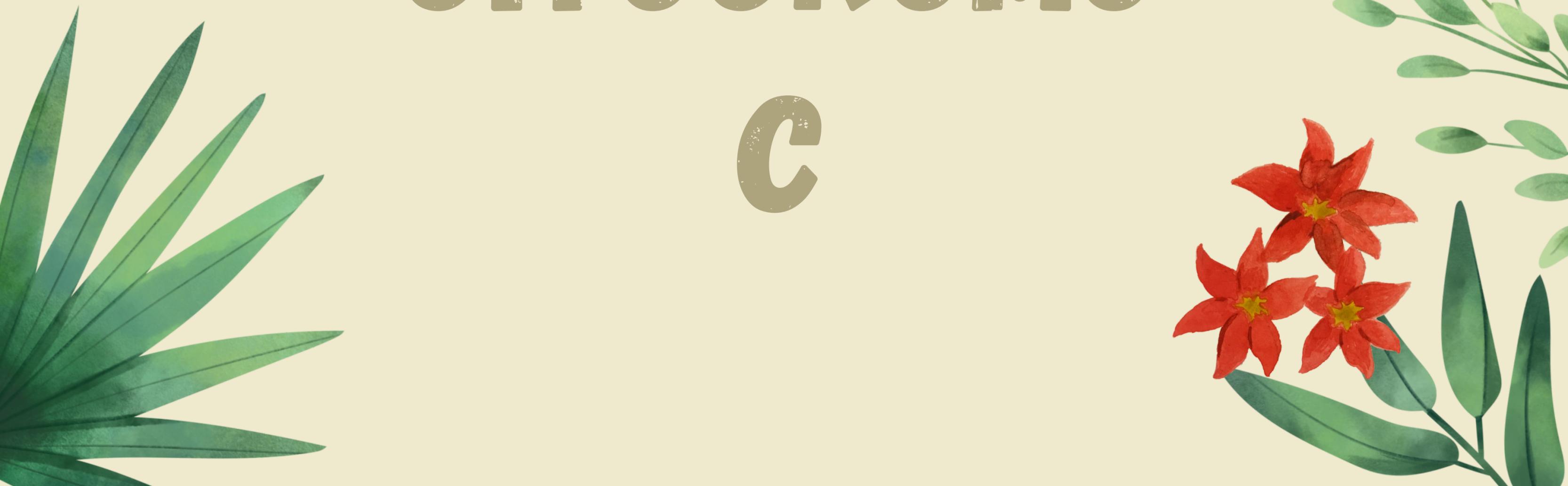


**CITOCROMO**

**C**



# CARACTERÍSTICAS GERAIS

É uma pequena proteína heme que funciona como um componente central da cadeia de transporte de elétrons na mitocôndria. A proteína codificada se associa à membrana interna da mitocôndria, onde recebe elétrons do citocromo b e os transfere para o complexo citocromo oxidase.

**Número de aminoácidos: 105 aminoácidos - 12.400 Da de massa**

**Número de cadeias polipeptídicas: 1 - a proteína é uma única cadeia polipeptídica**

**Número de alfa-hélices: 7**

**Número de folhas Beta: 0**

MGDVEKGGKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKTGPNLHGLFGRKTGOA  
PGYSYTAANKNKGIIWGEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFVGIKKKEE  
RADLIAYLKKATNE

