

Tutte le cellule viventi sono composte da macromolecole simili, costituite dalle stesse piccole molecole di base.

La grande diversità è data dalle diverse combinazioni di 4 principali elementi

- C carbonio
- H idrogeno
- O ossigeno
- N azoto

***Sono i + piccoli elementi della tavola periodica
in grado di formare legami covalenti stabili
mediante la compartecipazione di un paio di e⁻***

La biochimica è anche definita la chimica del C:



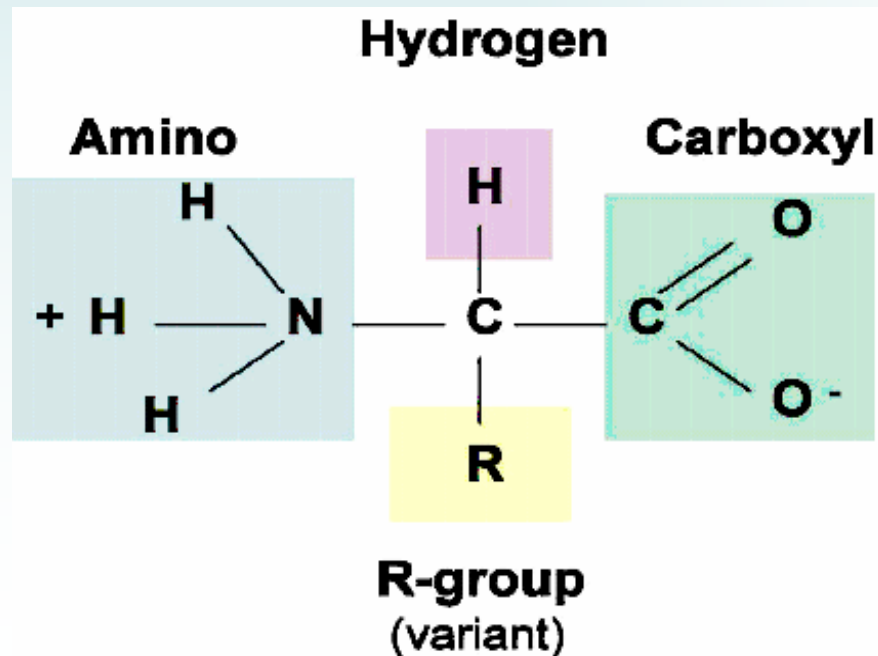
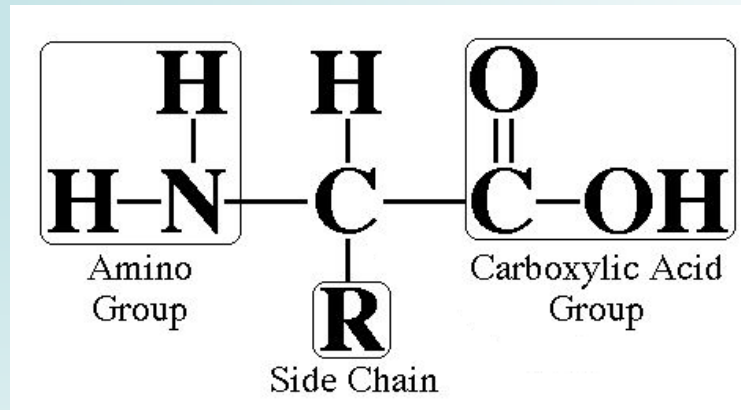
il C è l'elemento di base di tutte le molecole biologiche

- Richiede 4 e⁻ per arrivare a una configurazione elettronica stabile
- Reagisce con atomi elettronegativi come O, N, S e con l'H elettropositivo
- Forma legami singoli, doppi, e tripli con altri C, catene lineari o ramificate, anelli, combinazioni di + strutture

Le biomolecole sono ordinate in una GERARCHIA CRESCENTE
nella complessità molecolare



Aminoacidi o Amminoacidi

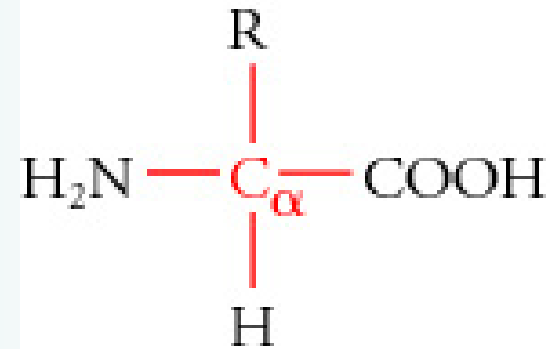


Gli **amminoacidi** sono le molecole di base delle proteine

20 a.a. standard, noti come α -amminoacidi:

Gr. $-NH_2$ amminico

Gr. $-COOH$ carbossilico sullo stesso **C(α)**



Differiscono per la struttura della catena laterale (gruppo R)

Gli a.a. cristallizzano in forma di **ioni dipolari o zwitterioni**

e in soluzione acquosa possono comportarsi da acidi o basi (**anfoteri**)

I gr. $-COOH$ e NH_2 si ionizzano completamente

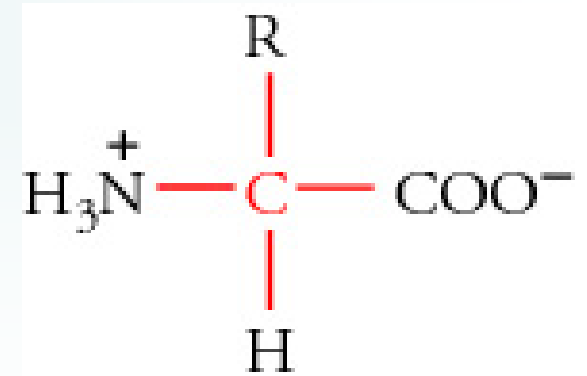
I valori di pK dei gr. Acidi Carbossilici = 2.2

I valori di pK dei gr. Amminici (basi) = 9.4

A pH fisiologico(=7,4)

- NH_2 sono protonati NH_3^+

- $COOH$ sono dissociati $-COO^-$ (base coniugata)



Il sistema + utile per classificare i 20 a.a. standard sfrutta la diversa polarità delle catene laterali

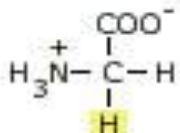
3 classi:

1. GRUPPI **R NON POLARI** (10 – 9)
2. GRUPPI **R POLARI MA NON CARICHI** (5-6)
3. GRUPPI **R CARICHI** (5)
 - positivamente** (basici) (3)
 - negativamente** (acidi) (2)

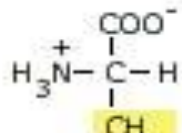
La collocazione nei gruppi è a volte arbitraria

L'inserimento di un a.a. non riflette sempre le sue proprietà di a.a. isolato, ma il suo comportamento quando fa parte di un polipeptide

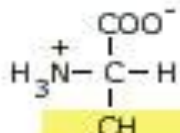
Aminoacidi con R non polare



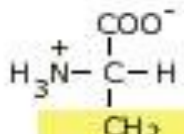
Glicina



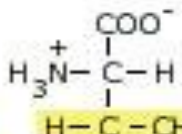
Alanina



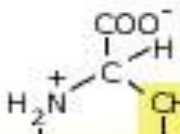
Valina



Leucina

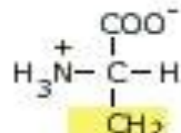


Isoleucina

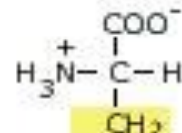


Prolina

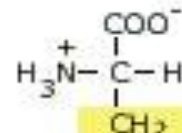
Aminoacidi con gruppi aromatici



Fenilalanina

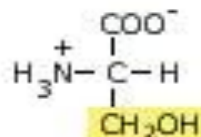


Tirosina

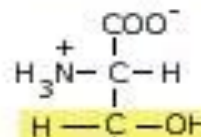


Triptofano

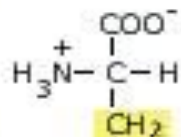
Aminoacidi con R polare



Serina

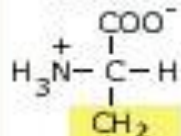


Treonina

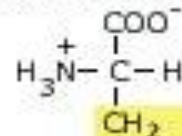


Cisteina

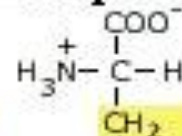
Aminoacidi con R carico posit.



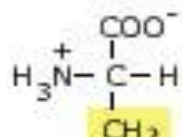
Lisina



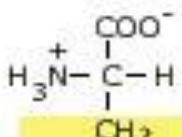
Arginina



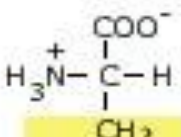
Istidina



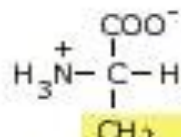
Metionina



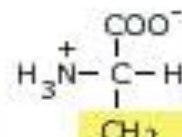
Asparagina



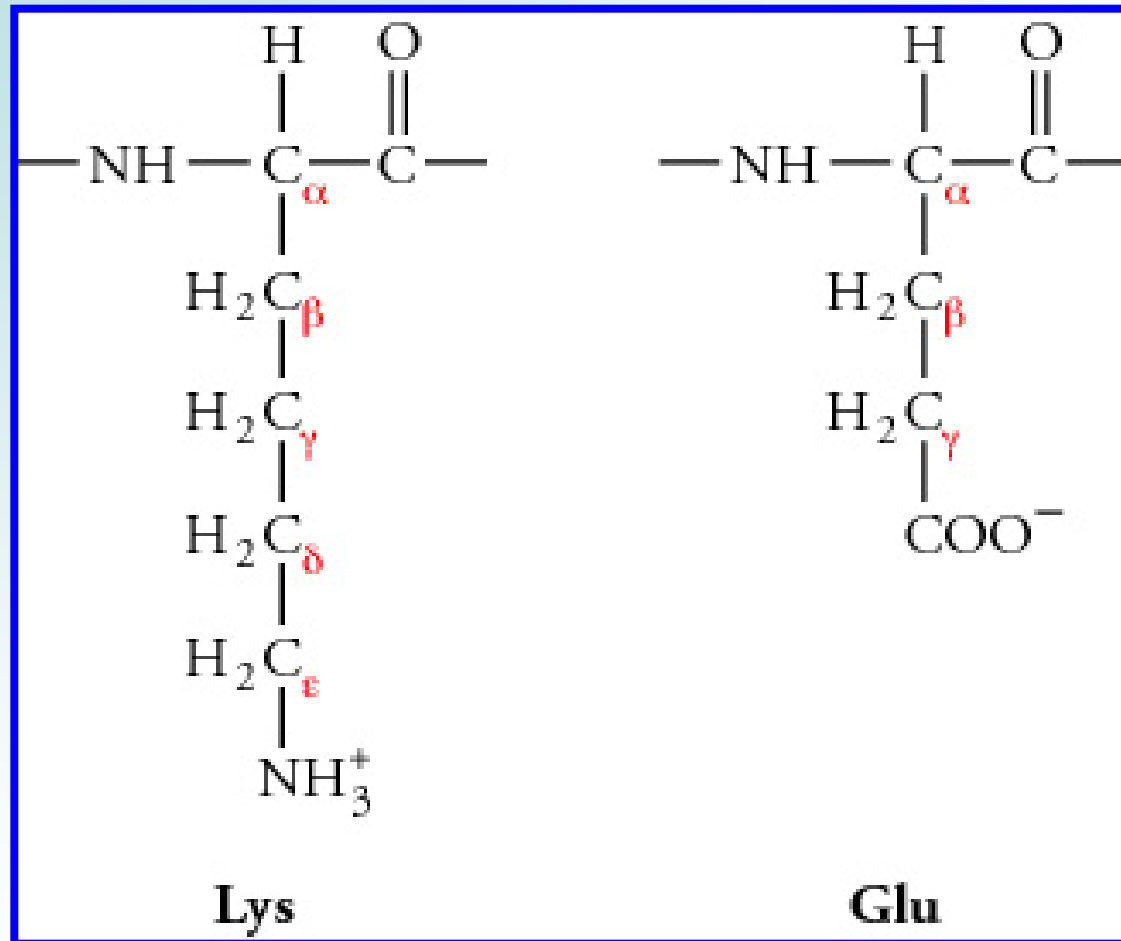
Glutammina

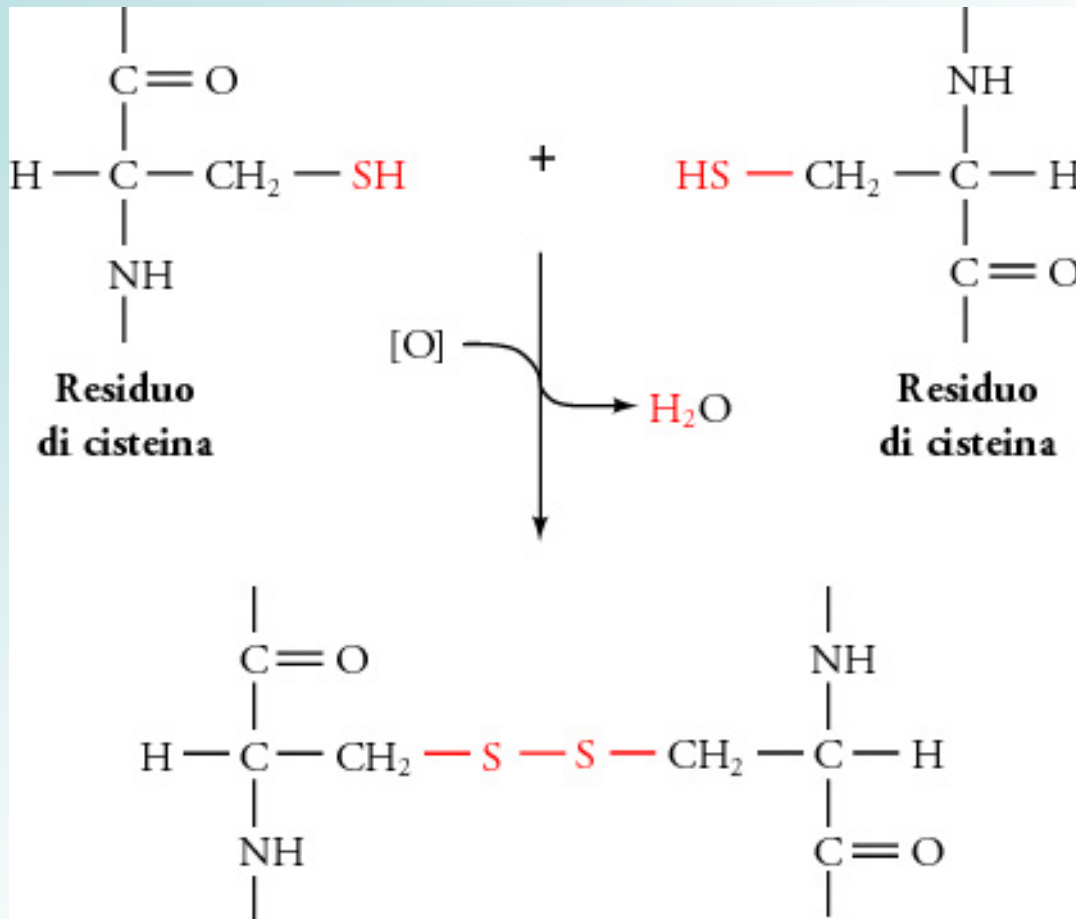


Ac. aspartico



Ac. glutammico

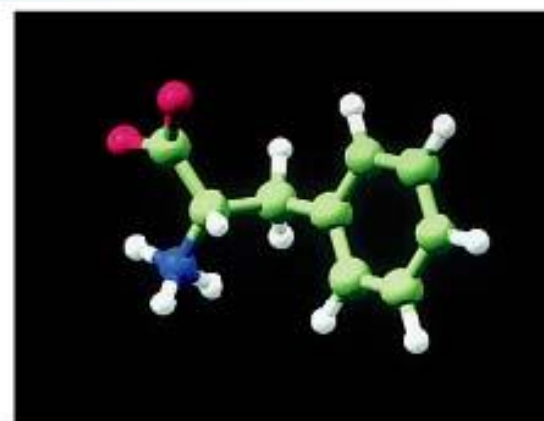
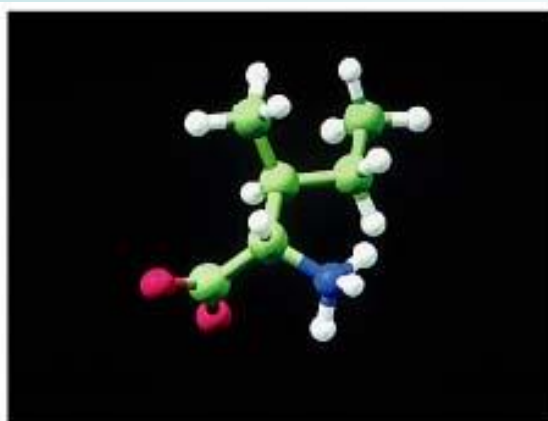
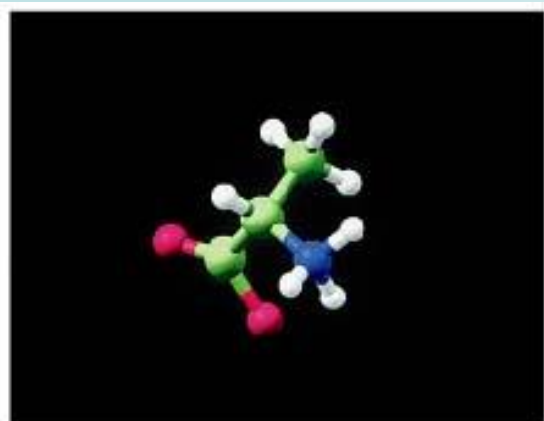


