

Poster 40

PDB 登録システム OneDep の更新および構造登録と情報提供の進展

于健(1)、Gert-Jan Bekker(1)、横地政志(1)、岩田武史(1)、丹羽智美(1)、 池川恭代(1)、多久和綾子(1)、栗栖源嗣(1)

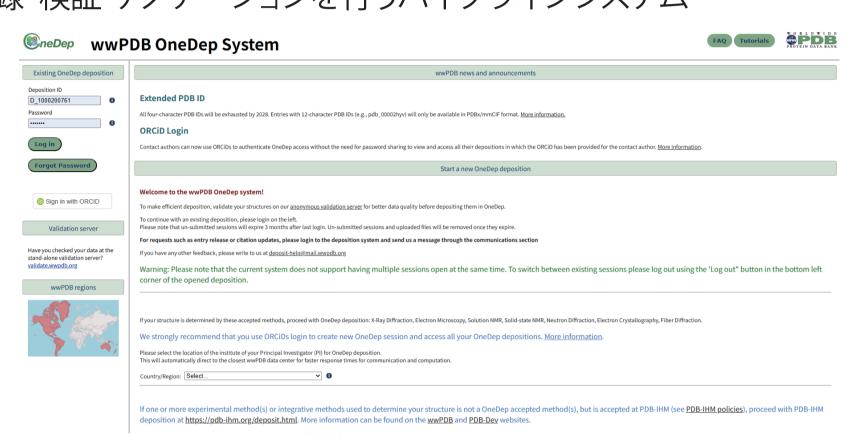
(1) 大阪大学蛋白質研究所

日本蛋白質構造データバンク(PDBj)は,2000年7月より大阪大学蛋白質研究所にて,蛋白質立体構造データの新規登録事業を開始しま した。現在、wwPDBメンバーの一員として、主にアジア地域からの登録を担当しています。正確なデータキュレーションと構造情報の品質 評価を行う検証レポートの提供を通じて、wwPDB全体で24万件を超えるエントリを収録し、高品質なデータアーカイブを構築してきまし た。これにより、高分子構造データを活用する多様な研究・産業分野のコミュニティに貢献しています。

wwPDBの構造登録システムであるOneDepは、国際的な協力により開発され、各諮問委員会の助言に基づいて新機能を追加すること で、最新の実験手法にも対応可能な形へと継続的に改良されています。構造解析に用いた生データの収集も引き続き強化しており、結 晶回折および電子顕微鏡データに関しては、それぞれXRDAおよびEMPIAR-PDBjのサービスを提供しています。さらに、NMRデータにつ いては、既存のBMRBに加え、より柔軟性の高い新サービスであるBMRbigによるデータも受け付けています。また、統合的モデリング法 によって得られた構造の登録システムPDB-IHMの日本語ウェブサイトも新たに開設しました。

機能拡張を続けるPDB登録システム

登録・検証・アノテーションを行うパイプラインシステム



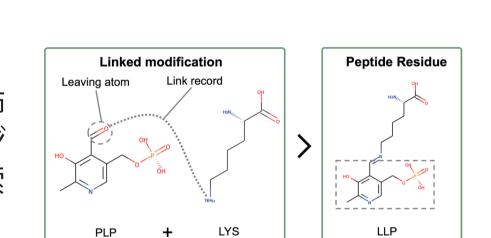


wwPDBが開発した、登録・検証・アノテーションを行うパイプライン・システム メンバーサイト(RCSB PDB, PDBe, PDBj)で共通のシステムを使用している。 X線結晶解析、NMR、EM等の実験手法に対応。登録者PIの国・地域によって、 担当 処理サイト(RCSB PDB, PDBe, PDBj)へ自動的に振り分けられる。

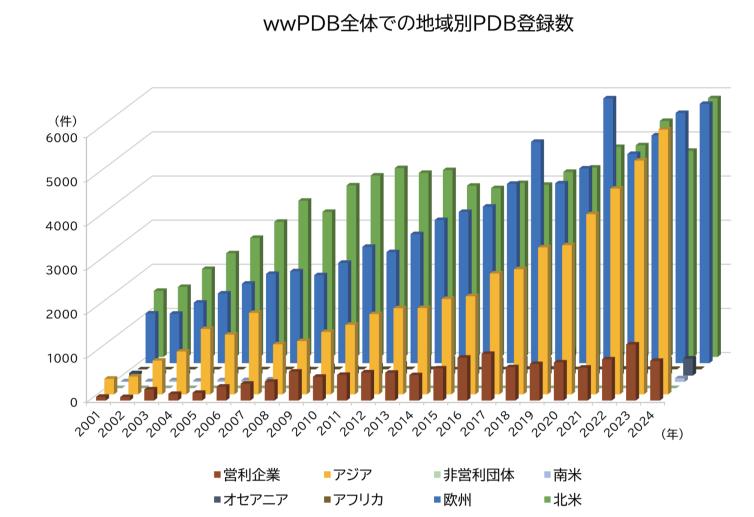
PDBx/mmCIFフォーマットを使用し、アーカイブ上のデータ品質の向上にも貢献す るとともに、各諮問委員の提言をもとにシステム全体の機能拡張を続けている。

