蛋白名称：**TATA-box-binding protein**

物种：**zebrafish**

**Uniprot**：**Q7SXL3**

**氨基酸序列：**

**>sp|Q7SXL3|TBP\_DANRE TATA-box-binding protein OS=Danio rerio OX=7955 GN=tbp PE=1 SV=1**

**MEQNNSLPPFAQGLASPQGAMTPGLPIFSPMMPYGTGLTPQPVQNSNSLSLLEEQQRQQQQQQAASQQQGGMVGGSGQTPQLYHSTQAVSTTTALPGNTPLYTTPLTPMTPITPATPASESSGIVPQLQNIVSTVNLGCKLDLKTIALRARNAEYNPKRFAAVIMRIREPRTTALIFSSGKMVCTGAKSEEQSRLAARKYARVVQKLGFPAKFLDFKIQNMVGSCDVKFPIRLEGLVLTHQQFSSYEPELFPGLIYRMIKPRIVLLIFVSGKVVLTGAKVRGEIYEAFENIYPILKGFRKTS**

**预测蛋白三维结构的方法**

**1.** SWISS-Model:同源建模法

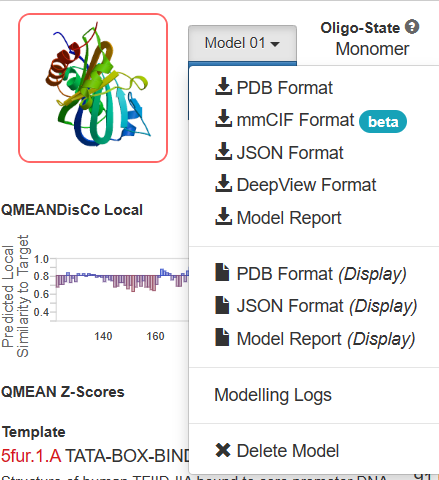
**2.** I-TASSER:穿线法

**3.** QUARK:从头计算法

**4.** 综合法

**三种方式进行蛋白质三维结构的预测**

**1.** SWISS-Model:同源建模法

****

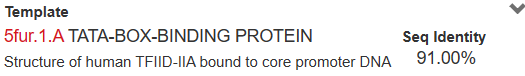
模型评估

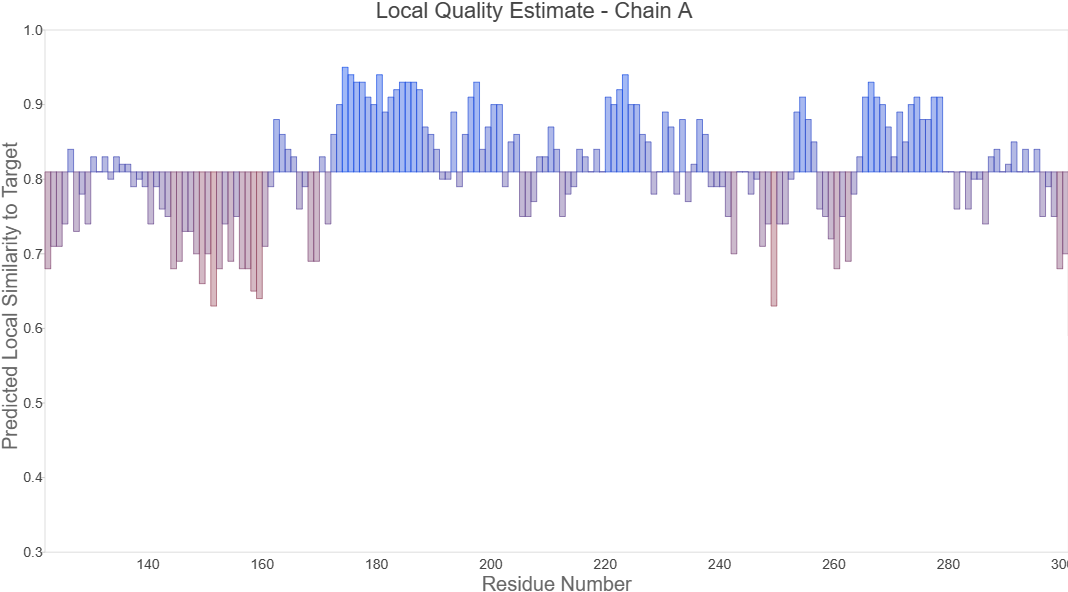
1. 模型质量（0-1，分数越高越可靠）

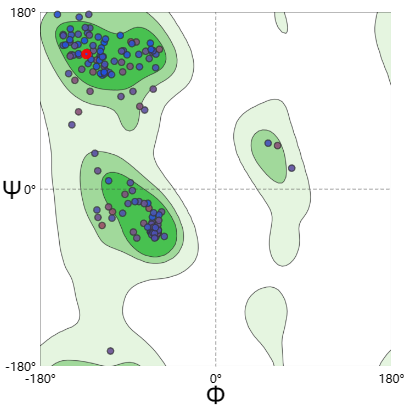
图片包含 文本

描述已自动生成

1. 和同源性蛋白(模板的相似程度，相似度>30% 则效果良好)

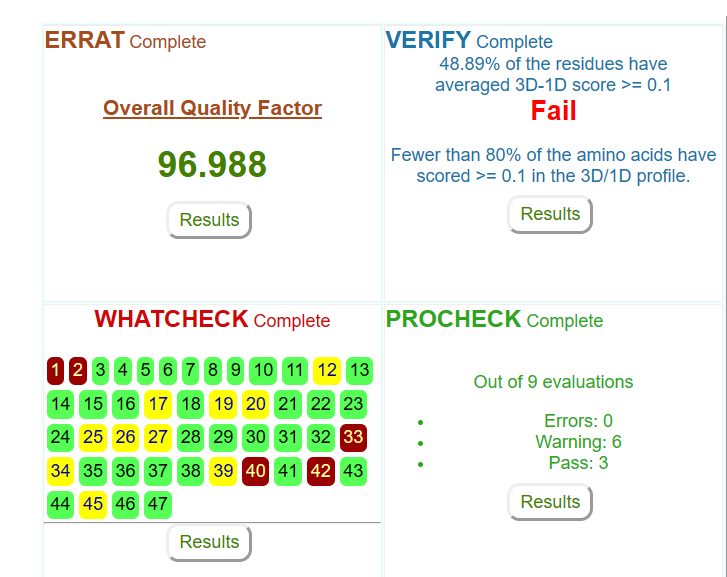


1. 氨基酸序列与同源建模蛋白相似性波形图
2. 拉曼图分析（来确定蛋白质空间结构是否稳定）



预测的蛋白质残基二面角位于绿色核心区域，表明该蛋白空间结构稳定所以 Swiss-Model 的预测结果可靠。

1. 统一评估（和前面的指标有重叠的部分）



综上所述，建构的蛋白结构可信。