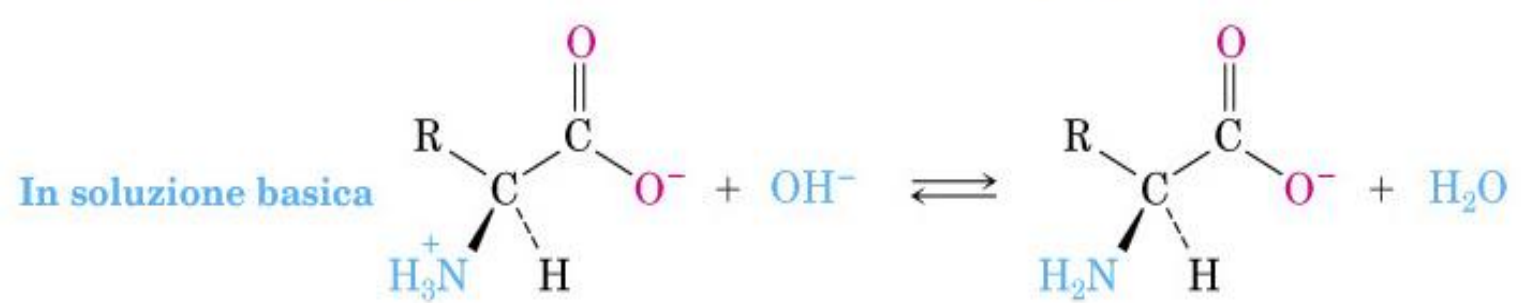
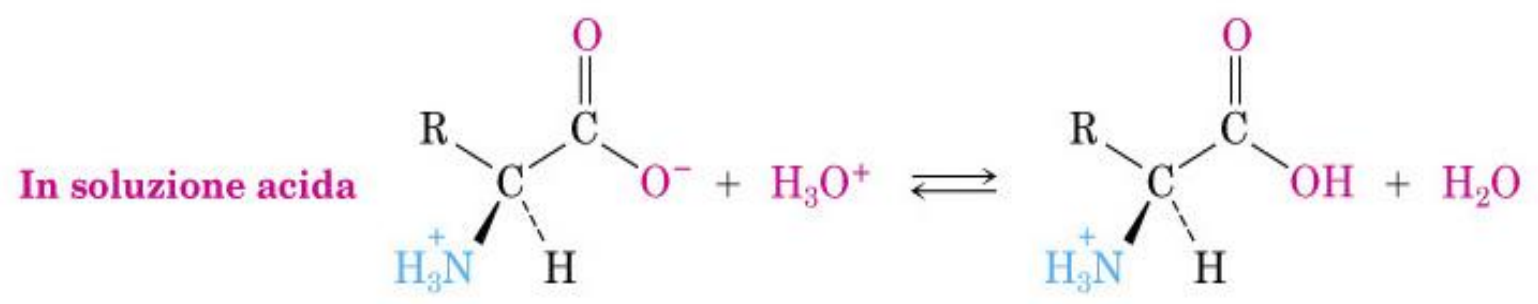
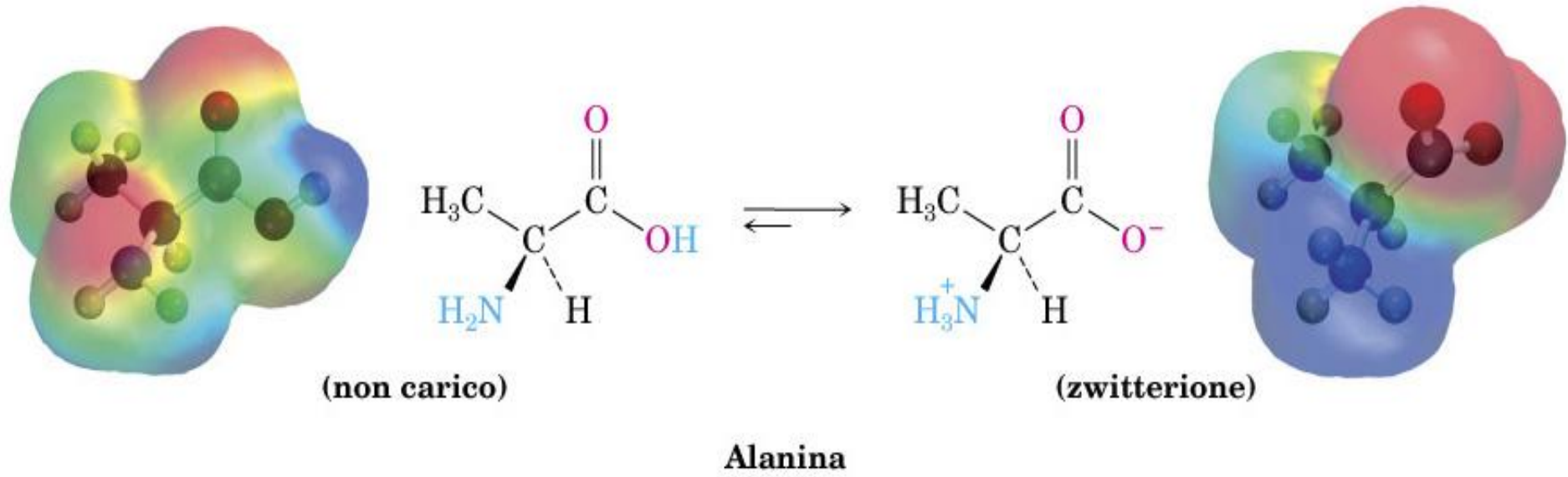


CISTINA

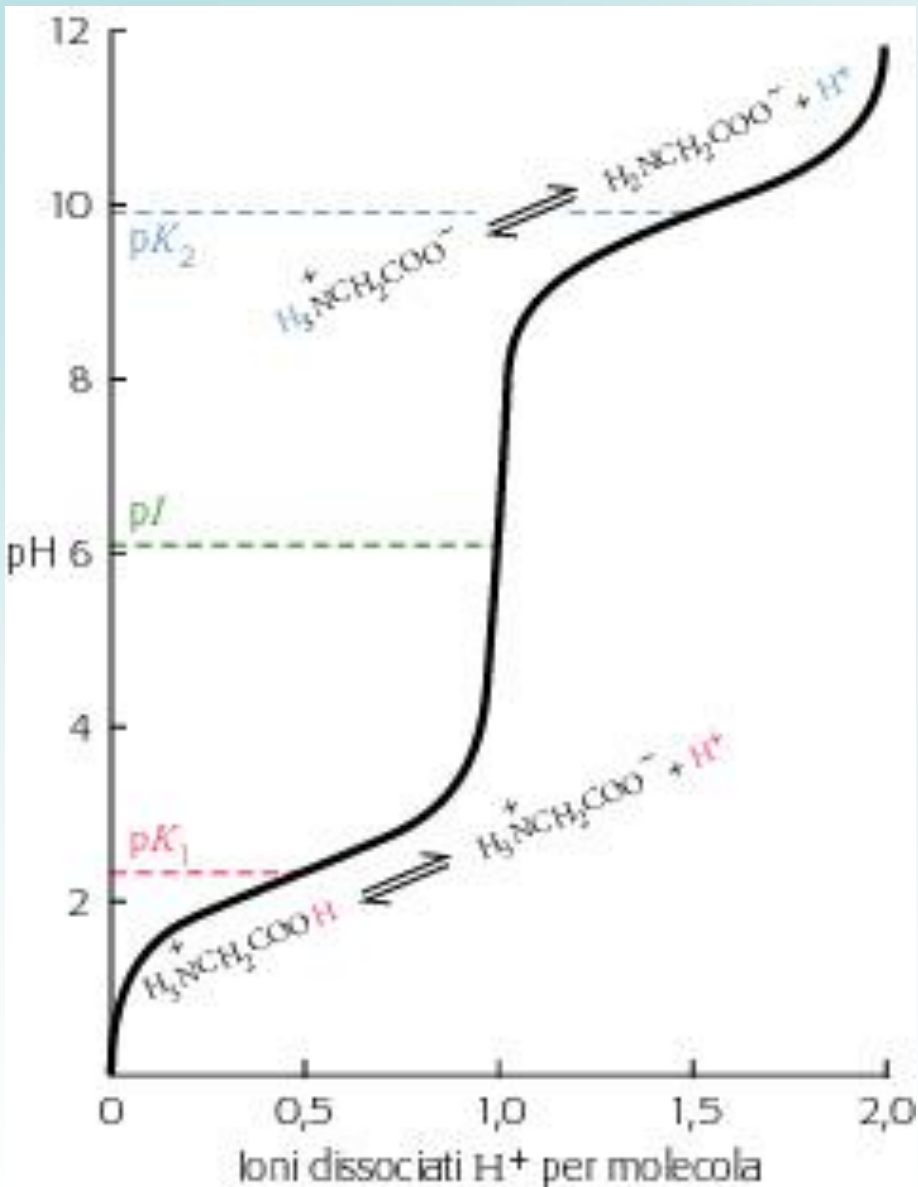
La cisteina ha una catena ionizzabile.

A pH elevati Il gruppo tiolico forma un ponte disolfuro





Curva di titolazione della Glicina



L'equazione di Henderson-Hasselbach descrive la titolazione in ogni suo tratto:

$$\text{pH} = \text{pK}_a + \text{Log} \frac{\text{A}^-}{\text{HA}}$$

A pH bassi : entrambi i gruppi sono protonati.

Durante la titolazione:

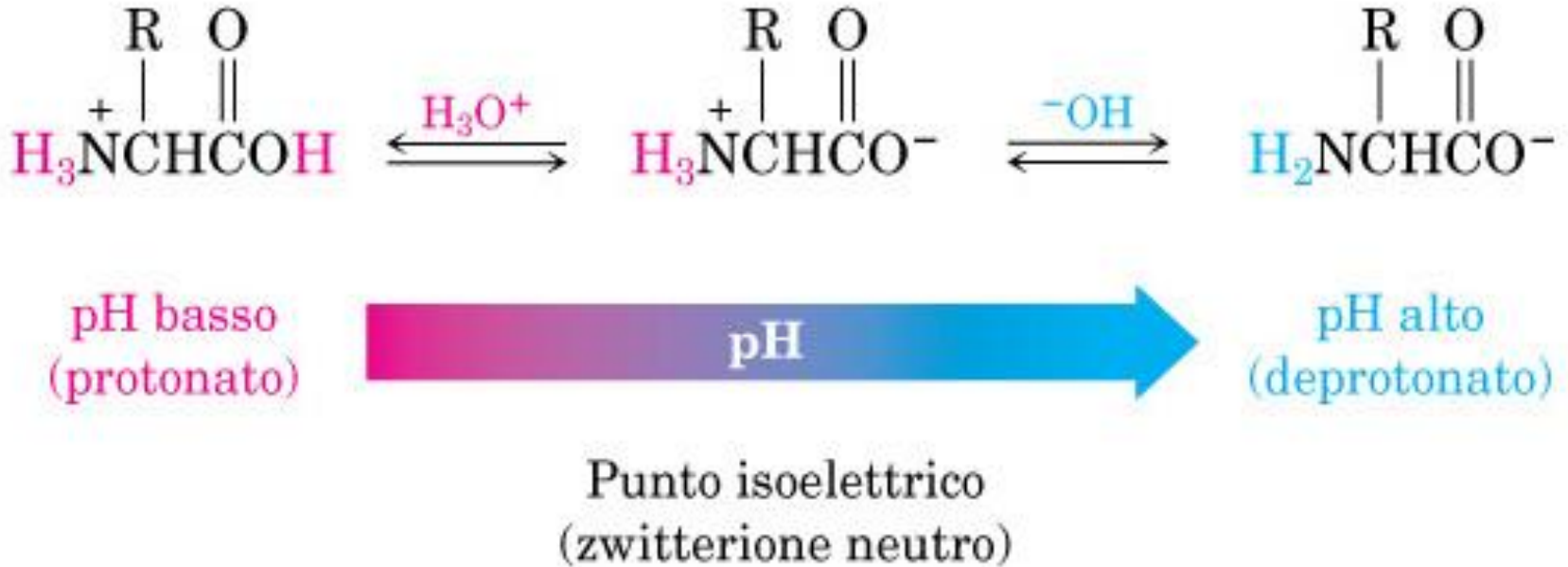
Perdita di 2 H⁺ in 2 tappe distinte:

Il pK di ogni tappa è il pH del punto centrale dei corrispondenti flessi

pI = punto isoelettrico :

- pH a cui la molecola non ha carica elettrica netta e *non ha mobilità in un campo elettrico*

Al pI la soluzione non ha potere tamponante



- Il punto isoelettrico è rappresentato dal valore di pH al quale la molecola di aminoacido è presente come zwitterione.
- Il valore del punto isoelettrico è caratteristico di ogni amminoacido, nella maggior parte dei casi il suo valore è vicino alla neutralità, Essendo il pH dei liquidi fisiologici ~7
 —————> è giusto scrivere le formule degli aminoacidi come zwitterioni

A $\text{pH} > \text{pI}$ \longrightarrow carica netta - \longrightarrow l'a.a. si muoverà verso anodo (+)
A $\text{pH} < \text{pI}$ \longrightarrow carica netta + \longrightarrow l'a.a. si muoverà verso il catodo (-)

***Per ogni a.a. + il pH è lontano dal pI
maggiore è la sua carica elettrica e la sua mobilità in un campo elettrico***

$$\text{pI} = \frac{1}{2} (\text{pK}_1 + \text{pK}_2) \quad \text{K}_1 \text{ e } \text{K}_2 \text{ sono le 2 costanti di dissociazione}$$

Il gr. α -COOH dell'a.a. è molto + forte rispetto a un ac. carbossilico:

CH_3COOH $\text{pK} = 4,76$

Alanina $\text{pK} = 2,34$

La presenza di NH_3^+ aumenta la forza acida

NH_3^+ ha:

- carica +
- Elettronattrattore



Favorisce la dissociazione di COOH e
la perdita del protone H^+

Gli a.a. con gr. R ionizzabile: Curve di titolazione con 3 tappe di ionizzazione e 3 pK

Tavola degli Amminoacidi

0,067	5,97	Gly G Glicina
57	75	
1	6,01	Ala A Alanina
71	89	
2,3	5,97	Val V Valina
99	117	
2,2	5,98	Leu L Leucina
113	131	
3,1	6,02	Ile I Isoleucina
113	131	

Alifatico

Contiene Zolfo

Il gruppo NH dell'aa è legato alla catena laterale dello stesso.

Aromatico

Contiene Gruppo OH

Contiene il gruppo: O=C(N)

Contiene gruppo COO⁻

Contiene gruppo NH₃⁺

Idrofobicità

Punto isoelettrico

Sigla a 3 lettere

Sigla ad 1 lettera

Nome

Massa monoisotopica

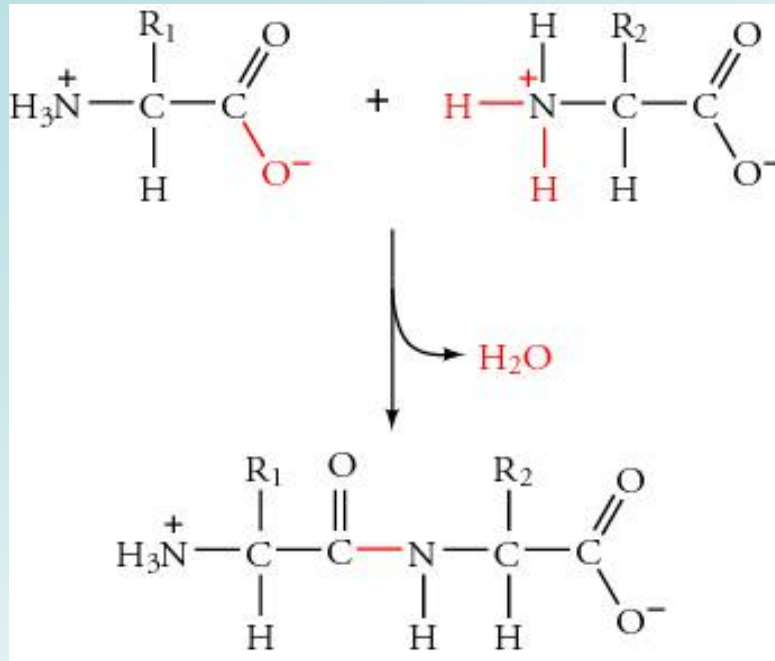
Massa monoisotopica del residuo amminoacidico

-3	2,77	Asp D Ac. Aspartico o Aspartato
115	133	
-2,6	3,22	Glu E Ac. Glutammico o Glutammato
129	147	
-1,7	7,59	His H Istidina
137	155	
-4,6	9,74	Lys K Lisina
128	146	
-7,5	10,76	Arg R Arginina
156	174	

Senza carica netta

Idrofobici

Idrofilici



Gli a.a. reagendo fra loro :

POLIMERIZZAZIONE è una reazione di **CONDENSAZIONE**= eliminazione di 1 molecola di H_2O

Si forma **il legame PEPTIDICO**, un legame amidico:

⇒ Dipeptidi, Tripeptidi, Oligopeptidi, Polipeptidi

✓ I residui alle estremità restano liberi:

Residuo amminoterminale **N-terminale**

Residuo carbossiterminale **C-terminale**

✓ *Le strutture dei polipeptidi dipendono:*

- *Tendenza delle catene polari ioniche ad essere solvate dall' H_2O*
- *Tendenza delle catene non polari ad associarsi fra loro e non con H_2O (Effetto idrofobico)*

