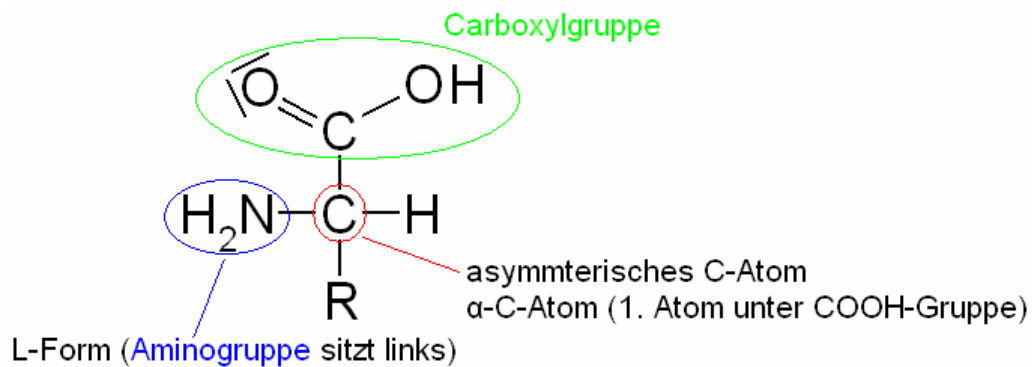


Aminosäuren



Aminosäuren nennt man die Carbonsäuren, in denen ein oder mehrere Wasserstoffatome des Alkylrests durch eine Aminogruppe ersetzt sind.

1. Experiment:

Etwas Glycin wird in einem Reagenzglas mit Wasser angefeuchtet, mit 3 Plätzchen Natriumhydroxid versetzt und erhitzt. Über die Reagenzglasöffnung hält man Indikatorpapier.

Beobachtung:

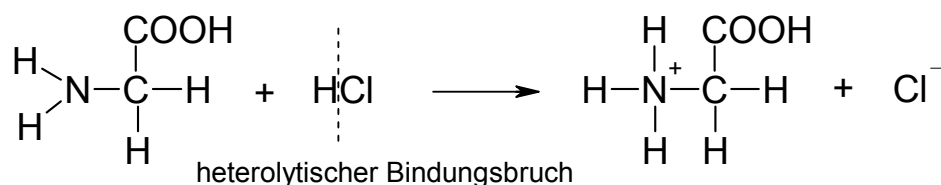
Das Reagenzglas erhitzt sich bereits bevor mit dem Bunsenbrenner gearbeitet wird. Beim Erhitzen der Lösung bildet sich ein Gas, das den Indikatorstreifen blau färbt.

→ Die Stoffe Glycin und Natriumhydroxid reagieren unter Bildung eines alkalischen Gases.

2. Experiment:

Man stellt eine Lösung von Salzsäure und Glycin (je $0,1 \text{ mol}\cdot\ell^{-1}$) her. 20 ml davon werden mit Natronlauge ($c = 0,1 \text{ mol}\cdot\ell^{-1}$) titriert, indem man anfangs jeweils 1 ml und später jeweils 0,5 ml hinzutropft.

Reaktion von Glycin mit Salzsäure:

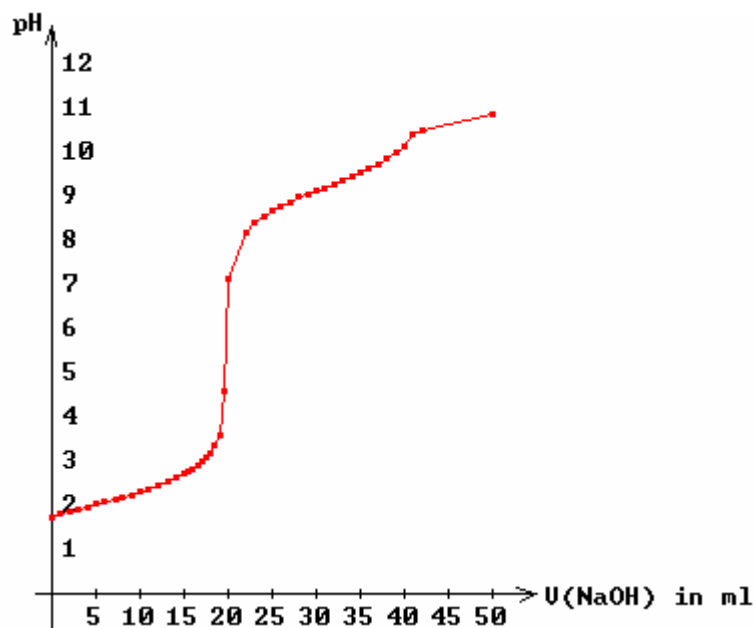


→ Das Chloridion ist in der Lösung beweglich.

Titrationstabelle:

V(NaOH) in ml	pH-Wert	V(NaOH) in ml	pH-Wert
0	1,75	19,5	4,57
1	1,8	20	7,14
2	1,85	22	8,2
3	1,9	23	8,4
4	1,97	24	8,54
5	2,03	25	8,68
6	2,08	26	8,78
7,3	2,15	27	8,87
8	2,2	28	8,98
9	2,25	29	9,03
10	2,31	30	9,13
11	2,38	31	9,2
12,1	2,45	32	9,28
13,1	2,55	33	9,36
14	2,62	34	9,44
15	2,71	35	9,53
15,5	2,78	36	9,62
16	2,83	37	9,71
16,5	2,9	38	9,85
17	2,98	39	10
17,5	3,09	40	10,15
18	3,2	41	10,4
18,5	3,35	42	10,5
19	3,6	50	11,1

Titrationsskurve:



Auswertung der Titrationskurve

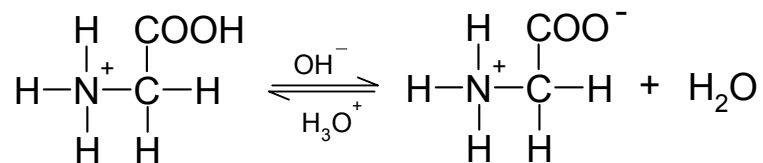
$$\begin{aligned}V(\text{Aminosäure}) &= 20 \text{ ml} \\c(\text{Aminosäure}) &= 0,1 \text{ mol}\cdot\ell^{-1} \\c(\text{NaOH}) &= 0,1 \text{ mol}\cdot\ell^{-1}\end{aligned}$$

Die Auswertung von Titrationskurven erfolgt vor allem mit der Henderson-Hasselbalch-Gleichung (HHG):

$$\text{pH} = \text{pK}_s + \lg\left(\frac{c(\text{A}^-)}{c(\text{AH})}\right)$$

→ Diese Gleichung gilt allerdings nur für Werte, an denen keine der beiden Konzentrationen Null ist, weil der Logarithmus von 0 zur Basis 10 nicht definiert ist.

Der Beginn der Titration sieht wie folgt aus: Die positiv geladene Aminosäure gibt das Wasserstoffatom der Carboxylgruppe ab, so dass sowohl eine positive als auch eine negative Teilladung innerhalb des Moleküls vorliegt. Da das Molekül nach außen hin neutral ist, wird es Zwitterion genannt:



Nach Zugabe von 10 ml Natronlauge liegen das positiv geladene Molekül (AS^+) und das Zwitterion ($\text{AS}^{+/-}$) in gleichen Mengen vor. Mit der HHG heißt das:

$$\text{pH} = \text{pK}_s + \lg\left(\frac{50\%}{50\%}\right)$$

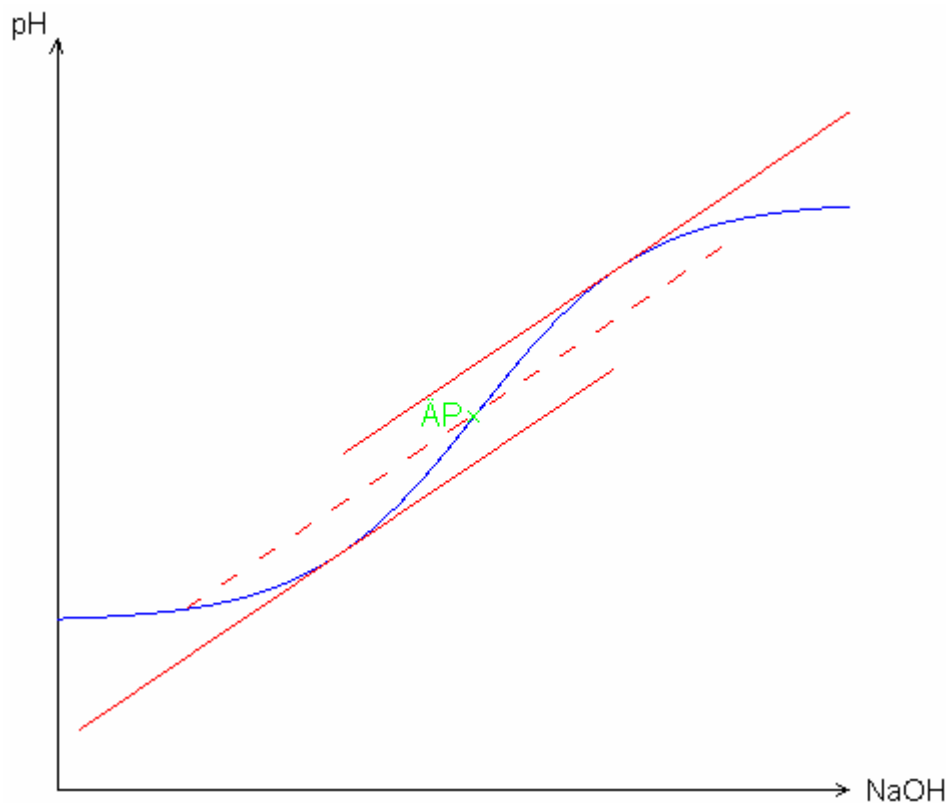
$$\text{pH} = \text{pK}_s + \lg(1)$$

$$\text{pH} = \text{pK}_s \rightarrow \text{HÄP}_1$$

Da der erste pK_s -Wert bei 2,35 liegt, ist nun auch der pH-Wert am HÄP_1 (Halbäquivalenzpunkt) bestimmt.

