



Die chemischen Grundlagen

Inhaltsverzeichnis

- 2.1 Was ist DNA? – 6**
- 2.1.1 Bausteine der DNA – 6
- 2.1.2 Struktur der DNA und ihre Entdeckung – 9
- 2.2 Was ist RNA? – 11**
- 2.2.1 Unterschiede zur DNA – 12
- 2.2.2 Funktionen der RNA – 12
- 2.3 Proteine – 13**
- 2.3.1 Proteine bestehen aus Aminosäuren – 13
- 2.3.2 Peptide – 15
- 2.3.3 Strukturen der Proteine – 15
- 2.3.4 Was können Proteine alles? – 16

Spielen Sie gerne Lego? Dann ist dieses Kapitel genau richtig für Sie. Denn es beschäftigt sich mit den Bausteinen des Lebens und wie sie interagieren und sich untereinander verknüpfen lassen. Und wenn erst einmal die chemischen Grundlagen verstanden sind, erschließt sich der Rest der Genetik auch gleich wie von selbst. Also fast. Los geht es damit, wie die wichtigsten Moleküle des Lebens aufgebaut sind.

Im Fokus dieses Kapitels stehen die **Desoxyribonukleinsäure (DNA)**, die **Ribonukleinsäure (RNA)** und die **Proteine** (die Arbeiter der Zelle). Zusammen bilden sie die Informations- und Funktionseinheiten jeder Zelle. Die Reise durch die chemischen Grundlagen beginnt bei der **DNA**. Die DNA ist die Informationseinheit, die das Erbgut aller Lebewesen darstellt. Sie enthält grob gesagt alle Informationen, die für ein Lebewesen wichtig sind und die an die Nachkommen weitervererbt werden. Es geht weiter mit dem „kleinen Bruder“ der DNA: der **RNA**. Die RNA übernimmt unter anderem die Aufgabe der Informationsweiterleitung und bildet dabei häufig ein Bindeglied zwischen DNA und Protein, indem sie ausgehend von der DNA die Baupläne für die Proteine zur Proteinwerkstatt (den sogenannten Ribosomen) liefert. RNA ist ein besonderes Molekül, da es nicht nur als Informations-, sondern auch als Funktionseinheit dienen kann, aber dazu später mehr. Die Rundreise der Makromoleküle endet bei den **Proteinen**, den Arbeitern der Zelle. Sie können fast jede erdenkliche Aufgabe in der Zelle erfüllen. Umso interessanter ist, wie diese biologischen Minimaschinen aufgebaut sind und wie sie ein so großes Spektrum von Funktionen abdecken können. Die besondere Verbindung dieser drei Moleküle (DNA, RNA und Protein) besteht vor allem in der Proteinbiosynthese, die in ► Kap. 6 (Transkription) und ► Kap. 7 (Translation) näher erläutert wird. Hier stellt die DNA den Bauplan, die RNA die Abschrift und das Protein das fertige Produkt dar.

2.1 Was ist DNA?

Den Begriff DNA hört man im Alltag mittlerweile recht häufig. In welchem Zusammenhang, ob gut, ob schlecht, ist dabei ziemlich unterschiedlich. Doch nur wenige wissen überhaupt wofür DNA steht.

DNA steht für **Desoxyribonukleinsäure**. Aber Moment mal, DNA und Säure, wo kommt denn das A her? Das kommt daher, dass DNA die englische Abkürzung ist (*deoxyribonucleic acid*). Auf Deutsch heißt es DNS. Auch eine Abkürzung, die viele schon einmal gehört haben. Damit wäre auch geklärt, was der Unterschied zwischen DNA und DNS ist; dieser existiert nämlich nicht. Im Folgenden wird nur noch der Begriff DNA verwendet, denn dies ist der Begriff, der international gebräuchlich ist.

2.1.1 Bausteine der DNA

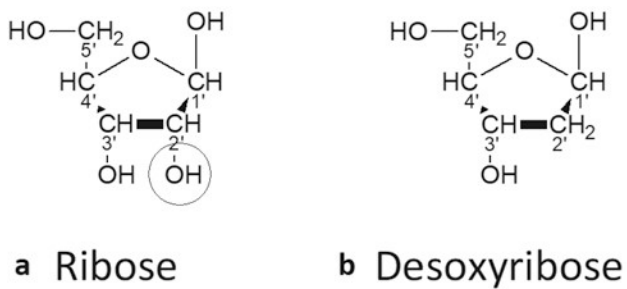
DNA besteht aus **Nukleotiden**, und diese bestehen wiederum aus drei Bausteinen, die genauer angeschaut werden sollen. Diese drei Bausteine sind Zucker, Phosphat und Basen, die miteinander verknüpft sind. Dabei sind der Zucker- und Phosphatbaustein immer gleich und bilden zusammen das „Rückgrat“ der DNA, der Basenbaustein kann aber variabel sein und speichert die Information.

2.1.1.1 Zucker

Zucker ist nicht nur ein klebrig-süßer Dickmacher, sondern auch essenziell für das Leben an sich (also lebensNOTWENDIG!). Man unterscheidet je nach Struktur und Zusammensetzung zwischen verschiedenen Zuckerarten, die im Allgemeinen als Kohlenwasserstoffe bezeichnet werden und aus Kohlenstoff (C), Wasserstoff (H) und Sauerstoff (O) bestehen. Zucker sind chemisch gesehen Polyhydroxyaldehyde, beziehungsweise Polyhydroxyketone. Kohlenwasserstoffe können Energielieferanten sein, so wie beispielsweise die beiden **Hexosen Glukose** und **Fruktose**, die je sechs Kohlenstoffatome besitzen (*hexa*, griechisch für „sechs“). Zucker haben zudem auch strukturgebende Funktionen und können Bestandteile größerer Makromoleküle sein, wie zum Beispiel von Cellulose. Also bilden sie auch jene Papierseiten, die Sie gerade in den Händen halten! Einer der vielen verschiedenen Zucker ist die **Ribose**, die fünf C-Atome besitzt und demnach eine **Pentose** ist (*penta*, griechisch für „fünf“). Diese ist für die Struktur der Nukleinsäuren RNA und DNA von Bedeutung. Chemisch ganz ähnlich zur Ribose ist die **Desoxyribose**, die als ein wichtiger Baustein des „Rückgrats“ der DNA interpretiert werden kann.

An den C-Atomen der Zucker hängen verschiedene funktionelle Gruppen, welche unterschiedliche Reaktionsverhalten vermitteln. Diese Gruppen sind beispielsweise extrem wichtig, um mit anderen Molekülen Verbindungen auszubilden. Damit jedoch immer klar ist, welches C-Atom gemeint ist, werden die fünf C-Atome durchnummeriert. Begonnen rechts neben dem Sauerstoffatom, welches in Abbildungen aus Lehrbüchern meist ebenfalls oben zu finden ist (■ Abb. 2.1). Dann wird im Uhrzeigersinn weiter durchnummeriert. Die C-Atome werden dann als 1'-C-Atom, 2'-C-Atom bis hin zum 5'-C-Atom bezeichnet (ausgesprochen „1-Strich“, „2-Strich“ usw.). In ■ Abb. 2.1a ist die Ribose zu erkennen. Die **2'-Desoxyribose** ist fast genauso aufgebaut wie die Ribose und in ■ Abb. 2.1b zu sehen. Bei der Desoxyribose befindet sich jedoch an dem zweiten C-Atom (2'-C) keine **Hydroxygruppe** (–OH), sondern nur ein Wasserstoffatom (H). **Desoxy** bedeutet somit einfach „ohne Sauerstoff“. Dieser kleine, aber feine

2.1 • Was ist DNA?



