

Proteiners sekundære struktur

FORSIDE / GLOSSARY ITEM / PROTEINERS SEKUNDÆRE STRUKTUR

[« Back to Glossary Index](#)

Der er 3 forskellige sekundære strukturer; **α -helixer**, **β -sheets** og **β -loops**. Dette er lokale strukturer i proteinet dannet af bindinger mellem peptider, der ligger tæt på hinanden i polypeptidkæden. Hovedkæden af polypeptidet er polær, da peptidbindingen indeholder en hydrogendonor, NH, og en carbonylgruppe (C=O), som er i stand til at danne hydrogenbindinger. Denne polaritet er et problem hvis der skal skabes et hydrofobt miljø, og for at overkomme dette problem bliver α helixer og β sheets dannet. Deres dannelse neutraliserer nemlig polariteten ved at der bliver dannet hydrogenbindinger mellem NH og C=O grupperne i peptidbindingerne.

I **α -helixer** danner carbonylgruppen en hydrogenbinding med H fra peptidbindingen, der er fire aminosyreenheder længere nede i kæden. Der dannes herved en højredrejende helix, med 3.6 peptider pr. sving. I enderne af α -helixer er der en C=O og NH-gruppe der ikke danner bindinger. De er derfor stadig polærer og man ser derfor typisk enderne af helixer nær overfladen af proteinet. Disse helixer er typisk 4 til over 40 peptider lange i globulære proteiner.

I **β -sheets** dannes der også hydrogenbindinger mellem NH og C=O grupperne i peptidbindingerne, men mellem kæder der ligger parallelt langs hinanden. β -sheets danner derfor en flad struktur, hvor de parallelle kæder typisk er 5-10 aminosyreenheder lange.

α -helixer og β -sheets er forbundet med **β -loops**, som typisk ligger på overfladen af proteinet. Dette er fordi, der ikke dannes hydrogenbindinger mellem NH og C=O i β -loops. Aminosyrerne er frit tilgængelige til at danne hydrogenbindinger i det miljø proteinet befinder sig i.

α -helix

β -sheet

loop