

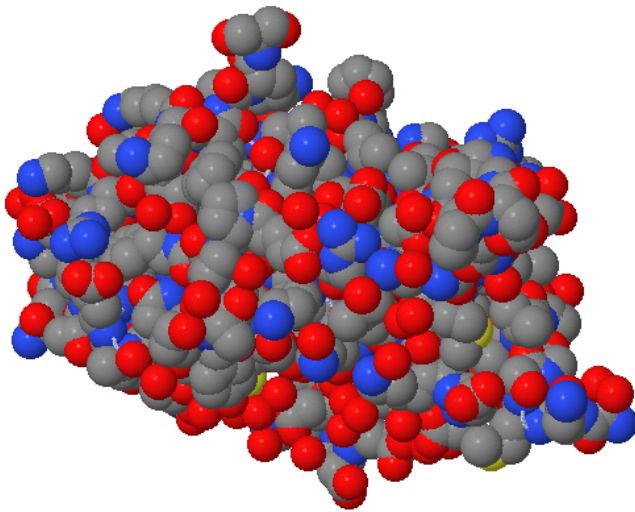
# Kapitel 13:

## Proteine

Unten abgebildet ist ein Eiweißmolekül oder ein Protein. Proteine gehören zu den größten molekularen Strukturen mit Massen von 10 000 g/mol bis 3 000 000 g/mol. Sie sind die eigentlichen Moleküle des Lebens, ihre Baupläne werden mit den Genen auf die Nachkommen weitergegeben. Sie nehmen unter anderen folgende Funktionen wahr:

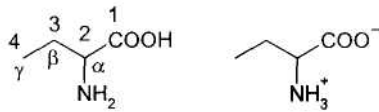
- Sie bilden die Strukturen des Organismus wie Muskeln, Haut, Bindegewebe
- Sie katalysieren Reaktionen (Enzyme) und ermöglichen Stoffumwandlungsprozesse unter den Bedingungen in einer Zelle.
- Sie transportieren andere Moleküle und Ionen an ihren Bestimmungsort.
- Sie können sich zusammenziehen und bilden die Basis für Bewegungen.
- Sie sind an der Immunabwehr beteiligt.

Proteine werden aus relativ kleinen Monomeren hergestellt, den Aminosäuren. Insofern kommen hier die Grundlagen aus dem Kapitel „makromolekulare Kunststoffe“ zur Anwendung. Viele Tausend verschiedene Proteine können aber nicht aus ein paar wenigen, gleichartigen Monomeren aufgebaut werden. Etwa 20 verschiedene Monomere sind daran beteiligt, deren verknüpfende funktionelle Gruppen aber bei allen gleich sind. In diesem Kapitel werden zuerst die Aminosäuren vorgestellt. Anschließend wird dargelegt, dass das komplizierte Äußere täuscht, dass immer wiederkehrende Mikrostrukturen die äußere Erscheinung bestimmen

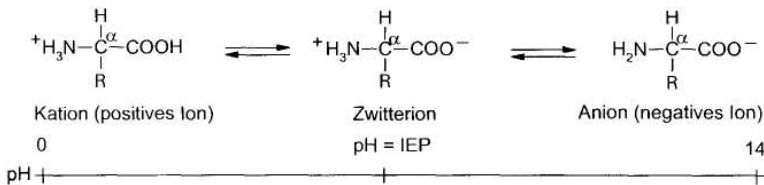


⇨ Haare und Dauerwellen,  
Muskelproteine, Sauerstoff-  
transport in Hämoglobin,  
Immunglobuline, Rhodopsin

Proteine (sprich: Pro-te-i-ne) oder Eiweiße bzw. Eiweiß-Stoffe sind aus Aminosäuren aufgebaut. (Die Ausdrücke Protein und Eiweiß sind in der deutschen Sprache Synonyme. Tatsächlich wurde 1889 ein Protein aus dem Eiklar als erstes seiner Stoffklasse kristallin dargestellt.) Aminosäuren in Proteinen werden proteinogen (Protein-bildend) genannt; sie sind in einer speziellen Tabelle aufgeführt. Der Name Aminosäure kommt daher, dass es sich formal um Carbonsäuremoleküle mit einer Aminogruppe handelt, die in Stellung 2 des Carbonsäuremoleküls steht (diese Stellung wird auch mit  $\alpha$  bezeichnet). Allerdings liegen Aminosäuren nie in dieser nachstehend links gezeichneten Form vor! Bei den  $\alpha$ -Aminosäuren handelt es sich um salzartige Feststoffe, da Ionenbindung zwischen den sog. Zwitterionen (sowohl positives als auch negatives Ion, nachstehend rechts) auftritt:



Bereits in *L Amine und Ammonium-verbindungen* wurde zusammengefasst, dass die Säuregruppe-COOH ungefähr gleich stark sauer wie die Aminogruppe  $-\text{NH}_2$  basisch ist. Daher findet im Molekül eine interne Neutralisation statt, wodurch die Aminosäuren nicht mehr als Moleküle vorliegen, sondern als Zwitterionen! In Lösung sind noch andere Ionenarten möglich, was vom pH abhängt: in saurem Milieu werden die Zwitterionen protoniert und in alkalischem deprotoniert. Derjenige pH-Wert, bei dem eine bestimmte Aminosäure im Mittel ungeladen (als Zwitterion) vorliegt, heißt isoelektrischer Punkt IEP:



## L 86

### Fragen zu L 86

1. Was für eine Ladung (neg., pos. od. ungel.) trägt im Mittel die Aminosäure Glutaminsäure bei pH 2?
2. Welche Besonderheit haben die Zwitterionen von Lysin und Arginin (siehe Tabelle der Aminosäuren)?
3. Welche Aminosäuren sind chiral, welche nicht?

