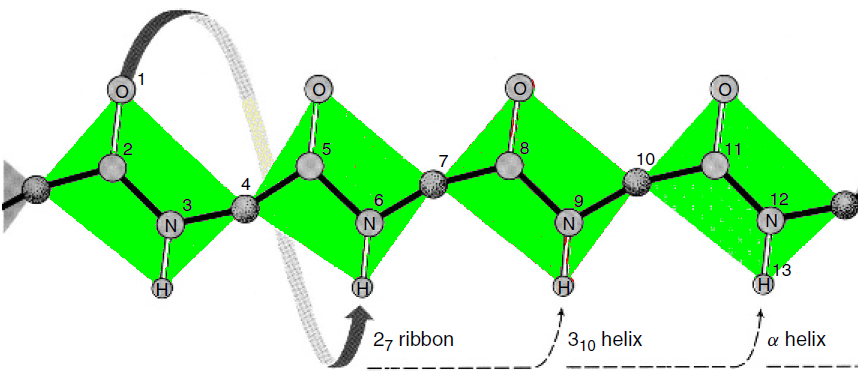
**AULA PRÁTICA 2**

**HÉLICES EM PROTEÍNAS**

**Orientações:**

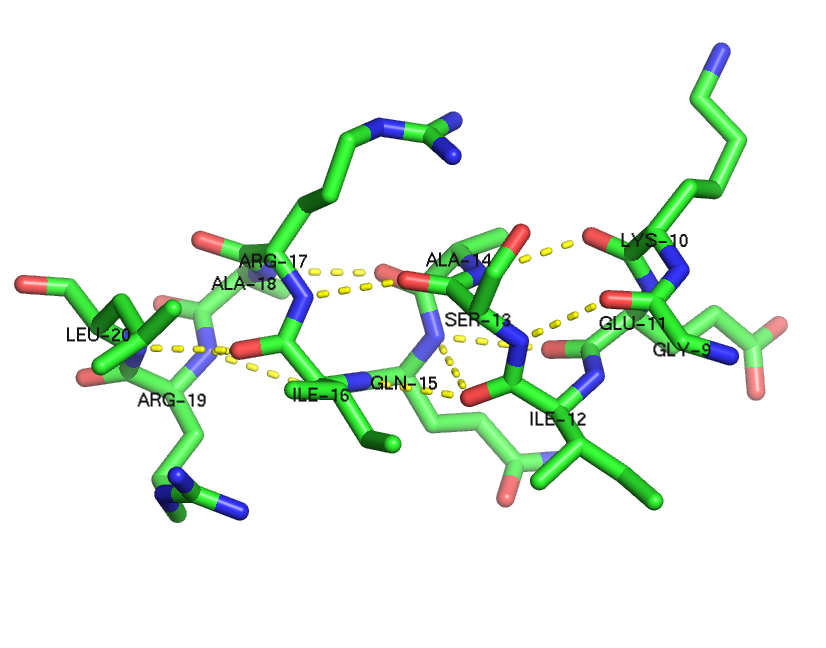
* Nos exercícios desta aula vocês utilizarão modelos atômicos de aminoácidos para estudar estruturas de hélices em proteínas.
* As perguntas devem ser respondidas neste mesmo documento.
* Cada grupo receberá uma caixa com peças suficientes (i.e., C=O; NH; H; cadeia lateral) para montar 40 resíduos de aminoácidos.
* Ao final da aula enviem um arquivo .pdf com as respostas via e-mail para: [rvcguido@usp.br](mailto:rvcguido@usp.br)
* Nomeie o arquivo com as respostas da seguinte maneira: **BME2023\_P2\_GX.docx** (substituta 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**

