

AULA PRÁTICA 2

HÉLICES EM PROTEÍNAS

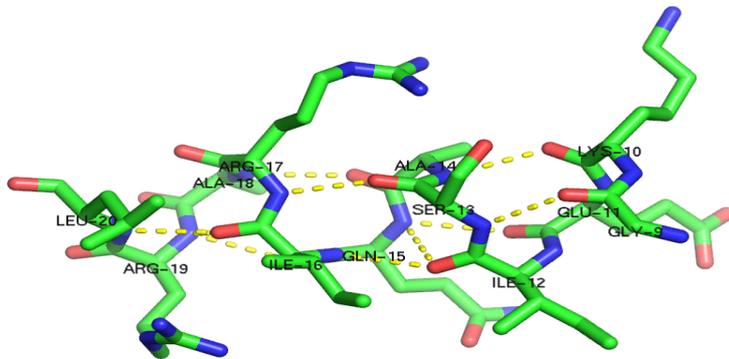
Orientações:

- Nos exercícios desta aula vocês utilizarão modelos atômicos de aminoácidos para estudar estruturas de hélices em proteínas.
- As perguntas devem ser respondidas neste mesmo documento.
- Cada grupo receberá uma caixa com peças suficientes (i.e., C=O; NH; H; cadeia lateral) para montar 40 resíduos de aminoácidos.
- Ao final da aula enviem um arquivo .pdf com as respostas via e-mail para: rvcguido@usp.br
- Nomeie o arquivo com as respostas da seguinte maneira: **BME2023_P2_GX.docx** (substitua o "X" pelo no. do grupo, ou seja, 1, 2, 3, ...)

α -hélice é uma estrutura secundária cuja conformação em espiral posiciona o grupo C=O do resíduo n da cadeia polipeptídica em geometria favorável para receber ligação de hidrogênio do grupo NH do resíduo localizado quatro posições a frente ($n + 4$) na cadeia polipeptídica (Figura 1).

Figura 1. Padrão de ligação de hidrogênio em α -hélice.