# Die Peptidbindung

## Kapitel 13: Proteine

Die Verknüpfung der Aminosäuren erfolgt über eine Kondensation der Hydroxy-Gruppe der  $\alpha$ -Carboxyfunktion der einen Aminosäure mit der  $\alpha$ -Aminogruppe der folgenden Aminosäure. (Wenn in diesem Kapitel von Aminosäuren die Rede ist, so sind immer die proteinogenen gemeint.). Die Reaktion ist rechts mit zwei Alanin-Bausteinen formuliert. Dazu wurden die Aminosäuren nicht in der zwitterionischen Form dargestellt. (Die zwitterionische Form gilt für wässrige Aminosäurelösungen bei neutralem pH, was nicht unbedingt den Bedingungen bei der Kondensation zweier Aminosäuren in einer Zelle entspricht.)

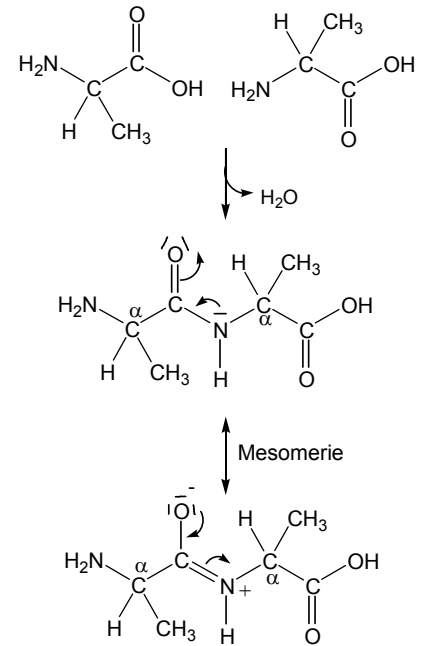
Kondensieren zwei Aminosäuren unter Ausbildung einer Amid-Gruppe  $-\text{CO}-\text{NH}-$ , (s. auch unter Polyamide in *L Polykondensate*) so entsteht ein sog. Dipeptid. Nebenstehend ist das Dipeptid aus zwei Alaninbausteinen (siehe Tabelle im Anhang) angegeben:

Wegen der großen Bedeutung der Gruppierung  $-\text{CO}-\text{NH}-$  in Kondensationsprodukten der Aminosäuren hat sie in diesen Fällen einen eigenen Namen; man spricht von der Peptidbindung.

Durch weitere Kondensationsschritte können Tripeptide (3 Aminosäurebausteine), Tetra-, Penta- usw. Peptide entstehen. Die Zahlworte bezeichnen also die Zahl der in der Peptidkette eingebauten Aminosäuren. Sie werden zusammengefasst unter dem allgemeinen Ausdruck „Polypeptide“.

Wegen des Elektronensogs des O-Atoms der Carbonylgruppe  $\text{C}=\text{O}$  (Hoher EN-Wert des O-Atoms) ist das N-Atom der Peptidbindung elektronenärmer als ohne diese Nachbargruppe. Man kann dies durch die nebenstehend unten angegebene „Grenzformel“ extrem zum Ausdruck bringen. (Die Elektronenverteilung liegt zwischen den beiden Extremen, was als „Mesomerie“ bezeichnet wird; Symbol dafür ist der Doppelpfeil.)

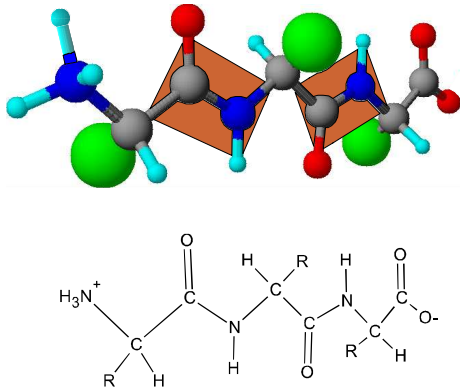
Wichtig ist, dass die Bindung zwischen C und N teilweise Doppelbindungscharakter hat und somit nicht frei drehbar ist. Dabei stehen die  $\alpha$ -C-Atome der Aminosäurebausteine in trans-Konfiguration. 6 Atome um die Peptidbindung liegen jeweils in einer Ebene.



# L 87

## Fragen zu L 87

1. Wie viele Peptidbindungen haben Decapeptide (deca: 10)?
2. Zeichnen Sie die Skelettfornel eines Dipeptids aus zwei Aminosäuren Phenylalanin, wie es in wässriger Lösung vorliegen würde. Gemäß einer Konvention ist das freie Amino-Ende links zu zeichnen.
3. Welche Atome der Peptidbindung (O,N,H) stellen in beiden mesomeren Grenzformeln aktive und passive Stellen für Wasserstoffbrücken dar?