**Características α-hélice**  
Ligação de H = n – n+4

Período = 3,6 aa/volta

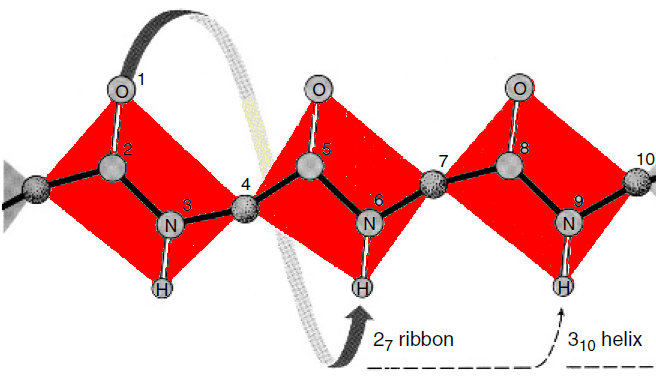
Φ = -47o

Ψ = -57o

**Figura 2**. Exemplo de α-hélice.

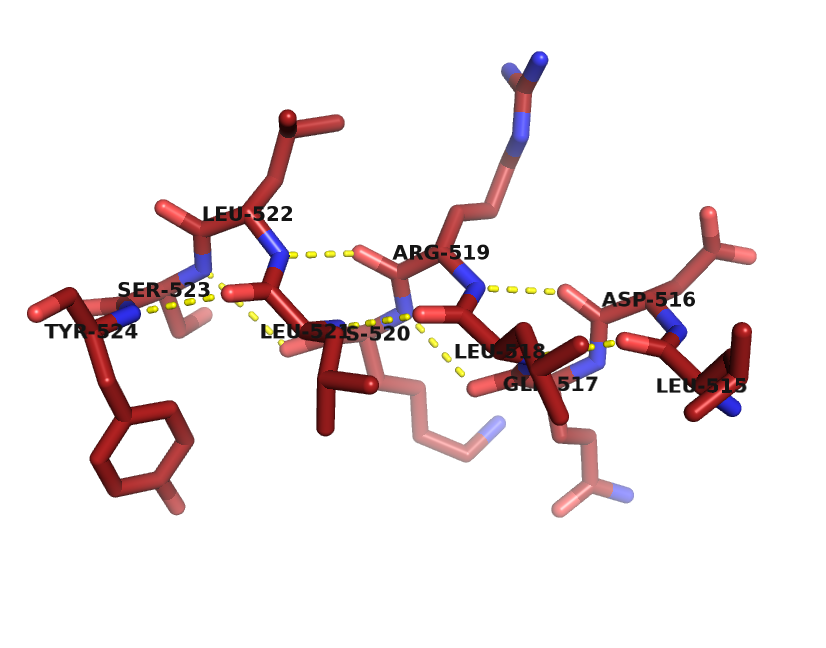
|  |  |
| --- | --- |
| **EXEMPLO** | **α-HÉLICE** |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |

**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**

**Características hélice 310**  
Ligação de H = n – n+3

Período = 3,0 aa/volta

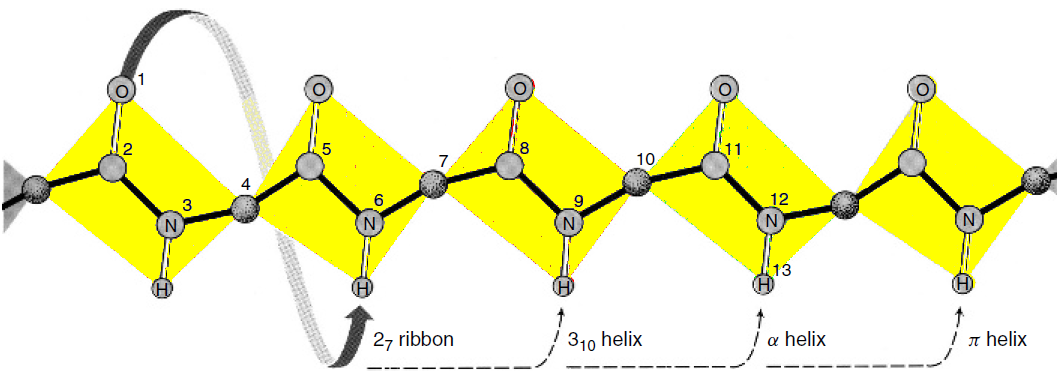
Φ = -49o

Ψ = -26o

**Figura 4**. Exemplo de hélice 310.

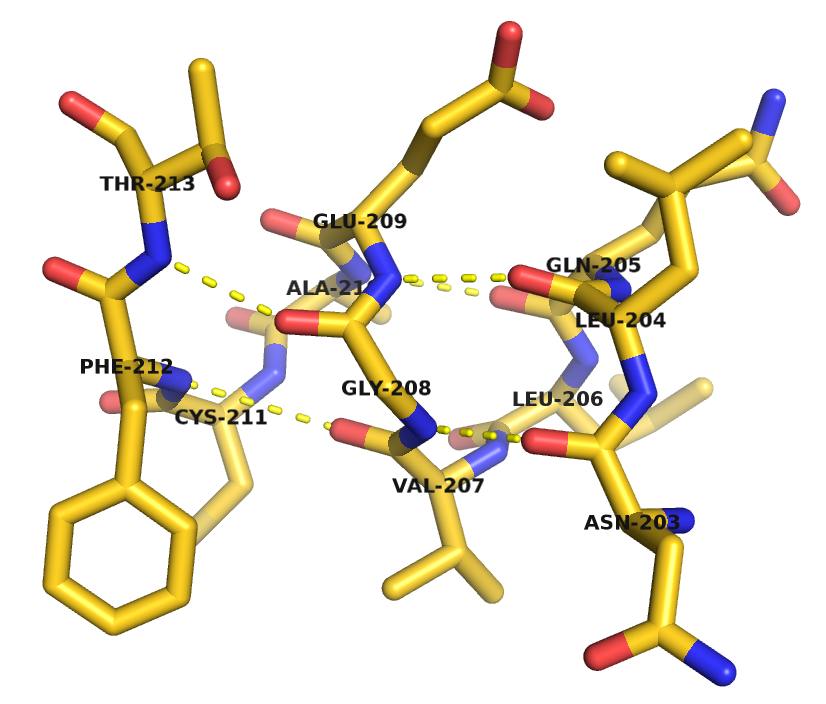
|  |  |
| --- | --- |
| **EXEMPLO** | **HÉLICE 310** |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |

**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**

**Características π-hélice**   
Ligação de H = n – n+5

Período = 4,4 aa/volta

Φ = -57o

Ψ = -70o

**Figura 6**. Exemplo de π-hélice.

|  |  |
| --- | --- |
| **EXEMPLO** | **π-HÉLICE** |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |

**Exercício 4**

Compare os três tipos de hélices conforme o exemplo

|  |  |
| --- | --- |
| **EXEMPLO** | **EXERCÍCIO** |
|  |  |
|  |  |
|  |  |