

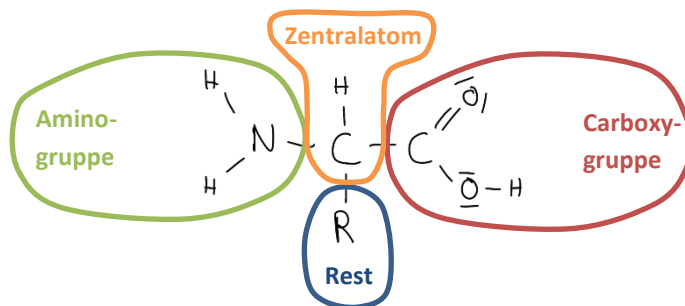
(1) Proteine und Enzyme	
1.1 Struktur und Funktion von Proteinen	Du erkennst eine Aminosäure anhand ihrer funktionellen Gruppen und dem zentralen C-Atom. Du kennst die Einteilung der 20 AS in unpolare, polar ungeladene und polar geladene. Du kannst zwei AS durch eine Kondensationsreaktion miteinander verbinden und erkennst die Peptidbindung. Du kannst die Primär- bis Quartärstrukturen eines Proteins definieren und passende Beispiele dazu nennen. Du erkennst eine Ionenbindung, Wasserstoffbrücke, Disulfidbrücke (zwischen 2 Cystein) und hydrophobe Wechselwirkung zwischen zwei AS.
1.2 Bau und Eigenschaften von Enzymen	Du kannst die Wirkungsweise von Enzymen als Biokatalysatoren erklären und dabei das Schlüssel-Schloss-Prinzip bzw. induced-fit-Modell anwenden. Du kannst die Substrat- und Wirkungsspezifität von Enzymen erklären. Du kannst die Abhängigkeit der Enzymaktivität von der Enzymmenge, von der Substratmenge, vom pH-Wert und von der Temperatur erklären. Du kannst die Regelung der Enzymaktivität nach dem Prinzip der kompetitiven und der allosterischen Hemmung (und Förderung) sowie die irreversible Schädigung durch Schwermetalle erläutern. Du kennst Enzym-Beispiele.

## (1) Proteine und Enzyme

### 1.1 Struktur und Funktion von Proteinen

#### a.) Proteine sind aus Aminosäuren aufgebaut

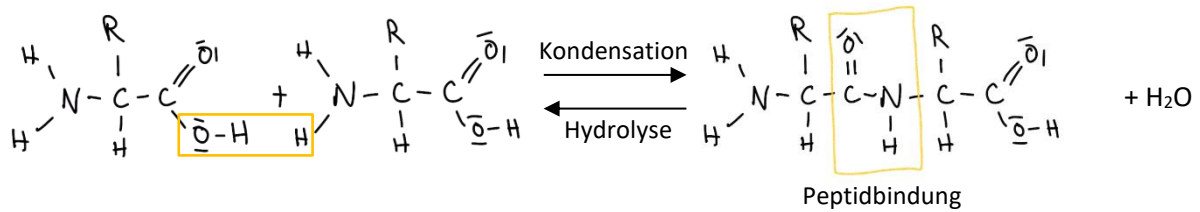
Alle Proteine sind aus nur 20 verschiedenen Aminosäuren aufgebaut. Eine Aminosäure besteht aus einem Zentralatom, einer Aminogruppe, einer Carboxygruppe und einem Rest. Der Rest bestimmt die Eigenschaften der Aminosäure, man teilt diese demnach in drei Gruppen ein: unpolare, polar ungeladene, polar geladene.



Bsp: Leucin unpolar	Bsp: Cystein polar ungeladen	Bsp: Asparaginsäure polar geladen
<chem>CC(C)C(N)C(=O)O</chem>	<chem>SCC(N)C(=O)O</chem>	<chem>OC(=O)CC(N)C(=O)O</chem>

