

Лекция-4
Биомакромолекулы
Белки -1 часть

Классификация белков по составу

- ***Простые белки (неконъюгированные).*** Состоят только из аминокислот.
α,β-керотин, фиброин, коллаген, эластин
- ***Сложные белки (конъюгированные).*** Содержат небелковые группы: гем, ионы металлов, нуклеиновые кислоты, липиды, сахара, флавины.

Классификация по простетическим группам

- гемапротеины (простетическая группа – гем).
Гемоглобин, цитохром.;
- металлопротеины (простетическая группа – металл(Mg, Mn, Fe)). *Ферритин, алкогольдегидрогеназа;*
- липопротеины (простетическая группа – липид). *β -липопротеин крови;*
- гликопротеины (простетическая группа – углеводная часть). *Рецепторы, γ -глобулины;*
- фосфопротеины (простетическая группа – фосфатная группа). *казеин;*
- нуклеопротеины (простетическая группа – нуклеиновый кислотный остаток). *Рибонуклеопротеины;*
- флавопротеины (простетическая группа – флавин).
Сукцинатдегидрогеназа.

Классификация по пространственной структуре

- **Фибриллярные.** Для них характерна линейная структура. Плохо растворимы в воде, обычно в их состав входят большое количество гидрофобных аминокислот.
- **Глобулярные.** Для них характерна сложная пространственная трехмерная структура. Имеют гидрофобное ядро и гидрофильную поверхность. Как правило, хорошо растворимы в воде.
Напр., яичный альбумин.

Классификация по выполняемым функциям

- **Ферменты**
- **Транспортная**
 - через мембрану(пермиаза, K/Na-АТФаза, ферритин);
 - транспорт внутри целого организма(гемоглобин, альбумины);
- **Защитная**
 - защитные покровы(α -керотин);
 - антитела и яды.
- **Запасные и пищевые**
 - (альбумин, казеин);
- **Сократительная и двигательная**
 - (актин, миозин, флагеллин);
- **Структурная**
 - Участвуют в формировании организма(коллаген, эластин, каротин);
- **Регуляторная**
 - гормональной природы;
 - рецепторы.
- **Прочие.** Одной из таких функций являются белки осмогенез они регулируют концентрацию солей внутри клетки.

Уровни организации белковой молекулы

Первичная структура

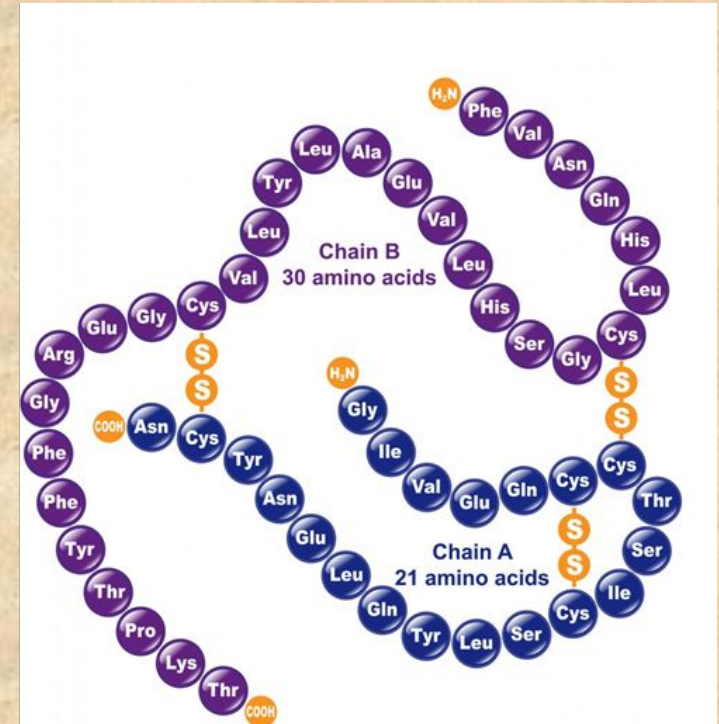
последовательность аминокислотных остатков в молекуле белка или пептида.

NH_2 -Tyr-Pro-Lys-Gly-Phe-Tyr-Lys-COOH

Первичная структура определяет все остальные уровни структурной организации белка

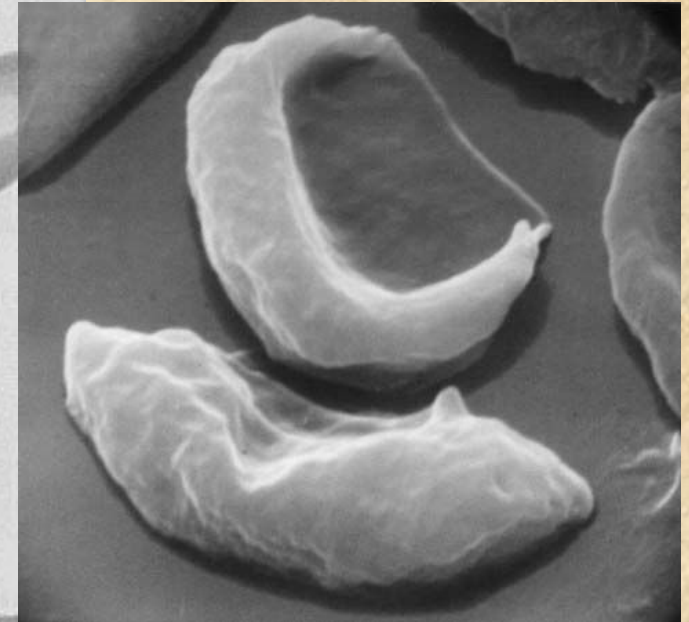
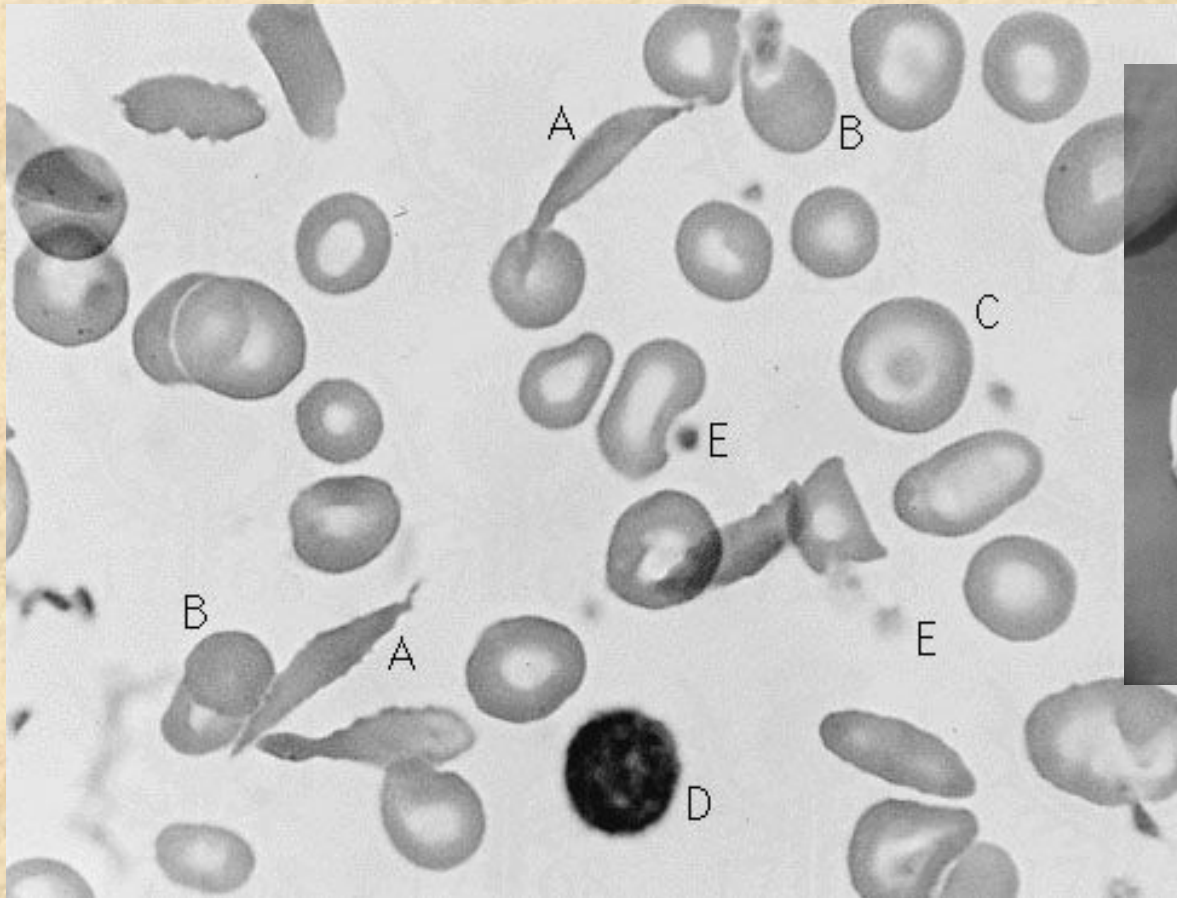
Замена **Глу** в шестом положении β -цепи гемоглобина на **Вал** приводит к серповидно-клеточной анемии (sickle cell anemia) .

Разрушение первичной структуры –



Первичная структура
инсулина человека
(<http://www.interactive-biology.com>)

Серповидно-клеточная анемия



Photomicrograph of sickle cell anemia red blood cells

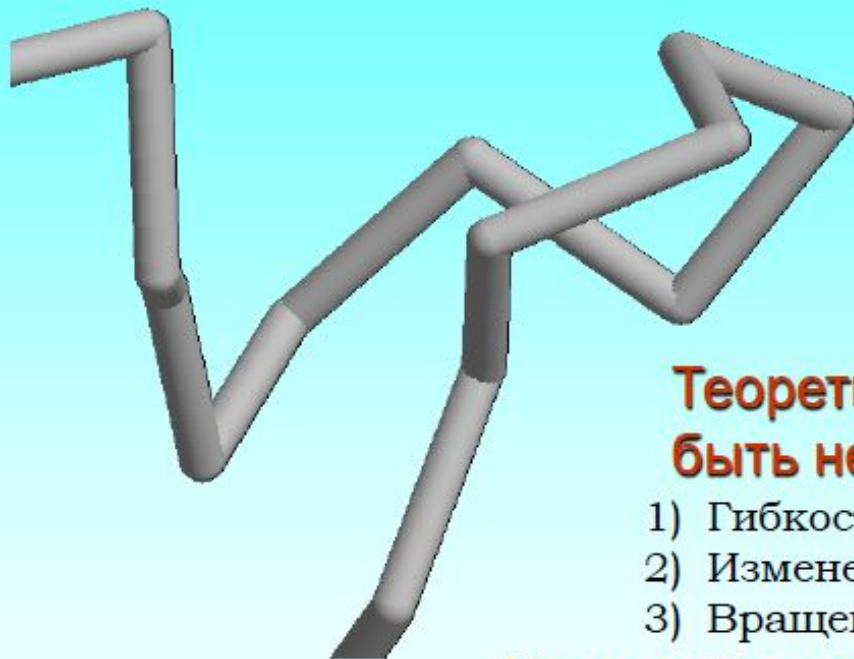
Blood smear in which the red cells show variation in size and shape typical of sickle-cell anemia. (A) Long, thin, deeply stained cells with pointed ends are irreversibly sickled. (B) Small, round, dense cells are hyperchromic because a part of the membrane is lost during sickling. (C) Target cell with a concentration of hemoglobin on its centre. (D) Lymphocyte. (E) Platelets.

- Количество возможных первичных структур
ОГРОМНО!
- 20 аминокислот могут дать примерно
 10^{100} белков, состоящих из 150 остатков
аминокислот (а возможны и другие варианты!)
- Это астрономическое число – число гугол,
умноженное на число гугол
- (число гугол – это 10^{100} , отсюда происходит google)

Конформационная подвижность пептидной цепи



Участок пептидной цепи фосфатазы



Пептидная цепь может быть изогнута довольно причудливым образом. В чем причина гибкости полипептидной цепи, которая позволяет ей принимать разнообразную форму?

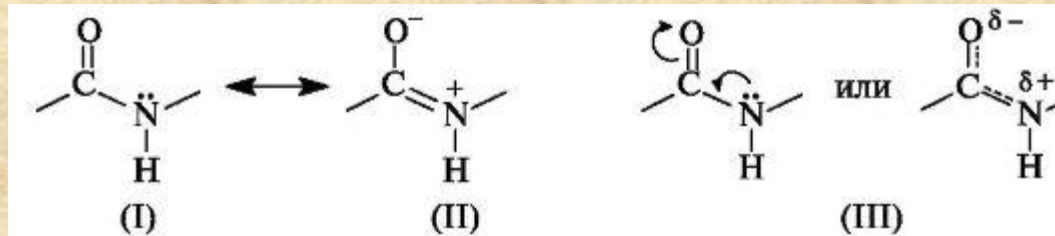
Теоретически, причин может быть несколько:

- 1) Гибкость связей.
- 2) Изменение углов между связями.
- 3) Вращение вокруг связей.

