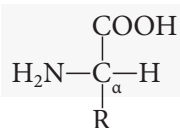


Capitolo 3 GLI AMMINOACIDI E LE PROTEINE

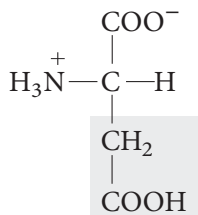
- 1 Le proteine costituiscono una grande famiglia di biomolecole molto diffuse in natura; sono costituite da unità strutturali di base chiamate α -amminoacidi, che si legano tra loro a formare catene polipeptidiche. (*Suggerimento*: si vedano pagg. 29-30)
- 2 Le proteine sono il gruppo di biomolecole che possiede la più ampia gamma di funzioni diverse negli organismi viventi. Alcune proteine sono enzimi e hanno funzione di catalizzatori (ad esempio la pepsina, enzima digestivo che degrada le proteine alimentari); altre agiscono da ormoni (ad esempio l'insulina è un ormone proteico) o da recettori (come i recettori degli ormoni proteici). Sono proteine anche gli anticorpi, che agiscono nei sistemi di difesa dell'organismo e ci sono proteine con funzione di attacco (tossine batteriche e veleni di insetti e serpenti). Le proteine possono avere anche funzioni strutturali (ad esempio il collagene della matrice extracellulare), contrattili (actina e miosina del muscolo), di trasporto (come l'emoglobina), di deposito (ad esempio l'ovalbumina dell'albume dell'uovo), o agire da proteine adattatrici (implicate nella segnalazione intracellulare). (*Suggerimento*: si vedano pagg. 29-30)
- 3 Le proteine semplici sono costituite esclusivamente dalla componente polipeptidica, invece le proteine coniugate presentano anche porzioni non polipeptidiche, note come gruppi prostetici. (*Suggerimento*: si veda pag. 30)
- 4 Il gruppo prostetico è la componente non proteica presente in alcune proteine, generalmente si tratta di piccole molecole organiche non amminoacidiche o di ioni metallici, necessari per lo svolgimento di una specifica funzione. (*Suggerimento*: si veda pag. 30)
- 5 The most important prosthetic groups in proteins are: lipids (the prosthetic group in lipoproteins), carbohydrates (in glycoproteins), phosphate groups (in phosphoproteins), haem groups (in haem proteins, such as haemoglobin or cytochromes), flavin nucleotides (in flavoproteins), and metallic ions, such as calcium, iron, copper or zinc. (*Suggerimento*: si veda pag. 31)
- 6 Le proteine che in soluzione assumono una struttura compatta e una forma rotondeggiante si definiscono globulari, invece si definiscono fibrose le proteine prevalentemente insolubili e con struttura allungata, che generalmente svolgono funzioni strutturali. Le proteine che si trovano immerse nel doppio strato fosfolipidico delle membrane cellulari hanno caratteristiche specifiche e vengono chiamate proteine di membrana. (*Suggerimento*: si veda pag. 31)
- 7 Le proteine sono costituite da venti amminoacidi diversi; ogni amminoacido ha una composizione chimica peculiare, ma hanno alcune caratteristiche strutturali comuni: tutti possiedono un gruppo carbossile ($-\text{COOH}$) e un gruppo ammino ($-\text{NH}_2$), entrambi legati allo stesso atomo di carbonio α . (*Suggerimento*: si veda pag. 32)



