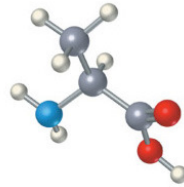
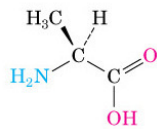


Amminoacidi

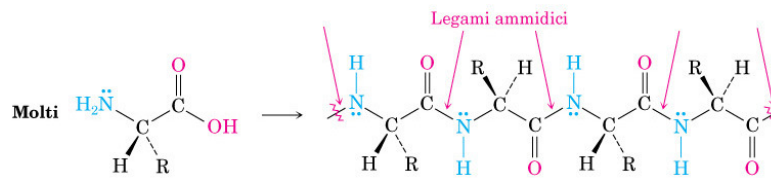
Amminoacidi: composti bifunzionali



Alanina (un amminoacido)

Contengono un gruppo acido ed uno basico

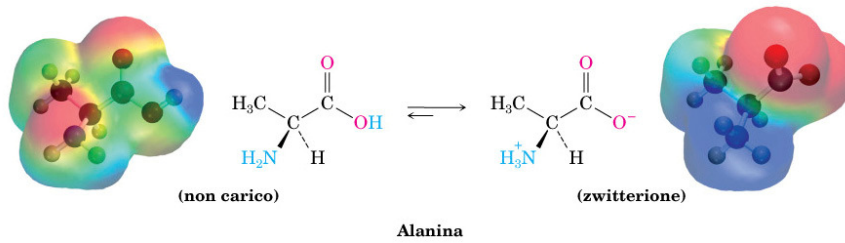
Amminoacidi: peptidi



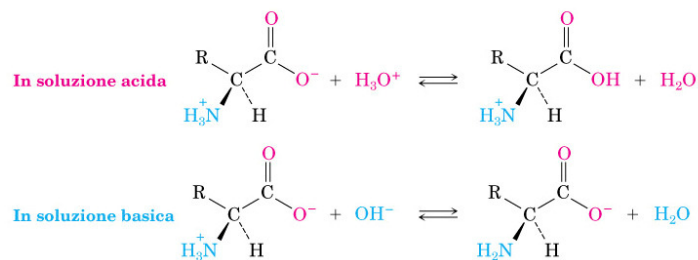
Unità strutturali delle proteine (o peptidi se <50 a.a.)

Amminoacidi: zwitterioni

Sono soggetti a reazione acido-base intramolecolare
esistono principalmente in forma di ione dipolare o zwitterione



Sono anfoteri (possono reagire sia come basi che come acidi)

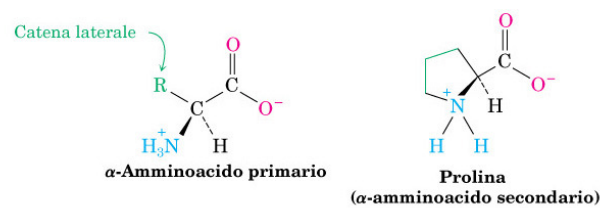


Amminoacidi: alpha-amminoacidi

Gli a.a. comuni presenti nelle proteine sono 20

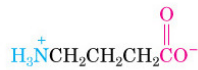
si tratta di **α-amminoacidi**

19 di 20 sono ammine primarie e differiscono solo per la natura del sostituente in α: la catena laterale
la prolina è secondaria (anello pirrolidinico)



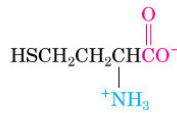
Amminoacidi

Altri amminoacidi non proteici importanti:



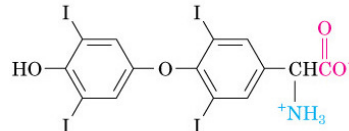
**Acido γ -ammino-
butirrico**

Neurotrasmettitore nel cervello



Omocisteina

Presente nel sangue,
legata a disturbi delle coronarie



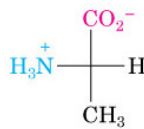
Tiroxina

Ormone tiroideo

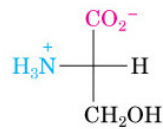
Amminoacidi: chiralità

degli amminoacidi proteici solo la glicina non è chirale

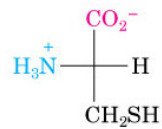
Proiezioni di Fischer



**L-Alanina
(S)-Alanina**

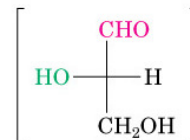


**L-Serina
(S)-Serina**



**L-Cisteina
(R)-Cisteina**

L-amminoacidi

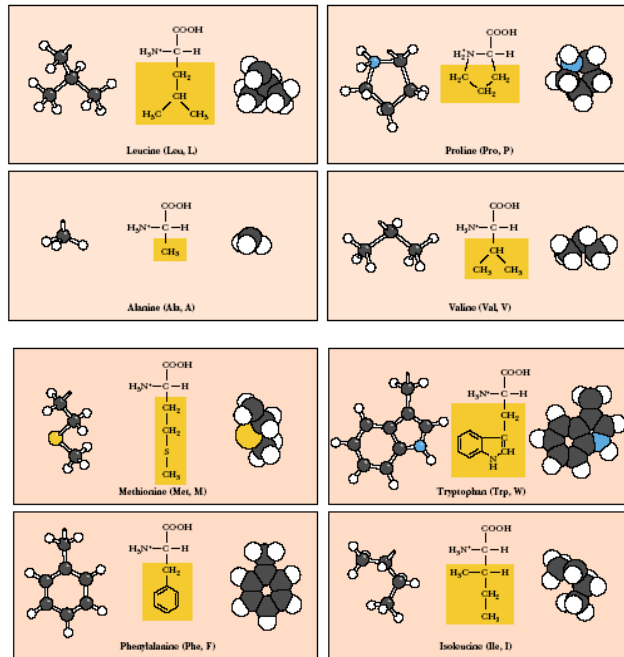


L-Gliceraldeide

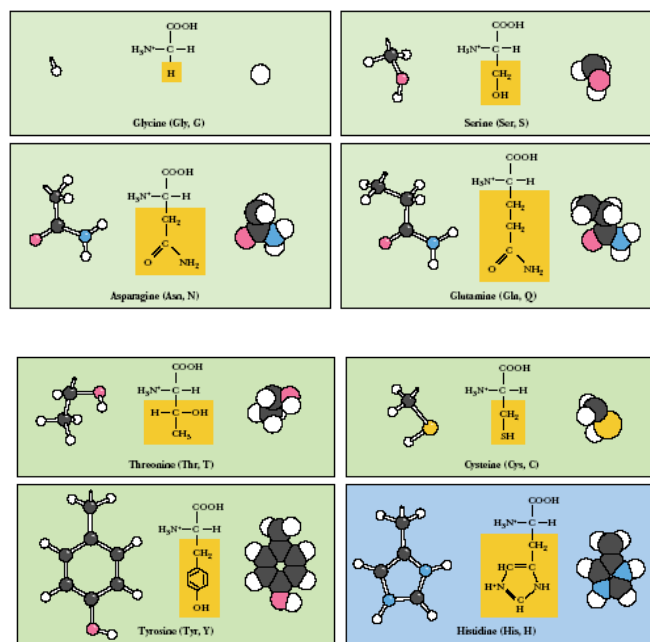
L-carboidrati

Amminoacidi: proprietà

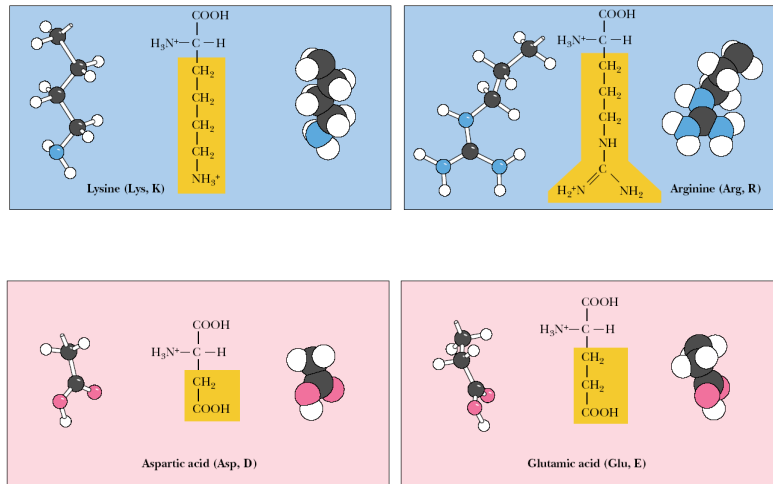
I 20 a.a. comuni sono distinti in neutri, acidi e basici in base alla natura della catena laterale



