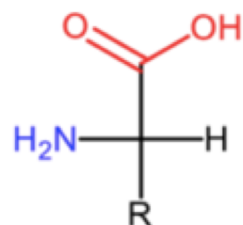


Formula generale di un α -ammino acido

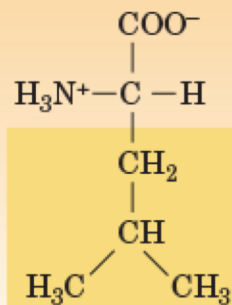
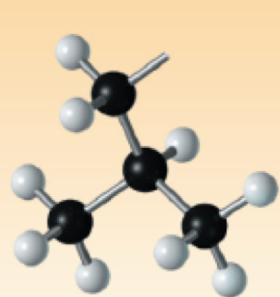


Proiezione di Fischer di un α -ammino acido

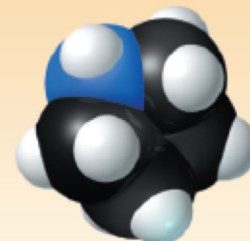
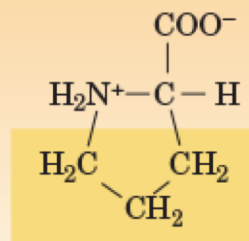
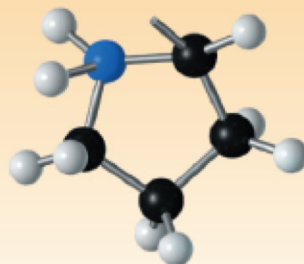


Il gruppo acido (COOH) ed il gruppo basico (NH_2) reagiscono per formare un sale interno. Il sale interno di un ammino acido è chiamato **zwitterione**

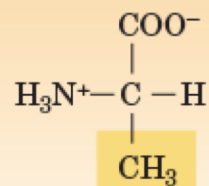
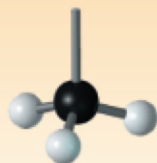
(a) Non polari (idrofobici)



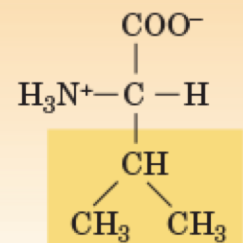
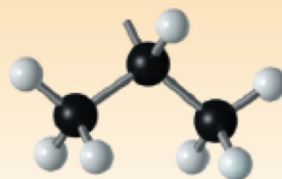
Leucina (Leu, L)



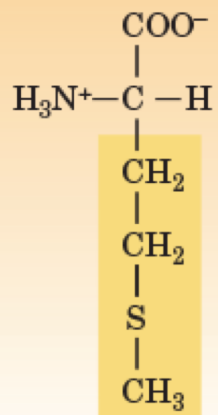
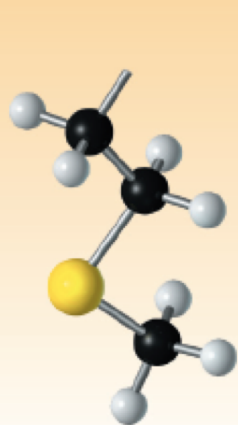
Prolina (Pro, P)



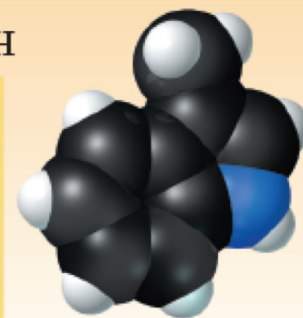
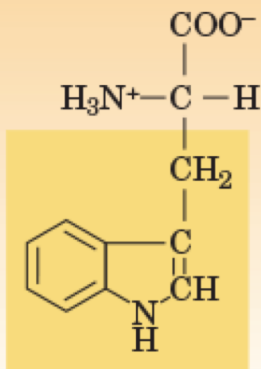
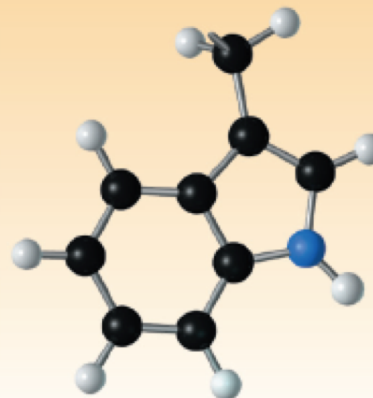
Alanina (Ala, A)



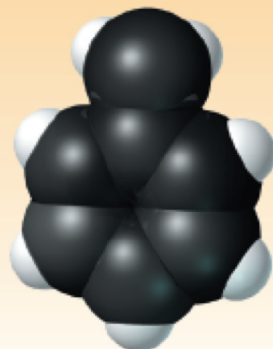
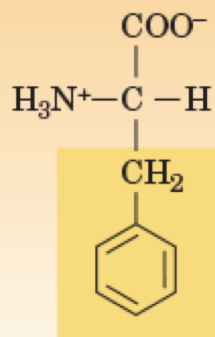
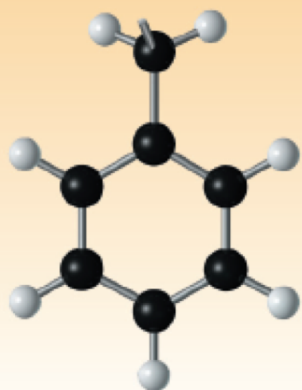
Valina (Val, V)



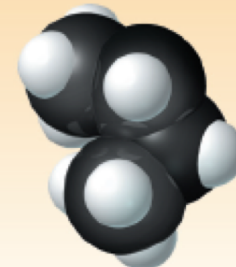
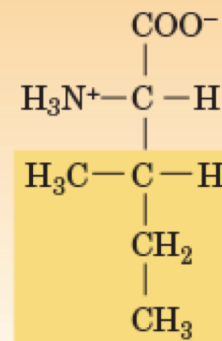
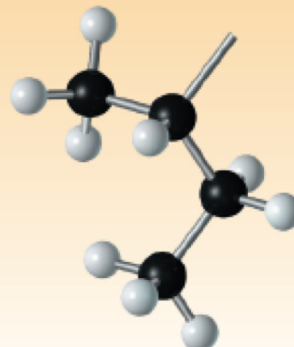
Metionina (Met, M)



