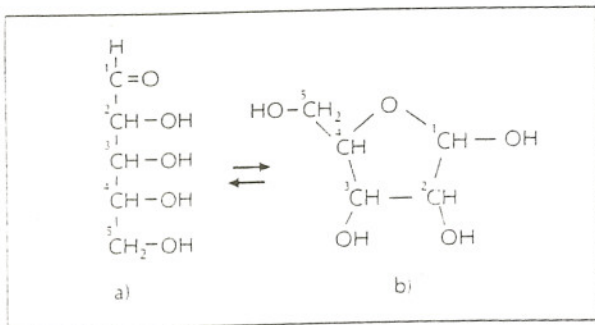
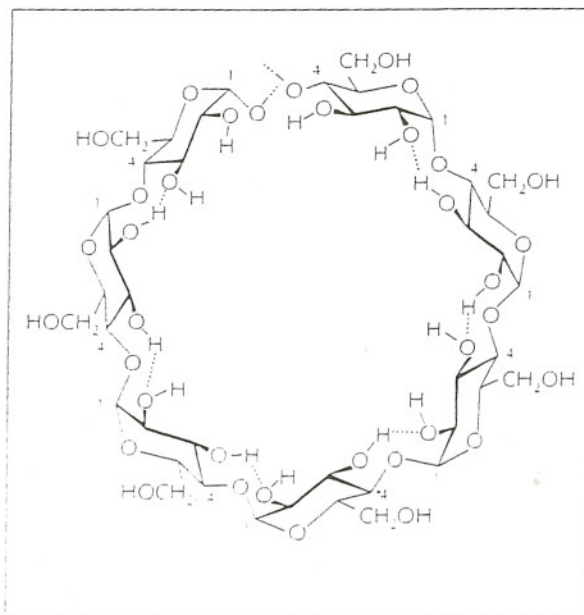


A cellulóz szerkezete



A ribóz: a) nyílt láncú, b) gyűrűs formája

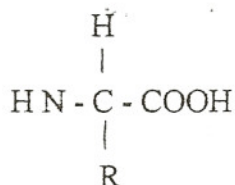


A keménvítő hélixének egy menete

5. Aminosavak, peptidek, fehérjék

Az *aminosavak* amino-csoportot (- NH₂) és karboxil-csoportot tartalmazó vegyületek (-COOH). Szerkezetük az alábbi ábrán tanulmányozható.

4. ábra
Egy aminosav képlete



Az aminosavak jelölése lehet hárombetűs vagy egybetűs. Csoportosítani ezeket a vegyületeket az R betűvel jelölt csoport jellege alapján szokták. Az aminosavak között létrejövő amidkötést *peptidkötésnek* nevezzük.

Peptidek jönnek létre, ha több aminosav kapcsolódik egymáshoz *peptidkötéssel*. A peptidek között számos élettanilag fontos vegyületet találunk (pl.: egyes hipofízis hormonok).

A *fehérjék* a sejtek vázát alkotják, szabályozzák a biokémiai folyamatokat (enzimek), részt vesznek az anyag és információszállításban, a szervezet védekezésében és mozgásában... A fehérjéket alapvetően négyféle módon jellemezhetjük. Leírhatjuk *elsődleges szerkezetüket*, mely nem más mint az aminosavsorrend (szekvencia, N----C). *Másodlagos szerkezetnek* nevezzük a fehérjemolekula konformációját (-helix, -redő). *Harmadlagos szerkezetnek* hívjuk a fehérje különböző konformációjú szakaszainak egymásutánját. *Negyedleges szerkezet* a több alegységből álló fehérjékben az alegységek egymáshoz való viszonyát értjük.

