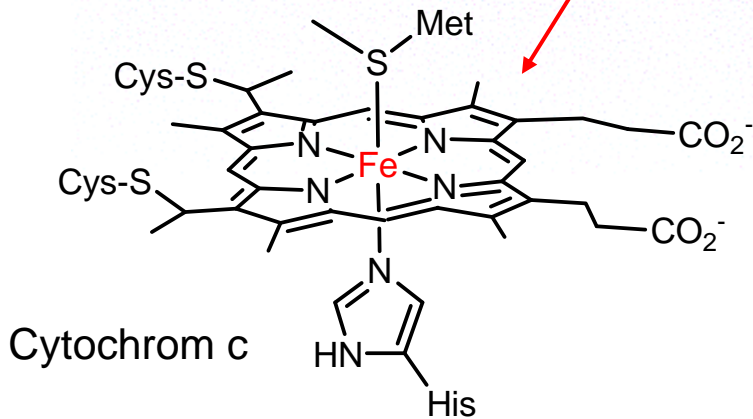
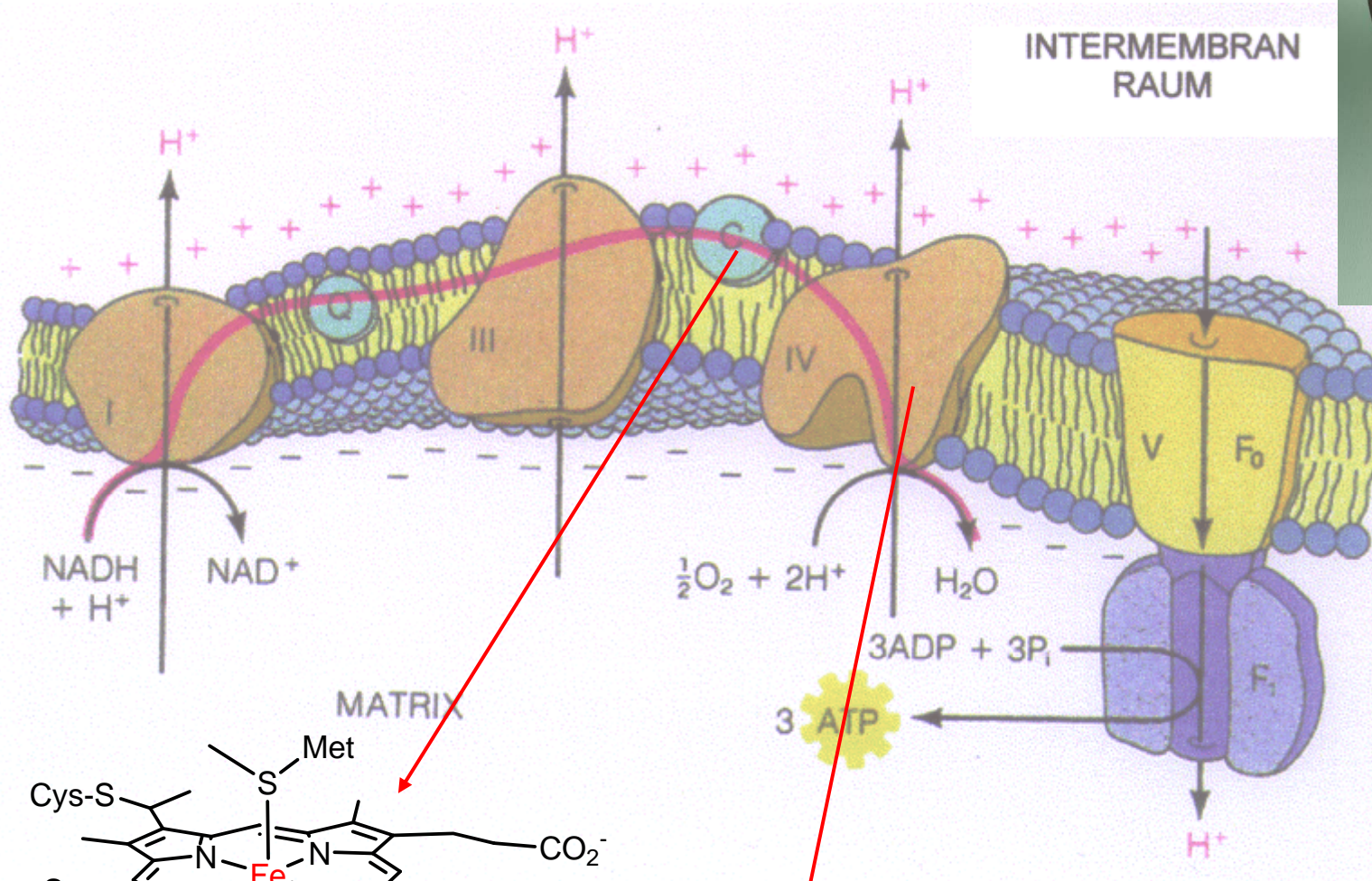


