

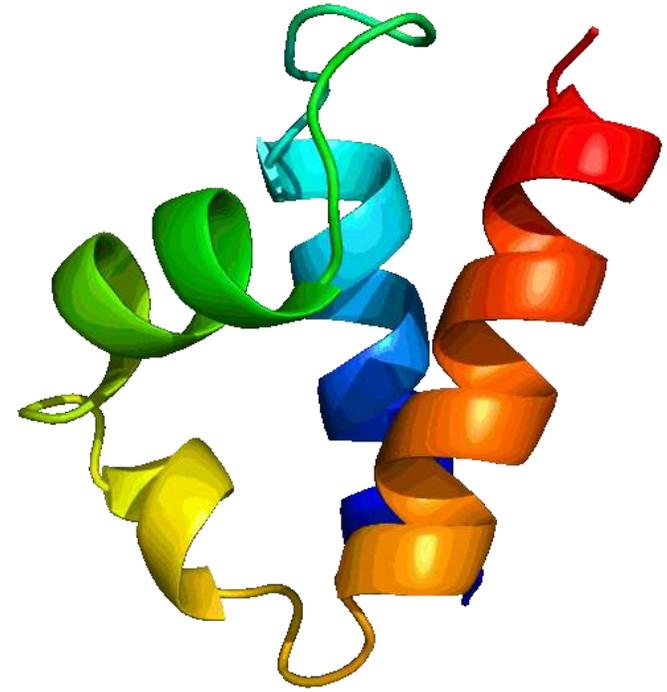
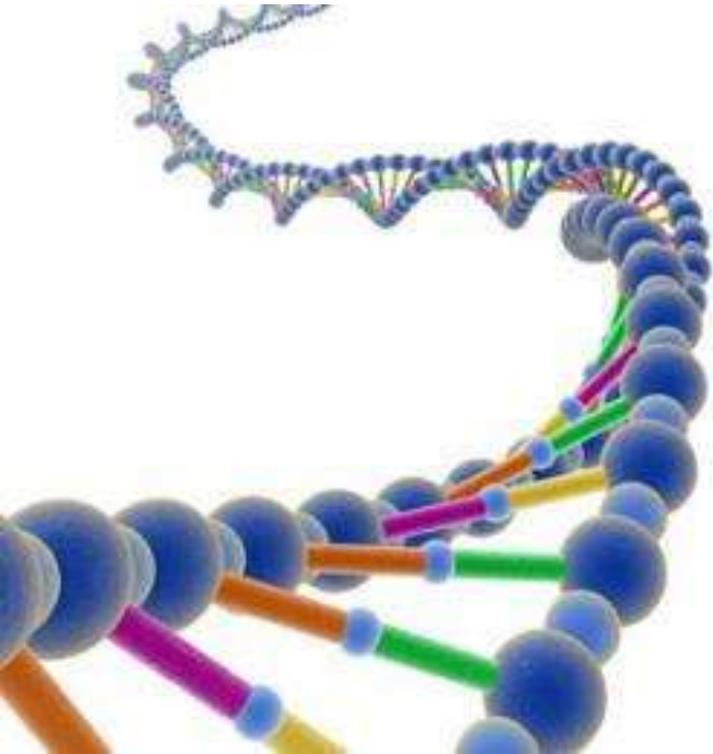
Структура биополимеров

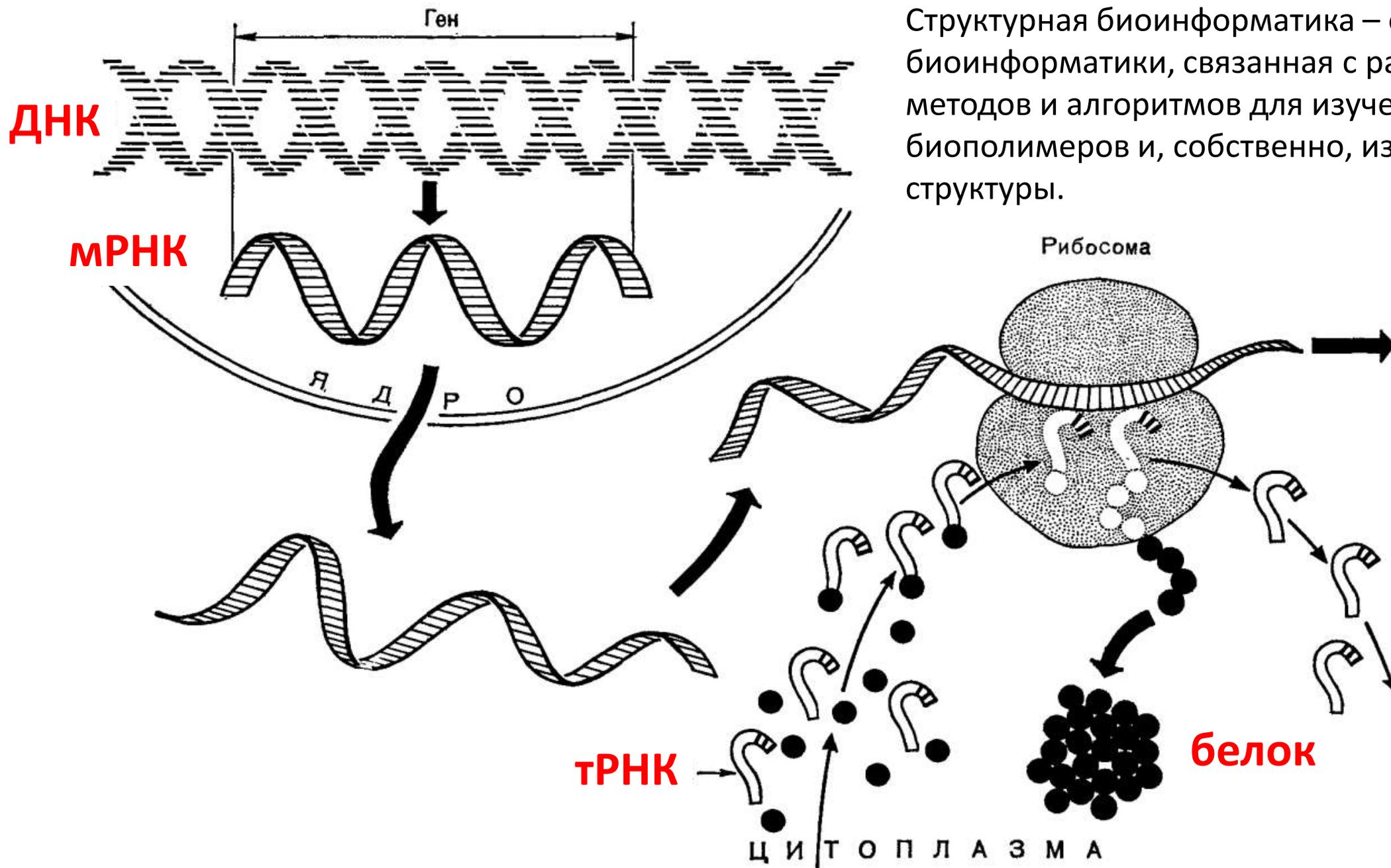
д.б.н., проф. Анна Карягина

НИИ ФХБ им. А.Н. Белозерского МГУ им. М.В Ломоносова

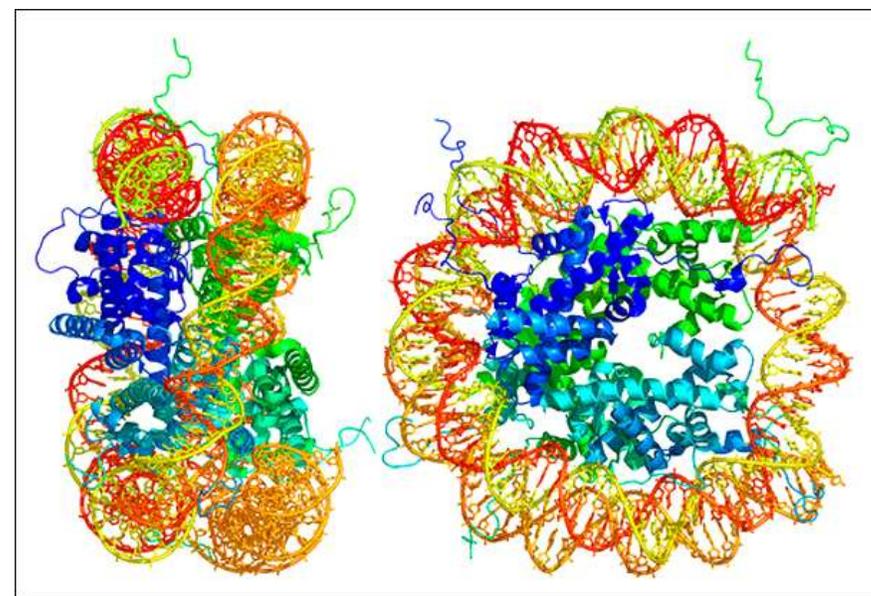
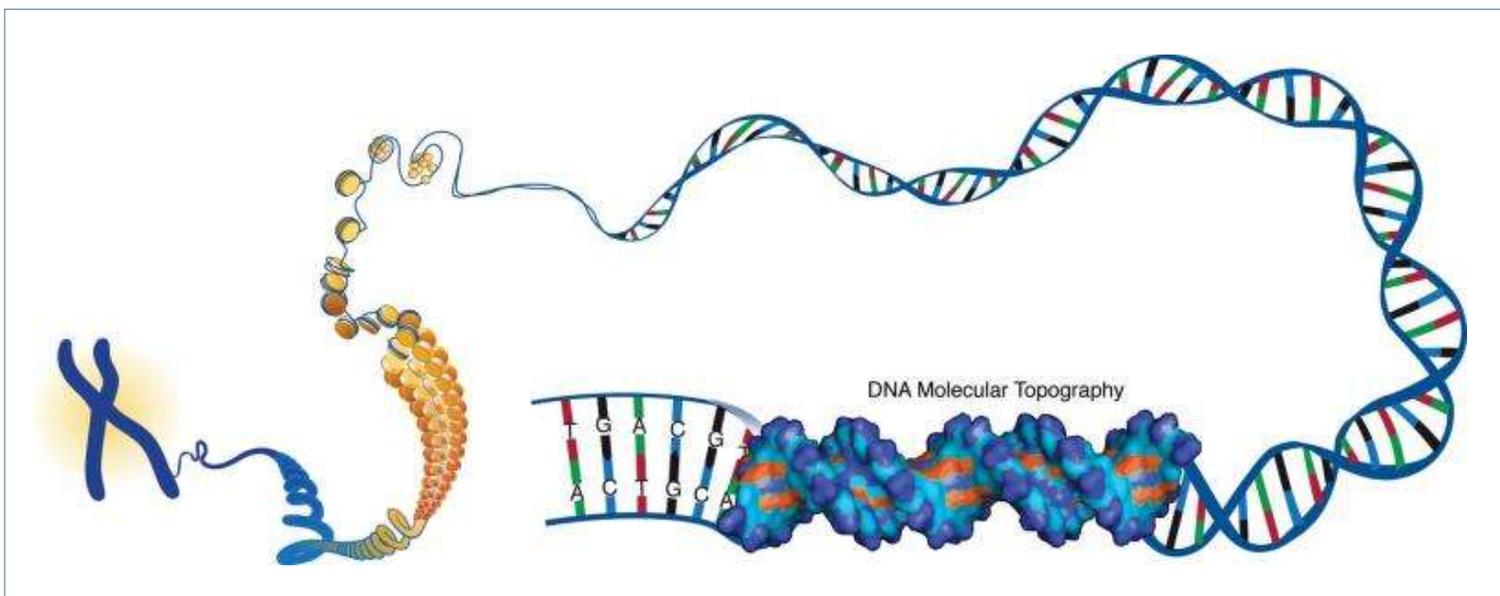
ФНЦ «НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Н.Ф.Гамалеи»

Минздрава РФ





Структурная биоинформатика – область биоинформатики, связанная с разработкой методов и алгоритмов для изучения структур биополимеров и, собственно, изучением их структуры.



У биополимеров есть последовательность составляющих их мономерных блоков. Цепочка биополимера имеет структуру, причем, уровней структурной организации много.

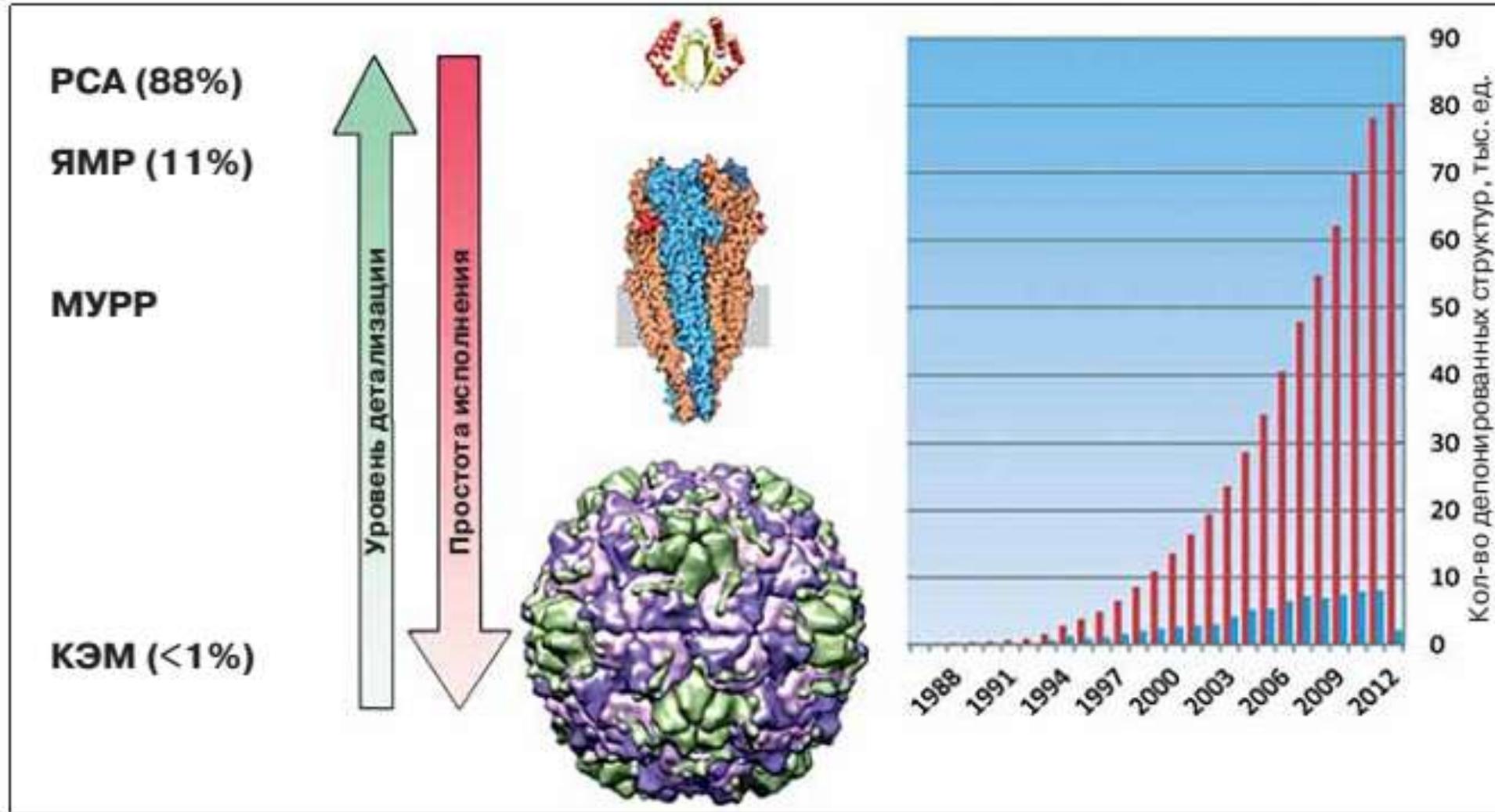
Расшифрованные последовательности белков:

- [Reviewed \(554,241\) Swiss-Prot](#)
- [Unreviewed \(84,827,567\) TrEMBL](#)

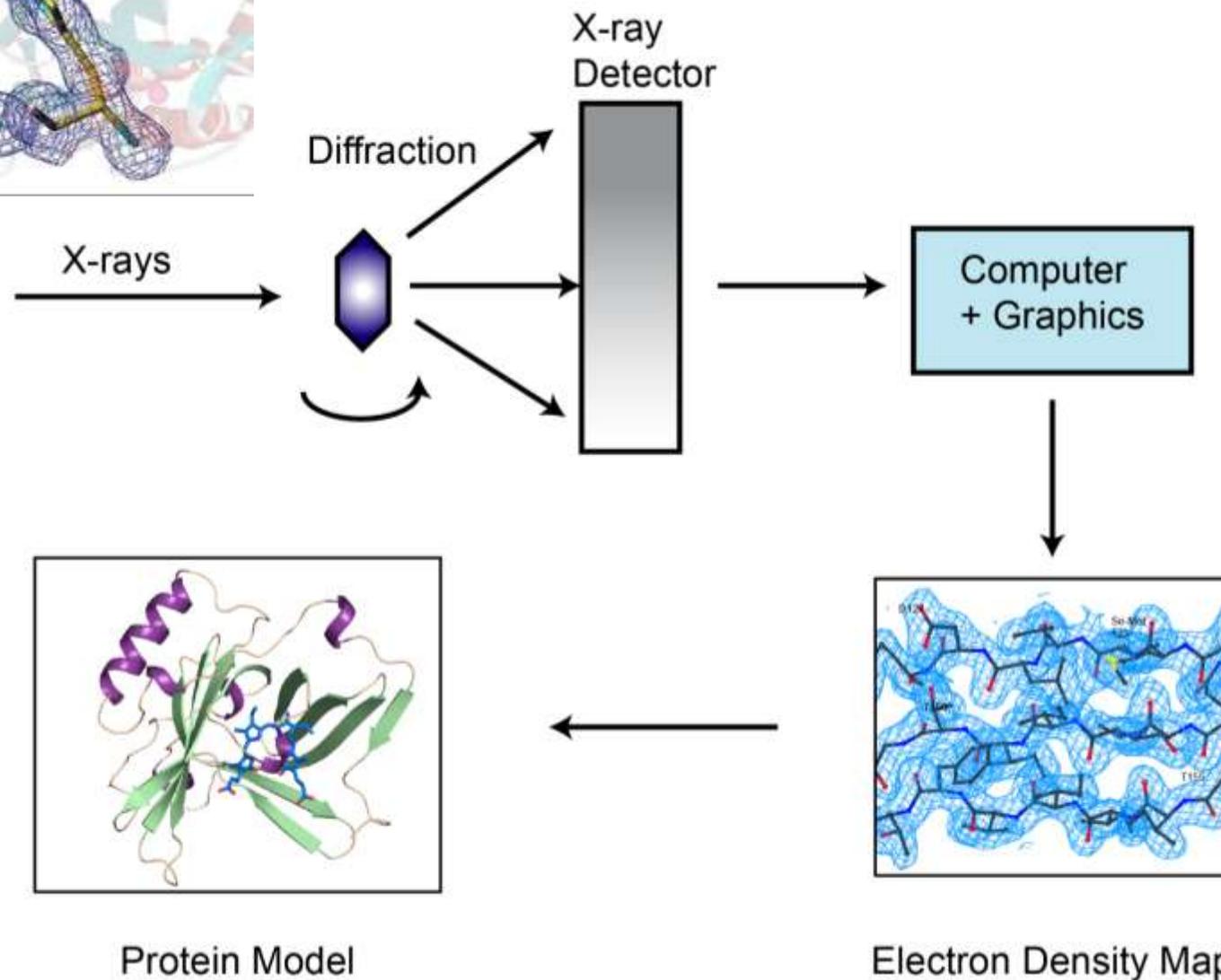
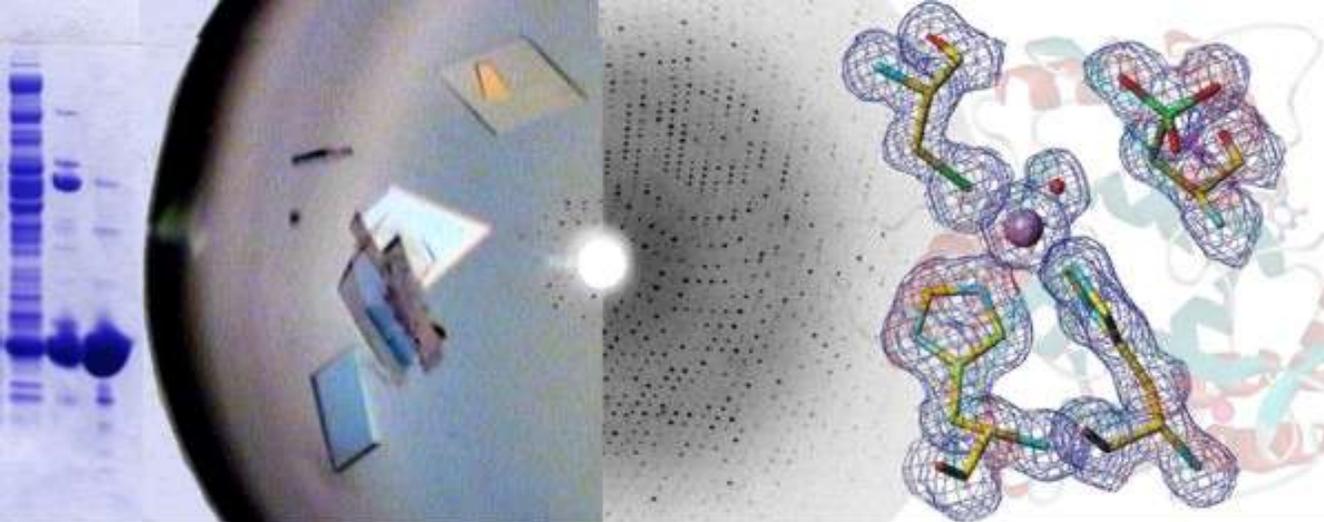
Расшифрованные структуры белков и их комплексов:

- [40741 Distinct Protein Sequences](#)
- [35665 Structures of Human Sequences](#)
- [9187 Nucleic Acid Containing Structures](#)

Данные о структурах биополимеров хранятся в RCSB PDB
(Research Collaboratory for Structural Bioinformatics Protein Data Bank)



Основные методы исследования пространственных структур макромолекул
и статистика роста числа структур в банке данных RCSB (www.rcsb.org).

