

Verwendung des  
Alignment Programms  
Strap als  
eLearning Plattform für  
Biochemie und  
Strukturbiologie

# Entstehung von Strap

Ursprünglich ein massgeschneidertes Werkzeug für ein spezielles Projekt.

Anschliessend Nachnutzung durch Kollegen.

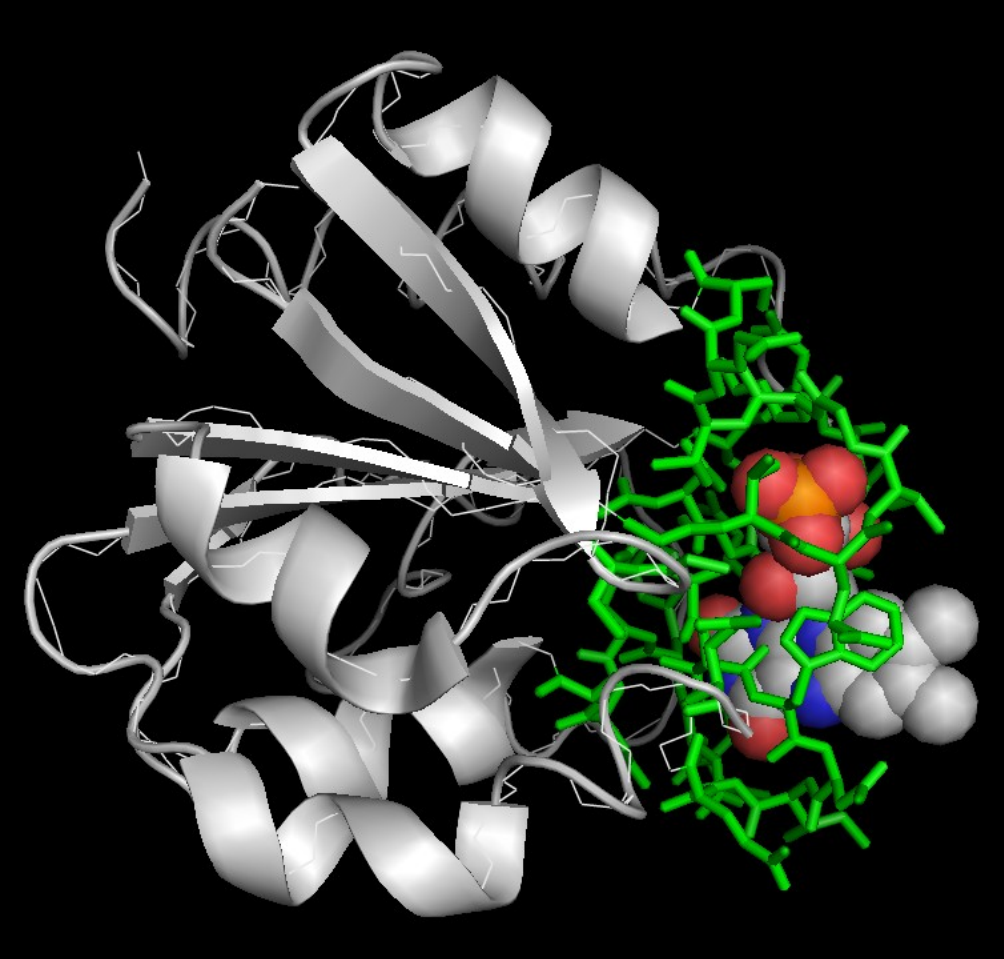
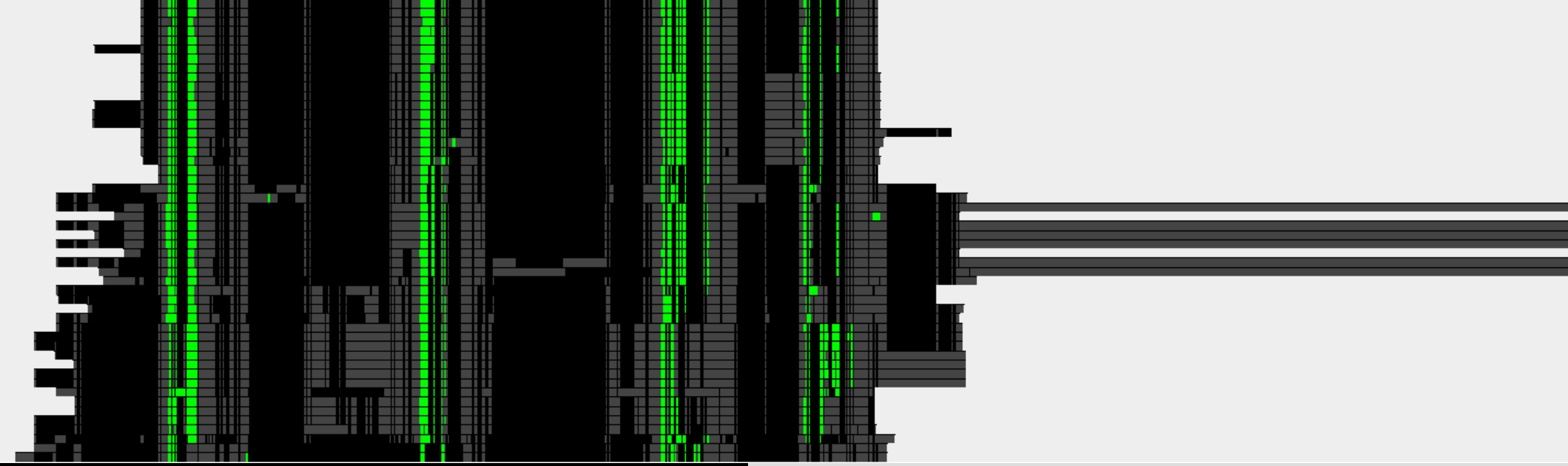
Später Interesse der weltweiten community.