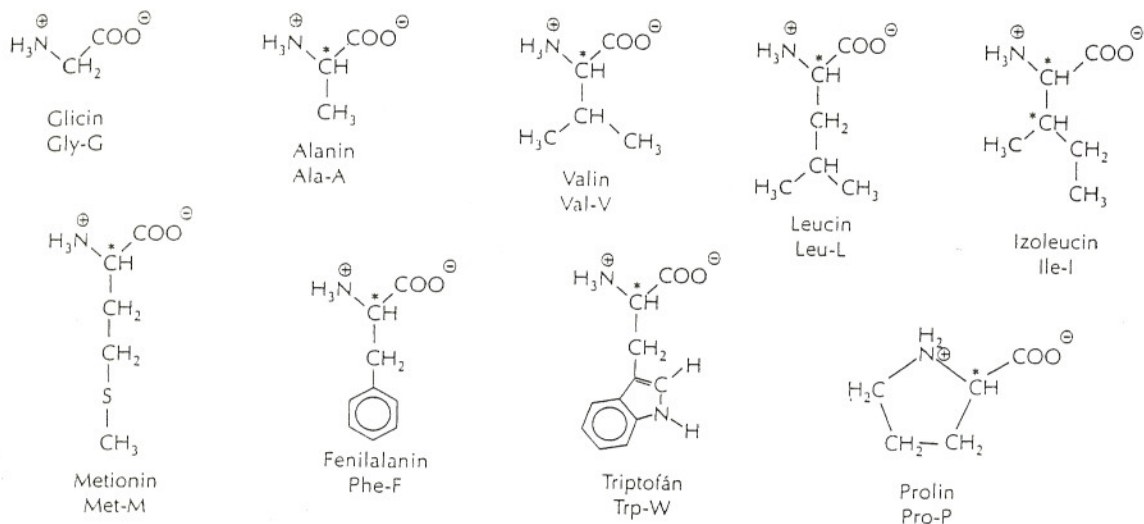
Az *egyszerű fehérjék* csak aminosavakból, az *összetett fehérjék* az aminosavakon kívül más alkotórészt is tartalmaznak (pl.: fém-ion...).

A fehérjék térszerkezete érzékeny. Egyes hatásokra (hőmérsékletváltozás, pH-változás, nehézfém-ionok) maradandó, vissza nem fordítható károsodást szenved (*irreverzibilis denaturáció*). Más esetekben (könnyűfém-ionok) a térszerkezet megváltozása visszafordítható (*reverzibilis denaturáció*).

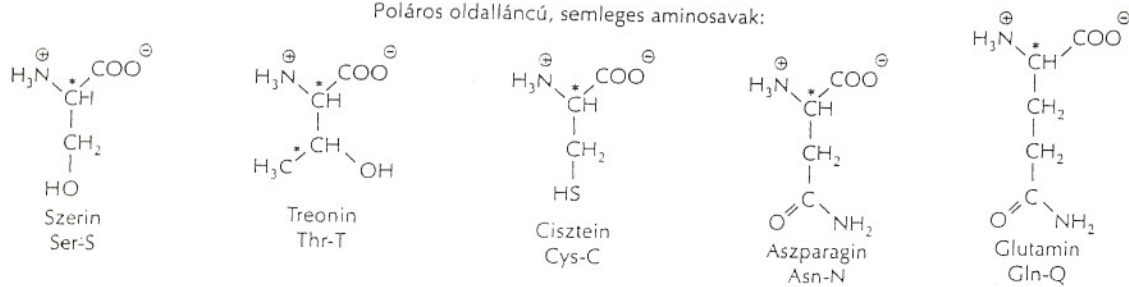
4. ábra

Az ábrákon az aminosavak csoportjai, a peptidkötés, a másodlagos szerkezet (- hélix, -- redő) és az összetett fehérjék tanulmányozhatók.

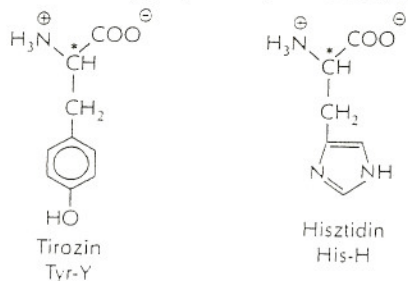
Apoláros oldalláncú aminosavak:



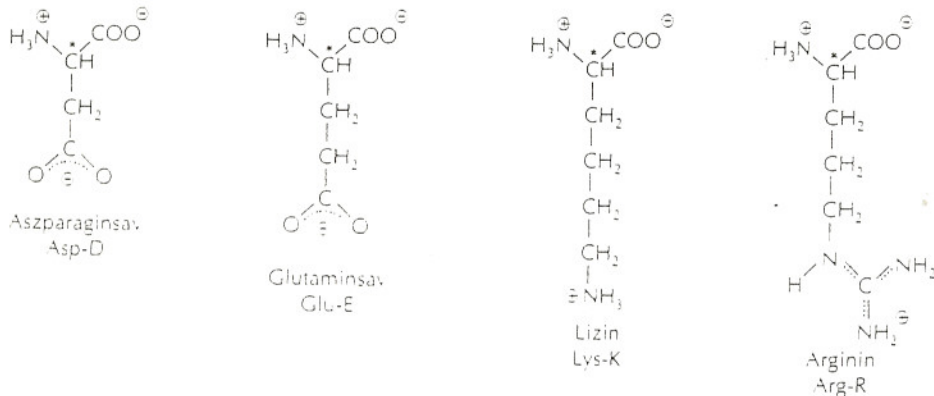
Poláros oldalláncú, semleges aminosavak:

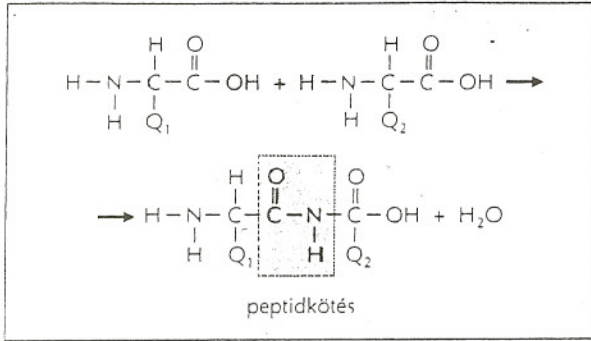


Poláros oldalláncú, gyengén savas, illetve bázisos aminosavak:

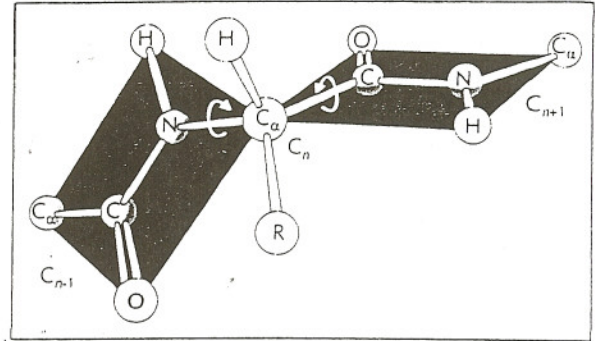


Poláros oldalláncú, erősen savas, illetve bázisos aminosavak:

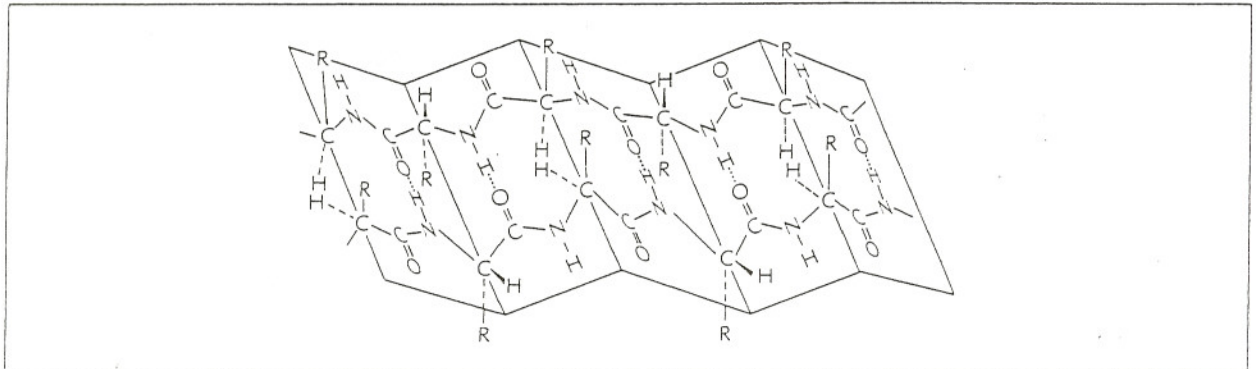




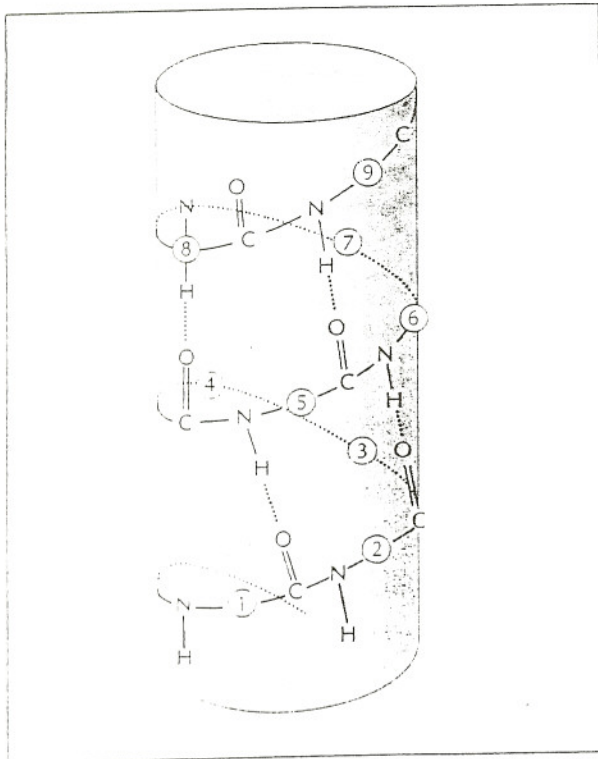
A peptidok felépítése



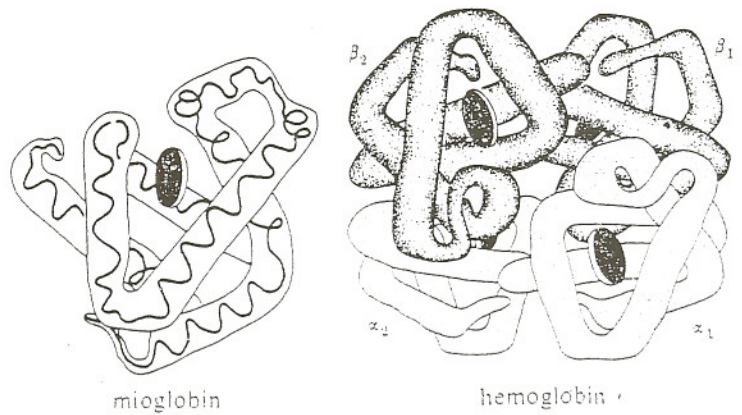
A polipeptidláncot felépítő aminosavak elmozdulási lehetőségei



A β -redő



Az α -hélix. A pontozott vonalak jelzik a kialakuló hidrogénkötéseket



mioglobin

hemoglobin

A mioglobin és a hemoglobin szerkezete
A korongok a hemék elhelyezkedését mutatják

6. Nukleotidok, nukleinsavak

A *nukleotidok* a nukleinsavak alkotórészei. Öt szénatomos cukorból, szerves bázisból és foszforsavból állnak. Két fő fajtájuk a *ribonukleotidok* és a *dezoxiribonukleotidok*. A ribonukleotidokban *ribóz, adenin, guanin, uracil, citozin* és *foszforsav* lehet. A dezoxiribonukleotidok alkotórészei: *dezoxiribóz, adenin, guanin, timin, citozin*. A nukleotidok alkotórészeinek szerkezete és kapcsolódása a mellékelt ábrákon látható. Néhány nukleotid fontos élettani feladatokat lát el. A NAD^+ , $NADP^+$, FAD nukleotidok a sejtek elektonszállítását végzik. A *Ko-A* (koenzim-A) molekula acetyl-csoportokat (CH_2CHO-) szállít. A *cAMP* (ciklikus-adenozin-monofoszfát) a sejtben történő információszállításban játszik szerepet. A nukleotidok felépítését a mellékelt ábrák mutatják.

A nukleotidok összekapcsolódása nyomán jönnek létre a *nukleinsavak* (*RNS, DNS*). A nukleotidok kettős *észterkötéssel* kapcsolódnak egymáshoz a foszforsav-molekulákon keresztül.

