



Biopolímero

S (4831)

Módulo 3. Ficha 3.5.3.1



Universitat de les
Illes Balears

PROTEÍNAS

3.5. Estructura de las proteína

3.5.3.1 Hélice alfa

La estructura en hélice α se encuentra cuando en la cadena polipeptídica un número consecutivo de residuos presentan valores para ϕ y ψ de aproximadamente -60° y -50° respectivamente. Esta estructura es una hélice dextrógira que tiene 3'6 residuos de aminoácidos por vuelta y una traslación a lo largo del eje de la hélice de 1'5 Å por residuo. Despreciando las cadenas laterales, el diámetro interno de la hélice es de unos 6 Å. Cada grupo carbonilo de cada monómero sirve como aceptor de un hidrógeno del nitrógeno del aminoácido que está cuatro posiciones más arriba. De esta forma, sólo los NH de los primeros residuos de la hélice y los C=O de los últimos, no forman enlaces de hidrógeno y hacen que los extremos de las hélices sean polares. En proteínas globulares la longitud de las hélices α varía considerablemente y pueden estar entre cuatro o cinco aminoácidos y cuarenta o cuarenta y cinco.

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

Representación esquemática

Disposición de las cadenas laterales

Todos los enlaces de hidrógeno en una hélice α están apuntando en la misma dirección, ya que las unidades peptídicas están alineadas en la misma orientación a lo largo del eje de la hélice, por tanto, todos los momentos dipolares asociados a cada enlace peptídico están alineados en esta estructura. La consecuencia de este alineamiento es un dipolo neto total para toda la hélice α que da una carga parcial positiva sobre grupo amino final y una carga parcial negativa sobre grupo carboxílico final ($0'5e-0'7e$). Estas cargas pueden atraer a ligandos de carga opuesta dándose así casos de unión específicos en los que la cadena lateral no interviene.

Las cadenas laterales de los aminoácidos se proyectan hacia fuera de la hélice y no interfieren con ella, excepto en el caso de la prolina. El último átomo de la cadena lateral en este aminoácido está unido al nitrógeno de la cadena principal con el que forma una estructura de anillo. Esto le impide formar puentes de hidrógeno y además provoca interacciones estéricas en la conformación de hélice α . La prolina se ajusta bien en la primera vuelta de una hélice a pero produce curvaturas significativas de la hélice cuando está situada en cualquier otra posición. No obstante, aunque se puede predecir que una prolina producirá una curvatura en la hélice, no se puede decir que toda curvatura esté producida por una prolina. De entre los restantes aminoácidos hay algunos de ellos que tienen clara preferencia por formar estructuras en hélice α como Ala (A), Glu (E), Leu (L) y Met (M), mientras que Pro (P), Gly (G), Tyr (Y) y Ser (S) no tienen ninguna tendencia a formarlas.

Existen dos variaciones de la hélice α . En una de ellas, la *hélice π* , la cadena está menos enrollada y se forman enlaces de hidrógeno entre un residuo n y otro $n+5$ y en la otra, hélice 3_{10} , la cadena está más enrollada y los enlaces se forman entre el residuo n y otro $n+3$. Este tipo de hélices no son energéticamente favorables ya que en ellas los enlaces de hidrógeno no están correctamente ordenados y son poco usuales. Pueden presentarse al final de hélices o en hélices de una sola vuelta.

Direcciones de URL con tutoriales interactivos sobre la estructura de la hélice α .

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

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

<http://www.moleculesinmotion.com/SecStrLA/menu.html>

[Ficha anterior](#)



[Ficha
Siguiente](#)

Módulos

Biopolímeros. J. Donoso. Página actualizada en Febrero 2006