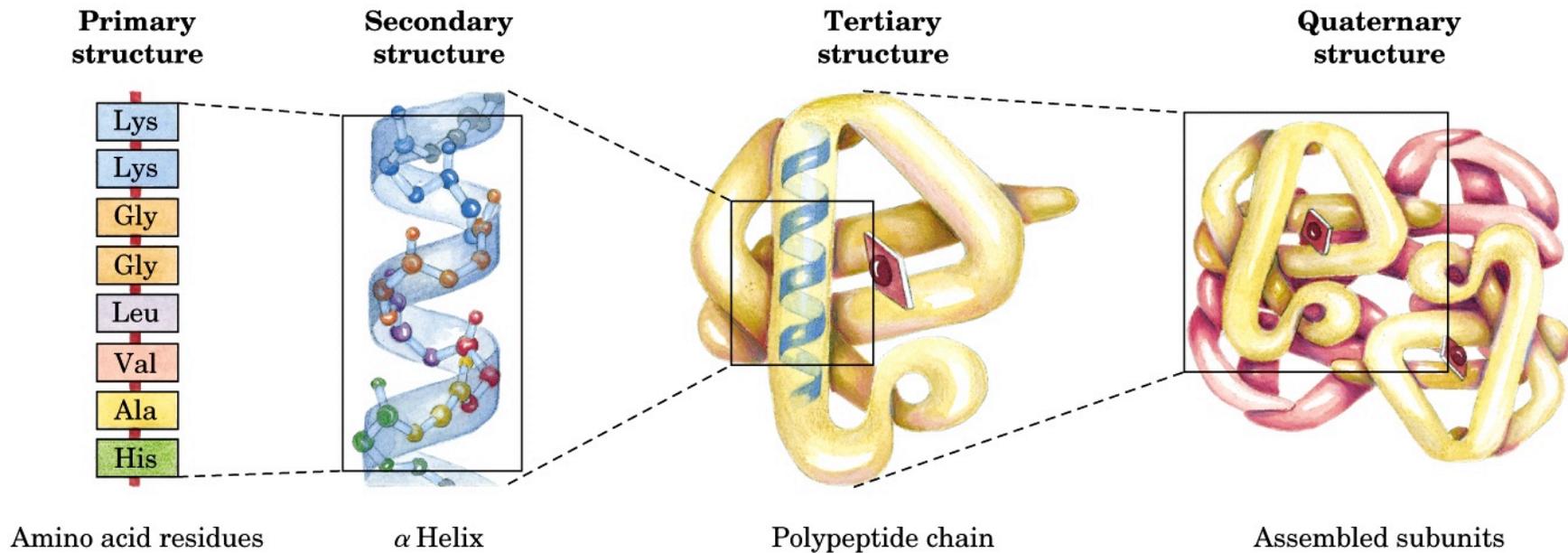


La sequenza amminoacidica di una proteina ne determina la struttura secondaria, terziaria e quaternaria



La struttura secondaria:

- le catene polipetidiche si possono ripiegare in strutture regolari come l'alfa-elica e foglietto beta

**Perche' una proteina in soluzione possiede
forma e struttura proprie?**

MOTIVAZIONI ENERGETICHE

**Qualsiasi molecola (quindi anche le proteine),
in soluzione acquosa assume tra tutte le strutture
rese possibili dalle caratteristiche strutturali che
contraddistinguono la molecola stessa
la struttura a minor contenuto energetico**

