



FRIEDRICH-SCHILLER-UNIVERSITÄT JENA

Analyse von Superhelices in Proteinen und Drahtseilen

BACHELORARBEIT

zur Erlangung des akademischen Grades

Bachelor of Science (B. Sc.)

im Studiengang Bioinformatik

Friedrich-Schiller-Universität Jena

Matthias-Schleiden-Institut

Fachrichtung Bioinformatik

eingereicht von Lucas Dietrich

geb. am 16.01.1997 in Kandel

Betreuer: Prof. Dr. Stefan Schuster

Jena, 28. März 2022

Kurzfassung

Das Ziel in der vorliegenden Arbeit, ist es zwei fast identisch wirkende Superhelices aus gänzlich nicht verwandten Fachbereichen miteinander zu vergleichen. Die Rede ist von Superhelices in Strukturproteinen, in Oberflächenproteinen und Drahtseilen in der Technik. Um diese Beobachtung besser untersuchen zu können, wurden die Superhelices hierarchisch nach Strukturebenen aufgeteilt und dann in ihrem Aufbau, den Eigenschaften, die Stabilität und den verschiedenen Arten der Helices unter die Lupe genommen. Um den Aufbau besser verstehen zu können, wurde auch jeweils die Herstellung bzw. die Produktion solcher Superhelices beleuchtet. Der Vollständigkeit halber wurden bei den biologischen Superhelices auch noch mal explizit auf die Berechnung der Periode eines Superhelix eingegangen, um die Anzahl der Aminosäuren berechnen zu können.

Basierend auf diesen Bereichen wurde im Anschluss ein ausführlicher Vergleich durchgeführt, der noch mal die wichtigsten Gemeinsamkeiten und Unterschiede der Superhelices zusammen trägt.

Inhaltsverzeichnis

Vorwort	7
1 Einleitung	7
1.1 Hintergrund	7
1.2 Motivation	9
2 Grundlagen	9
2.1 Begriffsklärung	9
2.2 Substrukturen	11
2.2.1 Aufbau von α -Helices	11
2.2.2 Aufbau von Litzen	12
3 Superhelices	13
3.1 Gängigkeit	13
3.1.1 Coiled-Coil-Modelle	14
3.1.2 Helikales Rad	16
3.2 Alternative superhelikale Strukturen	16
3.3 Berechnung der Periode einer Superhelix	17
3.3.1 Herleitung	19
3.3.2 Modifikation	21
3.3.3 Anwendung mit verschiedene Kenngrößen	22
3.3.4 Ergebnisanalyse	22
3.4 Arten von Drahtseilen	23
3.4.1 Laufende Seile	24
3.4.2 Stehende Seile	25
3.4.3 Trageseile	26
3.4.4 Anschlagseile	26
3.4.5 Wichtige Eigenschaften von Drahtseilen	26
3.5 Stabilität	28
3.5.1 Variabilität im hydrophoben Kern	29
3.5.2 Grad der Verdrillung	32

3.5.3	Stabilität in Drahtseilen	33
3.6	Konstruktion	34
3.6.1	Faltung von Superhelices	34
3.6.2	Herstellung von Drahtseilen	36
3.7	Biologische Betrachtung	37
3.8	Theoretische Betrachtung	44
3.8.1	Mathematische Beschreibung	44
3.8.2	Interne Veränderung bei einem verdrehen der Superhelix . . .	46
4	Diskussion	49
4.1	Gemeinsamkeiten	49
4.2	Unterschiede	50
4.3	Schlusswort	51
Abbildungsverzeichnis		53
Literaturverzeichnis		59
Anlagen		60
Selbstständigkeitserklärung		65

Abkürzungsverzeichnis

\AA	Angström
$p(\text{\AA})$	Pitch in Angström
$r(\text{\AA})$	Rise in Angström
α	Schlagwinkel
β	Steigungswinkel
ω	Drehwinkel
aa	Anzahl an Aminosäuren
Periode $_{CC}^*$	Temporäre Periode in Windungen
P_{CC}	Pitch der Superhelix in Angström
R_{CC}	Rise in einer Superhelix in Angström
Periode $_{CC}$	Periode einer Superhelix in Aminosäuren
turns	Anzahl Windungen
sp	Sequenzperiode
wsp	Windungen pro Sequenzperiode
rp	Räumliche Periode
t	Anzahl Windungen nach Anpassung
DNA	Desoxyribonukleinsäure
PDB	Protein Database
HA	Hämagglutinin
HA1	Bindedomäne von Hämagglutinin
HA2	Fusionsdomäne von Hämagglutinin
RNA	Ribonukleinsäure
ssDNA	single Strand DNA
ω_0	Drehwinkel eines Coiled-Coils
ω_1	Drehwinkel einer α -Helix
ω_L	Drehwinkel einer Litze
ω_D	Drehwinkel eines Drahtes
α_L	Schlagwinkel einer Litze

Vorwort

Die vorliegende Bachelorarbeit, beschäftigt sich mit dem Vergleich und der Analyse von zwei nicht verwandten Strukturen, die jedoch einen ähnlichen Aufbau aufweisen. Die Bachelorarbeit habe ich als Abschlussarbeit für mein Studium an der Friedrich-Schiller-Universität Jena im Studiengang Bioinformatik verfasst. Ziel war es, die beiden Strukturen zu untersuchen, um Parallelen und Unterschiede herauszuarbeiten. Dabei war bei den biologischen Strukturen noch die Berechnung der Periode ein bedeutungsvoller Aspekt, der ebenso mit betrachtet wurde. Bei den technischen Strukturen, war dann wieder der interne Aufbau ein wichtiger Aspekt, da diese in vielen Varianten in unterschiedlichen Sachverhalten existieren.

Während des Prozesses der Erstellung dieser Bachelorarbeit stand mir mein Betreuer Prof. Dr. Stefan Schuster bei Fragen immer zur Seite, weswegen ich mir hier für die Hilfe noch mal bedanken möchte.

Ich wünsche Ihnen viel Freude beim Lesen dieser Bachelorarbeit.

Lucas Dietrich

Jena, 28. März 2022

1 Einleitung

1.1 Hintergrund

Francis Crick ist nicht nur bekannt für die Identifizierung der DNA-Struktur, sondern auch bekannt für die Etablierung von Coiled-Coil Struktur in Proteinen [13, 14].

Nicht nur Francis Crick ist in der Geschichte der Coiled-Coils eine wichtige Person, sondern auch Linus Pauling. Beide Wissenschaftler haben in den 1950er-Jahren die Struktur des Coiled-Coils vorgeschlagen, um die Struktur von Keratin zu beschreiben [33]. Bei Coiled-Coils handelt es sich um mindestens zwei α -Helices, die umeinander gewunden sind und im Prinzip ein Bündel von α -Helices bilden.

Proteine bestehen aus verschiedenen Strukturebenen, die sich Primärstruktur, Sekundärstruktur, Tertiärstruktur und Quartärstruktur nennen [22]. Bei der Primärstruktur handelt es sich um eine Sequenz von Aminosäuren, die aus den 20 proteinogenen Aminosäuren besteht. Die Sekundärstruktur umfasst die nächste Ebene der Strukturelemente, wobei es verschiedene Sekundärstrukturen gibt. Darunter die schon erwähnten α -Helices, das β -Faltblatt, so wie β - und γ -Turns als Verbindungselement von Sekundärstrukturen. Die Tertiärstruktur ist charakterisiert durch die Kombination verschiedener Sekundärstrukturen. Die Strukturebene der Tertiärstrukturen wird gefolgt von der Ebener der Quartärstruktur, die aus verschiedenen zusammengesetzten Tertiärstrukturen bestehen. Da Coiled-Coils aus mehreren gleichen Sekundärstrukturen besteht, können sie nicht als Tertiärstruktur, sondern werden als Supersekundärstruktur bezeichnet und bilden damit eine zwischen Stufe. Um noch mal genauer auf die Grenze dieser beiden Strukturebene einzugehen sei gesagt, dass die Grenze keine feste und starre Grenze ist. Das β -Barrel, welches ein Protein ist, was nur aus β -Strängen besteht, ist schon der Tertiärstruktur zugeordnet und nicht der Supersekundärstruktur. Doch wenn sich an dieser Stelle das Modell der Proteinfaltung angeschaut wird, in dem sich die Strukturebenen nacheinander ausbilden, dann wird klar, dass sich die biologische Domäne zwischen diesen beiden Strukturebene ausbildet [34, 18]. In diesem Sinne spielt auch die Größe der Strukturebenen eine Rolle, die mitbestimmend ist, welcher Strukturebene das biologische Motiv zugeordnet wird. Um noch mal zusammenzufassen, eine Supersekundärstruktur

tur ist eine Struktur, die kleiner als eine Domäne ist und aus benachbarten Sekundärstrukturen besteht [5]. Dahingegen ist eine Tertiärstruktur eine Struktur, die dementsprechend nach der Domäne ausgebildet wird und größer als diese ist. Aber festzuhalten ist, dass die Grenze zwischen diesen beiden Ebenen nicht fest verankert ist und in diesem Sinne eine überlappende Grenze bilden.

Ein Organismus kann als System betrachtet werden, welches nur dann einwandfrei funktioniert, wenn alle internen Komponenten miteinander ordnungsgemäß arbeiten. Die anstehenden Aufgaben in dem Organismus werden durch Proteine bewerkstelligt. Aufgrund der Vielzahl an unterschiedlichen Aufgaben, wodurch dann auch unterschiedliche Anforderungen an die Proteine gestellt werden. Wobei sich die Anforderungen auf die Raumstruktur auswirken können, sodass Proteine wie das Schlüssel-Schloss-Prinzip agieren und optimal für deren Aufgabe ausgebildet werden. Betrachtet man jetzt Coiled-Coils in Proteinen mit verschiedensten Aufgaben, so werden auch verschiedene Anforderungen an das Coiled-Coil gestellt. Nachgewiesen wurden Coiled-Coils mit unterschiedlichen Eigenschaften in erster Linie in Strukturproteinen wie Tropomyosin, sie sind auch in Oberflächenproteinen wie dem Tetrabrachion, in dem Fusionsprotein Hämagglutinin oder in Transkriptionsfaktoren wie dem Leucin-Zipper vorhanden [32].

Wird über den Tellerrand der Molekularbiologie in einen anderen Fachbereich geschaut, so wird man schnell fündig bezüglich ähnlicher Strukturen. Es handelt sich dabei um Drahtseile aus der Seiltechnik, die genauso wie Coiled-Coils zusammengebaute Strukturen bilden und auf den ersten Blick fast identisch wirken. Drahtseile zum Beispiel werden aus Litzen verdreht und Litzen wiederum aus Drähten, sodass sich eine mehrstufige Strukturhierarchie bildet wie bei Coiled-Coils.

Auch haben sie ein sehr breit gefächertes Anwendungsgebiet, so kann man sie in der Fördertechnik [42] oder aber auch als eine Art Abstandhalter finden [28]. Aber auch im Alltag, lassen sich oft Bereiche finden, wo Drahtseile verwendet werden, darunter der Bowdenzug einer Bremse in einem Fahrrad. Sie werden aber auch in Fahrstühlen, in Kränen, an Seilbahnen oder auch an Seilbrücken verwendet.

Zu Coiled-Coils als auch Drahtseilen gibt es unterschiedlich viel Literatur, die sich entsprechend dem Fachbereiche bei Coiled-Coils mehr mit dem biologischen Hinter-

grund und bei Seilen mehr mit dem technischen Hintergrund beschäftigt. Aber in beiden Fachgebieten existieren auch theoretische Ansätze, wo die Strukturen mathematisch oder auch geometrisch betrachtet werden. So wird darauf eingegangen, wie sich Seile und Unterstrukturen verhalten, wenn ein Seil weiter verdreht oder aufgedreht wird. Bei Coiled-Coils hat Francis Crick schon in seinen Publikationen von 1953 mathematische Modelle aufgestellt [13], die dem mathematischen Ansatz von Seilen ähnlich wirken.

1.2 Motivation

Anlässlich dieser Beobachtung, kann es von Interesse sein, diese beiden Strukturen aus gänzlich nicht verwandten Fachbereichen zu vergleichen und deren Gemeinsamkeiten und Unterschiede herauszuarbeiten. So kann man auf den Phänotyp der beiden Strukturen eingehen und schauen, welche Vorteile oder Nachteile sie mitbringen. Aber betrachtet werden kann auch die Stabilität und wovon sie in den Strukturen abhängt. Dann gäbe es noch den Entstehungsprozess, welcher bei biologischen Superhelices in der Bildung eines Proteins eingebettet ist. Dahin gegen ist die Herstellung von Drahtseilen ein eigenständiger Prozess und nicht in eine übergeordnete Herstellung eingebettet.

2 Grundlagen

In diesem Kapitel möchte ich als Erstes eine Begriffsklärung durchführen, die für den weiteren Verlauf von Bedeutung ist. Wie schon in der Einleitung erwähnt bestehen Coiled-Coils und Seile aus zusammengebauten Strukturen, die zusammen eine Superstruktur bilden.

2.1 Begriffsklärung

Die **räumliche Periode** beschreibt die Anzahl an Aminosäuren in der Aminosäurekette, die pro Windung existieren. Auch der **Radius** ist ein wichtiger Begriff im Zusammenhang mit einer α -Helix und beschreibt wie in der Mathematik die Hälfte

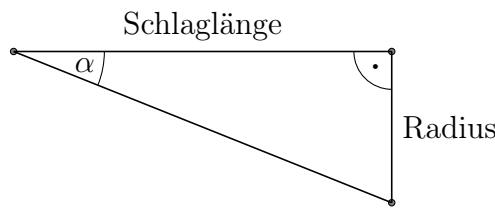
eines Durchmessers. Der **Pitch** $p(\text{\AA})$ beschreibt die Ganghöhe bzw. die Strecke, die benötigt wird, um eine volle Umdrehung zu absolvieren. Der **Rise** $r(\text{\AA})$ beschreibt in α -Helices die Höhendifferenz pro Aminosäure.

Mathematisch kann der Pitch über die Multiplikation der räumlichen Periode und dem Rise ermittelt werden.

$$p(\text{\AA}) = \text{Periode} \cdot \text{Rise} \quad (1)$$

Durch das Dividieren mit der räumlichen Periode kann die Formel (1) umgestellt werden, sodass es möglich ist, den Rise in Abhängigkeit von räumlicher Periode und Pitch zu ermitteln.

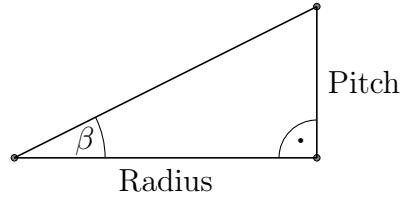
Dann gibt es noch den **Schlagwinkel** α , der den Winkel zwischen zwei Achsen beschreibt. Als Beispiel kann man sich einen Zylinder vorstellen, um den eine Helix gewickelt ist. Dann ist der Schlagwinkel der Winkel, der zwischen z-Achse des Zylinders und der verdrehten z-Achse der Helix existiert. Wichtig dabei zu beachten ist, dass der Zylinder in der Frontansicht betrachtet wird. Um den Schlagwinkel zu berechnen, hilf es, die Situation anhand eines Dreieckes darzustellen. Anhand des Dreieckes lassen sich dann die Beziehungen zwischen Schlaglänge, Schlagwinkel α und Radius zeigen. Dabei sei gesagt, die Schlaglänge entspricht der Situation des Pitches und beschreibt auch die Strecke, die benötigt wird, um eine Windung zu absolvieren.



Der Schlagwinkel kann über die Tangente des Dreieckes ermittelt werden, was mathematisch mit folgender Formel dargestellt werden kann.

$$\tan \alpha = \frac{\text{Gegenkathete}}{\text{Ankathete}} = \frac{2 \cdot \pi \cdot \text{Radius}}{\text{Schlaglänge}} \quad (2)$$

Der **Steigungswinkel** β beschreibt den Winkel, der uns Auskunft über den Anstieg der Helix gibt. Ähnlich wie der Schlagwinkel lässt sich auch der Steigungswinkel berechnen. Hier kann genauso ein Dreieck zur Hilfe dazu gezogen werden, um die Situation darzustellen.



$$\tan \beta = \frac{\text{Gegenkathete}}{\text{Ankathete}} = \frac{p(\text{\AA})}{2 \cdot \pi \cdot \text{Radius}} \quad (3)$$

Genauso wie bei dem Schlagwinkel kann der Steigungswinkel über die Tangente ermittelt werden. Aber was noch zu sagen ist, dass Schlagwinkel und Steigungswinkel nicht ein und denselben Winkel beschreiben. Der **Drehwinkel** ω hat zwei Richtungen, in die gedreht werden kann. Wenn ω nach links gedreht wird, dann wird gegen den Uhrzeigersinn gedreht. Andernfalls wird ω nach rechts gedreht, was dann mit dem Uhrzeigersinn entspricht.

Dabei haben besonders die räumliche Periode, der Radius, der Pitch und der Steigungswinkel eine besondere Anwendung bei α -Helices. Dagegen werden bei den Subhelices der Drahtseile die Begriffe der Schlaglänge und des Schlagwinkels genutzt, aber auch der Radius spielt hier eine Rolle.

2.2 Substrukturen

2.2.1 Aufbau von α -Helices

Wie schon in der Einleitung erwähnt, bestehen Coiled-Coils aus α -Helices. Biologisch betrachtet sind α -Helices vom Grundbaustein nicht extrem stabil, sodass sie noch über Wasserstoffbrückenbindungen stabilisiert werden müssen. Wasserstoffbrücken werden zwischen der Carboxylgruppe und der Aminogruppe einer Aminosäure gebildet, wobei sie zwischen der i -ten und $(i + 4)$ -ten Aminosäure liegt [16]. Bei dieser Zählweise ist zu beachten, dass im Falle von $i \rightarrow (i + 4)$ die Aminosäuren gezählt werden. Abweichend existiert auch die Zählweise $i \rightarrow (i + 3)$, in diesem Fall wird sich auf die Aminogruppe einer Aminosäure bezogen und im Prinzip die Peptidbindungen zwischen den verbundenen Aminosäuren gezählt. In der Regel sind α -Helices rechts gewunden [18] und haben eine räumliche Periode von 3,6 Aminosäuren pro Windung. Der Pitch hat eine Kenngröße von 5,4 Å und der Rise liegt bei 1,5 Å [8].

