ERWARTUNGSHORIZONT:

ERWARTUNGSHORIZONT – PFLICHTWISSEN

Aminosäuren, Peptide und Proteine

Chemie – Abiturvorbereitung | Vollständige Musterlösungen

Alle Aufgaben sind nachfolgend neu und fachsprachlich formuliert. Chemische Strukturen werden ausschließlich als Textformeln dargestellt. Die Antworten orientieren sich an einem schulischen Abitur-Erwartungshorizont und enthalten die wesentlichen fachlichen Begründungen.

THEMA 1 – AUFBAU DER AMINOSÄUREN

1. Beschreiben Sie den allgemeinen Aufbau einer α-Aminosäure.

Eine α-Aminosäure besteht aus einem zentralen Kohlenstoffatom, dem sogenannten α-C-Atom. An dieses sind eine Aminogruppe (–NH_2), eine Carboxylgruppe (–COOH), ein Wasserstoffatom (–H) und ein variabler organischer Rest (R) gebunden.

Allgemeine Strukturformel:

$H_2N–CH(R)–COOH$

Die Aminogruppe besitzt basische, die Carboxylgruppe saure Eigenschaften. Der Rest R unterscheidet die verschiedenen Aminosäuren voneinander und beeinflusst ihre chemischen Eigenschaften.

2. Erklären Sie die Bedeutung des Restes R.

Der Rest R ist die variable Seitenkette einer Aminosäure. Seine chemische Struktur bestimmt wesentlich die Polarität, die Ladung, die Wasserlöslichkeit und die Reaktivität der Aminosäure.

Abhängig von ihren Seitenketten können Aminosäuren in neutral-unpolare, neutral-polare, saure und basische Aminosäuren eingeteilt werden. Die unterschiedlichen Seitenketten beeinflussen außerdem die Wechselwirkungen zwischen den Aminosäureresten und damit die räumliche Struktur und Funktion eines Proteins.

3. Erklären Sie den Begriff α-C-Atom.

Das α-C-Atom ist das Kohlenstoffatom, das unmittelbar an das Kohlenstoffatom der Carboxylgruppe angrenzt. Bei einer α-Aminosäure sind die Aminogruppe, der Wasserstoff und die variable Seitenkette an dieses α-C-Atom gebunden.

Mit Ausnahme von Glycin ist das α-C-Atom der 20 proteinogenen Standardaminosäuren ein chirales Zentrum, da es vier unterschiedliche Substituenten besitzt.

4. Identifizieren Sie verschiedene Aminosäuren anhand ihrer Seitenketten.

Die Identifizierung einer Aminosäure erfolgt anhand ihrer charakteristischen Seitenkette.

Aminosäure	Seitenkette R	Erkennungsmerkmal
Glycin	–H	Wasserstoff als Rest
Alanin	$–CH_3$	Methylgruppe
Serin	$–CH_2OH$	Hydroxygruppe
Cystein	$–CH_2SH$	Thiolgruppe
Glutaminsäure	$–CH_2–CH_2–COOH$	zusätzliche Carboxylgruppe
Lysin	$–(CH_2)_4–NH_2$	zusätzliche Aminogruppe
Phenylalanin	$–CH_2–C_6H_5$	Benzolring
Tyrosin	$–CH_2–C_6H_4–OH$	Benzolring mit Hydroxygruppe

Eine korrekte Zuordnung wird durch das Vorhandensein der jeweiligen charakteristischen Gruppe begründet.

5. Untersuchen Sie die Seitenketten ausgewählter Aminosäuren und benennen Sie auffällige funktionelle Gruppen.

Glycin: Die Seitenkette besteht lediglich aus einem Wasserstoffatom. Sie besitzt keine zusätzliche funktionelle Gruppe.
Alanin: Die Seitenkette besteht aus einer Methylgruppe ($–CH_3$). Diese ist unpolar und besitzt keine zusätzliche funktionelle Gruppe.
Serin: Die Seitenkette enthält eine Hydroxygruppe (–OH), die für die polaren Eigenschaften verantwortlich ist und Wasserstoffbrückenbindungen ermöglicht.
Cystein: Die Seitenkette enthält eine Thiolgruppe (–SH), die durch Oxidation mit einer weiteren Thiolgruppe eine Disulfidbrücke bilden kann.
Glutaminsäure: Die Seitenkette enthält eine zusätzliche Carboxylgruppe (–COOH), die Protonen abgeben kann. Bei neutralem pH-Wert liegt diese überwiegend als Carboxylatgruppe ($–COO^-$) vor.
Lysin: Die Seitenkette besitzt eine zusätzliche Aminogruppe ($–NH_2$), die Protonen aufnehmen kann und bei neutralem pH-Wert überwiegend als Ammoniumgruppe ($–NH_3^+$) vorliegt.

6. Ordnen Sie Aminosäuren anhand ihrer Seitenketten verschiedenen Gruppen zu.

Neutral-unpolare Aminosäuren: Alanin, Valin und Leucin besitzen überwiegend unpolare Kohlenwasserstoffseitenketten. Diese sind hydrophob und gehen nur wenige günstige Wechselwirkungen mit Wasser ein.
Neutral-polare Aminosäuren: Serin, Threonin und Cystein besitzen polare funktionelle Gruppen, die verschiedene zwischenmolekulare Wechselwirkungen ermöglichen.
Saure Aminosäuren: Asparaginsäure und Glutaminsäure besitzen zusätzliche Carboxylgruppen in ihren Seitenketten. Diese können Protonen abgeben und liegen bei etwa neutralem pH-Wert überwiegend negativ geladen vor.
Basische Aminosäuren: Lysin, Arginin und Histidin besitzen stickstoffhaltige Seitenketten, die Protonen aufnehmen können. Lysin und Arginin liegen bei neutralem pH-Wert überwiegend positiv geladen vor; Histidin ist bei diesem pH-Wert überwiegend ungeladen.