Pflege und Ausbau über Jahre.

## **Entwicklung innerhalb einer Projektumgebung ist typisch**

Grundsätzlich sind Werkzeugentwicklung und Forschungsstand eng miteinander korreliert.

Sie bilden den aktuellen Kenntnisstand zeitnah ab.



## Flavodoxine 1FLV

All AA with an Eukclidean distance of the C-alpha atom to the FMN of less than  $8 \times 10^{-10}$  m are drawn as “sticks“.

The PDB contains more than 50 distinct flavin binding flavodoxine like protein chains.

# Einsatz in der Lehre

## **Kursangebot:**

*Molecular Modelling* für HU-Studenten der Biochemie, Biophysik und Biologie 1999-2005,  
2 Wochen

## **Lerninhalte:**

- 1. Biologie: Proteinbiochemie, Strukturebenen, Genetischer Kod und Evolution
- 2. Algorithmen: Strukturvorhersage, Alignment, evolutionäre Bäume
- 3. Handwerk: Methodenarsenal der Bioinformatik und Strukturbiologie

## **Pädagogisches Ziel:**

Begreifen der Proteine als strukturierte dynamische reagible Einheiten  
(Weg von der Auffassung als 1D-Sequenz von Aminosäuren)

## **Methoden:**

2 Studenten pro Terminal

Erster Kurs war UNIX basiert

In den Folgejahren Methodenzugang via GUI

## **Benutzeroberfläche**

- \* Intuitiv
- \* Standardisierte GUI-Elemente
- \* Standardkonzepte: Kontextmenüs, Drag'n Drop, Tabs, short cuts
- \* Trotz GUI Erleichterung wiederholter Abläufe

## **Ausgabeoptionen**

- \* Editierbares MS-Word-Dokument
- \* PDF
- \* Lesbare Dateien
- \* Web-Seite

## **Hilfestellung**

- \* Ballon-Tip
- \* Eingebettete interaktive Tutorials

# Studiengang *Molecular Medicine*

Die Lerninhalte wurden anhand selbst gewählter Beispielerkrankungen erarbeitet.

Kleingruppen 2-3 Studenten

## **Arbeitsanweisung:**

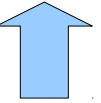
1. Wahl einer genetisch bedingte Erkrankung.
2. Uniprot oder Genbank-Datei
3. Liste aller bereits bekannten Mutationen und Polymorphismen
4. Wahl einer geeigneten 3D-Struktur
5. Einfärben der Mutationen und Polymorphismen

## **Diskussion:**

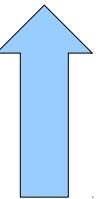
- Proteinstabilität und Funktionsfähigkeit
- Vergleich mit homologen Proteinen
- Zusammenhanges zwischen Phenotyp und Genotyp
- Klinik
- Evtl. Positive Selektion der mutierten Variante

# Fortschreitender Lernprozess:

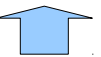
1. Online-Sozialisierung: Der Student erkundet die Möglichkeiten von Strap und die Beziehungen zum Lernstoff spielerisch.



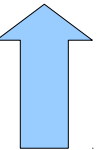
2. Systematischer Informationsaustausch: Erkunden der Programmfunktionen. Erfahrungsaustausch mit den Kursteilnehmer



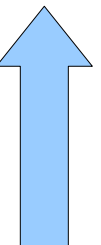
3. Wissenskonstruktion: Die Funktion von Strap ist grundsätzlich verstanden. Die biostrukturellen Fragestellungen treten in den Vordergrund.