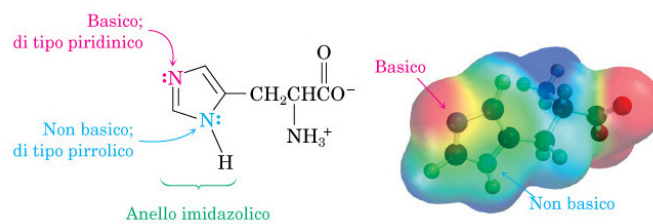
Amminoacidi: proprietà



Amminoacidi: proprietà



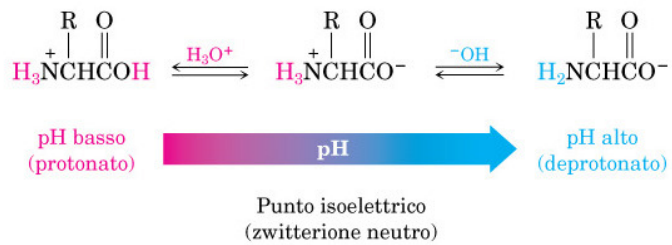
Amminoacidi: proprietà



La protonazione è influenzata dal pH – quello fisiologico è circa 7.3

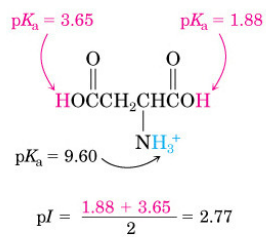
Gli esseri umani sono in grado di sintetizzare solo 10 dei 20 a.a. proteici, gli altri (detti a.a. essenziali) devono essere assunti con l'alimentazione

