2.1 Для пяти структур вирусных белков заполните табличку.

PDB code

Название белка и идентификатор его последовательности в Uniprot

Метод решения фазовой пролемы

Разрешение структуры (ангстремы) (от 1 ангстрема до 3.5) [полнота рефлексов]

R-фактор и R\_free

Карта Рамачандрана – число остатков вне предпочтительной области

Ротамеры боковых цепей – число остатков в нетипичных конформациях

Нужная информация содержится на странице структуры в банке PDB

Для выбора структур Используйте advanced search по методу (Xray), разрешению и организму (вирусы какого то семейства) на сайте PDB

2.2 Для одной из структур установите соответствие номерами остатков в Uniprot и PDB

Самый простой метод – использовать редактор последовательностей Jalview