

1. Připravte v PyMOLu obrázek struktury s PDB-ID **1IZ7**. [15 b. + 2 b. bonus]

- Vložte obrázek

2. Měření v programu PyMOL, struktura s PDB-ID **1IZ7**. [10 b.]

- a) vzdálenost =
- b) úhel =
- c) dihedrální úhel Ψ =

3. V databázi [PDBsum](#) prostudujte Ramachandrov diagram pro strukturu s PDB-ID **1IZ7**. [7 b.]

- jaká je kvalita této struktury:

4. V databázi [PDBsum](#) prostudujte interakce mezi **podjednotkami A a C** proteinu s PDB-ID **1EVJ**. [7 b.]

- a) ANO/NE
- b) typ interakce =
- c) hodnota evoluční konzervovanosti =

5. Pomocí nástroje [CMA](#) proveďte analýzu kontaktů residua Lys12 ve struktuře s PDB-ID **1IZ7**. [6 b.]

- residua v kontaktu:

6. Prostudujte strukturu proteinu s PDB-ID **1IZ7** pomocí nástroje [HotSpot Wizard](#). [8 b.]

- a) hot-spot pouze v kapse =
- b) mutabilita residua K17 =
- c) počet tunelů =

7. Připravte obrázek biologicky relevantního oligomeru struktury s PDB-ID **3VAD**. [10 b.]

- Vložte obrázek

8. Ověřte správnost kvartérní struktury přítomné ve struktuře s PDB-ID **3w3e**. [7 b.]

- ANO/NE

9. Na základě elektronové hustoty ověřte správnost umístění ligandu **BRN** ve struktuře s PDB-ID **1D63**. [15 b.]

- a) ANO/NE
- b) Vložte obrázek

10. Prostudujte dynamiku vybraných regionů v proteinu s PDB-ID **1IZ7**. [10 b.]

- regiony seřazené podle jejich dynamiky:
 - 1.
 - 2.
 - 3.
 - 4.

11. Predikujte druggabilitu kapes proteinu s PDB-ID **1IZ7** nástrojem [DoGSiteScorer](#) [5 b.]

- objem kapsy s nejvyšší druggabilitu =