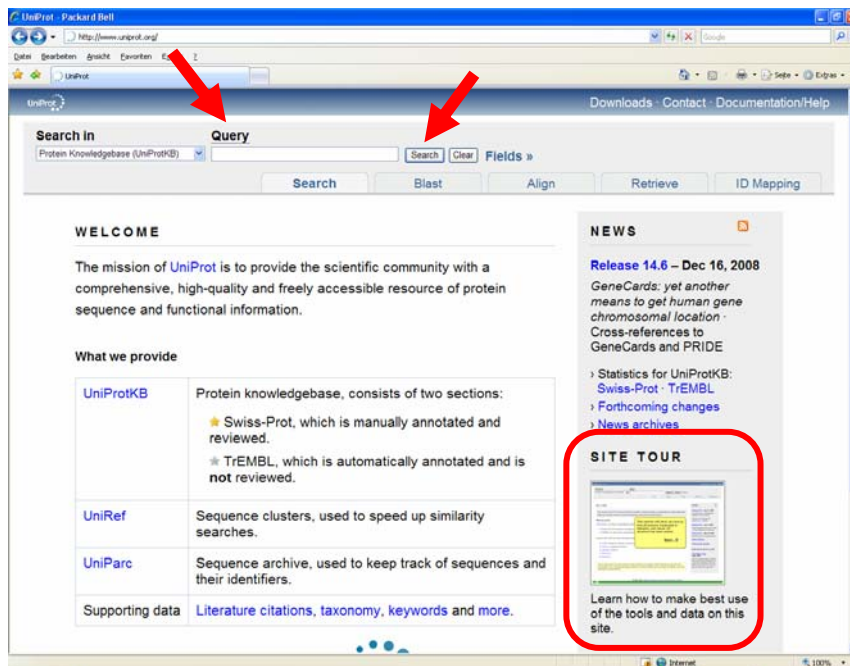


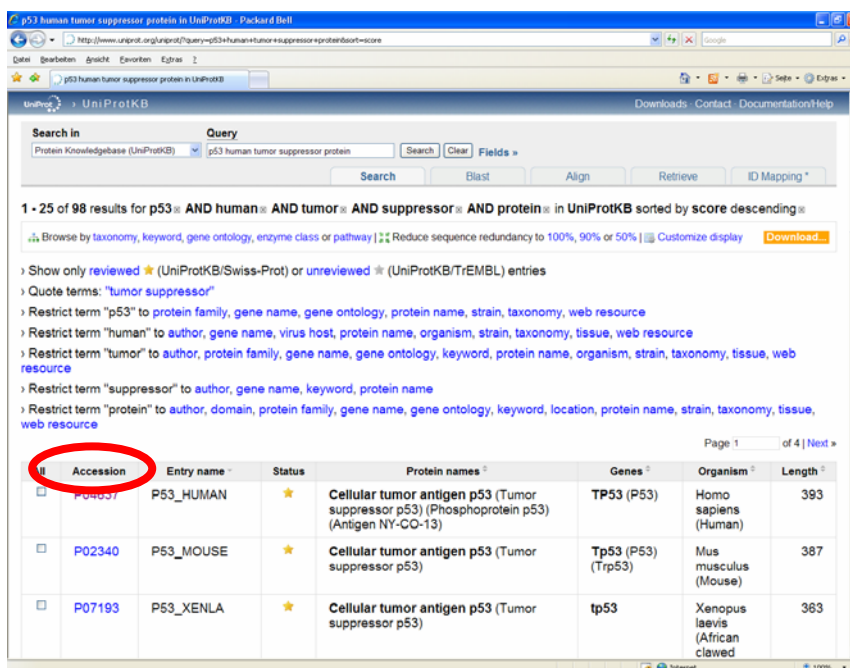
(B) Kurzanleitung zur Suche von Informationen über Proteine:

Die Datenbank Universal Protein Resource (kurz: UniProt; <http://www.uniprot.org/>) ist eine umfangreiche Sammlung von Sequenz- und Strukturdaten von Proteinen, die darüber hinaus auch Informationen über Vorkommen, Funktion oder beispielsweise Beteiligung an bestimmten Erkrankungen liefert.

