

ЛАБОРАТОРНА РОБОТА № 7
ТЕМА: Методи передбачення структури та функцій білків

Мета: ознайомитися із методами структурного вирівнювання протеїнів. Навчитися використовувати бази даних та різноманітні програми для моделювання вторинної та третинної структур білків та передбачення їхніх функцій.

Питання для обговорення:

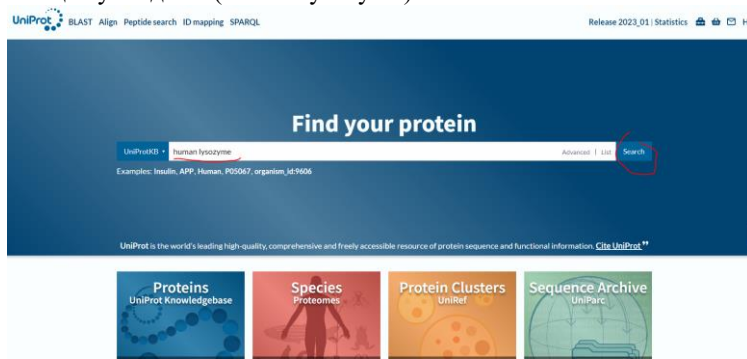
1. Передбачення вторинної структури білка
2. Моделювання просторової структури білка
3. Передбачення функцій білків

Завдання 1

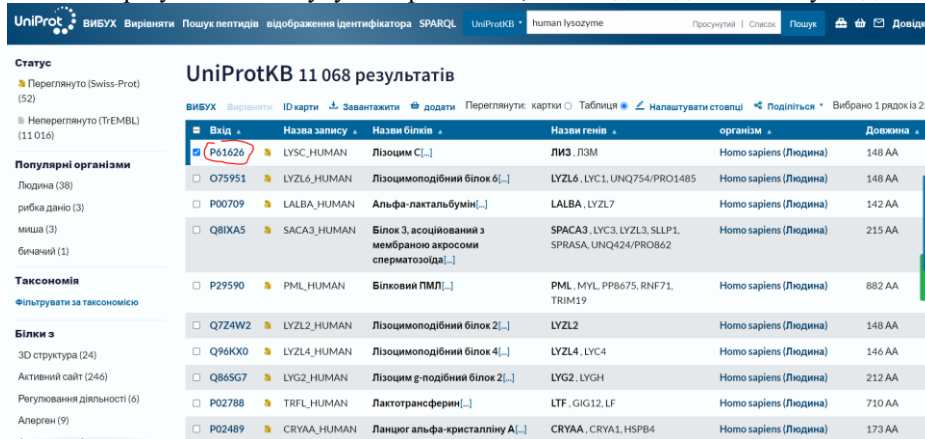
Використовуючи Інтернет-ресурси дослідіть параметри вторинної структури для лізоциму людини. Побудуйте профіль гідрофобності для даного білка, передбачте найменшу кількість згинів (показник -2) та порівняйте її з даними інших сайтів.

Хід виконання:

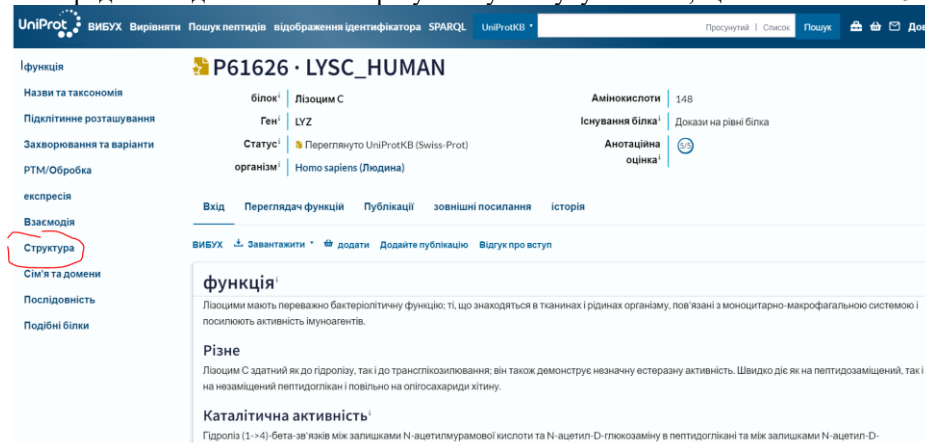
Здійснюємо вхід на веб-ресурс UniProt (<http://www.uniprot.org>). Вводимо запит у пошуковому полі UniProt для лізоциму людини (human lysozyme) і натискаємо «Search».



