

# Peptídeos e Proteínas: Estrutura de Proteínas



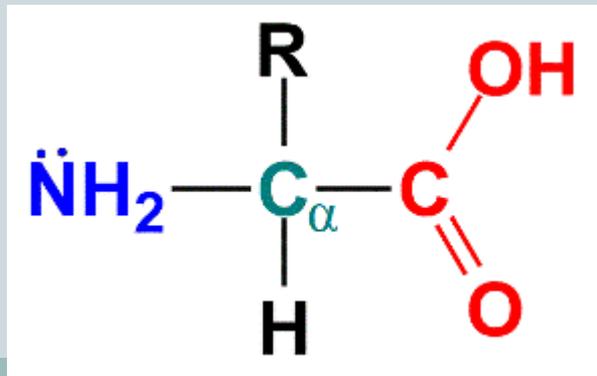
QFLo343 - REATIVIDADE DE COMPOSTOS  
ORGÂNICOS II E BIOMOLÉCULAS

**Adriana Uehara 9820384**  
**Janaína Novais 9819722**

# Aminoácidos



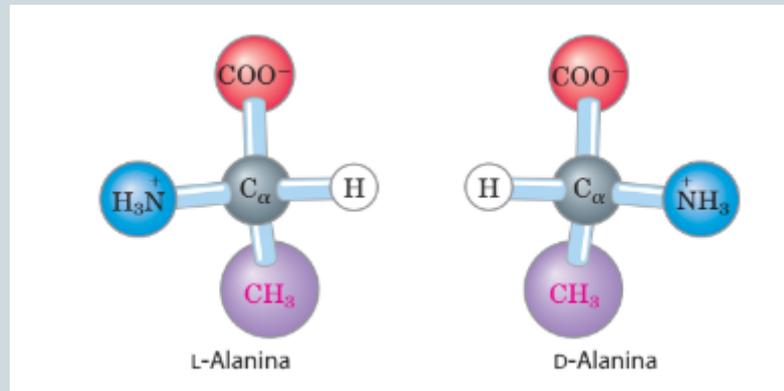
- Estruturas carbônicas que possuem uma carboxila e um grupo amino ligados em um carbono  $\alpha$
- Existência de cadeia lateral (R) ligado ao carbono  $\alpha$ , que podem variar em seu tamanho, estrutura e carga elétrica, influenciando as propriedades físico-químicas do composto
- **20 aminoácidos** são comumente encontrados em proteínas e peptídeos



# Aminoácidos e quiralidade



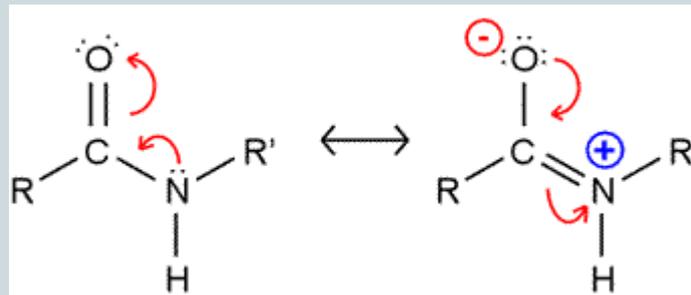
- O carbono  $\alpha$  está ligado a 4 diferentes substituintes, tornando esse carbono um **centro quiral** (exceto glicina)
- Existência de 2 configurações espaciais diferentes, sendo uma imagem especular da outra
- **Enantiômero L**



