



Proteine: Strukturen

Jürgen Grau, SS 08; Franziska Scharl, SS 10

Gliederung

1	Molekularer Aufbau	2
1.1	Aminosäure	2
1.2	Peptid-Bindung	3
2	Primär-Struktur	3
2.1	Aminosäure-Sequenz	3
2.2	Drehbarkeit der Bindungen	3
3	Sekundär-Struktur	4
3.1	α -Helix	4
3.2	β -Faltblatt-Struktur	4
3.3	β -Kehre	5
3.4	Ω -Schleife	5
4	Tertiär-Struktur	5
5	Quartär-Struktur	6

Einstieg: Als Einführung in das Thema wurde eine rohe mit einer bereits gebratenen Bratwurst verglichen, dabei unterschieden sich die beiden Bratwürste vor Allem in der Konsistenz. Im Gegensatz zur relativ festen und unflexiblen gebratenen Wurst war die rohe noch sehr weich und flexibel. Durch das Erhitzen der Bratwurst haben sich anscheinend die chemischen Eigenschaften der in der Wurst enthaltenen Proteine verändert. Dieser Zusammenhang führte zur Frage wie denn Proteine überhaupt chemisch aufgebaut sind, bzw. welche Faktoren für ihre räumliche Struktur eine Rolle spielen.

Proteine sind besonders vielseitige Makro-Moleküle, die in Form von Enzymen den Stoffwechsel regulieren. Sie sind die strukturell am höchsten entwickelten Moleküle, die wir kennen. In Übereinstimmung mit der Vielzahl verschiedenartiger Funktionen variieren auch die Strukturen der Proteine. Trotz der einzigartigen dreidimensionalen Gestalt jedes Proteintyps sind alle Proteine Polymere, die aus demselben Satz von 20 Aminosäuren aufgebaut sind.

1 Molekularer Aufbau

1.1 Aminosäure

Aminosäuren bestehen aus einem asymmetrischen Kohlenstoff-Atom, an das eine Amino- und eine Carboxyl-Gruppe, ein Wasserstoff-Atom und eine Seiten-Kette gebunden sind. Die 20 verschiedenen Aminosäuren unterscheiden sich nur durch die unterschiedlichen Seiten-Ketten, die sogenannten Reste.

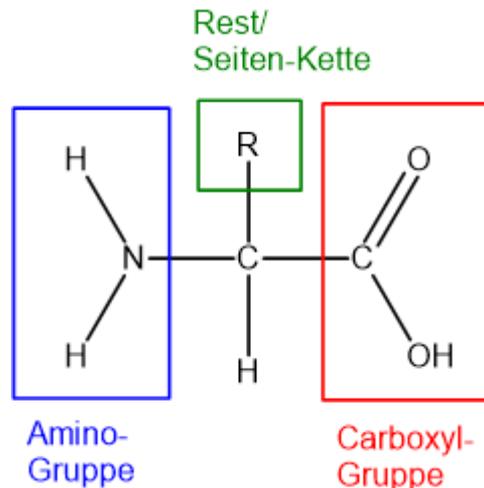


Abb. 1: Aminosäure [1]

In wässriger Lösung liegt die Carboxyl-Gruppe dissoziiert vor, die Amino-Gruppe ist dagegen protoniert.

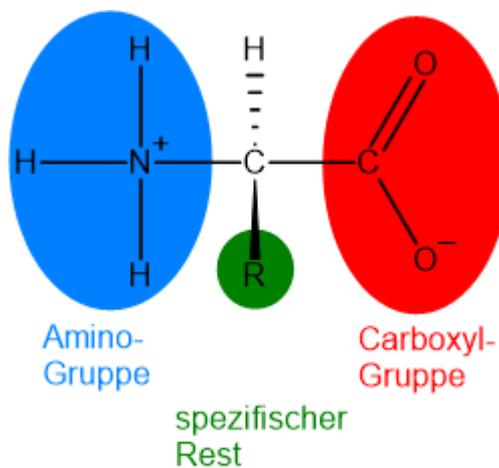


Abb. 2: Aminosäure in wässriger Lösung

1.2 Peptid-Bindung

Ein Enzym kann zwei Aminosäuren miteinander verknüpfen, wenn sich die Carboxyl-Gruppe der einen Aminosäure direkt neben der Amino-Gruppe der anderen Aminosäure befindet. Dabei handelt es sich um eine enzymatisch katalysierte Dehydratisierungsreaktion (Abb. 3). Wird dieser Prozess mehrfach wiederholt, so entstehen zunächst Oligopeptide und schließlich Polypeptide, also Polymere aus vielen durch Peptid-Bindungen miteinander verknüpften Aminosäuren.

