

1. Abbau der Fettsäuren – Reaktionen

Durch die Folge von 4 Reaktionen wird die Kette in C_2 -Bruchstücke (aktivierte Essigsäure) zerlegt. Die 4 Reaktionen heißen β -Oxidation.

- 1) Die an Coenzym A gebundene Fettsäure wird durch eine Acyl-CoA-Dehydrogenase dehydriert; der Wasserstoff wird auf FAD übertragen und über ein elektronen-transferierendes Flavoprotein in die Atmungskette eingeschleust. Für die Dehydrierung gibt es 3 verschiedene Enzyme, die langkettige, mittelkettige und kurzkettige Acyl-CoA-Verbindungen bevorzugen.
- 2) Durch die Enoyl-CoA-Hydratase wird Wasser angelagert; dadurch entsteht am β -C-Atom eine sekundäre Hydroxy-Gruppe.
- 3) Diese Hydroxy-Gruppe wird durch die Hydroxyacyl-CoA-Dehydrogenase mit NAD^+ als Wasserstoff-Akzeptor zur Oxo-Gruppe dehydriert.
- 4) Wird von der β -Ketothiolase katalysiert: durch CoA wird die Kette gespalten, als C_2 -Bruchstück erscheint Acetyl-CoA. Durch diese Spaltung bleibt die freie Energie der Reaktion zum Teil erhalten, und zwar in Form der neuen energiereichen Thioester-Bindung der verkürzten Fettsäure. Eine erneute „Aktivierung“ mit ATP erübrigt sich damit; die einmal aktivierte langkettige Fettsäure wird vollständig in Acetyl-CoA zerlegt.

2. Anaplerotische Rolle des Citronensäurecyclus

Die als Ausgangsstoffe für Biosynthesen genutzten Zwischenprodukte des Citronensäurecyclus müssen durch sogenannte anaplerotische Reaktionen ersetzt werden. Ohne anaplerotische Reaktionen würde die Oxidation der Nährstoffe durch den Citronensäurecyclus unterbrochen werden und der Körper wäre nicht länger imstande, Energie zu erzeugen.

3. ATP: Rolle im Zellstoffwechsel?

Die große Bedeutung des ATP im Zellstoffwechsel beruht darauf, dass die freie Energie, die in diesem Molekül steckt, benutzt werden kann, um endergonische biochemische Reaktionen ablaufen zu lassen. Es verbindet energieliefernde Prozesse (Photosynthese, Atmung, Gärung) mit energieverbrauchenden Syntheseprozessen.

4. Beschreiben Sie, wie DNA repliziert wird

Die DNA-Replikation ist semikonservativ.

- der DNA-Doppelstrang wird geöffnet
- die Einzelstränge determinieren jeweils die komplementäre Base
- durch fortlaufende Synthese entstehen 2 neue Doppelstränge; sie bestehen je zur Hälfte aus einem alten und einem neuen synthetisierten Strang (deshalb semikonservativ)

es gibt jedoch 2 Schwierigkeiten:

- 1) die beiden Stränge der Doppelhelix sind ineinander gewunden und können nicht einfach „auseinandergezogen“ werden
- 2) DNA-Kette kann nur in Richtung vom 5'-Ende zum 3'-Ende wachsen.

5. Biosynthese der Fettsäuren – Reaktionen

Die Biosynthese erfolgt aus einer Reaktionsfolge (Lynen-Zyklus).

Aus 2 Molekülen Acetyl-CoA wird durch Umkehrung der Thiolase-Reaktion Acetacetyl-CoA gebildet. Dessen Oxo-Gruppe reagiert mit der CH_3 -Gruppe eines weiteren Moleküls zum 3-Hydroxy-3-methyl-glutaryl-CoA; dabei wird HS-CoA abgespalten. Die Reaktion wird von der 3-Hydroxy-3-methyl-glutaryl-CoA-Synthase katalysiert.

Das Produkt wird nun durch die 3-Hydroxy-3-methyl-glutaryl-CoA-Lyase in Acetyl-CoA und freies Acetacetat gespalten. Durch diesen Zyklus werden bilanzmäßig zwei Moleküle Acetyl-CoA in freies Acetacetat verwandelt, wobei zwei Moleküle Coenzym A zurückgewonnen werden.

Acetacetat wird zum größten Teil durch die NAD^+ -abhängige β -Hydroxybutyrat-Dehydrogenase zu β -3-Hydroxybutyrat reduziert.

6. Calvin Cyclus: Zweck und Reaktionen

Der Calvinzyklus ist der vierte Schritt der Photosynthese bei Pflanzen. Das unbrauchbare CO_2 wandelt die Pflanze in das für sich selbst brauchbaren Energielieferant, nämlich Zucker. Dabei wird das CO_2 an die Ketogruppe des reaktiven Ribulose-1,5-biphosphat gehängt und dieses aufgespalten. Die 2 unreaktiven 3-

Phosphoglycerat werden mit Hilfe von ATP in reaktive 1,-3-Biphosphoglycerat zusammengehängt und dann in weiteren Schritten mit NADPH in den Energielieferanten Fructose-6-phosphat und das Ausgangsprodukt Ribulose-5-phosphat gewandelt.

7. Chemische Eigenschaften und Struktur der DNA

Die DNA ist eine Doppelhelix. Ein Strang besteht einfach gesagt aus Zucker, Phosphorsäure und Base. Es gibt 2 Typen von Basen: Purin und Pyrimidin. Zum Typus Purin gehören wiederum Adenin und Guanin, zu Pyrimidin gehören Thymin und Cytosin. Diese bilden dann in der Doppelhelix ein Basenpaar, jeweils Adenin mit Thymin und Guanin mit Cytosin. Sie liegen in einer planaren Ebene, während sich der Rest der DNA um sie windet und dabei eine große und eine kleine Mulde bilden. Die Bindung zwischen Adenin und Thymin hat zwei Wasserstoffbrücken zwischen N und H, Guanin und Cytosin jedoch 3, was eineinhalb mal soviel ist als bei zwei. Die Bindung zwischen Zucker-Molekül und Phosphorsäure erfolgt an der freien CH₂-Gruppe am 5'-Ende und an der freien OH-Gruppe am 3'-Ende.

Gene sind Stücke der DNA und beinhalten sämtliche Informationen für die Protein-Bildung.

Die DNA ist gegenüber der RNA recht stabil. Man braucht eine starke Säure um sie abzubauen. Sie besitzt außerdem eigene Reparaturprozesse, falls sie nicht stark schadhaft ist.

8. Chemische Struktur und Eigenschaften der Aminosäuren; welche Eigenschaften sind am Zustandekommen der Proteinstruktur beteiligt?

Eine Aminosäure besteht aus einem Alpha-C-Atom, einen Rest R (Seitenketten), einer Aminogruppe NH und einer Carboxylgruppe COOH (Säuregruppe). Es gibt 20 wichtige proteinogene Aminosäuren, die apolar ungeladen oder geladen sein können. Die chemischen Eigenschaften machen die Seitenketten aus. Von einem C-Atom ausgehend (Glycin) bis zur 9. Aminosäure haben sie apolare Seitenketten (hydrophob), die nächsten 6 haben ungeladene polare Seitenketten und die nächsten 5 haben geladene polare Seitenketten.

Aminosäuren haben außerdem abhängig von ihren Ladezuständen einen anderen pH-Wert. Dies liegt an dem Dissoziations-Verhalten der Aminosäuren, dh. sie haben durch die pK-Werte verschiedene Verhalten. Der Isoelektrische Punkt gibt an, wo eine Aminosäure ungeladen ist = 1.EIGENSCHAFT.

Symmetrische Aminosäuren lassen sich als L- oder D-Isomer darstellen. L-Isomere haben links die Amino-Gruppe und kommen in lebenden Zellen vor, D- haben sie rechts und sind bei ihrem Vorkommen giftig (Pilze). Die chemische Synthese kann sie nicht unterscheiden, deshalb werden biochemische Verfahren verwendet. Dies ist die 2. EIGENSCHAFT.

Proteine sind Polymere von 20 proteinogenen Aminosäuren (Monomere). Wenn man zwei Aminosäuren unter Wasserabspaltung zusammenfügt entsteht eine sogenannte Peptidbindung bei der Carboxylgruppe der einen und der Aminogruppe der anderen Aminosäure. Weiters hat die Struktur einen Aminoterminus vorne und einen Carboxyterminus hinten. Die Peptidbindung steht in Mesomerie und ist in einer starren Form, das Alpha-C-Atom ist drehbar

9. Chemische Struktur und Eigenschaften der Kohlenhydrate

Kohlenhydrate sind sehr leicht abbaubar und man erzielt dadurch einen hohen Energiegewinn. Es gibt einerseits die 6er- andererseits die 5er-Gruppe. Sie bestehen aus einer Aldehydgruppe und eine Alkoholgruppe. Daraus resultiert ein Halbacetal (6er Ringform). Sie können eine Sesselform oder Bootform einnehmen, wobei die Sesselform energetisch begünstigt wird. Es gibt D-Aldosen, die eine Aldehyd-Gruppe haben und asymmetrisch sind, und D-Ketosen, die eine Ketogruppe besitzen und symmetrisch sind. Sie können einen 5er-Ring bilden. Diese jetzt genannten sind alles Saccharide, die aber meist in Di- oder Polysaccharid-Form mit beta- und alpha-Bindung vorkommen. Bei der Cellulose gibt es viele beta-Bindungen, die eine starre Strukturmaterialbindung ergeben. Hingegen ist ist die alpha-Bindung sehr locker und beweglich, wie etwa bei Glycogen. Die beta-Bindung ist außerdem durch Enzyme spaltbar.

