Задание 1: качество расшифровки

В данном задании было необходимо посмотреть на карты электронной плотности различного качества для одного и того же белка -- химотрипсина. Химотрипсин является сериновой протеазой панкреатического сока и участвует в процессе Ерасщепления белков, гидролизуя связи перед крупными гидрофобными аминокислотами (фенилаланин, тирозин, триптофан). Как и многие другие ферменты панкреатического сока, химотрипсин синтезируется в неактивном виде (химотрипсиноген), который активируется трипсином. В результате активации происходит расщепление пептидной связи между 15 и 16 аминокислотами, что приводит к формированию карманов активного центра. Химотрипсин способен также активировать химотрипсиноген, внося разрывы между остатками 14-15, 146-147 и 148-149.

Рассмотрим две кристаллографические расшифровки *а*-химотрипсина. Крупных различий между белковыми структурами, связанных с качеством полученных моделей, не наблюдается, однако в структурах немного различается положение белковых остовов и некоторых боковых групп аминокислот.



Обусловлены ли эти различия именно качеством полученных расшифровок? Посмотрим на карту электронной плотности на этом остатке.



Для данного аминокислотного остатка мы не наблюдаем хорошего разрешения электронной плотности ни на одной из структур, что может отражать высокую подвижность данной боковой цепи. Видимо, такое разное положение цепи в двух структурах не связано со средним качеством расшифровки белка.

Также стоит отметить, что в структуре 5R43 мы наблюдаем два разрыва белковой цепи.



Стоит отметить, что один из них располагается непосредственно между аминокислотными остатками 145 и 149 и, скорее всего, является не следствием





Рисунок 4: Карта электронной плотности вокруг остова аминокислотных остатков 145-149. Розовым цветом показана электронная плотность из структуры 1GL0, электронная плотность для структуры 5R43 на данном участке не отображается для любого уровня подрезки и сагve. Уровень подрезки -- 0.5, сагve -- 1.5.

Стоит отметить, что в случае протеолитического расщепления мы ожидали бы увидеть аминокислотный остаток 146, однако в структуре 5R43 он не отображен. Это может быть связано с плохим качеством расшифровки данного участка, что может быть в свою очередь обусловлено высокой подвижностью данных аминокислот в отличие от фермента, в котором данное протеолитическое расщепление не происходит (1GL0). В данном случае почти все атомы остова покрыты электронной плотностью.

Оценим качество расшифровки исходя их карты распределения электронной плотности остова молекулы на участке 35-38.



В структуре 5R43 каждый атом белкового остова покрыт участками электронной плотности, которая имеет вид оформленных сфер.



В данной структуре электронная плотности также покрывает все атомы остова, но является очень "размазанной" и не концентрируется вокруг атомов.

Это позволяет сказать, что структура 5R43 является более хорошо разрешенной в целом по сравнению со структурой 1GL0 (предполагаемое качество для 1GL0: ~3Å, для 5R43: <1.5Å), однако качество расшифровки отдельных участков в структуре 5R43 либо совпадает с качеством расшифровки 1GL0, либо имеет худшее качество.

Разрешение для 5R43: 1.00Å Разрешение для 1GL0: 3.00Å

Разрешения совпадают с нашими предположениями.

Задание 2: Электронная плотность и положение в структуре

В дальнейшем было необходимо установить, связано ли качество расшифровки отдельных групп белкового остова с их "положением" в белковой структуре.



Уровень подрезки -- 0.5, carve -- 1.5.







Рисунок 9: Карта электронной плотности белкового остова для структуры 7АХС. Уровень подрезки -- 3, carve -- 1.5.



Уровень подрезки -- 4, carve -- 1.5.

В первую очередь стоит отметить, что при увеличении уровня обрезки электронная плотность начинает "пропадать" с концевых участков молекулы, что можно объяснить их более высокой гибкостью по сравнению с элементами вторичных структур. Также стоит отметить, что наиболее четко электронная плотность определяется вокруг пептидной связи (наиболее хорошо это наблюдается на уровне подрезки 4), что, вероятно, объясняется ее жесткостью.





в более стабильных участках вторичной структуры, в данном случае -- *α*-спиралях, петли между ними разрешены хуже.

Задание 3: Электронная плотность и типы атомов

В данном задании было необходимо проанализировать связь качества разрешения с типами атомов в структуре на примере лиганда, связанного с белковой молекулой.





Стоит отметить, что даже на уровне обрезки 1.0 не вся молекула лиганда покрыта электронной плотностью: непокрытыми остаются метильная группа и ОН-группа у бензольного кольца. При увеличении уровня обрезки, электронная плотность сохраняется рядом со стабильными "плоскими" группами: бензольным кольцом и сложноэфирной связью, а также на атоме углерода кольца, связанном с ОН-группой. Эти наблюдения позволяют предположить, что электронная плотность различима лучше на "тяжелых