Задание

1. Дан PDB идентификатор белка 2MG3. Найти последовательность в формате FASTA. Определить консервативные участки (аминокислотные остатки): для этого использовать сервер ConSurf (<http://consurf.tau.ac.il/2016/>) (можно запустить с параметрами по умолчанию). Вкладка «Amino Acid Conservation Scores, Confidence Intervals and Conservation Colors» в результатах будет содержать информацию о консервативных аминокислотных остатках. Загрузить структуру белка в Pymol. Отобразить структуру как элементы вторичной структуры, выделить другим цветом и отобразить в другом виде консервативные аминокислотные остатки (чтобы явно отличались от остальной структуры).

2. Найти в PDB комплексы, содержащие этот белок (несколько комплексов). Загрузить в Pymol эти комлексы и посмотреть участки связывания данного белка с другими элементами (например, с другим белком). Сравнить эти области с консервативными участками: располагаются ли они рядом в структуре, есть ли общие аминокислотные остатки?