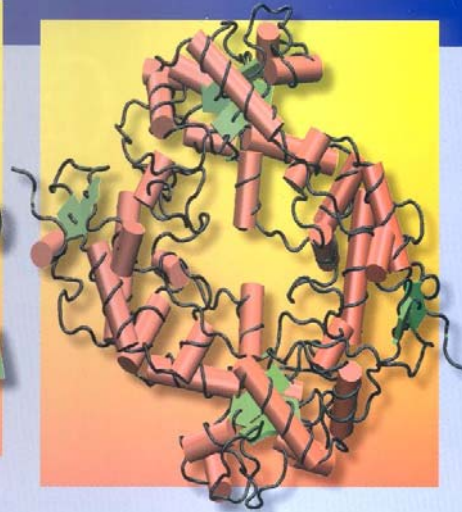


# Physik Journal

April 2004  
3. Jahrgang

[www.physik-journal.de](http://www.physik-journal.de)

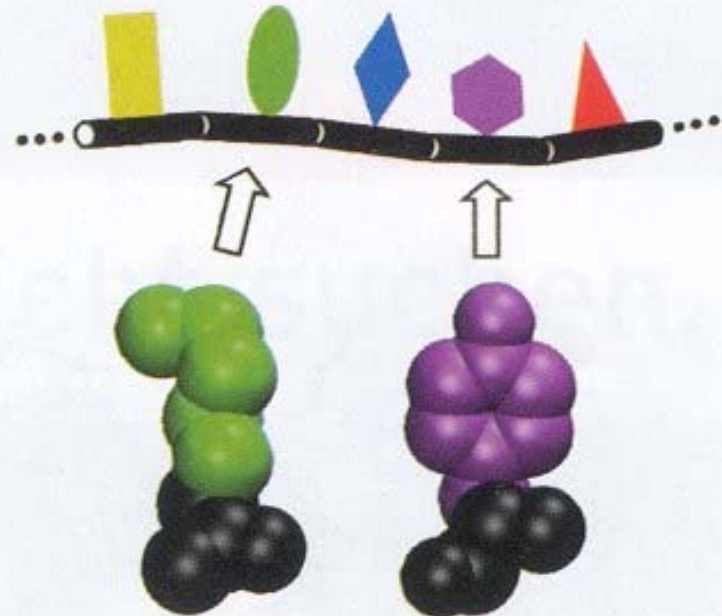


Physik der Proteine

Geometrische Phasen

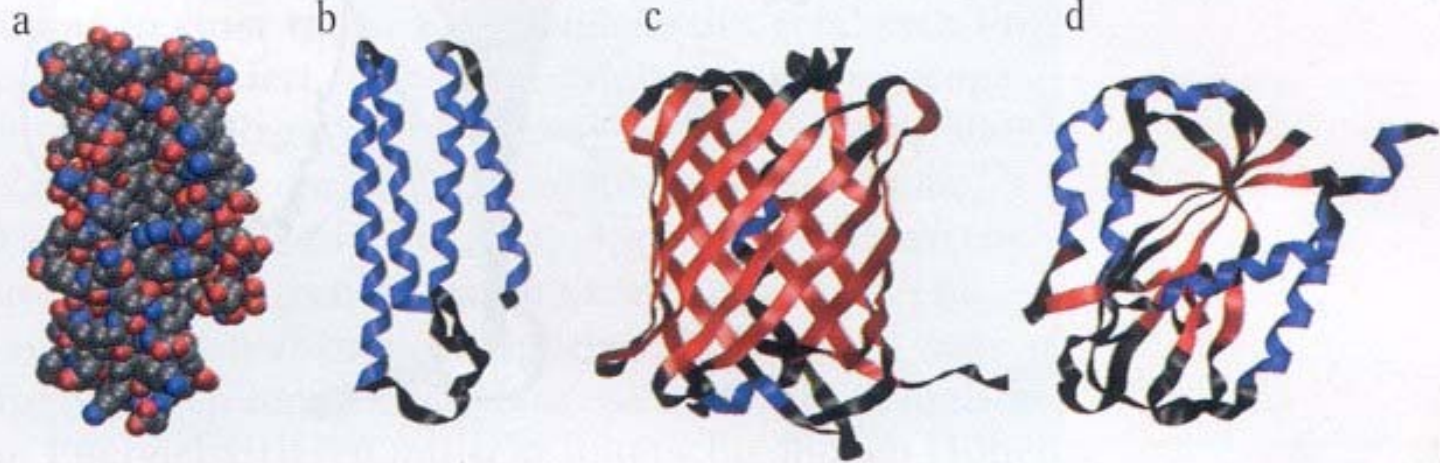
Physiker in  
Unternehmensberatungen

Ausschreibung der DPG-Preise



**Abb. 1:**

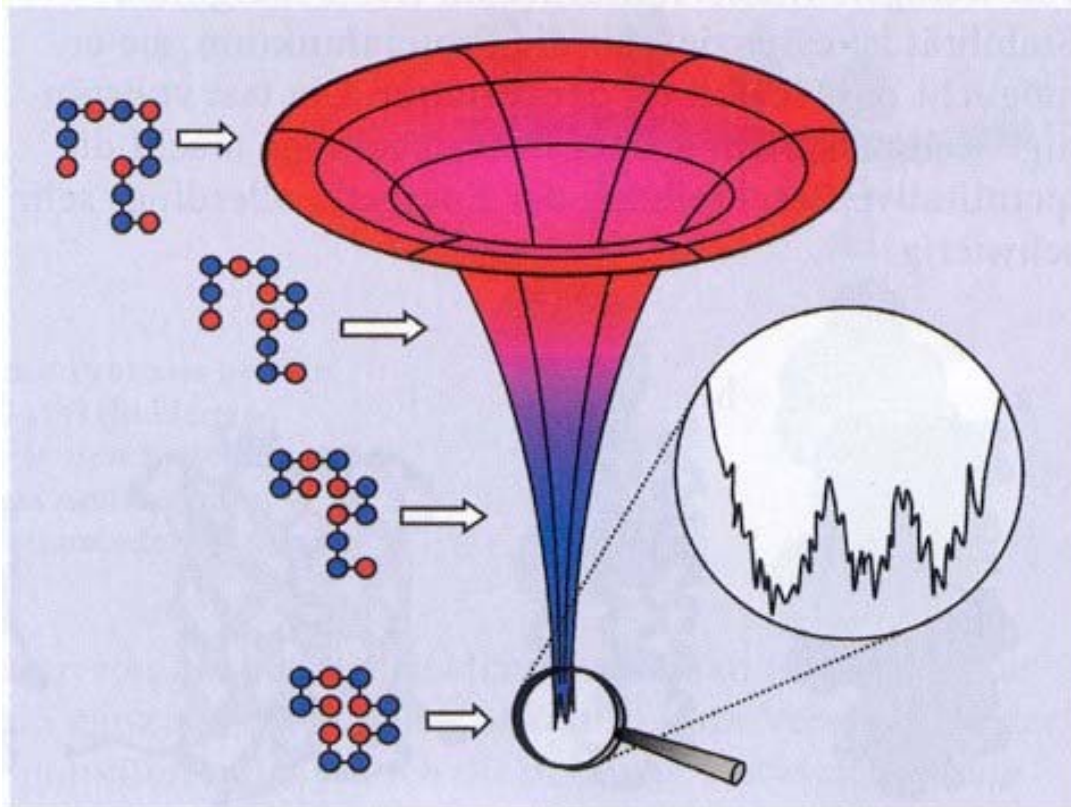
Die Primärstruktur eines Proteins besteht aus einer Kette von 20 verschiedenen Aminosäuren, die sich in den Seitenketten unterscheiden. Zwei Aminosäuren sind in Form von Kalottenmodellen dargestellt.



### Abb. 2:

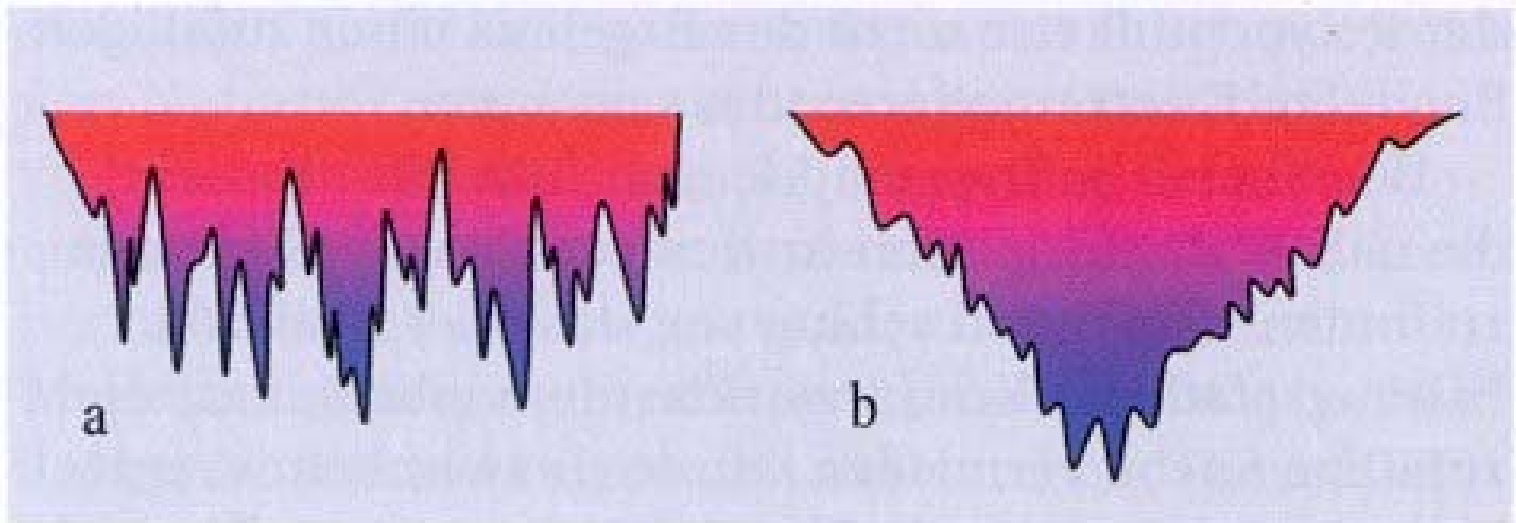
Modelle von drei kleinen globulären Proteinen. Das raumfüllende Modell (a) zeigt die kompakte Struktur, die Cartoon-Repräsentation des Peptidrückgrates (b) das Faltungsmuster von Cytochrom  $b_{562}$  mit vier  $\alpha$ -Helices (blau), die durch kurze

Schleifen (schwarz) verbunden sind. Das rot fluoreszierende Protein eqFP 611 (c) besteht fast ausschließlich aus  $\beta$ -Faltblattstruktur, Flavodoxin (d) weist  $\alpha$ -helikale und Faltblattbereiche auf.