7. Erklären Sie die Bedeutung der Aminogruppe und Carboxylgruppe.

Die Aminogruppe ($–NH_2$) besitzt basische Eigenschaften, weil sie ein Proton aufnehmen kann. Dabei entsteht eine positiv geladene Ammoniumgruppe ($–NH_3^+$).
Die Carboxylgruppe (–COOH) besitzt saure Eigenschaften, weil sie ein Proton abgeben kann. Dabei entsteht eine negativ geladene Carboxylatgruppe ($–COO^-$).
Durch das gleichzeitige Vorhandensein einer sauren und einer basischen Gruppe können Aminosäuren als Ampholyte reagieren. Beide Gruppen sind außerdem an der Bildung von Peptidbindungen beteiligt.

8. Erklären Sie, weshalb die Reihenfolge der Aminosäuren die Primärstruktur eines Proteins festlegt.

Die Primärstruktur eines Proteins bezeichnet die genaue Reihenfolge der Aminosäurereste innerhalb einer Polypeptidkette.
Die Aminosäuren sind durch kovalente Peptidbindungen miteinander verknüpft. Da die Aminosäuren unterschiedliche Seitenketten besitzen, beeinflusst ihre Reihenfolge die möglichen Wechselwirkungen und damit die räumliche Faltung des Proteins.
Bereits der Austausch einer einzigen Aminosäure kann die Struktur und biologische Funktion eines Proteins verändern.

THEMA 2 – EIGENSCHAFTEN DER AMINOSÄUREN

1. Erklären Sie den Begriff Ampholyt und begründen Sie, warum Aminosäuren Ampholyte sind.

Ein Ampholyt ist ein Stoff, der sowohl als Säure als auch als Base reagieren kann.
Aminosäuren besitzen eine saure Carboxylgruppe, die Protonen abgeben kann, sowie eine basische Aminogruppe, die Protonen aufnehmen kann.
Daher können Aminosäuren abhängig vom pH-Wert ihrer Umgebung sowohl als Protonendonatoren als auch als Protonenakzeptoren reagieren.

2. Erklären Sie die Entstehung eines Zwitterions.

Ein Zwitterion entsteht, wenn die Carboxylgruppe einer Aminosäure ein Proton an die Aminogruppe überträgt. Dabei wird die Carboxylgruppe (–COOH) zur negativ geladenen Carboxylatgruppe ($–COO^-$), während die Aminogruppe ($–NH_2$) zur positiv geladenen Ammoniumgruppe ($–NH_3^+$) wird.

Reaktionsgleichung:

$H_2N–CH(R)–COOH \rightleftharpoons {}^+H_3N–CH(R)–COO^-$

Das entstandene Zwitterion besitzt gleichzeitig eine positive und eine negative Ladung. Bei einer ungeladenen Seitenkette beträgt die Gesamtladung des Moleküls null.

3. Geben Sie eine ausgewählte Aminosäure in ihrer Zwitterionenform an.

Beispiel: Alanin

Ungeladene Schreibweise:

$CH_3–CH(NH_2)–COOH$

Zwitterionenform:

$CH_3–CH(NH_3^+)–COO^-$

Die Aminogruppe liegt als positiv geladene Ammoniumgruppe und die Carboxylgruppe als negativ geladene Carboxylatgruppe vor.

Obwohl beide Gruppen elektrische Ladungen tragen, beträgt die Gesamtladung des Alanin-Zwitterions null.

4. Erklären Sie anhand der Seitenketten, weshalb Glutaminsäure sauer und Lysin basisch reagiert.

Glutaminsäure besitzt in ihrer Seitenkette eine zusätzliche Carboxylgruppe (–COOH), die ein Proton abgeben kann. Dadurch zeigt sie saure Eigenschaften.

Bei annähernd neutralem pH-Wert liegt diese Gruppe überwiegend als negativ geladene Carboxylatgruppe ($–COO^-$) vor.

Lysin besitzt dagegen eine zusätzliche Aminogruppe ($–NH_2$), die ein Proton aufnehmen kann. Deshalb zeigt Lysin basische Eigenschaften.

Bei annähernd neutralem pH-Wert liegt die zusätzliche Aminogruppe überwiegend als positiv geladene Ammoniumgruppe ($–NH_3^+$) vor.

5. Begründen Sie, weshalb Alanin neutral-unpolar, Serin und Cystein dagegen neutral-polar sind.

Alanin besitzt eine Methylgruppe ($–CH_3$) als Seitenkette. Diese enthält keine polaren funktionellen Gruppen und ist daher hydrophob. Alanin wird deshalb den neutral-unpolaren Aminosäuren zugeordnet.

Serin besitzt eine Hydroxygruppe (–OH), die aufgrund der unterschiedlichen Elektronegativitäten von Sauerstoff und Wasserstoff polar ist. Sie ermöglicht die Ausbildung von Wasserstoffbrückenbindungen.

Cystein besitzt eine Thiolgruppe (–SH), die eine gewisse Polarität aufweist und an chemischen Reaktionen teilnehmen kann. Daher wird Cystein üblicherweise den neutral-polaren Aminosäuren zugeordnet, obwohl seine Seitenkette schwächer hydrophil als die des Serins ist.

6. Erklären Sie die besondere chemische Bedeutung der Thiolgruppe des Cysteins.

Die Thiolgruppe (–SH) des Cysteins besitzt eine besondere chemische Reaktivität, da sie durch Oxidation mit der Thiolgruppe eines weiteren Cysteinrests eine Disulfidbrücke bilden kann.

