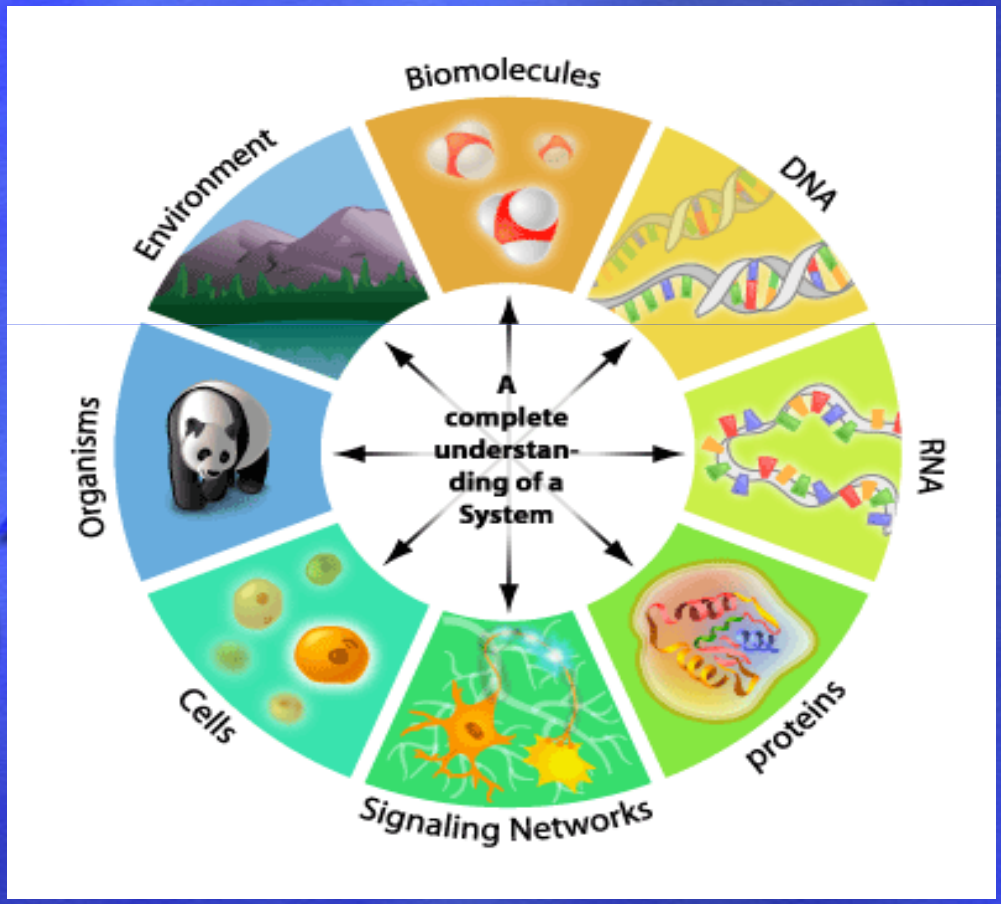
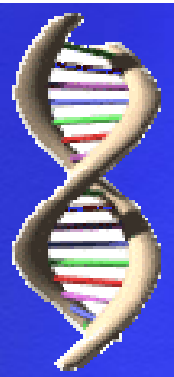
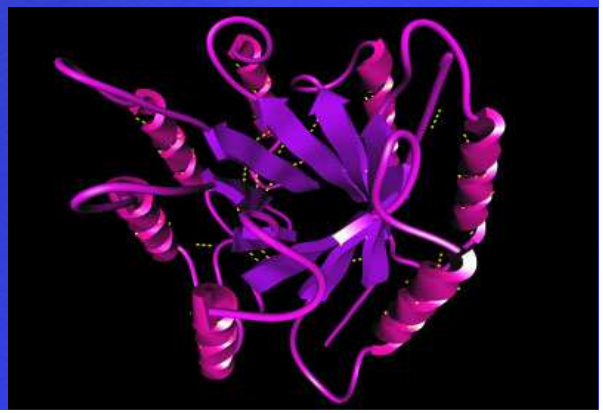
SİSTEM BİYOLOJİSİ



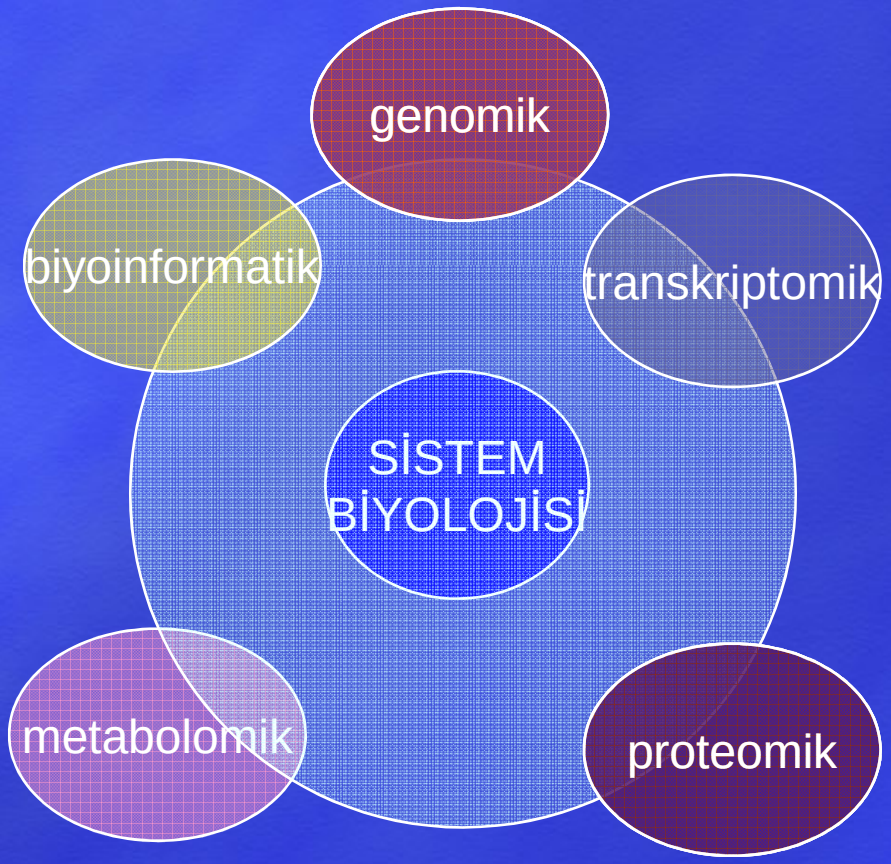


SİSTEM BİYOLOJİSİ NEDİR?

- *Sistem biyolojisi, canlıların genler, proteinler ve biyokimyasal tepkimelerin etkileşen ve bütünleşmiş bir ağ yapısı olarak algılanarak incelenmesini amaçlayan çok yeni ve çok disiplinli bir bilim dalı.*
- *Genleri, proteinleri vs. tek tek değil bir bütün halinde inceler.*
- *Elde ettiği bilgileri matematiksel modellere dökerek tüm sistemin yapısı hakkında bilgi edinir.*



- *Sistem biyolojisi, biyolojik sistemleri genetik, biyolojik veya kimyasal açıdan inceler.*



- ***GENOMİK*** *: Organizmaya ait tüm genomdaki genlerin işlev ve etkileşimlerini inceler*
- ***TRANSKRİPTOMİK:*** *Hücre genomundan transkripsiyonla oluşan mRNA transkriptlerinin eş zamanlı incelenmesidir.*
- ***PROTEOMİK****: Belli bir zamanda belli bir yerde bulunan tüm proteinlerin yapılarını, yerleşimlerini, miktarlarını, translasyon sonrası modifikasyonlarını, doku ve hücrelerdeki işlevlerini, diğer proteinlerle ve makromoleküllerle olan etkileşimini aydınlatır.*
- ***METABOLOMİK****. Bir hücre veya canlıdaki metabolizmanın tümü metabolomdur. Metabolomik ise metabolomdaki küçük moleküllü metabolitlerin yüksek verimli teknolojiler kullanılarak saptanması, miktarının belirlenmesi ve tanımlanmasıdır.*
- ***BİYOİNFORMATİK****: Çeşitli biyoloji veri bankalarından gelen bilginin anlaşılır ve organize hale getirilmesi için informatik tekniklerin kullanımı*

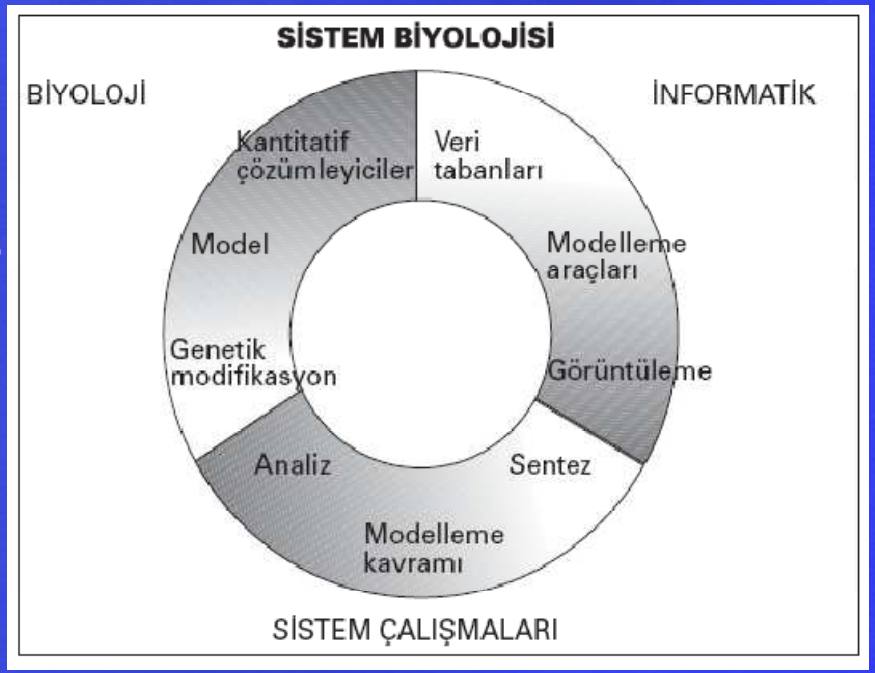
Sistem biyolojisi

- *Deneysel yollarla elde edilmiş verilerin toplanmasını,*
- *Sayısal tahminleri elde etmek için matematiksel denklemlerin kesin bilgisayar çözümlerini,*
- *Bu verilere ve denklem çözümlerine göre matematiksel modellerin önerilmesini ve*
- *Deneysel verilerle sayısal simülasyonların karşılaştırılmasıyla modelin niteliğinin değerlendirilmesini*

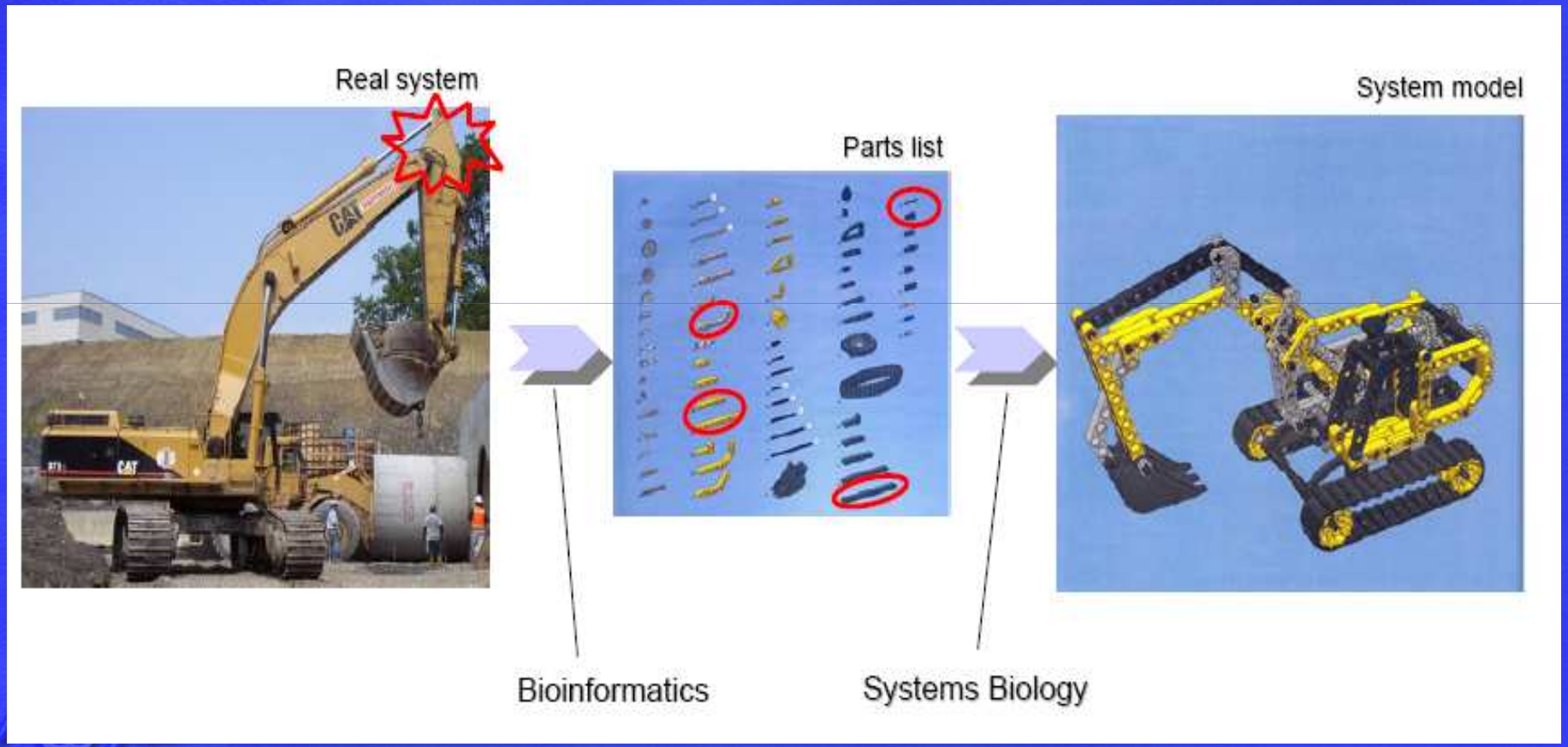
kapsar.



