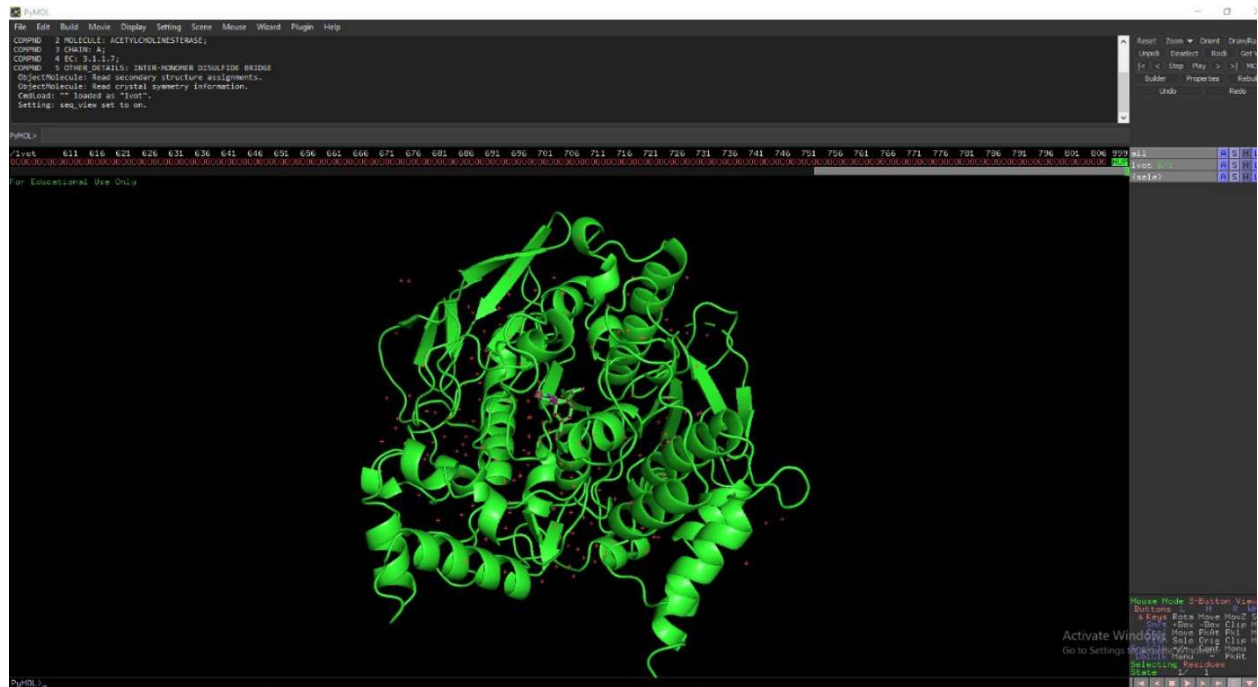


Task1



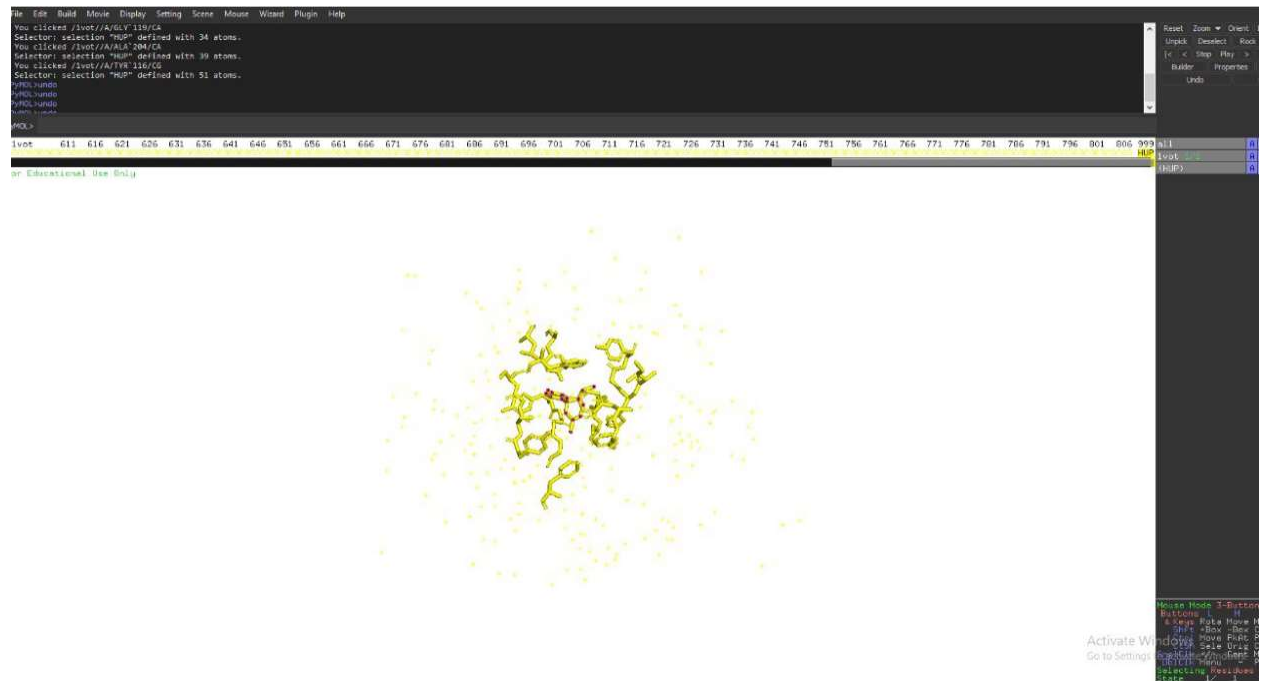
Task2

$3+15 = 18$ atomów

Task3

Polecenie "show sticks" w PyMOL-u wyświetla atomy w formie kijów. Zastosowane jest tylko do atomów spełniających określone warunki. Słowo kluczowe "byres" w PyMOL-u oznacza "po reszcie". Powoduje to, że polecenie działa na całe reszty atomów, a nie pojedyncze atomy. Specyfikator "all" informuje PyMOL-a, że ma uwzględnić wszystkie obiekty w scenie. Oznacza to, że polecenie będzie działać na wszystkie obiekty, bez względu na ich typ. Warunek "within 5 of HUP" określa, że uwidocznione zostaną tylko atomy znajdujące się w odległości do 5 Ångströmów od HUP. HUP jest prawdopodobnie nazwą centrum aktywnego enzymu, które wcześniej zostało zdefiniowane w strukturze białka.