Imagens feitas no  
software PyMol, a  
partir da sequência de  
aminoácidos

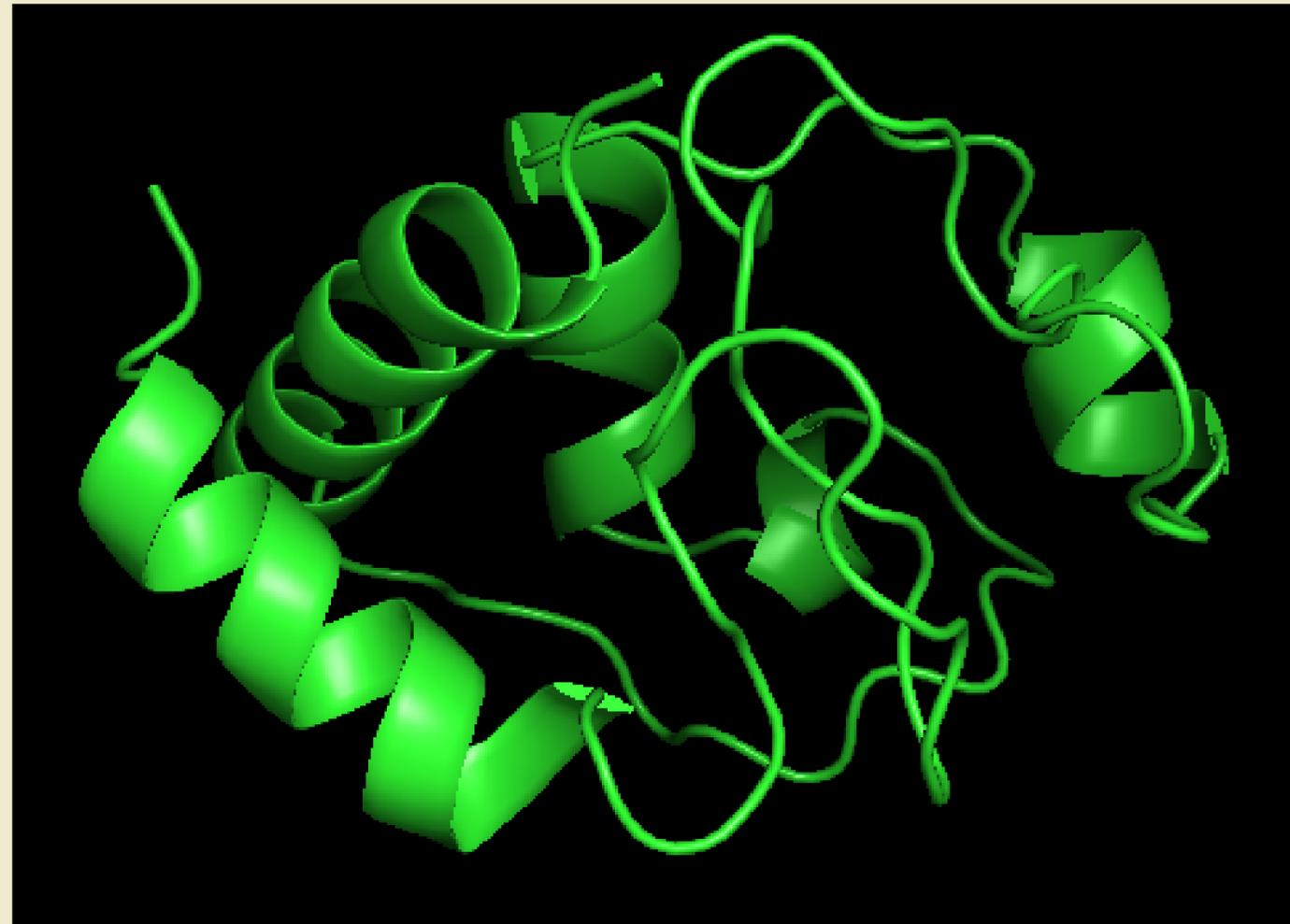
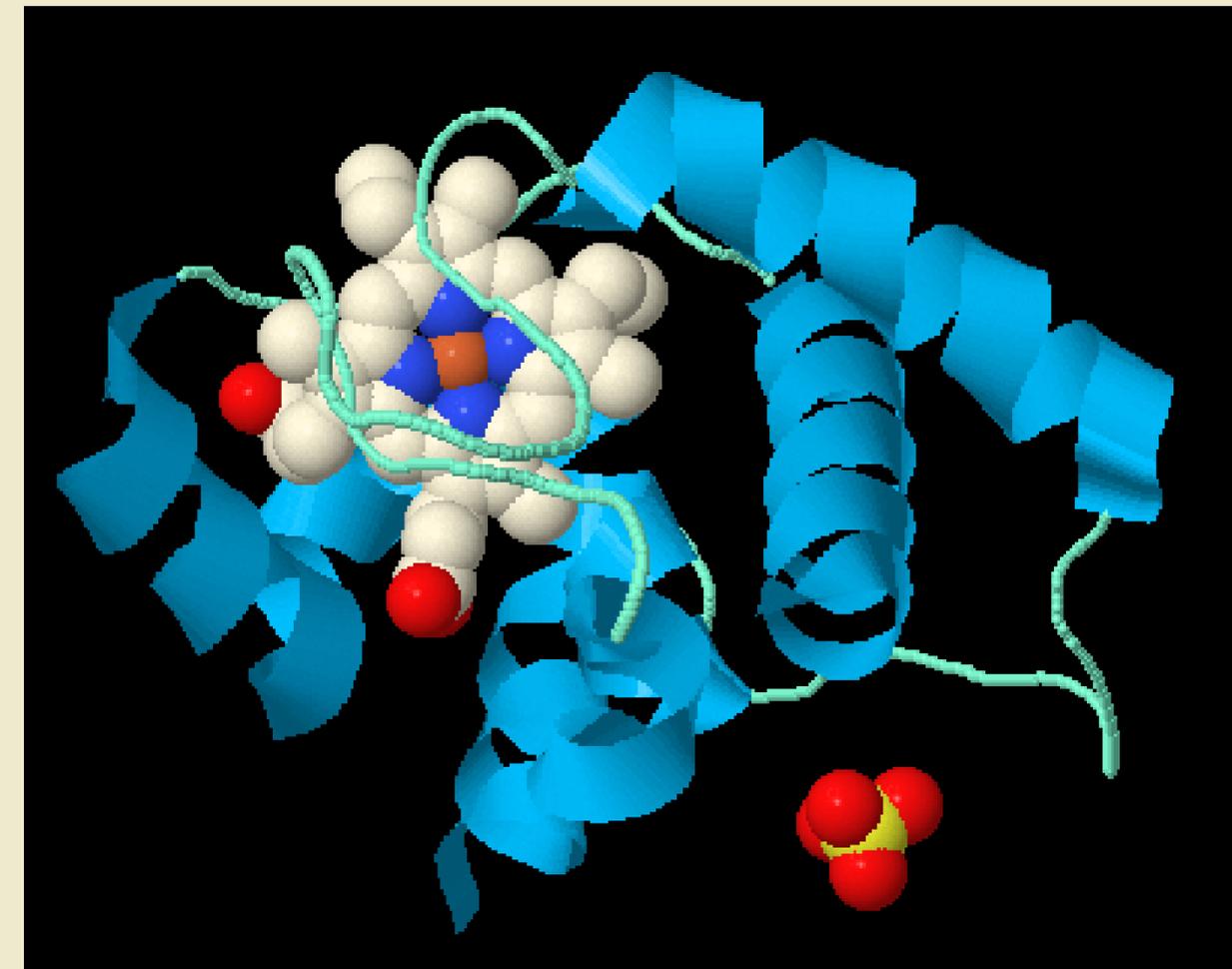


