

Лекция 8

Структурная биоинформатика

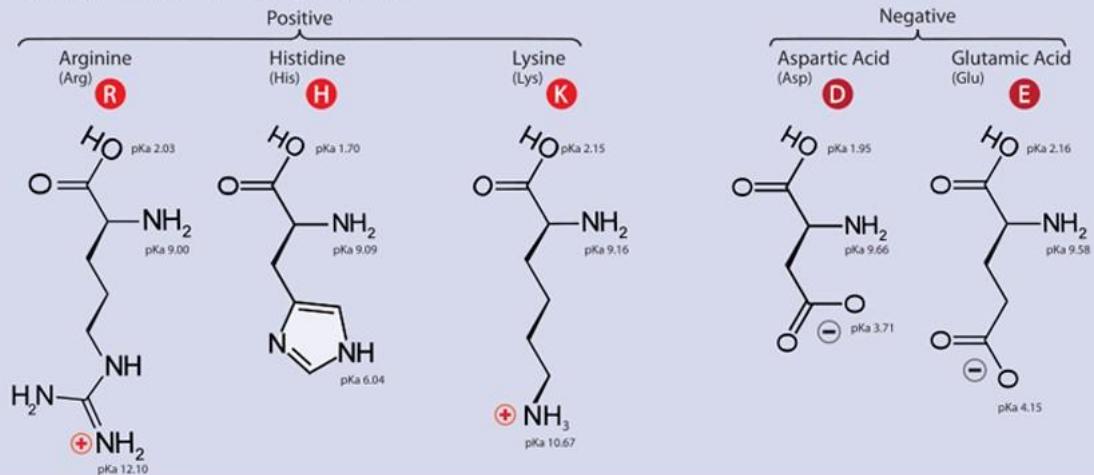
апрель 2018

Структура аминокислот

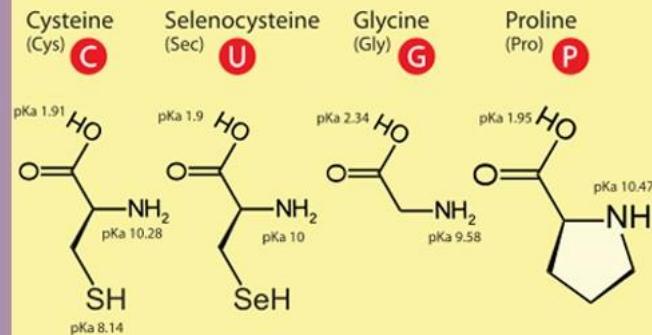
Twenty-One Amino Acids

⊕ Positive ⊖ Negative
• Side chain charge at physiological pH 7.4

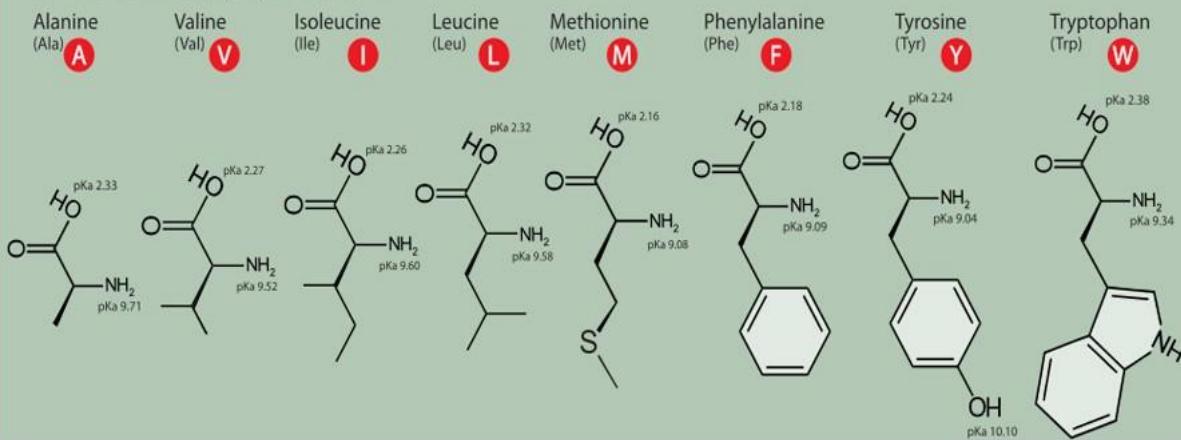
A. Amino Acids with Electrically Charged Side Chains



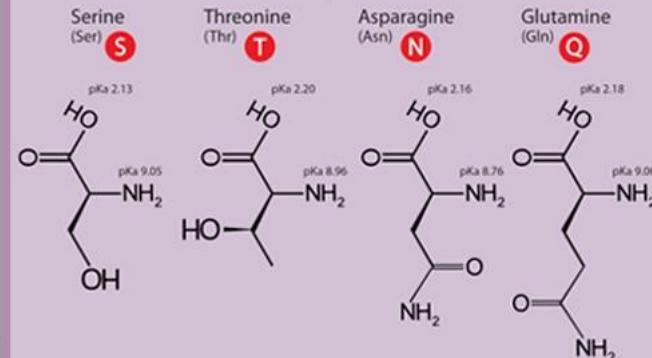
C. Special Cases



D. Amino Acids with Hydrophobic Side Chain



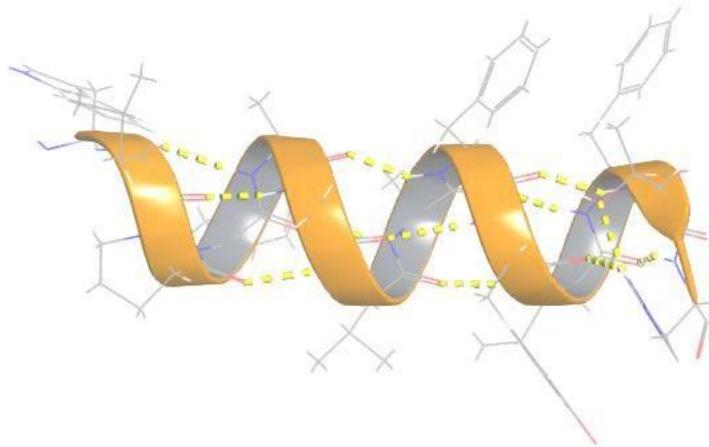
B. Amino Acids with Polar Uncharged Side Chains



Структурная организация белков



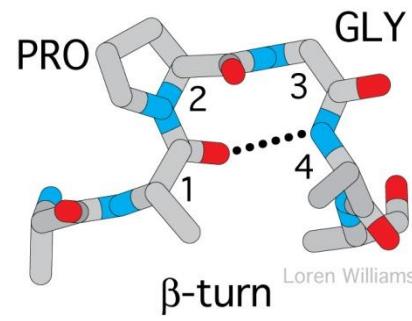
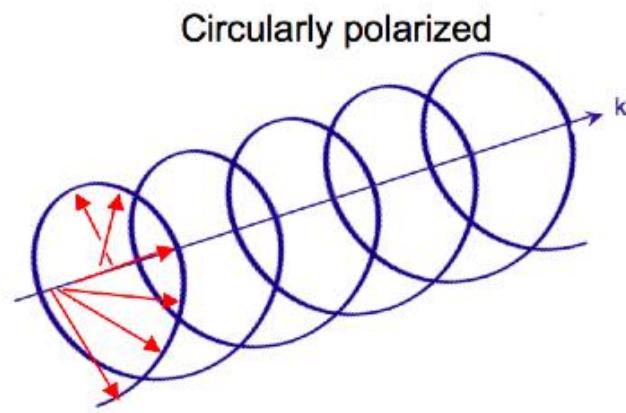
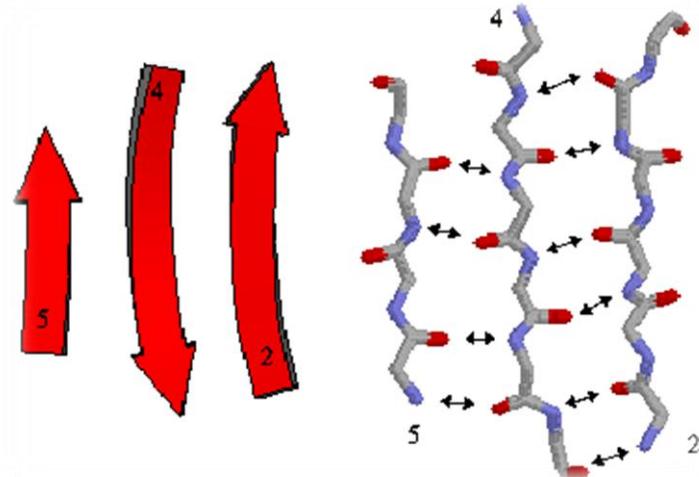
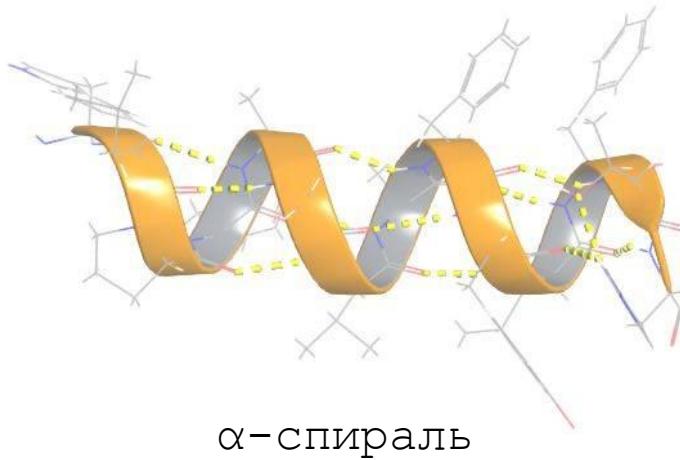
...FYV**PFS**NKT...



...WLPY**A**GVA**FYIFTH**...



Типы вторичной структуры белков



Экспериментальный метод изучения
вторичной структуры – спектроскопия
кругового диахроизма

поворот

Структурные базы данных

RCSB PDB
PROTEIN DATA BANK

A MEMBER OF THE  **PDB**

An Information Portal to Biological Macromolecular Structures
As of **Tuesday Oct 12, 2010 at 5 PM PDT** there are **68562** Structures | [PDB Statistics](#)

Contact Us | Print | PDB ID or Text | Search | [Advanced Search](#)

Customize This Page

MyPDB Hide
Login to your Account
Register a New Account

Home Hide
News & Publications
Usage/Reference Policies
Deposition Policies
Website FAQ
Deposition FAQ
Contact Us
About Us
Careers
External Links
Sitemap
New Website Features

Deposition Hide
All Deposit Services
Electron Microscopy
X-ray | NMR
Validation Server
BioSync Beamline
Related Tools

Search Hide

A Resource for Studying Biological Macromolecules

The PDB archive contains information about experimentally-determined structures of proteins, nucleic acids, and complex assemblies. As a member of the [wwPDB](#), the RCSB PDB curates and annotates PDB data according to agreed upon standards.

The RCSB PDB also provides a variety of tools and resources. Users can perform simple and advanced searches based on annotations relating to sequence, structure and function. These molecules are visualized, downloaded, and analyzed by users who range from students to specialized scientists.

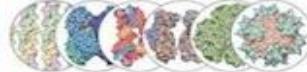
[Hide Welcome Message](#)

Featured Molecules (MotM Category View / Previous Features: MotM | PSI) Hide

Structural View of Biology  Protein Synthesis 

Molecule of the Month:
Riboswitches
Why use two or more molecules when one

New Features Hide
Improved Domain Display on Sequence Tab
Latest features released:
Website Release Archive:

RCSB PDB News Hide
Weekly | Quarterly | Yearly
2010-10-12
Categorized View of Molecule of the Month

Explore new **Molecule of the Month** feature categories.

