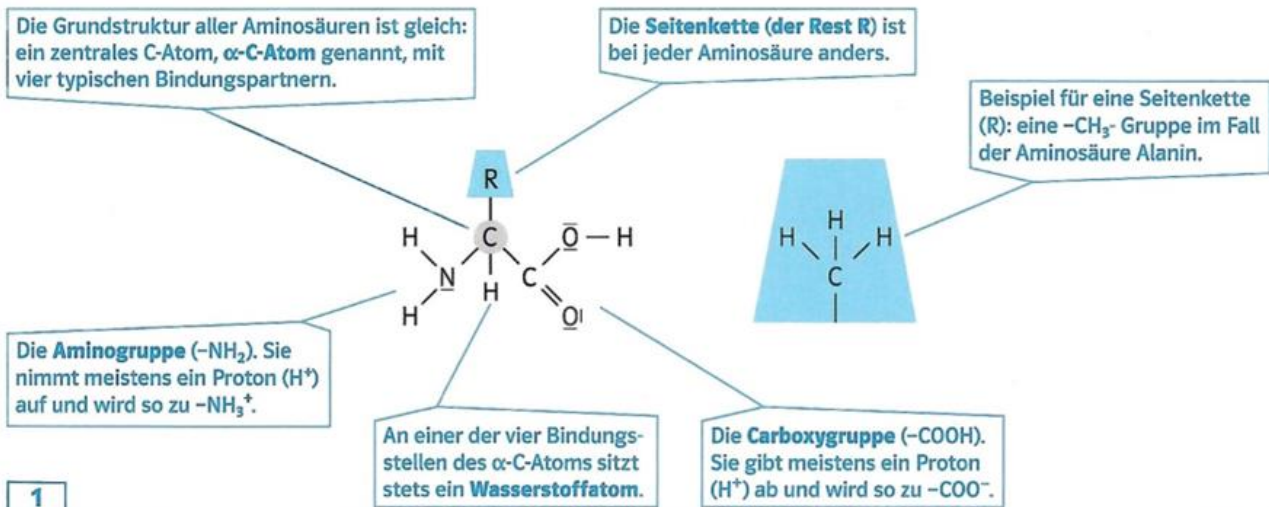


Wiederholung: Proteine (Eiweiße)

Jedes Protein hat eine andere Aminosäuresequenz



Die in Proteinen vorkommenden Aminosäuren sind im Grundaufbau alle gleich, doch es gibt 20 verschiedene Seitenketten.

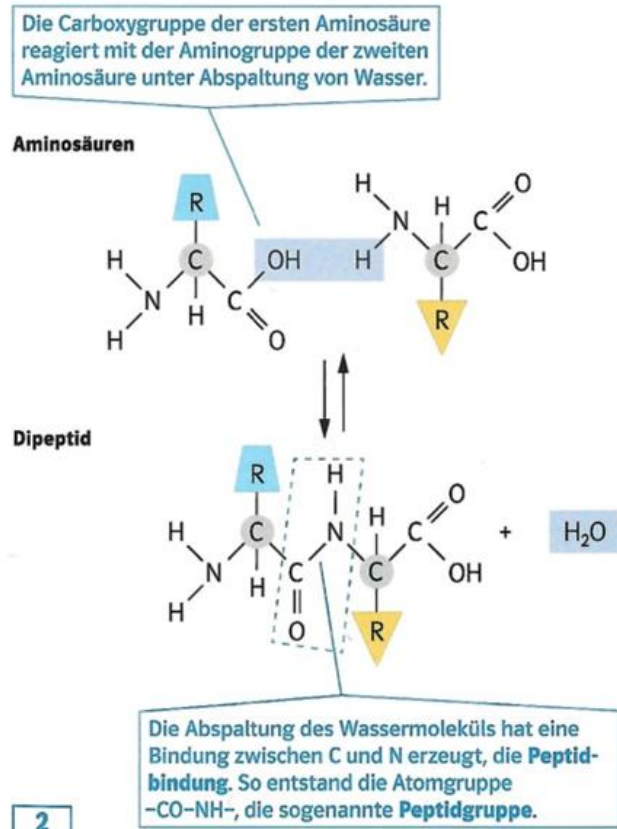
Proteine (Eiweißstoffe) sind die vielfältigste Stoffgruppe in Zellen. Sie sind daher ideale Hauptakteure für vielfältige Funktionen. Dabei sind alle Proteine einheitlich aus einem Satz von Grundbausteinen aufgebaut, den **Aminosäuren**. Sie sind zu langen Ketten miteinander verbunden. Vielfältig und doch einheitlich, das klingt unvereinbar. Um diesen scheinbaren Widerspruch aufzulösen, müssen Sie sich sowohl mit den Grundbausteinen, also den Aminosäuren, als auch mit den Wechselwirkungen zwischen verschiedenen Aminosäuren in einem Protein beschäftigen.

In Proteinen taucht stets die gleiche Palette aus 20 unterschiedlichen Aminosäuren auf. Sie haben folgende Gemeinsamkeiten [Abb. 1]: Sie besitzen ein zentrales Kohlenstoffatom, das α -C-Atom. Es trägt vier Bindungspartner, von denen drei immer gleich sind, nämlich eine Aminogruppe ($-\text{NH}_2$), eine „Säuregruppe“ bzw. Carboxygruppe ($-\text{COOH}$), und ein H-Atom. In organischen Molekülen häufig vorkommende Atomgruppen wie $-\text{NH}_2$ und $-\text{COOH}$ nennt man allgemein **funktionelle Gruppen**. Der vierte Bindungspartner des α -C-Atoms wird als „Rest R“ oder „Seitenkette“ bezeichnet. Er unterscheidet sich bei den 20 Aminosäuren [Abb. 2]. Dies erklärt ihre unterschiedlichen chemischen und physikalischen Eigenschaften. [Abb. 3] bietet eine Gesamtübersicht.