Das Atmungsferment: Cytochrom-c-Oxidase

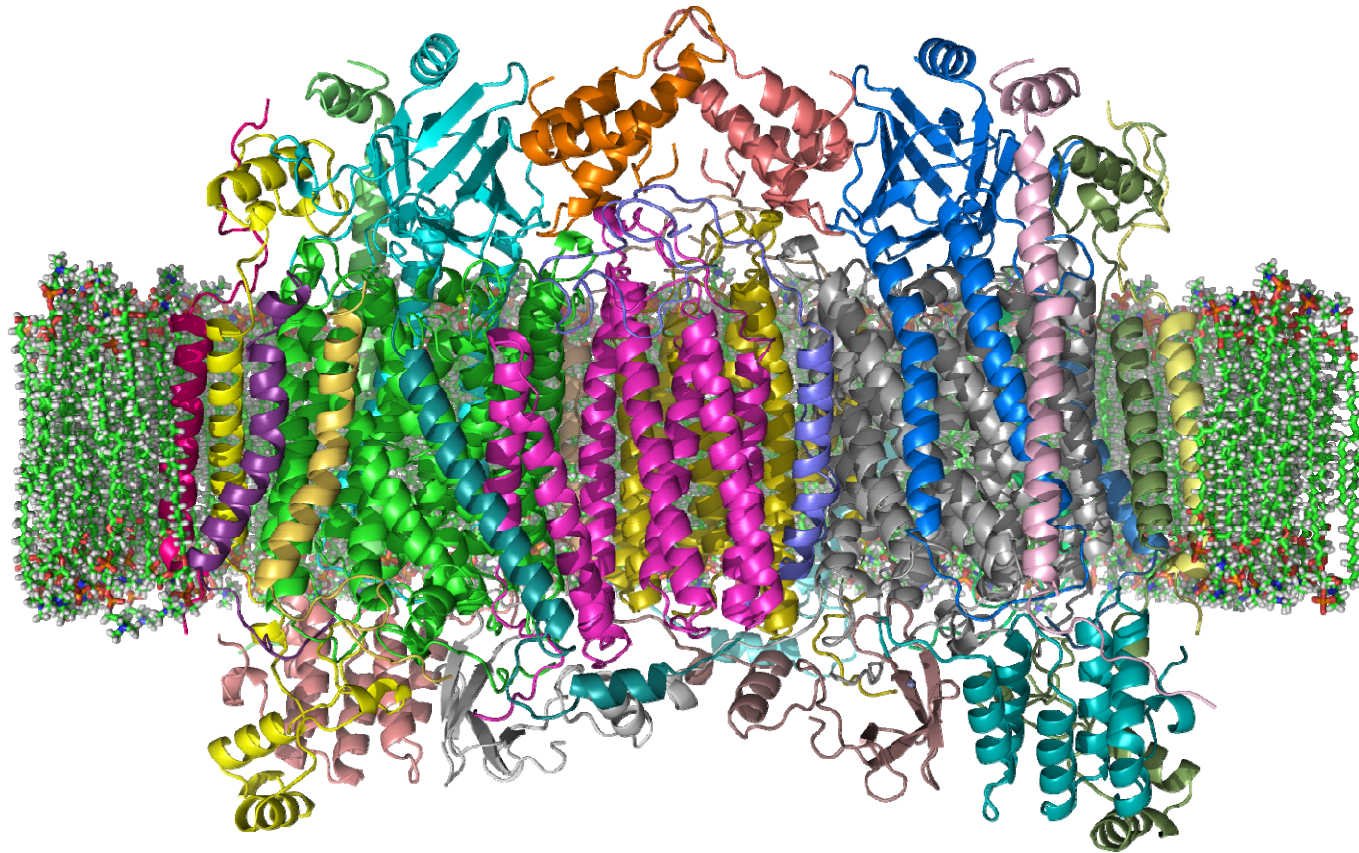


Cytochrom-c-Oxidase
in einem Phospholipid-Mantel

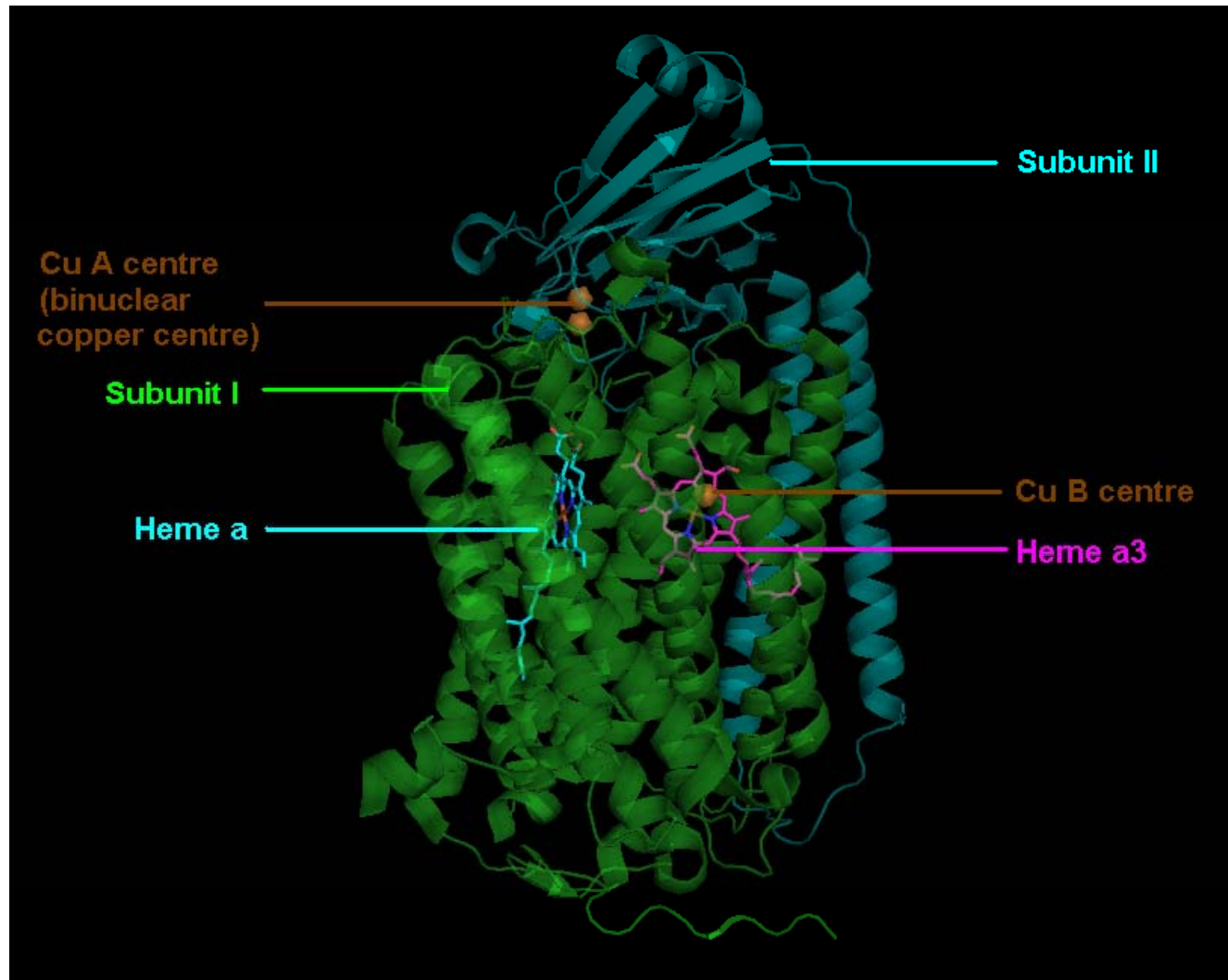
Das Atmungsferment: Cytochrom c Oxidase

Membran-Protein: schwer zu kristallisieren,
1995 aus Rinderherz
Dimer mit je 13 Untereinheiten
ca. 1500 Aminosäuren, 422 kDa

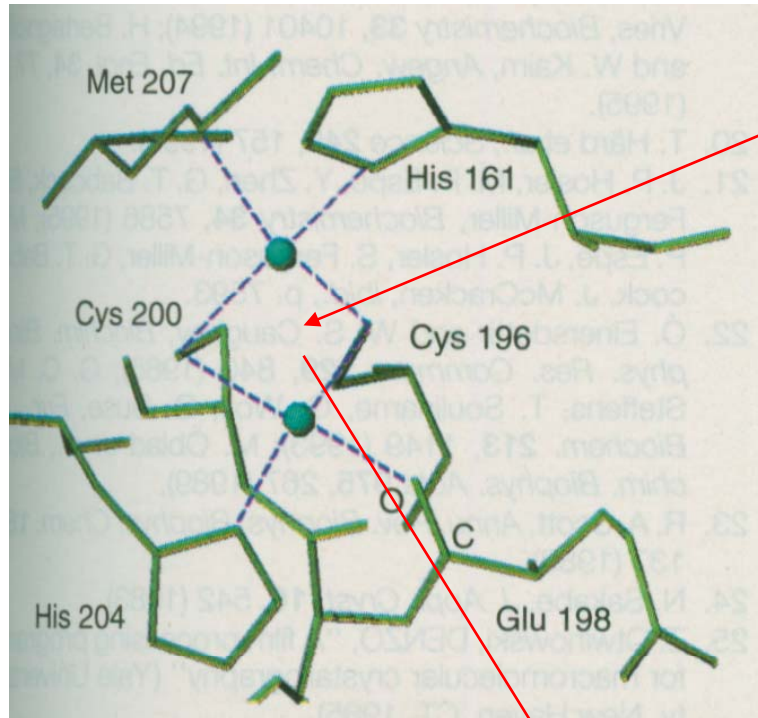
Metallzentren:
CuA, CuB, Häm a, Häm a₃, Mg, Zn