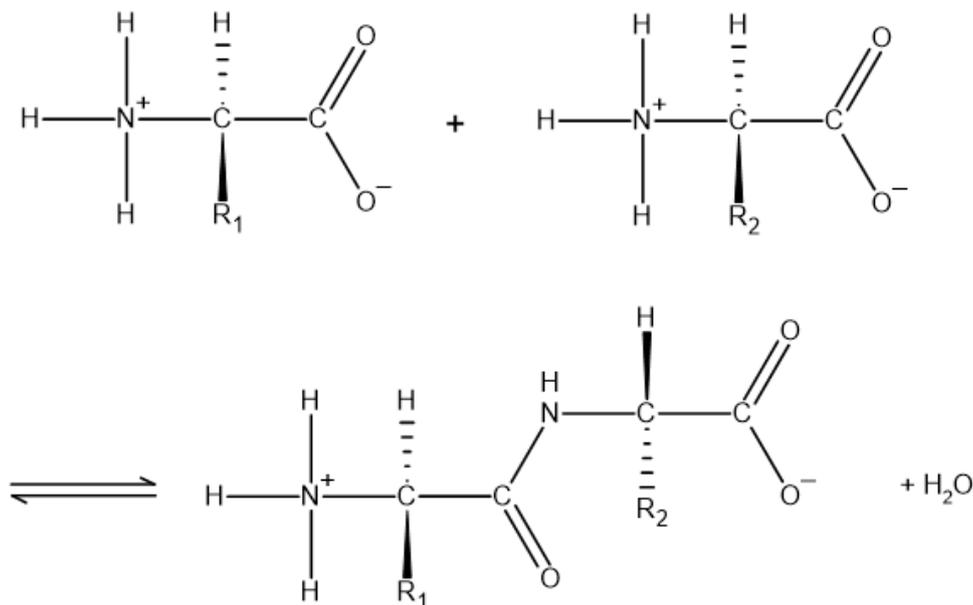


Abb. 3: Entstehung der Peptid-Bindung

2 Primär-Struktur

2.1 Aminosäure-Sequenz

Die für jedes Protein einzigartige Abfolge von Aminosäuren ist aufgrund der verschiedenen Reste der einzelnen Aminosäuren maßgeblich für die räumliche Struktur des Proteins. Denn diese Seiten-Ketten unterscheiden sich stark in Größe, Gestalt, Ladung, hydrophoben Charakter, chemischen Reaktivität und in der Fähigkeit Wasserstoff-Brücken auszubilden.

2.2 Drehbarkeit der Bindungen

Die Drehbarkeit der Bindungen in einem Protein hat einen großen Einfluss auf dessen dreidimensionale Struktur, die so genannte Konformation. Auf den ersten Blick liegen nur frei drehbare Einfach-Bindungen in der Haupt-Kette vor (Abb. 4). Jedoch ist die Peptid-Bindung mesomerie-stabilisiert, was zur Bildung einer partiellen Doppel-Bindung mit eingeschränkter Drehbarkeit der Peptid-Bindung führt (Abb. 5). Im Gegensatz dazu sind alle anderen Bindungen frei drehbar, aber teilweise sterisch gehindert. Die Primär-Struktur weist somit eine planare Struktur auf (Abb. 5).

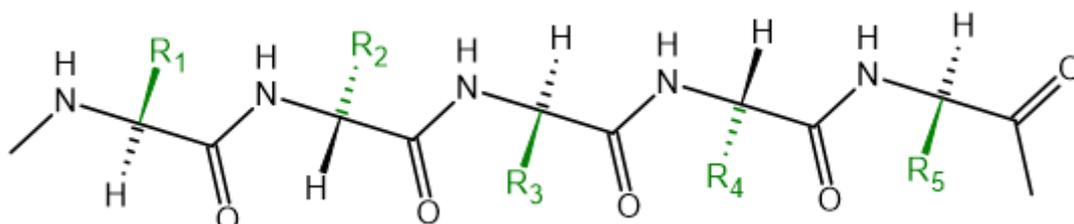


Abb. 4: Haupt-Kette (schwarz) mit Resten (grün) [2]

