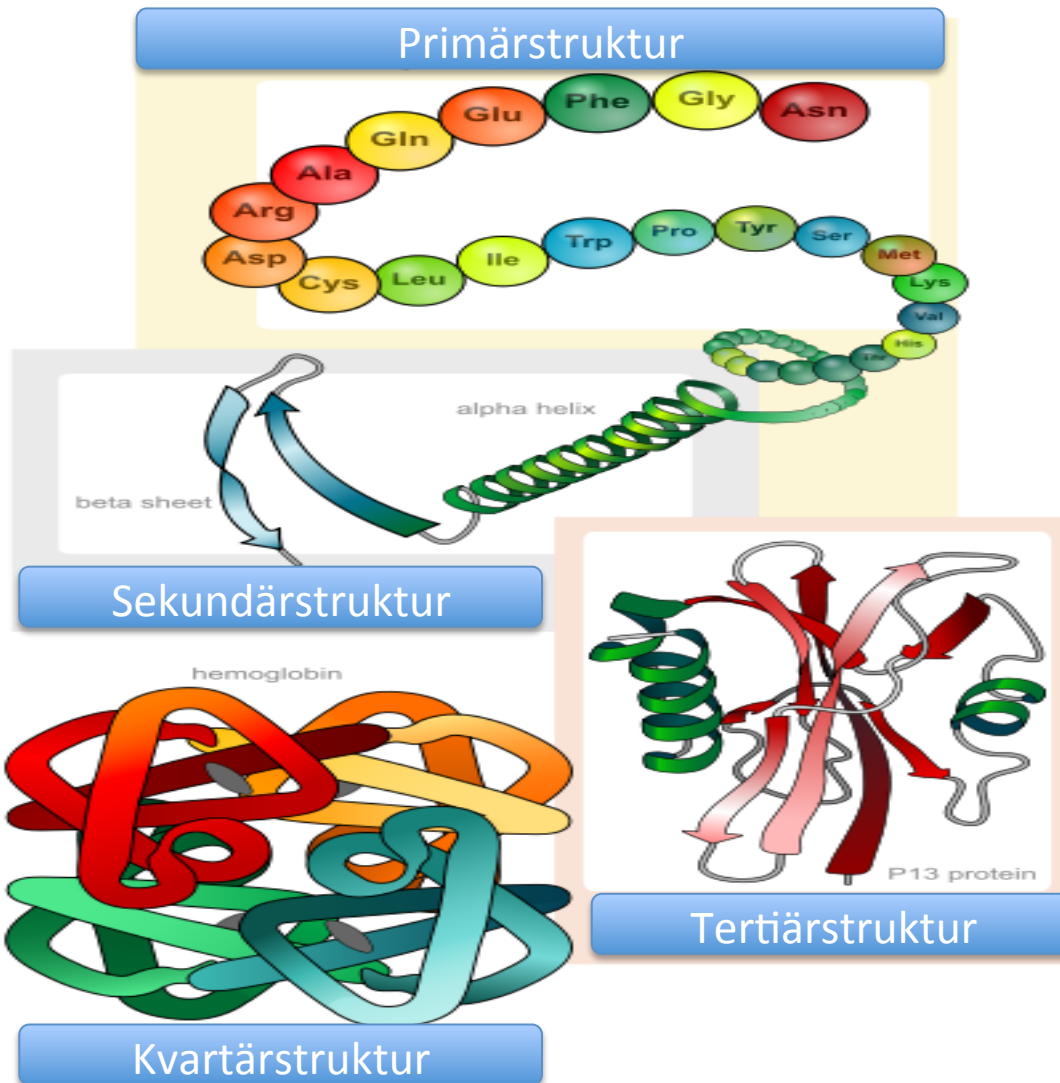


Proteinernas 4 strukturnivåer

Niklas Dahrén



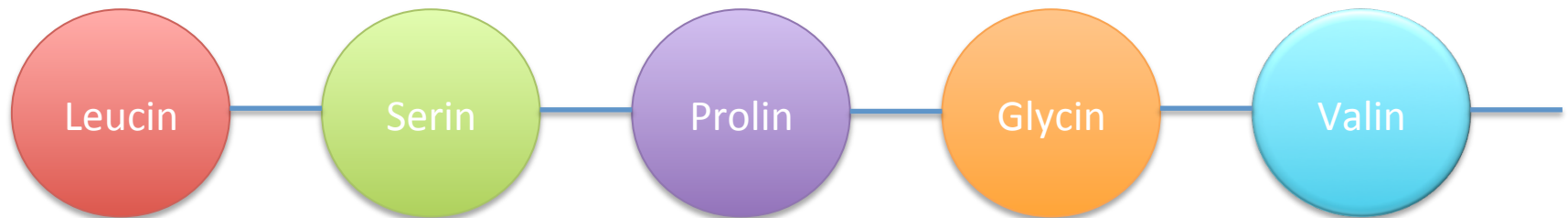
Ett proteins struktur kan beskrivas utifrån 4 strukturnivåer



Primärstruktur

- ✓ **Sekvensen av aminosyror i proteinet** utgör proteinets primärstruktur. Aminosyrorna anges från N-terminalen till C-terminalen. Om proteinet består av flera polypeptidkedjor anges sekvensen för resp. kedja. Primärstrukturen är avgörande för övriga strukturer.