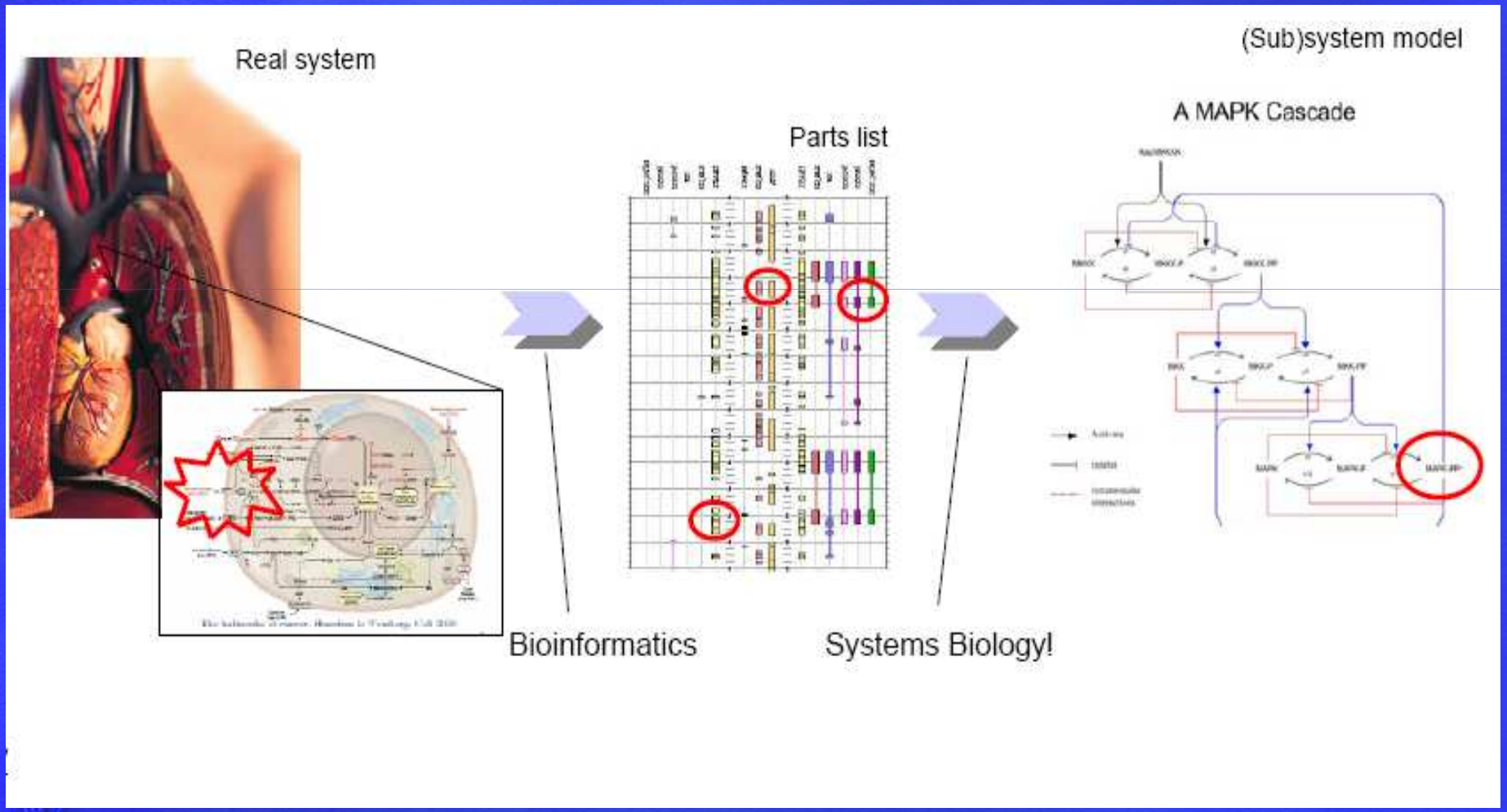
- *Biyolojinin sistem düzeyinde kantitatif olarak anlaşılması; sistem çalışmalarını, biyolojiyi ve bilgisayar bilimlerini birleştiren disiplinler arası yaklaşıma dayanır. Sistem biyolojisinin hedefi, hücrenin ve tüm organizmanın sanal temsilinin geliştirilmesidir*



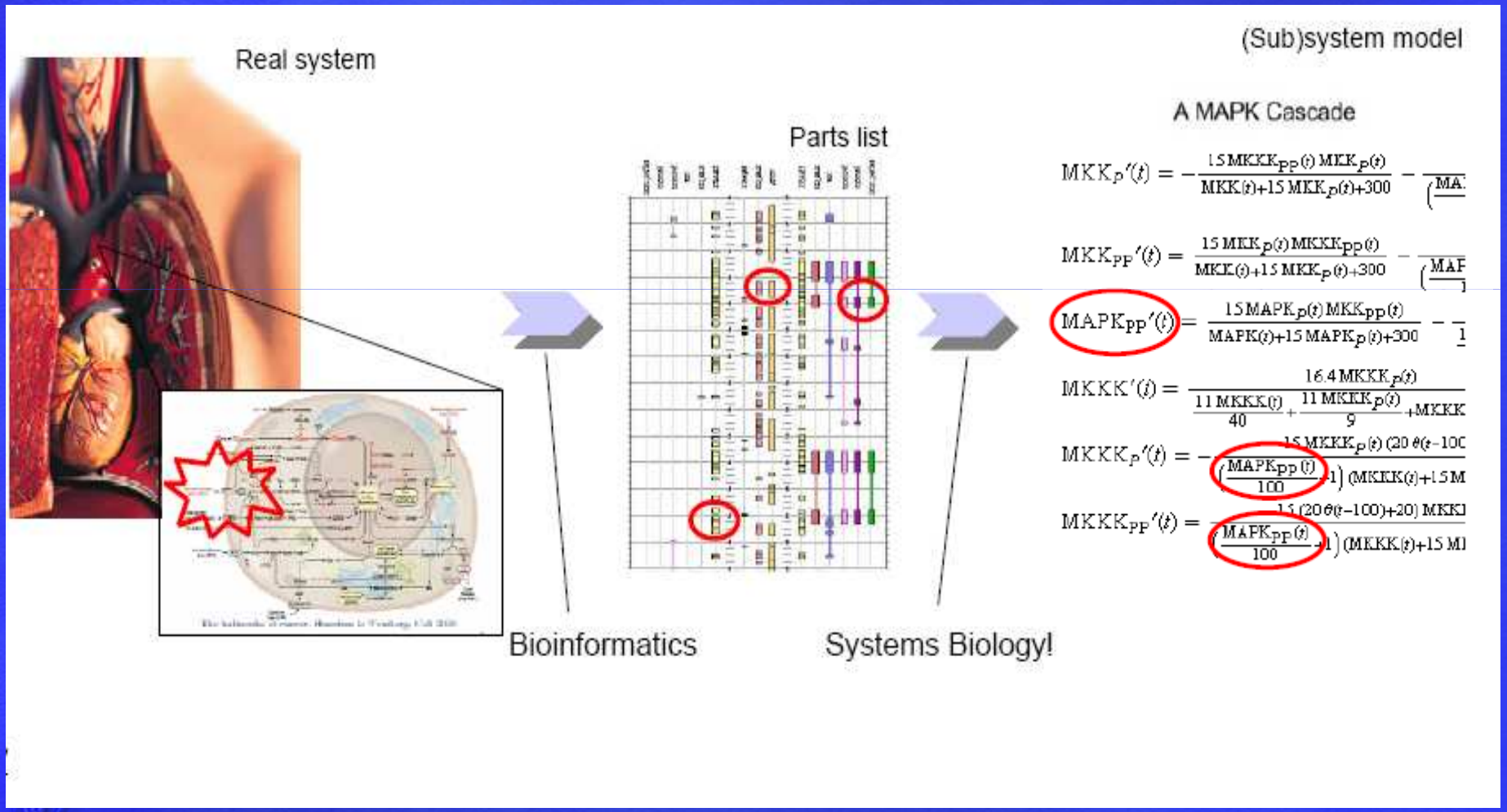
SİSTEM BİYOLOJİSİ NEDİR?



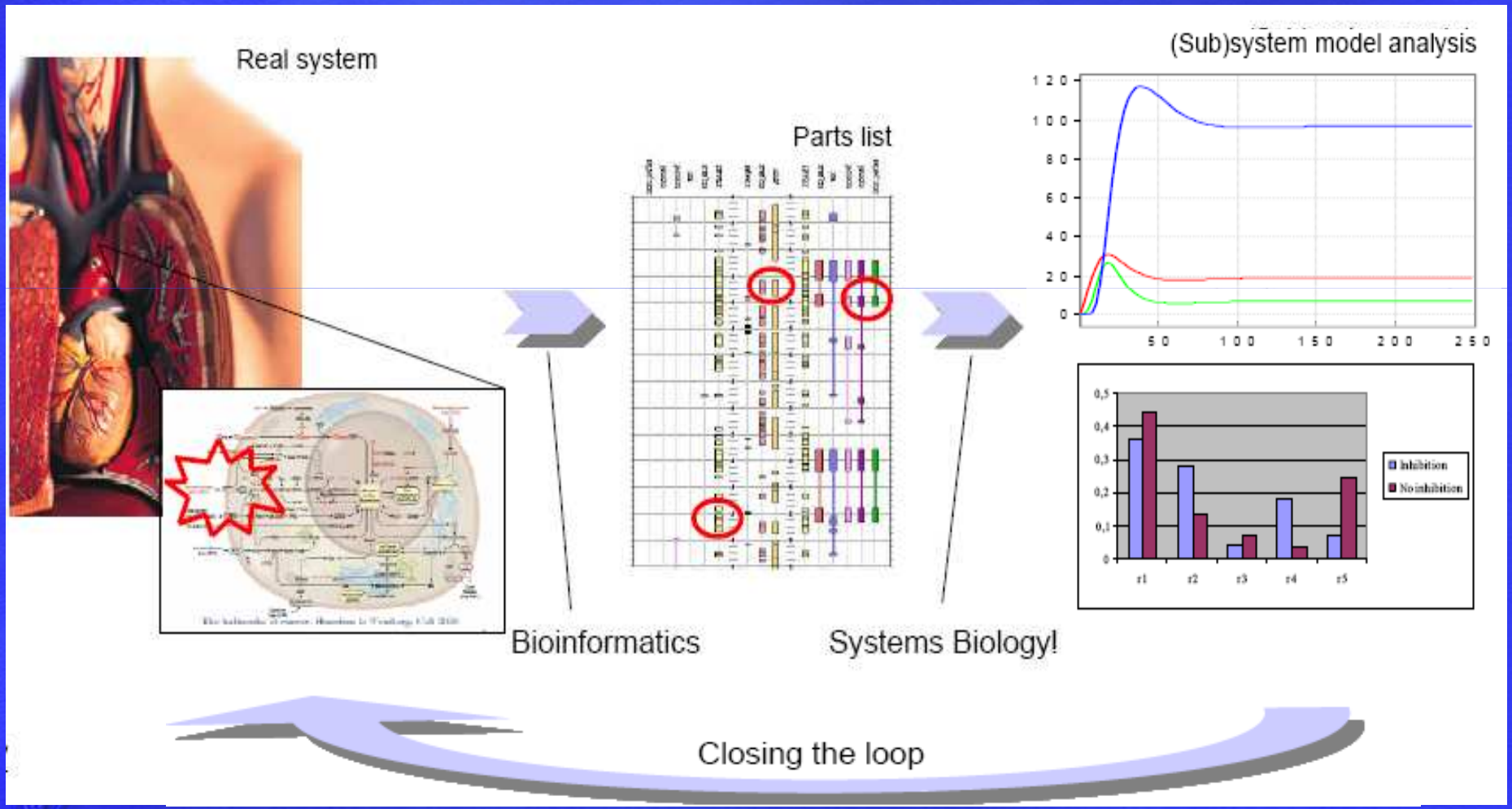
SİSTEM BİYOLOJİSİ NEDİR?



SİSTEM BİYOLOJİSİ NEDİR?

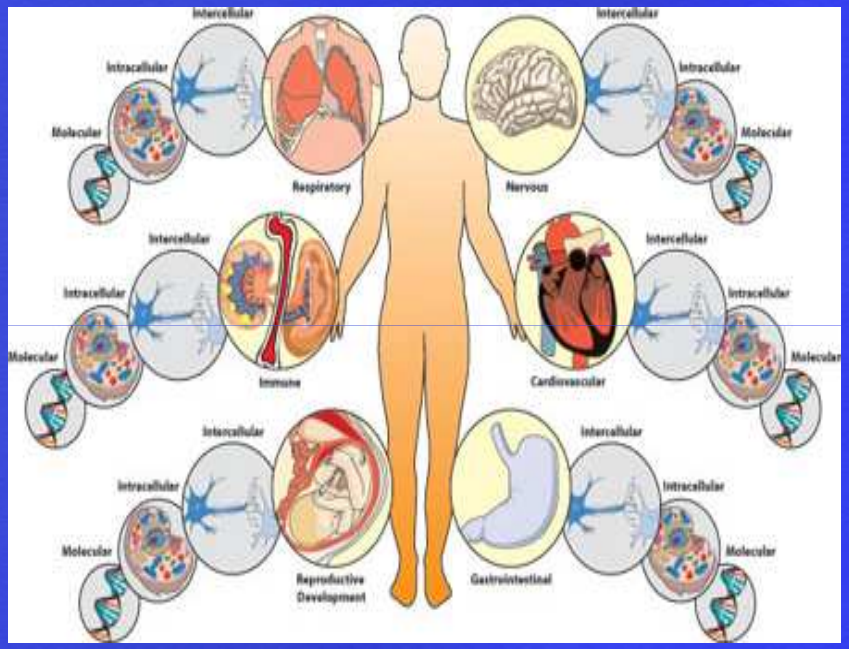


SİSTEM BİYOLOJİSİ NEDİR?



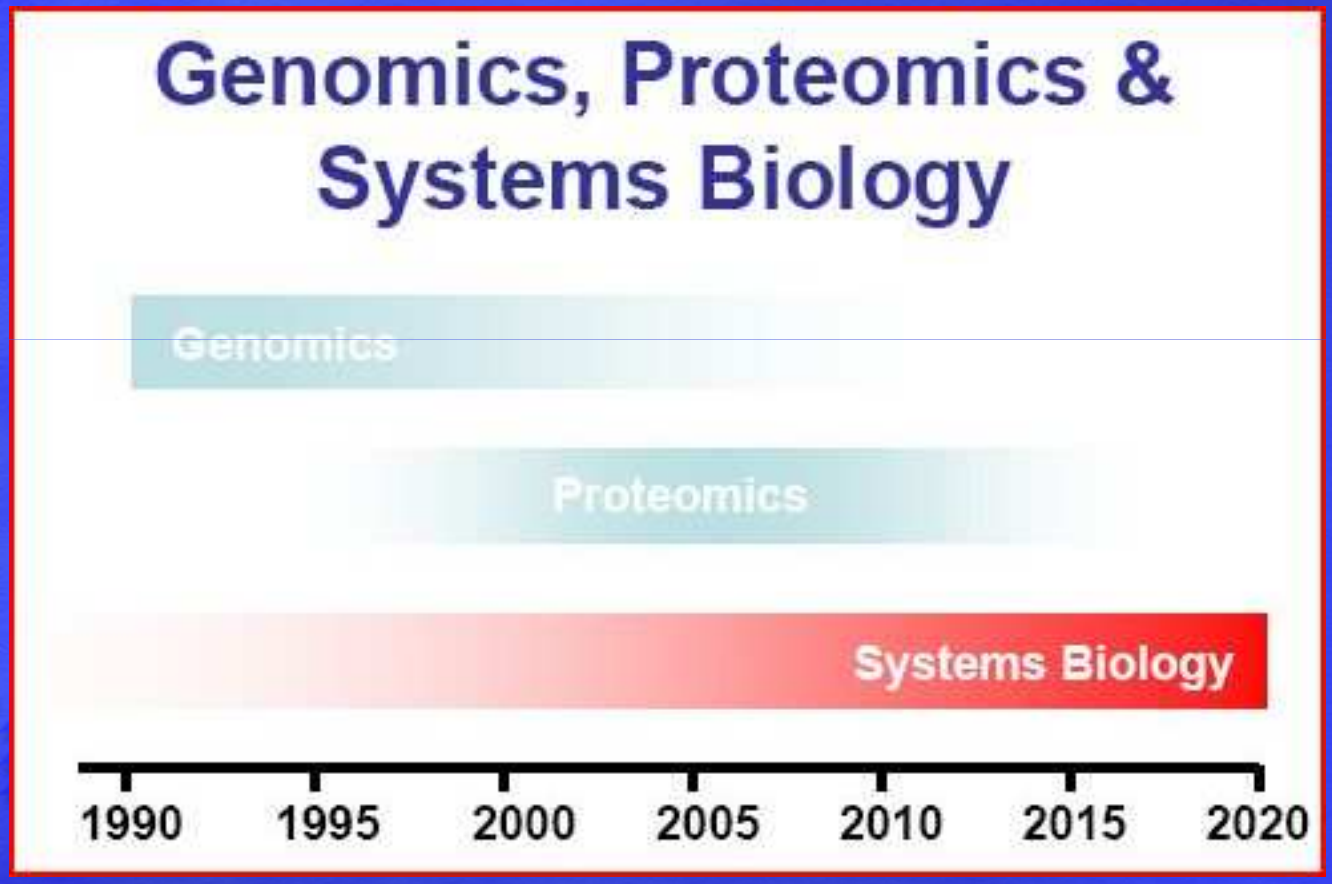
- *Biyoloji ve insan sağlığını çalışmada geleneksel yaklaşım, insan vücudunun nasıl çalıştığıyla ilgili sınırlı bir anlayış ortaya çıkardı.*

- *Biyologlar, genetikçiler ve doktorların, kanser, HIV gibi karmaşık hastalıkları ve şeker hastalığını tedavi etmekte sınırlı başarısı vardı. Çünkü genellikle geleneksel biyoloji, aynı anda bir organizmanın sadece birkaç görünüşüne bakıyordu.*



- *Organizmanın, şeker metabolizması veya bir hücre özü gibi bireysel bileşenler veya görünüşlerini analiz etmenin yerine, sistem biyologları, bütün bileşenlere yani bütün bir sisteme odaklanır .*

TARİHSEL GELİŞİMİ



Sistem Biyolojisi Ne İçin Kullanılır?



