

Cytochrom P450 4Z1

Das menschliche Cytochrom 4Z1 wird in Brustkrebszellen überexprimiert. Dabei ist die Überproduktion von 20-HETE als Epoxidierungsprodukt von Arachidonsäure charakteristisch. Außerdem katalysiert es die Hydroxylierung von langkettigen Fettsäuren. Entsprechende Analoga könnten als Markersubstanzen eingesetzt werden.

Im Gegensatz zu anderen menschlichen Cytochromen gibt es leider noch keine Kristallstrukturen für diese Familie 4. Obwohl das aktive Zentrum von Cytochromen gut konserviert sind, können deshalb Unterschiede in der sonstigen Bereichen des Homologiemodells auftreten.

Aufgaben:

Generieren Sie ein Homologiemodell für das menschliche CYP4Z1. Benutzen Sie als Template ein geeignete Struktur eines menschlichen Cytochroms. Die Auflösung sollte besser als 2.1 Ångstrom sein. Begründen Sie die Wahl Ihres Templates.

Falls ein gebundener Ligand (außer Wasser) in der Templatstruktur vorkommt, um welches Molekül handelt es sich dabei? Welche Teile des Proteins fehlen möglicherweise im erhaltenen Homologiemodell?

Nennen Sie zwei Fettsäuren die von CYP4Z1 umgesetzt werden.

Hinweis: Suchen Sie zunächst die *primary accession number* und die Sequenz in UniProt. Damit suchen Sie auf SWISS-Model/Template Identification eine geeignete Kristallstruktur eines homologen Proteins das Sie als Vorlage zur Modellierung verwenden können.

Punkteverteilung:

| | |
|--------------------------|-----|
| Sequenzbestimmung | 10% |
| Auswahl der Struktur | 20% |
| Modellierte Struktur | 25% |
| 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!