Punto isoelettrico

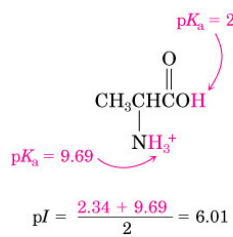


E' il valore di pH in cui l'a.a. è globalmente neutro

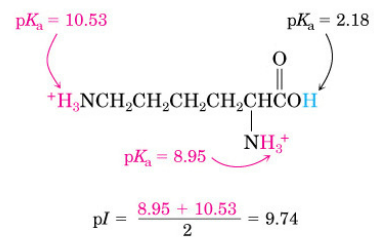
Punto isoelettrico



Amminoacido acido
Acido aspartico



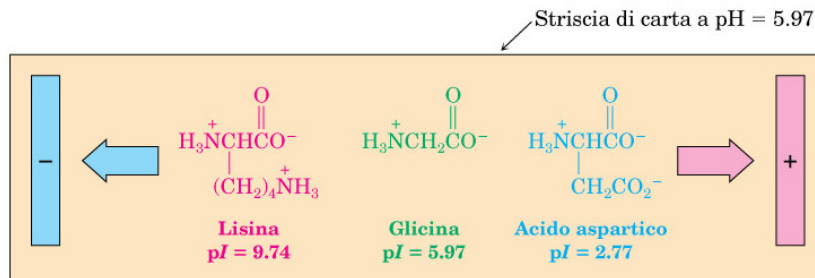
Amminoacido neutro
Alanina



Amminoacido basico
Lisina

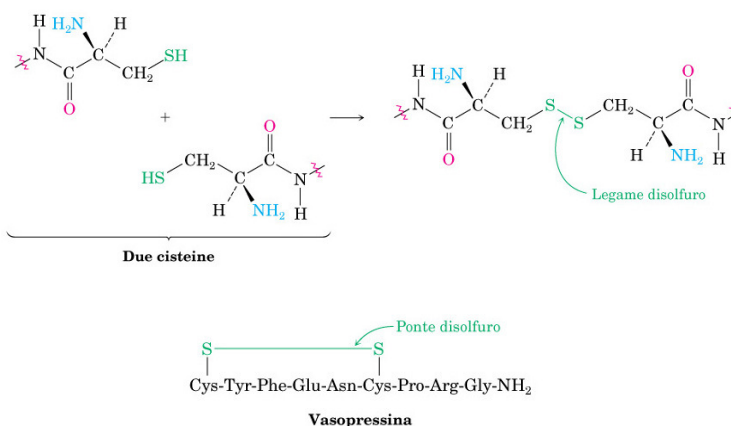
Elettroforesi

Separazione di una miscela di aminoacidi mediante elettroforesi. A pH = 5.97 le molecole di glicina sono per lo più neutre e non migrano, le molecole di lisina sono protonate e migrano verso l'elettrodo negativo e le molecole di acido aspartico sono deprotonate e migrano verso l'elettrodo positivo.



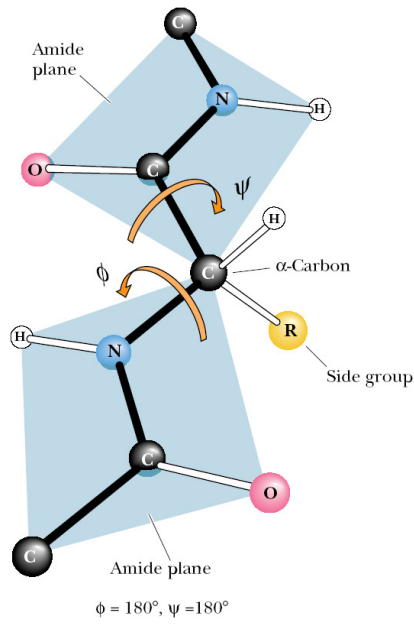
Peptidi

Il legame disolfuro



Può unire a.a. della stessa catena o di catene diverse

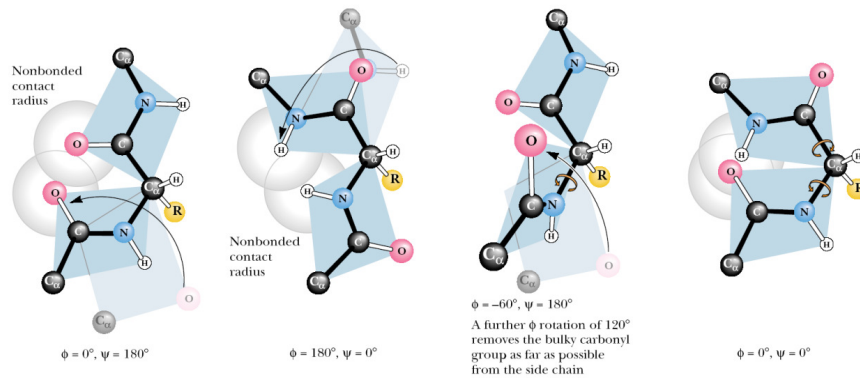
Proteine



Sul legame ammidico c'è una barriera rotazionale di $88 \text{ sen}^2\theta \text{ kJmol}^{-1}$ a causa del parziale carattere di doppio legame

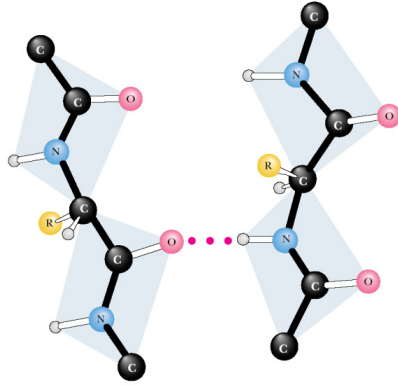
Per ogni amminoacido esistono due gradi di libertà rotazionali