Triptofano (Trp, W)

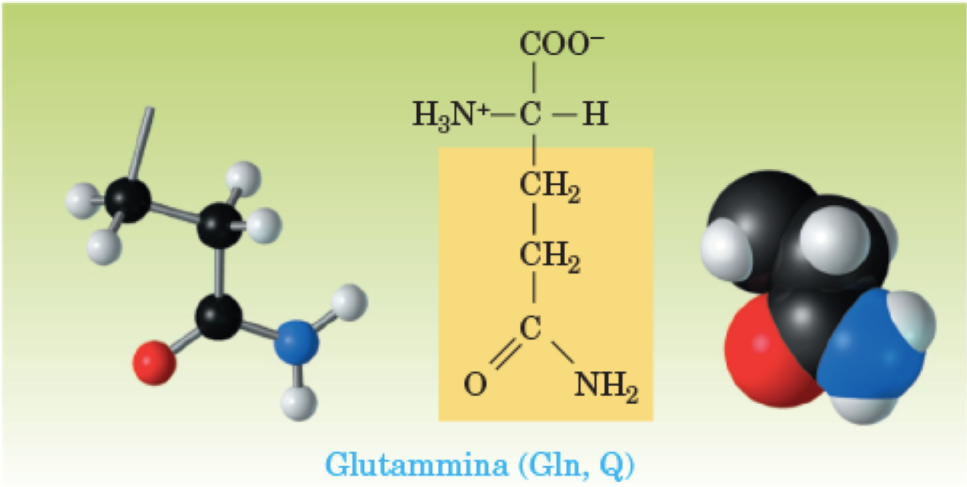
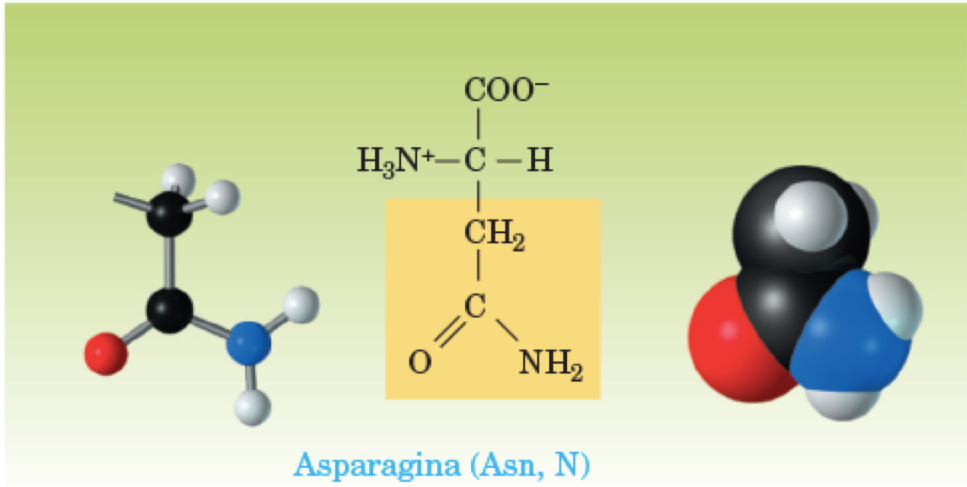
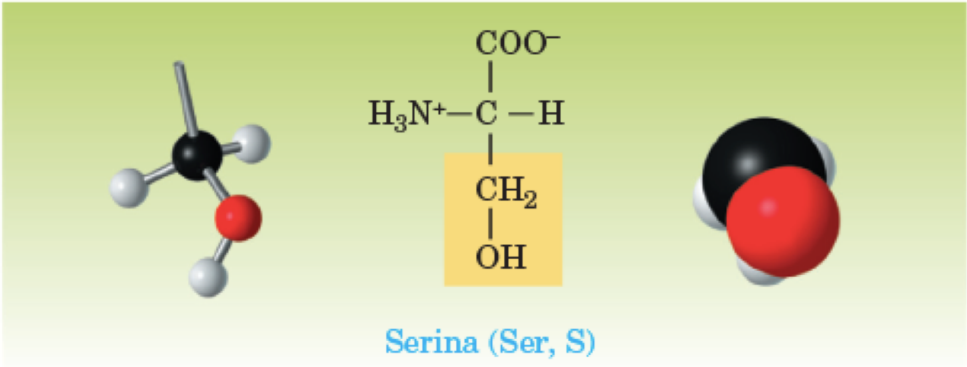
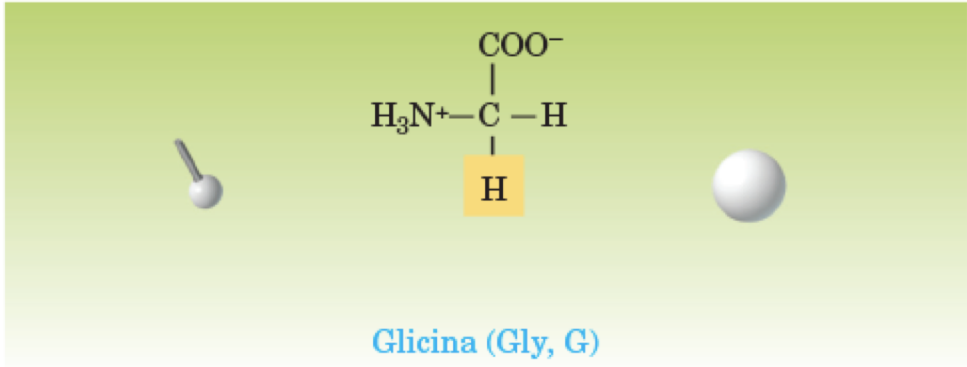


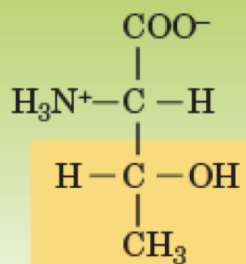
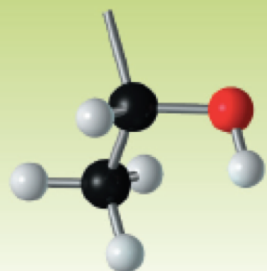
Fenilalanina (Phe, F)