Das Atmungsferment: Cytochrom c Oxidase

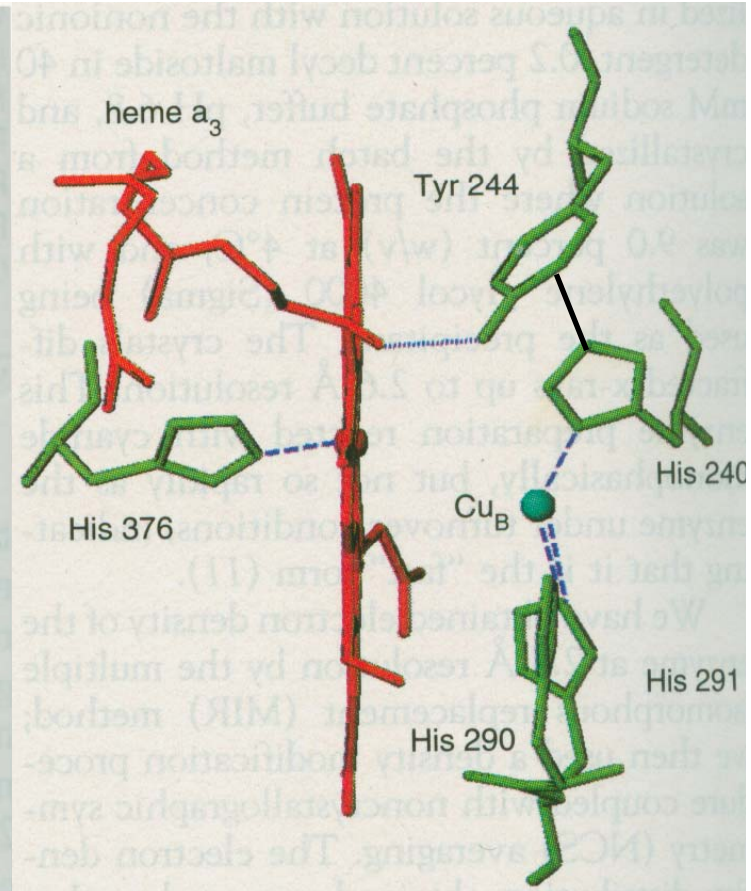
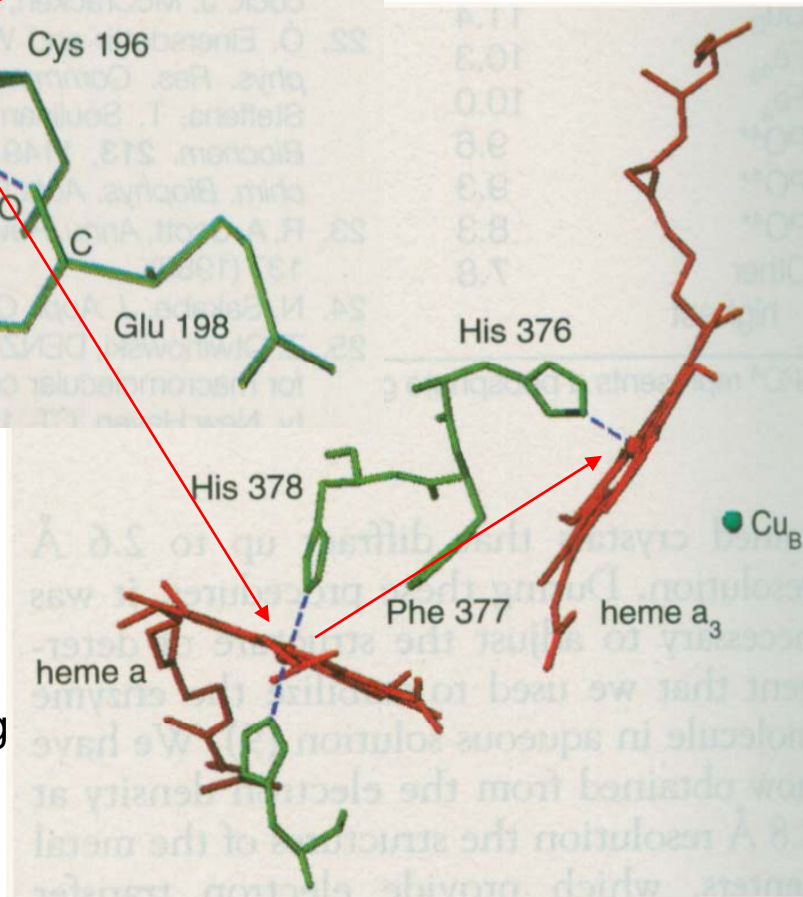


