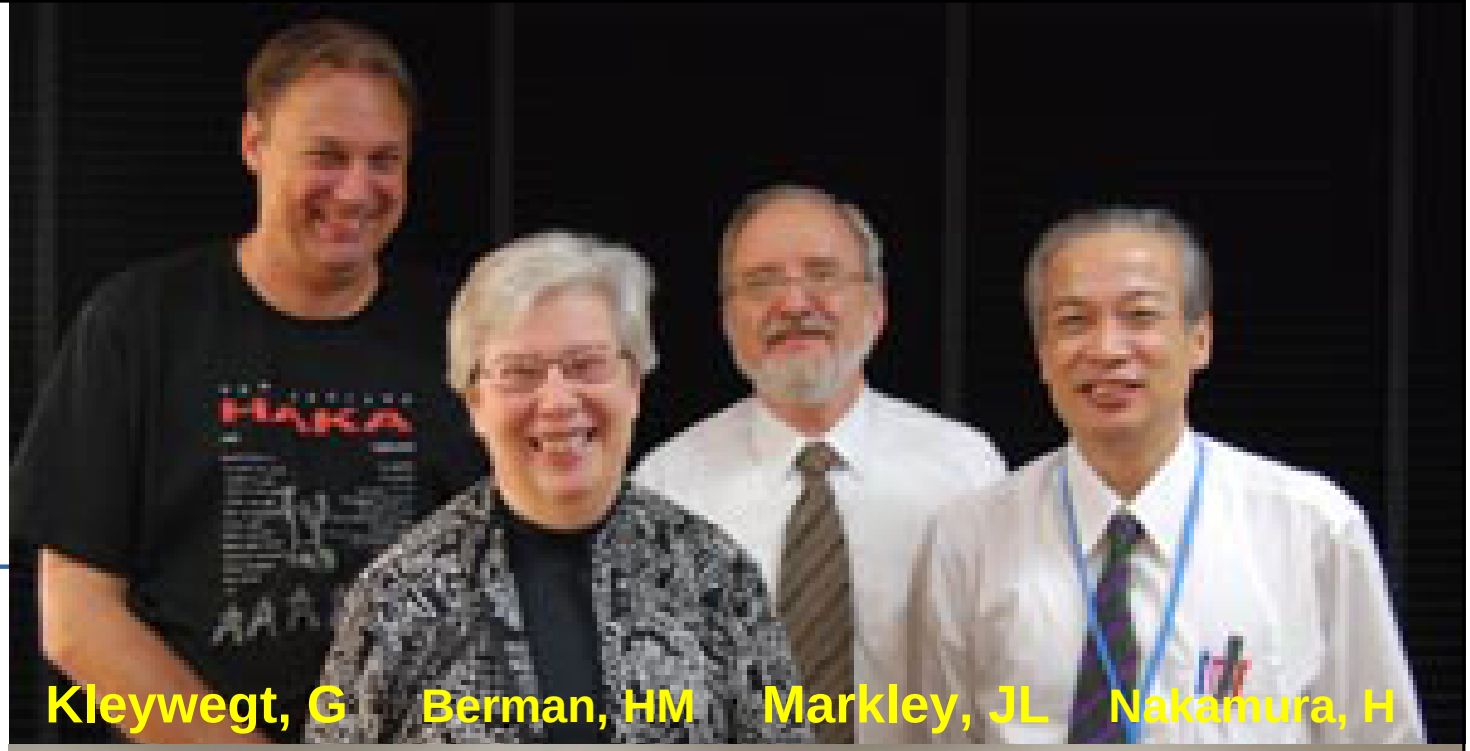
WORLDWIDE PDB
PROTEIN DATA BANK

EMBL-EBI PDBe
PROTEIN DATA BANK EUROPE

PDBj
Protein Data Bank Japan

BMRB

RCSB PDB
PROTEIN DATA BANK



wwPDB and wwPDBAC members at IPR, Osaka on 6 Nov, 2009

PDBj

Protein Data Bank Japan

Protein Data Bank Japan

日本蛋白質構造データバンク

http://www.pdbj.org/

大阪大学蛋白質研究所 にて実施。
（独立行政法人）科学技術振興機構
バイオインフォマティクス推進センター（http://www-bird.jst.go.jp/)が
2001年から支援

原子種とその座標、アミノ酸残基、実験手法、
実験時の情報、実験観測データ（構造因子）
を整理して登録。Webから無料公開。

PDBjメンバー

Protein Data Bank Japan

代表: 中村春木

PDBj データベース管理運営グループ:

中川敦史, 松浦孝範, 五十嵐令子, 見学有美子, 松浦かんな, 陳 旻瑜

ツール・サービス開発グループ:

金城　玲, 岩崎憲治, 鈴木博文, 山下鈴子, 工藤高裕, 池川恭代, 清水有希子, 鎌田知左

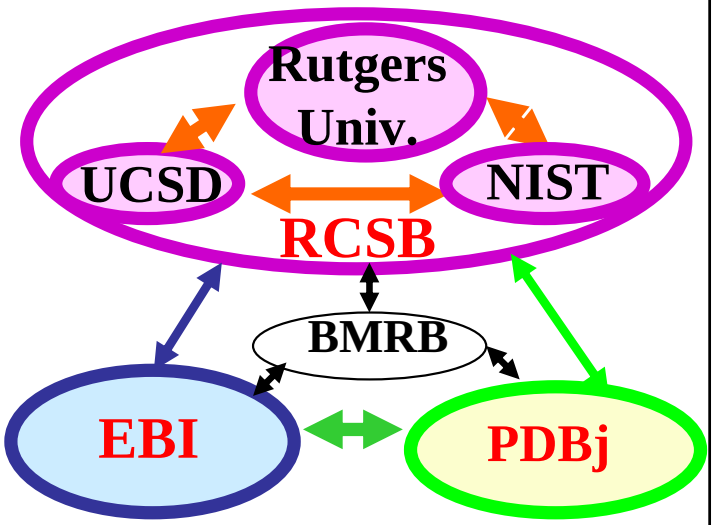
NMR データベース (BMRB-PDBj)グループ:

藤原敏道, 阿久津秀雄, 小林直宏, 中谷英一, 原野陽子

研究開発協力者:

Daron M. Standley（阪大免疫フロンティア）, 木下賢吾（東北大情報）, 藤博幸（産総研CBRC）, 加藤和貴（産総研CBRC）, 輪湖博（早大）, 伊藤暢聡（東京医歯大）

wwPDBにおける国際協力



1)　データ編集・登録作業を、wwPDBのメンバーで協力しながら実施する。

2) 唯一のデータアーカイブを持ち、
米国のRCSB-PDBがアーカイブ・キーパーとして書き込み権限をもつ。

3) データ・フォーマットや新たな記述法については、
各メンバー間内の討議により決定する。（V3.1→V3.2）

4) 各メンバーは、各々独自のデータ・ブラウザ、ビューア、検索ツール、Web サービスを開発することが期待される。

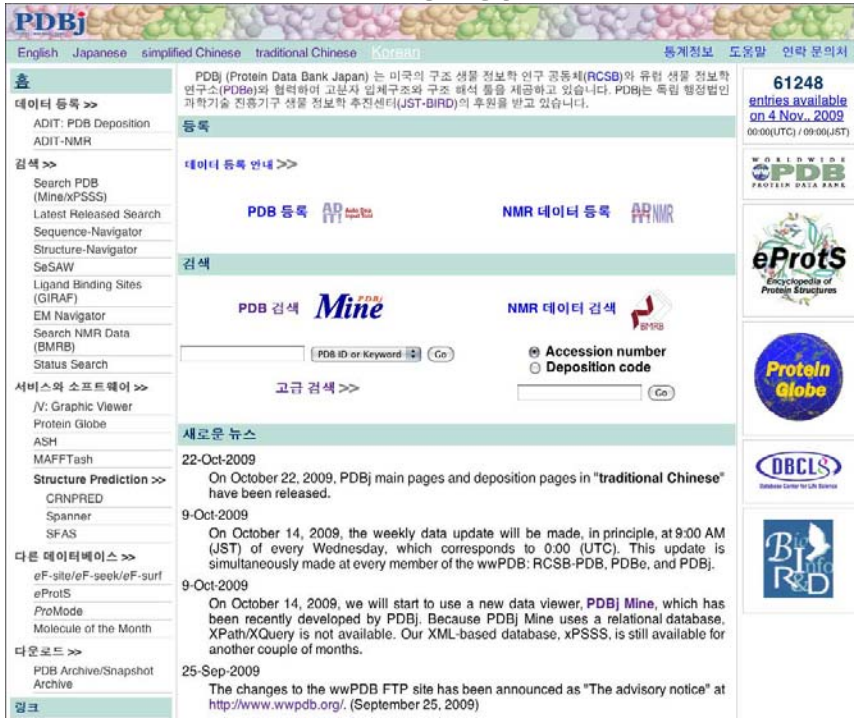
(Berman, Henrick & Nakamura (2003) Nat. Struct. Biol. 10, 980)

日本蛋白質構造データバンク：PDBj

1. 国際蛋白質構造データバンク（wwPDB）の運営
2. 蛋白質立体構造データベース登録作業
3. 蛋白質構造情報の記述フォーマット（v3.2, mmCIF, PDBML）の開発(validation)とその応用
4. 蛋白質構造解析実験および蛋白質機能に関する文献情報の付加
5. 蛋白質立体構造に関する新規二次データベースの構築と解析ツールの開発

