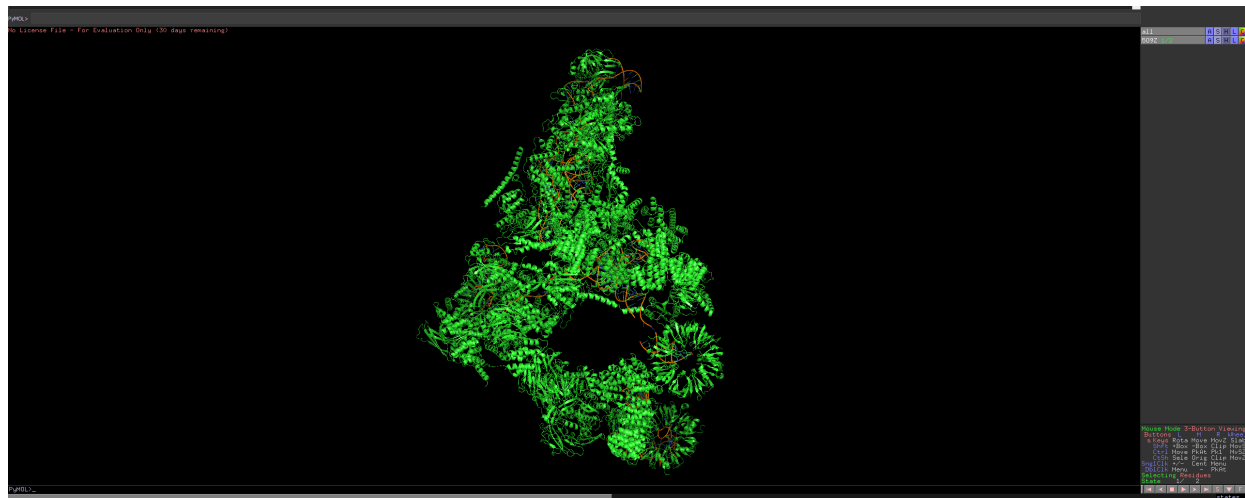


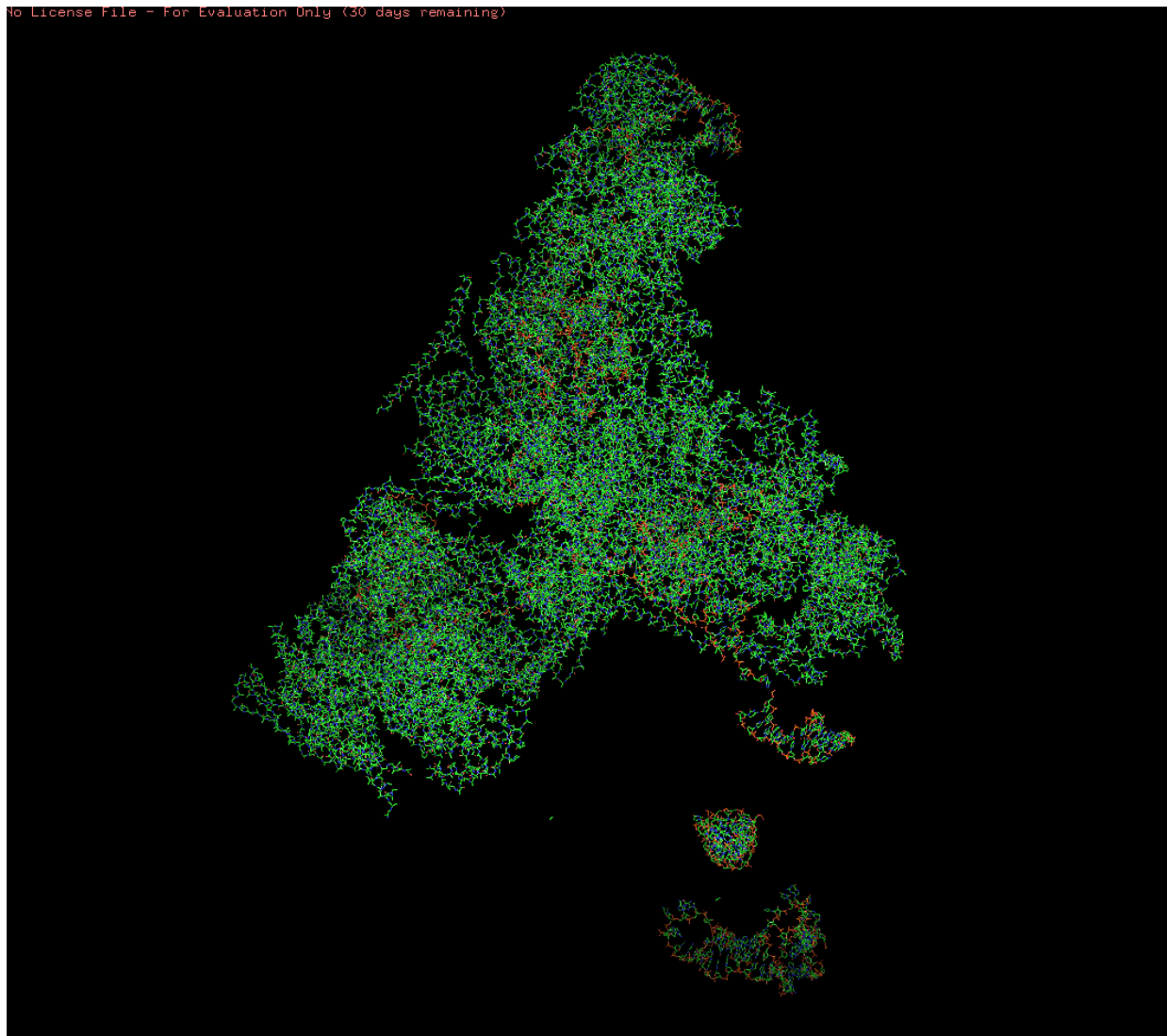
TASK 1

[link](#)