10. Citronensäurecyclus: Reaktionen, Energieausbeute

Er findet wie die Atmungskette in den Mitochondrien der Zelle statt. Der Citratzyklus beginnt bei dem aus dem Pyruvat aeroben Weg entstehendem Acetyl-CoA. Dieses wird mit Oxalacetat zum Citrat und unter Wasserabspaltung und Wasseranlagerung zu Isocitrat. Weiters entsteht daraus unter Abgabe von 3 ATP (aus NAD wird NADH) und CO₂ das alpha-Ketoglutarat. Unter einer weiteren 3ATP-Abgabe (aus NAD wird NADH) bei einer oxydativen Dekarboxylierung (Wasserstoffabspaltung) kommt es zu Succinyl-CoA, daraus wird unter Abgabe von 1ATP (aus GDP wird GTP) Succinat, daraus unter 2ATP-Abgabe (aus FAD wird FADH₂) Fumarat, das dehydriert (Wasserabspaltung), wird Malat, dieses wird durch eine Wasseranlagerung und einer letzten Abgabe von 3ATP (aus NAD wird NADH) zu Oxalacetat. Endergebnis: 12 ATP

11. CycloAMP: Rolle in der Biochemie?

CycloAMP ist die Grundlage für den biochemischen Energiehaushalt. Adenosin ist ein kompliziertes Molekül, es besteht aus einem Monosaccharid (Ribose) und einem Purinderivat. Mit der OH- Gruppe am C-5'- Atom kann es Phosphorsäure verestern. Je nach Anzahl der verknüpften Phosphorsäuremoleküle unterscheidet man folgende Adenosinphosphate:

Adenosin-5'- monophosphat AMP

Adenosin-5'- diphosphat ADP

Adenosin-5'- triphosphat ATP

ATP ist die energiereichste Verbindung dieser Gruppe.

Die Verbindung aus dem Nucleosid Adenosin und Phosphorsäure wird Adenylsäure oder Adenosinmonophosphat genannt. Zusammen mit ADP und ATP bildet es das Adenylsäure- System, weil die verschieden hoch phosphorylierten Nucleotide bei enzymatischen Reaktionen auseinander hervorgehen.

Wird ein Phosphat- Rest statt auf einen Alkohol auf Wasser übertragen so entspricht das der Hydrolyse. Enzyme, die diese Reaktion katalysieren, heißen Adenosintriphosphatasen oder ATPasen. Es entsteht dabei aus dem ATP unter Abspaltung von ADP AMP. Die bei der Hydrolyse freigesetzte Energie ist beträchtlich; in vivo geht sie nicht (nur zu einem Teil) in Wärme über, sondern ist steht mit einer besonderen Leistung der Zelle verknüpft z. B. Muskelkontraktion.

Bei Nucleotidyl- Transferasen wird ein AMP- Rest auf das Substrat übertragen. Diphosphat wird freigesetzt. Dieser Reaktionstyp ist verwirklicht bei der Aktivierung von Säuren. Der Nucleotidyl- Transfer spielt auch eine Rolle bei der Biosynthese von NAD und FAD. Wichtigstes Beispiel: Nucleinsäuresynthese

CycloAMP, cAMP:

Durch innermolekulare Transferreaktion auf die 3'-Hydroxy-Gruppe entsteht unter Abspaltung von Diphosphat das cyclische Adenosin-3',5-monophosphat. Das entsprechende Enzym, die Adenylat-Cyclase, ist in der Zellmembran lokalisiert. Das cyclo- AMP ist ein Signalstoff: Es ist der zweite Botenstoff (second messenger) bei der Wirkkette vieler Peptidhormone. Es wird also aus ATP durch Abspaltung von Diphosphat gewonnen. Das gebildete cAMP wirkt dann als allosterischer Effektor auf Protein- Kinasen vom Typ A. Diese bestehen im inaktiven Zustand aus zwei katalytischen und zwei regulatorischen Untereinheiten. Die Bindung von zwei Molekülen cAMP pro regulatorischer Untereinheit führt zu einer Konformationsänderung und lässt die katalytischen Einheiten abdissoziieren. (Bsp. Glykogen- Stoffwechsel – Glykogen-Abbau angeschaltet und der Aufbau abgeschaltet) Sie können nun andere Proteine der Zelle phosphorylieren.

cAMP aktiviert nicht nur Protein-Kinase A sondern kann auch Transportsysteme in den Membranen beeinflussen z.B. Rückresorption des Wassers in der Niere. Ganz allgemein lässt sich feststellen, dass cAMP praktisch in allen Zellen vorkommt. Es ist ein sehr weit verbreiteter second messenger, der die Wirkung vieler Hormone und anderer Signale vermittelt (z.B. Adrenalin/Noradrenalin). Das cAMP wird in der Zelle durch eine Phosphodiesterase rasch zu AMP abgebaut; die Wirkung des Second messenger ist daher nur kurz.

12. Disaccharide und Polysaccharide: Struktur und Beispiele

Wenn die halbacetalische Hydroxy-Gruppe eines Zuckers mit einer Hydroxy- Gruppen eines zweiten Zucker-Moleküls reagiert, dann erhalten wir ein Disaccharid. Die Reaktion kann sich mit weiteren Zuckern fortsetzen. Man nennt diese höheren Zucker Oligosaccharide.

Die Grenze zu den Polysacchariden ist nicht scharf zu ziehen. Ein wichtiger Unterschied ist, dass Oligosaccharide eine definierte Sequenz der Bausteine aufweisen während Polysaccharide häufig Polymer-Homologe variabler Kettenlänge und Struktur darstellen.

Die Polysaccharide kann man nach ihrem chem. Aufbau einteilen:

1. Homoglykane, die lediglich ein Monosaccharid als Baustein enthalten, wie die Cellulose, Stärke und Glykogen,
2. Heteroglykane (mehrere verschiedene Grundbausteine, meist nur zwei oder drei) und
3. Glykokonjugate (Glykoproteine, Glykolipide)

Viele der charakteristischen Eigenschaften eines Monosaccharides (z.B. das Reduktionsvermögen) sind durch die halbacetalische Hydroxy- Gruppe (an C-1 der Aldose bzw. C-2 der Ketose) bedingt. Wenn eines der

anderen Hydroxyle des „Stammzuckers“ durch Glycosid-Bindung verschlossen ist dann behält das Disaccharid seine reduzierenden Eigenschaften, es zeigt Mutarotation und kann noch mit Alkoholen Glykoside bilden. Solche Oligosaccharide gehören dem Maltose Typ an, denn ihr Prototyp ist die Maltose. Ganz andere Eigenschaften haben diejenigen Disaccharide, bei denen beide halbacetalischen Hydroxyle miteinander reagiert haben. Beide Zucker liegen jetzt als Vollacetale vor. Diese Oligosaccharide reduzieren nicht u. zeigen keine Mutarotation. Der einfachste natürliche Vertreter ist die Trehalose; Trehalose Typ, ist die Bezeichnung für die Bindungsart in den nichtreduzierenden Disacchariden.

Trehalose kommt in Pflanzen vor und ist der Blutzucker der Insekten.

Saccharose auch Rohrzucker oder Rübenzucker genannt, ist das bekannteste Disaccharid vom Trehalose-Typ; es ist der einzige Naturstoff der in kristallisierter Form verwendet wird.

Die Fructose liegt in der weniger beständigen Ringform vor, deshalb wird der Rohrzucker schon durch sehr verdünnte Säuren in Glucose und Fructose gespalten = Inversion

Disaccharide vom Maltose-Typ:

Die Maltose ist ein Produkt des Stärkeabbaus und kommt im Malz vor (Malzzucker)

Isomaltose ist ebenfalls in der Stärke; die Cellbiose ist ein Grundbaustein der Cellulose

Lactose ist der Milchzucker und das wichtigste Kohlenhydrat in der Milch aller Säugetiere.

Im Pflanzenreich findet man eine große Vielfalt von Polysacchariden; sie erfüllen hauptsächlich 2 Funktionen: einmal bilden sie Zellwände und Gerüstsubstanzen und zum zweiten sind sie Reserverstoffe.

Cellulose: fast reine Cellulose findet sich z.B. in der Zellwand der Baumwollhaare. Technische Cellulose ist meist aus Holz gewonnen u. gereinigt. Grundbaustein ist die Cellobiose. Die β - Bindung führt zur linearen starren Struktur der Cellulose.

Chitin ist eine Gerüstsubstanz, die der Cellulose nahe steht. Chitin kommt bei Pilzen, Krebsen, Insekten vor (Panzer). Chitin ist ebenfalls linear. Die sich wiederholende Einheit ist Chitobiose und liegt in langer Struktur vor.

Zellwandstrukturen der Bakterien = Mureine: Grundbaustein ist ein Dissaccharid die Mureinsäure
Stärke ist ein pflanzlicher Reservestoff, der besonders reichlich in Samen und Knollen abgelagert ist.
Bestandteil der Stärke ist die Amylose zu 20-30% : zahlreiche Glucose- Reste (Maltose)

Glykogen ist das intrazelluläre Reserve- Kohlenhydrat tierischer Zellen. Besonders reich an Glykogen sind die Skelettmuskeln und die Leber. Der Glykogen- Gehalt der Leber hängt aber stark vom Ernährungszustand ab und sinkt schon nach kürzerem Fasten auf einen Minimalwert.

13. Einteilung proteolytischer Enzyme

Proteolytische Enzyme gehören zu den am längst bekannten Enzymen. Die Proteasen gehören zu den C-N-Hydrolasen, denn die von ihnen katalysierte Reaktion ist die Spaltung der Peptidbindung, also einer C-N-Bindung. Sie werden deshalb als Peptidasen bezeichnet. Man charakterisiert sie oft durch Hemmstoffe, die am aktiven Zentrum angreifen, nicht durch die Art des Substrates wie sonst bei Enzymen. Nach der Lokalisation und der biologischen Funktion kann man folgende Gruppen von Peptidasen unterscheiden:

1. Die Verdauungsenzyme, die sich im Magen-Darm-Trakt finden und die Verdauung der Nahrungsproteine besorgen
2. Peptidasen, die sich extrazellulär im Blut und in den extrazellulären Flüssigkeiten finden und dort spezifische regulatorische Funktionen z.B. bei der Blutgerinnung erfüllen.
3. intrazelluläre Peptidasen, die vorwiegend in Zellkompartimenten wie im ER, im Golgi- Apparat und in den Lysosomen zu finden sind; ihre Funktionen sind noch nicht sehr genau bekannt.

Einteilung der Peptidasen (nach d. internationalen Enzymnomenklatur) werden die Peptidasen nach den reaktiven Gruppen des aktiven Zentrums in folgende Untergruppen eingeteilt

1. Serin-Peptidasen, die häufigste Peptidase- Klasse mit Serin und Histidin im aktiven Zentrum; sie

können spezifisch blockiert werden.

