

## 2.2 Biologisch wichtige Makromoleküle



### Lerncoach

Dieses Buch ist kein Chemielehrbuch. Daher werden in diesem Kapitel nur solche biologisch wichtigen Moleküle besprochen, die für ein Verständnis nachfolgender Kapitel unerlässlich sind. Bei der Prüfungsvorbereitung sollten Sie sich daher parallel den Chemielehrstoff zu Kohlenhydraten, Lipiden, Nukleinsäuren und Proteinen erarbeiten.

### 2.2.1 Überblick und Funktion

Lebende Systeme sind durch ihre spezifische stoffliche Zusammensetzung gekennzeichnet. Charakteristisch für fast alle lebenden Organismen ist das Vorkommen bestimmter Makromoleküle, die wiederum aus definierten Grundbausteinen zusammengesetzt sind. Zu diesen Makromolekülen gehören **Strukturmoleküle** (Kohlenhydrate, einige Proteine, Phospholipide, rRNA), **Informationsträger** (DNA, RNA), **Reservestoffe** (Lipide, Kohlenhydrate) und **Enzyme** (Proteine). Grundlegende zelluläre Prozesse wie Membransynthese, Weitergabe der genetischen Information und Realisierung der genetischen Information lassen sich nur verstehen, wenn man sich über die Strukturprinzipien dieser Makromoleküle im Klaren ist.

### 2.2.2 Kohlenhydrate

Es gibt eine Vielzahl unterschiedlicher biologisch wichtiger Kohlenhydrate. Hier sollen nur zwei Gruppen besprochen werden, deren Kenntnis für das weitere Verständnis nötig ist.

#### D-Glucose – eine Hexose

Eine zentrale Rolle im Kohlenhydratstoffwechsel spielt die D-Glucose (Abb. 2.1). D-Glucose ist eine **Hexose**, was bedeutet, dass sie aus einem Gerüst aus 6 C-Atomen aufgebaut ist. Sie ist der Grundbaustein verschiedener Zucker.

Solche Zuckermoleküle können Ketten bilden (**polymerisieren**), indem zwei OH-Gruppen unter Wasserabspaltung miteinander verbunden werden (sog. O-glykosidische Bindung). Dann entstehen entweder gestreckte, unverzweigte Moleküle, die parallel angeordnet sind ( $\beta$ 1 $\rightarrow$ 4-Glucose bilden das Strukturkohlenhydrat **Zellulose** der Pflanzenzellwand) oder verzweigte Ketten ( $\alpha$ 1 $\rightarrow$ 4,1 $\rightarrow$ 6-Glucose bilden die Speicherkohlenhydrate **Glykogen** in tierischen Zellen oder **Stärke** in pflanzlichen Zellen).

#### Pentosen

Eine zweite wichtige Gruppe von Zuckern sind Pentosen, Zucker mit fünf C-Atomen. Zwei dieser Zucker

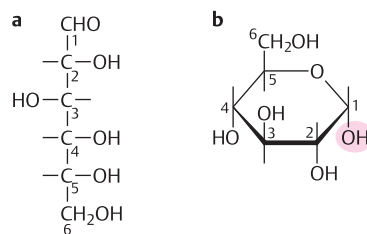


Abb. 2.1  $\alpha$ -D-Glucosemolekül. a Fischer-Projektion. b Haworth-Formel. Die Orientierung der farbige unterlegten OH-Gruppe bestimmt, ob  $\alpha$ -Konformation (hier gezeigt) oder  $\beta$ -Konformation vorliegt.

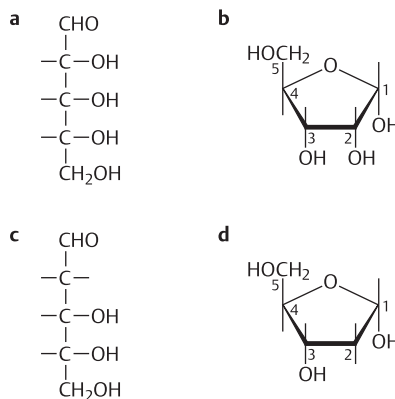


Abb. 2.2 Ribose (a,b) und 2'-Desoxyribose (c,d) in Fischer-Projektion und als Haworth-Formel. Die Moleküle unterscheiden sich durch das Vorhandensein (Ribose) bzw. Fehlen (2'-Desoxyribose) der OH-Gruppe am C-2-Atom.

sind für uns besonders wichtig, da sie zu den Bausteinen der Nukleinsäuren gehören: **Ribose** als Baustein der RNA und die **2'-Desoxyribose** als Baustein der DNA (Abb. 2.2).

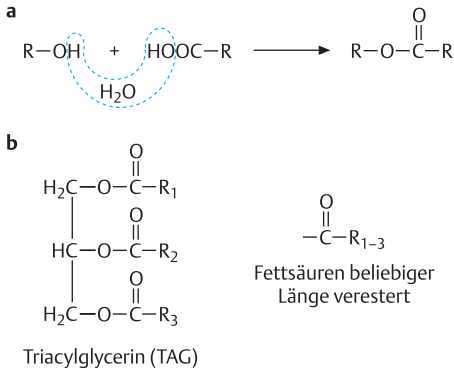
Auch die Pentosen können polymerisieren. Über Phosphatbrücken zwischen der OH-Gruppe am C-3-Atom des einen Moleküls und der OH-Gruppe am C-5-Atom eines weiteren Moleküls bilden sie unter Wasserabspaltung Ketten (Riboseketten in der RNA, Desoxyriboseketten in der DNA).