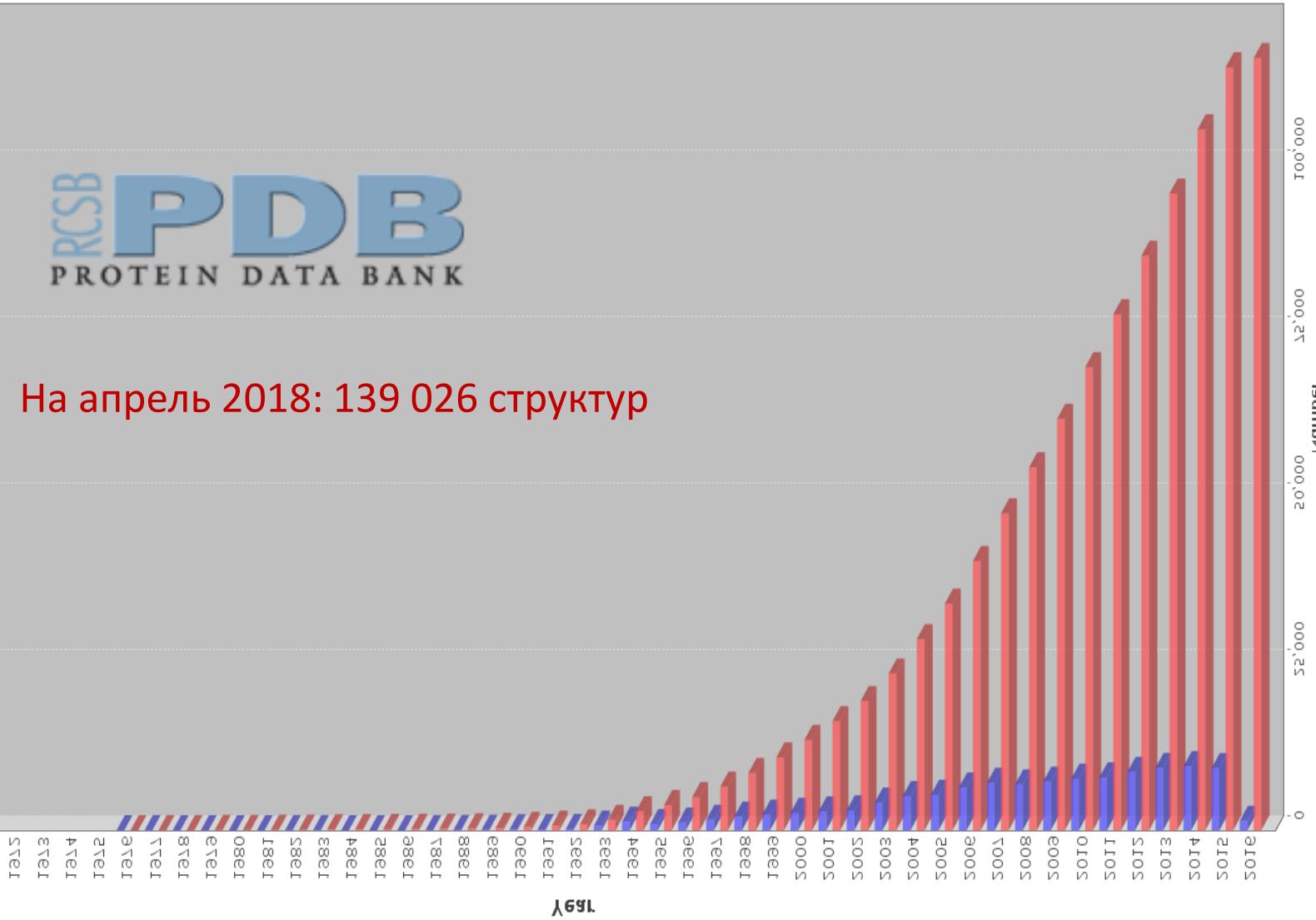
- Latest Website Release
- Poster Prize Awarded at ECM
- Analyze small molecule interactions in the PDB with

PDB – содержит информацию об экспериментально определенных структурах белков, нуклеиновых кислот и различных комплексов.

Структурные базы данных



На апрель 2018: 139 026 структур



Структурные базы данных

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLMAMMONIUM IN HIGH K

MyPDB Hide
Login to your Account
Register a New Account

Home Hide
News & Publications
Usage/Reference Policies
Deposition Policies
Website FAQ
Deposition FAQ
Contact Us
About Us
Careers
External Links
Sitemap
New Website Features

Deposition Hide
All Deposit Services
Electron Microscopy
X-ray | NMR
Validation Server
BioSync Beamline
Related Tools

Search Hide
Advanced Search
Latest Release
New Structure Papers
Sequence Search
Chemical Components
Unreleased Entries
Browse Database

Summary Sequence Derived Data Seq. Similarity 3D Similarity Literature Biol. & Chem. Methods Geometry Links

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLMAMMONIUM IN HIGH K

DOI: 10.2210/pdb2jk5/pdb

Primary Citation

Structure of a Potassium Channel in Complex with Symmetrical Quaternary Ammonium Compounds Reveals a Novel Hydrophobic Binding Site

Lenaeus, M.J., Focia, P.J., Wagner, T., Gross, A.

Journal: To be Published

Not in PubMed

Molecular Description Hide

Classification: Immune System/metal Transport

Structure Weight: 61280.07

Molecule: ANTIBODY FAB FRAGMENT LIGHT CHAIN
Polymer: 1 **Type:** polypeptide(L) **Length:** 219
Chains: A

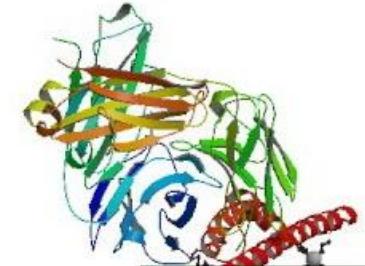
Molecule: ANTIBODY FAB FRAGMENT HEAVY CHAIN
Polymer: 2 **Type:** polypeptide(L) **Length:** 212
Chains: B

Molecule: VOLTAGE-GATED POTASSIUM CHANNEL
Polymer: 3 **Type:** polypeptide(L) **Length:** 124
Chains: C

2JK5

Display Files
Download Files
Print this Page
Share this Page

Biological Assembly



Biological Assembly Image for 2JK5

More Images...

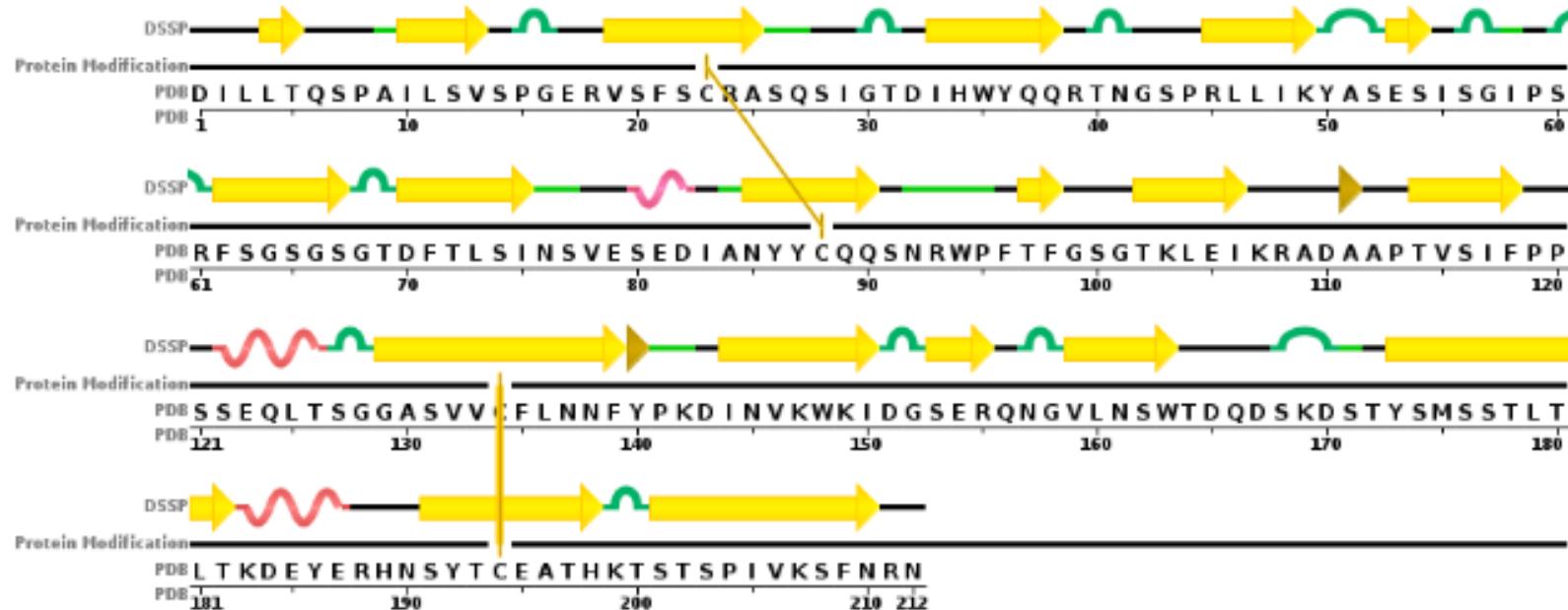
View in Jmol SimpleViewer
Other Viewers Protein Workshop

Biological assembly generated by PISA (software)

Структурные базы данных

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLMAMMONIUM IN HIGH K

Sequence Chain View



Protein Modification Legend

L-cystine

DSSP Legend

empty: no secondary structure assigned

B: beta bridge

S: bend

T: turn

E: beta strand

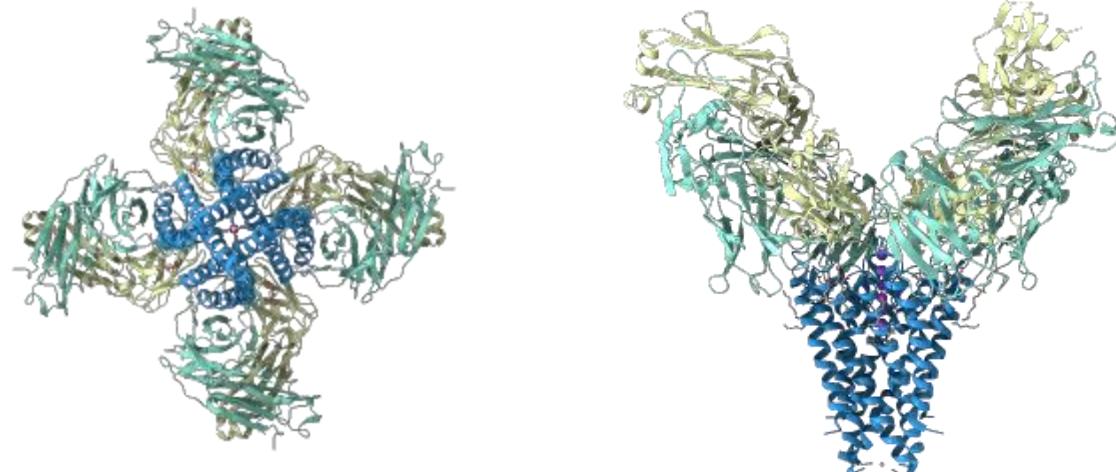
G: 3/10-helix

H: alpha helix

Структурные базы данных

POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLMAMMONIUM IN HIGH K

Sequence Chain View



Структурные файлы. *pdb

```
HEADER      IMMUNE SYSTEM/METAL TRANSPORT          15-AUG-08    2JK5
TITLE      POTASSIUM CHANNEL KCSA IN COMPLEX WITH TETRABUTYLLAMMONIUM
TITLE      2 IN HIGH K
COMPND     MOL_ID: 1;
COMPND     2 MOLECULE: ANTIBODY FAB FRAGMENT LIGHT CHAIN;
COMPND     3 CHAIN: A;
COMPND     4 ENGINEERED: YES;
COMPND     5 MOL_ID: 2;

...
KEYWDS    IMMUNE SYSTEM METAL TRANSPORT COMPLEX, QUATERNARY AMMONIUM,
...
EXPDTA    X-RAY DIFFRACTION
AUTHOR    M.J.LENAEUS, P.J.FOCIA, T.WAGNER, A.GROSS
REVDAT    1 17-NOV-09 2JK5      0
JRNL       AUTH    M.J.LENAEUS, P.J.FOCIA, T.WAGNER, A.GROSS
JRNL       TITL   STRUCTURE OF A POTASSIUM CHANNEL IN COMPLEX WITH
JRNL       TITL   2 SYMMETRICAL QUATERNARY AMMONIUM COMPOUNDS REVEALS
JRNL       TITL   3 A NOVEL HYDROPHOBIC BINDING SITE
JRNL       REF    TO BE PUBLISHED
JRNL       REFN
REMARK    2
REMARK    2 RESOLUTION.    2.4 ANGSTROMS .
REMARK    3
REMARK    3 REFINEMENT.
REMARK    3 PROGRAM       : REFMAC 5.5.0051
...
```

Структурные файлы. *pdb

...

