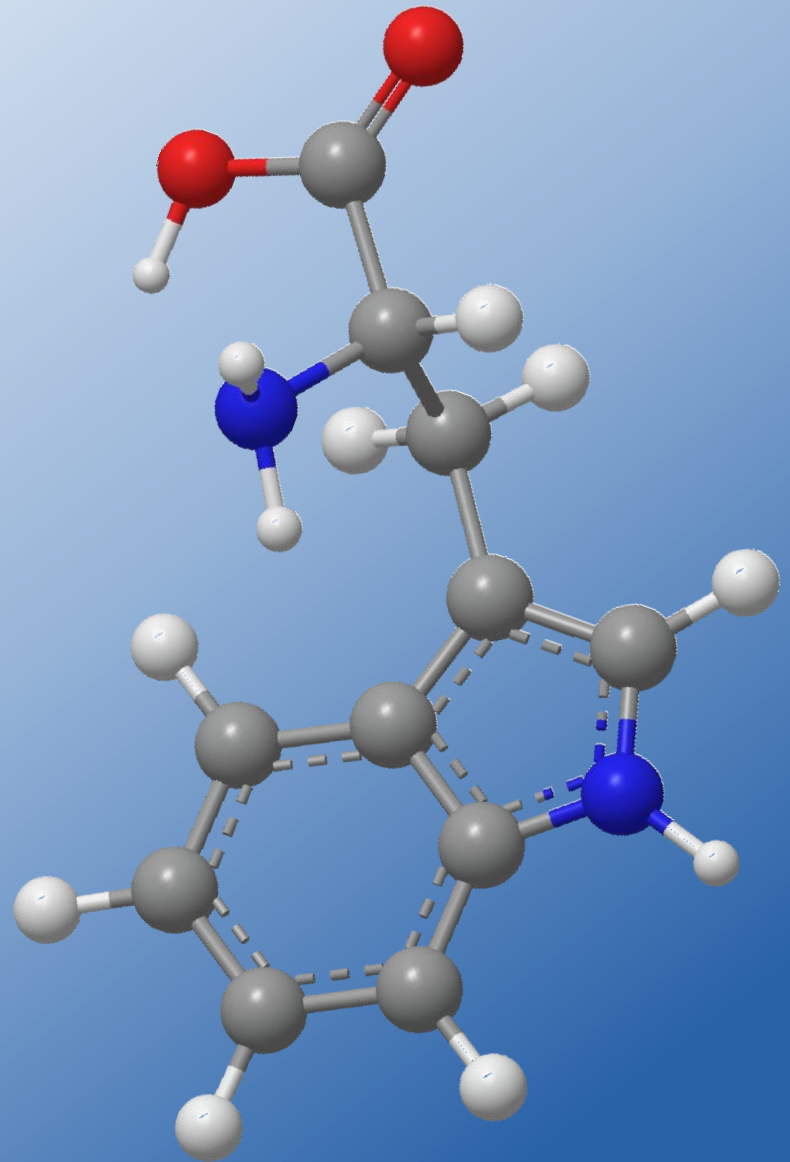
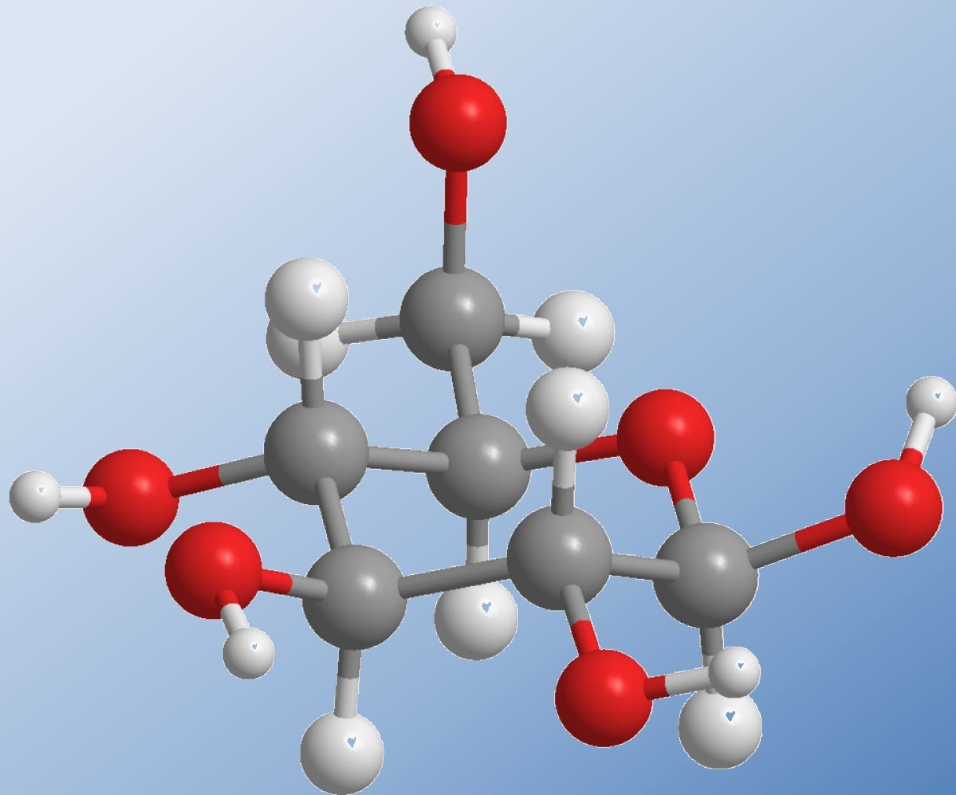


**Micro Lecture Chemie**  
**Chiralität und Naturstoffe**

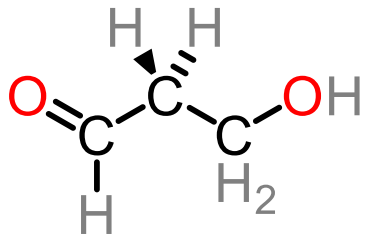
*Prof. Dr. Peter Huy*



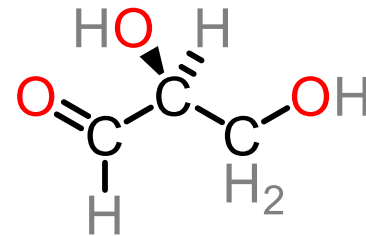
## Chiralität



Was ist der Unterschied zwischen diesen Molekülen?



3-Hydroxy-1-propanal



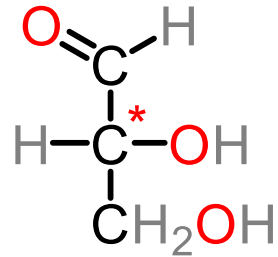
2,3-Dihydroxy-1-propanal



## Chiralität

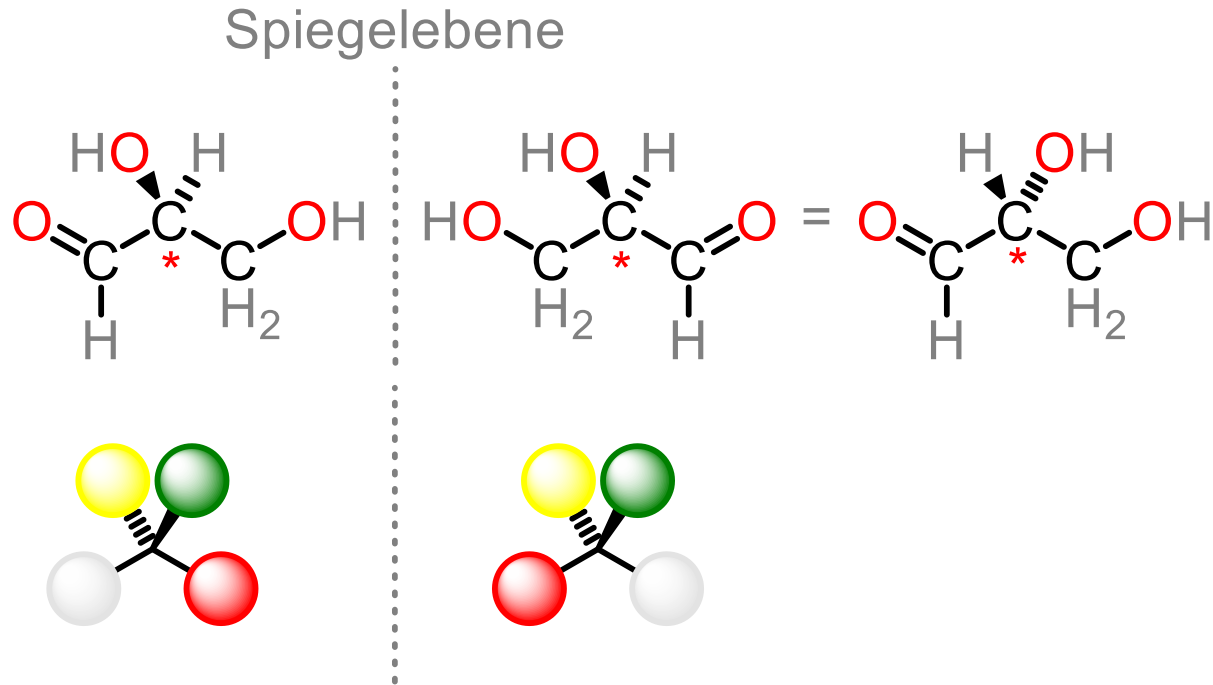


- C-Atom mit vier unterschiedlichen Substituenten  
→ stereogenes Zentrum / Stereozentrum / asymmetrisch substituiertes C-Atom \*



Glycerinaldehyd

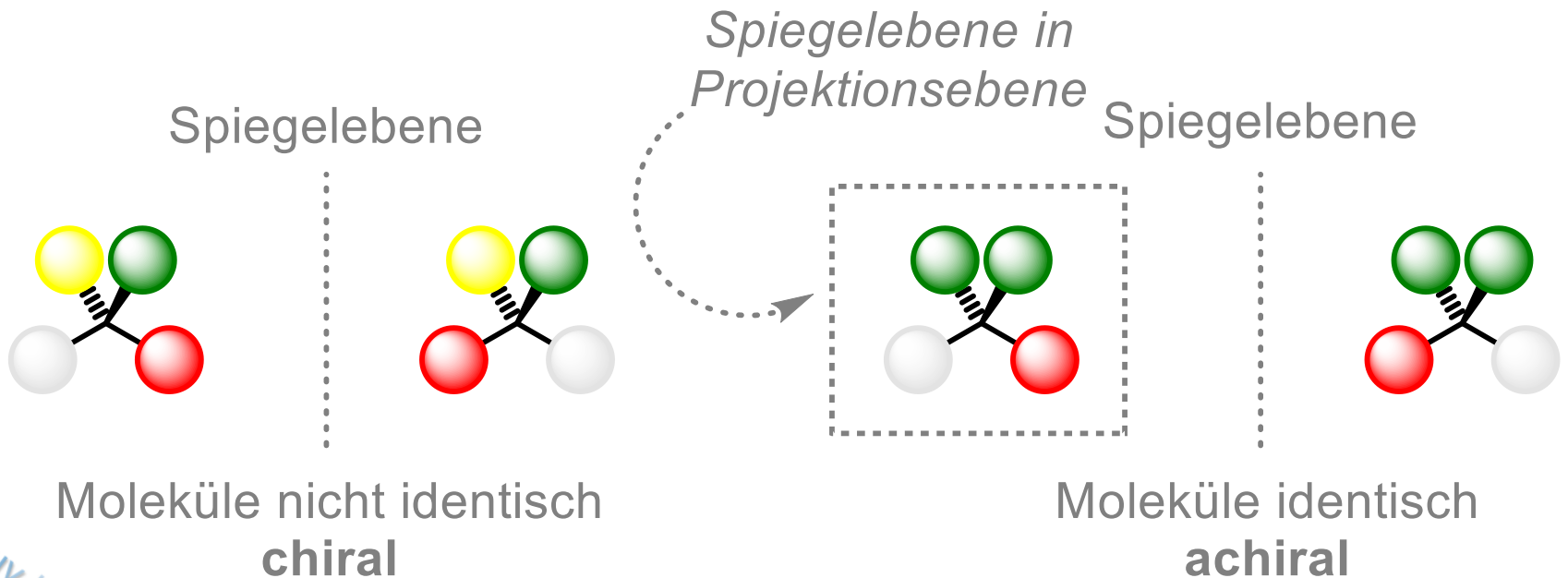
2,3-Dihydroxy-1-propanal



- Bild  $\neq$  Spiegelbild  $\rightarrow$  chirales Molekül
  - spiegelbildliche Stereoisomere  $\rightarrow$  **Enantiomere**
  - Chiralität aus dem Griechischen = Händigkeit

**Chiralität****chirale Objekte / Moleküle:**

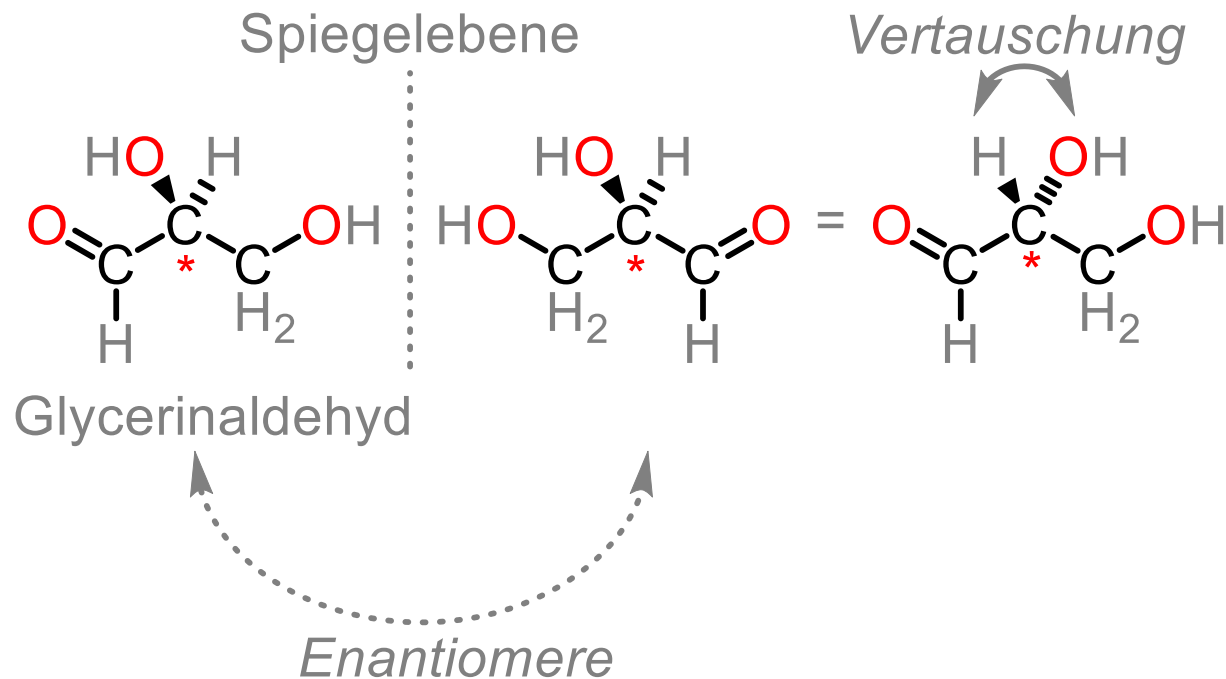
- nicht identisch
- durch Spiegelung oder Vertauschung von zwei Substituenten an \* ineinander überführbar
- Verhalten wie Bild / Spiegelbild
- keine Spiegelebene (oder Inversionszentrum)
- eine Voraussetzung für Chiralität → C-Atom mit vier verschiedenen Substituenten



## R/S-Nomenklatur



- Orientierung der Substituenten an asymmetrisch substituierten C-Atom im Raum  
→ **absolute Konfiguration**
- Angabe der Konfiguration durch *R/S*-Nomenklatur
- Festlegung Prioritäten Substituenten nach CIP-Regeln



## R/S-Nomenklatur

### CIP-Regeln

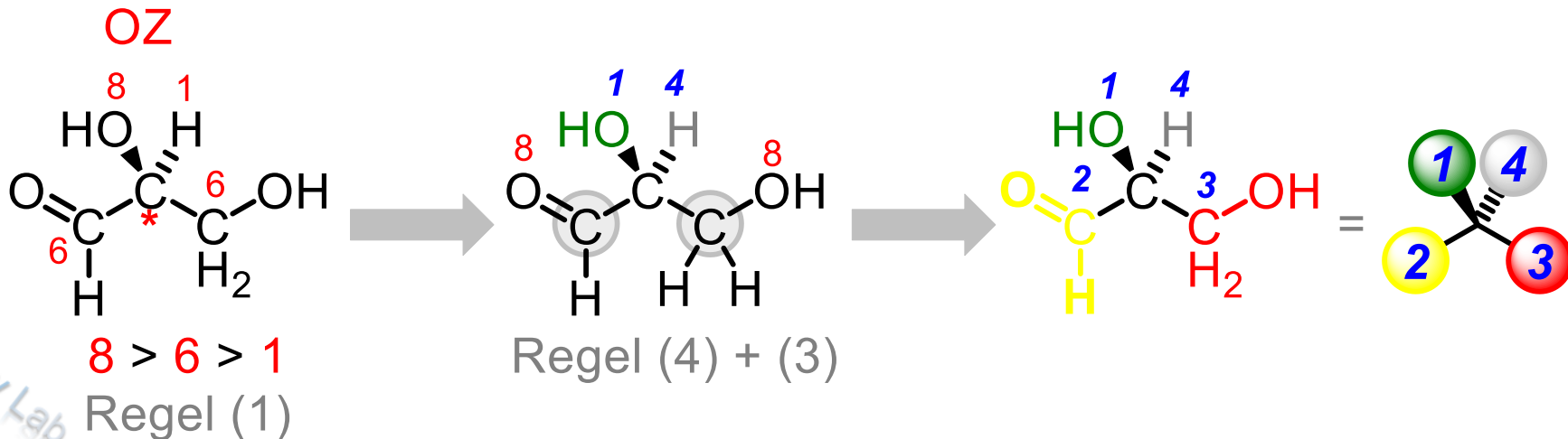
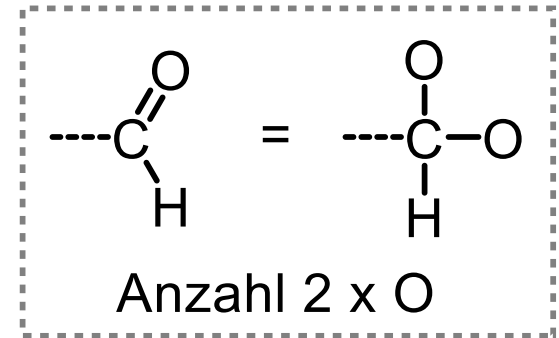
- Benannt nach Cahn Ingold und Prelog
- willkürliche Festlegung Prioritäten Substituenten an Stereozentrum \*

Prioritäten **1** > **2** > **3** > **4**

OZ = Ordnungszahl

MZ = Massenzahl

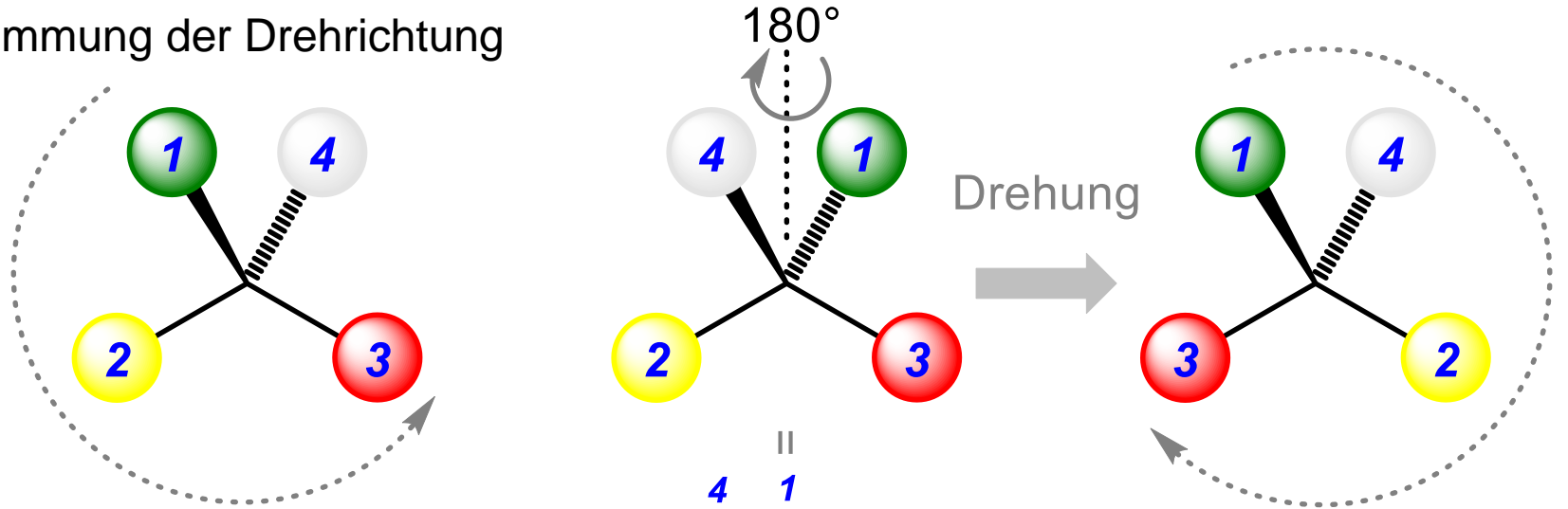
- (1) Ordnungszahl (OZ, z. B. Cl > O > N > C > H)
- (2) Massenzahl (MZ z. B. D > H)
- (3) Anzahl Atome höchste mit OZ / MZ
- (4) innere vor äußeren Sphären



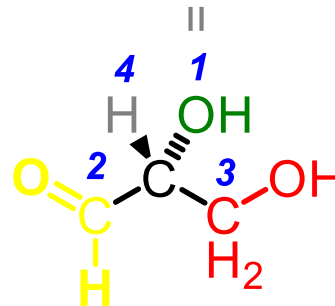
## R/S-Nomenklatur



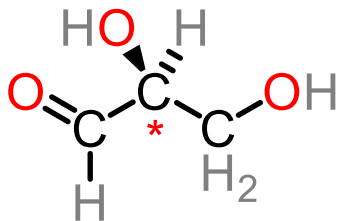
- Molekül wird so verschoben, dass Substituent 4 vom Betrachter weg weist
- Bestimmung der Drehrichtung



Drehung gegen Uhrzeigersinn  
**S**(inister) = links

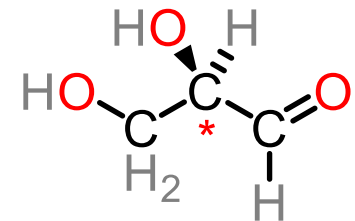


Drehung im Uhrzeigersinn  
**R**(ectus) = rechts



(-)-(S)-Glycerinaldehyd

(-)/(+)-Drehrichtung Ebene  
linear polarisiertes Licht

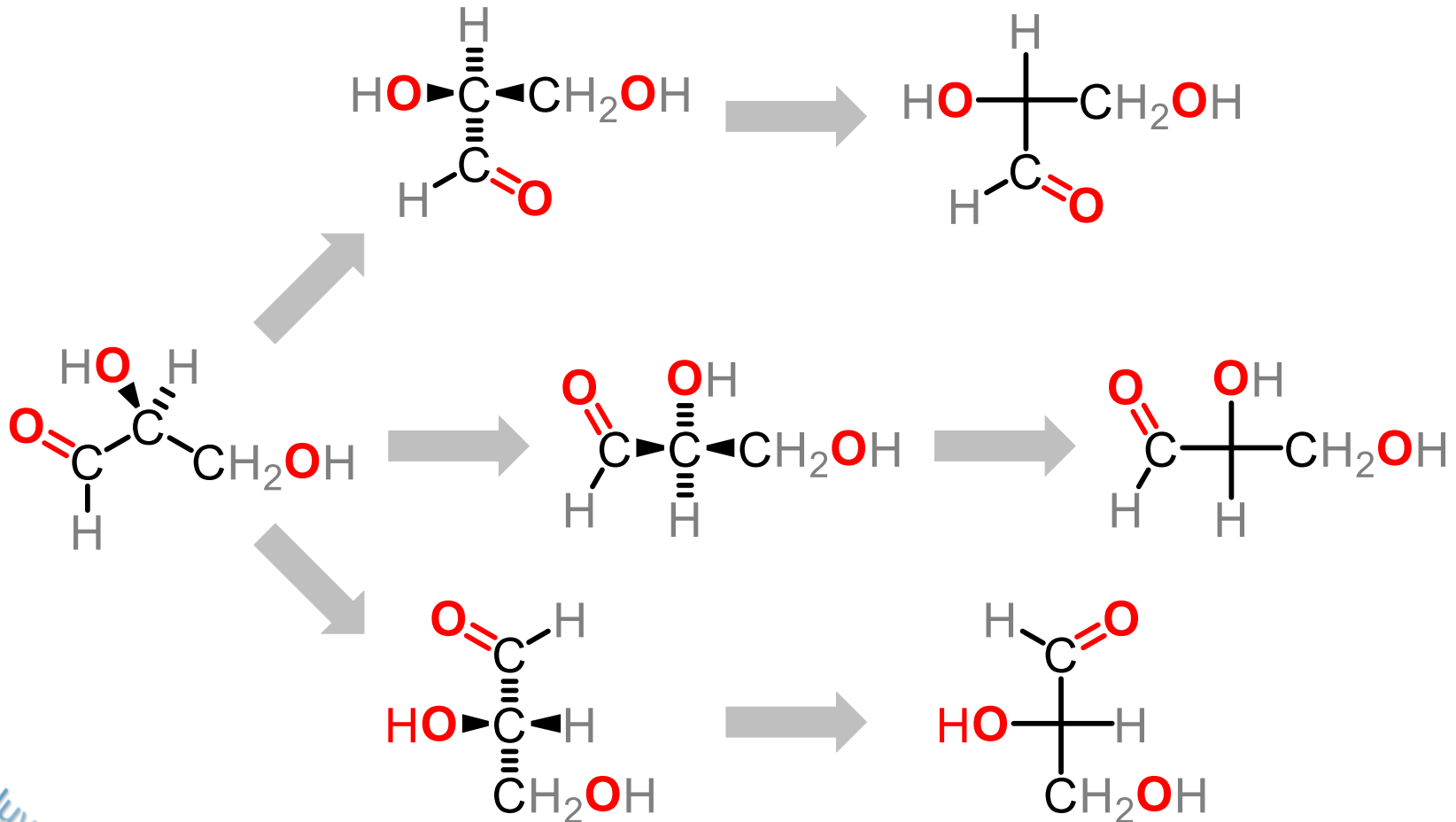


(+)-(R)-Glycerinaldehyd

## Fischer-Projektion



- senkrechte Bindung weisen vom Betrachter weg
- horizontale Bindung weisen zum Betrachter



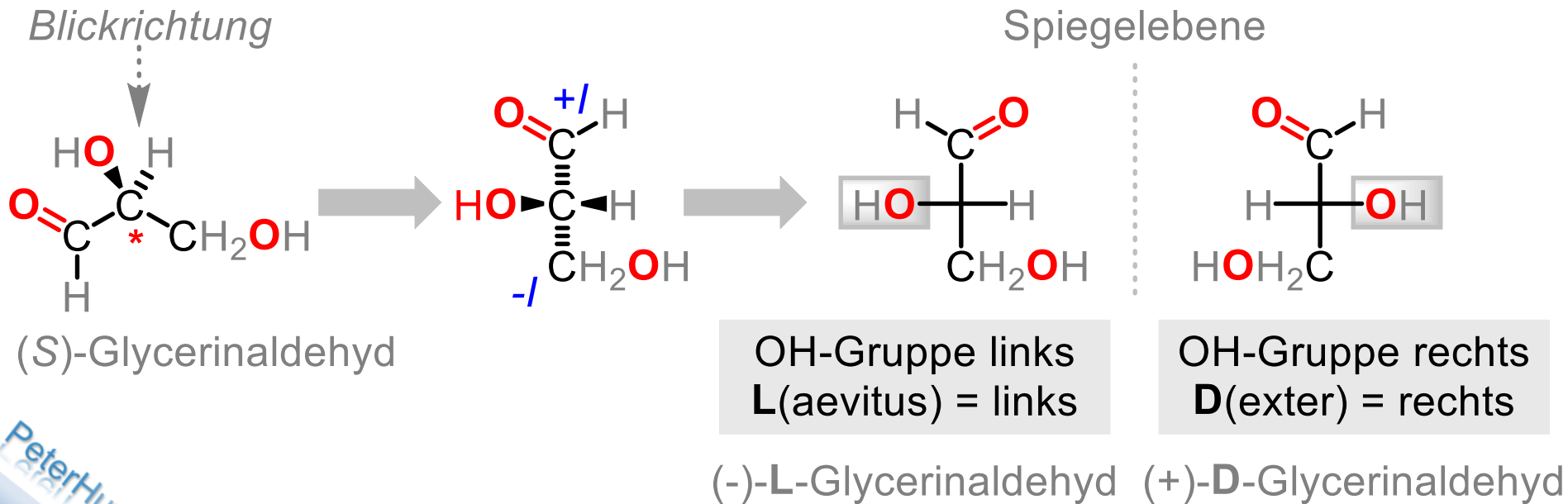
→ Bestimmung absolute Konfiguration?

