
Gedächtnisprotokoll Aktuelle Themen der Biochemie 2026

Ersttermin

1. (a) Wie lautet die Signalkaskade nach Bindung von GLP-1 an seinen Rezeptor? (1P)
 - ☐ $G_{\alpha i}$ → Inhibierung der Adenylatcyclase → keine cAMP mehr vorhanden
 - ☐ $G_{\alpha s}$ → Aktivierung der Adenylatcyclase → mehr cAMP-Bildung → Aktivierung PKA
 - ☐ $G_{\alpha q}$ → Aktivierung der Phospholipase C → PIP_2 zu IP_3 und Ca^{2+} , kein cAMP beteiligt
 - ☐ Direkte Kopplung mit einem Ionenkanal, kein G-Protein beteiligt

(b) Beschreiben Sie aus welchem Vorgängerprodukt GLP-1 wo gebildet wird. Nennen Sie mindestens zwei physiologische Wirkungen von GLP-1. (2P)

2. (a) Wie ist der Energiegehalt von Nährstoffen in kcal richtig geordnet? (1P)
 - ☐ Fett $\approx 9 >$ Kohlenhydrat $\approx 4 =$ Protein ≈ 4
 - ☐ Protein $\approx 9 >$ Kohlenhydrat $\approx 4 =$ Fett ≈ 4
 - ☐ Kohlenhydrat $\approx 9 >$ Fett $\approx 4 >$ Protein ≈ 2
 - ☐ Alle drei haben ungefähr den gleichen Energiegehalt

(b) Erklären Sie das Prinzip der energetischen (thermodynamischen) Kopplung, welche Rolle spielt ATP dabei? Gehen Sie auch auf die metabolische Effizienz ein. (2P)

3. Benennen Sie, z.B. mit einer Skizze, den Aufbau des Insulinrezeptors und seine Funktionsweise. (3P)

4. (a) Wie kann Massenspektrometrie für die Qualitätsüberwachung bei der Semaglutidherstellung verwendet werden? (1,5P)

-
- (b) Was ist das Proteom und wie kann seine Analyse dabei helfen, die Wirkung von GLP-1-Rezeptor-Agonisten besser zu verstehen? (1,5P)

5. Erklären Sie die Funktionsweise von chimären Sensoren, z.B. für Ca^{2+} . (3P)

6. (a) Welche Annäherungen werden in der klassischen Molekularmechanik getroffen? (1P)

1. Bindungen zwischen Atomen werden als Überlappungen der Orbitale angenähert.
2. Bindungen zwischen Atomen werden als Federn mit Kraft- und Gleichgewichtskonstante angenähert.
3. Atome werden als geladene Massepunkte genähert.

- ☐ Nur Aussage 1 ist richtig.
- ☐ Die Aussagen 2 und 3 sind richtig.
- ☐ Alle Aussagen sind richtig.
- ☐ Keine der Aussagen ist richtig.

(b) Für Computerberechnungen der Proteinstruktur gilt: (1P)

1. Homologe Modellierung und *ab-initio*-Vorhersage sind zwei Möglichkeiten der Strukturvorhersage.
2. Für jedes Protein gibt es nur eine einzige stabile Struktur.
3. *Ab-initio*-Vorhersagen sind sehr zeitaufwendig und nehmen viele Rechenressourcen in Anspruch.

- ☐ Nur Aussage 2 ist richtig.
- ☐ Die Aussagen 1 und 3 sind richtig.
- ☐ Alle Aussagen sind richtig.
- ☐ Keine der Aussagen ist richtig.

(c) Worauf wurde AlphaFold2 trainiert? (1P)

-
- ☐ Auf Sequenzdaten aus der Uni-Prot Datenbank und auf Strukturdaten aus der Proteindatenbank.
 - ☐ Nur auf Sequenzdaten aus der Uni-Prot-Datenbank.
 - ☐ Nur auf Strukturdaten aus der Proteindatenbank.
 - ☐ Keine der Aussagen ist richtig.

7. (a) Welche Aussage trifft zu? (1P)

- ☐ SCFAs werden durch bakterielle Fermentation aus unverdaulichen Ballaststoffen gebildet, die häufigsten sind Acetat ($\approx 60\%$), Butyrat ($\approx 20\%$) und Propionat ($\approx 20\%$).
- ☐ SCFAs werden von körpereigenen Enzymen gebildet, Bakterien spielen dabei keine Rolle.
- ☐ SCFAs haben ausschließlich negative Effekte, vor allem rufen sie Entzündungen hervor.
- ☐ Butyrat kann von den Kolonozyten nicht als Energiequelle genutzt werden.

(b) Butyrat ist eine wichtige SCFA mit vielen Funktionen. Nennen Sie mindestens zwei wesentliche Wirkungen in Darm bzw. Organismus. (2P)

8. Durch welche beiden Veränderungen wird die Halbwertszeit von Semaglutid im Blut erhöht? Wie wirken diese Modifikationen? (3P)