

به نام خداوند بخشنده مهربان

روشها و
پروتکل‌های
ژنتیکی



ژنتیکا

www.genetica.ir

آموزش سایت Expasy: توضیح روش swissmodel برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی پروتئین‌ها

ساختار سه‌بعدی پروتئین منبع مهم اطلاعاتی برای درک بهتر عملکرد پروتئین، اینترکشن آن با اجزای دیگر (لیگاندها، پروتئین، DNA و ...) و فهم اثرات فنوتیپیکی جهش‌ها می‌باشد. ساختار سه‌بعدی پروتئین بر اساس سه روش اصلی طبقه بندی شود:

۱. مدل سازی همولوژیکی: اساس پیش‌بینی توسط مدل سازی همولوژیکی این است که توالی پروتئین با یک یا تعداد بیشتر پروتئین با ساختار شناخته شده شباهت داشته باشد. این روش، مدل سازی مقایسه ای (CA) نیز نامیده می‌شود بر اساس این واقعیت که پروتئین‌هایی با توالی‌های مشابه، ساختارهای مشابه دارند. این روش بر آن اساس که، پروتئین‌های یک خانواده، بیشتر توالی‌های آمینو اسیدی شان حفاظت شده است، آسان می‌باشد. چرا که وقتی ساختار یک پروتئین از یک خانواده به‌وسیله‌ی آزمایش تعیین شود، اعضای دیگر آن خانواده می‌توانند بر اساس تطابق شان با ساختار شناخته شده مدل سازی شوند. دقت پیش‌گویی با این روش به میزان تشابه بین توالی پروتئین هدف و ساختارهای الگو بستگی دارد. مشکل عمده مدل سازی همولوژیکی پیدا کردن توالی هدفی است که به عنوان الگو استفاده می‌شود. تقریباً ۵۷٪ همه‌ی توالی‌های شناخته شده حداقل یک دمین دارند که به یک پروتئین با ساختار شناخته شده وابسته می‌باشد.

۲. تکنیک AB initio: در این روش سعی می‌شود تا مدل ساختار سه‌بعدی پروتئین تنها با استفاده از توالی و بررسی نیروها ایجاد گردد. و از اطلاعات ساختاری موجود استفاده نمی‌شود.

AB initio method، همچنین روش دنو نامیده می‌شود. اصطلاح AB initio method در ابتدا اشاره به روش‌هایی داشت که برای پیش‌بینی ساختار پروتئین انجام می‌شد و از دانسته‌های آزمایشگاهی مربوط

به ساختار استفاده نمی‌کرد. بعدها این اصطلاح با به وجود آمدن روش‌هایی بر اساس فراگمنت ها مبهم شد، چرا که این روش ها بر اساس این واقعیت به کار می‌روند که گر چه ما نمی‌توانیم همه‌ی فولد ها ی استفاده شده در بیولوژی را ببینیم ، احتمالاً قادر خواهیم بود تقریباً همه‌ی زیر ساختارها را ببینیم . در این روش فرض می‌شود که کمترین انرژی آزاد در طول عمر پروتئین می‌بایست در دسترس باشد و تلاش می‌شود تا این مقدار کم را به‌وسیله بررسی بسیاری از کانفورماسیون های ممکن پروتئین به دست آورند.

اگر چه روش‌های این گروه از لحاظ کامپیوتری بسیار پیچیده و هنوز فاقد دقت هستند، به چند دلیل به‌طور مداوم استفاده می‌شوند و گسترش می‌یابند. اولاً این که در برخی از موارد حتی یک ساختار همولوگ وابسته خیلی دور هم ممکن است در دسترس نباشد. در این موارد *ab initio* تنها روش می‌باشد . دوماً این که ممکن است ساختارهای جدیدی کشف شوند که به‌وسیله‌ی روش‌هایی که اساس شان مقایسه‌ی ساختارهای شناخته شده است قابل شناسایی نباشند.

۳. *threading* پروتئین: که گاهی نیز تشخیص فولد (FR) نامیده می‌شود. این روش یک رویکرد حد واسط دو روش قبلی است که هم از تشابه توالی در صورت وجود و هم از اطلاعات مربوط به تطابق‌های ساختاری استفاده می‌کند. هدف این روش تطابق توالی هدف با ساختار شناخته شده در کتابخانه‌ای از فولد ها می‌باشد .

به دلیل طرفداران زیاد پیش‌بینی ساختار پروتئین به‌وسیله‌ی روش‌های کامپیوتری ، جوامع علمی تلاش‌های زیادی را در حل مشکلات مختلف و محدودیت‌های هر کدام از این روش ها دارد

در ادامه آموزش سایت *swissmodel* برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی پروتئین‌ها بر اساس روش مدل سازی همولوژیکی ارائه می‌گردد.