Proteine



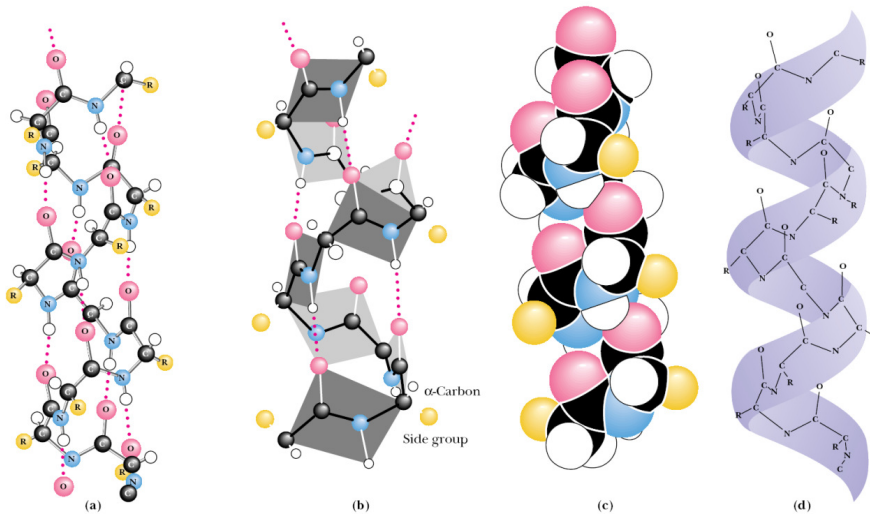
In realtà non tutti gli angoli sono ugualmente possibili ed alcune conformazioni sono più probabili

Proteine



Ulteriori interazioni determinano le conformazioni delle proteine: legami a H

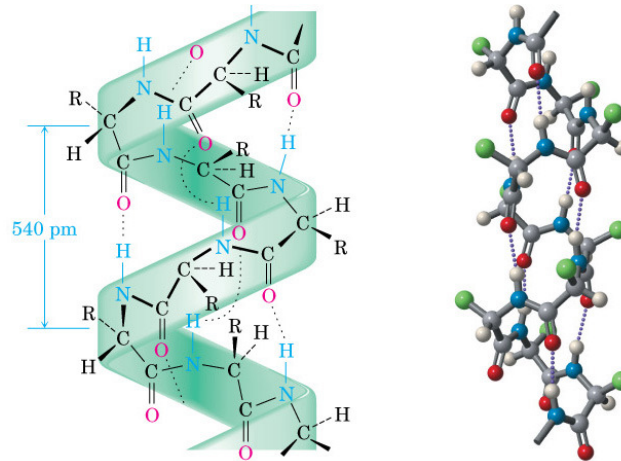
Proteine



Strutture a elica

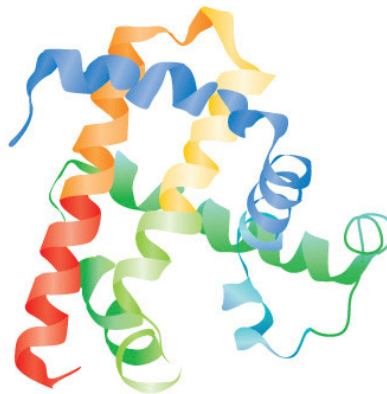
Proteine

La struttura secondaria ad elica presente nell' α -cheratina.

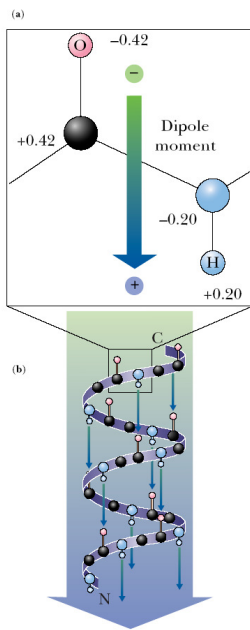


Proteine

Struttura secondaria e terziaria della mioglobina, una proteina globulare con estese sezioni ad elica, qui mostrate come nastri.



