

## Retinin (Q9VV36Uniprot)

Ретинин – белок, отвечающий за формирование «нанопупырек» на роговице у *Drosophila Melanogaster*

Анализ последовательности:

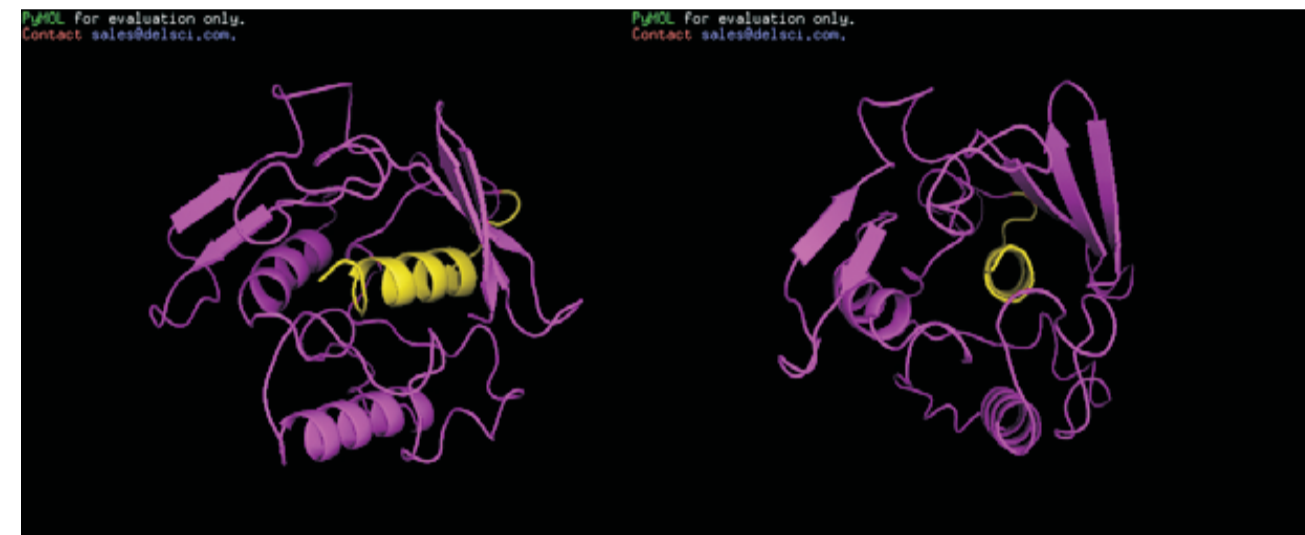
MSRLFLPVLAIIVLVLSIGASHTASLEWPSNLVALSSVKSSQLLPIASEDSVELADGSSGSVSSAAQ  
PEDQSQEAEAEQQVSSASSGSADPISGRLVSAGIPVSVPLPLILAARNGLRVLTIQEPAAVAVGVE  
VVQHVPATAVSHQTQTVVHDHRRLLVTPIVAPAVRTTQVIRQQPPLLWSVASDPRVVLIRN

- сигнальный пептид  - первый домен  - второй домен

Blast показал, что нет гомологов с *решённой* структурой.

Сигнальный пептид свидетельствует о том, что белок *секретируется* из клетки

Второй домен относится к *Retinin C* группе.



Моделирование структуры целой последовательности сервером Quark. Жёлтым показан сигнальный пептид. Очевидно, что такая структура невозможна.