در این روش پیش بینی ساختار سه بعدی پروتئین بر اساس توالی پروتئین صورت می پذیرد. پیش بینی

ساختار سه بعدی پروتئین در سایت **swissmodel** با دو روش امکان پذیر است

۱- در روش اول سایت **swissmodel** به صورت خودکار الگوهای لازم برای پیش بینی ساختار

سه بعدی پروتئین را تعیین می نماید

۲- در روش دوم باید فایل الگو برای پیش بینی ساختار سه بعدی پروتئین را در سایت **swissmodel**

وارد نماییم.

روش اول برای پیش بینی ساختار سه بعدی پروتئین در سایت **swissmodel**

ابتدا بر روی لینک زیر کلیک نمایید تا به سایت وارد شوید

<https://swissmodel.expasy.org/interactive>

در صفحه اصلی سایت:

۱: از بین گزینه‌ها مختلف بر روی Sequence کلیک نمایید

۲: توالی پروتئین را وارد نمایید:۳: بر روی Build Model کلیک نمایید تا فرایند پیش‌بینی ساختار

سه‌بعدی پروتئین آغاز شود.

The screenshot shows the SWISS-MODEL web interface. At the top, there is a navigation bar with the logo of BIOCENTRUM (University of Basel, The Center for Molecular Life Sciences) and the text 'SWISS-MODEL'. To the right of the logo, there are links for 'Modelling', 'Repository', 'Tools', 'Documentation', 'Log in', and 'Create Account'. Below the navigation bar, there is a section for 'All Projects' with a sub-section for 'Untitled Project' created today at 14:45. Underneath, there are tabs for 'Summary', 'Templates', and 'Models'. A red arrow points to the 'Models' tab. Below the tabs, there is a section for 'Model Results' with a dropdown menu for 'Order by: GMQE'. Below this, there is a message: 'Your models will appear here when ready.' and 'Automodel is running - more models are still to be built for this project.' with a loading icon. On the right side, there is a large empty box with the text 'Click model image to view in 3D'.

ابتدا نرم افزار به جستجوی الگوی ها مناسب برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی می‌پردازد و بعد از این

مرحله ساختار سه‌بعدی را پیش‌بینی می‌نماید

The screenshot displays the I-TASSER web server interface. At the top, it shows 'Untitled Project' created today at 14:21. Below this are navigation tabs for 'Summary', 'Templates' (50), and 'Models' (1). The 'Model Results' section is active, showing a 'Model 01' with a 3D ribbon diagram of a protein structure. The interface includes various quality estimation metrics: Oligo-State (Monomer), Ligands (None), GMQE (0.12), and QMEAN (-1.60). It also features a 'Global Quality Estimate' section with bar charts for QMEAN, C β , All Atom, Solvation, and Torsion. A 'Local Quality Estimate' plot and a 'Comparison' plot are also visible. The 'Template' section shows '3nmz.1.A' with 95.88% sequence identity and full coverage. The 'Description' is 'APC variant protein'. At the bottom, a 'Model-Template Alignment' is shown with the sequence: NSNLRQELEDNSNHLNKLKLETEASNMKEVLKQLQGSIDEDSKDSQGQIEFLRIKE (55).

بعد از پیش بینی ساختار سه بعدی نتیجه آن در صفحه فوق نمایش داده می شود.

۱: در قسمت Template می توانید الگوهایی که برای پیش بینی ساختار سه بعدی انتخاب شده اند را مشاهده و الگوهای دلخواه را مشاهده نمایید.

۲: قسمت Model می توانید مدل های ساختار سه بعدی پروتئین که پیش بینی شده اند را مشاهده نمایید که در این شکل فقط یک مدل ارائه شده است.

Untitled Project Created: today at 14:21

Summary

Templates

50

Models

1



Model Results

Order by: GMQE

Oligo-State: Monomer
Ligands: None
GMQE: 0.12
QMEAN: -1.60

(matching prediction)

Global Quality Estimate

Metric	Value
QMEAN	-1.60
Cβ	-1.07
All Atom	0.87
...	2.50
...	-1.95

Local Quality Estimate

Comparison

Model 01

- ↓ PDB Format
- ↓ SPDBv Format
- Model Report
- ↓ Model Report
- Send to SwissDock
- Modelling Logs

Template: p1z.1.A
Seq Identity: 95.88%
Coverage: [Progress bar]
Description: APC variant protein

Model-Template Alignment

NH L N K L E T E A S N M K E V L K Q L Q G S I D E D S K D S Q G Q I E F L E R I K E 55

برای دانلود فایل PDB مدل ارائه شده مانند شکل فوق بر روی عبارت PDB format کلیک نمایید.