Gli a.a. all'interno di una catena polipeptidica hanno

- i gr. COOH e NH₂ impegnati in legami
- nella struttura tridimensionale di una proteina ripiegata i gr. N- e C-terminali possono avvicinarsi
 - interazione elettrostatica
 - variazione dei valori di pK anche di diverse unità di pH rispetto ad a.a. liberi

STEREOCHIMICA

si occupa della disposizione della molecola nello spazio

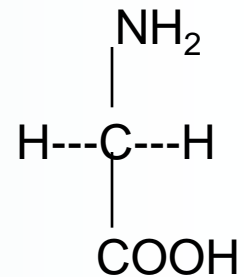
Tutti gli a.a. sono molecole otticamente attive:

- **Asimmetriche** = non sovrapponibili alla loro immagine speculare
- Hanno C tetraedrico con 4 sostituenti diversi

Il C asimmetrico è il Centro Chirale

(Cheiros = mano)

Eccetto la glicina

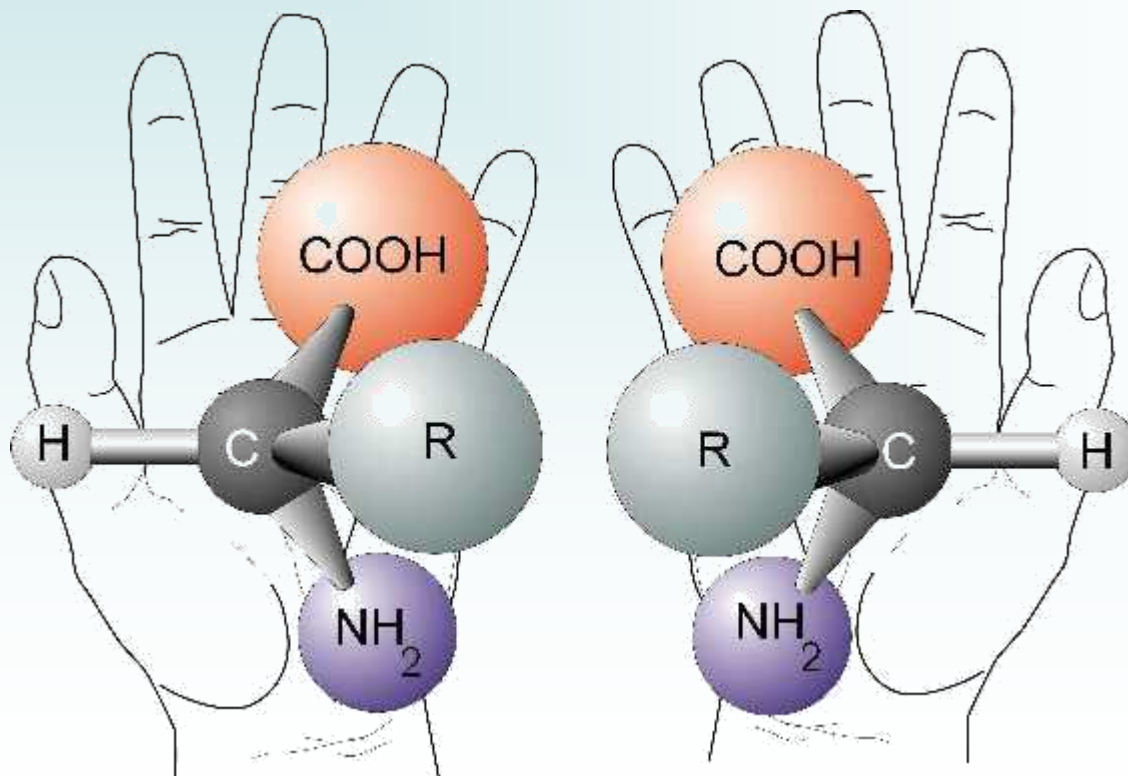


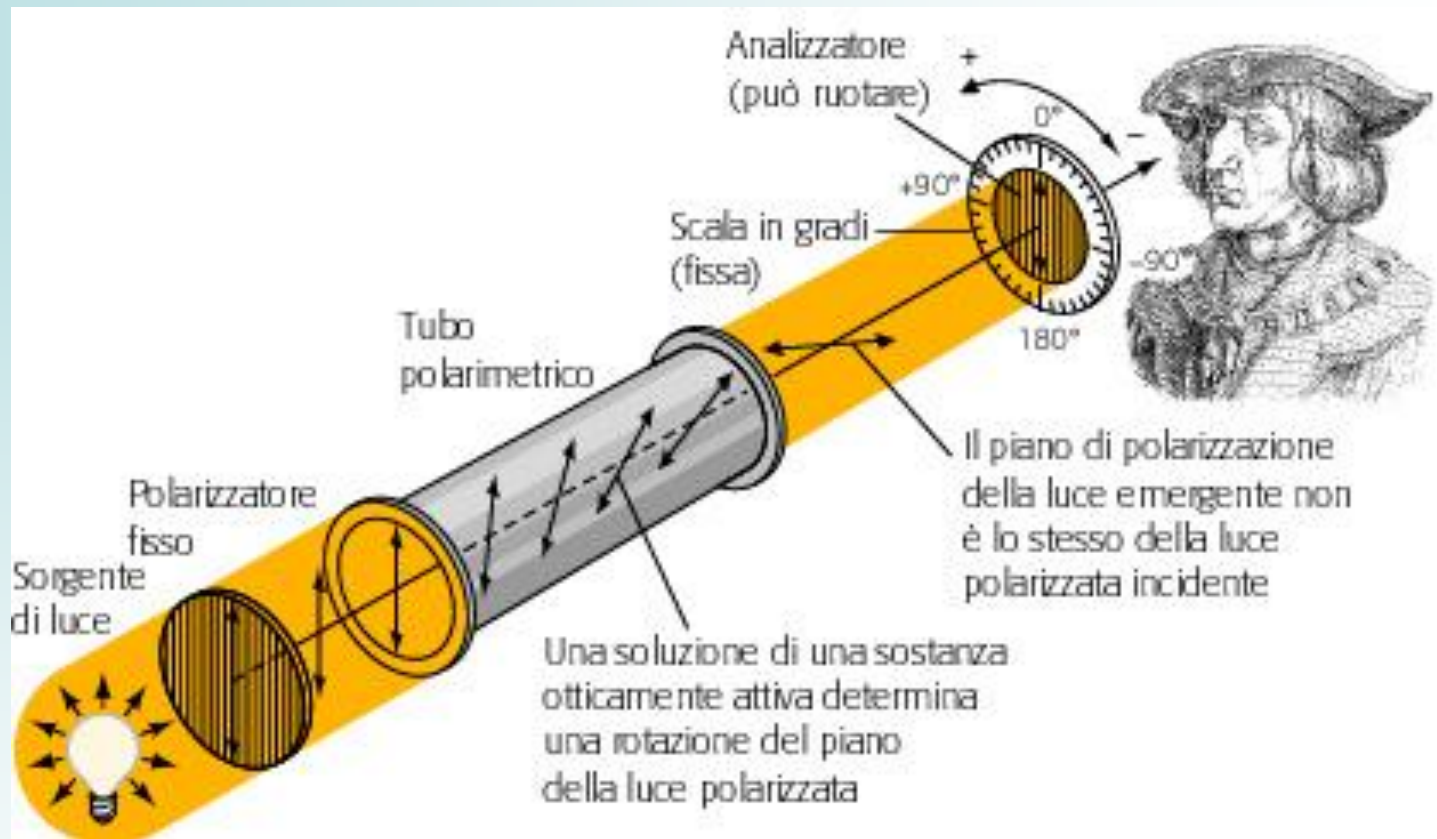
Gli a.a. otticamente attivi:

possono ruotare il piano della luce polarizzata

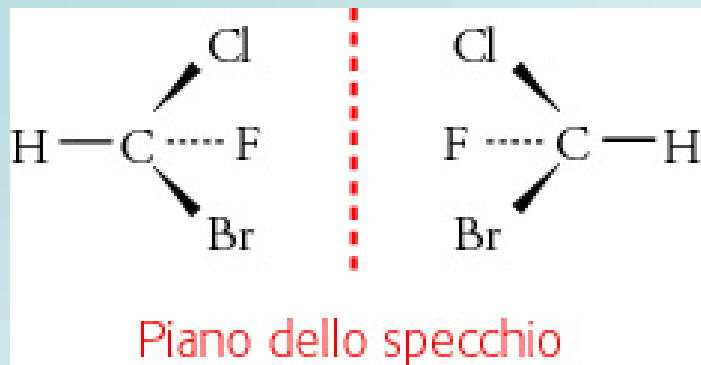
Il termine chiralità deriva dalla parola greca *cheiròs* che significa "mano"

Si definisce chirale un oggetto, o una molecola, esistente in 2 forme che siano immagini speculari non sovrapponibili





La direzione e l'angolo di rotazione vengono misurati con il **polarimetro**



Le immagini speculari non sovrapponibili
 Sono dette **ENANTIOMERI** :
non sono distinguibili per proprietà fisiche o chimiche diverse ma solo per la loro

Asimmetria:

- Rotazione del piano della luce polarizzata
- Reattività con reagenti contenenti centri chirali

Gli enantiomeri di uno stesso composto:

Ruotano il piano della luce polarizzata della stessa entità
 ma in direzioni opposte (+ o -)

Non esiste relazione fra la struttura di una molecola e l'angolo e la direzione di rotazione della luce polarizzata

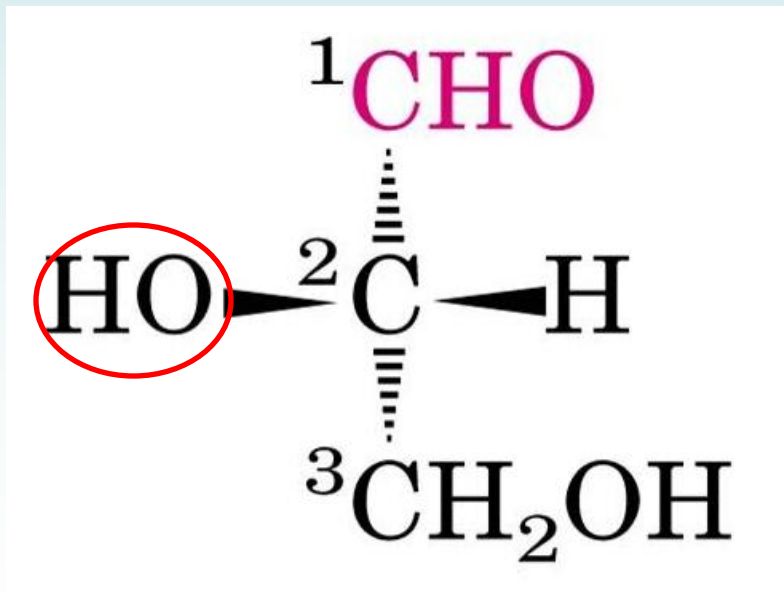


Non è possibile predire la configurazione assoluta dei gruppi di un centro chirale partendo da misure di attività ottica e viceversa

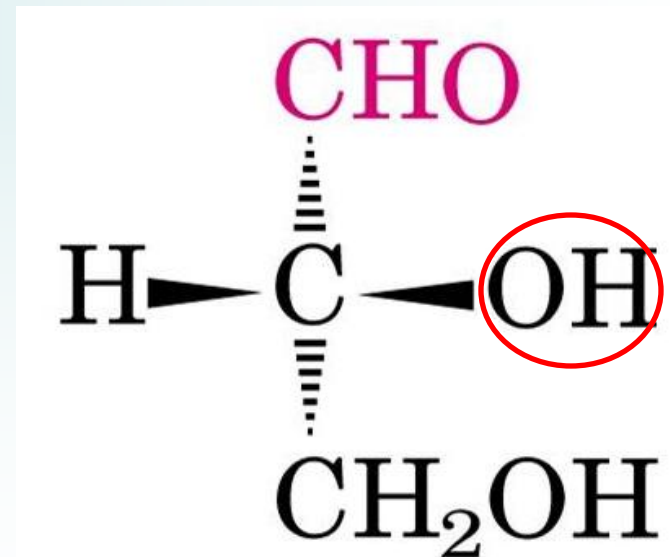
La stereochimica degli a.a. viene espressa in termini di **configurazione assoluta** dei 4 sostituenti diversi intorno al C asimmetrico:

Gli stereoisomeri di tutti gli a.a. vengono correlati strutturalmente ai 2 stereoisomeri della **gliceraldeide**.

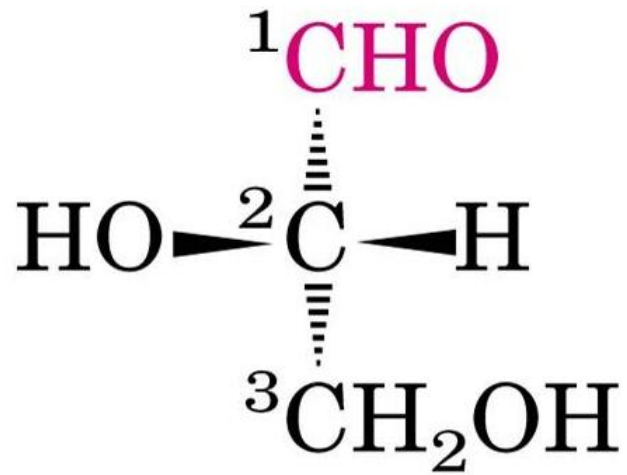
*La convenzione di Fischer introdotta per i carboidrati
vale anche per gli amminoacidi*



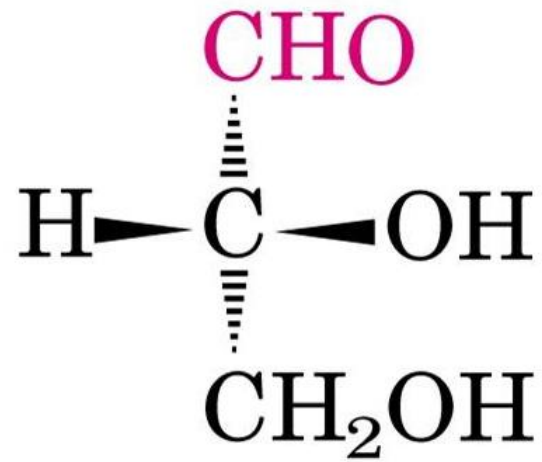
L-Gliceraldeide



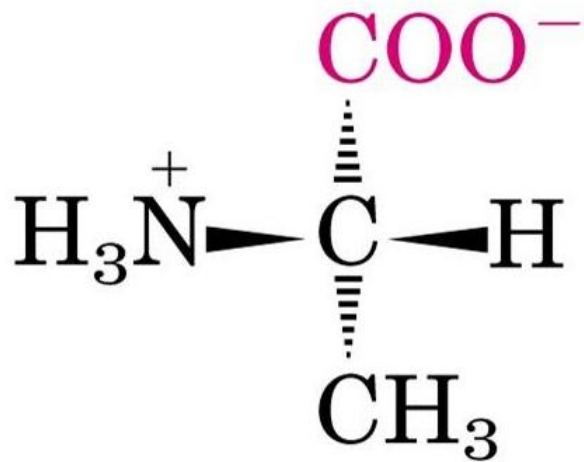
D-Gliceraldeide



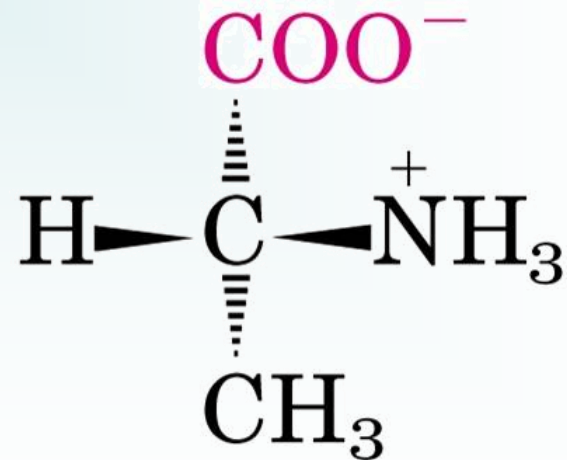
L-Glicerinaldeide



D-Glicerinaldeide



L-Alanina



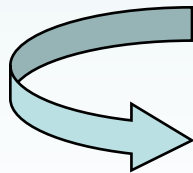
D-Alanina

**Tutti gli a.a. presenti nelle proteine
sono della serie stereochimica L :**

alcuni sono levogiri = rotazione - campo luce polarizzata

altri sono destrogiri = rotazione + campo della luce polarizzata

Ogni centro di asimmetria ha 2 configurazioni possibili



1 molecola con n centri chirali

2^n configurazioni possibili

Gli enantiomeri sono identici per la maggior parte delle loro proprietà chimiche e fisiche, ma possono avere **proprietà biologiche molto diverse**

ASPARTAME:

un amminoacido modificato, 200 volte più dolce dello zucchero.
Il suo enantiomero è amaro

MORFINA:

una delle sue forme è usata come analgesico e come droga, il suo enantiomero è molto meno efficace

LIMONENE:

una forma di limonene profuma d'arancio, il suo enantiomero di acquaragia

In laboratorio la *sintesi di una molecola chirale* porta a una

Miscela racemica = miscela equimolecolare di stereoisomeri L e D

Tutti gli a.a. naturali hanno configurazione L

I processi biosintetici producono stereoisomeri puri

Gli Enzimi hanno siti specifici per l'attacco di 1 sola
forma enantiomera (L)