### 2.2.3 Lipide

Lipide sind Naturstoffe, die in Wasser unlöslich, in organischen Lösungsmitteln jedoch löslich sind. Sie werden häufig aus Fettsäuren (FS) gebildet.

#### Aufbau von Fettsäuren

Fettsäuren sind **Monocarbonsäuren** und bestimmen mit ihren **hydrophoben Alkylresten** die physikalischen Eigenschaften der Lipide. Die Carbonsäuregruppe ist hydrophil und kann verestert werden.



**Abb. 2.3 Triglyceridsynthese.** **a** Bildung einer Esterbindung zwischen einem Alkohol und einer Carbonsäure. **b** Bei der Veresterung von Glycerol mit drei Fettsäuren entsteht Triacylglycerol.

Fettsäuren unterscheiden sich durch die Länge ihrer Alkylreste und die Anzahl ihrer Doppelbindungen. **Gesättigte** Fettsäuren haben im Gegensatz zu **unge-sättigten** Fettsäuren keine Doppelbindungen.

Beispiele für Fettsäuren ( $HOOC-(CH_2)_nCH_3$ ) sind:

- n = 14 Palmitinsäure (C = 16)
- n = 16 Stearinsäure (C = 18)

Der menschliche Organismus kann bestimmte ungesättigte Fettsäuren nicht selbst synthetisieren. Solche Fettsäuren werden als **essenziell** bezeichnet, sie müssen über die Nahrung aufgenommen werden (z. B. Linolenat und Linolat).

**Triglyceride**

Fettsäuren bilden Ester mit mehrwertigen Alkoholen. Ein wichtiger Alkohol ist das dreiwertige **Glycerol** (drei OH-Gruppen). Jede der drei OH-Gruppen kann mit einem Fettsäuremolekül unter Wasserabspaltung reagieren. Dadurch entstehen Triglyceride, die als Speicherfette eine wichtige Rolle spielen (Abb. 2.3).

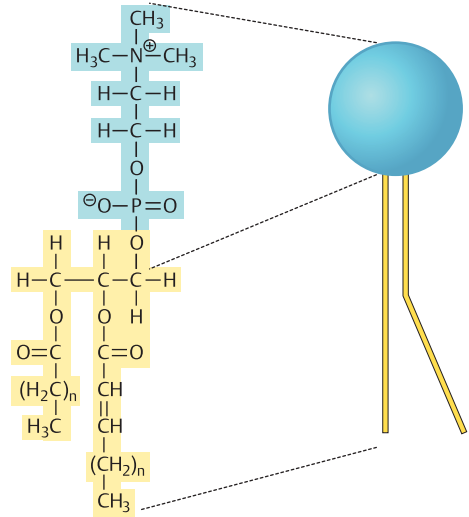
**Phospholipide**



**Lerntipp**

Im Folgenden werden die chemischen Eigenschaften der Phospholipide besprochen. Diese werden Ihnen im Kapitel Zytoplasmamembran (S. 23) wieder begegnen. Dort lernen Sie die große Bedeutung der Phospholipide für den Membranaufbau kennen.

In Phospholipiden sind zwei OH-Gruppen des **Glycerols** mit einer **Fettsäure** und die dritte OH-Gruppe mit einer **Phosphatgruppe** verestert, welche auf Grund ihrer OH-Gruppen weitere Reaktionen eingehen kann.



**Abb. 2.4 Lecithin (Phosphatidylcholin),** rechts schematisch dargestellt.

Ein sehr wichtiges Phospholipid ist das **Lecithin** (Phosphatidylcholin), bei dem eine OH-Gruppe des Phosphatrestes mit Cholin verknüpft ist (Abb. 2.4). Cholin enthält ein quarternäres, also vierfach substituiertes, positiv geladenes Stickstoffatom. In wässriger Lösung liegt die freie OH-Gruppe der Phosphatgruppe dissoziiert vor (dann ist sie negativ geladen) und das Molekül ist in sich neutral. Moleküle mit hydrophilen und hydrophoben Eigenschaften nennt man **amphipatisch**, d. h. sie sind sowohl hydrophob, bedingt durch die beiden Fettsäureschwänze, als auch hydrophil, bedingt durch den geladenen Kopf (Phosphatgruppe und Cholin). Eine der beiden Fettsäuren ist gesättigt (enthält keine Doppelbindungen), die zweite ist üblicherweise einfach oder mehrfach ungesättigt (enthält eine oder mehrere Doppelbindungen). Da Doppelbindungen starr sind, entsteht ein Knick im Molekül (Abb. 2.4).

Weitere für den Membranaufbau wichtige Phospholipide, die alle amphipatisch sind und damit ähnliche physikochemische Eigenschaften wie das Lecithin aufweisen, sind:

- **Phosphatidylserin:** wie Lecithin, aber mit Serin statt Cholin als hydrophilen Kopf,
- **Phosphatidylinositol:** wie Lecithin, aber mit Inositol statt Cholin als hydrophilen Kopf,
- **Phosphatidylethanolamin:** wie Lecithin, aber mit Ethanolamin statt Cholin als hydrophilen Kopf,
- **Diphosphatidylglycerol (Cardiolipin):** zwei Phospholipide sind über ihre Phosphatgruppen mit dem C-1- und C-3-Atom eines weiteren Glycerol-Moleküls verestert und

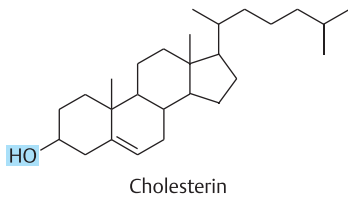


Abb. 2.5 Strukturformel von Cholesterin. Die polare Kopfgruppe ist farbig unterlegt.

