

Biopolímero

S (4831)

Módulo 3. Ficha 3.5.4.1



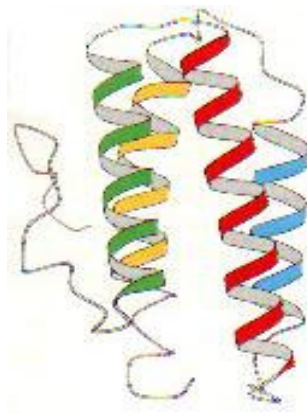
Universitat de les
Illes Balears

PROTEÍNAS

3.5. Estructura de las proteína

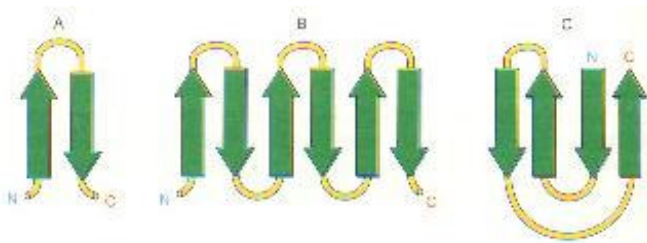
3.5.4.1 Motivos (estructura supersecundaria) y dominios.

Los llamados *motivos de plegamiento* o *estructura supersecundaria* son la combinación de varias unidades simples de estructura secundaria que están organizadas con una geometría específica. Por ejemplo dos α hélices pueden formar entre ellas un empaquetamiento compacto si las crestas de una coinciden con los surcos de la otra. Las dos orientaciones más favorecidas son aquellas en las que los ángulos que forman los ejes de las dos hélices adyacentes tienen un valor de $+20^\circ$ y -50° . Uno de los motivos más sencillos de plegamiento de α hélices es el *haz de cuatro hélices* (figura siguiente) que emplea un empaquetamiento de $+20^\circ$ y además los segmentos helicoidales adyacentes que forman el empaquetamiento son antiparalelos entre sí.

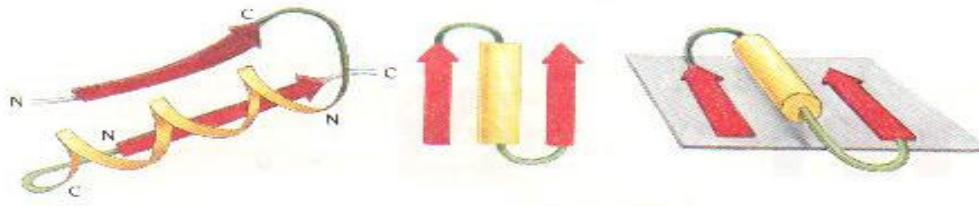


Elemento de estructura supersecundaria formada por el acoplamiento de cuatro hélices. Este es uno de los motivos de plegamiento de α hélices más habitual

Las hojas β también siguen motivos de plegamiento diversos en los que están combinados, bien solas o bien en agrupación con hélices, según el esquema que se muestra en las figuras siguientes.

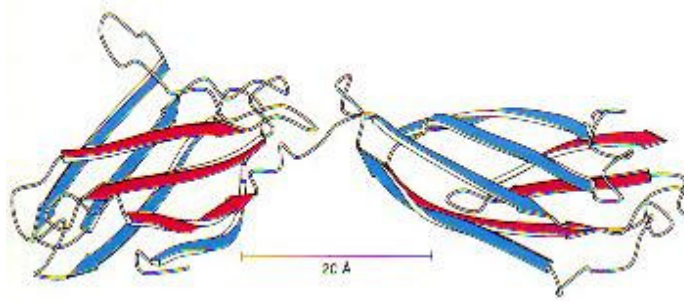


Motivos de plegamiento de estruct β . (A) horquilla, (B) Lámina, hoja β (meandro) y (C) Guarda griega (Gr



El motivo de plegamiento de estructura $\beta\beta$ representado mediante un diagrama esquemático mediante un diagrama topológico

Por otro lado, también los motivos pueden combinarse para formar estructuras globulares compactas que se denominan *dominios* (figura inferior). Con el término estructura terciaria denominaremos entonces tanto a la forma en que los motivos se organizan en un determinado dominio como a la forma en que una determinada cadena polipeptídica se organiza en uno o en varios dominios. En todos los casos estudiados hasta ahora se ha visto que dos dominios de diferentes proteínas que tienen una significativa homología en la secuencia de sus aminoácidos, presentan a su vez estructuras terciarias muy similares.



Cadena de anticuerpo con dos dominios similares compuestos a su vez por un sandwich de hojas o láminas β

Levitt y Chothia, en base a la simple consideración de los motivos conectados entre sí, han desarrollado una taxonomía de estructuras de proteínas y han clasificado los dominios en tres grupos principales: los *dominios α* , cuyo centro está constituido exclusivamente por hélices α , los *dominios β* , cuyo núcleo está formado generalmente por hojas β antiparalelas que suelen estar empaquetadas las unas con las otras y los *dominios de estructura α/β* que están compuestos por combinaciones de los motivos $\beta\alpha\beta$.

[Ficha anterior](#)



[Ficha Siguiente](#)

Módulos