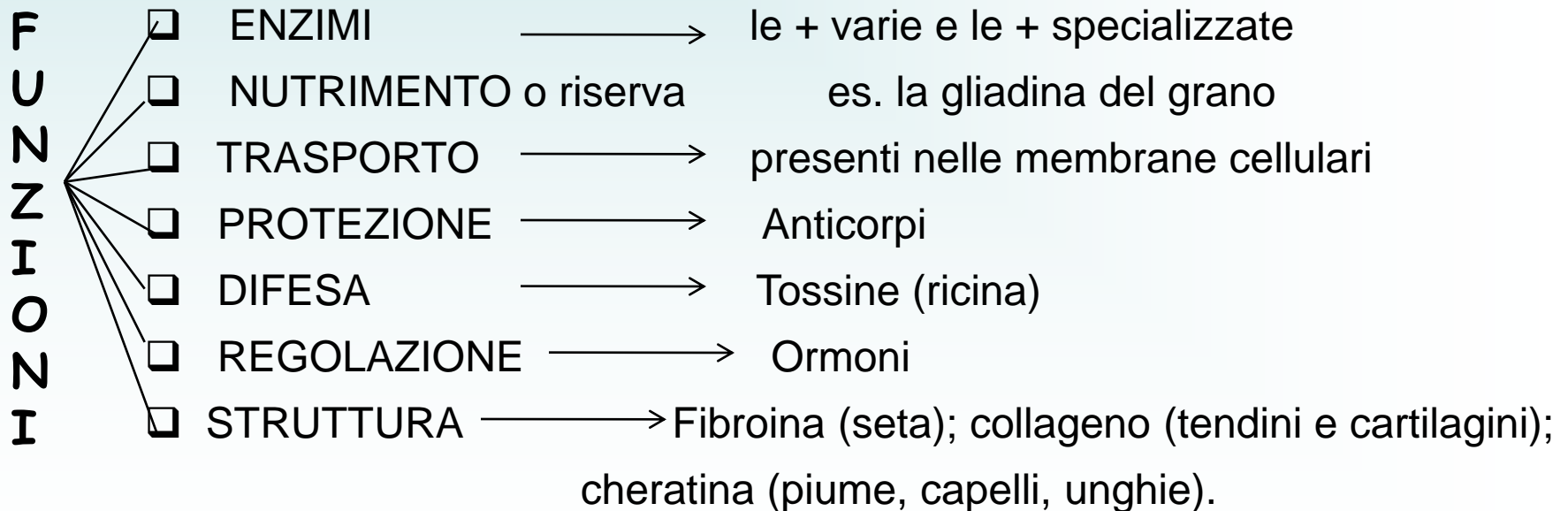
Gli L- amminoacidi non possono essere sostituiti dai
loro stereoisomeri

PROTEINE *da proteios= primo. Sono le macromolecole + abbondanti nelle cellule*

Tutte contengono: C, H, O, N molte anche S

Sono costituite dagli stessi 20 a.a. legati tramite legame peptidico

- Proteine **SEMPLICI** $\xrightarrow{\text{idrolisi}}$ solo a.a.
- Proteine **CONIUGATE** $\xrightarrow{\text{idrolisi}}$ a.a. e altri composti organici e inorganici
 - Nucleoproteine
 - Lipoproteine
 - Fosfoproteine
 - Glicoproteine



La proteina viene sintetizzata come catena lineare nel ribosoma, poi una volta libera si ripiega spontaneamente a formare una struttura (**conformazione**) tridimensionale specifica: **lo stato nativo**

Le **forze responsabili** della conformazione di una molecola proteica sono **non covalenti**:

- **L'effetto idrofobico** è il fattore rilevante
- **Interazioni di van der Waals**. Derivano da interazioni elettrostatiche fra dipoli permanenti o indotti.
- **Il legame idrogeno** è un tipo di interazione dipolare
Un dipolo permanente può indurre un momento dipolare in un gruppo vicino, modificandone la struttura elettronica

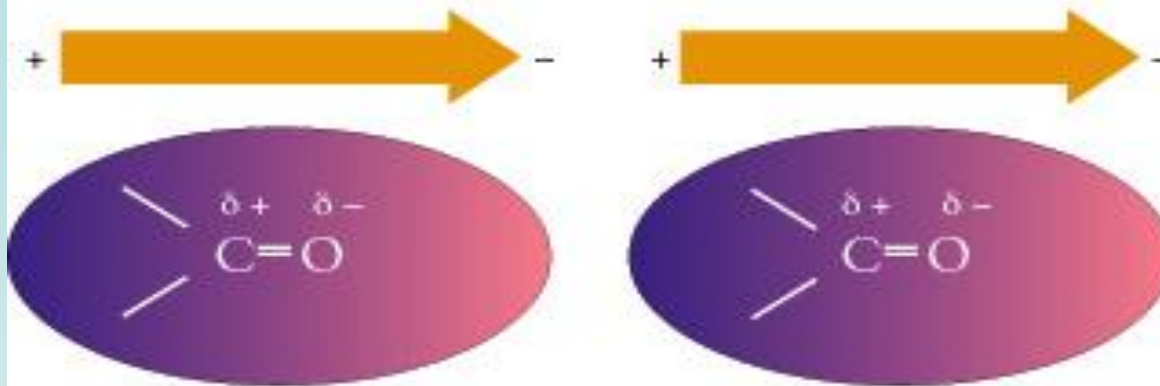
Le fluttuazioni di e^- nelle molecole non polari creano dei momenti dipolari transitori:

- **Forze di dispersione di London**, sono molto deboli e scompaiono all'allontanarsi dei gruppi che le hanno generate.

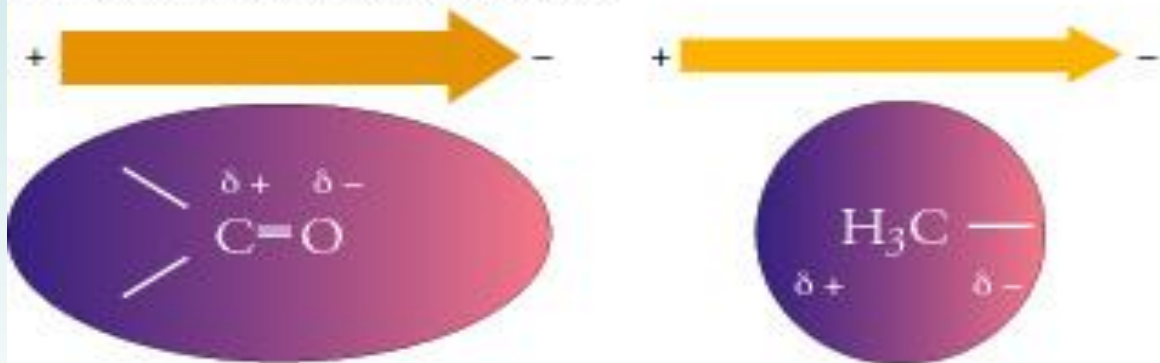
Sono importanti nella stabilizzazione di strutture con gruppi molto ravvicinati

- **Ponti disolfuro**: S—S dovuti alla presenza di residui di cisteina

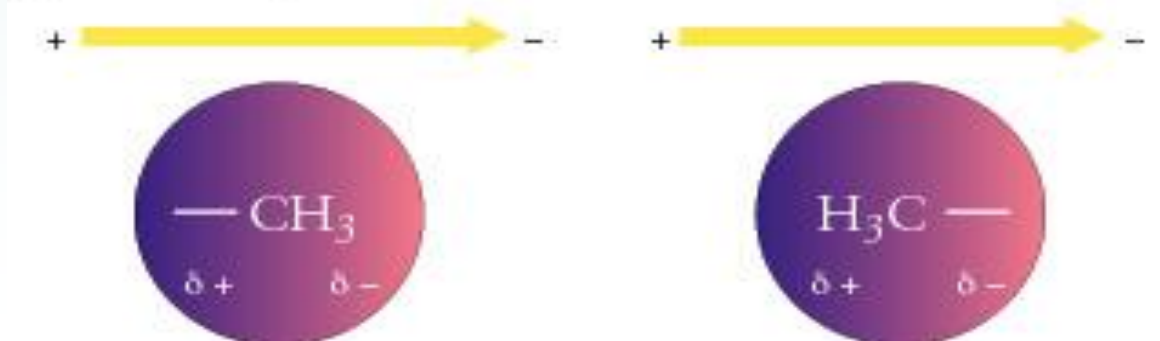
(a) Interazioni tra dipoli permanenti



(b) Interazioni dipolo-dipolo indotto



(c) Forze di dispersione di London



Interazioni di Van der Waals

Le interazioni non covalenti sono deboli, ma il loro numero è talmente elevato

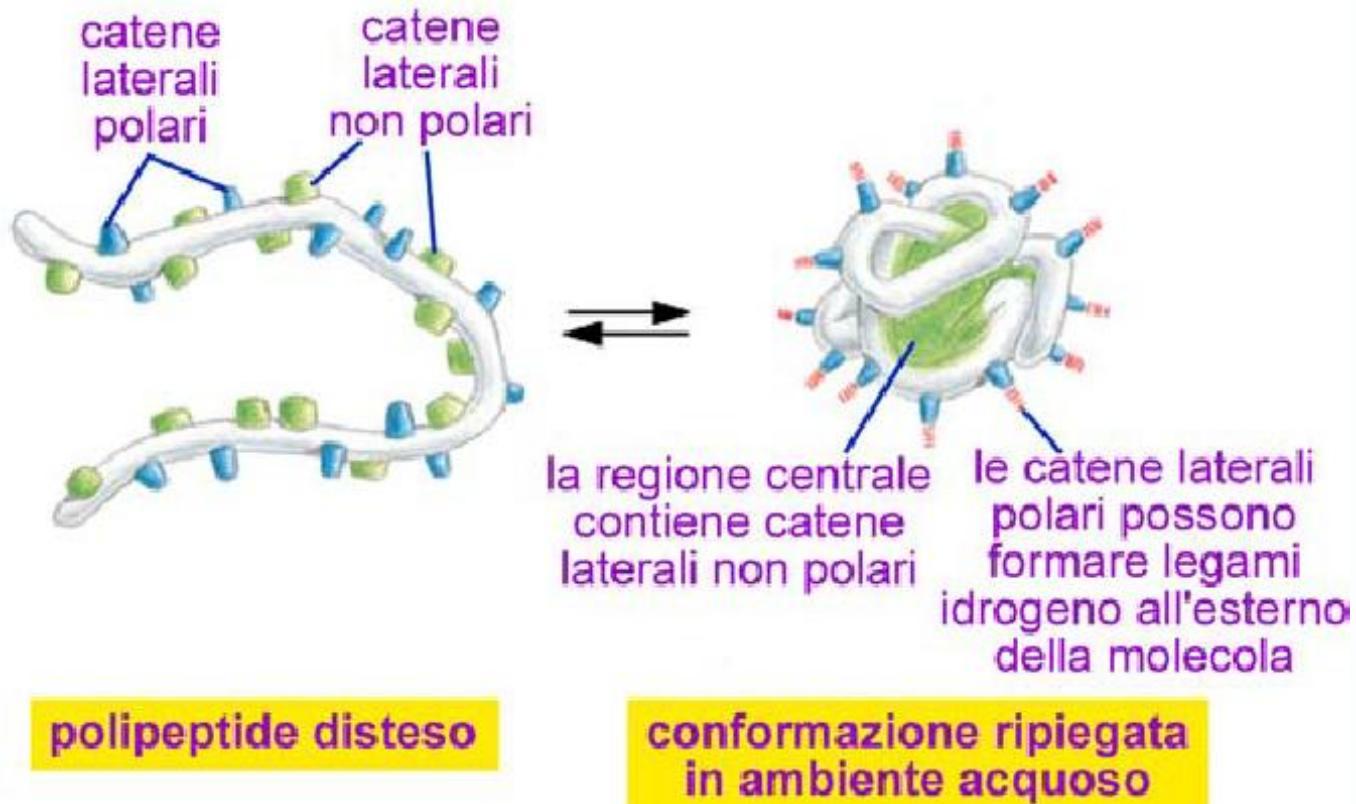


- grande energia potenziale (energia libera)

- stabilizzazione della struttura

Interazioni idrofobiche

COME LE PROTEINE SI RIPIEGANO IN UNA CONFORMAZIONE COMPATTA

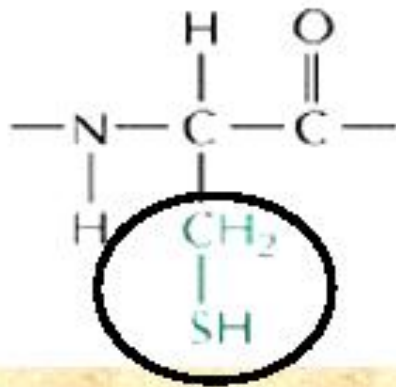


Un fattore importante per il ripiegarsi di ogni proteina è la distribuzione dei suoi amminoacidi polari e non polari.

Legami disolfuro

cisteina

(Cys, or C)



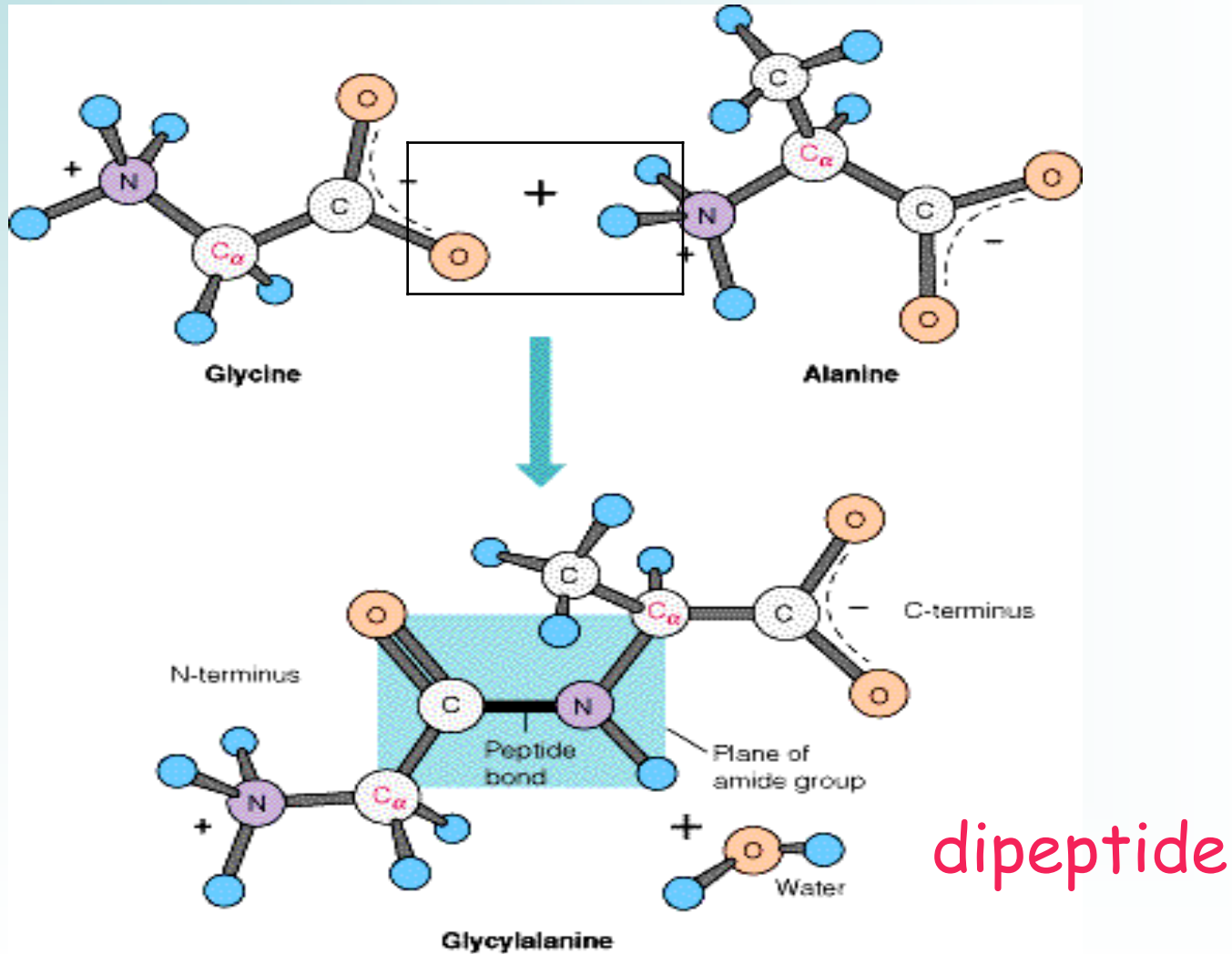
PONTI DISOLFURO (S-S)