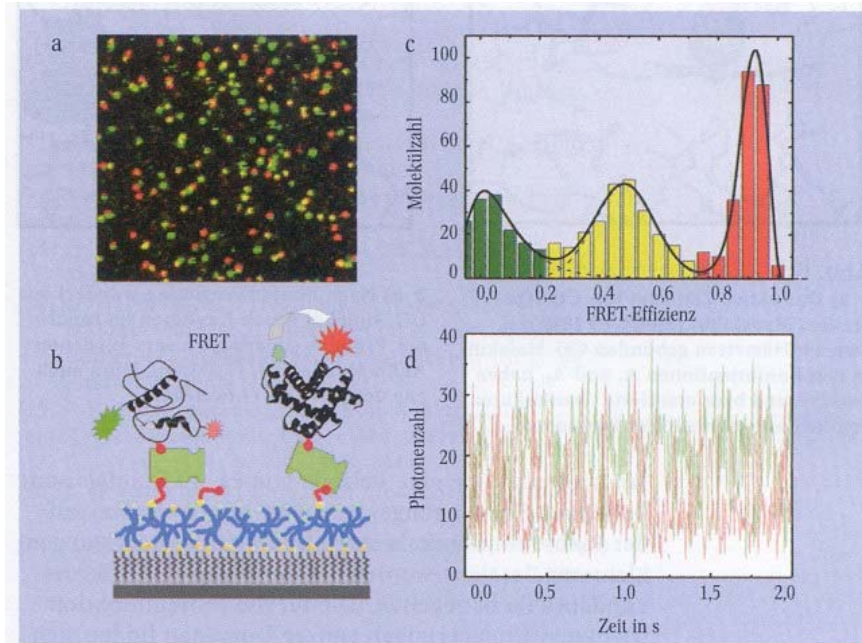


**Abb. 3:**

Globale, trichterförmige Energielandschaft eines Proteins. Die Vertikale repräsentiert die effektive Energie der Kette, die schematisch gegen zwei der vielen Konformationsfreiheitsgrade aufgetragen ist. Auf der linken Seite sind typische Modellsequenzen auf einem zweidimensionalen Gitter dargestellt. Die Vergrößerung zeigt die raue Energielandschaft des nativen Proteins.



**Abb. 4:**  
Die Energielandschaften einer zufälligen und damit stark frustrierten Peptidsequenz (a) ist rau mit vielen lokalen Minima, die sehr unterschiedlichen Strukturen entsprechen. Bei natürlichen Proteinen hat die Energielandschaft hingegen die Form eines Trichters (b).



**Abb. 5:**

Faltungsexperimente an einzelnen Proteinen lassen sich mit Hilfe konfokaler Fluoreszenzmikroskopie durchführen.

► a) Im Rasterbild stellt jeder Punkt ein einzelnes Enzym (RNase H) dar, das gezielt mit je einem grünen und einem roten Fluoreszenzfarbstoff gentechnisch markiert und zur stationären Beobachtung an einer Glasoberfläche fixiert wurde.

► b) Beim gefalteten Proteinmolekül (rechts) sind beide Farbstoffe nah beieinander, sodass der grüne Donor-Farbstoff nach Absorption eines Photons seine Anregungsenergie durch Fluoreszenzresonanz-Energietransfer (FRET) effizient auf den roten Akzeptor-Farbstoff übertragen kann, der anschließend ein rotes Photon

emittiert. In der entfalteten Form (links) sind die Farbstoffe weiter auseinander. Strukturfluktuationen beeinflussen den Abstand der Farbstoffe und damit die Wahrscheinlichkeit für FRET.

► c) Aus der simultanen Messung der Emission von Donor und Akzeptor eines jeden einzelnen Proteins erhält man Histogramme der Molekülzahlen als Funktion der FRET-Effizienz  $E$ , in denen die Populationen der gefalteten ( $E \approx 1$ , rot), der entfalteten Proteine ( $E \approx 0,5$ , gelb) sowie der Proteine mit fehlendem Akzeptor-Farbstoff ( $E \approx 0$ , grün) hervorgehen.

► d) Die Strukturfluktuationen lassen sich aus der Fluoreszenzemission einzelner Biomoleküle zeitaufgelöst verfolgen.

## Der Autor

**Gerd Ulrich Nienhaus** hat an der Uni Münster Physik studiert und dort 1988 promoviert. Als Postdoc ging er anschließend an die University of Illinois at Urbana-Champaign (UIUC), wo er 1991 Assistant und später Associate Professor für Physik und Biophysik wurde. 1996 folgte er einem Ruf auf eine C4-Professur an die Uni Ulm und pendelt seither zwischen Ulm und der UIUC, mit der er als Adjunct Professor weiterhin verbunden ist. G. Ulrich Nienhaus ist Vorstandsmitglied der Deutschen Gesellschaft für Biophysik und Sekretär der IUPAP-Kommission für Biologische Physik.



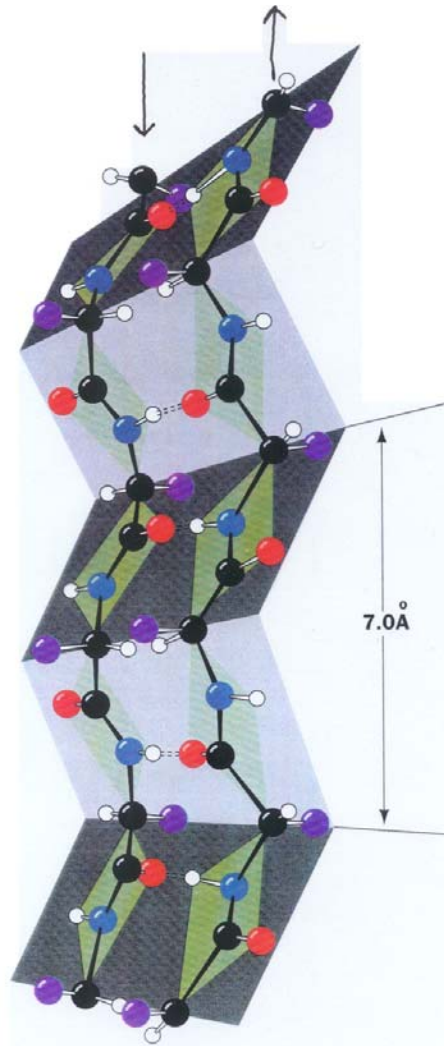
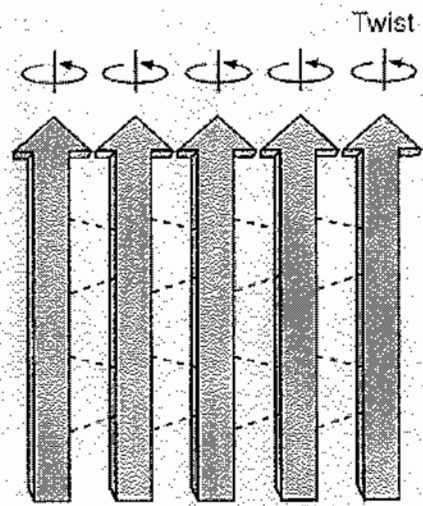


Figure 7-17. The pleated appearance of a  $\beta$  antiparallel pleated sheet.

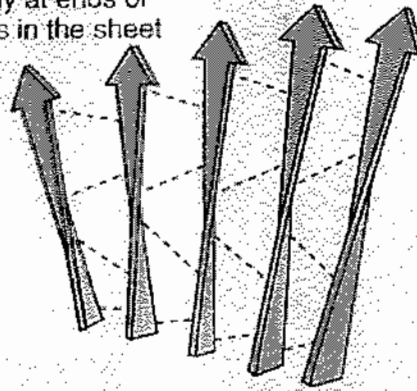




Flat rectangular sheet (all H bonds equal)



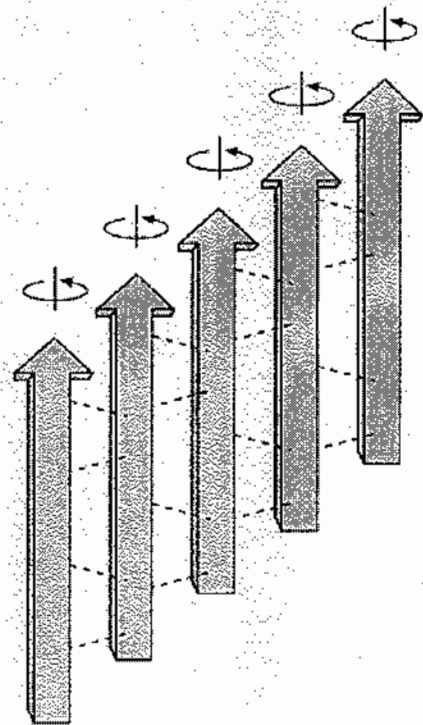
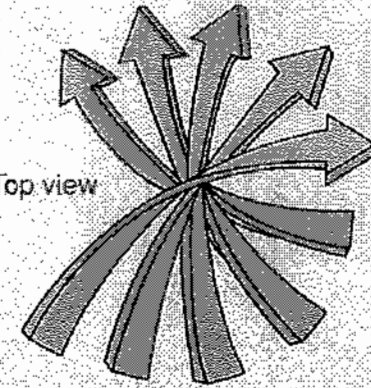
H bonds stretched equally at ends of chains in the sheet



Twisted sheet, saddle shape



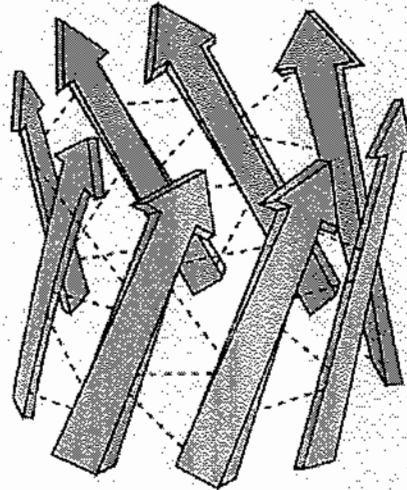
Top view



Flat staggered sheet



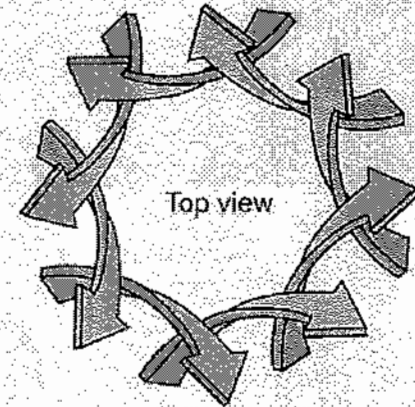
H bonds stretched equally at ends of cylinder



