Таблица сравнения белка P21888 и белка P49589

(белок P49589 получен в результате запроса "Cysteinyl-tRNA")

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|   | Метка поля | Белок P21888 | Белок P49589 |
| Первый код доступа | AC | P21888; Q2MBQ3; | P49589; Q53XI8; Q9HD24; Q9HD25; |
| Идентификатор последовательности в БД | ID | SYC\_ECOLI | SYCC\_HUMAN |
| Название (краткое описание) белка | DE | RecName: Full=Cysteinyl-tRNA synthetase;EC=6.1.1.16;AltName: Full=Cysteine--tRNA ligase;Short=CysRS; | RecName: Full=Cysteinyl-tRNA synthetase, cytoplasmic;EC=6.1.1.16;AltName: Full=Cysteine--tRNA ligase;Short=CysRS; |
| Дата создания документа | DT | 01-MAY-1991 | 01-FEB-1996 |
| Дата последнего исправления аннотации | DT | 16-DEC-2008 | 20-JAN-2009 |
| Название организма | OS | Escherichia coli (strain K12) | Homo sapiens (Human) |
| Классификация организма (список таксонов) | OC | Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Escherichia.  | Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo.  |
| Длина последовательности | SQ | 461AA | 748AA |
| Молекулярная масса белка | SQ | 52202MW | 85473MW |
| Число публикаций, использованных при создании документа | RN | 8 | 7 |
| Журнал и год самой поздней публикации | RL | EMBO J. 21:2778-2787(2002) | Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 105:10762-10767(2008). |
| Описание вторичной структуры | FT | CHAIN 1 461 Cysteinyl-tRNA synthetase.FTId=PRO\_0000159394. MOTIF 30 40 "HIGH" region.MOTIF 266 270 "KMSKS" region. | CHAIN 1 748 Cysteinyl-tRNA synthetase, cytoplasmic./FTId=PRO\_0000159550.MOTIF 57 67 "HIGH" region.MOTIF 406 410 "KMSKS" region. |
| Ключевые слова | KW | 3D-структура; Аминоацил-тРНК синтетаза; АТФ-связывающая; Полный протеом; Цитоплазма; Прямая белковая последовательность; Лигаза; Металл-связывающая; Нуклеотид-связывающая; Протеиновый биосинтез; Цинк.  | Альтернативное сшивание; Аминоацил-тРНК синтетаза; АТФ-связывающая; Хромосомная перестройка; цитоплазма; Лигаза; Металл-связывающая Фосфопротеин; Нуклеотид-связывающая; Протеиновый биосинтез; Первичный онкоген; Цинк  |
| Темы, освещённые в комментариях | CC | Каталитическая активность: АТФ + L-цистеин + тРНК(Cys) = АМФ + дифосфат + L-цистеинил-тРНК(Cys)Кофактор: связывает 1 цинк ион в подразделения.Отдел: Мономер.Субклеточное расположение: Цитоплазма.Сходства: семейство-I аминоацил-тРНК синтетаз семейства. | Каталитическая активность: АТФ + L-цистеин + тРНК(Cys) = АМФ + дифосфат + L-цистеинил-тРНК(Cys)Кофактор: связывает 1 цинк ион в подразделения.Отдел: Мономер.Субклеточное расположение: Цитоплазма.Альтернативные продукты:Альтернативное сшивание; две изоформы,Болезни: хромосомное отклонение, затрагивающее CARS,связанное с возбуждающимифибробастическими новообразованиями (IMTs) изменение в щелочности.Сходство: семейство- аминоацил-тРНК синтетаз семейства.Предупреждение об ошибках в последовательности:Sequence=AAA73901.1; Type=Frameshift; Positions=619;WEB ресурсы: Name=Atlas of Genetics and Cytogenetics in Oncology and Haematology;URL="http://atlasgeneticsoncology.org/Genes/CARSID484.html"; |
| Особенности последовательности | FT | Цепь - одна, 461 аминокислота; цистеинил-тРНК синтетазаОбласть модификации - 30-40-й остаток и 266-270-й остаток;к остаткам под номерами 28, 209, 234,238 присоединён металл-лиганд - Zinc.Связывающий АТФ остаток 269, конфликт в районе 316 остатка-L -> V (in Ref. 1; CAA39691)-переход лейцина в валин.Бета -тяжи - 3-5,10-14,22-27,31-34,60-65,133-136,142-144,181-186,200-203,219-225,246-248,251-254,260-262,302-304,406-408,447-451,456-460.Виток-7-9,150-157,231-233,389-392.Альфа-спирали- 38-57,72-80,85-102,14-116,118-130,146-148,207-217,228-230,234-245,269-271,277-281,286-294,306-323,336-347,352-372,374-388,398-401,413-416,419-428,432-444 | Цепь - одна, 748 аминокислот; цистеинил-тРНК синтетаза, цитоплазматический.Область модификации - 57-67-й остаток и 406-410-й остаток;К остаткам под номерами 55, 348, 373,377 присоединён металл-лиганд - Zinc.Связывающий АТФ остаток 409.260 остаток-фосфотирозин,307 и 746 остаткифосфосерин. Варианты в последовательности с 705-748 остаткиGLPTHDMEGKELSKGQAKKLKKLFEAQEKLYKEYLQMAQNGSFQ->VSMVCPHMTWRAKSSAKGKPRS (in isoform2). |
| Идентификаторы записей PDB | DR | PDB; 1LI5; X-ray; 2.30 A; A/B=1-461. PDB; 1LI7; X-ray; 2.60 A; A/B=1-461. PDB; 1U0B; X-ray; 2.30 A; B=1-461.  | отсутствует |