

蛋白質科学会 年会2011年、大阪千里
PDBjサテライトワークショップ 2011年6月6日

PDBj (PDB Japan)

日本蛋白質構造データバンク

Haruki Nakamura

中村 春木



Institute for Protein Research

大阪大学蛋白質研究所

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

<http://www.wwpdb.org/>



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
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 English Japanese Chinese Korean 統計情報 ヘルプ お問い合わせ

60756 entries available on 14 Oct., 2009 00:00(UTC) / 09:00(JST)

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 MAFFTask Structure Prediction >> CRNPRED Spanner SFAS

衍生データベース >> eF-site/eF-seek/eF-surf eProtS ProMode Molecule of the Month

ダウンロード >> PDB Archive/Snapshot Archive リンク集

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 Auto Drop IT! NMRデータ登録 AD NMR

検索 PDB検索 Mine NMRデータ検索 BMRB

PDB ID or Keyword Go Accession number Deposition code Go

詳細条件検索 >>

最新情報 2009/10/9 2009年10月14日（水）から、wwPDBでは、毎週のデータアプデートを、原則として、日本時間の毎水曜日午前9時（UTC0時）に行います。このデータ更新は、米国のRCSB-PDB、欧州のPDBe、PDBjにおいて、同時刻に行われます。

2009/10/9 2009年10月14日（水）から、PDBjにおけるデータ検索システムとして新たに開発した「PDBj Mine」の稼動を始めます。PDBj Mineは、relational DBを用いているため、XPath/XQueryの利用はできなくなります。また、これまでの検索システム「xPSSS」も、しばらくの間はご利用できます。

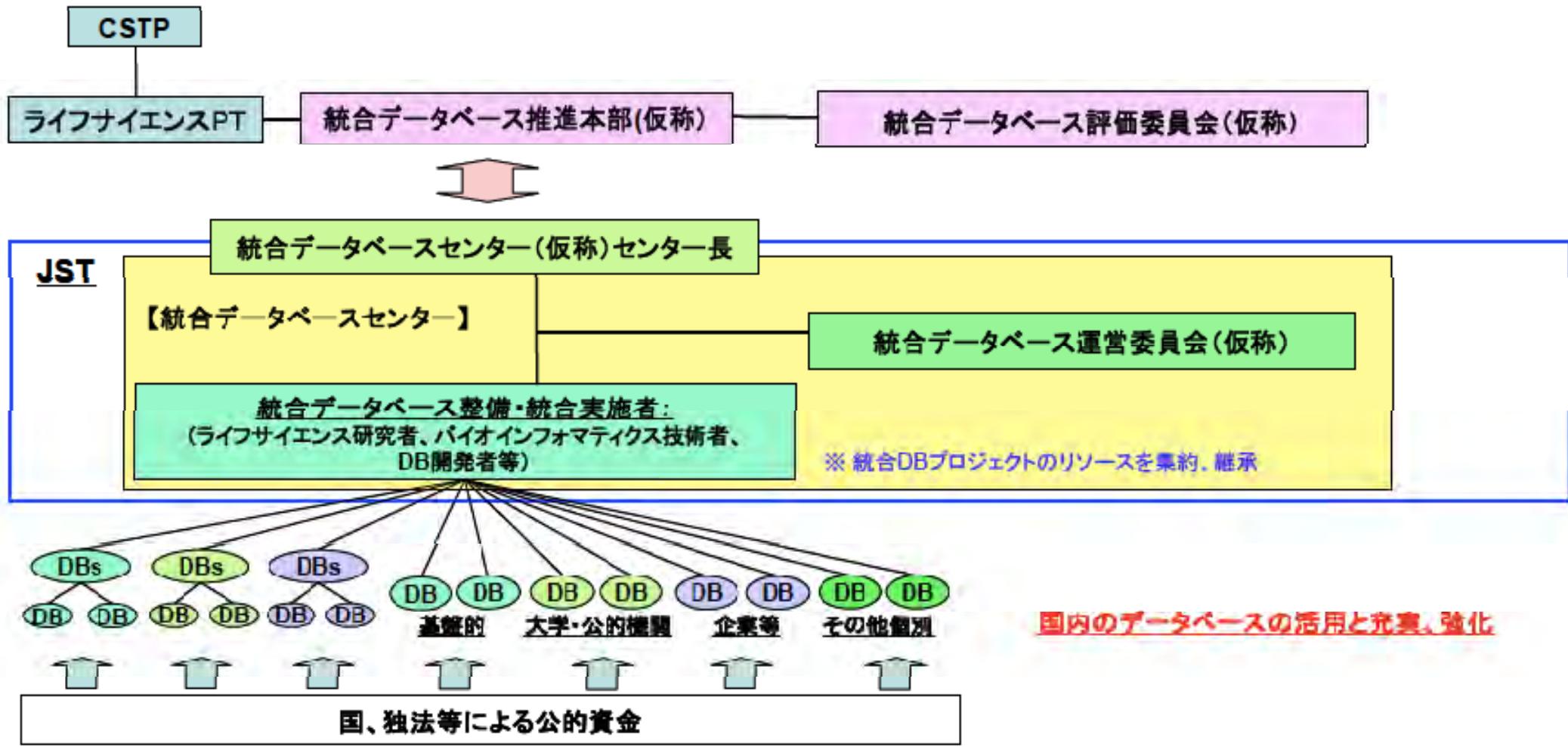
2009/9/25 wwPDBのFTPサイトについての変更がありましたので、wwPDBのページに、"The advisory notice"として掲載しております。（2009年9月25日）



新たなバイオサイエンス・データベースセンター National Bioscience Database Centerの設立

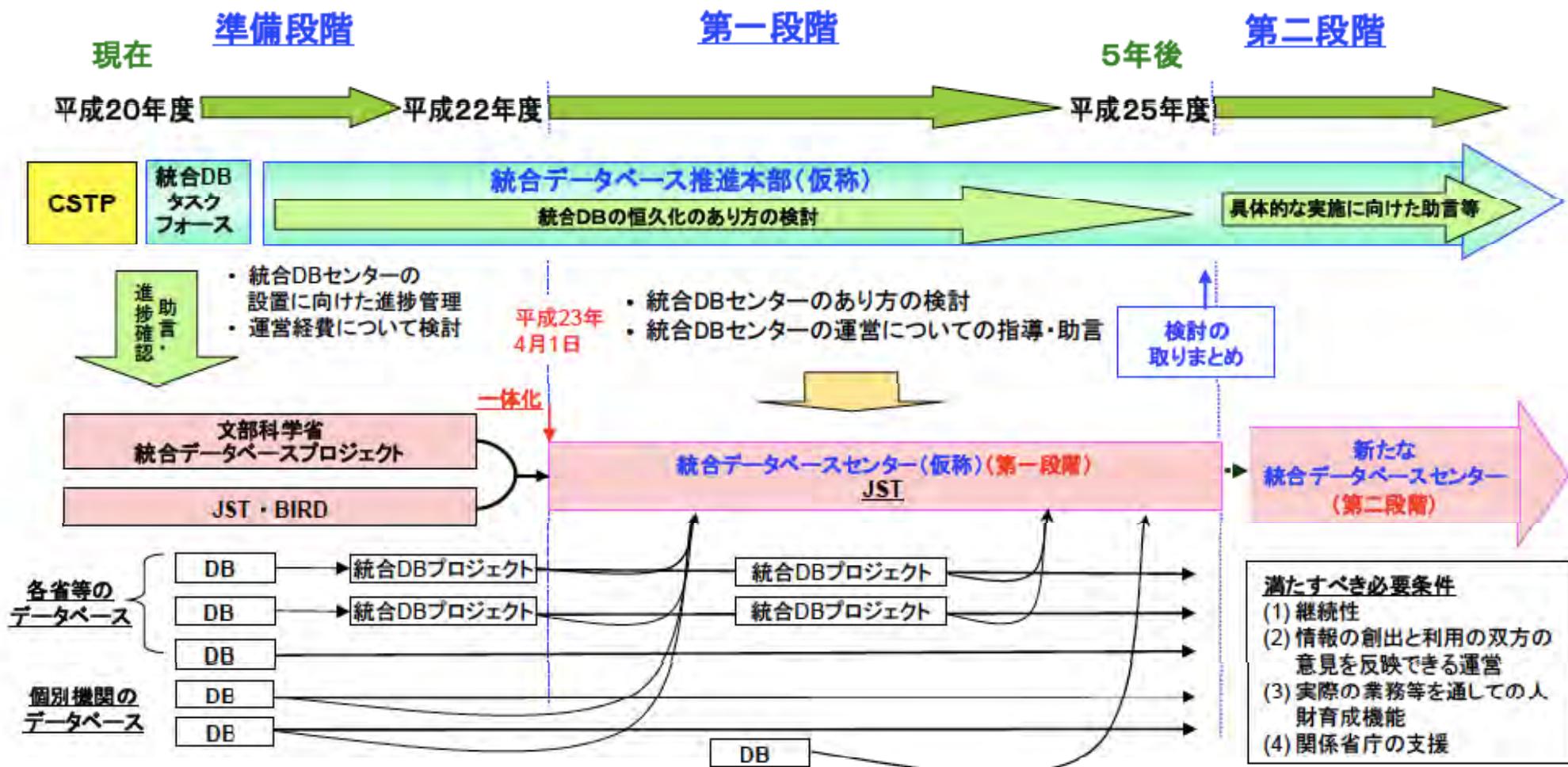
新しい統合データベースの組織体制(第一段階)

総合科学技術会議



新たなバイオサイエンス・データベースセンター National Bioscience Database Centerの設立 (平成23年度)

統合データベース整備のロードマップ



NBDC バイオサイエンスデータベースセンター

National Bioscience Database Center

English | サイトマップ | サイト内検索

文字サイズ変更 大 中 小 検索

ホーム NBDCについて 研究開発プログラム 公募情報 お問い合わせ先 リンク

▶ センター長挨拶
▶ NBDCの目指すところ
▶ NBDCの業務
▶ 組織・メンバー紹介
▶ 発足までの経緯

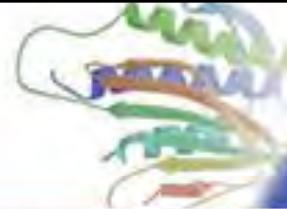
センター長挨拶

21世紀に入って生命科学の分野ではゲノムの構造、特にその塩基配列など、生体を構成する分子の構造や機能に関する情報の蓄積は莫大なものになり、これらはその対象分野によってゲノミクス (genomics)、プロテオミクス (proteomics) などオミクス (-omics) と云われ、その内容は急速に拡大、発展している。これらのデータベースは従来の、いわゆるウエットな実験的手法によって得られた知見を補完するのみならず、いまや基礎的なライフサイエンスだけでなく、その実用分野である医学、農学などの研究にとってなくてはならないものになっている。更にこれらを基にシステムバイオロジー (systems biology)、シンセティックバイオロジー (synthetic biology) などの新しい生命科学の分野が確立され、また対象分野も急速に広がり、細胞中の代謝に関わる膨大な低分子物質に関するメタボロミクスや、脳の様々な機能に関する画像解析データもデータベース化されつつある。

我が国で確立されたこれらデータベースは、その質、量とも世界的にみても非常にレベルが高い。しかし一方、国内に存在する多種多様なデータを相互に有機的に関連 (link)させ、統合させたデータベースは存在せず、その確立の必要性が各方面から叫ばれてきていた。すなわち、個々のデータベースは僵れたものであっても、様々な分野の基礎から応用に至るデータベースを相互に関連付け、世界のライフサイエンスの主な潮流である「統合された観点から構築すること」に関しては、我が国の現状はまだ不十分であると云わざるを得ない。



センター長
大石 道夫



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-occurring, 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
WW PDB
PROTEIN DATA BANK



PDB_e
PROTEIN DATA BANK EUROPE

PDBj
Protein Data Bank Japan



RCSB PDB
PROTEIN DATA BANK

NPO財団: wwPDB Foundation の設立(2010年2月)