Leucin – Serin – Prolin – Glycin – Valin –

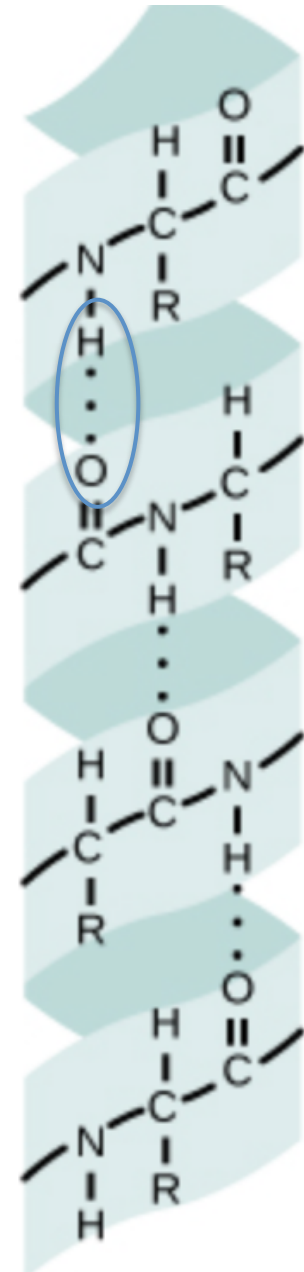


Sekundärstruktur

- ✓ **De olika typer av veckningar som uppstår längs med** polypeptidkedjan/kedjorna. Veckningarna uppstår p.g.a. att det bildas vätebindningar mellan olika delar i polypeptidkedjans "ryggrad" (alltså inte mellan olika sidokedjor).
- ✓ **Exempel på olika sekundärstrukturer:** De två vanligaste sekundärstrukturerna är alfahelixar och betastrukturer. Även olika typer av svängar är en vanlig sekundärstruktur.

Alfahelixar

- ✓ En alfahelix är en sekundärstruktur som innebär att ett antal aminosyror sitter bundna till varandra i spiralform. Spiralen uppstår genom att det bildas vätebindningar mellan olika aminosyror som sitter på ett specifikt avstånd från varandra (4 aminosyror bort) vilket får kedjan att veckas i en spiralform.
- ✓ De olika vätebindningarna uppstår mellan syreatomerna i aminosyrornas karboxylgrupper och väteatomerna i aminosyrornas aminogrunder.
- ✓ Det är primärstrukturen som avgör om det bildas en alfahelix eller inte. Det är nämligen så att olika aminosyror har olika förmåga att bilda alfahelixar.



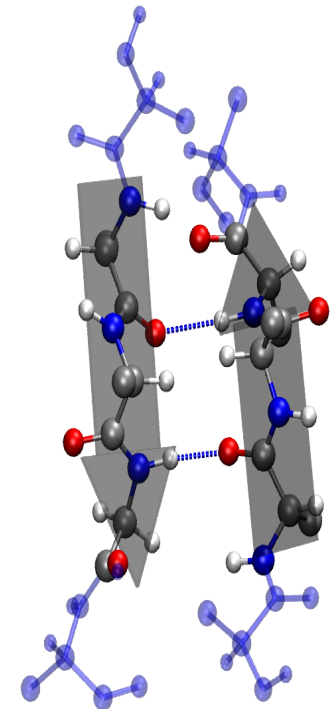
Betastrukturer utgörs framförallt av betasträngar och betaflak

- ✓ **Betasträngar:** En betasträng är en struktur där aminosyrakedjan är långsträckt och bildar en veckad yta/zick-zack form (ingen spiralform och ingen rak kedja). Zick-zack-formen beror på att de kovalenta bindningarna i och mellan aminosyror inte tillåter en alldeles rak struktur och sidogrupperna hos de ingående aminosyror tillåter inte en spiralform.
- ✓ **Betaflak (betaplattor):** Ett betaflak består av flera betasträngar som ligger bredvid varandra. Dessa betasträngar binder till varandra med vätebindningar. Betasträngar kan ligga parallellt, antiparallellt och parallellt. Betaflaken är mycket stabilare strukturer än enskilda betasträngar och därför är betaflak den vanligaste betastrukturen.

