

Information (Lehrer):

Kleiner Führerschein für Datenbanken und ein Programm zur 3D-Visualisierung

Mit der **Bioinformatik** hat sich ein eigener interdisziplinärer Wissenschaftszweig entwickelt, der Sequenzdaten für Nukleinsäuren und Proteine von Organismen sammelt und organisiert, 3D-Strukturdaten verschiedenster makromolekularer Moleküle analysiert und Visualisierungsprogramme für Biomoleküle und biologische Prozesse bereitstellt. Mittlerweile wurden weltweit Abermillionen solcher Datensätze generiert. Um diese Datenflut zu verwalten und auch allen Mitgliedern (vor allem) der Wissenschaftsgemeinschaft zugänglich zu machen, existieren Datenbanken; die umfangreichste befindet sich an den National Institutes of Health (NIH) in den USA (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/gquery>). Diese Art „GOOGLE“-Suchmaschine für Wissenschaftler findet und vergleicht nicht nur Sequenzdaten (grüne Markierungen), sondern ermöglicht mit „PubMed“ auch die Suche nach Originalveröffentlichungen aus der biomedizinischen Forschung (rote Markierung).

NCBI Entrez, The Life Sciences Search Engine

HOME SEARCH SITE MAP PubMed All Databases Human Genome GenBank Map Viewer BLAST

Search across databases GO Clear Help

Welcome to the Entrez cross-database search page

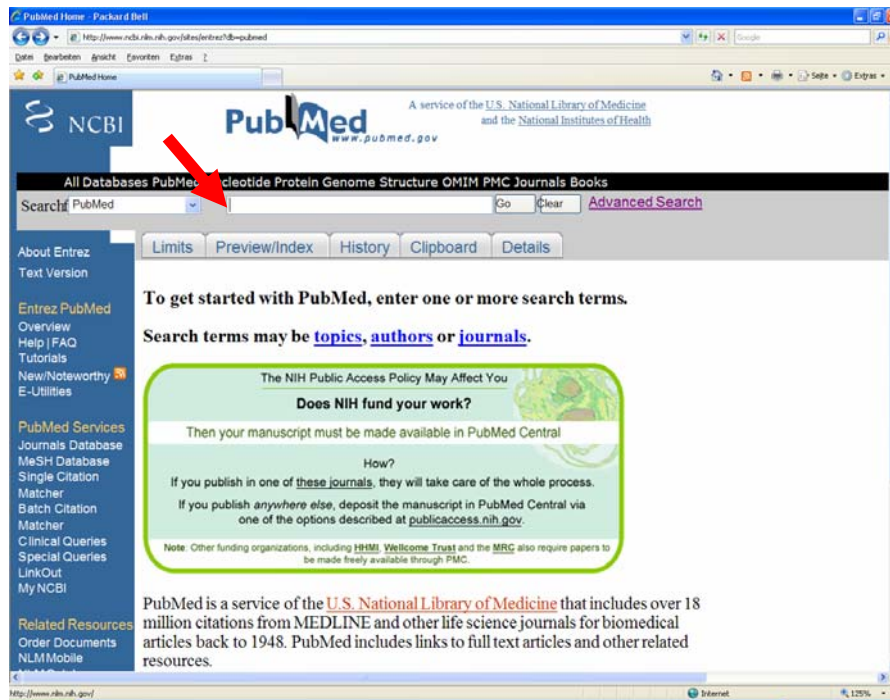
PubMed: biomedical literature citations and abstracts	Books: online books
PubMed Central: free, full text journal articles	OMIM: online Mendelian Inheritance in Man
Site Search: NCBI web and FTP sites	OMIA: online Mendelian Inheritance in Animals
Nucleotide: Core subset of nucleotide sequence records	dbGaP: genotype and phenotype
EST: Expressed Sequence Tag records	UniGene: gene-oriented clusters of transcript sequences
GSS: Genome Survey Sequence records	CDD: conserved protein domain database
Protein: sequence database	3D Domains: domains from Entrez Structure
Genome: whole genome sequences	UniSTS: markers and mapping data
Structure: three-dimensional macromolecular structures	PopSet: population study data sets
Taxonomy: organisms in GenBank	GEO Profiles: expression and molecular

Inhalt:

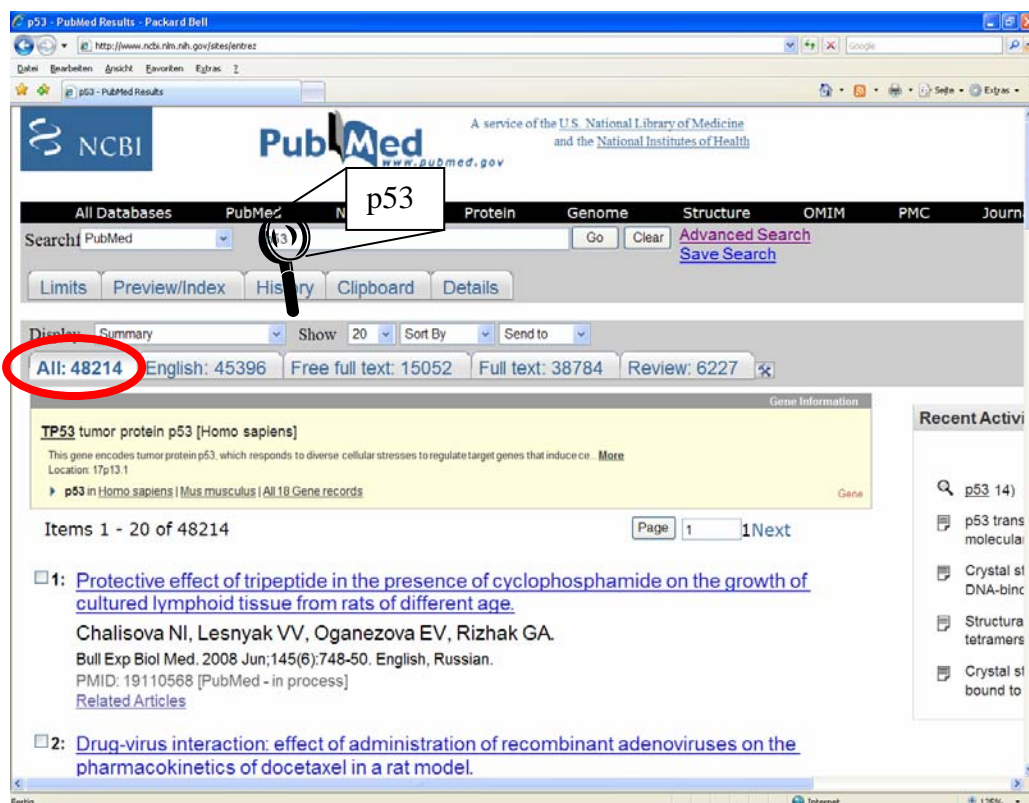
- (A) Kurzanleitung zur Suche von wissenschaftlichen Originalpublikationen
- (B) Kurzanleitung zur Suche von Informationen über Proteine
- (C) Kurzanleitung zur Nutzung des Visualisierungsprogramms PyMOL

