**Задание d1: определение вторичной структуры**

1. Определение вторичной структуры одного из белков. Традиционно я выбрала 1W5D.

Использовала программу Stride.

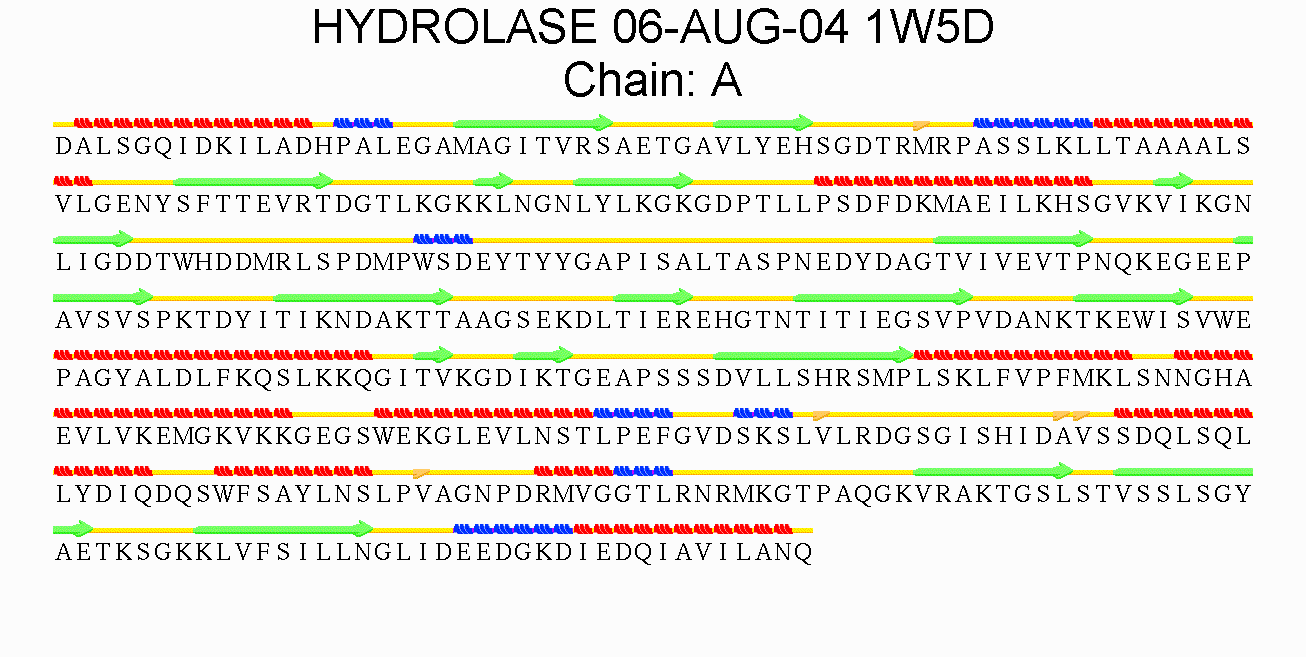


Рис. 1. Выдача программы Stride (соответственно красным изображены α-спирали, а зеленым β-тяжи).

Выдача программы: <http://webclu.bio.wzw.tum.de/cgi-bin/stride/stridecgi.py>

Выбрала 1-ю α-спираль, ее положение в Stride:6-17.В PDB:5-18.  
Т.е. Stride немного обрезает спираль, по сравнению с PDB.

На рис.2. приведено изображение данной спирали размера PDB, а золотым выделена только спираль, определенная Stride.

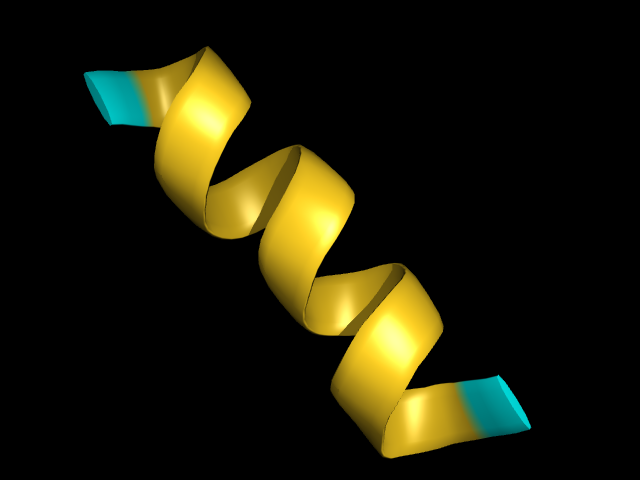


Рис.2.1-я α-спираль, комментарии в тексте.

Аналогично для первого β-листа:

в PDB 1-й лист состоит из 5 тяжей, с координатами 25-32, 432-440, 418-426, 408-415 и это полностью совпадает с выдачей Stride. Изображение β-листа приведено на рис.3.



Рис.3. 1-й β-лист

1. С помощью SheeP построила карту одного β –листа в структуре белка 1W5D и сопоставила с изображением этого листа

Ниже приведены изображения карты одного листа(рис.4) и изображение его же в структуре (с помощью Jmol). Синим цветом показала соответствие одного столбца на карте и хребта в β -листе.

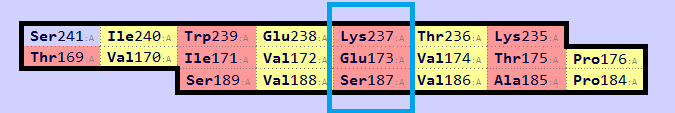


Рис.4. Карта одного β- листа

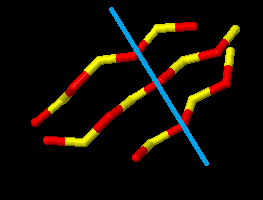


Рис.5. Изображение этого листа в Jmol

По-моему, желтые хребты обращены к гидрофобному ядру, что видно из рис.6.

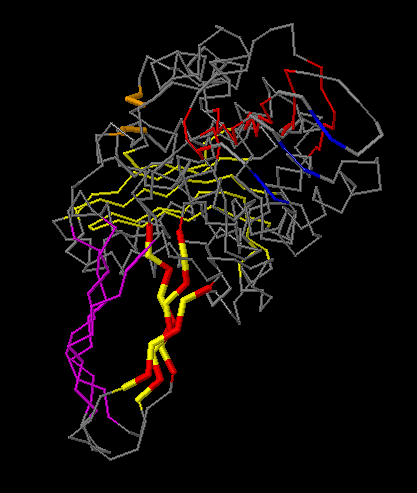


Рис.6. Структура 1W5D в Jmol