TASK 2



TASK 3

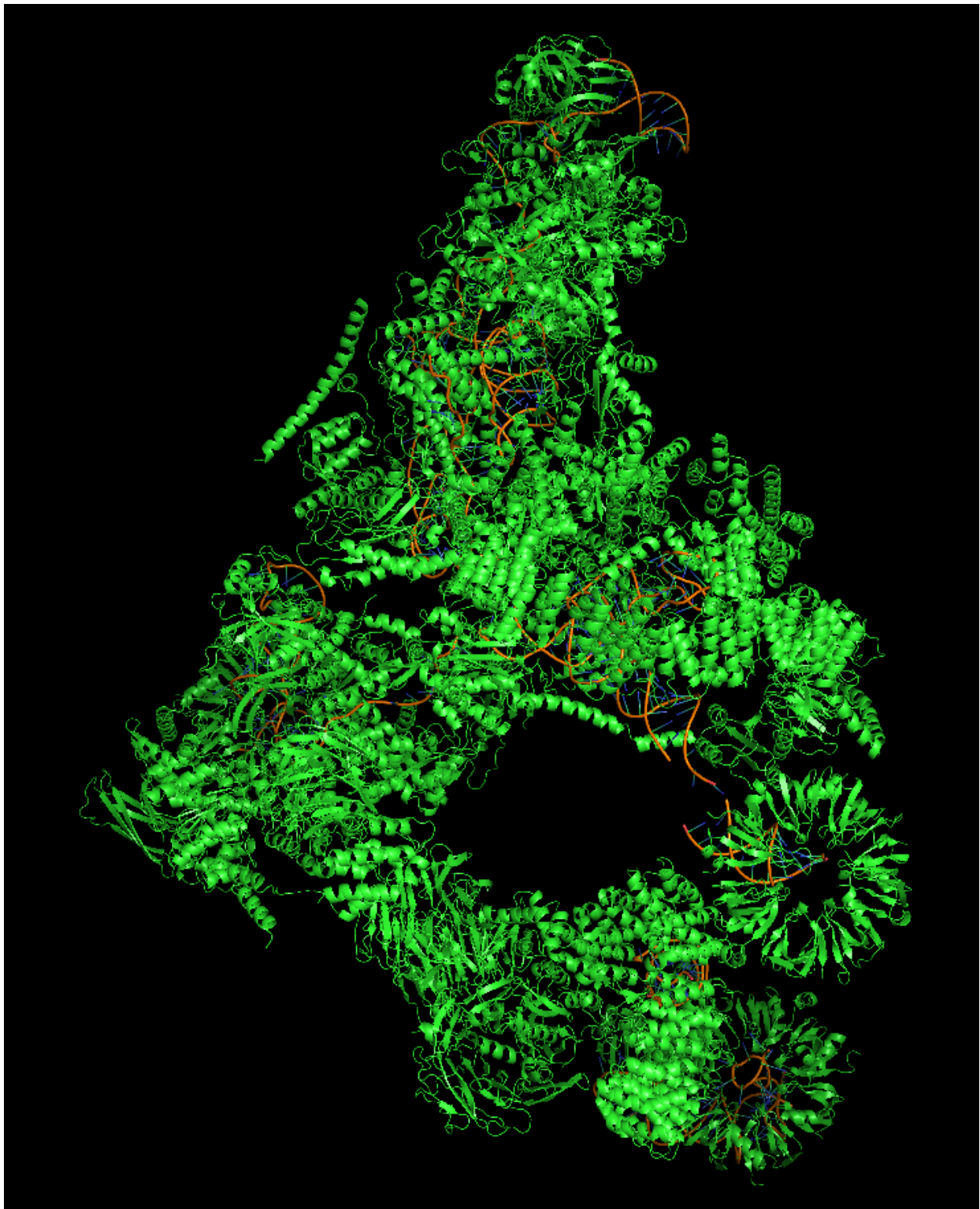


TASK 4

Na ekranie widać model substancji chemicznej, przedstawiającej położenie atomów tej substancji, oraz wiązania między nimi.