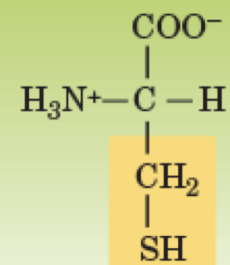
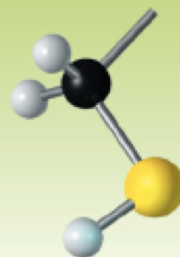
Isoleucina (Ile, I)

(b) Polari neutri

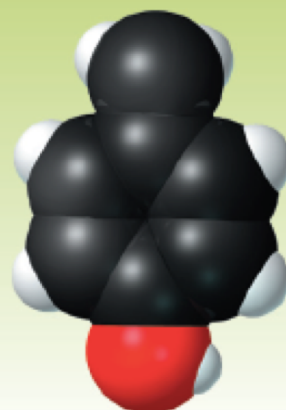
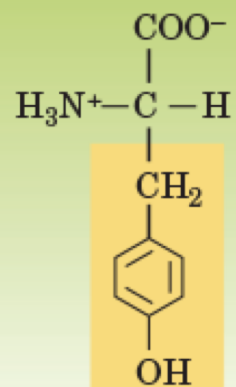
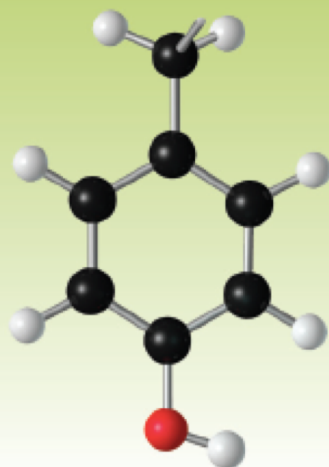




Treonina (Thr, T)

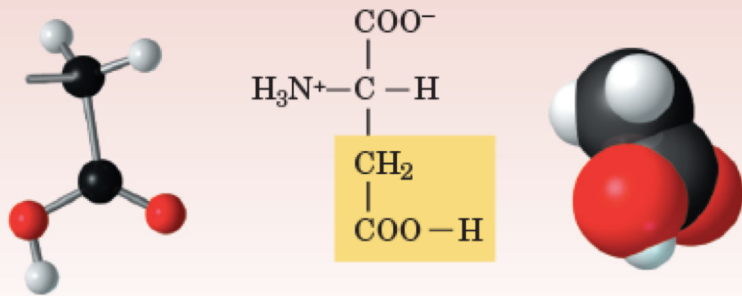


Cisteina (Cys, C)

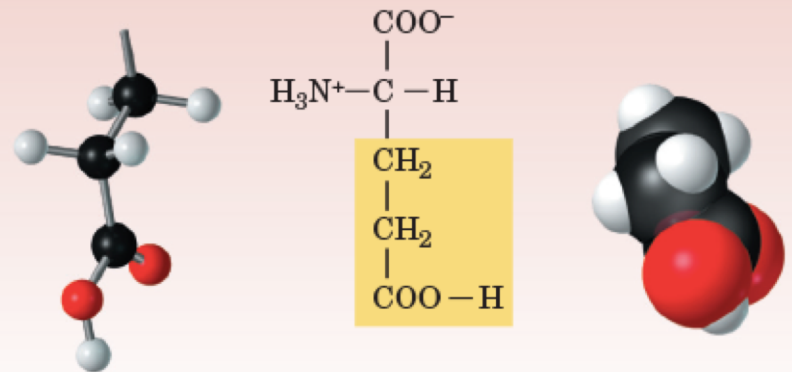


Tirosina (Tyr, Y)

