

Краткие выводы

В результате предсказания третичных структур белка с использованием методов **AlphaFold2** и **RoseTTAFold2** были получены две модели, демонстрирующие высокую степень пространственного сходства. Парное структурное выравнивание методом **jCE-CP** показало хорошее наложение основной укладки белка и совпадение большинства вторичных структурных элементов. Основные различия между моделями наблюдаются в гибких петлевых областях и на концах цепи. В целом, результаты свидетельствуют о согласованности предсказаний двух независимых алгоритмов.