

Stoffklassen der Biologie:

Die drei wichtigsten Stoffklassen der Biologie sind die **Fette (Lipide)**, **Zucker (Kohlenhydrate)** und **Eiweiße (Proteine)**. Sie gehören zu den Nährstoffen unserer Ernährung und werden in komplexen Reaktionen während der Verdauung ab- und umgebaut.

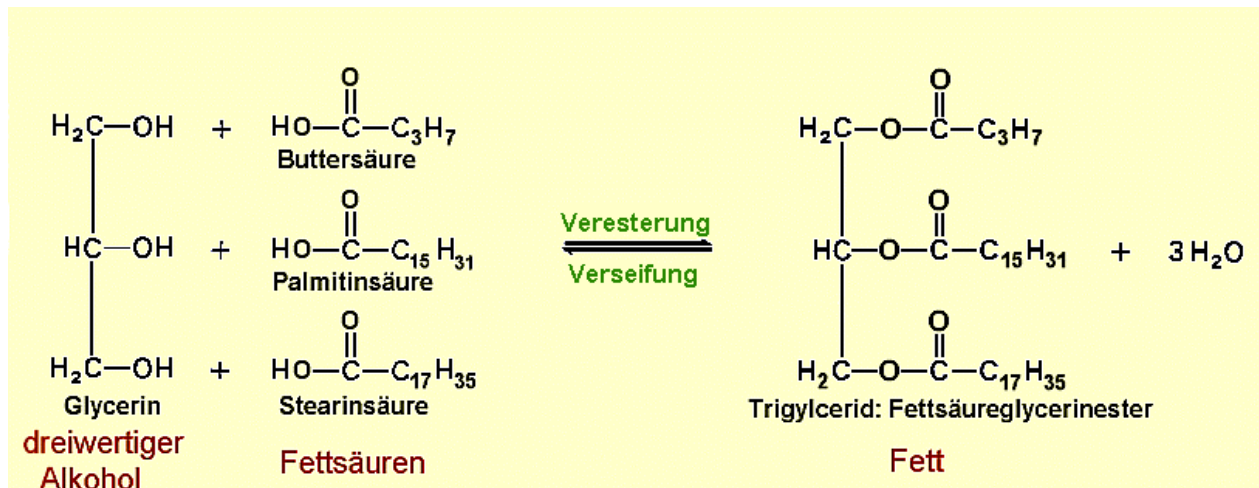
Die Kenntnisse über diese Stoffklassen sind letztendlich eine Anwendung der bisherigen Grundlagen – insbesondere das Wissen über funktionelle Gruppen und deren Eigenschaften sind hierbei Grundvoraussetzung für das tiefere Verständnis.

Dieses Wissen ist für das Verständnis der stoffwechselfysiologischen Aspekte bei der Zellatmung und Photosynthese unerlässlich, aber auch zur Erarbeitung allgemeiner Grundlagen (z.B. Struktur, Funktion und Bedeutung von Zellmembranen) hilfreich. Proteine und deren besondere Struktur bilden außerdem den Schwerpunkt im Bereich der Enzymatik in der 11.2 sowie in der molekularen Genetik in der 12.1.

I. Fette & Öle

Fette sind fest und Öle sind flüssig, aber beide haben dieselbe organische Grundstruktur: sie sind Ester aus dem **dreiwertigen Alkohol 1,2,3-Propantriol (=Glycerin)** und **drei Carbonsäuren**. Da die Carbonsäuren sehr langkettig sind – sehr häufig mit 16 oder 18 Kohlenstoffatomen – nennt man sie auch **Fettsäuren**.

Betrachtet man die Reaktionsgleichung erkennt man, dass jede der drei Hydroxy-Gruppen (-OH) mit jeweils einer Carboxyl-Gruppe (COOH) einer Fettsäure reagiert: Es entsteht die Estergruppe und als Nebenprodukt Wasser.



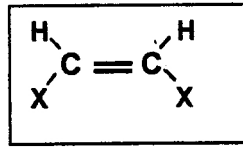
Insgesamt spielen nur 10 Fettsäuren bei der Zusammensetzung der Fette eine nennenswerte Rolle. Im einzelnen Fettmolekül sind fast immer unterschiedliche Fettsäuren verestert. Ein typisches Fettmolekül der Butter (Milchfett) z.B., ist der *Glycerin-Palmitinsäure-Buttersäure-Ölsäure-Ester*. Beim Ranzigwerden von Butter und Käse entsteht durch den bakteriellen Abbau dieses Fettmoleküls die stinkende Buttersäure.

Folgende Tabelle gibt einen Überblick über die wichtigsten Fettsäuren.

