

Ninnis

BIOKJEMI

TBT4102 KOMPENDIUM I TANKEKART

NINNI M. UNNEBERG

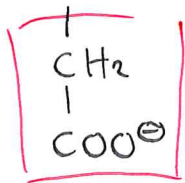
HØST 2019

Negativt ladde R-gr

Asparaginsyre

(Aspartat)

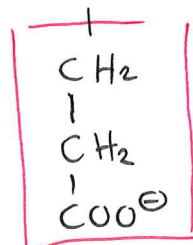
Asp D



Glutaminsyre

(Glutamat)

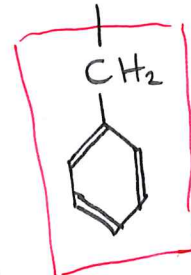
Glu E



Aromatiske R-grupper

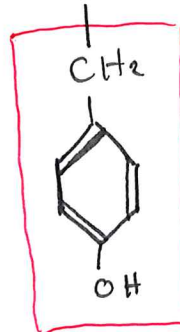
Fenylalanin

Phe F



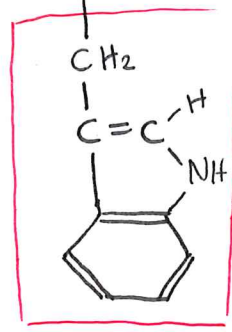
Tyrosin

Tyr Y



Tryptofan

Trp W



Upolar, alifatisk R-gr.

Glysin

Gly G



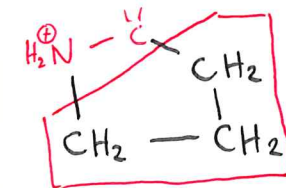
Alanin

Ala A



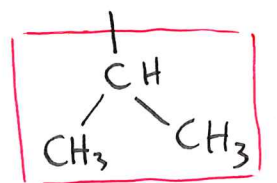
Prolin

Pro P



Valin

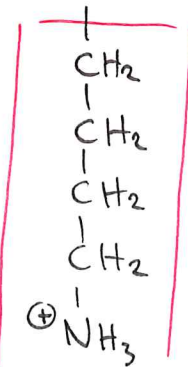
Val V



Positivt ladde R-gr.

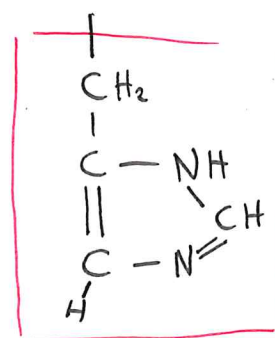
Lysin

Lys K



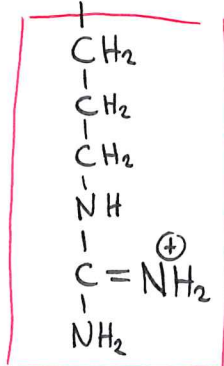
Histidin

His H

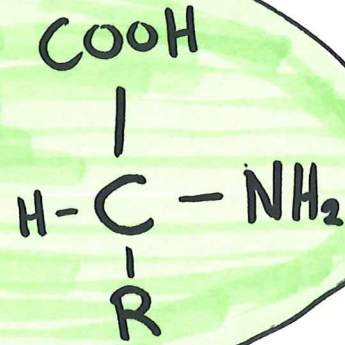


Arginin

Arg R



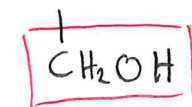
Aminosyrer



Polare, uladde R-gr

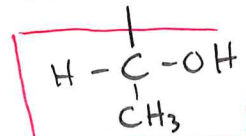
Serin

Ser S



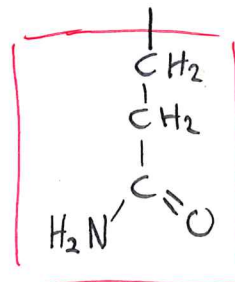
Threonin

Thr T



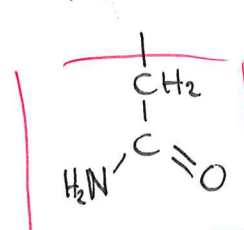
Glutamin

Gln. Q



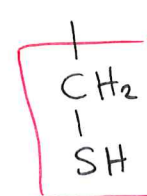
Asparagin

Asn N



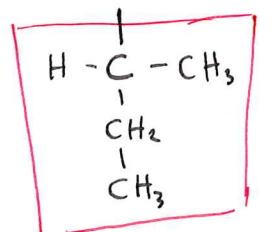
Cystein

Cys C



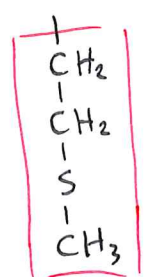
Isoleucin

Ile I



Metionin

Met M

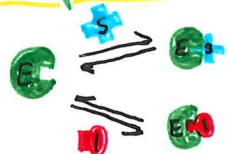


Inhibiering

= molekyler som sinker eller hindrer enzymatisk katalyse

Reversibel inhibiering

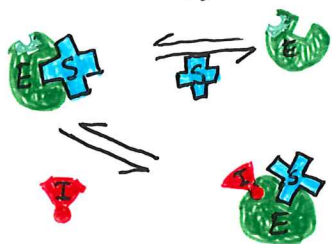
Kompetitiv inhibiering



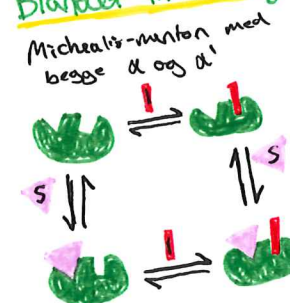
Michaelis-Menton med $K_m \cdot \alpha$
 $\alpha = 1 + \frac{[I]}{K_i}$

Ikke-kompetitiv inhibiering

Michaelis-Menton α'
 $\alpha' = 1 + \frac{[I]}{K_i'}$



Blandet inhibiering



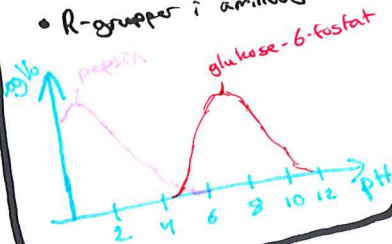
Irreversibel inhibiering

- bindes kovalent til et enzym
- ødelægger en funkt. gr.
- danner stabil ikke-kovalent interaksjon med enzymet
- Suicide inaktivatoren!!
 - undergår første trin
 - konverter til reaktiv forb.
 - kalles også en mekanismebaseret inhibitor (dertil inaktiviser)

pH-effekt

Enzymer har et eget pH-optimum

- ofte sammenheng med miljø de befinner seg i
- R-grupper i aminosyre



Kofaktor og koenzym

- **Kofaktor** kan bestå av ioner som Fe^{2+} , Mg^{2+} , Mn^{2+} , Zn^{2+} eller mer komplekse organiske molekyler
- **Koenzym** = kofaktor løst bundet til et enzym
 - CoA, NAD⁺ og FAD
- **Prostetisk gruppe** = kofaktor sterkt bundet til enzym
- **Haloenzym** = katalytisk aktivt enzym med alle underenheter
- **Apoenzym** = proteindelen av et enzym
- Andre funksjonelle grupper påvirker funksjonaliteten
 - fosforylering og glykosylering