- **Sphingophospholipide:** hier sind Fettsäure und Phosphatrest nicht an Glycerol gebunden, sondern an den Amino-Di-Alkohol **Sphingosin**. Sphingophospholipide sind ein wichtiger Bestandteil von Nervenzellmembranen.

### Glykolipide

Glykolipide sind Bausteine von Zellmembranen, insbesondere im Nervengewebe. Es handelt sich um zuckerhaltige Lipide, deren Grundgerüst an Stelle von Glycerol das langkettige Sphingosin bildet. Dieses reagiert mit einem Fettsäuremolekül und glykosidisch mit einem Zuckerrest.

### Cholesterin

Cholesterin regelt die Fluidität tierischer Zellmembranen. Es besteht aus einem hydrophoben Steroidgerüst und weist eine kleine hydrophile Kopfstruktur in Form einer einzigen OH-Gruppe auf (Abb. 2.5). Cholesterin lagert sich in die Lücken zwischen den Fettsäuremolekülen und beeinflusst so die Fluidität von Membranen (S.24).

### 2.2.4 Proteine

Proteine erfüllen eine Vielzahl von Funktionen. Sie sind zum einen wichtige **Strukturelemente** von Zellen und Geweben (z. B. Zytoskelett oder extrazelluläre Matrix), sie steuern als **Biokatalysatoren** (Enzyme) die zellulären Stoffwechselfvorgänge und fungieren als **Signalstoffe, Transporter, Speichersubstanzen** und **biologische Motoren**.

### Grundbausteine: Aminosäuren



#### Lerntipp

Zum Verständnis der vielfältigen Funktionen und Strukturen von Proteinen ist es wichtig, sich die Eigenschaften ihrer Grundbausteine, der Aminosäuren, klar zu machen! In diesem Kapitel wird Ihnen das Basiswissen dazu vermittelt. Weiterführende Informationen finden Sie in Lehrbüchern der Biochemie.

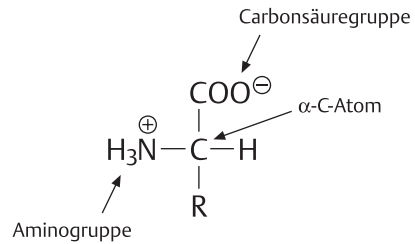


Abb. 2.6 Grundstruktur von α-Aminosäuren.

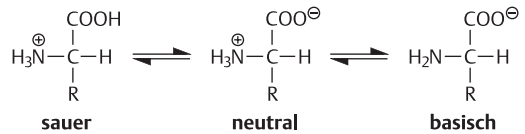


Abb. 2.7 Verhalten von Aminosäuren in wässrigen Lösungen.

Der Grundbaustein der Proteine sind α-Aminosäuren (AS). α-Aminosäuren sind organische Säuren, bei denen am Kohlenstoffatom, das auf die Carbonsäuregruppe folgt (dem α-C-Atom), ein Wasserstoffatom durch eine Aminogruppe ersetzt ist. Es gibt 22 verschiedene proteinogene, also in Proteinen vorkommende, Aminosäuren. Sie besitzen alle einen identischen Grundkörper und unterscheiden sich nur in ihrer Seitenkette, im sogenannten „Aminosäurerest“ R (Abb. 2.6). Beim Menschen werden nur 20 Aminosäuren durch den genetischen Code verschlüsselt.

Aminosäuren haben einen **amphoteren Charakter**, da sie je nach pH-Wert sowohl sauer als auch basisch reagieren können. In wässriger neutraler Lösung kann gleichzeitig die Carbonsäuregruppe dissoziiert und die Aminogruppe protoniert vorliegen; ist dies der Fall, so spricht man von der Bildung eines „inneren“ Salzes, da sowohl eine positive als auch eine negative Ladung vorhanden ist (Abb. 2.7). Bei Protonenüberschuss (saure Lösung) wird das freie Elektronenpaar des Stickstoffatoms protoniert, die Carbonsäuregruppe dissoziiert nicht, die Aminosäure ist insgesamt positiv geladen (wenn der Aminosäurerest R neutral ist!). Bei Protonenmangel (basische Lösung) dissoziiert die Carbonsäuregruppe, das Stickstoffatom wird nicht protoniert, die Aminosäure ist dann negativ geladen. Die unterschiedlichen Eigenschaften von Aminosäuren resultieren aus den **unterschiedlichen chemischen Eigenschaften** ihrer Reste „R“. Diese Reste können z. B. folgende Struktur besitzen:

- **Neutrale ungeladene unpolare AS**, z. B.: R=H (Glycin); R=CH<sub>3</sub> (Alanin),
- **neutrale ungeladene polare AS**, z. B. R=CH<sub>2</sub>OH (Serin); R=CHOH-CH<sub>3</sub> (Threonin),

Tab. 2.1

## Einteilung der Aminosäuren (AS) nach ihrer Essenzialität

nicht essenzielle AS	essenzielle AS
– Alanin	– Histidin (semiesenziell)
– Asparagin	– Arginin (semiesenziell)
– Aspartat	– Isoleucin
– Cystein	– Leucin
– Glutamat	– Lysin
– Glutamin	– Methionin
– Glycin	– Phenylalanin
– Prolin	– Threonin
– Serin	– Tryptophan
– Tyrosin	– Valin
– Selenocystein (selten)	

Die 22. AS Pylrolysin wurde in einem Archaeobakterium entdeckt.

