

TASK 2

3 + 15 = 18

Zostało pokolorowanych 18 atomów

show sticks byres all within 5 of HUP

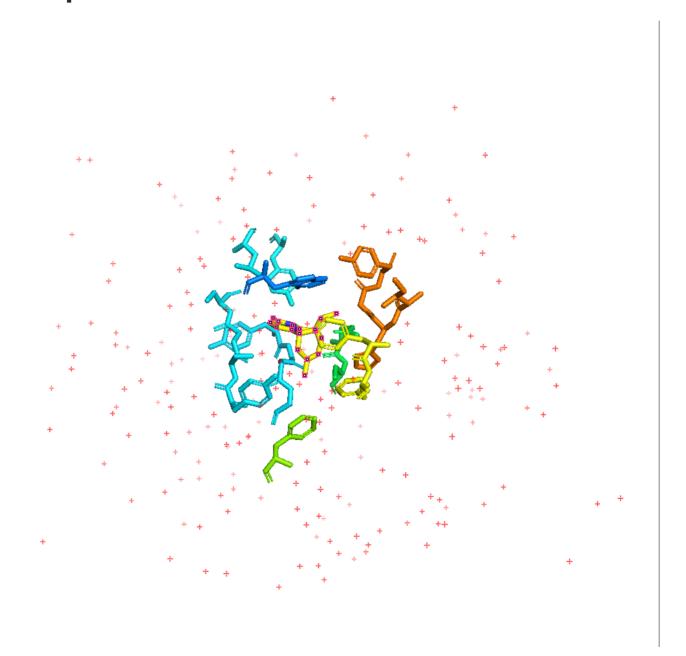
show - wyświetlanie obiektów w oknie

sticks - typ obiektu, z show wyświetla bonds jako sticks

byres - zaznacza wszystkie pozostałości w określonej odległości od obiektu

all within 5 of HUP - wyznaczenie odległość w jakiej ma zostać wykonane polecenie byres od HUP

