

Rapid advancement of high-resolution cryo-EM
intrudes a database of atomic coordinates
急速な高分解能クライオ電子顕微鏡の進歩による
原子座標データベースの増加

Osaka University
Institute for Protein Research
Kenji Iwasa
大阪大学 蛋白質研究所
岩崎憲治

*The 53rd Annual Meeting of the Biophysical Society of Japan
Luncheon Seminar
PDBj*

The Electron Microscopy Data Bank (EMDB)

2002~

EMBL-EBI Protein Data Bank in Europe Bringing Structure to Biology

EM resources

Share Feedback

EM Resources:

- Home
- Statistics
- Validation
- EMDataBank
- EMPIAR
- Test data

EMDB

- Latest maps
- Latest headers
- Latest updates
- Search
- Browse
- FTP archive
- Deposit EM map/model
- EMDB data model

The Electron Microscopy Data Bank (EMDB) at PDBe

Quick access

Click on one of these categories:

Ribosome	Virus	Phage	GroEL	Microtubule	Polymerase	Helicase
Human	HIV	Entries with fitted models	Single particle	Tomography	Helical reconstruction	<5 Å resolution

or enter 4-digit EMDB entry number: 1001 [Entry summary](#) [Visual analysis of map](#) [Volume viewer](#)

Introduction

The Electron Microscopy Data Bank (EMDB) is a public repository for electron microscopy density maps of macromolecular complexes and subcellular structures. It covers a variety of techniques, including single-particle analysis, electron tomography, and electron (2D) crystallography.

The EMDB was founded by EBI in 2002, under the leadership of Kim Henrick. Since 2007 it has been operated jointly by the PDBe, and the Research Collaboratory for Structural Bioinformatics (RCSB PDB) as a part of EMDataBank which is funded by a joint NIH grant to PDBe, the RCSB and the National Center for Macromolecular Imaging (NCMI).

Service at PDBj

111749
件公開中 (2015-02-02 00:00 UTC / 09:00 JST)

PDBj

Protein Data Bank Japan

English 日本語 簡体中文 繁體中文 한국어

pdbj.org 全体を検索 (日本語OK)

newPDB RCSB PDB PDBx mmCIF Legacy Adv. Search Search help

ホーム トップページ 総情報 ヘルプ FAQ お問い合わせ リンク集

データ登録 ヘルプ PDBへの登録 ADIT-NMR データ登録について

ダウンロード PDBアーカイブからのデータダウンロード

新フォーマット PDBx/mmCIFについて フォーマット変換

検索 ヘルプ PDB検索 (PDBj Mine)

日本蛋白質構造データバンク (PDB: Protein Data Bank Japan) は、IST-NBDC と大阪大学蛋白質研究所 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、種々な解析ツールを提供しております。

初めての利用者のためのガイド

新しいウェブインターフェースを初めてご利用の方は、[PDBjのウェブインターフェースについて](#)をご覧ください。 PDBjウェブサイトの様々な機能についての説明は、[対話型チュートリアル](#)をご覧ください。

新しいPDBj ウェブサイトの更なる改良のために、[ご意見・ご要望等](#)を頂ければ幸いです。 旧PDBj ウェブサイトは、下記URLから引き続きお使い頂けます。http://legacy.pdbj.org/index_j.html

必要なサービスを探す

探しているサービスに関するキーワードを以下の語句一覧から選択するか、または検索ボックスに入力して下さい。該当するサービスの一覧が表示されます。

- [全サービスを表示]ボタンを押すと、全サービスの概要が表示されます。
- [キーワードボックス]にキーワードを入力して、語句一覧で絞り込んだ結果を更に絞り込むこともできます。

<input type="radio"/> PDB	<input type="radio"/> BMRB	<input checked="" type="radio"/> EMDB	<input type="radio"/> ビューア
<input type="radio"/> 検索	<input type="radio"/> 登録		
<input type="radio"/> 教育/辞典			
<input type="radio"/> NMR	<input type="radio"/> 電子顕微鏡	<input type="radio"/> 二次構造	<input type="radio"/> 機能予測
<input type="radio"/> 配列		<input type="radio"/> 構造予測	<input type="radio"/> 結合部位
<input type="radio"/> 化合物		<input type="radio"/> 立体構造	
<input type="radio"/> 表面構造			

Service at PDBj

PDBへの登録 [⊕](#)
ADIT-NMR [⊕](#)
データ登録について

ダウンロード
PDBアーカイブからのデータダウンロード

新フォーマット
PDBx/mmCIFについて
フォーマット変換 [⊕](#)

検索
ヘルプ
PDB検索 (PDBj Mine)
PDB詳細検索
巨大構造エントリー
化合物検索
BMRB検索 [⊕](#)
Sequence-Navigator
Structure-Navigator
EM Navigator [⊕](#)
Omokage検索 [⊕](#)
wwPDB/RDF [⊕](#)
SeSAW [⊕](#)
Ligand Binding Sites (GIRAF) [⊕](#)
最新の公開エントリー
未公開エントリーのステータス

