

よくある質問から(1)

- 「PDB fileを見ると、1つのchainに複数の低分子 リガンドが入っているものがあるが、全てべつの chainとして登録してもらえるとありがたいです。」 →PDBファイルではなく、mmCIFまたはPDBMLを参照すればよい。
- PDBファイルの "chain ID"は auth_asym_id。 mmCIF/PDBMLにはそれとは別に label_asym_id がある。これは異なる分子には異なるIDが割り当てられる。



よくある質問から(2)

「"MSE"といったアミノ酸表記を "MET"に直した場合のXMLファイルや、少なくとも対応付けリストがあると助かります。」

→ mmCIF/PDBMLのpdbx_struct_mod_residue カテゴリに対応付けリストがある!



エントリー「101d」を検索して、以下のことを調べる。

- ・ 発表された論文は?
- 実験手法は?
- 含まれる分子種は?
- 解像度(もしあれば)は?

ヒント: citation, exptl, entity, refine



キーワード検索で「アルデヒド脱水素酵素」(aldehyde dehydrogenase)を入力にして、以下のことを調べる。

- 何件のエントリーがヒットするか?
- 公開日(Release date)が最も古いエントリーはどれか?
- その論文は何年に発表されたか?
- そのエントリーは何年にPDBからリリースされたか?
- ・ その由来する生物種は何か?
- その活性残基はどれか?

ヒント: citation, database_PDB_rev, entity_src_gen, struct_site



PDB formatとmmCIFを比較してみる。

- PDB, mmCIFで、release dateはそれぞれどこに書かれているか?
- PDB, mmCIFで、登録者名はそれぞれどこに書かれているか?
- PDB, mmCIFで、実験手法はそれぞれどこに書かれているか?
- PDB, mmCIFで、由来する生物種(biological species)はそれぞれどこに書かれているか?
- PDBの「ATOM」行はmmCIFのどこにどう対応するか?? ヒント: database_PDB_rev, audit_author, exptl, entity_src_gen, atom_site



mmCIFとPDBMLを比較してみる。

- 演習課題3と同じことをmmCIFとPDBMLで行う。
- http://service.pdbj.org/mine/pdbml_image.html も参照。
- PDBMLには原子座標の部分だけを簡略化した「extatom」と呼ばれる形式もある。PDBjのサイトで、これとmmCIFと対応する部分を比較せよ。PDBの"ATOM"行はmmCIFのどこにどう対応するか?

ヒント: database_PDB_rev, audit_author, exptl, entity_src_gen, atom_site



PDBjのトップページから、今週の更新情報を調べる。

- 今週新規に追加されたエントリーは何件あるか?
- いくつか例を眺めてみる。
- 今週更新されたエントリーは何件あるか?
- いくつか例を眺めてみて、何度更新されたかを調べる。
 - −「database_PDB_rev」カテゴリをみるとわかる。
- どこが更新されたかを調べる。
 - 「database_PDB_rev_record」カテゴリをみると(だいたい) わかる。



詳細検索(Advanced Search)を用いて以下のことを調べる。

- 「公開日」(Release date)が2000年1月1日以 降のエントリーは何件あるか?
- 「公開日」が1999年12月31日以前のエントリーは何件あるか?



詳細検索(Advanced Search)を用いて、引用文献に関して調べてみる。

- 「Walker, J.E.」を著者に含むエントリーは何件あるか?
- ヒットしたものの中には、一見して「Walker, J.E.」を含まないように見えるものもある。なぜか?
- 「引用文献」(Primary)ボタンをチェックして、同じ検索をしてみる。結果はどう変わるか?
- ・ 雑誌「Nature」に掲載されたエントリーは何件あるか?
- ・ 雑誌「Science」に2005年に掲載されたエントリーはいく つあるか?

ヒント: audit_author, citation, citation_author



詳細検索(Advanced Search)を用いて、以下のことを調べる。

- 「ポリペプチド(L体)」(通常の蛋白質)を含むエントリーは 何件あるか?
- 「ポリペプチド(D体)」のみを含むエントリーを検索するには どうすればよいか?
- 蛋白質とDNAの複合体を検索するにはどうすればよいか?
- 蛋白質、DNA、RNAを含むエントリーは何件あるか?
- RNAと「多糖(D体)」の両方を含むエントリーはあるか?
- その他色々な組み合わせを試してみる。

ヒント: entity_poly, entity



詳細検索(Advanced Search)を用いて、蛋白質の名前で検索する。

- 「化合物情報」(Compound information) に「prion」を入れて検索する。
- ヒットしたエントリーの概要ページをいくつか眺めて、 「prion」という単語がどこに現れているかを観察する。
- mmCIFまたはPDBML-noatomを読んで、prionという単語がどこに含まれているかを調べる。(どのタグか?)
- 「prion」の代わりに「oxidoreductase」として同じことを 試してみる。

ヒント: entity, struct, pdbx_database_related, citation, entity_name_com, struct_keywords



詳細検索(Advanced Search)を用いて、

- 「エントリーのタイトル」(Title) に「crystal」と入 力して検索。
- 前問と同じように、概要ページと元ファイルを 確認する。
- 他の単語でも試してみる。
 - − たとえば "DNA complex"。



- PubMed (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/) にアクセスして、「Borhani DW [au] truncated human apolipoprotein 1997」を検索する。
 - PubMed ID (PMID) をコピーする。
- 詳細検索(Advanced Search)の「外部データベース」 (Other DB)からPubMedを選び、「ID:」の箱にPMIDを 貼り付けて、検索する。
 - PDB IDは何か?
 - Primary citation とpubMedでの検索結果を比較する。
 - PMIDはmmCIF/PDBMLのどこに記載されているか?