DUE CISTEINE POSSONO
REAGIRE FORMANDO UN
LEGAME COVALENTE S - S



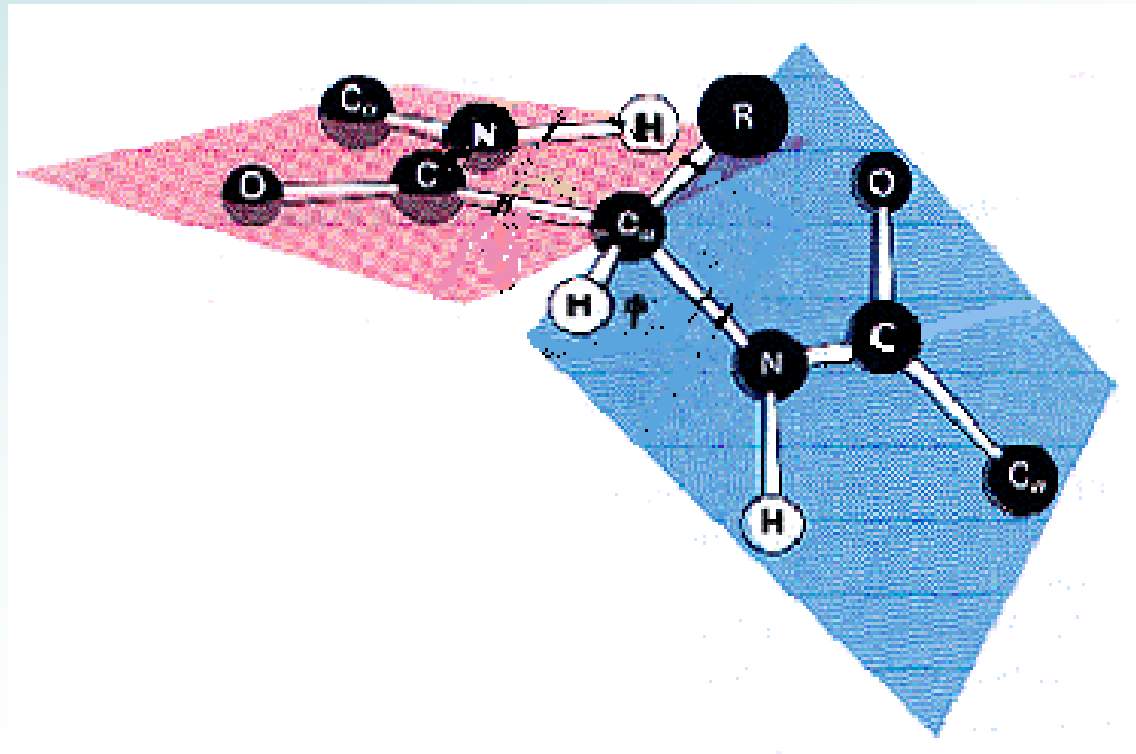
Gli aminoacidi si uniscono a formare una catena tramite il

LEGAME PEPTIDICO o ammidico



Caratteristiche del legame peptidico

- Il legame peptidico è **rigido e planare**

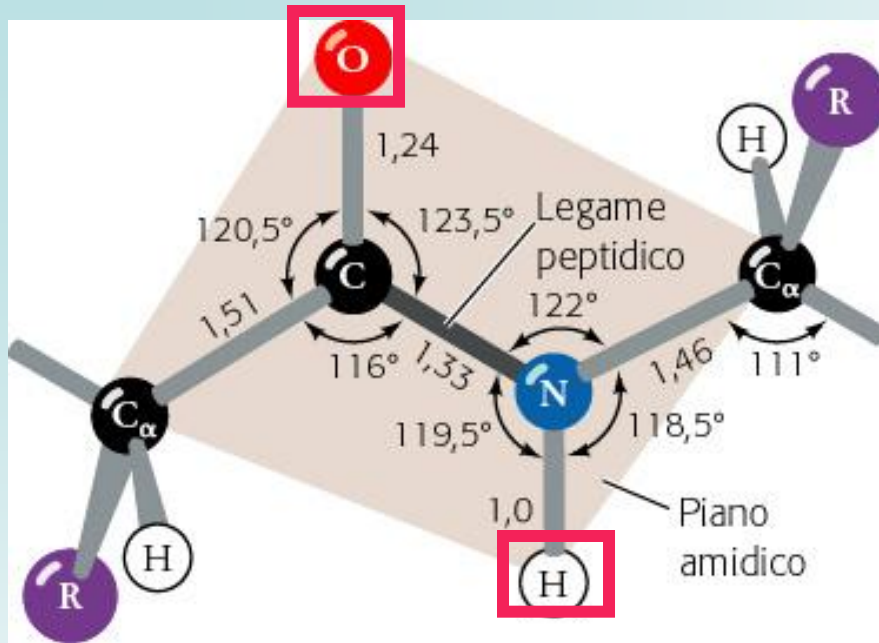


DISPOSIZIONE PLANARE RIGIDA DEL LEGAME PEPTIDICO:

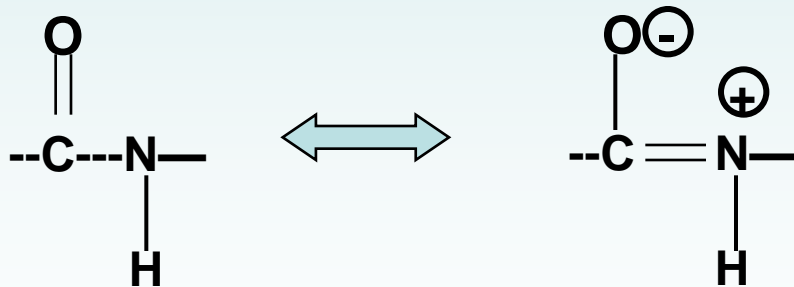
I 4 atomi del gruppo peptidico sono sullo stesso piano

*l'O del gr. C-O e l'H del g. N-H sono in posizione **trans***

uno rispetto all'altro è il risultato della



Stabilizzazione di risonanza



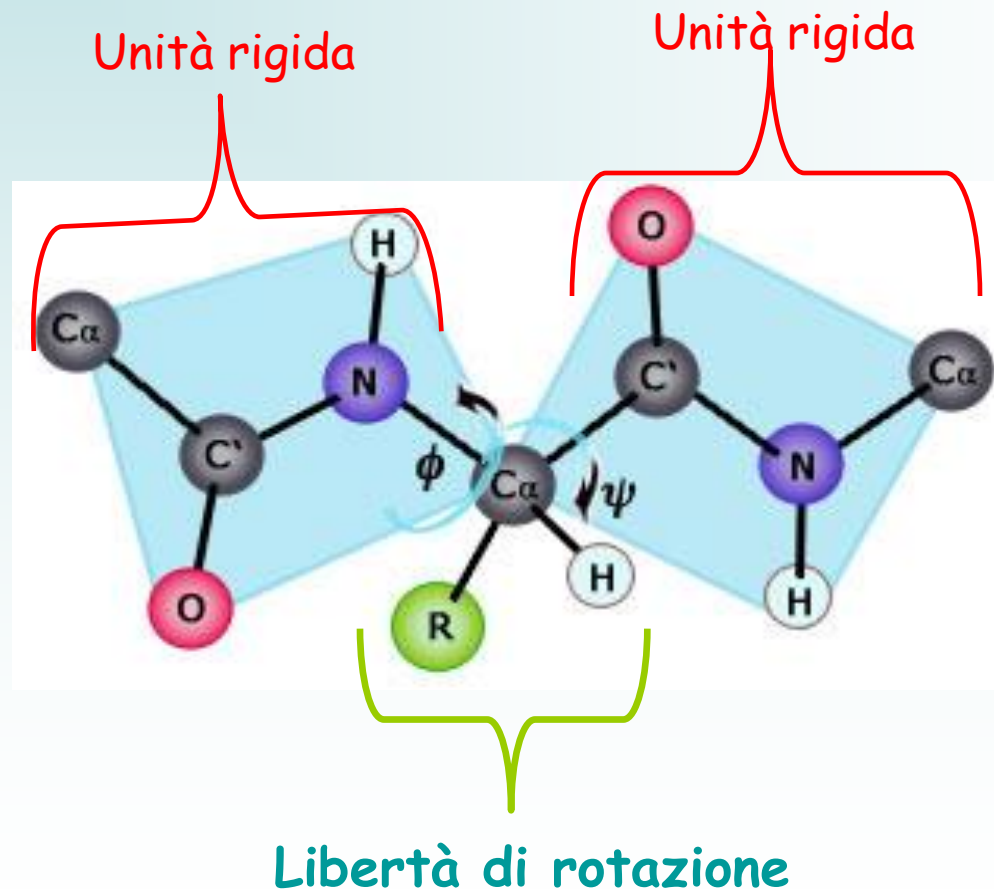
Il legame C-N del legame peptidico è + corto di un semplice legame C-N, ha caratteristiche di = legame

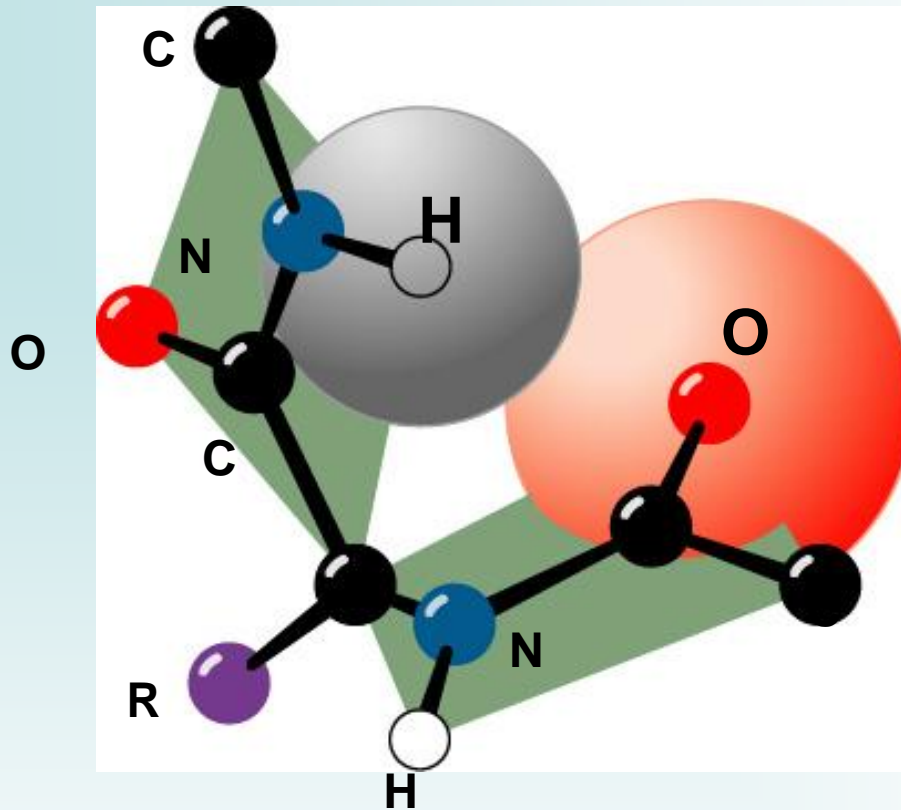
I legami peptidici impongono delle limitazioni al numero di conformazioni possibili che una catena polipeptidica può assumere in quanto anche i legami C-C non sono liberi di ruotare

Due possibili rotazioni intorno ai vertici costituiti dai $C\alpha$:

- intorno al legame $C\alpha-C'$ (angolo di rotazione ψ),
- intorno al legame $N-C\alpha$ (angolo di rotazione ϕ).

i piani che contengono i vari gruppi peptidici sono liberi di ruotare intorno ai vertici costituiti dai $C\alpha$.





Interferenze Steriche Fra Gruppi Peptidici Adiacenti

La rotazione intorno ai legami $C_{\alpha} \text{---}N$ e $C_{\alpha} \text{---}C$ può portare:

- collisione fra l'H amidico di un residuo e l'O carbonilico del residuo successivo
- i sostituenti del C_{α} adiacente sono + vicini delle loro distanze di van der Waals
- Nei polipeptidi + lunghi collisioni tra residui anche lontani tra loro nella sequenza

Proteine

Struttura <-> funzione

- Affinché una proteina possa svolgere la propria funzione biologica, la catena polipeptidica deve ripiegarsi in modo da assumere una struttura tridimensionale stabile.



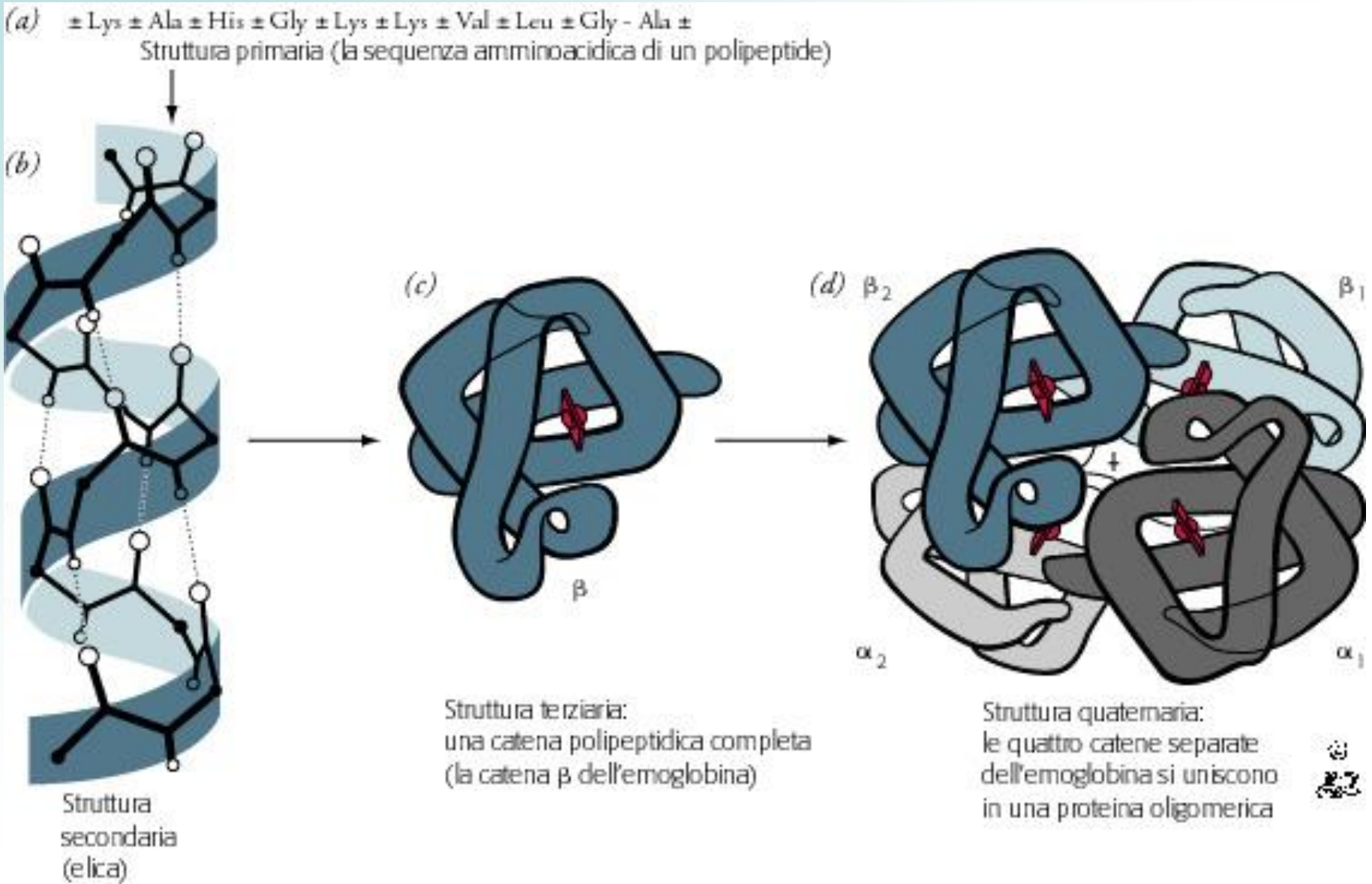
Struttura nativa

- *Nella struttura 3D di una proteina è possibile riconoscere più livelli di organizzazione, in base a un criterio di complessità*



quattro distinti livelli strutturali.

*Nella descrizione della **conformazione** di una proteina si procede per unità caratterizzate da una complessità organizzativa crescente*



❖ **Struttura I^{aria}** è la semplice sequenza degli a.a.

