

# Klasifikacija proteinskih struktur

---

Prvo klasifikacijo struktur proteinov sta leta 1976 predstavila M. Levitt in C. Chothia na podlagi vseh 31 takrat znanih struktur<sup>1</sup>. Proteine sta glede na vsebnost in organiziranost elementov sekundarne strukture razvrstila v štiri jasno ločene razrede:

- proteini z  $\alpha$ -strukturo („all- $\alpha$ “, vsaj 60 % ostankov tvori  $\alpha$ -vijačnico)
- proteini z  $\beta$ -strukturo („all- $\beta$ “)
- proteini z  $\alpha+\beta$  strukturo ( $\alpha$  in  $\beta$  struktura v ločenih delih polipeptidne verige)
- proteini z  $\alpha/\beta$  strukturo (struktura sestavljena iz ponavljajočih se  $\beta$  in  $\alpha$  elementov)

V klasifikacijo niso bili vključeni proteini z nizko vsebnostjo sekundarnih struktur, ki jih danes ponavadi uvrščamo v posebno skupino.

*Ne smemo pozabiti, da pri večdomenskih proteinih klasificiramo vsako domeno posebej.*

<sup>1</sup>Levitt, M. and C. Chothia. Structural Patterns in Globular Proteins. *Nature* **261**, 552-558 (1976).

# Klasifikacija proteinskih struktur

## SCOP

<http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/>

Hierarhična ureditev:

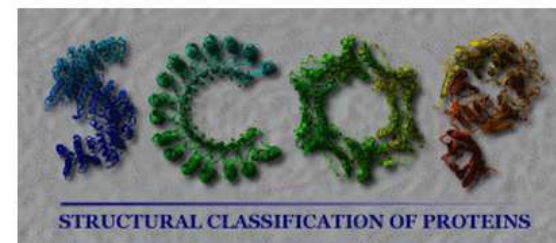
**Class**  
**Fold**  
**Superfamily**  
**Family**  
**Protein**  
**Species**  
**Domain**

### Structural Classification of Proteins



Welcome to **SCOP**: Structural Classification of Proteins.  
**1.75 release** (June 2009)

38221 PDB Entries. 1 Literature Reference. 110800 Domains.  
(excluding nucleic acids and theoretical models).  
Folds, superfamilies, and families [statistics here](#).  
[New folds superfamilies families](#).  
[List of obsolete entries and their replacements](#).



**Authors.** Alexey G. Murzin, John-Marc Chandonia, Antonina Andreeva, Dave Howorth, Loredana Lo Conte, Bartlett G. Ailey, Steven E. Brenner, Tim J. P. Hubbard, and Cyrus Chothia. [scop@mrc-lmb.cam.ac.uk](mailto:scop@mrc-lmb.cam.ac.uk)

**Reference:** Murzin A. G., Brenner S. E., Hubbard T., Chothia C. (1995). SCOP: a structural classification of proteins database for the investigation of sequences and structures. *J. Mol. Biol.* 247, 536-540. [\[PDF\]](#)

**Recent changes** are described in: Lo Conte L., Brenner S. E., Hubbard T.J.P., Chothia C., Murzin A. (2002). SCOP database in 2002: refinements accommodate structural genomics. *Nucl. Acid Res.* 30(1), 264-267. [\[PDF\]](#),  
Andreeva A., Howorth D., Brenner S.E., Hubbard T.J.P., Chothia C., Murzin A.G. (2004). SCOP database in 2004: refinements integrate structure and sequence family data. *Nucl. Acid Res.* 32:D226-D229. [\[PDF\]](#), and  
Andreeva A., Howorth D., Chandonia J.-M., Brenner S.E., Hubbard T.J.P., Chothia C., Murzin A.G. (2007). Data growth and its impact on the SCOP database: new developments. *Nucl. Acid Res.* advance access, doi:10.1093/nar/gkm993. [\[PDF\]](#).

### Access methods

- Enter scop at the [top of the hierarchy](#)
- [Keyword search of SCOP entries](#)

# Klasifikacija proteinskih struktur

CATH - <http://www.cathdb.info/>

**CATH** Home Search Browse Download About Support

## CATH / Gene3D

16 million protein domains classified into 2,626 superfamilies

[Browse »](#) [Search »](#) [Download »](#) [Take the Tour »](#)

### What's New?

The CATH website has recently undergone a big overhaul. We really hope you find the new pages more useful, easier to use and quicker to load. Please [get in touch](#) and let us know what you think.


### Searching CATH

- [Search by ID / keyword](#)
- [Search by FASTA sequence](#)
- [Search by PDB structure](#)

### Example pages

- [PDB "2bop"](#)
- [Domain "1cukA01"](#)
- [Relatives of "1cukA01"](#)
- [Superfamily "HUPs"](#)
- [Functional Family](#)
- [FunFam Alignment](#)
- [Search for "enolase"](#)
- [Superfamily Comparison](#)

### Latest News



### Latest Release

<b>CATH v3.5</b> based on PDB dated September 20, 2011	
173,536	<a href="#">CATH Domains</a>
2,626	<a href="#">CATH Superfamilies</a>
51,334	<a href="#">PDBs</a>

<b>Gene3D v11</b> released March 18, 2012	
1,639	<a href="#">Cellular Genomes</a>
1,016	<a href="#">Viral Genomes</a>
14,963,305	<a href="#">Protein Sequences</a>
16,297,076	<a href="#">CATH Domain Predictions</a>

# Klasifikacija proteinskih struktur

---

## CATH

hierarhija: C.A.T.H.S.O.L.I.D.

<b>Class</b>	vsebnost elementov sek. strukture
<b>Architecture</b>	splošna razporeditev elementov sek. strukture
<b>Topology</b>	zvitje (sosledje elementov sek. strukture)
<b>Homologous Superfamily</b>	<i>ročno določevanje s strani osebjā (izpolnjena morata biti vsaj 2 kriterija – podobnost zaporedij/strukture/funkcije)</i>
<b>Sequence Family (&gt;35% ID)</b>	
<b>Orthologous Family (&gt;60% ID)</b>	
<b>Like domain (&gt;95% ID)</b>	
<b>Identical domain</b>	
<b>Domain counter</b>	

# Klasifikacija proteinskih struktur

Primerjava stopenj hierarhije po SCOP IN CATH:

<b>SCOP</b>	<b>CATH</b>
Class	Class
Fold	Architecture
Superfamily	Topology/Homologous superfamily
Family	Sequence family
Protein	Orthologous family
Domain	Identical domain

Nivoji obeh lestvic v grobem sovpadajo glede na zgornjo tabelo, vendar ne popolnoma.

# Klasifikacija proteinskih struktur

## SCOP razredi

Structural Classification of Proteins



## Root: scop

### Classes:

1. [All alpha proteins](#) [46456] (284)
2. [All beta proteins](#) [48724] (174)
3. [Alpha and beta proteins \(a/b\)](#) [51349] (147)   
*Mainly parallel beta sheets (beta-alpha-beta units)*
4. [Alpha and beta proteins \(a+b\)](#) [53931] (376)   
*Mainly antiparallel beta sheets (segregated alpha and beta regions)*
5. [Multi-domain proteins \(alpha and beta\)](#) [56572] (66)   
*Folds consisting of two or more domains belonging to different classes*
6. [Membrane and cell surface proteins and peptides](#) [56835] (58)   
*Does not include proteins in the immune system*
7. [Small proteins](#) [56992] (90)   
*Usually dominated by metal ligand, heme, and/or disulfide bridges*
8. [Coiled coil proteins](#) [57942] (7)   
*Not a true class*
9. [Low resolution protein structures](#) [58117] (26)   
*Not a true class*
10. [Peptides](#) [58231] (121)   
*Peptides and fragments. Not a true class*
11. [Designed proteins](#) [58788] (44)   
*Experimental structures of proteins with essentially non-natural sequences. Not a true class*

# Klasifikacija proteinskih struktur

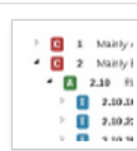
## CATH razredi

### BROWSE LINKS

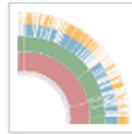
[Browse CATH Hierarchy](#)

[Compare CATH Superfamilies](#)

Details on the currently selected CATH node are displayed in the panel below



Tree



Sunburst

### Top of CATH Hierarchy (4 Classes)

- ▶ **C** 1 Mainly Alpha *5 Architectures, 386 Folds, 875 Superfamilies, 37038 Domains*
- ▶ **C** 2 Mainly Beta *20 Architectures, 229 Folds, 520 Superfamilies, 43881 Domains*
- ▶ **C** 3 Alpha Beta *14 Architectures, 594 Folds, 1113 Superfamilies, 90029 Domains*
- ▶ **C** 4 Few Secondary Structures *1 Architectures, 104 Folds, 118 Superfamilies, 2588 Domains*

### CATH News

[Support](#)  
[Jobs](#)

### Get Started

[Documentation](#)  
[Tutorials](#)

### Download

[WebServices](#)  
[Software](#)

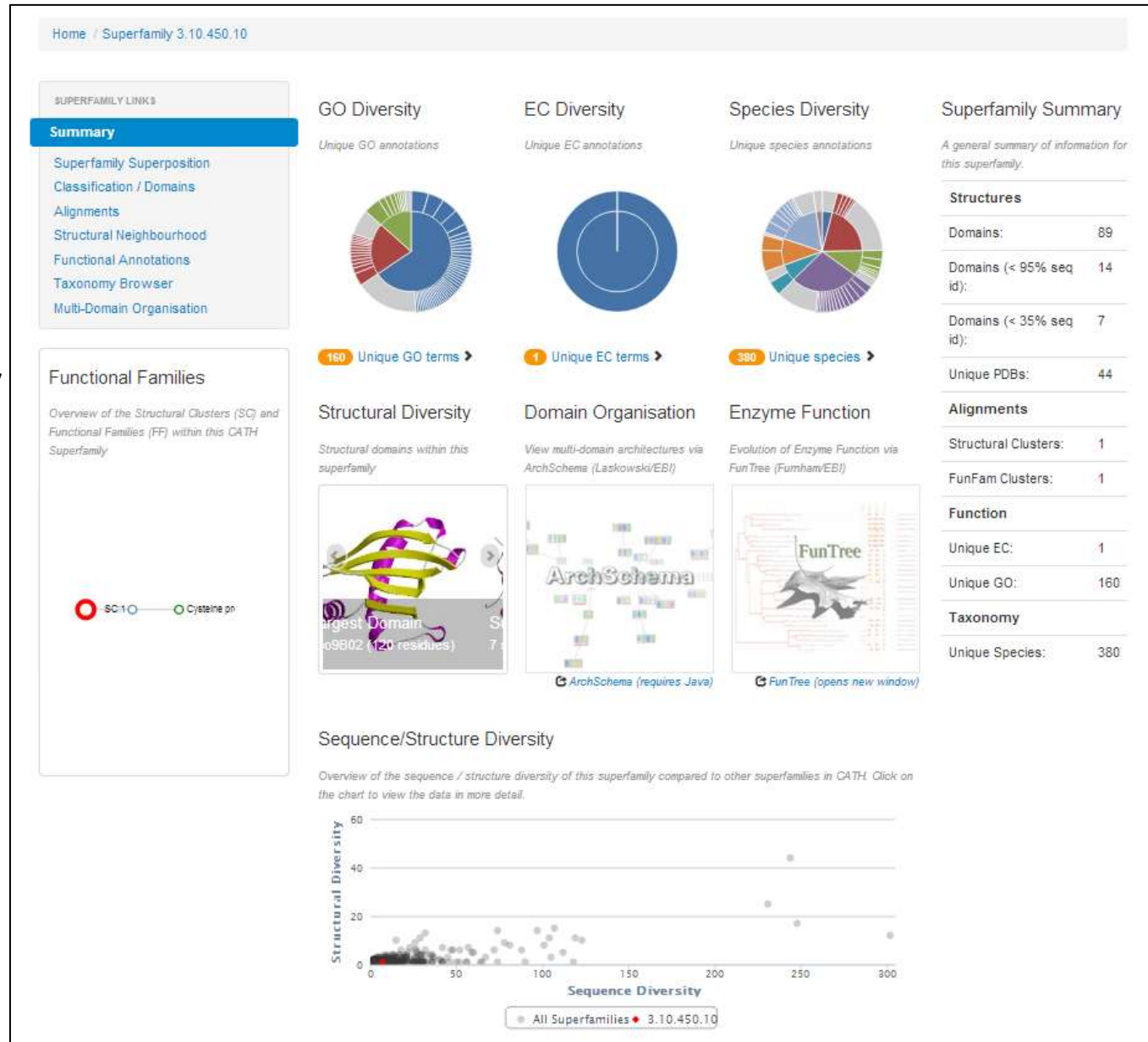
### About

[Orengo Group](#)  
[Web accessibility](#)

# Klasifikacija proteinskih struktur

CATH

Class  
Architecture  
Topology  
Homologous Superfamily





# Klasifikacija proteinskih struktur

CATH

Class

Architecture

Topology

Homologous Superfamily

Home / Superfamily 3.10.450.10

SUPERFAMILY LINKS

- Summary
- Superfamily Superposition**
- Classification / Domains
- Alignments
- Structural Neighbourhood
- Functional Annotations
- Taxonomy Browser
- Multi-Domain Organisation

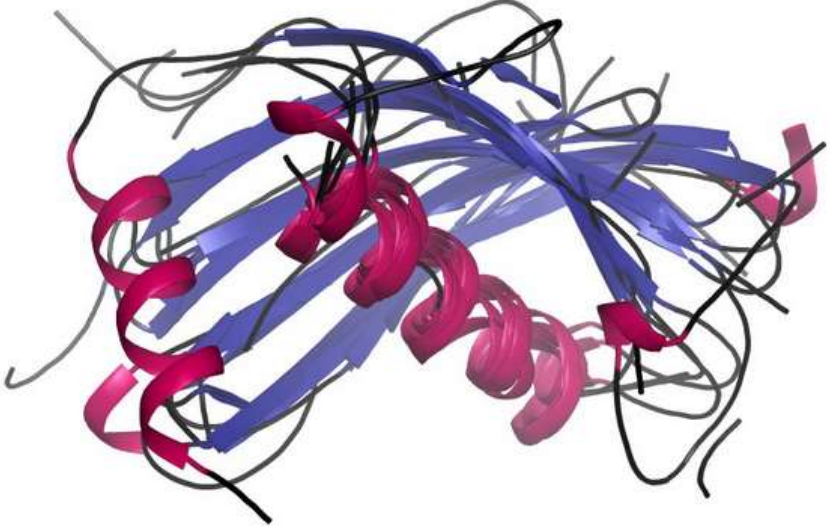
Superfamily Superposition (7 representative structures)

Download as Pymol (371K)

Functional Families

Overview of the Structural Clusters (SC) and Functional Families (FF) within this CATH Superfamily

SC:1 ○ Cysteine pn



# Klasifikacija proteinskih struktur

CATH

Class

Architecture

Topology

Homologous Superfamily

Home / Superfamily 3.10.450.10

**SUPERFAMILY LINKS**

- Summary
- Superfamily Superposition
- Classification / Domains**
- Alignments
- Structural Neighbourhood
- Functional Annotations
- Taxonomy Browser
- Multi-Domain Organisation

**CATH Classification**

Level	CATH Code	Description
⊖	3	Alpha Beta
⊕	3.10	Roll
⊕	3.10.450	Nuclear Transport Factor 2; Chain: A,
⊕	3.10.450.10	

Reps 35% Seq ID   **Reps 95% Seq ID**   All Domains

**CATH Representative Domains** (at <35% Seq. ID)

Showing 1 to 7 of 7 entries

← Previous 1 Next →

Show 10 entries   Search:

ID	CATH ID	# Domains
1kwiA00	3.10.450.10.7	5
1stfI00	3.10.450.10.5	17
2bo9B01	3.10.450.10.2	5
2bo9B02	3.10.450.10.4	5
2o9uX00	3.10.450.10.1	18
3gaxA00	3.10.450.10.3	21
3imaD00	3.10.450.10.6	18

Showing 1 to 7 of 7 entries

← Previous 1 Next →

SC:10 — Cysteine pn

# Klasifikacija proteinskih struktur

## CATH

Class  
Architecture  
Topology  
Homologous Superfamily

### CATH Domain 3gaxA00

25 keywords

DOMAIN LINKS

- Summary
- Structure
- Function
- Sequence
- Alignments
- Neighbourhood

#### CATH Classification

Level	CATH Code	Description
1	3	Alpha Beta
2	3.10	Roll
3	3.10.450	Nuclear Transport Factor 2; Chain: A,
4	3.10.450.10	

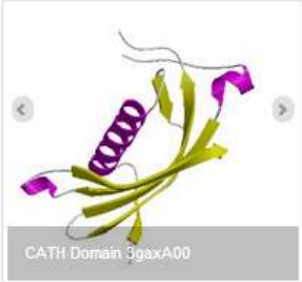
#### CATH Clusters

Superfamily	3.10.450.10
Functional Family	Cysteine proteinase inhibitor -like domain 1/2/3
Structural Cluster	SSG 1

#### Uniprot Entries (2)

P01034	CYTC_HUMAN <i>Homo sapiens</i> Cystatin-3
P01034	CYTC_HUMAN <i>Homo sapiens</i> Cystatin-3

#### PDB Structure



CATH Domain 3gaxA00

PDB 3GAX

External Links

- PDBSum
- Proteopedia

Method X-RAY DIFFRACTION

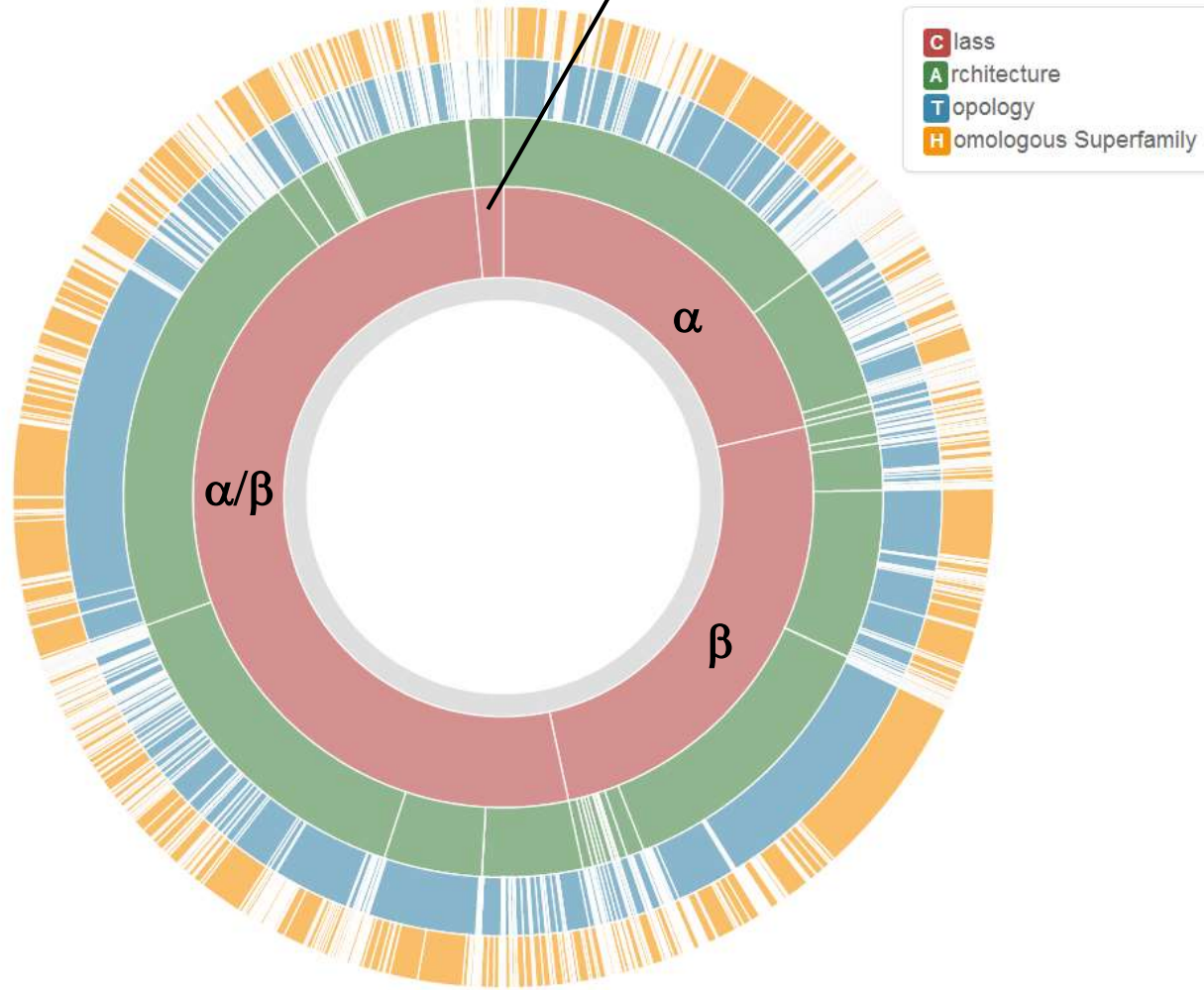
Organism

Primary Citation Crystal structure of human cystatin C stabilized against amyloid formation. Kolodziejczyk, R., Michalska, K., Hernandez-Santoyo, A., Wahlbom, M., Grubb, A., Jaskolski, M., *Febs J.*

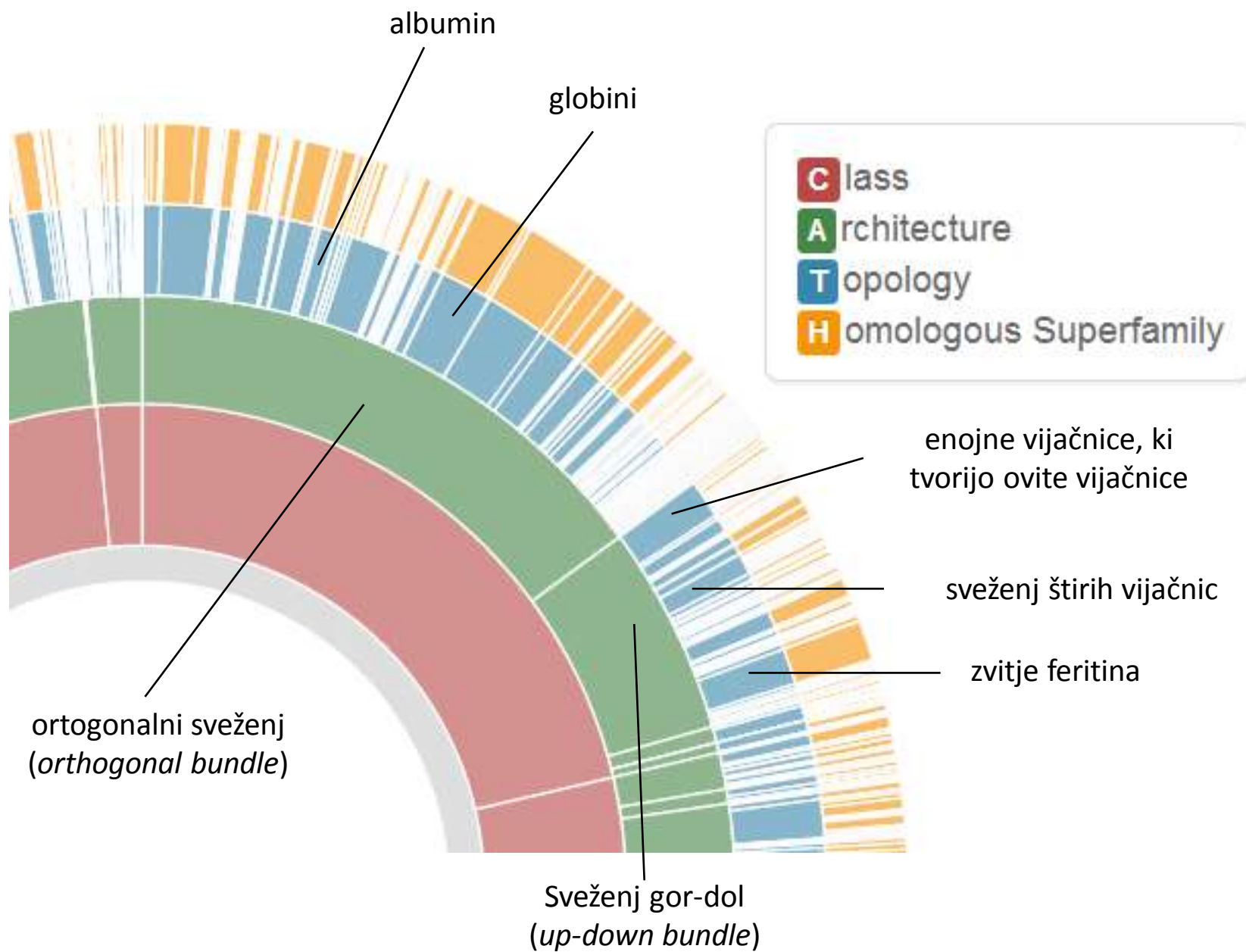
# Klasifikacija proteinskih struktur

CATH razredi

malo sek. strukture

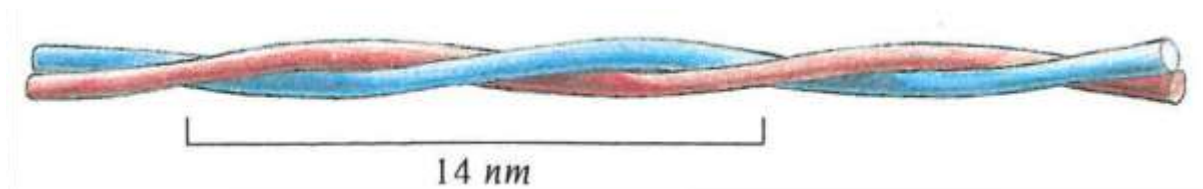


# Razred $\alpha$ struktur



# Razred $\alpha$ struktur – ovite vijačnice

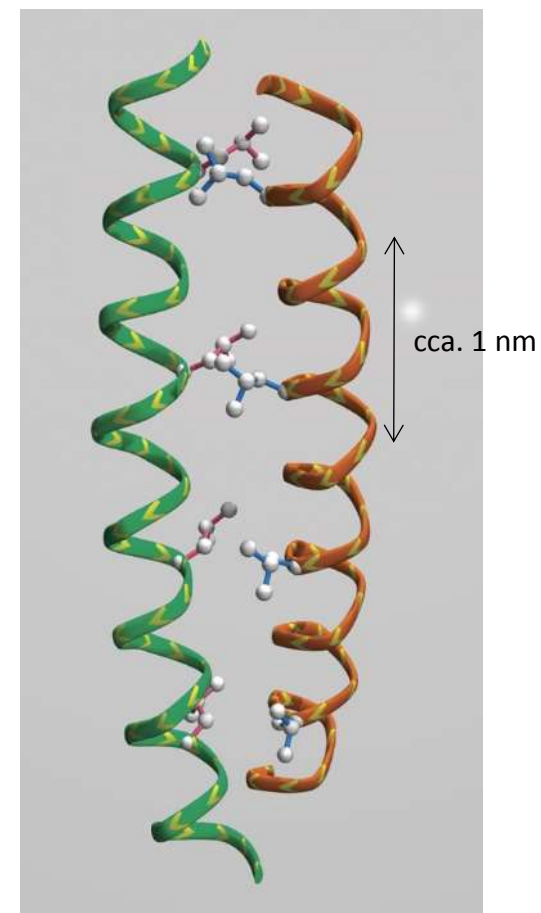
Izolirane  $\alpha$  vijačnice so v raztopini nestabilne. V proteinih so stabilizirane preko interakcij (ponavadi hidrofobnih) z drugimi elementi proteina. Najenostavnejši način stabilizacije preko hidrofobnih interakcij je ovita vijačnica, pri kateri se dve  $\alpha$  vijačnici ovijata ena okoli druge. Ovite vijačnice najdemo v številnih funkcijsko raznolikih proteinih (npr. keratin, miozin, laminin, transkripcijski faktorji, itd.)