Worldwide Protein Data Bank Foundation

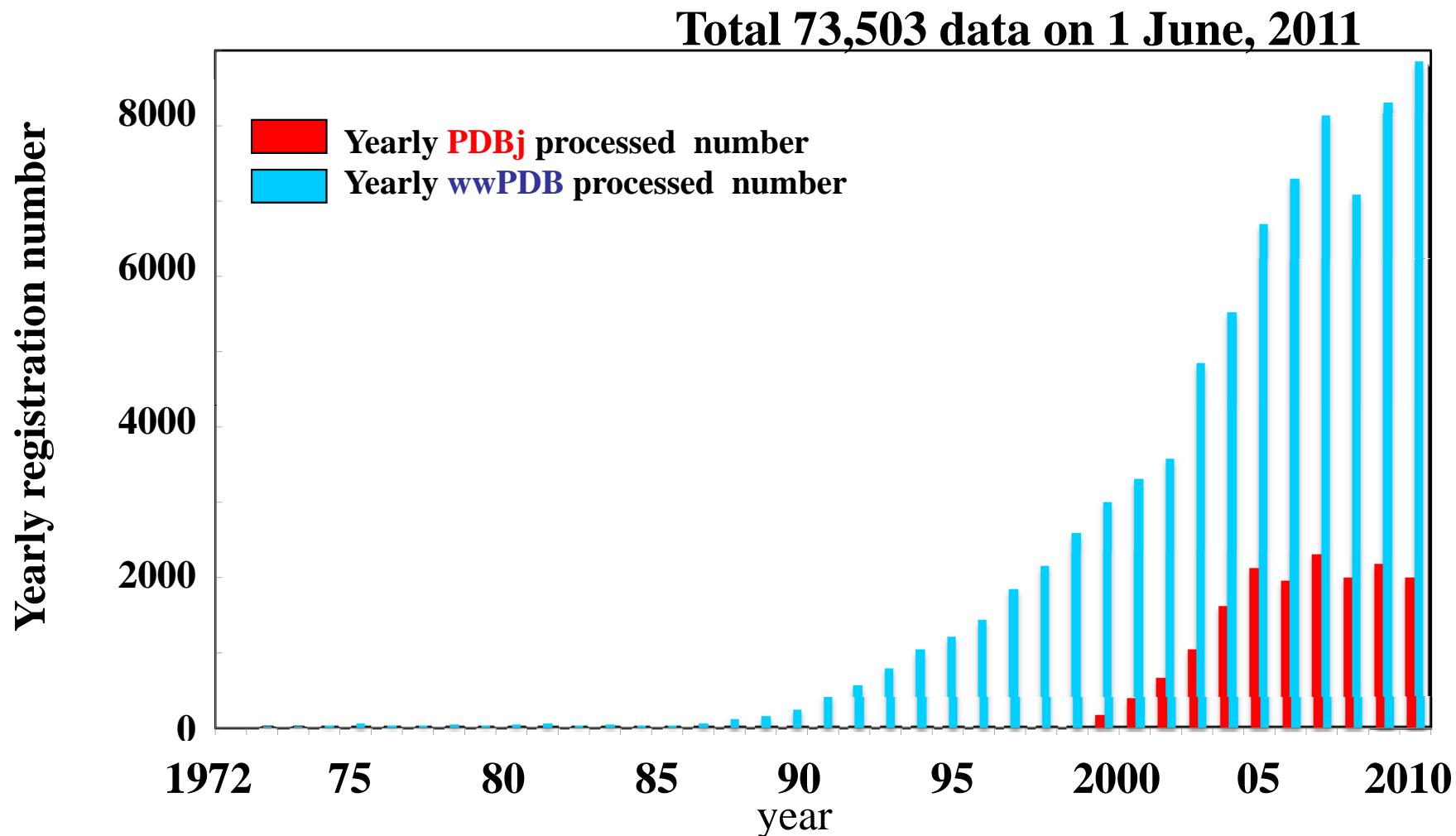
- Home
- Meeting Minutes
- PDB Journal
- Corporation
- Fundraising
- Industrial Contacts
- PDB 40
- Letterhead & Logo
- Logout

[View](#) [Edit](#)

wwPDB Foundation

Helen Berman	President
Stephen Burley	Chairman of the Board
Gerard Kleywegt	Vice President
John Markley	Vice President
Haruki Nakamura	Vice President
Martha Quesada	Executive Director
	Secretary
	Treasurer

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 **22-26 %** 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。

wwPDB FTP Traffic



29,846,624 ファイルが2011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)

Japanese

PDBj

English Japanese simplified Chinese traditional Chinese Korean 統計情報 ヘルプ お問い合わせ

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 >>
/V: Graphic Viewer
Protein Globe
ASH
MAFFTash
Structure Prediction >>
CRNPRED
Spanner
SFAS

派生データベース >>
eF-site/eF-seek/eF-surf
eProtS
ProMode
Molecule of the Month

ダウロード >>
PDB Archive/Snapshot Archive

日本蛋白質構造データバンク (PDB: Protein Data Bank Japan)は、JST-BIRDの支援を受け、米国RCSBおよびPDBjと協力して、生体高分子の立体構造データベースを画面上に統一化されたア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。

PDB登録 ADIT-NMR NMRデータ登録 ADIT-NMR

検索

PDB検索 Mine NMRデータ検索 eProtS

PDB ID or Keyword Go Accession number Deposition code Go

詳細条件検索 >>

最新情報

2009/10/22 2009年10月22日 (木) から、PDBjでは、主要なページおよびデータ登録に関するページについて、繁体中国語のページを開きました。

2009/10/9 2009年10月14日 (水) から、wwPDBでは、毎週のデータアップデートを、原則として、日本時間の毎水曜日午前9時 (UTC+0時)に行います。このデータ更新は、米国のRCSB-PDB、欧州のPDBe、PDBjにおいて、同時刻に行われます。

2009/10/5 2009年10月14日 (水) から、PDBjにおけるデータ検索システムとして新たに開発した「PDBj Mine」の移動を始めます。PDBj Mineは、relational DBを用いているため、XPath/XQueryの利用はできなくなります。また、これまでの検索システム「xPSSS」も、しばらくの間はご利用できます。

Korean

PDBj

English Japanese simplified Chinese traditional Chinese Korean 통계정보 도움말 면밀 문의자

61248 entries available on 4 Nov., 2009 00:00(UTC) / 09:00(JST)

데이터 등록 >>
ADIT: PDB Deposition
ADIT-NMR

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

서비스 및 소프트웨어 >>
/V: Graphic Viewer
Protein Globe
ASH
MAFFTash
Structure Prediction >>
CRNPRED
Spanner
SFAS

다른 데이터베이스 >>
eF-site/eF-seek/eF-surf
eProtS
ProMode
Molecule of the Month

다운로드 >>
PDB Archive/Snapshot Archive

PDBj (Protein Data Bank Japan)는 미국의 구조 생물 정보학 연구 공동체(RCSB)와 유럽 생물 정보학 연구소(PDBe)와 협력하여 고분자 입체구조와 구조 해석 툴을 제공하고 있습니다. PDBj는 독립 학회법인 과학기술 진흥기구 생물 정보학 추진센터(JST-BIRD)의 후원을 받고 있습니다.

PDB 등록 ADIT-NMR NMR 데이터 등록 ADIT-NMR

검색

PDB 검색 Mine NMR 데이터 검색 eProtS

PDB ID or Keyword Go Accession number Deposition code Go

고급 검색 >>

새로운 뉴스

22-Oct-2009 On October 22, 2009, PDBj main pages and deposition pages in "traditional Chinese" have been released.

9-Oct-2009 On October 14, 2009, the weekly data update will be made, in principle, at 9:00 AM (JST) of every Wednesday, which corresponds to 0:00 (UTC). This update is simultaneously made at every member of the wwPDB: RCSB-PDB, PDBe, and PDBj.

9-Oct-2009 On October 14, 2009, we will start to use a new data viewer, PDBj Mine, which has been recently developed by PDBj. Because PDBj Mine uses a relational database, XPath/XQuery is not available. Our XML-based database, xPSSS, is still available for another couple of months.

25-Sep-2009 The changes to the wwPDB FTP site has been announced as "The advisory notice" at http://www.wwpdb.org/ (September 25, 2009)

Simplified Chinese

PDBj

English Japanese traditional Chinese Korean 統計数据 帮助 联系我们

首页
数据登记 >>
ADIT: PDB Deposition
ADIT-NMR

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

服务&软件 >>
/V: Graphic Viewer
Protein Globe
ASH
MAFFTash
Structure Prediction >>
CRNPRED
Spanner
SFAS

衍生数据库 >>
eF-site/eF-seek/eF-surf
eProtS
ProMode
Molecule of the Month

下载 >>
PDB Archive/Snapshot Archive

日本蛋白質結構数据库 (PDBj: Protein Data Bank Japan), 由JST-BIRD提供支援。与美国的RCSB和欧洲PDBe共同合作，在对国际性的生物大分子立体结构数据库的框架文件进行维护的同时，还提供各种结构解析的应用工具。

PDB登记 ADIT-NMR NMR数据登记 ADIT-NMR

搜索

PDB搜索 Mine NMR数据搜索 eProtS

PDB ID or Keyword Go Accession number Deposition code Go

高级搜索 >>

最新消息

22-Oct-2009 On October 22, 2009, PDBj main pages and deposition pages in "traditional Chinese" have been released.

9-Oct-2009 On October 14, 2009, the weekly data update will be made, in principle, at 9:00 AM (JST) of every Wednesday, which corresponds to 0:00 (UTC). This update is simultaneously made at every member of the wwPDB: RCSB-PDB, PDBe, and PDBj.

9-Oct-2009 On October 14, 2009, we will start to use a new data viewer, PDBj Mine, which has been recently developed by PDBj. Because PDBj Mine uses a relational database, XPath/XQuery is not available. Our XML-based database, xPSSS, is still available for another couple of months.

25-Sep-2009 The changes to the wwPDB FTP site has been announced as "The advisory notice" at

Traditional Chinese

PDBj

English Japanese simplified Chinese traditional Chinese Korean 統計數據 幫助 聯絡我們

首頁
數據儲存 >>
ADIT: PDB Deposition
ADIT-NMR

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

服務&軟體 >>
/V: Graphic Viewer
Protein Globe
ASH
MAFFTash
Structure Prediction >>
CRNPRED
Spanner
SFAS

衍生資料庫 >>
eF-site/eF-seek/eF-surf
eProtS
ProMode
Molecule of the Month

下載 >>
PDB Archive/Snapshot Archive

日本蛋白質結構資料庫 (PDB: Protein Data Bank Japan), 由JST-BIRD提供支持。與美國的RCSB和歐洲PDBe共同合作。在對國際性的生物大分子立體結構資料庫的框架文件進行維護的時候，還提供各種結構解析的應用軟件。

PDB儲存 ADIT-NMR NMR數據儲存 ADIT-NMR

查詢

PDB查詢 Mine NMR數據查詢 eProtS

PDB ID or Keyword Go Accession number Deposition code Go

高級查詢 >>

最新消息

22-Oct-2009 On October 22, 2009, PDBj main pages and deposition pages in "traditional Chinese" have been released.

9-Oct-2009 On October 14, 2009, the weekly data update will be made, in principle, at 9:00 AM (JST) of every Wednesday, which corresponds to 0:00 (UTC). This update is simultaneously made at every member of the wwPDB: RCSB-PDB, PDBe, and PDBj.

9-Oct-2009 On October 14, 2009, we will start to use a new data viewer, PDBj Mine, which has been recently developed by PDBj. Because PDBj Mine uses a relational database, XPath/XQuery is not available. Our XML-based database, xPSSS, is still available for another couple of months.

25-Sep-2009 The changes to the wwPDB FTP site has been announced as "The advisory notice" at

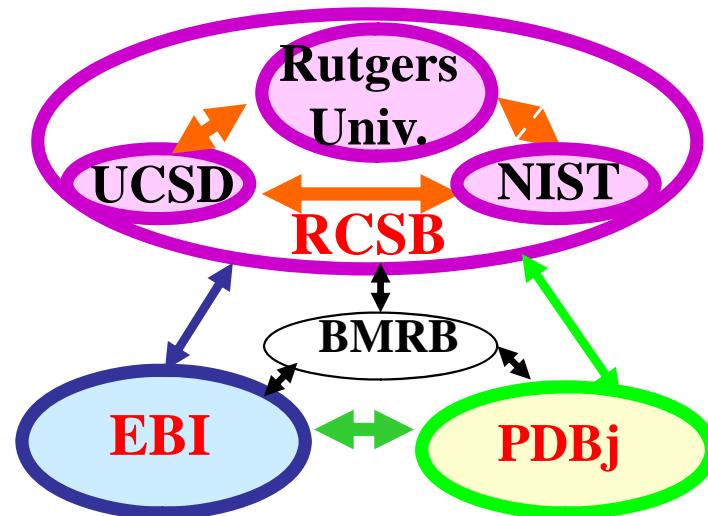
wwPDBにおける国際協力

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, 4.0)

4) 各メンバーは、各自独自のデータ・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。



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 →4.0, 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

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

万見 (Yorodumi)

Protein Globe

ASH

MAFFTash

SEALA

Structure Prediction >>

CRNPRED

Spanner

SFAS

二次データベース >>

eF-site/eF-seek/eF-surf

eProtS

ProMode / ProMode Elastic /
ProMode Oligomer

Molecule of the Month

ダウンロード >>

日本蛋白質構造データバンク(PDBj: Protein Data Bank Japan)は、JST-NBDCと大阪大学の支援を受け、米国RCSB、BMRB、および欧州PDB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PDB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

NMRデータ登録

検索

PDB検索 **Mine**

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

 Accession number Deposition code

Go

最新情報

2011/4/20

新しいPDBMLplusスキーマを公開しました。詳細はヘルプページをご覧下さい。

2011/4/13

PDBアーカイブのバージョン4.0が、2011年6月に公開されます。(wwwPDBニュース...)