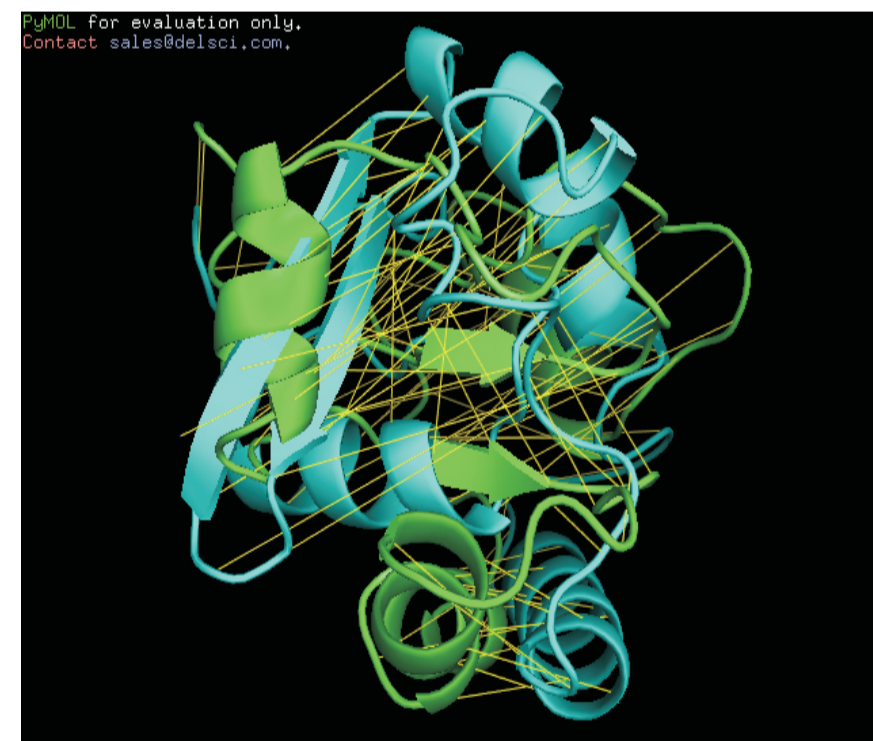
Первый домен

Второй домен

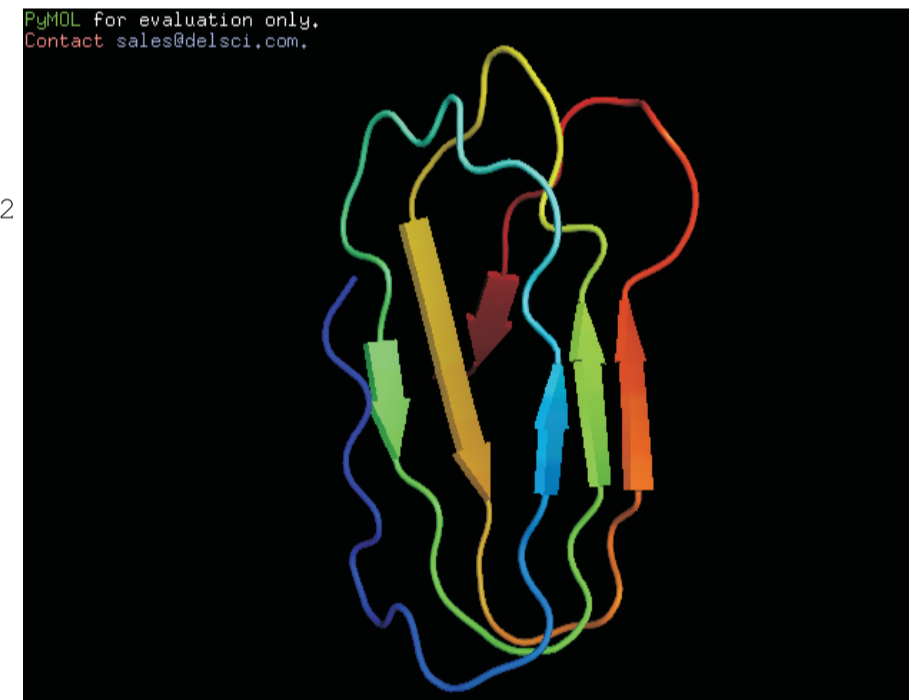
Гидрофильные Гидрофобные

```
>tr|Q9VV36|Q9VV36_DROME_part1 GH14803p OS=Drosophila melanogaster GN=retinin PE=2
SV=2
MSRLFLPVLAIIVLVLSIGASHTASLEWPSNLVALSSVKSSQLLPIASEDSVELADGSSGSVSSAAQ
PEDQSQEAEAEQQVSSASSGSADPISGRLVSAGIPVSVPLPLILAARNGLRVLTIQEPAAVAVGVE
VVQHVPATAVSHQTQTVVHDHRRLLVTPIVAPAVRTTQVIRQQPPLLWSVASDPRVVLIRN
```