REMARK 465

REMARK 465 MISSING RESIDUES

REMARK 465 THE FOLLOWING RESIDUES WERE NOT LOCATED IN THE

REMARK 465 EXPERIMENT. (M=MODEL NUMBER; RES=RESIDUE NAME; C=CHAIN

REMARK 465 IDENTIFIER; SSSEQ=SEQUENCE NUMBER; I=INSERTION CODE.)

REMARK 465

REMARK 465 M RES C SSSEQI

REMARK 465 MET C 1

REMARK 465 PRO C 2

...

REMARK 470

REMARK 470 MISSING ATOM

REMARK 470 THE FOLLOWING RESIDUES HAVE MISSING ATOMS (M=MODEL NUMBER;

REMARK 470 RES=RESIDUE NAME; C=CHAIN IDENTIFIER; SSEQ=SEQUENCE NUMBER;

REMARK 470 I=INSERTION CODE):

REMARK 470 M RES CSSEQI ATOMS

REMARK 470 LYS A 23 CG CD CE NZ

REMARK 470 LYS A 63 CE NZ

...

SEQRES 1 A 219 GLN VAL GLN LEU GLN GLN PRO GLY ALA GLU LEU VAL LYS

SEQRES 2 A 219 PRO GLY ALA SER VAL LYS LEU SER CYS LYS ALA SER GLY

...

HET F09 C1131 10

...

HETNAM F09 NONAN-1-OL

...

Структурные файлы. *pdb

...

HELIX	1	1	THR	A	87	SER	A	91	5	5
-------	---	---	-----	---	----	-----	---	----	---	---

...

HELIX	10	10	THR	C	85	GLY	C	123	1	39
-------	----	----	-----	---	----	-----	---	-----	---	----

SHEET	1	AA	4	LEU	A	4	GLN	A	5	0
-------	---	----	---	-----	---	---	-----	---	---	---

...

SHEET	4	BE	4	SER	B	201	ASN	B	210	-1	O	SER	B	201	N	HIS	B	198
-------	---	----	---	-----	---	-----	-----	---	-----	----	---	-----	---	-----	---	-----	---	-----

SSBOND	1	CYS	A	22		CYS	A	96							1555	1555	2.07
--------	---	-----	---	----	--	-----	---	----	--	--	--	--	--	--	------	------	------

...

ATOM	22	CG	AGLN	A	3	-30.506	25.807	16.125	0.50	43.30	C
ATOM	23	CD	AGLN	A	3	-29.018	25.546	15.959	0.50	43.01	C
ATOM	24	OE1AGLN	A	3	-28.187	26.374	16.332	0.50	43.76	O	
ATOM	25	NE2AGLN	A	3	-28.675	24.391	15.403	0.50	41.73	N	
ATOM	26	N	BGLN	A	3	-33.005	25.819	17.852	0.50	45.16	N
ATOM	27	CA	BGLN	A	3	-32.788	24.834	16.796	0.50	44.25	C
ATOM	28	C	BGLN	A	3	-33.529	23.510	17.024	0.50	43.75	C

...

HETATM	4140	C1	F09	C1131		-21.017	-3.092	-1.563	1.00	60.56	C
HETATM	4141	C2	F09	C1131		-21.015	-1.597	-1.357	1.00	60.40	C

...

CONECT	4140	4141								
CONECT	4141	4140	4142							

...

MASTER	520	0	11	10	47	0	10	6	4420	3	101	44
END												

Структурные файлы. *pdb

Descriptor

Conformation index

Atom element

Atom number

Atom name

Residue name

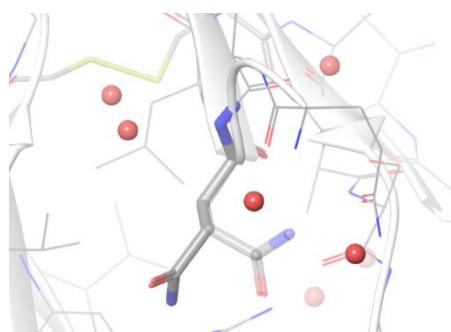
Chain name

Beta-factor

Occupancy

Residue number

ATOM	22	CG	AGLN	A	3	-30.506	25.807	16.125	0.50	43.30	C
ATOM	23	CD	AGLN	A	3	-29.018	25.546	15.959	0.50	43.01	C
ATOM	24	OE1	AGLN	A	3	-28.187	26.374	16.332	0.50	43.76	O
ATOM	25	NE2	AGLN	A	3	-28.675	24.391	15.403	0.50	41.73	N
ATOM	26	N	BGLN	A	3	-33.005	25.819	17.852	0.50	45.16	N
ATOM	27	CA	BGLN	A	3	-32.788	24.834	16.796	0.50	44.25	C
ATOM	28	C	BGLN	A	3	-33.529	23.510	17.024	0.50	43.75	C
...											
HETATM	4140	C1	F09	C1131		-21.017	-3.092	-1.563	1.00	60.56	C
HETATM	4141	C2	F09	C1131		-21.015	-1.597	-1.357	1.00	60.40	C
...											



X

Y

Z

coordinates in Å

Задание поворота в пространстве

Матрица поворота:

$$M_x(\alpha) = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & \cos \alpha & -\sin \alpha \\ 0 & \sin \alpha & \cos \alpha \end{pmatrix}$$

$$M_y(\alpha) = \begin{pmatrix} \cos \alpha & 0 & \sin \alpha \\ 0 & 1 & 0 \\ -\sin \alpha & 0 & \cos \alpha \end{pmatrix}$$

$$M_z(\alpha) = \begin{pmatrix} \cos \alpha & -\sin \alpha & 0 \\ \sin \alpha & \cos \alpha & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

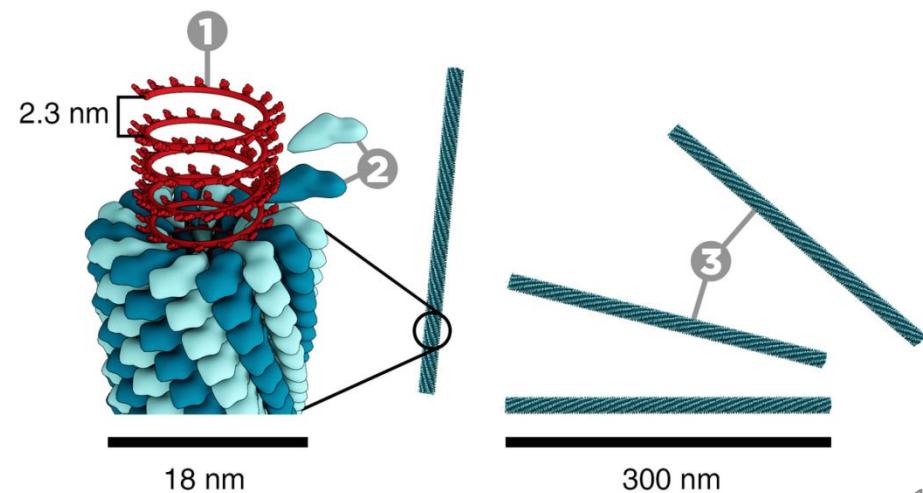
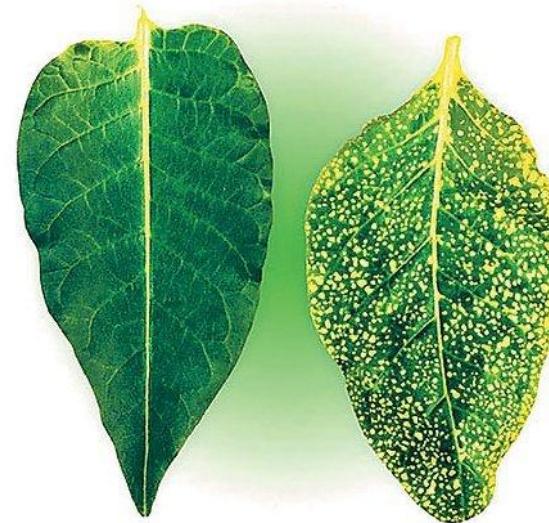
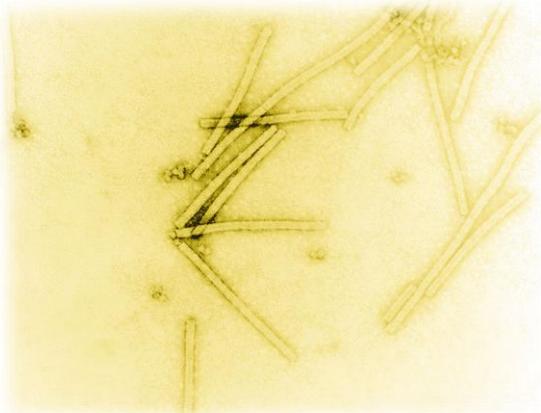
Любое вращение в трехмерном пространстве может быть представлено как композиция поворотов вокруг трех ортогональных осей.

Недостатки: 1) громоздкость вычислений
2) неустойчивость вычислений (ошибки округления)

Вирус табачной мозаики



Д.И. Ивановский
(1864 — 1920)



Вирус табачной мозаики

REMARK 350 COORDINATES FOR A COMPLETE MULTIMER REPRESENTING THE KNOWN
 REMARK 350 BIOLOGICALLY SIGNIFICANT OLIGOMERIZATION STATE OF THE
 REMARK 350 MOLECULE CAN BE GENERATED BY APPLYING BIOMT TRANSFORMATIONS
 REMARK 350 GIVEN BELOW. BOTH NON-CRYSTALLOGRAPHIC AND
 REMARK 350 CRYSTALLOGRAPHIC OPERATIONS ARE GIVEN.

REMARK 350

REMARK 350 BIOMOLECULE: 1

REMARK 350 APPLY THE FOLLOWING TO CHAINS: A, R

REMARK 350 BIOMT1 1 1.000000 0.000000 0.000000

матрица поворота

REMARK 350 BIOMT2 1 0.000000 1.000000 -0.000000

вектор переноса

REMARK 350 BIOMT3 1 0.000000 -0.000000 1.000000

0.00000

REMARK 350 BIOMT1 2 0.923478 -0.383651 0.000000

0.00000

REMARK 350 BIOMT2 2 0.383651 0.923478 -0.000000

0.00000

REMARK 350 BIOMT3 2 0.000000 -0.000000 1.000000

-0.00000

...