$\beta$  barrel

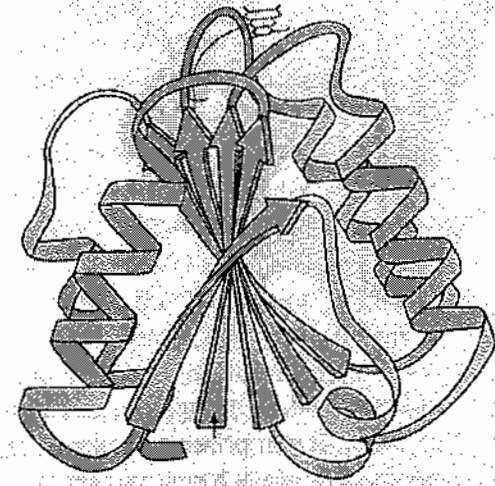
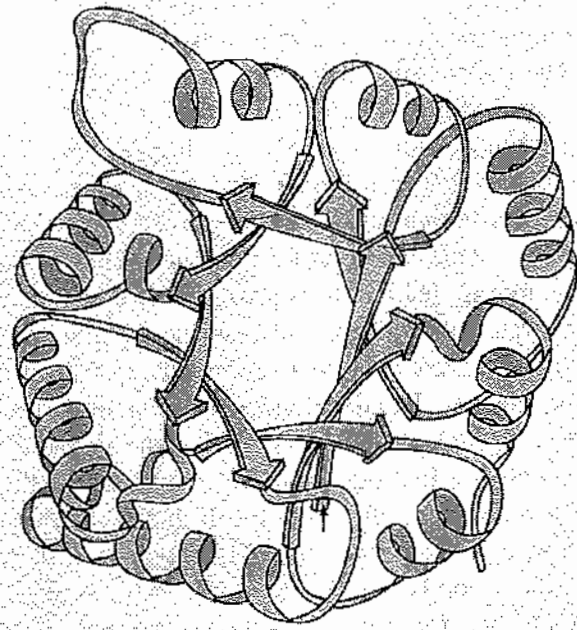


Top view



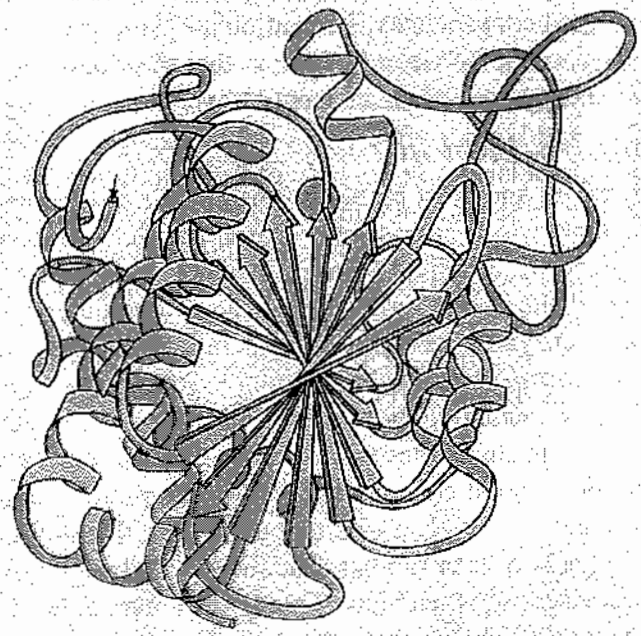
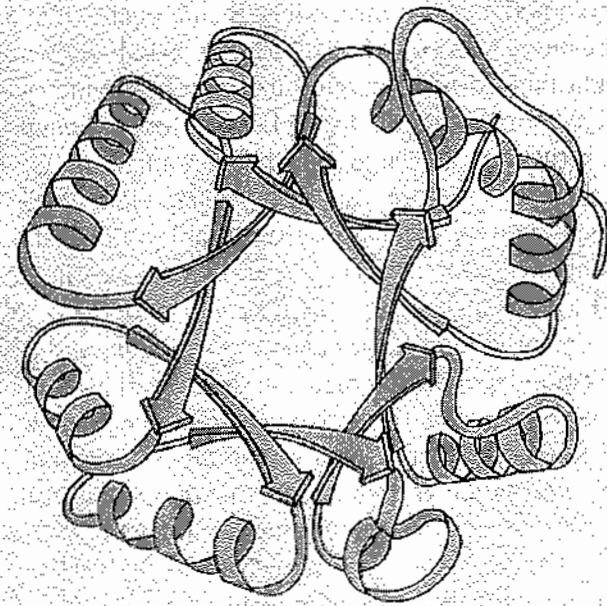
$\beta$ -BARREL SHAPE

JD E SHAPE



Triose phosphate isomerase

Flavodoxin

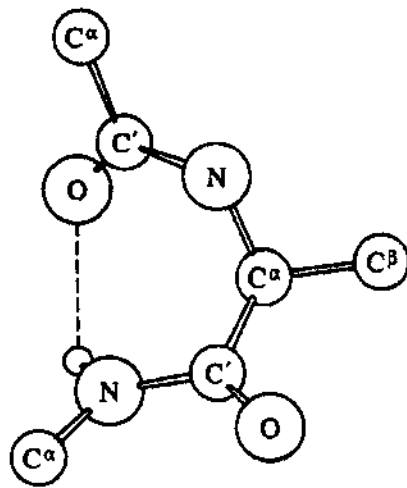
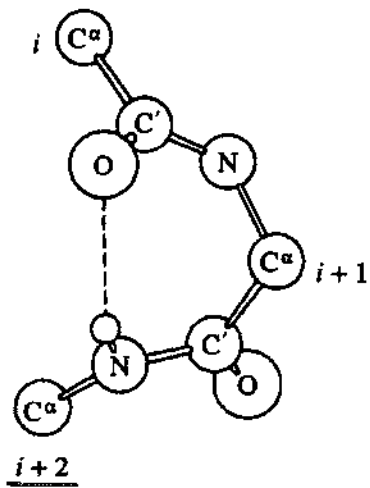


Pyruvate kinase domain 1  
(a)

Carboxypeptidase  
(b)

Classical  $\gamma$  turn

Inverse  $\gamma$  turn

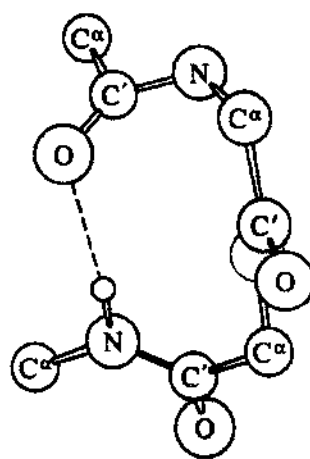
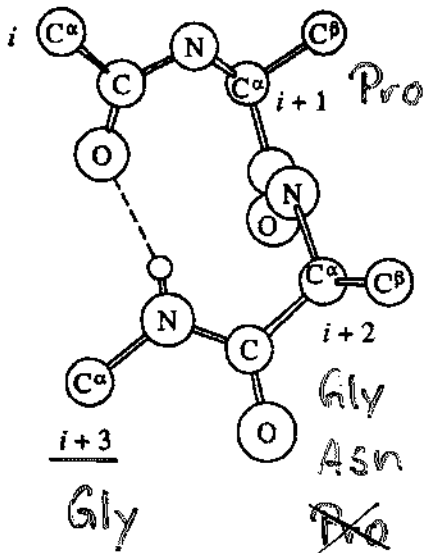


Asp, Asn  
Ser, Cys

$\beta$  Turns

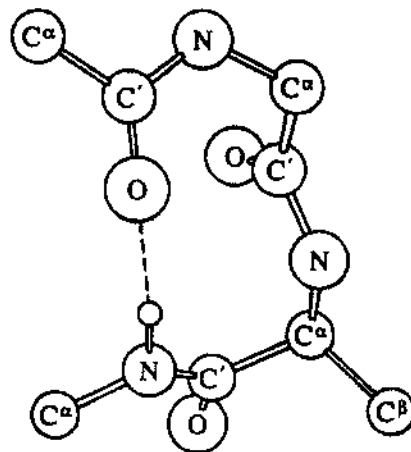
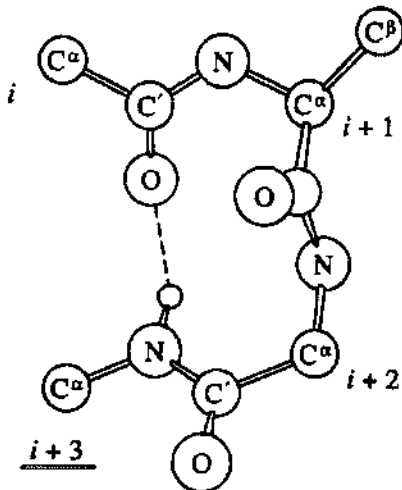
Type I

Type I'