Preučeval jih je že Francis Crick. Ugotovil je, da se ob tvorbi leve vijačnice dveh desnih vijačnic število ostankov na zavoju zniža s 3,6 na 3,5. Zato se vzorec interakcij med stranskimi verigami ponovi vsakih 7 ostankov – značilne **heptadne ponovitve**, strukturo imenujemo tudi **levcinska zadruga**.

Primer: transkripcijski faktor GCN4

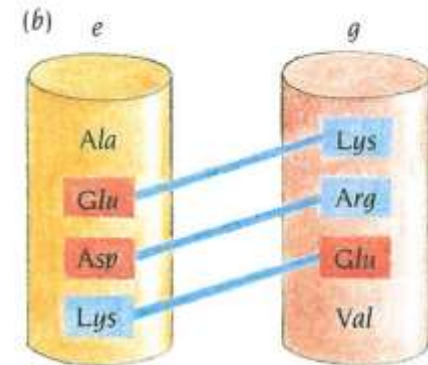
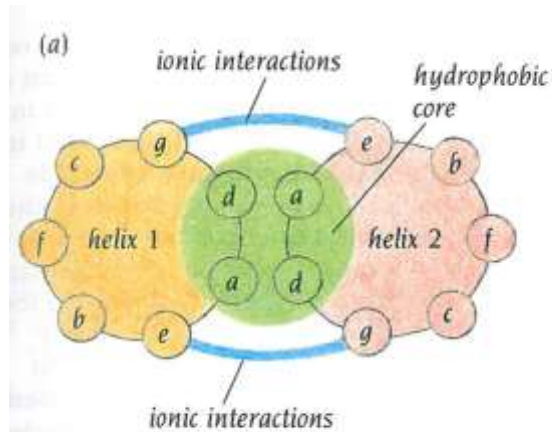
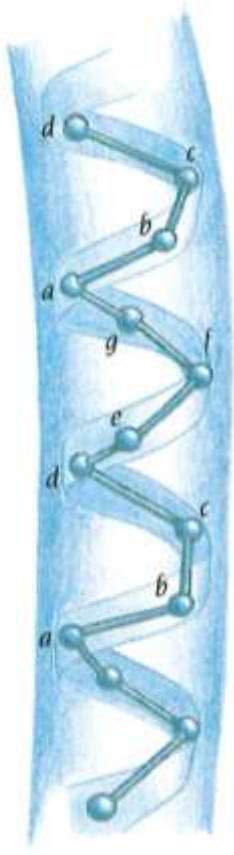
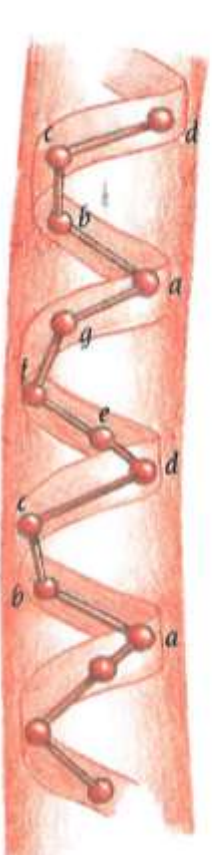
	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>	
NH <sub>2</sub> -	Met	Lys	Gln	Leu	Glu	Asp	Lys	-
	Val	Glu	Glu	Leu	Leu	Ser	Lys	-
	Asn	Tyr	His	Leu	Glu	Asn	Glu	-
	Val	Ala	Arg	Leu	Lys	Lys	Leu	- COOH





# Razred $\alpha$ struktur – ovite vijačnice

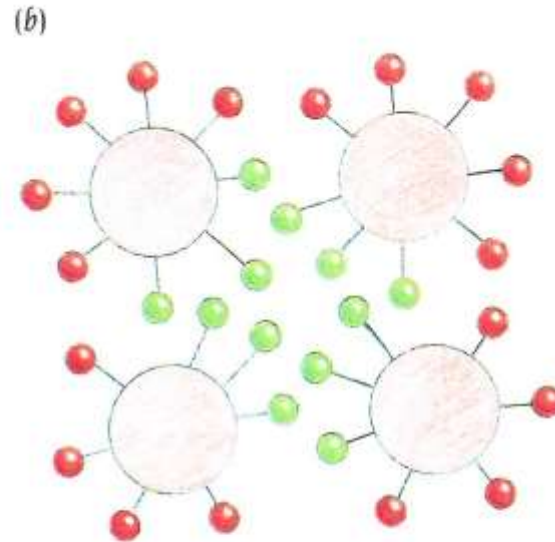
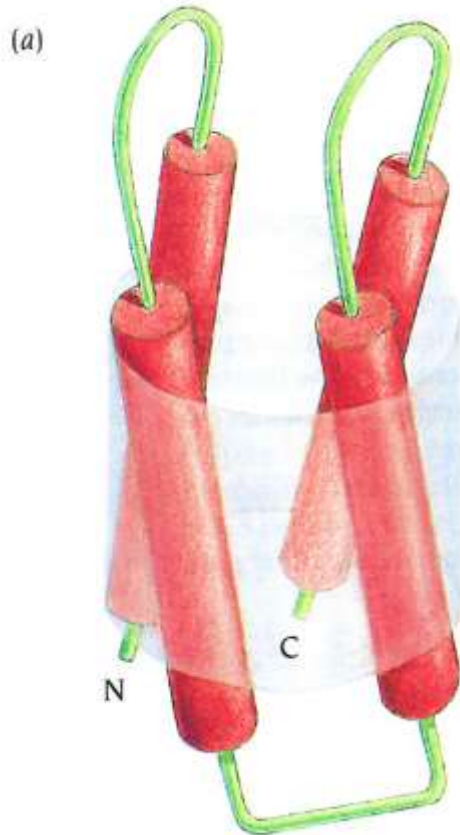
	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>	<i>d</i>	<i>e</i>	<i>f</i>	<i>g</i>
NH <sub>2</sub> -	Met	Lys	Gln	<b>Leu</b>	Glu	Asp	Lys
	Val	Glu	Glu	<b>Leu</b>	Leu	Ser	Lys
	Asn	Tyr	His	<b>Leu</b>	Glu	Asn	Glu
	Val	Ala	Arg	<b>Leu</b>	Lys	Lys	Leu
							COOH



Dodatno lahko ovite vijačnice stabilizirajo solni mostički.

# Razred $\alpha$ struktur – sveženj štirih vijačnic

Štiri  $\alpha$  vijačnice orientirane tako, da so si osi vijačnic (skoraj) vzporedne. Struktura je stabilizirana preko hidrofobnih interakcij v notranjosti svežnja.

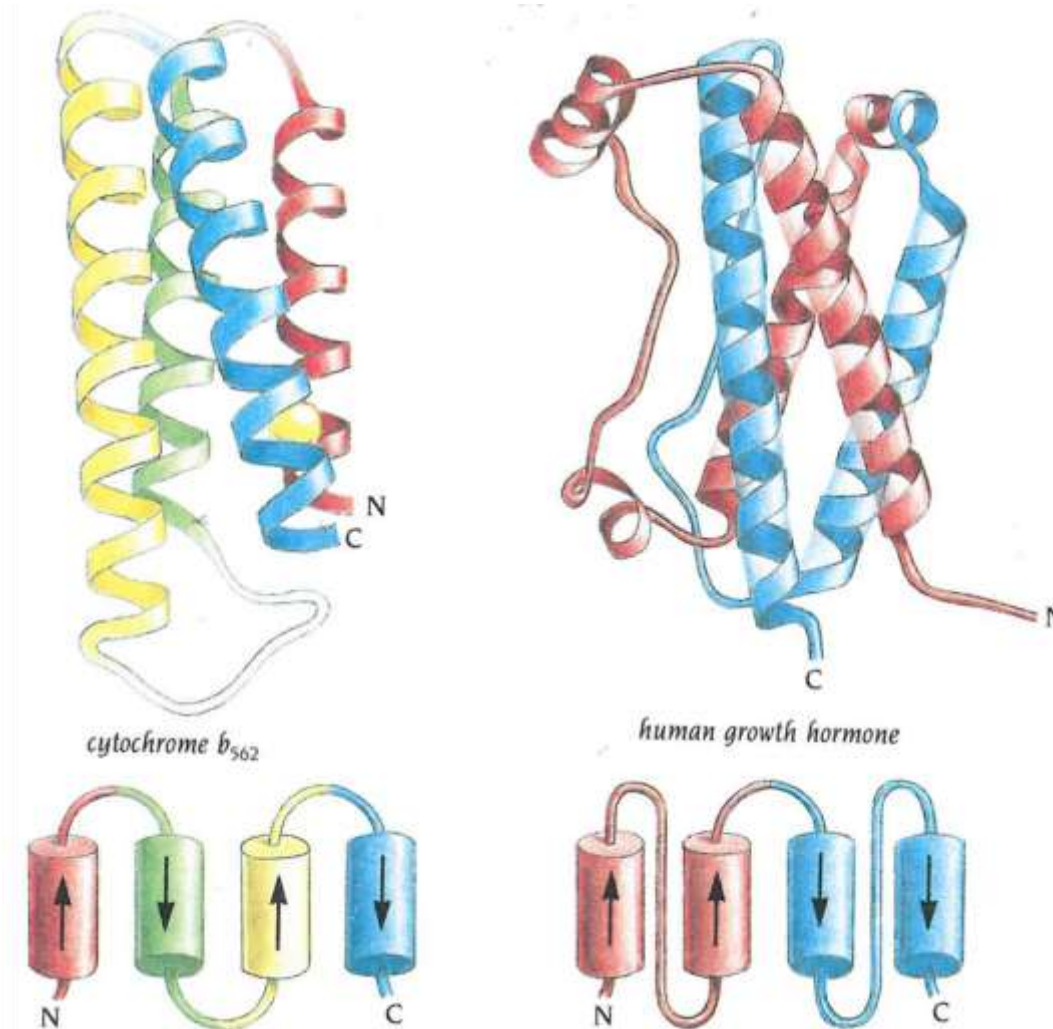


*zelene – hidrofobne ak  
rdeče – hidrofilne ak*



# Razred $\alpha$ struktur – sveženj štirih vijačnic

Topologije se lahko razlikujejo.

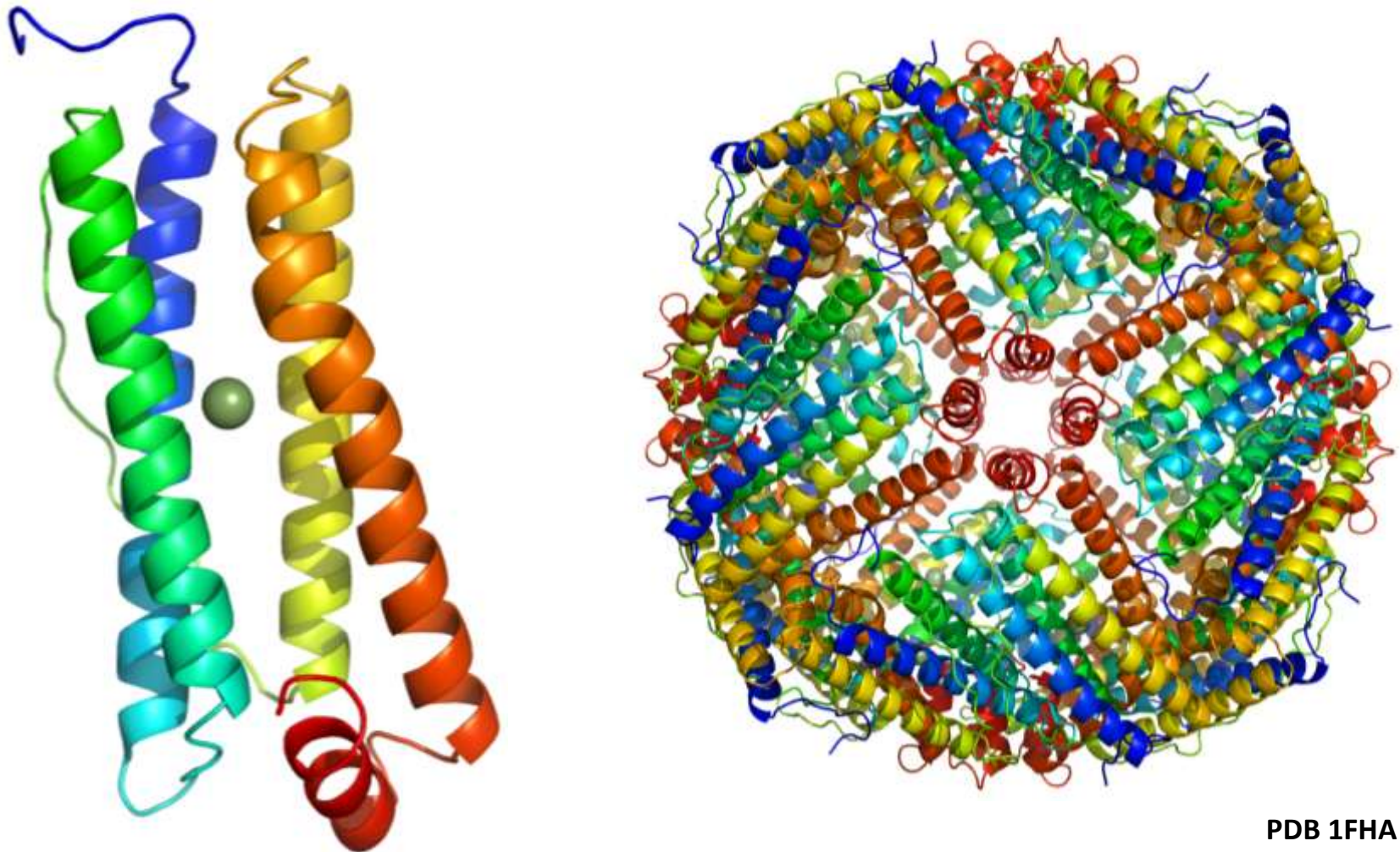


CATH  
zvitje  
1.20.120

CATH  
zvitje  
1.20.1250

# Razred $\alpha$ struktur – feritin

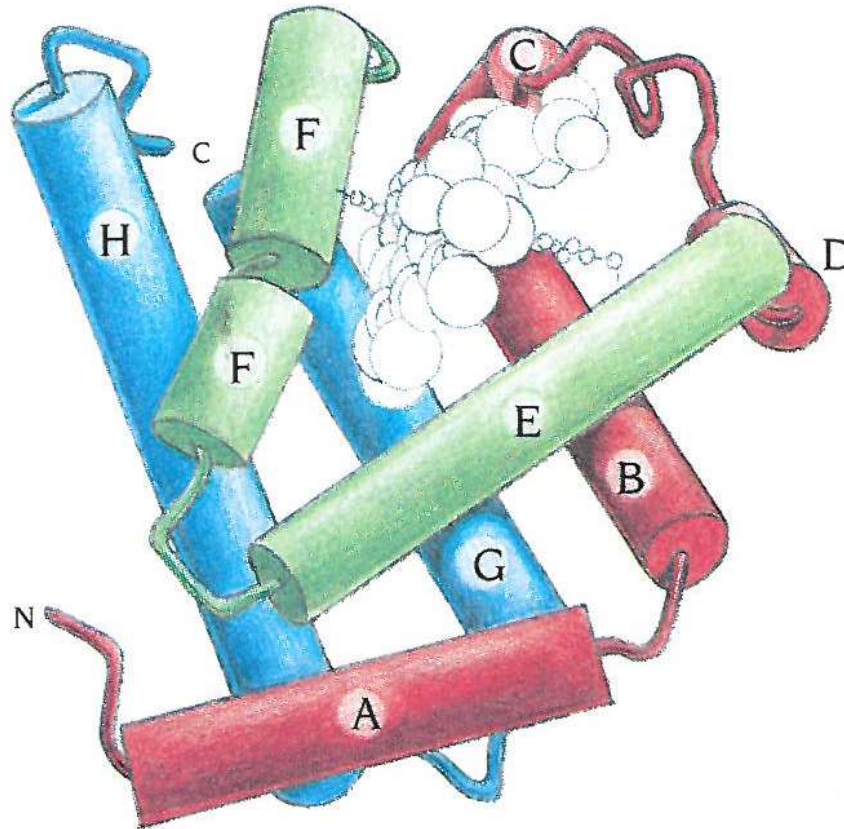
Feritin deluje kot znotrajcelično skladišče železa. Biološka enota je 24-mer.



PDB 1FHA

# Razred $\alpha$ struktur – globini

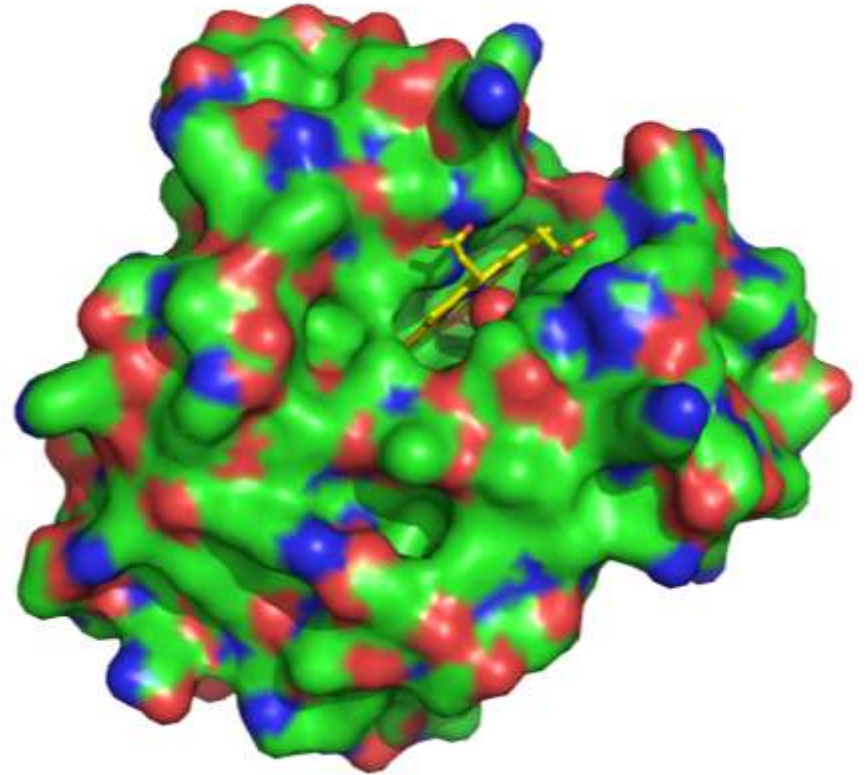
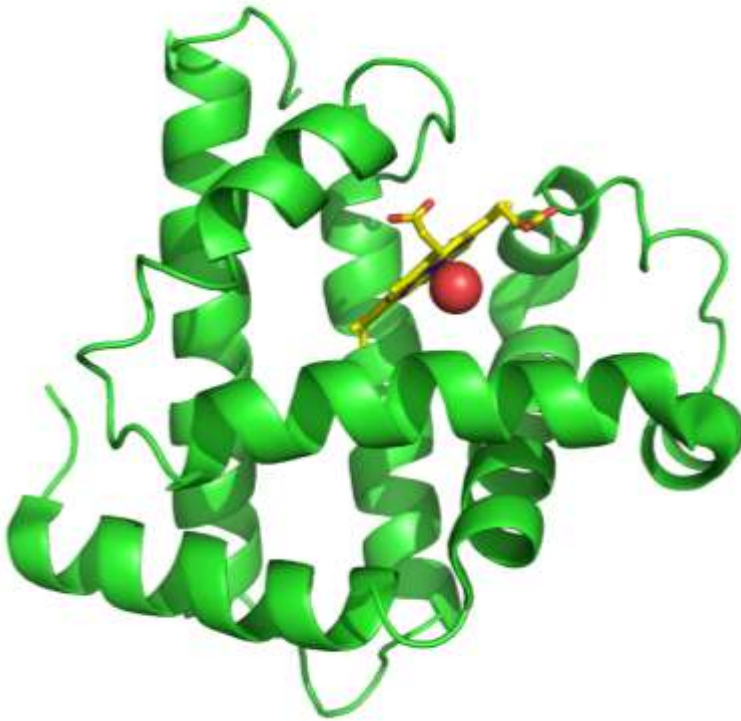
Zvitje globinov je sestavljeno iz snopa osmih vijačnic (označenih A do H), ki jih povezujejo kratke zanke. Vijačnice so organizirane tako, da tvorijo „aktivno“ mesto (kamor se veže npr. hem).





# Razred $\alpha$ struktur – globini

Zvitje globinov je sestavljeno iz snopa osmih vijačnic (označenih A do H), ki jih povezujejo kratke zanke. Vijačnice so organizirane tako, da tvorijo „aktivno“ mesto (kamor se veže npr. hem).