(A) Kurzanleitung zur Suche von wissenschaftlichen Originalpublikationen:

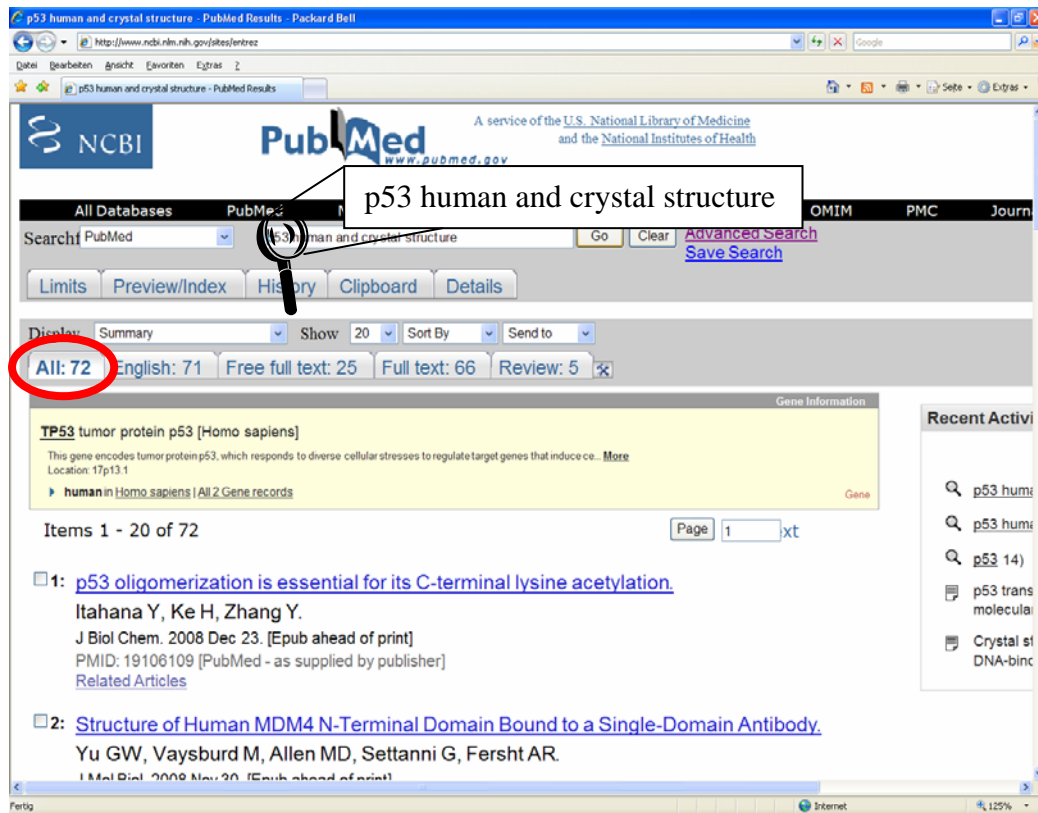
- Mausklick links auf Zeile “**PubMed**: biomedical literature citations and abstracts” (s.o.)
- Suchbegriff eingeben (s. roten Pfeil): z.B. p53



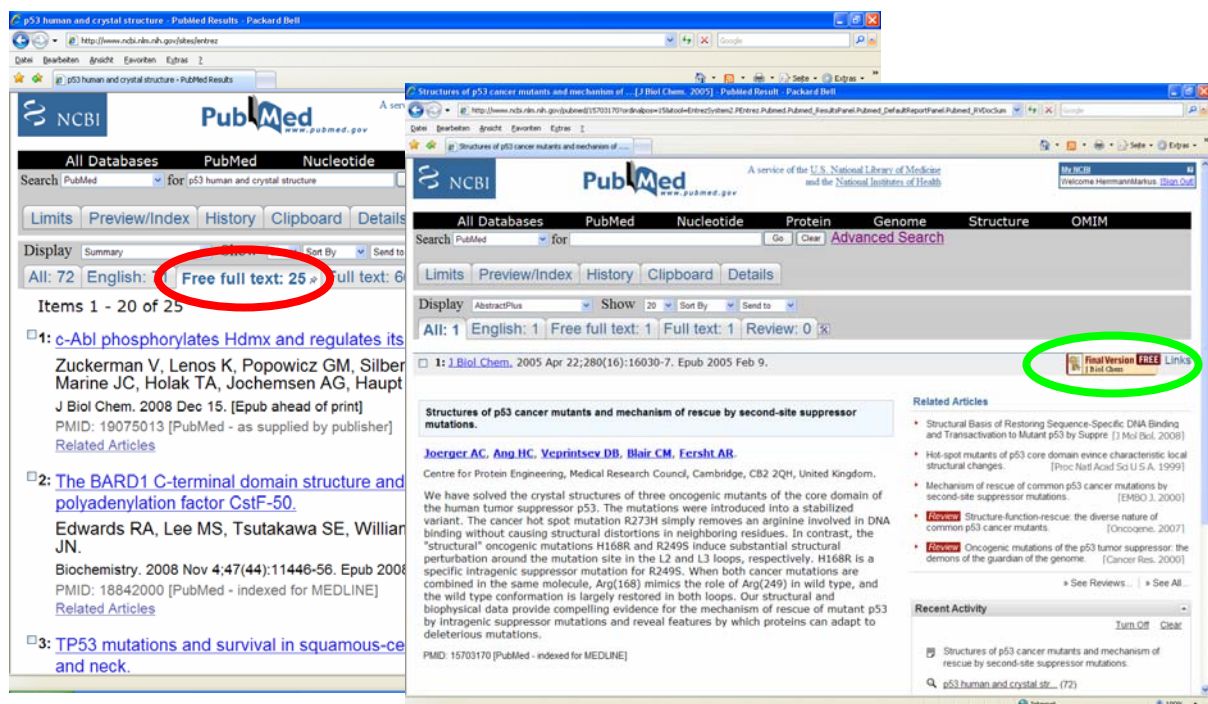
HINWEIS: Man verliert sehr schnell den Überblick und verirrt sich in der Datenflut. So ergibt sich bei der Suche nach dem Tumorsuppressorprotein p53 ein Ergebnis von 48214 Treffern. Auch die Ergänzung von p53 um den Begriff „human“ resultiert in 41011 Treffern.