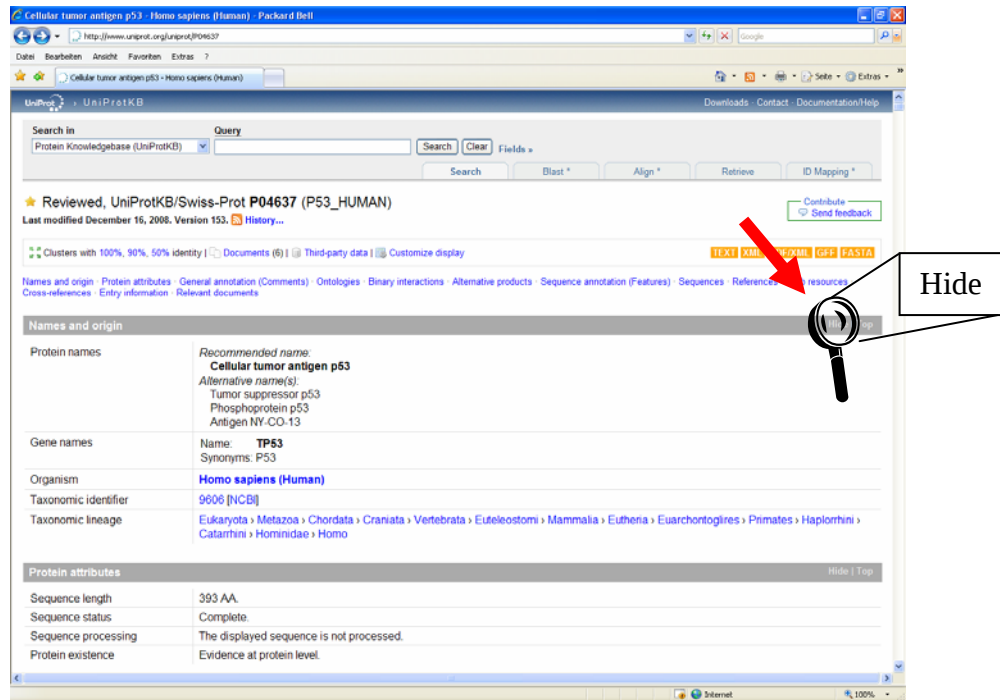
Unter „SITE TOUR“ (s. rote Markierung unten rechts) wird ein Lernprogramm für die Nutzung der Datenbank zur Verfügung gestellt.



- Suchbegriff unter „Query“ eingeben und „Search“ klicken (s. rote Pfeile):
z.B. p53 human tumor suppressor protein



- Zugriffsnummer des gewünschten Proteins in Spalte „Accession“ auswählen (s. rote Markierung)



Cellular tumor antigen p53 - Homo sapiens (Human) - Packard Bell

http://www.uniprot.org/uniprot/P04637

Suche in: Protein Knowledgebase (UniProtKB) [Suche] [Clear] [Fields]

Reviewed, UniProtKB/Swiss-Prot **P04637** (P53_HUMAN)
Last modified December 16, 2008. Version 153. [History...]

Clusters with 100%, 90%, 50% identity | Documents (6) | Third-party data | Customize display

Names and origin | Protein attributes | General annotation (Comments) | Ontologies | Binary interactions | Alternative products | Sequence annotation (Features) | Sequences | References | Web resources

