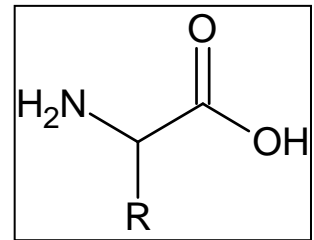


M1: Die Primärstruktur von Proteinen

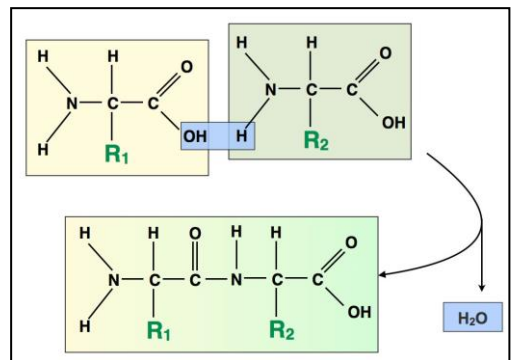
Die Monomere von Proteinen, zu denen die meisten Enzyme zählen, sind die *Aminosäuren*. Ihre Moleküle zeichnen sich durch das Vorhandensein von mindestens einer Carboxygruppe und mindestens einer Aminogruppe aus.



Allgemeine Struktur einer Aminosäure.

Es gibt mehrere hundert Verbindungen, auf die diese Voraussetzung zutrifft. Allerdings sind nur ca. 20 Aminosäuren in natürlich vorkommenden Proteinen enthalten. Diese werden als *proteinogene Aminosäuren* bezeichnet. Alle proteinogenen Aminosäuren sind α -Aminosäuren, d.h. die Aminogruppe befindet sich am der Carboxygruppe benachbarten C-Atom. Außerdem trägt dieses C-Atom einen Rest, der spezifisch für die jeweilige Aminosäure ist und unterschiedliche Moleküleigenschaften aufweisen kann.

In Proteinen sind die Aminosäuren über so genannte Peptidbindungen verbunden. Dabei kondensieren zwei Aminosäure-Moleküle unter Wasserabspaltung zu einem Peptid-Molekül. Proteine bestehen aus Ketten von meist mehreren 100 bis mehreren 1000 Aminosäuren und werden deshalb

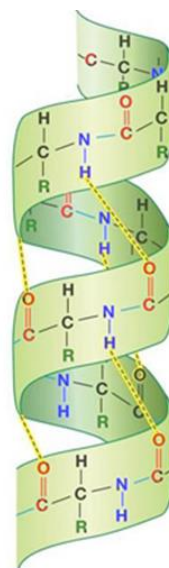


Bildung einer Peptidbindung [1].

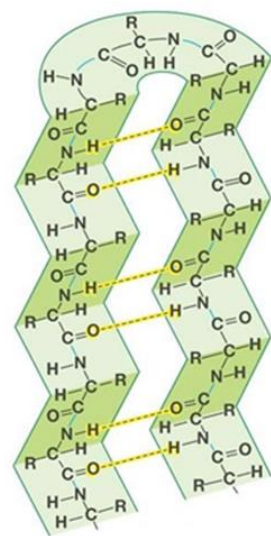
Polypeptide genannt. Dabei variiert die Anordnung der unterschiedlichen Reste stark. Die Sequenz der Aminosäuren ist in der DNA codiert und wird als *Primärstruktur* bezeichnet.

M2: Die Sekundärstruktur

Das Rückgrat einer Polypeptidkette enthält Carbonylgruppen und die an der Peptidbindung beteiligten Stickstoffatome, welche ein H-Atom tragen. Deshalb bilden sich Wasserstoffbrückenbindungen zwischen der polaren N-H-Bindung und der Carbonyl-Doppelbindung. Das führt häufig zu einer regelmäßigen dreidimensionalen Anordnung der Ketten. Diese bilden innerhalb eines Proteinmoleküls abgegrenzte Bereiche, die man als *Sekundärstruktur* bezeichnet. α -Helices werden in Abbildungen als Spirale, β -Faltblätter als flacher Pfeil dargestellt. Bereiche ohne eindeutige Sekundärstruktur nennt man *random coil*.



Die α -Helix



Das β -Faltblatt

Zwei häufige Sekundärstrukturen [2].

