



***S* (4831)**



Módulo 1. Ficha 1.2

1.2. Niveles de estructura en las macromoléculas biológicas.

(La visualización interactiva adecuada de las moléculas de la página requiere la instalación en el navegador del plug-in [chime](#).)

🧠 **Estructura Primaria:** Orden secuencial de los residuos

Las proteínas y los ácidos nucleicos son polímeros no ramificados. La estructura de la cadena covalente de cada uno de ellos puede escribirse como $R_1R_2\dots R_i\dots R_n$, donde se da la identidad del residuo R_i en la posición de la cadena. Los polímeros biológicos tienen la característica de que tienen un principio y un final distintos "*cabeza*" y "*cola*". En un biopolímero la secuencia R_nR_1 es distinta de la R_1R_n .

Puede ser que en la estructura total de un biopolímero haya más de una cadena, así como que haya entrecruzamiento de cadenas. Toda esta organización secuencial de los monómeros pertenece a la estructura primaria.

La definición precisa de la estructura primaria también requiere dar la configuración de todos los centros asimétricos, tanto de la cadena principal de átomos que forman el esqueleto polimérico, como de las cadenas laterales de cada monómero particular.

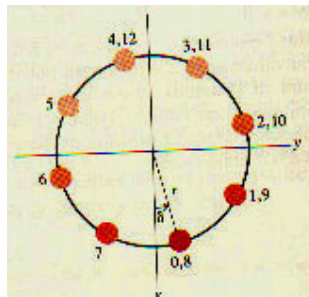
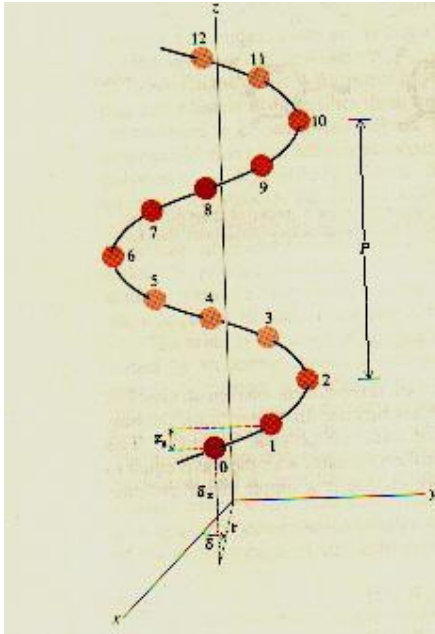


*Estructura primaria de la proteína **ribonucleasa bovina**: El primer aminoácido es el que tiene su residuo amino libre (lisina), el último el que tiene su residuo carboxilato libre (valina); Lys-Glu-Thr-Ala-Ala-Ala-Lys-Phe.....Val*

Estructura secundaria: Ordenación tridimensional de los residuos cercanos en la secuencia primaria

Muchas cadenas biopoliméricas pueden formar estructuras tridimensionales localmente ordenadas. Para muchos polímeros lineales individuales con unidades monoméricas asimétricas, la única posible ordenación tridimensional es una hélice. Ésta contiene un eje de simetría de giro o de rotación.

En la figura que se muestra más abajo, r es la distancia en el plano xy desde el eje z a un residuo específico; z_0 es la distancia vertical entre residuos adyacentes y P es el "paso de la hélice", la amplitud de la hélice, es decir la distancia vertical que debe recorrerse por el eje z de la hélice hasta que se completa una vuelta. Las constantes δ_z y δ definen la posición del residuo número cero. En biopolímeros las hélices que se forman son más complejas que la de la figura ya que cada residuo está compuesto por varios átomos y por tanto P y z_0 será constante para todos los átomos, pero r , δ_z y δ aunque constantes para cada residuo, serán diferentes para cada átomo del residuo.



Esquema simplificado de la geometría de una hélice simple. Vista lateral (izquierda) y vista frontal (arriba)

$$z_i = jz_0 + \delta_z ;$$

$$x_i = r \cos (2\pi jz_0/P + \delta);$$


$$y_i = r \sin (2\pi jz_0/P + \delta)$$

En las ecuaciones que aparecen en la figura anterior si $r = 0$ se obtiene una estructura lineal, generada por la operación de simetría traslacional $z \rightarrow (z + z_0)$; $x \rightarrow x$; $y \rightarrow y$. Una descripción equivalente a una estructura lineal ocurre cuando r es distinto de 0, pero $P = z_0$.

Cuando $P = 2z_0$, la coordenada y de cada átomo de cada residuo alterna entre $r \cdot \sin \delta$ y $-r \cdot \sin \delta$, mientras que la coordenada x oscila entre $r \cdot \cos \delta$ y $-r \cdot \cos \delta$. Si se toma $\delta = 0$ puede verse fácilmente que la estructura parezca un acordeón, *hoja plegada* o *lámina plegada*. La cantidad P/z_0 es el número de residuos por vuelta de la hélice. No es necesario que sea entero. Una hélice con n residuos por vuelta se llama orden 2, así que una hoja plegada es una hélice 2-fold; la *hélice polipeptídica α* es de orden 3/6

Pueden formarse otras hélices juntando dos o más cordones helicoidales individuales. Las hélices dobles y triples son bastante comunes en la naturaleza. En hélices compuestas por varios cordones, las cadenas covalentes individuales que van en direcciones paralelas pueden ir en el mismo sentido (paralelas) o en sentido contrario (antiparalelas). El ADN de Watson y Crick es una estructura doble helicoidal con las dos cadenas de 10 residuos por vuelta y antiparalelas. En las hélices con cadena múltiple hay operaciones de simetría que permiten generar las coordenadas de los residuos de una cada si se conocen las coordenadas de los residuos de la otra. Hay que hacer notar, que ya que las proteínas y los ácidos nucleicos son copolímeros y que en general no contienen una secuencia periódica en las cadenas laterales, todas las operaciones de simetría de las que antes se ha hablado se aplican solo a los átomos de lo que llamamos es esqueleto y no a los de las cadenas laterales.