Exercício 1

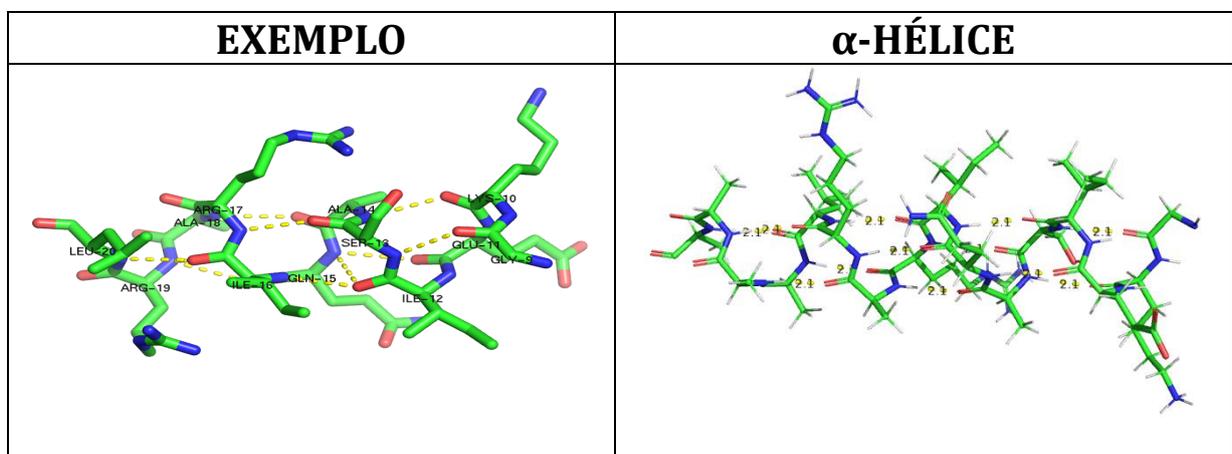


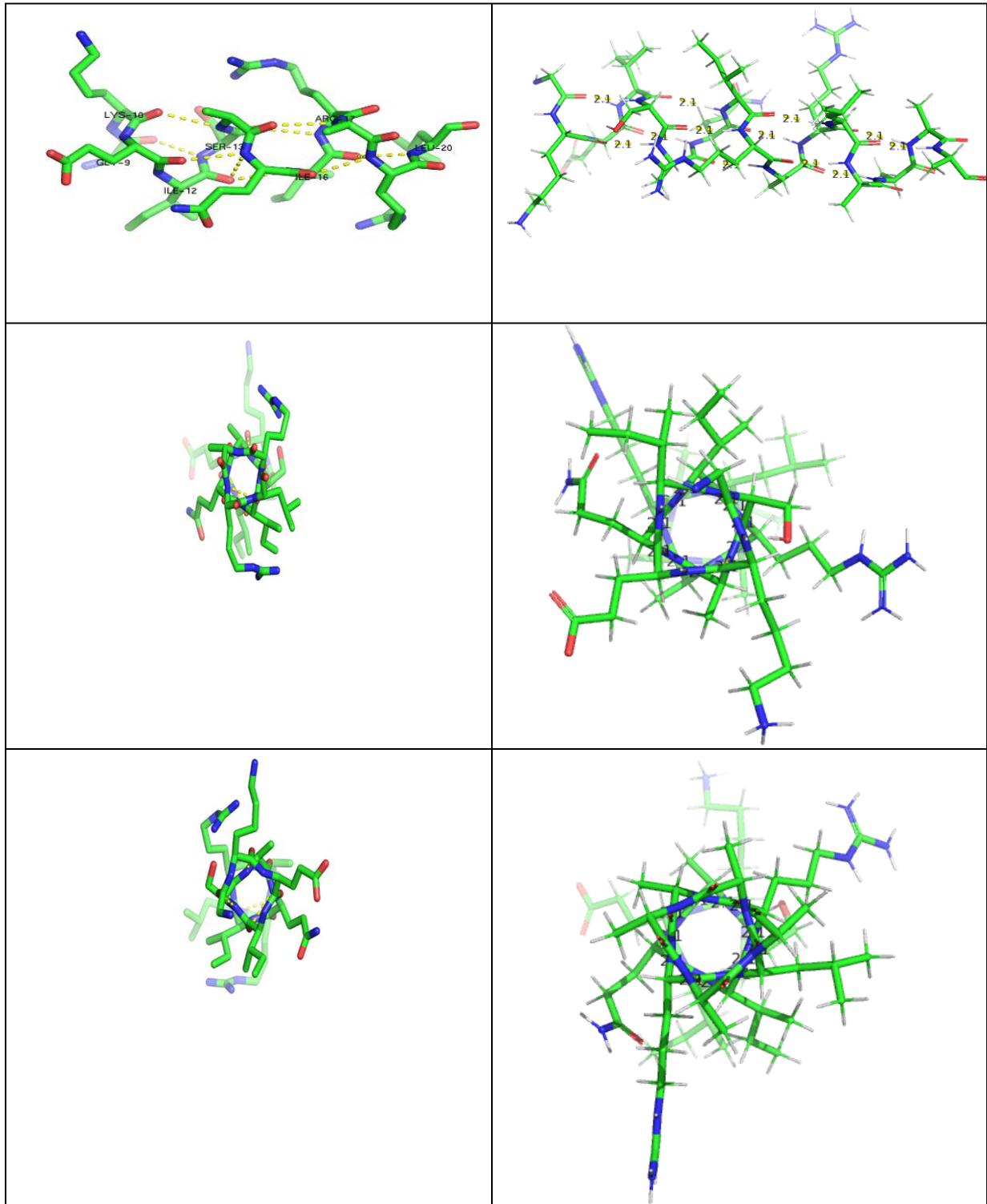
Utilizar os modelos atômicos de aminoácidos para montar uma α -hélice com 12 resíduos de acordo com a estrutura primária (Figura 2).

Estrutura Primária:

9-GKEISAQIRARL-20

Figura 2. Exemplo de α -hélice.

