

1

Contenido de la clase

- **Formas estructurales de las proteínas**
- Estructura secundaria de las proteínas
 - Hélice α (alfa)
 - Conformación β (beta)
- Estructura terciaria de proteínas
- Desnaturalización y plegamiento
- Plegamiento en la célula
- Termodinámica del plegamiento
- Estructura cuaternaria de las proteínas

2

Estructura tridimensional de las proteínas

Consideraciones:

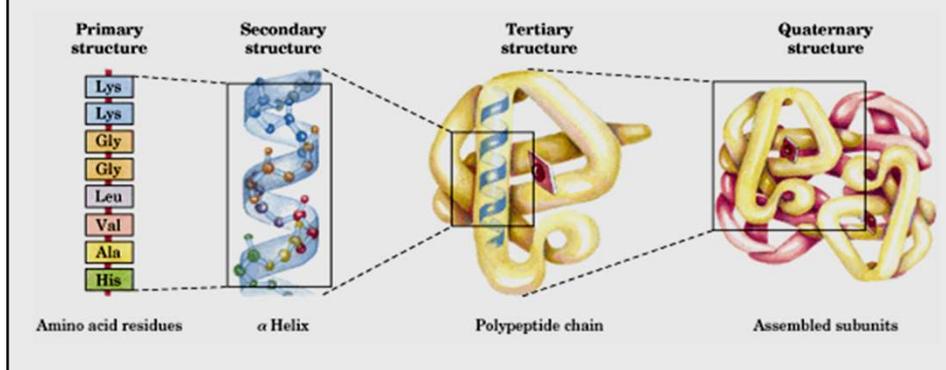
- La estructura tridimensional de una proteína viene determinada por la secuencia de Aa.
- La función de una proteína depende de su estructura tridimensional.
- La estructura tridimensional de una proteína es única.
- La estabilización de la estructura tridimensional de una proteína está determinada por interacciones no covalentes.
- Es posible reconocer ciertas características comunes en las estructuras proteicas a pesar de su complejidad.
- Polipéptidos con secuencias diferentes "pueden" adoptar estructuras similares.
- Polipéptidos con secuencias similares "pueden" adoptar estructuras diferentes.

3

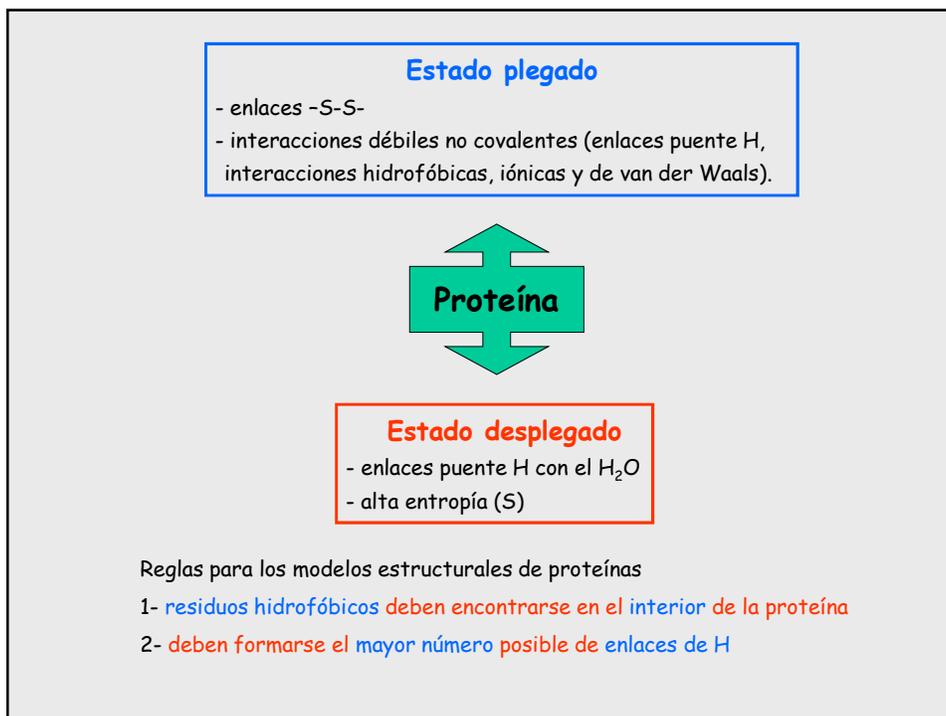
Conformación de una proteína: Disposición espacial de sus átomos

- Rotación alrededor de enlaces simples \Rightarrow cambio de conformación
- Cientos de enlace \Rightarrow cientos de conformaciones
- Conformación predominante: menor energía libre de Gibbs (G) \Rightarrow más estable
- Conformación funcional \Rightarrow "proteína nativa".

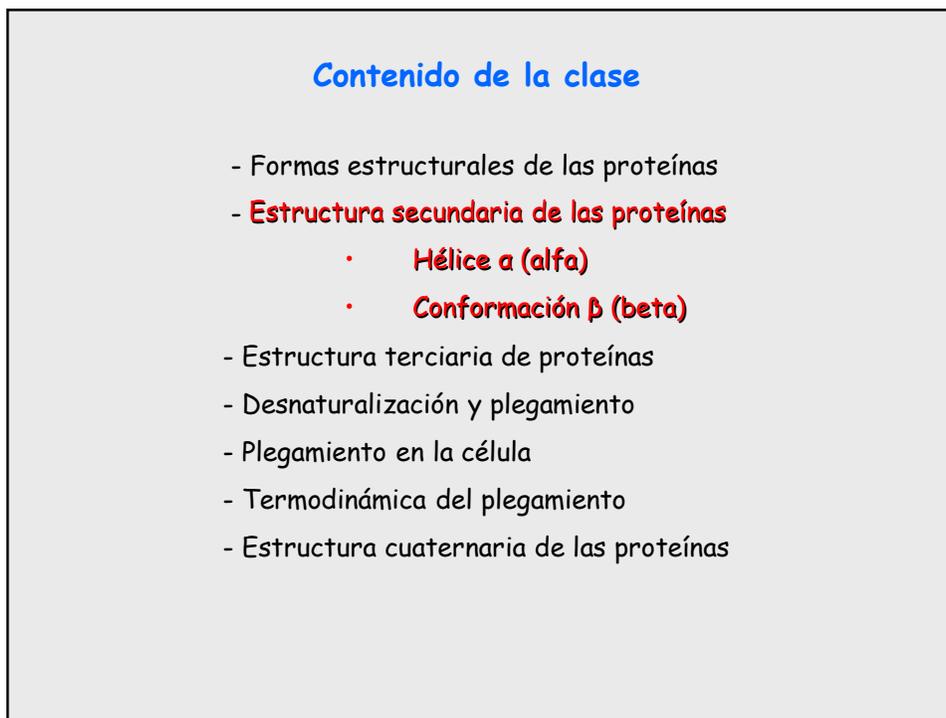
Niveles de estructuración de las proteínas



4



5



6

Estructura secundaria de las proteínas

Enlace peptídico: carácter parcial de doble enlace por resonancia => no puede rotar

- > **resonancia:** oxígeno carbonílico y nitrógeno amida comparten dos pares de e⁻
- > formación de un pequeño **dipolo eléctrico**
- > **O-C-N-H** se localizan en el **mismo plano**
- > **O** e **H** se encuentra en posición **trans**

Resonance structures of the peptide bond showing partial double bond character and dipole moment.

3D model of the peptide bond showing the pi orbital system.

Esqueleto polipeptídico de una proteína: serie de planos rígidos separados por grupos metileno sustituidos, -CH(R)

Diagram of the polypeptide backbone showing the repeating unit and the amino and carboxyl termini.