# Primärstrukturen

## Kapitel 13: Proteine

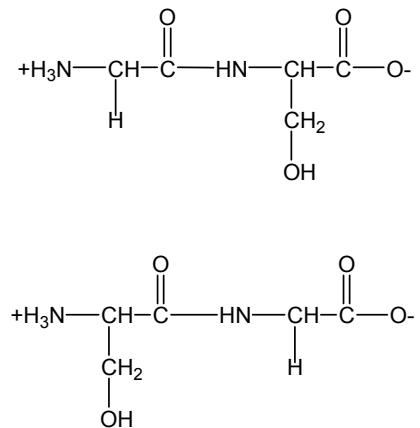
Liegen in einer Polypeptidkette bis zu 100 eingebaute Aminosäuren vor, so spricht man nur von Peptiden oder Polypeptiden. Größere Moleküle werden auch als eigentliche Proteine (Eiweiße) bezeichnet. Die Grenzen dieser Begriffe sind aber fließend.

Die staunenswerte Vielfalt der Lebewesen und die individuellen Unterschiede beruhen auf art- und individualspezifischen Proteinen. Trotzdem kommt die Natur mit rund 20 proteinogenen Aminosäuren aus, um diese unglaubliche Vielzahl von Proteinmolekülen zu realisieren. Dies beruht u.a. darauf, dass jede Peptidkette einen N-Terminus (N-Ende, bestehend aus der Ammoniumgruppe  $\text{-NH}_3^+$  bzw. deprotoniert als Aminogruppe  $\text{-NH}_2$ ) und einen C-Terminus (C-Ende, bestehend aus  $\text{-COO}^-$  bzw.  $\text{-COOH}$ ) hat. Daher kommt den eingebauten Aminosäuren ein Stellenwert wie den Ziffern einer Zahl zu. So wie man mit den Ziffern 1 und 2 zwei zweistellige Zahlen (12 und 21) schreiben kann, sind mit zwei verschiedenen Aminosäuren zwei verschiedene Dipeptide möglich, wie rechts mit einem ein Dipeptid aus Glycin und Serin gezeigt wird. Bei ca. 20 verschiedenen proteinogenen Aminosäuren sind die Kombinationsmöglichkeiten entsprechend hoch.

Die Abfolge der Aminosäuren oder die Aminosäuresequenz eines Proteins wird als Primärstruktur bezeichnet. Primärstrukturen werden gewöhnlich mit einem Dreibuchstaben-Code angegeben (s. Tabelle der Aminosäuren). So würde das erste Dipeptid in der Darstellung oben rechts N-Gly-Ser-C heißen, weil es N-terminal die Aminosäure Glycin trägt und C-terminal die Aminosäure Serin. Das Dipeptid darunter würde sinngemäß als N-Ser-Gly-C bezeichnet. Die Aminosäuresequenz eines Proteins oder dessen Primärstruktur ist deshalb so wichtig, weil mit der Art der eingebauten Aminosäuren die zukünftigen Eigenschaften des Proteins festgelegt werden. Die Aminosäuren, resp. deren Reste, lassen sich in vier Kategorien einteilen:

- unpolare Reste enthalten meist nur C und H Atome
- polare Reste haben die Möglichkeit H-Brücken zu bilden oder Dipol-Dipol - Bindungen bzw. Ion-Dipol-Bindungen
- saure Reste (nur Asp und Glu) sind bei pH 7 größtenteils negativ geladen
- basische Reste (nur Lys, Arg, His) sind bei pH 7 größtenteils positiv geladen

Die Eigenschaften der Reste sind entscheidend für die Wechselwirkungen innerhalb des Proteins und zwischen Protein und Umgebung.



## L 88

### Fragen zu L 88

1. Wie viele verschiedene Tripeptide lassen sich aus drei verschiedenen Aminosäuren bilden, wenn nicht zwingend alle drei im Peptid vorkommen müssen?
2. Auf welche Art und Weise könnten saure und basische Reste miteinander wechselwirken?
3. Wie beurteilen Sie die Wasserlöslichkeit der beiden in diesem Lernschritt vorgestellten Dipeptide?

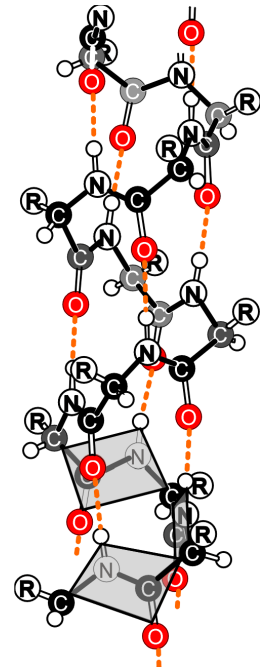
# Sekundärstrukturen I - Die $\alpha$ -Helix

Damit Proteine ihre biologischen Funktionen erfüllen können, sind richtige Primärstrukturen Voraussetzung.

Ebenso wichtig ist die richtige Faltung der Peptidkette. Diese wird durch anziehende Kräfte zwischen Molekülteilen bestimmt. Man müsste annehmen, dass bei der Länge der Peptidkette praktisch unendlich viele Konformationen möglich wären. Diese Möglichkeiten werden aber eingeschränkt durch die nicht frei drehbare Peptidbindung, wodurch die dort benachbarten Atome in einer Ebene liegen müssen (graue Flächen). Die Ebenen sind jedoch relativ zu einander drehbar und trachten danach sich so auszurichten, dass die aktiven Stellen der Peptidbindungen (H an N) H-Brücken bilden können zu den passiven Stellen an den Carbonyl-O-Atomen einer benachbarten Aminosäure. Lokal bilden sich charakteristische Strukturen aus, welche in vielen Proteinen in ähnlicher Form immer wieder auftreten. Man nennt sie Sekundärstrukturen, da sie neben der Aminosäuresequenz (Primärstruktur) eine zweite Art von strukturellen Merkmalen in einem Protein bilden.

