

Aminosäuren und Proteine

Teil 2: Proteine

Berthold Gaßmann, Nuthetal

Neue Erkenntnisse haben in den letzten Jahren das Grundlagenwissen im Bereich Ernährung stark erweitert. Das war Anlass, das erstmals vor zehn Jahren in der Ernährungs-Umschau erschienene „Basiswissen aktualisiert“ zu überarbeiten. Weitere Artikel werden folgen und komprimiert Grundlagenwissen über Nährstoffe vermitteln.

Definition und Bedeutung

Proteine (griech. πρωτεϊος [*proteios*] = erstrangig) oder Eiweiße sind die wichtigsten funktionellen und strukturellen Komponenten aller Körperzellen. Sie bestehen aus linearen Peptidketten, bei denen proteinogene Aminosäuren (AS) durch Amidbindungen zwischen der Carboxylgruppe einer AS und der Aminogruppe einer nächsten miteinander verknüpft sind (Abb. 1). Bei 2 bis 9 AS spricht man von Oligopeptiden, bei 10 bis 100 von Poly- und bei mehr als 100 von Makropeptiden oder Proteinen. Die Gesamtheit der in einer Zelle vorhandenen Proteine wird als *Proteom* bezeichnet.

Mengenmäßig bestreiten Proteine im menschlichen Körper den größten Anteil aller organischen Verbindungen (10 kg/70 kg Körpermasse beim Mann). Sie fungieren u. a. als Enzyme, Hormone, Transport-, Zellerkennungs-, Rezeptor- und Speichermoleküle in Blut und Geweben, als Kontraktionselemente in der Muskulatur, als Antikörper im Immunsystem, als Gerinnungsfaktoren im Blut sowie als Gerüst- und Stützsubstanzen im Bindegewebe und in Knochen, Nägeln und Haaren. Eine adäquate Proteinzufuhr mit der Nahrung ist darum gleichermaßen für die zelluläre Integrität und Funktion wie für die menschliche Gesundheit und

Reproduktion erforderlich. Proteine sind komplexere und variabelere Energiequellen als Kohlenhydrate und Fette. Sie kommen auch weit mehr als diese im Verbund mit anderen Nährstoffen vor. Da ihr Stickstoffgehalt rund 16% der Trockenmasse beträgt, wird der Stickstoff-Stoffwechsel meist mit dem Protein-Stoffwechsel gleichgesetzt. Außer Kohlenstoff, Sauerstoff, Wasserstoff und Stickstoff enthalten Proteine als Minorelemente noch Schwefel und Selen.

Struktur und Funktion

Die wichtigste Beurteilungsgröße für Proteine ist ihre AS-Zusammensetzung. In Hinsicht auf Funktionalität, Verdaulichkeit und Verwertbarkeit ist darüber hinaus die durch primäre, sekundäre, tertiäre und quartäre Strukturen gekennzeichnete räumliche Anordnung der AS ein bedeutsames Merkmal. Die als Peptidbindung bezeichnete AS-Verknüpfung ist im neutralen pH-Bereich hydrolyseresistent, planar, ungeladen und besitzt sowohl einen Wasserstoffdonator (NH-Gruppe) als auch einen Wasserstoffakzeptor (CO-Gruppe). Die sich daraus ergebende Möglichkeit der Bildung von Wasserstoffbrücken sowie die Lokalisation von Thiolgruppen als Verknüpfungstellen für Disulfidbrücken, ins-

besondere jedoch die Anzahl und Sequenz der AS in der gestreckten Polypeptidkette machen die *Primärstruktur* aus. Die Wechselwirkung benachbarter chemisch-funktioneller Gruppen führt zu einer Konformation, die man als *Sekundärstruktur* bezeichnet, differenziert nach einer α -Helix-Anordnung (dicht verdrehter Stab) und einer β -Faltblattstruktur (über zwei oder mehr Wasserstoffbrücken vernetzte Stränge). Durch hydrophobe, ionische und van-der-Waalsche-Wechselwirkungen ergibt sich daraus die *Tertiärstruktur*; diese ist biologisch am aktivsten. Ihre Kenntnis liefert u. a. Angaben über die räumliche Anordnung reaktiver AS-Reste, z. B. im aktiven Zentrum von Enzymen oder im Antigenbindungsort von Antikörpern. Durch Aggregation oder Assoziation mehrerer, als Untereinheiten (Protomere) betrachteter Polypeptidketten entsteht schließlich meist mittels nicht kovalenter Bindungen die *Quartärstruktur* (Abb. 2). Auf diese Weise werden beim Menschen relative Molekülmassen von 50 bis zu vielen Tausenden kDa erreicht. Die dreidimensionale Struktur und damit auch die biologischen Eigenschaften eines Proteins ergeben sich allerdings allein schon aus der AS-Sequenz (Primärstruktur).