A) Hastalık,ilaç ve tedaviler :

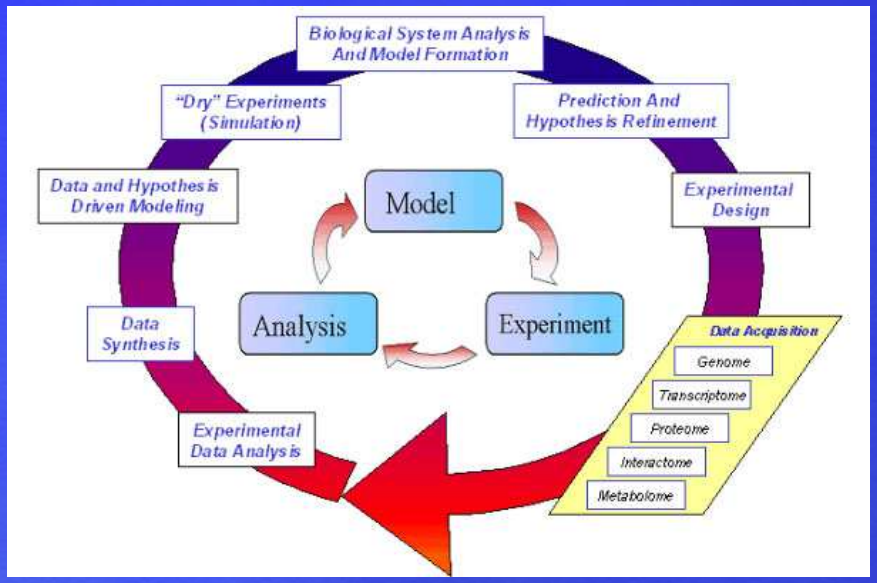
- *Hücre fizyolojisi, hücresel komponentlerin işleyişi ve bu sayede canlılığın sürdürülmesini anlamak için yaklaşımlarda bulunulmasını, modeller geliştirilmesini ve tespitler yapılmasını,*
- *Hastalık tanı ve tedavisi ile ilaç geliştirme işlemlerinin gerçekleştirilebilmesini,*
- *Tasarımı yapılan ilaçlar sanal ortamda hazırlanan modeller üzerinde denenerek bir öngörü elde edilebilmesini,*
- *Fenotip-genotip ilişkisinin anlaşılmasını,*
- *Genotip ve çevresel faktörler arasındaki etkileşimin belirlenmesi*
- *Hastalık mekanizmasının anlaşılması için sinyal iletim yolaklarının çözülmesini*
- *Tedaviye yönelik ajanların geliştirilmesini sağlar*



B) Biyoteknoloji :

- *Sistem biyoloji çalışmaları ile özellikle mikroorganizmalar* ile *ilgili elde edilen veriler önemli,*
- *Üretilen pek çok ürün, bitkisel ve bakteriyel kaynaklıdır,*
- *Hem sistemlerin çözülmesi hem de elde edilen ilaçların denenebileceği yapay sistemlerin oluşturulması için gereklidir.*



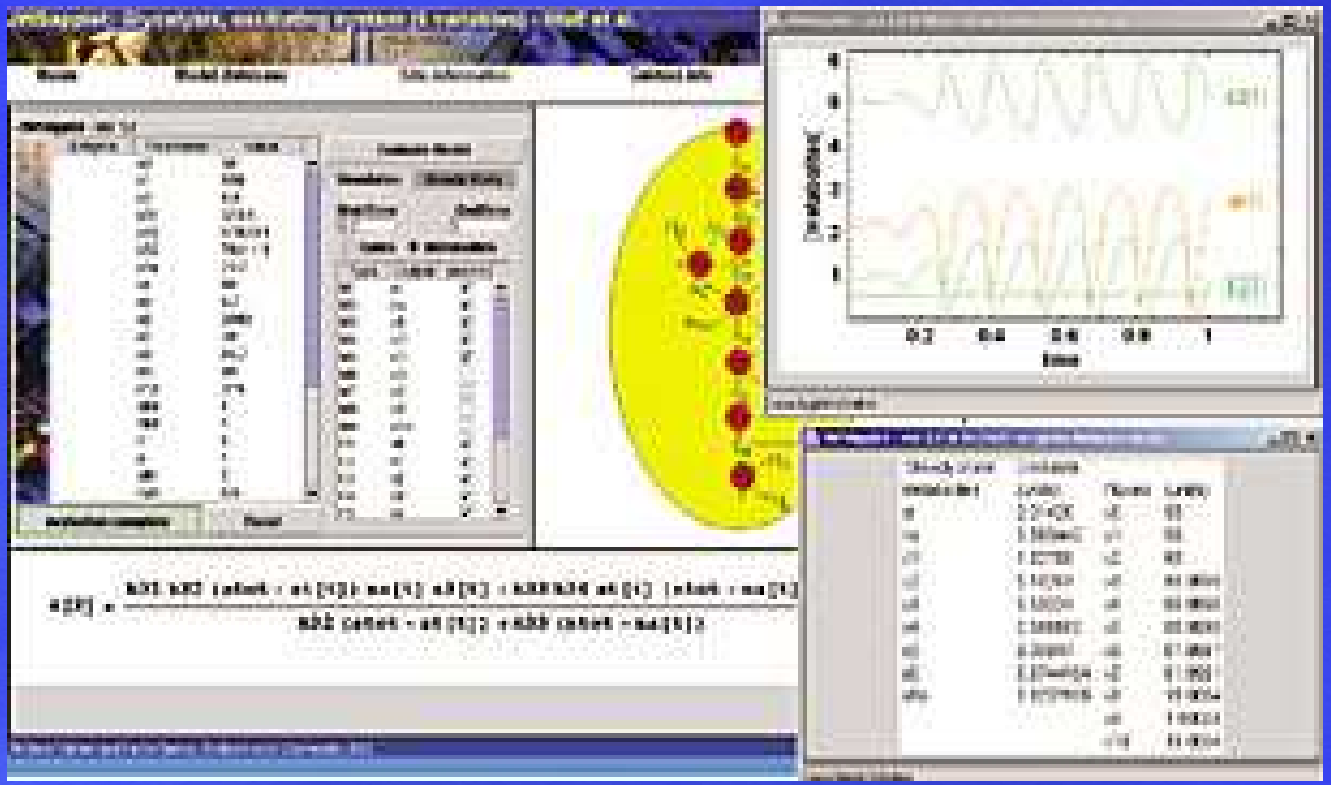


C)Yeni yaklaşımlar :

- *sistem dizaynı*
- *sentetik biyoloji*
- *nanoteknoloji alanları*

gelişmekte

'New and Emerging Science and Technology' ***(NEST)*** *programı gelişen teknoloji için kullanılmaktadır.*



- *İnternet ortamında silikon hücreler kullanılarak çalışmalar yapılabilir .*

- *NEST, 6. çalışma çerçevesi programı dahilinde yeni bir aktivitedir. Avrupa'daki bilim ve teknolojinin gelişimi için yeni potansiyel alanlar oluşturan ,alışılmışın dışında ve kurgusal araştırmaları desteklemeyi amaçlar.*

- *NEST birbirine paralel işleyen 3 tamamlayıcı olayı destekler:*

1) Adventure Project: Kurgusal araştırma projeleridir. Araştırmacılar tarafından tanımlanmış yeni bilimsel ve teknolojik fırsatları geliştirir.

2) Insight Project: Topluma yönelik risk veya problemlere işaret eden yeni keşifler veya yeni gözlemlenmiş fenomanyalara değer biçer.

3) Pathfinder Girişimler: Yenilikci bilim ve teknoloji alanında özel ve ilgi çekici konular üzerine fokuslanır.

Tablo 1. Biyolojik veri alt kümelerinin omik adlandırılması, uygulanabilen teknolojiler ve elde edilen veriler [3]

Biyolojik veri alt kümeleri	Omik adlandırılması	Uygulanabilen teknoloji	Minimum veri	Veri değerleme
DNA	Genomik	Nükleotid dizi analizi	Nükleotid	Yüksek
RNA	Fonksiyonel genomik	Gen ifade profili	İfade olmuş dizi	Yüksek
Protein	Proteomik	2-D jel elektroforezi, kütle spektrofotometresi, protein çipleri	Aminoasit dizileri, proteinler	Yüksek
Metabolitler	Metabolik	Kütle spektrofotometresi, NMR	Metabolit molekülleri	Yüksek
Hücreler	Cellomics	Floresan prob sayısal görüntüleme; immünhistokimya, sitoloji	Fotonlar	Yüksek
Doku*	Patoloji	Mikroskop	Doku görüntüsü ve bileşenleri	Düşük
Doku**	Hiperkantitatif doku analizi	Robot mikroskop ve bilgisayarla görü tabanlı doku analizi yazılımı	Piksel	Yüksek
Organizma	Klinik bilişim	İlişkisel veri tabanı, destekleyici teknolojiler	Bayt	Yüksek

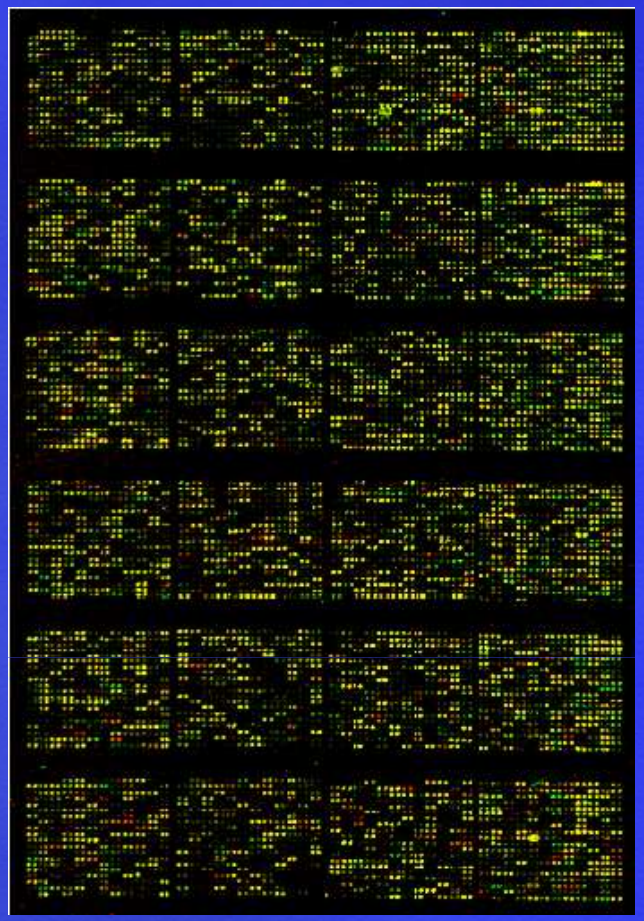
* Bilgisayarla görü tabanlı doku analizi yazılımı ve robot mikroskopların gelişmesinden önce.

** Bu teknolojilerin gelişimi ve uygulamalarından sonra.

NMR: Nükleer manyetik rezonans.

YARARLANDIĞI ALANLAR

- ***DNA ve protein analizleri :***
  - *Mikroarray*
  - *protein çipleri*
  - *hücre fonksiyonunu görüntüleyen sistemler*
  - *kütle spektrofotometresi*
  - *multiprob analizi*



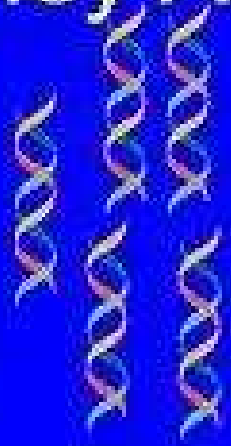
- *Mikrodizin teknolojisi sayesinde elde edilen veriler, yeni bilişim teknolojilerinden olan biyobilişim (biyoinformatik) yöntemlerle işlenerek veri tabanları oluşturulmaktadır. Ayrıca mikrodizin, farklı koşullarda ve uyarımlarda gen ifadelerinin karşılaştırılmasında kullanılabilir.*

Deney Akışı



Genomik DNA

İlgilenilen genlerin belirlenmesi

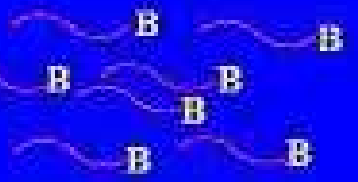


PCR Ürünleri

Karıştırma ve Fragmentasyon

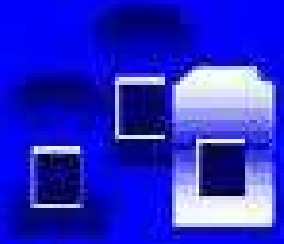
DNA fragmentleri

İşaretleme

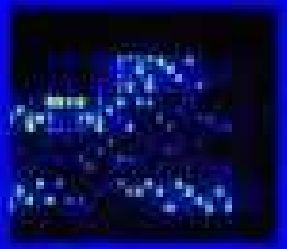


Sondan işaretli fragmentler

Gecebuyu hibridizasyon



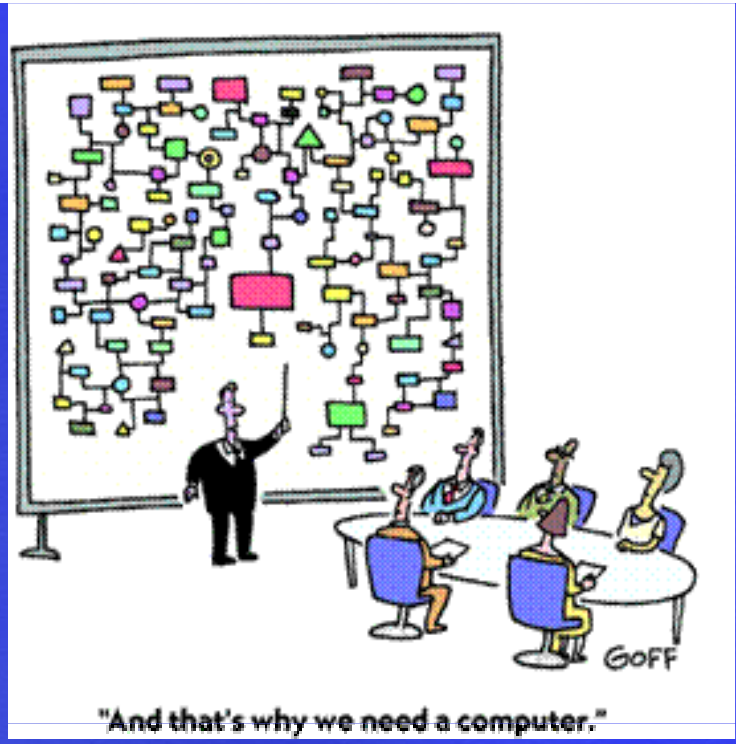
Yıkama İstasyonu: Yıkama/Boyama



Tarama

YARARLANDIĞI ALANLAR

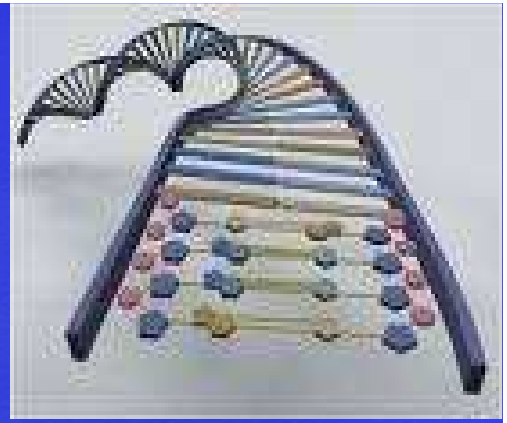
- ***Biyoinformatik :***



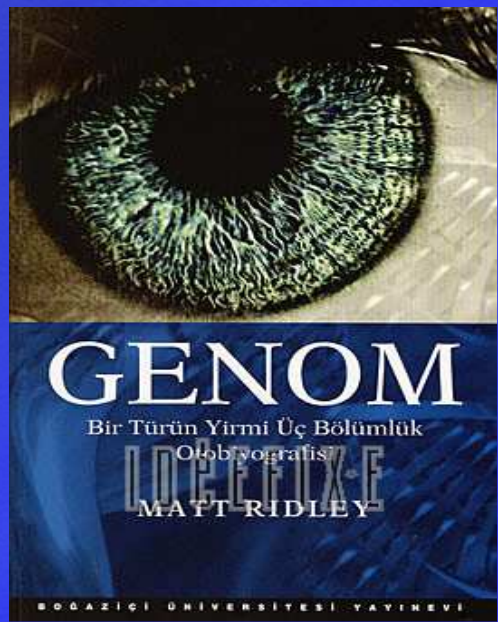
•Organizma genomundaki genlerin dizi analizi ve haritalanmasından elde edilen yeni bilgilerin analizinde önem taşımaktadır,

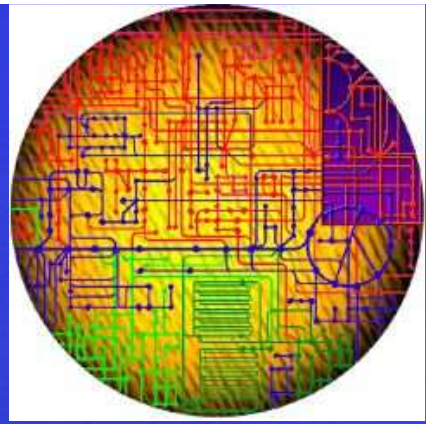
•Biyoteknolojik uygulamalar için imkanların geliştirilmesinde ve biyolojik sistemlerin daha iyi anlaşılması için modellerin üretilmesinde yararlı olacağı düşünülmektedir.