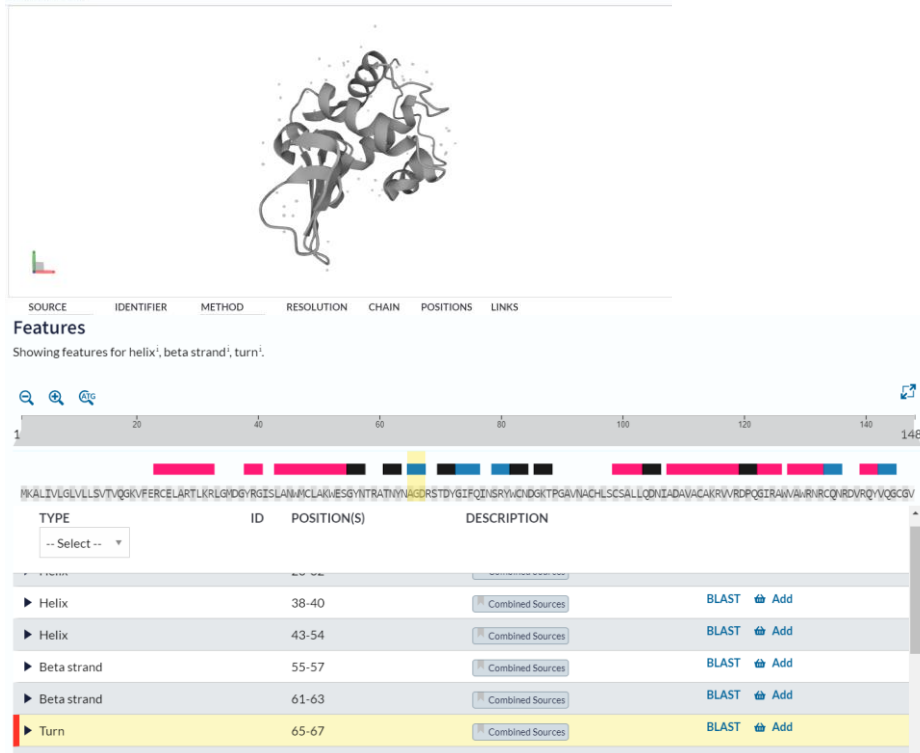
З результатів пошуку вибираємо той, який відповідає лізоциму людини (наприклад, з ID [P61626](#)).



Переходимо на сторінку результату та знаходимо інформацію про вторинну структуру білка, яка зображена у вигляді різнокольорової стрічки. Червоним кольором позначені α -спіралі, чорним – β -листи, синім – згини, сірим – невпорядковані ділянки. Аналіз результату пошуку показав, що білок містить 5 згинів.



Structure¹



Для побудови профілю гідрофобності здійснюємо вхід на веб-ресурс ExPASy (<https://www.expasy.org>). У меню головного пошукового екрана зліва вибираємо опцію «Proteins & Proteomes»

ExPASy
Swiss Bioinformatics Resource Portal

Search bar: e.g. BLAST, UniProt, MSH6, Albumin...

SIB Resources

- SwissLipids: Knowledge resource for lipids
- UniProtKB/Swiss-Prot: Protein knowledgebase
- Rhea: Expert-curated database of biochemical reactions.
- STRING: Protein-protein interaction networks and enrichment analysis
- Glyco@Expasy: Zooming in on web-based glycoinformatics resources.
- SWISS-MODEL: Protein structure homology-modelling

Із запропонованого меню вибираємо ресурс «ProtScale».

- UniProt ClustalO: Align two or more protein sequences
- MELANIE: 2-D PAGE analysis
- UniProt SPARQL endpoint: Query UniProt + related data in a powerful SQL-like language
- MetaNetX: Metabolic network repository & analysis
- SwissParam: Topology and parameters for small molecules
- Myristoylator: N-terminal myristoylation of proteins by neural networks.
- Rhea SPARQL endpoint: SPARQL access to the Rhea DB
- RandSeq: Random protein sequence generator
- SWISS-MODEL Repository: Protein structure homology models
- Compute pI/MW: Isoelectric point and molecular weight from protein sequence
- FindPept: Unspecific protein cleavage from experimental masses
- ProtScale**: Profile produced by amino acids scales on protein sequences

У поле ресурсу вставляємо заздалегідь скопійовану амінокислотну послідовність для лізоциму людини у форматі FASTA

UniProt BLAST Align Peptide search ID mapping SPARQL UniProtKB

P61626 · LYSC_HUMAN

Function
 Names & Taxonomy: Protein¹ Lysozyme C, Amino acids 148
 Subcellular Location: Gene¹ LYZ, Protein existence¹ Evidence at protein level
 Disease & Variants: Status¹ UniProtKB reviewed (Swiss-Prot), Annotation score¹
 PTM/Processing: Organism¹ Homo sapiens (Human)

Interaction
 Entry Feature viewer Publications External links History

Structure
 BLAST **Download** Add Add a publication Entry feedback

Function¹
 Lysozymes have primarily a bacteriolytic function; those in tissues and body fluids are associated with the monocyte-macrophage system and enhance the activity of immunogens.

Miscellaneous
 Lysozyme C is capable of both hydrolysis and transglycosylation; it shows also a slight esterase activity. It acts rapidly on both peptide-substituted and unsubstituted peptidoglycan, and slowly on chitin oligosaccharides.

Catalytic activity¹

>sp|P61626|LYSC_HUMAN Lysozyme C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LYZ PE=1 SV=1
 MKALIVLGLVLLSVTVQGVFERCELARTLKRLGMDGYRGLSLANWMCLAKWESGYNTRATNYNAGDRSTDYGFQIN
 SRYWCNDGKTPGAVNACHLSCSALLQDNIADAVACAQRVVRDPQGIRAWVAWRNRCQRDVRQYVQCGGV
 та натискаємо «Submit».

