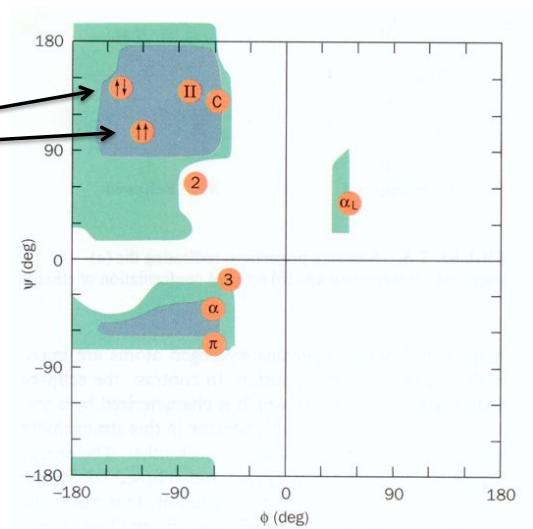


Filamento β

Nello stesso anno (1951) in cui proposero l' α elica, Pauling e Corey postularono anche l'esistenza di un'altra struttura secondaria: il **filamento β** (**β -strand**).

Dopo l' α elica, la conformazione piú ricorrente adottata dalla catena polipeptidica delle proteine è il **filamento β** : circa il **20-28%** degli aminoacidi nelle proteine globulari conosciute ricorre in questa conformazione.

Gli angoli diedri (ϕ , ψ) della catena polipeptidica in conformazione filamento β cadono nella zona permessa del plot di Ramachandran (quadrante in alto a sinistra).



1

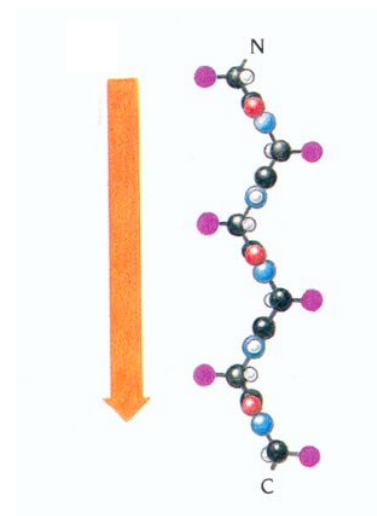
Filamento β

Il **filamento β** (**β -strand**), lungo in media da **5 a 10 aminoacidi**, con la catena polipeptidica quasi completamente estesa.

I **foglietti β** nelle proteine globulari sono costituiti dall'unione di di 2 o piú filamenti β legati tra loro.

Il filamento β si può considerare un tipo speciale di elica, con $n = 2$ residui per giro e una traslazione $d = 3.4 \text{ \AA}$ per aminoacido.

I filamenti β sono allineati uno vicino all'altro, in modo tale che si possano formare legami idrogeno tra i gruppi CO di un filamento e i gruppi NH del filamento β adiacente e viceversa.

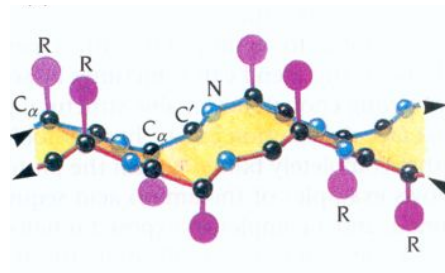


2

Foglietto β

I **foglietti β** formati da un certo numero di filamenti β sono **'pieghettati'**, con gli atomi C_α degli aminoacidi adiacenti alternativamente leggermente sopra e sotto il piano del foglietto β .

Le catene laterali degli aminoacidi che compongono il foglietto β seguono lo stesso andamento, e dunque puntano alternativamente sopra e sotto il piano del foglietto β . Spesso un lato del foglietto β può presentare tutte catene laterali polari e l'altro tutte non polari.