ヒント: citation



- 詳細検索(Advanced Search)の「外部データベース」(Other DB)から「EC Number」(酵素番号)を 選択する。
- 「ID:」の入力ボックスに「1.1.1.1」(alcohol dehydrogenase)を入力する。
 - ヒットするエントリーは何件か?
 - EC番号は mmCIF/PDBMLのどこに書かれているか?
 - 一ついでにいくつかのエントリーで活性残基も調べてみる。

ヒント: entity, struct_site



詳細検索(Advanced Search)の「外部データベース」(Other DB)から「GO」(gene ontology)を選択して、「ID:」には何も入れずに検索してみる。

- 何件ヒットするか?
- いくつかのエントリーで「機能情報」(Functional Details) ページを眺めてみる。
- GO の ID はmmCIF/PDBMLのどこに書かれているか?

ヒント: gene_ontology (PDBMLplusのみ)



詳細検索(Advanced Search)の「外部データベース」(Other DB)から「UniProt」を選択して、「ID:」には何も入れずに検索してみる。

- ヒットしたエントリー(例:101m)の各概要ページを見ると、ページ下の方に UniProtへのリンクがある。このリンク先を見て、この蛋白質に関連する情報を調べてみる。
- PDBj各エントリーの「機能情報」(Functional Details) ページ にgene ontologyのアノテーションはあるか?
- 対応する UniProt エントリー(リンク先)には gene ontology のアノテーションがあるか?
- UniProtのID (P02185など)は mmCIF/PDBMLのどこに書かれているか?

ヒント: gene_ontology (PDBMLplusのみ)、struct_ref



前問と同様のことを「GB」(GenBank)、「EMBL」および「PIR」でもやってみる。

- それぞれで、最も最近リリースされたエントリーは何か?
 - ※PIRは2002年にUniProtに併合された。

ヒント: gene_ontology (PDBMLplusのみ)、struct ref



詳細検索(Advanced Search)の「リガンドと補欠分子族」 (Ligands and Prosthetic groups)に「ATP」と入力して検索 する。

- 検索結果からいくつかのエントリーについて概要ページを確認し、3次元構造ビューアページでどこに ATP が結合しているか確認する。
- mmCIF/PDBMLではどこに「ATP」に関する記述があるか?
- PDBフォーマットファイルではどうか?
- ATPの原子座標もみてみる。蛋白質の原子座標の表記とどのように異なるか?

ヒント: chem_comp, entity, pdbx_entity_nonpoly



- 前問と同様のことを色々なリガンド名で試して みる: FAD, NAD, HEM, PO4 など。
- PDB に含まれうるリガンド化合物は chemical component dictionary で定義されている。詳しくは、

http://www.wwpdb.org/ccd.html



詳細検索(Advanced Search)の「ポリマー鎖の数/長さ」 (Numbers of chains and Chain length) でポリマー分子の数(上限、下限)とポリマー分子の長さ(上限、下限)をいろいろ指定して検索してみる。

- ・ ポリマーは蛋白質、核酸などを含む。
- 例えば、最低(min)10分子のポリマーを含み、長さが 最大20ユニット(残基、塩基)のポリマーを含むエント リーは?
- ポリマーとしては蛋白質のみを含み、かつ二量体として解かれた構造はどうやって検索するか?

ヒント: entity_poly, entity_poly_seq, pdbx_poly_seq_scheme



- 詳細検索(Advanced Search)の「実験手法」(Experimental Technique)にはどのような選択肢があるか?
 - それぞれを選んで検索し、何件ヒットするか確認する。 ※この選択肢以外に登録されているデータは(今のところ)ない。
 - 検索結果の分子静止画像をぱっと見て、実験手法ごとにどのような傾向があるか考えてみる。
 - 実験手法の情報はmmCIF/PDBMLのどこに記載されているか?
 - 次に resolution (解像度)も指定してみる。
 - 実験手法によっては解像度がないものもあることに注意。
 - ところが、"SOLUTION NMR"で解像度 2.5Å以下と指定すると ヒットするものがある。なぜか?

ヒント: entity_poly, entity_poly_seq, pdbx_poly_seq_scheme



 詳細検索(Advanced Search)の「由来する生物 種」(Source、その分子の遺伝子源生物)に生物 種名を入れて検索。

例: human, bos taurus, pyrococcusなど

- •「宿主生物種」(Host species、その分子を発現させた生物)に生物種名を入れて検索する。
- これらの情報はmmCIF/PDBMLのどこに記載されているか?

ヒント: entity_src_gen, entity_src_nat, entity