

Proteinstruktur

Inhalt

- Aufbau von Aminosäuren
- Verknüpfung von As – die Peptidbindung
- Proteinstruktur
- Wirksame Kräfte

Aufbau von Aminosäuren

http://www.yellowtang.org/animations/amino_acids.swf

Bausteine der Proteine:

20 Aminosäuren

Charakteristika:

Amino-Gruppe $-NH_2$

Carboxyl-Gruppe $-COOH$

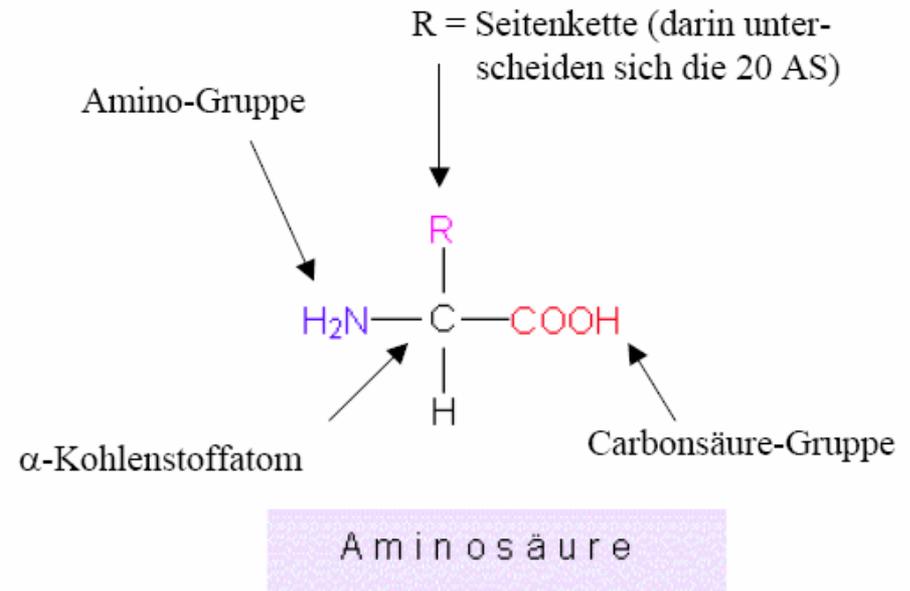
L-Aminosäure

→ α -Aminocarbonsäuren

Am α -Kohlenstoffatom hängt die Carboxyl- und die Amino-Gruppe!

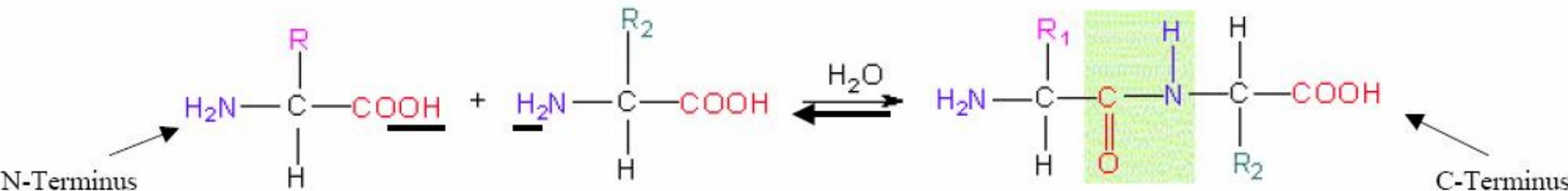
R = Seitenkette (darin unterscheiden sich die 20 AS und haben andere Eigenschaften)

Einfachste AS: Glycin H_2N-CH_2-COOH
(R = H)



Die Peptidbindung

- Die Peptidbindung bedingt eine Polarität im Molekül: an einem der Kettenenden bleibt eine freie Aminogruppe, am anderen eine freie Carboxylgruppe übrig (N-Terminus und C-Terminus);
- Die Synthese erfolgt durch fortlaufendes Anfügen von Aminosäuren an die Carboxylgruppe.