TASK 4



4

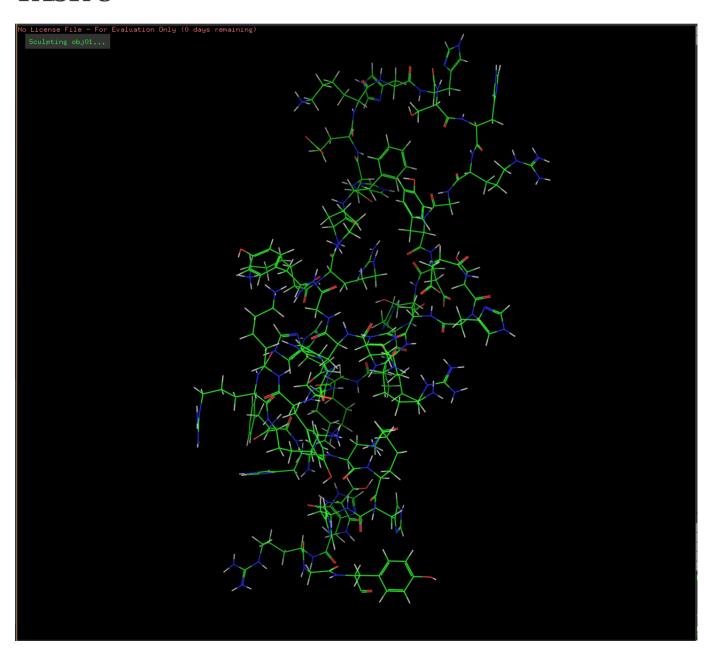
TASK 6

2

TASK 7

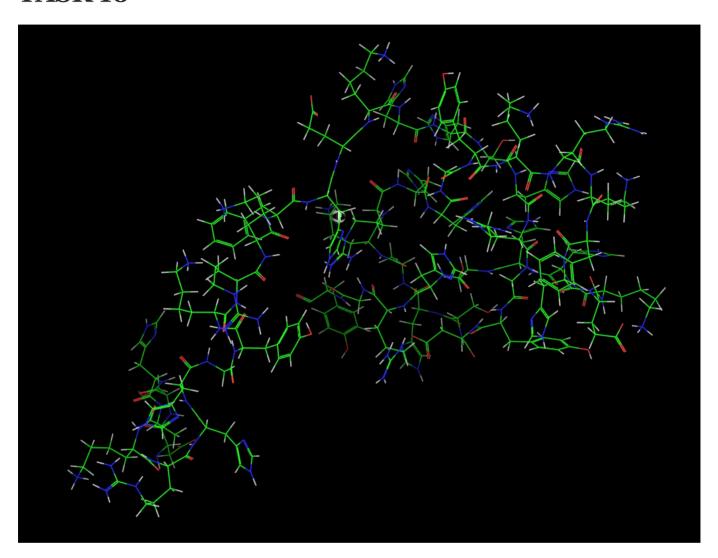
9.1

TASK 8



Nie, struktura wróciła do swojej rozciągniętej postaci

TASK 10



TASK 11

ATOM 1 N ASP 1 6.625 -22.771 21.920 1.00 0.00 N

ATOM 2 CA ASP 1 5.449 -22.818 21.048 1.00 0.00 C

ATOM 3 C ASP 1 4.297 -22.040 21.649 1.00 0.00 C

ATOM 4 O ASP 1 3.983 -22.252 22.846 1.00 0.00 O

ATOM 5 CB ASP 1 5.042 -24.293 20.761 1.00 0.00 C

ATOM 6 CG ASP 1 3.874 -24.505 19.778 1.00 0.00 C

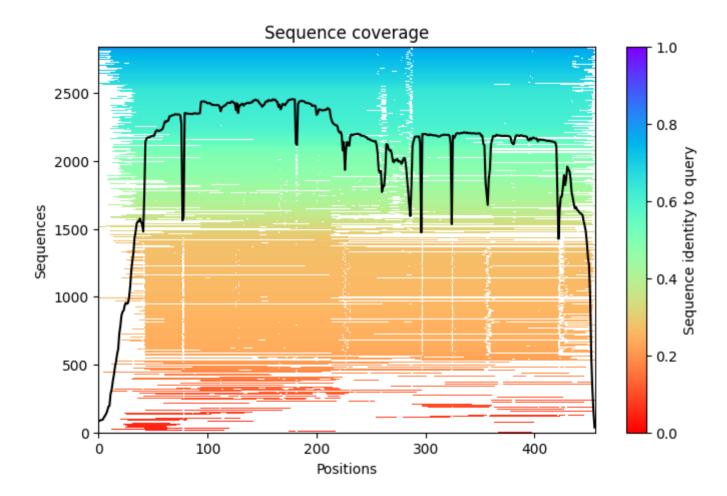
ATOM 7 OD1 ASP 1 3.787 -23.767 18.777 1.00 0.00 O

ATOM 8 OD2 ASP 1 3.049 -25.404 20.024 1.00 0.00 O1- ATOM 9 H ASP 1 7.555 -23.232 21.645 1.00 0.00 H

ATOM 10 HA ASP 1 5.724 -22.341 20.087 1.00 0.00 H

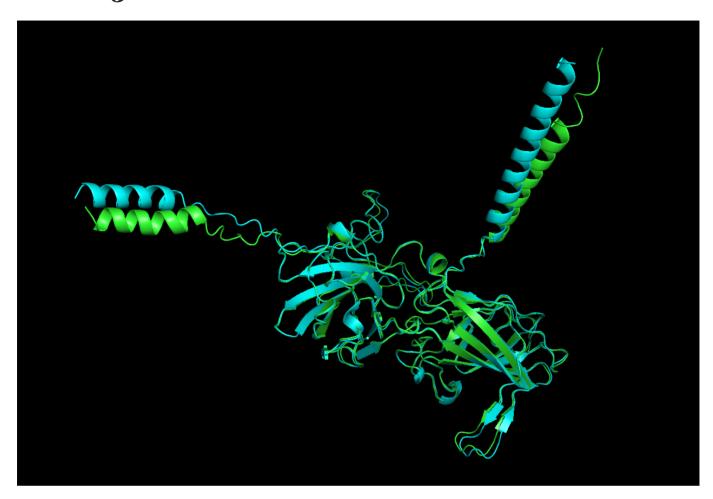
>sp|Q94KT8|COBRA_ARATH Protein COBRA OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=COB PE=2 SV=1
MESFFSRSTSIVSKLSFLALWIVFLISSSSFTSTEAYDALDPEGNITMKWDVMSWTPDGY
VAVVTMFNFQKYRHIQSPGWTLGWKWAKKEVIWSMVGAQTTEQGDCSKYKGNIPHCCKKD
PTVVDLLPGTPYNQQIANCCKGGVMNSWVQDPATAASSFQISVGAAGTTNKTVRVPRNFT
LMGPGPGYTCGPAKIVRPTKFVTTDTRRTTQAMMTWNITCTYSQFLAQRTPTCCVSLSSF
YNETIVGCPTCACGCQNNRTESGACLDPDTPHLASVVSPPTKKGTVLPPLVQCTRHMCPI
RVHWHVKQNYKEYWRVKITITNFNYRLNYTQWNLVAQHPNLDNITQIFSFNYKSLTPYAG
LNDTAMLWGVKFYNDFLSEAGPLGNVQSEILFRKDQSTFTFEKGWAFPRRIYFNGDNCVM
PPPDSYPFLPNGGSRSQFSFVAAVLLPLLVFFFFSA

TASK 13



TASK 14

Wykres sequence coverage wygenerowany przez ColabFold przedstawia pokrycie sekwencji białka przez sekwencje w bazie danych - z modelu AlphaFold2, który przeprowadził predykcję struktury białka.



TASK 16

Plik dołączony do zadania aligned_proteins.pdb.

TASK 17

Plik dołączony do zadania strange_protein.pdb.

TASK 18-27

Plik dołączony do zadania additional_task.pdb .