

【作者】	王海波, 施晓东, 张梅芬, 郭俊云
【单位】	曲靖师范学院生物资源与环境科学学院, 云南曲靖
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	33
【发表页码】	16263-16267, 16288
【关键字】	紫花苜蓿; 蛋白质二硫键异构酶; 同源建模
【摘要】	<p>紫花苜蓿蛋白质二硫键异构酶的基因已经被克隆测序。利用其mRNA及氨基酸序列, 应用生物信息学软件预测了该蛋白质的理化性质、亲/疏水性、信号肽、二级结构、卷曲螺旋结构、跨膜区域、糖基化位点、活性位点、亚细胞定位、功能结构域及高级结构。结果表明, 该蛋白质是一个整体疏水性蛋白, 细胞定位为粗面内质网, 含有512个氨基酸, 理论等电点为4.98, 信号肽位于1~24号氨基酸; 二级结构中<math>\alpha</math>螺旋占26.37% (135AA), 无规则卷曲占53.32% (273AA), 延伸链占20.31% (104AA); 包含3个卷曲螺旋结构, 3个糖基化位点, 2个硫氧还蛋白结构域, 2个硫氧还蛋白活性位点。Ramachandram结构检测表明此模型的三维结构符合立体化学能量规则。</p>
【附件】	 PDF下载 <a href="#">PDF阅读器下载</a>

关闭