

(19)日本国特許庁 ( J P )

# (12) 公開特許公報 ( A )

(11)特許出願公開番号

## 特開2003 - 139832

( P 2 0 0 3 - 1 3 9 8 3 2 A )

(43)公開日 平成15年5月14日(2003.5.14)

(51)Int.Cl. <sup>7</sup>	識別記号	F I	テ-マコード <sup>8</sup>	(参考)
G01R 33/32		G06T 17/40	A	5B050
G06T 17/40		G01N 24/02	530	M

審査請求 有 請求項の数 9 O L (全20頁)

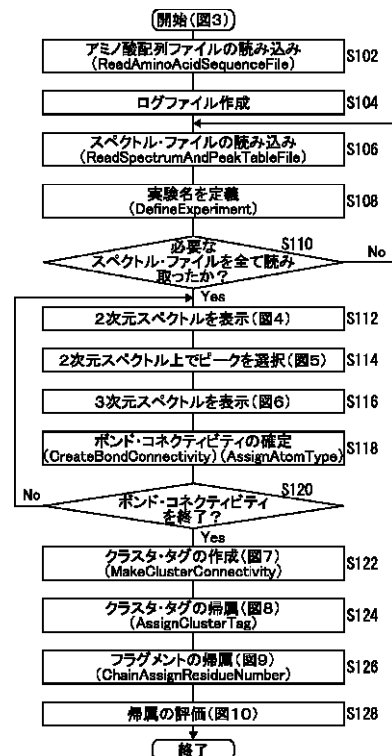
(21)出願番号	特願2001 - 333904( P 2001 - 333904)	(71)出願人	391016923 北海道大学長 北海道札幌市北区北 8 条西 5 丁目 8 番地
(22)出願日	平成13年10月31日(2001.10.31)	(72)発明者	稲垣 冬彦 北海道札幌市北区北19条西三丁目21 - 136 サザンパレス北大402
		(72)発明者	横地 政志 北海道札幌市北区北21条西八丁目 1 - 8 クィーンパレス21 - 302
		(74)代理人	100105371 弁理士 加古 進 F ターム(参考) 5B050 AA06 CA07 EA10 EA27 FA02 FA13

(54)【発明の名称】 NMRシグナル帰属支援システム

(57)【要約】

【課題】 NMRシグナルの正確な帰属を行うための支援システムの提供。

【解決手段】 アミノ酸配列のファイルを読み込むことで、この帰属の処理を開始している ( S 1 0 2 )。このときに、ログ・ファイルも作成する ( S 1 0 4 )。このログ・ファイルには、例えばボンド・コネクティビティの確立 ( S 1 1 8 )、クラスター・タグの作成 ( S 1 2 2 )、フラグメントの帰属 ( S 1 2 6 ) 等の帰属のための操作を行うごとに、その操作により発行されるコマンドを格納している。これにより、帰属の操作過程は、一連の操作コマンド列として、ログ・ファイルに書き込まれる。帰属を修正した場合でも、修正を含めて帰属過程の全てのログを残すことにより、帰属過程を再現することができる。



## 【特許請求の範囲】

【請求項 1】少なくとも、アミノ酸配列、2次元スペクトル、複数の3次元スペクトルを用いるNMRシグナル帰属支援システムであって、

前記2次元スペクトルを表示する2次元スペクトル表示手段と、

前記2次元表示手段に表示された特定のピークに対応する前記複数の3次元スペクトルを表示する3次元スペクトル表示手段と、

前記ピークが帰属する原子型を関連づける原子型指定手段と、

ピークと関連づけられた原子型をまとめてクラスタとするクラスタ作成手段と、

前記アミノ酸配列と前記作成されたクラスタとを対応させて表示し、両者を関連づけるクラスタ帰属手段とを備えることを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 2】請求項 1 に記載のNMRシグナル帰属支援システムにおいて、

さらに、前記クラスタに含まれないピークをフラグメントとして検出し、前記アミノ酸配列と対応させて表示し、両者を関連づけるフラグメント帰属手段を備えることを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 3】請求項 1 又は 2 に記載のNMRシグナル帰属支援システムにおいて、

さらに、帰属過程を自動的に記録するログ手段を備え、帰属過程を記録することを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 4】請求項 3 に記載のNMRシグナル帰属支援システムにおいて、

前記ログ手段は、帰属を処理するコマンドとして帰属過程を記録し、

前記記録したコマンドを再度実行することにより、帰属過程を再現可能とすることを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 5】請求項 1 ~ 4 のいずれかに記載のNMRシグナル帰属支援システムにおいて、

原子型指定手段は、自動的に原子型を帰属する自動帰属処理手段を含むことを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 6】請求項 1 ~ 5 のいずれかに記載のNMRシグナル帰属支援システムにおいて、

前記クラスタ帰属手段は、前記アミノ酸配列と前記作成されたクラスタとに関連性の確率を計算して表示する確率計算表示手段を含むことを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 7】請求項 6 に記載のNMRシグナル帰属支援システムにおいて、

前記確率計算表示手段は、前記アミノ酸配列と前記作成されたクラスタとの帰属が行われると、確率を計算し直

して表示することを特徴とするNMRシグナル帰属支援システム。

【請求項 8】請求項 1 ~ 7 のいずれかに記載のNMRシグナル帰属支援システムをコンピュータ・システムに実装させることができるプログラム。

【請求項 9】請求項 1 ~ 7 のいずれかに記載のNMRシグナル帰属支援システムをコンピュータ・システムに実装させることができるプログラムを記録した記録媒体。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明は、NMRによるタンパク質の立体構造の解析に関するものであり、特に、立体構造の解析に必要なNMRシグナルの帰属に対する支援システムに関するものである。

【0002】

【技術的背景】核磁気共鳴法(NMR)は、溶液中におけるタンパク質の原子レベルにおける静的・動的立体構造を決定できる唯一の分光法である。いまや、NMRによって決定されたタンパク質の立体構造をもとに、さまざまな生命現象を分子認識の観点から説明することが可能になり、NMRは構造生物学を支える重要な柱のひとつになった。

【0003】NMRを用いたタンパク質の立体構造解析の手順は以下ようになる。

(1) NMR測定

NMR測定には、1 mM程度の水溶液(90% H<sub>2</sub>O, 10% D<sub>2</sub>O)を400 μl用いる。測定対象によっては不規則な会合体を形成して、試料溶液が白濁することもある。このような状態は、のちのNMR測定および解析に多大な障害をもたらすので、測定試料のpH、イオン強度などを変化させ至適測定条件を見つけ出す。

(2) NMRシグナルの帰属

検出されたNMRシグナルがタンパク質中のどの原子核由来であるかを明らかにすることをNMRシグナルの帰属とよぶ。このステップはタンパク質の立体構造決定においてきわめて重要であり、慎重に行なうべきである。シグナル帰属法に関してはいくつかの2次元NMRをはじめとして3次元、4次元NMRスペクトルを使用する組織だった戦略が確立されている。

(3) 構造情報の収集

NMRスペクトルの中には、核オーバーハウザ-効果(NOE)、スピン結合などタンパク質の構造決定に有用な情報が多数含まれている。NMRスペクトル多次元表示することにより、たとえばプロトン核間の距離情報を反映したNOE交差ピークを一望に鳥瞰することができ、シグナル帰属に基づき溶液中のタンパク質のプロトン間距離を見積もることができる。

(4) 立体構造計算

3次元空間に存在する点の座標が与えられるならば、その座標からある2点間の距離を算出することは簡単なこ

10

20

30

40

50

とである。ではこの逆、すなわち2点間の距離からそれぞれの点の3次元座標を求めることは可能であろうか？ 答えは'可'であり、ある立体を構成する点間の距離からそれぞれの点の座標を求める計算をディスタンス・ジオメトリー計算とよんでいる。したがって、NMRによるタンパク質の立体構造計算とは、ワークステーションを用いて、NOEから得られた距離情報などをもとにディスタンス・ジオメトリー法により立件構造を計算することである。X線結晶構造解析と異なり、NMRによるタンパク質の立体構造は近距離(5 Å以内)情報の積み重ねにより決定されている。実際の計算に際しては、共有結合周りの回転角度である2面角に関する情報など、できるかぎりの構造情報を利用している。

【0004】NMR法は、水溶液におけるタンパク質の立体構造を明らかにできる点で、構造生物学の重要な解析手法である。この解析手法では、上述したように、シグナル帰属を正確に行うことが必要である。シグナル帰属では、主鎖のシグナル帰属、側鎖のシグナル帰属、距離情報を得るためのNOEの帰属と、10 - 20種類以上におよぶスペクトルを組み合わせる解析し、必要な情報を取り出すことが必要である。図1にその例を示す。図1(a)に、66残基からなる2量体タンパク質の1次元スペクトルのアミドプロトン - 芳香環領域を示す。数十のアミドプロトン・シグナルが重なり合い、解析はほとんど不可能である。同じ領域を1H - 15N2次元HSQC(図1(b)参照)で観測すると、アミドプロトン・シグナルはアミド窒素の化学シフト軸に展開され、シグナルの縮重が軽減されることがわかる。さらに、図1(c)に示すように、3次元HNCOスペクトルでは、アミドプロトン(H)軸、アミド窒素(N)軸に加え、カルボニル炭素(CO)軸の導入によりシグナルの完全分離が達成される。この帰属過程は複雑であり、スペクトルの組合せ等、研究者の経験や直感に依存する点が多い。従来の方では、帰属のプロセスを振り返って変更したり、帰属に至る過程を他の研究者が再現することは困難である。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】本発明の目的は、NMRシグナルの正確な帰属を行うための支援システムを提供することである。