7

Ángulos ω (omega)

$\omega = 180$

↔

$\omega = 0$

$\omega = 180^\circ$

trans-Peptide Group

forma trans
- sin impedimento
- estable

Trans

cis-Peptide Group

forma cis
- impedimento estérico C β
- menos estable

Cis

8

Rotación

- impedida a nivel del enlace peptídico
- posibilitada en enlaces $N-C_\alpha$ y $C_\alpha-C$
- cierto impedimento dependiendo del tamaño y carga de grupos R

Ángulos de torsión (ángulos diédricos o de rotación)

$$\left[\begin{array}{c} \phi (\text{phi}) \\ N - C_\alpha - C \\ \psi (\text{psi}) \end{array} \right]$$

Rotación + en el sentido de las agujas de reloj visto desde C_α

$\phi (\text{phi})$ y $\psi (\text{psi})$: $+180^\circ$ y $+180^\circ$: conformación extendida
 $\phi (\text{phi})$ y $\psi (\text{psi})$: -180° a $+180^\circ$

9

$\phi (\text{phi})$ y $\psi (\text{psi})$: $+180^\circ$ y $+180^\circ$: conformación extendida

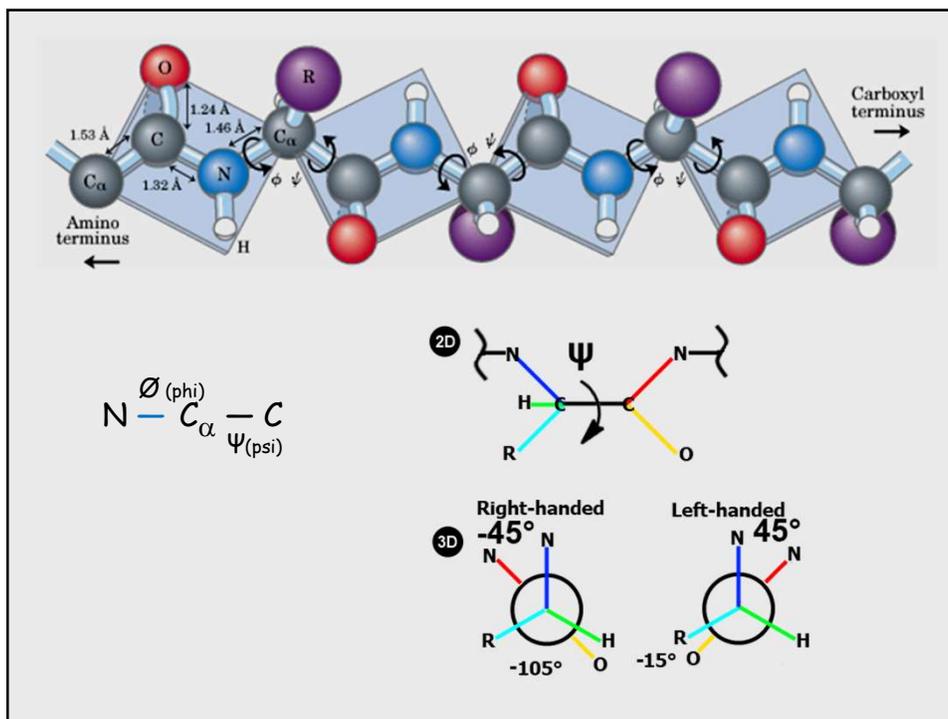
$$\left[\begin{array}{c} \phi (\text{phi}) \\ N - C_\alpha - C \\ \psi (\text{psi}) \end{array} \right]$$

Amide plane

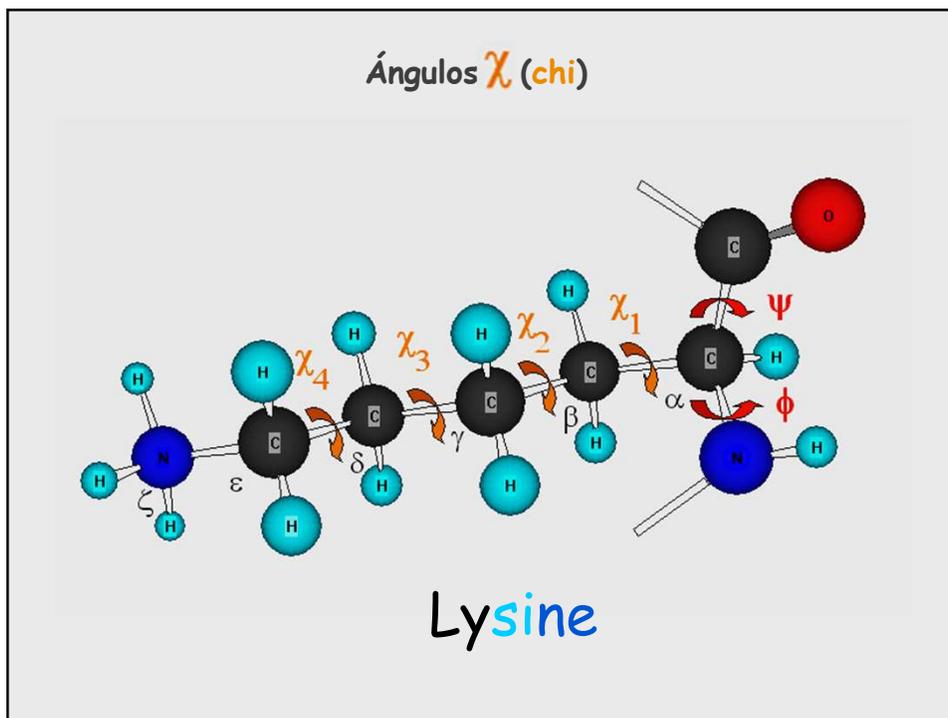
Amide plane

$\phi - 180^\circ, \psi - 180^\circ$

10



11



12

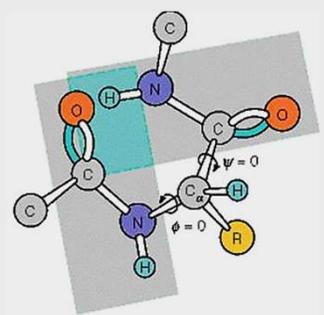
$$N - C_{\alpha} - C$$

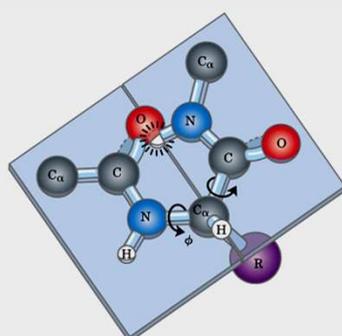
$$\phi(\text{phi}) \quad \psi(\text{psi})$$

$\phi(\text{phi})$ y $\psi(\text{psi})$: -180° a $+180^{\circ}$
 Valores teóricos NO registrados por **impedimentos estéricos** entre átomos del esqueleto polipeptídico y de las **cadena laterales de los Aa**

$\phi(\text{phi}) = \psi(\text{psi}) = 0^{\circ}$ (cero)

Conformación en la que **dos enlaces peptídicos** contiguos se encuentran en el **mismo plano**





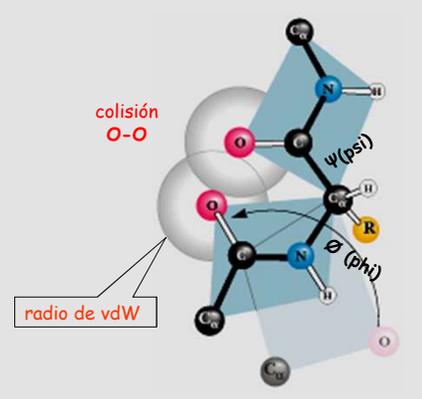
Esta conformación NO es accesible en una proteína por el **solapamiento estérico** del O del carbonilo y el H de amino.

13

Configuraciones según los ángulos ϕ y ψ

$$N - C_{\alpha} - C$$

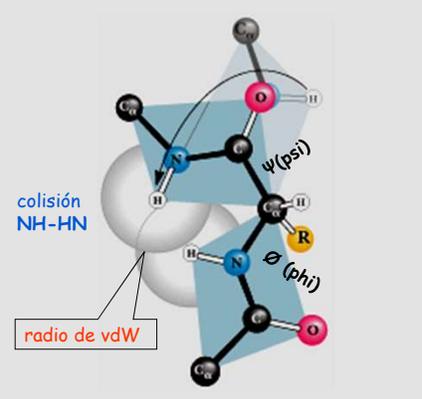
$$\phi(\text{phi}) \quad \psi(\text{psi})$$



