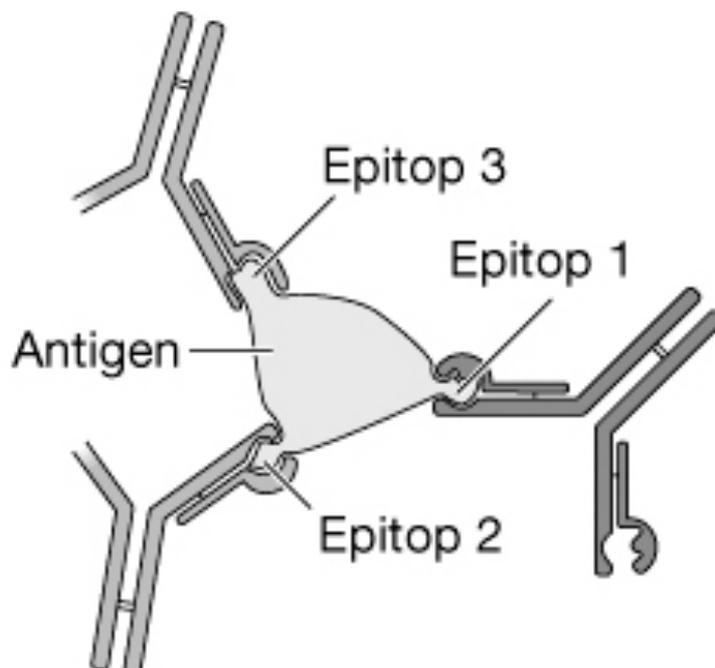


Musterlösung zu den Aufgaben 1–3, S. 8/9 (Aufbau und Funktion von Antikörpern)

- (1) (a) 2 Disulfidbrücken zwischen den 2 schweren Ketten, je eine Disulfidbrücke zwischen leichter und schwerer Kette, also total 4 Disulfidbindungen.
- (b) 1. Disulfidbrücke zwischen der schwefelhaltigen AS Cystein (Cys) an Position 237 der schweren Kette 'B' und zwischen Cys an Position 237 der 2. schweren Kette 'D'.
 2. Disulfidbrücke zwischen Cys an Position 240 der schweren Kette 'B' und zwischen Cys an Position 240 der 2. schweren Kette 'D'.
 3. Disulfidbrücke zwischen der schwefelhaltigen AS Cystein (Cys) an Position 235 der schweren Kette 'B' und zwischen Cys an Position 214 der leichten Kette 'A'.
 4. Disulfidbrücke zwischen Cys an Position 235 der schweren Kette 'D' und zwischen Cys an Position 214 der leichten Kette 'C'.
- (c) Die Disulfidbrücken befinden sich in der Gelenkregion respektive in deren unmittelbarer Nähe.
- (d) Vgl.: <https://www.swisseduc.ch/chemie/molmod/anwendungen/antikoerper/erkennung/> (bzw. die Lösung auf der nächsten Seite).
- (e) Vgl.: <https://www.swisseduc.ch/chemie/molmod/anwendungen/antikoerper/erkennung/>
- (2) Die Abbildung zu den Segmenten der leichten Kette (Abb. 11) bezieht sich offenbar auf die lambda-Kette. Die Anzahl der Segmente im Falle einer kappa-Kette findet sich im Text auf der Seite 10.
 Es sind 8262 verschiedene Kombinationen der Segmente bei der schweren Kette möglich:
 $51 \text{ V-Segmente} \cdot 27 \text{ D-Segmente} \cdot 6 \text{ J-Segmente} = 8262$ verschiedene schwere Ketten.
- (3) (a) 1 Kohlenhydratkette
 2 Disulfidbrücken
 3 variable Region
 4 Gelenkregion
 5 leichte Polypeptidkette
 6 schwere Polypeptidkette
 7 konstante Region: Proteine mit gleicher Aminosäuresequenz (= gleicher Primärstruktur) bei allen IgG-Antikörpern
- (b)



Musterlösung zur Aufgabe 1d, S. 9 (Antigen-Erkennung)

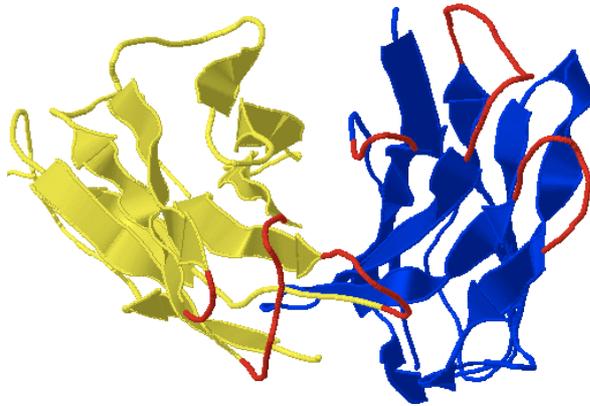


Abb. 4: Blick von oben auf das Ende, also quasi die 'Hände' eines 'Antikörperarms' von IgG: Sowohl der variable Teil der leichten Kette VL (gelb) als auch der variable Teil der schweren Kette VH (blau) trägt je 3 CDR (rot).

