Estudio de la variabilidad estructural proteica

Familias de proteínas:

Se seleccionaron X familias de proteínas de la base de alineamientos estructurales múltiples de homólogos, HOMSTRAD (<http://mizuguchilab.org/homstrad/>). En esta base … Las familias seleccionadas se muestran en la tabla X. Se eligieron a estas familias ya que las mismas poseen alineamientos múltiples con más de X proteínas y con una longitud de alineamiento mayor a X sitios.

La caracterización de cada familia se muestra en las Figura X.

Familia

Clasificación

Miembros

Etc…

Elección de la proteína de referencia:

Para cada familia de proteínas se seleccionó a una proteína de referencia. Para esto, en primer lugar, se calculó la estructura promedio de cada uno de los alineamientos. Luego, se calculó la deviación cuadrática promedio entre la estructura de cada proteína del alineamiento y la estructura promedio obtenida. Por último, se seleccionó a la proteína con menor desviación cuadrática promedio como proteína de referencia.

Las proteínas de referencia seleccionadas para cada familia y las caracterizaciones de las mismas se muestran en la tabla X.

Análisis de alineamientos:

Para analizar a los alineamientos múltiples de las distintas familias de proteínas se utilizó dos estrategias, considerar el core conservado del alineamiento y no considerarlo.