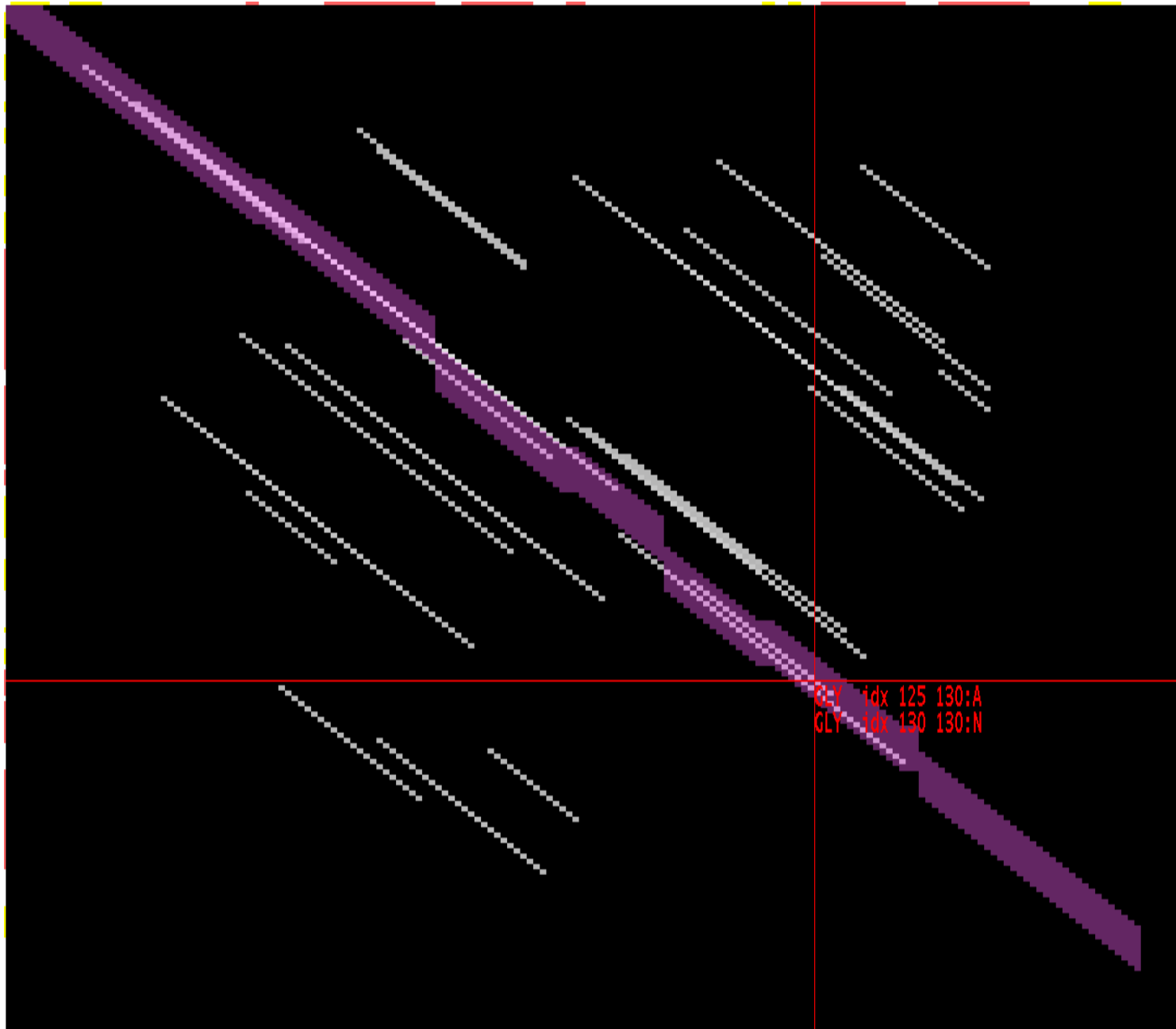


4. Selbstorganisation



5. Präsentation der Ergebnisse





Der Zeilenkopf mit Proteinnamen

Das Alignmentpanel enthält eine Sequenz

Horizontaler Scrollbalken

protein names

Q1H9T6

FYTGHLALTSGNRDQVLLAAKELRVPEAVELCQSFQPQTSVGO

chemical

only conserved

Load 3D coordinates

Options

3D structure

Sequence feature

Annotation

Align all proteins

W ?

Das Fenster des Web-Browsers

History Bookmarks Tools Help

http://www.uniprot.org/uniprot/?query=zink+finger&sort=score

UniProtKB

Search

Protein (UniProtKB)

Query

zink finger

Search Clear Fields >>

All	Entry name	Status	Protein names
<input type="checkbox"/>	Q1H9T6	★	Zinc finger and BTB domain-containing protein (Krueppel-related zinc finger protein 3) (Protein F
<input type="checkbox"/>	Q25635	★	Zink finger protein
<input type="checkbox"/>	Q9R1Y5	★	Hypermethylated in cancer 1 protein (Hic-1)
<input type="checkbox"/>	Q8NIR0	★	PRO1A C6 Zink-finger protein