

Teorie - Proteine - structura primară

Proteinele sunt, de fapt, moleculele prin care se exprimă informația genetică. Aminoacizii se succed în lanțul proteic conform informației genetice conținute în ADN.

Aminoacizii interacționează intermolecular prin intermediul celor două grupe funcționale din moleculă, grupa carboxil ($-\text{COOH}$), și grupa amino ($-\text{NH}_2$). În condensările biochimice se elimină o moleculă de apă între o grupă carboxil dintr-un aminoacid și o grupă amino din alt aminoacid. Astfel, prin policondensarea aminoacizilor se obțin **peptide**, **polipeptide** și **proteine**.

Proteinele pot conține lanțuri polipeptidice foarte mari a căror dimensiuni variază de la câteva zeci la câteva mii de resturi de aminoacid.

Hidroliza proteinelor și peptidelor este procesul invers policondensării.

Proteinele simple, prin reacția de hidroliză, duc la obținerea aminoacizilor.

Proteinele conjugate, prin reacția de hidroliză, duc la obținerea aminoacizilor, dar și a altor molecule precum atomi de metale, acid fosforic, resturi de glucide, sau resturi de grăsimi. Aceste elemente neproteice se numesc **componenta prostetică** a unei proteine conjugate.

Sunt definite 4 nivele de organizare ale structurii proteice, și anume:

- structura primară;
- structura secundară;
- structura terțiară;
- structura cuaternară.

Structura primară oferă o descriere detaliată a tuturor legăturilor covalente dintre resturile de aminoacizi dintr-o catenă proteică. Cel mai important element al structurii primare este **secvența resturilor de aminoacizi** din catena proteică, care se referă la identitatea aminoacizilor componenți, la numărul lor, și la modul în care aceștia se succed în moleculă.

Funcția unei proteine este dependentă de secvența de aminoacizi, adică de structura primară.

Conformația unei proteine se referă la aranjamentul spațial al atomilor dintr-o proteină. Conformațiile posibile ale unei proteine includ orice structură la care proteina poate ajunge fără a desface vreo legătură covalentă. De exemplu, o schimbare în conformație poate apărea prin rotirea atomilor în jurul unei legături simple.

Interacțiunile necovalente din proteine, precum legăturile de hidrogen sau forțele van der Waals, joacă cel mai important rol în stabilizarea structurilor specifice menținute de proteine. Aceste interacțiuni necovalente apar între aminoacizii care nu sunt legați direct între ei, aminoacizi care aparțin unor porțiuni diferite ale catenei polipeptidice sau chiar între aminoacizii care aparțin unor catene diferite.

Legătura peptidică este rigidă și planară. Atomii de carbon din poziția α , C_α , ai resturilor de aminoacizi adiacenți sunt separați prin 3 legături covalente: $\text{C}_\alpha - \text{C} - \text{N} - \text{C}_\alpha$. Legăturile covalente impun niște constrângeri importante asupra conformației unei polipeptide. Legăturile peptidice $\text{C} - \text{N}$ nu se pot roti liber din cauza unui caracter parțial de dublă legătură. Astfel, rotația este permisă numai în jurul legăturilor $\text{N} - \text{C}_\alpha$ și $\text{C}_\alpha - \text{C}$. Scheletul unei catene polipeptidice poate fi văzut ca o serie de planuri rigide, cu planurile consecutive având un punct comun de rotație la atomul C_α .