■ **Abb. 2.1** Chemische Strukturen von Ribose (a) und Desoxyribose (b). Dabei kann man die starke Ähnlichkeit gut erkennen. Beide Moleküle haben eine fünfeckige Form, die sich lediglich am zweiten C-Atom unterscheidet. Während die Ribose hier eine Hydroxygruppe (–OH) besitzt, trägt die Desoxyribose an dieser Stelle nur ein Wasserstoffatom (H). (A. Kuijpers)

Unterschied hat jedoch große Auswirkungen, da eine Hydroxygruppe deutlich reaktiver ist als ein einzelnes H-Atom. Die Desoxyribose reagiert demnach nicht so leicht wie die Ribose (► Abschn. 2.2, RNA). Wichtig ist dies, weil die **Reaktivität** direkte Auswirkungen auf die Stabilität und die Struktur hat.

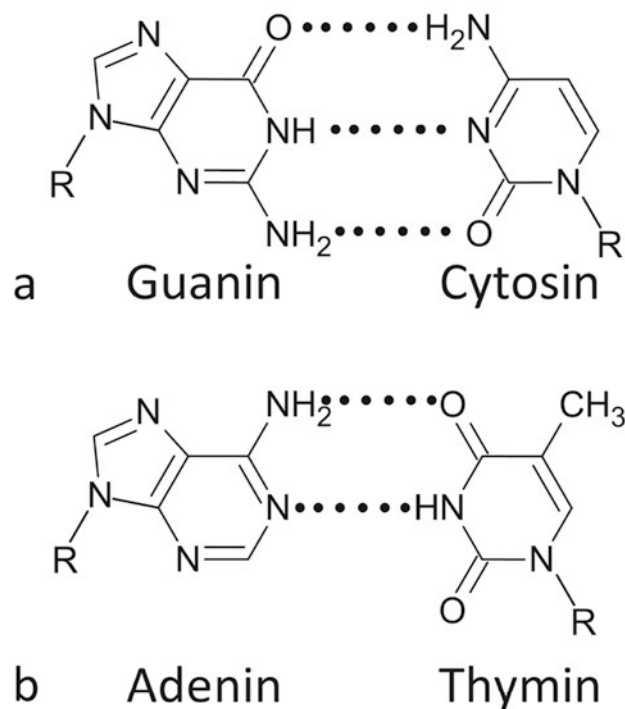
2.1.1.2 Basen

Der nächste Baustein der Nukleotide sind die **Basen**, kurz für Nukleinbasen oder Nukleobasen, welche dem genetischen Code zugrunde liegen. Für die DNA gibt es vier wichtige Basen (■ Abb. 2.2), mit deren Hilfe die Erbinformationen aller Lebewesen codiert werden. Sie sind praktisch die Buchstaben in der Aufbauanleitung in jeder lebenden Zelle. Diese Basen sind **Cytosin (C)**, **Thymin (T)**, **Adenin (A)** und **Guanin (G)**. Chemisch gesehen sind Cytosin und Thymin **Pyrimidinbasen**, erkennbar daran, dass sie nur einen „Ring“ besitzen (■ Abb. 2.2). Adenin und Guanin hingegen sind sogenannte **Purinbasen** und anhand der zwei „Ringe“ in der chemischen Strukturform erkennbar (■ Abb. 2.2).

Merke

Eine kleine Eselsbrücke, um sich die Zuordnung der einzelnen Basen besser zu merken, ist, dass Cytosin und Thymin ein „y“ enthalten und den Pyrimidinbasen zugeordnet sind.

Gemeinsam haben diese vier Basen, dass sie Stickstoffbasen sind, die über einen dieser Stickstoffe (N) mit der Desoxyribose (dem Zucker) verbunden sind. Angeknüpft werden die Basen an das 1'-C-Atom der Desoxyribose, über eine **β-N-glykosidische Bindung** (■ Abb. 2.3). Das „β“ impliziert in diesem komplizierten Wort lediglich, dass die Base, also das

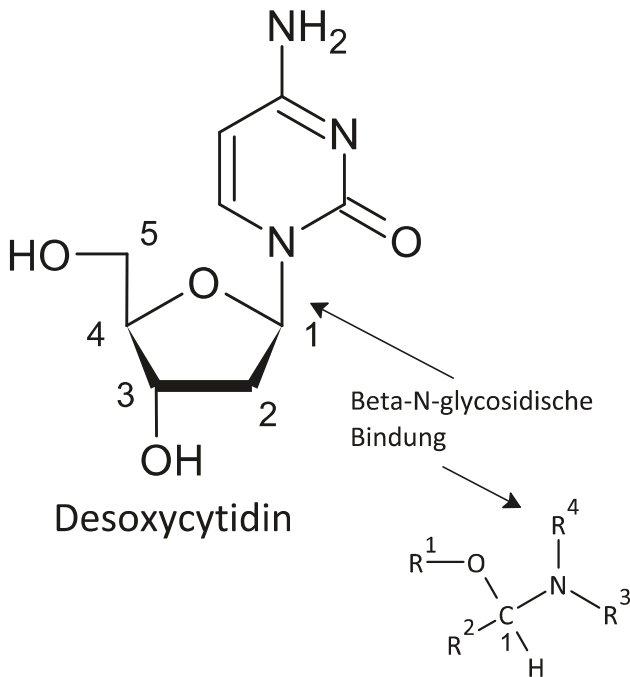


■ **Abb. 2.2** Die vier Basen der DNA. Guanin und Adenin sind Purinbasen und sehen sich mit dem gemeinsamen Doppelring sehr ähnlich. Cytosin und Thymin sind Pyrimidinbasen und haben den Einzelring als Gemeinsamkeit. Jeweils Guanin (G) und Cytosin (C) können Wasserstoffbrückenbindungen (gepunktete Linien) zueinander ausbilden wie auch Adenin (A) und Thymin (T). Dabei bildet das G-C-Basenpaar drei Wasserstoffbrückenbindungen aus und das A-T-Basenpaar zwei. R = Zucker-Phosphat-Rückgrat. (A. Kuijpers)

N-glykosidische Anhängsel, räumlich oberhalb des 1'-C-Atoms liegt. Würde es rein theoretisch unterhalb liegen, wäre es eine α-Form. Und um den Begriff „N-glykosidisch“ zu erklären: Das „N“ stellt hier wie vermutet das Stickstoffatom dar, welches bereits Teil der Base ist und über das die Bindung abläuft. Und ein Glykosid meint nur, dass hier eine chemische Gruppe mit einem Zucker verbunden ist. Im Falle von Basen, die eben über Stickstoff mit dem Zucker verbunden sind, spricht man auch von Aminoazuckern.

Die chemische Reaktion besteht aus mehreren Teilreaktionen, auf die hier nicht weiter eingegangen wird. Das Wichtige dabei ist jedoch, dass bei dieser Reaktion Wasser abgespalten und die Base mit dem Zucker verknüpft wird.