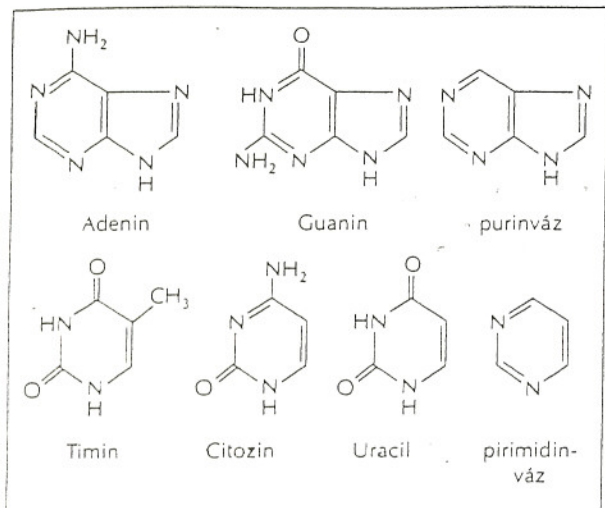
5. táblázat

A DNS és RNS összehasonlítása

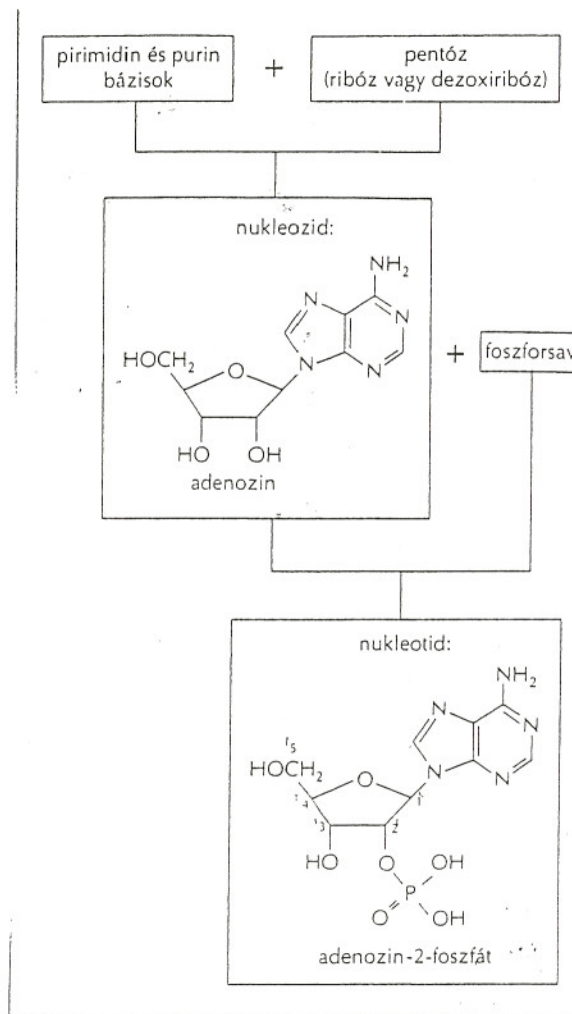
	DNS	RNS
cukorrész	2-dezoxi-D-ribóz	D-ribóz
szerves bázis	adenin, guanin, timin, citozin	adenin, guanin, uracil, citozin
nukleotidok átlagos száma	millió	80-3000
szerkezet	kettős spirál	egyes nukleotid lánc
hidrogénkötés	a láncok között	a láncon belül
biológiai szerepe	öröklődés	t-RNS aminosavszállítás r-RNS riboszómák felépítője m-RNS információszállítás a sejt-magból a citoplazmába

5. ábra

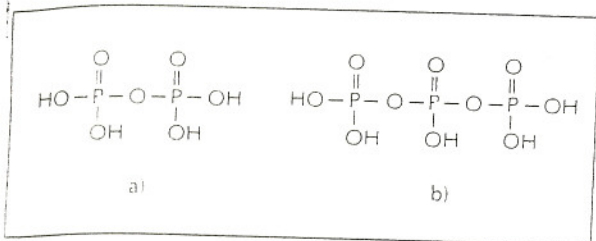
A nukleotidok alkotóelemei, néhány nukleotid szerkezete, a nukleinsavak felépítése



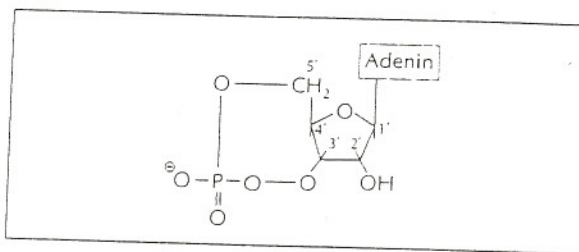
A nukleotidokat alkotó szerves bázisok, a purin- és a pirimidinváz



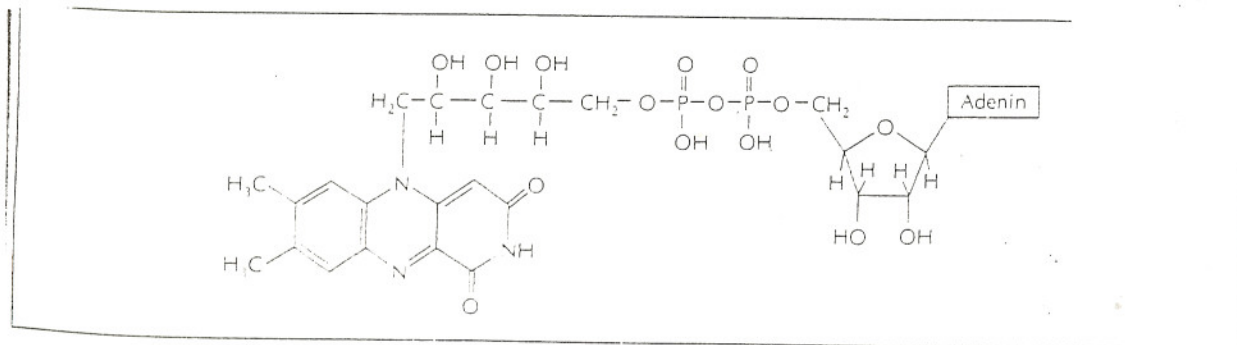
A nukleotidok kialakulása



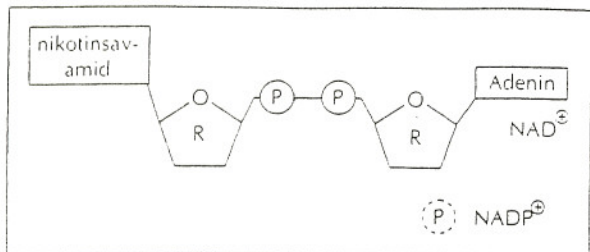
A difoszforsav (a) és a trifoszforsav (b)