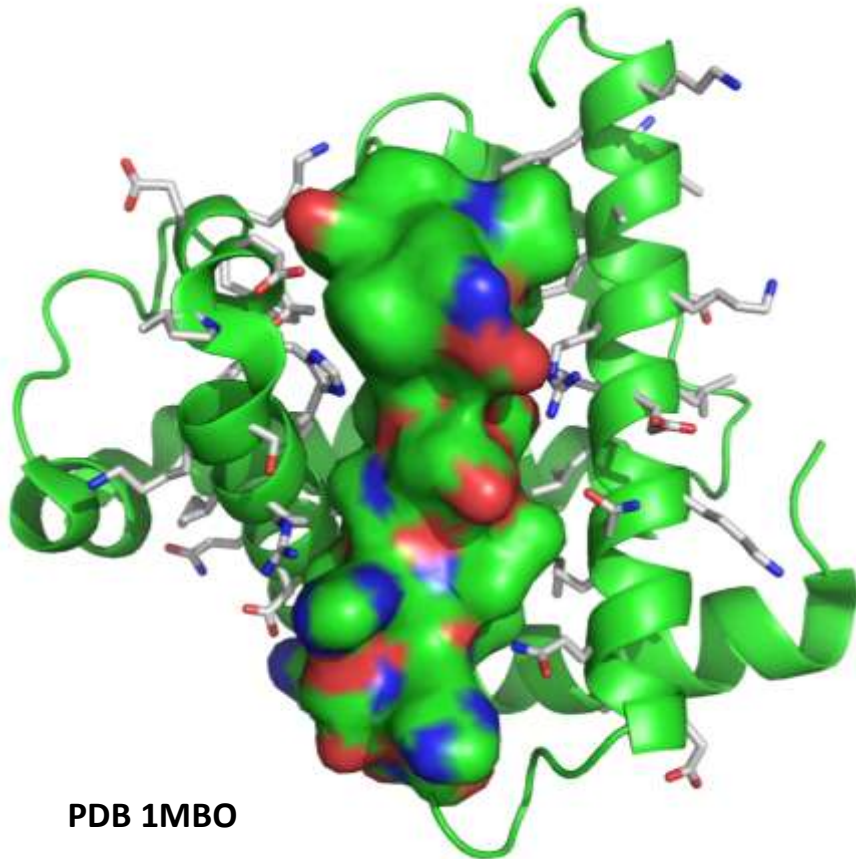


PDB 1MBO

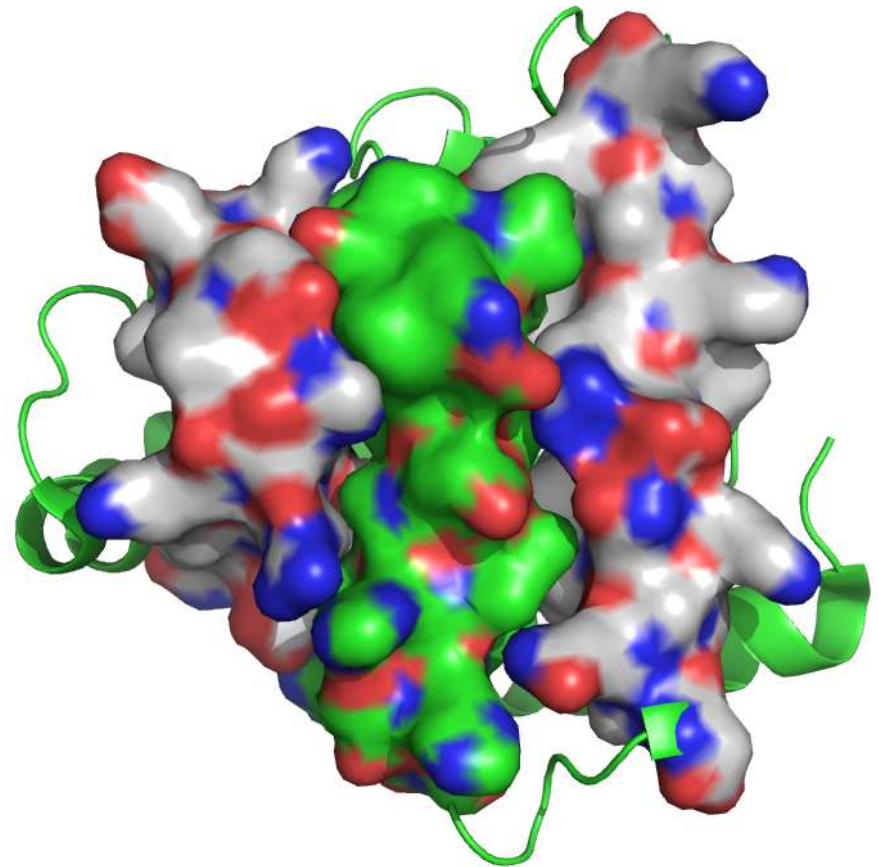
# Razred $\alpha$ struktur – globini

Pakiranje vijačnic v stabilno strukturo poteka preko ujemanja površin med vijačnicami.

Primer: pakiranje vijačnice G med vijačnici B in H v mioglobinu

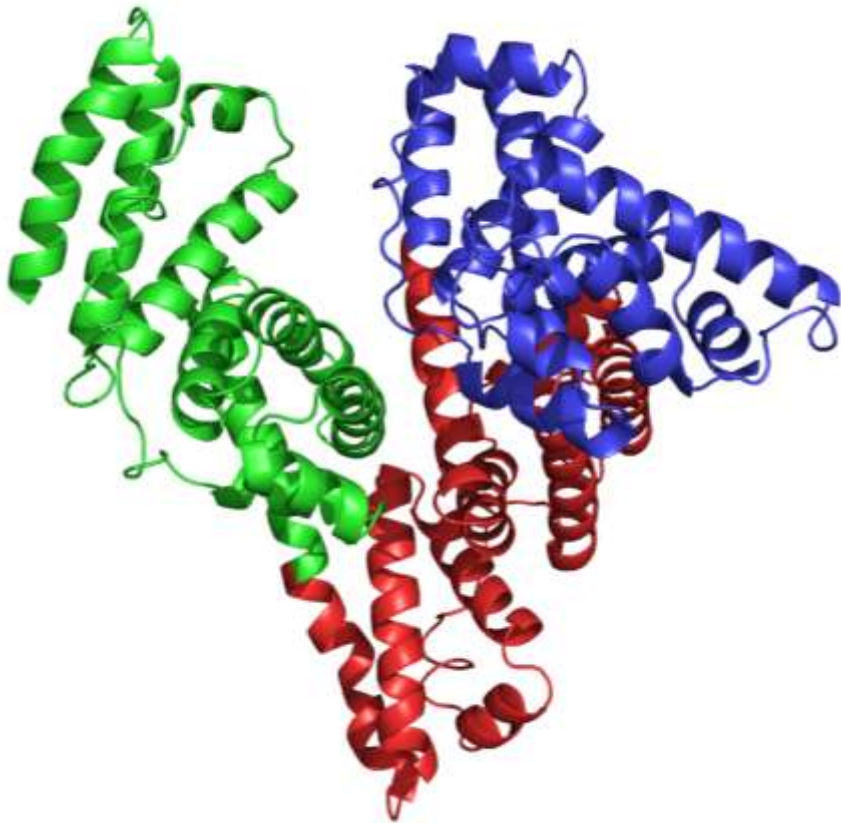


PDB 1MBO

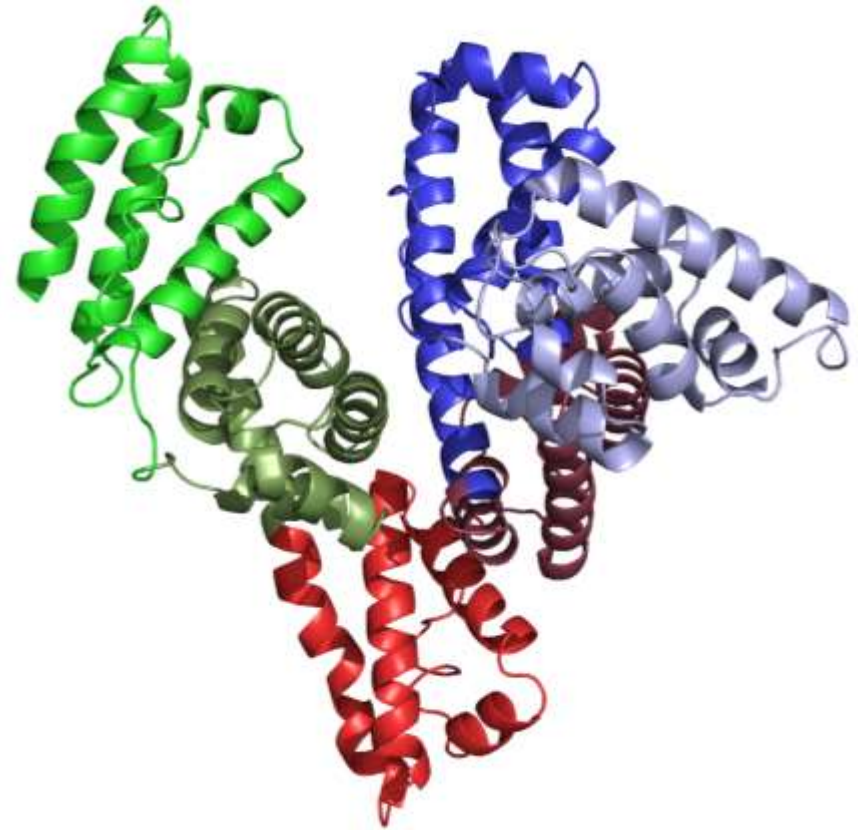


# Razred $\alpha$ struktur – albumin

Albumin je  $\alpha$ -vijačen protein sestavljen iz treh podenot. Vsaka podenota vsebuje dve ponovitvi osnovnega zvitja.



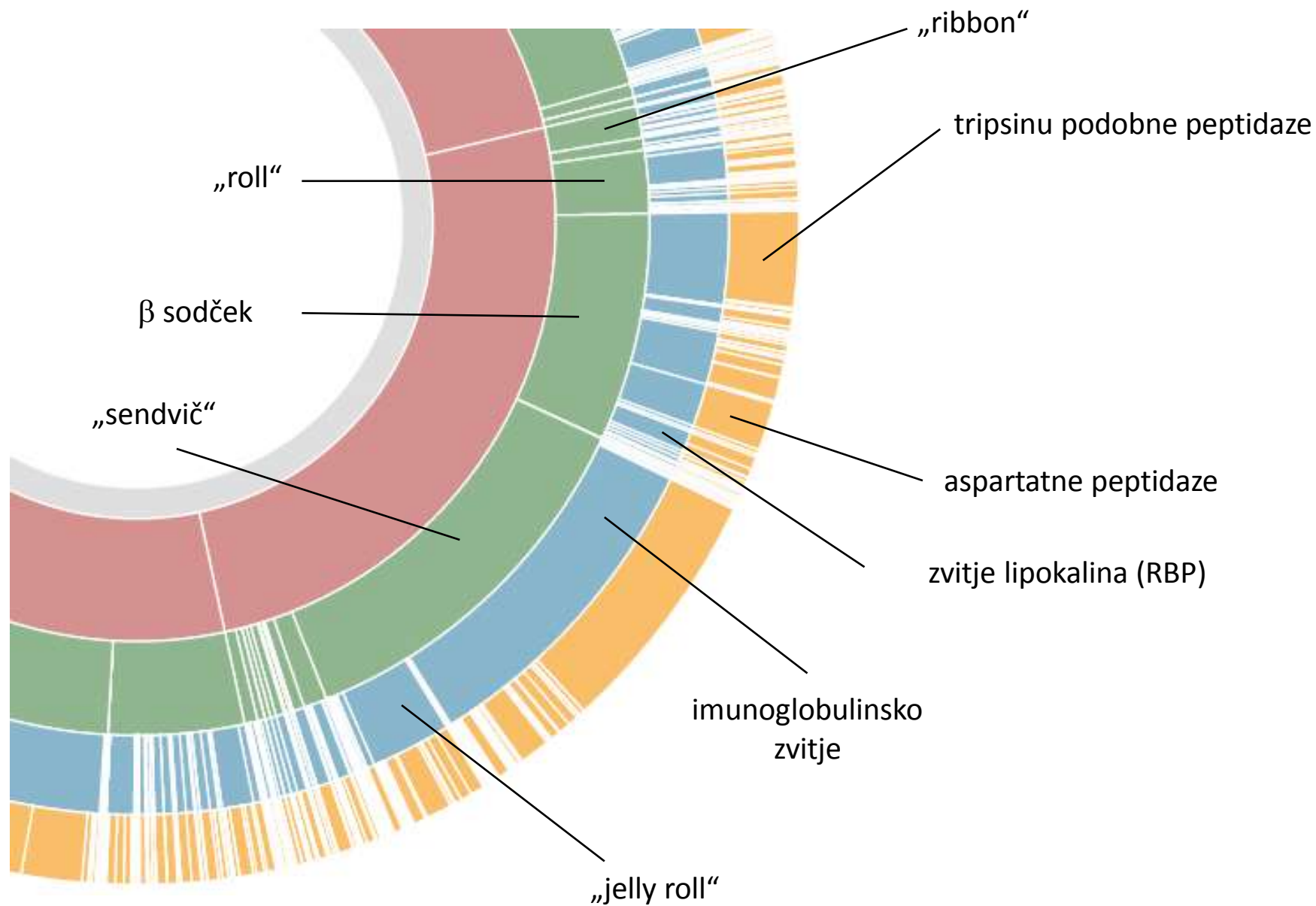
tri podenote albumina



Šest ponovitev osnovnega zvitja



# Razred $\beta$ struktur



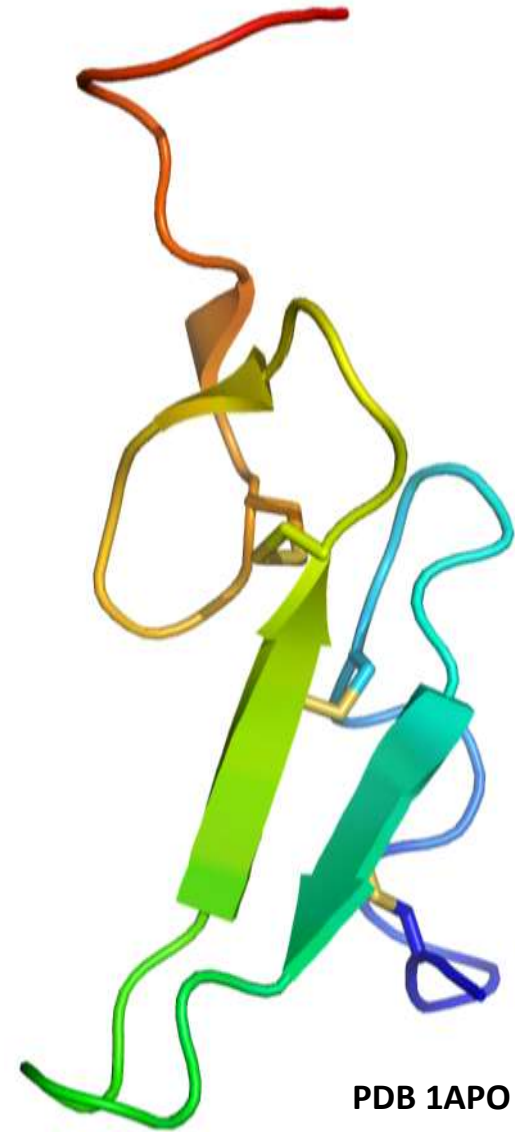
# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ ribbon

Enostavno zvitje z malo regularne strukture.

Primer: epidermalni rastni faktor (EGF).

Zvitje je stabilizirano s tremi S-S vezmi.

Pojavlja se kot modul v številnih zunajceličnih in membranskih modularnih proteinih (pri človeku pribl. 50 proteinov).





# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ roll

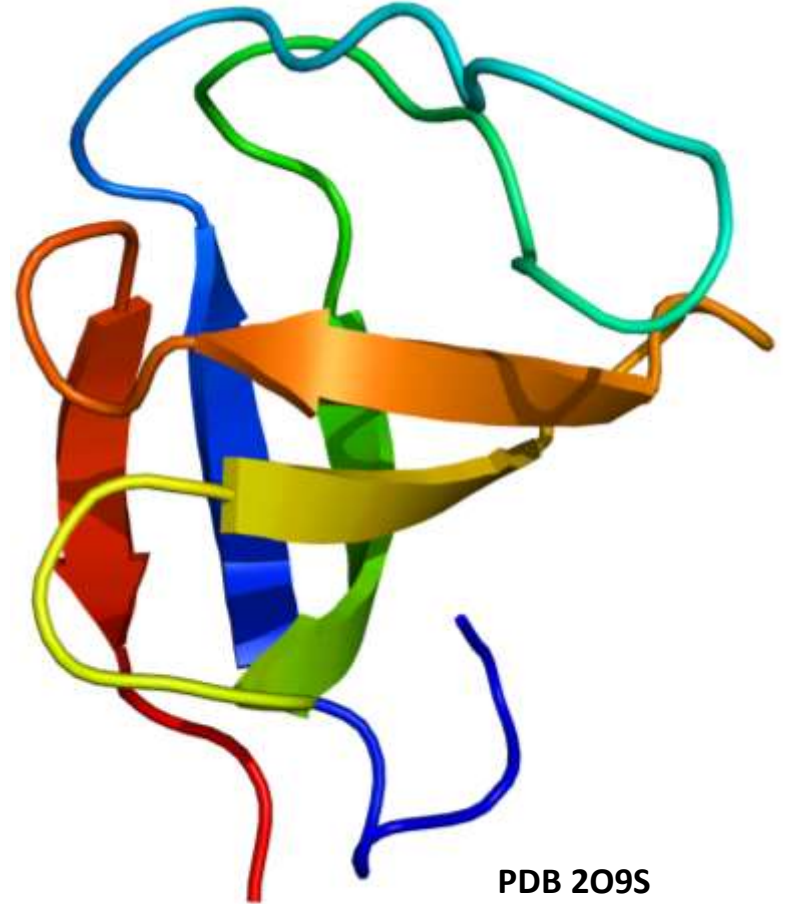
Enojna zvrta antiparalelna  $\beta$  ploskev.

Primer: domene SH3 – imajo 5 ali 6  $\beta$  trakov.

Pojavlja se kot modul v številnih modularnih (znotrajceličnih) proteinih.

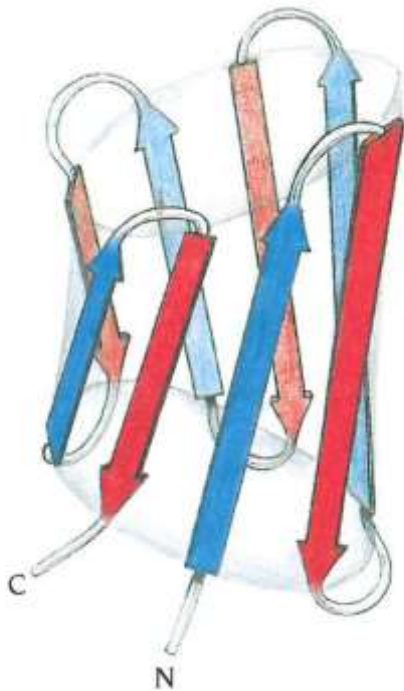
V človeškem genomu naj bi bilo okoli 300 kopij domen SH3. Baza InterPro navaja 950 človeških proteinov, ki vsebujejo ta modul.

SH3 domene vežejo številne proteine in verjetno delujejo v regulaciji lokalnih koncentracij posameznih proteinov v celici ter tvorbi multiproteinskih kompleksov.

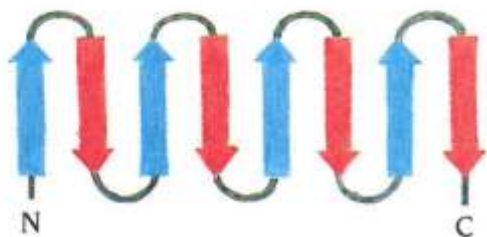
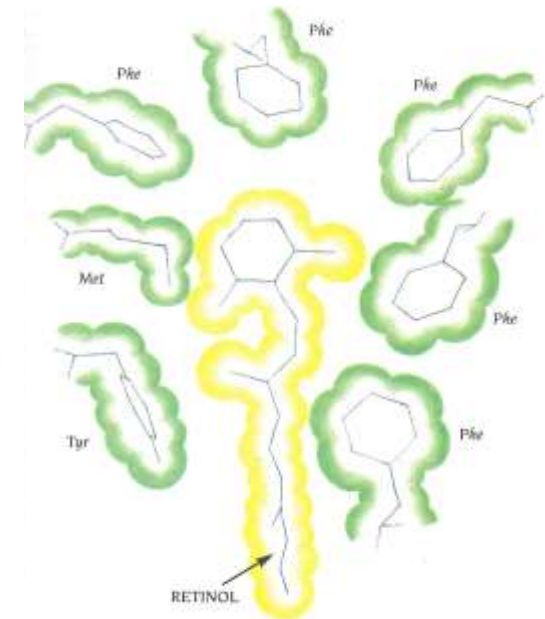
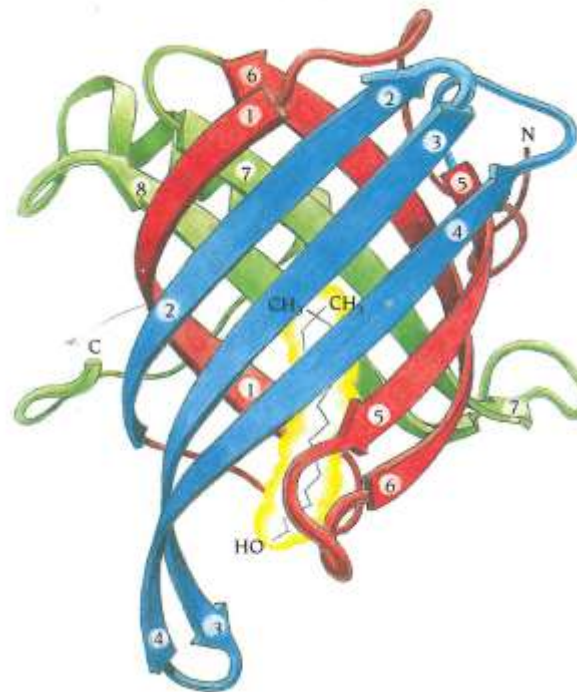


# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ sodček

Trakovi potekajo antiparalelno. Ponavadi imajo enostavno topologijo „gor-dol“. Vsi trakovi tvorijo vodikove vezi na obeh straneh verige.

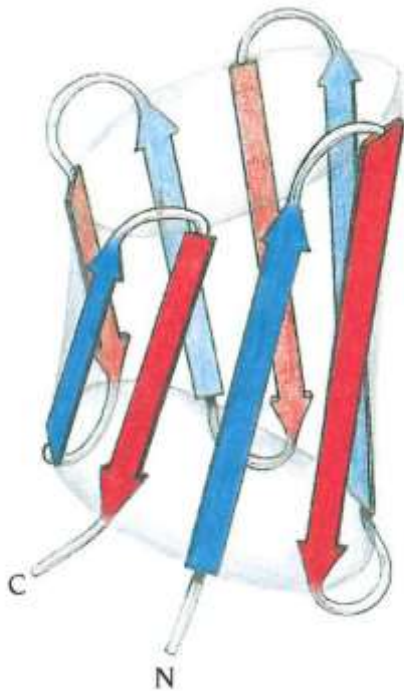


Primer: retinol-vezavni protein – prenaša retinol (vitamin A) iz jeter po telesu

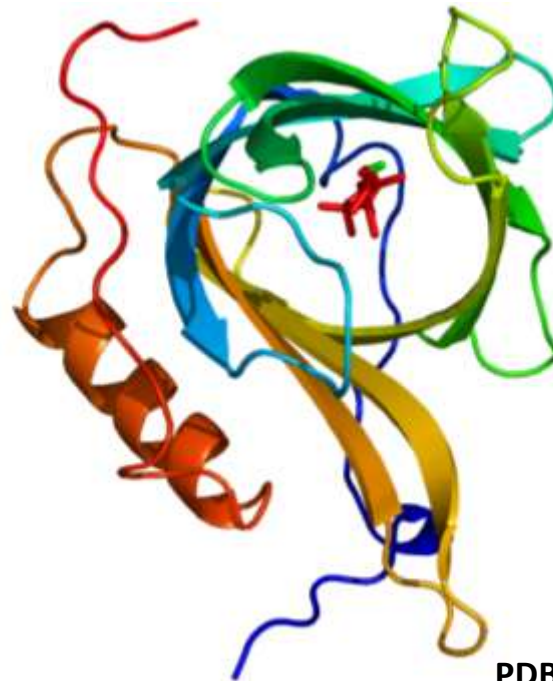


# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ sodček

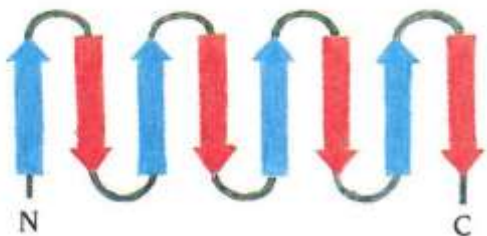
Trakovi potekajo antiparalelno. Ponavadi imajo enostavno topologijo „gor-dol“. Vsi trakovi tvorijo vodikove vezi na obeh straneh verige.