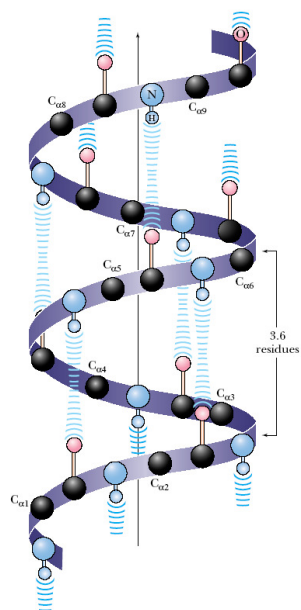
Proteine



Momenti dipolari dei singoli legami peptidici si sommano in una struttura a elica

Leganti positivi tendono a legarsi in prossimità del C-terminale, negativi dell'N-terminale

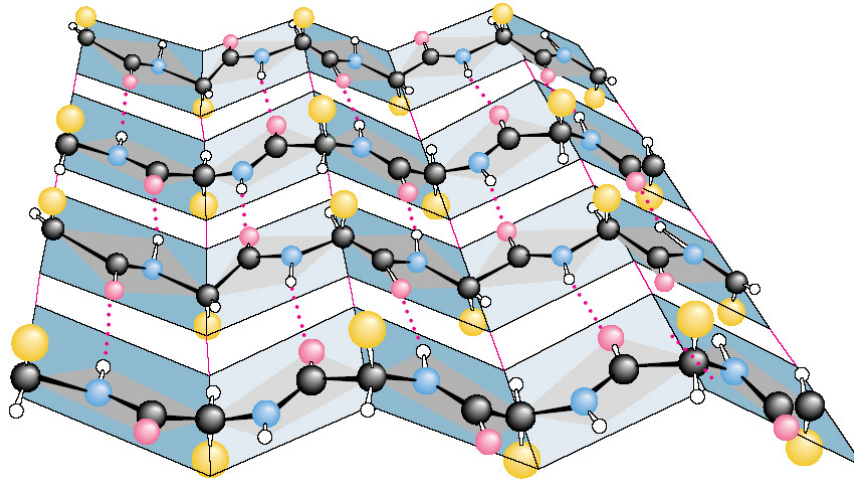
Proteine



Agli estremi dell'elica vi sono accettori e donatori di legami a H liberi

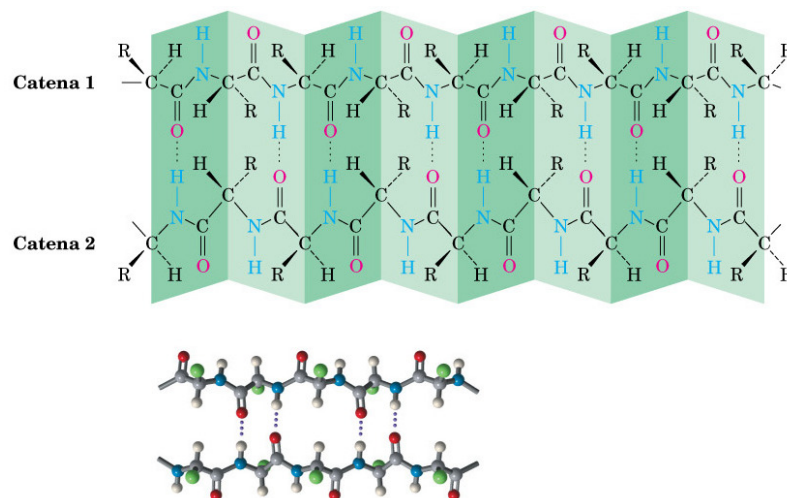
Proteine

Un altro motivo di struttura secondaria: il β -foglietto



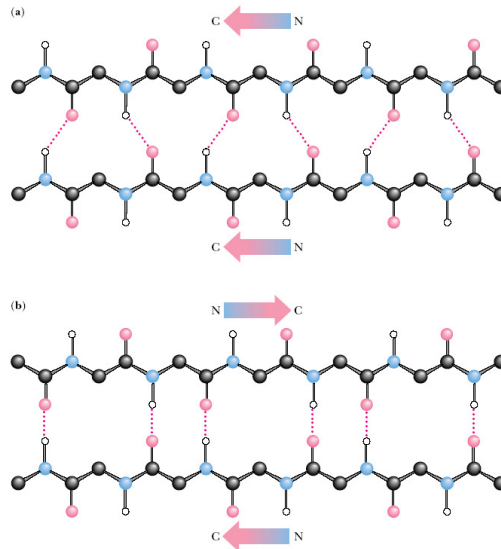
Proteine

La struttura a foglietto β pieggettato nella fibroina della seta.



