

# Structure des protéines

## Structure secondaire: *motifs structuraux*

VLSEGEWQLVLHVWAKVEADVAGHGQDILIRLFKSHPETLEKFDRFKHLK  
HHHHHHHHHHHHHHGGGHHHHHHHHHHHHHHHTHHHHTTTTTTTT

TEAEMKASEDLKKHGVTVLTAALGAILKKKGHHEAELKPLAQSHATKHKIP  
HHHHHH HHHHHHHHHHHHHHHHHHTTTT HHHHHHHHHHHHT

IKYLEFISEAIIHVLHSRHPGDFGADAQGAMNKALELFRKDIAAKYKELG  
HHHHHHHHHHHHHHHHHHHH GGG HHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHT

YQG

H : hélice  $\alpha$   
G : hélice 310  
T : coude

# Structure tertiaire : *organisation de la molécule dans l'espace*

## Modèle HP

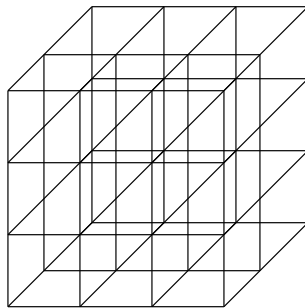
▷ classification des acides aminés

H : *hydrophobe*

P : *hydrophile (polarisé)*

▷ repliement: interactions hydrophobes

▷ discrétisation de l'espace



6 directions de déplacement

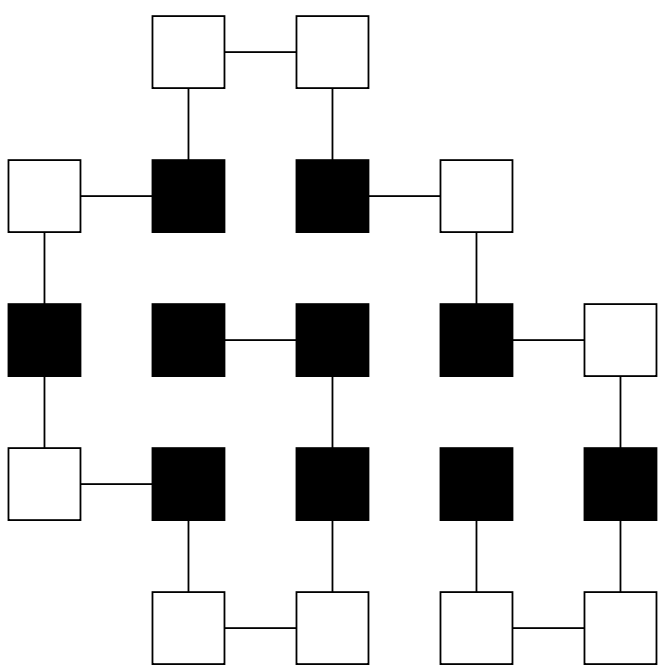
## Enoncé du problème

- ▷ **Donnée:** une séquence sur  $\{H, P\}^*$
- ▷ **Question:** quel est le chemin sans croisement qui maximise le nombre de contacts entre acides aminés hydrophobes ?

---

*NP-complet*

---



HHHPHPHPHPHPHPHP