Die Peptidbindung

<http://www2.chemie.uni-erlangen.de/projects/vsc/chemie-mediziner-neu/aminosaeuere/peptid.html>

Die Peptidbindung entsteht durch Kondensation der Carboxylgruppe mit der alpha-Aminogruppe.

- dabei wird 1 Wassermolekül abgespalten, Energieaufwand!
- die Bindung kann durch Hydrolyse wieder gespalten werden, dazu wird je ein H₂O-Molekül benötigt.

Kondensationsreaktion:

Verbindung von zwei organischen Molekülen unter Abspaltung eines kleinen anorganischen Moleküls. z. B. Wasser

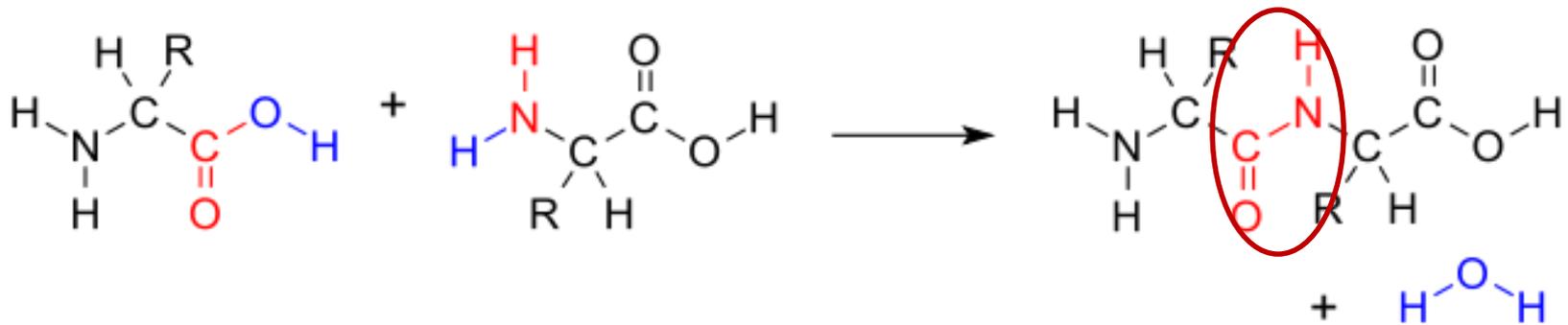
Sie können immer vom N-terminalen Ende oder vom C-terminalen Ende her gesehen werden, z.B.:



Das sind zwei verschiedene Peptide !!!

Peptidbindung

Die C-N Bindung hat teilweisen Doppelbindungscharakter und ist daher starr.