- Suche durch weitere Begriffe und Operatoren („and“, „or“, „not“) eingrenzen; erst die Eingrenzung mit „p53 human and crystal structure“ ergibt ein akzeptables und überschaubares Ergebnis.



- Mausklick links auf „Free full text“ (s. rote Markierung) zeigt eine Liste von Publikationen, auf deren Zusammenfassungen („abstracts“) direkt zugegriffen werden kann und die als Vollversion gebührenfrei heruntergeladen werden können. Dies ist durch „Final Version FREE“ oder „open access“ oben rechts gekennzeichnet und verlinkt (s. grüne Markierung).



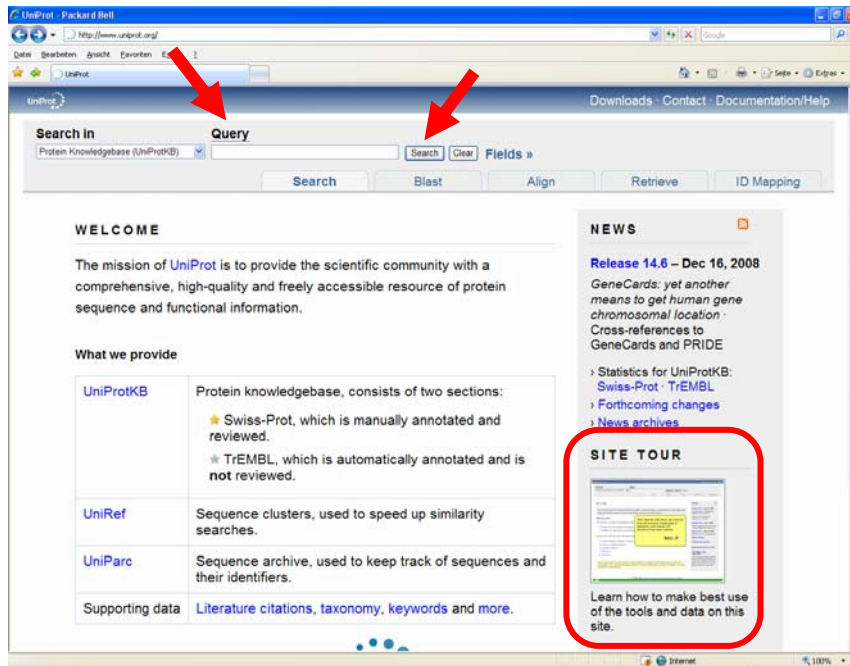
➤ Die Originalpublikation ist als pdf-Datei herunterladbar (s. rote Markierung).

The screenshot shows a web browser window displaying the JBC (Journal of Biological Chemistry) article titled "Structures of p53 Cancer Mutants and Mechanism of Rescue by Second-site Suppressor Mutations". The article is by Andreas C. Joerger, Hwee Ching Ang, Dmitry B. Veprincev, Caroline M. Blair, and Alan R. Fersht. The article is published in JBC Papers in Press, February 11, 2005, DOI 10.1074/jbc.M500179200. The article is available as a PDF version of the full text (HTML) link, which is highlighted with a red circle in the right sidebar. The sidebar also contains links for "Full Text (HTML)", "Alert me when this article is cited", "Alert me if a correction is posted", "Email this article to a friend", "Similar articles in this journal", "Similar articles in PubMed", "Alert me to new issues of the journal", "Download to citation manager", "Request Permissions", "Citing Articles", "Citing Articles via Google Scholar", and "Google Scholar".

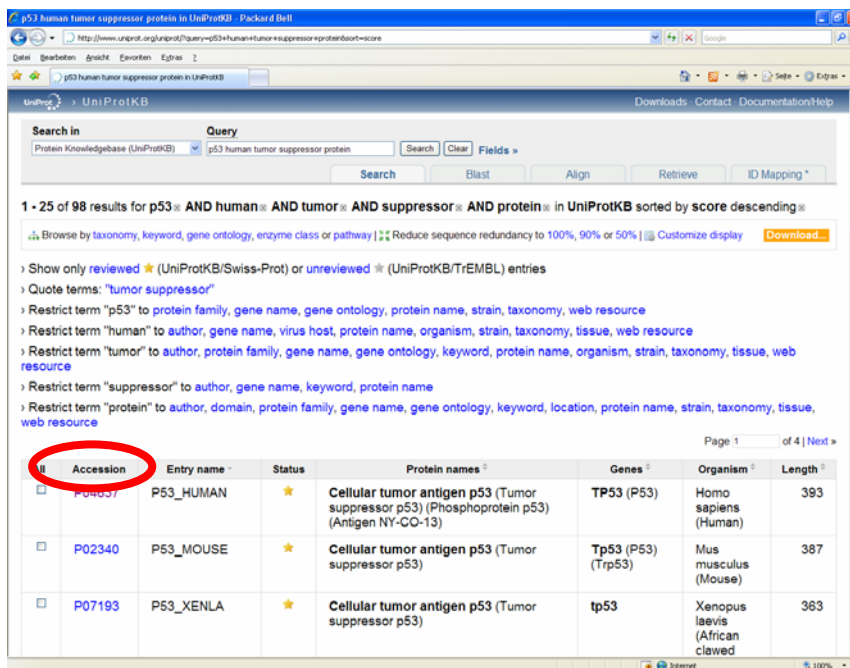
Dies ist nur ein Mikrospektrum der Möglichkeiten, die diese Datenbank der NIH bietet. Es macht sicher viel Freude, die anderen features zu erkunden und auszuprobieren. Jedoch wird schnell die Zeit zum limitierenden Faktor.