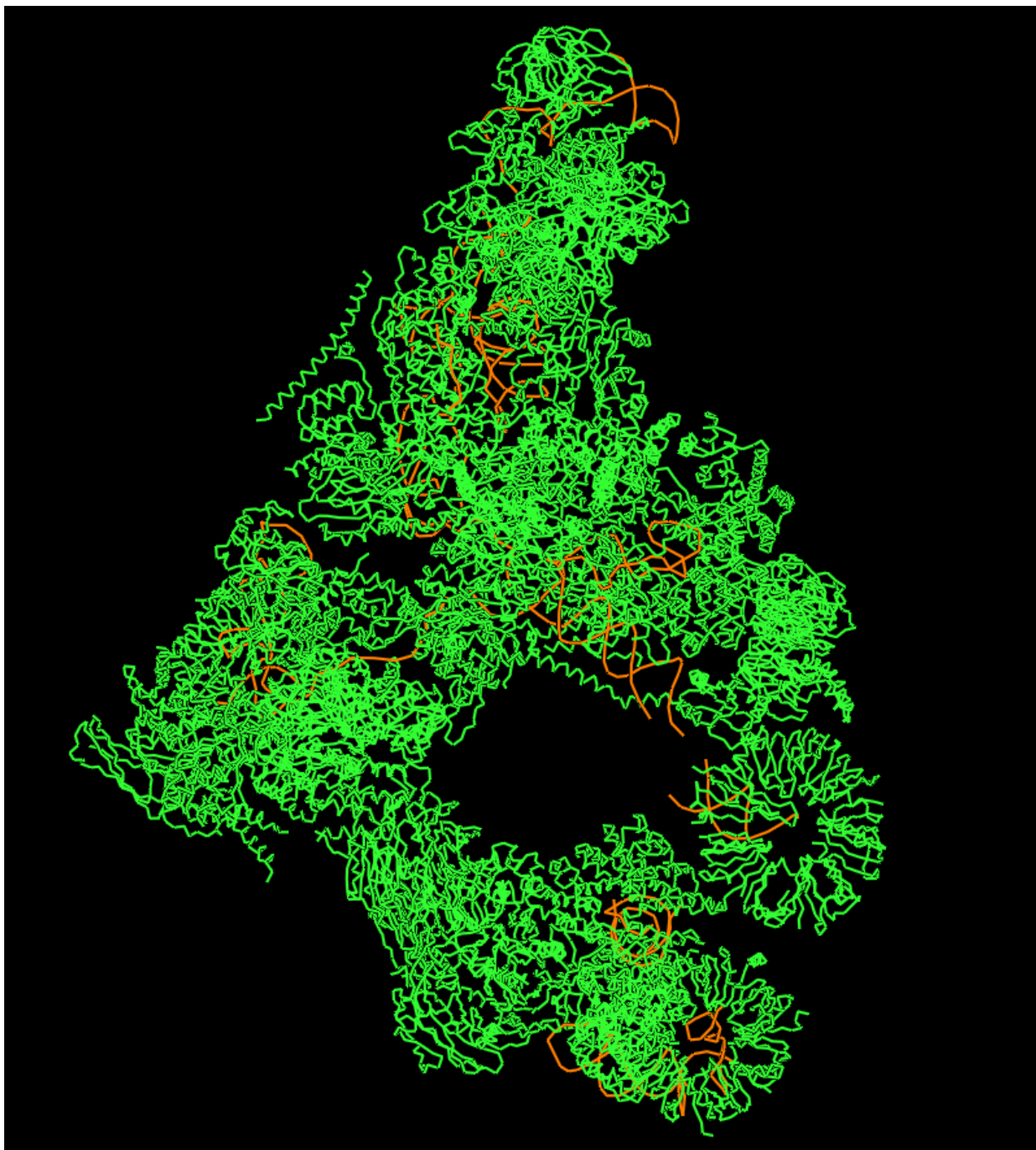
Kulkami są atomy, a pomiędzy nimi łączenia to wiązania.

TASK 5



Jest ukazana uproszczona reprezentacja struktury protein, poprzez wstążki. Jest to trójwymiarowa reprezentacja, współcześnie najczęściej wykorzystywana