## D/L-Nomenklatur



- ältere Nomenklatur für *Fischer-Projektion* von Kohlenhydraten und Aminosäuren

- (1) längste C-Kette senkrecht
- (2) C-Atom mit höchster Oxidationsstufe oben
- (3) Orientierung OH/NH<sub>2</sub>-Gruppe bestimmt Konfiguration



## D/L-Nomenklatur

### Aminosäuren

- längste C-Kette senkrecht / Carbonsäure oben
- proteinogene Aminosäuren L-Konfiguration (R = Aminosäurerest)

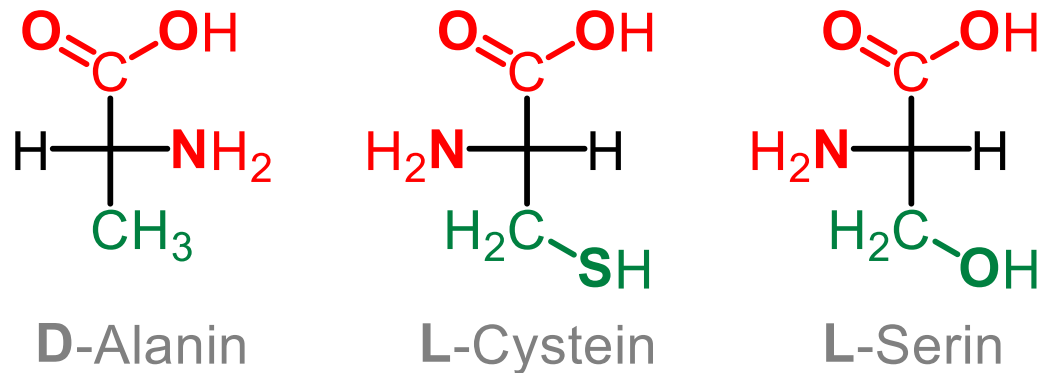
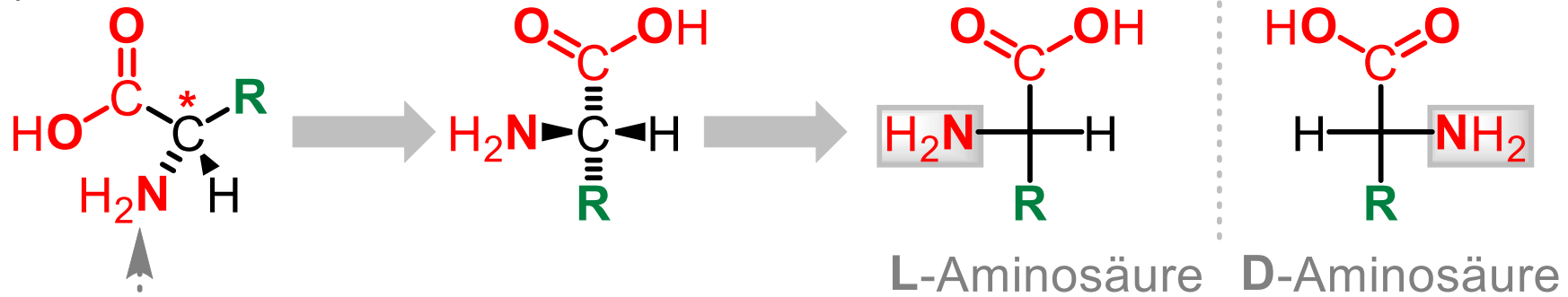
In der Regel

D → R

L → S

Spiegelebene

(S)-Aminosäure



D-Alanin

L-Cystein

L-Serin

## Optische Aktivität

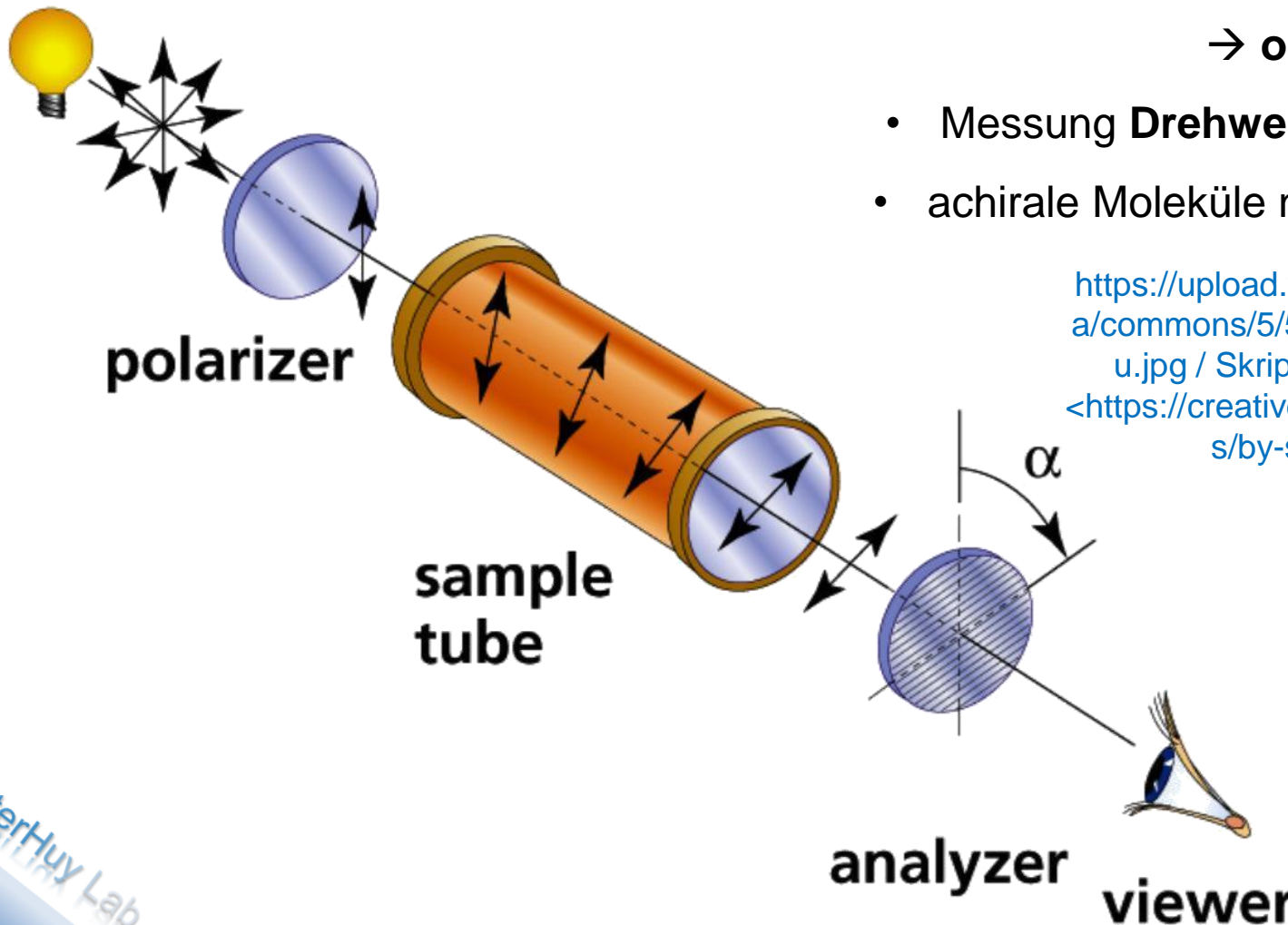
light  
source

- Enantiomere haben identische physikalische und chemische Eigenschaften

- chirale Moleküle drehen Ebene von linear polarisiertem Licht

→ optische Aktivität

- Messung **Drehwert** mit Polarimeter
- achirale Moleküle nicht optisch aktiv

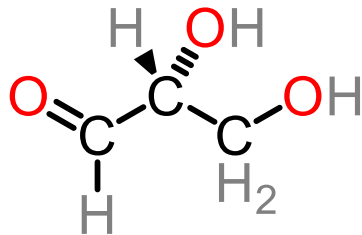


[https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/5/5e/Schema\\_polarimeter.jpg](https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/5/5e/Schema_polarimeter.jpg) / Skripta 2.LF, CC BY-SA 4.0  
 <<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>>, via Wikimedia Commons

## Optische Aktivität

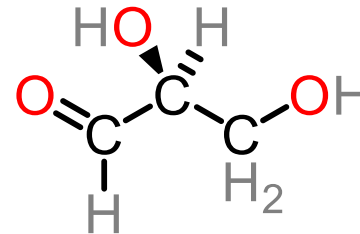
- Enantiomere haben identische physikalische und chemische Eigenschaften
- chirale Moleküle drehen Ebene von linear polarisiertem Licht  
→ **optische Aktivität**
  - Messung **Drehwert** mit Polarimeter
  - achirale Moleküle nicht optisch aktiv

Drehung im Uhrzeigersinn  
(+)



(+)-(R)-Glycerinaldehyd

Drehung gegen Uhrzeigersinn  
(-)

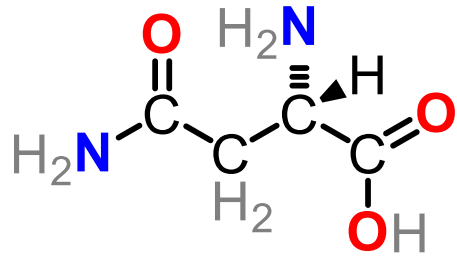


(-)-(S)-Glycerinaldehyd

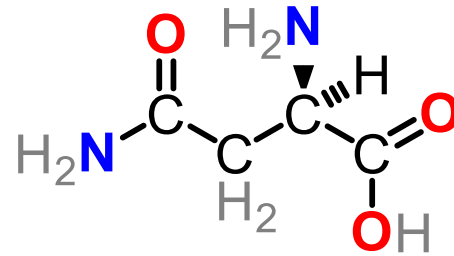
- Drehrichtung kann nicht einfach aus Molekülstruktur abgeleitet werden

## Enantiomere

- **Geschmack** (Bsp. Aminosäuren)

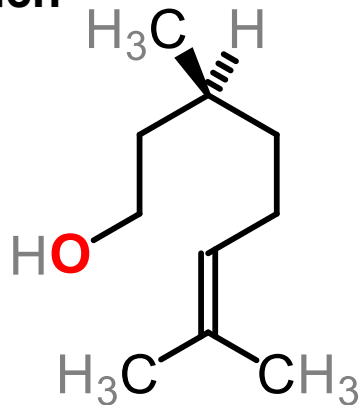


(+)-L-(S)-Asparagin  
**bitter**

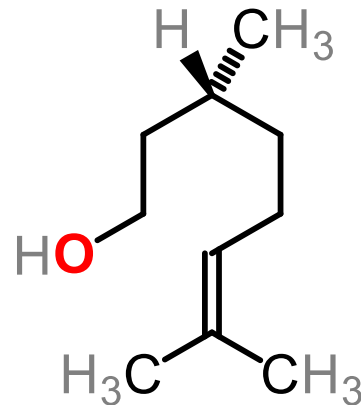


(-)-D-(R)-Asparagin  
**süß**

- **Geruch**

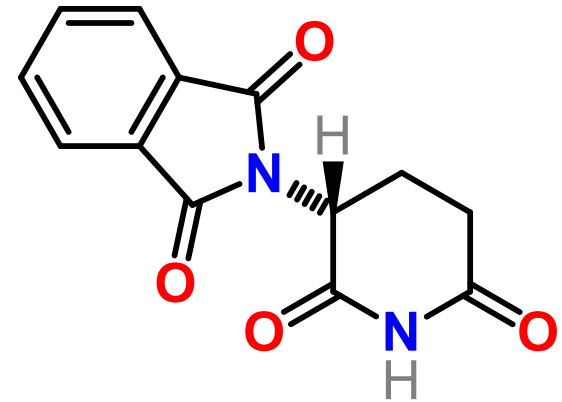


(-)-S-Citronellol  
**Rose**

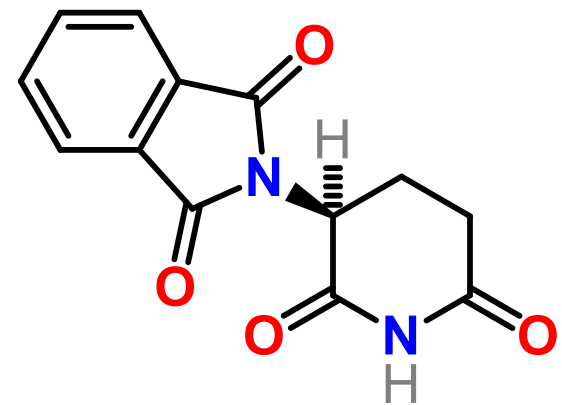


(+)-R-Citronellol  
**Zitron**

- **Biologische Wirkung**  
(Bsp. Contergan)



(R)-Thalidomid  
**Schlafmittel**



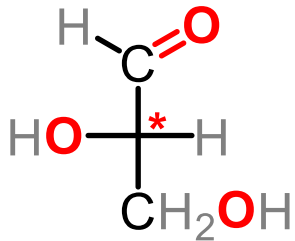
(S)-Thalidomid  
**Teratogen**

## Enantiomere und Diastereomere

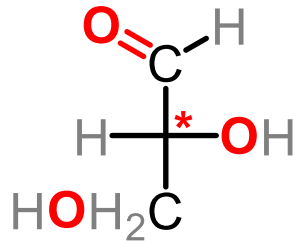


- **Enantiomere:** Durch Spiegelung ineinander transformierbare Stereoisomere
- **Diastereomere:** *Nicht* durch Spiegelung ineinander transformierbare Stereoisomere

Enantiomere  
Spiegelebene

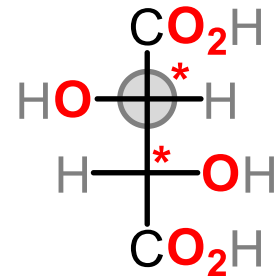


L-Glyceraldehyd

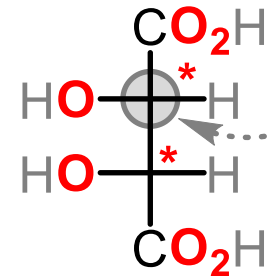


D-Glyceraldehyd

*identische  
Konfiguration*  
Diastereomere



D-Weinsäure

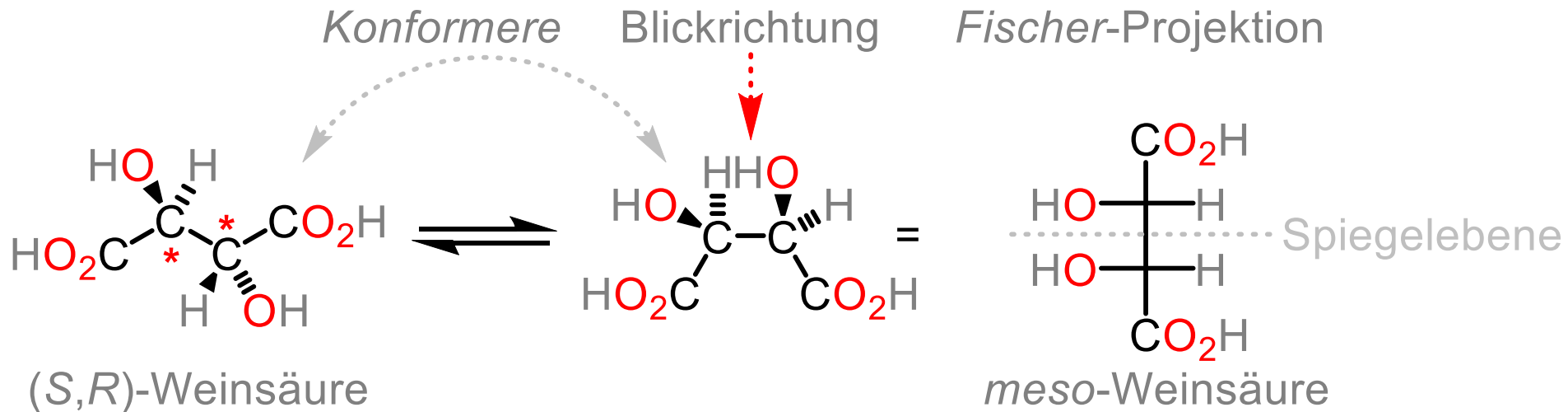
*meso*-Weinsäure

- **Diastereomere** mindestens ein \* identisch
- **Enantiomere** alle \* unterschiedlich

## Diastereomere



- nicht durch Spiegelung überführbare Stereoisomere → **Diastereomere**
- Diastereomere können auch achiral sein
- Beispiel Weinsäure: 2 Stereozentren → maximal 4 Stereoisomere



- achirale Moleküle mit Stereozentren  
→ *meso*-Verbindungen

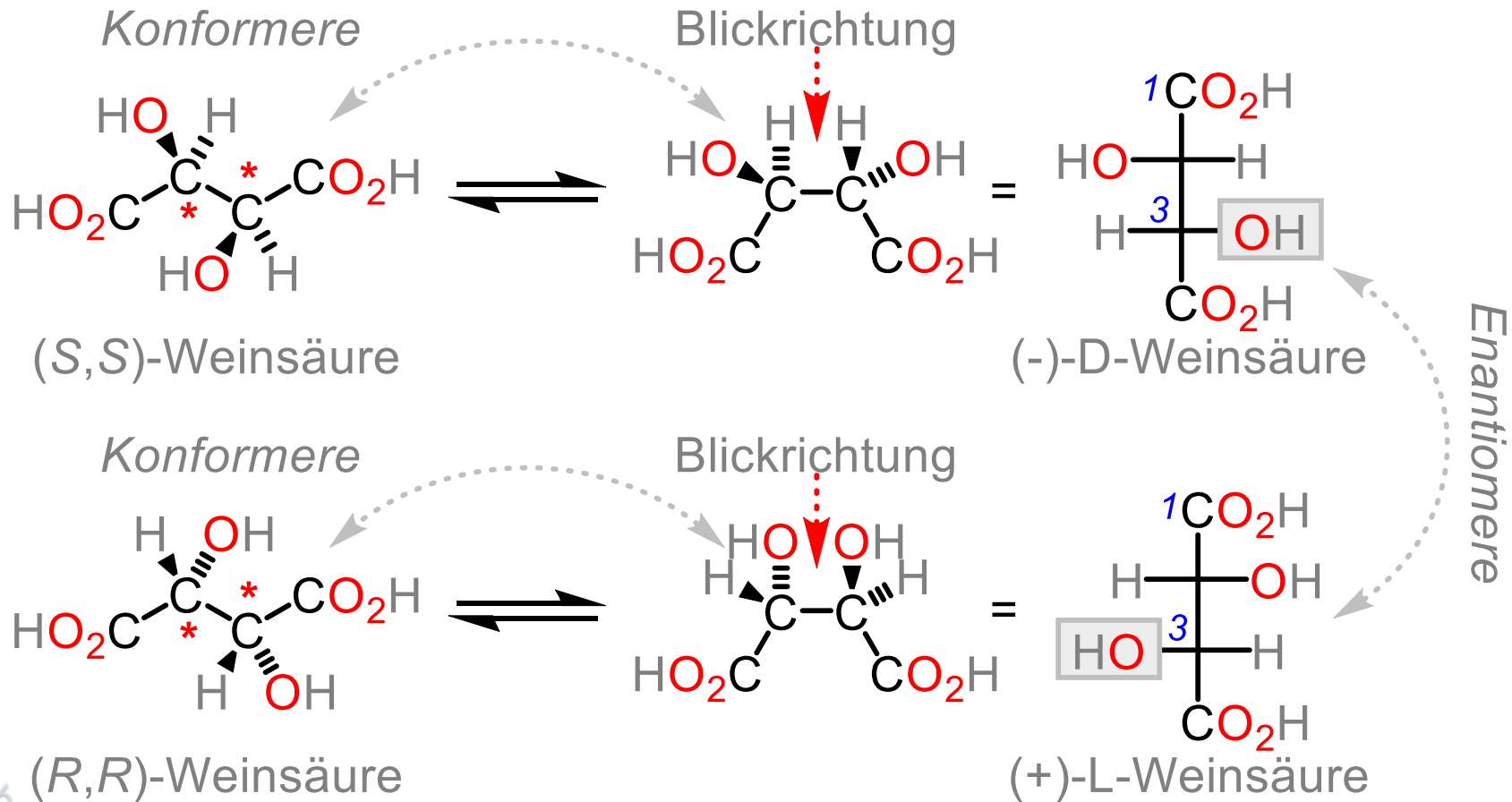
maximale Anzahl Stereoisomere =  $2^n$   
 $n$  = Anzahl Stereozentren \*

## Diastereomere und Enantiomere

höchstbezziffertes Stereozentrum = asymmetrisch substituierte C-Atom mit höchster Nummer

### Fischer-Projektion

- mehrere \* → Nummerierung beginnt am höchstoxidierten C-Atom
- höchstbezziffertes stereogenes Zentrum \* bestimmt D/L-Konfiguration

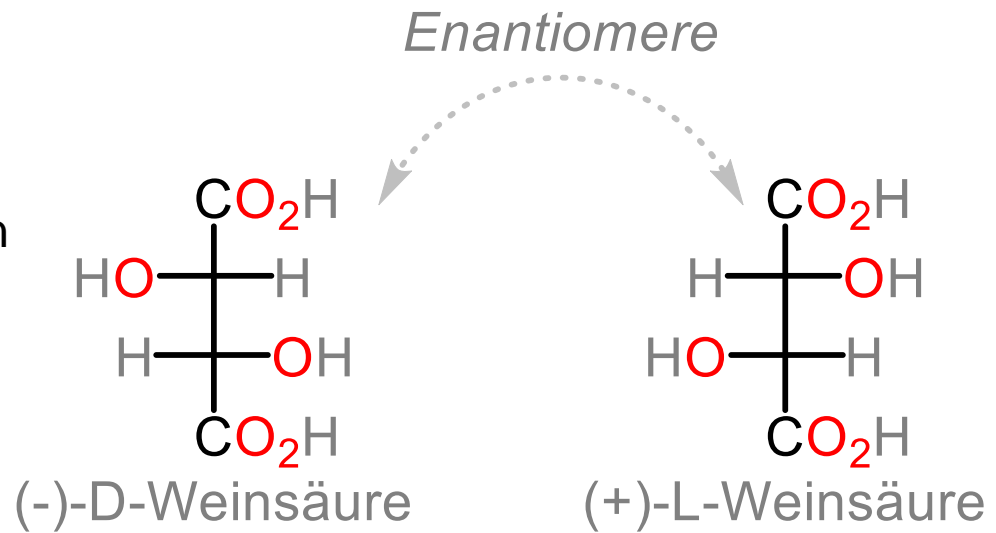


## Diastereomere und Enantiomere



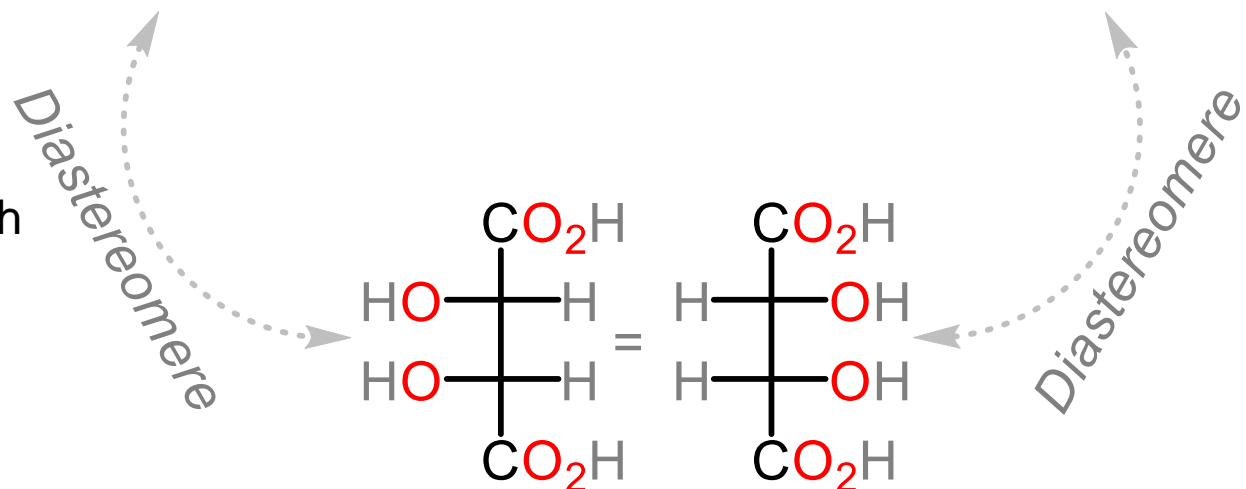
## Enantiomere

- Spiegelung kehrt Konfiguration aller Stereozentren \* um
- identische relative Konfiguration
- entgegengesetzte absolute Konfiguration  
z. B. (S,S) / (R,R)



