

Structureクイックスタート

このミニコースでは、NCBIから提供されているCn3Dを用いてどのようにタンパク質の立体構造を可視化や注釈付けを行うか、さらにはタンパク質内で保存されているドメインの確認の方法、同様のドメインを持っている他のタンパク質の探索方法、3Dモデリングのテンプレートとなるタンパク質の見つけ方、BLASTでは認識できないような非常に離れたホモログの検出方法について学びます。

課題. 1

この課題では、以下のステップに従って学習していきます。

1. タンパク質内に保存されているドメインを調べます。
2. 同じドメインを含む他のタンパク質を探します。
3. 問い合わせ配列に適した3Dモデリング用のテンプレートを探します。
4. BLASTでは認識できないような非常に離れたホモログを探します。

“NCBI Conserved Domain Search”を使うことによって、問い合わせとなるアミノ酸配列と既知なタンパク質間で保存されているドメインのライブラリとの間での比較が可能となります。また、この結果を用いてマルチプルアライメントを作成したり、問い合わせ配列用の 3Dモデリングテンプレートを探したりすることができます。

■ Step. 1-1

[CDD](#)へと移動してください。そして、CD-Searchのテキストボックスに以下のアミノ酸配列を貼り付けて探索を開始してください。

探索用アミノ酸配列

```
MDPIALTAAGVADLLGDGRPETLWLIGIGTLLMLIGTFYFIVKGWGVTDKEAREYYSITI  
LVPGIASAAYL  
SMFFGIGLTEVQVGSEMLDIYYARYADWLFTPLLLLDLALLAKVDRVSIGTLVGVDAL  
MITVGLVGALS  
HTPLARYTWLWFSTICMIVVLYFLATSLRAAAKERGPEVASTFNTLTALVVLWTAYPI  
LWIIIGTEGAGV  
VGLGIETLLFMVLDVTAKVGFILLRSRAILGDTEAPEPSAGAEASAAD
```

このタンパク質に含まれるドメインにはどのようなものがありますか？また、得られたドメインに関するより詳しい情報を [NCBI's Bookshelf](#) から調べてください。

■ Step. 1-2

CD-Searchの検索結果ページに戻ってください。 “Search for similar domain architectures” ボタンをクリックして、今見つけたのと同様のドメインを持つタンパク質のリストを得てください。リストを得るために、配列へのリンクをクリックして、さらに “Look up Sequences in Entrez” をクリックしてください。その後で表示オプションを “Summary” から “FASTA” に変更し、配列を表示してください。

■ Step. 1-3

CD-Searchの検索結果ページに戻ってください。ドメインを示している図中の四角をクリックすることで、そのドメインを代表する10本のアミノ酸配列によるマルチプルアライメントが表示されます。

“Row Display” プルダウンメニューから “Up to 5” を選択して配列アライメントを再描画してください。上部にある “Structure” メニューをクリックして開いてください。さらに、 “Show Structure” ボタンをクリックして、問い合わせ配列を含むマルチプルアライメントの結果を3次元モデルのテンプレート上でCn3Dを利用して確認表示してください。

Halobacterium salinarumのhalorhodopsinをテンプレートとし（今のversionでは1GU8 : Sensory Rhodopsin がテンプレートとなります）、問い合わせ配列を含むアライメントが表示されています。主鎖を見やすくするために、側鎖をすべて非表示にしてください。（StyleオプションからEdit global style, Protein side chainsを選択し非表示にします。）

問い合わせ配列は、バクテリオロドプシンの特徴配列である(FMVLDVTAKVGF)を持っています。中でもK(リジン)はレチナールの結合部位となっています。問い合わせ配列中のこれらの残基を確認して、halorhodopsin上で（今のVersionではSensory Rhodopsin）対応するリジン残基をハイライト表示させてください。

この残基の側鎖を表示させてください。（StyleオプションからAnnotate, New, Edit Style を選択します。）

protein backbone RenderingをTubeに、Color SchemeをUser SelectionにさらにUser Colorを目立つ色例えば黄色に変更します。同様な手順をProtein Sidechainsにも施して、Protein Sidechainsをオンにして見てください。最後にDoneボタンをクリックします。)ズームインするためにキーボードのZボタンを押してください。リジン残基近くに位置する補酵素を確認してください。

■ Step. 1-4

halorhodopsinタンパク質 (今のバージョンではSensory Rhodopsinタンパク質) に類似の構造を得るために、まずCD-Browserで表示されている 1E12_A (今のバージョンでは1GU8_A) をクリックしてください。表示された1E12_A (今のバージョンでは1GU8_A) エントリの右上に示されたLinksをクリックすると表示されるプルダウンメニューからStructureを表示してください。

(ここから先はエントリが課題設定当初と変わったため、回答が存在しません。)

そして1E12をクリックし、次に表示される画面から図中chainAをクリックしてください。

すると1E12_Aに類似構造をとるタンパク質の一覧が表示されます。見たいものをいくつか選択し、チェックボックスをオンにし、“View 3D Alignment”をクリックすると Cn3Dにこれらの構造が重ねて表示されます。

課題. 2

この課題では、以下のステップに従って学習していきます。

1. タンパク質内に保存されているドメインを調べます。
2. 同じドメインを含む他のタンパク質を探します。
3. 問い合わせ配列に適した3Dモデリング用のテンプレートを探します。
4. BLASTでは認識できないような非常に離れたホモログを探します。

“NCBI Conserved Domain Search”を使うことによって、問い合わせとなるアミノ酸配列と既知なタンパク質間で保存されているドメインのライブラリとの間での比較が可能となります。また、この結果を用いてマルチプルアライメントを作成したり、問い合わせ配列用の 3Dモデリングテンプレートを探したりすることができます。

■ Step. 2-1

[CDD](#)へと移動してください。そして、CD-Searchのテキストボックスに以下のアミノ酸配列を貼り付けて探索を開始してください。

探索用アミノ酸配列

```
>gi|2851597|sp|P25848|PHY1_CERPU Light-sensor Protein  
kinase  
MSATKKTYSTTSKSKHSVRVAQTADAALAEVYEMSGDGSDFDYSKSVGQSAESVP  
AGAVTAYLQRM  
QREGLIQNFQCMVAVEEPNFCVIAISENASEFLDLIPQAVPSMGEMDVLGIGTDIRTLF  
TPSSSAALEKA  
AATQDISLLNPITVHCRRSGKPLYAIAHRIDIGIVIDFEAVKMIDVPSAAAGALQSHK  
LAARAITRLQA  
LPGGDIELLCDTIVEEVRELTYGDRVMAFKFHEDEHGEVVAEIRMDLEPYMGLHYPAT  
DIPQASRFLLM
```

このタンパク質に含まれるドメインにはどのようなものがありますか? “Full Result”ボタンを押すことですべてのドメインを表示することができます。おそらく、その中でセリン/スレオニンキナーゼドメインに興味を持つことでしょう。このドメインに関するより詳しい情報を [NCBI's Bookshelf](#) から調べてください。

■ Step. 2-2

CD-Searchの検索結果ページに戻ってください。 “Search for similar domain architectures”ボタンをクリックして、今見つけたのと同様のドメインを持つタンパク質のリストを得てください。リストを得るために、配列へのリンクをクリックして、さらに“Look up Sequences in Entrez”をクリックしてください。その後で表示オプションを“Summary”から“FASTA”に変更し、配列を表示してください。

■ Step. 2-3

CD-Searchの検索結果ページに戻ってください。ドメインを示している図中の四角から serine/threonine kinase domain(CDD|00180)をクリックすることで、そのドメインを代表する10本のアミノ酸配列によるマルチプルアライメントが表示されます。

“Row Display”プルダウンメニューから“Up to 5”を選択して配列アライメントを再描画してください。さら

に、“Show Structure”ボタンをクリックして、問い合わせ配列を含むマルチプルアライメントの結果を3次元モデルのテンプレート上でCn3Dを利用して確認表示してください。

一番上に表示された構造のみを表示するために、下矢印キーを押してください。主鎖を見やすくするために、側鎖をすべて非表示にしてください。(StyleオプションからEdit global style, Protein side chainsを選択し非表示にします。)

問い合わせ配列は、セリン/スレオニン キナーゼ活性部位の特徴配列である(IIHRDLKSMNILV)を持っています。中でもK(リジン)はATPの結合部位となっています。問い合わせ配列中のこれらの残基を確認して、対応するリジン残基をハイライト表示させてください。

この残基の側鎖を表示させてください。(StyleオプションからAnnotate, New, Edit Style を選択します。protein backbone RenderingをTubeに、Color SchemeをUser SelectionにさらにUser Colorを目立つ色例えば黄色に変更します。同様な手順をProtein Sidechains にも施して、Protein Sidechainsをオンにして見てください。最後にDoneボタンをクリックします。)ズームインするためにキーボードのzボタンを押してください。リジン残基近くに位置するheterogenを確認してください。

■ Step. 2-4

セリン/スレオニン キナーゼタンパク質に類似の構造を得るために、まずCD-Browserで表示されている 1JNKをクリックしてください。

(ここから先はNCBI側のデータ構造が課題設定当初と変わったため、回答が存在しません。)

表示された1JNKエントリの右上に示されたLinksをクリックすると表示されるプルダウンメニューからStructureを表示してください。そして1JNKをクリックし、次に表示される画面から図中chainをクリックしてください。

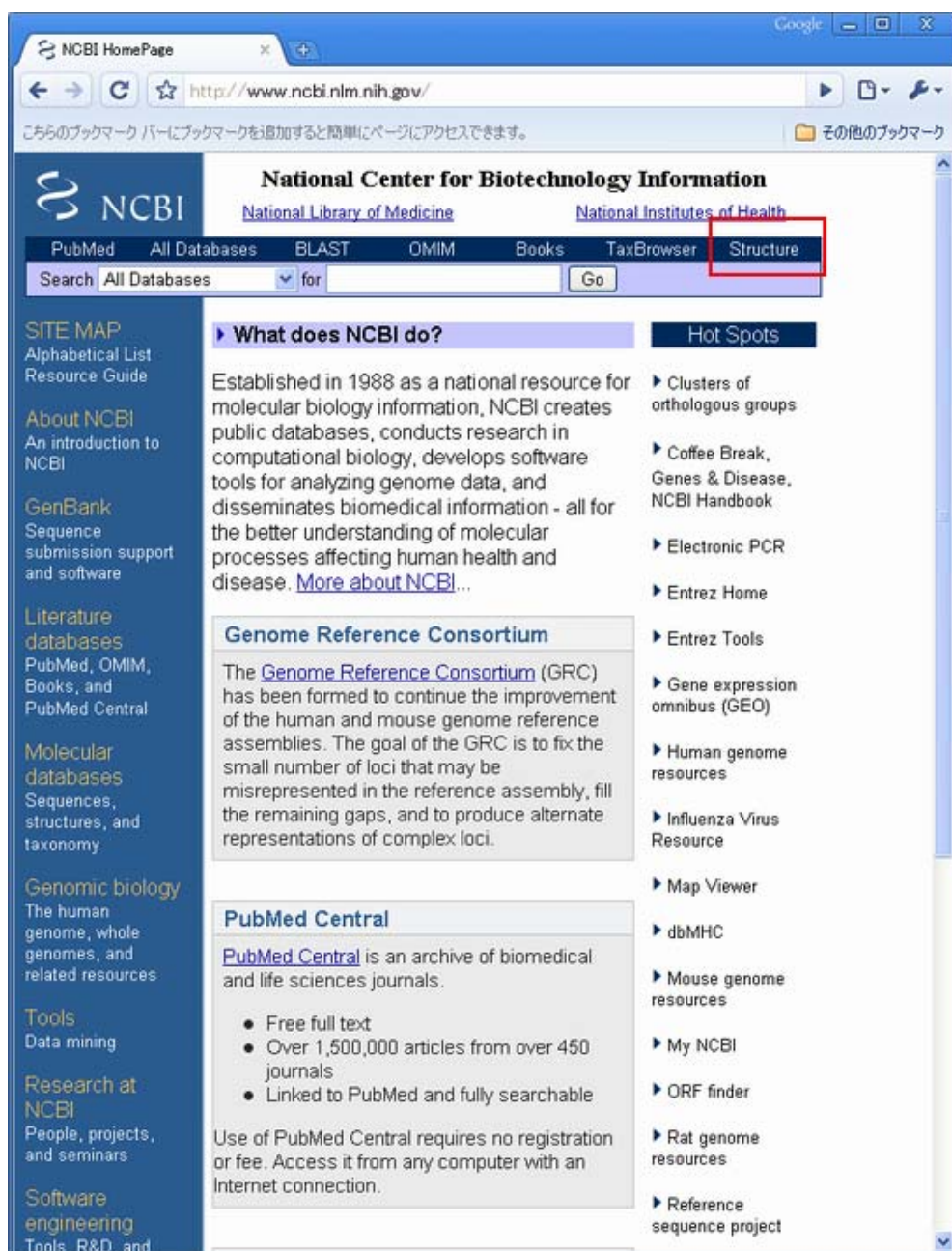
すると1JNKに類似構造をとるタンパク質の一覧が表示されます。見たいものをいくつか選択し、チェックボックスをオンにし、“View 3D Alignment”をクリックすると Cn3Dにこれらの構造が重ねて表示されます。

解答・解説

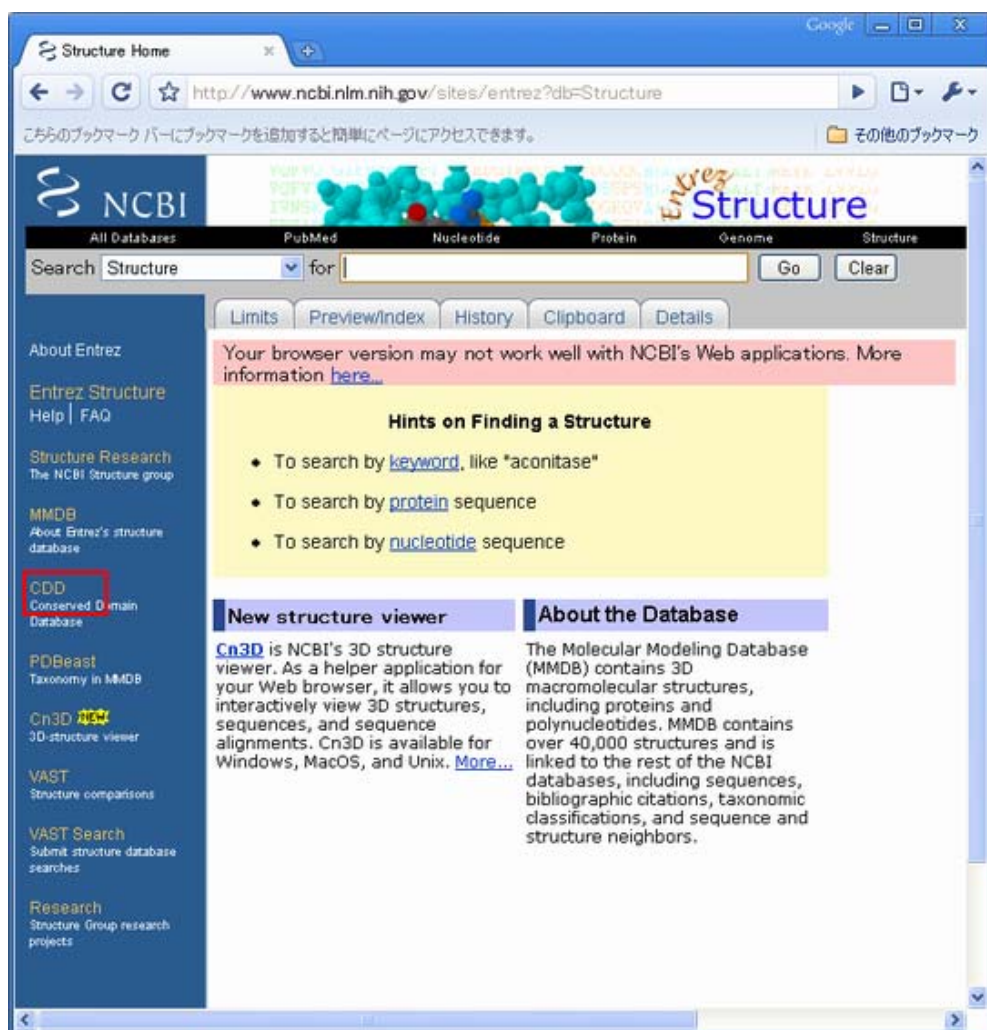
■ 解答1-1

[CD-Searchの利用](#)

問題に示されたリンクあるいは、NCBIのトップページ上部にあるメニューから Structure(図中赤四角)を選択し、



その次のページからCDD(図中赤四角)を選択することで、



CDDのトップ画面に移動します。



CDD(Conserved Domain Database)とはタンパク質間で共通に見られるドメインに関するデータベースであり、SMART、Pfamなどで作られているモチーフデータベースを変換したものとなっています。これらから各ドメインに共通する配列のプロファイルを作成し、そのプロファイルに対しての検索をrpsblastを用いて実現することで、問い合わせ配列中に含まれるドメイン情報を比較的高速に得ることが可能となっています。上部のテキストボックスに課題中に示されたアミノ酸配列を入力し、ドメイン探索を実行します。

Search Database CDD v2.16 - 27036 PSSMs

Enter a **Protein** query as Accession, GI, or Sequence in FASTA format:

```

SMFFGIGLTEVQVGSSEMLDIYYARYADWLFITPLLLDLALLAKVDRVSIQTLVGVYDALMIVTGLVGALS
HTPLARYTWLWFSTICMIIVLYFLATSLRAAAKERGPEVASTFNTLTALVVLWTAYPILWIIGTEGAGV
VGLGIETLLFMVLDVTAKVGFILLRSRAILGDTAEPEPSAGAEASAD

```

Read about the [FASTA](#) format description. Click [here](#) for advanced options.