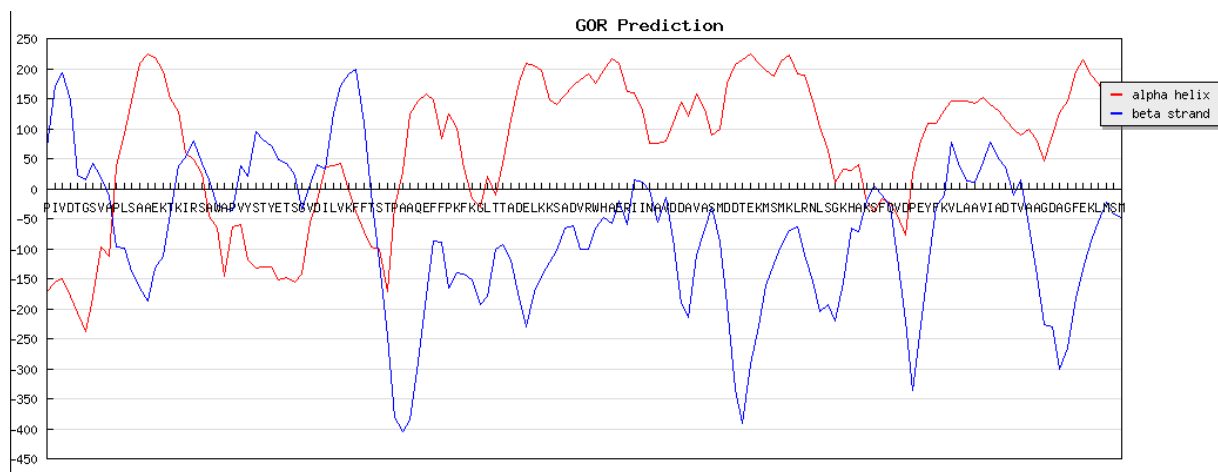
TASK 6



TASK 7

Jest to sposób reprezentacji struktury przedstawiający generalny kształt i organizację szkieletu protein, i służy do generalnego odzwierciedlenia szczegółów całej struktury atomowej.

