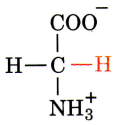
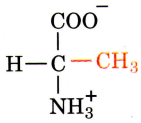
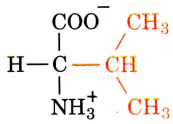
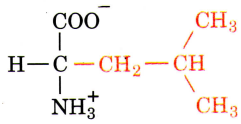
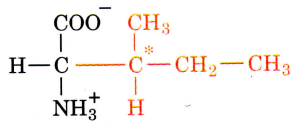
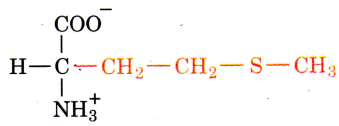
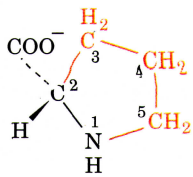
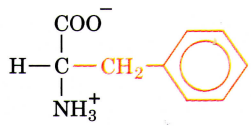
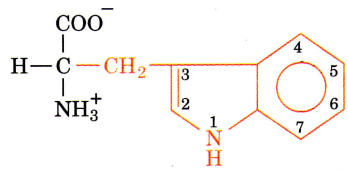
Tabla 4-1
Estructuras covalentes de los aminoácidos "estándar" de las proteínas

Nombre	Fórmula estructural[a]	Masa (D) del resto	Promedio aparición en proteínas (%)[b]
Aminoácidos con cadenas laterales no polares			
Glicina		57,0	7,5
Alanina		71,0	9,0
Valina		99,1	6,9
Leucina		113,1	7,5
Isoleucina		113,1	4,6
Metionina		131,1	1,7
Prolina		97,1	4,6
Fenilalanina		147,1	3,5
Triptófano		186,2	1,1

[a] Las formas iónicas que figuran en la tabla son las que predominan a pH 7,0. Los átomos de C_α, así como los señalados con asterisco, son centros quirales con configuraciones expresadas de acuerdo con las fórmulas de proyección de Fischer. A los heterociclos se les aplica el sistema de numeración orgánico estándar. Para las masas moleculares de los aminoácidos progenitores, se ha de sumar 18,0 D, masa molecular del agua, a las masas de los restos. Para las masas de las cadenas laterales, debe sustraerse 56,0 D, que es la masa fórmula de un grupo péptido, de las masas de los restos.
[b] Estimados a partir de las composiciones de 207 proteínas no relacionadas, compiladas por Klapper, M. H., *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **78,** 1020 (1977).