Primer: retinol-vezavni protein – prenaša retinol (vitamin A) iz jeter po telesu

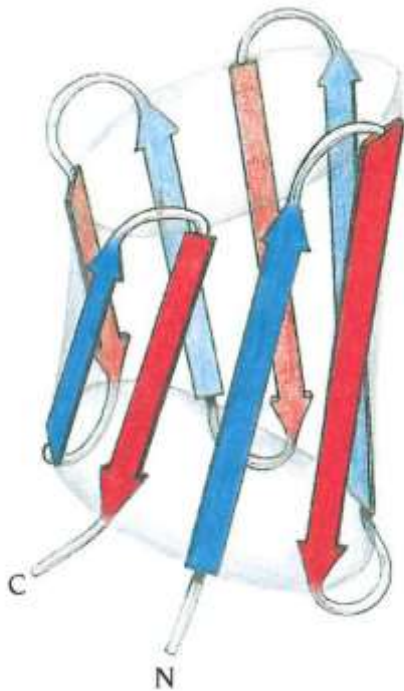


PDB 1AQB



# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ sodček

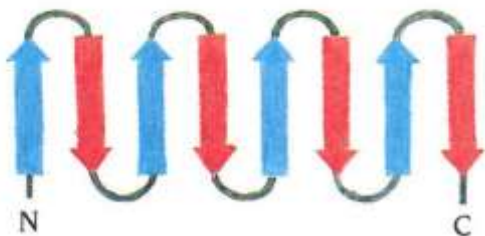
Trakovi potekajo antiparalelno. Ponavadi imajo enostavno topologijo „gor-dol“. Vsi trakovi tvorijo vodikove vezi na obeh straneh verige.



Primer: retinol-vezavni protein – prenaša retinol (vitamin A) iz jeter po telesu

Struktura sodčka se odraža tudi na nivoju primarne strukture:

strand no.	residue no.	amino acid sequence
2	41–48	- Ile - Val - Ala - Glu - Phe - Ser - Val - Asp -
3	53–60	- Met - Ser - Ala - Thr - Ala - Lys - Gly - Arg -
4	71–78	- Ala - Asp - Met - Val - Gly - Thr - Phe - Thr -

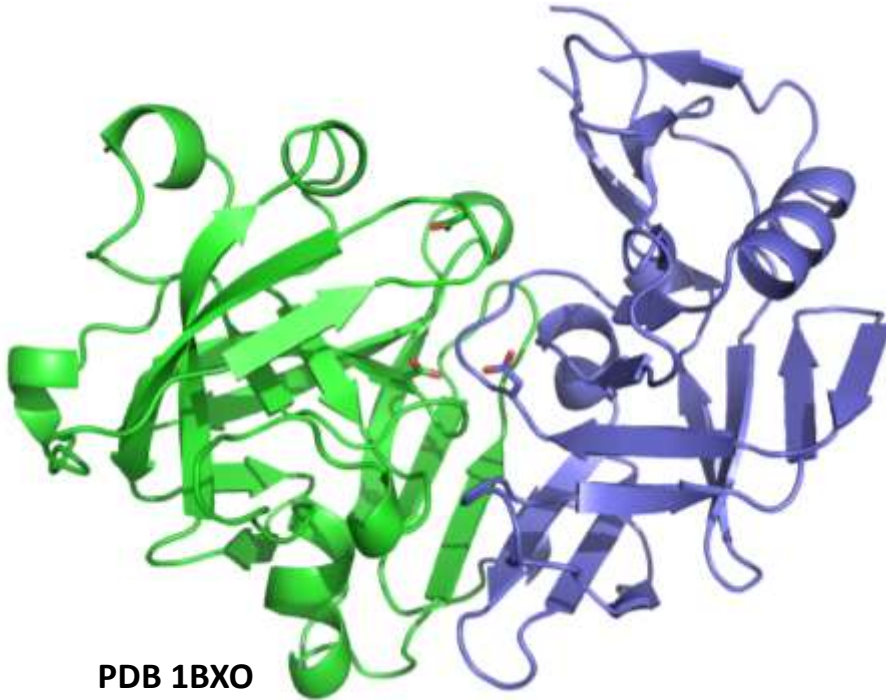




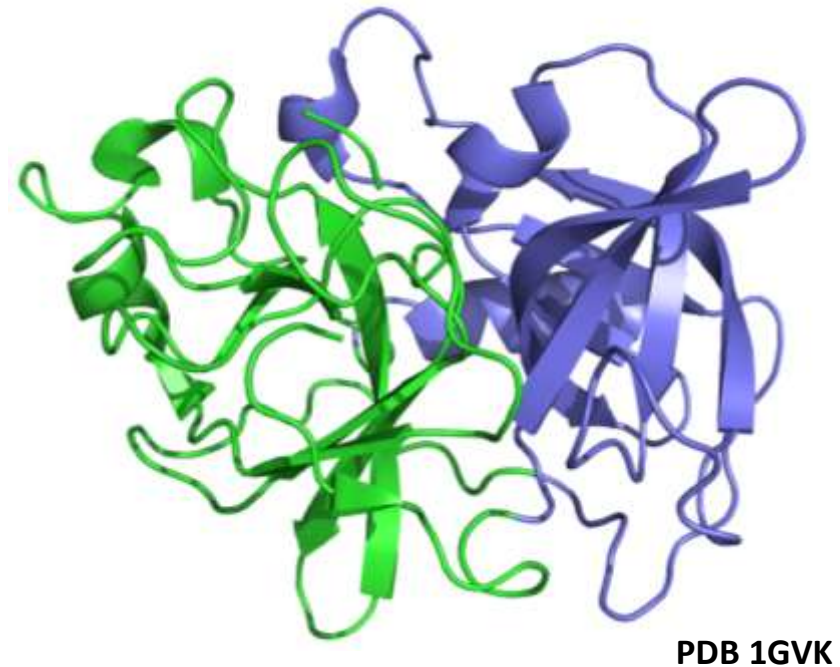
# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ sodček

Med  $\beta$  sodčke spadajo tudi tripsinu podobne serinske peptidaze in aspartatne peptidaze. Skupno obema skupinama peptidaz je, da so proteini sestavljeni iz dveh domen, od katerih ima vsaka zvitje  $\beta$  sodčka. Za aspartatne peptidaze je dokazano, da so se razvile z duplikacijo izvirne domene. Homologna sta tudi katalitična Asp ostanka v aktivnem mestu.

aspartatne peptidaze



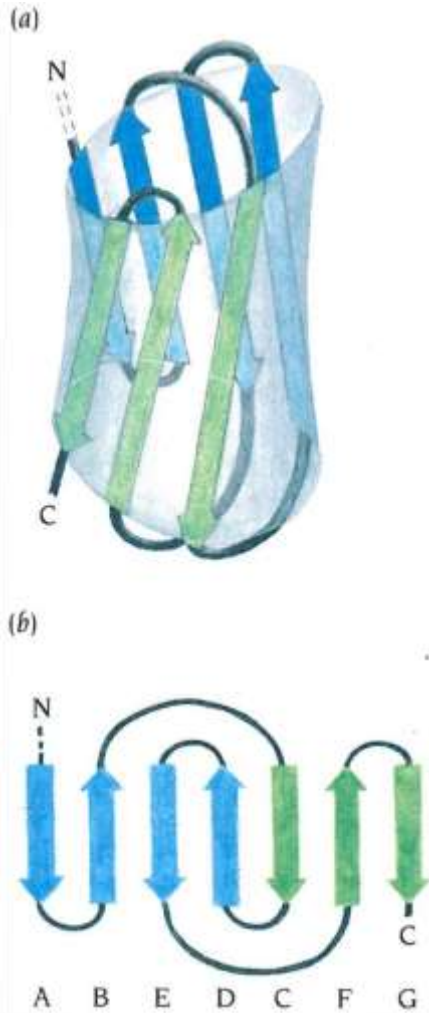
serinske peptidaze



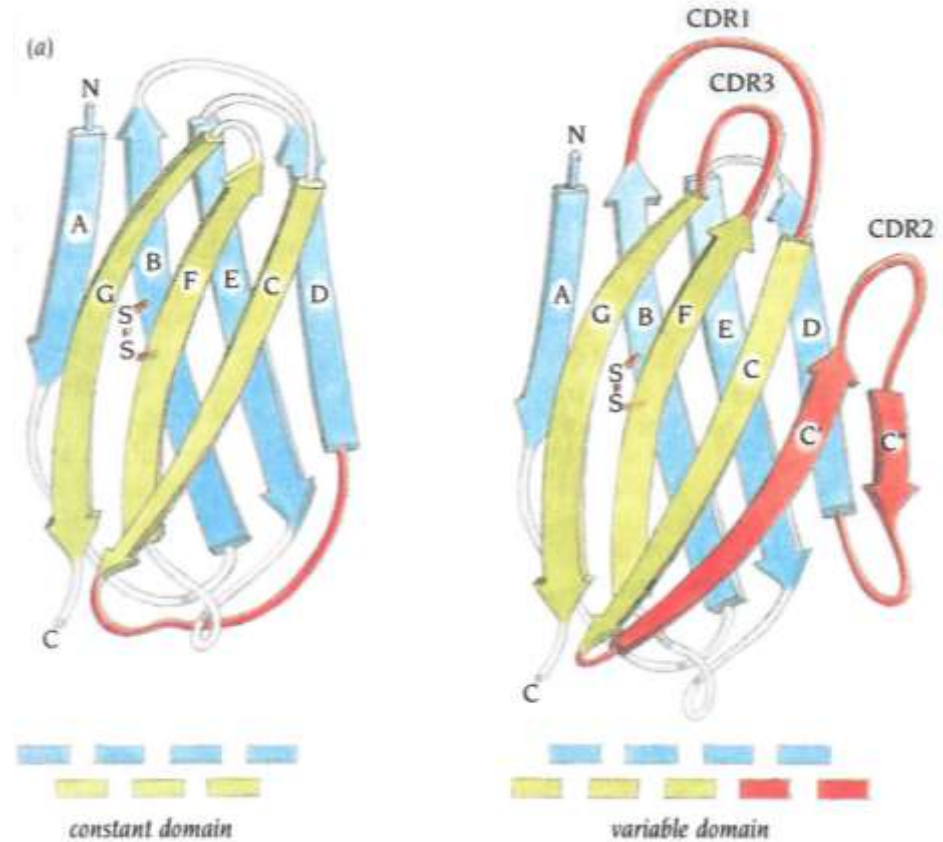
# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ sendvič

Dve beta ploskvi, spakirani ena ob drugo.

Primer: imunoglobulinsko zvitje. Dva prepletajoča se motiva grškega ključa.



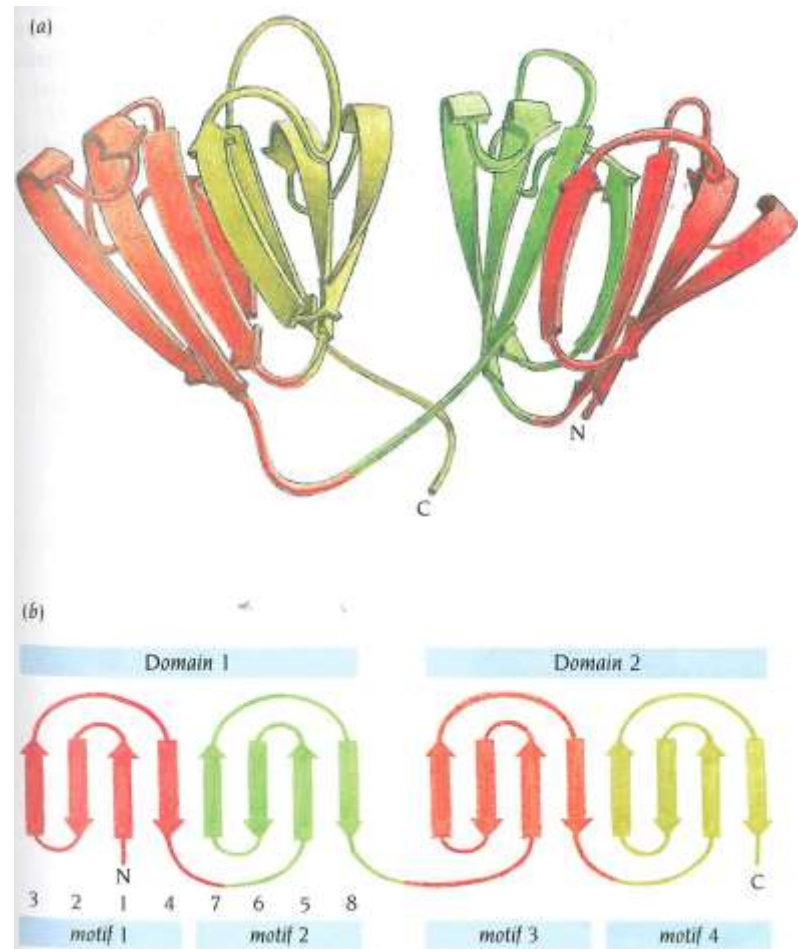
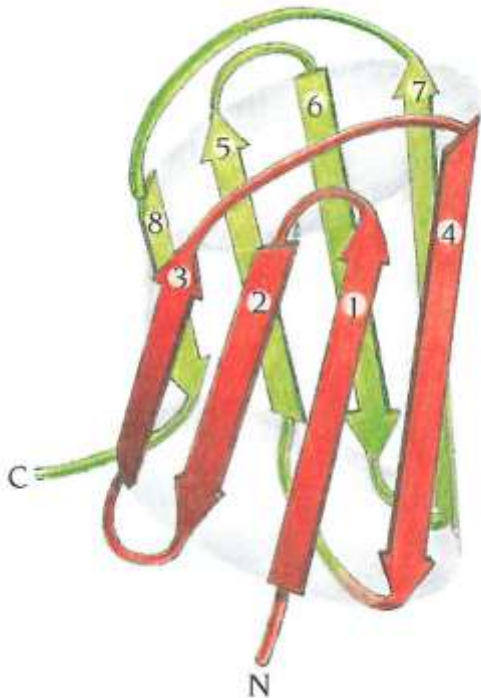
Primer: Ig domene protiteles.



# Razred $\beta$ struktur – $\beta$ sendvič

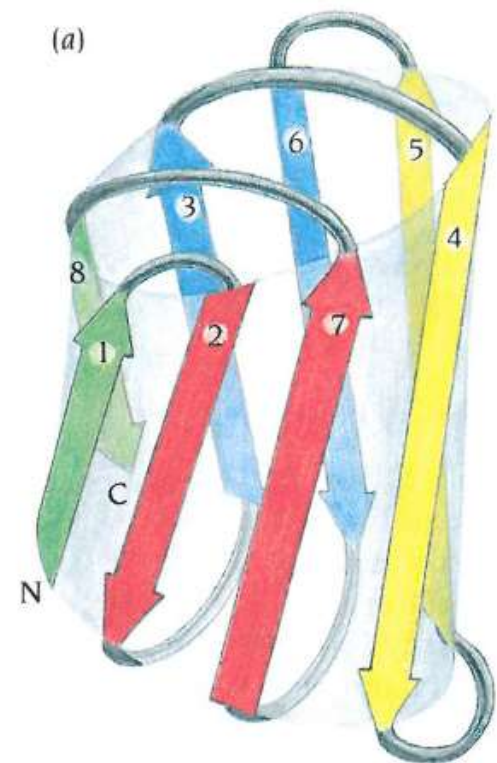
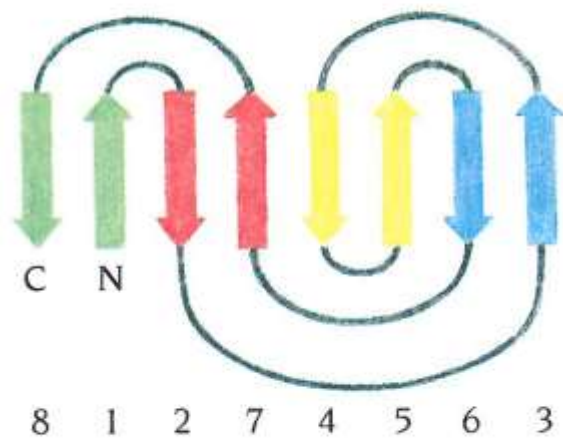
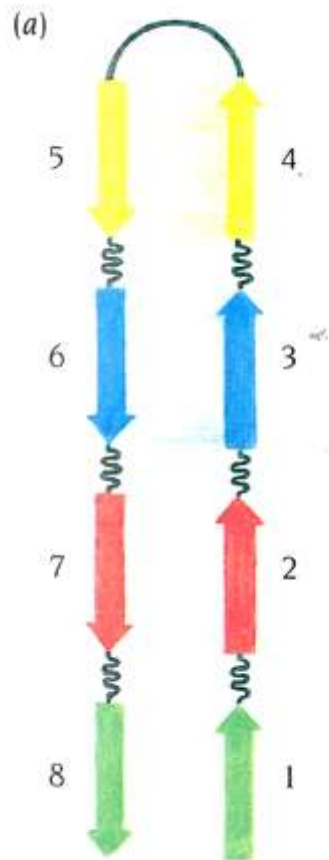
Dve beta ploskvi, spakirani ena ob drugo.

Primer: kristalinsko zvitje. Kristalini so proteini v lečah oči, ki jim dajejo prozornost. Poznamo  $\alpha$ -,  $\beta$ - in  $\gamma$ -kristaline.  $\gamma$ -kristalini so monomerni proteini veliki okoli 170 ostankov in zgrajeni iz dveh domen z identično topologijo (skupno 4 grški ključi).



# Razred $\beta$ struktur – jelly roll ( $\beta$ rolada)

Dve beta ploskvi, spakirani ena ob drugo. Značilna topologija.

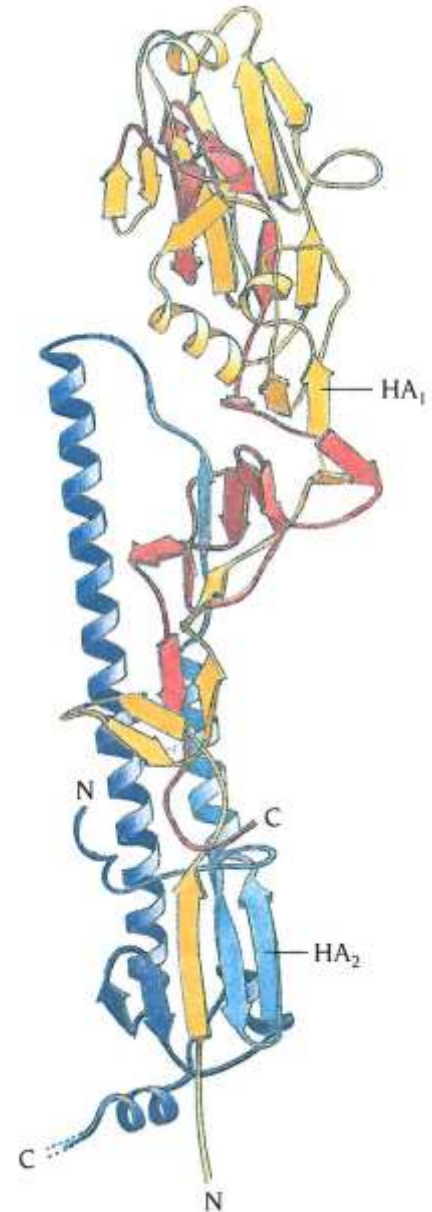
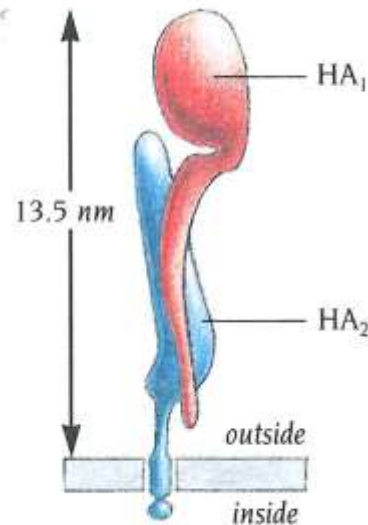
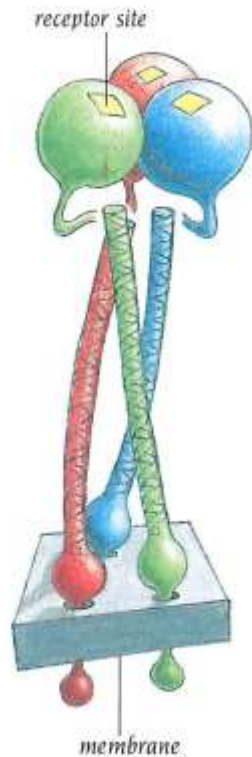




# Razred $\beta$ struktur – jelly roll ( $\beta$ rolada)

Dve beta ploskvi, spakirani ena ob drugo. Značilna topologija.

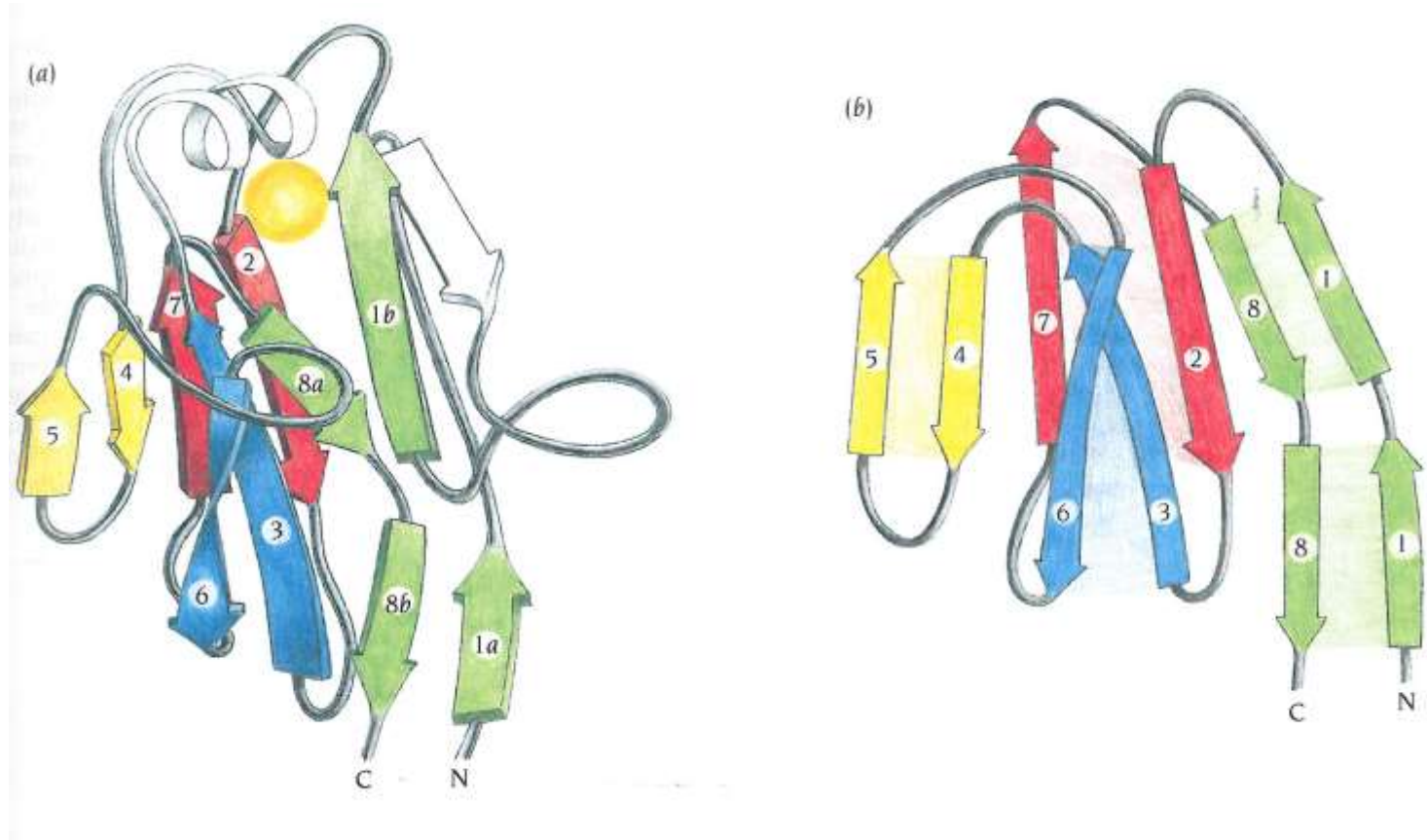
Primer: **hemaglutinin** virusa gripe. Dve vlogi: prepozna sialično kislino na tarčni celici in omogoča zlivanje membrane virusa z membrano endosomskega vezikla, ko se pH spusti pod 6.



# Razred $\beta$ struktur – jelly roll ( $\beta$ rolada)

Dve beta ploskvi, spakirani ena ob drugo. Značilna topologija.