- 最近の機能拡張や変更内容
- PDBIDは8桁、CCDIDは5桁へ
- ORCiD-IDを使用してOneDepシステムにアクセス可能に
- ・修飾表現の標準化

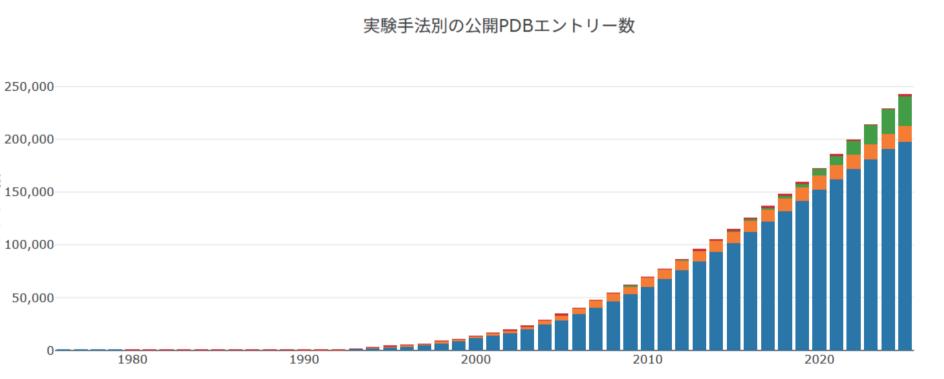
PDBにおいて、タンパク質鎖の修飾 に関する表現方法を標準化するプロジ ェクトを進めています。これにより検索 性の向上が期待できる。



登録・処理状況と解析手法の内訳



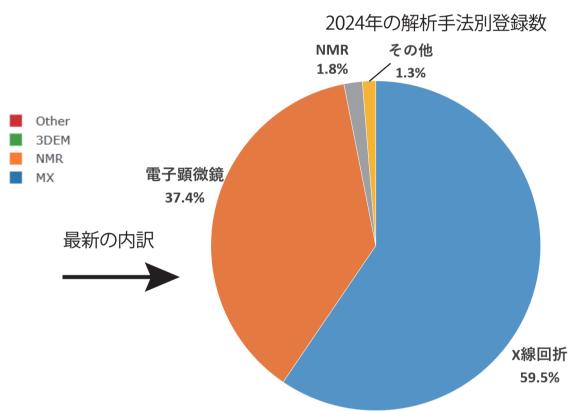
アジア発のデータ登録数は欧米に並ぶまで急速に伸 びている。2024年はアジア地区の増加率は他地域より多 く、登録・処理割合は約34%に増加。



PDBへの登録数は年々増加、登録数は24万件に上って いる。解析手法はX線回折や核磁気共鳴に加え、近年は 電子顕微鏡によって構造が決定された登録が大幅に増 加している。

PDBj+PDBcが登録処理した PDBエントリーの国・地域分布(2024年) 3% 6% 日本 中国大陸

2022年よりPDBcがAssociate member として中国大陸のデータの処理を担当。 (登録は全てPDBj にて受付)



2021年に28%程度だった全登録に占める 電子顕微鏡による構造決定の割合が2024年 には40 %近くを占めるまで増加した。主要3 手法による構造決定が大多数を占めている。