(c) Acidi

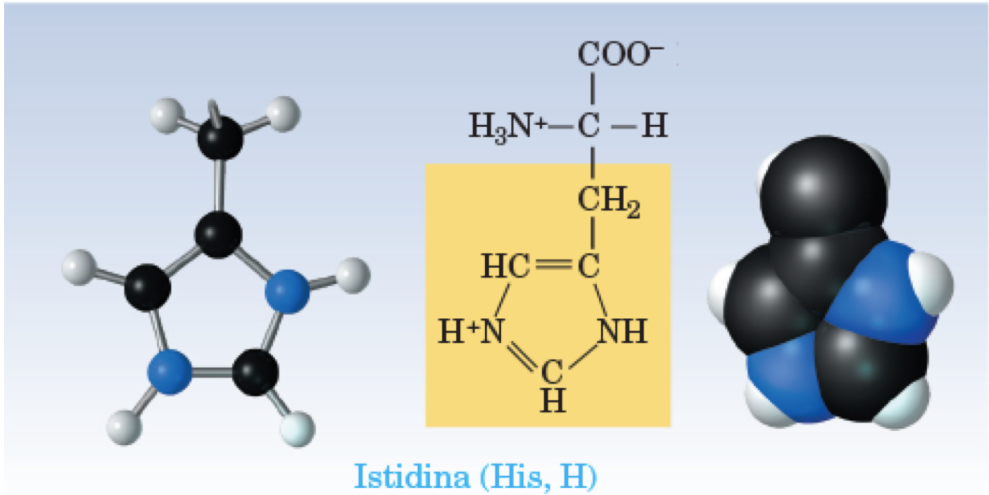
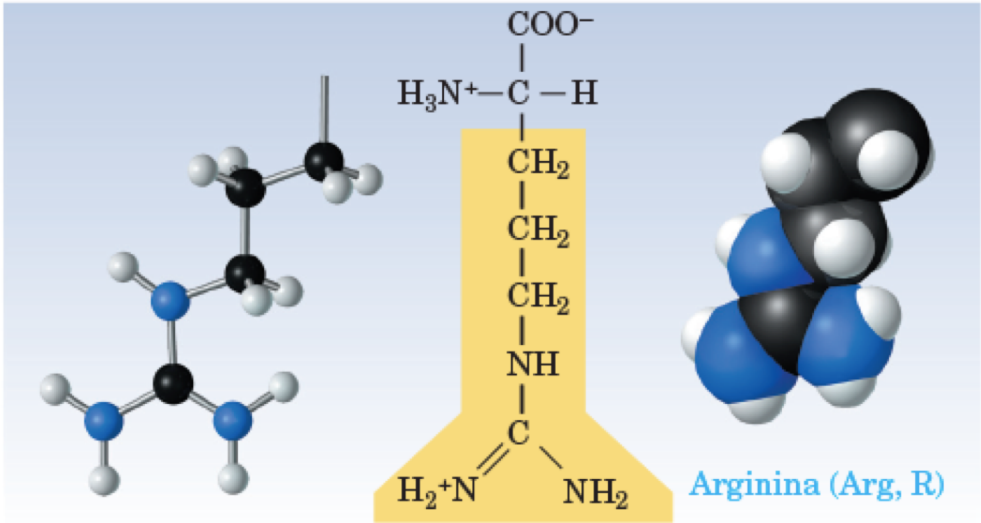
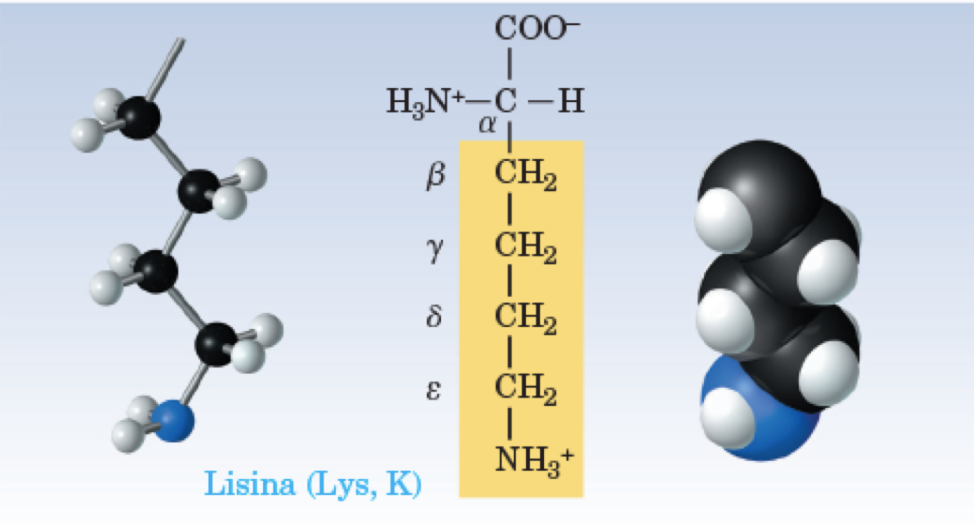


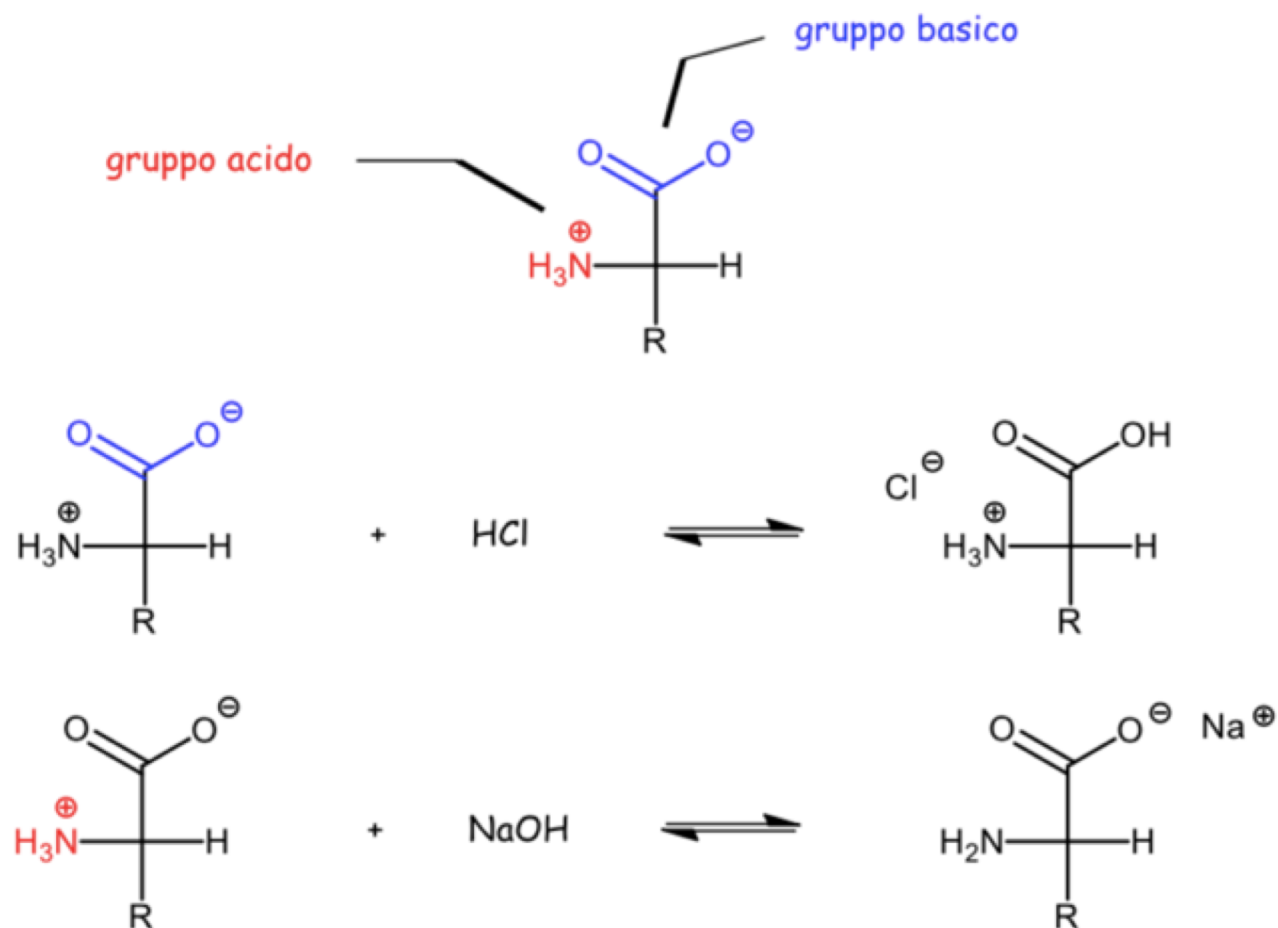
Acido aspartico (Asp, D)