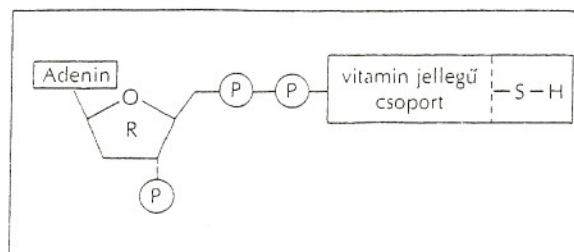
A ciklikus AMP (cAMP)



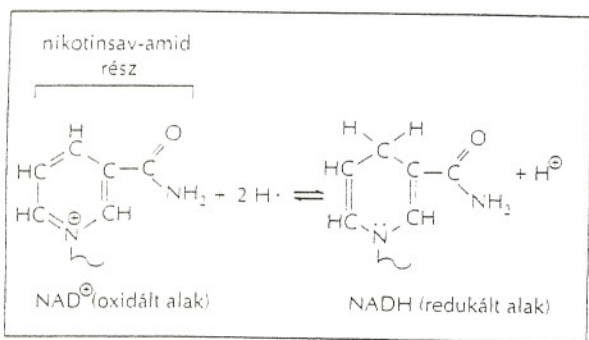
A FAD felépítése



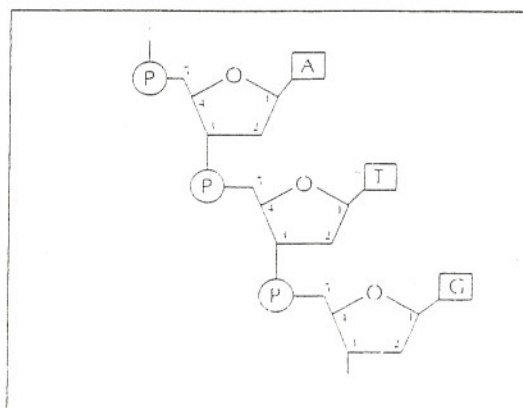
A NAD⁺ és a NADP⁺ felépítése. R=ribóz, a szaggatottan jelölt P szubsztituens a NADP része



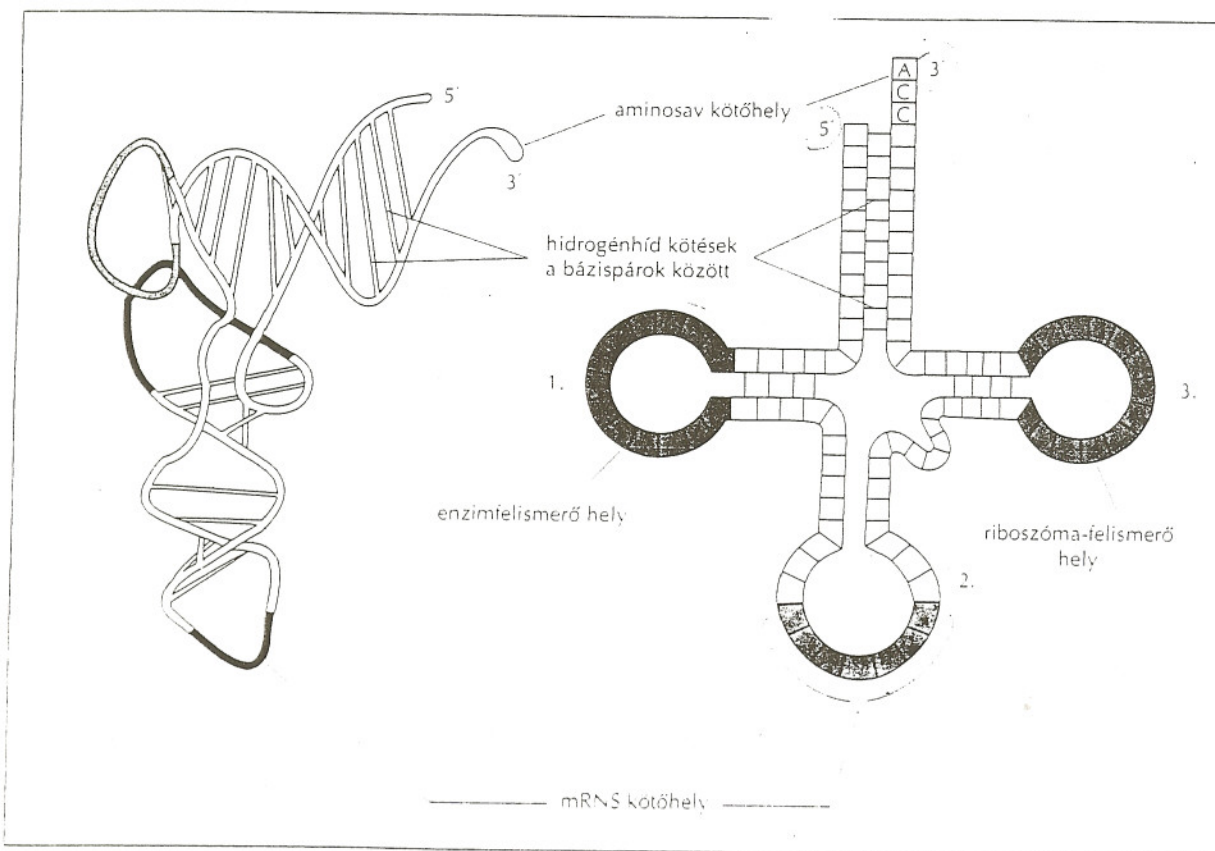
A koenzim-A molekula felépítése. R=ribóz, P= foszfát