[V8rik](#) at [en.wikipedia](#) - Eigenes Werk

Proteine

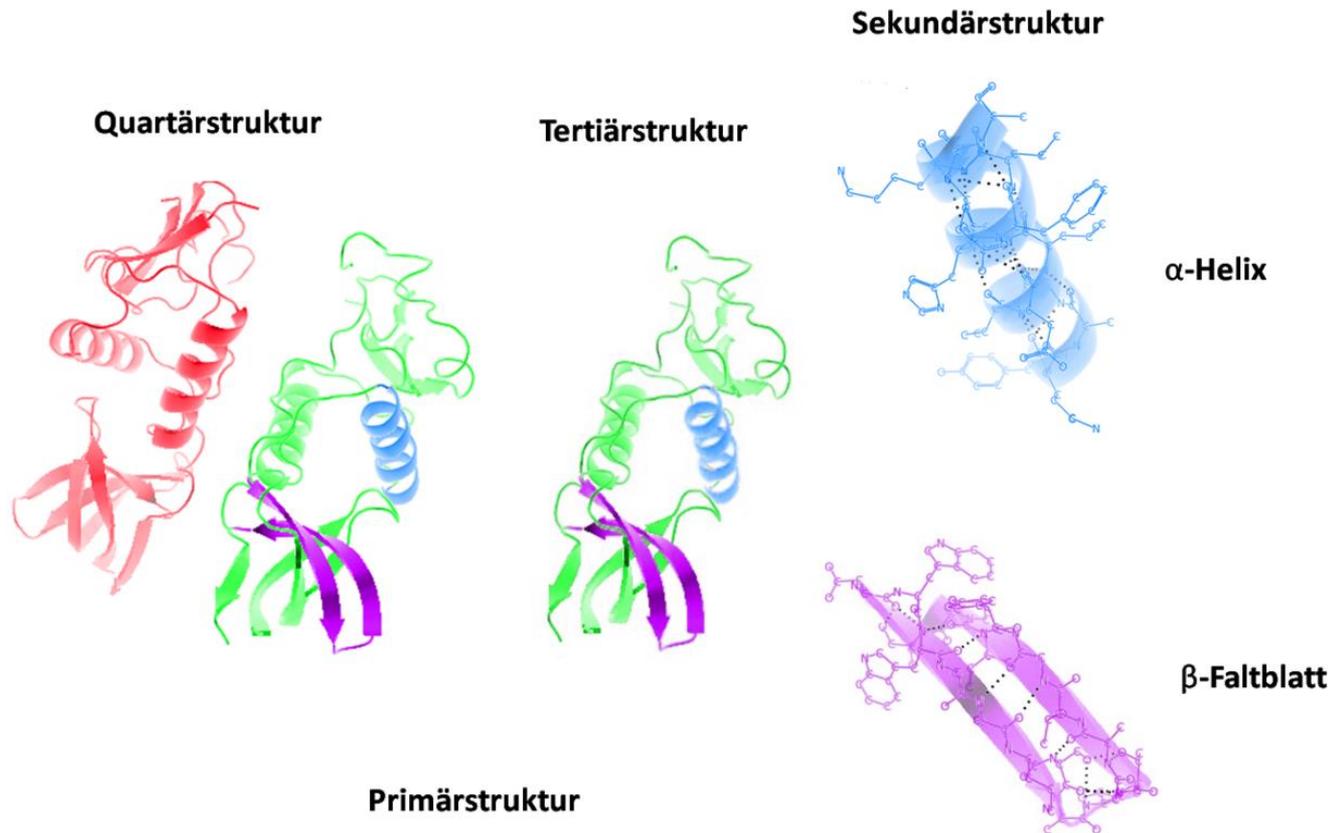
- Sind lange Ketten von L-Aminosäuren, die durch Peptidbindungen miteinander verknüpft sind
- Aminosäureketten, die unter 100 Aminosäuren besitzen nennt man **Peptide**.
- Bei mehr als 100 verknüpften Aminosäuren spricht man von **Proteinen**.

Proteinstruktur und *wirksame Kräfte*

- **Primärstruktur** = Abfolge der Aminosäuren oder auch Aminosäuren-Sequenz
- **Sekundärstruktur:** Dreidimensionale Strukturen durch *H-Brücken-Bindung*;
Konformationen: Helix, Faltblatt, Turns, Domäne
- **Tertiärstruktur:** räumliche Lage der Sekundärstruktur durch Wechselwirkungen der Aminosäurenreste; stabilisiert durch *van der Waals-Kräfte, Ionenanziehung, Wasserstoff- Brücken, Disulfidbrücken*
- **Quartärstruktur:** räumliche Lage von 2 oder mehreren Polypeptidketten in einem Protein