REMARK 350 BIOMT1 49 0.926988 0.375092 0.000000

-0.00000

REMARK 350 BIOMT2 49 -0.375092 0.926988 -0.000000

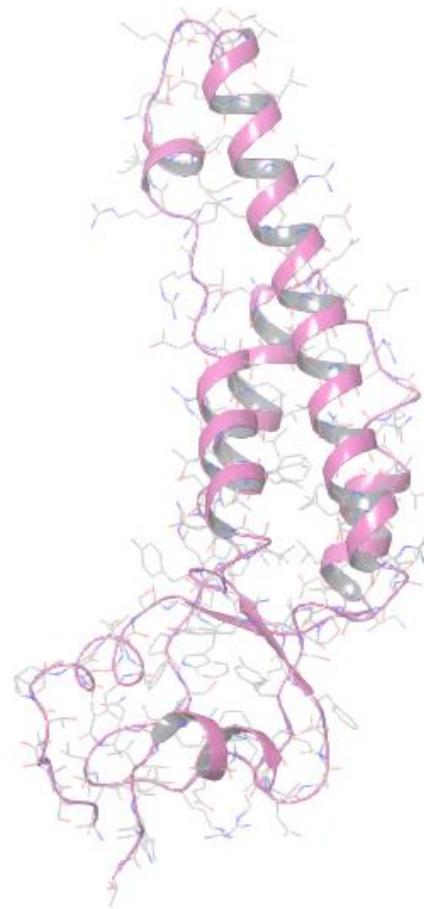
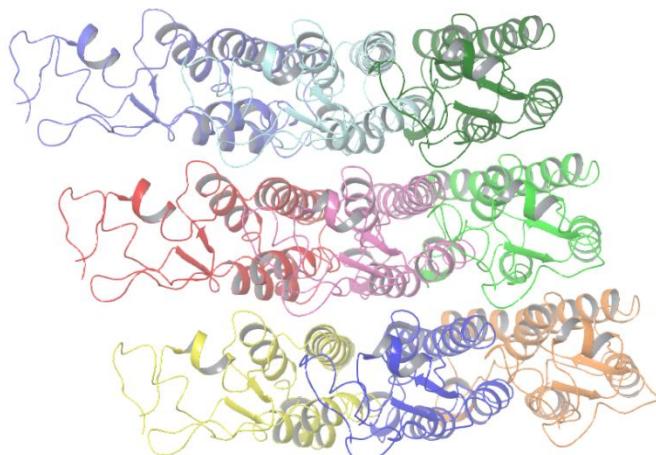
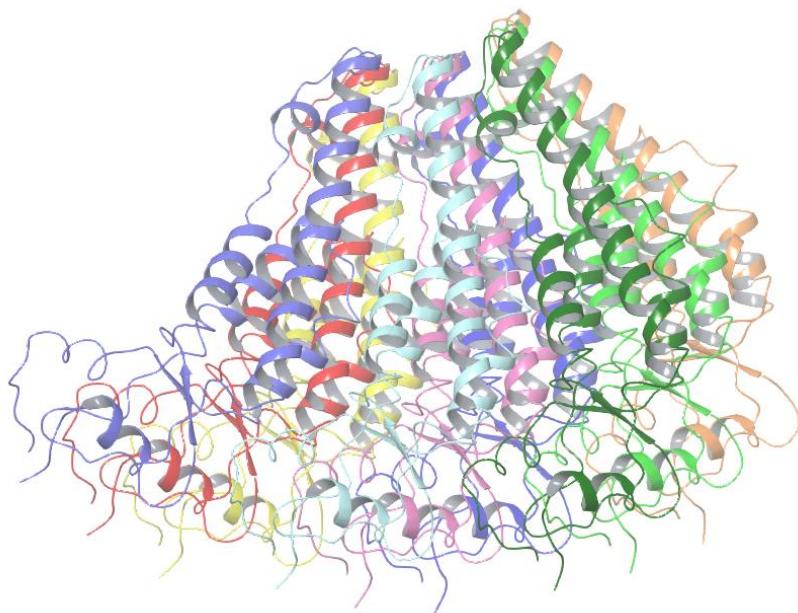
0.00000

REMARK 350 BIOMT3 49 0.000000 -0.000000 1.000000

-1.40800

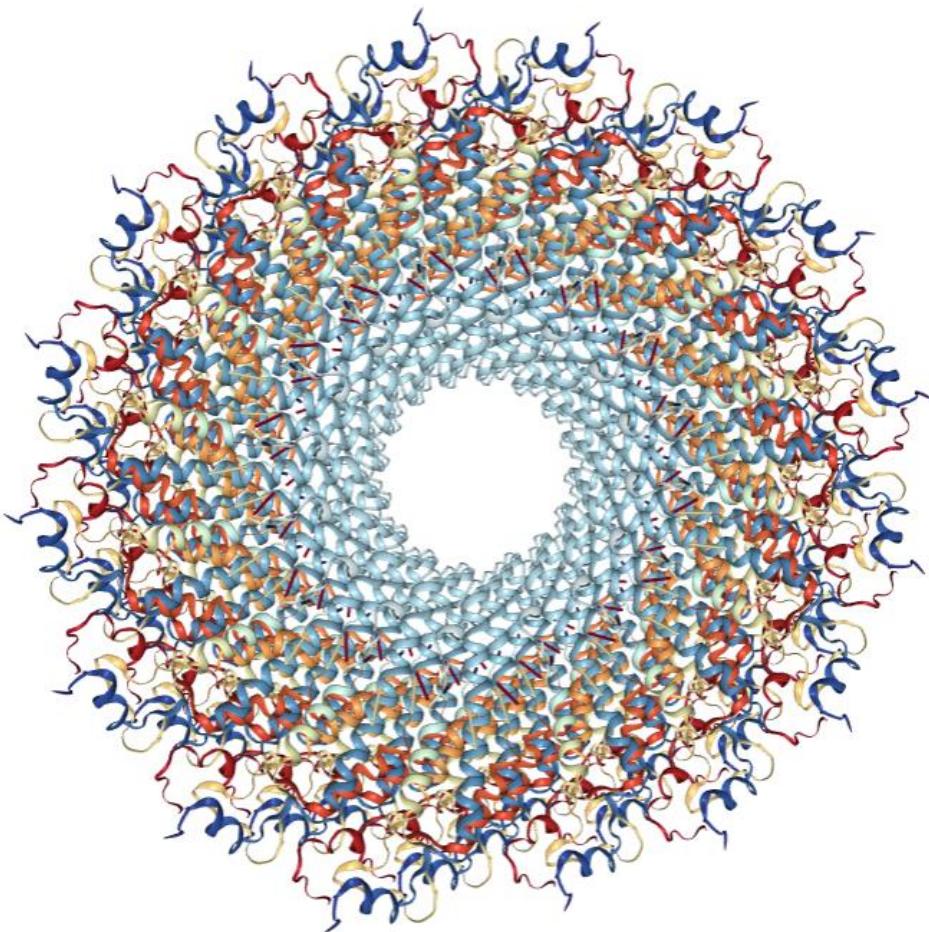
$$\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \\ z_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} BIOMT1_{2x} & BIOMT1_{2y} & BIOMT1_{2z} \\ BIOMT2_{2x} & BIOMT2_{2y} & BIOMT2_{2z} \\ BIOMT3_{2x} & BIOMT3_{2y} & BIOMT3_{2z} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \\ z_1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} BIOMT1_{2s} \\ BIOMT2_{2s} \\ BIOMT3_{2s} \end{pmatrix}$$

Вирус табачной мозаики

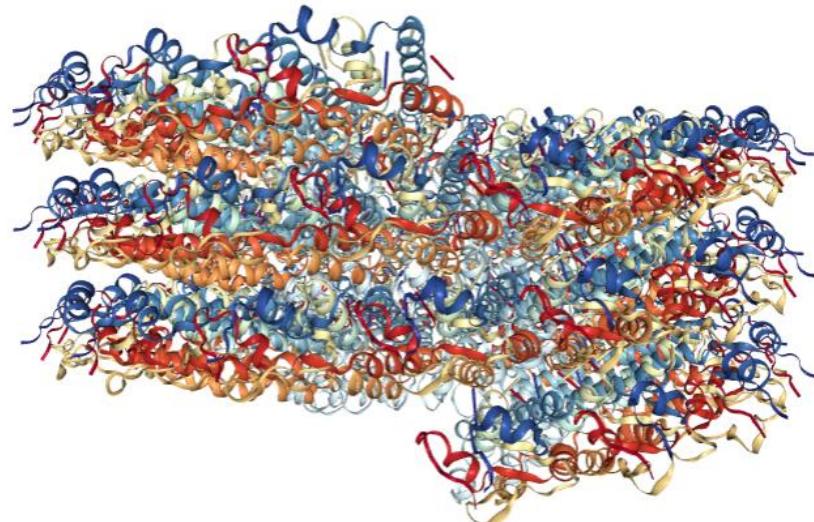


(pdb-код 4udv)

Вирус табачной мозаики

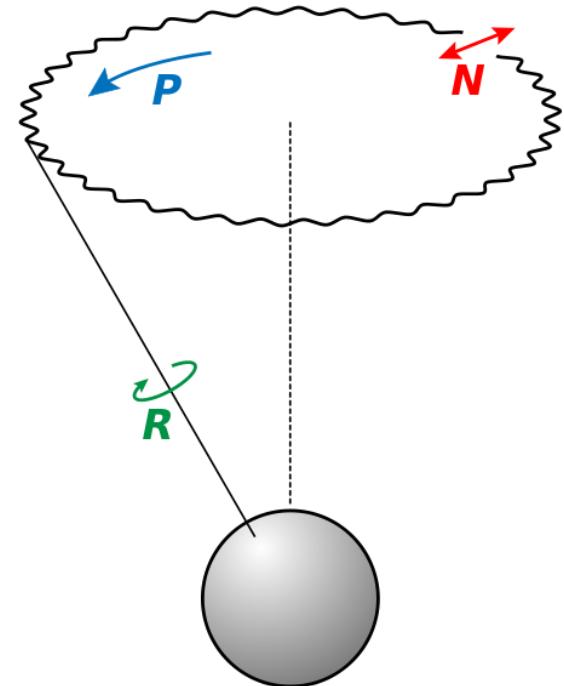
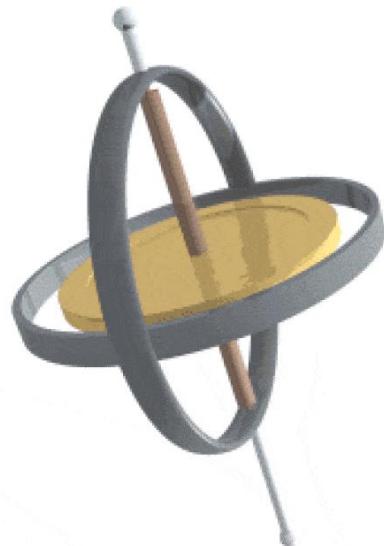


(pdb-код 4udv)



