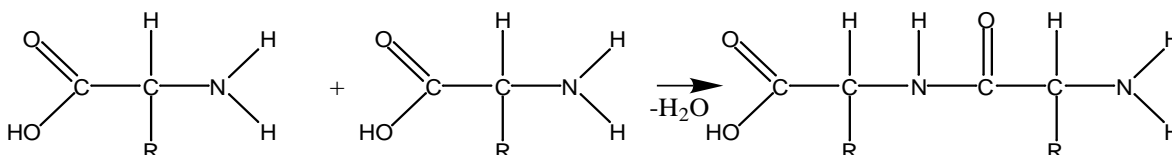


Peptider og aminosyrer.

Som det er beskrevet i artiklen "*Peptider og peptidbiblioteker*" er peptider opbygget af 20 forskellige aminosyrer. Aminosyrerne i peptider er koblet til hinanden via peptidbindinger. Disse bindinger opstår ved vandfraspaltning mellem en aminogruppe i den ene aminosyre og syregruppen i den næste o.s.v. I denne binding indgår aldrig grupper fra radikalerne (R) i aminosyrerne.



Rækkefølgen af aminosyrerne i peptider og proteiner betegnes *primærstrukturen*, denne rækkefølge er bestemt af det gen der koder for det pågældende protein når opbygningen finder sted i levende organismer. Som det fremgår af artiklen kan peptiderne også syntetiseres i laboratoriet.

Primærstrukturen er bestemmende for den rumlige opbygning af peptiderne, der betegnes *sekundær-* og *tertiærstrukturen*. Det vil sige at en bestemt aminosyresekvens giver en bestemt rumlig opbygning.

Disse forhold kan bekvemt undersøges med mange moderne kemiske computerprogrammer til "Molecular modeling". Mange af disse programmer kan også på basis af klassisk mekanik og kvantemekanik bestemme modeller for de enkelte molekyler med lav energi, der dermed er modeller for molekylernes mulige rumlige opbygninger. I linket, LINK-1, er beskrevet, hvordan det i artiklen gennemgåede syntetiserede peptids primærstruktur kan opbygges, optimeres, visualiseres både med hensyn til primær- og sekundærstruktur samt animeres. Desuden er der her en manuel opgave hvor man skal tegne et lille peptid samt en computeropgave, hvor sekvensen kaldet QPF14 skal opbygges og undersøges. Denne sekvens menes at kunne have betydning i forbindelse med sygdommen celiaki (gluten intolerance).

Her er anvendt programmet Chem3D-Pro fra Cambridge Soft, men en række andre programmer kan med større eller mindre besvær bruges til det samme.

LINK-1

I mange databaser findes en række kendte kemiske forbindelser. Mange af disse databaser er tilgængelige over internettet. For proteins vedkommende findes blandt andet "*Protein databanken*" på adressen : <http://www.rcsb.org/pdb/>

I linket, LINK-2, skal man hente en mutant af peptidet Insulin, der jo er meget velkendt i forbindelse med diabetes (sukkersyge) og undersøge det. Her er igen anvendt Chem3D-Pro, men andre programmer der kan behandle pdb filer (protein data bank filer) kan lige så godt anvendes.

LINK-2

I linket ,LINK-3, findes en opgave hvor asparaginsyres syrebase egenskaber skal belyses. Man skal blandt andet undersøge om aminosyren kan titreres som mono-, di- eller trivalent syre samt hvilken indikator man skal vælge ved en kolorimetrisk titrering, samt besvare en række spørgsmål i tilknytning hertil. Hertil anvendes programmet : pH.

LINK-3

En god animation af, hvordan aminosyresyntesen foregår in vivo kan findes på Quicktimefilmen "peptid.mov".

Studer filmen først ved langsom manuel fremføring.

Denne samt en række andre animationer kan findes på internettet blandt andet på adresserne.

<http://ucxray.berkeley.edu/~jamesh/movies/>

<http://www.chemgallery.com/>

<http://www.csc.fi/visualization/vizanim.html>

<http://www.expasy.org/>

<http://www.csc.fi/lul/chem/>

http://www.shsu.edu/~chm_tgc/sounds/sound.html