Betasträng



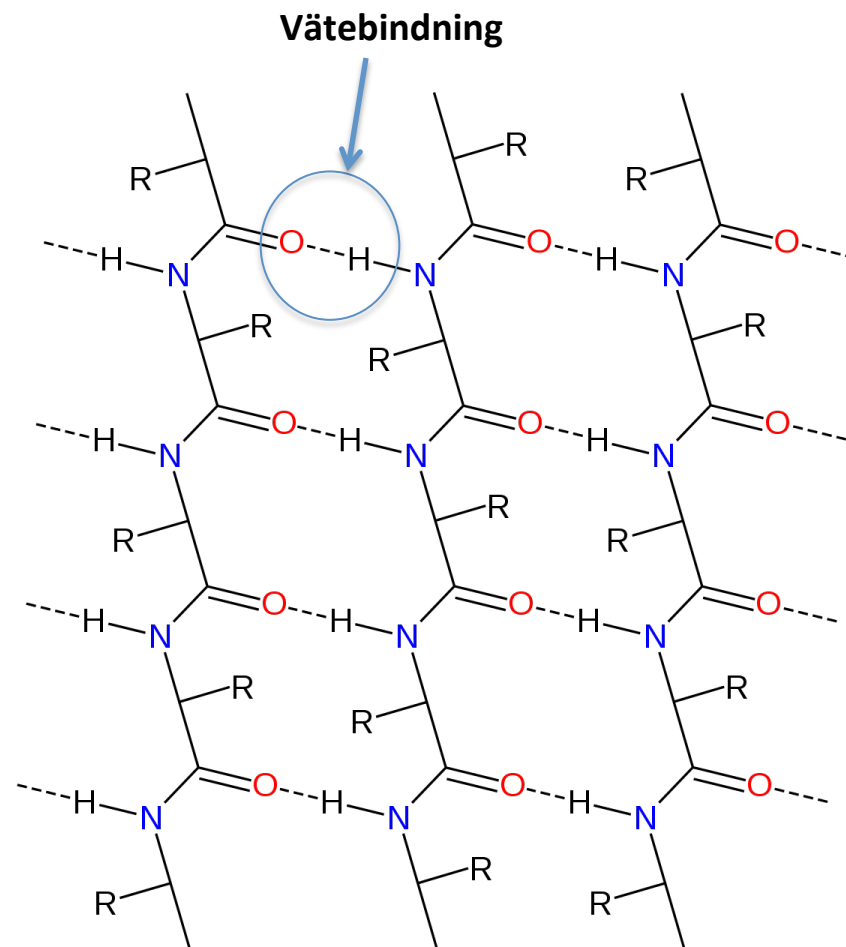
Betaflak



Betasträngar och betaflak brukar ritas ut med pilar

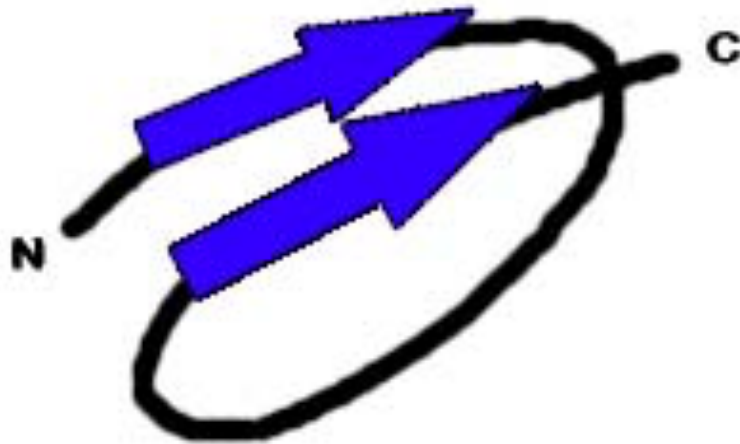
Vätebindningar i betaflak

- ✓ **De olika vätebindningarna** uppstår mellan syreatomerna i aminosyroras karboxylgrupper och väteatomerna i aminosyroras aminogrupeer.



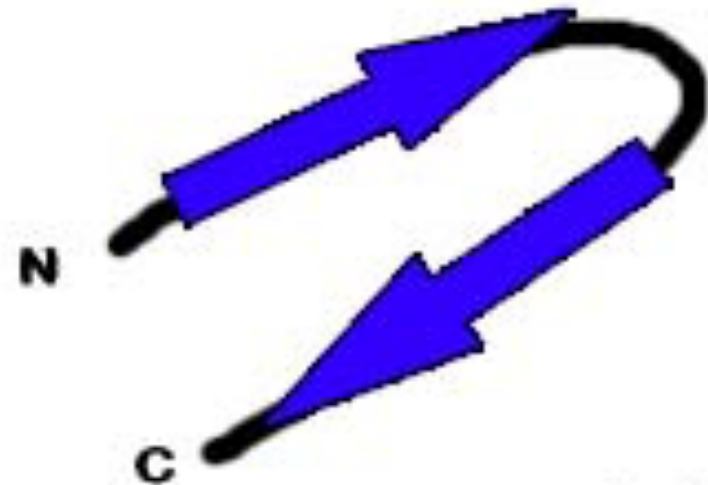
2 olika typer av betaflak (betaplattor)

- ✓ **Parallella betaflak:** I parallella betaflak är de båda delarna av polypeptidkedjan riktade åt samma håll.



Parallell

- ✓ **Antiparallella betaflak:** I anti-parallella betaflak är de båda delarna av polypeptidkedjan arrangerade åt motsatta håll.



