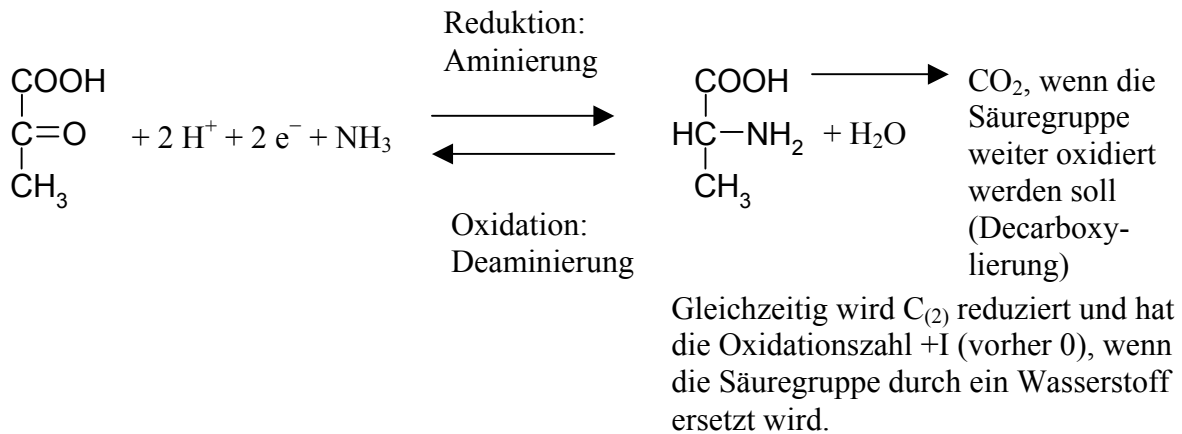


Stundenprotokoll vom Donnerstag, 19. Dezember 2002

Es fehlen: keine

Decarboxylierung: Abspaltung einer Säuregruppe (Carboxylgruppe, COOH).

Deaminierung: Abspaltung einer Aminogruppe (NH₂).



L und D Bestimmung bei Aminosäuren

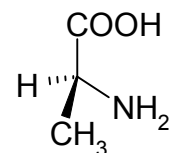
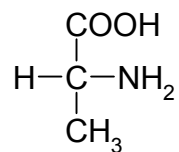
Man geht von der Säure- zur Aminogruppe. Wenn der Rest R auf linke Seite ist, dann handelt es sich um eine L-, sonst um eine D-Aminosäure. Das zentrale C-Atom muss beim Modell nach oben gucken.

In der Fischerprojektion zeigt die Säuregruppe nach oben, der Rest nach unten. Die Aminosäure wird dann dadurch bestimmt, auf welcher Seite sich die Aminogruppe befindet. Ist sie links, ist es eine L-Aminosäure.

S und R Bestimmung am Beispiel Alanin

Am zentralen Kohlenstoffatom sitzen ein Wasserstoff, eine Amino-, eine Säure und eine Methylgruppe. Um die absolute Konfiguration zu bestimmen, ordnet man die direkten Substituenten des Gewichts nach. Der Wasserstoff ist der leichteste Substituent. Der Stickstoff ist schwerer als ein Kohlenstoffatom. Da die beiden Kohlenstoffatome gleich schwer sind, zählt man jeweils die weiteren direkten Substituenten dazu. Bei der Säuregruppe befinden sich zwei Sauerstoffe am Kohlenstoffatom und bei der Methylgruppe drei Wasserstoffe. C + 2 · O ist dann schwerer als C + 3 · H.

Mit Hilfe eines Modells kann man sich folgende räumliche Verteilung veranschaulichen: Das H nach hinten, so guckt man auf die anderen drei Substituenten. Oben COOH, unten rechts NH₂ und unten links CH₃. Nun geht man vom leichtesten zum schwersten Substituent. Also von CH₃ über COOH nach NH₂ und geht damit rechtsherum, d.h. es ist die R-Konfiguration. Hier ist es Zufall, dass D-Alanin auch gleichzeitig R ist.



Zettel 1: „Absolute Konfiguration: Die R-S-Sequenzregeln“

Begriffe bei der Proteinstruktur

Primärstruktur:	Abfolge der einzelnen Aminosäuren
Sekundärstruktur:	Räumliche Anordnung eines Proteinteils: Helix, Faltblatt, ungeordnet
Tertiärstruktur:	Räumliche Anordnung der Sekundärstrukturen zum ganzen Protein
Quartärstruktur:	Viele Eiweiße zusammen.

Eine Disulfidbrücke stabilisiert die Tertiärstruktur.