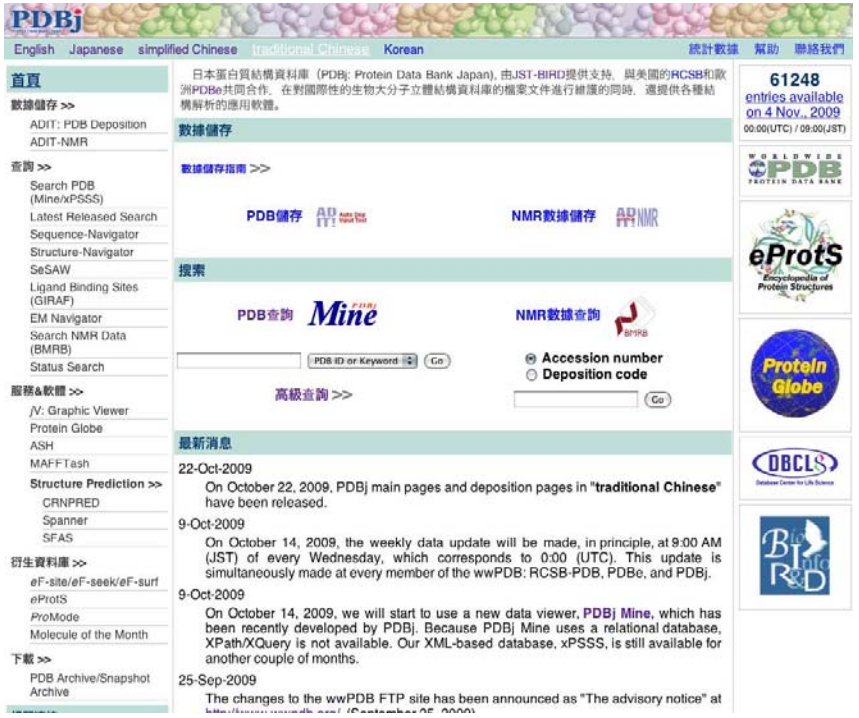
Japanese

Korean



Simplified Chinese

Traditional Chinese



wwPDB FTP Traffic

32,276,101 ファイルが2010年3月の1ヶ月間に世界中のwwPDBメンバーサイトからダウンロードされている
(RCSB-PDB, EBI-PDBe, and PDBj)

データの品質管理・保守について

- 登録時に、各立体構造の品質が厳しく検査・鑑定される。登録者本人と、wwPDBのアノテータが、それぞれ検証する。この検証に合格しないと、PDBIDが発行されない。

- 実験情報(X線結晶解析の場合には構造因子、NMRの場合には原子間距離情報) が、2008年2月1日から、登録時に座標と同時に必須の項目となった。NMR化学シフトデータも近い将来に必須となる予定。

トップページ

データ登録 >>
- ADIT: PDB Deposition
- ADIT-NMR

検索 >>
- Search PDB (Mine/xPSSS)
- Latest Released Search
- Sequence-Navigator
- Structure-Navigator
- SeSAW
- Ligand Binding Sites (GIRAF)
- EM Navigator
- Search NMR Data (BMRB)
- Status Search

サービス&ソフトウェア >>
- jV: Graphic Viewer
- Protein Globe
- ASH
- MAFFTash
- **Structure Prediction >>**
  - CRNPRED
  - Spanner
  - SFAS

二次データベース >>
- *e*F-site/*e*F-seek/*e*F-surf
- *e*ProtS
- *Pro*Mode
- Molecule of the Month

ダウンロード >>
- PDB Archive/Snapshot

日本蛋白質構造データバンク（PDBj: Protein Data Bank Japan)は、JST-BIRDの支援を受け、米国RCSB、BMRB、および欧州PDBeと協力して、生体高分子の立体構造データベースを国際的に統一化されたアーカイブとして運営するとともに、様々な解析ツールを提供しております。

データ登録

データ登録のご案内 >>

PDB登録 AD IT! Auto Dep Input Tool

NMRデータ登録 AD IT! NMR

検索

PDB検索 Mine PDBj

Mine日本語ページについて

PDB ID or Keyword Go

詳細条件検索 >>

NMRデータ検索 BMRB

Accession number
Deposition code
Go

最新情報

2010/7/13

PDBj が開発しておりますフリーの分子グラフィックス・ビューア: **jVの最新版(jV3.8)**がリリースされました。displayatom on/off のコマンド機能が追加され、多様な表示が容易にできるようになっております。どうぞ、こちらからダウンロードしてお使いください。

2010/7/1

2010年8月9日(月)、10日(火）に、「ライフサイエンス・データベース講習会 in 名大」を名古屋大学情報文化学部棟にて開催いたします。(詳細 / お申し込み)

2010/6/30

NMR距離制限情報ファイル バージョン2 が公開されました。(詳細...)

66961
entries available on 4 Aug., 2010
00:00(UTC) / 09:00(JST)