Viele komplexe Proteine können ihre physiologische Struktur nicht ohne Mitwirkung so genannter Chaperone ausbilden. Diese binden sich an neu gebildete (oder auch beschädigte) Aminosäurenketten und verhelfen ihnen durch Regulierung der Proteinfaltung zur funktionstüchtigen Konformation. Bei partiellen oder vollständigen, reversiblen oder irreversiblen Änderungen der nativen Raumstruktur auf den Ebenen der Quartär-, Tertiär- und Sekundärstruktur kommt es zu ei-

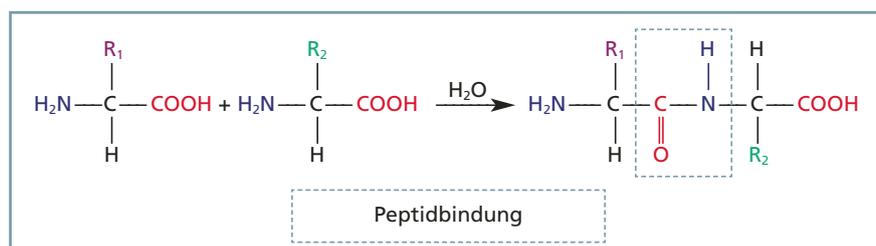


Abb. 1: Peptidbindung von zwei Aminosäuren

ner Denaturierung von Proteinen. Verursacht wird dies durch die Lösung von nicht kovalenten, d. h. Ionen- und hydrophoben Bindungen sowie von Wasserstoffbrücken als Folge physikalischer oder chemischer Einflüsse (Temperaturänderung, Scherkräfteeinwirkung, Vergrößerung der Phasengrenzfläche oder Zusatz von organischen Lösungsmitteln, Salzen, Harnstoff, Guanidinhydrochlorid und Detergenzien). Dadurch verändern sich bis zum vollständigen Verlust die chemisch-physikalischen Eigenschaften und bei biologisch aktiven Proteinen die jeweiligen Aktivitäten.

Biosynthese

Das Zusammenfügen der AS in einer bestimmten Sequenz ist genetisch vorgegeben. Es erfolgt nach Transkription der genetischen Information (Nucleotidsequenz der DNA) in die komplementäre Basensequenz einer messenger-RNA (mRNA). Die Information eines Gens, das den Bauplan für ein Protein enthält, ist auf der mRNA als Aufeinanderfolge von Basen-Triplets gespeichert. Jeweils ein Triplet codiert die Übersetzung einer Aminosäure; es wird als *Codon* bezeichnet. Die mRNA wandert anschließend ins Zellplasma und lagert sich an Ribosomen an. Dort werden in einem als *Translation* bezeichneten mehrschrittigen Verfahren durch ein koordiniertes Zusammenspiel von mRNA, Transportmolekülen (tRNA), Aminosäuren, Enzymen, Proteinfaktoren und Energielieferanten (ATP, GTP) die Proteine gebildet. Zunächst werden die tRNA im Zytosol mit Hilfe von Aminoacyl-tRNA-Synthetasen an ihrem 3'-Ende mit einer bestimmten Aminosäure beladen. Mit einem passenden Gegenstück, dem Anticodon, docken die so „aktivierten“ tRNA hierauf an dem für sie spezifischen der insgesamt 61 unterschiedlichen, für die proteinogenen AS verwendeten Codons der mRNA an (Abb. 3).

Wenn sich auf dem aktiven Zentrum des Ribosoms das erste Codon mit dem komplementären Anticodon gepaart hat, wird die an die zugehörige tRNA gebundene erste Aminosäure auf dem Ribosom fixiert. Dann rutscht die mRNA um die Position eines Codons weiter, worauf sich diejenige tRNA mit der Aminosäure anlagert, deren Anticodon mit dem zweiten Codon der mRNA zusammenpasst. Am Bindungsort des Ribosoms für Aminosäuren erfolgt dann die Verknüpfung der beiden ersten aufeinander folgen-

