

Neutrale Protease (Stearolysin) von *Geobacillus stearothermophilus*

Aufgaben:

Gesucht wird eine modellierte Struktur der katalytisch aktiven Protease des Stearolysins von *Geobacillus stearothermophilus*.

Hinweis: Suchen Sie zunächst die *primary asseccion number* und aus der Sequenz den Abschnitt der die eigentliche Protease kodiert zur Suche eines homologen Proteins für das es Kristallstrukturen gibt, die Sie als Vorlagen zur Modellierung verwenden können. Vgl. die Aufteilung der Sequenzabschnitte auf der UniProt Seite.

Die Auflösung der Vorlage sollte besser als 1.5 Å sein.

Welche Metallionen werden von der Protease gebunden und an welche Residuen?
Welche Besonderheit zeichnet diese Protease gegenüber anderen Proteasen aus?

Punkteverteilung:

| | |
|--------------------------|-----|
| Sequenzbestimmung | 20% |
| Auswahl Templatstruktur | 15% |
| 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 Ihre Namen angeben!