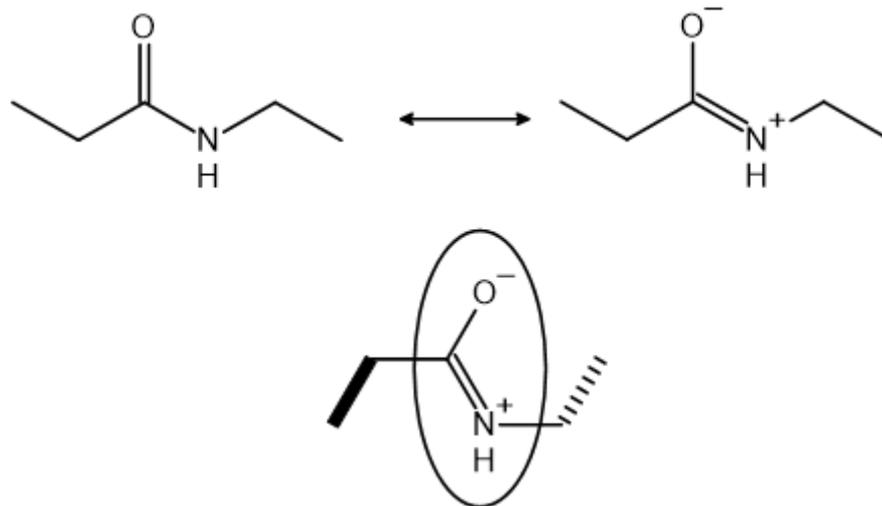


Abb. 5: Mesomerie stabilisierte Peptid-Bindung.

3 Sekundär-Struktur

Zwischen den Amino- und den Carbonyl-Gruppen bilden sich Wasserstoffbrücken-Bindungen, was zu periodischen Molekül-Strukturen führt. Die Sekundär-Struktur bezieht sich auf die räumliche Anordnung der Aminosäure-Reste, die in der linearen Sequenz nahe beieinander liegen. Viele davon sind regelmäßig vorkommend und führen so zum Auftreten periodischer Strukturen (α -Helix, β -Faltblatt). Die später nachgewiesenen Kehren und Schleifen (β -Kehre, Ω -Schleife) sind nicht periodisch, leisten aber auch einen wichtigen Beitrag zur endgültigen Protein-Struktur.

3.1 α -Helix

Das Protein nimmt eine stabförmige Struktur ein, dabei verdreht sich die Haupt-Kette, die den inneren Teil des Stabes bildet so, dass die Seiten-Ketten schraubenförmig nach außen weg stehen. Die Carbonyl- und Amino-Gruppen bilden Wasserstoffbrücken-Bindungen aus und stabilisieren so die Konformation.

3.2 β -Faltblatt-Struktur

Teile der Polypeptid-Kette eines Proteins können einen β -Strang bilden, indem sie gestreckt vorliegen. Dadurch ist ein breites Spektrum an flächiger Struktur sterisch möglich. Zwei oder mehr β -Stränge können sich über Wasserstoffbrücken-Bindungen zu einem β -Faltblatt verknüpfen (Abb. 6).

Die Farben der Kugeln in Abb. 6 und Abb. 7 stehen für folgende Gruppen:

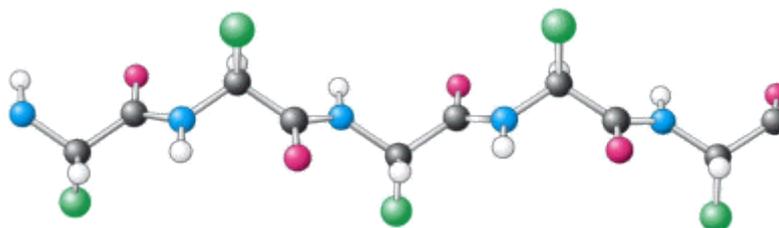


Abb. 6: Aufbau eines β -Faltblattes [2]. **Grün** = spezif. AS-Rest, **Rot** = Sauerstoff, **Blau** = Stickstoff, **Schwarz** = Kohlenstoff, **Weiß** = Wasserstoff

3.3 β -Kehre

Diese Struktur ist die Voraussetzung für eine abrupte Richtungsänderung. Hier ist die Carbonyl-Gruppe eines Restes mit der 3. nächsten Amino-Gruppe über eine Wasserstoffbrücken-Bindung verknüpft (Abb. 7).