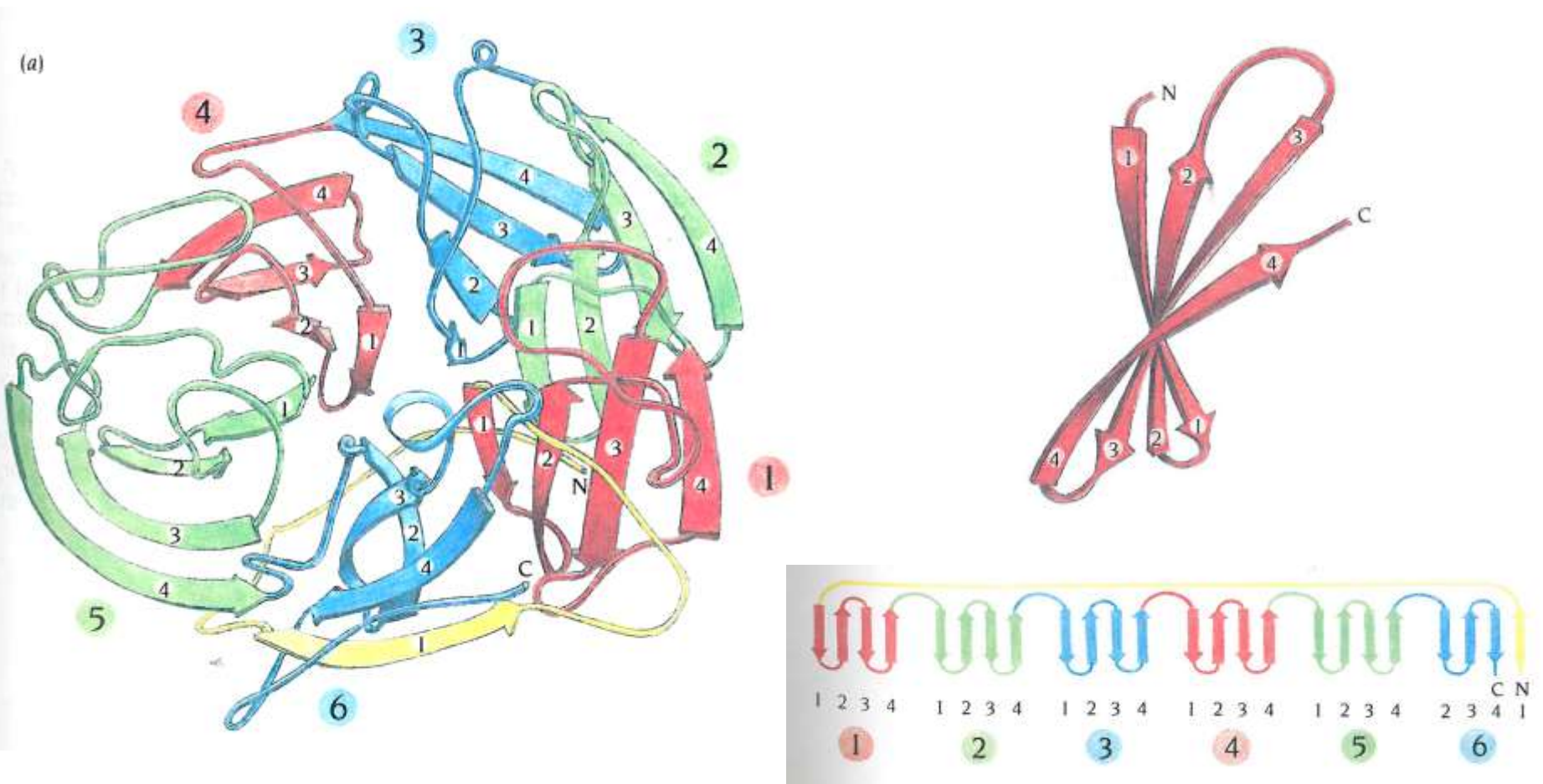
Primer: **hemaglutinin** virusa gripe. Dve vlogi: prepozna sialično kislino na tarčni celici in omogoča zlivanje membrane virusa z membrano endosomskega vezikla, ko se pH spusti pod 6.



# Razred $\beta$ struktur – propelerji

Strukture iz 4 do 8  $\beta$  ploskev organiziranih v obliko propelerja. Vsaka ploskev ima ponavadi 4 trakove.

Primer: **nevraminidaza** virusa gripe. Pospeši sproščanje novih virusnih delcev iz okužene celice, tako da odceplja sialično kislino s celičnih glikoproteinov. Ima strukturo 6-krilnega  $\beta$  propelerja.

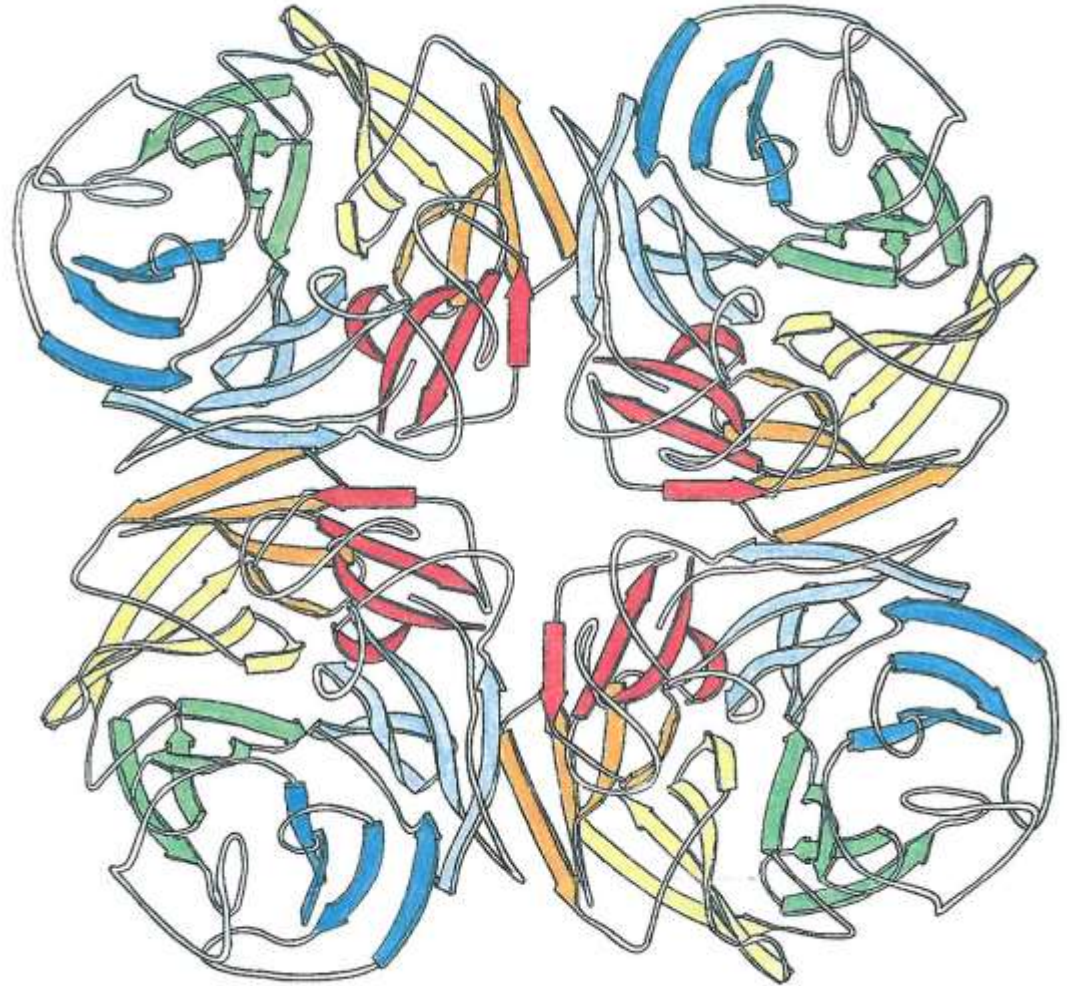




# Razred $\beta$ struktur – propelerji

Strukture iz 4 do 8  $\beta$  ploskev organiziranih v obliko propelerja. Vsaka ploskev ima ponavadi 4 trakove.

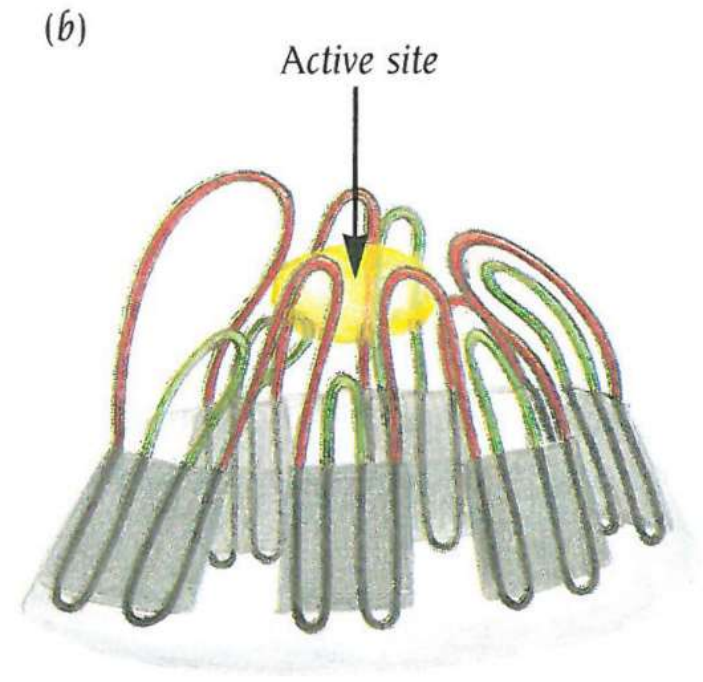
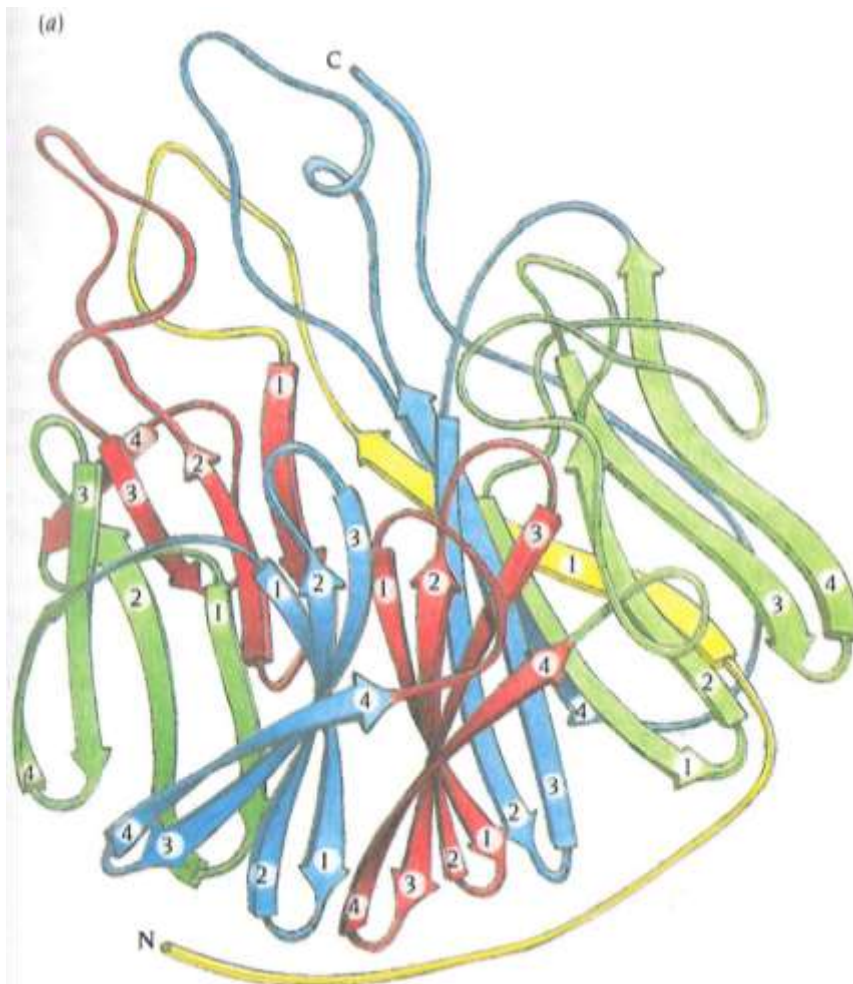
Primer: **nevraminidaza** virusa gripe. 6-krilni  $\beta$  propeler. Celotna biološka enota je tetramer.



# Razred $\beta$ struktur – propelerji

Strukture iz 4 do 8  $\beta$  ploskev organiziranih v obliko propelerja. Vsaka ploskev ima ponavadi 4 trakove.

Primer: **nevraminidaza** virusa gripe. 6-krilni  $\beta$  propeler. Aktivno mesto oblikujejo zanke, ki povezujejo  $\beta$  trakove.



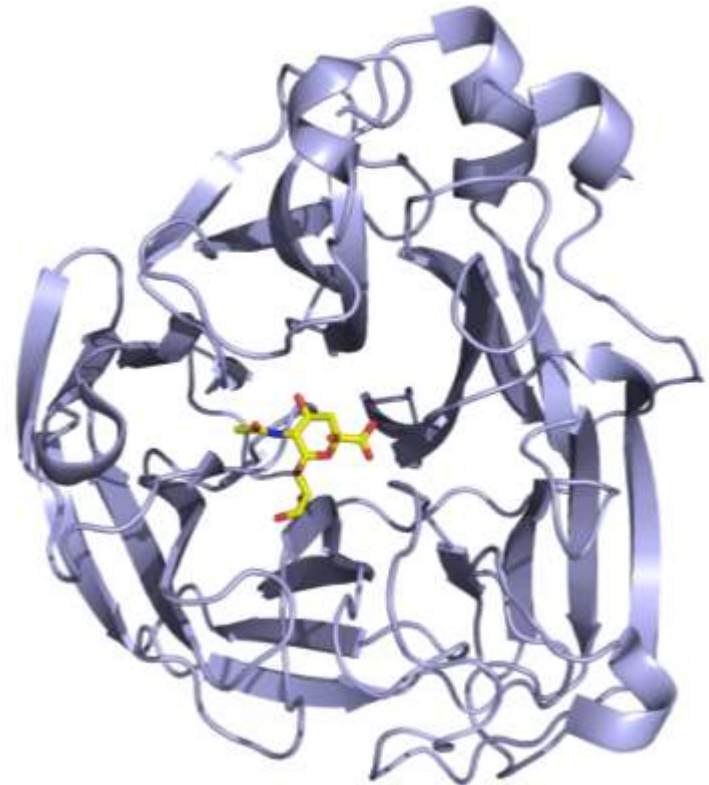
# Razred $\beta$ struktur – propelerji

Strukture iz 4 do 8  $\beta$  ploskev organiziranih v obliko propelerja. Vsaka ploskev ima ponavadi 4 trakove.

Primer: **nevraminidaza** virusa gripe. 6-krilni  $\beta$  propeler. Aktivno mesto oblikujejo zanke, ki povezujejo  $\beta$  trakove.



PDB 1A14



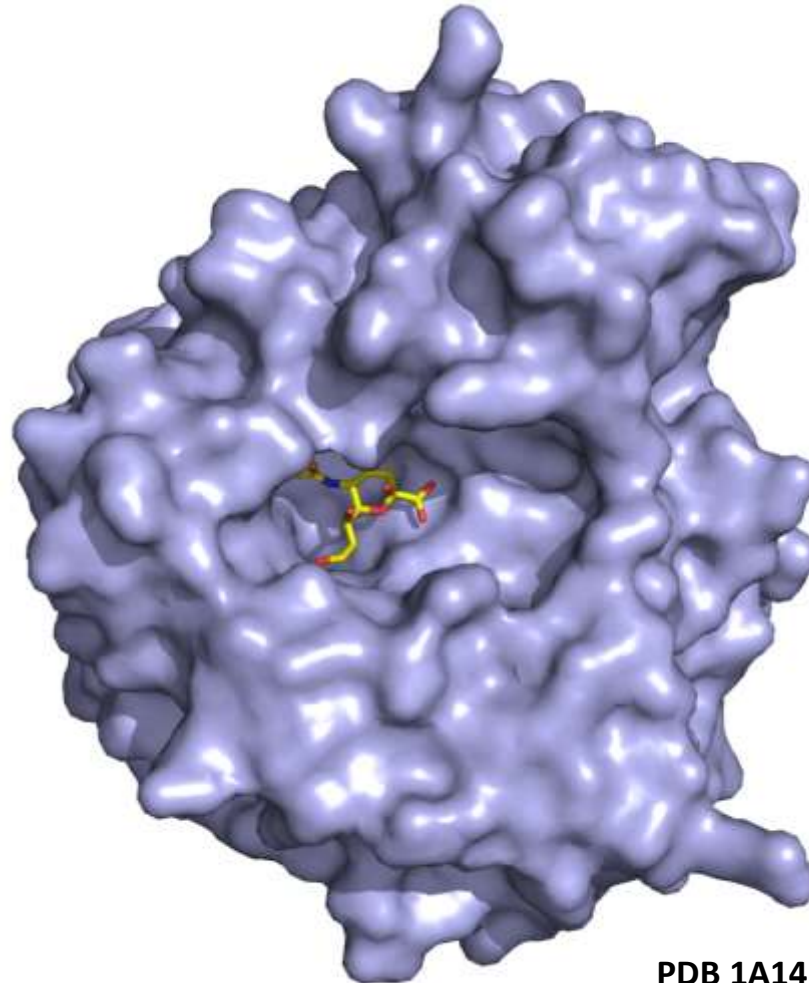
PDB 1A14



# Razred $\beta$ struktur – propelerji

Strukture iz 4 do 8  $\beta$  ploskev organiziranih v obliko propelerja. Vsaka ploskev ima ponavadi 4 trakove.

Primer: **nevraminidaza** virusa gripe. 6-krilni  $\beta$  propeler. Aktivno mesto oblikujejo zanke, ki povezujejo  $\beta$  trakove.

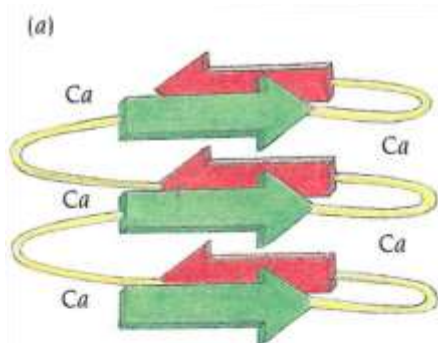


PDB 1A14

# Razred $\beta$ struktur – solenoidi

Solenoidi so  $\beta$  vijačnice. Sestavljeni so lahko iz dveh ali treh  $\beta$  ploskev.

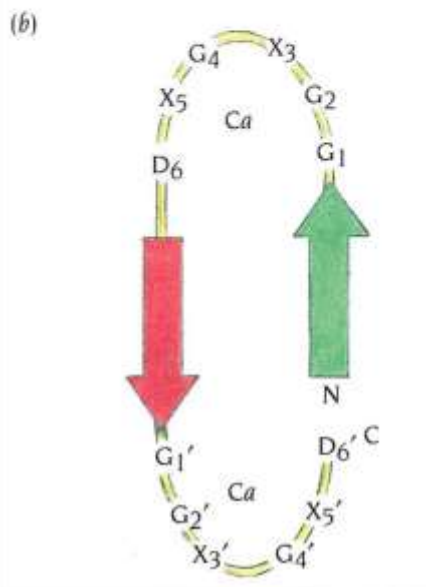
## 2-solenoid



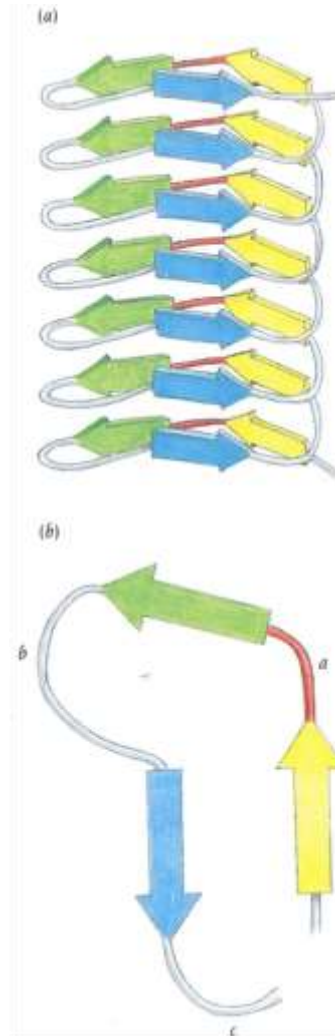
Ponovitve zaporedja

**G-G-X-G-X-D-X-U-X**

(dve na zavoju)



## 3-solenoid



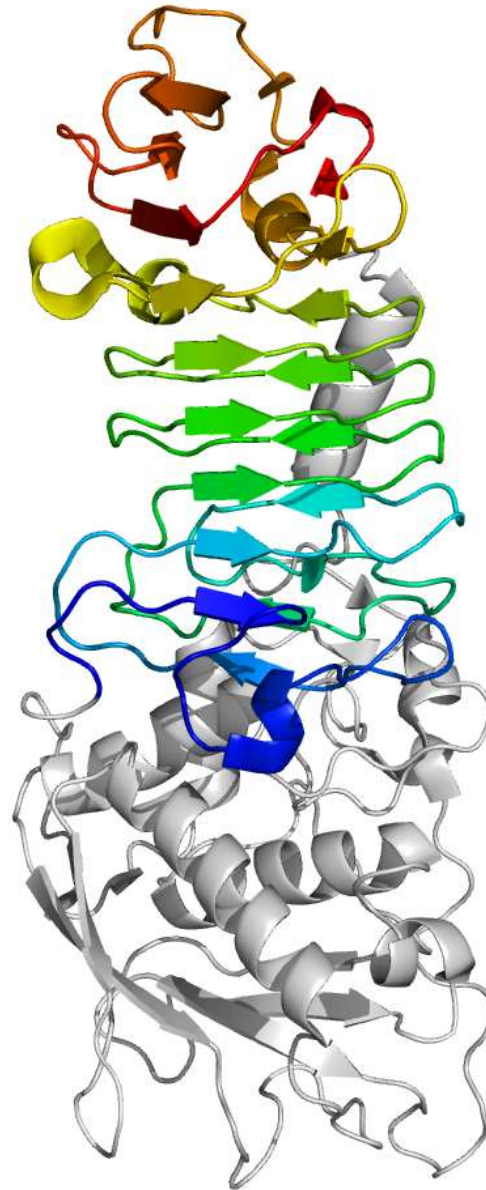
U ... velika hidrofobna ak



# Razred $\beta$ struktur – solenoidi

Solenoidi so  $\beta$  vijačnice. Sestavljeni so lahko iz dveh ali treh  $\beta$  ploskev.

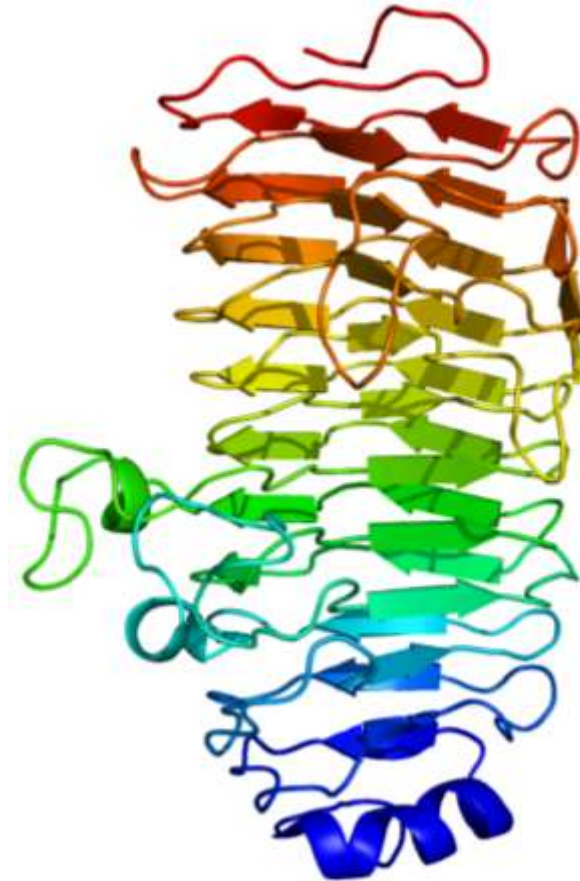
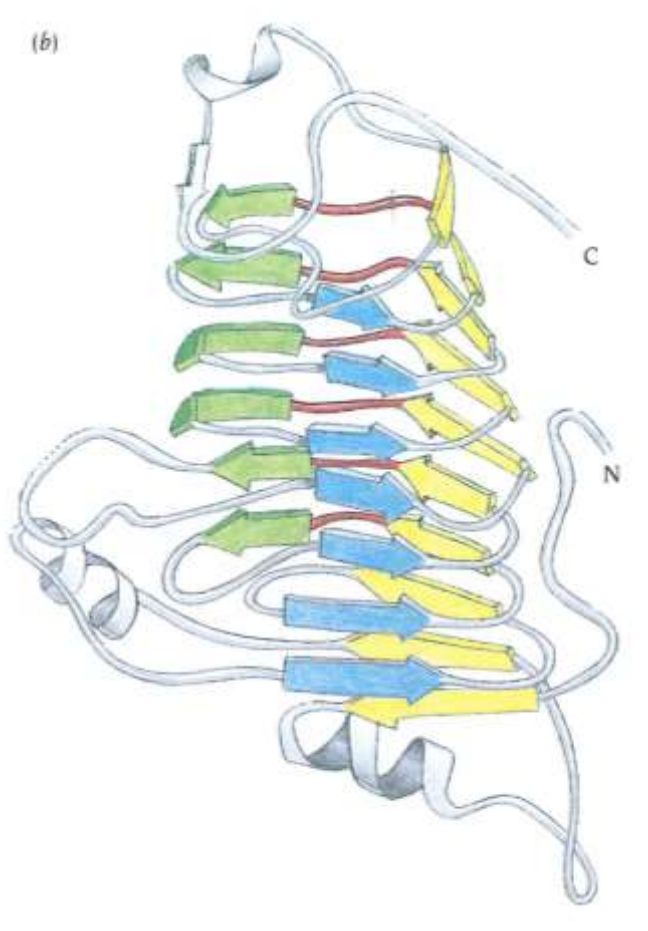
Primer 2-solenoida: C-končni del proteaze C iz bakterije *Erwinia chrysanthemi*.