(B) Kurzanleitung zur Suche von Informationen über Proteine:

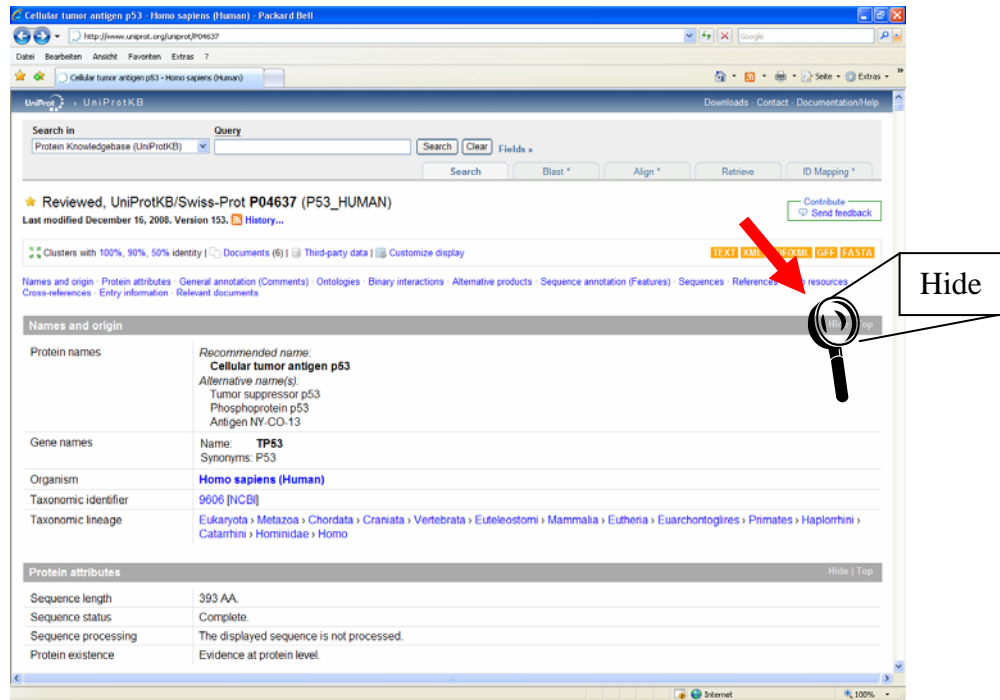
Die Datenbank Universal Protein Resource (kurz: UniProt; <http://www.uniprot.org/>) ist eine umfangreiche Sammlung von Sequenz- und Strukturdaten von Proteinen, die darüber hinaus auch Informationen über Vorkommen, Funktion oder beispielsweise Beteiligung an bestimmten Erkrankungen liefert. Unter „SITE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

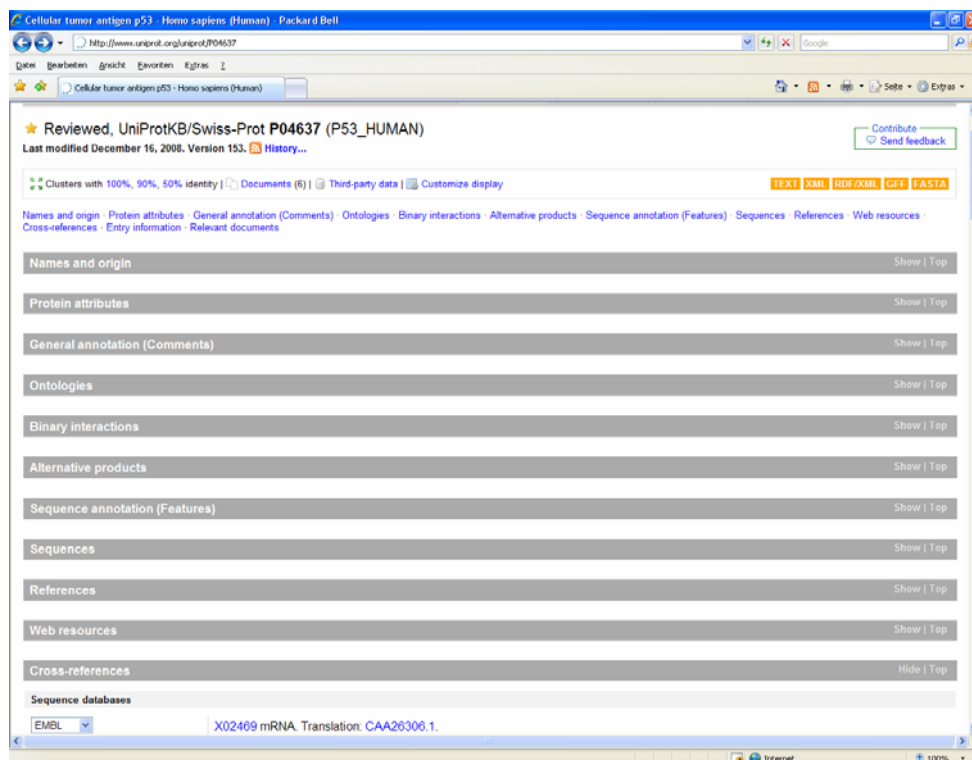
Names and origin: Protein names, Gene names, Organism, Taxonomic identifier, Taxonomic lineage

Protein attributes: Sequence length, Sequence status, Sequence processing, Protein existence

Hide | Top

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

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 names, Gene names, Organism, Taxonomic identifier, Taxonomic lineage

Protein attributes: Sequence length, Sequence status, Sequence processing, Protein existence

General annotation (Comments)

Ontologies

Binary interactions

Alternative products

Sequence annotation (Features)

Sequences

References

Web resources

Cross-references

Sequence databases

EMBL | X02469 mRNA Translation: CAA26306.1.