❖ **Struttura II^{aria}** : *eliche, foglietti, ripiegamenti*

è riferita alla disposizione spaziale degli atomi dello scheletro

del polipeptide senza considerare la localizzazione delle catene laterali

❖ **Struttura III^{aria}** : *proteine Fibrose e Globulari*

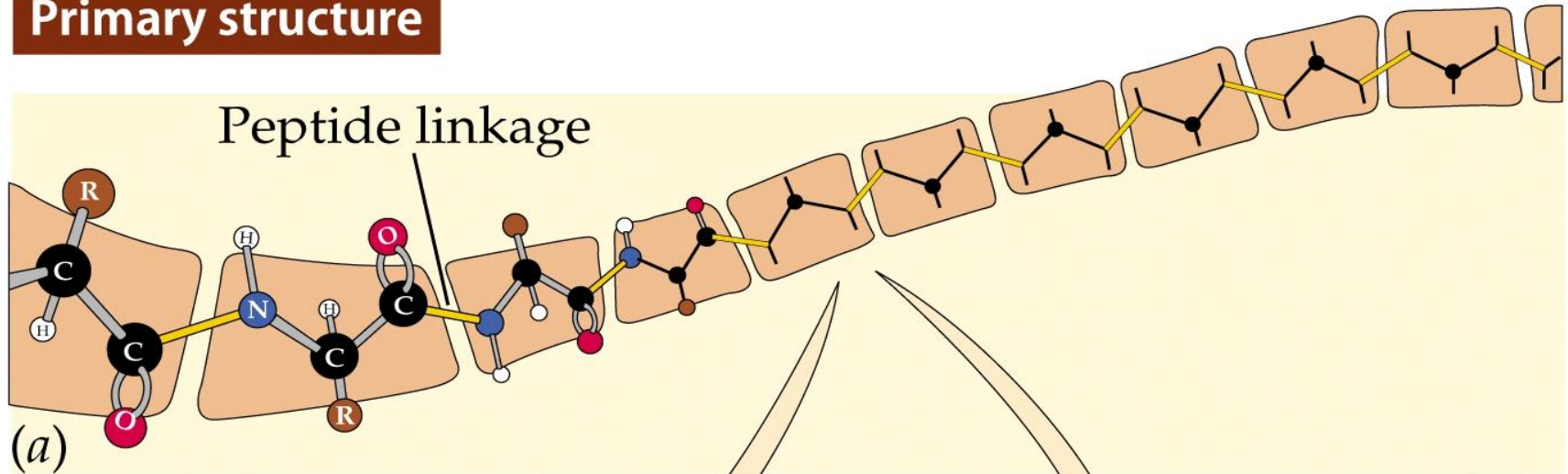
è la *struttura tridimensionale* di un intero polipeptide:

ripiegamento degli elementi della struttura I^{aria} e

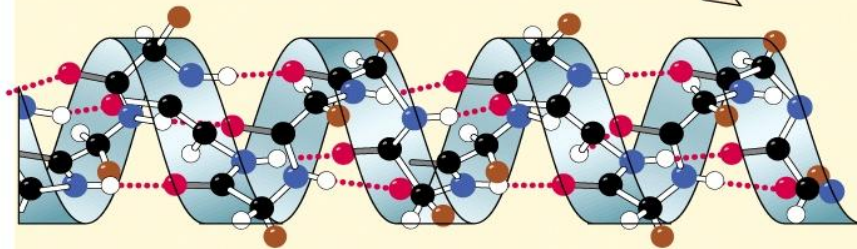
le catene laterali della II^{aria}

❖ **Struttura IV^{aria}** è la disposizione spaziale delle *subunità* di una proteina

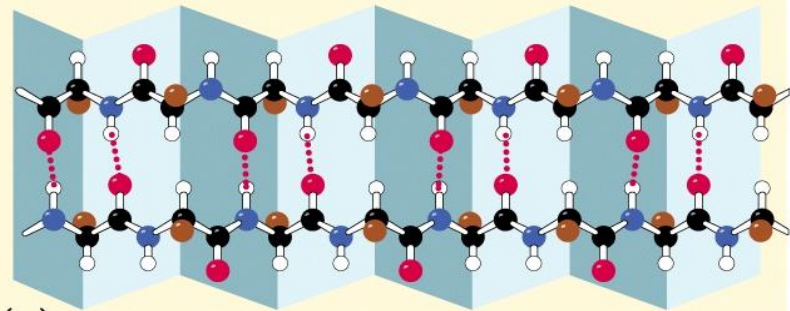
Primary structure



Secondary structure



α ELICA



FOGLIETTO RIPIEGATO

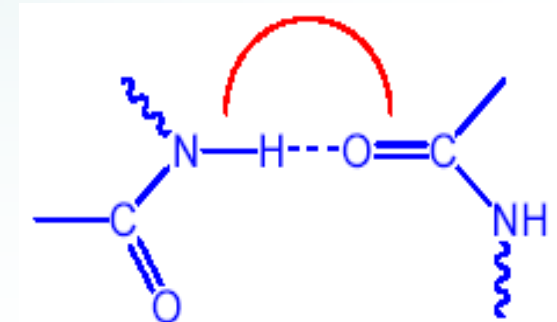
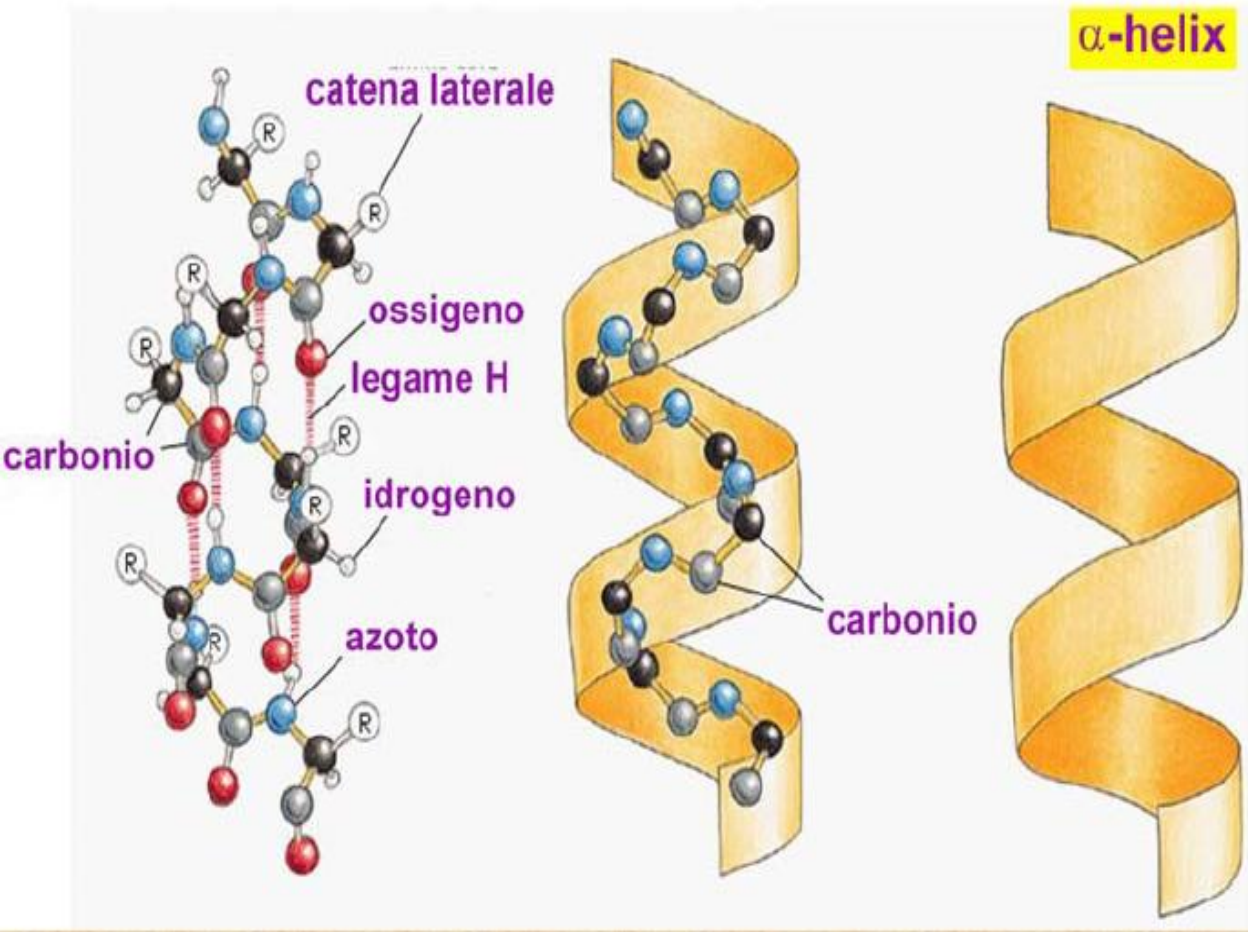
© 2001 Sinauer Associates, Inc.

La **struttura secondaria** consiste nella conformazione spaziale delle catene carboniose.

Struttura secondaria: l' α elica

Una singola catena polipeptidica si avvolge su se stessa fino a formare un cilindro rigido.

Ciascun legame peptidico si salda ad altri distribuiti lungo la catena mediante legami a idrogeno



la struttura **ELICOIDALE** è la **struttura + semplice**

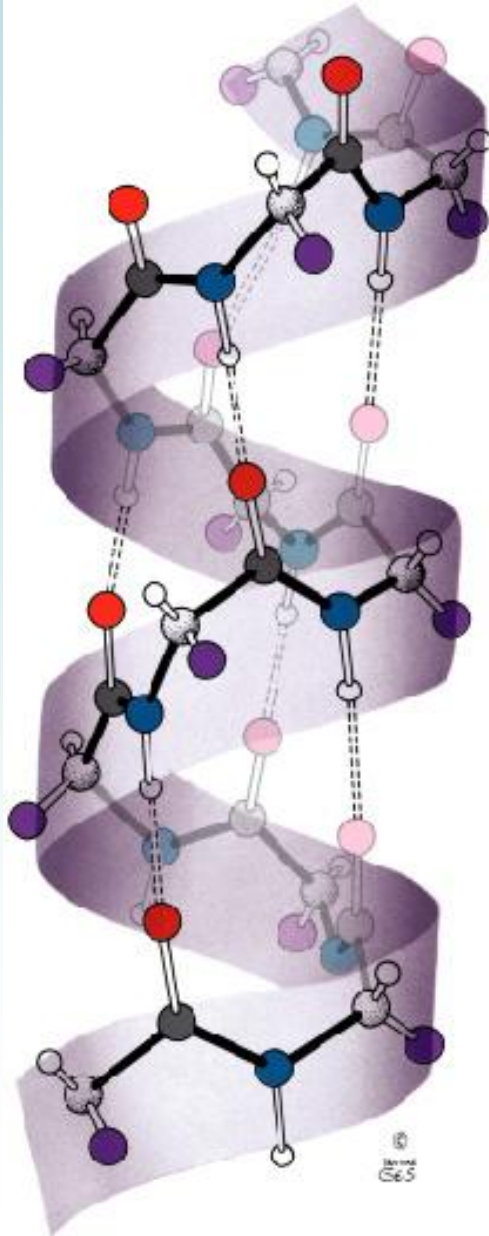
Solo un tipo di elica può assumere una conformazione compatibile con la distribuzione di legami favorevole

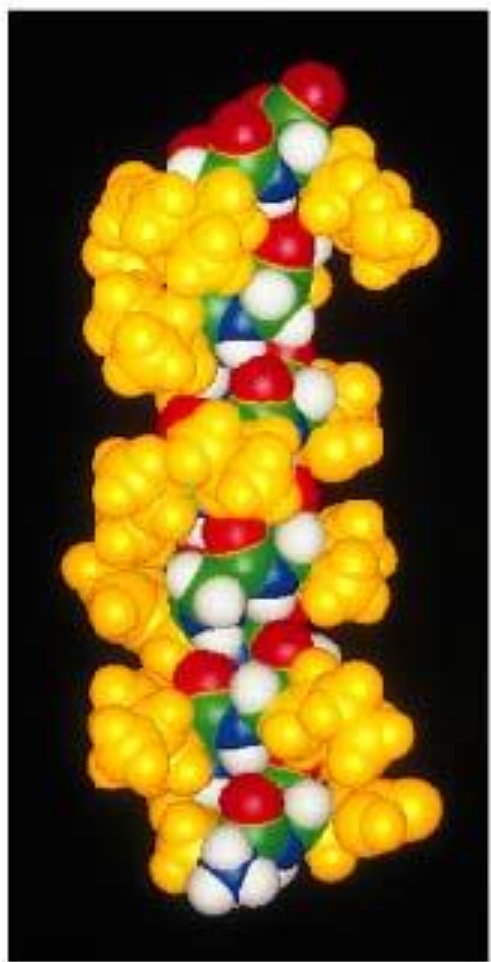
- È un' **α -elica destrorsa**.
- L' **α -elica** ha 3,6 residui di a.a. per giro e
- un passo di 5,4 Å (distanza tra un giro e l'altro)
- il legame **C=O** di un certo residuo è in corrispondenza del legame **N-H** di 4 residui + avanti

formazione di *legami idrogeno* molto forti

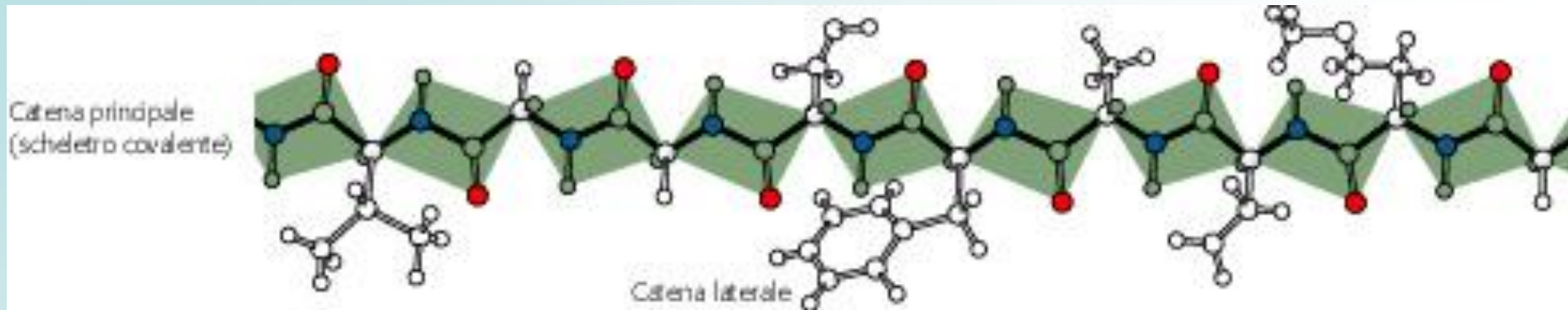


gli atomi coinvolti si trovano alla distanza ottimale 2,8 Å





- Le catene laterali degli a.a. si proiettano verso l'esterno e verso il basso rispetto all'elica per evitare interferenze steriche con lo scheletro del polipeptide o con altre catene laterali.
- Il nucleo dell'elica è molto compatto



Un polipeptide può anche assumere la struttura II^{aria} a **Foglietto β**

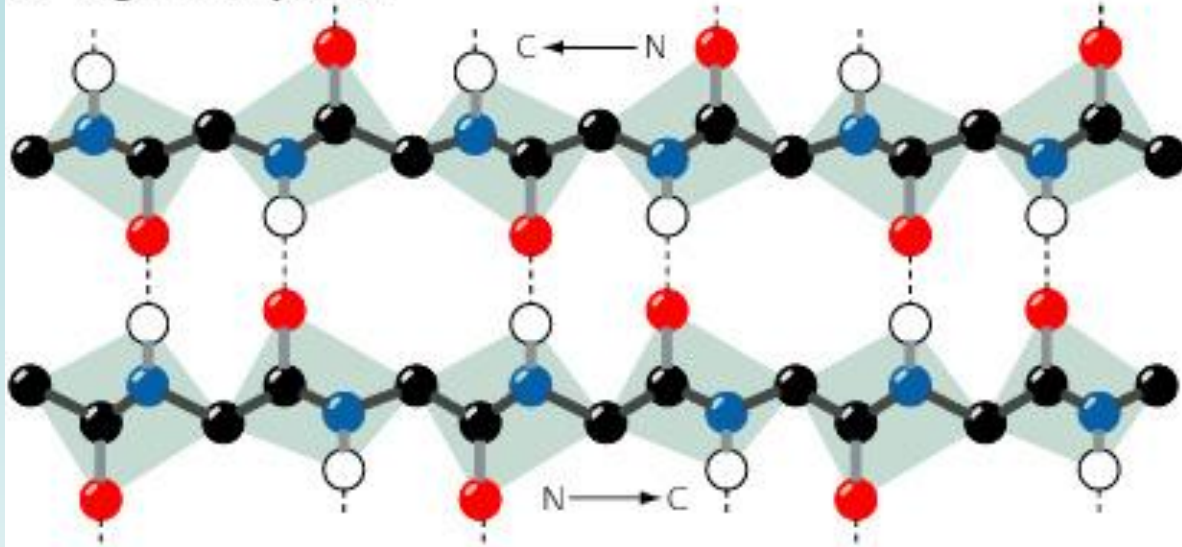
Nel foglietto β i legami idrogeno si formano fra catene affiancate, non all'interno della stessa catena come per l' α -elica.