Abbildungen: grafikramer

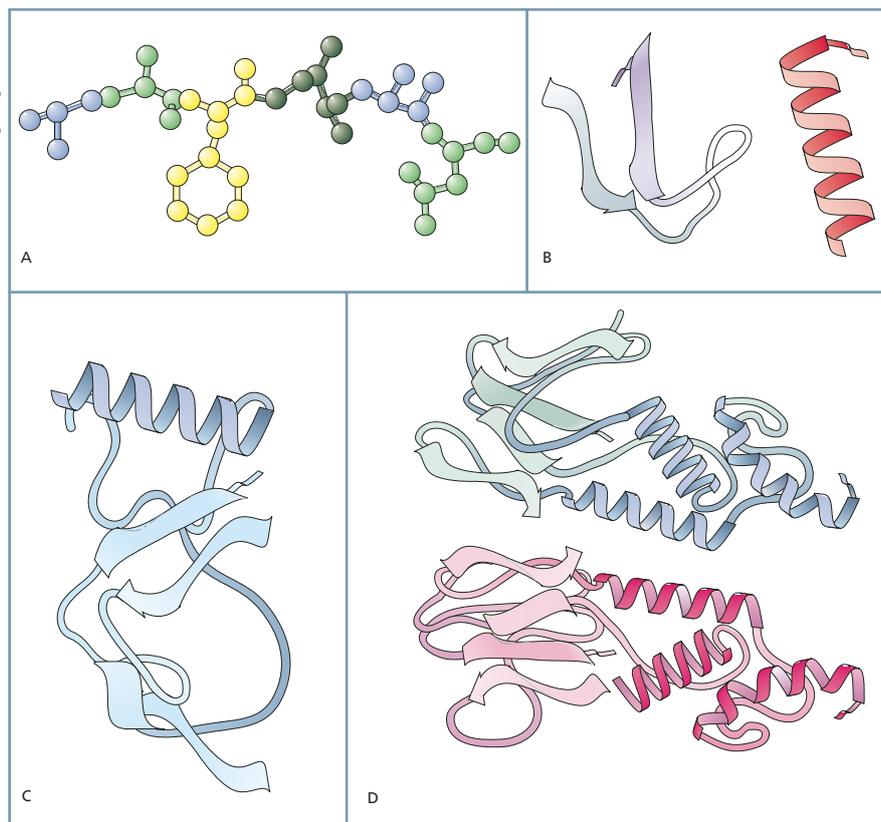


Abb. 2: Die vier Ebenen der räumlichen Proteinstruktur (schematische Darstellung): A: Primärstruktur, B: Sekundärstruktur (β-Faltblatt links, α-Helix rechts), C: Tertiär-, D: Quartärstruktur.

den Aminosäuren durch eine Peptidyl-Transferase, und die erste tRNA verlässt ohne Aminosäure das Ribosom. Codon für Codon wird das Verfahren auf diese Weise fortgesetzt, bis ein in der mRNA eingefügtes *Stopp-Codon* erreicht wird. An dieses kann kein vorhandenes tRNA-Molekül mehr andocken. Damit ist die Information der mRNA am Ribosom vollständig abgearbeitet und in ein Polypeptid übersetzt worden (Abb. 4). Das neu gebildete Protein löst sich schließlich vom Ribosom und faltet sich meistens gleich so zusammen, dass die vorbestimmte räumliche Struktur entstehen kann. Eine mRNA wird mehrfach abgelesen und danach wieder in (Ribo-) Nucleotide zerlegt. Die neuen Proteine erhalten von den Ribosomen zusätzlich so genannte Signalpeptide, die sie an den Einsatzort dirigieren.

Klassifizierung und chemische Eigenschaften

Unter Berücksichtigung der dreidimensionalen Struktur und der Löslichkeit unterscheidet man grundsätzlich zwischen globulären Proteinen (kugelförmig, wasserlöslich, sog. Sphä-

roproteine) und fibrillären Proteinen (faserförmig, nicht wasserlöslich, sog. Skleroproteine). Bei den Skleroproteinen ist die gesamte Peptidkette in einer einzigen regulären Struktur angeordnet, beispielsweise beim Wollkeratin als α-Helix, beim Seidenfibroin als β-Struktur und beim Kollagen als Tripelhelix. Bei den globulären Proteinen (z. B. Casein oder Myoglobin) hingegen wechseln reguläre (z. B. Helices) mit irregulären Abschnitten sowie α-Helices mit β-Strukturen. Spezielle Sphäroproteine des Zellkerns sind Histone und Protamine. Zu den Skleroproteinen zählen Bestandteile von Sehnen, Bindegeweben, Gefäßen und Haaren (Kollagene, Elastine, Keratine).

Die wichtigsten chemisch abgrenzbaren und auch in Lebensmitteln vorkommenden Gruppen von Proteinen sind

- *Albumine* (löslich am isoelektrischen Punkt; z. B. in Blut, Milch, Ei, Weizen, Leguminosen),
- *Globuline* (löslich in Natriumchlorid- und verdünnter Alkali-Lösung; z. B. in Blut, Getreide, Soja, Muskel Fleisch),
- *Prolamine* (ethanollöslich; z. B. in Pflanzen, vorzugsweise Getreide wie

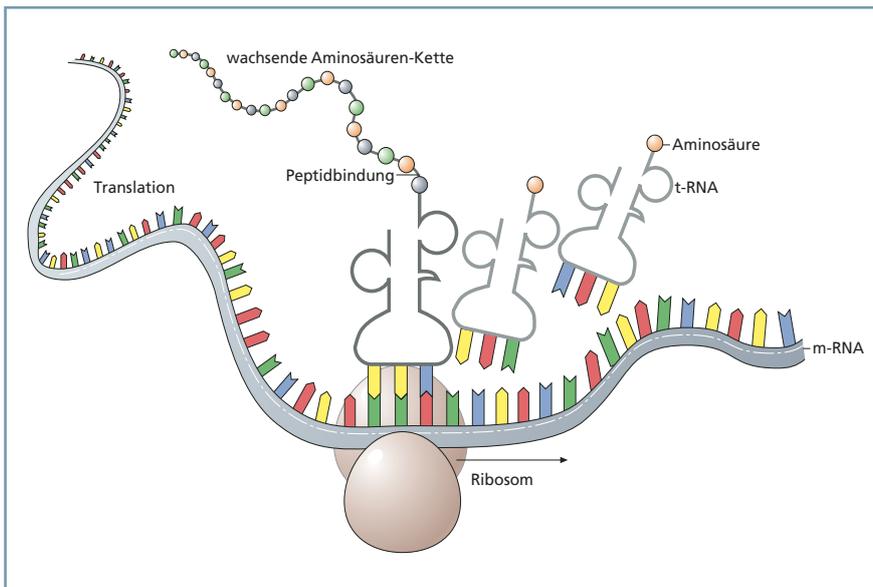


Abb. 3: Die Translation im Zytoplasma: tRNA tragen Aminosäuren zum Ribosom, wo sie an wachsende Peptidstränge angehängt werden