Names and origin

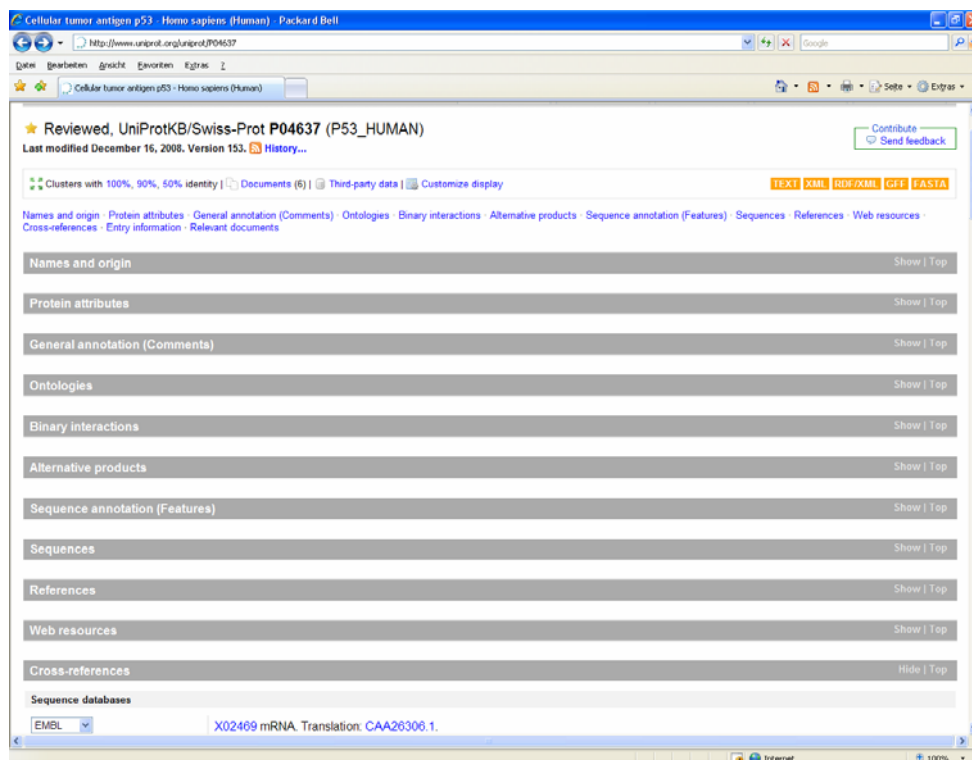
Protein names	Recommended name: Cellular tumor antigen p53 Alternative name(s): Tumor suppressor p53 Phosphoprotein p53 Antigen NY-CO-13
Gene names	Name: TP53 Synonyms: P53
Organism	Homo sapiens (Human)
Taxonomic identifier	9606 [NCBI]
Taxonomic lineage	Eukaryota > Metazoa > Chordata > Craniata > Vertebrata > Euteleostomi > Mammalia > Eutheria > Euarchontoglires > Primates > Haplorhini > Catarrhini > Hominoidea > Homo

Protein attributes

Sequence length	393 AA
Sequence status	Complete
Sequence processing	The displayed sequence is not processed.
Protein existence	Evidence at protein level

HINWEIS: Gerade beim menschlichen Tumorsuppressorprotein p53 macht sich die bisher gesammelte Datenflut beim Durchwandern der Seite mal wieder unangenehm bemerkbar. Selbst die Unterteilung durch die grauen Querbalken ist nur bedingt hilfreich, wenn bisher von p53 z.B. über 1.500 Varianten in der Aminosäuresequenz bekannt sind und diese auch alle unter „Sequence annotation (Features)“ aufgelistet werden.

Durch die Funktion „Hide“ am rechten Rand des Balkens steigen Übersichtlichkeit und Bearbeitungsgeschwindigkeit (s. roten Pfeil).



Cellular tumor antigen p53 - Homo sapiens (Human) - Packard Bell

http://www.uniprot.org/uniprot/P04637

Suche in: Protein Knowledgebase (UniProtKB) [Suche] [Clear] [Fields]

Reviewed, UniProtKB/Swiss-Prot **P04637** (P53_HUMAN)
Last modified December 16, 2008. Version 153. [History...]

Clusters with 100%, 90%, 50% identity | Documents (6) | Third-party data | Customize display

Names and origin | Protein attributes | General annotation (Comments) | Ontologies | Binary interactions | Alternative products | Sequence annotation (Features) | Sequences | References | Web resources

Names and origin [Hide] [Show | Top]

Protein attributes [Show | Top]

General annotation (Comments) [Show | Top]

Ontologies [Show | Top]

Binary interactions [Show | Top]

Alternative products [Show | Top]

Sequence annotation (Features) [Show | Top]

Sequences [Show | Top]

References [Show | Top]

Web resources [Show | Top]

Cross-references [Hide] [Top]

Sequence databases

EMBL X02469 mRNA Translation: CAA26306.1.

Feature key	Position (s)	Length	Description	Graphical view	Feature identifier
Molecule processing					
Chain	1 – 393	393	Cellular tumor antigen p53		PRO_0000185703
Regions					
DNA binding	102 – 292	191			
Region	1 – 83	83	Interaction with HRMT1L2		
Region	1 – 44	44	Transcription activation (acidic)		
Region	66 – 110	45	Interaction with WWOX		
Region	100 – 370	271	Interaction with HIPK1 By similarity		
Region	116 – 292	177	Interaction with AXIN1 By similarity		
Region	241 – 248	8	Interacts with the 53BP2 SH3 domain		
Region	256 – 294	39	Interaction with E4F1		
Region	300 – 393	94	Interaction with CARM1		
Region	319 – 360	42	Interaction with HIPK2		
Region	325 – 356	32	Oligomerization		
Region	359 – 383	5	Interaction with USP7		
Region	368 – 387	20	Basic (repression of DNA-binding)		
Motif	305 – 321	17	Bipartite nuclear localization signal		
Motif	339 – 350	12	Nuclear export signal		
Motif	370 – 372	3	[KR]STAK motif		
Sites					
Metal binding	176	1	Zinc		
Metal binding	179	1	Zinc		
Metal binding	238	1	Zinc		
Metal binding	240	1	Zinc		

HINWEIS: Unter „Sequence annotation (Features)“ findet man aber auch sehr interessante Informationen über die Positionen der verschiedenen Domänen innerhalb des Peptids oder Proteins.