Möchte man die Steigung der α -Helix ermitteln, so kann man das über den bereits erwähnten Ansatz mit der Tangente des Steigungswinkels machen. Diese Ermittlung basiert dann auf den Randdaten der α -Helix und liefert dann den besagten Winkel. Ausgehen von der Information aus [18, 41], dass der Radius einer α -Helix bei ungefähr 2,3 Å liegt und eingesetzt in (3) ergibt sich für $\tan \beta = 0,3736681273$. Daraus folgt dann, dass der Steigungswinkel $\beta \approx 20,49^\circ$ groß ist.

2.2.2 Aufbau von Litzen

Auf der Seite der Technik sind Litzen die untergeordnete Substruktur von Drahtseilen. Litzen sind der wesentliche Grundbaustein von Drahtseilen, dabei werden Litzen aus mehreren Drähten zusammengebaut bzw. um eine Einlage geschlagen [52]. Sie können in einer rechtsgängigen, aber auch in einem linksgängigen Variante existieren. Dabei wird die rechtsgängige Variante mit dem Kleinbuchstaben „z“ und die linksgängige Variante mit „s“ abgekürzt. Die Abkürzungen lassen sich ganz schön aus dem Phänotyp der Litzen ableiten, wie folgende Abbildung erkennen lässt.

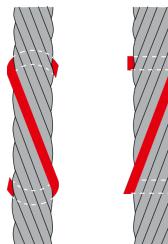


Abbildung 1: Schlagrichtung der Litzen

Quelle: www.brugglifting.com/liftingtec/de/drahtseile/

Litzen haben nicht alle den gleichen internen Aufbau, weswegen Litzen untereinander erneut unterschieden werden können. Der interne Aufbau kann der Abbildung (15) entnommen werden. Aber für den weiteren Verlauf ist erst mal die „Einfache Litze“ von Bedeutung. Sie besteht dabei aus einer Einlage, mit drumherum geschlagenen Drähten.

3 Superhelices

Bei den sogenannten Superhelices, handelt es sich um Helices, die wiederum aus Helices bestehen. In diesem Fall sind die Superhelices die Coiled-Coils und Drahtseile. Dabei werden Drahtseile aus den zuvor beschriebene Litzen aufgebaut und bilden damit die nächste Ebene der Elementhierarchie. In Proteinen bilden Coiled-Coils die nächste Strukturebene. Wenn man jetzt beide Strukturen nüchtern betrachtet, so fällt auf, dass sie einige Gemeinsamkeiten und Unterschiede haben.

3.1 Gängigkeit

Für den Aufbau von Seilen sei erwähnt, dass auch hier verschiedene Gangrichtungen existieren, wie es sie bei den Litzen gibt. Genauso wie bei den Litzen existieren Seile einmal in rechtsgängiger und linksgängiger Form. Da die Litzen im Prinzip unabhängig von den Seilen verdreht werden, können die Litzen und das gesamte Seil die gleiche Gängigkeit oder aber auch unterschiedliche Schlagrichtungen haben. Das heißt dann für das ganze Konstrukt, es existiert einmal ein Kreuzschlag oder ein Gleichschlag. So spricht man von einem Gleichschlag, wenn Litzen und Seil die gleiche Schlagrichtung haben. Andernfalls wäre es ein Seil im Kreuzschlag, in dem Litzen und das gesamte Seil unterschiedliche Schlagrichtungen haben [28, 37]. Genauso wie bei den Litzen machen sich die unterschiedlichen Schlagrichtungen etwas im Phänotyp des Seils bemerkbar, sodass leichte Unterschiede zu erkennen sind. Entsprechend den Abkürzungen für die Schlagrichtung der Litzen, werden für Seile auch die gleichen Abkürzungsbuchstaben genutzt. Wobei für Seile nicht der kleine Buchstabe, sondern der jeweilige Großbuchstabe genutzt wird.

In folgender Abbildung sind die möglichen Varianten eines Drahtseiles visuell dargestellt.

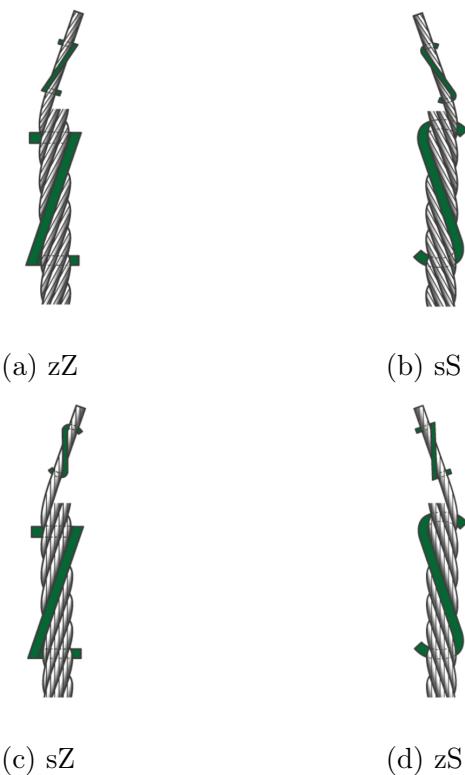


Abbildung 2: Gängigkeitsvarianten

Quelle: <https://www.vornbaeumen.de/de/service/technische-anmerkungen/schlaglaenge-schlagart-und-schlagrichtung.html>

Genauso wie bei Seilen haben Coiled-Coils auch eine unterschiedliche Gängigkeit. Das Standardmodell eines Coiled-Coils besteht aus rechtsgängigen α -Helices, die ein linksgängiges Coiled-Coil bilden. Das Standardmodell wird als „Heptad Repeat“ bezeichnet [24] und wird mit $(\underline{a}, b, c, \underline{d}, e, f, g)_n$ beschrieben [32, 24, 8].

3.1.1 Coiled-Coil-Modelle

Das bekannteste Modell ist das eben erwähnte Modell zum „Heptad Repeat“. Dabei beziehen sich alle Modelle auf die Sequenz bzw. die Reihenfolge der Aminosäureketten. In $(\underline{a}, b, c, \underline{d}, e, f, g)_n$ steht jeder Buchstabe für eine Position in der Sequenz, die von einer Aminosäure besetzt wird und der Buchstabe n für die Anzahl an Wiederholungen der Buchstaben a bis g. Die Positionen a und d werden von hydrophoben Aminosäuren besetzt, wohin gegen Position e und g von Aminosäuren mit einer

hydrophilen Seitenkette besetzt werden [20, 24]. Positionen b, c und f können nach Belieben besetzt werden und müssen keine bestimmte Eigenschaft einer Aminosäure vorweisen.

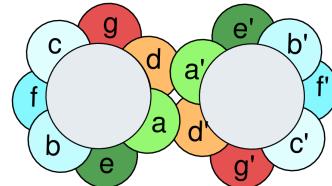


Abbildung 3: Heptadmuster

Quelle: <https://de.wikipedia.org/wiki/Coiled-Coil>

Anhand des Heptadmusters, wird die Situation der verschiedenen Positionen etwas klarer. Dabei liegen die Position a und d der α -Helices gegenüber und formen so den hydrophoben Kern eines Coiled-Coils. Die Primärstruktur weist eine Sequenzperiode von 7 auf, dass bedeutet jede siebente Aminosäure ist eine hydrophobe Aminosäure. In einem Coiled-Coil, mit einer Sequenzperiode von sieben, herrscht ein Verhältnis von 7 zu 2. Das bedeutet auf 2 Windungen kommen 7 Aminosäuren, was eine räumliche Periode von 3,5 ergibt. Für die α -Helices bedeutet die Reduzierung eine weiteres verdrillen der Helices. [24, 15]. Bei dem Verdrehen der α -Helices müssen auch die Seitenketten der Aminosäuren untergebracht werden, weil sie im Prinzip von der Helix weg zeigen. Dabei werden in Coiled-Coils die Seitenketten so verpackt, dass eine Seitenkette von vier anderen Seitenketten umschlossen wird [4]. Die einzelne Seitenkette wird als „knobs“ und die anderen als „hole“ bezeichnet, sodass diese Interaktion als Knobs-into-Hole bezeichnet wird [6, 4].

Neben dem Heptad gibt es auch die „Hendecad Repeats“ und „Pentadecad Repeats“, die oft mit $(\underline{a}, b, c, \underline{d}, \underline{e}, f, g, \underline{h}, i, j, k)_n$ und $(\underline{a}, b, c, \underline{d}, \underline{e}, f, g, \underline{h}, i, j, k, \underline{l}, m, n, o)_n$ beschrieben werden. Ausgehend von einem Heptad Repeat, kann mit „stammer“ oder „stutter“ mehr Variation erreicht werden. Dabei werden Aminosäuren in die Sequenz inseriert, um schlussendlich mehr Variation zu schaffen. Bei stammers werden drei Aminosäuren in das Heptad eingefügt, während bei stutter schon vier Aminosäuren eingefügt werden [24, 6, 31].

3.1.2 Helikales Rad

Mit dem helikalen Rad kann die Beziehung zwischen Gängigkeit und Sequenzperiode dargestellt werden. Eine komplette Windung im helikalen Rad entsprechen 3,6 Positionen, also einer Windung der α -Helix. Das bedeutet für ein Heptad, mit einer Sequenzperiode von sieben, sind zwei Windungen im helikalen Rad nötig. Weil nach zwei Windungen 7,2 Positionen abgelaufen sind und die Sequenzperiode etwas weiter links von 7,2 liegt, ist das kanonische Coiled-Coil linksgängig. Dahingegen sind das Hendecad und das Pentadecad rechtsgängig, was aus dem helikalen Rad abgeleitet werden kann. Nach drei und vier Windungen im helikalen Rad sind 10,8 und 14,4 erreicht. Da die Sequenzperioden von 11 und 15 jeweils etwas weiter rechts von dem Wert des Vollkreises liegen, sind folglich das Hendecad und das Pentadecad rechtsgängige Varianten eines Coiled-Coils.

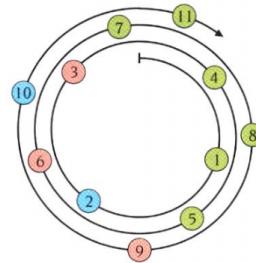


Abbildung 4: Helikales Rad

Quelle: [10, S. 17]

3.2 Alternative superhelikale Strukturen

Coiled-Coils sind nicht die einzigen nachgewiesenen Superhelices. Neben Coiled-Coils gibt es auch die Kollagen-Tripelhelix, welche aus drei linksgängigen Kollagenhelices besteht und zusammen eine rechtsgängige Superhelix bilden. Dabei haben die internen Subhelices, die in diesem Sinne keine α -Helices sind, auch charakterisierende Kenngrößen. So hat die Kollagenhelix einen Rise von 2,9 Å und einen Pitch, der bei 9,8 Å liegt [15]. Aus Rise, Pitch und dem Umstellen von (1), lässt sich dann auch die räumliche Periode berechnen, die dann bei ungefähr 3,3 Aminosäuren pro Windung

liegt. Außerdem hat die Kollagenhelix eine relativ markante und starre Sequenzperiode, die sich auf ein Glycin und zwei Proline bezieht [15, 11]. Oft beschrieben mit $(Gly, Pro, Pro)_n$, wobei das zweite Prolin in einer Sequenzperiode hydroxyliert ist und damit ein Hydroxyprolin bildet. Da die internen Kollagenhelices einen relativ großen Pitch haben, ist es an dieser Stelle schwierig diese über Wasserstoffbrückenbindungen zu stabilisieren. Grund dafür ist die beschränkte Reichweite der Wasserstoffbrückenbindung, die bei $2,7 - 3,0 \text{ \AA}$ [47] liegt und damit weit unter der Länge des Pitches. Jedoch können Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Substrukturen gebildet werden, was auf der einen Seite möglich ist, weil die relevanten Aminosäuren sich im Kern der Superhelix treffen. Bei den relevanten Aminosäuren handelt es sich um die Glycine alle drei Positionen, da Proline aufgrund ihrer außergewöhnlichen Struktur keine Wasserstoffbrückenbindungen ausbilden können. Außergewöhnlich bezieht sich hier auf die Verbindung von Seitenkette und Aminogruppe, wodurch der benötigte Donor einer Wasserstoffbrückenbindung schon besetzt ist und deswegen nicht ausgebildet werden kann.

Dann gibt es noch Superhelices, die unter den Namen α -Keratin und Cohesin bekannt sind. Es könnte den Schein trügen, dass dies wieder andere Superhelices sind. Hinter Cohesin verbirgt sich ein Coiled-Coil [9], ebenso besteht das α -Keratin in der Grundstruktur aus einem Coiled-Coil [15].

3.3 Berechnung der Periode einer Superhelix

Wie schon erwähnt weist eine α -Helix gewisse Merkmale auf, sodass es möglich ist unter anderem den Pitch und Rise einer α -Helix oder aber auch die Anzahl an Aminosäuren pro Helixwindung mathematisch zu berechnen. Gehen wir jetzt eine Stufe höher, in die Ebene der Superhelices und betrachten eine kanonisches Coiled-Coil. Dann weist auch diese biologische Struktur eine gewisse Regularität auf, die hilfreich sein kann, die Periode eines Coiled-Coil zu berechnen. Anders ausgedrückt können die grundlegenden Merkmale von α -Helix und Coiled-Coil hilfreich sein, um die Anzahl der Aminosäuren pro Coiled-Coil-Windung berechnen zu können. Betrachtet man diese Situation jetzt rein intuitiv und lässt Merkmale von Coiled-Coil und α -Helix mit einfließen, dann erhält man folgende Situation.

Der Pitch eines Coiled-Coil liegt ungefähr bei 140Å [18]. Da sich durch das Verdrehen der α -Helices die ursprünglichen Kenngrößen etwas verändern, hat ein α -Helix in einem Coiled-Coil eine räumliche Periode von 3,5 Aminosäuren pro Windung [31]. Diese Verringerung muss aber auch etwas kompensiert werden, sodass sich auch der Pitch der internen α -Helices auf 5,1Å reduziert [15, 31]. Aus dem Pitch des Coiled-Coils und dem angepassten Pitch der α -Helix, lässt sich jetzt die Anzahl an Windungen in einer Periode des Coiled-Coils berechnen.

$$Periode_{CC}^* = \frac{P_{CC}(\text{\AA})}{p(\text{\AA})} \Leftrightarrow \frac{140\text{\AA}}{5,1\text{\AA}} \approx 27,5 \quad (4)$$

Folglich gibt es ungefähr 27,5 Windungen in einer Windung des Coiled-Coil und damit dann $3,5 \cdot 27,5 = 96,25$ Aminosäuren pro Windung.

Betrachtet man hier jetzt den Ansatz von Francis Crick, welcher 36 Windungen einer α -Helix in einer Windung des Coiled-Coils nutzt, um damit dann den Pitch des Coiled-Coils zu berechnen [14]. Das bedeutet, hier liegen jetzt zwei Zahlen im Raum, die sich unterscheiden, aber den gleichen Zusammenhang beschreiben. Bei den besagten 36 Windungen der α -Helix erhält man einen Pitch von 186Å, statt den besagten 140Å [14, 19].

Aber durch das Anpassen des Pitches auf 5,1Å, wird auch der Rise angepasste. Der angepasste Rise kann ermittelt werden und liegt dann nach [2] bei 1,457Å. An dieser Stelle kann in der Formel (4) der angepasste Rise genutzt werden, um die Anzahl an Aminosäuren in einer Periode des Coiled-Coils zu ermitteln.

$$Periode_{CC} = \frac{P_{CC}(\text{\AA})}{R_{CC}(\text{\AA})} \Leftrightarrow \frac{140\text{\AA}}{1,457\text{\AA}} \approx 96 \quad (5)$$

Was ebenso auf die 96 Aminosäuren pro Windung der Superhelix hinausläuft.

Werden an dieser Stelle nun die neuen Parameter von 96 Aminosäuren mit einem Rise von 1.457Å im Ansatz von Francis Crick genutzt, dann erhält man Folgendes:

$$P_{cc} = aa \cdot r(\text{\AA}) \cdot \cos(10^\circ) = 96 \cdot 1,457 \cdot \cos(10^\circ) \approx 138 \quad (6)$$

Wobei aa die Anzahl an Aminosäuren in einer Windung des Coiled-Coils und $r(\text{\AA})$ wie gehabt den Rise beschreiben. Das $\cos(10^\circ)$ beziehungsweise die 10° beschreiben den Winkel, der entsteht, wenn sich die internen Substrukturen verwickeln [18].

Die 138Å sind deutlich näher an den bekannten 140Å dran, als die vorherigen 186Å. Abgesehen von dem Pitch eines Coiled-Coil, wäre es sehr praktische, wenn es eine Formel geben würde, mit der es möglich ist aus der Information von Sequenzperiode und räumlicher Periode die Anzahl von Aminosäuren pro Windung des Coiled-Coil zu berechnen.

Betrachtet man hier jetzt das helikale Rad und ein Heptad, dann lässt sich an erster Stelle die räumliche Periode einer Aminosäuresequenz, die eine α -Helix ausbildet, ablesen. Das bedeutet jeweils nach (3,6; 7,2; 10,8; 14,4; 18; 21,6; 25,2; 28,8; 32,4; 36 usw.) ist eine Windung der α -Helix abgeschlossen. Anhand dieser Perioden lässt sich eine Beobachtung tätigen, nämlich dass immer nach zwei Windungen, die Position einer Aminosäure der Helix um 0,2 Positionen zurückliegt als zwei Windungen zuvor. In anderen Worten, die Helix liegt nach 2 Windungen um 0,2 Positionen zurück, nach 4 Windungen dann um 0,4, nach 6 Windungen um 0,6 Postionen und so weiter bis die Sequenz abgearbeitet ist.