ENZYMER

- størst gruppe proteiner
- katalyserer kjemiske rx

Enzymkinetik

- hastigheten til en enzymatisk reaksjon

Effekt av substratkonsentrasjon

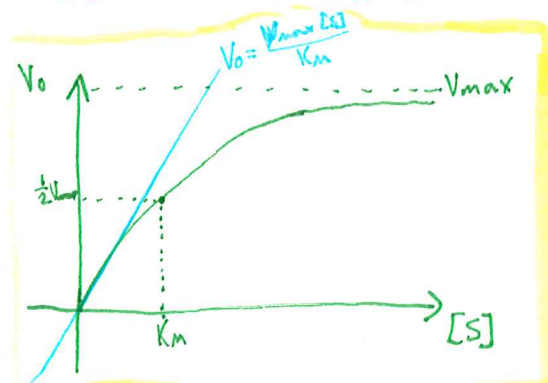
$$V_0 \xrightarrow{[S] \rightarrow \infty} V_{max}$$

Steady state: $[ES] \approx$ konstant

Michaelis-Menten ligningen

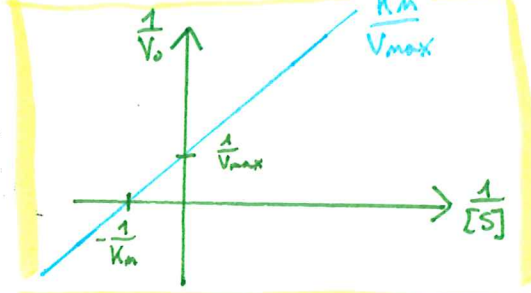
$$V_0 = \frac{V_{max}[S]}{K_m + [S]} \quad K_m = \frac{k_2 + k_3}{k_1}$$

$[S] = K_m$ når $V_0 = \frac{1}{2} V_{max}$



Lineweaver-Burk-plott

$$\frac{1}{V_0} = \frac{K_m}{V_{max}[S]} + \frac{1}{V_{max}}$$



To substrat

Sekvensiell (først kompleks)

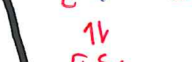
- tilfeldig ordre



- ordret S_2



Ping-pong



Klassifisering

Klasse#	Navn og aktivitet
1	Oksidoreduktaser overføring av H^- og H^+ og e^-
2	Transferaser overføring av funkt. gr.
3	Hydrolaser transferaser for vann
4	Lyaser tillegg av grupper \leftrightarrow dobbeltbind.
5	Isomeraser overføre gr. innad i molekyl
6	Ligaser dannelse av kovalente bind. v kovalent rx

Virkemåte

→ øker rx-hastighet opp til 10^{12} x raske
 ved å senke aktiveringsenergien



• Enzymer påvirker ikke likevekt.
 Faktorer som bidrar til å senke E_a

1. Entropi minner ved bindingsenergi
2. Slike bindinger mellom E og S desolvatiserer solvatiseringslaget som stabiliserer biomolekyl
3. Komplementaritet til overgangstilstand
 - enkelte deformasjon
4. Induced fit. Behov for korrekt romlig plassering av funksjonelle grupper i E

• Enzymer er substratspesifikke
 → spesifisitet

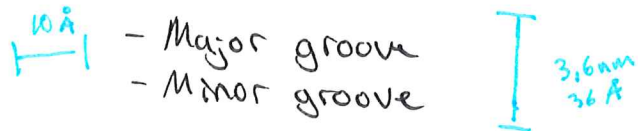
- Funksjonelle katalytiske grupper
 - Syre-base (spesifikk vs. generell)
 - Kovalent katalyse
 - Metallion katalyse
 - redoks og rebind. for stabilitet

Nukleinsyre struktur

1. Primær: kovalent struktur + nukleotidsekvens
2. Sekundær: stabil struktur i hele eller deler av sekvens
3. Tertiær: kompleks folding av store kromosomer

Dobbel heliksen (2.)

To repeterende enheter



Holdes sammen av:

- H-bind.
- hydrofobiske interaksjoner mellom stablede parer

Komplementære tråder
- 3' og 5' ende

DNA-syntese

Fosforamidittmetoden

DMT-grupper Si

Alternative 3D-strukturer

DNA er fleksibelt. Variasjon pga.

1. Deoksyriboses mulige konformasjoner
2. Rotasjon om bindinger i ryggraden
3. Fri rotasjon om C-1'-N-glykosylbindingen

A-form

- høyrethendt dobbelhelikses
- favoriseres ved lite vann
- 11 basepar/runde

B-form

- mest vanlig
- 10,5 basepar/runde
- høyrethendt dobbelhelikses
- litt lenger enn A

Z-form

- venstrethendt dobbelhelikses
- 12 basepar/runde
- lengre og tynnere

Nukleotider & Nukleinsyrer

Nukleotider

fosfat + pentose + nitrogenbase



Nukleosid = nukleotid - fosfat

De nitrogenholdige basene er derivater av



N-glykosidbinding mellom pentose og base

kjendis. rx. (-H₂O)

DNA: deoksyribonukleinsyre

RNA: ribonukleinsyre

Fosfordiesterbinding mellom nukleotider

NB: finnes også mindre vanlige basetyper
→ metylerte, hydroksymetyleret, glukosylert i viralt DNA

Ryggrad i DNA: fosfat + pentose

Oligonukleotid = kort nukleinsyre

Polynukleotid = lengre nukleinsyre

Nukleinsyrenes kjemiske egenskaper

Denaturering

- varme, ekstrem pH
- H-bind. brytes
- basestabling forstyrres
- to separate tråder dannes
- renaturering går ^{raskt} dersom >12 residuer
- lettere å denaturere A=T

Sekvensering

- bestemmelse av rekkefølge
- basespesifikk reaksjoner
- elektroforese
- Flere metoder
 - Sanger (Fluorescent)
 - Maxam-Gilbert

Hybridisering

- hybridduplekser
- sekvensbasert prosess for lokalisering av spesifikke gener
- komplementære tråder

Metylering

- metyleres enzymatisk
- oftest A og C
- DNA metylaser
 - metyldonor = S-adenosylmetionin
- I eukaryote er ca 5% cytidin metylert