colisión O-O

radio de vdW

$\phi(\text{phi})=0^{\circ}, \psi(\text{psi})=180^{\circ}$

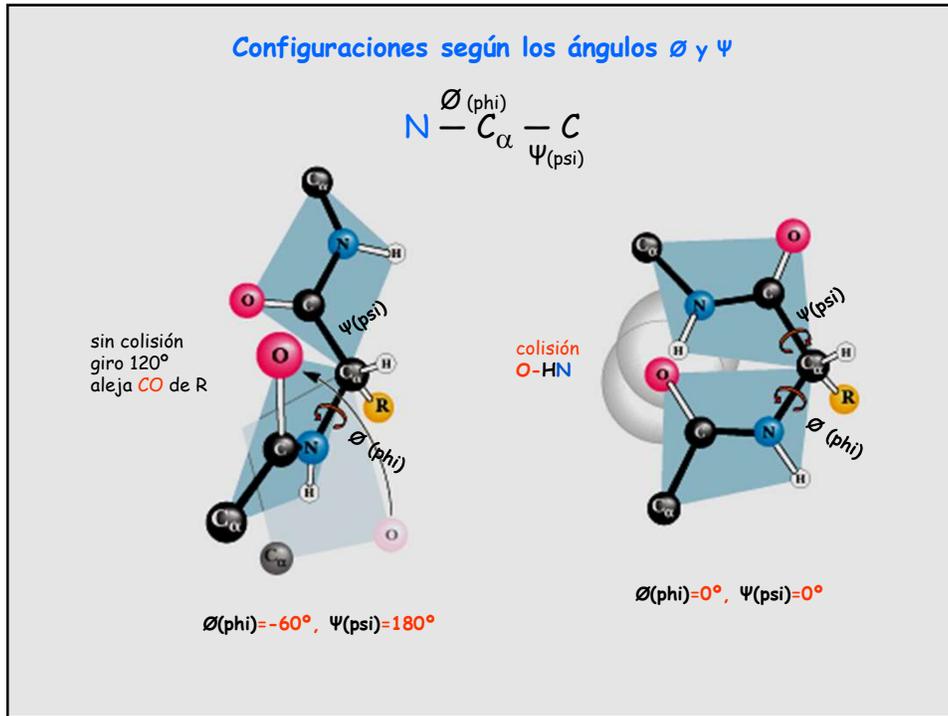


colisión NH-HN

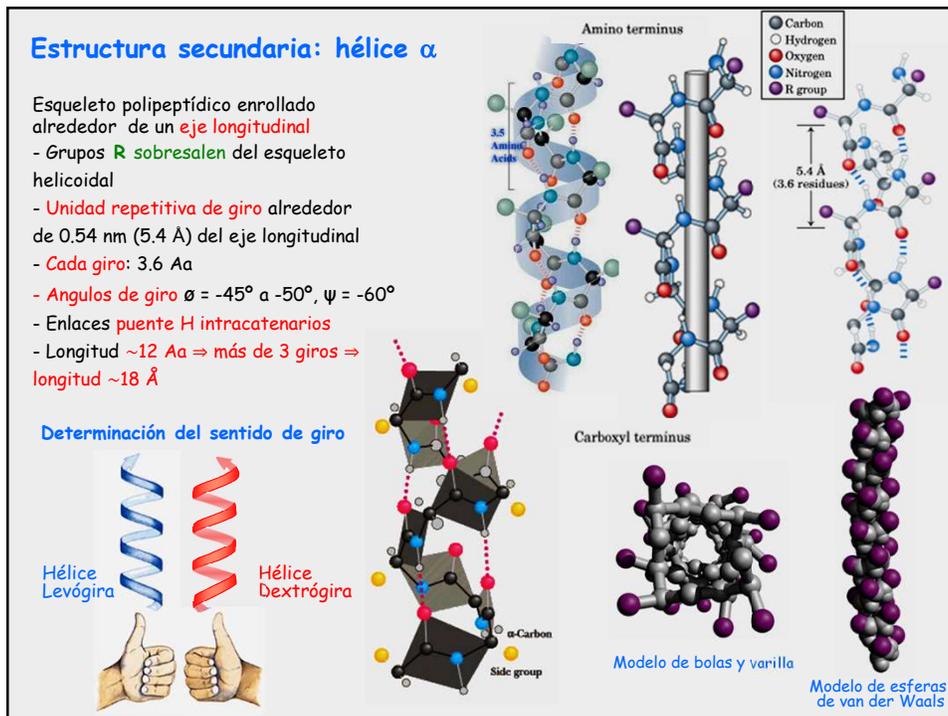
radio de vdW

$\phi(\text{phi})=180^{\circ}, \psi(\text{psi})=0^{\circ}$

14



15



16

Estabilidad de la hélice α : rol de la secuencia de Aa

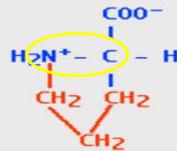
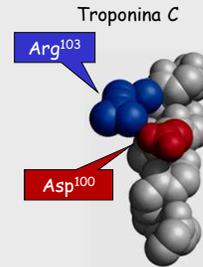
No todos los péptidos pueden formar hélice α estables

Estabilidad: interacciones entre R separados por 3-4 Aa en el giro de la hélice α :

- **Interacciones iónicas:** Aa cargados (+) se encuentran 3 residuos a continuación de Aa cargados (-).
- **Interacciones hidrofóbicas:** entre Aa aromáticos separados por 3 residuos.

Inestabilidad:

- **Carga en residuos R:**
 - Glu contiguos: Aa ácido, cargado (-) a pH 7
 - Lys y/o Arg contiguos: Aa básicos, cargado (+) a pH 7
- **Tamaño y forma de residuos R:**
 - Asn, Ser, Thr (polares) y Leu contiguos.

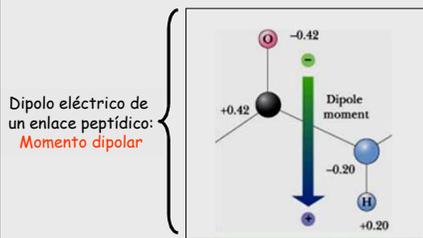


Prolina: raramente presente en hélice α

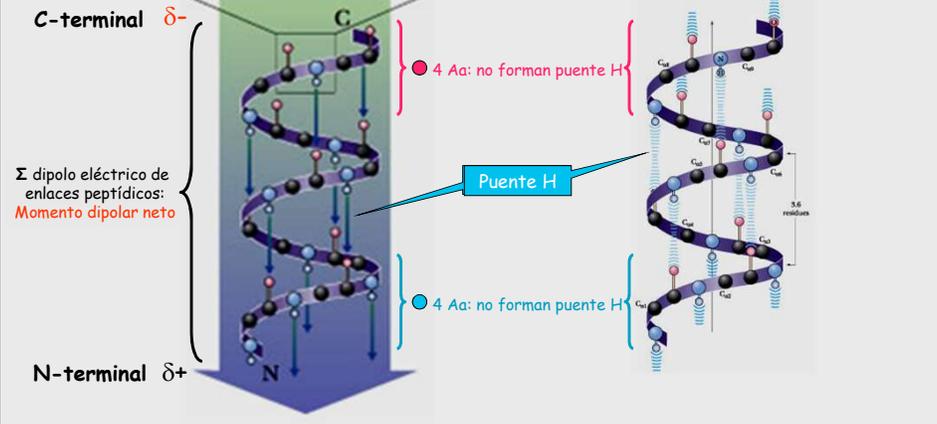
- N forma parte de un anillo rígido
- rotación N - C $_{\alpha}$ imposibilitada
- N no forma enlaces puente H

17

Estabilidad de la hélice α : Aa en los extremos



Aa (R) próximos al N-terminal	Hélice α
(-) (interacción con (+) del dipolo)	estabilización
(+) (interacción con (-) del dipolo)	desestabilización
Aa (R) próximos al C-terminal	Hélice α
(+) (interacción con (-) del dipolo)	estabilización
(-) (interacción con (+) del dipolo)	desestabilización



18

Resumen: tipos de restricciones sobre la estabilidad de la hélice α

- 1- Repulsión (o atracción) electrostática entre R cargados.
- 2- Volumen de los R.
- 3- Interacciones entre R separados 3 (o 4) residuos.
- 4- Presencia de Pro.
- 5- Interacción entre Aa en los extremos de la hélice y el dipolo de ésta.