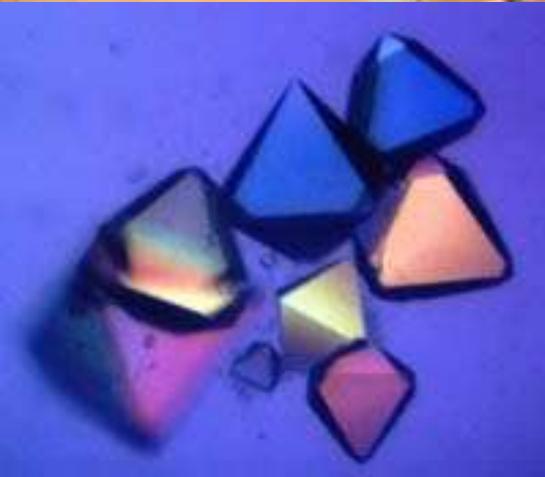
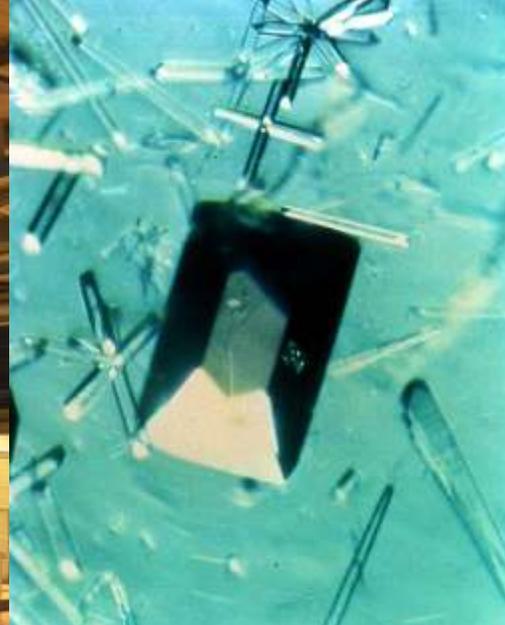


В основе **рентгеноструктурного анализа** лежит явление дифракции рентгеновских лучей на трёхмерной кристаллической решётке.



Рентгеноструктурный анализ проводится с использованием синхротронов. Синхротрон — это кольцевой ускоритель элементарных частиц. Длина ESRF, расположенного в Гренобле на слиянии двух рек, — 844 метра. Синхротроны используются для изучения широкого круга объектов, например, белков и их комплексов с нуклеиновыми кислотами, *с помощью* излучения, генерируемого при участии элементарных частиц.

<https://en.wikipedia.org/wiki/Synchrotron>



Для проведения рентгеноструктурного анализа белки предварительно нужно кристаллизовать. Кристалл белка помещают в рентгеновский пучок и получают дифракционную картину для последующего анализа.



Year	Laureate	Prize	Rationale
1914	Max von Laue	Physics	"For his discovery of the diffraction of X-rays by crystals", an important step in the development of X-ray spectroscopy .
1915	William Henry Bragg	Physics	"For their services in the analysis of crystal structure by means of X-rays"
1915	William Lawrence Bragg	Physics	"For their services in the analysis of crystal structure by means of X-rays"
1962	Max F. Perutz	Chemistry	"for their studies of the structures of globular proteins "
1962	John C. Kendrew	Chemistry	"for their studies of the structures of globular proteins "
1962	James Dewey Watson	Medicine	"For their discoveries concerning the molecular structure of nucleic acids and its significance for information transfer in living material"
1962	Francis Harry Compton Crick	Medicine	"For their discoveries concerning the molecular structure of nucleic acids and its significance for information transfer in living material"
1962	Maurice Hugh Frederick Wilkins	Medicine	"For their discoveries concerning the molecular structure of nucleic acids and its significance for information transfer in living material"
1964	Dorothy Hodgkin	Chemistry	"For her determinations by X-ray techniques of the structures of important biochemical substances"
1972	Stanford Moore	Chemistry	"For their contribution to the understanding of the connection between chemical structure and catalytic activity of the active centre of the ribonuclease molecule"
1972	William H. Stein	Chemistry	"For their contribution to the understanding of the connection between chemical structure and catalytic activity of the active centre of the ribonuclease molecule"
1976	William N. Lipscomb	Chemistry	"For his studies on the structure of boranes illuminating problems of chemical bonding"
1985	Jerome Karle	Chemistry	"For their outstanding achievements in developing direct methods for the determination of crystal structures"
1985	Herbert A. Hauptman	Chemistry	"For their outstanding achievements in developing direct methods for the determination of crystal structures"
1988	Johann Deisenhofer	Chemistry	"For their determination of the three-dimensional structure of a photosynthetic reaction centre "
1988	Hartmut Michel	Chemistry	"For their determination of the three-dimensional structure of a photosynthetic reaction centre "
1988	Robert Huber	Chemistry	"For their determination of the three-dimensional structure of a photosynthetic reaction centre "
1997	John E. Walker	Chemistry	"For their elucidation of the enzymatic mechanism underlying the synthesis of adenosine triphosphate (ATP)"
2003	Roderick MacKinnon	Chemistry	"For discoveries concerning channels in cell membranes [...] for structural and mechanistic studies of ion channels "
2003	Peter Agre	Chemistry	"For discoveries concerning channels in cell membranes [...] for the discovery of water channels "
2006	Roger D. Kornberg	Chemistry	"For his studies of the molecular basis of eukaryotic transcription "
2009	Ada E. Yonath	Chemistry	"For studies of the structure and function of the ribosome "
2009	Thomas A. Steitz	Chemistry	"For studies of the structure and function of the ribosome "
2009	Venkatraman Ramakrishnan	Chemistry	"For studies of the structure and function of the ribosome "
2012	Brian Kobilka	Chemistry	"For studies of G-protein-coupled receptors "

Search by PDB ID, author, macromolecule, sequence, or ligands

Go

Advanced Search | Browse by Annotations



- Welcome
- Deposit
- Search
- Visualize
- Analyze
- Download
- Learn

A Structural View of Biology

This resource is powered by the Protein Data Bank archive-information about the 3D shapes of proteins, nucleic acids, and complex assemblies that helps students and researchers understand all aspects of biomedicine and agriculture, from protein synthesis to health and disease.

As a member of the wwPDB, the RCSB PDB curates and annotates PDB data.

The RCSB PDB builds upon the data by creating tools and resources for research and education in molecular biology, structural biology, computational biology, and beyond.

Zika Illustration Named People's Choice



April Molecule of the Month

Glucose Transporters

Latest Entries

As of *Tuesday Apr 11*

Features & Highlights

- View Validation in 3D
Visualizing structure quality metrics in three dimensions » 10/11
- Explore Ligand Interactions in 3D
Analyze small molecule interactions

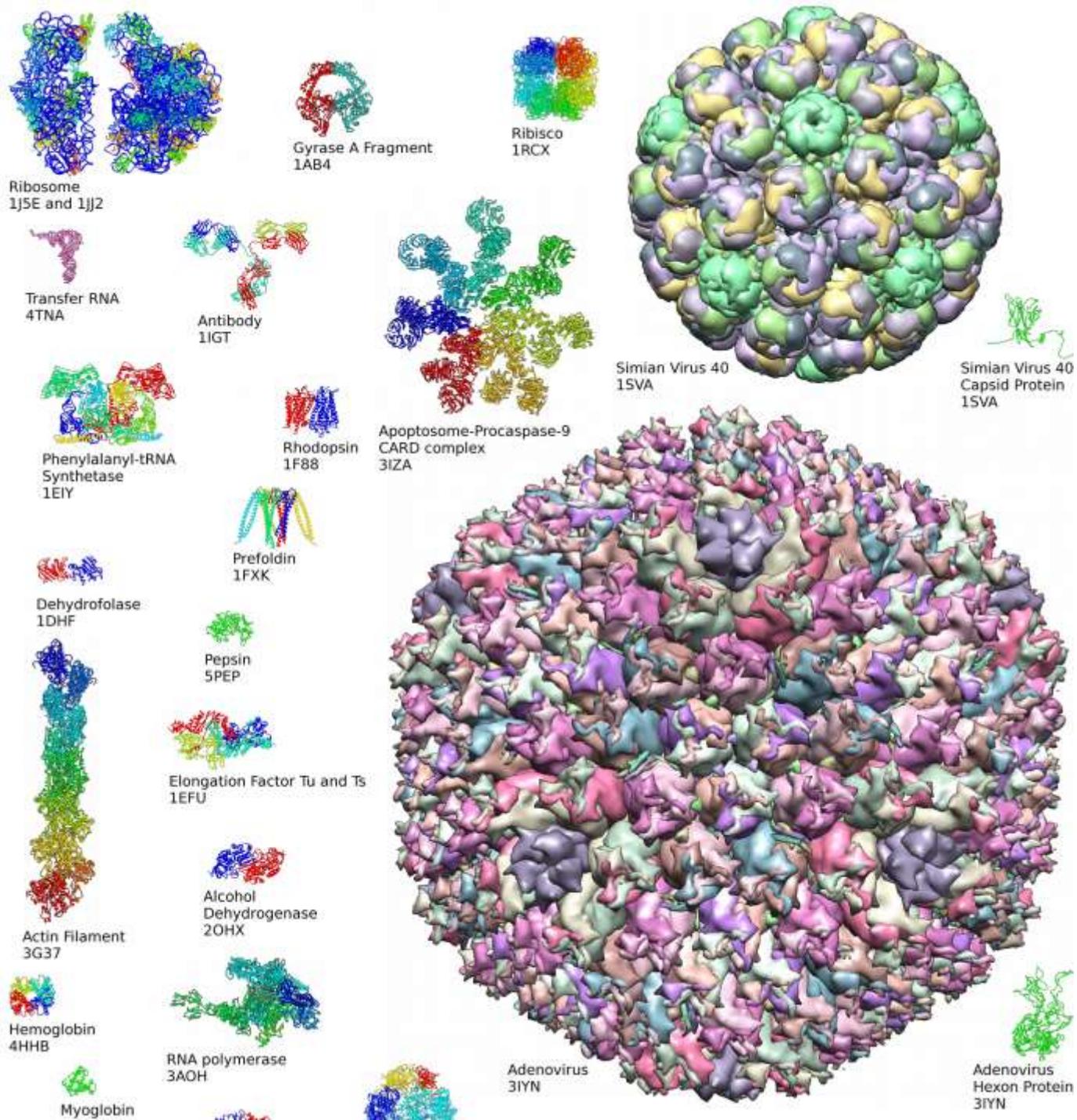
News

Publications

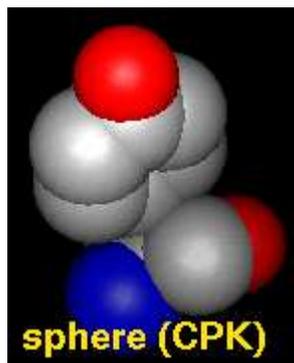
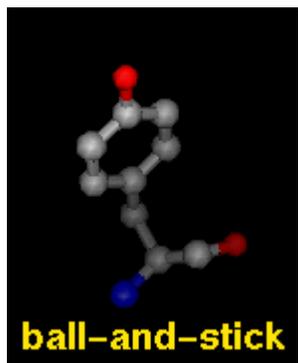
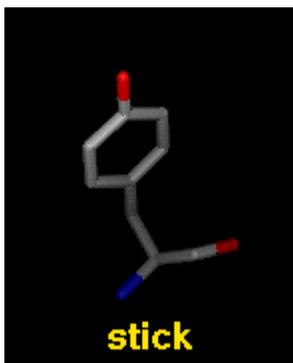
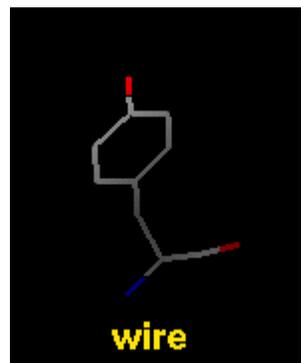
Spring Newsletter Published

Topics include Global Life Sciences Data Resources (GLSDR) Working Group report, update plans for all

Contact Us



Различные способы представления пространственных структур



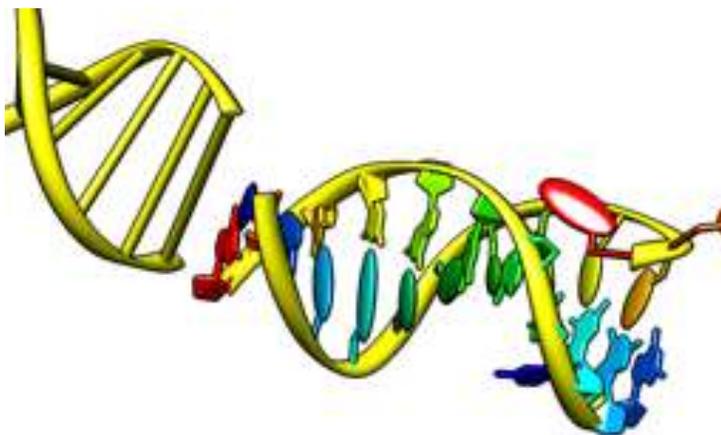
- **wire** - a simple line drawing with dot atoms and wire bonds
- **stick** - “endcap” atoms and stick bonds
- **ball-and-stick** - ball atoms (atomic [VDW radius](#) × [ball scale](#)) and stick bonds
- **sphere** - sphere atoms (full [VDW radius](#)) and wire bonds; also called Corey-Pauling-Koltun (CPK)

Cartoon

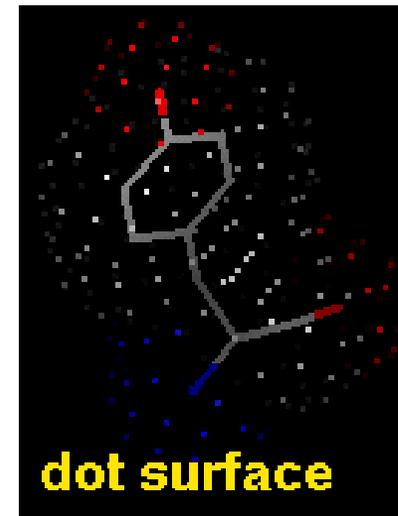


Ленточные модели

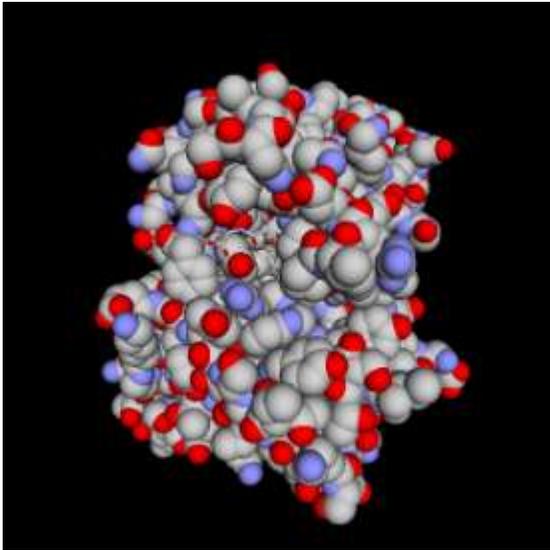
Нуклеиновые кислоты



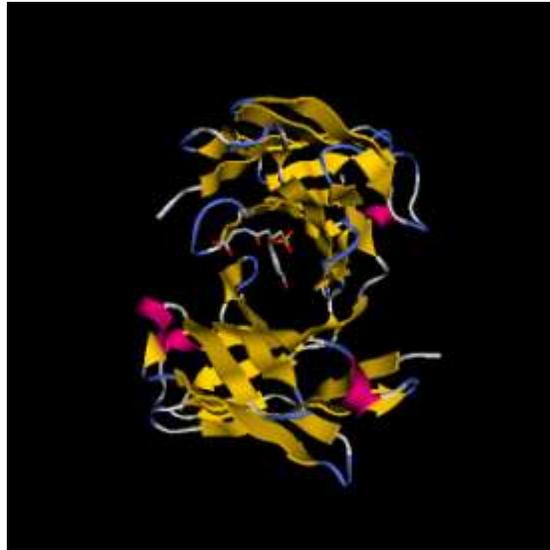
Молекулярные поверхности



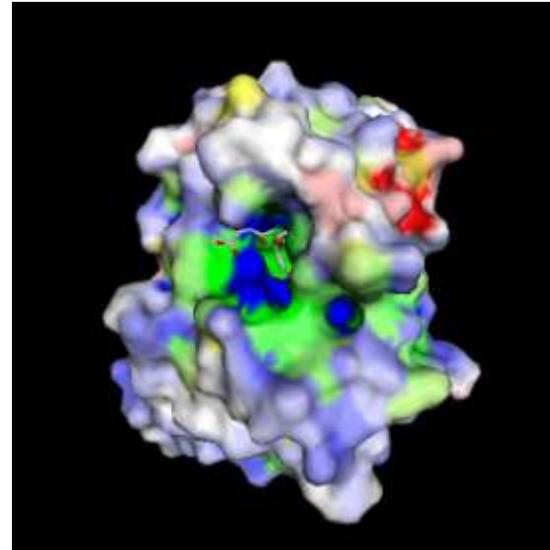
Различные способы визуализации трехмерной структуры макромолекулы



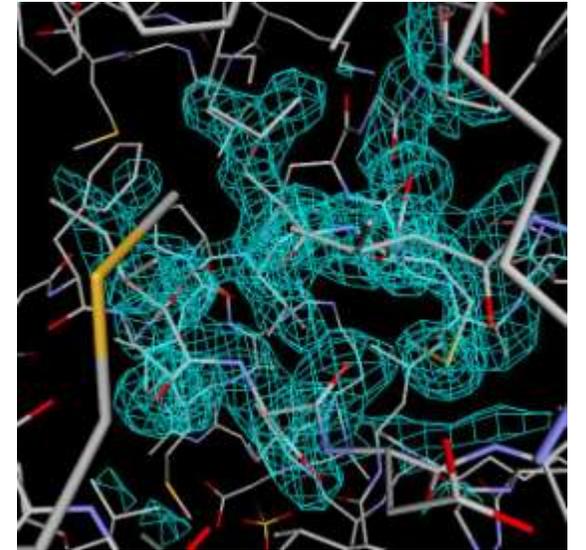
Spacefill expression



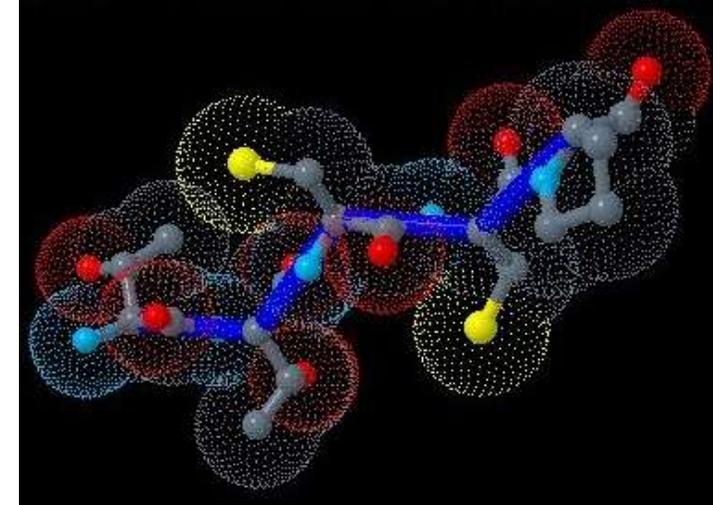
Cartoon expression



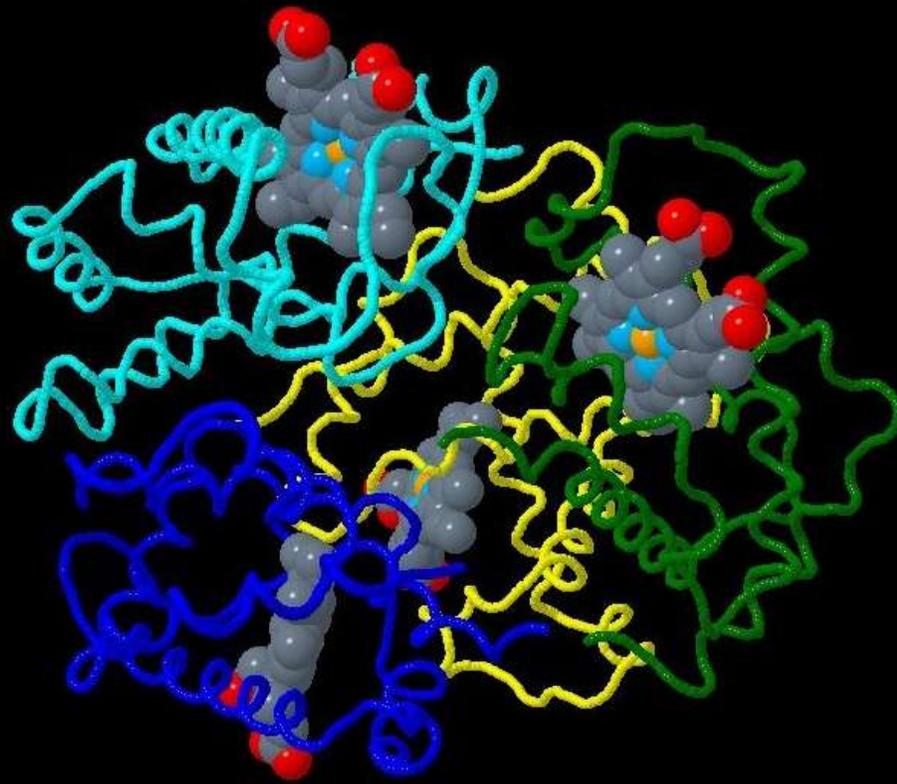
Molecular surface



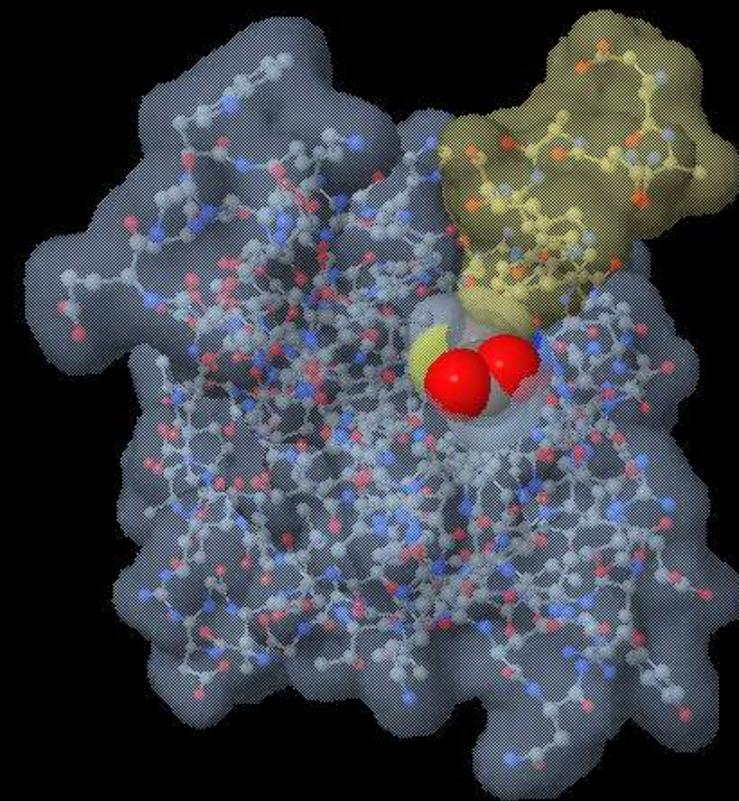
Electron density



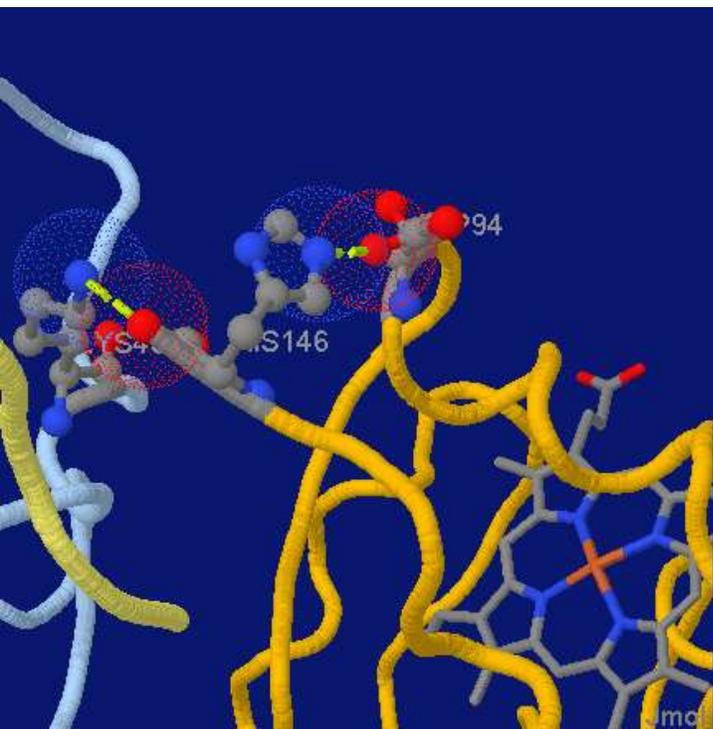
A few residues with backbone in blue and vdw dots surface.