Но в действительности:

- 1) Химические связи практически “несгибаемы”.
- 2) Изменение углов за счет колебаний атомов не превышает 5° .
- 3) Вокруг одинарных связей возможно практически свободное вращение.

Строение пептидной группы

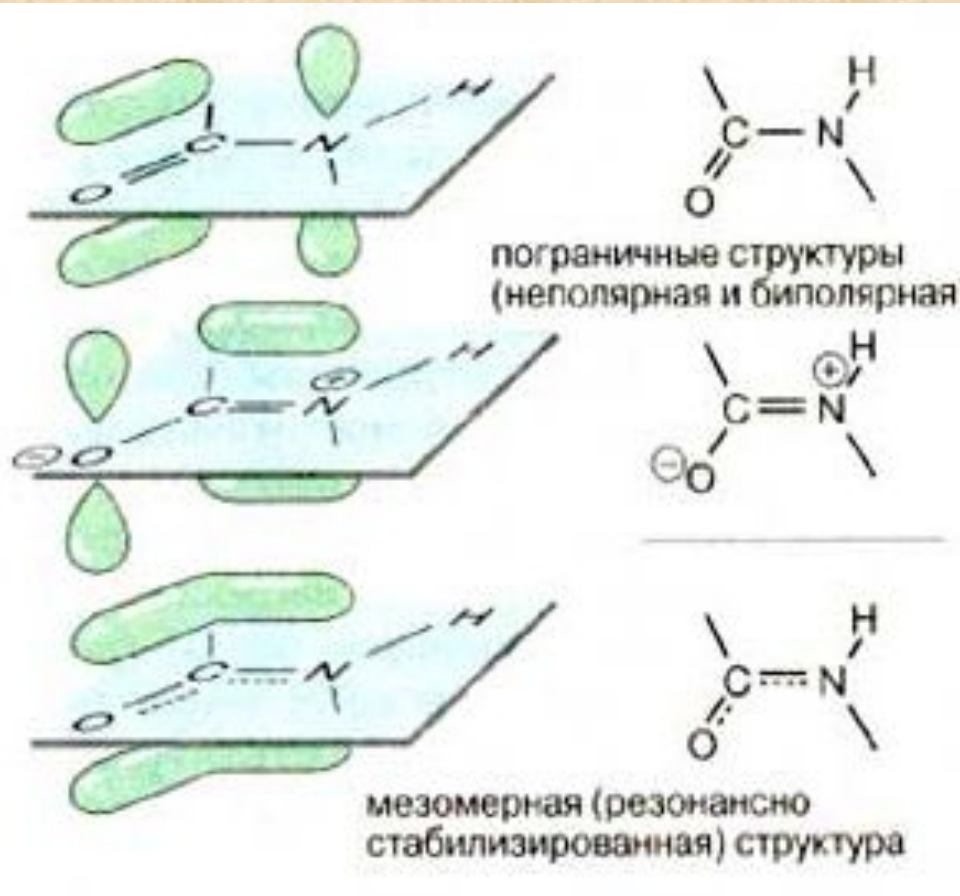


В пептидной (амидной) группе -CO-NH- атом углерода находится в состоянии sp^2 -гибридизации.

Неподеленная пара электронов атома азота вступает в сопряжение с π -электронами двойной связи C=O. С позиций электронного строения пептидная группа представляет собой трехцентровую p, π -сопряженную систему, электронная плотность в которой смещена в сторону более электроотрицательного атома кислорода. Атомы C, O и N, образующие сопряженную систему, находятся в одной плоскости.

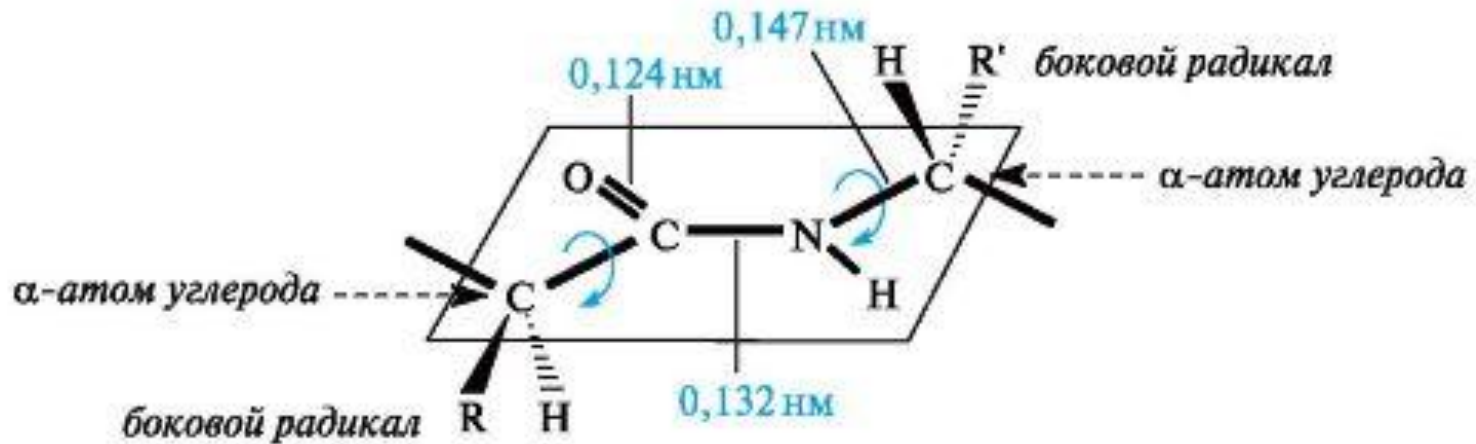
Распределение электронной плотности в амидной группе можно представить с помощью граничных структур (I) и (II) или смещения электронной плотности в результате +M- и -M-эффектов групп NH и C=O соответственно (III).

Мезомерия пептидной связи



- Как всякая карбоксамидная связь, пептидная связь стабилизирована за счет мезомерии (**резонансно стабилизирована**) и поэтому является практически плоской (планарной). Вращение вокруг связи C-N требует больших затрат энергии и, следовательно, *затруднено*. На схеме плоскость, в которой расположены 6 атомов пептидной группы, окрашена в светло-голубой цвет.

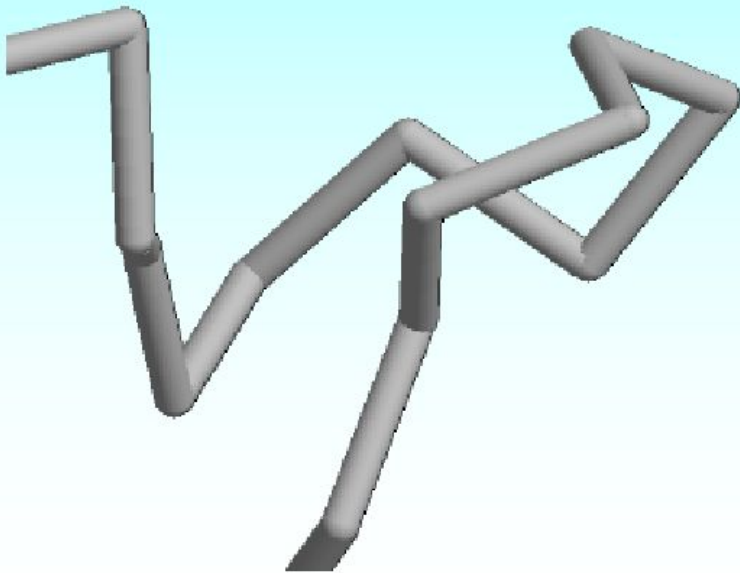
Строение пептидной группы



- В результате сопряжения происходит некоторое выравнивание длин связей. Двойная связь C=O удлиняется до 0,124 нм против обычной длины 0,121 нм, а связь C-N становится короче - 0,132 нм по сравнению с 0,147 нм в обычном случае. Плоская сопряженная система в пептидной группе служит причиной затруднения вращения вокруг связи C-N (барьер вращения составляет 63-84 кДж/моль). Таким образом, электронное строение предопределяет достаточно жесткую *плоскую* структуру пептидной группы.
- α -атомы углерода аминокислотных остатков располагаются в плоскости пептидной группы по разные стороны от связи C-N, т. е. в более выгодном транс-положении: боковые радикалы R аминокислотных остатков в этом случае будут наиболее удалены друг от друга в пространстве.

Полипептидная цепь обладает
ВРАЩАТЕЛЬНОЙ ПОДВИЖНОСТЬЮ.

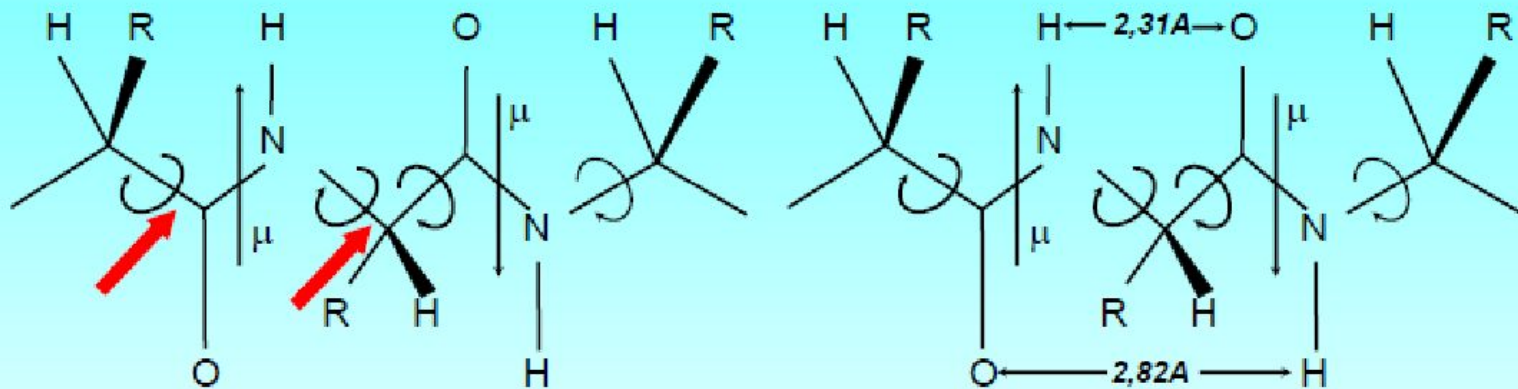
**Вокруг каких связей
возможно вращение в
пептидной цепи?**



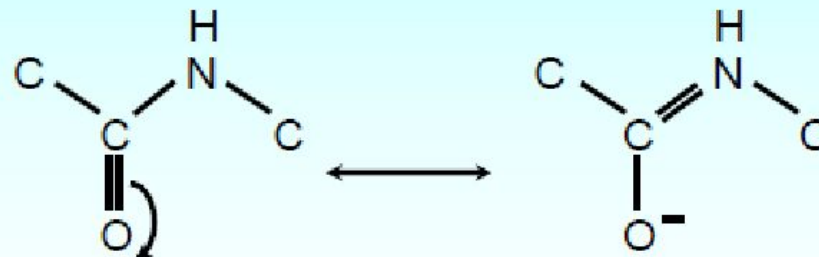
Не все связи в
полипептидной цепи
– одинарные, как
это может
показаться на
первый взгляд.

Полипептидная цепь обладает ВРАЩАТЕЛЬНОЙ ПОДВИЖНОСТЬЮ.

