

1. Название ПО и ссылка на выбранную структуру белка:

Программа: VMD <https://www.ks.uiuc.edu/Research/vmd/>

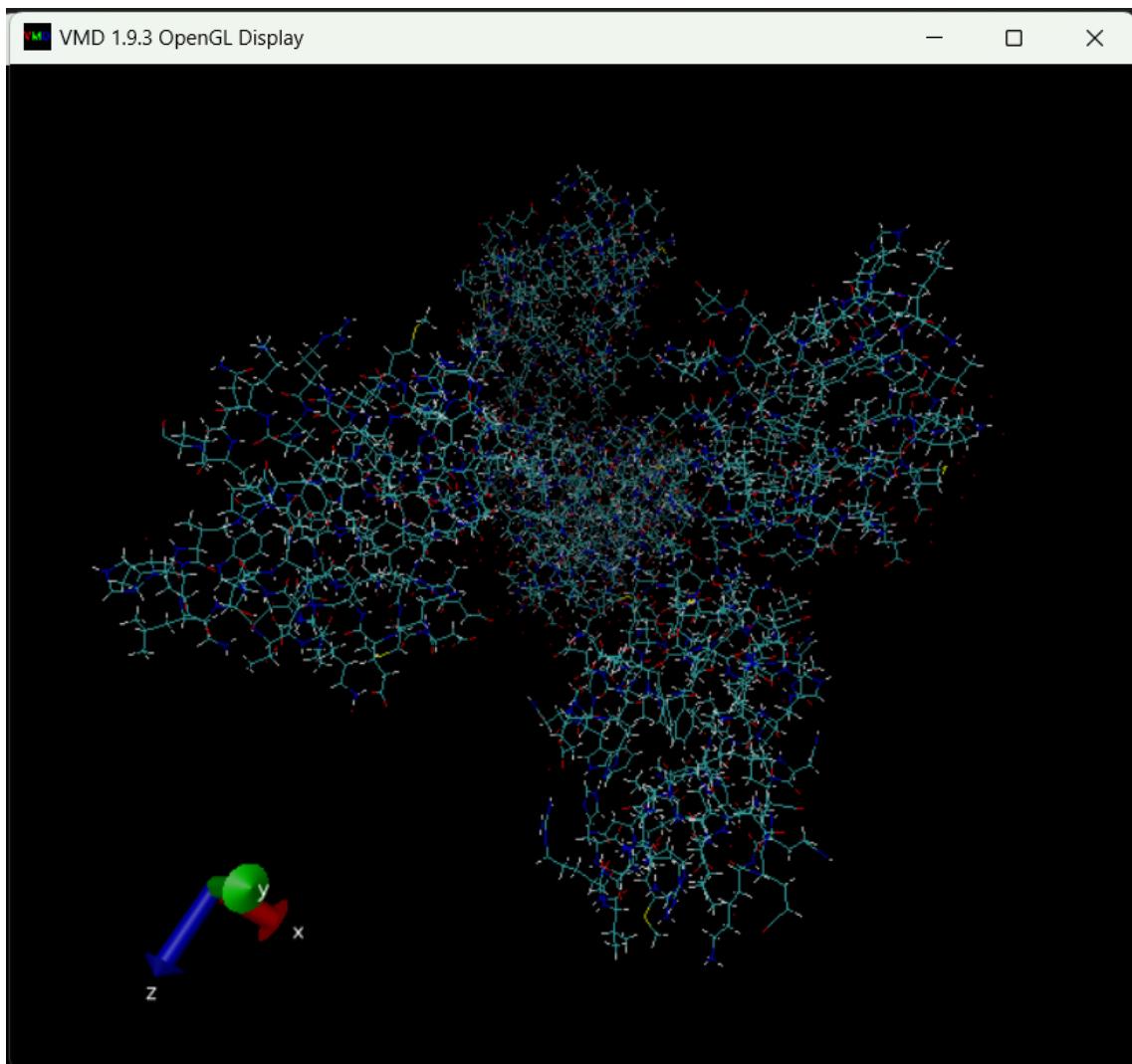
Структура белка: <https://www.rcsb.org/structure/8B10>

2. Полученные изображения белка с различными визуализациями в графическом формате png. предоставлены ниже и отдельными файлами в репозитории.