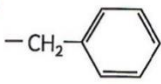
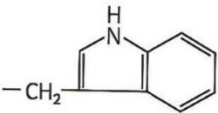
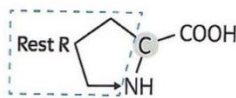
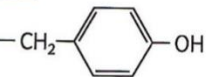
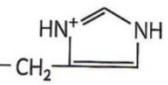
Es gibt auch den Begriff „Aminosäurerest“. Er meint jedoch die ganze im Polypeptid vorhandene Aminosäure und nicht nur deren Seitenkette.

In Proteinen sind meist über 100, manchmal sogar über 1000 Aminosäuren wie Glieder einer Kette miteinander verknüpft. Aber fangen wir klein an: Zwei Aminosäuren lassen sich unter Abspaltung eines Moleküls Wasser (H_2O) miteinander verknüpfen [Abb. 2].

Man nennt diese Verbindung ein **Peptid**, genauer ein **Dipeptid**. Entsprechend bezeichnet man die so entstandene, verbindende Atomgruppe $-\text{CO}-\text{NH}-$ als **Peptidgruppe**. Wird daran – ebenfalls unter Abspaltung



Die Peptidgruppe entsteht durch Abspaltung eines Wassermoleküls.

Aminosäuren				Seitenketten (Rest R)	
G	Gly	Glycin	-H		unpolar
A	Ala	Alanin	-CH ₃	Der 1-Buchstaben-Code in Spalte 1 und der 3-Buchstaben-Code in Spalte 2 sind international festgelegt.	
V	Val	Valin	-CH(CH ₃) ₂		
L	Leu	Leucin	-CH ₂ -CH(CH ₃) ₂		
I	Ile	Isoleucin	-CH(CH ₃)-CH ₂ -CH ₃		
M	Met	Methionin	-(CH ₂) ₂ -S-CH ₃		
F	Phe	Phenylalanin		-CH ₂ - 	
W	Trp	Tryptophan		-CH ₂ - 	
P	Pro	Prolin			
S	Ser	Serin	-CH ₂ -OH		polar
T	Thr	Threonin	-CH(OH)-CH ₃	Bei Prolin bildet R als Besonderheit mit der Aminogruppe einen Ring.	
C	Cys	Cystein	-CH ₂ -SH		
Y	Tyr	Tyrosin		-CH ₂ - 	
N	Asn	Asparagin	-CH ₂ -(CO)NH ₂		
Q	Gln	Glutamin	-(CH ₂) ₂ -(CO)NH ₂		
K	Lys	Lysin	-CH ₂ -(CH ₂) ₃ -NH ₃ ⁺		positiv geladen
R	Arg	Arginin	-(CH ₂) ₃ -NH-C(NH ₂ ⁺)NH ₂		
H	His	Histidin		-CH ₂ - 	
D	Asp	Aspartat *	-CH ₂ -COO ⁻	* Salz der Asparaginsäure	negativ geladen
E	Glu	Glutamat **	-(CH ₂) ₂ -COO ⁻	** Salz der Glutaminsäure	

3

3

Die 20 Aminosäuren der Proteine unterscheiden sich in ihrer Seitenkette (Rest R). Hier sehen Sie die gesamte Palette.

von Wasser – eine dritte Aminosäure gebunden, ist dies ein **Tripeptid** und so weiter.

Bis neun Aminosäuren Kettenlänge spricht man allgemein von einem „Oligopeptid“, ab zehn von einem **Polypeptid** (*poly* (gr.): viele) oder auch von einer **Polypeptidkette** [Abb. 4]. Sie besitzt ein „Rückgrat“ aus der sich wiederholenden Abfolge -NH-CH-CO-. Von diesem Rückgrat stehen die Seitenketten (R) so ab, dass sie nicht überlappen. Das ist die Grundstruktur eines jeden Proteins.

Proteine haben im Körper essenzielle Aufgaben: als Strukturprotein, Muskelprotein, Abwehrprotein (Antikörper), Transportprotein, Signalprotein, Kanalprotein, Rezeptorprotein, Biokatalysator (**Enzym**), molekulare Maschine [S. 14] und vieles andere mehr.

Bei einem Polypeptid aus 100 Aminosäuren gibt es bei 20 verschiedenen Aminosäuren theoretisch 20¹⁰⁰ verschiedene Möglichkeiten der Anordnung in einer Kette. Die Vielfalt möglicher Proteine ist damit

praktisch unendlich. Ein erster Schritt, um ein Protein zu verstehen ist, seine **Aminosäuresequenz** zu bestimmen, d.h. die Abfolge der Aminosäuren in der Polypeptidkette. Früher war das ein zeitraubender chemischer Prozess, der oft Jahre dauerte. Heute kennt man von vielen Organismen die Sequenz des Erbguts, der DNA, und darin sind die Aminosäuresequenzen über den sogenannten **genetischen Code** [vorderer Buchdeckel] festgelegt. Die Übersetzung dauert mit der passenden Software nur Sekunden.

Erst die Kenntnis der Aminosäuresequenz eröffnet die Möglichkeit, Proteine überhaupt im Detail zu erforschen. Nur wenn wir diese Hauptakteure der Zellen verstehen, verstehen wir, wie Zellen und Organismen auf der molekularen Ebene funktionieren. Da zahlreiche Krankheiten auf der Fehlfunktion von Proteinen beruhen, ist dies auch in der Medizin von hoher Bedeutung. Es lohnt sich also, die Proteinstruktur noch etwas genauer zu betrachten.