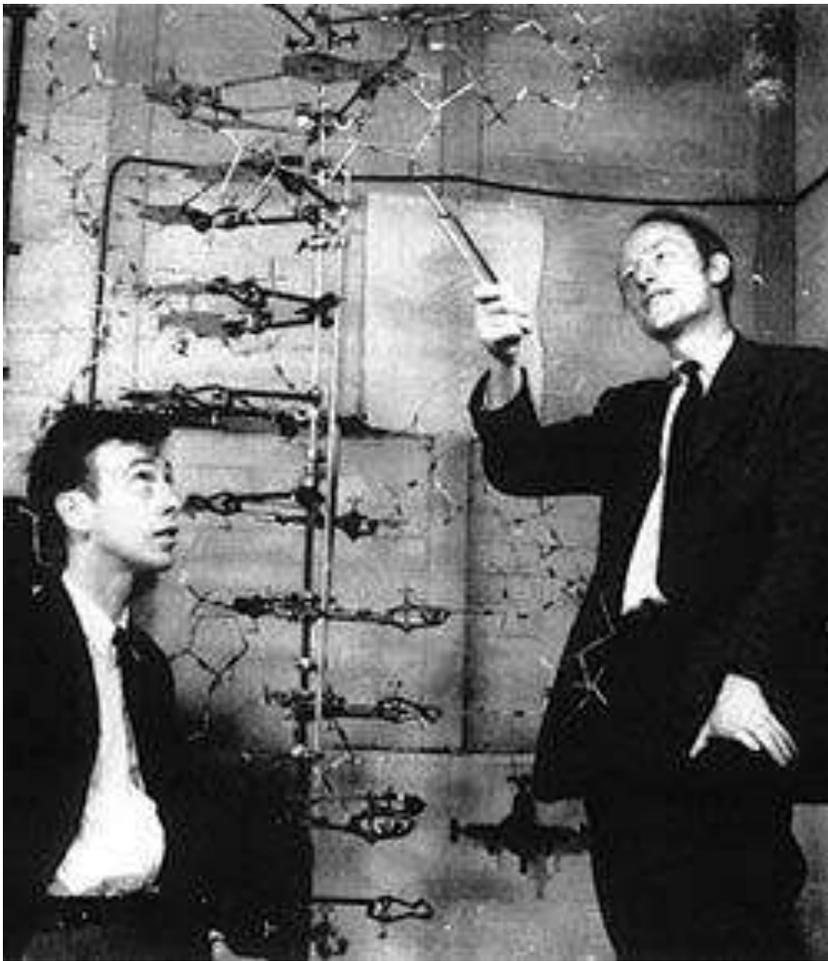
Hemoglobin with backbone trace colored by chain and spacefilled hemes.



Biotin (cpk color, spacefilled) inside its binding pocket in a streptavidin subunit (cyan translucent surface) and capped by a portion of the neighbour streptavidin subunit (yellow translucent surface).



Hemoglobin tetramer (hemo group as sticks at bottom-right).

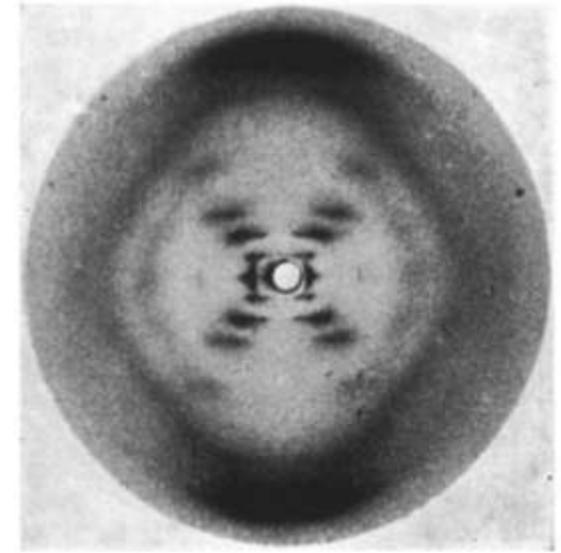


(Gonick & Whellis 1991)

ERWIN CHARGAFF FOUND:

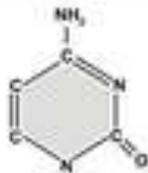
- ① THE COMPOSITION OF DNA VARIED FROM ONE SPECIES TO ANOTHER, IN PARTICULAR IN THE RELATIVE AMOUNTS OF THE BASES A, C, T, G.
- ② IN ANY DNA, THE NUMBER OF A'S WAS THE SAME AS THE NUMBER OF T'S; SIMILARLY, THE NUMBER OF C'S WAS EQUAL TO THE NUMBER OF G'S.

WHAT DID THIS MEAN?
CHARGAFF COULDN'T SAY..

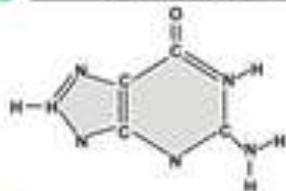


В 1952 году Джеймс Уотсон и Фрэнсис Крик стали работать над моделированием структуры ДНК. При этом они использовали шариковую модель. Используя правила Чаргаффа и рентгенограммы Розалинды Франклин и Мориса Уилкинса они построили двухспиральную модель ДНК. Результаты работы опубликовали 30 мая 1953 года в журнале Nature, а в 1962 году за эту работу им была присуждена Нобелевская премия.

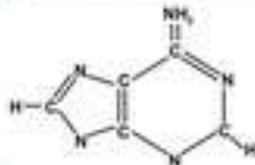
Cytosine



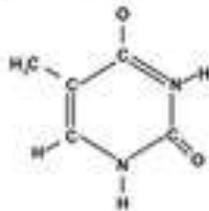
Guanine



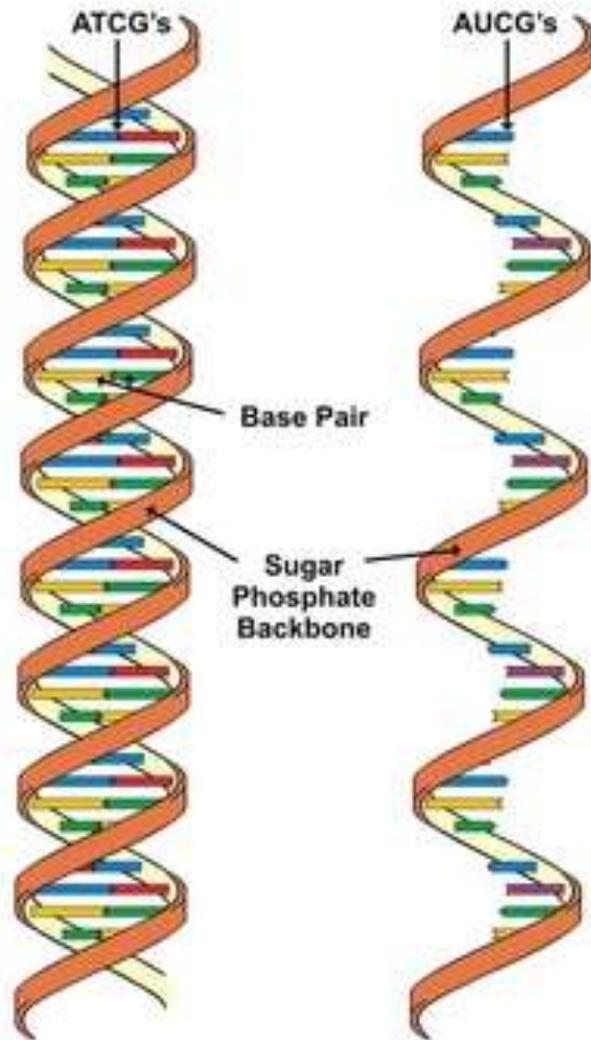
Adenine



Thymine



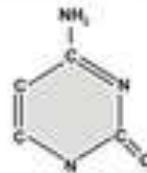
Nitrogenous Bases



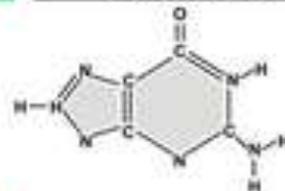
DNA
Deoxyribonucleic Acid

RNA
Ribonucleic Acid

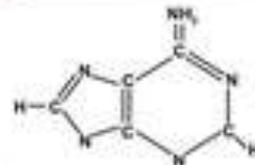
Cytosine



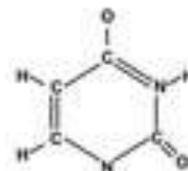
Guanine



Adenine



Uracil



Replaces Thymine in RNA

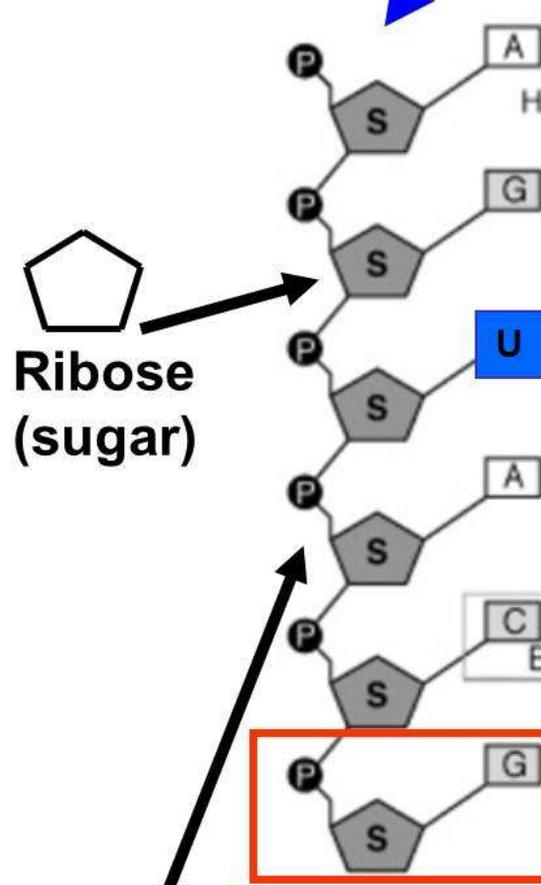
Nitrogenous Bases

RNA

&

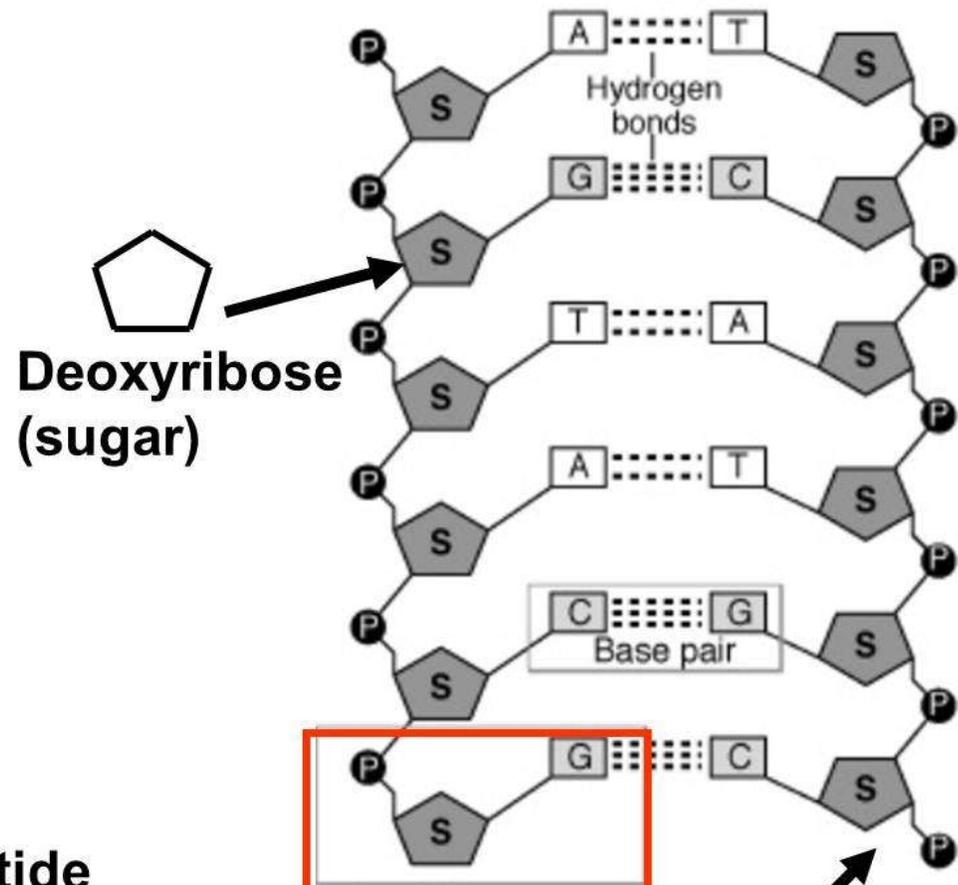
DNA

are chains of nucleotides



Ribose
(sugar)

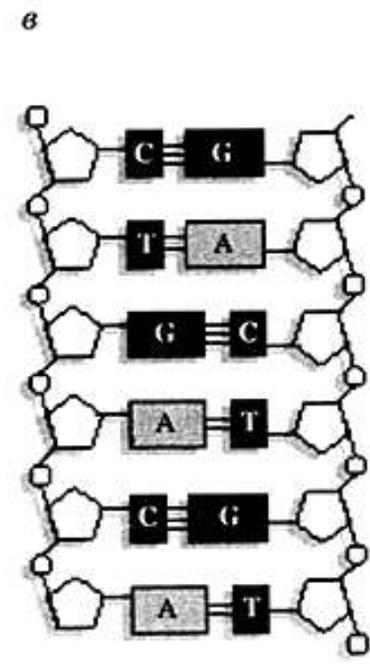
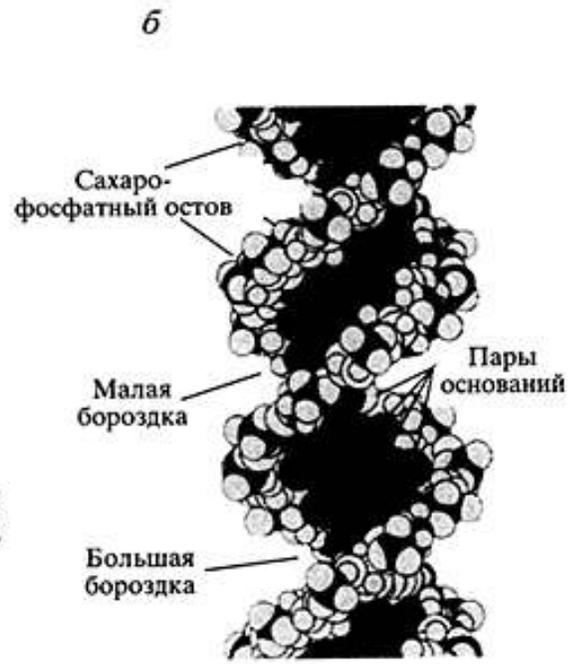
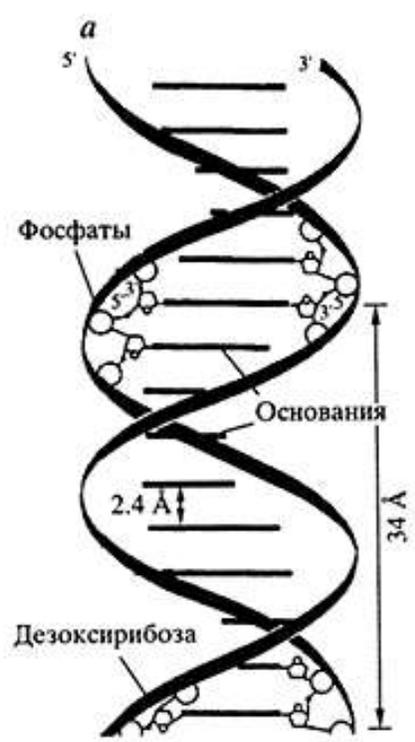
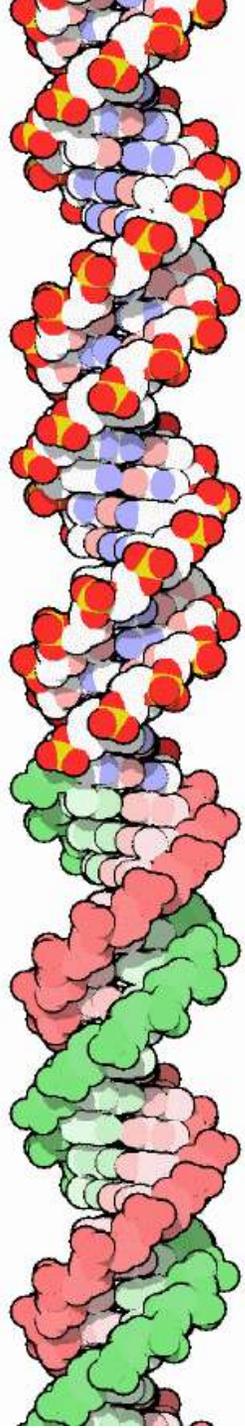
Sugar-phosphate
backbone



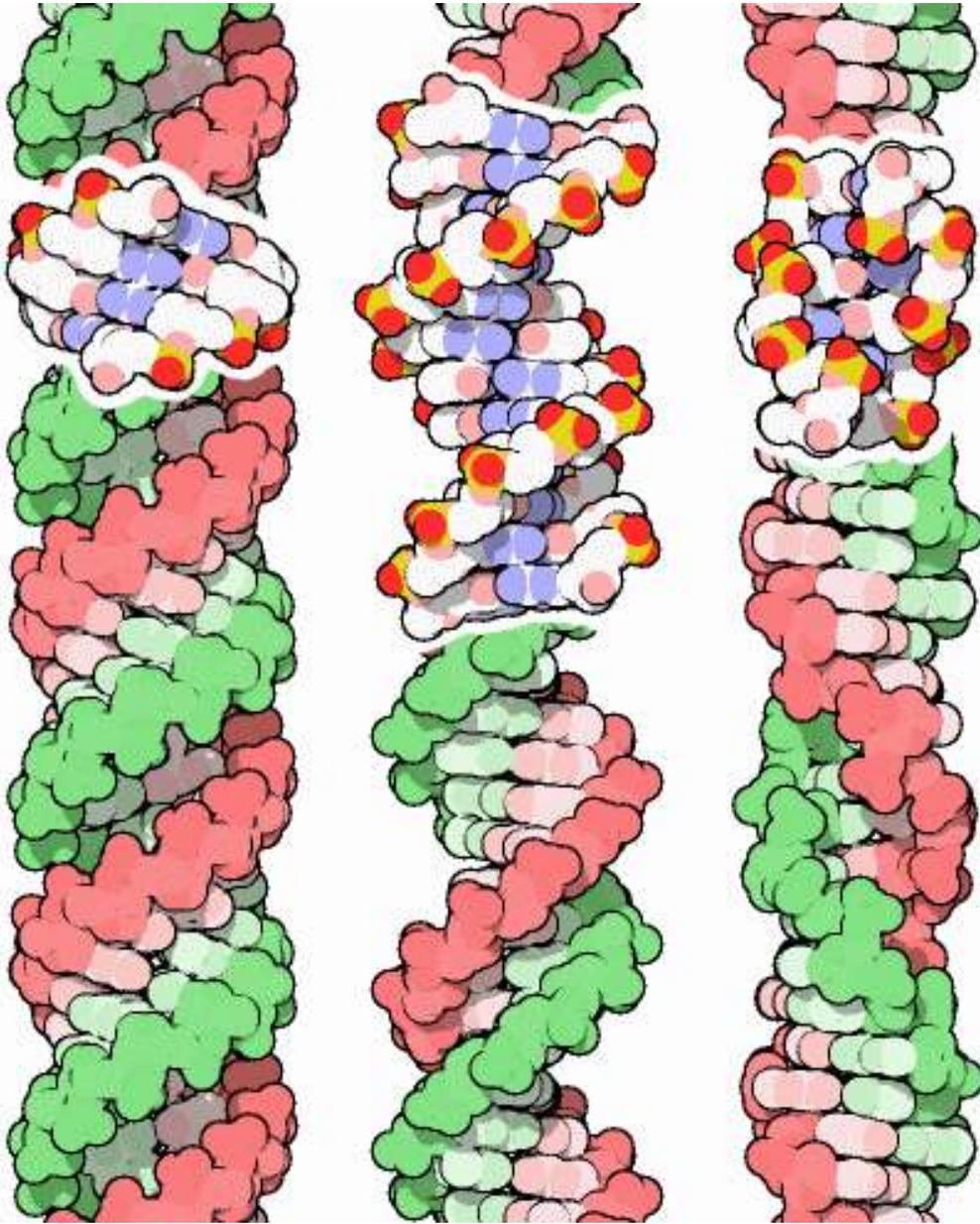
Deoxyribose
(sugar)