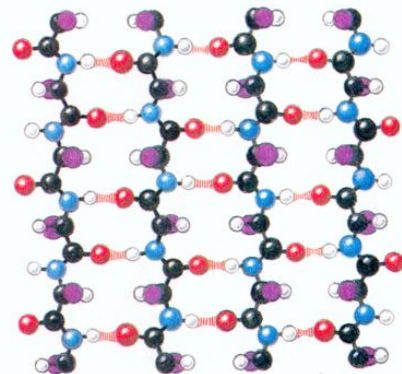


3

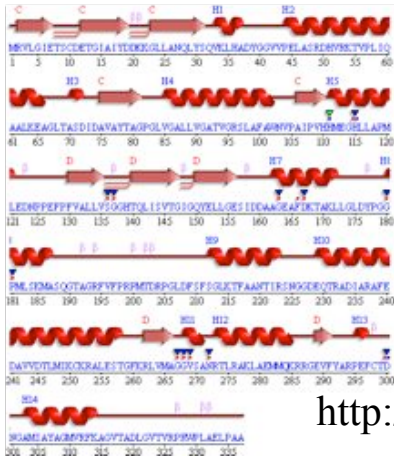
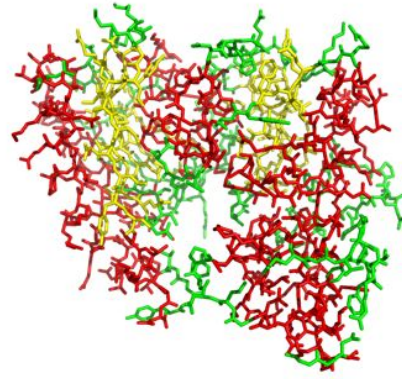
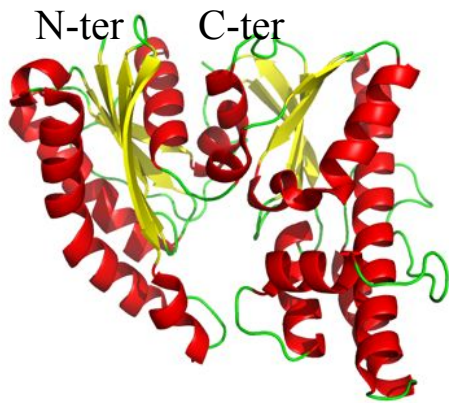
Foglietto β

I foglietti β **differiscono dalle α eliche:**

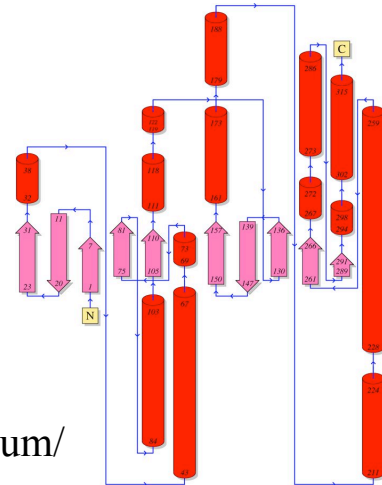
le interazioni (legami idrogeno e interazioni di van der Waals) sono fra aminoacidi appartenenti a filamenti β differenti, lontani uno rispetto all'altro nella catena polipeptidica, mentre nelle α eliche le interazioni si hanno esclusivamente fra **aminoacidi vicini in sequenza**;



4



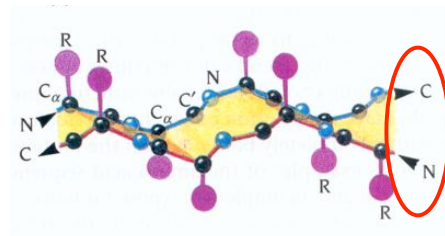
http://www.ebi.ac.uk/pdbsum/3ZET_B



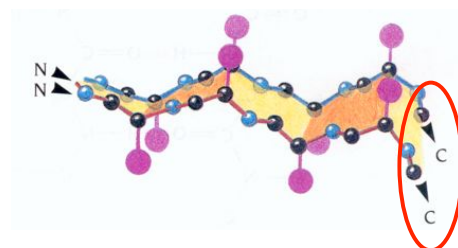
Foglietto β

I filamenti β possono interagire fra loro a formare foglietti β in due modi diversi:

- gli aminoacidi nei filamenti β adiacenti hanno direzioni alternate (N-term \rightarrow C-term affiancato a C-ter \rightarrow N-term e si parla di **foglietto β antiparallelo**;



- gli aminoacidi nei filamenti β allineati vanno tutti nella stessa direzione e si parla di **foglietto β parallelo**.

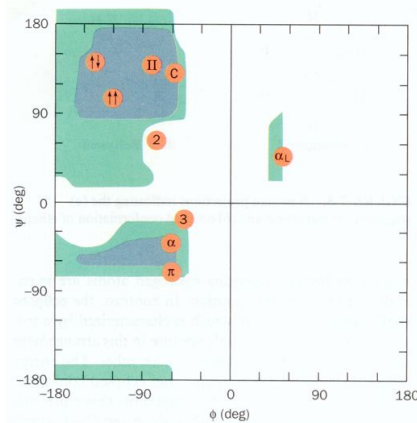
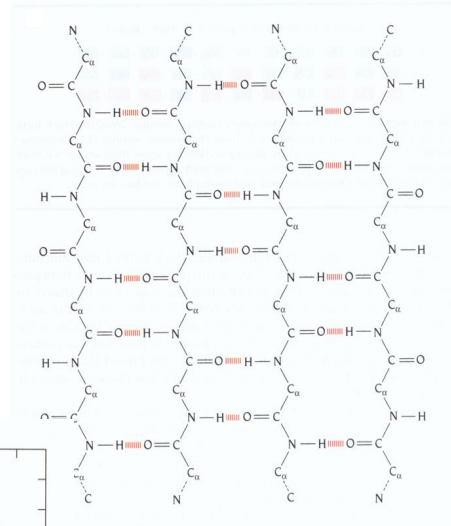


Foglietto β antiparallelo

Angoli diedri (ϕ , ψ) = $(-139^\circ, 135^\circ)$.

I legami idrogeno sono paralleli fra loro e perpendicolari alla direzione dei filamenti β .

I dipoli associati alle unità peptidiche costituenti un filamento β si annullano.



7

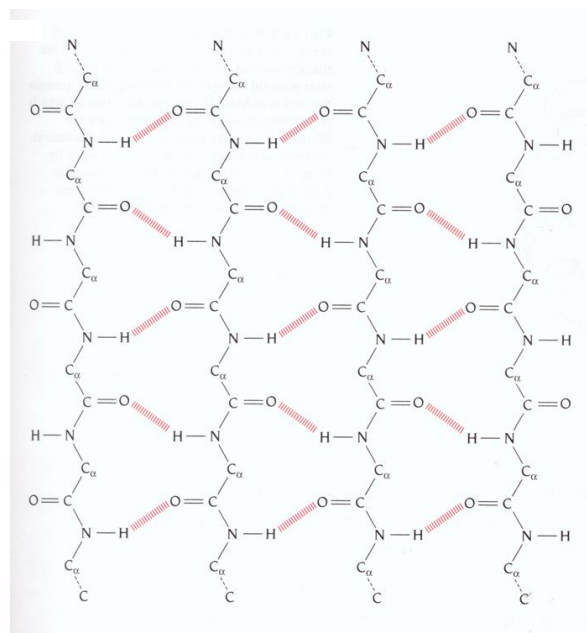
Foglietto β parallelo

Angoli diedri (ϕ , ψ) = $(-119^\circ, 113^\circ)$.

Coppie di legami idrogeno uniformemente spaziate, **non paralleli fra loro** né perpendicolari alla direzione dei filamenti β .

