

עיבוד מידע תלת מימדי בביולוגיה מבנית

תרגיל 1 סמסטר ב' 2021

רינה קרנאוך אופק קוה

הסטיקר שילווה אותנו

בתרגיל זה

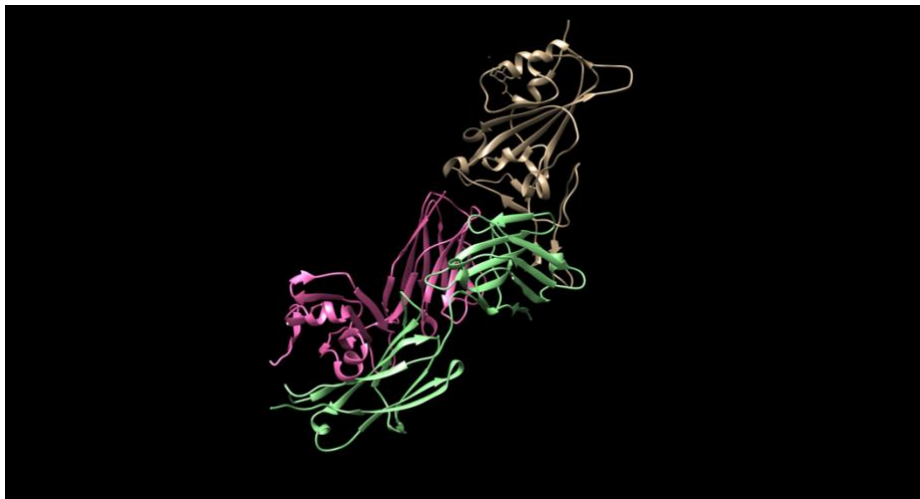


1. להלן טבלה להשוואת שני המבנים –

קוד בPDB	שיטה ניסויית לפתרון המבנה
7KFX	קריסטלוגרפיה בעזרת X-Ray (נקרא גם עקיפה של קרני רנטגן). הרזולוציה היא 2.23\AA ונתון כי המבנה א-סימטרי.
7L5B	קריסטלוגרפיה בעזרת X-Ray (נקרא גם עקיפה של קרני רנטגן). הרזולוציה היא 3.18\AA ונתון כי המבנה א-סימטרי.

2. נדון כעת במבנה 7KFX.

נצבע את השרשרת הכבדה (H) בירוק, ואת השרשרת הקלה (L) בוורוד כנדרש.



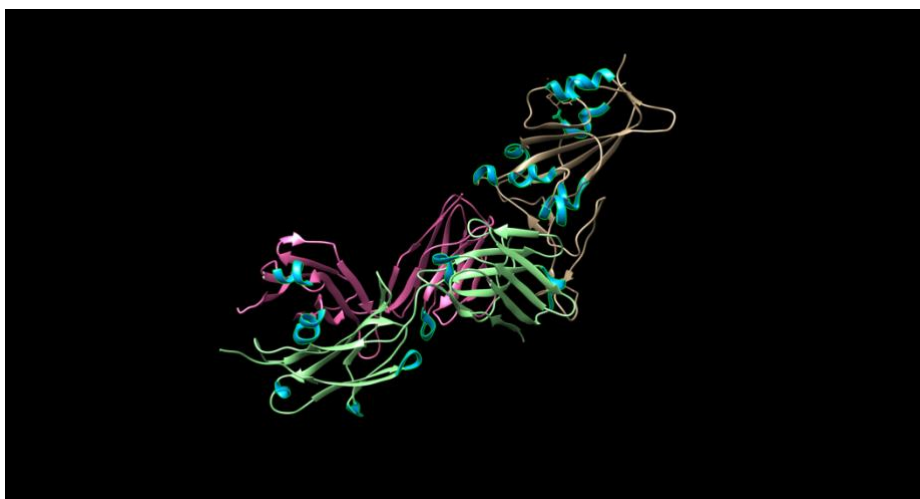
3. נרצה למנות את כמות ההליקסים במבנה. באמצעות רצף הפעולות:

$select \rightarrow structure \rightarrow secondary\ structure \rightarrow helix$

