

Biopolímero

S (4831)

Módulo 3. Ficha 3.5.3.2



Universitat de les
Illes Balears

PROTEÍNAS

3.5. Estructura de las proteína

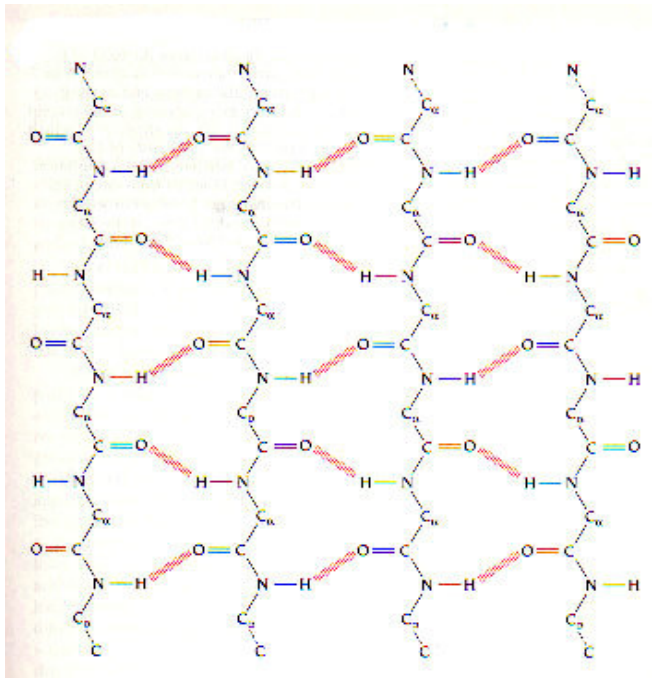
3.5.3.2 Hojas beta

Otra de las estructuras altamente ordenadas que puede adquirir un polipéptido es la llamada *hoja o lámina* β . En contraste con la hélice α , que se construye a partir de una región continua de la cadena polipeptídica, la hoja β se construye a partir con regiones distintas del polipéptido. Cada una de las secuencias consecutivas que forman parte de la asociación es una *hebra o cordón* β (β strans). En estas regiones la cadena está en conformación casi completamente extendida. Ahora el número de residuos por vuelta es dos y el desplazamiento a lo largo del eje de la hélice es 3'37 Å por residuo. Observe la representación interactiva presentada más abajo y verá que las hebras β adyacentes están alineadas unas con otras formando enlaces de hidrógeno entre el grupo CO de una cadena y el NH de la cadena adyacente y viceversa. Al formar la estructura en hoja β la diferentes hebras se pliegan de forma que los átomos de carbono a quedan alternativamente un poco por encima y por debajo del plano de la hoja, de esta forma, las cadenas laterales de los aminoácidos quedan también apuntando alternativamente hacia arriba y hacia abajo del plano. Si las dos hebras que forman la hoja tienen la misma dirección a la estructura se le llama *hoja β paralela*. Por el contrario, si las dos hebras tienen sentidos opuestos se le llama *hoja β antiparalela*, como la que se muestra en la figura. Ejemplos de estos dos tipos de hoja pueden verse en el modelo interactivo y en las figuras estáticas que se dan más abajo.

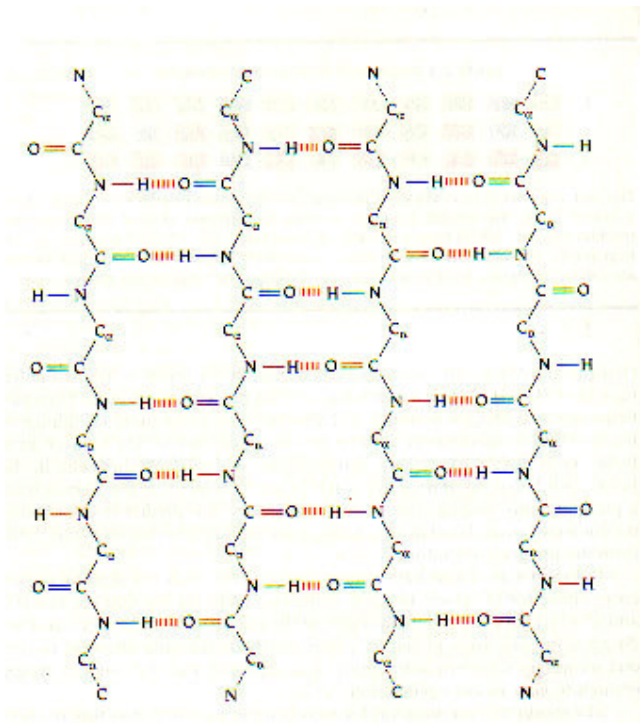
***Los átomos del esqueleto en
la hélice y los enlaces de
hidrógenos***

Representación esquemática

***Disposición de las cadenas
laterales***



Estructura de *hoja paralela*.
Esquema de los enlaces de hidrógeno formados entre diferentes hebras (izquierda) y de la forma plegada de la hoja con las cadenas laterales en granate apuntando alternativamente hacia arriba y abajo del plano de la hoja (arriba)



Estructura de *hoja antiparalela*.
Esquema de los enlaces de hidrógeno formados entre diferentes hebras (izquierda) y de la forma plegada de la hoja con las cadenas laterales en granate apuntando alternativamente hacia arriba y abajo del plano de la hoja (arriba)

Direcciones de URL con tutoriales interactivos sobre la estructura de la hoja β .

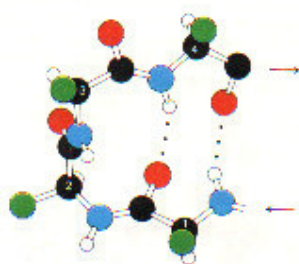
<http://www.umass.edu/molvis/freichsman/SecStrTut/Sheet/menu.html>

http://www.umass.edu/molvis/freichsman/protarch/page_sheet/menu.html

3.5.3.3. Giros β

La estructura de la mayoría de las proteínas se construye mediante la combinación de diferentes elementos de estructura secundaria que se conectan entre ellos mediante lazos (loops) de longitud variable y forma diversa. La combinación de los elementos de estructura secundaria forma el centro o núcleo hidrófobo de la molécula, mientras que las regiones que las enlazan quedan expuestas en la superficie molecular. Los grupos CO y NH de estas regiones que, en general, no forman enlaces de hidrógeno entre ellos, están expuestos al disolvente y pueden formar puentes de hidrógeno con las moléculas de agua.

Existen unos tipos especiales de loop que guardan entre sus aminoácidos una cierta ordenación de estructura secundaria que son los que unen dos hebras antiparalelas β adyacentes. Estos loops llamados de *horquilla* (hairpin) o simplemente *giros β* (observese la zona coloreada en azul del el modelo interactivo anterior) están formados por cuatro residuos consecutivos que forman puentes de hidrógeno entre el CO del residuo i y el NH del residuo $i+3$, lo que supone un cambio de 180° en la dirección de la cadena.



Una de las estructuras del giro β con la representación de los puentes de hidrógeno entre el aminoácido i y el $i+3$ con lo que resulta un giro en horquilla

[Ficha anterior](#)



[Ficha Siguiente](#)

Módulos