WORLDWIDE PDB PROTEIN DATA BANK

蛋白質構造百科事典 eProtS Encyclopedia of Protein Structures

Protein Globe

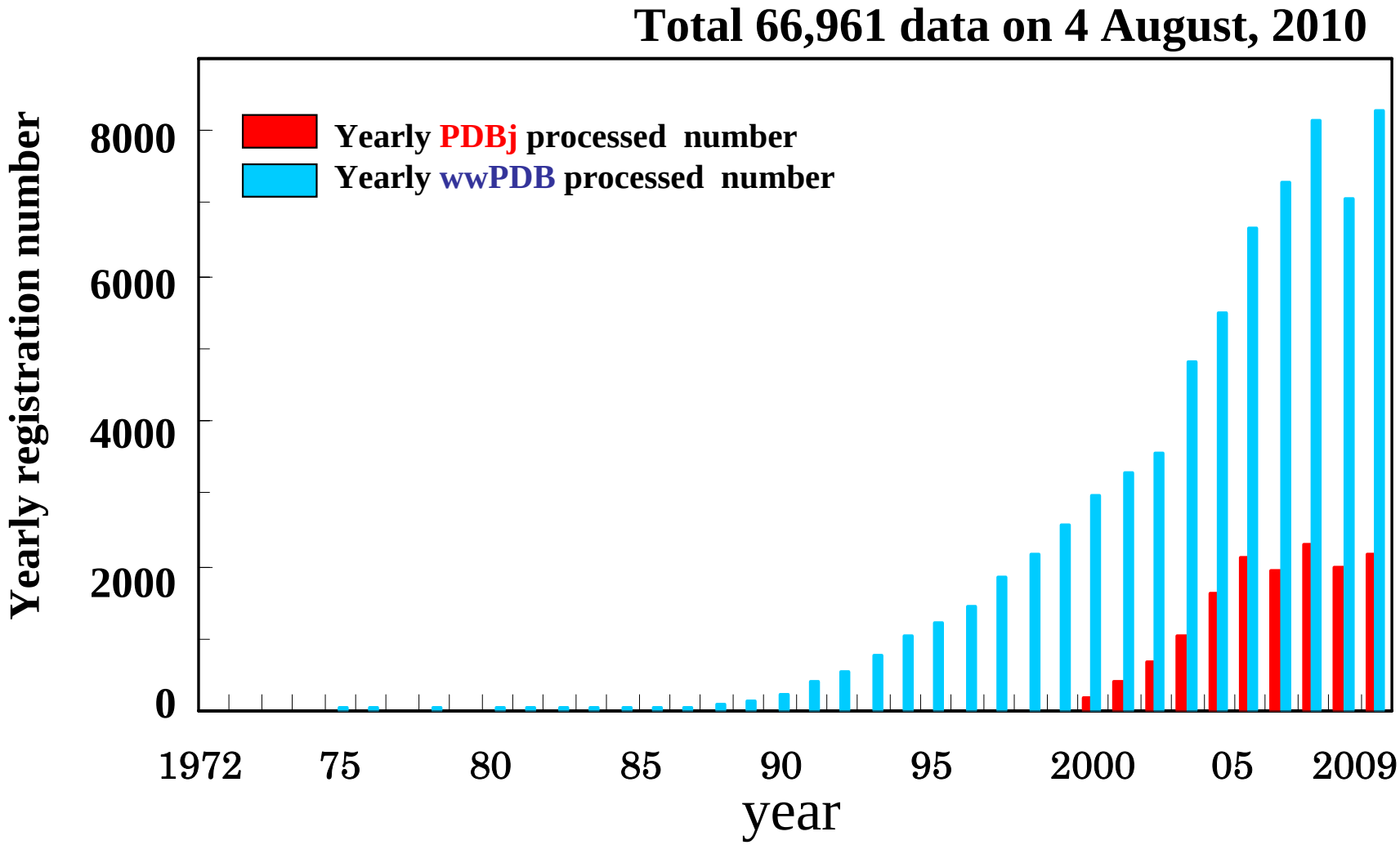
DBCLS Database Center for Life Science

Tanpaku.org

National Project on Protein Structural and Functional Analyses

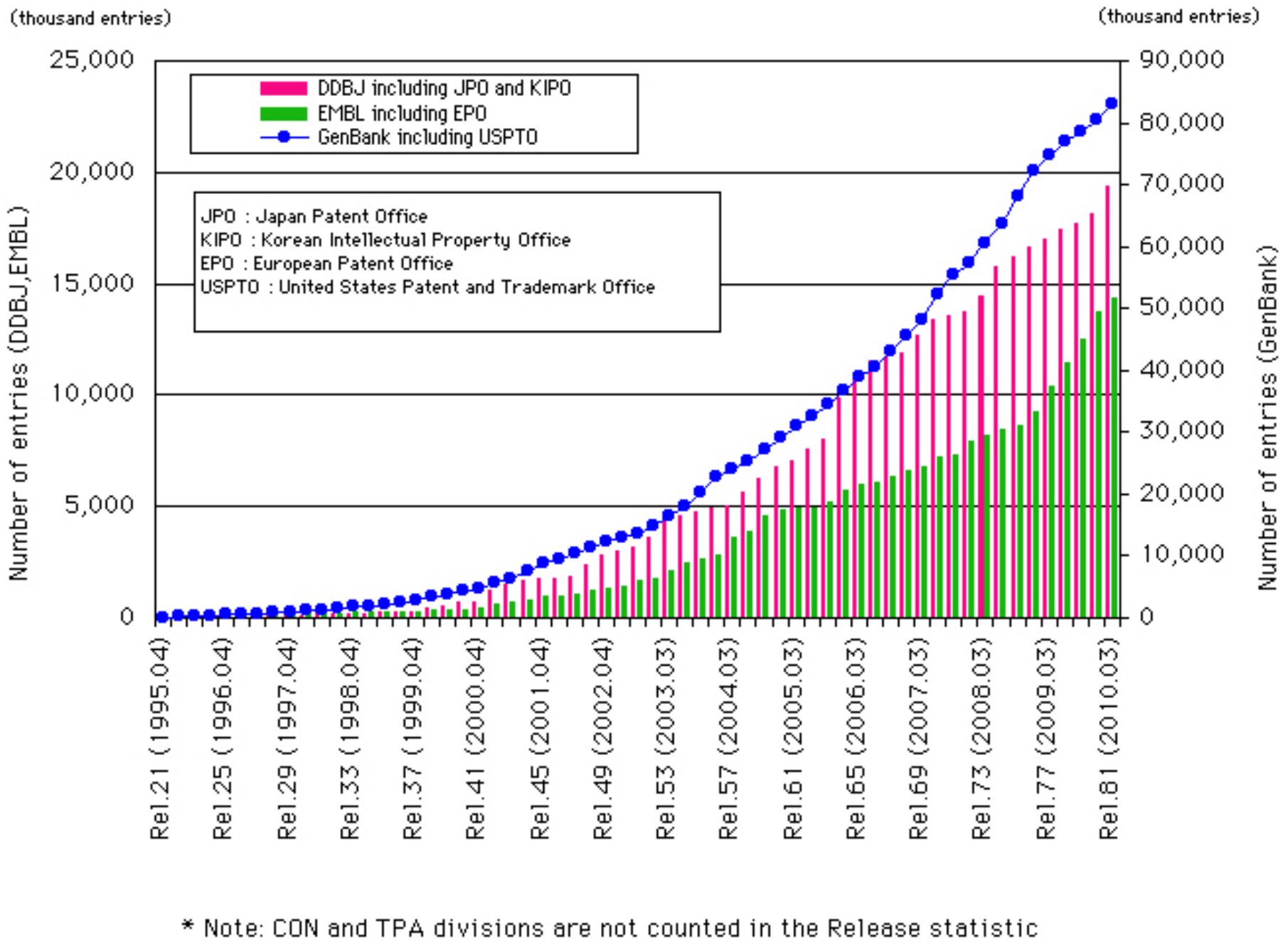
BioI

PDBj と wwPDBにおけるデータ登録数

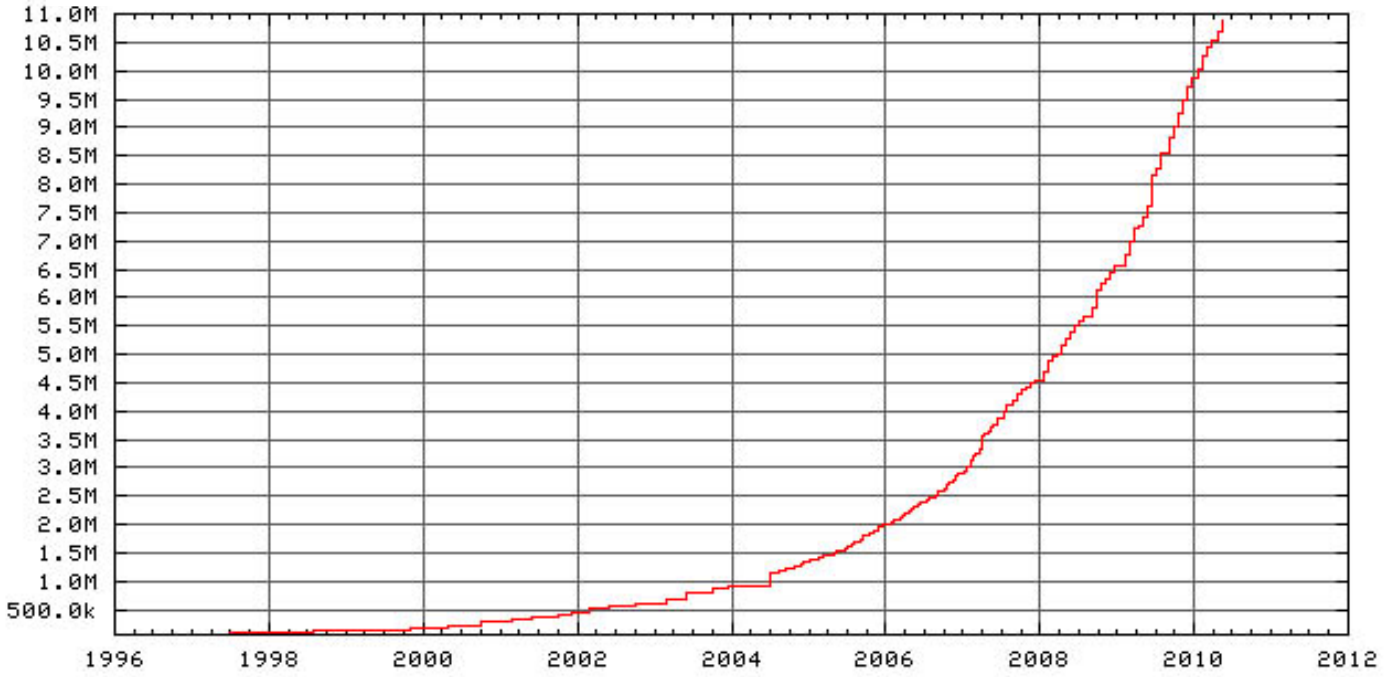


PDBjでは、世界中で登録されるエントリーのうち 25-30 % を登録している。日本からの登録はすべてPDBjが行い、またアジア、オセアニア地区からの登録もPDBjが担当している。

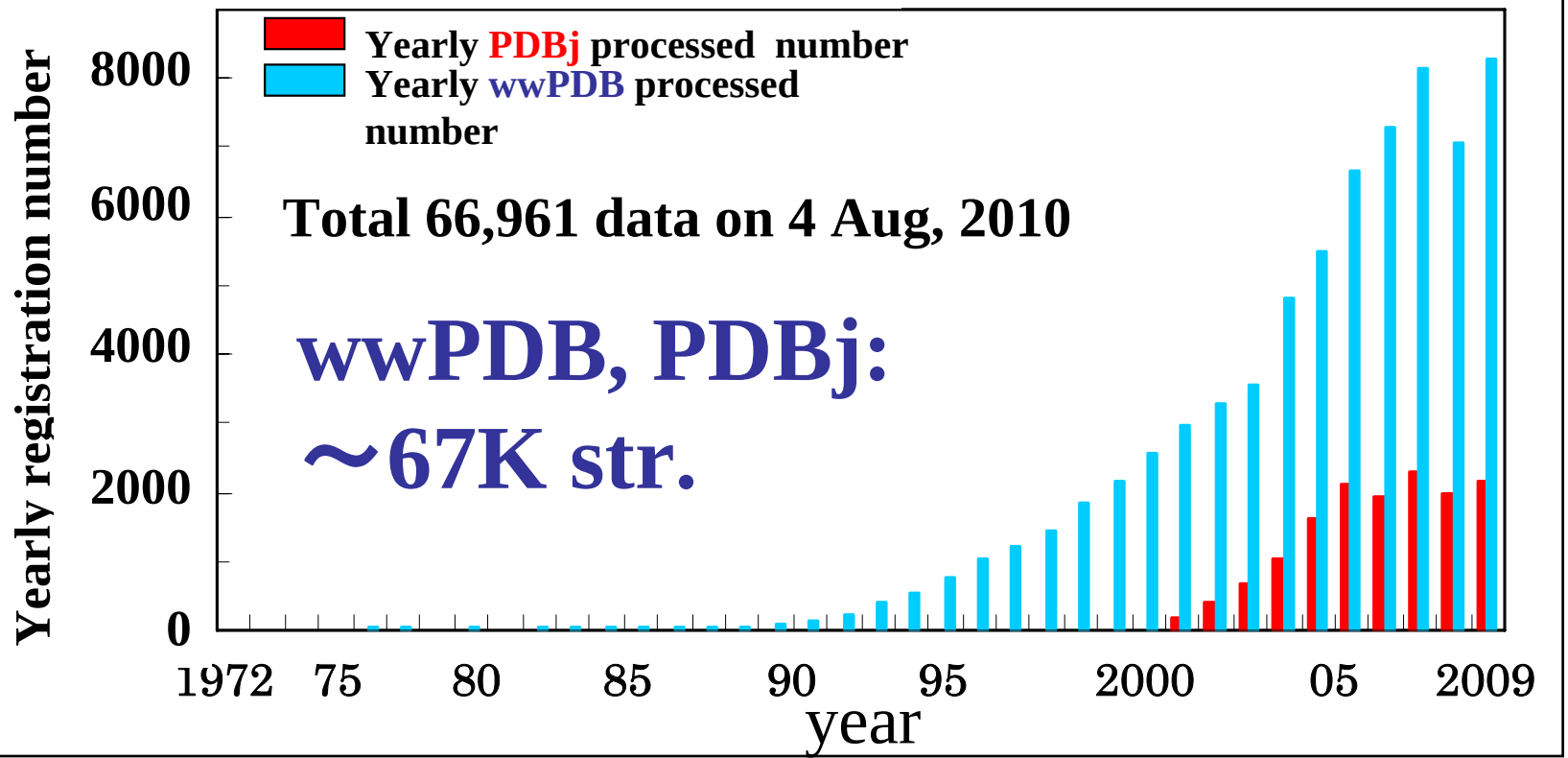
Rapid increase of gene information (from DDBJ).



Rapid increase of protein information.



UniProt:
~11M seq.



Different Growth of SDAs (Single-Domain Architecture) and MDAs (Multi-Domain Architecture)

Michael Levitt, Nature of the protein universe.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA (2009) 27, 11079-11084

The number of MDA families is growing rapidly with time, the number of SDA families appears to be saturating. Structural information is known for ¼ of sequence profiles.