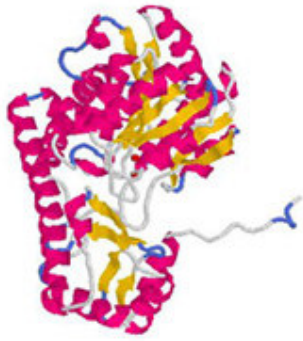
La **estructura secundaria** de un biopolímero es una lista de las regiones tridimensionales que tienen esqueletos localmente simétricos ordenados. Para una proteína, se tiene que especificar, por ejemplo, qué residuos particulares son [\$\alpha\$ hélices](#), y cuales son hebras o [cordones \$\beta\$](#) . Para un ácido nucleico se deben identificar que regiones particulares tienen hélices sencillas, o dobles o triples y qué partes no tienen ninguna hélice identificable. Se conocen alrededor de una docena de tipos de estructuras secundarias para las proteínas y ácidos nucleicos y unas cuantas más para los polisacáridos.

 **La estructura terciaria:** la organización tridimensional de los residuos lejanos secuencialmente

La estructura terciaria de un biopolímero es la estructura tridimensional completa de una unidad indivisible. Para una proteína esta unidad está constituida por un solo polipéptido con una clase de enlaces covalente o por varios que están unidos entre sí. Para un ácido nucleico, es una sola cadena covalente, como en el caso de la mayoría de ARNs, o dos cadenas complementarias en el caso de la mayoría de los ADNs. La estructura terciaria incluye una descripción no solo de la estructura simétrica local (secundaria) sino también de la localización espacial de todos los residuos.

Estructura terciaria de la Aspartato Aminotransferasa. La hélices alfa están coloreadas en rojo y las hebras, láminas u hojas beta en amarillo.

(La imagen de la izquierda es interactiva, la figura de la derecha es su imagen estática)



La estructura terciaria también da la organización simétrica molecular a gran escala. Por ejemplo, pueden formarse *suprahélices* por perturbación periódica de una hélice simple. Las suprahélices pueden estar formadas por sólo una cadena o por varias, por ejemplo la suprahélice del colágeno, tiene tres cadenas.

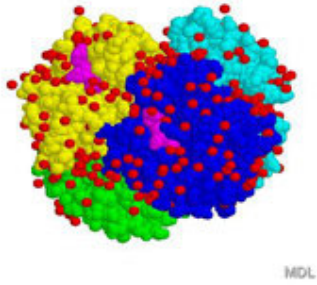
Generalmente el término *conformación* es sinónimo de *estructura terciaria*. Esto es así porque, si se conoce la conformación (valor de los ángulos de rotación alrededor de los enlaces en el polímero) se conoce la estructura terciaria y viceversa. Actualmente se conoce la estructura de un buen número de proteínas y de ácidos nucleicos y cada día están surgiendo más y más. La estructura tridimensional de los polímeros biológicos se determina experimentalmente mediante difracción de rayos X de los polímeros cristalizados y espectroscopía de RMN. Para polímeros no muy grandes los cálculos de Mecánica Molecular y Dinámica Molecular pueden dar buenos resultados.

● **La estructura cuaternaria:** *la organización de las subunidades.*

El nivel más alto de estructuración en un biopolímero es el que corresponde a la estructura cuaternaria que está constituida por la asociación no covalente de unidades independientes de estructura terciaria. Las subunidades de la estructura cuaternaria pueden ser idénticas o no y su organización en la estructura cuaternaria, puede ser o no ser simétrica.

Un ejemplo de una estructura cuaternaria sencilla podemos encontrarla en la hemoglobina. La hemoglobina está compuesta por cuatro subunidades, dos son idénticas y se les llama de tipo α y a las otras dos, que también son idénticas se les llama de tipo β , cada una de ellas es una sola cadena polipeptídica organizada en una estructura terciaria globular. Cada cadena contiene un grupo hemo unido. El tetramero intacto ($\alpha_2\beta_2$) tiene una masa molecular de 66.000 dalton (g/mol) y puede disociarse para dar dos dímeros de la forma: $\alpha_2\beta_2 \rightleftharpoons 2 \alpha\beta$. La posterior disociación en monómeros requiere condiciones mucho más rigurosas. La geometría de la estructura cuaternaria de la hemoglobina depende de que los grupos hemo tengan unido oxígeno en cada subunidad individual. No obstante, como se muestra en la figura, cada dímero $\alpha\beta$ está siempre relacionado con el otro mediante un eje de simetría C_2 . Además, debido a que tanto α como β tienen una estructura terciaria bastante parecida, existen también ejes de pseudosimetría que relacionan sus posiciones.

(la figura de la izquierda es interactiva, la de la derecha es una imagen fija de la misma estructura cuaternaria)



Estructura cuaternaria de la hemoglobina formada por cuatro cadenas diferentes agrupadas de forma simétrica. En el centro en color magenta cuatro grupos hemo de la proteína. Las bolas de color rojo son moléculas de agua de hidratación.

[Ficha anterior](#)



[Ficha
Siguiente](#)

Módulos

Biopolímeros. J. Donoso. Página actualizada en Febrero 2006