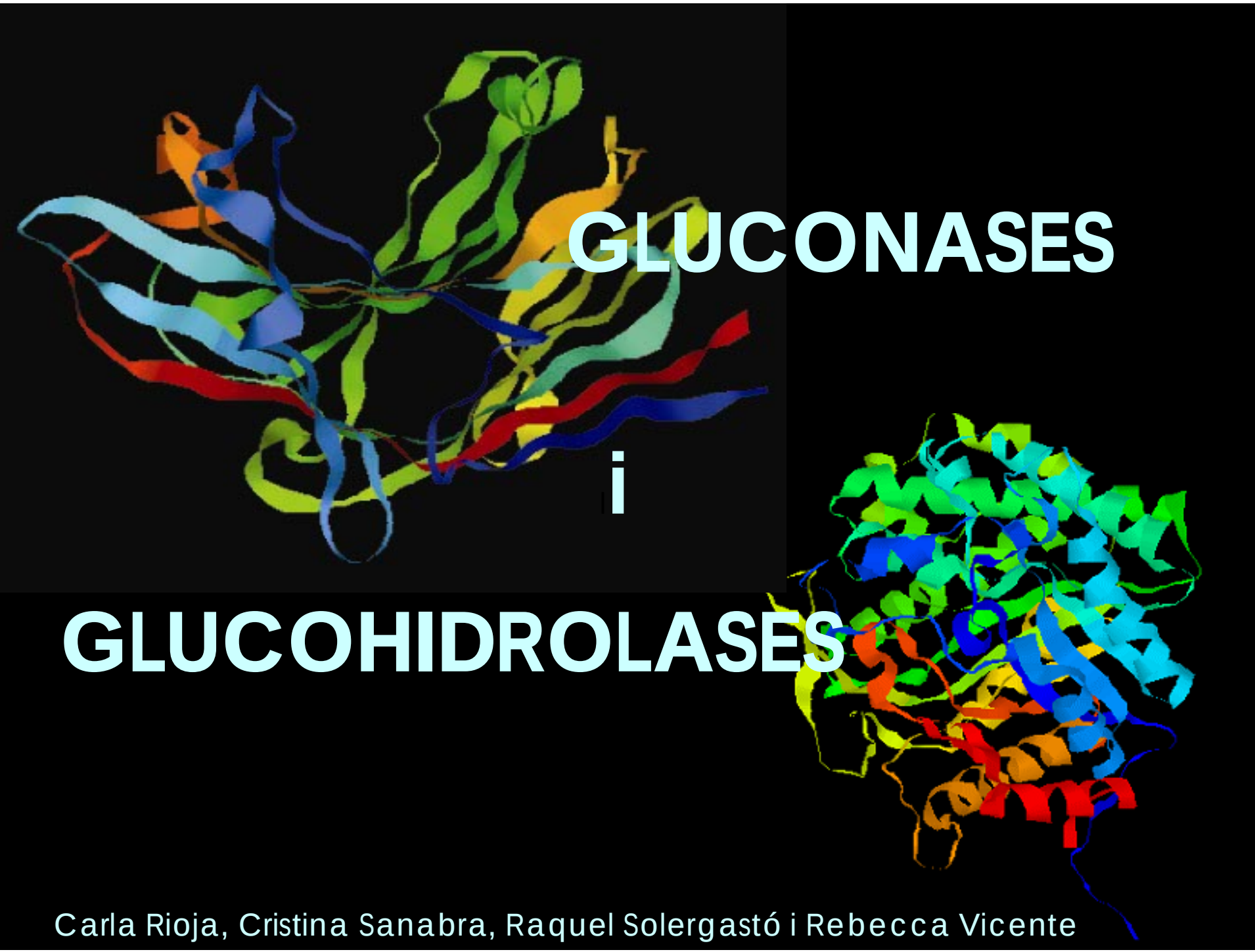




GLUCONASES

i

GLUCOHIDROLASES

Carla Rioja, Cristina Sanabra, Raquel Solergastó i Rebecca Vicente

GLUCOHIDROLASES I GLUCONASES

- Són enzims glicohidrolítics que catalitzen la hidròlisis d'enllaços glicosídics per un mecanisme d'àcid base general
- **Classe** transglicosidases i glicosidases.
- **Superfamília**: glicosil hidrolases. Conté ~100 famílies agrupades en clans segons la similaritat estructural.

- **Família:**

Glucohidrolases  família 1. clan GH A (α/β)8.

Glucanases bacterianes  familia 16. clan GH B (β - jelly roll)

CLASSIFICACIÓ FUNCIONAL

Taula I.1. Classificació de les β -glucosidases segons la IUBMB

Reacció EC	enllaç	substrat
1. Oxidoreductases		
2. Transferases		
3. Hidrolases	1. enllaços ester	1. α -amilasa 2. β -amilasa
	2. enllaços glicosídics	1. enllaços O glicosídics 2. enllaços N glicosídics
	3. enllaços eter	1. α -amilasa 2. β -amilasa
	4. enllaços peptídics	1. α -amilasa 2. β -amilasa
	7 enllaços C-C	1. α -amilasa 2. β -amilasa
4. Liases		
5. Isomerases		
6. Ligases		

Família 1

β - glucohidrolases

Família 16

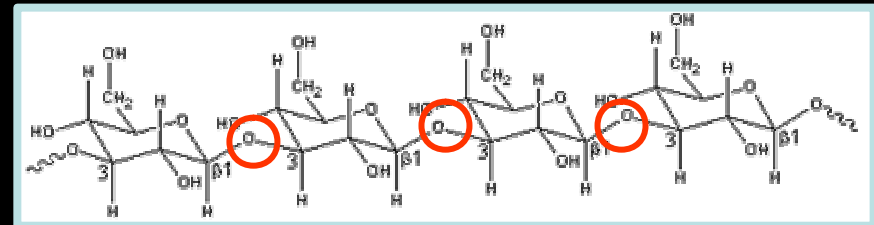
β -glucanases

SUBSTRAT: β -GLUCANS

Són homopolímers de D-glucopiranososa units amb configuració beta.

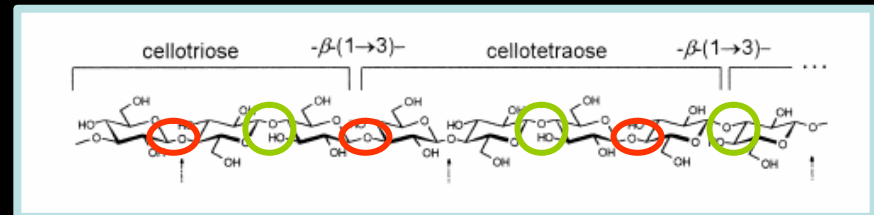
Poden ser:

-**Homoglucans:** enllaços entre glucoses en la mateixa posició.
Ex: 1-3 β -glucans.



-**Heteroglucans:** Enllaços entre glucoses en posicions diverses.

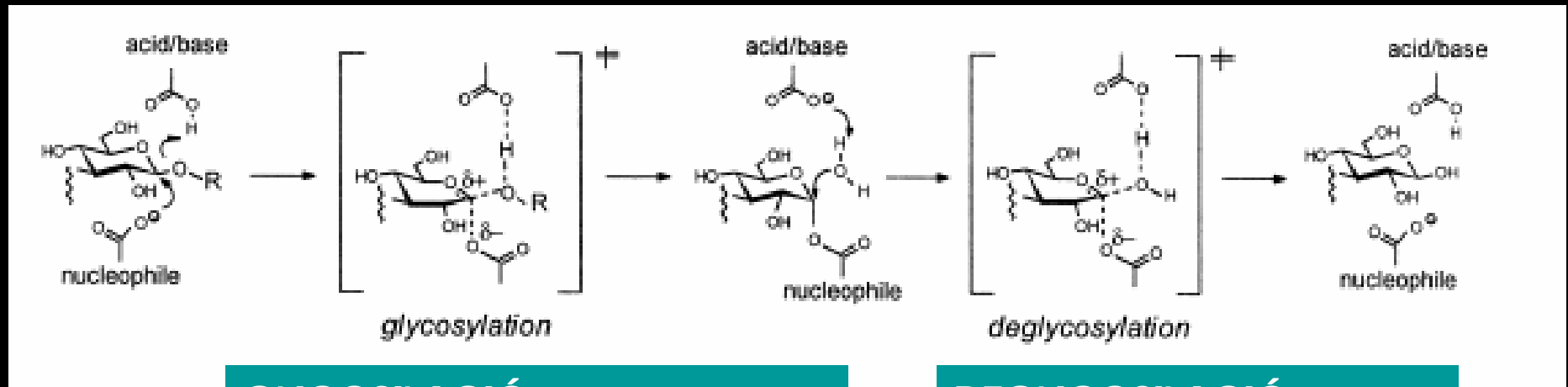
Ex: 1-3 1-4 β -glucans.



Cadenes lineals o ramificades.

MECANISME D'ACCIÓ

- Hidròlisi dels beta-D-glucòsids.
- Mecanisme de retenció.
- Paper fonamental de 2 residus GLU situats a cadena β : un àcid-base i un nucleòfil.



GLICOSILACIÓ

Reacció de retenció
desplaça aglicó : formació
d'intermediari.

DEGLICOSILACIÓ

Atac H₂O activada per
base conjugada sobre
substrat. Alliberació
substrat.

CLASSIFICACIÓ ESTRUCTURAL

GLUCOHIDROLASES

Classe : ALFA/BETA

Plegament : Tip beta/alfa barril.

Superfamília : (trans)glicosidases.

Família: 1 de les glicosil hidrolases.



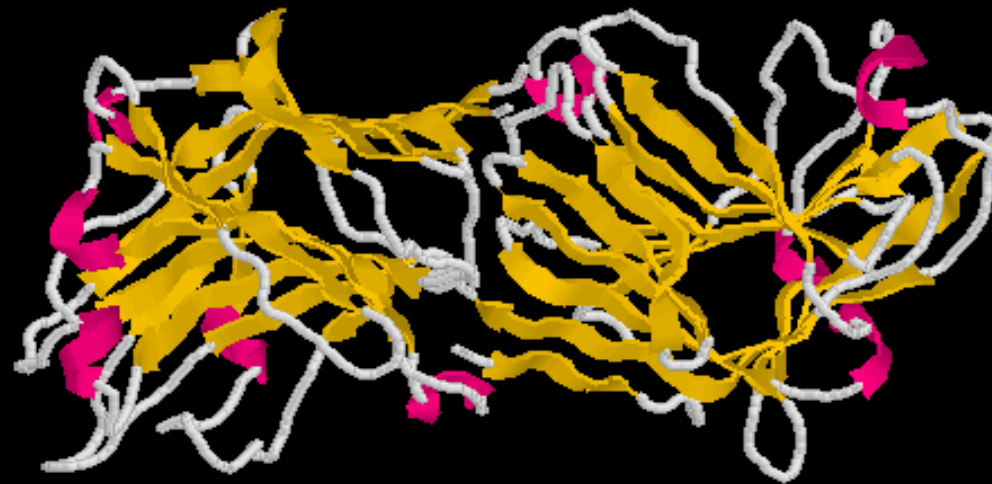
GLUCONASES BACTERIANES

Classe: Tot beta.

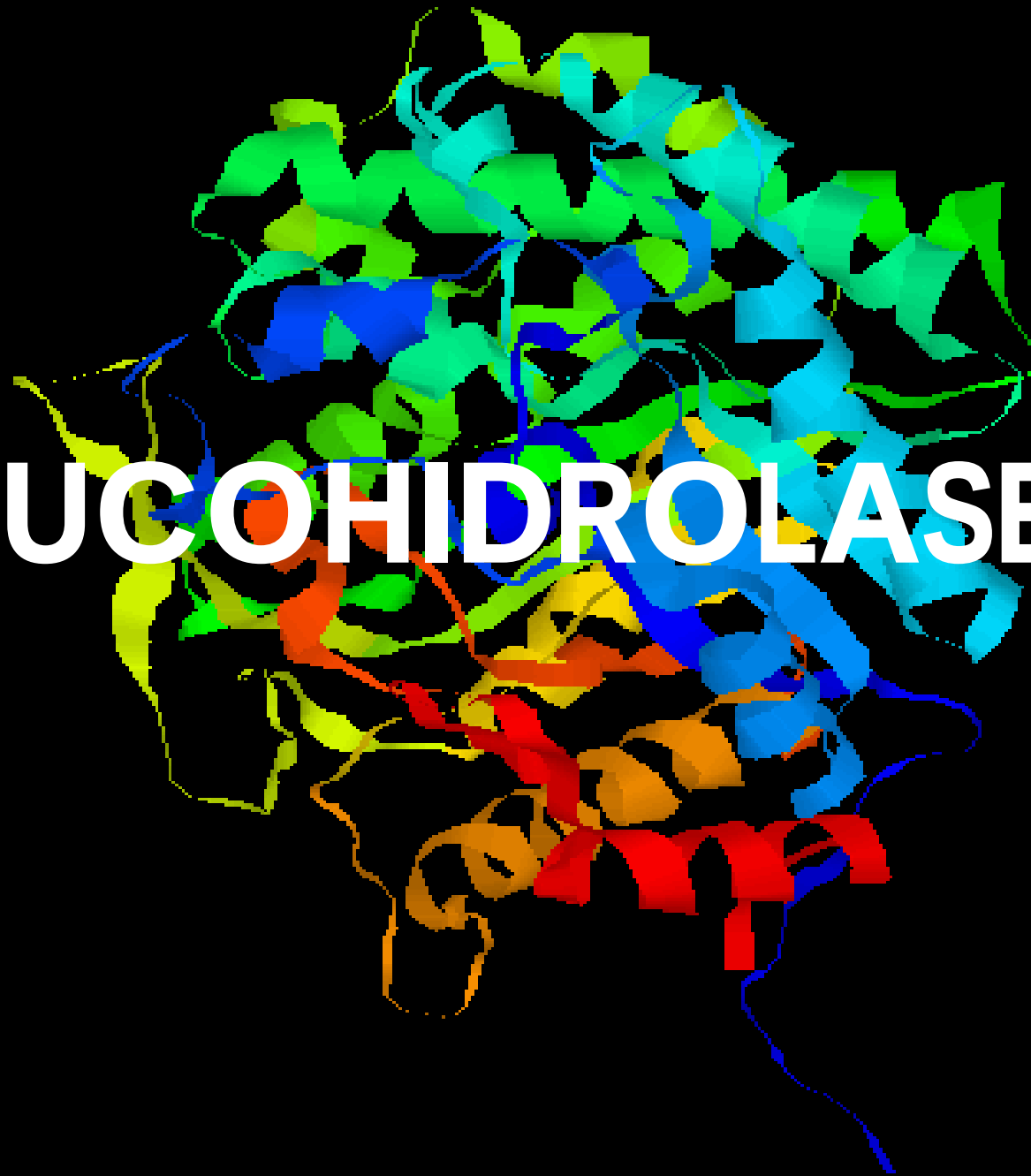
Plegament: Concanavalin A-like lectines/glucanases.

