



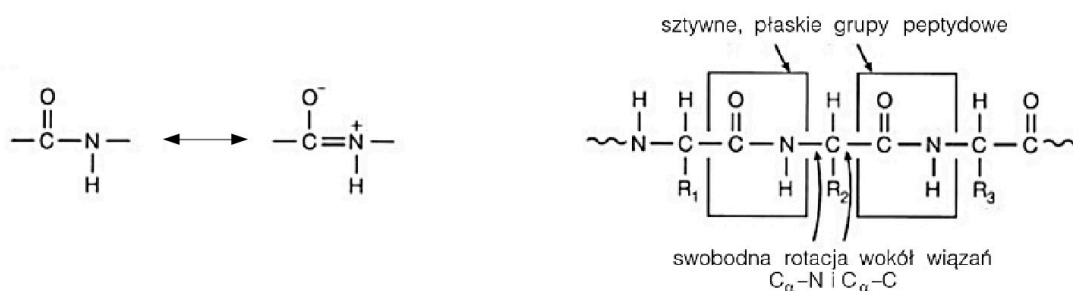
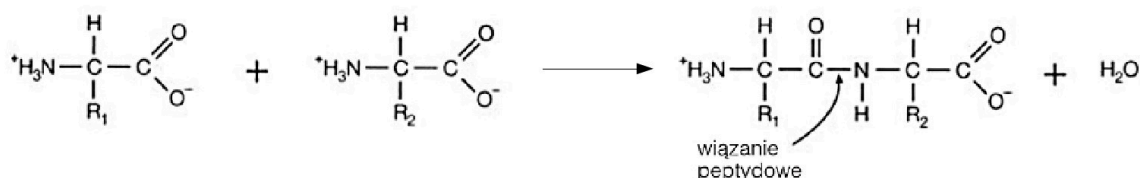
Nie (o/z)wijając w bawełnę

Elvira Chapkauskaitse

Koło Naukowe Biologii Molekularnej UW

Białka – łańcuchy (sekwencje) kolejno ułożonych aminokwasów, które są połączone ze sobą wiązaniami peptydowymi. Białka to związki złożone co najmniej ze 100 aminokwasów, a pewna ich grupa zawiera składnik niebiałkowy. Na tej podstawie dzielimy białka na **proste** (składające się wyłącznie z aminokwasów) i **złożone** (zawierające dodatkowo lipidy, oligosacharydy, histony, jony metali ciężkich). Ze względu na różnice w rozpuszczalności i kształtu cząsteczki dzielimy białka na **globularne** (sferyczne) i **fibrylarne** (włókienkowe).

Wiązanie peptydowe – chemiczne, kowalencyjne wiązanie powstające między grupą α -aminową jednego aminokwasu a grupą α -karboksylową kolejnego aminokwasu. Można je traktować jako amidowe, w którym do grupy karboksylowej zamiast amoniaku została przyłączona jego pochodna acylowa. Kiedy dwa aminokwasy zostaną połączone wiązaniem peptydowym, tworzą one dipeptyd, na którego końcach wciąż pozostaje jedna wolna grupa aminowa i wolna grupa karboksylowa. Każda z tych grup może się połączyć z kolejnym aminokwasem.



Aminokwasy karboksylowe możemy podzielić według ułożenia grupy aminowej względem karboksylowej: α , β , γ , δ i ϵ -aminokwasy. Litera grecka określa położenie grupy aminowej przy danym atomie węgla w łańcuchu głównym kwasu karboksylowego. Na przykład, w α -aminokwasach obie te grupy funkcyjne znajdują się przy tym samym atomie węgla (α), w β -aminokwasach grupa aminowa zlokalizowana jest przy drugim atomie węgla, w γ -aminokwasach – przy trzecim itd. (numeracja od atomu węgla związanego z grupą karboksylową!).

W długich, nierozgałęzionych łańcuchach aminokwasy mogą łączyć się ze sobą wiązaniami peptydowymi w cząsteczki określane jako:

- **oligopeptydy** – do 25 reszt aminokwasowych;
- **polipeptydy** – więcej niż 25 reszt aminokwasowych.