TASK 8



Helisa alpha - wzrost wzdłuż osi x

Beta-loops - maleje wzdłuż osi x

Hot-spoty - większość pojawia się na początku osi x

TASK 9

Oznaczają prawdopodobieństwo wartości pH, Pe i pC, dla przewidzianej (H) helisy, (E) β nici i (C) coli.

TASK 10

Oznacza numer przewidzianych helis transmembranowych.

TASK 11

Exp number of AAs in TMHs: 159.47336 — oczekiwana liczba aminokwasów w helisach transmembranowych

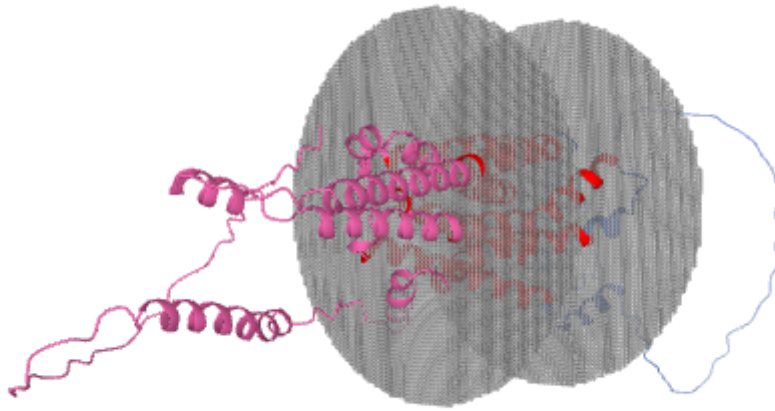
TASK 12

Największe prawdopodobieństwo transmembranowych helis jest w okolicach 75-100, 100-140, 150-170, 190-220, 240-250, 325-350 i 360-380. Najpierw wartość 1 posiada wewnątrzkomórkowa strona błony, a następnie zewnętrzna, po czym po transmembranowych helisach następuje ich zamiana.

TASK 13

Analiza z pierwszej strony wydaje się być bardziej dokładna, oraz przedstawiać więcej szczegółów. Druga strona dodatkowo przedstawia najbardziej prawdopodobną topologię dla typu alpha TM.

TASK 14



TASK 15

Membrane fold łączy dwa typy narzędzi przewidywania sekwencji protein:

- strukturę protein (AlphaFold, OmegaFold i transmembranową topologię protein)
- zestaw narzędzi Mol* w celu wizualizacji

TASK 16

PDB DOI: <https://doi.org/10.2210/pdb4UUM/pdb>

TASK 17



TASK 18

Pierwszy aminokwas tego białka to META, jest to Metionina.

TASK 19

Są to koordynaty (oś x, y i z) atomów, które są częścią proteiny. Są one podane w angstromach (Å).

TASK 20

Opcja *Fast* korzysta z metod przypisania: sekwencja-sekwencja i sekwencja-profil