Disulfidbrücken sind kovalente Bindungen, die unterschiedliche Bereiche eines Proteins miteinander verbinden können.

Sie tragen zur Stabilisierung der räumlichen Proteinstruktur bei.

7. Erläutern Sie die Bildung einer Disulfidbrücke und ihre Bedeutung.

Zwei Cysteinreste können durch Oxidation ihrer Thiolgruppen eine kovalente Disulfidbrücke (–S–S–) bilden.

Reaktionsgleichung:

$2\ R–SH \rightarrow R–S–S–R + 2\ H^+ + 2\ e^-$

Dabei werden zwei Wasserstoffatome in Form von Protonen und Elektronen abgegeben. Zwischen den beiden Schwefelatomen entsteht eine kovalente Bindung.

Die Disulfidbrücke kann zwei Bereiche derselben Polypeptidkette oder zwei unterschiedliche Polypeptidketten miteinander verbinden. Dadurch wird die räumliche Struktur des Proteins stabilisiert.

8. Erklären Sie die Bildung einer Salzbrücke zwischen Aminosäureseitenketten.

Eine Salzbrücke entsteht durch elektrostatische Anziehung zwischen entgegengesetzt geladenen Seitenketten. Beispielsweise kann die negativ geladene Carboxylatgruppe eines Glutamatrests mit der positiv geladenen Ammoniumgruppe eines Lysinrests wechselwirken.

Vereinfachte Darstellung:

$R{-}COO^- \cdots {}^+H_3N{-}R'$

Diese ionische Wechselwirkung kann die Tertiärstruktur eines Proteins stabilisieren. Ihre Stärke hängt unter anderem vom pH-Wert und der Salzkonzentration ab.

9. Erklären Sie den Zusammenhang zwischen Polarität und Wasserlöslichkeit.

Polare oder geladene Seitenketten können günstige Wechselwirkungen mit Wassermolekülen eingehen. Dazu gehören Wasserstoffbrückenbindungen und Ion-Dipol-Wechselwirkungen.
Aminosäuren mit polaren Seitenketten sind deshalb häufig stärker hydrophil als Aminosäuren mit unpolaren Seitenketten.
Unpolare Seitenketten können keine vergleichbar günstigen Wechselwirkungen mit Wasser ausbilden und besitzen hydrophobe Eigenschaften.
Die tatsächliche Wasserlöslichkeit einer Aminosäure hängt jedoch auch von ihren Amino- und Carboxylgruppen, dem pH-Wert und ihrer Kristallstruktur ab.

10. Vergleichen Sie Alanin und Serin hinsichtlich Polarität, Hydrophilie und Hydrophobie.

Alanin besitzt eine unpolare Methylgruppe ($–CH_3$) als Seitenkette. Diese ist hydrophob und kann keine Wasserstoffbrückenbindungen mit Wasser ausbilden.
Serin besitzt dagegen eine polare Hydroxygruppe (–OH), die Wasserstoffbrückenbindungen mit Wassermolekülen eingehen kann.
Daher ist die Seitenkette des Serins hydrophiler als die des Alanins.
Beide Aminosäuren besitzen zusätzlich polare beziehungsweise geladene Amino- und Carboxylgruppen.

11. Erklären Sie, warum Aminosäuren meist feste, kristalline Stoffe sind und hohe Schmelztemperaturen besitzen.

Aminosäuren liegen im festen Zustand überwiegend als Zwitterionen vor.
Zwischen den positiv geladenen Ammoniumgruppen und den negativ geladenen Carboxylatgruppen wirken starke elektrostatische Anziehungskräfte. Zusätzlich können Wasserstoffbrückenbindungen ausgebildet werden.
Diese Wechselwirkungen stabilisieren das Kristallgitter. Für die Überwindung der Gitterkräfte wird vergleichsweise viel Energie benötigt.
Daher sind Aminosäuren meist feste, kristalline Stoffe mit relativ hohen Schmelz- beziehungsweise Zersetzungstemperaturen.

12. Erklären Sie, warum eine wässrige Aminosäurelösung elektrischen Strom leiten kann.

Aminosäuren liegen in wässriger Lösung abhängig vom pH-Wert in unterschiedlichen ionischen Formen vor.
Neben Zwitterionen können auch insgesamt positiv oder negativ geladene Aminosäureionen sowie weitere Ionen vorhanden sein.
Bewegliche Ionen ermöglichen den Transport elektrischer Ladung, sodass die Lösung elektrischen Strom leiten kann.
Die Leitfähigkeit ist von der Ionenkonzentration und dem pH-Wert abhängig.

13. Beurteilen Sie die Aussage: „Ein Zwitterion besitzt keine elektrischen Ladungen, weil seine Gesamtladung null ist.“

Die Aussage ist **falsch**.
Ein Zwitterion besitzt gleichzeitig mindestens eine positive und eine negative elektrische Ladung.
Bei einer Aminosäure mit ungeladener Seitenkette befindet sich die positive Ladung an der Ammoniumgruppe ($–NH_3^+$) und die negative Ladung an der Carboxylatgruppe ($–COO^–$).
Diese Ladungen gleichen sich lediglich hinsichtlich der Gesamtladung aus.
Eine Gesamtladung von null bedeutet daher nicht, dass keine elektrischen Ladungen vorhanden sind.