2. Cystein- Peptidasen, die einen Cystein- Rest im aktiven Zentrum tragen z.B. Papain
3. Aspartat-Peptidasen, bei denen die Carboxy- Gruppen von Asparaginsäure- Resten an der Katalyse beteiligt sind z.B. Pepsin; Sie spalten nur im sauren pH- Bereich (unter pH 5)
4. Metall-Peptidasen mit einem Metall-Ion, die durch Komplexbildner wie Sulfid oder Cyanid gehemmt werden
5. Enzyme mit ungenau untersuchten Reaktionsmechanismen

Exopeptidasen und Endopeptidasen

Sie unterscheiden sich durch den Angriffspunkt an der Peptidkette

Die Exopeptidasen spalten nur vom Ende der Peptidkette her, also jeweils die endständigen Aminosäuren ablösen. Man unterscheidet hier weiter zwischen Carboxypeptidasen, die vom Carboxy- Ende her wirken und Aminopeptidasen, die am Amino- Ende angreifen

Die Endopeptidasen spalten die Proteine an bestimmten Stellen in der Mitte der Kette. Sie greifen das Kettenende nicht an. Sie wirken damit vorwiegend auf Proteine und höhere Polypeptide und heißen auch Proteinasen; hierzu gehören die Verdauungsenzyme Pepsin, Trypsin und Chymotrypsin. Die Art der Reaktionsmechanismus und des aktiven Zentrum bedingt das pH- Optimum dieser Enzyme.

Spezifität der Peptidasen

Proteinasen sind nicht spezifisch auf bestimmte Substrate eingestellt sondern auf bestimmte Strukturmerkmale der Peptidketten.

Proteolyse als Regelmechanismus

Die Proteolyse ist ein wichtiger Regelmechanismus der Zelle. Um aus den Tausenden von Proteinen einer Zelle gezielt einzelne Enzyme oder Proteine abzubauen, bedarf es wirksamer Mechanismen der Kontrolle des proteolytischen Prozesses. Dazu gehören u. a. die Kennzeichnung des abzubauenden Proteins sowie die Kontrolle der Aktivität der Proteinasen, vor allem durch zelluläre Proteinase-Inhibitoren.

Pepsin A ist das wichtigste eiweißspaltende Enzym des Magens und sorgt für die Vorverdauung. Pepsin spaltet optimal bei saurer Reaktion des Magensaftes.

Serinproteinasen: Trypsin, Chymotrypsin, Elastase

Sie werden im Pankreas gebildet und im Dünndarm aktiviert und vollenden den Verdauungsprozess der im Magen begonnen wurde.

14. Erklären Sie aktiven Membrantransport

Als aktiven Transport bezeichnet man diejenigen Transportvorgänge, die gegen ein Konzentrationsgefälle erfolgen. Dafür muss Energie aufgewandt werden. Dies kann durch Konformationsenergie sein, z.B. durch Kopplung einer Protonenpumpe mit dem Elektronentransport der Atmungskette; es kann ein anderer Konzentrationsgradient sein, oder die Energie wird durch Hydrolyse von ATP bereitgestellt. Das Phänomen der ATP-getriebenen Transports ist besonders wichtig für die Aufrechterhaltung der Ionengradienten von Na^+ , K^+ , H^+ und Ca^{2+} .

Der Na/K- Ionentransport durch die Plasmamembran: Die Na und K Ionen sind sehr ungleich verteilt: Bei allen tierischen Zellen ist Na im Inneren niedrig und K hoch. Dagegen sind im extrazellulären Raum Na hoch und K niedrig. Dieser Konzentrationsgradient wird dadurch aufrechterhalten, dass dauernd Na durch ein aktives Ionentransportsystem nach außen und K dafür nach innen befördert werden. Das hierfür verantwortliche Carrier-Protein heißt Na plus/K plus austauschende ATPase (Na plus/K plus ATPase). Es spaltet ATP zu ADP und anorganischem Phosphat und nutzt dabei einen Teil der freiwerdenden Energie zum Ionentransport. Das Enzym kommt in der Plasmamembran aller tierischer Zellen vor und ist wesentlich für das osmotische Gleichgewicht und das Zellvolumen verantwortlich.

ATP- Hydrolyse und Na plus/K plus Transport sind streng gekoppelt: Pro Molekül ATP werden drei Na plus – Ionen nach außen und zwei K plus- Ionen nach innen befördert.

15. Erklären Sie das Zustandekommen eines DNA-Doppelstrangs

Nucleinsäuren enthalten die genetische Information. Sie sind aufgebaut aus heterozyklischen Basen,

Kohlenhydrat und Phosphorsäure. Man unterscheidet nach der Art des Kohlenhydrats die

1. Desoxyribonucleinsäuren, DNS bzw. DNA abgekürzt, mit 2- Desoxyribose als Kohlenhydrat
2. Ribonucleinsäuren, RNS bzw. RNA, welche Ribose als Kohlenhydrat enthalten.

Die DNA stellt das genetische Material dar; die RNA sind an der Biosynthese der Proteine unmittelbar beteiligt.

Die genetische Information ist in der DNA als Sequenz der Basen codiert. Die Übertragung dieser Information ist möglich durch das Prinzip der Basenpaarung: jede Base bestimmt eindeutig ihren gegenüberliegenden Partner und legt damit die Basenfolge im neu synthetisierten Strang fest. Die Aneinanderlagerung von Nucleinsäuren durch Paarung zueinander gehöriger (komplementärer) Basen führt einerseits zur Raumstruktur der Doppelhelix, sie erlaubt andererseits die Aufstellung von Grundregeln der Informationsübertragung. Die genetische Information ist in der DNA als Sequenz der Basen enthalten: die vier Basen Adenin, Guanin, Cytosin und Thymin (A,G,C, T). Die Mittlersubstanz zwischen DNA und Protein ist eine informationstragende RNA, die Messenger-RNA, mRNA.

Dem Strukturmodell liegt die Annahme zugrunde, dass je zwei Basen durch Wasserstoff- Bindungen miteinander in Beziehung treten; (Adenin-Thymin, Guanin-Cytosin). Durch diese Basenpaarung werden zwei Polynucleotid-Stränge zusammengehalten; gleichzeitig bestimmt jede der Basen den entsprechenden Partner, so dass ein Strang die vollständige Sequenz der Basen im anderen Strang festlegt. (Doppelstrang)

Zwei DNA- Einzelstränge sind in Form eines Doppelstranges so zu einer Schraube miteinander verdreht, dass eine Windung 10 Basenpaare enthält. => Doppelhelix

16. Erklären Sie den genetischen Code (Quelle: Linder Biologie Band 3)

In den Proteinen der Lebewesen treten in Regel 20 verschiedene Aminosäuren auf. Deren Reihenfolge muss in der Nukleotidsequenz der mRNA und damit letztlich in der Nukleotidsequenz der DNA verschlüsselt vorliegen. In den Nukleinsäuren kommen vier Basen vor (DNA: Adenin, Guanin, Cytosin, Thymin; RNA: statt Thymin Uracil). Um die 20 Aminosäuren zu codieren benötigt man sog. Basen-Triplets (Trinukleotid). Man nennt die Basen-Triplets der DNA, die Aminosäuren codieren, Codogene. Dem Codogen entspricht nach der Transkription ein Codon auf der mRNA. Ihre Gesamtheit ist der genetische Code, und die Einheit der genetischen Information ist das Codon. Der genetische Code ist universell (das heißt er ist weitestgehend bei allen Lebewesen gleich interpretierbar).

Die genetische Information ist im Zellkern als DNA in Form einer Doppelhelixstruktur gespeichert. Die Doppelhelixstruktur entsteht durch Wasserstoffbrücken der Nukleotide.

Biosynthese der RNA:

Biosynthese der Proteine:

Orte der Translation sind die Ribosomen. Die Biosynthese erfolgt über die tRNA, wobei es für jede Aminosäure einen bestimmten tRNA-Typ gibt. Die tRNA dockt an ihrem Anticodon an und das Ribosom fügt nun die Aminosäuren der tRNA's zu einem Strang zusammen.

Für diesen Vorgang ist ein „Startcodon“ sowie eine „Endcodon“ notwendig!

tRNA: bewegt sich im Cytoplasma (außerhalb des Zellkerns). Sie verbindet sich mit „ihrer“ Aminosäure und tritt dann mit ihrem Anticodon der mRNA in Wechselwirkung.

Anticodon: Jedes Basenpaar hat ein eindeutiges gegenüber: Adenin – Thymin (bzw. Uracil) und Cytosin – Guanin. Die tRNA (mit ihrer Aminosäure) „dockt“ nun an ihrem Anticodon an der mRNA an.

mRNA: Ist der „halbe“ DNA Strang (nur die mRNA passt durch die Poren des Zellkerns und kann somit ins Cytoplasma gelangen um die enthaltene Information zur Verfügung zu stellen!)

17. Erklären Sie den Pentosephosphat Weg

Quelle: <http://www.degussa-bioactives.com/degussa/html/d/health/ger/kh/c6.2.htm> & Skriptum

Der Pentosephosphatweg stellt einen alternativen Stoffwechselweg zur Glycolyse dar und führt zur Bildung von Ribose-5-phosphat, das ein wichtiger Bestandteil der Nucleotide ist.

Insgesamt lässt sich die Reaktion des Pentosephosphatwegs wie folgt zusammenfassen:

Im ersten Schritt des Pentosephosphatwegs wird Glucose-6-phosphat in das Ribulose-5-phosphat umgewandelt.

Während des zweiten Schritts findet die Umwandlung von Ribulose-5-phosphat in Ribose-5-phosphat und Xylulose-5-phosphat statt.

Je nach dem Bedarf der Zelle endet der Pentosephosphatweg mit der Bildung von Ribose-5-phosphat oder wird mit der Umwandlung des nicht benötigten Ribose-5-phosphat in Zwischenprodukte der Glycolyse, Fructose-6-phosphat bzw. Glycerinaldehyd-3-phosphat, fortgesetzt.

Ribose-5-phosphat kann in Ribose und Desoxyribose, die Zuckerbestandteile der Nucleotide, umgewandelt werden. Nucleotide sind die Bausteine von DNS, des Trägers der genetischen Information, und von RNS, den Bauplänen für Proteine.

18. Erklären Sie die Abhängigkeit einer Enzymreaktion von der Substratkonzentration; wie kann sie charakterisiert werden?