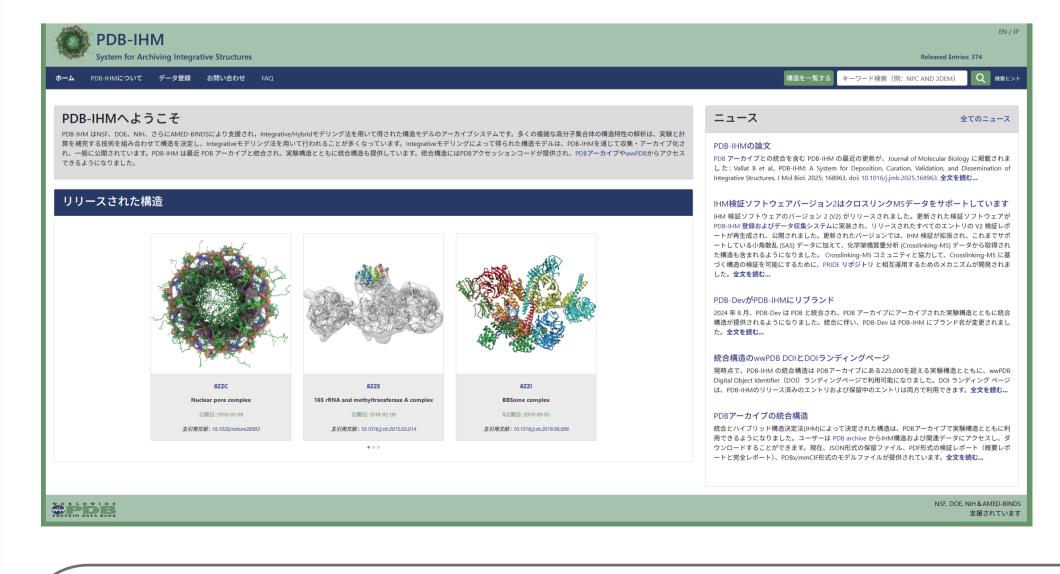
蛋白質立体構造解析手法別の生データ受付サービス

結晶回折



XRDa (Xtal Raw Data Archive) は、PDBj独自開発によるX線回折画像 のデータベース。wwPDBメンバーの強みを活かしてOneDep登録後、 構造エントリ情報がXRDa内のORCiD-IDに自動的にリンクされる。 OneDepへ登録したPDBID情報ともリンクして表示されるため、登録者 と利用者どちらもエントリ検索しやすいシステムである。構造データ登 録前に生データを先行登録することも可能で、その場合も後からリン クすることが可能である。また、低分子量の回折データなど、PDBの登 録基準に満たない生データも登録が可能となっている

Integrative/Hybridモデリング



電子顕微鏡 2425 entries

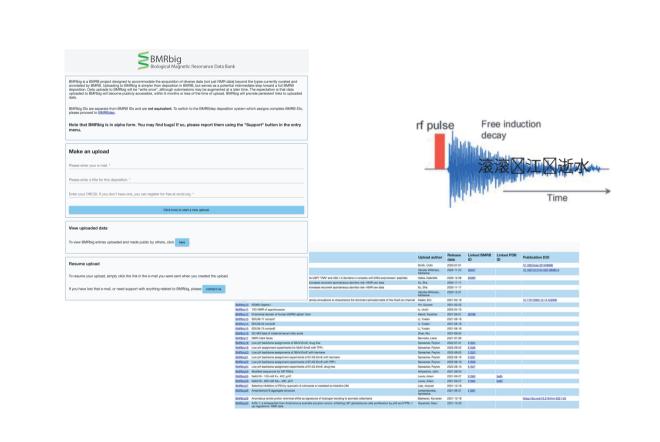
EMPIAR PDBj

EMPIAR (Electron Microscopy Public Image Archive) は、3D/ヾ イオイメージング実験から得られた生の2次元画像データおよ び特定の3Dバイオイメージングデータセットのデータベース。 公開された生データを使って三次元構造を再構成することによ り、解析ツールの開発や解析手法の研究に用いられ、分解能向 上に役立つことが想定されている。Webインターフェースに加え て、JSONファイルによるエントリ作成にも対応しているため、複 数の登録やバージョン管理システムによる制御を行いたい場合 であっても登録者側にとって最適な方法で登録を行える。

PDB-IHM はNSF、DOE、NIH、さらにAMED-BINDSにより支援さ れ、Integrative/Hybridモデリング法を用いて得された構造モデ ルのアーカイブシステムです。多くの複雑な高分子集合体の構 造特性の解析は、実験と計算を補完する技術を組み合わせて構 造を決定し、Integrativeモデリング法を用いて行われることが多 くなっています。Integrativeモデリングによって得られた構造モ デルは、PDB-IHMを通じて収集・アーカイブ化され、一般に公開 されています。PDB-IHM は最近 PDB アーカイブと統合され、実 験構造とともに統合構造も提供しています。統合構造にはPDB

PDB-IHM

核磁気共鳴



134 entries

BMRbig Biological Magnetic Resonance Data Bank

BMRBigはFID (Free Induction Decay)やピークリストなど NMRによる測定で得られるすべて情報をアーカイブするデ ータベース。多数のサンプルによる実験を一つのエントリと して扱えるなど柔軟なデータ受け入れを行っている。大規模 な研究プロジェクトにおいて、NMR分光計からBMRbigに直 接送信して、実験データを逐次整理しておくことで、プロジェ クト公開時のデータ共有の迅速化を図ることが想定されて いる。BMRbigでは、全てのデータファイルがバージョン管理 され、公開後もデータファイルの追加、更新が可能である。

日本蛋白質構造データバンク(PDBj)

〒565-0871 大阪府吹田市山田丘3-2

大阪大学蛋白質研究所·構造解析研究棟 3F 蛋白質構造データバンク構築研究室内

TEL:06-6879-4311(全般)

06-6879-8634(PDB登録)

Web問い合わせ: https://pdbj.org/contact



日本蛋白質構造データバンク(PDBj: Protein Data Bank Japan)は、大阪大学蛋白質研究所の共同利用・共同研 究拠点活動として運営され、国際的に統一化された生体高分子の構造データベースを運営するとともに、解析ツー ルや関連データベースを提供しています。本データベースは JST-NBDC (JPMJND2205) と AMED-BINDS の支援を 受けて開発されています