## Diastereomere

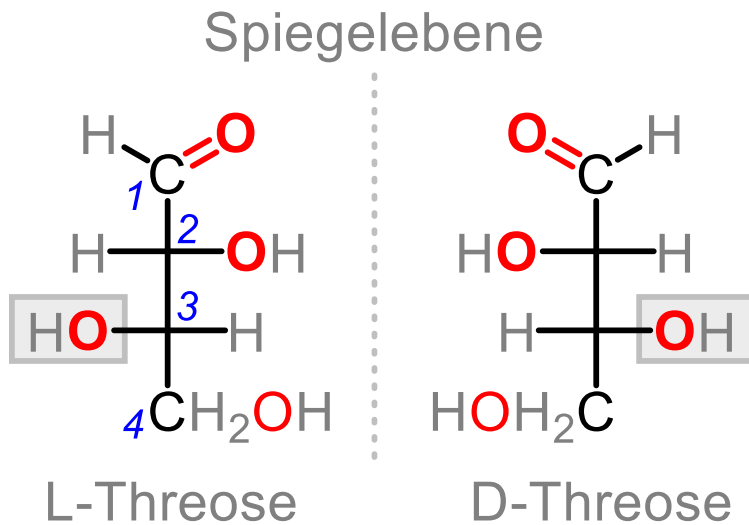
- mindestens ein \* identisch
- unterschiedliche relative Konfiguration  
z. B. (S,R) / (S,S)



## Diastereomere und Enantiomere



- *Fischer-Projektion* von Kohlenhydraten



- **Diastereomere** mindestens ein \* identisch
- **Enantiomere** alle \* unterschiedlich
- **Epimere** = Diastereomere mit unterschiedlicher Konfiguration an einem \*

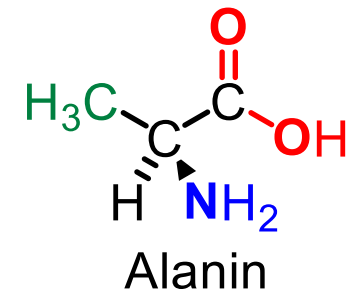
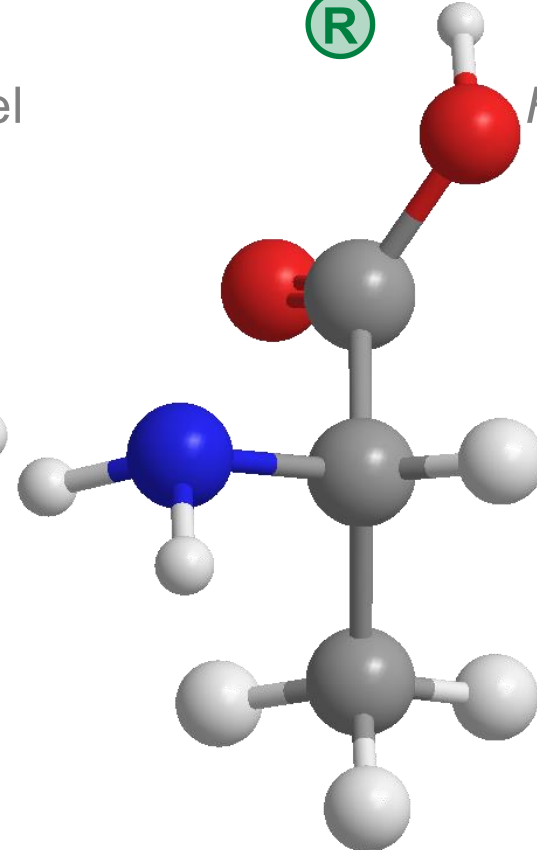
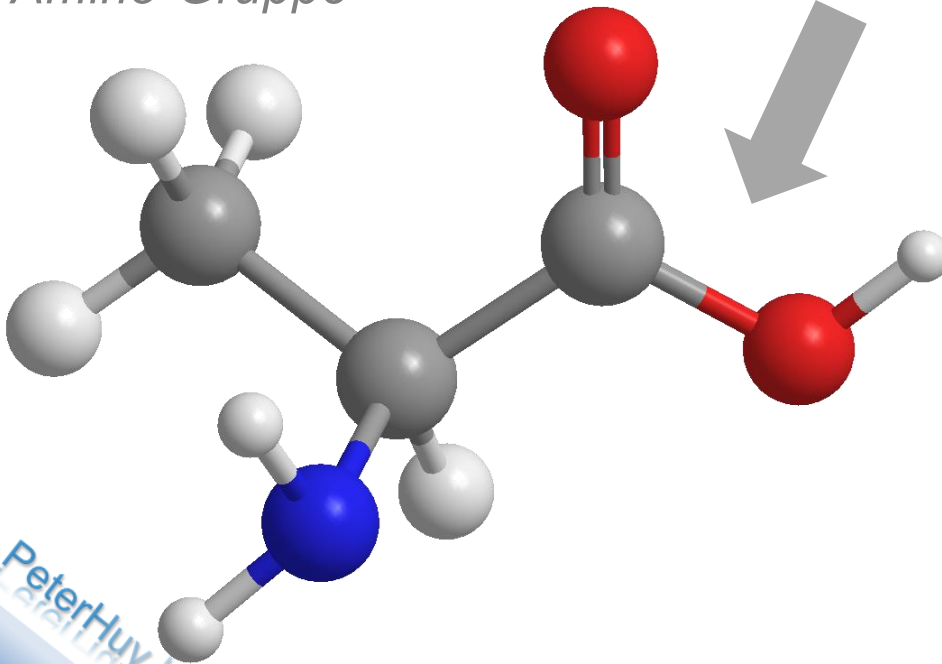
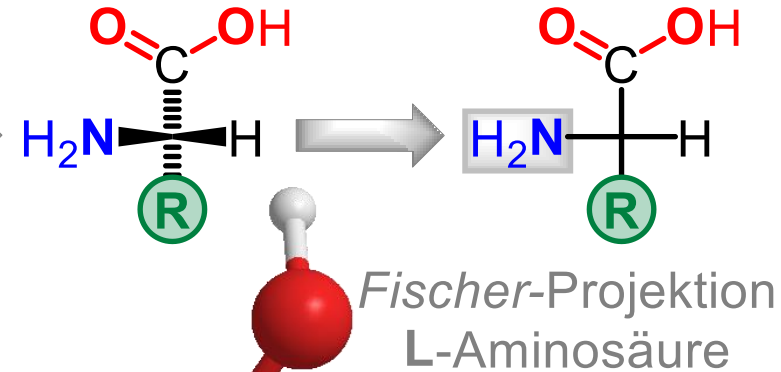
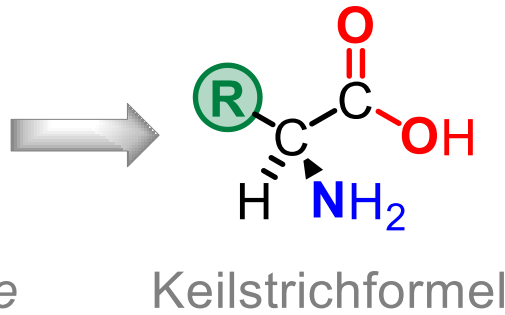
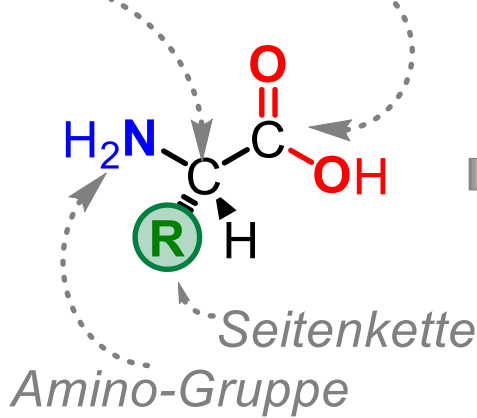
höchstbezahltes Stereozentrum = asymmetrisch substituierte C-Atom mit höchster Nummer

## Aminosäuren

- $\alpha$ -Aminosäuren (AS) chiral (Ausnahme  $R = H$ )



$\alpha$ -Kohlenstoff Carbonsäure-Gruppe

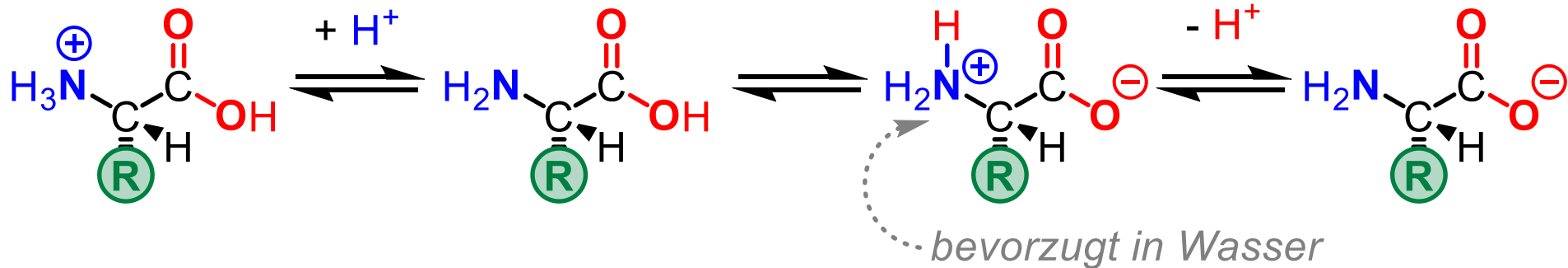


- *Fischer-Projektion*: längste C-Kette senkrecht / Carbonsäure oben

## Aminosäuren



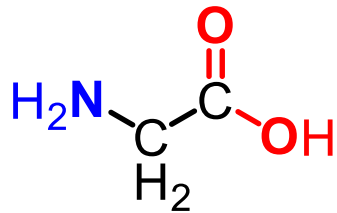
- proteinogene AS L-konfiguriert / meistens S-konfiguriert
- Oligo- und Polymere der AS → Peptide und Proteine
- 20 proteinogene AS → in Biosynthese von Proteinen involviert
- AS sind Ampholyte



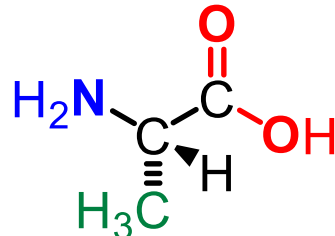
- Seitenketten **R** wichtig für 3D-Struktur von Proteinen und katalytischen Effekt von Enzymen
- Einteilung AS nach funktionelle Gruppen der Seitenketten **R**  
hydrophobe / polare neutral, saure und basische

## hydrophobe Aminosäuren

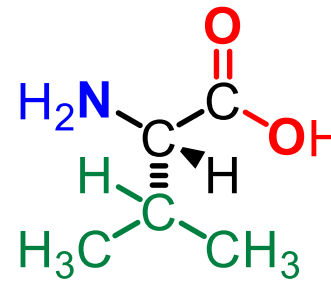
- \* = essentielle AS
- kann Mensch nicht herstellen
- unpolare Seitenketten **R**



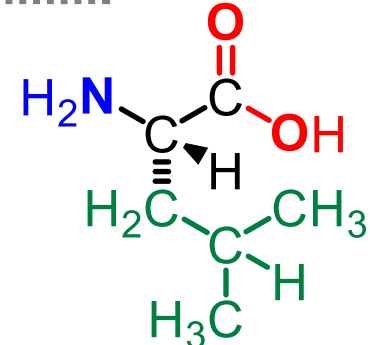
Glycin  
*Gly/G*



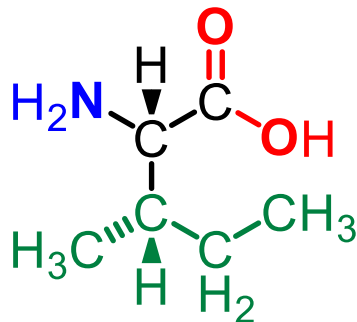
Alanin  
*Ala/A*



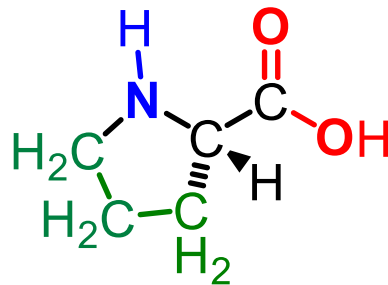
Valin\*  
*Val/V*



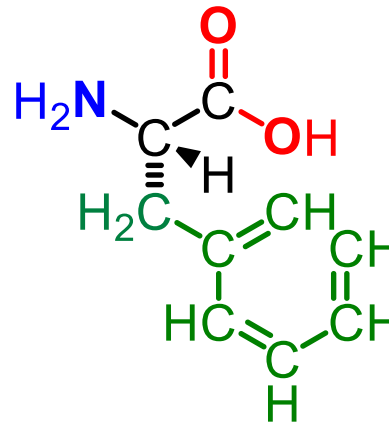
Leucin\*  
*Leu/L*



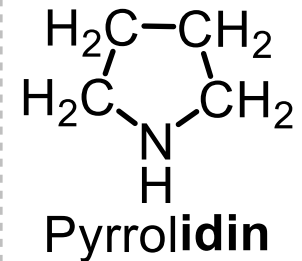
Isoleucin\*  
*Ile/I*



Prolin  
*Pro/P*  
2° Amin!



Phenylalanin\*  
*Phe/F*



Pyrrolidin

### Legende

Strukturformel

Trivialname

Drei-/Einbuchstabencode

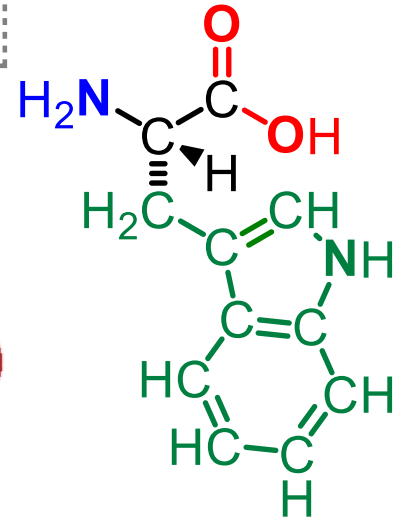


## hydrophobe Aminosäuren

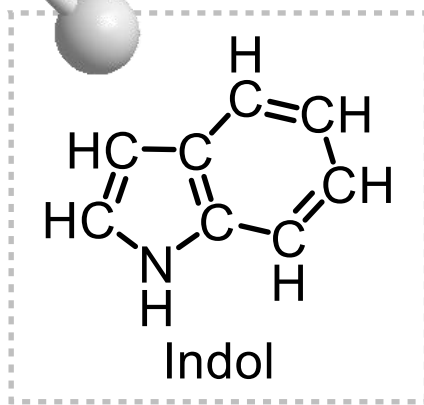
- \* = essentielle AS
- kann Mensch nicht herstellen
- unpolare Seitenketten **R**



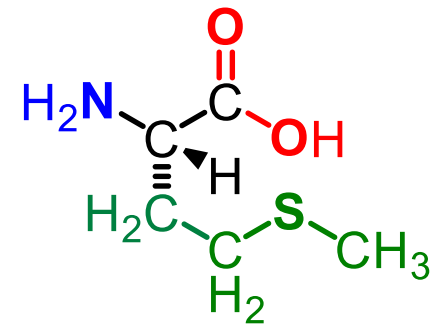
**Legende**  
 Strukturformel  
 Trivialname  
 Drei-/Einbuchstabencode



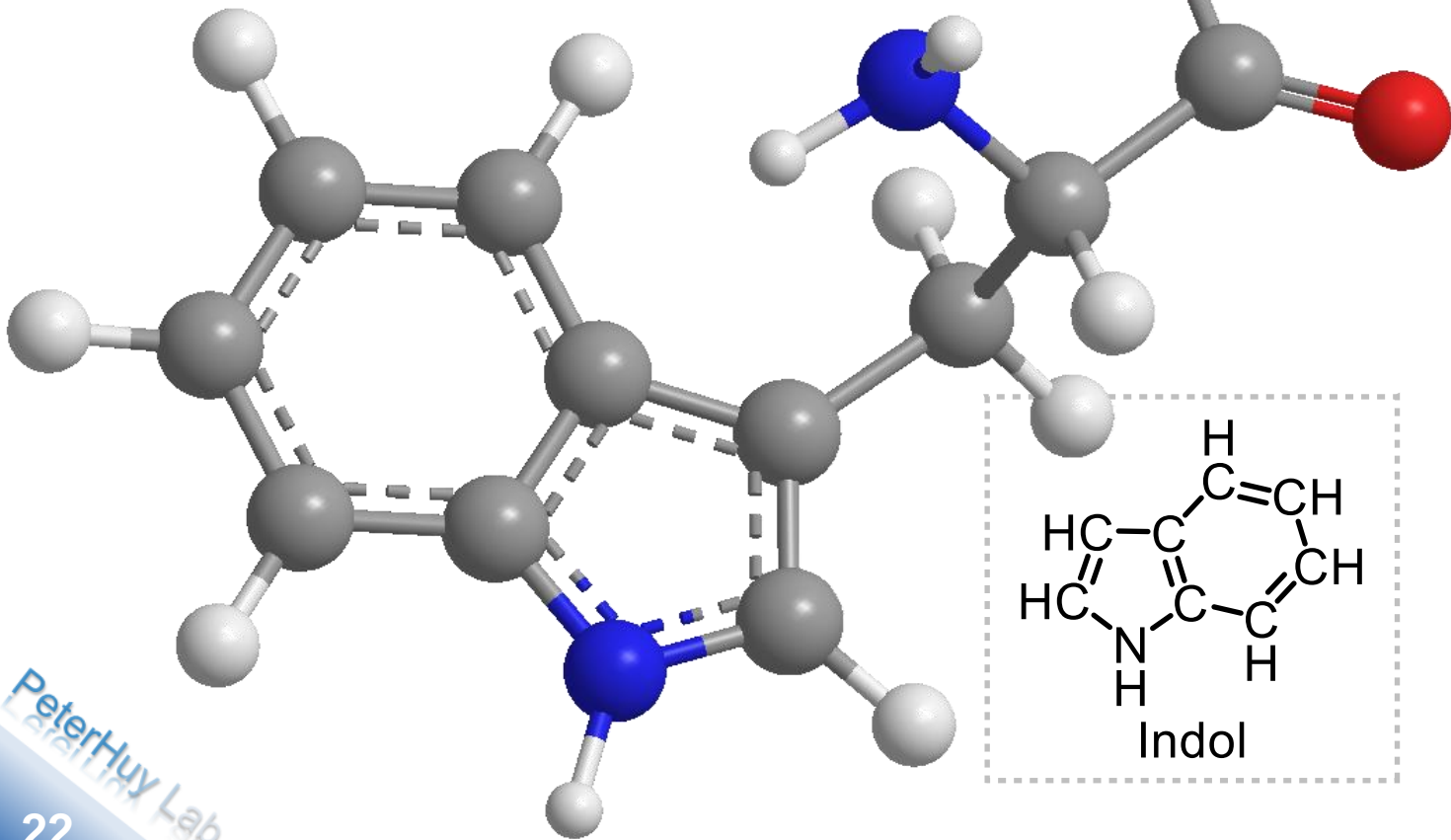
Tryptophan\*  
*Trp/W*



Indol



Methionin\*  
*Met/M*



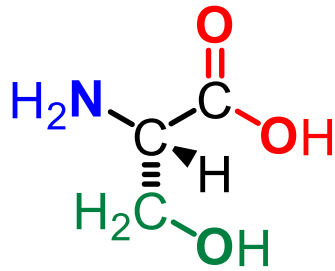
## polare Aminosäuren

### neutrale Seitenketten

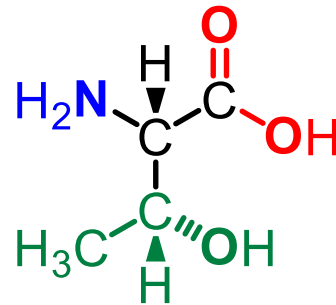
- polare Seitenketten **R** / nicht-ionisiert bei pH = 7,4

Cystein einzige *R*-konfigurierte  
proteinogene AS!

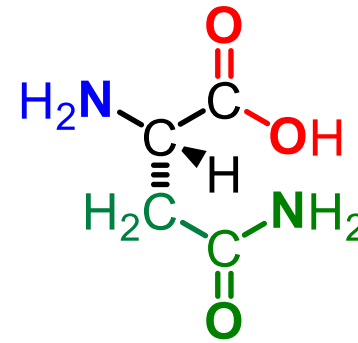
- \* = essentielle AS



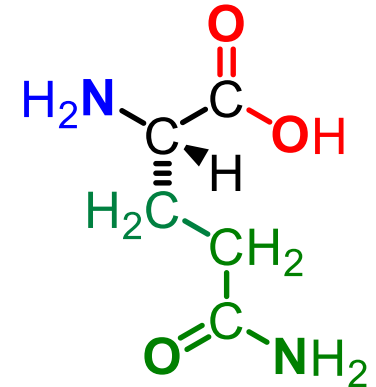
Serin  
Ser/S



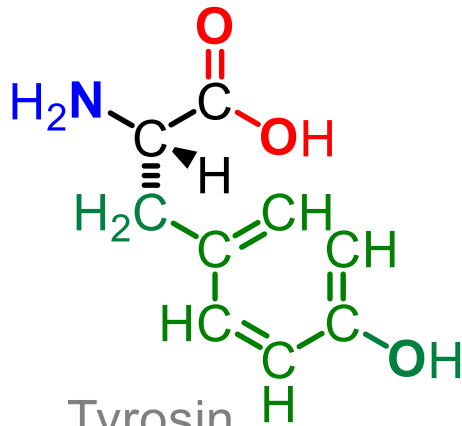
Threonin\*  
Thr/T



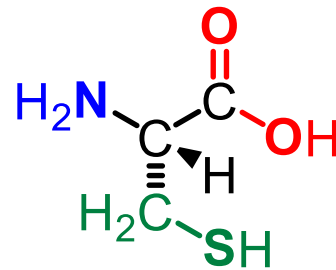
Asparagin  
Asn/N



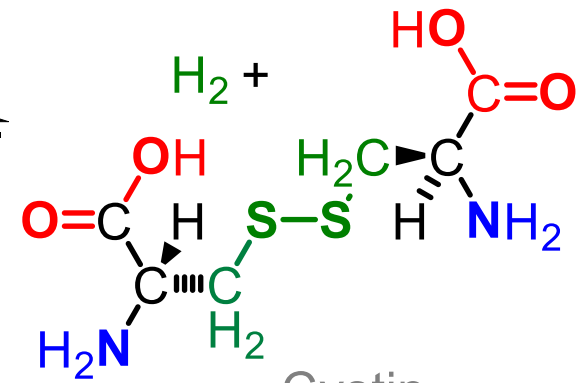
Glutamin  
Gln/Q



Tyrosin  
Tyr/Y



Cystein  
Cys/C



Cystin

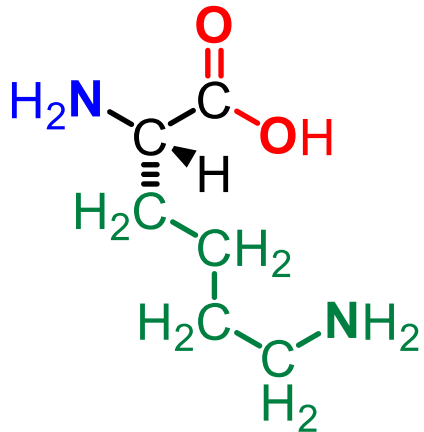
## polare Aminosäuren



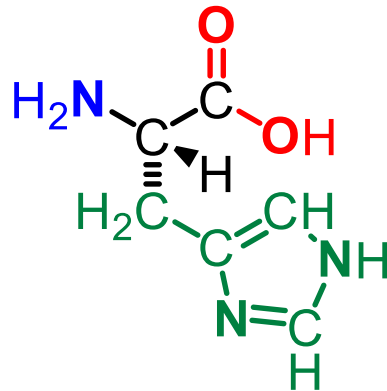
### basische Seitenketten

- polare Seitenketten **R** / kationisch bei pH = 7,4
- \* = essentielle AS

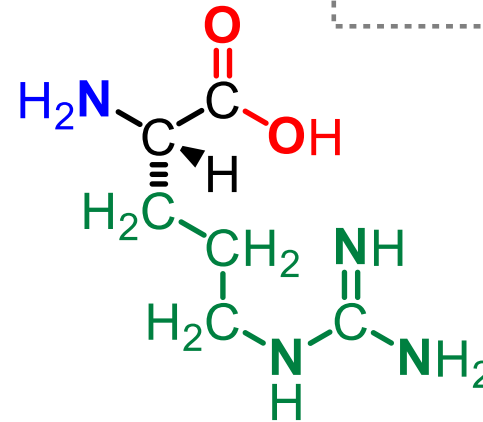
**Legende**  
 Strukturformel  
 Trivialname  
 Drei-/Einbuchstabencode



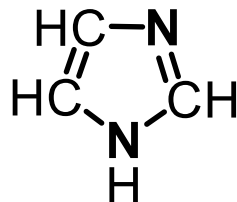
Lysin\*  
Lys/L



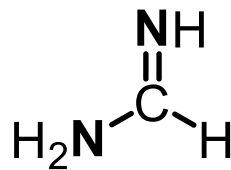
Histidin\*  
His/H



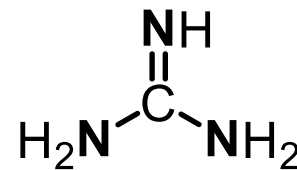
Arginin\*  
Arg/R



Imidazol



Amidine



Guanidin

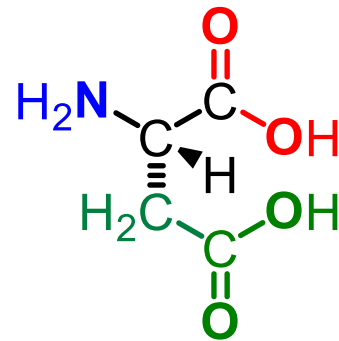
## polare Aminosäuren



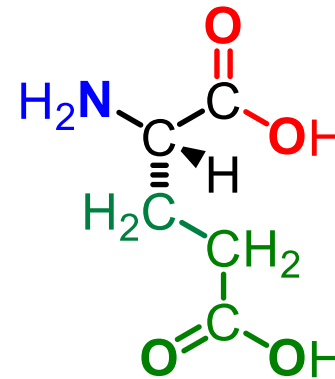
## saure Seitenketten

- polare Seitenketten **R** / anionisch bei pH = 7,4
- \* = essentielle AS

**Legende**  
 Strukturformel  
 Trivialname  
 Drei-/Einbuchstabencode



Asparaginsäure  
*Asp/D*

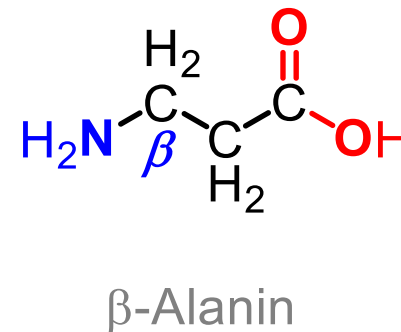
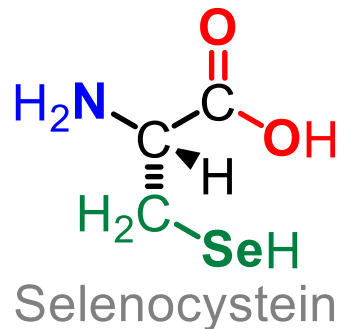
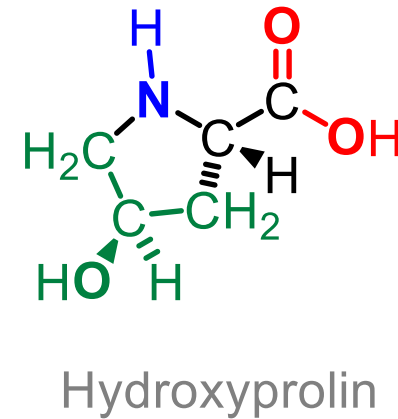
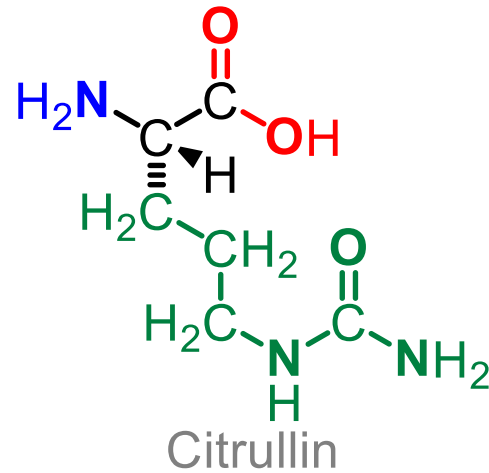
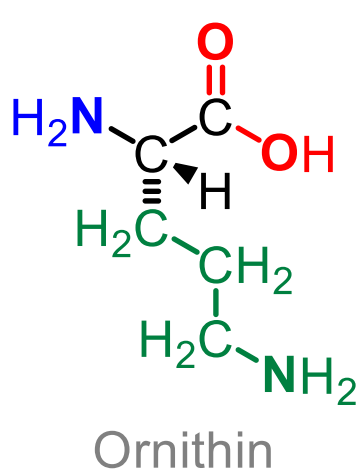