【0006】

【課題を解決するための手段】上記の目的を達成するために、本発明は、少なくとも、アミノ酸配列、2次元スペクトル、複数の3次元スペクトルを用いるNMRシグナル帰属支援システムであって、前記2次元スペクトルを表示する2次元スペクトル表示手段と、前記2次元表示手段に表示された特定のピークに対応する前記複数の3次元スペクトルを表示する3次元スペクトル表示手段と、前記ピークが帰属する原子型を関連づける原子型指定手段と、ピークと関連づけられた原子型をまとめてク

ラストとするクラスタ作成手段と、前記アミノ酸配列と前記作成されたクラスタとを対応させて表示し、両者を関連づけるクラスタ帰属手段とを備えることを特徴とする。さらに、前記クラスタに含まれないピークをフラグメントとして検出し、前記アミノ酸配列と対応させて表示し、両者を関連づけるフラグメント帰属手段を備えることもできる。

【0007】さらに、帰属過程を自動的に記録するログ手段を備え、帰属過程を記録することもできる。このログ手段は、帰属を処理するコマンドとして帰属過程を記録し、前記記録したコマンドを再度実行することにより、帰属過程を再現可能としてもよい。原子型指定手段は、自動的に原子型を帰属する自動帰属処理手段を含み、自動的に原子型とピークとを関連づけてもよい。前記クラスタ帰属手段は、前記アミノ酸配列と前記作成されたクラスタとに関連性の確率を計算して表示する確率計算表示手段を含み、帰属判断を容易にすることもできる。この確率計算表示手段は、前記アミノ酸配列と前記作成されたクラスタとの帰属が行われると、確率を計算し直して表示し、帰属が確定するごとに、判断が容易になるようにすることもできる。また、上述のNMRシグナル帰属支援システムをコンピュータ・システムに実装させることができるプログラムやこのプログラムを格納した記録媒体も本発明である。

【0008】

【発明の実施の形態】以下、図面を参照して、本発明の実施形態であるNMRシグナル帰属支援システムを説明する。さて、NMRシグナル帰属支援システムにおいて、帰属の操作を行うためには、(1)帰属の過程と帰属に必要な一連のスペクトルをリンクさせて帰属過程がスペクトル上で確認できること、(2)帰属の変更を必要とする場合は、スペクトル上で連動して変更できることが必要である。また、(3)帰属の確度を確かめるため、データベースを参照し、最も確度の高い帰属を確認しながら仕事を進めていくことも重要である。

【0009】パソコン等のコンピュータ・システムに実装した実施形態のNMRシグナル帰属支援システムにおける処理の流れを、図2のフローチャートに基づき、詳しく説明する。

<帰属操作>本支援システムを起動すると、図3のようなウィンドウ200が表示される。本支援システムにおいては、化学シフトデータベースBioMagResBank(The BMRB Database)を利用して予測、診断を行っている。このため、このデータベースに行くためのボタン282がある。ここで、画面280内の「OK」ボタン281を押してから、ウィンドウ200上部の「ファイル」210をクリックすることにより表示されるメニューを選択して、本支援システムで使用するファイルの読み込みを行う。まず、試料のアミノ酸配列のファイルを読み込む(S102)。マルチチェーンの場合には鎖の数を入力

して、アミノ酸配列ファイルが続けて読み込む。アミノ酸配列ファイルとして、一文字表記のアミノ酸一次配列のテキスト・ファイルを用いている。このときに、読み込んだアミノ酸配列ファイルの名称（試料名）を基に、ログ・ファイルも自動的に作成される（S104）。このログファイルは、本支援システムにおける全ての帰属に関する操作が記録される。このログファイルを使って、前回の帰属状態を回復させることができる。このログファイルについては後で説明する。

【0010】次に、スペクトル・ファイルとして、フーリエ変換ファイルおよびピークピック・ファイルを読み込む（S106）。フーリエ変換ファイルに対応するピークピック・ファイルを同時に指定して読み込ませる必要がある。3次元以上のスペクトル・ファイルで複数に分かれている場合も、どれか一つ指定すだけでよい。フーリエ変換したスペクトルだけの読み込みは許されないため、事前にピークテーブル・ファイルを作っておく必要がある。本システムでは、スペクトル・ファイルとしては、NMRPipeでフーリエ変換処理したファイルおよびNMRDrawで作成したピークテーブル・ファイルを用いている。読みとったスペクトル・ファイルごとに、実験名を定義する（S108）。これにより、読みとったスペクトル・ファイルの表示名、軸名等を指定する。なお、初期設定として、主鎖連鎖帰属のための実験である、HN-HSQC, HNC0, HNCA, HN(CO)CA, HNCACB, CBCA(CO)NH等がメニューに登録されており、これらに対するスペクトル・ファイルの読み込み、実験名の定義が容易にできる。

【0011】NMRのスペクトルの帰属に必要なファイルを全て読み込む（S110でYES）と、帰属の操作を開始する。主鎖の帰属を行うため、まず、HSQCスペクトルのシグナルをピックアップする。そのために、図3において、「contoure-2D」220をクリックして、実験名を指定し、読み込んだHN-HSQCの2次元ファイルを表示する（S112）。これを示したのが図4である。図4に示した様に、本支援システムでは、HN-HSQCの2次元スペクトル300は、S/N分析、双3次補間、双曲線補間を用いて、常に適当な閾値が調整された等高線でスペクトルを表示している。各ピーク位置は、十字により表示されている。2次元スペクトル300には、実験名310、軸名320と330も表示されている。また、各ピークに対しては、読み込んだピークピック・ファイルにおけるピーク番号（インデックス）が付与されている。表示される2次元スペクトルは9つに分割して、ウインドウ340で選択することで、分割されたそれぞれを拡大して表示できる。また、範囲を指定して、指定された範囲を拡大して表示することもできる。図4は拡大された2次元スペクトルである。

【0012】重なり合ったり、肩になったピークについては、HN(CO)CA等の3次元スペクトルを投影し

て、ピーク位置を確定する。この操作は後で説明する。この時にも、インデックスが付与される。この様にして、HSQCスペクトル上に観測される全てのピークについてインデックス付けを行なう（例えば図4の360参照）。以降の帰属過程はこのピーク番号（インデックス）に基づいて行う。ピーク情報には最大24文字までのメモを残すことができる。これは、ウインドウ350内のテキスト・ボックス354に書き込むことで作成される。1つのピークには最大10個のメモを残すことができる。それらは日付管理され、通常最新のメモは強制的にスペクトル上に表示される。ピークに与えられる帰属ラベルは、3次元実験との連結の確定、さらに帰属を確定することで、「アミノ酸一文字表記+残基番号」形式で表示されるようになる。リンクが確定しないうちは、何も表示されない。ラベル表示色については、以下の規則がある。

灰色：他の3次元実験と連結なし

黄色：3次元実験との連結があり、帰属は未確定

ピンク：帰属が確定

【0013】<主鎖の帰属>さて、主鎖連鎖帰属の作業手順は、

(a) ボンド・コネクティビティ (Bond Connectivity) の確立作業

(b) クラスタ・コネクティビティ (Cluster Connectivity) およびクラスタ・タグ (Cluster-Tag) の確立

(c) クラスタ・タグ (Cluster-Tag) の帰属

(d) フラグメント (Fragment) の帰属

(e) 帰属の評価

の5段階に分けられている。ここで、ボンド・コネクティビティとは、参照する2次元実験のピークテーブルの化学シフト値で3次元実験の領域を切り出し、その面上にある3次元ピークと2次元ピークとを関連づける情報である。クラスタ・コネクティビティとは、2つのボンド・コネクティビティ間で、前後の化学シフトがユニークに一致した情報である。クラスタ・タグとは、複数のクラスタ・コネクティビティが一意に連続したものの集まりに、順番にタグ番号を与えて管理した情報である。クラスタ・タグは、インデックスのシーケンスとして表現される。フラグメント (Fragment) とは、クラスタ・タグに含まれなかった全てのボンド・コネクティビティのことである。

【0014】(a) ボンド・コネクティビティ (原子型帰属) の確立

主鎖帰属でまず最初に行うことは、3次元実験を2次元実験の化学シフトの軸でスライスした面を切り出した上で、原子型帰属ボンド・コネクティビティ (原子型帰属) を確定することである。これを行うために、3次元のスペクトルを表示する必要がある。このため、図4で、「Main Chain Assignment」230から、メニューを選択して、図5に示すウインドウ370を開き、イン

デックス入力欄 372 に、インデックスを入力することで、ピークを指定する (S114)。これにより、図6に示すように、指定したインデックスに対応する3次元スペクトル画面400が表示される (S116)。画面400には、指定インデックスのシグナルに対応するストリップ・チャートである、HNCO410, HNCA420, HN(CO)CA430, CBCANH440, CBCA(CO)NH450が、各スペクトル・ファイルから自動的に切り出されて、表示されている。この表示されているストリップは、図5のウインドウ370内のボタン類376により、指定インデックスの化学シフトから、各軸に対して少しずつ切り出し面をずらして表示することができる。これらのボタン類376は、2次元実験で複数のシグナルが接近している場合に、3次元実験上の対応するシグナルを区別するために使用する。なお、切り出し面をずらすことは、各ストリップごとでもできるし、全ストリップ同時に行うこともできる。