Структура полипептидной цепи

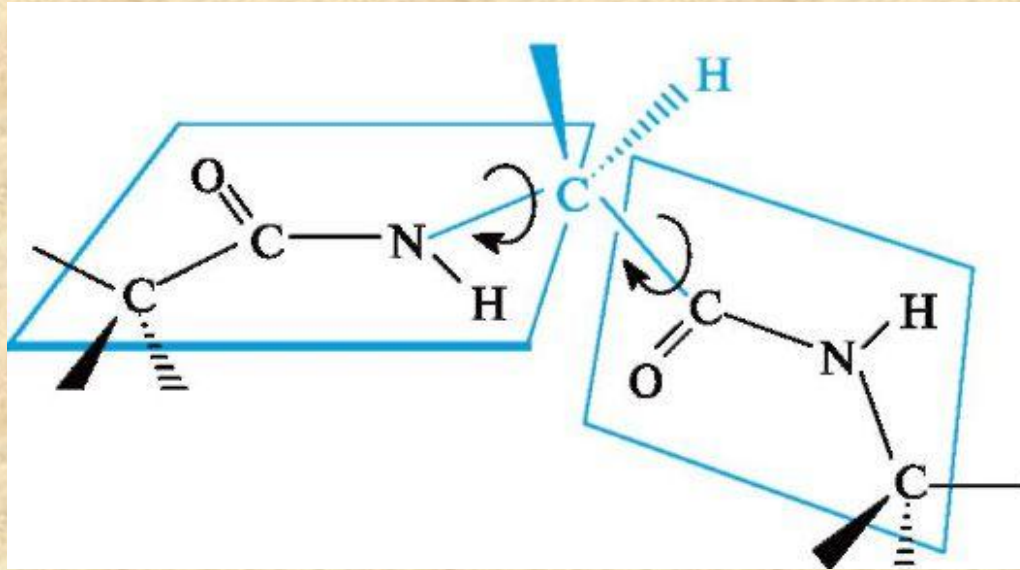


α -L-полипептидная цепь полностью транс
формы



Красные стрелки показывают связи, вокруг которых возможно вращение полипептидной цепи.

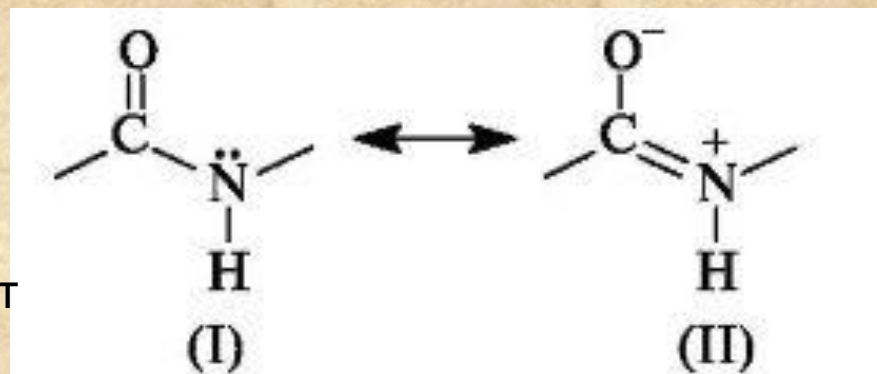
Строение пептидной группы



Полипептидная цепь имеет удивительно однотипное строение и может быть представлена в виде ряда расположенных под углом друг к другу плоскостей пептидных групп, соединенных между собой через α -атомы углерода связями $C\alpha-N$ и $C\alpha-C_{sp^2}$. Вращение вокруг этих одинарных связей весьма ограничено вследствие затруднений в пространственном размещении боковых радикалов аминокислотных остатков. Таким образом, электронное и пространственное строение пептидной группы во многом предопределяет структуру полипептидной цепи в целом.

Вращение полипептидной цепи

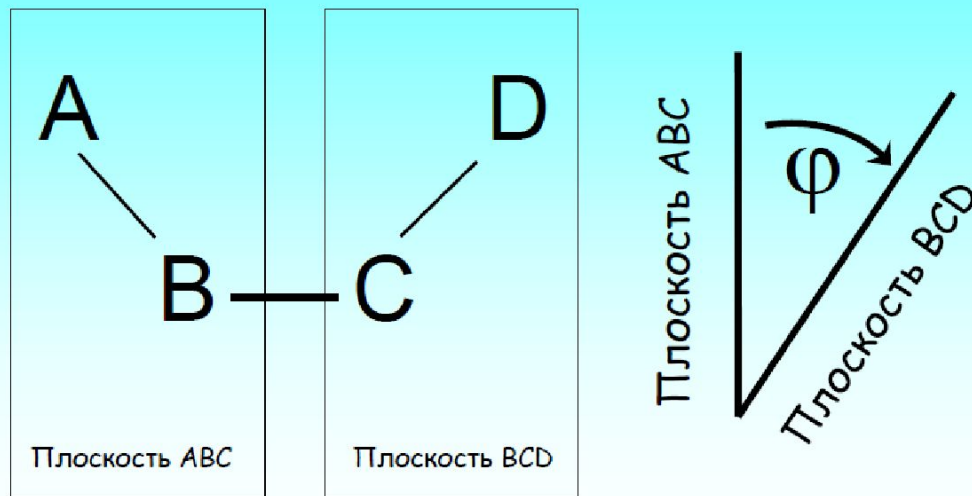
Важная особенность полипептидной структуры состоит в том, что амидная связь оказывается в плоской транс-конформации. Это обусловлено резонансом структур, который приводит к тому, что связь C-N приобретает частично характер двойной связи:



Это приводит к уменьшению расстояния между атомами примерно на 0,1 А. Таким образом, две связи из трех в каждом звене полипептидной цепи - одинарные (показаны красными стрелками на рис. 1). Вокруг этих связей возможно вращение участков пептидной цепи до и после каждой из таких связей.

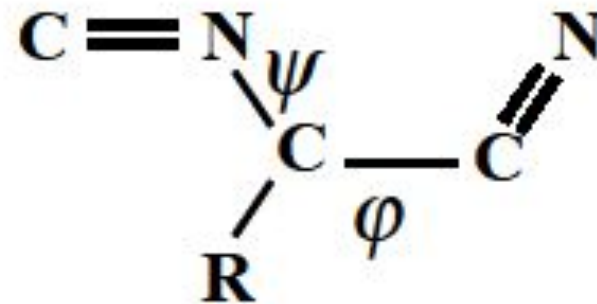
Геометрия полипептидной цепи

Вращение вокруг связей задается углами между плоскостями, в которых лежат соседние атомы



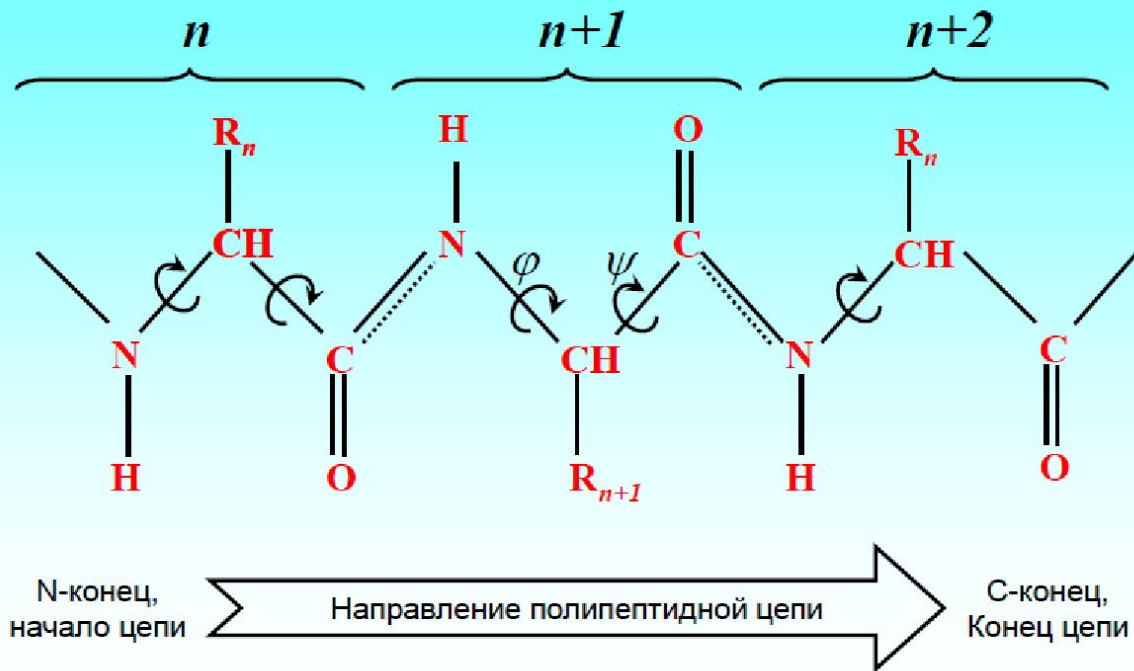
Для количественных расчетов важно обозначить угол поворота вокруг связей. Обозначим, следуя рекомендациям IUPAC, четыре последовательных атома в цепи полимера как A, B, C, D. Угол внутреннего вращения или *торсионный угол* . это угол между плоскостями, в которых лежат атомы ABC и BCD.

В случае полипептида вращение возможно вокруг связи около азота (угол вращения обозначим как ψ) или между углеродами каждого пептидного звена(угол вращения обозначим как ϕ), но невозможно в месте соединения звеньев.



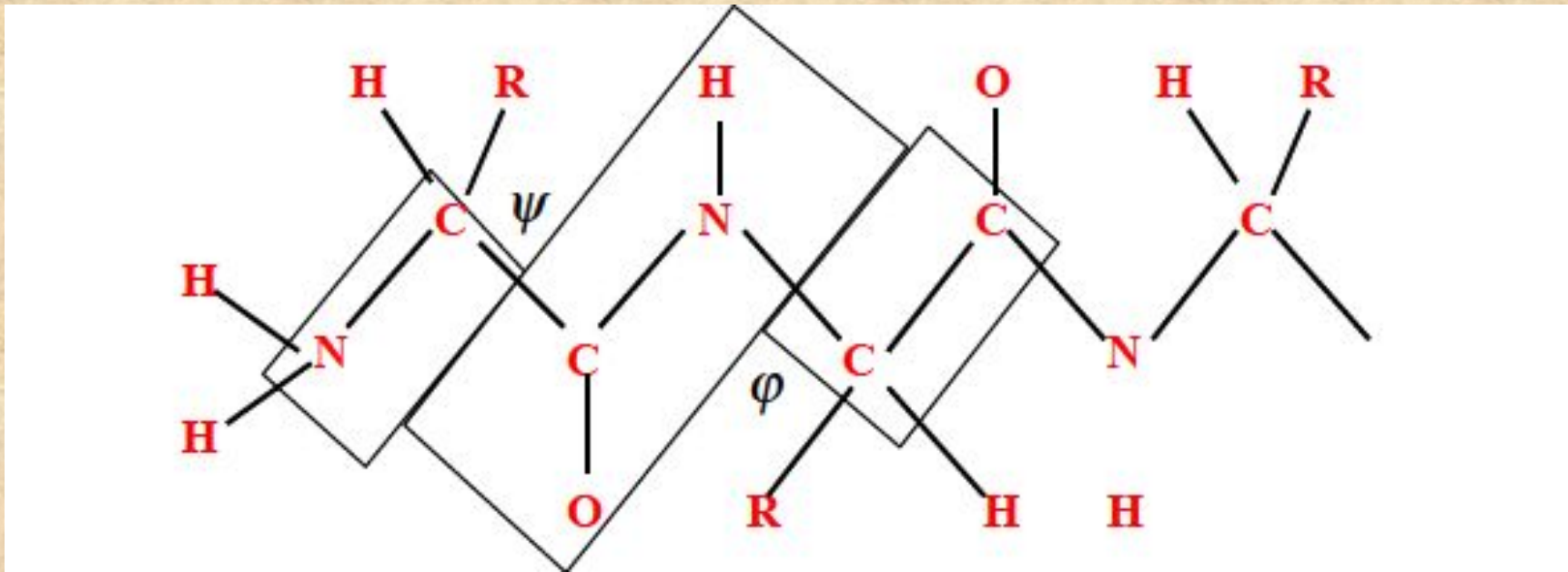
Геометрия полипептидной цепи

🔊 Участок полипептидной цепи



Эти плоскости могут вращаться вокруг одинарных связей, соединяющих атомы. Угол при вращении вокруг NC-связи внутри пептидного звена обозначен как ϕ . Угол при вращении вокруг связи CC обозначают как ψ . Связь между пептидами . частично двойная и вращение вокруг нее не происходит.

Плоскости, в которых лежат атомы полипептидной цепи



Эти плоскости могут вращаться вокруг одинарных связей, соединяющих атомы. Угол при вращении вокруг NC-связи внутри пептидного звена обозначен как ϕ . Угол при вращении вокруг связи CC обозначают как ψ . Связь между пептидами - частично двойная и вращение вокруг нее не происходит. Нетрудно понять, что углы ϕ и ψ могут принимать различные значения, и число возможных пространственных конфигураций для полипептидной цепи может быть бесконечно большим.