Zettel 2: „Aminosäure-Kette“

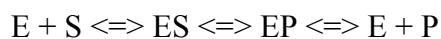
Eiweiße und Bindungen

- Kovalente Bindungen:
 - Peptidbindung (C–O, C–N, C–C, wobei alle 1,5-fach Bindungen sind: zusätzliche 1 Punkt über die Einfachbindung)
 - Esterbindung
 - C–C, C–N (1,5-fach Bindung), C=O, C–O
 - Disulfidbrücke
- Metallkomplexe:

$R-X \mid \cdots \cdots Me^{n+}$ (Wolle, Denaturierung vom Eiweiß durch Metallionen, Säure/Base-Behandlung oder Kochen)
- Ionenbindungen:

Salzbrücken (Ion/Ion-WW)
- Schwache WW:
 - Ion/Dipol (Salzlösung)
 - Dipol/Dipol (z.B. Wasserstoffbrücke)
 - Dipol/induzierte Dipol
 - Momentan/induzierter Dipol (London-Kräfte, bei Kohlenwasserstoffe oder bei der Erklärung, warum Jod ein Feststoff ist.)

Schema einer Enzymreaktion



E = Enzym, S = Substrat, P = Produkt

ES = Enzym-Substrat-Komplex

EP = Enzym-Produkt-Komplex

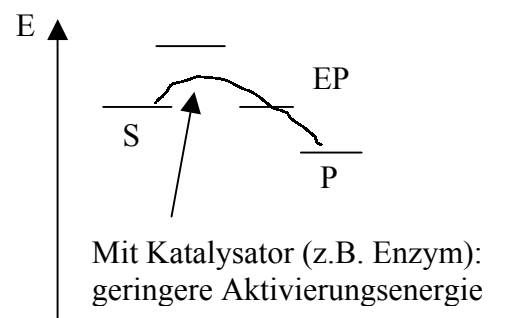
Eiweißspaltung:

Eiweiß + Wasser \rightarrow 2 Peptide

Zettel 3: „pH-Wert-Berechnung“

Fehler auf dem Zettel: beim Zwitterion muss stehen „so liegt die Aminosäure *in wässriger Lösung* vor“.

Ein Zwitterion ist wasserunlöslich, weil es nach außen ungeladen ist. Die negative Ladung an der Carboxylatgruppe hebt sich mit der positiven Ladung an der Ammoniumgruppe auf. Bei einem Kation oder Anion ist eine Ladung vorhanden und ist damit wasserlöslich.



Puffer

Glutaminsäure in Säure lädt sich positiv auf, weil viele H^+ in der Lösung vorhanden sind, so dass beide Säuregruppen protoniert sind und zusätzlich die Aminogruppe zur Ammoniumgruppe wird. Sie hat drei Gruppen, die Protonen spenden kann und gleicht damit einer dreiprotonigen Säure.

Im Buch S. 125 mehr zu Puffer. Ein Puffer liegt vor, wenn pK_s -Wert = pH-Wert. Zwei Stoffe liegen dann im Gleichgewicht vor. Genau in der Mitte, zwischen zwei pK_s -Werte liegt 100% von einem Stoff vor. Bei den pK_s -Werten, bei den Pufferpunkt ist ein Gleichgewicht zwischen zwei Stoffen im Verhältnis 50:50 vorhanden.

Der K_s -Wert sagt über Stärke der Säure aus.

Mit der Puffergleichung müssen wir nicht unbedingt rechnen können, aber erklären können, warum ein Puffer bei $pH = pK_s$ vorliegt. Das Massenwirkungsgesetz kommt dran.

Enzyme

Biochemie S.51, S.54

Reaktionsgeschwindigkeit bei Enzyme hängt unter anderem von den Konzentrationen des Substrats und des Produkts ab. Wenn die Konzentration des Produktes gering und die vom Substrat hoch ist, dann ist auch die Reaktionsgeschwindigkeit v hoch. Erhöht man die Konzentration der Enzyme, so wird auch die Reaktionsgeschwindigkeit zunehmen, da mehr Substrat im gleichen Zeitraum umgesetzt werden können.

Farbstoffe

(Zur Klausur)

Aromaten, Homocyclisch, Heterocyclisch, , Funktionelle Gruppen, Farbstoffgruppen und ihre Erkennung, HOMO, LUMO, Absorption, Säure/Base, Redox, Auxochrom und Antiauxochrom, Grenzstrukturen, Fotometer (Konzentration, Extinktion, auch hier Gleichgewichtsgleichung, Konzentrationsgleichung), Lebensmittelzusatzstoff (ganz grob) und ihre Bedeutung, Gift- und Hemmstoffe, Enzyme.

Cassy