Wichtig ist zu wissen, dass die funktionellen Gruppen der Basen in der Lage sind, **Wasserstoffbrückenbindungen** auszubilden. Wasserstoffbrückenbindungen entstehen, wenn ein Wasserstoff (H) an einem sehr elektronegativen Atom gebunden ist, zum Beispiel Sauerstoff (O) oder Stickstoff (N). Durch die hohe Elektronegativität „ziehen“ O und N das Elektron vom Wasserstoff näher zu sich, und es entste-



■ **Abb. 2.3** β -N-glycosidische Bindung. Am Beispiel links oben sieht man, wie die β -N-glycosidische Bindung eine Base (hier die Pyrimidinbase Cytosin) mit einem Zucker (der Desoxyribose) verknüpft. Der entstandene Baustein wird als Nucleosid (hier: Desoxycytidin) bezeichnet. Rechts unten ist die β -N-glycosidische Bindung nochmal abstrakt gezeigt und man sieht gut das zentrale C-Atom des Zuckers, als auch das N-Atom der Base. R = Rest. (A. Kuijpers)

hen partielle Ladungen. Die partiellen Positiv- und Negativpole lagern sich so zueinander an, dass positiv und negativ zueinander zeigen, da sie sich wie kleine Magnete anziehen. Diese Wasserstoffbrückenbindungen sind **nichtkovalente Bindungen** und lange nicht so stark wie **kovalente Bindungen**. Als kovalente („echte“) Bindungen werden solche bezeichnet, die Elektronenpaarbindungen ausbauen und somit die Bindungspartner fest miteinander verbinden. Nichtkovalente Bindungen teilen sich keine Elektronen und sind somit viel schwächer als kovalente Bindungen. Nichtkovalente Bindungen sind Wasserstoffbrückenbindungen, Van-der-Waals-Wechselwirkungen, hydrophobe Wechselwirkungen und ionische Wechselwirkungen.

Zurück zu den Basen: Unter normalen Umständen bilden die beiden Basen Guanin und Cytosin sowie die beiden Basen Adenin und Thymin Wasserstoffbrückenbindungen miteinander aus. Guanin und Cytosin können drei Wasserstoffbrückenbindungen zueinander ausbilden und Adenin und Thymin zwei (■ Abb. 2.2).

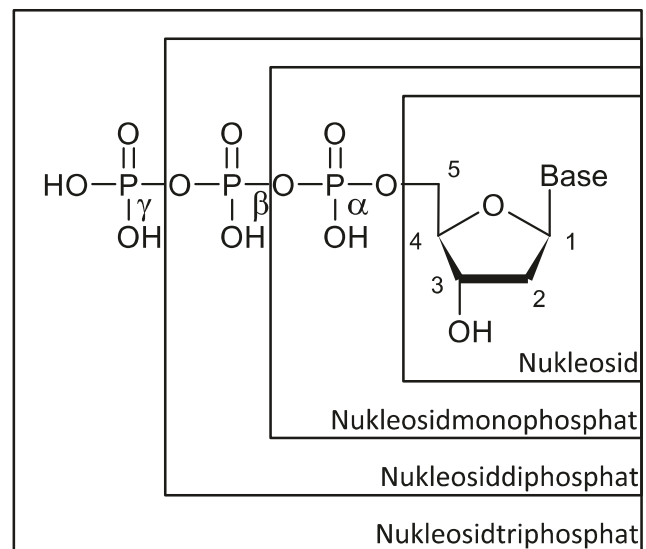
Werden Desoxyribose und eine Base miteinander verbunden, so bezeichnet man dieses Molekül als **Nucleosid**. Dabei wird der Name des entstandenen Nucleosids aus dem Zucker und der jeweils verknüpften Base gebildet: Desoxyadenosin, Desoxycytidin, Desoxyguanosin und Desoxythymidin.

2.1.1.3 Phosphat

Wird dann auch noch der letzte Baustein hinzugefügt, das **Phosphat**, ist nicht mehr von einem Nucleosid, sondern von einem **Nucleotid** die Rede (■ Abb. 2.4). Dabei bindet es unter Wasserabspaltung an das 5'-C-Atom. An das 5'-gebundene Phosphat wiederum können noch weitere Phosphate anknüpfen. Ist insgesamt an ein Nucleosid nur ein Phosphatrest gebunden, spricht man von einem **Nucleosidmonophosphat**, bei zweien von einem **Nucleosiddiphosphat** und bei dreien von **Nucleosidtriphosphat** (■ Abb. 2.4).

Die Position des Phosphats zum Zucker bestimmt dabei seinen Namen. Bei einem Triphosphatzucker wird das dem Zucker am nächsten liegende Phosphat als α -Phosphat, das mittlere Phosphat als β -Phosphat und das äußerste als γ -Phosphat bezeichnet (■ Abb. 2.4).

Man kann sich merken, dass das „Nucleosid“ mit dem Phosphat zum „Nucleotid“ wird. Je nachdem, wie viele Phosphatreste an einem Nucleosid hängen, spricht man von Mono-, Di- oder Triphosphaten, bei-



■ **Abb. 2.4** Hierarchischer Aufbau verschiedener Nucleoside. Ein Nucleosid besteht aus einem Zucker, im Falle von DNA aus einer Desoxyribose, und einer der vier Basen. Wird ein Phosphat angehängt, so nennt man den Baustein Nucleotid. Bei RNA-Nucleosiden beziehungsweise Nucleotiden handelt es sich bei dem Zucker jedoch um eine Ribose, die an der Position 2 eine Hydroxy-Gruppe hat (■ Abb. 2.1). Je nachdem, wie viele Phosphatreste angehängt werden, gibt es verschiedene Bezeichnungen: Mit einem Phosphat wird es Nucleosidmonophosphat, mit zwei Phosphaten Nucleosiddiphosphat und mit drei Phosphaten Nucleosidtriphosphat genannt. Das dem Zucker am nächsten gelegene Phosphat wird auch als α -Phosphat bezeichnet, das mittlere als β -Phosphat und das dritte als γ -Phosphat. Bei dem Nucleosidmono- und dem Nucleosiddiphosphat muss dem endständigen O natürlich noch ein H-Atom angehängt werden, um einen „echten“ Phosphatrest zu erhalten, wie es bei dem Nucleosidtriphosphat der Fall ist. (A. Kuijpers)

spielsweise **Desoxyadenosintriphosphat (dATP)**. **Nukleotide** sind aber nicht nur für den Aufbau der DNA wichtig, sondern dienen auch als Bausteine für die RNA. Des Weiteren dienen sie auch als Energielieferant (Achtung: **ATP** ist nicht dATP!), zur Regulation von Enzymen und als Botenstoff (cAMP, cGMP, GTP etc.). Es kommt bei ihnen also weniger auf die Restgruppe am zweiten C-Atom an (ob dort eine OH-Gruppe ist oder nur ein H), sondern vor allem auf den prinzipiellen Aufbau: Zucker, Base und Phosphat.

Merke

Das Phosphat verknüpft die Desoxyribosen untereinander und bildet somit zusammen mit ihnen das Rückgrat der DNA.

Die Nukleotide sind die größten einzelnen Bausteine, aus denen dann schließlich die DNA zusammengesetzt wird. Zum Zusammenbau der DNA werden die energiereichen **Desoxyribonukleosidtriphosphate (dNTPs)** unter Abspaltung der zwei äußersten Phosphate (β und γ ; der abgespaltene Rest wird **Pyrophosphat** genannt) miteinander verbunden. Dabei wird das am 5'-C gelegene α -Phosphat mit dem 3'-C-Atom des nächsten Nukleotids über eine **Phosphodiesterbindung** verknüpft (■ Abb. 2.5). Auch bei dieser Reaktion, bei der die OH-Gruppe am 3'-C eine wichtige Rolle spielt, wird wieder Wasser abgespalten.

