# Aufbau und Struktur von Proteinen

Ein Protein, auch „Eiweiß“, ist ein biologisches Makromolekül, das aus Aminosäuren aufgebaut ist, die durch Peptidbindungen miteinander verknüpft sind. Kurze Aminosäureketten werden als Peptide bezeichnet.

Proteine finden sich in jeder Zelle – aber auch in Viren. Sie dienen ihr als molekulare „Werkzeuge“ und erfüllen je nach der besonderen Struktur unterschiedliche Aufgaben, indem sie beispielsweise Zellbewegungen ermöglichen, Metabolite transportieren, Ionenpumpen, chemische Reaktionen katalysieren oder Signalstoffe erkennen können. Dementsprechend gibt es Motor- und Gerüstproteine, Transportproteine, Ionenpumpen, Enzyme und Rezeptoren. Abbildung 1 zeigt Beispiele einiger solcher Proteine und deren Kenndaten:

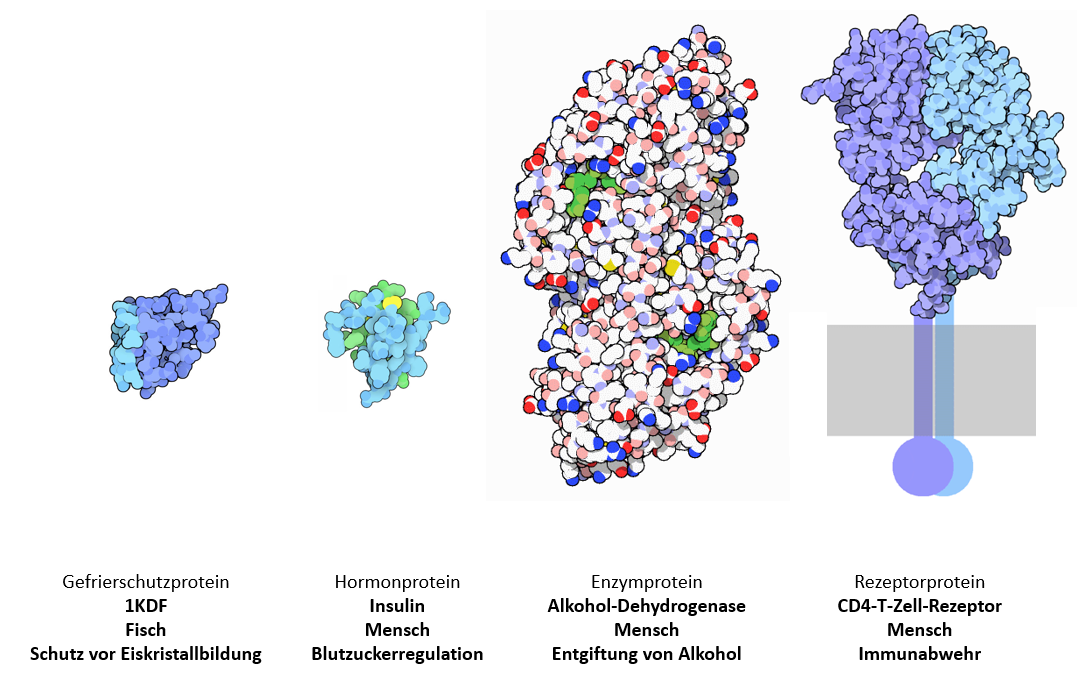


Abb.1 Beispiele für Proteine mit unterschiedlichen Strukturen und Funktionen, kleine Peptide werden als Oligopeptide bezeichnet. Größere Peptide mit mehr als zehn Aminosäuren werden Polypeptide genannt. Die meisten Proteine sind Ketten von 100 bis 300 Aminosäuren. Das größte bekannte Protein des Menschen heißt Titin und besteht aus einer Kette von über 30.000 Aminosäuren.

Proteine bestehen aus einem Polypeptidgerüst mit angehängten Seitenketten. Jedes Protein unterscheidet sich in seiner Aminosäuresequenz von anderen Proteinen. Unterschiedliche Aminosäuren weisen unterschiedlichen Seitenketten (Reste) auf. Damit verleihen die aufeinander folgenden chemisch verschiedenen Seitenketten jedem Protein seine individuellen Eigenschaften. Die beiden Enden jeder Polypeptidkette sind chemisch verschieden. Der N-Terminus weist eine Aminogruppe auf, wohingegen der C-Terminus eine Carboxylgruppe aufweist. Die Aminosäuresequenz eines Proteins wird immer vom N- zum C-Terminus angegeben (Abb. 2).