در این قسمت نیز ساختار سه بعدی پروتئین نمایش داده می شود که با استفاده از دو گزینه فوق می توانید نحوه نمایش ساختار را مشاهده نمایید.

Export Alignment

FASTA format Clustal Format PNG Image

Alignment Options

Fade Mismatches

Secondary Structure

None DSSP PSIPRED SSpro

Colour Scheme

Clustal Hydrophobic Size Charged*

Polar Proline Ser/Thr Cysteine

Aliphatic Aromatic SOA bValue

bValue Range Entropy QMean4 Indels

Chain Unique Chain Rainbow Structure

No Colour

*The charged colour scheme was reversed in September 2017.

Order by: GMQE

GMQE 0.12 QMEAN -1.60

Quality Estimate

Comparison

Description
APC variant protein

Model_01 NSNLRQEELEDNSNHLNKLET EASNMKFVLKQLQGSIDEDSKDSQGQIEFLERIKE 55

3nmz.1.A

Model_01 MSLDPSGFSGVKLRKASLQGSADSSPSPSPVSSCPRRGASSGGRDSAGYLEELE 110

همچنین با کلیک بر روی قسمت فوق می‌توانید رنگ‌بندی مدل ارائه شده را تعیین نمایید.

روش دوم: پیش ساختار سه بعدی پروتئین ها بر اساس یک ساختار الگو در سایت **swissmodel**

در این روش ابتدا باید یک فایل PDB از ساختار سه بعدی پروتئین الگو تهیه نمایید و سپس بر اساس

ساختار پروتئین الگو ساختار سه بعدی پروتئین مورد نظر خود را پیش بینی نمایم

در صورتی که فایل PDB در اختیار نداشته باشید می توانید با استفاده از بلاست پروتئین این فایل را تهیه

نمود. برای این کار ابتدا بر روی لینک زیر کلیک نمایید تا به سایت NCBI جهت بلاست پروتئین وارد

شوید.

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE=Proteins&PROGRAM=blastp&BLAST_PROGRAMS=blastp&QUERY=NP_001137312.1&LINK_LOC=protein&PAGE_TYPE=BlastSearch

Standard Protein BLAST

blastn blastp blastx tblastn tblastx

1 Enter Query Sequence

BLASTP programs search protein databases using a protein query. more...

Enter accession number(s), gi(s) or FASTA sequence(s) Clear Query subrange

From To

2

3

Database Protein Data Bank proteins(pdb)

Organism Optional

Exclude +

Exclude Optional

Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

در نرم افزار بلاست

۱: ابتدا بر روی زبانه blastp کلیک نمایید


۲: توالی پروتئین مربوطه را وارد نمایید


۳: در قسمت Database گزینه Protein Data Bank proteins(PDB) را انتخاب نمایید.

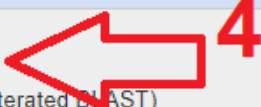
Program Selection

Algorithm

- blastp (protein-protein BLAST)
- PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)
- PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)
- DELTA-BLAST (Domain Enhanced Lookup Time Accelerated BLAST)

Choose a BLAST algorithm 

5 

4 

BLAST

Search database Protein Data Bank proteins(pdb) using Blastp (protein-protein BLAST)

Show results in a new window

[+ Algorithm parameters](#) **Note: Parameter values that differ from the default are highlight**

۴: این گزینه را انتخاب نمایید

۵: بر روی گزینه Blast کلیک نمایید

BLAST Home Rec

Format Request

Job Title: Protein Sequence (2754 letters)

Request ID	7KC0BHB401R
Status	Searching
Time since submission	00:00:00

This page will be automatically updated in 1 seconds until search is done

BLAST is a registered trademark of the National Library of Medicine

NCBI
National Center for Biotechnology Information, U.S. National Library of Medicine
8600 Rockville Pike, Bethesda MD, 20894 USA

[Policies and Guidelines](#) | [Contact](#)

