

1.

MHHHHHHENLYFQSMSEHIVNVTDASFEQDVLKADGPVLVDYWAEWCGPCKMIAPVLDEVARD
YQGKLVCKLNI DENQDTPPKYGVRGIPTLMLFKDGNVEATKVGALSQSQAFLDANISLAE
IRTFNILYSMMKKHEEFWRMRLRIRRMADAWIQAIKSLAEKQNLKRRKRKVLVHLGLLTKE
SGFKIAETA FSGGPLGELVQWSDLITSLYLLGHDIRISASLAE LKEIMKKVGNRSGCPTVGD
RIVELIYIDIVGLAQFKKTLGPSWVHYQCMLRVLD SFGTEPEFNHANYA QSKGHKTPWGKWNL
NPQQFYTMFPHTPDNSFLGFVVEQHLNSSDIHHINEIKRQNSLVYGVKVD SFWKNKKIYLDII
HTYMEVHATVYGSSTKNIPSYVKNHGILSGRDLQFLLRETKL FVGLGFPYEGPAPLEAIANGC
AFLNPKFNPPKSSKNTDFFIGKPTLRELT SQHPYAEVFIGRPHVWTVDLNNQEEVEDAVKAIL
NQKIEPYMPYEFTCEGMLQRINAFIEKQDFCHGQVMWPPLSALQVKLAEPGQSCQVCQESQL
ICEPSFFQHLNKDKDMLKYKVTCSSELAKDILVPSFDPKNKHCVFQGD LLLFSCAGAHPRHQ
RVCPCRDFIKGQVALCKDCLMNSHVYLF LNADNARYNEISKKSDIAYPQPI SNDWPDLP IEF
QRHIDDVINLNGYLYFFKGSQYVKFDIAKAKVIDGPKFIADGW PGLKGT E FENGIDAATEFT
TNIVCFFKGSDCIDYAVNSHTIKRKSISDRWEITKKHTEFSKNLDAVTWRINSAIALFKDNH
YIAFN PQSNTIVIGPAPVTNYTNGAFKTAQA AVLIDTDLLGSDRGNGGCSGTCGTNDTGKH
CFQLPQSIRFGLIAYTNTTTHKQTVNVYIDDLLVDTF TGKGTDTKAYTSGAGNVCIEIIGDG
KPKLRYSYNTLDGKPGTVTIGAENDANNYND SVVVLNWPLTAALAAAQTNAAGGSDVD
IEAGQTLVQVVNISNGETWVAIQLP AQYRSFDLVFENVSPSTSGSVLVAQMAPQSGGVYGSNY
SGSGWGN DLGGGFYGYSEAKWMCLWPANRSGPNSKTGIYGTCKLMNLNQSN AVPSVTSNLFA
PTAYKNEPGYANVGGCCQKIRGLASSIQFAFALHGGNVPQNTDTFSGGTIKVYGWNHHHHHHH
H

Predikujte strukturu proteinu (Phyre, SwissProt, PSI Před, I-Tasser, AlphaFold), zkuste jeho co nejlepší charakterizaci - jaké budou vlastnosti proteinu, lze sledovat konzervované aminokyseliny. Je na tomto proteinu něco zvláštního?

Nezapomeňte, že se jedná o docela dlouhý protein, může se skládat z několika domén. A také nezapomeňte, že spousta predikčních programů pracuje pouze na základě homology search, takže dokáže odhalit pouze to, co už existuje v databázi.