- **saure AS** enthalten zusätzlich Carbonsäuregruppen im Rest, wie z. B. Glutamat und Aspartat,
- **basische AS** wie Lysin und Arginin enthalten zusätzlich Aminogruppen im Rest.

Weiterhin kann R noch verschiedene Gruppen enthalten, welche die physikochemischen Eigenschaften der Aminosäuren bestimmen:

- Eine **SH-Gruppe** im Cystein ermöglicht intra- und intermolekulare Disulfidbrückenbildung,
- **C-S-CH<sub>3</sub>-Gruppe** im Methionin,
- **Phenolring** im Phenylalanin,
- **Indolring** im Tryptophan.

Der menschliche Organismus kann nicht alle Aminosäuren selbst produzieren. Man unterscheidet daher zwischen **nicht essenziellen Aminosäuren** (Selbstproduktion) und **essenziellen Aminosäuren** (müssen mit der Nahrung zugeführt werden) (Tab. 2.1). **Semiesenzielle Aminosäuren** können nicht in ausreichendem Maße selbst hergestellt werden, sie müssen also zur Deckung des Bedarfs teilweise über die Nahrung aufgenommen werden.

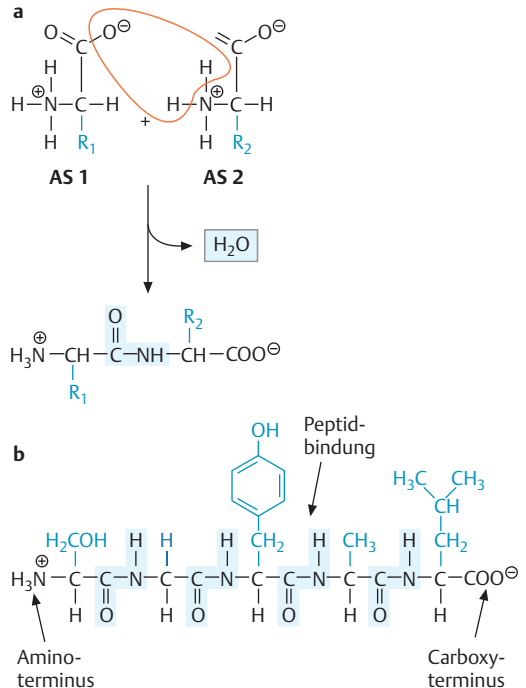
## Proteinstruktur

Die verschiedenen  $\alpha$ -AS sind durch die sogenannte **Peptidbindung** in Proteinen miteinander verknüpft. Dabei reagiert die COOH-Gruppe der einen AS unter Wasserabspaltung mit der NH<sub>2</sub>-Gruppe der nächsten. So entsteht eine Kette, aus der die Seitengruppen der Aminosäuren seitlich als Reste herausragen. Sie hat an einem Ende eine freie Carboxylgruppe (**Carboxyterminus**), am anderen Ende eine freie Aminogruppe (**Aminotermius**). Das Rückgrat der Kette bildet eine Triplettssequenz der Abfolge C-C-N (Abb. 2.8).

## MERKE

Proteine sind Polymere von  **$\alpha$ -Aminosäuren**. Es gibt beim Menschen **21** verschiedene **proteinogene Aminosäuren**.

Die Abfolge (oder Sequenz) der Aminosäuren innerhalb einer Kette nennt man die **Primärstruktur** des

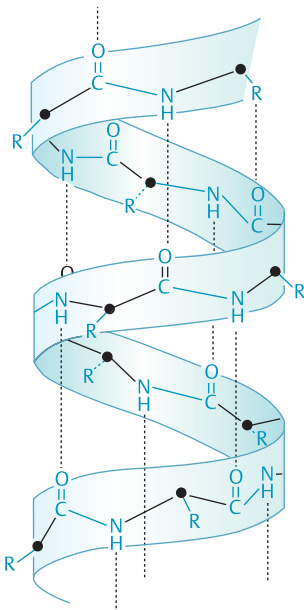


**Abb. 2.8 Peptidbindung.** **a** Reaktion von zwei beliebigen Aminosäuren unter Wasserabspaltung zu einem Dipeptid. Die dabei geknüpfte Peptidbindung ist hellblau unterlegt. **b** Kette aus fünf Aminosäuren (Pentapeptid).

Proteins. Sie ist genetisch in der DNA durch einen Tripletcode (S.74) determiniert. Die Eigenschaften eines Proteins leiten sich aus der Summe der Eigenschaften seiner Seitenketten, also der Aminosäurereste R, ab.