با مشاهده پنجره فوق باید مدتی صبر نمایید تا فرایند بررسی توالی و یافتن توالی های مشابه انجام شود.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments Download GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Chain A, Structure Of Glycogen Synthase Kinase-3 (Gsk3b)	813	813	96%	0.0	95%	1I09_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk3b In Complex With Inhibitor	813	813	96%	0.0	95%	4ACC_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk-3beta with inhibitor 6-chloro-N-cyclohexyl-4-(1H-pyrrolo[2,3-b]pyridin-3-yl)pyridin-2-amine	813	813	96%	0.0	95%	4IQ6_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk-3 Beta Complexed With Amp-Pnp	813	813	96%	0.0	95%	1PYX_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Structure Of A Carboxamide Compound (3) (2-[2-[(cyclopropylcarbonyl) Amino]pyridin-4-yl]-4-oxo-4h-	812	812	96%	0.0	95%	4PTC_A
<input type="checkbox"/> Chain A, GSK3beta complex with N-(6-(3,4-dihydroxyphenyl)-1H-pyrazolo[3,4-b]pyridin-3-yl)acetamide	810	810	96%	0.0	94%	5OY4_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Crystal Structure Of Human Glycogen Synthase Kinase 3 Beta (gsk3b) In Complex With Inhibitor 142	810	810	96%	0.0	94%	3SAY_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk-3 Beta Complexed With Staurosporine	810	810	96%	0.0	95%	1Q3D_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Crystal Structure of GSK3b in complex with inhibitor 15R	809	809	96%	0.0	94%	4J1R_A
<input type="checkbox"/> Chain A, X-ray Crystal Structure Of Gsk3b In Complex With Brd3937	807	807	96%	0.0	94%	5HLP_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Crystal Structure Of Glycogen Synthase Kinase 3 In Complexed With Inhibitor	800	800	95%	0.0	95%	1Q5K_A

بعد از تکمیل فرایند بررسی توالی در شکل فوق نتایج بلاست را مشاهده می‌نمایید. همان‌گونه که مشاهده می‌نمایید برای توالی وارد شده چندین پروتئین با ساختار مشابه پیشنهاد شده است. بهترین ساختار الگو برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی توالی وارد شده، پروتئینی است که دارای بیشترین میزان identity و Query coverage باشد.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments Download GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Chain A, Structure Of Glycogen Synthase Kinase-3 (Gsk3b)	813	813	96%	0.0	95%	1I09_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk3b In Complex With Inhibitor	813	813	96%	0.0	95%	4ACC_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk-3beta with inhibitor 6-chloro-N-cyclohexyl-4-(1H-pyrrolo[2,3-b]pyridin-3-yl)pyridin-2-amine	813	813	96%	0.0	95%	4IQ6_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk-3 Beta Complexed With Amp-Pnp	813	813	96%	0.0	95%	1PYX_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Structure Of A Carboxamide Compound (3) (2-[2-[(cyclopropylcarbonyl) Amino]pyridin-4-yl]-4-oxo-4h-	812	812	96%	0.0	95%	4PTC_A
<input type="checkbox"/> Chain A, GSK3beta complex with N-(6-(3,4-dihydroxyphenyl)-1H-pyrazolo[3,4-b]pyridin-3-yl)acetamide	810	810	96%	0.0	94%	5OY4_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Crystal Structure Of Human Glycogen Synthase Kinase 3 Beta (gsk3b) In Complex With Inhibitor 142	810	810	96%	0.0	94%	3SAY_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Gsk-3 Beta Complexed With Staurosporine	810	810	96%	0.0	95%	1Q3D_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Crystal Structure of GSK3b in complex with inhibitor 15R	809	809	96%	0.0	94%	4J1R_A
<input type="checkbox"/> Chain A, X-ray Crystal Structure Of Gsk3b In Complex With Brd3937	807	807	96%	0.0	94%	5HLP_A
<input type="checkbox"/> Chain A, Crystal Structure Of Glycogen Synthase Kinase 3 In Complexed With Inhibitor	800	800	95%	0.0	95%	1Q5K_A

بعد از انتخاب پروتئین مناسب که معمولا اولین گزینه نیز می باشد بر روی Accession آن پروتئین

کلیک نمایید تا به صفحه زیر وارد شوید

GenPept ▾ Send to: ▾ Change region shown ▾
Customize view ▾

Chain A, Structure Of Glycogen Synthase Kinase-3 (Gsk3b)

PDB: 1I09_A
[Identical Proteins](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

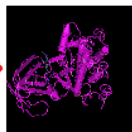
Go to: (v)

LOCUS 1I09_A 420 aa linear PRI 10-OCT-2012
DEFINITION Chain A, Structure Of Glycogen Synthase Kinase-3 (Gsk3b).
ACCESSION 1I09_A
VERSION 1I09_A
DBSOURCE pdb: molecule 1I09, chain 65, release Aug 27, 2007;
deposition: Jan 29, 2001;
class: Transferase;
source: Mmdb_id: 18277, Pdb_id 1: 1I09;
Exp. method: X-Ray Diffraction.

KEYWORDS .
SOURCE Homo sapiens (human)
ORGANISM [Homo sapiens](#)
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini;
Catarrhini; Hominidae; Homo.