すると下図のような検索結果が得られます。バクテリオロドプシンのドメインが問い合わせ配列に含まれていることが確認できます。

NCBI Conserved Domains

Conserved domains on [cd02333]

Local query sequence

Graphical summary

Query seq. Superfamilies

Bac_rhodopsin superfamily

List of domain hits

Description	PssmId	Multi-dom	E-value
cd02333, Bac_rhodopsin, Bacteriorhodopsin	121244	N/A	2e-54

References:

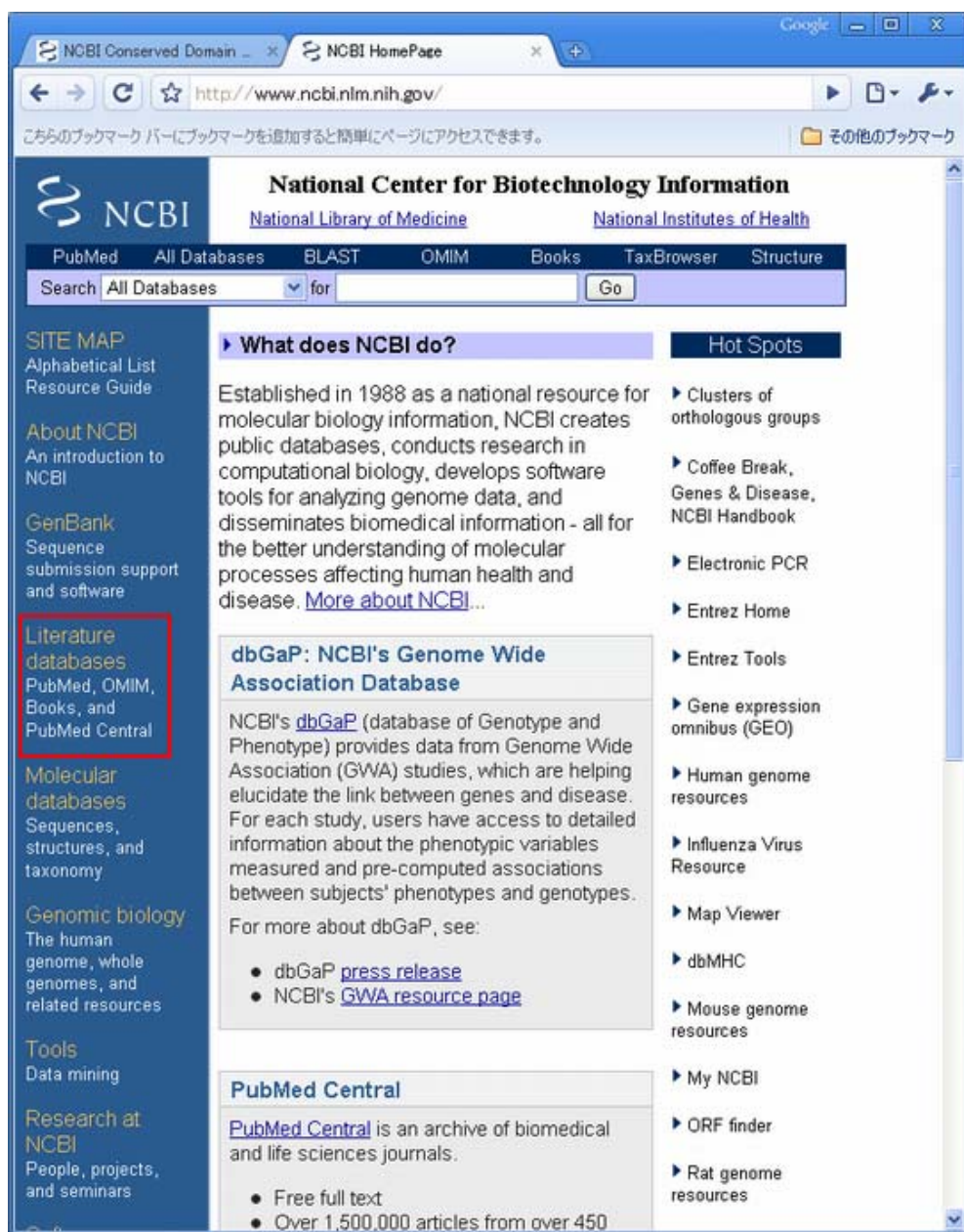
- Marchler-Bauer A et al. (2007), "CDD: a conserved domain database for interactive domain family analysis", *Nucleic Acids Res.*35(D):237-240.
- Marchler-Bauer A et al. (2005), "CDD: a Conserved Domain Database for protein classification", *Nucleic Acids Res.*33(D):192-196.
- Marchler-Bauer A, Bryant SH (2004), "CD-Search: protein domain annotations on the fly", *Nucleic Acids Res.*32(W):327-331.

Help | Disclaimer | Write to the Help Desk

NCBI | NLM | NIH

NCBI Bookshelfの利用

このバクテリオロドプシンに関するより詳しい情報をNCBI Bookshelfを使って調べましょう。問題に示されたリンクあるいは、NCBIのトップページ左にあるメニューから Literature databases (図中赤四角)を選択し、



その次のページからBookshelf(図中赤四角)を選択することで、



NCBI Bookshelfのトップページに移動します。

NCBI Conserved Domain ... Books Home

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=books

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

NCBI Bookshelf

All Databases PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy

Search Books for Go Clear


Limits Preview/Index History Clipboard Details


Your browser version may not work well with NCBI's Web applications. More information [here...](#)


The **Bookshelf** is a growing collection of biomedical books that can be searched directly by typing a concept into the textbox above and selecting "Go". Try one of these searches:


▶ [cell cycle control](#) ▶ [immunodeficiency](#) ▶ [protein evolution](#)

New on the Bookshelf:


 **Animal Models of Cognitive Impairment**
Frontiers in Neuroscience Series
Levin, Edward D.; Buccafusco, Jerry J., editors
Boca Raton (FL): CRC Press, Taylor & Francis Group; c2006


 **Rotavirus Molecular Biology [Internet]**
Rohmann, George F.
Bethesda (MD): National Library of Medicine (US); NCI; 2008

 **Defining and Defeating the Intolerable Burden of Malaria II: Progress and Perspectives**
Bremar, Joel G.; Alilo, Martin S.; and White, Nicholas J.; editors
Northbrook (IL): The American Society of Tropical Medicine and Hygiene; 2007

 **The Intolerable Burden of Malaria: A New Look at the Numbers**
Bremar, Joel G.; Egan, Andréa; Keusch, Gerald T., editors
Northbrook (IL): The American Society of Tropical Medicine and Hygiene; c2001

Book List

 **Advances in Patient Safety: From Research to Implementation**
Henriksen, Kerm; Battles, James B.; Marks, Eric S.; Lewin, David L., editors
Rockville (MD): Agency for Healthcare Research and Quality (US); c2005

 **AHS Consumer Medication Information**
American Society of Health-System Pharmacists
Bethesda (MD): American Society of Health-System Pharmacists, Inc.; c2007

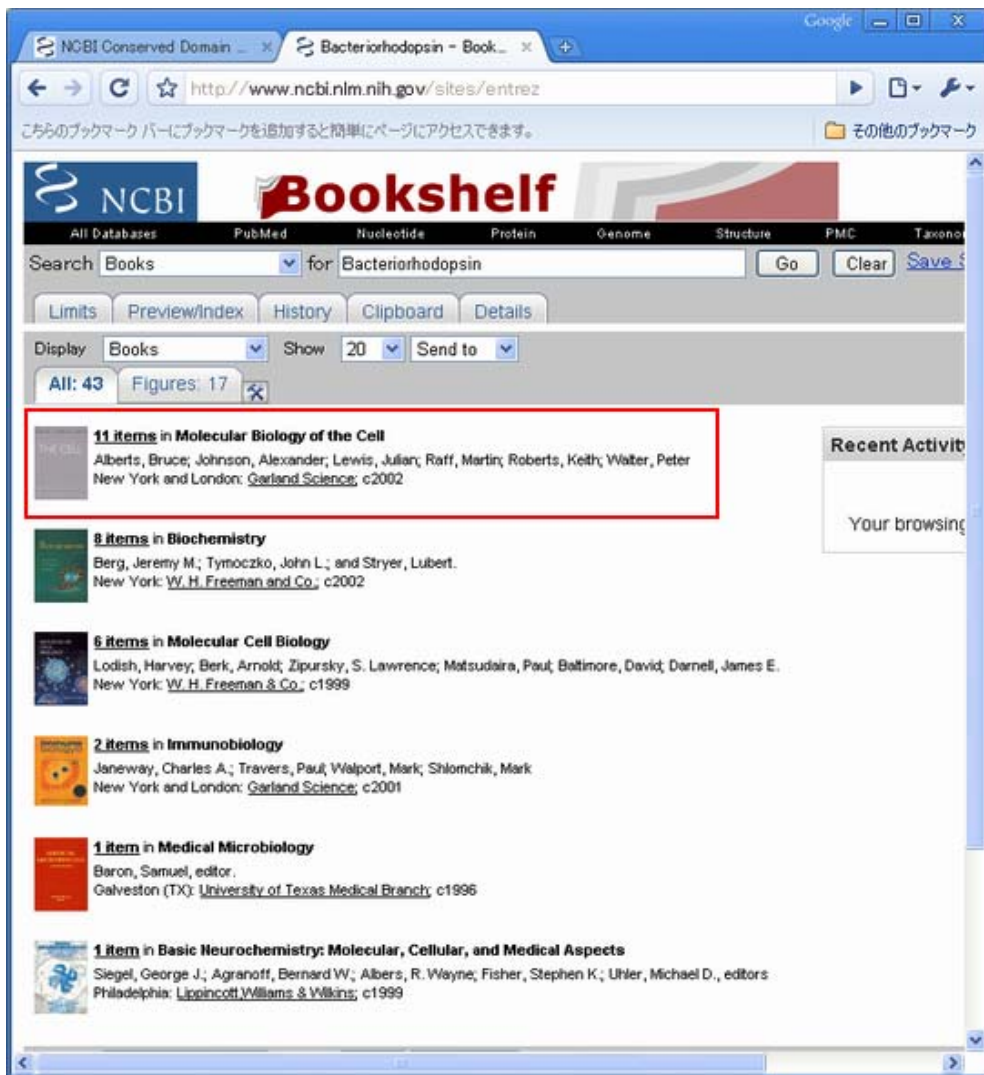
www.ncbi.nlm.nih.gov を待機しています。

上部の検索ボックスに“Bacteriorhodopsin”と入力し探索を実行してください。

NCBI Bookshelf

All Databases PubMed Nucleotide Protein Genome Structure

Search Books for Bacteriorhodopsin Go Clear



6書籍にBacteriorhodopsinに関する記載があることが確認できます。

“Molecular Biology of the Cell”の横の11itemsをクリックして、書籍内部のBacteriorhodopsinに関する記載を見てみましょう。

まずは、11件の一覧が表示されます。

NCBI Conserved Domain ... Bacteriorhodopsin AND m...

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=books&doptcmdl=DocSum&term=B...

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。 その他のブックマーク

NCBI Bookshelf

All Databases PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy

Search Books for Bacteriorhodopsin AND mboc4[book] Go Clear Save Search

Limits Preview/Index History Clipboard Details

Display Summary Show 20 Send to

All: 11 Figures: 6

Items 1 - 11 of 11 One page.

☐ 1: [Bacteriorhodopsin Is a Proton Pump That Traverses the Lipid Bilayer as Seven Alpha Helices](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Membrane Structure → Membrane Proteins

☐ 2: [Drawing of the archaean *Halobacterium salinarum* showing the patches of purple membrane that contain bacteriorhodopsin molecules](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Membrane Structure → Membrane Proteins

☐ 3: [The three-dimensional structure of a bacteriorhodopsin molecule](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Membrane Structure → Membrane Proteins

☐ 4: [A general model for H⁺ pumping](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Energy Conversion: Mitochondria and Chloroplasts → Electron-Transport Chains and Their Proton Pumps

☐ 5: [Band 3 of the Red Blood Cell Is a Multipass Membrane Protein That Catalyzes the Coupled Transport of Anions](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Membrane Structure → Membrane Proteins

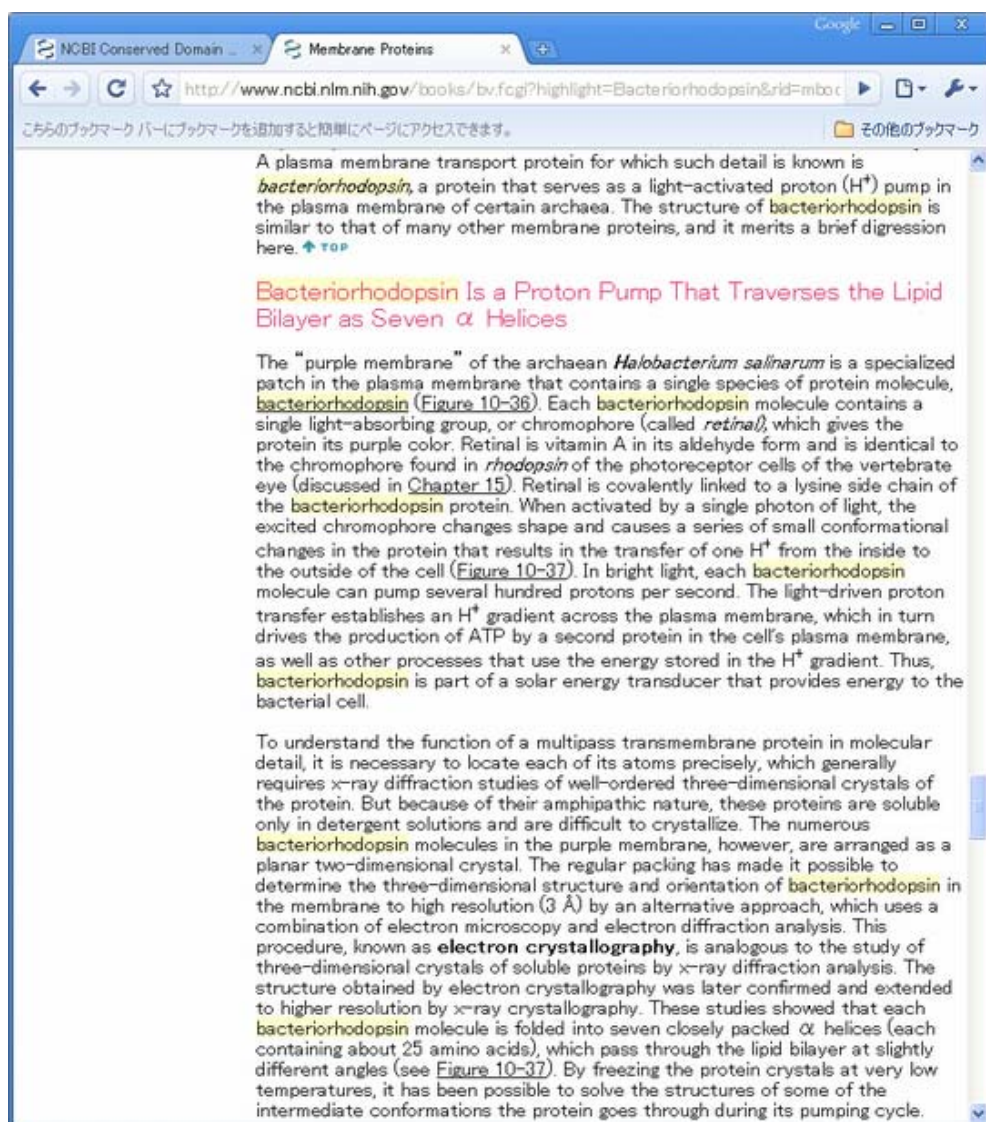
☐ 6: [Membrane-bound Enzymes That Synthesize ATP Are Transport ATPases Working in Reverse](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Membrane Transport of Small Molecules and the Electrical Properties of Membranes → Carrier Proteins and Active Membrane Transport

☐ 7: [Cells Can Confine Proteins and Lipids to Specific Domains Within a Membrane](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Membrane Structure → Membrane Proteins

Recent Activity

Your browsing acth...

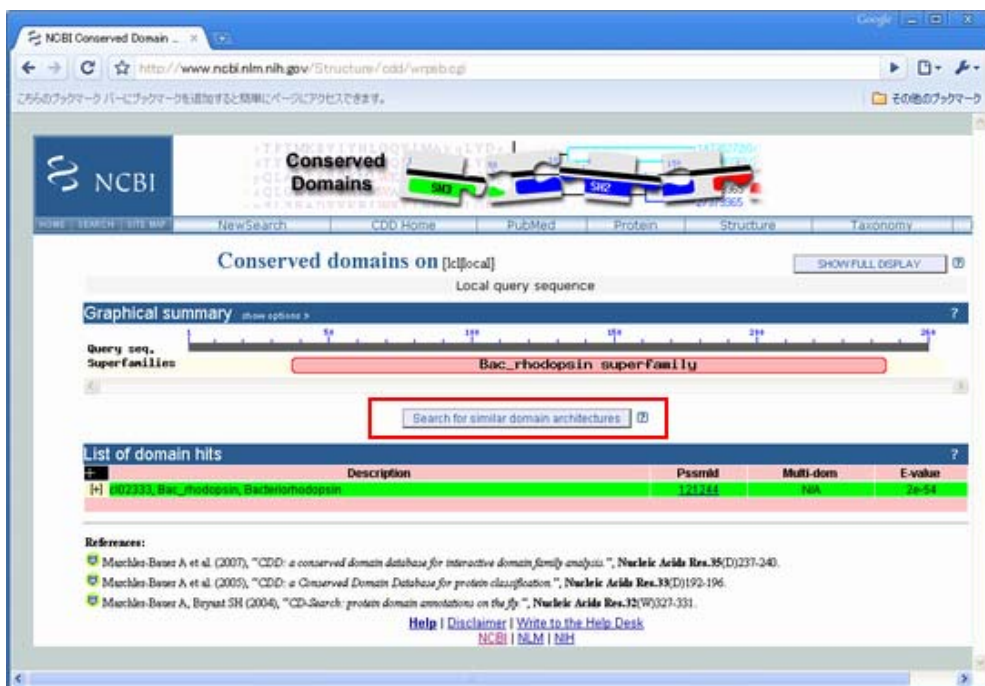
一件目をクリックしてその内容を見てみましょう。



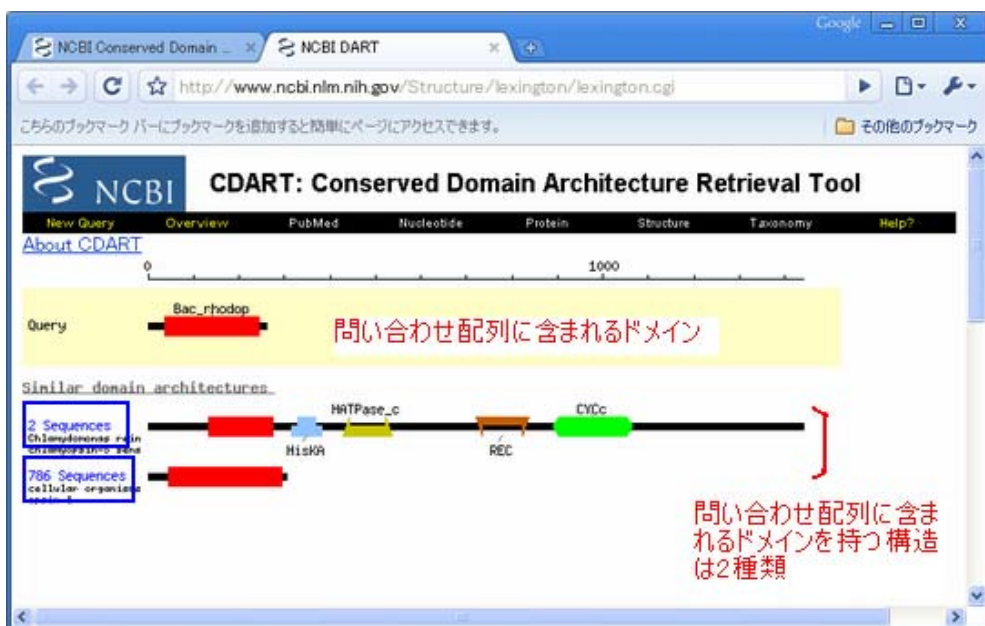
■ 解答1-2

同じドメインを持つ配列の取得

CD-Searchの結果画面に戻り、“Search for similar domain architectures” (図中赤四角) をクリックし、



この問い合わせ配列と同様なドメインを持つ配列を取得してください。



この画面では問い合わせ配列に含まれるのと同様なドメインを持つ配列が模式図として示されています。それらをまとめると2種類に大別でき、一つ目の構造を持つ配列は2本ですが、バクテリオロドプシンのドメインのみを持つ配列が786本あることが確認できます。

この786 Sequencesをクリックすると786配列分の模式図が表示されます。

NCBI Conserved Domain ... NCBI DART

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/lexington/lexington.cgi

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。 その他のブックマーク

NCBI CDART: Conserved Domain Architecture Retrieval Tool

New Query Overview PubMed Nucleotide Protein Structure Taxonomy Help?