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

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

Cellular tumor antigen p53 - Homo sapiens (Human)

Sequence annotation (Features)

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	25	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]STAA-K 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.

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

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

Cellular tumor antigen p53 - Homo sapiens (Human)

UniGene Hs.654481

3D structure databases

PDB

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

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

Help Structure Summary Sequence Details Biology & Chemistry Materials & Methods Geometry Remediation External Links

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. Science 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	Space Group	
	2.20	0.205 (obs.)	n/a	C 2 (C 1 2 1)	
Unit Cell	Length [Å]	a	117.50	b	67.90
	Angles [°]	alpha	90.00	beta	105.50
				c	108.80
				gamma	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')				
Asymmetric Unit	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)

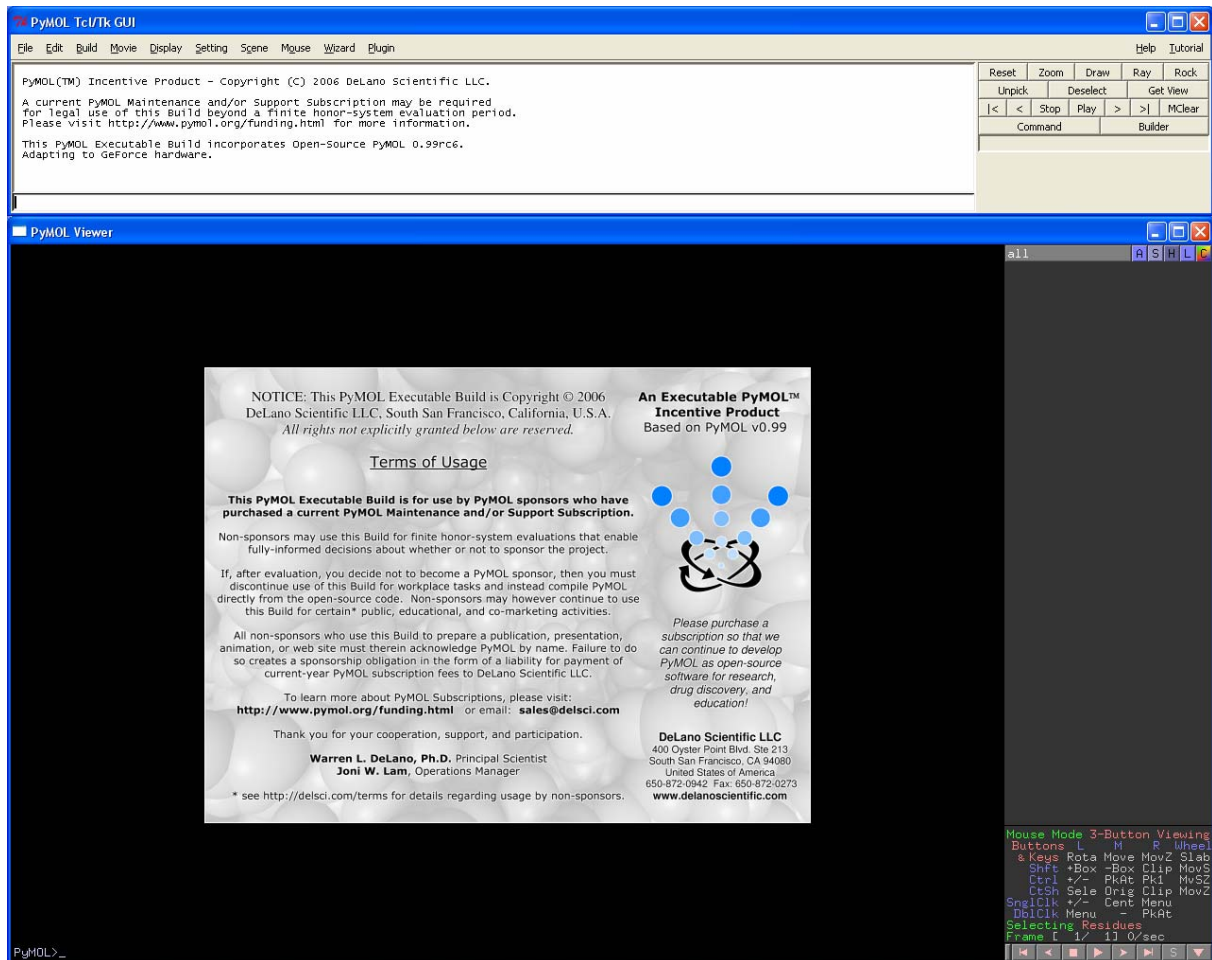
(C) Kurzanleitung zur Nutzung des Visualisierungsprogramms PyMOL:

Um komplexe Makromoleküle wie Nukleinsäuren oder Proteine am Computerbildschirm dreidimensional darstellen zu können, benötigt man Visualisierungsprogramme wie z.B. PyMOL. DeLano Scientifics ist ein kommerzieller Software-Anbieter, der im Internet eine veraltete Version des Programms kostenlos zum Herunterladen zur Verfügung stellt (<http://pymol.sourceforge.net/>).