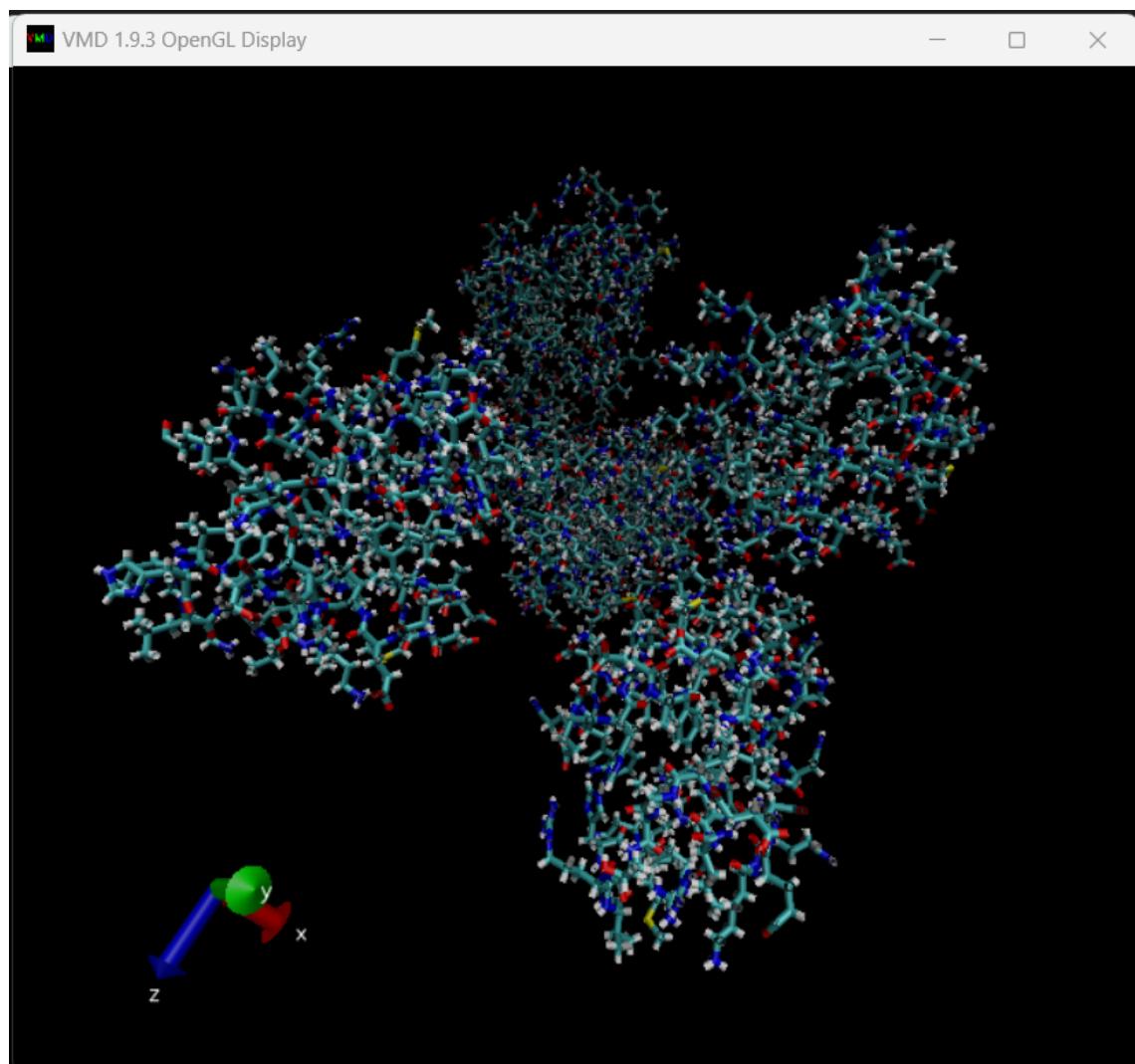
3. Визуализировать структуру в виде:

a. **Wireframe**. На этот тип визуализации из представленных в программе больше всего похожи Lines, Bonds либо Licorice:

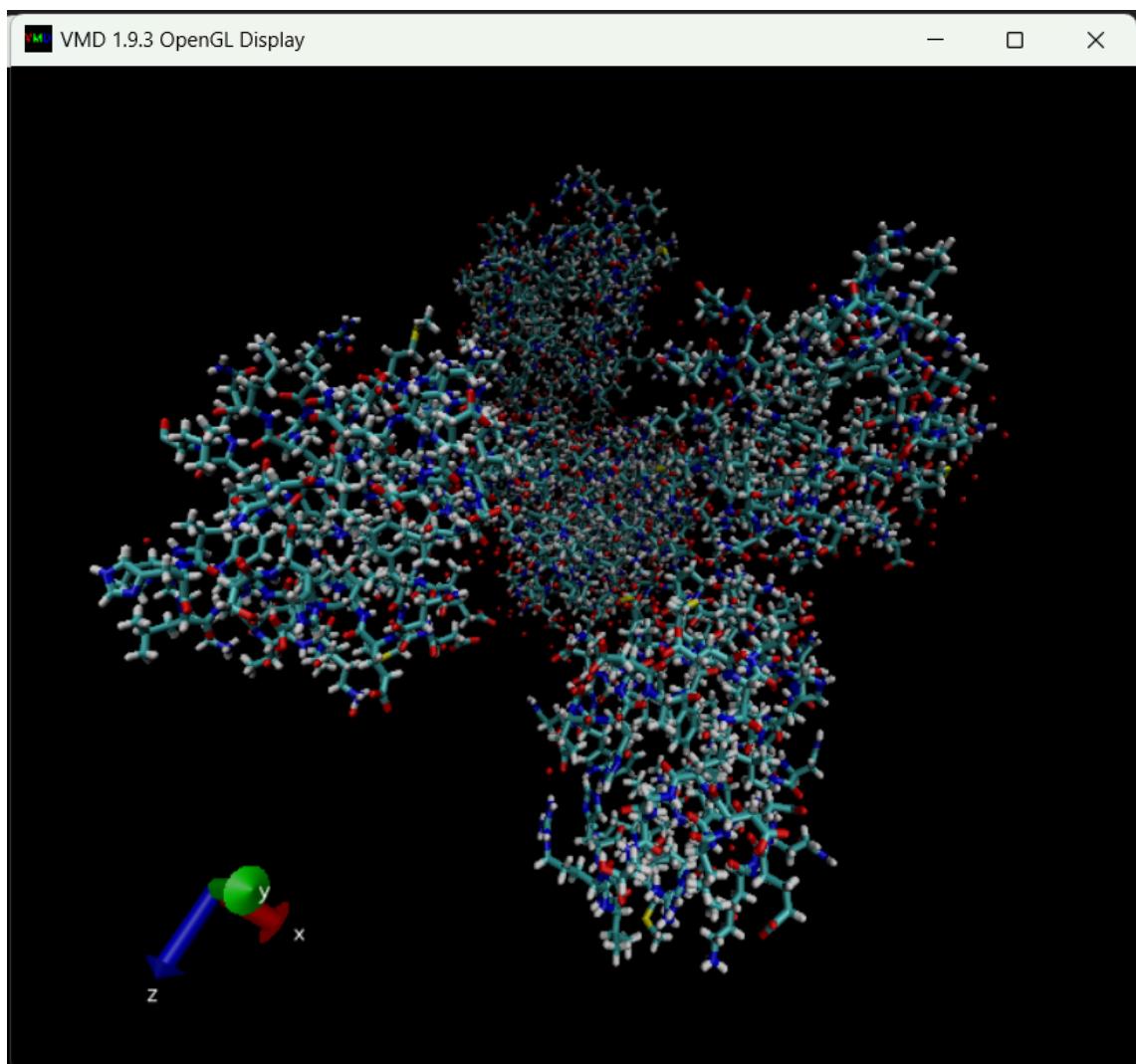
Lines:



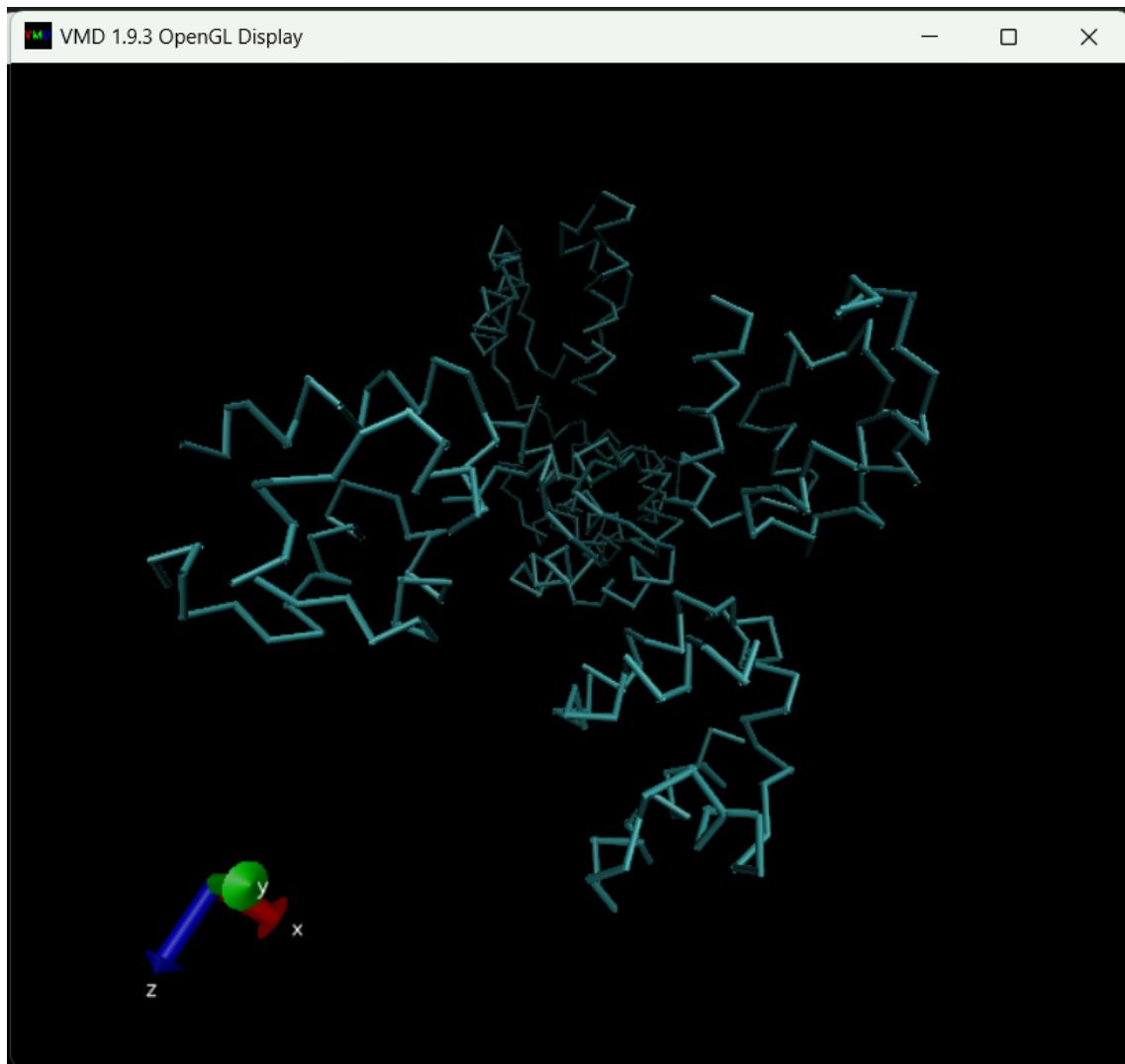
Bonds:



Licorice:

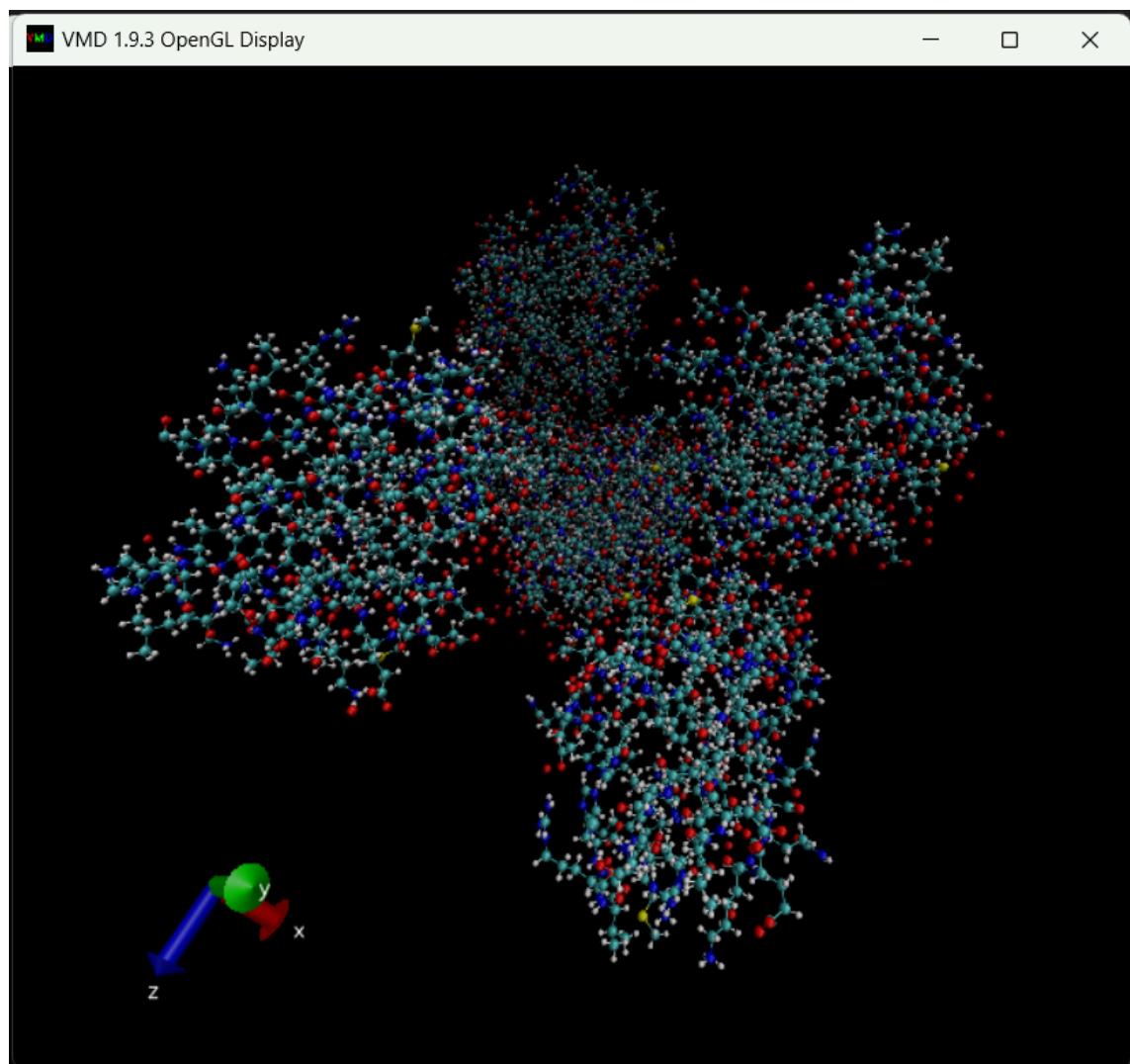


b. **Backbone**. В программе называется Trace:

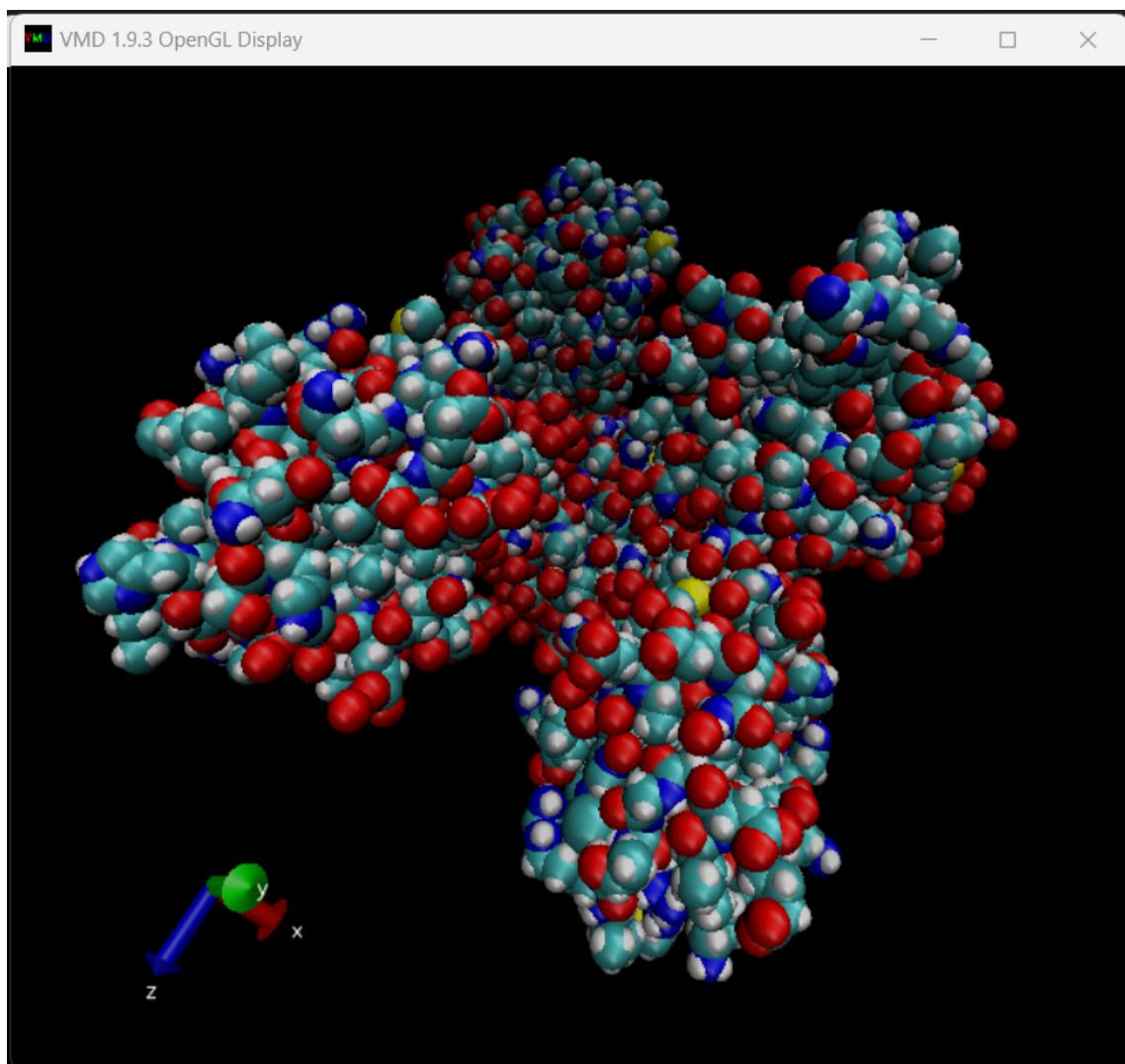


c. **Spacefill**. В программе есть тип визуализации под названием CPK, но на Spacefill куда больше похож тип VDW:

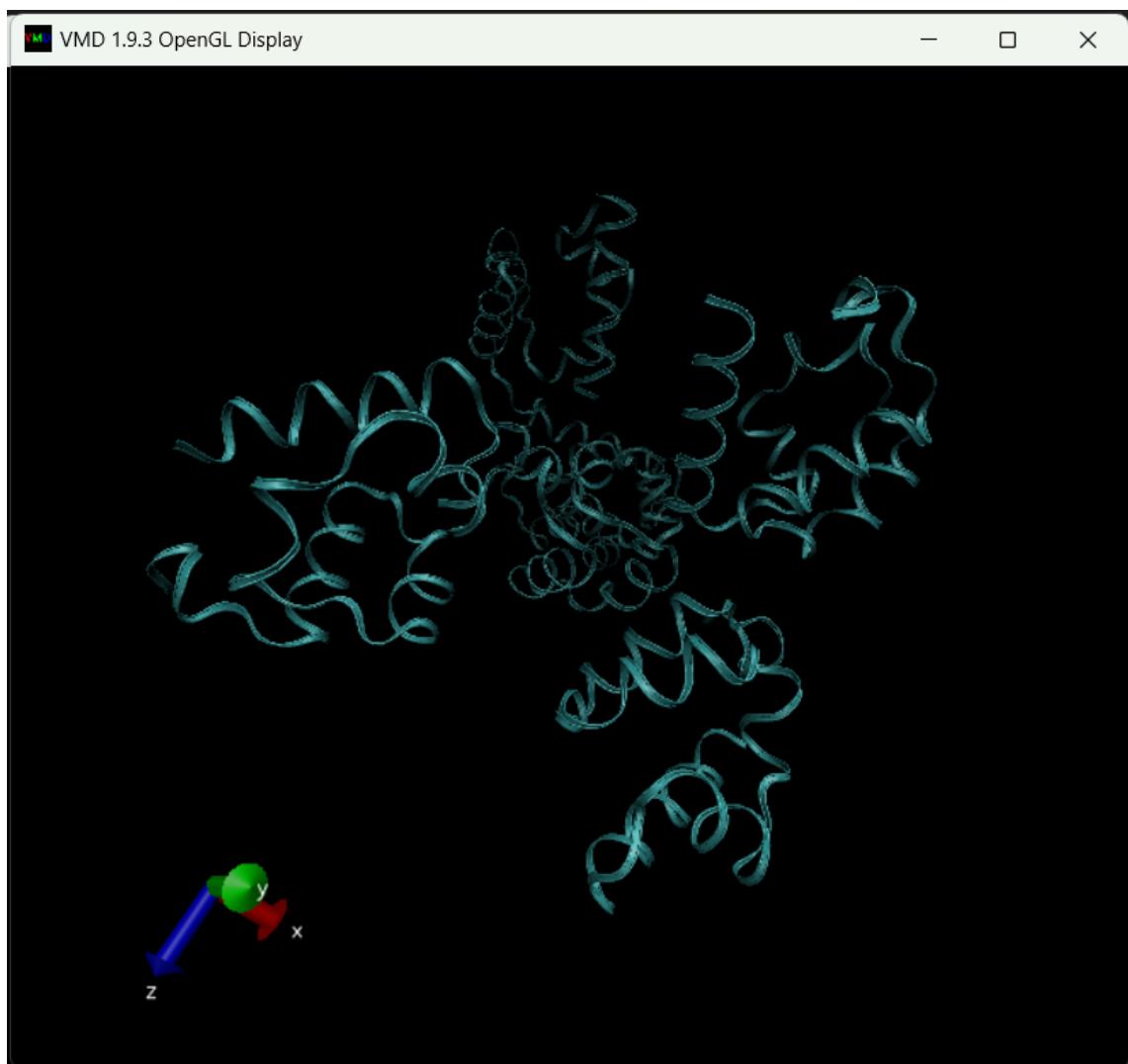
CPK:



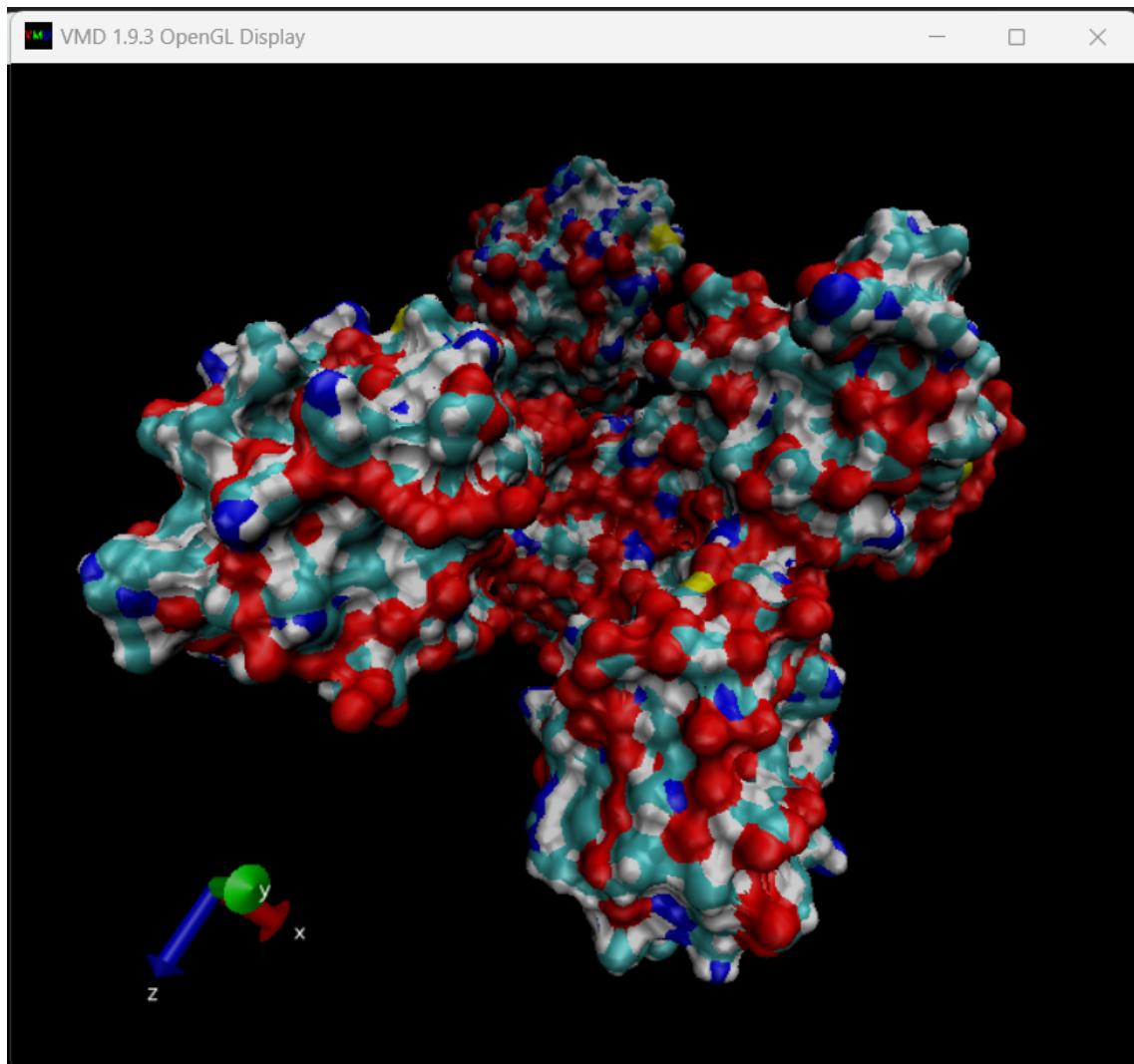
VDW:



d. **Ribbons.** Представлен в программе:



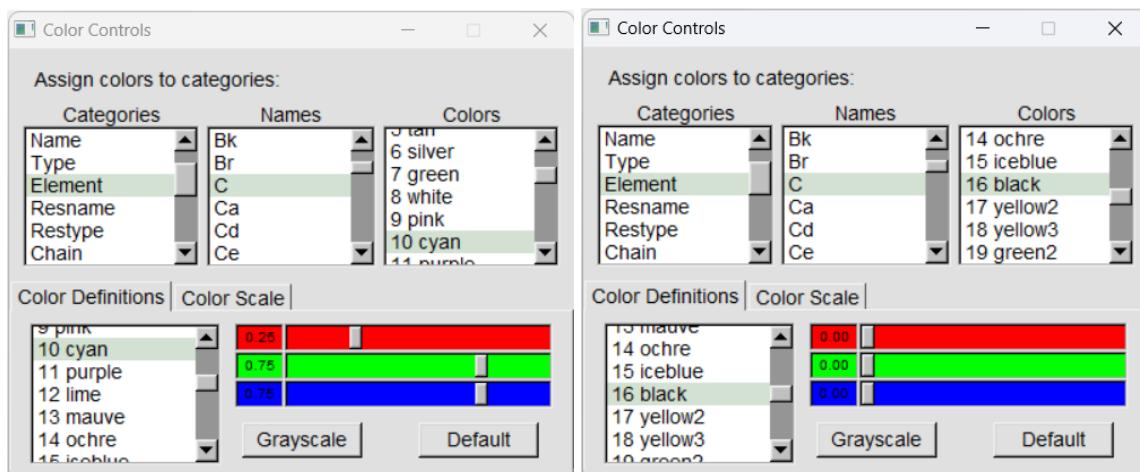
e. **Molecular surface**. Представлен в программе под  
названием Surf:



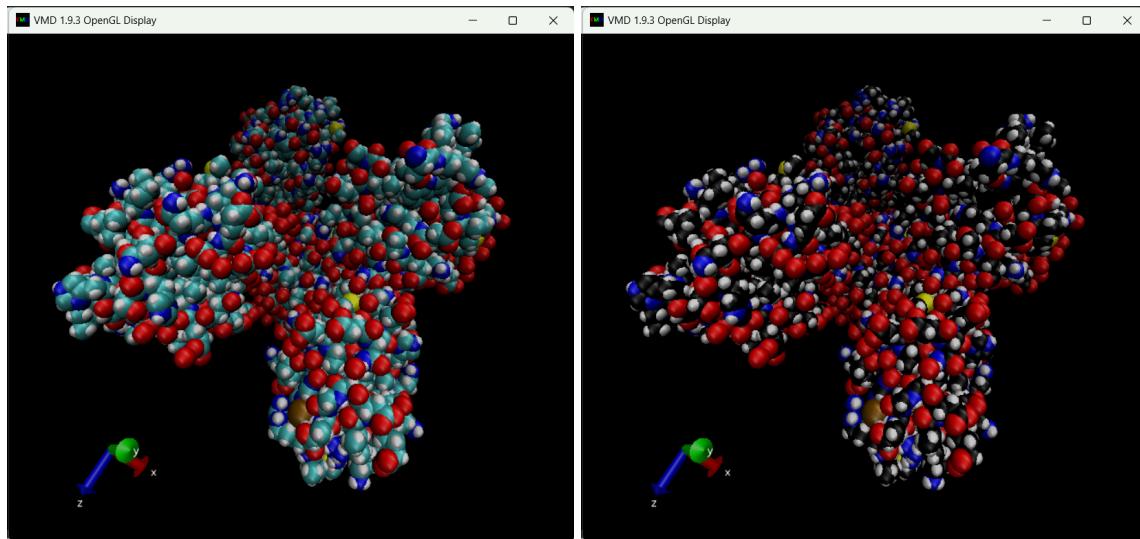
**Выполнить раскраску структуры:**

**a. Цветовой моделью СРК:**

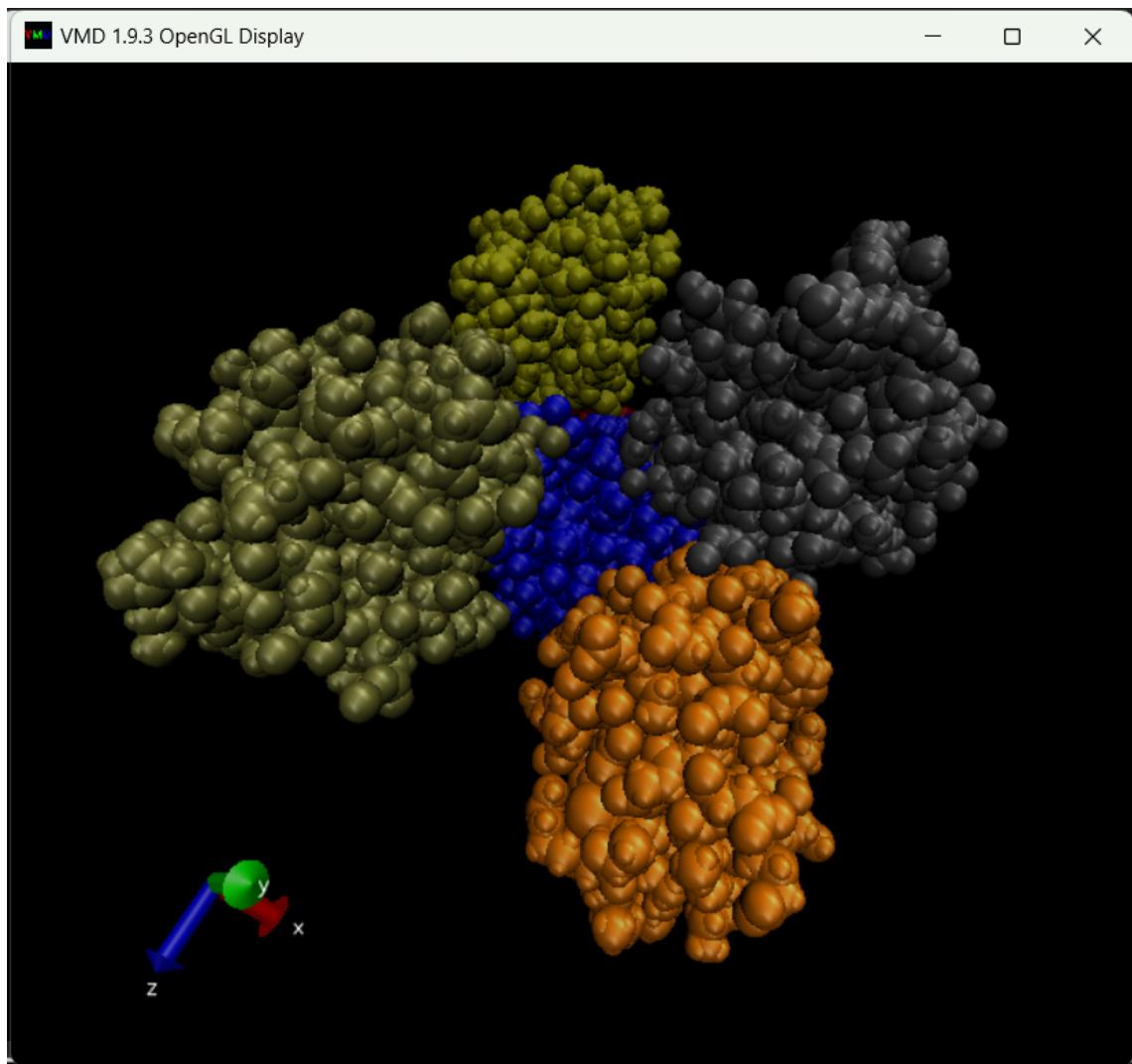
В программе не обнаружено специальной функции раскраски по стандарту СРК. Чтобы применить такую раскраску, необходимо настроить цвет каждого элемента по-отдельности. Например, по стандарту углерод должен быть черным, но в программе по дефолту выставлен голубой:



Вот так поменялась модель после этого изменения:

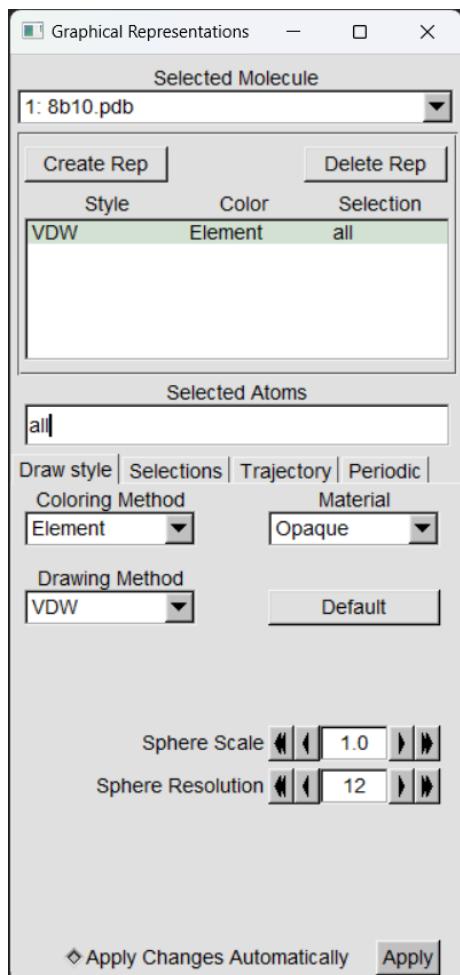


**b. Различными цветами по доменам (частям) белка:**  
Раскраски по доменам обнаружено не было, ниже представлена  
раскраска по цепочкам:



**4. Описание способа получения визуализации в выбранном ПО в виде краткого текста и изображений:**

После загрузки файла в программу нужно перейти в Graphical Representations, где можно настроить различные виды визуализации, раскраски и материала:



5. Изображения белка публикационного качества:

