

Использование сервисов PDB

Я искал в PDB структуры, которые не содержат мутаций (поле "Wild Type Protein"), получены методом X-ray (поле "Experimental Method") и содержат экспериментальные данные. Также варьировался порог по разрешению (поле "X-ray Resolution"). Количество найденных структур в зависимости от параметров поиска представлено в таблице 1.

Таблица 1. Количество структур в PDB, в соответствии с параметрами поиска

Wild Type Protein		Experimental Method		X-ray Resolution threshold	Number of Structures
Include Expression Tags	Percent coverage of Uniprot sequence		Experimental Data		
Yes	>= 95	X-ray	Yes	-	38953
Yes	>= 95	X-ray	Yes	3.0	31240
No	100	X-ray	Yes	3.0	4701
Yes	>= 95	X-ray	Yes	2.0	14014
No	100	X-ray	Yes	2.0	2059
No	100	X-ray	Yes	1.5	469
No	100	X-ray	Yes	1.0	51

[Результат](#) последнего запроса (51 структура).

[Файл](#) с 51 последовательностью.

[Архив](#) с 51 структурой.