19

Conformación β

- El esqueleto de la cadena polipeptídica se extiende en forma de **zig-zag**

- Ángulos de giro $\phi = -140^\circ$, $\psi = +130^\circ$

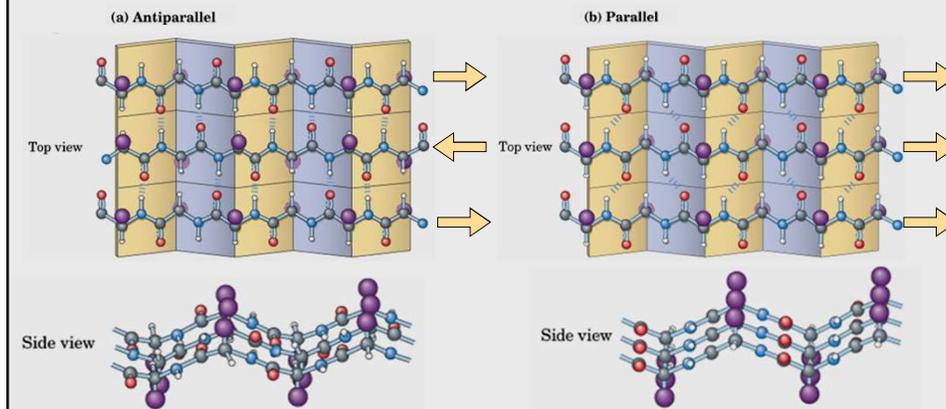
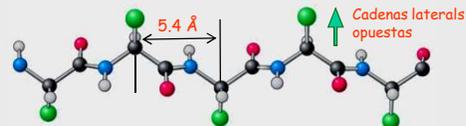
- Cadenas polipeptídicas dispuestas de manera adyacentes formando pliegues: **hoja β plegada**

- Puentes H **intercatenarios** (principalmente) (intracatenarios menos probables)

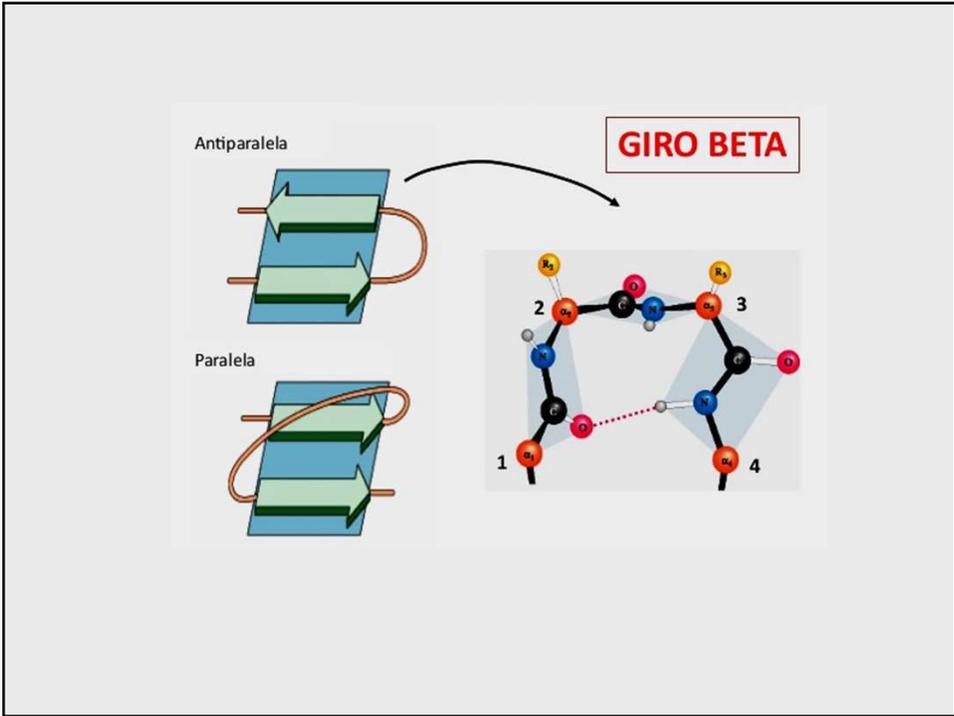
- Cadenas polipeptídicas adyacentes **antiparalelas**: orientaciones amino-carboxilo opuestas

- Cadenas polipeptídicas adyacentes **paralelas**: = orientación amino-carboxilo

- La hoja β : 6 (2-22) hebras \Rightarrow c/u 6 (>15) Aa



20



21

Aa en las estructuras β

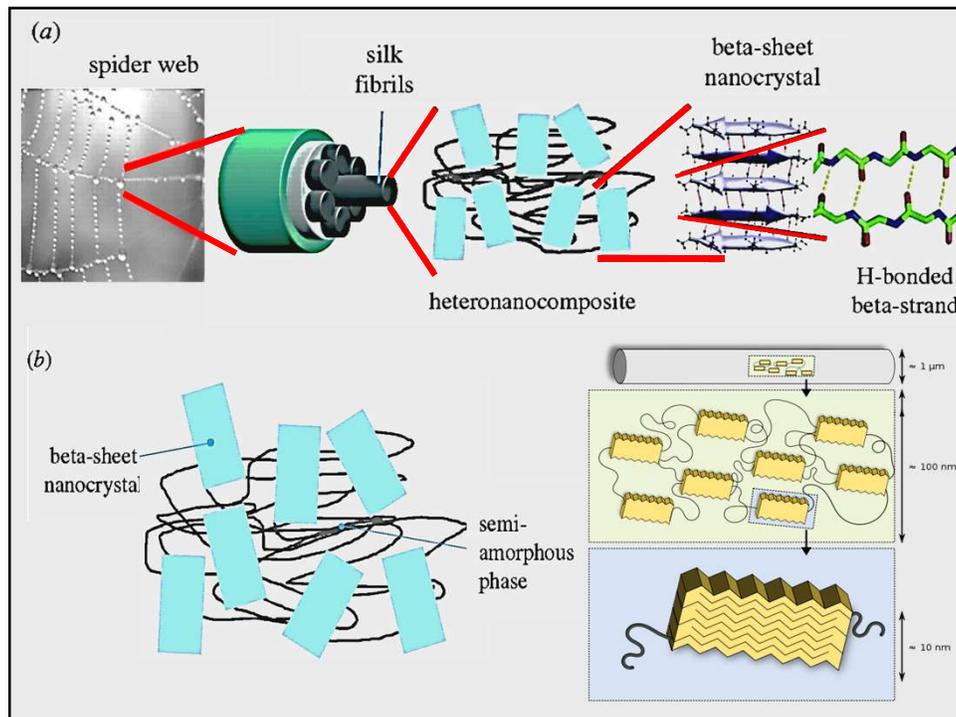
Dos o más hojas β empaquetadas \Rightarrow R de la superficie de contacto relativamente pequeños

β queratina: **Fibroína** (seda y telas de araña)

- alta concentración en **Gly** y **Ala** (Ser)
- **flexibles**: interacciones débiles van der Waals entre láminas
- **extensión**: entre láminas por la presencia de **R voluminosos** (Val y Tyr) (en telas de araña y según el tipo de araña)

COO^-	COO^-	COO^-
$\text{H}_3\text{N}^+-\text{C}-\text{H}$	$\text{H}_3\text{N}^+-\text{C}-\text{H}$	$\text{H}_3\text{N}^+-\text{C}-\text{H}$
H	CH₃	CH₂OH
Glycine	Alanine	Serine

