

Welche Aminosäure würden Sie vorschlagen? Welche können Sie in jedem Fall ausschließen? Falls Sie keinen biologischen/biochemischen Hintergrund haben und daher mit den verschiedenen Restgruppen der Aminosäuren noch nicht sehr vertraut sind, dürfen Sie gerne die Übersicht auf der vorherigen Seite zur Hilfe nehmen.

Rufen Sie sich erneut das Fenster „Model/Fit/Refine“ auf

Calculate -> Model/Fit/Refine...,

klicken Sie anschließend auf „Mutate & Auto Fit“ und danach auf ein Atom des Alanin-Restes an Position 1. Wählen Sie aus der erscheinenden Liste „LYS (K)“ aus, um den Alanin-Rest gegen Lysin auszutauschen.

Wie Sie sehen, passt die Restgruppe des Lysin-Restes perfekt zur Elektronendichte an dieser Position.

Durch Drücken der Leertaste gelangen Sie zur nächsten Aminosäure, ein Valin. Hier scheint alles in Ordnung zu sein. Drücken Sie die Leertaste ein weiteres Mal.

An Position 3 des Modells befindet sich ein Alanin. Anhand der Elektronendichte in diesem Bereich können Sie aber eindeutig sehen, dass Alanin an dieser Position nicht die richtige Aminosäure ist. Welche Aminosäure würden Sie vorschlagen?

Gehen Sie jetzt Schritt für Schritt die gesamte Proteinsequenz entlang. Finden Sie alle Mutationen und korrigieren Sie das Modell entsprechend. Notieren Sie Ihre Mutationsvorschläge in der Tabelle auf der folgenden Seite.