Gliadin im Weizen und Zein im Mais) und

■ **Gluteline** (extrahierbar mit Wasser und Salzlösung; z. B. in Weizen, Roggen, Gerste).

Komplexe (konjugierte) Proteine, früher als Proteide bezeichnet, enthalten funktionelle Komponenten wie

- DNA und RNA (*Nucleoproteine*),
- Phosphor (*Phosphoproteine*; Caseine, Ovovitelline),
- Eisen-/Magnesium-Porphyrinkomplexe (*Chromoproteine*; Häm- und Myoglobin, Cytochrome, Peroxidasen, Katalase, Chlorophyll),
- Kohlenhydrate (*Glykoproteine*; *Mucine* [Glukosaminoglykane] und *Lektine*),

■ Lipide (*Lipoproteine*; Chylomikronen, HDL, LDL, VLDL, Lipoprotein (a); Membranbausteine) oder

■ Metalle (*Metalloproteine*; Coeruloplasmin, Ferritin, Hämosiderin, Transferrin, Carboxypeptidase, Xanthinoxidase, Malatenzym u. a.).

Entsprechend ihrer Molekülgröße und -gestalt gehören Proteine zu den Kolloiden. Sie dialysieren nicht, sind nicht imstande, echte Lösungen zu bilden, und weisen eine relativ hohe Viskosität auf. Ihre für die Pufferwirkung in biologischen Systemen bedeutsame Ampholytnatur beruht auf der gleichzeitigen Anwesenheit freier saurer wie basischer Gruppen. Der Ladungszustand des gesamten Moleküls hängt vom

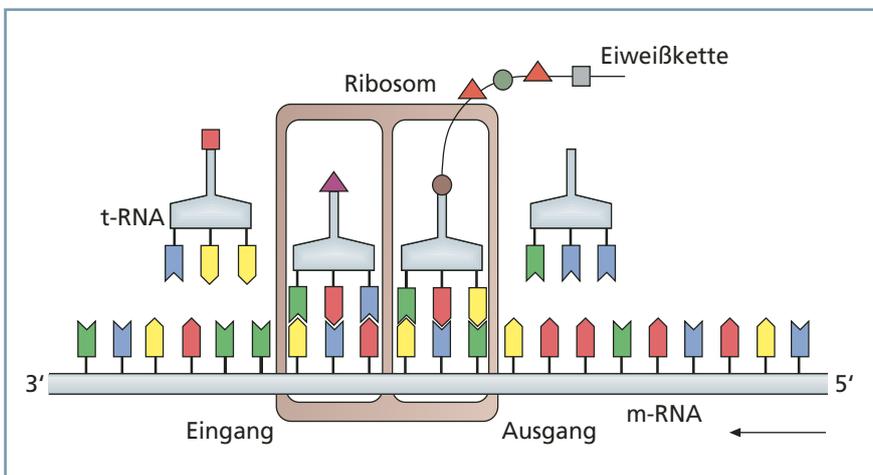


Abb. 4: Bei der Translation wird die Reihenfolge der Nukleotide einer mRNA in die von Aminosäuren „abgeschrieben“

pH-Wert der Lösung ab. In der am isoelektrischen Punkt vorliegenden Zwitterionenform erreichen Löslichkeit und Hydratation ein Minimum. Die Hydratation globulärer Proteine ermöglicht den Einschluss hydrophober Substanzen und deren Schutz vor Ausflockung. Diese Schutzkolloidfunktion ist u. a. für die Stabilisierung von Körperflüssigkeiten wichtig. Hohe Konzentrationen von Neutralsalzen entfernen die Hydrathülle und haben ein Ausflocken zur Folge (Aussalzeffekt). Umgekehrt benötigen verschiedene Proteine wie Serumglobuline zum Verhindern ihrer Ausfällung geringe Salzkonzentrationen. Dieser Ein-salzeffekt kommt durch Zurückdrängen von (geordneten) Assoziationen und (ungeordneten) Aggregationen zustande.