必要なサービスを探す

探しているサービスに関するキーワードを以下の語句一覧から選択するか、または検索ボックスに入力して下さい。該当するサービスの一覧が表示されます。

- [全サービスを表示]ボタンを押すと、全サービスの概要が表示されます。
- [キーワードボックス]にキーワードを入力して、語句一覧で絞り込んだ結果を更に絞り込むこともできます。

PDB BMRB * EMDB 登録 ビューア
 検索 教育/辞典
 NMR 電子顕微鏡 二次構造
 配列 類似性 機能予測
 化合物 構造予測 結合部位
 表面構造 立体構造

[全サービスを表示](#) [例\) モチーフ、分子:](#) [リセット](#)

EM Navigator [⊕](#)
EM Navigator は、電子顕微鏡による分子の立体構造を観察するためのツールです。
[EMDB](#), [電子顕微鏡](#), [検索](#), [立体構造](#)



万見 (yorodumi) [⊕](#)
万見（よろづみ）は生体分子の3次元構造を気軽に眺めて、見て、動かして、回して、学んで、楽しむためのウェブページです。
[PDB](#), [EMDB](#), [化合物](#), [立体構造](#), [ビューア](#)

Omokage検索 [⊕](#)
Omokage検索は、生体超分子の形状類似性検索サービスです。細部を無視した全体の形状のみの比較により、類似データを検索します。
[PDB](#), [EMDB](#), [電子顕微鏡](#), [検索](#), [立体構造](#), [類似性](#)

gmfit

EM Navigator 1



Hirofumi Suzuki
鈴木博文 博士

EM Navigator 2

Resolution 分解能

Deposition year 登録年

The screenshot shows a statistics page for the EM Navigator 2 database. The top navigation bar includes links for 'Top', 'Gallery', 'List', 'Statistics Information', and 'Help'. A search bar and a 'Kenji' button are also present. The main content area has sections for 'Key' and '2nd key' filters, and a 'Database' section with a link to '双方の合計 (4214)'. Below these are three bullet points: '内容を一部編集しています', '構造の数ではなく、データエントリーごとの数です', and '列の先頭をクリックすると、その列基準のソートになります ([Shift]+クリック)'. To the right is a heatmap titled '登録年 vs. 分解能' (Deposition year vs. Resolution). The columns represent resolution values from '2 Å' to '115 Å', and the rows represent deposition years from 1990 to 2015. The heatmap uses a color scale where darker shades indicate higher counts. A blue box highlights the column headers for resolution values, and a red box highlights the '登録年' (Deposition year) filter in the '2nd key' section.

	2 Å	3 Å	5 Å	7 Å	10 Å	15 Å	23 Å	34 Å	51 Å	77 Å	115 Å	合計
n/a										1		1
1990												1
1995												1
1996												1
1997										1		3
1998												1
1999								2	1	3		6
2000							2	1	2			8
2001						1	1	4	3	2		17
2002						4	18	7	3	1	11	45
2003					3	1	9	21	10	26	3	75
2004		1	2		3	11	23	16	3			1
2005	1		1		19	26	35	20	1	2		106
2006			1		23	37	44	38	7	2		156
2007			3	45	37	40	26	12	1			175
2008			8	8	39	36	52	36	15	1		214
2009		1	16	13	43	46	43	21	5			198
2010	1	23	23	59	69	53	54	16				3 327
2011	1	10	11	79	78	88	46	13	9			3 354
2012		18	31	87	60	121	75	58	9			493
2013		1	45	41	106	94	144	96	69	19		653
2014	1	4	110	57	142	69	141	141	57	78		2 825
2015	3	13	135	29	70	44	95	52	17			494

EM Navigator 2

	登録年 vs. 分解能											
	-2 Å	-3 Å	-5 Å	-7 Å	-10 Å	-15 Å	-23 Å	-34 Å	-51 Å	-77 Å	-115 Å	合計
n/a							1				1	
1990		X									1	
1995		X									1	
1996											1	
1997		X ²									1	
1998		X ¹									1	
1999							2				6	
2000		X ³					2				8	
2001		X ³	1				1				17	
2002							4				45	
2003		X ¹	▲ ³	1	9		23	16	3		1	60
2004	X ¹	X ¹	▲ ²	3	11		19	26	35	20	1	106
2005		X ¹					23	37	44	38	7	156
2006		X ¹					3	45	37	40	12	175
2007		▲ ²	3	8	39		45	37	40	26	1	214
2008		X ¹	▲ ²	8	13		43	46	43	21	5	198
2009		X ¹	▲ ²	13	23		59	69	53	54	16	327
2010		X ¹	▲ ²	23	11		79	78	88	46	13	354
2011		X ¹	▲ ²	18	31		87	60	121	75	9	493
2012		X ¹	▲ ²	45	41		106	94	144	96	69	653
2013	X ¹	X ¹	▲ ²	110	57		142	69	141	141	57	2825
2014	X ¹	X ¹	▲ ²	13	135		29	70	44	95	52	494
2015	X ³											

