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 Faltblättern 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.