Expasy ProtScale Home Contact

ProtScale
 ProtScale [Reference / Documentation] allows you to compute and represent the profile produced by any amino acid scale on a selected protein.

An amino acid scale is defined by a numerical value assigned to each type of amino acid. The most frequently used scales are the hydrophobicity or hydrophilicity scales and the secondary structure conformational parameters scales, but many other scales exist which are based on different chemical and physical properties of the amino acids. This program provides 57 predefined scales entered from the literature.

Enter a UniProtKB/Swiss-Prot or UniProtKB/TrEMBL accession number (AC) (e.g. P05130) or a sequence identifier (ID) (e.g. KPCL_DROME):

Or you can paste your own sequence in the box below:

```

>sp|P61626|LYSC_HUMAN Lysozyme C OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=LYZ PE=1 SV=1
MKALIVLGLVLLSVTVQGVFERCELARTLKRLGMDGYRGLSLANWMCLAK
WESGYNTRATNYNAGDRSTDYGFQIN SRYWCNDGKTPGAVNACHLSCSALLQ
DNIADAVACAQRVVRDPQGIRAWVAWRNRCQRDVRQYVQCGGV
    
```

Please choose an amino acid scale from the following list. To display information about a scale (author, reference, amino acid scale values) you can click on its name.

- Molecular weight
- Bulkiness
- Polarity / Grantham
- Recognition factors
- Hphob. OPH / Sweet et al.
- Hydropath. / Kyte & Doolittle
- Hphob. / Bertram & Luo
- Hphob. / Bull & Breeze
- Hphob. / Guy
- Hphob. / Miyazawa et al.
- Hphob. / Roseman
- Hphob. / Wolfenden et al.
- Hphob. HPLC / Wilson & al
- Hphob. HPLC pH3.4 / Cowan
- Number of codon(s)
- Polarity / Zimmerman
- Refractivity
- Hphob. / Eisenberg et al.
- Hphob. / Hopp & Woods
- Hphob. / Manevalan et al.
- Hphob. / Black
- Hphob. / Fauchere et al.
- Hphob. / Janin
- Hphob. / Rao & Argos
- Hphob. / Tanford
- Hphob. / Helling & al
- Hphob. HPLC / Parker & al
- Hphob. HPLC pH7.5 / Cowan

Expasy ProtScale Home Contact

ProtScale
 ProtScale [Reference / Documentation] allows you to compute and represent the profile produced by any amino acid scale on a selected protein.

An amino acid scale is defined by a numerical value assigned to each type of amino acid. The most frequently used scales are the hydrophobicity or hydrophilicity scales and the secondary structure conformational parameters scales, but many other scales exist which are based on different chemical and physical properties of the amino acids. This program provides 57 predefined scales entered from the literature.

Enter a UniProtKB/Swiss-Prot or UniProtKB/TrEMBL accession number (AC) (e.g. P05130) or a sequence identifier (ID) (e.g. KPCL_DROME):

Or you can paste your own sequence in the box below:

```

>sp|P61626|LYSC_HUMAN Lysozyme C OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=LYZ PE=1 SV=1
MKALIVLGLVLLSVTVQGVFERCELARTLKRLGMDGYRGLSLANWMCLAK
WESGYNTRATNYNAGDRSTDYGFQIN SRYWCNDGKTPGAVNACHLSCSALLQ
DNIADAVACAQRVVRDPQGIRAWVAWRNRCQRDVRQYVQCGGV
    
```

Please choose an amino acid scale from the following list. To display information about a scale (author, reference, amino acid scale values) you can click on its name.

- Molecular weight
- Bulkiness
- Polarity / Grantham
- Recognition factors
- Hphob. OPH / Sweet et al.
- Hydropath. / Kyte & Doolittle
- Hphob. / Bertram & Luo
- Hphob. / Bull & Breeze
- Hphob. / Guy
- Hphob. / Miyazawa et al.
- Hphob. / Roseman
- Hphob. / Wolfenden et al.
- Hphob. HPLC / Wilson & al
- Hphob. HPLC pH3.4 / Cowan
- Number of codon(s)
- Polarity / Zimmerman
- Refractivity
- Hphob. / Eisenberg et al.
- Hphob. / Hopp & Woods
- Hphob. / Manevalan et al.
- Hphob. / Black
- Hphob. / Fauchere et al.
- Hphob. / Janin
- Hphob. / Rao & Argos
- Hphob. / Tanford
- Hphob. / Helling & al
- Hphob. HPLC / Parker & al
- Hphob. HPLC pH7.5 / Cowan

Отримуємо профіль гідрофобності, з якого видно, що кількість згинів (значення -2) дорівнює 3 (за результатами бази даних UniProt згинів 5).