Die Phosphatgruppe verbindet somit die Nukleotide miteinander und bildet mit der Desoxyribose das Rückgrat der DNA, indem sich immer ein Phosphat und eine

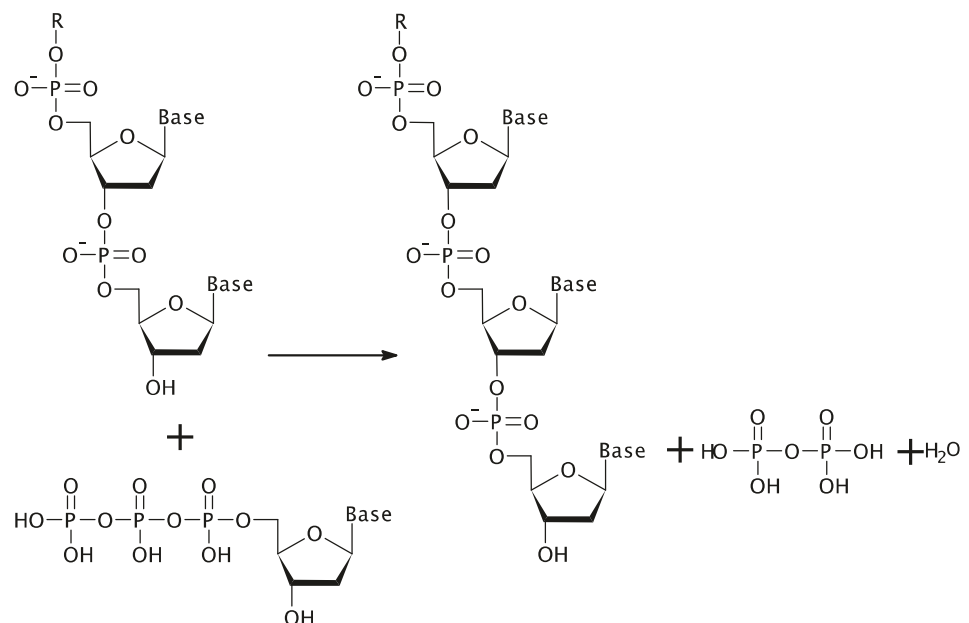
Desoxyribose abwechseln. Die Phosphatgruppe verleiht der DNA auch ihre **negative Ladung**, die sehr wichtig für die Wasserlöslichkeit ist. Generell ist zu betonen, dass die Enden der Nukleotidketten unterschiedlich sind! An dem freien 5'-C befindet sich in der Regel eine Phosphatgruppe, am 3'-C jedoch eine OH-Gruppe. Dadurch entsteht eine **Polarität** des DNA-Strangs. Diese Orientierung spielt eine wichtige Rolle bei essenziellen Prozessen in der Zelle, wie der Replikation (► Kap. 5) und Genexpression (► Kap. 6, Transkription, und ► Kap. 7, Translation).

2.1.2 Struktur der DNA und ihre Entdeckung

Die Struktur der DNA kennt man häufig, sei es aus der Schule oder den Medien und gerne auch aus Krimiserien, als **Doppelhelix**. Das ist gar nicht mal so abwegig! Doch dazu betrachtet man am besten die historische Entdeckung der DNA-Struktur.

Aufgeklärt wurde die Struktur der DNA im Jahr 1953 von den Wissenschaftlern **Francis Crick** und **James Watson** [1], die aber erst so richtig durch **Rosalind Franklins** Ergebnisse auf ihre Idee der Doppelhelix kamen. Franklins Beitrag wurde jedoch, auch aufgrund einer persönlichen Abneigung Watsons, nie richtig gewürdigt. Doch zurück zur Geschichte! Zunächst wusste man nur, dass die Nukleotide miteinander über Zucker und Phosphat verknüpft sind, konnte sich aber keine räumliche Struktur vorstellen. Zur Lösung der räumlichen Struktur kamen sie mithilfe von **Röntgenstrukturanalysen** und der Ergebnisse

■ **Abb. 2.5** Das Rückgrat der DNA. Ein Nukleosidtriphosphat wird mit einer bereits bestehenden Nukleotidkette verknüpft. Dabei werden Wasser und Pyrophosphat abgespalten, und die Nukleotidkette wird um ein Glied verlängert. (A. Kuijpers)



Erwin Chargaffs. Dieser fand heraus, dass das Verhältnis der Basen Cytosin (C) zu Guanin (G) sowie der Basen Adenin (A) zu Thymin (T) in Zellen nahezu immer gleich, also jeweils 1:1 ist. Daraus schlossen Watson und Crick, dass diese Basen miteinander Wasserstoffbrückenbindungen ausbilden. Bei der doppelsträngigen DNA paaren sich nun jeweils die Pyrimidin- mit den Purinbasen (C-G und T-A). Da sich somit jeweils eine „große“ Doppelringbase (Purinbase) mit einer „kleinen“ Einzelringbase (Pyrimidinbase) paart, bleibt der Durchmesser der DNA konstant. Die Einzelstränge verlaufen dabei **antiparallel** zueinander, das heißt, dass die 3'- und 5'-Enden der Einzelstränge in unterschiedliche Richtungen zeigen. Diese Antiparallelität liegt vor, da die Basen asymmetrisch ihre Wasserstoffbrückenbindungen ausbilden und nur auf diese Weise ihre entsprechenden Partner binden können. Die beiden Stränge sind somit **komplementär**, also passend zueinander, da jede Base eine feste „Gegenbase“ besitzt. Das in **Abb. 2.6** gezeigte **Strickleitermodell** wird so genannt, weil das Zucker-Phosphat-Rückgrat dem Seil einer Strickleiter ähnlich ist, während die gepaarten Basen den Sprossen einer Strickleiter ähneln. Aber warum liegt die DNA dann nicht in Form einer Strickleiter vor (wie in **Abb. 2.6**), sondern als in sich verdrehte Doppelhelix?

Um das zu erklären, muss man wissen, dass die drei Bausteine unterschiedlich gut in Wasser löslich sind. Während Zucker und Phosphat sehr gut in Wasser löslich sind, solche Stoffe nennt man **hydrophil**, sind die Basen nicht gut in Wasser löslich und stoßen dieses ab, was man **hydrophob** nennt. Ähnlich wie Öl, das sich nicht mit Wasser mischt. Dass sich die Einzelstränge der DNA zum Doppelstrang zusammenlagern, hat also zwei Ursachen: Zum einen liegt es daran, dass die Basen hydrophob sind und sie in so wenig Kontakt mit Wasser stehen wollen wie nur möglich. Dafür lagern sich die Basen zusammen, denn somit können sie etwas Wasser verdrängen. Zum anderen stabilisieren die Wasserstoffbrückenbindungen diese **Konformation**. Doch diese Strickleiteranordnung der DNA (**Abb. 2.6**) reicht nicht aus, da die Basen noch immer mit viel Wasser in Kontakt stehen. Durch Verdrehen der Strickleiter zu einer **Doppelhelix** kann der Kontakt von Base und Wasser jedoch minimiert werden (**Abb. 2.7**).