Superfamilia: Concanavalin A-like lectines/glucanases.

Familia: beta-glucanasa like.



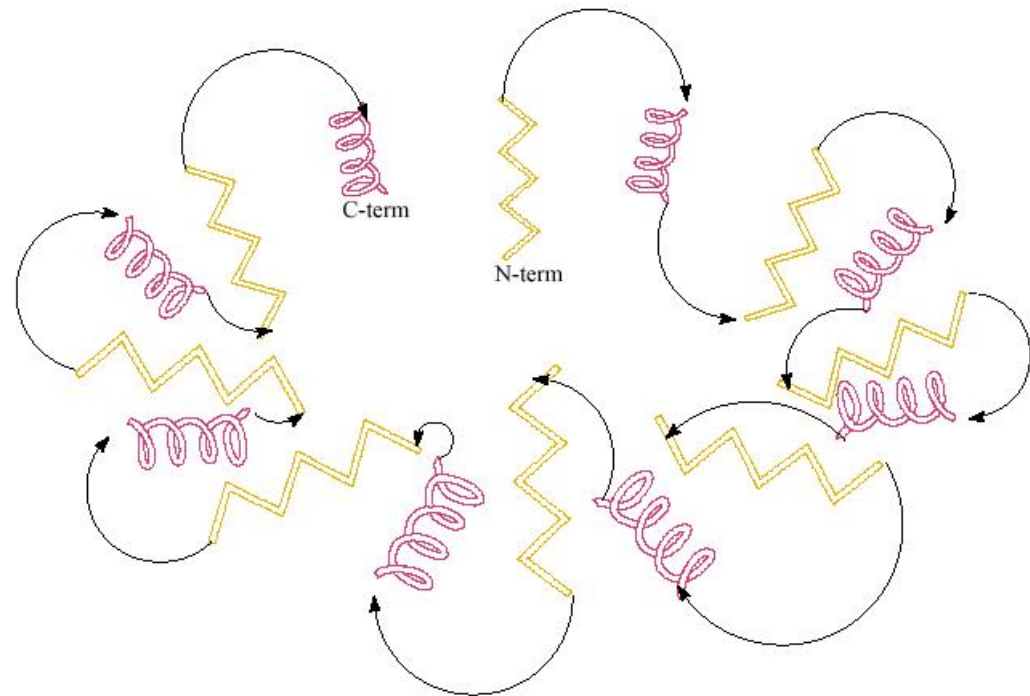
GLUCOHIDROLASES



PLEGAMENT: TIM BARREL



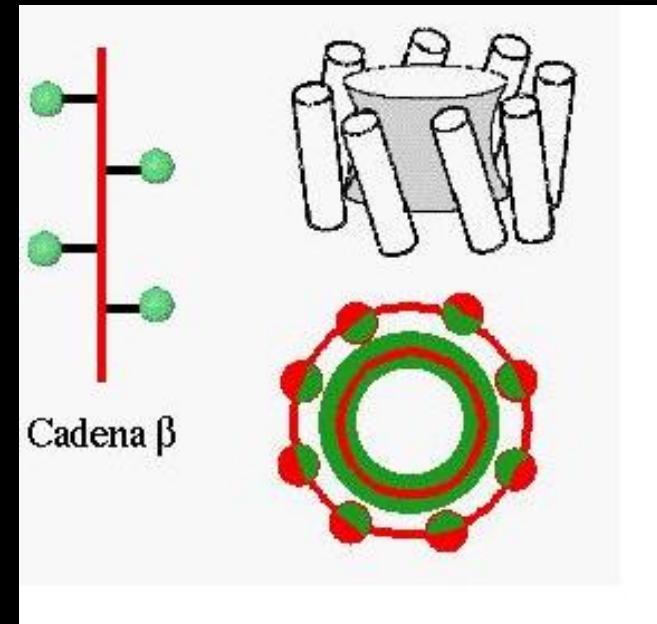
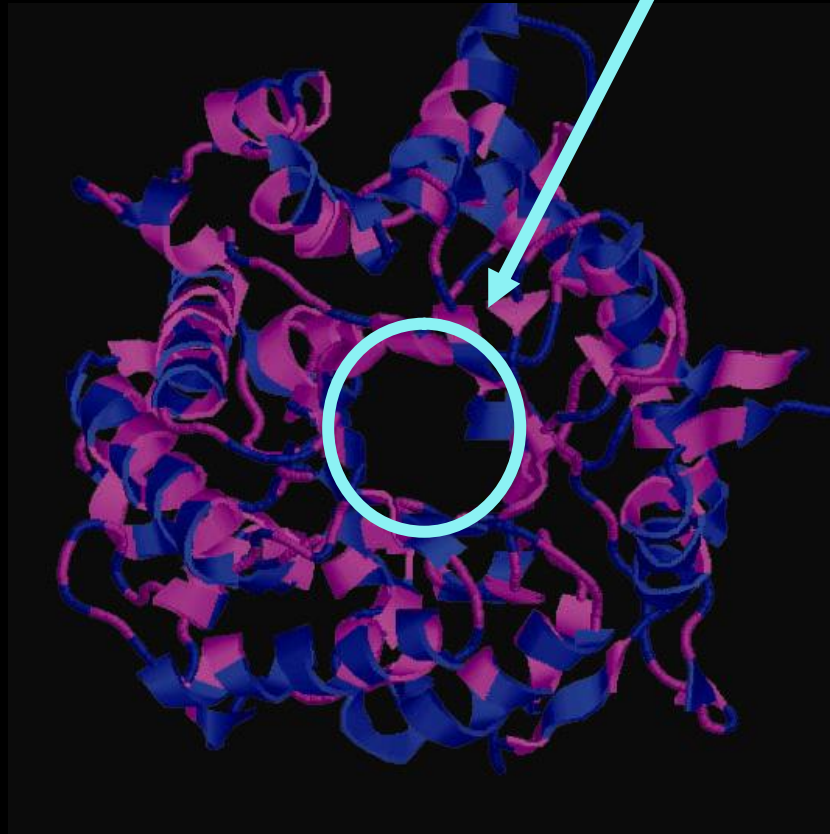
**barril de 8 cadenes beta amb 8 hèlix
alfa intercalades (barril -alfa/beta 8)**



■ Residus hidrofòbics

■ Residus polars

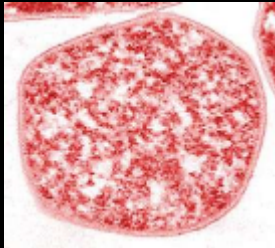
NUCLI HIDROFÒBIC



Estructura molt estable, plegament molt conservat en diferents grups de proteïnes.

GLICOSILHIDROLASES FAMÍLIA 1

BACTERIS



1bpg: enzim; *Bacillus polymyxa*

1gow: BETA-GLYCOSIDASE; *Sulfolobus solfataricus*

1od0: BETA-GLUCOSIDASE A; *Thermotoga maritima*

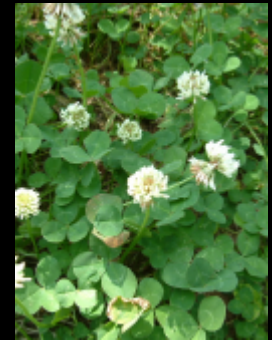
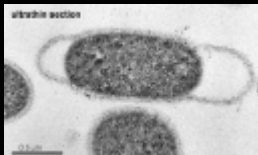
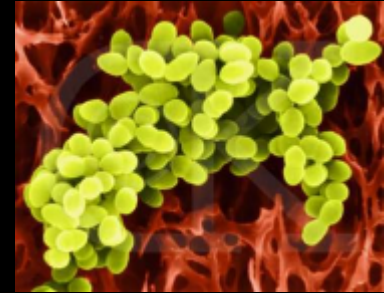
1pbg: 6-PHOSPHO-BETA-D-GALACTOSIDASE; *Lactococcus lactis*

4pbg: 6-PHOSPHO-BETA-D-GALACTOSIDASE; *Lactococcus lactis*

1bga: BETA-GLUCOSIDASE A; *Bacillus polymyxa*

2pbg: 6-PHOSPHO-BETA-D-GALACTOSIDASE; *Lactococcus lactis*

3pbg: 6-PHOSPHO-BETA-D-GALACTOSIDASE; *Lactococcus lactis*



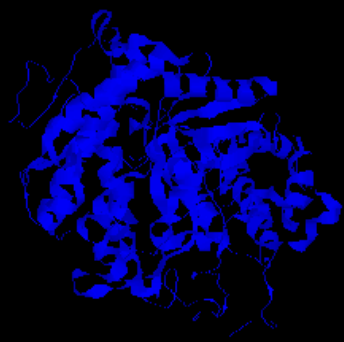
PLANTES

1e6s: MYROSINASE; *Sinapis alba*

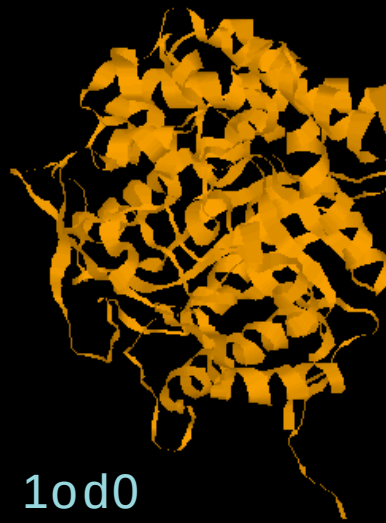
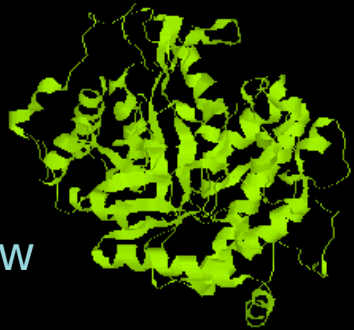
1cbg: CYANOGENIC BETA-GLUCOSIDASE; *Trifolium repens*