ProtScale

User-provided sequence:

```
10      20      30      40      50      60
MKALIVLGLV LLSVTVQGVK FERCELARTL KRLGMDGYRG ISLANWMCLA KWESGYNTRA

70      80      90      100     110     120
TNYNAGRST  DYGIFQINSR YNCNDGKTPG AVNACHLSCS ALLQDNIADA VACAKRVVRD

130     140
PQGIRAWVAI RNRCQNRDVR QYVQGCYV
```

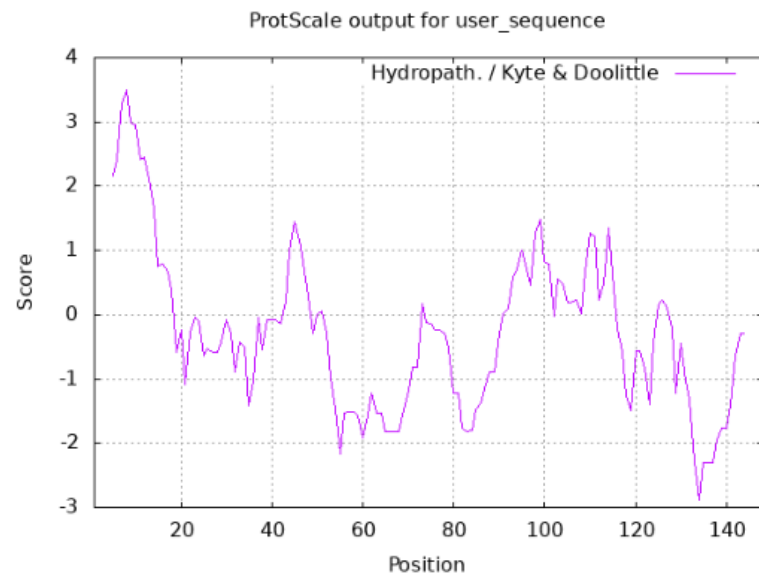
SEQUENCE LENGTH: 148

Using the scale **Hydropath. / Kyte & Doolittle**, the individual values for the 20 amino acids are:

```
Ala:  1.800  Arg: -4.500  Asn: -3.500  Asp: -3.500  Cys:  2.500  Gln: -3.500
Glu: -3.500  Gly: -0.400  His: -3.200  Ile:  4.500  Leu:  3.800  Lys: -3.900
Met:  1.900  Phe:  2.800  Pro: -1.600  Ser: -0.800  Thr: -0.700  Trp: -0.900
Tyr: -1.300  Val:  4.200  : -3.500  : -3.500  : -0.490
```

Weights for window positions 1,...,9, using **linear weight variation model**:

```
 1   2   3   4   5   6   7   8   9
1.00 1.00 1.00 1.00 1.00 1.00 1.00 1.00 1.00
edge  center  edge
```



The results of your ProtScale query are available in the following formats:

- [Image in GIF-format](#)
- [Image in Postscript-format](#)
- [Numerical format \(verbose\)](#)

Рис. Профіль гідрофобності

Значення нижче -2 вказують на згини у білковій молекулі.

Завдання 2

Які протеолітичні ферменти діють на лізоцим людини?

Хід виконання:

Здійснюємо вхід на веб-ресурс ExPASy (<https://www.expasy.org>). У меню головного пошукового екрана зліва вибираємо опцію «Proteins & Proteomes». Із запропонованого меню вибираємо ресурс «PeptideCutter». У поле ресурсу вставляємо заздалегідь скопійовану амінокислотну послідовність для лізоциму людини у форматі FASTA та натискаємо «Perform».

PeptideCutter

PeptideCutter predicts potential substrate cleavage sites, cleaved by proteases or chemicals in a given protein sequence. The tool returns the query sequence with the possible cleavage sites mapped on it and/or a table of cleavage site positions.

[Browse the resource website](#)

Developed by the [Swiss-Prot group](#) and supported by the [SIB Swiss Institute of Bioinformatics](#).

What you can do with this resource

[Protein sequence analysis](#)
[Protein sequence cleavage](#)

Browse these keywords in Expasy

[Enzymes](#), [Mass spectrometry data](#), [UniProt accession](#), [Proteolytic digest](#), [Protein sequence](#)

You might also be interested in

PeptideCutter

PeptideCutter [[references](#) / [documentation](#)] predicts potential cleavage sites cleaved by proteases or chemicals in a given protein sequence. PeptideCutter returns the query sequence with the possible cleavage sites mapped on it and/or a table of cleavage site positions.

Enter a UniProtKB (Swiss-Prot or TrEMBL) protein identifier, ID (e.g. ALBU_HUMAN), or accession number, AC (e.g. P04406), or an amino acid sequence (e.g. 'SERVELAT'):

```
PKALVILGLVLSVTVQGVKFERCELRLLKRLGDDYRGLSLAMKLAAM
ESQNYRKA
PTPMKAGKSDVDFEFGINRYMCDKDTGVAWACHLSCALLQMIADAVA
CAKRRVWD
PQGTTRAVVAWVSCQAVVQVQGCQ
```

the cleavage of the protein. the fields.

Отримуємо результати, де показані місця дії протеолітичних ферментів на поліпептидний ланцюг. Аналізуємо результати.