Задание поворота в пространстве

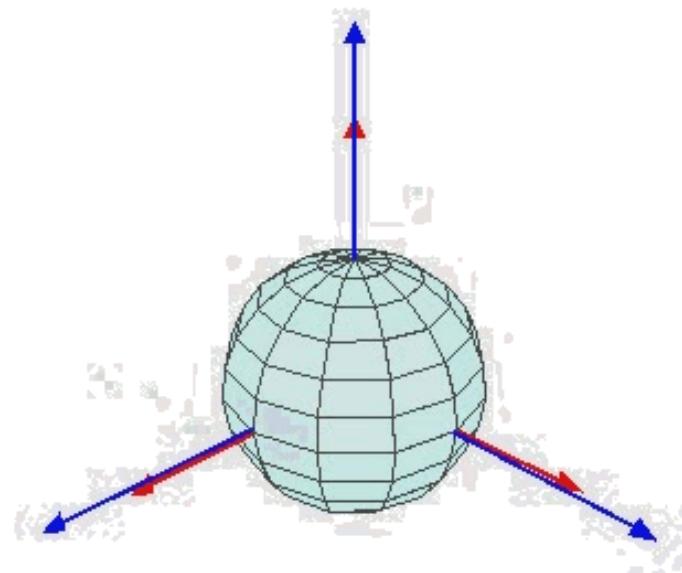
Гироскоп: прецессия, нутация и собственное вращение



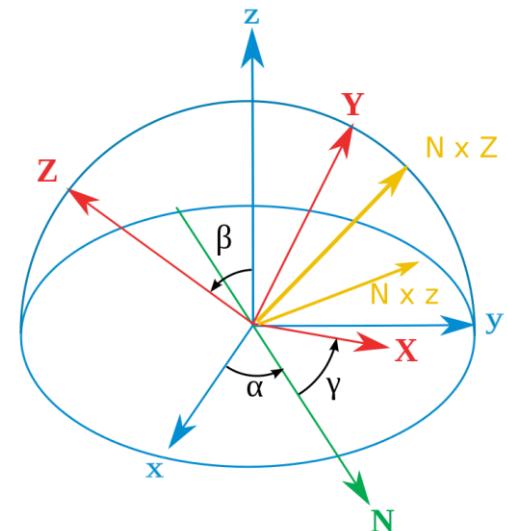
<https://www.youtube.com/watch?v=kgcM7MmBj40>

Задание поворота в пространстве

Прецессия гироскопа:



x, y, z – исходные оси



X, Y, Z – конечные оси

N – линия узлов

Задание поворота в пространстве

Углы Эйлера (1776):

x, y, z – исходные оси

X, Y, Z – конечные оси

Угол α между **осью** x и **линией узлов** — угол прецессии
(поворот вокруг **оси** z).

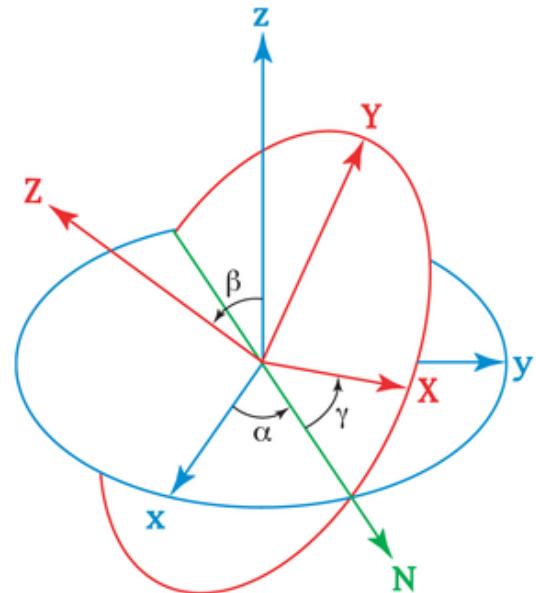
Угол β между **осями** z и z' — угол нутации
(поворот вокруг **оси** $x' =$ **линии узлов**).

Угол γ между **осью** x' и **линией узлов** — угол
собственного вращения
(поворот вокруг **оси** $z''=Z$).

Такие повороты **некоммутативны** и конечное положение системы зависит от порядка, в котором совершаются повороты.

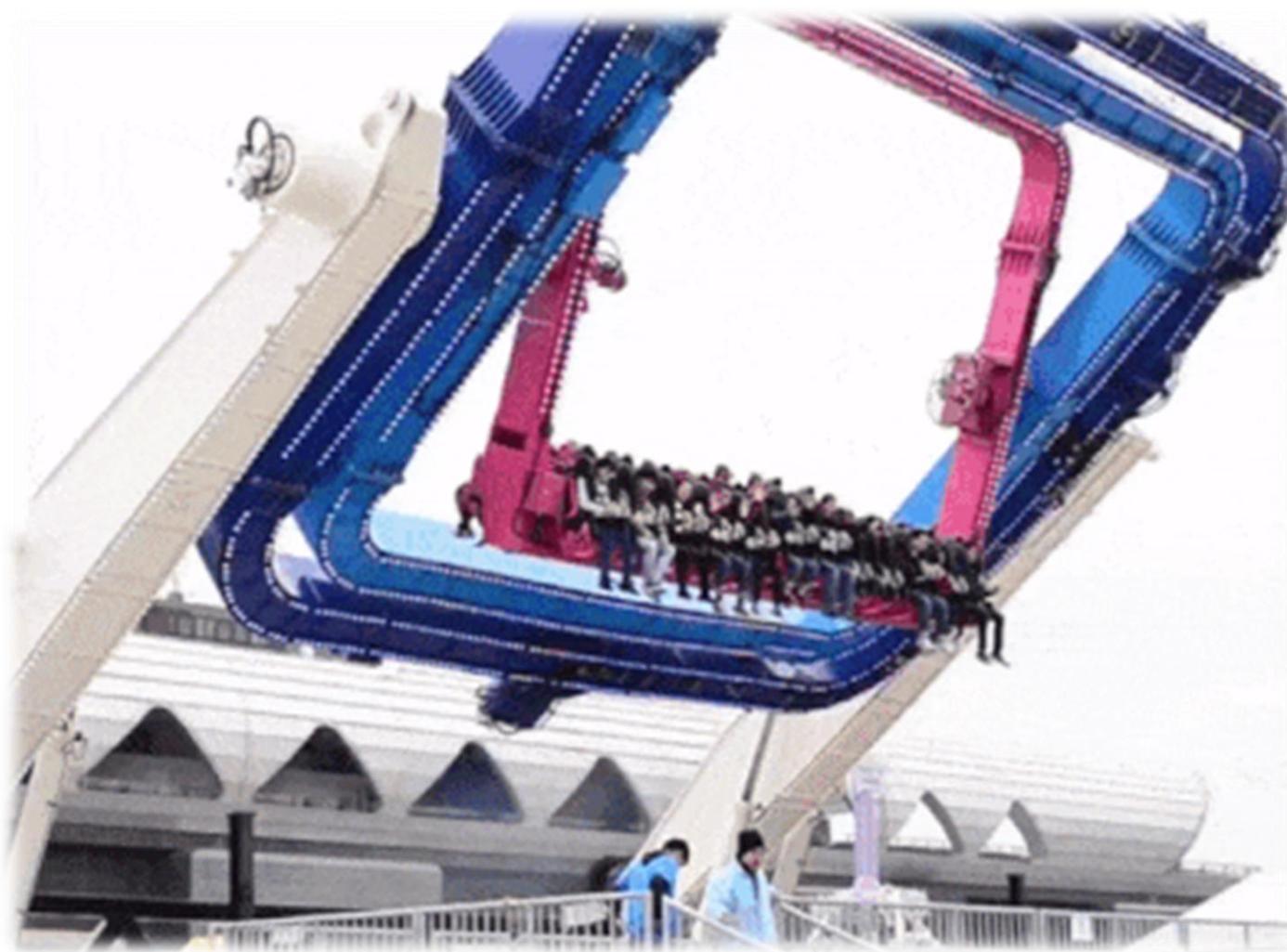
Недостаток: сложность вычислений при комбинации вращений,
«складывание рамок карданова подвеса» ($\beta=0$).

Используются в ЭМ, ЯМР, ЭПР.



Задание поворота в пространстве

Карданов подвес



Задание поворота в пространстве

Кватернионы (1843): система гиперкомплексных чисел, образующая векторное пространство размерностью четыре над полем вещественных чисел.

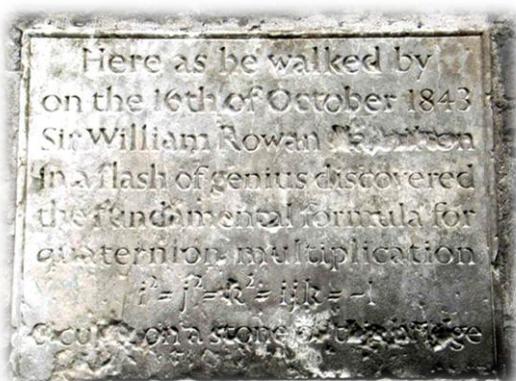
$$q = a + bi + cj + dk$$

$$\bar{q} = a - bi - cj - dk$$

$$|q|^2 = a^2 + b^2 + c^2 + d^2$$

$$q^{-1} = \frac{\bar{q}}{|q|^2}$$

\times	1	i	j	k
1	1	i	j	k
i	i	-1	k	-j
j	j	-k	-1	i
k	k	j	-i	-1



Уильям Роэн Гамильтон
(1805 — 1865)

Задание поворота в пространстве

Описание поворота через кватернион:

$$q = w + xi + yj + zk = w + (x, y, z) = \cos(\alpha/2) + \mathbf{u} \sin(\alpha/2)$$

$$\overset{\rho}{t} = q \overset{\rho}{v} q^{-1} = \frac{q \overset{\rho}{v} \bar{q}}{|q|^2}$$

-результат поворота вектора \mathbf{v} вокруг вектора \mathbf{u} на угол α

$$T = QVQ^{-1} = \frac{QVQ^T}{\sqrt{\det(Q)}}$$

- он же в матричном виде

Преимущества: а) интуитивно понятный смысл и отсутствие «складывания рамок»
б) возможность использования векторной алгебры
в) легкость выполнения интерполяции

$$q(t) = (1-t)q_1 + tq_2, \quad 0 < t < 1$$

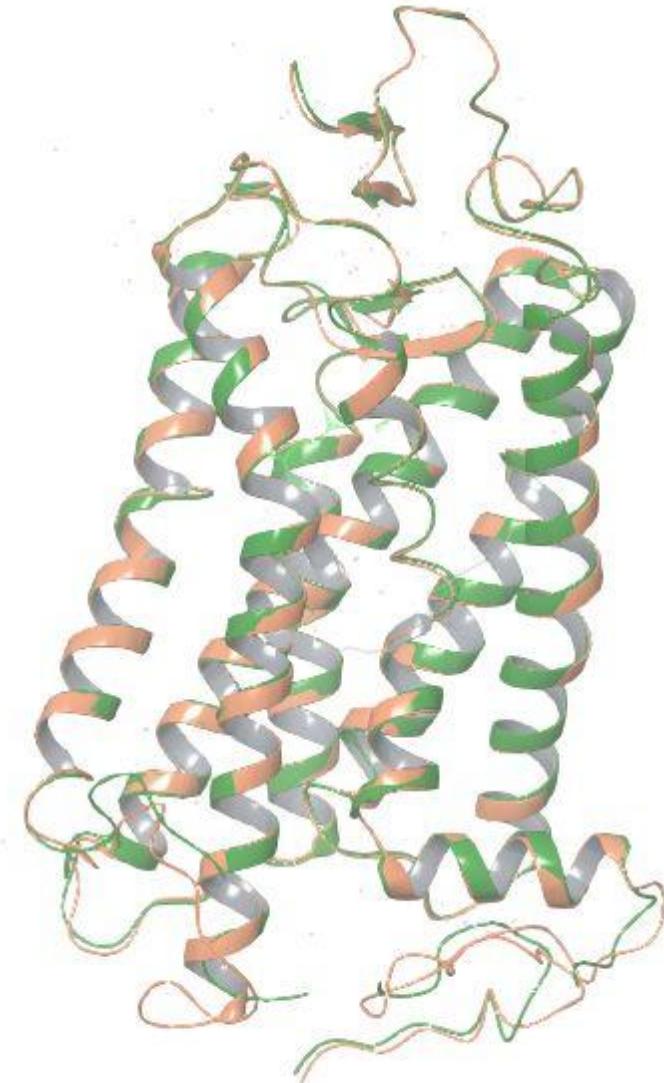
Структурные выравнивания

Варианты задачи:

- 1) Взаимное соответствие атомов известно заранее:

$$p_i \leftrightarrow q_i, i = 1, \dots, N$$

(различные структуры или модели одной и той же последовательности или близко гомологичных последовательностей одинаковой длины);



Совмещение структур зрительного родопсина (pdb-коды 1u19 и 1f88)

Структурные выравнивания

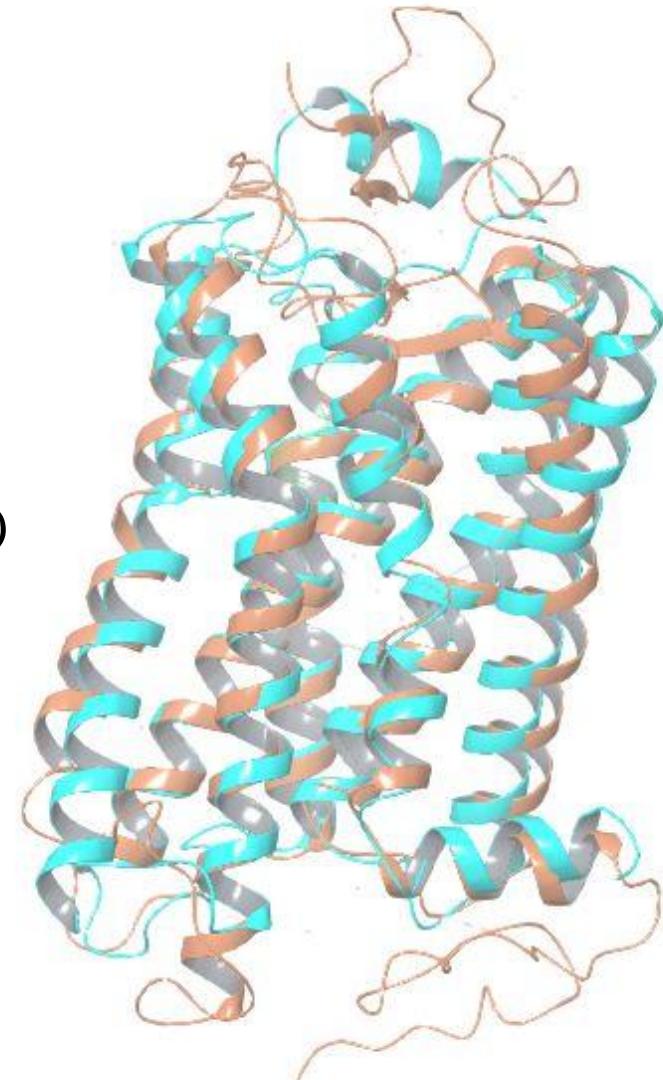
Варианты задачи:

2) Соответствие неизвестно, но известен порядок следования:

$$p_{i(k)} \leftrightarrow q_{j(k)}, i = 1, \dots, K \leq N, M,$$

причем $k_1 > k_2 \Leftrightarrow i(k_1) > i(k_2), j(k_1) > j(k_2)$

(структуры последовательностей разной длины, имеющие вставки в выравнивании последовательностей);



Совмещение структур зрительного родопсина (pdb-код 1u19) и β_2 -адренэргического рецептора (pdb-код 2rh1)

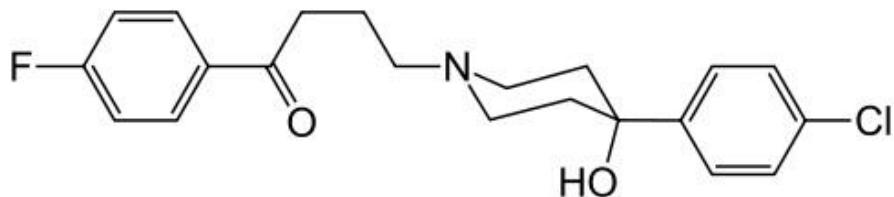
Структурные выравнивания

Варианты задачи:

3) Неизвестно ни соответствие, ни порядок следования:

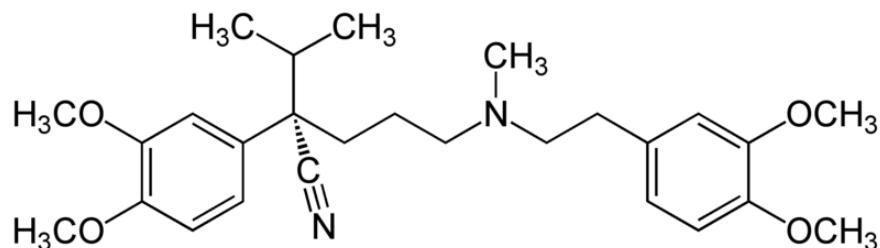
$$p_{i(k)} \leftrightarrow q_{j(k)}, i = 1, \dots, K \leq N, M$$

(фармакофоры)



Галоперидол

(блокатор дофаминовых
рецепторов)



Верапамил

(блокатор потенциалзависимых
кальциевых каналов)

Оба проявляют активность в
отношении калиевых каналов

Структурные выравнивания

Меры близости (для структур с заранее известным взаимным соответствием атомов):

-Среднеквадратичное отклонение атомов (СКО)

$$CKO = \sqrt{\frac{\sum_i \left((x_i - x_i^0)^2 + (y_i - y_i^0)^2 + (z_i - z_i^0)^2 \right)}{n}}$$

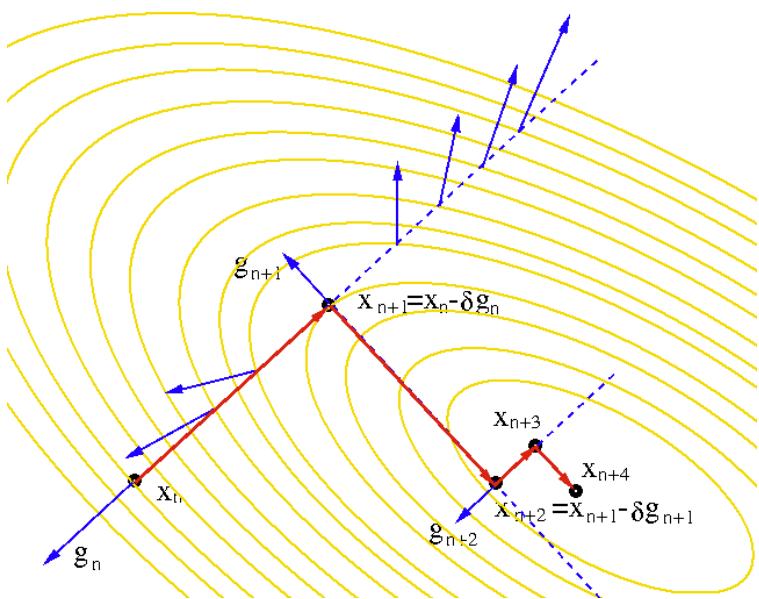
(обычно рассчитывается для Са-атомов, но в случае очень близких гомологов – для всех тяжелых атомов)

Методы минимизации. Градиентный спуск

Метод нахождения локального минимума функции с помощью движения вдоль градиента.

Пусть есть некая функция $F(x)$, для которой мы хотим найти такое значение x , что функция принимает минимальное значение. Основная идея метода заключается в том, чтобы идти в направлении наискорейшего спуска, а это направление задаётся антиградиентом $-\nabla F$:

$$\vec{x}^{[j+1]} = \vec{x}^{[j]} - \lambda^{[j]} \nabla F(\vec{x}^{[j]})$$



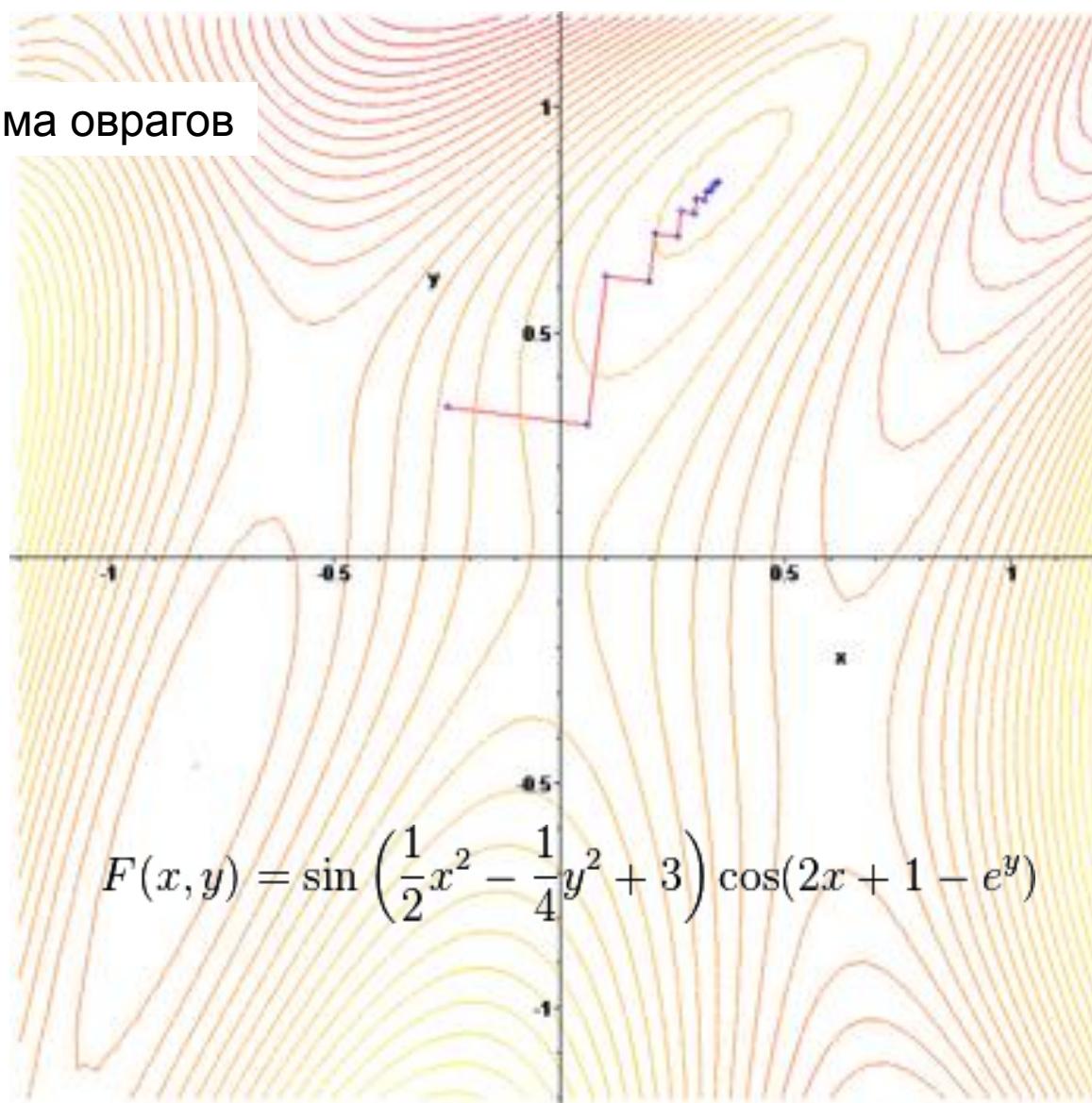
Величина шага может быть

- постоянной
- дробной
- определяемой на каждой итерации заново

(**метод наискорейшего спуска, steepest descent**)