1e1e: BETA-D-GLUCOSIDE GLUCOHYDROLASE; *Zea mays*





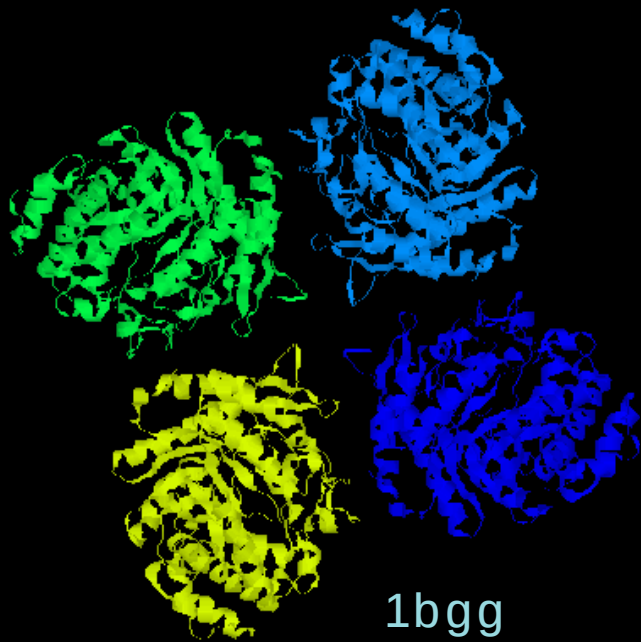
1gow



1od0



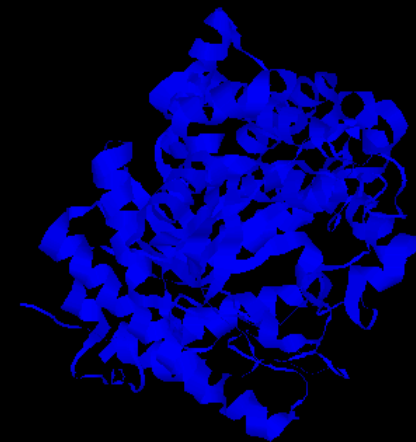
4pbg



1bgo

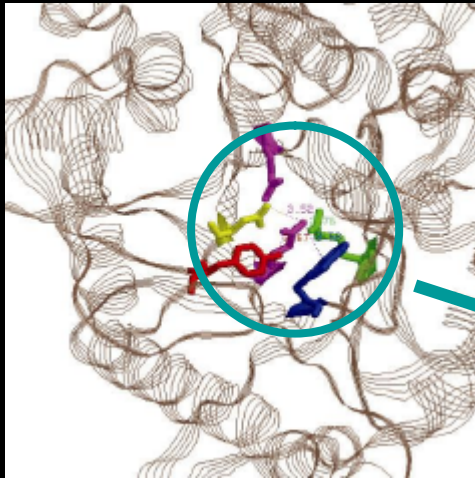


1cbg



1e6s

CENTRE ACTIU

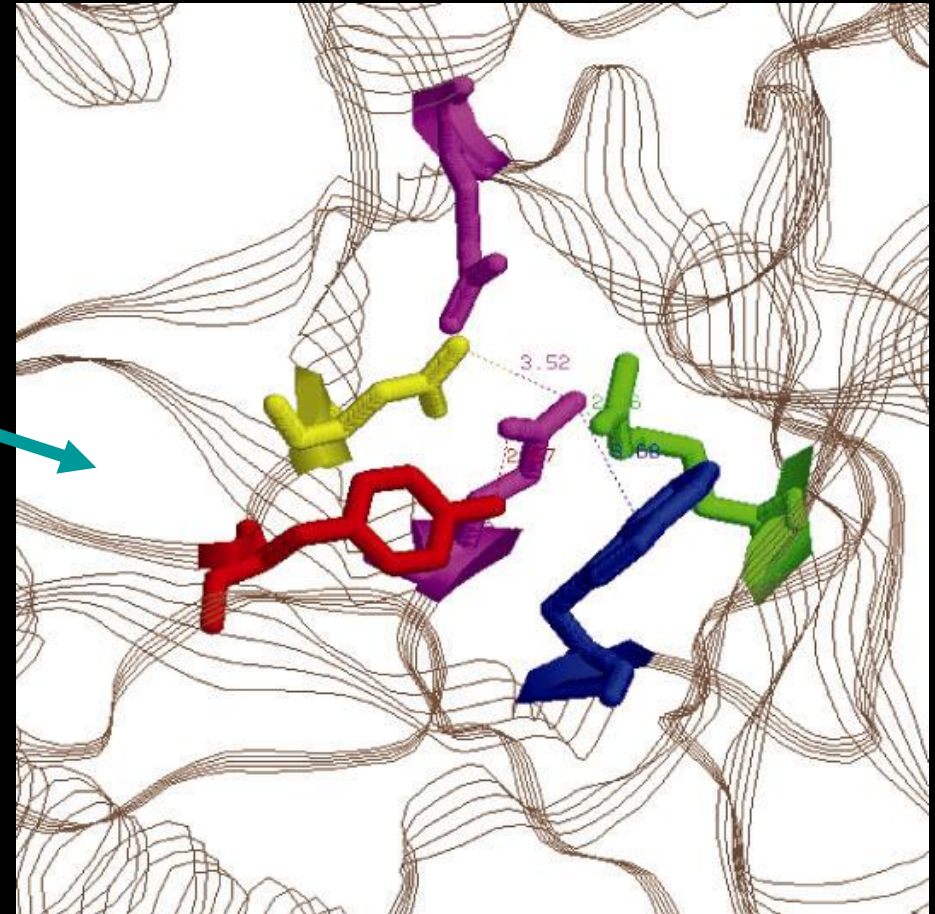


Residu que actua com a nucleòfil



Glutàmic

Formació de **ponts de Hidrogen**
amb residus del voltant,
imprescindibles per mantenir la
seva activitat.



- | | |
|-----------------|------------------|
| ■ Tirosina 296 | ■ Asparagina 294 |
| ■ Triptòfan 398 | ■ Arginina 77 |
| ■ Glutàmic 352 | |

ARG

```

1bga. faB      PCKVFNGDN-GNVA-----CDSYHRYEEDIRLMKELGI RTYTF SVSUPR
1bgaA          PCKVFNGDN-GNVA-----CDSYHRYEEDIRLMKELGI RTYTF SVSUPR
1gouA          PENMAAGLVSGDLPENGPGYUGNYKTFHDNAQ---KMGLKIAFLNS EUSR
1ODOB          PGNVRNGDT-GDVA-----CDHYNRMRKEDIE IIEKL GVRKAYTF SI SUPR
1pbgB          -----AEPA-----SDFYHKYPVDLE LAEEYGVNGIRI SIAUSR
2PBG           -----AEPA-----SDFYHKYPVDLE LAEEYGVNGIRI SIAUSR
3PBG           -----AEPA-----SDFYHKYPVDLE LAEEYGVNGIRI SIAUSR
4PBG           -----AEPA-----SDFYHKYPVDLE LAEEYGVNGIRI SIAUSR
#=GC RF       XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

```

AGN i TYR

```

1bga. faB      -----CATVP IQDCDMDII-. . CEPIDMIC INYT SMSWNRFPN---EACF
1bgaA          -----CATVP IQDCDMDII-. . CEPIDMIC INYT SMSWNRFPN---EACF
1gouA          -----L-. . KGRLDWIG INYT TRIWKRTE-KGYVSL
1ODOB          -----LPENYKDDMSHI-. . QEKIDFVG INYT SCHLWKFDP-----
1pbgB          -LAENCGELDLRDEDFQALDaaKDLNDFLG INYT MSDUMQAFD-GETEII
2PBG           -LAENCGELDLRDEDFQALDaaKDLNDFLG INYT MSDUMQAFD-GETEII
3PBG           -LAENCGELDLRDEDFQALDaaKDLNDFLG INYT MSDUMQAFD-GETEII
4PBG           -LAENCGELDLRDEDFQALDaaKDLNDFLG INYT MSDUMQAFD-GETEII
#=GC RF       XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX. . XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

```

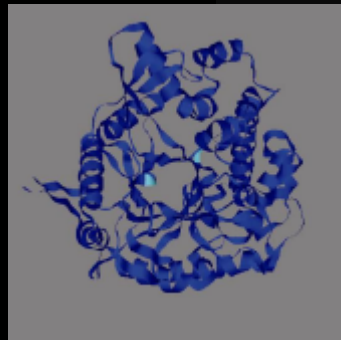
TRP

```

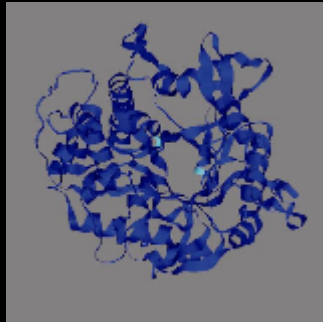
1bga. faB      -HDCLHVRGYMAWYLLDNFEWAE GYNMRFCMIHVD-----FRTQWRTPKE
1bgaA          -HDCLHVRGYMAWYLLDNFEWAE GYNMRFCMIHVD-----FRTQWRTPKE
1gouA          -NSGADVRCYLMWYLLADNYEWAS GFSMRFGLLKWD-----YNTKRLYWRP
1ODOB          -QEGVPLRCYFWWYLLDNFEWAE GYSKRFGIVYWD-----YSTQKRIVKD
1pbgB          -ADGANVRGYFIMWYLLMDVFSWSNGYEKRYGLFYWD-----FDTQERYPKK
2PBG           -ADGANVRGYFIMWYLLMDVFSWSNGYEKRYGLFYWD-----FDTQERYPKK
3PBG           -ADGANVRGYFIMWYLLMDVFSWSNGYEKRYGLFYWD-----FDTQERYPKK
4PBG           -ADGANVRGYFIMWYLLMDVFSWSNGYEKRYGLFYWD-----FDTQERYPKK
#=GC RF       XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

```

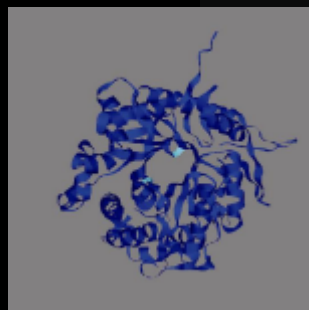
2 glutàmics colocats en el centre actiu que actuen com a nucleòfil i àcid/base respectivament.



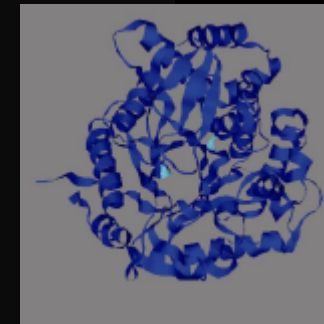
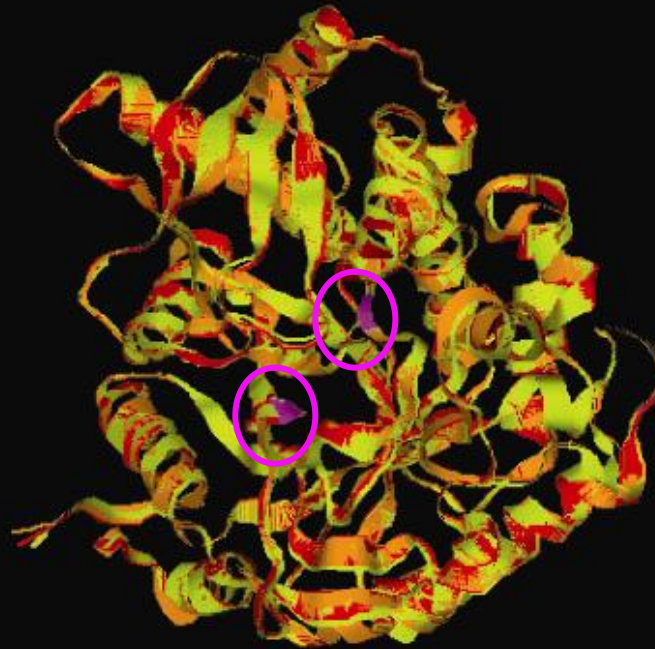
1bggA