REFERENCE 1 (residues 1 to 420)
AUTHORS ter Haar,E., Coll,J.T., Austen,D.A., Hsiao,H.M., Swenson,L. and
Jain,J.
TITLE Structure of GSK3beta reveals a primed phosphorylation mechanism

Analyze this sequence ▾
Run BLAST
Identify Conserved Domains
Highlight Sequence Features
Find in this Sequence

Protein 3D Structure ▾

Co-structure of human glycogen synthase kinase beta
PDB: 6B8J
Source: Homo sapiens
Method: X-ray
Diffraction
Resolution: 2.595 Å

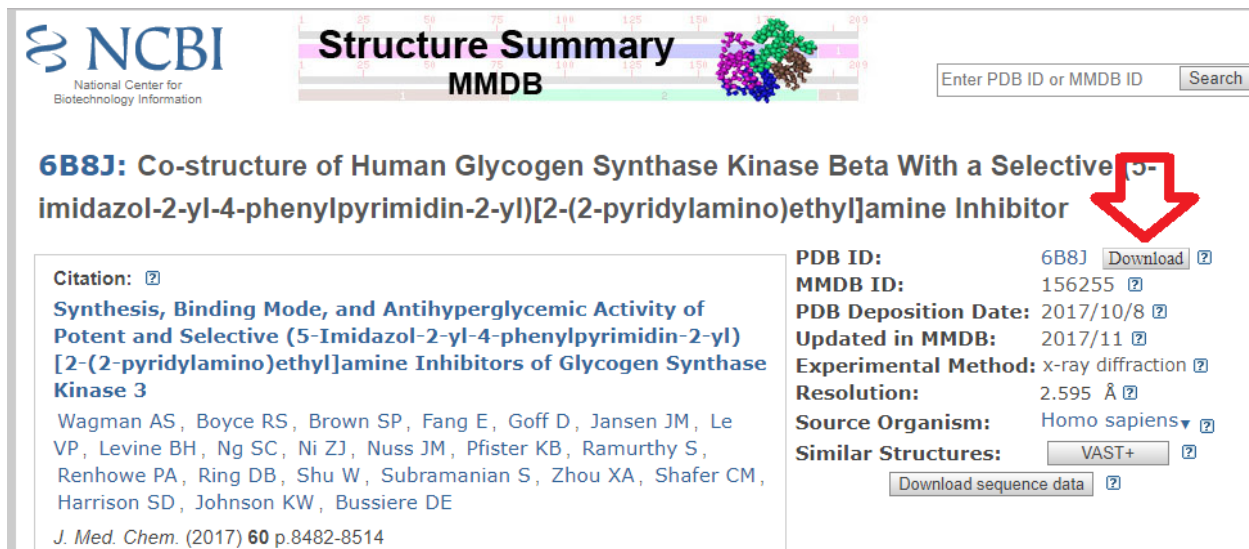
در صفحه فوق که بیانگر مشخصات پروتئین انتخاب شده می باشد بر روی تصویر مشخص شده کلیک

نمایید تا صفحه زیر باز شود.

<input type="checkbox"/>		Proteins: 2 Chemicals: 2 modified: 2017-11-26 MMDB ID: 156255 PDB ID: 6B8J View in iCn3D Similar Structures PubMed Proteins Conserved Dc
2. <input type="checkbox"/>		Crystal Structure Of Gsk-3beta Complexed With Pf-04802367, penetrant Kinase Inhibitor[Transferase, EC: 2.7.11.26 2.7.11.1] Taxonomy: Homo sapiens Proteins: 1 Chemicals: 2 modified: 2016-09-22 MMDB ID: 143330 PDB ID: 5K5N View in iCn3D Similar Structures PubMed Proteins Conserved Dc
<input type="checkbox"/>		X-ray Crystal Structure Of Gsk3b In Complex With Brd3937[Tr INHIBITOR, EC: 2.7.11.26 2.7.11.1] Taxonomy: Homo sapiens Proteins: 1 Chemicals: 1 modified: 2016-08-01 MMDB ID: 139331 PDB ID: 5HLP View in iCn3D Similar Structures PubMed Proteins Conserved Dc
4. <input type="checkbox"/>		X-ray Crystal Structure Of Gsk3b In Complex With Chir99021[INHIBITOR, EC: 2.7.11.26 2.7.11.1] Taxonomy: Homo sapiens Proteins: 2 Chemicals: 6 modified: 2016-08-01 MMDB ID: 139550 PDB ID: 5HLN View in iCn3D Similar Structures PubMed Proteins Conserved Dc

صفحه فوق نشان دهنده ساختارهای سه بعدی برای پروتئین انتخاب شده می باشد از آنجایی که برای یک پروتئین ممکن است به چندین روش ساختار سه بعدی بررسی شده باشد در صفحه فوق چندین ساختار سه بعدی ارائه شده است.