Die DNA in allen bis jetzt bekannten Lebewesen ist meist rechtsherum gewunden. Doch Ausnahmen bestätigen die Regel und so findet man unter bestimmten Umständen auch links gewundene DNA, die als **Z-DNA** bezeichnet wird. Warum sie jedoch meist rechts- und nicht linksherum gewunden ist, ist bis heute immer noch eine offene Frage, vermutet wird mittlerweile jedoch, dass die gegenständige Windung

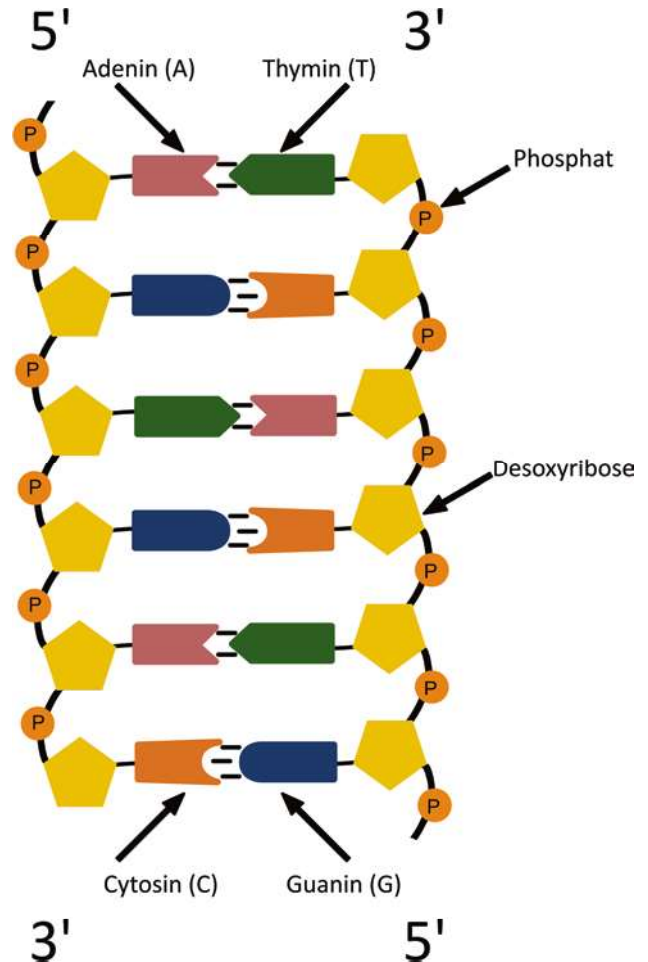
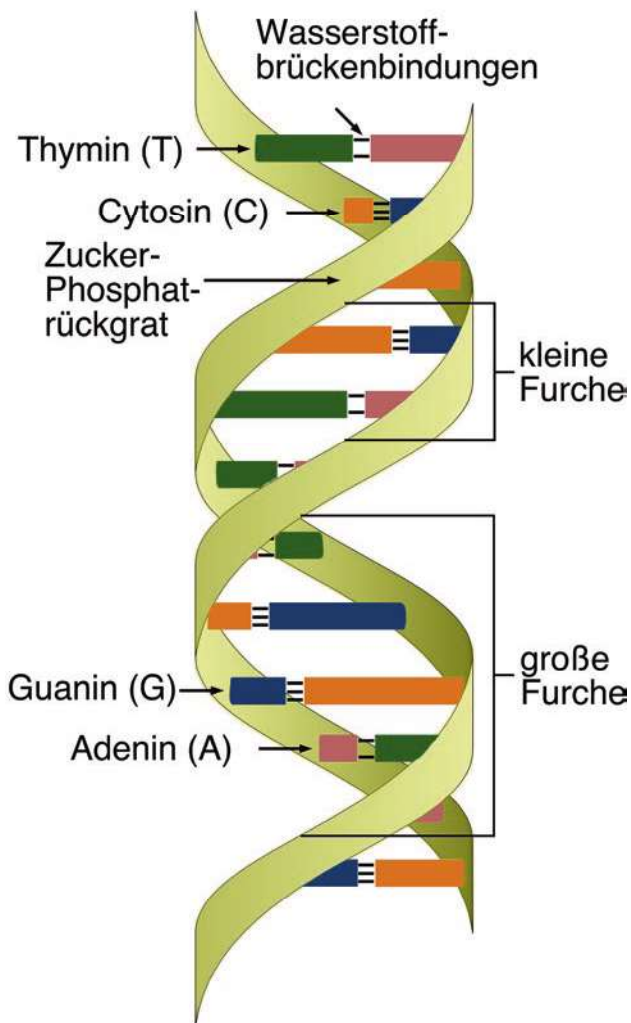


Abb. 2.6 DNA als Strickleitermodell. Das Strickleitermodell veranschaulicht, wie die Desoxyribose und das Phosphat zusammen das Rückgrat der DNA bilden. Da sich die Wasserstoffbrückenbindungen unter den Basen asymmetrisch bilden, müssen die Einzelstränge der DNA in unterschiedliche Richtungen zeigen und es entsteht die Antiparallelität. Die Sprossen der Strickleiter werden durch die Verknüpfung der Basen (C-G: drei Wasserstoffbrückenbindungen; A-T: zwei Wasserstoffbrückenbindungen) gebildet. (A. Kuijpers)

der Z-DNA die Spannung aus anliegenden Bereichen der DNA herausnehmen könnte. Wenn Sie eine genaue oder bessere Antwort parat haben, wenden Sie sich an uns. Sofort. Durch die Windung der DNA lagern sich außerdem die (räumlich eher flachen) Basen übereinander an (engl. *stacking*), was die DNA noch weiter stabilisiert. Außerdem entstehen durch die Windung sogenannte Furchen (engl. *groove*): die **kleine (minor)** und die **große (major) Furche** (**Abb. 2.7**). Die große Furche ist 22 Ångström (Å) breit und die kleine Furche nur 12 Å. Dadurch, dass die große Furche breiter ist, ist sie in der Regel auch für mit der DNA interagierende Proteine der bevorzugte Ort der Interaktion.



■ **Abb. 2.7** DNA als Doppelhelix. Würde man ein dreidimensionales Modell des Strickleitermodells nehmen und dieses rechts herum verdrehen, so käme das allseits bekannte Doppelhelixmodell der DNA heraus. Alle bekannten Eigenschaften sind in diesem Modell enthalten, die Paarung der Basen über zwei (A-T) beziehungsweise über drei (C-G) Wasserstoffbrückenbindungen sowie das Zucker-Phosphat-Rückgrat (schematisch dargestellt). (A. Kuijpers)

Ein paar Zahlen

Die Einheit Ångström (\AA) findet heutzutage vor allem in der Chemie und bei der Betrachtung von Atomen und Molekülen Verwendung. Sie wird an sich aber nicht zu dem internationalen Einheitensystem (SI) zugeordnet. 1\AA entspricht $0,1 \text{ Nm}$ oder anders gesagt $0,0000000001 \text{ m}$ (10^{-10} m). In diesem Buch tauchen aber noch andere Einheiten auf (die durchaus dem SI angehören).

Größeneinheiten und Beispiele

Größeneinheit	In Meter (m)	Beispiel
1 Millimeter (mm)	$0,001 \text{ m}$, also 10^{-3} m	Das menschliche Auge kann Dinge bis zu $0,2 \text{ mm}$ auflösen, was in etwa einer menschlichen Eizelle (die im Vergleich zu anderen Zellen sehr groß ist!) entspricht
1 Mikrometer (μm)	10^{-6} m	Ein stäbchenförmiges Bakterium ist etwa $1\text{--}5 \mu\text{m}$ groß und eine menschliche Leberzelle etwa $10\text{--}30 \mu\text{m}$
1 Nanometer (nm)	10^{-9} m	Der kleinste bekannte Virus ist 10 nm groß. Das kugelförmige Protein Myoglobin hat einen Durchmesser von etwa 4 nm und ein doppelsträngiger DNA-Strang ist etwa 2 nm breit...