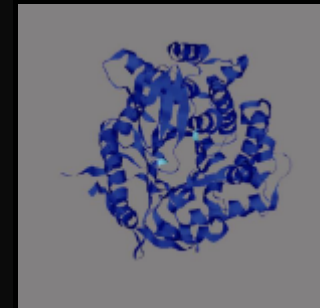
1gowA



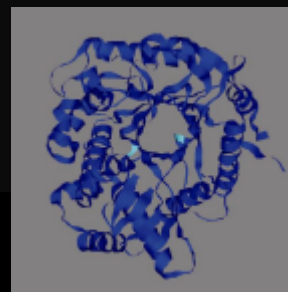
1od0B



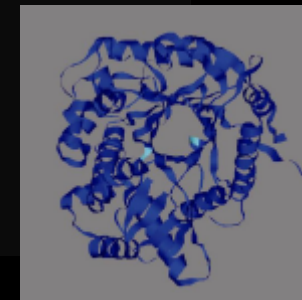
4pbg



3pbgA



2pbg



1pbgB

CONSERVACIÓ GLUTÀMICS

Diversitat de proteïnes dins la família → manteniment 2E al centre actiu

```

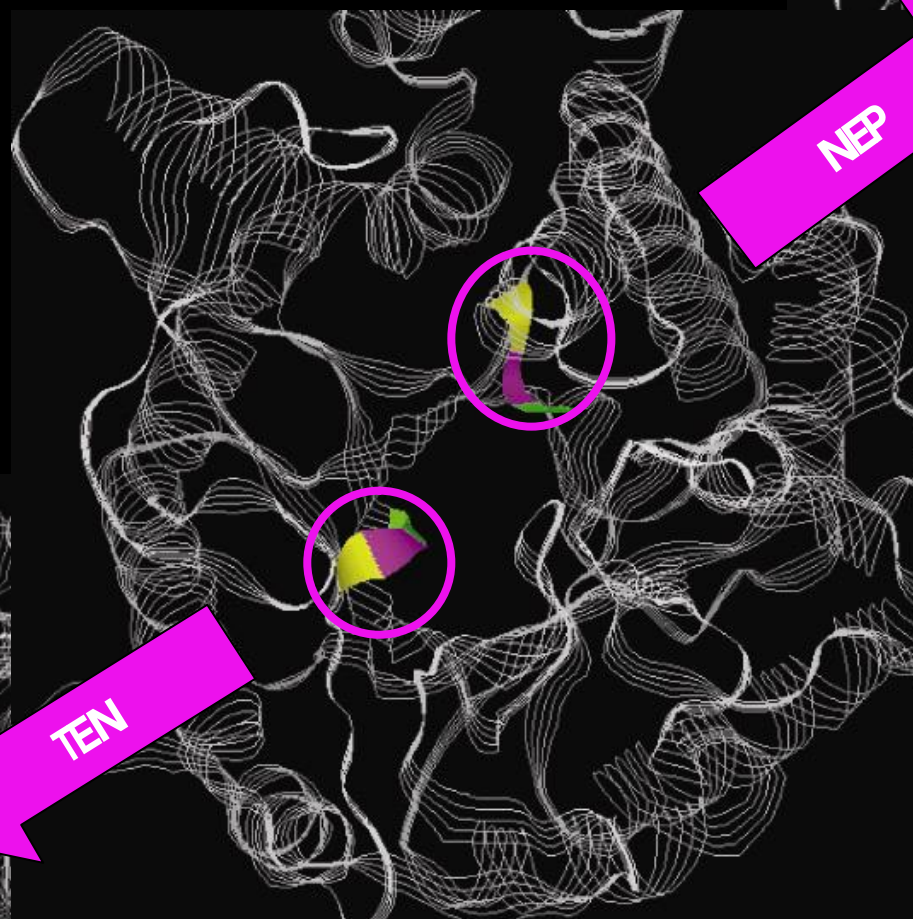
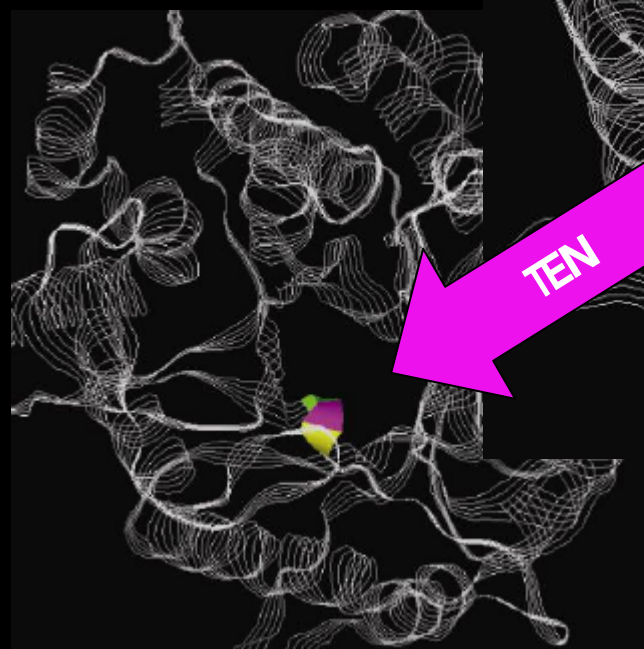
1bgaB      VQFAETMFREFHCKIQHULTINEPUCIAFLSNML--GVHAPG----
1bgaA      VQFAETMFREFHCKIQHULTINEPUCIAFLSNML--GVHAPG----
1gouA      ARFSAYTAMKFDDLVD EYSTINEPVTWVGLGYVGVKSGFPFG----
1ODOE      AEYSRVL FENFGDRVKNWITINEPVTVAIVGHLV--GVHAPG----
1phgB      IDYAAFCFEEFPE-VNYWTINEIGPIGDGQYLV--GKFPFGI---
2PBG       IDYAAFCFEEFPE-VNYWTINEIGPIGDGQYLV--GKFPFGI---
3PBG       IDYAAFCFEEFPE-VNYWTINEIGPIGDGQYLV--GKFPFGI---
4PBG       IDYAAFCFEEFPE-VNYWTINEIGPIGDGQYLV--GKFPFGI---
#=GC RF    KKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKKK

```

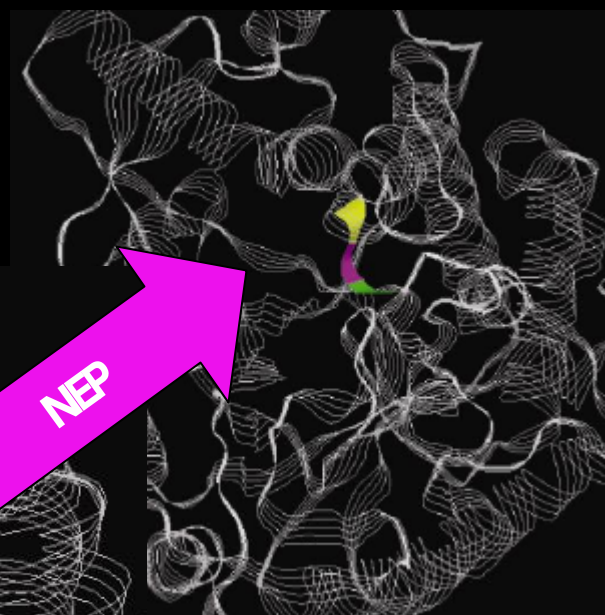
[illegible]

RESIDUS CONSERVATS EN EL CENTRE ACTIU

Actua com a
nucleòfil



NEP

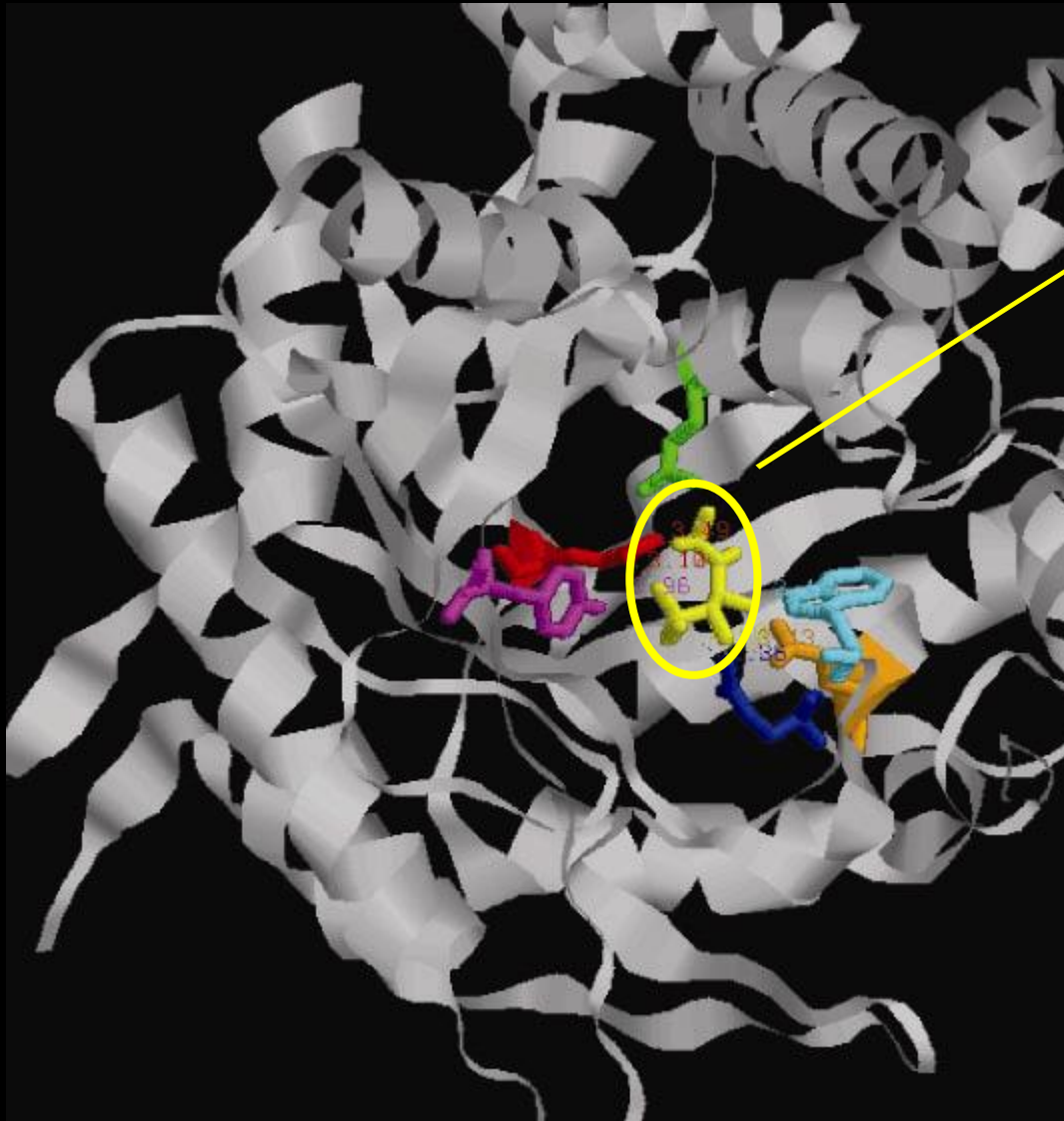


Actua com a
àcid/base

**Conservació estructural
de la família 1**



INTERACCIÓ AMB EL SUBSTRAT



Glutàmic (TEN)

Glutàmic (NEP)

Substrat GCO (àcid glucònic)

Tirosina (Y)

Triptòfan (W)

Arginina (N)

Asparagina (R)

Residus implicats en interacció



- al final de les cadenes beta
- al principi dels llaços (beta-alfa)

INTERACCIÓ AMB EL SUBSTRAT

- El centre actiu es troba enfonsat en el barril a l'interior d'una "butxaca"
- El substrat entra en el centre actiu amb l'extrem no reductor orientat cap al fons de la butxaca
- Pel que fa a l'enllaç que hidrolitzen, les beta-glucosidases presenten gran especificitat per la configuració beta, però poca o baixa estereoespecificitat, de manera que podem hidrolitzar enllaços $B1 \rightarrow 4$, $B1 \rightarrow 3$, $B1 \rightarrow 2$ amb pràcticament la mateixa eficiència.



GLUCONASES

A 3D ribbon diagram of a protein structure, likely a gluconase, rendered in various colors (blue, green, yellow, orange, red) against a black background. The word 'GLUCONASES' is overlaid in large white capital letters. The protein structure is complex, with multiple loops and helices, and the colors likely represent different regions or domains of the protein.

GLICOSIL HIDROLASES FAMÍLIA 16

Liquenases

Hidròlisis d'enllaços 1,4- β -D-glucosídics en β -D-glucans amb enllaços 1,3 i 1,4.

Xiloglucan xiloglucosiltransferases

Trenca enllaços β -(1 $\rightarrow$ 4) de xiloglucans i transfereix el segment en un O-4 d'un residu de glucosa.

Agarases

Hidròlisis d'enllaços 1,3- β -D-galactosídics a l'agarosa.

•K Kappa-Carragenases

Hidròlisis enllaços 1,4- β -D entre D-galactosa 4-sulfat i 3,6-anhidro-D-galactosa.

•EEndo- β -1,3-gluconases

Hidròlisis d'enllaços 1,3- β -D-glucosídics en 1,3- β -D-glucans.

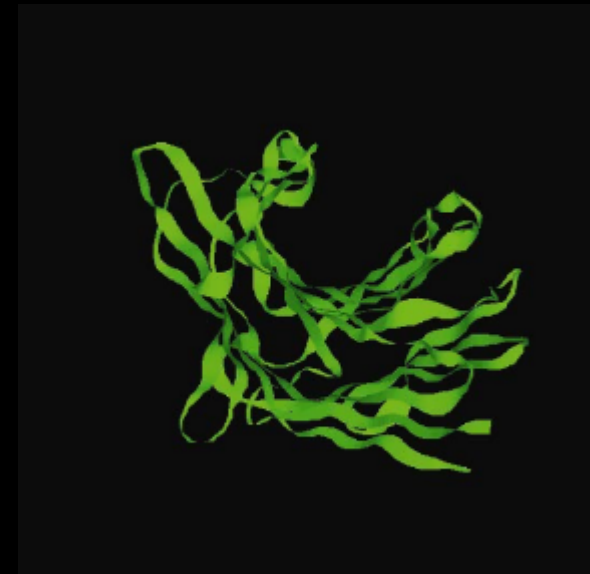
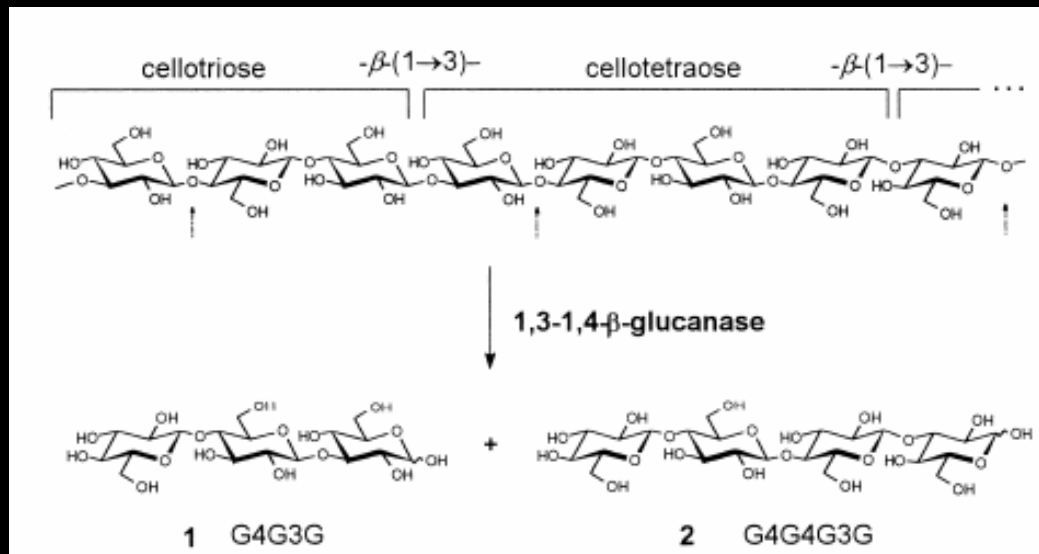
•EEndo- β -galactosidases

Hidròlisis d'enllaços 1,3- β -D-glucosídics en 1,3- β -D-glucans.