Glutaminsäure  
*Glu/E*

## Nicht proteinogene Aminosäuren



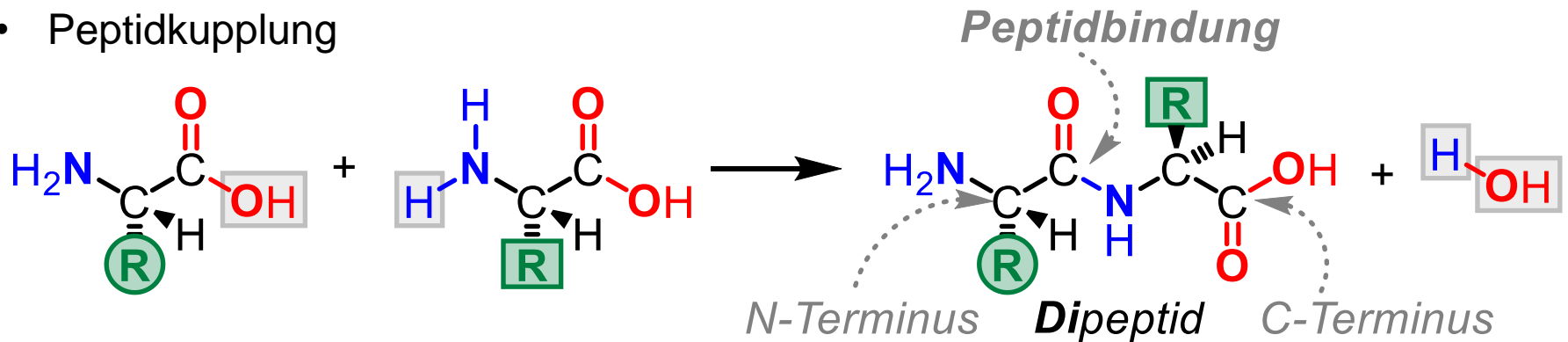
- Zwischenstufen für Biosynthese von proteinogenen AS
- Biosynthese durch Modifikation von proteinogenen AS nach Proteinsynthese



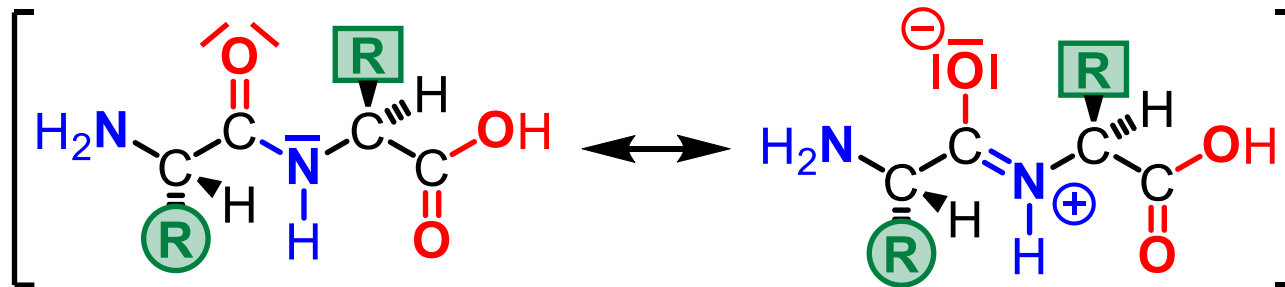
## Peptide und Proteine



- Peptide → Polymere mit <100 AS
- Proteine → Polymere mit >100 AS
- Peptidkupplung



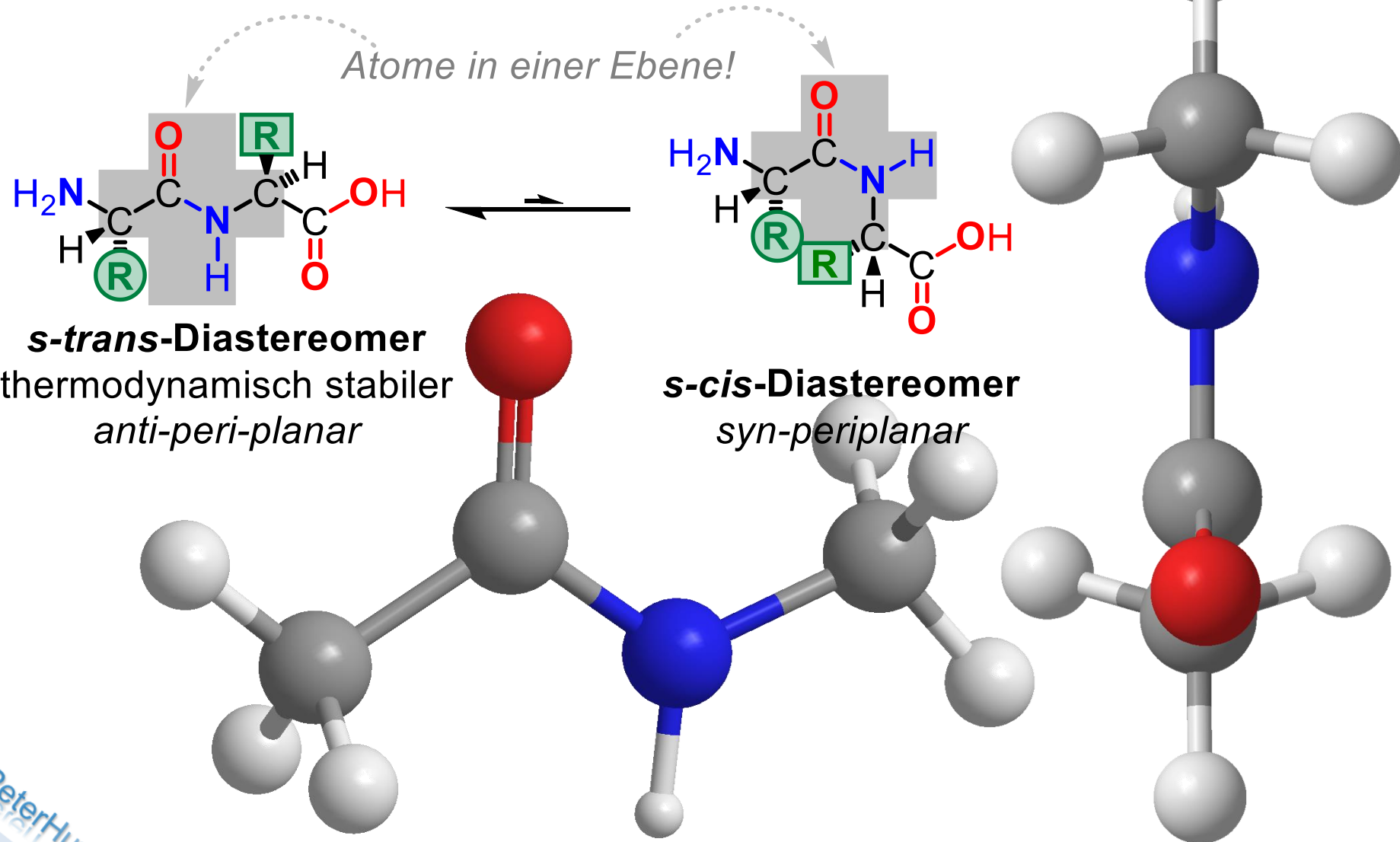
- C-N-Peptid-Bindung keine Einfachbindung → 1.5-fach Bindung



- hohe Rotationsbarriere um C-N-Bindung → Diastereomere

## Peptide und Proteine

3D-Strukturen von *N*-Methylacetamid!

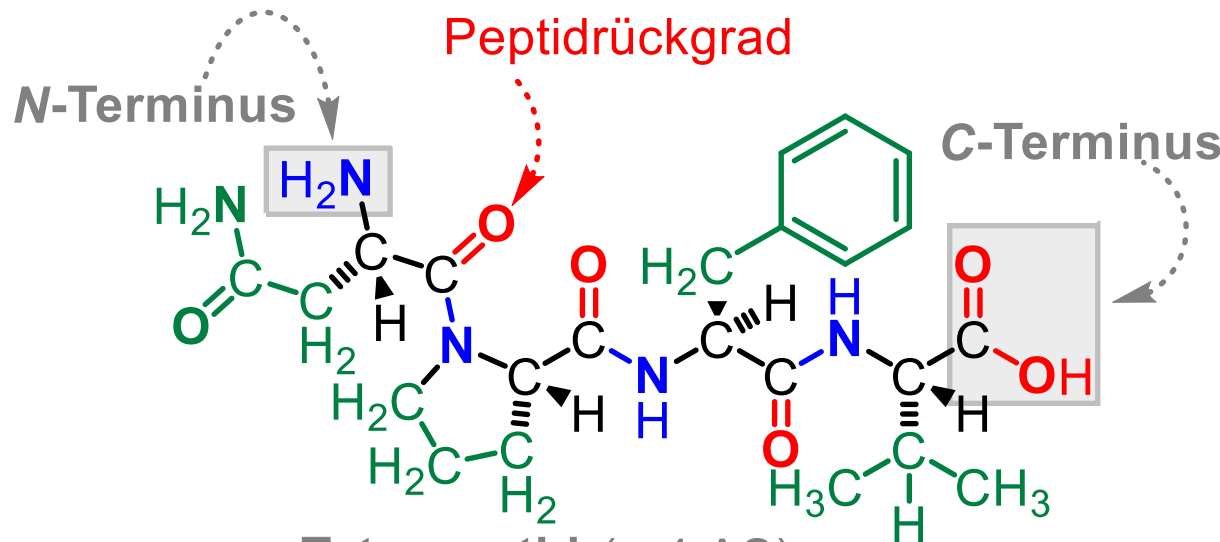


- in Proteinen meist *s-trans*-Isomer (s = sigma)

## Peptide und Proteine



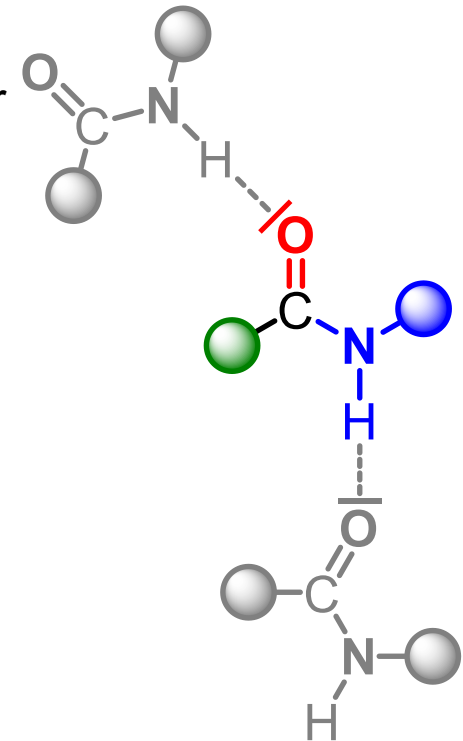
- H-Brücken-Bindungen zwischen 2° Amid- / Peptid-Gruppen  
→ Stabilisierung von 3D-Struktur von Proteinen
- Reihenfolge von AS in Peptiden / Proteinen → Primärstruktur



Asparagin-Prolin-Phenylalanin-Valin

Dreibuchstabencode: *Asn-Pro-Phe-Val*

Einbuchstabencode: *NPFV*

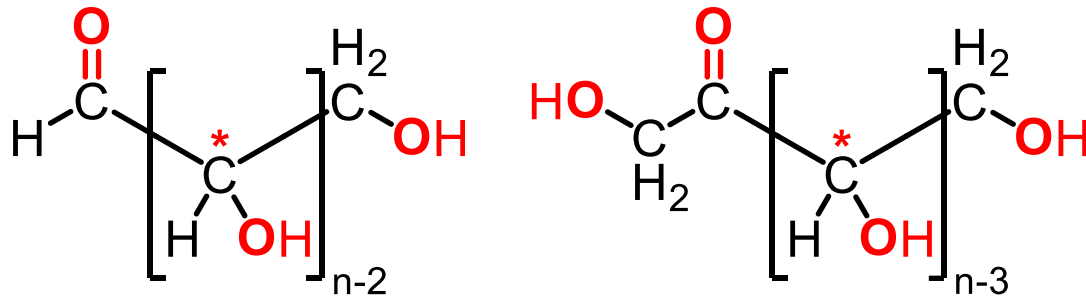


- Sekundär- / Tertiär- / Quartärstruktur: 3D-Struktur von Proteinen  
→ Stabilisiert durch Wechselwirkungen zwischen Seitenketten

## Monosaccharide



- Hydrate des Kohlenstoffs mit Summenformel  $[C(H_2O)]_n$
- Oligohydroxyaldehyde  $\rightarrow$  Aldosen / Oligohydroxyketone  $\rightarrow$  Ketosen



- Anzahl C-Atome  $n = 3, 4, 5, 6 \rightarrow$  Tri-, Tetr-, Pent-, Hex-, Heptosen
- auch als Zucker bezeichnet
- asymmetrisch substituierte C-Atome \*

Aldosen  $\rightarrow n-2$  Stereozentren

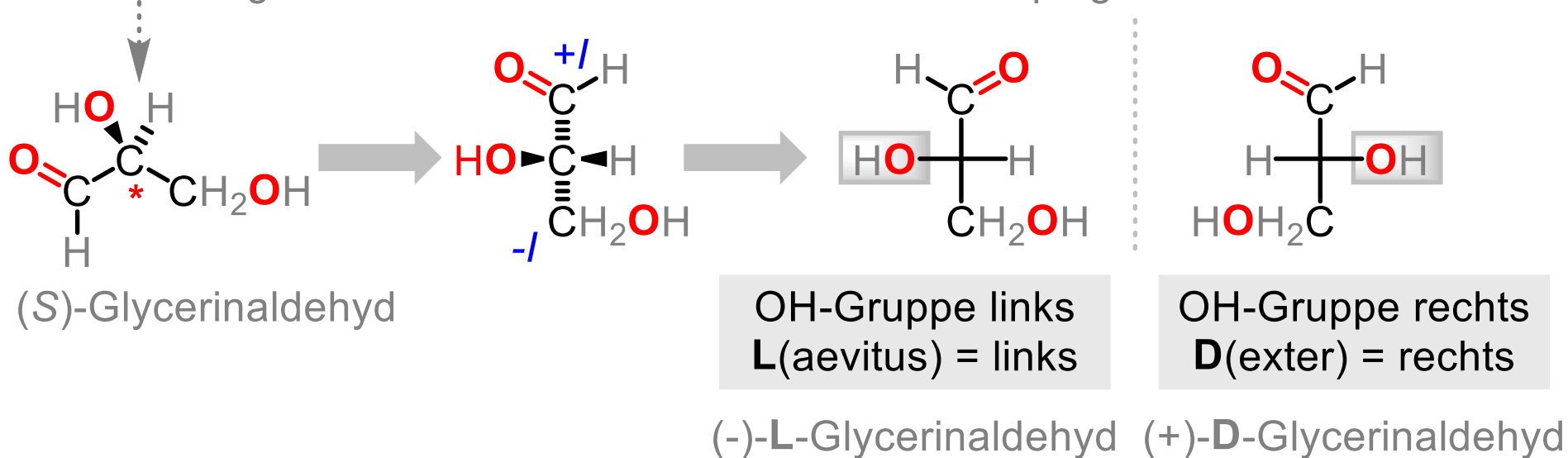
Ketosen  $\rightarrow n-3$  Stereozentren

## Fischer-Projektion und D/L-Nomenklatur

- 2D-Projektion von 3D-Molekülen
- längste C-Kette senkrecht
- C-Atom mit höchster Oxidationsstufe oben
- Orientierung OH-Gruppe höchstbezahltes Stereozentrum bestimmt Konfiguration

höchstbezahltes Stereozentrum  
= asymmetrisch substituiertes  
C-Atom mit höchster Nummer

Blickrichtung



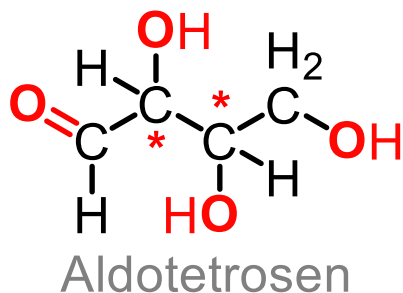
- senkrechte Bindung weisen vom Betrachter weg
- horizontale Bindung weisen zum Betrachter

## Tetrosen: Diastereomere, Epimere und Enantiomere



- Tetrosen  $n = 4$   $C_4H_8O_4$
- maximale Anzahl Stereoisomere  $2^n = 2^2 = 4$
- Stereo- / Konfigurationsisomere

Isomere  $\rightarrow \neq$  Moleküle mit  
identischer Summenformel

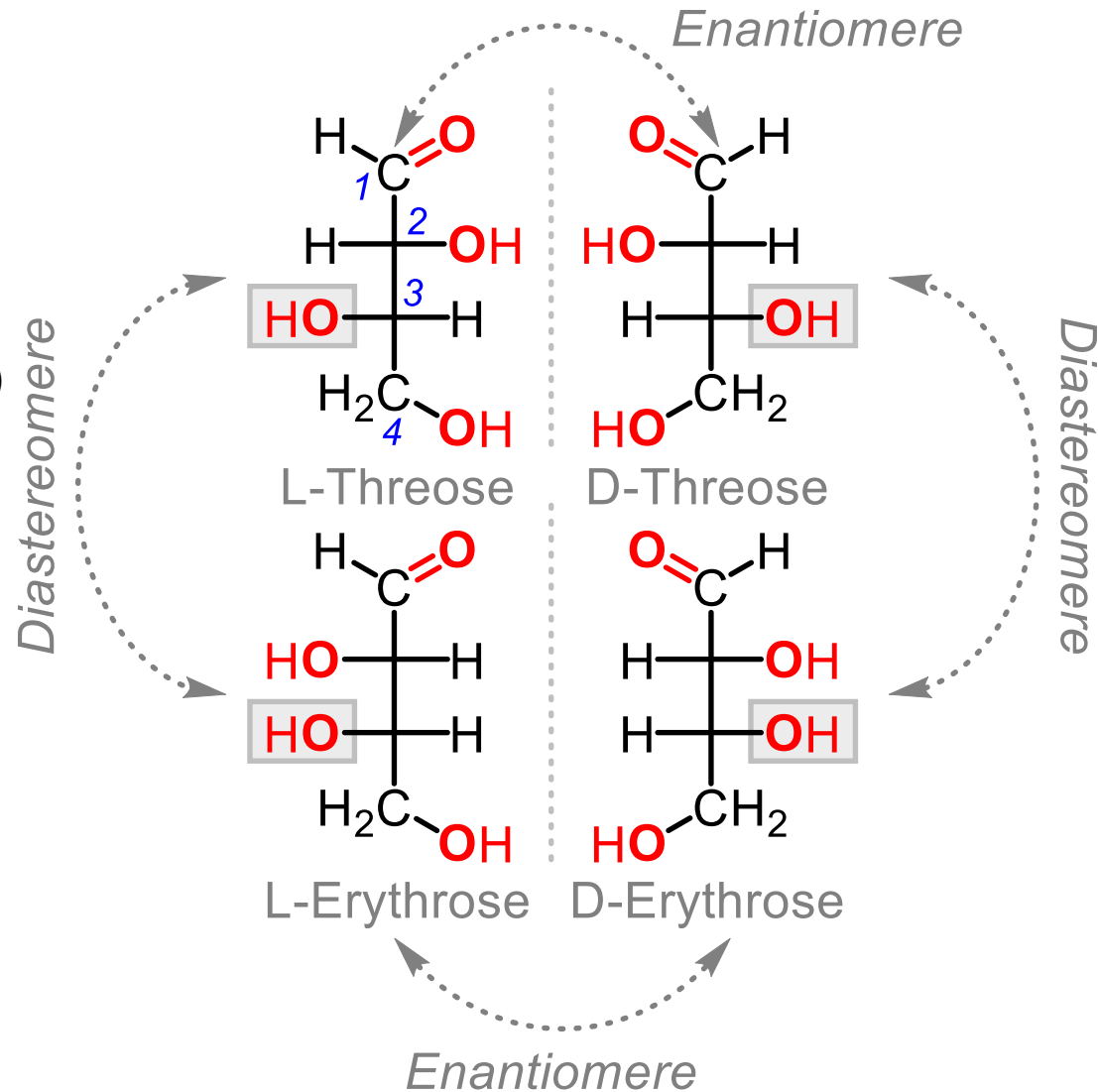


- **Diastereomere** mindestens ein \* identisch
- **Enantiomere** alle \* unterschiedlich
- **Epimere** = Diastereomere mit unterschiedlicher Konfiguration an einem \*

## Tetrosen: Diastereomere, Epimere und Enantiomere

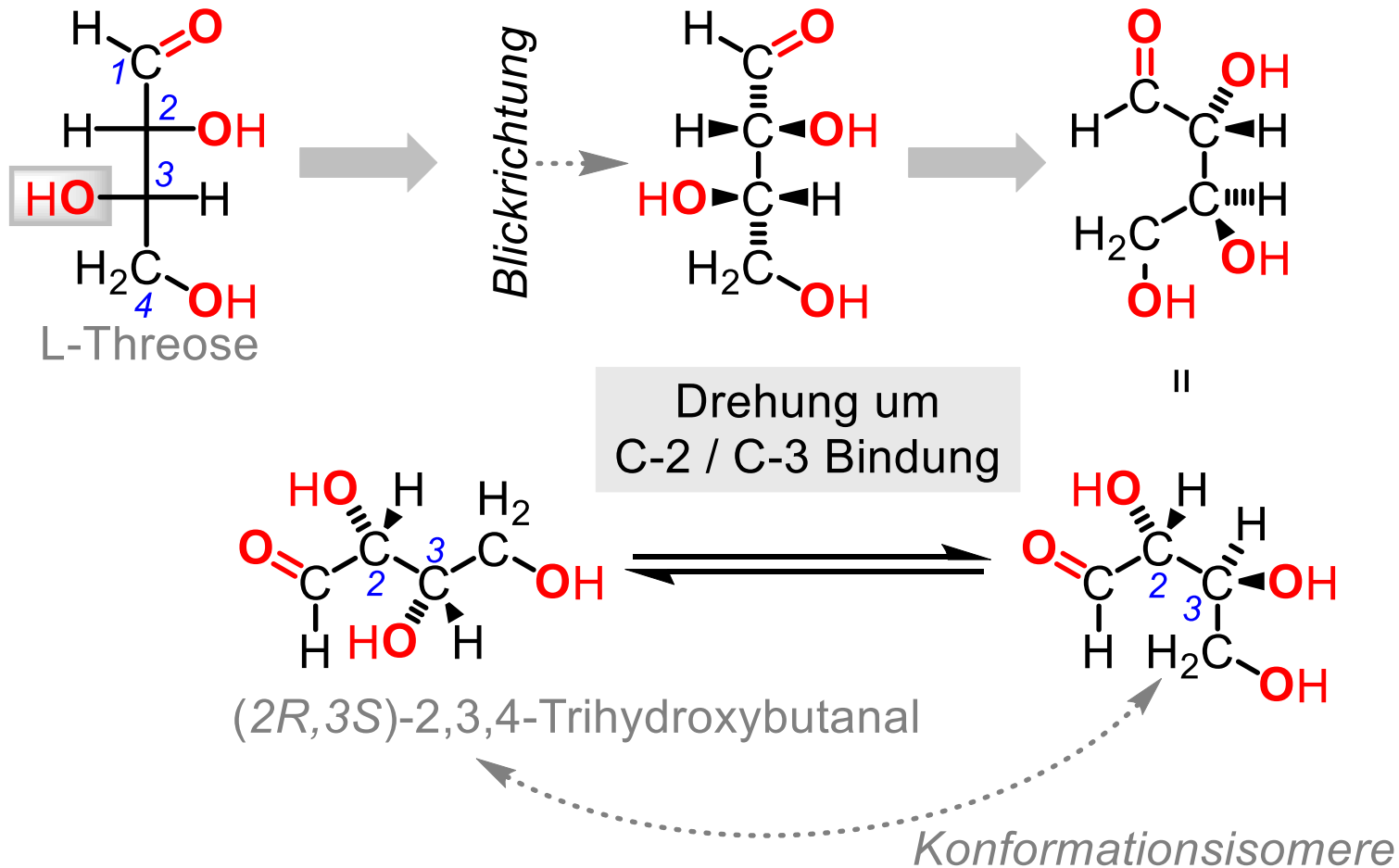


- Name → relative Konfiguration
- D/L-Nomenklatur Position von OH-Gruppe am höchst-bezifferten Stereozentrum (C-3) → absolute Konfiguration



Überführung Keilstrichformel in *Fischer-Projektion*

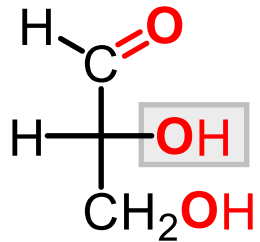
- Überführung in andere Konformation notwendig