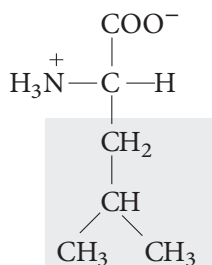
8

- 9 A valori di pH fisiologici (7,4), il gruppo carbossile (—COOH) dell'amminoacido ha un comportamento acido e cede un idrogenione all'acqua trasformandosi in —COO^- ; invece il gruppo amminico (—NH_2) ha un comportamento basico e acquista un idrogenione dall'acqua trasformandosi in —NH_3^+ , si dice quindi che l'amminoacido si presenta in forma di ione dipolare. (*Suggerimento*: si veda pag. 32)
- 10 Il punto isoelettrico di un amminoacido è il valore di pH a cui l'amminoacido risulta elettricamente neutro. Ogni amminoacido ha il proprio punto isoelettrico; per la maggior parte degli amminoacidi che compongono le proteine, il punto isoelettrico è vicino a $\text{pH} = 7$. (*Suggerimento*: si veda pag. 33, paragrafo 3.2)
- 11 I venti α -L-amminoacidi possono essere classificati in base alla polarità della loro catena laterale. Si possono distinguere amminoacidi con catena apolare e amminoacidi con catena polare. Gli amminoacidi con catena apolare possono essere suddivisi in aromatici (fenilalanina, tirosina e triptofano) o alifatici (glicina, alanina, valina, leucina, isoleucina, metionina e prolina). Fra gli amminoacidi polari, alcuni hanno un gruppo ionizzabile nella catena laterale, quindi possono essere amminoacidi basici con una carica positiva aggiuntiva (lisina, arginina e istidina) o amminoacidi acidi con una carica negativa aggiuntiva (acido aspartico e acido glutammico); altri invece sono non ionizzabili (serina, treonina, cisteina, asparagina e glutammina). (*Suggerimento*: si vedano pagg. 33-34)

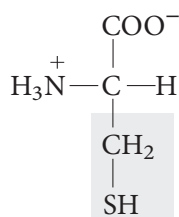
12 Aspartic acid:



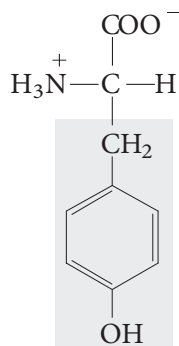
Leucine:



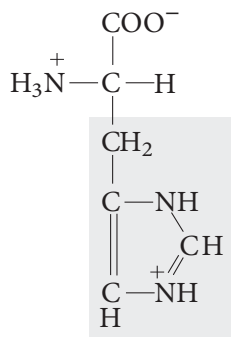
Cysteine:



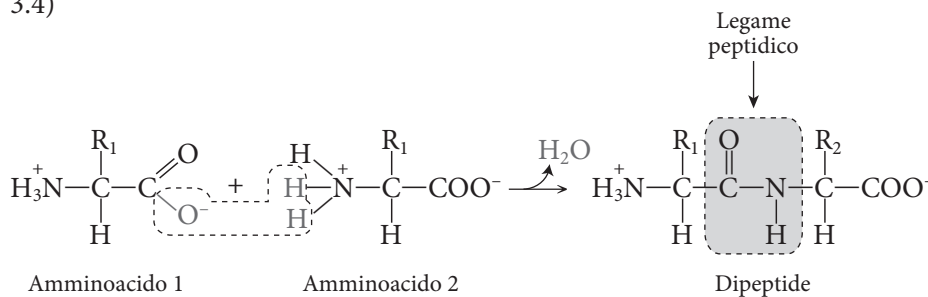
Tyrosine:



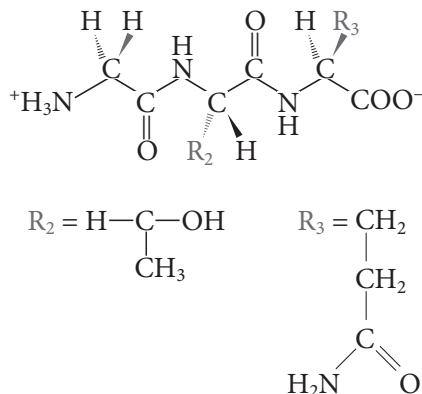
Histidine:



- 13 In alcune proteine compaiono amminoacidi diversi rispetto ai venti amminoacidi «canonici»; questi derivano da modificazioni post-traduzionali degli amminoacidi che compongono la proteina. Alcuni esempi sono la *4-idrossiprolina* e la *5-idrossilisina*, presenti nel collagene, la *N-metilisina*, presente nella mio­sina muscolare, e l'*acido γ -carbossiglutammino*, presente in molte proteine che legano lo ione calcio. (Suggerimento: si veda pag. 34)
- 14 Gli amminoacidi essenziali non possono essere sintetizzati dall'organismo umano e devono essere assunti necessariamente con la dieta. Otto dei venti amminoacidi che costituiscono le proteine sono essenziali: valina, leucina, isoleucina, fenilalanina, triptofano, lisina, metionina e treonina. Altri due amminoacidi, istidina e arginina, sono essenziali solo nel corso del primo anno di vita. (Suggerimento: si veda pag. 35, paragrafo 3.3)
- 15 Il legame che si forma fra due amminoacidi è un legame covalente di tipo amidico, chiamato legame peptidico. Questo legame si forma tra il gruppo carbossile di un amminoacido e il gruppo α -ammino di un secondo amminoacido, con perdita di una molecola di acqua. (Suggerimento: si veda pag. 35, paragrafo 3.4)



- 16 Il nome di un dipeptide dipende dall'ordine con cui i due amminoacidi si legano: se il primo è una molecola di alanina e il secondo una molecola di serina, si ottiene il dipeptide alanilserina; se invece i due amminoacidi sono in posizione invertita, si ottiene il dipeptide serilalanina. (Suggerimento: si veda pag. 36)
- 17 Il tripeptide Gly-Thr-Gln prende il nome di gliciltreonilglutammina:



- 18 Dopo la formazione di tutti i legami peptidici, ogni catena polipeptidica possiede un'estremità con un gruppo —NH_3^+ libero, non impegnato in nessun legame con altri amminoacidi, che viene definita estremità N-terminale, e un'estremità con un gruppo —COO^- libero, definita estremità C-terminale. Per convenzione, questi due gruppi sono considerati rispettivamente l'inizio e il termine della catena. (*Suggerimento*: si veda pag. 36)
- 19 Dopo essere stata sintetizzata sui ribosomi, una proteina deve assumere una struttura tridimensionale ben precisa per poter svolgere la propria funzione biologica: tale struttura è unica e caratteristica per ciascun tipo di proteina e prende il nome di conformazione nativa. (*Suggerimento*: si veda pag. 37)
- 20 Il folding è il processo cellulare attraverso il quale una catena polipeptidica appena sintetizzata assume la propria conformazione nativa; questo processo è mediato da particolari proteine cellulari, note come chaperoni, che consentono alle catene polipeptidiche di ripiegarsi correttamente. Numerose malattie sono causate da conformazioni errate di alcune proteine, ad esempio il morbo di Alzheimer e il morbo di Parkinson; queste patologie sono definite in generale amiloidosi, perché sono caratterizzate dalla deposizione di materiale proteico fibrillare, che risulta tossico per cellule, tessuti e organi. (*Suggerimento*: si veda pag. 37)
- 21 There are four levels of a protein's structure: primary structure, secondary structure, tertiary structure, quaternary structure. (*Suggerimento*: si veda pag. 37)
- 22 La struttura primaria di una proteina è data dalla sequenza di amminoacidi che compongono la proteina. (*Suggerimento*: si veda pag. 38)
- 23 Lo studio comparativo della sequenza di una medesima proteina isolata da organismi di specie diverse può fornire informazioni sull'evoluzione molecolare della proteina stessa e sull'evoluzione biologica delle specie studiate. (*Suggerimento*: si veda pag. 38)
- 24 La struttura secondaria rappresenta il livello più semplice di ripiegamento tridimensionale della proteina e corrisponde alla conformazione locale assunta da tratti più o meno lunghi della catena polipeptidica. (*Suggerimento*: si veda pag. 39)
- 25 I principali tipi di struttura secondaria delle proteine sono l' α -elica e il foglietto- β , strutture stabilizzate dalla formazione di numerosi legami a idrogeno fra i gruppi C=O e N—H della catena principale del polipeptide. (*Suggerimento*: si vedano pagg. 39-40)
- 26 Le proteine possono essere classificate in tre classi in base al contenuto di struttura secondaria: α , β e α/β . Le proteine α sono quelle in cui predomina la struttura ad α -elica; le proteine β sono quelle in cui predomina la struttura a foglietto- β ; le proteine α/β sono quelle in cui si ha una miscela dei due tipi di struttura secondaria. (*Suggerimento*: si veda pag. 40, paragrafo 3.6)

