

Aufgabe 1 (10P)

Aufbau und Funktionen der Zelle

	Eukaryoten	Prokaryoten	
a) Aufbau	komplex	einfach	(1P)
Zellkern	ja	nein	(1P)
Lebensfähig unter extremen Bedingungen	nein	ja	(1P)
Zellhüllen	Membran	Zellwand + Membran	(1P)
DNA	Chromosom im Zellkern	ringförmige DANN im Zytoplasma	(1P)
Differenzierung	sehr	kaum	(1P)

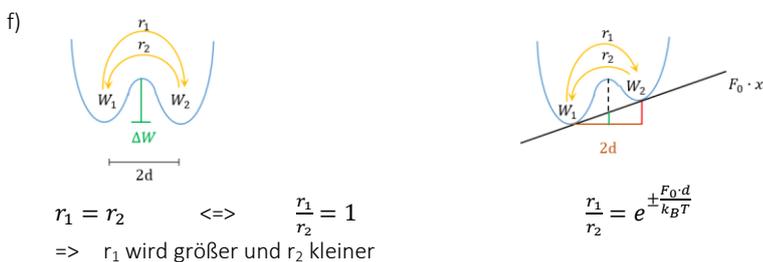
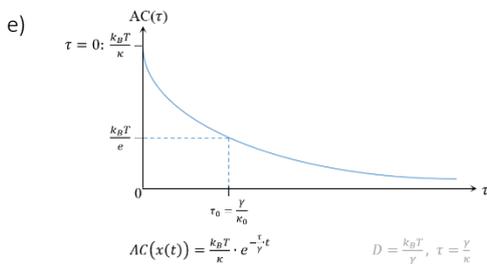
b) Ribosomen	(1/2P) Proteinfabriken	+	(1/2P) Ablesen der RNA zur Proteinsynthese
Mitochondrien	Energiekraftwerke	→	Produktion von ATP
Zytoskelett	Gerüst der Zelle	→	Zellbewegung und Vesikeltransport
Zellkern	Schaltzentrale	→	Chromosom-DNA und RNA-Synthese

Zelluläre Bewegung und Kräfte

- c) ATP-Hydrolyse: $G_{ATP} \approx 25 k_B T \approx 100 \text{ pN} \cdot \text{nm}$, $k_B T \approx 4 \text{ pN} \cdot \text{nm}$
 Leistung Bakterium: $P_{ATP} = 500 \cdot 100 \text{ pN} \cdot \text{nm} \cdot \text{s}^{-1} = 50 \cdot 10^3 \text{ pN} \cdot \text{nm} \cdot \text{s}^{-1} = 50 \text{ pN} \cdot \mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$
 Arbeit in 10 s: $\Delta W = P_{ATP} \cdot \Delta t \cdot \eta = 50 \text{ pN} \cdot \mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1} \cdot 10 \text{ s} \cdot 50\% = 250 \text{ pN} \cdot \mu\text{m} = 62,5 k_B T$
- d) Geschwindigkeit: $v = 30 \mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$, $\gamma = 3\pi D\eta \approx 19 \cdot 10^{-3} \mu\text{m} \cdot \text{N} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s} = 19 \cdot 10^{-9} \text{ N} \cdot \text{m}^{-1} \cdot \text{s}$
 Reibungskraft: $F_\gamma = \gamma \cdot v = 570 \cdot 10^{-9} \mu\text{m} \cdot \text{N} \cdot \text{m}^{-1} = 5,7 \cdot 10^{-10} \text{ pN} = 0,57 \text{ zN}$
 Leistung: $P = F_\gamma \cdot v = 0,57 \text{ zN} \cdot 30 \cdot 10^3 \text{ nm} \cdot \text{s}^{-1} = 17,1 \frac{\text{aN} \cdot \text{nm}}{\text{s}} = 17 \cdot 10^{-27} \text{ W}$
- e) Abbremszeit: $\tau = \frac{m}{\gamma} = \frac{10^{-15} \text{ N} \cdot \text{s}^2 \cdot \text{m}^{-1}}{19 \cdot 10^{-9} \text{ N} \cdot \text{m}^{-1} \cdot \text{s}} = 0,53 \cdot 10^{-6} \text{ s}$