Spesielle DNA-sekvenser

TTAGCAC: CACGATT
AATCGTG: GTGCTAA

TTAGCACGTGCTAA
AATCGTGACGATT

Mirror repeat

Palindrom

Hoogsteen-parring følger ikke Watson-Crick

hairpin cruciform

Tetrapleks og Tripleks-DNA

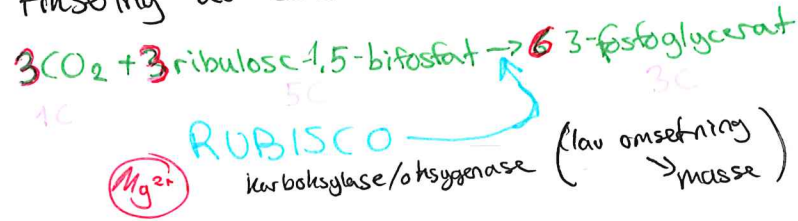
Påvirkning på 3D-struktur

Nitrogenbaser: svakt basiske + aromatiske
→ plane, nesten plane
• hydrofobiske

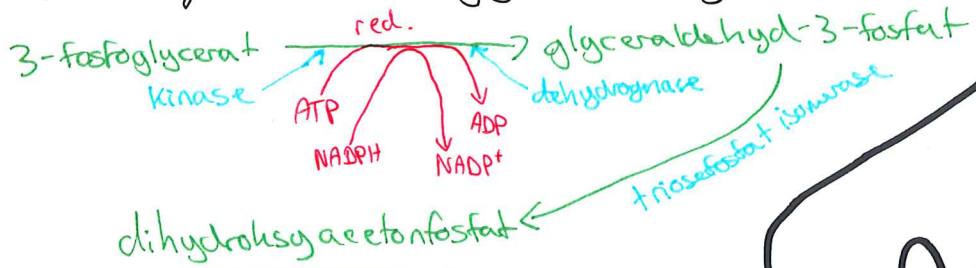
Base-stabling: van der Waal + dipol-dipol
→ minimerer kontakt med vann → stabiliserer
Komplementær baseparing: H-binding

Calvin-syklusen

① Fiksering av CO₂ til 3-fosfoglycerat



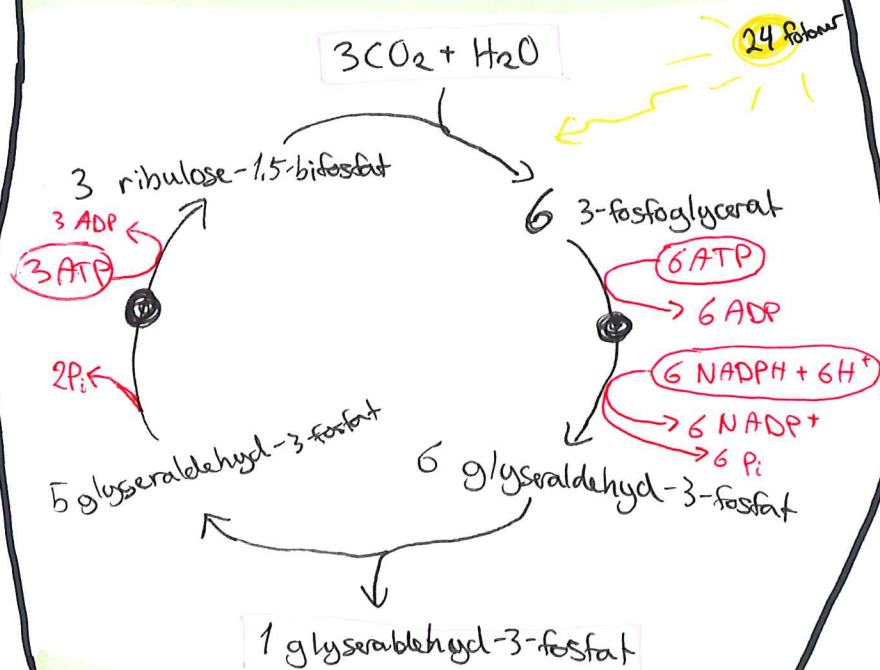
② Konvertering av 3-fosfoglycerat til glyceraldehyd-3-fosfat



→ glykolyse

③ Regenerering av ribulose-1,5-bisfosfat fra triose fosfater

- mange rx: 9 trinn
- aldolase og translokase og kinase
- ribulose-1,5-bisfosfat



Utvexling av triosefosfat og fosfat mellom cytosol og kloroplaster

- Pi-triosefosfat antiport systemet
- utveksling
- transport av ATP og red. ekv.

Biosyntese: stivelse + sukker

overskudd av karbohydrater fra fotosyntese konverteres til sukrose



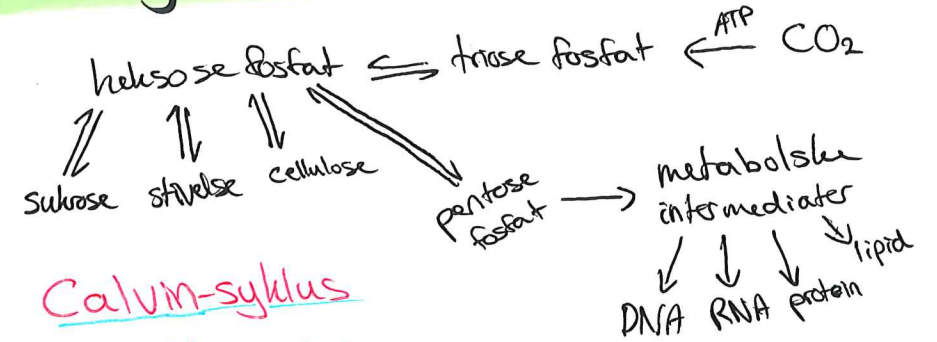
Anabolisme = BIOSYNTSE

Fotofosforlyring

$\text{CO}_2 + \text{H}_2\text{O} \xrightarrow{\text{lys}} \text{O}_2 + (\text{CH}_2\text{O})_n$

s. 117-133-147

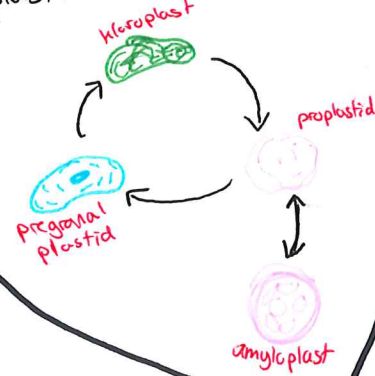
Fotosyntetisk karbohydratsyntese



Calvin-syklus
Den fotosyntetiske karbonreduksjonssyklusen

Plastider

- selvreproduserende - binær fisjon
- CO₂-assimilering skjer i kloroplaster (enzym i stroma)



Fotorespirasjon

Kostbar sidereaksjon

- Rubisco er ikke substrat-spesifikk for CO₂
- [O₂] øker med temp. • konserverer ikke energi
- kan hindre netto dannelse av biomasse med 50%
- C₄-planter** (tropical)
 - midlertidig 4-C-forbindelse
 - bundle-sheath-celler
 - PEP
- C₃-planter**
 - se Calvin
- CAM-planter**
 - separasjon av CO₂ og rubisco