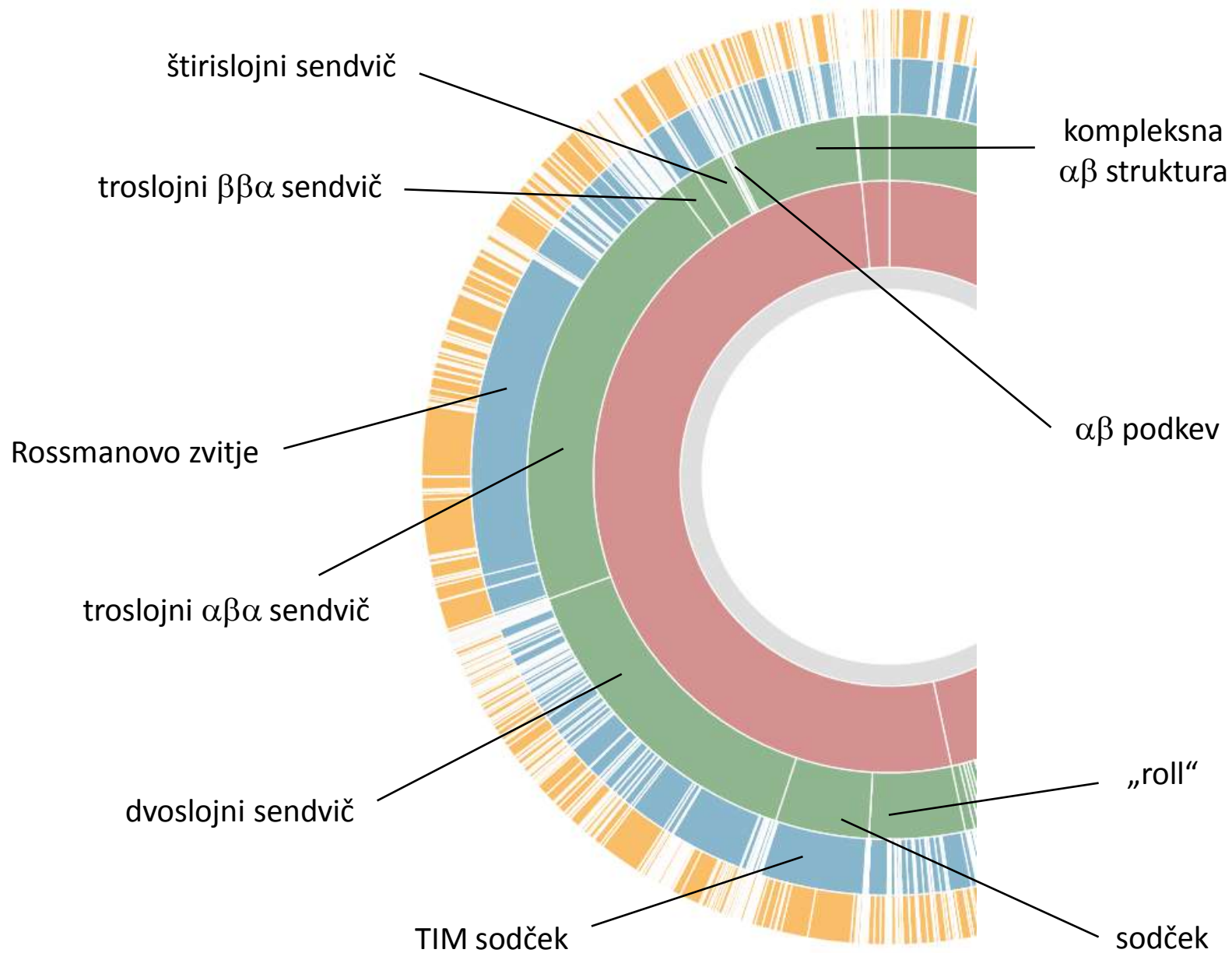
# Razred $\beta$ struktur – solenoidi

Solenoidi so  $\beta$  vijačnice. Sestavljeni so lahko iz dveh ali treh  $\beta$  ploskev.

Primer 3-solenoida: bakterijska pektat liaza (endopoligalakturonaza).



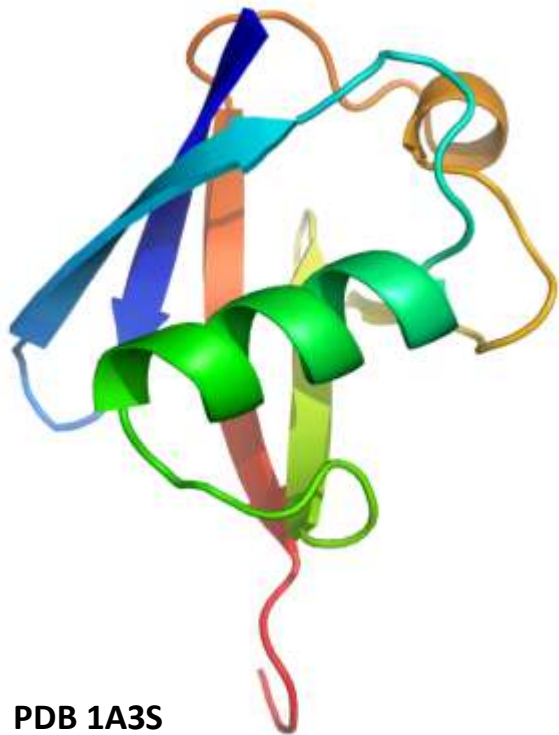
# Razred $\alpha/\beta$ struktur



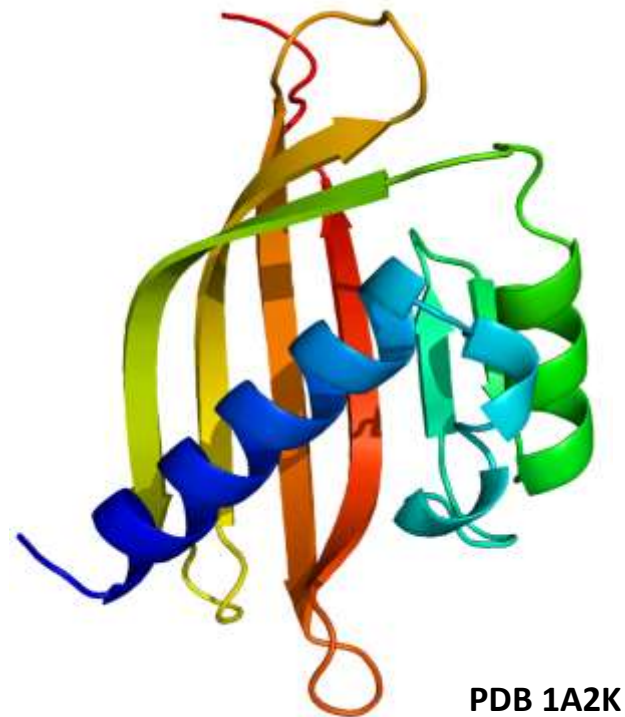
# Razred $\alpha/\beta$ struktur – $\alpha/\beta$ roll ( $\alpha/\beta$ zvitek)

$\beta$  ploskev (antiparalelna ali mešana) ukrivljena preko ene ali več  $\alpha$  vijačnic.

Primer: **ubikvitin**

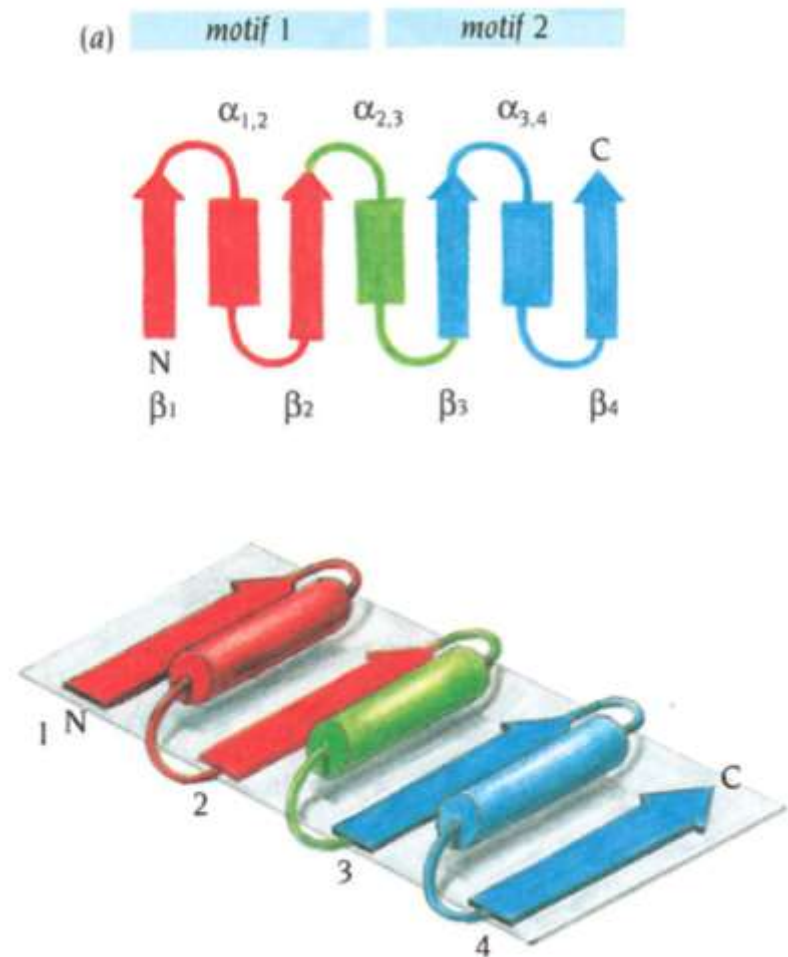
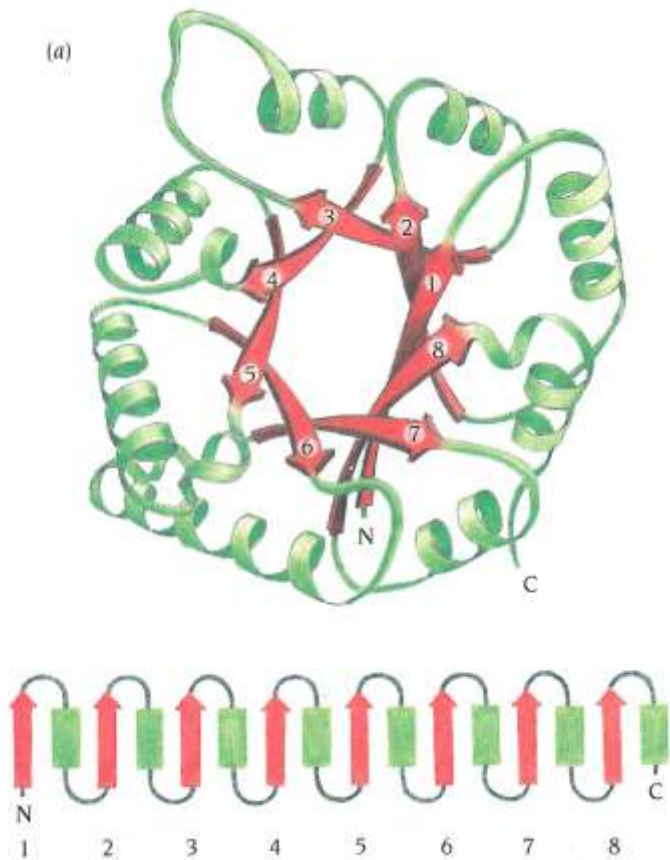


Primer: **jedrni transportni faktor 2**



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – TIM sodček

Eno najpogostejših zvitij pri encimih. Uporablja ga vsaj 15 različnih družin encimov. Poimenovano je po encimu triozafosfat izomeraza. Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki tvorijo paralelni  $\beta$  sodček z osmimi trakovi, obdan z osmimi  $\alpha$  vijačnicami.

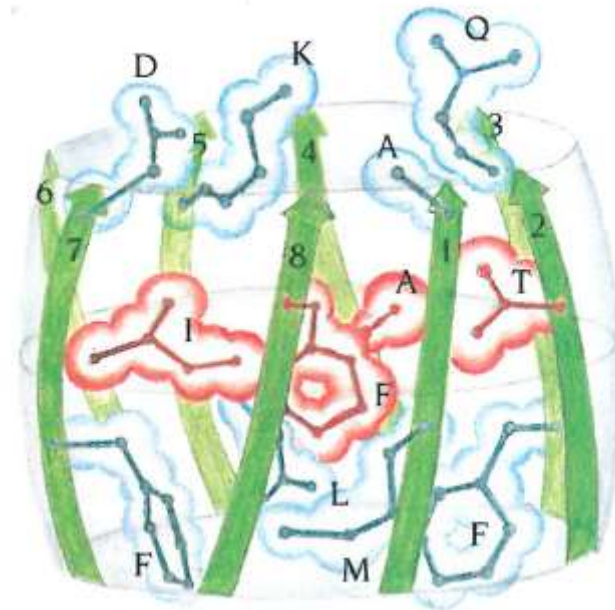
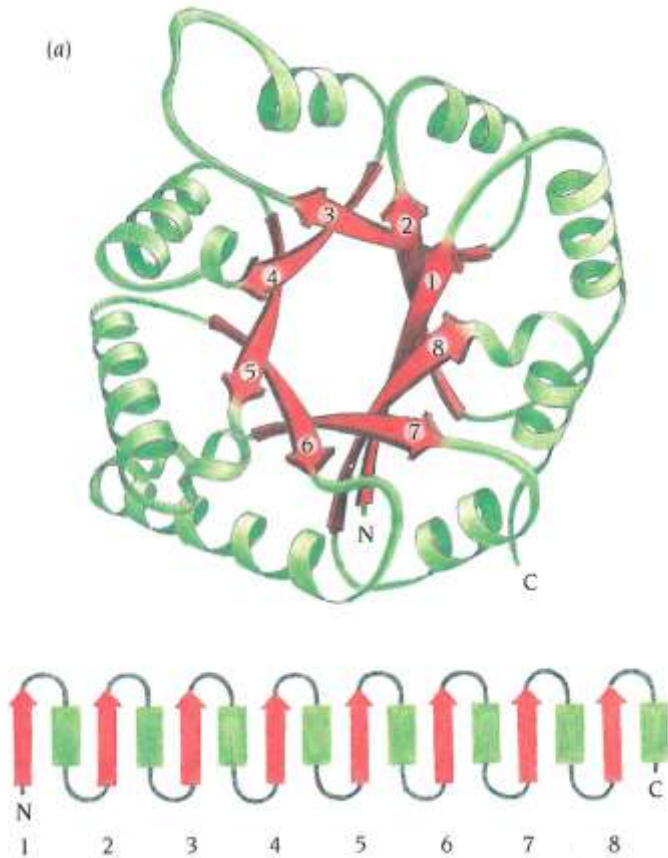




# Razred $\alpha/\beta$ struktur – TIM sodček

Eno najpogostejših zvitij pri encimih. Uporablja ga vsaj 15 različnih družin encimov. Poimenovano je po encimu triozafosfat izomeraza. Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki tvorijo paralelni  $\beta$  sodček z osmimi trakovi, obdan z osmimi  $\alpha$  vijačnicami.

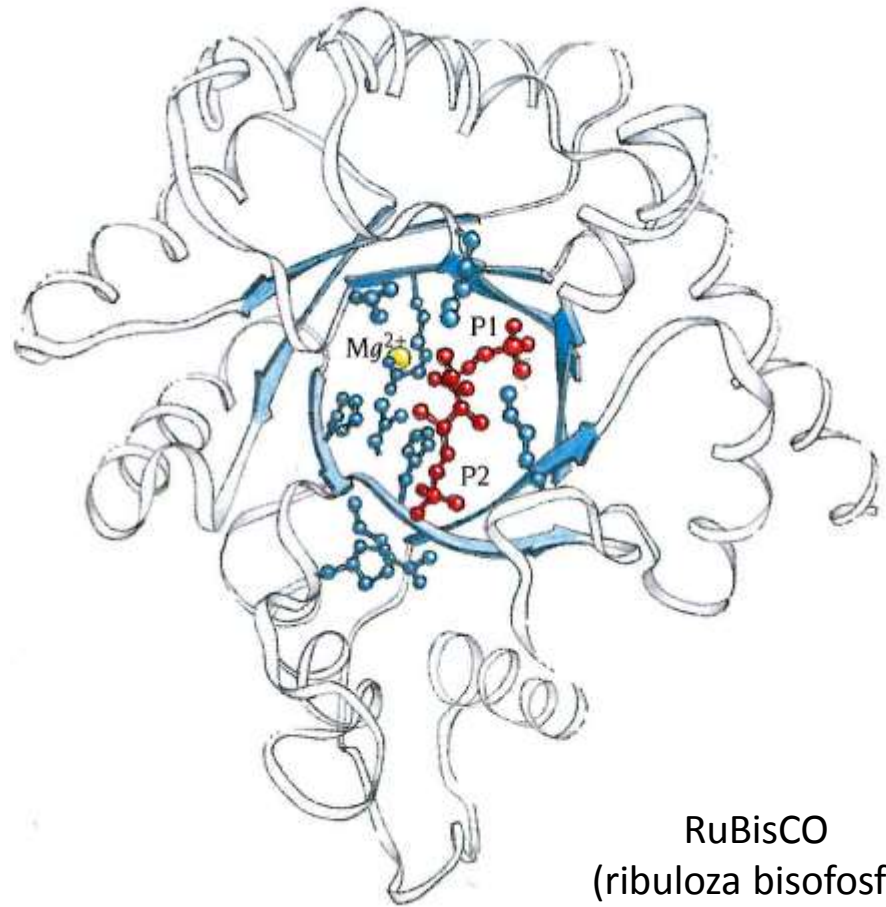
Notranjost sodčka zapolnjujejo hidrofobne stranske verige  $\beta$  ploskve, ki so usmerjene v notranjost.



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – TIM sodček

Eno najpogostejših zvitij pri encimih. Uporablja ga vsaj 15 različnih družin encimov. Poimenovano je po encimu triozafosfat izomeraza. Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki tvorijo paralelni  $\beta$  sodček z osmimi trakovi, obdan z osmimi  $\alpha$  vijačnicami.

Aktivno mesto je vedno na vrhu sodčka  
(na C-koncu  $\beta$  ploskve)

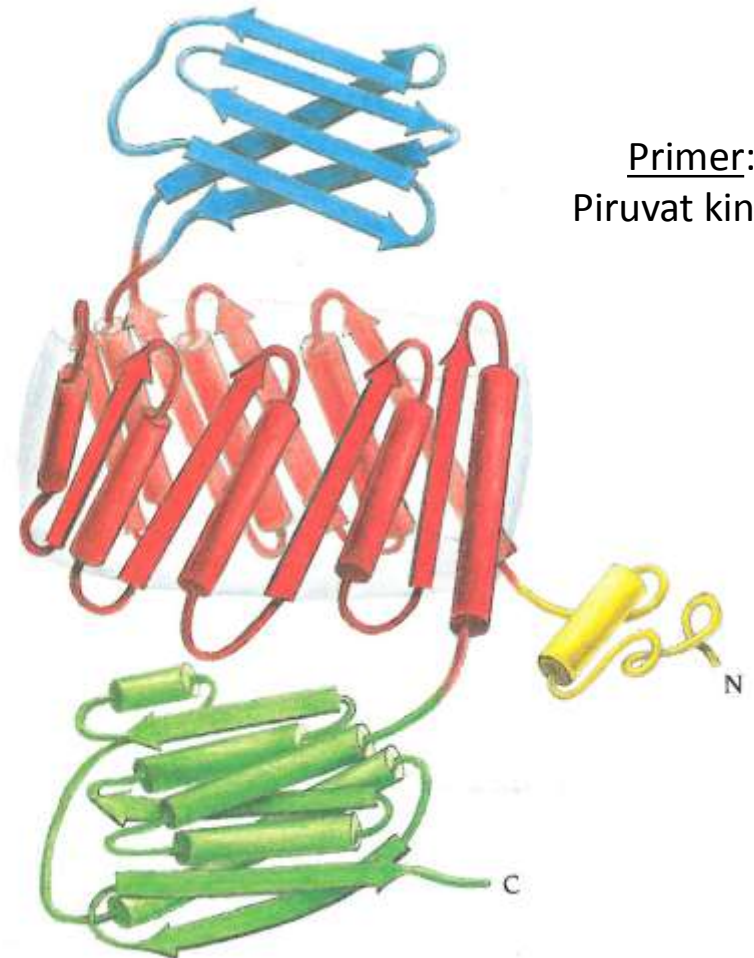


RuBisCO  
(ribuloza bisofosfat  
karboksilaza)

# Razred $\alpha/\beta$ struktur – TIM sodček

Eno najpogostejših zvitij pri encimih. Uporablja ga vsaj 15 različnih družin encimov. Poimenovano je po encimu triozafosfat izomeraza. Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki tvorijo paralelni  $\beta$  sodček z osmimi trakovi, obdan z osmimi  $\alpha$  vijačnicami.

Aktivno mesto je vedno na vrhu sodčka  
(na C-koncu  $\beta$  ploskve)

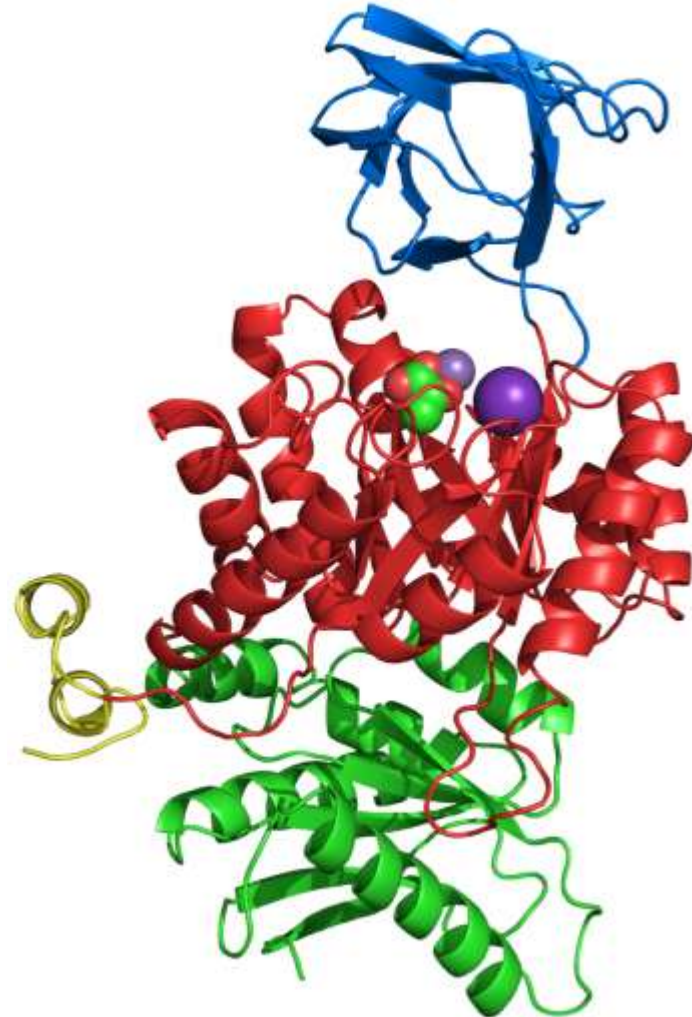


Primer:  
Piruvat kinaza

# Razred $\alpha/\beta$ struktur – TIM sodček

Eno najpogostejših zvitij pri encimih. Uporablja ga vsaj 15 različnih družin encimov. Poimenovano je po encimu triozafosfat izomeraza. Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki tvorijo paralelni  $\beta$  sodček z osmimi trakovi, obdan z osmimi  $\alpha$  vijačnicami.