Ці дані можна використовувати наступним чином:

Назва ферменту	Кількість розкоші	Положення місць розщеплення
Протеаза Asp-C	14	23 28 32 38 59 68 80 116 119 125 131 133 137 140
Asp-N ендопептидаза	8	35 66 70 84 104 108 119 137
Asp-N ендопептидаза + N-кінцевий Glu	11	21 24 35 52 66 70 84 104 108 119 137
BNIP-Скаптоза	5	46 52 82 127 130
СМВ	3	1 35 47
Висока специфічність хімотрипсину (С-термін до [FYW], не перед Р)	12	21 38 52 56 63 72 75 81 82 127 130 142
Низька специфічність хімотрипсину (С-термін до [FYWM], не перед Р)	29	1 4 7 9 11 12 21 26 30 33 35 38 43 47 49 52 56 63 72 75 81 82 96 97 102 103 127 130 142
Хіотрипсин	14	23 28 32 38 59 68 80 116 119 125 131 133 137 140
Мурасіна кислота	8	38 67 71 85 105 109 120 138
Глутаміл'ендопептидаза	3	22 25 53
Йодобензойна кислота	5	46 52 82 127 130
LysC	6	2 19 31 51 87 115
ЛисН	6	1 18 30 50 86 114
NTCB (2-нітро-5-тіоцанобензойна кислота)	8	23 47 82 94 98 112 133 145
Пепсин (рН 1.3)	22	3 6 7 8 9 10 11 12 20 26 29 42 43 48 49 74 75 96 97 101 102 103
Пепсин (рН>2)	39	3 6 7 8 9 10 11 12 20 26 29 37 38 42 43 45 46 48 49 51 52 55 56 62 63 71 72 74 75 81 96 97 101 102 103 126 129 130 141
Протеаза К	69	3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 14 15 16 20 21 22 25 26 27 29 30 33 38 41 43 44 46 48 50 52 53 56 58 60 61 63 65 70 72 74 75 77 81 82 918 18 103 107 108 110 111 112 114 117 118 124 126 127 128 129 130 139 142 143 148
Стафілококна лептидаза I	3	22 25 53
Термолизин	48	2 3 4 5 6 8 9 10 11 13 15 19 20 26 29 32 34 40 42 43 46 48 49 59 64 73 74 76 90 91 93 96 100 101 102 106 107 110 111 113 116 117 123 125 127 128 142 147
Протеаза вірусу травлення тютюну	1	144
Трипсин	20	2 19 23 28 31 32 39 51 59 68 80 87 115 116 119 125 131 133 137 140

Завдання 3

Встановіть ортологи (гомологічні) для цитохрому b5.

Хід виконання:

Здійснюємо вхід на веб-ресурс KEGG – www.kegg.jp. У меню головного пошукового екран зліва вибираємо опцію «KEGG ORTHOLOGY».



KEGG [Help](#)

[» Japanese](#)

KEGG Home

[Release notes](#)
[Current statistics](#)

KEGG Database

[KEGG overview](#)
[Searching KEGG](#)
[KEGG mapping](#)
[Color codes](#)

KEGG Objects

[Pathway maps](#)
[Brite hierarchies](#)
[KEGG DB links](#)

KEGG Software

[KEGG API](#)
[KGML](#)

KEGG FTP

[Subscription](#)
[Background info](#)

GenomeNet

[DBGET/LinkDB](#)

[Feedback](#)
[Copyright request](#)

KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

KEGG is a database resource for understanding high-level functions and utilities of the biological system, such as the cell, the organism and the ecosystem, from molecular-level information, especially large-scale molecular datasets generated by genome sequencing and other high-throughput experimental technologies. See [Release notes](#) (January 1, 2023) for new and updated features.

[New article](#) KEGG for taxonomy-based analysis of pathways and genomes

Main entry point to the KEGG web service

KEGG2 [KEGG Table of Contents](#) [[Update notes](#) | [Release history](#)]

Data-oriented entry points

- KEGG PATHWAY** KEGG pathway maps
- KEGG BRITE** BRITE hierarchies and tables
- KEGG MODULE** KEGG modules
- KEGG ORTHOLOGY** KO functional orthologs [[Annotation](#)]
- KEGG GENES** Genes and proteins [[SeqData](#)]
- KEGG GENOME** Genomes [[KEGG Virus](#)]
- KEGG COMPOUND** Small molecules
- KEGG GLYCAN** Glycans
- KEGG REACTION** Biochemical reactions [[RModule](#)]
- KEGG ENZYME** Enzyme nomenclature
- KEGG NETWORK** Disease-related network variations
- KEGG DISEASE** Human diseases
- KEGG DRUG** Drugs [[New drug approvals](#)]
- KEGG MEDICUS** Health information resource [[Drug labels search](#)]

- [Pathway](#)
- [Brite](#)
- [Brite table](#)
- [Module](#)
- [Network](#)
- [KO \(Function\)](#)
- [Organism](#)
- [Virus](#)
- [Compound](#)
- [Disease \(ICD\)](#)
- [Drug \(ATC\)](#)
- [Drug \(Target\)](#)
- [Antimicrobials](#)

Переходимо на сторінку KEGG ORTHOLOGY та в пошуковому полі вводимо запит «cytochrome b5».