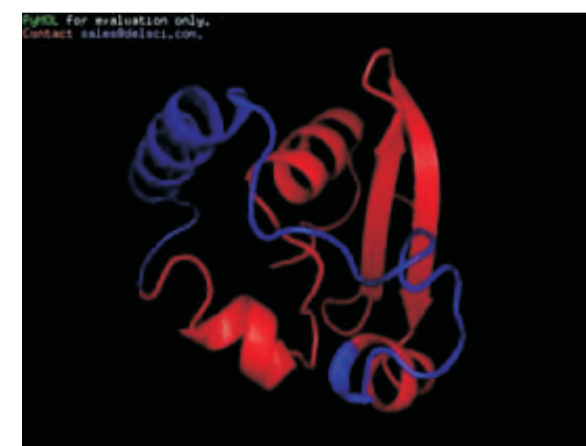
Нет совсем: H, C, M, F, Y; Больше всего: S (23%), L (12%), A(12%); Мало: K, N, R, T, W



Структурное наложение моделей первого домена, предсказанных серверами Quark (зелёный), Сервер iTasser (бирюзовый). Очень плохое сходство структур (RMS = 12,9).



Предсказание сервера iTasser. Самая правдоподобная модель - бетта-призма.



Модель первого домена, предсказанная сервером iTasser. Гидрофильные и гидрофобные участки

### Выводы:

Нет надежного предсказания структуры. Однако мы можем предположить что структура второго домена состоит из регулярных повторяющихся мотивов.

## Lysosome-associated membrane glycoprotein 2 (LAMP2)

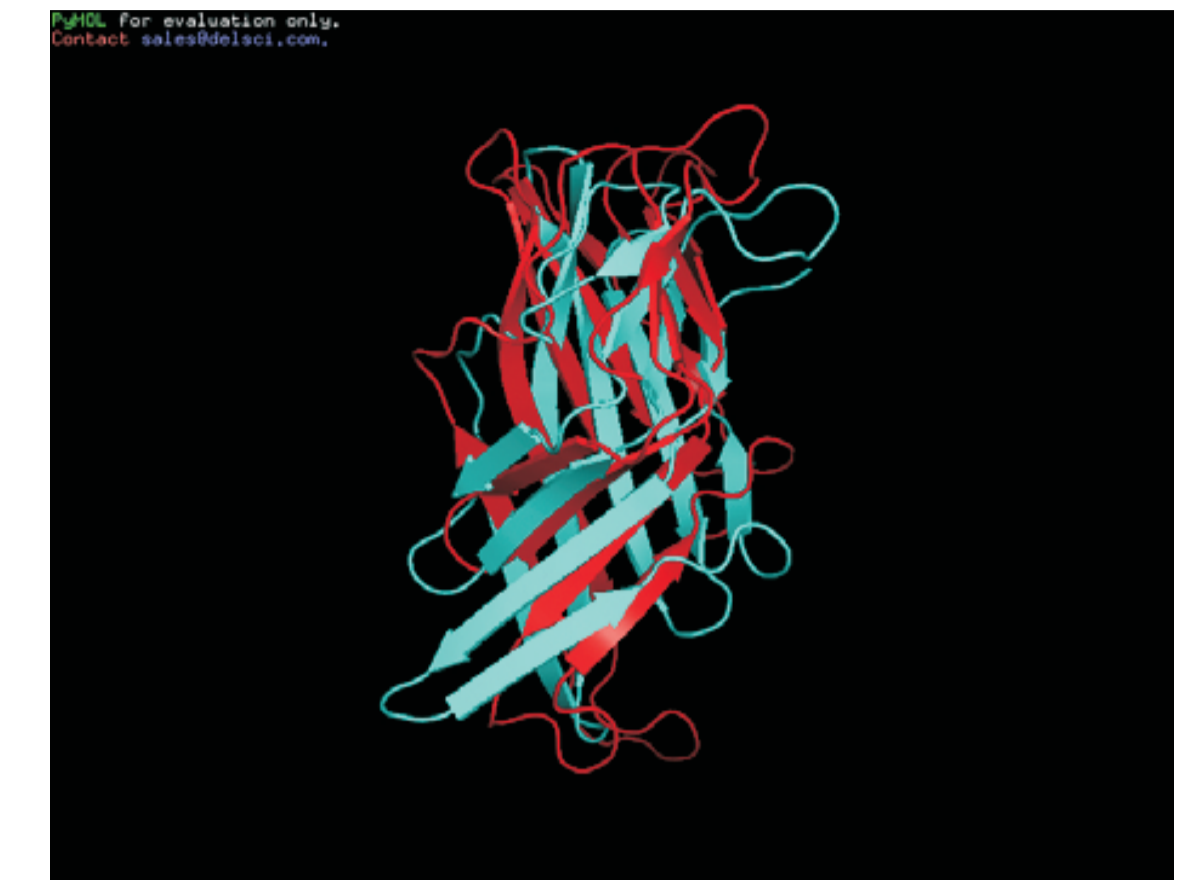
>sp|P13473|LAMP2\_HUMAN Lysosome-associated membrane glycoprotein 2 OS=Homo sapiens GN=LAMP2 PE=1 SV=2