Wie bereits erwähnt, ist das Verhältnis der Basen C:G und A:T in nahezu allen Zellen gleich (1:1). Ausnahmen bestätigen (gerade in der Biologie) jedoch immer die Regel. So bestehen **Viren** oft aus einzelsträngiger DNA (► Kap. 3). Und auch **Telomere** (► Kap. 3), die Enden riesiger linearer DNA-Moleküle (Chromosomen), liegen im Gegensatz zum Großteil des restlichen Moleküls nicht doppelsträngig vor.

2.2 Was ist RNA?

Der Begriff **RNA** taucht in Medien schon deutlich seltener auf. RNA steht für *ribonucleic acid* – auf Deutsch **Ribonukleinsäure** – und ist wie DNA die Abkürzung für den englischen Begriff, die in diesem Buch ausschließlich verwendet wird. Wofür war die RNA noch gleich gut? Durch den Prozess der **Transkription** (► Kap. 6) wird die DNA abgelesen und eine RNA-Abschrift hergestellt. Manche dieser RNAs haben bereits eigene Funktionen (► Abschn. 2.2.2), während andere in einem weiteren Schritt, der **Translation** (► Kap. 7), als Vorlage für den Bau von Proteinen verwendet werden.

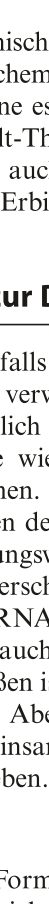
Obwohl die DNA in allen bekannten Lebewesen die basale Informationseinheit darstellt, gehen Forscher mittlerweile davon aus, dass es die RNA bereits vor der DNA und vor den Proteinen gab und eventuell selbst sogar ein Vorläufer der DNA ist. Eine sogenannte **RNA-Welt** könnte der Theorie nach vor der bisher angenommenen Entstehung des Lebens (vor 3,8 Mrd. Jahren) existiert haben. Dafür spricht, dass RNA zum einen auch als Informationsträger fungieren kann, zum

anderen aber auch chemisch reaktiver als DNA ist. RNA kann somit sogar chemische Reaktionen katalysieren, ähnlich wie Proteine es tun. Eine weitere Tatsache, die für die RNA-Welt-Theorie als Indiz angeführt werden könnte, ist, dass auch viele Viren RNA und nicht DNA als Träger der Erbinformation verwenden.

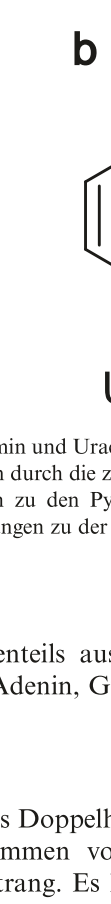
2.2.1 Unterschiede zur DNA

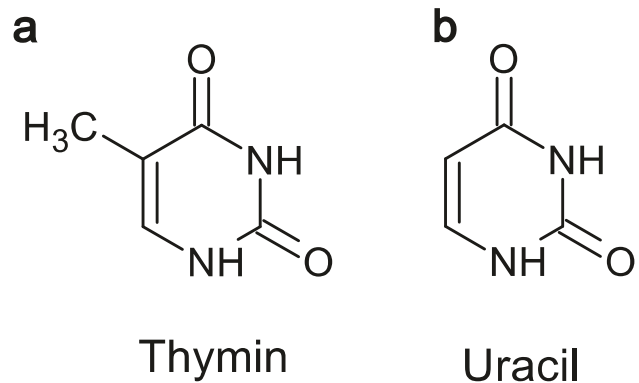
Die RNA ist also ebenfalls eine Nukleinsäure und ganz nah mit der DNA verwandt. Im Prinzip bestehen RNA-Moleküle nämlich auch aus aneinander geketteten **Nukleotiden**, die wiederum aus Zucker, Basen und Phosphat bestehen. Wie bei der DNA können auch RNA-Molekülen demnach eine Orientierung (mit einem 3′-, beziehungsweise 5′-Ende) zugewiesen werden. Jedoch unterscheiden sich die Nukleotide der DNA und der RNA voneinander, sowohl in der Art des Zuckers, als auch in der Auswahl der Basen. Und zugegebenermaßen ist zudem die Struktur der RNA insgesamt anders... Aber schauen Sie selbst. Die Unterschiede und Gemeinsamkeiten werden hier im Folgenden weiter beschrieben.

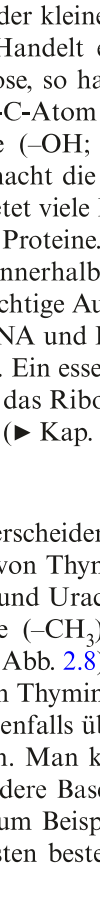
2.2.1.1 Zucker

In der ausgeschriebenen Form (Ribonukleinsäure) fällt bereits auf, dass im Vergleich zur DNA das „Desoxy-“ im Namen fehlt. Dies ist der kleine, aber entscheidende Unterschied zur DNA! Handelt es sich beim Zucker der DNA um Desoxyribose, so handelt es sich bei der RNA um **Ribose**. Am 2′-C-Atom der Ribose befindet sich eine Hydroxygruppe (–OH; ). Diese **zusätzliche OH-Gruppe** macht die RNA deutlich reaktiver als die DNA und bietet viele Interaktionsmöglichkeiten, beispielsweise für Proteine. Es gibt sogar Konstrukte, in denen RNAs innerhalb von Proteinkomplexen integriert sind und wichtige Aufgaben übernehmen. Solche Konstrukte aus RNA und Proteinen werden **Ribonukleoproteine** genannt. Ein essenzielles und bekanntes Ribonukleoprotein ist das Ribosom, welches für die Translation notwendig ist (► Kap. 7).

2.2.1.2 Basen

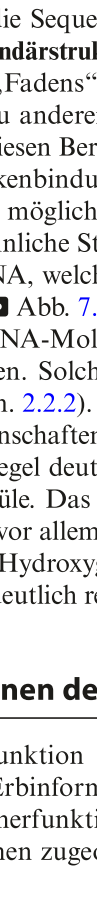
Auch bei den Basen unterscheiden sich die DNA und die RNA. Denn anstelle von Thymin enthält RNA die Base **Uracil (U)**. Thymin und Uracil unterscheiden sich durch eine Methylgruppe (–CH₃), welche es bei der Base Uracil nicht gibt (). Da die Base Uracil sich sonst nicht weiter von Thymin unterscheidet, kann Uracil sich mit Adenin ebenfalls über zwei Wasserstoffbrückenbindungen paaren. Man kennt darüber hinaus noch einige andere besondere Basen und Basenmodifikationen in RNAs, wie zum Beispiel Pseudouridin (Ψ; ► Abschn. 7.2.1). Ansonsten bestehen RNA-Moleküle



 **Abb. 2.8** Die Pyrimidinbasen Thymin und Uracil. Thymin (**a**) unterscheidet sich von Uracil (**b**) lediglich durch die zusätzliche Methylgruppe (–CH₃). Beide Basen gehören zu den Pyrimidinbasen und können zwei Wasserstoffbrückenbindungen zu der Purinbase Adenin ausbilden. (A. Kuijpers)

neben Uracil natürlich größtenteils aus den anderen drei bereits bekannten Basen Adenin, Guanin und Cytosin.