【0015】図6に示すように、表示された3次元のHNCAスペクトルでは、アミドプロトン、アミド窒素の化学シフト(HN, N)と同じ残基のカーボンCA(i)と前の残基のカーボンCA(i-1)との相関が表示される。同様に、HN(CO)CAでは(HN, N)とCA(i-1)、CBCANHでは(HN, N)とCA(i-1)、CB(i-1)、CA(i)、CB(i)の相関が、CACB(CO)NHでは(HN, N)とCA(i-1)、CB(i-1)との相関が表示される。ここで、シグナルの示す強弱、正負の違いから、また、必要ならば隣接したスライスでシグナルの増減を確認するなどして、参照実験上で重なり合ったシグナルを完全に区別する。そして、インデックスと関連のある3次元ピークをクリックして、ウインドウ470を表示し、「Create Bond Connectivity」ボタン472をクリックすることによって、ボンド・コネクティビティを確定する。この確定の後、炭素原子の型を、例えば、「Assign Atom Type」ボタン476をクリックして、メニュー480から、CO(-)/CO/CO(HB), CA(-)/CA, CB(-)/CBのように分類して帰属をする(S118)。いったん確定した関連性は、同じインデックスのストリップ面上でのみ、「Destroy Bond Connectivity」ボタン474をクリックすることで、解除することができる。なお、CO(HB)とは、水素結合のドナーのカルボニル炭素のことである。各ストリップ上で全ての相関ピークが観測されるのではなく、重なったり、S/Nが悪いため、ピークが観測されないこともある。そこで、可能なパターンを各スペクトルについて生成し、全てのストリップ・チャートの組についてつじつまのあう帰属を求める。

【0016】インデックス間で重なりがあったら、新たにピークを追加するなどして、2次元実験との関連性を

一対一に保つよう帰属する。これを行うために、「ReturnFeedbacktoRef-2D」ボタン478をクリックする。これにより、新たなピークが形成されて、そのピークに対してインデックスが付与される。なお、付与されたピークには「Feedbackfrom3D」が表示される。また、2次元スペクトル上で少しでもピークの形状が歪んでいたら、インデックスの重なりがあるかどうか検討して、全ての曖昧さに決着をつける必要がある。この様にして、2次元のHSQCスペクトル上のピークと、3次元の各スペクトル上でのピークとの対応と、それぞれのピークの帰属(CA(i-1), CB(i-1), CA(i), CB(i))が完了する(S120でYES)。

【0017】(b) クラスタ・タグの作成  
クラスタ・コネクティビティおよびクラスタ・タグは、メニュー「Main Chain Assignment」230 (図6参照) をクリックすると現れる「Make Cluster Connectivities」ボタンをクリックすることで作成される(S122)。この処理では、複数のクラスタ・コネクティビティが一意に連続したものの集まりに、順番にタグ番号を与えて、クラスタ・タグを作成する。出来上がったクラスタ・タグは、「View Cluster Connectivities」メニューで、ウインドウ490 (図7参照) を表示することで確認できる。ここで、「Cluster-Tag Index」492として、#1が表示されている。クラスタ・インデックスは、「+」「-」ボタン494で増減でき、その番号のクラスタ・タグの内容は、「Show Cluster-Tags」ボタン496で、表示することができる。クラスタ・タグの内容は、「Cluster-Tag's Sequence」498に、インデックスの連続として表示される。

【0018】(c) クラスタ・タグの帰属  
クラスタ・タグの帰属では、アミノ酸一次配列と化学シフト・ライブラリーとを用いてアミノ酸予測を行い、クラスタ・タグとアミノ酸配列とを対応させる。この処理は、メニュー「Main Chain Assignment」230 (図7参照) をクリックすると現れる「Assign Cluster-Tag Sequences」ボタンをクリックすることで行われ、図8に示す画面500が表示される。図8において、画面500は、上下2段に別れ、各段の上部には、読み込んだアミノ酸の一次配列512, 514が表示されている。これに対応するクラスタ・タグ・シーケンスが、右側に表示されているクラスタ・タグ番号540の線上に、帰属可能な候補として黄緑のバーで明示されている。バーの横の数字は、アミノ酸配列番号と括弧内に表示されている予測による確率である。表示されている確率の計算については、後で説明する。このバーをクリックすると、バーに対応したクラスタ・タグの内容がウインドウ550に表示される。クラスタ・タグの帰属の処理は、当てはまり予測により、確かそうなクラスタ・タグから順番にアミノ酸配列に対して帰属させる。帰属操作は、ウインドウ550内の「Assign Cluster-Tag」ボタン552

をクリックすることで行う ( S 1 2 4 )。一度タグによって帰属された配列は、次のアミノ酸の型予測の対象から外されるので、帰属可能な候補の確率は再計算される。この帰属操作・再計算は繰り返される。従って、はじめは、帰属可能な配列の特定できなかったタグも他が帰属されるごとに、候補が絞り込まれていく。この帰属を繰り返すことによって、数分のうちに7割以上の帰属が終了する。

#### 【 0 0 1 9 】 ( d ) フラグメントの帰属

ある程度クラスタ・タグの帰属解析が進んでいくと、どうしても帰属ができない領域が生まれる。この原因は、クラスタ・コネクティビティが一意でなかったり、C b の化学シフトが決まらなかったりして、生じたフラグメントによって説明される。それらの帰属は、アミノ酸の型予測とクラスタ・タグの端の化学シフトの一致、不一致の情報を頼りにして帰属を埋めていかなければならない。これを行うために、メニュー「Main Chain Assignment」2 3 0 ( 図 8 参照 ) をクリックすると現れる「Assign Fragment Indexes」によって行われ、図 9 に示す画面 6 0 0 が表示される。図 9 の画面 6 0 0 は、図 8 に示した画面 5 0 0 と同様の構成であり、上下 2 段に別れ、各段の上部には、読み込んだアミノ酸の一次配列 6 1 2 , 6 1 4 が表示されている。フラグメントが検出され、アミノ酸配列 6 1 2 , 6 1 4 に対応して、右側に表示されているフラグメント番号 6 4 0 の線上に、帰属可能な候補として黄緑の三角で明示されている。三角の横の括弧内の数字は、予測による確率である。この三角をクリックすると、三角に対応したフラグメントの情報がウインドウ 6 5 0 に表示される。このウインドウ 6 5 0 に表示される情報を参考に、フラグメントの帰属を決定する。フラグメントを帰属させるためには、ウインドウ 6 5 0 内の「Assign Fragment」ボタン 6 5 2 をクリックする ( S 1 2 6 )。

#### 【 0 0 2 0 】 ( e ) 帰属の評価

決定された帰属の評価は、メニュー「Main Chain Assignment」2 3 0 ( 図 9 参照 ) をクリックすると現れる「Assess Main Chain Assignments」によって行われ、図 1 0 に示す画面 7 0 0 が表示される ( S 1 2 8 )。図 1 0 における画面 7 0 0 では、上下 2 段に分かれて、アミノ酸配列 7 1 2 , 7 1 4 が表示されている。このアミノ酸配列に対応して、右側の表示に対するクラスタ間の化学シフトの不一致やアミノ酸型予測からの逸脱等が、色やバーの高さで表示される。緑 < 黄 < 赤の順、あるいはバーの高さが高いほどその帰属の信頼性が低いことを示している。それらの帰属を評価し直し、その原因を必ず追及することにより、フラグメントの帰属が解消される。帰属の結果は、メニュー「Main Chain Assignment」2 3 0 ( 図 1 0 参照 ) をクリックすると現れる「List Main Chain Assignments」ボタンによってテキスト保存される。また、アミノ酸の文字をクリックするとウインド

ウ 5 4 0 が現れ、帰属を外すことができる。なお、上述では、3次元スペクトルを用いているが、4次元のスペクトルを用いることもできる。

【 0 0 2 1 】 < 側鎖の帰属 > 側鎖についても、上述の主鎖における 2 次元実験とクラスタ・コネクティビティを確定し原子型を帰属する過程と同様の手順で、メニュー 2 4 0 を用いることにより帰属操作を行うことができる。アミドプロトン - アミド窒素 ( HN - N ) を経由する脂肪酸側鎖の帰属は、2 次元実験として NH - HSQC を使用し、リンクを確定する実験として、3 次元の HBHA ( CO ) NH , C ( CO ) NH , HC ( CO ) NH を使用する。また、芳香族側鎖の帰属は、参照する 2 次元実験として、HN - HSQC , CT - HSQC の両方を用い、クラスタ形成に必要なスピン系を裏付ける実験として、2 次元の COSY , TOCSY , NOESY も使われる。帰属を確定する実験としては、3 次元の HCCH - COSY , HCCH - TOCSY , 1 5 N edit edNOESY , 1 3 C edit edNOESY あるいは 4 次元の HCCH - COSY , HCCH - TOCSY , C - C NOESY , C N NOESY などが使われる。次に、例えば、芳香族側鎖の帰属の際には、主鎖帰属と同様に、化学シフトの一致と BMRB データベースとの比較、芳香環属プロトン間の COSY , TOCSY , NOESY シグナルの存在を調べた結果からクラスタ形成を行い、芳香環を一つのクラスタ・タグにまとめ、一括して帰属を行う。

< 構造計算段階の帰属 > 構造計算の段階では、帰属の完了した帰属テーブルを用いて、NOE シグナルの帰属を行う。NOE シグナルの帰属は各実験にリンクされており、帰属の修正を行う場合でも、修正に関連した全てのシグナルが同時に修正される。このため、構造計算と帰属過程とを同時に行うことができる。以上、特定のシグナルとスペクトルをリンクすることにより、帰属過程を行うことが可能となり、初心者でも熟練者同様の確度でスペクトル解析を進めることができる。

【 0 0 2 2 】 < 操作のログ > 一連の帰属の過程で、HSQC スペクトル上で定義された特定のピーク番号 ( インデックス ) を持つシグナル ( HN , N ) は、他の 3 次元スペクトル上のシグナルとのリンクにより有機的に関連づけられている。また、特定のインデックスを持つシグナルは、アミノ酸配列ともリンクされる。これらのリンクを作成することにより帰属が行われている。この帰属の操作過程は、一連の操作コマンド列として、ログ・ファイルに書き込まれる。帰属を修正した場合でも、修正を含めて帰属過程の全てのログを残すことにより、帰属過程を再現することができる。これを図 2 , 図 1 1 , 図 1 2 を用いて説明する。図 2 のフローチャートにおいて、上述したように、アミノ酸配列のファイルを読み込むことで、この帰属の処理を開始している ( S 1 0 2 )。このときに、ログ・ファイルも自動的に作成され

