

Cyclin-abhängige Kinase von *Eimeria tenella*

Eimeria tenella ist ein einzelliger Parasit (Coccidian parasite) der den gastrointestinalen Trakt befällt. Dies führt u.a. bei der Aufzucht von Geflügel zu Verlusten. Als molekulares *target* für die Bekämpfung dieses und anderer Einzeller ist die cyclin-dependent serine/threonine kinase (CRK2) ausgewählt worden. Aufgrund der Homologie zu menschlichen und anderen eukariotischen cyclin-dependent kinases (CDKs) muß ein geeigneter Inhibitor jedoch die entsprechenden Unterschiede in der Bindungstasche ausnutzen.

Aufgaben:

Konstruieren Sie ein Homologiemodell für die cyclin-dependent serine/threonine kinase von *E. tenella* basierend auf einer Kristallstruktur der homologen Kinase des Menschen (CDK2, cell division protein kinase 2). Die Auflösung der Templatstruktur sollte besser als 2.0 Å sein und einen gebundenen Liganden/Inhibitor enthalten. Lassen Sie sich dazu gegebenenfalls die vollständige Liste der in Frage kommenden Templatstrukturen von SWISS-MODEL anzeigen.

Listen Sie die Unterschiede in den Aminosäuren in der Bindungstasche zwischen Mensch und *E. tenella* auf.

Hinweis: Bestimmen Sie zuerst die *primary asseccion* Nummer der cyclin-dependent serine/threonine kinase von *E. tenella* und suchen Sie zu dieser eine geeignete Kristallstruktur der homologen menschlichen Kinase die als Vorlage zum Erstellen des Homologiemodells verwenden können.

Tip: Die Bindungstasche können Sie durch Vergleich der Bindungsposition von Inhibitoren in den Kristallstrukturen menschlicher CDKs bestimmen.

Punkteverteilung:

Sequenzbestimmung	15%
Auswahl Templatstruktur	25%
Modellierte Struktur	15%
Fragenteil	25%
Dokumentation, allgemein	20%

Lösung auf Deutsch oder Englisch bitte als .pdf Datei bis 12.01.23 an

michael.hutter@bioinformatik.uni-saarland.de

Bitte Ihre Namen angeben!