2011/1/18

2011年1月17日(月)、18日(火)に、「DDBJing 講習会 & PDBj講習会 in 長浜」を長浜バイオ大学にて開催いたしました。(セミナー資料)

2011/1/13

第11回日本蛋白質科学会年会、PDBjサテライトワークショップを開催します。(詳細...)

2011/1/12

2011年1月15日(JST)より、次週に公開が予定されているPDB ID一覧を、事前にお知らせします(wwwPDBニュース...)

2010/12/22

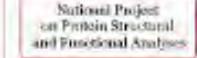
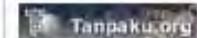
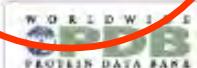
PDBで公開済みのエントリー数が、7万件を越えました。(wwwPDBニュース...)

リンク集

本日から、NMRによる構造の登録には、同時に化学シフトの登録が必須事項となりました。(詳細...)

統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

72717
entries available
on 27 Apr., 2011
00:00(UTC) / 09:00(JST)



Get Entry Data from our browser

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

PDBj

English Japanese simplified Chinese traditional Chinese Korean 統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

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 >>

 - eF-site/eF-seek/eF-surf
 - eProtS
 - ProMode
 - Molecule of the Month

ダウンロード >>

 - PDB Archive/Snapshot Archive

リンク集

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 NMRデータ登録

検索

PDB検索 Mine Mine日本語ページについて

12as PDB ID or Keyword Go 詳細条件検索 >>

最新情報

2010/7/13 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...)

2010/5/19 JVの最新版(JV3.7.1)が公開されました。

PDBj

Japanese 統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

トップページ

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

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

SEALA

Structure Prediction >>

CRNPRED

Spanner

SFAS

二次データベース >>

eF-site/eF-seek/eF-surf

eProtS

ProMode

Molecule of the Month

ダウンロード >>

PDB Archive/Snapshot Archive

Mine

概要 [12as]

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PDB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。

日本語ページについて PDBj Mineについて 更新情報

概要 構造情報 実験情報 機能情報 相同蛋白質 ダウンロード/画面表示 外部データベース PDB ID or Keyword 検索

<非対称単位>

エントリーID (PDB ID) 12as 配列情報 (FASTA形式) PDBファイルのダウンロード

分子名称 ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPANAGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE

タイトル ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPANAGINE AND AMP

機能のキーワード LIGASE, ASPARAGINE SYNTHETASE, NITROGEN FIXATION

由来する生物種 Escherichia coli K12

細胞内の位置 [UNP - P00963] Cytoplasm

ポリマー鎖の合計数 2

分子量の合計 74226 (詳細は 構造情報のページ)

著者 Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. (登録日 : 1998-12-30)

引用文献 Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. Crystal structure of asparagine synthetase reveals a close evolutionary relationship to class II aminoacyl-tRNA synthetase. Nature Struct. Biol., 5:15 - 19, 1998. (PubMed : 9437423) (DOI: 10.1038/nsb0198-15)

実験手法 X-RAY DIFFRACTION (2.2Å)

他のデータベース情報 CATH, CE, FSSP, SCOP, VAST, UniProt (P00963), eF-site, KEGG (EC 6.3.1.1), GDB, EzCatDB, PISA, PQS

(回転なし) 他の画像... 3次元構造ビューア JV3 / Jmol (JV3 と Jmol には Java(TM) Plug-in 1.5以上が必要です.)

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



Summary for each PDBID is
displayed.

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese



Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

Japanese 統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

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 1 2 3 次へ Structure-Navigator SeSAW Ligand Binding Site (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 >> eF-site/eF-seek/eF-surf eProtS ProMode Molecule of the Month ダウンロード >> PDB Archive/Snapshot Archive

Mine 検索結果ページ (PDB-IDをクリックすると、詳細情報をご覧いただけます) 1 - 16 / 44

クエリ: アスパラギン合成酵素 PDB ID or Keyword 表示順: 一致件数 変換クエリ: (asparagine synthase) | (asparagine synthetase)

リセット 検索

1ct9		分子名称 : ASPARAGINE SYNTHETASE B (E.C.6.3.5.4) タイトル : CRYSTAL STRUCTURE OF ASPARAGINE SYNTHETASE B FROM ESCHERICHIA COLI 著者 : Larsen, T.M., Boehlein, S.K., Schuster, S.M., Richards, N.G.J., Thoden, J.B., Holden, H.M., Rayment, I. 実験手法 : X-RAY DIFFRACTION 登録日 : 1999-08-20 公開日 : 1999-12-15
11as		分子名称 : ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPANAGINE タイトル : ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPANAGINE 著者 : Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. 実験手法 : X-RAY DIFFRACTION 登録日 : 1997-12-02 公開日 : 1998-12-30
12as		分子名称 : ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPANAGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE タイトル : ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPANAGINE AND AMP 著者 : Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. 実験手法 : X-RAY DIFFRACTION 登録日 : 1997-12-02 公開日 : 1998-12-30

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

Japanese 統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

トップページ 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 >> ADIT: PDB Deposition ADIT-NMR 検索結果ページ 日本語ページについて PDBj Mineについて 更新情報

検索 >> 検索結果ページ (PDB-IDをクリックすると、詳細情報をご覧いただけます)

Search PDB (Mine/xPSSG)
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 >>
eF-site/eF-seek/eF-surf
eProtS
ProMode
Molecule of the Month
ダウンロード >>

Mine

検索結果ページ 1 - 2 / 2

クエリ: アスパラギン合成酵素 Oda PDB ID or Keyword 表示順: 一致件数
変換クエリ: ((asparagine synthase) | (asparagine synthetase)) Oda

リセット 検索

11as	分子名称 : ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPARGINE タイトル : ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPARGINE 著者 : Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. 実験手法 : X-RAY DIFFRACTION 登録日 : 1997-12-02 公開日 : 1998-12-30
12as	分子名称 : ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPARGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE タイトル : ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPARGINE AND AMP 著者 : Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. 実験手法 : X-RAY DIFFRACTION 登録日 : 1997-12-02 公開日 : 1998-12-30

クエリ: アスパラギン合成酵素 Oda PDB ID or Keyword 表示順: 一致件数
変換クエリ: ((asparagine synthase) | (asparagine synthetase)) Oda

リセット 検索

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

PDBj

Japanese

統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

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

SEALA

Structure Prediction >>

CRNPRED

Spanner

SFAS

二次データベース >>

eF-site/eF-seek/eF-surf

eProtS

ProMode

Molecule of the Month

ダウンロード >>

PDB Archive/Snapshot Archive

日本語ページについて PDBj Mineについて 更新情報

Mine

概要[12as]

概要 構造情報 実験情報 機能情報 相同蛋白質 ダウンロード/画面表示 外部データベース

PDB ID or Keyword 検索

<非対称単位>

(回転なし) 他の画像...

3次元構造ビューア JV3 / Jmol (Jmolには Java(TM)Plug-in 1.5以上が必要です。)

エントリーID (PDB ID) 12as 配列情報 (FASTA形式) PDBファイルのダウンロード

分子名称 ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPANAGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE

タイトル ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPANAGINE AND AMP

機能のキーワード LIGASE, ASPARAGINE SYNTHETASE, NITROGEN FIXATION

由来する生物種 Escherichia coli K12

細胞内の位置 [JNPI - P00963] Cytoplasm

ポリマー鎖の合計数 2

分子量の合計 74226 (詳細は 構造情報のページ)

著者 Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. (登録日 : 1997-12-02, 公開日 : 1998-12-30)

引用文献 Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. Crystal structure of asparagine synthetase reveals a close evolutionary relationship to class II aminoacyl-tRNA synthetase. *Nature Struct. Biol.*, 5:15 - 19, 1998. (PubMed : 9437423) (DOI: 10.1038/nsb0198-15)

実験手法 X-RAY DIFFRACTION (2.2[Å])

他のデータベース情報 CATH, CE, FSSP, SCOP, VAST, UniProt (P00963), eF-site, KEGG (EC 6.3.1.1), GDB, EzCatDB, PISA, PQS

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

The image shows a screenshot of the PDBj Mine interface. On the left is a sidebar with various links in Japanese:

- 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
- SEALA
- Structure Prediction >>
- CRNPRED
- Spanner
- SFAS
- 二次データベース >>
- eF-site/eF-seek/eF-surf
- eProtS
- ProMode
- Molecule of the Month
- ダウンロード >>
- PDB Archive/Snapshot Archive
- リソース

In the center, there is a search bar and a link to "3D Structure Viewer JV3 / Jmol". Below it, there is a ribbon diagram of a protein structure.

The right side shows a larger window titled "PDBj Mine JV3 (Applet-Launcher) : 12as - Mozilla Firefox" displaying the same protein structure. The window includes a URL bar with "http://service.pdbj.org/mine/Detail2?PDBID=12AS&PAGEID=Interactive3&CAR", a toolbar, and various controls for viewing the structure.

Graphic viewer for PDBML: jV version 3.8

Download from <http://www.pdbj.org/jV/>

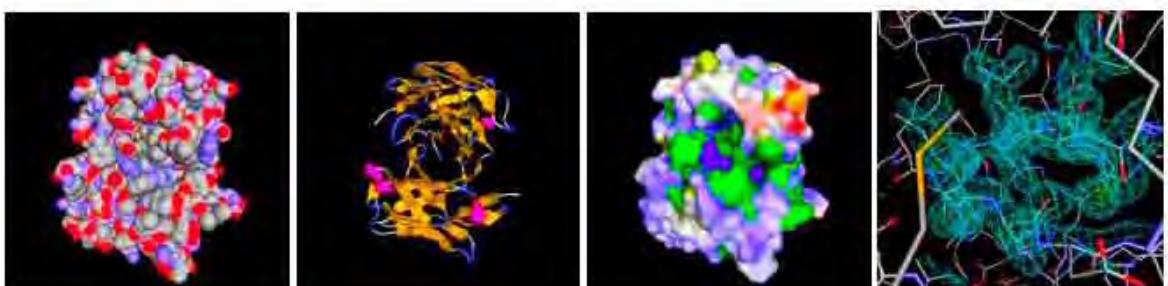
TOP DOWNLOAD Help Links Acknowledgement

PDBj Protein Data Bank Japan **jV version 3** 

jV version 3 (formerly known as PDBjViewer) is a program to display molecular graphics of proteins and nucleic acids. jV supports the following features:

- jV can read and display PDBML files, the canonical XML format for the Protein Data Bank.
- Of course, jV can read and display the traditional PDB format files, too.
- RasMol-like usability.
- jV can process more than one molecules.
- jV can display polygons specified by XML. ([XML Schema for polygons](#) is available.)
- Multiple polygons can be processed simultaneously, and be superimposed onto molecular images.
- Animation can be realized.
- jV runs on the Java Runtime Environment ([JRE](#)) so that it can work as a stand-alone application as well as [an applet](#).
- The graphics of jV is based on OpenGL (JOGL), thereby producing fairly beautiful pictures.