## Aldosen in der Biochemie

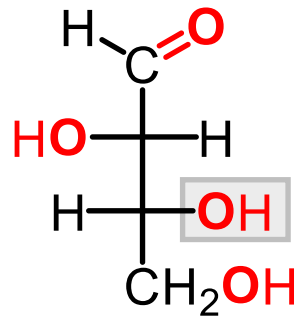


**Aldotriose**  
 $n = 3 / 1 \times *$

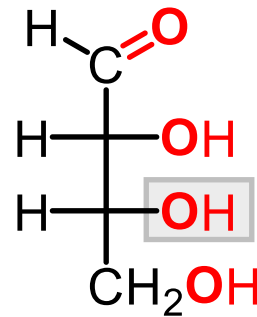


D-Glycerinaldehyd

**Aldotetrosen**  
 $n = 4 / 2 \times *$

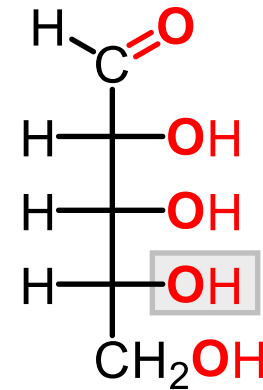


D-Threose

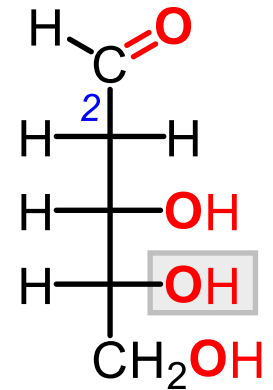


D-Erythrose

**Aldopentosen**  
 $n = 5 / 3 \times *$



D-Ribose

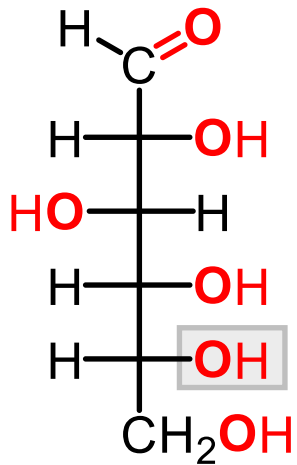


D-2-Desoxyribose

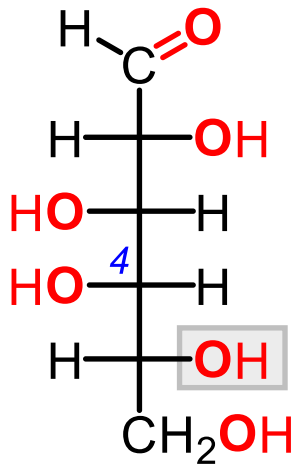
## Aldosen in der Biochemie



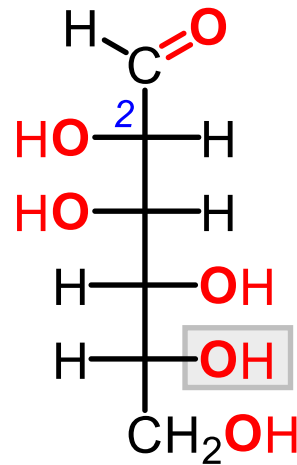
**Aldohexosen**  
 $n = 6 / 4 \times *$



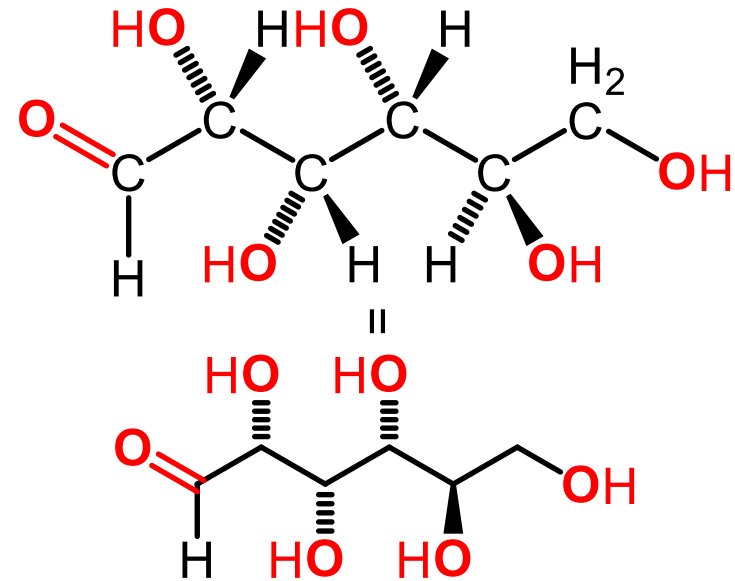
D-Glucose



D-Galactose



D-Mannose

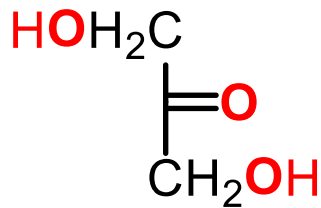


Keilstrichformel von  
D-Glucose

## Ketosen in der Biochemie

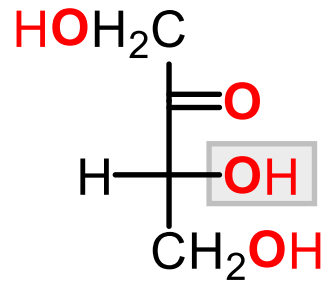


**Keto***triose*  
 $n = 3 / 0 \times *$



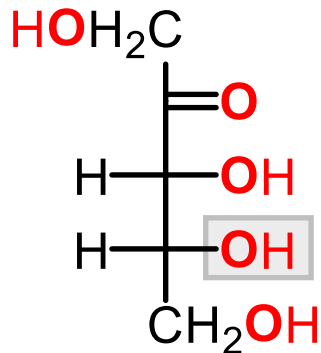
Dihydroxyaceton

**Keto***tetrose*  
 $n = 4 / 1 \times *$

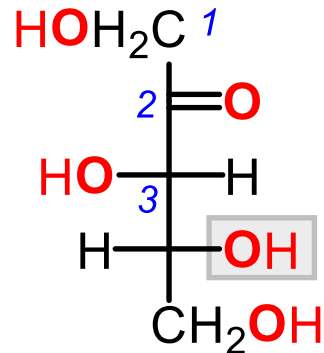


D-Erythrulose

**Keto***pentosen*  
 $n = 5 / 2 \times *$

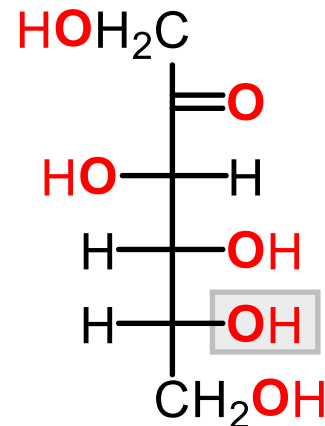


D-Ribulose



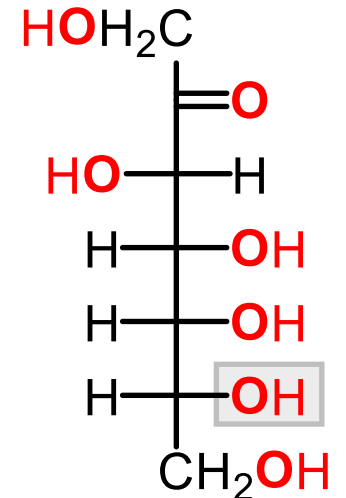
D-Xylulose

**Keto***hexosen*  
 $n = 6 / 3 \times *$



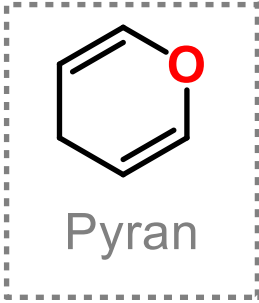
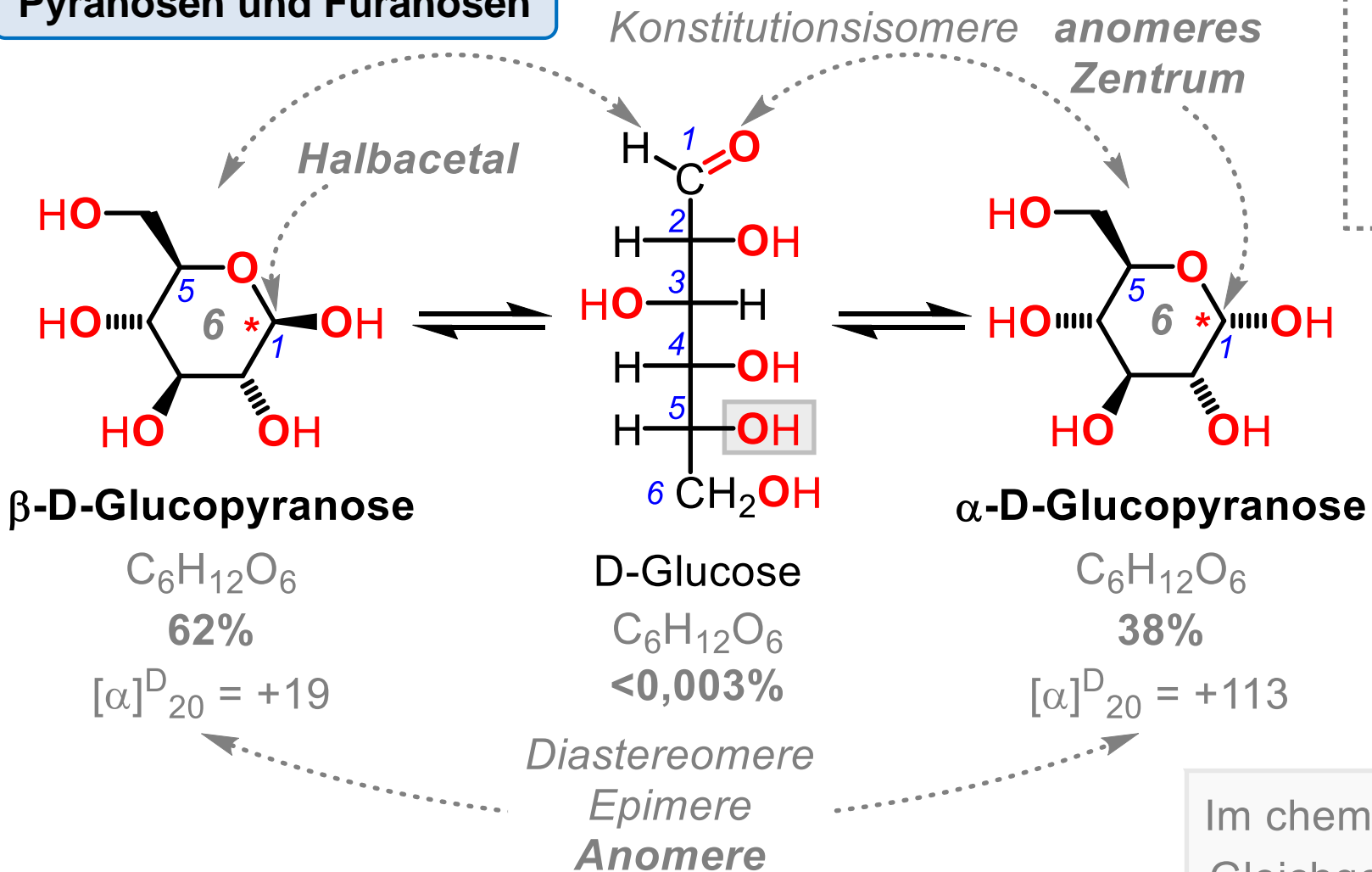
D-Fructose

**Keto***heptosen*  
 $n = 7 / 4 \times *$



D-Seduheptulose

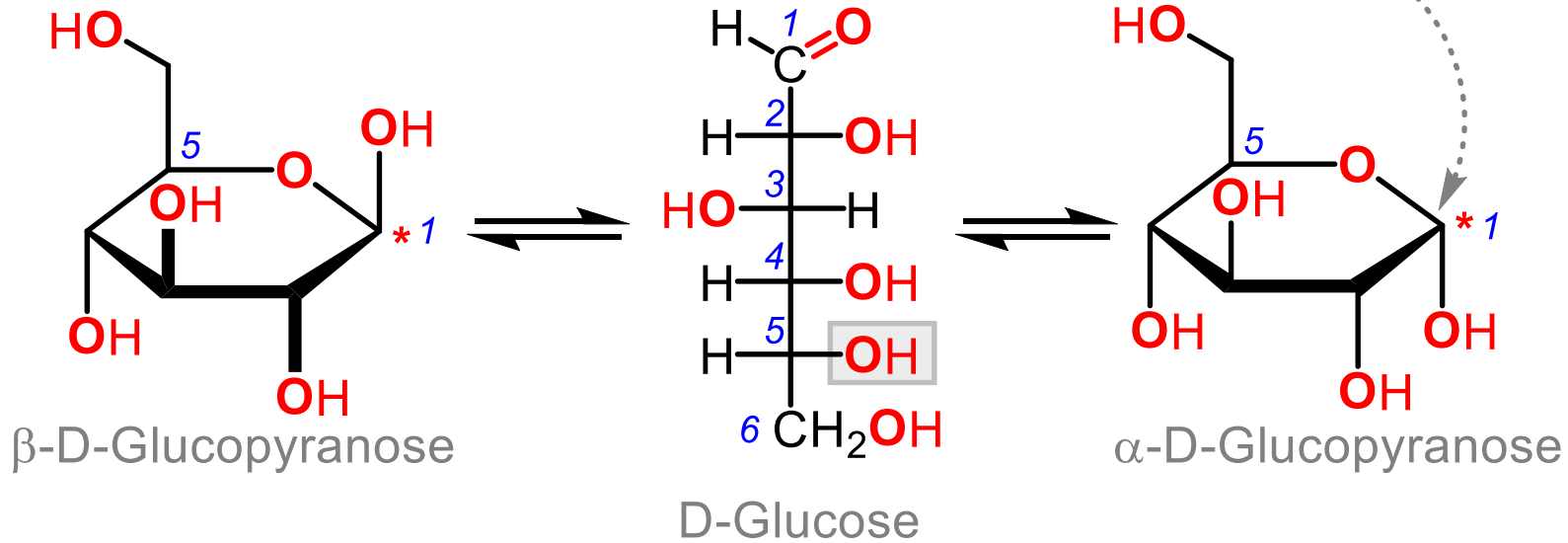
## Pyranosen und Furanosen



Im chemischen Gleichgewicht:  
 $[\alpha]_{20}^D = +53$   
**Mutarotation**

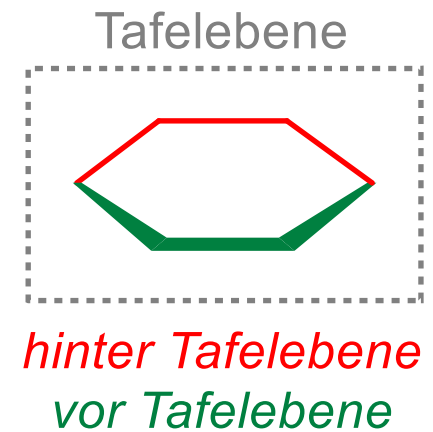
$[\alpha]_{20}^D =$  spezifischer Drehwinkel von linear polarisiertem Licht

Pyranosen und Furanosen

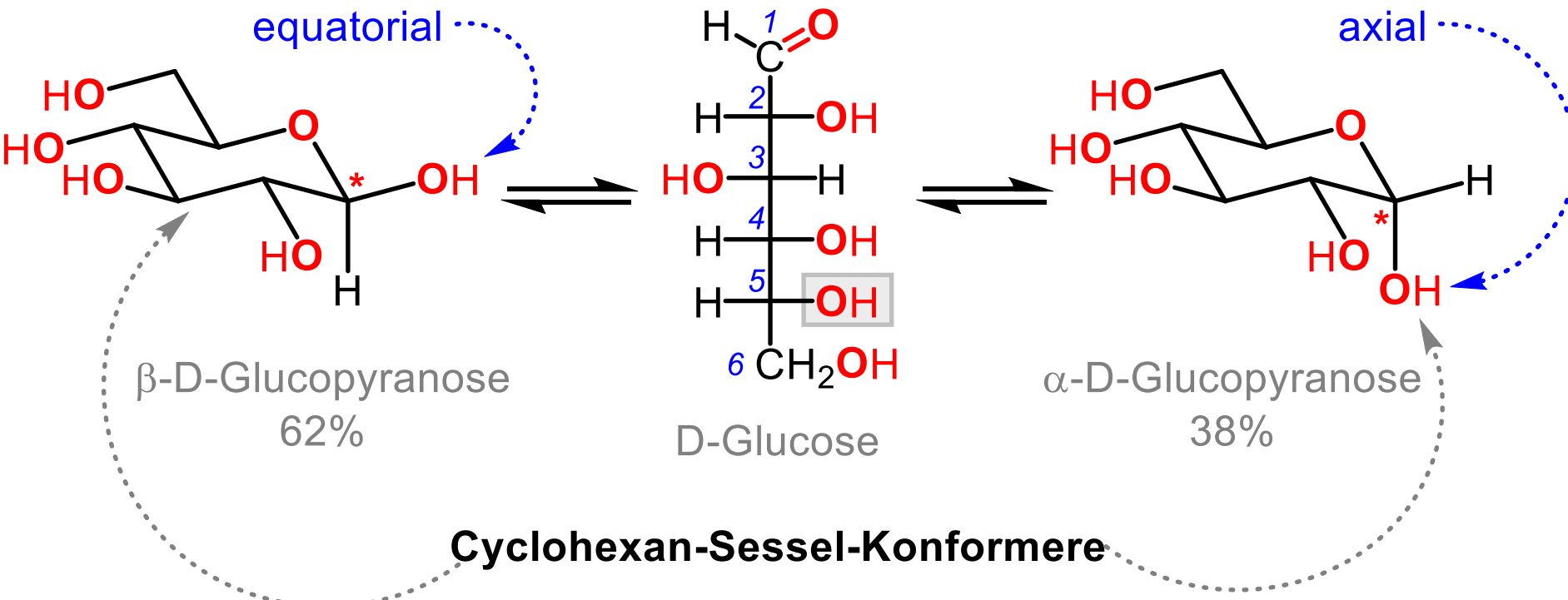


**Haworth-Projektion**

- Ringsystem planar
- Ansicht von der schräg oben
- Bindungen senkrecht (keine Konformation)



## Pyranosen und Furanosen



Stabilisierung  $\alpha$ -Anomer durch Hyperkonjugation  
 axiales freies EP am Ring-O-Atom und  
 antibindendes  $\sigma^*_{C-O}$  MO  $\rightarrow$  **anomerer Effekt**