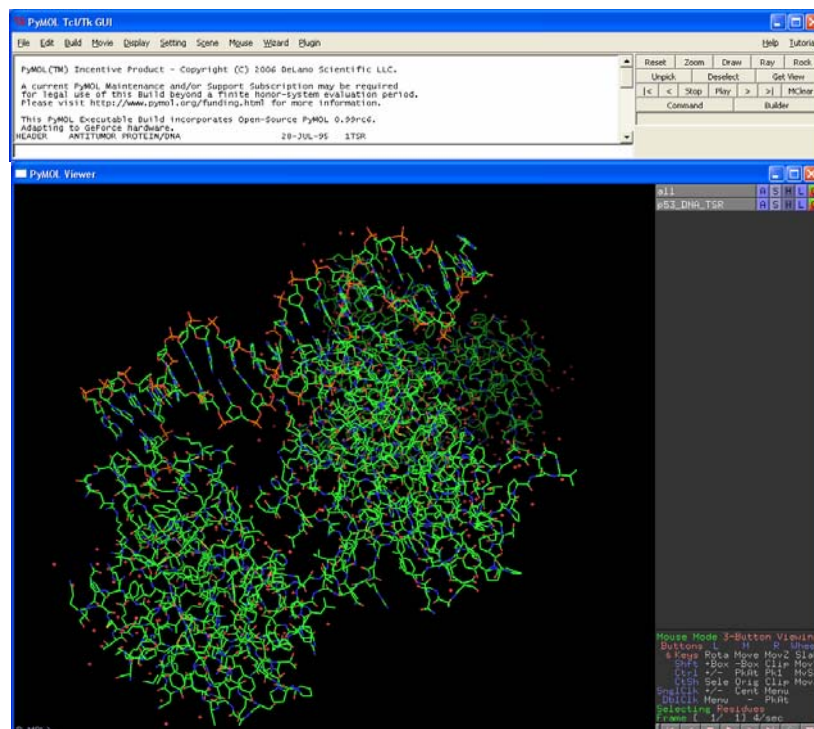
- unter „Download“ kann man unter “Older PyMOL builds (pre-1.0) are still **FREELY accessible** but are no longer maintained” die voll funktionsfähige Version 0.99 herunterladen (Volumen: 11,4 MB) (s. rote Markierung)

The image consists of two screenshots of the PyMOL website. The top screenshot shows the 'PyMOL Molecular Viewer - SourceForge - Packard Bell' browser window. The 'Download' link in the navigation bar is circled in red. The bottom screenshot shows the 'Download PyMOL Builds' page. A red box highlights the text: 'Older PyMOL builds (pre-1.0) are still FREELY accessible but are no longer maintained.'

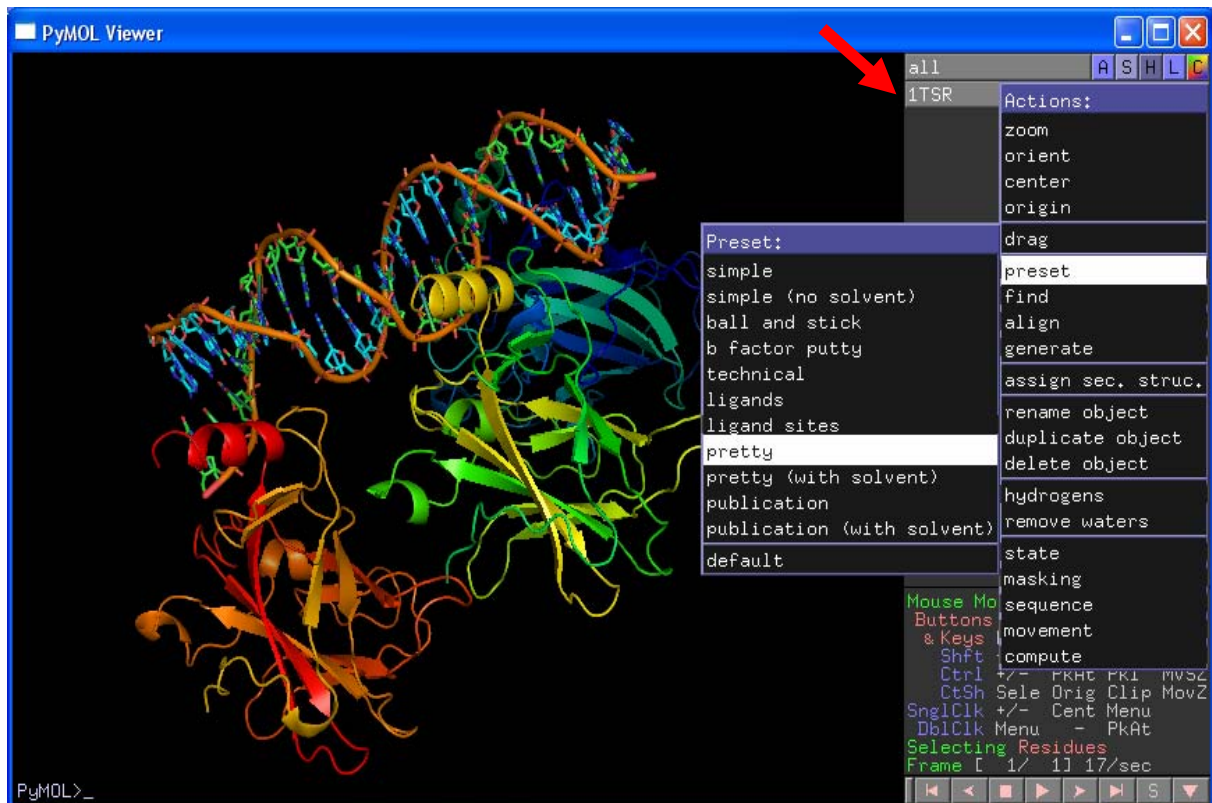
- nach Installation auf dem Rechner das Programm PyMOL starten