Das Atmungsferment: Cytochrom c Oxidase



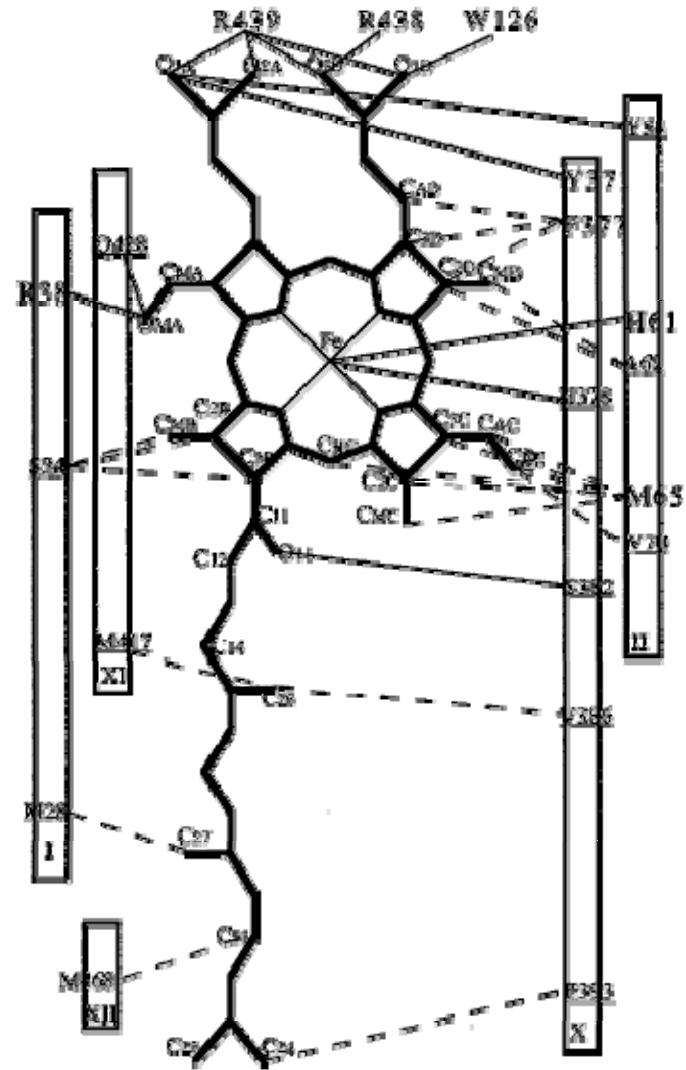
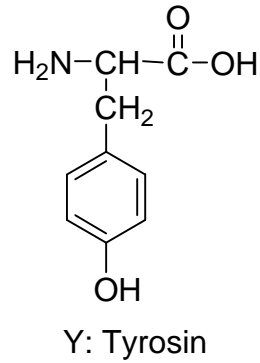
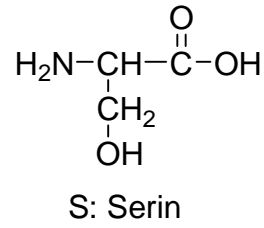
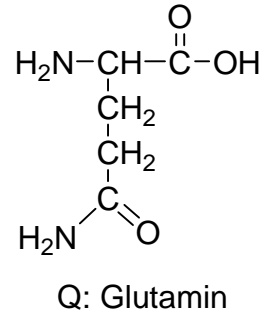
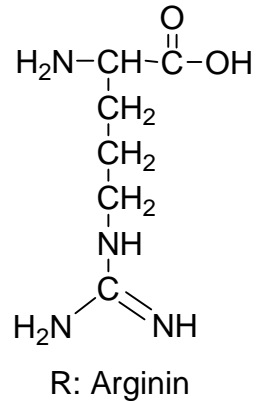
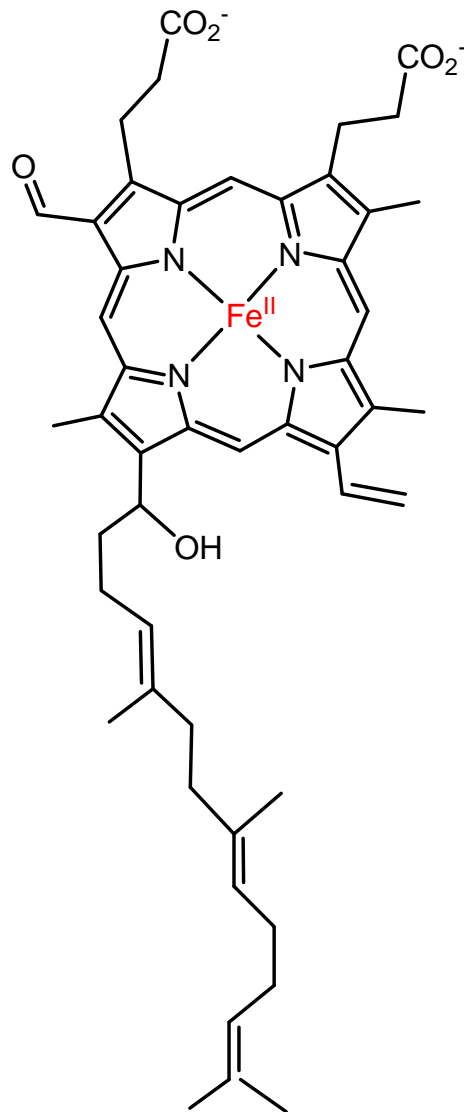
Elektronen vom Cytochrom c
(bei hohem Redoxpotential)

EPR von CuA:
kleine
g-Anisotropie,
kleine
Hyperfinkopplung
(Septett)

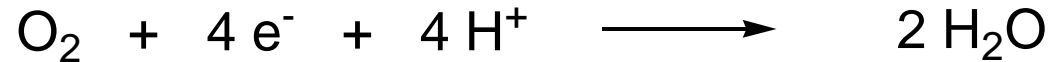


Das Atmungsferment: Cytochrom c Oxidase

Häm a

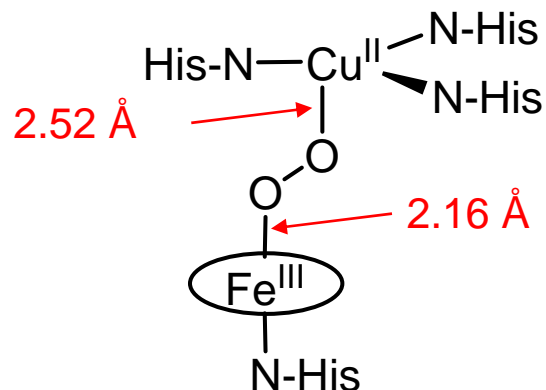


Das Atmungsferment: Cytochrom c Oxidase



Species	Metal oxidation states	UV/vis
Fully oxidised 'fast'	$\text{Cu}_A^{\text{II}} \text{a}^{\text{III}} \text{a}_3^{\text{III}} \text{Cu}_B^{\text{II}}$	Soret band $\lambda_{\text{max}} = 424 \text{ nm}$
Fully oxidised 'slow'		$\lambda_{\text{max}} = 417 \text{ nm}$
Reduced (fully reduced)	$\text{Cu}_A^{\text{I}} \text{a}^{\text{II}} \text{a}_3^{\text{II}} \text{Cu}_B^{\text{I}}$	$\lambda_{\text{max}} = 443 \text{ nm}$

