

Teorie - Proteine - structura secundară, terțiară și cuaternară

Structura secundară a unei proteine se referă la un segment oarecare dintr-o catenă polipeptidică și descrie aranjamentul local spațial al atomilor de pe catena principală. Structura secundară nu ține cont de conformațiile catenelor laterale, adică de radicalii hidrocarbonați din structura resturilor de aminoacizi constituenți, și nu ține cont nici de relația segmentului respectiv față de alte segmente din catena polipeptidică.

Structurile secundare regulate sunt foarte stabile și se întâlnesc în aproape toate structurile proteice. Dintre structurile secundare regulate, cele mai cunoscute sunt **α -helixurile** și **foile pliabile β** .

Atunci când nu se găsește un model structural regulat, ne referim la structura secundară a segmentului polipeptidic respectiv ca fiind **structură secundară nedefinită**.

În **structura secundară α** , sau **α -helix**, scheletul polipeptidic se înfășoară strâns în jurul unei axe imaginare care se află în centrul spiralei astfel formate, iar radicalii hidrocarbonați ai aminoacizilor sunt orientați în afara acestui aranjament elicoidal (de spirală). Această structură este stabilizată de legăturile de hidrogen intramoleculare. Legăturile de hidrogen se formează între atomul de hidrogen legat de un atom de azot dintr-o legătură peptidică și atomul de oxigen de la al patrulea aminoacid din spirală. Cele două legături peptidice între care se stabilește fiecare legătură de hidrogen se află pe spire diferite. Fiecare grupă peptidică este legată prin legături de hidrogen de alte două grupe peptidice.

Structura secundară α se întâlnește frecvent la proteinele globulare.

Structura secundară β , sau **foile pliabile β** , reprezintă un al doilea tip de structură secundară regulată. Aceasta este o conformație mai extinsă a lanțurilor polipeptidice. Scheletul polipeptidic este extins, nu într-o structură elicoidală, ci mai degrabă într-un zig-zag. Catenele polipeptidice în zig-zag sunt alăturate astfel încât se formează o structură asemănătoare cu niște pliuri. În acest aranjament, legăturile de hidrogen se formează între segmente adiacente ale catenei polipeptidice.

Structura secundară β se întâlnește frecvent la proteinele fibroase.

Structura terțiară reprezintă structura tridimensională completă a unei catene polipeptidice, adică descrie toate aspectele plierii sau dispunerii în spațiu a unei catene polipeptidice.

Structura secundară se referă la aranjamentul spațial al aminoacizilor adiacenți dintr-un singur segment al polipeptidei, în timp ce structura terțiară include o vedere de ansamblu asupra tuturor aspectelor structurale din secvența aminoacizilor unei întregi polipeptide.

Interacțiunile chimice slabe țin împreună diferitele segmente polipeptidice în structura terțiară caracteristică. De asemenea, și punțile de sulf care sunt legături covalente formate între anumite tipuri de aminoacizi, îndeplinesc aceeași funcție. Aceste interacțiuni se realizează între radicalii hidrocarbonați ai aminoacizilor care formează catena polipeptidică. Așadar, interacțiunile care stabilizează structura terțiară a proteinelor pot fi următoarele:

- legături de hidrogen între grupele hidroxil, carboxil sau amino din serină sau alți aminoacizi care au aceste grupări în catenele lor laterale;
- forțe van der Waals între radicalii alchil, de exemplu, între radicalii alchil din valină;

- forțe de atracție electrostatică sau legături de tip ionic între radicalii care au sarcini opuse, precum cei din acidul glutamic și lizină;
- legături covalente, adică punți de sulf rezultate între resturi de cisteină.

Subunitățile proteice sau **protomerii** sunt catene polipeptidice separate ce pot fi conținute de o singură proteină. Subunitățile pot fi identice sau pot fi diferite.

Structura cuaternară se referă la aranjamentul subunităților proteice (sau protomerilor) în complexe tridimensionale. Structura cuaternară reprezintă nivelul maxim de organizare structurală a proteinelor.

Protomerii se asociază în agregate mari, multicatenare, prin legături necovalente. Mai mulți protomeri asociați prin legături necovalente formează un **oligomer**.

Nu toate proteinele sunt formate din mai mulți protomeri, așa că acest nivel de organizare structurală este specific acelor proteine care conțin mai mulți protomeri.

În funcție de structura lor, proteinele pot fi clasificate în două mari categorii: **proteine globulare** și **proteine fibroase**.

Proteinele fibroase au catenele polipeptidice aranjate în fire lungi sau în structuri plate. Sunt formate, de obicei, dintr-un singur fel de structură secundară, și de aceea, și structura lor terțiară este relativ simplă. Datorită structurii lor, proteinele fibroase sunt, de obicei, cele care oferă formă, suport și protecție exterioară organismelor vertebrate. Un exemplu de proteină fibrilară este fibriona din mătasea de păianjen.

Proteinele globulare au catenele polipeptidice pliate într-o formă sferică, sau globulară. Acestea conțin, în general, mai multe tipuri de structuri secundare. Majoritatea enzimelor și a proteinelor reglatoare sunt proteine globulare. Un exemplu de proteină globulară este hemoglobina din sânge.

Denaturarea proteinelor presupune o pierdere a structurii tridimensionale suficientă pentru a cauza pierderea funcției proteinei respective. Așadar, modificarea structurii cuaternare și terțiare este suficientă pentru pierderea funcției proteinei.