### b.) Die Peptidbindung zwischen Aminosäuren

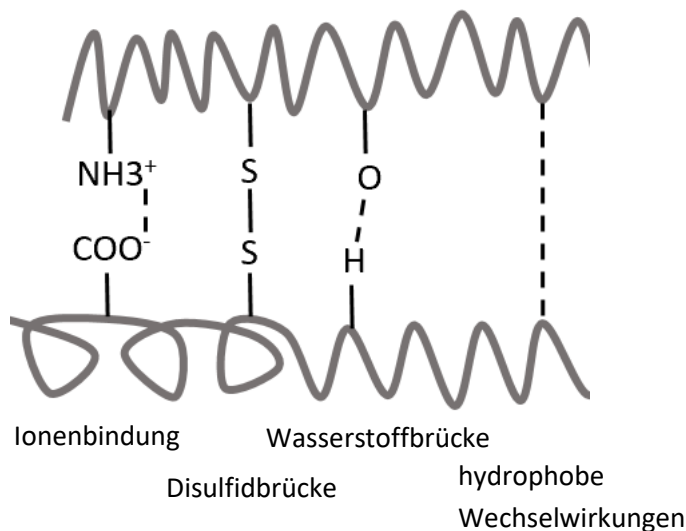
Proteine sind lange Aminosäureketten. Zwei Aminosäuren reagieren unter Wasserabspaltung miteinander (Kondensationsreaktion) und bilden dabei eine typische Peptidbindung:



### c.) Proteine sind in bis zu vier Strukturebenen geordnet

Die Aminosäuresequenz (= Primärstruktur des Proteins) legt bereits die weiteren Strukturebenen fest. Das liegt an den Eigenschaften der einzelnen Aminosäuren und ihrer Fähigkeit, mit anderen Aminosäuren eine festgelegte Wechselwirkung oder Bindung einzugehen.

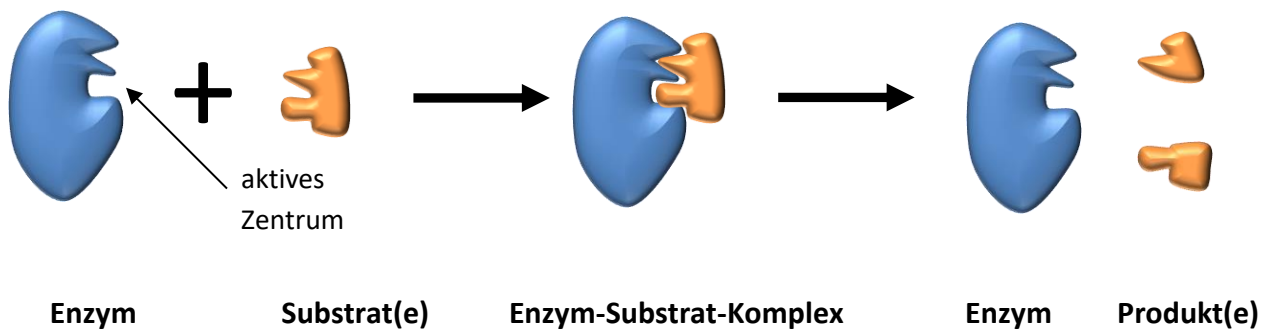
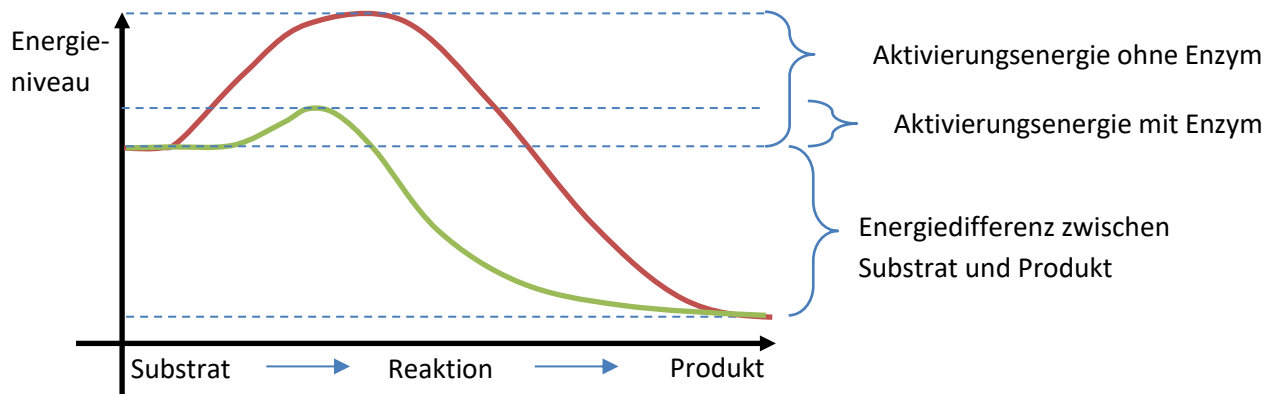
Ebene	Merkmal --> Wechselwirkung/Bindung
<b>Primärstruktur</b>	Abfolge der Aminosäuren (Aminosäuresequenz), diese legt die Sekundär- und Tertiärstruktur bereits fest (Grund: Eigenschaften der Aminosäuren siehe 1.1) --> Peptidbindung
<b>Sekundärstruktur</b>	lokale Grundfaltung (man kennt zwei Formen: alpha-Helix und beta-Faltblatt) --> Wasserstoffbrücken zwischen Peptid-Gruppen
<b>Tertiärstruktur</b>	räumliche Gesamtstruktur des Proteins (man kennt zwei grundsätzliche Unterschiede: längliche (=fibrilläre, z.B. Kollagen) und kugelige (=globuläre) Proteine (z.B. alle Enzyme) --> Wasserstoffbrücken, Ionenbindungen, Van-der-Waals-Wechselwirkungen, Disulfid-Brücken (zwischen Cystein)
<b>Quartärstruktur</b>	möglicher Aufbau eines Proteins aus mehreren Untereinheiten (Bsp: Hämoglobin aus vier Häm-Untereinheiten) --> z.B. Disulfid-Brücken