X : Only Electron Crystallography

▲ : Including helical analysis

△ : Including icosahedral virus particles

O : Including particles with lower symmetry than icos

EM Navigator 2

登録年 vs. 分解能

	- 2 Å	- 3 Å	- 5 Å	- 7 Å	- 10 Å	- 15 Å	- 23 Å	- 34 Å	- 51 Å	- 77 Å	- 115 Å	合計
n/a							1				1	
1990		X									1	
1995		X									1	
1996											1	
1997		X ²									1	
1998		X ¹									1	
1999							2				6	
2000		X ³					2				8	
2001		X ³	1				1				17	
2002							4				45	
2003		X ¹	▲ ³	1	9		23	16	3		1	60
2004	X ¹	X ¹	▲ ²	3	11		19	26	35	20	1	106
2005		X ¹					23	37	44	38	7	156
2006		X ¹					3	45	37	40	12	175
2007		▲ ²	3	8	39		45	37	40	26	1	214
2008		X ¹	○ ⁶	13	43		46	43	21	5		198
2009		X ¹	○ ⁶	23	59		69	53	54	16	3	327
2010		X ¹	○ ¹⁰	11	79		78	88	46	13	9	3 354
2011		X ¹	○ ¹⁰	31	87		60	121	75	58	9	493
2012				45	41	106	94	84	96	69	19	653
2013	X ¹	○ ⁴	○ ¹¹⁰	57	142	69	41	141	57	78	2 825	
2014	X ¹	○ ⁴	○ ¹³⁵	29	70	44	95	52	17			494
2015	X ³	○ ¹³										

X : Only Electron Crystallography
 ▲ : Including helical analysis
 △ : Including icosahedral virus particles
 ○ : Including particles with lower symmetry than icos



EM Navigator 2

登録年 vs. 分解能

	- 2 Å	- 3 Å	- 5 Å	- 7 Å	- 10 Å	- 15 Å	- 23 Å	- 34 Å	- 51 Å	- 77 Å	- 115 Å	合計
n/a							1					1
1990		X										1
1995		X										1
1996												1
1997		X ²										1
1998		X ¹										1
1999							2					6
2000		X ³					2					8
2001		X ³	1				1					17
2002							4					45
2003		X ¹	3	1	9		23	16	3			60
2004	X ¹	X ¹	2	3	11		19	26	35	20	1	106
2005		X ¹					23	37	44	38	7	156
2006		X ¹					3	45	37	40	12	175
2007		X ¹					8	39	36	52	15	214
2008		X ¹					13	43	46	43	5	198
2009		X ¹					23	59	69	53	16	327
2010		X ¹					11	79	78	88	13	354
2011		X ¹					31	87	60	121	9	493
2012		X ¹					41	106	94	144	58	653
2013	X ¹		110	57	142	69	141	141	57	78	2825	
2014	X ¹		110	13	135	29	70	44	95	52	17	494
2015	X ³											

X : Only Electron Crystallography

▲ : Including helical analysis

△ : Including icosahedral virus particles

O : Including particles with lower symmetry than icos

EM Navigator 3

データベース-ID	タイトル	登録日	分解能
EMDB-5778	Structure of the capsaicin receptor, TRPV1, determined by single particle electron cryo-microscopy	2013-10-24	3.275
PDB-3j5p	Structure of TRPV1 ion channel determined by single particle electron cryo-microscopy	2013-10-28	3.275
EMDB-5623	3D reconstruction of archaeal 20S proteasome	2013-03-25	3.3
EMDB-2513	Electron cryo-microscopy of F420-reducing [NiFe] hydrogenase Frh	2013-11-21	3.36
PDB-4ci0	Electron cryo-microscopy of F420-reducing NiFe hydrogenase Frh	2013-12-05	3.36
EMDB-5766	A new topology of the HK97-like fold revealed in <i>Bordetella</i> bacteriophage by cryoEM at 3.5A resolution	2013-10-10	3.4
EMDB-2278	cryoEM structure of hepatitis B virus core assembled from full-length core protein	2013-01-11	3.5
EMDB-5764	A new topology of the HK97-like fold revealed in <i>Bordetella</i> bacteriophage by cryoEM at 3.5A resolution	2013-10-09	3.5
EMDB-5765	A new topology of the HK97-like fold revealed in <i>Bordetella</i> bacteriophage by cryoEM at 3.5A resolution	2013-10-10	3.5
PDB-3j2v	CryoEM structure of HBV core	2013-01-11	3.5
PDB-3j4u	A new topology of the HK97-like fold revealed in <i>Bordetella</i> bacteriophage: non-covalent chainmail secured by jellyrolls	2013-10-09	3.5
EMDB-5776	Structure of the capsaicin receptor, TRPV1, in complex with DkTx and RTX determined by single particle electron cryo-microscopy	2013-10-24	3.8
EMDB-5830	Unified assembly mechanism of ASC-dependent inflammasomes	2013-12-05	3.8
PDB-3j5q	Structure of TRPV1 ion channel in complex with DkTx and RTX determined by single particle electron cryo-microscopy	2013-10-28	3.8
PDB-3j63	Unified assembly mechanism of ASC-dependent inflammasomes	2013-12-05	3.8
EMDB-2485	Near-atomic resolution cryo-EM structure of Dengue serotype 4 virus	2013-10-14	4.1
EMDB-5600	Penicillium Chrysogenum Virus (PcV) capsid structure	2013-03-08	4.1
		2013-03-	