1,3-1,4- β -gluconases

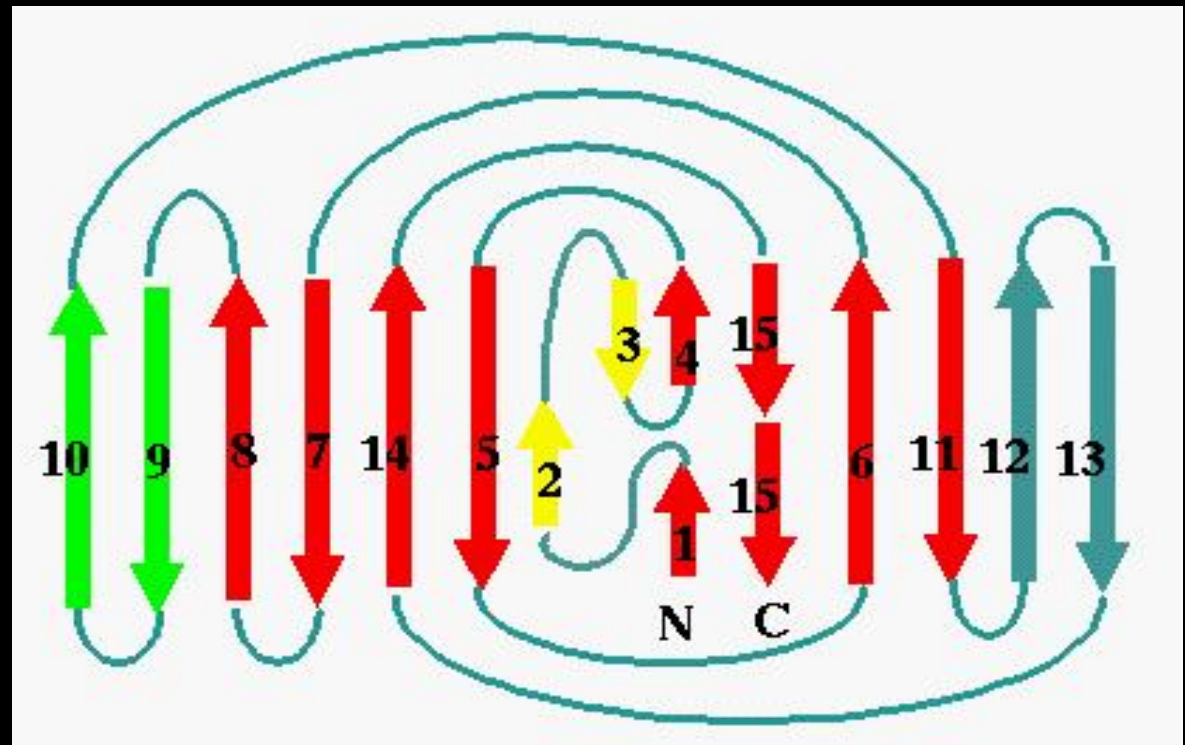
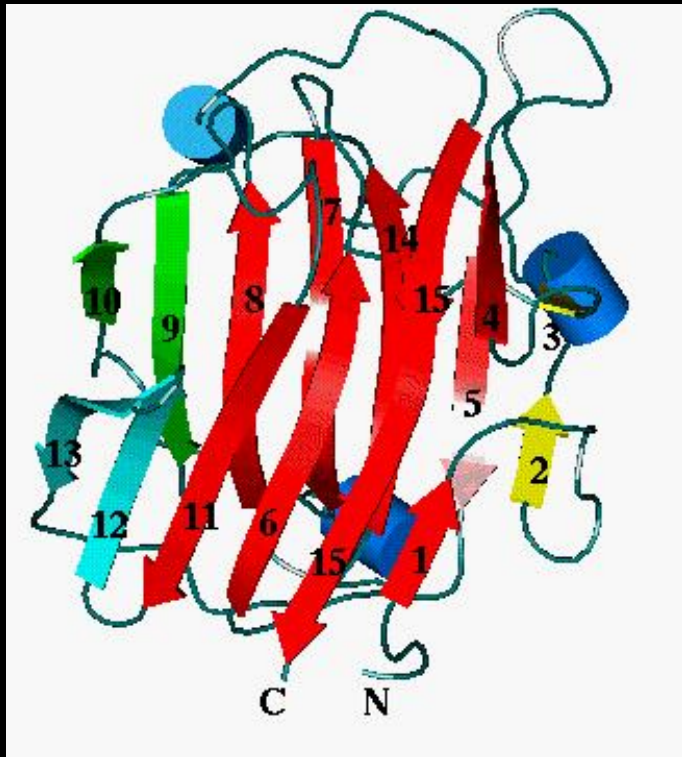
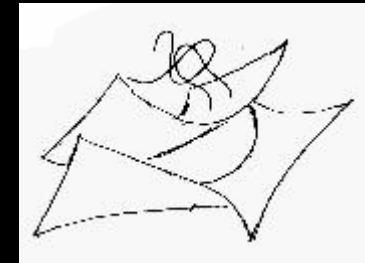
1-3 1-4 β -GLUCONASES

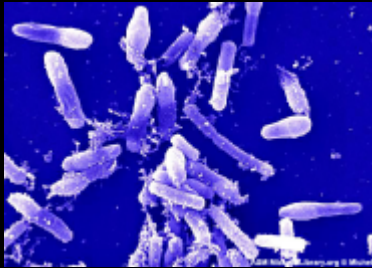
- **Proteïnes termoresistents** : Ta. òptima 45-65° C.
- **Presentes en bacteris, fongs i plantes.**
- **Hidrolitzen 1-3 1-4 β glucans**
 - Presentes a paret celular de l'endosperm de cereals.
 - Glucans lineals que contenen més de 1200 residus de D-glucosa units amb enllaços β 1-3 i β 1-4 O-glicosídics, amb proporcions variables.



PLEGAMENT: CONCAVALIN-A-LIKE LECTINES

- És un sandwich de motius greek key jelly-roll.
- N terminal i C terminal es troben fent ponts d'H.
- Hi ha creuaments per sobre.

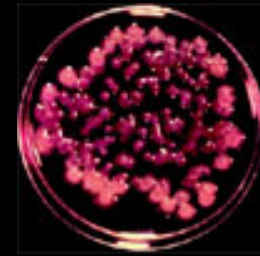




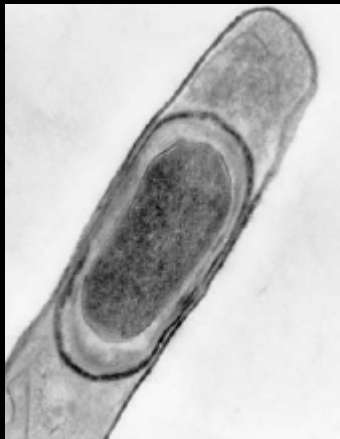
1,3-1,4- β -gluconases

1gbg *Bacillus licheniformis*

1mac *Bacillus macerans*



1,3-1,4- β -gluconases circularly permuted



1ajk *Bacillus macerans*

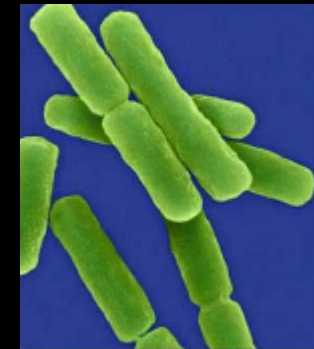
1ajo *Bacillus macerans*

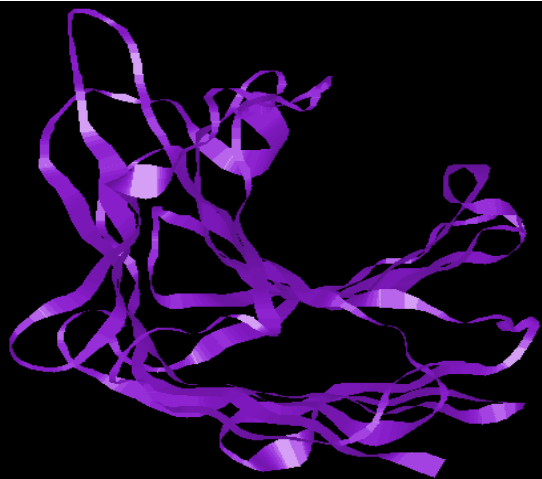
1axk *Bacillus macerans*

1cpm *Bacillus macerans*

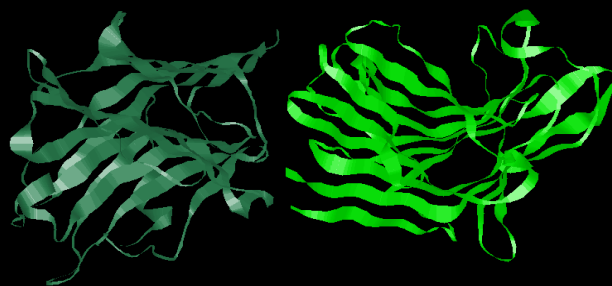
1cpn *Bacillus macerans*

1mve *Fibrobacter succinogenes*

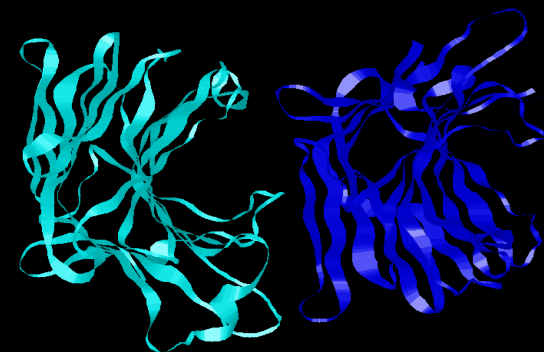




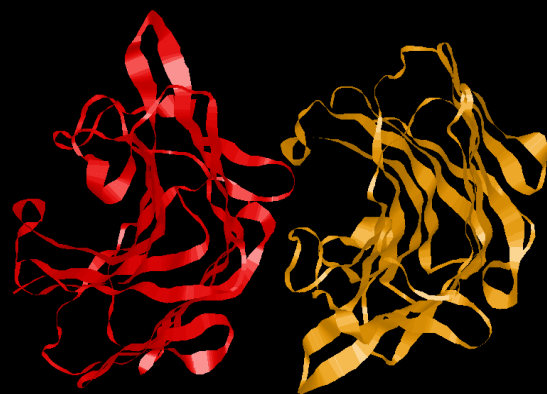
Bacillus licheniformis
(1gbg)



Bacillus macerans
(1mac)



Bacillus macerans
(1ajk)



Bacillus macerans
(1ajo)



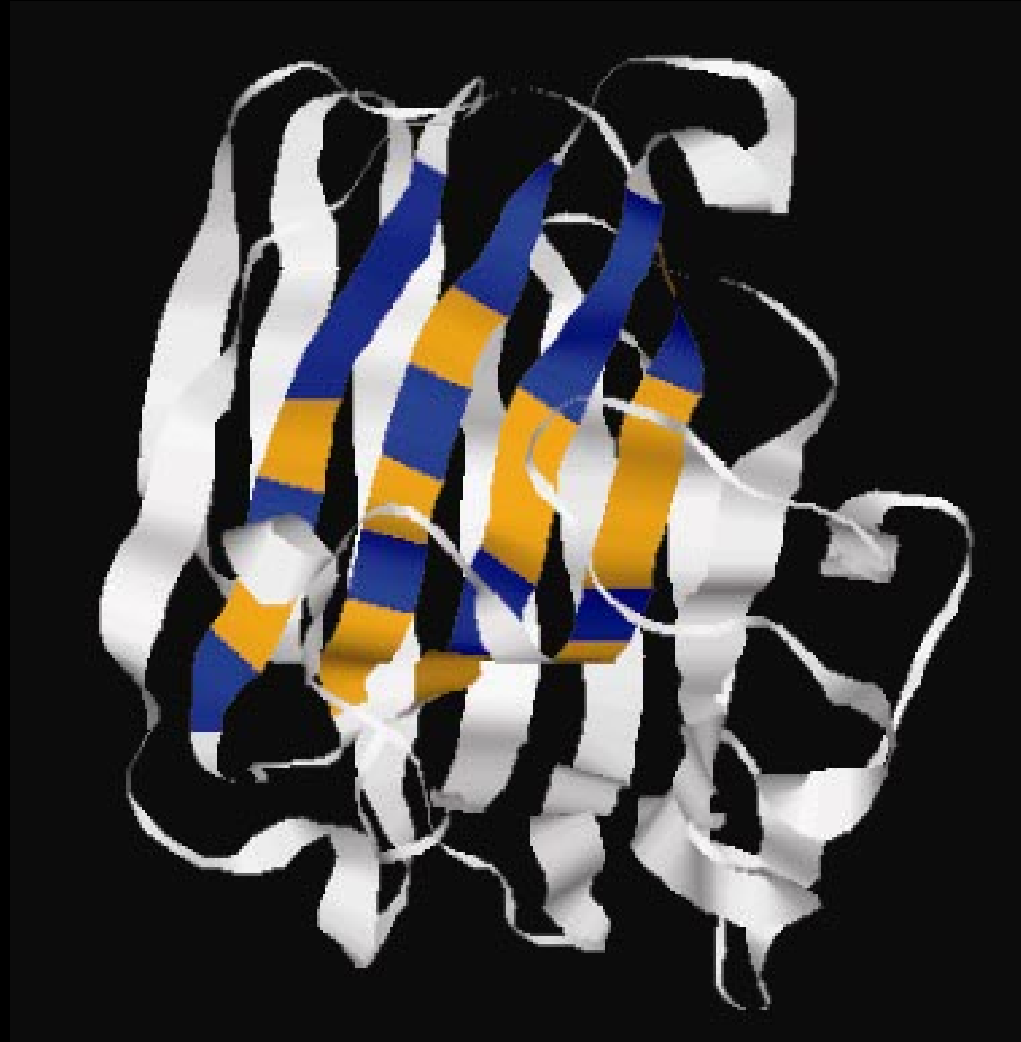
Bacillus macerans
(1cpm)



Fibrobacter succinogenes
(1mve)

Regions hidrofòbiques

- Estricta alternança entre residus **polars** i **apolars**.
- **Polars** situats a la superfície per tal d'interaccionar amb el substrat.
- **Apolars** encarats cap a l'interior hidrofòbic de la proteïna.