MOTIVAZIONI STRUTTURALI

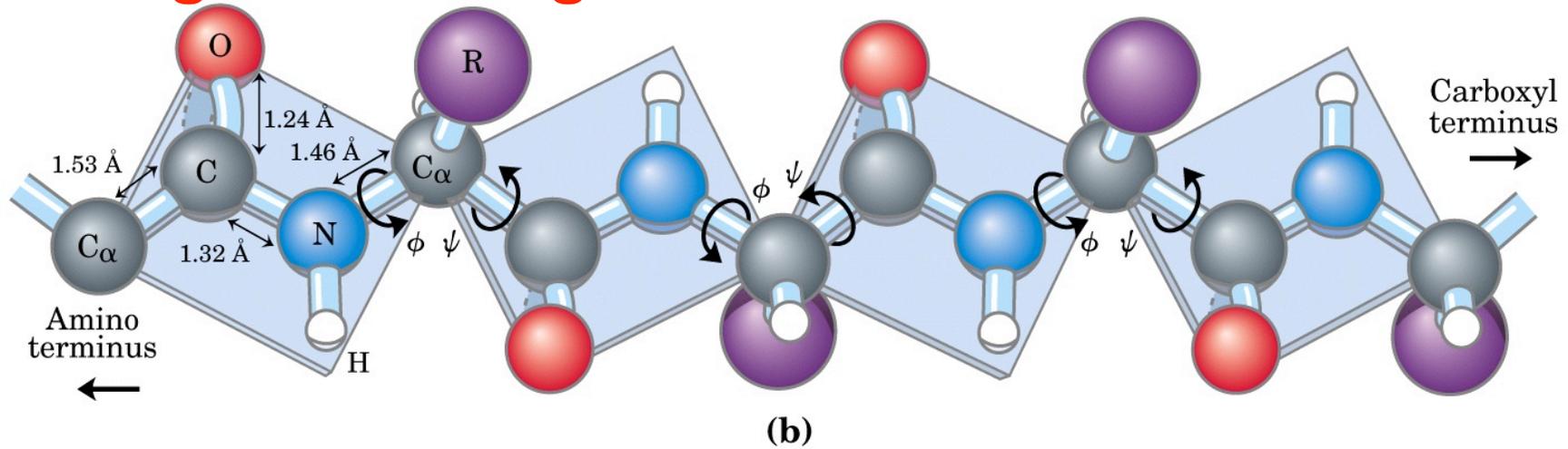
Lunghezza e angoli di legame

Ingombro sterico: raggi di Van der Waals

Rotazione attorno al C α

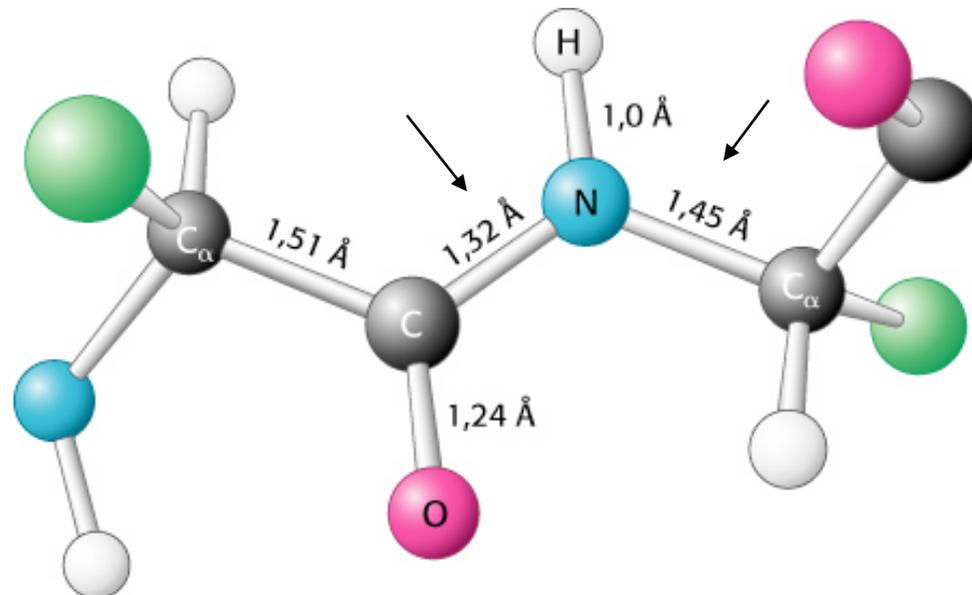
Rotazione intorno ai legami Φ e Ψ

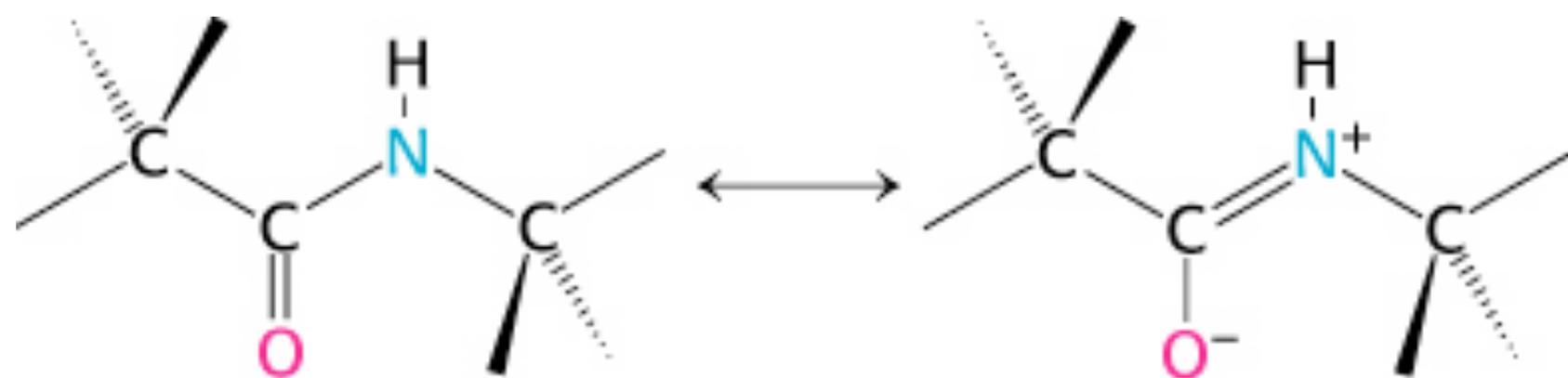
Lunghezze di legame



Tipiche lunghezze di legame di una unità peptidica

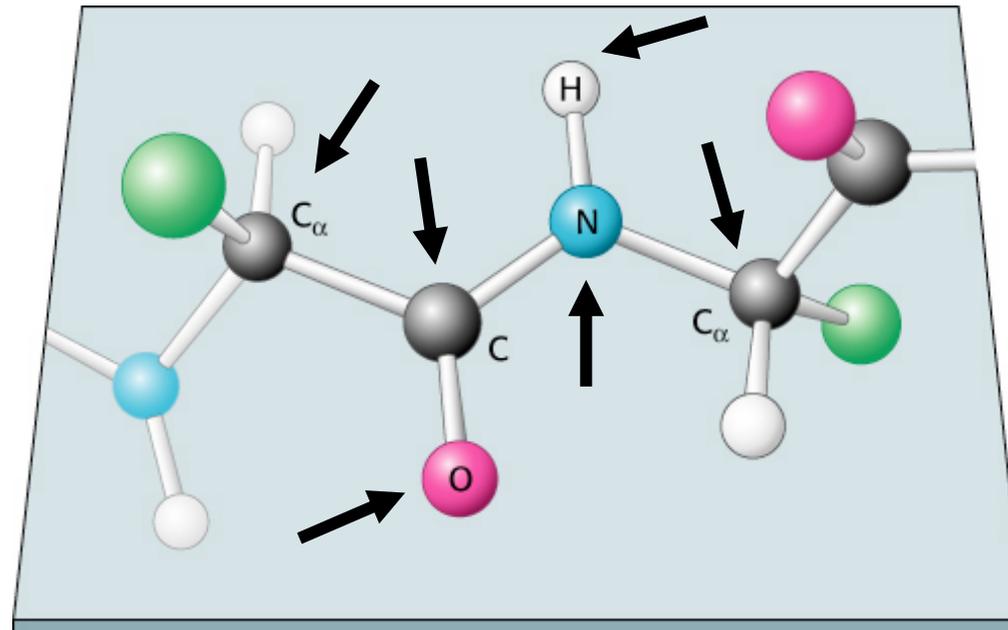
Le lunghezze di legame indicano il carattere di doppio legame





Strutture di risonanza del legame peptidico

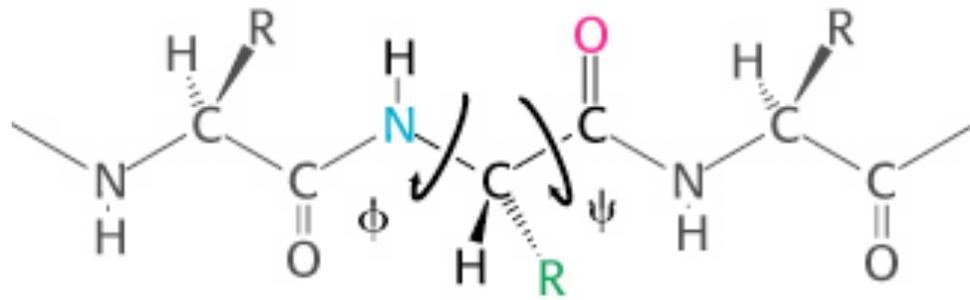
I legami peptidici sono planari



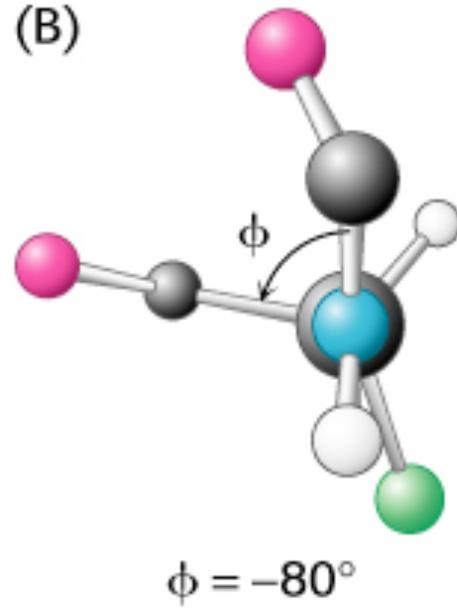
Gli atomi indicati dalle frecce si trovano sullo stesso piano

Rotazione attorno al C α

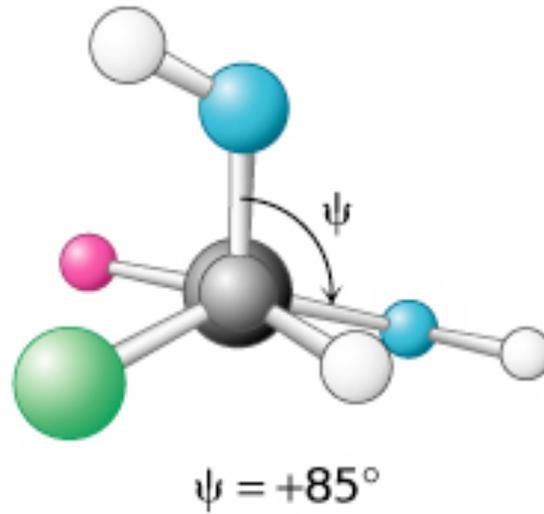
(A)



(B)

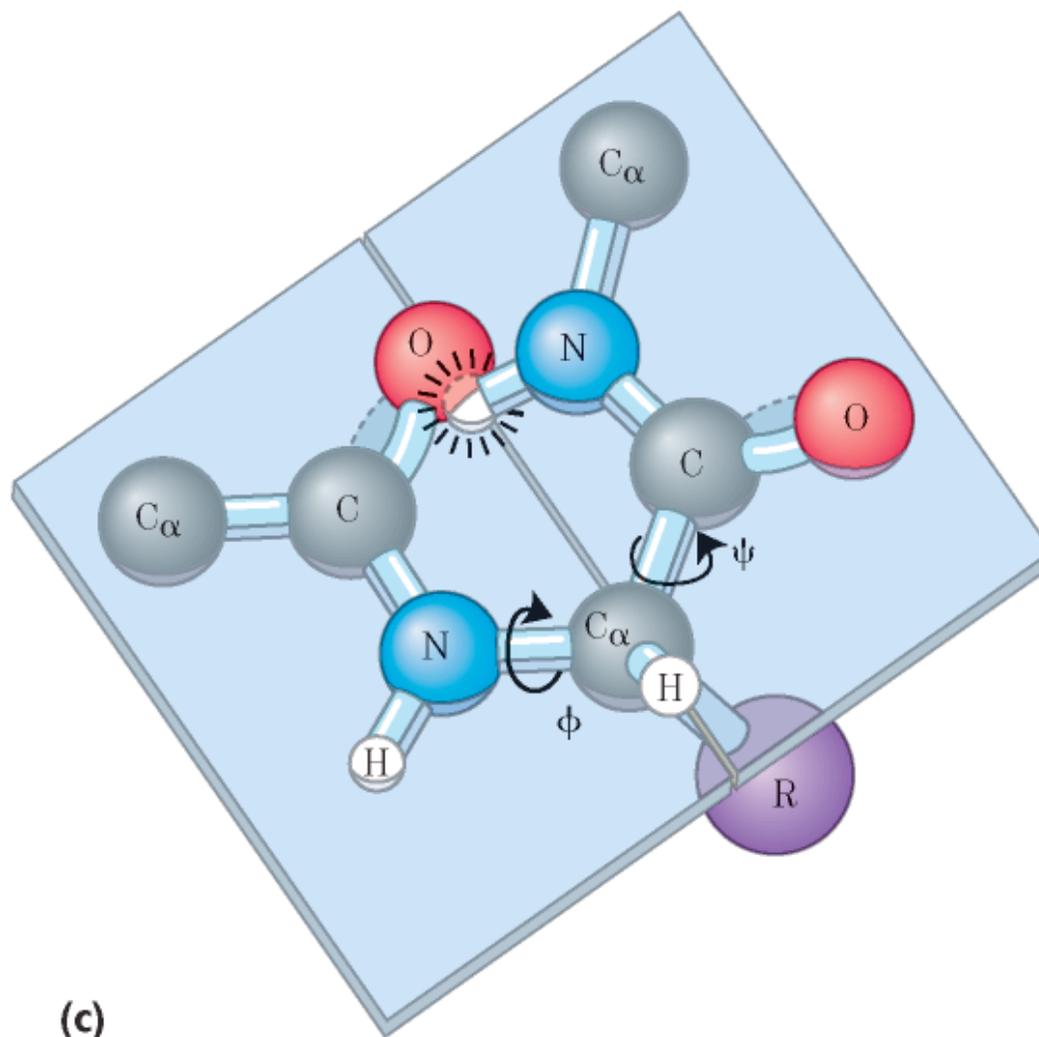


(C)