Eine häufig auftretende innermolekulare Sekundärstruktur ist die sog.  $\alpha$ -Helix ( $\alpha$ -Schraube), bei der die Peptidkette schraubenförmig (wie eine Wendeltreppe) um eine Achse aufgewickelt ist. Es ist meist eine rechtsdrehende Schraube (chiral), da von Natur aus jeweils nur ein bestimmtes der Enantiomere von den chiralen Aminosäuren verwendet wird. Pro Umgang liegen 3,6 Aminosäurereste vor, die seitlich vom Schraubenkörper nach außen abstehen. Dabei werden alle Carbonyl-O-Atome und alle an N hängenden H-Atome zur Bildung von H-Brücken eingesetzt, so dass der Schraubenkörper bei Normaltemperatur starr ist. Die H-Brücken bilden sich auf der Außenseite der Wendeltreppe wie senkrechte Verstrebnungen vom unteren zum oberen Stock. Solche Schraubenkörper werden durch in der Peptidkette eingebaute Aminosäuren Prolin unterbrochen.

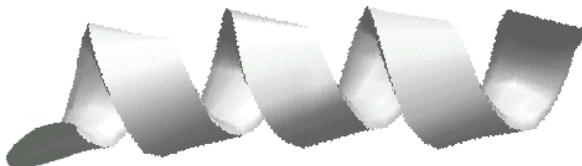
Da das sog. Rückgrat der  $\alpha$ -Helix -bestehend aus den Peptidbindungen und den Bindungen zum  $\alpha$ -C-Atom - unabhängig von Seitenketten immer gleich gestaltet ist, kann man den Verlauf des Peptidfadens in einem Protein auch vereinfacht darstellen: Man lässt die Seitenketten weg und zeichnet eine idealisierte Helix, bei welcher die Drehrichtung des Schraubenkörpers viel besser ersichtlich ist.



## L 89

### Fragen zu L 89

1. Warum werden  $\alpha$ -Helices durch eingebautes Prolin unterbrochen?
2. Welche Atome eines Proteinmoleküls sind direkt für die Stabilisierung von Sekundärstrukturen notwendig?
3. Eine  $\alpha$ -Helix ist eine rechtsdrehende Schraube. Ist eine gewöhnliche Metallschraube rechts- oder linksdrehend?

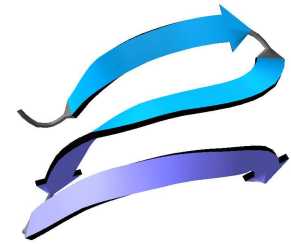


# Sekundärstrukturen II - Faltblattstrukturen

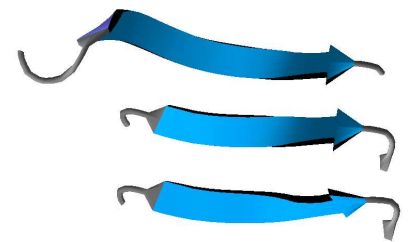
Es gibt auch Sekundärstrukturen, bei denen die H-Brücken zwischen in der Peptidkette weit auseinander liegenden Aminosäuren gebildet werden. Eine Möglichkeit hierfür ist die sog. Faltblattstruktur, bei der parallel beisammen liegende Peptidabschnitte gewellte Ebenen bilden, wobei die Aminosäurereste an den „Dachfirsten“ und „Dachtraufen“ senkrecht wegstehen. Während bei einer Helix die in einer Ebene liegenden Atome um die Peptidbindung (graue Flächen) zu den Nachbarebenen immer den gleichen Torsionswinkel ("Verdrehwinkel") aufweisen, so wie bei einer Wendeltreppe die Stufen immer im gleichen Winkel zueinander angeordnet sind, ist der Torsionswinkel der Peptidbindungsebenen bei der Faltblattstruktur abwechslungsweise positiv und negativ. Der Peptidfaden verläuft zwar in einem Zick-zack, weist aber idealerweise über eine gewisse Strecke keine wesentliche Richtungsänderung auf. Schließen sich solche geraden Abschnitte parallel über H-Brücken zusammen, bilden sich ebene Strukturen, welche sich idealisiert mit flachen, nebeneinander liegenden Pfeilen darstellen lassen (Abbildungen rechts). Der Pfeil gibt den Verlauf des Peptidfadens der Richtung N-Terminus → C-Terminus wieder. H-Brücken bilden sich dann ideal aus, wenn die Fäden antiparallel beieinander liegen, d.h. wenn die Fäden gegensätzliche Laufrichtungen aufweisen. In der Sequenz aufeinander folgende Aminosäuren können so zusammen ein Faltblatt bilden, da der Faden durch einen einfachen "U-Turn" (engl. für U-förmige Richtungsänderung) an sich selbst zurücklaufen kann.

Trotzdem findet man in Proteinen recht häufig parallele Faltblätter, wo der Faden große Umwege beschreiten muss, um sich parallel mit einem anderen Abschnitt über H-Brücken zu verknüpfen. Diese Umwege können so lang sein, dass in ihnen sich andernorts neue Faltblätter oder helicale Anordnungen bilden.