MVCFRLFPVPGSGLVCLVCLVGLGAVRSYALELNLTDSENATCLYAKW  
QMNFTVRYETTNKYKTVTISDHGTVTYNGSICGDDQNGPKIAVQF  
GPGFSWIANFTKAASTYSIDSVSFSYNTGDNTFFDAEDKGLTVD  
ELLAIRIPLNDLFRNLSLSTLEKNDVVQHYWDVLVQAFVQNGTVST  
NEFLCDKDKTSTVAPTIHTTVPSPTTPTPKPEAGTYSVNGND  
TCLLATMGLQLNITQDKVASVININPNTTHSTGSCRSHALLRLNS  
STIKYLDVFAVKNEFRFYLKEVNI SMYLVNGSVFSIANNLSYWD  
APLGSYMCNKEQTVSVSGAFQINTFDLRVQPFNVTQGYSTAQDC  
SADDDNFLVPIAVGAALAGVLLLVLLAYFIGLKHNNHAGYEQF

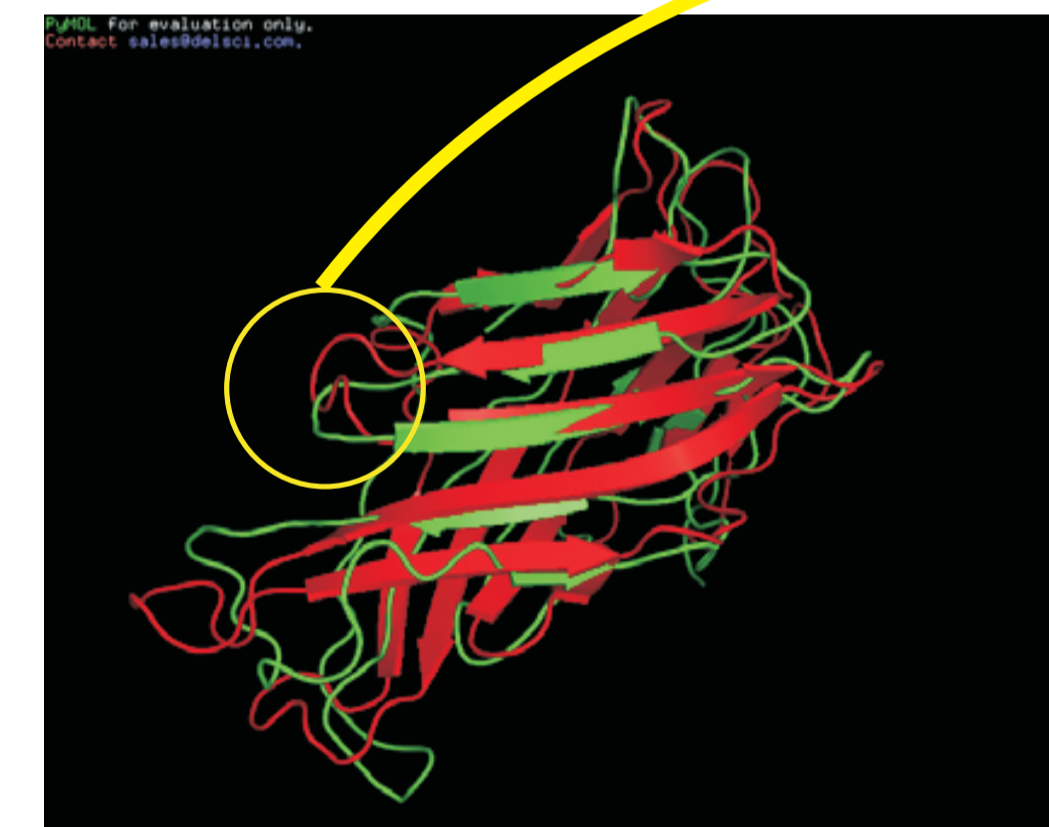
Аминокислотная последовательность содержит сигнальный пептид (жёлтый), трансмембранную часть (зелёный) и два домена (красный и голубой). Белок имеет два домена по обе стороны мембраны.