Należy zapamiętać, że polipeptyd nadal zawiera na swoich końcach wolną grupę aminową i karboksylową.

Sposób zapisu łańcuchów peptydowych przedstawia się tak, że wolna grupa α -aminowa jest umieszczona po lewej stronie, zaś wolna grupa α -karboksylowa – po prawej stronie, zaś myślnik/łącznik między aminokwasami oznacza wiązanie peptydowe. Przykład: oligopeptyd ^+H_3N -glicyna-cysteina-feniloalanina-histydyna- COO^- zapisujemy jako Gly-Cys-Phe-His lub G-C-F-H.

Ze względu na bliskość wiązania podwójnego między węglem karbonylowym a tlenem, wiązanie peptydowe między węglem i azotem wykazuje częściowo charakter wiązania podwójnego. Dlatego wiązanie C-N jest zdecydowanie krótsze niż zwykłe pojedyncze wiązanie C-N, a grupa peptydowa, zbudowana z atomów CO-NH, jest stosunkowo sztywna i płaska. Dzięki czemu możliwe jest ustawienie sąsiednich grup peptydowych pod różnym kątem.

Formowanie białek jest ograniczone możliwością obrotu łańcucha polipeptydowego wokół wiązań (**kąty torsyjne**) oraz przestrzenią zajmowaną przez atomy (**oddziaływania steryczne**). Łańcuch polipeptydowy fałduje się, dzięki czemu powstaje specyficzny **kształt (konformacja) białka**. Konformacja to przestrzenne ułożenie atomów w strukturze, które można wyznaczyć na podstawie sekwencji aminokwasów. Rozróżniamy cztery poziomy struktury białek:

- Struktura pierwszorzędowa
- Struktura drugorzędowa
- Struktura trzeciorzędowa
- Występująca czasami struktura czwartorzędowa.

1. **Struktura pierwszorzędowa** cząsteczki to kolejność aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym utrzymywana jest przez kowalencyjne wiązania peptydowe. Łańcuch peptydowy może być różnie ułożony przestrzennie, jest to tzw. struktura wtórna białka.

2. Wyróżniamy dwie główne struktury drugorzędowe:

- **α -helisa** – stabilizowana wiązaniami wodorowymi, helikalna struktura o charakterze dipolowym, gdzie zewnętrzna warstwa zbudowana z polarnych grup aminokwasowych, a rdzeń jest niepolarny.
- **β -harmonijka (β -kartka)** – stabilizowana wiązaniami wodorowymi ułożonymi w jednej płaszczyźnie, może być zbudowana z wielu łańcuchów peptydowych.

3. **Struktura trzeciorzędowa** opisuje wzajemne ułożenie struktur drugorzędowych i jest utrzymywana poprzez wiązania inne niż wodorowe pomiędzy aminokwasami w łańcuchu peptydowym. Zaliczamy do nich mostki disiarczkowe, mostki solne, wiązania jonowe, oddziaływania hydrofobowe/hydrofilowe lub siły van der Waalsa.

4. Jeżeli białko zawiera więcej niż jeden łańcuch polipeptydowy (np. hemoglobina), występuje w nim najwyższy poziom organizacji białka, który nazywany jest **strukturą czwartorzędową**. Dotyczy ona przestrzennego ułożenia podjednostek polipeptydowych i zasad oddziaływania między nimi. Do oddziaływań tych odnosimy wiązania kowalencyjne (np. wiązania disiarczkowe) lub niekowalencyjne (oddziaływania hydrofobowe, siły elektrostatyczne i wiązania wodorowe).

Źródła:

- Hames DB, Hooper NM (Red). Biochemia. Krótkie wykłady. Str. 504. Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN, 2010. ISBN 978-83-01-16327-3
- Kączkowski J (Red). Podstawy biochemii. Str. 466. Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN, 2017. ISBN 978-83-01-19286-0