ている ( S 1 0 4 )。このログ・ファイルには、帰属のための操作を行うごとに、その操作により発行されるコマンドを格納している。操作のときに発行されるコマンドの例を、図 1 1 に示す。例えば、アミノ酸配列ファイルの読み込み操作には、図 1 1 に示した「1 . . . Read Amino Acid Sequence File」 ( S 1 0 2 参照 ) を発行することで行っている。図 2 のフローチャートには、そのステップの操作により発行されるコマンドを例示している。

【 0 0 2 3 】ログ・ファイルの内容の最初の部分を図 1 2 に示す。図 1 2 において、実行されない Remark (これは起動時の設定に自動的に書き込まれる) の次に、アミノ酸配列ファイルの読み込み ( S 1 0 2 ) と、一連のスペクトル・ファイルの読み込み ( S 1 0 4 ) , 実験の定義 ( S 1 0 8 ) に対応するコマンドが読みとれる。また、その次には、ボンド・コネクティビティの確定 ( S 1 1 8 ) のためのコマンドが続いている。この帰属のためのコマンドで構成されたログ・ファイルは、本支援システムにより、再実行できる。これにより、他の人が行った帰属処理を、ログ・ファイルを再実行することで、再現することができる。本支援システムを用いることにより、膨大なスペクトル群と帰属過程を有機的に結合することにより、帰属過程の共有化を行うことが可能となる。また、ログファイルを用いることにより、他の研究者の行った帰属の過程を再現できる。

【 0 0 2 4 】 < 帰属の自動化 > このシステムを用いることにより、原子型帰属の自動化を行うこともできる。この帰属の自動化により、初心者でも熟練した研究者同様に正確な帰属を進めることが可能となり、作業効率を大幅に向上することができる。本支援システムでは、典型的な帰属を行うと、それらを学習して自動帰属を行う。学習を行うインデックスはプロファイル・インデックスと呼ばれ、自動帰属の見本となる。このため、このインデックスとしては、S / N が良好で、一連の実験で見えるべきシグナルが揃っているインデックスを利用すべきである。このプロファイル・インデックスの帰属から、帰属、帰属シグナルの総数、シグナルの符号、シグナル間の強度比の情報から、帰属規則が分かる。図 1 3 は、図 6 と同じ画面で、プロファイル・インデックスの帰属を決めて、自動帰属 ( Auto Assign ) を行うところを示す図である。プロファイル・インデックスの帰属を決めてから、図 5 , 図 6 でも表示されているウインドウ 3 7 0 内の「Auto Assign」ボタン 3 7 4 をクリックすると、図 1 3 に示した、自動帰属のためのウインドウ 8 1 0 , 8 2 0 , 8 3 0 が開く。ウインドウ 8 1 0 , 8 2 0 で、自動帰属のための各種パラメータを設定後、ウインドウ 8 3 0 の「Start」ボタン 8 3 2 をクリックすることで、自動帰属処理が開始する。

【 0 0 2 5 】自動帰属処理が開始されると、まず、どのシグナルにどの原子型が帰属するかを決定するパターン

を作成する。このパターンは、どのシグナルにどの原子型帰属を当てはめるかの情報の集まりである。本支援システムでは、シグナルの総数によって、原子型帰属の種類になるパターンの最大数を変化させる。学習通りにシグナルが揃っている場合には、数十程度のパターンを生成することで、十分な精度が得られる。一つのパターンを生成する作業は以下のように行う。まずストリップ上のピークの数不足している場合に備えて、ピークピックを行う。ピークが巨大なシグナルのリッジピークであるかどうか調べ、そうであるならピークを参照する優先順位を下げる処置を行う。次にストリップ上のシグナルを正負に区別して大きさ順に並べ替え、ストリップ上のシグナルの総数に比例した偏差を与えたガウス分布に従う確率で、大きい方のシグナルをパターンに加える。ここで同じピークに異なる原子型帰属をしたり、また異なる実験の間で等しいはずの化学シフトが有意に異なったパターンは捨てる。同じパターンを避けて、それぞれに異なるパターンを次々生成し、設定した最大パターン数が集まるまで、あるいはパターン生成の試行数が最大パターンの二乗に達するまで続ける。

【 0 0 2 6 】生成した帰属パターンには、原子型帰属の規則の十分条件に違反するものも含まれる。例えば、当然加わるべきシグナルがパターンに含まれなかったことで、偶然に帰属規則の必要条件を満たしているように見せかけている偽のパターンが存在する。そこで原子型帰属パターンに対して以下の最適化を行う。シグナルの補完、同一実験内で異なる原子型を与えるシグナルがその実験の分解能以上に近づいた場合にマイナーピークの排除、基準化学シフトからのずれが異常なピークの排除、同じ原子型帰属の化学シフトが実験の間で異なるものを排除、シグナルの欠落箇所ですpekトルの振幅の符号が違反したピークの排除。(このとき、候補パターンを判定するのに必要なスペクトル上の強度は、一括してバッファにとっておき、随時参照するとよい。)

こうして、最適化された原子型帰属パターンの総数を単純に増やすことにより、帰属規則の必要十分条件を満たす範囲で原子型帰属の可能な組み合わせを調べ尽くすことができる。

【 0 0 2 7 】最後の評価ステージでは、評価関数を用いて原子型帰属パターンの優劣を判断する。このとき使用する評価関数は、それぞれ帰属段階の性質に合うように調整されている必要がある。評価項目として重要なのは、典型的なアミノ酸の化学シフト統計である BMRB データベースを利用する項目である。BMRB 化学シフト統計は多くのソフトウェア ( C S I , S H I F T Y , T A L O S , T A T A P R O 等 ) によってこれまで構造予測や自動帰属などに頻繁に利用されてきた実績がある。パターンの評価関数は他に、全シグナルの大きさの和、基準化学シフトからのずれ、異なる実験の間の化学シフトの同一性、シグナル強度比と学習プロファイルと

の一致、最大帰属可能候補をどれだけ埋められたのか、原子型帰属とシグナルの大きさの順番に逸脱があるか等の複数の項目を考慮したものになる。最終的に全評価関数は、独立の事象に対する評価のように、各評価項目が乗算で寄与する複合関数となる。各評価項目の判定値にかかる指数因子によって、ユーザーが全評価関数を調整することができる。ある一定の閾値を越え、全評価関数値の最も優れた原子型帰属パターンを選択することにより、原子型帰属の自動化処理は完了する。処理結果は、ユーザーによる確認、修正を経た後で次のクラスタの帰属に進むことになる。

【 0 0 2 8 】 帰属が一通り済んだら、3次元実験のピーク情報を2次元実験へ情報をフィードバックする。これは、2次元実験の重なり合ったピークやブロードな交換

$$A(a) = \exp \left[ - \sum_{\substack{x=HN, N, C', Ca, C\beta, \dots \\ x \neq \phi}} \frac{(x - \bar{x}(a))^2}{2\sigma_x^2(a)} \right]$$

$$x_{\min}(a) - \sigma_x(a) \leq x \leq x_{\max}(a) + \sigma_x(a)$$

or

$$A(a) = 0 \quad x < x_{\min}(a) - \sigma_x(a) \text{ or } x > x_{\max}(a) + \sigma_x(a) \text{ or } \bar{x}(a) = \phi \cap x \neq \phi \text{ or } a = \phi$$

$$p(a) = \frac{A(a)}{\sum_{a'=Ala, Cys, Asp, \dots} A(a')}$$

ここで、xは化学シフトの中心値、x(a)，x(a)はBMRB化学シフトの統計平均および標準偏差である。x<sub>min</sub>(a)、x<sub>max</sub>(a)はその最小値および最大値である。なお、第2式は統計上起こりえない事象を完全に除くためにある。絶対的な帰属確率の値は必ずしも必要ではない。むしろ、確率分布量の最も大きなアミノ酸の型が何であるか知るだけでよい。簡単のため、化学シフト値の広がり(dHN, dN, dC', dC, dC, ...)を全て1とすると、ある化学シフトの中心値xを与えたときにそのアミノ酸の型がaである分配確率は、次のように計算できる。

【数2】

$$p(a) = \frac{A(a)}{\sum_{a'=Ala, Cys, Asp, \dots} A(a')}$$

【 0 0 3 0 】 (クラスタの帰属予測) クラスタの帰属予測では、上述の化学シフト中心値と化学シフト統計との間の対応を調べる他に、クラスタの両末端で既存の帰属の化学シフトが一致するかどうか考慮しなければならない。このため、主鎖帰属のクラスタの分配確率は、BMRB化学シフト統計情報に依存した前述のp(a)項とクラスタ両末端(termini)の化学シフトの同一性(前後のC<sup>1</sup>, Ca, Cbの化学シフトに関わる)に関わる項から計算される。クラスタが一次配列cのi番目に帰属される分配確率は、

ピークを「Feedback」ボタン478(図6参照)で自動検出して、再び帰属をくり返すことで行う。これらの手順をまとめて自動的に行う便利なボタンを設けている。これが、「Main Chain Assignment」230内の「Auto Assign-> Feedback Repeat」ボタンであり、これを利用すれば主鎖帰属が一発で完了する可能性がある。本支援システムでは、帰属とフィードバックとを3回繰り返している。

【 0 0 2 9 】 < 確率の計算 >

10 (アミノ酸型分配確率) まず、単純なアミノ酸型分配確率計算を示す。化学シフトの中心値(x = HN, N, C<sup>1</sup>, Ca, Cb, ...)が分かっているならば、あるアミノ酸aに帰属する確率分布を以下のように計算できる。