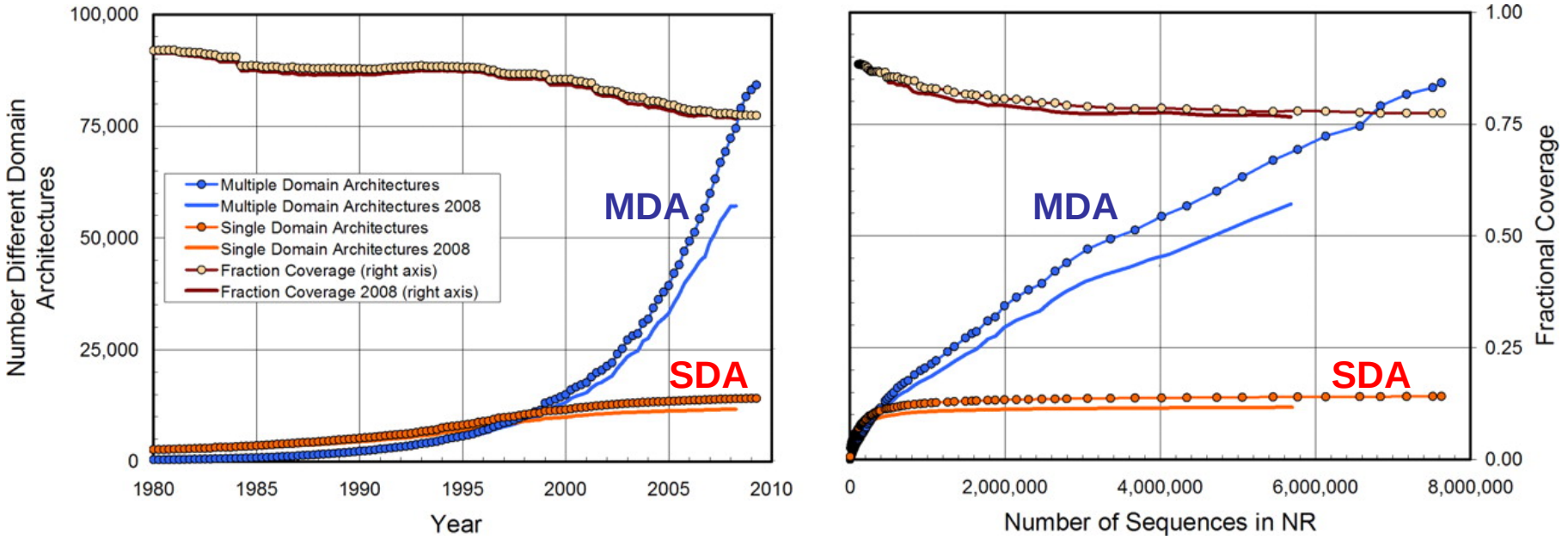


Fig. 1: As the NR database grows, the number of different multidomain architecture (MDA) families found by CDART is increasing rapidly with year (Left) or added sequence (Right)

Levitt M PNAS 2009;106:11079-11084

PNAS

ホモロジー・モデリング

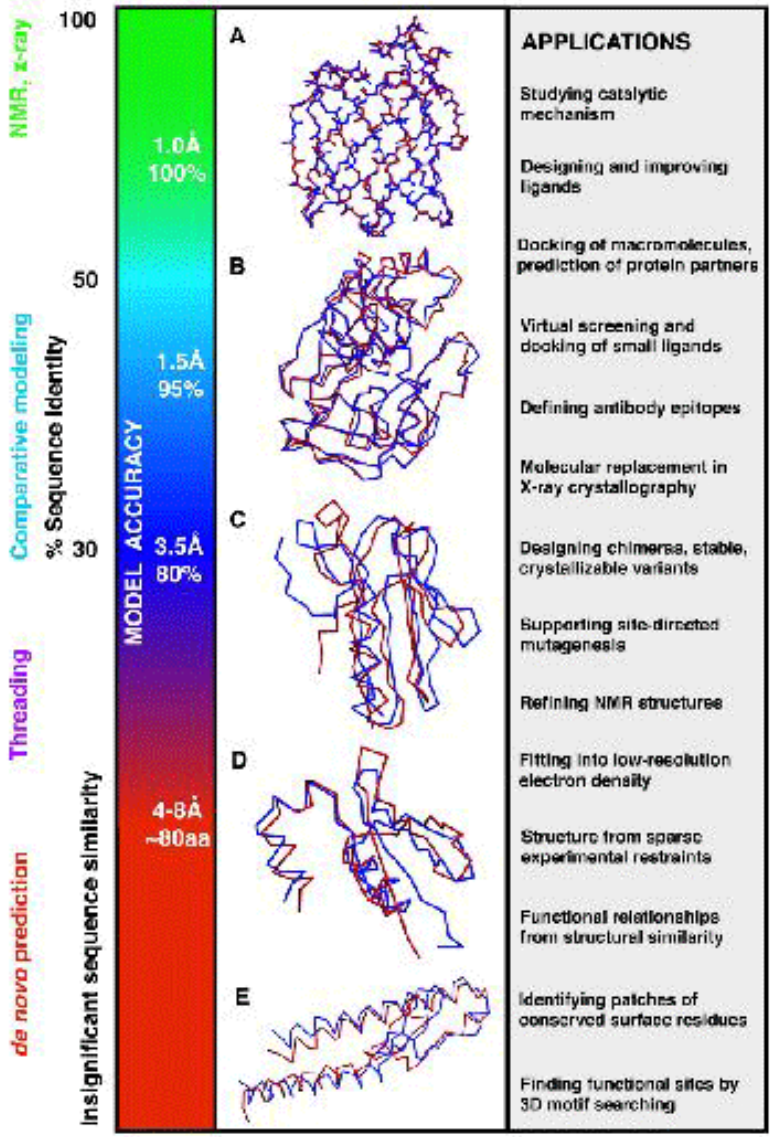
(homology modeling / comparative modeling)

アミノ酸配列の類似性を基に構造既知の蛋白質の立体構造を鋳型（テンプレート）として構造未知の蛋白質の立体構造モデルを作成すること

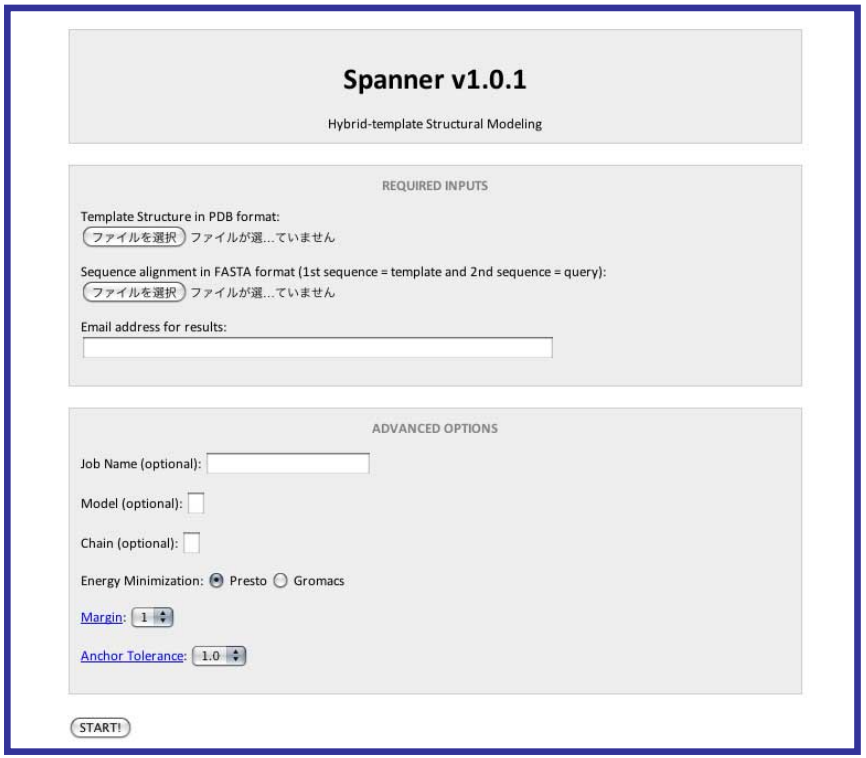
- ホモロジーモデリングの必要性
  - 配列情報：約 1,163 万配列 (UniProt)
  - 立体構造：約 6万7千分子(wwPDB)

  ファミリー代表の構造がデータベースにあれば、構造モデルを作成できる。
  - ファミリー数：約 30,000 (30% identity)
  - フォールド数：約 2,000 (loose definition)

- 原則
  - 配列が似ていれば構造は似ている
  - 構造未知でも、配列の似た蛋白質で構造既知のものがあれば、その構造を参考に構造を予想できる
- モデリングの具体的作業
  - 似た配列を探す
  - 配列のalignmentを作る
  - 配列の違う部分のつじつまを合わせる（主鎖と側鎖）



D. Baker & A. Sali (2001) Science 294, 93-96.

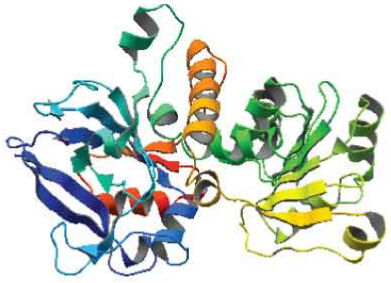


New! *Spanner*

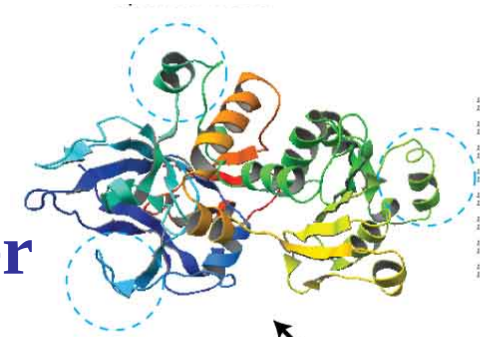
Hybrid-Template Modeling

http://www.pdbj.org/spanner/

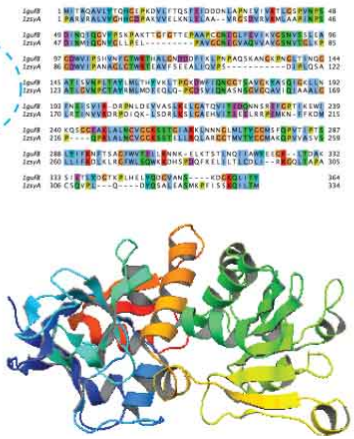
Developed by
Mieszko Lis (MIT),
Daron M. Standley (iFREC, Osaka U),
Haruki Nakamura (IPR, Osaka U)