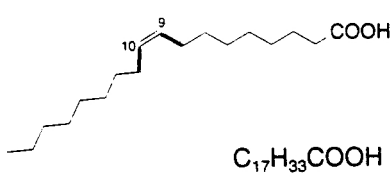
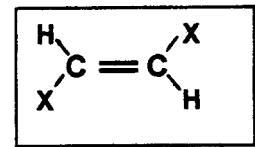
systematischer Name	Trivialname	Summenformel	Anzahl der C=C Doppelbindungen	Hauptvorkommen
Hexadecansäure	Palmitinsäure	C ₁₅ H ₃₁ -COOH	0	Palmfett, Rindertalg
Octadecansäure	Stearinsäure	C ₁₇ H ₃₅ -COOH	0	Rindertalg, Butter
Octadecensäure	Ölsäure	C ₁₇ H ₃₃ -COOH	1	Olivenöl
Octadecadiensäure	Linolsäure	C ₁₇ H ₃₁ -COOH	2	Sonnenblumenöl, Leinöl
Octadecatriensäure	Linolensäure	C ₁₇ H ₂₉ -COOH	3	Leinöl

Ungesättigte Fettsäuren besitzen eine Doppelbindung im Molekül. Mehrfach ungesättigte Fettsäuren besitzen zwei oder mehrere Doppelbindungen zwischen den Kohlenstoffatomen der Kette. Da in natürlichen Fettsäuren die Doppelbindungen meist in der cis-Konfiguration vorliegen, entsteht ein Knick von etwa 30° in der Kohlenwasserstoffkette. Einige ungesättigte Fettsäuren sind für den Menschen essentiell, da sie vom menschlichen Körper nichtsynthetisiert werden können.

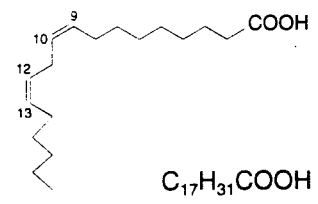
cis-Anordnung:
2 gleichartige Atome (Gruppen) liegen auf der gleichen Seite der C=C-Doppelbindung



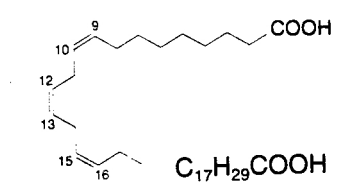
trans-Anordnung:
2 gleichartige Atome (Gruppen) liegen auf verschiedenen Seiten der C=C-Doppelbindung



Ölsäure
cis-Octadecen-9-säure



Linolsäure
all-cis-Octadecadien-9,12-säure



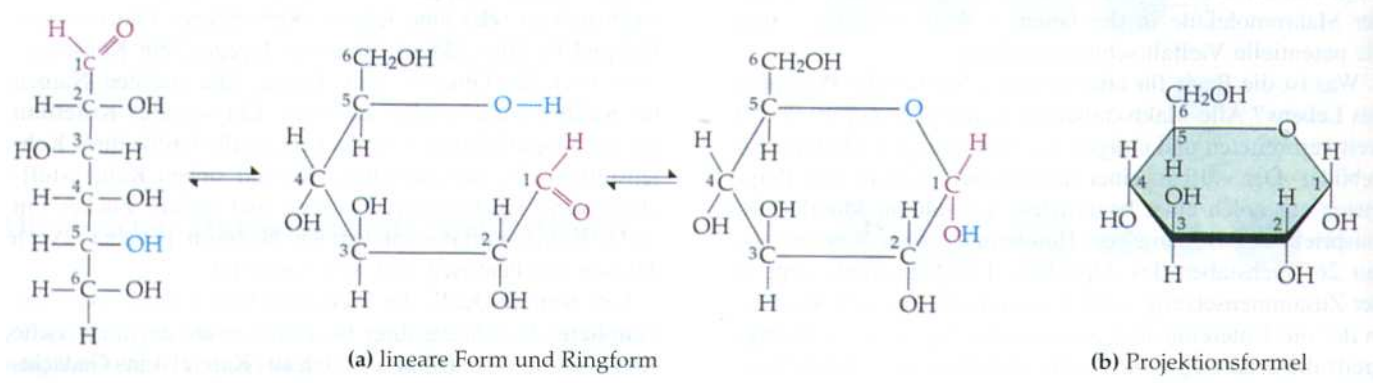
Linolensäure
all-cis-Octadecatrien-9,12,15-säure

Alle ungesättigten Fettsäuren sind bei Raumtemperatur flüssig. Die Moleküle der gesättigten Fettsäuren können sich parallel nebeneinander legen, so dass große van-der-Waals-Kräfte zwischen ihnen wirken. Die Kohlenwasserstoffreste der ungesättigten Fettsäuren besitzen dagegen an der C=C-Doppelbindung einen Knick, so dass die untereinander nur eine geringe Kontaktfläche und damit auch geringere van-der-Waals-Kräfte ausbilden.

Fette haben in unserem Körper mehrere wichtige Funktionen. Sie dienen als Energiequelle sowie als Lösungsmittel für lipophile Vitamine (z.B. Vitamin A, D, E). Sie bilden außerdem Schutzpolster gegen Stöße und Wärmeverlust und liefern Bausteine für die Synthese der Zellmembran und einiger Hormone.