Acido glutammico (Glu, E)

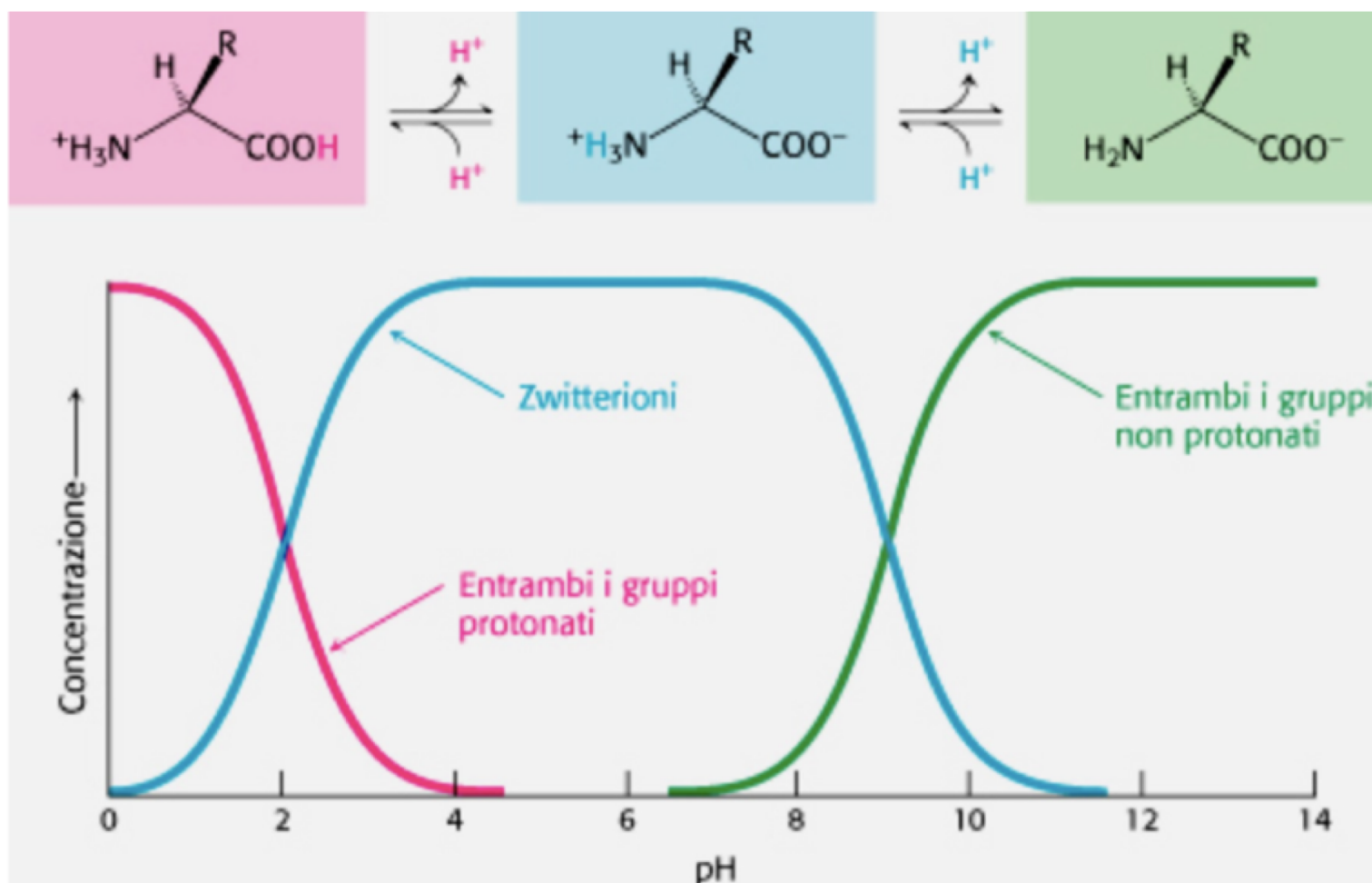
(d) Basici





Un ammino acido è solubile sia in acidi che in basi. Per estrarre un α -ammino acido dall'acqua occorre raggiungere un valore di pH al quale l' α -ammino acido non ha alcuna carica netta (si presenta come **zwitterione**).

Questo valore di pH è detto **punto isoelettrico**



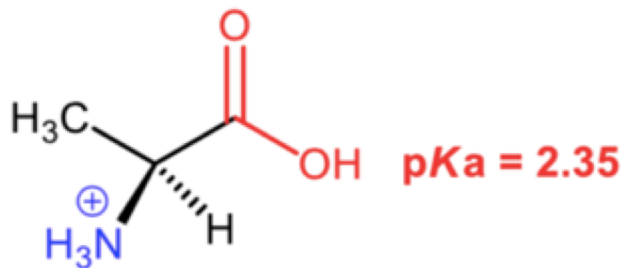
Il punto isoelettrico è quel valore di pH al quale l'amminoacido esiste principalmente nella sua forma neutra (Zwitterionica).

Il punto isoelettrico è quel valore di pH al quale l'amminoacido esiste principalmente nella

sua forma neutra (Zwitterionica).

Conoscendo i valori di **pKa** del gruppo **COOH** e del gruppo **NH₃⁺** per un dato amminoacido (privo di catene laterali ionizzabili), è possibile individuare il valore di **pI** calcolando la media dei due valori.