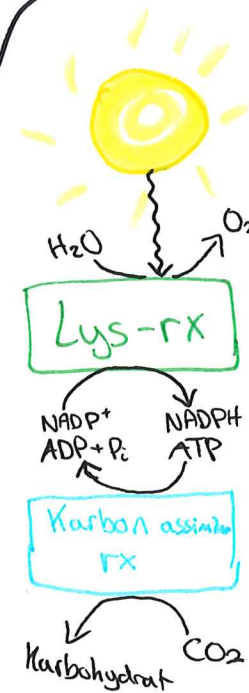
Lysregulering i Calvin av enzymer

- lys → [ATP], [NADPH] øker i stroma
- [Mg²⁺] og pH øker
- enzymer aktiveres av lysdrevet reduksjon av disulfidbindinger (Cys-Cys)
- mørkt → inaktive Cys-oh₂-bundet
- ferredoksin-tioredoxinn reduktase

Generelle egenskaper

- H₂O = dårlig e⁻-donor
- lys → lage god elektrondonor og akseptor

Lysavhengige og karbonassimilerende rx



Fotosyntese finner sted i kloroplaster

Klorofyll: LHC'er (lyskastende kompleks) a og b

Karotenoider

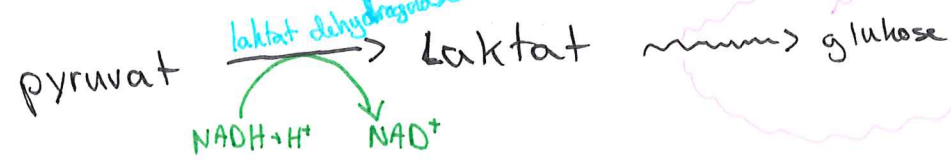
- β-karoten, lutein absorberer andre bølgelengder

Fermentering

Pyruvats skjebne under anaerobe betingelser

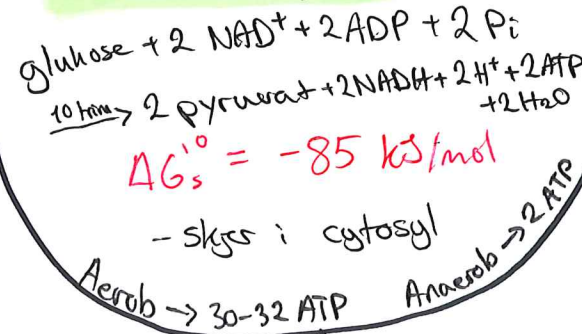
pyruvat $\xrightarrow{\text{ok}}$ acetat (acetyl-CoA) \rightarrow Sitronsyresyklus
 • NAD⁺ må regenereres!

Melkesyrefermentering Endring [NAD⁺] - [NADH] = 0



Fermentering = generell betegnelse for prosesser som ekstraherer energi i form av ATP uten å konsumere O₂ eller andre NAD

Kort oppsummert



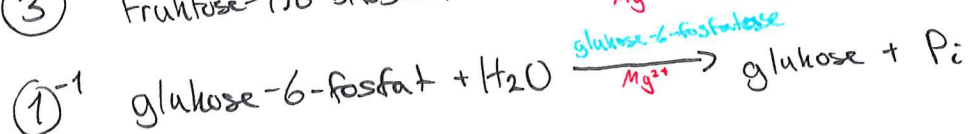
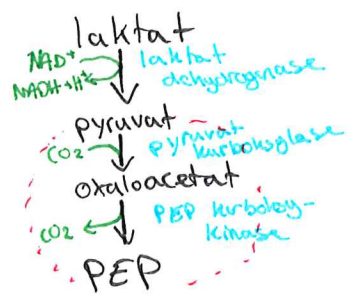
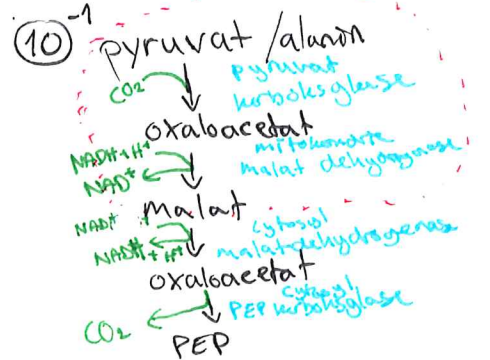
Fosforylerte intermediater
 \rightarrow VIKTIG. FOSFAT:
 1. Holder intermediet i cellen
 2. Energi konserveres
 3. Senker E_a og øker spesifisiteten ved binding til aktivt sete

Fermentering
 Anaerob nedbrytning av glukose eller andre \rightarrow energi (ATP)

Glykolysen & glukoneogenesisen

Glukoneogenesisen

"nydannelse" av sukker
 \rightarrow unngår irreversible rx i glykolysen ① ③ ⑩
 • separat sett enzym katalyserer "bypass" rx
 \rightarrow irreversibel prosess



Glukoneogenesisen tillater glukose syntese av intermediater fra sitronsyresyklusen

Glukogenisk = forbindelser som kan \rightarrow glukose

* Prosessene reguleres allosterisk eller ved fosforylring \rightarrow hvis ikke \rightarrow ATP \rightarrow varme