THEMA 3 – PEPTIDBILDUNG

1. Bilden Sie die Peptide Ala-Gly, Ser-Ala und Cys-Ala-Ala und geben Sie die Strukturformeln an.

Bei der Peptidbildung reagiert die Carboxylgruppe einer Aminosäure mit der Aminogruppe einer weiteren Aminosäure. Dabei entsteht unter formaler Abspaltung von Wasser eine Peptidbindung.

a) Ala-Gly (Alanylglycin)

Edukte:

$H_2N-CH(CH_3)-COOH + H_2N-CH_2-COOH$

Produkte:

$H_2N-CH(CH_3)-C(=O)-NH-CH_2-COOH + H_2O$

Das Dipeptid besteht aus Alanin und Glycin. Zwischen den beiden Aminosäureresten entsteht eine Peptidbindung unter Abspaltung eines Wassermoleküls.

b) Ser-Ala (Serylalanin)

Edukte:

$H_2N-CH(CH_2OH)-COOH + H_2N-CH(CH_3)-COOH$

Produkte:

$H_2N-CH(CH_2OH)-C(=O)-NH-CH(CH_3)-COOH + H_2O$

Das Dipeptid besteht aus Serin und Alanin. Die Hydroxygruppe des Serinrests bleibt bei der dargestellten Peptidbildung unverändert.

c) Cys-Ala-Ala (Cysteinylalanylalanin)

Edukte:

$H_2N-CH(CH_2SH)-COOH + 2\ H_2N-CH(CH_3)-COOH$

Produkte:

$H_2N-CH(CH_2SH)-C(=O)-NH-CH(CH_3)-C(=O)-NH-CH(CH_3)-COOH + 2\ H_2O$

Das Tripeptid besteht aus einem Cysteinrest und zwei Alaninresten. Bei der Verknüpfung entstehen zwei Peptidbindungen unter Abspaltung von insgesamt zwei Wassermolekülen.

Die angegebenen Strukturformeln sind kondensierte Strukturformeln. Die Formeln geben die korrekte Verknüpfung der Atome wieder.

2. Benennen Sie die entstandenen Peptide korrekt.

Aminosäuresequenz	Peptidname
Ala-Gly	Alanylglycin
Ser-Ala	Serylalanin
Cys-Ala-Ala	Cysteinylalanylalanin

Bei der Benennung eines Peptids werden die Namen der Aminosäurereste vom N-Terminus zum C-Terminus angegeben.

Die Namen aller Aminosäurereste außer dem letzten erhalten die Endung „-yl“. Die Aminosäure am C-Terminus behält ihren vollständigen Namen.

3. Kennzeichnen und benennen Sie die Peptidbindungen.

Eine Peptidbindung ist eine kovalente Amidbindung zwischen dem Carbonylkohlenstoff einer Aminosäure und dem Stickstoffatom einer weiteren Aminosäure.

Peptidgruppe:

$-C(=O)-NH-$

Die eigentliche Peptidbindung ist die C–N-Bindung innerhalb dieser Gruppe.

Ala-Gly besitzt eine Peptidbindung, Ser-Ala besitzt ebenfalls eine Peptidbindung und Cys-Ala-Ala enthält zwei Peptidbindungen.

4. Kennzeichnen Sie die funktionellen Gruppen, die bei der Peptidbildung reagieren.

Bei der Peptidbildung reagieren die Carboxylgruppe (–COOH) der einen Aminosäure und die Aminogruppe (–NH_2) der anderen Aminosäure.

Dabei wird formal die Hydroxygruppe (–OH) der Carboxylgruppe mit einem Wasserstoffatom der Aminogruppe als Wasser abgespalten.

Zwischen dem Kohlenstoffatom der Carboxylgruppe und dem Stickstoffatom der Aminogruppe entsteht eine neue kovalente C–N-Bindung.

5. Benennen Sie den Reaktionstyp und erklären Sie, warum es sich um eine Kondensationsreaktion handelt.

Bei der Peptidbildung handelt es sich um eine **Kondensationsreaktion**, da zwei Aminosäuren unter formaler Abspaltung eines kleinen Moleküls, in diesem Fall Wasser, miteinander verknüpft werden.
Dabei bildet sich eine Peptidbindung zwischen der Carboxylgruppe und der Aminogruppe.
Durch die wiederholte Verknüpfung weiterer Aminosäuren können längere Peptide und Polypeptidketten entstehen.
Die Umkehrung der Kondensationsreaktion unter Aufnahme von Wasser wird als Hydrolyse bezeichnet.

6. Geben Sie an, wie viele Peptidbindungen entstehen und wie viele Wassermoleküle abgespalten werden.

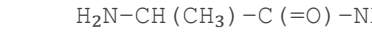
Peptid	Anzahl der AS	Peptidbindungen	Wassermoleküle
Ala-Gly	2	1	1
Ser-Ala	2	1	1
Cys-Ala-Ala	3	2	2

Bei der Bildung einer unverzweigten Peptidkette aus n Aminosäuren entstehen $n - 1$ Peptidbindungen. Dabei werden formal ebenso viele Wassermoleküle abgespalten.

7. Kennzeichnen Sie N-Terminus und C-Terminus und benennen Sie die funktionellen Gruppen.

Der N-Terminus bezeichnet das Ende einer Peptidkette mit einer freien Aminogruppe ($–NH_2$). Der C-Terminus bezeichnet das Ende mit einer freien Carboxylgruppe (–COOH).

Beispiel Ala-Gly:



Der N-Terminus befindet sich links an der freien Aminogruppe des Alaninrests. Der C-Terminus befindet sich rechts an der freien Carboxylgruppe des Glycinrests.
Peptidsequenzen werden grundsätzlich vom N-Terminus zum C-Terminus angegeben.
In wässriger Lösung können die endständigen Gruppen abhängig vom pH-Wert als $–NH_3^+$ beziehungsweise $–COO^–$ vorliegen.

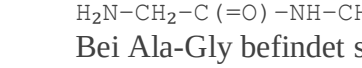
8. Erläutern Sie, warum Ala-Gly und Gly-Ala trotz gleicher Aminosäurezusammensetzung unterschiedliche Peptide sind.