Sistem Biyolojisi için Hazır mıyız?



- *Yüzlerce tamamlanmış genom*
- *Binlerce bilinen reaksiyon*
- *Onbinlerce bilinen 3D yapıları*
- *Yüzbinlerce protein-ligand etkileşimi*
- *Milyonlarca bilinen protein & enzim*
- *Biyolojik/Kimyasal bilgi birikimi geçmişi*
- *Bilgisayar & matematiksel kaynaklar*
- *…*





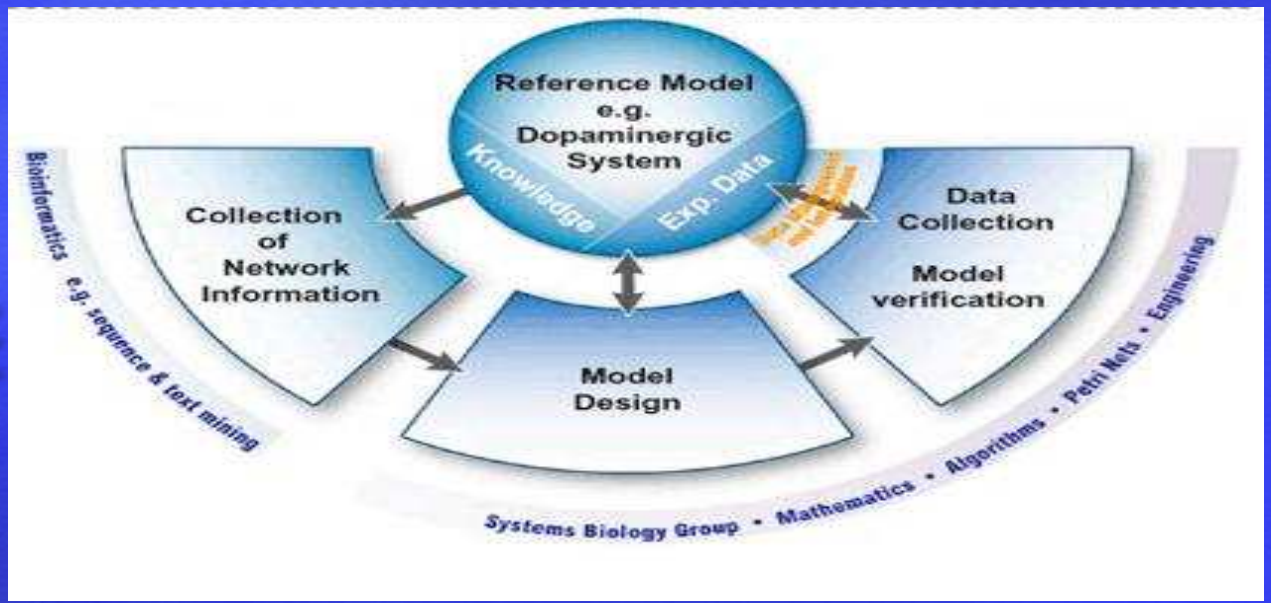
SİSTEM BİYOLOJİ İÇİN GÜNCEL ALANLAR

- ***a)Hücresel ve alt hücresel sistemler***
- *Sistem biyoloji yaklaşımı ile tasarlanan hücresel sistemler*
- *Fizyoloji, patoloji ve hücre mekanizması gibi alanlarda çalışmalar*
- ***b)Fizyoloji***
- *Sistem biyolojisini desteklemek için sekuens, yapı,işlev, biyoinformatik veri,kaynak ve araçları*
- *Tek bir hücrenin kapsamlı modeli*
- *İnsan hücreleri ile ilişkili fizyolojik sistemlerin kapsamlı modelleri*
- *Nöroinformatik*
- *Sirkadiyen ritim ve mutasyon gibi olayları çözebilmek için organizmaları modellemek*

gibi işlevsel ve patolojik sistemleri anlamak .

MODEL ORGANİZMALAR

- *US National Institutes of Health websitesinde belirtildiği gibi ana memeli modeller fare ve sıçanlar,*
- *Diğerleri: S.cerevisiae, Neurospora, C.elegans, D.melanogaster, D.rerio, Xenopus,*
- *Ek olarak popüler olan bitki modeli Arabidopsis.*
- *Çoğu matematiksel modelleme, sinyalleşme ve feedback kontrol çalışmaları bu veya diğer model organizmalar için yapılmıştır.*



- *Moleküllerin kataloglanması ve sınıflandırılması; işleyişleri ve hücrenin çalışma mekanizmalarının anlaşılması için yeterli değildir. Pek çok biyolojik mekanizma karmaşık deneysel ve bilişimsel çalışmalar sonucu oluşturulan model sistemler ile anlaşılmaktadır. Bu şekilde sistem araştırmaları hücresel ve fizyolojik aktivitelerin araştırılmasını sağlayacaktır. Böylece ilaç geliştirilmesi işlemleri ve tedavinin efektleri yapay hazırlanmış sistemler ile çalışılarak gerçekleştirilebilir.*

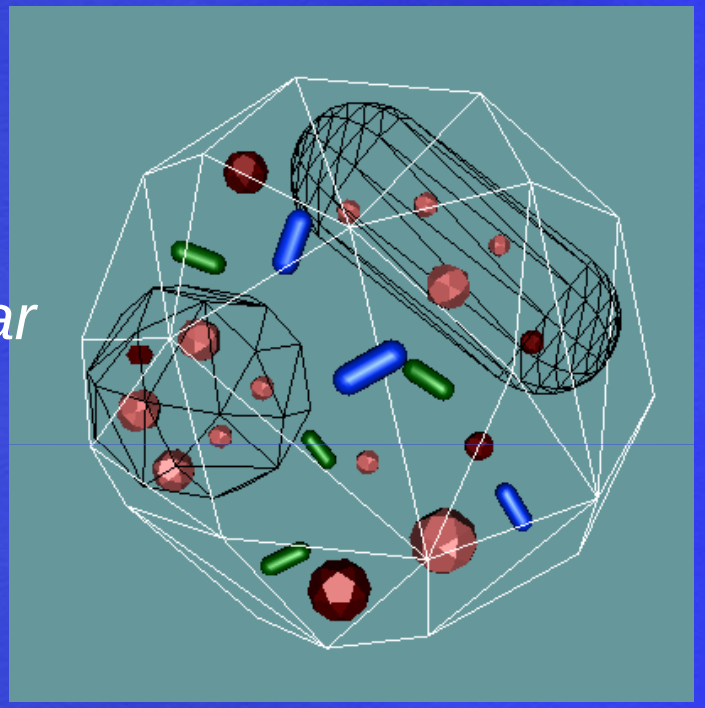


MATEMATİKSEL MODELLER VE BİLGİSAYAR YAKLAŞIMLARI

- *Denklemler, öyle karmaşıktır ki genellikle verileri "Elle" çözmek mümkün olmadığı için araştırmacılar, bilgisayar simülasyonlarını kullanırlar. Bilgisayar modelleri, birçok deneyden ve farklı deney tiplerinden verileri birleştirebildikleri için oldukça fayda sağlamaktadır.*



- *Üniversitelerin genomik ve fizyolojik araştırma grupları*
- *İlaç araştırmaları ve ilaç sektörü,*
- *Hastahanelerde klinik uygulamalar*
- *Hücre biyolojisi çalışmaları,*
- *Biyoteknolojik araştırmalar ve daha pek çok alanda bu modelleme çalışmaları kullanılmaktadır .*



- *Model hücreler tasarlanarak çeşitli çalışmalar yapılabilir.*

How to Do it?

Three Types of Simulation



Atomic Scale
0.1 - 1.0 nm
Coordinate data
Dynamic data
0.1 - 10 ns
Molecular dynamics

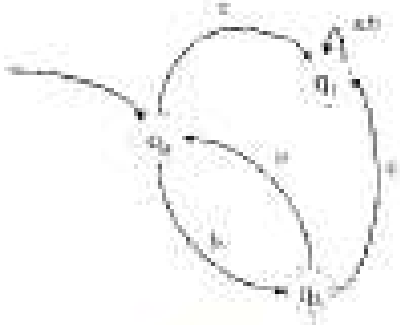


Meso Scale
1.0 - 10 nm
Interaction data
Kon, Koff, Kd
10 ns - 10 ms
Mesodynamics

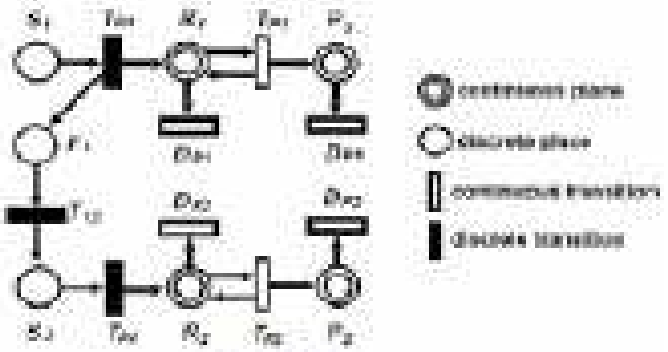


Continuum Model
10 - 100 nm
Concentrations
Diffusion rates
10 ms - 1000 s
Fluid dynamics

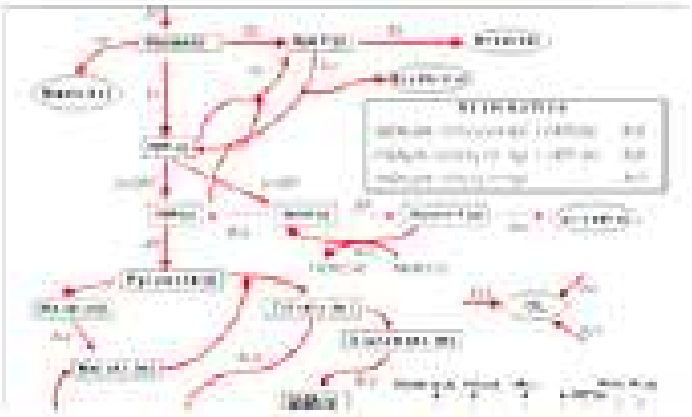
How To Do it? (Computationally)



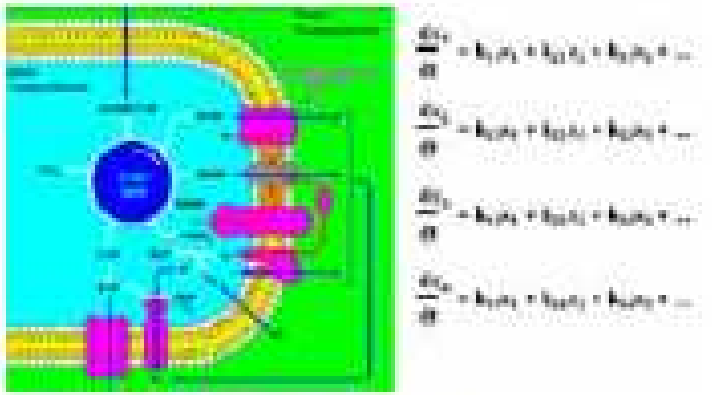
Pi Calculus



Petri Nets

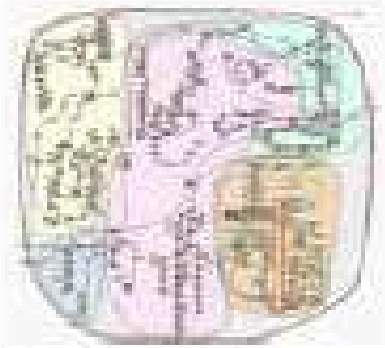


Flux Balance Analysis



Differential Eqs

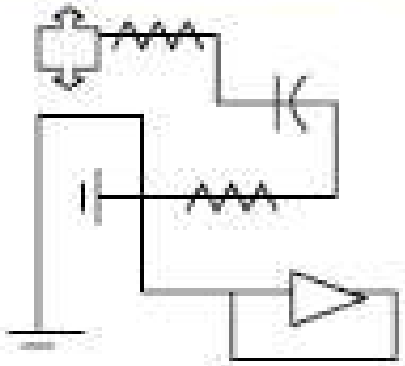
How To Do it? (Computationally)



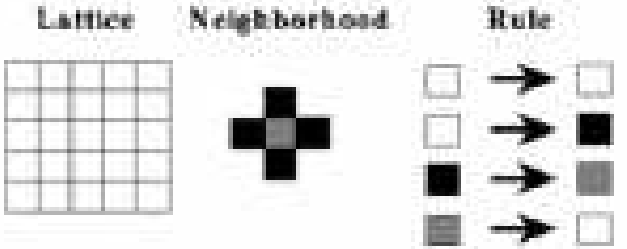
Boolean Networks



Reservoir Analysis



Electrical Circuit Model



Cellular Automata

KİMLER YAPIYOR ?

- ***E-cell Project (Keio University, Japan)***
- ***BioSpice Project (Arkin, Berkeley)***
- ***Metabolic Engineering Working Group (Palsson & Church, UCSD, Harvard)***
- ***Silicon Cell Project (Netherlands)***
- ***Virtual Cell Project (UConn)***
- ***Gene Network Sciences Inc. (Cornell)***
- ***Project CyberCell (Edmonton/Calgary)***

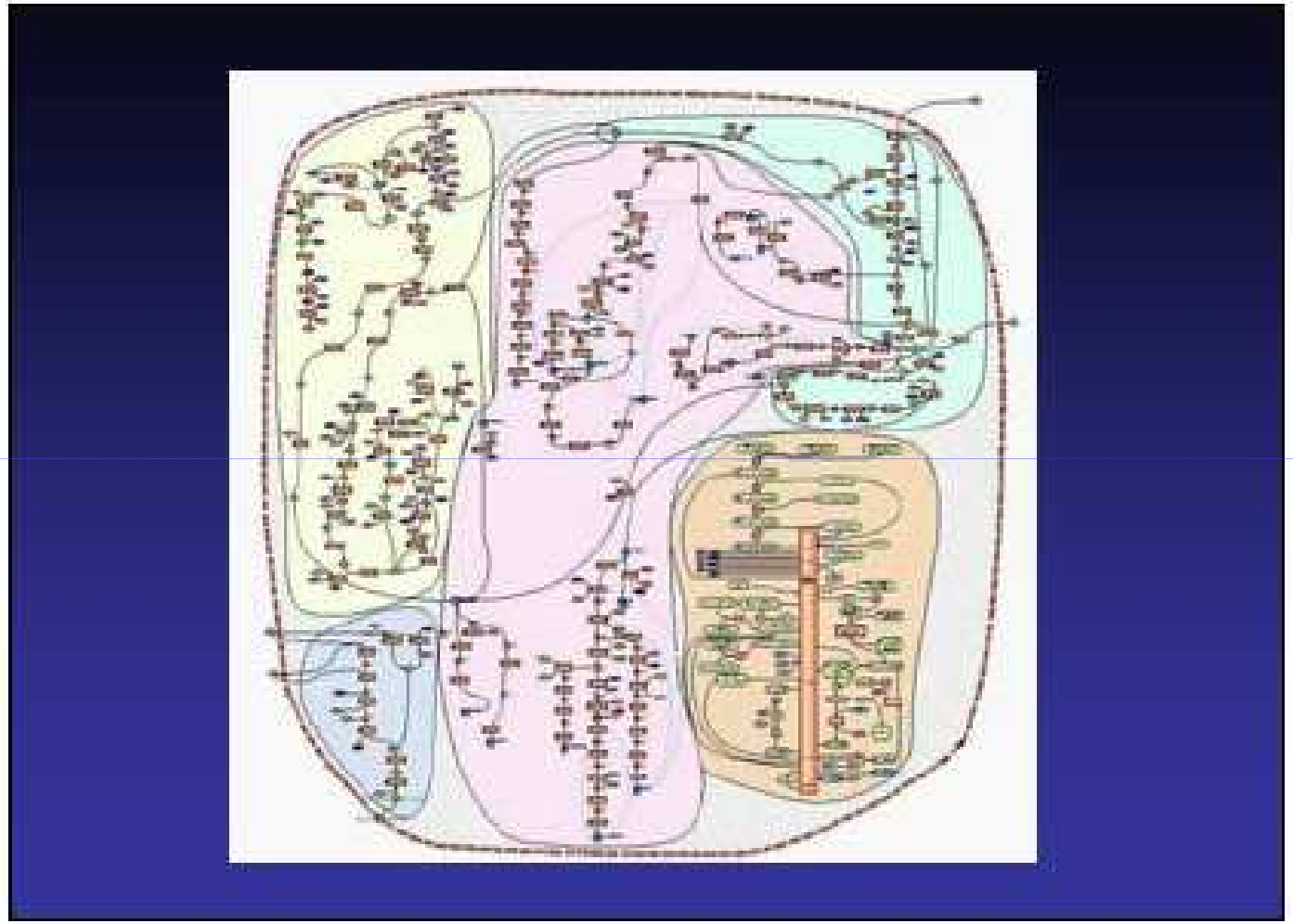


- *E-cell projesi; in siliko ortamda biyolojik organizmaları modelleme ve yeniden yapılandırmayı, hücresel simülasyonların eksiksiz olarak yapılabilmesi için gerekli teorik desteklerin, teknolojilerin, yazılım platformlarının gelişimini amaçlayan uluslararası bir projedir.*