Методы минимизации. Градиентный спуск

Проблема оврагов

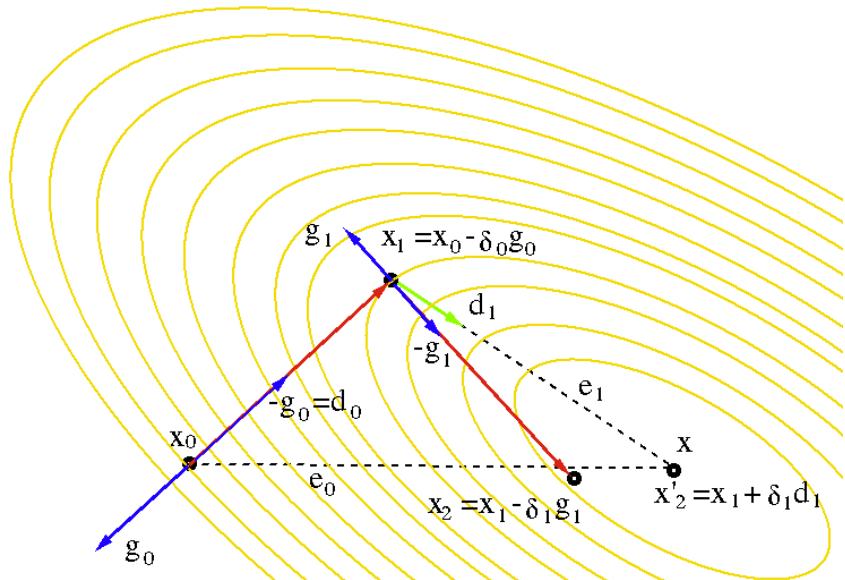


Методы минимизации. Метод сопряженных градиентов

(conjugated gradients)

Метод нахождения локального минимума функции, при котором направление и величина шага рассчитываются с учетом градиента в текущей точке и информации о предыдущем шаге.

$$\vec{S}_k = -\nabla f(\vec{x}_k) + \omega_k \vec{S}_{k-1}, \quad \omega_i = \frac{\|\nabla f(\vec{x}_i)\|^2}{\|\nabla f(\vec{x}_{i-1})\|^2}$$



В случае квадратичной функции от n переменных

$$f(\vec{x}) = \vec{x}^T A \vec{x} + \vec{b} \cdot \vec{x} + c.$$

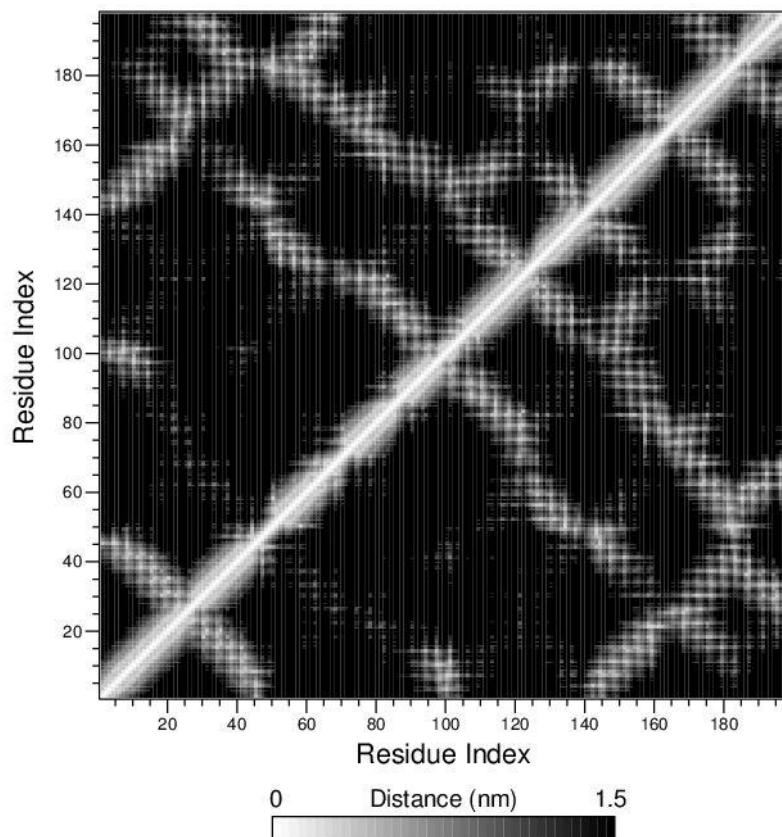
метод гарантированно сходится за n шагов.

Структурные выравнивания

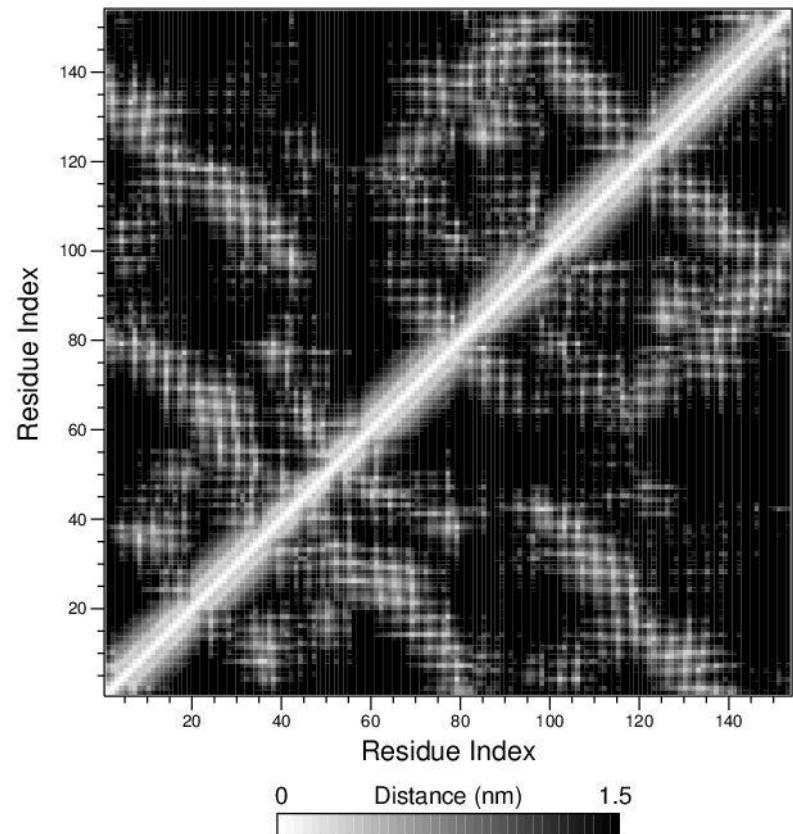
Если структуры схожи, то сохраняются паттерны контактов между остатками

⇒ анализируя матрицы расстояний (Са-Са), можно распознать схожие структуры

colicin

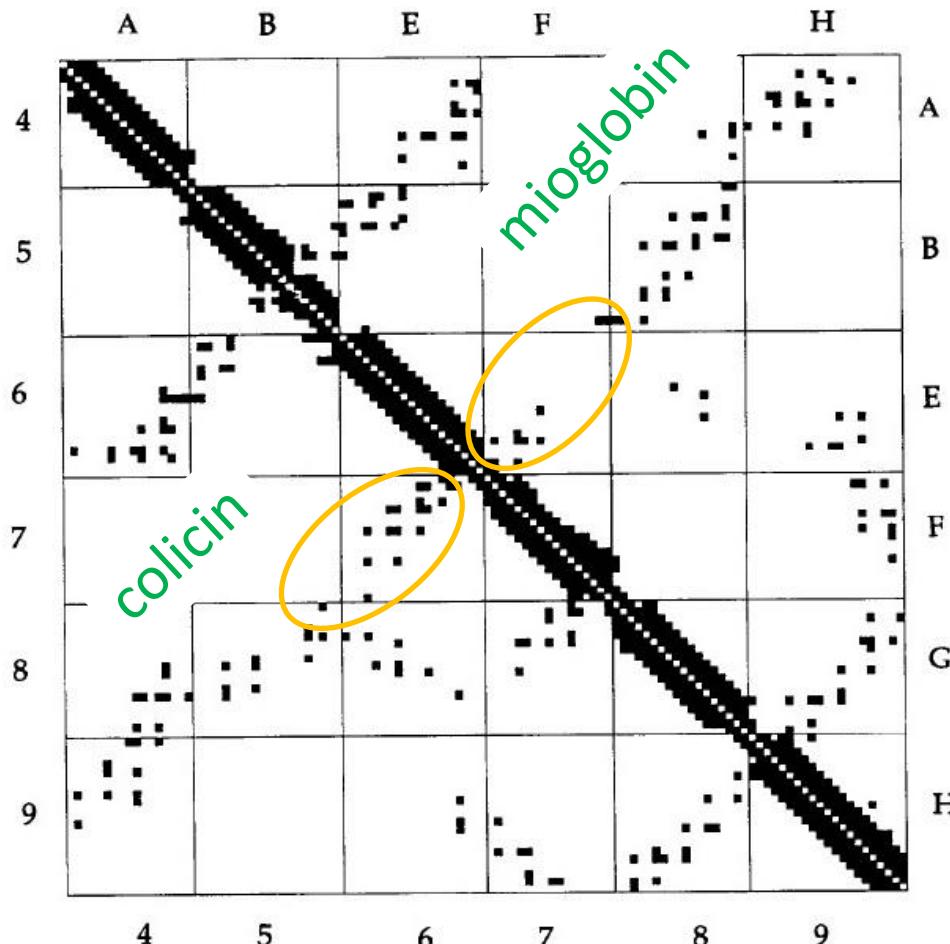


mioglobin



Структурные выравнивания

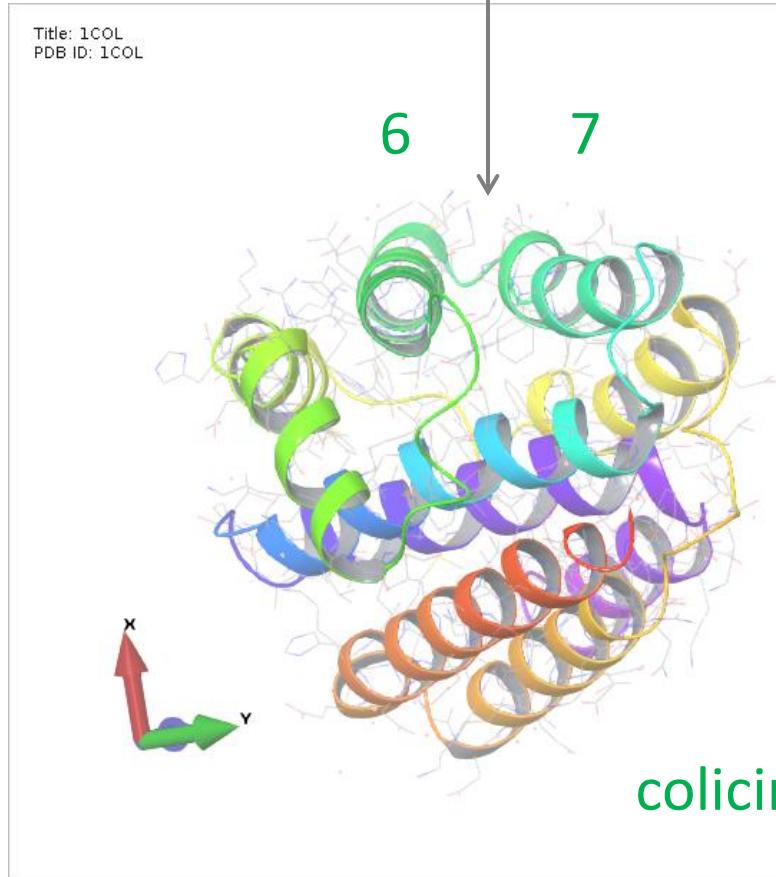
Выравнивание матриц расстояний – программа **DALI** (Distance-matrix ALingment) (1993)