Veier inn i glykolysen

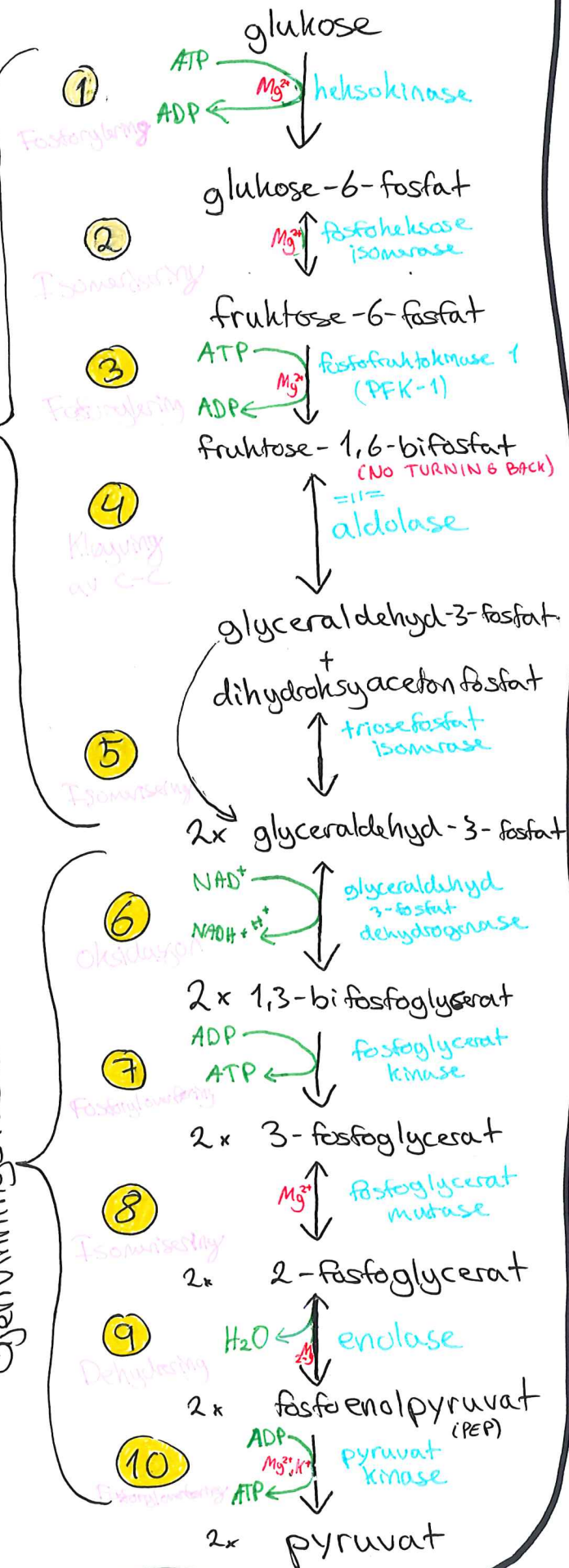
- Hydrolyse av poly- og disakkarider til monosakkarider
 - amylase hydrolyserer glykosidbindinger \rightarrow maltose, maltotriose, oligosakkarider
 - andre enzymer \rightarrow glukose
- Fosforolyse degradering (glykogen fosforylase)
 glukogen \rightarrow glukose-1-fosfat \rightarrow glukose-6-fosfat
 (fosfoglukomutase)
- Veier for andre monosakkarider
 - konverteres til fosforylert derivat

Trinnene i glukolysen

enzym

Forberedende fase

Gjenvinningsfase



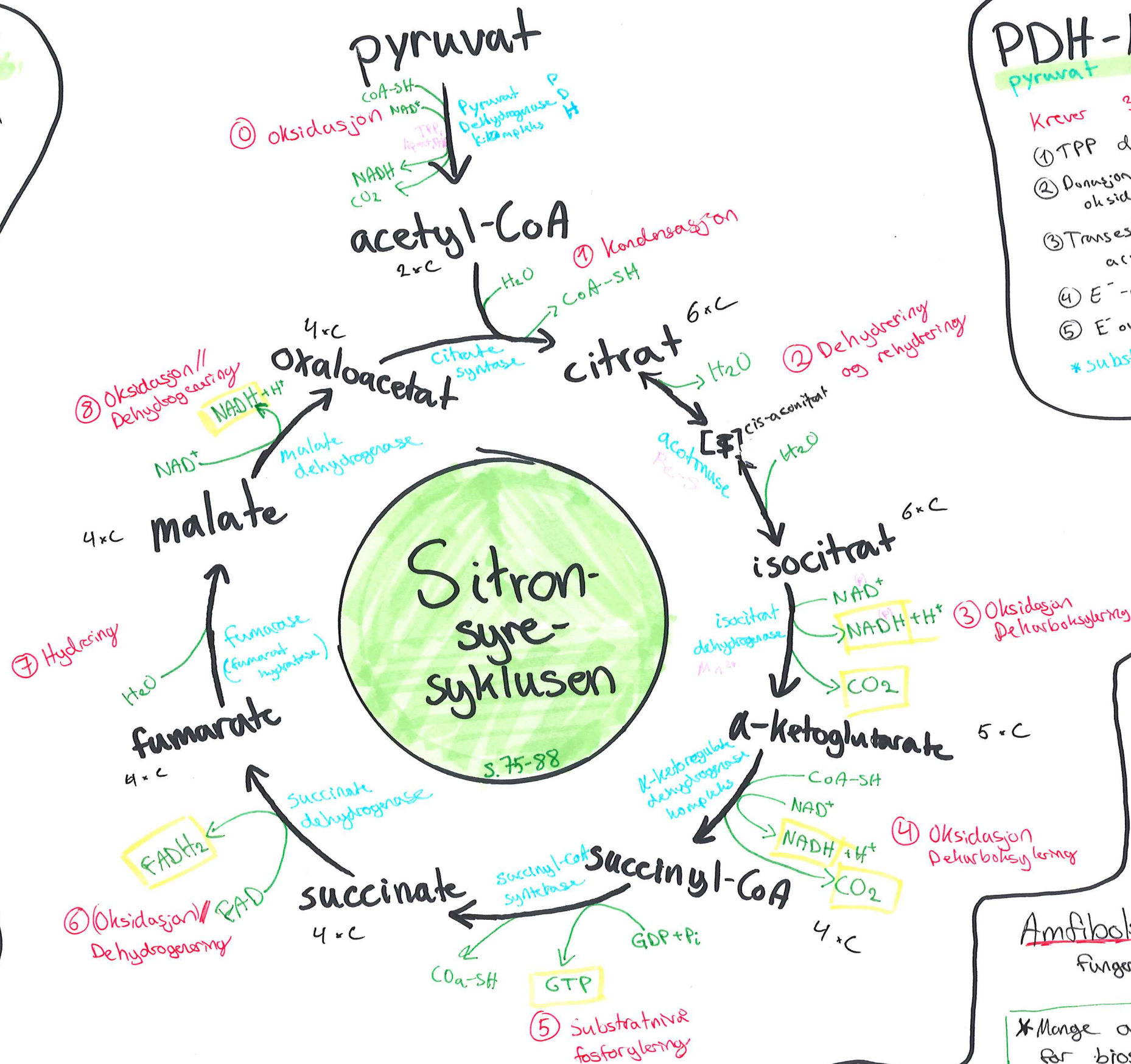
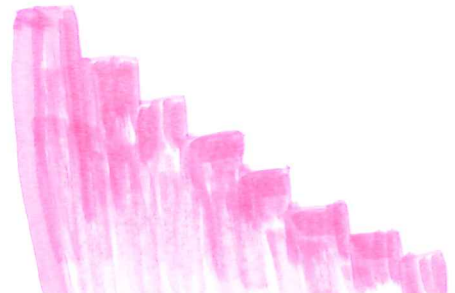
Energi konservering

- to-karbon-acetylgruppe går inn
 - dannes 2 CO₂
 - → oksaloacetat regenereres
 - Energiutbytte:
 - 2 ATP
 - 2 NADH
 - glukose → CO₂ + H₂O
 - 32 ATP
- 34% 65%

Why so many steps?