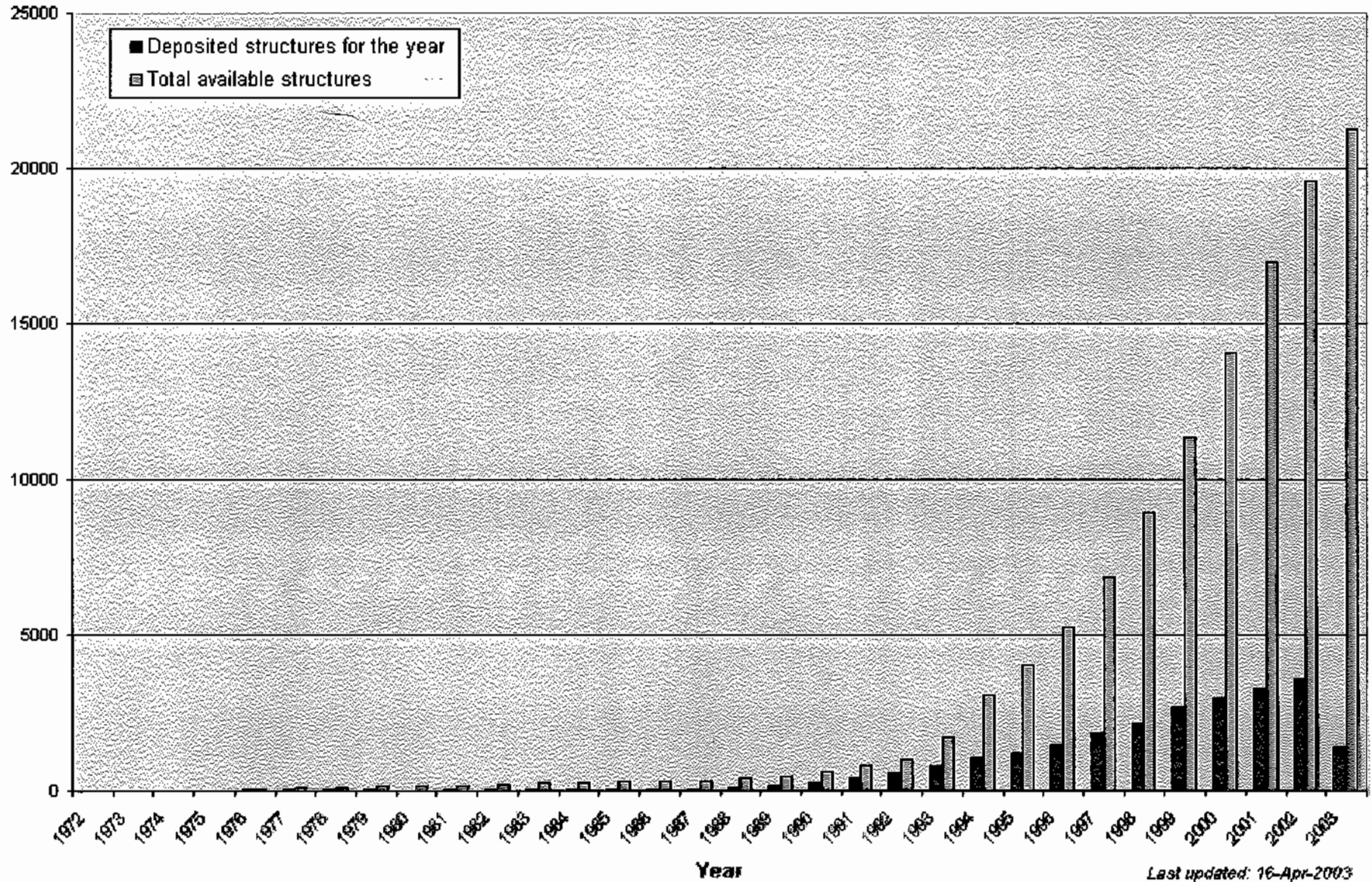


Type II

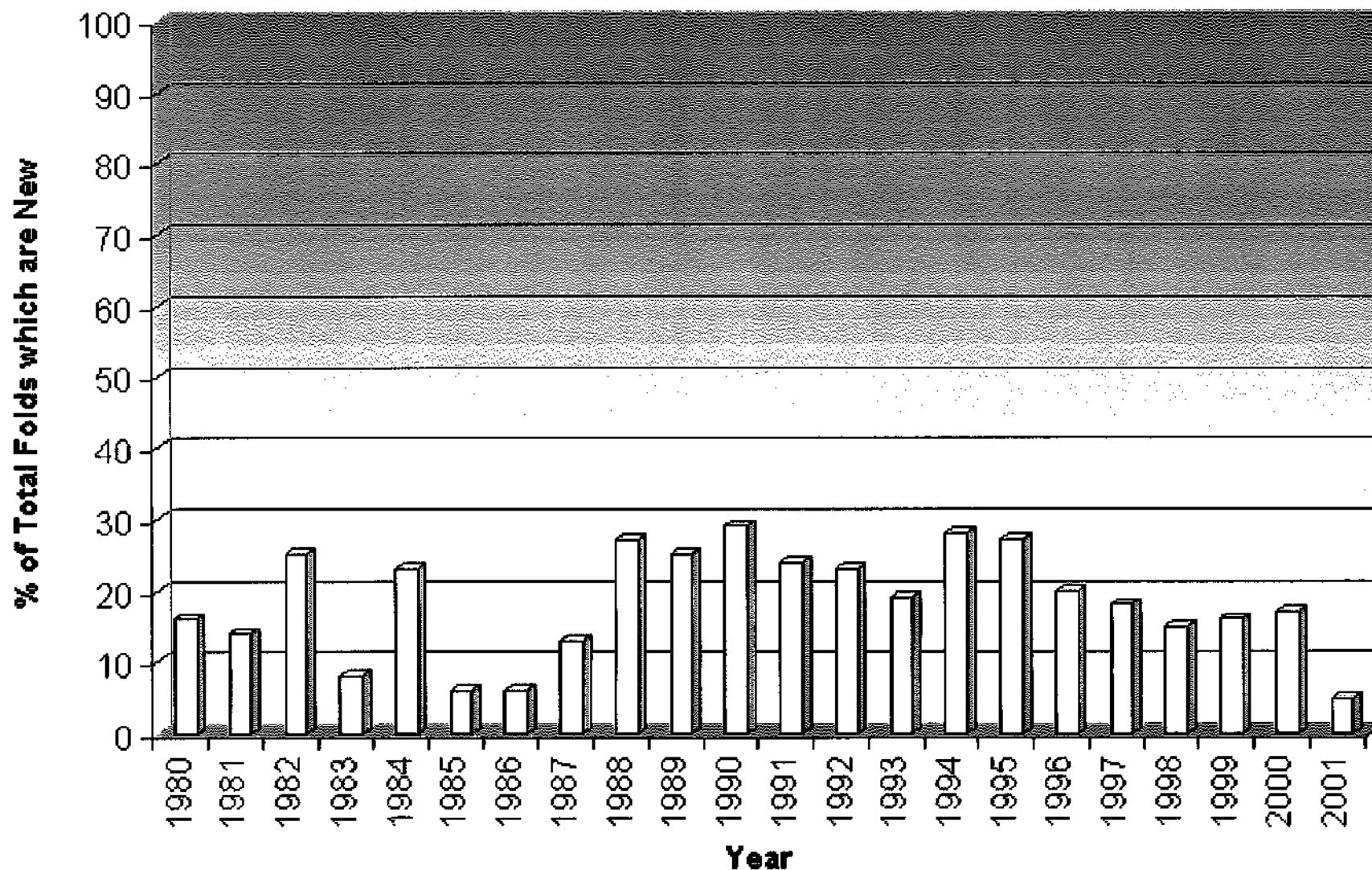
Type II'



# Protein Datenbank (PDB)



# Neue Strukturfamilien (PDB)



$\psi/\phi$  Verteilungen  
A, E, K, M, Q, R, L, F, Y, W

Karplus, Protein Science  
5 (1996) 1406-20

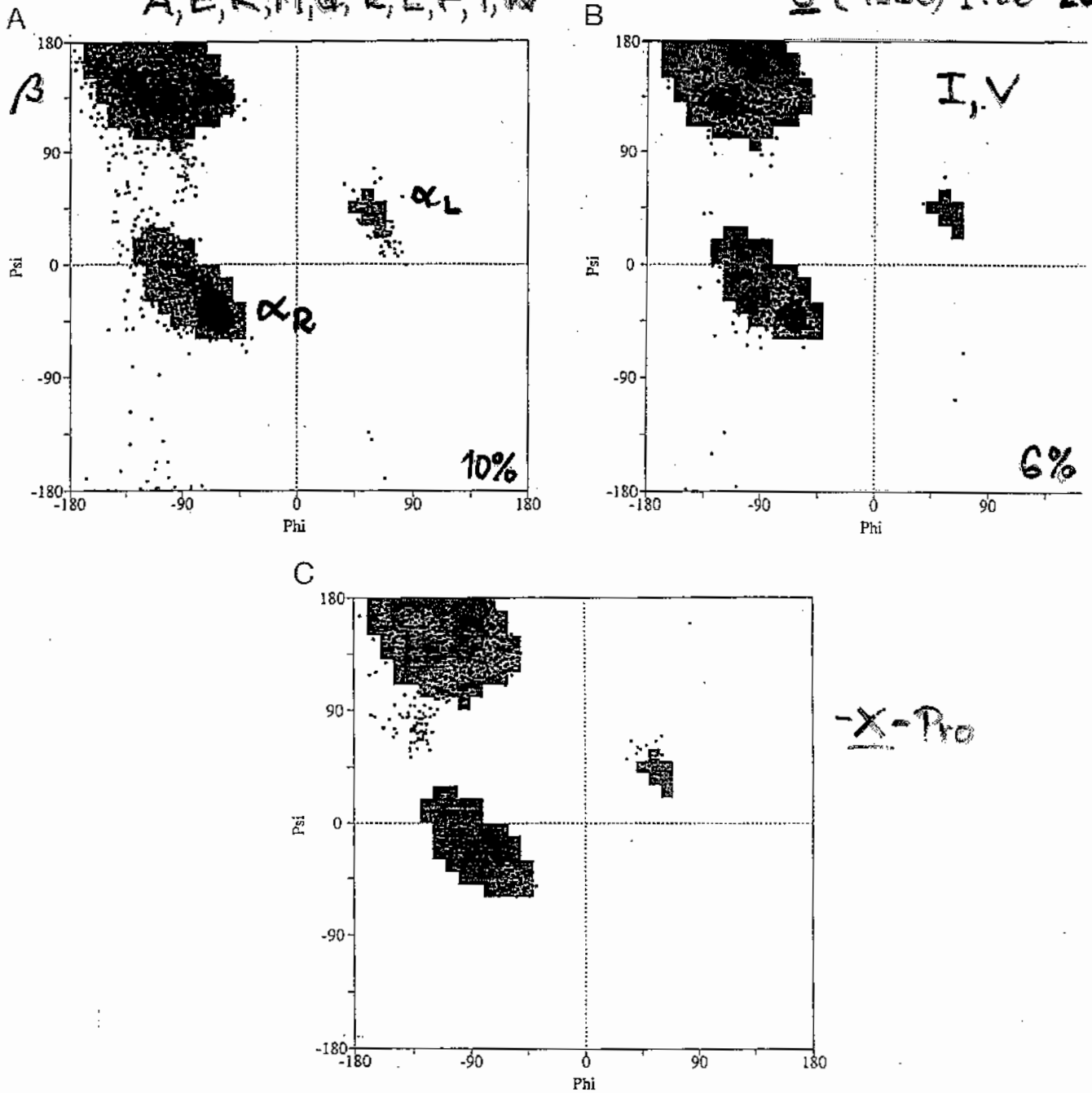


Fig. 3. Conformational distributions observed for selected residue types. A: The first 10 residue types from Table 1. Non-Pro residues with single  $\gamma$ -atoms, and not possibly involved in intradipeptide hydrogen bonding are grouped together here, although residues types within this group do have somewhat distinct distributions. B: The 1,303 Ile and Val ( $\beta$ -branched, non-hydrogen bonding residues). C: The 379 Xpr residues (non-Gly, non-Pro). D: The 410 Pro residues. E: The 866 Gly residues. For A-D, the background shading marks the most commonly observed ( $\geq 50$  observations) conformational pixels for all non-Gly, non-Pro residues in this database. This allows differences in the distributions to be recognized easily. The local geometry maps (Figs. 4, 5, 7, and 8) also highlight these same regions. For E, the background shading is centrosymmetric, marking the most commonly observed pixels for Gly residues after centrosymmetric duplication ( $\geq 6$  observations). Shaded regions include  $\sim 90\%$  of the general and Gly residues, respectively. (Continues on facing page.)