About CDART

0 100 200 300

Query **Bac_rhodop**

Similar domain architectures

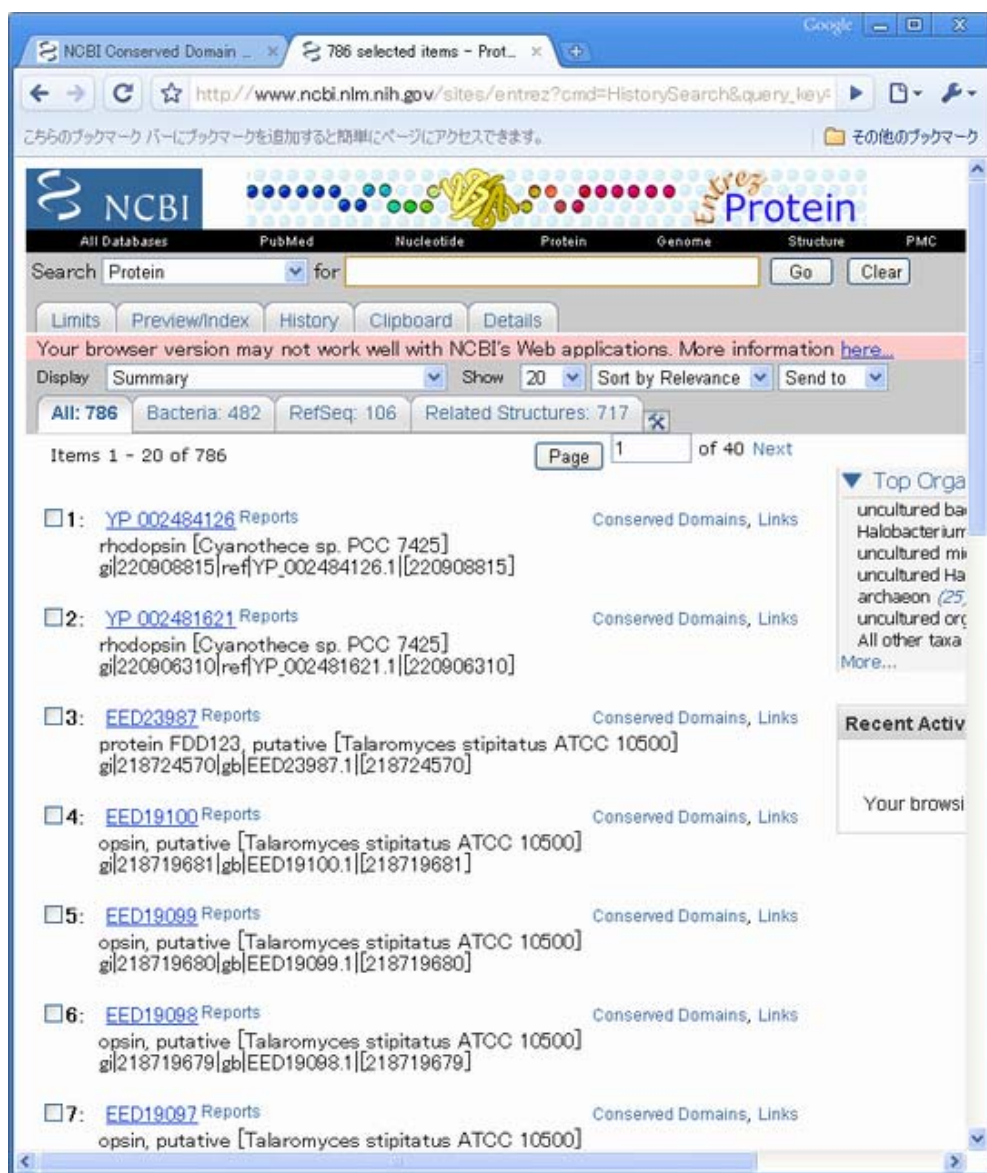
YP_002484126 Cyanobacterium sp. PCC rhodopsin		none
YP_002481621 Cyanobacterium sp. PCC rhodopsin		none
EED23987 Talaromyces stipit protein F00123, pu		none
EED19100 Talaromyces stipit opsin, putative		none
EED19099 Talaromyces stipit opsin, putative		none
EED19098 Talaromyces stipit opsin, putative		none
EED19097 Talaromyces stipit opsin, putative		none
YP_002379171 Cyanobacterium sp. PCC rhodopsin		none
ZP_03495873 Thermus aquaticus rhodopsin		none

[Look Up Sequences in Entrez](#)

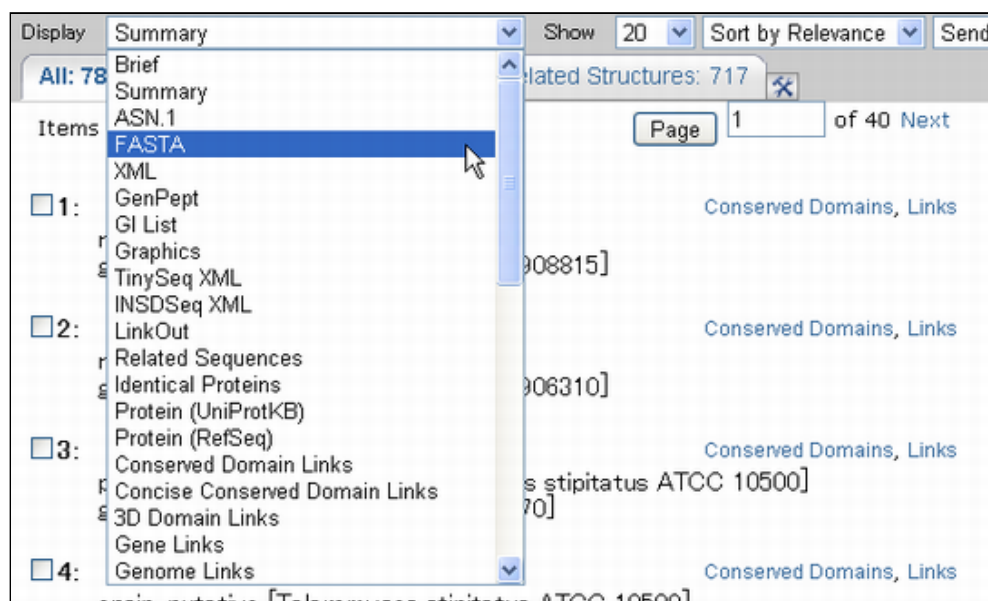
Result page: Previous 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 Next

Combination: opsin-1 [Neurospora crassa OR74A]
Taxonomy: [cellular organisms](#)

さらに画面の左下にある“Look Up Sequences in Entrez”（画面赤四角）を押すとこの786本分の配列情報をEntrezから得ることができます。



最後にDisplayオプションのプルダウンメニューを“FASTA”にすることで、



アミノ酸配列を表示することができます。

NCBI Conserved Domain ... NCBI Sequence Viewer v2.0

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?tool=portal&db=protein&te

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。 その他のブックマーク

NCBI Entrez Protein

PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy OMIM Books

Search Protein for Go Clear

Display FASTA Show 20 Send to

Item 1 - 20 of 786 page 1 of 40 Previous Next

1: YP_002484126. Reports rhodopsin [Cyanot...[gi220908815] BLINK, Conserved Domains, Links

>gi220908815|ref|YP_002484126.1| rhodopsin [Cyanotheca sp. PCC 7425'
MTVFWLWLGFGVMTSGAVLFQRAAYKAKTEQWQILLTLNFFICLIATTLYLAMILGQGFINAYDRPIYV..
RYLTWGLSTPLILLYITRLGSSLLLTASLIGADLFMTATGYVAAVSPVPINFIWYLVSCGAFVALFYLL
LRPYRVQAIQGHPRAKKAIQGLLSVQLALWTLPIVWILSKTGFNLLNPTLETISYTLDDLAAKVGFQFF
ALATLRKQERLGEMPORLEGVLR

Next sequence

2: YP_002481621. Reports rhodopsin [Cyanot...[gi220906310] BLINK, Conserved Domains, Links

>gi220906310|ref|YP_002481621.1| rhodopsin [Cyanotheca sp. PCC 7425'
MLAGSFVWFYAGLEAIAVYLAQLSRSPVGVPRCFYGLAIGISLWSQLMAVLLALGAGVVELGGGVISY..
RYLDCLIAITPGVLLSLQWTGMLTLRREKHLIHALLGMAGVMVFSSVMGDLSTSRACYLWYANSQVAFGA
MKVWVGLRRETAOLQSHPLMPSFYDCLAAYLTVSWGGYALVWVMGSAGWGVIDPTQEAFLCLLSFAGQT
GFLFLNLYGLRRNLRLRLRLAR

Previous sequence Next

3: EED23987. Reports protein FDD123, p...[gi218724570] BLINK, Conserved Domains, Links

>gi218724570|gb|EED23987.1| protein FDD123, putative [Talaromyces st
MEIFPRGNDALNVNPPVGVTEALSCHGSDULWAVTAIYIVAFFFTLIPCFTTPESDRVFHYLLTMTLL..
SVTYFAQASDLGWISLEDSNTTROIIFYARYINWAVLFPSWALALGLLSGVSWTTIILNIFCAWYVLTYL
VCALYSTDYKNGFFFTGFAYIILANSTLNESEAAERLGIIVROYMTLSVIVNVLWICYPIAFGLSDGGN
VIRVTGGVFVFGVLDVLLGPVACSLFVVMTRKWDYKKNLATSEARYPLPETAKEPALIEGARTEA

Previous sequence Next

4: EED19100. Reports opsin, putative [...[gi218719681] BLINK, Conserved Domains, Links

>gi218719681|gb|EED19100.1| opsin, putative [Talaromyces stipitatus
MNADVEGGSRLLHTLTALITTVSFLSYLAMATGEGVTYKHSIVHHPKHVPDTHOEYLRGIFWVRYLNV..
ITPTLILINIALGGLNGANLVVAISADLIMFAAGLTATFSDERRVWYITITIAFLTIVGFGVNGGAR
SVRRGADQHRALFTSFAGANLLVFLLYPIILAA SPLSORSVDAETVAVAIHDIITQGIFGYWLLGHDS
SETGOLFVDFGFWNGINHEGAIRVGENDGV

Previous sequence Next

5: EED19099. Reports opsin, putative [...[gi218719680] BLINK, Conserved Domains, Links

>gi218719680|gb|EED19099.1| opsin, putative [Talaromyces stipitatus
MAISALAFYTLAARVRSRLLHTLTALITTVSFLSYLAMATGEGVTYKHSIVHHPKHVPDTHOEYLF..
...

Previous sequence Next

■ 解答1-3

同じドメインを持つ配列の立体構造表示

CD-Searchの検索結果ページに戻り、ドメインを示している図中の赤四角をクリックしてください。

NCBI Conserved Domain Search results for a local query sequence. The graphical summary shows a protein sequence with a red box highlighting the 'Bac_rhodopsin super-family' domain. Below the summary is a table of domain hits, with the first entry 'd02333, Bac_rhodopsin, Bacteriorhodopsin' highlighted in green.

Description	Dsmid	Multi-dom	E-value
d02333, Bac_rhodopsin, Bacteriorhodopsin	121244	NA	2e-54

すると、今クリックしたドメインの詳細な情報が表示されます。表示されていた“Bacteriorhodopsin”は Superfamilyで、その下のクラスとして pfam01036 と COG5524 が含まれることが分かります。

d02333: Bac_rhodopsin, with user query added Super-family

Bacteriorhodopsin

Links

Taxonomy: cellular organisms
 PubMed: 1 link
 Protein: Related Protein
 Related Structure

Superfamily

pfam01036 COG5524

Statistics

Accession: d02333
 PSSM Id: 121244
 Name: Bac_rhodopsin
 Created: 8-Feb-2008
 Updated: 25-Nov-2008

pfam01036をクリックしてください。

これにより、pfam01036ドメインを含んだ代表的な10本のアミノ酸配列と問い合わせ配列のマルチプルアライメントが表示されます。

(注：本来はこの際にユーザが投入した問い合わせ配列が引数として以下のページに渡されるはずですが、現在渡らない状況となっています。この解説では、渡されたものとして各ページを紹介していきます。)

NCBI CDD pfam01036

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cddsrv.cgi?db=pfam01036&type=2&uid=121244&query=MDP1A1

Conserved Domains

pfam01036: Bac_rhodopsin, with user query added

Bacteriorhodopsin

Links ?

Statistics ?

Structure ?

PubMed References

Electron-crystallographic refinement of the structure of bacteriorhodopsin. *J. Mol. Biol.* 1998; **284**: 427-427

pfam01036 is a member of the superfamily cl02333.

Sequence Alignment

Reformat: Format: Hypertext Row Display: up to 10 Color Bits: 2.0 bit Type Selection: top listed sequences

1GU8_A
query
gi 1168614
gi 114812
1TNO_6
gi 60391639
gi 2493367
gi 2493366
gi 461609
gi 2493363

10 20 30 40 50 60 70 80

4 LTTTLFWLGAIGMLVGTAFVWLRDAGSGERRYYVTLVGSIGIAAVVYVVMALGV
21 etlwlgi gtl llligt FYFIVK GWTDKEAREYYSITILVPGIASAAYLSMFFGI
4 ITTWFTLGLLGELLGTAVLAYG-YTLVPEETRKRYLLLIATPGIAIYAYALMALGF
4 VATAYLGGAVALLVGVAFVWLLYRSLDGSPhQALAPLAIIPVFAGLSYVGMAYDI
9 EWIWLAGTALMGLTLYFLVKMGVSDPAKkFYAITTLVPPIAFMYLSMLLG
21 ETLWLGITGLLMLLIGTFYFVWTDKEAREYYSITILVPGIASAAYLSMFFGI
14 EDIPLWGTAGMLVFIARVSDGSPhQALAPLAIIPVFAGLSYVGMAYDI
7 EATWLAGTALMGLTLYFLVKMGVSDPAKkFYAITTLVPPIAFMYLSMLLG
34 LASSLVNIALAGVLLFVWTDKEAREYYSITILVPGIASAAYLSMFFGI
29 LNSIIVNIALAGVLLFVWTDKEAREYYSITILVPGIASAAYLSMFFGI

90 100 110 120 130 140 150 160

69 FAPRYIDWLTPLVYVFLLAGSREYGVITLNTVWLAGSAGVYDIERVAFVWVAFVLLVYL
91 YVARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
69 YVARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
91 YVARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
70 VLARYIDWLTPLVYVFLLAGSREYGVITLNTVWLAGSAGVYDIERVAFVWVAFVLLVYL
79 VLARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
91 YVARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
84 YVARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
77 YVARYADLFTPLLLDLALLAVGVSYIGLVGVNLMITVGLVGLSHPLARYTWLFSTOMVLYYL
110 PGRVLTALSTPMLIAYGLLAGENTKLTAVVADIGMGTGLAALITsHLLRWVYVIGISCAFFVAVLYL
105 PGRVLTALSTPMLIAYGLLAGENTKLTAVVADIGMGTGLAALITsHLLRWVYVIGISCAFFVAVLYL

“Row Display”プルダウンメニューを操作し、“up to 5”を選択して表示されるアライメントを5本にします。

Sequence Alignment

Reformat: Format: Hypertext Row Display: up to 10 Color

up to 5

up to 10

All 15 rows

10 20 30

1GU8_A
query
gi 1168614
gi 114812
1TNO_6

4 LTTTLFWLGAIGMLVGTAFVWLRDAGSGERRYYVTLVGSIGIAAVVYVVMALGV
21 etlwlgi gtl llligt FYFIVK GWTDKEAREYYSITILVPGIASAAYLSMFFGI
4 ITTWFTLGLLGELLGTAVLAYG-YTLVPEETRKRYLLLIATPGIAIYAYALMALGF
4 VATAYLGGAVALLVGVAFVWLLYRSLDGSPhQALAPLAIIPVFAGLSYVGMAYDI
9 EWIWLAGTALMGLTLYFLVKMGVSDPAKkFYAITTLVPPIAFMYLSMLLG

まず、Download Cn3Dと書かれた箇所をクリックします。

すると、NCBI Structureのページへ移動します。

The screenshot shows the NCBI Structure homepage in a web browser. The browser's address bar displays the URL <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3d.shtml>. The page features a navigation bar with links to PubMed, Entrez, BLAST, OMIM, Books, TaxBrowser, and Entrez Structure. Below this is a search bar labeled "Search Entrez" with "Structure" entered and a "Go" button. On the left side, there is a vertical menu with links to "Cn3D 4.1 Homepage", "Cn3D Tutorial", "Cn3D FAQ", "Cn3D Install", "MMDB", "VAST", "VAST Search", and "Research". The main content area has a heading "Download Cn3D 4.1 for PC, Mac and Unix" which is highlighted with a red rectangular box. Below this heading, there is a paragraph describing Cn3D as a web browser helper application for viewing 3D structures. Further down, there is a screenshot of the Cn3D 4.1 application window showing a 3D protein structure and a panel titled "CDD Descriptive Items" with details about the WD40 domain. At the bottom of the page, there are buttons for "New", "Highlight", "Move Up", "Edit", "Delete", and "Move Down".

上部にある“Download”Cn3D 4.1と書かれた箇所をクリックして Cn3Dのダウンロード画面へ移動します。

NCBI Structure Viewer Ins... x

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/Cn3D/cn3dinstall.shtml

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。 その他のブックマーク

NCBI Structure

PubMed Entrez BLAST OMIM Books TaxBrowser Entrez Structure

Search Entrez Structure for Go

Cn3D 4.1 Homepage

Cn3D Tutorial

Cn3D feature highlights

Cn3D FAQ

Frequently Asked Questions

Cn3D Install

Installation and Configuration

MMDB

NCBI's structure database

VAST

Structure comparisons

VAST Search

Submit structure database searches

Research

Research topics and staff

Installing the Cn3D 3-D Structure Viewer

Select your operating system:

- Windows
- Macintosh
- Unix

該当するOSを選択

Once you have installed the program files for your platform, follow the instructions below to set up your browser to launch Cn3D from the NCBI web pages (if not already done by the installer).

Configuring Your Browser

NCBI's web servers send data to Cn3D using the MIME type **chemical/ncbi-asn1-binary**. So in order to launch Cn3D properly, you need to configure your browser so that it knows where Cn3D is and that it should use Cn3D when it receives a file of type **chemical/ncbi-asn1-binary**. General instructions on setting this up in the common web browsers follow below.