Bei unlöslichen Proteinen ist ein der Hydratation entsprechender Vorgang die Quellung. Infolge der Einlagerung von Wasser in die Proteinstrukturen kommt es zu teilweise erheblichen Volumenvergrößerungen und zu Änderungen funktioneller Eigenschaften, die sich auf die Technologie der Lebensmittelherstellung und -verwendung auswirken. Außer den bereits genannten (Löslichkeit [Auslaugungen], Viskosität [legierte Suppen], Wasserbindung [Wurstbrät, Teige]) zählen dazu

- das Bilden und Stabilisieren von Schäumen (Dispersionen von Gasen in Flüssigkeiten wie Bier und Desserts),
- das Ausformen von Gelen (disperse Systeme, in denen Proteine wie Gelatine ein kohäsives Netzwerk garantieren) oder von Filmen (Überzugsmassen),
- das Ermöglichen von Emulsionen (disperse Systeme aus zwei oder mehreren nicht mischbaren Flüssigkeiten, z. B. Milch, Margarine, Mayonnaise, Soßen),
- das Texturieren und Strukturieren von Proteinen (beispielsweise das Ausformen kaubarer Gebilde zu „fleischartigen“ Fasern) sowie
- die Koagulierbarkeit und Bräunung durch das Einwirken von Hitze (Backwaren).

Verdauung und Stoffwechsel

Bei der Verdauung werden Proteine durch gastrointestinale Enzyme bis zu den einzelnen Aminosäuren sowie absorptionsfähigen Di- und Tripeptiden hydrolytisch gespalten. Dies beginnt

im Magen mit einer Denaturierung der Proteine und einer Aktivierung von Pepsinogenen durch die Magensäure und endet mit Peptidspaltungen an der Bürstensaum-Membran und im Zytoplasma der Dünndarmmukosa. Die wesentlichsten, am Verdauungsvorgang beteiligten Enzyme sowie deren Vorstufen, Substrate und Spezifität sind in Tabelle 1 aufgeführt. Mit bis zu 95 % können die Verdauung und Absorption von Proteinen äußerst effektiv sein. In die Bilanz gehen immer auch ins Darmlumen sezernierte Proteine und Enzyme sowie die Proteine abgeschilfter Darmzellen ein. Summarisch sind das etwa 70 g/Tag.

Anders als die kurzkettigen Peptide, deren Absorption stets mit einer Kopplung von Wasserstoffionen und nachfolgender Hydrolyse im proximalen wie distalen Dünndarm abläuft, erfolgt die der AS nach differenten Mechanismen im Duodenum und Jejunum. Im Unterschied zu den Peptiden werden die AS dabei mittels einer Vielzahl spezifischer Systeme vorwiegend aktiv durch die Darmwand transportiert. Mindestens 5 von ihnen hängen von Natriumionen und ATP ab. Etwa 5 % der AS verlassen die Mukosazelle in Form bereits dort endogen synthetisierter Proteine. In geringen Mengen können ebenso exogene Proteine absorbiert werden. Das trifft besonders für Säuglinge und die Aufnahme von Immunglobulinen aus der Muttermilch zu. Sonst hingegen halten immunkompetente Zellen exogene Pro-

teine wegen ihrer AS-Sequenz für Fremdkörper. Demzufolge provozieren sie z. B. eine IgA- und IgG-Sekretion und ermöglichen dadurch einen wichtigen Schutzmechanismus. Lebensmittelallergien sprechen mit ihren Überempfindlichkeitsreaktionen dafür, dass auch größere Bruchstücke und selbst ganze Proteinmoleküle die Darmwand passieren können.

Vergleichbar dem über die AS erfolgenden Umsatz von exogenen Proteinen, die zum Erhalten des Körperbestandes und der Funktionstüchtigkeit benötigt werden, erfolgt der Um- und Abbau der endogenen Proteine. Der Proteinstoffwechsel erklärt sich dementsprechend und prinzipiell mit dem Aminosäurestoffwechsel. Dieser ist ausführlich im Teil 1 erläutert worden (vgl. Ernährungs-Umschau 53 (2006) S. 137–141). Energetisch beansprucht der Protein-Turnover des Erwachsenen (300 g/Tag) normalerweise 20 % des Grundumsatzes.

Bedarf, empfohlene Zufuhren und Versorgungszustand in Deutschland

Die Gleichheit von AS- und Proteinstoffwechsel macht verständlich, dass es einen biochemisch begründeten Bedarf nur für AS gibt. Dennoch werden Empfehlungen für die Proteinzufuhr formuliert, weil die Deckung des AS-Bedarfs normalerweise mit Nahrungsproteinen unterschiedlicher AS-

Zusammensetzung erfolgt und nicht mit definierten Gemischen von AS und/oder direkten Vorläufern von AS, soweit es sich um konditionell unentbehrliche handelt.

Trotz kontroverser Diskussionen dient seit Jahrzehnten zur Bestimmung des AS- wie des Proteinbedarfs die Stickstoff-Bilanzmethode. Sie geht davon aus, dass sich bei einer ausgeglichenen Bilanz Aufnahmen und Abgänge von Stickstoff im Gleichgewicht befinden (Bilanz = Aufnahmen – Verluste = 0).