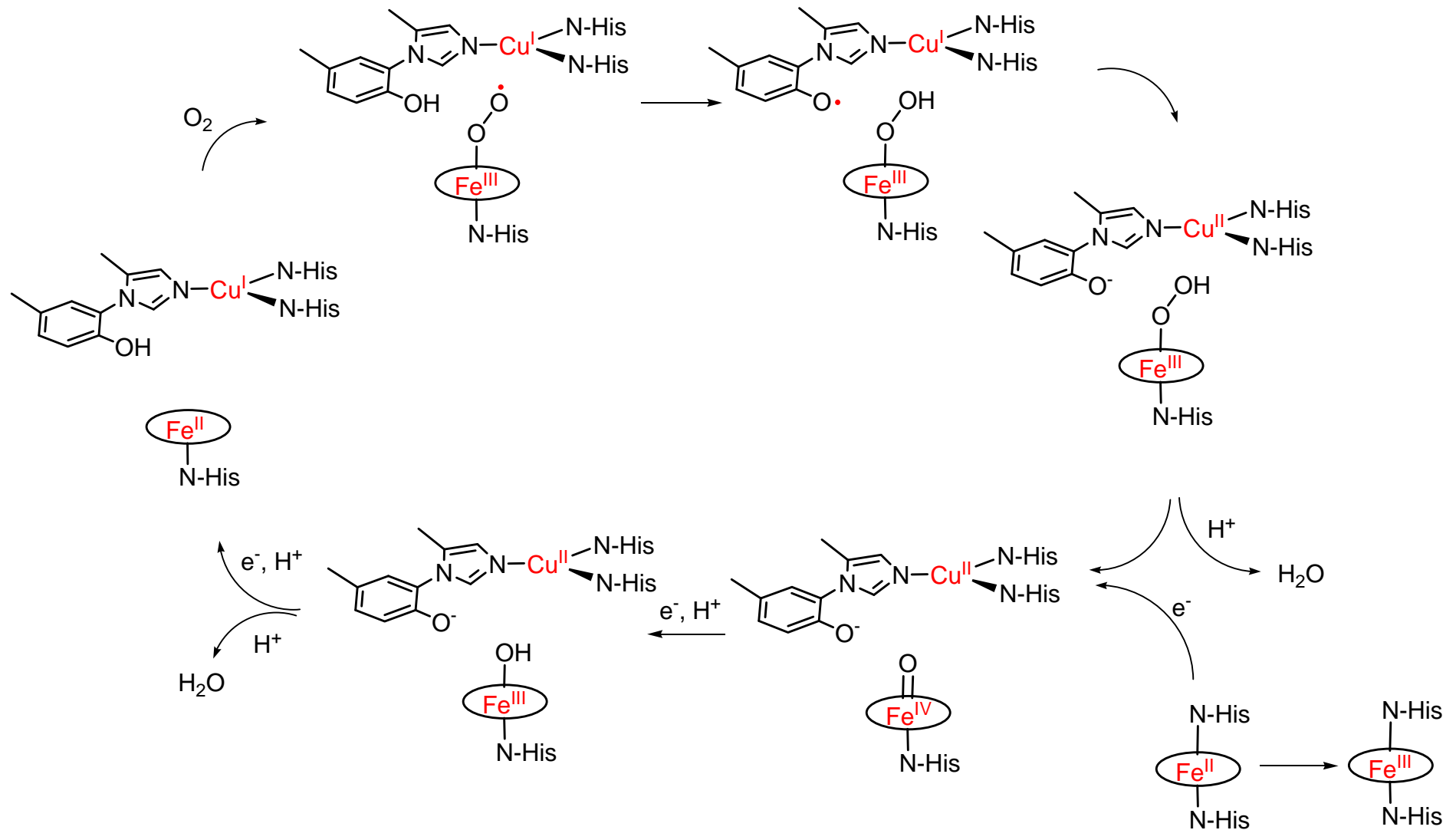
Struktur des Peroxid-Komplexes



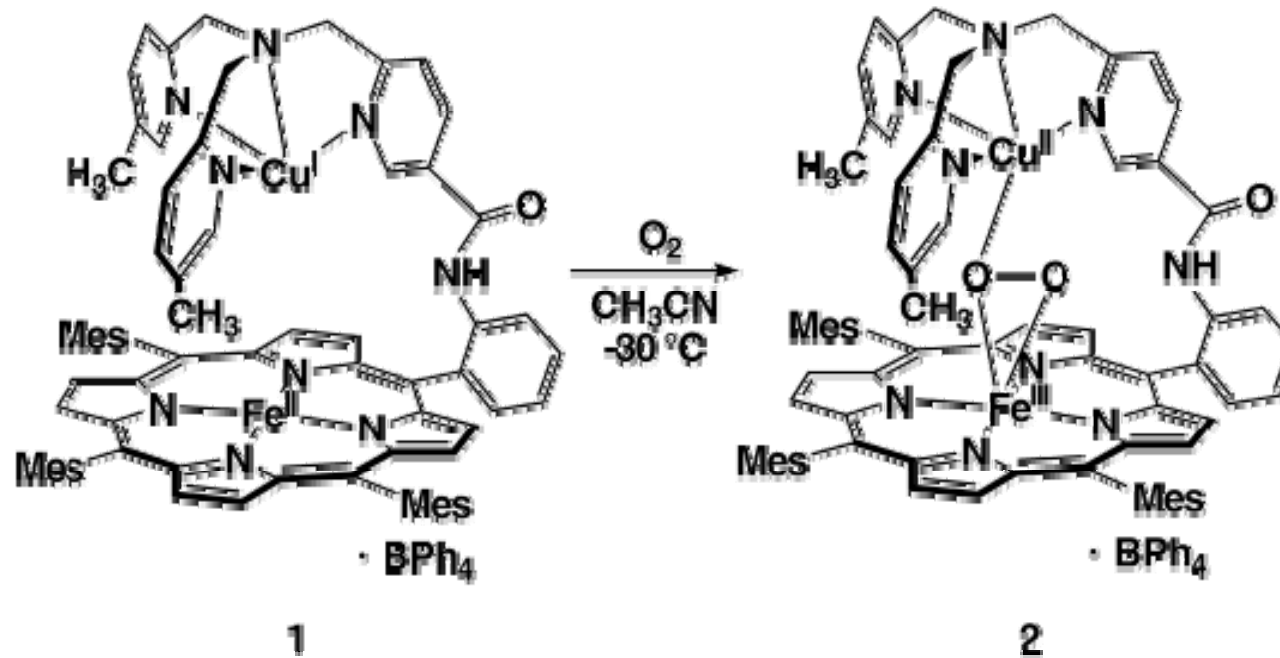
Fakten:

Peroxid-Komplex ist inaktiv
 zeitaufgelöstes Resonanz-Raman:
 O_2 -Bindung wie Hämoglobin
 EPR: Tyrosin-Radikal