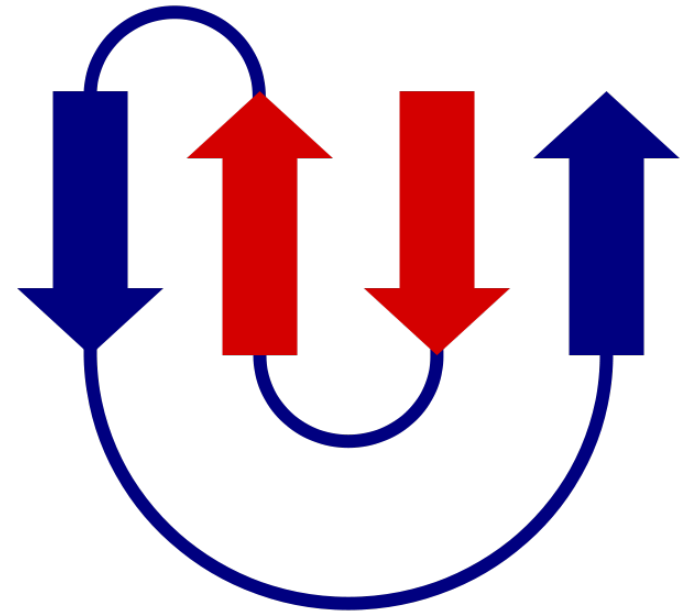
Anti-parallell

Bildkälla antiparallella betaflak: "Antiparallell-beta-pleated-sheet" av Original uploader was Vili - Originally from swiki at Image:Antiparallell-beta-pleated-sheet.jpg.. Licensierad under CC BY-SA 3.0 via Wikimedia Commons - <http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Antiparallell-beta-pleated-sheet.jpg#/media/File:Antiparallell-beta-pleated-sheet.jpg>

Bildkälla parallella betaflak: : By The original uploader was Vili at Swedish Wikipedia (Transferred from sv.wikipedia to Commons.) [GFDL (<http://www.gnu.org/copyleft/fdl.html>) or CC-BY-SA-3.0 (<http://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/>)], via Wikimedia Commons

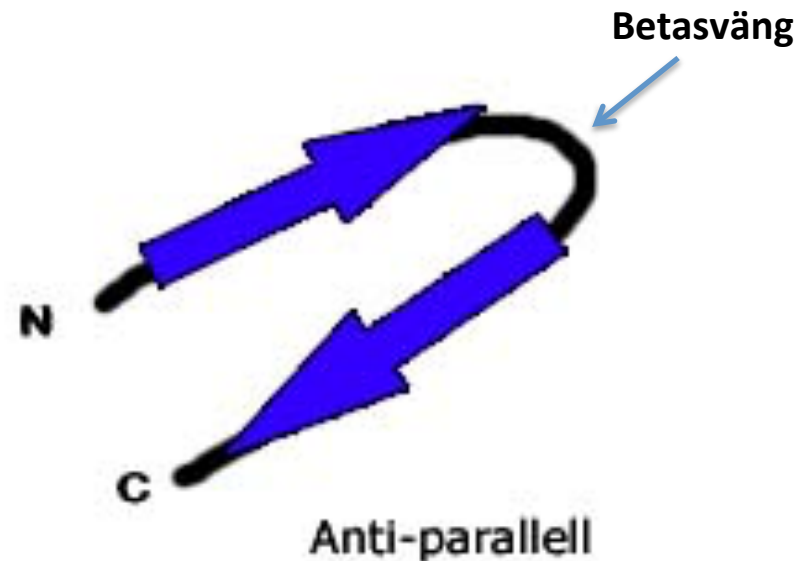
Grekiska nyckeln

- ✓ En typ av betaflak kallas för **grekiska nyckeln** och består av 4 betasträngar sammankopplade till en betaplatta som ser ut som en "grekisk nyckel".



