

Phosphodiesterase 6A

Phosphodiesterasen gehören zu einer großen Familie von Enzymen die zellulären Prozesse regulieren. Deshalb werden zunehmend Inhibitoren entwickelt um bestimmte therapeutische Wirkungen zu erzielen. Für eine Reihe der 11 Unterfamilien gibt es bereits Röntgenkristallstrukturen, teilweise mit gebundenem Inhibitor, jedoch nicht für die menschliche PDE6A deren Mutation u.a. zu Nachtblindheit und Verlust des Sehvermögens führt.

Aufgaben:

Konstruieren Sie ein Homologiemodell für die katalytische Untereinheit der menschlichen PDE6A. Begründen Sie die Wahl Ihres Templates für das Modell.

Die Auflösung sollte besser als 1.7 Å sein.

Welche Residuen bilden das katalytische Zentrum des Enzyms?

Welche Reaktion wird katalysiert und was ist das natürliche Substrat?

Hinweis: Suchen Sie zunächst die *primary asseccion* Nummer. Verwenden Sie zur Homologiemodellierung **nur** die katalytische Domäne (C-terminaler Bereich) der PDE6A. Vgl. PROSITE-Annotation der Domäne auf der UniProt Seite.

Punkteverteilung:

Sequenzbestimmung	15%
Auswahl Templatstruktur	20%
Modellierte Struktur	20%
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 alle Ihre Namen angeben!