M3: Die Tertiärstruktur

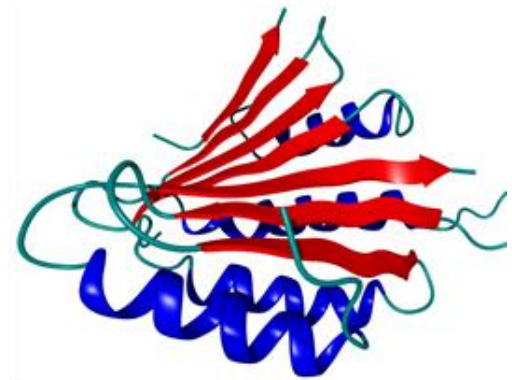
Die Sekundärstruktur wird durch das Rückgrat der Polypeptidkette erzeugt. Allerdings bilden sich auch Bindungen zwischen den verschiedenen Resten der Aminosäuren aus. Diese können sämtliche gängigen Wechselwirkungen zwischen Molekülen umfassen, im Einzelnen:

- Van-der-Waals-Wechselwirkungen
- Wasserstoffbrückenbindungen bzw. Dipol-Dipol-Wechselwirkungen
- Elektrostatische Anziehungskräfte (ionische Bindungen) zwischen geladenen Resten
- Disulfidbrücken: Kovalente Bindungen zwischen Schwefelatomen

Durch diese Bindungen zwischen den Aminosäureresten werden z.B. einzelne α -Helices und β -Faltblätter zu dreidimensionalen Strukturen vernetzt.

Rechts abgebildet ist die Tertiärstruktur eines Proteins; α -Helices werden in solchen Abbildungen als Spirale, β -Faltblätter als flache Pfeile dargestellt.

Die Bildung der korrekten Tertiärstruktur ist ein sehr komplexer Vorgang während der Proteinbiosynthese und erfordert ihrerseits die Hilfe von Enzymen.



Eine Tertiärstruktur [3].

M4: Die Quartärstruktur

Häufig kann eine Polypeptidkette nicht allein ihre Funktion ausüben, sondern erst mehrere Proteinketten (Untereinheiten), die miteinander wechselwirken. Es gibt auch Proteine, die für ihre Wirkung sogenannte *Cofaktoren* benötigen. Dabei kann es sich um kleine organische Moleküle oder auch Metallionen oder -komplexe handeln. Der Zusammenschluss von einer oder mehreren Proteinketten und ggf. Cofaktoren bildet die *Quartärstruktur*.

A1: Begründen Sie die Zuordnung der 20 wichtigsten proteinogenen Aminosäuren in die Kategorien *unpolar*, *polar* und *geladen*.

A2: Die Aminosäure Prolin wird als „Helixbrecher“ bezeichnet. Stellen Sie eine Hypothese auf, warum das so ist.

A3: Nennen Sie für jeden Bindungstyp, der zur Ausbildung einer Tertiärstruktur führen kann, eine Kombination zweier möglicher Aminosäurereste.

<p>Glycin G (Gly)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{H} \end{array}$	<p>Alanin A (Ala)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_3 \end{array}$	<p>Valin V (Val)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH} \\ \quad \\ \text{CH}_3 \quad \text{CH}_3 \end{array}$	<p>Isoleucin I (Ile)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{H}_3\text{C}-\text{CH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_3 \end{array}$	<p>Leucin L (Leu)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COO} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH} \\ \quad \\ \text{CH}_3 \quad \text{CH}_3 \end{array}$	
<p>Methionin M (Met)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{S} \\ \\ \text{CH}_3 \end{array}$	<p>Phenylalanin F (Phe)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C}_6\text{H}_5 \end{array}$	<p>Tryptophan W (Trp)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C}_8\text{H}_6\text{N} \end{array}$	<p>Prolin P (Pro)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{H}_2\text{C} \quad \text{CH}_2 \\ \quad \\ \text{CH}_2 \end{array}$		
<p>Serin S (Ser)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{OH} \end{array}$	<p>Threonin T (Thr)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH} \\ \quad \\ \text{OH} \quad \text{CH}_3 \end{array}$	<p>Cystein C (Cys)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{SH} \end{array}$	<p>Tyrosin Y (Tyr)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C}_6\text{H}_4 \\ \\ \text{OH} \end{array}$	<p>Asparagin N (Asn)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C} \\ \quad \\ \text{NH}_2 \quad \text{O} \end{array}$	<p>Glutamin Q (Gln)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C} \\ \quad \\ \text{NH}_2 \quad \text{O} \end{array}$
<p>Asparaginsäure D (Asp)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C} \\ \quad \\ \text{O}^- \quad \text{O} \end{array}$	<p>Glutaminsäure E (Glu)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C} \\ \quad \\ \text{O}^- \quad \text{O} \end{array}$	<p>Lysin K (Lys)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{NH}_3^+ \end{array}$	<p>Histidin H (His)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{C}_4\text{H}_3\text{N}_2^+ \end{array}$	<p>Arginin R (Arg)</p> $\begin{array}{c} \text{H} \\ \\ \text{H}_2\text{N}-\text{C}-\text{COOH} \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{CH}_2 \\ \\ \text{NH} \\ \\ \text{C} = \text{NH}_2^+ \\ \\ \text{NH}_2 \end{array}$	
negativ			positiv		

Die 20 wichtigsten proteinogenen Aminosäuren [4].