Enzym-Gruppen:

Oxidreduktasen

Transferasen

Hydrolasen

Lyasen

Isomerasen

Ligasen

Je nach Substratkonzentration wirkt das Substrat auf die Enzyme hemmend oder aktivierend. Bei Protein-Enzymen findet die Reaktion meist im Inneren der Proteine statt (= aktives Zentrum).

Michaelis-Mentengleichung: $1/v = K_m/V_{mx} * 1/[S] * 1/V_{max}$

K_m ...jene Substratkonzentration bei der ein Enzym mit der halben seiner Maximalgeschwindigkeit arbeiten kann

Quelle: <http://www.degussa-bioactives.com/degussa/html/d/health/ger/kh/i4.htm>

Leben ist im Grunde genommen nichts weiter als eine Vielzahl biochemischer Reaktionen, die kontinuierlich im Körper ablaufen. Die meisten dieser Reaktionen werden durch die Enzyme genannten biologischen Katalysatoren beschleunigt. Katalysatoren sind Substanzen, welche die Geschwindigkeit und Genauigkeit einer Reaktion steigern, ohne dabei selbst verändert zu werden. Enzyme sind Proteine, und die Information für ihre Herstellung im Körper ist in der DNS gespeichert. Viele Enzyme enthalten Cofaktoren, die die katalytische Wirkung verstärken. Cofaktoren können Metallionen oder als Coenzyme bezeichnete organische Moleküle sein. Einige Cofaktoren lagern sich nur vorübergehend an das Enzym, wohingegen andere, sogenannte prosthetische Gruppen, permanent an das Protein gebunden sind. Viele Enzym-Cofaktoren werden von Vitaminen und Mineralstoffen gebildet, den essentiellen Nährstoffen, die von Menschen und Säugetieren nicht synthetisiert werden können und daher in der Nahrung enthalten sein müssen. Andere Cofaktoren wie Coenzym Q, Liponsäure, Dolicholphosphat, Biopterin, Häm und Molybdopterin werden im Körper aus einfachen organischen Verbindungen synthetisiert.

Enzyme stellen sicher, dass biochemische Reaktionen bei den Temperaturen und Bedingungen in Zellen erheblich schneller stattfinden als ohne Katalyse. Durch die enzymatische Katalyse können Reaktionen bis zu 10¹² (1 Billion) mal schneller ablaufen als ohne Katalysator. Enzyme sorgen zusätzlich dafür, dass fast ausschließlich die gewünschten Reaktionsprodukte entstehen und nicht irgendwelche anderen Substanzen, die den Organismus schädigen könnten oder nutzlos sind. Schließlich lassen sich Enzyme auf verschiedene Arten regulieren: die Konzentration der Substanzen, die an der durch ein Enzym katalysierten Reaktion teilnehmen, kann die Aktivität dieses Enzyms steigern oder hemmen. Auch körpereigene Botenmoleküle wie Hormone beeinflussen die Aktivität von Enzymen oder verändern die Anzahl der Enzymmoleküle, die vom Körper synthetisiert werden. Enzyme sind hochspezialisiert. Die meisten katalysieren nur einen einzigen Reaktionstyp, und häufig ist ein bestimmtes Enzym nur in der Lage, diese Reaktion für eine geringe Zahl unterschiedlicher Substratmoleküle zu katalysieren. Schätzungen zufolge enthält der menschliche Körper daher 50.000 verschiedene Enzyme. Die meisten Enzyme haben eine kugelförmige dreidimensionale Struktur mit einer Vertiefung auf der Oberfläche, deren Form komplementär zum Substratmolekül ist. Dies ist die Bindungsstelle für das Substratmolekül. Die Komplementarität der geometrischen Formen von Enzym und Substrat ist verantwortlich für die Spezifität des Enzyms, vergleichbar mit einem Schloss, in das nur ein

einzigster Schlüssel passt. In der Bindungsstelle können zwei Substratmoleküle in räumliche Nähe zueinander gebracht werden. Die Aminosäurereste des Enzyms in der Bindungsstelle binden sich an das/die Substratmoleküle(e) und biegen dann entweder das/die Substrat(e) oder greifen diese(s) an bzw. reagieren damit. Die Aminosäurereste der Bindungsstelle können außerdem die Übergangszustände der Reaktion stabilisieren. All diese Mechanismen beschleunigen die Geschwindigkeit der katalysierten Reaktion. Enzymatische Cofaktoren wechseln häufig zwischen zwei oder mehr verschiedenen Formen hin und her. Eines ist die aktive Form, die an der katalytischen Reaktion teilnimmt, während die andere(n), inaktive(n) Form(en) zur aktiven Form regeneriert werden müssen.

19. Erklären Sie die Atmungskette; wie wird dabei Energie gewonnen?

Quelle: <http://www.degussa-bioactives.com/degussa/html/d/health/ger/kh/c3.4.htm>

Über die Elektronentransport- oder Atmungskette – eine Reihe von Proteinkomplexen, die in der inneren Membran der Mitochondrien angeordnet sind – werden die durch die Regenerierung der Coenzyme NAD⁺ bzw. FAD freigesetzten Elektronen auf Sauerstoff (O₂) übertragen. Die Elektronen werden von NADH bzw. FADH₂ an die Atmungskette abgegeben und über verschiedene Elektronen-Carrier weitergereicht, bevor sie schließlich Sauerstoff (O₂) zu Wasser (H₂O) reduzieren. Die Elektronen-Carrier werden von den Cofaktoren der Proteine der Atmungskette gebildet und umfassen Eisen- Schwefel-Komplexe, Flavinmononucleotide, Ubichinon (Coenzym Q), Kupferionen sowie die Hämgruppe der Cytochrome.

Bei der sukzessiven Übertragung der Elektronen von einem Elektronen-Carrier zum nächsten werden Protonen aus dem Inneren der Mitochondrien in den Zwischenraum zwischen der inneren und der äußeren Membran transportiert. Durch diesen Prozess entsteht ein Protonengradient oder pH-Gefälle über die innere Membran der Mitochondrien. Die in diesem pH-Gradienten (*Protonengradient* ?) gespeicherte Energie treibt die Synthese von ATP aus ADP und Pi durch das Transmembranprotein ATP-Synthase an.

Jedes NADH-Molekül liefert dabei drei ATP-Moleküle und jedes FADH₂-Molekül zwei ATP-Moleküle. In Summe erzeugen die während der Glucose-Oxidation produzierten 10 NADH- und zwei FADH₂-Moleküle 34 ATP-Moleküle.

Zusammen mit den jeweils zwei ATP-Molekülen aus der Glycolyse und dem Citratzyklus werden somit **durch die Oxidation eines jeden Glucose-Moleküls insgesamt 38 ATP erzeugt**.

Notiz aus dem Skriptum:

Abgabe der Protonen (=Wasserstofftransport) ins Innere der Mitochondrien (= Intermatrixraum), wobei das Delta-E groß genug sein muss um eine ATP-Synthese zu ermöglichen.

20. Erklären Sie die Denaturierung von Proteinen

hab keine Idee, was er mit Abb 3.13 will, daher wieder einmal von

Quelle: <http://www.degussa-bioactives.com/degussa/html/d/health/ger/kh/p2.1.htm>

Proteine werden während des Verdauungsprozesses in Magen und Darm durch Enzyme in ihre Bausteine, die Aminosäuren, zerlegt, die vom Körper aus dem Dünndarm aufgenommen werden.

Proteine bestehen aus linearen Ketten von Aminosäuren, die über Peptidbindungen miteinander verknüpft sind. Die linearen Aminosäureketten werden in eine komplexe dreidimensionale Struktur gefaltet – vergleichbar mit einem Wollfaden, der zu einem Knäuel aufgerollt wird. Die dreidimensionale Struktur ist von großer Bedeutung für die Funktion eines Proteins, gleichzeitig aber auch ein Hindernis bei seiner Zerlegung während des Verdauungsprozesses. Die als Denaturierung bezeichnete Entfaltung der Proteine stellt daher den ersten Schritt der Proteinverdauung dar. Das Kochen von Lebensmitteln denaturiert die enthaltenen Proteine und erleichtert dadurch die Proteinverdauung im Körper. Der Denaturierungsprozess wird im sauren Milieu des Magens fortgesetzt, in dem auch die als Hydrolyse oder Proteolyse bezeichnete Zerlegung der Proteine in kürzere Aminosäureketten (Oligo- und Polypeptide) beginnt. Diese Zerlegung wird durch Peptidase- oder Protease-Enzyme bewirkt. Bei der Denaturierung und Hydrolyse der Proteine im Magen werden außerdem Vitamine und Mineralstoffe freigesetzt, die teilweise fest an Proteine gebunden in der Nahrung enthalten sind. Im Dünndarm wird die Verdauung der Proteine fortgesetzt: Peptidase-Enzyme hydrolysieren einen Teil der Oligo- und Polypeptide zu Aminosäuren. Der größere Teil der Oligo- und Polypeptide wird in die Zellen der Darmwand transportiert, in denen die meisten von ihnen vollständig zu Aminosäuren zerlegt werden. Proteine, die der vollständigen Zerlegung in Aminosäuren entgehen können, sind vor allem Proteine mit einem hohen