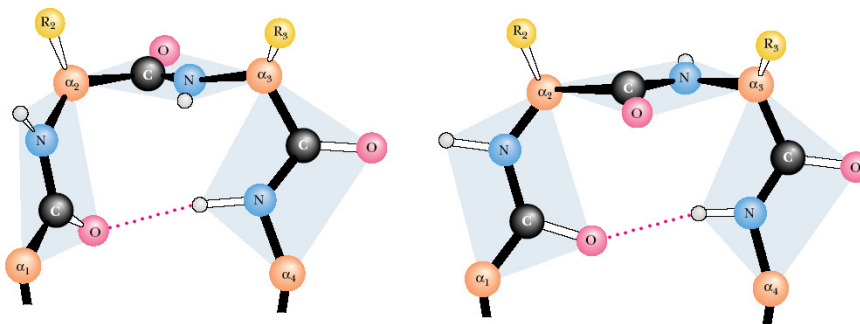
Proteine

foglietto β parallelo e anti-parallelo



Proteine

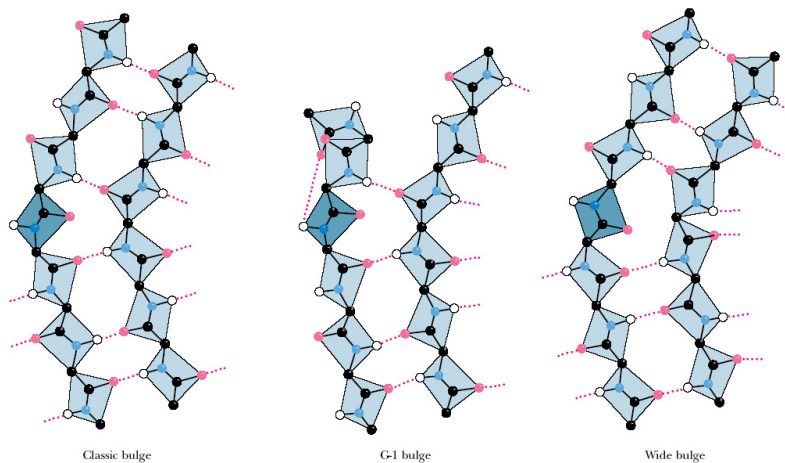
β turn



Sono presenti spesso glicine e proline

Proteine

β buldge



Proteine: visualizzazione

The screenshot shows the PyMOL website homepage. At the top, there is a navigation menu with links for Home, Products, Buy, News, Support, and Contact. Below the menu, the PyMOL logo is displayed, along with the text "A USER-SPONSORED molecular visualization system on an OPEN-SOURCE foundation". A "DOWNLOAD" button with a downward arrow and "Version 1.5" is visible. To the right, it says "PyMOL runs on" with icons for Linux, Windows, and Mac OS. The main content area features a large image of a protein structure with a yellow stick model and a blue surface representation. Below this image, there are six columns of text: VIEW (3D Molecular Structures), RENDER (Figures Artistically), ANIMATE (Molecules Dynamically), EXPORT (Geometry Data), PRESENT (3D Data in PowerPoint), and DEVELOP (Customized Visualizations). A "News" section follows, with two news items: "Jan 16, 2012: PyMOL v1.5 is released for licensed users. Review the list of new features, and download the binaries." and "Dec 20, 2011: PyMOL v1.5.0 beta 4 is released for licensed users. Review the list of new features, and download the binaries." Below the news items, there are four small images showing different molecular visualization styles. At the bottom, there is a link to "More news...".

<http://www.pymol.org/>