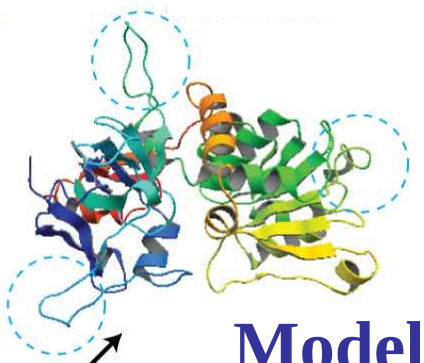


Native: 1guf B



Spanner model





Modeller model without no loop information

Template: 1zsy A

トップページ

データ登録 >>
- ADIT: PDB Deposition
- ADIT-NMR

検索 >>
- Search PDB (Mine/xPSSS)
- Latest Released Search
- Sequence-Navigator
- Structure-Navigator
- SeSAW
- Ligand Binding Sites (GIRAF)
- EM Navigator
- Search NMR Data (BMRB)
- Status Search

サービス&ソフトウェア >>
- jV: Graphic Viewer
- Protein Globe
- ASH
- MAFFTash
- **Structure Prediction >>**
  - CRNPRED
  - Spanner
  - SFAS

二次データベース >>
- *e*F-site/*e*F-seek/*e*F-surf
- *e*ProtS
- *Pro*Mode
- Molecule of the Month

ダウンロード >>
- PDB Archive/Snapshot

日本蛋白質構造データバンク（PDBj: Protein Data Bank Japan)は、JST-BIRDの支援を受け、米国RCSB、BMRB、および欧州PDBeと協力して、生体高分子の立体構造データベースを国際的に統一化されたアーカイブとして運営するとともに、様々な解析ツールを提供しております。

データ登録

データ登録のご案内 >>

PDB登録 AD IT! Auto Dep Input Tool

NMRデータ登録 AD IT! NMR

検索

PDB検索 Mine PDBj

Mine日本語ページについて

PDB ID or Keyword Go

詳細条件検索 >>

NMRデータ検索 BMRB

Accession number
Deposition code
Go

最新情報

2010/7/13

PDBj が開発しておりますフリーの分子グラフィックス・ビューア: **jVの最新版(jV3.8)**がリリースされました。displayatom on/off のコマンド機能が追加され、多様な表示が容易にできるようになっております。どうぞ、こちらからダウンロードしてお使いください。

2010/7/1

2010年8月9日(月)、10日(火）に、「ライフサイエンス・データベース講習会 in 名大」を名古屋大学情報文化学部棟にて開催いたします。(詳細 / お申し込み)

2010/6/30

NMR距離制限情報ファイル バージョン2 が公開されました。(詳細...)

66961
entries available on 4 Aug., 2010
00:00(UTC) / 09:00(JST)

WORLDWIDE PDB PROTEIN DATA BANK

蛋白質構造百科事典 eProtS Encyclopedia of Protein Structures

Protein Globe

DBCLS Database Center for Life Science

Tanpaku.org

National Project on Protein Structural and Functional Analyses

BioI

フォーマットのupdate: v3.2

1）SPLIT レコードの新設:

巨大な蛋白質複合体の原子座標の記載

2）情報の追加:

複合体情報:PISA/PQS

SITEレコード:実験/リガンド近傍原子

3）低分子リガンドのdictionary: CCD

（Chemical Compound Dictionary

http://www.wwpdb.org/ccd.html）の整備

Example: Vault by Kato et al. (2zuo, 2zv4, 2zv5)

```
CRYST1  702.246  383.796  598.480  90.00 124.69  90.00 C 1 2 1       52
ORIGX1      1.000000  0.000000  0.000000        0.00000
ORIGX2      0.000000  1.000000  0.000000        0.00000
ORIGX3      0.000000  0.000000  1.000000        0.00000
SCALE1      0.001424  0.000000  0.000986        0.00000
SCALE2      0.000000  0.002606  0.000000        0.00000
SCALE3      0.000000  0.000000  0.002032        0.00000
ATOM      1  N   MET A   1     -82.230 143.797  30.257  1.00224.78           N
ATOM      2  CA  MET A   1     -81.386 143.353  31.410  1.00224.78           C
ATOM      3  C   MET A   1     -82.092 142.602  32.579  1.00224.78           C
ATOM      4  O   MET A   1     -81.529 142.546  33.672  1.00224.78           O
ATOM      5  CB  MET A   1     -80.532 144.526  31.950  1.00238.55           C
ATOM      6  CG  MET A   1     -80.944 145.901  31.411  1.00238.55           C
ATOM      7  SD  MET A   1     -81.051 147.196  32.668  1.00238.55           S
ATOM      8  CE  MET A   1     -82.566 148.018  32.159  1.00238.55           C
ATOM      9  N   ALA A   2     -83.281 142.021  32.391  1.00183.83           N
ATOM     10  CA  ALA A   2     -83.718 140.956  33.340  1.00183.83           C
ATOM     11  C   ALA A   2     -85.047 140.283  32.983  1.00183.83           C
ATOM     12  O   ALA A   2     -85.544 140.452  31.862  1.00183.83           O
ATOM     13  CB  ALA A   2     -83.676 141.427  34.858  1.00153.13           C
ATOM     14  N   THR A   3     -85.601 139.498  33.914  1.00241.98           N
ATOM     15  CA  THR A   3     -86.810 138.720  33.602  1.00241.98           C
ATOM     16  C   THR A   3     -88.021 139.162  34.413  1.00241.98           C
ATOM     17  O   THR A   3     -87.885 139.702  35.529  1.00241.98           O
ATOM     18  CB  THR A   3     -86.748 137.233  33.902  1.00168.86           C
ATOM     19  OG1 THR A   3     -87.140 136.275  32.867  1.00168.86           O
ATOM     20  CG2 THR A   3     -86.525 136.850  35.263  1.00168.86           C
```

Example: Vault by Kato et al. (2zuo, 2zv4, 2zv5)

```
HEADER    STRUCTURAL PROTEIN                          24-OCT-08   2ZUO
TITLE     THE STRUCTURE OF RAT LIVER VAULT AT 3.5 ANGSTROM RESOLUTION
SPLIT      2ZUO 2ZV4 2ZV5
COMPND     MOL_ID: 1;
COMPND    2 MOLECULE: MAJOR VAULT PROTEIN;
COMPND    3 CHAIN: A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, K, L, M;
COMPND    4 SYNONYM: MVP
SOURCE     MOL_ID: 1;
SOURCE    2 ORGANISM_SCIENTIFIC: RATTUS NORVEGICUS;
SOURCE    3 ORGANISM_COMMON: RAT;
SOURCE    4 ORGANISM_TAXID: 10116;
SOURCE    5 TISSUE: LIVER
KEYWDS     9 REPEAT DOMAINS, PROTEIN-PROTEIN COMPLEX, CYTOPLASM,
KEYWDS    2 RIBONUCLEOPROTEIN, STRUCTURAL PROTEIN
EXPDTA     X-RAY DIFFRACTION
AUTHOR     K.KATO,Y.ZHOU,H.TANAKA,M.YAO,E.YAMASHITA,M.YOSHIMURA,
AUTHOR    2 T.TSUKIHARA
REVDAT    2   03-FEB-09 2ZUO    1       JRNL
REVDAT    1   13-JAN-09 2ZUO    0
JRNL        AUTH   H.TANAKA,K.KATO,E.YAMASHITA,T.SUMIZAWA,Y.ZHOU,
JRNL        AUTH 2 M.YAO,K.IWASAKI,M.YOSHIMURA,T.TSUKIHARA
JRNL        TITL   THE STRUCTURE OF RAT LIVER VAULT AT 3.5 ANGSTROM
JRNL        TITL 2 RESOLUTION
JRNL        REF    SCIENCE                       V. 323   384 2009
```

Example: Vault by Kato et al. (2zuo, 2zv4, 2zv5)

PDBj

English | Statistics | Help | Contact Us

Home

Data Deposition >>
- ADIT: PDB Deposition
- ADIT-NMR

Search >>
- Search PDB (Mine/xPSSS)
- Latest Released Search
- Sequence-Navigator
- Structure-Navigator
- SeSAW
- Ligand Binding Sites (GIRAF)
- EM Navigator
- Search NMR Data (BMRB)
- Status Search

Service and Software >>
- *j*V: Graphic Viewer
- Protein Globe
- ASH
- MAFFTash

Structure Prediction >>
- CRNPRED
- Spanner
- SFAS

Derived database >>
- *e*F-site/*e*F-seek/*e*F-surf
- *e*ProtS
- *Pro*Mode
- Molecule of the Month

Download >>
- PDB Archive/Snapshot Archive

Links

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 PDBe in EU. PDBj is supported by JST-BIRD.