[Download](#)



Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

PDBj

Japanese

統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

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 SEALA Structure Prediction >> CRNPRED Spanner SFAS 二次データベース >> eF-site/eF-seek/eF-surf eProtS ProMode Molecule of the Month ダウンロード >> PDB Archive/Snapshot Archive

Mine

概要[12as]

日本語ページについて PDBj Mineについて 更新情報

概要 | 構造情報 | 実験情報 | 機能情報 | 相同蛋白質 | ダウンロード/画面表示 | 外部データベース
PDB ID or Keyword 検索

<非対称単位>

(回転なし) 他の画像... 3次元構造ビューア JV3 Jmol (JV3 と Jmol には Java(TM)Plug-in 1.5以上が必要です。)

エントリーID (PDB ID)	12as 配列情報 (FASTA形式) PDBファイルのダウンロード
分子名称	ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPARAGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE
タイトル	ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A, C315A COMPLEXED WITH L-ASPARAGINE AND AMP
機能のキーワード	LIGASE, ASPARAGINE SYNTHETASE, NITROGEN FIXATION
由来する生物種	Escherichia coli K12
細胞内の位置	[JNLP - P00963] Cytoplasm
ポリマー鎖の合計数	2
分子量の合計	74226 (詳細は 構造情報のページ)
著者	Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. (登録日 : 1997-12-02, 公開日 : 1998-12-30)
引用文献	Nakatsu, T., Kato, H., Oda, J. Crystal structure of asparagine synthetase reveals a close evolutionary relationship to class II aminoacyl-tRNA synthetase. <i>Nature Struct. Biol.</i> , 5:15 - 19, 1998.(PubMed : 9437423) (DOI: 10.1038/nsb0198-15)
実験手法	X-RAY DIFFRACTION (2.2[Å])
他のデータベース情報	CATH, CE, FSSP, SCOP, VAST, UniProt (P00963), eF-site, KEGG (EC 6.3.1.1), GDB, EzCatDB, PISA, PQS

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

The screenshot shows the PDBj Mine homepage on the left and a Jmol viewer window on the right.

PDBj Mine Homepage (Left):

- Top Navigation:** PDBj, Japanese, English, Search, Help, FAQ, Contact.
- Main Links:** Top Page, Database Registration, ADIT: PDB Deposition, ADIT-NMR, Search, Services & Software, Secondary Databases, Downloads.
- Search Bar:** Search PDB (Mine/xPSSS), Latest Released Search, Sequence-Navigator, Structure-Navigator, SeSAW, Ligand Binding Sites (GIRAF), EM Navigator, Search NMR Data (BMRB), Status Search.
- Services & Software:** JV: Graphic Viewer, Protein Globe, ASH, MAFFTash, SEALA, Structure Prediction (CRNPRED, Spanner, SFAS).
- Secondary Databases:** eF-site/eF-seek/eF-surf, eProtS, ProMode, Molecule of the Month.
- Downloads:** PDB Archive/Snapshot Archive.

Jmol Viewer (Right):

- Title:** PDBj Mine Jmol : 12as - Mozilla Firefox
- Content:** A 3D ribbon model of a protein structure (12as) colored by atom type (C=Blue, H=Green, O=Red, N=Yellow). The interface includes a vertical menu on the left and various controls at the bottom.
- Bottom Controls:** Jmol version 12.0, Style (Default, Cartoon, Rocket, Wireframe, CPK_without_water, CPK), Color (Default, Group, Chain, Atom).

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

PDBj

Japanese

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
- SEALA
- Structure Prediction >>

 - CRNPRED
 - Spanner
 - SFAS

- 二次データベース >>

 - eF-site/eF-seek/eF-surf
 - eProtS
 - ProMode
 - Molecule of the Month

ダウンロード >>

 - PDB Archive/Snapshot Archive

日本語ページについて
PDBj Mineについて
更新情報

Mine

概要[12as]

検索

概要 | 構造情報 | 実験情報 | 機能情報 | 相同蛋白質 | ダウンロード/画面表示 | 外部データベース

エントリーID (PDB ID) 12as 配列情報 (FASTA形式) PDBファイルのダウンロード

分子名称 ASPARAGINE SYNTHETASE, L-ASPANAGINE, ADENOSINE MONOPHOSPHATE

タイトル ASPARAGINE SYNTHETASE MUTANT C51A_C315A COMPLEXED WITH

機能のキーワード

由来する生物種

細胞内の位置

ポリマー鎖の合計

分子量の合計

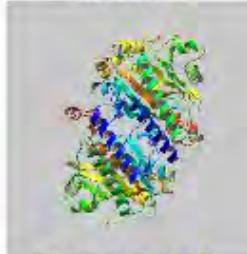
著者

引用文献

実験手法

他のデータベース

<非対称単位>



(回転なし) 他の画像 ...

3次元構造ビューア JV3 / Jmol (JV3 と Jmol には Java(TM)Plug-in 1.5以上が必要です。)

12ASA: ASPARAGINE SYNTHETASE

MKTAYIAKQRQISFKSHFSRQLLEERLGLIEVQAPILSRVGDGTQDNLSGAEKAVG
ALPDAQFEVVHSLAKWKRQTLGQHDFSAGEGLYTHMKALRPDEDRSPLHSVYVDC
RVMGDGERQFSTLKSTVEAIWAGIKATEAAVSEEFGLAPFLPDQIHFVHSQELLSE
DAKGRERATIAKDLGAVFLVGIGGKLSDGHRHDVRAPDYDDWSTPSFLGHAGLNGDI
PVLEDAFELSSMGIRVDADTLKHQLALTGDEDRLLEWHQALLRGEMPQTIGGGIC
TMLLLQLPHIGQVQAGVWPAAVRESVPSLL

12ASB: ASPARAGINE SYNTHETASE

MKTAYIAKQRQISFKSHFSRQLLEERLGLIEVQAPILSRVGDGTQDNLSGAEKAVG
ALPDAQFEVVHSLAKWKRQTLGQHDFSAGEGLYTHMKALRPDEDRSPLHSVYVDC
RVMGDGERQFSTLKSTVEAIWAGIKATEAAVSEEFGLAPFLPDQIHFVHSQELLSE
DAKGRFRATAKDI GAVFI VGIAGKI SNGHRHDVRAPDYDDWSTPSFLGHAGI NGDT

Get Entry Data from our browser, PDBj Mine

Keyword search in Japanese

PDBj

Japanese

トップページ

データ登録 >>

- ADIT: PDB Depositio
- ADIT-NMR

検索 >>

- Search PDB (Mine/xPSSS)
- Latest Released Se
- Sequence-Navigato
- Structure-Navigato
- SeSAW
- Ligand Binding Site (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
- SEALA
- Structure Predictio
- CRNPRED
- Spanner
- SFAS

二次データベース >>

- eF-site/eF-seek/eF-s
- eProtS
- ProMode
- Molecule of the Mo

ダウンロード >>

- PDB Archive/Snaps Archive

統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

Kegg REACTION: R00483 Help

Entry	R00483	Reaction
Name	L-Aspartate:ammonia ligase (AMP-forming)	
Definition	ATP + L-Aspartate + NH ₃ <=> 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)

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

Mine

Summary [1gof]

[About PDBj Mine](#) [Update Information](#)

[Summary](#) [Structural Details](#) [Experimental Details](#) [Functional Details](#) [Sequence Neighbor](#) [Download/Display](#) [External DB](#)

PDB ID or Keyword: search

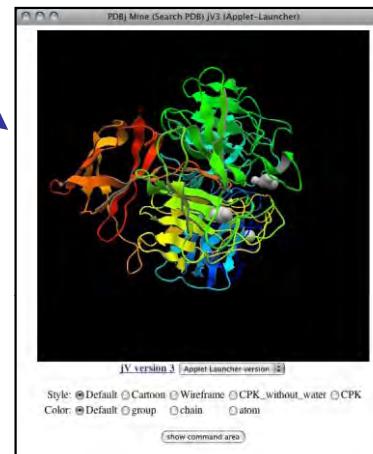
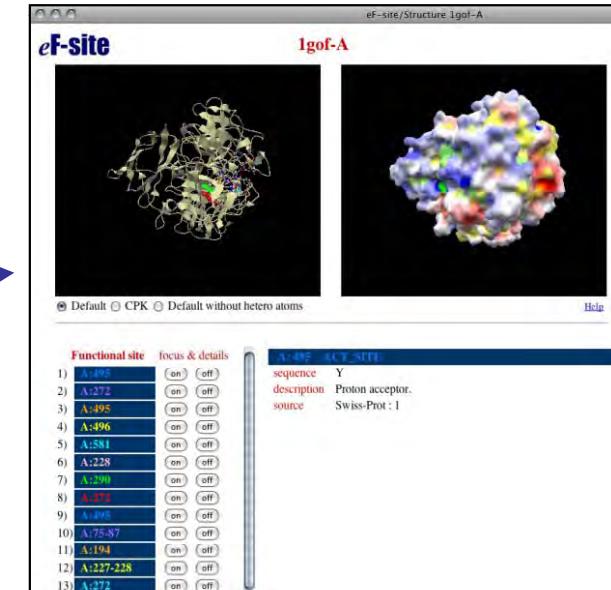
PDB ID	1gof sequence information (FASTA format) download PDB format file
Descriptor	GALACTOSE OXIDASE (E.C.1.1.3.9) (PH 4.5)
Title	NOVEL THIOETHER BOND REVEALED BY A 1.7 ANGSTROMS CRYSTAL STRUCTURE OF GALACTOSE OXIDASE
Functional Keywords	OXIDOREDUCTASE(OXYGEN(A))
Biological source	Hypomyces rosellus
Cellular location	[UNP - Q01745] Secreted
Total number of polymer chains	1
Total molecular weight	68785.9 (the details in Structural Details Page)
Authors	Ito, N. , Phillips, S.E.V. , Knowles, P.F. (deposition date : 1993-09-30, release date : 1994-01-31)
Primary citation	Ito, N. , Phillips, S.E. , Stevens, C. , Ogel, Z.B. , McPherson, M.J. , Keen, J.N. , Yadav, K.D. , Knowles, P.F. Novel thioether bond revealed by a 1.7 Å crystal structure of galactose oxidase. <i>Nature</i> , 350:87 - 90, 1991. (PubMed: 2002850) (DOI: 10.1038/350087a0)
Experimental method	X-RAY DIFFRACTION (1.7[Å])
Other Database Information	CATH , CE , FSSP , SCOP , VAST , UniProt (Q01745), eF-site , KEGG (EC 1.1.3.9) , EzCatDB , PISA , PQS

Asymmetric unit

(no rotation) [More images...](#)

Structure Viewers

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



Graphic viewer: jV
<http://www.pdbj.org/jV/>

Molecular surface DB: *eF-site*
<http://ef-site.hgc.jp/eF-site/>

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			0.000000					
ORIGX2	0.000000	1.000000	0.000000			0.000000					
ORIGX3	0.000000	0.000000	1.000000			0.000000					
SCALE1	0.001424	0.000000	0.000986			0.000000					
SCALE2	0.000000	0.002606	0.000000			0.000000					
SCALE3	0.000000	0.000000	0.002032			0.000000					
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 18-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
JRNLDREF

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

PDBj

Japanese 統計情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ

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 SEALA Structure Prediction >> CRNPRED Spanner SFAS 二次データベース >> eF-site/eF-seek/eF-surf eProtS ProMode Molecule of the Month ダウンロード >> PDB Archive/Snapshot Archive

Mine 概要[2zuo]

日本語ページについて PDBj Mineについて 更新情報

概要 構造情報 実験情報 機能情報 相同蛋白質 ダウンロード/画面表示 外部データベース PDB ID or Keyword 検索

<非対称単位> (回転なし) 他の画像... 3次元構造ビューア jV3 / Jmol (jV3 と Jmol には Java(TM)Plug-in 1.5以上が必要です。)

<生物学的単位> (x軸周りに90°回転) 他の画像... (*) 生物学的単位の画像は、UCSF-Chimeraを使って作成しています。

エントリーID(PDB ID)	2zuo 配列情報(FASTA形式)	PDBファイルのダウンロード
SPLIT PDB ID	2zv4, 2zv5	
関連構造のPDB ID	2zv4, 2zv5	
分子名	Major vault protein	
タイトル	The structure of rat liver vault at 3.5 angstrom resolution	
機能のキーワード	9 REPEAT DOMAINS, PROTEIN-PROTEIN COMPLEX, Cytoplasm, Ribonucleoprotein, STRUCTURAL PROTEIN	
由来する生物種	Rattus norvegicus (rat)	
細胞内位置	[UNP - Q62667] Cytoplasm	
由来する組織	[UNP - Q62667] Lung	
ポリマー鎖の合計数	13	
分子量の合計	1246973 (詳細は 構造情報のページ)	
著者	Kato, K., Zhou, Y., Tanaka, H., Yao, M., Yamashita, E., Yoshimura, M., Tsukihara, T. (登録日 : 2008-10-24, 公開日 : 2009-01-13)	
引用文献	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, 364 - 368, 2009. (PubMed : 19150846) (DOI: 10.1126/science.1164975)	
実験手法	X-RAY DIFFRACTION (3.5 Å)	
他のデータベース情報	CATH, CE, FSSP, SCOP, VAST, UniProt (Q62667), eF-site, PISA, PQS	

Development of other Databases and Services

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 MBD-EBI in EU. PDBj is supported by JST-BIRD.