Геометрия полипептидной цепи

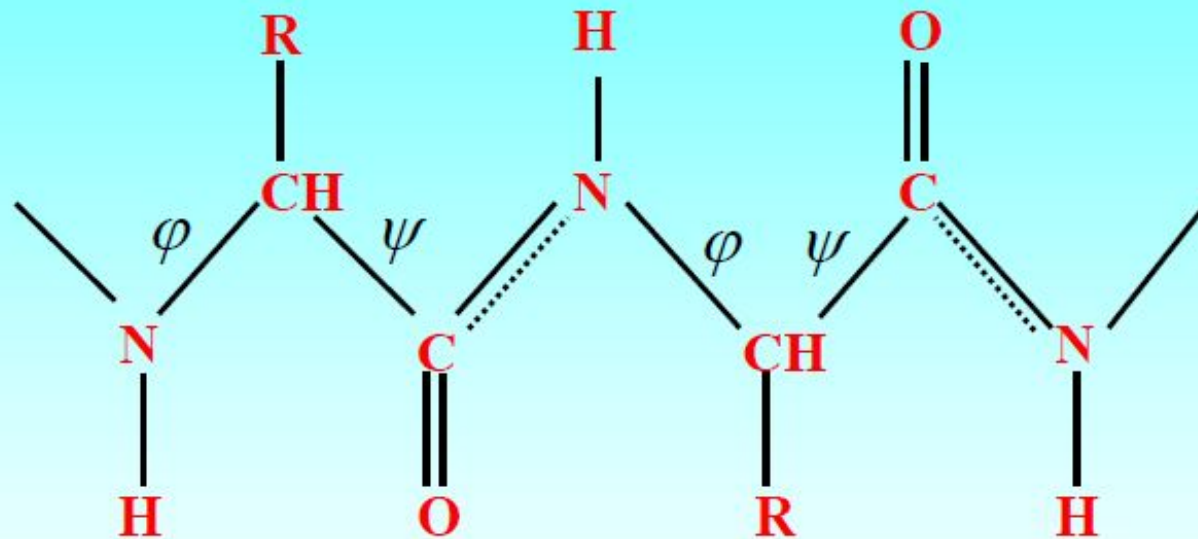
- Однако в реальных условиях ряд конфигураций не реализуется из-за пространственных затруднений (когда атомы мешают друг другу). Из других возможных конфигураций более вероятны те, при формировании которых происходит выигрыш энергии в результате внутримолекулярных взаимодействий.

Таблица 1. Примерные торсионные углы для некоторых регулярных полимеров

Структура	φ	ψ
Правая α -спираль поли-L-аланина	-57°	-47°
Левая α -спираль поли-L-аланина	$+57^\circ$	$+47^\circ$
β -структура с параллельными цепями	-119°	$+113^\circ$

В таблице 1 в качестве примера даны углы φ и ψ для некоторых *регулярных* структур (т.е. таких, у которых **каждый из углов постоянен во всех звеньях цепи**).

Вращение вокруг связей задается углами между плоскостями, в которых лежат соседние атомы



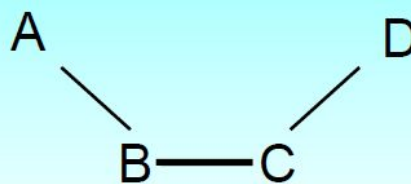
Конформация пептидной
цепи однозначно
определяется значениями
всех углов φ и ψ .

**Вокруг пептидной связи
ВРАЩЕНИЕ
НЕВОЗМОЖНО**

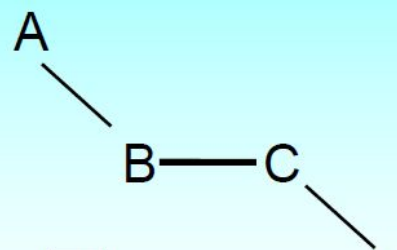
Геометрия полипептидной цепи

Вращение вокруг одинарных связей

Конфигурации

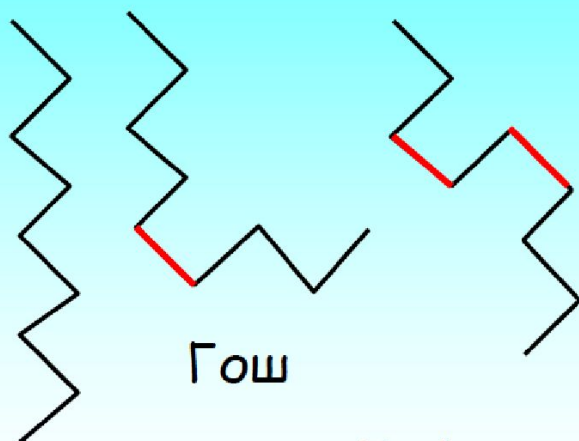


Гош



Транс

Вращательная подвижность. Конфигурации



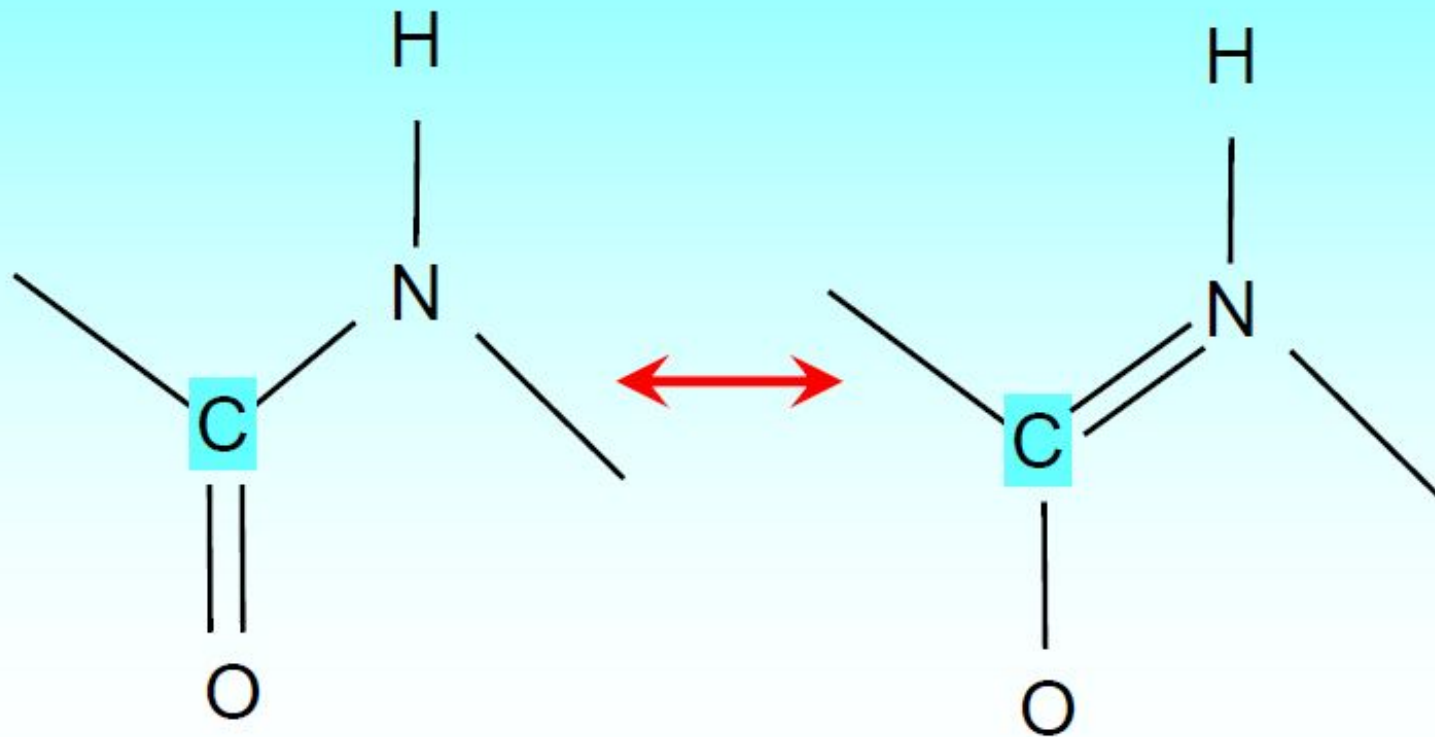
Гош

Дубль-гош

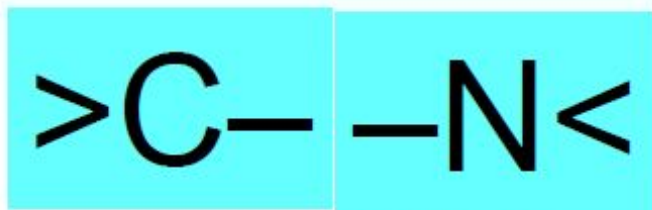
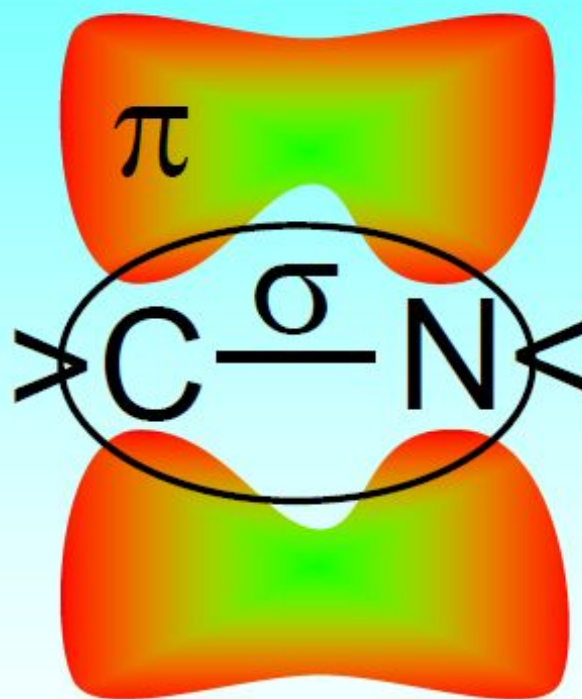
Полностью транс

Свойства пептидной связи

Длина пептидной связи лежит между длиной одиночной и двойной связей



sp^2 - гибридизация орбиталей

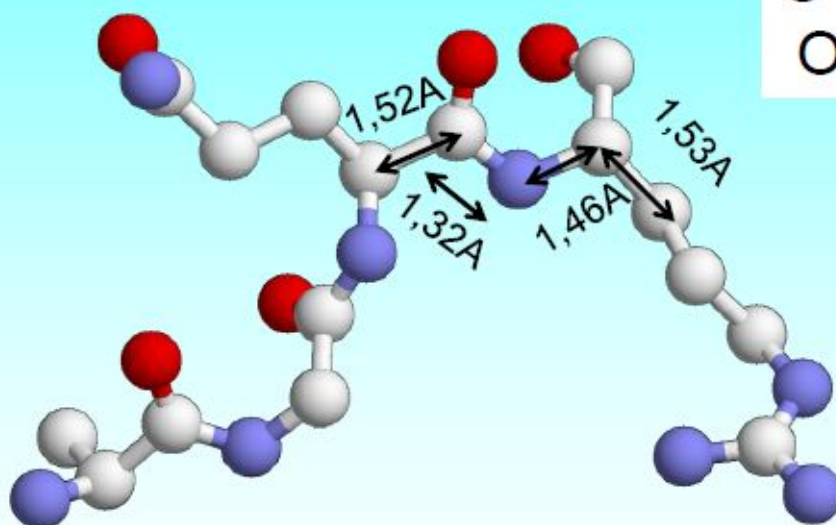


Длина пептидной связи ближе к длине двойной связи, чем одинарной

$>\text{C}-\text{C}<$ 1,52-1,53Å

$\text{O}=\text{C}\cdots\text{NH}-$ 1,32Å

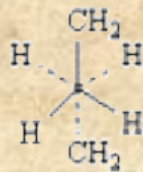
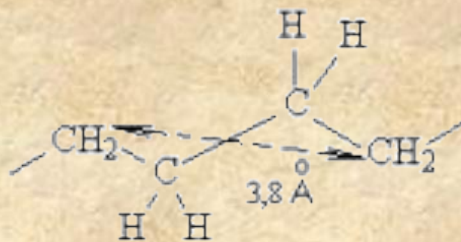
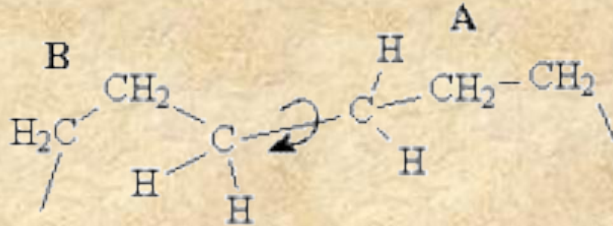
$\text{O}=\text{C}-\text{NH}-$ 1,22Å



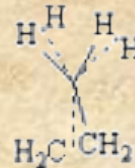
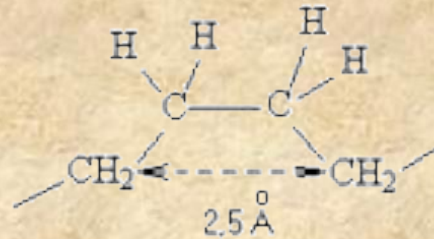
Концевой пептид: ala346-gly347-cln348-arg349

Модель полимерной цепи с заторможенным вращением

- На примере полиэтилена рассмотрим как будет меняться взаимодействие заместителей при повороте группировки В вокруг связи С-С относительно группы А.



