

Biopolímero

S (4831)

Módulo 3. Ficha 3.5.3.3



Universitat de les
Illes Balears

PROTEÍNAS

3.5. Estructura de las proteína

3.5.3.4 Tendencia de los aminoácidos a formar estructuras secundarias

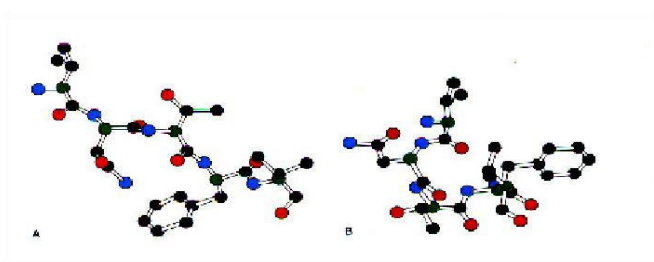
La siguiente tabla (T.E. Creighton, *Proteins: Structures and Molecular Properties*) refleja la tendencia que tienen los diferentes aminoácidos a formar las diferentes estructuras secundarias presentadas anteriormente.

Frecuencias relativas con las que se encuentra a los distintos aminoácidos en las estructuras secundarias de las proteínas.

Aminoácido	Hélice α	Hoja β	Giro β
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	1'28
Pro	0'52	0'64	1'91
Arg	0'96	0'99	0'88

Los datos experimentales de la tabla anterior están generados a partir del análisis de la composición de aminoácidos en las secuencias con estructura secundaria en las proteínas. La pregunta que puede formularse a continuación es si dada una determinada secuencia de aminoácidos es posible prever qué tipo de estructura secundaria se formaría. No se puede responder a esta pregunta con una precisión mayor de un 60% por numerosas razones entre ellas está la que se extrae directamente de los resultados de la tabla anterior y es que hay aminoácidos que tienen gran tendencia a formar un determinado tipo de estructura pero eso no quiere decir que no puedan formar otra. Por ejemplo, Val forma preferentemente hojas β (1'49) pero también puede formar hélices α en un porcentaje nada despreciable (0'91). Más aún, una misma secuencia puede formar dos tipos de estructura diferente como puede apreciarse en la siguiente figura para la secuencia VNTFV en la ribonucleasa y en la eritrocruorina.



Secuencia VNTFV en la ribonucleasa y en la eritrocruorina en conformaciones muy diferentes

Es evidente, por tanto, que el entorno es esencial en el establecimiento de la estructura secundaria. Las interacciones terciarias (las que aparecen entre residuos alejados entre sí) son determinantes a la hora de especificar la estructura secundaria de algunos segmentos. No obstante, existen secuencias que sí llevan toda la información necesaria para especificar una estructura secundaria determinada. A estos segmentos se les llama *unidades de plegamiento autónomo*. Por ejemplo el péptido correspondiente a los residuos 1-13 de la ribonucleasa A, una región helicoidal en la enzima, presenta en agua a bajas temperaturas un 25% del hélice α o el péptido de 16 residuos Acetil-AAA KAAA KAAA KA-amino que forma en disolución acuosa un 80% de hélice α .

[Ficha anterior](#)



[Ficha Siguiente](#)

Módulos