Als Mindestbedarf wird gewöhnlich die tägliche Menge aller Stickstoffverluste betrachtet, die man bei einer proteinfreien Kost erfasst. Unter der Prämisse, dass der tägliche Gesamtverlust 54 mg Stickstoff bzw. 0,34 g Protein pro kg Körpermasse beträgt und in einer Population normal verteilt ist, haben WHO und FAO 1985 durch Aufschlagen der zweifachen Standardabweichung den durchschnittlichen Tagesbedarf mit 0,45 g Protein/kg Körpermasse beziffert. Da sich die N-Bilanz nicht linear mit der Proteinzufuhr verbessert und selbst für Volleiprotein eine Verwertung von nur 70 % ermittelt worden ist, hat man den Quotienten um 30 %, d. h. auf 0,6 g Protein/kg und Tag angehoben. In Stickstoffbilanz-Studien sind 0,6 g/kg Körpermasse und Tag auch experimentell als durchschnittlicher Bedarf des Erwachsenen an Proteinen hoher Qualität (Ei, Milch, Fleisch, Fisch) bestimmt und bestätigt worden. Bei den

Tab. 1: Enzyme der Proteinverdauung im Gastrointestinaltrakt

Enzym	Vorstufe	Substrat	Spezifität
gastrale Proteasen			
Gastricin		Proteine	spezifisch für lösliches Casein
Pepsine	Pepsinogene	Proteine	Hydrolyse N-ständiger aromatischer AS
pankreatische Proteasen			
Trypsin	Trypsinogen	Poly-/Oligopeptide	Spaltung C-ständiger Lys- oder Arg-Bindungen u. anderer pankreat. Proenzyme
Chymotrypsin	Chymotrypsinogen	Poly-/Oligopeptide	Hydrolyse C-ständiger Bindungen aromatischer oder neutraler AS
Elastase	Proelastase	Oligopeptide	Abspaltung aliphat. AS (Ala, Gly, Ser)
Carboxypeptidase A	Procarboxypeptidase A	Polypeptide	Abspaltung aromat. AS vom C-terminalen Kettenende
Carboxypeptidase B	Procarboxypeptidase B	Polypeptide	Abspaltung von Arg und Lys vom C-terminalen Kettenende
Peptidasen der Bürstensaum-Membran der Darmmukosa			
Amino-oligopeptidasen		Oligopeptide aus 3–5 AS	C-terminale AS-Abspaltung
Amino-Dipeptidasen		Dipeptide	AS-Abspaltung vom N-terminalen Ende aus Met- oder Gly-haltigen und auch aus anderen Dipeptiden
Peptidasen im Zytoplasma der Darmmukosa			
Endopeptidasen (verschiedene, einschl. Gly-Leu-Dipeptidasen)		Dipeptide	AS-Abspaltung aus den meisten Dipeptiden
Amino-peptidase		Tripeptide	AS-Abspaltung

D-A-CH-Referenzwerten von 2000 hat man ihn auf 0,75 g Protein/kg Körpermasse und Tag erhöht, um in 97,5% der Fälle individuelle Bedarfsschwankungen abzufangen. Darüber hinaus

Tab. 2: Empfohlene Proteinzufuhren in den D-A-CH-Referenzwerten

Alter	g/kg/Tag		g/Tag	
	♂	♀	♂	♀
0 bis < 1 Mo	2,7		12	
1 bis < 2 Mo	2,0		10	
2 bis < 4 Mo	1,5		10	
4 bis < 6 Mo	1,3		10	
6 bis < 12 Mo	1,1		10	
1 bis < 4 J	1,0		14	13
4 bis < 7 J	0,9		18	17
7 bis < 10 J	0,9		24	24
10 bis < 13 J	0,9		34	35
13 bis < 15 J	0,9		46	45
15 bis < 19 J	0,9	0,8	60	46
19 bis < 25 J	0,8		59	48
25 bis < 51 J	0,8		59	47
51 bis < 65 J	0,8		58	46
≥65 J	0,8		54	44
Schwangere ab 4. Mo				58
Stillende				63

ist in Rechnung gestellt worden, dass die Verdaulichkeit von Proteinen in einer gemischten Kost häufig vermindert ist. Die empfohlene Proteinzufuhr für Erwachsene wird deshalb mit 0,8 g/kg Körpermasse und Tag angegeben. Eine zusammenfassende Übersicht aller damit im Zusammenhang stehen-

den D-A-CH-Referenzwerte für die Proteinzufuhr enthält Tabelle 2.

Die Dietary Reference Intakes (DRI) der USA und Kanadas von 2002 basieren dagegen auf einer Metaanalyse aller bis dahin publizierten Ergebnisse von Stickstoffbilanz-Untersuchungen. Um die inter- und intraindividuelle Variabilität und damit die statistische Verteilung des Proteinbedarfs zu berücksichtigen, die potenziellen Einflüsse von Klimazonen, Erwachsenenalter, Geschlecht und Nahrungsproteinquellen auf den individuellen Bedarf zu charakterisieren und unterschiedliche Nahrungsenergieaufnahmen sowie andere Faktoren komplexer Untersuchungen auszuschließen, wurden nur Studien analysiert, die bei mindestens 3 unterschiedlichen Aufnahmen von Testproteinen primär entweder die Bestimmung des Grund- bzw. ausgeglichenen Stickstoffbedarfs oder die Prüfung der Adäquanz spezifischer Stickstoffaufnahmen durch gesunde Erwachsene zum Ziel hatten. Die vom Klima abhängigen obligatorischen N-Verluste über die Haut und andere Wege wurden aus speziell dazu durchgeführten Untersuchungen als feste Größen berechnet und zusätzlich zu den über den Darm und die Nieren ausgeschiedenen Stickstoff-Mengen abgezogen. Weil die Stickstoffbilanz bei individuellen Untersuchungen selten ausgeglichen ist, hat man den individuellen Stickstoffbedarf anhand von Regressionsgeraden interpolierend ermittelt.