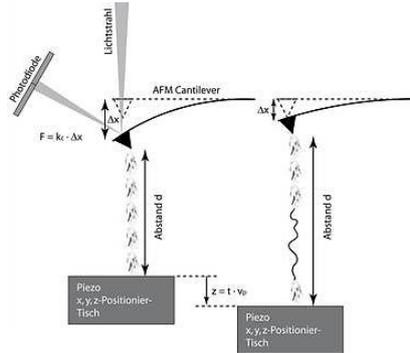
Aufgabe 2 – aus Kapitel 2 (6P)

- a) Autokorrelationszeit: $\tau_0 = \frac{\gamma}{\kappa} = \frac{10}{10} \frac{10^{-9} \text{ N} \cdot \text{m}^{-1} \cdot \text{s}}{10^{-12} \text{ N} \cdot 10^6 \text{ m}^{-1}} = 10^{-3} \text{ s} = 1 \text{ ms}$
- b) Thermisches GG: $F_{th} = F_\kappa \Leftrightarrow \frac{1}{2} k_B T = \frac{1}{2} \kappa \cdot \langle \Delta x^2 \rangle$
 Fläche: $A = \langle \Delta x^2 \rangle \cdot \pi = \frac{k_B T}{\kappa} \cdot \pi \approx \frac{4 \text{ pN} \cdot \text{nm}}{10 \cdot 10^{-3} \text{ pN} \cdot \text{nm}^{-1}} \cdot \pi \approx 1257 \text{ nm}^2$
- c) Krafteinwirkung: $F = \kappa \cdot \Delta x = 10 \text{ pN} \cdot \mu\text{m}^{-1} \cdot 0,5 \mu\text{m} = 5 \text{ pN}$
 Energie: $W = \frac{dF}{dx} = \frac{1}{2} \kappa \cdot \Delta x^2 = \frac{1}{2} F \cdot \Delta x = \frac{1}{2} \cdot 5 \text{ pN} \cdot 500 \text{ nm} = 1250 \text{ pN} \cdot \text{nm} \approx 312,5 k_B T$
- d) Escape time: $\tau = \tau_0 \cdot e^{\frac{\Delta W}{k_B T}} = \frac{\gamma}{\kappa} \cdot e^{\frac{\Delta W}{k_B T}} = 30 \text{ s}$ mit $\Delta W = 9 k_B T$
 Krümmung des Pots: $\kappa = \frac{\gamma}{\tau} \cdot e^{\frac{\Delta W}{k_B T}} = \frac{10 \text{ nN} \cdot \text{m}^{-1} \cdot \text{s}}{30 \text{ s}} \cdot e^9 = 2701 \text{ nN} \cdot \text{m}^{-1} = 2,7 \text{ pN} \cdot \mu\text{m}^{-1}$



Aufgabe 3 – aus Kapitel 3/10 (5P)

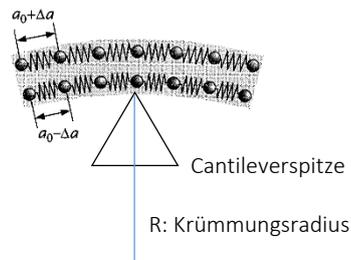
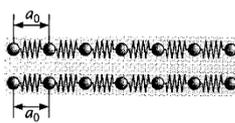
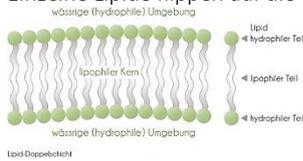
- a) Feine Messspitze am Ende eines Cantilevers wird durch WW mit Oberflächen oder Molekülen ausgelenkt. Die Auslenkung wird über einen reflektierten Laser mittels eines PSD gemessen.