Home
Data Deposition >>
ADIT PDB Deposition
ADIT-NMR
Search >>
Search PDB (PSSS)
Latest Released Search
Sequence-Navigator
Structure-Navigator
Ligand Binding Sites (QIRAF)
EM Navigator
Search NMR Data (bMRB)
Status Search
Service and Software >>
Protein Database
ASH
MAFTash
J/G Graphic Viewer
Derived databases >>
eProtS
ProtMode
Molecule of the Month
Download >>
FTP Archiving Service
About Reservation Data
Links

To Enter Navigator, Input a PDB ID and Chain ID
OR Input an AA Sequence

Clustering Options
 No Clustering Cluster by E-value 10ⁿ (more clusters) (fewer clusters)

Find All Homologs Clear Form

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 MBD-EBI in EU. PDBj is supported by JST-BIRD.

Home
Data Deposition >>
ADIT PDB Deposition
ADIT-NMR
Search >>
Search PDB (PSSS)
Latest Released Search
Sequence-Navigator
Structure-Navigator
Ligand Binding Sites (QIRAF)
EM Navigator
Search NMR Data (bMRB)
Status Search
Service and Software >>
Protein Database
ASH
MAFTash
J/G Graphic Viewer
Derived databases >>
eProtS
ProtMode
Molecule of the Month
Download >>
FTP Archiving Service
About Reservation Data
Links

Chain (required)
PDB Code: OR
PDB File:
 return e-mail address return web
Search Clear Form

**Homolog protein search,
Sequence Navigator
(Standley)**

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

MAFFTash

alignment of multiple sequences and structures

Paste your sequences and PDB IDs (plus chain ID) here:

Example:
>PDBID
type:
>DRUG912DX8_MOUSE 1-81
MTAAQPMQDAPGIVKIKLCLPTVLSYMSWLBHQHVVQYIDAEENNNPHEAAFLQY
>Q4H1991DX8_MOUSE 101-176
EDHLLRLLKEFATVTCNTLSELERCLNQECHEIRQFDTGRNMAAEGACL
>DRUG912DX8_MOUSE 1-81
>DRUG912DX8_MOUSE 1-81

Need help picking PDB ID? Use [Pre-MAFFTash](#)

OR upload a file (ファイルを選択) ファイルが選べていません

email address: (required)

Submit Clear Form

PDBj About MAFFTash Send feedback

eProtS Encyclopedia of Protein Structures

The eProtS Encyclopedia of Protein Structure is a dictionary with pictures of the protein three-dimensional structures, for understanding the tertiary structures and the biological functions for several selected protein molecules that are particularly important for biology. This Web site can be prepared for non-specialists of protein structures. When the molecular graphics software, ePDDViewer, is available in your hardware system, you may be able to manipulate the protein molecules on the display interactively by mouse.(IE 5.0 or later) or NN 6.0 (or later) are recommended.)

Table of Contents

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

SeSAW Functional Annotation

Sequence-Derived Structural Alignment Weights

Enter a PDB ID or Upload a PDB-formatted file

PDB ID 2czl or ファイルが選べていません Chain ID A (required)

Send results to this email address harkin@protein.osaka-u.ac.jp
 Display results in browser as they are completed

If your query is a homology model, the following information is requested

Template PDB ID Template Chain ID A

Submit Clear Form

PDBj About SeSAW Send feedback

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

PDBj

English

トップページ
データベース >>
ADIT PDB Deposition
ADIT-NMR
検索 >>
Search PDB (PSSS)
Latest Released Search
Sequence-Navigator
Structure-Navigator
SeSAW
Ligand Binding Sites (QIRAF)
EM Navigator
Search NMR Data (bMRB)
Status Search
サービス&ソフトウェア >>
Protein Database
ASH
MAFTash
J/G Graphic Viewer
過去データベース >>
eProtS
ProtMode
Molecule of the Month
ダウンロード >>
FTP Archiving Service
新規データについて
リンク集

今月の分子 (Molecule of the Month)

このページはARCのDavid S. Goodsell博士による“Molecule of the Month”を日本語に訳したものです。

- 107. 2007/11 機械受容チャネル (Mechanoresponsive Channels)
- 106. 2007/10 オリゴペプチド (Oligopeptides)
- 105. 2007/09 リボヌクlease A (Ribonuclease A)
- 104. 2007/09 デザイナーバイオ合成酵素 (Synthetic Enzymes)
- 103. 2007/07 デザイナーバクテリウム (Synthetic Bacteria)
- 102. 2007/06 乳酸脱水素酶 (Lactate Dehydrogenase)
- 101. 2007/05 プロテオジン (Proteostatin)
- 100. 2007/04 アドレナリニン受容器 (Adrenergic Receptors)
- 099. 2007/03 カベリシ (Cathelin)
- 098. 2007/02 微分子RNA (Small Interfering RNA)
- 097. 2007/01 潛在性時計蛋白質 (Circadian Clock Proteins)
- 096. 2007/12 植物カレノイド化酵素 (Cyclopropanone Cyclase)
- 095. 2007/11 多宿主抗病性酵素 (Multifunctional Resistance Transposons)
- 094. 2007/10 超過物質不活性酵素 (Superoxide Dismutase)
- 093. 2007/09 クラレオニターゼ (Catalase)
- 092. 2007/08 蛋白質翻訳後修飾 (Post-translational Modification)
- 091. 2007/07 テミジンダミ (Thymine Dimers)
- 090. 2007/06 離散結合式酵素 (Discrete Enzymes)
- 089. 2007/05 アコニターゼ-鉄制限蛋白質 (Acotylase and Iron Regulatory Protein 1)
- 088. 2007/04 クラフィン (Clathrin)
- 087. 2007/03 ジンセンブリーゲー (Zinc Fingers)
- 086. 2007/02 エキソヌクlease (Exosomes)
- 085. 2007/01 インポーチン (Importins)

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

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

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, eF-site
(Kinoshita & Nakamura)

Search for Similar Surface, eF-
seek (Kinoshita & Nakamura)

Protein Dynamics Database,
ProMode (Wako & Endo)

NEW! ProMode Elastic

http://promode.socs.waseda.ac.jp/promode_elastic/

PDBj Protein Data Bank Japan **ProMode Elastic** **ProMode** **ProMode Oligomer**

Database of normal mode analysis of PDB data using elastic network model in torsional angle space

[Home](#) | [What is ProMode-Elastic](#) | [Help](#) [Japanese](#)

No.of entries 13

PDB code (4 chars) Example 1abc

Select from a list of entries

Submission of your data to be analyzed. (In preparation)

Download of software. (In preparation)

ProMode-Elastic is a database of normal mode analysis of **PDB** data using the program PDBETA that uses an Elastic network model in Torsional Angle space. Since it is intrinsically possible to consider all atoms in PDB data in PDBETA, not only proteins but also DNA, RNA, and ligand molecules are taken into computation. Hydrogen atoms and water molecules are excluded currently to suppress the number of variables.

Reference: In preparation.

TOPICS

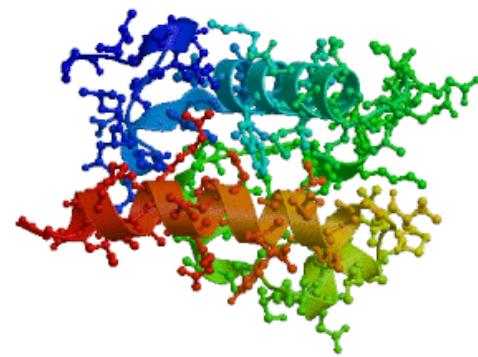
2009.12.12 ProMode-Elastic β version is released.



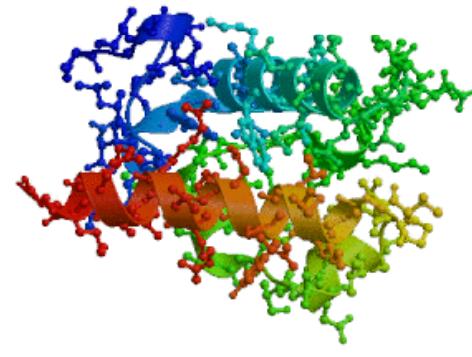
PDB id: 7rsa Name: Hydrolase (phosphoric diester) Title: Structure of phosphate-free ribonuclease a refined at 1.26 angstroms Structure: Ribonuclease a Chain a En

*Click on image for an enlarged image and more information.

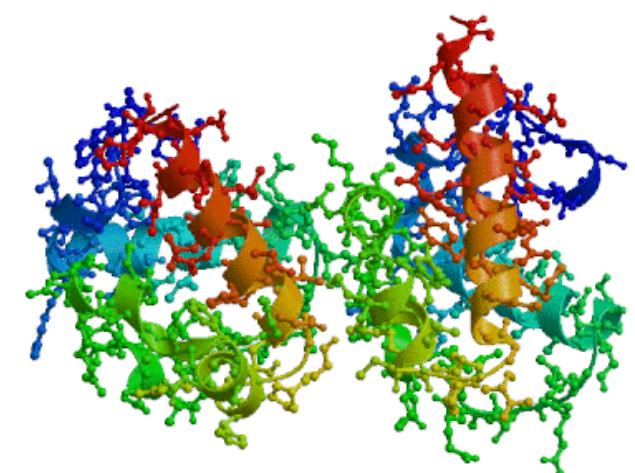
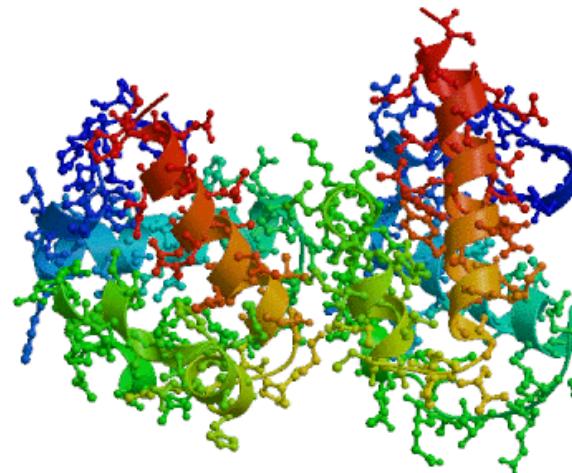
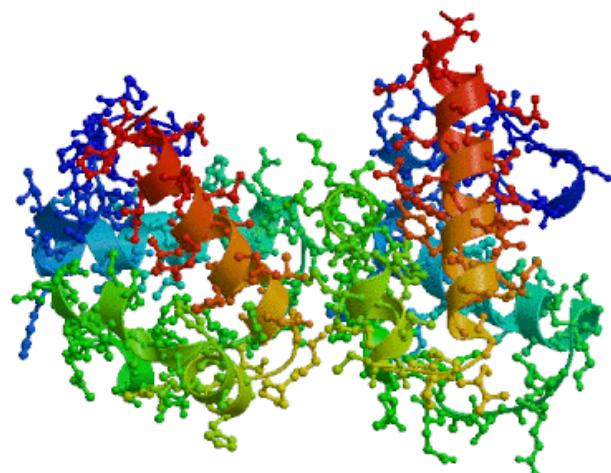
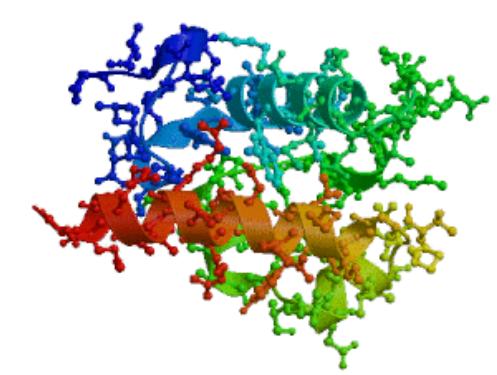
1sv0 Mode-1



Mode-5



Mode-10

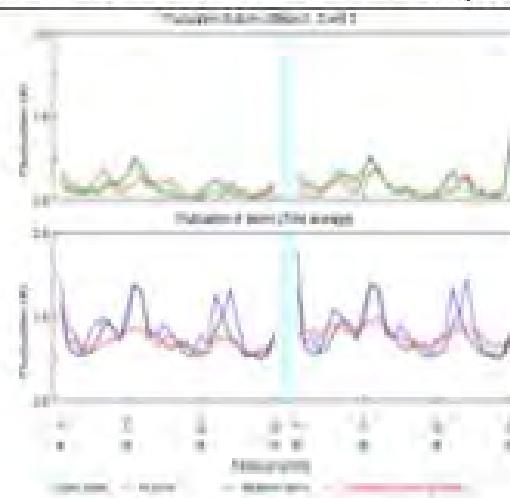


Time-average properties and properties of the 3 lowest-frequency modes [Help](#)

Click on a figure to enlarge

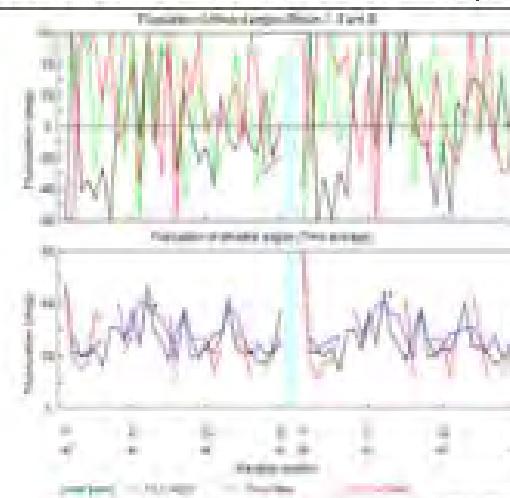
Fluctuation of atoms:

Time average and for the 3 lowest-frequency modes.