Esistono 2 tipi di foglietti:

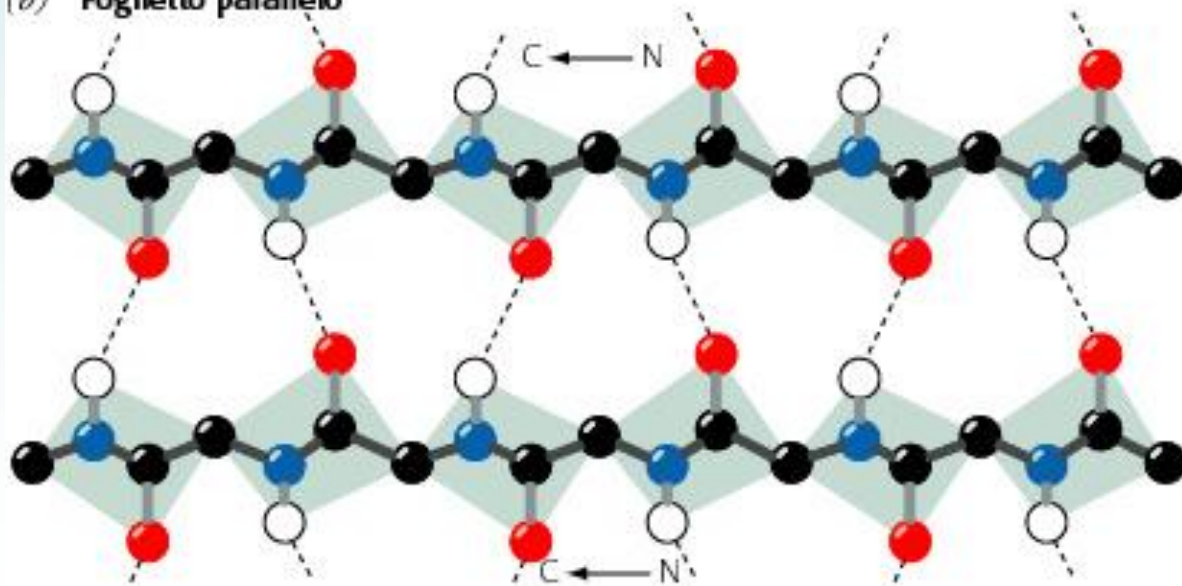
1. **β -antiparallelo** in cui le catene vicine corrono in direzioni opposte
2. **β -parallelo** le catene unite da legami H corrono nella stessa direzione

Si incontrano spesso foglietti β con catene sia parallele che antiparallele

(a) Foglietto antiparallelo

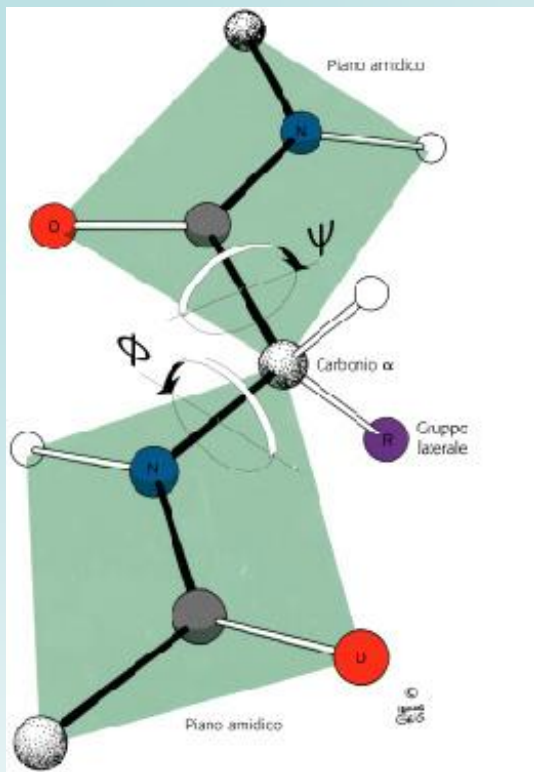


(b) Foglietto parallelo

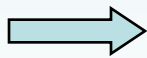


È meno stabile dell' antiparallelo perché i legami sono distorti



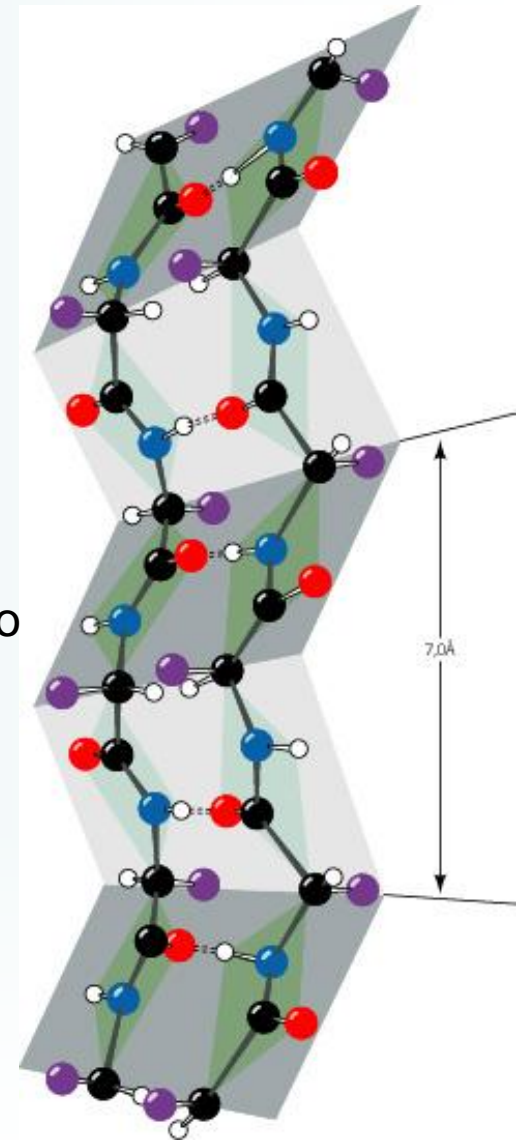


La conformazione con cui possono formare legami H in modo ottimale sono a volte diverse dalla forma completamente distesa

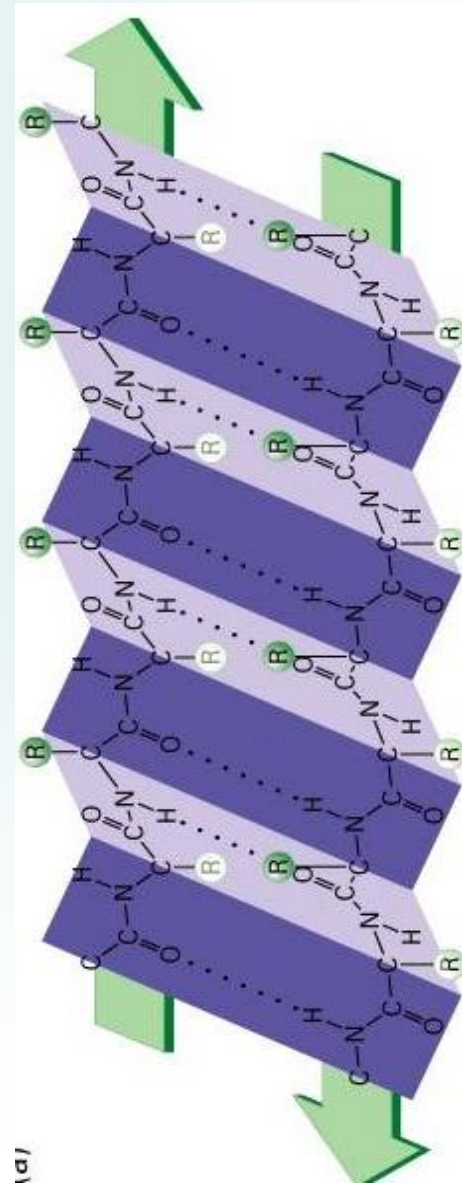
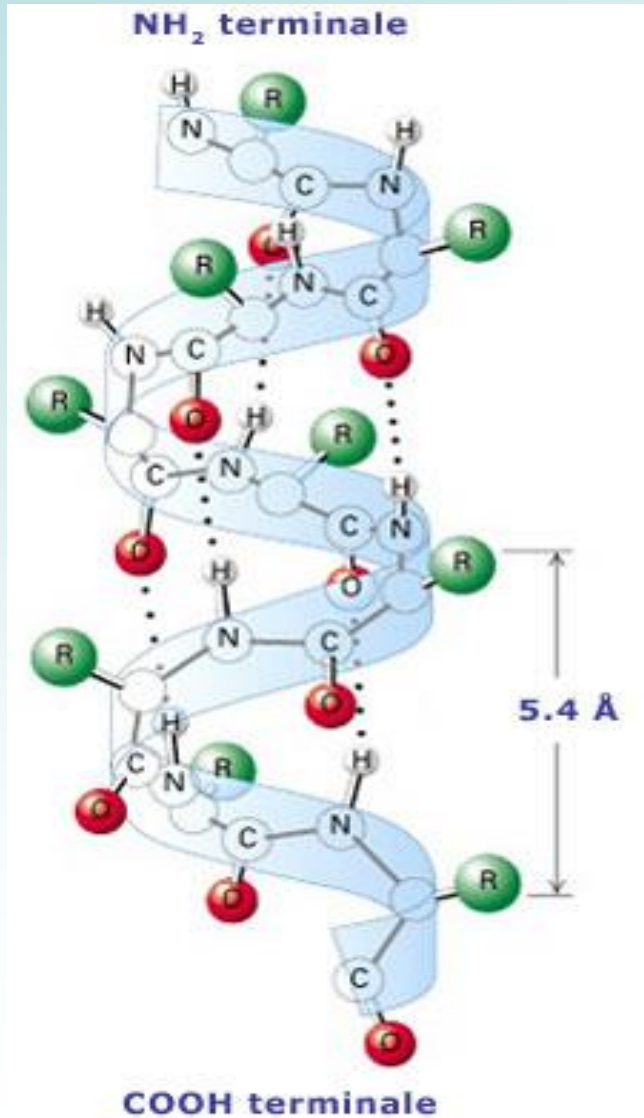


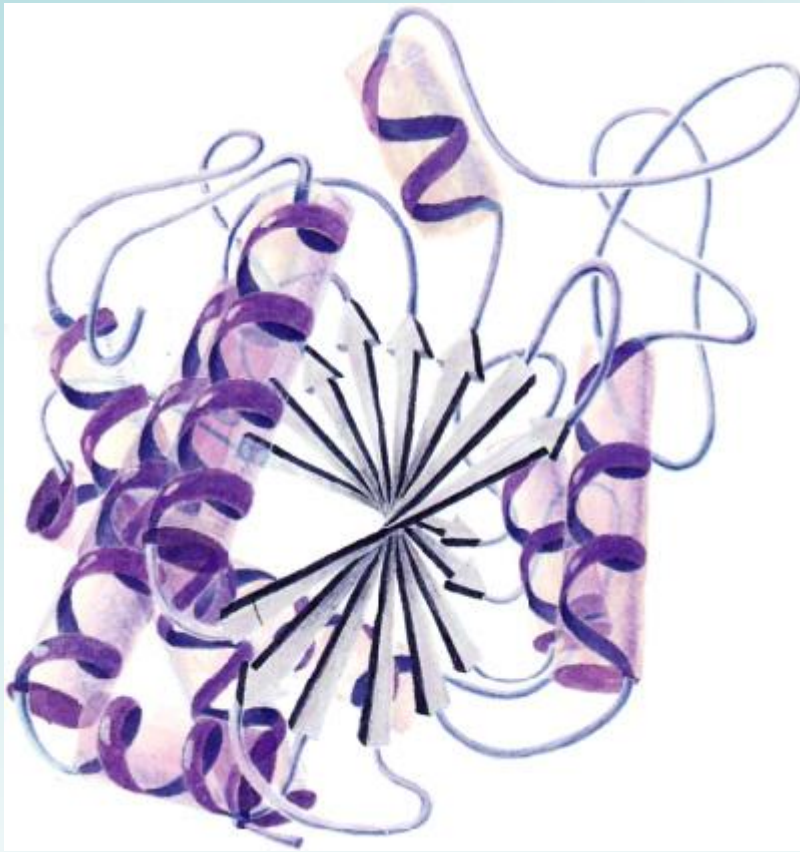
Foglietti pieghettati

I gruppi R si estendono alternativamente sui lati opposti del foglietto a una distanza ripetitiva di 7 Å e sono *in corrispondenza* con quelli della catena adiacente



Confronto tra l' α elica e i foglietti β



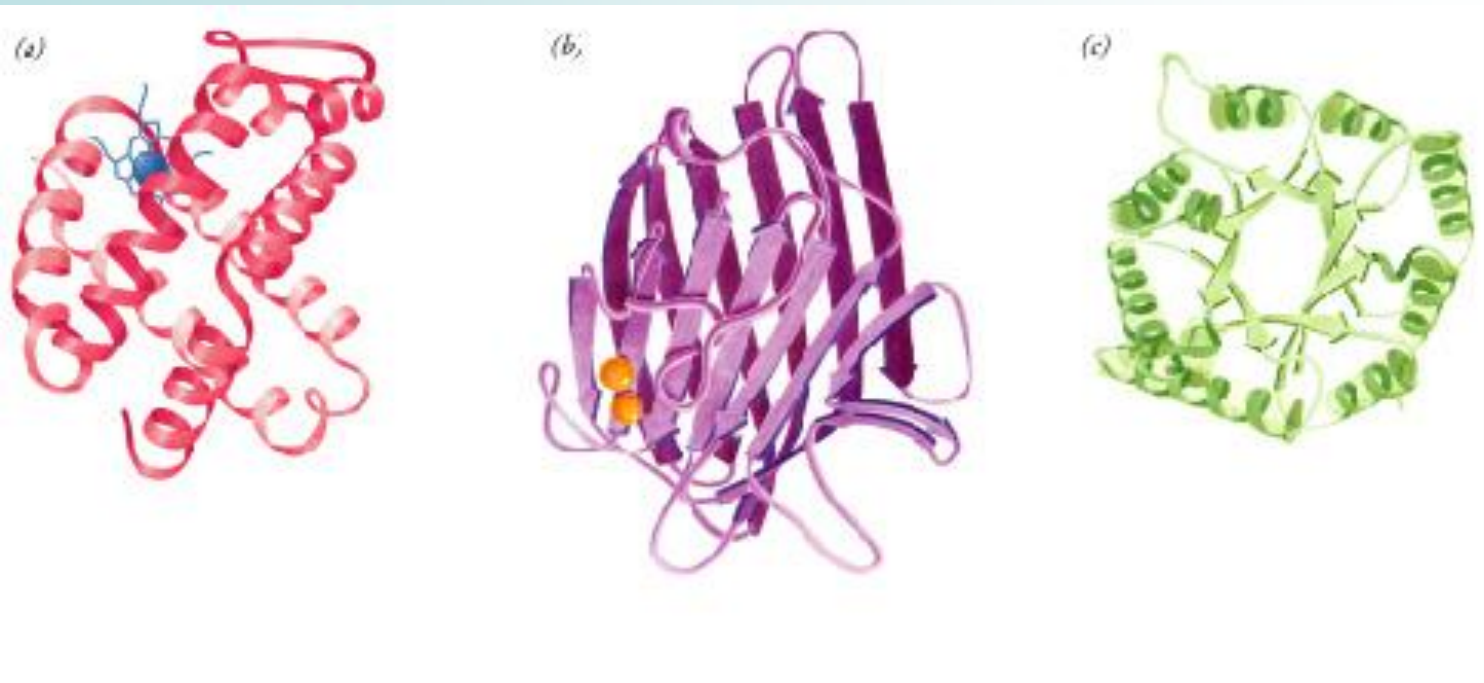


Rappresentazione schematica:

- *Avvolgimento a nastro* per indicare le α -eliche
- *Frecce* che puntano verso il C terminale per indicare Le catene del foglietto: è un foglietto a 8 catene. Le catene laterali non sono mostrate



**Via di
ripiegamento
di una
proteina**



Le proteine a seconda della **struttura III^{aria}** vengono classificate in **Fibrose o Globulari**

FIBROSE sono le conformazioni + semplici:

Catene polipeptidiche avvolte o disposte lungo 1 sola dimensione, spesso in fasci paralleli

Hanno ruolo protettivo o strutturale

Fibroina della seta

Cheratina: lana, capelli,
corni, unghie, penne

Collagene: Tessuto connettivo

GLOBULARI

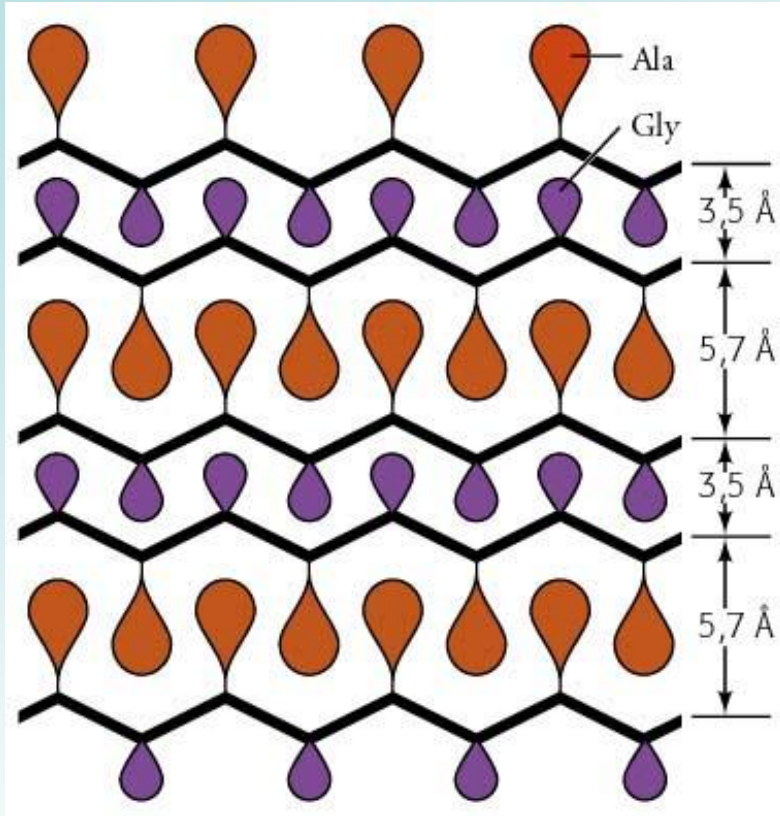
Le catene polipeptidiche sono ripiegate in *strutture compatte* con poco o nessuno spazio interno per molecole di H₂O

Le catene laterali sono distribuite nello spazio in base alla *polarità*:

- I residui polari verso l'esterno
- Le catene non polari verso l'interno, con conformazioni rilassate a bassi livelli energetici senza un gran numero di interazioni intramolecolari

La + parte delle proteine sono globulari e contengono strutture II^{arie} regolari.