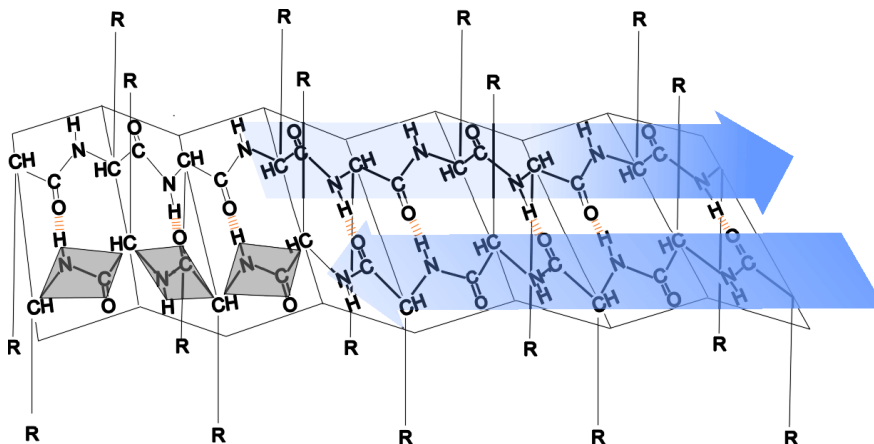
Unten ist ein Idealfaltblatt dargestellt. Oft sind die Ebenen stark verdreht (engl. twisted), so dass der Übergang zu einer nicht definierten Struktur fließend ist.



Antiparallele Faltblattstruktur, gegen die Enden verdreht



Parallele Faltblattstruktur



## L 90

### Fragen zu L 90

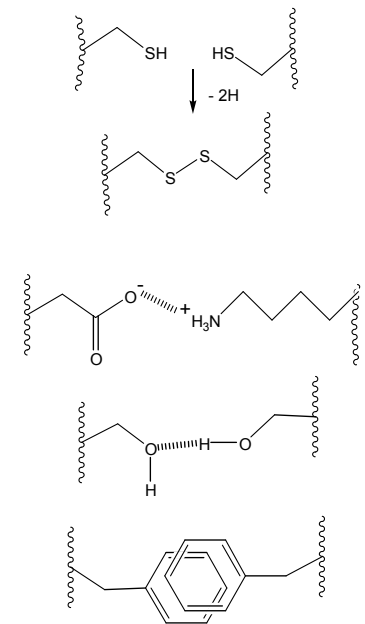
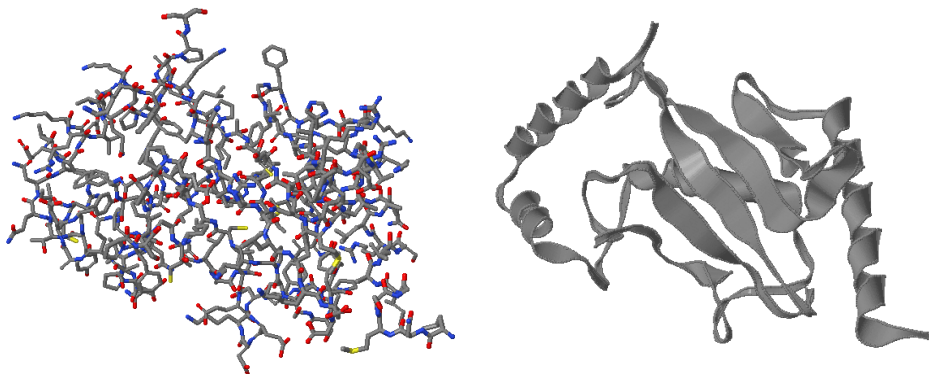
1. Handelt es sich beim links gezeichneten Modell eines Faltblatts um ein paralleles oder antiparalleles Faltblatt?
2. Ein Protein, wie in der Einleitung des Kapitels dargestellt, kann unmöglich seine Aminosäureseitenketten alle ins Leere ragen lassen. Welche wichtigen Aufgaben könnten diese nach innen gerichteten Aminosäureseitenketten wahrnehmen?
3. Welche Sekundärstruktur bildet pro Aminosäure am meisten H-Brücken aus? (Annahme: 18 Aminosäuren, Faltblatt aus zwei Peptidfäden.)