Entry	Method	Resolution (Å)	Chain	Positions	PDBsum
1A1U	NMR	-	A/C	324-358	[v]
1A1E	X-ray	1.50	A	326-356	[v]
1C26	X-ray	1.70	A	325-356	[v]
1DT7	NMR	-	X/Y	367-388	[v]
1G2H	X-ray	2.60	A/C	95-292	[v]
1H26	X-ray	2.24	E	376-386	[v]
1HS5	NMR	-	A/B	324-357	[v]
1JSP	NMR	-	A	367-386	[v]
1KZY	X-ray	2.50	A/B	95-289	[v]
1MA3	X-ray	2.00	B	372-389	[v]
1OLG	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1OLH	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1PES	NMR	-	A/B/C/D	325-355	[v]
1PET	NMR	-	A/B/C/D	325-355	[v]
1SAE	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAF	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAG	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAH	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAI	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAJ	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAK	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1SAL	NMR	-	A/B/C/D	319-360	[v]
1TSR	X-ray	2.20	A/B/C	94-312	[v]
1TUP	X-ray	2.20	A/B/C	94-312	[v]
1UOL	X-ray	1.90	A/B	94-312	[v]
1XQH	X-ray	1.75	B/F	369-377	[v]
1YCQ	X-ray	2.30	B	13-29	[v]
1YCR	X-ray	2.60	B	15-29	[v]
1YCS	X-ray	2.20	A	94-312	[v]

➤ unter „Cross-references“ befindet sich eine Auflistung aller bisher ermittelten 3D-Strukturdaten; wenn wie im Falle von p53 keine Strukturdaten der Gesamtsequenz existieren, wählt man bspw. die längste aus (s. rote Markierung)

RCSB PDB : Structure Explorer - Packard Bell

http://www.pdb.org/pdb/cgi/structure.cgi?pdbId=1TSR

CONTACT US | FEEDBACK | HELP | PRINT

PDB ID or keyword Author Site Search Advanced Search

Home Search Structure

Some chains and/or residues have been updated. Click [here](#) for details, or [here](#) for details about the remediation process

1tsr

Learn more: [M] DOI 10.2210/pdb1tsr/pdb

Red - Derived Information

Title	P53 CORE DOMAIN IN COMPLEX WITH DNA		
Authors	Cho, Y., Gorina, S., Jeffrey, P., Pavletich, N.		
Primary Citation	Cho, Y., Gorina, S., Jeffrey, P.D., Pavletich, N.P. (1994) Crystal structure of a p53 tumor suppressor-DNA complex: understanding tumorigenic mutations. <i>Science</i> 265 : 346-355 [Abstract] PubMed		
History	Deposition	1995-07-28	Release 1996-01-29
Experimental Method	Type	X-RAY DIFFRACTION Data N/A	
Parameters	Resolution[Å]	R-Value	R-Free
	2.20	0.205 (obs.)	n/a
			Space Group
			C 2 (C 1 2 1)
Unit Cell	Length [Å]	a	b
	Angles [°]	alpha	beta
		117.50	67.90
		90.00	105.50
			c
			gamma
			108.80
			90.00
Molecular Description	Polymer: 1 Molecule: DNA (5'-D (*TP*TP*TP*CP*CP*TP*AP*GP*AP*CP*TP*TP*GP*CP*CP*CP*A P*AP*TP*TP*A)-3') Chains: E Polymer: 2 Molecule: DNA (5'-D (*AP*TP*AP*AP*TP*TP*GP*GP*GP*CP*AP*AP*GP*TP*CP*TP*A P*GP*GP*AP*A)-3')		

Images and Visualization

Biological Molecule

Display Options

KING
Jmol
WebMol
MBT SimpleViewer*
MBT Protein Workshop
QuickPDB
All Images

* Capable of displaying biological molecules.

- man gelangt direkt auf die Protein-Datenbank von Research Collaboratory for Structural Bioinformatics (RCSB) und kann sich die 3D-Strukturdaten von p53 als pdb-Datei herunterladen (s. roten Pfeil)