EM Navigator 4

EM Navigator 3次元電子顕微鏡データナビゲーター [English / 日本語]

EMDB > EM Navigator > 詳細ページ - EMDB-5778

ムービーページ 万見 (構造ビューア)

Structure of the capsaicin receptor, TRPV1, determined by single particle electron cryo-microscopy
単粒子再構成法による、3.275 Å 分解能

エントリ情報

概要

データベース名・ID: EM DATA BANK (EMDB) / 5778
タイトル: Structure of the capsaicin receptor, TRPV1, determined by single particle electron cryo-microscopy
マップデータ: Structure of the capsaicin receptor, TRPV1. This map is direct output from RELION without sharpening using a negative temperature factor. The map was normalized using the program MAPMAN.
試料: Rat TRPV1
キーワード: TRPV1 channel
著者・登録者: Liao M, Cao E, Julius D, Cheng Y
日付: 登録: 2013-10-24, 付随情報の公開: 2013-12-04, マップデータの公開日: 2013-12-04, 更新日: 2013-12-18
EMDBのサイト: EMDB @PDBe (EU), EMDB @RCSB (USA)

構造の表現

ムービー

再生 中 大 オフ ムービーページ

#1 #2 #3 #4 #5

#1: 表面図 (断面を密度値に従い着色), 表面レベル: 7, UCSF CHIMERAによる画像
#2: 表面図 (円筒半径に従い着色), 表面レベル: 7, UCSF CHIMERAによる画像
#3: あてはめたモデルとの重ね合わせ, 原子モデル: PDB-3j5p, 表面レベル: 7, UCSF CHIMERAによる画像
#4: あてはめたモデルとの重ね合わせ, 原子モデル: PDB-3j9j, 表面レベル: 7, UCSF CHIMERAによる画像
#5: 単純化した表面モデル + あてはめた原子モデル: PDB-3j5p, Jmolによる画像

添付画像

emdb_5778_1.jpg

構造ビューア 万見, PepperRを起動 (PepperRの解説), Volume viewer (RCSB, PDBe)

関連構造データ

表: 個別 すべて
エントリ情報
文献
マップデータ
添付情報
試料
実験
解析
ダウンロード

Nature, 2013, 504, 107-112&113-118

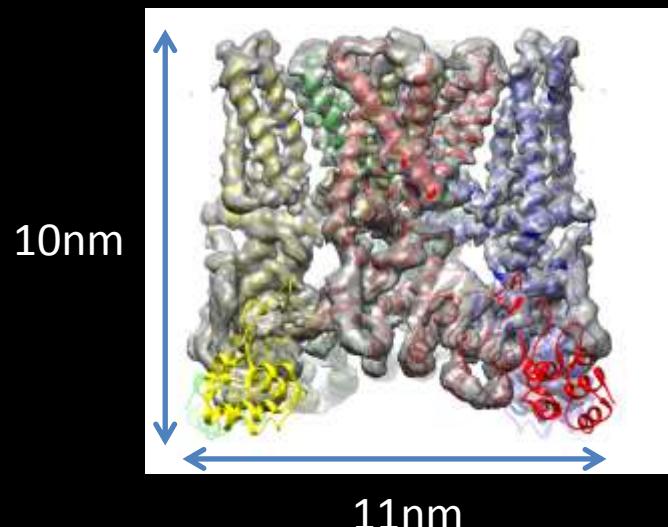
107-112

Reported by UCSF, Yifan Cheng's group

“Structure of the TRPV1 ion channel, determined by electron cryo-microscopy”

Near-atomic structures of a small and important membrane protein
were reported in 2013..

(電顕にとって) 非常に小さな膜タンパク質で近原子分解能解析に成功した

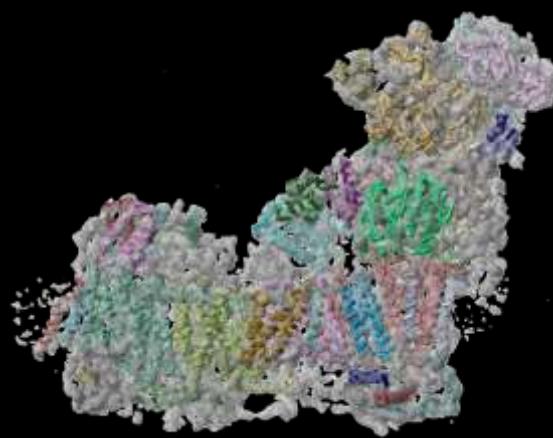


Cryo-EM single-particle reconstructions determined on a direct-electron detector to a resolution better than 5Å



