

## Übung 1

1. Warum haben Proteine im Unterschied zu DNA komplizierte und vielfältige dreidimensionale Strukturen?
2. a) Angenommen, alle Aminosäuren kommen gleich häufig und gleichmässig verteilt in Proteinen vor. Wieviel Prozent Sequenzidentität (gleiche Aminosäuren an entsprechenden Stellen in der Sequenz) erwartet man für zwei gleich lange, nicht homologe Proteine?

b) In Wirklichkeit sind die Häufigkeiten unterschiedlich:

A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V
8.3	5.7	4.4	5.3	1.7	4.0	6.2	7.2	2.2	5.2	9.0	5.7	2.4	3.9	5.1	6.9	5.8	1.3	3.2	6.6

Wieviel Prozent Sequenzidentität erwartet man aufgrund dieser Häufigkeiten für zwei gleich lange, nicht homologe Proteine?

3. Was kann man sagen über die dreidimensionale Struktur zweier Proteine mit folgenden Aminosäuresequenzen:  
RPDFCLEPPYTGPCKARIIRYFYNAKAGLCQTFVYGGCRAKRNNFKSAEDCMRTCGGA  
AAKYCKLPLRIGPCKRKIPSFYKWKAKQCLPFDYSGCGGNANRFKTIIECRRTC VG
4. An welchem Ende einer  $\alpha$ -Helix binden Phosphationen bevorzugt?
5. Entwerfen Sie die Aminosäuresequenz einer amphipathischen Helix! (Hinweis: Helixrad)
6. An welchen Positionen tritt Gly in Typ I, I', II, II' Turns bevorzugt auf? (Hinweis: Ramachandranplot)
7. Welche Verbindungsvarianten zwischen vier antiparallelen  $\beta$ -Strängen sind möglich? Zu welcher der drei Topologie-Familien für antiparallele  $\beta$ -Faltblätter gehören sie? Wieviele sind theoretisch möglich und welche sollten in der Natur häufiger auftreten? Wieso könnte es zu dieser Häufung kommen?
8. Die beiden Figuren zeigen die dreidimensionale Struktur und die Sekundärstrukturtopologie des Proteins Tyrosyl-tRNA-Synthetase. Wo vermuten Sie das aktive Zentrum des Enzyms?