<u>1ajkA</u>	-----NTGIVSSFFTY--
<u>1ajoA</u>	-----
<u>1axkA</u>	-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1byh	SSAYNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1cpm	-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1cpn	-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
<u>1macA</u>	SSAYNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
<u>1mveA</u>	-VSAKDFSGAELY-----TLEEVQYGKFEARKAAASGTVSSFLYQNG--
2ayh	SSAYNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1gbg	SPSYNKFDGENR-----SVQTYGYGLYEVNMPAKNVGIVSSFFTY--

<u>1ajkA</u>	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
<u>1ajoA</u>	-----G-----HEKVIS
<u>1axkA</u>	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1byh	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1cpm	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1cpn	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
<u>1macA</u>	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
<u>1mveA</u>	---SEIADG-RPWVEVDIEVLGKNPGS-----FQSNITGKAGAOK-----TSEKHHA
2ayh	---TGPAGH-TQWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1gbg	---TGPTDG-TPWDEIDIEFLGKDTTK-----VQFNYYTNGVGN-----HEKIVN

<u>1ajkA</u>	--DIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSN-----
<u>1ajoA</u>	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSN-----
<u>1axkA</u>	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSNASTDYWQNWTDGGGIVNAVNGSGGNYSVNW
1byh	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSN-----
1cpm	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSN-----
1cpn	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTS-----
<u>1macA</u>	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSN-----
<u>1mveA</u>	S-AAWVGQFDES--KLPLFQFINWVKVYKYTP-----
2ayh	GVDIWJGSYNG---ANPLYAEYDWWKYTSN-----
1gbg	GVDEWJGSYNG---VTPLYAHYNWVRYTKR-----

Core proteic



- 1 fulla beta formada per 7 cadenes beta antiparaleles

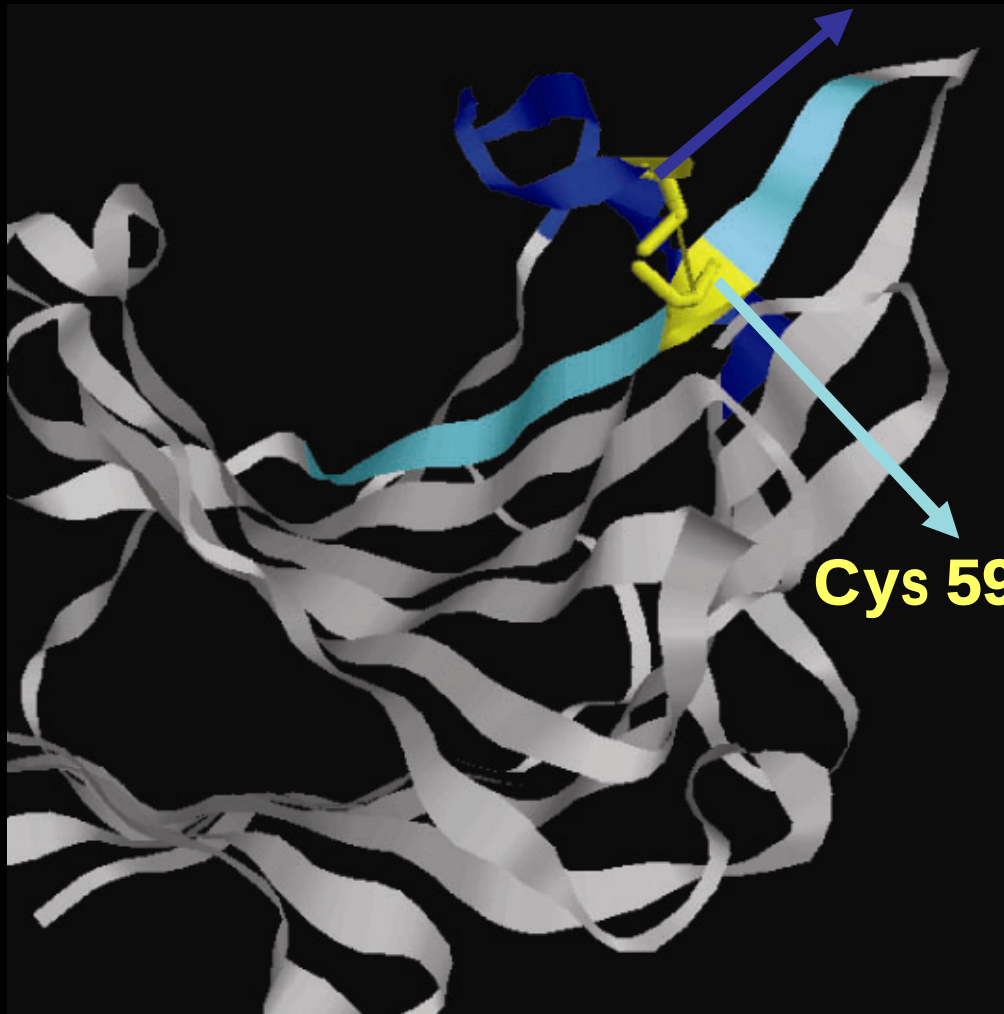


sandwich es doblega i forma el lloc d'unió a polisacàrid a hidrolitzar

- Loops amb conformació beta
- **Loop** més gran per sobre butxaca unió a lligand

Pont disulfur

Estabilitza l'estructura proteica.



Cys 30 del Loop major

Cys 59 cadena beta

Unió a substrat



Ponts d'H:

Tyr 22

Arg 63

Asn 24

Asn 180

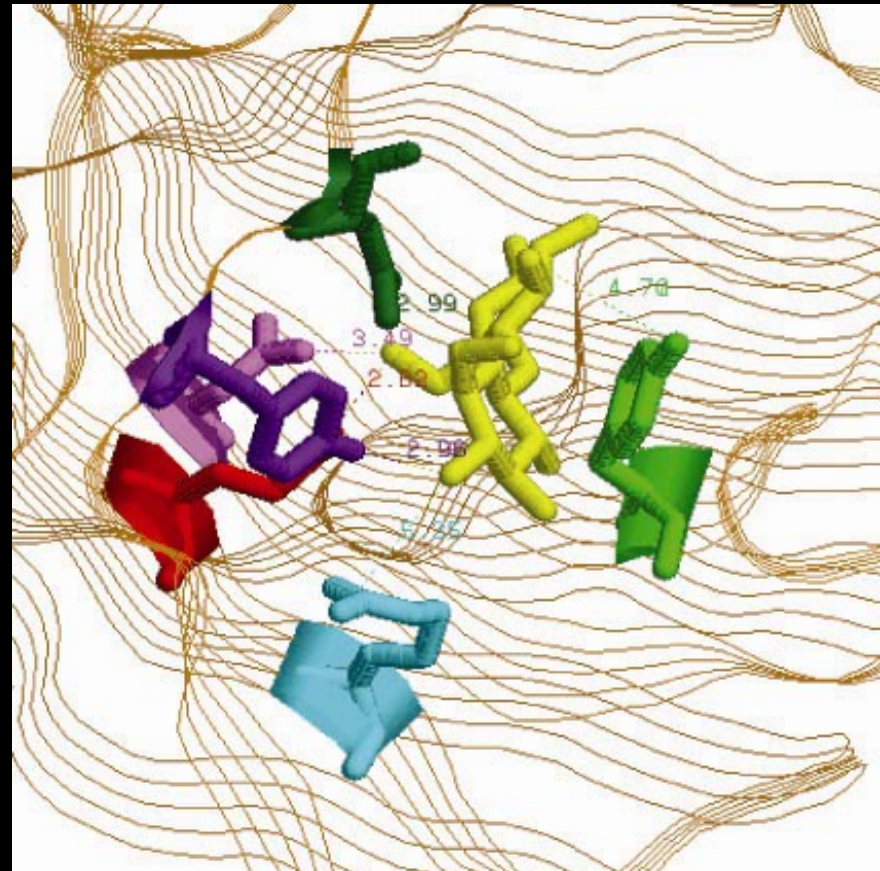
Glu 61

Tyr 92

- La butxaca d'unió ve definida per 2 elements estructurals:

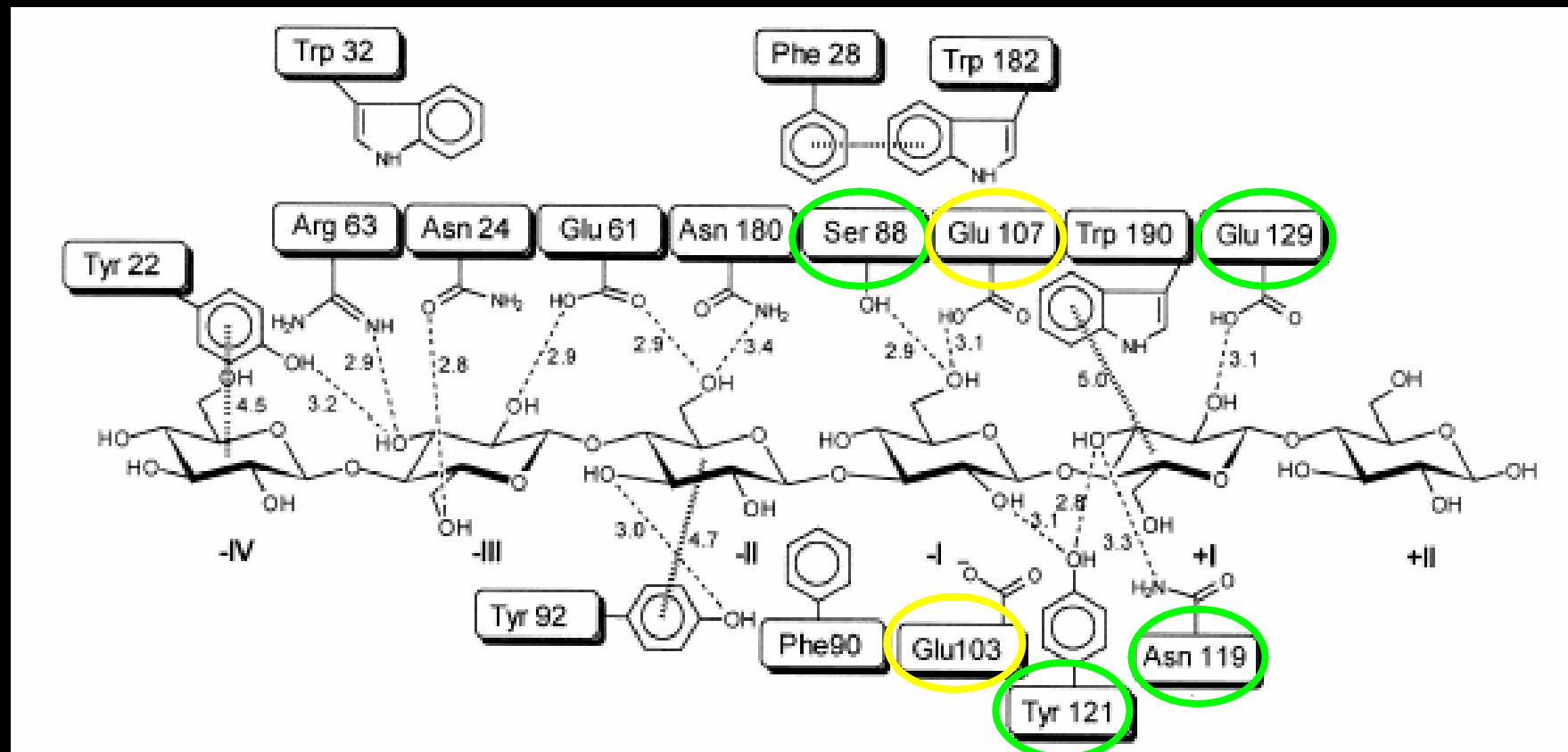
- Loop** que cobreix el lloc d'hidròlisi

