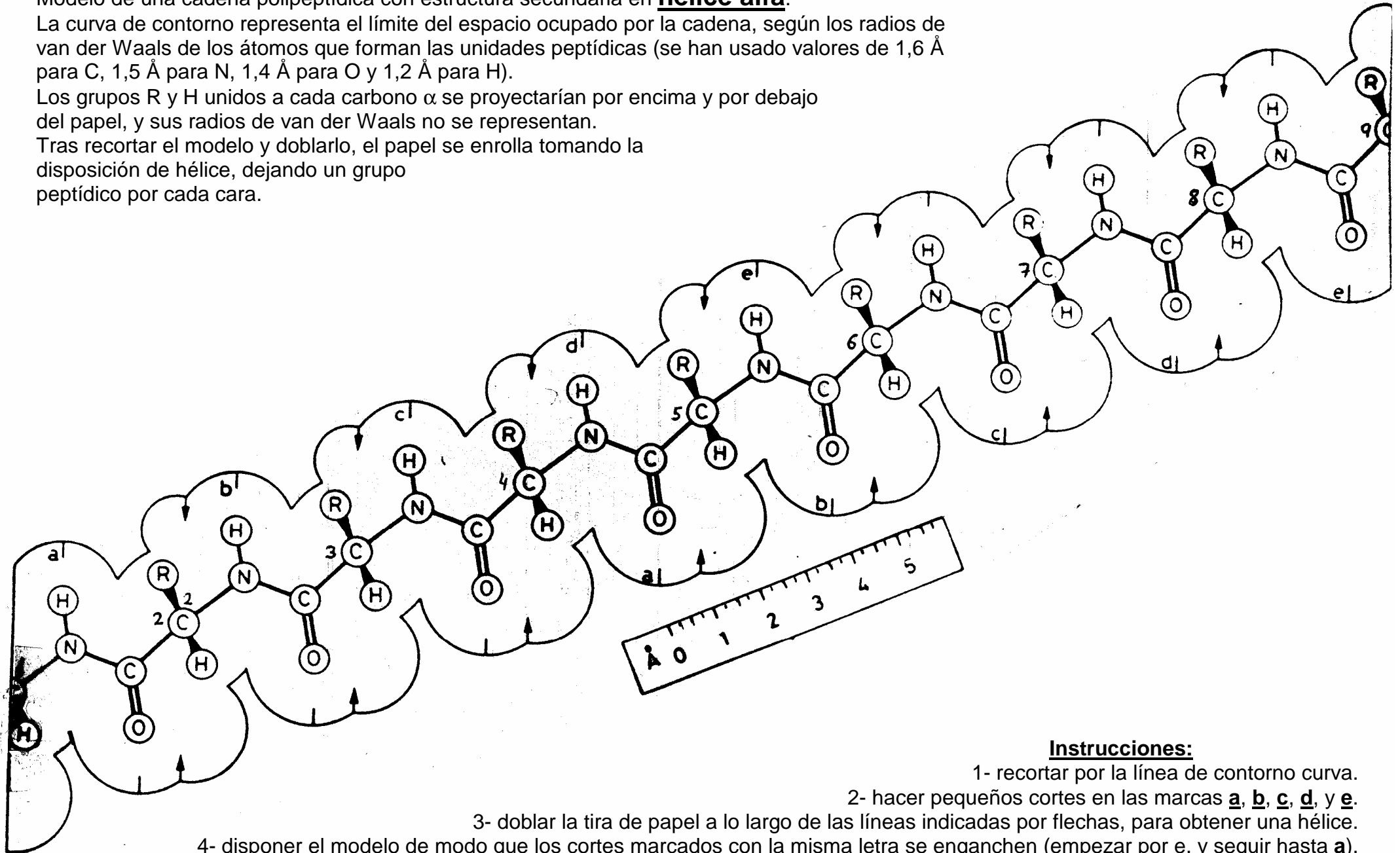


Modelo de una cadena polipeptídica con estructura secundaria en **hélice alfa**.

La curva de contorno representa el límite del espacio ocupado por la cadena, según los radios de van der Waals de los átomos que forman las unidades peptídicas (se han usado valores de 1,6 Å para C, 1,5 Å para N, 1,4 Å para O y 1,2 Å para H).