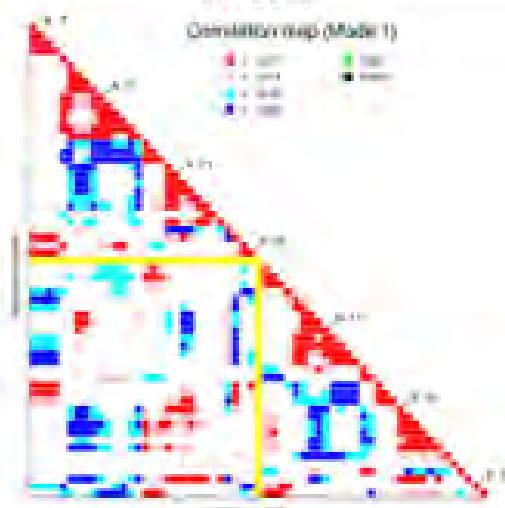
Fluctuation of dihedral angles:

Time average and for the 3 lowest-frequency modes.

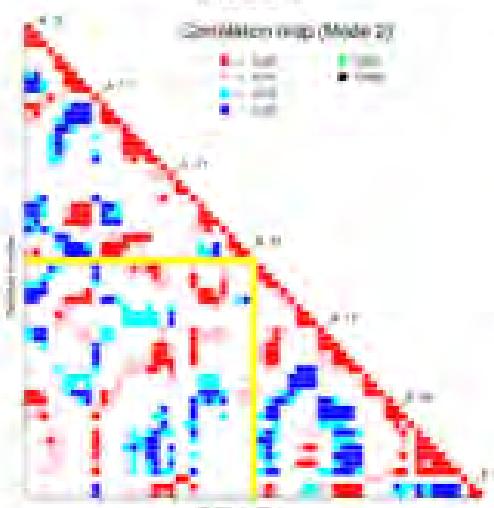


Correlations between fluctuations of atoms

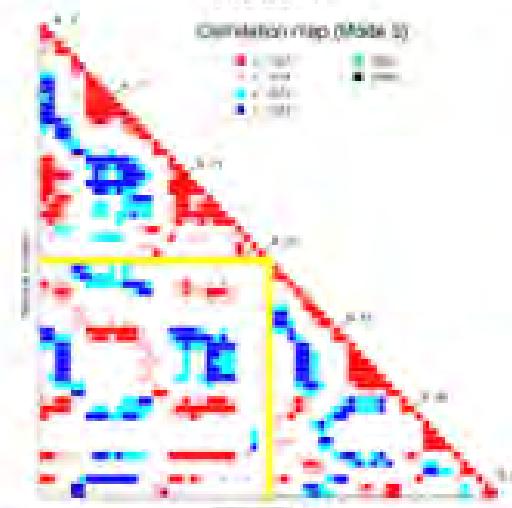
Mode 1



Mode 2



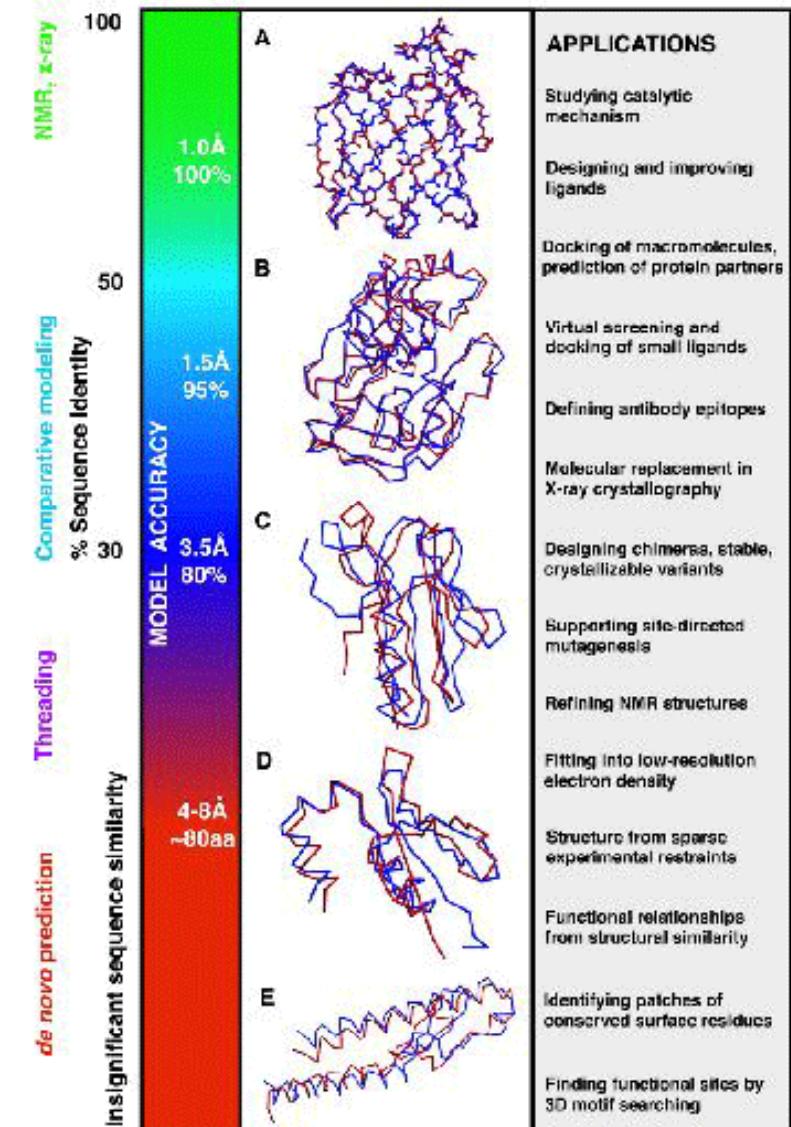
Mode 3



Homology modeling /Comparative modeling

A structural model of a target protein is constructed based on the homolog protein structure as a template, using the similarity of amino acid sequences

- Requirement for the homology modeling
 - Sequence information : **15.6 M** (UniProt)
 - 3D Structure : **73K** (wwPDB)
3D structural model can be made when any structure of the family protein is in DB.
 - Total family number : about **30,000** (30% identity)
 - Total folds : about **2,000** (loose definition)
- Principle
 - When sequence is similar, structure is similar.
- Modeling procedure
 - Search homolog proteins.
 - Construct (multiple) sequence alignment
 - Differences in the backbone and the side-chains are modeled.



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 $\frac{1}{4}$ of sequence profiles.

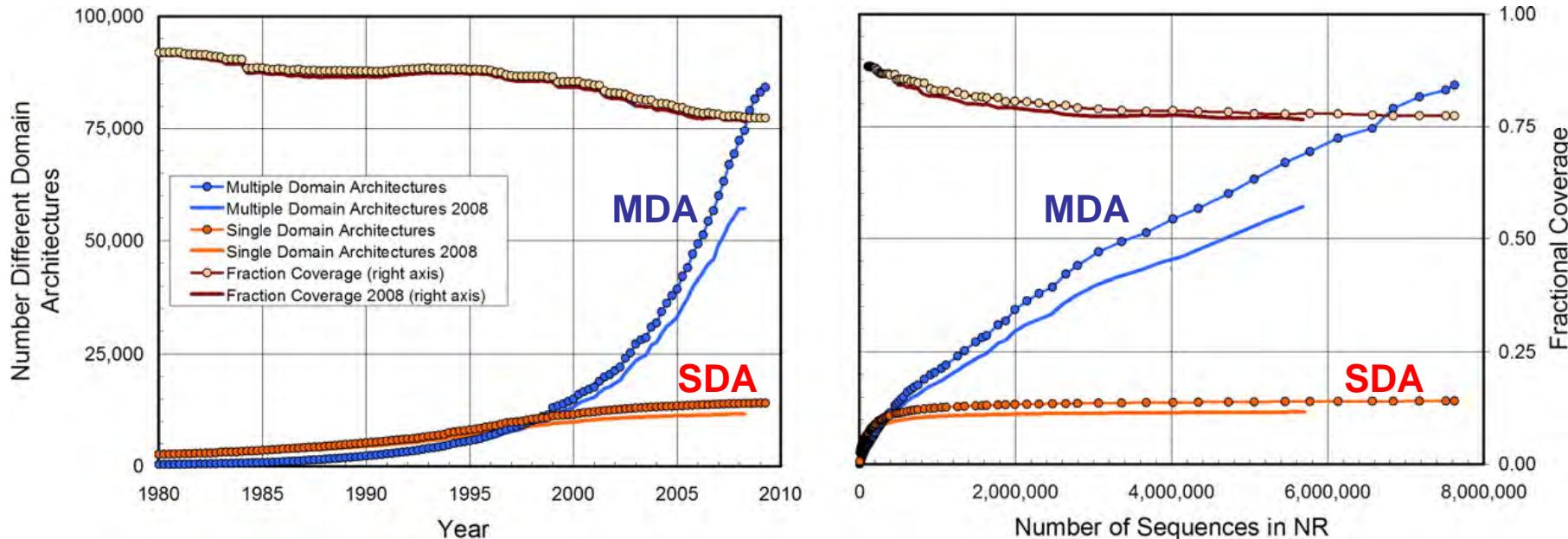


Fig. 1: As the NR database grows, the number of different multidomain architecture (MDA) families found by CDART is increasing rapidly with year (Left) or added sequence (Right)

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)

iFREC Systems Immunology
Hide navigation

Tools

- Spanner
- SeSAW
- IOD Navigator
- PDB Quaternary Structure
- PDB Hetero Complex
- MAFTash
- surFit
- Structure Prediction Pipeline Demo
- Musvirus

Link

- Protein Data Bank Japan
- Systems Immunology Lab server

Spanner
Hybrid-template Structural Modeling

Input Progress Result About & Download

Inputs

Upload a Template file (PDB format [?]) and an Alignment file (FASTA format [?])

