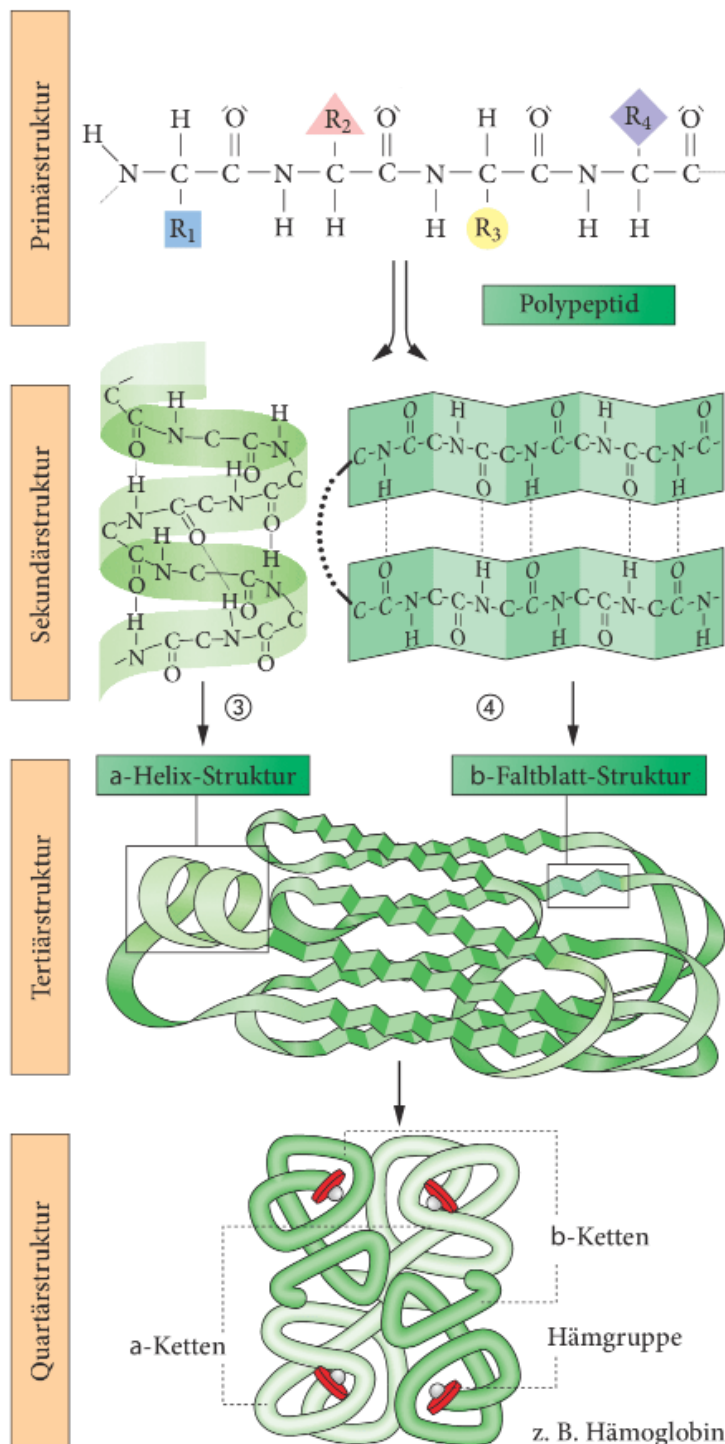


Strukturebenen des Proteinaufbaus



Verschiedene Peptide unterscheiden sich in Anzahl, Art und Abfolge und damit in der Sequenz der Aminosäuren. Die Aminosäuresequenz eines Peptids wird als dessen **Primärstruktur** bezeichnet.

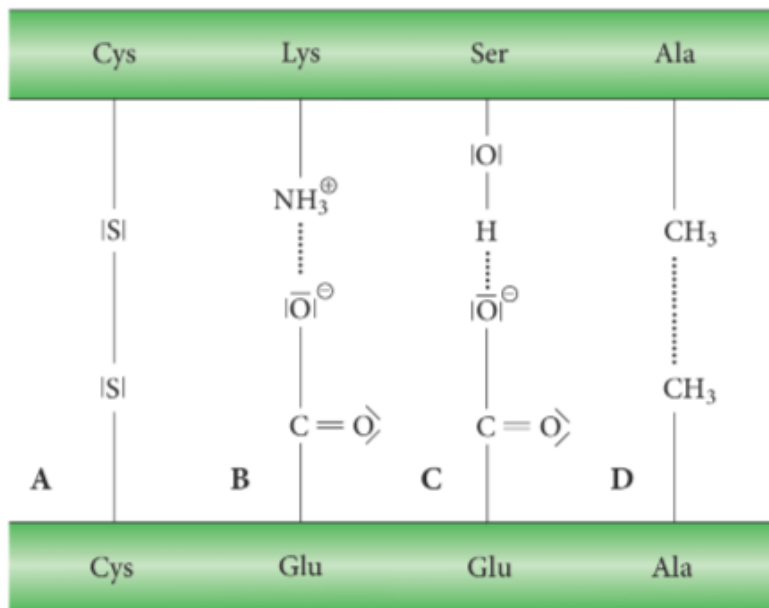
Jede Peptidkette nimmt eine bestimmte räumliche Struktur ein, die Faltung heißt. Bei der Faltung bilden Teile der Peptidkette **Sekundärstrukturen**. Diese werden durch Wasserstoffbrücken zwischen den polaren Gruppen der Peptidbindungen ($-\text{CO}$ und $-\text{NH}$) stabilisiert. Die wichtigsten Sekundärstrukturen sind die α -Helix- und die β -Faltblatt-Struktur.

Die räumliche Anordnung der Sekundärstrukturelemente einer Polypeptidkette zueinander stellt eine weitere übergeordnete Strukturebene dar, die als **Tertiärstruktur** bezeichnet wird. Diese Struktur wird im Wesentlichen durch eine Vielzahl von Wechselwirkungen zwischen den Aminosäureresten stabilisiert (Abb. 63.2). So kann zwischen zwei Cysteinresten eine kovalente Disulfidbrücke ($-\text{S}-\text{S}-$) oder zwischen basischen und sauren Resten eine Ionenbindungen entstehen. Darüber hinaus tragen Wasserstoffbrückenbindungen zwischen polaren Resten und VAN-DER-WAALS-Wechselwirkungen zwischen unpolaren Resten zur Stabilität bei. Bei höheren Temperaturen bleiben nur die kovalenten Bindungen erhalten, wodurch die Proteine ihre Struktur verlieren, sie denaturieren.

Eine **Quartärstruktur** liegt vor, wenn ein Protein aus mehreren Untereinheiten

besteht. Hämoglobin z.B. besteht aus vier Polypeptidketten (Untereinheiten), die aufgrund von Wechselwirkungen eine bestimmte Gesamtstruktur einnehmen.

Die Information für die dreidimensionale Struktur ist bereits in der Sequenz der Aminosäuren enthalten. Dabei steht die Struktur eines Proteins jeweils in enger Beziehung zu dessen Funktion.



63.2 Wechselwirkungen durch Aminosäurereste. A Disulfidbrücke; B ionische Bindung; C Wasserstoffbrückenbindung; D VAN-DER-WAALS-Wechselwirkungen