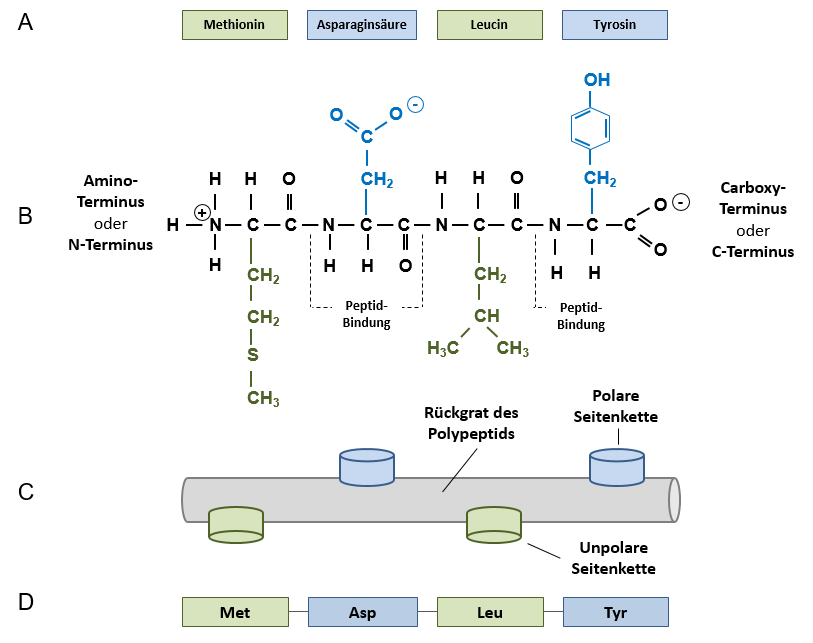


Abb. 2 Ausschnitt aus einer kurzen Aminosäuresequenz (Polypeptid). A: Diese vier Aminosäuren bilden das Polypeptid, B: Strukturformel des Polypeptids, Seitenketten der einzelnen Aminosäuren sind blau bzw. grün hervorgehoben. C: Darstellung von Rückgrat und Seitenketten des Polypeptids.   
D: Polypeptidsequenz als Drei-Buchstaben-Code.

Proteine brauchen für ihre Funktion eine gewisse Größe. So können Oligopeptide als Signalstoffe – etwa als Hormon oder als Neurotransmitter – eingesetzt werden, für eine Enzymfunktion sind aber meist mehr als 50 Aminosäuren nötig.

Die räumliche Struktur bedingt die Wirkungsweise der Proteine. Die Proteinstruktur lässt sich auf vier Betrachtungsebenen beschreiben:

Als **Primärstruktur** eines Proteins wird die Abfolge (Sequenz) der einzelnen Aminosäuren einer Polypeptidkette bezeichnet. Die Primärstruktur beschreibt lediglich eine Aminosäurensequenz.

Als **Sekundärstruktur** wird die Zusammensetzung des Proteins aus besonders häufig auftretenden Strukturen für die räumliche Anordnung der Aminosäuren bezeichnet. Man unterscheidet dabei zwischen den Strukturtypen α-Helix und β-Faltblatt.

Die **Tertiärstruktur** ist die der Sekundärstruktur übergeordnete räumliche Anordnung der Polypeptidkette. Sie wird v. a. von den Kräften und Bindungen zwischen den Aminosäureresten (d. h. den Seitenketten) der Aminosäuren bestimmt.

Viele Proteine müssen sich, um funktionsfähig sein zu können, mit anderen gleichartigen oder unterschiedlichen Proteinmolekülen zu einem Proteinkomplex zusammenlagern, der so genannten **Quartärstruktur**.

# 

Abb. 3 Darstellung der Primär-, Sekundär-, Tertiär- und Quartärstruktur von Proteinen. (<https://de.wikipedia.org/wiki/Proteinstruktur>, [CC BY-SA 3.0](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0), Holger 87)

# Erstellen einer Aminosäuresequenz in codierter Form Arbeitsblatt

In der Bioinformatik werden die Aminosäuresequenzen von Peptiden und Proteinen meistens in verkürzter Schreibweise dargestellt. Dazu nutzt man den Drei- oder Ein-Buchstaben-Code.