10590 Reste  
70 unabh. Proteine  
 $\leq 1.75\text{\AA}$

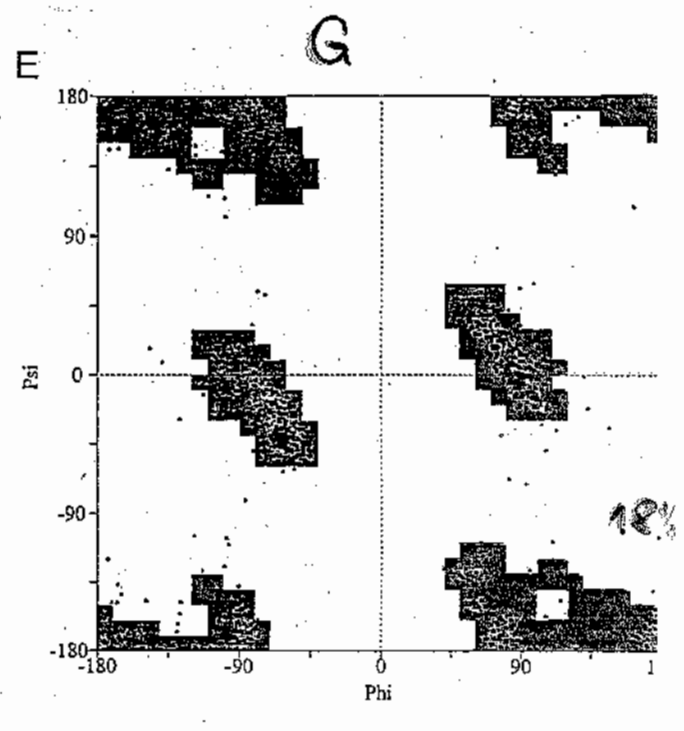
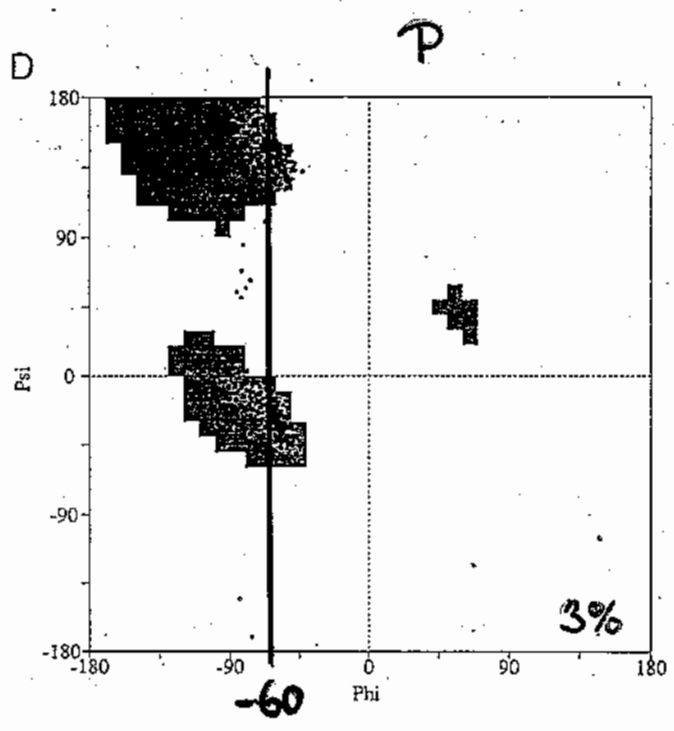
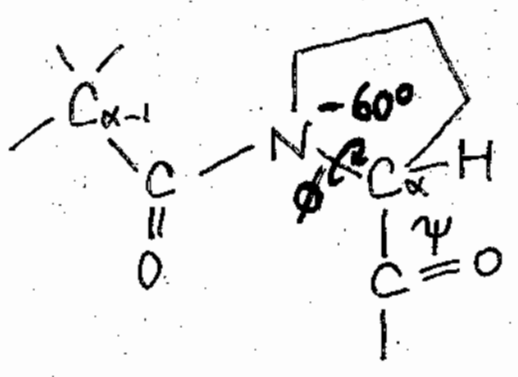
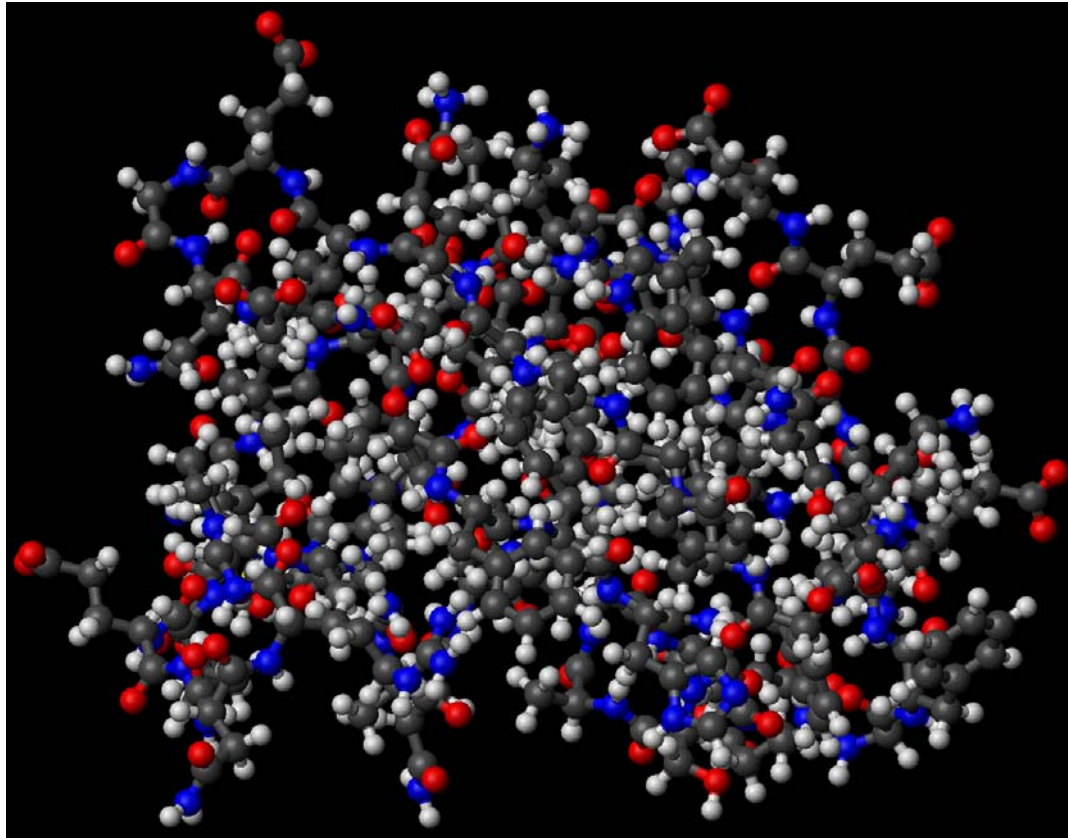


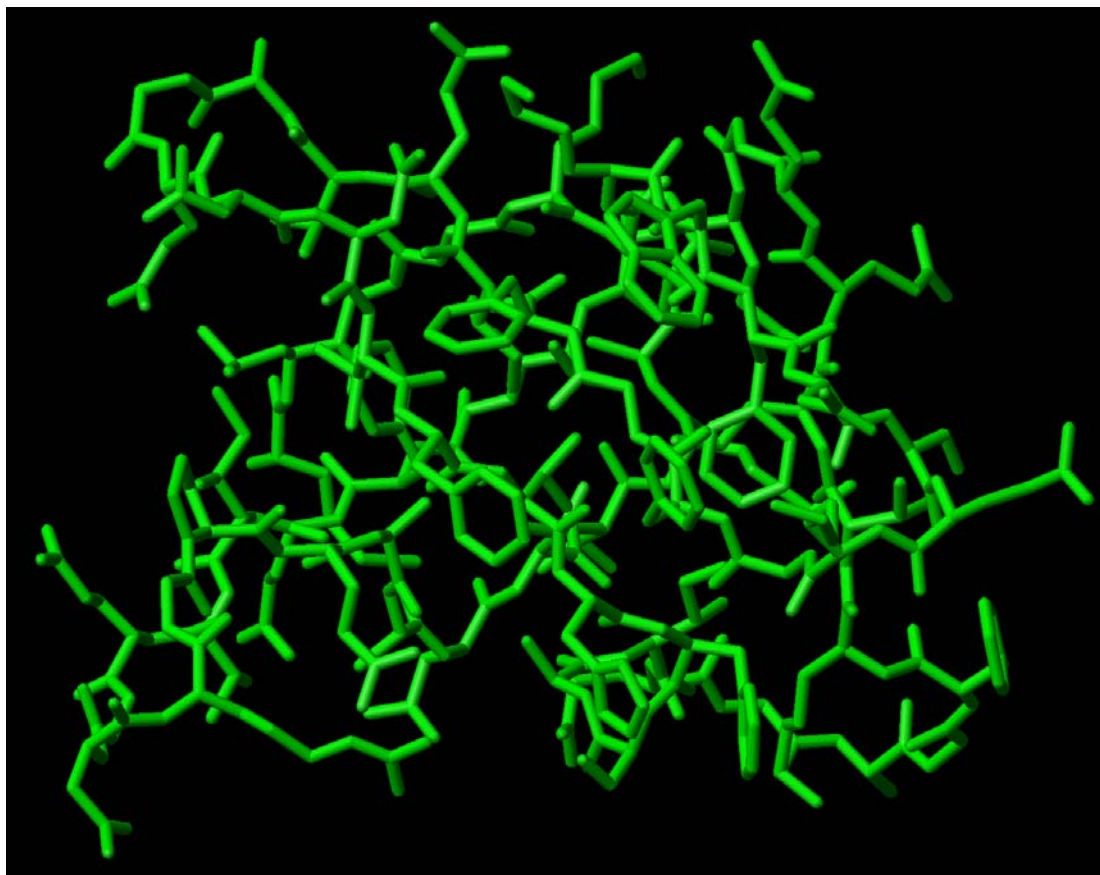
Fig. 3. Continued.