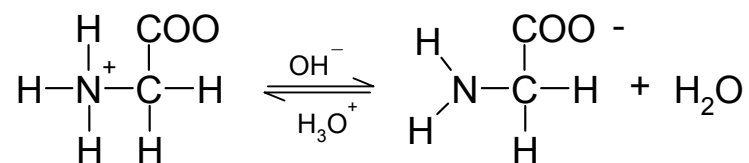
Nach Zugabe von 20 ml NaOH liegt das Zwitterion zu 100 % vor, es ist also ein Äquivalenzpunkt erreicht. Dieser kann durch Messungen (z.B. Tabelle) oder graphisch bestimmt werden.

Graphische Bestimmung des ÄP an einer beliebigen Titrationskurve:



Die beiden durchgezogenen Geraden sind Tangenten gleicher Steigung und die gestrichelte Gerade, die durch den ÄP geht, wird so gesetzt, dass sie von beiden Tangenten gleich weit entfernt ist.

Nach Zugabe von 30 ml NaOH liegt wiederum ein Gleichgewicht vor, diesmal wird das Wasserstoffatom der Aminogruppe abgegeben:



Mit der HHG heißt das:

$$\text{pH} = \text{pK}_s + \lg\left(\frac{50\%}{50\%}\right)$$

$$\text{pH} = \text{pK}_s + \lg(1)$$

$$\text{pH} = \text{pK}_s \rightarrow \text{HÄP}_2$$

Der zweite pK_s -Wert liegt bei 9,78. Der pH-Wert am HÄP_2 ist somit 9,78.

→ Am Äquivalenzpunkt 1, an dem das Zwitterion zu 100 % vorliegt, ist die Lösung nach außen hin neutral. Dieser Zustand wird mit „isoelektrischer Punkt“, (IEP) bezeichnet.

isoelektrischer Punkt:

Der pH-Wert bei dem das Zwitterion zu 100 % vorliegt heißt isoelektrischer Punkt. Beide Gruppen haben entgegengesetzte Ladungen in gleicher Menge. Er wird im Allgemeinen nach folgender Formel berechnet:

$$\text{pH(IEP)} = \frac{\text{pK}_{s1} + \text{pK}_{s2}}{2}$$

Beispiel: Leucin ($\text{pK}_{s1} = 2,36$, $\text{pK}_{s2} = 9,60$)

$$\text{pH(IEP)} = \frac{\text{pK}_{s1} + \text{pK}_{s2}}{2} = \frac{2,36 + 9,60}{2} = 5,98$$

Beispiel: Asparaginsäure ($\text{pK}_{s1} = 1,88$, $\text{pK}_{s2} = 9,60$, $\text{pK}_{sR} = 3,60$)

Bei sauren Aminosäuren wird der Wert ausgeschlossen, der im basischen Milieu liegt:

$$\text{pH(IEP)} = \frac{\text{pK}_{s1} + \text{pK}_{sR}}{2} = \frac{1,88 + 3,60}{2} = 2,74$$

Beispiel: Lysin ($\text{pK}_{s1} = 2,18$, $\text{pK}_{s2} = 8,95$, $\text{pK}_{sR} = 10,53$)

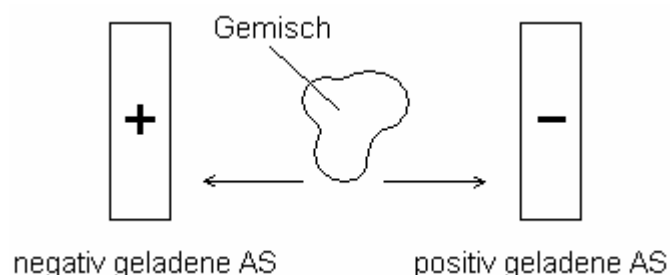
Bei alkalischen Aminosäuren wird der Wert ausgeschlossen, der im sauren Milieu liegt:

$$\text{pH(IEP)} = \frac{\text{pK}_{s2} + \text{pK}_{sR}}{2} = \frac{8,95 + 10,53}{2} = 9,75$$

→ Bei sauren bzw. alkalischen Aminosäuren wird der Wert ausgeschlossen, der im entgegengesetzten Milieu liegt, weil der IEP stets im selben Milieu liegt wie die AS.

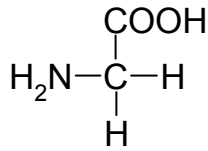
Bedeutung des IEP:

Der IEP spielt zum Beispiel bei der Trennung von Aminosäuren eine wichtige Rolle. Ein Gemisch mit einem bestimmten pH-Wert wird in ein elektrisches Feld gebracht. Das der IEP bei jeder Aminosäure woanders liegt, treten AS mit verschiedenen Ladungen auf. AS mit gleichen Ladungen wandern zum selben Pol, Zwitterionen werden dabei nicht beeinflusst. Dieses Trennverfahren wird Elektrophorese genannt.

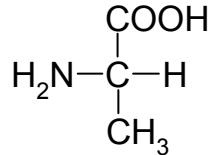


Einige Aminosäuren

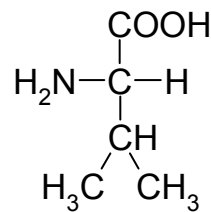
1. Neutrale Aminosäuren mit Kohlenwasserstoffrest R:



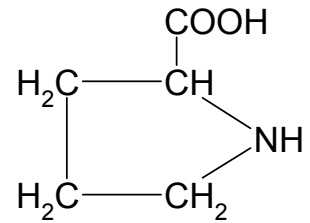
Glycin (Gly)
IEP = 6,0



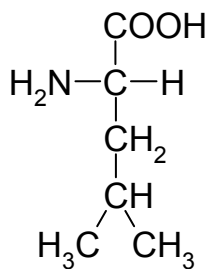
Alanin (Ala)
IEP = 6,1



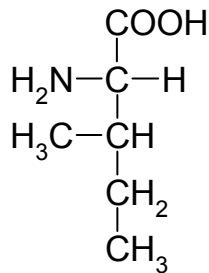
Valin (Val)
IEP = 6,0



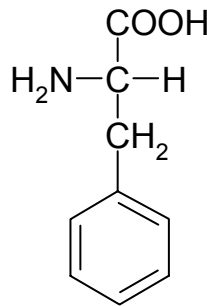
Prolin (Pro)
IEP = 6,3



Leucin (Leu)
IEP = 6,0

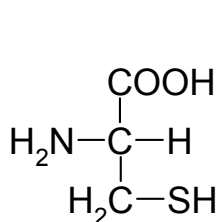


Isoleucin (Ile)
IEP = 6,0

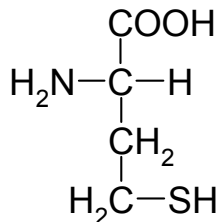


Phenylalanin (Phe)
IEP = 5,5

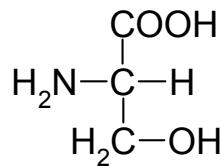
2. Neutrale Aminosäuren mit O-, S-, N-Atomen im Rest:



