

LISTA 3 DE EXERCÍCIOS

Aminoácidos e estruturas polipeptídicas

Monitor Leandro Teodoro Júnior

- 1) a) F. b) F. c) V. d) V. e) F. f) V. g) V.
h) V.

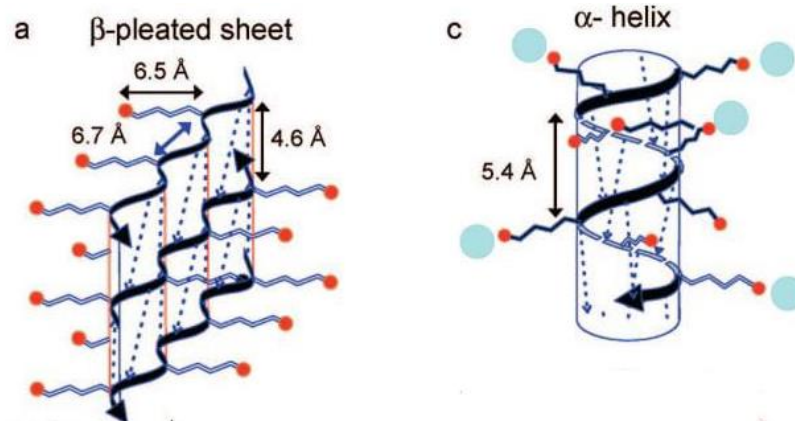
- 2) Cada volta de uma α -hélice é formada por 3,6 radicais de aminoácidos, portanto, aminoácidos a três ou quatro unidades de distância estão espacialmente bem próximos, enquanto que aminoácidos à distância de duas unidades na sequência linear estão situados em lados opostos da hélice, sendo então, improvável que façam contato. O sentido de giro de uma α -hélice pode ser para a direita (hélice dextrorsa) ou para a esquerda (hélice sinistrorsa). As α -hélices encontradas em proteínas são dextrorsas. Duas ou mais α -Hélices podem se entrelaçar, formando estruturas muito estáveis, que podem ter um comprimento de 1000Å ou mais, sendo denominadas super-hélices de α -Hélices.

Outra estrutura secundária muito conhecida é a folha beta pregueada, que difere muito da alfa hélice em forma de bastão. Uma cadeia peptídica em uma folha beta pregueada é denominada de fita beta e é quase totalmente distendida. A distância axial entre aminoácidos adjacentes na folha beta é de 3,5 ângstrons. A folha beta pregueada é estabilizada por pontes de hidrogênio entre grupamentos NH e CO em fitas peptídicas diferentes, ao contrário da alfa hélice cujas pontes de hidrogênio estão entre grupamentos do mesmo filamento. Cadeias adjacentes em uma folha beta pregueada podem se estender em um mesmo sentido (folha beta paralela) ou em sentidos opostos (folha beta antiparalela). Tais regiões de folhas beta são um tema recorrente em muitas proteínas, sendo especialmente comuns as unidades estruturais constituídas de duas a cinco fitas beta paralelas ou antiparalelas.

Texto retirado de LabsICB, da Universidade Federal de Minas Gerais.

- c) A lisina tem um grupo lateral composto por $-\text{CH}_2\text{CH}_2\text{CH}_2\text{CH}_2\text{NH}_3^+$, ou seja, um aminoácido básico protonado. Em $\text{pH} = 7$ temos equivalência entre os grupos protonados e desprotonados. Assim, no caso da Lisina, não temos deslocamento do equilíbrio

reacional para a cadeia lateral ficar desprotonada. Assim, o grupo ficará disposto de maneira linear. Teremos assim uma disposição alternada da cadeia lateral em uma estrutura de poli-lisina, originando uma folha beta-pregueada. Já em pH alto, o deslocamento do equilíbrio causado pela concentração alta de íons hidroxila desprotonam a cadeia lateral dos resíduos de lisina na poli-lisina, ocasionando numa mudança conformacional no polipeptídeo, que se adequará em alfa-hélice.



- 3) Informações para esta resposta podem ser lidas nos *slides*, *resumos de aula* ou em qualquer livro base da disciplina.
- 4) O que faz diferença na estrutura de uma proteína é o seu sítio catalítico, ou seja, a região que desempenha a função de uma proteína, seja para síntese de moléculas, quebras etc. O sítio catalítico geralmente é bem conservado, dependendo da função da proteína, além de ficar geralmente interno, ou seja, protegido pela hidrofobicidade interna da proteína. Então, podemos ter duas proteínas enzimas diferentes em relação à sua estrutura exposta, mas que podem desempenhar mesma função ou funções extremamente semelhantes, pois possuem uma conservação alta de seu sítio catalítico. Podemos ter também proteínas que, devido interação com outras coisas na célula, desempenham funções diferentes também! Exemplo disso é a aconitase que, na mitocôndria desempenha a função de conversão de citrato para isocitrato, enquanto no citosol tem função de regulação em resposta ao ferro.
- 5) Informações para esta resposta podem ser lidas nos *slides*, *resumos de aula* ou em qualquer livro base da disciplina.