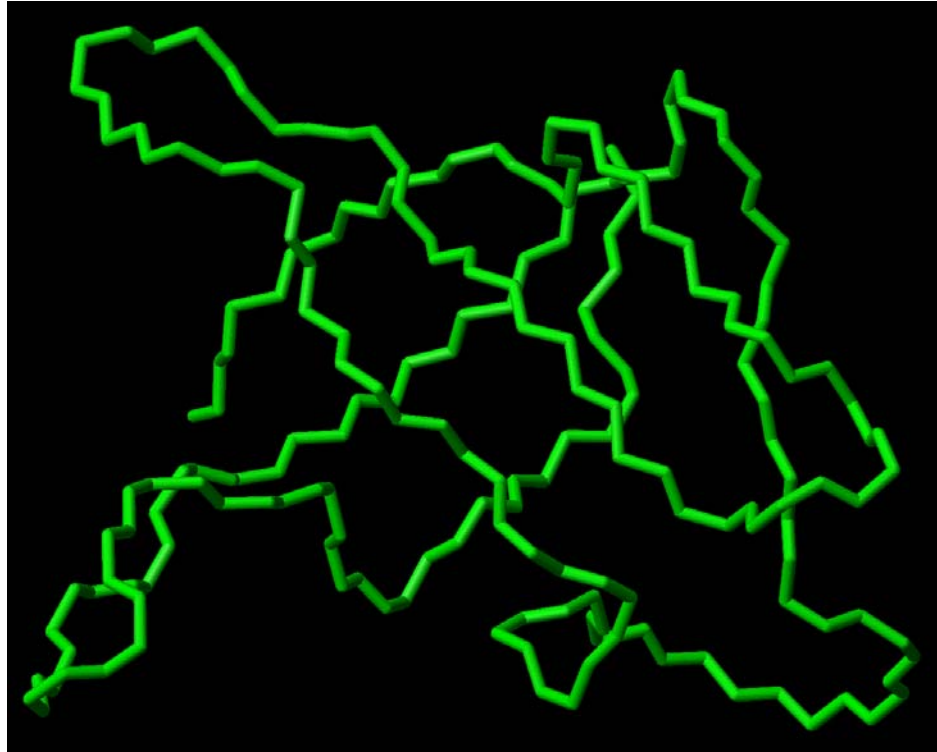
H-H



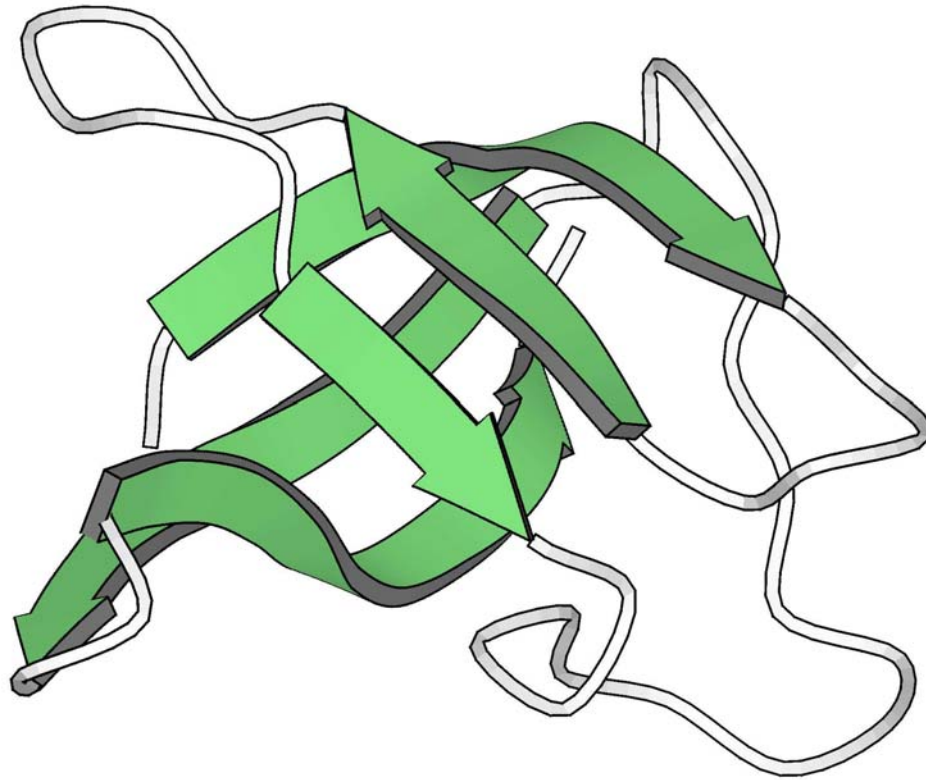


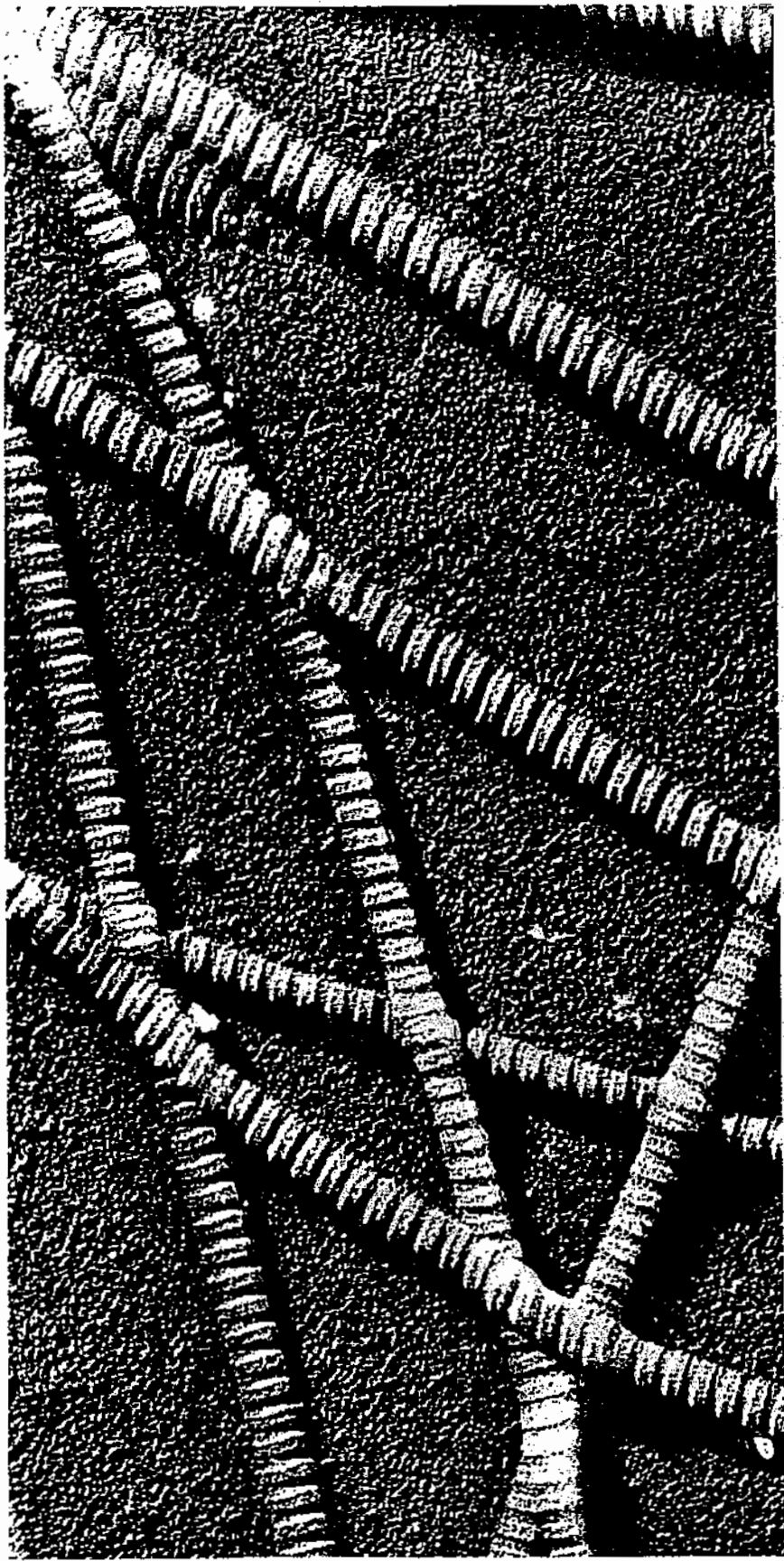
1020 Atome ( $C_{331}H_{499}N_{85}O_{104}S_1$ )  
Molekulargewicht: 7365 Aminosäuren: 67





Kälteschockprotein CspB aus  
*Bacillus subtilis*

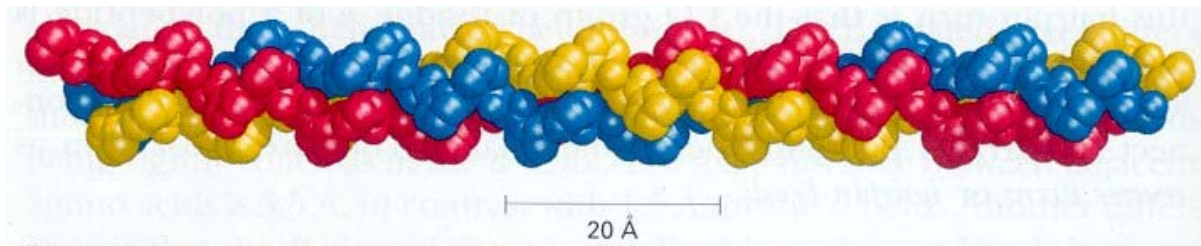
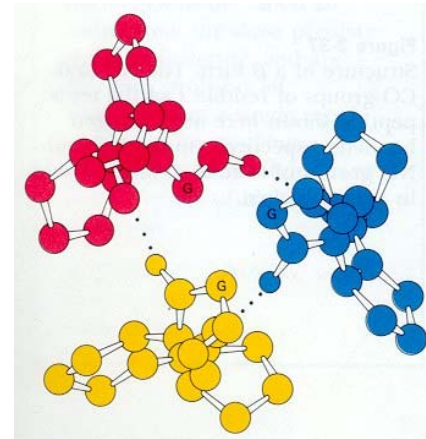
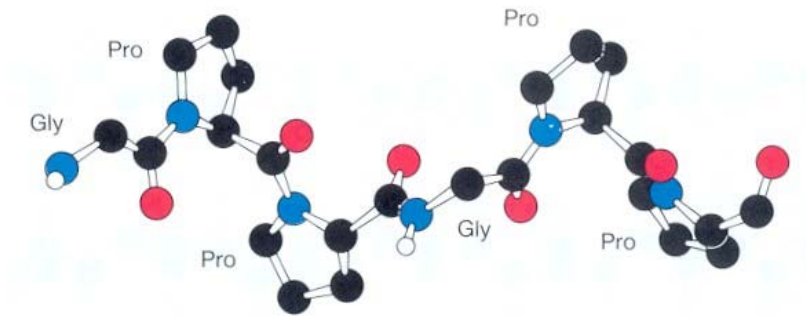