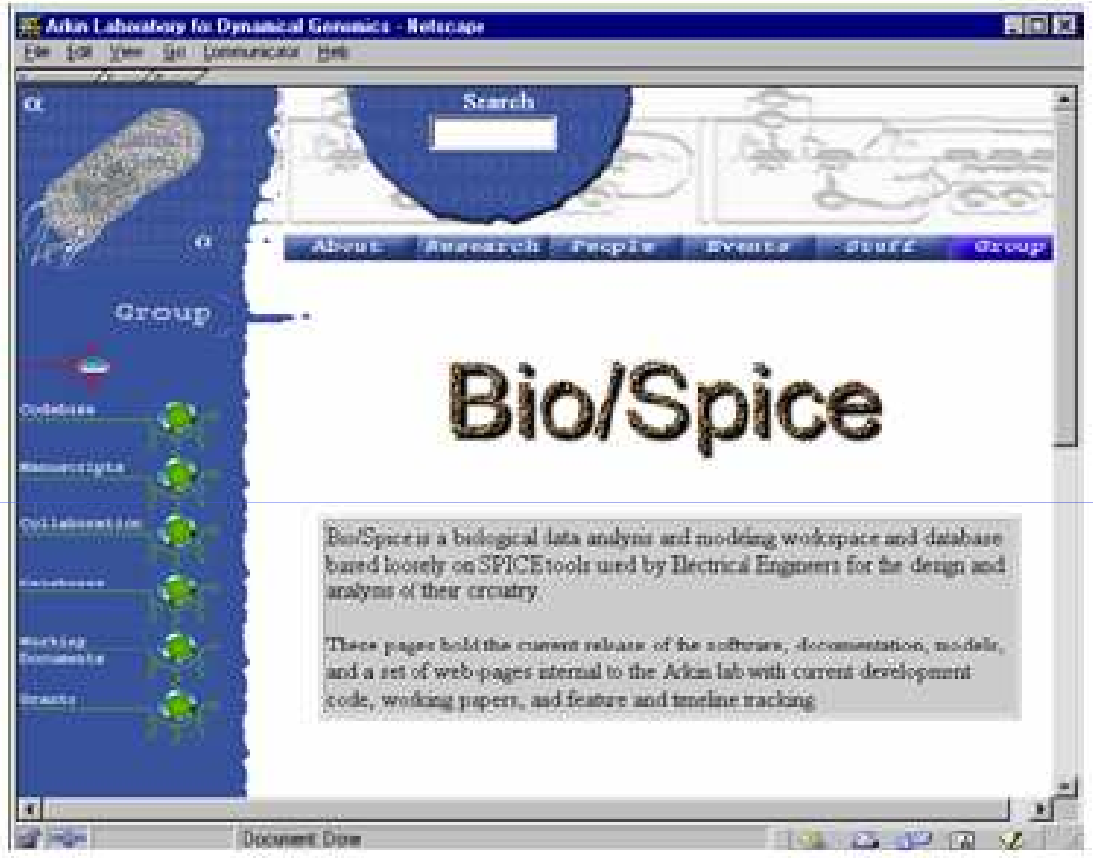
  Projenin içerdiği bazı temel araştırmalar;

- *E-cell System hücre gibi kompleks, heterojen, çoklu-ortam sistemleri analizleyebilmek için modelleme, simülasyon ve yazılım platformudur.*
- *Matematiksel yazılım metodları*
- *Sayısal simülasyon algoritması*
- *Modelleme yöntemleri, sekilendirilmesi ve tekniklerini hücredeki reaksiyon oranları veya molekül konsantrasyonları gibi parametreleri tahmin etmek, elde etmek veya hesaplamak*

www.e-cell.org

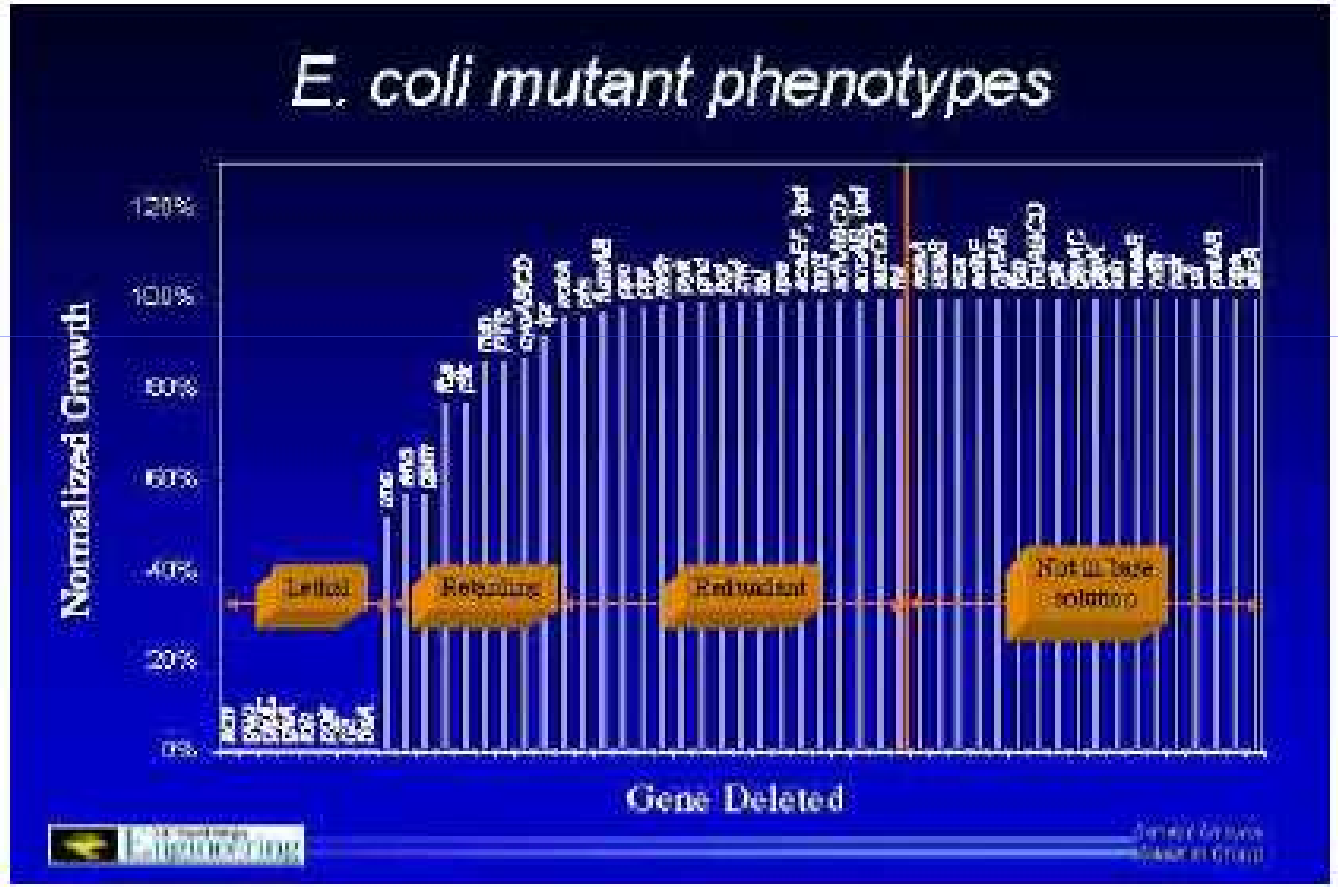


Adam Arkin

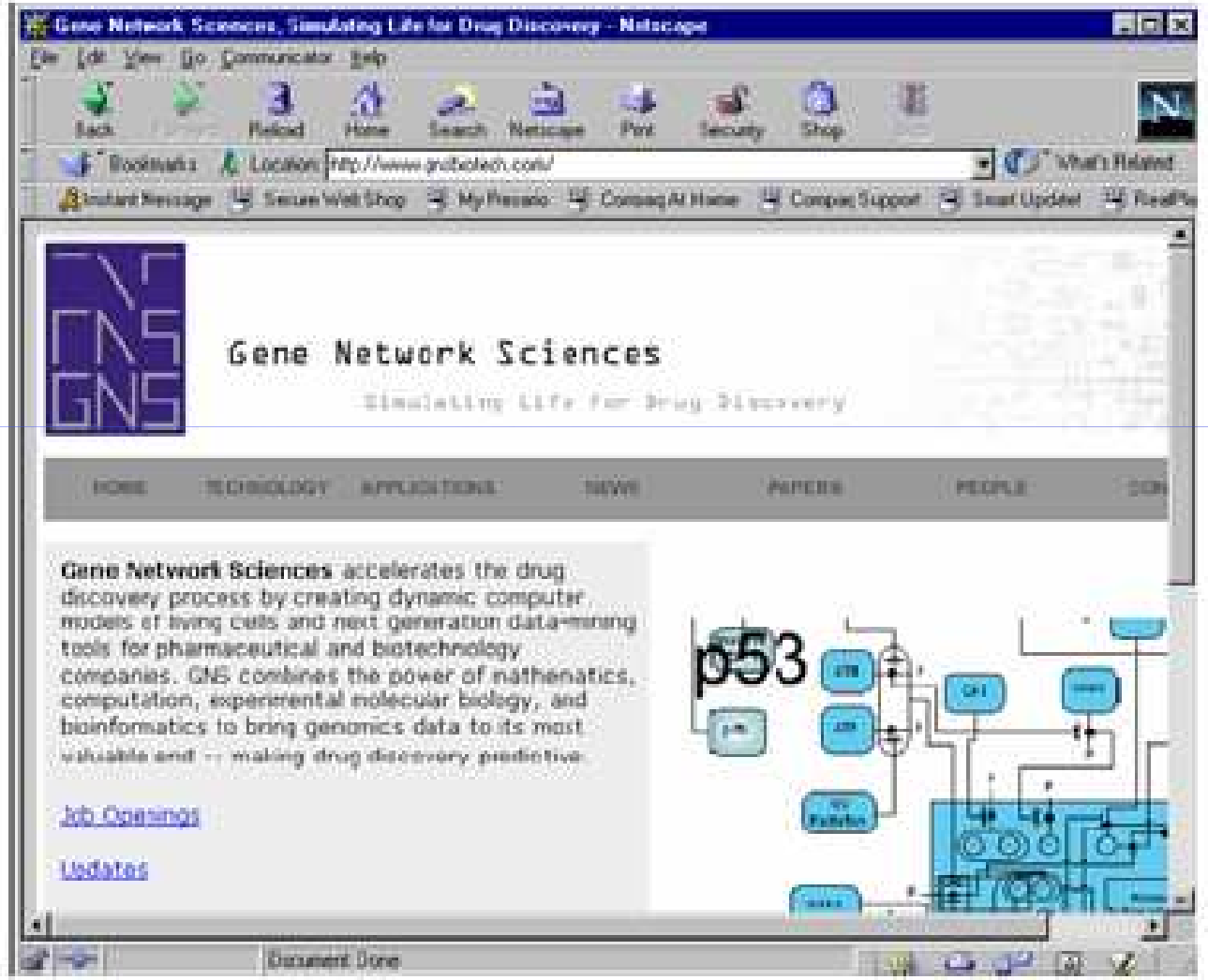


- *Hücre içi ve dışının değerlendirilmesi için geliştirilmiş biyolojik simülasyon programı*

B. Palsson-Genetic Circuits



Gene Network Sciences



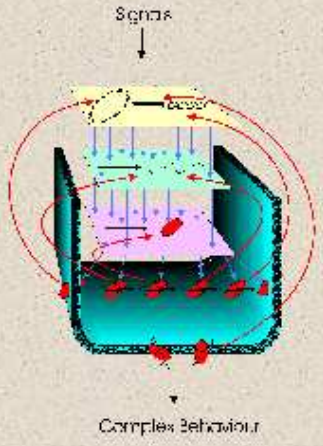
index - Windows Internet Explorer

http://www.bio.vu.nl/hwconf/Silicon/

Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım

index

Sayfa Araçlar



The Silicon Cell: computing the living cell

1. A website with running parts of silicon cells

managed by Jacky L. [illegible]hoep (Triple J Stellenbosch and Integrative Bioinformatics, Amsterdam)

2. An international research programme nucleated by:

- **BioCentrum Amsterdam (SILS of the University of Amsterdam [Roel van Driel;** www.science.uva.nl/research/sils/research/str/)] **and IMBS of the Free University (vrije Universiteit) [**Hans V. Westerhoff**;** http://www.bio.vu.nl/hwconf **; coordinator]**

- **CWI (Centrum for Mathematics and Informatics; Jan G. Verwer** (www.cwi.nl/projects/by-name/lifesciences)

and the

-Institute for Informatics of the University of Amsterdam (Peter Sloot; www.science.uva.nl/research/scs/)).

The program has various components. Notably these include both experiments determining the behavior of molecules in the living cell and calculations of cell behavior on the basis of molecular data.

Internet %100

JWS Online Cellular Systems Modelling: Home - Windows Internet Explorer

http://www.jjj.bio.vu.nl/

Google

Dosya Düzen Görünüm Sik Kullanılanlar Araçlar Yardım

JWS Online Cellular Systems Modelling: Home

Sayfa Araçlar

JWS Online Cellular Systems Modelling



Home Model Database Project Info News Help Online servers

Welcome to JWS Online!

JWS Online is a Systems Biology tool for simulation of kinetic models from a curated model database. Click on the Model Database tab to access the models, or on the other tabs for more information.

Sayfada hata. Internet %100

JWS Online Cellular Systems Modelling: Model Database - Windows Internet Explorer

http://www.jjj.bio.vu.nl/database/index.html

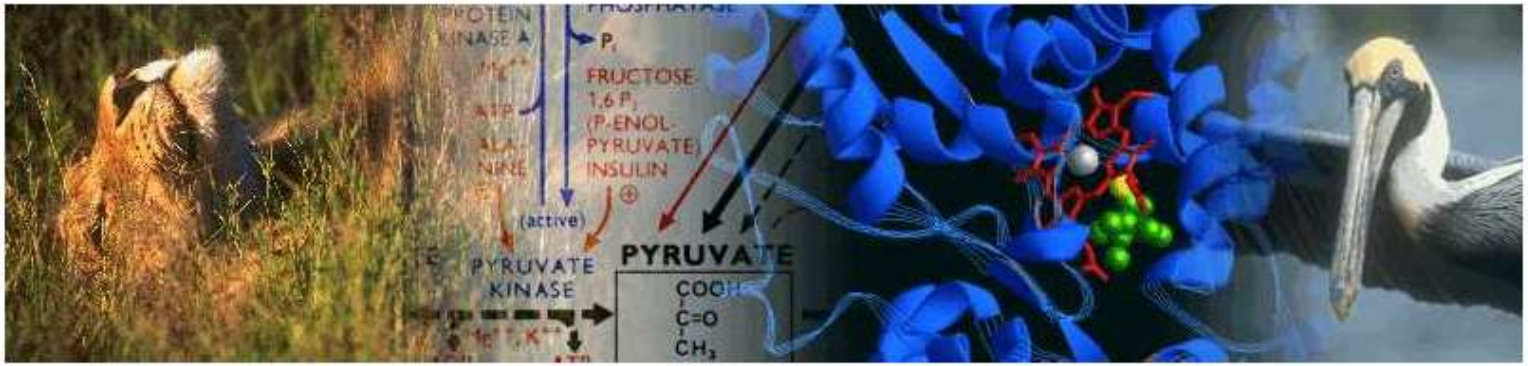
Google

Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım

JWS Online Cellular Systems Modelling: Model Database

Sayfa Araçlar

JWS Online - Model Database



Home Model Database Project Info News Help Online servers

Choose a model using any of the following methods:

Show all models: Order by Organism Select all

Keyword search: Author Enter the keyword Submit

By organism and category: Organism Category

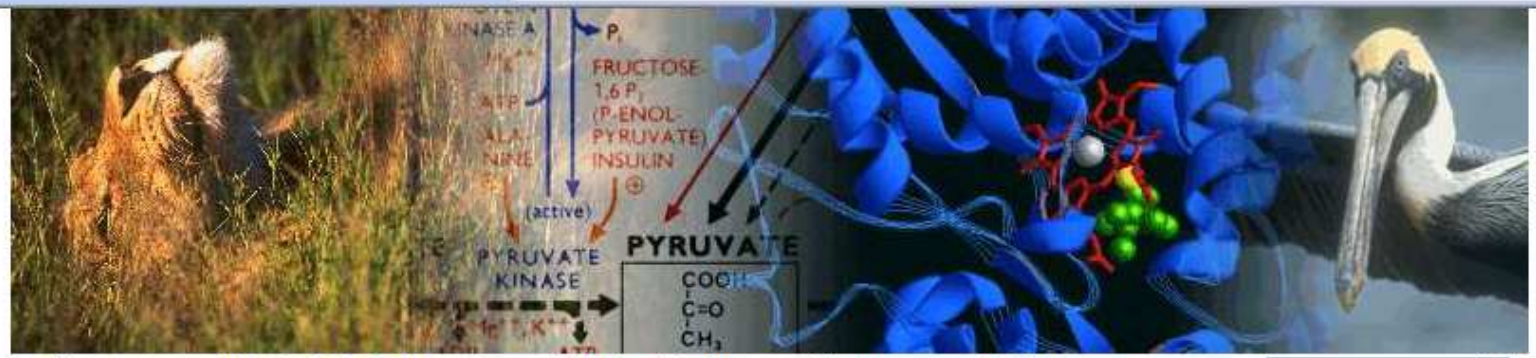
Internet %100

JWS Online Cellular Systems Modelling: Model Database - Windows Internet Explorer

http://www.jjj.bio.vu.nl/database/index.html

Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım

JWS Online Cellular Systems Modelling: Model Database



Home Model Database Project Info News Help Online servers

Choose a model using any of the following methods:

Show all models: Order by Organism Select all

Keyword search: Author Enter the keyword Submit

By organism and category:

Organism	Category
All	All
Arabidopsis thaliana	cell cycle
Armoracia rausticana	enzymology
Dictyostelium	gene expression
Escherichia coli	metabolism
Homo sapiens	neuron
Lactococcus lactis	signal transduction
Leishmania infantum	translation
Nicotiana tabacum	unknown

Internet %100

RCSB Protein Data Bank - Windows Internet Explorer

http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do

Google

Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım

Sık Kullanılanlar | Önerilen Siteler

RCSB Protein Data Bank

Sayfa | Güvenlik | Araçlar

RCSB PDB PROTEIN DATA BANK

A MEMBER OF THE PDB

MyPDB: Login | Register

An Information Portal to Biological Macromolecular Structures

As of Tuesday Dec 09, 2008 there are 54699 Structures | PDB Statistics

CONTACT US | FEEDBACK | HELP | PRINT

PDB ID or keyword | Author | Site Search | Advanced Search

Home | Search

- Home
- Getting Started
- Download Files
- Deposit and Validate
- Dictionaries & File Formats
- Software Tools
- General Education
- Site Tutorials
- BioSync
- General Information
- Acknowledgements
- Frequently Asked Questions

Quick Tips:

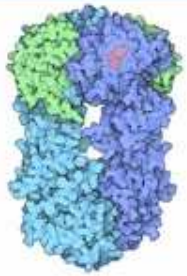
Click here for classroom

A Resource for Studying Biological Macromolecules

The PDB archive contains information about experimentally-determined structures of proteins, nucleic acids, and complex assemblies. As a member of the **wwPDB**, the RCSB PDB curates and annotates PDB data according to agreed upon standards.

The RCSB PDB also provides a variety of tools and resources. Users can perform simple and advanced searches based on annotations relating to sequence, structure and function. These molecules are visualized, downloaded, and analyzed by users who range from students to specialized scientists.

Molecule of the Month: Hsp90



When cells are challenged with extreme heat, they build a collection of protective proteins called heat shock proteins (typically abbreviated as "Hsp" with the approximate molecular weight afterwards). Many of these proteins are chaperones that work to keep cellular proteins folded and active when conditions get bad. They also play important roles in the normal life of the cell, helping proteins fold and limiting the dangerous aggregation of immature proteins.

Read more ... | Previous Features

News

- Complete News
- Newsletter
- Discussion Forum
- Job Listings

09-December-2008

Browser Check for Compatibility with Website Features

Is your web browser configured to fully utilize RCSB PDB website features such as changing menus, temporarily stored queries, and Advanced Search? Click on the browser check page to find out. More >>

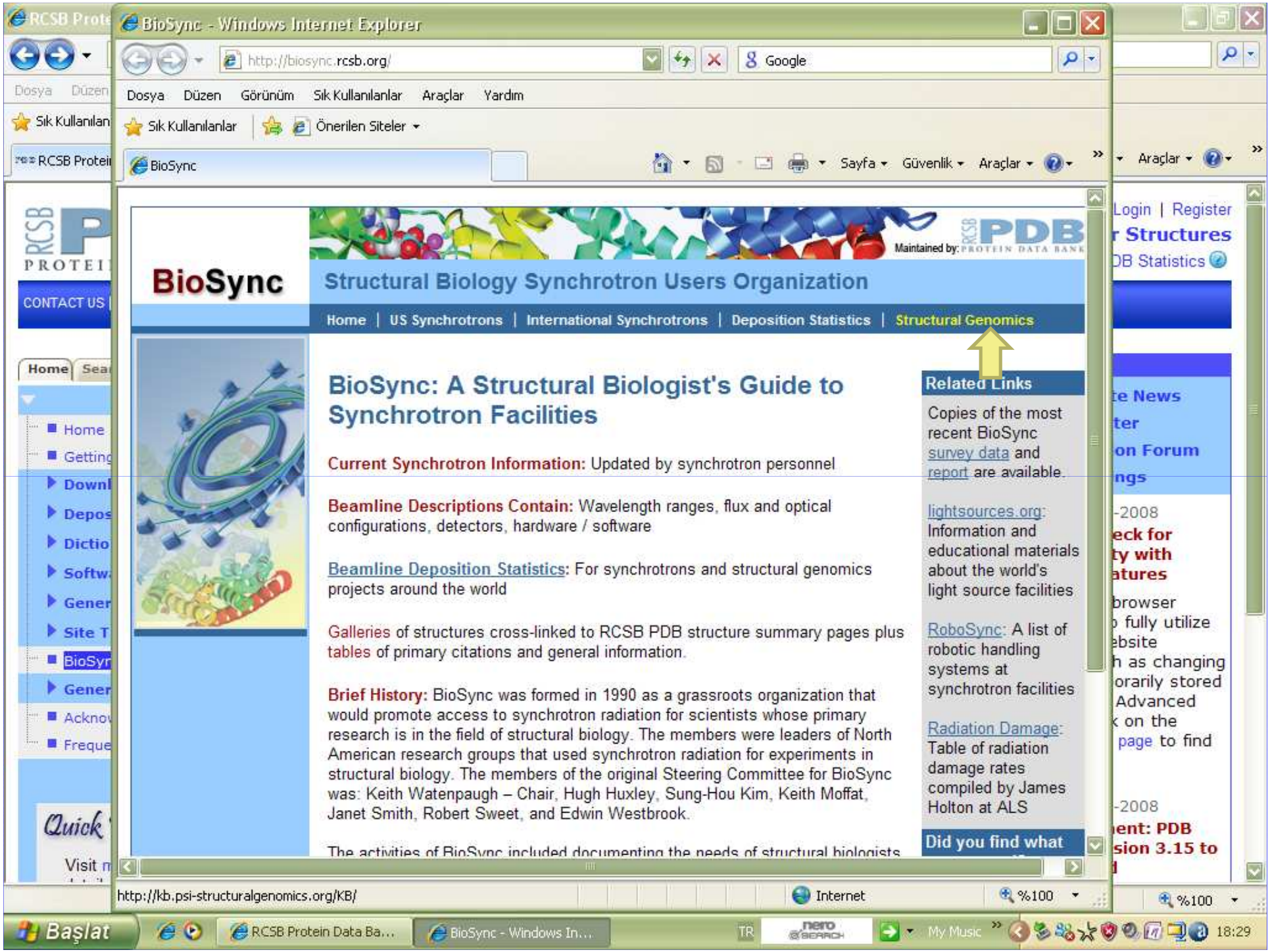
02-December-2008

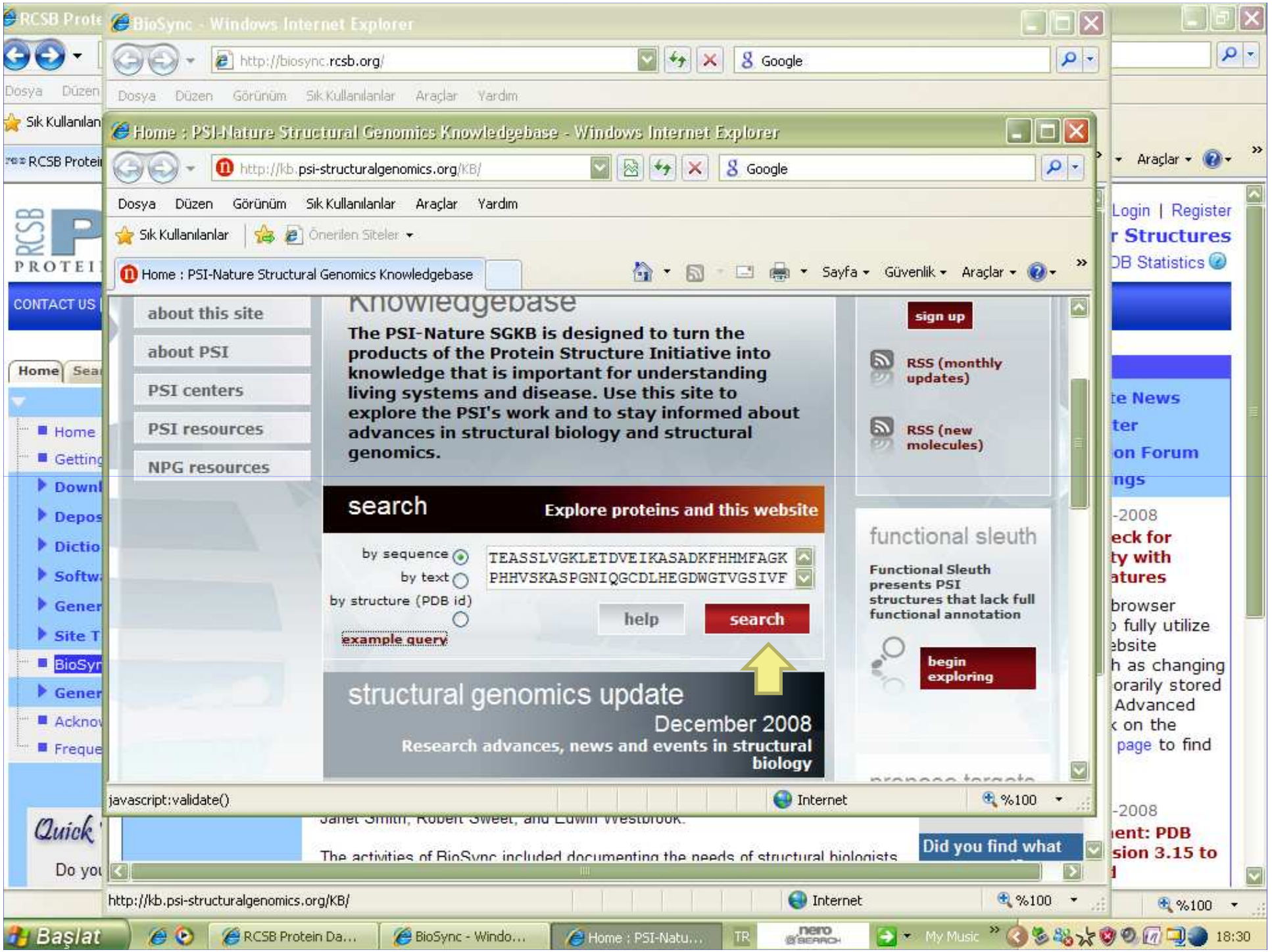
Announcement: PDB Archive Version 3.15 to be Released

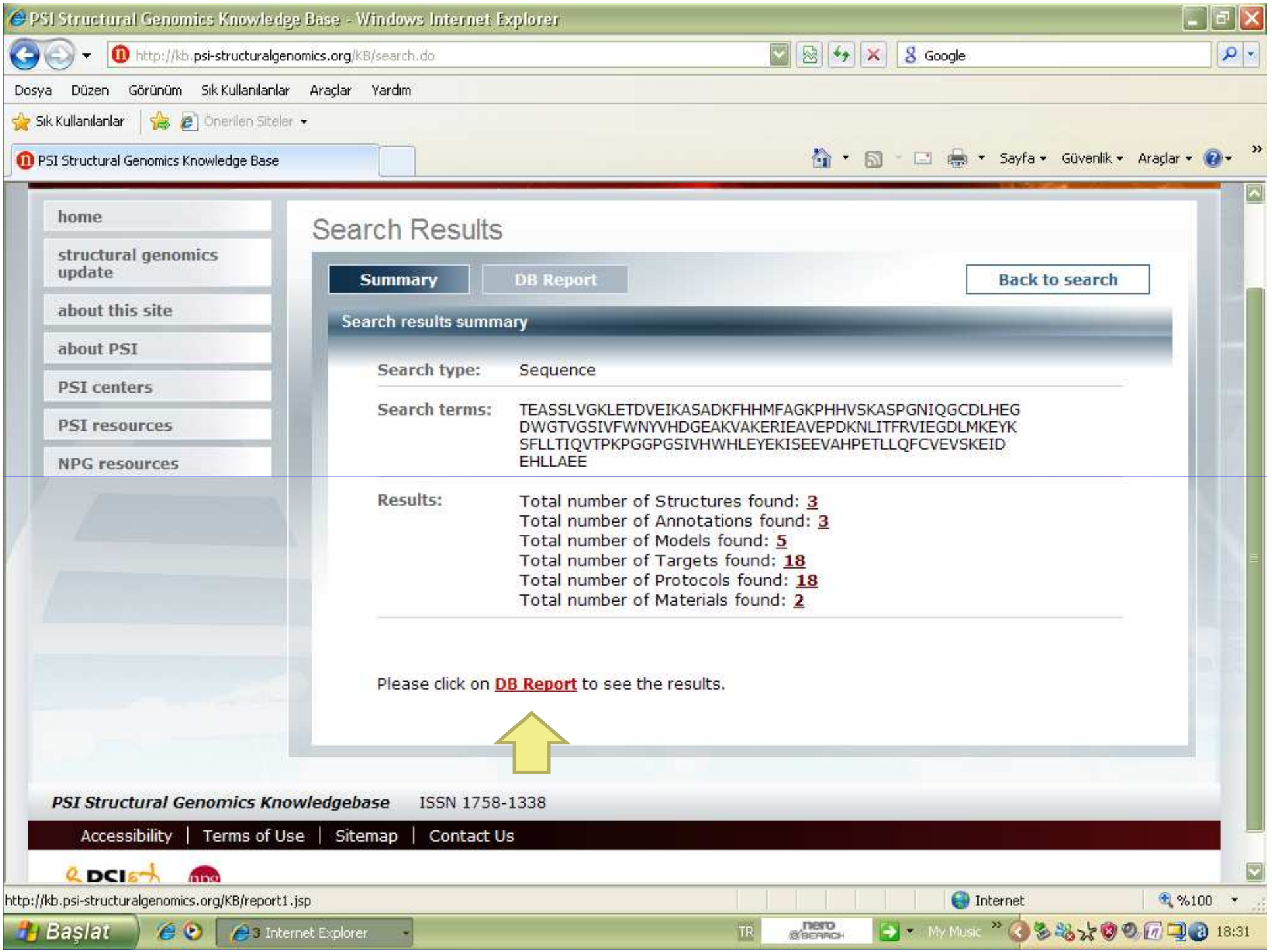
http://biosync.rcsb.org/

Internet | %100

Başlat | RCSB Protein Data Ba... | TR | My Music | 18:28


BioSync - Windows Internet Explorer
http://biosync.rcsb.org/
Google
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar
Önerilen Siteler
BioSync
Sayfa
Güvenlik
Araçlar
BioSync
Structural Biology Synchrotron Users Organization
Maintained by: RCSB PDB PROTEIN DATA BANK
Home | US Synchrotrons | International Synchrotrons | Deposition Statistics | Structural Genomics
BioSync: A Structural Biologist's Guide to Synchrotron Facilities
Current Synchrotron Information: Updated by synchrotron personnel
Beamline Descriptions Contain: Wavelength ranges, flux and optical configurations, detectors, hardware / software
Beamline Deposition Statistics: For synchrotrons and structural genomics projects around the world
Galleries of structures cross-linked to RCSB PDB structure summary pages plus tables of primary citations and general information.
Brief History: BioSync was formed in 1990 as a grassroots organization that would promote access to synchrotron radiation for scientists whose primary research is in the field of structural biology. The members were leaders of North American research groups that used synchrotron radiation for experiments in structural biology. The members of the original Steering Committee for BioSync was: Keith Watenpaugh – Chair, Hugh Huxley, Sung-Hou Kim, Keith Moffat, Janet Smith, Robert Sweet, and Edwin Westbrook.
The activities of BioSync included documenting the needs of structural biologists
Related Links
Copies of the most recent BioSync survey data and report are available.
lightsources.org: Information and educational materials about the world's light source facilities
RoboSync: A list of robotic handling systems at synchrotron facilities
Radiation Damage: Table of radiation damage rates compiled by James Holton at ALS
Did you find what
http://kb.psi-structuralgenomics.org/KB/
Internet
%100
Başlat
RCSB Protein Data Ba...
BioSync - Windows In...
My Music
18:29