KO (KEGG ORTHOLOGY) Database

Linking genomes to biological systems by functional orthologs

KEGG2 PATHWAY BRITE MODULE KO Annotation Taxonomy Synteny Mapper

Search KO for cytochrome b5 Go

Enter K numbers (Example) K00161 K00162 K00163 K00627 K00382

Filter Ortholog table Map pathway Map brite Map module Get title Get entry Clear

KO Database of Molecular Functions

The KO (KEGG Orthology) database is a database of molecular functions represented in terms of functional orthologs. A functional ortholog is manually defined in the context of KEGG molecular networks, namely, KEGG pathway maps, BRITE hierarchies and KEGG modules. Each node of the network, such as a box in the KEGG pathway map, is given a KO identifier (called K number) as a functional ortholog defined from experimentally characterized genes and proteins in specific organisms, which are then used to assign orthologous genes in other organisms based on sequence similarity. The granularity of "function" is context-dependent, and the resulting KO grouping may correspond to a group of highly similar sequences within a limited organism group or it may be a more divergent group.

Отримуємо запит про всі ортологи для цитохрому b5.



Search ORTHOLOGY for cytochrome b5 Go Clear

Database: ORTHOLOGY - Search term: cytochrome b5 (Total 6 hits)

K00236
SDHC, SDH3; succinate dehydrogenase (ubiquinone) cytochrome b560 subunit
K00326
CYB5R; cytochrome-b5 reductase [EC:1.6.2.2]
K02707
psbE; photosystem II cytochrome b559 subunit alpha
K02708
psbF; photosystem II cytochrome b559 subunit beta
K15536
cybC; soluble cytochrome b562
K23490
CYB5; cytochrome b5

DBGET integrated database retrieval system

Завдання 4

Використовуючи програму RasMol, дослідіть структуру гемоглобіну людини. У молекулі гемоглобіну людини виділіть: а) білкову частину; б) гем; в) атом заліза; г) серини білкової частини; д) гістидини, розміщені біля гему; е) одну із субодиниць; є) водневі зв'язки.

Хід виконання:

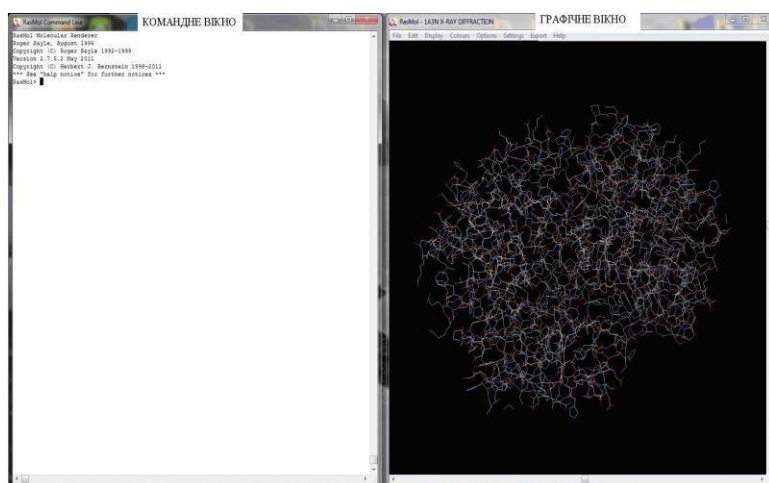
На персональний комп'ютер завантажуюмо програму RasMol, доступну на сайті <http://www.openrasmol.org>. На головному екрані програми натискаємо «RasMol 2.7.5. Windows Installer» і завантажуюмо програму на комп'ютер.



У базі даних PDB (<https://www.rcsb.org>) знаходимо 3D- структуру гемоглобіну людини (human hemoglobin) з ID 1A3N. Справа вверху натискаємо «Download Files», вибираємо формат «PDB Format (gz)» та зберігаємо білок на комп'ютер.



Відкриваємо програму RasMol. Робота з програмою відбуватиметься у двох вікнах: графічному та командному. У графічне вікно вставляємо 3D-структуру гемоглобіну людини (перетягнувши її з попередньо збереженого файлу).



У командному вікні набираються дії, які відповідають відповідним командам, кожна з яких набирається англійською з клавіатури при активному командному вікні і завершується натисканням клавіші «Enter». Позначення деяких команд подано в таблиці.

Команди	Значення
select «безліч»	виділяє безліч
restrict «безліч»	виділяє безліч і стирає з графічного вікна все інше
wireframe 50	додає до зображення в графічному вікні дротяну модель виділеної безлічі з товщиною лінії 50
wireframe off	стирає з графічного вікна дротяну модель виділеної безлічі
backbone 70	додає до зображення в графічному вікні основну модель виділеної безлічі з товщиною лінії 70
cpk 200	додає до зображення в графічному вікні кулькову модель виділеної безлічі з діаметром кульок 200
color «колір»	зафарбовує безліч у вказаний колір (якщо атоми не були зображені в жодній моделі, то колір не буде видно, доки ви їх не виділите).