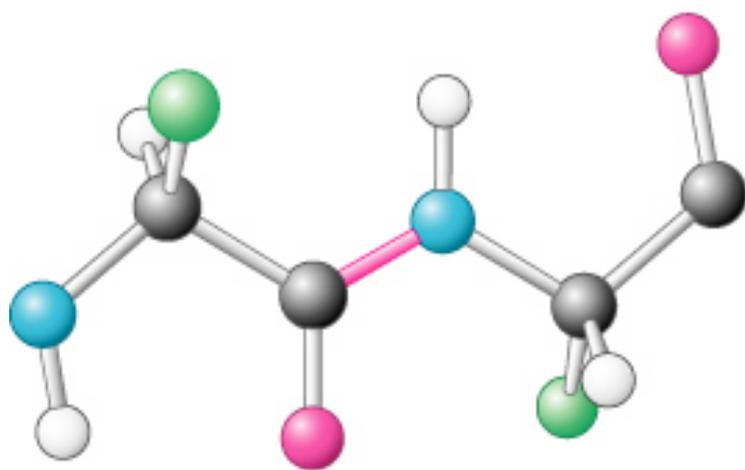


Rotazione intorno ai legami di un polipeptide

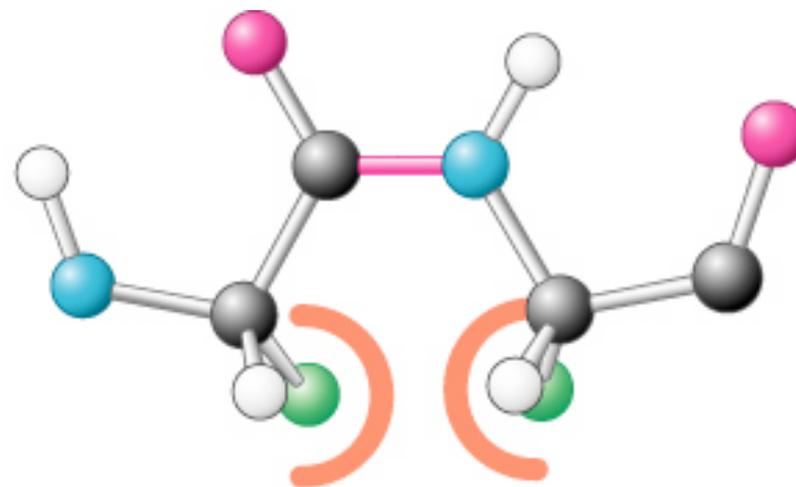
Per convenzione Φ e Ψ sono uguali a 0 in questa configurazione (impossibile)



Ingombro sterico: raggi di Van der Waals

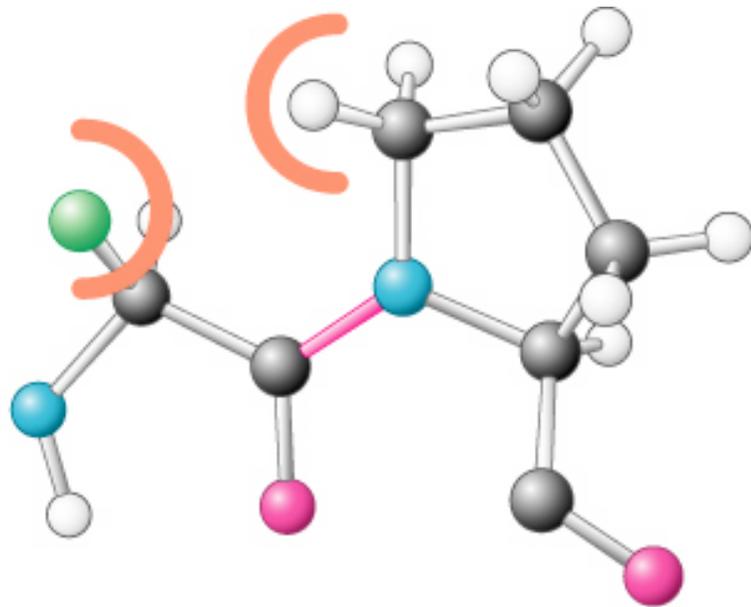


Trans

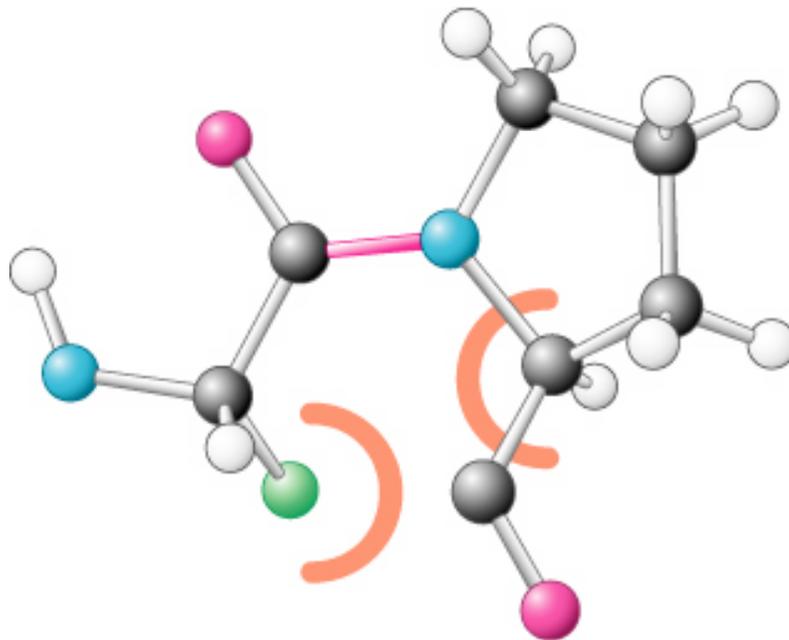


Cis

La forma *trans* è favorita perché implica minore interferenza sterica rispetto alla forma *cis*