Wird jetzt die erste Aminosäure in einer α -Helix unter die Lupe genommen, dann hat diejenige Aminosäure, die genau über der ersten Aminosäure lokalisiert ist, eine Periode, die eine ganze Zahl als Ziffer hat. Das bedeutet nach $3,6 \cdot 5 = 18$ wiederholen sich die Standorte der Aminosäuren in der Helix und im helikalen Rad. Jetzt wäre es hilfreich, wenn es auch so ein Kriterium für Superhelices wie Coiled-Coils geben würde, mit dem es möglich ist, zu beurteilen, wann die Superhelix genau eine Windung durchlaufen ist.

3.3.1 Herleitung

Da mit jeder Doppelwindung der internen α -Helix sich die Position der Aminosäure um jeweils 0,2 Positionen von der Vollendung der Windung entfernt, genauer gesagt von der Sequenzperiode. An dieser Stelle bedeutet dies, dass die entsprechenden Aminosäuren um 3,6 Positionen zurückliegen muss, um nach einer Windung des Coiled-Coils wieder auf den Anfang des helikalen Rades, also auf den Anfang der Helix zu treffen.

$$0,2 \cdot x = 3,6 \Leftrightarrow x = \frac{3,6}{0,2} = 18 \quad (7)$$

Folglich sind dann 18 Doppelwindungen oder auch 36 Einzelwindungen der Subhelix

eines Coiled-Coils nötig, damit die Verschiebung 3,6 Positionen erreicht. Da es im Prinzip drei wesentliche Parameter gibt, darunter die Sequenzperiode (sp), die räumlichen Periode (rp) und die Anzahl möglicher Windungen pro Sequenzperiode (wsp) gibt. Diese können genutzt werden, um eine Formel für die Berechnung der Periode einer Superhelix, oder als ersten Schritt die Anzahl an Windungen in einer Periode der Superhelix herzuleiten. Da ein Standard Coiled-Coil eine Sequenzperiode von sieben Aminosäuren hat, kann dies genutzt werden, um die Doppelwindungen anhand der Sequenzperiode und der möglichen Anzahl an Windungen zu beschreiben. Dabei liegt wie schon erwähnt die Periode einer internen α -Helix bei 7,2 Aminosäuren und diese können beschrieben werden mit zwei Windungen der räumlichen Periode. Da nicht in jeder bekannten Superhelix die Verschiebung gleich 0,2 ist, sondern sie sich in der Regel etwas unterscheiden aufgrund von leichten Änderungen im Aufbau, muss auch hier die Verschiebung mit den Kenngrößen beschrieben werden. Hier kann von der Sequenzperiode die Periode der Doppelwindungen subtrahiert werden, um 0,2 zu erhalten.

$$turns = \frac{2 \cdot 3,6}{7 - 2 \cdot 3,6} \quad (8)$$

Da jedoch der Nenner ein negatives Ergebnis liefert, muss der Nenner im Betrag gerechnet werden. Alles zusammen würde dann im allgemeinen Fall in folgender Herleitung münden und führt damit zu der Anzahl an Windungen pro Periode der Superhelix, in diesem Fall einem Coiled-Coil.

$$turns = \frac{wsp \cdot rp}{|sp - wsp \cdot rp|} \quad (9)$$

Da aber nicht alle Zahlen valide für diese Herleitung sind, müssen noch Nebenbedingungen gelten. Zum einen muss wsp der kleinsten möglichen Zahl entsprechen, anders formuliert muss sie der kleinsten Anzahl an Windungen pro Sequenzperiode entsprechen. Für Coiled-Coils würde dies zwei Windungen entsprechen, aber für andere Superhelices könnte es wiederum eine andere Zahl sein, die abhängig von der Sequenzperiode ist. Außerdem muss der Nenner von (9), genauer gesagt die Verschiebung von den Positionen der Aminosäuren minimal sein. Dies ist genau der Fall, wenn wsp die kleinste mögliche Anzahl an Windungen pro Sequenzperiode ist.

3.3.2 Modifikation

Genauso wie die α -Helices in einem Coiled-Coil an die gegebenen Umstände angepasst werden muss, muss auch die Herleitung etwas angepasst und modifiziert werden. Dies beinhaltet die Modifikation, sodass direkt die Anzahl der Aminosäure berechnet werden kann.

Da die α -Helices in einem Coiled-Coil etwas zueinander verdreht werden, wodurch sich hauptsächlich die räumliche Periode etwas verringert [24, 15]. Dies sollte genutzt werden, um die Herleitung etwas anzupassen, um dann die Periode der Superhelix zu ermitteln. Im Falle des Coiled-Coils, würde sich die Formel (8) im Zähler von 7,2 auf 7 Aminosäuren reduzieren. Das bedeutet nach der Anpassung entspricht eine Periode der α -Helices jetzt nicht mehr $wsp \cdot rp$, sondern sp . Die Formel ändert sich im Term des Zählers und mündet in der Formel (10).

$$t = \frac{sp}{|sp - wsp \cdot rp|} \quad (10)$$

Wird hier jetzt von einem Coiled-Coil ausgegangen, dann existieren 18 Doppelwindungen in einer Periode der Superhelix. Werden jetzt alle bekannten Parameter in die Formel (10) eingesetzt, um so die angepasste Anzahl an Windungen zu berechnen, dann erhält man für $sp = 7$, $wsp = 2$ und $rp = 3,6$ eine Anzahl von 35 Windungen in einer superhelikalen Periode. An dieser Stelle, kann jetzt intuitiv vorgegangen werden und das Ergebnis von (10) mit der räumlichen Periode multipliziert werden, um die Anzahl der Aminosäuren zu berechnen. Letztlich kommt dann folgende Formel zustande, mit der dann die Periode einer Superhelix ermittelt werden kann.

$$aa = \frac{sp}{|sp - wsp \cdot rp|} \cdot rp \quad (11)$$

Werden bekannte Parameter genutzt, dann gibt die Herleitung und Modifikation 35 Windungen und 126 Aminosäuren in einer Periode des Coiled-Coils aus. Die 35 Windungen kommen aufgrund der weiteren Verdrillung von α -Helices zusammen, nicht weiter verdreht wären es die bereits erwähnten 36 Windungen.

Jetzt schließt sich wieder der Kreis und erhält mit der Herleitung und Modifikation genau die Parameter bezüglich der Einzelwindungen pro Coiled-Coil-Windung und die Anzahl von Aminosäuren, die Francis Crick in seiner Publikation [14] nutzt, um den Pitch zu ermitteln.

3.3.3 Anwendung mit verschiedene Kenngrößen

Superhelix	räumliche Periode	Sequenzperiode	$\frac{\text{Windungen}}{\text{Sequenzperiode}}$
α -helikale Coiled-Coils	$\frac{7}{2}$	7	2
	$\frac{10}{3}$	10	3
	$\frac{11}{3}$	11	3
	$\frac{15}{4}$	15	4
	$\frac{18}{5}$	18	5
Kollagen-Tripelhelix	3,3	3	1

Tabelle 1: Kenngrößen der Superhelices

Quelle der Daten: [6, 15]

Wie zu erwarten ist, geben unterschiedliche Kenngrößen der Superhelices auch unterschiedliche Ergebnisse bezüglich der Periode mit der hergeleiteten Formel. Dies soll für einige verschiedene bekannte Superhelices kurz in der folgenden Tabelle dargestellt werden.

Sequenzperiode	Formel	Windungen	Modifiziert	Periode in Aminosäuren
7	$\frac{2 \cdot 3,6}{ 7-2 \cdot 3,6 }$	36	$\frac{7}{ 7-2 \cdot 3,6 }$	126
10	$\frac{3 \cdot 3,6}{ 10-3 \cdot 3,6 }$	13,5	$\frac{10}{ 10-3 \cdot 3,6 }$	45
11	$\frac{3 \cdot 3,6}{ 11-3 \cdot 3,6 }$	54	$\frac{11}{ 11-3 \cdot 3,6 }$	198
15	$\frac{4 \cdot 3,6}{ 15-4 \cdot 3,6 }$	24	$\frac{15}{ 15-4 \cdot 3,6 }$	90
18	$\frac{5 \cdot 3,6}{ 18-5 \cdot 3,6 }$	error	$\frac{18}{ 18-5 \cdot 3,6 }$	error
3	$\frac{1 \cdot 3,3}{ 3-1 \cdot 3,3 }$	11	$\frac{1 \cdot 3,3}{ 3-1 \cdot 3,3 }$	33

Tabelle 2: Ergebnisse der Herleitung und Modifikation

3.3.4 Ergebnisanalyse

Werden jetzt die Formeln und Ergebnisse aus dem vorherigen Unterkapitel betrachtet, dann können die Ergebnisse analysiert werden. Nimmt man das $\frac{7}{2}$ -Coiled-Coil als Referenzergebnis, um Aussagen über die anderen Ergebnisse zu tätigen. Betrachtet man jetzt das $\frac{10}{3}$ -Coiled-Coil, dann hat es 10 Aminosäuren auf 3 Windungen. Da

$3 \cdot 3,6 = 10,8$ ist und die Sequenzperiode bei 10 liegt, müsste an dieser Stelle das Coiled-Coil auch etwas weiter verdrillt werden. Sogar etwas mehr als das Standard Coiled-Coil, was dann die recht hohe Reduzierung der Einzelwindungen erklären würde. Dahin gegen das $\frac{11}{3}$ -Coiled-Coil, mit ebenso 3 Windungen pro Sequenzperiode hat eine recht hohe Anzahl von Windungen. Da die Sequenzperiode von 11 etwas weiter rechts von 10,8 liegt, ist zum einen die Gängigkeit des Coiled-Coils rechtsgängig. Aber in Bezug auf das Verdrillen müsste es an dieser Stelle bedeuten, dass die α -Helices etwas aufgedreht werden und die 10,8 auf 11 Aminosäuren pro Sequenzperiode erhöht werden. Das gleiche Spiel liegt bei der $\frac{15}{4}$ Version des Coiled-Coils vor. Weil die Periode von 15 etwas weiter rechts von $4 \cdot 3,6 = 14,4$ liegt, müsste es sich um ein Coiled-Coil im Gleichschlag handeln. Aber auch schon wie bei der vorherigen Coiled-Coil-Version müsste es ja bedeuten, weil die Periode erhöht wird, dass die Substrukturen etwas aufgedreht werden, um eine Periode von 15 Aminosäuren zu erreichen.

Komplett aus dem Muster spring das $\frac{18}{5}$ -Coiled-Coil, weil es bei dieser Rechnung zu einer Division durch null kommt. Dies ist natürlich mathematisch nicht möglich, weswegen dies zu einem Error führt. In Bezug auf das helikale Rad und deren Verschiebung liegt das daran, dass nach 5 Windung die Aminosäure wieder senkrecht über der beginnenden Aminosäure liegt und deswegen keine Verschiebung im helikalen Rad registriert ist. Die Kollagen-Tripelhelix verhält sich ähnlich zu dem Standard Coiled-Coil, das bedeutet es sollte sich etwas weiter verdrillen, sodass die Periode auf 3 Aminosäuren pro Windung reduziert wird.

3.4 Arten von Drahtseilen

Genauso wie bei biologischen Superhelices, gibt es auch unterschiedliche Arten von Drahtseilen. Dabei werden Drahtseile auf Basis ihres Verwendungszwecks in verschiedene Arten unterteilt. Nach [28] und [51], sind sie unterteilbar in vier Hauptgruppen, wo sich die Anforderungen ebenso unterscheiden. Wenn von Hauptgruppen der Drahtseile die Rede ist, dann wird in der Regel von folgende Gruppen ausgegangen.

1. Gruppe	2. Gruppe	3. Gruppe	4. Gruppe
laufendes Seil	stehende Seile	Trageseile	Anschlagseile

Tabelle 3: Hauptgruppen von Drahtseilen

Da die Seile der Hauptgruppen unterschiedliche Anforderungen haben, unterscheiden sich die Seile auch etwas im Grundaufbau. So sind schon anhand der Namen erkennbar in welche Richtung deren Anwendung geht, außerdem sind laufende Seile, die einzigen der vier Gruppen welche nicht fest zwischen zwei Punkten ist. Ein Drahtseil ist am besten für die jeweilige Anwendung geeignet, wenn es eine maximale Lebensdauer für diese Aufgabe aufweist. In anderen Worten, ein Drahtseil ist für die jeweilige Aufgabe besser geeignet, wenn es gegenüber den anderen Arten von Drahtseile einen geringeren Verschleiß aufweist und damit eine längere Lebensdauer hat [38].

Zudem kann ein Drahtseil nicht nur einlagige Litzen beinhalten, sondern auch Litzen mit mehreren Schichten. Wobei sich das einlagig und mehrlagig auf die Drähte in einer Litze bezieht. So hat eine einlagige Litze nur eine Schicht von Drähten, die um die mittlere Einlage geschlagen ist. Die mehrlagige Litze hat dem entsprechend mehr Lagen als eine, wobei sich dies besser anhand einer Darstellung zeigen lässt wie in Abbildung (15).

3.4.1 Laufende Seile

Laufende Seile, werden oft in Verbindung mit einer Art von Rolle verwendet. Das bedeutet, das Drahtseil ist in der Regel nicht fest zwischen zwei Punkten verankert, sondern beweglich zwischen den zwei Punkten. So wird unter anderem das Seil in einem Kran genutzt, um die Höhe der zu tragenden Lasten zu verändern. Das kann durch eine Rolle, auf der das Seil aufgerollt wird, realisiert werden. In Verbindung mit dem Tragen von Lasten ist das laufende Seil auch ein Hubseil, was eine gewisse Zugkraft aushalten muss. Das bedeutet, ein laufendes Seil hat neben der Beanspruchung durch Rollen noch die Hürde der Zugfestigkeit. Da es wie schon erwähnt verschiedene Arten von Seile gibt, die unterschiedlich geschlagene Litzen beinhaltet,

gibt es in diesem Fall noch mal eine Unterteilung von laufenden Seilen. Die Sprache ist von laufenden Seilen mit Litzen, wo die internen Drähte einmal parallel oder aber gekreuzt vorliegen [38, 50]. Dabei unterscheiden sie sich im Wesentlichen, wie die internen Drähte beansprucht werden.

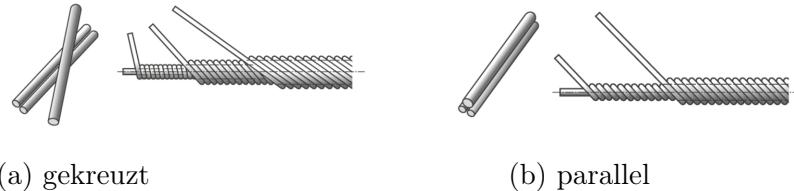


Abbildung 5: Verlitzungsarten

Quelle: <https://www.vornbaeumen.de/de/service/technische-anmerkungen/verseilarten.html>

Die Drähte bei einer Litze im Kreuzschlag haben eine punktförmige Belastung, weil sie geometrisch gesehen genau einen Berührungsplatz mit der darunter liegenden Schicht haben. Dagegen hat eine parallel geschlagene Litze keine punktförmige Belastung, sondern eine linienartige Belastung [38, 50]. Durch die linienförmige Belastung kommt es zu einem potenziell gleichmäßigeren Verschleiß als bei der punktförmigen Belastung. Durch Rollen auf dem das laufende Seil aufgewickelt wird, muss es ebenso eine gewisse Biegefähigkeit mit sich führen. Schlussendlich muss ein laufendes Seil einer Zugfestigkeit und Biegefähigkeit standhalten, damit es Lasten aushält und ebenso bei dem auf- und abrollen nicht beschädigt wird.

3.4.2 Stehende Seile

Das stehende Seil ist nicht wie das laufende Seil. Der größte Unterschied, dass das stehende Seil an den zwei Endpunkten verankert ist. Dabei wird diese Art von Drahtseil nicht in Verbindung mit Rollen verwendet, die entweder über das Seil fahren oder wo das Seil aufgerollt wird [38]. Angesicht der Kenntnis, dass ein stehendes Seil nicht in Verbindung mit Rollen verwendet wird, braucht es in dieser Hinsicht die Biegefähigkeit, die bei dem laufenden Seil wichtig ist, nicht. Aber das stehende Seil wird auch wie das laufende Seil durch eine Zuglast beansprucht [28].

3.4.3 Trageseile

Das Trageseil ist im Prinzip das Gegenstück zum laufenden Seil. Während bei dem laufenden Seile die Rollen eigentlich ein fester Bestand zu den Seilen sind, ist dies bei Trageseilen nicht so. Auch bei Trageseilen spielen die Rollen mit, jedoch keine Rollen, wo das Seil aufgewickelt wird. Hier wird das Seil als eine Art Schiene genutzt, um mit sogenannten Tragerollen am Seil entlangzufahren [28]. Diese Art von Seilen findet etwa Anwendung bei Seilbahnen, wo die Gondeln an dem Trageseil von einem Punkt zum anderen Punkt geleitet werden. Da sich die Last über das Seil bewegt, hat das Seil nicht immer ein konstant bleibendes Gewicht an einer Stelle des Seiles. Dabei handelt es sich um ein dynamisch veränderbare Zugbelastung über die Zeit, die als Zugschwellbelastung bezeichnet wird und sich periodisch verhält [17].

3.4.4 Anschlagseile

Das Anschlagseil wird genauso wie das laufende Seil und Trageseil durch Zuglasten beansprucht, wobei diese Art von Seil besonders für den Transport von schweren Lasten verwendet wird. Dabei kann es auch so verwendet werden, dass diese Seil um die Last herum geleitet wird und diese fixieren. Das bedeutet für das Seil, je nach Form der zu tragenden Last kommt es zu einer recht starken Krümmung der Seile. Dabei ist Krümmung schon fast die falsche Beschreibung, es ist mehr die Rede von einem knicken des Seiles [28]. Das bedeutet, dass ein Anschlagseil nicht nur der Zugkraft standhalten muss, sondern auch eine Biegefähigkeit mit sich führen muss.