Ala-Gly und Gly-Ala bestehen aus denselben beiden Aminosäuren, unterscheiden sich jedoch in deren Reihenfolge.

Ala-Gly:



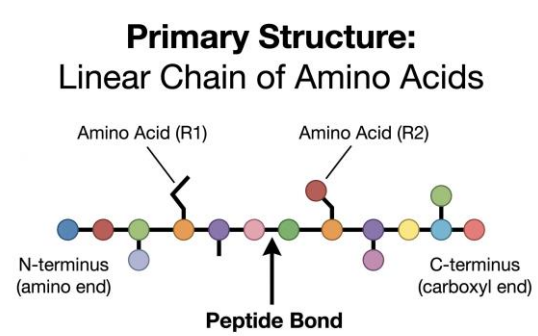
Gly-Ala:



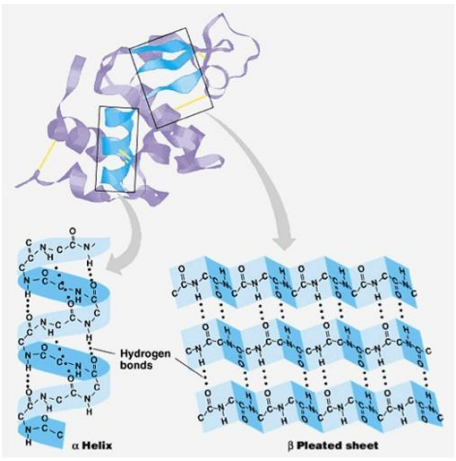
Bei Ala-Gly befindet sich Alanin am N-Terminus und Glycin am C-Terminus. Bei Gly-Ala ist die Reihenfolge umgekehrt.
Da die Reihenfolge der Aminosäurereste die Primärstruktur bestimmt, handelt es sich um zwei unterschiedliche Peptide mit unterschiedlichen Strukturformeln und möglicherweise unterschiedlichen Eigenschaften.

THEMA 4 – PROTEINSTRUKTUREN UND DENATURIERUNG

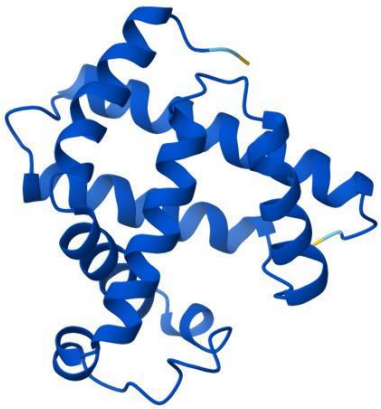
1



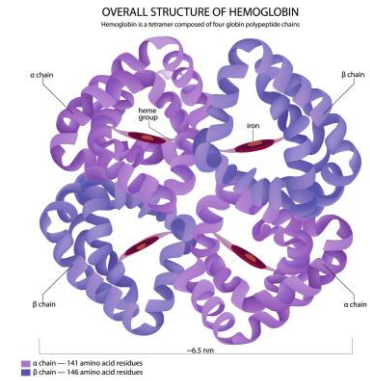
2



3



4



A. Strukturebenen der Proteine

1. Benennen und beschreiben Sie Primär-, Sekundär-, Tertiär- und Quartärstruktur.

Primärstruktur:
Die Primärstruktur beschreibt die genaue Reihenfolge der Aminosäurereste innerhalb einer Polypeptidkette. Die einzelnen Aminosäuren sind durch kovalente Peptidbindungen miteinander verknüpft. Die Aminosäuresequenz bildet die Grundlage für die Ausbildung der höheren Strukturebenen.

Sekundärstruktur:
Die Sekundärstruktur beschreibt regelmäßige räumliche Anordnungen bestimmter Abschnitte einer Polypeptidkette. Die wichtigsten Formen sind die α-Helix und das β-Faltblatt. Sie werden hauptsächlich durch Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Carbonyl- und Amidgruppen des Peptidrückgrats stabilisiert.

Tertiärstruktur:
Die Tertiärstruktur beschreibt die gesamte dreidimensionale Faltung einer einzelnen Polypeptidkette. Sie entsteht durch das Zusammenwirken verschiedener Wechselwirkungen, insbesondere hydrophober Wechselwirkungen, Wasserstoffbrücken, Salzbrücken, Van-der-Waals-Kräfte und gegebenenfalls Disulfidbrücken.

Quartärstruktur:
Die Quartärstruktur beschreibt die räumliche Anordnung mehrerer Polypeptidketten zu einem funktionellen Proteinkomplex. Die einzelnen Untereinheiten werden durch nichtkovalente Wechselwirkungen und gegebenenfalls Disulfidbrücken zusammengehalten. Ein Beispiel ist Hämoglobin, das aus vier Polypeptidketten besteht.

2. Nennen Sie die beiden wichtigsten Formen der Sekundärstruktur.

Die beiden wichtigsten Formen der Sekundärstruktur sind die **α-Helix und das β-Faltblatt**.
Die α-Helix ist eine schraubenförmige Anordnung der Polypeptidkette. Ihre Stabilisierung erfolgt durch Wasserstoffbrücken innerhalb der Kette zwischen geeigneten Carbonyl- und Amidgruppen.
Das β-Faltblatt besteht aus gestreckten Polypeptidabschnitten, die nebeneinander angeordnet sind. Zwischen diesen Abschnitten entstehen Wasserstoffbrücken, welche die Struktur stabilisieren.