22

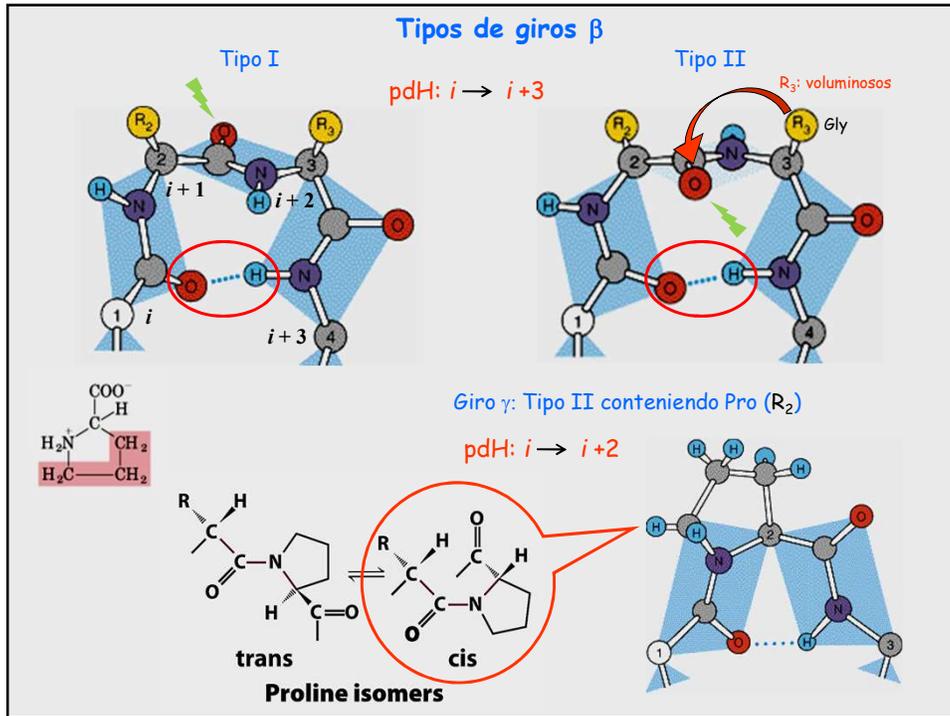


23

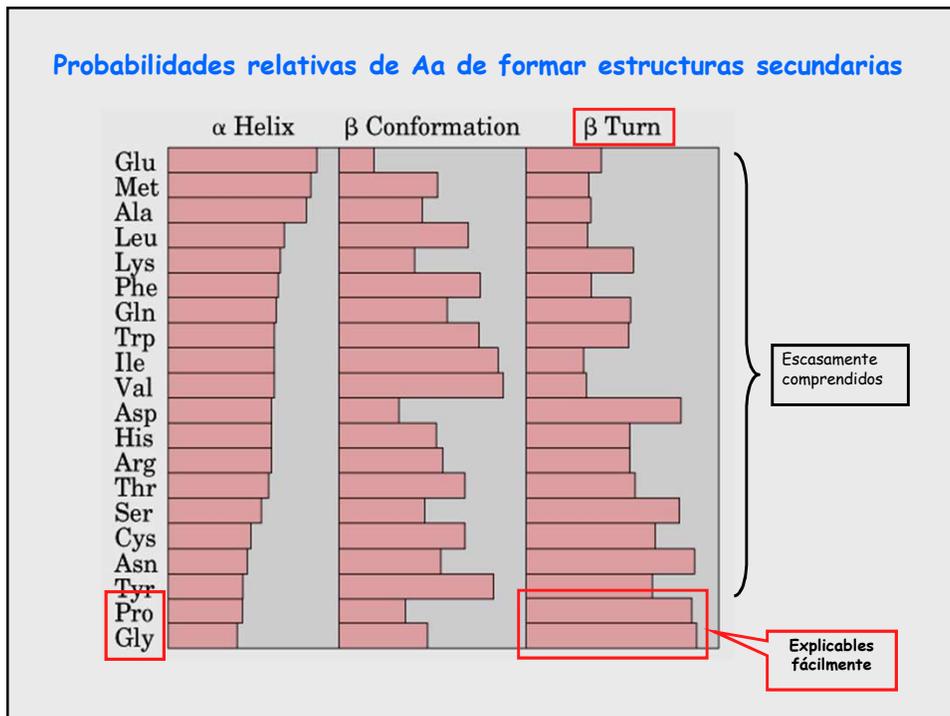
Otras estructuras secundarias

- En una o un pequeño nº de proteínas.
- Hélice del colágeno.
- Giro β (giro inverso o curva β): localizado entre dos segmentos adyacentes de una hoja β anti-paralela o de hélices α
- Ubicados en la superficie de la proteínas.
- Giro de $\sim 180^\circ$ donde participan 4 Aa
- Generalmente están presentes
 - > Gly: pequeño y flexible
 - > Pro: enlace imino adopta la configuración cis => formación giro γ

24



25



26

Proteínas fibrosas: relación estructura-función biológica

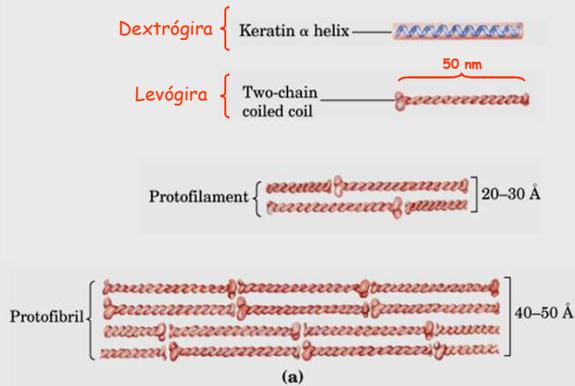
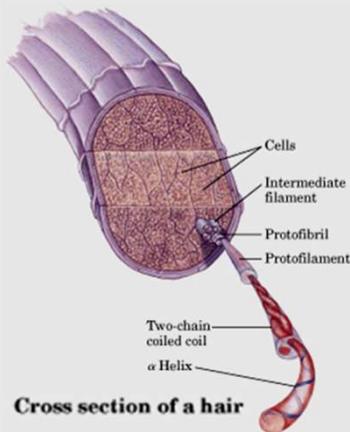
Estructuras secundarias y propiedades de las proteínas fibrosas

Estructura	Características	Ejemplos/localización
Hélices α , entrecruzadas por enlaces disulfuro	Estructuras resistentes e insolubles, de dureza y flexibilidad variable	α -queratina: cabello, piel, lana, uñas, garras, pezuñas, cuernos
Conformación β	Filamentos suaves y flexibles	Fibroína de la seda, β -queratina escamas, plumas
Triple hélice de colágeno	Elevada resistencia a la tensión sin capacidad de estiramiento	Colágeno de los tendones, cartílagos, matriz ósea, cornea del ojo
Cadenas de elastina entrecruzadas por desmosina y lisilnorleucina	Capacidad de estiramiento en dos direcciones y elasticidad	Elastina de los ligamentos

27

Estructura de la α -queratina del cabello

- Forman parte de la familia de **filamentos intermedios**.
- Estructura **helicoidal dextrógira**, 3.6 R/vuelta (300 R)
- Rica en **R hidrofóbicos**: Phe, Ile, Val, Met y Ala (c/4 Aa 1 hidrófobo)
- Unión de 2 hélices por **interacciones hidrofóbicas**
- El enrollamiento de varias cadenas helicoidales = **superhélice** \Rightarrow alta resistencia
- **Resistencia** reforzada por la formación de **puentes -S-S-** entre las cadenas polipeptídicas (alta concentración de **Cys**)



28

Estructura del colágeno

- Estructura **helicoidal levógira**, 3.3 R/vuelta (1000 R)
- Secuencia repetitiva: **Gly-X-Y** (X: Pro, Y: Hyp) (Hyl: hidroxilisina)
- **Gly** (pequeña) en el **centro de la triple hélice**
- **Tropocolágeno**: tres hélices enrolladas en forma dextrógira
- El enrollamiento de varias cadenas helicoidales \Rightarrow **superhélice** \Rightarrow alta resistencia
- **Resistencia** reforzada por la formación de **enlaces entre dos Lys** (lisilnorleucina) entre tropocolágenos (tb His)

NC(CO)C(=O)O
 4-Hydroxyproline

NC(CO)C(=O)O
 5-Hydroxylysine

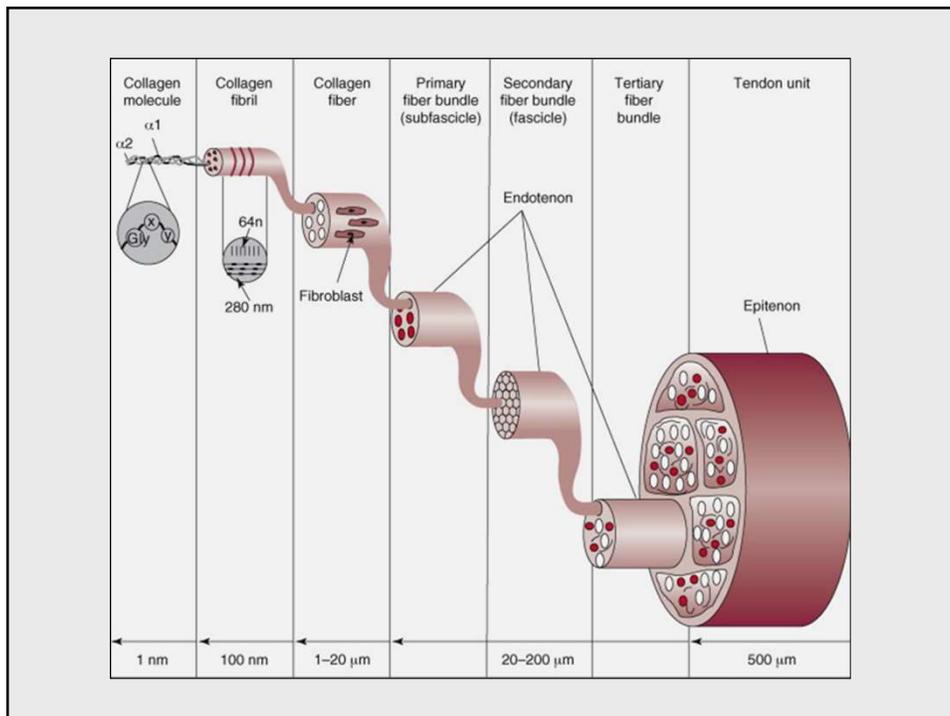
Puentes H:
 O carbonilo - H amidas
 -OH de Hyp