2.2.1.3 Struktur der RNA

Während die DNA meistens als Doppelhelix mit einem komplementären Strang zusammen vorliegt, besteht die RNA oft nur aus einem Strang. Es kann zwischen zwei Strukturebenen unterschieden werden: Die **Primärstruktur** ist die Sequenz (Abfolge) der Basen in der RNA. Die **Sekundärstruktur** ist die räumliche Anordnung des RNA-„Fadens“. Sind Basenabfolgen teilweise komplementär zu anderen Bereichen auf der RNA, so können sie mit diesen Bereichen **hybridisieren**, indem sie Wasserstoffbrückenbindungen ausbilden, vorausgesetzt dies ist räumlich möglich. Somit können sich Schleifen und Kleeblatt-ähnliche Strukturen bilden, wie zum Beispiel bei der tRNA, welche in ► Kap. 7 noch näher behandelt wird (). Diese räumlichen Strukturen können RNA-Molekülen sogar katalytische Eigenschaften geben. Solche RNAs sind oft **funktionelle RNAs** (► Abschn. 2.2.2).

Weitere Eigenschaften von RNA-Molekülen sind, dass sie in der Regel deutlich instabiler und kürzer sind als DNA-Moleküle. Das liegt zum einen an der Funktion von RNAs, vor allem aber an der Tatsache, dass die RNA durch die Hydroxygruppe am 2′-C-Atom, die bei der DNA fehlt, deutlich reaktiver ist.

2.2.2 Funktionen der RNA

Während die Funktion der DNA hauptsächlich das Speichern der Erbinformation ist, können der RNA neben der Speicherfunktion (in Viren) noch unzählige weitere Funktionen zugeordnet werden! Man kann da-

bei verschiedene Klassen von RNA-Molekülen unterscheiden: Es gibt **mRNA** (*messenger-RNA* oder Boten-RNA), welche als „Zwischenübersetzung“ der DNA dafür da ist, dass Gene (► Kap. 3) in Proteine übersetzt, also translatiert werden können (► Kap. 6 und 7). Neben diesen codierenden RNAs gibt es eine ganze Reihe **nichtcodierender RNAs** (*noncoding RNA*; **ncRNA**) beziehungsweise **funktioneller RNAs**. Diese unterscheiden sich von den mRNAs dadurch, dass sie nicht weiter übersetzt werden, sondern aufgrund ihrer Struktur selbst bestimmte Funktionen ausführen. Einige Beispiele: Die **tRNA** (**Transfer-RNA**) ist ebenfalls essenziell für die Translation. Hier dient sie als Transporter für Aminosäuren und bringt diese zum Ort der Proteinbiosynthese. Und das sind immer noch nicht alle RNAs, die essenziell für die Translation (► Kap. 7) sind. Die **rRNAs** (ribosomale RNAs) bilden mit verschiedenen Polypeptiduntereinheiten zusammen die Ribosomen. Die rRNA macht dabei ca. 60 % der Gesamtmasse des Ribosoms aus! Dann gibt es auch noch eine umfangreiche Klasse kleiner **regulatorischer RNAs**, die beispielsweise **miRNAs** (*microRNA*), **siRNAs** (*small interfering RNA*) und **piRNAs** (*Piwi-interacting RNA*) beinhaltet. Diese spielen in der Epigenetik (► Kap. 13) eine große Rolle. Doch damit nicht genug, es gibt noch viele, viele mehr. Über RNAs und insbesondere ncRNAs könnte man ganze Bücher in biblischem Ausmaß schreiben.

2.3 Proteine

Das Wort „**Protein**“ (oder im Umgangssprachlichen auch Eiweiß) kann man im Alltag zu Hauf finden. Auf den meisten Lebensmittelverpackungen stehen Nährstofftabellen, in denen auch der Proteingehalt aufgeführt ist. Und um Muskeln aufzubauen, sollten möglichst viele davon zu sich genommen werden, heißt es, und das stimmt so auch – prinzipiell. Aber was sind Proteine überhaupt, und warum sind sie so wichtig für alle Lebewesen? Oben wurde bereits etwas über die DNA, die **Informationseinheit** der Zellen, gelernt. Proteine kann man dementsprechend gut als **Funktionseinheit** bezeichnen. Sie sind für alle uns bekannten Lebensformen nicht wegzudenken und können eine Vielzahl an unterschiedlichsten Funktionen übernehmen (► Abschn. 2.3.4).

2.3.1 Proteine bestehen aus Aminosäuren

Proteine bestehen aus **α -Aminosäuren**, welche ähnlich wie bei der DNA ebenfalls zu riesigen Molekülen aneinandergereiht werden. In der Natur gibt es 20 **proteinogene** Aminosäuren, für die es jeweils mindestens eine entsprechende tRNA gibt (► Kap. 7). Proteinogen bedeutet, dass diese Aminosäuren in Proteinen vorkommen können bzw. Proteine aufbauen. Von diesen 20 Aminosäuren können einige vom Organismus selbst gebildet werden, und andere müssen über die Nahrung aufgenommen werden. Aminosäuren, die dem Organismus von außen beigegeführt werden müssen, nennt man **essenziell**. Welche Aminosäuren essenziell sind, ist abhängig von der Spezies, die man gerade betrachtet. Der Mensch kann fünf Aminosäuren komplett selbst synthetisieren, sechs Aminosäuren teilweise (semi-essenzielle Aminosäuren; das kann abhängig von Umwelteinflüssen unterschiedlich sein), und neun Aminosäuren kann der menschliche Körper nicht synthetisieren, weshalb diese also über die Nahrung aufgenommen werden müssen (■ Tab. 2.1).

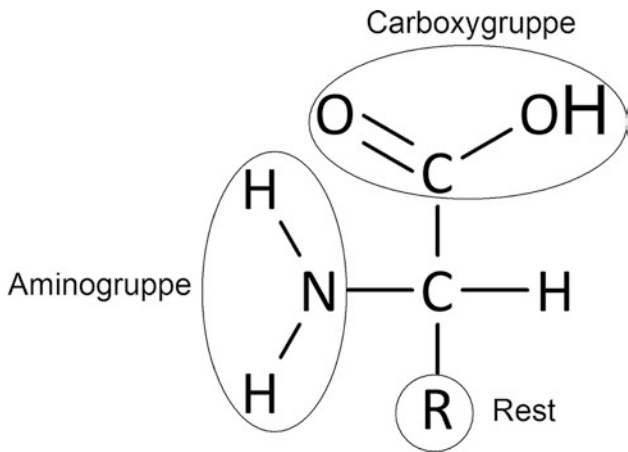
2.3.1.1 Wie sind Aminosäuren aufgebaut?

Aminosäuren verfügen über drei funktionelle Gruppen (■ Abb. 2.9): eine **Carbonsäuregruppe** (**Carboxygruppe**, $-\text{COOH}$), eine **Aminogruppe** ($-\text{NH}_2$) sowie über einen **variablen Rest**, welcher im einfachsten Fall ein H-Atom ist (Glycin). Diese funktionellen Gruppen sind über ein **zentrales C-Atom** miteinander verbunden. An diesem C-Atom befindet sich außerdem noch ein **Wasserstoff**.