- gespeicherte pdb-Datei von p53 (= 1TSR.pdb) öffnen



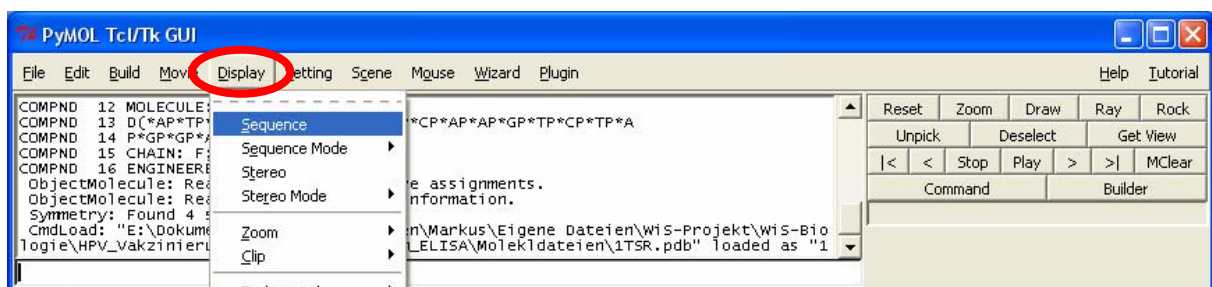
- in der Zeile 1TSR „A“ für **Actions** anklicken (s. roten Pfeil), aus Liste „preset“ wählen und aus weiterer Liste „pretty“ wählen (andere Möglichkeiten einfach auch mal alle ausprobieren!)



- Bei Gedrückthalten der **linken Maustaste** kann das visualisierte Molekül durch Bewegen der Maus im Raum gedreht werden.
- Bei Gedrückthalten der **rechten Maustaste** kann das visualisierte Molekül durch Ziehen der Maus gezoomt werden.

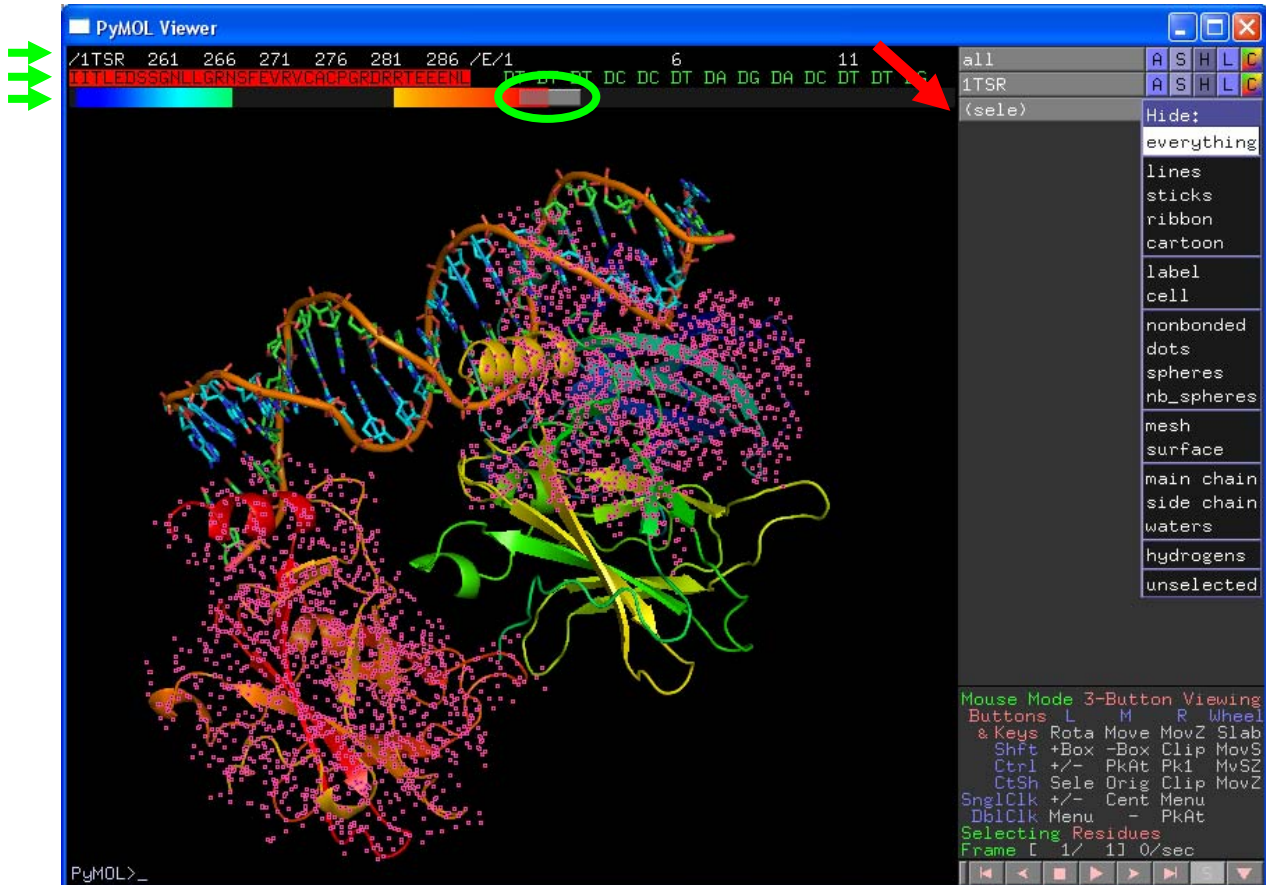
Molekülsequenzen ausblenden oder entfernen:

- aus Hauptmenüleiste unter „Display“ die Ansicht „Sequence“ auswählen



- es werden oberhalb der Molekülabbildung in 3 Zeilen die jeweiligen Aminosäurepositionen im Peptid/Protein bzw. Nukleotide in der DNA, die Aminosäure im Einbuchstabencode und ein hellgrauer Balken, der als Cursor genutzt werden kann, dargestellt (s. grüne Pfeile, grüne Markierung)
- durch Mausklick links können einzelne Aminosäuren ausgewählt werden; durch Umschalttaste (=shift) + Mausklick links können innerhalb von 2 begrenzenden Aminosäuren ganze Bereiche markiert werden

(die ausgewählten Bereiche werden entsprechend der Farbgebung in der Abbildung in der Cursorzeile wiedergegeben; rechts erscheint unterhalb der Zeile 1TSR eine weitere Zeile (sele), die die Bearbeitung ausgewählter Aminosäuresequenzen steuert (s. roten Pfeil)