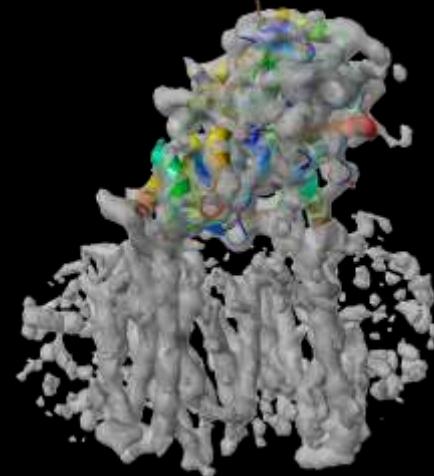
Ryanodine receptor RyR1
(3.8Å)

カルシウムチャネル、骨格筋や心筋の興奮・収縮
Nature(2015)



Bovine complex I
(4.95Å)

ミトコンドリアでの酸化的
リン酸化
Nature(2014)

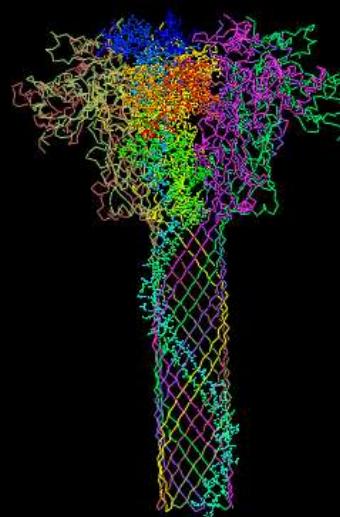


γ-secretase
(3.3Å)

アルツハイマー病の原
因であるAβ 產生の最
終段階を行う。
Nature(2014)

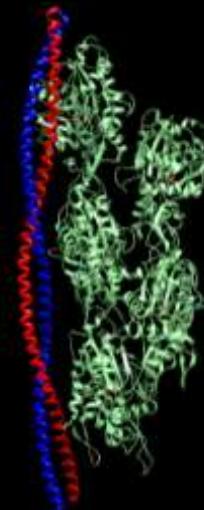
Second paper, Nature(2015)

Cryo-EM single-particle reconstructions determined on a direct-electron detector to a resolution better than 5Å



Anthrax protective antigen
pore (2.9Å)

炭疽菌の感染防御抗原孔
FEI TitanKrios/ K2 Summit
Nature (2015)



F-actin + Tropomyosin
(3.7Å)

アクチンとトロポミオシン
の複合体
Titan Krios
Nature(2015)

Promotion of innovations in cryo-EM

- Detector (Camera)
- Software for image processing

Development of direct electron detection camera

電子直接検出器の登場と開発



Second generation direct detection camera
Count individual image electrons
第二世代 電子直接検出カメラ（計数器）



“K2 summit”
Direct detector

第二世代電子直接検出カメラ Second generation of Direct Detection Camera

Camera operates at 400 frames per second
1秒間に400枚の画像の取り込みが可能



If an electron beam of low current density passes through the specimen, exposure time is very short and read-out is high speed,
電子線の密度が薄く、露光時間が非常に短く、読み取りスピードが非常に早いと



Primary electron counting
入射電子一個をカウントできる

Second generation of Direct Detection Camera

第二世代電子直接検出カメラ

Counting mode
入射電子一個をカウントできる



DQE improved
DQEが改善された

DQE=Detective Quantum Efficiency 量子検出効率

expresses how the signal-noise ratio of the incoming signal is degraded by errors in the detection process