Task4



Task5

4

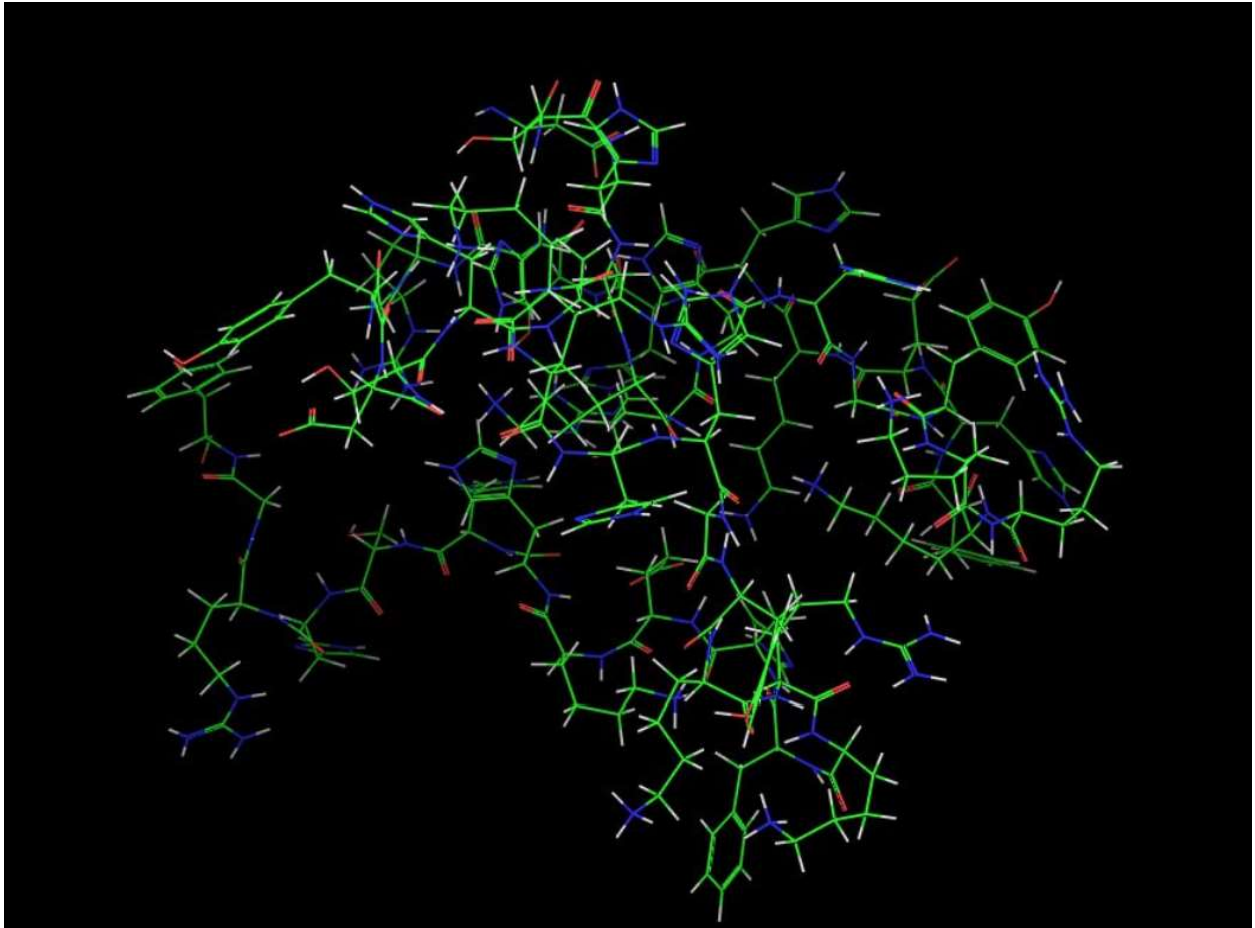
Task6

2

Task7

9.1

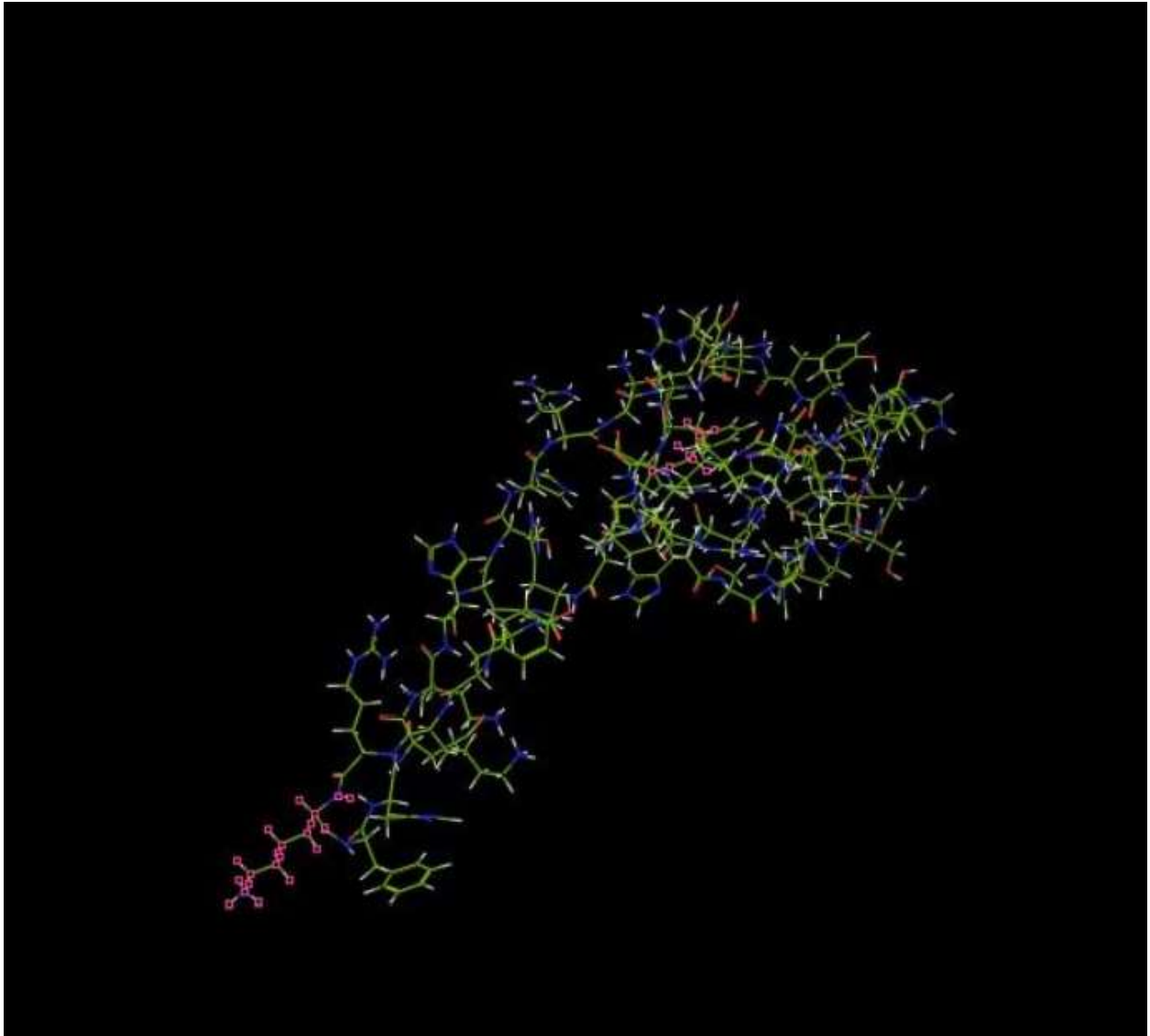
Task8



Task9

Wewnątrz białka zachodzi minimalne sfałdowanie, ale głównie jest to niesfałdowana struktura.
Odpowiedź brzmi "nie".

Task10



Task11

txt

```
ATOM 1 N ASP 1 357.996 216.916 -8.957 1.00 0.00 N
ATOM 2 CA ASP 1 357.556 218.313 -9.104 1.00 0.00 C
ATOM 3 C ASP 1 358.535 219.218 -8.306 1.00 0.00 C
ATOM 4 O ASP 1 358.210 219.763 -7.254 1.00 0.00 O
ATOM 5 CB ASP 1 356.113 218.447 -8.574 1.00 0.00 C
ATOM 6 CG ASP 1 355.824 219.837 -8.733 1.00 0.00 C
```

ATOM 7 OD1 ASP 1 355.458 220.282 -9.892 1.00 0.00 O

ATOM 8 OD2 ASP 1 355.548 221.150 -8.762 1.00 0.00 O1-

ATOM 9 H ASP 1 357.361 216.272 -9.432 1.00 0.00 H

ATOM 10 HA ASP 1 357.622 218.573 -10.164 1.00 0.00 H

Task12

sp|Q94KT8|COBRA_ARATH Protein COBRA OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=COB PE=2