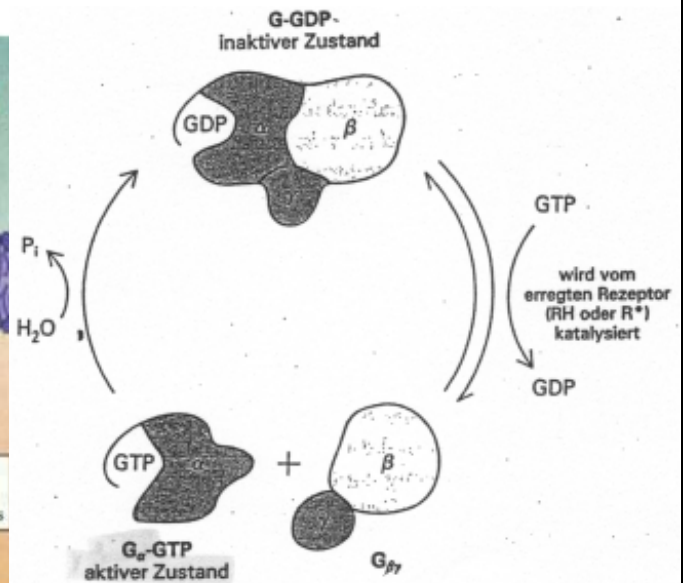
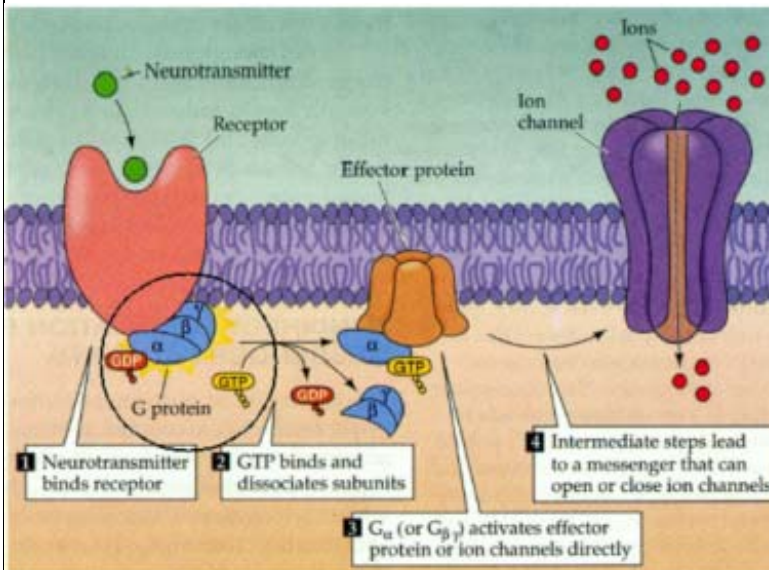
Anteil an Prolin-Resten (z.B. Kollagen) und Glycoproteine (z.B. Membranproteine). Die Aufnahme unvollständig verdauter Oligopeptide und Proteine aus dem Darm in den Körper ist an der Entstehung von Nahrungsmittel-Unverträglichkeiten und -Allergien beteiligt.

21. Erklären Sie die Funktion eines G-Proteins

Ein G-Protein hat die Funktion GTP (also Guanosin-[5']-Triphosphat, ähnlich wie ATP) zu binden. Damit kann Signaltransduktion bewirkt werden (z.B. Riechen, Sehen siehe Bild). Weiters sind G-Proteine wichtig bei der Proteinbiosynthese in Ribosomen (Initiationsfaktoren 2 [IF2], Elongationsfaktor TU, Translokationsfaktor, Release Faktor)

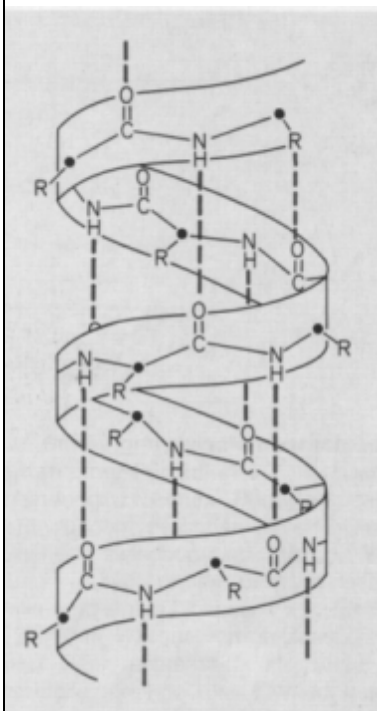
Ein G-Protein besteht aus 3 Teilen:

1. Katalytische Untereinheit (bindet das GTP) auch α -Untereinheit
2. β -Untereinheit
3. γ -Untereinheit



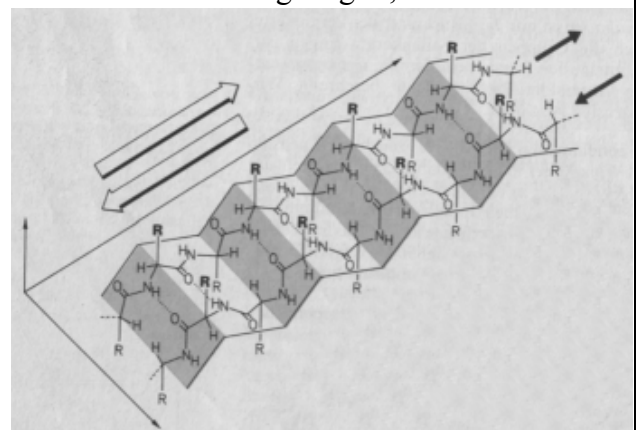
22. Erklären Sie Faltblatt- und Helixstruktur von Proteinen

Außer den Kovalenten Bindungen der Hauptkette bilden sich auch Verbindungen zwischen den Seitenketten. Diese Bindungen sind „schlammig“ (niederenergetisch) und haben nur ca. 1/10 der Energie von Kovalenten Bindungen. Es handelt sich um Wasserstoffbrücken-bindungen, die sich zwischen antiparallelen und parallelen Ketten ausbilden. Da es sehr viele dieser Bindungen gibt, bildet sich eine Struktur aus \rightarrow β -Faltblatt-Struktur.



Es gibt allerdings Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Seitenketten des selben Stranges. Dies wird dadurch möglich, dass sich das Protein in einer schrauben- bzw. helixförmigen Struktur anordnet.

Die Windungsanzahl ist genau so, dass sich jeweils die Bindungspartner C=O und NH in passendem Abstand gegenüberstehen. Eine häufige Struktur ist die α -Helix mit 3,6 Aminosäuren pro Windung. Am Ende der Helix findet man Prolin, dass sich wegen seiner Ringsstruktur nicht in die Helix einfügt (Helixbrecher).



23. Glykolyse: Reaktionen und Energieausbeute

Glykolyse ist der Sammelbegriff für eine Reihe von enzymatischen Reaktionen, in denen Glukose in kleinere Fragmente gespalten wird. Die Gesamtreaktion ist exergon, ein Teil der frei werdenden Energie wird für die Synthese von ATP verwendet. Die Glykolyse ist der universellste und wahrscheinlich auch älteste Reaktionsweg für die Synthese von ATP. Die Glykolyse ist von O₂ unabhängig und funktioniert deshalb auch unter extremen Bedingungen. Die Energieausbeute pro Gramm Glukose ist allerdings gering. Um mit Glykolyse allein zu überleben, muss eine Zelle extrem viel Glukose umsetzen. Die Endprodukte der Glykolyse sind z.B. Milchsäure (Säugetiere, Bakterien), Äthanol und CO₂ (Hefe), Butanol, Essigsäure (Bakterien).

Reaktionen:

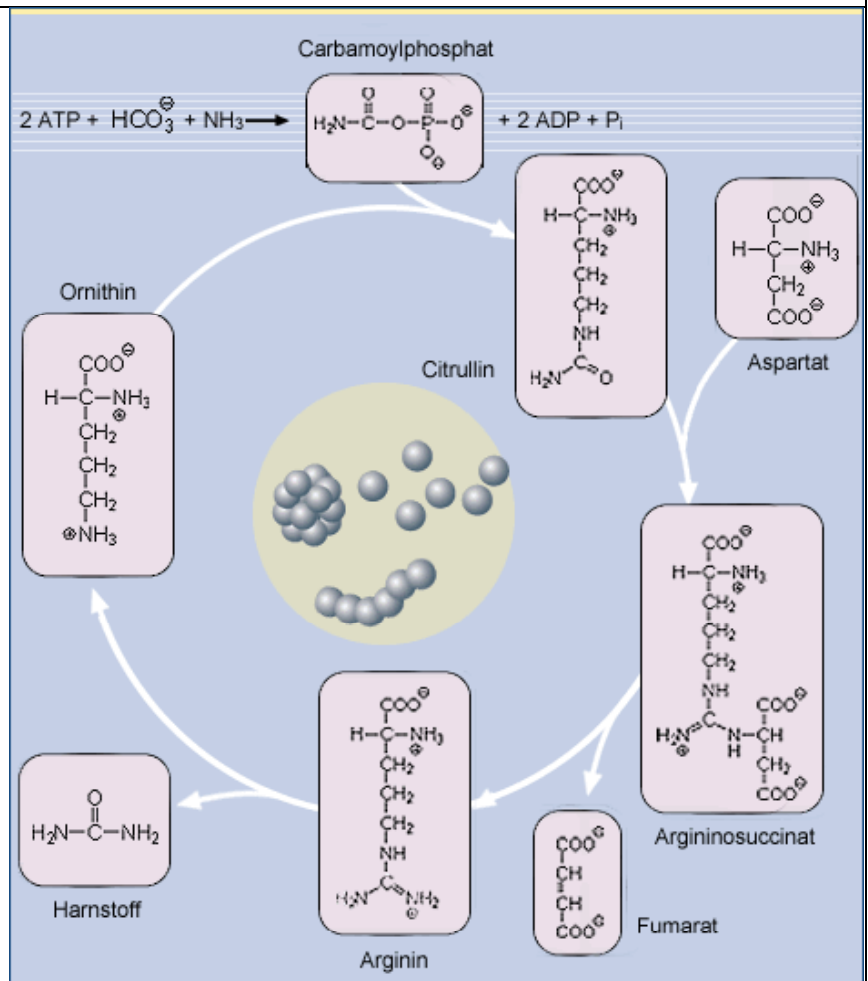
Glucose → Glucose-6-phosphat	Hexokinase	-1 ATP
Glucose-6-phosphat → Fructose-6-phosphat	Hexophosphatisomerase (auch PP Weg!)	
Fructose-6-phosphat → Fructose-1,6-bisphosphat	Phosphofructokinase	-1 ATP
Fructose-1,6-bisphosphat → 3-Phosphoglycerinaldehyd		
3-Phosphoglycerinaldehyd → 1,3-Bisphosphoglycerat	Phosphoglycerinaldehyddehydrogenase	2 NADH
1,3-Bisphosphoglycerat → 3-Phosphoglycerat	Phosphoglyceratkinase	2 ATP
3-Phosphoglycerat → 2-Phosphoglycerat	Phosphoglyceratmutase	
2-Phosphoglycerat → Phosphoenolpyruvat	Enolase (H ₂ O wird frei)	
Phosphoenolpyruvat → Pyruvat (für Acetyl CoA)	Pyruvatkinase	2 ATP
Pyruvat → Lactat (Milchsäure)	Lactatdehydrogenase	
Summe:		+2 ATP

Achtung: Durch 1 NADH können nochmals 3 ATP gewonnen werden!