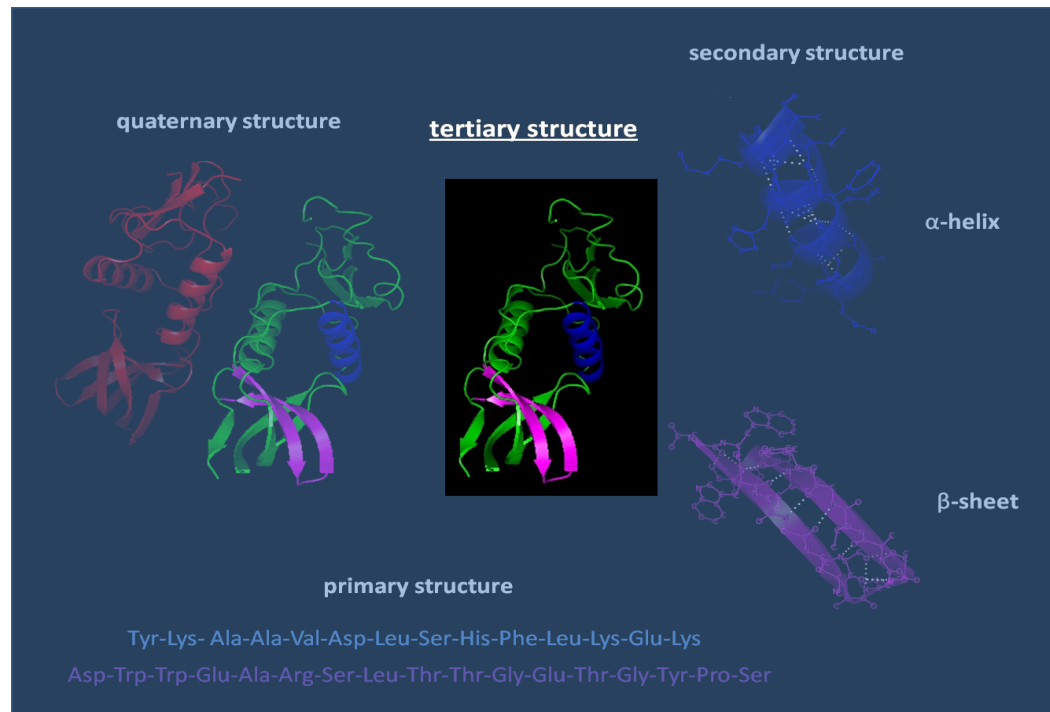
Svängar

- ✓ **Polypeptidkedjan svänger ofta** på flera ställen i proteinet och det räknas också som en sekundärstruktur.
- ✓ **I svängarna sitter oftast aminosyrorna prolin och glycin:** Deras resp. struktur passar bra för att få kedjan att svänga. Glycin har tack vare sin enkla struktur allra störst förmåga att vända en polypeptidkedja (inget steriskt hinder).
- ✓ **Det finns olika typer av svängar:** Alfavängar, betasvängar, loopar etc. förekommer i proteinerna. Betasvängarna är dock de vanligaste.



Tertiärstruktur

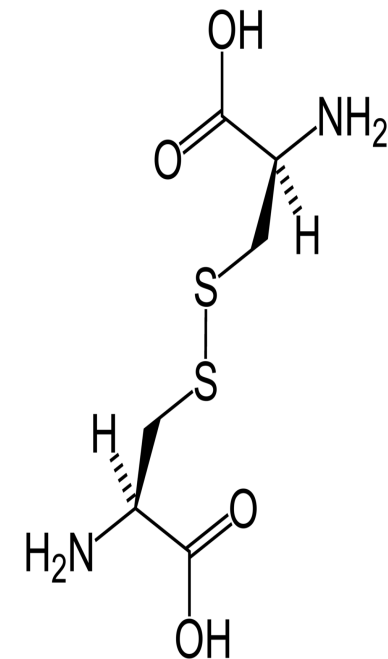
- ✓ **Tertiärstrukturen beskriver** den 3-dimensionella struktur som uppkommer när olika sekundärstrukturer binder till varandra. Tertiärstrukturen beskriver alltså hur sekundärstrukturerna är placerade i förhållande till varandra.



Sidokedjorna ger upphov till tertiärstrukturen

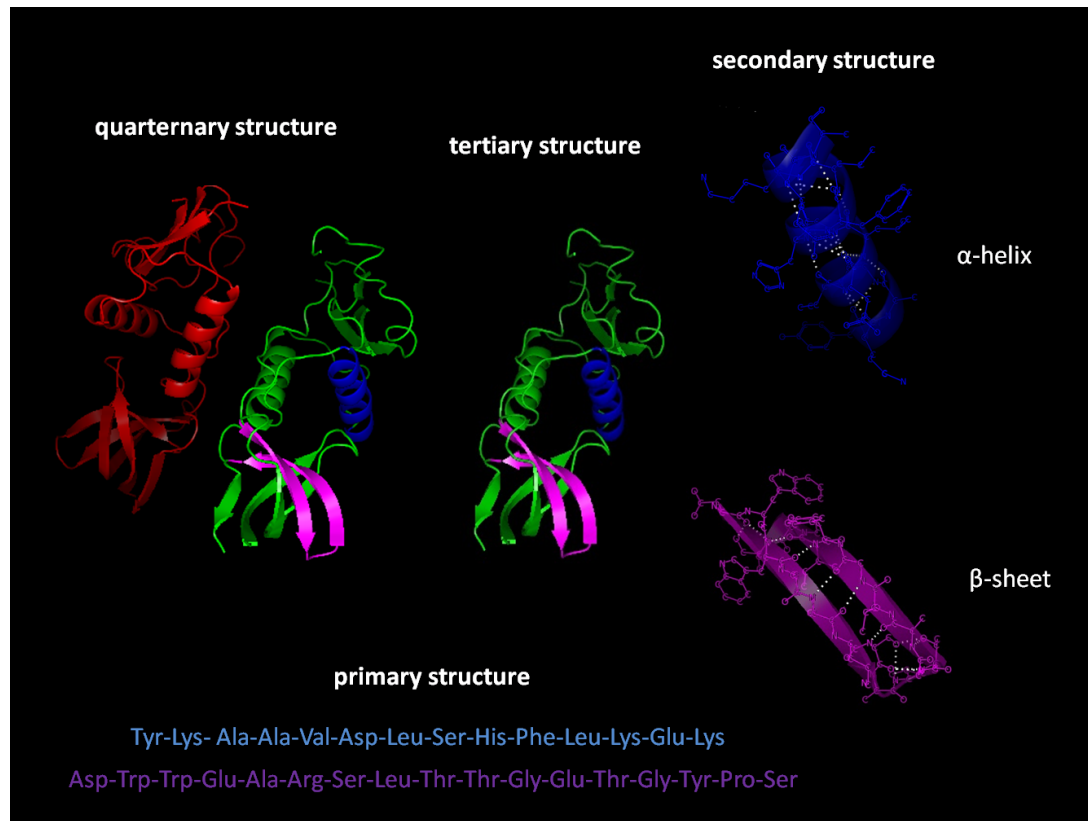
- ✓ **Det är framförallt aminosyrornas sidokedjor** (R-grupper) i de sekundära strukturerna som attraheras av och skapar bindningar mellan varandra.
- ✓ **Det är i första hand vätebindningar eller hydrofoba interaktioner** mellan sidokedjorna som åstadkommer detta.
- ✓ **Även disulfidbryggor bidrar** till tertiärstrukturen. Disulfidbryggorna uppkommer genom bindningar mellan svavelatomer som ingår i sidokedjan hos aminosyran "cystein".