BioSync - Windows Internet Explorer
http://biosync.rcsb.org/
Home : PSI-Nature Structural Genomics Knowledgebase - Windows Internet Explorer
http://kb.psi-structuralgenomics.org/KB/
Home : PSI-Nature Structural Genomics Knowledgebase
about this site
about PSI
PSI centers
PSI resources
NPG resources
Knowledgebase
The PSI-Nature SGKB is designed to turn the products of the Protein Structure Initiative into knowledge that is important for understanding living systems and disease. Use this site to explore the PSI's work and to stay informed about advances in structural biology and structural genomics.
search
Explore proteins and this website
by sequence
by text
by structure (PDB id)
example query
TEASSLVGKLETDVEIKASADKFHHMFAGK
PHHVSKASPGNIQGCDLHEGDWGTVGSIVF
help
search
structural genomics update
December 2008
Research advances, news and events in structural biology
sign up
RSS (monthly updates)
RSS (new molecules)
functional sleuth
Functional Sleuth presents PSI structures that lack full functional annotation
begin exploring
Did you find what
javascript:validate()
Internet
%100
Başlat
RCSB Protein Da...
BioSync - Windo...
Home : PSI-Natu...
My Music
18:30


PSI Structural Genomics Knowledge Base - Windows Internet Explorer
http://kb.psi-structuralgenomics.org/KB/search.do
Google
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar
Önerilen Siteler
PSI Structural Genomics Knowledge Base
Sayfa Güvenlik Araçlar
home
structural genomics update
about this site
about PSI
PSI centers
PSI resources
NPG resources
Search Results
Summary
DB Report
Back to search
Search results summary
Search type: Sequence
Search terms: TEASSLVGKLETDVEIKASADKFHHMFAGKPHHVSKASPGNIQGCDLHEG
DWGTVGSIVFWNYVHDGEAKVAKERIEAVEPDKNLITFRVIEGDLMKEYK
SFLLTIQVTPKPGGPGSIVHWHLEYEKISEEVAHPETLLQFCVEVSKEID
EHLLAEE
Results: Total number of Structures found: 3
Total number of Annotations found: 3
Total number of Models found: 5
Total number of Targets found: 18
Total number of Protocols found: 18
Total number of Materials found: 2
Please click on DB Report to see the results.
PSI Structural Genomics Knowledgebase ISSN 1758-1338
Accessibility | Terms of Use | Sitemap | Contact Us
http://kb.psi-structuralgenomics.org/KB/report1.jsp
Internet
%100
Başlat
Internet Explorer
TR
My Music
18:31

PSI Structural Genomics Knowledgebase - Windows Internet Explorer

http://kb.psi-structuralgenomics.org/KB/report1.jsp

Google

Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım

Sık Kullanılanlar Önerilen Siteler

PSI Structural Genomics Knowledgebase

Sayfa Güvenlik Araçlar

home

structural genomics update

about this site

about PSI

PSI centers

PSI resources

NPG resources

Search Results

Summary | DB Report | Back to search

Structures | Annotations | Models | Targets | Protocols | Materials

2I9Y



(Similarity: I = 100%E = 9.4E-90) View matching sequence alignment

PDB Download

Experimental method	NMR, 20 STRUCTURES
Deposition date	2006-09-06
Release date	2006-09-19
Title	Solution structure of Arabidopsis thaliana protein At1g70830, a member of the major latex protein family
Authors	Volkman, B.F., de la Cruz, N.B., Lytle, B.L., Peterson, F.C., Center for Eukaryotic Structural Genomics (CESG)
Solved by	CESG
Target ID	GO.74365

2Q3Q



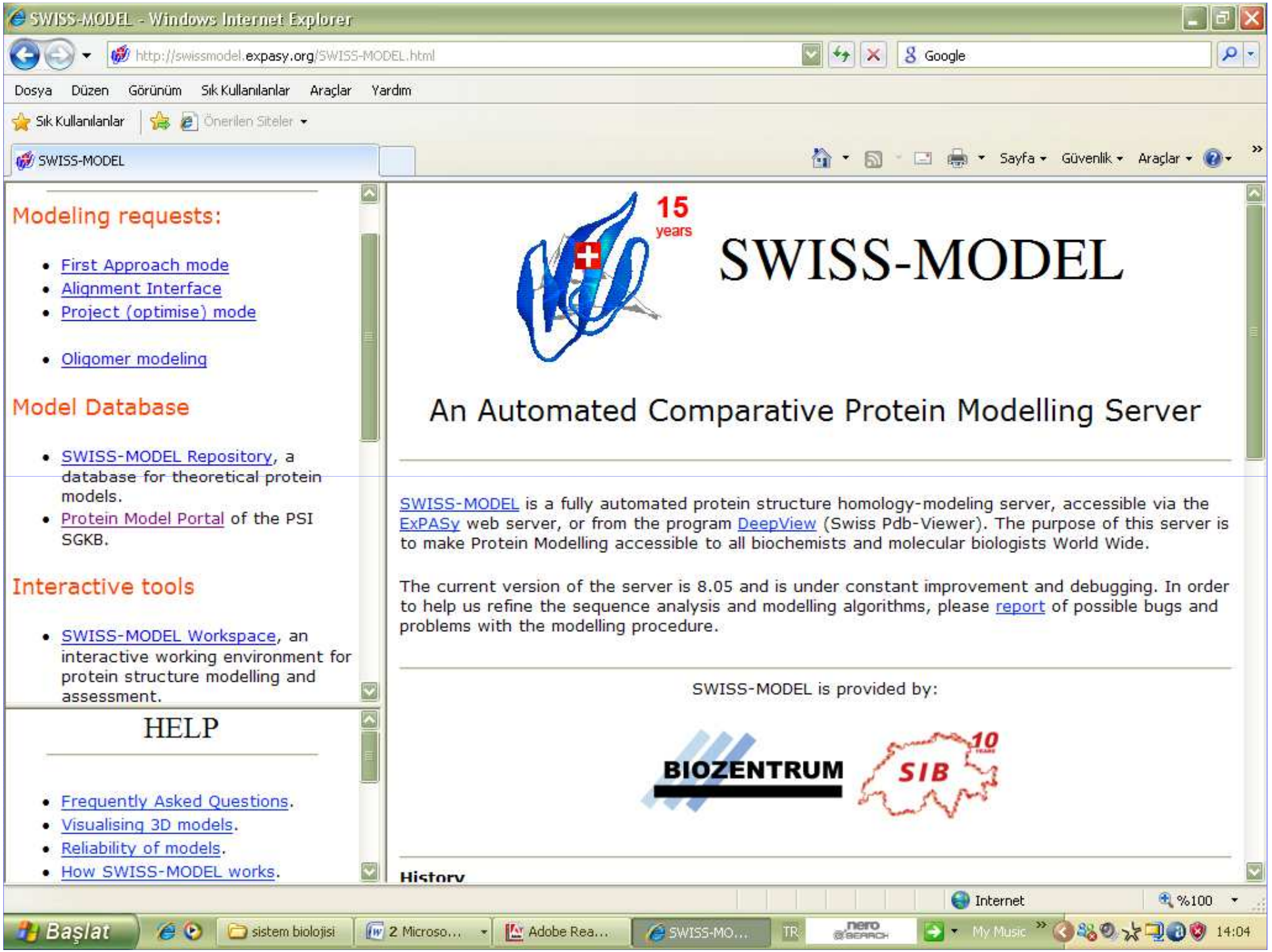
(Similarity: I = 31%E = 3.4E-07) View matching sequence alignment

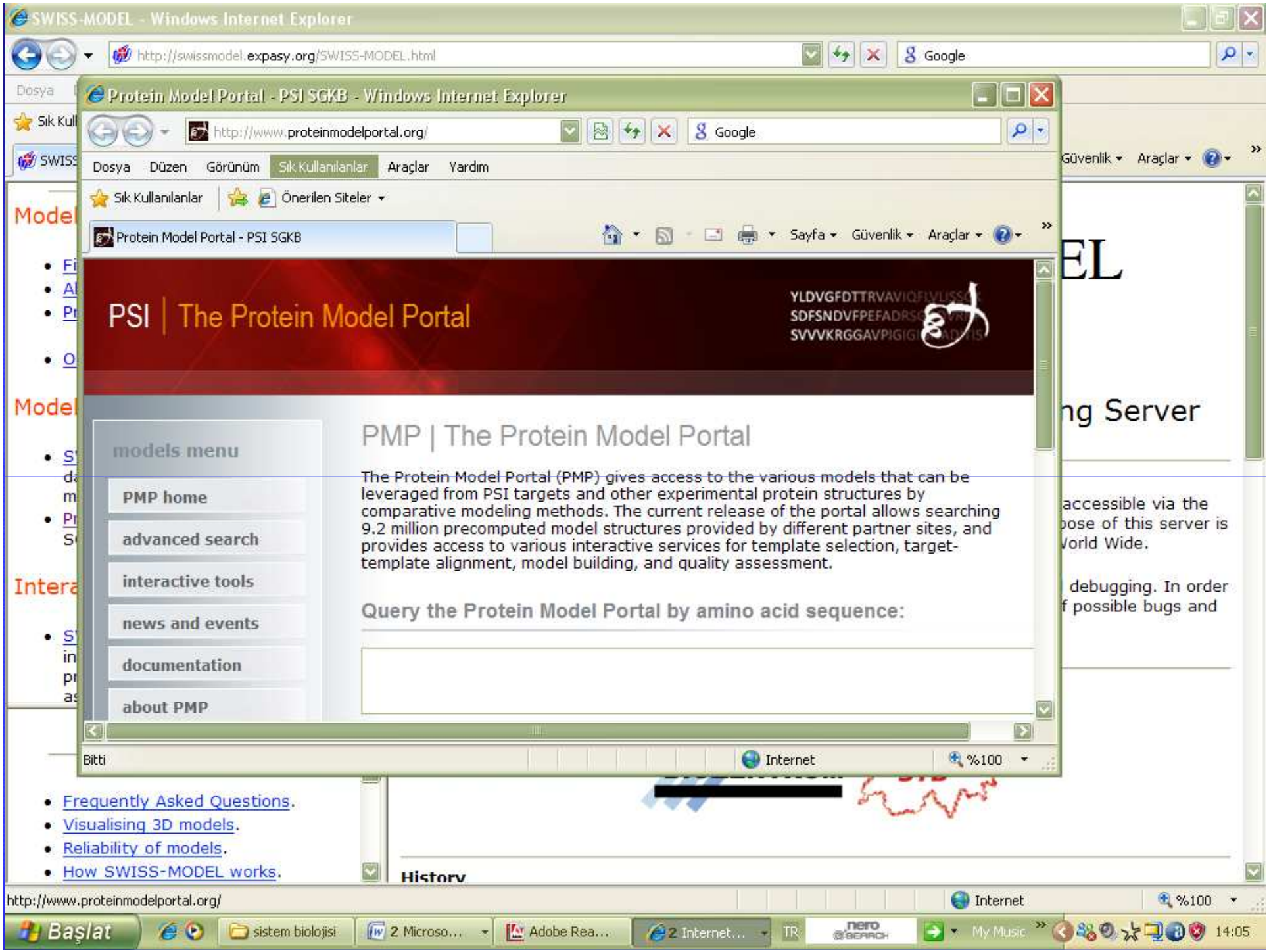
PDB Download

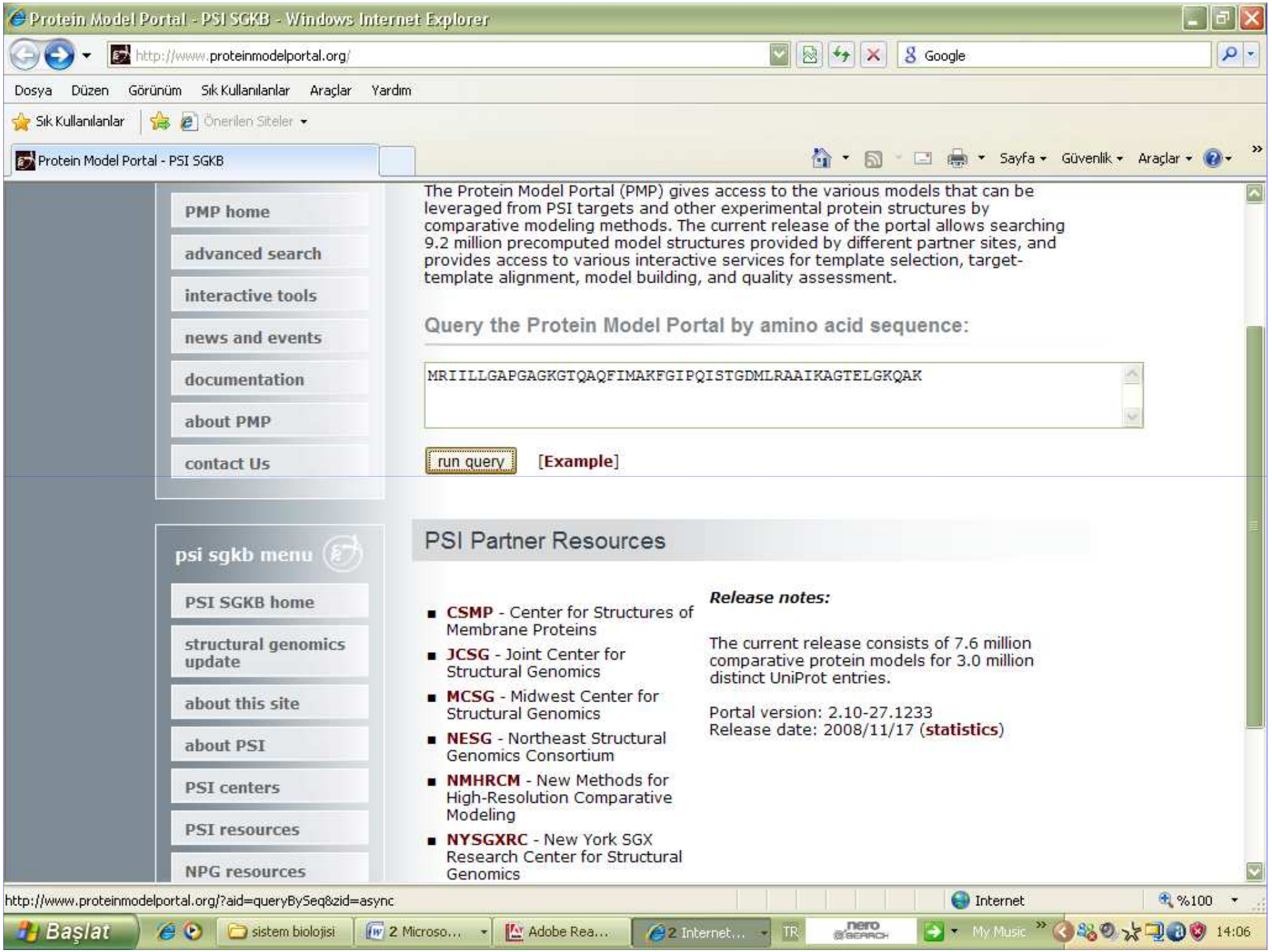
PubMed	17850744
DOI	10.1016/j.str.2007.06.019
Experimental method	X-RAY DIFFRACTION