【数1】

【数3】

$$P_{c,i,n-1} = \frac{(1+t_{c,i-1})^{-1} p(a_{c,i-1}) p(a_{c,i}) (1+t_{c,i+1})^{-1}}{\sum_{c',i'} [(1+t_{c',i'-1})^{-1} p(a_{c',i'-1}) p(a_{c',i'}) (1+t_{c',i'+1})^{-1}]}$$

$$t_{c,i} = \frac{\sum_{\substack{x=C', Ca, C\beta \\ x_{c,i-1} \neq \phi \cap x_{c,i} \neq \phi}} \frac{(x_{c,i-1} - x_{c,i})^2}{\sigma_x^2}}{\sum_{\substack{x=C', Ca, C\beta \\ x_{c,i-1} \neq \phi \cap x_{c,i} \neq \phi}} 1}$$

ただし、分母が0の場合は、最大許容誤差を代入する。

【数4】

$$t_{c,i} = err_{lmi}$$

ここで、xは化学シフトの標準偏差である。<sup>1</sup>H, <sup>13</sup>C, <sup>15</sup>Nには、それぞれ0.01, 0.04, 0.1ppmを与える。このとき、標準誤差、最大許容誤差程度の値を与える、n個のクラスタからなるクラスタの先頭が、一次配列cのi番目に帰属される分配確率は、

【数5】

$$P_{c,i,n} = \frac{(1+t_{c,i-1})^{-1} \left\{ \prod_{i'=i}^{i+n} p(a_{c,i'}) \right\} (1+t_{c,i+n})^{-1}}{\sum_{c',i'} [(1+t_{c',i'-1})^{-1} \left\{ \prod_{i'=i'}^{i'+n} p(a_{c',i'}) \right\} (1+t_{c',i'+n})^{-1}]}$$

50 である。



【0031】(分配確率計算に基づくクラスタ形成)この分配確率を利用すると、タンパク質の一次配列とBMRB化学シフト統計データと矛盾のないクラスタ形成が可能である。化学シフトの同一性だけを考慮したクラスタ形成には問題がある。不用意に長いクラスタが、実は別々の帰属に当てはまるべき、全く別の2つのクラスタでなければならないかもしれない。そこで、分配確率の基本的な性質を理解する必要がある。「クラスタ・サイズnが十分大きい場合」、ある特定のサイトに対する帰属(正しい帰属と考えられる)への分配量が集まりやすい。クラスタ・サイズが1つ大きくなると、望ましい第一候補以外の対立候補であるアミノ酸の型が一致なくなって分配量が減少する。すると、ますます第一候補への比重が増加する。その結果、分配確率の最大値は上昇する。よって、クラスタの形成が正しく行われているときには、分配確率の最大値はnが大きくなるに従い、分配確率の最大値は1.0に漸近しながら増え続ける。問題は、アミノ酸の型が合っていないときにもクラスタが一定以上大きいと、やはり分配確率の最大値が増加する

$$(n+1) \cdot \text{maximum}(p_{c,i,n+1}) > n \cdot \text{maximum}(p_{c,i,n}) \text{ and } \text{maximum}(p_{c,i,n}) \geq \frac{n}{N_c}$$

この第一の判別式は、nが小さい場合には、分配確率の最大値の変化率で減少する場合を許している。またnが大きいときには、その変化率が1.0に十分近づいて、分配確率の最大値は1.0が漸近的に近づくことを要求している。結局、この判別式は定性的に正しい振り舞いをしていることが理解できる。また、第二の判別式はその長さのクラスタが最低限有意であることを保証する。ここで、 $N_c$ は一次配列cの長さである。つまり、クラスタ・サイズが配列に対して応分の長さがあるなら、その長さを占めるだけの責任に対して、 $n/N_c$ は分配確率で負担しなければならないことを意味する。実際のクラスタ作成は、まず、ブランチのないように化学シフトの同一性だけでクラスタ作成した後、それぞれのクラスタについて順次刈り込んでいく。そして、長さが1になるまで、上記の判別式を満たしているかどうかを確かめることを行えばよい。

【0033】この支援システムを用いて、いくつかのタンパク質の帰属を進めた。従来の方法はスペクトルから帰属への流れで仕事は進み、流れを遡って帰属をチェックすることは困難である。本支援システムにより、遡って帰属のチェックを行うことが可能となり、帰属効率を大幅に向上することができた。また、構造計算の過程で明らかになった帰属の誤りをスペクトルに戻って見直すことができた。データベースを使用し、帰属の確度を統計的に処理するとともに、評価関数を設定することにより、確度の高い帰属を行うことができた。ポストゲノム時代に入り、網羅的なタンパク質の構造解析が必要になっている。我が国も、3,000個のタンパク質の立体構造をNMRで決定することを国際的に約束している。

可能性があることである。偶然に化学シフトが一致して付加したクラスタは、正しい帰属サイト付近の絶対的な確率分配量は減少する。しかしながら、対立候補でも型が合わないことが起きているため、分配確率の最大値はこうしたエラーに鈍感でありうる。これは、できあがったクラスタを一つ一つ刈り込んで、同時に分配確率の最大値の変化率を監視することで問題は解決する。

【0032】偶然、化学シフトが同一になった結果、誤ったクラスタが構成されている場合、最大分配確率の増加率はnの増加に従って、一時有意に減少する点が存在するのである。そのような点を見いだしたときには、クラスタを分割しなくてはならない。また一方、「nが3以下のような小さな場合」、nを増やしていった場合に、最初のうち最大の分配確率を示す帰属サイトが正しいとは限らない。従って、ある程度、変化率の減少は起きていてもおかしくはない。結局、経験上、以下の判別式を用いることで目的が達成できる。

【数6】

また、製薬会社も、創薬のターゲットとしてタンパク質の立体構造決定が急務となっている。NMRによるハイスループットなタンパク質の立体構造決定は広く望まれている。本支援システムはこのような要請を満たすものであり、NMRを用いたハイスループットな構造解析を可能とする。

【0034】

【発明の効果】上述するように、本発明の支援システムにより、従来では主鎖帰属に1ヵ月程度、構造決定までは半年以上を要したが、主鎖帰属は1-3日へ、構造決定も2ヵ月程度に短縮することができる。本プログラムを使用することにより、初心者でも、熟練者同様に確度の高い帰属と精度の高い構造解析を行うことが可能となった。

【図面の簡単な説明】

【図1】NMRシグナルの帰属法について説明する図である。

【図2】本支援システムを用いて行う帰属操作を説明するフローチャートである。

【図3】本支援システムを起動すると現れる画面を示す図である。

【図4】2次元のスペクトルを表示した画面を示す図である。

【図5】2次元のピークと対応する3次元のスペクトルを表示するための操作を説明する図である。

【図6】3次元のスペクトルを表示した画面を示す図である。

【図7】クラスタ・タグ作成を示す図である。

【図8】クラスタ・タグの帰属を行う画面を示す図であ

る。

【図9】フラグメントの帰属を行う画面を示す図である。

【図10】帰属の評価の画面を示す図である。

【図11】ログ・ファイルに記録される操作に対応した

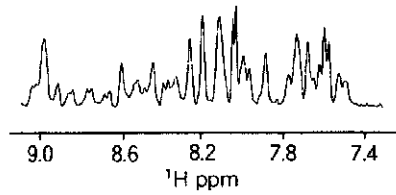
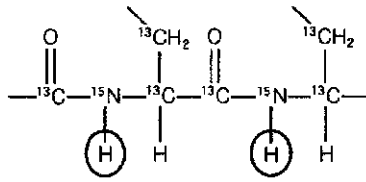
コマンドのリストである。

【図12】ログ・ファイルに記録された操作履歴の例を示す図である。

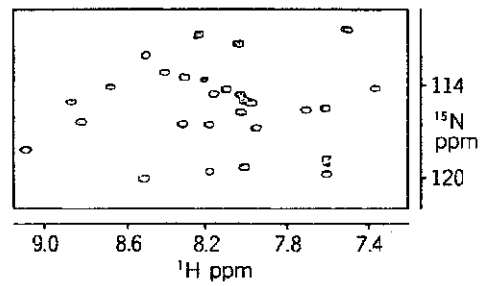
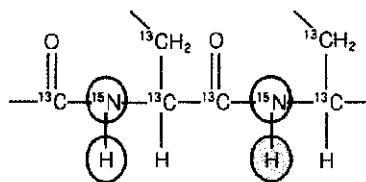
【図13】自動帰属を行う画面を示す図である。

【図1】

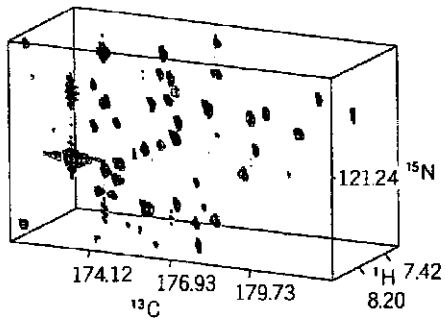
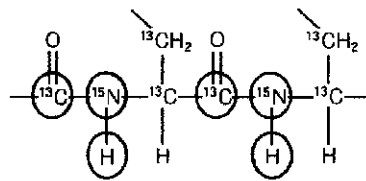
(a) 1次元 Hスペクトル