II. Kohlenhydrate

Kohlenhydrate bestehen – wie der Name schon sagt – aus Kohlenstoff und „Hydraten“ (= „Wasser“). Der Name kommt daher, dass die Zucker ein Vielfaches von CH_2O sind. Die einfachsten Zucker – die sog. **Monosaccharide** (auch **Einfachzucker** genannt) – haben die Summenformel $C_6H_{12}O_6$. Der bekannteste Einfachzucker ist der Traubenzucker (=Glucose) mit der Summenformel $C_6H_{12}O_6$. In der Literatur findet man 2 Schreibweisen: einmal die als Kette und einmal als Ring gezeichnet:

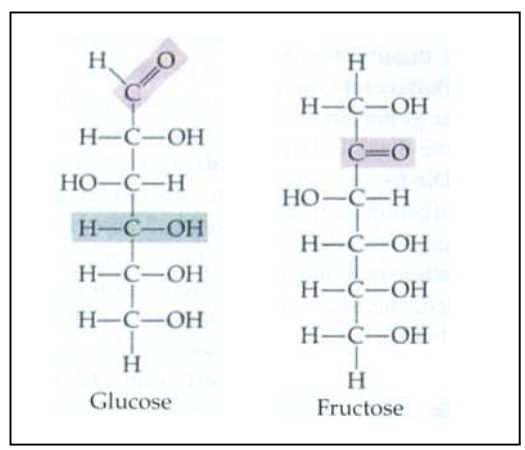


Letztendlich kann sich durch eine einfache chemische Reaktion die Kohlenstoffkette zu einem Ring zusammenlagern. In einer wässrigen Glucose-Lösungen liegen beide Formen in einem Gleichgewicht nebeneinander vor. In den meisten Bio-Büchern findet man bevorzugt die Ringform – meist vereinfacht als Projektionsformel gezeichnet.

Ein weiterer wichtiger Einfachzucker ist die Fructose. Er besitzt ebenfalls die Summenformel $C_6H_{12}O_6$, weist jedoch eine andere Strukturformel auf. Fructose ist demnach ein **Isomer** von Glucose.

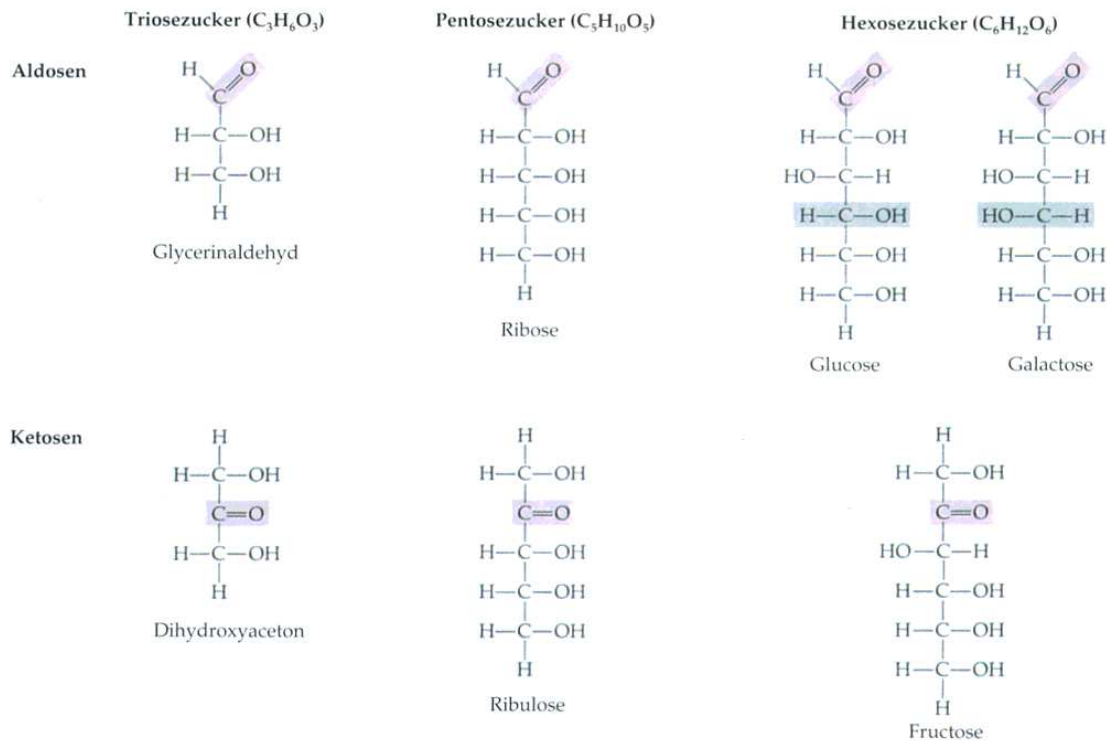
Vergleicht man die beiden Moleküle, findet man chemische betrachtet folgende Unterschiede:

- Glucose besitzt eine **Aldehydgruppe** und wird daher als „**Aldose**“ bezeichnet.
- Fructose besitzt eine **Keto-Gruppe** und wird daher als „**Ketose**“ bezeichnet.