Proteinstruktur

http://www.yellowtang.org/animations/secondary_tertiary.swf



Tyr-Lys- Ala-Ala-Val-Asp-Leu-Ser-His-Phe-Leu-Lys-Glu-Lys

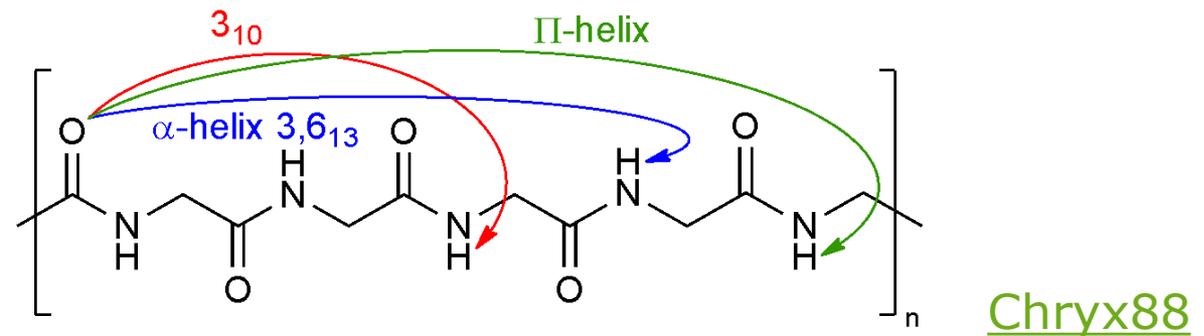
Asp-Trp-Trp-Glu-Ala-Arg-Ser-Leu-Thr-Thr-Gly-Glu-Thr-Gly-Tyr-Pro-Ser

Proteinstruktur-Sekundärstruktur

Die Peptidkette enthält polare Gruppen, welche das Bestreben haben, Wasserstoffbrückenbindungen einzugehen.

Partner können sein:

- Wasser
- polare Seitenketten
- polare Gruppen in Peptidkette



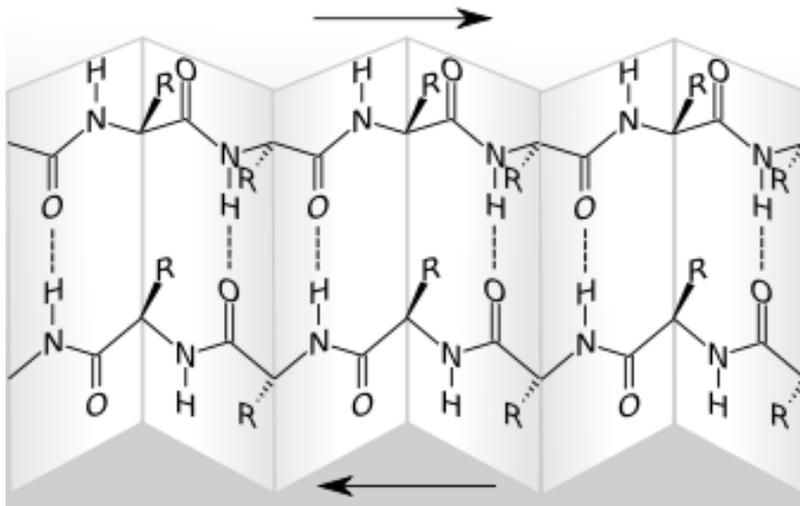
Wasserstoffbrücken innerhalb der Kette ermöglicht durch Verdrehen der Kette

häufigste Helix: **α -Helix**

Proteinstruktur-Sekundärstruktur

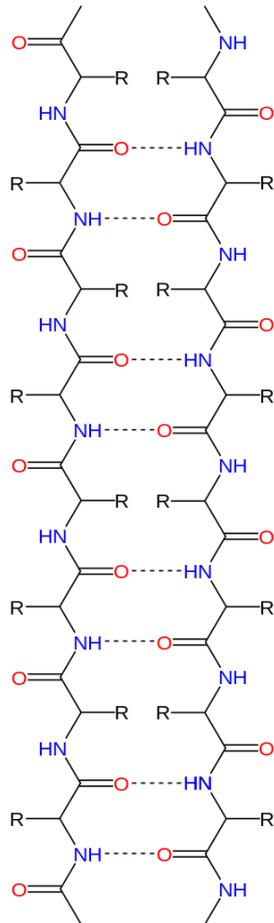
β -Faltblatt (β -sheet)

