

Lectura 10.

Estructura secundaria de Proteínas.

Nombre: García Quiroz Gustavo Ivan

Grupo: 7CV3

Fecha de entrega: 12/04/2025

¿Cuál es el valor habitual del ángulo dihédrico en un enlace peptídico?

El ángulo dihédrico en un enlace peptídico es casi siempre de 180° y ocasionalmente el enlace peptídico puede estar en conformación cis, es decir, muy cercano a 0° .

¿Cuántos residuos por vuelta tiene una hélice alfa?

Una hélice alfa tiene 3.6 residuos por vuelta. La estructura se repite cada 5.4 Å a lo largo del eje de la hélice, lo que significa que la separación entre residuos a lo largo del eje es de 1.5 Å (calculado como $5.4/3.6$).

¿Por qué una hélice 3(10) es menos estable que una hélice alfa?

La hélice 3(10) es menos estable que una hélice alfa por dos razones principales:

1. Los dipolos en una hélice 3(10) están menos alineados que en una hélice alfa.
2. El empaquetamiento de las cadenas laterales es menos favorable en la hélice 3(10).

¿Qué tipo de estructura secundaria tendría varios ángulos dihédricos en regiones "prohibidas" del diagrama de Ramachandran?

Los giros (turns) pueden requerir que uno de sus aminoácidos tenga ángulos ϕ y ψ que caen en regiones desfavorecidas del diagrama de Ramachandran. Específicamente, esto se observa en ciertos tipos de giros beta (beta turns) como se muestra en la Tabla 1.1 del documento.

Define los siguientes: Estructura supersecundaria, Motivo, Plegamiento, Dominio.

- **Estructura supersecundaria:** Arreglos de dos o tres estructuras secundarias consecutivas (hélices alfa o hebras beta) que están presentes en muchas proteínas diferentes, incluso con secuencias completamente diferentes. Ejemplos incluyen la unidad alfa-alfa, la unidad beta-beta y la unidad beta-alfa-beta.
- **Motivo:** Este término se usa a veces para describir las estructuras supersecundarias. Son patrones estructurales recurrentes en diferentes proteínas.
- **Plegamiento (Fold):** Combinaciones de motivos supersecundarios que se observan con relativa frecuencia. Pueden ser muy grandes y complejos, formados por varias estructuras supersecundarias. Ejemplos incluyen el plegamiento de Rossmann y el barril TIM.
- **Dominio:** Aunque su definición es algo vaga, un dominio puede definirse como una porción de la cadena polipeptídica que se pliega en una unidad semiindependiente compacta. Aparecen como "lóbulos" de la estructura proteica que tienen más interacción entre sí que con el resto de la cadena.

¿Cuál es la diferencia entre arquitectura y topología de una proteína?

- **Arquitectura:** Son a las orientaciones de las estructuras secundarias y su patrón de empaquetamiento, independientemente de su orden secuencial.
- **Topología:** Son las orientaciones de las estructuras secundarias y también tiene en cuenta la naturaleza de los bucles conectores y, por lo tanto, el orden en que los elementos de estructura secundaria aparecen en la secuencia de aminoácidos.