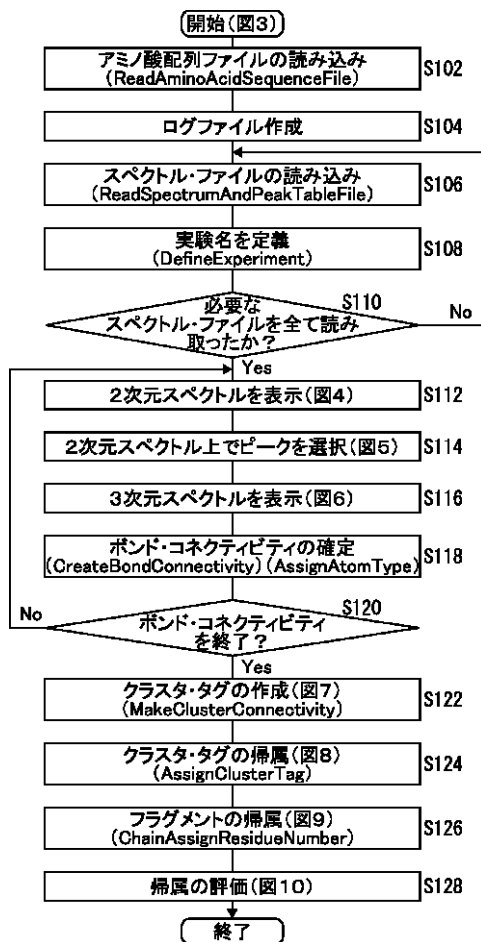
(b) 2次元 H-Nスペクトル



(c) 3次元 HNCOスペクトル



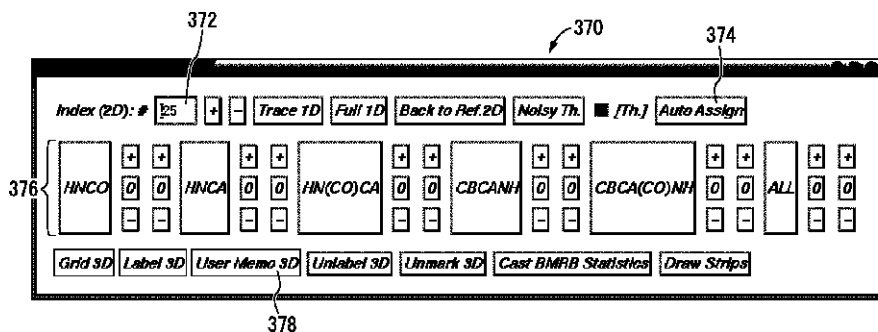
【 図 2 】



【 図 1 2 】

Remark LOG FILE FOR OLIVIA  
 Remark ### Log File: GRB2.SH2+SHC.pY.log  
 Remark ### The Number of Chains: 2  
 Remark ### Chain Name1: GRB2.SH2  
 Remark ### Chain Name2: SHC.pY  
 Remark ### Working Directory: /home/yokochi/GRB2SH2  
 Remark ### User Name: yokochi  
 Remark ###  
 Remark ### Started Olivia at Mon Aug 20 23:08:15 2001  
 Remark ###  
 ReadAminoAcidSequenceFile 2 55 /GRB2.SH2.seq at Mon Aug 20 23:08:28 2001  
 ReadAminoAcidSequenceFile 2 422 /SHC.pY.seq at Mon Aug 20 23:08:37 2001  
 DefineExperiment 2 0 1 1 'HN-HSQC' 'HN' 'N' at Mon Aug 20 23:11:44 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 2 0 /H2O/HN.HSQC.960817\_8scans.ft  
 /H2O/HN.HSQC.960817\_8scans.tab at Mon Aug 20 23:12:12 2001  
 DefineExperiment 2 2 1 1 'CT-HSQC (ALIPH)' 'H' 'C' at Mon Aug 20  
 23:14:51 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 2 2 /D2O/CT.HSQC.ALIPH.960501.ft  
 /D2O/CT.HSQC.ALIPH.960501.tab at Mon Aug 20 23:15:16 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 2 3 /D2O/CT.HSQC.AROMA.960501.ft  
 /D2O/CT.HSQC.AROMA.960501.tab at Mon Aug 20 23:17:40 2001  
 DefineExperiment 3 0 1 1 1 'HNCO' 'HN' 'CO' 'N' at Mon Aug 20 23:19:02 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 3 0 /H2O/HNCO.960817/data%03d.ft  
 /H2O/HNCO.960817.tab at Mon Aug 20 23:20:13 2001  
 DefineExperiment 3 1 1 1 1 'HNCA' 'HN' 'CA' 'N' at Mon Aug 20 23:20:49 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 3 1 /H2O/HNCA.960817/data%03d.ft  
 /H2O/HNCA.960817.tab at Mon Aug 20 23:21:27 2001  
 DefineExperiment 3 2 1 1 1 'HN(CO)GA' 'HN' 'CA' 'N' at Mon Aug 20  
 23:23:40 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 3 2 /H2O/HNCOCA.960817/data%03d.ft  
 /H2O/HNCOCA.960817.tab at Mon Aug 20 23:24:09 2001  
 DefineExperiment 3 3 1 1 1 'CBCANH' 'HN' 'CACB' 'N' at Mon Aug 20  
 23:26:08 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 3 3 /H2O/CBCANH.960828/data%03d.ft  
 /H2O/CBCANH.960828.tab at Tue Aug 21 04:25:13 2001  
 DefineExperiment 3 4 1 1 1 'CBCA(CO)NH' 'HN' 'CACB' 'N' at Tue Aug 21  
 04:35:36 2001  
 ReadSpectrumAndPeakTableFile 3 4 /H2O/CBCACONH.960909/data%03d.ft  
 /H2O/CBCACONH.960909.tab at Tue Aug 21 04:36:05 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 0 2 0 at Thu Aug 30 20:06:47 2001  
 AssignAtomType 3 0 0 1 CO(-) at Thu Aug 30 20:06:52 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 1 2 2 at Thu Aug 30 20:06:56 2001  
 AssignAtomType 3 1 2 1 CA at Thu Aug 30 20:07:00 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 1 2 1 at Thu Aug 30 20:07:03 2001  
 AssignAtomType 3 1 1 1 CA(-) at Thu Aug 30 20:07:05 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 2 2 1 at Thu Aug 30 20:07:09 2001  
 AssignAtomType 3 2 1 1 CA(-) at Thu Aug 30 20:07:11 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 3 2 5 at Thu Aug 30 20:07:14 2001  
 AssignAtomType 3 3 5 1 CA at Thu Aug 30 20:07:17 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 3 2 4 at Thu Aug 30 20:07:20 2001  
 AssignAtomType 3 3 4 1 CA(-) at Thu Aug 30 20:07:21 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 4 2 8 at Thu Aug 30 20:07:28 2001  
 AssignAtomType 3 4 8 1 CA(-) at Thu Aug 30 20:07:29 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 3 2 8 at Thu Aug 30 20:07:34 2001  
 AssignAtomType 3 3 8 1 CB at Thu Aug 30 20:07:38 2001  
 CreateBondConnectivity 2 3 0 3 2 7 at Thu Aug 30 20:07:41 2001

【 図 5 】



200

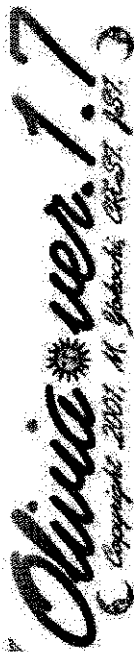
240

230

220

210

File Contours 2D Main Chain Assignment Side Chain Assignment Bookmarks Relaxation Analysis Titration Analysis



Owner ID: 1, Owner: Masashi Yokochi Organization: CREST/IST

Welcome to The Olivia System.

<<< What you must prepare >>>

### Amino acid sequence file (single letter IUPAC code) ###

".seq" file extender is recommended. If you wish to work with multi-chain environment, Prepare sequence files respectively. At first, Load these sequence files sequentially and check chain allocations in a "File/Define Experiment" menu.

### Fourier transform file ###

".ft" file extender is recommended. H, N, CO, CA, CB, CACB, HN, HA HB, HAHB or C are used as nomenclature of axis name in the system. So, Take care of the name in converting raw data to NMRPipe FID file.

### Peak table file ###

".tab" file extender is recommended. You must prepare both fourier transform files and peak table files through the NMRPipe system.

<<< Future Requests and Bug Reports >>>

Email: yokochi@pharm.hokudai.ac.jp.

Olivia Official Home Page: http://fermi.pharm.hokudai.ac.jp/olivia/

<<< Copyright notices and References >>>

The BioMagResBank(BMRB) Database is research tools on the web site by scientific community "The BMRB Team" for advanced use of NMR spectroscopy. Visit for more information at http://www.bmrw.wisc.edu/

TIFF Software

Copyright (c) 1988-1987 Sam Leffler

Copyright (c) 1991-1997 Silicon Graphics, Inc.