- 27 La struttura terziaria di una proteina è la conformazione tridimensionale complessiva della catena polipeptidica, che risulta dal ripiegamento nello spazio dell'intera catena proteica e comprende tutti gli elementi di struttura secondaria. (*Suggerimento*: si veda pag. 40, paragrafo 3.7)
- 28 Gli amminoacidi apolari della proteina si dispongono all'interno della molecola a formare un core idrofobo, in modo da allontanarsi dalle molecole d'acqua del solvente acquoso. (*Suggerimento*: si veda pag. 41)
- 29 Un legame disolfuro (S—S) si forma dalla reazione fra due gruppi sulfidrilici (o tiolo), —SH, appartenenti alle catene laterali di due cisteine. Le cisteine coinvolte possono anche essere lontane nella sequenza amminoacidica, ma vengono a trovarsi vicine a causa del ripiegamento spaziale della catena. (*Suggerimento*: si veda pag. 41)
- 30 Molte proteine sono composte dall'associazione di due o più catene polipeptidiche; l'organizzazione delle varie subunità di queste proteine viene definita struttura quaternaria. (*Suggerimento*: si veda pag. 42)
- 31 La denaturazione di una proteina consiste in un'alterazione irreversibile della sua conformazione nativa, che la rende incapace di svolgere il proprio ruolo biologico. La denaturazione può essere causata da agenti fisici, come il calore, o chimici, come i veleni e alcuni solventi. (*Suggerimento*: si veda pag. 43, paragrafo 3.8)
- 32 L'emoglobina è una proteina presente all'interno dei globuli rossi che ha la funzione di trasportare l'ossigeno nel sangue. È un tipico esempio di proteina con struttura quaternaria, in quanto è formata da quattro subunità uguali a due a due. (*Suggerimento*: si vedano pagg. 43-44)
- 33 Il gruppo prostetico dell'emoglobina è costituito dal gruppo eme, al cui centro si trova uno ione Fe^{2+} che ha la funzione di legare una molecola di O_2 . (*Suggerimento*: si veda pag. 43, paragrafo 3.9)
- 34 The normal haemoglobin blood concentration is about 12-16 g/100 mL. (*Suggerimento*: si veda pag. 44)
- 35 La cooperatività è un fenomeno che riguarda alcune proteine con struttura quaternaria: il legame di un ligando ad una subunità facilita il legame di altre molecole di ligando alle altre subunità. Le quattro subunità che formano l'emoglobina sono caratterizzate da un meccanismo di cooperatività, per cui la presenza delle quattro catene proteiche rende più efficiente il trasporto di ossigeno. (*Suggerimento*: si veda pag. 44)
- 36 La curva di legame dell'emoglobina all'ossigeno ha un andamento sigmoidale e questo riflette la cooperatività fra le quattro subunità proteiche. La mioglobina, una proteina simile all'emoglobina ma con struttura monomerica e quindi priva di cooperatività, ha una curva di legame iperbolica. Dalla curva si può vedere che l'emoglobina lega ossigeno a valori caratteristici del sangue arterioso (100 mmHg) e libera ossigeno a valori di pO_2 caratteristici del sangue venoso (30 mmHg). (*Suggerimento*: si veda pag. 44)