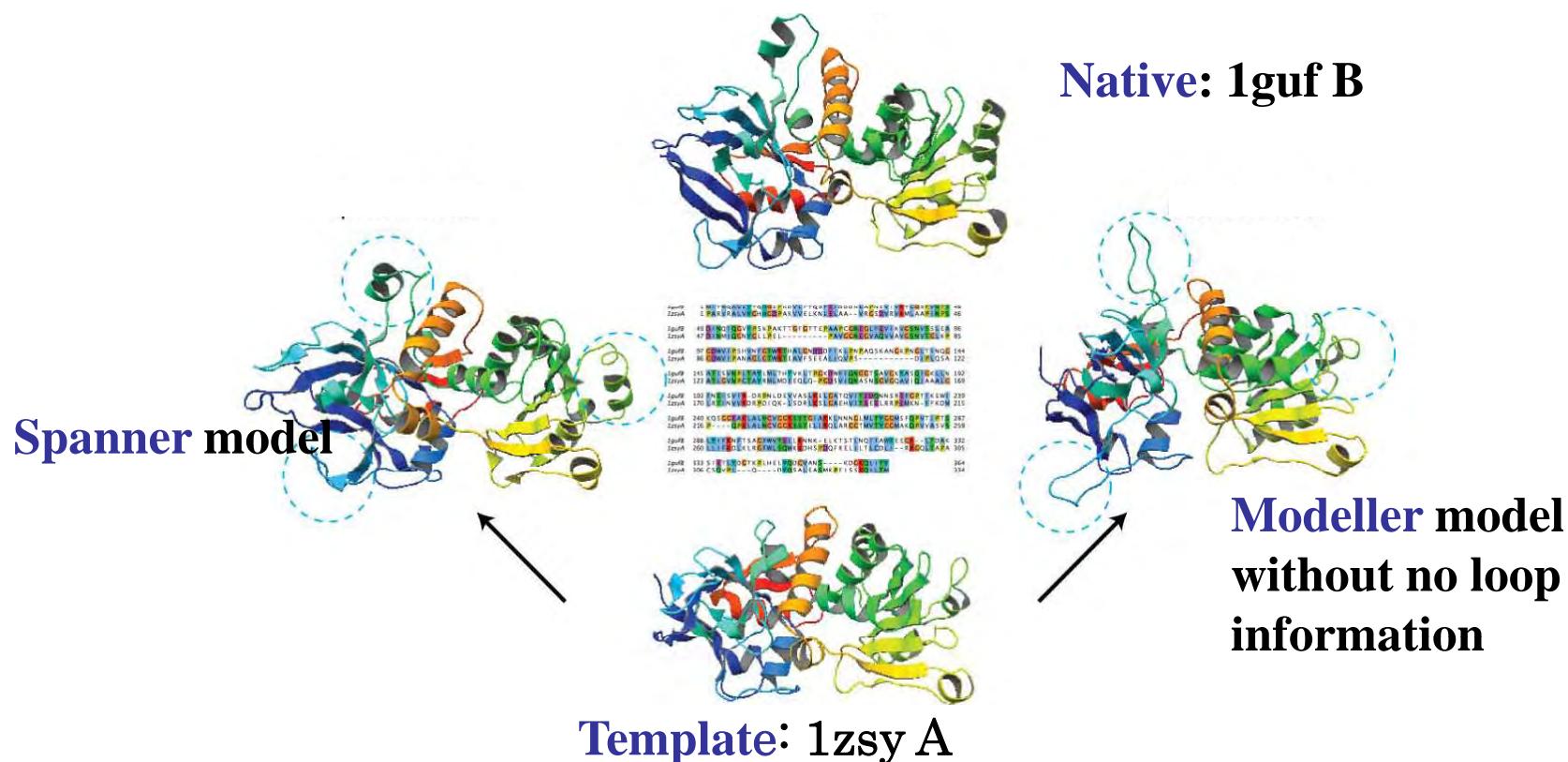
Upload Template File Upload Alignment File

E-mail notification

Advanced Parameters

実行

feedback



Procedure of Homology Modeling @PDBj

Search for Homolog
Seq. Navi, MAFFTash

with low homology

Precise Alignment (*threading*)
MSThread

MAFFTash
alignment of multiple sequences and structures

Input your sequences and PDB IDs (file choice (S) or (B))

Sample

Input sequence (A) (PDB ID): 1H9P
Input sequence (B) (PDB ID): 1H9Q
Input sequence (C) (PDB ID): 1H9R
Input sequence (D) (PDB ID): 1H9S
Input sequence (E) (PDB ID): 1H9T
Input sequence (F) (PDB ID): 1H9U
Input sequence (G) (PDB ID): 1H9V
Input sequence (H) (PDB ID): 1H9W
Input sequence (I) (PDB ID): 1H9X
Input sequence (J) (PDB ID): 1H9Y
Input sequence (K) (PDB ID): 1H9Z
Input sequence (L) (PDB ID): 1H9A
Input sequence (M) (PDB ID): 1H9B
Input sequence (N) (PDB ID): 1H9C
Input sequence (O) (PDB ID): 1H9D
Input sequence (P) (PDB ID): 1H9E
Input sequence (Q) (PDB ID): 1H9F
Input sequence (R) (PDB ID): 1H9G
Input sequence (S) (PDB ID): 1H9H
Input sequence (T) (PDB ID): 1H9I
Input sequence (U) (PDB ID): 1H9J
Input sequence (V) (PDB ID): 1H9K
Input sequence (W) (PDB ID): 1H9L
Input sequence (X) (PDB ID): 1H9M
Input sequence (Y) (PDB ID): 1H9N
Input sequence (Z) (PDB ID): 1H9O
Input sequence (AA) (PDB ID): 1H9P
Input sequence (BB) (PDB ID): 1H9Q
Input sequence (CC) (PDB ID): 1H9R
Input sequence (DD) (PDB ID): 1H9S
Input sequence (EE) (PDB ID): 1H9T
Input sequence (FF) (PDB ID): 1H9U
Input sequence (GG) (PDB ID): 1H9V
Input sequence (HH) (PDB ID): 1H9W
Input sequence (II) (PDB ID): 1H9X
Input sequence (JJ) (PDB ID): 1H9Y
Input sequence (KK) (PDB ID): 1H9Z
Input sequence (LL) (PDB ID): 1H9A
Input sequence (MM) (PDB ID): 1H9B
Input sequence (NN) (PDB ID): 1H9C
Input sequence (OO) (PDB ID): 1H9D
Input sequence (PP) (PDB ID): 1H9E
Input sequence (QQ) (PDB ID): 1H9F
Input sequence (RR) (PDB ID): 1H9G
Input sequence (SS) (PDB ID): 1H9H
Input sequence (TT) (PDB ID): 1H9I
Input sequence (UU) (PDB ID): 1H9J
Input sequence (VV) (PDB ID): 1H9K
Input sequence (WW) (PDB ID): 1H9L
Input sequence (XX) (PDB ID): 1H9M
Input sequence (YY) (PDB ID): 1H9N
Input sequence (ZZ) (PDB ID): 1H9O
Need help picking PDB ID? (for MAFFTash)

Output format: (FASTA format)

(Submit) (Clear Form)

PDBj About MAFFTash Send feedback

Multiple Alignment of Sequence and Structures
(by Kato, Toh & Standley)

Spanner

Spanner
Homology modeling service

Hybrid-template Structural Modeling

Tools

- SAMMER
- SetAW
- DOCK
- PDB Quaternary Structure
- DOCK Complex
- MAFFTash
- setER
- Structure Prediction Pipeline Demo
- MSAmer

Link

- Protein Data Bank Japan
- Systems Immunology Core Server

Inputs

Upload a Template file (PDB format ID) and an Alignment file (FASTA format ID)

Upload Template File Upload Alignment File

E-mail notification:

Advanced Parameters

Send

Homology modeling service
(by Mieszko,
Standley, Nakamura)

Backbone modeling: Loops
loop search, conf. sampling

Side-chain modeling:
Combinatorial problem
Dead End Elimination (DEE)

Simple Example

Swine Influenza A virus neuraminidase (NA) gene

GenBank: FJ981614.1

Influenza A virus (A/Texas/04/2009(H1N1)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds

	Comment	Features	Sequence
LOCUS	FJ981614	1410 bp cRNA linear VRL 01-MAY-2009	
DEFINITION	Influenza A virus (A/Texas/04/2009(H1N1)) segment 6 neuraminidase (NA) gene, complete cds.		
ACCESSION	FJ981614		
VERSION	FJ981614.1 GI:229299518		
PROJECT	GenomeProject: 37813		
DBLINK	Project:37813		
KEYWORDS	.		
SOURCE	Influenza A virus (A/Texas/04/2009(H1N1))		
ORGANISM	Influenza A virus (A/Texas/04/2009(H1N1))		
REFERENCE	Viruses; ssRNA negative-strand viruses; Orthomyxoviridae; Influenzavirus A.		
REFERENCE	1 (bases 1 to 1410)		
AUTHORS	Shu,B., Balish,A., Garten,R., Smith,C., Emery,S., Barnes,J., Deyde,V., Klimov,A. and Cox,N.		
TITLE	Human infection with novel swine H1N1 influenza		
REFERENCE	Unpublished		
REFERENCE	2 (bases 1 to 1410)		
AUTHORS	Shu,B., Balish,A., Garten,R., Smith,C., Emery,S., Barnes,J., Deyde,V., Klimov,A. and Cox,N.		
TITLE	Direct Submission		
JOURNAL	Submitted (01-MAY-2009) WHO Collaborating Center for Surveillance Epidemiology and Control of Influenza, Influenza Division, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road, N.E., Atlanta, GA 30333, USA		
COMMENT	Swine influenza A (H1N1) virus isolated during human swine flu outbreak of 2009. For more information, see http://www.cdc.gov/ . Some of the information does not have GenBank feature identifiers and is being provided in the comment section.		
##EpifluData-START##			
Isolate	A/Texas/04/2009		
Subtype	H1N1		
Segment_name	NA		
Host_gender	M		
Host_age	16		
Passage_history	X/C1		
Adamantane_resistance	resistant		
Zanamivir_resistance	sensitive		
Oseeltamivir_resistance	sensitive		
Country	USA		
State/Province	Texas state		
Collection_day	14		
Collection_month	4		
Collection_year	2009		
EPI_accession	EPI177301		
##EpifluData-END##			

Change Region Shown
Customize View

Sequence Analysis Tools

- BLAST Sequence
- Pick Primers

Influenza Viral Resource

Flu-related NCBI resources including sequences, alignments, phylogeny and literature.

Recent Activity

Turn Off Clear

Influenza A virus (A/Texas/04/2009(H1N1))

All links from this record

- Protein
- Taxonomy
- Related Sequences

FEATURES
source

SEQUENCE
gene
CDS

ORIGIN

Location/Qualifiers
1..1410
/organism="Influenza A virus (A/Texas/04/2009(H1N1))"
/mol_type="viral cRNA"
/strain="A/Texas/04/2009"
/serotype="H1N1"
/host="Homo sapiens; gender M; age 16"
/db_xref="taxon:641811"
/segment="6"
/country="USA: Texas state"
/collection_date="14-Apr-2009"
1..1410
/gene="NA"
1..1410
/gene="NA"
/codon_start=1
/product="neuraminidase"
/protein_id="AC053360.1"
/db_xref="taxon:229299518"
/translation="MNPNQKIIITGSVCMTIGMANLILQIGNIISIWHSIQLGNQN
QIETCNQSIVTYENNNTWNQTYVNISNTNFQAQSVSVKLAGNSSLCPVSGWAIYSK
DNSVRIGSKGDVFIREPFICSPLERCTFLLTQGALLNNDHSNGTIKDRSFYRTLMS
CPIGEVPSPYNSRFSEVAWSASACHDGINWLITIGISCPDNNGAVAVLKYNGLIITDTIKS
WRRNILRTESECAVCVNGSCFTVMTDGPSONQASYKIFRIERGKIVKSVEMNAPNYHY
EECPVSPYDSEITCVCRDNWHSNRPVWSFNQNLLEYQIGYICSGIFGDNPFRNDKTGS
CGPVSSNGANGVKGSFKYGNGVWIGRTKSISSRNQFEMIWDPGWTGTDNNFSIKQD
IVGINEWSGYSGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGPKENTIWTSGSISFCGVNS
DTVGWSWPDAELPTIDK"

AA sequence

1 atgaatccaa accaaaaagat aataaccattt ggtagtgtt gtatgacaat tggatgttc
61 aacttaatat tacaatatttgg aacataatac tcaatatgg tttagccactt aattcaactt
121 gggaaatcaa atcaggatgg aacatcgatca caaagctttt ttatctatgg aacaaacact
181 tggtaataatc agacatatgtt acatcatgg aacaccaactt ttgcgtctgg acagtctgt
241 gtttccgttga attagcggg caatttccctt ctctcccttg ttatgtggatgg ggtatatac
301 agttaagaca acatgttga aatcggttcc aaggggatgg tttttgtat aagggaaacca
361 ttccatataat gtcctccctt ggaaatggc aacctttttt tcgtatgggg ggcccttgcta
421 aatgacaaac attcggatgg aacccataaa gagcaggccc catatcgaa cttaaatggc
481 tgtccatttgg ttgaaggttcc ctccccatatac aactcaatgg ttgatgttcgt cgctttgtca
541 gcaaggatggtccatcgatgg catcaatgggg ataaatcgatgg gtttttttttggccgg
601 gggggatgg ctgtgtttaaa gtcacaacggc atataaacag acatctcaaa gatgttggaga
661 aacaaatataat tggaaacaca acatgttgcgg ttgtcatgg taaaatgttcc ttgttttact
721 atggatggcc atggaccaacatggaccaatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
781 gggaaatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
841 tggtttatccgg attctatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
901 cgaccgttggg ttgttttccaa ccgaaatccggt gaatatggatggatggatggatggatggatgg
961 attttccggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1021 aatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1081 aagaaataaa gcattatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1141 actggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1201 ggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1261 tgcttctggg ttgtacttaat cagaggccgatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1321 agcagcatat cttttttttgg ttgtaaacatggatggatggatggatggatggatggatggatgg
1381 gctggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatggatgg

NA sequence

MAFFTash

alignment of multiple sequences and structures

Paste your sequences and PDB IDs (plus chain IDs) here:

```
>PDBID  
2qwkA  
>Influenza A virus segment 6 neuraminidase(NA) gene, complete cds. FJ981614  
LCPVSGWAIYSKDONSVRIGSKGDVFIREPFISCPLECRTFFLTQGALLNDKHSNGTIKDRSP  
YRTLMSCPIGEVPSPYNRFESVAWSASACHDGINWLTIIGISGPDNGAVAVLKYNGLIQTDTIKS  
WRNNILRQESECACVNGSCFTVMTDCPSNGQASYKIFRIECKKIVKSVMNAPNYHYEECS  
CYPDSSEITCVCRDNWHGSNRPWVSNQNLEYQICGYICSGIFGDNPRPNDTGSCCPVSSNG  
ANGVKCGFSFKYGNGVWIGRTKSISSRNCFEMIWDPNGWTGTDNNFSIKQDIVGINEWSGYS  
GSFVQHPELTGLDCIRPCFWELIRGRPENTIWTGSSISFCGVNSDTVGSWPDGAEELPF
```

Example:

```
>PDBID  
3yg9C  
>PDB999|D0X58_MOUSE|_1-91  
MTAAQPRONLQAFRDYIKKILQPTVILESYMSWLEDEEVQYIQAEKNNKGPMEEASLFQY  
LILKEQSEGWNFGQAFLDALYHAGVCGLCEAIES  
>PDB999|D0X58_MOUSE|_101-176  
EEHRLLLIRRLEPEFKATVDPNBSILSELSECDLINQECEEIRQIRDTKGRMAGAEKMAECL  
RSDKENWPKVLIQLALE  
>PDBID  
2piHA.
```

Need help picking PDB IDs? Use [Prep-MAFFTash](#).