3. Ordnen Sie den Strukturebenen die wichtigsten Bindungen und Wechselwirkungen zu.

Primärstruktur: Die Aminosäurereste sind durch kovalente Peptidbindungen miteinander verbunden. Diese legen die Reihenfolge der Aminosäuren fest.
Sekundärstruktur: Die regelmäßigen Anordnungen werden hauptsächlich durch Wasserstoffbrücken zwischen den Gruppen des Peptidrückgrats stabilisiert.
Tertiärstruktur: Die räumliche Faltung wird durch Wasserstoffbrücken, Salzbrücken, hydrophobe Wechselwirkungen, Van-der-Waals-Kräfte und gegebenenfalls Disulfidbrücken stabilisiert.
Quartärstruktur: Zwischen den einzelnen Polypeptidketten wirken insbesondere hydrophobe Wechselwirkungen, Wasserstoffbrücken, Salzbrücken und Van-der-Waals-Kräfte. Zusätzlich können Disulfidbrücken zwischen unterschiedlichen Polypeptidketten auftreten.

4. Erläutern Sie den Unterschied zwischen Tertiär- und Quartärstruktur.

Die Tertiärstruktur beschreibt die dreidimensionale Gesamtfaltung einer einzelnen Polypeptidkette.
Die Quartärstruktur beschreibt dagegen die räumliche Anordnung und Zusammenlagerung von mindestens zwei Polypeptidketten zu einem Proteinkomplex.
Ein Protein, das nur aus einer Polypeptidkette besteht, besitzt daher keine Quartärstruktur.

B. Wechselwirkungen im Protein

a. Salzbrücke/Ionenbindung
b. Salzbrücke/Ionenbindung
c. Salzbrücke/Ionenbindung
d. hydrophobe Wechselwirkung/Van-der-Waals-Kräfte
e. Wasserstoffbrücke
f. Wasserstoffbrücke
g. hydrophobe Wechselwirkung/Van-der-Waals-Kräfte
h. Disulfidbrücke
i. Komplex-Bildung
j. Disulfidbrücke
k. Salzbrücke/Ionenbindung

5. Ordnen Sie die dargestellten Wechselwirkungen zu.

Wasserstoffbrückenbindung: Sie entsteht durch die Anziehung zwischen einem partiell positiv geladenen Wasserstoffatom, das beispielsweise an ein Sauerstoff- oder Stickstoffatom gebunden ist, und einem geeigneten elektronegativen Atom. Im Protein tritt sie häufig zwischen Carbonyl- und Amidgruppen auf.
Salzbrücke beziehungsweise Ionenbindung: Sie entsteht durch elektrostatische Anziehung zwischen positiv und negativ geladenen Seitenketten. Ein Beispiel ist die Wechselwirkung zwischen Glutamat und Lysin.
Hydrophobe Wechselwirkung: Sie beruht darauf, dass unpolare Seitenketten in wässriger Umgebung bevorzugt Bereiche mit möglichst geringem Wasserkontakt einnehmen. Dadurch lagern sie sich häufig im Inneren des Proteins zusammen.
Van-der-Waals-Kräfte: Es handelt sich um schwache Anziehungskräfte zwischen Atomen und Molekülbereichen, die bei ausreichend geringem Abstand auftreten.
Disulfidbrücke: Sie ist eine kovalente Schwefel-Schwefel-Bindung (–S–S–), die durch Oxidation zweier Cysteinreste gebildet wird.

6. Erklären Sie bei zwei Wechselwirkungen, wie sie zustande kommen.

Beispiel 1 – Wasserstoffbrückenbindung:
Wasserstoffbrücken entstehen durch die Anziehung zwischen einem partiell positiv geladenen Wasserstoffatom und einem geeigneten elektronegativen Atom, beispielsweise Sauerstoff.

Innerhalb eines Proteins können solche Wechselwirkungen zwischen der Carbonylgruppe (C=O) und der Amidgruppe (N–H) des Peptidrückgrats auftreten. Sie tragen insbesondere zur Stabilisierung von α-Helices und β-Faltblättern bei.

Beispiel 2 – Salzbrücke:

Salzbrücken entstehen durch elektrostatische Anziehung zwischen entgegengesetzt geladenen Aminosäureseitenketten.

Beispielsweise kann die negativ geladene Carboxylatgruppe eines Glutamatrests mit der positiv geladenen Ammoniumgruppe eines Lysinrests wechselwirken.

Vereinfachte Darstellung:

$-COO^- \cdots {}^+H_3N-$

Diese ionische Wechselwirkung kann zur Stabilisierung der Tertiär- und Quartärstruktur beitragen.

7. Welche Aminosäure ist besonders wichtig für die Bildung von S-S-Brücken? Begründen Sie.

Die Aminosäure **Cystein** spielt eine besondere Rolle bei der Bildung von Disulfidbrücken.

Ihre Seitenkette besitzt eine Thiolgruppe (–SH). Zwei Thiolgruppen können durch Oxidation eine kovalente Schwefel-Schwefel-Bindung (–S–S–) bilden.

Die entstehende Disulfidbrücke kann unterschiedliche Bereiche einer Polypeptidkette oder verschiedene Polypeptidketten verbinden.

Dadurch trägt sie zur Stabilisierung der räumlichen Proteinstruktur bei.

C. Ankreuzaufgaben

8. Welche Aussagen sind richtig? Kreuzen Sie an.

Aussage 1: Die Primärstruktur wird durch Peptidbindungen aufgebaut.

Richtig. Die Aminosäurereste werden durch kovalente Peptidbindungen miteinander verknüpft. Ihre Reihenfolge bestimmt die Primärstruktur eines Proteins.

Aussage 2: Die α-Helix wird hauptsächlich durch Wasserstoffbrücken stabilisiert.

Richtig. Die α-Helix wird durch Wasserstoffbrücken zwischen Carbonyl- und Amidgruppen des Peptidrückgrats stabilisiert.

Aussage 3: Disulfidbrücken entstehen zwischen zwei Cysteinresten.

Richtig. Zwei Cysteinreste können durch Oxidation ihrer Thiolgruppen eine kovalente Disulfidbrücke bilden.

