

# Трансмембранные белки

В рамках данного практикума я выбрал белок с выданным мне идентификатором PDB 6ayf. Это Муколипин-3 (Mucolipin-3) человека. UniProt ID: MCLN3\_HUMAN. Располагается в мембранах эндосом. Регулирует перемещение и слияние эндосом, транспортирует  $Ca^{2+}$  из них в цитоплазму и участвует в процессе аутофагии.

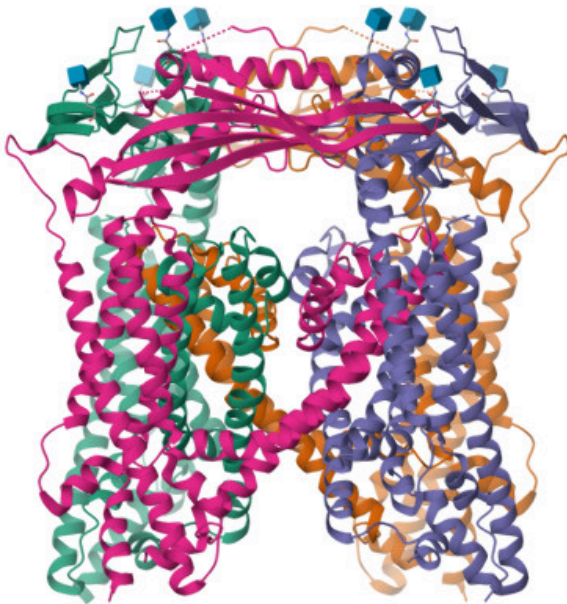


Рис. 1. Пространственная структура белка Mucolipin-2 из PDB.

**Координаты трансмембранных участков белка, приведенные в OPM:**

1( 62- 82), 2( 284- 308), 3( 340- 361), 4( 371- 393), 5( 411- 435), 6( 472- 501) (цепи A,B,C,D).

Далее я запустил DeepTMHMM для последовательности этого белка, взятой из PDB записи.

**Предсказанные координаты** трансмембранных участков:

6AYF_1_Chains	TMhelix	68	88
6AYF_1_Chains	TMhelix	291	313
6AYF_1_Chains	TMhelix	343	363
6AYF_1_Chains	TMhelix	375	397
6AYF_1_Chains	TMhelix	420	440
6AYF_1_Chains	TMhelix	478	502

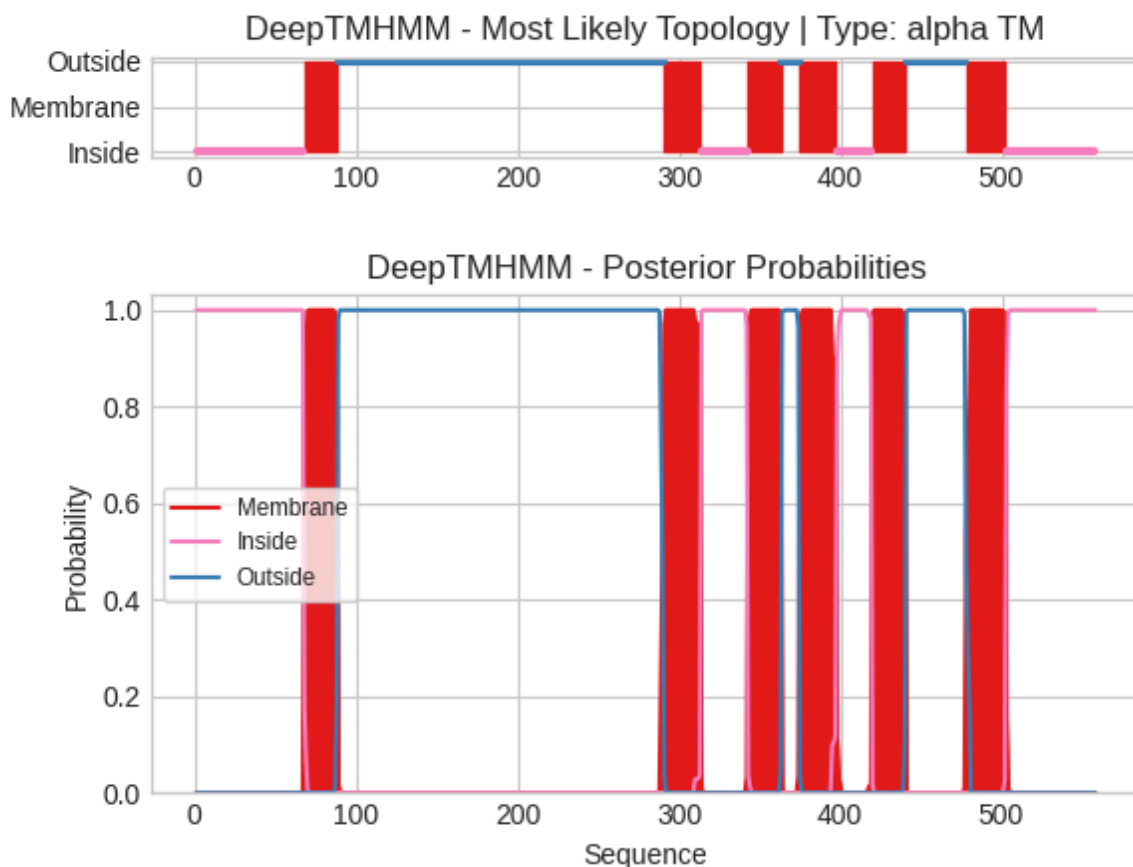


Рис. 2. Графическое изображение результатов DeepTMHMM. Верхний график показывает наиболее вероятную топологию белка, нижний – тоже отображает топологию, только добавляя поточечно вероятности нахождения аминокислот в данном положении (трансмембранно, снаружи и внутри от ЦПМ соответственно). Видно, что все пики достигают 1, что показывает максимальную уверенность в предсказанных результатах.

[Ссылка на выдачу в текстовом формате .gff3](#)

Сравним, насколько совпадают результаты, полученные двумя методами.

- 1) Трансмембранных участков, полностью “не замеченных” одной из программ нет.
- 2) Для всех участков предсказания перекрываются.
- 3) Тем не менее, координаты отличаются. Это может быть связано с тем, что алгоритм работы DeepTMHMM предсказывает трансмембранные

участки исключительно по последовательности. Не учитывая такие параметры, как, например, наклон белковых цепей в пространстве, программа не совсем верно интерпретирует границы трансмембранных участков. Алгоритм работы ОРМ же структуру учитывает. Однако для данного белка различия оказались несущественными.