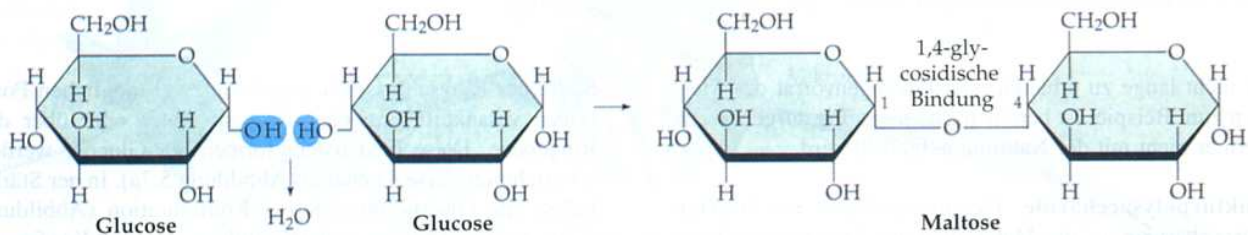


Je nach der Anzahl ihrer Kohlenstoffatome lassen sich Kohlenhydrate außerdem als **Pentosen** (= 5 C-Atome) oder **Hexosen** (=6 C-Atome) bezeichnen. Es gibt sogar auch „**Triosen**“ (= 3 C-Atome)

Anbei ein kleiner Überblick über die wichtigsten Kohlenhydrate:



Solche Einfachzucker können sich jedoch auch zusammenlagern. So entstehen die sog. Zweifachzucker:



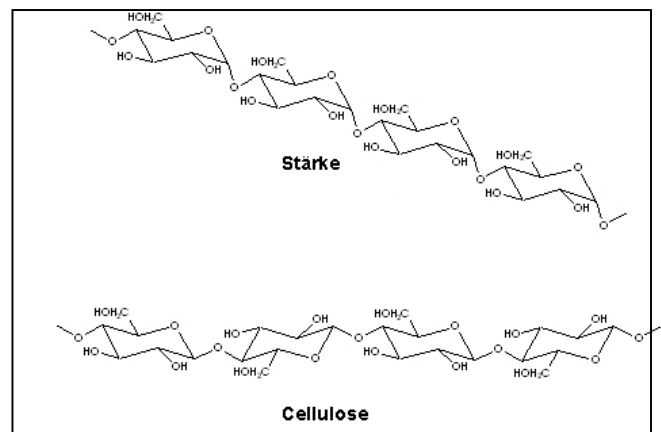
(a) Synthese von Maltose durch Kondensation

Dies geschieht durch eine Kondensation (=Wasserabspaltung). Weitere bekannte Zweifachzucker und deren Bestandteile sind:

Zweifachzucker	Bestandteile
Saccharose	Glucose + Fructose
Lactose	Galactose + Glucose

Allerdings können sich die Einfachzucker auch zu sog. „**Polysacchariden**“ zusammenlagern. Dies sind dann Moleküle mit über 100 verknüpften Einfachzuckern. Die bekanntesten Beispiele sind **Stärke** und **Cellulose**. Beide bestehen aus hunderten Glucose-Molekülen, die jedoch unterschiedlich verknüpft sind.

Kohlenhydrat	Beispiel
Monosaccharid	Glucose (Traubenzucker) Fructose (Fruchtzucker)
Disaccharid	Saccharose (Haushaltszucker) Lactose (Milchzucker) Maltose (Malzzucker)
Polysaccharid	Stärke Cellulose



III. Proteine

1. Allgemeines:

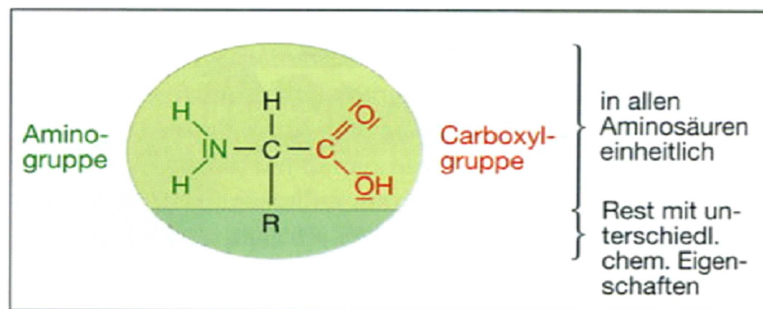
Proteine machen mehr als 50% des Trockengewichts der meisten Zellen aus und dienen als Werkzeuge für fast alle Aktivitäten des Organismus. So werden sie als Elemente von Stützstrukturen, zur Speicherung und Transport anderer Stoffe, zur Signalübermittlung innerhalb des Organismus, zur Bewegung und zur Abwehr von Fremdstoffen eingesetzt.