NC(CO)C(=O)O
 4-Hydroxyproline

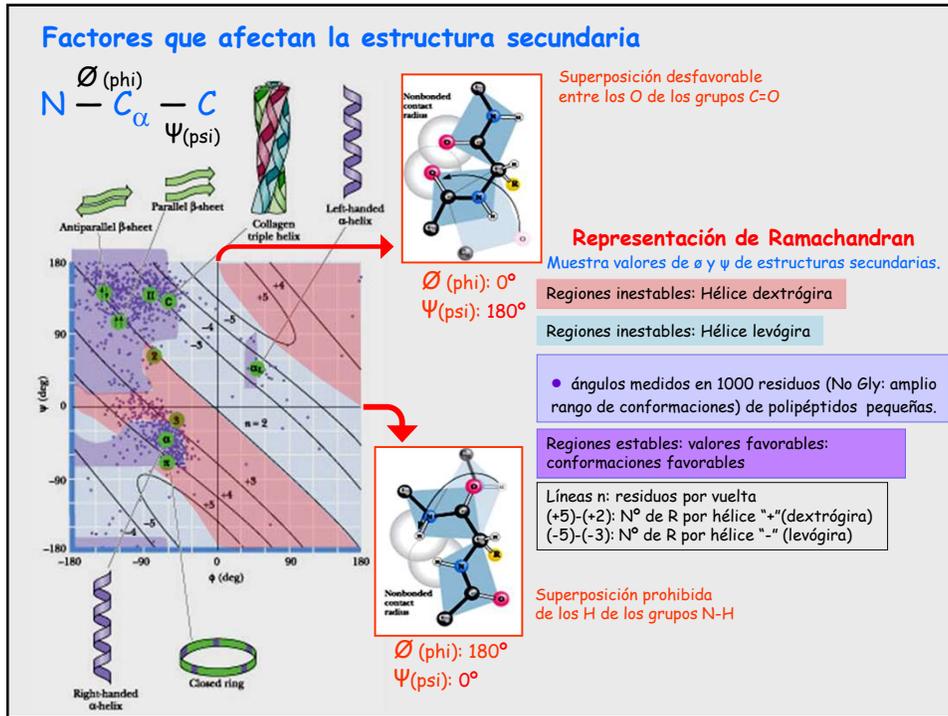
NC(CO)C(=O)O
 5-Hydroxylysine

Tropocolágeno (300 nm)