An dem Rest kann man die unterschiedlichen Aminosäuren voneinander unterscheiden. Der Rest kann basierend auf seiner chemischen Struktur zahlreiche Formen und funktionelle Gruppen annehmen und verleiht den Aminosäuren verschiedene chemische Eigenschaften. In der Natur kommen weitaus mehr (einige Hundert) Aminosäuren vor. Diese sind jedoch nicht alle proteinogen, das heißt sie werden nicht bei der Translation (► Kap. 7) in das Protein eingefügt. Bei den oben erwähnten 20 proteinogenen Aminosäuren spricht man von **kanonischen Aminosäuren**, da es für jede mindestens eine entsprechende tRNA gibt. Es gibt aber auch noch weitere proteinogene Aminosäuren, die nachträglich in Proteine eingebaut werden können. Man bezeichnet diese als **nichtkanonische Aminosäuren**,

■ Tab. 2.1 Überblick über die Herkunft der verschiedenen (kanonischen) Aminosäuren beim Menschen

Vom Menschen selbst synthetisierbare Aminosäuren	Semi-essenzielle Aminosäuren	Essenzielle Aminosäuren
Alanin, Asparaginsäure, Asparagin, Glutaminsäure, Serin	Arginin, Cystein, Glycin, Glutamin, Prolin, Tyrosin	Histidin, Isoleucin, Leucin, Lysin, Methionin, Phenylalanin, Threonin, Tryptophan, Valin



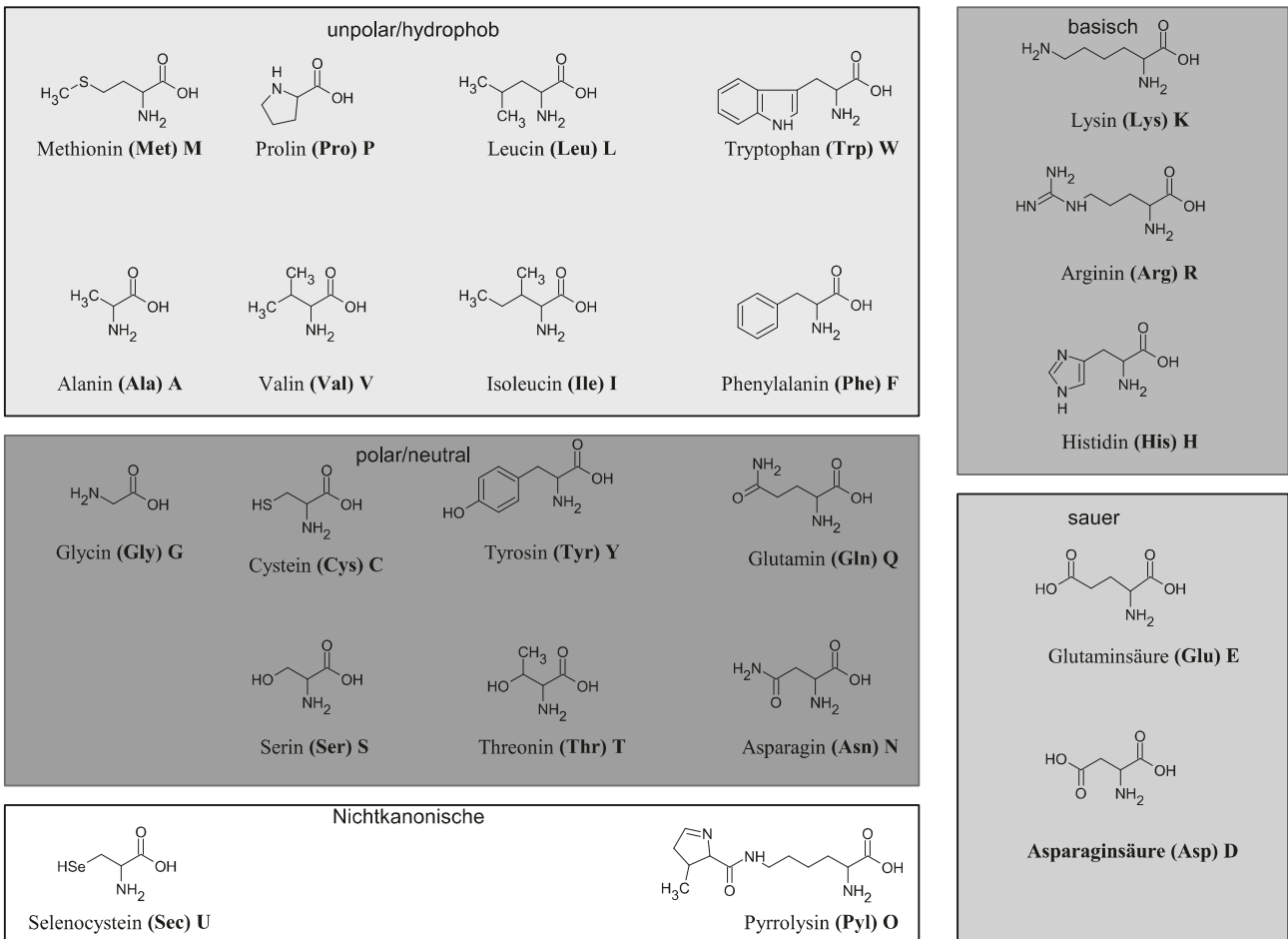
■ **Abb. 2.9** Aufbau von Aminosäuren. Aminosäuren folgen einem allgemeinen Aufbau: es gibt ein zentrales C-Atom, an dem je eine Carboxy- und Aminogruppe angeknüpft sind. Eine weitere Bindestelle des zentralen C-Atoms wird von einem H-Atom belegt. Die letzte freie Bindung bietet Platz für einen Rest (R) und macht die Aminosäuren dadurch vielfältig in der Struktur und den chemischen Eigenschaften. (A. Kuijpers)

da für diese keine tRNAs codieren. Der Einbau solcher Aminosäuren ist aber nicht die Regel, sondern eher ein Sonderfall. Trotzdem oder gerade deshalb sind sie nicht unwichtig, zu ihnen zählen zum Beispiel Selenocystein und Pyrrolysin (■ Abb. 2.10). **Selenocystein** weist bessere redoxchemische Eigenschaften auf als das nah verwandte Cystein und ist somit unter anderem in Enzymen zu finden, welche oxidativen Stress bekämpfen. **Pyrrolysin** ist dagegen oft in Proteinen von Methanobakterien zu finden, welche direkt mit dem Methanstoffwechsel in Verbindung stehen.

2.3.1.2 Die 22 proteinogenen Aminosäuren

Die 20 kanonischen und zwei nichtkanonischen proteinogenen Aminosäuren können recht unterschiedlich sein, und dennoch kann man sie grob in fünf Klassen gruppieren (■ Abb. 2.10).

Die **unpolaren/hydrophoben Aminosäuren** besitzen, wie der Name schon sagt, keinen polaren Rest. Deswegen sind sie hydrophob, das heißt sie stoßen Wasser



■ **Abb. 2.10** Unterteilung proteinogener Aminosäuren. Die Unterteilung der kanonischen Aminosäuren erfolgt je nachdem, ob sie unpolar oder polar sind, was Auswirkungen auf die Wasserlöslichkeit haben kann. Aber auch danach, ob es sich bei den Aminosäuren um eher basische oder saure Vertreter handelt. Zudem sind auch die besonderen, nichtkanonischen Aminosäuren Selenocystein und Pyrrolysin gezeigt. (A. Kuijpers)