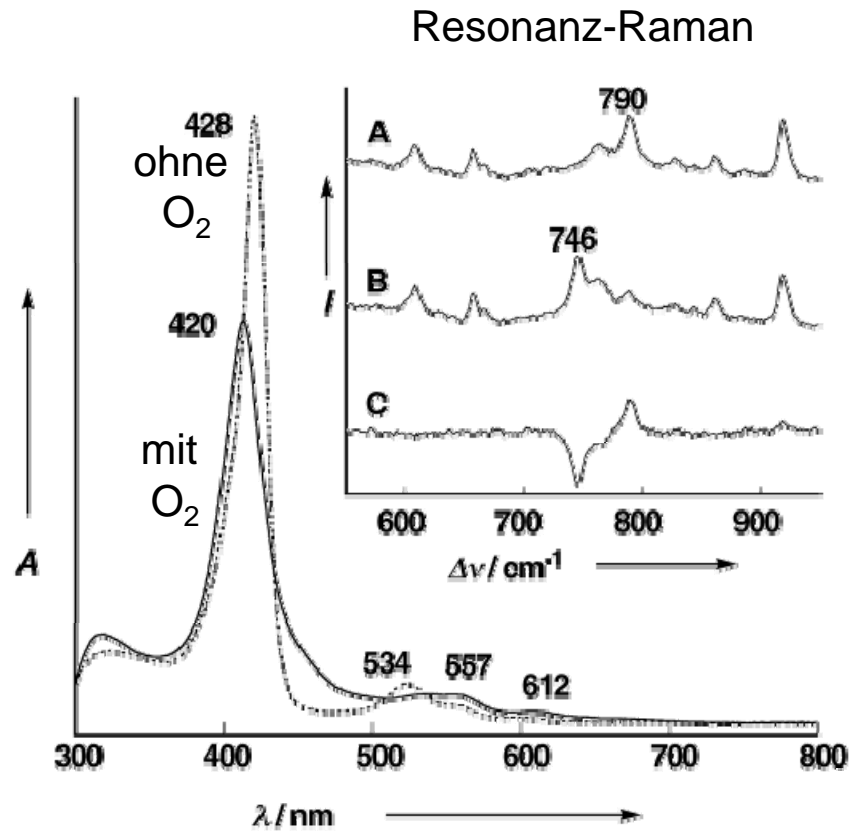
Das Atmungsferment: Cytochrom c Oxidase



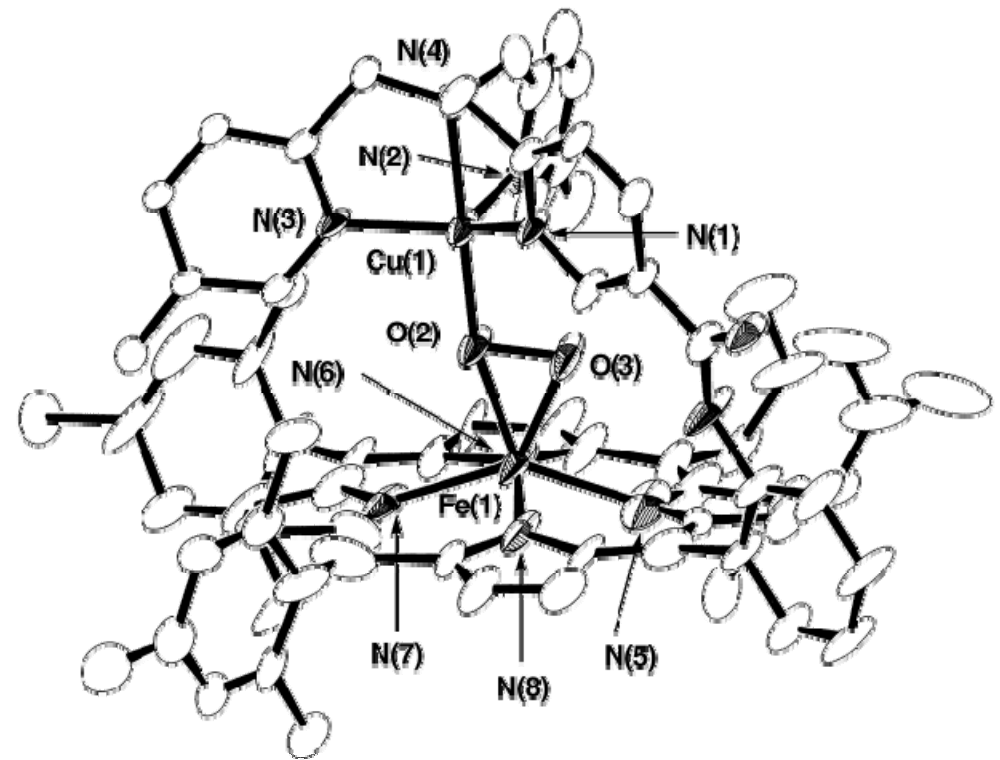
Cytochrom c Oxidase: Modellverbindungen



Cytochrom c Oxidase: Modellverbindungen

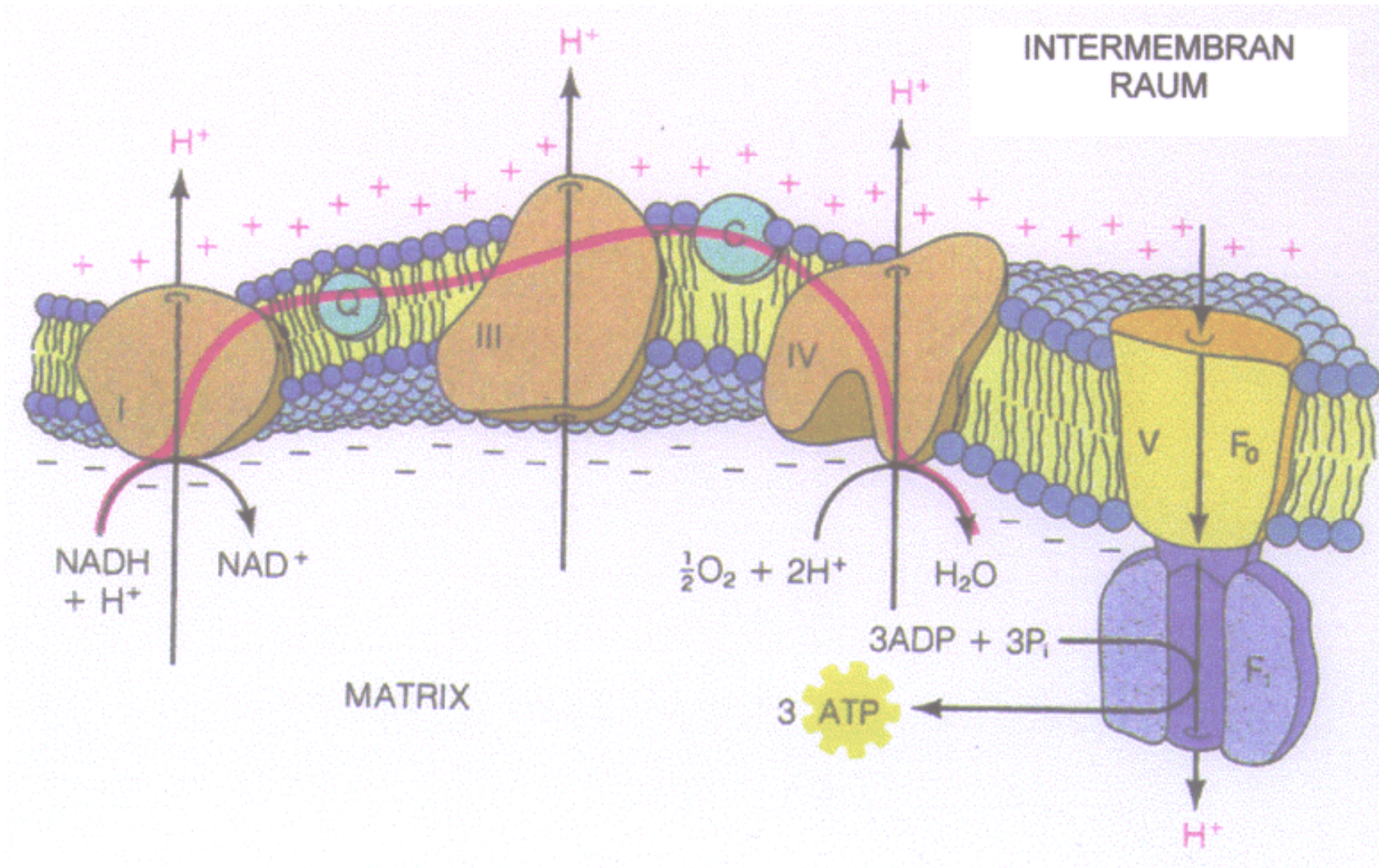


$\mu_{\text{eff}} = 4.95 \mu_{\text{B}}$
T-unabhängig

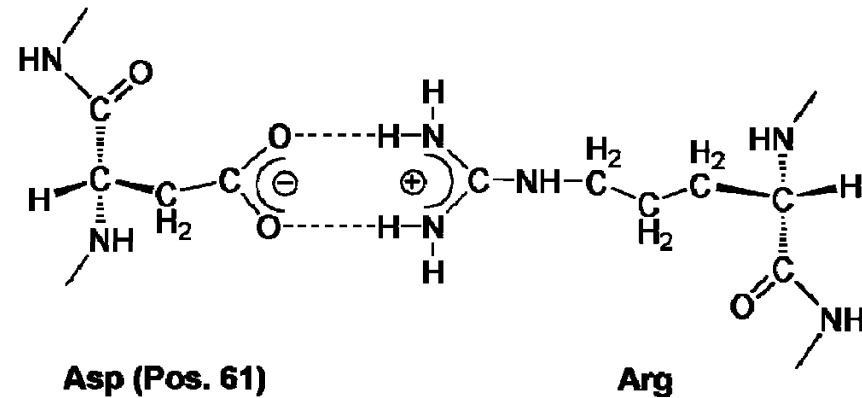