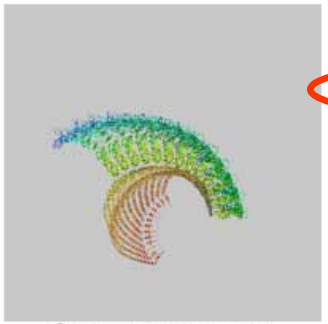
Mine PDBj

Summary [2zuo]

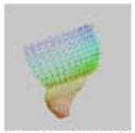
About PDBj Mine
Update Information

Summary | Structural Details | Experimental Details | Functional Details | Sequence Neighbor | Download/Display | Link

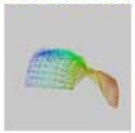
PDB ID or Keyword | search



Structure Viewers
jV3 / **Jmol**
jV and Jmol require Java(TM)Plug-in 1.5 or later.



rotated about x by 90°
250X250 500X500



rotated about y by 90°
250X250 500X500

PDB ID	2zuo sequence information (FASTA format) download PDB format file
SPLIT PDB ID	2zv4, 2zv5
RELATED PDB ID	2zv4, 2zv5
Descriptor	Major vault protein
Title	The structure of rat liver vault at 3.5 angstrom resolution
Functional Keywords	9 REPEAT DOMAINS, PROTEIN-PROTEIN COMPLEX, Cytoplasm, Ribonucleoprotein, STRUCTURAL PROTEIN
Biological source	Rattus norvegicus (rat)
Cellular location	[UNP - MVP_RAT] Cytoplasm
Organ source	[UNP - MVP_RAT] Lung
Total number of polymer chains	13
Total molecular weight	1246973 (the details in Structural Details Page)
Authors	Kato, K. , Zhou, Y. , Tanaka, H. , Yao, M. , Yamashita, E. , Yoshimura, M. , Tsukihara, T. (*deposition date* : 2008-10-24, *release date* : 2009-01-13)
Primary citation	Tanaka, H. , Kato, K. , Yamashita, E. , Sumizawa, T. , Zhou, Y. , Yao, M. , Iwasaki, K. , Yoshimura, M. , Tsukihara, T. The structure of rat liver vault at 3.5 angstrom resolution *Science*, 323:384 - 388, 2009.(PubMed : 19150846) (DOI: 10.1126/science.1164975)
Experimental method	X-RAY DIFFRACTION (3.5[Å])
Other Database Information	CATH , CE , FSSP , SCOP , VAST , UniProt (UNP - Q62667) , *e*F-site

Get Entry Data from our browser

Access to *http://www.pdbj.org/*

PDBID (e.g. 12as) is input in a box and GO

Summary for each PDBID is displayed.

Get Entry Data from our browser

Access to *http://www.pdbj.org/*

日本語のキーワードを入力 ⟶ 検索結果ページ

Home

Data Deposition >>
- ADIT: PDB Deposition
- ADIT-NMR

Search >>
- Search PDB (Mine/xPSSS)
- Latest Released Search
- Sequence-Navigator
- Structure-Navigator
- SeSAW
- Ligand Binding Sites (GIRAF)
- EM Navigator
- Search NMR Data (BMRB)
- Status Search

Service and Software >>
- *j*V: Graphic Viewer
- Protein Globe
- ASH
- MAFFTash

Structure Prediction >>
- CRNPRED
- Spanner
- SFAS

Derived database >>
- *e*F-site/*e*F-seek/*e*F-surf
- *e*ProtS
- *Pro*Mode
- Molecule of the Month

Download >>
- PDB Archive/Snapshot Archive

Links

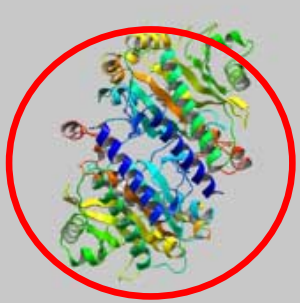
PDBj (Protein Data Bank Japan) maintains a centralized archive of macromolecular structures and provides integrated tools, in collaboration with the RCSB in USA and the PDBe in EU. PDBj is supported by JST-BIRD.

Mine PDBj

Summary [12as]

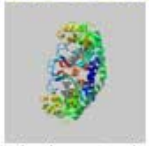
About PDBj Mine
Update Information

Summary | Structural Details | Experimental



Structure Viewers
jV3 / Jmol
jV and Jmol require Java(TM)Plug-in 1.5 or later.

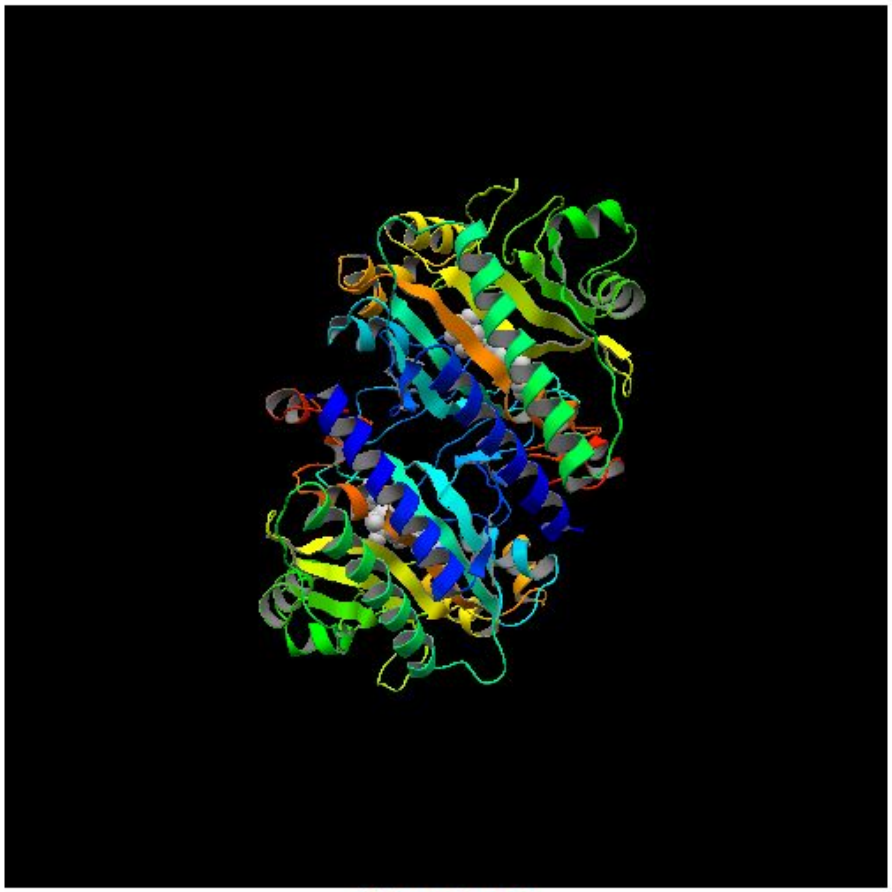
rotated about x by 90°
250X250 500X500



rotated about y by 90°
250X250 500X500

PDB ID	
Descriptor	
Title	
Functional	
Biological	
Cellular lo	
Total numl polymer ch	
Total mole	
Authors	
Primary cit	
Experimen	
Other Data Informatio	

http://pdbjs3.protein.osaka-u.ac.jp - xPSSS (xml-based Protein Structure Search Serv...



jV version 3

Style: ◉Default ○Cartoon ○Wireframe ○CPK_without_water ○CPK
Color: ◉Default ○group ○chain ○atom

アプレット jvWindow started
インターネット

Home

Data Deposition >>

- ADIT: PDB Deposition
- ADIT-NMR

Search >>

- Search PDB (Mine/xPSSS)
- Latest Released Search
- Sequence-Navigator
- Structure-Navigator
- SeSAW
- Ligand Binding Sites (GIRAF)
- EM Navigator
- Search NMR Data (BMRB)
- Status Search

Service and Software >>

- *jV*: Graphic Viewer
- Protein Globe
- ASH
- MAFFTash

Structure Prediction >>

- CRNPRED
- Spanner
- SFAS

Derived database >>

- *e*F-site/*e*F-seek/*e*F-surf
- *e*ProtS
- *Pro*Mode
- Molecule of the Month

Download >>

- PDB Archive/Snapshot Archive

Links

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 PDBe in EU. PDBj is supported by JST-BIRD.

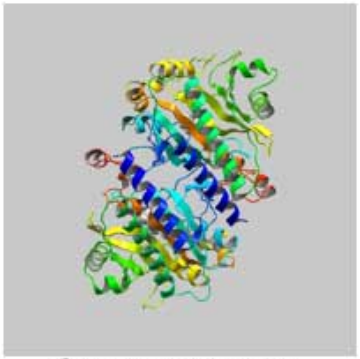
Mine PDBj

Summary [12as]

About PDBj Mine
Update Information

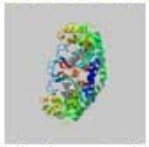
Summary | Structural Details | Experimental Details | Functional Details | Sequence Neighbor | Download/Display | Link

PDB ID or Keyword search



Structure Viewers
jV3 / Jmol
jV and Jmol require Java(TM)Plug-in 1.5 or later.

rotated about x by 90°
250X250 500X500

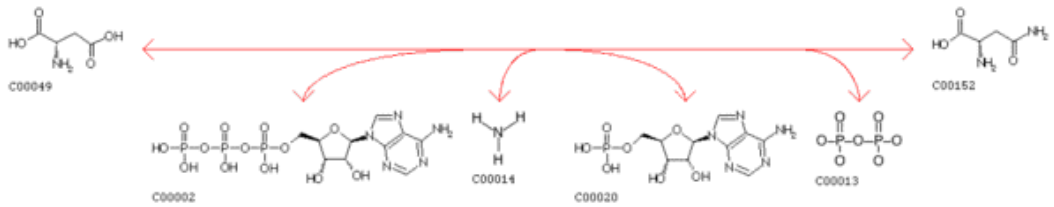


rotated about y by 90°
250X250 500X500

PDB ID	12as sequence information (FASTA format) download PDB format file
Descriptor	ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPARAGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE

KEGG **REACTION: R00483**

Help

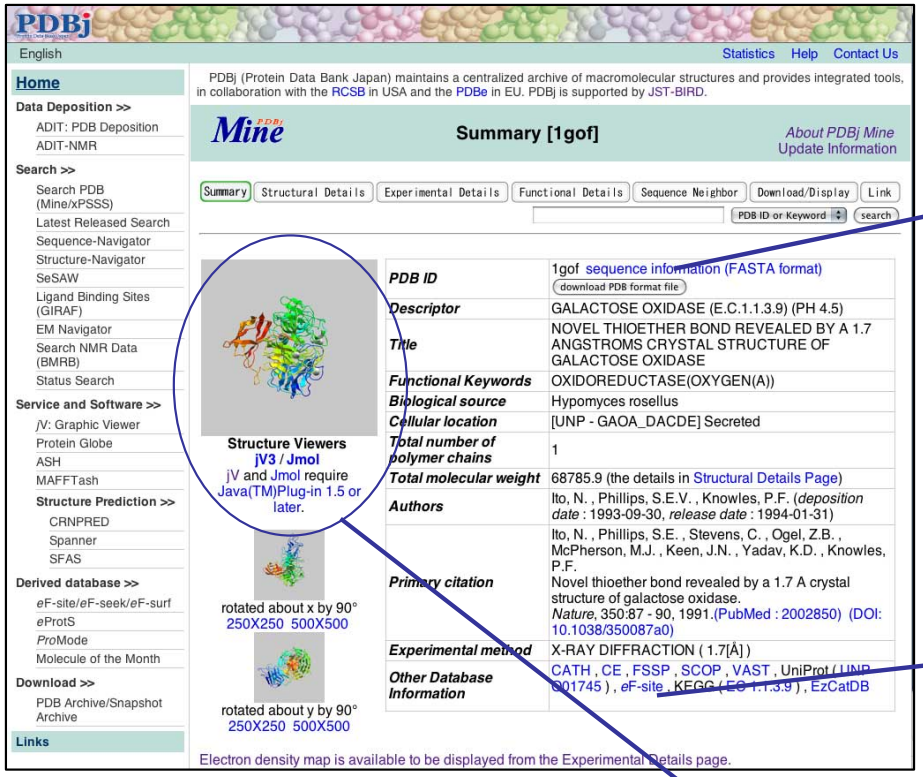
Entry	R00483 Reaction
Name	L-Aspartate:ammonia ligase (AMP-forming)
Definition	ATP + L-Aspartate + NH3 <=> AMP + Pyrophosphate + L-Asparagine
Equation	C00002 + C00049 + C00014 <=> C00020 + C00013 + C00152
	
RPair	RP: A00116 C00049_C00152 main
Pathway	PATH: rn00252 Alanine and aspartate metabolism PATH: rn00460 Cyanoamino acid metabolism PATH: rn00910 Nitrogen metabolism
Enzyme	6.3.1.1
Ortholog	KO: K01914 aspartate--ammonia ligase
LinkDB	All DBs

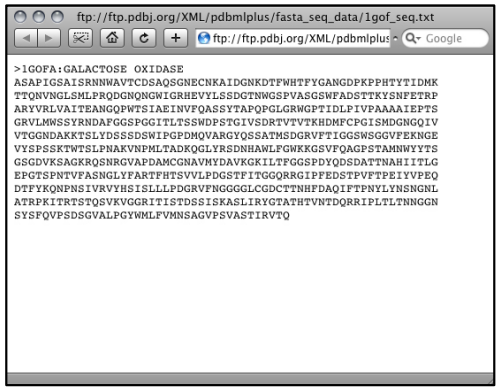
=> **Original format**

DBGET integrated database retrieval system, GenomeNet

Summary for each PDBID

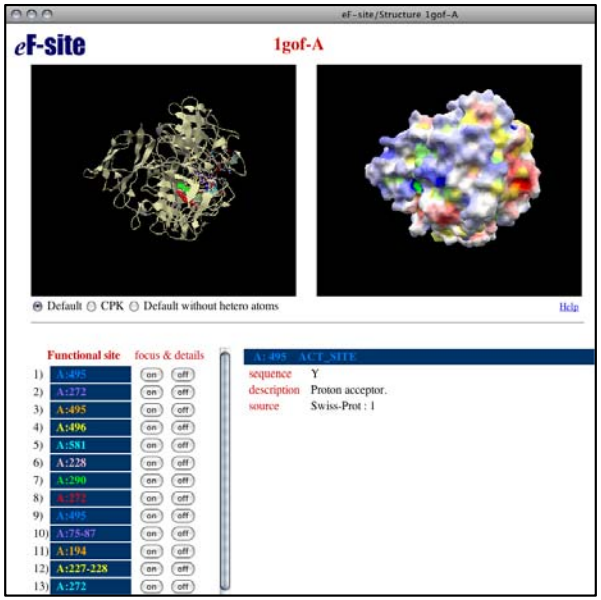
Amino acid sequence (FASTA)





Molecular surface DB: *eF-site*

http://ef-site.hgc.jp/eF-site/

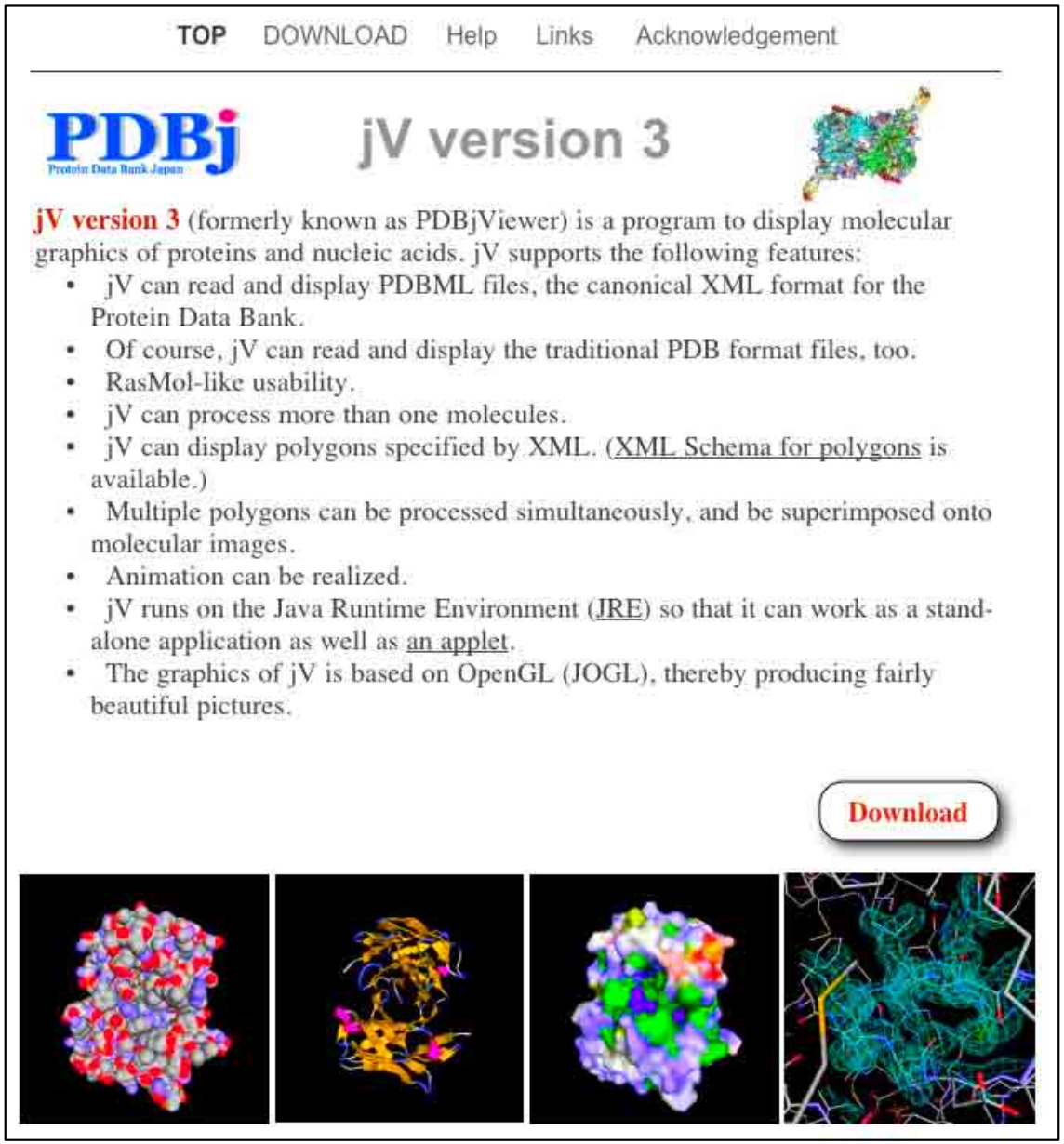


Graphic viewer: *j*V

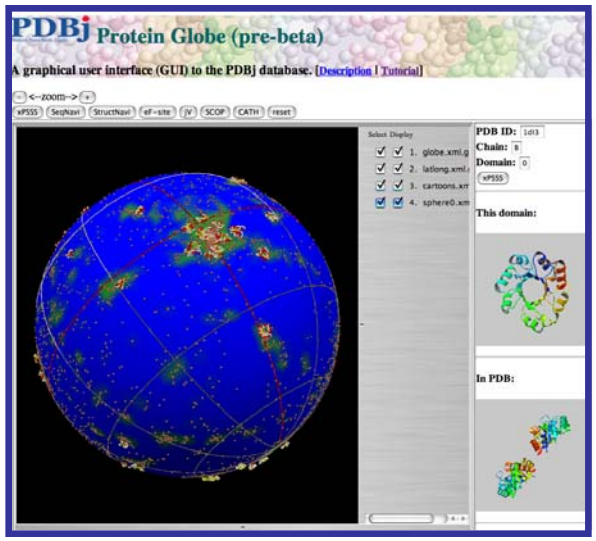
http://www.pdbj.org/jV/

Graphic viewer: *jV* version 3.8

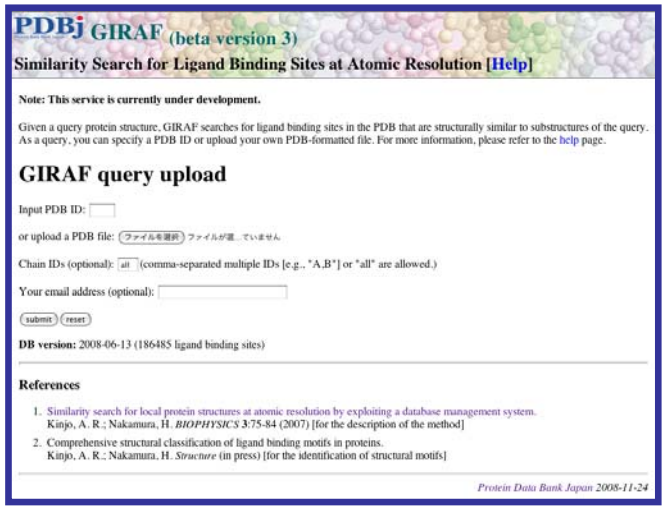
Download from *http://www.pdbj.org/jV/*



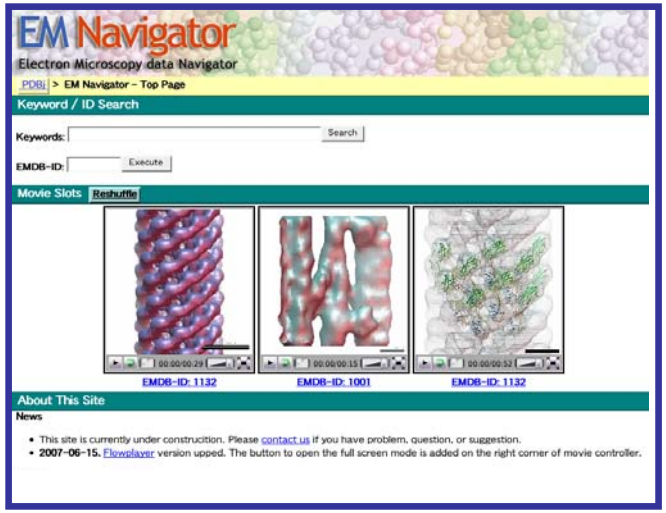
Development of other Databases and Services