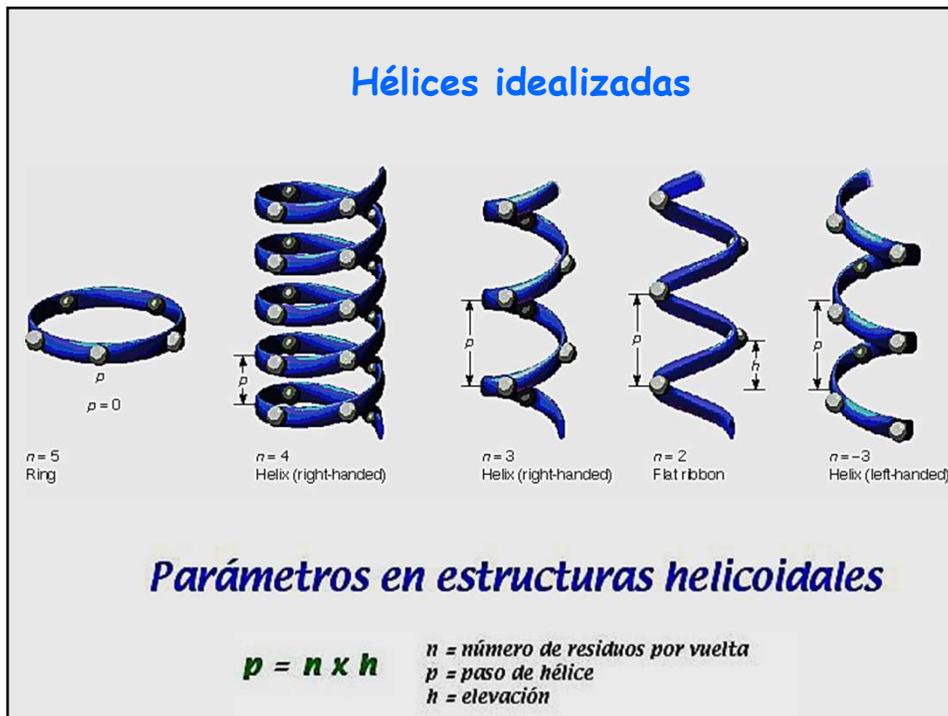
29



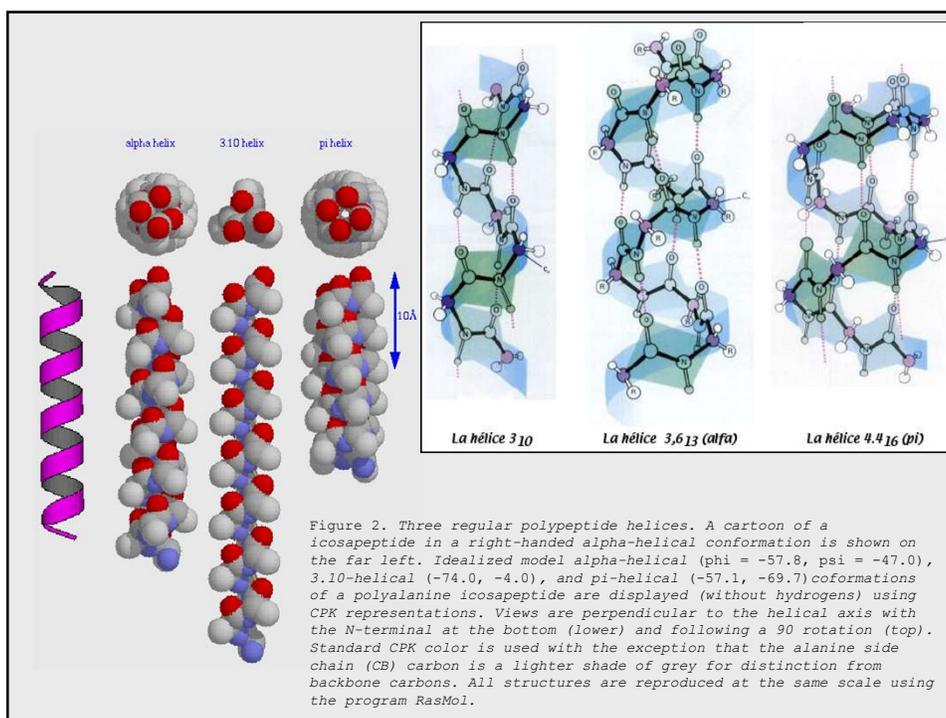
30



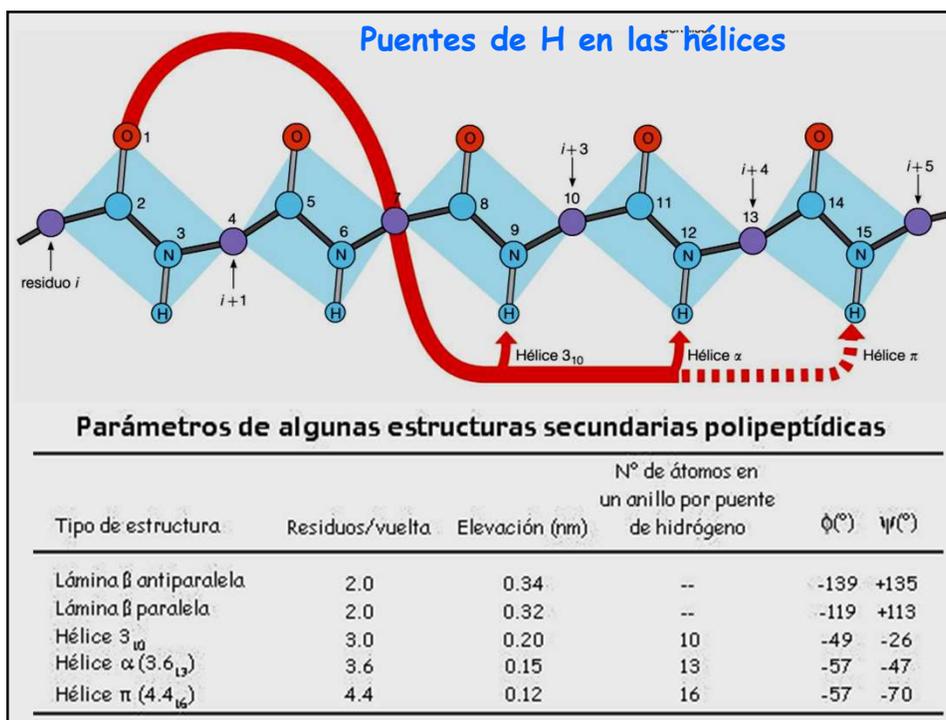
33



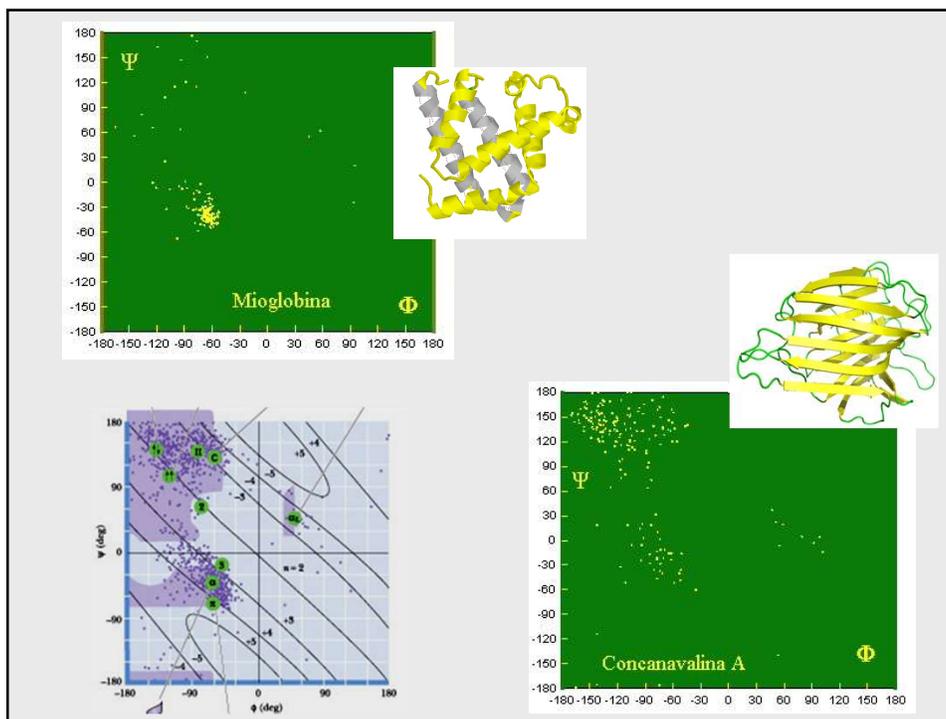
34



35



36



37

TABLA 6.6 Correspondencia de residuos de aminoácidos con estructuras secundarias proteicas

A. Probabilidades relativas de aparición de residuos de aminoácidos en distintas estructuras secundarias de proteínas globulares^a

Aminoácido	Hélice α (P_α)	Lámina β (P_β)	Giro (P_i)
Ala	1.29	0.90	0.78
Cys	1.11	0.74	0.80
Leu	1.30	1.02	0.59
Met	1.47	0.97	0.39
Glu	1.44	0.75	1.00
Gln	1.27	0.80	0.97
His	1.22	1.08	0.69
Lys	1.23	0.77	0.96
Val	0.91	1.49	0.47
Ile	0.97	1.45	0.51
Phe	1.07	1.32	0.58
Tyr	0.72	1.25	1.05
Trp	0.99	1.14	0.75
Thr	0.82	1.21	1.03
Gly	0.56	0.92	1.64
Ser	0.82	0.95	1.33
Asp	1.04	0.72	1.41
Asn	0.90	0.76	1.23
Pro	0.52	0.64	1.91
Arg	0.96	0.99	0.88

B. Reglas de Chou-Fasman para la predicción^b

- Cualquier segmento de seis residuos o más, con $\langle P_\alpha \rangle \geq 1.03$, así como $\langle P_\alpha \rangle > \langle P_\beta \rangle$, y que no incluya Pro, se predice que será una hélice α .
- Cualquier segmento de cinco residuos o más, con $\langle P_\beta \rangle \geq 1.05$, y $\langle P_\beta \rangle > \langle P_\alpha \rangle$, se predice que será una lámina β .
- Examinar la secuencia para identificar tetrapéptidos con $\langle P_\alpha \rangle < 0.9$, $\langle P_i \rangle > \langle P_\beta \rangle$. Tienen una buena oportunidad de ser vueltas. Las reglas reales para predecir giros β son más complejas, pero este método funciona en la mayoría de los casos.

^aDatos adaptados de M. Levitt, *Biochemistry* (1978) 17:4277-4285.
^bAdaptado con permiso de P. Y. Chou y G. D. Fasman, *Biochemistry* (1974) 13:222-245. © 1974 American Chemical Society. Los símbolos $\langle P_\alpha \rangle$, $\langle P_\beta \rangle$ y $\langle P_i \rangle$ denotan valores *medios* de estas cantidades en una región de la secuencia.

38

<http://biomodel.uah.es/model1j/prot/Ramachandran.htm>

39

Contenido de la clase

- Formas estructurales de las proteínas
- Estructura secundaria de las proteínas
 - Hélice α (alfa)
 - Conformación β (beta)
- **Estructura terciaria de proteínas**
- Desnaturalización y plegamiento
- Plegamiento en la célula
- Termodinámica del plegamiento
- Estructura cuaternaria de las proteínas

40

Estructura terciaria de proteínas

Plegamiento de las estructuras secundarias sobre si mismas determinado una estructura tridimensional: **proteína globular**

Albúmina sérica bovina (584 Aa)
dimensiones aproximadas

- β Conformation: 2,900 × 5 Å
- α Helix: 900 × 11 Å
- Native globular form: 130 × 30 Å

Mioglobina

- almacenamiento y transporte de O₂ en músculo
- una cadena polipeptídica de 153 Aa (16.7 kDa)
- un grupo ferroporfirina o Hemo

Grupo Hemo

Protoporfirina: anillo orgánico que une Fe²⁺

Histidina 93

Enlaces coordinados

41

Estructura terciaria

- 8 segmentos α hélice conectados por giros o lazos de la cadena
- α hélice > longitud 23 R, α hélice < longitud 7 R
- 70% de Aa en las regiones helicoidales

Hemo

R hidrofóbicos

representación en cintas (en inglés *ribbon*)

Hemo

R hidrofóbicos

representación en bolas o esferas (en inglés *sphere* o *spacefill*)