- Fulla β** de 7 cadenes antiparal·leles



Unió a substrat

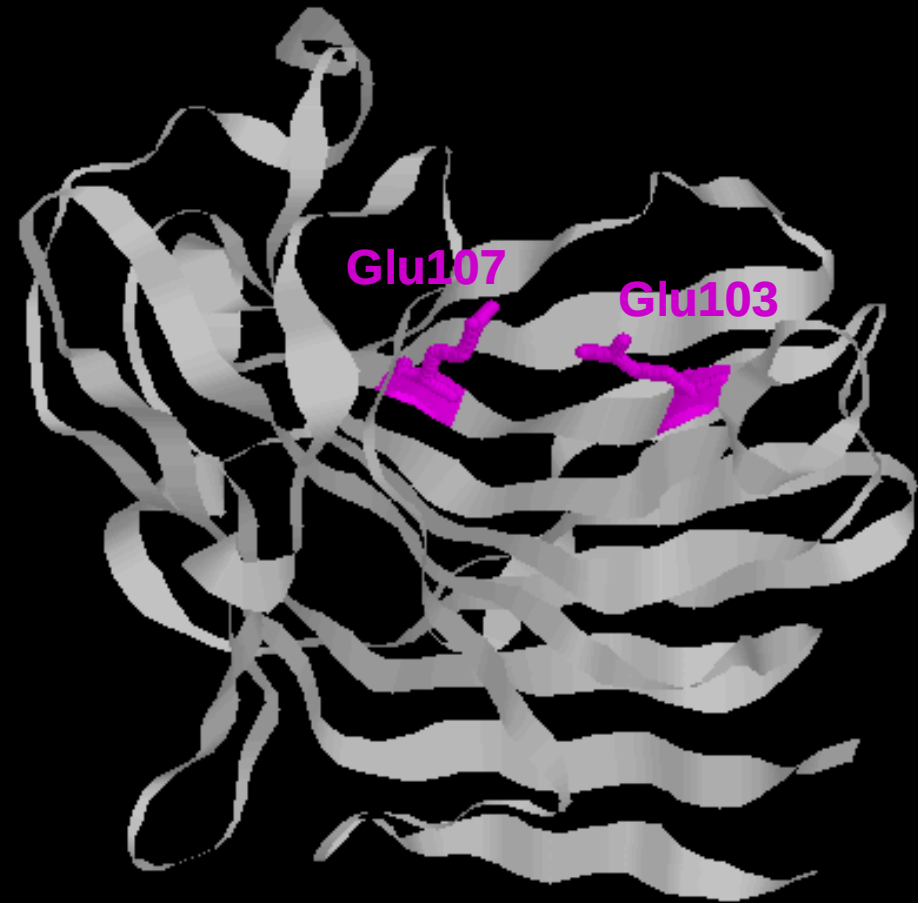
Altres aminoàcids que participen en la unió al 1,3-1,4- β -glucà:



Glutàmics conservats

- Hi ha 2 residus **Glu** altament conservats en totes les 1,3-1,4- β -gluconases.

- Situats en una de les cadenes β antiparal·leles de la butxaca d'unió al substrat.



1macA

1ajkA	-----
1ajoA	-----
1axkA	-----
1byh	-----QTGGSFFEPFNSYNSGTWEKADGYSNNGGVFNCTWRANNVNFTNDGKLKLGLT
1cpm	-----
1cpn	-----
1macA	-----GSVFWEPLSYFNPSTWEKADGYSNNGGVFNCTWRANNVNFTNDGKLKLGLT
1mveA	-----
2ayh	-----QTGGSFFEPFNSYNSGTWEKADGYSNNGGVFNCTWRANNVNFTNDGKLKLGLT
1gbg	-----QTGGSFYEPFNNTGLWQKADGYSNNGMNFCTWRANNVSMSTSLGEMRLSLT

1ajkA	-----NTGIVSSFFTY--
1ajoA	-----
1axkA	-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1byh	SSAYNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1cpm	-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1cpn	-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1macA	SSAYNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1mveA	-VSAKDFSGAELY-----TLEEVQYGKFEARKAAASGTVSSFLYQNG--
2ayh	SSAYNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPAKNTGIVSSFFTY--
1gbg	SPSYNKFDCGENR-----SVQTYGYGLYEVNMPAKNVGIVSSFFTY--

1ajkA	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1ajoA	-----G-----HEKVIS
1axkA	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1byh	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1cpm	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1cpn	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1macA	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1mveA	---SEIADG-RPWVEVDIVLGNPVS-----FQSNITGKAGAOK-----TSEKHHA
2ayh	---TGPAHG-TQWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGG-----HEKVIS
1gbg	---TGPTDG-TPWDEIDIFLGLKDTTK-----VQFNYYTNGVGN-----HEKIVN

Domini d'unió al Ca



- Situat a la zona convexa de la proteïna.
- Estabilitza l'estructura proteïca.

- Oxigens del grup carbonil de:

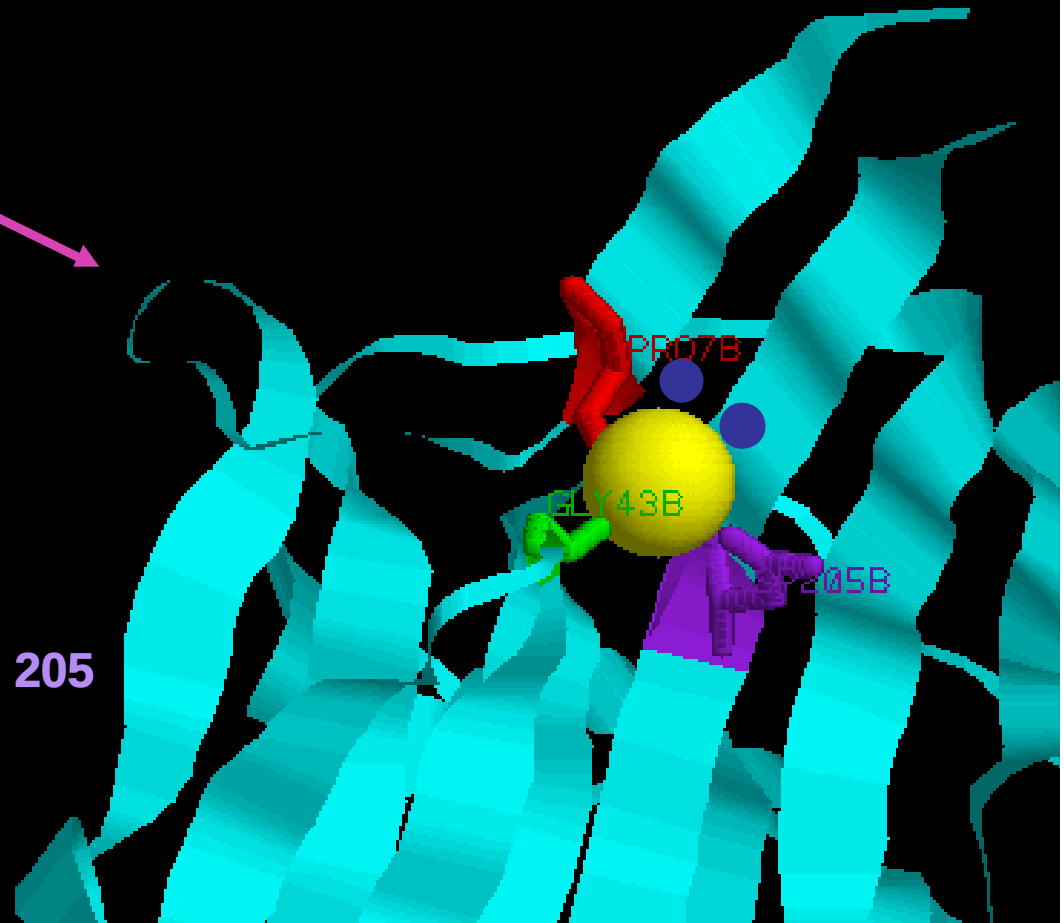
Pro 7

Gly 43

Asp 205

- Oxigens del grup carboxil de **Asp 205**

- 2 mol·lècules d'aigua ●



Pro 7

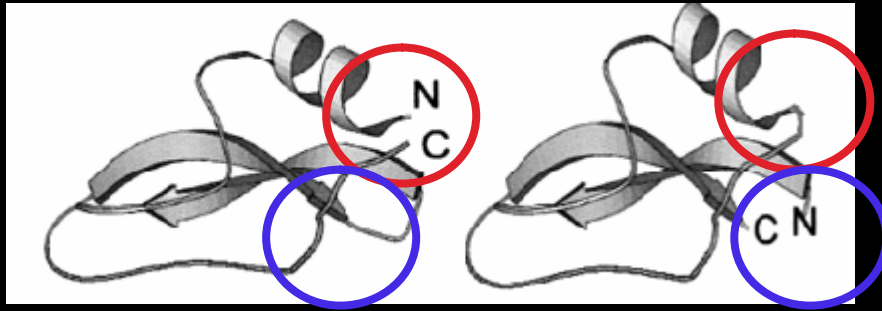
Gly 43

1ajkA	-----
1ajoA	-----
1axkA	-----
1byh	-----QTGGSFFEPFNSYNSGTWEKADGYSNGGVFNCTWRANNVNF TNIGKLKLGLT
1cpm	-----
1cpn	-----
1macA	-----GSVFWEPLSYFNPSTWEKADGYSNGGVFNCTWRANNVNF TNIGKLKLGLT
1mveA	-----
2ayh	-----QTGGSFFEPFNSYNSGTWEKADGYSNGGVFNCTWRANNVNF TNIGKLKLGLT
1gbg	-----QTGGSFYEPFNNTGLWQKADGYSNGNMFNCTWRANNVSMTSIGEMRLSLT

Asp 205

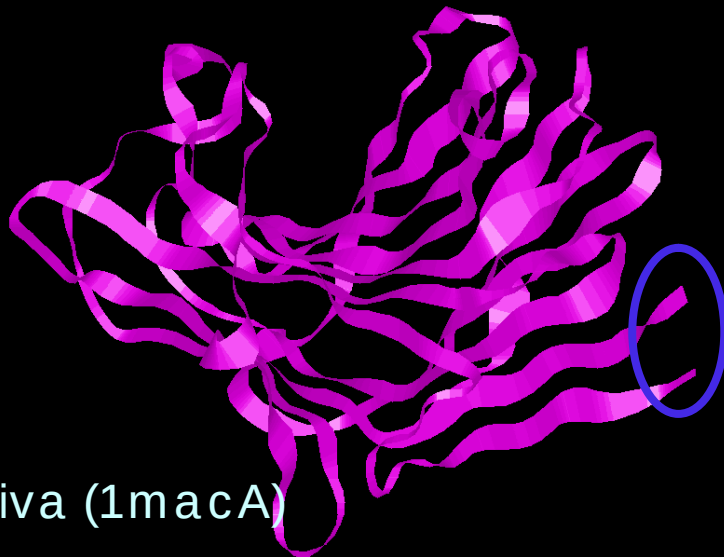
1ajkA	--DDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSN-----
1ajoA	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSN-----
1axkA	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSNASTDYWQNWTDGGGIVNAVNGSGGNYSVNW
1byh	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSN-----
1cpm	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSN-----
1cpn	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTS-----
1macA	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSN-----
1mveA	S-AAUVGQFDES--KLPLFQFIDQVKVYKYTP-----
2ayh	GVDDULGSYNG---ANPLYAEYDQVKYTSN-----

1-3 1-4 β GLUCANASES CIRCULARLY PERMUTED

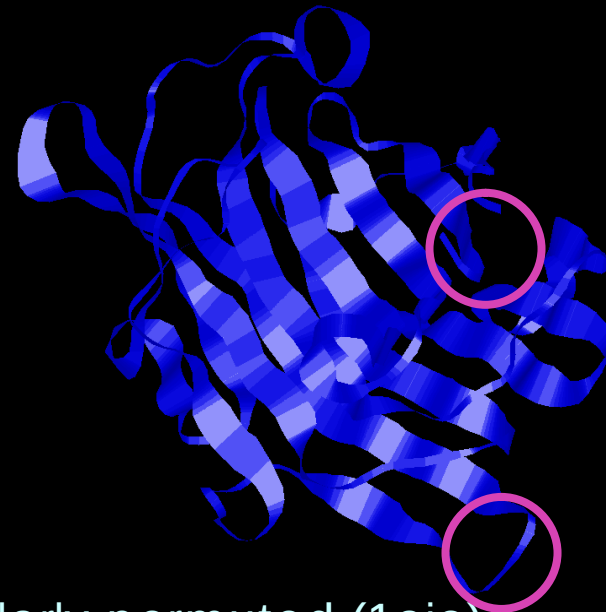


- **Permutació circular:** ocorre quan les regions N i C terminals originals d'una proteïna estan lligades per formar part de la cadena polipeptídica i sorgeixen uns nous extrems.

Resultat de permutacions naturals dins els gens codificants.



Nativa (1macA)



Circularly permuted (1ajo)

- En l'alineament de seqüència s'observa que l'N terminal d'una proteïna és similar a la C terminal d'una altra proteïna (i viceversa).