3.4.5 Wichtige Eigenschaften von Drahtseilen

Angesicht der eben beschriebenen Arten von Seilen, ist erkennbar, dass ein Drahtseil wichtige Eigenschaften aufweisen muss. Dabei kann das Drahtseil beide Eigenschaften haben bezüglich der Biegefähigkeit und der Zugfestigkeit, aber mindestens einer dieser beiden Eigenschaften muss vertreten sein. Dies ist in der Regel die Zugfestigkeit, da diese doch im allgemeinen Sinne wichtiger ist für alle Arten. Die Biegefähigkeit ist in diesem Sinne noch von der Art und Weise, wie die Drahtseile eingesetzt werden, abhängig.

Die Biegefähigkeit von Drahtseilen ist besonders gefragt bei laufenden Seilen. Diese werden wie schon erwähnt immer in Verbindung mit Rollen verwendet. Bei dem umschlagen um eine Rolle, kommt es zu einer Richtungsänderung. Diese Umlenkung, kann je nach Größe der Rolle stärker oder milder auftreten. Aber dennoch geschieht intern mit den Subhelices etwas, dem sie standhalten müssen. Die Rede ist im Prinzip von einer Längenänderung, aufgrund der Umlenkung der Rolle. So werden die internen Drähte auf der alignierenden Seite mit der Rolle geschaut, während sie auf der gegenüber liegenden und frei liegende Seite gestreckt werden. Eine weitere wichtige Eigenschaft kann folgende Fähigkeit sein, die sich auf das dreh arme Verhalten bezieht [38]. Dreharme Seile sind Seile, die aus mehreren Schichten von Litzen bestehen. Jedoch müssen zwei aufeinander folgende Schichten entgegen gesetzte Schlagrichtungen habe. Dies hat etwas mit dem Drehmoment eines Seiles zu tun, weil sich dieses aufgrund einer Zuglast bilden kann [28, 51, 38]. Durch dieses Drehmoment wird im Prinzip die äußere Schicht des Drahtseiles entwunden, jedoch wird die darunter liegende Schicht weiter verdreht. Das bedeutet also, dass sich hier zwei entgegengesetzte Kräfte gegenseitig neutralisieren, genauer gesagt sich aufgrund der unterschiedlichen Drehrichtungen das Drehmoment reduziert.

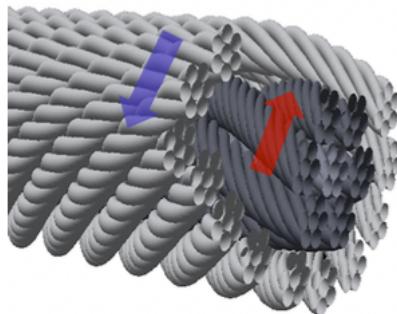


Abbildung 6: Prinzip eines Dreharmen Drahtseil

Quelle: [51]

In Abbildung (6), ist das Prinzip der gegenläufigen Schichten dargestellt und soll diesen Sachverhalt verdeutlichen. Da Drahtseile im Kreuzschlag ein steifes und starreres Auftreten haben und gleich geschlagene in dieser Hinsicht etwas flexibler sind, werden für Drahtseile, die eine Biegefähigkeit aufweisen müssen, Drahtseile im Gleich-

schlag verwendet [46]. Folglich bedeutet das, dass für laufende Seile ein gleich geschlagenes Drahtseil verwendet wird. Grund für die bessere Biegefähigkeit ist, dass die verwendeten Drähte bzw. die Litzen nicht so stark miteinander verbunden sind und so eine bessere Biegefähigkeit erreicht werden kann. Anderes ist es bei Drahtseile im Kreuzschlag, die aufgrund der verschiedenen Schlagrichtungen ein festeres Auftreten haben. Diese stabilere Konstruktionsweise ist besser geeignet für Bereiche, wo die Zuglast eine größere Rolle spielt.

3.5 Stabilität

Durch verschiedene Wechselwirkungen bzw. Interaktionen zwischen Aminosäuren werden Coiled-Coils stabilisiert. Ein positiver Nebeneffekt ist, dass die internen α -Helices zusätzlich stabilisiert werden. Durch den hydrophoben Kern kommt es zwischen hydrophoben Aminosäuren zu Interaktionen. Die Interaktionen belaufen sich auf hydrophobe Wechselwirkungen, die sich zwischen den beteiligten Aminosäuren ausbilden. Dazu sei gesagt, dass die beteiligten Aminosäuren eine hydrophobe Seitenkette haben. Wie schon in 3.1.1 erwähnt, besetzen die hydrophoben Aminosäuren Positionen a und d in einem Heptad Repeat, wodurch sie sich in einem Coiled-Coil im hydrophoben Kern gegenüberstehen.

Aber die hydrophoben Wechselwirkungen sind nicht die einzigen Wechselwirkungen in einem Coiled-Coil, es gibt auch elektrostatische Wechselwirkungen zwischen den Positionen e und g in einem Heptad [24]. Eine elektrostatische Wechselwirkung kann aber nur von Aminosäuren mit einer geladenen Seitenkette ausgebildet werden. Da Positionen g und e in der Draufsicht auf das Coiled-Coil die direkten Nachbarn des Kerns sind, ist die elektrostatische Wechselwirkung noch eine zusätzliche stabilisierende Konstante. Jetzt existieren aber zwei Varianten von geladenen Seitenketten, einmal die positiv und einmal die negativ geladenen Seitenketten. Damit die zusätzliche Stabilisierung durch die elektrostatische Wechselwirkung greift, muss jeweils eine der Aminosäuren auf den Positionen g und e positiv und negativ geladen sein. Das ganze kann sich wie ein Magnet vorgestellt werden, sind beide Aminosäuren positiv oder negativ geladen stoßen sie sich voneinander ab. Wenn aber jeweils eine positiv geladen und die anderen Aminosäure negativ geladen, dann ziehen sich die

beiden Aminosäuren an und unterstützen so bei der Stabilisierung des hydrophoben Kerns und damit auch bei der Stabilisierung des Coiled-Coils.

Ein weiterer stabilisierende Faktor sollte die Knobs-into-hole Konformation der Aminosäuren bei den Heptaden sein. Dadurch, dass eine Aminosäure von vier weiteren umschlossen wird, sollte der Bewegungsradius nochmals eingeschränkt werden. Das ganze kann sich wie ein Reißverschluss vorgestellt werden, wo jede Krampe einer Seite beim Schließen ineinander greift. Die Vorstellung von Knobs-into-hole liegt jedoch nur in einem kanonischen Coiled-Coil vor, also einem parallel ausgerichteten heptad Repeat. Durch zum Beispiel abweichende Ausrichtungen der Aminosäureketten, kommen auch im kanonischen Kern zu abweichenden Konstellationen [31].

3.5.1 Variabilität im hydrophoben Kern

Ausgehend davon, dass Coiled-Coils in verschiedensten Varianten existieren. Darunter parallele, antiparallele und Coiled-Coils mit verschiedensten Sequenzperioden, was auch Auswirkungen auf den hydrophoben Kern haben kann und er damit auch Variabilität in seiner Form mit sich bringt.

So existiert bei dem kanonischen Coiled-Coil, also dem heptad Repeat eine hydrophober Kern im sogenannten a und d-layer. Das bedeutet, Position a und d liegen sich in der Draufsicht auf das Coiled-Coil im hydrophoben Kern gegenüber. Jedoch kommt es in einer α -Helix zwischen der Position a der i-ten Windung und der Position d der $(i + 1)$ -ten Windung zu einer hydrophobe Wechselwirkung. Wird aber jetzt das Coiled-Coil von der Seite betrachtet, dann ist auf jeder Eben immer nur eine Position von a oder d vorhanden, was für das besagte a- und d-layer Format des Coiled-Coils spricht [15, 31].

Anderes sieht dies in einem antiparallel ausgerichteten Coiled-Coil aus, wo N- und C-Terminus nicht parallel zueinander verlaufen. Durch die Antiparallelität, verändert sich auch ein wenig der hydrophobe Kern. Vorstellen kann man sich, dass eine Aminosäurekette einmal um 180 Grad gedreht wird, sodass sie wie schon erwähnt antiparallel vorliegen. Da aber im hydrophoben Kern die Positionen a und d der Ketten gegenüberliegen, wird diese durch die Antiparallelität abgeändert. Durch die Antiparallelität liegen jetzt nicht mehr die Positionen a und d gegenüber, sondern

die jeweils gleichen Position. In anderen Worten liegen jetzt in der Draufsicht des Coiled-Coil beide a Positionen und beide d Positionen gegenüber. Dadurch kommt in der Seitenansicht eines Coiled-Coils nicht mehr ein a- und d-layer zum Vorschein, sondern ein gemischtes ad-layer. In diesem Fall befinden sich Position a und d auf einer Ebene des Coiled-Coils und nicht nur eine der beiden Positionen. Zusätzlich bleibt die Interaktion zwischen der i-ten und ($i + 1$)-ten Windung via hydrophoben Wechselwirkungen, jedoch nicht mehr zwischen Positionen a und d, sondern jeweils zwischen den a's und d's der Aminosäureketten.

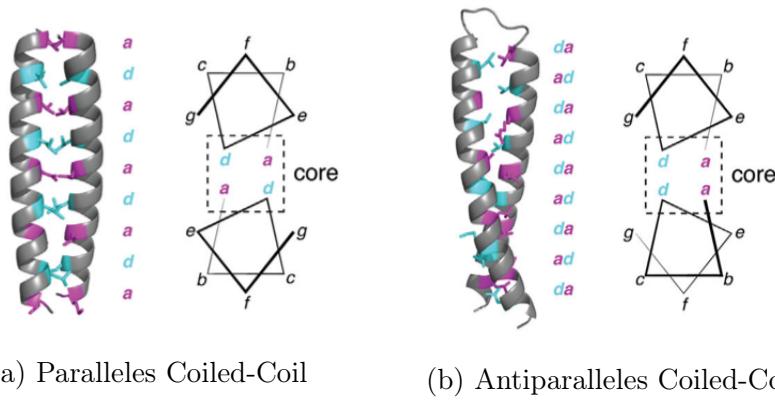


Abbildung 7: Unterschied zwischen parallelen und antiparallelen Coiled-Coils

Quelle: [31]

Diese Umkehrung der interagierenden Positionen betrifft nicht nur die Positionen im hydrophoben Kern, sondern auch die flankierenden Positionen, die elektrostatisch besetzt sind und miteinander agieren. So interagieren in einem antiparallelen Coiled-Coil nicht mehr die Positionen g und e der i-ten und ($i + 1$)-ten Windung, sondern auch Position g mit g' ¹ und e mit e' der Partnerhelix [35].

Jedoch existieren Coiled-Coils bekannterweise nicht nur in einer Variante mit zwei Subhelices, sondern auch in Varianten mit drei oder aber auch vier Subhelices. Auch hier kann es in der Situation münden, dass es ein paralleles oder antiparalleles Coiled-Coils ist. Zusätzlich gibt es bei mehr als drei Subhelices aber auch gemischte Vari-

¹ Ab hier wird die Position in der ($i + 1$)-ten Windung mit der jeweiligen Position hoch Apostroph abgekürzt

anten, wo parallele und antiparallele Subhelices in einer Superhelix vertreten sind. Nicht nur die Antiparallelität und die Anzahl an Subhelices führt zu einer leichten Änderung des Kerns, sondern auch die vorliegende Repeatvariante der Sequenzperiode. Aufgrund der unterschiedlichen Sequenzperioden und der damit in Hand gehenden Anzahl an Aminosäuren werden auch die internen Wechselwirkungen etwas an die gegebene Situation angepasst. So sind in einem Hendecad mit 11 Aminosäuren pro Sequenzperiode neben den Aminosäuren an Position a und d auch die Positionen e und h mit einer hydrophoben Aminosäuren besetzt [6, 4]. Durch die zusätzlichen Positionen, die hydrophob besetzt sind, sind nur abweichend vom kanonischen Coiled-Coil vier hydrophobe Interaktionen in die Stabilisierung involviert. Die nächste Stufe, mit 15 Aminosäuren pro Sequenzperiode, auch Pentadecad genannt, hat dann neben den bereits hydrophob besetzten Positionen wie in dem Hendecad noch eine weitere hydrophob besetzte Position an der Stelle l und damit existiert eine fünfte hydrophobe Wechselwirkung, die an der Stabilisierung beteiligt ist [6].

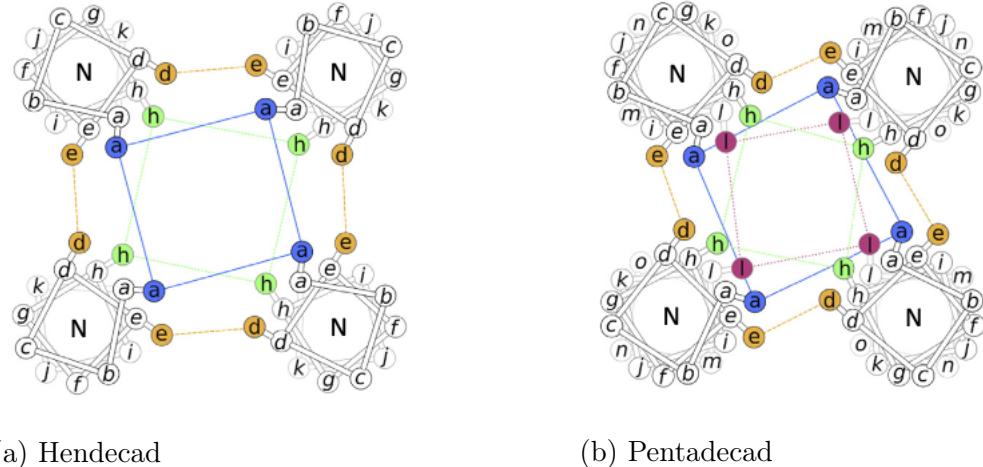


Abbildung 8: Unterschiedliche hydrophobe Kerne mit vier Helices

Quelle: [6]

Doch was haben die zuvor beschriebenen Sachverhalte alles mit der Stabilität zu tun! Da in erster Linie der hydrophobe Kern die zentrale Verbindung der Subhelices ist, ist dieser ein ausschlaggebender Faktor für die Stabilität einer Superhelix.

Wenn dieser aufgrund der Orientierung der Partnerhelices oder auch durch andere Sequenzperioden verändert wird, hat dies natürlich auch Auswirkungen auf die Stabilität der Superhelix. Durch de novo designete Coiled-Coils, wurde unter anderem die Stabilität untersucht. In diesem Zusammenhang fand man heraus, dass durch Einfügen von weiteren hydrophoben Aminosäuren und der mitziehenden Erhöhung von hydrophoben Wechselwirkungen auch die Stabilität erhöht wird [8]. Folglich müssen Hendecad und Pentadecad eine höhere Stabilität auf weisen, aufgrund der erhöhten Anzahl von möglichen Wechselwirkungen zwischen den Subhelices. Jedoch sind diese Arten auch basierend auf dem helikalen Rad rechtsgängig und damit haben sie die gleiche Schlagrichtung wie die α -Helices. Das kanonische Coiled-Coil ist aber linksgängig und hat damit unterschiedliche Gängigkeiten in den Strukturebenen, was auch noch mal eine Auswirkung auf die Stabilität bzw. die Zugfestigkeit haben kann.

So wurden das Hendecad beispielsweise in dem Oberflächenprotein Tetrabrachion nachgewiesen [6, 15]. Da Oberflächenproteine, wie der Name schon erahnen lässt, auf Oberflächen lokalisiert sind, haben sie eine andere Belastung als Strukturproteine, die unter einer Zuglast stehen.

3.5.2 Grad der Verdrillung

Jedoch kann nicht nur die Orientierung der Helices, der hydrophobe Kern oder die Anzahl der internen hydrophoben Wechselwirkungen ein ausschlaggebendes Kriterium für die Stabilität sein. Auch die Verdrillung der Subhelices kann damit reinspielen, so ist ein hervorragendes Beispiel die bereits erwähnte Kollagen-Tripelhelix. Aus Tabelle (1) lässt sich entnehmen, dass die Kollagen-Tripelhelix eine kurze Sequenzperiode und damit auch eine kleine räumliche Periode hat. Diese kleinen Kenngrößen können auch ein Indiz dafür sein, dass sie sehr eng verpackt ist und damit einen sehr hohen Grad an Verdrillung besitzt. Durch die starke Verdrillung haben die Kollagen-Tripelhelices eine Eigenschaft, die nicht ganz so stark in anderen Superhelices ausgeprägt ist. So neigen Sie aufgrund der starken Verdrillung dazu, sich nicht zu entwinden und haben so eine besonders hohe Zugfestigkeit. Dies lässt sich auch relativ gut von den Einsatzorten ableiten, so wird Kollagen unter anderem in

der Haut oder gar in den Sehnen verwendet [29]. So ist das Kollagen in der Haut zwischen zwei Hautschichten angesiedelt und hält diese in gewisser Weise zusammen. Aber das zusammenhalten, bringt natürlich nichts, wenn das Kollagen der Zuglast zu schnell nachgibt. Deswegen ist es im Fall der Haut eine sinnvolle Eigenschaft eine Superhelix zu nutzen, die eine hohe Zuglast aushält und sich nicht so schnell verformen lässt.

Im Gegensatz zu Kollagen-Tripelhelices, sind die Coiled-Coils nicht so extrem verdrillt. Dies bedeutet, dass logischerweise mehr Windungen benötigt werden, um eine Sequenzperiode abzuarbeiten. Abschließend kann man zu der Stabilität von Superhelices sagen, dass sie in erster Linie von internen biologischen Wechselwirkungen zusammengehalten werden. Aber auch der Grad der Verdrillung mit in die Stabilität einfließt und dadurch eventuell auch der Einsatzort verschiedener Superhelices bestimmt und festgelegt ist, sodass nicht jede Superhelix an jedem Ort eingesetzt werden kann.