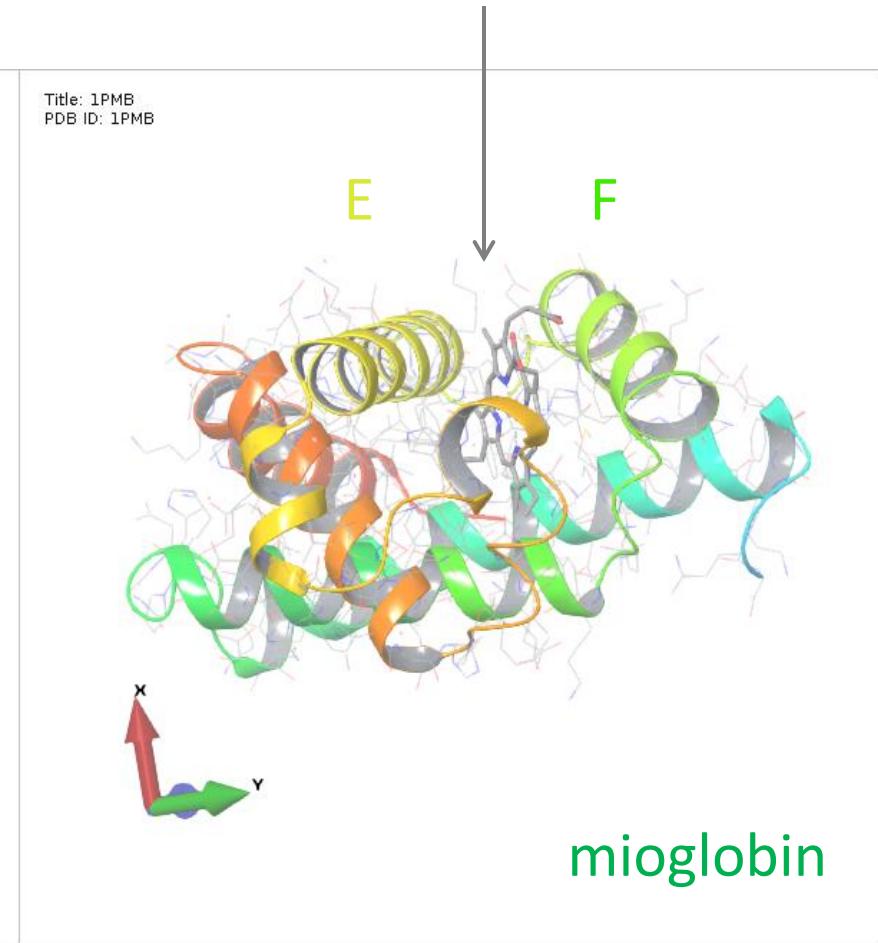
Особенности: свободная топология обнаруженных сходств в структуре, в т.ч. и «обратных» фрагментов.

Структурные выравнивания

Есть контакт между спиралями



Гем; нет контакта между спиралями



Структурные выравнивания

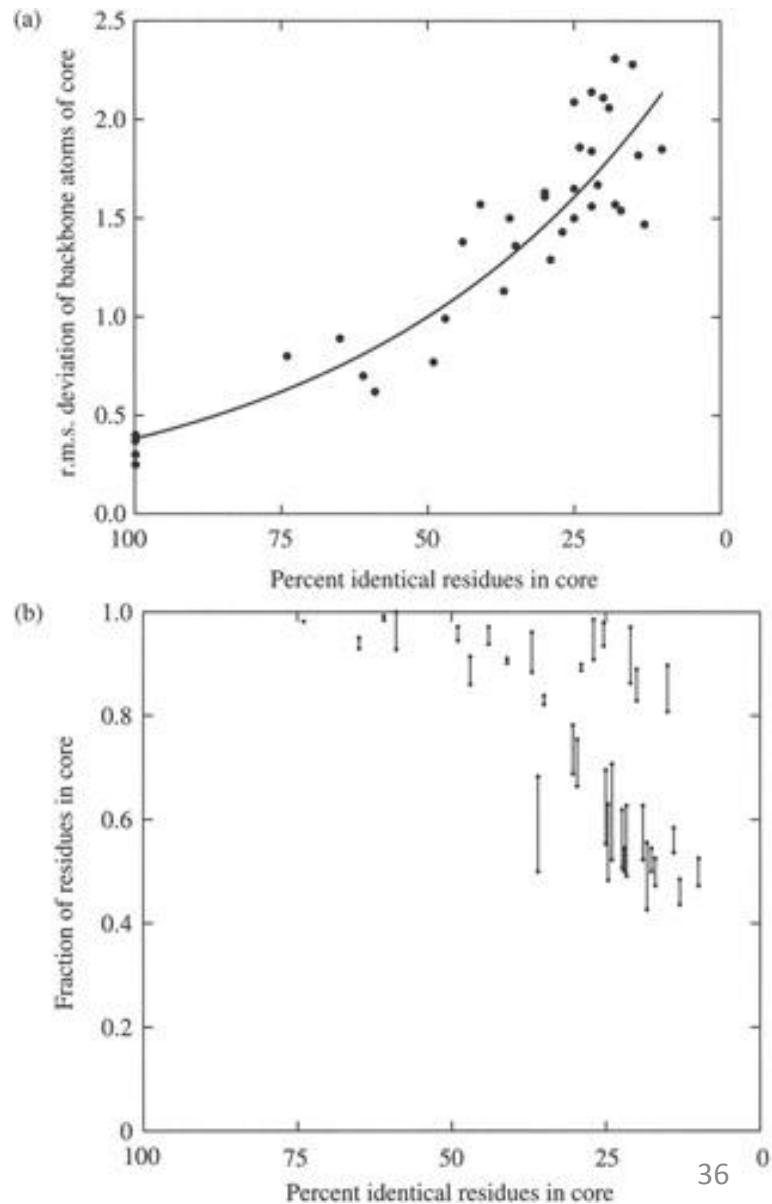
Structural alignment:

RMSD: 3.827 Angstrom

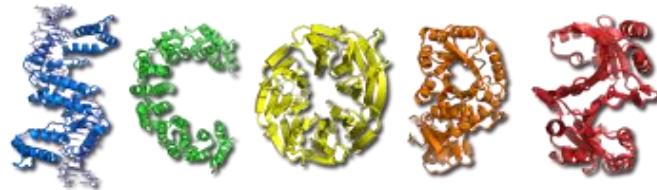
Эволюция белковых структур

Вариации, встречающиеся в семействах гомологичных белков с одинаковой функцией, показывают, как структура приспосабливается к изменениям в последовательности: структура устойчива к мутациям.

Свободно могут муттировать участки на поверхности белка, не влияющие на функцию. В частности, внешние петли легко адаптируются к изменению количества остатков, в то время как мутации, изменяющие число внутренних остатков, приводят к изменению взаимной ориентации спиралей и листов, но не их конформации.



Классификация структур белков. SCOP

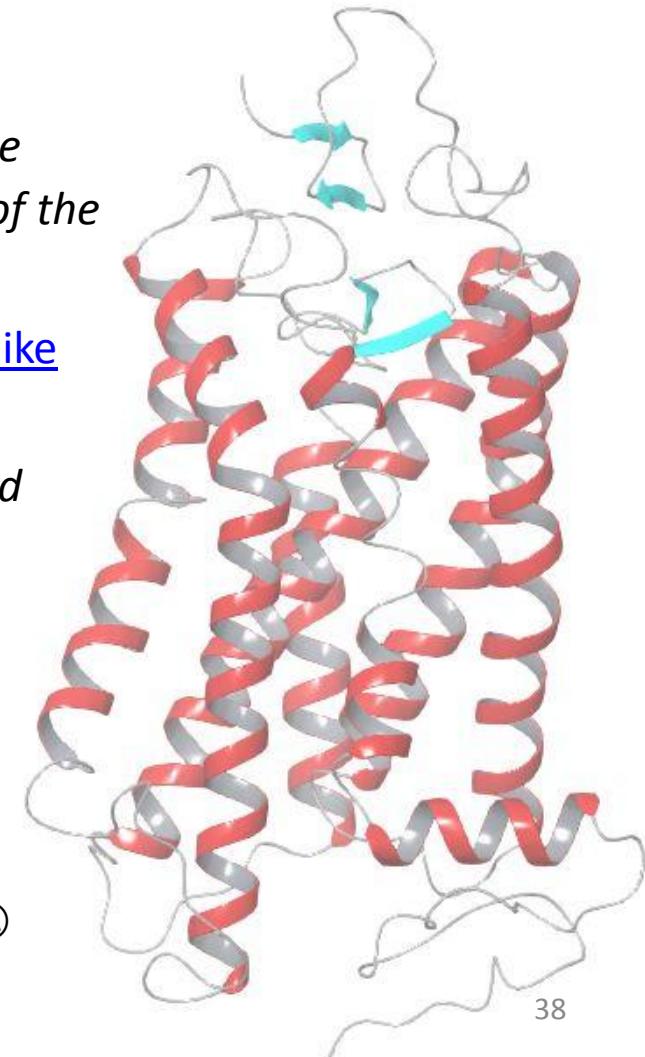


SCOP (Structural classification of proteins) (Murzin et al., 1994 - 2009) – организация структур для отображения их эволюционного происхождения и структурного сходства. Основные уровни организации:

- **Классы**: α , β , $\alpha+\beta$, α/β и разнообразные «малые белки», зачастую имеющие слабую вторичную структуру.
- **Фолды** – надсемейства, имеющие общую топологию укладки (одинаковые элементы вторичной структуры с одинаковым чередованием и одинаковым расположением, по крайней мере в «ядре»), наличие эволюционного предка маловероятно;
- **Надсемейства** – вероятно эволюционно близкие белки с низкой идентичностью, но функции и структуры которых позволяют предположить наличие общего предка (например, актин, АТФ-азный домен HSP и гексакиназы);
- **Семейства** – очевидно эволюционно близкие белки с идентичностью остатков, как правило, не менее 30% (глобины – 15%);

Классификация структур белков. SCOP

- Root: [scop](#)
- Class: [Membrane and cell surface proteins and peptides](#)
Does not include proteins in the immune system
- Fold: [Family A G protein-coupled receptor-like](#)
core: up-and-down bundle of seven transmembrane helices tilted 20 degrees with respect to the plane of the membrane
- Superfamily: [Family A G protein-coupled receptor-like](#)
- Family: [Rhodopsin-like](#)
Individual TM segments have a number of kinks and distortions



<http://scop2.mrc-lmb.cam.ac.uk/> - что-то странное 😔

Классификация структур белков. CATH

CATH (Orengo et al., 1997) – полуавтоматическая иерархическая классификация белковых доменов. Основные уровни организации:

Class – эквивалентно уровню «класс» в SCOP

Architecture – эквивалентно уровню «фолд» в SCOP

Topology – нечеткий уровень, объединяющий фолды с характерными особенностями

Homologous superfamily – эквивалентно уровню «надсемейство» в SCOP

CATH Superfamily 1.20.1070.10

Rhopdopsin 7-helix transmembrane proteins

Хорошо заметно «ядро»



Продолжение следует...