Imagem obtida no Proteopedia



The background features a light cream color with stylized green leaves and red flowers. The leaves are large and have a jagged, lobed edge, with a gradient from light green to dark green. The flowers are bright red with yellow centers. The overall style is clean and modern.

# COMO DESENHAR MINHA PROTEÍNA EM 3D?

FONTE: WWF BRASIL



# 1º PASSO



National Library of Medicine  
National Center for Biotechnology Information

All Databases ▾

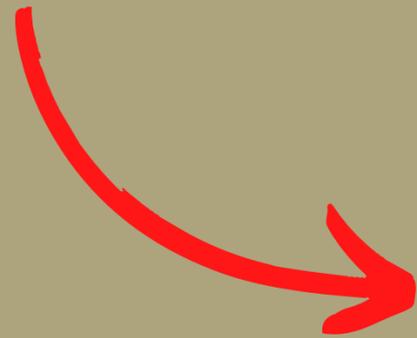
Cytochrome c Homo Sapiens



Search



Busque sua proteína no NCBI ou na Plataforma KEGG of genes



**cytochrome c [Homo sapiens]**

GenBank: AAA35732.1

[Identical Proteins](#)

[FASTA](#)

[Graphics](#)

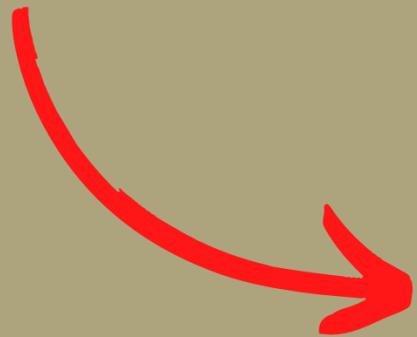




## 2º PASSO



Retire do NCBI a sequência de aminoácidos da sua proteína (em linguagem computacional na qual um aminoácido é representado por apenas uma letra).