Sugar-phosphate
backbone

Nucleotide
Unit



Структура ДНК

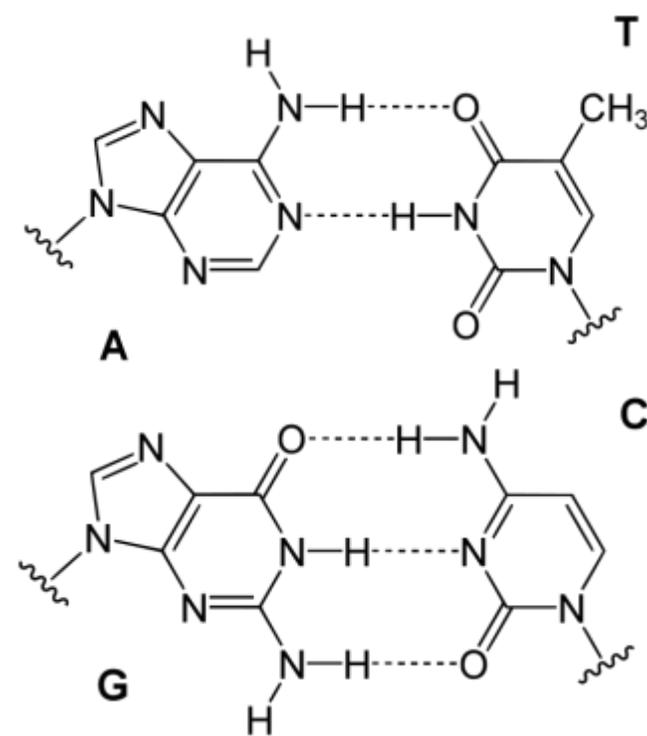
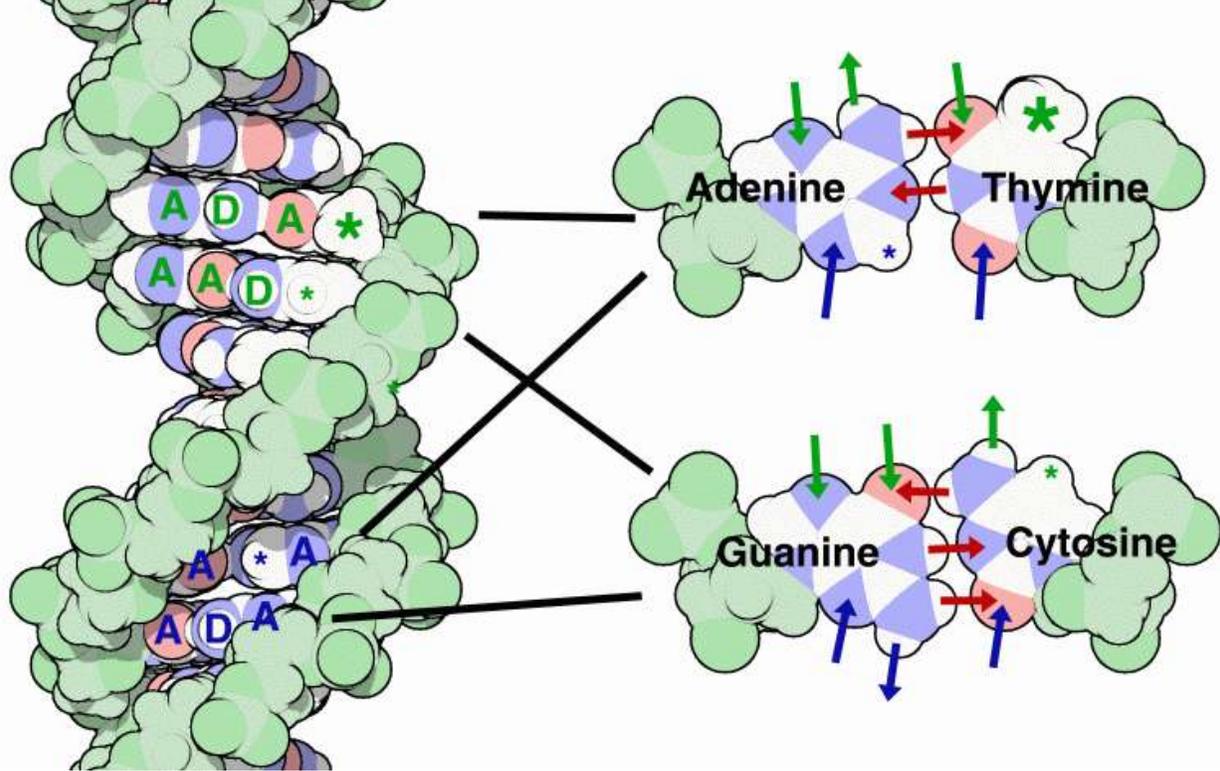


A

B

Z

В обычных условиях ДНК существует в виде В-спирали (в центре). Слева – А форма ДНК с наклоненными стопками оснований и глубокой большой бороздкой, которая получается в условиях дегидратации. Такая форма характерна для спиральных участков РНК. Справа – Z-форма, закрученная в противоположном направлении, она получается при высокой концентрации соли и требует определенных последовательностей с чередованием G-C и C-G пар.



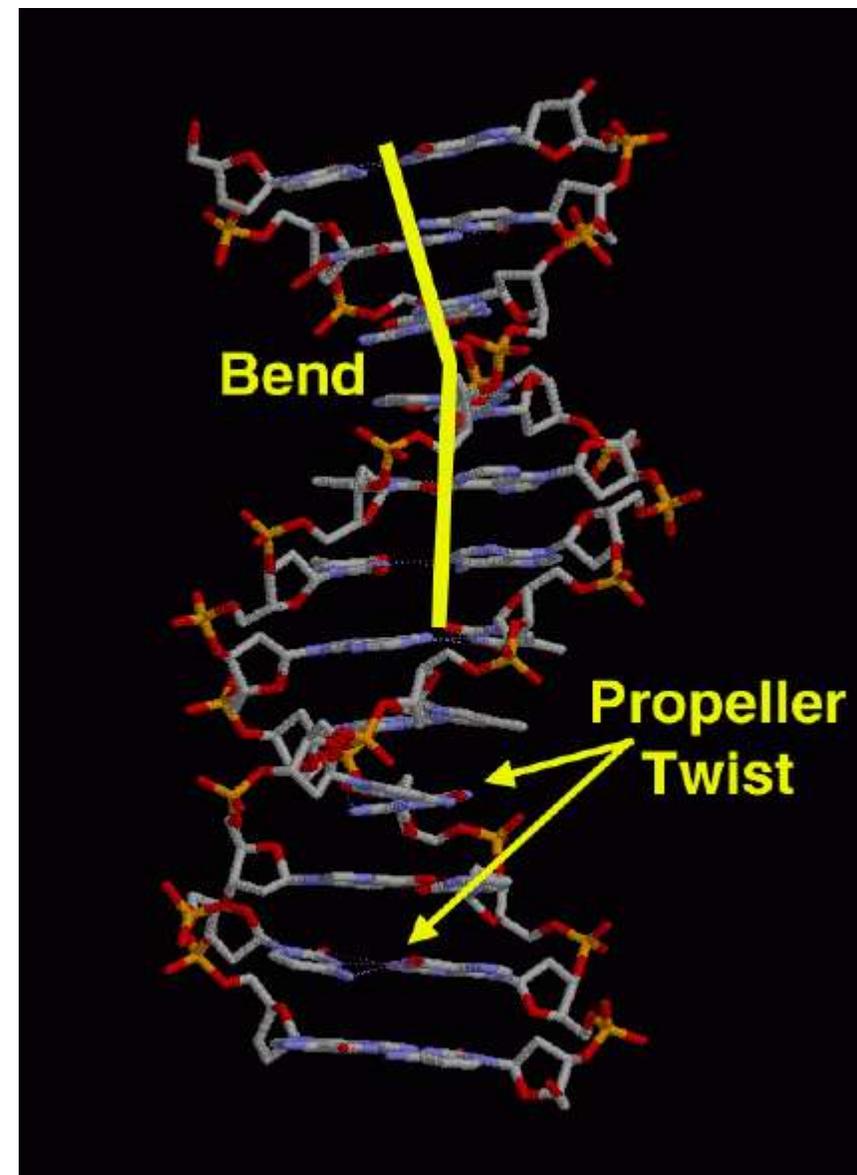
Информация, хранимая в ДНК. Как ее считать?

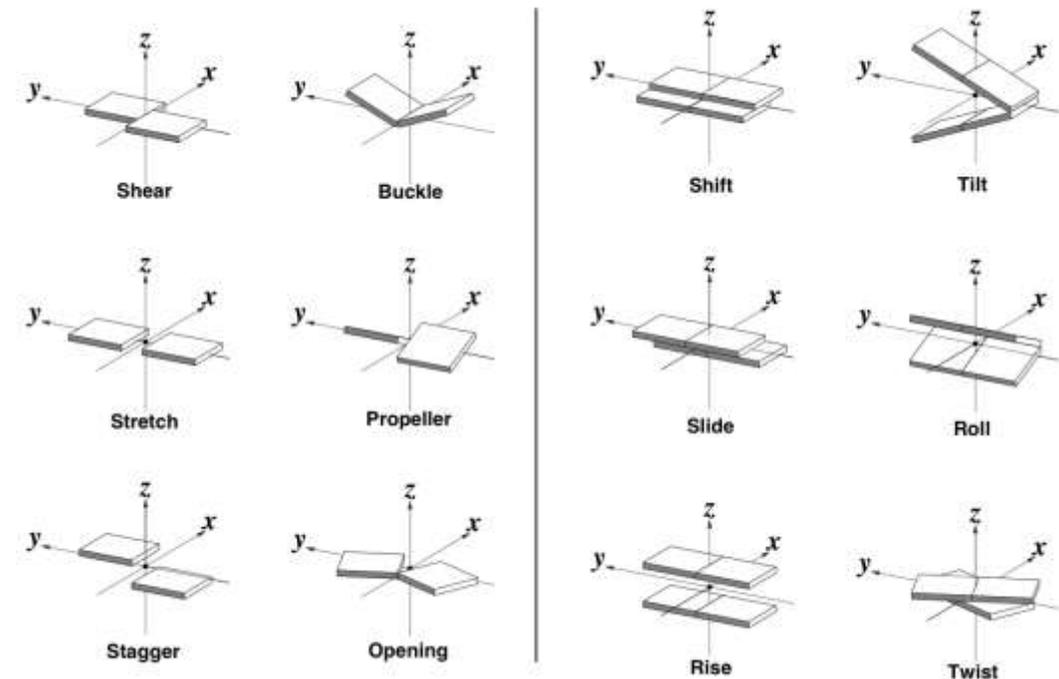
Основной механизм хранения генетической информации в ДНК и путь ее передачи в живой природе были открыты в 1950-х годах Уотсоном и Криком. Основная информация хранится в виде последовательности нуклеотидов, причем нуклеотиды одной цепи ДНК строго соответствуют нуклеотидам противоположной цепи, образуя комплементарные пары А-Т и G-С. В комплементарных парах нуклеотиды образуют между собой водородные связи (красные стрелки слева, пунктирные линии справа). Эта информация непосредственно считывается и воспроизводится в процессе репликации ДНК и транскрипции.

В процессе жизнедеятельности клетки с ДНК взаимодействует большое количество разнообразных белков, выполняющих структурные и регуляторные функции. Эти белки узнают ДНК, не раскручивая двойную спираль. Они считывают информацию с поверхности ДНК. В большую и малую бороздки ДНК обращены боковые стороны азотистых оснований, химические группы которых способны также быть донорами или акцепторами водородных связей, участвовать в образовании гидрофобных контактов. Белки также образуют контакты с фосфатами сахарофосфатного остова.

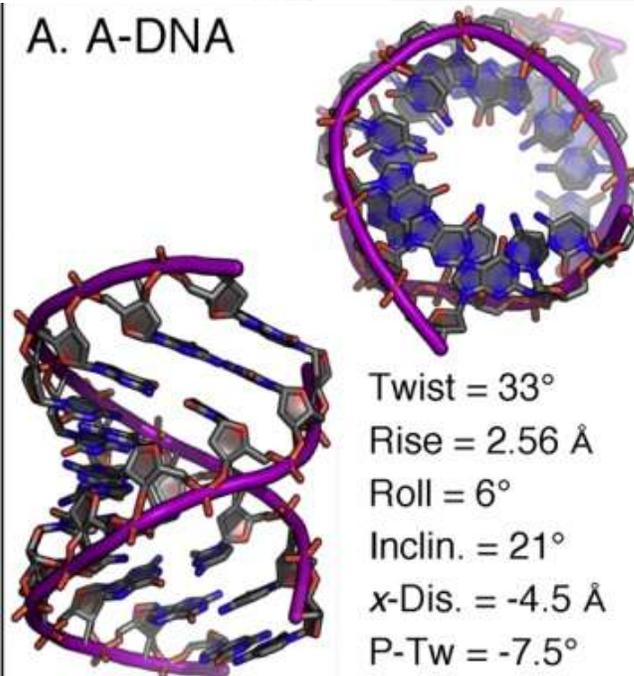
Реальная структура ДНК

Молекулы ДНК, расшифрованные рентгеноструктурным анализом, как правило, не представляют собой совершенной двойной спирали, а представлены целым набором локальных конформаций. Данная ДНК – из PDB файла 1bna в верхней части изогнута. В нижней части две пары оснований не лежат в одной плоскости, а образуют конформацию “propeller twist”. ДНК – динамичная молекула, претерпевающая различные изменения структуры в зависимости от условий окружающей среды и взаимодействующих с ней молекул.

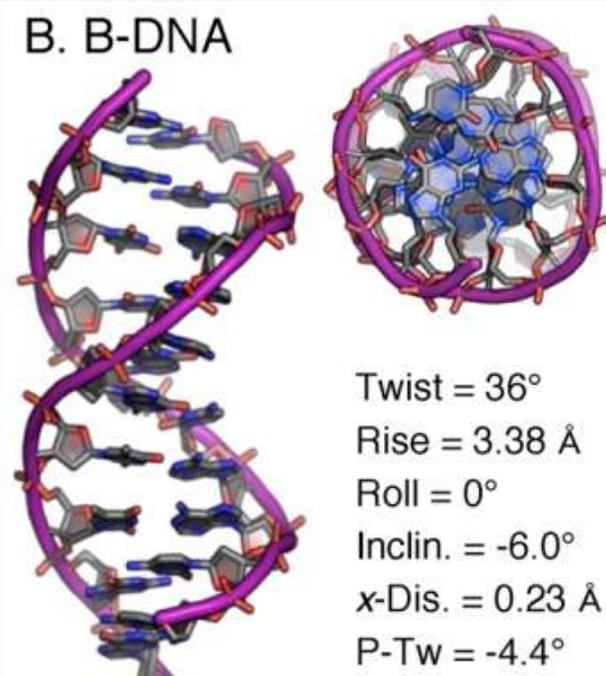




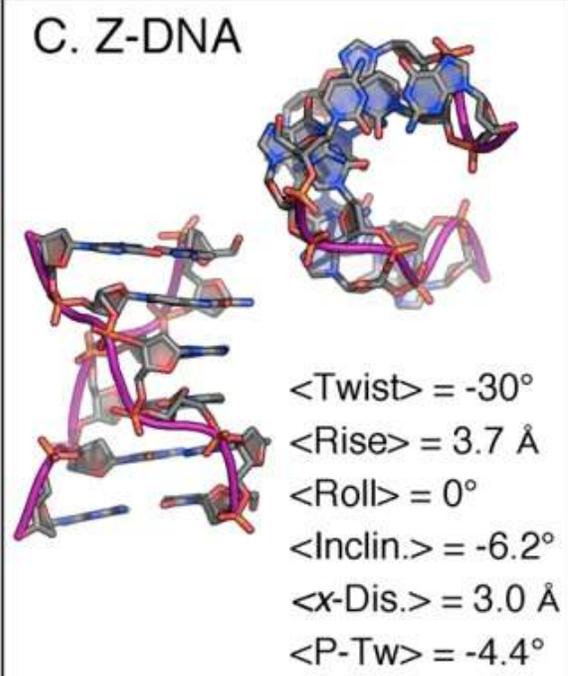
A. A-DNA



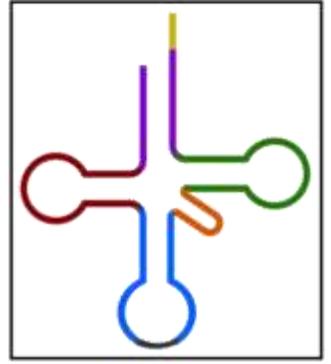
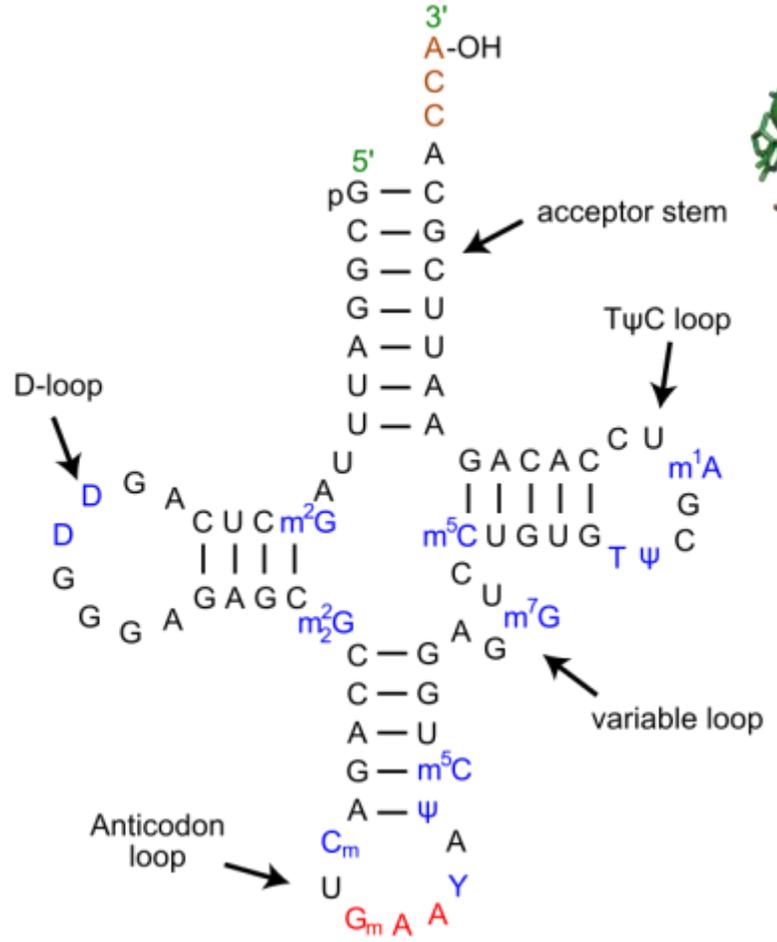
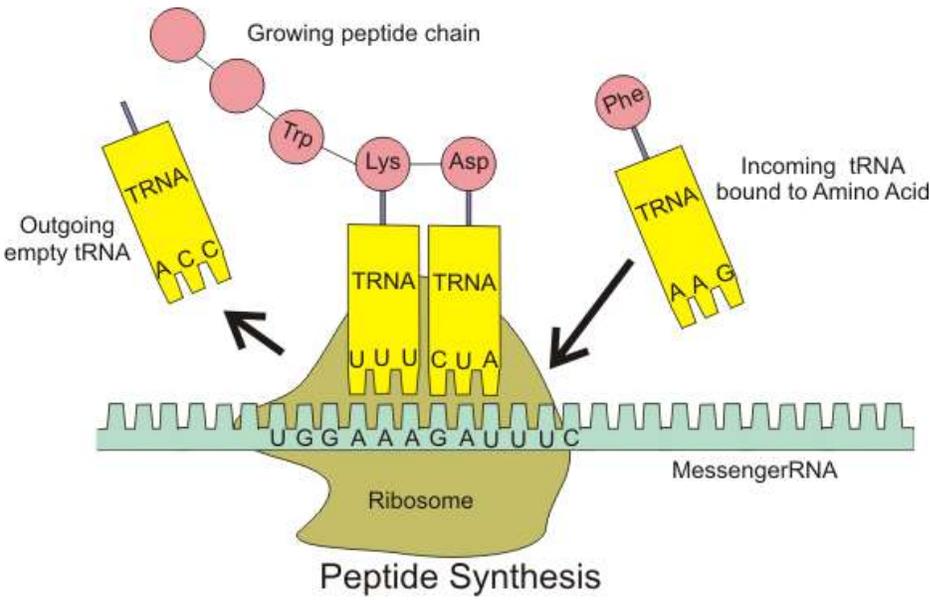
B. B-DNA



C. Z-DNA



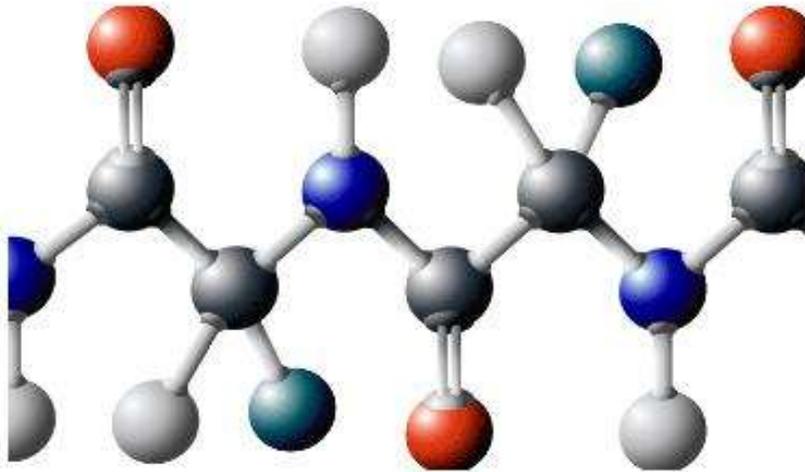
Структура РНК



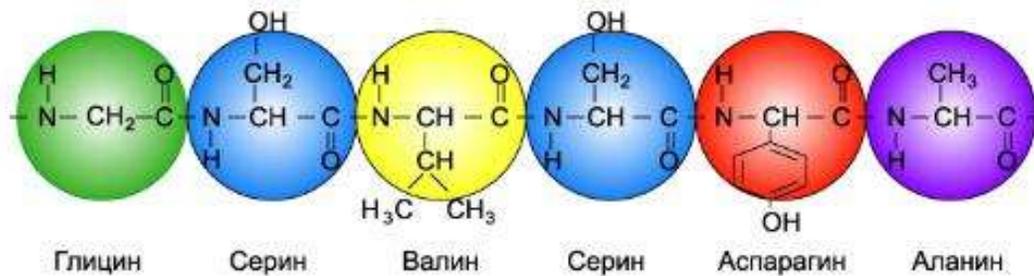
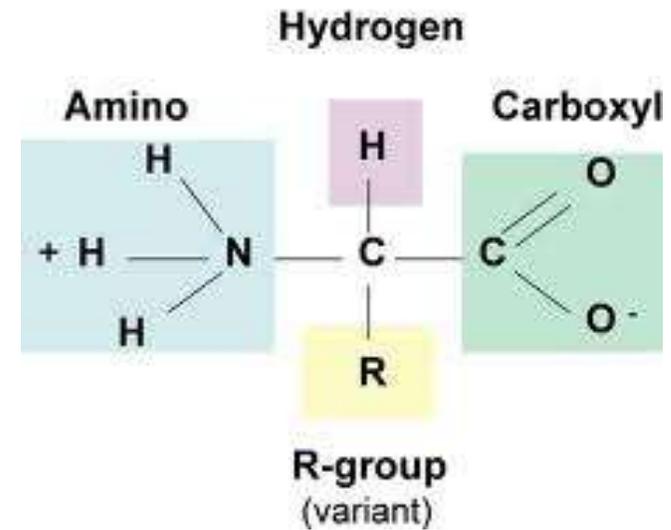
тРНК является одноцепочечной РНК, однако в функциональной форме имеет конформацию «клеверного листа». В ней выделяют 4 части, выполняющие различные функции. Первая часть-акцепторный "стебель", образованный 2-мя комплементарно соединёнными концевыми частями. Он состоит из 7 пар оснований. 3'-конец этого стебля несколько длиннее. Он формирует одноцепочечный участок, который заканчивается последовательностью ССА со свободной ОН-группой. К этому концу присоединяется транспортируемая аминокислота. 3 остальные части представляют собой комплементарно спаренные последовательности нуклеотидов, которые заканчиваются неспаренными участками, образующими петли. Средняя часть состоит из 5 пар нуклеотидов и содержит в центре своей петли антикодон. Аминокислота ковалентно присоединяется к 3'-концу молекулы с помощью специфичного для каждого типа тРНК фермента [аминоацил-тРНК-синтетазы](#). На участке С находится антикодон, соответствующий аминокислоте. тРНК содержат дигидроуридин, псевдоуридин, 7-метилгуанин, не Уотсон-Криковские пары.