а



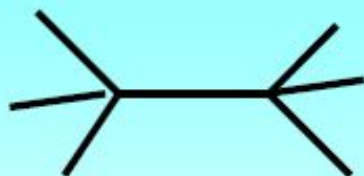
б

Наименьшему значению потенциальной энергии будет способствовать конформация, в которой заместители CH₂- у обоих атомов углерода находятся в транс-конформации (рис. а), поскольку расстояние между CH₂ группами в этой конформации в 1,5 раза больше, чем у другого заслонённого изомера (рис.б).

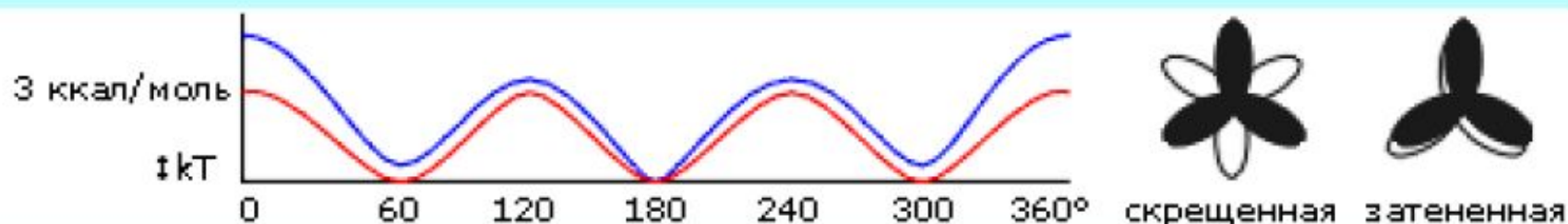
Конформационные изомеры (а) – транс и (б) – заслоненный в полиэтилене.

Вращательная подвижность полипептидов

Требуется ли все же какая-то энергия для поворота вокруг одинарной связи? - Да.

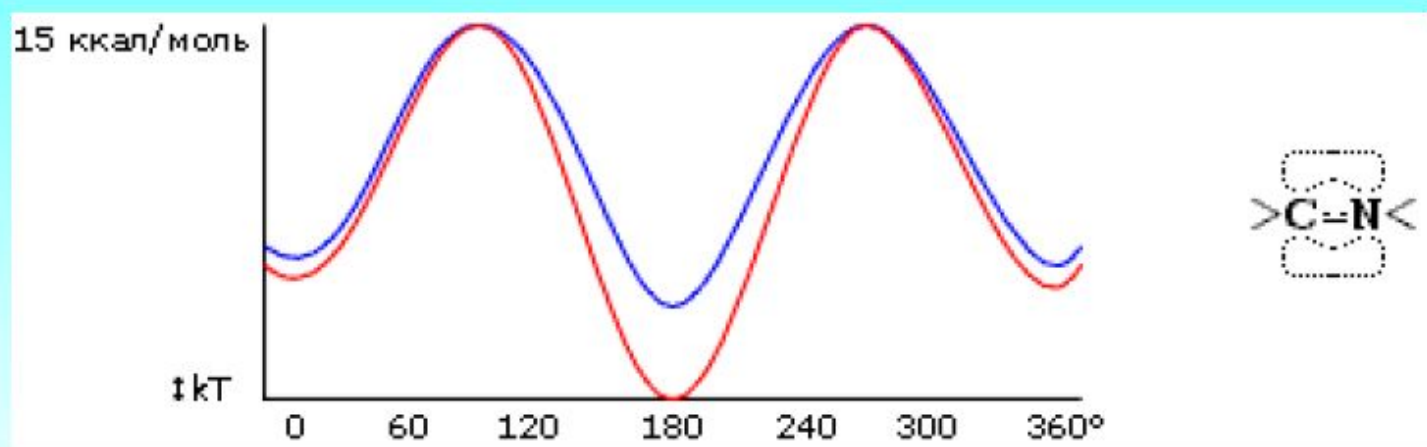


По Финкельштейну



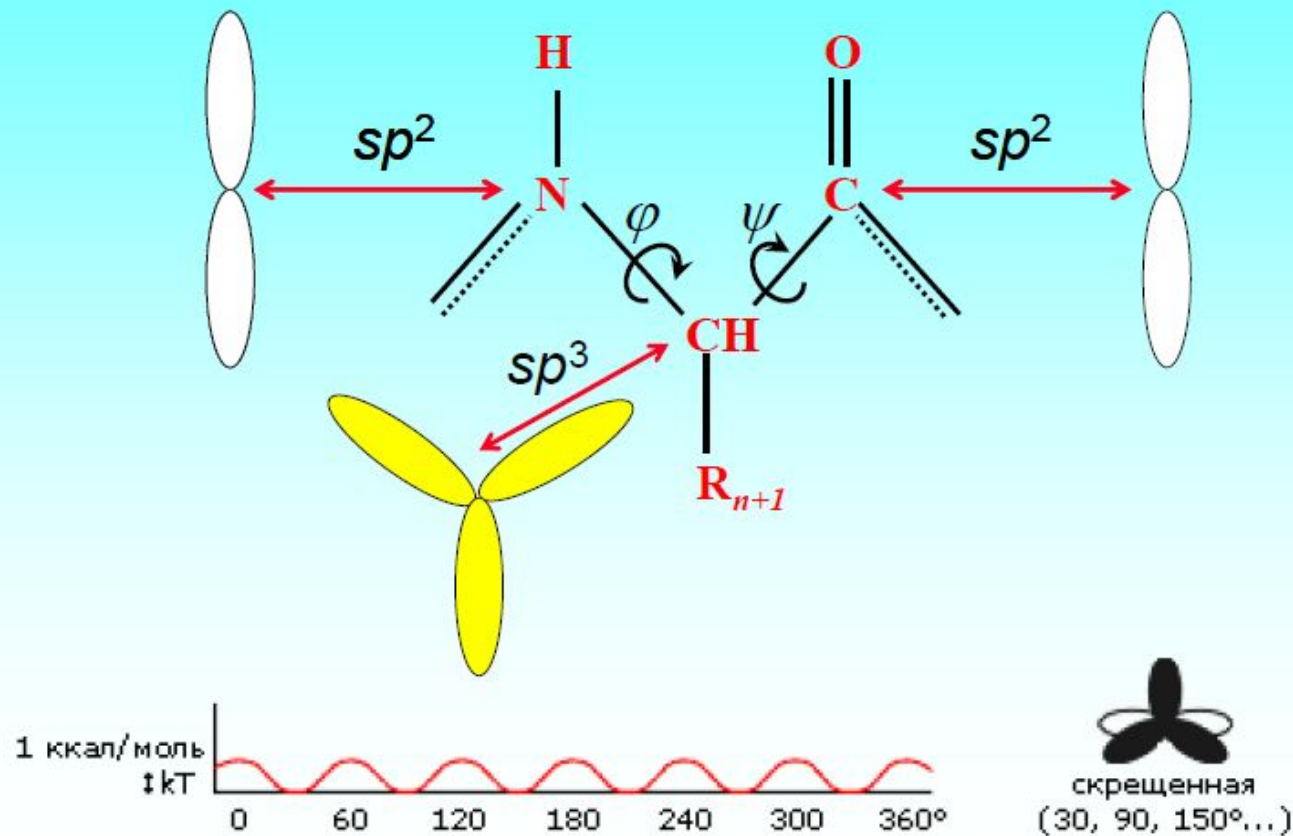
Характерный потенциал вращения вокруг одинарной связи между двумя sp^3 -гибридизованными атомами: вокруг H_3C-CH_3 связи (красная кривая) и вокруг $(C-CH_2)-(CH_2-C)$ связи (синяя кривая). Главный энергетический эффект дает отталкивание электронных облаков: оно максимально в "затененной" конформации (при 0, 120, 240°) и минимально в "скрещенной" (при 60, 180, 300°).

Изменение энергии при вращении вокруг пептидной связи (По Финкельштейну)



Характерный потенциал вращения вокруг кратной связи, соединяющей два sp^2 -гибридизованных атома (C и N) в пептидной связи. Справа показана связь электронных p-орбит при угле, равном 0° (или 180°).

Изменение энергии при вращении вокруг связей ϕ и ψ (По Финкельштейну)



© 2012 Ю.А. Владимиров (ФФМ МГУ)

Вывод

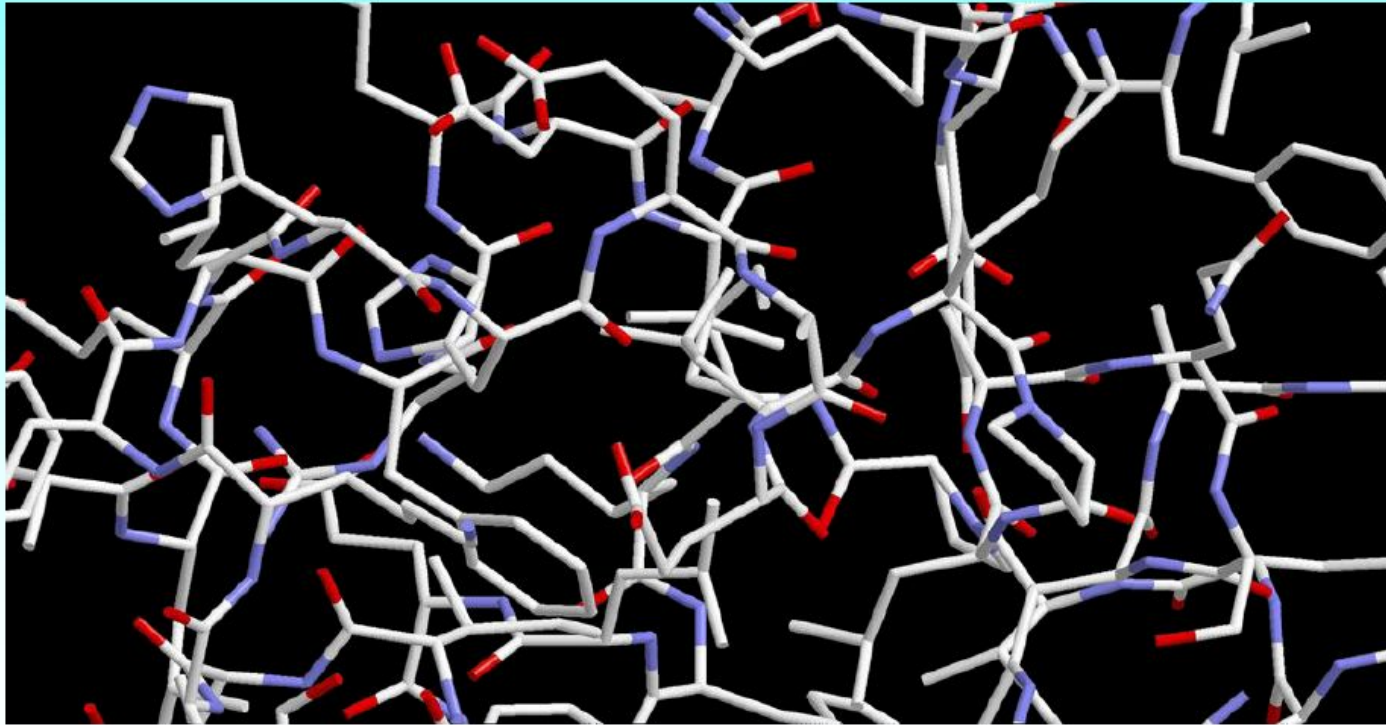
Вращательная подвижность пептидной цепи достаточно велика при обычных температурах.