Zusätzlich regulieren Proteine in Form von Enzymen den Stoffwechsel, indem sie chemischen Reaktionen beschleunigen. Ein Mensch besitzt beispielsweise Zehntausend verschiedenen Arten von Proteinen, jedes mit einer spezifischen Struktur. Proteine sind die strukturell am höchsten entwickelten Moleküle, die wir kennen.

Trotz ihrer Verschiedenartigkeit sind alle Proteine Polymere, die aus demselben Satz von 20 **Aminosäuren** aufgebaut sind, den sog. **universellen Monomeren** der Proteine. Diese 20 Aminosäuren werden zur Vereinfachung auch mit einem **Dreibuchstabencode** abgekürzt (siehe Übersichtstabelle).

2. Chemischer Aufbau:

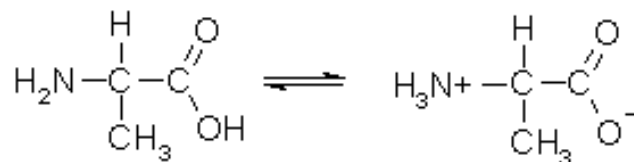
Aminosäuren sind organische Moleküle, die sowohl eine **Carboxyl-** als auch eine **Aminogruppe** tragen (siehe Abb. 1).



1 Allgemeine Schema einer Aminosäure

Die Carboxylgruppe reagiert in Wasser sauer, d.h. sie gibt ihr Wasserstoffatom als Proton (=H⁺-Ion) ab. Die Aminogruppe dagegen reagiert aufgrund ihres freien Elektronenpaares am Stickstoff basisch, in dem es ein H⁺-Ion aufnehmen kann.

Löst man eine Aminosäure in Wasser, geschieht dies innerhalb eines Moleküls und es entsteht ein sog. „**Zwitterion**“ – dies trägt diesen Namen, da es sowohl eine positive als auch eine negative Ladung im Molekül besitzt!

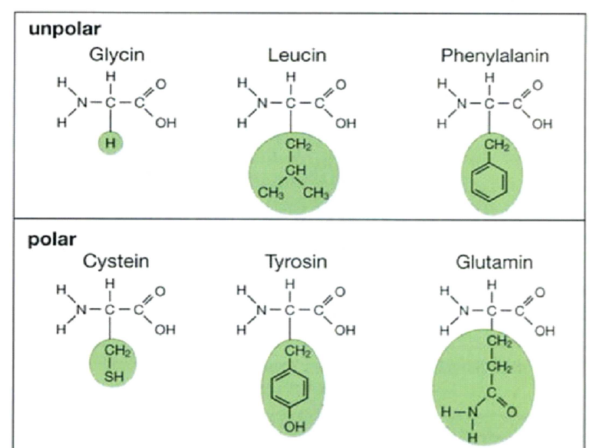


Dieses Zwitterion kann aufgrund seiner Struktur ideal puffern, da die COO⁻-Gruppe überschüssige H⁺-Ionen abfangen kann, während die NH₃⁺-Gruppe ideal durch Abgabe eines H⁺-Ions mit überschüssigen OH⁻ zu Wasser reagieren kann.

3. Einteilung der Seitenketten

Nur in einem Teil, der über die vierte Bindung an das zentrale Kohlenstoffatom gebunden ist, unterscheiden sich die Aminosäuren der Proteine voneinander. Dieser variable Teil der Aminosäure wird mit dem **Rest R** (für **Rest**) abgekürzt. Dieser Aminosäurerest, der auch als **Seitenkette** bezeichnet wird, kann – wie im Fall der Aminosäure Glycin – ein einfaches Wasserstoffatom sein, kann aber auch aus einem Kohlenstoffgerüst mit verschiedenen funktionellen Gruppen bestehen – wie z.B. Glutamin.

Die physikalischen und chemischen Eigenschaften der Seitenkette bestimmen maßgeblich die einzigartigen Merkmale einer bestimmten Aminosäure und letztendlich auch die Eigenschaften – insbesondere die räumliche Struktur – des fertigen Proteins!

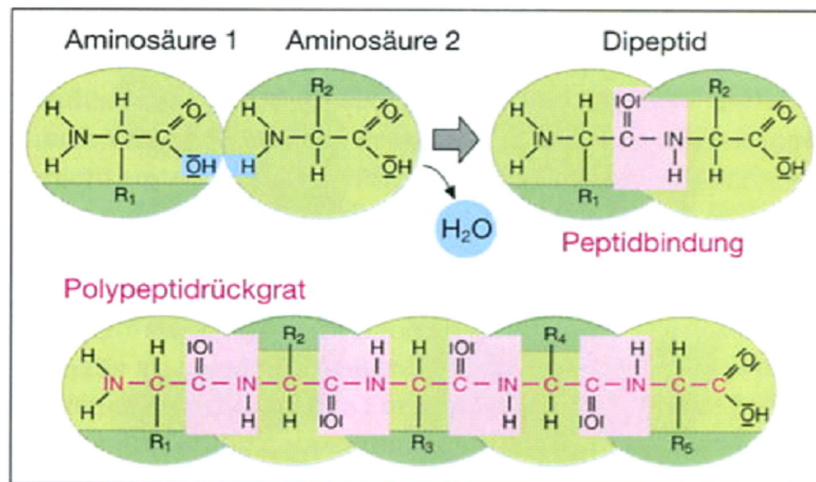


Man kann die Seitenkette bzw. somit letztendlich die Aminosäuren in folgenden Gruppen unterteilen:

Bezeichnung	Merkmale der Seitenkette	Beispiele
unpolar	bestehen hauptsächlich aus einem Gerüst aus Kohlenstoff- und Wasserstoffatomen.	Alanin, Tryptophan
polar	besitzen zusätzlich Atome, wie z.B. Schwefel oder polare Gruppen (z.B. Hydroxygruppe -OH, Carbonyl C=O)	Cystein, Glutamin
sauer	besitzen eine weitere Carboxylgruppe im Rest, die in wässrige Lösung H ⁺ abspalten. Das entstehende COO ⁻ ist somit elektrisch geladen	Glutaminsäure
basische	besitzt eine weitere Aminogruppe im Rest, die in wässriger Lösung ein H ⁺ aufnehmen kann und somit elektrisch geladen ist (NH ₃ ⁺)	Histidin, Lysin

4. Die Peptidbindungen

Nach der Untersuchung der Aminosäuren wollen wir nun ihre Verknüpfung zu Polymeren betrachten. Wenn 2 Aminosäuren so angeordnet sind, dass sich die Carboxylgruppe der einen direkt neben der Aminogruppe der anderen befindet, kann ein Enzym sie durch **Kondensation** (=chem. Reaktion, bei der Wasser abgespalten wird) miteinander verknüpfen (siehe Abb. 2).



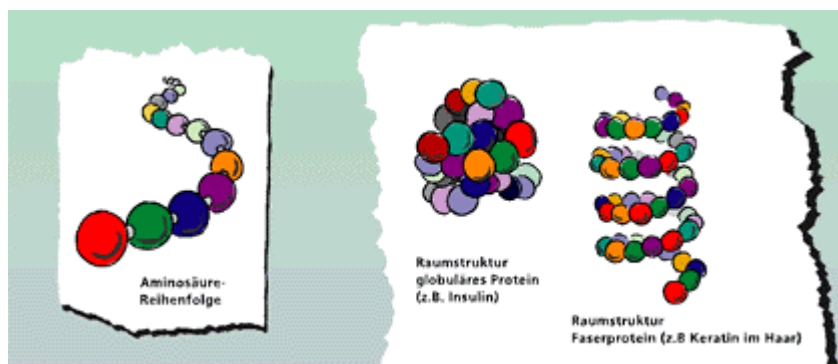
2 Die Peptidbindungen bilden das Rückgrat des Proteins.

Dies führt zu einer kovalenten Bindung, die **Peptidbindung (=Amidbindung)** genannt wird. Ein Polypeptid ist demnach ein Polymer aus vielen durch Peptidbindungen miteinander verknüpften Aminosäuren.

Jede Polypeptidkette besitzt eine einzigartige lineare Abfolge der Aminosäuren.

„Polypeptidkette“ und „Protein“ sind jedoch keine echten Synonyme. Ihr Verhältnis zu einander ist in etwa analog dem eines langen Drahtes und einem komplizierten Drahtmännchens von bestimmter Größe und Form, das man aus dem Draht biegen kann.

Ein funktionsfähiges Protein ist daher nicht bloß eine Polypeptidkette, sondern besteht aus einer – oder sogar mehreren! – Polypeptidketten, die präzise zu einem Molekül von einzigartiger Gestalt gewunden, gefaltet und gedreht sind.



2. Proteinstrukturen:

Bei der Synthese eines Polypeptids in einer Zelle faltet sich die Kette spontan, um die typische funktionelle Konformation (=Raumstruktur) des Proteins anzunehmen. Während diesen Vorgangs wird sich die bildende dreidimensionale Proteinstruktur durch eine Vielzahl von chemischen Bindungen zwischen Teilen der Kette stabilisiert.

Die Funktion des Proteins – z.B. die Fähigkeit eines Rezeptorproteins, einen bestimmten chemischen Stoff im Gehirn zu identifizieren und binden – ist also eine bestimmte Eigenschaft, die sich aus einer exquisiten molekularen Ordnung ergibt. In dieser komplexen Proteinarchitektur können wir drei sich überlagernde Strukturebenen erkennen, die als **Primär-, Sekundär- und Tertiärstruktur** bezeichnet werden. Eine vierte Ebene, die sog. **Quartärstruktur**, tritt dann auf, wenn ein Protein aus mehr als einer Polypeptidkette besteht.

