

Proteine und Enzyme

1. Proteine sind die molekularen Werkzeuge für die meisten zellulären Funktionen

- 1.1 Ein Protein besteht aus einer oder mehreren Polypeptidketten, die in eine spezifische dreidimensionale Konformation gefaltet sind.
- 1.2 Proteine sind darauf spezialisiert, andere Moleküle spezifisch und reversibel zu binden.

2. Ein Polypeptid ist ein Polymer aus Aminosäuren, die in bestimmter Reihenfolge miteinander verknüpft sind

- 2.1 Proteine sind aus 20 verschiedenen Aminosäuren aufgebaut.
- 2.2 Jede Aminosäure wird durch ihre Seitenkette definiert, die von Aminosäure zu Aminosäure variiert.
- 2.3 Die Carboxyl- und die Aminogruppe benachbarter Aminosäuren gehen eine Peptidbindung ein, wodurch lange Polymere entstehen können.

3. Die Funktion eines Proteins hängt von seiner spezifischen Konformation ab

- 3.1 Die Struktur eines Proteins kann in drei beziehungsweise vier hierarchische Ebenen unterteilt werden. Die Primärstruktur ist die erste Ebene und beschreibt die einzigartige Aminosäureabfolge des Proteins.
- 3.2 Die Sekundärstruktur beschreibt, wie die Primärstruktur lokal bestimmte Konformationen annimmt, die α -Helix und das β -Faltblatt, die durch Wasserstoffbrücken zwischen den Peptidbindungen stabilisiert werden.
- 3.3 Die Tertiärstruktur beschreibt die weniger gleichmäßigen räumlichen Verwindungen des Moleküls, die durch die Beteiligung von Seitenketten an hydrophoben Wechselwirkungen (van-der-Waals-Kräften), Wasserstoffbrücken, Ionenbindungen und Disulfidbrücken zustande kommen.
- 3.4 Proteine aus mehr als einer Polypeptidkette zeigen außerdem auf einer vierten Strukturebene (der Quartärstruktur) eine spezifische Anordnung ihrer Untereinheiten.

3.5 Die Struktur und Funktion eines Proteins reagieren empfindlich auf Milieubedingungen wie den pH-Wert, die Salzkonzentration und die Temperatur. Veränderungen dieser Bedingungen können zur Veränderung der Proteingestalt bis hin zur Denaturierung führen.

3.6 Die Konformation eines Proteins wird letztlich durch seine Primärstruktur bestimmt. Die Biochemiker suchen nach Regeln für die Vorhersage der Proteinfaltung.

4. Enzyme beschleunigen Stoffwechselreaktionen, indem sie Energiebarrieren herabsetzen

- 4.1 Enzyme, bei denen es sich meist um Proteine handelt, sind biologische Katalysatoren.
- 4.2 Enzyme ermöglichen es Molekülen, im Stoffwechsel zu reagieren, indem sie die Aktivierungsenergie (EA) herabsetzen, so dass Bindungen bei den Körpertemperaturen der Organismen gespalten werden können.

5. Enzyme sind substratspezifisch: Eine nähere Betrachtung

- 5.1 Jedes Enzym hat ein typisch geformtes aktives Zentrum, das ihm seine Spezifität bei der Einwirkung auf sein spezielles Substratmolekül (den Reaktand) verleiht (Substratspezifität). Es katalysiert nur eine ganz bestimmte Reaktion (Reaktionsspezifität).
- 5.2 Die Bindung von Substrat an ein aktives Zentrum führt zu einer Konformationsänderung des Enzyms.

6. Das aktive Zentrum ist die katalytisch wirksame Region eines Enzyms

- 6.1 Das aktive Zentrum eines Enzyms kann die Aktivierungsenergie auf verschiedene Weisen herabsetzen: indem es eine genau passende Tasche für die Substrate zur Verfügung stellt und sie dadurch in der richtigen Orientierung zusammenbringt, indem es sich so an das Substrat bindet, dass dessen relevante Bindungen geschwächt werden und indem es eine geeignete Mikroumgebung bietet.

7. Das chemische und physikalische Milieu einer Zelle beeinflusst die Enzymaktivität: Eine nähere Betrachtung

- 7.1 Als Proteine reagieren Enzyme sehr empfindlich auf ihre Umweltbedingungen, die ihre dreidimensionale Struktur beeinflussen. Jedes Enzym hat ein Temperaturoptimum und einen optimalen pH-Wert, bei denen es die höchste Aktivität zeigt.
- 7.2 Cofaktoren sind nichtproteinische Ionen oder Moleküle, die für die Funktion vieler Enzyme von Bedeutung sind. Oft handelt es sich dabei um ein koordinativ gebundenes Metallion. Wenn der Cofaktor organisch ist, wird er auch als Coenzym beziehungsweise Cosubstrat bezeichnet.
- 7.3 Enzyminhibitoren reduzieren selektiv die Enzymfunktion. Viele kompetitive Inhibitoren sind dem Substrat strukturell ähnlich und können an dessen Stelle am aktiven Zentrum binden. Ein nichtkompetitiver Inhibitor bindet an eine vom aktiven Zentrum verschiedene Stelle des Enzyms, verändert dessen Gestalt und stört so seine Funktion.
- 7.4 Wechselwirkungen zwischen räumlich getrennten Regionen eines Proteins bezeichnet man als allosterisch. Viele Enzyme, vor allem solche aus zwei oder mehr Untereinheiten, verändern ihre Gestalt und damit ihre Aktivität, wenn ein allosterischer Effektor, entweder ein Aktivator oder ein Inhibitor, sich an ein spezifisches allosterisches Zentrum bindet. Oft werden allosterische Wechselwirkungen durch große Veränderungen der Quartärstruktur vermittelt. Von Kooperativität spricht man, wenn die Bindung eines Substrats an eine Untereinheit des Enzyms die Substrataffinität der anderen Untereinheiten beeinflusst.

8. Die Ordnung des Stoffwechsels resultiert aus den Regulationssystemen und der strukturellen Organisation der Zelle

- 8.1 Ein verbreiteter Mechanismus zur Stoffwechselregulierung ist die Feedback-Hemmung (negative Rückkopplung), in der das Produkt eines Stoffwechselweges ein früheres Enzym dieses Weges hemmt.