Disulfidbrygga



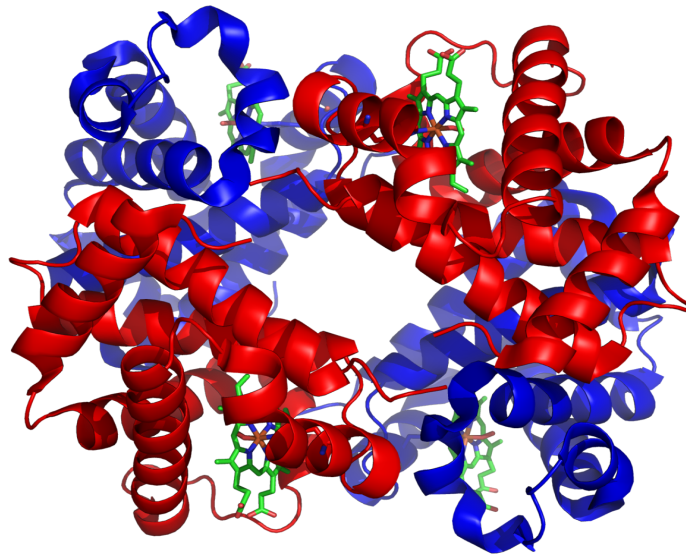
Kvartärstruktur

- ✓ Om proteinet består av flera polypeptidkedjor så kallas varje polypeptidkedja för en "subenhet". Kvartärstrukturen beskriver den totala 3-dimensionella strukturen av proteinet inklusive de olika subenheterna och ur dessa sitter i förhållande till varandra.