Die polaren Wechselwirkungen zwischen den CO- und NH-Gruppen des Rückgrates führen zur Ausbildung von Wasserstoffbrücken innerhalb des Moleküls. Durch diese Wasserstoffbrücken entsteht die sogenannte **Sekundärstruktur**. Dabei bildet sich entweder die  **$\alpha$ -Helix** (schraubenförmige Anordnung der Kette, Abb. 2.9) oder die  **$\beta$ -Faltblattstruktur** (zieharmonikaähnliche, parallele oder antiparallele Anordnung der Moleküle, Abb. 2.10) aus. Beide Sekundärstrukturen können innerhalb des gleichen Proteins vorkommen.

Die dreidimensionale Anordnung einer solchen Kette im Raum (Konformation), wird als **Tertiärstruktur** bezeichnet. Sie kommt durch Wechselwirkungen der Aminosäureseitenketten untereinander zustande. Neben kovalenten Bindungen (z. B. Disulfidbrücken zwischen zwei Cysteinresten) wird die Faltung durch verschiedene nichtkovalente Bindungen aufrechterhalten (z. B. Ionenbeziehung, hydrophobe Wechselwirkungen, Wasserstoffbrücken). Das dabei entstehende Molekül kann z. B. fibrillär (Kollagenmolekül, Gerüstprotein) oder globulär sein (g-Actin, Myoglobin).



**Abb. 2.9**  $\alpha$ -Helix. Die Wasserstoffbrücken zwischen den 4 Aminosäuren voneinander entfernten Peptidbindungen sind punktiert gezeichnet. (nach Mortimer CE, Müller U. Chemie. Thieme 2010)

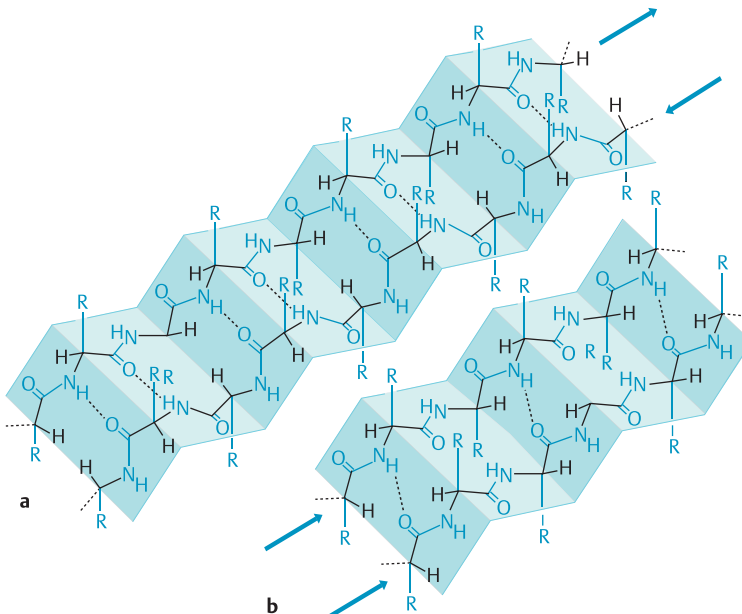
Oft besteht ein funktionelles Protein aus **mehreren Untereinheiten** (Dimer, Trimer, Tetramer, Oktamer), d.h. mehrere Proteine lagern sich zu einem funktionsfähigen Komplex zusammen.

Dabei können die Untereinheiten identisch (=Homomere) oder unterschiedlich sein (=Heteromere). Die Gesamtstruktur, die mehrere Proteinuntereinheiten miteinander ausbilden, nennt man **Quartärstruktur**. Die chemisch-physikalischen Kräfte, die bei der Ausbildung einer Quartärstruktur beteiligt sind, entsprechen denen der Tertiärstruktur. Beispiele für komplexe, aus mehreren Untereinheiten formierte Proteine sind Hämoglobin (S.83), Kollagenfasern (S.36) und f-Actin (S.34).

#### MERKE

- **Primärstruktur:** genetisch determinierte Aminosäuresequenz
- **Sekundärstruktur:**  $\alpha$ -Helix oder  $\beta$ -Faltblatt
- **Tertiärstruktur:** dreidimensionale Struktur der Proteinkette
- **Quartärstruktur:** räumliche Anordnung mehrerer Proteinuntereinheiten

Die Primärstruktur legt letztlich alle anderen Strukturen fest.



**Abb. 2.10**  $\beta$ -Faltblattstruktur. **a** Antiparalleles  $\beta$ -Faltblatt. **b** Paralleles  $\beta$ -Faltblatt. Gestrichelt sind die Wasserstoffbrücken zwischen den verschiedenen Peptidsträngen dargestellt. (nach Mortimer CE, Müller U. Chemie. Thieme 2010)

**Klinischer Bezug**

2

**Prionen.** Einige gefährliche und in ihrem Verlauf tödliche Krankheiten werden wahrscheinlich durch eine Infektion mit reinen Proteinen ausgelöst. Diese infektiösen Proteine nennt man Prionen (abgeleitet von: proteinartige infektiöse Partikel). Sie enthalten **keine Nucleinsäuren**. Es sind also **keine lebenden Erreger** für diese Erkrankungen verantwortlich wie bei anderen Infektionskrankheiten. Dennoch sind Prionenerkrankungen übertragbar, wobei die Übertragungswege noch nicht ganz aufgeklärt sind. Möglicherweise erfolgt nach Aufnahme des infektiösen Proteins über die Nahrung eine aufsteigende Infektion über Nervenendigungen des autonomen Nervensystems zum Zentralnervensystem.