- biologisk prinsipp: maksimal økonomi
- CAC = metabolt knutepunkt
 - den biologiske ruten som over tid har gitt de største biologiske fordelene

FOR MEST MULIG ENERGI



PDH-komplekset (50 nm)

- pyruvat dehydrogenase
- Krever 3 enzymer og 5 koenzymer
- 1) TPP dekarboksylerer pyruvat
 - 2) Donasjon av e⁻ og -acetyl fra TPP til oksider lipoyllysn
 - 3) Transesterifisering mellom CoA og acyl-lipoyllysn → acetyl-CoA
 - 4) E⁻-overføring fra red. lipoyllysn til FAD → FADH₂
 - 5) E⁻ overføring fra FADH₂ til NAD⁺ → NADH + H⁺
- * substrate channeling

Intermediater går ut og inn av CAC

Amfibolsk prosess
Fungerer både katabolsk og anabolsk

* Mange av intermediatene er forløpere for biosyntetiske spor

Anaplerotisk reaksjoner erstatter intermediater som går ut av CAC

* Viktigste: pyruvat + CO₂ → oksaloacetat
via pyruvat karboksylase

Pyruvat karboksylase: regulatorisk enzym
→ [acetyl-CoA] ↑ → enzymaktivitet ↑

PS: lav [oksalacetat] i celler

Elektrontransportkjeden

⑤ Komplex I: NADH → ubiquinone (Q)



- $H^+ + H^+$ fra matris til ϕ
 - 4 protoner fra matris til intermembranområde
- protonpumpe drevet av e^- -overføring

⑥ Komplex II: Succinat → ubiquinone (Q)



- e^- fra succinat til FAD → videre til Fe-S → Q

PS: kommer flowe e^- fra andre substrat → Q

⑦ Komplex III: Ubiquinone → cytochrom c



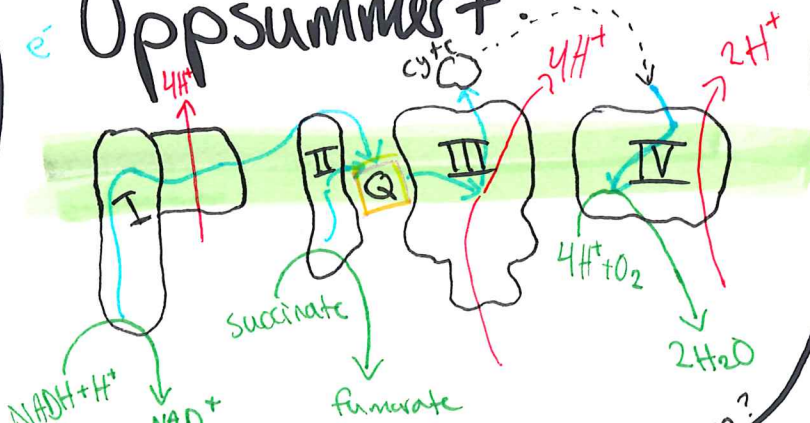
- QH_2 overfører e^- til cyt c
 - cyt c er løselig
- Cyt c → IV

⑧ Komplex IV: Cytochrom c til O_2



- 13 underenheter
 - $2e^- + 4H^+ + O_2 \rightarrow H_2O + 2H^+$
- elektronpumpe

Oppsummert:



henger de sammen?
Respirasomer

Protonmotivkraft

- kjemisk potensiell energi pga. konsentrasjonsforskjell
- elektrisk potensiell energi pga. ladningsseparasjon

ATP-syntase

Kompleks V

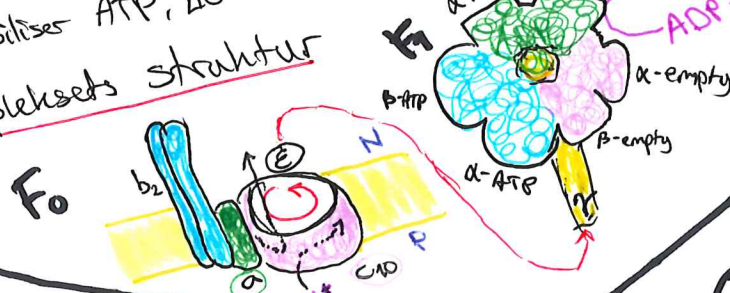


To funksjonelle domener: F_0 og F_1

F_0 : i membranet, protonpore.

F_1 : katalyserer ATP-syntese in vivo

→ stabiliserer ATP, ΔG mindre, → løkewekt mot høyre



Rotasjonell katalyse
 β -ADP → β -ATP → β -empty
- steg på 120°
- mot klokken

Kjemiosmotisk kobling
→ ikke krav om heltallig støkiometri

Oksidativ fosforylering

Kap. 8
S. 99 → 117

NADH må inn

- kommer ikke inn i matris
- shuttle-system
- malat-aspartat shuttle

Mitokondrier

- matris
- indre membran
 - ATP syntase
 - elektrontransportkjeden
- Matris
- sitronsyresyklus
- β -oksidasjon
- aminosyresoksidasjon
- Cytosol
- glykolysen

NB: reaktive oksygenspesier

- skummle frie radikaler
- $OH \cdot + e^- \rightarrow O_2^- \cdot$
- Superoxid
- dismutase → H_2O_2

Aktiv transport

- fasilitert av protonmotiv kraften

Adeninnukleotid translokase

- integral enzym
- antiport $ATP^{in} \rightarrow ADP^{out}$
- ADP inn
- ATP ut

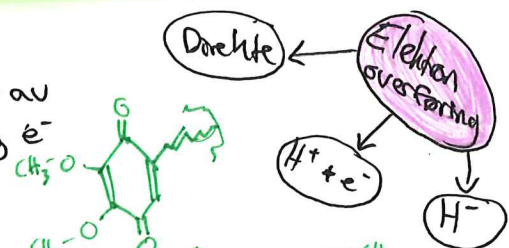
Fosfat translokase

- integral enzym
- symport $H_2PO_4^- \rightarrow H^+$
- fosfat inn

Membranbundne e^- -bærere

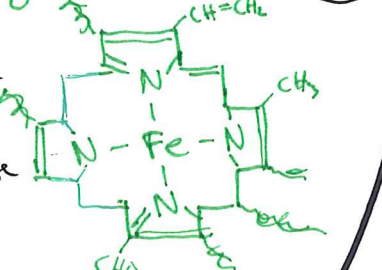
Ubiquinon (koenzym Q)

- e^- -akseptor
- bærer av H^+ og e^-
- lipidløselig benzoquinon



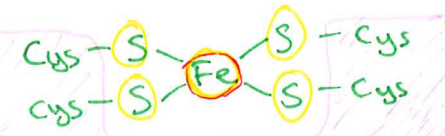
Cytokrom

- inneholder prostetiske heme grupper
- tre klasser: a, b, c
- cytokrom c: noen er løselige
- kovalent



