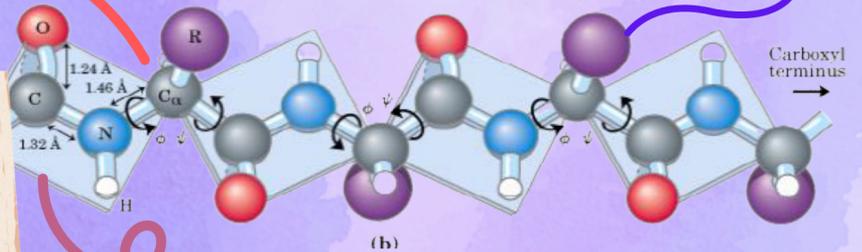


ESTRUCTURA SECUNDARIA de las proteínas

Es el **plegamiento local** del esqueleto **de la cadena polipeptídica** y puede predecirse con la secuencia de aminoácidos.

Pocas combinaciones de ángulos permitidas

Impedimento estérico por grupos R



Enlace peptídico siempre 0 o 180 grados -Cis -Trans

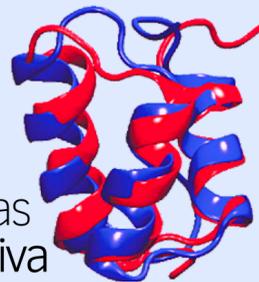
Dos átomos no pueden ocupar el mismo espacio eso es impedimento estérico

Elementos Principales

Es la más común

Alfa-hélice

- Cadenas R al exterior
- Interior hidrofóbico
- Puentes de Hidrogeno (P-H) cada 4 a.a.
- Pueden ser polares, hidrofóbicas o anfipáticas
- Un extremo con carga positiva y otro negativa



Actualmente la **predicción** de estructuras secundarias se realiza utilizando **herramientas bioinformáticas**

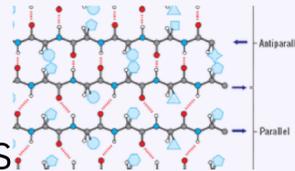
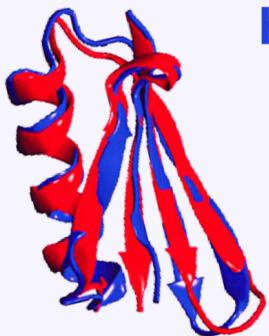
Basta con tener una **secuencia** de aminoácidos

Algunos softwares

online gratis son:
PSIPRED, SSpro, PSSpred, ProtParam

Hebra Beta

- Conformación extendida
- Residuos laterales a 3.5 Å de distancia entre ellas
- Pueden ser paralelas
- O antiparalelas
- Siempre asociadas a otras estructuras iguales o diferentes



Giros

- El grupo carboxilo de un aminoácido forma un P-H con el grupo amino que está a 3 residuos de distancia

Asas o Loops

- Parte menos estructurada de la proteína
- Es desorganizada por naturaleza
- Le da alta especificidad para unir ligandos