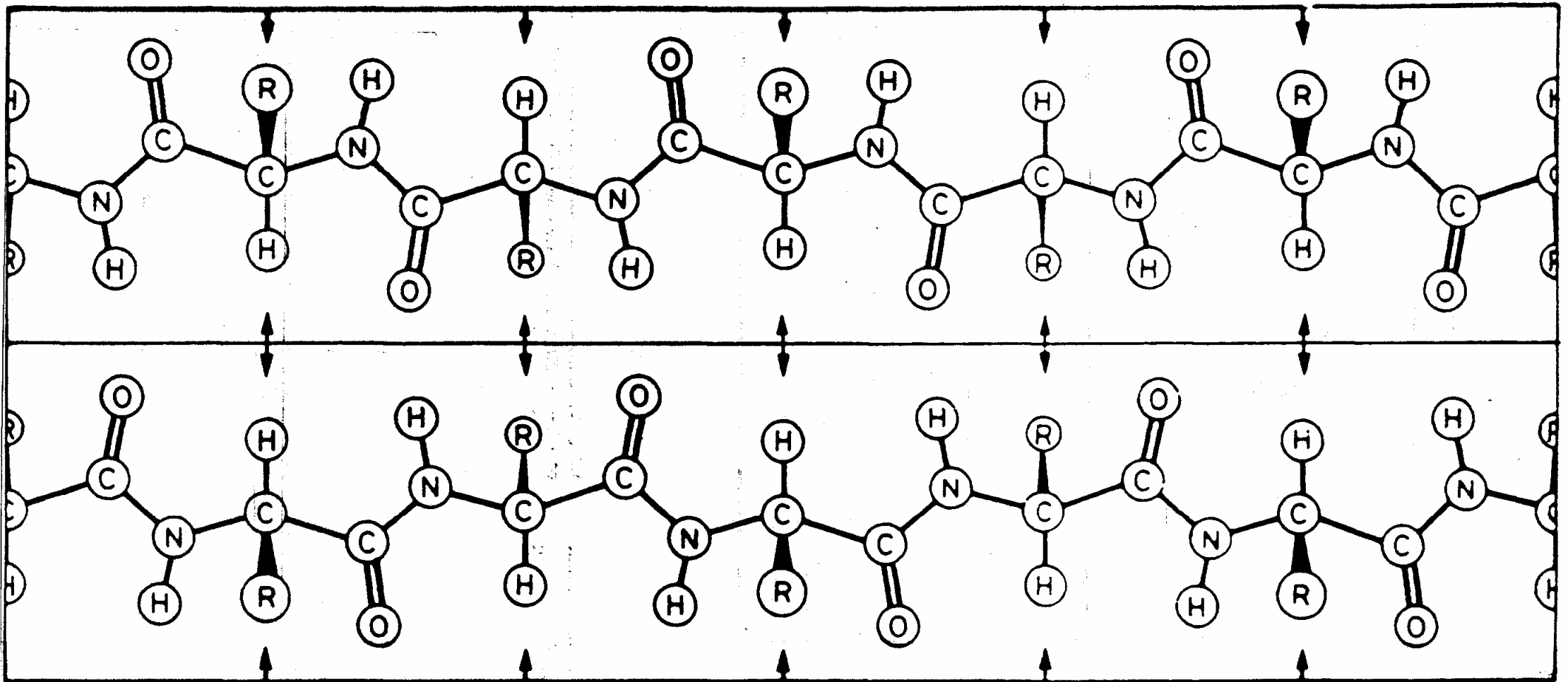
Los grupos R y H unidos a cada carbono  $\alpha$  se proyectarían por encima y por debajo del papel, y sus radios de van der Waals no se representan.

Tras recortar el modelo y doblarlo, el papel se enrolla tomando la disposición de hélice, dejando un grupo peptídico por cada cara.



**Instrucciones:**

- 1- recortar por la línea de contorno curva.
- 2- hacer pequeños cortes en las marcas **a**, **b**, **c**, **d**, y **e**.
- 3- doblar la tira de papel a lo largo de las líneas indicadas por flechas, para obtener una hélice.
- 4- disponer el modelo de modo que los cortes marcados con la misma letra se enganchen (empezar por **e**, y seguir hasta **a**).



Modelo de una cadena polipeptídica con estructura secundaria en **hoja plegada beta**.

La disposición de las dos cadenas en esta figura corresponde a una hoja antiparalela, pero el modelo puede también colocarse en forma de hoja paralela.

**Instrucciones:**

1- recortar para obtener dos tiras de papel separadas

2- doblar cada tira según las líneas definidas por las flechas, de modo que los grupos R grandes queden hacia arriba.

Modelo de una cadena polipeptídica con estructura secundaria en **hélice alfa**.

La curva de contorno representa el límite del espacio ocupado por la cadena, según los radios de van der Waals de los átomos que forman las unidades peptídicas (se han usado valores de 1,6 Å para C, 1,5 Å para N, 1,4 Å para O y 1,2 Å para H). Los grupos R y H unidos a cada carbono  $\alpha$  se proyectarían por encima y por debajo del papel, y sus radios de van der Waals no se representan.

Tras recortar el modelo y doblarlo, el papel se enrolla tomando la disposición de hélice, dejando un grupo peptídico por cada cara.

Aspectos de la conformación en alfa-hélice que quedan ilustrados en el modelo:

a) La hélice  $\alpha$  se estabiliza por enlaces de hidrógeno entre cada grupo carbonilo y el grupo amino del cuarto aminoácido siguiente. En el modelo, esto se simula mediante la conexión de los pequeños cortes situados junto a los grupos carbonilo y amino.

b) La naturaleza planar de las unidades peptídicas se aprecia fácilmente. Los grupos R se sitúan hacia la parte exterior de la hélice, formando ángulos de  $110^\circ$  con los otros enlaces del carbono  $\alpha$ .

c) Se pueden comprobar con la regla los siguientes parámetros de la hélice y del esqueleto polipeptídico:

- Longitudes de enlace:

$C\alpha-N$	$N-H$	$N-C$	$C=O$	$C-C\alpha$
1,46 Å	1,02 Å	1,32 Å	1,26 Å	1,51 Å

- Longitud de los enlaces de hidrógeno: aprox. 2,8-3,0 Å entre los centros de los átomos de N y O.
- Una rotación de  $100^\circ$  entre planos peptídicos consecutivos.
- Una elevación de 1,5 Å por cada residuo aminoácido.
- 3,6 residuos por vuelta.
- Los enlaces  $C-C\alpha$  y  $C\alpha-N$  forman un ángulo de  $110^\circ$ .

d) Se puede comprobar que la estabilidad del modelo no se ve afectada drásticamente si se modifica ligeramente la longitud de los enlaces de H. Esto indica su carácter elástico si se comparan con los enlaces covalentes.

e) La parte interior de la hélice no es hueca como aparece en el modelo de papel, sino que está prácticamente llena con los átomos de las unidades peptídicas. Estos átomos deben visualizarse como esferas de un tamaño definido por los radios de Van der Waals de cada átomo.

Basado en

J. C. Cameselle and A. Sillero. A cut-out model of the alpha-helix for student use. *Biochem.Educ.* 10:69-70, 1982.