## 1.2 Bau und Eigenschaften von Enzymen

### a.) Enzyme sind Biokatalysatoren

Enzyme katalysieren chemische Reaktionen, indem sie die **Aktivierungsenergie** herabsetzen. Dies wird dadurch erreicht, indem sich das oder die Substrate räumlich in das Enzym hineinlagern. Man spricht vom **Schlüssel-Schloss-Prinzip** oder exakter vom **induced-fit-Modell**. Letzteres umschreibt, dass auch das Enzym in der Form leicht an das Substrat anpasst.

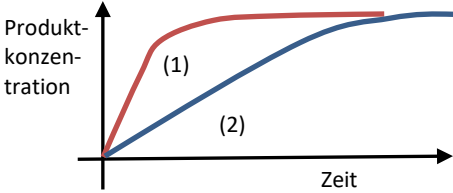
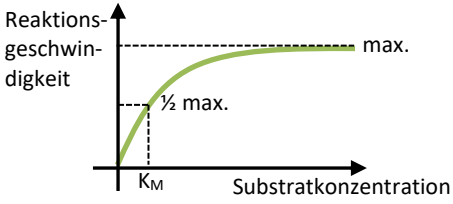
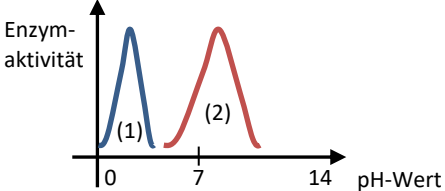
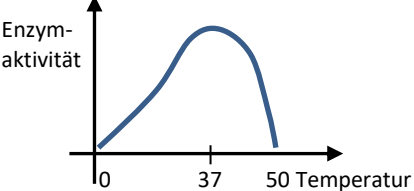


### b.) Enzyme sind substrat- und wirkungsspezifisch

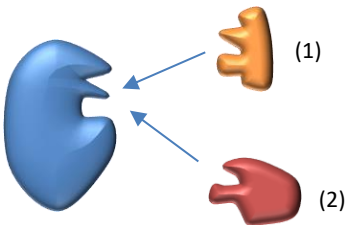
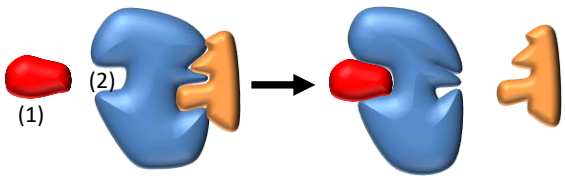
Die Enzym-Substrat-Abbildung zeigt auch die Substrat- und Wirkungsspezifität von Enzymen:

- Jedes Enzym kann nur ein Substrat umwandeln, denn nur dieses passt räumlich in das aktive Zentrum
- Jedes Enzym katalysiert nur einen Umwandlungsschritt mit einer bestimmten Reaktionsweise, im dargestellten Beispiel nur die Aufspaltung eines Substrats in zwei bestimmte Produkte z.B. durch Hydrolyse, aber nicht die Umkehrreaktion