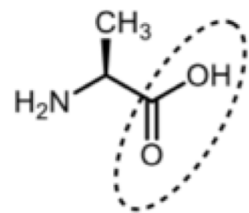
Alanina



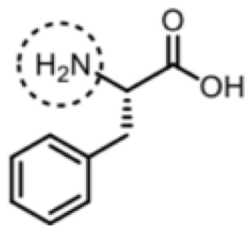
pKa = 9.87

$$pI = [pKa(COOH) + pKa(NH_3^+)]/2 = 6.11$$

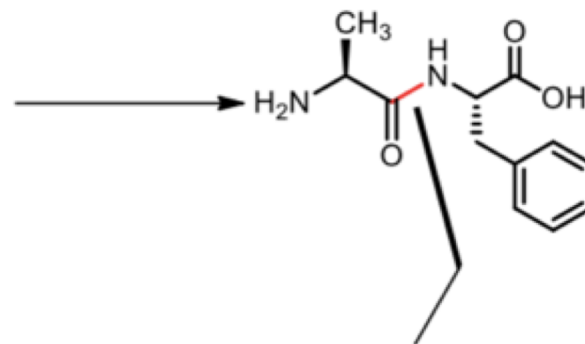
Le proteine sono costituite da lunghe catene di α -ammino acidi uniti da legami ammidici tra il gruppo carbossilico di un α -ammino acido ed il gruppo amminico dell'altro. Questi legami ammidici sono detti legami peptidici.



L-alanina



L-fenilalanina

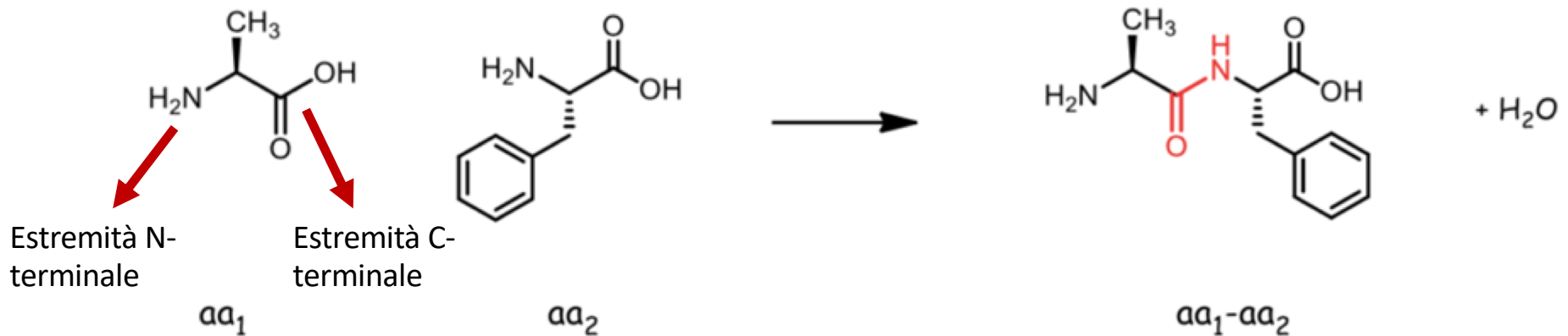


legame peptidico

Alanilfenilalanina
(Ala-Phe, A-P)

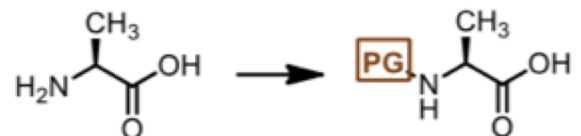
Peptide è il nome che viene dato ad un polimero di α -ammino acidi corto. I peptidi vengono classificati sulla base del numero di unità di α -ammino acidi che costituiscono la catena. Una molecola contenente due α -ammino acidi uniti da un legame ammidico è detta dipeptide. Le molecole che contengono da 3 a 10 unità di α -ammino acidi sono dette tripeptidi, tetrapeptidi, pentapeptidi e così via. le molecole che contengono più di 10 α -ammino acidi ma meno di 20 sono dette oligopeptidi. Le molecole contenenti un numero estremamente elevato di α -ammino acidi sono dette polipeptidi.

SINTESI DI UN DIPEPTIDE

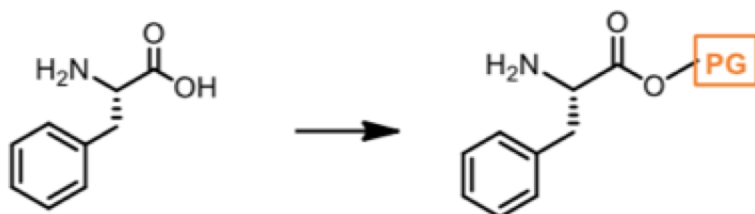


Il problema della **chemoselettività** della reazione è risolto con l'utilizzo di gruppi protettori

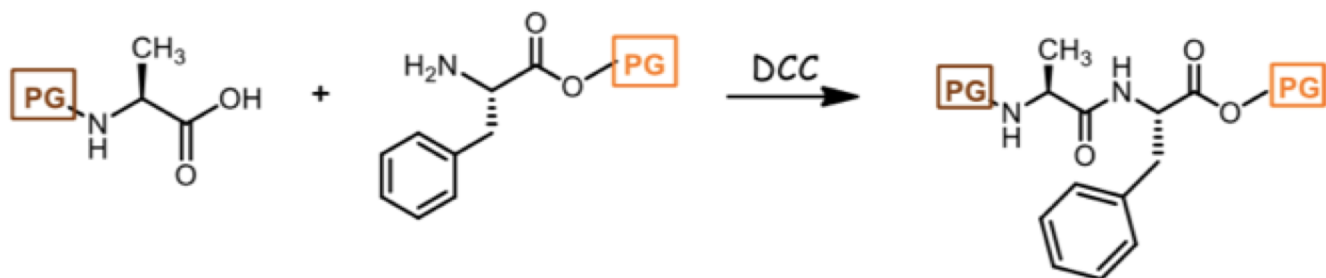
PROTEZIONE DI NH_2 (aa_1) --> protezione come carbammato (Boc o Z)