# Tertiärstrukturen

## Kapitel 13: Proteine

Die Entdeckung, dass ein Peptidfaden meist nur wenige unterschiedliche Sekundärstrukturen bildet, hat die vereinfachte Darstellung der ungefähren dreidimensionalen Struktur des Gesamtproteins wesentlich erleichtert. Dank seinem modularen Bau mit Sekundärstrukturen, muss nämlich nur noch gezeigt werden, wie die Sekundärstrukturen relativ zueinander angeordnet sind. (Darstellung unten rechts). Man erhält so die Tertiärstruktur des Proteins, die den Sekundärstrukturen übergeordnet ist. Der Peptidfaden bildet von Modul zu Modul sog. Zufallsstrukturen, d.h. Konformationen, welche keiner definierten Sekundärstruktur zugeordnet werden können. Die Tertiärstruktur könnte vereinfachend auch als die Gestalt des ganzen Proteins bezeichnet werden. Die Tertiärstruktur wird im Gegensatz zu den Sekundärstrukturen durch Wechselwirkungen zwischen Aminosäureseitenketten stabilisiert. Mögliche Wechselwirkungen sind rechts dargestellt, wobei nur die sog. Disulfidbrücke (siehe auch *L Elaste*), gebildet durch die Kondensation von zwei Cystein-Seitenketten, eine kovalente Bindung darstellt. Sie ist die einzige, welche auch stärkeren chemischen Einflüssen zu trotzen vermag. Die anderen Wechselwirkungen beruhen auf der Ausbildung von ionischen Kräften, H-Brücken und VAN DER WAALSschen Kräften (In dieser Reihenfolge rechts dargestellt). Die letzten drei vermögen in der Regel einer stärkeren Wärmebewegung nicht Stand zu halten, so dass im Protein irreversible Konformationsänderungen auftreten können. Man spricht von Denaturierung des Proteins. Eine bekannte Denaturierung ist die Veränderung in den Proteinen des Eiklars, welches beim Kochen gallertartig, weiß und unlöslich wird. Auch Säuren und Lösungsmittel wie Ethanol oder Aceton vermögen diese Wechselwirkungen zu beeinträchtigen.

Es gibt verschiedene Möglichkeiten die Tertiärstruktur eines Proteins darzustellen. Unten abgebildet ist zweimal dasselbe Protein, einmal als Stabmodell und einmal als Bändermodell. In der Einleitung zu diesem Kapitel ist das gleiche Protein als Kalottenmodell dargestellt.



# L 91

## Fragen zu L 91

1. Welche Vor- und Nachteile haben die drei hier vorgestellten Darstellungsarten für Tertiärstrukturen?
2. Warum halten ionische Bindungen bei pH-Änderungen – z.B. bei Zugabe von Säure – nicht mehr?
3. In den Darstellungen oben sind nur die Seitenketten der Aminosäuren dargestellt. Um welche Aminosäuren handelt es sich und aus welcher Eigenschaftsgruppe (s. T 3) stammen sie?



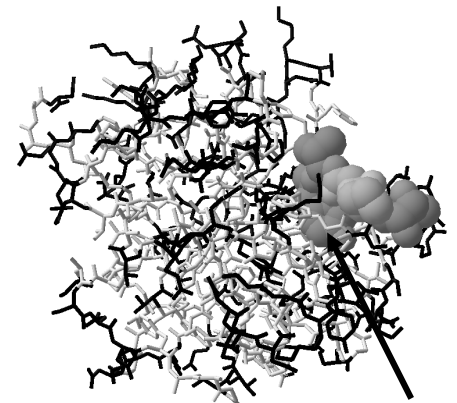
# In wässriger Umgebung lösliche Proteine – z.B. Enzyme

Chymotrypsin ist ein Enzym, d.h. ein katalytisch wirksames Protein. Es katalysiert die Hydrolyse von anderen Peptiden (z.B. von Fleischproteinen) im Darm bevorzugt bei deren aromatischen Aminosäuren. Die Fremdproteine haben auf ihrem Weg in den Darm bereits den Magen passiert, wo sie unter dem Einfluss der Magensäure denaturiert wurden.

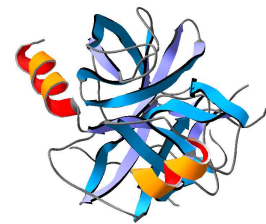
Chymotrypsin selbst ist in wässrigen Lösungen und unter pH-Werten, wie sie im Darm herrschen löslich, das bedeutet, dass die Tertiärstruktur den Kontakt von seinen wasserlöslichen Aminosäureseitenketten mit der wässrigen Umgebung ermöglichen muss. Im Stabmodell rechts wurden alle polaren Aminosäuren schwarz eingefärbt, die unpolaren grau. Man sieht deutlich, dass das Protein globulär (kugelig) ist und die polaren Aminosäureseitenketten an der Oberfläche exponiert sind, was ein häufiges Merkmal von löslichen Proteinen ist.

Im selben Bild ist stellvertretend für ein Fremdprotein ein Pentapeptid (Thr-Pro-Gly-Val-Tyr) raumfüllend dargestellt, welches an das Enzym angedockt hat. Alle Enzyme haben ein sog. aktives Zentrum, d.h. eine handschuhförmige Tasche in ihrer Oberfläche, in die das beim jeweiligen Stoffwechselschritt zu verändernde Molekül – Substrat genannt – genau hineinpasst. Als Substrate kommen beliebige Moleküle in Frage, nicht nur Proteine. Wie bei einer Hand in einem Handschuh werden auch Enantiomere unterschieden. Durch zwischenmolekulare Wechselwirkungen im aktiven Zentrum des Enzyms werden im entstehenden Enzym-Substrat-Komplex bestimmte Bindungen im Substrat gelockert, so dass der jeweilige Reaktionsschritt ablaufen kann. (Bei Chymotrypsin passt die aromatische Seitenkette eines fremden Peptids – z.B. diejenige von Tyrosin - so in eine Tasche auf der Oberfläche des Enzyms, dass am  $\alpha$ -C-Atom ein nukleophiler Angriff eines O-Atoms von einer Serin-Seitenkette des Enzyms erfolgen kann).

Nicht jedes lösliche Protein ist ein Enzym. Hämoglobin z.B., das rote sauerstofftransportierende Protein im Blut gehört zu den Transport-Proteinen. Sein Bau ist insofern besonders, als dass es zur Bindung von Sauerstoff ein großes organisches Molekül, das Häm gebunden hat und nur in Vierergruppen funktionstüchtig ist. Es hat also noch eine der Tertiärstruktur übergeordnete Struktur, eine Quartärstruktur.