3.5.3 Stabilität in Drahtseilen

In Drahtseilen läuft die Stabilität nicht über Wechselwirkungen wie in biologischen Superhelices. Unter anderem, weil es wie zu erwarten keine Aminosäuren gibt, die zwischen den Subhelices Wechselwirkungen ausbilden. Aber dafür hat ein Drahtseil eine Einlage, die in einer biologischen Superhelix nicht vorkommt. Die Einlage hat die Aufgabe, das Drahtseil zu stabilisieren [38]. Einlagen gibt es in verschiedenen Ausprägungen, die sich auf dessen Material beziehen. So kann die Einlage aus einem Draht oder sogar schon aus einem Drahtseil bestehen [28, 49]. Aber da es sich um Drahtseile handelt, muss nicht unbedingt auch die Einlage aus einem Material wie sie bei Drahtseilen verwendet wird bestehen. Eine Einlage kann auch aus natürlichen Materialien bestehen, wo sie dann als Fasereinlage bezeichnet wird. In diesem Fall kann die Einlage dann auch aus Sisal oder aus Manila bestehen [28].

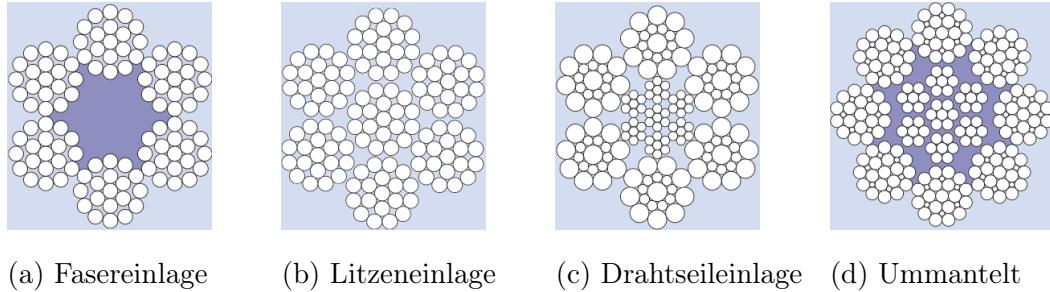


Abbildung 9: Arten von Einlagen

Quelle: [38]

Dabei lässt sich beobachten, dass die Fasereinlage und die ummantelte Einlage den potenziellen Freiraum zwischen den Subhelices ausfüllen. Dahin gegen bleiben bei den anderen Varianten der Einlage Zwischenräume über. Vorteil der Fasereinlage ist, dass hier die einzelnen Litzen sich nicht direkt berühren. Dies schützt die Litzen so gesehen von äußeren Schäden, bei einer Beanspruchung des Drahtseiles. Außerdem haben Naturfasern eine recht hohe Aufnahmefähigkeit von Flüssigkeiten und in Verbindung mit einer langfristigen Speicherung ein Vorteil. Dies hilft bei der Schmierung von Drahtseilen und ist damit ein wesentlicher Vorteil von metallischen Einlagen [28]. Bei der Ummantelung der Einlage handelt es sich um ein Kunststoff. Dieser dient dazu, eine metallische Einlage zu ummanteln und damit unter anderem die Reibung zwischen Drahtlage und Einlage zu minimieren [38]. Zudem haben Naturfasern Nachteile, wenn sie vertrocknet sind. Diese werden jedoch abgeschafft durch die Verwendung der ummantelten metallischen Einlagen [28].

3.6 Konstruktion

3.6.1 Faltung von Superhelices

Wie schon in der Einleitung dieser Arbeit erwähnt, bestehen Proteine aus einer Hierarchie von biologischen Strukturen, die sich zu einem großen Ganzen falten. Wenn man also von Falten und Proteinen spricht, dann ist der Prozess von der Primärstruktur bis hin zu einem funktionierenden Protein gemeint. Zwei gängige Vorstellung zu der Proteininfaltung sind einmal die Faltung nach der Hierarchie der

Strukturebenen und der hydrophobe Kollaps. Unterscheiden tun sich die beiden Vorgehensweise darin, dass sich ersteres von Strukturebene zu Strukturebene bis hin zu dem fertigen Protein faltet. Dahin gegen bildet der hydrophobe Kollaps ein sogenanntes molten Globule, was im weiteren Verlauf zu dem fertigen Protein ausgebildet wird [34, S. 100]. Aber unabhängig von dem Modell, funktioniert die Proteinfaltung, wie eine Art Trichter. Das Polypeptid gelangt in diesen Trichter und dann wird unter der Reduzierung von freier Energie die Polypeptidkette immer weiter gefaltet, bis die freie Energie in einem Minimum ist. In diesem Minimum hat das gefaltete Protein seine native Konformation erreicht und ist dann in einem thermodynamischen Gleichgewicht. Um aber Fehlfaltungen entgegenzuwirken, gibt es Faltungshelfer, auch unter Chaperone bekannt. Diese heften sich leicht zeitversetzt bei der Synthese der Primärstruktur an diese und verhindern so vorzeitiges und falsches Falten der Primärstruktur [34, S. 247].

Genauso wie bei der globalen Faltung von Proteinen, gibt es auch lokale Modelle zu der Faltung von helikalen Supersekundärstrukturen. Das am weitesten verbreitetste Modell bezieht sich dabei auf einen Verlauf, in dem die Superhelix in zwei Schritten von einem Monomer zu einer biologischen Struktur gefaltet wird [24]. In anderen Worten werden in dem Faltungsprozess zwei Zustände eingenommen, die sich einmal auf das ungefaltete Monomer und anschließend auf das gefaltete Dimer beziehen [27]. Doch aktuell wirkt dieser Faltungsprozess wie eine Art Blackbox, man gibt ungefaltete Monomere mit Faltungshelfer rein und bekommt gefaltete Superhelices raus. Es stellt sich also die Frage, was passiert in dieser Blackbox, dass gefaltete Strukturen herauskommen. Basierend auf [39], werden Subhelices schneller als übergeordnete Strukturen ausgebildet und dies könnte auch als ein kontinuierlicher Prozess interpretiert werden. Zum einen, weil es keine klare Grenze zwischen der Ausbildung der Sub- und Superhelix gibt und weil sich in diesem Sinne die Strukturen zeitlich leicht versetzt, aber dennoch parallel ausbilden. Möchte man jetzt diesen kontinuierlichen Prozess aus [39], dennoch in klar unterteilte Schritte teilen, dann wäre eine Möglichkeit, weitere Unterschritte einzusetzen. So beschreibt die schematische Darstellung, dass sich als erstes kurze α -Helices in den dafür vorgesehenen Bereichen der Monomere ausbilden. Aufgrund der elektrostatischen Eigenschaften

der Positionen g und e in einer Sequenzperiode, kommt es zu einer Zusammenlagerung der kurzen Helixbereiche. Da nun jetzt ein Anfang für ein Dimer geschaffen ist, kann nur an den zusammen gelagerten α -Helices das Coiled-Coil aufgebaut werden. In anderen Worten, weil sich die α -Helices schneller aufbauen als das Coiled-Coil, kommt es wie schon erwähnt zu einer leicht versetzten Ausbildung der Strukturbenen. Schematisch kann sich der Prozess, wie folgende Abbildung zeigt, vorgestellt werden.

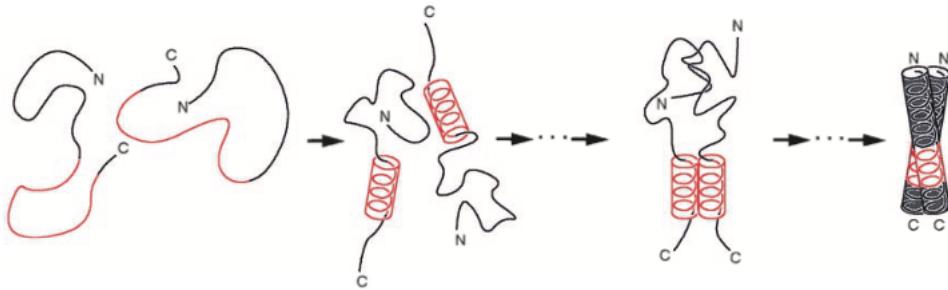


Abbildung 10: Faltungsprozess

Quelle: [39]

Der eben beschriebene Prozess bezieht sich in dieser Hinsicht zunächst nur auf das kanonische Coiled-Coil. Jetzt besteht aber noch die Frage, wie entstehen die anderen Varianten mit abweichenden Perioden?

Hier kann an die bereits erwähnten Prozesse des Stammers und Stutters angeknüpft werden. Wobei diese dann schon auf die bereits vorhandene Sequenz eines Heptad-Repeat angewendet werden. Dabei kommt es zu einer Entspannung und schlussendlich zu einer Endwindung, die dann eine Erhöhung der Sequenzperiode mit sich führt [6].

3.6.2 Herstellung von Drahtseilen

Basierend auf der Erklärung [3, 23] zu der Herstellung von Drahtseilen von der Fatzer AG, welches eine Firma ist, die sich auf Metallverarbeitung spezialisiert hat, möchte ich die Herstellung von Drahtseilen erläutern.

Nachdem die Drähte einer Überprüfung unterzogen wurden, werden sie auf Rollen

in einen Verseilkorb verbaut. Der Verseilkorb gehört zu einer Maschine, die Drähte miteinander verdrillt. Dabei besteht die Maschine grob gesehen aus dem bereits erwähnten Verseilkorb und einem Verseilkopf. Der Verseilkorb ist ein beweglicher Part der Maschine und dreht sich bei dem Prozess um seine eigene Achse. Dahingegen ist der Verseilkopf ein fester Part und ist streng angenommen dafür da, dass sich die Drähte an dieser Stelle verdrillen. Hinter der Produktion von Litzen verbirgt sich nicht nur die Drehbewegung des Korbes, sondern auch eine Zugkraft. Das bedeutet, die Drähte werden unter der Drehbewegung mit einer konstanten Zugkraft durch den Verseilkopf gezogen. Die produzierten Litzen können nun eine erneute Verdrillungsphase durchlaufen, um dann zu einem vollständigen Drahtseil zusammengebaut zu werden. Nach diesem beschriebene Prozess liegt jetzt ein einlagiges Drahtseil vor. Grund dafür ist, dass die produzierten Litzen nur einmal erneut verdrillt wurden. Aber wie schon mal erwähnt, gibt es auch mehrlagige Drahtseile, hier muss das Drahtseil als Einlage für die nächste Litzenschicht dienen. Insgesamt bedeutet dies für die Produktion, dass jede zusätzliche Litzenschicht auch einen zusätzlichen Arbeitsschritt mit sich zieht. Um noch mal Bezug auf die Faltung der Coiled-Coils zu nehmen, kann an dieser Stelle die Herstellung von Drahtseilen mit der Faltung nach der Hierarchie der Strukturebenen hervorragend verglichen werden. Da das Endresultat darauf angewiesen ist, dass die Zwischenresultate vorliegen, ist es recht offensichtlich, dass die Herstellung ein Prozess ist, der hierarchisch abläuft.

3.7 Biologische Betrachtung

Wie schon erwähnt kommen, Coiled-Coils in verschiedensten Proteinen vor, die unterschiedliche Aufgaben bewerkstelligen. Da sich die Aufgaben der Proteine im Wesentlichen leicht oder aber auch sehr stark unterscheiden können, ist es vom Vorteil, wenn auch das Coiled-Coil im Protein entsprechend angepasst ist. So lassen sich Coiled-Coils in der Familie der Golgin-Proteine, aber auch in den Kinetochor-Proteinen und Centriolen finden [31]. Weitere mögliche Proteine sind dann auch Proteine, die als Transkriptionsfaktor dienen, Tetrabrachion, Hämagglutinin und dem Motorprotein Myosin [31].

Betrachtet man jetzt die Proteine, die als Transkriptionsfaktor dienen, dann soll-

te man sich fragen, was ein Transkriptionsfaktor macht. Der Faktor beeinflusst die Transkription an der DNA, das bedeutete aber auch, dass der Faktor an der DNA befestigt werden muss. Hier kommt jetzt das Coiled-Coil ins Spiel, um wie schon erwähnt das Protein an der DNA festzuheften. Im Prinzip wird bei der Festheftung, die DNA zwischen den Einzelhelices des Coiled-Coils festgeklemmt und so das Protein an der DNA gehalten [21].

Neben der Festheftung von Proteinen, gehört auch die Abstandshaltung zu den Funktionen der Coiled-Coils [21, 31]. Dabei besteht das Ziel darin, den Abstand zwischen zwei Komponenten zu bewahren. Neben dem Abstand halten, gibt es auch sehr entscheidende Aufgaben, wo die Proteine Komponenten mithilfe von Coiled-Coils zueinander ziehen [31, 21]. Ein sehr essenzieller Prozess ist die Mitose zur Zellkernteilung, wo in der Anaphase die Schwesterchromosomen zu dem jeweiligen Zellpol der zukünftigen Tochterzelle gezogen wird [34, S. 48]. Gesamt betrachtet, werden die Schwesterchromosomen durch den umgangssprachlichen Spindelapparat zu den Zellpolen gezogen. Betrachtet man jetzt die Verbindung zwischen den Fasern des Spindelapparates und dem Kinetochor am Zentromer des Chromosoms, dann ist ein essenzieller Bestandteil das Coiled-Coil. Ich entnehme hier die Information aus [31, 40], wo erklärt wird, dass der Kinetochor ein Bestandteil aus Coiled-Coil hat und den Namen Ndc80/Nuf2 trägt.



Abbildung 11: Schematische Darstellung: Ndc80-Spc24-Spc25-Nuf2-Verknüpfung

Quelle: [40]

Das Ndc80, wird dann mit einem weiteren Komplex verknüpft. Bei diesem zusätzlichen Komplex, was aus Spc24 und Spc25 besteht, handelt es sich eben so um eine Coiled-Coil. Kombiniert verbindet Ndc80, Nuf2, Spc24 und Spc25 den Kinetochor beziehungsweise das Zentromer des Chromosoms mit den Spindeln [31, 40]. Dann ist noch ein weiterer Komplex, der sich Ska-Komplex nennt, anwesend. Dieser Komplex

besteht aus Ska1, Ska2 und Ska3, welche die Aufgabe hat, die Spindelfasern mit dem Coiled-Coil-Komplex zu verknüpfen [31, 1].

Insgesamt kann man sich den Verbund, wie in folgender Abbildung dargestellt ist, vorstellen.

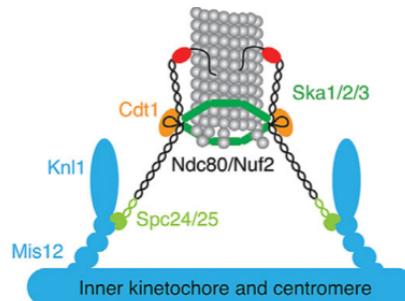


Abbildung 12: Schematische Darstellung: Ndc80-Spc24-Spc25-Nuf2-Komplex

Quelle: [31]

Zurück bleibt ein ungefähr 600Å langes Coiled-Coil, was parallel ausgerichtet ist und die zwei Komponenten miteinander verknüpft [40]. Im Anschluss besteht dann die Möglichkeit, die Ein-Chromatid-Chromosomen zu den Zellpolen zu ziehen.

Da es sich bei diesem Verbund um Coiled-Coils, die temporär unter einer Zuglast stehen, müssten die beiden Strukturebene eine unterschiedliche Gangrichtung aufweisen. Dafür kann sich die Visualisierung der PDB-Datenbank angeschaut werden², wo dies hervorragend zu erkennen ist. Auch gut zu erkennen ist, dass das Ndc80-Nuf2 Coiled-Coil aus zwei rechtsgängigen α -Helices besteht und ein linksgängiges Coiled-Coil bildet. Dies gilt ebenso für das Spc24-Spc25 Coiled-Coil. Dann ist auch noch eine Überlappung zu erkennen, wo dann ein Coiled-Coil bestehend aus den vier Helices kombiniert entsteht und die Verknüpfungsstelle der beiden Komplexe zeigt.

Ein weiterer Einsatzort von Coiled-Coils, befindet sich an der cis-Seite des Golgi-Apparates einer Zelle. Dabei sind sie allgemein unter dem Namen Golgins zu finden [31]. Der Golgi-Apparat dient wie eine Art Schnittstelle, der fertig gefaltete Proteine aufnimmt und sie spezifisch an den benötigten Einsatzort schickt [34, S. 257].

²siehe Anhang Abbildung (16)

Dabei ist noch zu beachten, dass die zu empfangenen Proteine nicht lose vom Golgi-Apparat empfangen werden, sondern von einem Versikel umschlossen sind. Das bedeutet, die Aufgabe der Golgins besteht darin, dass sie die Versikel fixieren und diese dann dem Golgi-Apparat zu führen. Die Golgins selber sind durch einen Anker auf der Oberfläche des Apparates fest fixiert und haben am C-Terminus ein Motiv zur Erkennung einer gekrümmten Oberfläche [31]. Der Prozess dahinter funktioniert über zusätzliche Bindestellen, die sich näher an der Oberfläche des Golgi-Apparates befinden. Das fixierte Versikel kann an die zusätzlichen Bindestellen übertragen werden und so im Prinzip der Membranoberfläche des Golgi-Apparates näher geführt werden, bis sie fusionieren und so der Versikelinhalt in den Golgi-Apparat entleert werden kann [48]. Hierzu sei gesagt, dass dafür mehrere Coiled-Coils benötigt werden und sich das Versikel an diesen zum Golgi-Apparat entlang hängt. Es gibt aber auch eine alternative Vorgehensweise, wo nur ein Coiled-Coil benötigt wird. Diese funktioniert über eine Konformationsänderung, welche sich in einer Biegung des Coiled-Coils äußert [48].