PROTEZIONE DI COOH (aa_2)--> protezione come estere



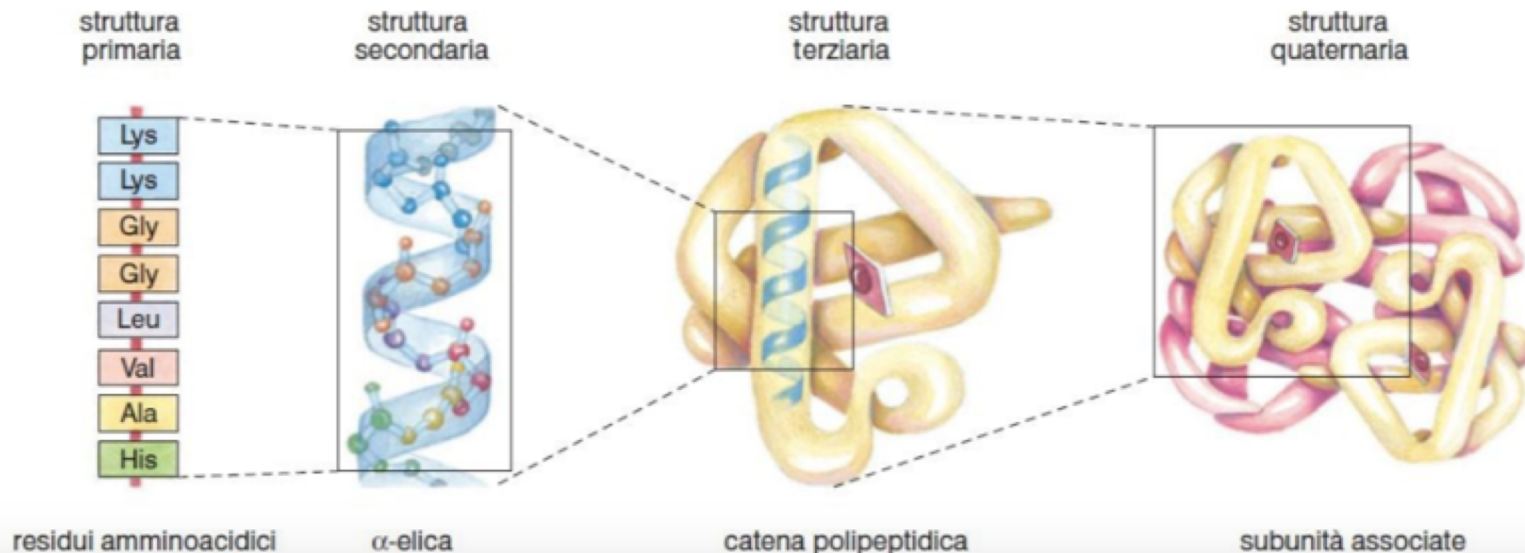
FORMAZIONE DEL LEGAME AMMIDICO UTILIZZANDO DCC



SEGUE LA RIMOZIONE SELETTIVA DEI GRUPPI PROTETTORI, A SECONDA DELLA DIREZIONE DI ALLUNGAMENTO DESIDERATA DEL PEPTIDE.

Proteine

- Sono molecole molto grandi costituite da **una o più catene polipeptidiche**.
- Ogni proteina ha una **caratteristica composizione in aminoacidi**.
- Possono contenere gruppi chimici diversi dagli aminoacidi (gruppo prostetico): lipoproteine, glicoproteine, metalloproteine.

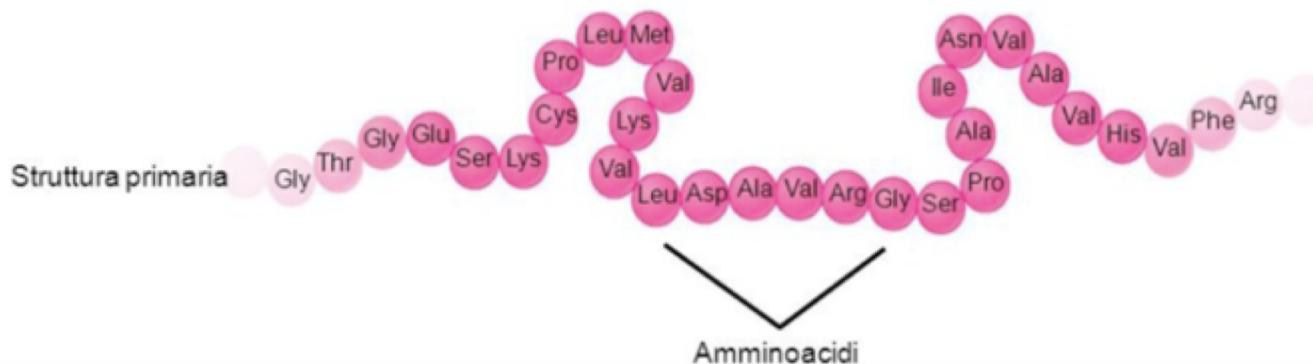


- La **struttura primaria** è correlata ai differenti ammino acidi che formano un polipeptide ed all'ordine in cui essi sono legati attraverso i legami peptidici. La determinazione qualitativa degli ammino acidi che formano un polipeptide può essere fatta per idrolisi totale del polipeptide. Metodi più complessi sono invece necessari per stabilire la sequenza precisa con cui le singole unità di ammino acido si legano

- Il legame peptidico è planare e la libera rotazione intorno al legame peptidico è impedita