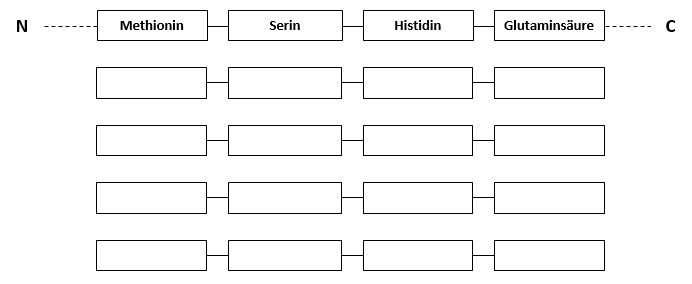
Tabelle 1 Die zwanzig proteinogenen Aminosäuren, Codierung und Eigenschaften

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Aminosäure** | **Drei-Buchstaben-Code** | **Ein-Buchstaben-Code** | **Polarität** | **Acidität bzw. Basizität** |
| **Alanin** | **Ala** | **A** | **unpolar** | **neutral** |
| **Arginin** | **Arg** | **R** | **polar** | **basisch** |
| **Asparagin** | **Asn** | **N** | **polar** | **neutral** |
| **Asparaginsäure** | **Asp** | **D** | **polar** | **sauer** |
| **Cystein** | **Cys** | **C** | **polar** | **neutral** |
| **Glutamin** | **Gln** | **Q** | **polar** | **neutral** |
| **Glutaminsäure** | **Glu** | **E** | **polar** | **sauer** |
| **Glycin** | **Gly** | **G** | **unpolar** | **neutral** |
| **Histidin** | **His** | **H** | **polar** | **basisch** |
| **Isoleucin** | **Ile** | **I** | **unpolar** | **neutral** |
| **Leucin** | **Leu** | **L** | **unpolar** | **neutral** |
| **Lysin** | **Lys** | **K** | **polar** | **basisch** |
| **Methionin** | **Met** | **M** | **unpolar** | **neutral** |
| **Phenylalanin** | **Phe** | **F** | **unpolar** | **neutral** |
| **Prolin** | **Pro** | **P** | **unpolar** | **neutral** |
| **Serin** | **Ser** | **S** | **polar** | **neutral** |
| **Threonin** | **Thr** | **T** | **polar** | **neutral** |
| **Tryptophan** | **Trp** | **W** | **unpolar** | **neutral** |
| **Tyrosin** | **Tyr** | **Y** | **polar** | **neutral** |
| **Valin** | **Val** | **V** | **unpolar** | **neutral** |

(<https://de.wikipedia.org/wiki/Aminos%C3%A4uren>, Lizenz CC-BY-SA 3.0, Paula Yurkanis Bruice [et al](https://xtools.wmflabs.org/articleinfo-authorship/de.wikipedia.org/Aminos%C3%A4uren?uselang=de).)

**Aufgabe:**

**Gezeigt ist der Ausschnitt einer Aminosäuresequenz eines Proteins. Ergänze die Lücken, indem Du die passenden Informationen aus der Tabelle entnimmst!**

****

**Drei-Buchstaben-Code**

**Ein-Buchstaben-Code**

**Polarität**

**Azidität/Basizität**

**Merke!**

**Eine Aminosäuresequenz kann verkürzt entweder als Drei- oder Ein-Buchstaben-Code angegeben werden. Eine Proteinsequenz aus mehreren hundert Aminosäuren kann also platzsparend als Zeichenkette im Ein-Buchstaben-Code dargestellt, gespeichert und analysiert werden. Der Ein-Buchstaben-Code im Fall von Glutaminsäure scheint nicht passend zu sein. Der Buchstabe E ergibt sich aber nach einer speziellen Benennungsregel \*. Auf den ersten Blick unpassende Buchstaben werden auch für andere Aminosäuren verwendet, z. B. Arginin (R) und Glutamin (Q) u. a. Den Aminosäuren können bestimmte physikalisch-chemische Eigenschaften ihrer Seitenketten zugeordnet werden. Die Wechselwirkungen der Seitenketten bestimmen die Struktur des Proteins.**

**\*vgl.** [**https://www.qmul.ac.uk/sbcs/iupac/AminoAcid/A2021.html#AA212**](https://www.qmul.ac.uk/sbcs/iupac/AminoAcid/A2021.html#AA212)

**Platziere die folgenden Begriffe im Lückentext:**

**platzsparend, physikalisch-chemische, verkürzt, Q, Struktur, analysiert, R, Seitenketten**

# Erstellen einer Aminosäuresequenz in codierter Form Lösung

In der Bioinformatik werden die Aminosäuresequenzen von Peptiden und Proteinen meistens in verkürzter Schreibweise dargestellt. Dazu nutzt man den Drei- oder Ein-Buchstaben-Code.

