

Sequenzierung von Proteinen

- Massenspektrometrie nach einem Protein-Verdau
- cDNA
- Edman-Abbau der Protein-Sequenz

3D Strukturklärung

- Röntgenkristallographie (Größe des Proteins unbegrenzt)
- NMR-Spektroskopie ($M_w < 200 \text{ kDa}$)

Myoglobin

- Sauerstoffspeicher 153 AS 8 Helices
- Holo protein = Apoprotein + Kofaktor

Propyruinring

- Fe^{2+} in der Mitte
- 25 000 mal höhere Affinität für CO

allosterische Konformationsänderung

- Enzymmechanismen
- Strukturänderung an anderer Stelle als Reaktion

Inter-allosterische K.

- 1,3 Bisphtosphoglycerat
- auch in Abhängigkeit des pH-Wertes derung \Rightarrow Bohr Effekt

Allosterische Regulation von Hämoglobin

- ① Tetramerenbildung, O_2 -Bindung
- ② 2,3-BPG (stabilisiert Deoxy-Form)
- ③ Bohr-Effekt (niedriger pH stabilisiert Deoxy-Form)
- ④ $\text{CO}_2 + \text{H}_2\text{O} \rightleftharpoons \text{HCO}_3^- + \text{H}^+$ ($-\text{NH}_2 + \text{CO}_2 \rightleftharpoons -\text{NHCOO}^- + \text{H}^+$)

⑤ NO

Stoffwechselkrankheiten

• Mutationen:

⇒ Hämoglobin (kann kein Sauerstoff binden)

⇒ Sichelzellenanämie (Glu → Val)

Polymerisation, lange Phasen

aber Schutz vor Malaria