I dipoli associati alle unità peptidiche costituenti un filamento β si annullano.

I foglietti β paralleli sono meno frequenti di quelli antiparalleli.

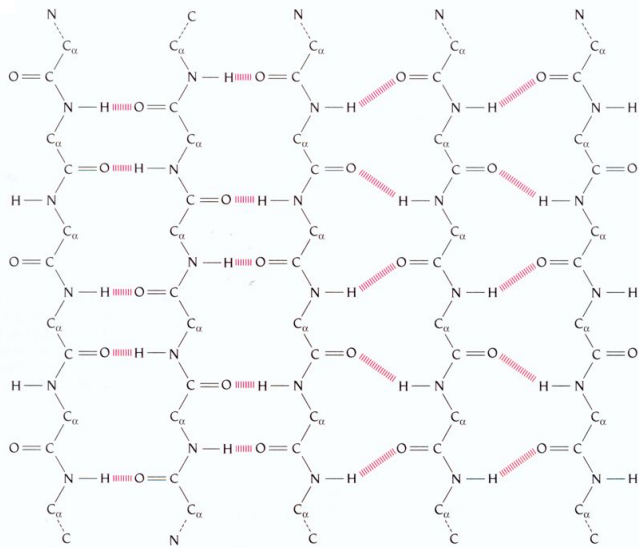


8

Foglietto β misto

I filamenti β si possono anche combinare a formare un foglietto β misto, con alcune coppie di filamenti antiparalleli ed altre paralleli.

I foglietti β misti sono meno frequenti dei foglietti β antiparalleli e paralleli.

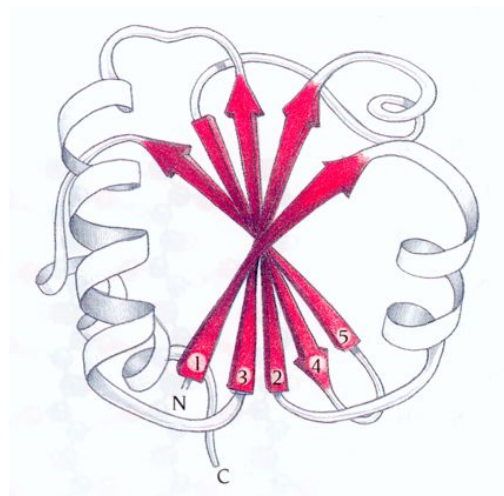


9

Foglietto β

Tutti i foglietti β osservati (paralleli, antiparalleli e misti) presentano una **torsione (twist) destrorsa** di ciascun filamento β che li compone.

Tale particolare geometria osservata nei foglietti β è il risultato di un compromesso tra l'ottimizzazione dell'energia conformazionale delle catene polipeptidiche costituenti i filamenti β e il mantenimento della geometria dei legami idrogeno.



10

Reverse turn

Le proteine globulari hanno una forma compatta, dovuta a numerose **inversioni** della direzione della catena polipeptidica che le compone.

Molte di queste inversioni sono dovute alla presenza di un comune elemento strutturale, chiamato **reverse turn**.

Gli aminoacidi coinvolti nella formazione dei reverse turn si trovano generalmente sulla superficie delle proteine e hanno natura polare e/o carica.

Esistono vari tipi di reverse turn, a seconda del numero di aminoacidi che li costituiscono e degli elementi di struttura secondaria che collegano:

β -turn

γ -turn

11

Reverse turn

β -turn

È il tipo di turn più comune per collegare **due filamenti β antiparalleli adiacenti**. In questo caso sono **due** gli aminoacidi non coinvolti nei legami idrogeno tra i filamenti β .

Ogni β -turn è caratterizzato da un legame idrogeno fra il gruppo CO dell'aminoacido 1 e il gruppo NH dell'aminoacido 4, anche se spesso si osservano deviazioni (fino a 30°) da questa conformazione ideale che impediscono la formazione di questo legame idrogeno.