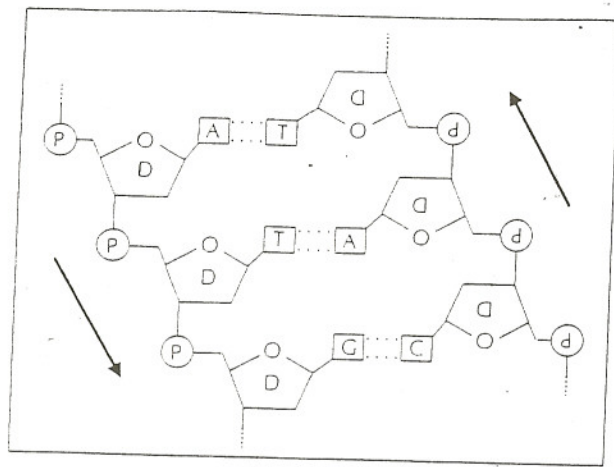
A NAD⁺ hidrogénfelvétele



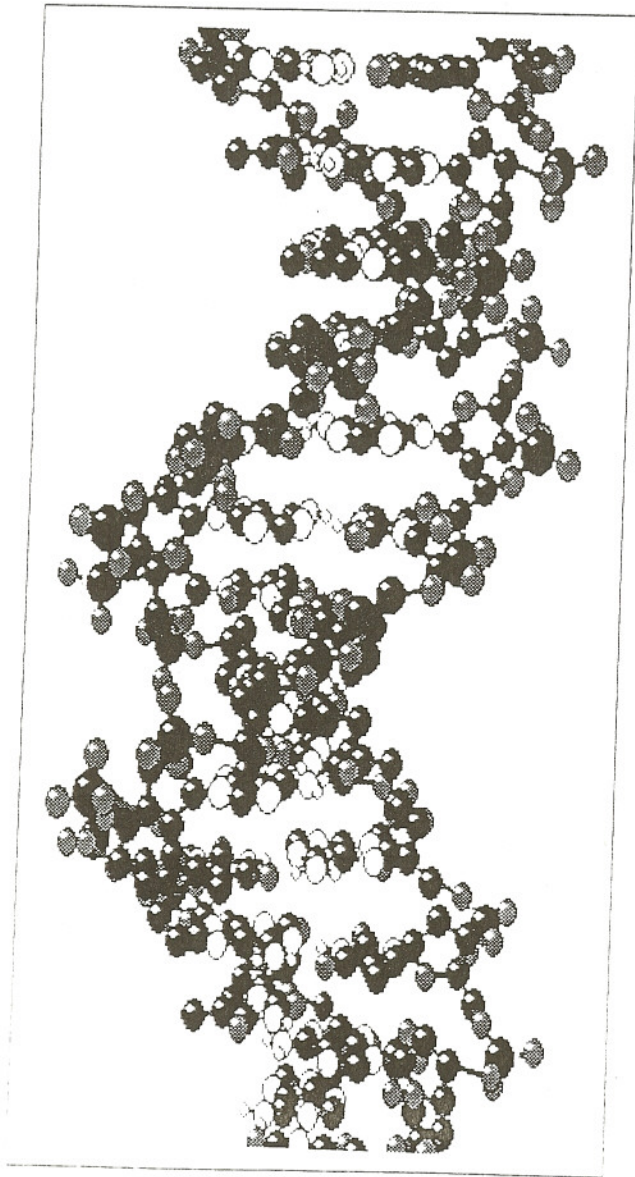
A polinukleotid-lánc



A tRNS felépítése



Két összekapcsolódó polinukleotid-lánc. A bázispárok között hidrogénhidkötések alakulnak ki



A DNS kétfélszpirála

7. Az anyagcsere általános jellemzése

Az anyagcsere életfolyamat. Tágabb értelemben az élő szervezet anyagfelvétele, átalakítása és leadása. Szűkebb értelemben a sejtben zajló kémiai folyamatok összességét tartjuk anyagcserének.