Силы и взаимодействия в белковой глобуле

Атомы внутри белковой глобулы плотно упакованы

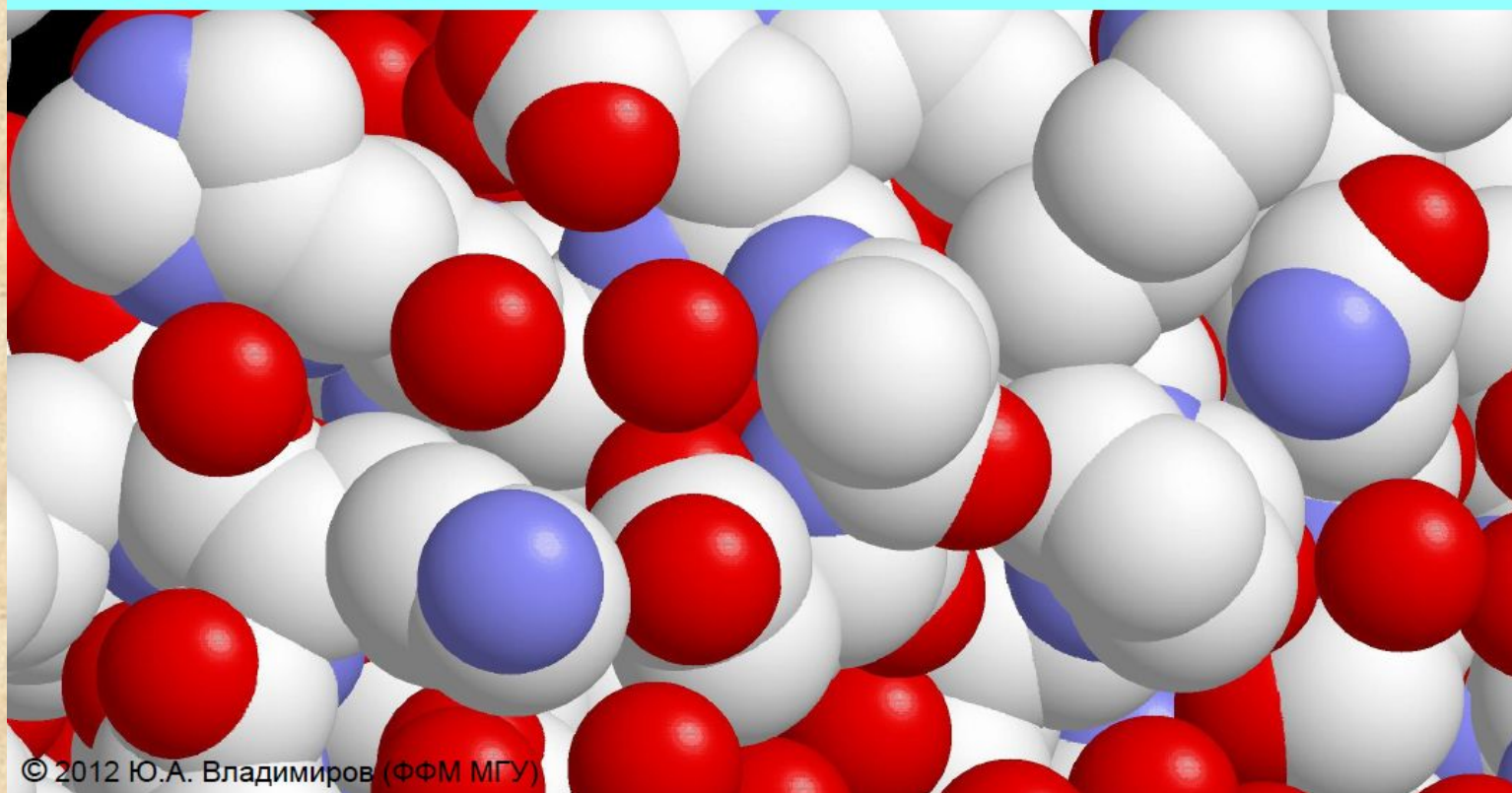
Участок молекулы миоглобина

Диаметр связей на схеме = 0,1 А.



Участок молекулы миоглобина

Атомы - Радиусы Ван-дер-Вальса



Ближнее и дальнее взаимодействие в макромолекулах

Силы ближнего порядка

1. Торсионные силы, которые несколько ограничивают вращение при определенных углах φ и ψ .
2. Электростатические взаимодействия.
3. Нековалентные взаимодействия (включая дисперсионные силы Лондона).

Силы дальнего порядка

1. Водородные связи.
2. Гидрофобные взаимодействия.
3. Ионные взаимодействия.
4. Дисульфидные химические связи.

Дисперсионные силы — силы электростатического притяжения мгновенного и индуцированного (наведённого) диполей электрически нейтральных атомов или молекул. Дисперсионные силы универсальны (то есть проявляются во всех случаях), так как они обусловлены взаимодействием атомов и молекул друг с другом за счёт их дипольных моментов, собственных или взаимоиндуцированных. Считается, что дисперсионная энергия не имеет классического аналога и определяется квантовомеханическими флуктуациями электронной плотности.

Силы ближнего действия

Энергия электростатического
взаимодействия соседних
атомов

Электростатическое притяжение



Заряд – заряд

$$\sim r^{-2}$$



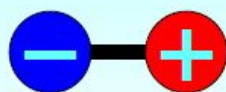
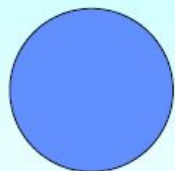
Ион – диполь

$$\sim r^{-3}$$



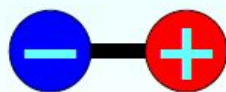
Диполь – диполь

$$\sim r^{-4}$$

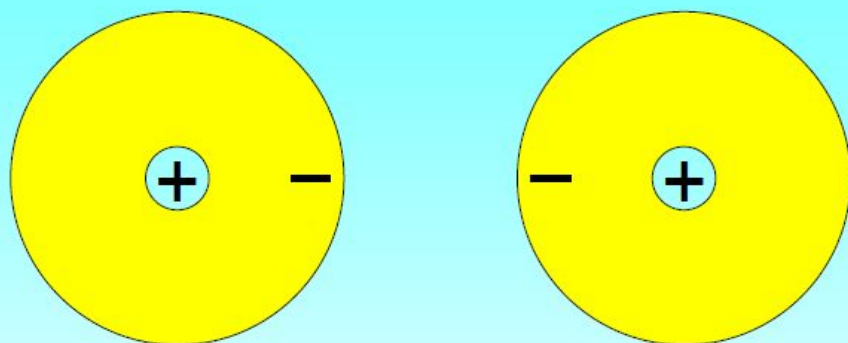


Диполь –
индуцированный
диполь

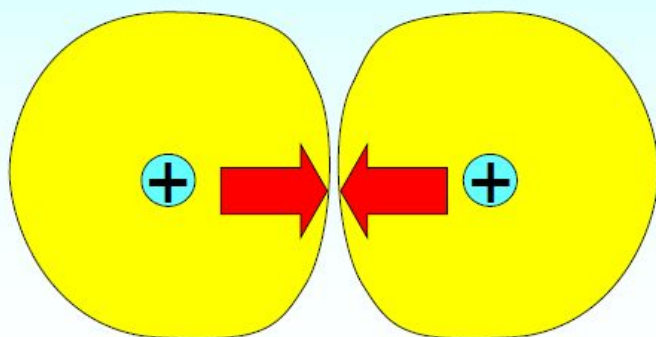
$$\sim r^{-6}$$



Причина стерических ограничений



Физическая причина
стерических
ограничений –
отталкивание
электронных оболочек
атомов при их
сближении.



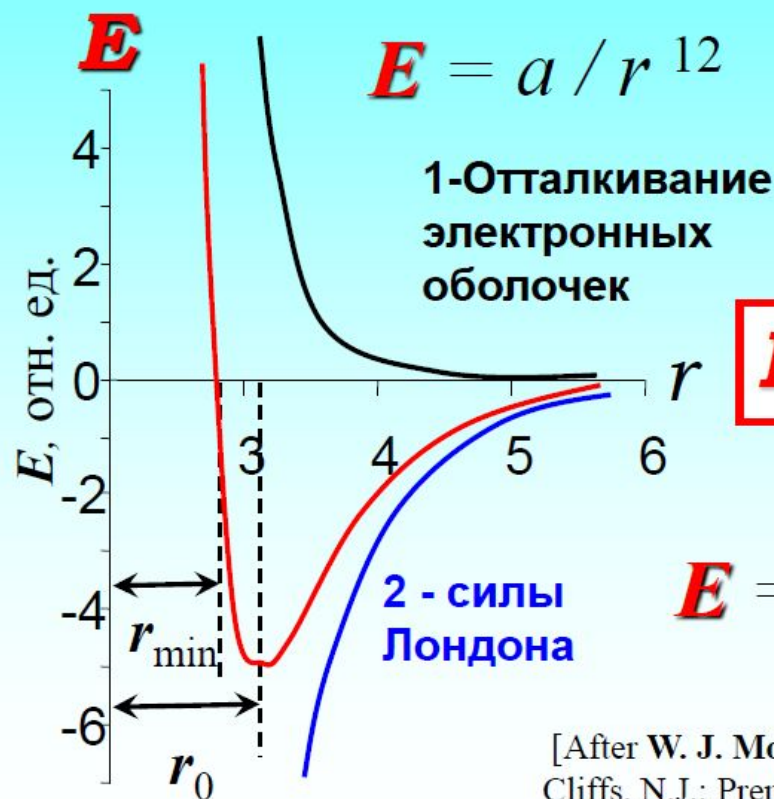
Расчеты потенциальной энергии

- В пределах стерически дозволенных углов ϕ и ψ наиболее вероятна такая конфигурация пептидной цепи, при которой потенциальная энергия системы минимальна. Выигрыш потенциальной энергии происходит в результате целого ряда взаимодействий между атомами и атомными группами внутри полипептидной цепи. Основные из них мы и рассмотрим.

Нековалентные взаимодействия

- При сближении двух атомов их электронные оболочки начинают взаимодействовать. Вначале это притяжение, связанное с дисперсионными, или Лондоновскими силами. Эти силы возникают в результате того, что плотность электронного облака вокруг атома как пульсирует, создавая переменное электрическое поле «пульсирующего диполя». Появление диполя индуцирует перераспределение электронной плотности во второй из взаимодействующих групп атомов и создает «индуцированный диполь». Взаимодействие диполь - индуцированный диполь и составляет природу Лондоновских сил. Энергия такого взаимодействия очень быстро убывает с расстоянием: она обратно пропорциональна шестой степени расстояния между центрами атомов. Если бы между атомами не действовали иные силы, помимо дисперсионных, то все атомы попадали бы друг на друга и прекратили свое существование. Этого не происходит потому, что на очень близком расстоянии между атомами начинают действовать силы отталкивания, связанные с электростатическим отталкиванием электронных облаков. Эти силы при сближении атомов возрастают очень быстро: пропорционально 9 - 12 степени расстояния.

Нековалентное взаимодействие атомов



[After W. J. Moore, *Physical Chemistry*, 3d ed. (Englewood Cliffs, N.J.: Prentice-Hall, 1962), p. 715.]

Энергия несвязанного взаимодействия E между атомами или группами изображена как функция расстояния между их центрами. На примере пары водородных молекул.(красная)

© 2012 Ю.А. Владимиров (ФФМ МГУ)

Где m составляет для разных пар атомов величину от 9 до 12. Характер зависимости энергии системы от расстояния между атомами показан на примере взаимодействия двух молекул водорода.

- Энергия системы минимальна при определенном расстоянии r_0 между центрами ближайших атомов водорода, принадлежащих разным молекулам. Оно складывается из радиусов взаимодействующих молекул. Эти радиусы для водорода, кислорода и метильной группы составляют, соответственно

$$E = a / r^m - c / r^6$$

$$r_H^0 = 1,2 - 1,3; r_O^0 = 1,5 - 1,6; r_{CH_3}^0 = 1,95$$

- Группа CH_3 обычно рассматривается как единое целое.

Дипольные взаимодействия

- По своей природе δ это взаимодействие электрических зарядов. Распределение электронов между атомами в молекулах не совсем равномерно, так что на одних атомах плотность электронного облака немного выше средней, а на других δ ниже. В результате преобладания заряда электронного облака над зарядом ядра атом в целом имеет отрицательный парциальный заряд. Другие атомы, с меньшим сродством к электрону, имеют положительный парциальный заряд. В пептидной цепи парциальные заряды атомов имеют примерно такие значения:

Химическая связь	Атомы		Химическая связь	Атомы	
N – H	N	H	C – O	O	C
	-0,28e	+0,28		-0,39e	+0,39e

В итоге амидная группа HNC(O) имеет значительный дипольный момент μ с минусом у кислорода и плюсом у водорода.

В итоге амидная группа HNCO имеет значительный дипольный момент μ с минусом у кислорода и плюсом у водорода.