در صفحه فوق ساختاری را انتخاب نمایید که دارای یک protein و دارای کمترین تعداد Chemical باشد سپس بر روی تصویر آن ساختار کلیک نمایید.

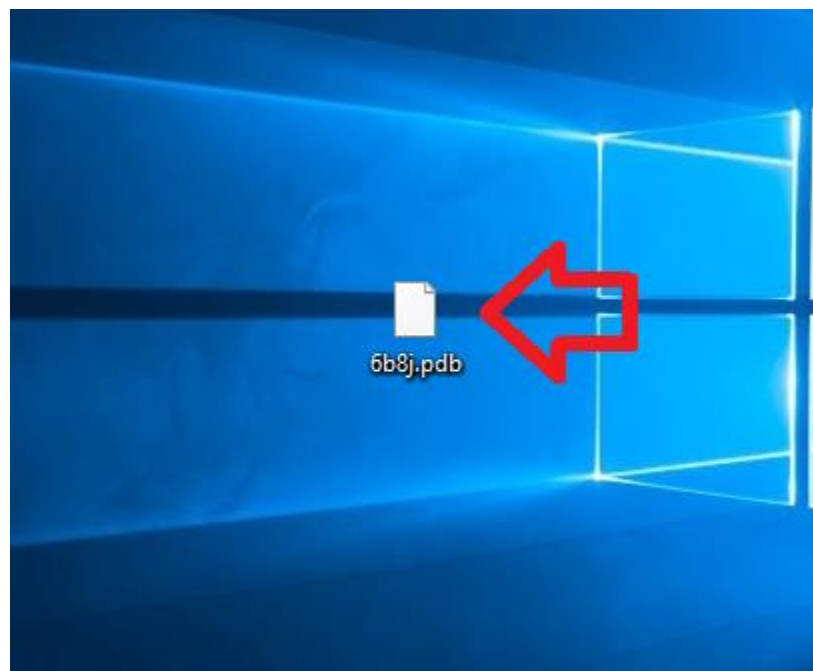


6B8J: Co-structure of Human Glycogen Synthase Kinase Beta With a Selective [2-(2-pyridylamino)ethyl]amine Inhibitor

Citation: [?](#)
Synthesis, Binding Mode, and Antihyperglycemic Activity of Potent and Selective (5-Imidazol-2-yl-4-phenylpyrimidin-2-yl) [2-(2-pyridylamino)ethyl]amine Inhibitors of Glycogen Synthase Kinase 3
Wagman AS, Boyce RS, Brown SP, Fang E, Goff D, Jansen JM, Le VP, Levine BH, Ng SC, Ni ZJ, Nuss JM, Pfister KB, Ramurthy S, Renhowe PA, Ring DB, Shu W, Subramanian S, Zhou XA, Shafer CM, Harrison SD, Johnson KW, Bussiere DE
J. Med. Chem. (2017) **60** p.8482-8514

PDB ID: 6B8J [Download](#) [?](#)
MMDB ID: 156255 [?](#)
PDB Deposition Date: 2017/10/8 [?](#)
Updated in MMDB: 2017/11 [?](#)
Experimental Method: x-ray diffraction [?](#)
Resolution: 2.595 Å [?](#)
Source Organism: Homo sapiens [?](#)
Similar Structures: [VAST+](#) [?](#)
[Download sequence data](#) [?](#)

سپس در صفحه بعدی بر روی گزینه Download کلیک نمایید تا فایل PDB برای ساختار سه بعدی پروتئین دانلود شود.



سپس از این فایل PDB دانلود شده برای پیش بینی ساختار سه بعدی پروتئین دلخواه استفاده می نمایم.

بعد از تهیه فایل PDB و استفاده از آن به عنوان الگو می توان ساختار سه بعدی پروتئین مورد نظر را پیش بینی نمود برای این کار بر روی لینک زیر کلیک نمایید

<https://swissmodel.expasy.org/interactive#structure>

Start a New Modelling Project

Target Sequence(s):
(Format must be FASTA, Clustal, plain string, or a valid UniProtKB AC)

Target: MSGRFRITTSFAESCKPVPQPSAFGSMKVSRLDKDGSKVTIVVATPGQGPRPQEVSYTDTKVIENGSGFVY
Target: YQAKLCDSGELVAIKKVLQDKRFKNRELQIMRKLDCNIVRLRYFFYS SGGKKDEVYLNVLVDYVPEIVY
Target: RVARHYSRAKQITLPMVYVRLMYQLFRSLAYIHSFGICHRDIKFNLLDPDTAVLKLKDFGSAKQLVRG
Target: EPNVSYICSRYYRAPELIFGATDYTS SIDVWSAGCVLAELLGQPIFPGDSGVDQLVEI IKVLGTPTRQ