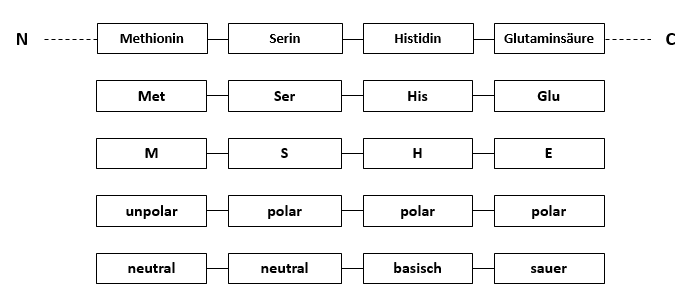
Tabelle 1 Die zwanzig proteinogenen Aminosäuren, Codierung und Eigenschaften

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Aminosäure** | **Drei-Buchstaben-Code** | **Ein-Buchstaben-Code** | **Polarität** | **Acidität bzw. Basizität** |
| **Alanin** | **Ala** | **A** | **unpolar** | **neutral** |
| **Arginin** | **Arg** | **R** | **polar** | **basisch** |
| **Asparagin** | **Asn** | **N** | **polar** | **neutral** |
| **Asparaginsäure** | **Asp** | **D** | **polar** | **sauer** |
| **Cystein** | **Cys** | **C** | **polar** | **neutral** |
| **Glutamin** | **Gln** | **Q** | **polar** | **neutral** |
| **Glutaminsäure** | **Glu** | **E** | **polar** | **sauer** |
| **Glycin** | **Gly** | **G** | **unpolar** | **neutral** |
| **Histidin** | **His** | **H** | **polar** | **basisch** |
| **Isoleucin** | **Ile** | **I** | **unpolar** | **neutral** |
| **Leucin** | **Leu** | **L** | **unpolar** | **neutral** |
| **Lysin** | **Lys** | **K** | **polar** | **basisch** |
| **Methionin** | **Met** | **M** | **unpolar** | **neutral** |
| **Phenylalanin** | **Phe** | **F** | **unpolar** | **neutral** |
| **Prolin** | **Pro** | **P** | **unpolar** | **neutral** |
| **Serin** | **Ser** | **S** | **polar** | **neutral** |
| **Threonin** | **Thr** | **T** | **polar** | **neutral** |
| **Tryptophan** | **Trp** | **W** | **unpolar** | **neutral** |
| **Tyrosin** | **Tyr** | **Y** | **polar** | **neutral** |
| **Valin** | **Val** | **V** | **unpolar** | **neutral** |

(<https://de.wikipedia.org/wiki/Aminos%C3%A4uren>, Lizenz CC-BY-SA 3.0, Paula Yurkanis Bruice [et al](https://xtools.wmflabs.org/articleinfo-authorship/de.wikipedia.org/Aminos%C3%A4uren?uselang=de).)

**Aufgabe:**

**Gezeigt ist der Ausschnitt einer Aminosäuresequenz eines Proteins. Ergänze die Lücken, indem Du die passenden Informationen aus der Tabelle entnimmst!**

****

**Drei-Buchstaben-Code**

**Ein-Buchstaben-Code**

**Polarität**

**Azidität/Basizität**

**Merke!**

**Eine Aminosäuresequenz kann verkürzt entweder als Drei- oder Ein-Buchstaben-Code angegeben werden. Eine Proteinsequenz aus mehreren hundert Aminosäuren kann also platzsparend als Zeichenkette im Ein-Buchstaben-Code dargestellt, gespeichert und analysiert werden. Der Ein-Buchstaben-Code im Fall von Glutaminsäure scheint nicht passend zu sein. Der Buchstabe E ergibt sich aber nach einer speziellen Benennungsregel \*. Auf den ersten Blick unpassende Buchstaben werden auch für andere Aminosäuren verwendet, z. B. Arginin (R) und Glutamin (Q) u.a. Den Aminosäuren können bestimmte physikalisch-chemische Eigenschaften ihrer Seitenketten zugeordnet werden. Die Wechselwirkungen der Seitenketten bestimmen die Struktur des Proteins.**

**\*vgl.** [**https://www.qmul.ac.uk/sbcs/iupac/AminoAcid/A2021.html#AA212**](https://www.qmul.ac.uk/sbcs/iupac/AminoAcid/A2021.html#AA212)

**Platziere die folgenden Begriffe im Lückentext:**

**platzsparend, physikalisch-chemische, verkürzt, Q, Struktur, analysiert, R, Seitenketten**