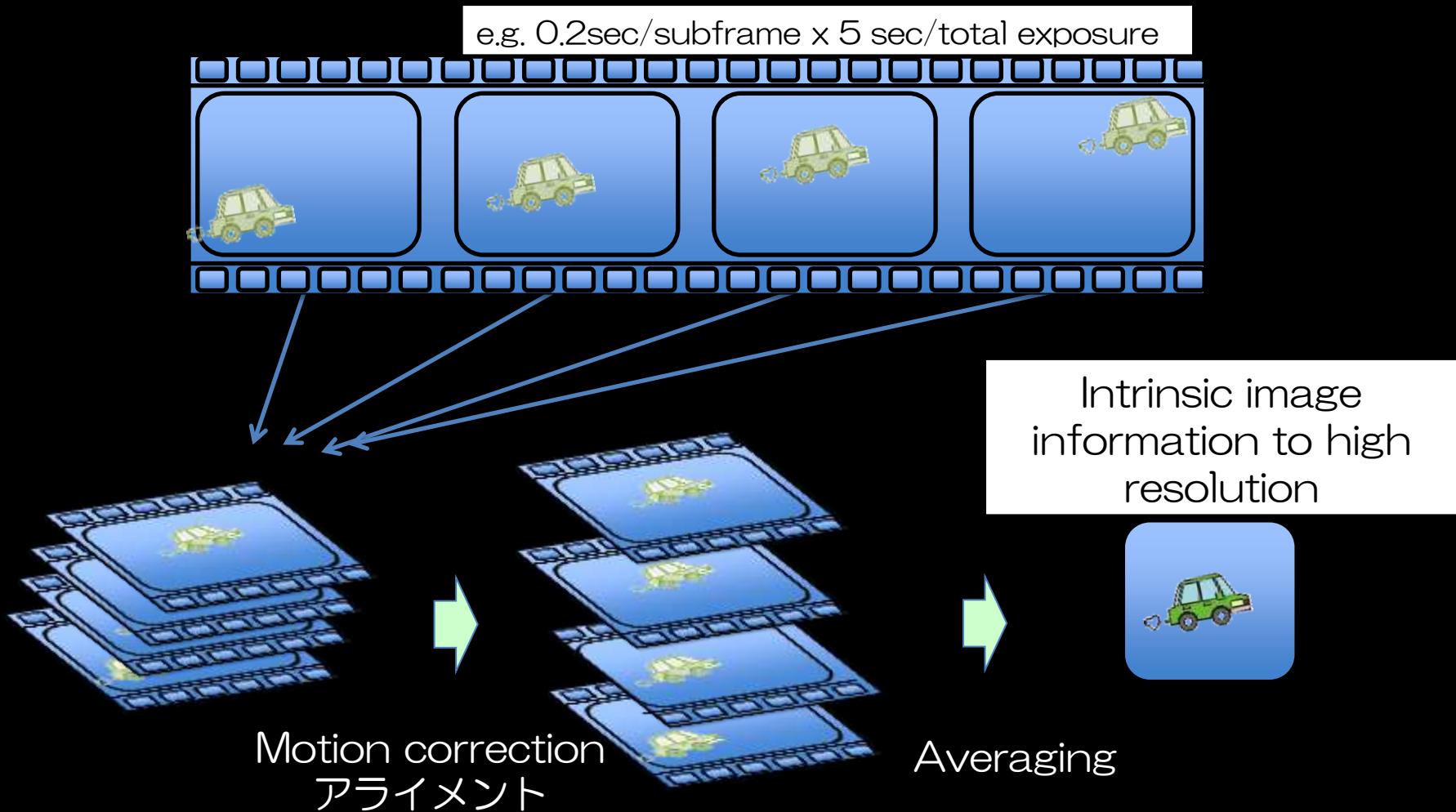
装置がどれだけノイズをシグナルに加えるか

$$DQE = \frac{\frac{S_{out}}{N_{out}}^2}{\frac{S_{in}}{N_{in}}^2}$$

DQE<1

Recording movies & Motion correction

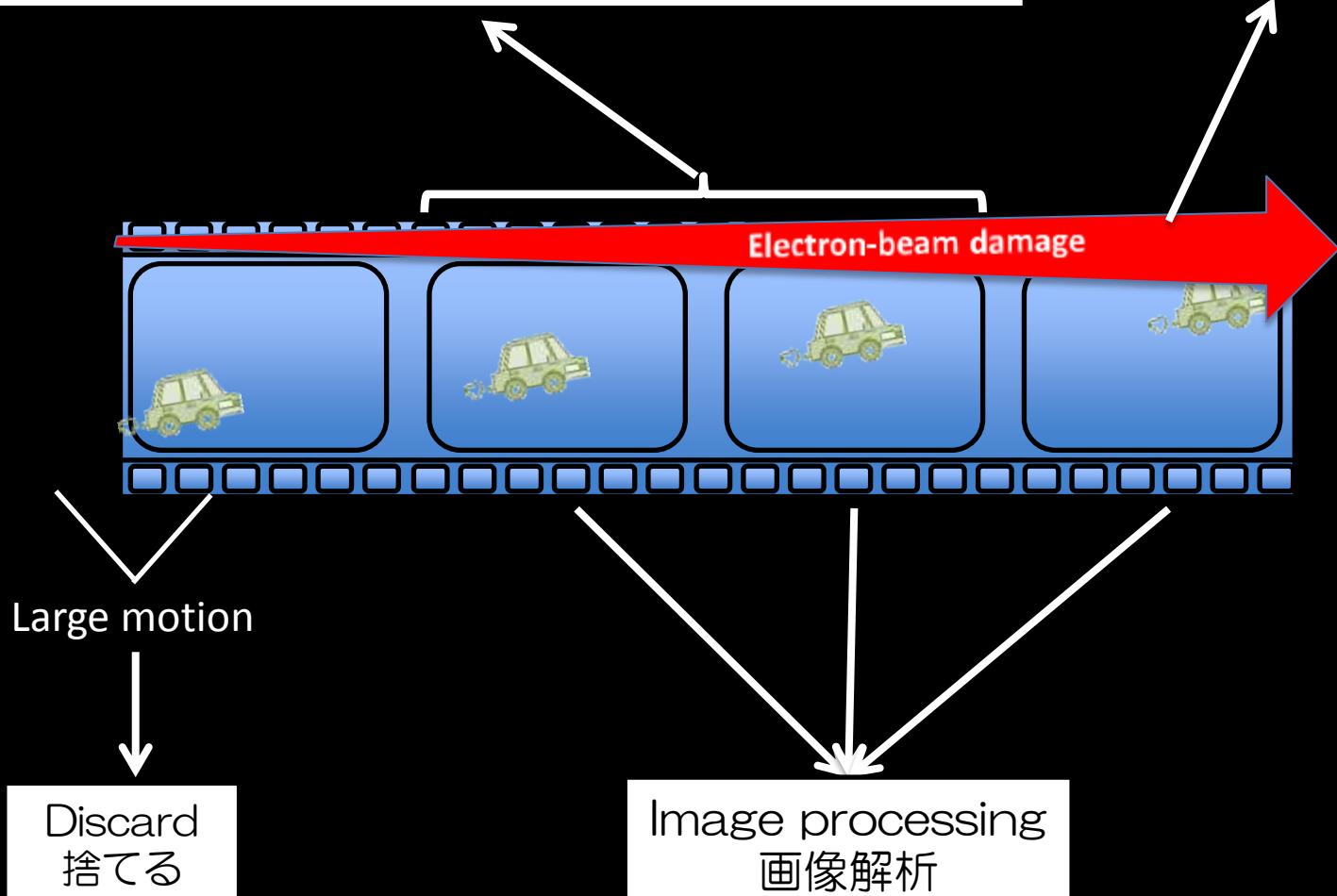
Specimen movements induced by the electron beam
“電子顕微鏡の試料は、動く“ それならば……”



