**Белок D-ribose-binding periplasmic protein**

Исследуемый белок называется- D-рибоза-связывающий периплазматический. Его функция заключается в том, что он включен в высоко афинную (сродственную) мембранную транспортную систему D-рибозы и также работает в качестве первичного хеморецептора для хемотаксиса. В молекуле белка присутствуют следующие лиганды: вода и пиранозная форма рибозы. Белок участвует в таких биологических процессах, как хемотаксис и транспорт сахаров. Особенности последовательности: в молекуле белка содержится одна цепь с молекулярной массой 30950 г\моль и длиной 296 Ангстрем. Организм-хозяин данного белка- Escherichia coli (Кишечная палочка штамм К12), расположен белок в периплазме клетки.

Несколько слов о Кишечной палочке штамма K12. Эшерихия (*Escherichia coli*), или кишечная палочка, — грамотрицательная микробная клетка семейства кишечных. Имеет слегка вытянутую форму палочки с закругленными концами (0,4–0,8 х 1–3 мкм). В естественных условиях подвижна, анаэроб, сбраживает глюкозу, лактозу и другие углеводы. Эшерихии — одни из наиболее типичных представителей нормальной микрофлоры кишечника млекопитающих. Является классическим объектом микробиологических и молекулярно-генетических исследований. Изучение разнообразных мутантов штамма *Е. coli* K12 позволило составить наиболее полную генетическую карту бактериальной хромосомы. Культуры *E. coli* K12 используются в генной инженерии в качестве штаммов-носителей при передаче клонированных генов, контролирующих синтез интерферона, инсулина и ряда важных ферментов.



*Escherichia coli* K12 J62*Размер кадра 7,8 8,2 мкм2*

*Ниже представлена аминокислотная последовательность в fasta- формате*:

>sp|P02925|RBSB\_ECOLI D-ribose-binding periplasmic protein;

MNMKKLATLVSAVALSATVSANAMAKDTIALVVSTLNNPFFVSLKDGAQKEADKLGYNLVVLDSQNNPAKELANVQDLTVRGTKILLINPTDSDAVGNAVKMANQANIPVITLDRQATKGEVVSHIASDNVLGGKIAGDYIAKKAGEGAKVIELQGIAGTSAARERGEGFQQAVAAHKFNVLASQPADFDRIKGLNVMQNLLTAHPDVQAVFAQNDEMALGALRALQTAGKSDVMVVGFDGTPDGEKAVNDGKLAATIAQLPDQIGAKGVETADKVLKGEKVQAKYPVDLKLVVKQ

*Особенности в последовательности*.

Первые 25 аминокислотных остатков в последовательности *MNMKKLATLV SAVALSATVS ANAMA* выполняют сигнальную функцию и являются сигнальной последовательностью ( короткая от 3 до 60 аминокислот пептидная цепь, которая направляет посттрансляционный транспорт белка в соответствующую органеллу). После доставки белка к органелле сигнальный пептид может отщепляться под действием сигнальной протеазы. Сигнальные пептиды имеют характерные физико-химические свойства ( гидрофобный характер: Аланин, Валин, Лейцин; наличие положительного заряда: Лизин)

*Ниже приведена аннотация статьи из системы PubMed* .

*Название статьи:* [The amino acid sequence of D-ribose-binding protein from Escherichia coli K12.](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/6313683?ordinalpos=4&itool=EntrezSystem2.PEntrez.Pubmed.Pubmed_ResultsPanel.Pubmed_DefaultReportPanel.Pubmed_RVDocSum)

*Авторы*: Groarke JM, Mahoney WC, Hope JN, Furlong CE, Robb FT, Zalkin H, Hermodson MA.

*Название журнала:* J Biol Chem.

*Год выпуска, номер и страница*: 1983 Nov 10;258(21):12952-6.

*Аннотация на английском языке*:

The amino acid sequence of the D-ribose-binding protein from Escherichia coli K12 was determined from the DNA sequence of the gene. Protein sequence analyses covering 80% of the protein were consistent with the sequence deduced from the DNA. The mature binding protein has 271 amino acid residues and shows substantial homology to D-galactose-binding protein. A signal peptide sequence of 23 or 25 residues was also deduced from the DNA sequence. It shows the characteristic features of prokaryotic signal peptides.

*Перевод аннотации:*

Аминокислотная последовательность D-рибозы-связывающего белка из Escherichia coli K12 была установлена из последовательности ДНК гена. Исследования 80% последовательности белка были согласованны с последовательностью, полученной из ДНК. Связывающий белок имеет 271 аминокислотный остаток, он гомологичен D-галактозе-связывающему белку. Пептидная последовательность с 23 по 25 остаток, выполняющая сигнальную функцию, также была получена из последовательности ДНК. Она показывает характерные особенности сигнальных пептидов прокариот.

*Изображение третичной структуры белка в RasMol:*



Красный цвет: альфа-спирали

Желтый цвет: бета-тяжи

Синий цвет: бета-повороты

*Здесь приведены ссылки-идентификаторы на записи про мой белок в различных базах данных*:

UniProt: <http://www.uniprot.org/uniprot/P02925>

PDB: <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/1dbp/summary>

 <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/1ba2/summary>

 <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/1drj/summary>

 <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/1drk/summary>

 <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/1urp/summary>

 <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/2dri/summary>

 <http://www.ebi.ac.uk/pdbe-srv/view/entry/2gx6/summary>

EMBL:

<http://www.ebi.ac.uk/cgi-bin/emblfetch?style=html&id=K00511&Submit=Go>

<http://www.ebi.ac.uk/cgi-bin/emblfetch?style=html&id=M13169&Submit=Go>

*Здесь даны ссылки на статьи про мой белок*:

1)<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=pubmed&cmd=search&term=6313683>

2)<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=pubmed&cmd=search&term=16738553>

3)<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=pubmed&cmd=search&term=3011793>

4)<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=pubmed&cmd=search&term=3011794>

5)<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=pubmed&cmd=search&term=7982928>

*Ссылки на полные тексты статей*:

1)[The amino acid sequence of D-ribose-binding protein from Salmonella typhimurium ST1.](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/6415058?ordinalpos=1&itool=EntrezSystem2.PEntrez.Pubmed.Pubmed_ResultsPanel.Pubmed_DefaultReportPanel.Pubmed_RVDocSum)

 <http://www.jbc.org/cgi/reprint/258/21/12957>

2) [The amino acid sequence of D-ribose-binding protein from Escherichia coli K12.](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/6313683?ordinalpos=2&itool=EntrezSystem2.PEntrez.Pubmed.Pubmed_ResultsPanel.Pubmed_DefaultReportPanel.Pubmed_RVDocSum)

<http://www.jbc.org/cgi/reprint/258/21/12952>

3) [Secretion and processing of ribose-binding protein in Escherichia coli.](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7035438?ordinalpos=3&itool=EntrezSystem2.PEntrez.Pubmed.Pubmed_ResultsPanel.Pubmed_DefaultReportPanel.Pubmed_RVDocSum)

<http://jb.asm.org/cgi/reprint/149/2/789?view=long&pmid=7035438>

4) [Structural prediction of sugar-binding proteins functional in chemotaxis and transport.](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/6783660?ordinalpos=4&itool=EntrezSystem2.PEntrez.Pubmed.Pubmed_ResultsPanel.Pubmed_DefaultReportPanel.Pubmed_RVDocSum)

<http://www.jbc.org/cgi/reprint/256/9/4357>