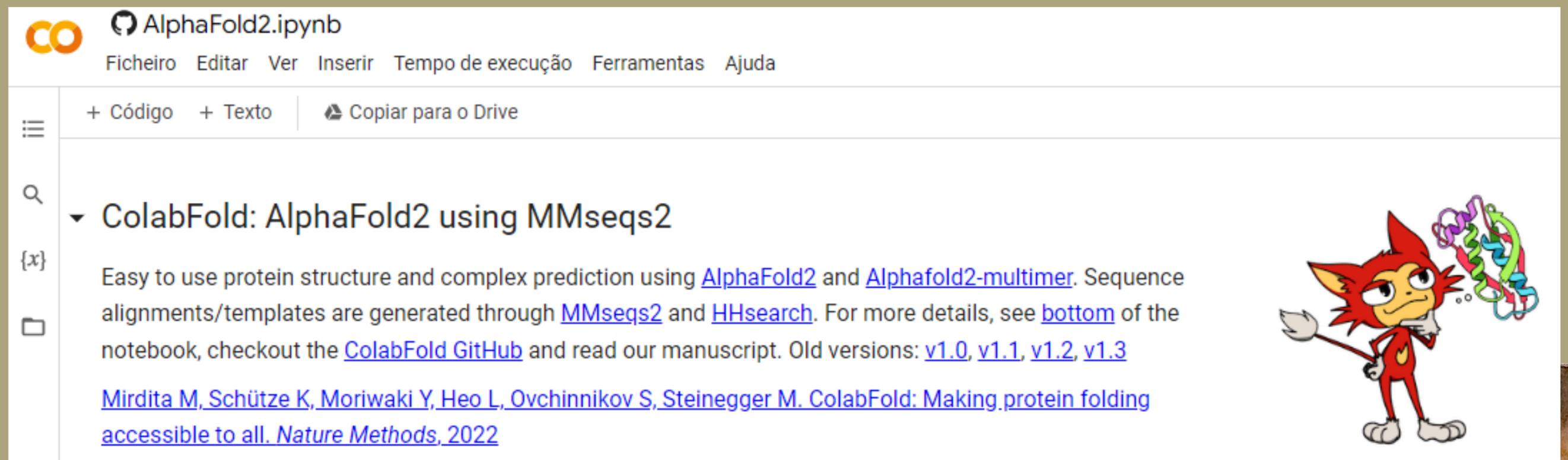


```
1 mgdvekgkki fimkcsqcht vekggkhktg pnhglfgrk tgqapgysyt aanknkgiiw  
61 gedtlmeyle npkkyipgtk mifvgikkke eradliaylk katne
```



# 3º PASSO

Agora, precisamos "escrever" a sequência dessa proteína em um alinguagem que o software que fará a plotagem 3D da estrutura entenda. Para isso utilizamos a ferramenta Alpha Fold (<https://colab.research.google.com/github/sokrypton/ColabFold/blob/main/AlphaFold2.ipynb#scrollTo=33g5llegij5R>).



**AlphaFold2.ipynb**  
Ficheiro Editar Ver Inserir Tempo de execução Ferramentas Ajuda

+ Código + Texto Copiar para o Drive

ColabFold: AlphaFold2 using MMseqs2

Easy to use protein structure and complex prediction using [AlphaFold2](#) and [Alphafold2-multimer](#). Sequence alignments/templates are generated through [MMseqs2](#) and [HHsearch](#). For more details, see [bottom](#) of the notebook, checkout the [ColabFold GitHub](#) and read our manuscript. Old versions: [v1.0](#), [v1.1](#), [v1.2](#), [v1.3](#)

[Mirdita M, Schütze K, Moriwaki Y, Heo L, Ovchinnikov S, Steinegger M. ColabFold: Making protein folding accessible to all. Nature Methods, 2022](#)