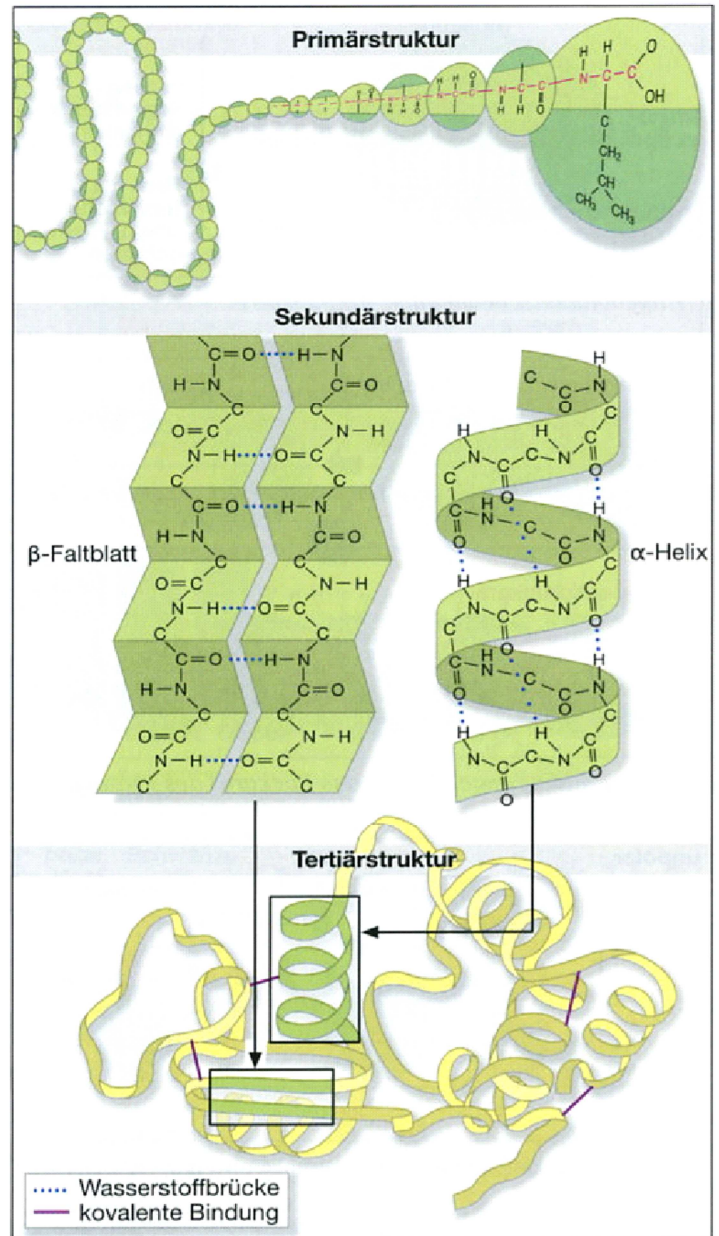
Die **Primärstruktur** eines Proteins ist die Abfolge seiner Aminosäuren – auch **Aminosäuresequenz** genannt. Die Primärstruktur ist mit der Reihenfolge von Buchstaben in einem sehr langen Wort vergleichbar. Die genaue Abfolge der Aminosäure in einer Polypeptidkette ist nicht zufällig, sondern wird letztendlich von der vererbten genetischen Information bestimmt. Jeder Proteintyp besitzt demnach eine einzigartige Primärstruktur, eine präzise Abfolge an kovalent verbundener Aminosäuren. Selbst eine geringfügige Änderung der Primärstruktur kann die Raumstruktur und die Funktionsfähigkeit des Proteins beeinflussen.

Die meisten Proteine haben in ihre Polypeptidkette Abschnitte, die wiederholt in bestimmten Mustern gedreht oder gefaltet sind und somit zur Gesamtkonformation des Proteins beitragen. Diese **Windungen und Faltungen** werden zusammen als **Sekundärstruktur** bezeichnet. Sie resultieren aus den Wasserstoffbrückenbindungen (gepunktete Linien) zwischen den Peptidbindungen.