His E7, Phe CD1, Val E11, His F8, Leu, Ile, Val, Phe

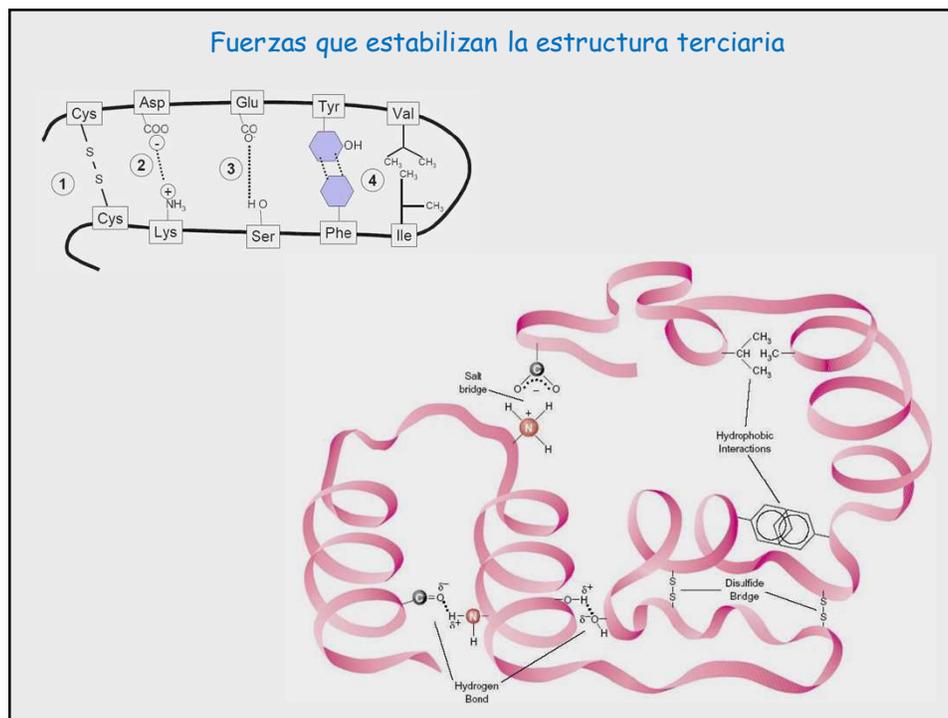
42

Conclusiones obtenidas a partir de la estructura de mioglobina

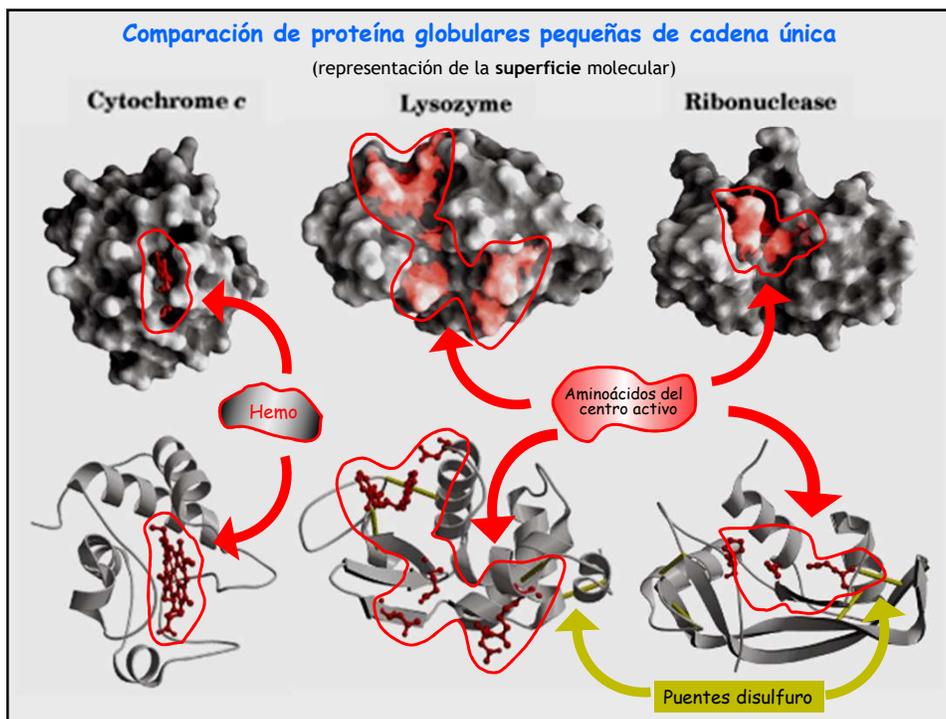
- La **estabilidad** de la estructura es debida a **interacciones hidrofóbicas** (en base a la posición de los R)
- Los **R hidrofóbicos** están localizados en el **interior** de la molécula
- Los **R polares** están localizados en la **superficie externa** de la molécula y están hidratados
- La molécula es muy **compacta** (solo hay espacio para 4 moléculas de H_2O)
- La fracción de espacio ocupada por los átomos es 0.72 - 0.76, similar a la encontrada en un sólido (0.75) y superior a la registrada en un líquido orgánico (0.25 - 0.35)
- Los **R no polares** están tan cercanos que las interacciones de tipo **van der Waals** contribuyen significativamente a las interacciones hidrofóbicas
- Todos los **enlaces peptídicos** están en la **configuración planar trans**
- c/u de las 4 **Pro** se encuentra en el **giro** de la cadena (Aa rígido: incompatible con la estructura en α hélice)
- **Otros giros** contienen **Ser, Thr y Asn** (Aa incompatibles con la estructura en α hélice si están próximos)
- El **Fe** tiene **2 enlaces coordinados** perpendiculares al grupo **Hemo**: uno se une a His 93 y el otro al O_2
- El grupo **Hemo** está en un **bolsillo de la proteína** que lo hace **inaccesible a solventes** (en Hemo libre: el Fe^{2+} puede oxidarse a Fe^{3+} por lo que no puede fijar O_2).

43

Fuerzas que estabilizan la estructura terciaria



44



45

Approximate Amounts of α Helix and β Conformation in Some Single-Chain Proteins*		
Protein (total residues)	Residues (%)	
	α Helix	β Conformation
Chymotrypsin (247)	14	45
Ribonuclease (124)	26	35
Carboxypeptidase (307)	38	17
Cytochrome c (104)	39	0
Lysozyme (129)	40	12
Myoglobin (153)	78	0

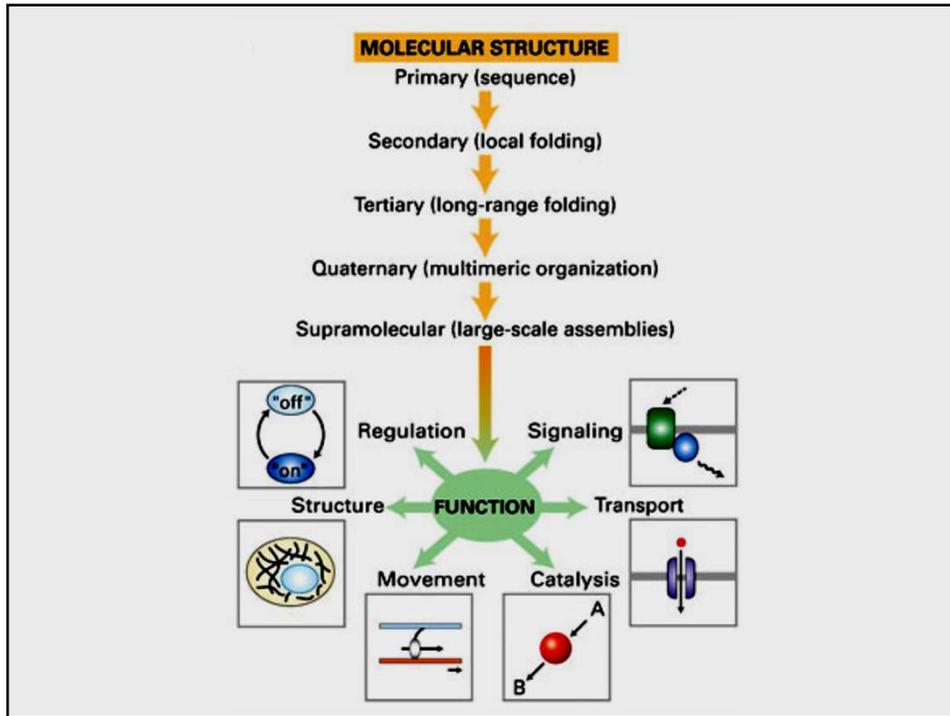
Source: Data from Cantor, C.R. & Schimmel, P.R. (1980) *Biophysical Chemistry, Part I: The Conformation of Biological Macromolecules*, p. 100, W.H. Freeman and Company, New York.

*Portions of the polypeptide chains that are not accounted for by α helix or β conformation consist of bends and irregularly coiled or extended stretches. Segments of α helix and β conformation sometimes deviate slightly from their normal dimensions and geometry.

Si bien cada una de estas proteínas tiene estructura \neq (adaptada a su función biológica) tienen en común:

- Plegamiento compacto
- Cadenas laterales hidrofóbicas orientadas hacia el interior
- Cadenas laterales hidrofílicas orientadas hacia la superficie
- Estabilización por enlaces de H e interacciones iónicas

46



47