b) AFM-Energie: $\Delta W_{AFM} = \dot{F}(\Delta z) = \frac{1}{2} \kappa_{AFM} \cdot \Delta z^2 = \frac{1}{2} \cdot 0,1 \text{ nN} \cdot \mu\text{m}^{-1} \cdot (0,1 \mu\text{m})^2 = 0,5 \text{ pN} \cdot \mu\text{m} = 500 \text{ pN} \cdot \text{nm}$
 $\Delta W_{AFM} \approx 125 k_B T = \Delta W_{bend}$

c) Helfrich-Gleichung: $\Delta W_{bend} = \Delta G_{bend} = K_b \cdot \kappa_m^2 \cdot a = K_b \cdot \frac{1}{R_m^2} \cdot a = 125 k_B T$
 Verbogene Fläche: $a = \frac{\Delta W_{bend} \cdot R_m^2}{K_b} = \frac{125 k_B T \cdot (0,2 \mu\text{m})^2}{10 k_B T} = 0,5 \mu\text{m}^2$

- d) Einzelne Lipide flippen auf die andere Seite!



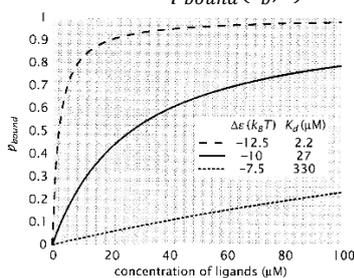
Aufgabe 4 – aus Kapitel 4 (8P)

a) Freies Volumen: $V_{rest} = V_{rkt} - V_{rec} = 0,1 \mu\text{m}^3 - 0,01 \mu\text{m}^3 = 0,099 \mu\text{m}^3$
 Freie Gitterplätze: $\Omega_0 = \frac{V_{rest}}{V_{lig}} = \frac{0,90}{0,01} = 90$
 Zustandssumme: $Z_0 = \frac{\Omega!}{L!(\Omega-L)!} = \frac{90!}{10!80!} = 5,72 \cdot 10^{12}$
 Entropie: $S_0 = k_B \cdot \ln Z_0 = 29,4 \cdot k_B$

b) Energie im:
 ungebunden Zustand: $G_{nb} = L \cdot \epsilon_{sol} = 10 k_B T$
 gebunden Zustand: $G_b = (L - 1) \cdot \epsilon_{sol} + \epsilon_b = 9 k_B T + 10 k_B T = 19 k_B T$
 Freiwerdende Energie: $\Delta G = 9 k_B T$

c) Zustandssumme im:
 Gebundenen Zustand: $Z_b = \frac{\Omega!}{(L-1)!(\Omega-L+1)!} = \frac{90!}{9!81!} = 7,06 \cdot 10^{11}$
 Entropieänderung: $\Delta S = S_0 - S_b = k_B \cdot \ln Z_0 - k_B \cdot \ln Z_b = k_B \cdot \ln \frac{Z_0}{Z_b} = 2,1 \cdot k_B$

- d) Die Wahrscheinlichkeit $p_{bound}(\epsilon_b, \frac{L}{\Omega})$ ist die Summe der Wahrscheinlichkeiten, dass ein Ligand bindet über die Summe aller Wahrscheinlichkeiten für gebundene und ungebundene Liganden. Drückt man die Ligandenkonzentration c über $\frac{L}{\Omega}$ aus, so findet man die Hill-Funktion $p_{bound}(\epsilon_b, c)$ für verschiedene Bindungsenergien:

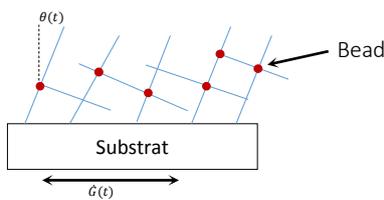


Aufgabe 5 – aus Kapitel 5 (9P)