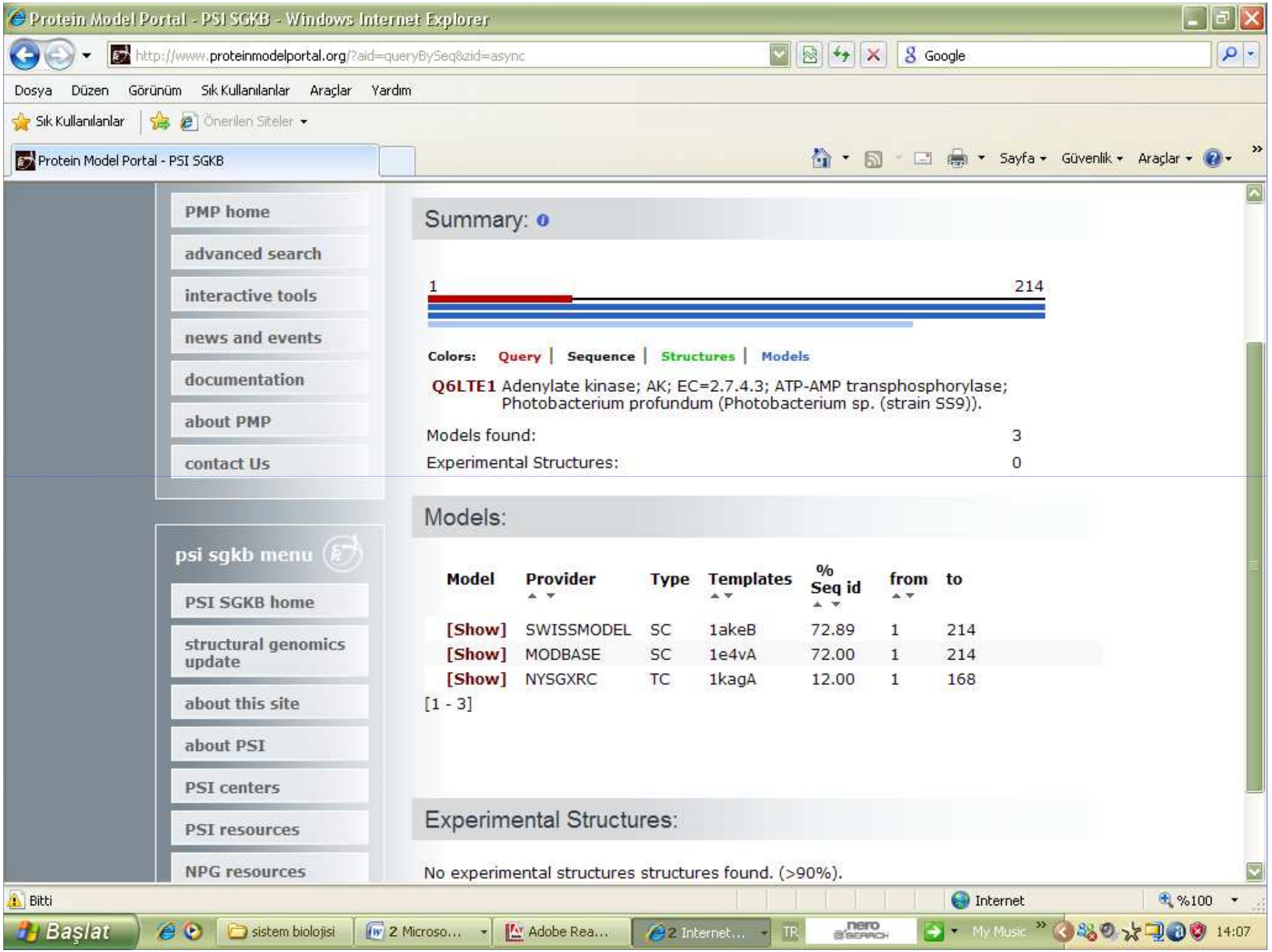
Internet %100

Başlat 3 Internet Explorer TR My Music 18:32


SWISS-MODEL - Windows Internet Explorer
http://swissmodel.expasy.org/SWISS-MODEL.html
Google
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar
Önerilen Siteler
SWISS-MODEL
Sayfa Güvenlik Araçlar
Modeling requests:
First Approach mode
Alignment Interface
Project (optimise) mode
Oligomer modeling
Model Database
SWISS-MODEL Repository, a database for theoretical protein models.
Protein Model Portal of the PSI SGKB.
Interactive tools
SWISS-MODEL Workspace, an interactive working environment for protein structure modelling and assessment.
HELP
Frequently Asked Questions.
Visualising 3D models.
Reliability of models.
How SWISS-MODEL works.
15 years
SWISS-MODEL
An Automated Comparative Protein Modelling Server
SWISS-MODEL is a fully automated protein structure homology-modeling server, accessible via the ExPASy web server, or from the program DeepView (Swiss Pdb-Viewer). The purpose of this server is to make Protein Modelling accessible to all biochemists and molecular biologists World Wide.
The current version of the server is 8.05 and is under constant improvement and debugging. In order to help us refine the sequence analysis and modelling algorithms, please report of possible bugs and problems with the modelling procedure.
SWISS-MODEL is provided by:
BIOZENTRUM
SIB
10
History
Internet
%100
Başlat
sistem biolojisi
2 Microso...
Adobe Rea...
SWISS-MO...
TR
My Music
14:04


SWISS-MODEL - Windows Internet Explorer
http://swissmodel.expasy.org/SWISS-MODEL.html
Google
Protein Model Portal - PSI SGKB - Windows Internet Explorer
http://www.proteinmodelportal.org/
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar
Önerilen Siteler
Protein Model Portal - PSI SGKB
Sayfa Güvenlik Araçlar
PSI | The Protein Model Portal
models menu
PMP home
advanced search
interactive tools
news and events
documentation
about PMP
PMP | The Protein Model Portal
The Protein Model Portal (PMP) gives access to the various models that can be leveraged from PSI targets and other experimental protein structures by comparative modeling methods. The current release of the portal allows searching 9.2 million precomputed model structures provided by different partner sites, and provides access to various interactive services for template selection, target-template alignment, model building, and quality assessment.
Query the Protein Model Portal by amino acid sequence:
Bitti
Internet
%100
Frequently Asked Questions.
Visualising 3D models.
Reliability of models.
How SWISS-MODEL works.
History
http://www.proteinmodelportal.org/
Başlat
sistem biolojisi
2 Microso...
Adobe Rea...
2 Internet...
TR
My Music
14:05


Protein Model Portal - PSI SGKB - Windows Internet Explorer
http://www.proteinmodelportal.org/
Google
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar
Önerilen Siteler
Protein Model Portal - PSI SGKB
Sayfa Güvenlik Araçlar
PMP home
advanced search
interactive tools
news and events
documentation
about PMP
contact Us
The Protein Model Portal (PMP) gives access to the various models that can be leveraged from PSI targets and other experimental protein structures by comparative modeling methods. The current release of the portal allows searching 9.2 million precomputed model structures provided by different partner sites, and provides access to various interactive services for template selection, target-template alignment, model building, and quality assessment.
Query the Protein Model Portal by amino acid sequence:
MRIILLGAPGAGKGTQAQFIMAKFGIPQISTGDMLRAAIKAGTELGKQAK
run query
[Example]
psi sgkb menu
PSI SGKB home
structural genomics update
about this site
about PSI
PSI centers
PSI resources
NPG resources
PSI Partner Resources
CSMP - Center for Structures of Membrane Proteins
JCSG - Joint Center for Structural Genomics
MCSG - Midwest Center for Structural Genomics
NESG - Northeast Structural Genomics Consortium
NMHRCM - New Methods for High-Resolution Comparative Modeling
NYSGXRC - New York SGX Research Center for Structural Genomics
Release notes:
The current release consists of 7.6 million comparative protein models for 3.0 million distinct UniProt entries.
Portal version: 2.10-27.1233
Release date: 2008/11/17 (statistics)
http://www.proteinmodelportal.org/?aid=queryBySeq&zid=async
Internet
%100
Başlat
sistem biolojisi
2 Microso...
Adobe Rea...
2 Internet...
TR
My Music
14:06


Protein Model Portal - PSI SGKB - Windows Internet Explorer
http://www.proteinmodelportal.org/?aid=queryBySeq&zid=async
Google
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar
Önerilen Siteler
Protein Model Portal - PSI SGKB
Sayfa
Güvenlik
Araçlar
PMP home
advanced search
interactive tools
news and events
documentation
about PMP
contact Us
psi sgkb menu
PSI SGKB home
structural genomics update
about this site
about PSI
PSI centers
PSI resources
NPG resources
Summary:
1
214
Colors: Query | Sequence | Structures | Models
Q6LTE1 Adenylate kinase; AK; EC=2.7.4.3; ATP-AMP transphosphorylase; Photobacterium profundum (Photobacterium sp. (strain SS9)).
Models found: 3
Experimental Structures: 0
Models:
Model Provider Type Templates % Seq id from to
[Show] SWISSMODEL SC 1akeB 72.89 1 214
[Show] MODBASE SC 1e4vA 72.00 1 214
[Show] NYSGXRC TC 1kagA 12.00 1 168
[1 - 3]
Experimental Structures:
No experimental structures structures found. (>90%).
Bitti
Internet
%100
Başlat
sistem biolojisi
2 Microso...
Adobe Rea...
2 Internet...
TR
My Music
14:07

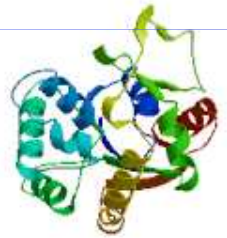
Protein Model Portal - PSI SGKB - Windows Internet Explorer
http://www.proteinmodelportal.org/?pid=modelDetail&pmpuid=1000000082087&range_from=0&range_to
Google
Dosya Düzen Görünüm Sık Kullanılanlar Araçlar Yardım
Sık Kullanılanlar Önerilen Siteler
Protein Model Portal - PSI SGKB
Sayfa Güvenlik Araçlar

Domain Annotation:

[InterPro]



Structure Model:



Model provided by: SWISSMODEL

Based on template:	1akeB [PDB] [SCOP] [CATH]
Sequence identity:	72.89%
Residue range:	1 to 214
Model creation date:	2008-08-30
Template verification:	2008-08-30

[display] [download]

Target - Template Alignment:

```
Model      MRIILLGAPG AGKGTQAQFI MAKFGIPQIS TGDMLRAAIK AGTELGKQAK
Template   MRIILLGAPG AGKGTQAQFI MEKYGIPQIS TGDMLRAAVK SGSELGKQAK
```

Internet %100
Başlat sistem biolojisi 2 Microso... Adobe Rea... 2 Internet... TR My Music 14:08


http://www.nature.com/msb/index.html
Customize Links
Free Hotmail
Windows Marketplace
Windows Media
Windows
Cinebonus Historia
A History of Systems ...
nature.com
Publications A-Z index
Browse by subject
ADVERTISEMENT
Explore thousands of proteins from hundreds of families!
PSI | nature StructuralGenomicsKnowledgebase
ADVERTISEMENT
My account
Submit manuscript
Register
Open Access
molecular systems biology
Search
This journal
go
Advanced sea
Journal home
Archive
Focuses
Structured data
Online submission
For authors
Welcome to Molecular Systems Biology
LATEST: 2007 impact factor 9.954 from Journal Citation Reports, Thomson 2008
Sign up for e-alerts
Receive live news feeds
Featured article
Analysis of pairwise cell interactions using an integrated dielectrophoretic-
ADVERTISEMENT

INSTITUTE FOR Systems Biology™ *Revolutionizing science. Enhancing life.*



INTRO TO ISB & SYSTEMS BIOLOGY | SYSTEMS BIOLOGY IN DEPTH | SCIENTISTS & RESEARCH | RESOURCES & DEVELOPMENT | CENTER FOR INQUIRY SCIENCE

Home

Scientists & Research

ISB Faculty Member



Alan Aderem

Area of Expertise: Immunology, infectious disease, cell biology and biophysics

ISB Faculty Member



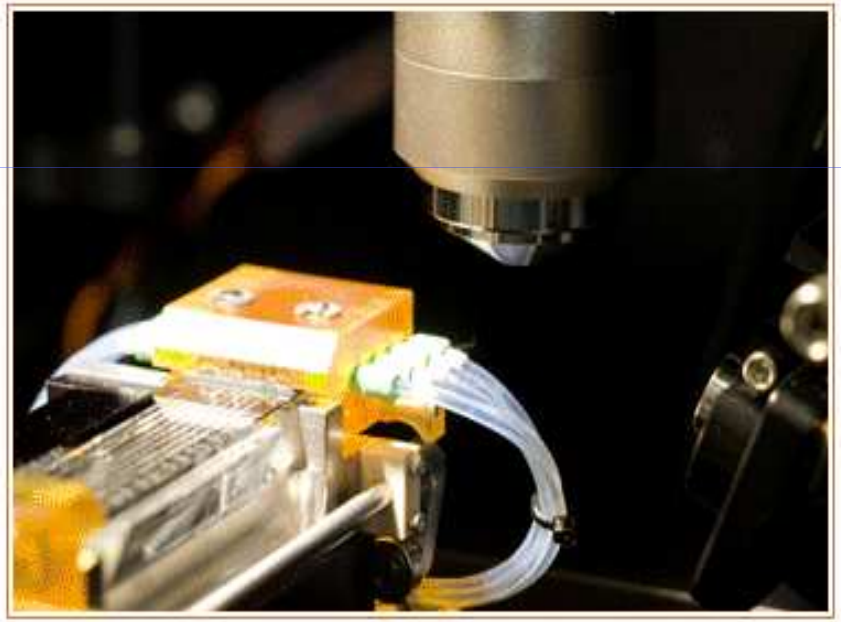
Dan Martin

Area of Expertise: Proteomics

Complete Faculty Listing

Affiliations

Welcome to the Institute for Systems Biology



ISB and Swedish Hospital Collaborate to Tackle Brain Cancer

The Swedish Neuroscience Institute (SNI) has joined forces with the Institute for Systems Biology (ISB) to fundraise for and collaborate on

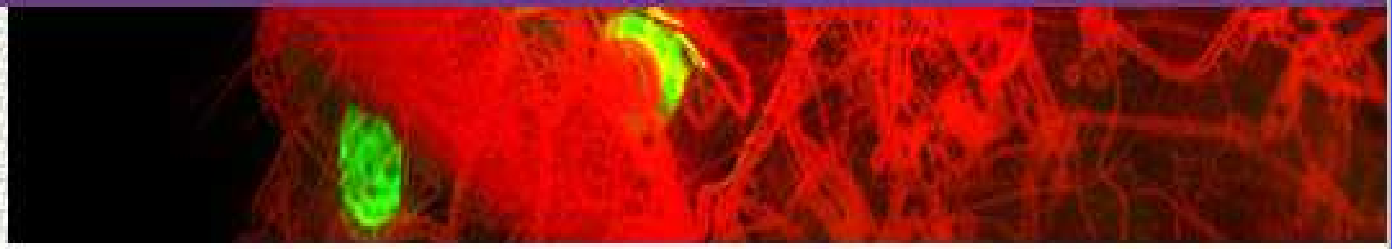


Major Grant Research

Center for Systems Biology

Innate Immunity-Systems Biology

National Center for Dynamic Interactome Research



Back to Previous Page

SEARCH

Center for Genomics and Systems Biology

CENTER FOR GENOMICS AND SYSTEMS BIOLOGY NEW YORK UNIVERSITY

Mission Statement: The mission of the Center for Genomics & Systems Biology is to define how regulatory networks operate and how they have evolved to generate diversity across species. For this work, we use approaches that span *systems biology*, *comparative functional genomics* & *bioinformatic analysis* focusing on model organisms and phylogenetically related species. The research involves the combined skills of genomicists, bioinformaticians, systematists, and evolutionary biologists all working together. The genomic & bioinformatic faculty in our center are engaged in collaborative projects with scientists at NYU's Courant Institute of Math & Computer Sciences, The American Museum of Natural History (AMNH), The New York Botanical Garden (NYBG), and Cold Spring Harbor Laboratories (CSHL), as well as collaborators at Harvard and Rockefeller University. The unique intellectual synergisms brought about by this collaborative genomic consortium group, enables us to develop unique approaches to address questions of comparative functional genomics.

KAYNAKÇA:

- *http://redpoll.pharmacy.ualberta.ca/bioinfo301/Systemsbiology_6.pdf*
- *http://www.tip.hacettepe.edu.tr/dergi/2008/sayi_2/baslik3.pdf*
- *http://www.biyomut2008.org/pdf/Betul_Kirdar.pdf*
- *http://www.itwm.fhg.de/zentral/download/pdf/060914_colloquium_neunzert/15_09-12_jirstrand.pdf*
- *http://www.istanbul.edu.tr/fen/mbg/notlar/1209367285.pdf*
- *http://en.wikipedia.org/wiki/Systems_biology*
- *http://www.utmem.edu/kotblab/*
- *http://www.systemsbiology.org/*
- *http://biology.as.nyu.edu/object/facilities.gsb*
- *http://www.e-cell.org*