Trans

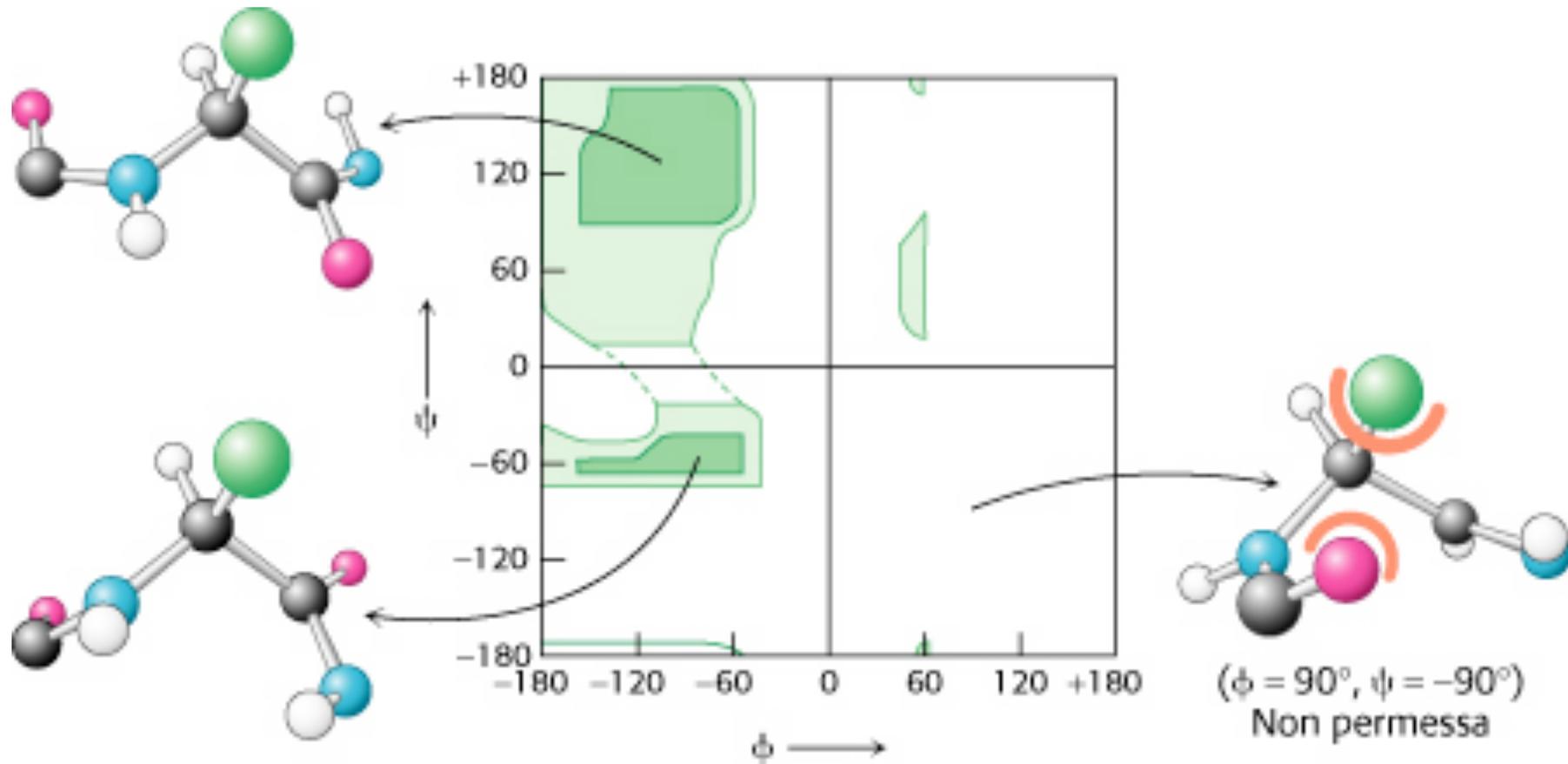


Cis

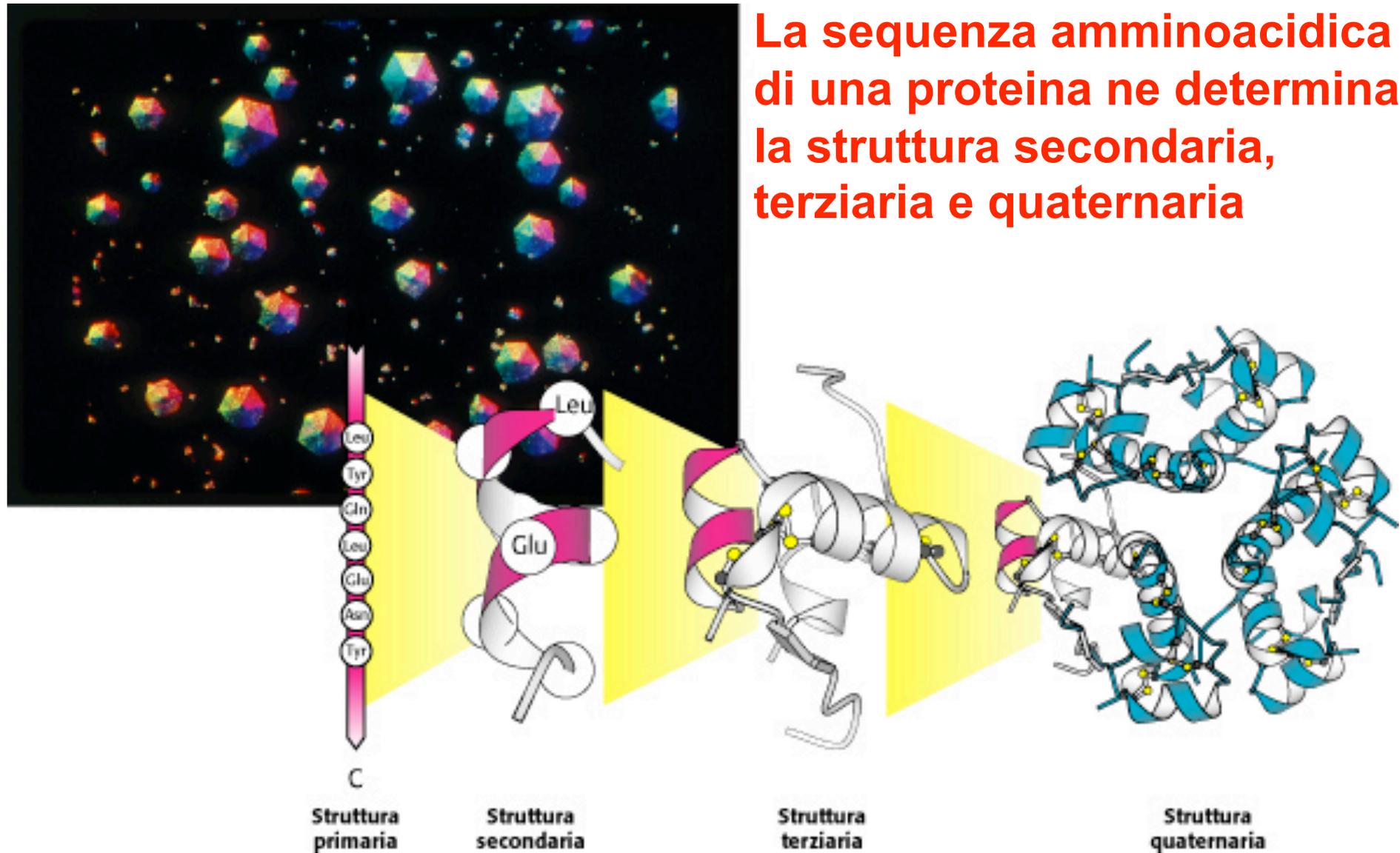
Nel caso del legame fra la Pro e qualsiasi altro aa, le forme trans e cis sono ugualmente stabili, in quanto sono simili le interferenze steriche

GRAFICO DI RAMACHANDRAN

Molte conformazioni non sono permesse per impedimenti sterici



La sequenza amminoacidica di una proteina ne determina la struttura secondaria, terziaria e quaternaria

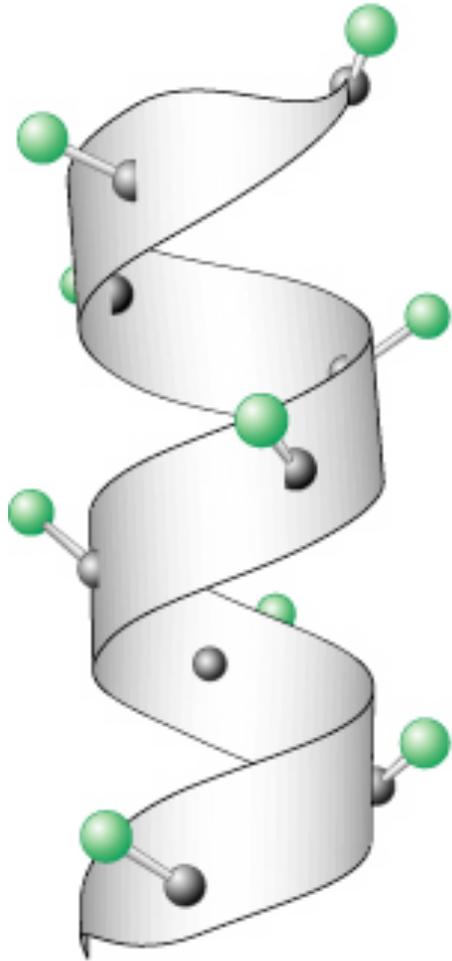


La struttura secondaria: le catene polipetidiche si possono ripiegare in strutture regolari come l'alfa-elica e foglietto beta

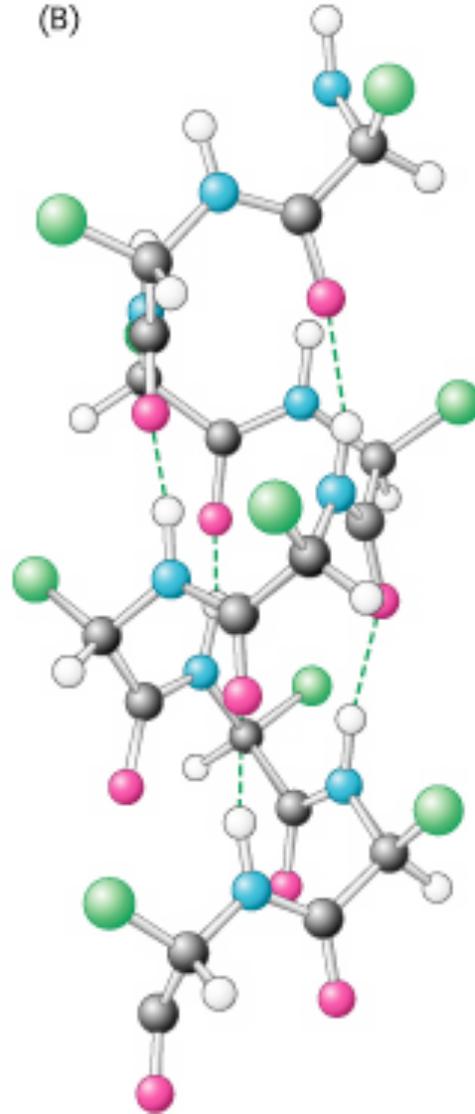
La STRUTTURA SECONDARIA si riferisce alla disposizione nello spazio di residui amminoacidici vicini nella sequenza lineare o nello spazio.

ALFA ELICA

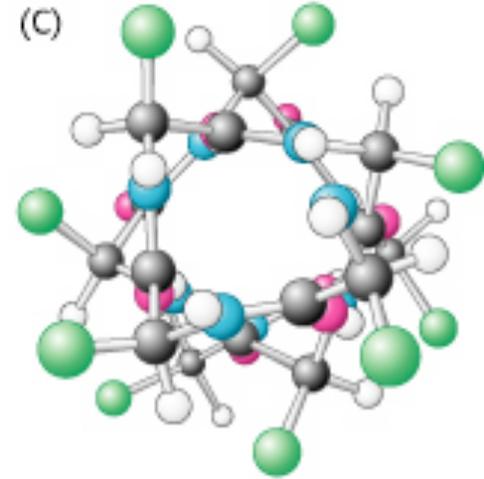
(A)



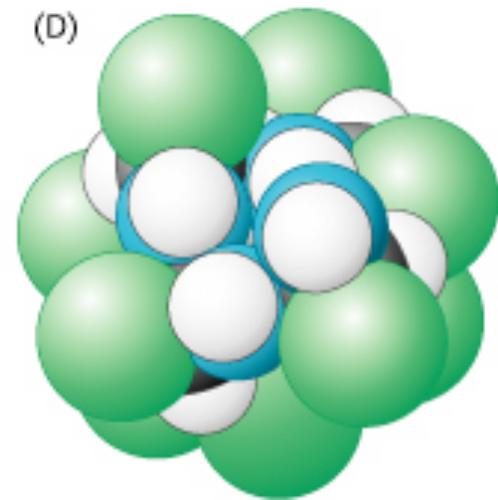
(B)



(C)

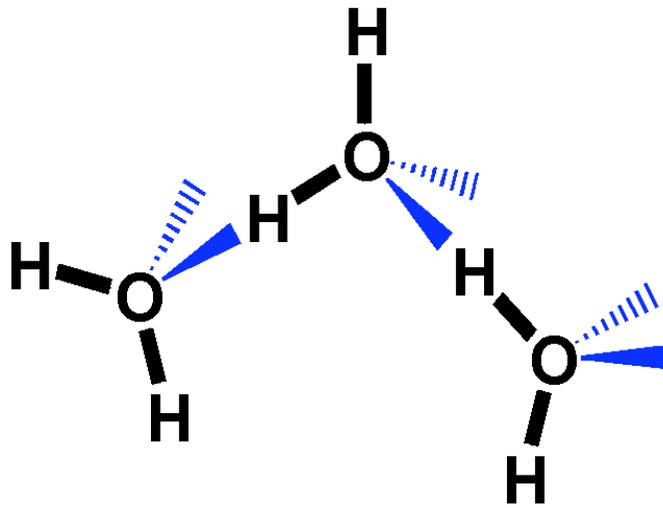


(D)



Le strutture secondarie sono stabilizzate da:

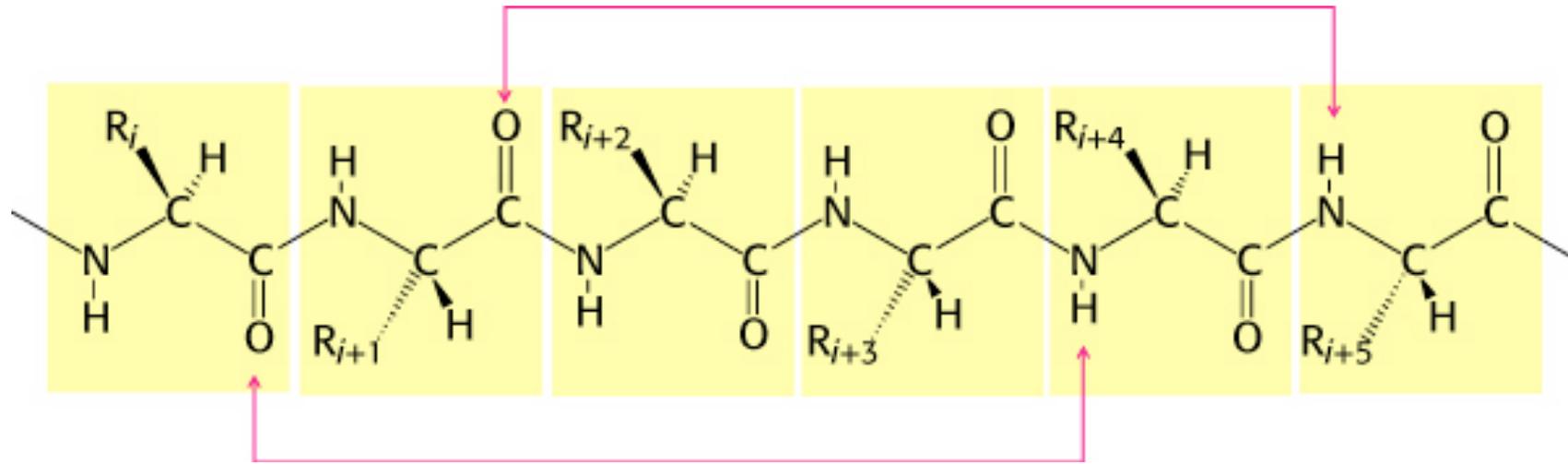
Legami IDROGENO



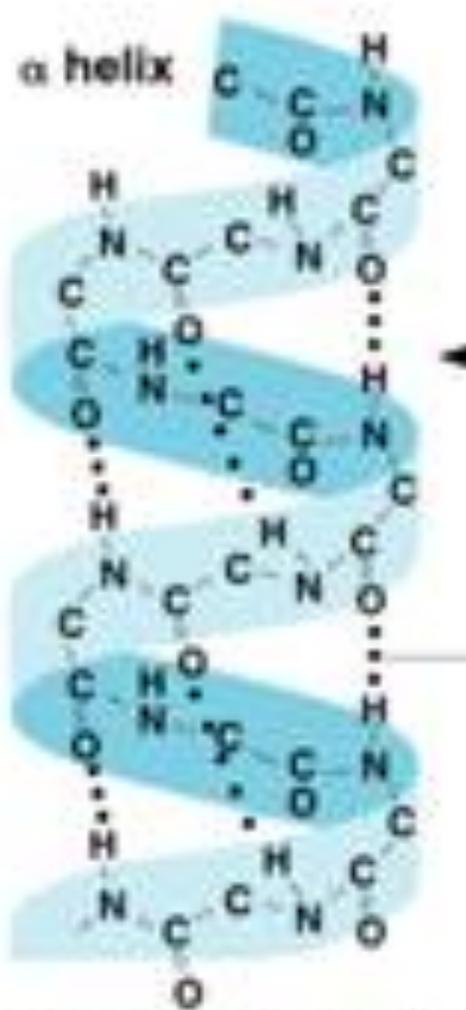
Partner: {
-F----H
-N----H
-O----H

Forza: 20 Kj/mole

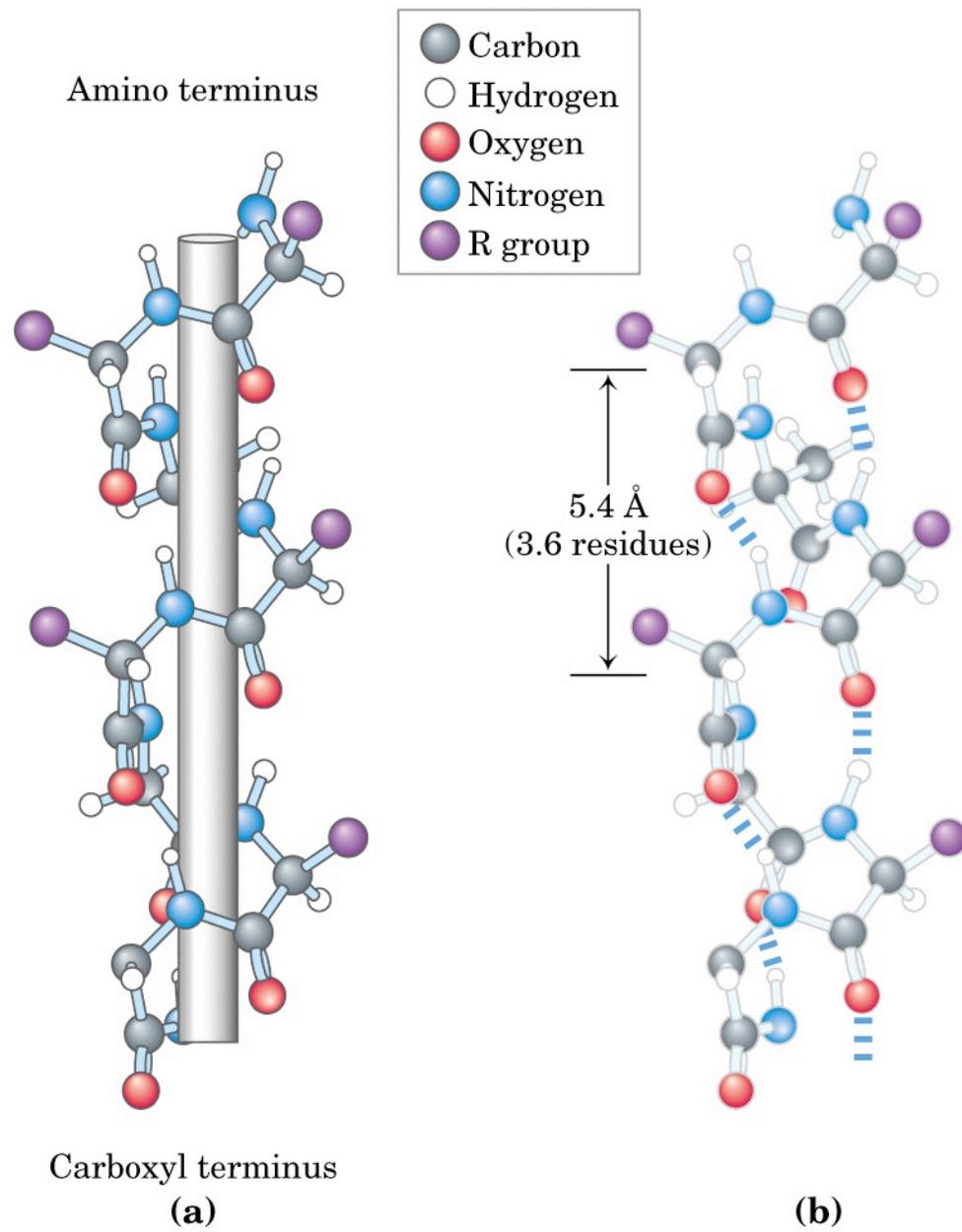
Caratteristiche: cooperativita'
direzionalita'

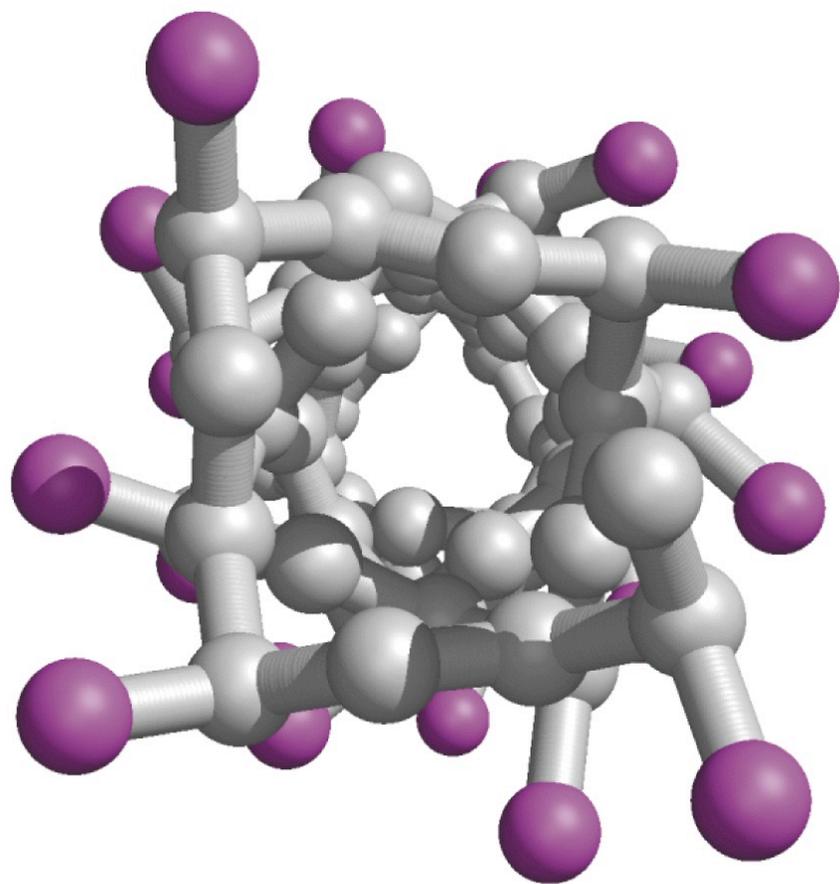


Nell'alfa elica il gruppo C=O di un residuo i forma un legame a ponte di idrogeno con il gruppo N-H del residuo $i+4$

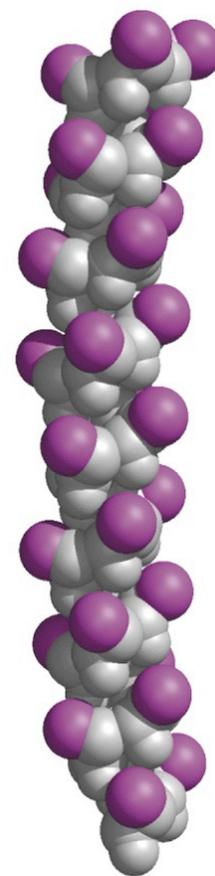


©1999 Addison Wesley Longman, Inc.