SV=1

MESFFSRSTSIVSKLSFLALWIVFLISSSSFTSTEAYDALDPEGNITMKWDVMSWTPDGY

VAVVTMFNFQKYRHIQSPGWTLGWKWAKKEVIWSMVGAQTTEQGDCSKYKGNIPHCKKD

PTVVDLLPGTPYNQQIANCCKGGVMNSWVQDPATAASSFQISVGAAGTTNKTVRVPRNFT

LMGPGPGYTCGPAKIVRPTKFVTTDTRRTTQAMMTWNITCTYSQFLAQRTPPTCCVSLSSF

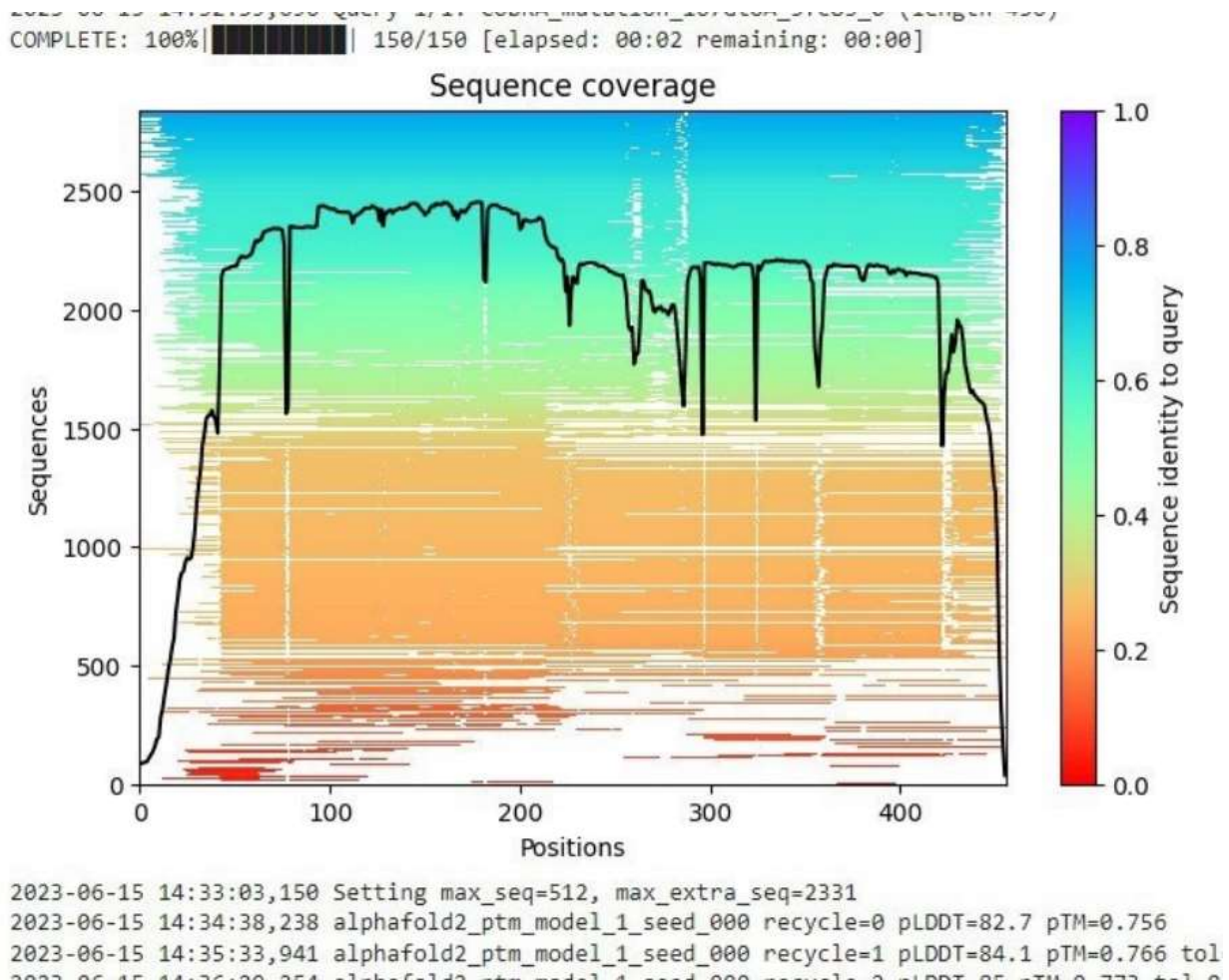
YNETIVGCPTCACGCQNNRTESGACLDPDTPHLASVVSPTKKGTVLPPLVQCTRHMCPI

RVHWHVKQNYKEYWRVKITITNFNYRLNYTQWNLVAQHPNLDNITQIFSFNYKSLTPYAG

LNDTAMLWGKVFYNDFLSEAGPLGNVQSEILFRKDQSTFTFEKGWAFPRRIYFNGDNCVM

