2.1 Для пяти структур вирусных белков заполните табличку.

PDB code

Название белка и идентификатор его последовательности в Uniprot

Метод решения фазовой проблемы

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.
Для этого надо

* открыть выравнивание в Jalview (хотя бы и из одной последовательности)
* выделить последовательность
* при курсоре на имени последовательности открыть меню по правой кнопке мыши
* выбрать 3D structure data
	+ если у белка с данной последовательностью есть 3D структуры, то Jalview предложит их список; надо выбрать одну.
	+ если нет (или Jalview не сумел догадаться), то в окне надо выбрать PDB Код.
* В открывшемся окне Jmol в меню File => View Mapping показано соответствие между последовательностью и последовательностью в структуре. Выделения в последовательности отображаются в структуре и наоборот.