Quellen:

- [1] <https://www.u-helmich.de/bio/cytologie/02/021/Proteine/Proteine20-22.html>, eingesehen 17.11.19
- [2] <http://cbm.msoe.edu/teachingResources/proteinStructure/secondary.html>, eingesehen 16.11.19
- [3] <https://de-academic.com/dic.nsf/dewiki/1135245>, eingesehen am 3.7.23
- [4] https://www2.klett.de/sixcms/media.php/229/DO01150010_OL_0231.pdf, eingesehen 17.11.19

BIO

Enzymkatalyse

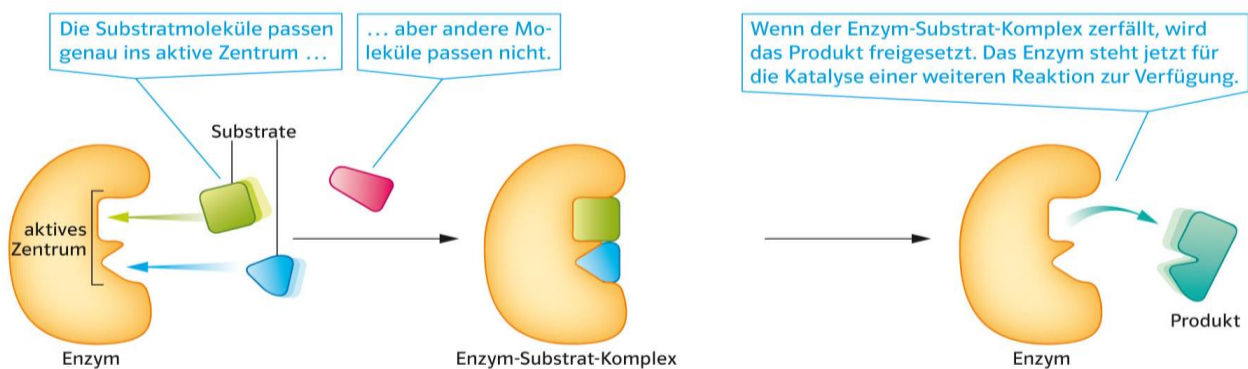
Enzyme sind Biokatalysatoren. Katalysatoren sind Stoffe, die die Geschwindigkeit chemischer Reaktionen erhöhen, ohne selbst bei der Reaktion verbraucht zu werden. Die typische Endung ihrer Namen ist *-ase*. Somit ist eine ATPase ein Enzym, das das Molekül ATP spaltet.

Den Stoff, der von einem Enzym verändert (z.B. seine Moleküle gespalten) wird, nennt man **Substrat**.

Enzyme sind **substratspezifisch**: Sie sind so geformt, dass die Substratmoleküle genau auf das aktive Zentrum des Enzyms passen. Man spricht hier vom **Schlüssel-Schloss-Prinzip**.

Trifft ein Substratmolekül auf ein Enzym, binden Enzym und Substrat aneinander und bilden einen **Enzym-Substrat-Komplex**. Daraufhin ändert das Enzym seine Konformation so, dass das Substratmolekül verändert wird. Bindet zum Beispiel ein Maltosmolekül an das Enzym Maltase, verändert sich die Konformation der Maltase so, dass das Maltosmolekül in zwei Glucosemoleküle gespalten wird. Ein Enzym kann immer nur eine ganz spezifische Reaktion katalysieren. Es arbeitet **wirkspezifisch**.

Das Substrat wurde chemisch verändert. Es ist ein **Produkt** entstanden. Nun lösen sich die Produktmoleküle vom Enzym, so dass Enzym und Produkt(e) getrennt voneinander vorliegen. Das Enzym hat seine Konformation wieder so verändert, dass es ein neues Substrat-Molekül binden kann. Es wird also nicht verbraucht, sondern steht nach der Reaktion wieder unverändert zur Verfügung. Der erste Schritt, die Bildung des Enzym-Substrat-Komplexes, ist eine Gleichgewichtsreaktion. Das bedeutet, dass auch immer ein Teil der gebildeten Enzym-Substrat-Komplexe wieder zerfällt. Wurde das Produkt aber erst einmal gebildet, reagiert es nicht wieder zurück.



Schematische Darstellung einer enzymkatalysierten Reaktion.

A1: Formulieren Sie eine allgemeine Reaktionsgleichung für enzymkatalysierte Reaktionen. Nutzen Sie folgende Symbole: *S* für Substrat, *P* für Produkt, *E* für Enzym, *[ES]* für Enzym-Substrat-Komplex.

A2: Erklären Sie Ihre*m Sitznachbar*in mit Hilfe der Legeschablonen die Wirkweise eines Enzyms.