OR upload a file ファイルを選択 ファイルが選...ていません

Structure wt.

email address (required)

Do you want to upload your own structures?

A new form will be generated

No. structures (max 10)

PDBj

[About MAFFTash](#)

[About MAFFTash \(Japanese\)](#)

[Send feedback](#)

上段:既知のA型インフルエンザ・ウィルスのノイラミニダーゼ(NA)のアミノ酸配列

下段:新型インフルエンザ・ウィルス(FJ981614)のNAのアミノ酸配列(ゲノム解析から)

RDFNNLTKGLCTINSWHIYGKDNRAVIGEDSDVLVTREPYVSCDPDECRFYALSQGTTIRGKHSNGTIHDRSQYRALI

:: .. : :: :: : :: : .. : :: : . : :: . : .. : :: : :: : ..
-----LCPVSGWAIYSKDNSVRIGSKGDVFVIREPFISCSPLECRTFFLTQGALLNDKHSNGTIKDRSPYRTLM

SWPLSSPPTVYNSRVECIGWSSTSCHDGKTRMSICISGPNNNASAVIWYNRRPVTEINTWARNILRTQESECVCHNGV

:: .. : .. :: : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : ..
SCPIGEVPSPYNSRFESVAWSASACHDGINWLTIIGISGPDNGAVAVLKYNIGITDTIKSWRNNILRTQESECACVNGS

CPVVFTDGSATGPAETRIYYFKEGKILKWEPLAGTAKHIEECSCYGERAEITCTCRDNWQGSNRPVIRIDPVAMHTS

:: .. :: : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : ..
CFTVMTDGPSNGQASYKIFRIEKGKIVKSVEMNAPNYHYEECSCYPDSSEITCVCRDNWHSNRPWFNQ-NLEYQI

QYICSPVLTNDPRPNPTVGKNDPYPGNNNGVKGFSYLDGVNTWLGRТИIASRSGYEMLKVPNALDDKSKPTQG

:: .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : ..
GYICSGIFGDNPRPNDKT-GSCG-PVSSNGANGVKGFSFKYGNGVWIGRTKSISSRNGFEMIWDPNGWTGTDNNFSIK

QTIVLNTDW~~SGY~~SGSFMDY--WAEGECYRACFYVELIRGRP~~KED~~VWWT~~SNS~~I~~VSM~~CSSTEFLGQWDWPDGAKIEYFL

:: .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : .. : ..
QDIVGINE~~SGY~~SGSFVQHPELTGLDCIRPCFWVELIRGRP~~KENTI~~-WTSGSSI~~F~~CGVNSDTVGWSWPDGAE~~LPF~~-

Red: Active site residues surrounding Tamiflu

[Hide navigation](#)**Tools**

- [Spanner](#)
- [SeSAW](#)
- [IDD Navigator](#)
- [PDB Quaternary Structure](#)
- [PDB Hetero Complex](#)
- [MAFFTash](#)
- [surFit](#)
- [Structure Prediction Pipeline Demo](#)
- [Musvirus](#)

Link

- [Protein Data Bank Japan](#)
- [Systems Immunology Lab server](#)

Spanner

Hybrid-template Structural Modeling

Input

Progress

Result

About & Download**Inputs**Upload a Template file ([PDB format \[?\]](#)) and an Alignment file ([FASTA format \[?\]](#))[Upload Template File](#)[Upload Alignment File](#)**E-mail notification** **Advanced Parameters**  実行[feedback](#)



2qwk A



Swine NA model

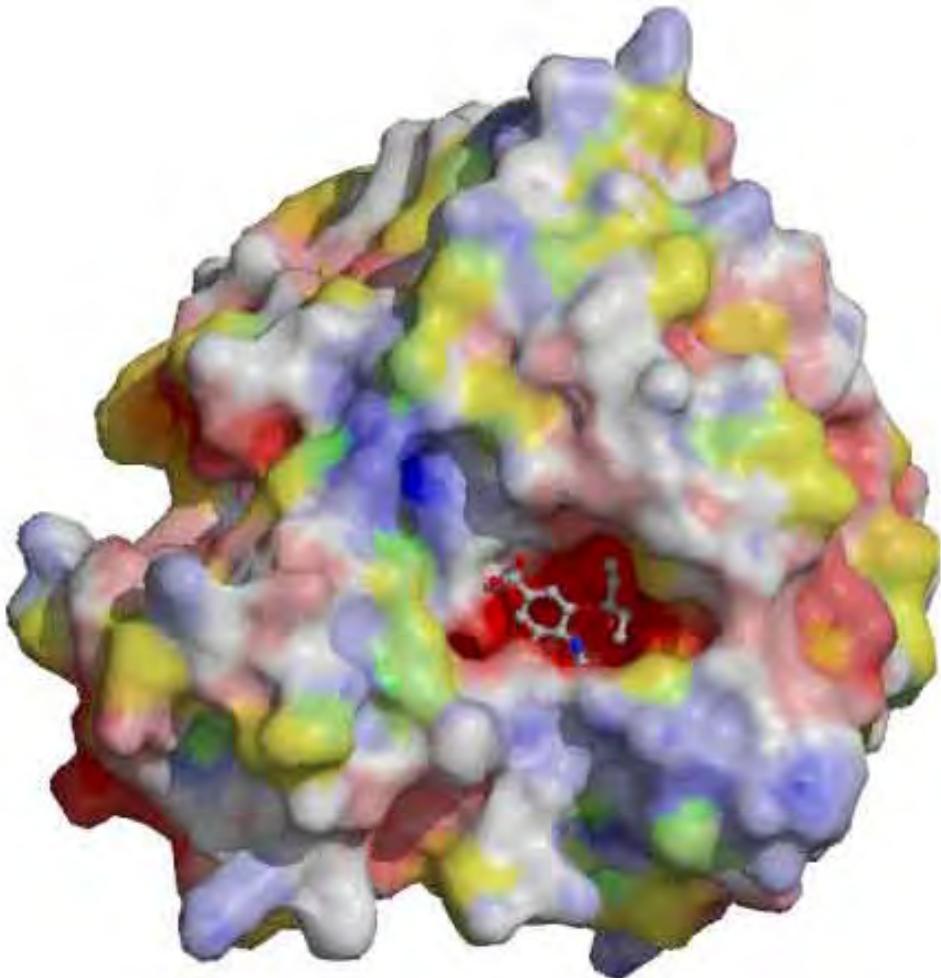


Blue: 2qwk A

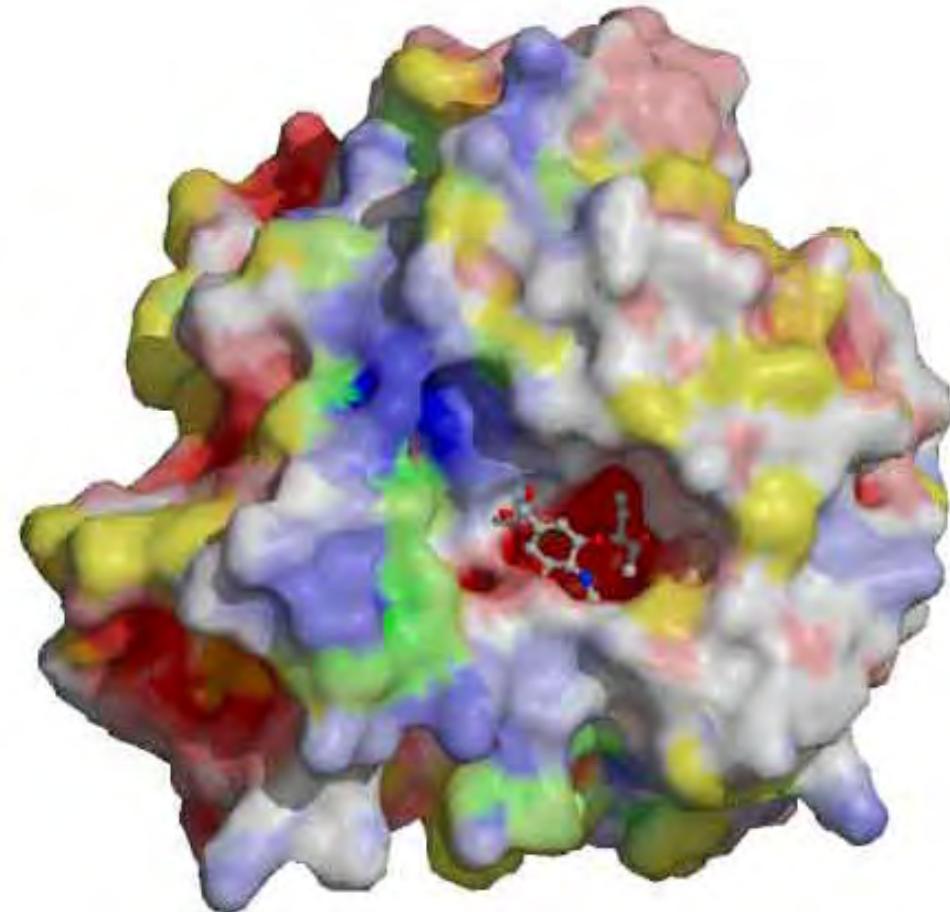
Red:Swine NA model

分子表面における静電位

青: 正の電位, 赤: 負の電位, 黄: 疎水的なアミノ酸



Influenza virus A, NA



Swine NA model

Constructed by several services at PDBj <http://www.pdbj.org/>
(Seq. Navi., MAFFTash, SFAS, Spanner, eF-surf, eF-site)



A Special Symposium
Celebrating the 40th
Anniversary
of the

PROTEIN DATA BANK

October 28 - 30, 2011
Cold Spring Harbor Laboratory

Meeting information, sponsors, and registration:
meetings.cshl.edu/meetings/pdb40.shtml

Confirmed Speakers

- Cheryl Arrowsmith, University of Toronto, Canada
- David Baker, University of Washington
- Ad Bax, NIH/DHHS/NIDDK/LCP
- Axel Brunger, Stanford University/HHMI
- Stephen K. Burley, Eli Lilly & Co.
- Wah Chiu, Baylor College of Medicine
- Angela Gronenborn, University of Pittsburgh
- Richard Henderson, MRC Laboratory of Molecular Biology, United Kingdom
- Wayne Hendrickson, Columbia University
- Mei Hong, Iowa State University
- So Iwata, Imperial College London, United Kingdom
- Louise Johnson, University of Oxford, United Kingdom
- T. Alwyn Jones, University of Uppsala, Sweden
- Brian Matthews, University of Oregon
- Jane Richardson, Duke University Medical Center
- Michael Rossmann, Purdue University
- Andrej Sali, University of California, San Francisco
- David Searls, Independent Consultant
- Susan Taylor, University of California, San Diego
- Janet Thornton, EMBL, Hinxton, United Kingdom
- Soichi Wakatsuki, Institute of Materials Science, Japan
- Kurt Wüthrich, The Scripps Research Institute, ETH Zürich
- Ada Yonath, Weizmann Institute, Israel