Prionen sind Auslöser von **Rinderwahnsinn (BSE, bovine spongiforme Enzephalopathie)**, **Katzen- und Nerz-wahnsinn, Scrapie** (bei Schafen) und der **Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJD)** beim Menschen. Zusammenfassend werden diese Krankheiten als „**transmissible spongiforme Enzephalopathien**“ (**TSE**) bezeichnet.

Die Erkrankung beruht auf einer **Akkumulation von fehlgefalteten Proteinen im Gehirn**, durch die das Nervensystem zerstört wird: Offensichtlich kommen die Gene von Prion-Proteinen in den Säugetieren selbst vor. Sie kodieren für Proteine, die im Gehirn bestimmte Funktionen erfüllen. Wenn sich ein solches Protein fehlfaltet und eine unphysiologische Raumstruktur einnimmt, wird es zum Prion und induziert (ähnlich einer Kettenreaktion) die Fehlfaltung weiterer normaler Proteine, die so ihre ursprüngliche Funktion nicht mehr erfüllen können. Es wirkt also wie ein Kristallisationskeim und wird zu einem infektiösen Agens. Diese fehlgefalteten Proteine sind außerdem extrem stabil gegenüber Proteasen, können also von den erkrankten Organismen nicht abgebaut werden.

Über **Scrapie** weiß man, dass es zwei stabile Konformationen des betroffenen Proteins gibt:

- **PrP<sup>c</sup>** ist normal gefaltet und kommt natürlicherweise im Gehirn von Schafen vor.
- **PrP<sup>sc</sup>** ist fehlgefaltet und somit krankheitsauslösend. Eine Fehlfaltung dieser Proteine kann jedoch auch ohne Infektion **genetisch bedingt** stattfinden. Durch eine Mutation im normalen Gen entsteht ein defektes Protein, welches sich z. B. bei der klassischen Creutzfeldt-Jakob-Krankheit fehlfaltet, mit der Zeit akkumuliert und in fortgeschrittenem Alter zu einer Zerstörung der Hirnsubstanz führt.

Bei der **neuen Variante der CJD (nvCJD)**, die bereits in frühen Lebensjahren auftreten kann, geht man jedoch davon aus, dass sie durch die Aufnahme infektiöser Partikel über die Nahrung (BSE-kontaminiertes Rindfleisch) ausgelöst wird.

**2.2.5 Nucleinsäuren**

Nucleinsäuren sind der Speicher der genetischen Information. Man unterscheidet Desoxyribonucleinsäuren (DNA) von Ribonucleinsäuren (RNA).

**Grundbausteine: Nucleotide**

Nucleinsäuren sind Polymere aus Nucleosidmonophosphaten, die aus Nucleosidtriphosphaten unter Pyrophosphatabspaltung synthetisiert werden. Nucleosidmonophosphate bestehen aus einer **organischen Base** (Purin- oder Pyrimidinbase), einem **Zucker** (Ribose oder 2'-Desoxyribose) und einem **Phosphatrest**. Diese Komponenten sind charakteristisch miteinander verknüpft. Dabei nennt man die Verbindung aus Zucker und Base allein **Nucleosid**. Kommen eine oder mehrere Phosphatgruppen hinzu, so spricht man von **Nucleotiden**.

Die organischen Basen der DNA sind die **Purinbasen** Adenin (A) und Guanin (G) sowie die **Pyrimidinbasen** Cytosin (C) und Thymin (T). Die Zuckerkomponente in der DNA ist die Pentose 2'-Desoxyribose (S. 15). In der RNA kommen die gleichen Basen wie in der DNA vor, allerdings findet man an Stelle von Thymin die Base Uracil (U). Der Zucker der RNA ist die Pentose Ribose (S. 15).

Die drei Bausteine Zucker, Base und Phosphatrest sind folgendermaßen verknüpft: Am C-1 des Zuckers hängt die organische Purin- oder Pyrimidinbase, das C-5-Atom des Zuckers ist mit Phosphat verestert (Abb. 2.11a).

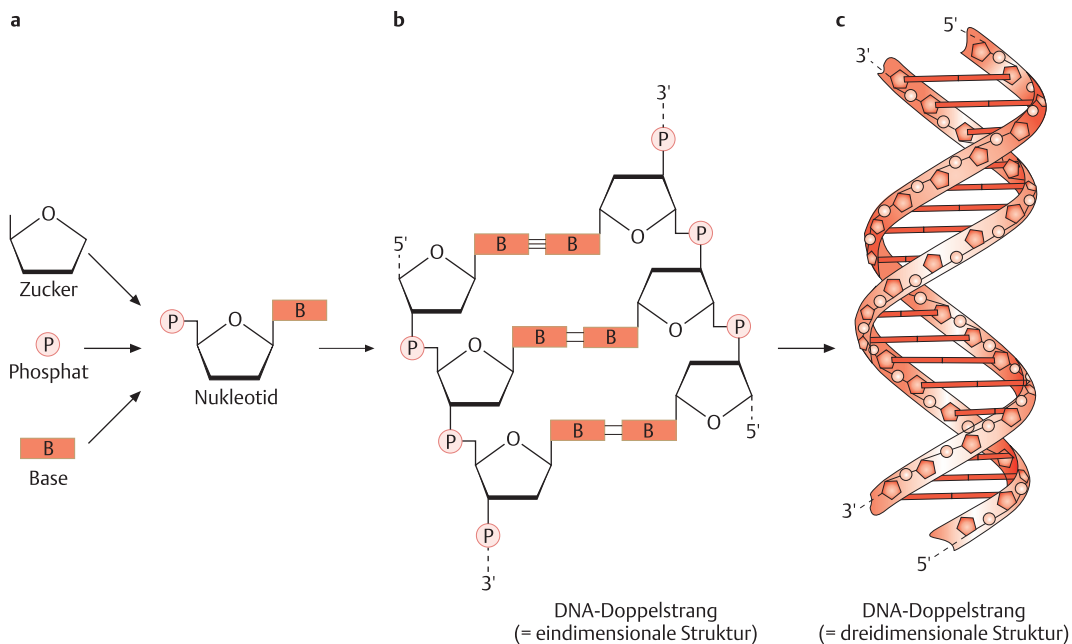
**Aufbau und Struktur der Nucleinsäuren****Verknüpfung der Nucleotide**