Az anyagcserét lebontó és felépítő folyamatokra oszthatjuk. E két folyamat összehasonlítását tartalmazza a következő táblázat.

6. táblázat

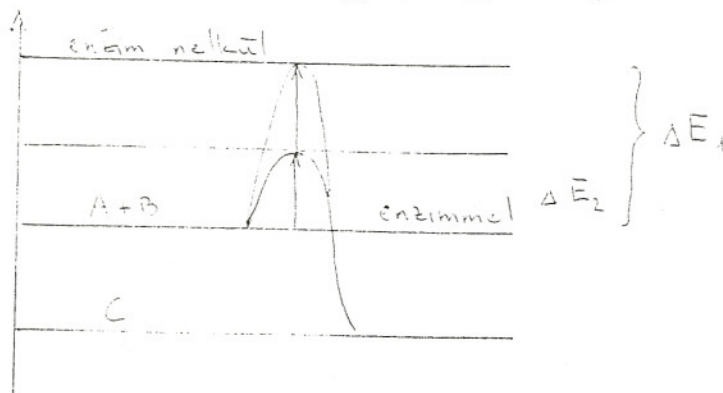
A felépítő és lebontó anyagcserefolyamatok összehasonlítása

Lebontó folyamatok	Felépítő folyamatok
disszimiláció	asszimiláció
makromolekulák (lipidek, szénhidrátok, fehérjék, nukleinsavak)	CO , NH , ...
köztes termékek (intermedierek)	monomerek (zsírsavak, monoszacharidok, aminosavak, nukleotidok)
monomerek (zsírsavak, monoszacharidok, aminosavak, nukleotidok)	köztes termékek (intermedierek)
CO , NH , ...	makromolekulák (lipidek, szénhidrátok, fehérjék, nukleinsavak)
energiát termelő folyamat	energiát felhasználó folyamat

A legtöbb anyagcserefolyamat az élő szervezet fizikai körülményi között csak rendkívül lassan mennének végbe. A reakciósebesség fokozását a biokémiai folyamatok katalizátorai az enzimek segítik. Hatásukat az aktiválási energia csökkentésével érik el. A katalizátorok olyan reakcióutat nyitnak meg , melynek aktiválási energiája kisebb, mint a katalizátor nélkül lehetséges reakcióút aktiválási energiája.

6. ábra

Az enzimműködés energetikája



Az enzim általában fehérje, de ismerünk katalitikus hatású RNS molekulákat is. Az enzim molekula legfontosabb része az *aktív centrum*, melynek részei a kötőhely és a katalitikus hely. A kötőhelyhez kapcsolódik(nak) azok a molekulák, melyeknek átalakulását az enzim katalizálja (*szubsztrát*). A katalitikus hely az átalakulást katalizáló molekularész.

Az enzimreakció egyszerűsített folyamata:



7. táblázat

Az enzimek az általuk katalizált folyamatok alapján csoportosíthatók:

Enzimcsoport	Funkció
oxireduktázok	oxidációs és redukciós folyamatok katalízise
transzferázok	csoportok átvitele
hidrolázok	víz segítségével bontó enzimek
liázok	bontó enzimek
izomerázok	izomer átalakulásokat végrehajtó enzimek
szintetázok, ligázok	kötéseket létrehozó enzimek

Az enzimek általában fehérjék, de hozzájuk kapcsolódhatnak nem fehérje jellegű csoportok, ezeket *prosztetikus csoportnak* nevezzük (pl.: Fe-ion, Mg-ion). Abban az esetben, ha a nem fehérje jellegű alkotórész képes disszociálni az enzimről, koenzimről beszélünk (pl.: Ko-A).

Az enzimek működését befolyásolják mindazok a tényezők, melyek a fehérjéknél általában szerkezetváltozást idéznek elő (hőmérséklet, pH, ionok).

Az enzimek szabályozásának két módjáról röviden. A versengő (*kompetitív*) gátlás esetén a gátló molekula az enzim aktív centrumát foglalja el (esetleg a koenzim helyére kötődik). A nem versengő gátlás esetén (*allosterikus*) a gátló anyag az enzim más részéhez (nem az aktív centrumhoz) kötődik, ezzel megváltoztatja az enzim működő szerkezetét.