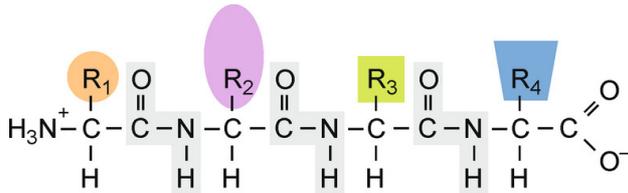


Die AS-Sequenz eines Proteins wird als **Primärstruktur** bezeichnet. Mit den heute zur Verfügung stehenden Verfahren liefert sie noch wenig Anhaltspunkte über die räumliche Anordnung (= Raumstruktur) von Proteinen.



Mit Hilfe moderner Analyseverfahren (z. B. Röntgenstruktur-Analyse) können genauere Einblicke der räumlichen Anordnung gewonnen werden.

Es wird von drei weiteren Ebenen ausgegangen:

Sekundärstruktur

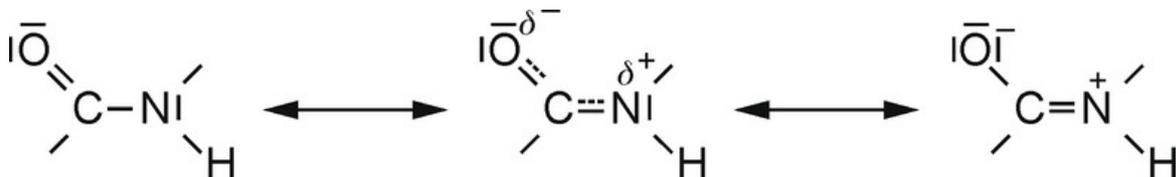
Tertiärstruktur

Quartärstruktur

Zuerst noch mal zurück zur Peptidbindung:

Bisher haben wir die Peptidbindungen als Rückgrat von Peptid- oder Proteinketten als Einfachbindungen gezeichnet. Tatsächlich stellt diese Darstellungsweise nur eine mesomere Grenzstruktur der Peptidbindung dar, die infolge der Elektronenverteilung zwischen der C=O-Bindung und der NH-Bindung den Charakter einer partiellen Doppelbindung erhält. Aus diesem Grund ist die Peptidbindung ein entscheidendes strukturgebendes Element.

Mesomere Grenzstrukturen der Peptidbindung:



Sekundärstruktur:

Lange Polypeptidketten können sich räumlich anordnen:

Wasserstoff-Brückenbindungen zwischen den C=O- und NH-Gruppen der Peptidketten stabilisieren diese räumliche Anordnung.

Man unterscheidet 2 Formen: α-Helix und β-Faltblattstruktur

α-Helix:

Polypeptidkette in Form einer rechtsgewundenen Schraube, entdeckt in α-Kreatinen, den fibrillären Proteinen in Haaren

β-Faltblattstruktur:

Peptidkette in Zick-Zack-Form gefaltet, je nach Richtung der Polypeptid-Ketten wird von parallelen bzw. antiparallelen Faltsblättern gesprochen.

Tertiärstruktur:

ist eine weitere räumliche Anordnung der Proteine. Sie beschreibt die Ausbildung der stabilen Raumstruktur monomerer Proteine, die aus Kombinationen von α -Helices und β -Faltblättern sowie den dazwischen liegenden Schleifen und anderen Strukturelementen besteht.

Zur Ausbildung der Tertiärstruktur kommt es durch Wechselwirkungen zwischen den Aminosäure-Seitenketten:

- Wasserstoff-Brücken
- hydrophobe Wechselwirkungen
- Ionenbindungen
- Disulfidbrücken

Quartärstruktur:

Mehrere identische Proteinketten mit eigener Primär-, Sekundär- oder Tertiärstruktur treten zu einer Funktionseinheit zusammen.

Viele Proteine des menschlichen Organismus sind dimer (2 Funktionseinheiten) oder tetramer, die Anzahl kann aber auch wesentlich größer sein.