Zwei oder mehr Peptidstränge lagern sich zusammen und bilden H-Brücken aus

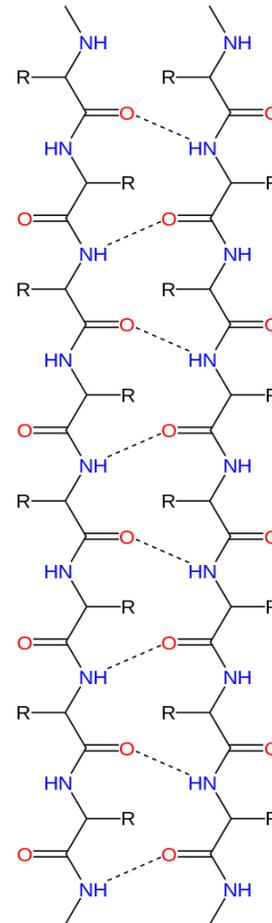


Modell eines
antiparallelen
Faltblattes

Proteinstruktur-Sekundärstruktur



Antiparalleles
Faltblatt



Paralleles
Faltblatt (seltener)

Proteinstruktur-Sekundärstruktur

Seltene Sekundärstrukturelemente

β -Schleife (β -turn)

oft als Übergang zwischen den
Strängen eines Faltblattes

3_{10} -Helix

nur über kurze Strecken

Proteinstruktur - Tertiärstruktur

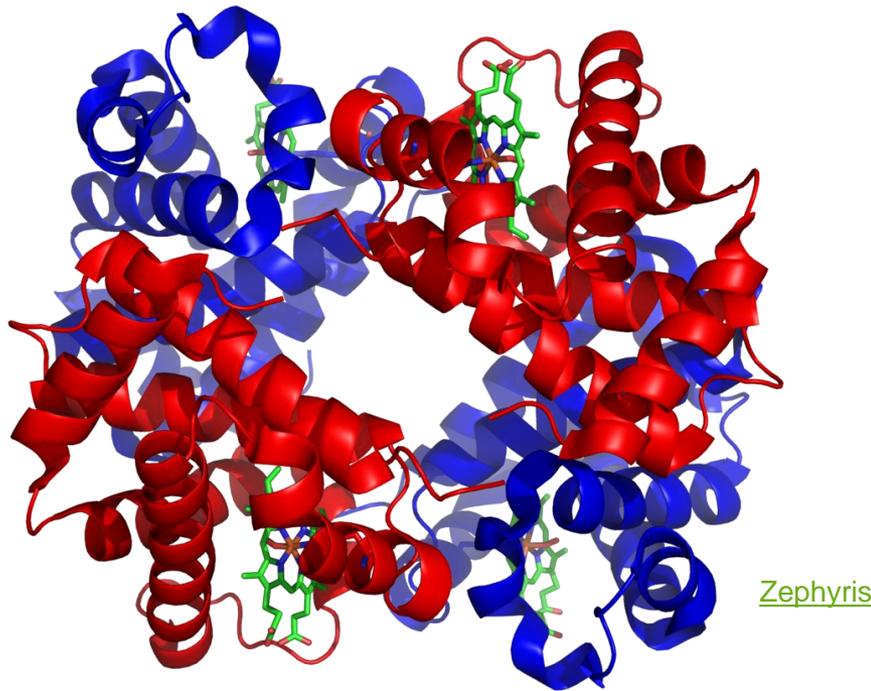
Animation der Tertiärstruktur von Insulin



[Ayacop](#)

Proteinstruktur - Quartärstruktur

http://www.yellowtang.org/animations/hemoglobin_quaternary.swf



Zephyris

Bändermodell (Untereinheit α und β , rot bzw. blau) von Hämoglobin A mit der prosthetischen Gruppe Häm (Stäbchenmodell, grün)