Aktivno mesto je vedno na vrhu sodčka  
(na C-koncu  $\beta$  ploskve)

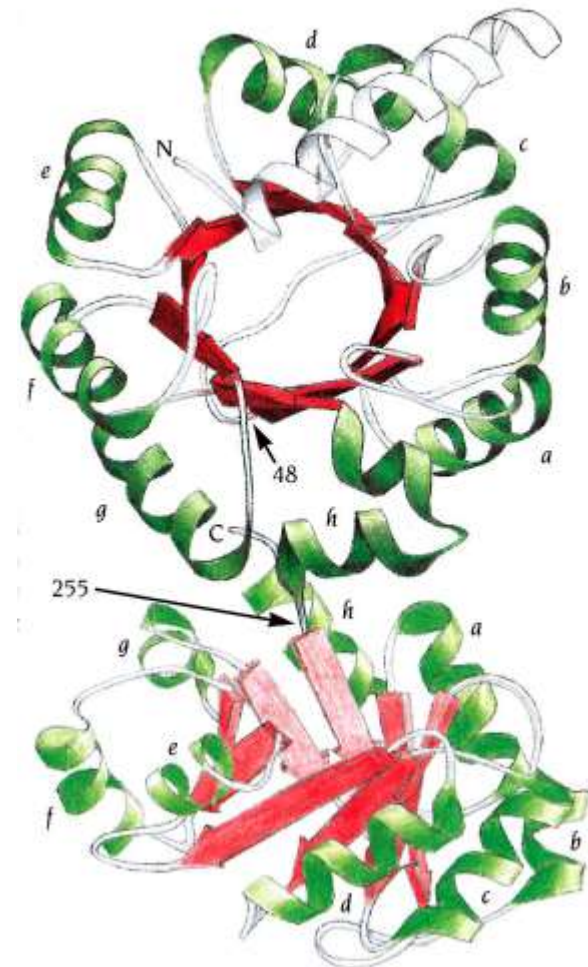
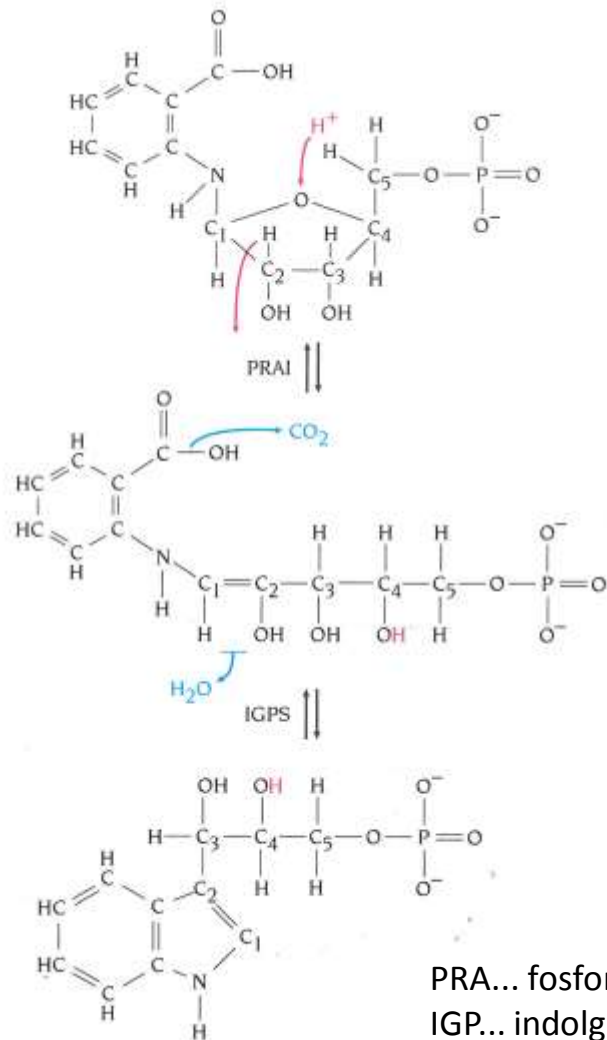


Primer:  
Piruvat kinaza



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – TIM sodček

Primer: PRA-isomeraza:IGP-sintaza iz *E. coli* je nastala z gensko fuzijo dveh encimov s strukturo TIM sodčka. Podenoti katalizirata dva zaporedna koraka v biosintezi triptofana.

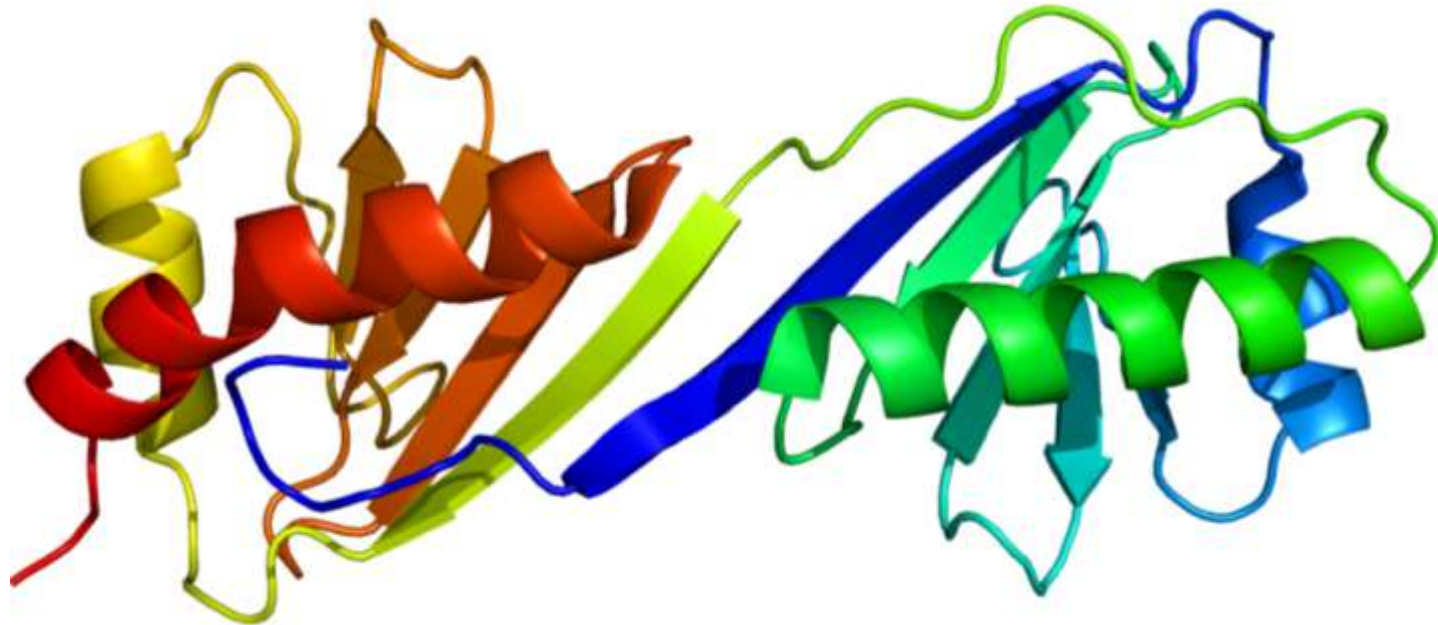




# Razred $\alpha/\beta$ struktur – dvoslojni sendvič

$\beta$  ploskev (antiparalelna), preko katere poteka  $\alpha$  vijačnica. Ploskev se ne ovija okoli vijačnice.

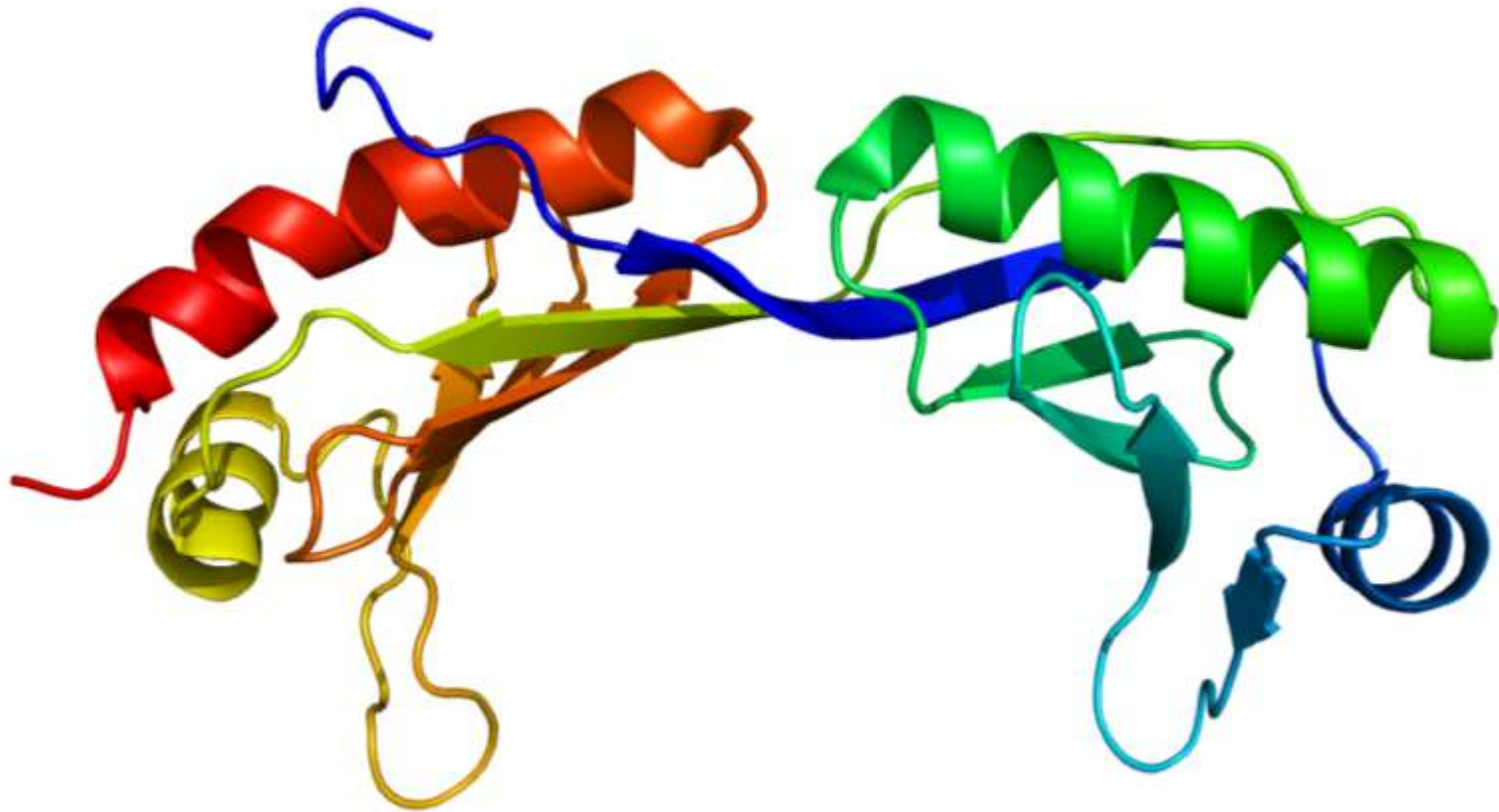
Primer: TATA-vezavni protein



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – dvoslojni sendvič

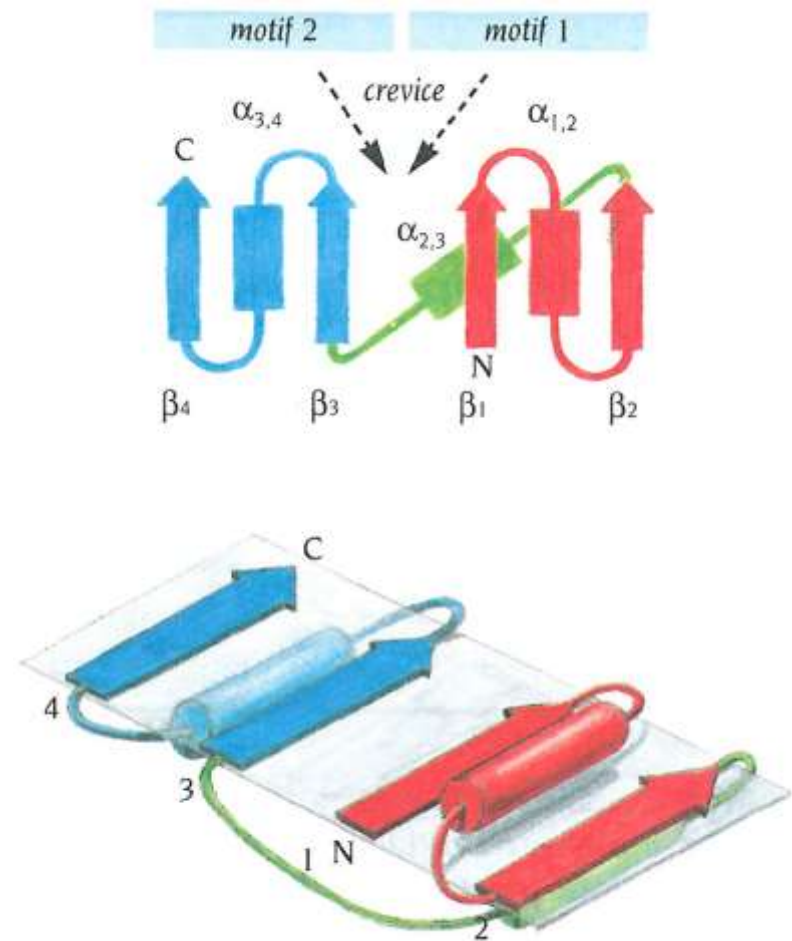
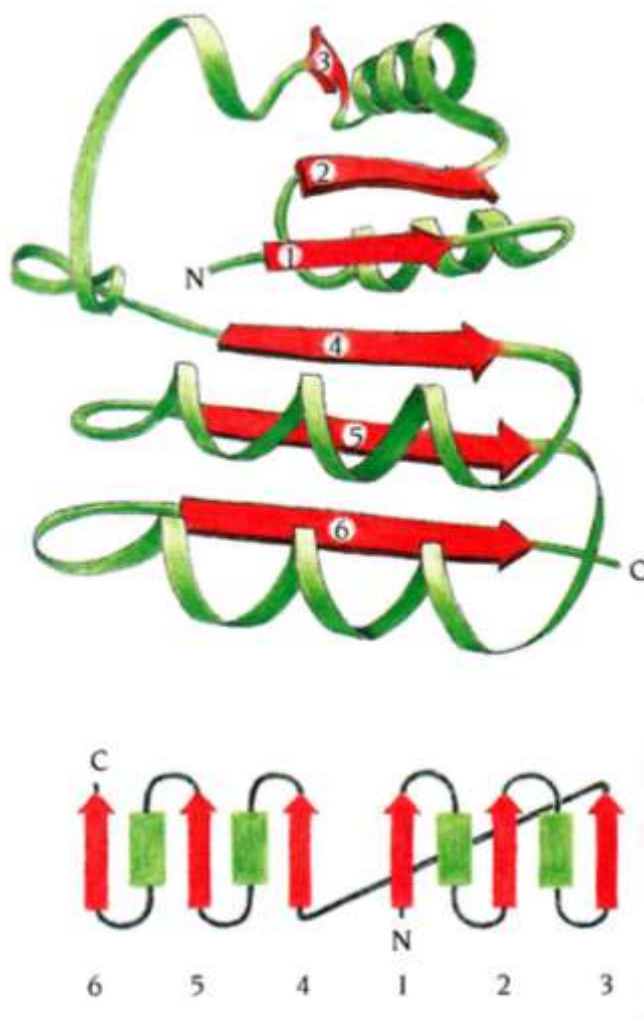
$\beta$  ploskev (antiparalelna), preko katere poteka  $\alpha$  vijačnica. Ploskev se ne ovija okoli vijačnice.

Primer: TATA-vezavni protein



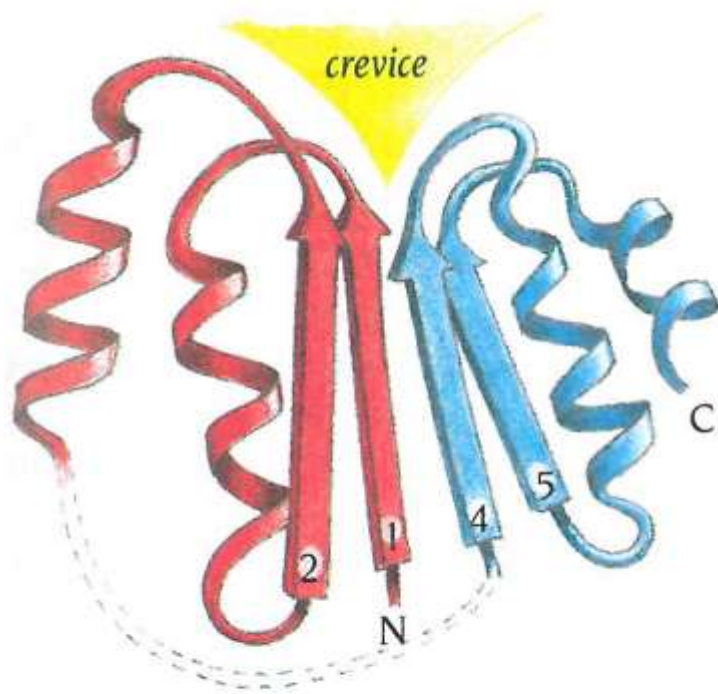
# Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\alpha\beta\alpha$ sendvič

Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta\text{-}\alpha\text{-}\beta$ , ki so organizirane tako, da tvorijo osrednjo paralelno  $\beta$  ploskev, obdano z obeh strani z  $\alpha$  vijačnicami.



## Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\alpha\beta\alpha$ sendvič

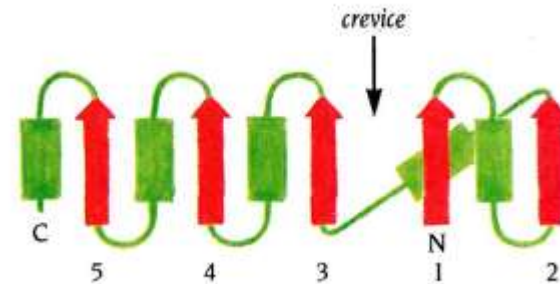
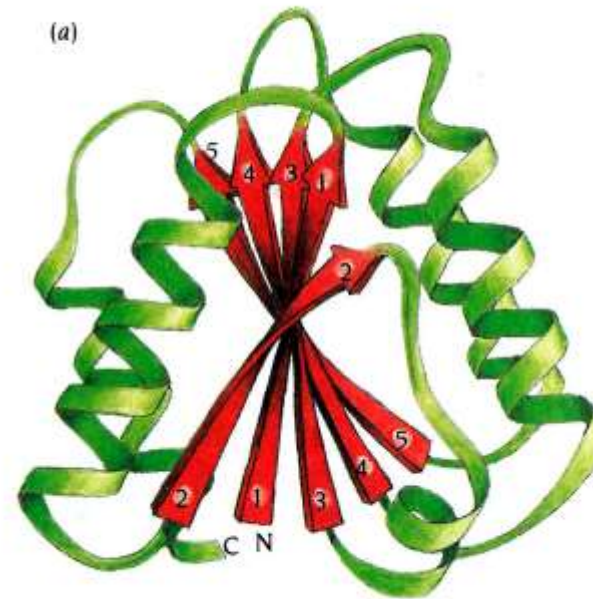
Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki so organizirane tako, da tvorijo osrednjo paralelno  $\beta$  ploskev, obdano z obeh strani z  $\alpha$  vijačnicami. Aktivno mesto je ponavadi v reži, na C-koncu  $\beta$  ploskve, ki jo tvorijo zanke v tem delu molekule.



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\alpha\beta\alpha$ sendvič

Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta\text{--}\alpha\text{--}\beta$ , ki so organizirane tako, da tvorijo osrednjo paralelno  $\beta$  ploskev, obdano z obeh strani z  $\alpha$  vijačnicami.

Primer: **flavodoksin** – bakterijski protein, ki sodeluje v oksido-redukcijskih procesih. Kot kofaktor vsebuje FMN ali FAD. **Rossmannovo zvitje.**

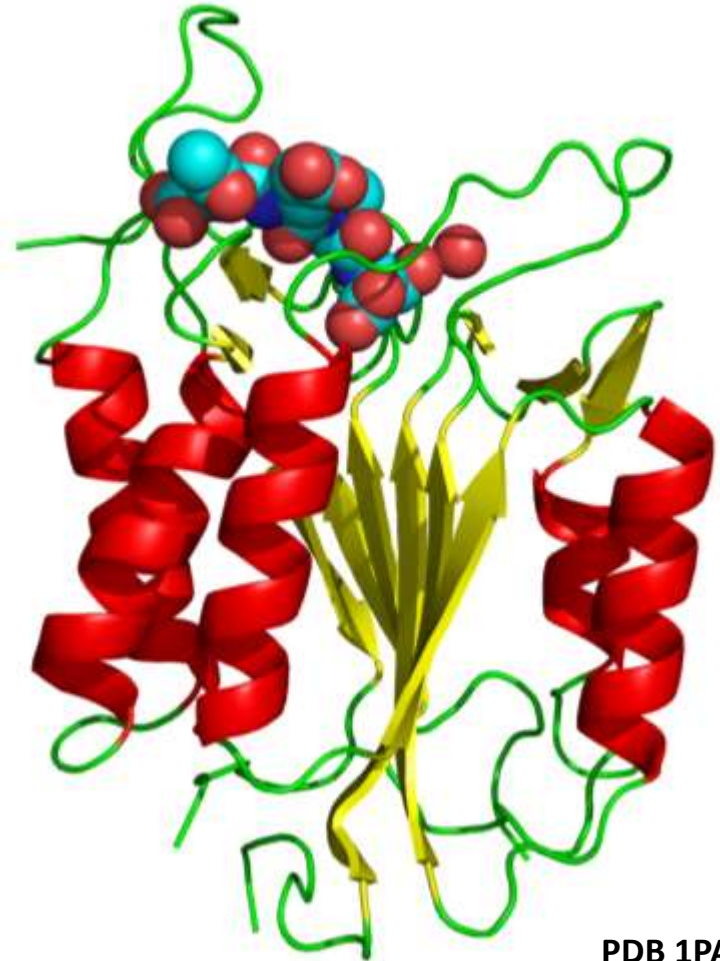




# Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\alpha\beta\alpha$ sendvič

Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta-\alpha-\beta$ , ki so organizirane tako, da tvorijo osrednjo paralelno  $\beta$  ploskev, obdano z obeh strani z  $\alpha$  vijačnicami.

Primer: Rossmannovo zvitje imajo tudi **kaspaze** – peptidaze, ki sodelujejo pri celični smrti.

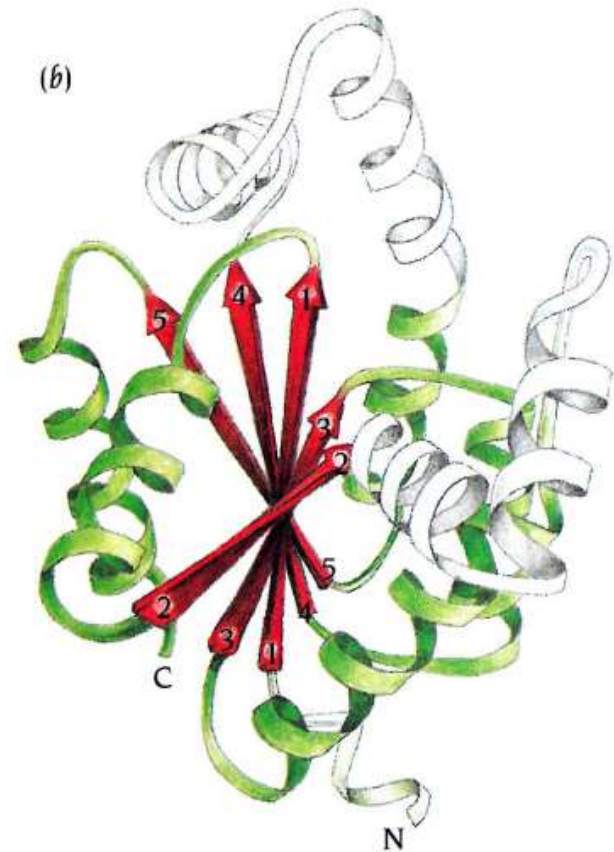
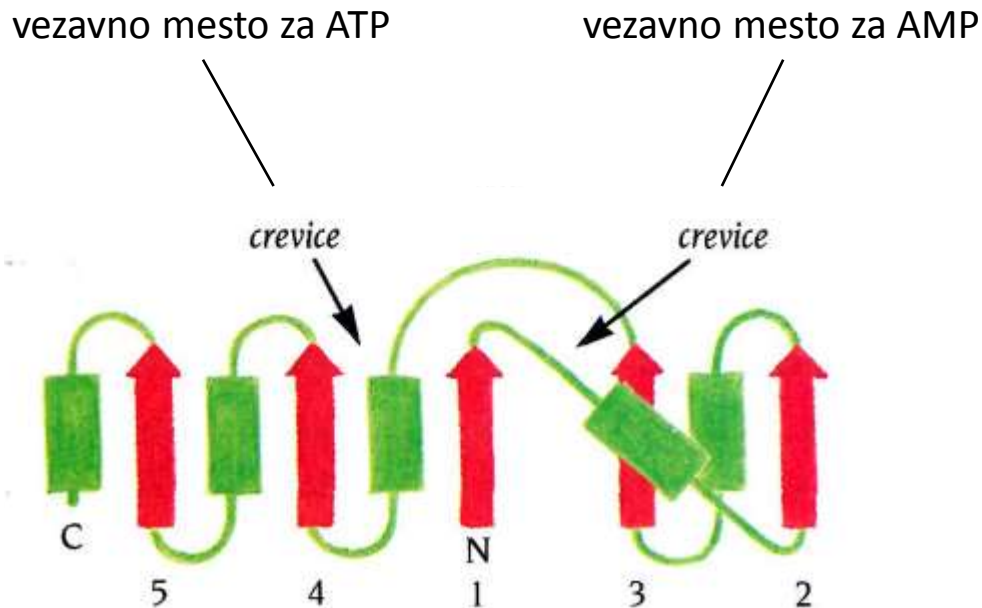


PDB 1PAU

# Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\alpha\beta\alpha$ sendvič

Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta\text{-}\alpha\text{-}\beta$ , ki so organizirane tako, da tvorijo osrednjo paralelno  $\beta$  ploskev, obdano z obeh strani z  $\alpha$  vijačnicami.