СТРУКТУРА БЕЛКА

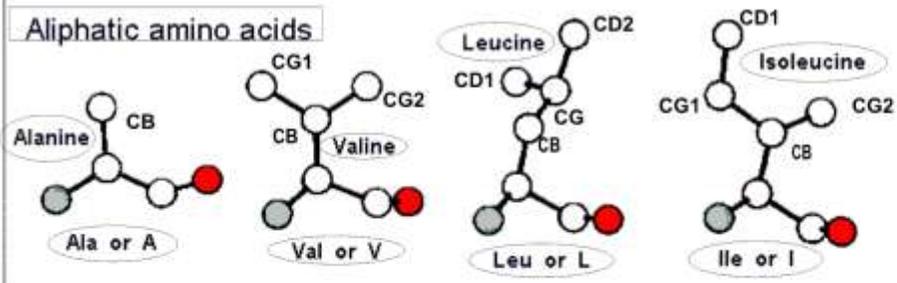
Первичная структура белка – это полипептидная цепочка из аминокислот.



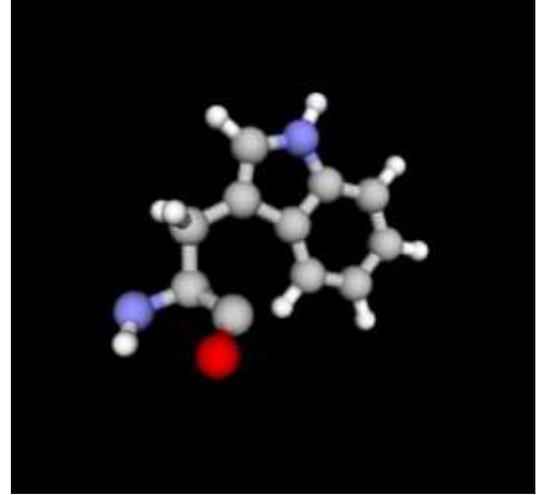
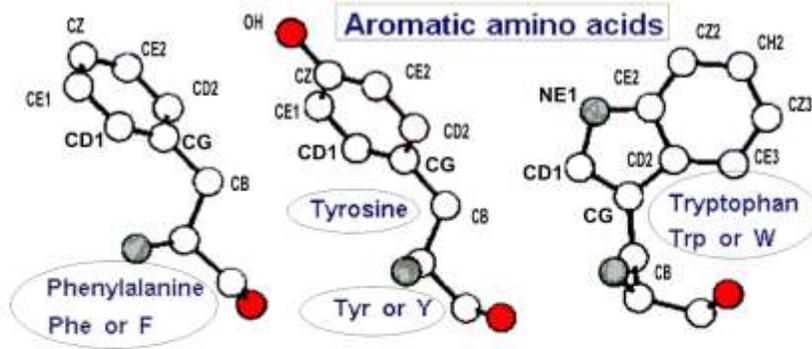
Amino Acid Structure



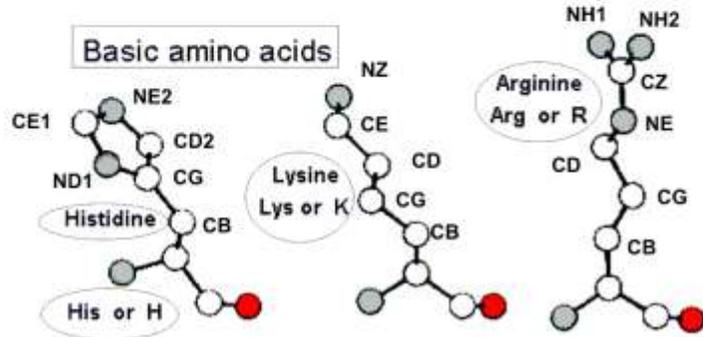
Aliphatic amino acids



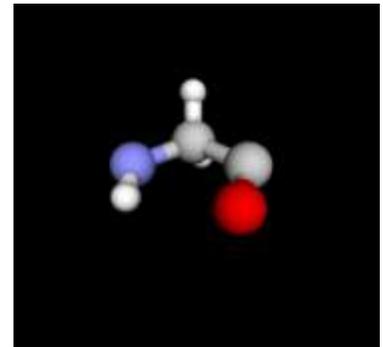
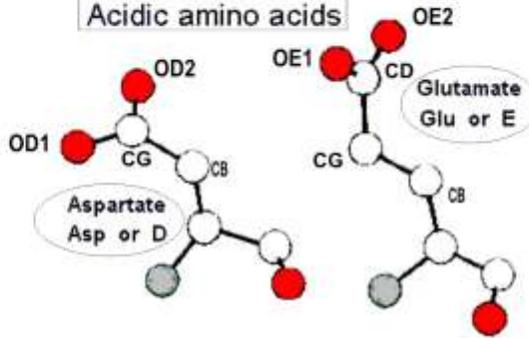
Aromatic amino acids



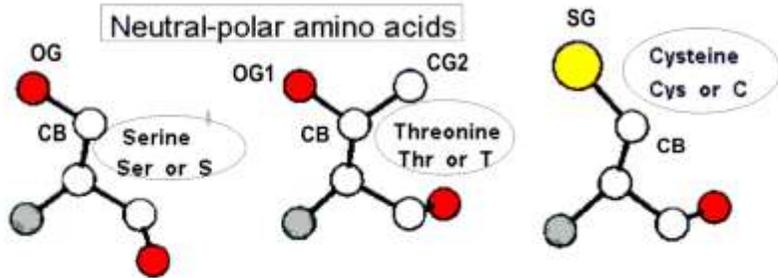
Basic amino acids



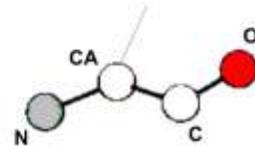
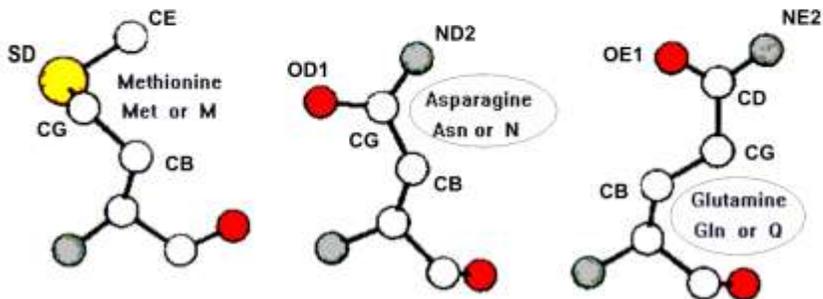
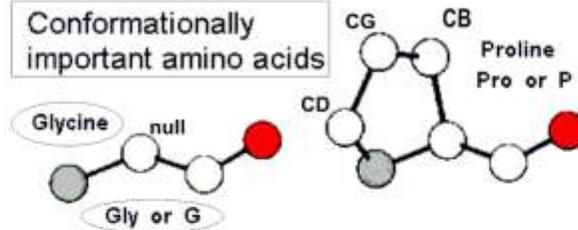
Acidic amino acids



Neutral-polar amino acids

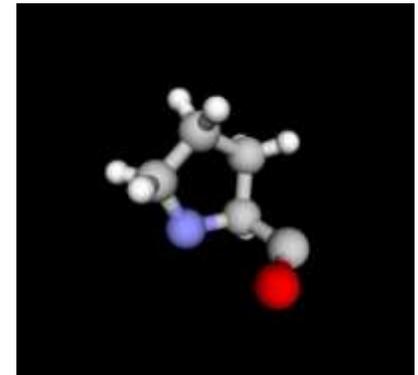


Conformationally important amino acids

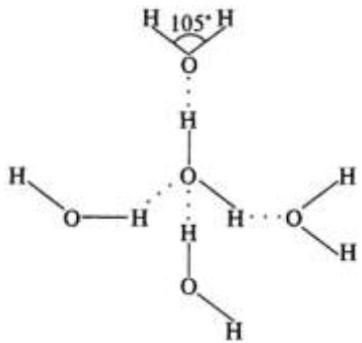


Backbone

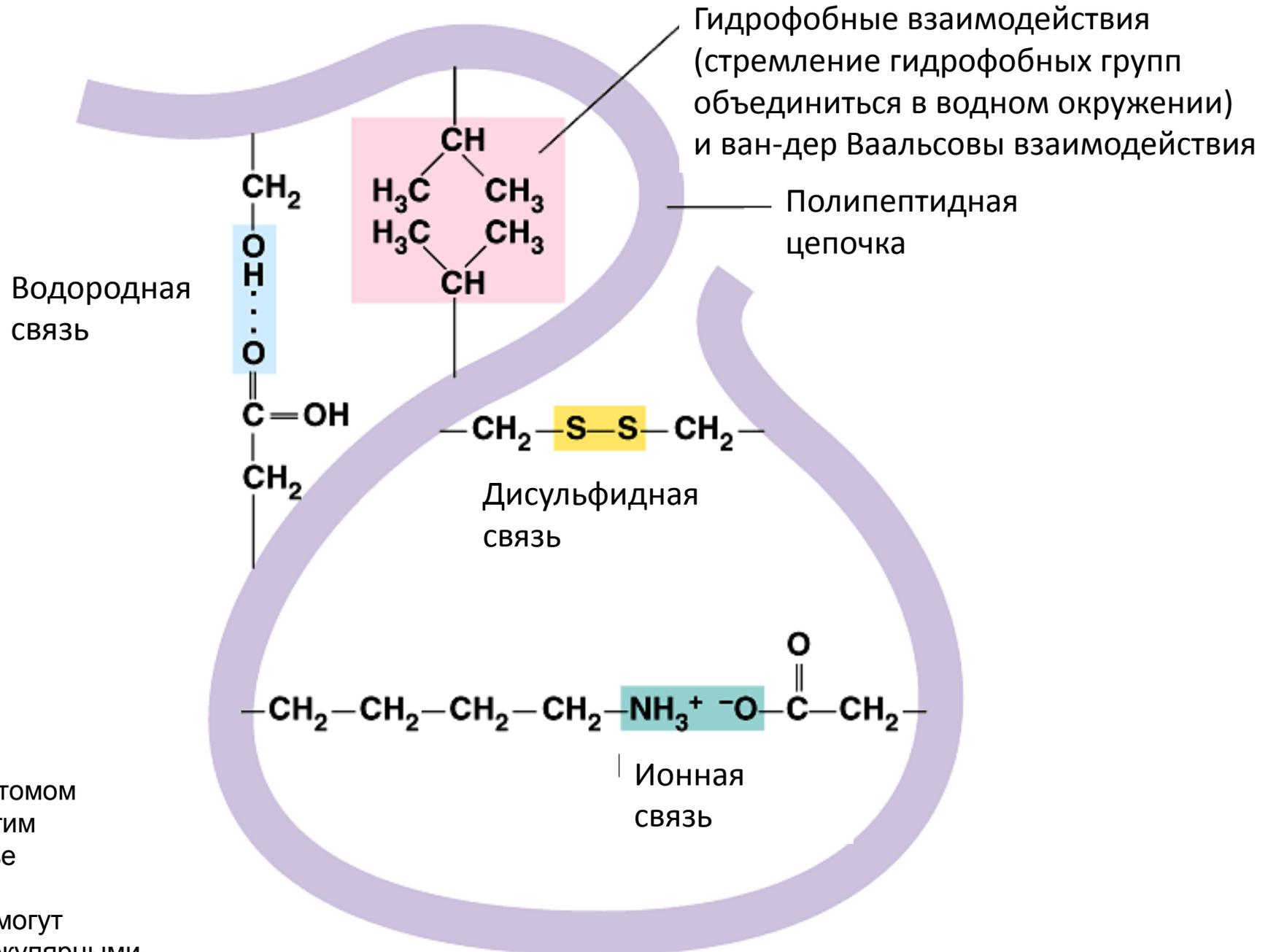
Carbon	Nitrogen	Oxygen	Sulphur
C	N	O	S



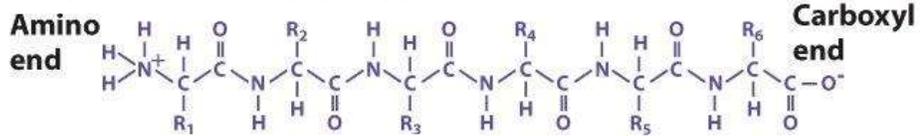
Внутримолекулярные взаимодействия, способствующие укладке белковой цепи (фолдингу)



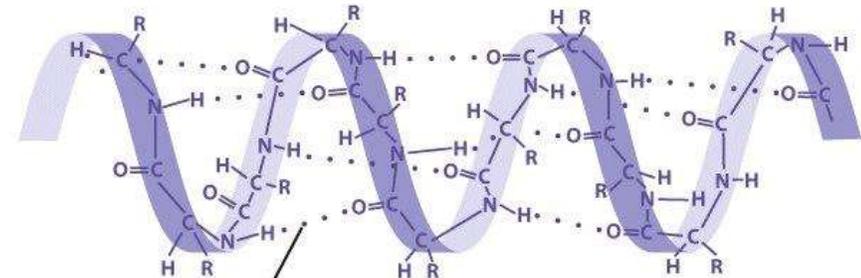
Водородная связь образуется между электроотрицательным атомом и атомом водорода **H**, связанным ковалентно с другим электроотрицательным атомом. В качестве электроотрицательных атомов могут выступать N, O или F. Водородные связи могут быть межмолекулярными или внутримолекулярными.



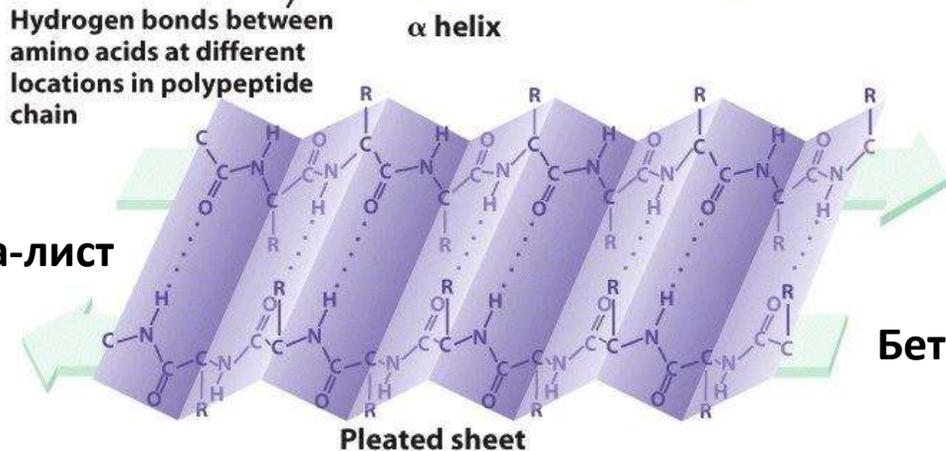
Первичная структура



Вторичная структура

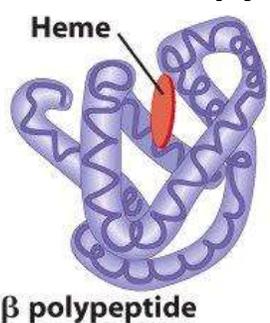


Альфа-спираль

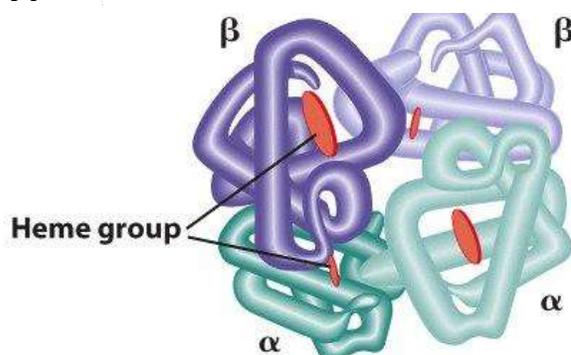


Бета-тяж

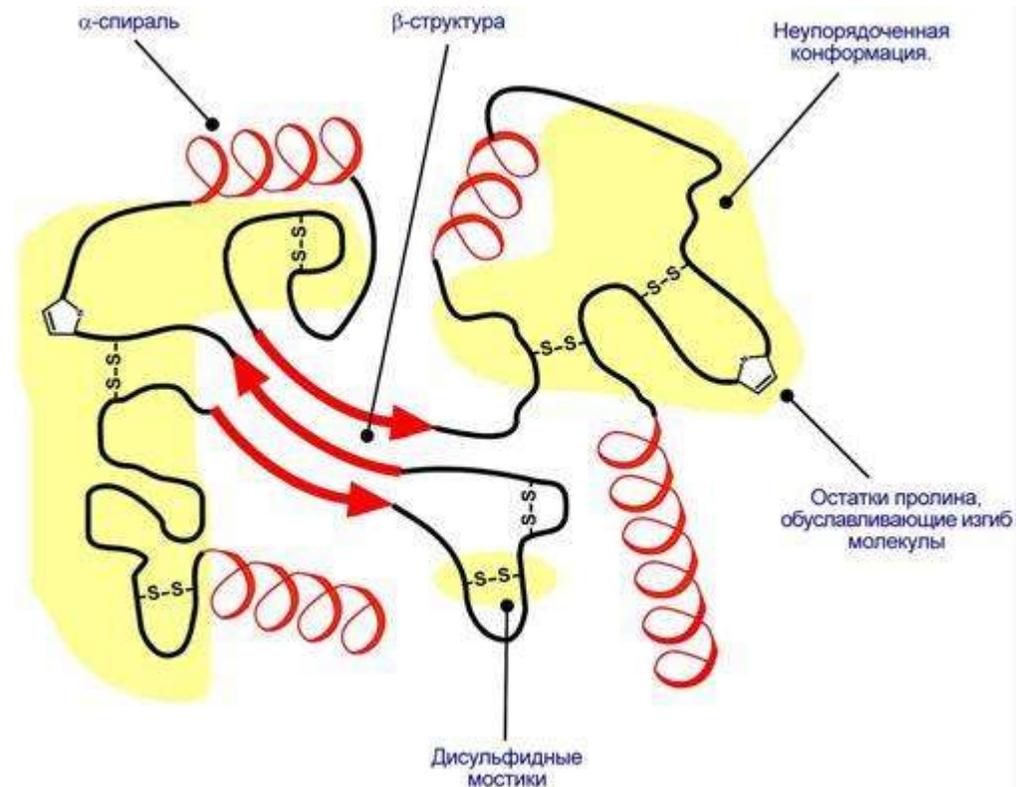
Третичная структура

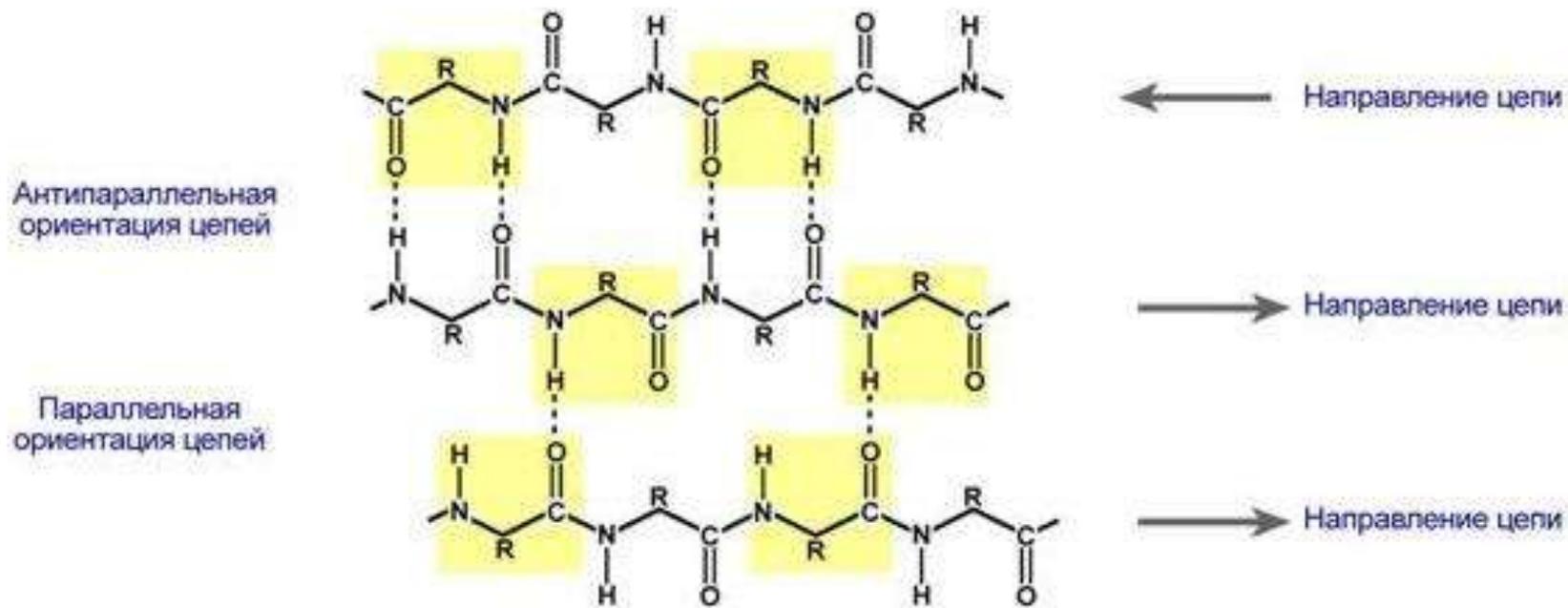
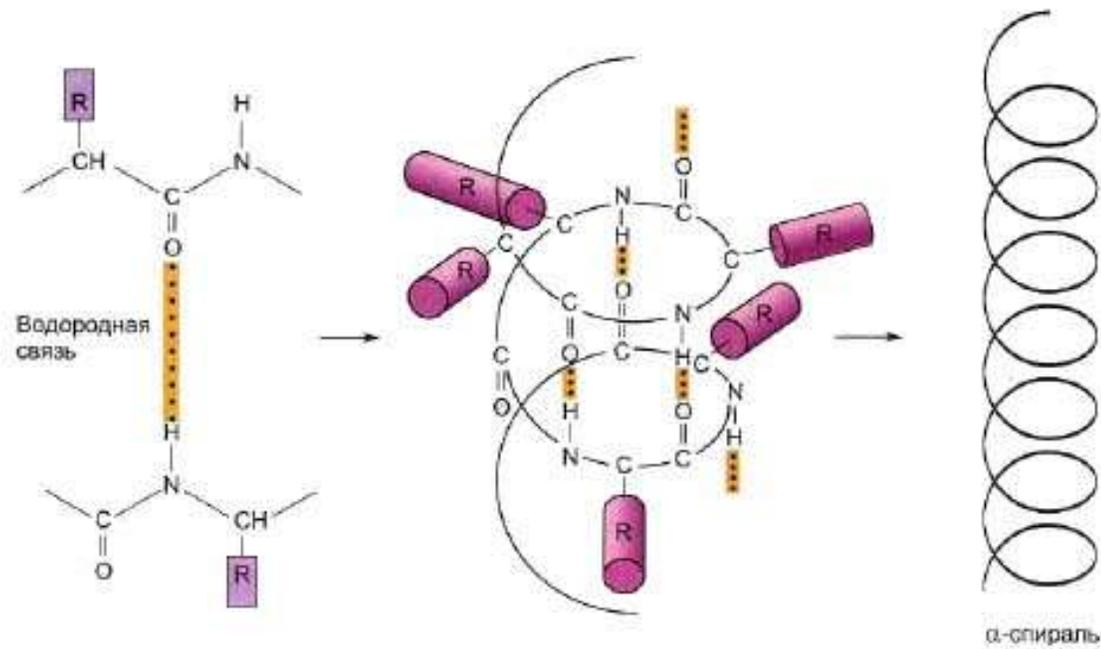