24. Harnstoff cyclus: wozu? Reaktionen

Ein zu hoher Gehalt an Ammoniak schädigt die Zellen, daher muss es in eine unschädliche Substanz umgebaut und entgiftet werden. Bei den Landwirbeltieren geschieht dies durch die Synthese von Harnstoff in der Leber. Dieser wird über mehrere Zwischenstufen in einem Zyklus gebildet. Vereinfacht umfasst dieser Zyklus folgende Schritte:

1. Ammoniak (NH₃) und Kohlendioxid (CO₂) werden an Ornithin gebunden (unter Zuhilfenahme von 2 ATP). Es entsteht Citrullin.
2. Citrullin nimmt ein weiteres NH₃-Molekül (in Form von Aspartat) auf. Es entsteht Argininosuccinat.
3. Argininosuccinat spaltet nun Fumerat ab. (Zusammengefasst: Aus Citrullin und NH₃ entstehen Arginin und Wasser: Citrullin + NH₃ → Arginin + H₂O)
4. Arginin spaltet (unter Aufnahme eines neuen Moleküls Wassers) Harnstoff ab (= "Arginase-Reaktion"). Dabei bildet sich Ornithin: Arginin + H₂O → Ornithin + Harnstoff (CO(NH₂)₂)
5. Das gebildete Ornithin steht zur neuerlichen NH₃-Aufnahme bereit.



Aufnahme und Abgabe von Wasser wird nicht dargestellt

25. NAD(P,H): Rolle(n) im Zellstoffwechsel?

- NAD (Nicotinamid-adenin-dinucleotid): So bezeichnet man die oxidierte, Form des Coenzym 1. Coenzym

1 ist an mehreren 100 verschiedenen Enzym-Reaktionen in der Zelle beteiligt. Seine Hauptaufgabe ist der Transport des bei Stoffwechselreaktionen freigesetzten Wasserstoffs und der daran gebundenen Energie. NAD ist gemeinsam mit NADH ist ein wichtiges Coenzym bei zahlreichen Dehydrogenasen vor allem für die Dehydrierung vom Alkoholgruppen.

- NADP: (Nicotinamid-adenin-dinucleotidphosphat): siehe auch NAD
- NADH: Diese ist die reduzierte Form des Coenzym 1. Gibt meist seinen Wasserstoff an Enzyme der Atmungskette ab. Reaktion von O_2 zu H_2O zur Synthese von ATP.

26. Nennen Sie drei Peptide und ihre Funktion; was sind Peptide?

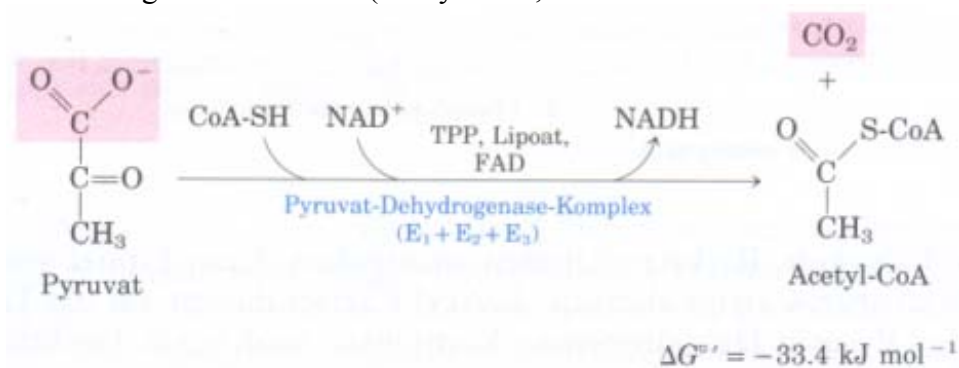
Peptid	Aminosäurerest	Entstehung aus	Funktion
Insulin	51	Praproinsulin	Regulation von Kohlehydrat und Fettstoffwechsel
Glucagon	29	Praproinsulin	Regulation von Kohlehydratstoffwechsel der Leber
Endorphine	10-30	Proopiomelanocortin	Liganden für Opiatrezeptoren

Peptide - vor allem die Polypeptide (=Proteine) - spielen in jeder Zelle eine herausragende Rolle. Sie erfüllen die Funktion biologischer Katalysatoren (=Enzyme), sind an der Regulation des Zellstoffwechsels und der Interaktion zwischen Zellen beteiligt und werden für den Aufbau spezifischer Strukturen benötigt. Es sind primär lineare Kettenmoleküle, die aus einer Aufeinanderfolge von Aminosäuren bestehen, wobei die Verknüpfungen ausschließlich über Peptidbindungen erfolgen.

27. Oxidative Decarboxylierung von Pyruvat: Reaktion, Energieausbeute, beteiligte Coenzyme

Ablauf (siehe auch Skriptum Seite 34 –oben Thiamin unten Energiebilanz bei der Oxidation von Acetyl-CoA im Citratcyclus) Diese Reaktion dient der Gewinnung von Acetyl-CoA für den Citratcyclus und der Gewinnung von NADH für die Athmungskette.

1. Pyruvat wird decarboxyliert
2. der "aktive Acetaldehyd" wird an Thiaminpyrophosphat gebunden
3. Oxidation zum Acetat
4. Übertragung auf α -Liponsäure (ihre Disulfidform wird reduziert)
5. Weitergabe an das CoA (Acetyl-CoA, das CoA-Derivat der Carbonsäure, ist Endprodukt)



Bilanzmäßig sind jedoch nur (Acetyl)-Coenzym A und NAD(H) wichtig.

Die Carboxylgruppe der Brenztraubensäure wird als CO_2 abgespalten. Der ebenfalls freiwerdende Wasserstoff und die Elektronen werden von NAD aufgenommen.

Der übrigbleibende Essigsäurerest wird an das Coenzym A über die reaktive -SH-Gruppe gebunden. Man spricht deshalb auch von aktivierter Essigsäure.

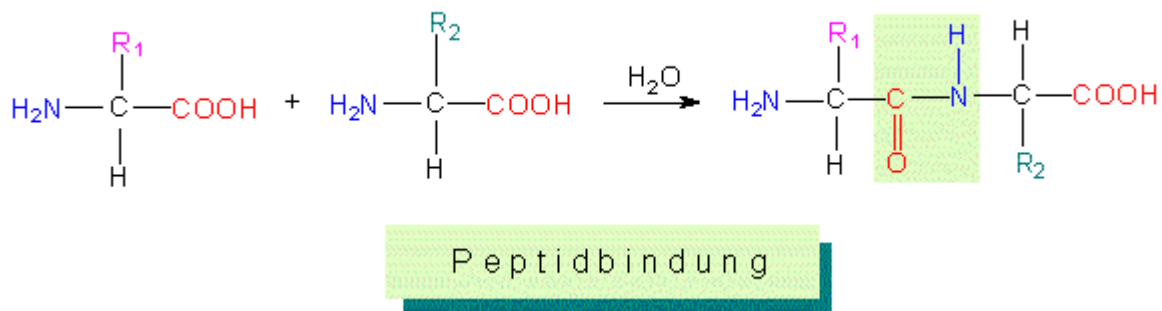
Die Reaktion ist wegen der Freisetzung großer Mengen freier Enthalpie irreversibel ($\Delta G = -33,6 \text{ KJ/Mol}$).
Energieausbeute: 1 Acetyl-CoA \rightarrow 12 ATP, 1 NADH \rightarrow 3 ATP;

Beteiligte Coenzyme:

Der Pyruvat-Dehydrogenase-Komplex benötigt 5 Coenzyme:

Coenzym A (CoA), Liponsäure (Lipoat), Thiaminpyrophosphat (TPP), NAD und FAD (= Flavinadenindinukleotid).

28. Peptidbindung



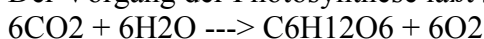
(Dieser Bindungstyp bedingt eine Polarität im Molekül; denn unabhängig von der Kettenlänge bleibt an einem der Enden eine freie Aminogruppe, am anderen eine freie Karboxylgruppe übrig (= N-terminales und C-terminales Ende). Aminosäuresequenzen werden vom N- zum C-terminalen Ende geschrieben, diese Richtung entspricht auch der Syntheserichtung. Die genaue Abfolge der Aminosäuren (Aminosäuresequenz, Primärstruktur des Proteins), determiniert durch die Sequenz von Nukleotiden in Nukleinsäuren (=Kolinearität), charakterisiert ein bestimmtes, spezifisch wirkendes Proteinmolekül.)

29. Photosynthese: was passiert in Photosystem I und II. Wie produzieren Pflanzen Sauerstoff?

Bei der Photosynthese wird Strahlungsenergie absorbiert und in chemisch gebundene Energie umgewandelt; pro Gramm aufgenommenen Kohlenstoff werden 479 KJ festgelegt. An der Kohlenstoffassimilation beteiligen sich lichtbetriebene photochemische Vorgänge, rein enzymatische Vorgänge (Dunkelreaktionen) und Diffusionsvorgänge, durch die der Austausch von CO₂ und O₂ zwischen den Chloroplasten und der Außenluft erfolgt. Die erste Voraussetzung für den Ablauf der Photosynthese ist die Strahlungsaufnahme durch die Chloroplasten: Strahlungsempfänger sind die Chlorophylle, die sich in den Chloroplasten befinden.

Der photochemische Prozess setzt ein, sobald die Chloroplasten photosynthetisch ausnutzbare Strahlung auffangen. An den lichtbetriebenen Reaktionen sind zwei in Reihe geschaltete Pigmentsysteme beteiligt. Jedes Photosystem ist an ein lichtsammelndes Pigment-Protein-Komplex (LHC=light-harvesting-complex) angeschlossen. Über Antennenpigmente (Chlorophyll u. Phaeophytin) werden die einfallenden Lichtquanten absorbiert und zum Reaktionszentrum weitergeleitet.

Der Vorgang der Photosynthese läßt sich summarisch durch folgende Gleichung beschreiben:

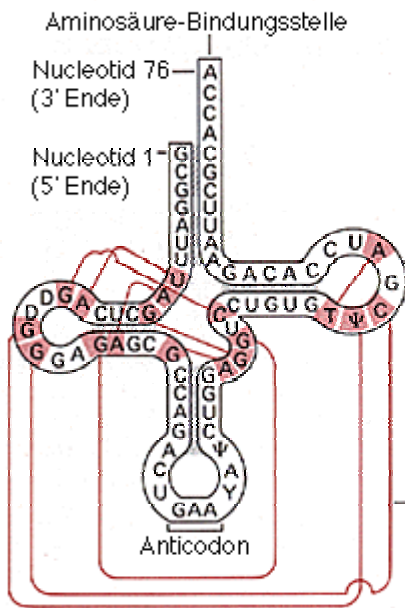


Kohlendioxid und Wasser reagieren in den Chloroplasten unter Lichteinfluß zu Glucose und Sauerstoff.