### c.) Die Reaktionsgeschwindigkeit von Enzymen ist abhängig ...

<p><b>1. von der Enzymkonzentration</b></p>  <p>Bei hoher Enzymkonzentration (1) steigt die Produktkonzentration schneller an als bei geringer Enzymkonzentration (2) (Voraussetzung: gleiche Substratkonzentration in beiden Ansätzen)</p>	<p><b>2. von der Substratkonzentration</b></p>  <p>Die Reaktionsgeschwindigkeit einer gewissen Enzymmenge steigt mit Erhöhung der Substratkonzentration bis zu einem Maximalwert an. Aus dieser Kurve kann man die <b>Umsetzungsgeschwindigkeit des Enzyms</b> bestimmen: Die sogenannte <b>Michaelis-Konstante <math>K_M</math></b> ist die Substratkonzentration bei halbmaximaler Reaktionsgeschwindigkeit.</p>
<p><b>3. vom pH-Wert</b></p>  <p>Enzyme weisen je nach ihrem Wirkort ein bestimmtes pH-Wert-Optimum auf. Das im Magen tätige Pepsin (1) hat im sauren Bereich sein Optimum, Trypsin aus dem Dünndarm (2) hat sein Optimum bei 7-8. Die Ursache liegt in der Aminosäuresequenz und der Ausbildung bestimmter Bindungen und Wechselwirkungen, die im jeweiligen Optimum das Enzym stabilisieren. Außerhalb des Bereichs lösen sich diese und das Protein denaturiert.</p>	<p><b>4. von der Temperatur</b></p>  <p>Enzyme haben auch ein Temperaturoptimum. IM menschlichen Körper liegt dies bei 37° C. Der Anstieg ist durch die RGT-Regel erklärbar (Reaktionsgeschwindigkeit in Abhängigkeit von der Temperatur), das schnelle Absinken durch die Denaturierung des Enzyms bei höheren Temperaturen. Denaturierung bedeutet das Lösen der Bindungen und Wechselwirkungen und einer Instabilisierung des Enzyms.</p>

### d.) Die Enzymaktivität kann geregelt werden (reversible Hemmung)

<p><b>1 kompetitive Hemmung (bzw. Förderung)</b></p>  <p>Sowohl Substrat (1) als auch der Hemmstoff (2) passen in das aktive Zentrum und konkurrieren darum. Beispiele: Zink wirkt so regulierend in Zellen des Immunsystems / Ethanol kann als kompetitiver Hemmstoff bei einer Methanolvergiftung gegeben werden</p>	<p><b>2 allosterische Hemmung (bzw. Förderung)</b></p>  <p>Wenn der allosterische Hemmstoff (1) im allosterischen Zentrum (2) sitzt, verändert es räumlich das aktive Zentrum. Dadurch kann das Substrat nicht mehr binden. In Stoffwechselketten ist das entstehende Produkt auch oft der allosterische Hemmstoff, man spricht dann von negativer Rückkopplung. Es gibt auch allosterische Aktivatoren mit fördernder Wirkung.</p>
---	---

### e.) Die Enzymaktivität kann gestört werden (irreversible Hemmung)

**z.B. Schwermetallhemmung:** Schwermetalle können z.B. Disulfidbrücken aufspalten und sich dort anlagern. Das Protein ändert seine Konformität (räumliche Struktur), seine Aktivität wird dadurch irreversibel gestört

### f.) Enzym-Beispiele

Name	Wirkungsweise	Vorkommen
<b>Katalase</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>- setzt <math>H_2O_2</math> zu <math>H_2O</math> und <math>O_2</math> um</li><li>- schnellstes bekanntestes Enzym: Wechselzahl von 10 Mio/sec</li><li>- <math>H_2O_2</math> ist ein starkes Zellgift, es entsteht beim Abbau von Purinen (DNA) und bei der Oxidation von Fettsäuren in Zellen</li></ul>	Katalase ist damit in vielen Zellen zu deren Schutz vorhanden (Mensch zB: Leber, Niere, Rote Blutzellen / Hefe, Kartoffel)
<b>Verdauungs-enzyme</b>	<p>Bei der Verdauung müssen die drei Nährstoffgruppen in ihre Grundbausteine zerlegt werden, dafür gibt es jeweils Enzyme</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Glykosidasen spalten Mehrfachzucker (z.B. Amylase, Maltase, Lactase)</li><li>- Peptidasen/Proteasen spalten Proteine durch Hydrolyse (z.B. Pepsin, Trypsin)</li><li>- Lipasen spalten Fette (z.B. Phospholipase)</li></ul>	Beim Mensch: Bildung und anschließende Freisetzung in Mund- und Bauchspeicheldrüsen und bestimmten Zellen im Magen
<b>Enzyme der DNA-Replikation</b>	<p>Bei der Verdopplung der DNA vor einer Zellteilung sind viele Enzyme beteiligt:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Topoisomerase: Entwindung der DNA-Helix</li><li>- Helicase: öffnet den DNA-Doppekstrang (Lösen der H-Brücken)</li><li>- Primase: lagert Primer am Folgestrang an</li><li>- DNA-Polymerase: Verknüpfung neuer Nukleotide an den beiden Einzelsträngen</li><li>- DNA-Ligase: Verbindung der Okazaki-Fragmente am Folgestrang</li></ul>	In jeder Zelle