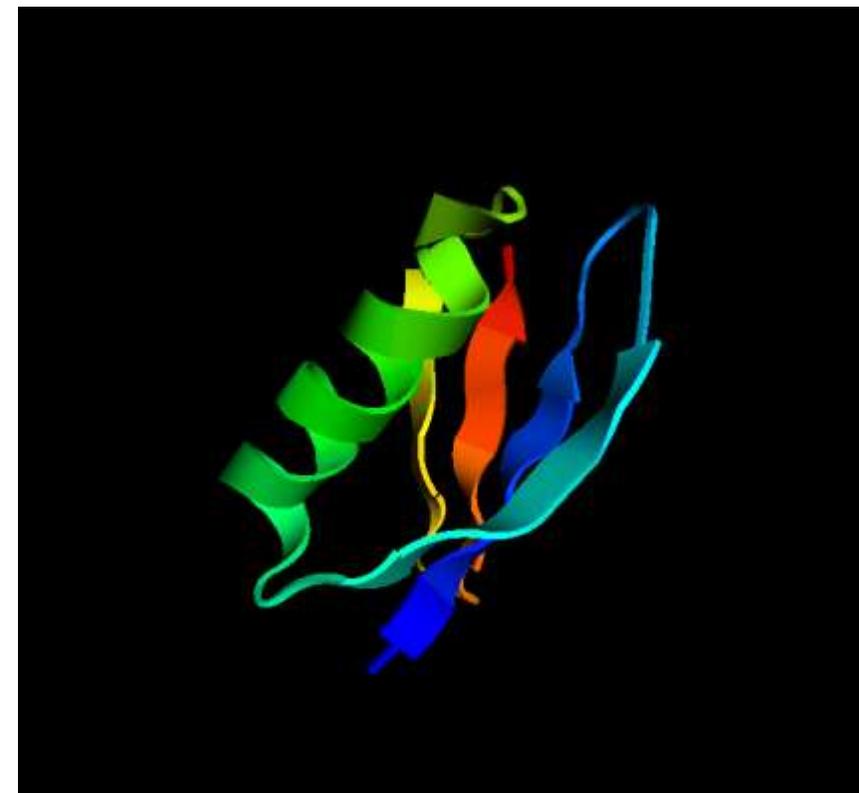
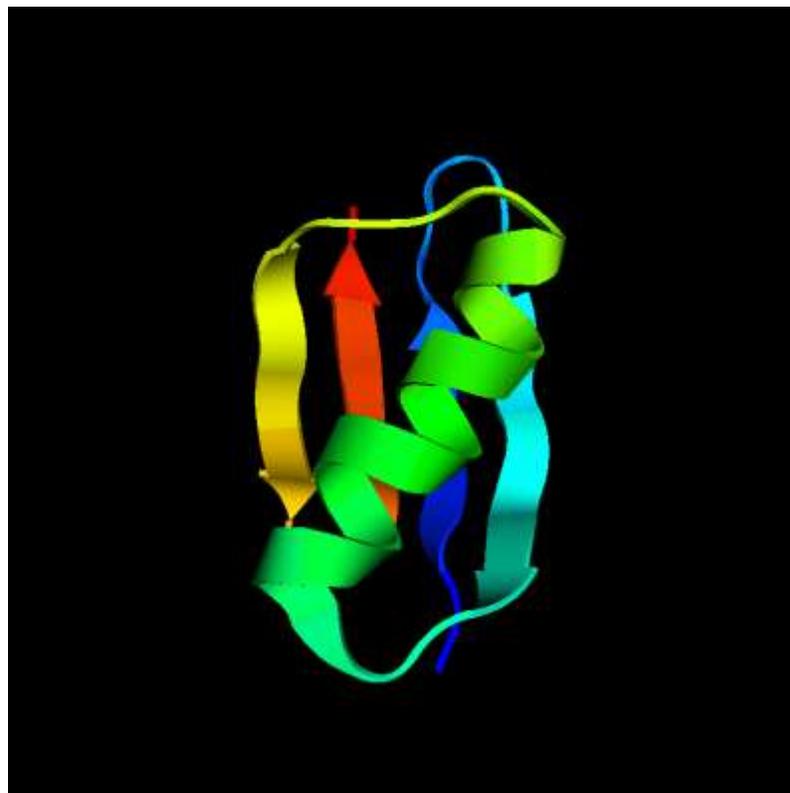
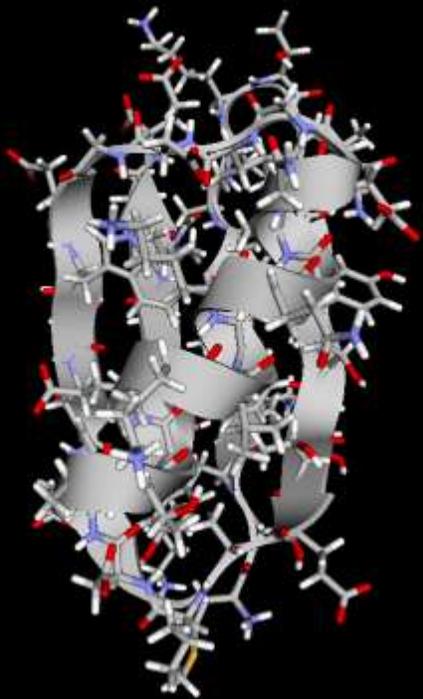
Четвертичная структура



Уровни структурной организации белка







Структура маленького белка (protein G, [2GB1](#)) из 56 аминокислот. Остов белка показан в cartoon expression.

Первичная структура:

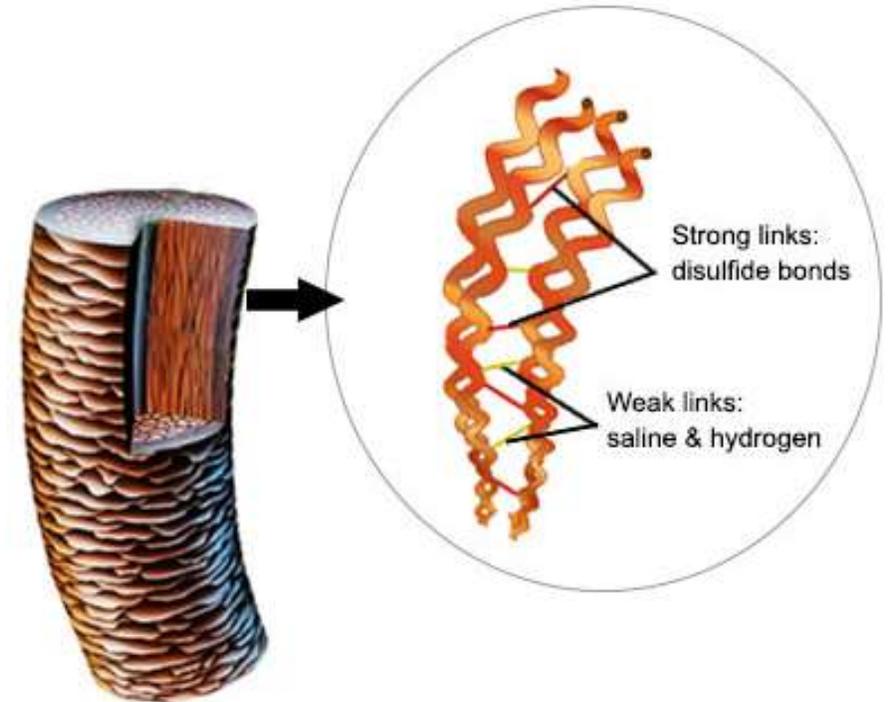
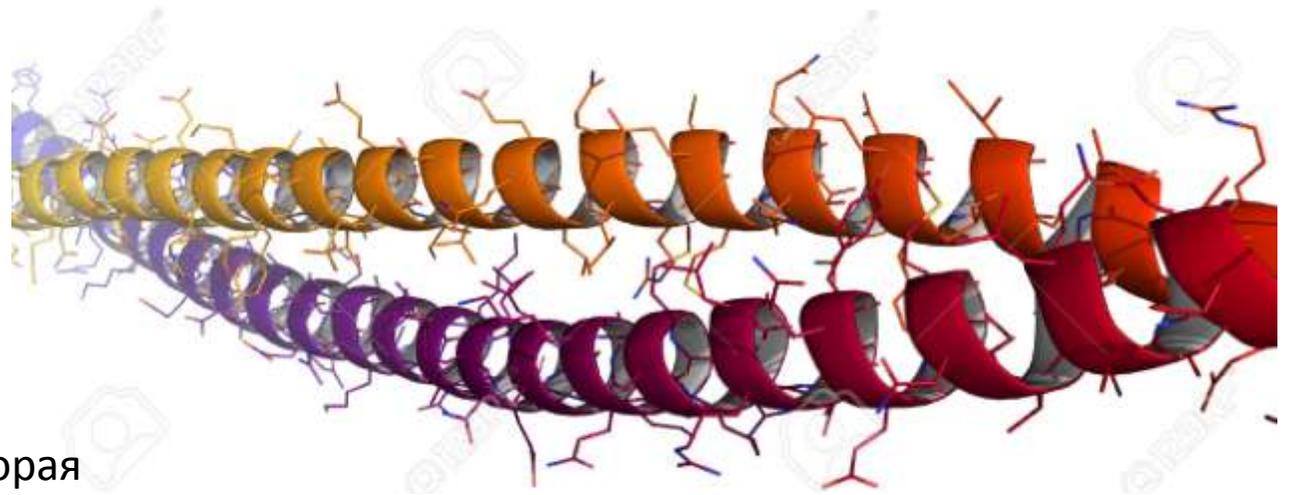
MTYKLILNGK TLKGETTTEA VDAATAEKVF KQYANDNGVD GEWTYDDATK TFTVTE

Вторичная структура образована двумя антипараллельными бета-тяжами, альфа-спиралью, и еще двумя антипараллельными бета-тяжами, между которыми находятся неструктурированные участки (петли).

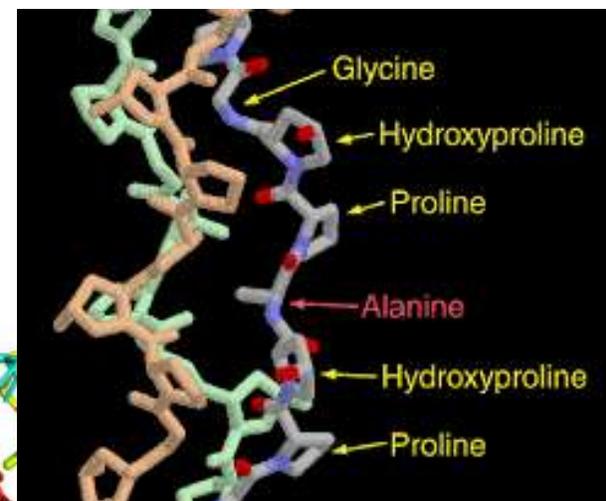
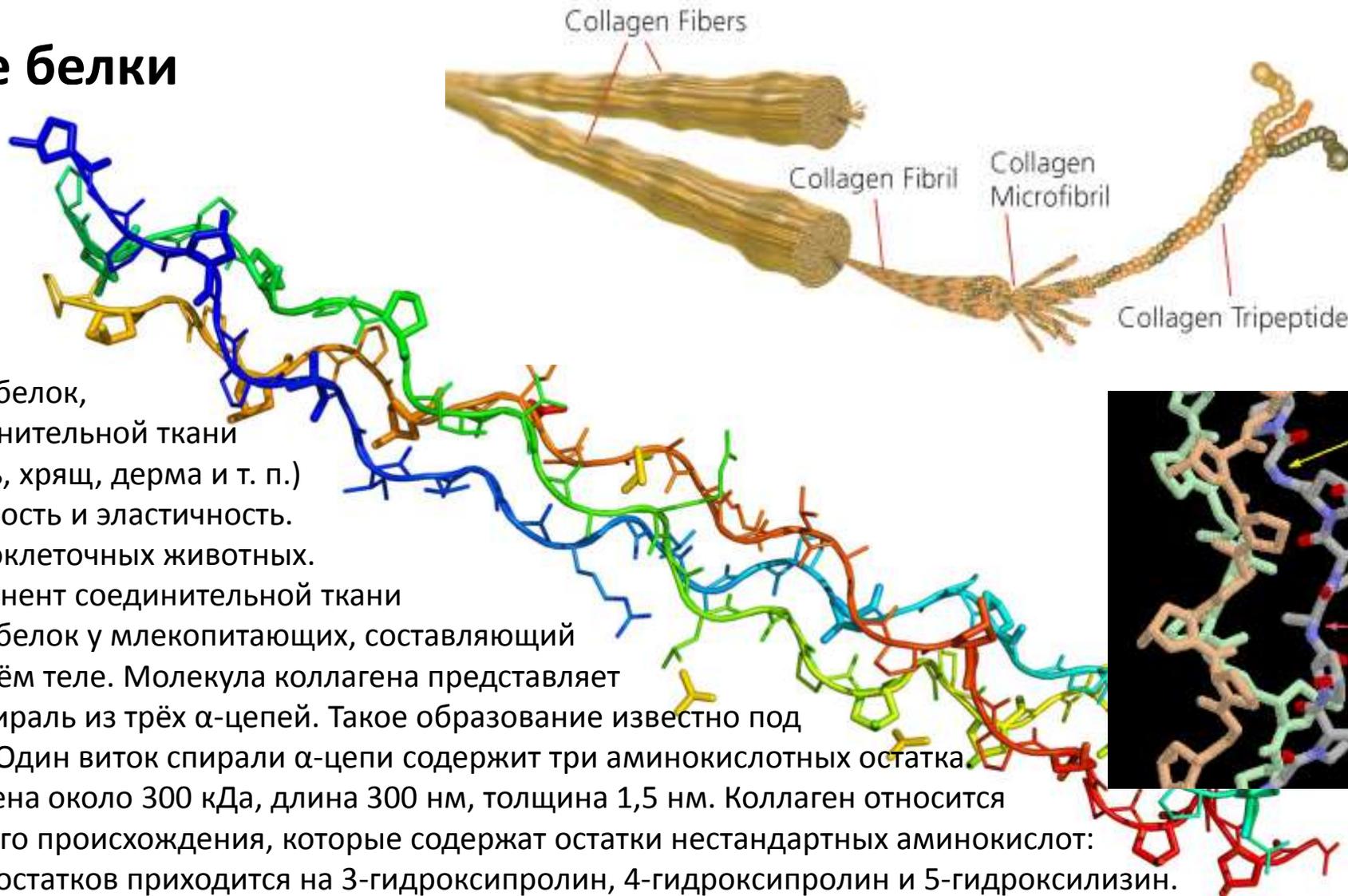
Третичная структура представляет собой глобулярный белок, в котором альфа-спираль лежит поверх бета-слоя.

Альфа-структурные фибрилярные белки

Кератины — семейство фибриллярных белков, обладающих высокой механической прочностью, которая среди материалов биологического происхождения уступает лишь хитину. В основном из кератинов состоят роговые производные эпидермиса кожи - такие структуры, как волосы, ногти, рога носорогов, перья и рамфотека клюва птиц и др. В это семейство входят также цитокератины, образующие наиболее прочные элементы внутриклеточного цитоскелета эпителиальных клеток. **α-кератины** являются основой волос (включая шерсть), рогов, когтей и копыт млекопитающих. Белки сложены из длинных перевитых альфа-спиралей (coiled coil). Содержат много глицина и цистеина, образующего дисульфидные связи. Человеческие волосы на 14% состоят из цистеина.



Фибриллярные белки (коллаген)



Коллаген — фибриллярный белок, составляющий основу соединительной ткани организма (сухожилие, кость, хрящ, дерма и т. п.) и обеспечивающий её прочность и эластичность. Коллаген обнаружен у многоклеточных животных.

Коллаген — основной компонент соединительной ткани и самый распространённый белок у млекопитающих, составляющий от 25 % до 35 % белков во всём теле. Молекула коллагена представляет собой правозакрученную спираль из трёх α -цепей. Такое образование известно под названием *тропоколлаген*. Один виток спирали α -цепи содержит три аминокислотных остатка. Молекулярная масса коллагена около 300 кДа, длина 300 нм, толщина 1,5 нм. Коллаген относится к немногим белкам животного происхождения, которые содержат остатки нестандартных аминокислот: около 21 % от общего числа остатков приходится на 3-гидроксипролин, 4-гидроксипролин и 5-гидроксилизин.

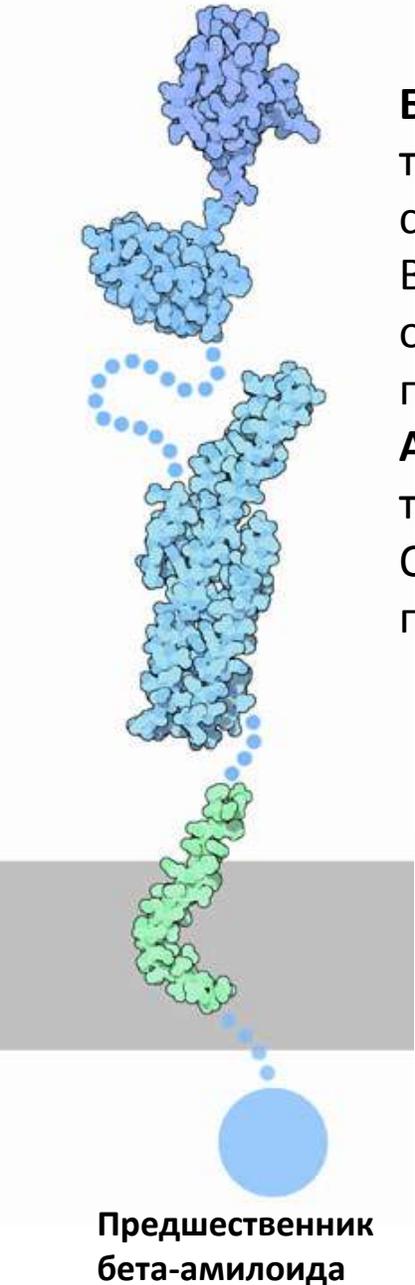
Каждая из α -цепей состоит из триад аминокислот. В триадах третья аминокислота всегда глицин, вторая — пролин или лизин, первая — любая другая аминокислота, кроме трёх перечисленных. Мутации в генах коллагенов приводят к тяжелым генетическим заболеваниям, в частности, *osteogenesis imperfecta*, или болезнь «ломких костей».

Синтез нестандартных аминокислот происходит посттрансляционно. Для этого нужен витамин С. При нехватке витамина С нарушается синтез коллагенов. Развивающееся при этом заболевание называется цинга. Симптомы - выпадение зубов и слабость.

Амилоидные фибриллы

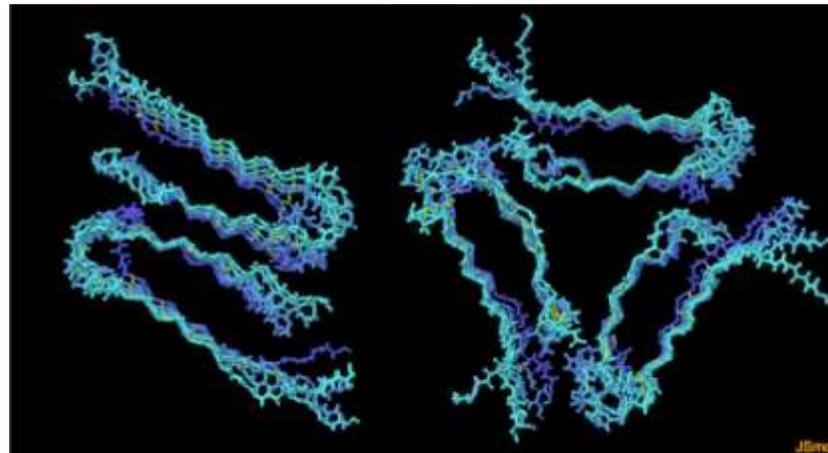
Бета-амилоид - пептид из 42 аминокислотных остатков, образующийся из трансмембранного белка — предшественника бета-амилоида. Пептид A β 42 считается одним из основных факторов, провоцирующих болезнь Альцгеймера. В мозге пациента, страдающего болезнью Альцгеймера, этот пептид может образовывать так называемые амилоидные бляшки, состоящие из скоплений пептида, свёрнутого в виде бета-складчатых структур.

Амилоидные фибриллы могут формироваться и из других белков, например, таких «нормальных» глобулярных белков, как лизоцим, миоглобин и т.д. Образование амилоидных фибрилл также вызывает инфекционная форма прионов.