EP = Elektronenpaar  
 MO = Molekülorbital

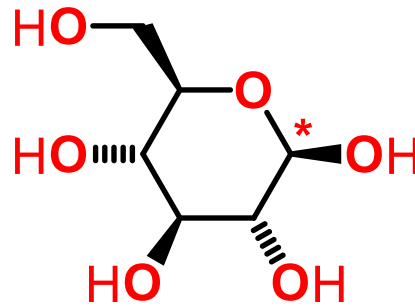
## Pyranosen und Furanosen



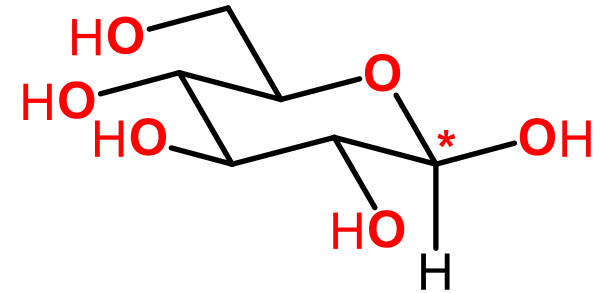
$Nu^-$  = Nukleophil

$E^+$  = Elektrophil

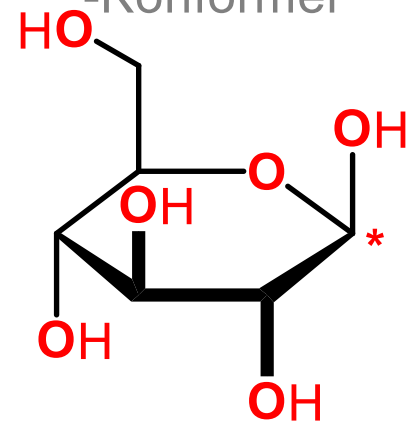
### $\beta$ -D-Glucopyranose



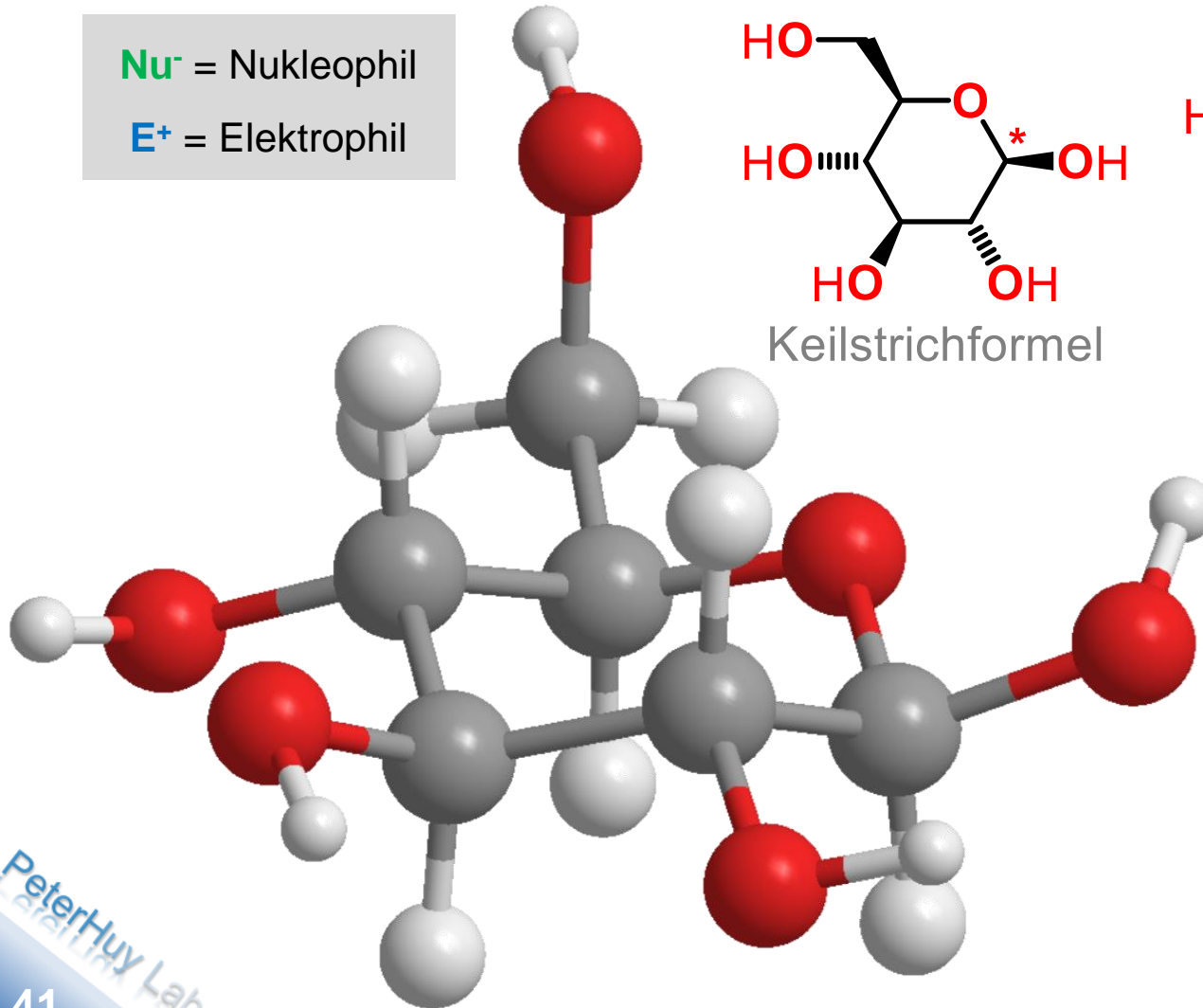
Keilstrichformel



Cyclohexan-Sessel  
-Konformer



Haworth-Projektion

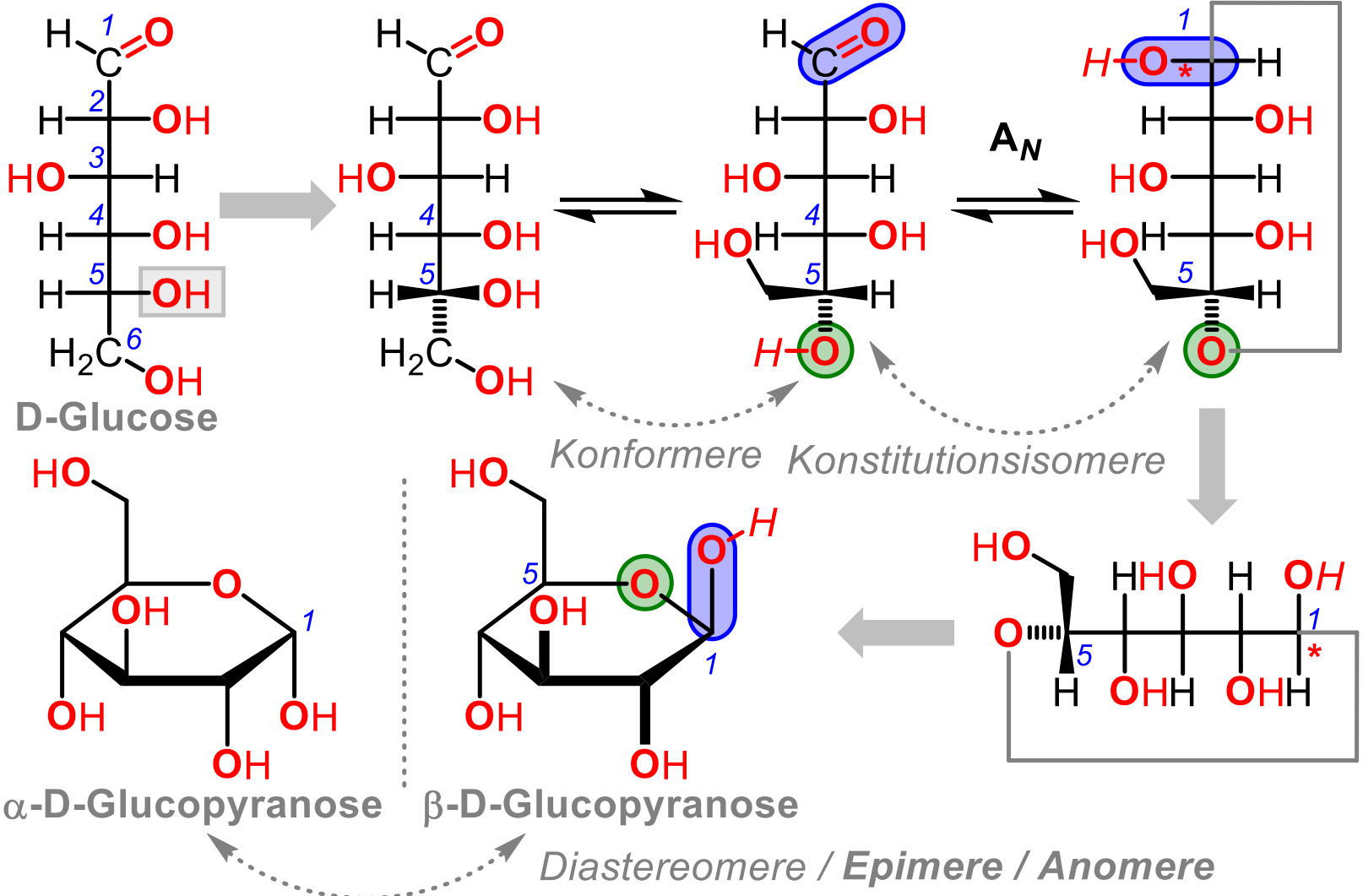


## Pyranosen und Furanosen

- nukleophile Addition  $A_N$
- Halbacetal mit neuem \*

120° Drehung um C-4 / C-5 Bindung

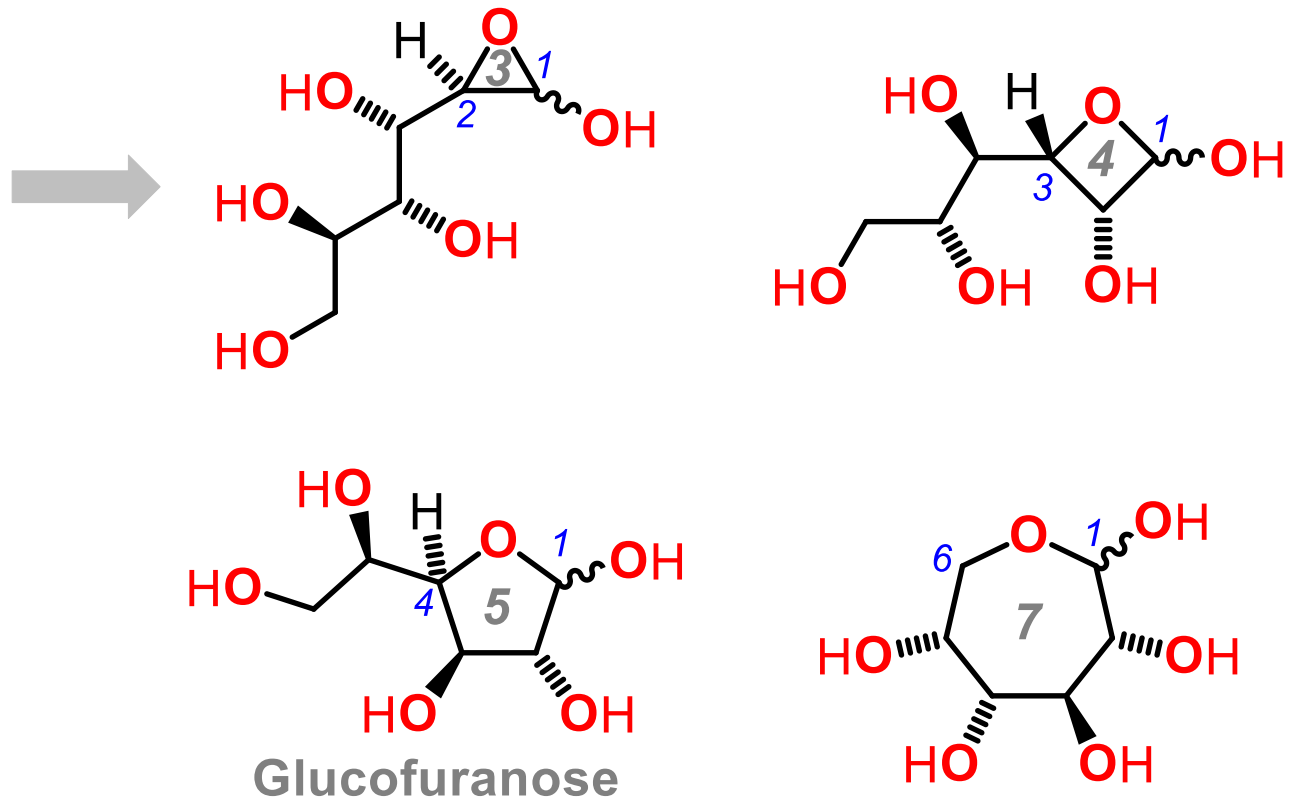
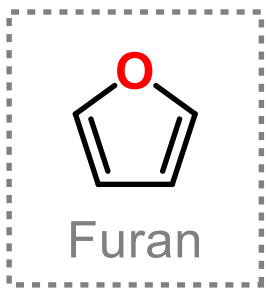
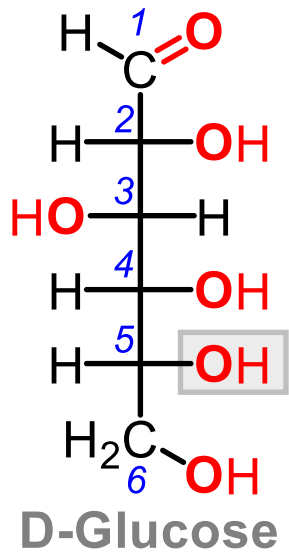
Anomere =  $\alpha/\beta$ -Epimere von Furan- und Pyranosen



## Pyranosen und Furanosen



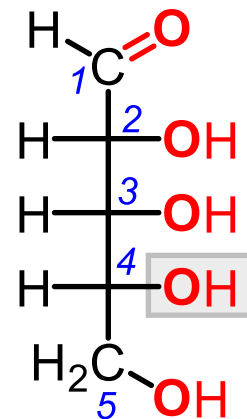
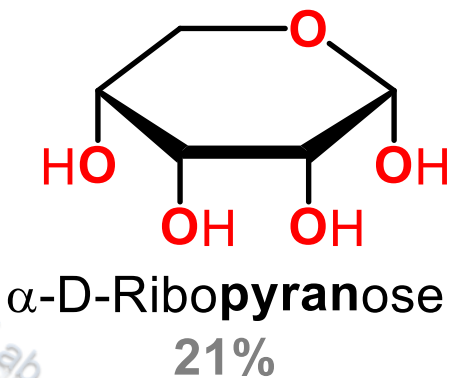
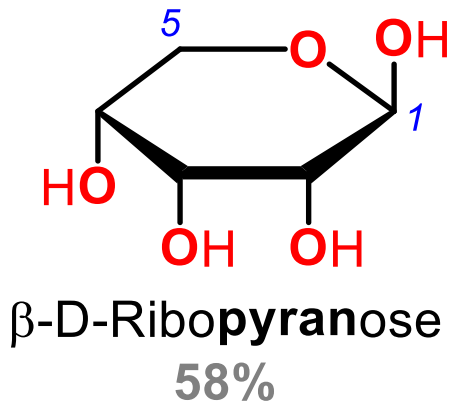
- andere Konstitutionsisomere wegen höherer Ringspannung thermodynamisch weniger stabil!



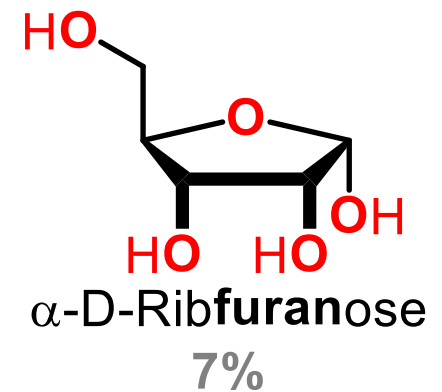
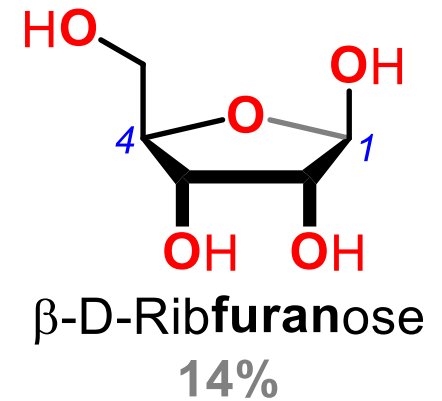
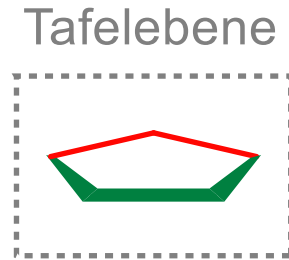
- in der Regel nur Pyranose- und Furanose-Konstitutionsisomere

## Pyranosen und Furanosen

- Haworth-Projektionen



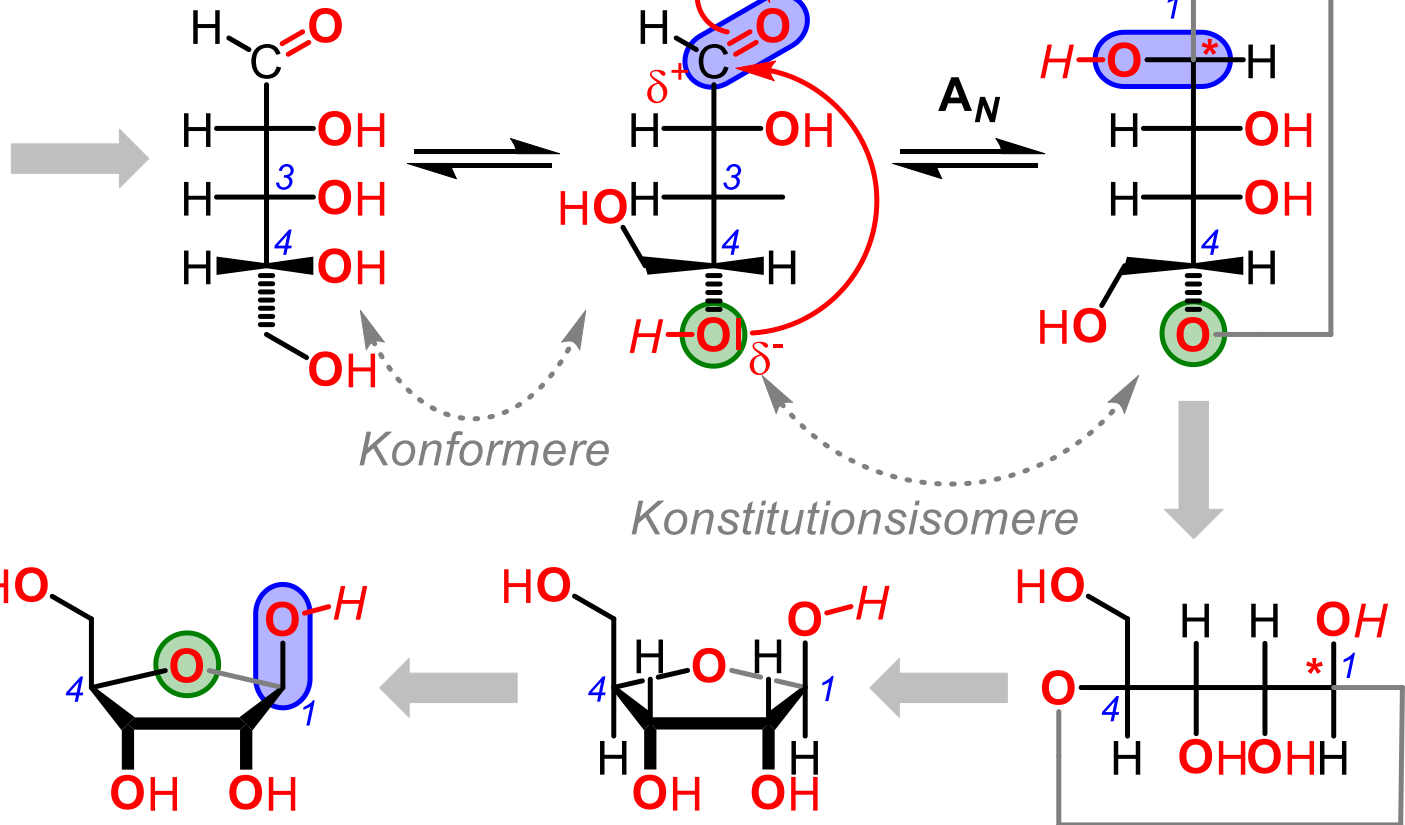
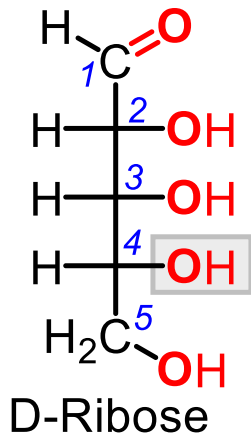
hinter Tafelenebene  
vor Tafelenebene



## Pyranosen und Furanosen



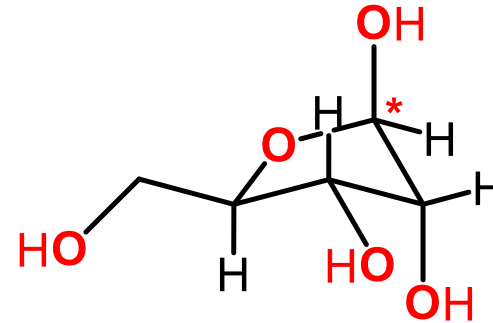
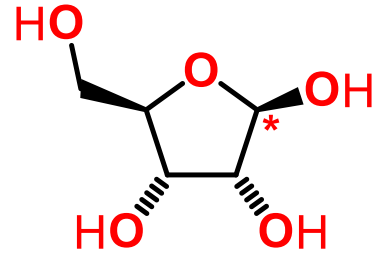
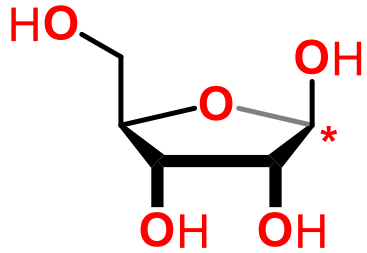
120° Drehung um  
C-3 / C-4 Bindung



## Pyranosen und Furanosen



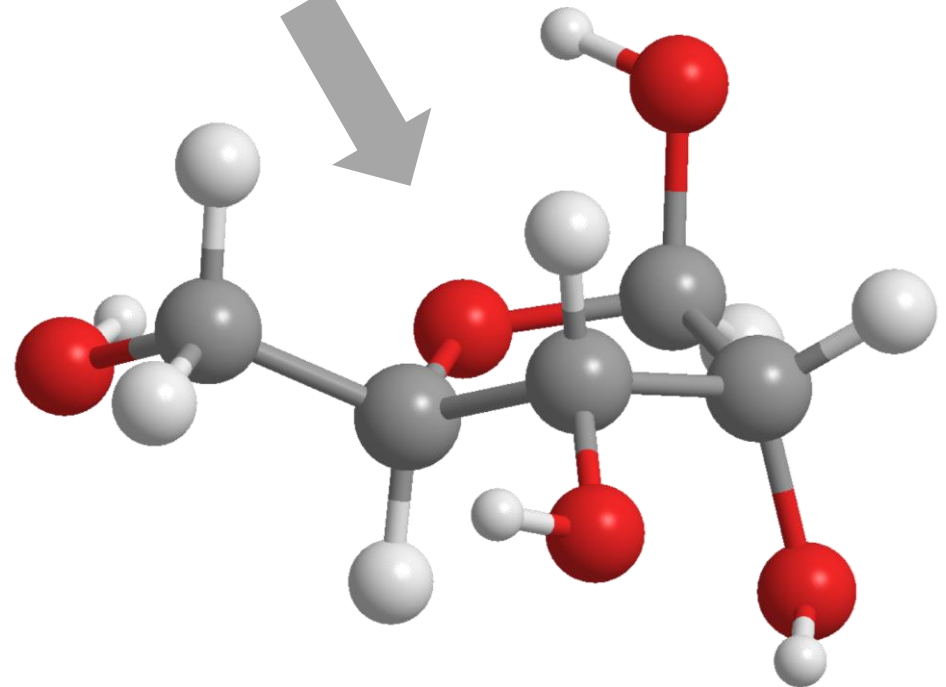
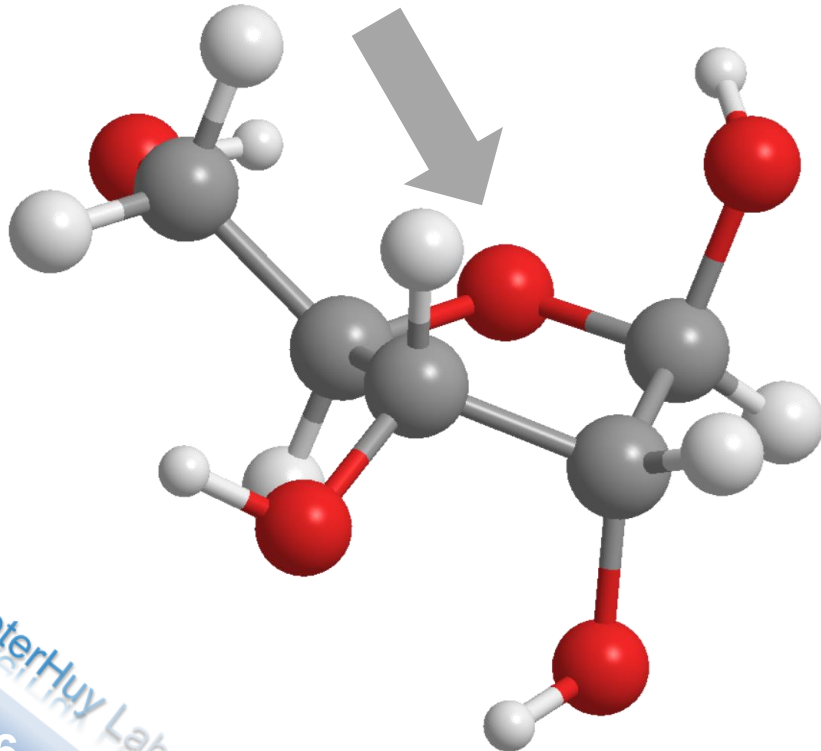
$\beta$ -D-Ribofuranose



Haworth-Projektion

Keilstrichformel

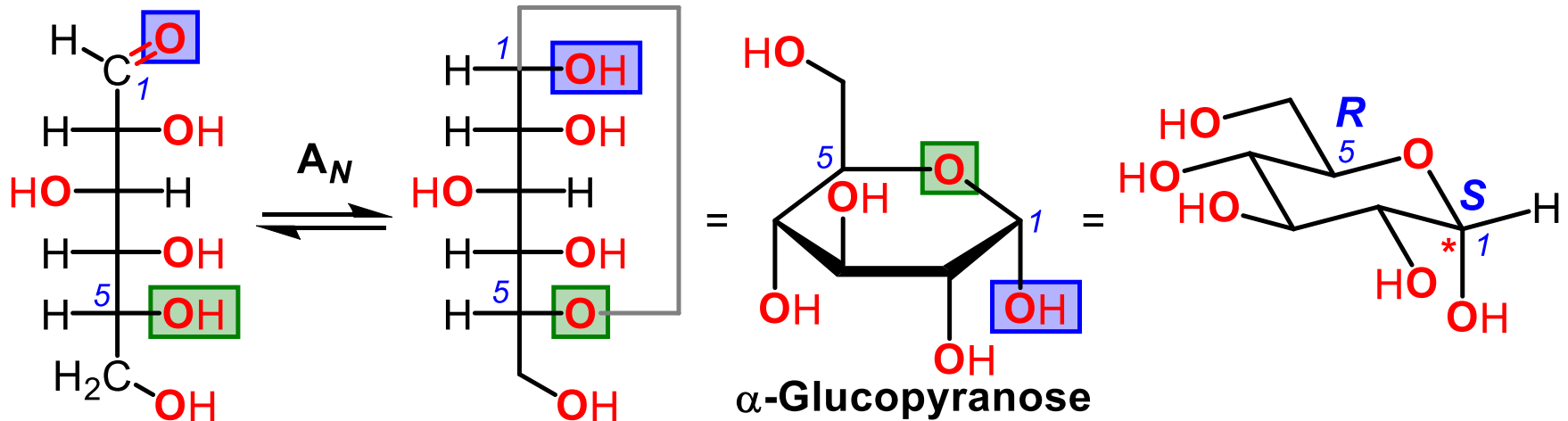
envelope-Konformer



## Pyranosen und Furanosen

 $\alpha$ -Anomere

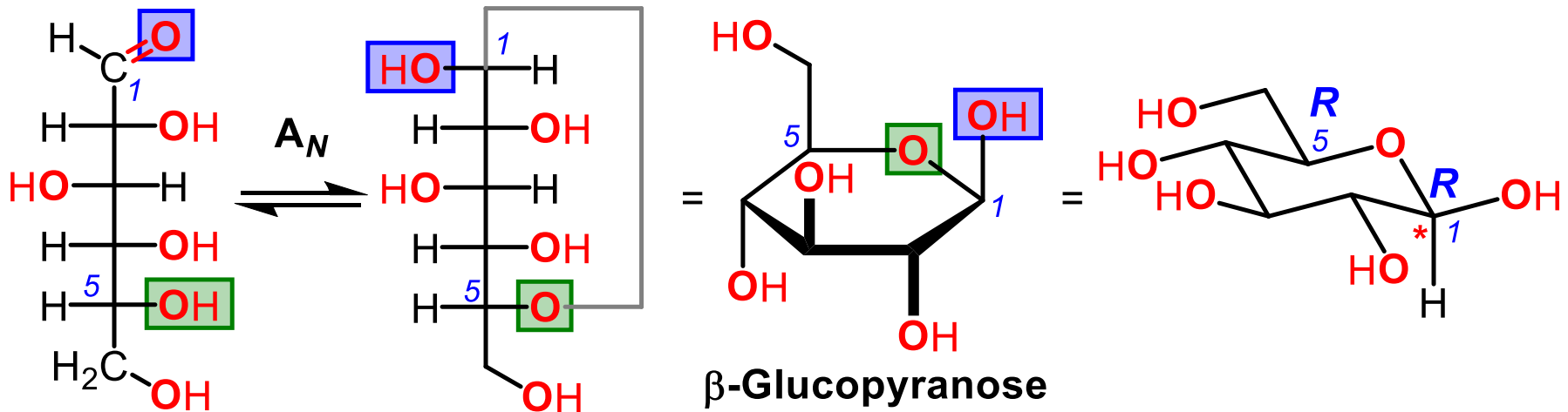
- OH-Gruppen an anomeren und höchstbezahlten C-Atom auf der **selben Seite** in *Fischer-Projektion*
- absolute Konfiguration an anomeren und höchstbezahlten C-Atom **entgegengesetzt**
- D-Kohlenhydrate: OH weist in *Haworth-Projektion* nach **unten**



## Pyranosen und Furanosen

 $\beta$ -Anomere

- OH-Gruppen an anomeren und höchstbezahlten C-Atom auf der **unterschiedlichen Seiten** in *Fischer-Projektion*
- absolute Konfiguration an anomeren und höchstbezahlten C-Atom **identisch**
- D-Kohlenhydrate: OH weist in *Haworth-Projektion* nach **oben**

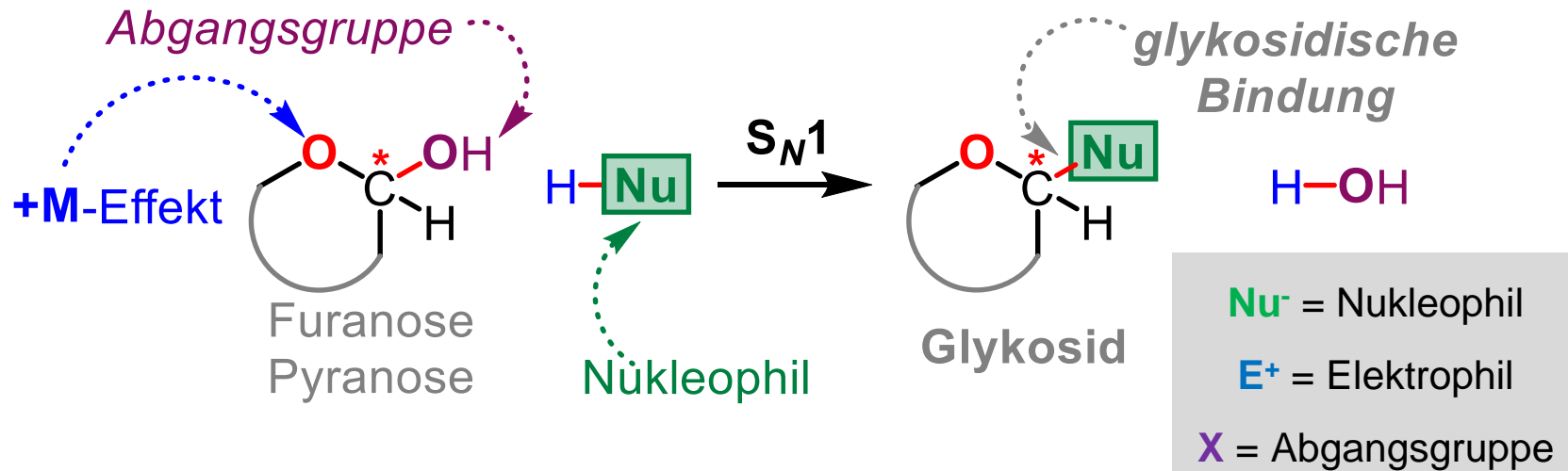


## Glykosidische Bindung



**Glykosidische Bindung** entspricht Bindung von anomeren C-Atom an C-1 bei Aldosen oder C-2 bei Ketosen zu Heteroatomen

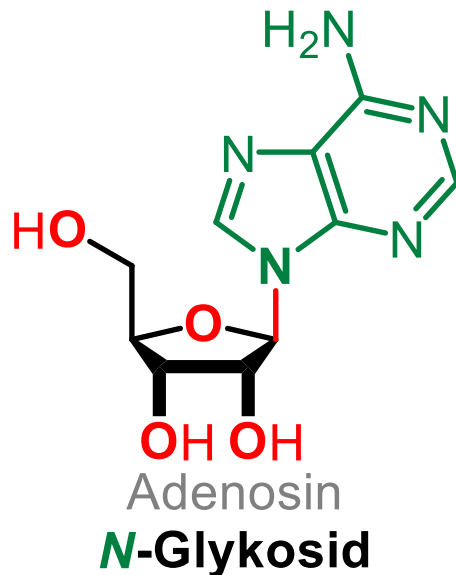
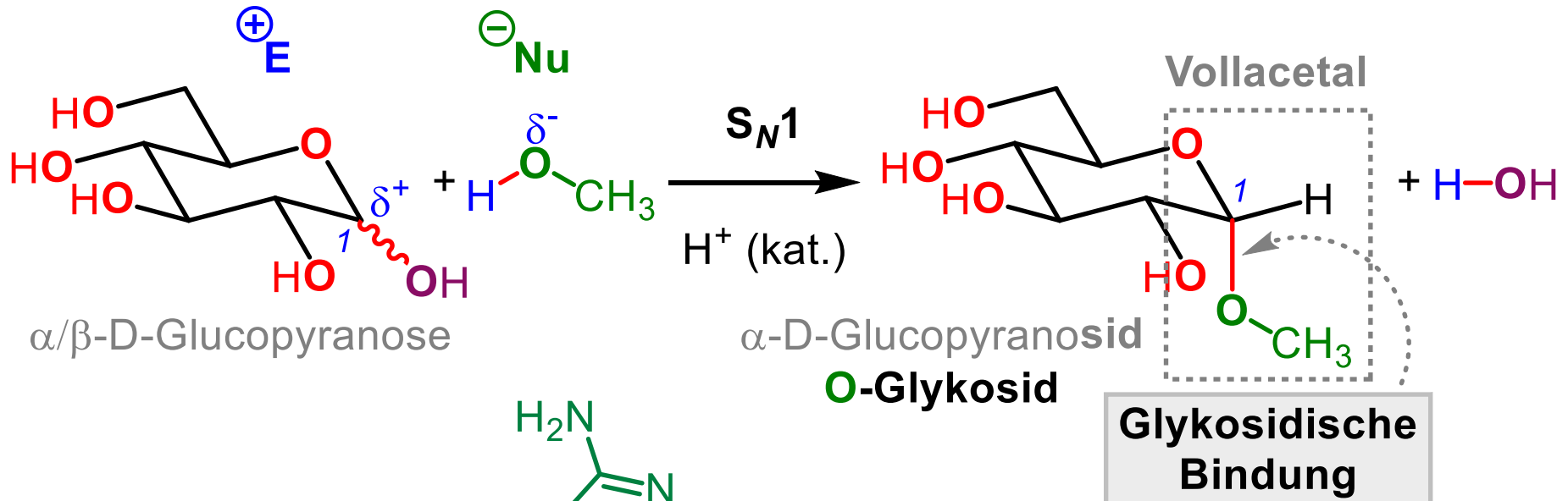
- C-O-Bindung → O-Glykoside
- C-S-Bindung → S-Glykoside
- C-N-Bindung → N-Glykoside
- C-C-Bindung → C-Glykoside