Aussage 4: Salzbrücken entstehen zwischen unpolaren Seitenketten.

Falsch. Salzbrücken entstehen durch elektrostatische Anziehung zwischen entgegengesetzt geladenen Seitenketten, beispielsweise zwischen Glutamat und Lysin.

Aussage 5: Hydrophobe Seitenketten lagern sich in Wasser bevorzugt im Proteininneren zusammen.

Richtig. Unpolare Seitenketten vermeiden energetisch ungünstige Kontakte mit Wasser und befinden sich bei vielen wasserlöslichen Proteinen bevorzugt im Inneren.

Aussage 6: Die Quartärstruktur besteht immer nur aus einer Polypeptidkette.

Falsch. Eine Quartärstruktur setzt die Zusammenlagerung von mindestens zwei Polypeptidketten voraus.

Ergebnis: Richtig sind die Aussagen 1, 2, 3 und 5. Falsch sind die Aussagen 4 und 6.

9. Welche Wechselwirkungen können zur Stabilisierung der Tertiärstruktur beitragen?

Peptidbindungen zwischen verschiedenen Seitenketten – falsch.

Peptidbindungen verknüpfen die Aminosäurereste entlang des Polypeptidrückgrats. Sie sind nicht die typischen Wechselwirkungen zwischen Seitenketten, die zur Ausbildung der Tertiärstruktur führen.

Wasserstoffbrücken – richtig.

Wasserstoffbrücken können zwischen geeigneten polaren Gruppen entstehen und die räumliche Faltung stabilisieren.

Salzbrücken – richtig.

Salzbrücken entstehen zwischen entgegengesetzt geladenen Seitenketten und tragen zur Stabilisierung der Tertiärstruktur bei.

Hydrophobe Wechselwirkungen – richtig.

Unpolare Seitenketten lagern sich in wässriger Umgebung bevorzugt in Bereichen mit geringem Wasserkontakt zusammen. Dies ist eine wichtige Triebkraft der Proteinfaltung.

Van-der-Waals-Kräfte – richtig.

Diese schwachen Anziehungskräfte wirken zwischen räumlich benachbarten Atomen und tragen gemeinsam zur Stabilisierung der Proteinstruktur bei.

Disulfidbrücken – richtig.

Disulfidbrücken sind kovalente Bindungen zwischen zwei Cysteinresten, die unterschiedliche Bereiche der Polypeptidkette miteinander verbinden können.

Ergebnis: Richtig sind Wasserstoffbrücken, Salzbrücken, hydrophobe Wechselwirkungen, Van-der-Waals-Kräfte und Disulfidbrücken.

10. Ordnen Sie die Bindungen und Wechselwirkungen den Strukturebenen zu.

Primärstruktur

Richtige Zuordnung: **Peptidbindungen**

Die Primärstruktur wird durch die genaue Aminosäuresequenz festgelegt. Die Aminosäurereste sind über kovalente Peptidbindungen miteinander verbunden.

Sekundärstruktur

Richtige Zuordnung: **Wasserstoffbrücken des Peptidrückgrats**

Die Sekundärstruktur wird hauptsächlich durch Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Carbonyl- und Amidgruppen des Peptidrückgrats stabilisiert. Dadurch können regelmäßige Strukturen wie die α-Helix und das β-Faltblatt entstehen.

Tertiärstruktur

Richtige Zuordnungen: **Wechselwirkungen zwischen Seitenketten** sowie **hydrophobe Wechselwirkungen, Salzbrücken, Wasserstoffbrücken und gegebenenfalls Disulfidbrücken**.

Die Tertiärstruktur beschreibt die gesamte dreidimensionale Faltung einer Polypeptidkette. Diese wird durch das Zusammenwirken verschiedener stabilisierender Kräfte und Bindungen aufrechterhalten.

D. Denaturierung von Proteinen

11. Nennen Sie typische Ursachen für die Denaturierung von Proteinen und erläutern Sie deren Wirkungsweise.

Unter Denaturierung versteht man die Veränderung der natürlichen räumlichen Struktur eines Proteins. Dabei können Sekundär-, Tertiär- und Quartärstruktur verändert oder zerstört werden, wodurch die biologische Funktion häufig verloren geht.

Erhöhte Temperatur:

Durch Erwärmung nimmt die Bewegungsenergie der Teilchen zu. Dadurch können nichtkovalente Wechselwirkungen, insbesondere Wasserstoffbrücken und hydrophobe Kontakte, beeinträchtigt werden. Die natürliche räumliche Struktur kann verloren gehen.

Starke Säuren:

Bei einem niedrigen pH-Wert werden geeignete funktionelle Gruppen protoniert. Dadurch verändert sich die Ladungsverteilung innerhalb des Proteins. Salzbrücken und andere stabilisierende Wechselwirkungen können gestört werden, wodurch das Protein denaturieren kann.

Starke Basen:

Bei einem hohen pH-Wert können funktionelle Gruppen Protonen abgeben. Dadurch verändern sich die Ladungen der Seitenketten und die zwischen ihnen wirkenden Kräfte. Die räumliche Struktur des Proteins kann dadurch destabilisiert werden.

Alkohole:

Alkohole verändern die Lösungsmittelumgebung eines Proteins. Sie können die Wasserstoffbrückenbindungen sowie hydrophobe Wechselwirkungen beeinflussen und dadurch die natürliche Proteinfaltung destabilisieren.

Schwermetallionen:

Bestimmte Schwermetallionen können an funktionelle Gruppen der Aminosäureseitenketten binden. Dadurch können wichtige Wechselwirkungen innerhalb des Proteins gestört werden. Dies kann zur Denaturierung und gegebenenfalls zur Ausfällung des Proteins führen.