Schreibt man zwei Nucleotide übereinander, so stellt man fest, dass über die Phosphatgruppe am C-5-Atom des einen Moleküls die Ausbildung einer **Esterbindung** mit der OH-Gruppe am C-3-Atom des anderen Moleküls möglich ist. In der DNA und RNA sind viele Nucleotide über diese **C-3-C-5-Phosphorsäurediesterbindungen** zu linearen Ketten miteinander verknüpft (Abb. 2.11b). Die Basen ragen dabei seitlich aus diesem sogenannten Pentose-Phosphat-Rückgrat heraus (Abb. 2.11c). Die Abfolge (oder Sequenz) der Nucleotide der DNA macht den genetischen Code (S. 74) aus.

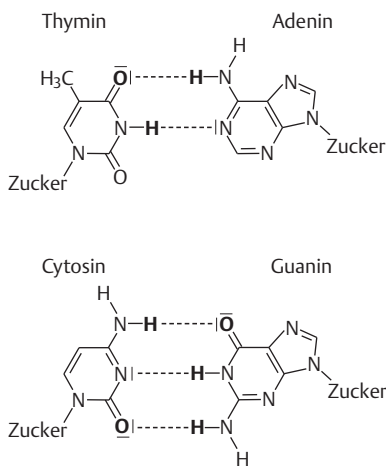
**DNA (Desoxyribonucleinsäure)**

Die DNA ist **doppelsträngig**, sie besteht aus zwei **antiparallelen** Nucleotidsträngen, die in Form einer  $\alpha$ -Doppelhelix vorliegen (Durchmesser = 2 nm). Dabei liegen sich immer zwei festgelegte (**komplementäre**) Basen gegenüber und bilden untereinander Wasserstoffbrücken aus (Abb. 2.12).

- **Adenin (A)** paart unter Ausbildung von zwei Wasserstoffbrücken immer mit **Thymin (T)** und
- **Guanin (G)** bildet über drei Wasserstoffbrücken immer eine Basenpaarung mit **Cytosin (C)**.



**Abb. 2.11 Struktur der Nucleinsäure DNA.** a Aufbau eines Nucleotids. b Bildung des DNA-Doppelstrangs (im DNA-Doppelstrang liegen sich die komplementären Basen gegenüber). c Struktur der DNA-Doppelhelix. (nach Königshoff M, Brandenburger T. Kurzlehrbuch Biochemie. Thieme 2012)

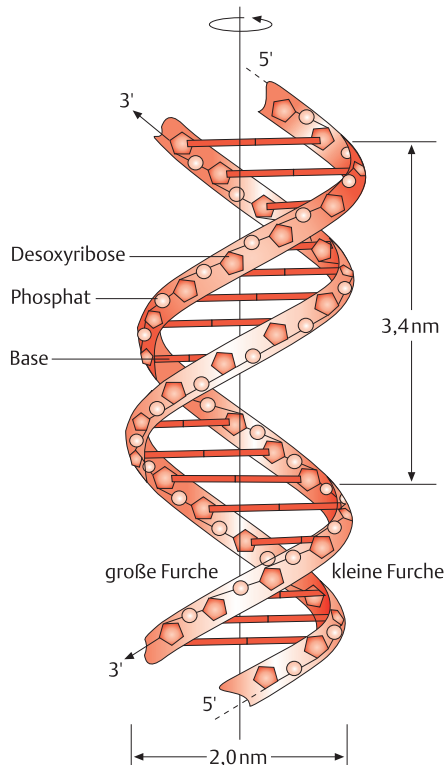


**Abb. 2.12** Verwendete Basen und ihre Paarung in der DNA.

**MERKE**

DNA ist **doppelsträngig** und besteht aus zwei antiparallelen, umeinander gewundenen Strängen. Die Bausteine der DNA sind Adenin-, Thymin-, Guanin- und Cytosinnucleotide.

Die **Stabilität** der DNA-Doppelhelix (Abb. 2.13) ist vor allem auf sogenannte Stacking-Interaktionen zurückzuführen. Diese Wechselwirkungen entstehen durch die Basenstapelung im Innern der Helix.



**Abb. 2.13** Ausschnitt aus einer DNA-Doppelhelix. Man beachte, dass die beiden Stränge antiparallel vorliegen. (nach Emminger H [Hrsg.]. Physikum EXAKT. Thieme 2005)

Auch die Wasserstoffbrückenbindungen tragen zur DNA-Stabilität bei. Eine einzelne Wasserstoffbrückenbindung hat nur eine sehr geringe Bindungsenergie, ihre hohe Anzahl jedoch trägt zum Zusammenhalt der beiden DNA-Stränge bei. Durch Wärmezufuhr kann man diese Bindungen sprengen, die DNA liegt dann einzelsträngig vor.