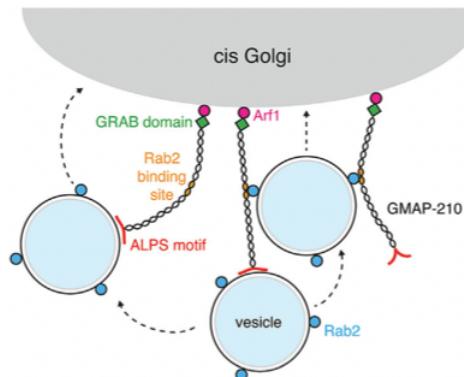


Abbildung 13: Schematische Darstellung: Golgins

Quelle: [31]

Auch wird Tropomyosin aus einem Coiled-Coil gebildet [6]. Die Aufgabe eines Tropomyosins besteht darin, die Aktine eines Aktinfilamentes zusammen zu halten [34, S. 139]. Dabei besteht das Tropomyosin aus zwei α -Helices, welche ein 400 Å langes Coiled-Coil bilden und nicht nur die Aktinfilamente zusammen halten, sondern auch dazu da sind, die Interaktion zwischen Aktin und Myosin-2 zu regulieren [31]. Aber

die Hauptaufgabe des Aktinfilamentes ist es der Zelle eine gewisse Stabilität und ihre Form zu geben, was in diesem Sinne als Skelett der Zelle betrachtet werden kann und umgangssprachlich dann auch Cytoskelett genannt wird [34, S.431]. Daraus kann man schließen, dass das Tropomyosin eine Zugfestigkeit aufweisen muss, damit es die Aktinfilamente zusammen halten kann. Betrachtet man jetzt die PDB-Visualisierung, dann lässt sich rasch sagen, dass dieses Coiled-Coil in die andere Richtung gedreht ist als die Subhelices³.

Wie schon erwähnt, gibt es Coiled-Coils nicht nur in Strukturproteinen, sondern auch in Oberflächenproteinen. Darunter Tetrabrachion, wo eine Coiled-Coil mit identischer Gangrichtung der Sub- und Superhelix zu finden ist [32]. Bei diesem Coiled-Coil handelt es sich um eines, welches wie schon erwähnt 11 Aminosäuren pro Sequenzperiode aufweist [15]. Durch diese Anzahl an Aminosäuren und mit dem Wissen über das helikale Rad, lässt sich sagen, dass es die gleiche Gangrichtung hat wie die genutzten α -Helices. Jedoch kann auch so argumentiert werden, dass die Periode von 11 so nah an den $3 \cdot 3,6 = 10,8$ Aminosäuren für die Vollendung der Windung ist, dass im Endeffekt das Coiled-Coil ein gerades Coiled-Coil ist. Also ein Coiled-Coil, wo der Pitch recht groß ist und es so scheint, als wären die einzelnen α -Helices parallel nebeneinander angeordnet. Wobei sich das Parallel hier nicht auf die Orientierung der Subhelices bezieht, sondern auf das mathematische Parallel. Aber unabhängig von dieser Parallelität, ist dieses Coiled-Coil auch parallel bezüglich der biologischen Orientierung ausgerichtet [25]. Dabei kann das ganze Tetrabrachion unterteilt werden in den Stamm und eine Art Kopf. Bei dem Stamm handelt es sich um das erwähnte Coiled-Coil⁴, was mit dem C-Terminus in der Zellmembran verankert ist und der Kopf lässt sich am verständlichsten beschreiben mit vier Armen, die aus β -Strängen bestehen [36]. Dabei wurde Tetrabrachion selbst im Bakterium *Staphylothermus marinus* nachgewiesen, wo die Oberfläche überseht ist von Tetrabrachion-Komplexen [36, 26]. Da dieses Protein die Oberfläche des Bakteriums schmücken, kann man sagen, dass sie dem Schutz vor äußeren Einflüssen

³siehe Abbildung (17)

⁴siehe Abbildung (18)

dienen [36]. Betrachtet man dies aus einem anderen Blickwinkel, dann könnte man auch auf die Eigenschaft des Coiled-Coils eingehen. Da es sich hier um α -Helices handelt, die sich kaum umeinander winden, müsste das Coiled-Coil in dieser Form maximal gestreckt sein und nur von den hydrophoben Wechselwirkungen im Kern und der Zusammensetzung der Seitenketten gehalten werden. Das Besondere an diesem Coiled-Coil ist, dass diese einen Hohlraum besitzt, was nicht der Norm entspricht [36]. Am leichtesten lässt sich das verbildlichen mit Federn, welche parallel in einem Viereck angeordnet werden. Kommt es zu einer einwirkenden Kraft auf einen Schirm, der durch die β -Stränge dargestellt wird, dann werden die Helices nur etwas eingedrückt und federn den äußeren Einfluss etwas ab. Dies könnte man auch auf das Tetrabrachion abbilden, welches, wie zuvor besprochen, im Prinzip als ein Schutz für das Bakterium dient. Kommt es zu dem besagten äußeren Einfluss, dann müssten das Coiled-Coil Segment wie eine Feder arbeiten und den potenziellen Einfluss abschirmen. Für das Coiled-Coil selber bedeutet dies, dass es hier nicht einer Zugkraft, sondern einer extern einwirkende Kraft standhalten muss. Aber auch aufgrund der Entdeckung des ungewöhnlichen Hohlraums kann das Tetrabrachion als eine Art Filter für das *Staphylothermus marinus* angesehen werden [36].

Aber Coiled-Coils helfen nicht nur neben Erhalt des Lebens bei der Zellteilung oder dem Schutz eines Bakteriums, sie werden auch von Viren genutzt, um in einen Wirt einzudringen. Um ein genaueres Virus zu nennen, kann das Influenzavirus genannt werden [21]. Im Zusammenhang mit dem Influenzavirus, spielt auch das bereits erwähnte Hämagglutinin (HA) mit. Das besagte Hämagglutinin kann in zwei Komponenten unterteilt werden, die sich auf eine Bindedomäne (HA1) und eine Fusionsdomäne (HA2) belaufen [54]. Hierbei besteht die HA2-Domäne aus einem Coiled-Coil, was aus drei α -Helices besteht. Die HA1-Domäne ist nüchtern betrachtet eine Art Abdeckung für die HA2-Domäne und versteckt so die Fusionskomponenten des Hämagglutinin, ist aber gleichzeitig auch der erste Kontaktspunkt zu der Wirtszelle [53]. Bei der Übertragung der viralen RNA, kommt es zu einer durch den pH-Wert induzierten Konformationsänderung des internen Coiled-Coil und einer Freisetzung dieser Strukturen [21, 54]. Die HA2-Domäne besteht in der Grundkonformation aus einem kürzeren Coiled-Coil, in welchen die Subhelices in einen Loop mündet und

dann in ein kurzes Helixsegment [54]. Durch die Verringerung des pH-Wertes wird das Coiled-Coil zu einem längeren Coiled-Coil. In diesem Prozess fängt der Loop an sich zu einer Helix zu formen und in Folge dieser Änderung werden die kurzen Helixsegmente in das Coiled-Coil integriert und bilden dann zusammen ein längeres Coiled-Coil [53, 12]. Anschließend kann die Abdeckung geöffnet werden und dadurch wird, dass Coiled-Coil aus dem Inneren des Proteins gedrückt, was dafür sorgt, dass das Coiled-Coil an die Membran des Wirtes gelangt. Der ganze Prozess besteht in diesem Sinne aus zwei Zuständen, die von dem ph-Wert abhängen ⁵.

Angebracht noch zu erwähnen ist, dass in Hämagglobulinin das Coiled-Coil eine Sequenzperiode von 18 Aminosäuren auf 5 Windungen hat und damit schon ein Octadecad-Repeat ist. [15].

Eine letzte Struktur mit Coiled-Coil ist das Bacteriophage ΦX174 tail Protein, wo bei dieses strukturell etwas aus dem Muster fällt. Bei diesem Coiled-Coil handelt es sich um eines, welches aus zehn α -Helices besteht [30, 45]. Dieses Bündel von α -Helices formen eine Art Röhre ⁶ mit einem mittleren Hohlraum, der so wirkt, als würde dieser zum Schleusen von Material dienen. Nach [30, 45] nutzt die Phage tatsächlich die Struktur, um sein Erbgut in Form von ssDNA in das Wirtsbakterium zu transportiert. Das Coiled-Coil selber besteht im Prinzip aus zwei unterschiedlich geformten Regionen, die sich zurückführen lassen, auf ein Heptad und Hendecad. Das bedeutet, in dem Coiled-Coil existiert eine linksgängige Region und eine gerade Region, wie sie im Tetrabrachion vorliegt. Um das Erbgut in den Wirt zu schleusen, muss die Phage die Membran des Bakterium durchdringen. Die Membran besteht aus zwei Doppelmembranen, die noch einen Zwischenraum besitzen. Dieser Zwischenraum ist als periplasmatischer Raum bekannt und trennt die Lipidschichten in diesem Sinne etwas voneinander. Für die Phage bedeutet dies, dass sie eine längere Distanz bis zum Cytoplasma überwinden muss. Daraus kann also geschlossen, dass diese Form von Coiled-Coil der Phage hilft, diesen Zwischenraum zu überwinden, um anschließend das eigene Erbgut in den Wirt zu übertragen [30]. Größentechnisch

⁵siehe Abbildung (19)

⁶siehe Abbildung (20)

ist diese Röhre 170 Å und hat einen Hohlraum mit einem Durchmesser von 22 Å im Bereich des Hendecad und 24 Å im Bereich des Heptad-Repeat [30, 45].

3.8 Theoretische Betrachtung

3.8.1 Mathematische Beschreibung

Das Verhalten der Superstrukturen kann auch theoretisch bzw. mathematisch betrachtet werden. Da es sich bei Coiled-Coils als auch Seilen um Helices handelt, müssen beide Strukturen eine Raumkurve besitzen. Gleiches gilt für die Substrukturen, sodass sie folgendermaßen beschreiben werden können.

$$\begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} r \cdot \cos \omega \\ r \cdot \sin \omega \\ p \cdot \left(\frac{\omega}{2\pi}\right) \end{pmatrix} \quad (12)$$

$$\begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} = r \cdot \begin{pmatrix} \cos \omega \\ \sin \omega \\ \omega \cdot \cot \beta \end{pmatrix} \quad (13)$$

Bei (12) handelt es sich um die Raumkurve einer α -Helix, die seinerzeit von Crick in [13] beschrieben wurde. Um die mathematische Situation am verständlichsten beschreiben zu können, kann gesagt werden, dass mit den x- und y-Koordinaten ein Kreis gebildet wird. Bei diesem Kreis handelt es sich erst mal um den Einheitskreis, der durch eine Multiplikation mit dem Radius entsprechend an den Radius der α -Helix angepasst werden kann. Die dritte Raumrichtung wird beschrieben mit der z-Koordinate und stellt die Ganghöhe der Helix dar.

Gleichung (13) beschreibt im Prinzip die gleiche Situation mit einer anderen Schreibweise, bzw. wird diese Schreibweise für die theoretische Betrachtung von Litzen in der Literatur verwenden [28, 52, 17]. Der Cotangens ist der Kehrwert des Tangens und kann mit $\cot \beta = \frac{1}{\tan \beta}$ beschreiben werden. In diesem Sinne kann die z-Koordinate von (13) auch, mit dem Tangens beschreiben werden, was aber wie zuvor erwähnt, nur der Kehrwert des Cotangens ist und dementsprechend das Gleiche beschreiben. Auch für die nächste Ebene der Coiled-Coils gibt es eine mathematische Gleichung, mit der, der räumliche Verlauf beschrieben werden kann. Diese wurde ebenfalls von Crick in [13] formuliert (vgl. mit der Erwähnung in [7]).

$$\begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} R_{CC} \cdot \cos \omega_0 + r \cos \omega_0 \cdot \cos \omega_1 - r \cdot \cos \gamma \cdot \sin \omega_0 \cdot \sin \omega_1 \\ R_{CC} \cdot \sin \omega_0 + r \cdot \sin \omega_0 \cdot \cos \omega_1 + r \cos \gamma \cos \omega_0 \sin \omega_1 \\ P_{CC} \cdot \left(\frac{\omega_0}{2\pi}\right) - R_{CC} \cdot \sin \gamma \cdot \sin \omega_1 \end{pmatrix} \quad (14)$$

Wobei für Winkel $\gamma = \tan^{-1}\left(\frac{2\pi \cdot R_{CC}}{P_{CC}}\right)$ gilt und ω_0 den Drehwinkel des Coiled-Coils beschreibt, während ω_1 für den Drehwinkel der Subhelix steht. Diese recht kompliziert wirkende Darstellung, kann an dieser Stelle noch etwas verändert werden, indem die Radien der Subhelix ausgeklammert werden.

$$\begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} R_{CC} \cdot \cos \omega_0 + r \cdot (\cos \omega_0 \cdot \cos \omega_1 - \cos \gamma \cdot \sin \omega_0 \cdot \sin \omega_1) \\ R_{CC} \cdot \sin \omega_0 + r \cdot (\sin \omega_0 \cdot \cos \omega_1 + \cos \gamma \cdot \cos \omega_0 \sin \omega_1) \\ P_{CC} \cdot \left(\frac{\omega_0}{2\pi}\right) - R_{CC} \cdot \sin \gamma \cdot \sin \omega_1 \end{pmatrix} \quad (15)$$

Begutachtet man diese Gleichung jetzt etwas genauer, dann lassen sich zwei wesentliche Terme erkennen. Der erste Term entspricht der Gleichung zu den Subhelices. Da es sich um die Raumkurve des Coiled-Coils handelt, wird diese durch den ersten Term beschrieben. Die Multiplikation der Klammer und dem Radius r , beschreibt in diesem Sinne den Verlauf der α -Helices. Die Gleichung der z -Ebene springt etwas aus dem Muster, doch es gilt wie zu vorgesagt, dass der erste Term die Raumkurve der Superhelix beschreibt. Da die Helix sich jetzt nicht um den Radius r bewegt, sondern für die Superhelix der Radius R_{CC} gilt. Muss an dieser Stelle in die z -Richtung der Radius R_{CC} für die Multiplikation verwendet werden, damit sich die Subhelix in dem Radius R_{CC} um die Achse bewegt.

Mit den Drehwinkeln kann dann die Drehrichtung simuliert werden. Dabei gibt es zwei Richtungen, in die gedreht werden kann. Diese sind einmal gegen und einmal mit dem Uhrzeigersinn, sodass je nach dem in welche Richtung gedreht wird der Drehwinkel positiv oder negativ ist. Da die α -Helix rechtsgängig ist, wird sie mit dem Uhrzeigersinn gedreht und daraus folgt dann, dass der Drehwinkel positiv ist [13]. Weitet man dies auf die Superhelix aus, dann haben wir hier jetzt zwei mögliche Szenarien. Wenn die Superhelix rechtsgängig ist, dann wird der Drehwinkel ω_1 wie bei der α -Helix mit dem Uhrzeigersinn gedreht und ist damit positiv.

Jedoch wenn das Coiled-Coil linksgängig ist, dann wird gegen den Uhrzeigersinn gedreht, folglich wird der Drehwinkel dann negativ.

Genauso wie es eine mathematische Beschreibung bei Coiled-Coils gibt, gibt es auch eine bei Drahtseilen. Weile beide auf der Beschreibung einer Helix basieren, ähneln sich beide Gleichung schon von Natur aus sehr stark. So wurde sich in [17] unter anderem auch die Raumkurve eines zweifach verseilten Draht angeschaut. Das bedeutet, es handelt sich dabei um eine Litze, welche aus mehreren Schichten besteht. Dabei wurde dann folgende Formel für die Raumkurve beschrieben:

$$\begin{pmatrix} x \\ y \\ z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} R_L \cdot \cos \omega_L - R_D \cdot (\cos \omega_L \cdot \cos \omega_D - \sin \omega_L \cdot \sin \omega_D \cdot \cos \alpha_L) \\ R_L \cdot \sin \omega_L - R_D \cdot (\sin \omega_L \cdot \cos \omega_D + \cos \omega_L \cdot \sin \omega_D \cdot \cos \alpha_L) \\ R_L \cdot \frac{\omega_L}{\tan \alpha_L} + R_D \sin \omega_D \cdot \sin \alpha_L \end{pmatrix} \quad (16)$$

Wobei R_L der Radius der Litze ist und R_D von der Subhelix, also dem Draht. Genauso wie bei der vorherigen Gleichung beschreibt ω den Drehwinkel, dabei wird unterschieden zwischen Drehwinkel des Drahtes (ω_D) und Drehwinkel der Litze (ω_L). α_L beschreibt dann zu guter Letzt den Schlagwinkel der Litze. Der Schlagwinkel α_L , wird wie in dem Kapitel 2.1 über die Tangente berechnet. Dabei fällt aber auch auf, dass dieser die gleiche Struktur hat wie γ aus der (14) und damit äquivalent sind. Ebenso sind ω_L und ω_0 , sowie ω_D und ω_1 äquivalent. Schlussendlich haben wir hier zwei Sachverhalte, die mathematisch betrachtet ein und dasselbe beschreiben, weil beide Gleichungen identisch sind. Bis auf, dass für die Ganghöhe der Superhelices, jeweils eine andere Herangehensweise genutzt wird.

3.8.2 Interne Veränderung bei einem verdrehen der Superhelix

Anhand der theoretischen Betrachtung lassen sich auch die internen Zusammenhänge und Veränderungen bei einem Verdrehen der Superhelices erklären. So wurden in den Doktorarbeiten [51] und [17] diese Zusammenhänge beleuchtet und jeweils anhand einer oder zwei Varianten von Drahtseilen erklärt. Es wurde sich ein fertiges Drahtseil angeschaut und verdreht, das bedeutet einmal mit dem Uhrzeigersinn und einmal gegen den Uhrzeigersinn. Was dann passiert ist, dass sich erst mal der Schlagwinkel verändert hat. Dabei ist aber noch zu differenzieren, welche Schlagrichtung

der Drahtseile und Litzen vorliegt. Haben wir jetzt ein Drahtseil in einer rechtsgängigen Ausprägung und betiteln diese als Ursprungsausprägung. Wird das Drahtseil jetzt mit dem Uhrzeigersinn gedreht, dann wird diese wieder aufgedreht und der Schlagwinkel wird dadurch reduziert ⁷.

