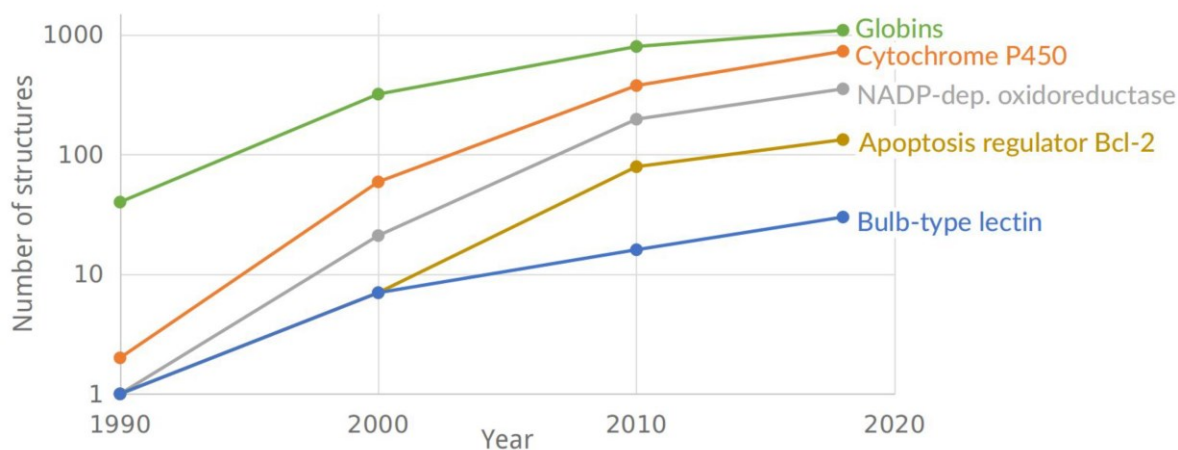


## Vizualizace

1. Vizualizujte protein 1cbs. Podívejte se na jeho strukturu v různých vizualizačních modelech (cartoon, Ball & Stick, Line, Putty, Spacefil).
2. Vizualizujte povrch proteinu 5gmk). Podívejte se na jeho strukturu v různých modelů povrchu (Molecular Surface, Gaussian Surface, Gaussian Volume).
3. Vizualizujte protein 1cbs. Podívejte se na elektronovou hustotu kolem jeho ligandu.
4. Vizualizujte protein 1cbs. Obarvěte ho podle hydrofobicity, sekundární struktury a kvality.
5. Vizualizujte si assembly virionu Aquareoviru (3k1q).
6. Přiložte proteiny: 2h7s, 2rfc, 2l8m, 3wrk, 2lqd, 3fwg, 6we6, 1k2o, 6oox. Obarvěte je podle kvality a zjistěte, který má nejhorší kvalitu.

## Protein families

1. Zjistěte, kolik struktur cytochromů C450 bylo k dispozici do roku 1990, 2000, 2005, 2010, 2015 a 2021. Informace zapište do tabulky v Excelu a na základě nich pak vytvořte graf podobný jako:



2. U aldoláz (PDBe structure domain: L-fucose-1-phosphate aldolase) porovnejte 2D diagram pro zástupce *Thermotoga maritima* a *Escherichia coli*. Nepochovnávejte celé proteiny, ale jen domény.
3. U aldoláz (PDBe structure domain: L-fucose-1-phosphate aldolase) vytvořte 2D diagram pro všechna Archea (Custom entry).
4. Vytvořte 2D diagram pro hemoglobin, zkuste porovnat 2D diagramy pro hemoglobin z různých organismů
5. Prohlédněte si 2D diagramy Alfa foldu: <https://2dprots.ncbr.muni.cz/pub/2021-12-07-alphafold/> V čem jsou rozdíly Alfa foldu proti experimentálním strukturám?