Harnstoff:

Harnstoff kann in hoher Konzentration die gefaltete Struktur eines Proteins destabilisieren. Er beeinflusst die Wechselwirkungen zwischen dem Protein und seiner Umgebung und begünstigt die Entfaltung der Polypeptidkette.

Zusammenfassung:

Bei der Denaturierung wird die räumliche Struktur eines Proteins verändert. Die kovalenten Peptidbindungen der Primärstruktur bleiben bei einer gewöhnlichen Denaturierung in der Regel erhalten.

12. Beurteilen Sie die Aussage: „Bei einer Denaturierung werden die Peptidbindungen der Primärstruktur zerstört.“

Die Aussage ist **falsch**.
Bei einer Denaturierung werden hauptsächlich die Wechselwirkungen gestört, die für die räumliche Faltung des Proteins verantwortlich sind.
Dazu gehören insbesondere Wasserstoffbrücken, Salzbrücken und hydrophobe Wechselwirkungen.
Die kovalenten Peptidbindungen zwischen den Aminosäureresten werden bei einer gewöhnlichen Denaturierung nicht gespalten. Daher bleibt die Aminosäuresequenz und somit die Primärstruktur erhalten.
Trotz unveränderter Primärstruktur kann das Protein seine natürliche räumliche Struktur und damit seine biologische Funktion verlieren.
Die Spaltung von Peptidbindungen erfolgt dagegen bei einer Hydrolyse. Unter besonders drastischen Bedingungen kann diese zusätzlich zu einer Denaturierung auftreten.

E. Aussalzen

13. Was versteht man unter dem Aussalzen eines Proteins? Erklären Sie den Vorgang.

Unter Aussalzen versteht man die Verringerung der Wasserlöslichkeit eines Proteins durch Zugabe einer hohen Konzentration eines geeigneten Salzes.
Die Salzionen werden in wässriger Lösung von Wassermolekülen hydratisiert. Bei hoher Salzkonzentration verändern sich dadurch die Wechselwirkungen zwischen den Proteinen und dem umgebenden Wasser.
Die Hydratation der Proteinoberfläche wird weniger günstig. Gleichzeitig können sich Proteinmoleküle leichter zusammenlagern und aus der Lösung ausfallen.
Das Aussalzen ist häufig reversibel. Wird das Salz unter geeigneten Bedingungen entfernt, kann das Protein erneut in Lösung gehen, ohne dass seine natürliche räumliche Struktur dauerhaft verändert wurde.
Das Verfahren wird beispielsweise bei der Trennung und Reinigung von Proteinen eingesetzt. Ein häufig verwendetes Salz ist Ammoniumsulfat.

14. Unterscheiden Sie Aussalzen und Denaturierung.

Beim Aussalzen und bei der Denaturierung handelt es sich um unterschiedliche Vorgänge, die jedoch unter bestimmten Bedingungen gleichzeitig auftreten können.

Aussalzen:
Beim Aussalzen wird die Löslichkeit eines Proteins durch eine hohe Salzkonzentration verringert.
Die Proteinmoleküle lagern sich zusammen und können aus der Lösung ausfallen. Dabei muss die natürliche räumliche Struktur des Proteins nicht zerstört werden.
Unter geeigneten Bedingungen kann das ausgefallene Protein durch Entfernung des Salzes erneut gelöst werden. Das Aussalzen ist deshalb häufig reversibel.

Denaturierung:
Bei der Denaturierung wird die natürliche räumliche Struktur eines Proteins durch äußere Einflüsse verändert. Ursachen können beispielsweise erhöhte Temperaturen, extreme pH-Werte oder bestimmte Chemikalien sein. Dabei werden stabilisierende Wechselwirkungen beeinträchtigt, wodurch das Protein seine biologische Funktion häufig verliert. Die Denaturierung kann abhängig vom Protein und den Bedingungen reversibel oder irreversibel verlaufen.

Vergleich:

Merkmal	Aussalzen	Denaturierung
Ursache	hohe Salzkonzentration	z. B. Hitze, extreme pH-Werte, Alkohol
Hauptwirkung	Verringerung der Löslichkeit	Veränderung der räumlichen Struktur
Primärstruktur	bleibt normalerweise erhalten	bleibt normalerweise erhalten
Räumliche Struktur	kann erhalten bleiben	wird verändert
Biologische Funktion	kann erhalten bleiben	geht häufig verloren
Reversibilität	häufig reversibel	reversibel oder irreversibel

Abschließende Beurteilung:

Der wesentliche Unterschied besteht darin, dass das Aussalzen in erster Linie die Löslichkeit eines Proteins beeinflusst, während die Denaturierung dessen natürliche räumliche Struktur verändert. Eine Ausfällung allein ist deshalb kein eindeutiger Nachweis für eine Denaturierung.

THEMA 5:

1. **Methionin-Enkephalin** = Tyr–Gly–Gly–Phe–Met
2. **Tuftsin** = Thr–Lys–Pro–Arg
3. **Angiotensin IV** = Val–Tyr–Ile–His–Pro–Phe
4. **Bradykinin-Potentiating** = Glu–Lys–Trp–Ala–Pro

THEMA 6

1. **CYSTEIN (Cys)** – 2-Amino-3-sulfanylpropansäure **Bruttoformel:** $C_3H_7NO_2S$
2. **LYSIN (Lys)** – 2,6-Diaminohexansäure **Bruttoformel:** $C_6H_{14}N_2O_2$
3. **SERIN (Ser)** – 2-Amino-3-hydroxypropansäure **Bruttoformel:** $C_3H_7NO_3$
4. **PHENYLALANIN (Phe)** – 2-Amino-3-phenylpropansäure **Bruttoformel:** $C_9H_{11}NO_2$