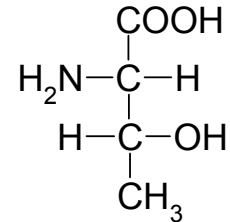
Cystein (Cys)
IEP = 5,0



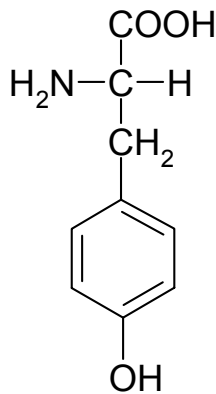
Methionin (Met)
IEP = 5,7



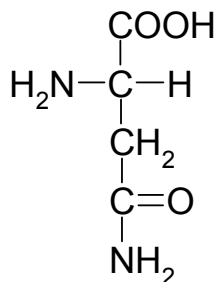
Serin (Ser)
IEP = 5,7



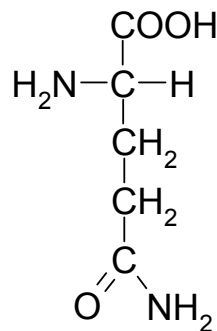
Threonin (Thr)
IEP = 5,6



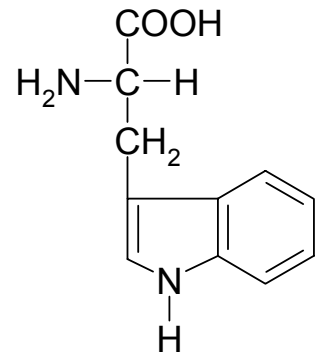
Tyrosin (Tyr)
IEP = 5,6



Asparagin (Asn)
IEP = 5,4

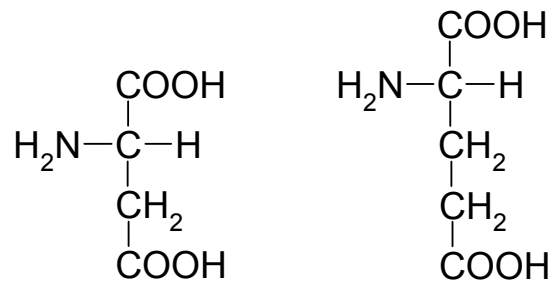


Glutamin (Gln)
IEP = 5,7



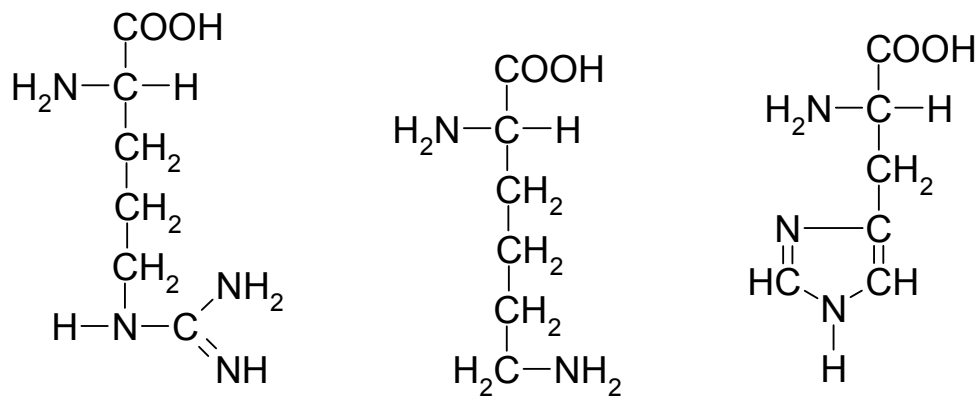
Tryptophan (Trp)
IEP = 5,9

3. Saure Aminosäuren:



Asparaginsäure (Asp) IEP = 2,9 Glutaminsäure (Glu) IEP = 3,2

4. Basische Aminosäuren:



Arginin (Arg) IEP = 10,8

Lysin (Lys) IEP = 9,7

Histidin (His) IEP = 7,6

Nachweise bei Aminosäuren

1. Stickstoffnachweis:

Um die Aminogruppe nachzuweisen, kocht man die AS mit konzentriertem NaOH auf. Färben die entstehenden Dämpfe pH-Papier blau, liegt eine Aminogruppe vor. Vereinfacht läuft die Reaktion so ab:



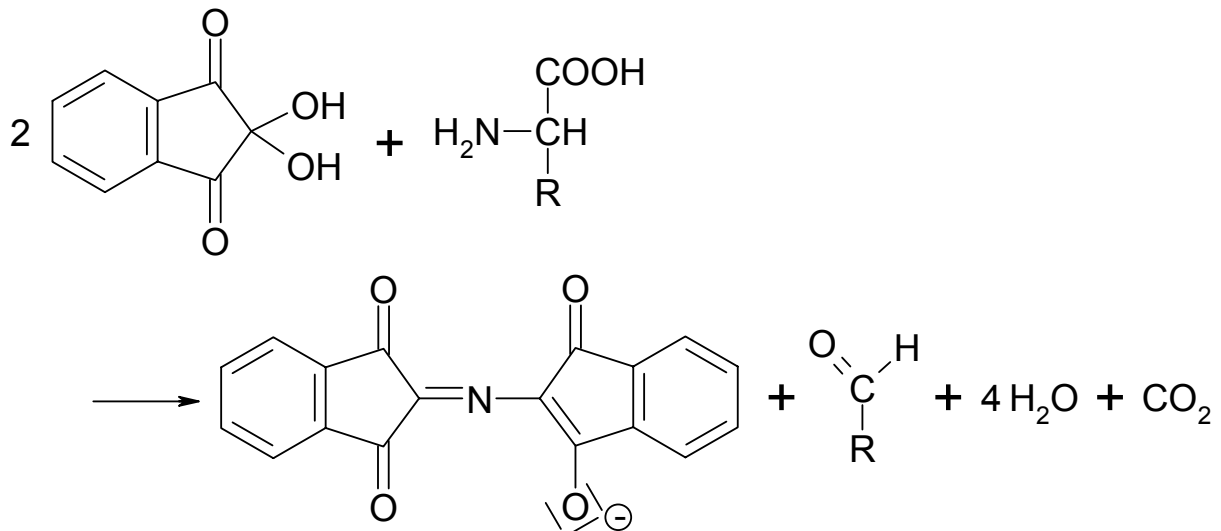
→ Dabei färben die OH⁻-Ionen das Papier blau.

2. Xanthoproteinreaktion (xanthos = gelb):

Bringt man halbkonzentrierte Salpetersäure mit z.B. Tyrosin zusammen, tritt eine Verfärbung nach gelb ein. Gleiches gilt für Salpetersäure mit Tryptophan. Dieser Nachweis ist jedoch nicht auf alle AS anwendbar, Histidin, Phenylalanin und Prolin reagieren z.B. nicht unter Gelbfärbung.

3. Reaktion mit Ninhydrin:

Die Aminosäure wird in ein wenig Wasser gelöst und mit einigen Tropfen einer Lösung von Ninhydrin in 2-Propanol zum Sieden gebracht. Ninhydrin weist ebenfalls nach, dass eine Aminogruppe vorhanden ist. Die Reaktion läuft wie folgt ab:



Verläuft der Nachweis positiv, verfärbt sich die Lösung bläulich bis violett.

Reaktionen mit Aminosäuren

Versuch: Wasserlöslichkeit

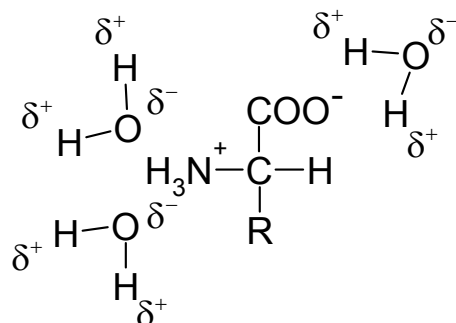
Eine Spatelspitze Tyrosin wird mit ein wenig Wasser aufgeschlämmt und mit Salzsäure betropft bis sich die AS gelöst hat. Danach wird tropfenweise Natronlauge hinzugeben.

Beobachtung:

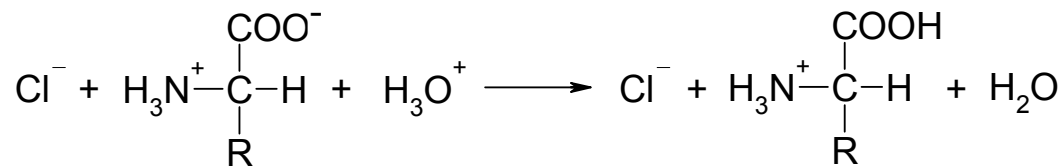
Gibt man die Natronlauge hinzu, bildet sich nach und nach ein Niederschlag, der allerdings nach noch mehr Zugabe wieder verschwindet.