The NMRPipe System, NMRPipe, NMRWish and NMRDraw

Copyright (c) 1995 F. Delaglio

The Olivia System

Copyright (c) 2001 M. Yokochi, CREST/IST

OK

Go to BMRB Database

282

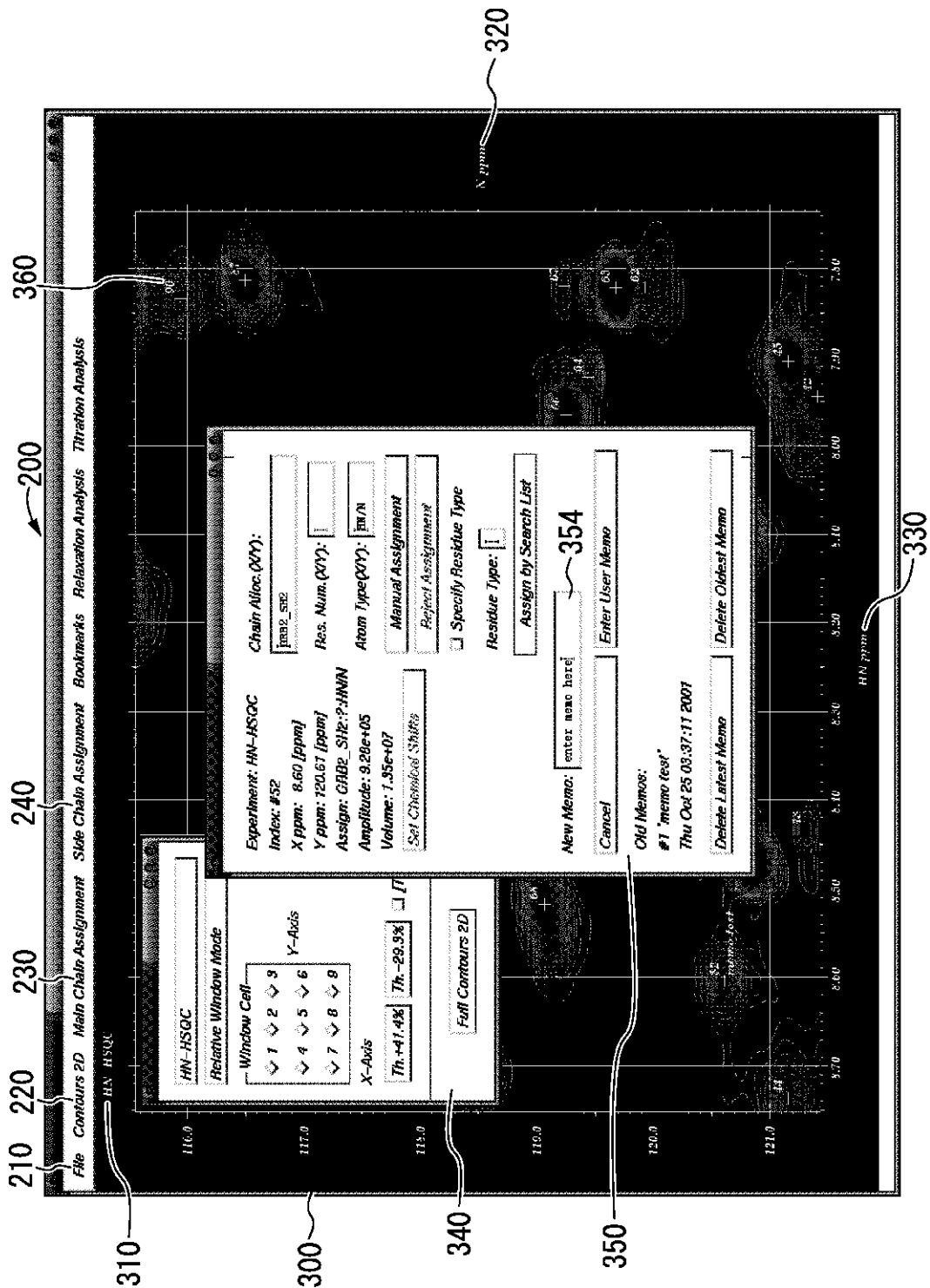
Go to Olivia Official Home Page

281

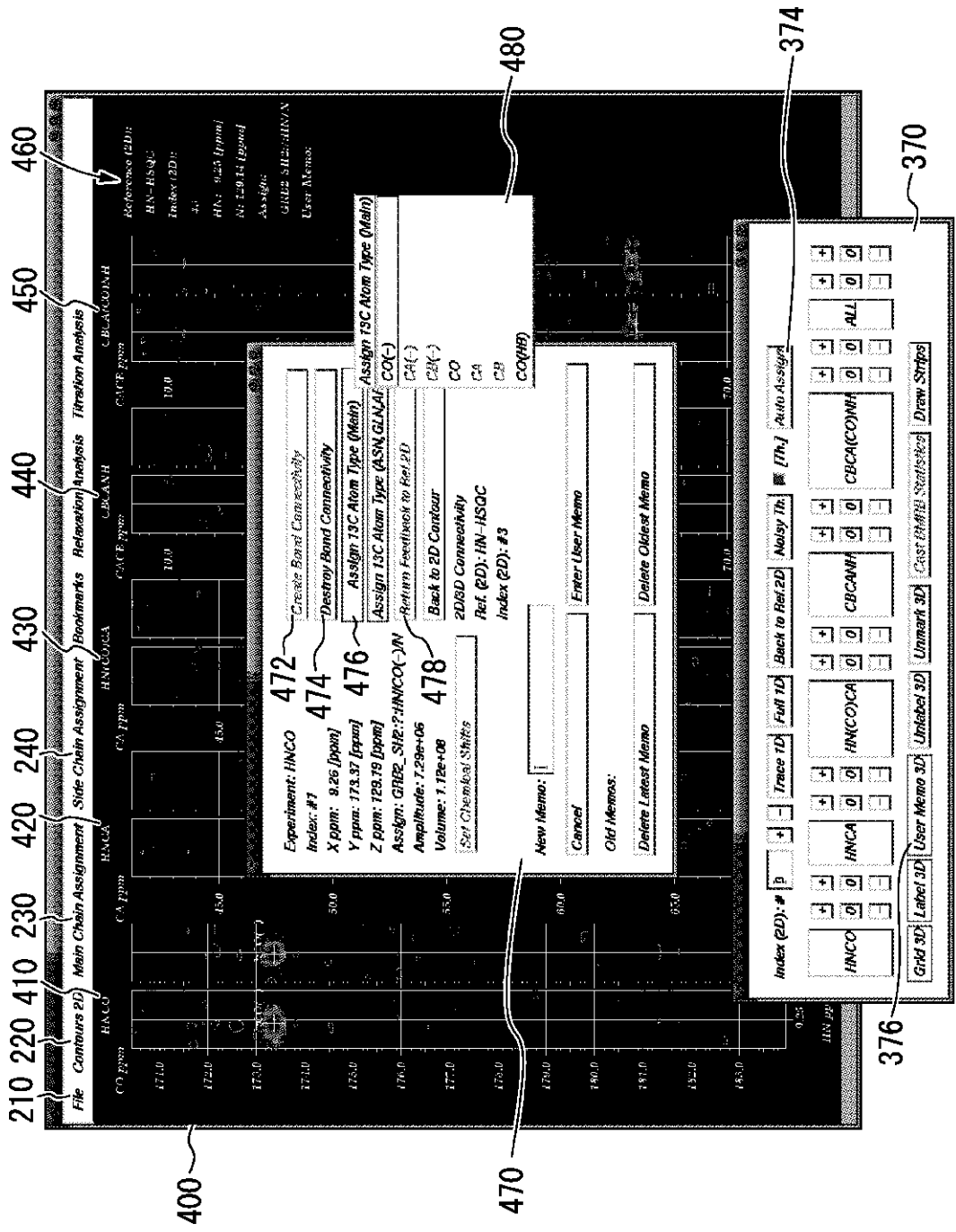
283

280

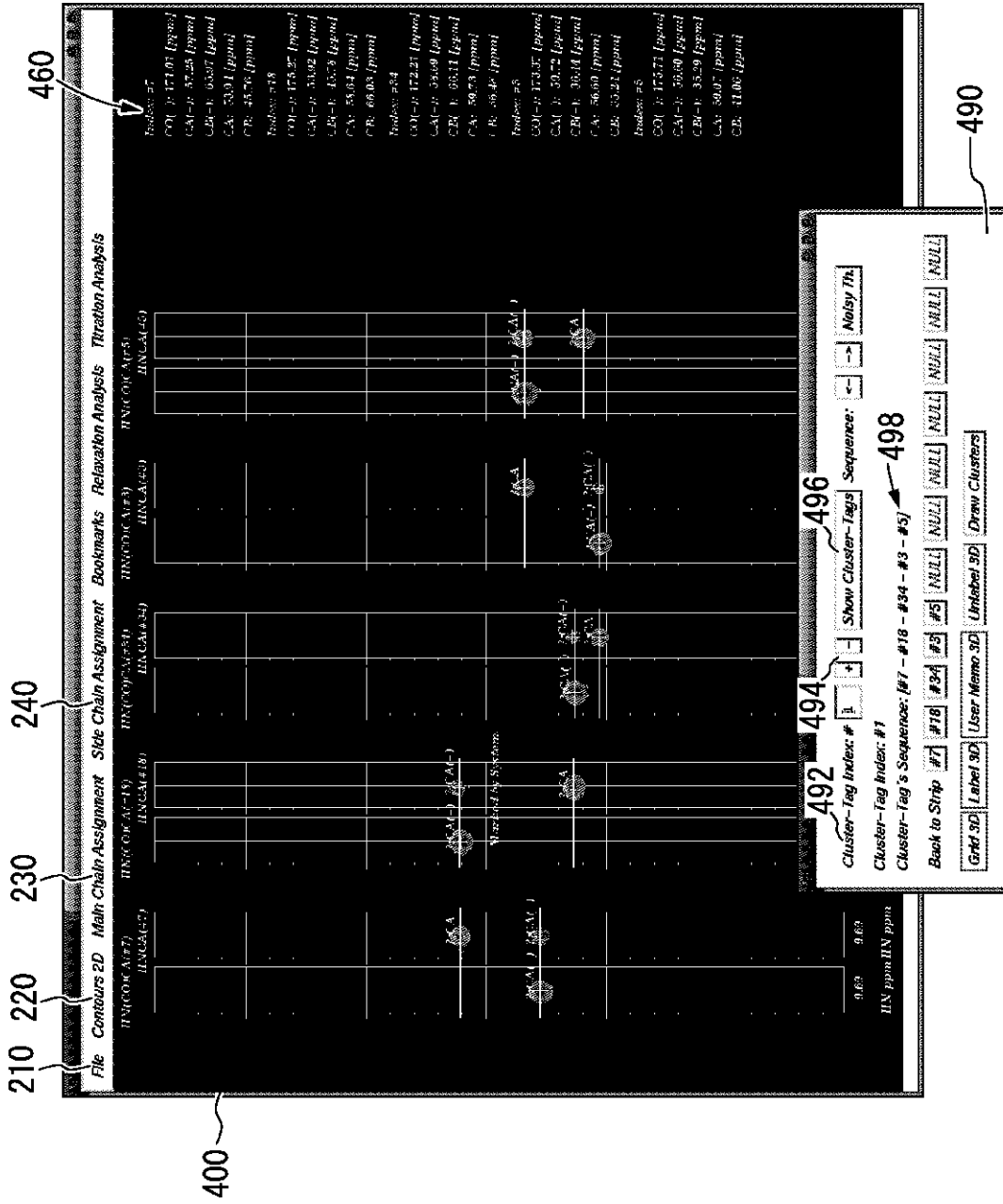
【 図 4 】



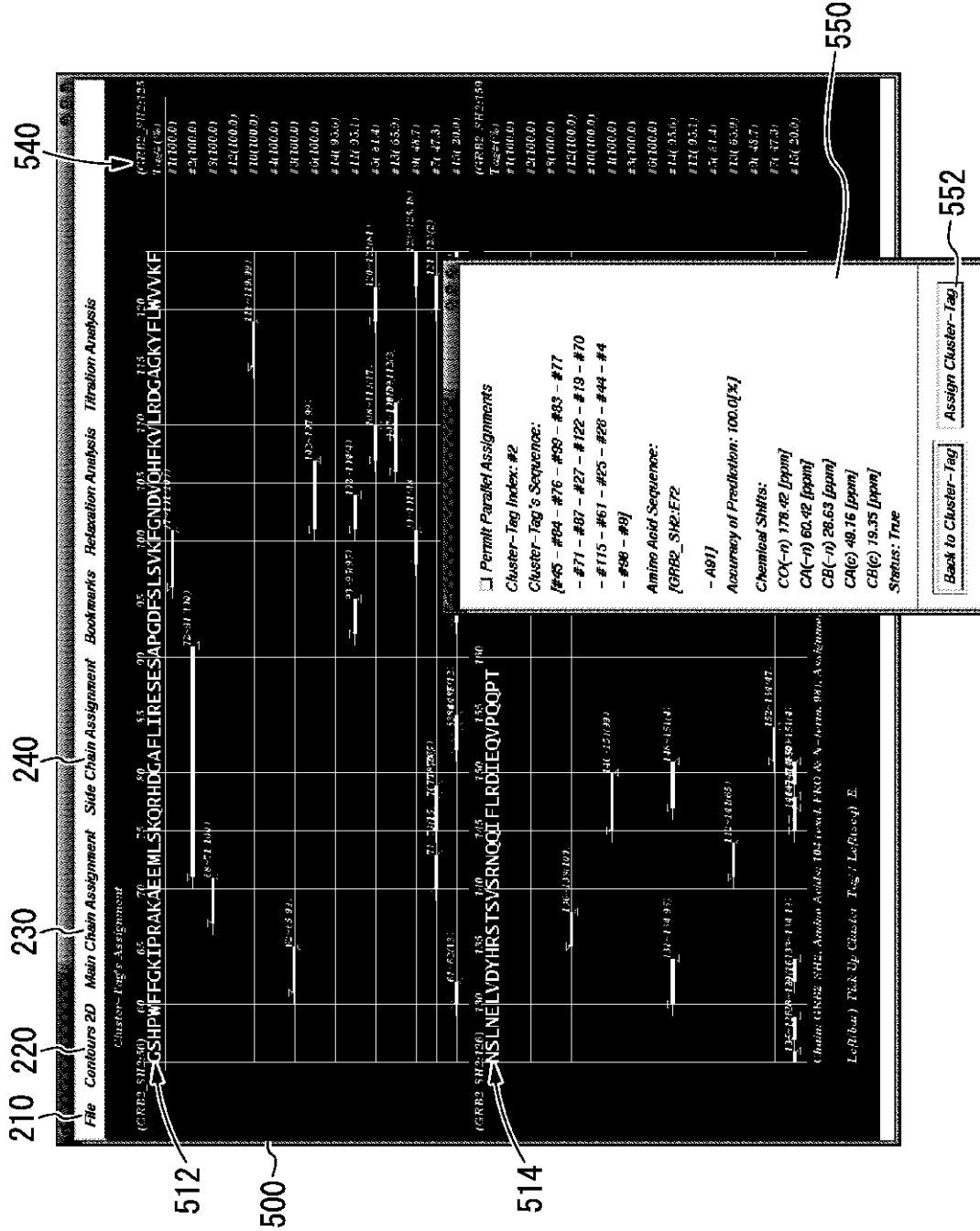
【 図 6 】



【 図 7 】



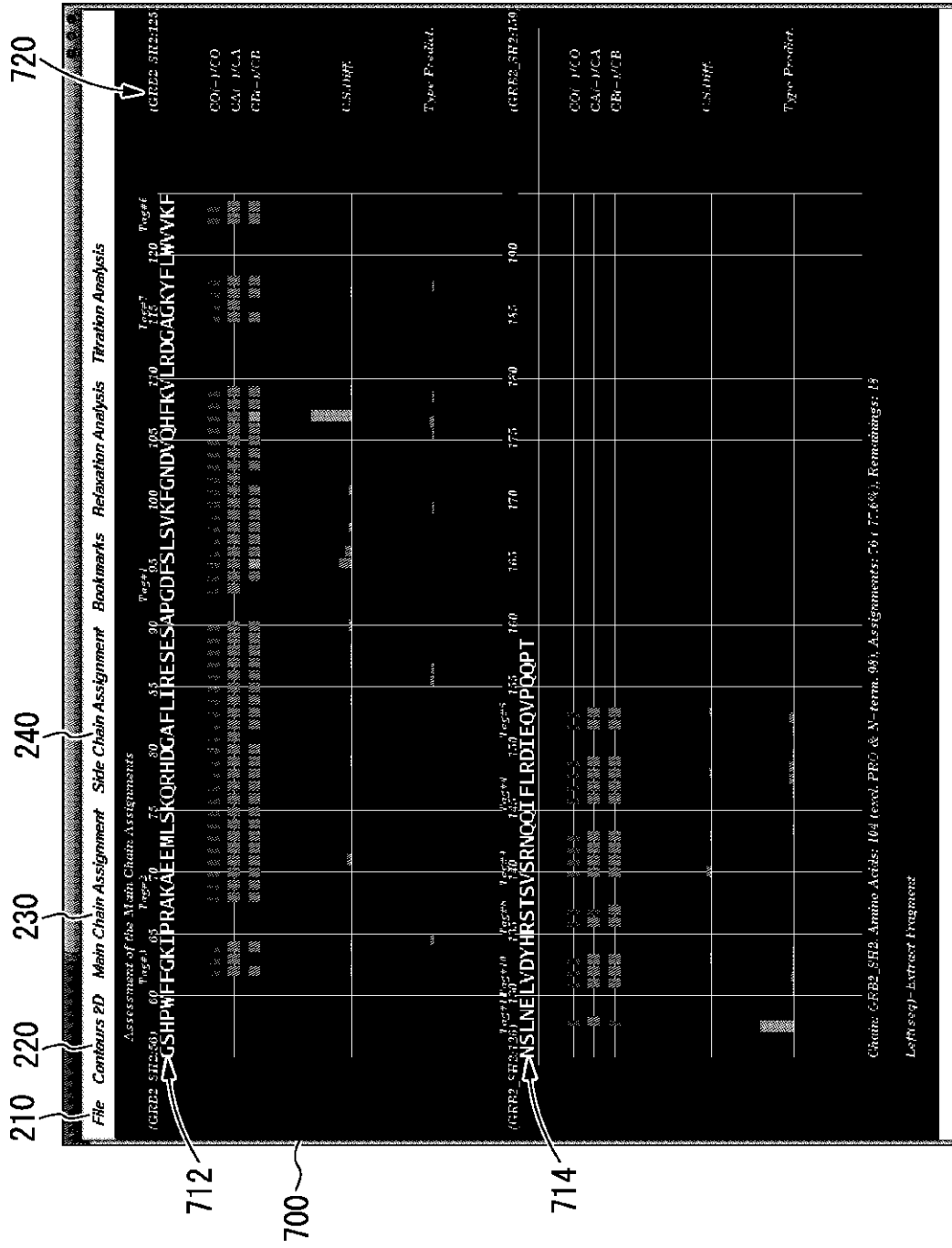
【 図 8 】







【 図 10 】



【 図 1 1 】

NMR 帰属プロセス記述言語  
(ログ・コマンド・セット)

1 ... ReadAminoAcidSequenceFile	18... BreakClusterConnectivity	35... ChainAssignAtomTypeAndResidueNumber
2 ... ReadSpectrumAndPeakTableFile	19... AssembleClusterTagSequence	36... ChainDeAssignAtomTypeAndResidueNumber
3 ... DefineExperiment	20... ChainAssignResidueNumber	37... ClearSpinSystemAndSpinCluster
4 ... DefineDeuteriumExperiment	21... ChainDeAssignResidueNumber	38... DefineSpinSystem
5 ... DefineAASolLabelExp	22... ManualAssignResidueNumber	39... DefineSpinCluster