La geometria più favorevole del sistema planare è quella **trans**



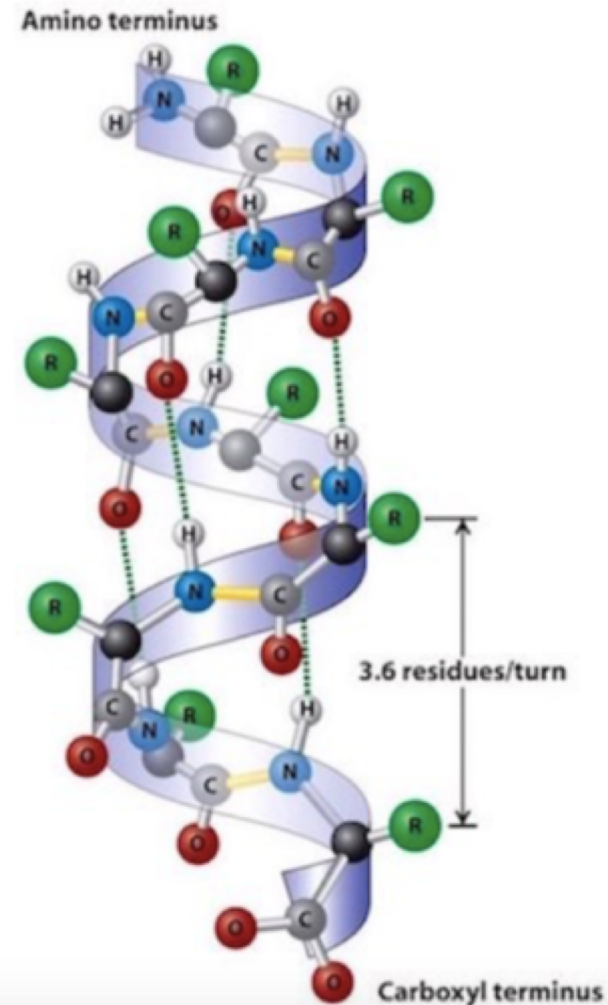
•La struttura primaria viene definita geneticamente (sintesi proteica).

Proteine – Struttura II

STRUTTURA AD α ELICA

Struttura avvolta ad elica stabilizzata da legami idrogeno che si formano tra l'H legato all'N del legame peptidico e l'O carbonilico del **quarto** residuo aminoacidico.

Le catene laterali sono esposte **all'esterno dell'elica**



Proteine – Struttura II

STRUTTURA A FOGLIETTO β

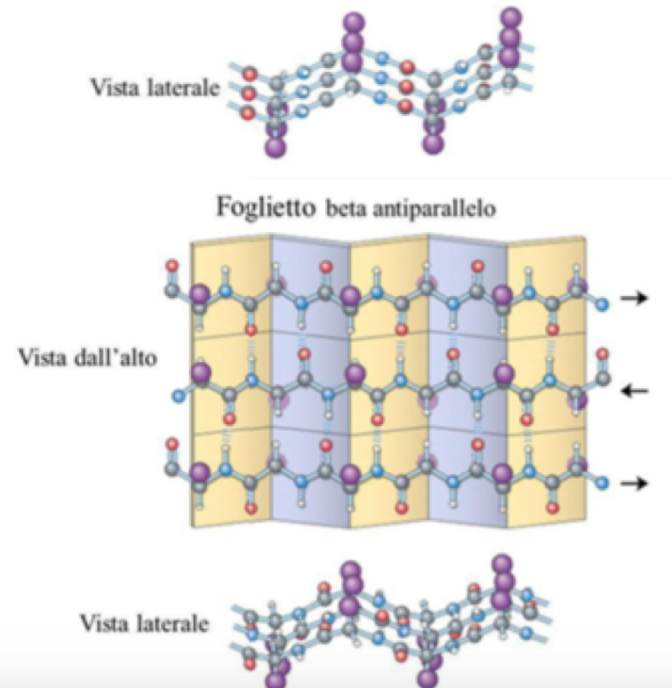
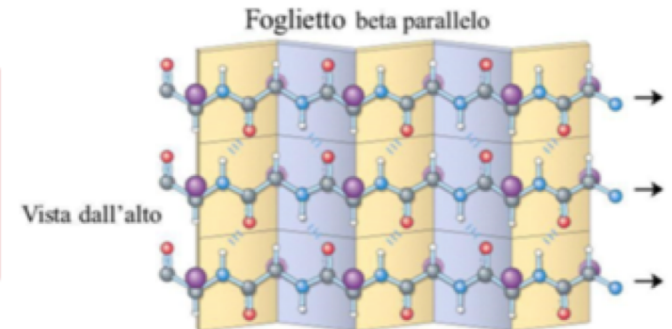
Struttura estesa stabilizzata da **legami idrogeno** che si formano fra gruppi **NH** e **CO** di catene diverse. **Le catene laterali sono esposte sopra e sotto il piano**

Questa conformazione si ha generalmente con amminoacidi contenenti gruppi R piccoli

La struttura **β a foglietto pieghettato** consiste di una lunga catena polipeptidica con catene che si sviluppano in **direzioni opposte (antiparallele)**.

Inoltre, i) ciascun legame peptidico è trans e planare e
ii) i gruppi C=O e N-H dei legami peptidici di catene adiacenti puntano l'uno verso l'altro e stanno nello stesso piano in modo tale che sia possibile la formazione di legami idrogeno tra catene polipeptidiche adiacenti.

La struttura a foglio pieghettato è **stabilizzata da legami idrogeno tra i gruppi N-H di una catena ed i gruppi C=O di una catena adiacente** (legami idrogeno intermolecolari), mentre l' α -elica viene stabilizzata da legami idrogeno tra i gruppi N-H e C=O **entro la stessa catena polipeptidica** (legami idrogeno intramolecolari)

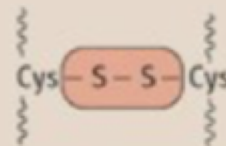


Proteine – Struttura III

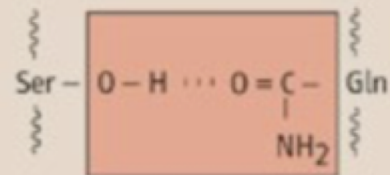
- Definisce **la disposizione spaziale** di tutti gli atomi della proteina.
- Aminoacidi localizzati in regioni anche lontane e parte di strutture secondarie diverse possono interagire e causare **avvolgimenti della proteina su se stessa**.
- La struttura terziaria **non è rigida**; gode di una certa **flessibilità** che permette modificazioni conformazionali. Queste modificazioni sono spesso associate alla loro funzione biologica.

Elementi della struttura terziaria delle proteine

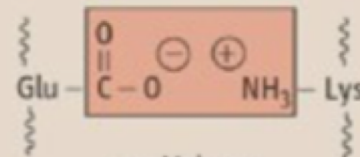
1. ponti disolfuro



2. legami idrogeno



3. ponti salini



4. interazioni idrofobiche