Spesso in posizione 1 si trovano gli aminoacidi Asn, Asp, Ser e Cys, le cui catene laterali possono formare legami idrogeno con il gruppo NH dell'aminoacido in posizione 3.

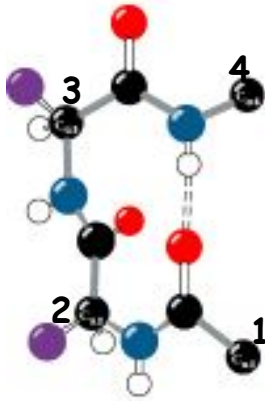
Esistono 2 tipi di β -turn: **tipo I e tipo II**

12

β -turn

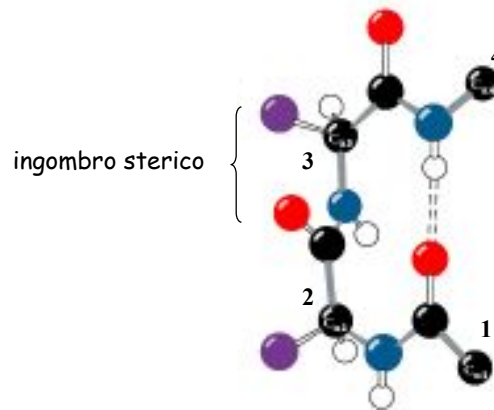
tipo I

Nei β -turn di tipo I l'aminoacido in posizione 2 spesso è **Pro**, poiché facilmente può assumere la conformazione voluta.



tipo II

I β -turn di tipo II differiscono da quelli di tipo I per un **flip di 180°** dell'unità peptidica che collega gli aminoacidi in posizione 2 e 3. l'aminoacido in posizione 2 spesso è **Pro**, mentre l'aminoacido in posizione 3 spesso è una **Gly**



I β -turn di tipo I sono circa 2-3 volte più frequenti di quelli di tipo II. ¹³

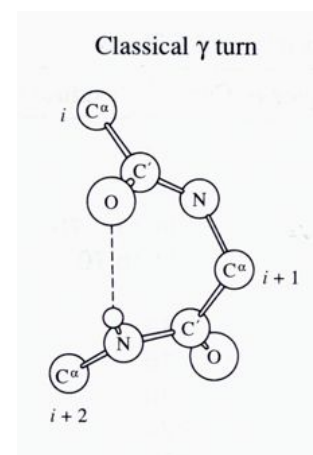
Reverse turn

γ -turn

Si osserva quando **solo un aminoacido** non è coinvolto nei legami idrogeno caratteristici del foglietto β .

E' caratterizzato da un legame idrogeno fra il gruppo CO dell'aminoacido i e il gruppo NH dell'aminoacido $i+2$.

Questo tipo di turn, piuttosto stretto, richiede una geometria poco favorevole per il legame idrogeno e inusuali valori degli angoli diedri per l'aminoacido $i+1$ ($\phi = 70^\circ$, $\psi = -60^\circ$).



Random coil (o loop)

Le regioni della catena polipeptidica che non assumono alcun tipo di struttura secondaria (α -elica, struttura β , reverse turn) vengono chiamate **random coil** (o **loop**).

Essi hanno una struttura irregolare nel senso che le coppie (ϕ , ψ) degli aminoacidi che li compongono assumono valori tra i più svariati e non costanti.

I random coil sono generalmente flessibili e possono adottare diverse conformazioni.

Per **esempio**: estremità N- e C-terminali, zone particolarmente ricche di aminoacidi carichi.

I random coil (come i reverse turn) oltre ad avere la funzione di collegare elementi di struttura secondaria, possono anche partecipare alla formazione di **siti di legame** e di **siti attivi** negli enzimi, per cui sono disordinati in assenza della molecola specifica e ordinati in presenza della molecola che legano.