# PASSOS

▶ Input protein sequence(s), then hit Runtime -> Run all

0 s  `query_sequence: " MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAANKNKGIIWGEDTLMEYLENPKKYIPGTMIFVGIKKKEERADLIAYLKATNE "`

- Use `:` to specify inter-protein chainbreaks for **modeling complexes** (supports homo- and hetro-oligomers). For example **PI...SK:PI...SK** for a homodimer

`jobname: " Citocromo C "`

`use_amber:`

`template_mode: none`

0 s  MSA options (custom MSA upload, single sequence, pairing mode)

`msa_mode: MMseqs2 (UniRef+Environmental)`

`pair_mode: unpaired+paired`

0 s  Advanced settings

`model_type: auto`

▶ Install dependencies

39 s  [Mostrar código](#)



# PASSOS



▶ Run Prediction

✓ 4 min ▶ [Mostrar código](#)



▶ Display 3D structure

✓ 0 s ▶ rank\_num: 1



▶ Package and download results

✓ 0 s ▶ If you are having issues downloading `jobname.result.zip`, right-click and

[Mostrar código](#)



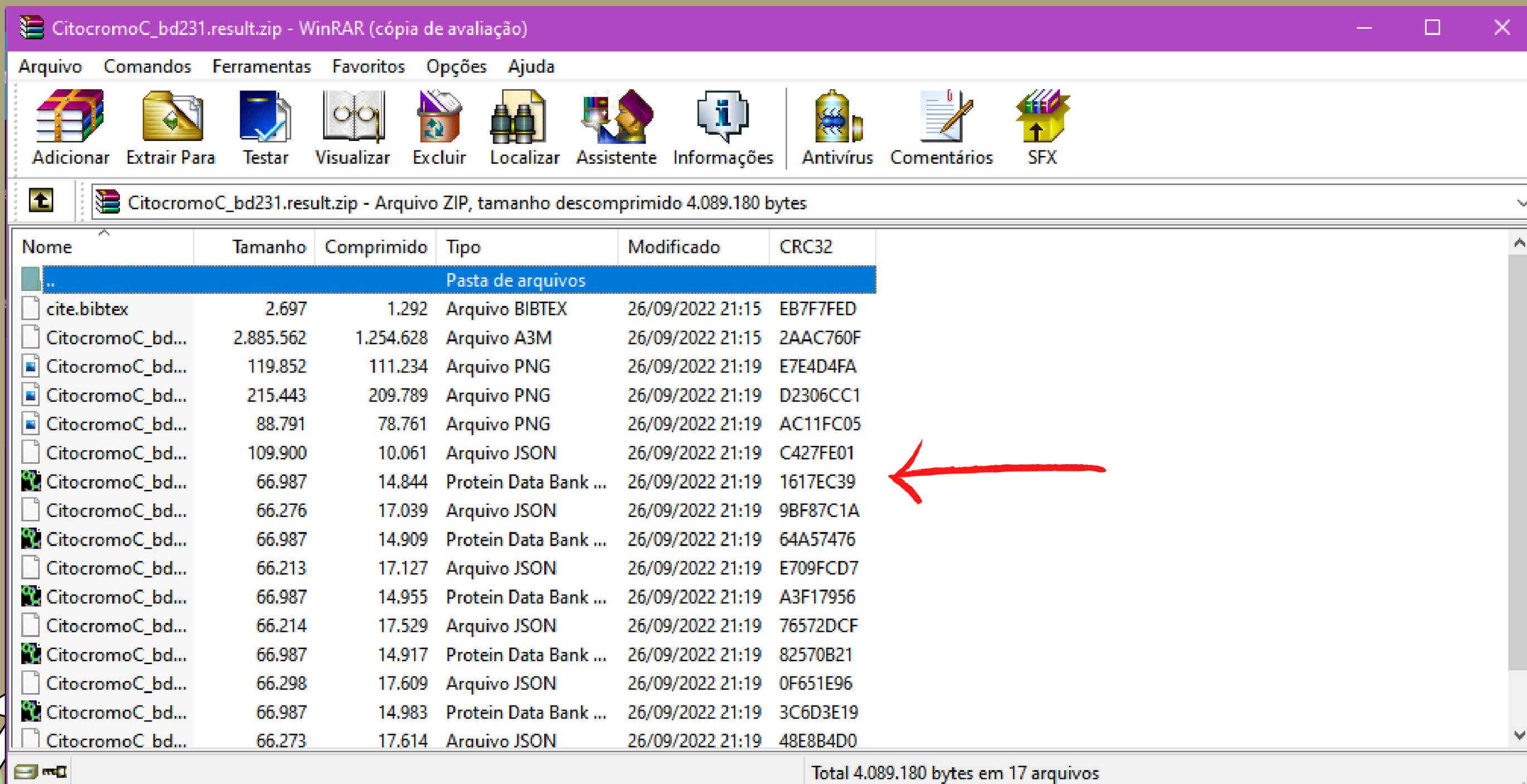
▶ Plots

✓ 0 s ▶ [Mostrar código](#)



# 4° PASSO

## Abrir o Arquivo Track 1 no PyMol



CitocromoC\_bd231.result.zip - WinRAR (cópia de avaliação)

Arquivo Comandos Ferramentas Favoritos Opções Ajuda

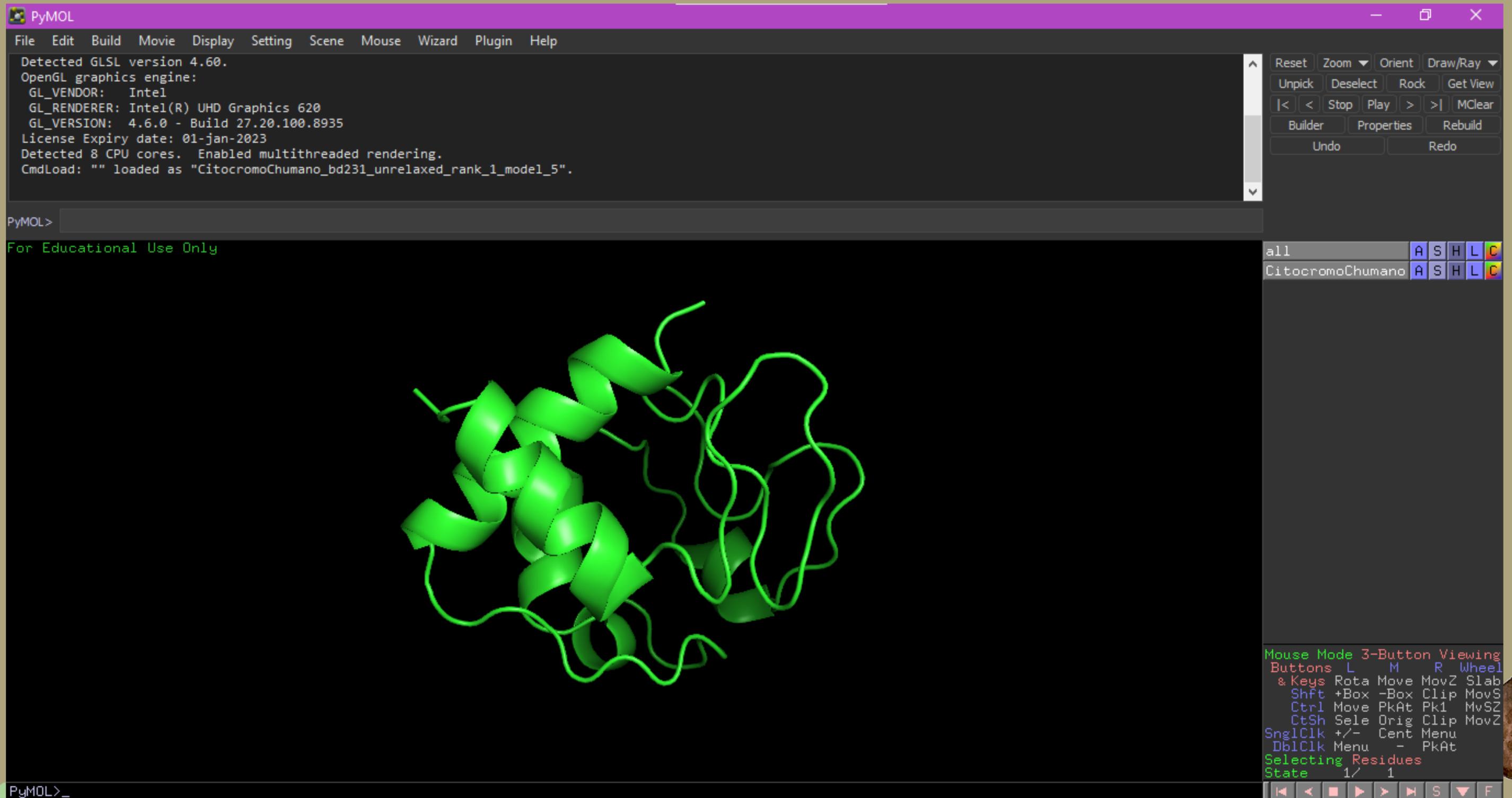
Adicionar Extrair Para Testar Visualizar Excluir Localizar Assistente Informações Antivírus Comentários SFX