# Ligação peptídica



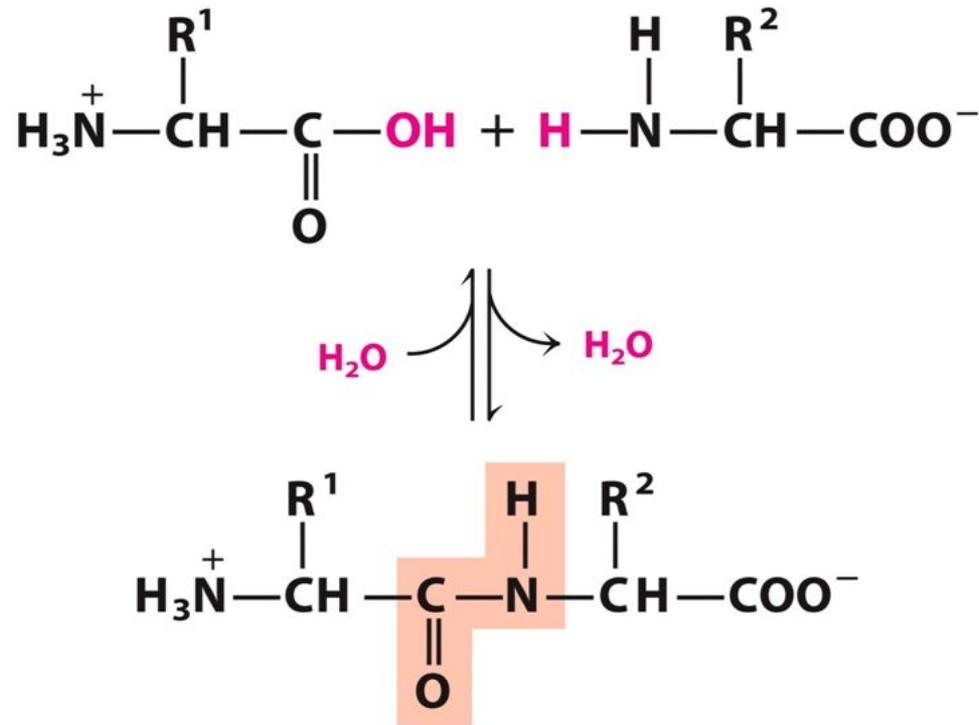
- Aminoácidos ligam-se uns aos outros através de **ligações peptídicas**, que são formados a partir de reações de **condensação** entre a carboxila de um aminoácido e a amina de outro
- É **estabilizada por ressonância**, e por isso são relativamente estáveis