- a) 20 (22) proteinogene AS
 Nonapeptid: $N = 20^9$ Möglichkeiten
 Codon (3 Nukleotide): $N = 4^3$ Möglichkeiten
 Translation/Protein-Biosynthese im Ribosom
- b) Links: Protein-Rückgrat mit α -Helices und β -Faltblättern
 Rechts: Protein-Seitenketten
- c) HP-Toy-Modell:
 - Man unterscheidet nur 2 Arten von Aminosäuren: H für hydrophobe und P für polare AS
 - In der Summe wenig idealisierte Konformationen auf einem 2D-Gitter
 - Nativer N-Zustand ist der energetische Grundzustand = gefaltet
 - Denaturierter D-Zustand ist energetisch angeregt = entfaltet
 - Faltungstrichter: komplexe Potentiallandschaft $G(x)$, die den Kollaps der AS-Kette vom D- in den N-Zustand beschreibt
- d) Entfaltungsexperiment:
 - Protein einspannen zwischen Wand und beweglicher Spitze des AFM bzw. Beadoberfläche der Pinzette. Dann Kraft ausüben (ziehen) und das Entfalten des Proteins mit einer messbaren Kraftkurve $F(x)$ bzw. $F(z)$.
 - Dadurch ändert sich die Übergangsrate $r_u(F)$ in den entfalteten Zustand und man kann Teile der Energielandschaft $G(x)$ rekonstruieren.

Aufgabe 6 – aus Kapitel 6/7 (8P)

- a) Statische Balkengl.: $M = \frac{E \cdot I}{R}$
 Biegesteifigkeit: $E \cdot I = M \cdot R = 2 \cdot 10^{-18} \text{ N} \cdot \text{m} \cdot 15 \mu\text{m} = 30 \cdot 10^{-24} \text{ N} \cdot \text{m}^2$
- b) Persistenzlänge: $L_p = \frac{E \cdot I}{k_B T} = \frac{30 \cdot 10^{-24} \text{ N} \cdot \text{m}^2}{4 \cdot 10^{-21} \text{ N} \cdot \text{m}} = 7,5 \cdot 10^{-3} \text{ m} = 7,5 \text{ mm}$
 - Die Länge, mit der man eine Schlaufen bilden kann
 - Die Länge, bei der die Biegung des Polymers bei s in fast keinem Zusammenhang mit der Biegung bei $s + L_p$ steht
 - Die Länge über die die Korrelation der Tangentenrichtung $\cos(\theta(s))$ bzw. die Biegung auf $1/e$ abgefallen ist
- c) Aus der Histogrammbreite σ von $p(x) = p_0 \cdot e^{-\frac{W(x)}{k_B T}}$ lässt sich $W(x) \approx \frac{1}{2} \kappa \cdot \langle \Delta x^2 \rangle$ ablesen. Aus $\langle \Delta x^2 \rangle = L \cdot \langle \Delta \theta^2 \rangle$ erhält man $W(\theta) = \frac{1}{2} \kappa \theta \cdot \langle \Delta \theta^2 \rangle = \frac{1}{2L} (L_p \cdot k_B T) \cdot \langle \Delta \theta^2 \rangle = \frac{1}{2} k_B T$ und somit $L_p = \frac{2L}{\langle \Delta \theta^2 \rangle}$
- d) Man lässt ein Substrat und ?? schwingen und misst über Bead?? die Phasenverzögerung $\rho(\omega)$ zwischen Auslenkung und Verformung. $\hat{G}(\omega)$ und $\check{G}(\omega)$ lassen sich einfach aus bestimmen.



- e) $\hat{G}(\omega)$ bzw. $\check{G}(\omega)$ beschreiben das Speicher- bzw. Verhaltensmodul wobei $G(\omega) = \hat{G}(\omega) + i\check{G}(\omega)$