To test whether your configuration is working, click on the image below, which should launch Cn3D 4.1 and should show a structure and viewpoint very like what's shown in this image:



[Click here to test Cn3D 4.1!](#)

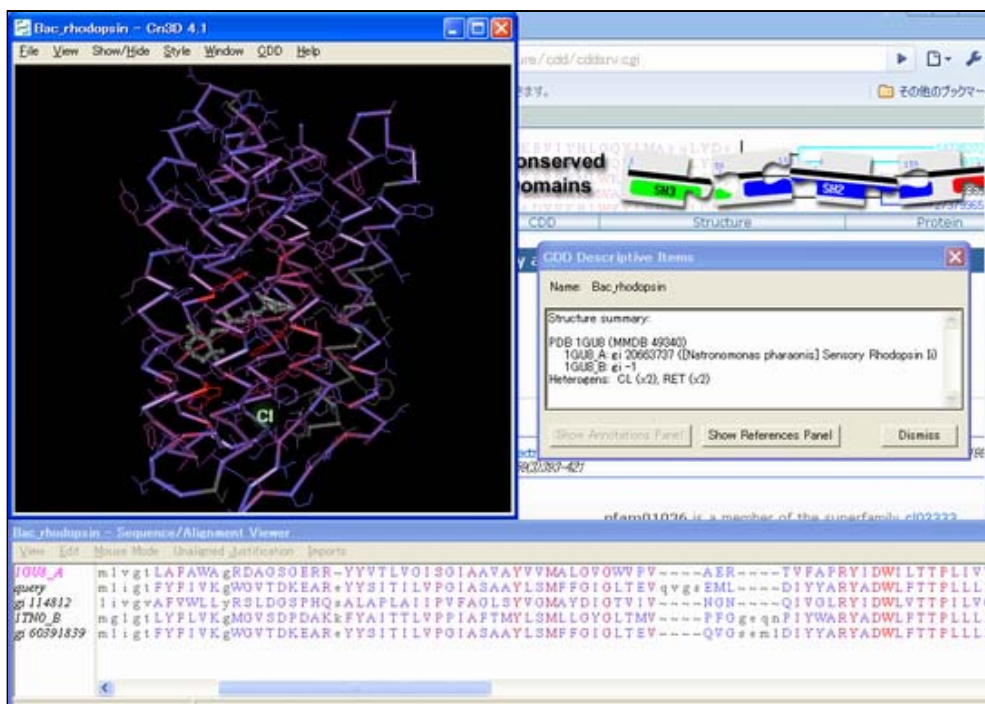
Self-Configuration

Some browsers will let you choose an application when opening up a new MIME type. Try clicking on the image above, and if your

するとインストールするコンピュータのOSを聞かれますので、該当するOSの部分をクリックし、その先はOSごとに書かれた指示に従ってCn3Dをインストールしてください。

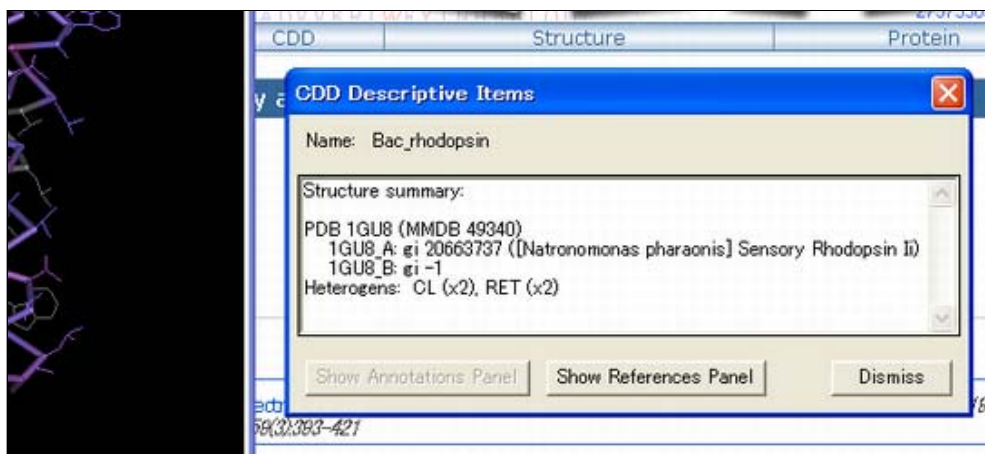
Cn3Dを用いた立体構造の表示

正しくCn3Dがインストールされている場合には、問い合わせ配列を含むマルチプルアライメントの結果が3次元モデルのテンプレート上に重ねられた形で表示されます。

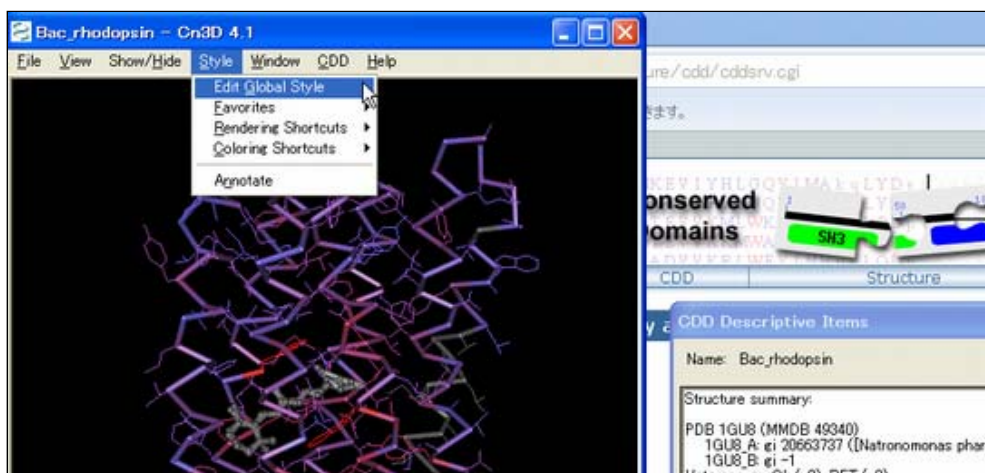


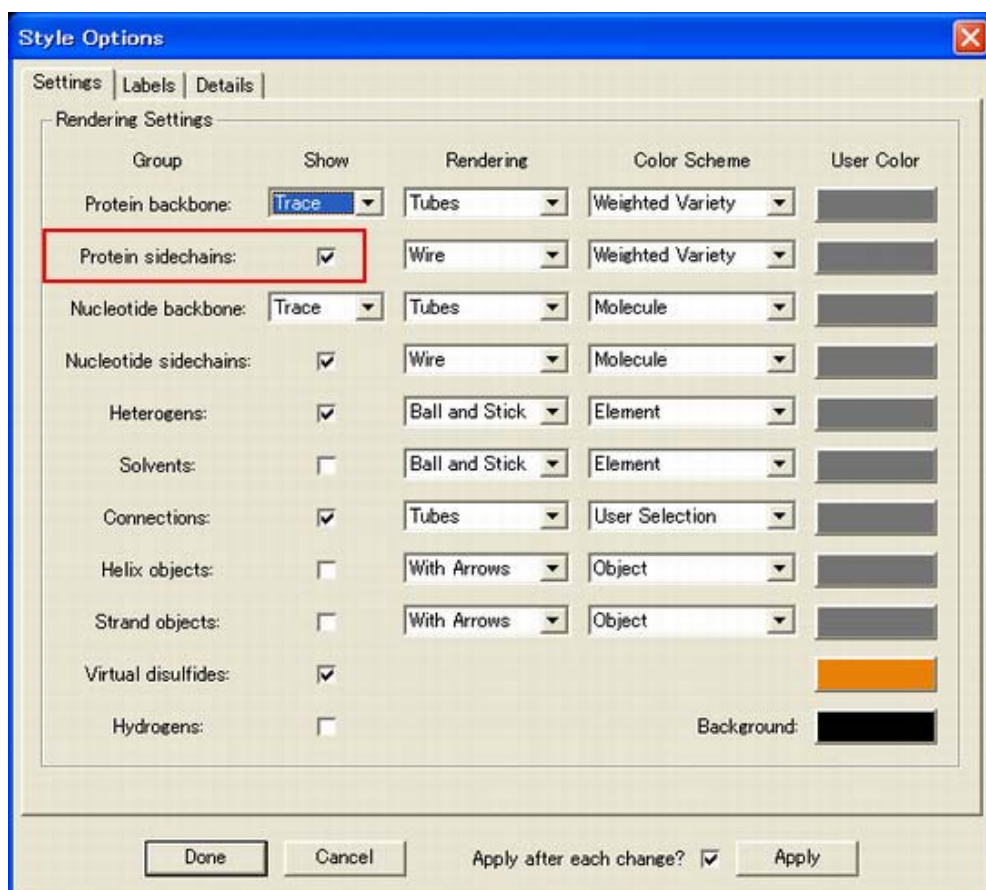
図中紫で太く示されているのがテンプレートとなっている配列で Sequence/Alignment Viewerの一番上に表示されている1GU8_Aであることがわかります。

このエントリに関する詳細な情報は、CDD Descriptive Itemsという別画面に表示されていて、それによるとPDBに1GU8として登録されている *Natronomonas pharaonis*のSensory Rhodopsin IIであることがわかります。

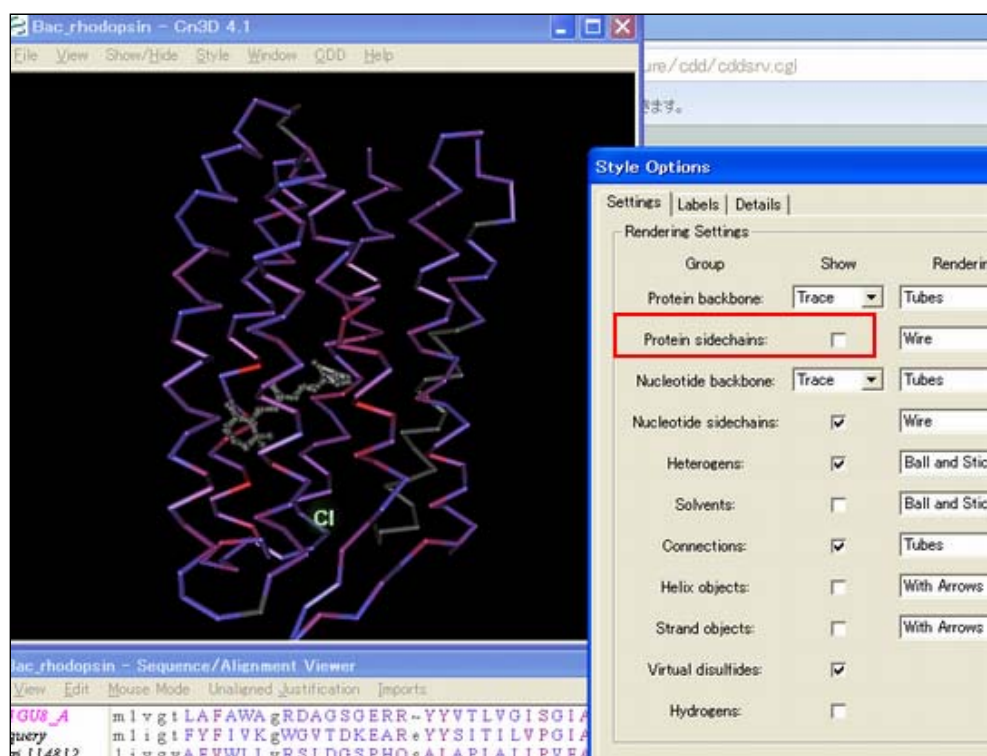


見やすくするためにStyleからメニューでEdit Global Styleを選んで表示オプション画面を表示させてください。



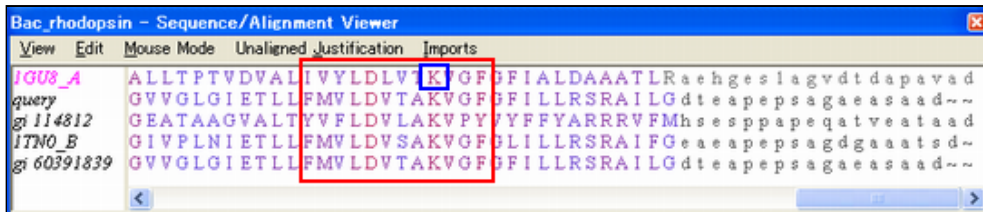


その中からProtein sidechainsの表示に関するチェックボックスを外すことで側鎖の表示を消してください。

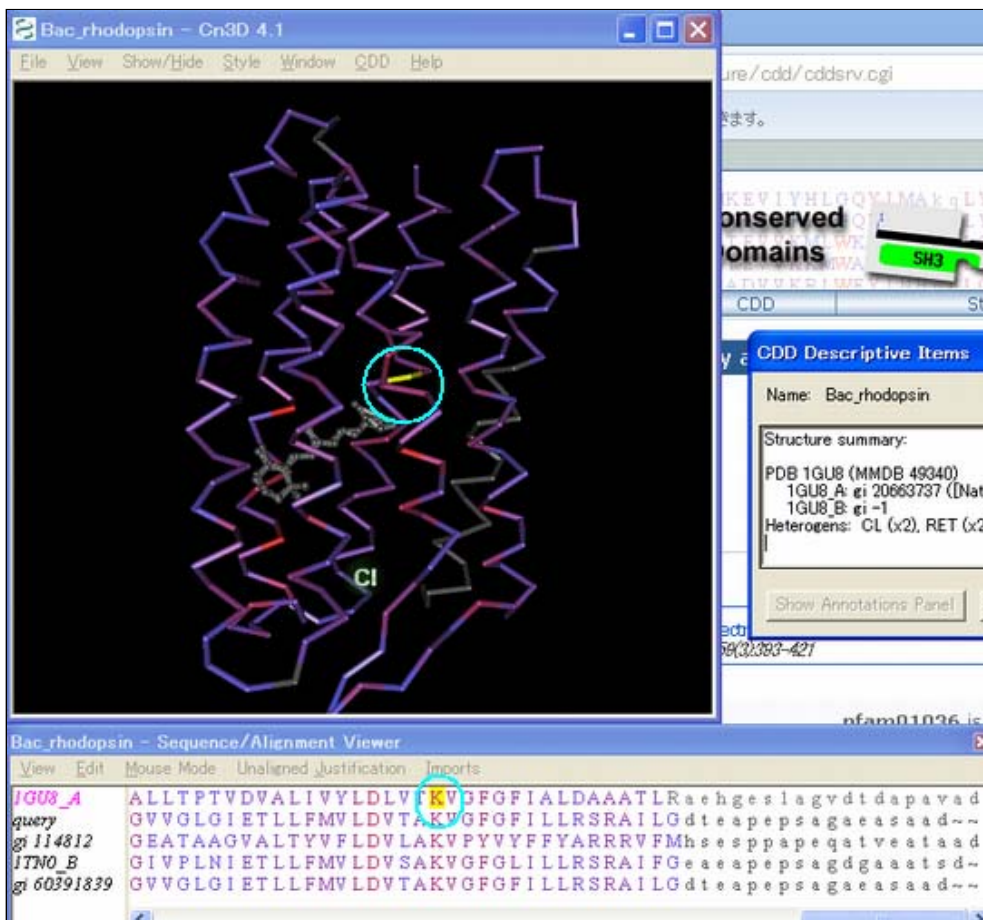


主鎖だけが表示されるようになります。

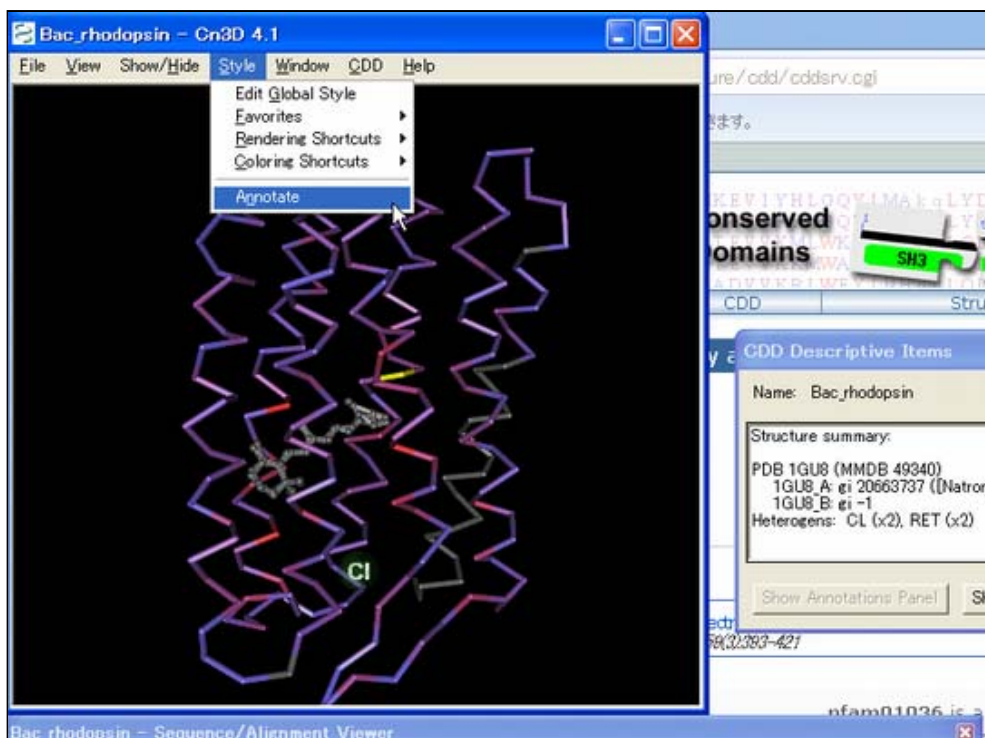
下図中赤で囲んだ領域に示されるようにこれらの配列の下流部分には、 FMVLDVTAKVGFというバクテリオロドプシンに共通な配列部分が存在します。



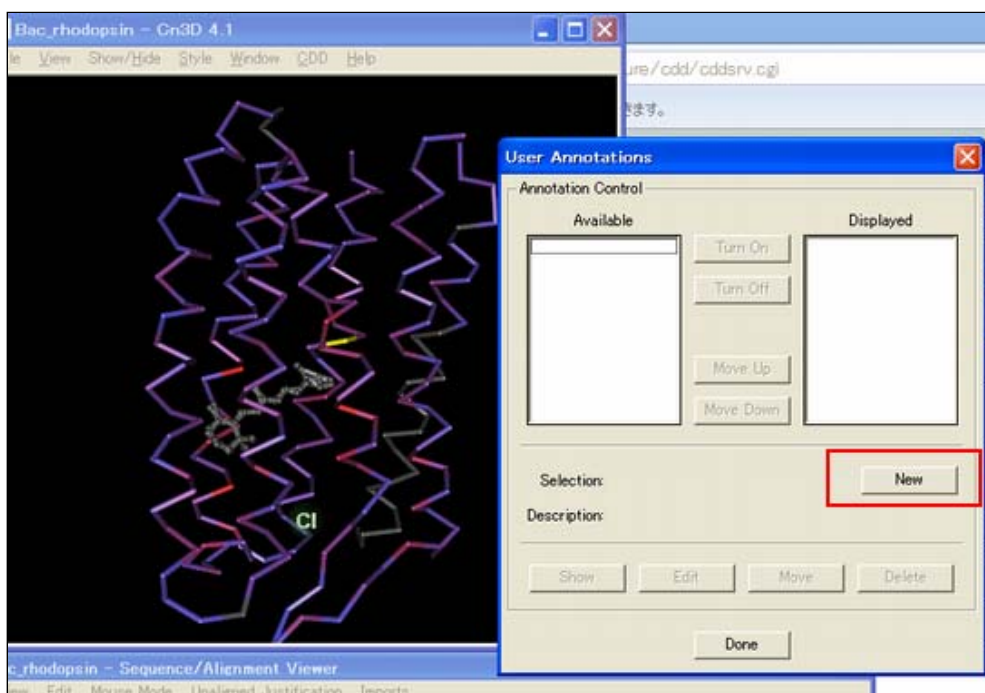
レチナル結合部位であるリジン(K)を3次元構造上で確かめるためにテンプレートとなっている1GU8_A上のKをダブルクリックしてください。(図中青四角で示しています。)すると3次元構造ビューア上で黄色くハイライトされていることが確認できます(図中水色の○で囲まれた箇所)。



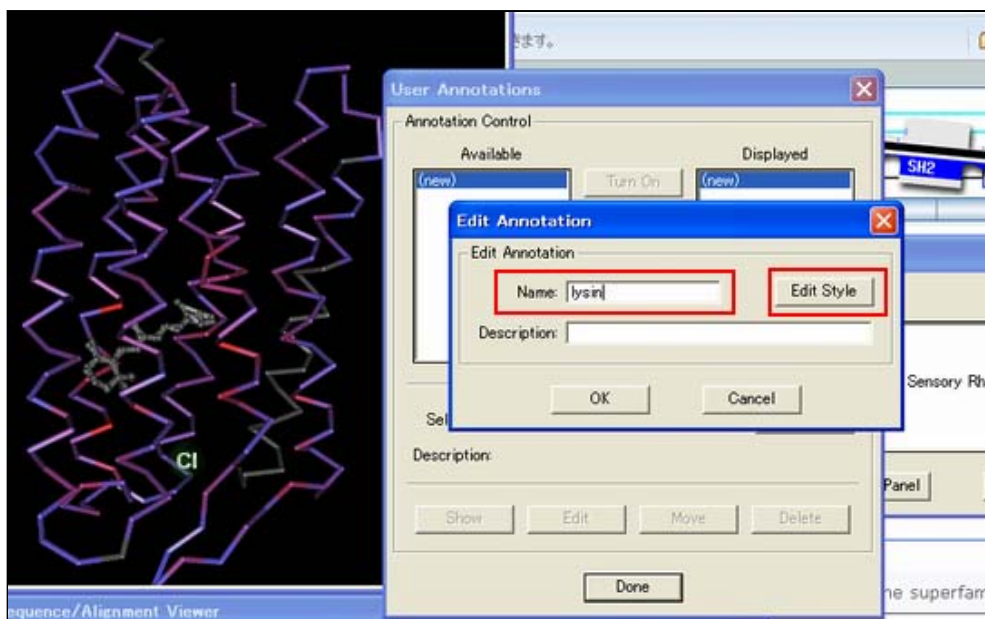
この残基をより目立たせるために側鎖を含めてハイライト表示させることにしましょう。まず、メニューからStyleを選択し、その中のAnnotateを選択します。