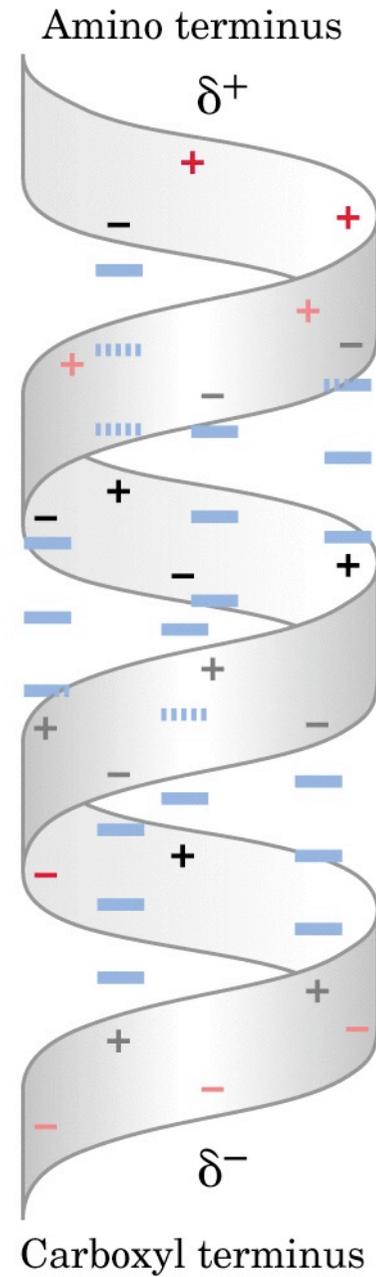
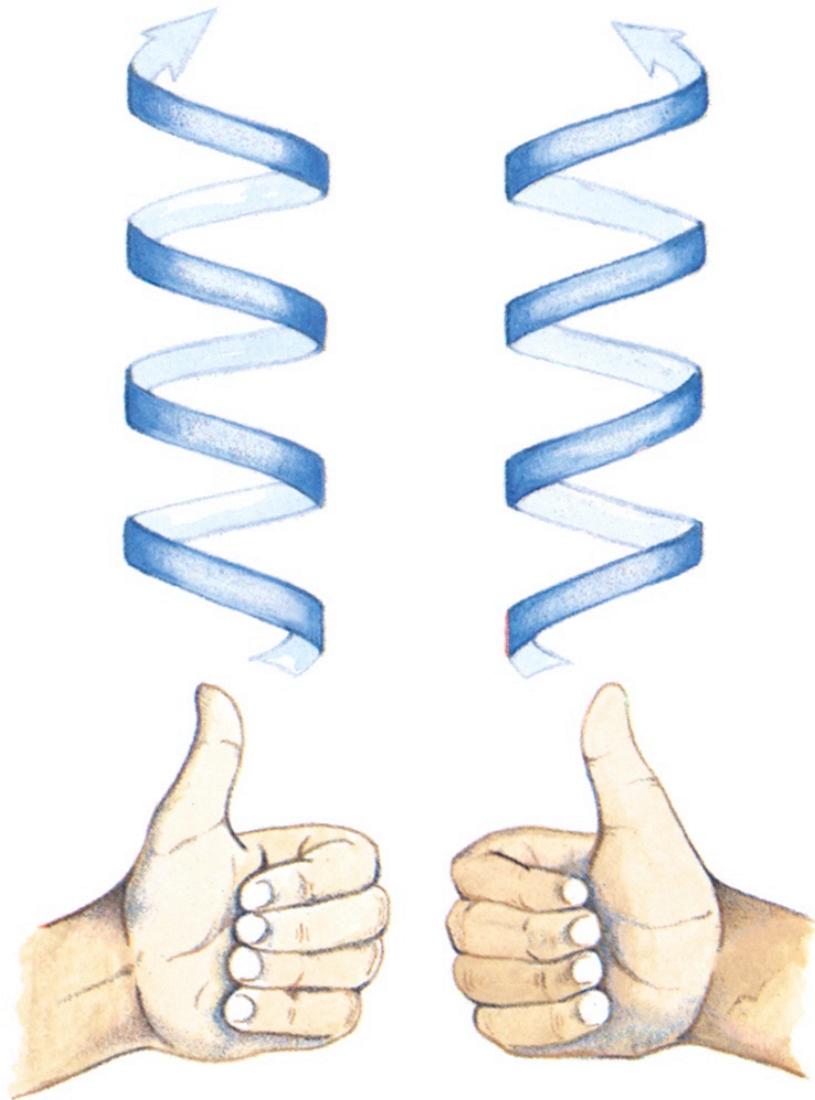




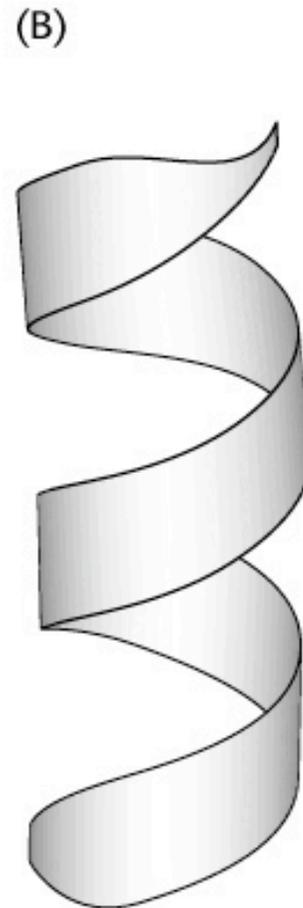
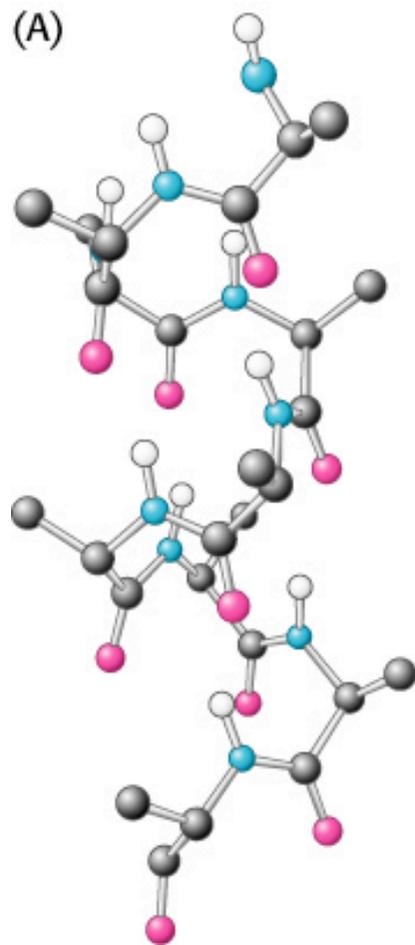
(c)



(d)