PPPDSYPFLPNGGSRSQFSFVAAVLLPLLVEFFFS

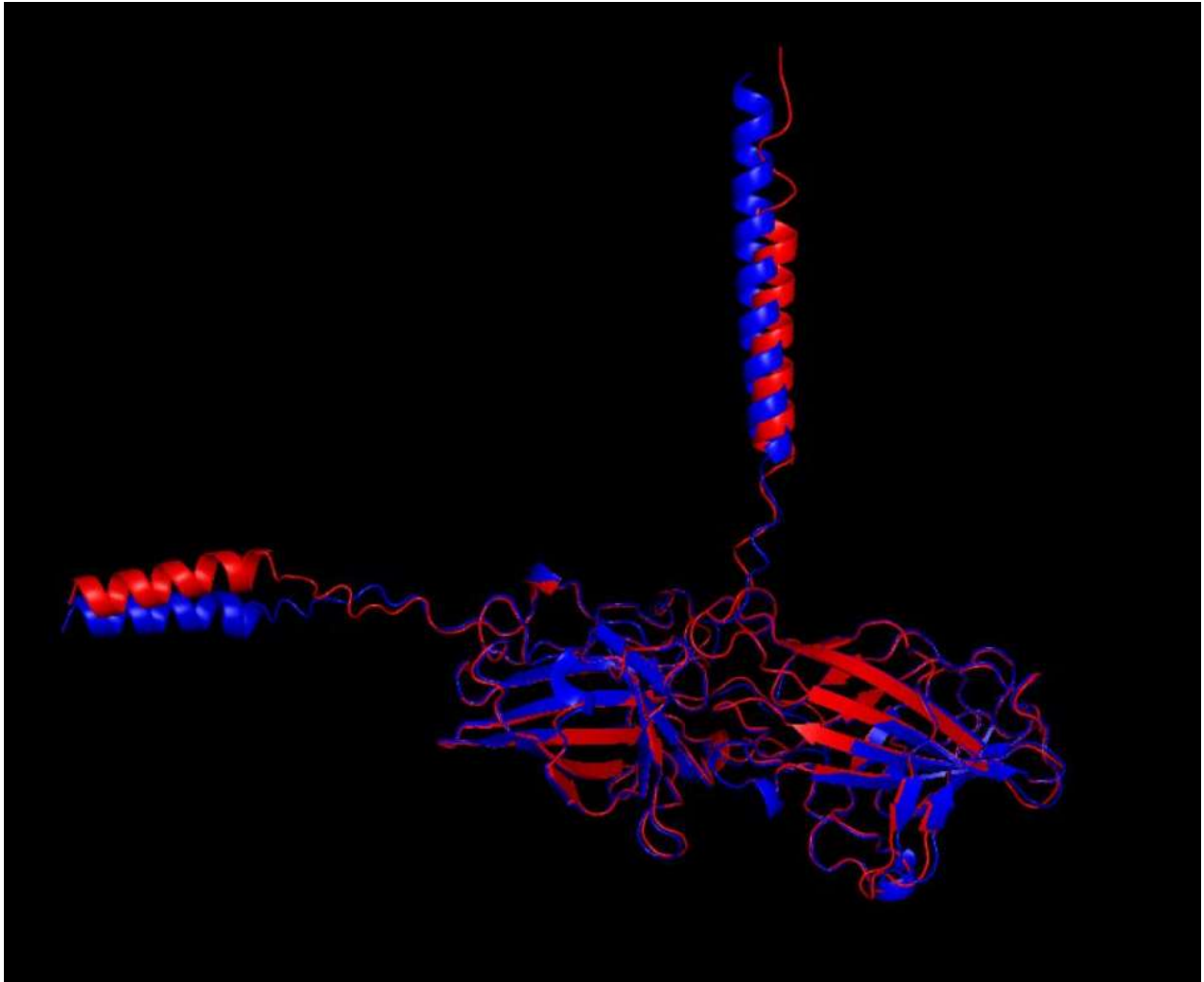
Task13



Task14

Na wykresie przedstawiony jest procent sekwencji zapytania, który jest pokryty przez wyrównanie. Kolor każdej pozycji na wykresie reprezentuje stopień podobieństwa sekwencji do zapytania. Im ciemniejszy kolor, tym większa tożsamość sekwencji w stosunku do zapytania.

Task15



Task16

dołączyłem plik aligned_proteins.pdb

Task17

dołączyłem plik strange_protein.pdp

Task18

dołączyłem plik additional_task.pdp