## Glykosidische Bindung



- Synthese von Glykoside über  $S_N1$ -Mechanismus



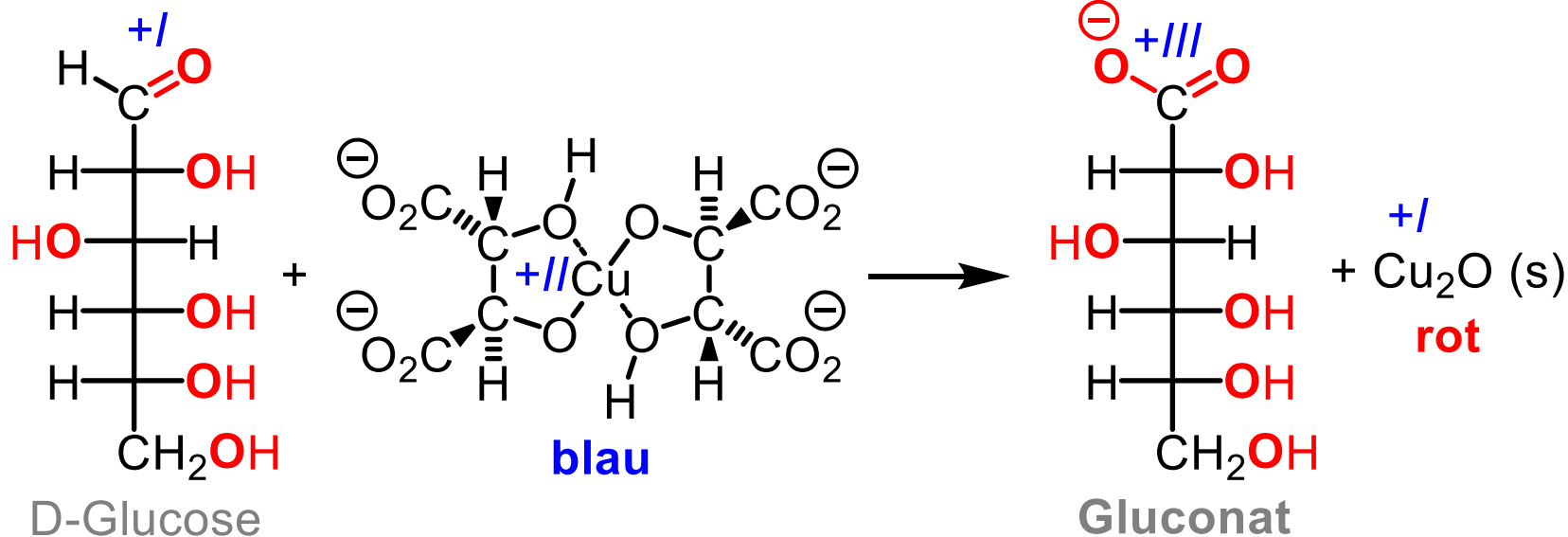
- C-O-Bindung  $\rightarrow$  O-Glykoside
- C-S-Bindung  $\rightarrow$  S-Glykoside
- C-N-Bindung  $\rightarrow$  N-Glykoside
- C-C-Bindung  $\rightarrow$  C-Glykoside

## Oxidation: *Fehling-Probe*



- Nachweis *reduzierende Zucker* → Aldosen, Ketosen und Halbacetale
- Ketosen isomerisieren unter basischen Bedingungen über Endiole zu Aldosen
- Glykoside werden nicht oxidiert
- alkalische blaue Cu-Tartrat-Lösung
- Cu(II)-Komplex oxidiert Aldosen zu Aldonsäuren

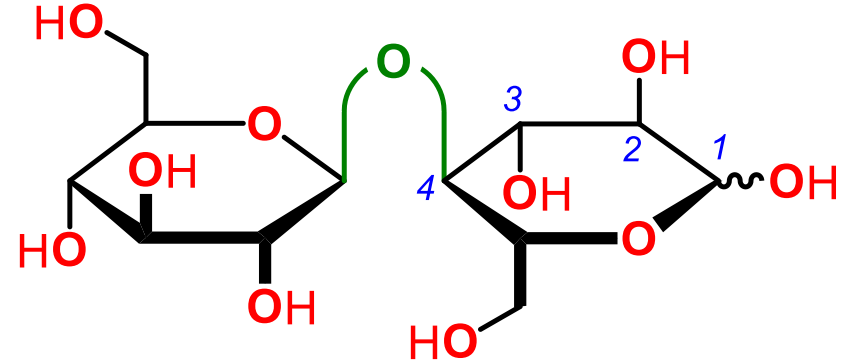
**Aldonsäuren** sind von Aldosen abgeleitete Carbonsäuren



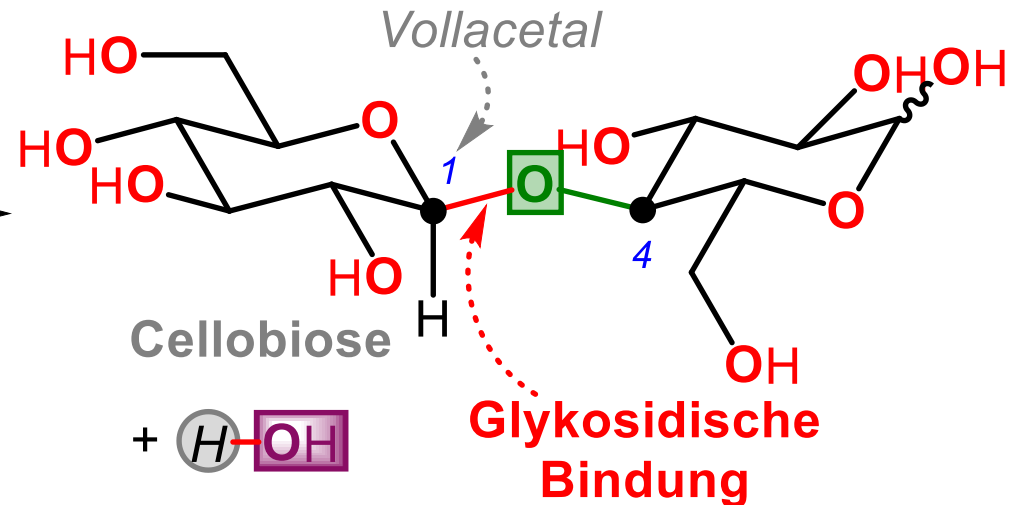
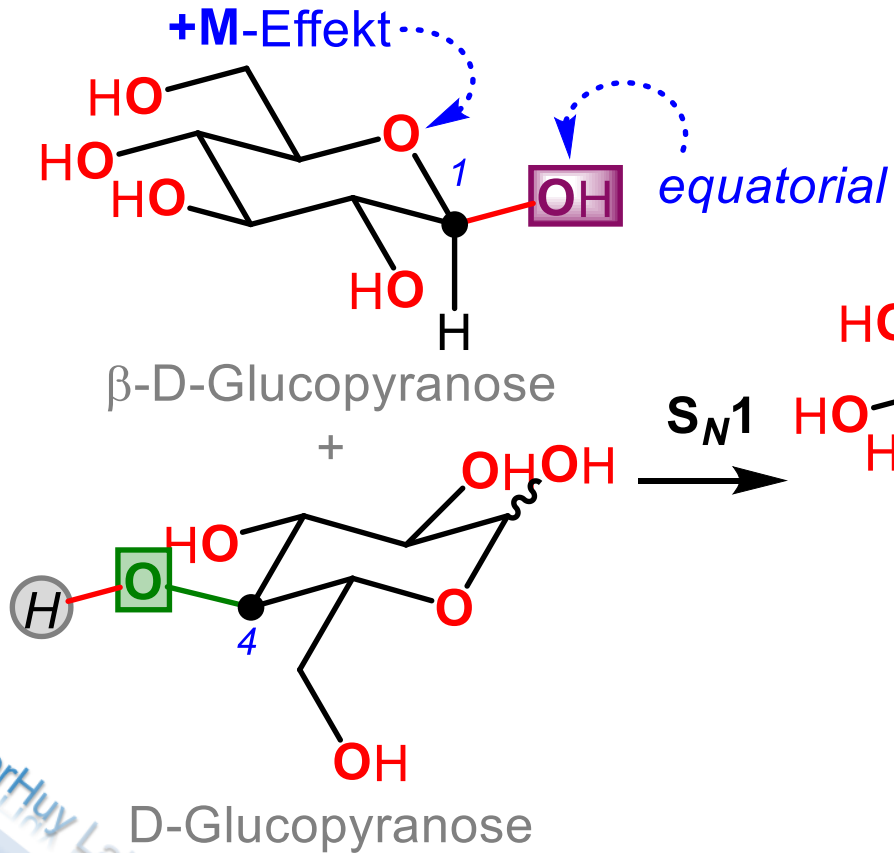
- Oxidation nur von Aldehyden nicht von Ketonen!

## Disaccharide

**Disaccharide** bestehen aus zwei Kohlenhydratmolekülen / Monosacchariden  
 → O-Glykoside / Vollacetale und Ketale



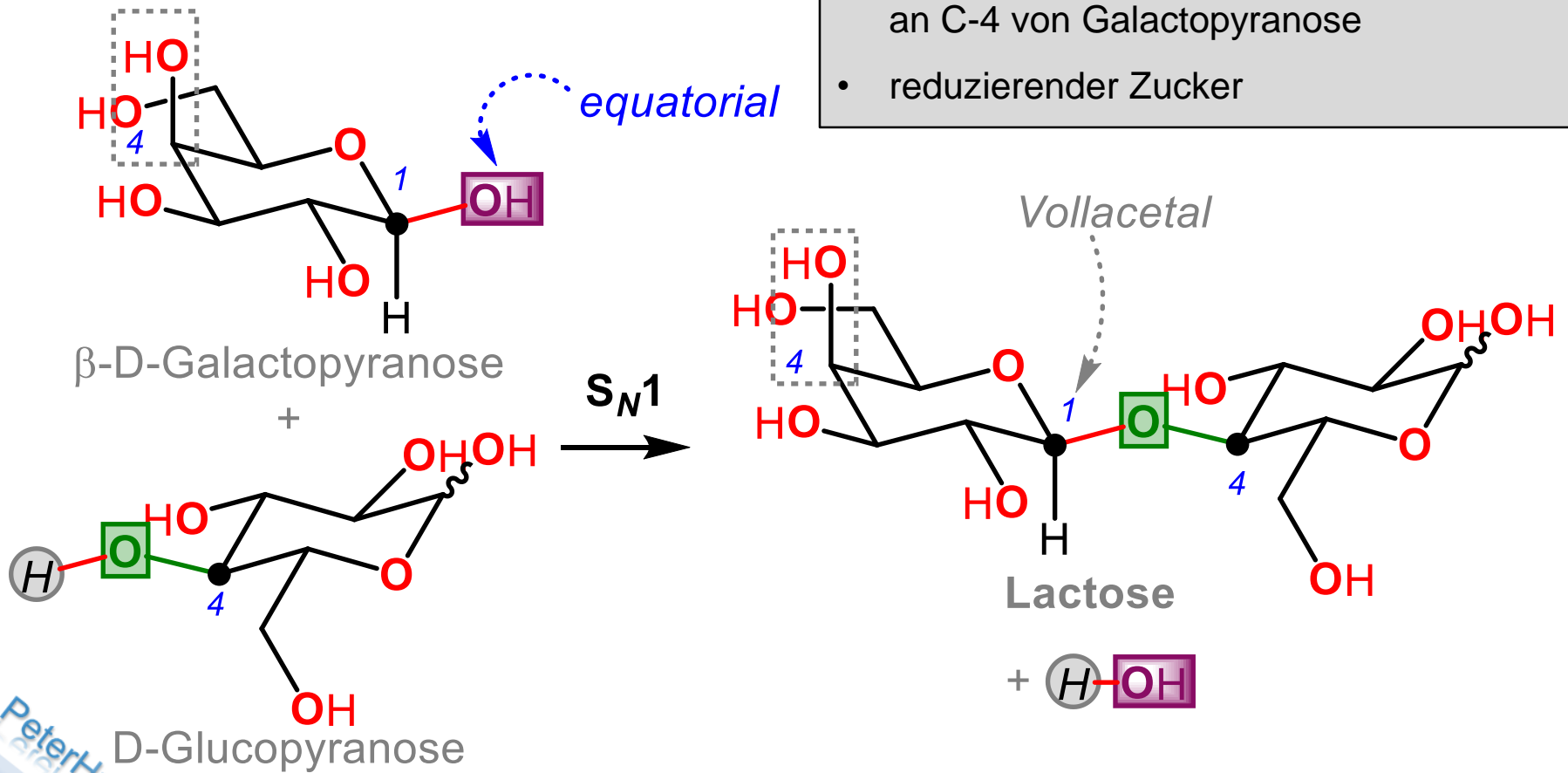
- $\beta$ -1,4-glykosidische Bindung
- Abbauprodukt von Cellulose
- reduzierender Zucker



## Disaccharide

**Lactose** = Milchzucker

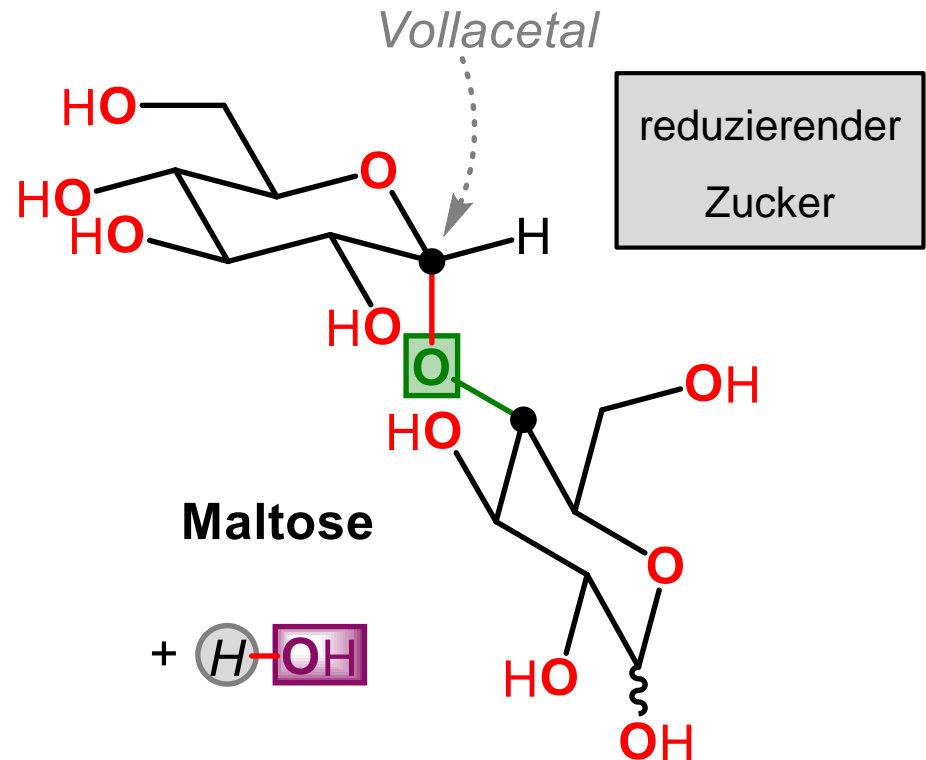
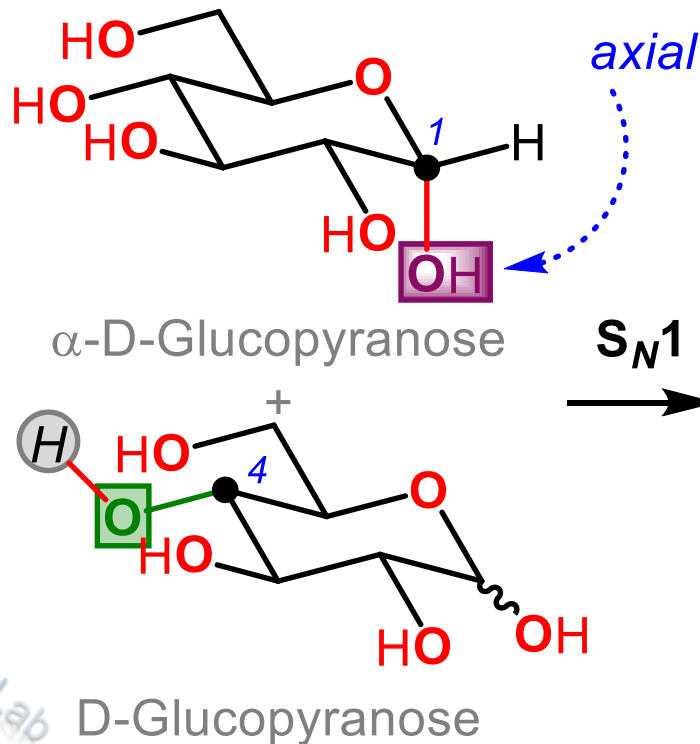
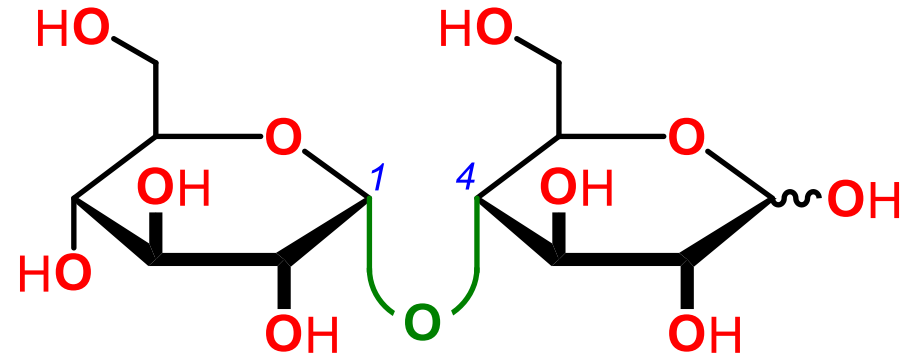
- $\beta$ -1,4-glykosidische Bindung
- Unterschied zu Cellobiose Konfiguration an C-4 von Galactopyranose
- reduzierender Zucker



## Disaccharide

**Maltose** = Malzzucker

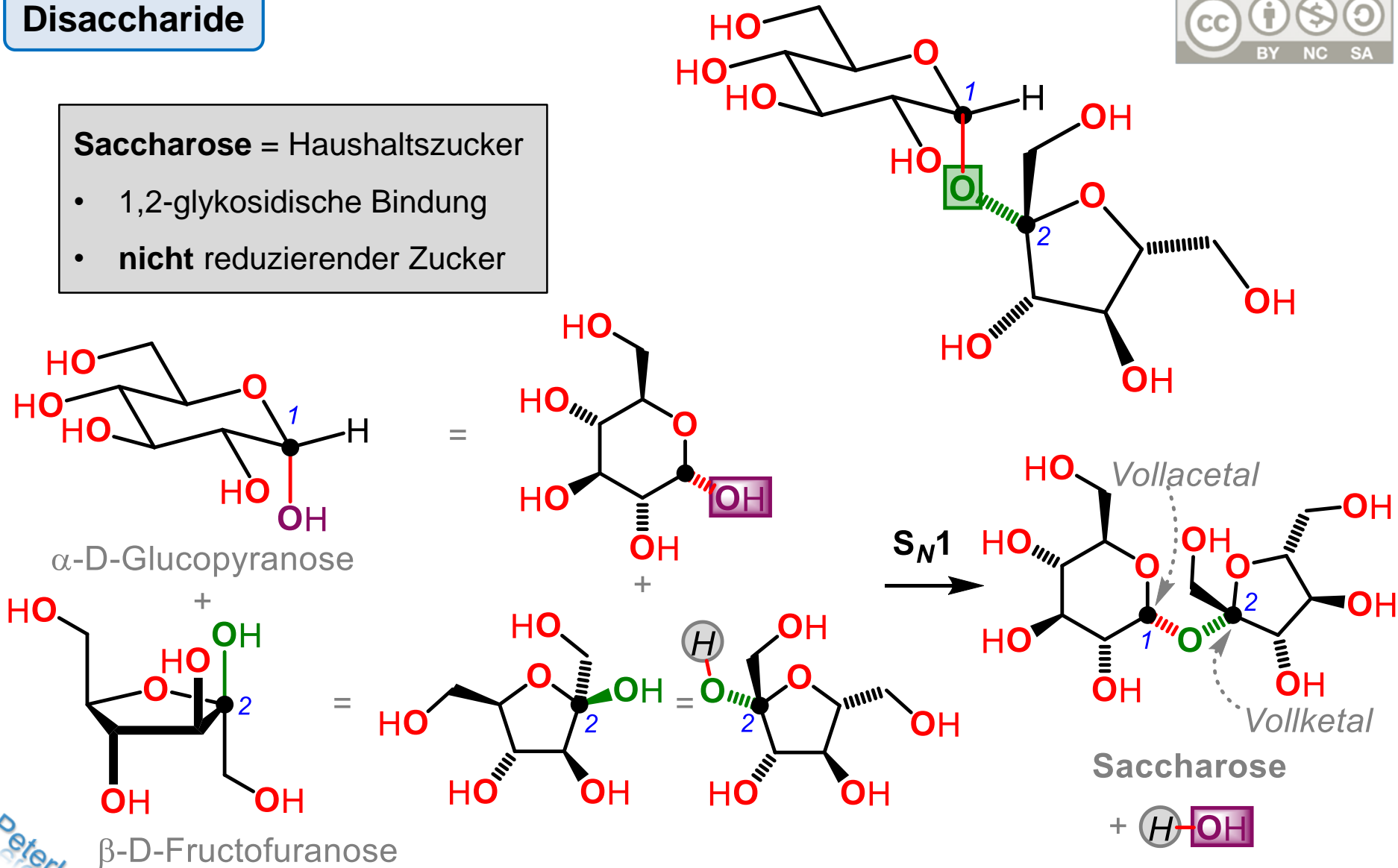
- $\alpha$ -1,4-glykosidische Bindung
- Unterschied zu Cellobiose Konfiguration anomeres Zentrum
- Abbauprodukt von Stärke und Glykan



## Disaccharide

**Saccharose** = Haushaltszucker

- 1,2-glykosidische Bindung
- **nicht** reduzierender Zucker



## Polyaccharide

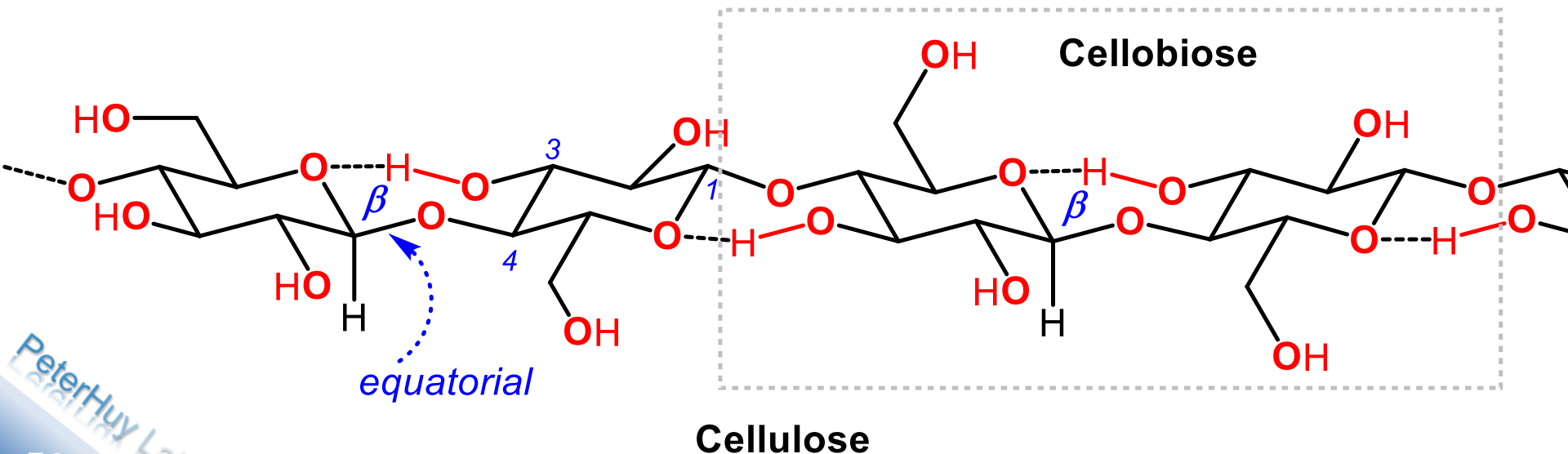


**Polysaccharide = Glycane** = Polymere aus mehreren Monosacchariden als Monomere

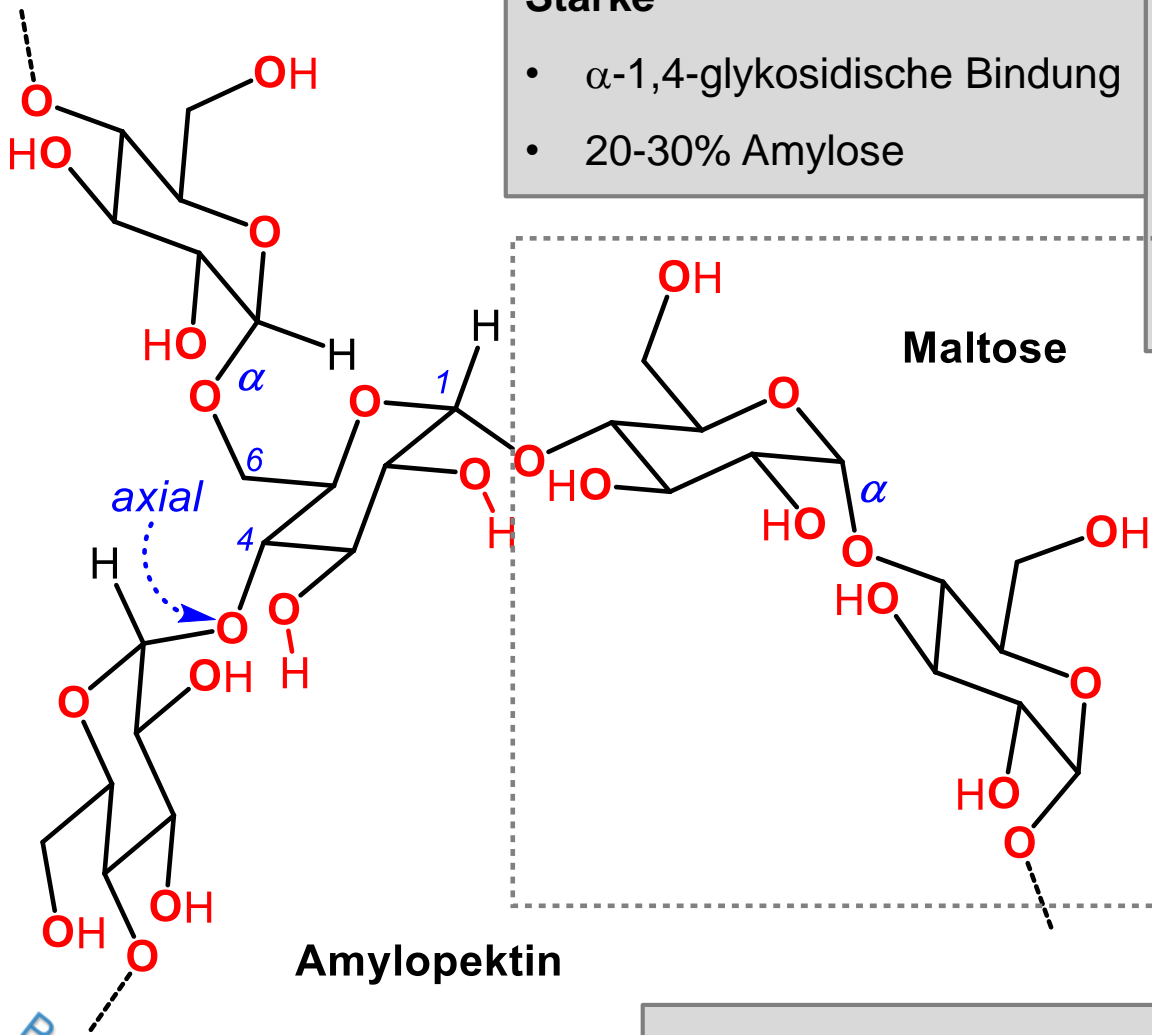
### Cellulose

- $\beta$ -1,4-glykosidische Bindung
- Hauptbestandteil von Zellwänden von Pflanzen
- nicht verdaulich für Menschen  $\rightarrow$  Ballaststoffe

