

Izpit struktura proteinov 6.9.2007 - prof. Križaj

Vprašanja za obkroževati:

1. Peptid (npr. WCYPTA) derivatiziramo z ninhidrinom. Koliko derivatov bo po cepitvi?
 - a) 1
 - b) 5
 - c) 6
 - d) 4
 - e) 2

2. Katere reagente bi lahko uporabil pri določanju C-terminalnega ostanka?
 - a) hidrazin
 - b) karboksipeptidaza P
 - c) N-etiljodoacetamid
 - d) 4-vinilpiridin
 - e) ...

3. Pri določanju zaporedja proteina uporabimo fosfatidilinozitol fosfolipazo C. Katero posttranslacijsko modifikacijo zagotovo vsebuje protein?
 - a) acilacija
 - b) palmitoilacija
 - c) GPI-sidro
 - d) formilacija
 - e) ...

4. Katera izmed naštetih aminokislin predstavlja potencialno mesto fosforilacije?
 - a) W
 - b) P
 - c) T
 - d) G
 - e) R

5. Peptid ... (vsebuje N, Q, D, E, W) hidroliziramo v 6M HCl. Kakšen rezultat bomo dobili po aminokislinski analizi z ninhidrinom?
 - a) ...
 - b) ...
 - c) ... (podane vsebnosti aminokislin; pomembno: W razpade, N-->D, Q-->E)
 - d) ...
 - e) ...

Vprašanja s kratkim odgovorom

6. Zakaj pri modifikaciji Arg ostankov ne moremo uporabljati pufra Tris?
7. Izberi pH območje, v katerem boš s cepitvijo peptida ... z encimom S. aureus V8 dobil največ fragmentov.
8. Pri kislinski hidrolizi se Ser, Thr in Tyr delno razgradijo. Kako bi z uporabo te metode dobil pravo informacijo o vsebnosti teh aminokislinskih ostankov?
9. Za določanje zaporedja proteinov uporabljamo 2 različna načina masne spektrometrije. Katera sta in kateri je boljši za proteomiko?

Konkreten problem:

10. Peptid s podano vsebnostjo aminokislin (13 AK) smo hidrolizirali v 6M HCl in nato fragmente analizirali z edmanovo degradacijo. Dobili smo naslednja zaporedja fragmentov... Napiši aminokislinsko zaporedje analiziranega peptida. Uporabi tročkovne oznake aminokislin.