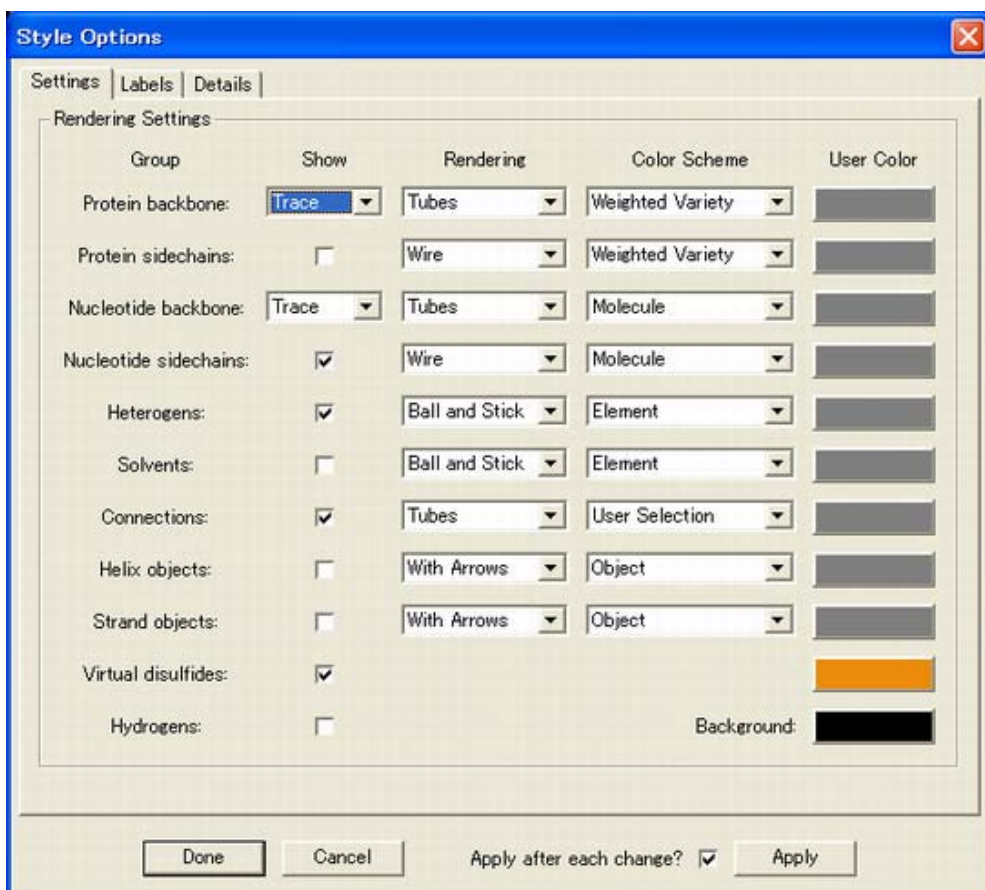
するとユーザ定義に基づいた表示オプションの設定画面が立ち上がりますのでその中からNewを選択して新しく定義づけを行います。



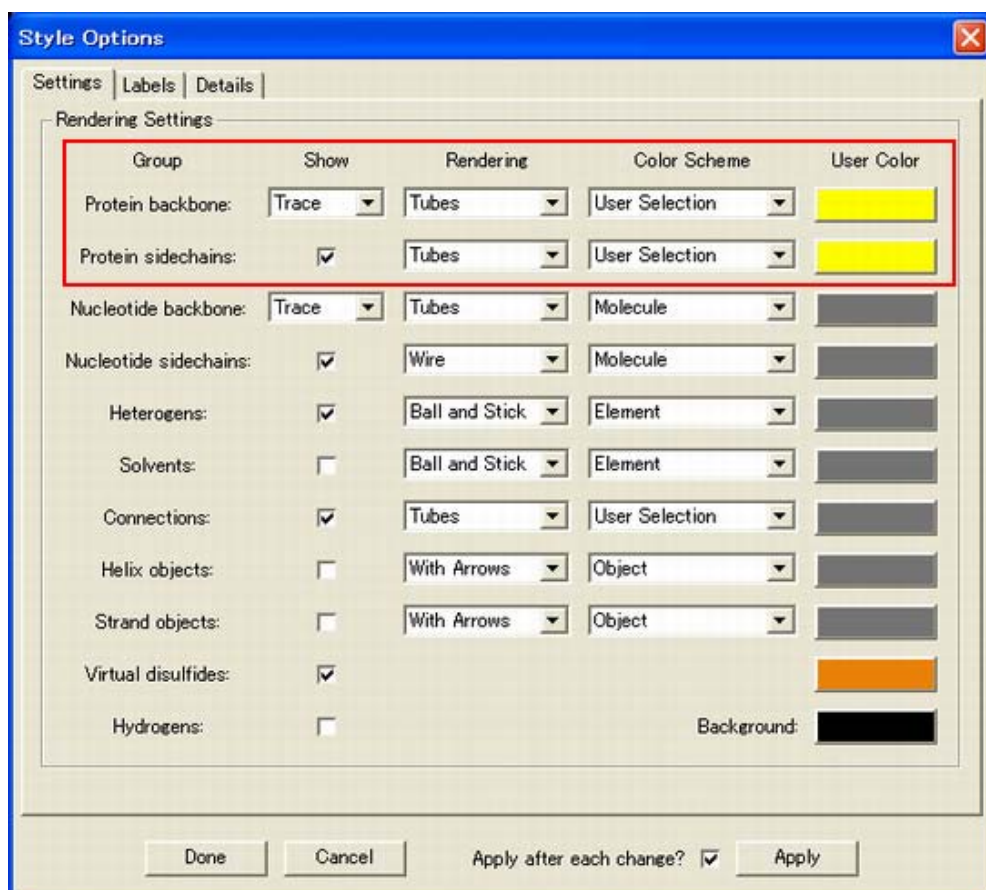
新しく設定する定義に名前をつけるように促されますので適当な名前（ここではlysinとしました）をつけて、Edit Styleボタンをクリックします。



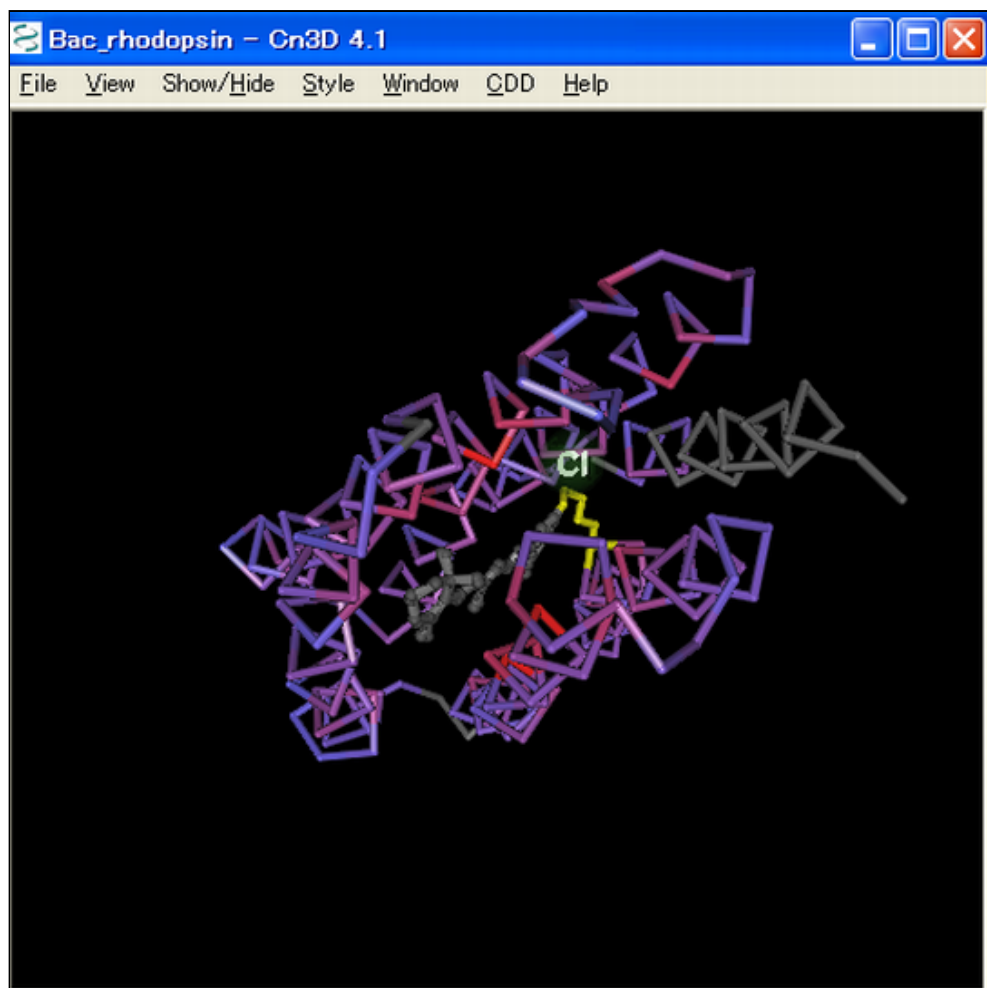
Style設定画面が立ち上がります。



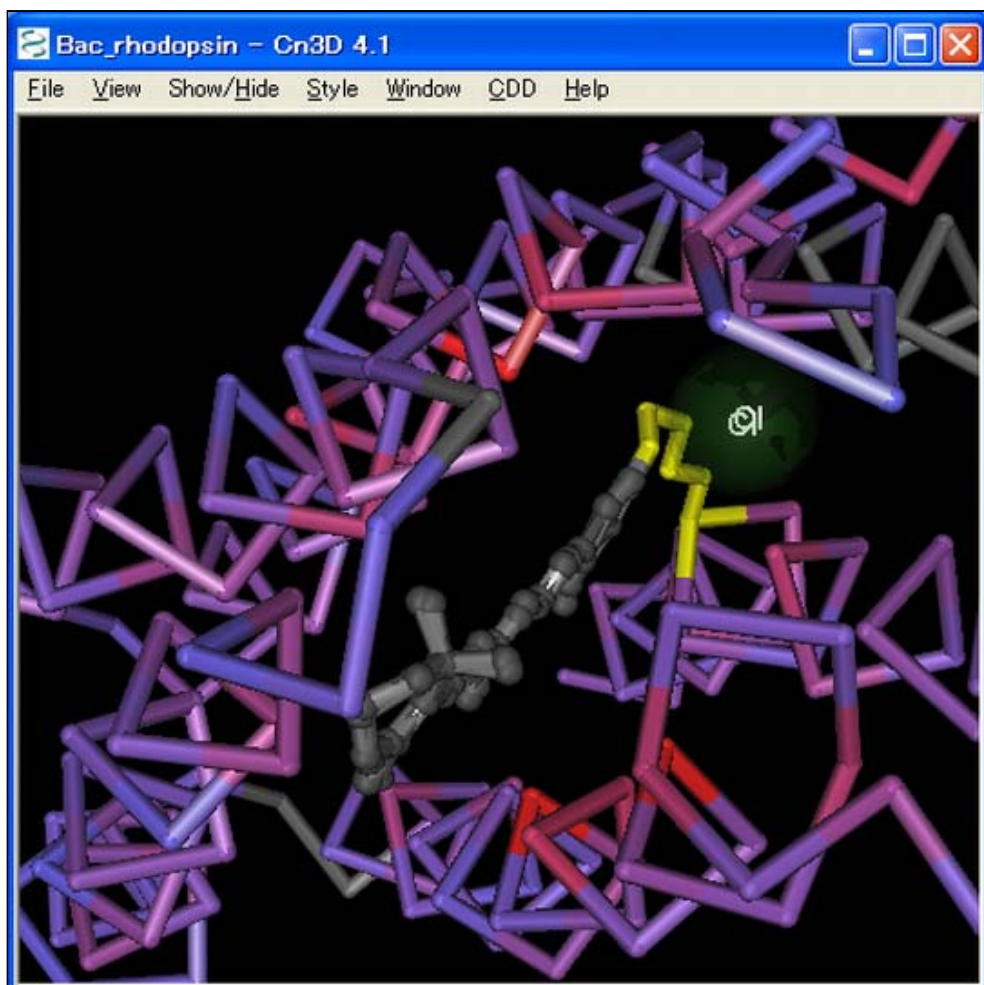
残基の主鎖および側鎖をハイライトさせるためにProtein back boneについてRenderingをTubes、Color SchemeをUser Selection、User Colorを黄色に、同様にProtein sidechainsも設定し Showをチェックします。



最後にDoneを押してこの画面を閉じ、Edit Annotation, User Annotationの画面も閉じます。
3次元ビューアでこのリジンがハイライトされていることがわかります。



キーボードのzを押してズームインしてその構造をよく確認してください。そのリジンのそばにCで表されたCl分子があることが確認できます。



■ 解答1-4

データベースに含まれる配列と類似構造の配列を取得する

CD-Browserで表示されている1GU8_Aをクリックしてください。

Sequence	Residue	Sequence
1GU8_A	4	LTTFLWLGAIGMLVGT
query	21	etlwlzigtllmigt
gi 114812	4	VATAYLGGAVALLVGVAFVWLL
1TNO_B	9	EWIWLAGTALMGLTLYFLVK
gi 60391839	21	ETLWLGIGTLLMLIGTFYFIVK
1GU8_A	75	DWILTTLIVYFLGLLAGLDSREFGIVITLNTVVMLAGFAGAMVP-GIERVALFGM

表示された1GU8_Aエントリの右上に示されたLinksをクリックし（赤○）、表示されるプルダウンメニューからRelated Structure（青四角）を選択してください。

PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy OMIM Books

Search Protein for 1GU8A Go Clear

Display GenPept Show 20 Send to

Range: from begin to end Features: ☒ CDD + Refresh

1: 1GU8_A Reports Chain A, Sensory Rhodopsin II. [gi20663737]

Comment Features Sequence

LOCUS 1GU8_A 239 aa linear BCT 17-JUL-2008

DEFINITION Chain A, Sensory Rhodopsin II.

ACCESSION 1GU8_A

VERSION 1GU8_A GI:20663737

DBSOURCE pdb: molecule 1GU8, chain 65, release Jan 24, 2002; deposition: Jan 24, 2002; class: Photoreceptor; source: Mol_id: 1; Organism_scientific: Natronomonas Pharaonis; Organism_common: Natronobacterium Pharaonis; Expression_system: Escherichia Coli; Exp. method: X-Ray Diffraction.

KEYWORDS

SOURCE Natronomonas pharaonis

ORGANISM Natronomonas pharaonis

REFERENCE 1 (residues 1 to 239)

AUTHORS Edman,K., Royant,A., Nollert,P., Maxwell,C.A., Pebay-Peyroula,E., Navarro,J., Neutze,R. and Landau,E.M.

TITLE Early structural rearrangements in the photocycle of an integral membrane sensory receptor

JOURNAL Structure (Camb) 10 (4), 473-482 (2002)

PUBMED 11937052

REFERENCE 2 (residues 1 to 239)

AUTHORS Edman,K., Royant,A., Nollert,P., Maxwell,C.A., Pebay-Peyroula,E., Navarro,J., Neutze,R. and Landau,E.M.

BLINK, Conserved Domains, Links

Identical Proteins

Related Structures

Related Sequences

Domain Relatives

PubMed

Taxonomy

LinkOut

1GU8と類似の立体構造既知の配列が表示されていることが確認できます。

NCBI Related structure se...

http://structure.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/blast/blast.cgi?client=entrez&query=gi20663737

このウェブページは、NCBIのデータベースから取得されたデータに基づいて生成されています。

NCBI

Related Structures

Structures related to [gi20663737] Chain A, Sensory Rhodopsin II

5 Low redundancy structures identified

View Low redundancy sequences, sort by BLAST E-value and display as graphic at 20 sequences per page

Jump to page 1 of 1

Query seq

Protein Families

Superfamilies

Structures

1GU8_n

2F93_n

3C0C_n

3C0D_n

1C3W_n

Bac_rhodopsin superfamily

E-value

1e-125

1e-125

1e-27

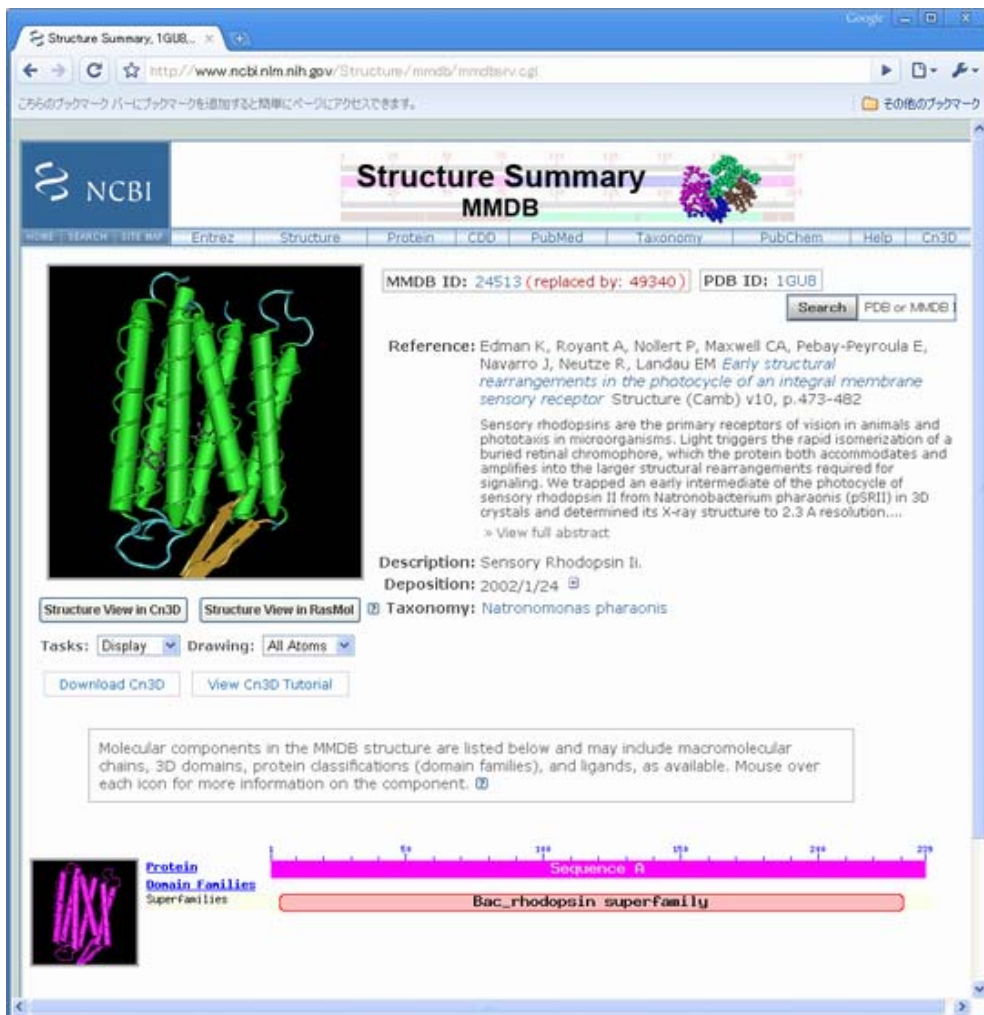
1e-26

1e-24

References:

Thompson J, et al. (1998) The structure of the bacteriorhodopsin transducer domain. Nature 394: 772-776.

