

Нахождение гидрофобных кластеров

Поиск гидрофобных кластеров в структуре белка репарации и рекомбинации RadA

Для поиска гидрофобных кластеров в структуре белка репарации и рекомбинации RadA, идентификатор PDB 3ntu, использовалась программа [CluD](#). Белок представляет собой гомогексамер, поэтому в записи PDB лежит информация только об одной цепи. В его структуре есть два домена: N-концевой ДНК-связывающий Helix-Hairpin-Helix и собственно домен RadA. В [работе второго семестра](#) я рассмотрела на расположение гидрофобных аминокислот в белке RadA. Оказалось, что их довольно много, и большинство из них можно объединить в один крупный гидрофобный кластер, охватывающий весь белок. На рисунке 1 показано расположение гидрофобных кластеров при таком пороге разбиения, что они соответствуют доменам. Порог равен 4,5 Å. Выделяется N-концевой домен и два кластера в составе домена RadA, которые разделены друг от друга бета-листом.

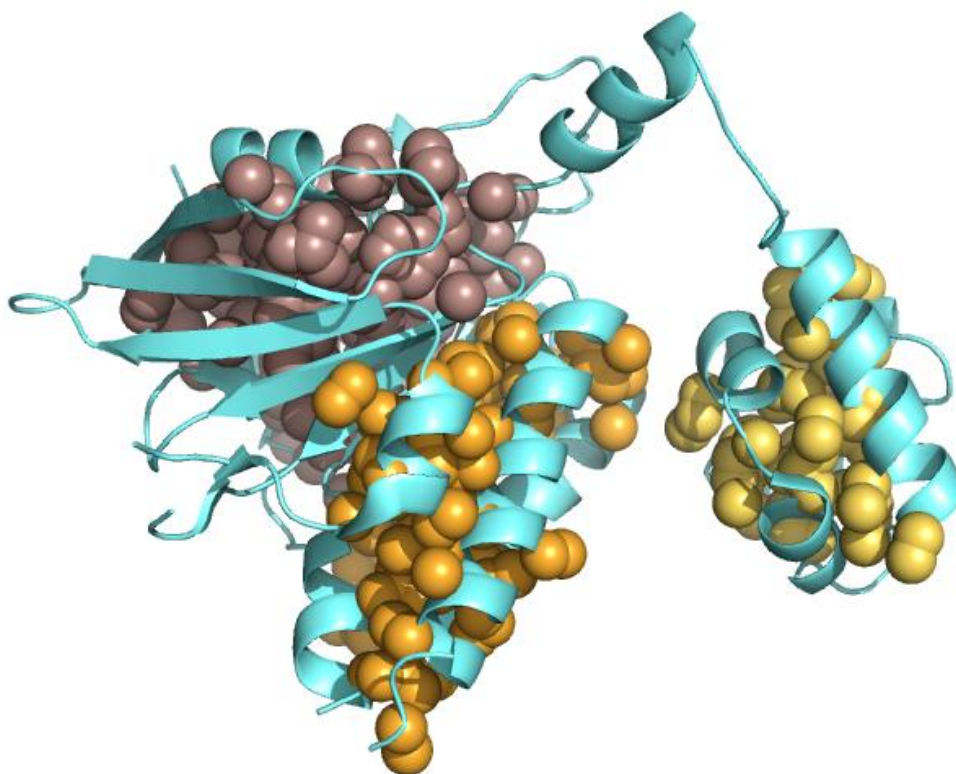


Рисунок 1. Гидрофобные кластеры в составе белка RadA.

Гидрофобные кластеры между двумя цепями белка

Для поиска гидрофобных кластеров в структуре белка репарации и рекомбинации DMC1, идентификатор PDB 4hуу, использовалась программа [CluD](#) в режиме *between chains*. Этот белок представляет собой гомооктамер, а в записи PDB содержится информация о двух соседних цепях. На рисунке 2 показана биологическая единица белка DMC1, выделены несколько самых крупных гидрофобных кластеров, образованных двумя цепями.

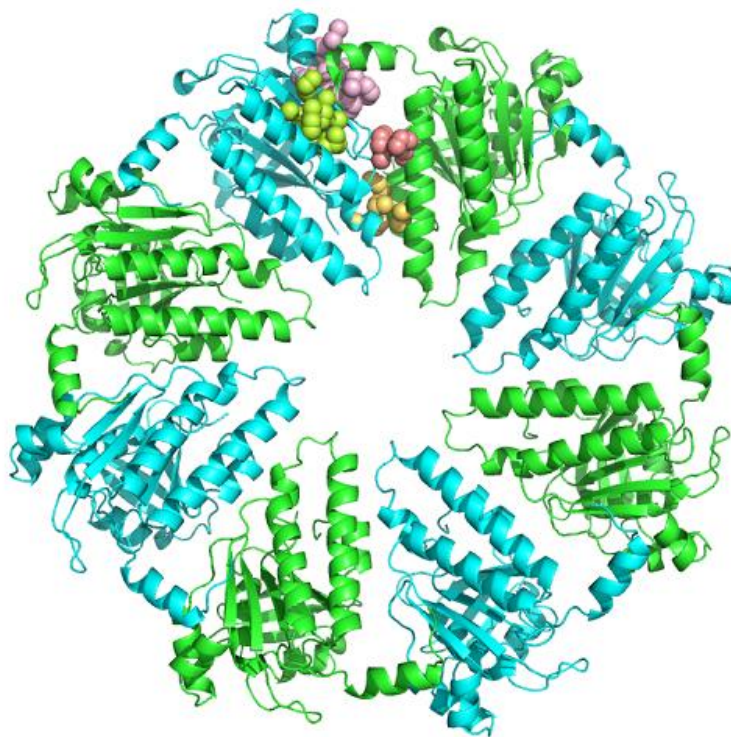


Рисунок 2. Биологическая единица и самые крупные гидрофобные кластеры, образованные двумя соседними мономерами белка DMC1.