Jern-svovel proteiner

- Fe oksideres eller reduseres

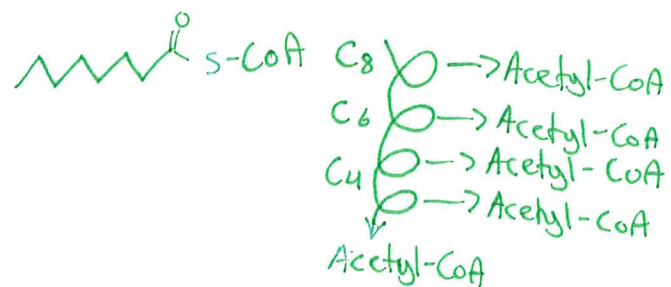


Universelle e^- -akseptorer

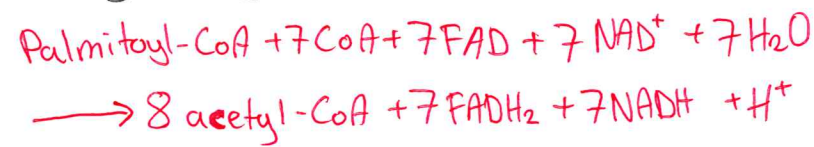
Oksidert form:	Redusert form:
NAD^+	$NADH + H^+$
$NADP^+$	$NADPH + H^+$
FAD	$FADH_2$
FMN	$FMNH_2$

β-oksidasjon

- Dehydrogenering av α og β-karbon i en fettacyl-CoA
- Hydrering av dobbeltbindingen i trans-Δ²-enoyl-CoA C₂=C₃
ps: fumarat-rx i CAL
- Dehydrogenering av l-β-hydroksyacyl-CoA til β-ketoacyl-CoA $\xrightarrow{NAD^+ \rightarrow NADH}$
ps: malat dehydrogenase i CAL
- Kløyning av β-ketoacyl-CoA
β-ketolase (acyl-CoA acetyltransferase) → acetyl-CoA + fettsyre -2C



Energiutbytte



80 ATP

elektrontransport

106 ATP

60% energiutbytte

Oksidasjon av umettede fettsyter

- cis-dobbeltbinding → krever flere rx
isomerase + reduktase

Odd antall C-atomer

- siste trinnet 5C → acetyl-CoA \rightarrow CAC
- propionyl-CoA \leftarrow succinyl-CoA \leftarrow CAC

Absorpsjon av fett

- fett $\xrightarrow{\text{gallsalt}}$ blandede miceller w/ triacylglyceroler
- triacylglycerol $\xrightarrow{\text{lipase}}$ mono- og diglyceroler, frie fettsyter, glycerol
- inn i celler
- triacylglycerol → lipoproteinaggregater
- transport til muskler og fettvev
- triacylglycerol $\xrightarrow{\text{lipoprotein lipase}}$ fettsyter + glycerol
- inn i celler
- i muskler → oksidasjon → energi
 - i fettvev → reestrisifisering → lagring

Fettsyre Katabolisme

Kap 7

s. 89-98

Kilder

- inntak fra kosten
- fettlagre i celler
- fettsyntese

Aktivering + transport → mitokondrier

rett inn < 12 C ← carnitine shuttle

Carnitine shuttle

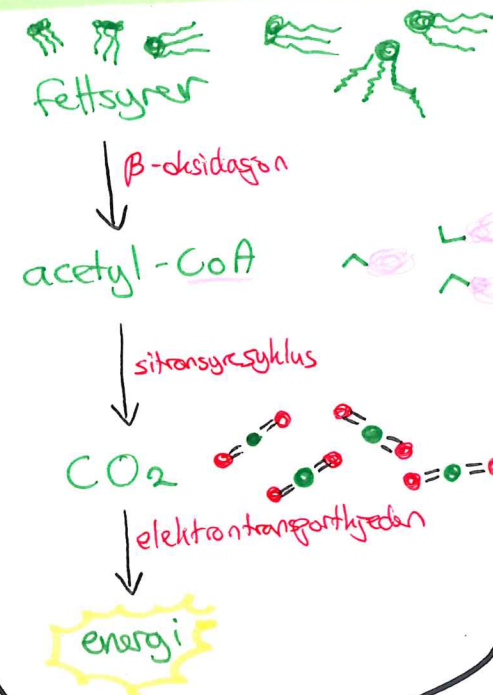
- Esterifisering av koenzym A
 $fettsyre + CoA + ATP \rightarrow$ fettacyl-CoA + AMP + 2P_i
- Transesterifisering til carnitine → inn i matriks
 $fettsyre + carnitine \xrightarrow{\text{carnitine acetyltransferase II}}$ fettacylcarnitine
acylcarnitine transportprotein → inn i matriks
- Transesterifisering tilbake til koenzym A
 $fettacylcarnitine + CoA-SH \rightarrow$ fettacyl-CoA + carnitine

NB: CoA i cytosol vs. CoA i matriks

β-oksidasjon

- fire trinn
- fettsyre oksidasjon

Overordnet bilde



Mobilisering av lagrede f.s.

behov for energi?

hormonsignal → enzymaktivisering

• cAMP → PKA fosforylerer perilipin A



dit de transport

95% energi fra fettsyter

5% fra glycerol → glyseraldehyd-3-fosfat

glykolyse

Proteiner og 3D-struktur

s. 8-20

Foldning og denaturering

Foldning: null struktur → funksjonell struktur 3D

Denaturering: tap av sekundær og tertiærstruktur

(Varme) pH + urea + detogeter
organiske løsningsmidler

Reversibel vs irreversibel denaturering

↓ renaturering

tilbake til native konformasjon

Hvordan bestemme 3D-struktur?

Røntgendiffraksjon

- bestråling av molekylar i et krystallgitter

NMR

- spin
- magnetiske egenskaper
- kan brukes på protein i løsning

Fem viktige aspekter

- 3D-struktur avhenger av aminosyreskvens
- Proteinfunksjon avhenger av 3D-struktur
- Isolert protein → én/få stabile konformasjoner
- H₂O-kovalente interaksjoner stabiliserer strukturen
- Enormt antall proteinstrukturer, MEN enkelte strukturelle mønstre gjentar seg.

Stabilitet

= tendensen til å opprettholde sin native konformasjon S

- Ufoldede proteiner har høy entropi

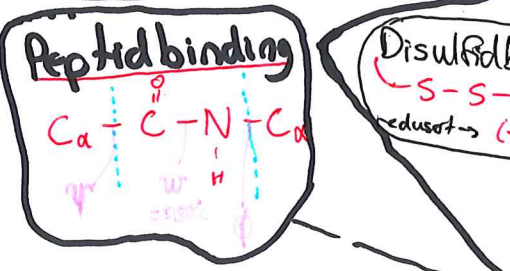
1. Hydrofobiske residuer behøver seg på innsiden av protein, skjult for vann
2. Maksimer antall interne H- og ionebindinger i proteinet.