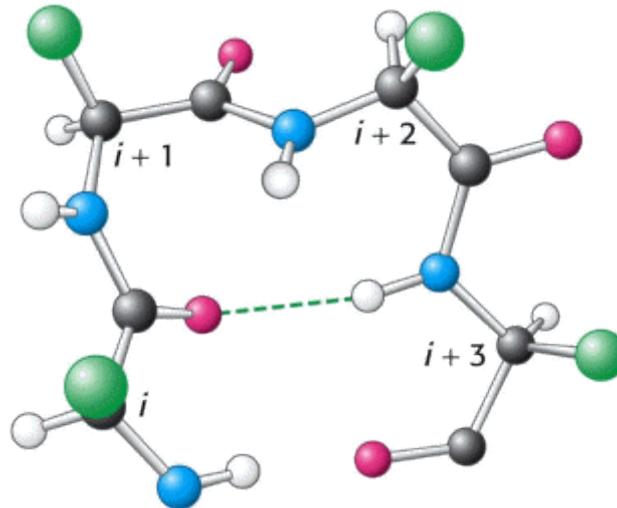


Abb. 7: Verknüpfung zur β -Kehre [2]. **Grün** = spezif. AS-Rest, **Rot** = Sauerstoff, **Blau** = Stickstoff, **Schwarz** = Kohlenstoff, **Weiß** = Wasserstoff.

3.4 Ω -Schleife

Die Schleifen besitzen keine periodische Struktur. Dennoch sind sie meist starr und wohl definiert. Sie sind komplexe Strukturen für einen Richtungswechsel.

4 Tertiär-Struktur

Als Tertiär-Struktur bezeichnet man die Gesamt-Anordnung der Polypeptid-Kette eines Proteins (Abb. 8). Diese wird stark durch die jeweilige Primär- und Sekundär-Struktur beeinflusst. Dabei stehen in wässriger Lösung hydrophobe Seiten-Ketten durch Faltung nach innen und polare Reste nach außen weg.

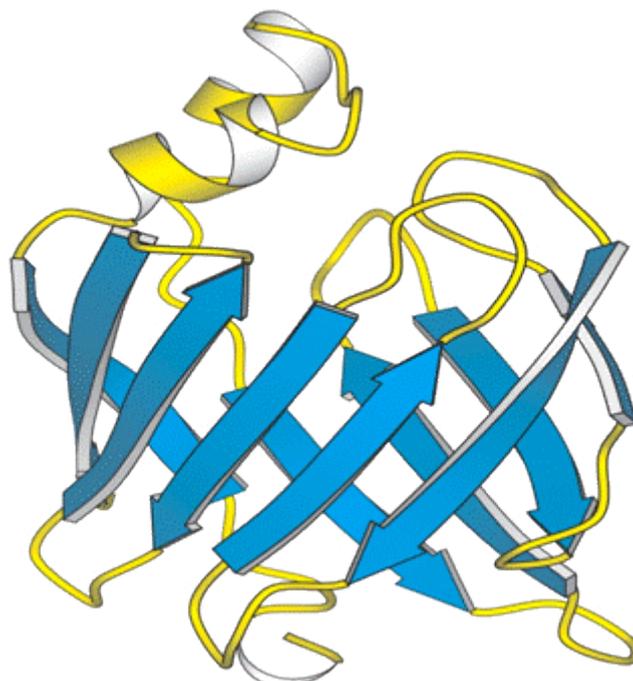


Abb. 8: Tertiärstruktur (β -Stränge blau, α -Helix gelb und schraubig) [1]

In der folgenden Abbildung (Abb. 9) werden die unterschiedlichen Seiten-Ketten der Tertiär-Struktur des Myoglobin-Moleküls dargestellt. In wässriger Umgebung treten die hydrophoben, unpolaren Seiten-Ketten (Leucin, Valin, Phenylalanin,...) in das Innere der Struktur, während polare Reste, aber auch ein paar wenige unpolare Reste nach Außen zeigen.

