Konformation

H. Fiedler
Erfurt, Deutschland

Englischer Begriff conformation

Definition Unter Konformation eines Moleküls im weiteren Sinne versteht man die räumlichen Strukturen, die sich nur durch die Drehung um die Achse einer Einfachbindung unterscheiden und nicht untereinander zur Deckung gebracht werden können. Nur einige oder eine der möglichen Konformen sind energetisch begünstigt und stabil.

Beschreibung Der Begriff Konformation (Kettenkonformation) wird am häufigsten für die Raumstruktur von mono- und oligomeren Proteinen verwendet (► [Proteinstruktur](#)). Die freie Drehbarkeit um die Peptidbindung ist wesentlich eingeschränkt, da die 4 Atome der mesomeren Peptidbindung (partielle Doppelbindung) in einer Ebene liegen und in *trans*-Stellung angeordnet sind.

Die Aufklärung der Konformation eines Proteins ist durch Röntgenkristallstrukturanalyse, Zirkulardichroismus, Fluoreszenzpolarisation oder ► [NMR-Spektrometrie](#) möglich. Die 3D-Proteinstrukturen (ca. 9000) sind in der Brookhaven-Datenbank gespeichert. Die Kristallisation von Membranproteinen ist schwierig, hier bieten die Spinmarkierung mit Nitroxidradikalen und die Analyse des Elektronenspinresonanzspektrums einen Ausweg.

Bei der Proteinfaltung und Konformationsbildung kommen nichtsequenzielle Aminosäuren nebeneinander zu liegen, die durch ihre Kooperation bestimmte Funktionen, wie aktive Zentren von Enzymen oder Konformationsepitope, ausfüllen können und bei Denaturierung verschwinden.

Proteine aus mehreren Untereinheiten (s. ► [Untereinheit](#)), wie Enzyme oder Hämoglobin, können bei Konformationsänderungen kooperative Effekte in Form einer sigmoidalen Wirkungskurve aufweisen. Die Untereinheiten können in 2 Zustandsformen vorliegen (Monod-Wyman-Changeux-Modell):

- T-Form (tensed) mit niedrigerer Affinität
- R-Form (relaxed) mit höherer Affinität für Modulatoren (Änderung von pH, Ionengehalt, Temperatur, Chaperone und Liganden)

Nach Monod liegen alle Untereinheiten bei Änderungen in derselben (konzertiertes Modell) oder nach D. Koshland in unterschiedlicher Form vor (sequenzielles Modell). Liganden für spezifische Bindungsstellen außerhalb des aktiven Zentrums verschieben das Gleichgewicht zwischen R- und T-Form und wirken als allosterische Regulatoren.

Sir Derek Barton (1918–1998) und Odd Hassel (1897–1981) erhielten 1969 den Nobelpreis für die Aufklärung der Konformation der Cyclohexane mittels Röntgenbeugung. Die C-Atome von Cyclohexanringen liegen nicht in einer Ebene, da die Bindungswinkel der Ringkonformation gegenüber einer C-Kette geändert sind. Die Sesselform ist energetisch günstiger als die Wannen- und Twist-Form. Bei den Steroiden befinden sich die Substituenten an der Verbindung der Ringe A und B (C5) in *trans*(α)-Konfiguration bezogen auf die Referenzkonfiguration *cis*(β) am C10.

Literatur

Löffler G, Petrides PE (1998) Biochemie und Pathobiochemie, 6. Aufl. Springer, Berlin/Heidelberg/New York, S 56–58