CitocromoC\_bd231.result.zip - Arquivo ZIP, tamanho descomprimido 4.089.180 bytes

Nome	Tamanho	Comprimido	Tipo	Modificado	CRC32
..			Pasta de arquivos		
cite.bibtex	2.697	1.292	Arquivo BIBTEX	26/09/2022 21:15	EB7F7FED
CitocromoC_bd...	2.885.562	1.254.628	Arquivo A3M	26/09/2022 21:15	2AAC760F
CitocromoC_bd...	119.852	111.234	Arquivo PNG	26/09/2022 21:19	E7E4D4FA
CitocromoC_bd...	215.443	209.789	Arquivo PNG	26/09/2022 21:19	D2306CC1
CitocromoC_bd...	88.791	78.761	Arquivo PNG	26/09/2022 21:19	AC11FC05
CitocromoC_bd...	109.900	10.061	Arquivo JSON	26/09/2022 21:19	C427FE01
CitocromoC_bd...	66.987	14.844	Protein Data Bank ...	26/09/2022 21:19	1617EC39
CitocromoC_bd...	66.276	17.039	Arquivo JSON	26/09/2022 21:19	9BF87C1A
CitocromoC_bd...	66.987	14.909	Protein Data Bank ...	26/09/2022 21:19	64A57476
CitocromoC_bd...	66.213	17.127	Arquivo JSON	26/09/2022 21:19	E709FCD7
CitocromoC_bd...	66.987	14.955	Protein Data Bank ...	26/09/2022 21:19	A3F17956
CitocromoC_bd...	66.214	17.529	Arquivo JSON	26/09/2022 21:19	76572DCF
CitocromoC_bd...	66.987	14.917	Protein Data Bank ...	26/09/2022 21:19	82570B21
CitocromoC_bd...	66.298	17.609	Arquivo JSON	26/09/2022 21:19	0F651E96
CitocromoC_bd...	66.987	14.983	Protein Data Bank ...	26/09/2022 21:19	3C6D3E19
CitocromoC bd...	66.273	17.614	Arquivo JSON	26/09/2022 21:19	48E8B4D0

Total 4.089.180 bytes em 17 arquivos

# 5° PASSO



PyMOL

File Edit Build Movie Display Setting Scene Mouse Wizard Plugin Help

Detected GLSL version 4.60.  
OpenGL graphics engine:  
GL\_VENDOR: Intel  
GL\_RENDERER: Intel(R) UHD Graphics 620  
GL\_VERSION: 4.6.0 - Build 27.20.100.8935  
License Expiry date: 01-jan-2023  
Detected 8 CPU cores. Enabled multithreaded rendering.  
CmdLoad: "" loaded as "CitocromoChumano\_bd231\_unrelaxed\_rank\_1\_model\_5".

PyMOL>

For Educational Use Only

all	A	S	H	L	C
CitocromoChumano	A	S	H	L	C

Mouse Mode 3-Button Viewing  
Buttons L M R Wheel  
& Keys Rota Move MovZ Slab  
Shft +Box -Box Clip MovS  
Ctrl Move PkAt Pk1 MvSZ  
CtSh Sele Orig Clip MovZ  
SnglClk +/- Cent Menu  
Db1Clk Menu - PkAt  
Selecting Residues  
State 1/ 1

PyMOL>\_

