

# Merksätze Kapitel 2

## Kovalente Struktur der Proteine

### 2.1 Bauprinzip der Proteine

Proteine sind lineare Polymere aus 20 verschiedenen L-Aminosäuren. Das Gen eines Proteins bestimmt die Aminosäuresequenz der Polypeptidkette und damit auch deren räumliche Faltungsform. Die native 3D-Struktur eines Proteins bildet sich grundsätzlich durch Selbstorganisation. Niedermolekulare organische Verbindungen und Metallionen sind strukturell und funktionell notwendige Bestandteile (prosthetische Gruppen) vieler Proteine.

### 2.2 Größe und Gestalt der Proteine

Die Molekülmassen der Proteine liegen im Bereich von 10-1000 kDa. Proteine besitzen im Gegensatz zu den Peptiden eine definierte Raumstruktur. Globuläre Proteine können aus mehreren Untereinheiten aufgebaut sein. Faserproteine bestehen aus aneinandergelagerten langgestreckten Polypeptidketten.

### 2.3 Aminosäuren, die Bausteine der Proteine

Nach der Art ihrer Seitenkette werden Aminosäuren mit hydrophober, mit ungeladener polarer und mit saurer oder basischer Seitenkette unterschieden. Bei physiologischen pH-Werten sind die sauren Aminosäurereste eines Proteins negativ und die basischen Aminosäurereste positiv geladen. Bei manchen Proteinen werden nach der Synthese gewisse Aminosäurereste strukturell verändert (posttranslationale Modifikationen).

### 2.4 Ionisationszustände von Aminosäuren und Proteinen

Für die Ladungseigenschaften eines Proteins sind in erster Linie die ionisierbaren Gruppen der Seitenketten verantwortlich. Im physiologischen pH-Bereich besitzen basische Proteine (z.B. Histone) eine positive Nettoladung und saure Proteine (z.B. Pepsin) eine negative Nettoladung. Am isoelektrischen Punkt  $pI$  ist die Nettoladung eines Proteins gleich null.

### 2.5 Aminosäurezusammensetzung und Aminosäuresequenzen von Proteinen

Die Aminosäuresequenz eines Proteins kann entweder durch Analyse des Proteins selbst ermittelt oder aus der Nucleotidsequenz der entsprechenden DNA abgeleitet werden.

Eine Proteinfamilie besteht aus Proteinen, welche aus einem gemeinsamen Vorfahren entstanden sind und als homologe Proteine bezeichnet werden. Durch Vergleich der Aminosäuresequenzen homologer Proteine lassen sich Schlüsse über deren molekulare Evolution und über den Verlauf der Phylogenese ziehen.

Erbkrankheiten sind auf genetisch bedingte Veränderungen der Aminosäuresequenzen bestimmter Proteine zurückzuführen. Die mutierten Proteine können ihre Funktionen nicht mehr oder nur noch ungenügend erfüllen. In vielen Fällen liegt dem Defekt die Substitution eines einzigen Aminosäurerests zugrunde.