Auf diese Weise ist ein geschätzter

Durchschnittsbedarf (Estimated Average Requirement, EAR) von 106 mg N/kg/Tag mit einem Variationskoeffizienten von 12% berechnet worden. Das entspricht einem EAR von 0,66 g Protein/kg/Tag. Als 97,5er Perzentile hat man daraus für gesunde Personen ebenfalls 0,8 g Protein/kg/Tag als Recommended Dietary Allowance (RDA) abgeleitet. Die Zahlenwerte sollen unabhängig vom Alter, Geschlecht und Klima sowie von der Proteinherkunft sein. Sie sind einschließlich der Grammengen pro Tag und der für die Ableitung von Empfehlungen angewandten Kriterien in Tabelle 3 aufgelistet.

In einer ausgewogenen Mischkost entspricht ein Quotient von 0,8 g/kg/Tag gemeinhin einem Anteil des Nahrungsproteins an der Energiezufuhr des Erwachsenen von 8 bis 10%. Gemäß dem Ernährungsbericht von 2004 betragen in der Bundesrepublik Deutschland die durchschnittlichen Proteinzufuhren über alle Altersgruppen bei weiblichen Personen 72 und bei männlichen 80 g/Tag. Das sind im Mittel rund 170% bzw. 160% der D-A-CH-Referenzwerte. Bezogen auf die durchschnittliche Aufnahme von Nahrungsenergie, sind es etwa 13 bzw. 14%.

In den Ausführungen zu den D-A-CH-Referenzwerten wird geraten, die Proteinzufuhr aus Sicherheitsgründen auf 2,0 g/kg Körpermasse und Tag zu begrenzen. Das würde obere Tagesverzehrsmengen von 120 g für Frauen und 140 g für Männer bedeuten. Als Nachteile größerer Verzehrsmengen werden eine Beschleunigung der mit zunehmendem Alter auftretenden Glomerulosklerose und eine Begünstigung der Osteoporose diskutiert. Vorteile werden demgegenüber in der Sportlerkost, epidemiologisch in der Prävention von Hypertonie und KHK sowie im Zusammenhang mit fett- und proteinreichen Reduktionsdiäten gesehen. Unstrittig sind jedoch weder Nutzen noch Risiken einer proteinreichen Ernährung.

Beurteilung der Qualität von Nahrungsproteinen

Wegen der unterschiedlichen AS-Zusammensetzung kann immer nur so viel Körperprotein aus Nahrungsproteinen synthetisiert werden, wie es deren Konzentration an der defizitärsten AS zulässt. Diese wird als *limitierende Aminosäure* bezeichnet. Sie bestimmt den Wert eines Nahrungsproteins. Zu

Tab. 3: Kriterien und altersabhängige amerikanisch-kanadische DRI-Werte für Protein (AI: Adequate Intake, RDA: Recommended Dietary Allowance, EAR: Estimated Average Requirement)

Alter	Kriterium	AI oder RDA (g/Tag)		EAR (g/kg/d)		RDA (g/kg/d)	
		♂	♀	♂	♀	♂	♀
0 bis 6 Mo	Muttermilch	9,1	9,1 (AI)				1,52 (AI)
7 bis 12 Mo	N-Gleichgewicht + Proteineinlagerung	13,5	13,5	1,10	1,10	1,50	1,50
1 bis 3 J	N-Gleichgewicht + Proteineinlagerung	13	13	0,88	0,88	1,10	1,10
4 bis 8 J	N-Gleichgewicht + Proteineinlagerung	19	19	0,76	0,76	0,95	0,95
9 bis 13 J	N-Gleichgewicht + Proteineinlagerung	34	34	0,76	0,76	0,95	0,95
14 bis 18 J	N-Gleichgewicht + Proteineinlagerung	52	46	0,73	0,71	0,85	0,85
>18 J	N-Gleichgewicht	56	46	0,66	0,66	0,80	0,80
Schwangere ¹ 14 bis 50 J	N-Gleichgewicht + Proteineinlagerung		71		0,88		1,10
Stillende 14 bis 50 J	N-Gleichgewicht + Milchsekretion		71		1,05		1,10

¹2. und 3. Trimester

Tab. 4: Aminosäurebedarfsmuster für alle Personen ≥ 1 Jahr

Aminosäure	mg/g Protein ¹	mg/g N
Histidin	18	114
Isoleucin	25	156
Leucin	55	341
Lysin	51	320
Methionin + Cystein	25	156
Phenylalanin + Tyrosin	47	291
Threonin	27	170
Tryptophan	7	43
Valin	32	199