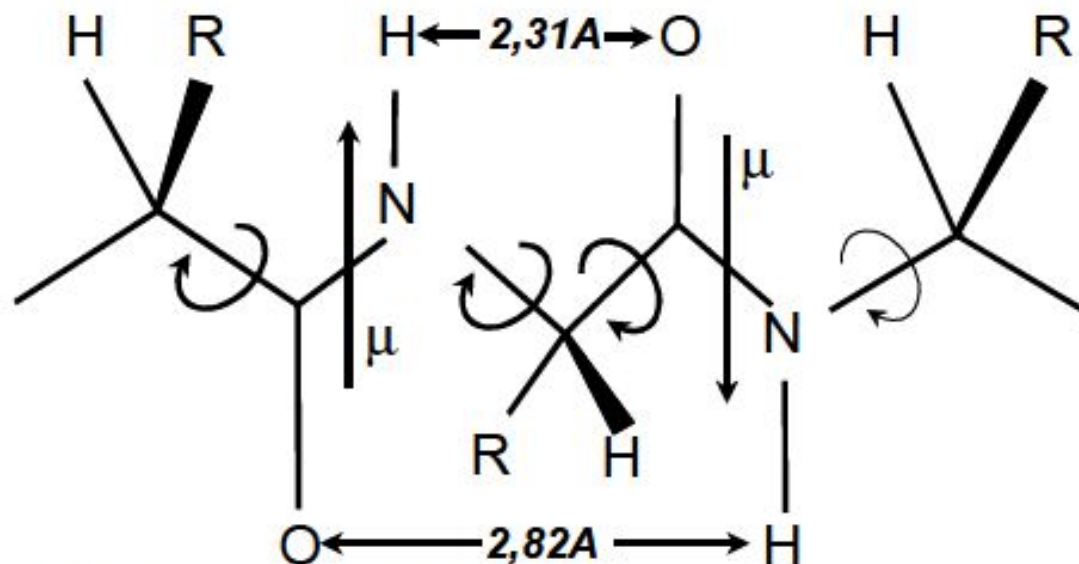


Рисунок 5. Дипольный момент амидных групп

В полностью вытянутой цепи дипольные моменты меняются направлениями по ходу цепи. Электрический дипольный момент амидной группы составляет примерно 3,7 D. Это очень большая величина. Для сравнения приведем дипольные моменты таких заведомо полярных молекул как HCl 1,03 D; CH_3Cl 1,87 D HCN 2,93 D.

Межатомные расстояния в твердом теле и Ван-дер-ваальсовы радиусы

Атомы при изменении конформации полипептидной цепи не могут «наезжать» друг на друга. На научном языке это значит, что существует некоторое минимальное расстояние между центрами атомов, при котором их дальнейшее сближение невозможно. Эти расстояния, оцененные в основном по данным кристаллографии, приведены в таблице

Минимальное расстояние между атомами, в составе полипептидной цепи

[По С. Ramakrishnan and G. N. Ramachandran, *Biophys. J.* 5:909 (1965); G. N. Ramachandran и соотр., *J. Mol. Biof.* 7:95 (1963)].

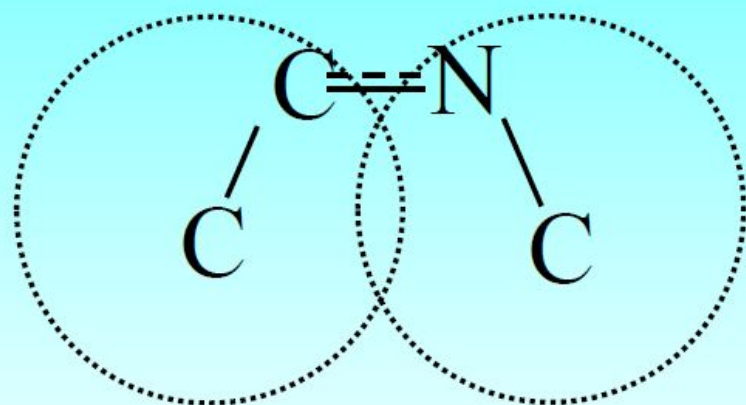
Пары атомов	Обычно (А)	Предельное значение (А)
C–C	3.2	3.0
C–O	2.8	2.7
C–N	2.9	2.8
C–H	2.4	2.2
O–O	2.8	2.7
O–N	2.7	2.6
O–H	2.4	2.2
N–N	2.7	2.6
N–H	2.4	2.2
H–H	2.0	1.9

Межатомные расстояния и Ван-дер-Ваальсовы радиусы

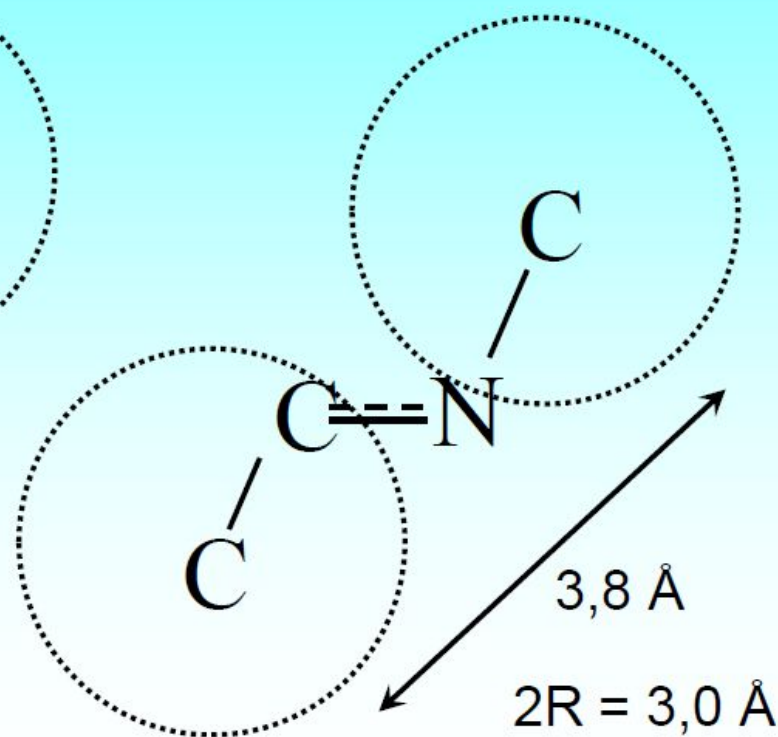
Взаимодействие	E_0 , ккал/моль	r_0 , Å	$r_{\min}$, Å	Ван-дер- Ваальсов радиус атома, Å
H ··· H	0,12	2,4	2,0	H: 1,0-1,2
C ··· C	0,12	3,4	3,0	C: 1,5 – 1,7
O ··· O	0,23	3,0	2,7	O: 1,4 – 1,5
N ··· N	0,20	3,1	2,7	N: 1,4 – 1,6
H ··· C	0,11	2,9	2,4	[2,5 – 2,9]*

* - Расстояния, вычисленные как сумма ВДВ радиусов H и C

Почему пептидная группа бывает в транс-, а не в цис- конформации?



$$2R = 3,0 \text{ Å}$$



$$2R = 3,0 \text{ Å}$$

Стерические контурные диаграммы Рамачандрана

- Рамачандран первый рассчитал значения углов, при которых такое перекрывание не происходит. Для разных аминокислотных остатков зона допустимых значений различна. Максимальна она для молекул с небольшой величиной радикалов.

Диаграмма для глицина

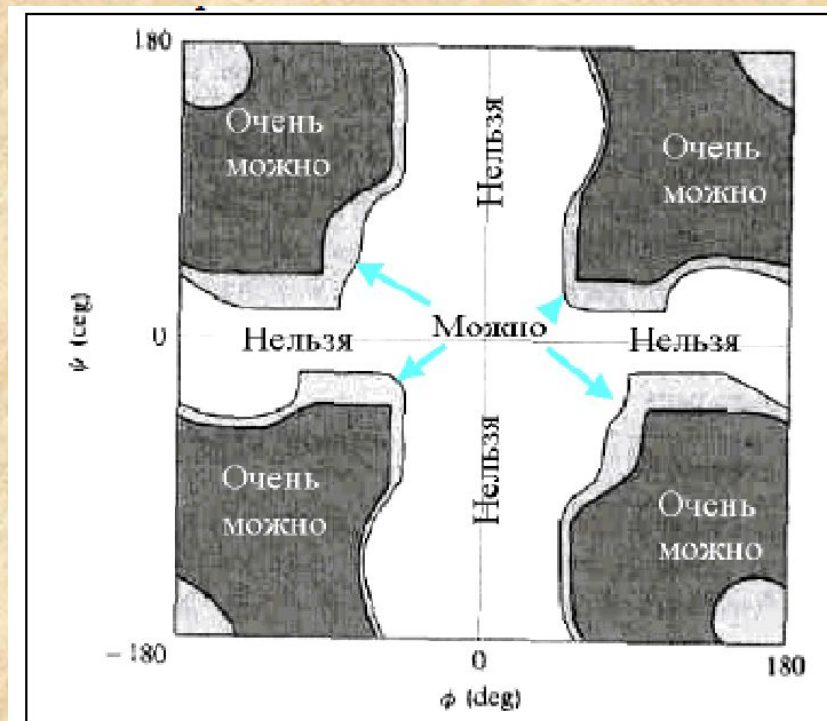


Рисунок 3.

Стерическая контурная диаграмма для остатка глицина в полипептидной цепи. Темным заштрихована зона значений углов ϕ и ψ , при которых не происходит перекрывания атомов при обычных радиусах, взятых по совокупности данных. Светлым — зона значений допустимых углов ϕ и ψ при предельных (минимальных) радиусах атомов. (см. Табл. 2). По работе G. N. Ramachandran et al., *Biophys. J.* 6-849 (1966).

Вторичная структура полипептидов и белков

- Для высокомолекулярных полипептидов и белков наряду с первичной структурой характерны и более высокие уровни организации, которые называют **вторичной, третичной и четвертичной** структурами. Вторичная структура описывается пространственной ориентацией основной полипептидной цепи, третичная - трехмерной архитектурой всей белковой молекулы. Как вторичная, так и третичная структура связана с упорядоченным расположением макромолекулярной цепи в пространстве.

Вторичная структура белка

- упорядочивание за счет водородных связей

Альфа
спирали

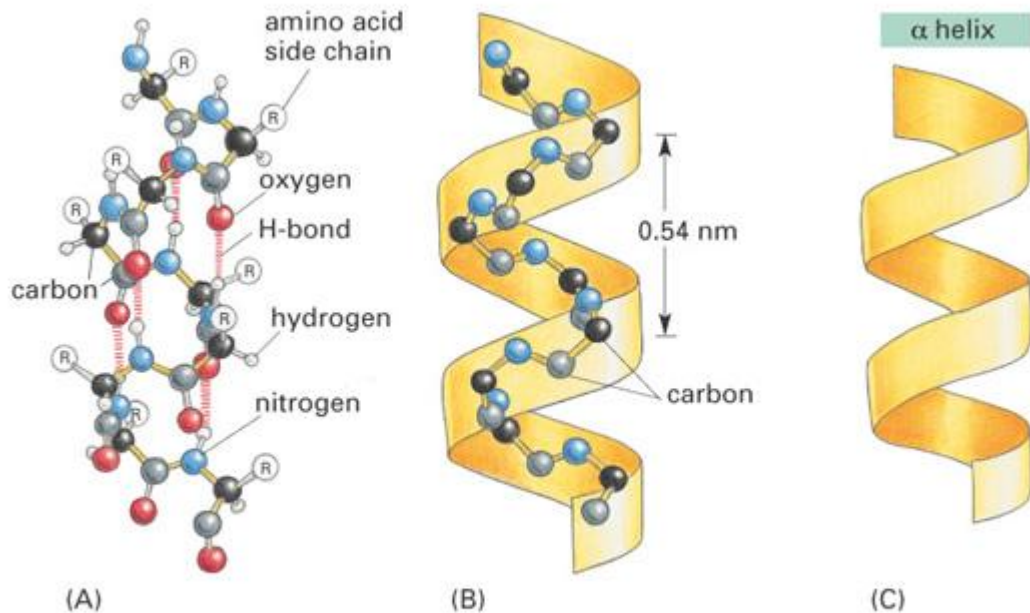
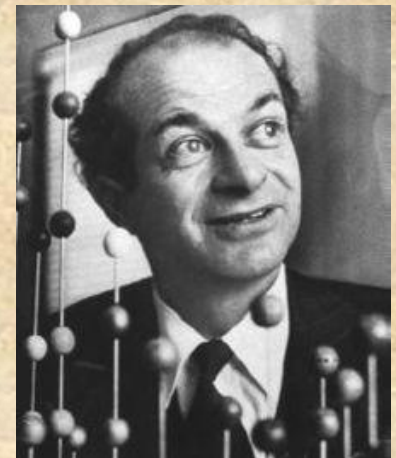