# Ligação peptídica



Formation of a peptide bond

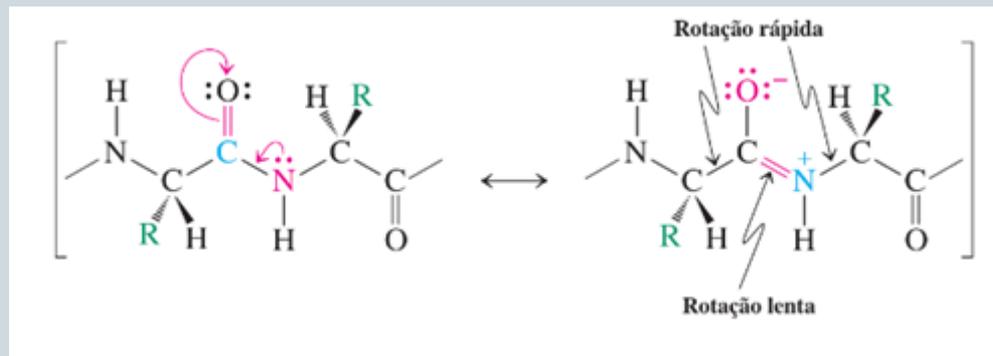


**Figure 3-13**  
*Lehninger Principles of Biochemistry, Sixth Edition*  
© 2013 W. H. Freeman and Company

# Ligação peptídica



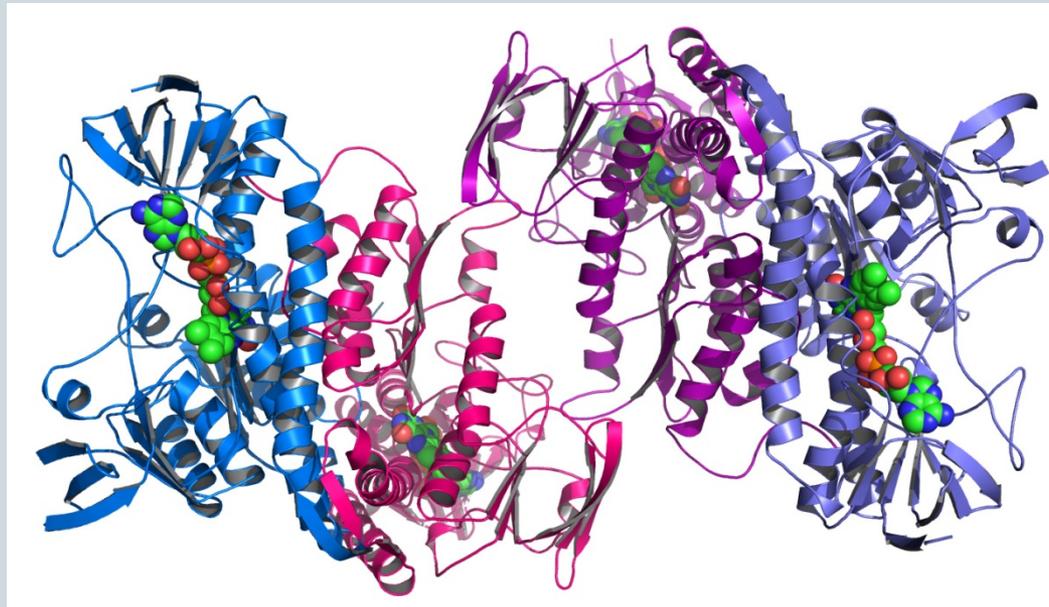
- Devido a conjugação dos pares de elétrons, a ligação C-N possui, em parte, **caráter de dupla ligação**, tornando-a **plana**, relativamente **rígida** em temperatura ambiente
- Ligações adjacentes podem rotacionar livremente, de forma que os polipeptídeos possam assumir diversas **conformações**



# Proteínas e peptídeos



- Peptídeos formados com **mais de 50 aminoácidos**, por convenção, são chamados de **proteínas**
- Cada aminoácido que forma o peptídeo é chamado de **resíduo**



# Níveis de complexidade estrutural



- **Primária:** sequência de resíduos de aminoácidos
- **Secundária:** arranjo estável de aminoácidos, originando padrões estruturais recorrentes
- **Terciária:** descreve todos os aspectos do desdobramento tridimensional de um polipeptídeo
- **Quaternária:** interação de duas ou mais cadeias polipeptídicas