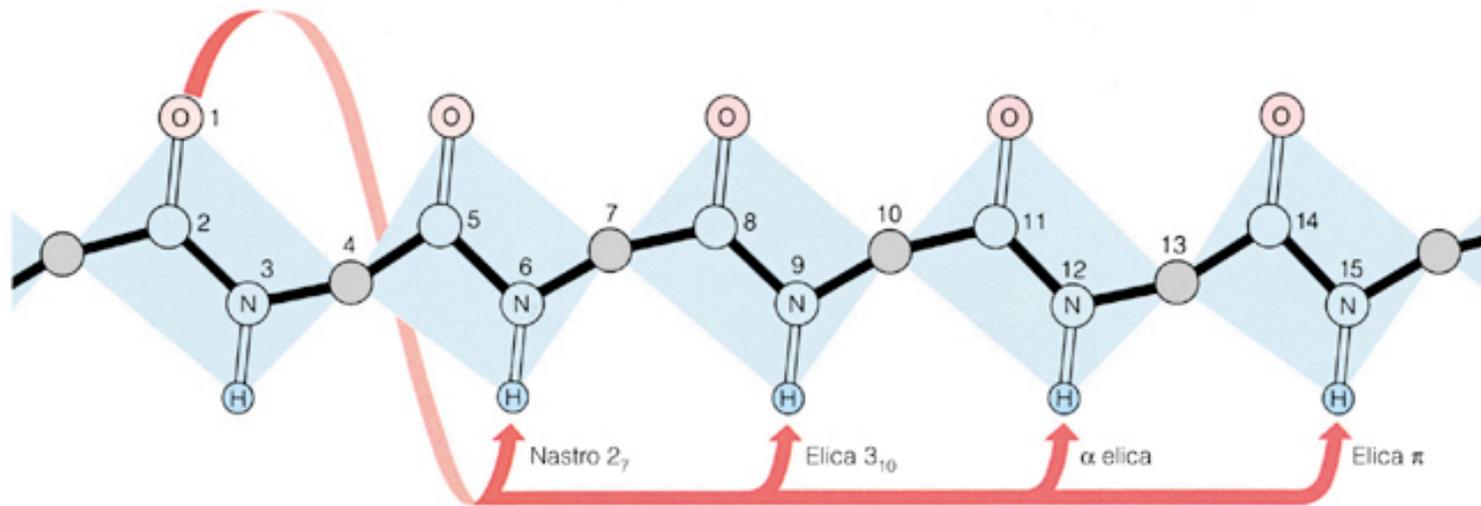


L'alfa elica può essere dextrorotaria o levorotaria

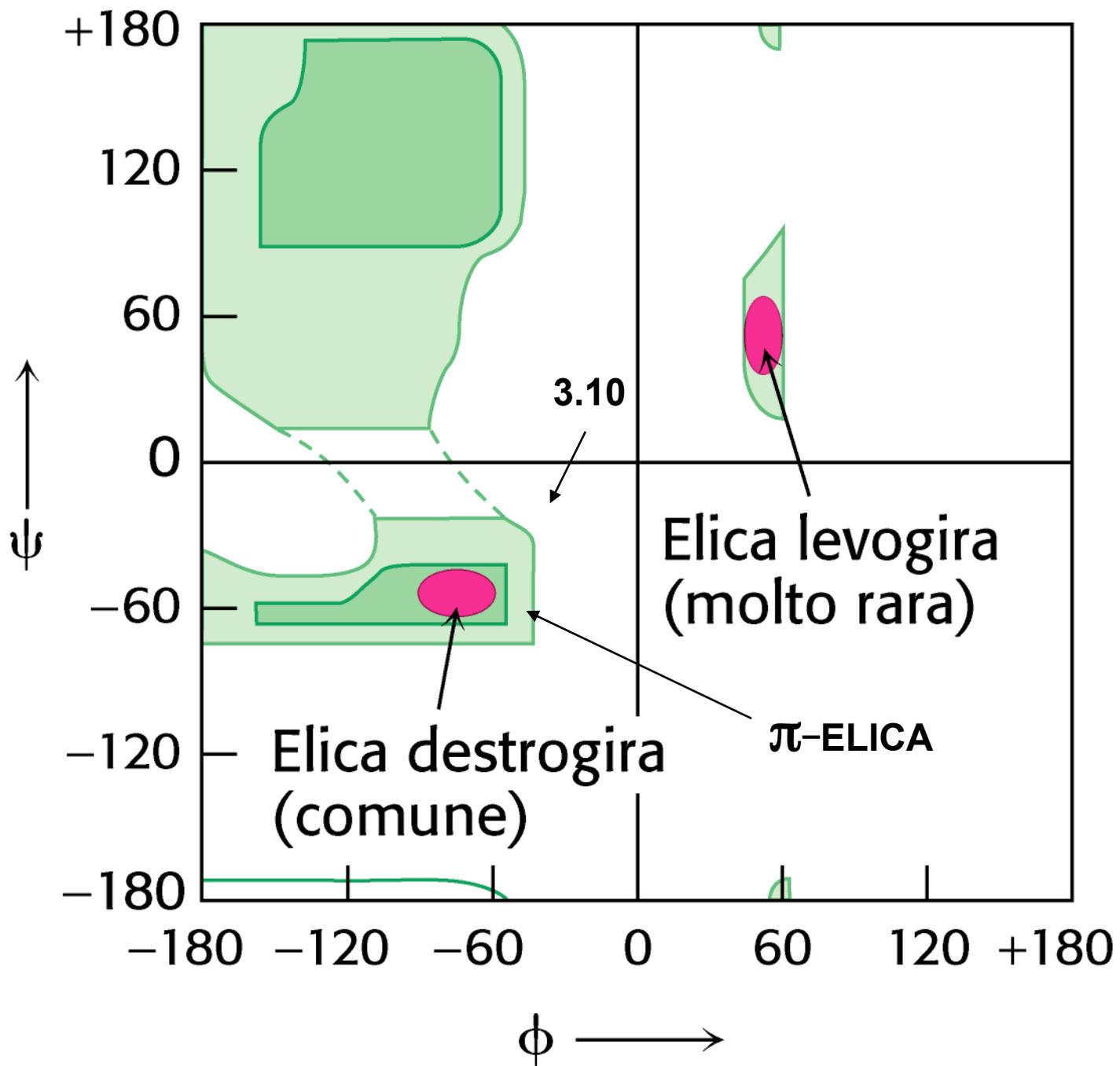


Rappresentazioni schematiche dell'alfa elica

VARIAZIONI DI ALFA ELICA (rare)

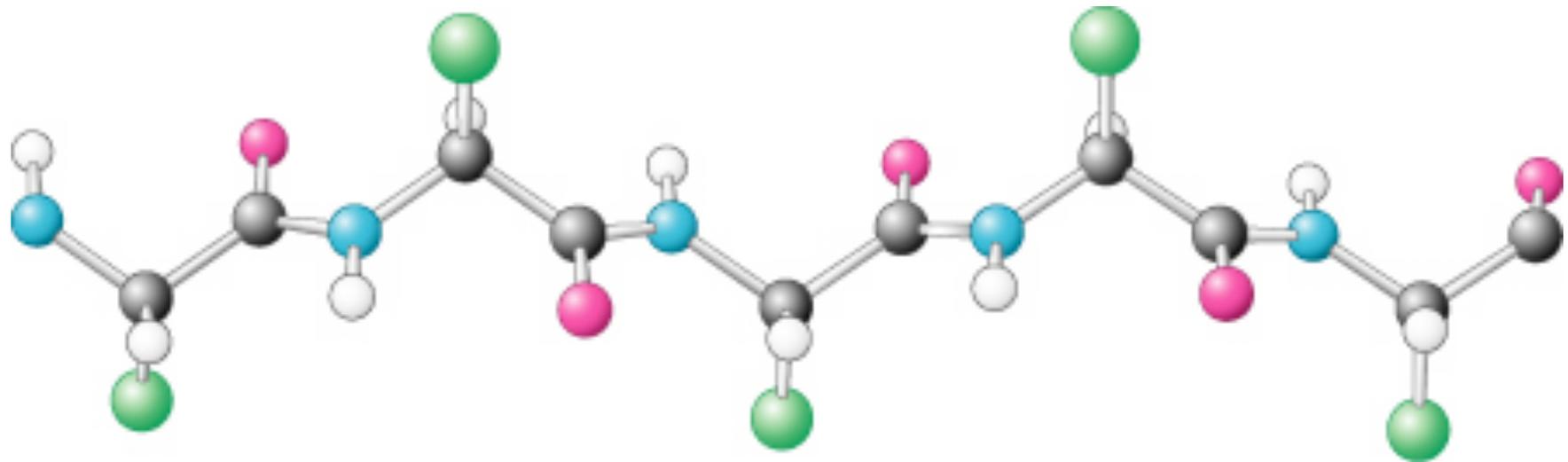


	NASTRO 2₇	ELICA 3₁₀	α ELICA	ELICA π
n° residui per giro	2	3	3.6	4.4
n° atomi tra legame idrogeno	7	10	13	16

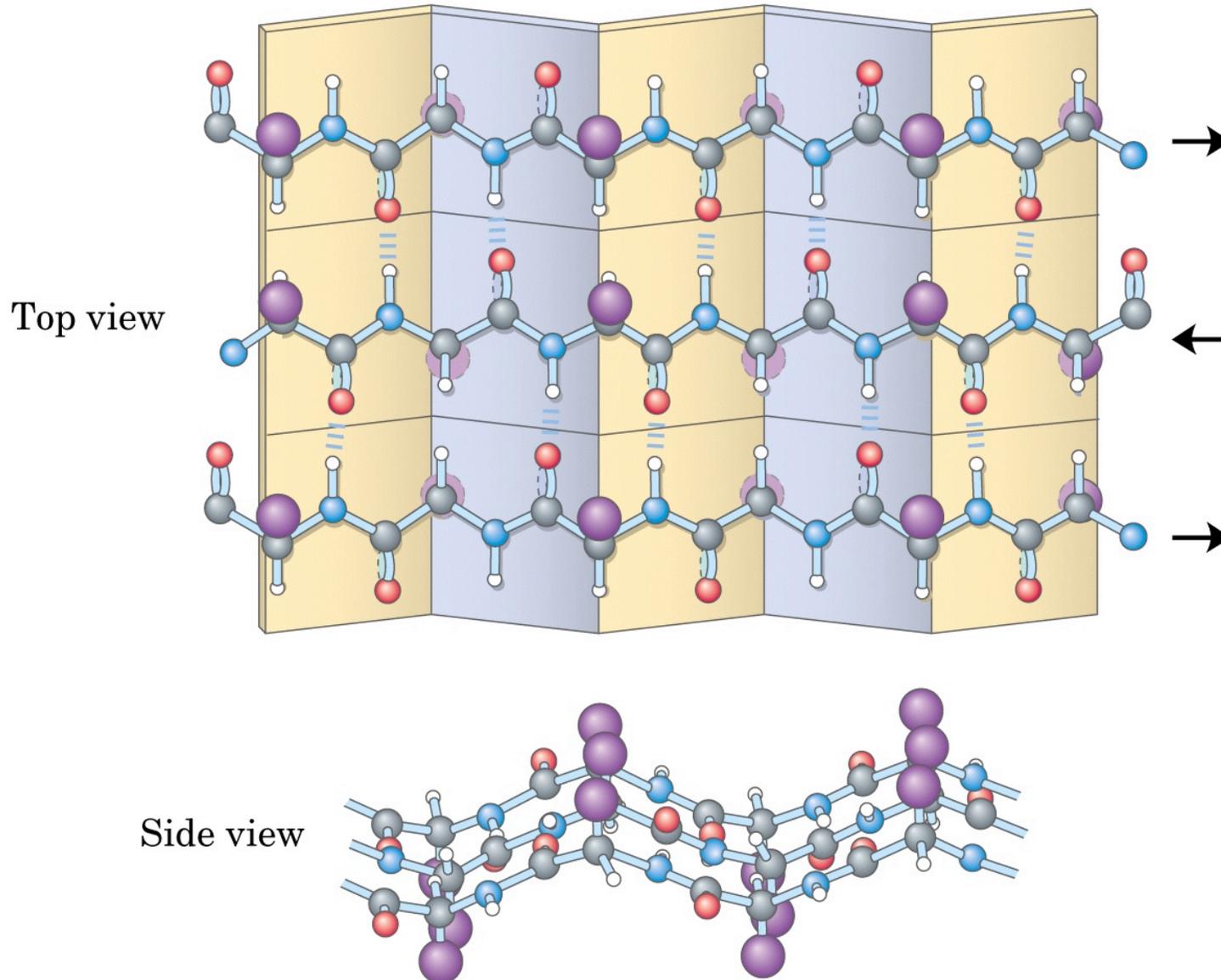


IL FOGLIETTO BETA

Nella struttura di una catena beta le catene laterali, in verde, sono alternativamente sopra o sotto il piano della catena