Kollagenfasern  
(Stryer, Kap. 11)  
blau

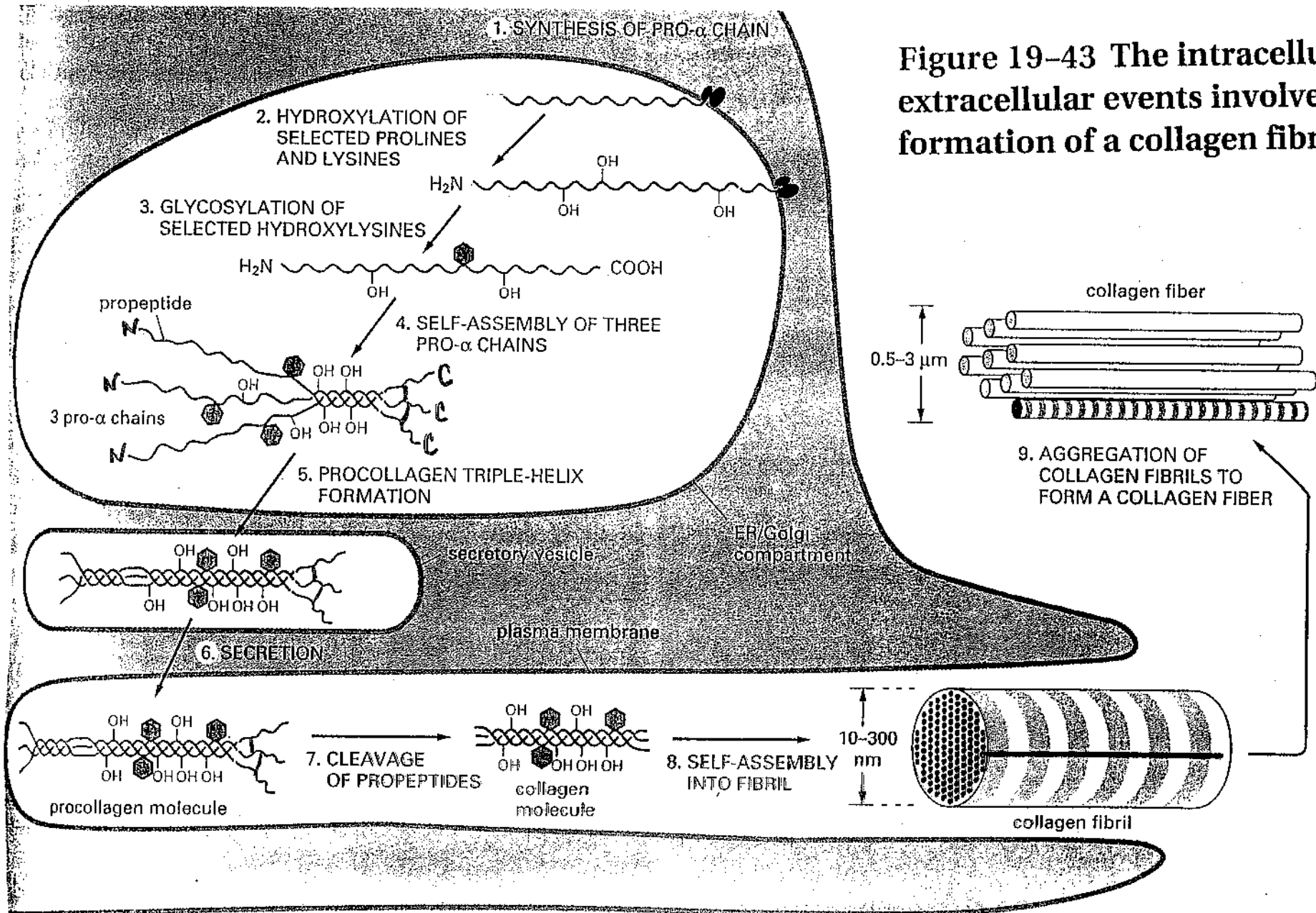
**Figure 11-1**  
Electron micrograph of intact collagen fibrils obtained from skin. The preparation was shadowed with chromium. The period along the fiber axis is 640 Å. [Courtesy of Dr. Jerome Gross.]

# Die Kollagen Tripelhelix



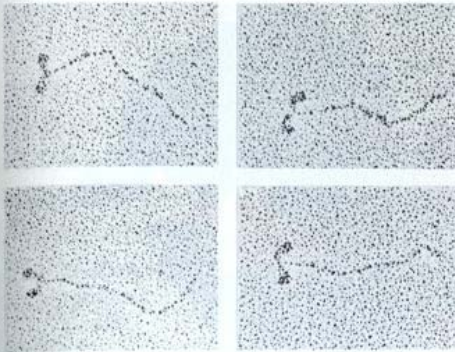
# Hydroxylierung von Kollagen

	Körpertemp (°C)	T <sub>M</sub> (°C)	Pro/Hyp (%)
Poly(PHypG)		58	50
Kalb	37	39	23
Hai	24-28	29	19
Kabeljau	10-14	16	16
Poly(PPG)		24	0

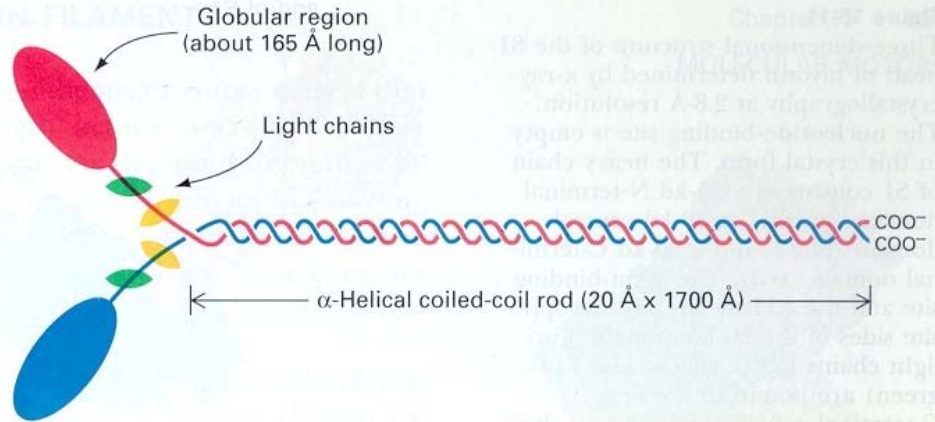


**Figure 19-43 The intracellular and extracellular events involved in the formation of a collagen fibril.**



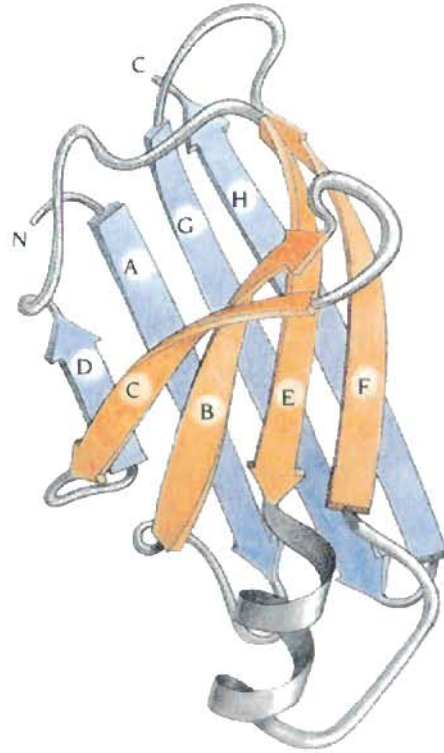


**Figure 15-8**  
 Electron micrographs of myosin molecules. [Courtesy of Dr. Paula Flicker, Dr. Theo Walliman, and Dr. Peter Vibert.]



**Figure 15-9**  
 Schematic diagram of a myosin molecule.

# globuläres Transthyretin

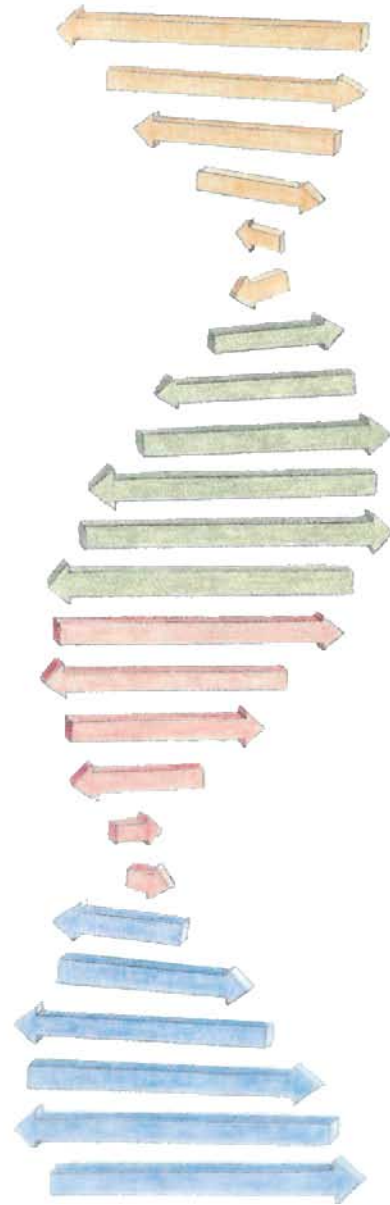


Punktmutation



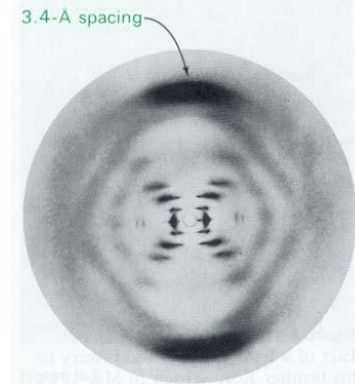
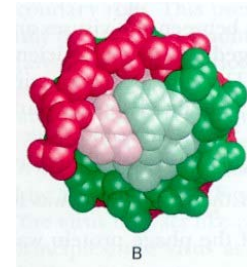
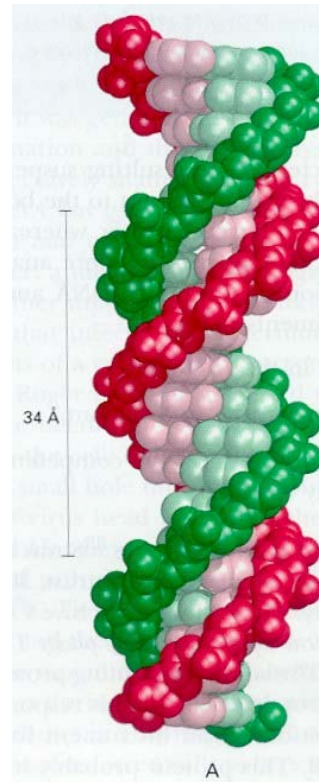
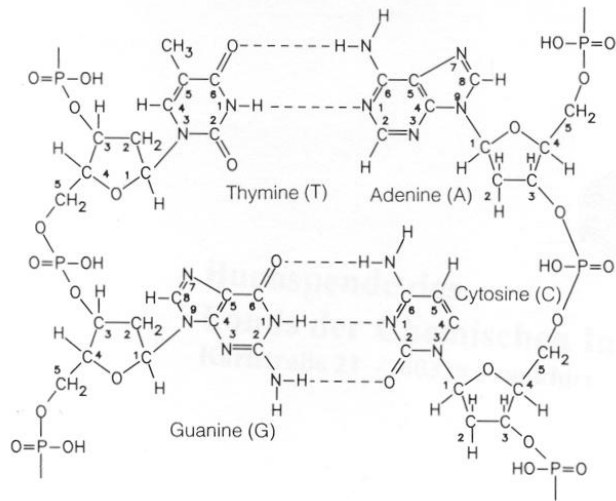
Val → Met

β-Helix



# Aufbau von Nukleinsäuren: DNA

## Base Pairing (Hydrogen Bonding) in Deoxyribonucleic Acid



**Figure 4-6**  
X-ray diffraction photograph of a hydrated DNA fiber. The central cross is diagnostic of a helical structure. The strong arcs on the meridian arise from the stack of base pairs, which are 3.4 Å apart. [Courtesy of Dr. Maurice Wilkins.]