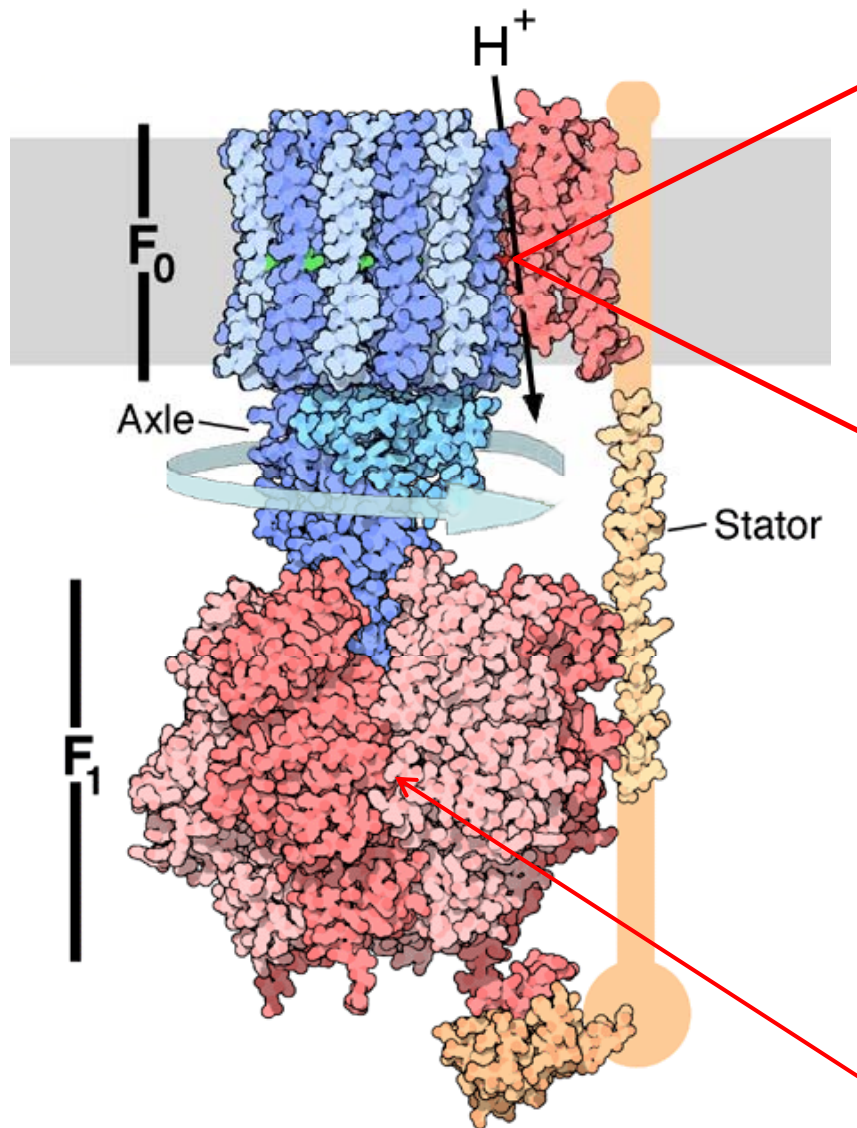


Fe-O2	2.031
Fe-O3	1.890
Cu-O2	1.915

Das Atmungsferment: Cytochrom-c-Oxidase



Nur zum Verständnis: Die ATP-Synthase



Asp (Pos. 61)

Arg



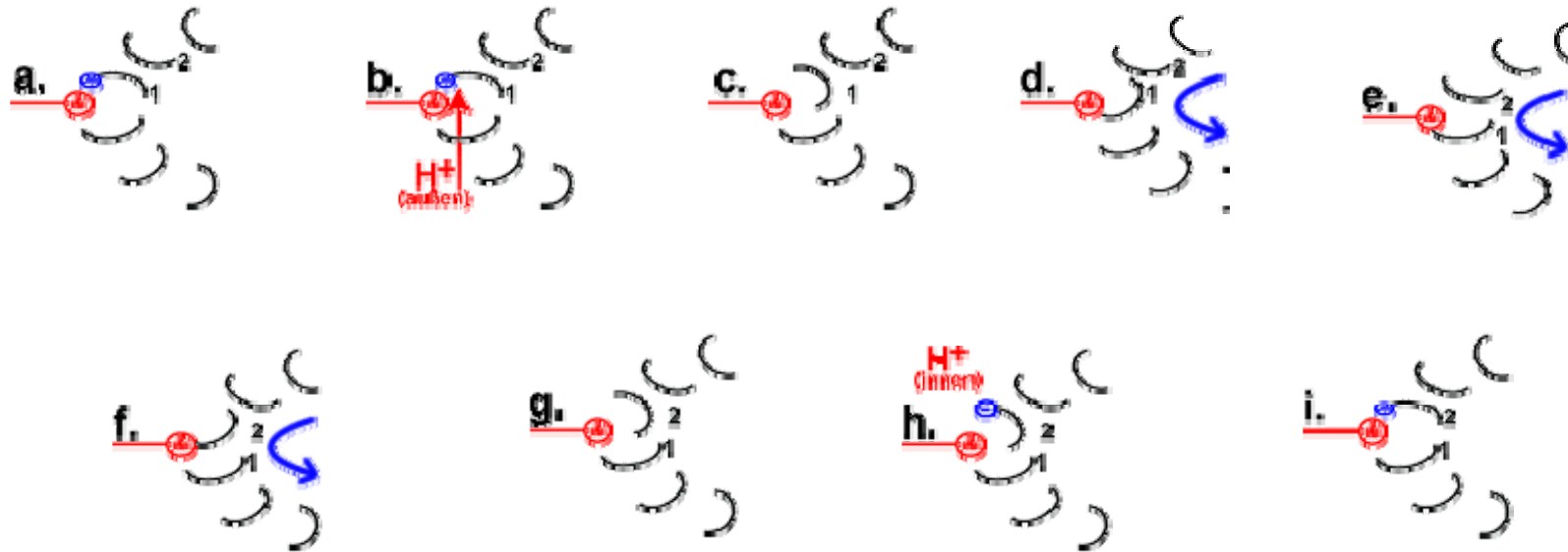
Lösen und Bilden dieser
H-Brückenbindung durch
H⁺-Gradient

„ein Protonen-getriebenes Mühlrad“
(siehe nächste Folie)

