

Wizualizacja struktury przestrzennej białek

- **Krótki** wstęp teoretyczny. Przedstawienie najważniejszych informacji związanych ze strukturą trójwymiarową białek, ich fałdowaniem (protein folding) oraz metodami poznawania struktur przestrzennych białek. Studenci aktywnie uczestniczą we wstępie.

- Wizualizacja struktury cytochromu b
 - Z bazy danych NCBI „**Structure**” pobierz strukturę 3d cytochromu b i zapisz go na dysku H:\ Skąd się te struktury tam biorą?

(Wskazówka: Nie wszystkie sekwencje białek mają poznaną strukturę 3D)
 - Dla jakiego organizmu możemy znaleźć szukaną strukturę w tej bazie danych?
 - Otwórz pobraną strukturę w notatniku. Opisz „format” danych
 - Otwórz pobraną strukturę w programie **Cn3D**
 - Zapoznaj się z prostym interfejsem programu
 - Ile domen posiada to białko? Wymień i scharakteryzuj

- Wizualizacja struktury białka p53
 - Pobierz z bazy danych strukturę białka p53 i otwórz ją w programie Cn3D. Jest to sekwencja dimeru o numerze dostępu 76523
 - Pobierz także strukturę tetrameru p53 o numerze dostępu 69151
 - Zapoznaj się z budową białek. Postaraj się znaleźć jak najwięcej różnic i podobieństw
 - Jak oddziałuje p53 z DNA? Wymień struktury uczestniczące w tym oddziaływaniu.

- Wymagane wiadomości
 - Hierarchia struktur białek (I-rzędowa, II-rzędowa, itd.) Posttranslacyjne modyfikacje
 - Budowa białek i aminokwasów
 - Budowa i rodzaje DNA (szczegółowo)
 - Fałdowanie białek