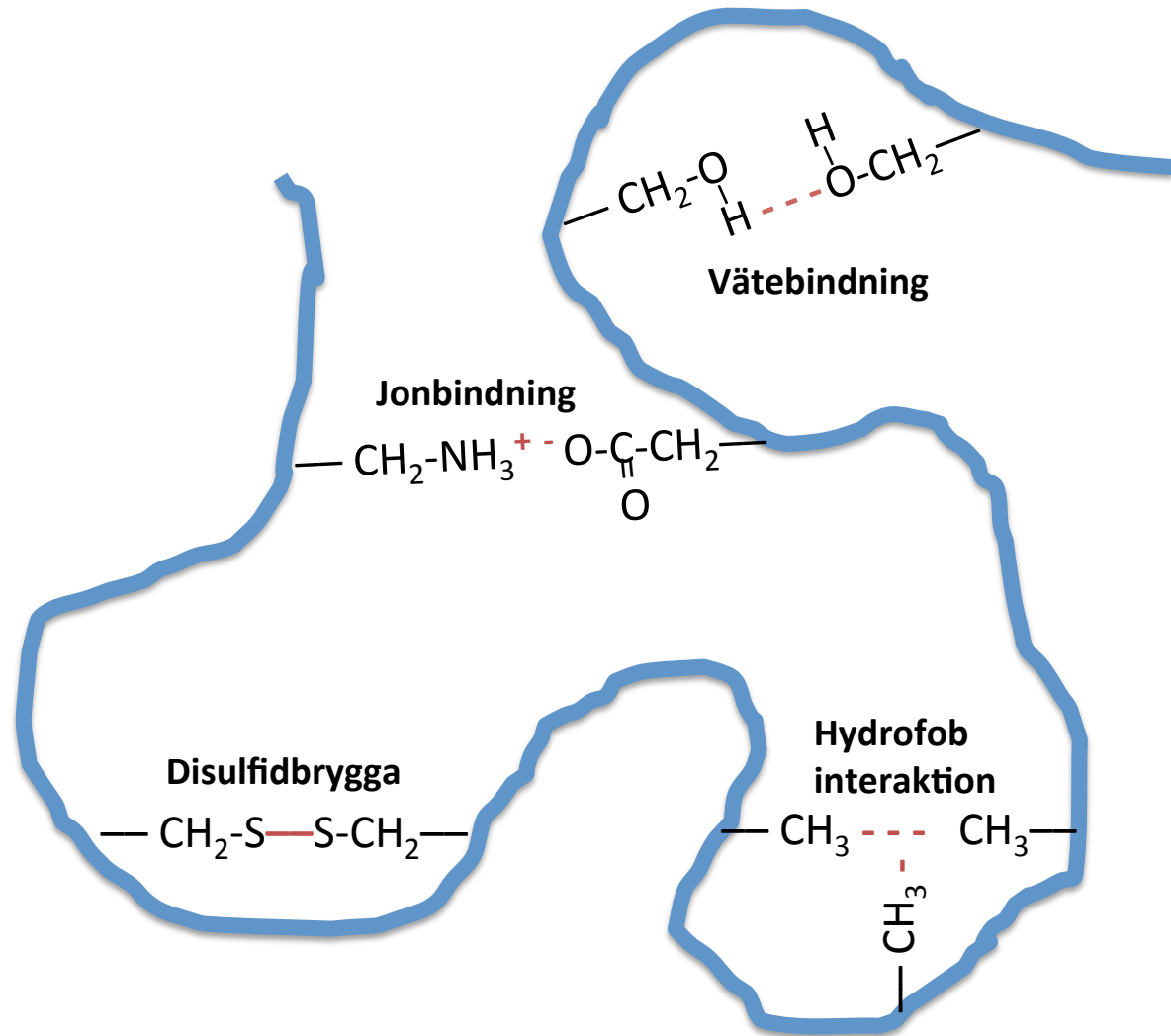


Kvartärstrukturen hos hemoglobin

- ✓ **Hemoglobin består av 4 subenheter:** I hemoglobin finns det 2 olika typer av kedjor, 2 alfakedjor och 2 betakedjor. Varje polypeptidkedja kallas för en subenhet. Hemoglobin har alltså 4 subenheter. De olika subenheterna binder till varandra med vätebindningar och hydrofob interaktion (hydrofoba delar i de olika subenheterna "attraheras" av varandra).
- ✓ **Hemoglobinetts kvartärstruktur** är alltså hur de olika subenheterna sitter i förhållande till varandra.



Proteinernas veckning och struktur skapas och stabiliseras av olika typer av bindningar

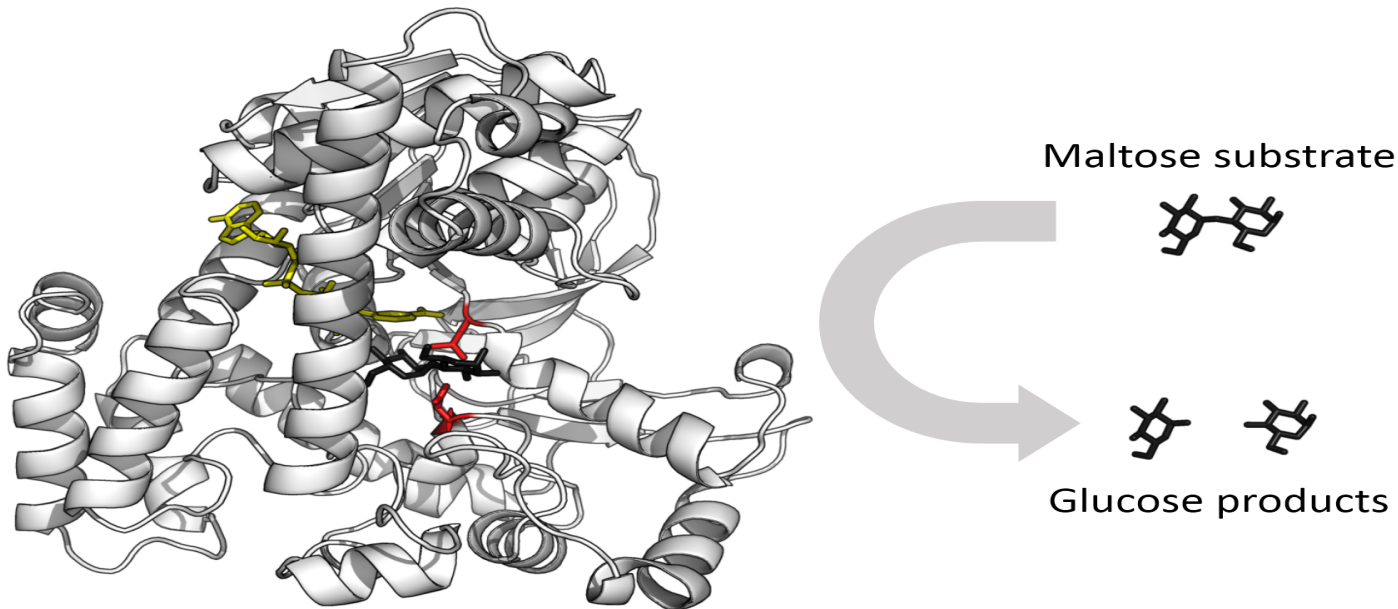


Proteinernas veckning och struktur skapas och stabiliseras av olika typer av bindningar