Erklärung:

Das Zwitterion ist schlecht wasserlöslich, weil die beiden Hydrathüllen umgekehrt polarisiert sind, und somit keine einheitliche Hydrathülle möglich ist:

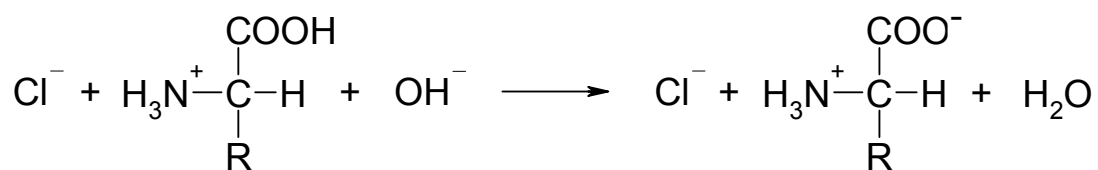


Wird die Salzsäure hinzugegeben, geschieht folgendes:

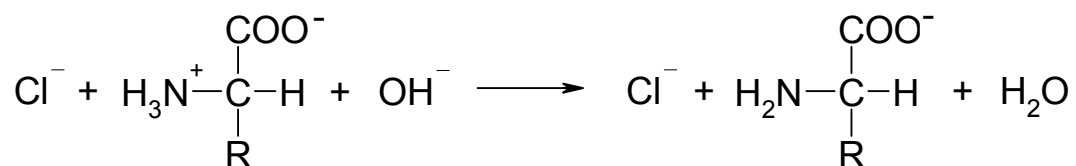


→ Jetzt kann sich eine einheitliche Hydrathülle bilden – die Aminosäure löst sich in Wasser.

Wird die Natronlauge hinzugegeben, wird anfangs der durch die Salzsäure erzielte Effekt rückgängig gemacht:



Liegen alle Moleküle in der Zwitterionenstruktur vor, muss das nächste Wasserstoffatom abgegeben werden:

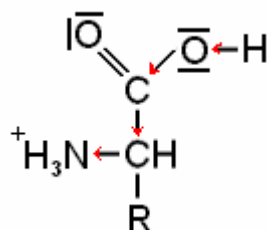


→ Auch in diesem Fall kann sich eine einheitliche Hydrathülle bilden – die Aminosäure löst sich in Wasser.

Ein Stoff ist nur dann wasserlöslich, wenn eine einheitliche Hydrathülle möglich ist.

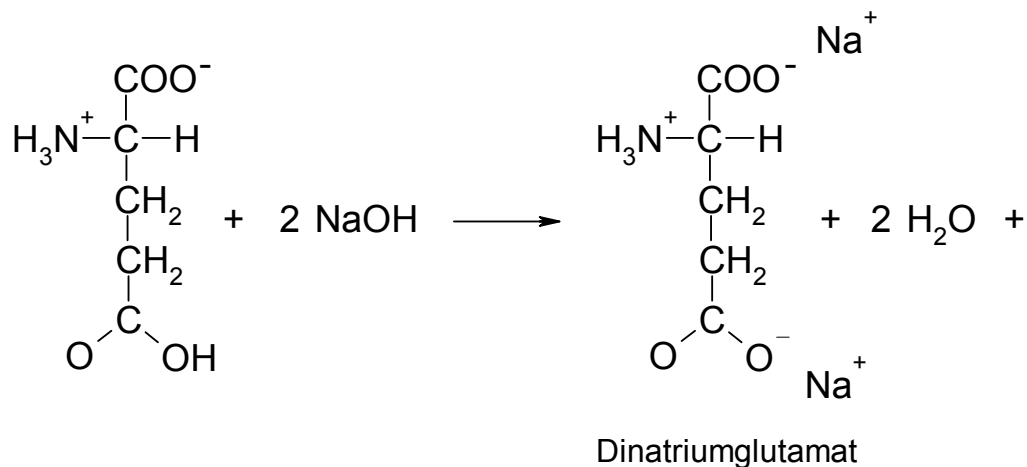
Bemerkung:

Hat eine Aminosäure zwei Carboxylgruppen, so hat die obere Carboxylgruppe eine größere Säurestärke. Das liegt an der positiven Ladung der Aminogruppe, die eine Elektronenwanderung bedingt:



Versuch: Herstellung von Natriumglutamat

Eine Spatelspitze Glutaminsäure wird tropfenweise mit Natronlauge versetzt:



Die klare Lösung wird anschließend im Porzellantiegel eingedampft.

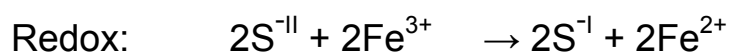
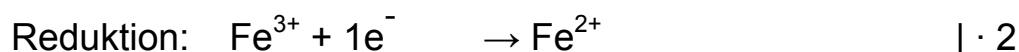
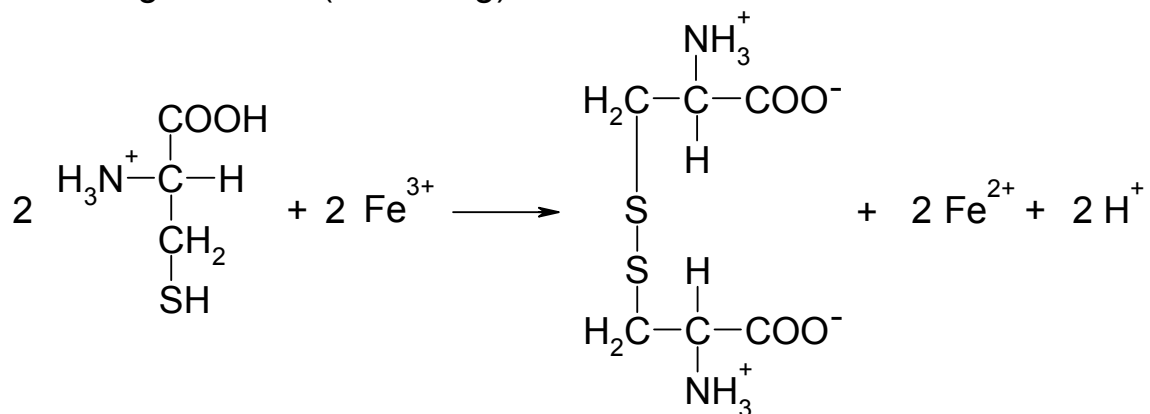
Versuch: Oxidation von Cystein

5 ml Cysteinlösung (1 %) werden im Reagenzglas mit 1 ml Eisen(III)-chloridlösung versetzt. Die Lösung wird nach der Entfärbung geschüttelt.

Beobachtung:

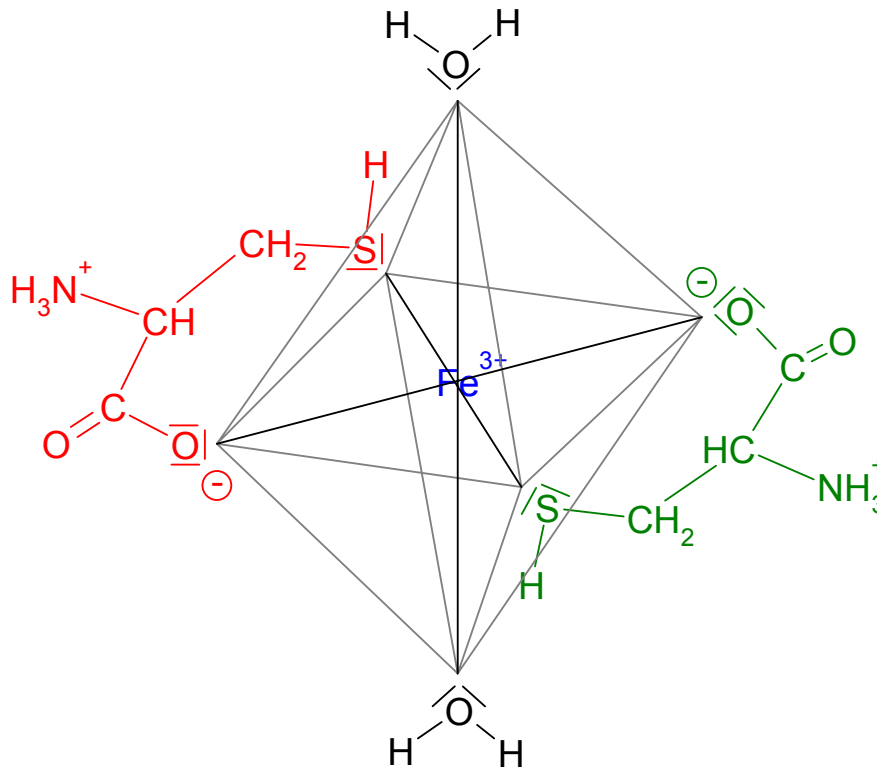
Nach Versetzung mit Eisen(III)chlorid färbt sich die Lösung blau und entfärbt sich wieder. Schüttelt man die Lösung, färbt sich sie sich erneut blau.

Entfärbungsreaktion (in Lösung):

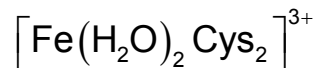


Erklärung der Blaufärbung:

Die Cysteinmoleküle und die Fe^{3+} -Ionen gehen eine Komplexbindung mit Wasser ein. Cystein ist ein zweizähniger Ligand, d.h. es kann an zwei Stellen eine Komplexbindung eingehen. Die räumliche Struktur des Komplexes sieht so aus (Oktaederform):

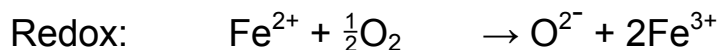
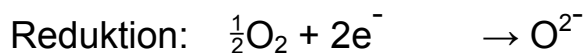
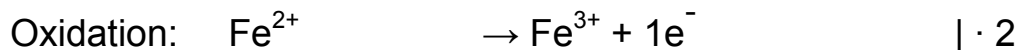


Komplexschreibweise:



Dieser Komplex, der blau gefärbt ist, ist nicht sonderlich stabil. Er wird durch die Redoxreaktion (s.o.) zerstört.