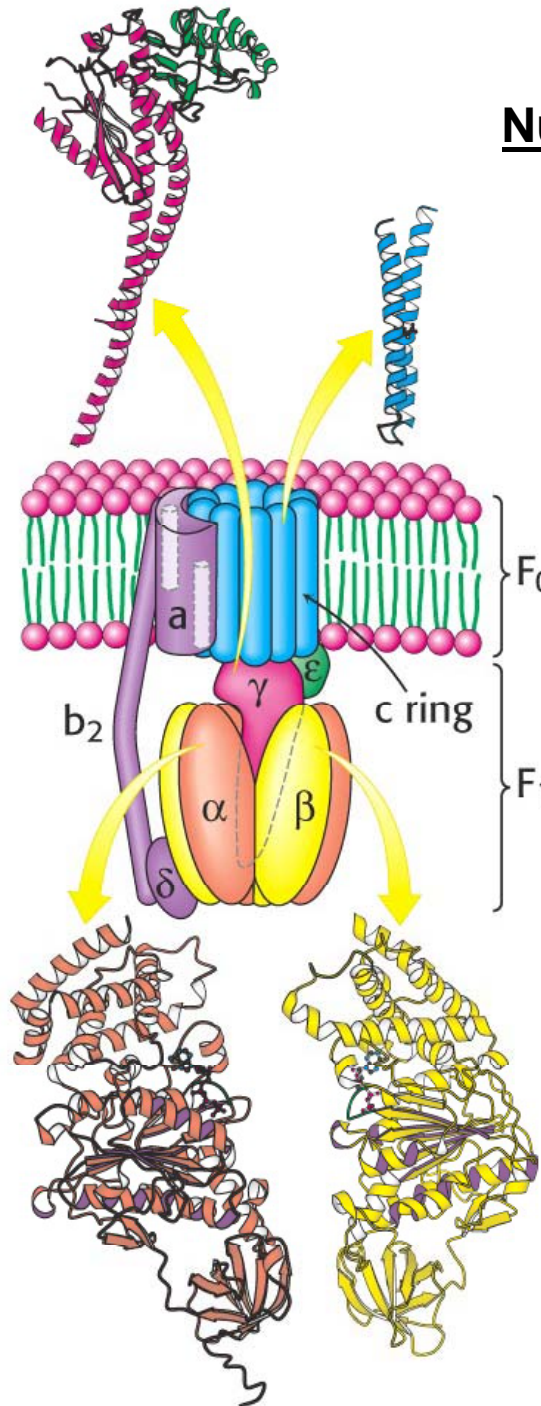


Affinitäts-
kontrolle

Nur zum Verständnis:
das „Mühlrad“ der Die ATP-Synthase



Nur zum Verständnis: Die ATP-Synthase



Protonenkanal:

10-14 c-Einheiten, 1 a Einheit
2 b Einheiten (Verbindung)

Rotor: F₀ und $\gamma\varepsilon$ -Stiel

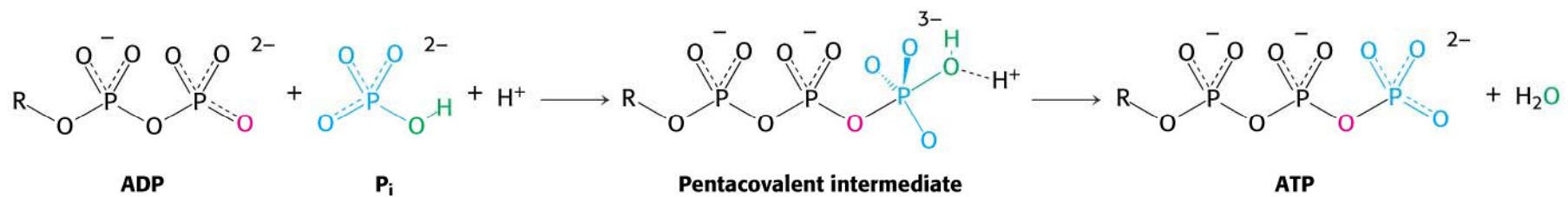
Stator: Rest des Komplexes

katalytische Einheit:

$\alpha_3, \beta_3, \gamma, \delta, \varepsilon$

β bindet ATP und ADP!!!

Nur zum Verständnis: Die ATP-Synthase

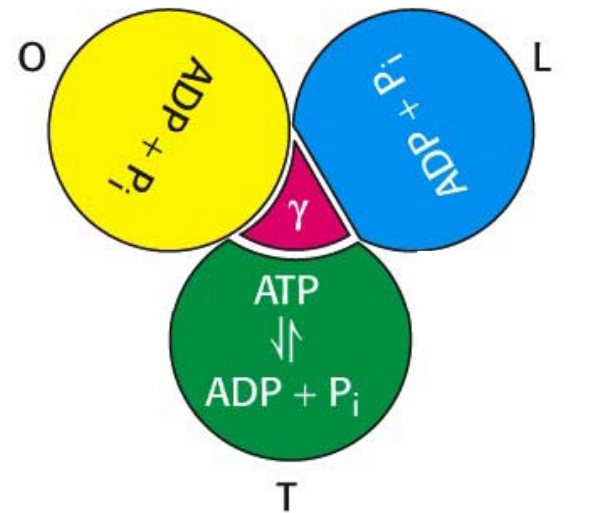
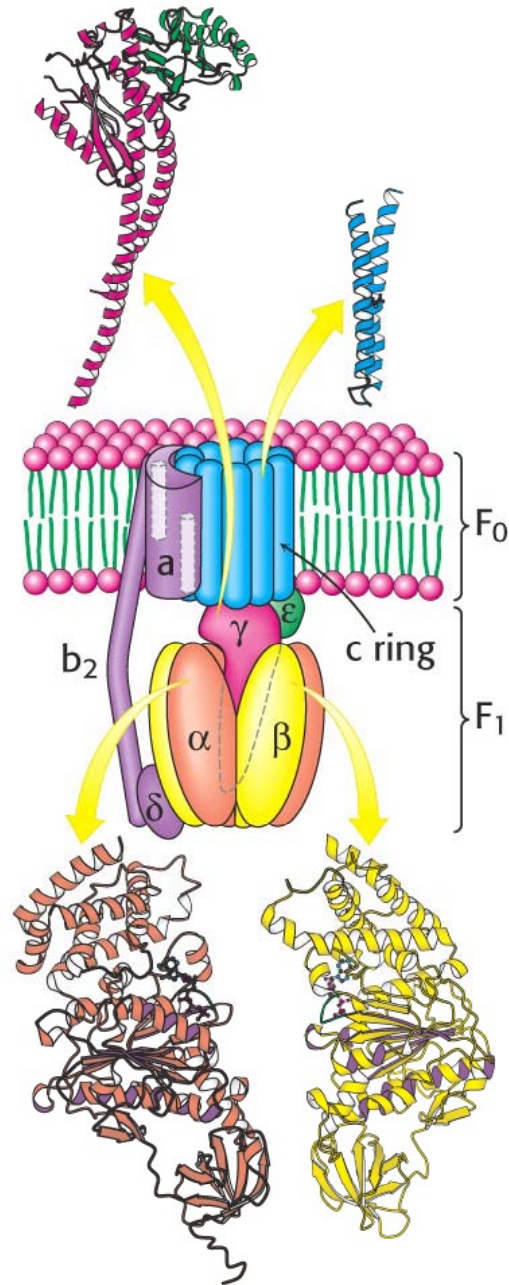


-ATP bildet sich an der F1-Einheit auch ohne Protonenfluss!!

-Die Funktion des Protonenflusses ist daher nicht die Bildung, sondern die Freisetzung von ATP von der Synthase

Der Mechanismus des Bindungswechsels an der β -Einheit der Synthase

Die γ -Einheit kann die Bindung von ATP modulieren
T (tight)-, **L**(loose)-, und **O** (open)-Konformationen



Der Mechanismus des Bindungswechsels an der β -Einheit der Synthase

Das Rotieren von γ ändert die Affinität der β -Untereinheiten
von **T** (ATP-Synthese)
über **L** (intermediärer Zustand)
zu **O** (Bindung und Freisetzung von ATP)