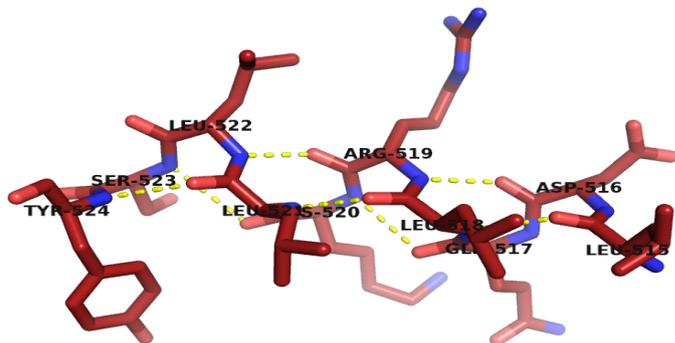




Hélice 3₁₀ é uma estrutura secundária cuja conformação em espiral posiciona o grupo C=O do resíduo n da cadeia polipeptídica em geometria favorável para receber ligação de hidrogênio do grupo NH do resíduo localizado três posições a frente (n + 3) na cadeia polipeptídica (Figura 3).

Figura 3. Padrão de ligação de hidrogênio em hélice 3₁₀.

Exercício 2



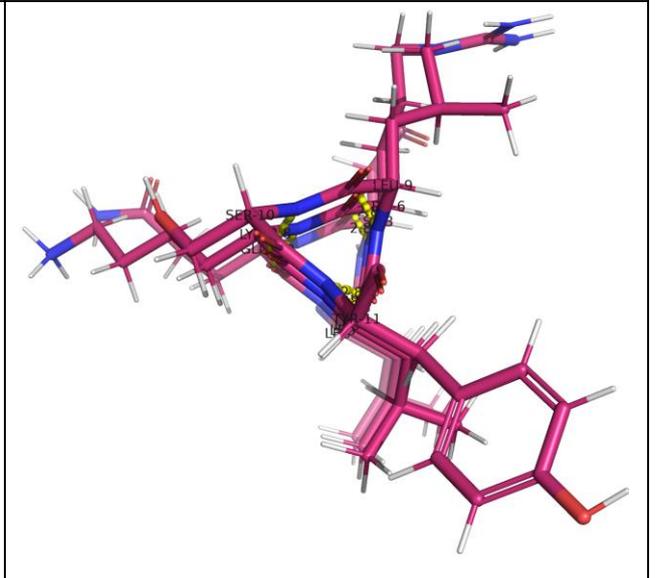
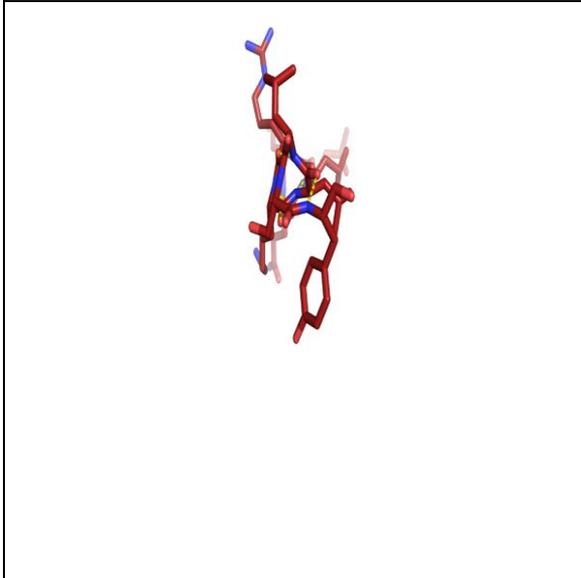
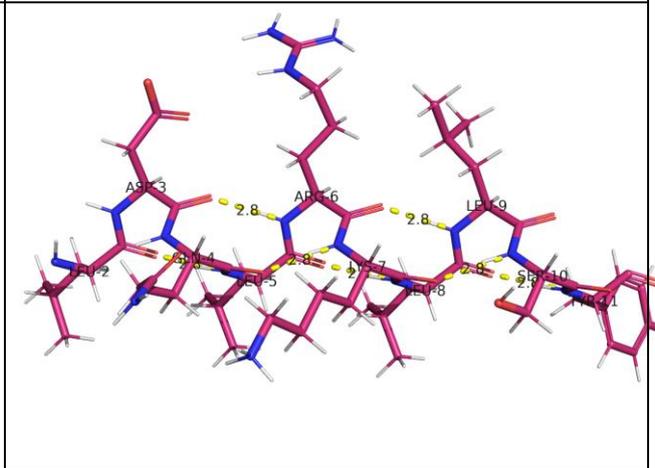
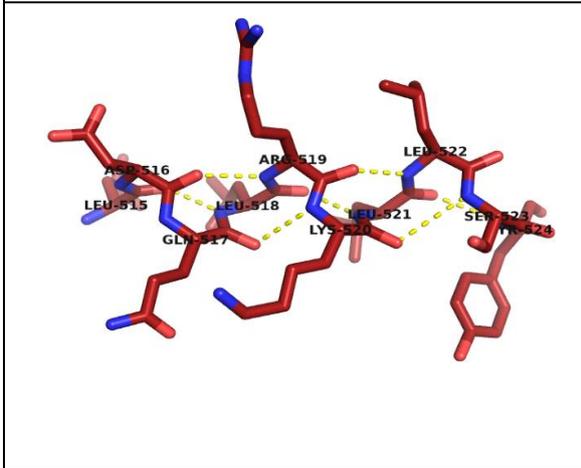
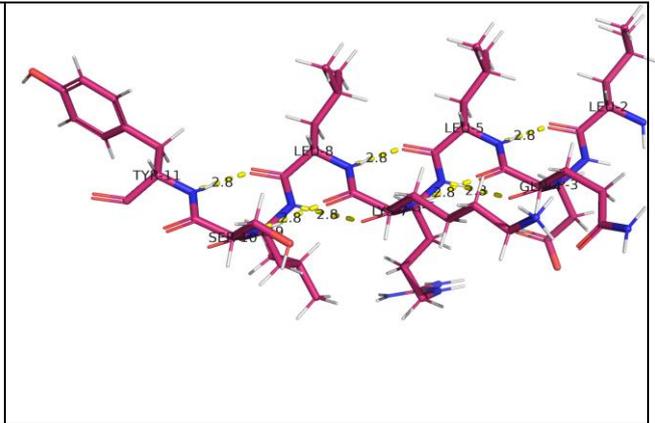
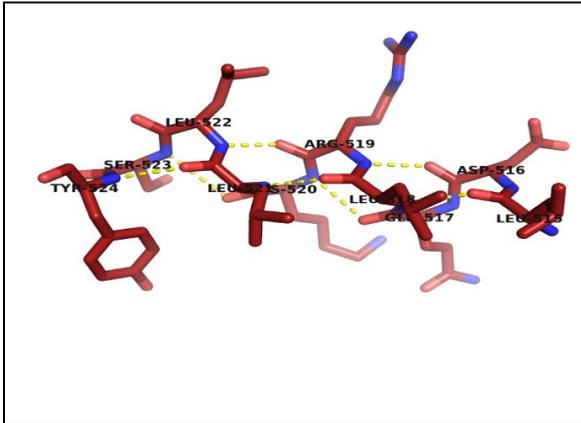
Utilizar os modelos atômicos de aminoácidos para montar uma hélice 3₁₀ com 10 resíduos de acordo com a estrutura primária (Figura 4)