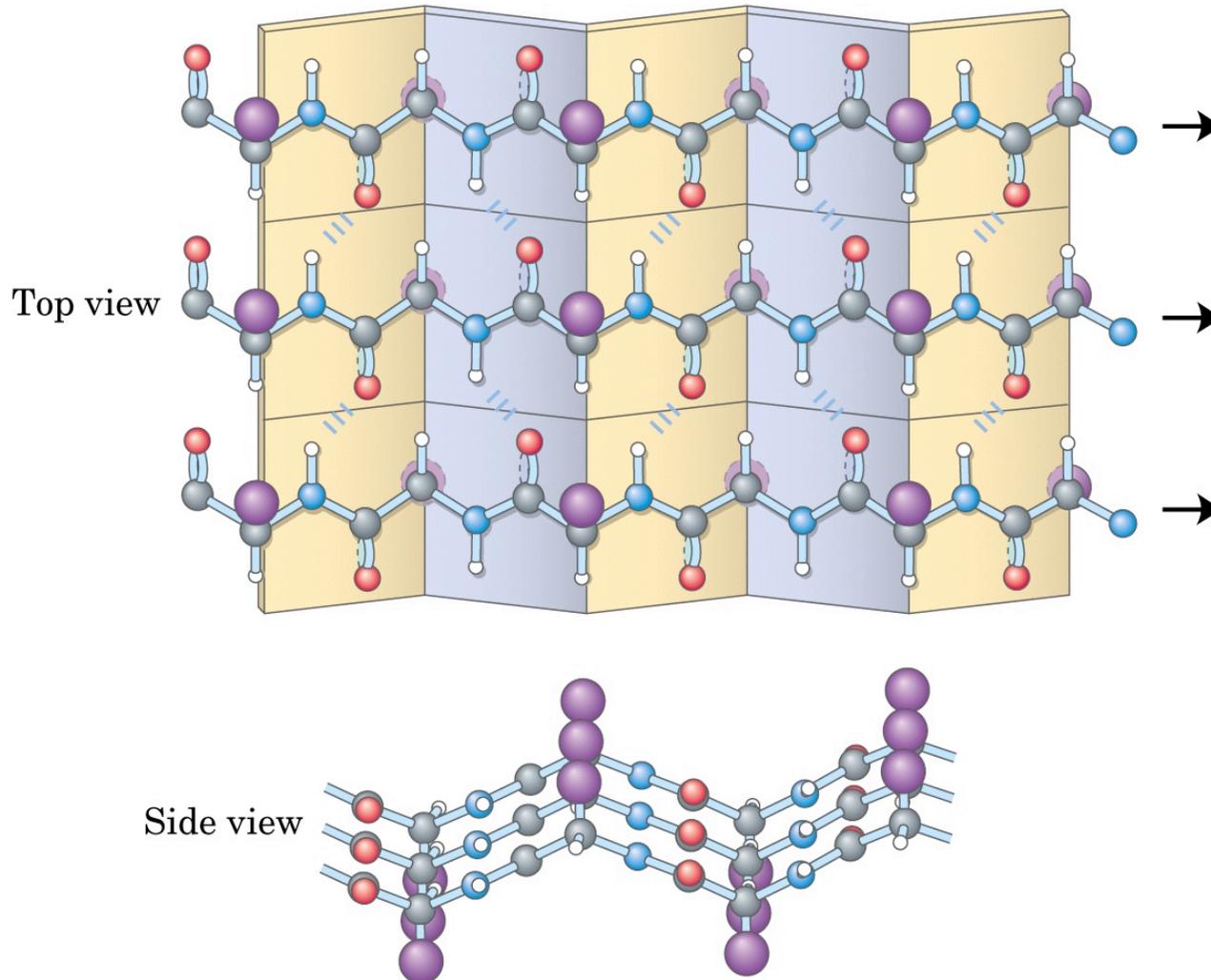


Catene beta adiacenti hanno direzione opposta. I legami idrogeno tra i gruppi N-H e C=O di filamenti adiacenti stabilizzano la struttura
(a) Antiparallela



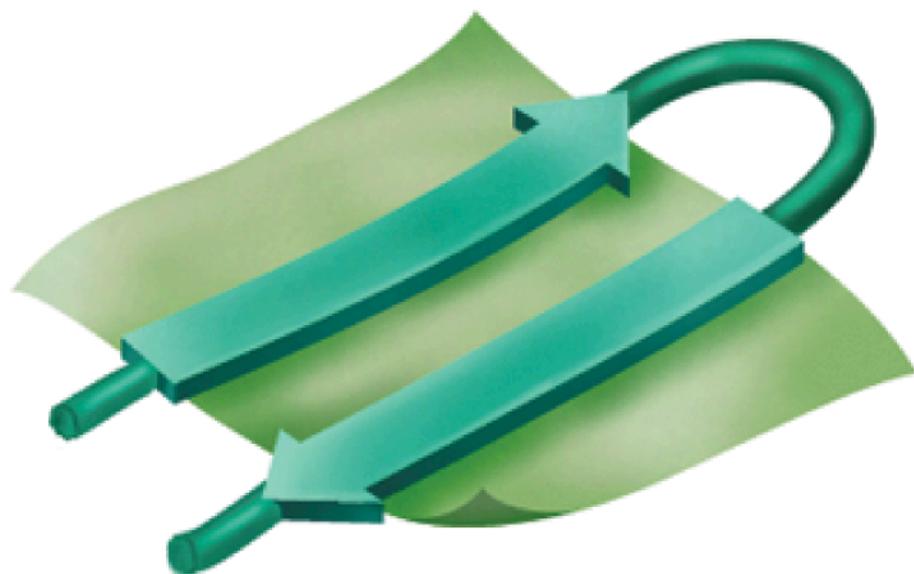
Catene beta adiacenti hanno la stessa direzione. I legami idrogeno uniscono ogni amminoacido di una catena con due diversi della catena adiacente.

(b) Parallel



Esempio FOGLIETTI BETA PARALLELI ED ANTIPARALLELI

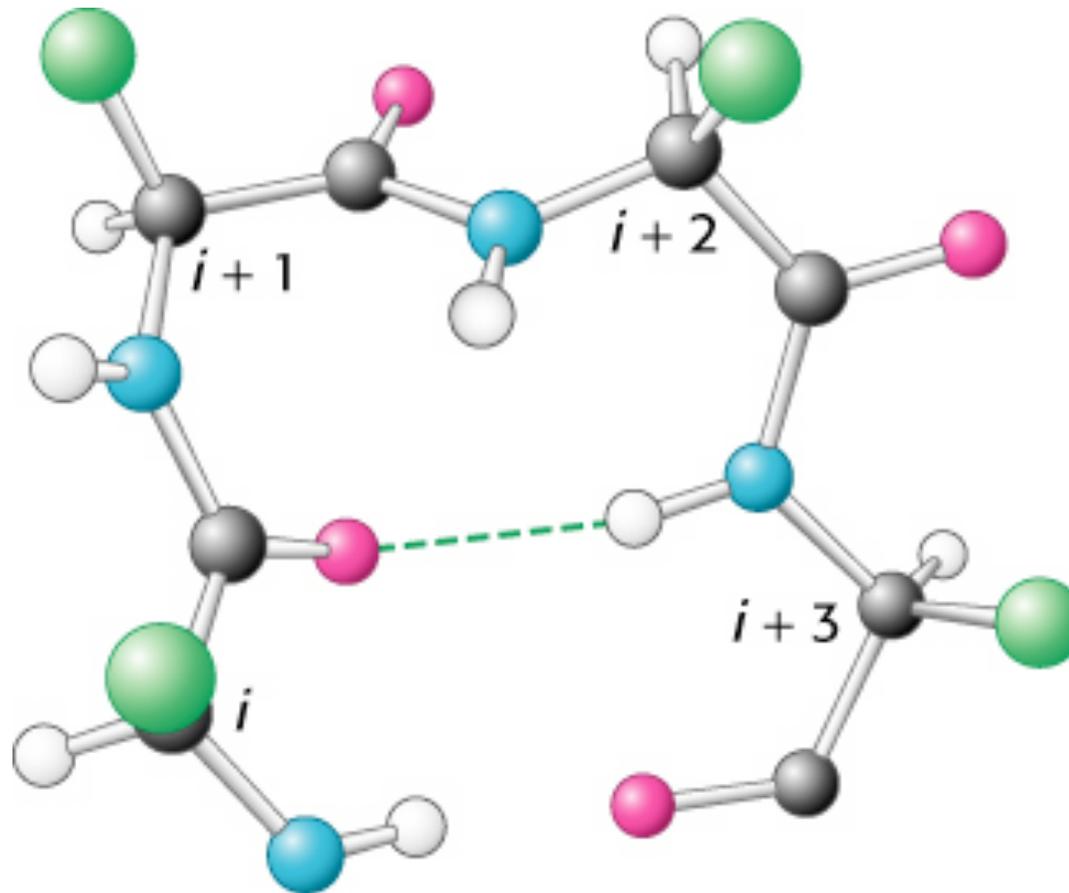
(a)



(b)



RIPIEGAMENTO β



Struttura secondaria: il gruppo C=O del residuo i della catena polipeptidica è unito con legame ad idrogeno al gruppo N-H del residuo $i+3$, stabilizzando la struttura

α elica

Conformazione β

Ripiegamento β