Белок имеет три изоформы.

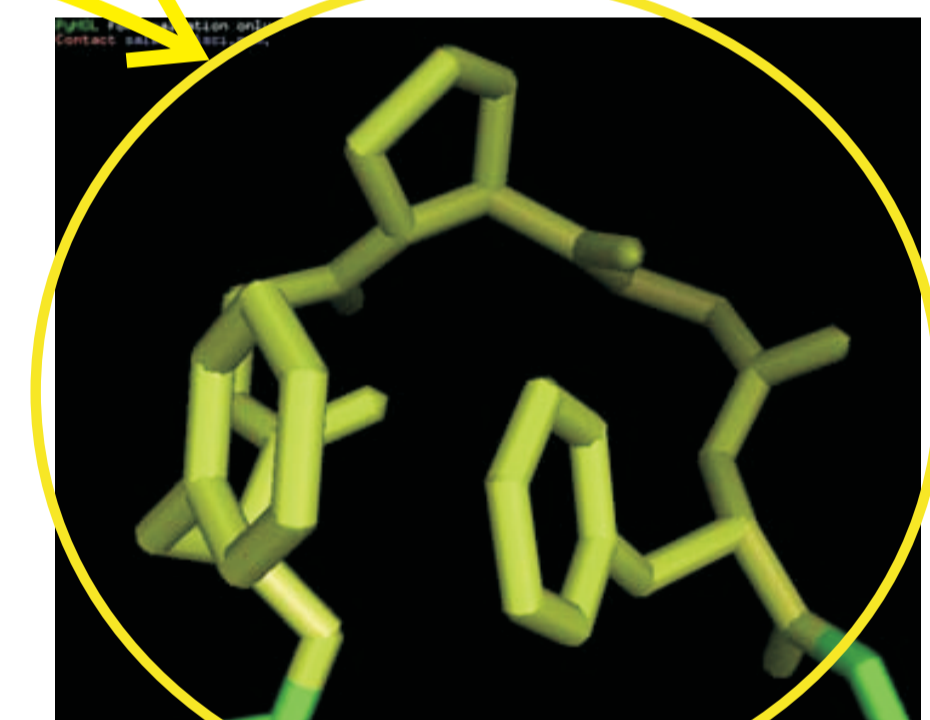
Лабораторию Пети Власова особенно интересовала структура с 93 по 97 аминокислоты, мотив **FGPGF**



Результаты наложения двух предсказанных структур первого (красная структура) и второго (голубая структура) доменов, полученных сервером Phyre2. Видно, что основной мотив структур схож, хотя наблюдается расхождение в петлях (RMSD = 12.8E), что интересно, поскольку заметной гомологии по аминокислотной последовательности первого и второго доменов не обнаружено (Id 12%).



Результаты наложения двух предсказанных структур первого домена (зеленая модель – результат работы сервера iTasser, красная – результат работы Phyre2). Модельные структуры получились очень схожими (RMSD = 1.8E), соответственно мы можем с уверенностью сказать, что это и есть реальная структура.



Модель мотива **FGPGF**

### Вывод:

Удалось получить надежную структуру, что совершенно не ожидалось; Обнаружилось структурное сходство двух разных по последовательности и по локализации доменов одного белка.