画面中1GU8と書かれた左横の絵をクリックしてください。（現状、図がうまく表示されていないようです）



1GU8に含まれる構造ドメインの情報が表示されているのが確認できます。

(ここより先の課題は、エントリが課題設定当初と変わってしまったために回答が存在しません。)

解答・解説2

■ 解答2-1

CD-Searchの利用2

問題に示されたリンクあるいは、NCBIのトップページ上部にあるメニューから Structureを選択し、その次のページからCDDを選択することで、CDDのトップ画面に移動します。 上部のテキストボックスに課題中に示されたアミノ酸配列を入力し、ドメイン探索を実行します。



すると下図のような検索結果が得られます。

NCBI Conserved Domain ...

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi

このページのブックマーク: このページのブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

その他のブックマーク

Conserved Domains

Conserved domains on [g|2851597|sp|P25848|PHY1_CERPU]

Local query sequence

SHOW FULL DISPLAY

Graphical summary

Query seq.

Specific hits

Superfamilies

Multi-domains

Search for similar domain architectures

List of domain hits

Description	Posmid	Multi dom	E-value
H g00182 P15C_P15C_P15C_Protein tyrosine kinase (PTK) family, catalytic domain. This PTK family is part...	28314	no	2e-49
H pfam00360 Phytochrome, Phytochrome region	109420	NA	8e-107
H COG4251 COG4251, Bacteriophytochrome (light-regulated signal transduction histidine kinase) (Signal...	33974	yes	1e-87
H pfam00069 Kinase, Protein kinase domain	109137	yes	5e-60

References:

Marchler-Bauer A et al. (2007), "CDD: a conserved domain database for interactive domain family analysis.", *Nucleic Acids Res.* 35(D):237-240.

Marchler-Bauer A et al. (2005), "CDD: a Conserved Domain Database for protein classification.", *Nucleic Acids Res.* 33(D):192-196.

Marchler-Bauer A, Bryant SH (2004), "CD-Search: protein domain annotations on the fly", *Nucleic Acids Res.* 32(W):327-331.

[Help](#) | [Disclaimer](#) | [Write to the Help Desk](#)
[NCBI](#) | [MLM](#) | [MH](#)

このエントリーには多くのドメインが含まれますが、右上部の"Show Full Display"ボタンを選択することですべてのドメインが表示されます。

NCBI Conserved Domain Search results for a multi-domain protein. The interface shows a list of domain hits on the left and a list of superfamilies on the right.

List of domain hits

Accession	Description	PSSM ID	Multi-dom	E-value
H000192	PTKc, PTKc: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, catalytic domain. This PTKc family is part...	88314	no	2e-4
H000193	S_TKc, Serine/Threonine protein kinases, catalytic domain. Phosphotransferases of the serine...	29142	yes	2e-4
H000194	PTKc_Src_1like, PTKc_Src_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Src kinase subfamily, catalytic (c)...	88317	no	1e-3
H000195	PTKc_Frk_1like, PTKc_Frk_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Human Fyn-related kinase (Frk) and...	88351	yes	1e-3
H000196	PTKc_Srm_1like, PTKc_Srm_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Src-related kinase lacking C...	88400	yes	2e-3
H000197	PTKc_Syk_1like, PTKc_Syk_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Spleen Tyrosine Kinase (Syk)...	88343	no	5e-3
H000198	PTKc_Jak_rpt2, PTKc_Jak_rpt2: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Janus kinase (Jak) subfamily...	88321	yes	1e-3
H000199	PTKc_c-ros, PTKc_c-ros: Protein Tyrosine Kinases (PTK) family, C-ros and Drosophila Sevenless...	88327	yes	1e-3
H000200	PTKc_Tec_1like, PTKc_Tec_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Tec subfamily, catalytic (c)...	88342	yes	2e-3
H000201	PTKc_EGFR_1like, PTKc_EGFR_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Epidermal Growth Factor Receptor (E...	88340	yes	2e-3
H000202	PTKc_Fes_1like, PTKc_Fes_1like: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Fes subfamily, catalytic (c)...	88324	yes	5e-3
H000203	PTKc_ALK_LTK, PTKc_ALK_LTK: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Anaplastic lymphoma kinase (ALK)...	88319	yes	2e-2
H000204	PTKc_Lck_Btk, PTKc_Lck_Btk: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Lck and Btk kinases; catalytic (c)...	88350	no	2e-2
H000205	PTKc_Csk_D, PTKc_Csk_D: Protein Tyrosine Kinase (PTK) family, Csk and Dsk kinases; catalytic (c)...	88318	no	4e-3

Superfamilies

- multi-domains
- COG4251
- PAS_2
- Protein kinase superfamily
- PTKc_Csk_1like
- PTKc_DDR
- PTKc_Abl
- PTKc_Ack_1like
- PTKc_Fer
- PTKc_Itk
- PTKc_Fyn_Yrk
- PTKc_Musk
- PTKc_EphR_A
- PTKc_Syk
- PTKc_FAK
- PTKc_Lyn
- PTKc_Jak2_Jak3_rpt2
- PTKc_Met_Ron
- PTKc_Ror1
- PTKc_Zap-70
- PTKc_EphR_A2
- PTKc_PDGFR
- PTKc_Trk
- PTKc_EphR_B
- PTKc_RET
- PTKc_Chk
- PKc_like superfamily
- Pkinase
- Pkinase_Tyr
- TyrKc
- S_TKc
- SPS1

セリン/スレオニン キナーゼを初めとして多くのドメインが問い合わせ配列に含まれていることが確認できます。

NCBI Bookshelfの利用2

このセリン/スレオニン キナーゼに関するより詳しい情報をNCBI Bookshelfを使って調べましょう。問題に示されたリンクあるいは、NCBIのトップページ左にあるメニューから Literatureを選択し、その次のページから Bookshelfを選択することで、NCBI Bookshelfのトップページに移動します。上部の検索ボックスに“Serine/Threonine protein kinases”と入力し探索を実行してください。その結果をクリックしていくことで書籍内部のSerine/Threonine protein kinasesに関する記事を読むことができますようになります。

Google

Serine/Threonine protein k... x

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。 その他のブックマーク

NCBI Bookshelf

All Databases PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy

Search Books for Serine/Threonine protein kinases Go Clear Save

Limits Preview/Index History Clipboard Details

Display Books Show 20 Send to

All: 152 Figures: 7

42 items in Eureka Bioscience Collection
 Chapters taken from the Eureka Bioscience database.
 Eureka.com and Landes Bioscience; c2003

20 items in Molecular Biology of the Cell
 Alberts, Bruce; Johnson, Alexander; Lewis, Julian; Raff, Martin; Roberts, Keith; Walter, Peter
 New York and London: Garland Science; c2002

13 items in WormBook: The Online Review of C. elegans Biology
 The C. elegans Research Community, editors
 Pasadena (CA): WormBook; c2005

13 items in Cancer Medicine
 Kufe, Donald W.; Pollock, Raphael E.; Weichselbaum, Ralph R.; Bast, Robert C., Jr.; Gansler, Ted S.; Holland, James F.; Frei II, Emil, editors.
 Hamilton (Canada): BC Decker Inc.; c2003

8 items in Molecular Cell Biology
 Lodish, Harvey; Berk, Arnold; Zipursky, S. Lawrence; Matsudaira, Paul; Baltimore, David; Darnell, James E.
 New York: W. H. Freeman & Co.; c1999

6 items in Retroviruses
 Coffin, John M.; Hughes, Stephen H.; Varmus, Harold E.
 Plainview (NY): Cold Spring Harbor Laboratory Press; c1997

6 items in Immunobiology
 Janeway, Charles A.; Travers, Paul; Walport, Mark; Shlomchik, Mark

Recent Activity

Your browsing history

Serine/Threonine protein k... x

Google

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=books&doptcmdl=DocSum&

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。 その他のブックマーク

NCBI Bookshelf

All Databases PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy

Search Books for Serine/Threonine protein kinases AND mboc4[book] Go Clear Save

Limits Preview/Index History Clipboard Details

Display Summary Show 20 Send to

All: 20 Figures: 4

Items 1 - 20 of 20 One page.

Recent Activity

Search Serine/Threonine protein kinases (20)

- ☐ 1: [The Regulation of Cdk and Src Protein Kinases Shows How a Protein Can Function as a Microchip](#)
Molecular Biology of the Cell → Introduction to the Cell → Proteins → Protein Function
- ☐ 2: [Receptor Serine/Threonine Kinases Function as Cell-Surface Receptors in Plants](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Cell Communication → Signaling in Plants
- ☐ 3: [Some of the protein kinases discussed in this chapter](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Cell Communication → Signaling through Enzyme-Linked Cell-Surface Receptors
- ☐ 4: [Signal Proteins of the TGF-Beta Superfamily Act Through Receptor Serine/Threonine Kinases and Smads](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Cell Communication → Signaling through Enzyme-Linked Cell-Surface Receptors
- ☐ 5: [Protein Phosphatases Make the Effects of PKA and Other Protein Kinases Transitory](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Cell Communication → Signaling through G-Protein-Linked Cell-Surface Receptors
- ☐ 6: [A hypothetical model for CLV1 receptor serine/threonine kinase regulation of cell proliferation and/or differentiation in the shoot meristem](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Cell Communication → Signaling in Plants
- ☐ 7: [Summary](#)
Molecular Biology of the Cell → Internal Organization of the Cell → Cell Communication → Signaling through Enzyme-Linked Cell-Surface Receptors

Some of the protein kinas...

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/bv.fcgi?highlight=protein%20kinases,Serine/Th...

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

その他のブックマーク

MOLECULAR BIOLOGY OF THE CELL

FOURTH EDITION

ALBERTS
JOHNSON
LEWIS
RAFF
ROBERTS
WALTER

www.garlandscience.com

Short Contents | Full Contents | Other books | NCBJ

Navigation

About this book

IV. Internal Organization of the Cell

15. Cell Communication

General Principles of Cell Communication

Signaling through G-Protein-Linked Cell-Surface Receptors

Signaling through Enzyme-Linked Cell-Surface Receptors

Signaling Pathways That Depend on Regulated Proteolysis

Signaling in Plants

References

Search

Go

This book

Molecular Biology of the Cell → IV. Internal Organization of the Cell → 15. Cell Communication through Enzyme-Linked Cell-Surface Receptors

100 amino acids

PLASMA MEMBRANE

CYTOSOL

EGF receptor

PDGF receptor

insulin receptor

Src

cyclic AMP-dependent kinase (PKA)

cyclic GMP-dependent kinase (PKG)

protein kinase C (PKC)

Ca²⁺/calmodulin-dependent kinase (CaM-kinase)

protein kinase B (PKB)

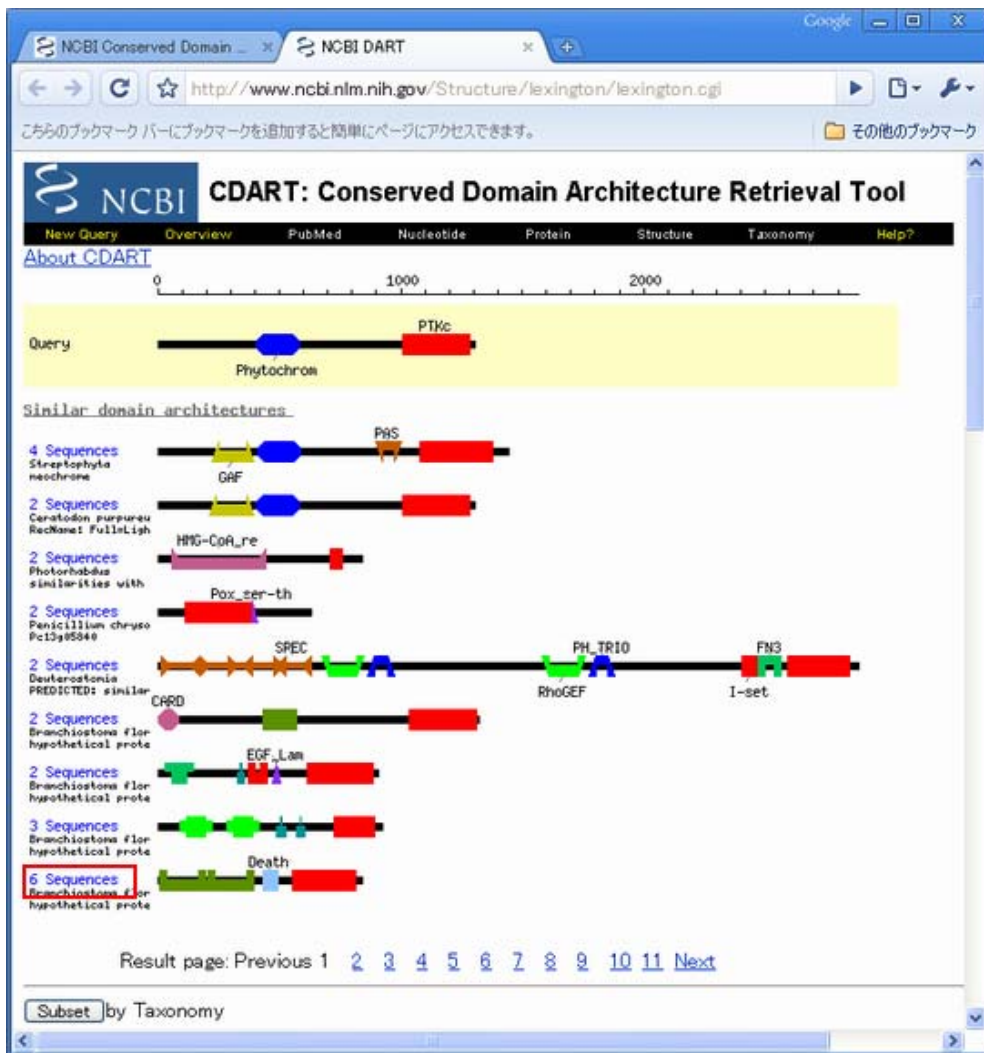
MAP kinase

■ 解答2-2

同じドメインを持つ配列の取得2

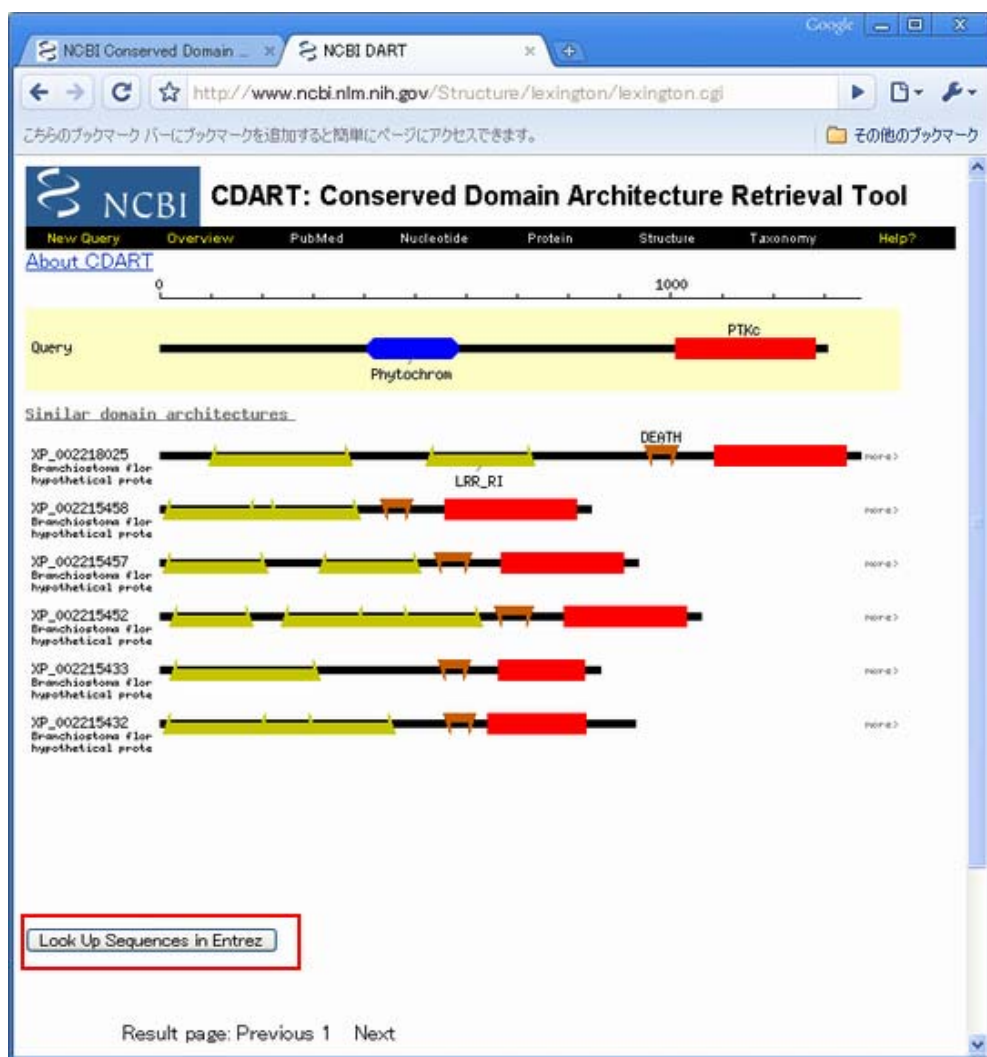
CD-Searchの結果画面に戻り、“Search for similar domain architectures”をクリックしこの問い合わせ配列と同様なドメインを持つ配列を取得してください。

