

Ramachandran Plot - sterische Randbedingungen für Proteinstrukturen

1) Bestimmen Sie für drei Proteinstrukturen

Rhodopsin (1U19)

Maltose binding protein (1elj)

RepB' (3h20)

den Ramachandran Plot mit Hilfe von Procheck.

2) Welche Aminosäuren befinden sich in Regionen, die a) zu α -Helizes und b) zu β -Faltblättern gehören? (siehe Ramachandranplot der einzelnen Aminosäuren)

3) Stellen Sie die Sekundärstrukturelemente der jeweiligen Struktur mit Rasmol dar.

4) Identifizieren Sie Aminosäuren, die im noch erlaubten („outer-limit“) Winkel-Gebiet liegen. Wo befinden sich diese Aminosäuren in der Struktur?

5) Finden Sie Aminosäurereste, die nicht mehr im erlaubten Winkel-Gebiet liegen? Wo befinden sich diese Aminosäuren in der Struktur?

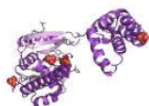
6) In welcher der drei Strukturen finden sie die meisten Aminosäuren, die in gerade noch erlaubten bzw. in nicht erlaubten Winkel-Gebieten liegen? Finden Sie eine Erklärung!

EMBL-EBI **Replication** **PDB id**

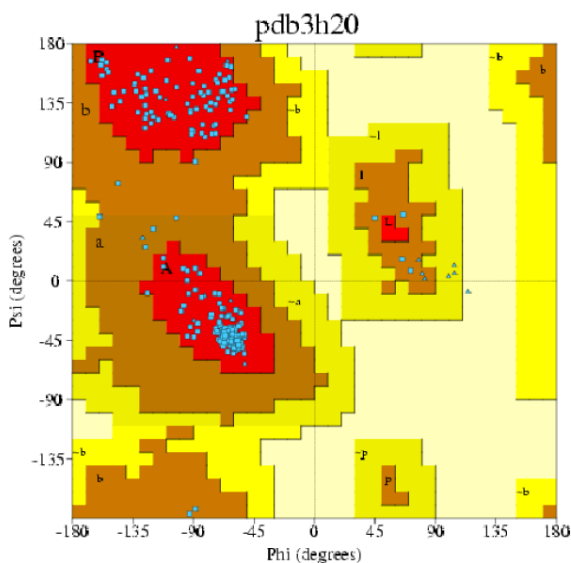


PROCHECK Generate full PROCHECK analyses

PROCHECK summary for 3h20



Ramachandran plot



Jmol **Contents**

Description
[Header details](#)
[Header records](#)
[References](#)

PROCHECK

Protein chain

288 a.a. *

Ligands

SO4 x3

DPO

Waters x253

* Residue conservation analysis

Tools

- [Image Generation](#)
- [AstexViewer™@PDBe](#)
- [Run PROCHECK](#)
- [Clefs Calculation](#)

PROCHECK statistics

1. Ramachandran Plot statistics

	No. of residues	%-tage
Most favoured regions [A,B,L]	237	95.2%
Additional allowed regions [a,b,l,p]	12	4.8%
Generously allowed regions [~a,~b,~l,~p]	0	0.0%
Disallowed regions [XX]	0	0.0%
Non-glycine and non-proline residues	249	100.0%
End-residues (excl. Gly and Pro)	9	
Glycine residues	20	
Proline residues	10	
Total number of residues	288	

Based on an analysis of 118 structures of resolution of at least 2.0 Angstroms and R-factor no greater than 20.0 a good quality model would be expected to have over 90% in the most