# Níveis estruturais em uma proteína

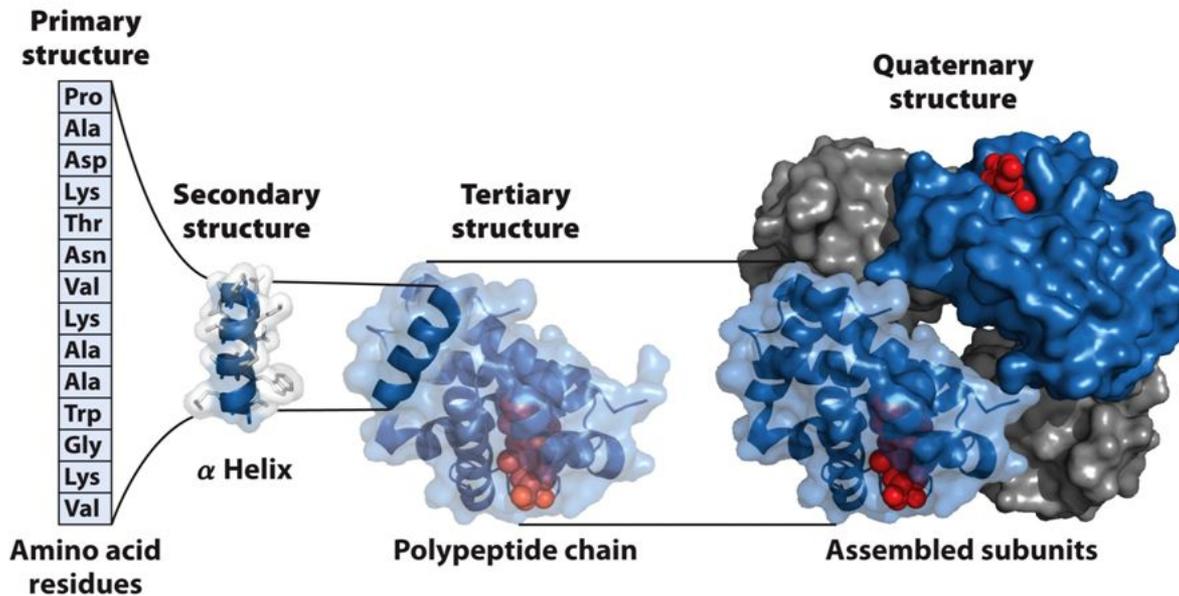


Figure 3-23  
Lehninger Principles of Biochemistry, Sixth Edition  
© 2013 W. H. Freeman and Company

# Estrutura Tridimensional - Visão Geral



- **Proteínas nativas:** proteínas dobradas em qualquer conformação funcional
- Interações fracas estabilizam a conformação de proteínas

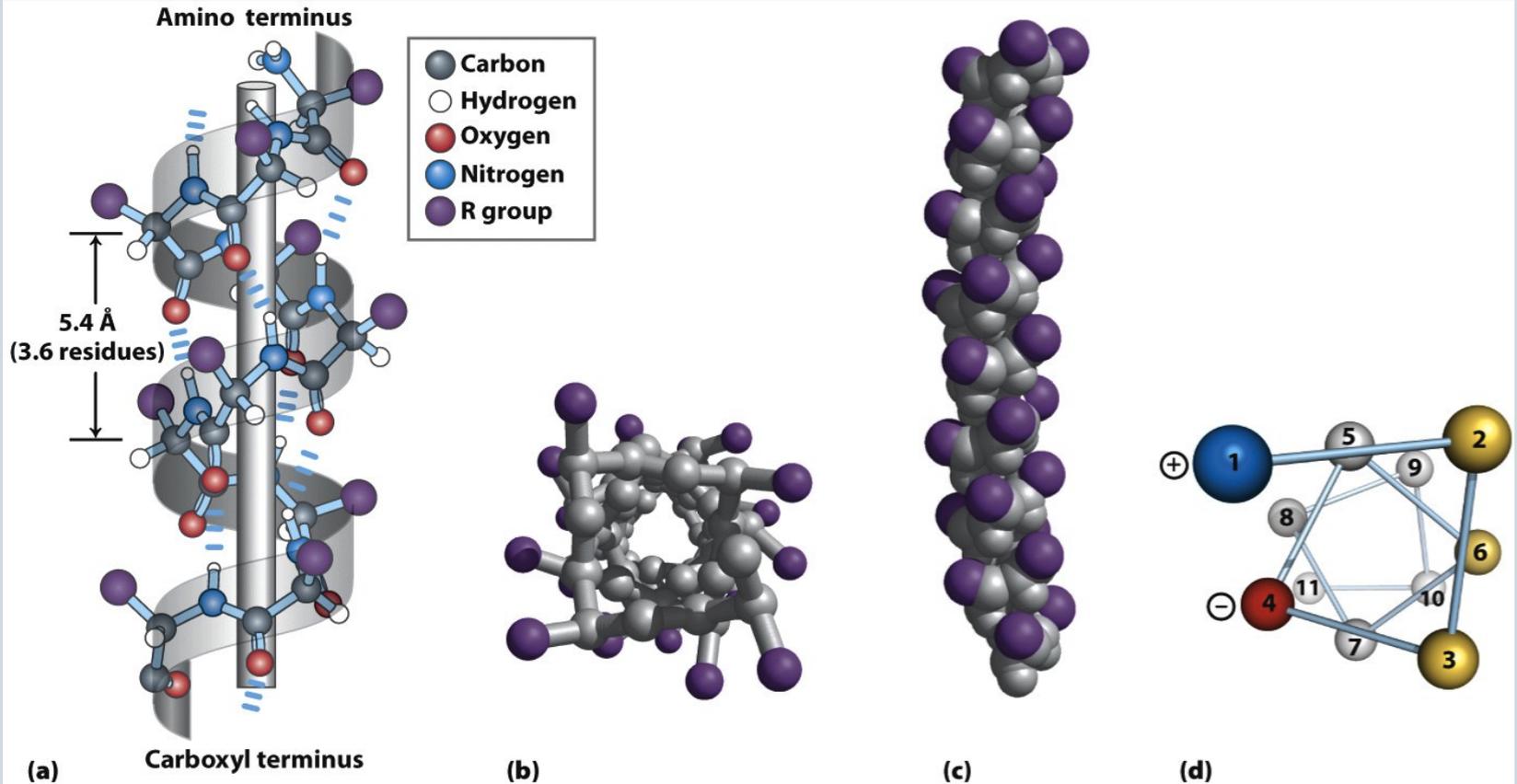
<b>Covalentes</b>	<b>Não covalentes</b>
ligações dissulfeto	ligações de hidrogênio
	Interação iônica
	Interação hidrofóbica