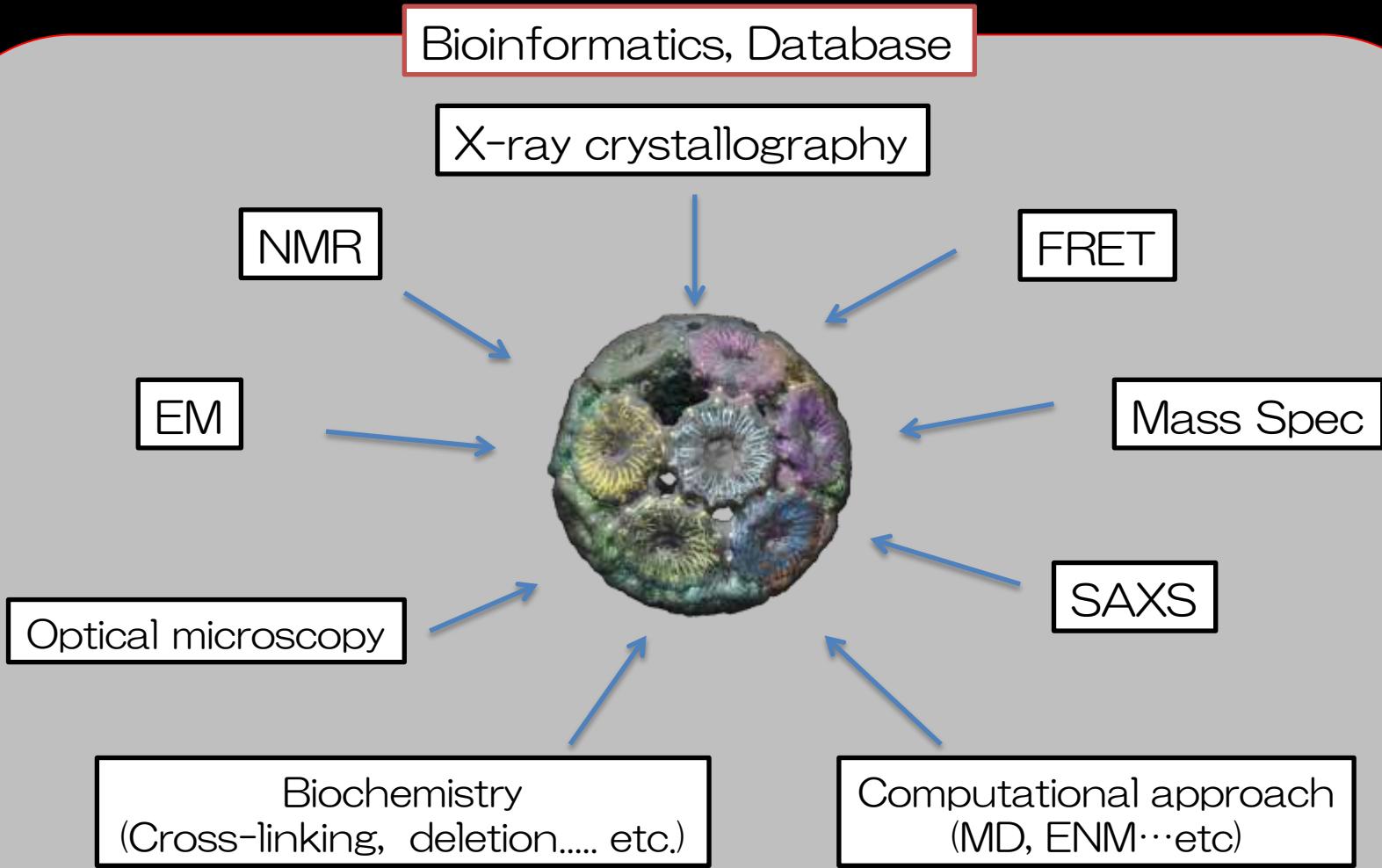
Use selected subframes

Less damaged images for reconstruction
ダメージの少ない画像だけを最終の三次元像に使う

Discard
捨てる



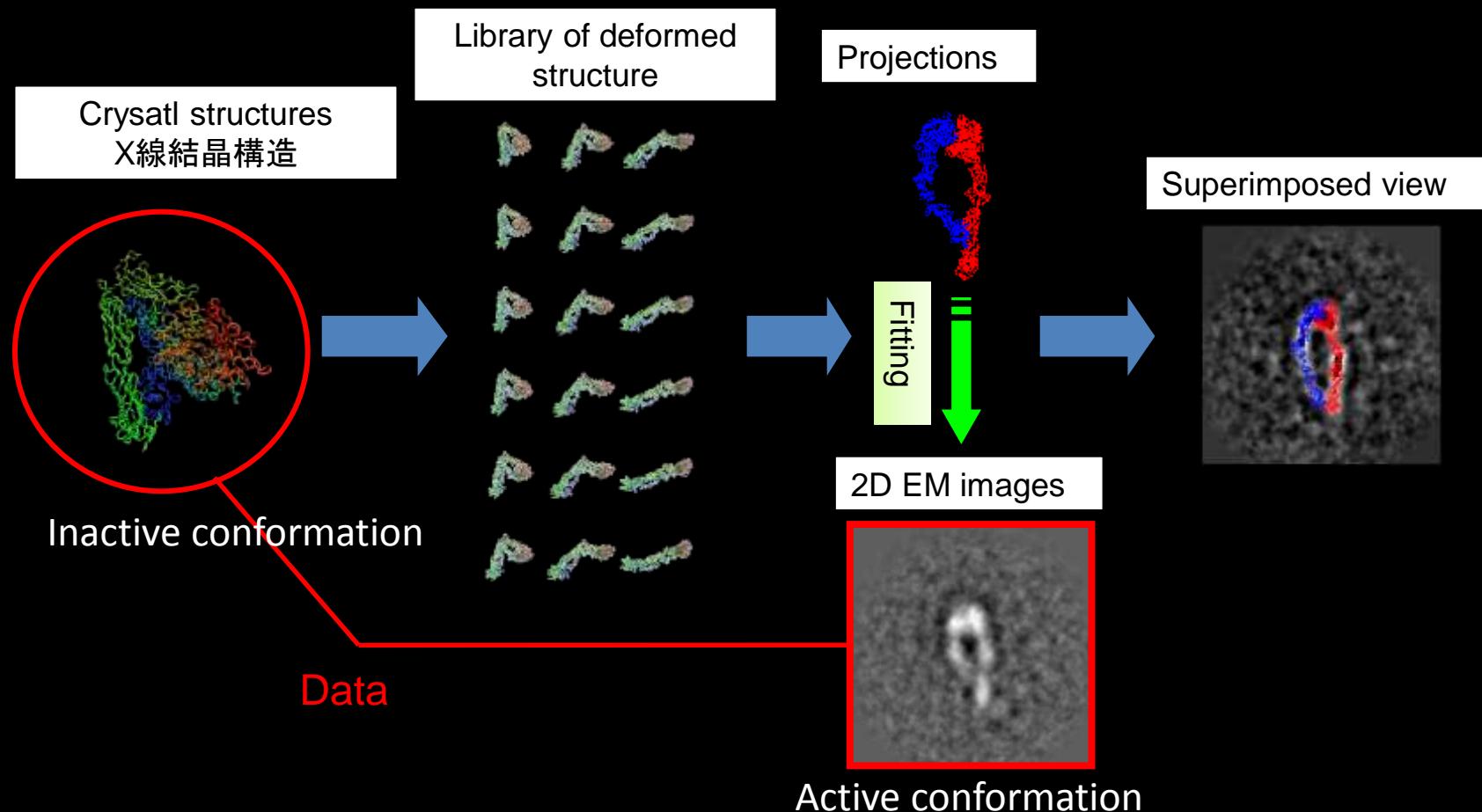
Integrative modeling approach



Flow of 2D Hybrid method

2Dハイブリッド法の流れ

Building atomic models to fit them to 2-D images
電顕写真に合う原子構造を結晶構造からつくる



3SBA 最新ハイブリッドアプローチ による機能構造解析

3日目 9月15日（火曜日）
9:00 - 12:00
B会場 ファカルティホール