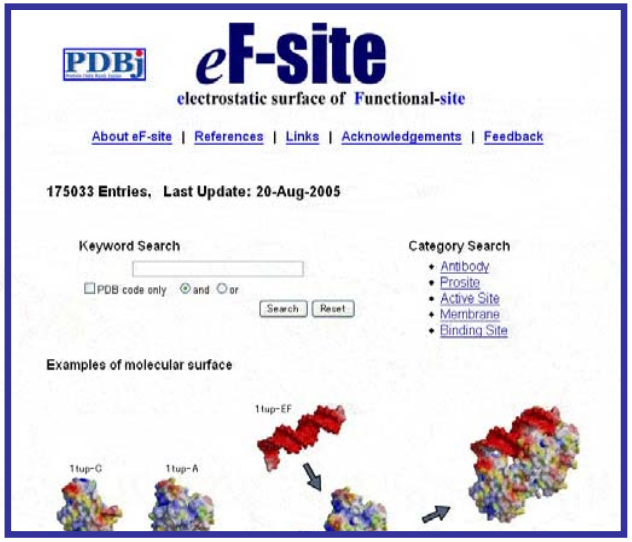
Protein Folds Browser, Protein Globe *(Kinjo & Standley)*



Ligand Binding Site Search, GIRAF *(Kinjo)*

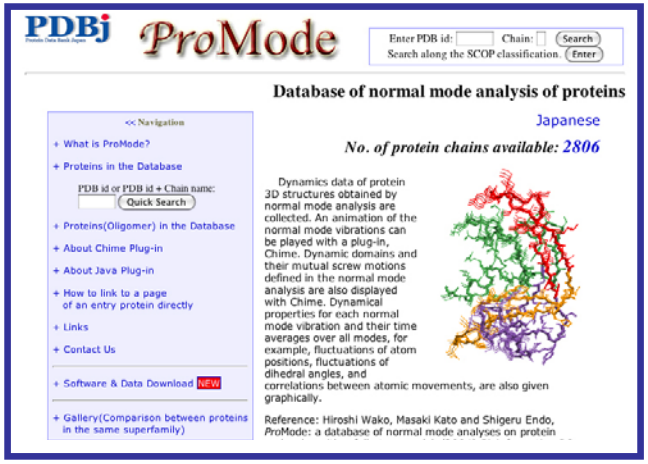


Electron Microscopy Navigator, EM-Navi *(Suzuki)*



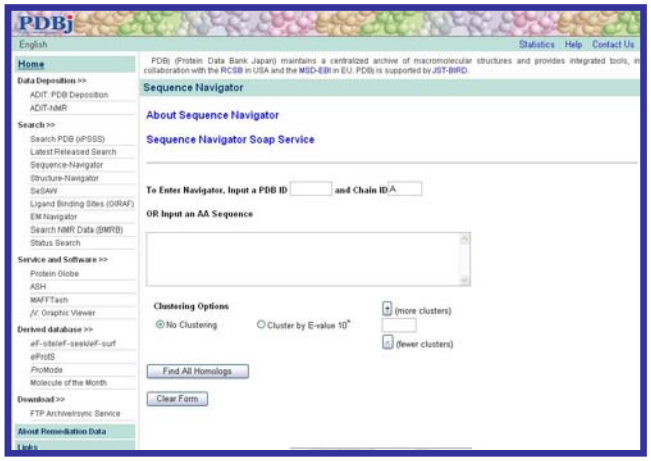
Protein Molecular Surface Database, *e*F-site *(Kinoshita & Nakamura)*

Search for Similar Surface, *e*F-seek *(Kinoshita & Nakamura)*

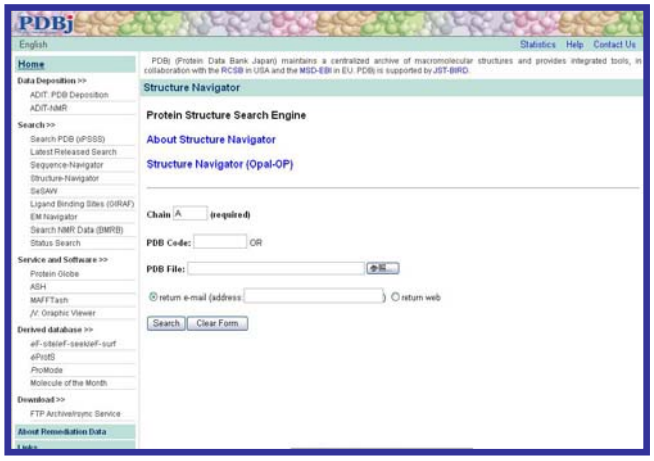


Protein Dynamics Database, *Pro*Mode *(Wako & Endo)*

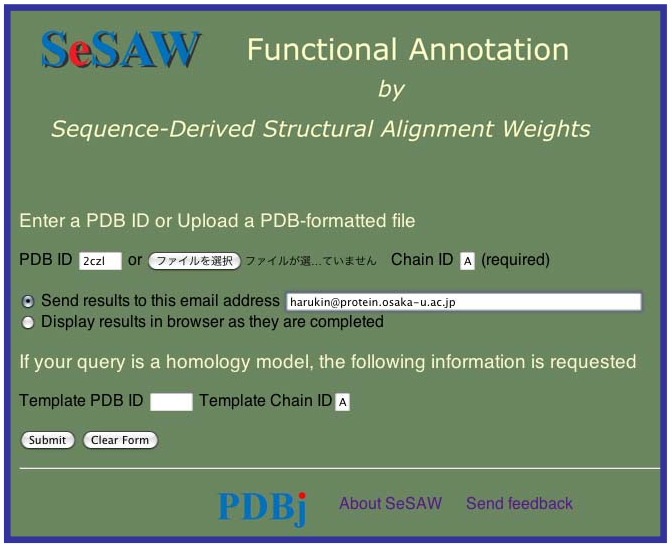
Development of other Databases and Services



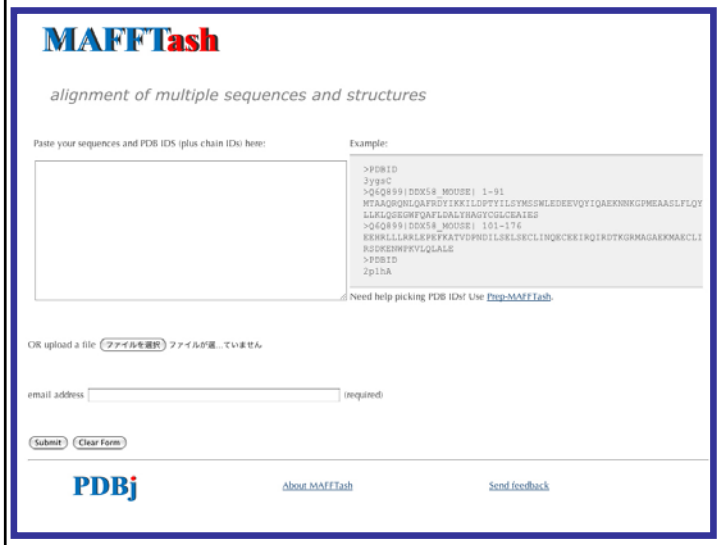
Homolog protein search, Sequence Navigator *(Standley)*



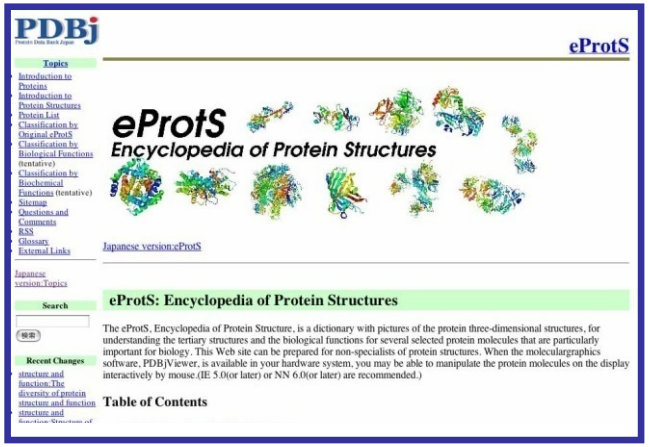
Similar fold search, Structure Navigator *(Standley & Toh)*



Function Annotation from Folds and Sequences, SeSAW *(Standley)*



Alignment of Sequence and Structures. MAFFTash *(Kato, Toh & Standley)*



Encyclopedia of Protein Structures, eProtS *(Kinjyo, Kudo, & Ito)*

Molecule of the Month, MoM *(Goodsell & Kudo)*