Proteiner stabiliseres av:

- Disulfidbindinger (-S-S-) redusert → (-SH)
- Hydrofobiske interaksjoner → størst binding - Solvatiseringslag
- H-bindinger → bare positive
- Ioniske interaksjoner → effekt begge veier - saltbro - begrenser fleksibilitet

Konformasjon

- romlig arrangement
- enhver strukturell tilstand som kan oppnås uten å bryte kovalente bindinger
- Native konformasjon → stabil, funksjonell fold



Struktur

Sekundær

→ lokale foldninger i et polypeptid

α-heliks

- vanligste struktur
- optimaliserer interne H-bind.
- høyrehandt & enkeltsving av 3.6 aminosyrer (5.4 Å)
- H-bind stabiliserer α-heliks

- Stabiliteten til α-heliks påvirkes av aminosyreskvensen

1. En aminosyres intrinsiske tilbøyelighet → egenskaper til R-grupper
2. Interaksjoner mellom R-grupper (særlig de 3-4 aminosyrer uan)
3. Større interaksjoner
4. Tilstedeværelse av prolin og glycin
5. Interaksjoner mellom aminosyrer ved helixens ender

β-sheet

→ parallele eller antiparallele silk-sakk polypeptider

→ platestruktur

β-turn

• segmenter som kobler sammen to nabosegmenter i antiparallele β-sheets

- sving på 180° Type I: nr2 = Pro
- 4 aminosyrer Type II nr3 = Gly

Tertiær

- total foldning (3D)
- proteiner med flere underenheter, de har

Fiberproteiner

- bygget opp av repeterende sekundære strukturelementer
- strukturelle funksjoner

α-Keratin

- hår, ull, negler, klør
- parallele α-helikser pakket i nærstående heliks

Kollagen

- sener, bein, hornhinne
- vevstruktur med 3 per turn
- 3 kollagenkæder → høyrehandt heliks

Gly-X-Y

Fibrin

- silke
- mye Ala & Gly
- tettpakket antiparallele β-sheets + sammenfletting av R-grupper
- H-bind & β-sheet + vandtblått mellom lag

Globulære proteiner

→ foldes sammen i en mer kompakt struktur

Ekse

- enzymer
- transportproteiner
- motorproteiner
- immunoglobuliner
- regulatoriske proteiner

Kvartær

multimer protein med flere underenheter

oligomer få underenheter

protomer repeterende strukturell enhet

Ofte symmetri

- ortogonalsymmetri
- hellessymmetri

sin tertiære struktur

motiv = gjentakelige foldingsmønstre

β-α-β-loop

β-barrel

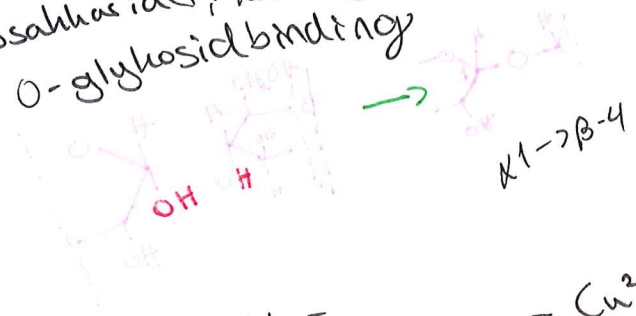
domene = stabil del uavhengig av resten

Regulering

1. Hydrofobiske interaksjoner er bare
2. α-helikser og β-sheets er ofte i ulike lag
3. Nabosegmenter ofte ved siden av hverandre
4. Koblinger mellom vanlige sekundære elementer kan ikke danne knuter
5. β-konf. mest stabil nær segmenter svært vridd i høyrehandts-retning

Disakkarider

Oligosakkarider, kort kæde med O-glykosidbinding H_2O



Reduserende sukker
 - sukker som kan reducere Cu^{2+}
 - glukose
 - oksidation af karbonylgruppe

Typisk $(CH_2O)_n$
 + N, S, P

Karbohydrater

s. 34-41

Polysakkarider

(glykaner)

• polymer av monosakkarider

HOMO
 - kun én monomer
 * stivelse
 * glycogen
 * cellulose
 * kitin

HETERO
 - flere typer monomer
 • ingen fast størrelse eller længde

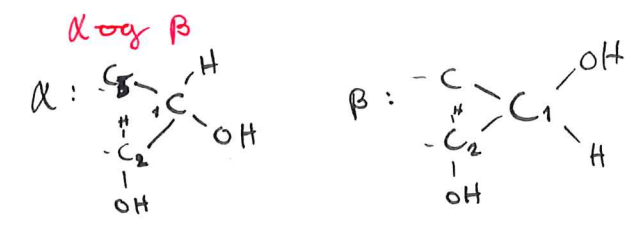
- energilagere
 - stivelse
 - glycogen (nur forenet)
- strukturelle
 - cellulose ($\beta 1 \rightarrow 4$)
 - stivelse ($\alpha 4 \rightarrow 4$)
 - kitin ($\beta 1 \rightarrow 4$)

Monosakkarider

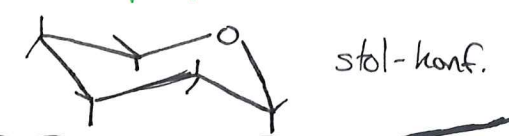
Aldoser $+ x \cdot OH$ Ketoser $+ x \cdot OH$ D- L-

Varkest = heksoser
 Nesten alle har kirale C - atom
 2^n stereoisomerer
 n = antal kirale C

Enantiomere: spejlbilde
 Epimerer: skilt ved et kiralt center
 Dannelse av syklisk struktur
 Karbonyl + OH \rightarrow hemiacetal, hemiketal



C_1 = hemiacetalkarbon = anomert karbon
 Anomere: epimer om anomert karbon
 Mutarotation i vandig løsning
 - Interkonvertering av α og β
 Haworth-perspektiv formler



Fettsyresyntase (FAS)

en firetrinnsreaksjon

NADPH er reduksjonsmiddel

FAS I - virveldyr og sopp

FAS II - planter og bakterier

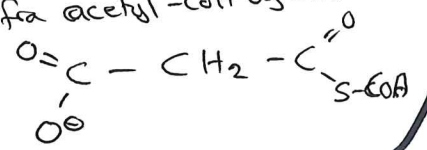
ACP: acylbærende protein

- 1 Kondensasjon
- 2 Reduksjon av karbonylgruppen
NADPH er e⁻-donor
- 3 Dehydrering
- 4 Reduksjon av dobbeltbindingen

malonyl-CoA

-trekarbonintermediat

- fra acetyl-CoA og bilerbasat



Hvor?

- cytosol
- kloroplast

Fettsyresyntese / anabolisme

Palmitat

produkt av FAS

Biosyntese av triacylglyseroler

overskudd av karbohydrater
→ triacylglyseroler som lagres i fettvev