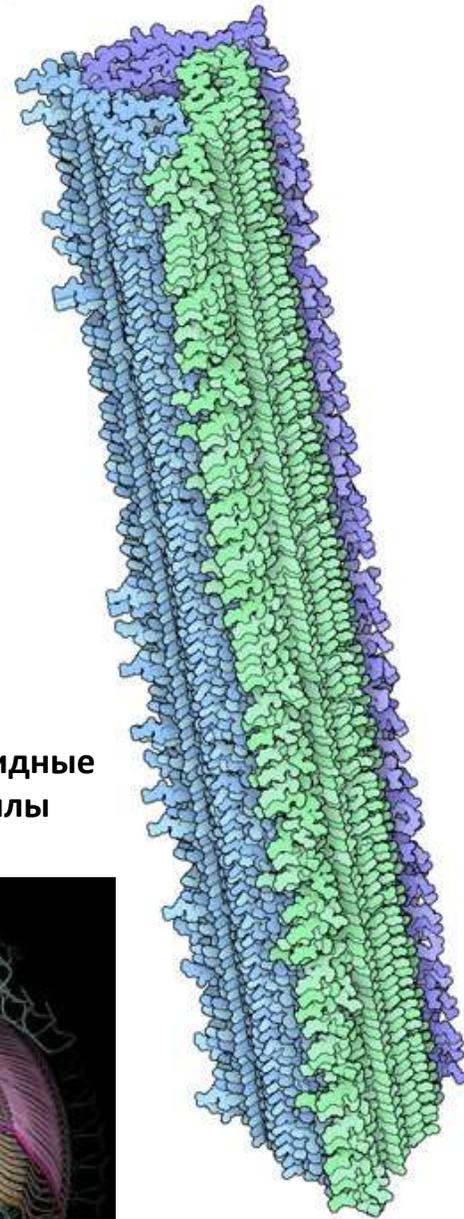
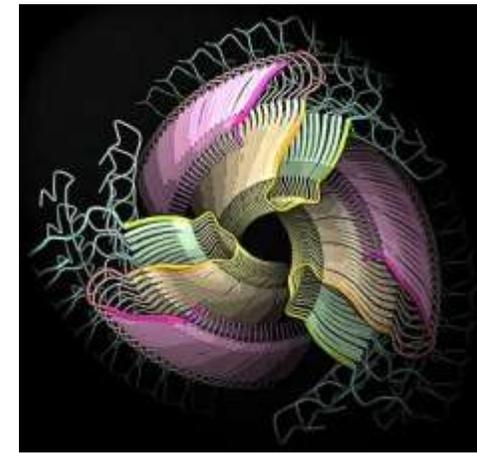


Бета-амилоид в альфа-спиральной конформации

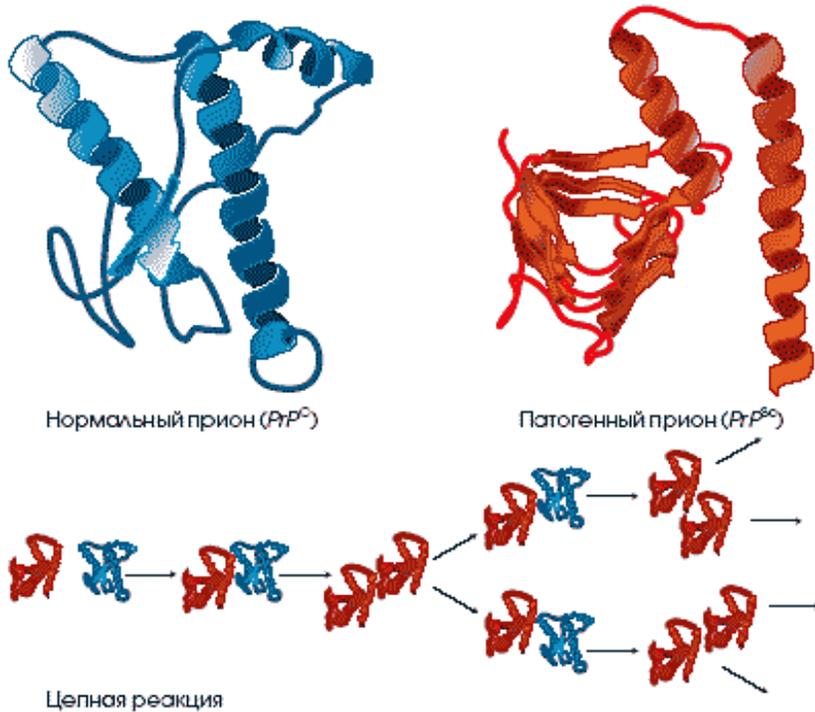
Бета-амилоид в бета-структурной конформации



Амилоидные фибриллы



Прионы



Прионы (*prion* от *protein* — «белок» и *infection* — «инфекция») — особый класс инфекционных агентов, представленных белками с аномальной трёхмерной (третичной) структурой, способными катализировать конформационное превращение гомологичных им нормальных клеточных белков в себе подобные. Как правило, при переходе белка в прионное состояние его α -спирали превращаются в β -слои. Появившиеся в результате такого перехода прионы могут в свою очередь перестраивать новые молекулы белка; таким образом, запускается цепная реакция, в ходе которой образуется огромное количество неправильно свёрнутых молекул. Все известные прионы вызывают формирование амилоидов — белковых агрегатов, включающих плотно упакованные β -слои. Прионы вызывают трансмиссивные губчатые энцефалопатии (ТГЭ) у различных млекопитающих, в том числе губчатую энцефалопатию крупного рогатого скота («коровье бешенство»). У человека прионы вызывают болезнь Крейтцфельдта — Якоба, синдром Герстмана — Штраусслера — Шейнкера, фатальную семейную бессонницу и куру. Все известные прионные заболевания поражают головной мозг и другие нервные ткани, в настоящее время неизлечимы и в конечном итоге смертельны. Прионные заболевания млекопитающих вызываются белком PrP. Его нормальная функция в организме до сих пор не установлена.

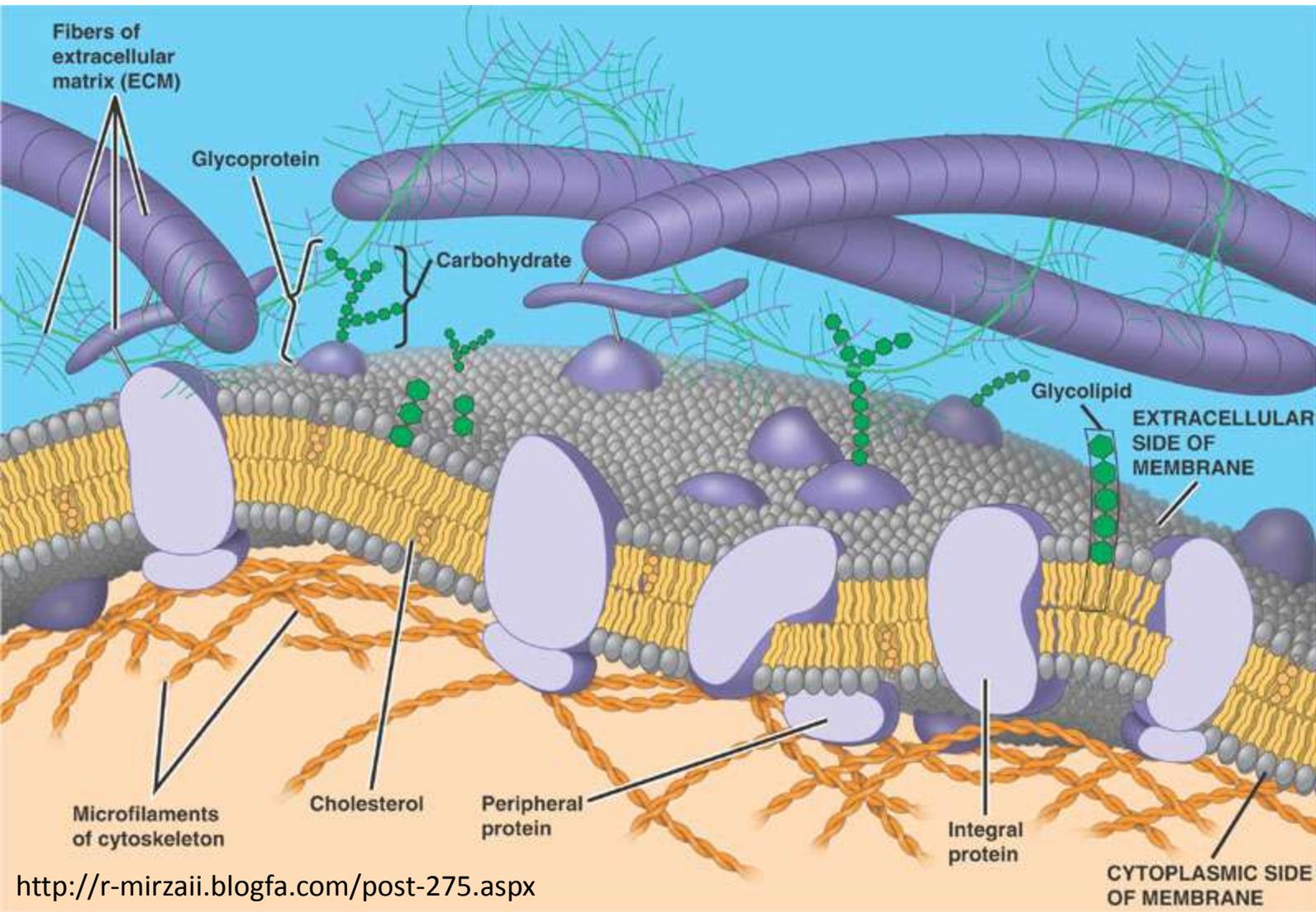
Мембранные белки: классификация

Биохимическая классификация:

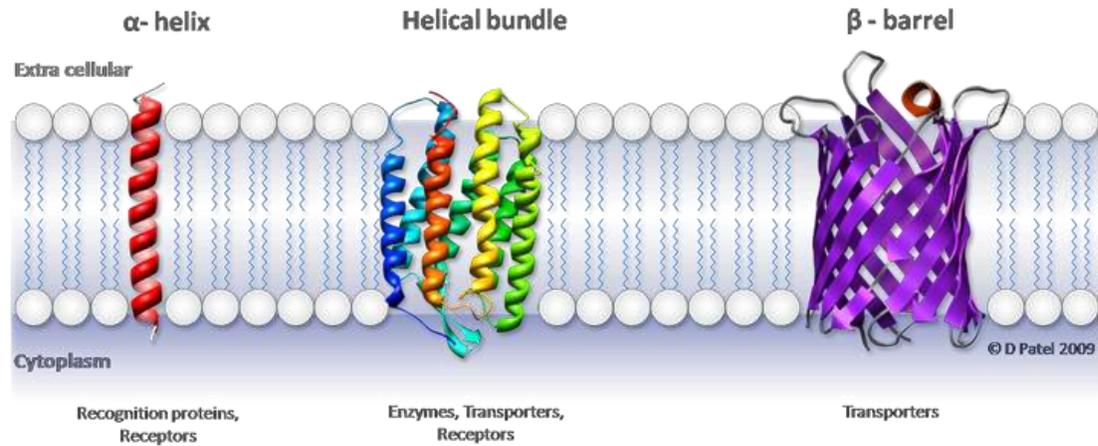
Интегральные мембранные белки прочно встроены в мембрану и могут быть извлечены из липидного окружения только с помощью детергентов или неполярных растворителей. По отношению к липидному бислою интегральные белки могут быть трансмембранными **политопическими** (выходить на обе стороны) или интегральными **монотопическими** (выходить на одну сторону).

Периферические мембранные белки являются монотопическими белками. Они либо связаны слабыми связями с липидной мембраной, либо ассоциируют с интегральными белками за счёт гидрофобных, электростатических или других нековалентных сил. Таким образом, в отличие от интегральных белков они диссоциируют от мембраны при обработке соответствующим водным раствором (например, с низким или высоким pH, с высокой концентрацией соли или под действием хаотропного агента). Эта диссоциация не требует разрушения мембраны.

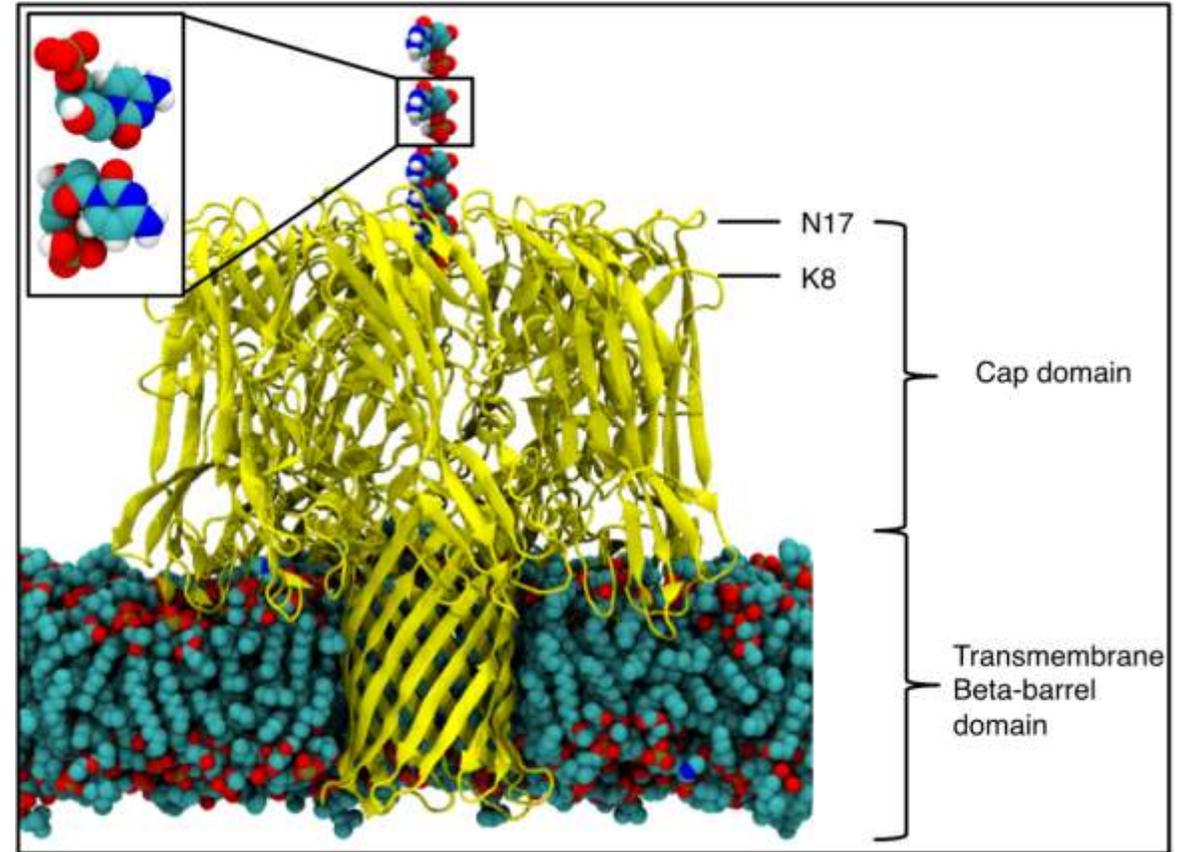
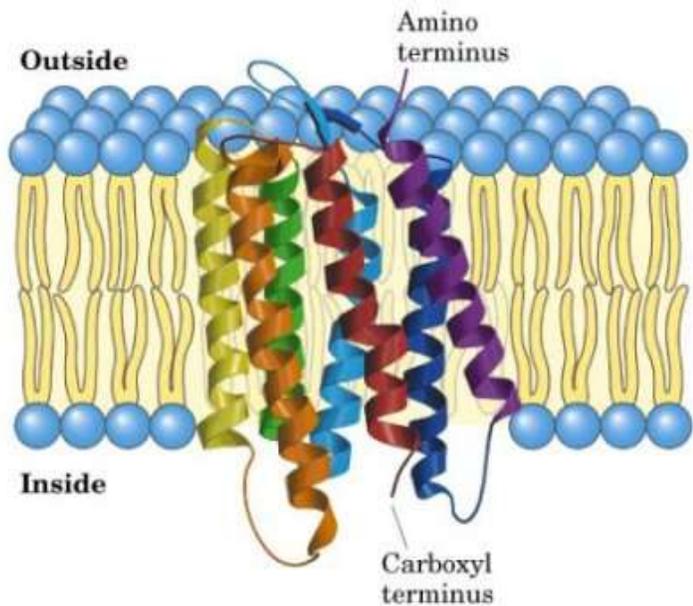
Мембранные белки могут быть встроены в мембрану за счёт [жирнокислотных](#) или пренильных остатков либо [гликозилфосфатидилинозитола](#), присоединённых к белку в процессе их [посттрансляционной модификации](#).



Мембранные белки: примеры структур



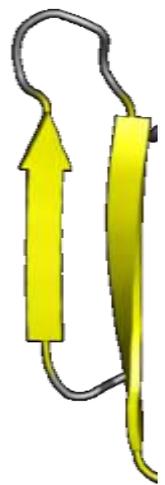
<http://www2.warwick.ac.uk/fac/sci/chemistry/research/dixon/dixongroup/members/msrhar/research/background/>



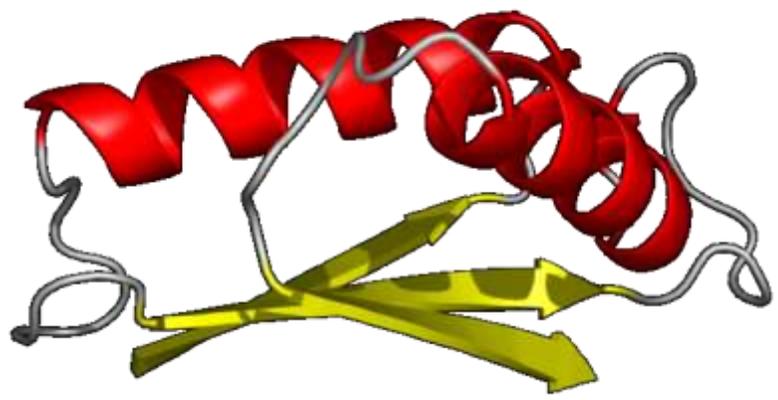
Альфа-гемолизин (*Staphylococcus aureus*, PDB код 7ahl) - токсин, формирующий поры в клеточных мембранах. Встроившись в мембрану, он создает в ней ионные каналы, что в итоге приводит к разрушению клетки.

Бактериородопсин (проводит протон через мембрану)

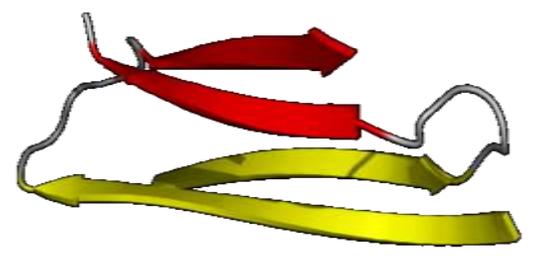
Структурные мотивы белков



β -шпилька



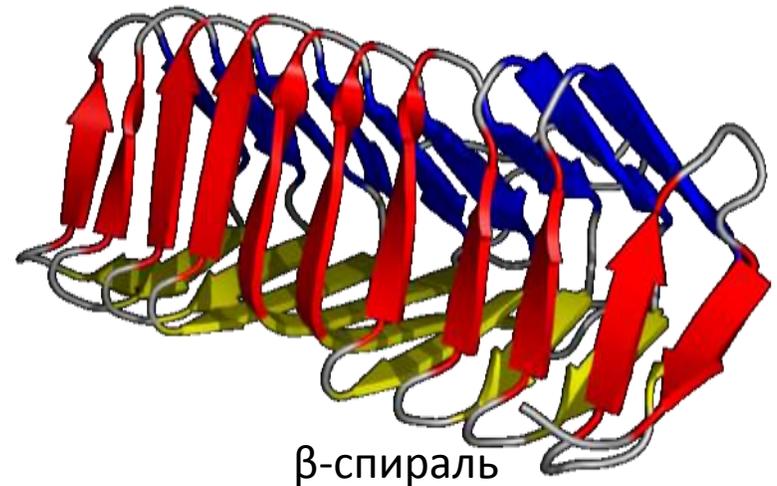
$\beta\alpha$ -мотив



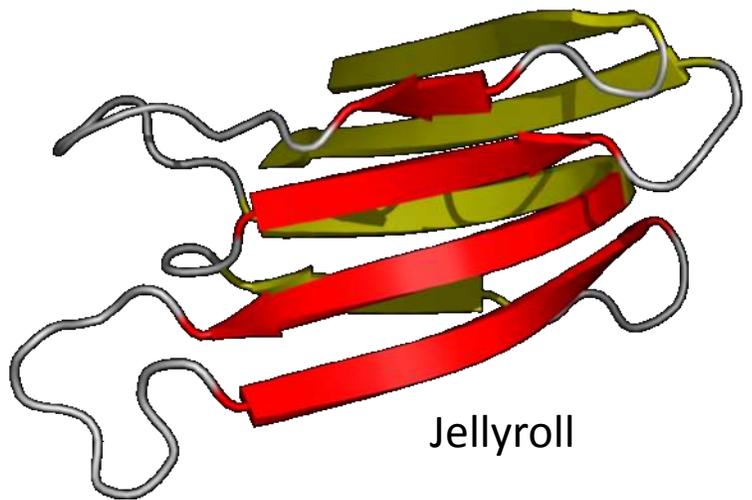
Интерлок



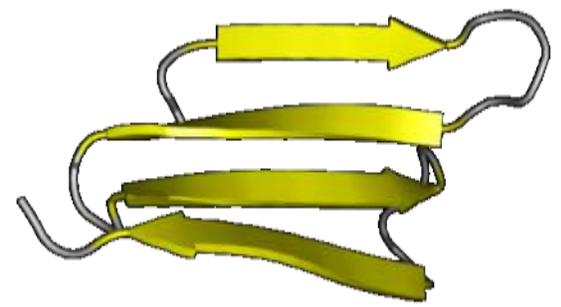
Греческий ключ



β -спираль



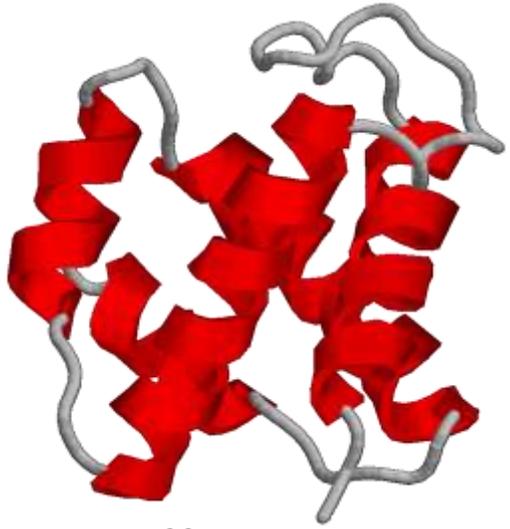
Jellyroll



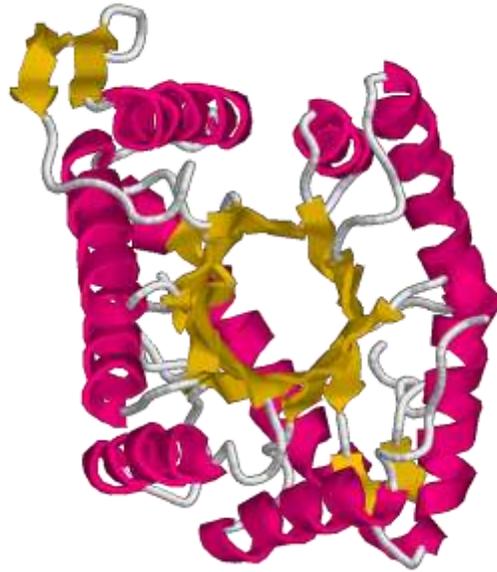
β -меандр

Структурные классы (CATH, a hierarchic classification of protein domain structures)