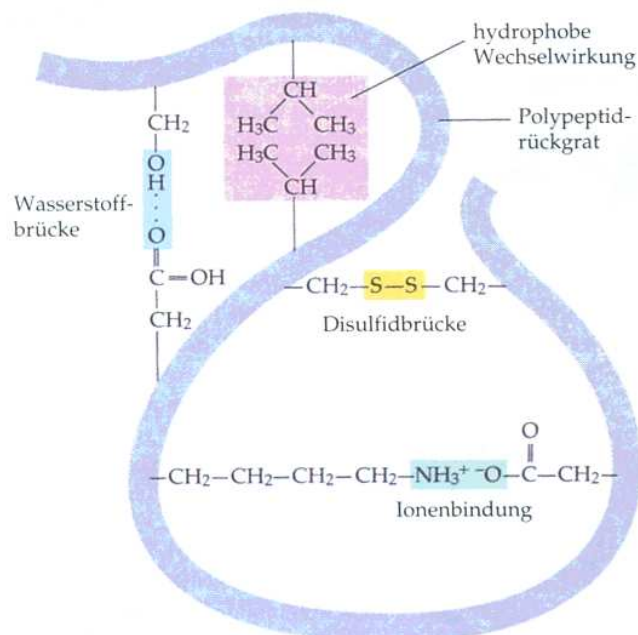
Man unterscheidet dabei zwischen der **α-Helix** und dem **β-Faltblatt**. Besitzt ein Abschnitt des Polypeptids kleine Seitenketten, bildet sich bevorzugt das β-Faltblatt, da diese geometrische Anordnung am idealsten ist. Sind die Aminosäurereste eher groß und sperrig, bildet sich bevorzugt die α-Helix. In einer Polypeptidkette können sowohl β-Faltblatt als auch α-Helix nebeneinander vorkommen (siehe Abb.).

Die Sekundärstrukturmuster, also eine Abfolge fester Stäbe (α-Helices) und Platten (β-Faltblätter) sind in einem Protein räumlich zu einer **Tertiärstruktur** angeordnet. Diese besteht aus unregelmäßigen Windungen, welche durch chemische Wechselwirkungen zwischen den Seitenketten (R-Gruppen) der verschiedenen Aminosäuren stabilisiert werden.

Man unterscheidet hierbei zwischen folgenden zwischenmolekularen Kräften:

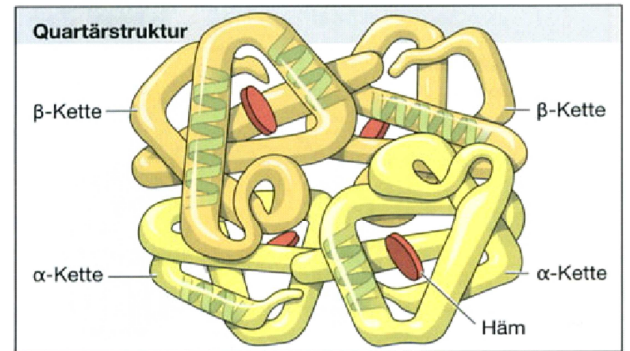


Beispiel für Bindungen, die zur Tertiärstruktur beitragen



Wie bereits zuvor erwähnt, bestehen nicht wenige Proteine aus zwei oder mehreren Polypeptidketten, die zu einem funktionsfähigen Molekül assoziiert sind. Diese **Quartärstruktur** ist letztendlich die Gesamtstruktur eines Proteins, die sich aus der Zusammenlagerung seiner Polypeptide (der sog. Untereinheiten) ergibt.

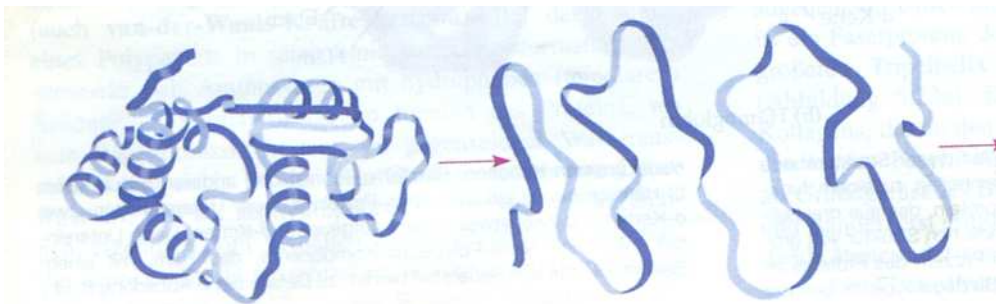
Hämoglobin, das sauerstoffbindende Protein der roten Blutkörperchen, ist ein Beispiel für ein globuläres Protein. Es besteht aus zwei Arten von Untereinheiten, von denen in jedem Molekül zwei vorhanden sind (siehe Abbildung 2).



2 Hämoglobin ist aus 4 Untereinheiten zusammengesetzt.

Letztendlich wird die Konformation eines Proteins durch die Wechselwirkungen der Peptidbindungen und durch den Einfluss der Seitenketten bestimmt.

Allerdings hängt die Konformation auch von den physikalischen und chemischen Bedingungen der Umgebung ab. Wenn sich der pH, Salzkonzentration oder die Temperatur ändern, kann sich das Protein unter Umständen entfalten und seine ursprüngliche Konformation verlieren. Diesen Vorgang nennt man „**Denaturierung**“.



Durch den Verlust seiner Gestalt wird ein denaturiertes Protein biologisch inaktiv. Geschieht dies bei Enzymen, kann das für den Organismus ernsthafte Konsequenzen haben.

Daher ist zum Beispiel hohes Fieber für den Menschen gefährlich.