¹Protein = N x 6,25

dessen Beurteilung haben WHO und FAO ein ideales AS-Bedarfsmuster (mg/g Rohprotein) definiert, mit dem die Gehalte (mg/g) eines Nahrungsproteins an AS ins Verhältnis zu setzen sind. Der auf diese Weise errechnete *Amino Acid Score* (AAS) wird dann mit der wahren Proteinverdaulichkeit (WV = N-Aufnahme - [N_{Faeces} - N_{Faeces endogen}] / N-Aufnahme) multipliziert. Diese müsste eigentlich tierexperimentell bestimmt werden, wird jedoch zu meist Tabellenwerken entnommen. (N_{Faeces endogen} ist die Stickstoffausscheidung mit den Faeces bei proteinfreier Fütterung.) Die so erhaltenen Zahlen ergeben den „*Protein Digestibility Corrected Amino Acid Score*“ (PDAAS). Mit ihm kann auf einfache Weise eine routinemäßige Proteinbewertung vorgenommen werden. Sie deckt sich jedoch nicht mit der durch die „*Biologische Wertigkeit*“ (BW) von Nahrungsproteinen vorgenommenen; diese wird nämlich (vornehmlich im Tierversuch) aus der *Nettoproteinverwertung* (NPU = Netto Protein Utilisation) und der Verdaulichkeit von Nahrungsproteinen ermittelt: $BW = N\text{-Aufnahme} - (N_{\text{Faeces}} - N_{\text{Faeces endogen}}) - (N_{\text{Urin}} - N_{\text{Urin endogen}}) / \text{Aufnahme an verdaulichem N}$.

NPU und BW treffen beide Aussagen über den Anteil des mit der Nahrung zugeführten Proteins (Stickstoffs), der für den Aufbau von Körperprotein verwendet wird. Während sich die NPU auf die gesamte Zufuhr an Protein (N-Aufnahme) bezieht, trifft dies für die BW hingegen nur auf den verdaulichen Anteil (absorbierte Stickstoffmenge) zu. Der große Vorteil der PDAAS-Methode ist es, außer einer Proteinbewertung auch eine Ermittlung der aktuell limitierenden AS zu erlauben und damit zusätzlich Aufschluss über den Ergänzungswert eines Nahrungsproteins zu geben. Das

ist für Proteinkombinationen und insbesondere für Entwicklungsländer von erheblicher Bedeutung.

Bei der Formulierung der amerikanischen-kanadischen DRI von 2002 ist für die PDAAS-Methode als mit der wahren Verdaulichkeit zu korrigierendes Aminosäurebedarfsmuster das in Tabelle 4 für alle Altersgruppen über ein Jahr aufgeführte vorgeschlagen worden. Das bisher stets verwandte der WHO/FAO galt eigentlich nur für Vorschulkinder. Es wurde jedoch üblicherweise auch für Erwachsene herangezogenen. Die in die PDAAS-Berechnung eingehende wahre Verdaulichkeit wird allerdings weiterhin, wie vorstehend beschrieben, an der Ratte bestimmt.

Proteine tierischer Herkunft, wie sie in Fleisch, Fisch, Eiern, Milch und Produkten daraus vorliegen, tragen zur Versorgung mit allen 9 unentbehrlichen Aminosäuren bei und werden in den DRI deshalb als „vollkommene Proteine“ (complete proteins) bezeichnet. Dementsprechend gelten Proteine pflanzlicher Herkunft, die ein Defizit an einer oder an mehreren unentbehrlichen Aminosäuren aufweisen, als „unvollkommene Proteine“ (incomplete proteins).

Weiterführende Literatur:

1. Caballero B, Allen L, Prentice A (eds.): Encyclopedia of Human Nutrition. Elsevier Academic Press, Amsterdam u. a. 2005
2. Hahn A, Ströhle A, Wolters M: Ernährung. Physiologische Grundlagen, Prävention, Therapie. Wiss. Verlagsgesellschaft mbH, Stuttgart 2005
3. Rehner G, Daniel H: Biochemie der Ernährung. Spektrum Akad. Verl., Heidelberg, Berlin, 2. Aufl. 2002
4. DGE, ÖGE, SGE, SVE: D-A-CH-Referenzwerte für die Nährstoffzufuhr. UMSCHAU/BRAUS GmbH Frankfurt/M. Nachdruck der 1. Aufl. 2001
5. Institute of Medicine of the National Academies: Dietary Reference Intakes for Energy, Carbohydrate, Fiber, Fat, Fatty Acids, Cholesterol, Protein, and Amino Acids. The National Academies Press, Washington, D. C., 2002
6. Gaßmann B: Dietary Reference Intakes: Übersicht, Kommentar und Vergleich mit den D-A-CH-Referenzwerten für Protein und Aminosäuren. Ernährungs-Umschau 50 (2003) 178-183
7. Kasper H: Ernährungsmedizin und Diätetik. Urban & Fischer Verlag, München, Berlin, 10. Aufl. 2004

Anschrift des Verfassers:
Prof. Dr. Berthold Gaßmann
 Jean-Paul-Str. 12
 14558 Nuthetal