TASK 21

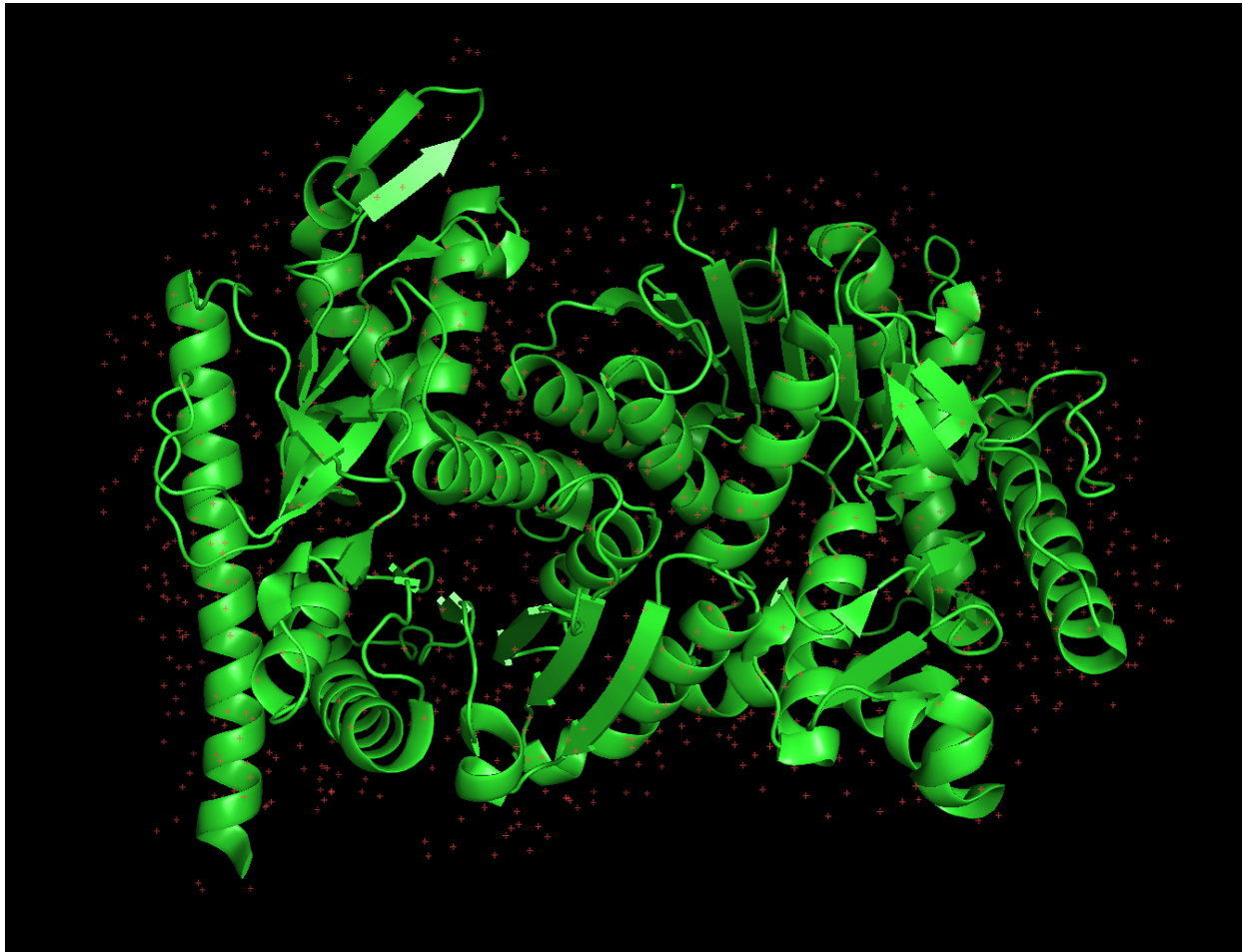
- No. of sequences submitted: 1
- No. of hits detected : 79
- No. of models calculated : 56
- Model selection criteria : MPQS TSVMOD LONGEST_DOPE DOPE
- No. of models selected : 1

TASK 22

Według dokumentacji strony modbase.compbio.ucsf.edu, dane można uznać za wiarygodne.

TASK 23

Struktura białka 4UUL, pobrana ze strony www.rcs.org, z odnośnika z [wygenerowanego modelu](#).



TASK 24

```
sekwencja_białkowa = input("Podaj sekwencję białkową: ")
char = "*"
output = ""
for i in sekwencja_białkowa:
    if i == "p":
        output += char + i
    else:
        output += i
print(output)
```