Anders wäre es bei einem linksgängigen Drahtseil, hier würde es zu einer weiteren Verdrehung kommen und dadurch wird der Schlagwinkel erhöht. Die Erhöhung des Schlagwinkels hat dann unmittelbar Auswirkungen auf die Schlaglänge, die dann reduziert wird. Bezuglich der Schlaglänge bei der Verdrehung von dem rechtsgängigen Drahtseil, da wird die Schlaglänge aufgrund der Drehung mit dem Uhrzeigersinn erhöht. Wird jetzt ein rechtsgängiges Drahtseil gegen den Uhrzeigersinn gedreht, dann sind die Auswirkungen äquivalent zu den Auswirkungen bei dem linksgängigen Drahtseil, welches mit dem Uhrzeigersinn verdreht wird. Ebenso bei einem linksgängigen Drahtseil, was gegen den Uhrzeigersinn gedreht wird, hier ist dann die Ausprägung äquivalent zu dem rechtsgängigen Drahtseil, das mit dem Uhrzeigersinn gedreht wird.

Das ganze Szenario kann jetzt auch noch ausgeweitet werden auf die Subhelices, also bei den Drahtseilen, die Drähte. Diese verändern sich ebenso bei einer Verdrehung der Drahtseile, wobei die Veränderung auch abhängig davon ist, was für ein Drahtseil vorliegt. Wird ein gleich geschlagenes Drahtseil verdreht, dann verhalten sich die Drähte der Litzen gleich bzw. entsprechend der oben beschriebenen Möglichkeiten. Wenn aber ein Drahtseil im Kreuzschlag vorliegt, verhalten sich die Drähte der Litzen anders als das ganze Drahtseil. Haben wir ein rechtsgängiges Drahtseil mit linksgängigen Litzen und drehen mit dem Uhrzeigersinn. In dieser Situation wird das Drahtseil aufgedreht und damit wird dann der Schlagwinkel wie oben erwähnt reduziert. Die linksgängigen Litzen aber werden nicht aufgedreht, sondern werden in diesem Fall zugeschlagen, sodass sich der Schlagwinkel der Drähte erhöht und damit die Schlaglänge der Drähte reduziert wird ⁸. In anderen Worten, in einem Drahtseil im Kreuzschlag haben wir immer zwischen den Ebenen gegenläufige Veränderungen.

⁷siehe Anhang Abbildung (21)

⁸siehe Anhang Abbildung (22)

Wird das rechtsgängige Drahtseil mit den linksgängigen Litzen aber gegen den Uhrzeigersinn drehen, dann wird das Drahtseil aufgedreht und die Litzen selbst werden zugeschraubt. Hier existiert dann wieder eine gegenläufige Bewegung zu der Situation, wo das Drahtseil im Kreuzschlag mit dem Uhrzeigersinn gedreht wird. Die ganze Situation mit einem linksgängigen Drahtseil und rechtsgängigen Litzen verhalten sich genauso gegenläufig, wie schon in dem ersten Szenario erklärt, sodass es hier noch mal zwei Möglichkeiten gibt, wie sich die Strukturen bei einer Verdrehung verhalten. Transferiert man diese Überlegungen auf ein kanonisches Coiled-Coil, dann wird unter der Zuglast das Coiled-Coil aufgedreht. In anderen Worten, es wird mit dem Uhrzeigersinn gedreht. Weil die α -Helices die gegenläufige Gängigkeit haben, müssten sie zugeschraubt werden. Dies kann abgeleitet werden von der Drehrichtung des Coiled-Coil, was unter der Zuglast steht. Da unter der Zuglast beide Strukturelementen die gleiche Drehrichtung haben, jedoch werden die α -Helix aufgrund ihrer Gängigkeit weiter verdreht.

Es bestehe aber auch die Möglichkeit, die internen Veränderungen wie folgt zu erklären. Geht man davon aus, dass nicht verdrehte α -Helices die Ausgangssituation sind. Bei dem verdrehen wird bekanntlich ja die räumliche Periode auf 3,5 Aminosäuren reduziert. Geht man jetzt rechnerisch an diese Situation, dann hat das Rückgrad einer Aminosäure eine ungefähre Länge von 4,32 Å, wenn die Distanzen zwischen den Atomen addiert werden [18]. Daraus kann ermittelt werden, dass für die räumliche Periode $3,6 \cdot 4,32 = 15,552$ Å an Material der Primärstruktur benötigt wird. Wird dies nun auf das Standard Coiled-Coil angewendet, dann erhält man eine Materiallänge von 15,12 Å. Dies ist etwas kürzer und soll aussagen, dass weniger Material der Primärstruktur verwendet wird für eine räumliche Periode. Aber ebenso weil weniger Material benötigt wird, kommt es auch zu einer Reduzierung des Pitches. Schlussendlich wird wie schon oft erwähnt die α -Helices in dieser Situation weiter verdreht. Eine andere Variante wäre die Erhöhung bei dem Coiled-Coil mit einer Sequenzperiode von 11 Aminosäuren auf 15 Aminosäuren, wo beide die gleiche Gängigkeiten der Strukturen aufweisen. Kommt es zu einer Verdrehung gegen den Uhrzeigersinn, dann sollte sich der Pitch erhöhen. Dies kann genauso rechnerisch betrachtet werden. Das benötigte Material der Primärstruktur wird von 15,84 Å auf

16,2Å erhöht. Damit wird auch der Pitch erhöht, sodass dies einem verdrehen gegen den Uhrzeigersinn entsprechen müsste. Wobei noch zu erwähnen ist, diese Überlegung funktioniert nur mit einem konstant bleibenden Radius.

4 Diskussion

Abschließend möchte ich noch mal alles zusammenfassen und die Gemeinsamkeiten, so wie die Unterschiede zusammentragen und festhalten.

4.1 Gemeinsamkeiten

Eine offensichtliche Gemeinsamkeit ist, dass Helices verwendet werden und diese wieder in einer Superhelix verwendet werden. Dabei steht die Stabilität im Vordergrund. Grund dafür ist, dass allein eine Subhelix weniger Stabilität aufweist als ein Bündel von Subhelices in einer Superhelix.

Ebenso ist eine Gemeinsamkeit, dass sie beide unterschiedliche Gangrichtungen aufweisen können. Dabei gibt es in Drahtseilen mehr Möglichkeiten, die sich auf den Gleichschlag und den Kreuzschlag eines Drahtseiles beziehen. In diesem Sinne gibt es vier mögliche Varianten, wie ein Drahtseil aufgebaut werden kann. Das Coiled-Coil hat keine vier Möglichkeiten, zumindest in dem Bereich, wo die möglichen Varianten des Coiled-Coils nachgewiesen wurden. In diesem Bereich gibt es zwei Varianten bezüglich der Gängigkeit, die sich auf ein rechtsgängiges Coiled-Coil mit rechts gewundenen α -Helices und ein linksgängiges Coiled-Coil mit ebenfalls rechts gewundenen α -Helices beziehen. Bezieht man jetzt auch den theoretisch möglichen Bereich ein, dann gibt es auch linksgängige α -Helices. Diese wurden aber noch nicht aktiv in Proteinen nachgewiesen, sind aber in dem theoretischen Aspekt möglich. Wird der theoretische Bereich mit betrachtet, dann gibt es ebenfalls vier mögliche Varianten des Coiled-Coil bezüglich seiner Gängigkeit.

Auch eine Gemeinsamkeit ist, dass beide Superhelices in gewisser Weise unter einer Zuglast stehen. Bei Drahtseilen liegt der Fokus mehr auf dem Aushalten von den Zuglasten. Bei Coiled-Coils wird in gewisser Weise auch eine Zuglast standgehalten, wenn es zu unterschiedlichen Gängigkeiten der Strukturebenen kommt. Drahtseile

bekommen aufgrund der gegenläufigen Schlagrichtungen einen besonders festen Verbund der Substrukturen, wenn es zu einer Zuglast kommt.

Das Erscheinungsbild, wo bei Drahtseilen ein sehr klares Bild entsteht und daraus auch die Schlagrichtungen von Sub- und Superhelix abgeleitet werden kann. Bei den Coiled-Coils kann ebenfalls das Erscheinungsbild dabei helfen die Gängigkeiten abzuleiten, jedoch sieht das Erscheinungsbild eines Coiled-Coil mit zwei α -Helices etwas anderes aus als von einem Drahtseil. Etwas ähnliches Erscheinungsbild entsteht, wenn mehr α -Helices verwendet werden. Ein Beispiel dazu ist das erwähnte Bacteriophage $\Phi X174$ tail Protein, was aufgrund der Röhrenartigen Struktur doch schon einen gleichwertigen bis identischen Phänotyp zu Drahtseilen hat. Zumindest in dem Bereich, wo das Heptad verwendet wird, lassen sich die Strukturen hervorragend ineinander überführen.

Aber im Großen und Ganzen, variiert der Aufbau der Superhelices, je nach Funktion. So wird bei den Drahtseilen hier mit Gangrichtung und Strukturebene gearbeitet, während bei den biologischen Superhelices oft die Periode durch Modifikation angepasst wird. Mit der Anpassung der Periode kommt auch in bestimmten Fällen eine Anpassung der Gangrichtung. So lässt sich hier auch eine gewisse Gemeinsamkeit finden, da beide Strukturen aufgrund ihrer Funktion angepasst werden.

4.2 Unterschiede

Der offensichtlichste Unterschied zwischen den beiden Superhelices ist, dass in den biologischen Helices noch die Hürde besteht, die abstehenden Seitenketten der Aminosäure ordnungsgemäß zu verpacken. Diese Aufgabe bleibt den Drahtseilen verwehrt, da diese bekanntlich aus verformten Drähten bestehen.

Um genauer zu sein, bestehen die Litzen aus den Drähten und das Drahtseil dann aus den Litzen, sodass ein Drahtseil in Angesicht eines Coiled-Coil eigentlich als Supersuperhelix bezeichnet werden könnte. Weil theoretisch können schon die Litzen als Superhelix bezeichnet werden, da diese bereits aus mehren Drähten bestehen. Das Coiled-Coil selbst besteht ja aus den verwendeten α -Helices, die wiederum nur aus einer Aminosäurekette besteht und damit theoretisch eine Strukturebene weniger hat als Drahtseile. Wenn es jetzt eine Struktur gibt, ich nenne sie jetzt mal

Supersuperhelix, dann müsste in der Strukturbiologie das Coiled-Coil noch mal in eine übergeordnete Helix verbaut werden, damit es genauso viele Ebenen hat wie das Drahtseil.

Wenn dann noch mal genauer auf die α -Helices und Litzen geschaut wird, dann ist die α -Helix nicht so gepackt, dass jede Windung direkten Kontakt mit den benachbarten Windungen hat. Diese haben einen gewissen Abstand, sodass zwischen den Windungen eine kleine Lücke entsteht und diese damit strukturell ähnlich zu einer Feder, wie sie in einem Kugelschreiber zu finden sind. Anders ist es bei den Litzen, hier besteht keine Lücke zwischen den Drähten. Dies wäre auch eine weniger gute Lösung für den Aufbau eines Drahtseiles, wenn die Litzen Lücken hätten. Allgemein würden sie ihre Stabilität und Zugfestigkeit verlieren, weil es zu keinem starken Verbund der Struktur kommen würde.

Auch wenn sie im Kontext der Funktionen identische Aufgaben haben, ist es so, dass die Aufgaben bei Coiled-Coil doch etwas breiter gefächert sind.

Ein weiterer Unterschied ist die Einlage, die in Drahtseilen verwendet wird. Diese gibt es in Coiled-Coil nicht und ist auch nicht notwendig, um ein Coiled-Coil zu stabilisieren, weil dies durch die verschiedenen Wechselwirkungen übernommen wird. Dementsprechend kann gesagt werden, dass ein Coiled-Coil sich selbst stabilisiert und ein Drahtseil dahingegen durch einen zusätzlichen Bestandteil stabilisiert werden muss.

Wie schon erwähnt, sind die Aufgaben von Coiled-Coil etwas breiter gefächert als bei Drahtseilen. Zu den Aufgaben gehören unter anderem das Festklemmen an der DNA im Falle des Leucin-Zippers. Aber auch Zuglasten aushalten im Falle von Tropomyosin, einer Oberfläche eine gewisse Stabilität und Schutz bieten im Falle des Tetrabrachion oder aber auch als eine Art Brücke bei dem Coiled-Coil in dem Bakteriophagenprotein. Anhand dieser Aufzählung lässt sich doch schon erahnen, dass ein Coiled-Coil in dem Sinne mehr ist als ein Drahtseil der Strukturbiologie.

4.3 Schlusswort

Abschließende Worte zu der Berechnung der Periode und warum die zwei Ansätze unterschiedliche Ergebnisse liefern. Eine Möglichkeit wäre, dass in dem Ansatz,

wo der Pitch zur Berechnung verwendet wird, mit einem durchschnittlichen Wert gearbeitet wird. Dahin gegen wird bei dem Ansatz mit dem helikalen Rad keine Durchschnittswerte verwendet, sodass man hier von einer genaueren Berechnung ausgehen könnte. Ein Indiz dafür ist das Ergebnis von dem Coiled-Coil mit der Sequenzperiode von 11 Aminosäuren, was fast 200 Aminosäuren in einer Periode liefert. Das könnte unter anderem die Charakteristika eines Hendecad Repeats klären, die sich auf die recht geraden α -Helices beziehen. So kann dies auch eine Aufgabe in der Zukunft sein zu klären, warum sich die Ergebnisse in Bezug auf das kanonische Coiled-Coil leicht unterscheiden. Abschließend kann man also über die beiden Superhelices sagen, dass sich sehr viele Gemeinsamkeiten, aber auch mindestens genauso viele Unterschiede haben. Jedoch kann über beide Strukturen gesagt werden, dass sie in ihrem jeweiligen Anwendungsbereich so angepasst werden, dass sie optimal nutzbar sind.

Abbildungsverzeichnis

1	Schlagrichtung der Litzen	12
2	Gängigkeitsvarianten	14
3	Heptadmuster	15
4	Helikales Rad	16
5	Verlitzungsarten	25
6	Prinzip eines Dreharmen Drahtseil	27
7	Unterschied zwischen parallelen und antiparallelen Coiled-Coils	30
8	Unterschiedliche hydrophobe Kerne von Coiled-Coils	31
9	Arten von Einlagen	34
10	Faltungsprozess	36
11	Schematische Darstellung: Ndc80-Spc24-Spc25-Nuf2-Verknüpfung	38
12	Schematische Darstellung: Ndc80-Spc24-Spc25-Nuf2-Komplex	39
13	Schematische Darstellung: Golgins	40
14	Drahtseilebenen	60
15	Litzenarten	60
16	Coiled-Coil zwischen Kinetochor und Spindlapparat	61
17	Coiled-Coil des Tropomyosin	61
18	Coiled-Coil des Tetrabrachion	62
19	Zustände des Hämagglutinin	62
20	Coiled-Coil-Struktur des Bacteriophage Φ X174 tail Protein	63
21	Verhalten bei einem verdrehen	63
22	Verhalten der Subhelix bei einem verdrehen	64

Tabellenverzeichnis

1	Kenngrößen der Superhelices	22
2	Ergebnisse der Herleitung und Modifikation	22
3	Hauptgruppen von Drahtseilen	24

Literaturverzeichnis

- [1] A. Arockia Jeyaprakash, Anna Santamaria, Uma Jayachandran, Ying Wai Chan, Christian Benda, Erich A. Nigg and Elena Conti. Structural and Functional Organization of the Ska Complex, a Key Component of the Kinetochore-Microtubule Interface. *Molecular Cell*, 2012.
- [2] D. A. D. Parry P. J. Vibert A. Elliott, J. Lowy. Puzzle of the Coiled Coils in the α -Protein Paramyosin. *Nature Publishing Group*, 1968.
- [3] Fatzer AG. Ein Seil entsteht, 2011. Eingesehen am 20.02.202 unter <https://www.youtube.com/watch?v=CO6kY2NQ1BM2>.
- [4] Jörg Stetefeld Ainsley A. McFarlane, George L. Orriss. The use of coiled-coil proteins in drug delivery systems. *European Journal of Pharmacology*, 2009.
- [5] Alexander E. Kister, editor. *Protein Supersecondary Structures: Methods and Protocols*. Humana Press, 2019.
- [6] Jens Bassler Andrei N. Lupas. Coiled Coils – A ModelSystem for the 21st Century. *TRENDS in Biochemical Sciences*, 2017.
- [7] Andrei N. Lupas and Markus Gruber. The structure of α -helical coiled coils. *Advances in Protein Chemistry*, 70:37–38, 2005.
- [8] Harm-Anton Klok Bojana Apostolovic, Maarten Danial. Coiled coils: attractive protein folding motifs for the fabricationof self-assembled, responsive and bioactive materials. *Chemical Society Reviews*, 2010.
- [9] Amanda S. Brooker and Karen M. Berkowitz. *The Roles of Cohesins in Mitosis, Meiosis, and Human Health and Disease*, pages 229–266. Springer New York, New York, NY, 2014.
- [10] John Tooze Carl Branden. *Introduction to Protein Structure*. Garland Publishing, 1998.
- [11] John M. Squire Carlo Knupp. Molecular Packing in Network-Forming Collagens. *The Scientific World Journal*, 2003.