- ✓ **Vätebindningar:** Vätebindningar uppstår mellan olika delar i polypeptidkedjans "ryggrad" (mellan syre- och väteatomer). Vätebindningar uppstår även mellan olika aminosyrors polära sidokedjor (även här väte- och syreatomer alt. väte- och kväveatomer). Vätebindningar uppstår även mellan olika aminosyrors polära sidokedjor och de omgivande vattenmolekylerna vilket också är viktigt för att stabilisera den tredimensionella strukturen hos proteinet.
- ✓ **Hydrofoba interaktioner:** Spontant kommer hydrofoba sidokedjor vända sig inåt mot centrum av proteinet (bort från det omgivande vattnet) och där binda till andra hydrofoba sidokedjor. Detta sker delvis p.g.a. att vattenmolekylerna inte vill samverka med och binda till hydrofoba ämnen utan hellre binder till andra vattenmolekyler eller andra polära ämnen eftersom det genererar starkare och stabilare bindningar (vätebindningar). De hydrofoba sidokedjorna binder då istället till varandra.
- ✓ **Jonbindningar (saltbryggor):** Uppstår mellan positivt och negativt laddade sidokedjor (R-grupper), precis som 2 joner i ett salt.
- ✓ **Disulfidbryggor:** En disulfidbrygga utgörs av 2 svavelatomer, från 2 olika sidokedjor, som binder till varandra med en polär kovalent bindning. Obs. enbart aminosyran cystein har svavel i sin sidokedja så det är alltså 2 olika cysteinmolekyler som binder till varandra med en disulfidbrygga.

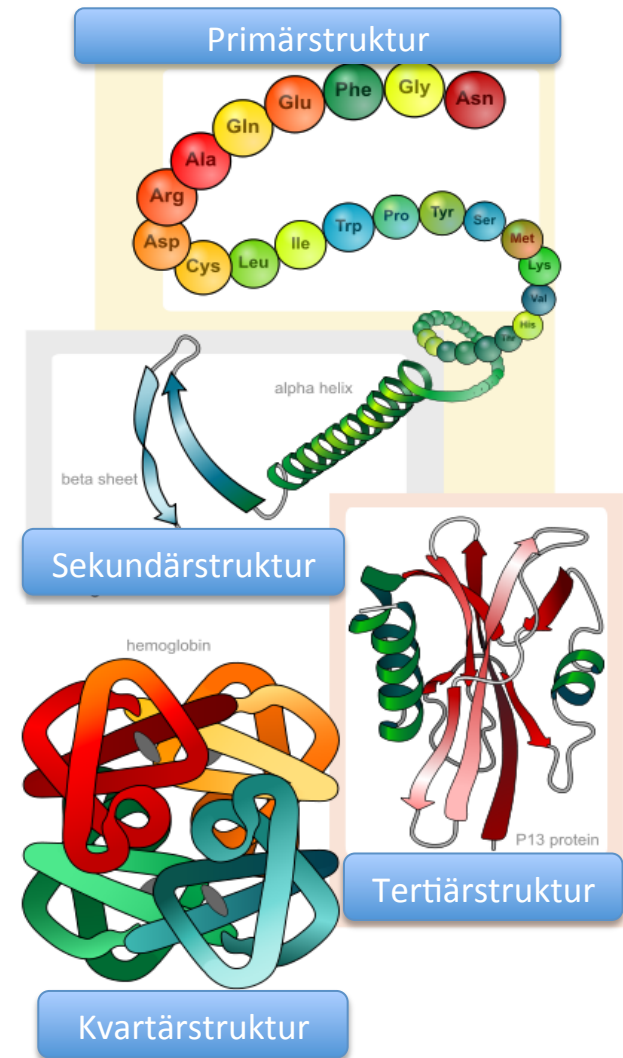
Strukturen är helt avgörande för proteinets funktion

- ✓ **Ett protein är helt beroende av sin struktur** för att kunna fullgöra sina uppgifter. T.ex. behöver enzymer ha en viss form för att kunna binda olika ämnen.
- ✓ **Exempel:** Enzymet "galaktosidas" behöver nedanstående 3-dimensionella struktur för att kunna binda sitt substrat "maltos" och spjälka det till 2 glukosmolekyler.



Ett proteins struktur kan beskrivas utifrån 4 strukturnivåer

- 1. Primärstruktur:** Sekvensen av aminosyror i proteinet. Aminosyrorna anges från N-terminalen till C-terminalen. Om proteinet består av flera polypeptidkedjor anges sekvensen för resp. kedja. Primärstrukturen är avgörande för övriga strukturer.
- 2. Sekundärstruktur:** De olika typer av veckningar som uppstår längs med polypeptidkedjan/kedjorna, t.ex. alfahelixar, betastrukturer och svängar.
- 3. Tertiärstruktur:** Tertiärstrukturen är proteinets 3-dimensionella struktur. Den visar hur de olika sekundärstrukturerna binder till varandra och därmed hur de är placerade i "rymden" i förhållande till varandra.
- 4. Kvartärstruktur:** Vissa proteiner består dock av flera polypeptidkedjor. Kvartärstrukturen är den totala 3-dimensionella strukturen av proteinet inklusive hur de olika subenheterna (polypeptidkedjorna) sitter i förhållande till varandra.



Se gärna fler filmer av Niklas Dahrén:

<http://www.youtube.com/Kemilektioner>

<http://www.youtube.com/Medicinlektioner>