# Aufbau von Nukleinsäuren: RNA

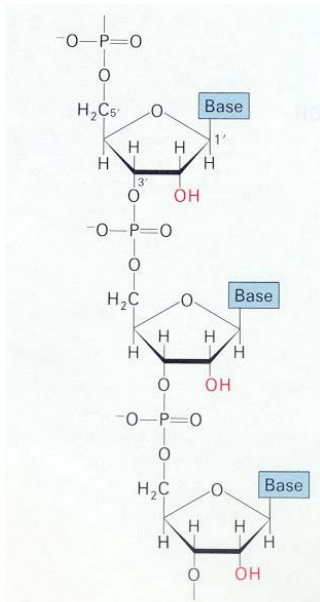
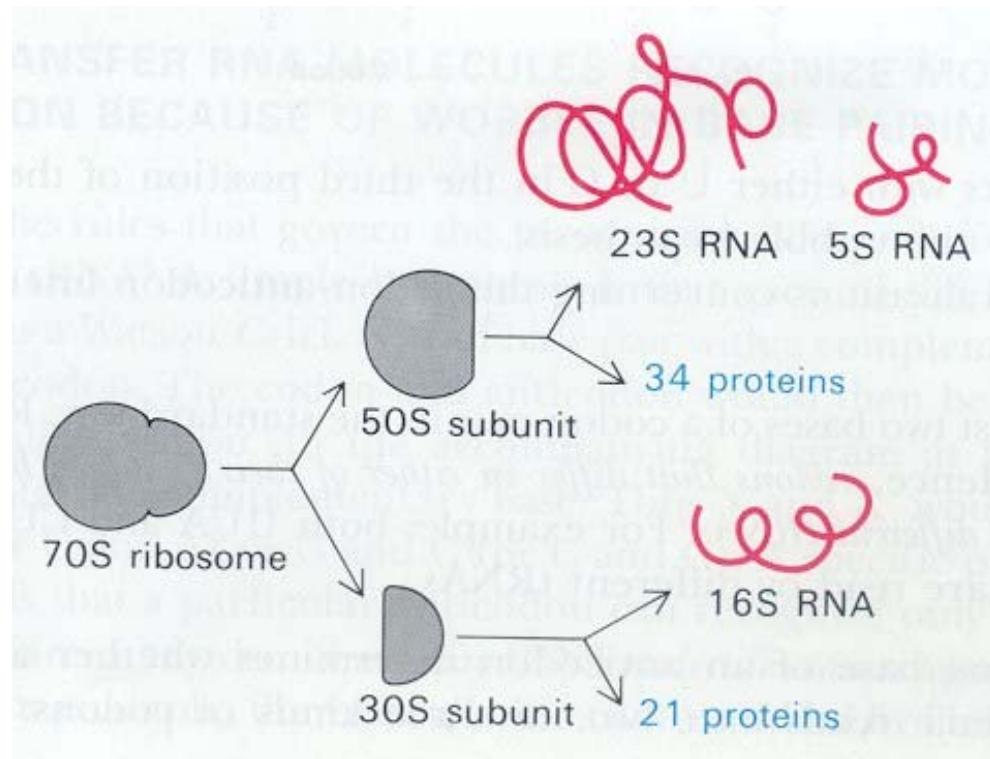
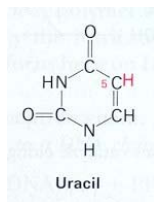


Figure 4-24  
Structure of part of an RNA chain.



## GENES

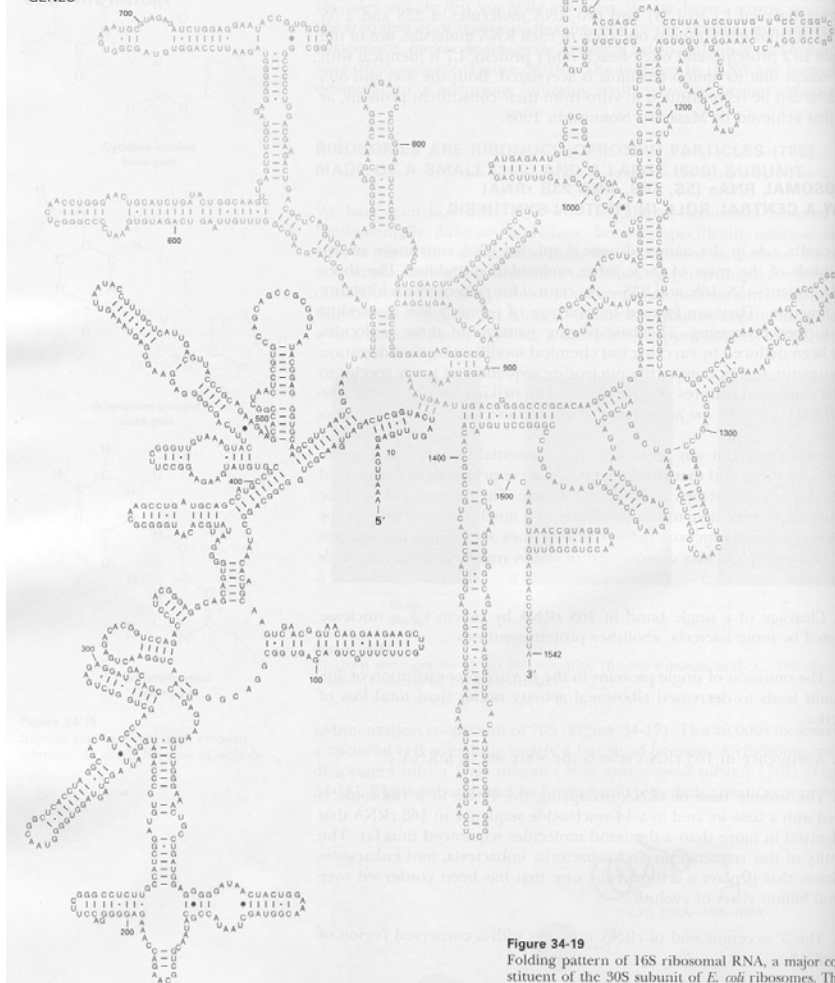
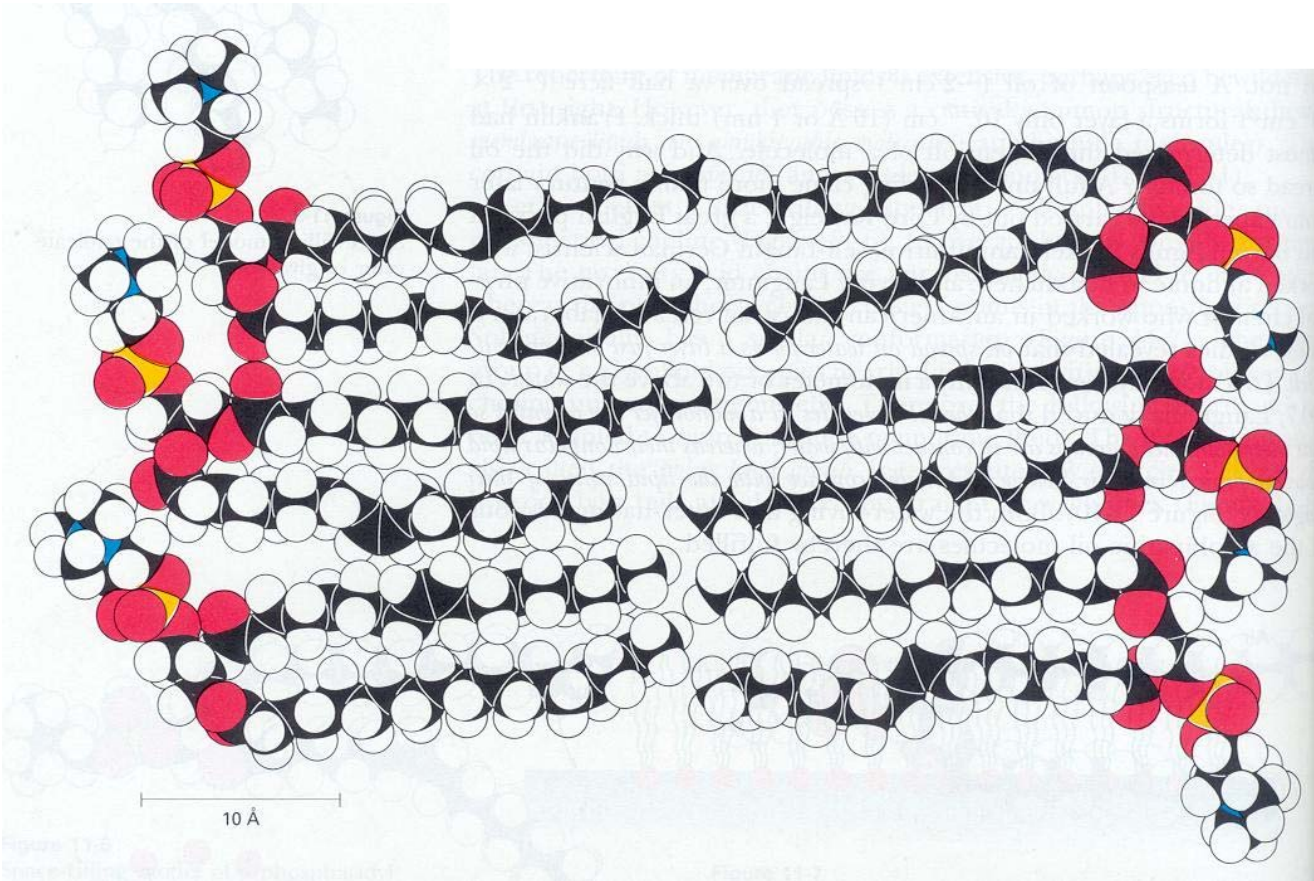


Figure 34-19

Folding pattern of 16S ribosomal RNA, a major constituent of the 30S subunit of *E. coli* ribosomes. This 1542-nucleotide molecule consists of a 5'-terminal domain (red), a central domain (green), and a 3'-terminal domain (blue). The high degree of conservation of this RNA makes it a choice document of evolutionary history. [Courtesy of Dr. Bryn Weiser and Dr. Harry Noller.]

# Aufbau von Membranen



# Aufbau von Membranen