10000
 10100
 10200
 10300
 10400
 10500
 10600
 10700
 10800
 10900
 11000
 11100
 11200
 11300
 11400
 11500
 11600
 11700
 11800
 11900
 12000
 12100
 12200
 12300
 12400
 12500
 12600
 12700
 12800
 12900
 13000
 13100
 13200
 13300
 13400
 13500
 13600
 13700
 13800
 13900
 14000
 14100
 14200
 14300
 14400
 14500
 14600
 14700
 14800
 14900
 15000
 15100
 15200
 15300
 15400
 15500
 15600
 15700
 15800
 15900
 16000
 16100
 16200
 16300
 16400
 16500
 16600
 16700
 16800
 16900
 17000
 17100
 17200
 17300
 17400
 17500
 17600
 17700
 17800
 17900
 18000
 18100
 18200
 18300
 18400
 18500
 18600
 18700
 18800
 18900
 19000
 19100
 19200
 19300
 19400
 19500
 19600
 19700
 19800
 19900
 20000
 20100
 20200
 20300
 20400
 20500
 20600
 20700
 20800
 20900
 21000
 21100
 21200
 21300
 21400
 21500
 21600
 21700
 21800
 21900
 22000
 22100
 22200
 22300
 22400
 22500
 22600
 22700
 22800
 22900
 23000
 23100
 23200
 23300
 23400
 23500
 23600
 23700
 23800
 23900
 24000
 24100
 24200
 24300
 24400
 24500
 24600
 24700
 24800
 24900
 25000
 25100
 25200
 25300
 25400
 25500
 25600
 25700
 25800
 25900
 26000
 26100
 26200
 26300
 26400
 26500
 26600
 26700
 26800
 26900
 27000
 27100
 27200
 27300
 27400
 27500
 27600
 27700
 27800
 27900
 28000
 28100
 28200
 28300
 28400
 28500
 28600
 28700
 28800
 28900
 29000
 29100
 29200
 29300
 29400
 29500
 29600
 29700
 29800
 29900
 30000
 30100
 30200
 30300
 30400
 30500
 30600
 30700
 30800
 30900
 31000
 31100
 31200
 31300
 31400
 31500
 31600
 31700
 31800
 31900
 32000
 32100
 32200
 32300
 32400
 32500
 32600
 32700
 32800
 32900
 33000
 33100
 33200
 33300
 33400
 33500
 33600
 33700
 33800
 33900
 34000
 34100
 34200
 34300
 34400
 34500
 34600
 34700
 34800
 34900
 35000
 35100
 35200
 35300
 35400
 35500
 35600
 35700
 35800
 35900
 36000
 36100
 36200
 36300
 36400
 36500
 36600
 36700
 36800
 36900
 37000
 37100
 37200
 37300
 37400
 37500
 37600
 37700
 37800
 37900
 38000
 38100
 38200
 38300
 38400
 38500
 38600
 38700
 38800
 38900
 39000
 39100
 39200
 39300
 39400
 39500
 39600
 39700
 39800
 39900
 40000
 40100
 40200
 40300
 40400
 40500
 40600
 40700
 40800
 40900
 41000
 41100
 41200
 41300
 41400
 41500
 41600
 41700
 41800
 41900
 42000
 42100
 42200
 42300
 42400
 42500
 42600
 42700
 42800
 42900
 43000
 43100
 43200
 43300
 43400
 43500
 43600
 43700
 43800
 43900
 44000
 44100
 44200
 44300
 44400
 44500
 44600
 44700
 44800
 44900
 45000
 45100
 45200
 45300
 45400
 45500
 45600
 45700
 45800
 45900
 46000
 46100
 46200
 46300
 46400
 46500
 46600
 46700
 46800
 46900
 47000
 47100
 47200
 47300
 47400
 47500
 47600
 47700
 47800
 47900
 48000
 48100
 48200
 48300
 48400
 48500
 48600
 48700
 48800
 48900
 49000
 49100
 49200
 49300
 49400
 49500
 49600
 49700
 49800
 49900
 50000
 50100
 50200
 50300
 50400
 50500
 50600
 50700
 50800
 5

```

1ajkA-----NTGIVSSFFTY--
1ajoA-----
1axkA-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--
1byh-----SSAYNKNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--
1cpm-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--
1cpn-----FDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--
1macA-----SSAYNKNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--
1mveA-----VSADKDFSGAELY-----TLEEVQYQGFARKAAASGTVSSFLYQNG--
2ayh-----SSAYNKNKFDCAEYR-----STNIYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--
1qhg-----SPSYNKNKFDGGENR-----SVQTYGYGLYEVSMPKAKNTGIVSSFFTY--

```

[illegible]

<u>1ajkA</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1ajcA</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1axkA</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1byh</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1cpm</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1cpn</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1macA</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1mveA</u>	VSPAADQAFHTYGLEWTPNVRVTVDGQEVKTEGG-----QVSNLTGTQGLRFLWSSE
<u>2ayh</u>	LGFDASKGFHTYAFDWPQPGYIKUYVDG-VLKHTATA-----NIPSTPG--KIMMNLWNGT
<u>1gbg</u>	LGFDAAINSYHTAFDWPQNSIKUYVDG-QLKHTATT-----QIPQTPG--KIMMNLWNGA

```

00186  --DDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTSN-----
00187  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTSN-----
00188  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTSNASTDYWGHWTDGGGIVNAVNGSGGNYFVNW
00189  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTSN-----
00190  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTSN-----
00191  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTS-----
00192  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTS-----
00193  S-AAWVGQFDES--KLPLPCPDINWTKVYKTF-
00194  GVDDDWLGSYNG--ANFLYAEYAWTKYTSN-----
00195  GVDEWLGSYNG--VTFLYAEYAWTKYTKR-----

```

<u>1ajka</u>	-----
<u>1ajoa</u>	-----
<u>1axka</u>	SNTGNFVVVGKGWTTGSPFRTINYNAGVWAPNGNGYLTLYGWTRSPLEIYYVVDSDSGTYRP
1byh	-----
1cpm	-----
1cpn	-----
<u>1maca</u>	-----
<u>1nvea</u>	-----GQ-----
2ayh	-----
1gbq	-----

[illegible][illegible]

10000	GVFNCTWRANNVNFTD	CG	CKLIGLTS	SAYNKFDCAEYRSTN	IYGYGLYEVSNKPAK---
10001	GVFNCTWRANNVNFTD	CG	CKLIGLTS	SAYNKFDCAEYRSTN	IYGYGLYEVSNKPAKNTG
10002	GVFNCTWRANNVNFTD	CG	CKLIGLTS	---	---
10003	GVFNCTWRANNVNFTD	CG	CKLIGLTS	SAYNA---	---
10004	GVFNCTWRANNVNFTD	CG	CKLIGLTS	---	---
10005	---	NRVDLTDN	IYSFC	LIALTRGQESFNGQVPRD	---
10006	---	---	---	---	---

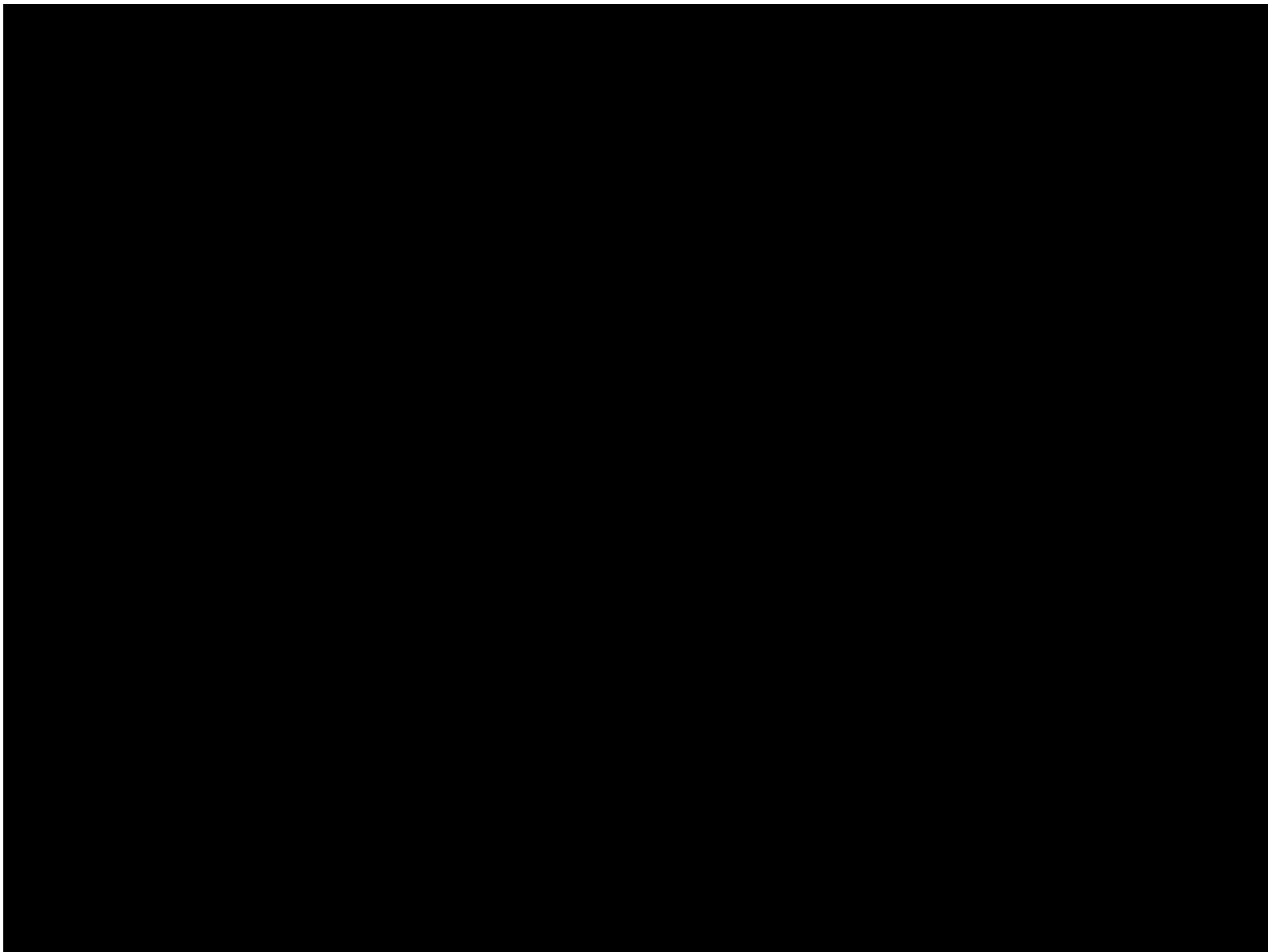
1a1kA	-----
1a1oA	VSSFFTYTGP A HGTQWDEID IEFLGKDTTKVQFNYYTNG
1axkA	-----
1b1yH	-----
1cpm	-----
1cpn	-----
1macA	-----
1nveA	-----
2ayH	-----
1gbg	-----

- Es troben en diferents famílies proteiques com ara : beta-glucanases bacterianes, proteïnes d'unió a FMN, transaldolases, ferredoxines etc...

- Enzims amb permutació circular es pleguen amb conformacions estables i funcionals



Permutació circular a nivell de seqüència NO implica canvis en l'estructura 3D ni en la funcionalitat respecte la proteïna nativa.



Preguntes PEM:

1. Pel que fa les gluconases i glucohidrolases, existeix certa conservació, sobretot a nivell del centre actiu. Quins són l'aminoàcids fonamental en el centre actiu?:
 - a)Isoleucina i triptòfan
 - b)2 glutàmics**
 - c)les dues anteriors
 - d)Asparagina i Prolina
 - e) cap de les anteriors
2. Quin/s plegament/s principal/s es dona/en en les gluconases i les glucohidrolases?
 - a)Beta propeller
 - b) Open sheet alfa beta
 - c))Jellyrol
 - d) Tim barrel
 - e)Les dues anteriors**
3. Les glucohidrolases i les gluconases formen part de les Beta glucosidases. Quin tipus d'enllaç hidrolitzen principalment?:
 - a)enllaços peptídics
 - b)enllaços S-glicosídics
 - c)enllaços N-glicosídics
 - d)enllaços O-glicosídics**
 - e)Cap de les anteriors

4. En quins organismes es troben principalment les gluconases i glucohidrolases?:

- a) Pogonòfors
- b) Llevats
- c) Equinoderms
- d) Rumiants

e) Cap de les anteriors

5. Quin paper tenen els aminoàcids principals del centre actiu de les gluconases i les glucohidrolases?:

- a) els dos actuen com a àcid/base
- b) els dos actuen com a nucleòfils
- c) un actúa com a àcid/base i l'altre com a nucleòfil**
- d) un actúa com a nucleòfil i l'altre com a electròfil
- e) els dos actuen com a electròfils

6. Pel que fa al mecanisme d'acció de les gluconases i les glucohidrolases, quin tipus de reacció es dona?

- a) sulfatació
- b) hidròlisi amb retenció**
- c) hidròlisi amb inversió
- d) fosforilació
- e) totes les anteriors

7. Per quins elements està format el core proteic de les 1→3, 1→4 B-gluconases?

- a) **1 loop i una fulla beta formada per 7 cadenes antiparal·leles**
- b) 8 cadenes beta i 8 hèlix alfa intercal·les
- c) 1 loop i una cadena beta units per un pont disulfur
- d) 1 loop i una fulla beta formada per 8 cadenes paral·leles
- e) cap de les anteriors

8. Què són els clans?

- a) Una classe de proteïnes
- b) Proteïnes que s'agrupen segons percentatge de residus hidrofòbics
- c) Agrupacions de famílies segons similaritats funcionals
- d) Grups ètnics de fosfatases que actuen a nivell cerebral
- e) **Agrupacions de famílies segons similaritat estructural**

9. Pel que fa a la permutació circular,:

- a) implica canvis a nivell funcional
- b) implica canvis a nivell estructural
- c) implica canvis a nivell estructural però no en la seqüència
- d) **Només implica canvis a nivell seqüencial, però la funció i l'estructura es mantenen**
- e) cap de les anteriors

10. Quins substrats hidrolitzen les gluconases?:

- a) Fosfoinositols de membrana glicosilats
- b) Sucre present en l'ADN
- c) Les dues anteriors
- d) **Betaglucans**
- e) Cap de les anteriors

PREGUNTES D'ASSAIG:

- En què consisteix la permutació circular que es dona en les glucanases?
- Cita una semblança i una diferència entre les gluconases i les glucohidrolases.