Figure 4-10 part 1 of 2 Essential Cell Biology, 2/e. (© 2004 Garland Science)

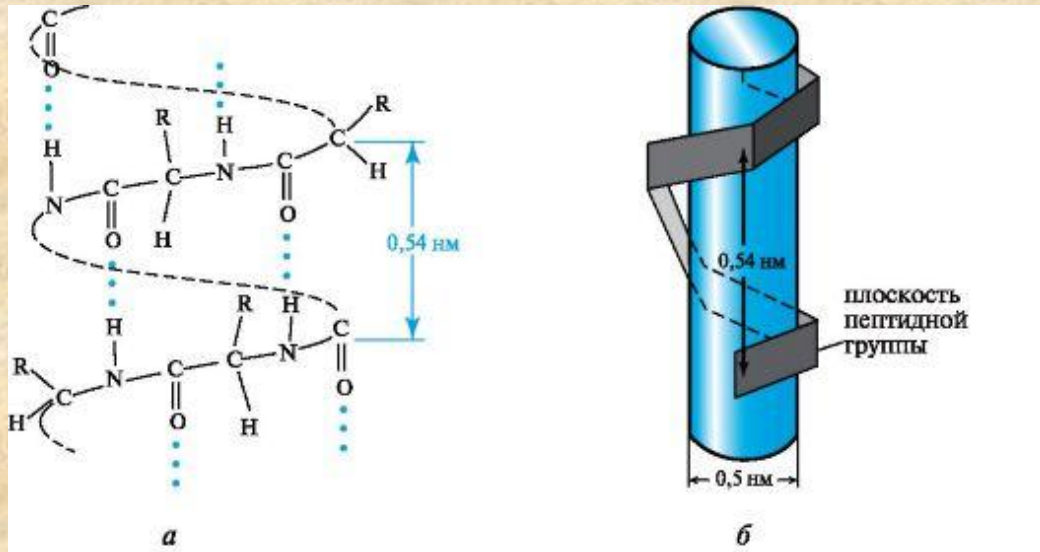


Лайнус Карл Полинг
(1901-1994)

Нобелевская премия по химии 1954 г.



Вторичная структура белка



Пространственное расположение α -спирализованной полипептидной цепи можно представить, вообразив, что она обвивает некий цилиндр. На один виток спирали в среднем приходится 3,6 аминокислотного остатка, шаг спирали составляет 0,54 нм,

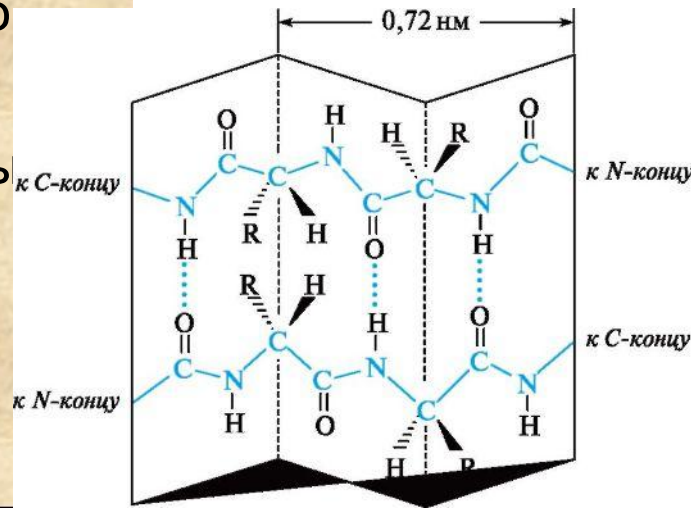
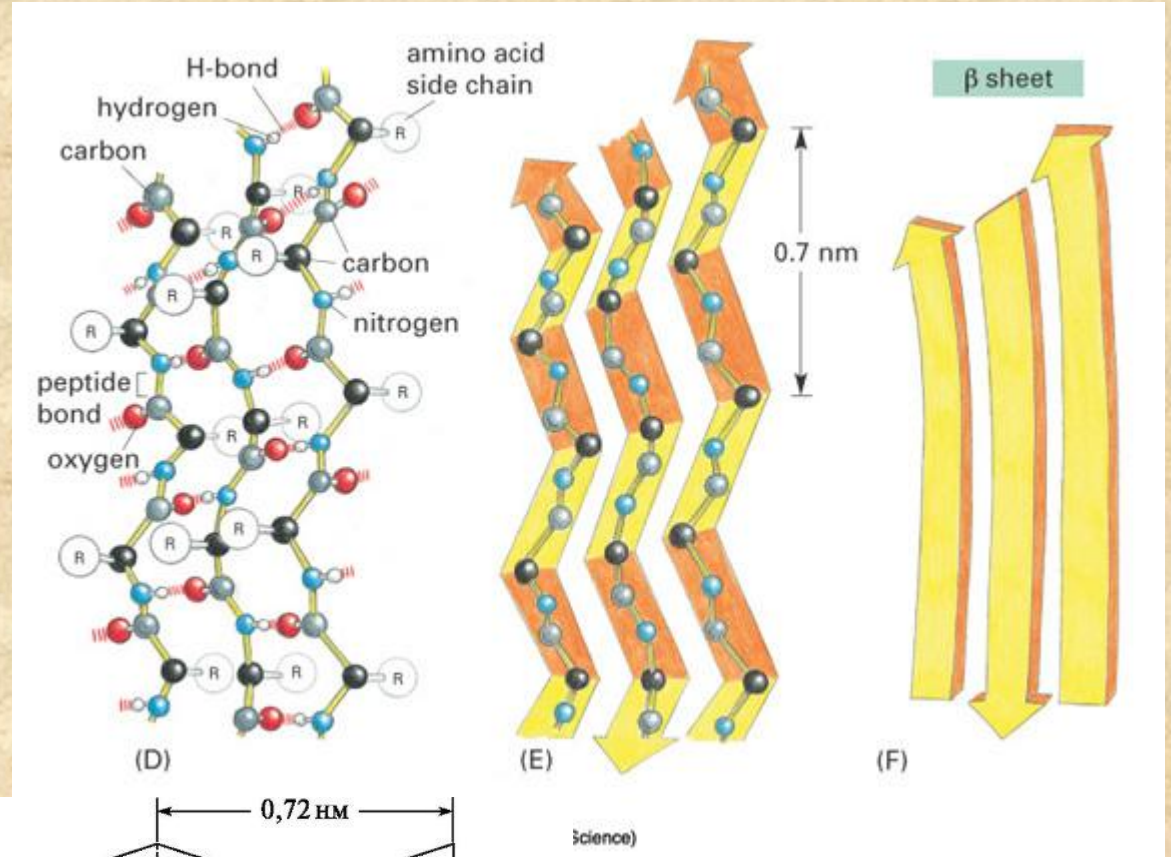
диаметр - 0,5 нм. Плоскости двух соседних пептидных групп располагаются при этом под углом 108° , а боковые радикалы аминокислот находятся на наружной стороне спирали, т. е. направлены как бы от поверхности цилиндра.

Основную роль в закреплении такой конформации цепи играют водородные связи, которые в α -спирали образуются между карбонильным атомом кислорода каждого первого и атомом водорода NH-группы каждого пятого аминокислотного остатка. Водородные связи направлены почти параллельно оси α -спирали. Они удерживают цепь в закрученном состоянии.

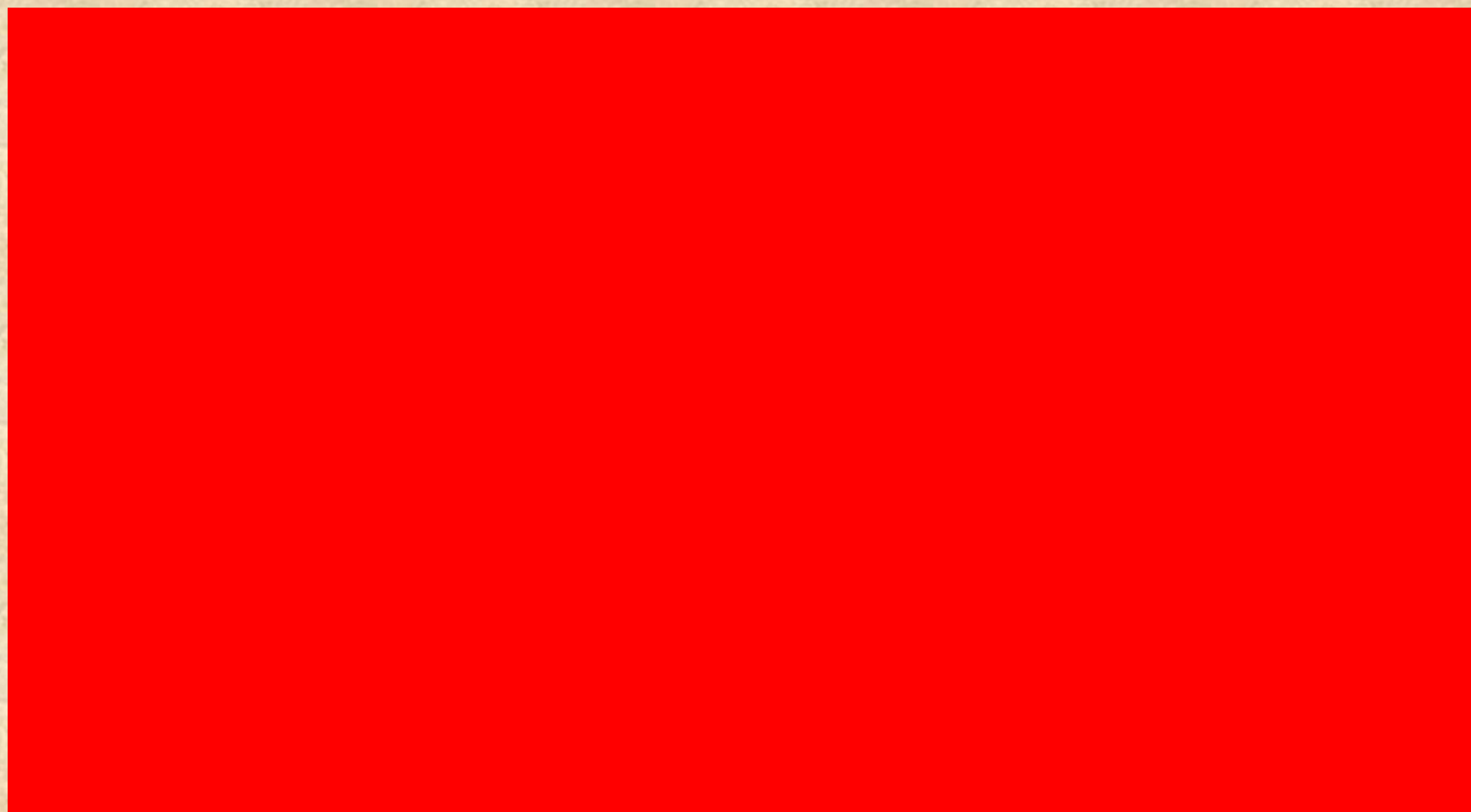
Обычно белковые цепи спирализованы не полностью, а лишь частично. В таких белках, как миоглобин и гемоглобин, содержатся довольно длинные α -спиральные

Вторичная структура белка

Другим видом вторичной структуры полипептидов и белков является β -структура, называемая также *складчатым листом*, или *складчатым слоем*. В складчатые листы укладываются вытянутые полипептидные цепи, связываемые множеством водородных связей между пептидными группами этих цепей. Во многих белках одновременно содержатся α -спиральные и β -складчатые структуры.



- Это разновидность вторичной структуры, которая имеет слабо изогнутую конфигурацию полипептидной цепи и формируется с помощью межпептидных водородных связей в пределах отдельных участков одной полипептидной цепи или смежных полипептидных цепей. Ее называют также слоисто-складчатой структурой. Имеются разновидности β -структур. Ограниченные слоистые участки, образуемые одной полипептидной цепью белка, называют кросс- β -формой (короткая β -структура). Водородные связи в кросс- β -форме образуются между пептидными группами петель полипептидной цепи. Другой тип — полная β -структура — характерен для всей полипептидной цепочки, которая имеет вытянутую форму и удерживается межпептидными водородными связями между смежными параллельными полипептидными цепями (рис. 3). Эта структура напоминает меха аккордеона. Причем возможны варианты β -структур: они могут быть образованы параллельными цепями (N-концы полипептидных цепей направлены в одну и ту же сторону) и антипараллельными (N-концы направлены в разные стороны). Боковые радикалы одного слоя помещаются между боковыми радикалами другого слоя.



•Спасибо за внимание!