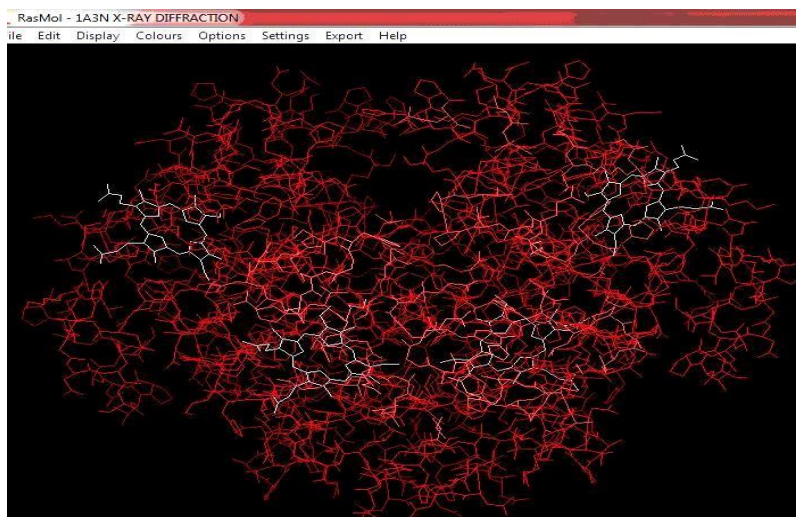
Виконаємо завдання для візуалізації гемоглобіну людини:

а) для виділення білкової частини гемоглобіну та позначення її червоним кольором у командному вікні задаємо команди

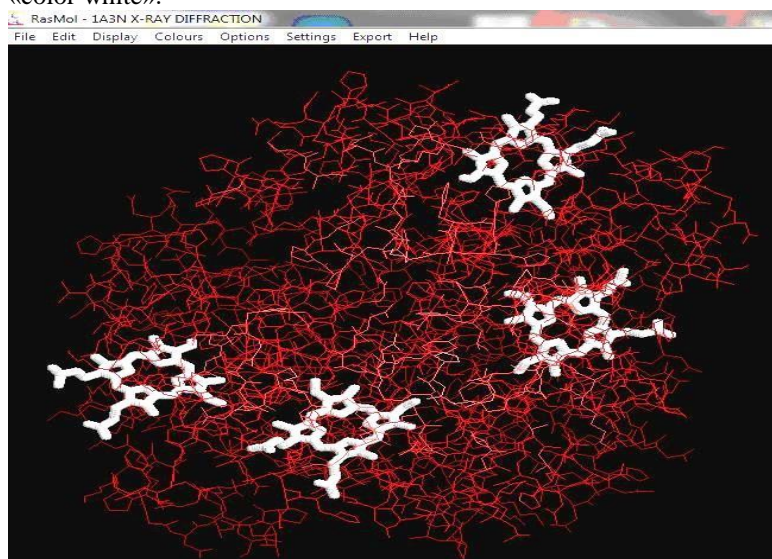
«select protein» → «color red».

```
RasMol Command Line
RasMol Molecular Renderer
Roger Sayle, August 1995
Copyright (C) Roger Sayle 1992-1999
Version 2.7.5.2 May 2011
Copyright (C) Herbert J. Bernstein 1998-2011
*** See "help notice" for further notices ***
RasMol>
RasMol> select protein
4370 atoms selected!
RasMol> color red
```

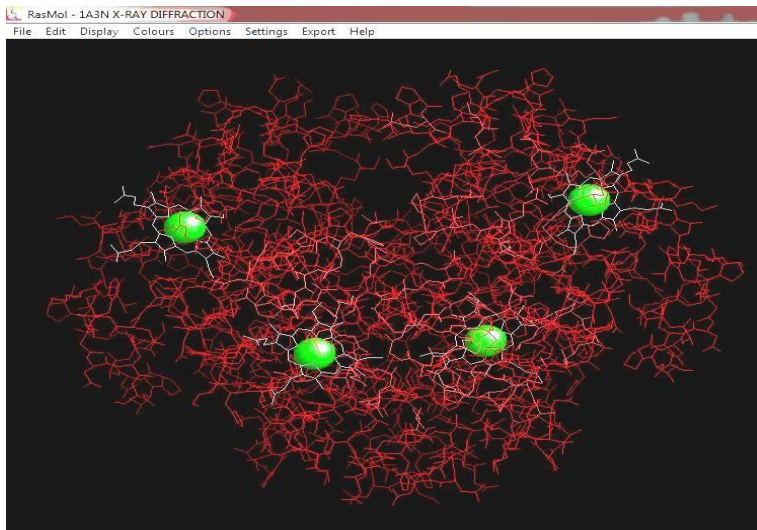
Білкова частина зафарбовується у червоний колір.