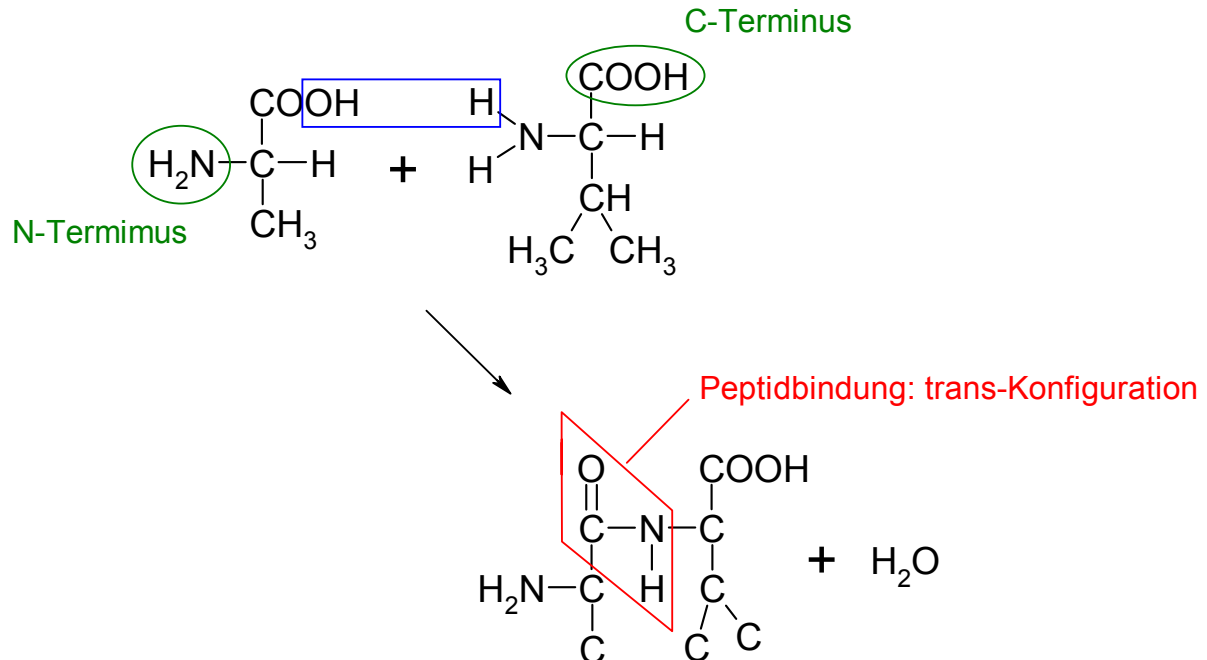
Schüttelt man das Reagenzglas, kommt Sauerstoff an das Fe^{2+} -Ion, so dass eine weitere Redoxreaktion abläuft:



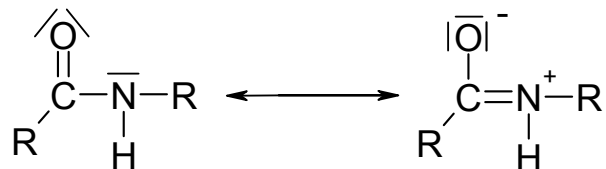
Nach dieser Reaktion kann sich wieder der Komplex ausbilden, der aber auch wieder zerstört wird.

Bildung von Dipeptiden

Die Aminosäuren Alanin und Valin werden zum Reagieren gebracht. Die Reaktion bewirkt, dass sich unter Wasserabspaltung eine Bindung zwischen Alanin und Valin bildet, die sogenannte Peptidbindung:

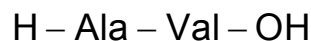


Die Peptidbindung ist eine ebene Bindung, was daran liegt, dass zwei mesomere Strukturen auftreten:

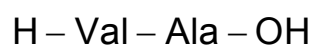


Deswegen ist die C-N-Bindung mit 137 pm in der Peptidbindung auch kürzer als normale C-N-Bindungen mit 147 pm. (p = piko)

Dipeptide benennt man im Allgemeinen nach ihren Bestandteilen. Dabei Beginnt man mit einem H (für das N-terminale Ende) und endet mit einem OH (für das C-terminale Ende). Für Alanin und Valin hieße das:



Da ohne Zusatzstoffe nicht festgelegt werden kann, welche Enden miteinander reagieren, kann auch folgendes Dipeptid entstehen:

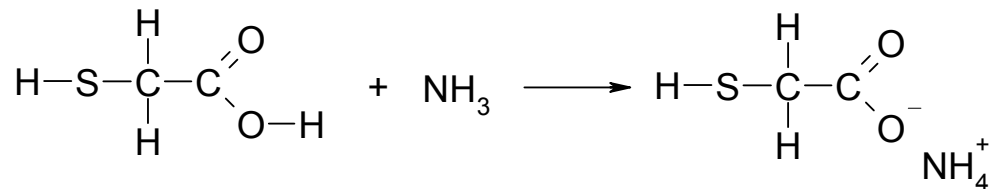


Außerdem können noch die Fälle auftreten, in denen zwei gleiche Moleküle miteinander reagieren:

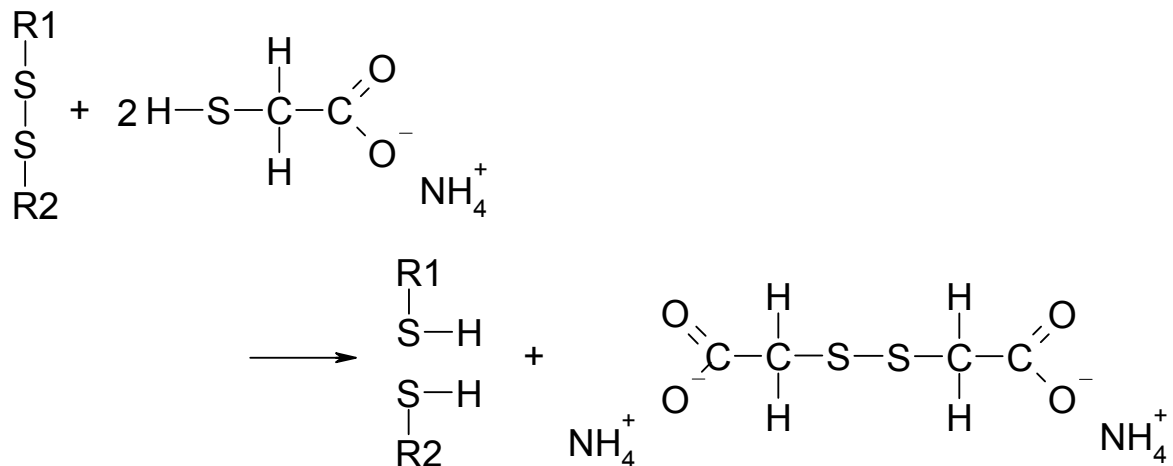


Vorgänge bei der Dauerwelle

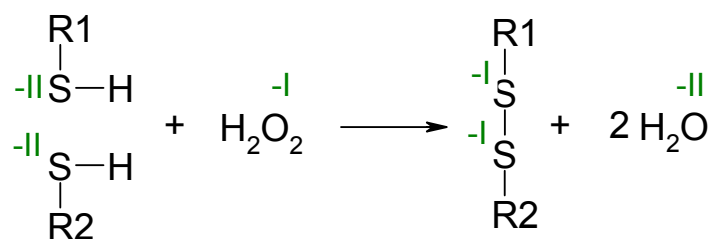
Soll eine Dauerwelle gemacht werden, müssen die Disulfidbrücken zwischen den Haaren gespalten werden, damit die Haare eine neue Form annehmen können. Zum Spalten dieser Disulfidbrücken wird Ammoniumthioglykat benutzt. Es wird wie folgt synthetisiert:



Die Disulfidbrücken werden nun mit Ammoniumthioglykat gespalten:

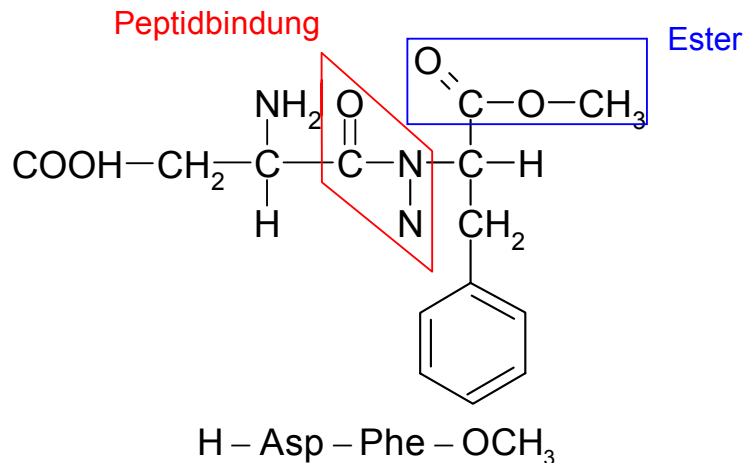


Nachdem die Disulfidbrücken gespalten und die Frisur fertig gestellt ist, werden die Disulfidbrücken wiederhergestellt. Die Fixierung erfolgt mit Wasserstoffperoxid (H_2O_2):

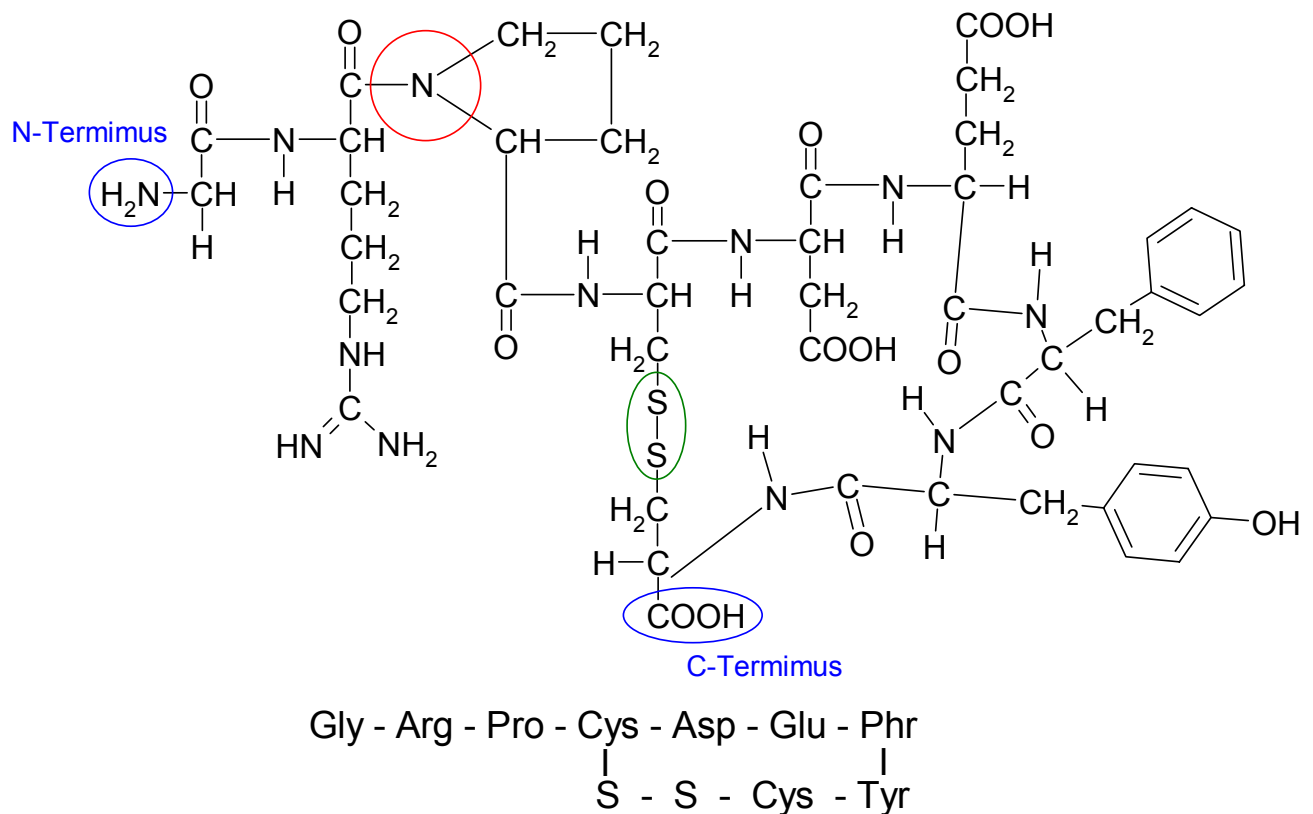


Oligopeptide

Oligopeptide sind Peptide, die aus bis zu 10 Aminosäuren zusammengesetzt sind. Ein Beispiel für ein Oligopeptid ist Aspartam, das statt einer Carboxylgruppe einen Ester beinhaltet und deshalb nicht den Dipeptiden zuzuordnen ist:



Ein weiteres Beispiel für ein Oligopeptid ist Vasopressin:

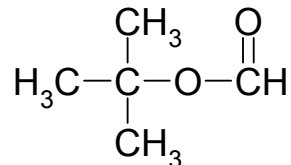


Wird Prolin (Pro) in einer Sequenz eingebaut, entsteht ein Knick in der Ordnung, da Prolin keine NH₂-Gruppe besitzt. Das jede Peptidbindung unter Wasserabspaltung geschieht, ist die Peptidbindung selbst **ohne Wasserstoffatom**.

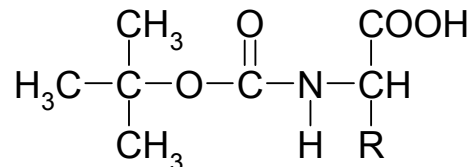
Peptidsynthesen

Die Problemstellen der Peptidsynthesen sind der Schutz der Amino- und der Carboxylgruppe sowie die Aktivierung der Carboxylgruppe. Es muss dafür Sorge getragen werden, dass genau die beiden Gruppen miteinander reagieren, die auch miteinander reagieren sollen.

1.) Als Schutzgruppe für die Aminogruppe wird unter anderem der Stoff tert-Butyloxycarbonyl (Boc) verwendet:

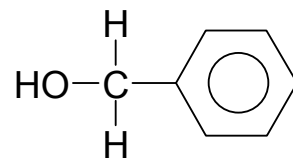


Die Verbindung mit der Aminosäure sieht dann wie folgt aus:

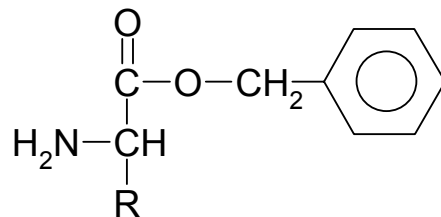


→ Die Schutzgruppe Boc lässt sich in saurer Lösung abspalten.

2.) Als Schutzgruppe für die Carboxylgruppe wird z.B. Benzylester (Bzl) verwendet:

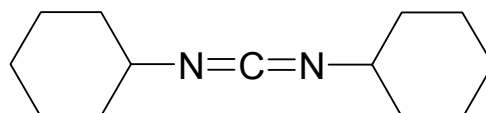


Die Verbindung mit der Aminosäure sieht dann wie folgt aus:

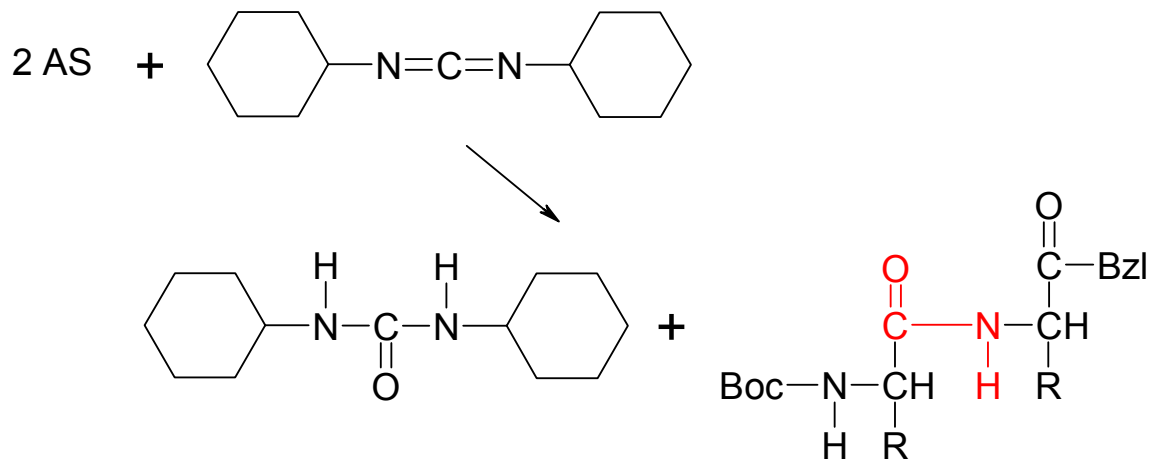


→ Die Schutzgruppe Bzl lässt sich in alkalischer Lösung abspalten.