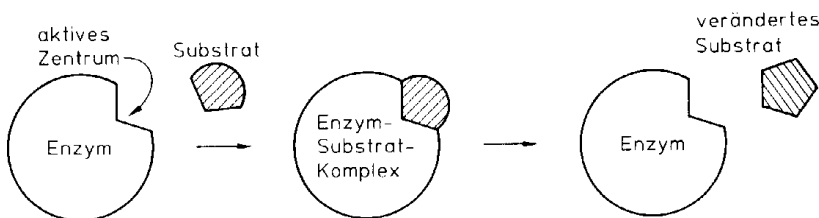
aromatischer Ring von Tyrosin



## L 92

### Fragen zu L 92

- Definieren Sie kurz die Begriffe:
  - Enzym
  - Substrat
  - aktives Zentrum
  - Quartärstruktur
- Welche Aminosäuren muss die „Tasche“ eines fettabbauenden Enzyms enthalten?
- Wasserlösliche Proteine können in hydrophoben organischen Lösungsmitteln mit ihresgleichen verklumpen und ausfallen. Warum?





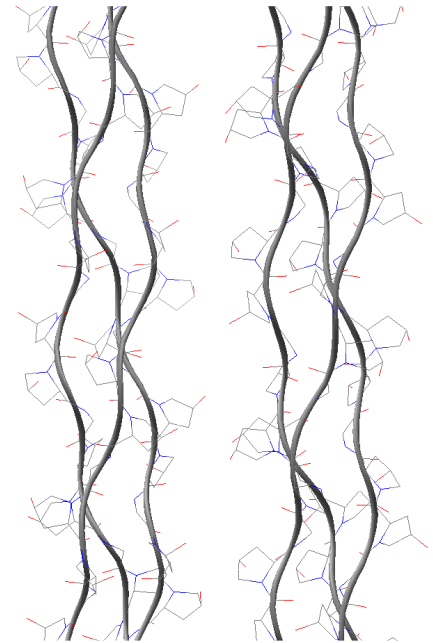
# In wässriger Umgebung nicht lösliche Proteine

Hier unterscheiden wir zwei Typen:

1. Proteine, welche unter Zellbedingungen prinzipiell nicht löslich sind.
2. Proteine, welche in hydrophobem Milieu löslich sind.

Zu den ersten gehören die Faser- oder Gerüstproteine. Sie bilden feste Bestandteile eines Organismus, wie: Muskeln, Haare, Haut, Bindegewebe, Nägel etc. Ein häufig auftretendes gemeinsames Merkmal ist eine repetitive Aminosäuresequenz, welche lange Ketten bildet. Die Aminosäureseitenketten an den Peptidfäden tendieren zu zwischenmolekularen Bindungen mit den Seitenketten von Nachbarfäden und weniger zu Bindungen innerhalb des Moleküls, welche eine Tertiärstruktur stabilisieren würden. Ihre Tertiärstrukturen sind denn auch häufig einfach. Viele dieser Proteine haben eine seilartige Struktur oder bilden gar ganze Bündel von Seilen, wie das Beispiel des Haut- und Bindegewebeproteins Kollagen (rechts sind zwei "Seile" aus einem Bündel dargestellt) zeigt. Durch teilweise Hydrolyse von Kollagen ("Leimbildner") aus Knochen oder Bindegewebe kann man den sog. Knochenleim herstellen. Kollagen ist reich an Glycin und dem sonst seltenen Hydroxy-Prolin, welche beide die helicale (aber nicht  $\alpha$ -helicale!) Struktur des Kollagenmoleküls begünstigen. Die Festigkeit des Kollagens basiert u.a. auf der Bildung von Superhelices aus je drei umeinander geschlungenen Helices, welche starke zwischenmolekulare Wechselwirkungen zu Nachbarsuperhelices aufbauen.

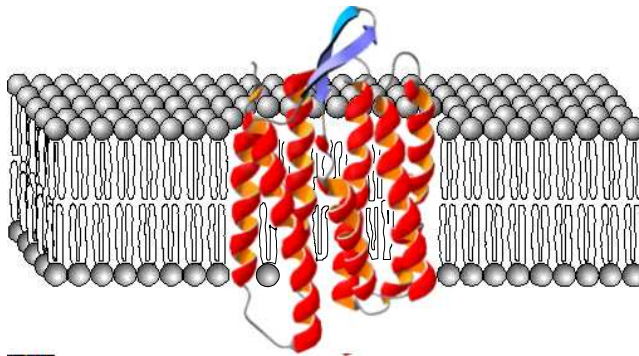
In Lipiden löslich, jedoch nicht in Wasser sind die sog. Membranproteine. Sie „schwimmen“ in den Lipiddoppelschichten, welche die Zellmembranen bilden. Sie durchdringen die Lipiddoppelschichten oft mit  $\alpha$ -Helices und ragen auf beiden Seiten hinaus. Viele von ihnen arbeiten als „Pfortnermoleküle“ und kontrollieren den Fluss von wasserlöslichen Molekülen oder Ionen durch die eigentlich wasserdichte Zellmembran, wobei sie ähnlich wie Enzyme sehr spezifisch arbeiten können. Sie sind also wesentlich am Stoffaustausch zwischen der Zelle und ihrer Umgebung beteiligt. Andere tragen auf den aus der Lipidschicht herausragenden Abschnitten organismusspezifische Moleküle, welche der Körperabwehr die Erkennung von körpereigenen Zellen ermöglichen. Ihre Lipidlöslichkeit erreichen sie durch eine Anreicherung von unpolaren Aminosäuren an der in der Membran liegenden Proteinoberfläche.



