

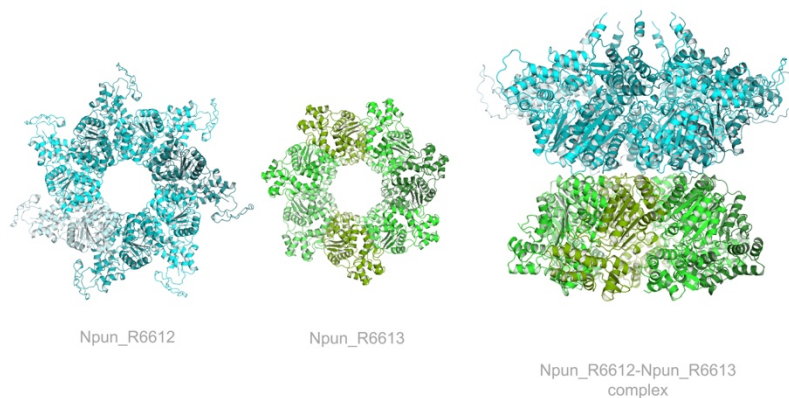
Analiza sekwencyjna i modelowanie struktur białek receptorów bakteryjnych o nieznanej funkcji

Jędrzej Kubica

Kierownik: **dr Stanisław Dunin-Horkawicz**

Opiekun: **dr hab. Dominik Gront, prof. ucz.**

Programowana śmierć komórki (ang. programmed cell death; PCD) jest mechanizmem związanym z wielokomórkowością. Wykazano, że eukariotyczne białka apoptotyczne (m.in. Apaf-1 u człowieka oraz Ced-4 u *Caenorhabditis elegans*) są homologiczne do prokariotycznych białek o nieznanej funkcji [1]. Przykładem takich białek są Npun_R6612 i Npun_R6613 z wielokomórkowej bakterii *Nostoc punctiforme*. Białka te kodowane są w jednym operonie, dlatego podejrzewa się, że tworzą funkcjonalny kompleks. Celem pracy magisterskiej było zbadanie sekwencji oraz wyznaczenie struktur białek Npun_R6612 i Npun_R6613 przy wykorzystaniu metod obliczeniowych AlphaFold2 i Rosetta. Szczególny nacisk został położony na domeny ATPaz odpowiadające za oligomeryzację i aktywację badanych białek. W ramach pracy magisterskiej wykonano i przeanalizowano modele oligomerów domen ATPaz Npun_R6612 i Npun_R6613 oraz kompleksu Npun_R6612-Npun_R6613. Wyniki pracy magisterskiej poszerzają wiedzę o prokariotycznych homologach eukariotycznych systemów PCD.



Literatura:

[1] Dunin-Horkawicz S, Kopec KO, Lupas AN, J Mol Biol. 2014, 426(7): 1568-1582.