-
- [12] Chavela M. Carr and Peter S. Kim. A spring-loaded mechanism for the conformational change of influenza hemagglutinin. *Cell*, 73(4):823–832, 1993.
 - [13] F. H. C. Crick. The Fourier Transformation of a Coiled-Coil. *Acta Crystallographica*, pages 685–689, 1953.
 - [14] F. H. C. Crick. The Packing of α -Helices: Simple Coiled-Coils. *Acta Crystallographica*, pages 689–697, 1953.
 - [15] John M. Squire David A.D. Parry. *Fibrous Proteins: Structures and Mechanisms*. Springer, 2017.
 - [16] Charles L. Brooks Douglas J. Tobias. Thermodynamics and Mechanism of a Helix Initiation in Alanine and Valine Peptides. *Biochemistry*, 1991.
 - [17] Björn Ernst. *Zum Einfluss von Verdrehungen auf die Eigenschaften zugschwellbelasteter Drahtseile*. PhD thesis, Universität Stuttgart, 2012.
 - [18] R. H. Schirmer G. E. Schulz. *Principles of Protein Structure*. Springer, 1978.
 - [19] Jr. George N. Phillips. What Is the Pitch of the α -Helical Coiled Coil? *PROTEINS: Structure, Function, and Genetics*, 1992.
 - [20] Amy E Keating Gevorg Grigoryan. Structural specificity in coiled-coil interactions. *Current Opinion in Structural Biology*, 2008.
 - [21] Alexander Kros Hana Robson Marsden. Selbstorganisation von Coiled-Coils in der synthetischen Biologie: Inspiration und Fortschritt. *Angewandte Chemie*, 2010.
 - [22] Andreas Schulz Horst Bannwarth, Bruno P. Kremer. *Basiswissen Physik, Chemie und Biochemie*. Springer Spektrum, 2013.
 - [23] Austria Ischgl Tirol. Piz Val Gronda E5, Seilproduktion Fatzer AG Drahtseilwerk. <https://www.youtube.com/watch?v=PHqFO8A2EhM>, 2013. Eingesehen am 20.02.2022 unter.

-
- [24] Katja M. Arndt Jody M. Mason. Coiled Coil Domains: Stability, Specificity, and Biological Implications. *ChemBioChem*, 2004.
 - [25] Jörg Stetefeld, Margrit Jenny, Therese Schulthess, Ruth Landwehr, Jürgen Engel and Richard A. Kammerer. Crystal structure of anaturally occurring parallelright-handed coiled coiltetramer. *Nature Structural Biology*, 2000.
 - [26] Jürgen Peters, Michael Nitsch, Brigitte Kühlmorgen, Ralph Golbik, Andrei Lupas, Josef Kellermann, Harald Engelhardt, Jan-Phillip Pfander, Shirley Müller Kenneth Goldie, Andreas Engel, Karl-Otto Stetter and Wolfgang Baumeister. Tetrabrachion: A Filamentous Archaeabacterial Surface Protein Assembly of Unusual Structure and Extreme Stability. *Journal of Molecular Biology*, 1995.
 - [27] Kelly S. Thompson, Charles R. Vinson, and Ernesto Freire. Thermodynamic Characterization of the Structural Stability of the Coiled-Coil Region of the bZIP Transcription Factor GCN4. *Biochemistry*, 1993.
 - [28] Karl-Heinz Wehking Klaus Feyrer. *Feyrer- Drahtseile*. Springer Vieweg, 2017.
 - [29] Klaus Kühn. Struktur und Biochemie des Kollagens. *Chemie in unsere Zeit*, 1974.
 - [30] Lei Sun, Lindsey N. Young, Xinzhen Zhang, Sergei P. Boudko, Andrei Fokine, Erica Zbornik, Aaron P. Roznowski, Ian J. Molineux, Michael G. Rossmann and Bentley A. Fane. Icosahedral bacteriophage ΦX174 forms a tail for DNA transport during infection. *Nature*, 505:432–435, 2014.
 - [31] Thomas A. Leonard Linda Truebestein. Coiled-coils: The long and short of it. *BioEssays*, 2016.
 - [32] Andrei Lupas. Coiled coils: new structures and new functions. *TRENDS in Biochemical Sciences*, 1997.
 - [33] Andrei N. Lupas Markus Gruber. Historical review: Another 50th anniversary – new periodicities in coiled coils. *TRENDS in Biochemical Sciences*, 2003.
 - [34] Werner Müller-Estler. *Biochemie*. Spektrum Akademischer Verlag, 2009.
-

-
- [35] Martha G Oakley and Jessica J Hollenbeck. The design of antiparallel coiled coils. *Current Opinion in Structural Biology*, 11(4):450–457, 2001.
 - [36] Efhi Kelly Ogbomb. Structure – Functional Relationships of Right Handed Coiled-Coil (RHCC) from the Archaea, *Staphylothermus Marinus*. Master’s thesis, University of Manitoba, 2010.
 - [37] Christian Petersen. *Stahlbau*. Springer Vieweg, 2012.
 - [38] Pfeiffer Seil- und Hebetechnik GmbH. *Drahtseile- Technische Informationen*, 2018.
 - [39] Richard A. Kammerer, Therese Schulthess, Ruth Landwehr, Ariel Lustig, Jürgen Engel, Ueli Aebi and Michel O. Steinmetz. An autonomous folding unit mediates the assembly of two-stranded coiled coils. *Biochemistry*, 1998.
 - [40] Stephen C. Harrison Roberto Valverde, Jessica Ingram. Conserved Tetramer Junctionin the Kinetochore Ndc80 Complex. *Cell Reports*, 2016.
 - [41] Huy N. Hoanga Gloria Ruiz-Gómeza Timothy A. Hilla Russell W. Drivera Vishal S. Desaib Paul R. Youngb Giovanni Abbenantea Rosemary S. Harrisona, Nicholas E. Shepherda and David P. Fairliea. Downsizing human, bacterial, and viral proteinsto short water-stable alpha helices thatmaintain biological potency. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2010.
 - [42] Peter Römisich Rudolf Griemert. *Fördertechnik*. Springer Vieweg, 2020.
 - [43] Russell, Charles J. Hemagglutinin Stability and Its Impact on Influenza A Virus Infectivity, Pathogenicity, and Transmissibility in Avians, Mice, Swine, Seals, Ferrets, and Humans. *Viruses*, 13(5), 2021.
 - [44] Seilerei Martin Auinger. *Wissenswertes über Drahtseile*, 2018.
 - [45] Sun, Lei and Rossmann, Michael and Fane, Bentley. High-Resolution Structure of a Virally Encoded DNA-Translocating Conduit and the Mechanism of DNA Penetration. *Journal of virology*, 88, 2014.

-
- [46] Teufelberger. *Stahlseile- Technische Grundlagen*.
- [47] Albert S. Mildvan Thomas K. Harris. High-Precision Measurement of Hydrogen Bond Lengths in Proteins by Nuclear Magnetic Resonance Methods. *PROTEINS: Structure, Function, and Genetics*, 1999.
- [48] Tomasz M. Witkos and Martin Lowe. The Golgin Family of Coiled-Coil Tethering Proteins. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 2016.
- [49] verope AG. *Technische Broschüre*, April 2019.
- [50] Dipl.-Ing. Roland Verreet. Die Grundbegriffe der Drahtseiltechnik, 2018.
- [51] Tobias Weber. *Beitrag zur Untersuchung des Lebensdauerverhaltens von Drahtseilen unter einer kombinierten Beanspruchung aus Zug, Biegung und Torsion*. PhD thesis, Universität Stuttgart, 2013.
- [52] Frank Wille. *Charakteristik und Modellbildung des Verbundtragverhaltens von einlagigen Rundlitzen in Beton*. PhD thesis, Technische Universität Cottbus, 2004.
- [53] Xingcheng Lin, Nathaniel R. Eddy, Jeffrey K. Noel, Paul C. Whitford, Qinghua Wang, Jianpeng Ma and José N. Onuchic. Order and disorder control the functional rearrangement of influenza hemagglutinin. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(33):12049–12054, 2014.
- [54] Yeon Gyu Yu, David S. King, Yeon-Kyun Shin. Insertion of a Coiled-Coil Peptide from Influenza Virus Hemagglutinin into Membranes. *Science*, pages 274–276, 1994.

Anlagen

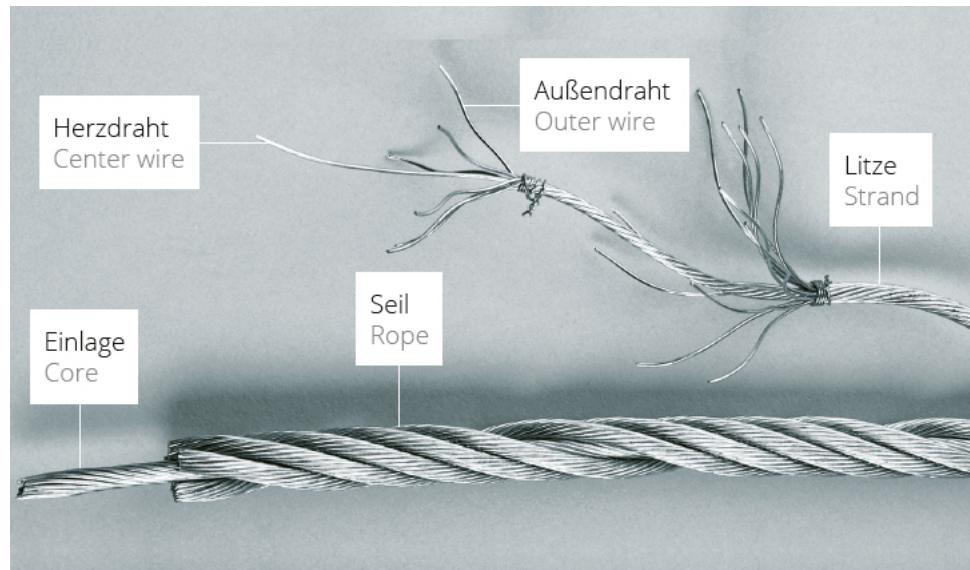
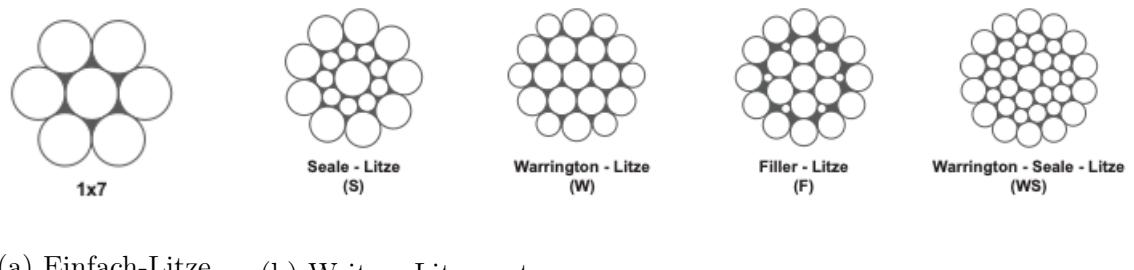


Abbildung 14: Drahtseilebenen

Quelle: <https://www.carlstahl-technocables.com/ch/de/faq/seilkunde/>



(a) Einfach-Litze (b) Weitere Litzenarten

Abbildung 15: Litzenarten,

Quelle: [44]

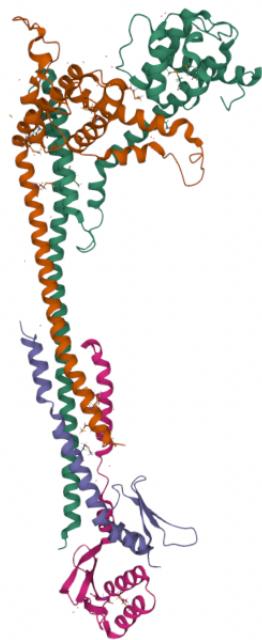


Abbildung 16: Coiled-Coil zwischen Kinetochore und Spindlapparat

Quelle: <https://www.rcsb.org/3d-view/5TCS>

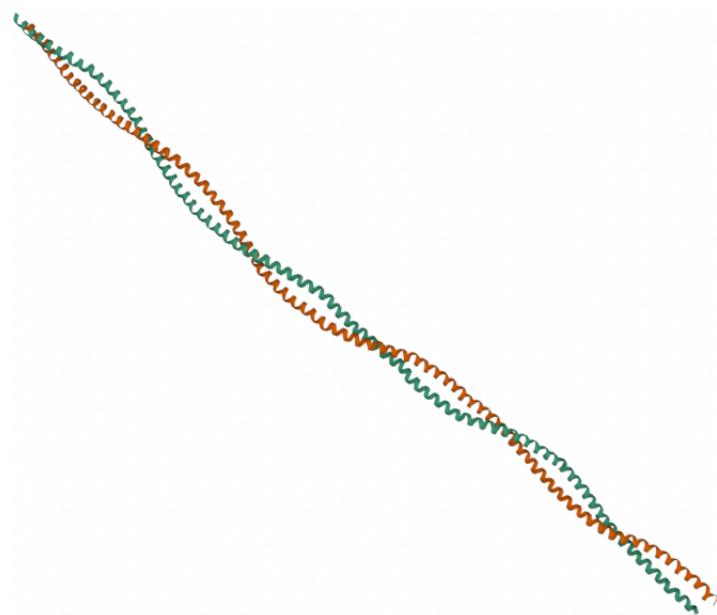


Abbildung 17: Coiled-Coil des Tropomyosin

Quelle: <https://www.rcsb.org/3d-view/1C1G>



Abbildung 18: Coiled-Coil des Tetrabrachion

Quelle: <https://www.rcsb.org/3d-view/1FE6>

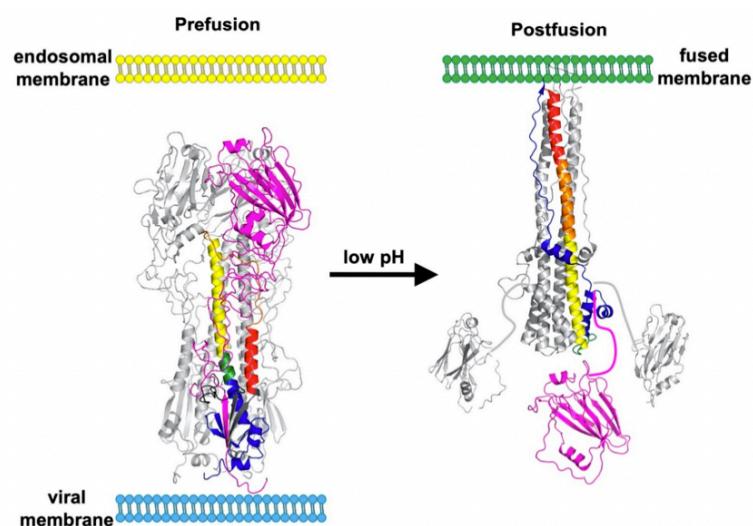


Abbildung 19: Zustände des Hämaggлюtinin

Quelle: [43]

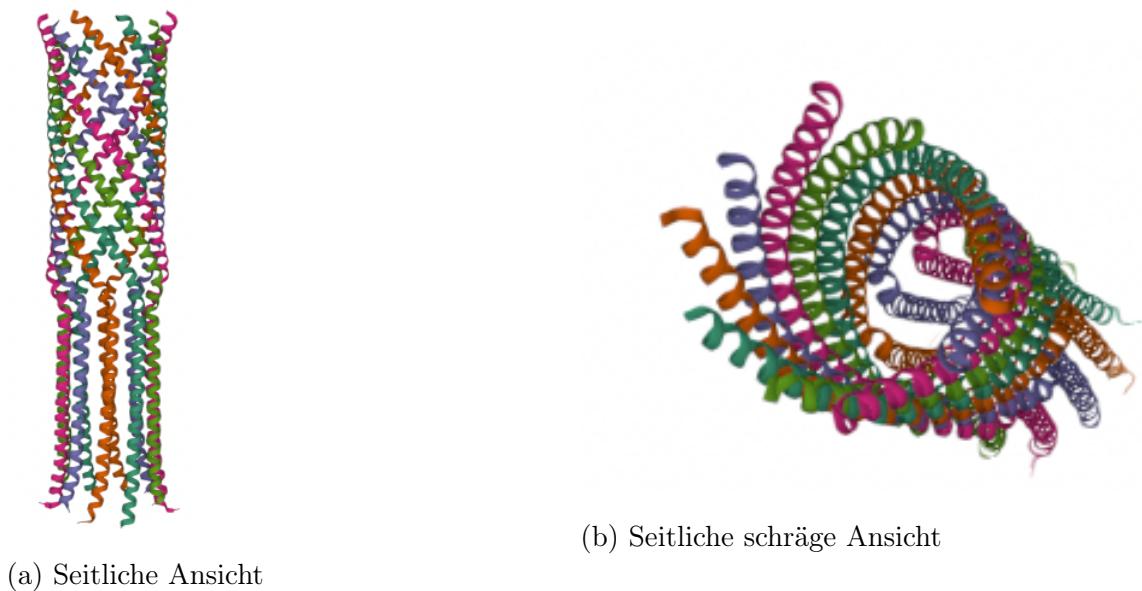


Abbildung 20: Coiled-Coil-Struktur des Bacteriophage ΦX174 tail Protein

Quelle: <https://www.rcsb.org/3d-view/4JPP>

Rund-litzenseil	„zugedreht“ $(\omega > 0)$	„unverdreht“ $(\omega = 0)$	„aufgedreht“ $(\omega < 0)$
einlagig			

Abbildung 21: Verhalten bei einem verdrehen

Quelle: [51]

Wobei die β -Winkel in der Abbildung dem Schlagwinkel α entsprechen.

		Litzenseil	
ω	Kreuzschlag sZ	Gleichschlag zz	
$\omega = 0$ (unverdreht)			
$\omega > 0$ (zugedreht)			
$\omega < 0$ (aufgedreht)			

Abbildung 22: Verhalten der Subhelix bei einem verdrehen

Quelle: [17]

Wobei die β -Winkel in der Abbildung dem Schlagwinkel α entsprechen.

Selbstständigkeitserklärung

Ich erkläre, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig und nur unter Verwendung der angegebenen Quellen und Hilfsmittel angefertigt habe.

Seitens des Verfassers besteht keine Einwände die vorliegende Bachelorarbeit für die öffentliche Benutzung im Universitätsarchiv zur Verfügung zu stellen.

Jena, 31.03.2022, Dietrich

Ort, Abgabedatum, Unterschrift des Verfassers