Die Photosynthese besteht aus zwei Systemen: dem Photosystem I und II (PS I u. II). Das Photosystem I ist das phylogenetisch ältere und besteht aus Pigmentkollektiven, die überwiegend Chlorophyll a enthalten. Im Reaktionszentrum ist ein Chlorophyll-a-Proteinkomplex eingebettet, der einen Absorptionsspitze bei 700nm aufweist (P700). Grünes Licht hat eine Wellenlänge zwischen 500 u. 550nm. Das PS II enthält einen Chlorophyll-a-Proteinkomplex mit max.Absorption von 680nm (P680). Es ist mit einem erhöhtem Anteil von Chlorophyll b und von Xantophyllen ausgestattet, die besonders zur Ableitung von ueberschüssiger Energie befähigt sind.

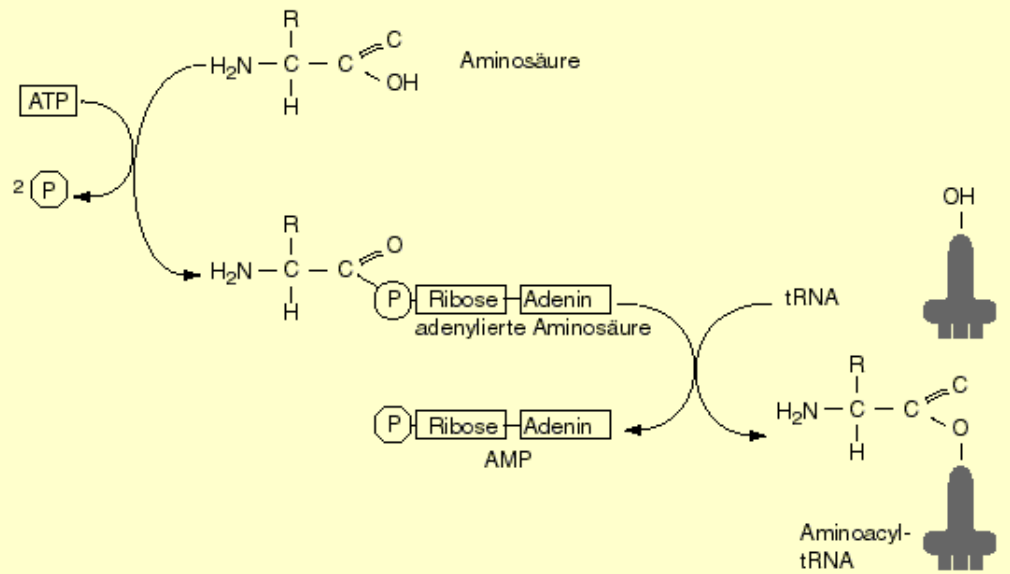
30. Struktur der tRNA; wie und wo wird die Aminosäure angehängt?

Eine tRNA besteht aus einem linearen Strang aus 70 - 90 Nukleotiden und zeichnet sich durch ihre besondere Faltung aus, welche für ihre Aufgabe als Adapter von entscheidender Bedeutung ist: Vier kleinere Abschnitte bilden durch intramolekulare Basenpaarung eine Doppelhelixstruktur aus, so dass die tRNA eine Sekundärstruktur erhält, die einem "Kleeblatt" gleicht. Eine geringe Anzahl Basenwechselwirkungen formen die tRNA in ihre Tertiärstruktur. Sie erinnert an einen Haken oder ein "L".



Das eine Ende des "L" bildet das **Anticodon**, ein Basentriplett, das mit dem komplementären Triplett (dem Codon) einer mRNA basenpaart. Das andere Ende trägt die Bindungsstelle für eine **Aminosäure**. Enzyme, die Aminoacyl-tRNA-Synthetasen, koppeln am 3'-Ende der CAA-Sequenz die Carboxygruppe derjenigen Aminosäure, welche zum entsprechenden Anticodon gehört.

Dieser Vorgang, bei welchem tRNAs mit entsprechenden Aminosäuren beladen werden, nennt man **Aminoacylierung**. Die Reaktion verbraucht ATP und verläuft in zwei getrennten Schritten. Der erste führt zu einer aktivierten Aminosäurezwischenstufe, bei der die Carboxylgruppe mit AMP verknüpft ist. Dieses Zwischenprodukt ist sehr reaktionsfreudig und bleibt am Enzym gebunden, bis das AMP durch den zweiten Reaktionsschritt durch das tRNA-Molekül ersetzt wird, so dass eine Aminoacyl-tRNA und freies AMP entstehen.



31. Struktur eines Antikörpers

Besteht aus vier Protein-Ketten: zwei schwere Ketten und zwei leichte Ketten. Die schweren Ketten sind glykosyliert, d.h. an die Seitenketten von Asparagin, Serin oder Threonin-Resten sind Polysaccharide gekoppelt. Protein-Ketten sind in mehrere Domänen unterteilt, die als "Knäuel" in Erscheinung treten. Die Ketten werden durch mehrere Disulfid-Brücken in der Hinge-Region zusammengehalten. Zudem befindet sich im Zentrum jeder der Domänen eine intramolekulare Disulfidbrücke. Die schweren Ketten enthalten je vier, die leichten je zwei dieser Immunglobulin-Domänen. Die verschiedenen Domänen zeigen das gleiche Faltungsmuster, obwohl ihre Aminosäuresequenz unterschiedlich ist. Ein Antikörper kann 1 bis 2 Antigene binden.

32. Translation: Teilschritte und beteiligte Komponenten

Übersetzung der mRNA in Proteine. Findet in den Ribosomen statt. Teilschritte: Initiation, Elongation, Termination:

- 1) Bildung des Initiations-Komplexes: IF2 trägt GTP. Nach Bindung der 50S-Untereinheit wird IF2 abgelöst und GTP in GDP und anorganisches Phosphat gespalten.
- 2) Kettenverlängerung: Bindung von Aminoacyl-tRNA, Peptidyl-Transferase-Reaktion, Translokation.
- 3) Termination der Protein-Synthese

33. Unterschiede zwischen DNA und RNA

Der Zuckerrest ist bei der DNA Desoxyribose, bei der RNA Ribose. Weiterhin ist nicht Thymin enthalten, sondern das Derivat Uracil. Zudem kommt RNA fast immer einsträngig vor, trotzdem gibt es Basenpaarung, da sich das Molekül räumlich faltet. Die DNA dient als Informationsspeicher und ist stabiler als die RNA. Die RNA spielt eine wichtige Rolle bei der Informationsvermittlung, bei der Proteinsynthese und sie ist an der Replikation der DNA beteiligt.

34. Was ist CoenzymA?

Wichtigstes Coenzym für Fettstoffwechsel. In jeder lebenden Zelle vorhanden. Übertragene Gruppe: Acetyl. Zugehöriges Vitamin: Pantothersäure. Wird in der Leber biosynthetisiert. Wird aus Hefe gewonnen. Bildet mit der Carboxylgruppe von Fettsäuren Thioester (besonders reaktionsfreudig). Beteiligt an der Synthese von Citrat, Triglyceriden, Phospholipiden und Cholesterin, am Auf- und Abbau von Fettsäuren und an zahlreichen enzymatischen Reaktionen.

35. Was ist ein Ribosom; woraus besteht es?

Ribosomen sind Zellorganellen die der Synthese von Proteinen dienen. Sie produzieren nach den Bauplänen der DNA unterschiedliche Proteine, indem sie jeweils verschiedene Aminosäuren zu einer Kette verknüpfen. Ribosomen befinden sich außerhalb des Zellkerns im Zytoplasma. Sie bestehen aus zwei Untereinheiten: aus Proteinen und ribosomaler RNA. Verläßt eine gespleißte mRNA den Zellkern, heften sich die beiden Untereinheiten des Ribosoms an diesen Strang und die Proteinherstellung kann beginnen. Unterschiede im Aufbau zwischen prokaryoten und eukaryoten Ribosomen.

36. Was ist Transkription? Welche Unterschiede bestehen zwischen Bakterien und höheren Zellen?

Durch Transkription wird eine Kopie eines Gens in Form der RNA hergestellt. Diesem Vorgang liegt das Umschreiben der Basensequenz der DNA in die Basensequenz der RNA zugrunde. Findet bei Eukaryoten im Zellkern statt. Bei Bakterien (Prokaryoten) wird ein größerer Teil der DNA für die Information der Proteine genutzt als bei höheren Zellen (Eukaryoten). (Vergleicht man die Genom-Größen von Zellen, so stellt man fest, dass sie mit zunehmendem Entwicklungsstand während der Evolution zunehmen.)

Wichtige Unterschiede:

- Chromatin-Remodellierung: DNA bei Eukaryoten als Chromatin organisiert → bedingt vorgängige Veränderungen in der lokalen Chromatinstruktur, damit Gene für den Transkriptionsapparat zugänglich sind.
- RNA Polymerasen: Im Gegensatz zu prokaryotischen Zellen besitzen eukaryotische Zellen nicht nur eine, sondern gleich drei verschiedene RNA-Polymerasen: RNA-Polymerase I, II und III.
- Regulation der Transkription bei Eukaryoten

37. Was sind allosterische Enzyme?

Allosterische Enzyme verfügen über ein aktives und ein regulatives Zentrum. Im aktiven Zentrum wird das Substrat gebunden und umgesetzt. Im regulativen Zentrum bindet der sogenannte Effektor. Der Effektor kann das Enzym hemmen oder aktivieren. Wirkt der Effektor hemmend (Effektor wird als Inhibitor bezeichnet), dann verändert das Enzym seine räumliche Struktur, so daß das Substrat nicht mehr im aktiven Zentrum binden kann. Aktiviert der Effektor das Enzym (Effektor wirkt als Aktivator), so verändert sich mit der Bindung des Aktivators die räumliche Struktur des Enzyms, so daß das Substrat binden kann.