6 ... DefineChemicalShift	23... RejectAssignResidueNumber	40... AssembleSpinClusterTagSequence
7 ... AddUserMemo	24... ManualAssignResidueType	41... DefineChemicalShiftOfSpinSystem
8 ... DeleteLatestUserMemo	25... RejectAssignResidueType	42... AssignAromaticSpinSystem
9 ... DeleteOldestUserMemo	26... AssignClusterTag	43... DeAssignAromaticSpinSystem
10... DeletePeak	27... DeAssignClusterTag	44... AssignAromaticSpinClusterTag
11... CreateBondConnectivity	28... LockMainChainAssignments	45... DeAssignAromaticSpinClusterTag
12... DestroyBondConnectivity	29... UnlockMainChainAssignments	46... DestroyAllAromaticRingAssignments
13... AddUserMarkUpPeak	30... DestroyAllAssignments	47... AddBookmark
14... AddVolumeProperty	31... AssignAtomTypeAndResidueNumber	48... RenameBookmark
15... AssignAtomType	32... AssignAtomTypeAndResidueNumberByAxis	49... RemoveBookmark
16... DefineLinkedChemicalShift	33... DeAssignAtomTypeAndResidueNumber	50... Set
17... MakeClusterConnectivity	34... DefineObservableAxis	51... Remark

【図 13】