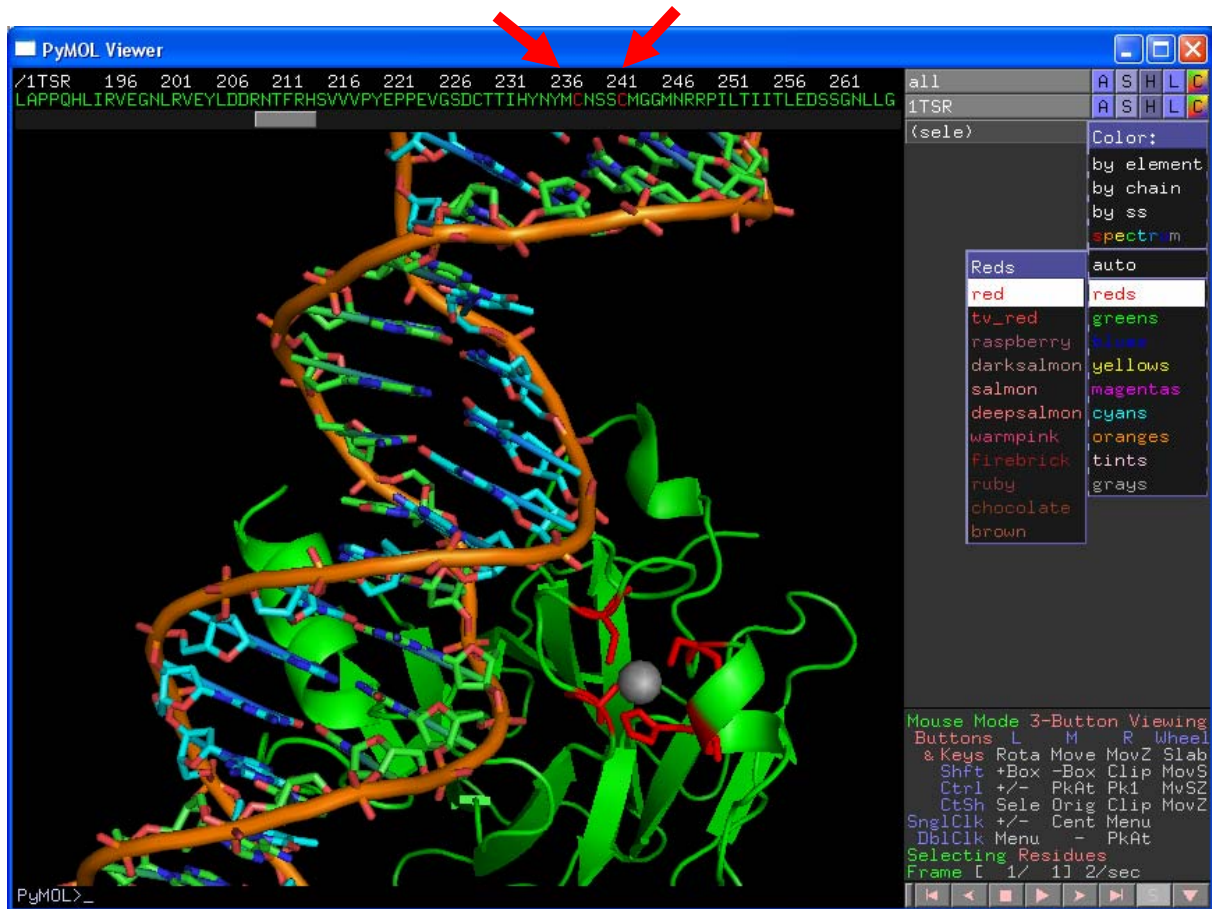


- in der Zeile (sele) „H“ für **Hide** anklicken und aus Liste „everything“ wählen (die ausgewählten Bereiche erscheinen in der Abbildung zunächst mit kleinen pinkfarbenen Quadraten; sie bleiben nach der Bearbeitung erhalten – können aber durch Mausklick links auf den schwarzen Hintergrund entfernt werden; die Molekülteile bleiben in der Sequenzzeile erhalten, werden aus der Molekülabbildung aber ausgeblendet)
- die markierten Molekülanteile können durch Anklicken von „A“ in Zeile (sele) und auswählen von „remove atoms“ auch aus Sequenzzeile entfernt werden

Farbgebungen / Moleküldarstellungen verändern:

- durch Mausklick links in Sequenzzeile Aminosäuren oder ganze Bereiche markieren
- in der Zeile (sele) „C“ für **Color** anklicken und aus Liste z.B. unter „greens“ weiteren Grün-Ton wählen
(gesamte Sequenz des dargestellten p53-Moleküls hellgrün gefärbt; die Zinkfinger-Aminosäuren an Positionen 176, 179, 238 und 242 rot gefärbt (s. rote Pfeile); das zentrale Zink-Ion grau gefärbt; Ansicht gedreht und gezoomt)

- in der Zeile (sele) „S“ für **Show** anklicken und aus Liste z.B. „sticks“ (hier für die Zinkfinger-Aminosäuren) oder „spheres“ (für das Zink-Ion) auswählen



Hintergrundfarbe variieren:

- in Menüleiste unter „Display“ → „background“ wählen (am Bildschirm ist schwarzer Hintergrund meist optimal; jedoch für Ausdrücke suboptimal)

Sicherung von Molekülbearbeitungen / als Grafik für Textverarbeitung:

- in Menüleiste unter „File“ → „Save Session“ wählen (Bearbeitungszustand kann parallel zur Original-pdb-Datei als pse-Datei gespeichert werden)
- in Menüleiste unter „File“ → „Save Image“ wählen (Bearbeitungszustand kann parallel zur Original-pdb-Datei als png-Bilddatei gespeichert werden; Einfügen als Grafik durch Textverarbeitungsprogramme möglich)

Auch hierbei handelt es sich nur um eine Kurzanleitung, die rasch erste Schritte im Umgang erlaubt, jedoch die vielfältigen Möglichkeiten, die dieses Visualisierungsprogramm bietet, nur oberflächlich ankratzt. Man sollte es einfach mal spielerisch ausprobieren und sich überraschen lassen, was am Bildschirm so alles passiert 😊.