### RNA (Ribonukleinsäure)

RNA ist **einzelsträngig** und bildet nur abschnittsweise intramolekulare helikale Strukturen aus. Innerhalb der RNA findet man statt der Pyrimidinbase Thymin die Base **Uracil (U)**, die sich durch das Fehlen einer  $\text{CH}_3$ -Gruppe von Thymin unterscheidet. Kommt es z. B. während der Transkription (S. 79) unter RNA-Beteiligung zur Basenpaarung, so paart ein Uracilnukleotid U mit einem Adeninnukleotid A.

#### MERKE

RNA ist **einzelsträngig**; durch intramolekulare Basenpaarungen können jedoch doppelhelikale Bereiche entstehen. Die Bausteine der RNA sind **Adenin-, Uracil-, Guanin- und Cytosinnukleotide**.

Man unterscheidet funktionell drei wichtige Typen von RNA:

- Die **Messenger-RNA (mRNA)**: Sie fungiert als Boten-RNA bei der Synthese von Proteinen. Die genetische Information der DNA wird während der **Transkription** (S. 79) in mRNA umgeschrieben und ins Zytoplasma der Zelle transportiert. Da es viele verschieden große Proteine gibt, gibt es auch viele mRNA-Moleküle unterschiedlicher Länge. Die mRNA ist die vielfältigste RNA.
- Die **ribosomale RNA (rRNA)**: Sie ist eine **Struktur-RNA** und baut gemeinsam mit Proteinen die Ribosomen (S. 40) auf. In prokaryontischen Zellen gibt es drei, in eukaryontischen Zellen gibt es vier verschiedene rRNA-Moleküle.
- Die **Transfer-RNA (tRNA)**: Sie bindet im Zytoplasma die Aminosäuren und transportiert sie zur **Translation** (S. 84) (Proteinsynthese) zu den Ribosomen. Da es 20 proteinogene Aminosäuren gibt, muss es auch mindestens 20 verschiedene tRNA-Moleküle geben. Tatsächlich ist die Zahl jedoch höher. Aufgrund des sogenannten degenerierten genetischen Codes (S. 74) gibt es für viele Aminosäuren mehrere tRNAs. In jeder Zelle finden sich daher mindestens 60 verschiedene tRNA-Moleküle.

Bringt man ein tRNA-Molekül zweidimensional in eine Ebene, sieht es aus wie ein Kleeblatt (Abb. 2.14). Durch **posttranskriptionale Modifikation** werden nach der Synthese der tRNA viele Basen nachträglich verändert. Es entstehen sogenannte **seltene Basen**,

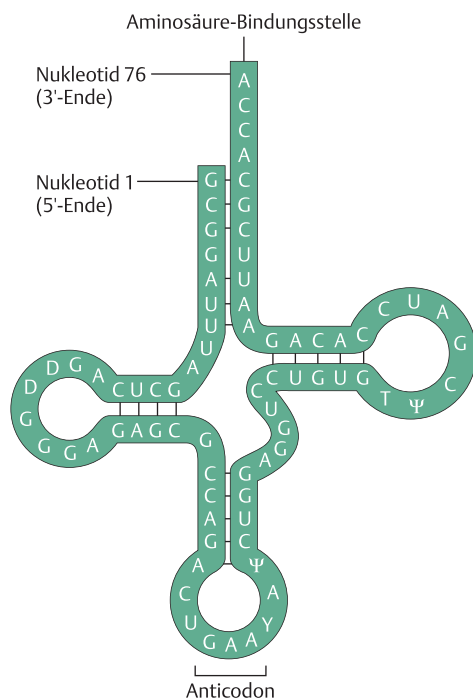


Abb. 2.14 Kleeblattstruktur eines tRNA-Moleküls.

die zu ungewöhnlichen Wechselwirkungen führen. Im Bereich der Stege dieses Kleeblattes kommt es durch intramolekulare Basenpaarungen zu doppelhelikalen Abschnitten.

Die Bindung der Aminosäuren erfolgt am letzten Nukleotid an der 3'-OH-Gruppe des Zuckers (Adenosin). Dieses Ende ist bei allen tRNA-Molekülen identisch (CCA-Ende). Die richtige Position auf der mRNA wird bei der **Translation** (S. 84) über das Anticodon nach dem Prinzip der Basenpaarung gefunden. Die beiden anderen Schleifen dienen der Wechselwirkung mit dem Ribosom und der Aminoacyl-tRNA-Synthetase (das Enzym, welches die passende tRNA mit der passenden Aminosäure verknüpft).



#### Check-up

- ✓ **Rekapitulieren Sie den Aufbau einer Aminosäure.**
- ✓ **Wiederholen Sie die chemischen Reaktionen zwischen zwei OH-Gruppen (Zucker und Phosphorsäure), zwischen COOH- und  $\text{NH}_2$ -Gruppen (Peptidbindung) sowie zwischen COOH- und OH-Gruppen (Triglyceride).**
- ✓ **Vergegenwärtigen Sie sich den Aufbau von Nukleotiden und ihre Polymerisation zu Nucleinsäuren.**
- ✓ **Machen Sie sich die Unterschiede zwischen RNA und DNA klar.**