38. Was sind Protein Kinasen? Beispiele?

Modifizieren andere Proteine, indem sie bestimmte Aminosäuren auf deren Oberfläche mit einer Phosphatgruppe modifizieren. Die auf diese Weise eingeführte Phosphatgruppe verändert die biologischen Eigenschaften dieser Proteine. Sowohl Enzymaktivitäten als auch die Bindung an andere regulatorische Moleküle können so kontrolliert werden.

z.B. cAMP-abhängige Proteinkinasen, cGMP-abhängige Proteinkinasen, Proteinkinase C, Proteinkinase B

39. Was versteht man unter der kompetitiven Hemmung eines Enzyms?

Kompetitive Inhibitoren sind Moleküle mit struktureller Ähnlichkeit zum Substrat, die aber im Gegensatz zum natürlichen Substrat vom Enzym nicht zum Produkt umgesetzt werden können → Inhibitor und Substrat konkurrieren um das aktive Zentrum. Überwindung durch Erhöhung der Substratkonzentration.

40. Welche Funktion spielen Proteine in einer Zelle?

Proteine steuern u. a. die chemischen Reaktionen der Zelle (Arbeiter der Zelle). Man nennt sie dann auch Enzyme. Enzyme sorgen z.B. dafür, dass der Mensch die Nahrung, die er aufnimmt auch verwerten kann oder dass bestimmte Giftstoffe abgebaut werden. Proteine werden aus 20 verschiedenen Bausteinen, den Aminosäuren, zu unterschiedlich langen Ketten zusammengesetzt. Die genau festgelegte Reihenfolge der Aminosäuren bestimmt die Form und Funktion eines Proteins. Benötigt eine Zelle eine bestimmte Proteinfunktion, so wird die Erbinformation in Form des DNA-Abschnittes, der genau für dieses Protein übersetzt werden muss, bereitgestellt und kopiert (der Vorgang des Übersetzens heisst Transkription). Die Kopie dieses Gens wird in Form von mRNA aus dem Zellkern zu den Bildungsorten der Proteine (den

Ribosomen) transportiert. Dort werden die Aminosäuren nach der genau durch die DNA-Bestandteile festgelegten Reihenfolge zu einer Kette verknüpft (der Vorgang des Zusammenbauens der Aminosäureketten heisst Translation). Die so entstandene Aminosäurekette faltet sich zu einer ganz bestimmten Proteinform zusammen und kann dann ihre Funktion als z. B. Enzym in der Zelle ausführen.

41. Welche Lipide kenne sie? Welche Funktion haben sie?

Lipide lassen sich nach dem Vorkommen von Esterbindungen einteilen.

Lipide OHNE Esterbindung		Lipide MIT Esterbindung	
Fettsäuren	Isoprenderivate	Bezeichnung	(verestert mit)
	Terpene	Steroide	
Gesättigte Fettsäuren	Retinol	Cholesterin	Wachse (langkettigen Alkoholen)
Ungesättigte Fettsäuren	Phyllochinone	Steroidhormone	
Essentielle Fettsäuren	Tocopherol	D-Vitamine	Acylglycerine (Glycerin)
Prostaglandine	Dolichol	Gallensäure	Phosphoglyceride (Glycerin-3-P)
			Sphingolipide (Sphingosin)
			Cholesterinester (Cholesterin)
<ul style="list-style-type: none"> • Triacylglyceride: größter Energiespeicher des Körpers; können unter Energiegewinn abgebaut werden. • Phospholipide und Sphingolipide: sind für den Aufbau zellulärer Membranen verantwortlich. • Cholesterin: dient als Membranbestandteil und ist Ausgangspunkt für die Biosynthese von Steroidhormonen und Gallensäure. 			

42. Welche Reaktionen können an Aminosäuren stattfinden; welches Coenzym spielt dabei eine tragende Rolle?

Transaminierung: wichtiges Coenzym ist PLP.

???

43. Welche RNAs kenne Sie? Welche Rolle spielen sie?

Messenger-RNA (mRNA): mRNA-Moleküle entstehen aus der heterogenen nucleären RNA durch posttranscriptale Modifikation und codieren in Form von Basentriplets die Aminosäuresequenz der verschiedenen Proteine.

Transfer-RNA (tRNA): tRNA-Moleküle bestehen aus jeweils 65-110 Nucleotidresten. Sie bilden durch intramolekuläre Hybridisierung Kleeblatt-förmige Strukturen und dienen als Adaptermoleküle für die Proteinsynthese.

Ribosomale RNA (rRNA): rRNA-Moleküle stellen einen integrierenden Bauteil der für die Proteinsynthese verantwortlichen Ribosomen dar.

44. Welche Rolle spielen Protonengradienten in der Biochemie?

Die Konservierung der, bei der Reoxidation wasserstoffübertragender Coenzyme, freiwerdenden Energie erfolgt durch Errichtung einer elektrochemischen Potentialdifferenz über die inneren Mitochondrienmembran. Die mitochondriale ATP-Synthase benutzt die beim Ausgleich des Protonengradienten freiwerdende Energie zur Bildung von ATP aus ADP und anorganischem Phosphat.

45. Wie kann die Synthese von mRNA reguliert werden (Bakterien vs. höhere Zellen)?

Regulierung bei Eukaryonten:

- (In-)Aktivierung von Genen
- Initiation der Transcription
- Hemmung der Transcription
- RNA-Editing

- Alternatives Spleißen
- Transport und Lokalisierung der RNA
- Abbau der RNA

Regulierung bei Prokaryonten:

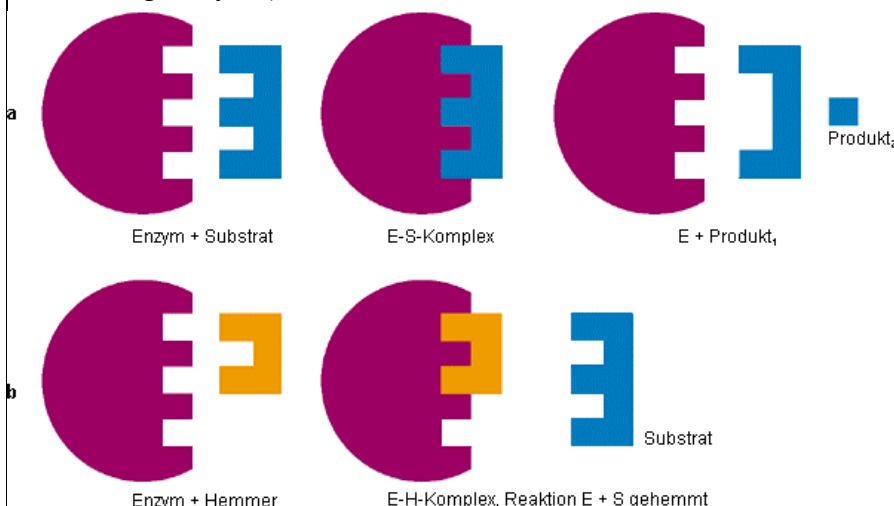
Im Stoffwechsel von Bakterien sind sehr oft mehrere Enzyme an einer biochemischen Reaktionsfolge beteiligt. Ihre Synthese wird erniedrigt, wenn das Substrat fehlt und erhöht, sobald das Substrat erscheint.

46. Wie wird die mRNA am Ribosom abgelesen?

t-RNA (transfer-RNA, einsträngig) kann an einem Ende eine Aminosäure aufnehmen. Dabei gibt es für jeden Aminosäure eine anders gebaute t-RNA, die nur auf diese eine Aminosäure passt. Am anderen Ende hat die t-RNA eine besonders grosse Schlaufe. Auf dieser Schlaufe sitzen drei Basen, die Anticodon genannt werden. Während nun das Ribosom auf der m-RNA sitzt, liegen dort 6 Basen der m-RNA frei. Durch die Braunsche Molekularbewegung kommen nun an diesen 6 Basen alle möglichen t-RNAs mit ihren Aminosäuren vorbei. Wenn nun eine t-RNA vorbeikommt, deren Anticodon genau die komplementären Basen zu drei der freiliegenden Basen der m-RNA sind, bleibt die t-RNA an der m-RNA hängen. Die m-RNA rutscht ein Stück weiter durch das Ribosom, so dass nun noch drei Basen direkt neben den von der t-RNA besetzten frei sind. Hier kann sich nun wieder nur die t-RNA anhängen, deren Anticodon auf die freiliegenden Basen passt. Wenn dies geschehen ist, kommen die beiden Aminosäuren, die an den beiden t-RNAs hängen so dicht aneinander, dass zwischen ihnen eine Peptidbindung entstehen kann. Wenn dies geschehen ist, kann die schon länger "anwesende" t-RNA wegdriften und die m-RNA wieder ein Stück weiterrutschen, so dass auf der anderen Seite die nächsten drei Basen freiliegen, an die sich die nächste t-RNA anheften kann.

47. Wie wirkt ein Enzym?

Enzyme sind für den Stoffwechsel aller Organismen unentbehrliche Eiweißkörper, die als Biokatalysatoren die biochemischen Vorgänge durch Senkung der notwendigen Aktivierungsenergie ermöglichen, sie beschleunigen und in eine gewünschte Richtung ablaufen lassen, ohne selbst verändert zu werden. Durch ihre Eiweißstruktur sind sie befähigt, den Stoff, dessen Reaktion sie steuern sollen, zu erkennen (Substratspezifität), und ermöglichen so die Vielfalt gleichzeitiger Stoffwechselvorgänge. Manche Enzyme benötigen für ihre Wirkung niedermolekulare Stoffe (Cofaktoren), prosthetische Gruppen oder Coenzyme oder aber den räumlichen Zusammenhang mit anderen Enzymen (Multienzymkomplex). Enzyme können im Körper entsprechend ihrer Funktion an Strukturen gebunden sein (Zell- u. Zellkernenzyme, Mitochondrienenzyme; auch an der Zellmembran usw.) oder frei in Körperflüssigkeiten vorliegen (z.B. Exkretions-, Serum-, Verdauungsenzyme).



a) Enzymkatalysierte Reaktion. Das Enzym paßt zum Substrat wie das Schloß zum Schlüssel. E-S = Enzym-Substrat. Das Enzym bleibt unverändert. Es entstehen hier 2 Produkte. b) Kompetitive Hemmung. Ein dem spezifischen Substrat ähnlicher Stoff blockiert die Enzym-Substrat-Reaktion