3.) Da die Reaktion zwischen zwei Aminosäuren nicht ohne weiteres abläuft, muss ein weiterer Stoff, Dicyclohexylcarbodiimid (DCC), hinzugegeben werden:

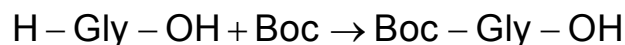


Die Reaktion von DCC mit den beiden Aminosäuren lautet dann:



Zusammenfassung der Gesamtreaktion (Aminosäuren: Gly und Ala):

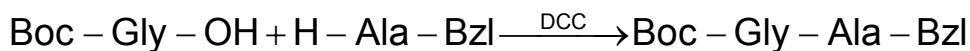
1. Schutzgruppe für die Aminogruppe des Glycins:



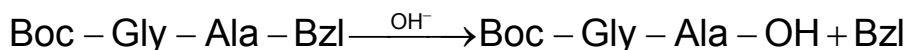
2. Schutzgruppe für die Carboxylgruppe des Alanins:



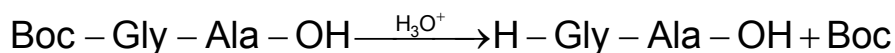
3. Aktivierung der Carboxylgruppe des Glycins:



4. Abspaltung der Carboxylschutzgruppe:



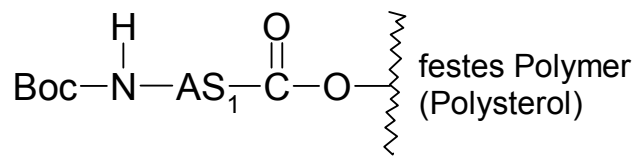
5. Abspaltung der Aminoschutzgruppe:



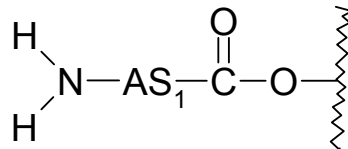
Auch die Synthese von größeren Peptiden erfolgt prinzipiell nach dem gleichen Schema. Man unterscheidet allerdings zwischen klassischen Synthesen in flüssiger Phase und Festphasensynthesen an einem polymeren Träger.

Bei der klassischen Synthese werden sämtliche Reaktionen in Lösung durchgeführt, die jeweiligen Reaktionsprodukte isoliert und ggf. gereinigt. Dabei synthetisiert man in der Regel zunächst einzelne Fragmente des Peptids und verknüpft diese dann zum fertigen Peptid. Eine solche konvergente Strategie hat gegenüber einer linearen Synthese unter anderem den Vorteil einer größeren Gesamtausbeute. Die klassische Synthese kommt dort zum Einsatz, wo kleine Peptide in großen Mengen benötigt werden.

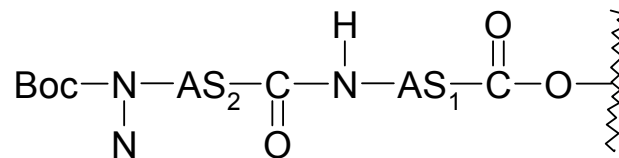
Bei den Festphasensynthese dagegen wird die erste NH₂-geschützte Aminosäure des zu synthetisierenden Peptids über ihre Carboxylgruppe kovalent an ein Polymer gebunden:



Nun wird die Aminoschutzgruppe entfernt:



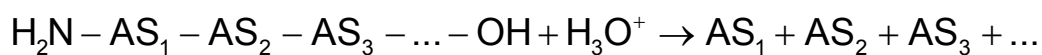
Danach wird die nächste NH₂-geschützte Aminosäure angeknüpft:



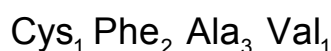
Die wachsende Peptidkette bleibt also während der gesamten Synthese am Polymer gebunden, es erfolgt keine Isolierung und Reinigung der einzelnen Einzelstufen. Lediglich die verwendeten Reagenzien und überschüssigen geschützten Aminosäuren werden durch intensives Waschen des Polymers nach jeder Reaktion entfernt. Zum Schluss wird dann das fertige Produkt abgespalten. Vorteile diese Methode sind vor allem die Schnelligkeit und Automatisierbarkeit, Nachteile die relativ kleinen Mengen, die man mit dieser Methode erhält und die im Vergleich zur klassischen Synthese oft geringe Reinheit des Endproduktes. Für die schnelle Synthese kleiner Mengen ist die Festphasensynthese die Methode der Wahl.

Bestimmung der AS-Sequenz in Peptiden

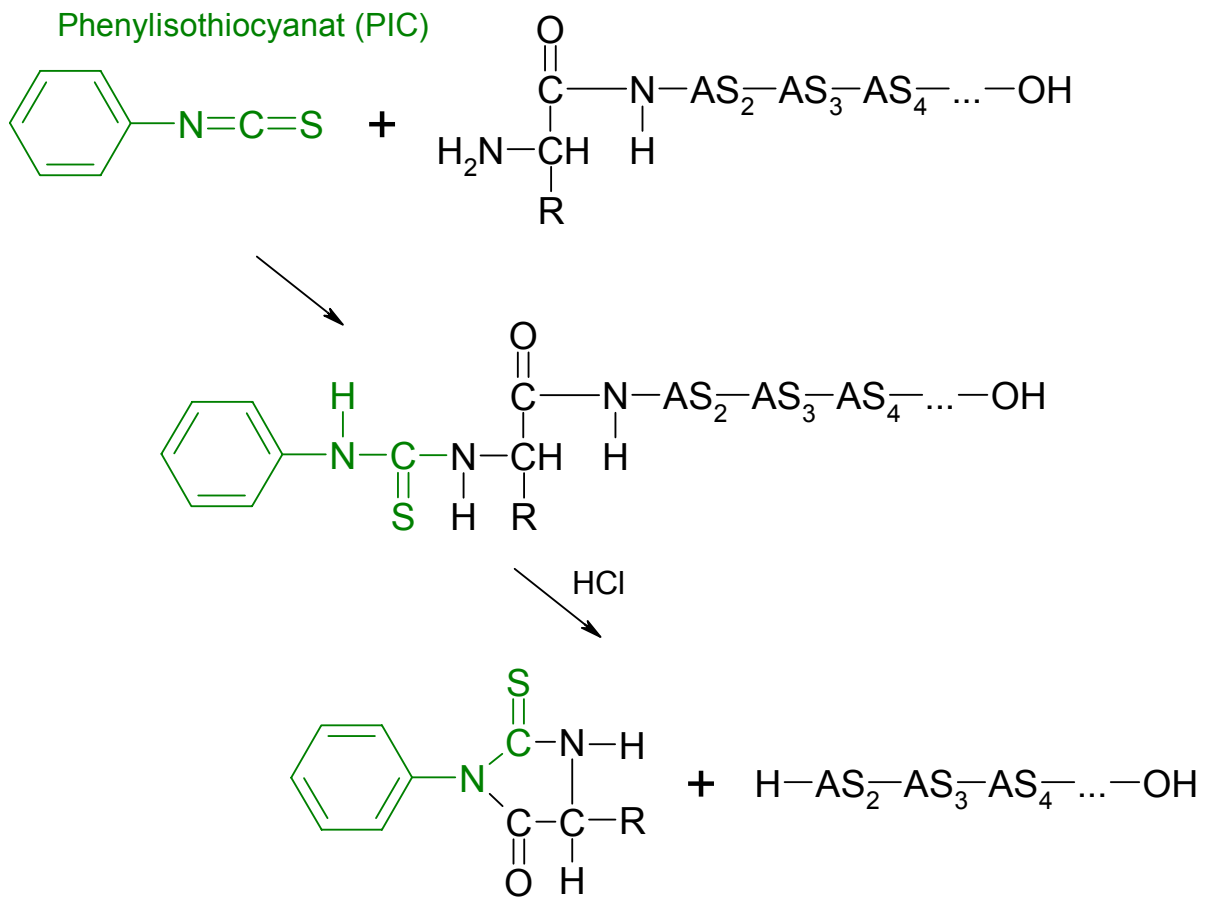
1. Will man die Verhältnisformel der Aminosäuresequenz bestimmen, so genügt es das Peptid in saurer Lösung zu hydrolysieren:



Durch diese Fragmentierung erhält man dann zum Beispiel eine Verhältnisformel wie:

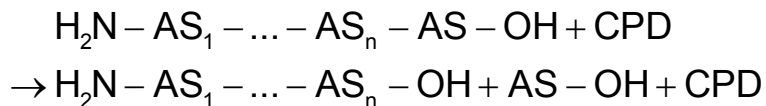


2. Bestimmung der N-terminalen Aminosäure durch den Edman-Abbau:



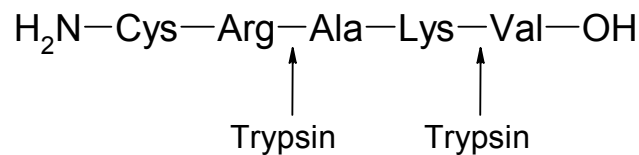
Beim Edman-Abbau lässt man das Peptid mit Phenylisothiocyanat (PIC) reagieren. Dieses bindet sich an die freie Aminogruppe und spaltet sich bei der anschließenden Behandlung mit Chlorwasserstoff in einem wasserfreien Lösungsmittel mit ihr zusammen vom Rest der Peptidkette ab. Alle anderen Bindungen des restlichen Peptids werden nicht angegriffen. Die Verbindung von PIC und der AS₁ wird durch vergleichende Chromatographie identifiziert.