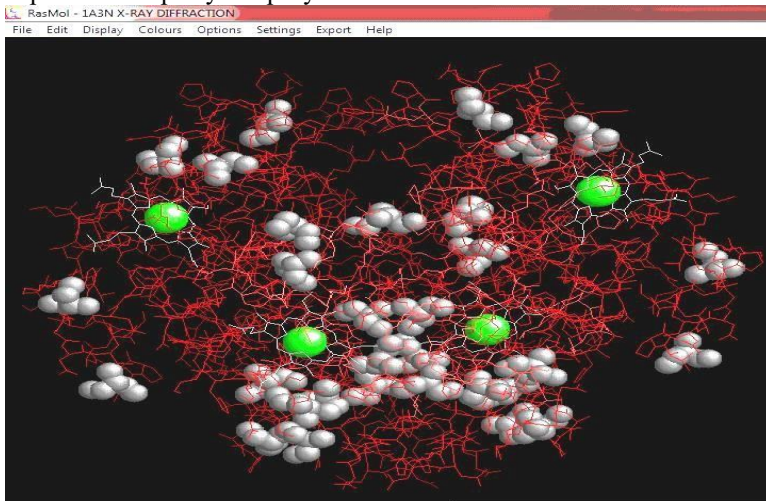
б) виділяємо гем та зафарбовуємо його у білий колір, для цього задаємо команди «select hem» → «wireframe 100» → «color white».



в) атом заліза виділяємо у формі кульки діаметром 500. У командному вікні задаємо: «select iron» → «color green» → «cprk 500». Отримуємо результат.



г) виділяємо серини білкової частини у формі кульок діаметром 50, задавши команди: «select Ser» → «color grey» → «srk 300». Отримуємо результат.



д) щоб, виділити гістидини, розміщені біля гему, в базі даних Uniprot (<http://www.uniprot.org>) з'ясуємо їхнє положення в поліпептидному ланцюзі. Для цього заходимо на результат пошуку гемоглобіну людини з ідентифікатором [P68871](http://www.uniprot.org/uniprot/P68871) і встановлюємо, що гістидини, пов'язані із залізом гему, знаходяться в положеннях 64 та 93.

www.uniprot.org/uniprot/P68871

Display

Entry Publications Feature viewer Feature table

Function
 Names & Taxonomy
 Subcellular location
 Pathology & Biotech
 PTM / Processing
 Expression
 Interaction
 Structure
 Family & Domains
 Sequence
 Similar proteins
 Cross-references
 Entry information
 Miscellaneous

Gene HBB
Organism Homo sapiens (Human)
Status Reviewed - Annotation score: ●●●●● - Experimental evidence at protein level¹

Function¹

Involved in oxygen transport from the lung to the various peripheral tissues. ¹ 1 Publication
 LVV-hemorphin-7 potentiates the activity of bradykinin, causing a decrease in blood pressure.
 Spinorphin: functions as an endogenous inhibitor of enkephalin-degrading enzymes such as DPP3, and as properbes implicate it as a regulator of pain and inflammation.

Miscellaneous

One molecule of 2,3-bisphosphoglycerate can bind to two beta chains per hemoglobin tetramer.

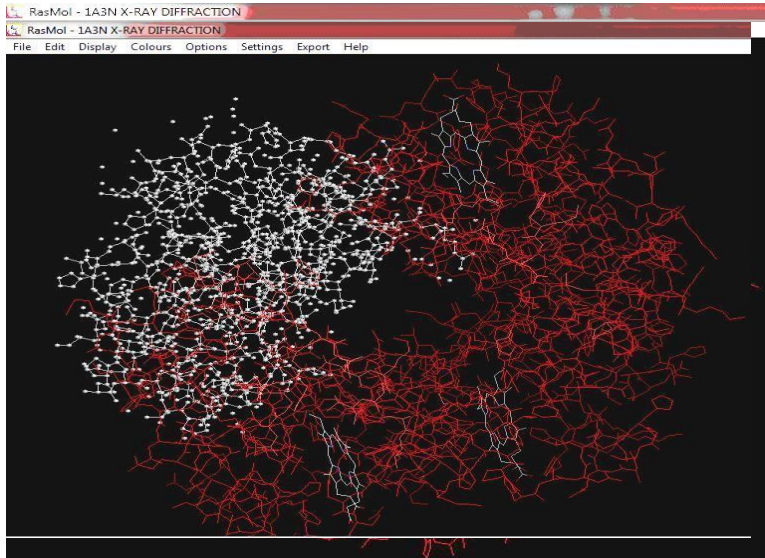
Feature key	Position(s)	Description
Binding site ¹	2	2,3-bisphosphoglycerate; via amino nitrogen
Binding site ¹	64	Iron (heme distal ligand)
Metal binding ¹	93	Iron (heme proximal ligand)
Binding site ¹	93	2,3-bisphosphoglycerate
Metal binding ¹		
Binding site ¹		

GO - Molecular function¹

- heme binding ¹ Source: InterPro
- hemoglobin binding ¹ Source: UniProtKB

Для їх виділення задаємо команди «select his64, 93» → «color blue» → «срк 500». Отримуємо результат.

е) виділяємо всі атоми одного з ланцюгів гемоглобіну у формі кульок діаметром 40. Задаємо команди «select *A» → «срк 50» → «color white». Отримуємо результат.



е) водневі зв'язки виділяємо командою: «color hbonds green» → «срк 50».