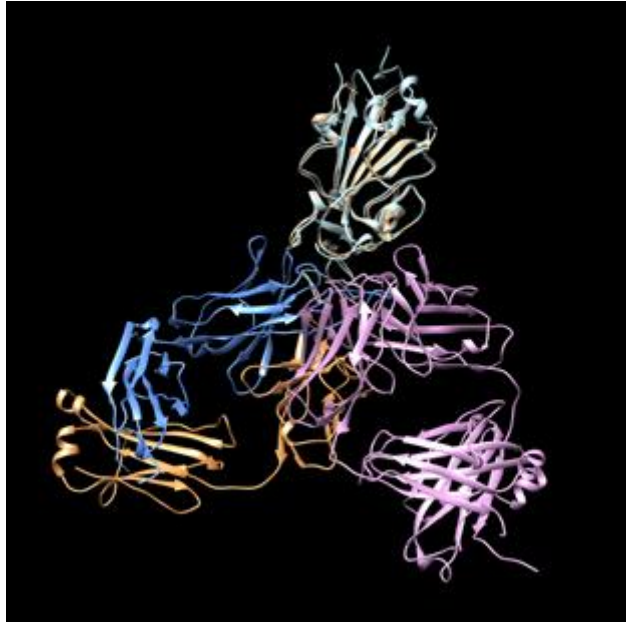
נוכל לסמן את כל ההליקסים (בתמונה מופיע בכחול-תכלת), לאחר ספירה קיבלנו 16 הליקסים.

וידאנו את הספירה בPDB כאשר מספר ההליקסים הוא:

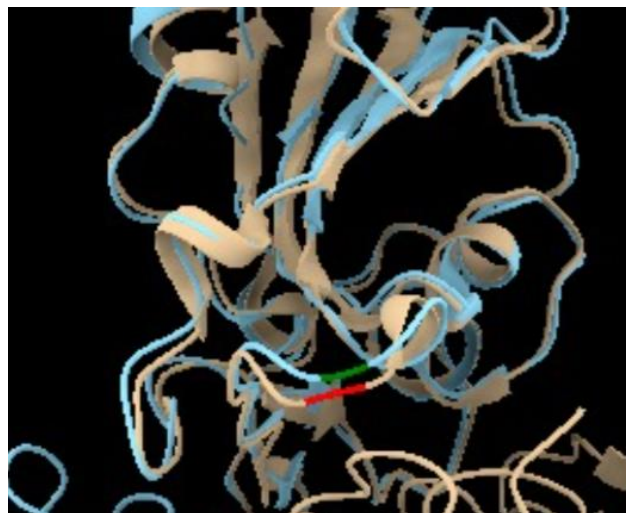
$A\ chain - 8, \quad H\ chain - 5, \quad L - chain - 3$



4. להלן תאריכי הפקדה ושחרור של המבנה 7L5B
 Deposited: 2020 – 12 – 21 Released: 2021 – 02 – 10
5. כעת נרצה להתבונן במבנה השני, 7L5B ולבצע חיבור בין הRBD למבנה.
 נוסיף ונאמר שבצבע סגול צבענו את שרשראות H,L של 7KFX.



6. נשאלת השאלה האם שני מבני האנטי-בודיז יכולים להתחבר יחד לאותו RBD. אנחנו חושבים ששני החלבונים כן יוכלו להתחבר לאותו RBD בזמנית, מכיוון שכתוצאה מהAlign שביצענו קיימת חפיפה בין חלקי הRBD של שני החלבונים (Chain A) ומכאן יתכן שכל חלבון יחובר אליו מצידו השני עד לכדי התאמה.
7. ראשית נסמן את המקומות הרלוונטיים של המוטציה בצבעים כלשהם, לדוגמה: ירוק ואדום.



על מנת להכריע מי מבין החלבונים יושפע יותר מקיום המוטציה, נבדוק את המרחק היחסי של המשכי החלבונים מאזורי המוטציה ונשער שמכיוון ש7L5B קרוב יותר לאזור המוטציה הוא יושפע יותר מקיומה.