3. Bestimmung der C-terminalen Aminosäure durch das Enzym Carboxypeptidase:



4. Fragmentierung durch spezifische Enzyme:

Verschiedene Enzyme spalten verschiedene Peptidbindungen. Das Enzym Trypsin spaltet z.B. nur Peptidbindungen, deren COOH-Gruppen von Lysin oder Arginin stammen:



Die Bruchstücke sind:



Weitere Beispiele für Proteasen sind Chymotrypsin (hinter Phe, Trp, Tyr) und Pepsin (hinter Phe, Trp, Tyr, Asp, Glu).

Die Sequenzaufklärung erfolgt unter Verwendung verschiedener Enzyme: Die Peptidbruchstücke werden isoliert und wieder über Endgruppenbestimmung analysiert, so dass man durch passende Überlagerung der Fragmente die AS-Sequenz erhält.

Chromatographie von Aminosäuren

Auf der Dünnschichtchromatographieplatte wird mit einem Bleistift eine Gerade Linie im Abstand von 1 cm zur Grundkante gezogen. Diese Linie dient als Startlinie, auf der im Abstand von ca. 1,5 cm fünf Punkte markiert werden.

Mit Hilfe einer Pipette wird jeweils eine der vier Aminosäuren auf jeweils einen der fünf Punkte aufgetragen. Die Namen der Aminosäuren werden unter die Punkte geschrieben. An fünfter Stelle wird das Gemisch aufgetragen. Die Flecken sollten einen Durchmesser von 3-5 mm haben.

Nachdem die Aminosäuren getrocknet sind, wird die Platte in die Chromatographiewanne gestellt, die vorher mit destilliertem Wasser gespült worden ist. In dieser Wanne befinden sich ca. 25 ml eines Fließmittels, das n-Butanol, Eisessig und Wasser im Verhältnis 4:1:1 enthält. Wenn sich die Fließmittelfront ca. 2 cm unter dem oberen Rand befindet, wird die Platte entnommen und die Fließmittelfront deutlich durch Einritzen in die Kieselgelschicht markiert.

Nun wird die Platte im laufenden Abzug mit Ninhydrin besprüht. Danach muss die Platte wieder trocknen.

Um die Chromatographie auszuwerten, müssen die blau-violetten Substanzflecken auf einem Bogen Transparenzpapier markiert werden. Die Fließmittelfront und die Startlinie müssen ebenfalls übertragen werden. Nun werden die Abstände der Substanzfleckenmittelpunkte zur Startlinie gemessen und der R_F -Wert gebildet werden.

Der R_F -Wert ist wie folgt definiert:

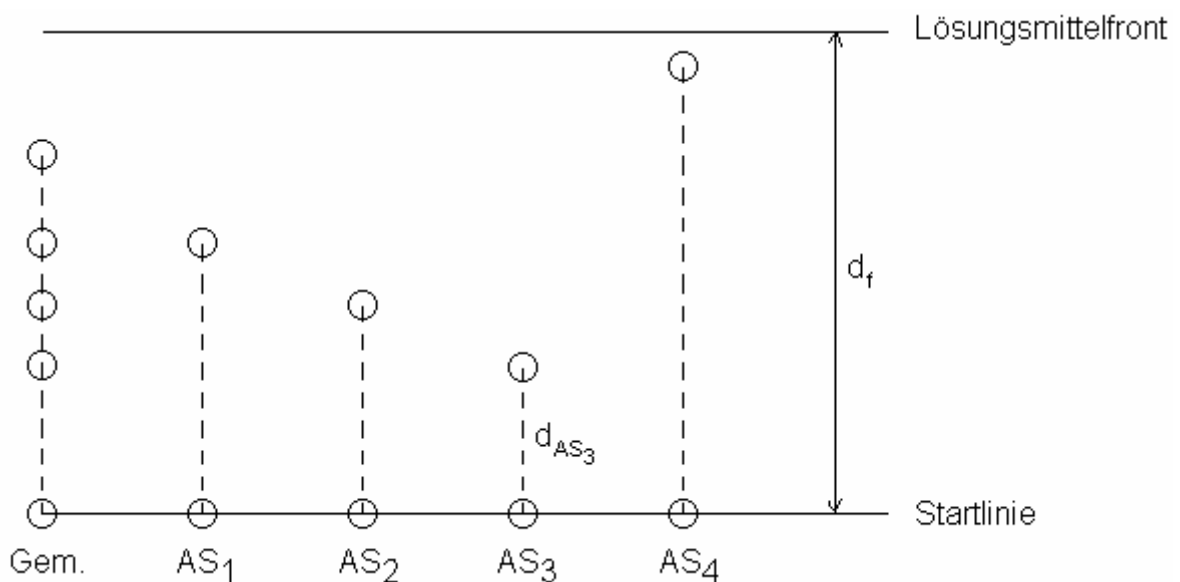
$$R_F = \frac{\text{Entfernung Startpunkt bis Fleckmittelpunkt}}{\text{Entfernung Startpunkt bis Fließmittelfront}} = \frac{d_{AS_x}}{d_f}$$

Experimentell bestimmte R_F -Werte einiger AS:

$R_F(\text{Ala})$	0,246	0,231	0,266	0,262
$R_F(\text{Tyr})$	0,492	0,51	0,51	0,492
$R_F(\text{Arg})$	0,092	0,123	0,094	0,154
$R_F(\text{Phe})$	0,538	0,538	0,546	0,51
$R_F(\text{Cys})$	0,385	0,369	0,375	0,4

→ R_F -Werte sind für jede Aminosäure in bestimmten Laufmittel charakteristisch.

Mit dem R_F -Wert und der Platte werden jetzt die in dem Gemisch enthaltenen Aminosäuren bestimmt:

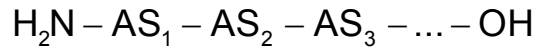


In diesem Fall enthält das Gemisch die Aminosäuren AS₁₋₃, aber nicht AS₄.

Strukturen bei Proteinen

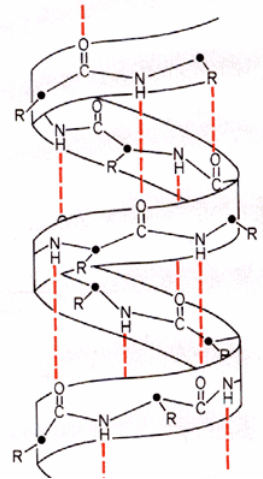
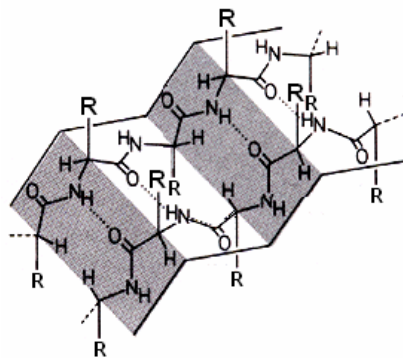
Primärstruktur:

Die Primärstruktur beschreibt die Sequenz der Aminosäuren im Peptid.



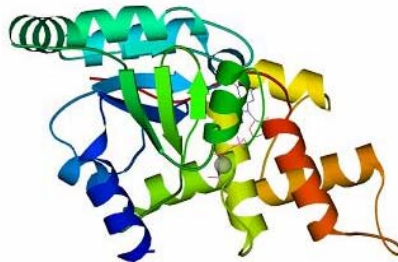
Sekundärstruktur.

Die Sekundärstruktur sagt aus, ob das Peptid in der α -Helix (maximale Anzahl von H-Brücken innerhalb der Kette) oder im β -Faltblatt (kleiner Reste; maximale Anzahl von H-Brücken zwischen zwei Ketten) vorliegt. Auch ein sogenanntes „Zufallknäuel“ ist möglich.



Tertiärstruktur:

Die Tertiärstruktur beschreibt die räumliche Anordnung (Helix, Faltblatt, Zufallknäuel) und die Bindungen (Disulfidbrücken, Ionenbindung, H-Brücken, Van-der-Vaals-Kräfte im polaren Teil) innerhalb eines Proteins.



Quartärstruktur:

In der Quartärstruktur bilden mehrere Proteinketten mit Zentralionen (Fe^{2+} , Mg^{3+} , ...) ein Knäuel (globuläre = kugelförmige Struktur) oder Fibrillen.

