

BTK4320 Proteiiniteknologia 2016

1.3.2016

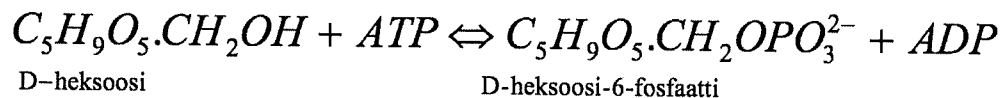
Vastaa kolmeen kysymykseen. Kaikki kysymykset ovat 8 p. arvoisia. Käytä tarvittaessa kuvia tai kaavioita vastauksesi tukena.

1. Syöpätutkija Into Kasvain on havainnut kokeissaan, että geenin MU674366 mutaatio G->C altistaa potilaat aggressiiviselle munuaissyövälle. Geenin sekvenssin tarkastelu paljastaa, että se koodaa transmembraaniproteiinia, jossa on N-terminaalinen 200 aminohappotähteen extrasellulaarinen domeeni, transmembraanidomeeni, ja C-terminaalinen intrasellulaarinen domeeni. Alustavat kokeet osoittavat, että solukokeissa näistä kasvaimista eristetyillä syöpäsoluilla havaitaan heikentynyt kyky tarttua kasvatusalustaan. Mutaation aiheuttama muutos proteiinisekvenssissä on AGG(Arg) -> AGC(Ser). Miten tutkit proteiinitutkimuksen menetelmien avulla mutaation vaikutuksia proteiinin toimintaan?

2. Satunnaismutageneesi proteiinien muokkaamisessa. Mitä erilaisia satunnaismutageneesimenetelmiä on käytössä ja mikä on niiden toimintaperiaate? Menetelmien edut ja heikkoudet.

3. Miten suunnittelet tietokoneavusteisesti katalyyttisen vasta-aineen korvaamaan oheisen reaktion entsyymien EC 2.7.1.1.

- ATP: D-heksoosi-6-fosfotransferaasi (E.C. 2.7.1.1) (triviaalinimi: heksokinaasi)



4. Vertaile NMR-spektroskopiaa, massaspektrometriaa ja röntgensädekristallografiaa peptidin ja kokonaisen proteiinin rakenteen määrittämisessä. Minkälainen DNA:ta sitova rakenne voisi olla tutkittavanamme olevalla peptidillä (aminohapot 514-542, sekvenssi alla). Peptidi on osa 646 aminohappotähdettä käsittävästä eukaryoottiproteiinista, joka tunnistaa DNA:n, mutta sitoutuu siihen heikosti.

Peptidi: HICNWVSANGPCDKRFATSEELLSHLRTH