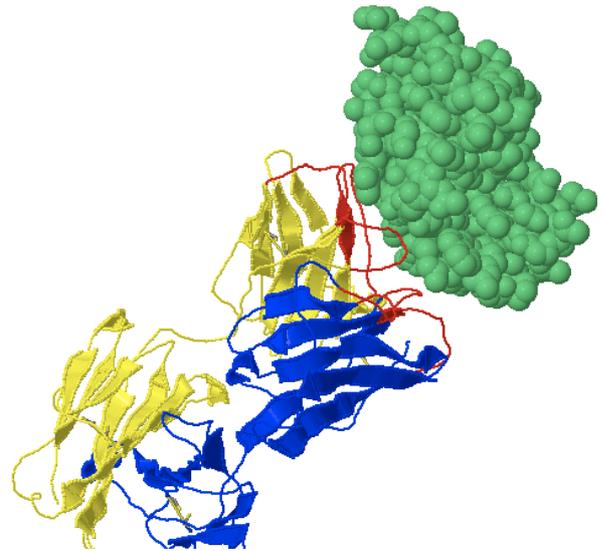


Abb. 5: Bindung des Antigens Lysozims (grün, im Kalottenmodell) an die Antigenbindungsstelle eines spezifischen Abwehrkörpers vom Typ IgG. Dargestellt ist nur der untere Teil eines 'Arms' (Bändermodell) des Ig-Moleküls.

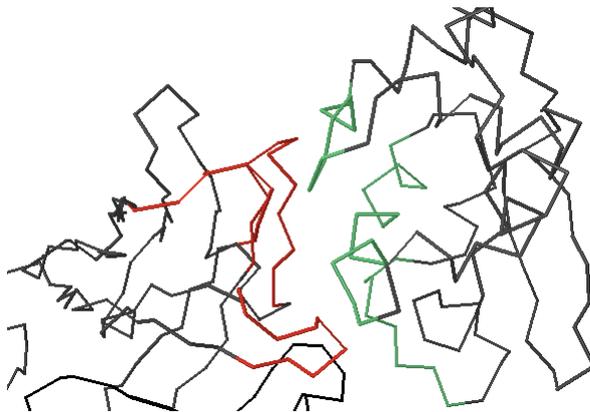


Abb. 6: Komplementarität der 3D-Struktur von Epitop und Paratop bei der Antigen-Antikörper-Bindung am Beispiel von Lysozym. Dargestellt (im Drahtmodell) ist hier nur ein Ausschnitt der Abb. 5, nämlich im Wesentlichen die 3 CDR's (rot) der leichten Kette mit den Nachbaratomen des Lysozims (grün).

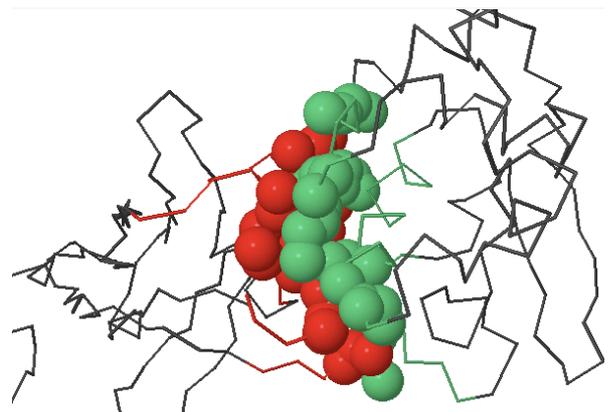


Abb. 7: Molekulare Wechselwirkung (Schlüssel-Schloss-Prinzip) bei der Antigen-Antikörper-Bindung am Beispiel von Lysozym und IgG. Durch die komplementären Oberflächen (entsprechende Atome in Kalotten-Darstellung) können starke VdW-Kräfte wirksam werden, welche die Bindung von Ag und Ab verursachen.