- **Homoglycane** enthalten ein Monosaccharid
- **Heteroglycane** enthalten verschiedene Monosaccharide



## Polyaccharide



### Stärke

- $\alpha$ -1,4-glykosidische Bindung
- 20-30% Amylose

- 70-80% Amylopektin mit  $\alpha$ -1,6-glykosidischer Bindung bei jedem 30. Glucosebaustein
- verdaulich für Menschen
- Vorkommen in Getreide, Kartoffel

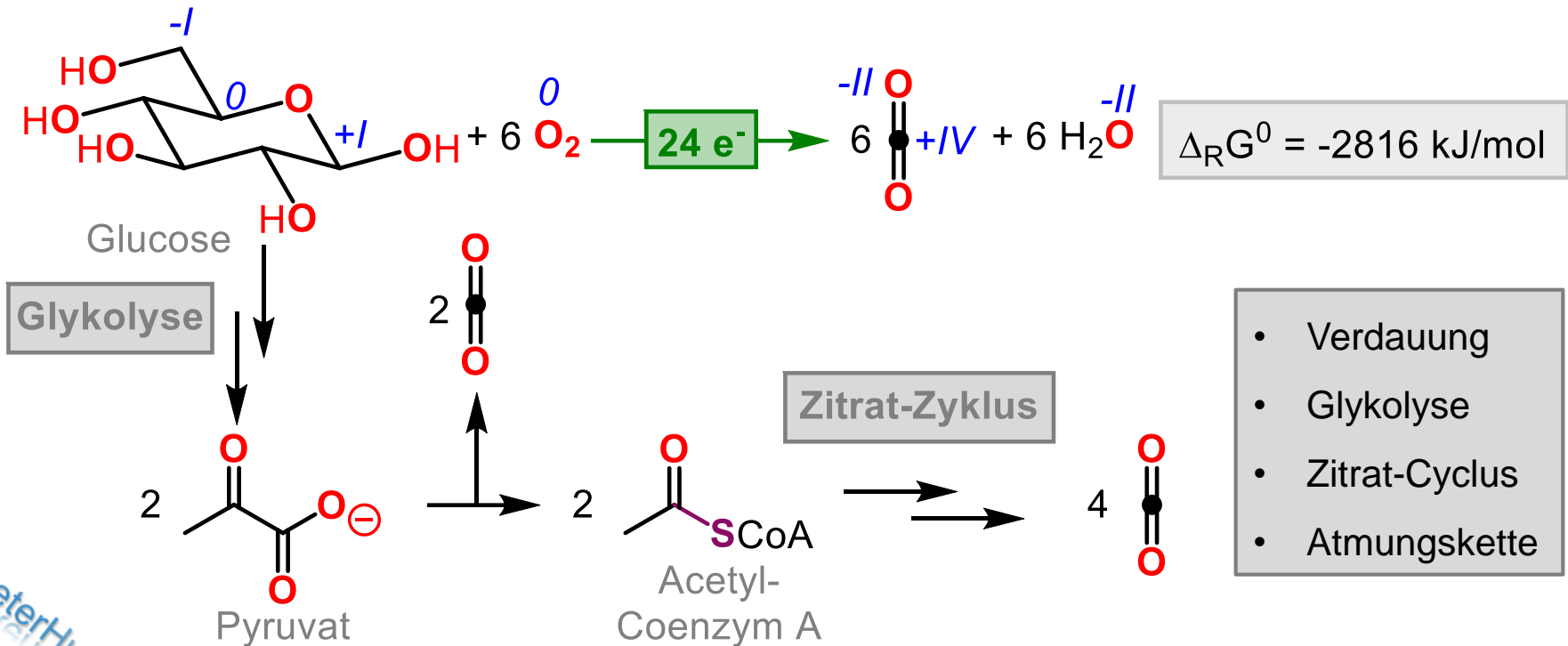
### Glykogen

- $\alpha$ -1,4-glykosidische Bindung
- $\alpha$ -1,6-glykosidische Bindung bei jedem 10. Glucosebaustein
- Glucosespeicherung in Leber und Muskel

## Biologische Funktion

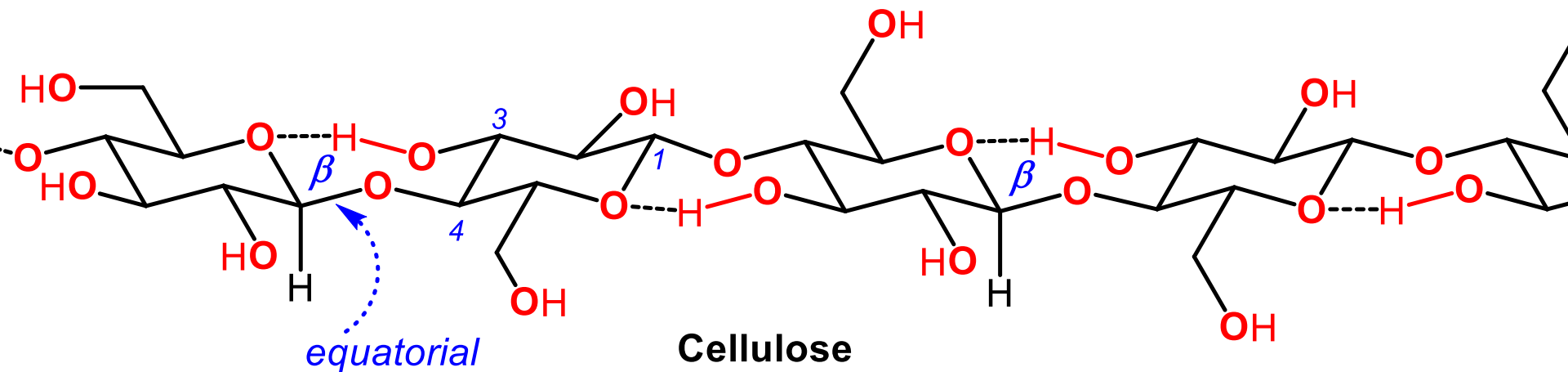


- **Brennstoffe** zur Energiefreisetzung durch Transformation zu  $\text{CO}_2$ :  
Glucose, Saccharose, Stärke, Glykogen
- **Energiespeicher**: Glykogen

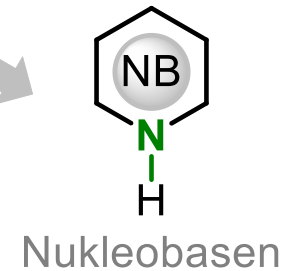
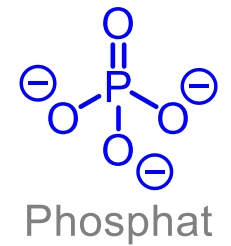
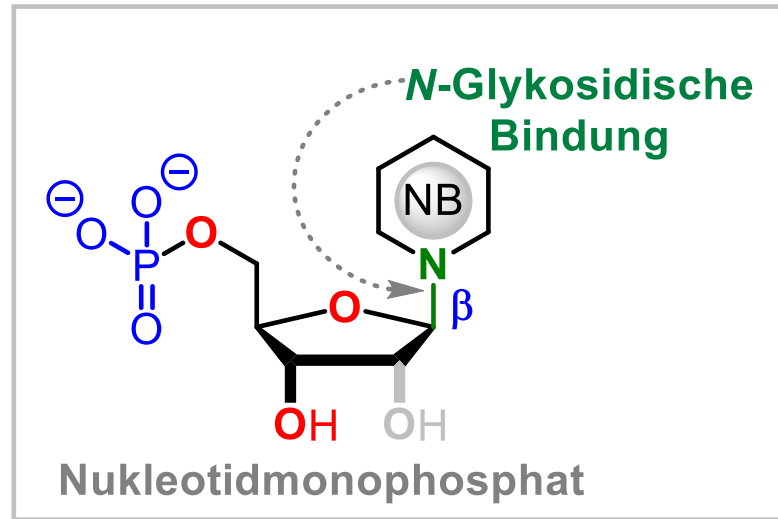
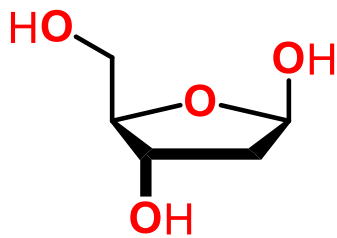
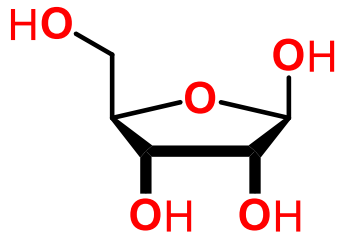


## Biologische Funktion

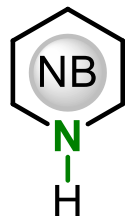
- **Brennstoffe** zur Energiefreisetzung durch Transformation zu  $\text{CO}_2$   
Glucose, Saccharose, Stärke, Glykogen
- **Energiespeicher:** Glykogen
- **Gerüstmaterialien** = Ballaststoffe: Cellulose
- informationsreiche Moleküle → **Glykobiologie**



## Nukleotide



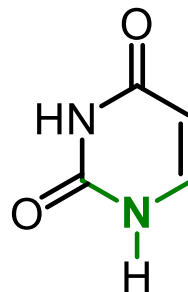
- Nukleoside (Desoxy)ribose + Nukleobasen
- Pyrimidin-Nukleobasen = 6  $\pi$ -e<sup>-</sup> *Hückel*-Heteroaromaten



Name

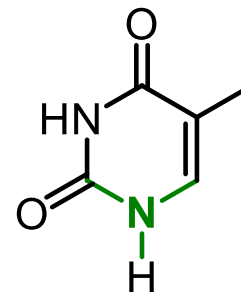
Einbuchstabencode

=



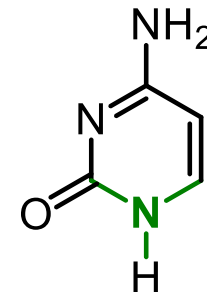
Uracil in RNA

U



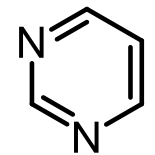
Thymin in DNA

T



Cytosin

C



Pyrimidin

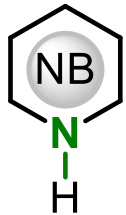
## Nukleotide

Tautomere = Konstitutionsisomer, die sich nur in der Position eines H-Atoms unterscheiden



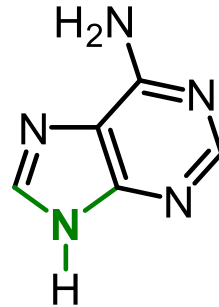
- Purin-Nukleobasen

= 10  $\pi$ -e<sup>-</sup> Hückel-Heteroaromaten



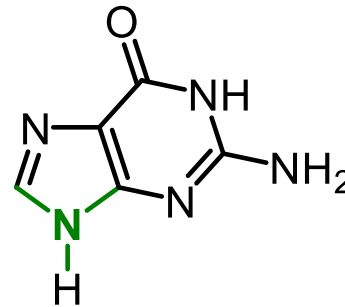
Name

Einbuchstabencode



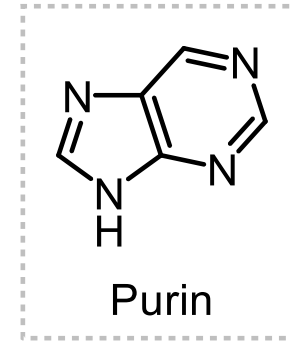
Adenine

**A**



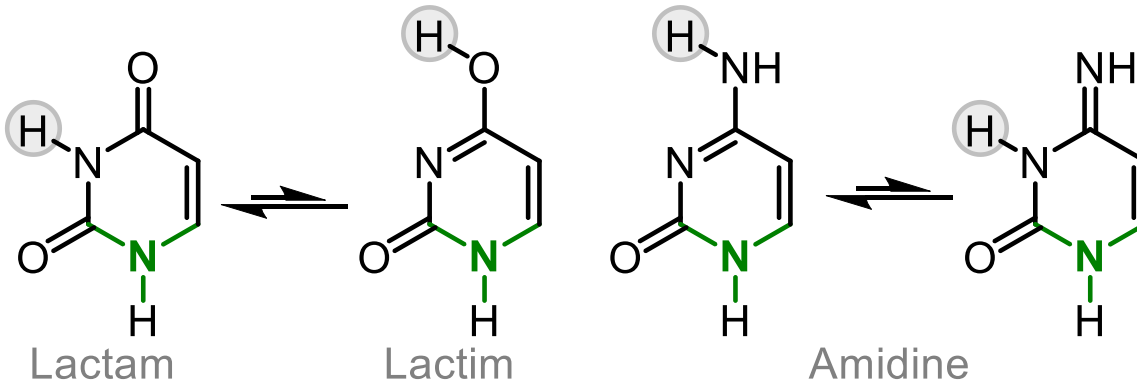
Guanin

**G**



Purin

- Lactam-Lactim-Tautomerie mit Uracil / Cytosin

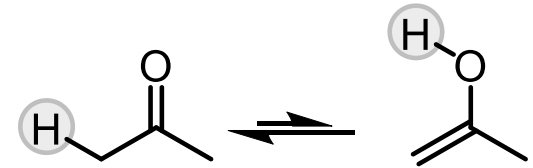


Lactam

Lactim

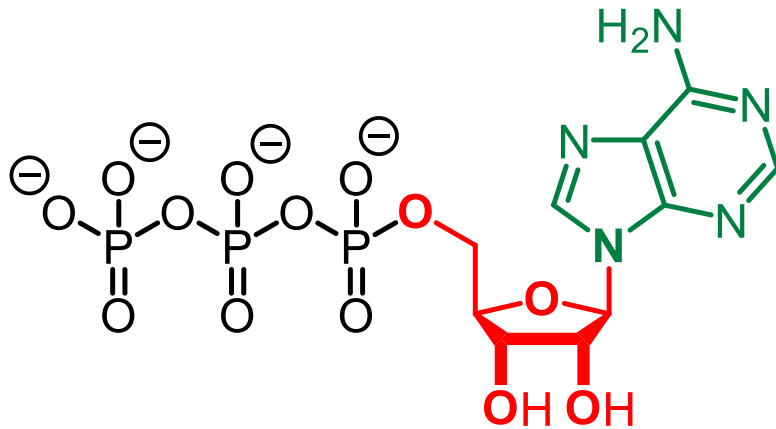
Amidine

Keto-Enol-Tautomerie

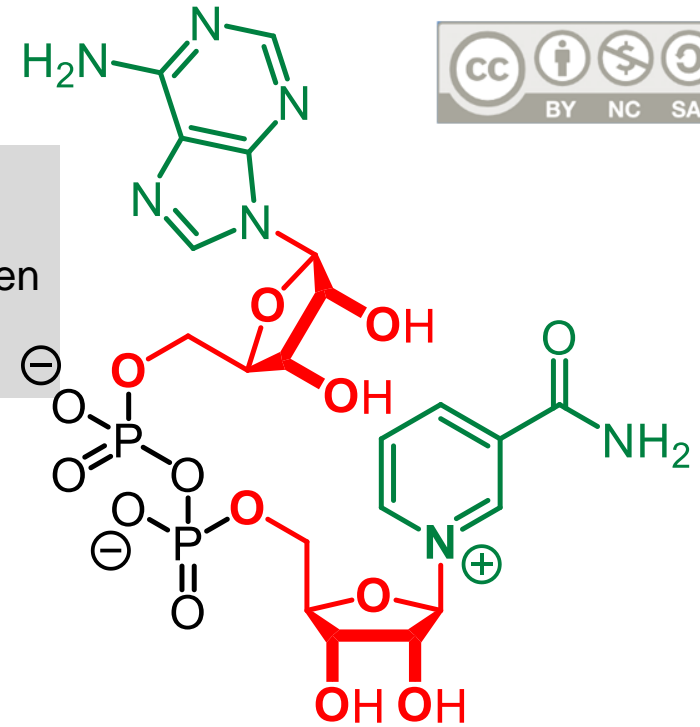


## Nukleotide: Coenzyme

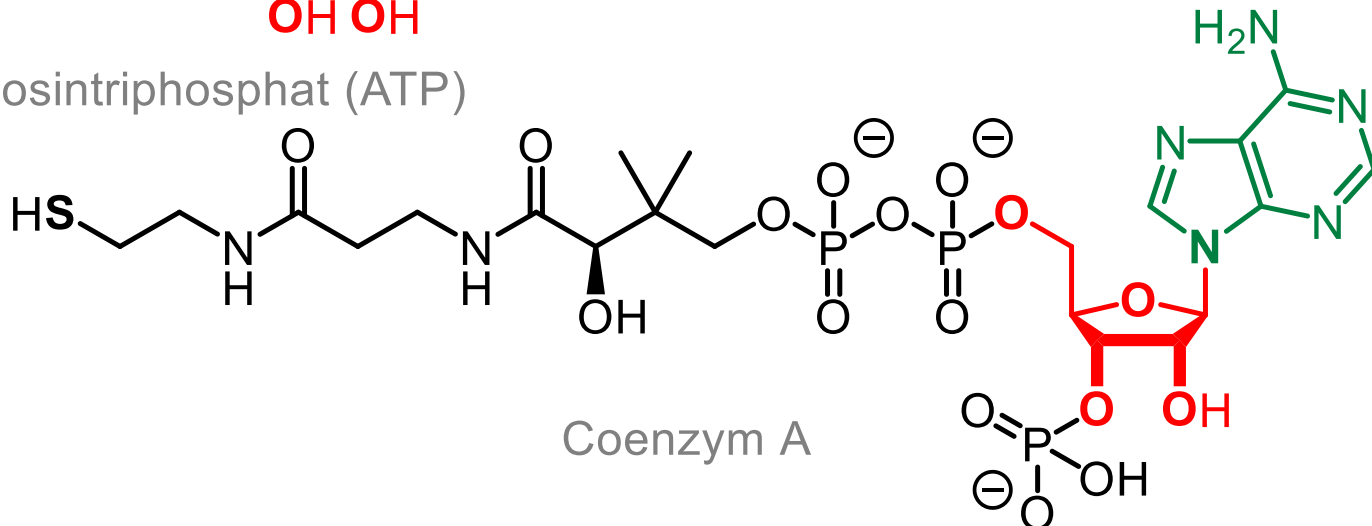
- Nukleotide wichtige **Coenzym**
- Coenzym → Reagenzien für chemische Transformationen
- **Enzym** → Katalysatoren



Adenosinetriphosphat (ATP)



Nikotinamidadenindinukleotid (NAD<sup>+</sup>)

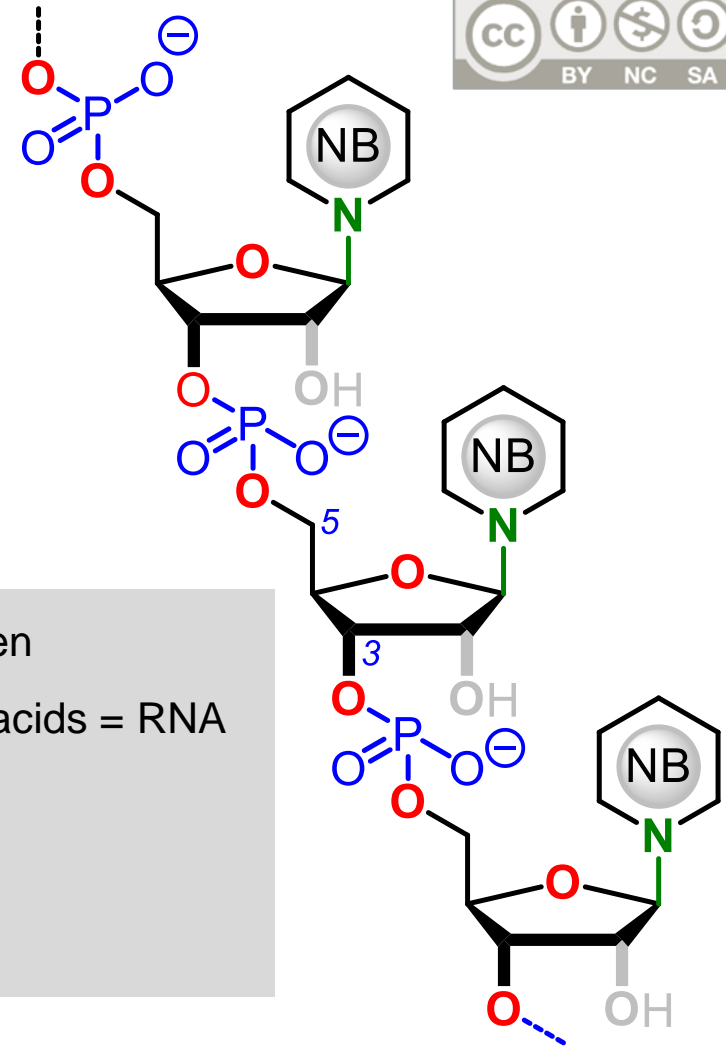


Coenzym A

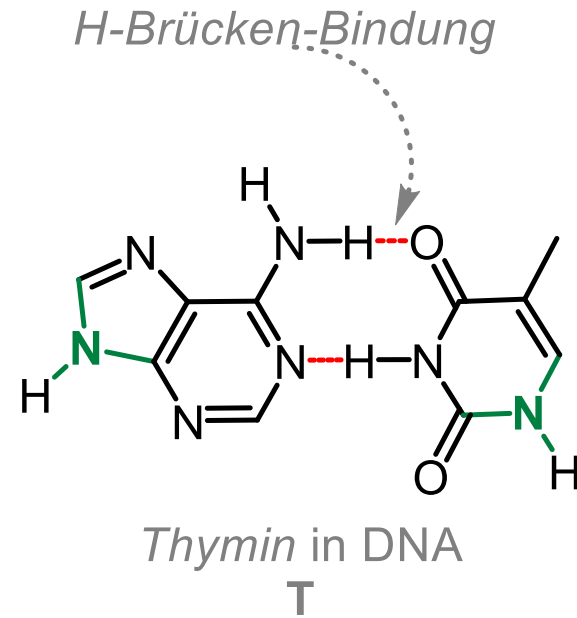
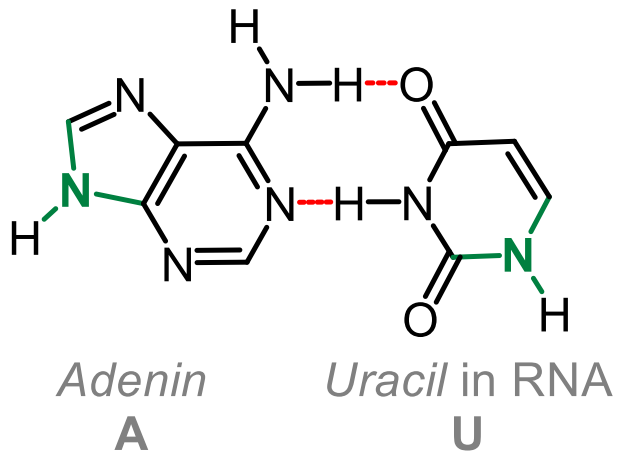
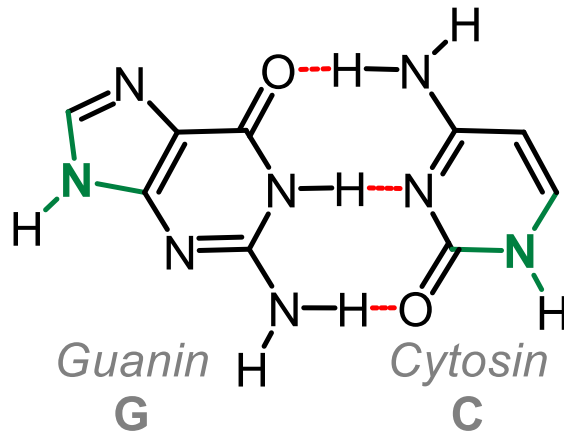
## Nukleinsäuren

- genetische Informationen
- DNA-Replikation → DNA Kopie für Zellteilung
- Bauplan für Biosynthese von Proteinen

- Polymere der Nucleotidmonophosphate = Nucleinsäuren
- mit Ribose → Ribonucleinsäuren = RNS / Ribonucleic acids = RNA
- mit Desoxyribose → Desoxyribonucleinsäuren = DNS /  
Desoxyribonucleic acids = DNA
- Stabilisiert durch H-Brücken-Bindungen zwischen NB



## Nukleobasenpaarungen



Prof. Dr. Peter Huy, Universität Rostock, Institut für Chemie, Büro 202, Albert-Einstein-Straße 3a, 18059 Rostock, Deutschland

Telefon: +49 (0) 381 498 6440 / E-Mail: peter.huy@uni-rostock.de

YouTube: PeterHuy Lab

Homepage: [www.peterhuylab.de](http://www.peterhuylab.de) / [www.huy.chemie.uni-rostock.de](http://www.huy.chemie.uni-rostock.de)

twitter: @peterhuylab

This work is licensed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International License. To view a copy of this license, visit <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/> or send a letter to Creative Commons, PO Box 1866, Mountain View, CA 94042, USA