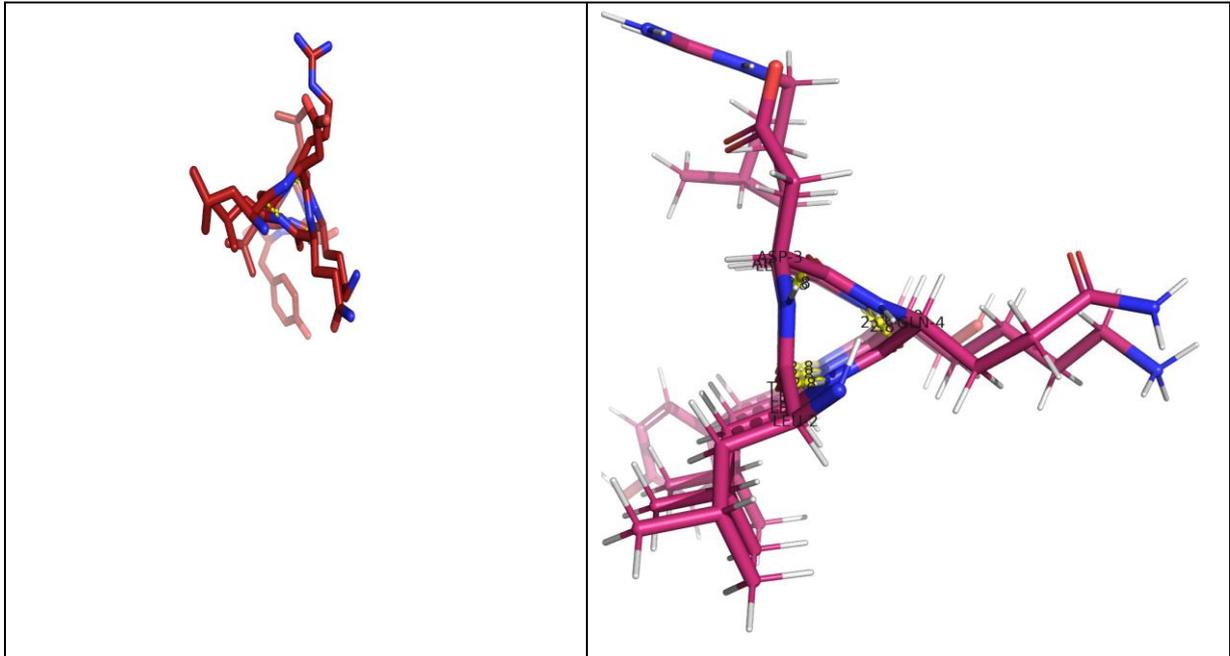
Estrutura Primária:

515-LDQLRKLLSY-524

Figura 4. Exemplo de hélice 3₁₀.

EXEMPLO	HÉLICE 3₁₀
----------------	------------------------------

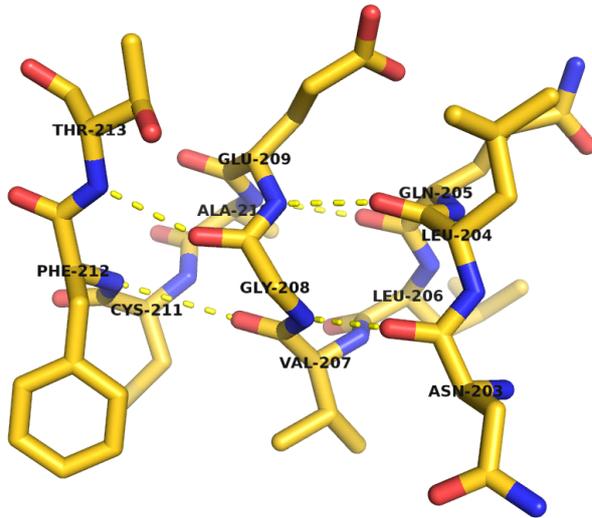




π -hélice é uma estrutura secundária cuja conformação em espiral posiciona o grupo C=O do resíduo n da cadeia polipeptídica em geometria favorável para receber ligação de hidrogênio do grupo NH do resíduo localizado cinco posições a frente (n + 5) na cadeia polipeptídica (Figura 5).

Figura 5. Padrão de ligação de hidrogênio em π -hélice.

Exercício 3



Utilizar os modelos atômicos de aminoácidos para montar uma π -hélice com 11 resíduos de acordo com a estrutura primária (Figura 6)

Estrutura Primária:

203-NLQLVGEACFT-213

Figura 6. Exemplo de π -hélice.

EXEMPLO	π-HÉLICE
----------------	--------------------------------