# Estrutura secundária: $\alpha$ -hélice



- **$\alpha$ -hélice:** esqueleto polipeptídico é enrolado em torno de um eixo imaginário no centro da hélice e os grupos R são projetados para fora do esqueleto helicoidal
- Cada volta é formada por 3,6 resíduos
- **Ligações de hidrogênio** internas são otimizadas
- Existência de um **dipolo na estrutura**, em que a extremidade aminoterminal é positiva e a extremidade carboxiterminal é negativa

# Estrutura secundária: $\alpha$ -hélice



**Figure 4-4**

*Lehninger Principles of Biochemistry, Fifth Edition*  
© 2008 W.H. Freeman and Company

# Desestabilização da $\alpha$ -hélice



- Repulsão entre cargas iguais de grupos R ionizados
- Volumes de grupos R adjacentes
- Ocorrência de resíduos Pro e Gly: não conseguem adquirir os devidos ângulos de torção
- Dipolo da estrutura: aminoácidos carregados negativamente são encontrados próximos à extremidade aminoterminal

# Estrutura secundária: conformação $\beta$



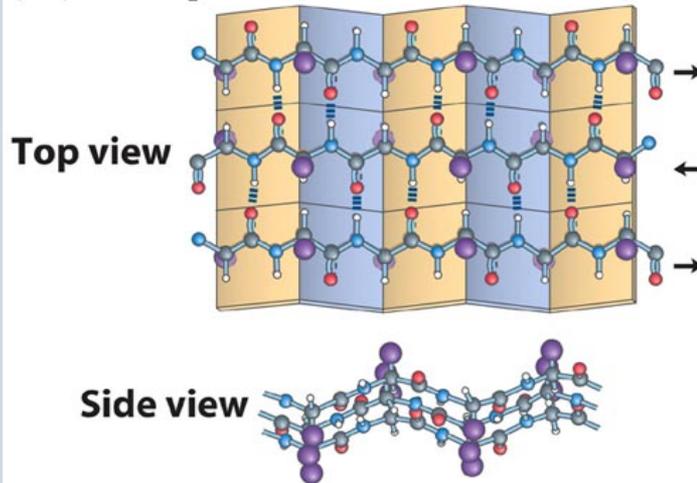
- **Conformação  $\beta$ :** esqueleto da cadeia está estendido em forma de zigue-zague
- **Folha  $\beta$ :** arranjo lado a lado de estruturas que formam conformações  $\beta$ , formando ligações de hidrogênio entre segmentos adjacentes da cadeia polipeptídica