– по составу вторичной структуры



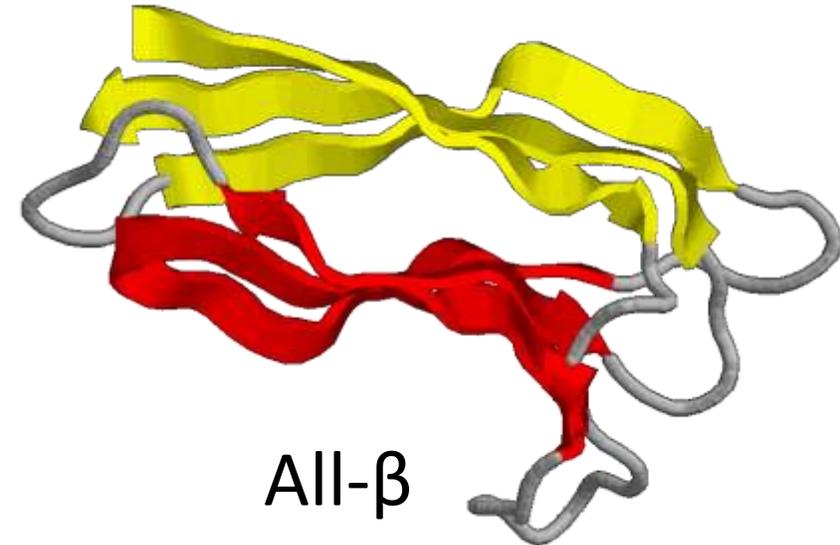
All- α



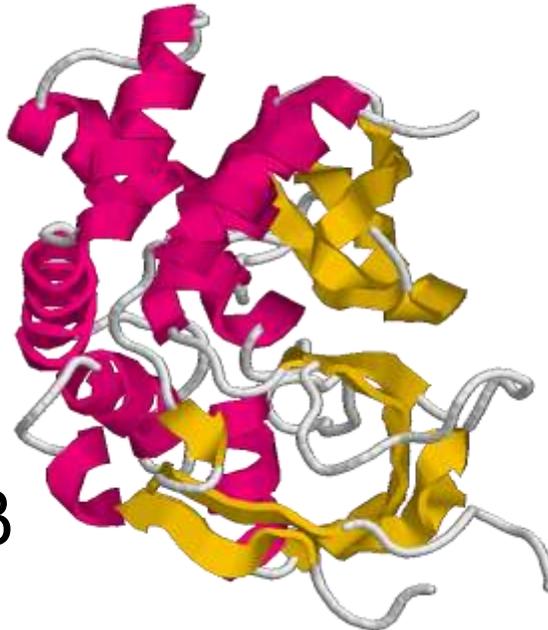
α/β

a/b:

- Спирали и тяжи вместе образуют глобулу



All- β

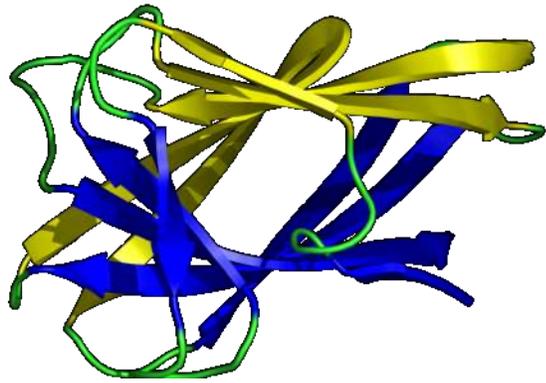


$\alpha+\beta$

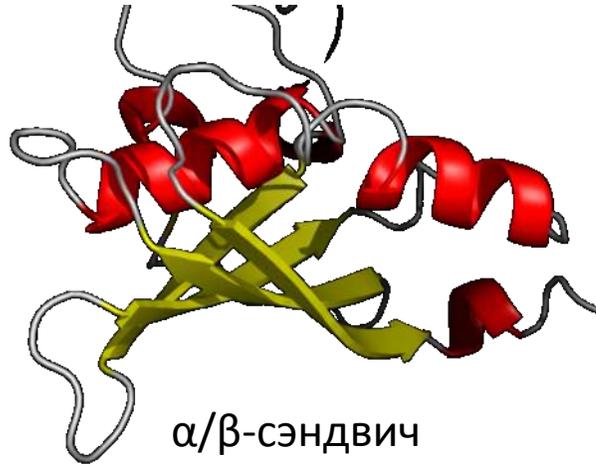
a+b:

- Спирали и тяжи более или менее разобщены

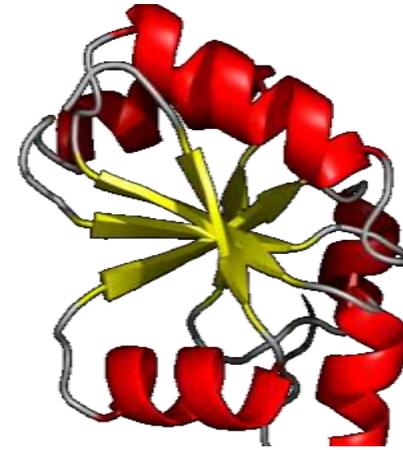
Архитектуры (CATH) – классификация с учетом расположения в пространстве элементов вторичной структуры без учета последовательности их соединения



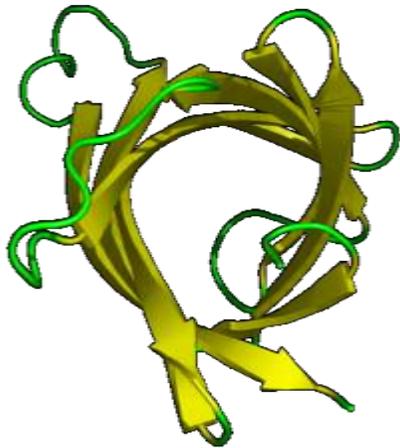
β -сэндвич



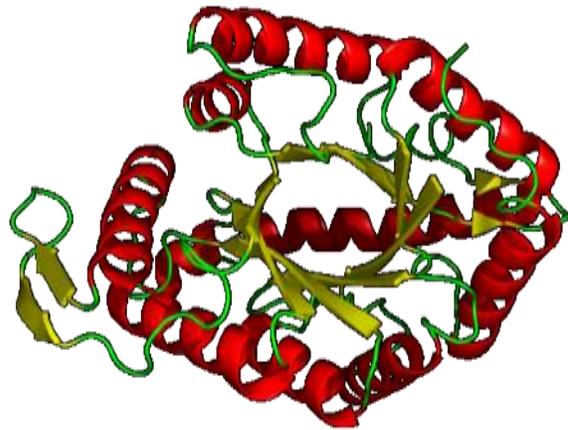
α/β -сэндвич



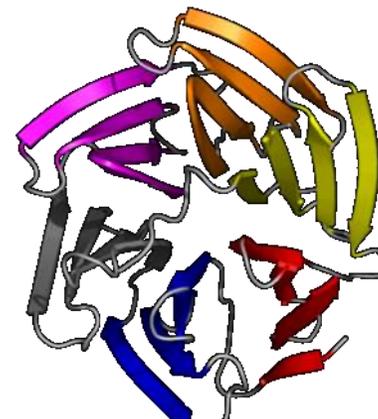
$\alpha/\beta/\alpha$ -сэндвич



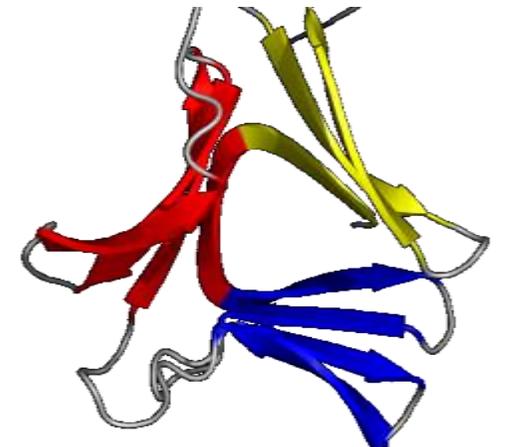
β -баррель



TIM-баррель



β -пропеллер



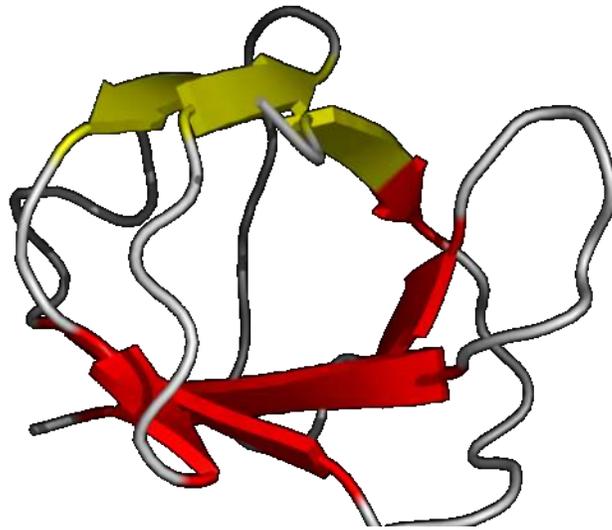
β -призма

SCOP vs CATH

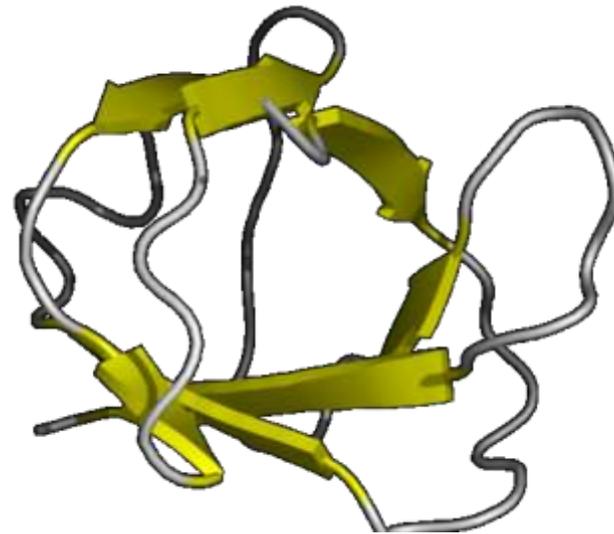
SCOP: hand-made, CATH: semi-automatic.

SCOP: не обновляется с 2009 года, CATH: регулярно обновляется.

Могут быть отличия в определении архитектур.

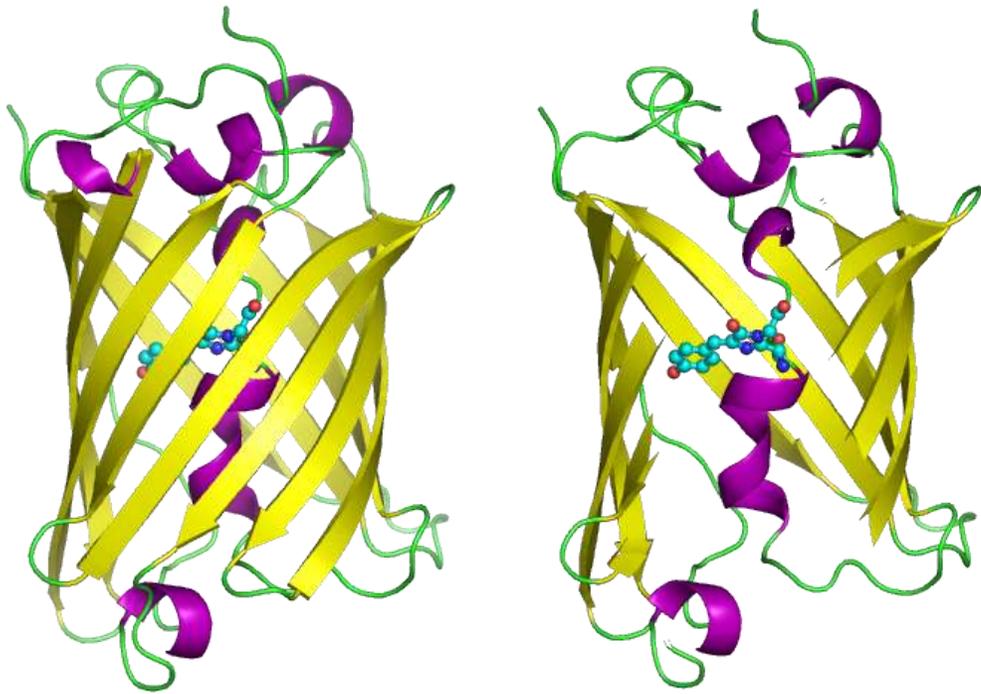


CATH: сэндвич



SCOP: баррель

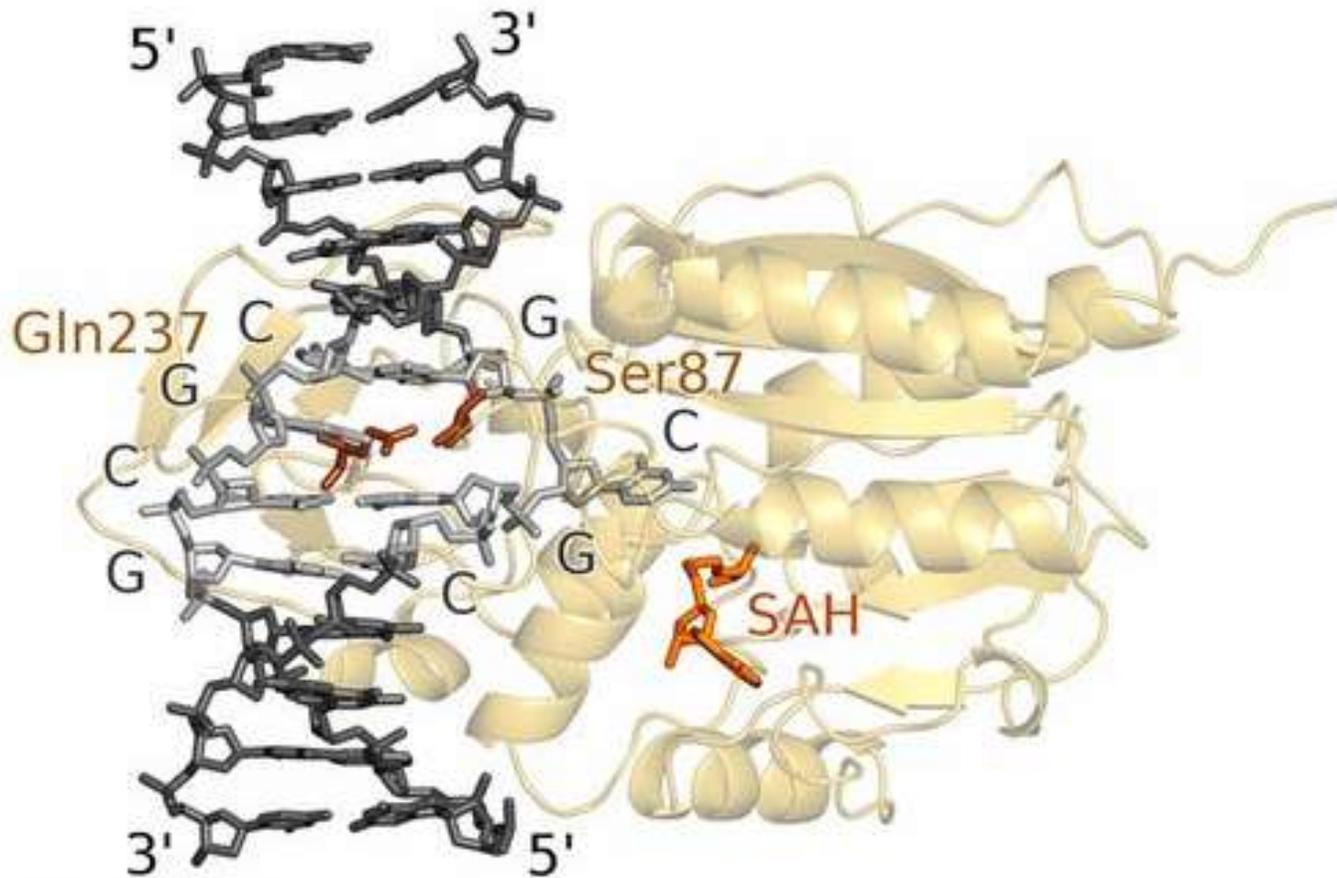
Green Fluorescent Protein



GFP — белок, выделенный из медузы [*Aequorea victoria*](#), который флуоресцирует в зелёном диапазоне при освещении его синим светом. В 2008 году Осаму Симомура, Мартин Чалфи и Роджер Тсьен получили Нобелевскую премию по химии «за открытие и разработку зелёного флуоресцентного белка GFP». Белок состоит из 238 аминокислотных остатков с молекулярной массой 26,9 кДа. Белок представляет собой бета-баррель из 11 бета-тяжей, внутри которого находится флуорофор. Оболочка цилиндра защищает флуорофор от тушения его флуоресценции компонентами микроокружения. Кроме этого, внутренняя структура молекулы вызывает специфические реакции циклизации трипептида Ser65-Tyr66-Gly67, что приводит к образованию флуорофора.



ДНК-белковые комплексы: ДНК-метилтрансфераза NhaI



M.NhaI

Цитозин(С5)-ДНК-метилтрансферазы катализируют перенос метильной группы от S-аденозил-метионина на остаток [цитозина](#), находящегося в специфической последовательности в двухцепочечной [ДНК](#), с образованием [5-метилцитозина](#) и S-аденозилгомоцистеина.

Получение кристаллов ДНК-белковых комплексов очень сложный процесс. Удалось научиться кристаллизовать ДНК-метилтрансферазу NhaI с различными вариантами ДНК и донора метильной группы. Всего расшифровано 29 комплексов ДНК-метилтрансферазы NhaI с ДНК. Помимо этого удалось расшифровать лишь 2 комплекса для двух цитозиновых ДНК-метилтрансфераз бактерий.

ДНК-белковые комплексы: рибосома

Эукариотическая рибосома (константы седиментации 80S (40S+60S) включает 4 молекулы РНК и около 100 белков.

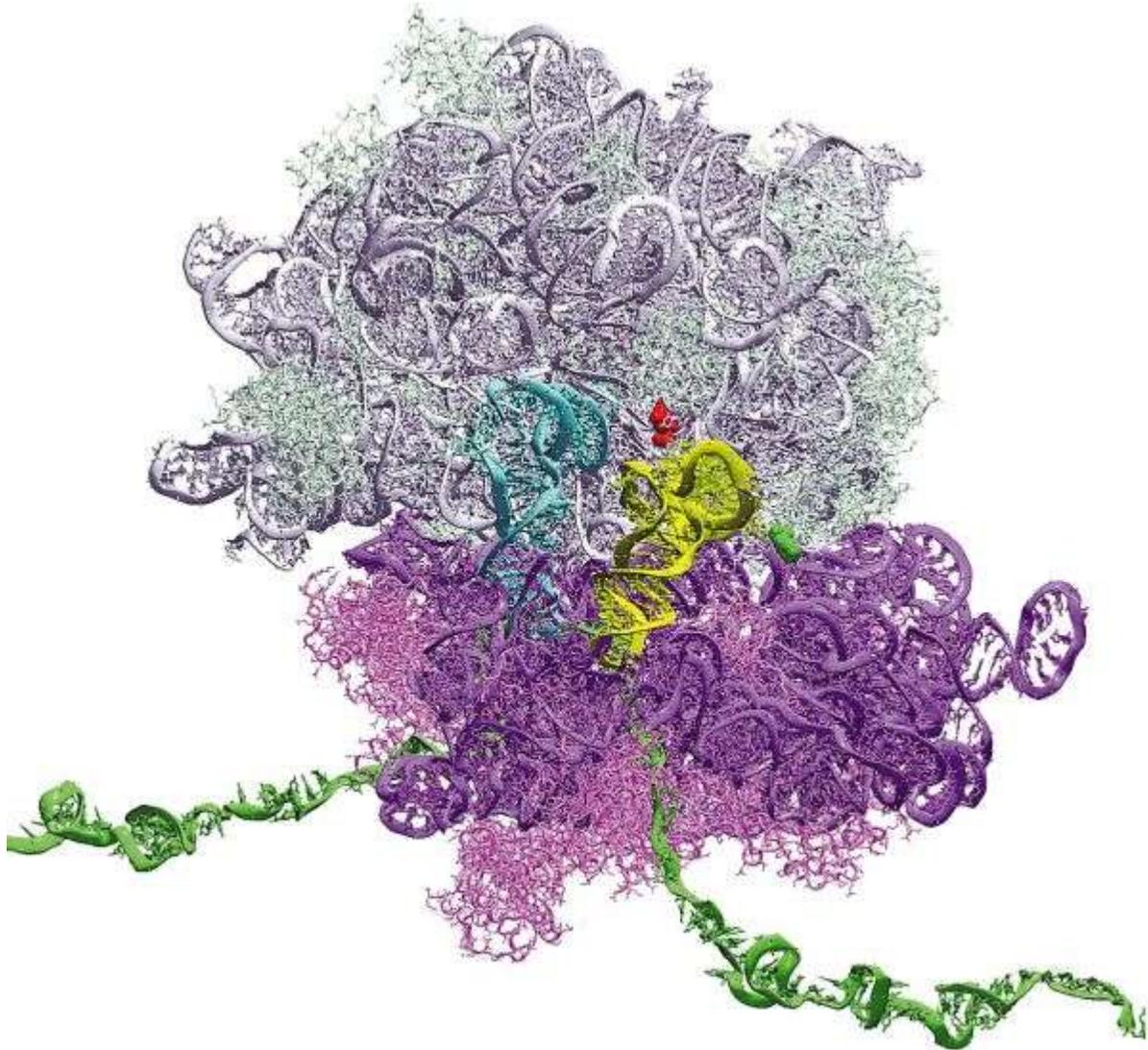
PDB содержит большое число расшифрованных структур различных рибосом и их компонентов, полученных разными методами:

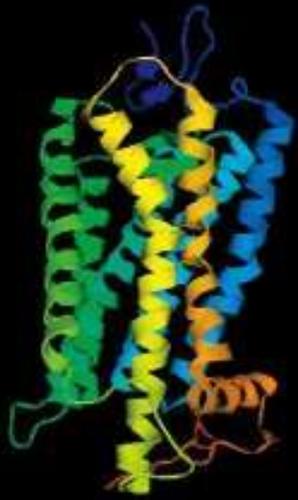
X-ray (903)

Electron Microscopy (245)

Solution NMR (119)

Hybrid (2)





bovine rhodopsin

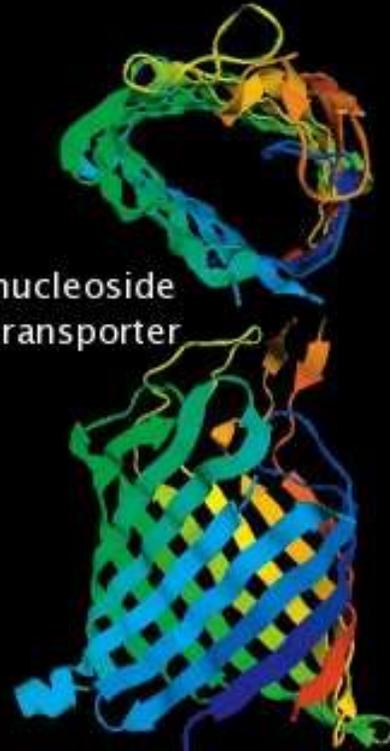


human telomere protein



leucine rich repeat protein

nucleoside transporter



mouse cadherin



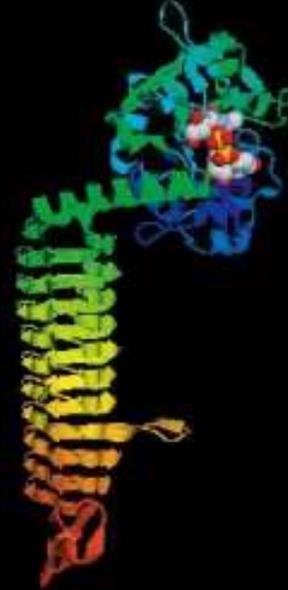
β/α -barrel form (TIM)



α/β superhelix (ribonuclease inhibitor)



5-propeller form (lectin)



solenoid form (transferase)