まずクリックすると問い合わせ配列に含まれるのと同様なドメインを持つ配列が模式図として示されてます。

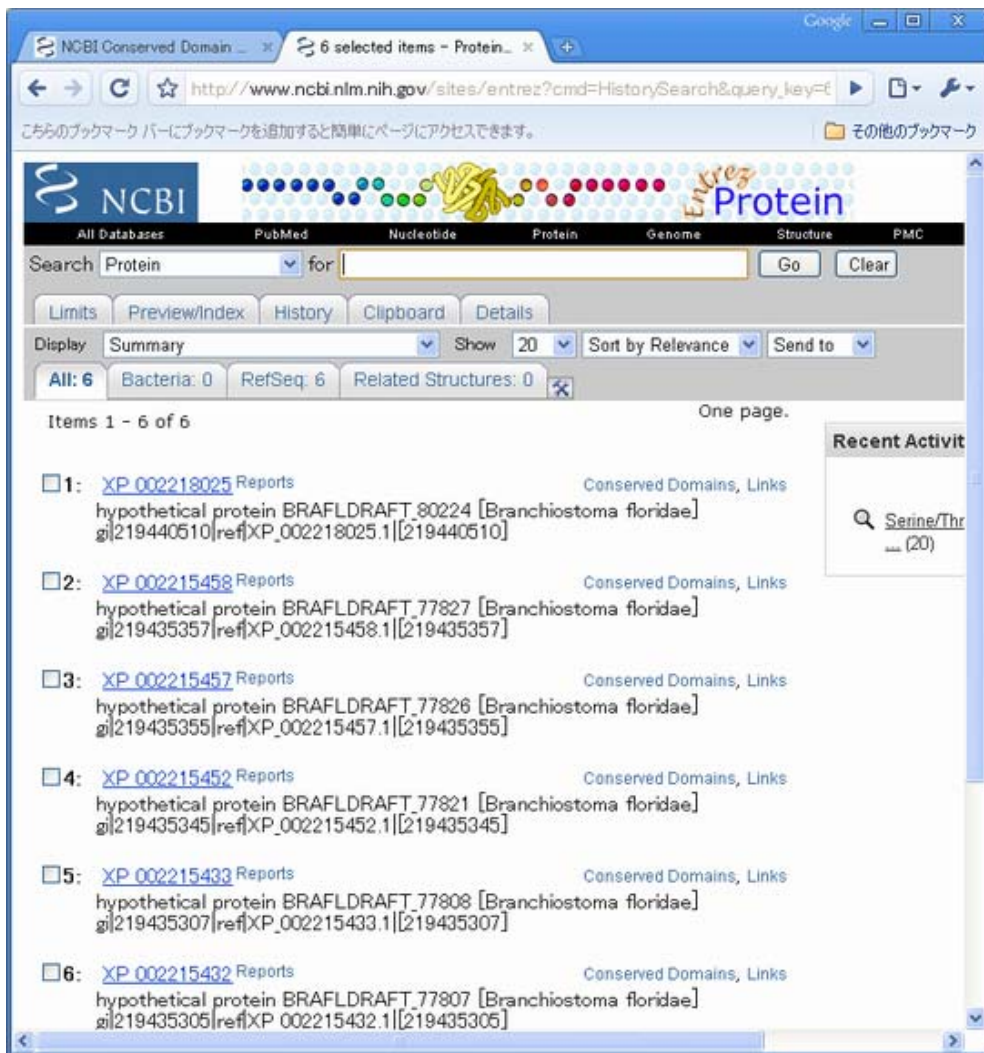


それらは非常に多くの種類に大別され、さらにはそれぞれが、4本、2本といった配列を含んだクラスタであることがわかります。

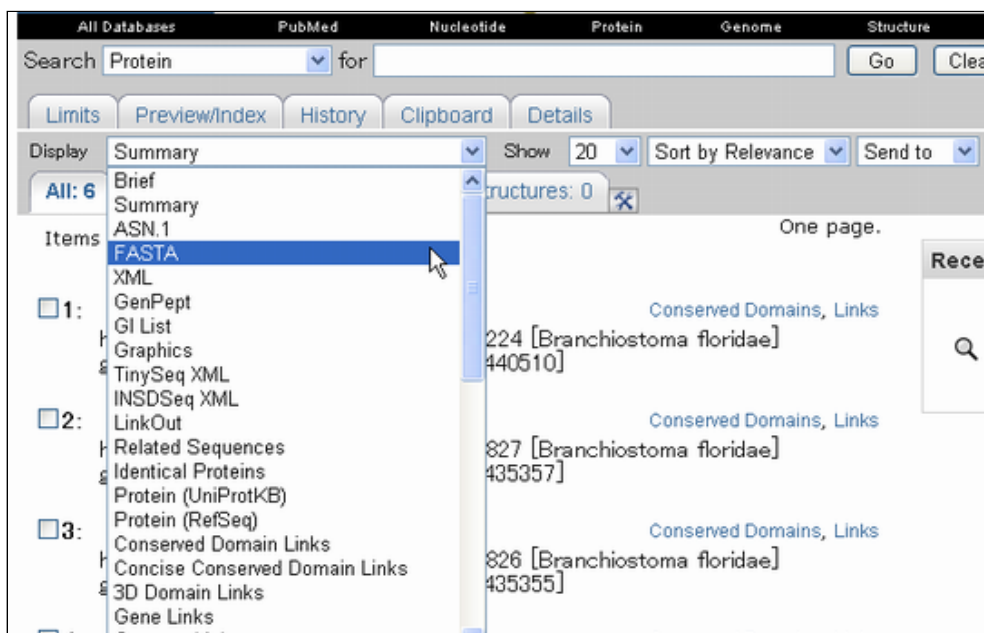
例えば上から9つ目の模式図として示されている構造には6本の配列が含まれており、この6Sequencesをクリックすると6本分の模式図が表示されます。



さらに画面の左下にある“Look Up Sequences in Entrez”を押すとこの6本分の情報を Entrezから得ることができます。



最後にDisplayオプションのプルダウンメニューを“Fasta”にすることで、



アミノ酸配列を表示することができます。

NCBI Conserved Domain ... NCBI Sequence Viewer v20

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/viewer.fcgi?tool=portal&db=protein&term=

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

その他のブックマーク

NCBI Protein

My NCBI [Sign In] [Register]

PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy OMIM Books

Search Protein for Go Clear

Display FASTA Show 20 Send to

Item 1 - 6 of 6

1: XP_002218025 Reports hypothetical prot...[gi219440510]

BLink, Conserved Domains, Links

Next sequence

>gi219440510[ref|XP_002218025.1] hypothetical protein BRAFLDRAFT_8021
MATGLNLRQGTVGGRKLKLDLSNOGLTSIPPEVFDITDLEVLDFVFNKLTSPAIAGRLQKLSRLDANGNL
LTCLPQATIGSLQKLTLYVYSNKLALPPGIEKQKLTLLSIGNRLTEVPPGVFLPNLEVLVDGNKLT
STFPFGVEKLOKRLTYIYGNLTTEVPSGVCSLPDLEVLVNNKLSAFPPGVKKLOKRLTYIYDNLK
EVPSSGVCSLPNLEVLGVGNPIRRLPDDVTRLRLKNSASVCOFDEFPKVLGLKTLVLCARGCKFDM
VPDEVGNLQYLVLSFENLLRTPSTRHLNHLREVLDDNKLDTFPEVLCELPAMKLDISNNITRL
PTALHRADNKLKLDVSGNPLTYPPDVKQGTGAIMAFKQEAKEKTDVKKRRLGRLKMAERPQKHQDVR
KTGVVSMRDAPLRRVQGLPGRSCACHLEDTHPRDAGEDNLAARAHVHPLRTAALHMAKGHDEDPW
KGALEQLEISNMAAGLNLOPOTVNGLLTLDLSNOGLTSIPPEVFDITDLEVLDFVFNKLTSPAIAGRL
QKLSRLDAYSNNLTSLPQATIGSLQKLTLYVYSNKLALPPGIEKQKLTLLSIGNRLTEVPPGVFLPNLEVLVDGNKLT
NLVNFDAARNKLSALPPGVEKLOKRLTYIYGNLTTEVPSGVCSLPNLEVLVDGNKLTSTFPFGVEKLOK
LRELGINVNLTEVPSGVCSLPNLEVLVDGNKLTSTFPFGVEKLOKRLTYIYGNLTTEVPPGVCSLNL
ESLEANGKFTFPFGVEKLOKLTALLHNNHLETPSGVCSLTNIEVLNVGMNPIRRLPDDVTRLTRIK
SLSPVCKQFDEFPQMLQKLTLEKLYAGGCKFDIYPKDVGNLQHLWFLALEKKPPONPAEHESPAOPTG
ADKLKLDVSGNPLTYPPDVKQGTGAIMAFKQEAKEVLOAFNRLSVRVKOTQWKLARSLGFSNTE
INDIKASAPDDVPDGVYQTLVQWREKEGAATLSALEQHLRDLDFQGLADQLPTPTPDASARGLGPAL
GAVGGHEADVQNRYPSTIDRRFPVIESGRLEEGSILGRGGFAYVTKARHLDVRODVAVKCLLRKLE
SEGLLYSEARKLNLGSRSDHVISLLGVCLDPNFAIVMPYENGSLAGLLRDVDVPPALRWRMAHEISLG
MTFLHGNPQILHCDLKAENVLLDGFHVKISDFGLSKWKAESRVVTKTSPEGSTITHAPPEYFADINLA
PNTNFDVYVFGVLLWEIVTRTPGYGLVNSALISIAVTMGGRPDLTPIPTDREDVTSVSELMOTCWSQNG
EDRPPFDYCADKLHLLIDGFSQGEITLQAIISTVNNKTSVAVC

2: XP_002215458 Reports hypothetical prot...[gi219435357]

BLink, Conserved Domains, Links

Previous sequence Next

>gi219435357[ref|XP_002215458.1] hypothetical protein BRAFLDRAFT_7761
MATGLNLRQGTVGGRKLKLDLSNOGLTSIPPEVFDITDLEVLDFVFNKLTSPAIAGRLQKLSRLDANGNL
LTCLPQATIGSLQKLTLYVYSNKLALPPGIEKQKLTLLSIGNRLTEVPPGVFLPNLEVLVDGNKLT
STFPFGVEKLOKRLTYIYGNLTTEVPSGVCSLPDLEVLVNNKLSAFPPGVKKLOKRLTYIYDNLK
EVPSSGVCSLPNLEVLGVGNPIRRLPDDVTRLRLKNSASVCOFDEFPKVLGLKTLVLCARGCKFDM
VPDEVGNLQYLVLSFENLLRTPSTRHLNHLREVLDDNKLDTFPEVLCELPAMKLDISNNITRL
PTALHRADNKLKLDVSGNPLTYPPDVKQGTGAIMAFKQEAKEKTDVKKRRLGRLKMAERPQKHQDVR
KTGVVSMRDAPLRRVQGLPGRSCACHLEDTHPRDAGEDNLAARAHVHPLRTAALHMAKGHDEDPW
KGALEQLEISNMAAGLNLOPOTVNGLLTLDLSNOGLTSIPPEVFDITDLEVLDFVFNKLTSPAIAGRL
QKLSRLDAYSNNLTSLPQATIGSLQKLTLYVYSNKLALPPGIEKQKLTLLSIGNRLTEVPPGVFLPNLEVLVDGNKLT
NLVNFDAARNKLSALPPGVEKLOKRLTYIYGNLTTEVPSGVCSLPNLEVLVDGNKLTSTFPFGVEKLOK
LRELGINVNLTEVPSGVCSLPNLEVLVDGNKLTSTFPFGVEKLOKRLTYIYGNLTTEVPPGVCSLNL
ESLEANGKFTFPFGVEKLOKLTALLHNNHLETPSGVCSLTNIEVLNVGMNPIRRLPDDVTRLTRIK
SLSPVCKQFDEFPQMLQKLTLEKLYAGGCKFDIYPKDVGNLQHLWFLALEKKPPONPAEHESPAOPTG
ADKLKLDVSGNPLTYPPDVKQGTGAIMAFKQEAKEVLOAFNRLSVRVKOTQWKLARSLGFSNTE
INDIKASAPDDVPDGVYQTLVQWREKEGAATLSALEQHLRDLDFQGLADQLPTPTPDASARGLGPAL
GAVGGHEADVQNRYPSTIDRRFPVIESGRLEEGSILGRGGFAYVTKARHLDVRODVAVKCLLRKLE
SEGLLYSEARKLNLGSRSDHVISLLGVCLDPNFAIVMPYENGSLAGLLRDVDVPPALRWRMAHEISLG
MTFLHGNPQILHCDLKAENVLLDGFHVKISDFGLSKWKAESRVVTKTSPEGSTITHAPPEYFADINLA
PNTNFDVYVFGVLLWEIVTRTPGYGLVNSALISIAVTMGGRPDLTPIPTDREDVTSVSELMOTCWSQNG
EDRPPFDYCADKLHLLIDGFSQGEITLQAIISTVNNKTSVAVC

■ 解答2-3

同じドメインを持つ配列の立体構造表示2

CD-Searchの検索結果ページに戻り、

NCBI Conserved Domain ...

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

その他のブックマーク

NCBI

New Search CDD Home PubMed Protein Structure Taxonomy Help

Conserved domains on [gi2851597]sp|P25848|PHY1_CERPU

Local query sequence

SHOW CONCISE DISPLAY

Graphical summary show options

Query seq. 214 548 794 1054 1294 1547

active site
ATP binding site
substrate binding site
activation loop (H-loop)

Specific hits

Non-specific hits

Phytochrome

S_TKc

PTKc_Src_1like
PTKc_Frk_1like
PTKc_Srm_Brk
PTKc_Syk_1like
PTKc_Jak_rpt2
PTKc_c-ros
PTKc_Tec_1like
PTKc_EGFR_1like
PTKc_Fes_1like
PTKc_Alk_LTK
PTKc_Lck_Btk
PTKc_FynR

serine/threonine kinaseドメインを示している“S_TKc”と書かれた図中の四角（赤く囲まれている部分）をクリックしてください。

同様のドメインが集められたSuperfamilyに関する情報が記載されたページへと移動します。

NCBI CDD d09925

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cddsrv.cgi?ascdin=8&maxaln=10&seitype=2&uid=127277&id=

Conserved Domains

d09925: PKc_like, with user query added Super-family

Protein Kinases, catalytic domain

The protein kinase superfamily is mainly composed of the catalytic domains of serine/threonine-specific and tyrosine-specific kinases. It also includes RIO kinases, which are atypical serine protein kinases, aminoglycoside phosphotransferases, and kinases. These proteins catalyze the transfer of the gamma-phosphoryl group from ATP to hydroxyl groups in specific substrates as serine, threonine, or tyrosine residues of proteins.

Links

Taxonomy: root

PubMed: 1681 links

Book: 441 links

Protein: Related Protein

Related Structure

Statistics

Accession: d09925

PSSM Id: 127277

Name: PKc_like

Created: 2-Apr-2008

Updated: 25-Nov-2008

Superfamily

Curated CD Hierarchy

Imported CD

Citing CDD

Marchler-Bauer A, Anderson JB, Derbyshire MK, DeWeese-Scott C, Gonzales NR, Gwadz M, Hao L, He S, Hunzitz DI, Jackson JD, Ke Z, Krylov D, Lanczyk J, Liebert CA, Liu C, Lu F, Lu S, Marchler GH, Mullokandov M, Song JS, Thanki N, Yamashita RA, Yin JJ, Zhang D, Bryant SH. (2007) CDD: a conserved domain database for interactive domain family analysis. *Nucleic Acids Res.* 35: D227-40

この中からドメインの一つである“cd00180”（図中青く囲んだ領域）をクリックしてください。

これにより、cd00180ドメインを含んだ代表的な10本のアミノ酸配列と問い合わせ配列のマルチプルアライメントが表示されます。

（注：本来はこの際にユーザが投入した問い合わせ配列が引数として以下のページに渡されるはずですが、現在渡らない状況となっています。この解説では、渡されたものとして各ページを紹介していきます。）

NCBI CDD cd00180

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cddsrv.cgi?uid=cd00180&hsf=1&setype=2&uid=127277&query=M

このページのブックマークバーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

その他のブックマーク

Representatives

Superfamily: d09925

Statistics

PSSM-Id: 29142

View PSSM: cd00180

Aligned: 255 rows

Created: 1-Nov-2000

Updated: 10-Jan-2006

Citation: PMID 9564028

Citation: PMID 9804419

Download Cn3D for Viewing 3D Structure

Scroll to Sequence Alignment Display

cd00180 is part of a hierarchy of related CD models. Use the graphical representation to navigate this hierarchy. cd00180 is a member of the superfamily d09925.

cd00180 Sequence Cluster

Sub-family Hierarchy

Zoom In

Detailed View

Interactive Display with CDTree

cd00180 S_1Kc

Structure View

Program: Cn3D

Drawing: All Atoms

Aligned Rows: up to 10

Download Cn3D

Hierarchy

Interactive Display

Add Query Sequence: ☐

Download CDTree

Sequence Alignment

Reformat

Format: Hypertext

Row Display: up to 10

Color Bits: 2.0 bit

Type Selection: top listed sequences

Feature 1

13W 63 RYQMLKp-105GAG001VCAAYDay-----ldRNVAIKVLScrfanq-----thakraVRELYMKCVn---HRN 122

query 1008 zSLGGG-SATYKAVVLG-----PVAKKTFYGrne-----dfkrEVEI LAELChp---NIT 1057

1bAF_A 32 DYEVVRk-VGRKGVSEVFEGlNvn-----nnEKCI1KILKvkl-----kkIKREIKILGNC---gPN 87

IFSM_C 21 KYTRFEk-169ASGTYYTAMVn-----tGQVATROMNlqqp-----lkelIINEILVMREN---NPN 78

11GI_A 11 YYDTGEk-LGGGQAVVKKGREks-----tLQYAAKFIKrrtkssr---rgvsredIEREVSILKEIq---HPN 74

1TKI_A 6 KYMTAEs-LGRKEFQIVHRQVELs-----skTYMAKFYKvktgd-----qyivKKEISILNIr---HRN 62

2Pw_A 5 NIEPKL-LGRVSSVYRQIHKp-----tckEYAVKIIIdt gssfsaeevqelreatLKEVDILRAVs---gPN 75

z1 127238 160 ONEITNRIVANGIFQVLIITHSpardedvcyheNVAVKI1Klkp-----nkfDKEARILLRLd---HPN 222

z1 729073 4 RYERLQk-1GEQYGVVFRARDvt-----tATIVAVKRIRlkeee-----gvpcatIREISILKELr---HEN 63

z1 765068 31 EYRLGP1-LQKQFGTVFAGHRvt-----dRQVAIKVIGsrnvigs---ntvsdvtePLEVALLQVgezaHPG 98

80 100 110 120 130 140 150 160

“Row Display”プルダウンメニューを操作し、“up to 5”を選択して表示されるアライメントを5本にします。

NCBI CDD cd00180

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cddsrv.cgi

Created: 1-Nov-2000
Updated: 10-Jan-2006

cd00180 is a member of the superfamily cd09925.