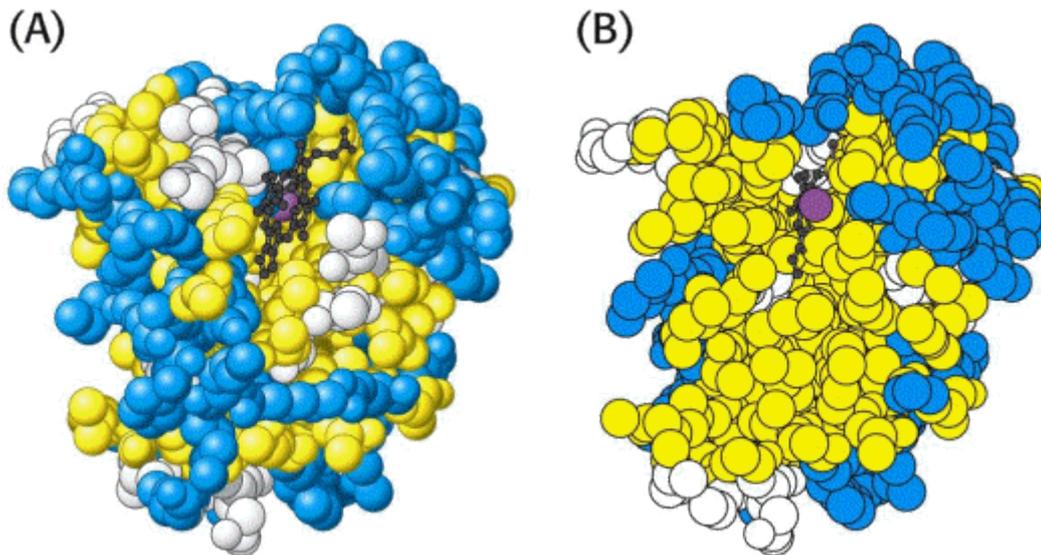


Abb. 9: Seiten-Ketten der Myoglobin-Tertiär-Struktur [2]

5 Quartär-Struktur

Als Quartär-Struktur wird die Anordnung mehrerer Unter-Einheiten bzw. Polypeptid-Ketten zueinander in einem Protein bezeichnet. Sie beschreibt außerdem die Art der Wechselwirkungen zwischen den Unter-Einheiten. So besteht das Hämoglobin beispielsweise aus vier Polypeptidketten, jeweils zwei α - und zwei β -Unter-Einheiten (Abb. 10). Diese sind in der Lage ihre Konformation zu verändern, wodurch die Aufnahme und Abgabe von Sauerstoff-Molekülen möglich wird.

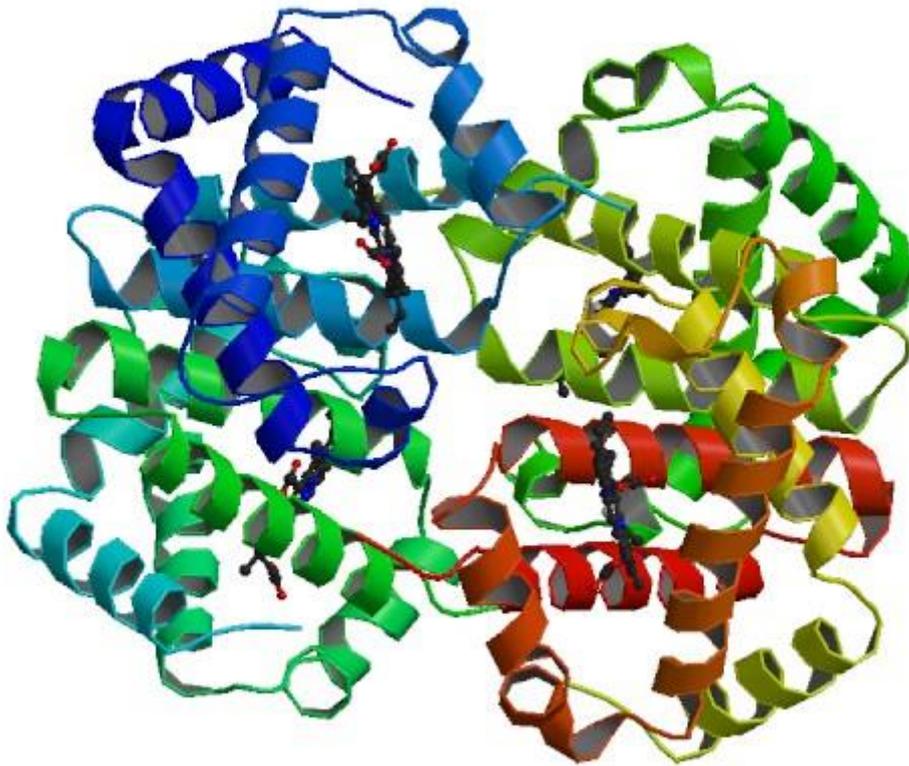


Abb. 10: Deoxy-Hämoglobin des Menschen [3]. Häm-Gruppen ohne gebundenen Sauerstoff.

Quellen:

1. Campbell, N. A., Reec J. B., Biologie, Spektrum Akademischer Verlag, 2003
2. Stryer, L., Biochemie, Spektrum Akademischer Verlag, 2007
3. Chemie in unserer Zeit, 2006, 40, 174-183
4. <https://www.rcsb.org/structure/1a3n> 25.06.20