# Estrutura secundária: conformação $\beta$

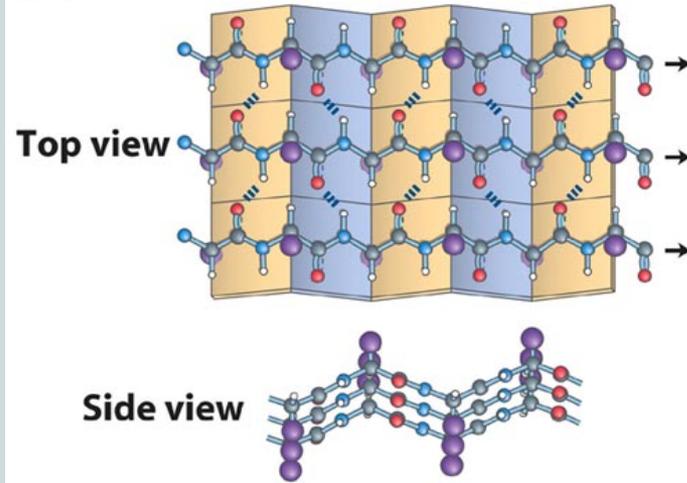


- Orientação: aminoterminal  $\rightarrow$  carboxiterminal
- Período de repetição é menor na conformação paralela (6,5 Å) do que na antiparalela (7 Å)
- Padrão de ligações de hidrogênio são diferentes

**(a) Antiparallel**



**(b) Parallel**



# Estrutura secundária: Voltas $\beta$

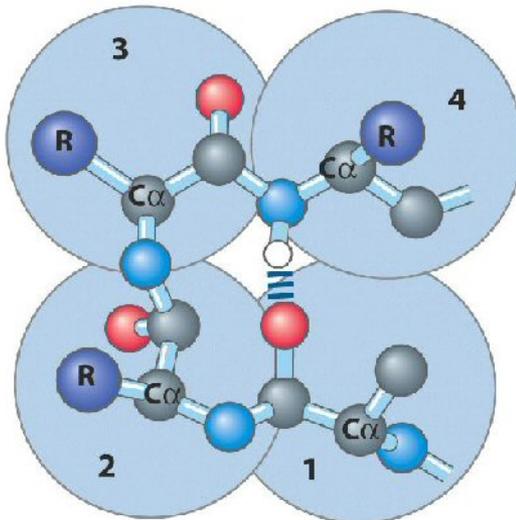


- Muito presente em proteínas globulares
- **Elementos conectores** entre estruturas sucessivas de  $\alpha$ -hélices e conformações  $\beta$
- A estrutura é uma **volta de  $180^\circ$**  que envolve **4 resíduos**
- Pro e Gly frequentemente ocorrem em voltas  $\beta$
- **Pro:** ligações peptídicas envolvendo nitrogênio imino da prolina assume configuração cis
- **Gly:** pequeno e flexível

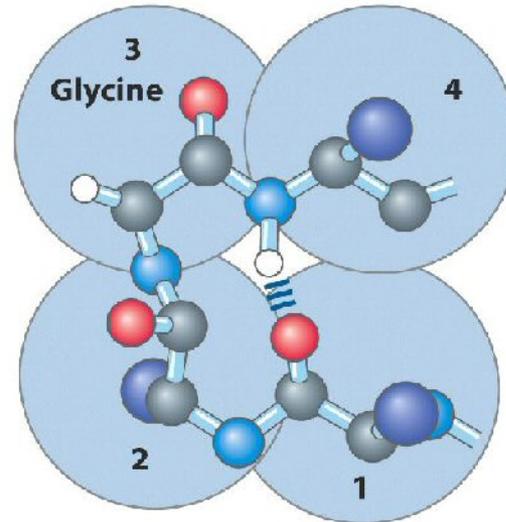
# Estrutura secundária: Voltas $\beta$



## (a) $\beta$ Turns



Type I



Type II

# Estrutura terciária e quaternária



## **Terciária:**

- Fibrosa: são usadas para funções estruturais, formadas com estruturas secundárias que se repetem
- Globular: estrutura terciária complexa, contendo diversos tipos de estruturas secundárias na mesma cadeia de polipeptídeo

## **Quaternária:**

- Interação de proteínas multiméricas

# Desnaturação



Perda da funcionalidade de uma proteína devido à mudanças conformacionais

- **Temperatura:** afeta ligações e interações fracas de uma proteína
- **pH extremo:** alteram a carga líquida da proteína causando repulsão eletrostática e rompendo ligações de hidrogênio