cd00180 Sequence Cluster

Sub-family

Zoom In Detailed View Interactive Display

Structure View

Program: Cn3D
Drawing: All Atoms
Aligned Rows: up to 5
Download Cn3D

Hierarchy
Interactive Display
Add Query Sequence:
Download CDTree

Sequence Alignment

Reformat Format: Hypertext Row Display: up to 5 Color Bits: 2.0 bit Type Selection: top

```

Feature 1
1JNK 63 RYONLKIGSGAGGIVCAAYDavidRNVAIKKLSrpfqg---thakraYRELVLNKKVn-HKNIISLLNVFTpaktle 137
query 1006 gsLGSsSATVEKAVWLGI-----PVAKKTFYGrnne-----dfkrEVEILAELOhp-NITSMF--CSplyr--- 1066
1DAW_A 32 DYEYVRKYGQKSEYFEGINvnneEKCIKILKvkk-----kkIKREIKLONLcgGPNIVKLLDIVRdoh--- 99
1F3M_C 21 KYTRFEKIGGASGTYYTAMDvatgQEVATROMNIqqq-----kkeliINEILVMRENK-NPNIVNVLDsYLVg--- 89
1IGI_A 11 YYDTGEeLSSGQFAVVKKCKREkstgLOYAAKFIKrrtkssrrgvsredIEREVSILKEIa-HPNVITLHEVYEnk--- 85

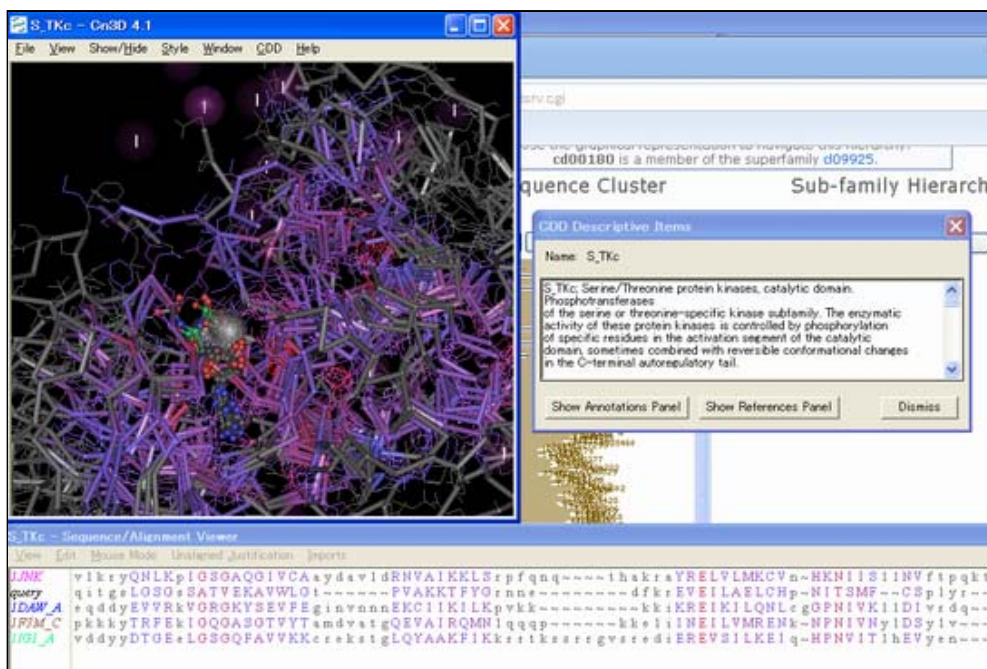
Feature 1
1JNK 138 efadVYVLMELM-DANLQGVlga---eLDHERMSYLLYOMLOGIKHLHAGI IHRDLKPSNIYVKs---dCTLKILDF- 208
query 1087 rkcsIIMELMDg-DLLALNQRIdrneDHdSPFSILEYVDITLOTSEGNNYLHEKGI IHRDLKSa---nILKSVKVI 1141
1DAW_A 100 -skIPSLIFEYVnTDFKVLye---LTDYDTRYYIYELLKALDYCHSGIMHRDVKPHNVMIde---IRKLRLIDV- 170
1F3M_C 90 -dsLVVMEYLaGSLTDVYte---tMDGQIAAYCRECLOWLEFLHSGVVIHRDIKSDNILLga---dGSVKLTDF- 160
1IGI_A 86 -tdVILILELVaGSELDFDLaeK-esLTEEEATEFLKGILNGVYVYLSLOIAHFOLKPENIMLLdrnvpkPRIKIIDF- 161

Feature 1
1JNK 209 -----GLARTAGTsf-mNTPYVYTRYVYRAPEVILga-gYKErVDI-----WSVGGIMGEWVr-hKIL 262
query 1142 kseigyyvhVVAQDFGLsktkDSSTRYNGTINRGTRem-gPEVINLQvestageisfdgkvpKYPLKSGVYSFg-mVCY 1219
1DAW_A 171 -----GLAEFYHPsk-eYNYRVASRYFKGPPELLVdiadVDY-LDM-----WSLGMFAGMItrkEPF 226
1F3M_C 161 -----GFCAGITPeagk-RSTINVGTPYMAPEVYTrk-ayGPKVDI-----WSLGINALEWIE-gEPP 215
1IGI_A 162 -----GLAHKIDFgn-eFNITFGTPEFVAPEIVNye-pLGLaADM-----WSIGVITYILLs-gASP 215

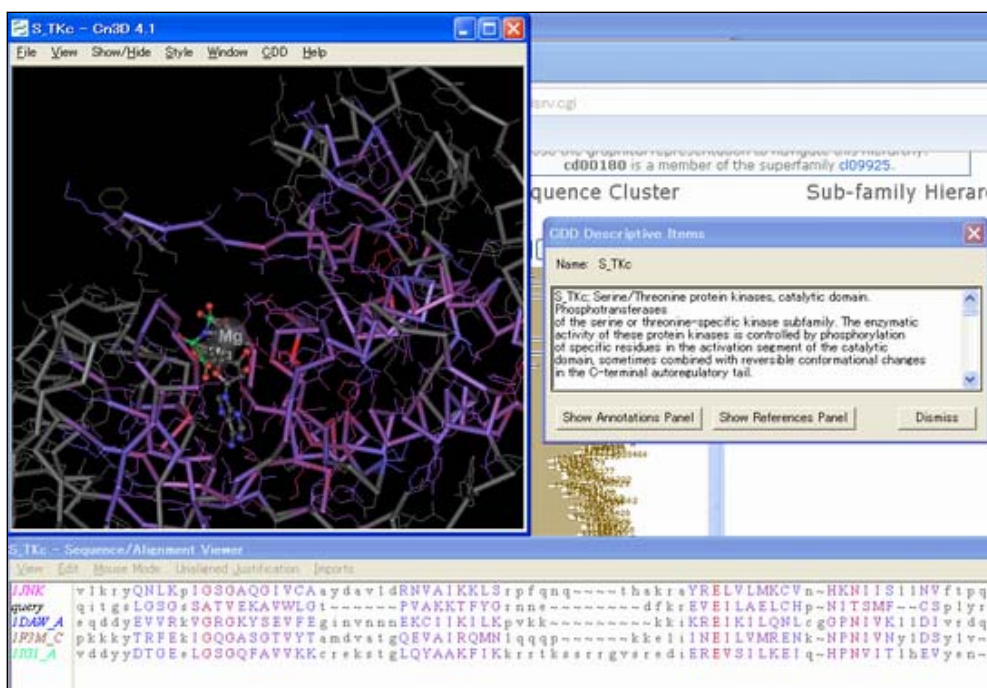
```

続いて、“Structure View”ボタン（図中赤四角）をクリックしてください。正しくCn3Dがインストールされている場合には、問い合わせ配列を含むマルチプルアライメントの結果が3次元モデルのテンプレート上に重ねられた形で表示されます。

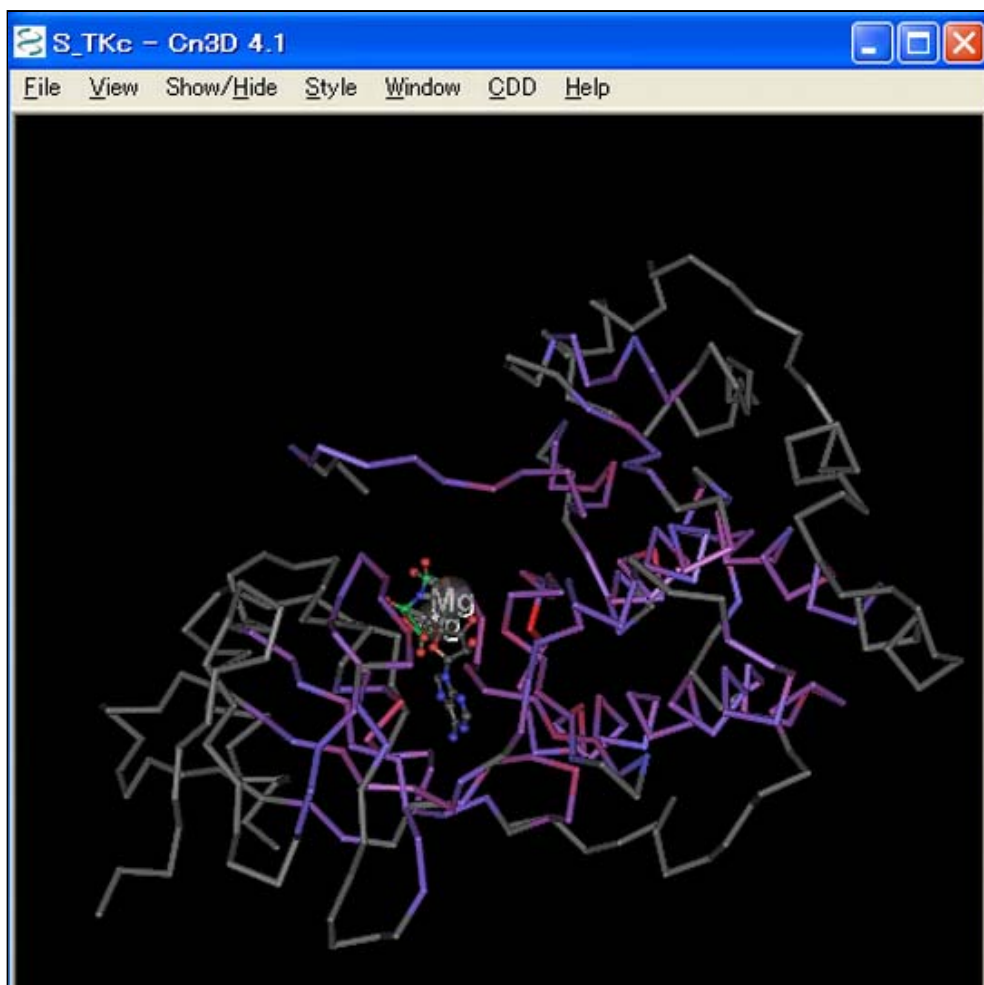
Cn3Dを用いた立体構造の表示2



一番上に表示された構造のみを表示するために、下矢印キーを押してください。



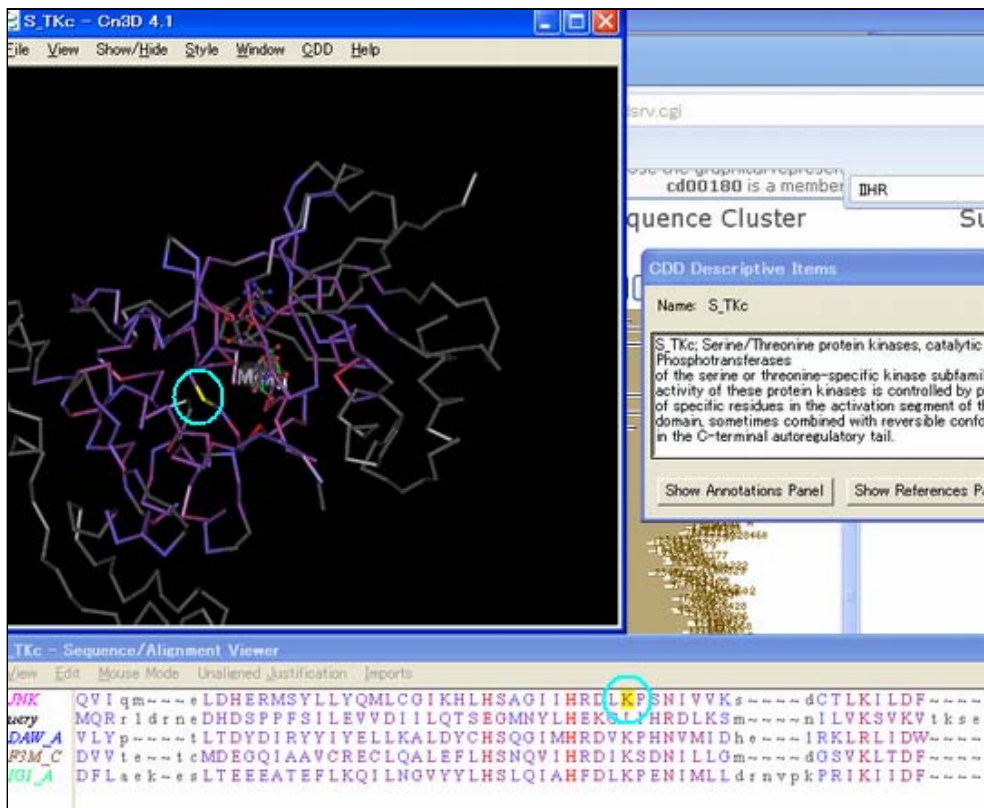
StyleからメニューでEdit Global Styleを選んで表示オプション画面を表示させてください。その中からProtein sidechainsの表示に関するチェックボックスを外すことで側鎖の表示を消してください。主鎖だけが表示されるようになります。



下図中赤で囲んだ領域に示されるようにこれらの配列の下流部分に IIHRDLKSMNILVというセリン/スレオニン キナーゼ活性部位に共通な配列部分が存在します。

S_TKc - Sequence/Alignment Viewer	
View	Edit Mouse Mode Unaligned Justification Imports
1JNK	QV I q m ~ ~ ~ e L D H E R M S Y L L Y Q M L C G I K H L H S A G I I H R D I K S N I V V s ~ ~ ~ ~ d C T L K I L D F .
query	M Q R r l d r n e D H D S P P F S I L E V V D I I L Q T S E G M N Y L H E K G I I H R D L K s m ~ ~ ~ ~ n I L V K S V K V .
1DAW_A	V L Y p ~ ~ ~ ~ t L T D Y D I R Y Y I Y E L L K A L D Y C H S Q Q I M H R D V K P H N V M I D h e ~ ~ ~ i R K L R L I D W .
1P3M_C	D V V t e ~ ~ ~ t c M D E G Q I A A V C R E C L Q A L E F L H S N Q V I H R D I K S D N I L L s m ~ ~ ~ ~ d G S V K L T D F .
1JG1_A	D F L a e k ~ e s L T E E E A T E F L K Q I L N G V Y Y L H S L Q I A H F D L K P E N I M L d r n v p k P R I K I I D F .

ATP結合部位であるリジン(K)を3次元構造上で確かめるためにテンプレートとなっている1JNK上のKをダブルクリックしてください。(図中青四角で示す。)すると3次元構造ビューア上で黄色くハイライトされます。



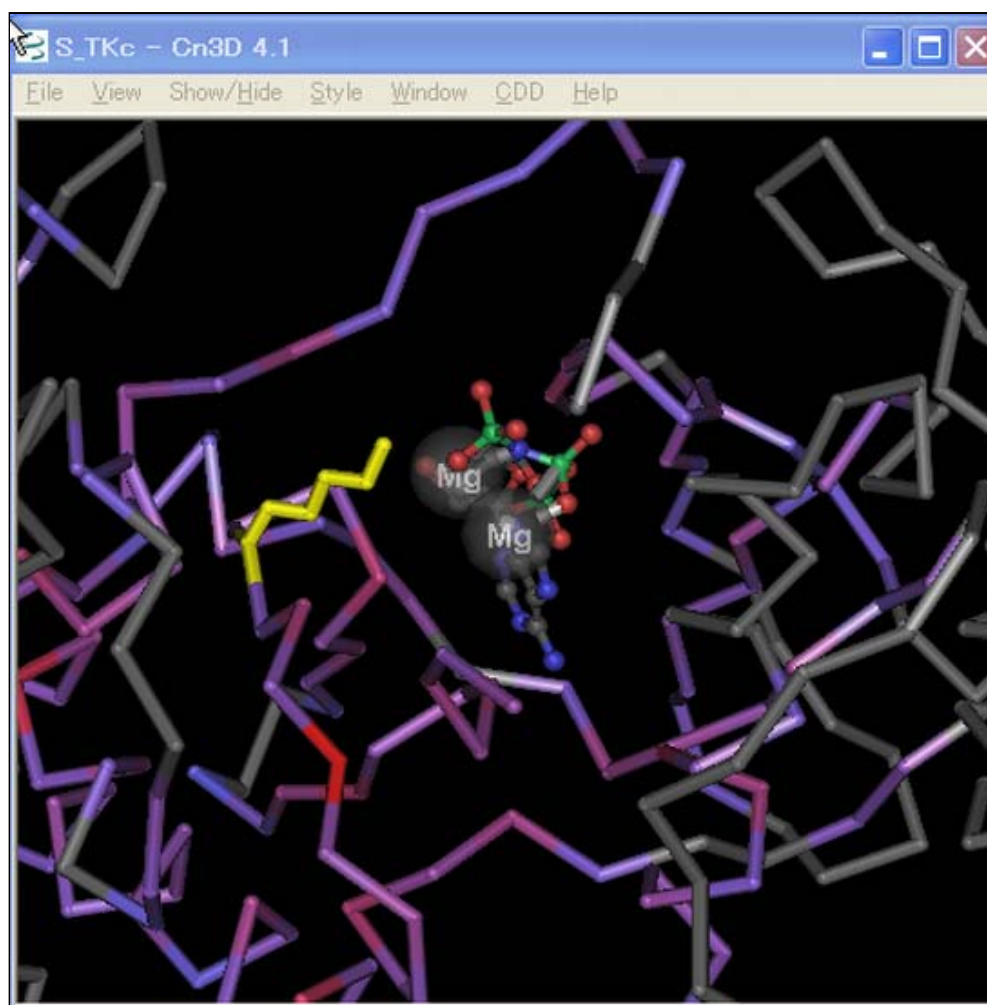
この残基をより目立たせるために側鎖を含めてハイライト表示させます。まず、メニューからStyleを選択し、その中のAnnotateを選択します。

するとユーザ定義に基づいた表示オプションの設定画面が立ち上がりますのでその中からNewを選択して新しく定義づけを行います。

新しく設定する定義に名前をつけるように促されますので適当な名前をつけて、Edit Styleボタンをクリックします。

Style設定画面が立ち上がりますので、この残基の主鎖および側鎖をハイライトさせるためにProtein back boneについてRenderingをTubes、Color Schemeを User Selection、User Colorを黄色に、同様にProtein sidechainsも設定し Showをチェックします。最後にDoneを押してこの画面を閉じます。

3次元ビューアでこのリジンがハイライトされています。キーボードのzを押してズームインしてその構造をよく確認してください。そのリジンのそばにMg分子があることが確認できます。



■ 解答2-4

[データベースに含まれる配列と類似構造の配列を取得する2](#)

CD-Browserで表示されている1JNKをクリックしてください。

NCBI CDD cd00180

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cddserv.cgi

こちらのブックマーク バーにブックマークを追加すると簡単にページにアクセスできます。

その他のブックマーク

NCBI Entrez Protein

myNCBI Sign In Register

PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy OMIM Books

Search Protein for 1JNK Go Clear

Display GenPept Show 20 Send to

Range: from begin to end Features: ☒ CDD + Refresh

☐ 1: 1JNK. Reports ...[gi:5542282] Chain renamed from (blank) to A during PDB remediation 2007

[Comment](#) [Features](#) [Sequence](#)

LOCUS 1JNK 422 aa linear PRI 03-JUN-1998

DEFINITION The C-Jun N-Terminal Kinase (Jnk3s) Complexed With Mgamp-Pnp.

ACCESSION 1JNK

VERSION 1JNK GI:5542282

DBSOURCE pdb: molecule 1JNK, chain 32, release Jun 3, 1998;
deposition: Jun 3, 1998;
class: Transferase;
source: Mol_id: 1; Organism_scientific: Homo Sapiens;
Organism_common: Human; Expression_system: Escherichia Coli;
Exp. method: X-Ray Diffraction.

KEYWORDS

SOURCE Homo sapiens (human)

ORGANISM [Homo sapiens](#)
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini;
Catarrhini; Hominidae; Homo.
1 (residues 1 to 422)

REFERENCE

AUTHORS Xie,X., Gu,V., Fox,T., Coll,J.T., Fleming,M.A., Markland,W.,
Caron,P.R., Wilson,K.P. and Su,M.S.

TITLE Crystal structure of JNK3: a kinase implicated in neuronal
apoptosis

JOURNAL Structure 6 (8), 983-991 (1998)

PUBMED [9739089](#)

REFERENCE 2 (residues 1 to 422)

AUTHORS Xie,X. and Su,M.S.S.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (03-JUN-1998)

COMMENT Revision History:
JUN 8 99 Initial Entry.

FEATURES

source 1..422
/organism="Homo sapiens"
/db_xref="taxon:9606"
join(1..148,372..422)
/region_name="Domain 1"
/note="NCBI Domains"

[Region](#)

[SecStr](#) 47..54
/sec_str_type="sheet"
/note="strand 1"

[SecStr](#) 55..62
/sec_str_type="sheet"
/note="strand 2"

[Region](#) 63..359
/region_name="S_TKc"
/note="Serine/Threonine protein kinases, catalytic domain.
Phosphotransferases of the serine or threonine-specific
kinase subfamily. The enzymatic activity of these protein
kinases is controlled by phosphorylation of specific
residues in the activation...; cd00180"
/db_xref="CDD:29142"

(ここより先の課題は、NCBIのデータ構造が課題設定当初と変わってしまったために回答が存在しません。)

原文更新日：2006年3月28日 日本語版更新日：2009年1月20日

All Rights Reserved, Copyright(C) 1997-2009 Japan Science and Technology Agency(JST)