## L 93

### Fragen zu L 93

1. Viele Faser- oder Gerüstproteine können nicht zugleich mit Nachbarproteinen stark zusammenhalten und zugleich komplizierte Tertiärstrukturen bilden und sind auch deshalb relativ einfach aufgebaut. Erläutern Sie diesen Zusammenhang.
2. Welche Art von Aminosäuren müsste der Peptidfaden eines Membranproteins enthalten, der aus der Membran herausragt?
3. Könnten Ionen durch das Innere einer  $\alpha$ -Helix durch eine Zellmembran diffundieren? Vgl. dazu auch die Abbildungen in *L Tertiärstrukturen* und in der Einleitung zu diesem Kapitel.



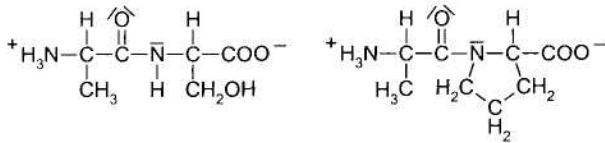
## Erfolgskontrolle zu Kapitel 13

1. Warum haben nicht alle Aminosäuren denselben IEP?
2. Zeichnen Sie die Valenzstrichformel (mit allen H-Atomen) der Dipeptide N-Ala-Ser-C und N-Ala-Pro-C bei neutralem pH.
3. Gibt es Unterschiede bezüglich der Anzahl Stellen für H-Brücken bei den Dipeptiden von Aufgabe 1?
4. Enthält eine  $\alpha$ -Helix die Aminosäure Prolin, so tritt an dieser Stelle ein Knick in der Helix auf. Warum?
5. Welches sind die stärksten pH-unabhängigen Bindungen, die Tertiärstrukturen stabilisieren?
6. Warum sind ionische Tertiärbindungen pH-abhängig?
7. Von welchen Sekundärstrukturen und ihren Untervarianten war in diesem Kapitel die Rede.
8. Welche der Sekundärstrukturen aus Aufgabe 7 dominieren in Membranproteinen?
9. Durch Denaturierung (Erhitzen, pH-Änderungen, Salzlösungen, Alkohol usw.) verlieren die meisten Proteine ihre biologische Aktivität. Welche Veränderungen erfolgen bei Denaturierungsvorgängen?
10. Welche Eigenschaften müssen Aminosäurereste an der Oberfläche gut wasserlöslicher kugeliger Proteine (sog. globuläre Proteine) haben?
11. Welche Bedeutung haben Proteine in allen Lebewesen? Geben Sie zudem 4 weitere wichtige Funktionen dieser Stoffklasse an.

## Antworten Erfolgskontrolle Kapitel 13

1. a) Nicht alle Aminosäuren haben die gleichen Seitenketten, was sich auf die Elektronenverteilung an der Amino- und Carboxy-Gruppe auswirken kann. Dies wiederum hat einen Einfluss auf die Basen- bzw. Säurestärke dieser Gruppen.
- b) Einige Aminosäuren haben eine zweite Amino- oder Carboxy-Gruppe.

2.



3. Das Dipeptid mit der Aminosäure Prolin (rechts) hat keine aktive Stelle für H-Brücken am N der Peptidbindung. Das Dipeptid links hat zusätzlich eine aktive und zwei passive Stellen an der OH-Gruppe.
4. In einem Peptidfaden sind nur die Bindungen N— $\alpha$ -C und  $\alpha$ -C—COO frei drehbar. Bei einer  $\alpha$ -Helix sind bei beiden bestimmte Torsionswinkel erforderlich. In Prolin ist aber die Bindung N— $\alpha$ -C nicht frei drehbar, der für die Helix erforderliche Torsionswinkel kann nicht eingenommen werden.
5. Die (kovalenten) Disulfidbrücken zwischen Cysteinresten.
6. Weil die eine Ionenart bei starken Abweichungen von pH 7 entladen wird.
7. Von der  $\alpha$ -Helix, dem Faltblatt mit den Untervarianten parallel und antiparallel und – sofern man sie als Sekundärstrukturen bezeichnen will – Zufallsstrukturen (s. *L Tertiärstrukturen*).
8. Die  $\alpha$ -Helix.
9. Nur Veränderungen der Sekundär- und Tertiärstrukturen. (Durch Erhitzen können H-Brücken und VAN DER WAALS-sche Bindungen gebrochen und an anderer Stelle wieder geknüpft werden, Ionen von Salzen treten in Konkurrenz mit den salzartigen Bindungen, die auch von polaren Lösungsmitteln (Alkohol) beeinflusst werden, welche insbesondere aber die H-Brücken von Sekundär- und Tertiärbindungen beeinflussen.)
10. Sie müssen hydrophil (wasserliebend) sein (Gruppen -OH oder geladene Stellen).
11. Als Enzyme, „Träger der Lebensfunktionen“. Gerüst- und Muskelbau, Transport, Immunabwehr.