Supported Inputs

- Sequence(s)
- Target-Template Alignment
- User Template
- DeepView Project

Build Model

By using the SWISS-MODEL server, you agree to comply with the following [terms of use](#) and to cite the corresponding [articles](#)

سپس در صفحه فوق:

۱: بر روی گزینه User Template کلیک نمایید

۲: توالی پروتئینی را وارد نمایید

Start a New Modelling Project

Target:

Sequence(s):
(Format must be FASTA, Clustal, plain string, or a valid UniProtKB AC)

Target:
Target:

Template File:

Project Title:

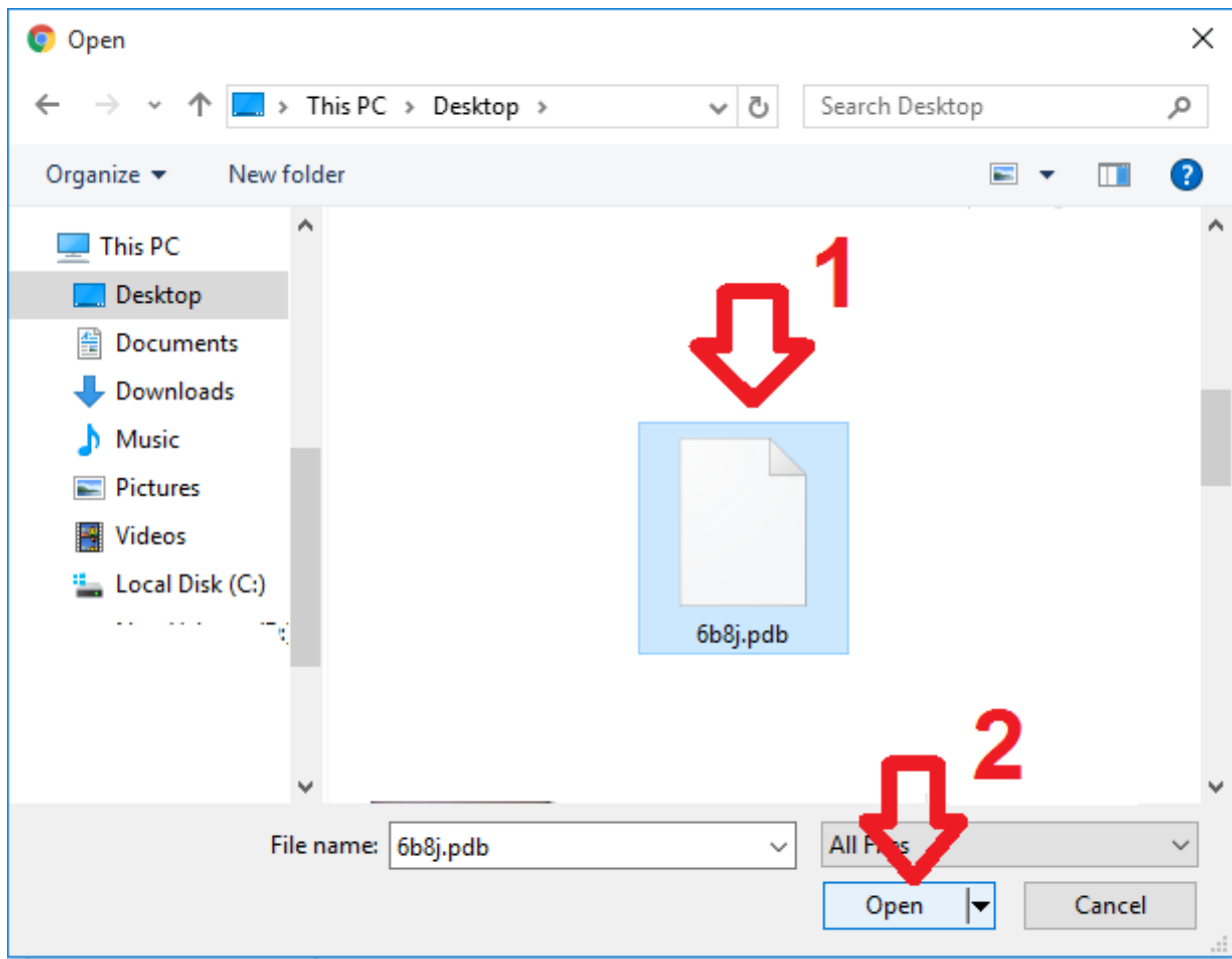
Email:

Supported Inputs

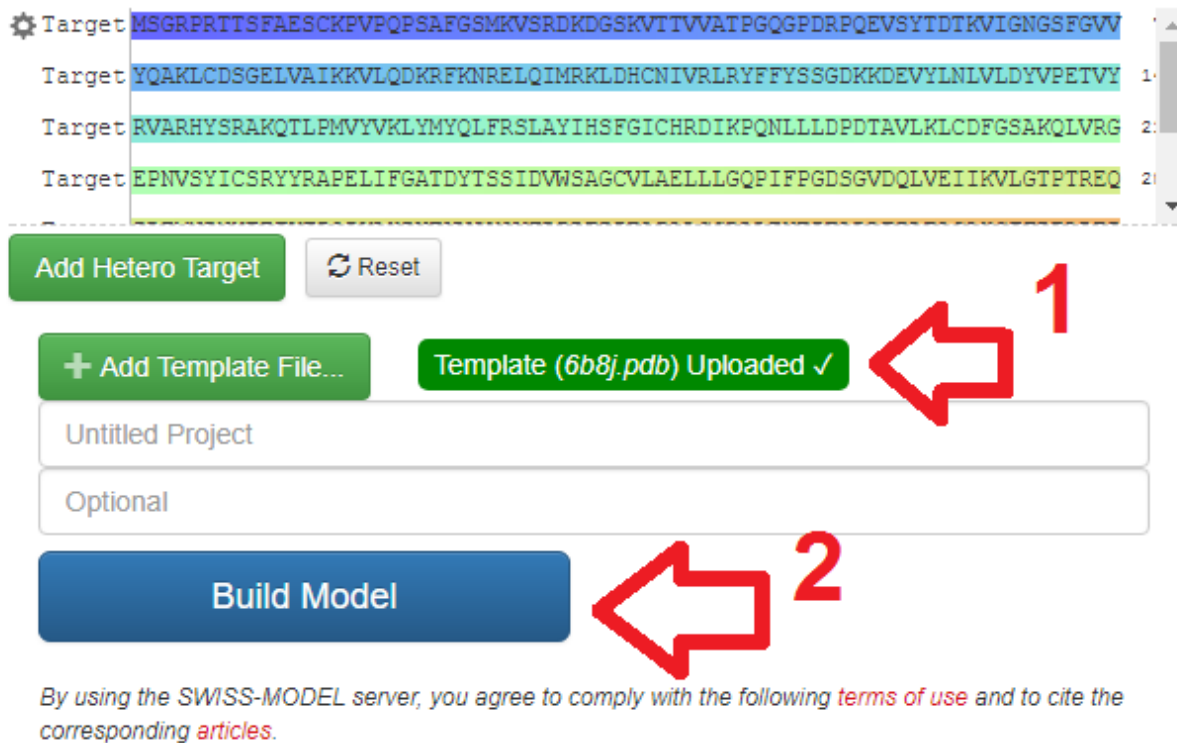
- Sequence(s)
- Target-Template Alignment
- User Template
- DeepView Project

By using the SWISS-MODEL server, you agree to comply with the following [terms of use](#) and to cite the corresponding [articles](#)

سپس باید توالی الگو را وارد نمایید برای این کار بر روی گزینه Add Template file.. کلیک نمایید تا پنجره زیر باز شود.



در پنجره فوق فایل الگویی که در مرحله قبل دانلود نمودیم انتخاب نمایید.



Target MSGRPRTTSFAESCCKPVPQPSAFGSMKVS RDKDGSKVITV VVATPGQGPDRPQEVSYTDTK VIGNSGFGW

Target YQAKLCDSGELVAIKKVLQDKRFKNRELQIMRKL DHCNIVRLRYFFYS SGGDKKDEVYLN LVLVDYVPETVY 1:

Target RVARHYSRAKQTLPMVYVKLYMYQLFRSLAYIHSFGICH RDIKPQNLLLD PDTAVLKLCD FGS AKQLVRG 2:

Target EPNVSYICSRYYRAPELIFGATDYTSSIDVWSAGCVLAE LLLGQPIFP GDSGVDQLVEI IKVLGTPREQ 2:

Add Hetero Target Reset

+ Add Template File... Template (6b8j.pdb) Uploaded ✓

Untitled Project

Optional

Build Model

By using the SWISS-MODEL server, you agree to comply with the following *terms of use* and to cite the corresponding *articles*.

بعد از اینکه فایل الگو دانلود شد بر روی گزینه Build Model کلیک نمایید تا پیش بینی ساختار سه بعدی پروتئین آغاز شود.

سایر مراحل این روش و ارائه نتایج همان گونه می باشد که قبلا ارائه شد.