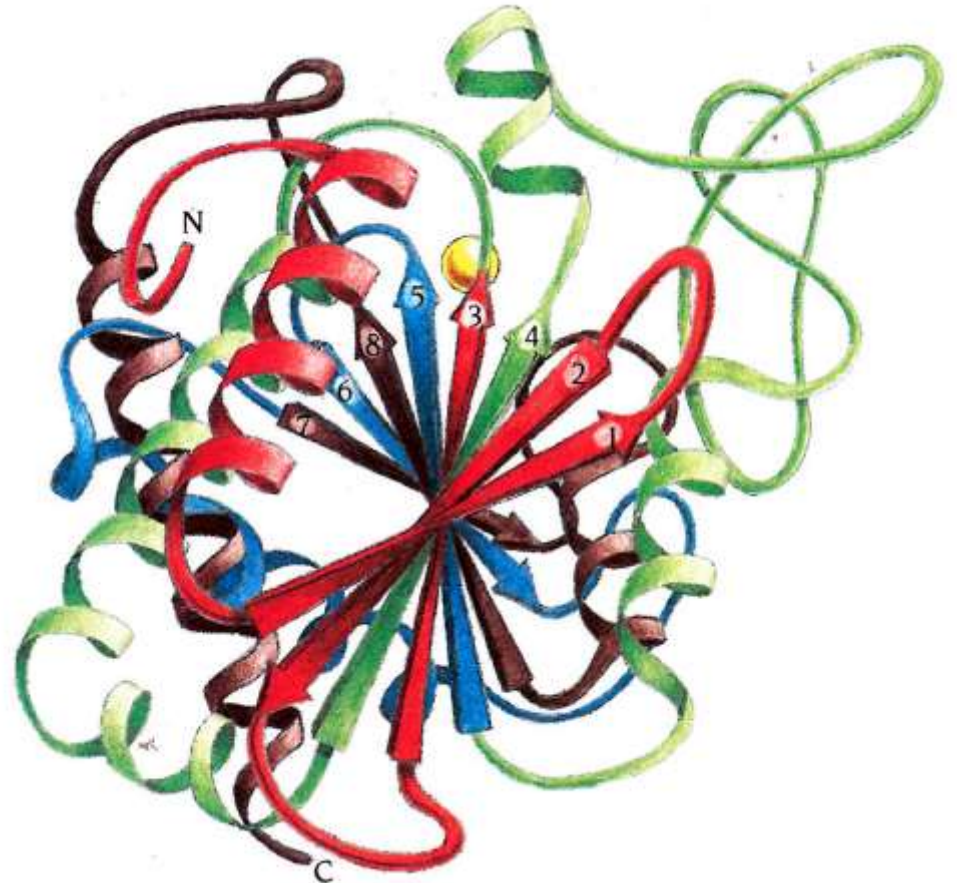
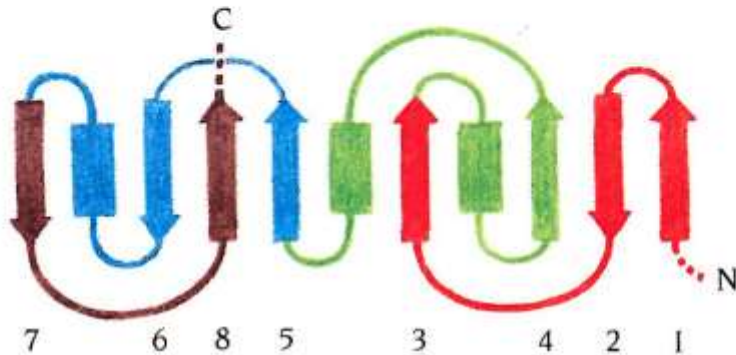
Primer: **adenilat kinaza** katalizira tvorbo 2 molekul ADP iz AMP in ATP.



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\alpha\beta\alpha$ sendvič

Zvitje je sestavljeno iz ponovitev motiva  $\beta$ - $\alpha$ - $\beta$ , ki so organizirane tako, da tvorijo osrednjo paralelno  $\beta$  ploskev, obdano z obeh strani z  $\alpha$  vijačnicami.

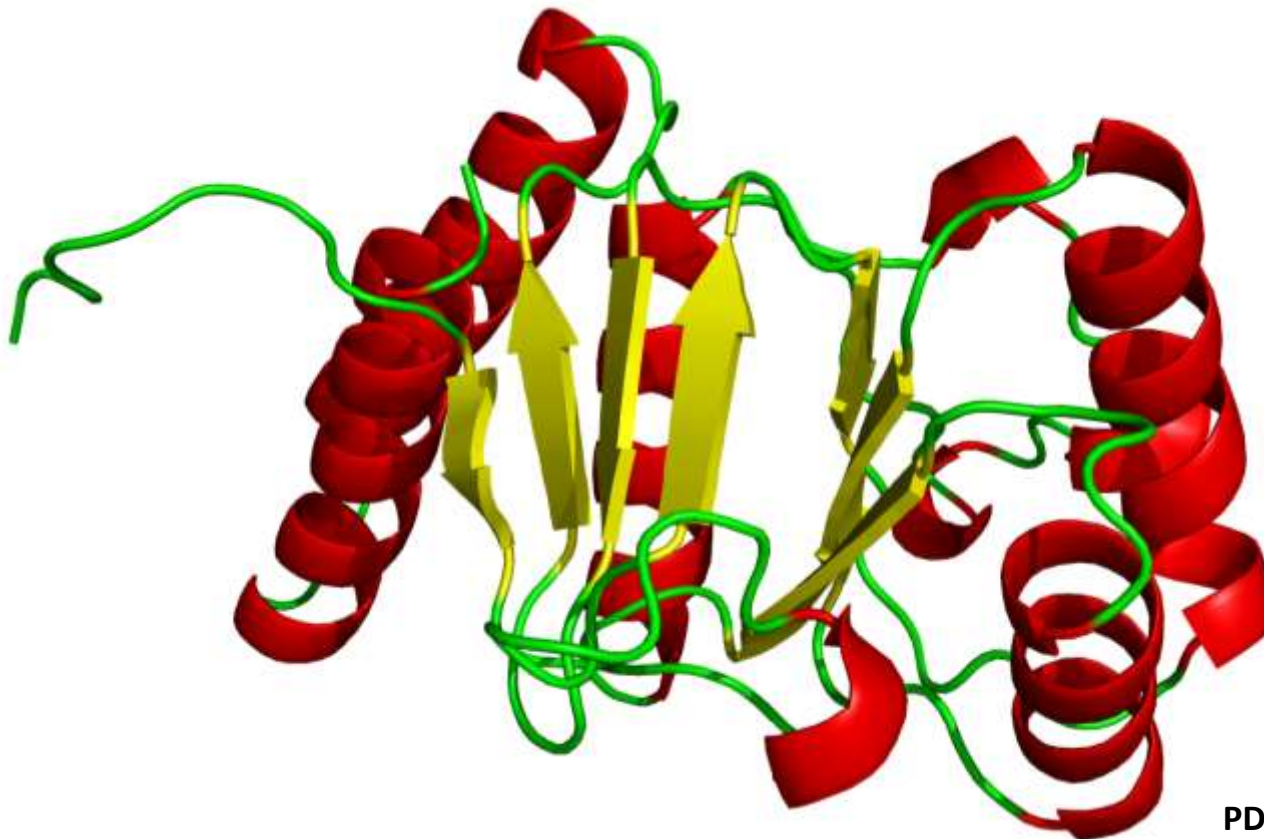
Primer: **karboksipeptidaza A** je od  $Zn^{2+}$  odvisen encim s strukturo troslojnega sendviča z mešano antiparalelno/paralelno  $\beta$  ploskvijo.



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – troslojni $\beta\beta\alpha$ sendvič

Zvitje je sestavljeno iz dveh  $\beta$  ploskev, pritisjenih ena ob drugo ter  $\alpha$  vijačnic, ki obdajajo le eno od obeh ploskev.

Primer: apikalna domena komponente bakterijskega šaperonina **GroEL**.



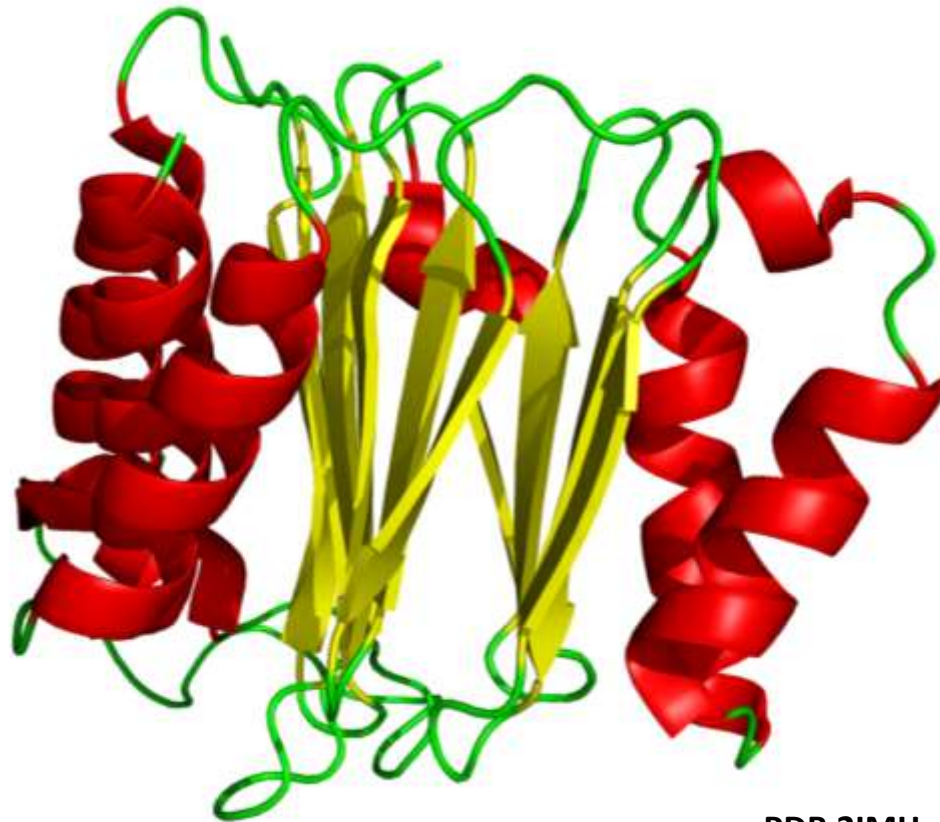
PDB 1KID



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – štirislojni sendvič

Zvitje je sestavljeno iz dveh  $\beta$  ploskev, pritisnjenih ena ob drugo ter  $\alpha$  vijačnic, ki obdajajo obe ploskvi.

Primer: protein z neznano funkcijo iz bakterije *Silicibacter pomeroyi*.



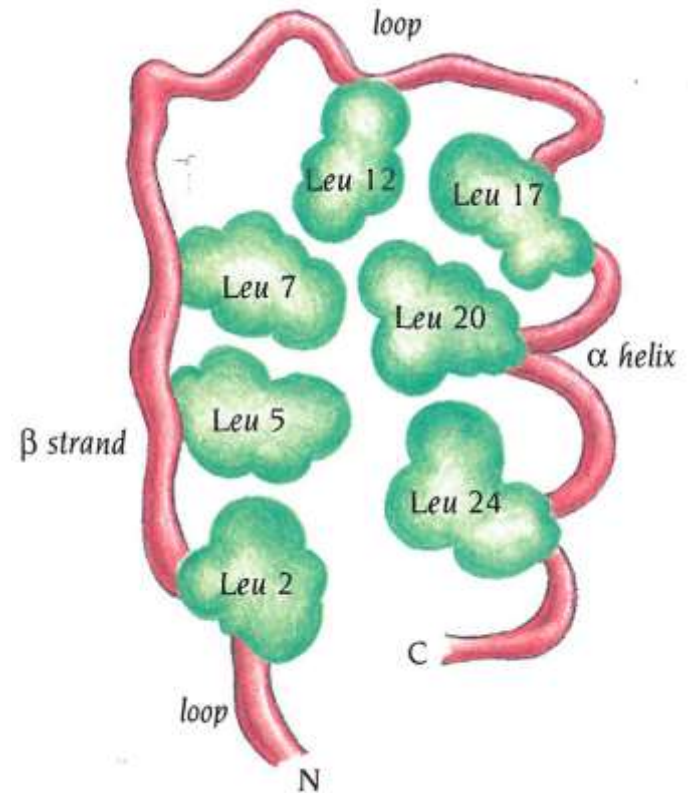
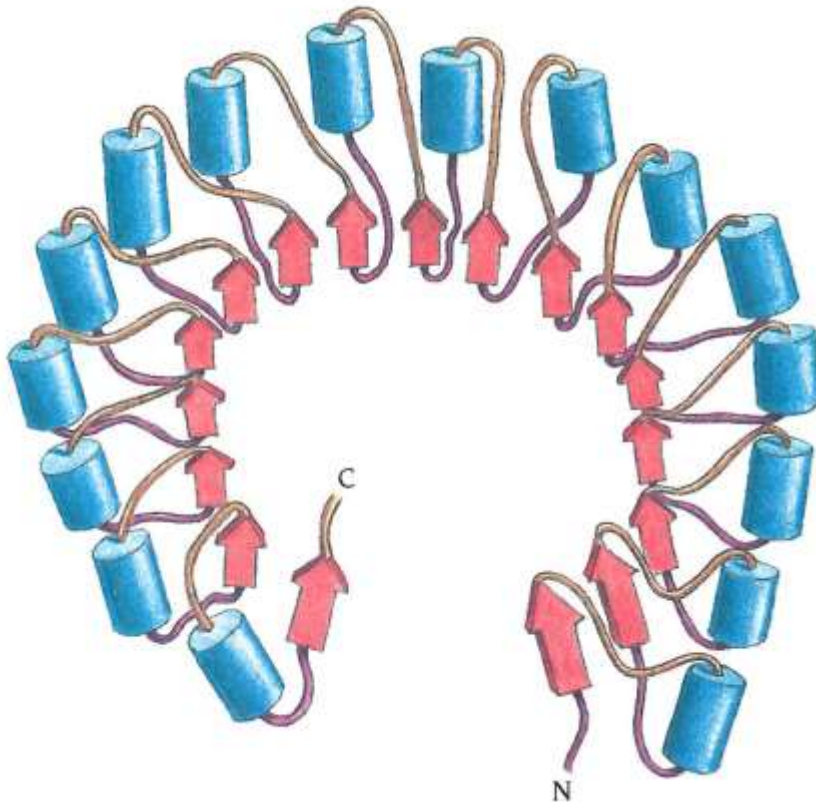
PDB 2IMH



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – podkev

Zvitje je sestavljeno iz ponavljajočih se  $\beta$ -zanka- $\alpha$  motivov, bogatih z levcini, ki se med seboj povezujejo z zankami na podoben način kot pri TIM sodčkih.

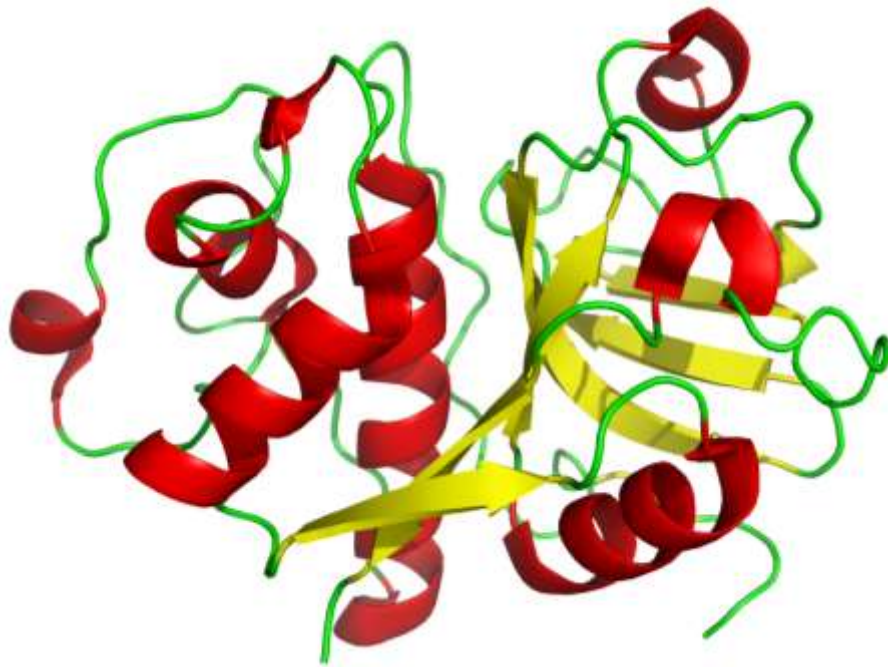
Primer: **inhibitor ribonukleaze**. Motivi so dolgi 28 ali 29 AK, in vsebujejo ohranjene levcine na pozicijah 2, 5, 7, 12, 20 in 24, ki stabilizirajo motiv.



# Razred $\alpha/\beta$ struktur – kompleksne $\alpha\beta$ strukture

Tista zvitja, pri katerih se elementi  $\alpha$  in  $\beta$  strukture prepletajo tako, da jih ne moremo klasificirati v ostale skupine.

Primer: papainu podobne peptidaze.



PDB 1PPN

Primer: ribosomalni protein L13.

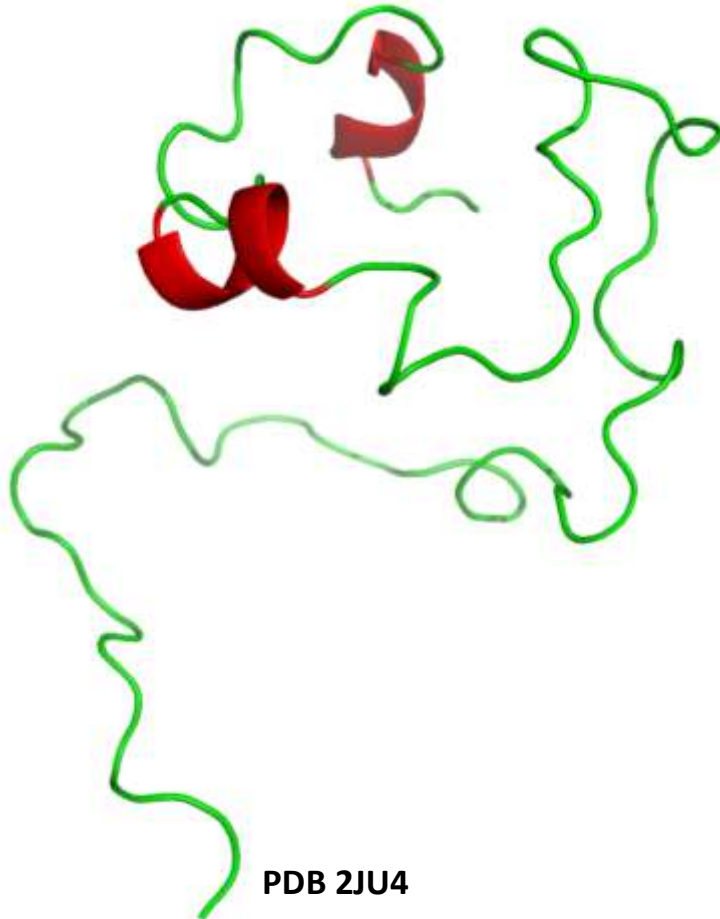


PDB 1J3A

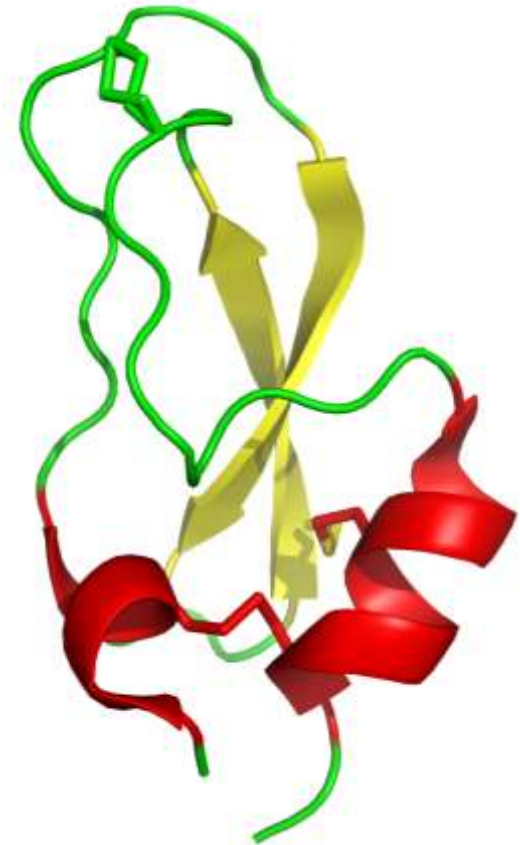
# Razred struktur z malo sekundarne strukture

Raznolika skupina bolj ali manj urejenih zvitij z manjšim številom regularnih elementov.

Primer:  $\gamma$  podenodta cGMP fosfodiesteraze – primer intrinzično neurejene strukture.



Primer: inhibitor tripsina iz goveje slinavke.

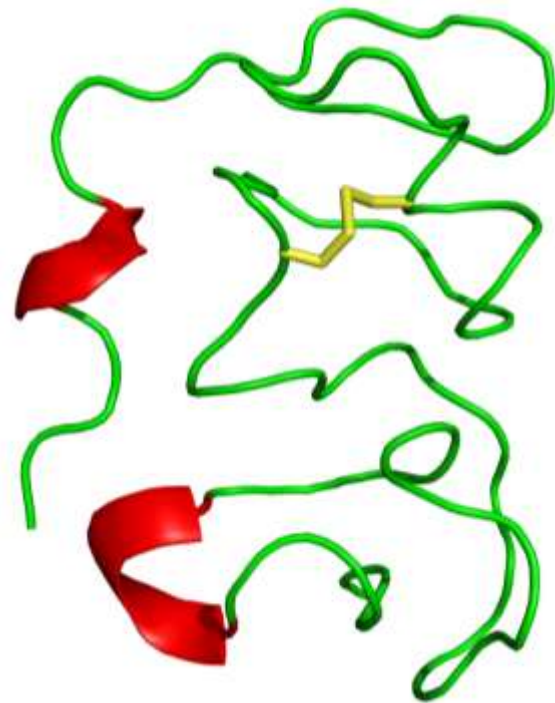
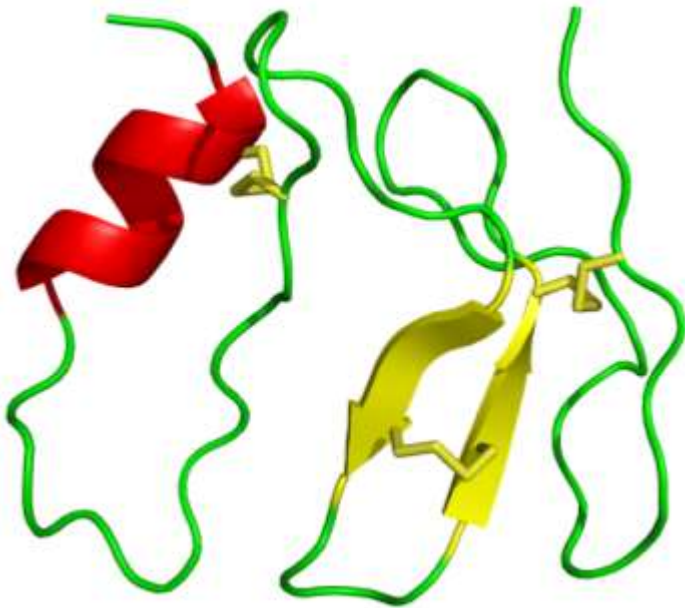


# Razred struktur z malo sekundarne strukture

Raznolika skupina bolj ali manj urejenih zvitij z manjšim številom regularnih elementov.

Primer: tiroglobulinska domena tipa 1

Primer: domena 2 C-končnega fragmenta fibrinogena  $\gamma$



PDB 1ICF

PDB 2WNP