La fibroina della seta è un foglietto β



È costituita da una sequenza di 6 residui:



struttura microcristallina :

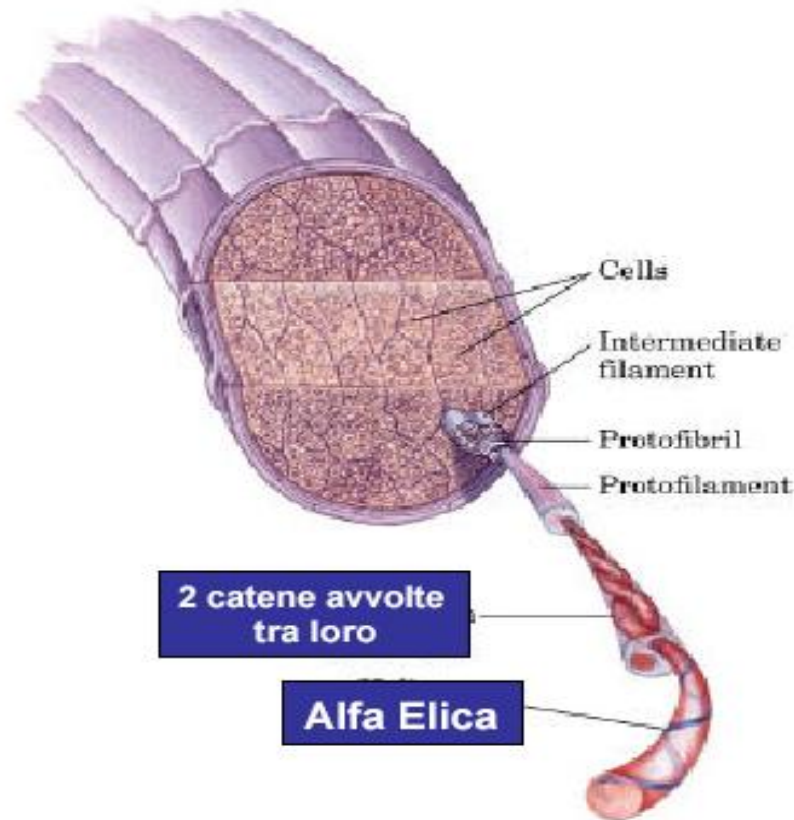
Gli strati con catene laterali di Glicina si alternano a strati con catene laterali di Serina e Alanina in contatto fra loro

Tale struttura conferisce le *proprietà meccaniche* alla seta:

- È una delle fibre + resistenti
- **Non è estensibile** \longrightarrow rottura dei legami covalenti della molecola che ha una conformazione quasi completamente estesa
- **È però flessibile** perché i foglietti β vicini sono uniti da forze di van der Waals

Le proteine fibrose chiamate **CHERATINE** contengono molte **zone ad alfa elica** (alfa cheratine) che danno luogo a strutture **adatte a resistere alla tensione** (lana, peli, capelli, corna, zoccoli, gusci di tartarughe).

ALFA ELICA



Sezione trasversale di un CAPELLO

2 molecole di **cheratina**, ognuna in forma di elica si avvolgono fra loro
La distanza è 5,1 Å e non la distanza tipica di un' α-elica (5,4 Å)

→ *Schiacciamento*

In seguito al superavvolgimento.

Elevato grado di organizzazione nella struttura:

- 2 polipeptidi di cheratina formano un **dimero** avvolto
- 2 file sfalsate di dimeri avvolti e associati in posizione testa-coda

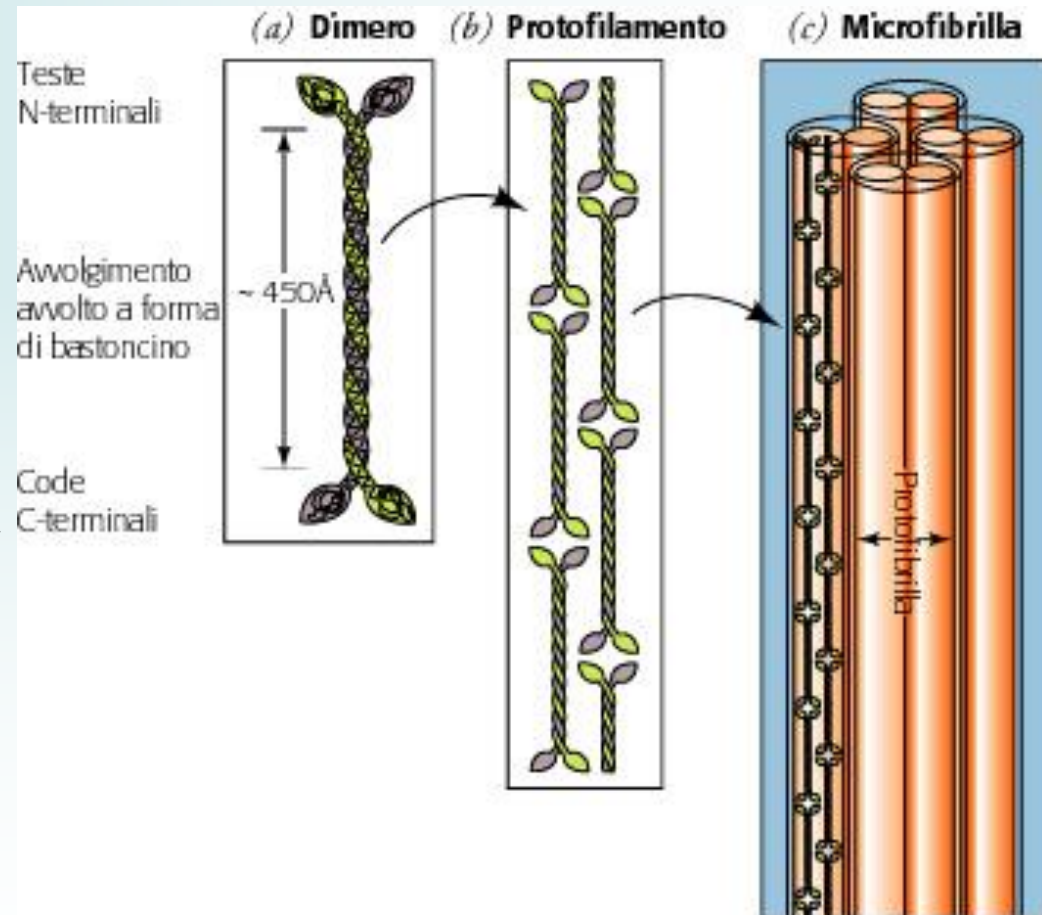
→ **Protofilamento**

- 2 protofilamenti

→ **Protofibrille**

- 4 protofibrille

→ **Microfibrilla**



- L' *α -cheratina* è una *proteina poco reattiva e resistente*
- È ricca di residui di cisteina che formano ponti disolfuro fra catene adiacenti
- a seconda del contenuto dei ponti disolfuro:

α -cheratine dure (capelli, corna, unghie)

α -cheratine soffici (pelle e callosità)

I ponti disolfuro possono essere scissi in modo riduttivo con mercaptani o mediante un trattamento termico

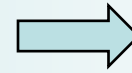


stiramento la molecola assume una conformazione a foglietto raddoppiando anche la sua lunghezza

L'elasticità dei capelli e delle fibre di lana dipende dalla tendenza dell'avvolgimento avvolto a recuperare la sua forma nativa dopo uno stiramento.



Il collagene è la proteina + abbondante nei vertebrati componente dei tessuti connettivi



**Ossa, denti, Cartilagine, tendini
Matrice fibrosa della pelle e dei vasi sanguigni**

È una tripla elica

Fibre resistenti agli stress meccanici e Insolubili


1 molecola di collagene ha 3 catene polipeptidiche

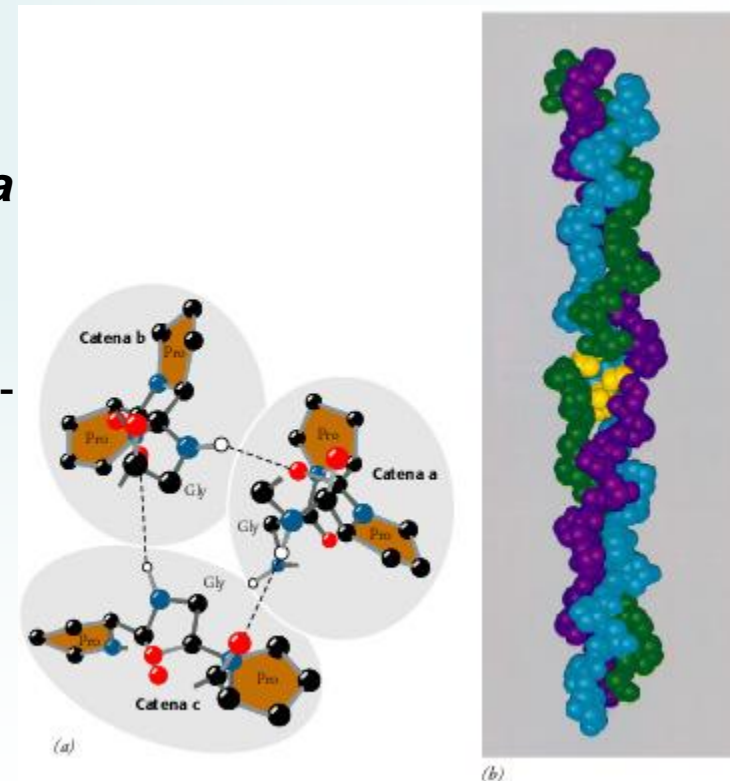
Composizione in a.a.:

30% residui di glicina

15-30% prolina e **idrossiprolina**

La resistenza alla tensione è dovuta all'avvolgimento in direzione opposta delle 3 catene polipeptidiche.

- Le molecole di collagene nelle fibre hanno disposizioni sfalsate
 - Legami covalenti trasversali fra le catene laterali
- 
insolubilità

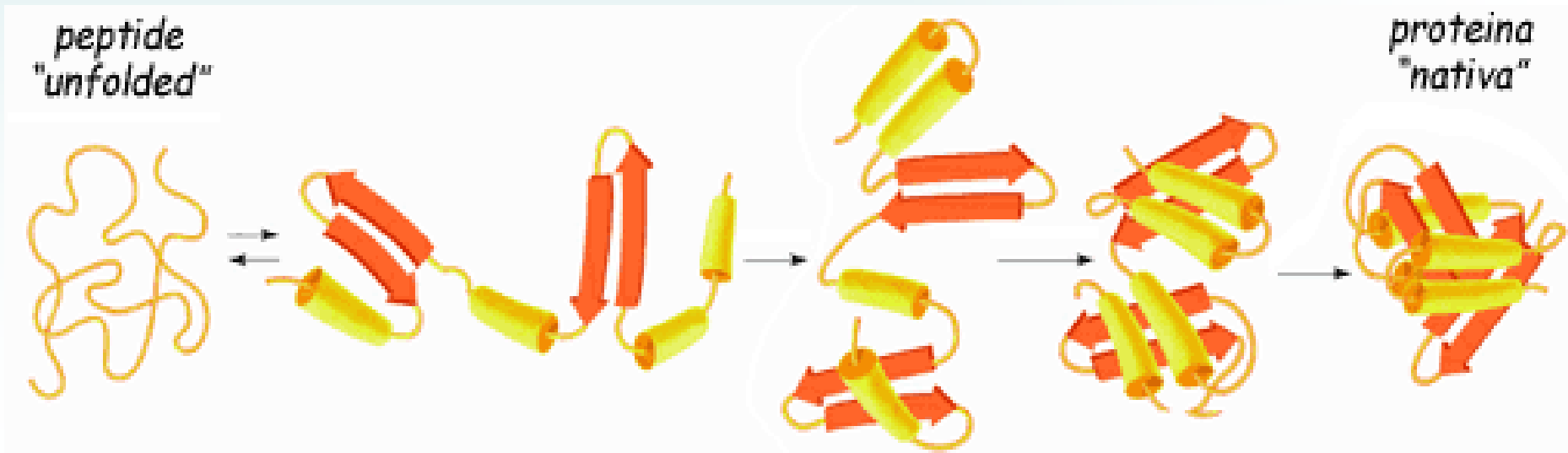


Il ripiegamento delle proteine

Per poter svolgere la propria funzione biologica una proteina deve raggiungere una struttura 3D **stabile** e **funzionale**.

Il processo che dalla biosintesi del peptide, porta alla proteina **biologicamente attiva**, prende il nome di "**fold**ing" ed è un processo progressivo:

- Le strutture secondarie si formano rapidamente
- Le regioni flessibili si ripiegano per interazioni con il solvente:
- Residui polari all'esterno e residui apolari all'interno della proteina



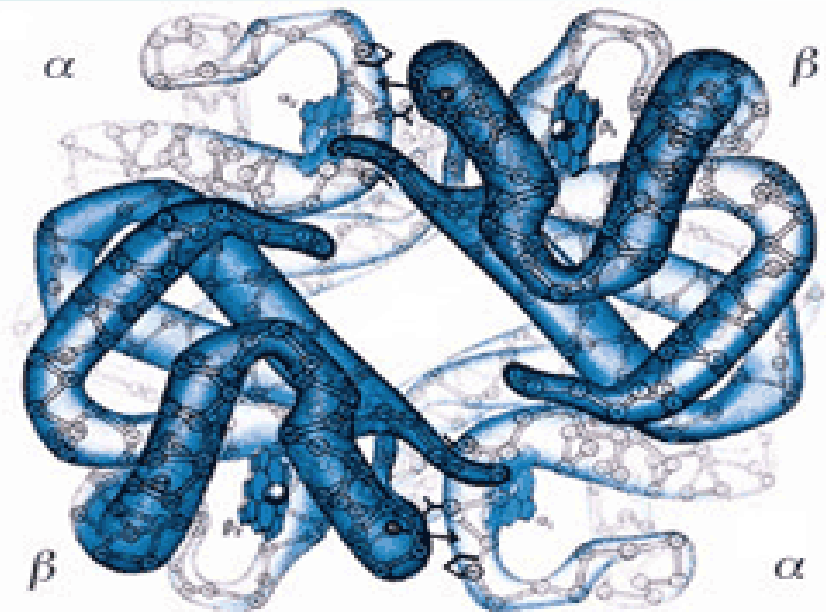
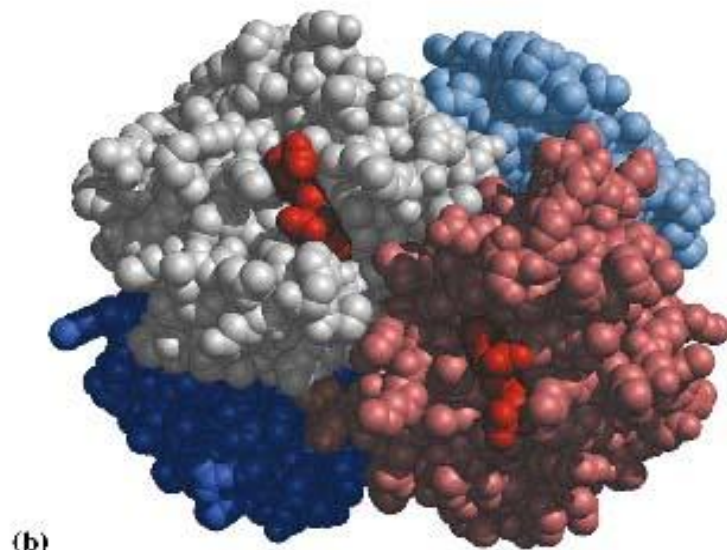
La struttura quaternaria

La struttura quaternaria è l'organizzazione di polipeptidi in un'unica unità funzionale che consiste di più di una subunità polipeptidica.

2 subunità \implies Proteina dimerica

3 subunità \implies Proteina trimerica

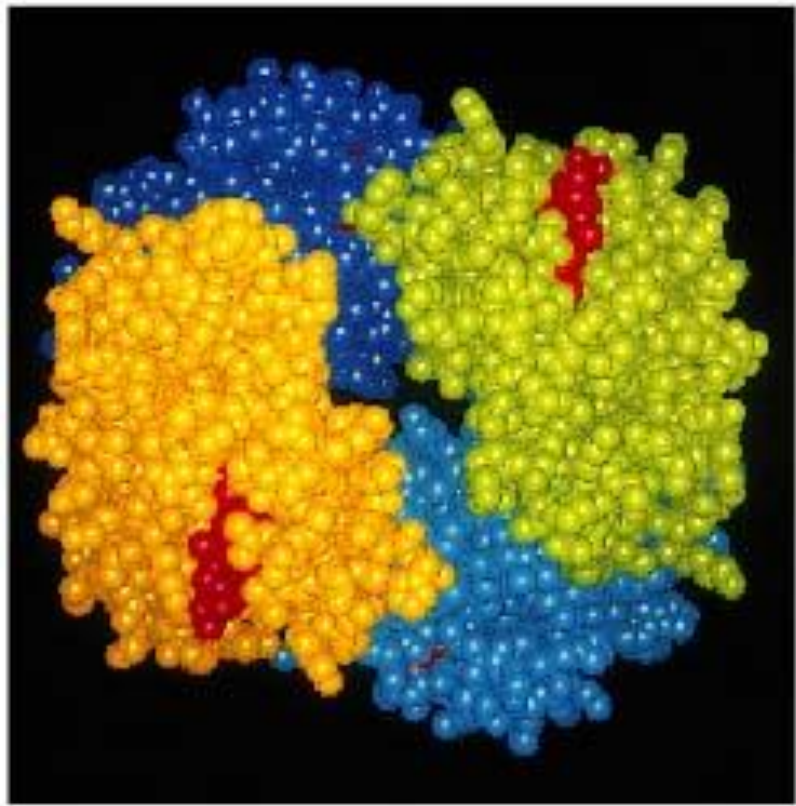
Subunità numerose \implies Proteina multimerica



Proteina coniugata: emoglobina

Struttura quaternaria dell'emoglobina:

4 subunità e 2 gruppi Eme



Maggiori vantaggi nell'avere + subunità indipendenti,

Rispetto a un'unica catena polipeptidica:

I "difetti" possono essere riparati sostituendo

Solo la subunità danneggiata



L'informazione genetica necessaria è solo per la sintesi di 1 unità , in grado poi di autoorganizzarsi

Nel caso di **Enzimi**:

Ogni subunità possiede un sito attivo

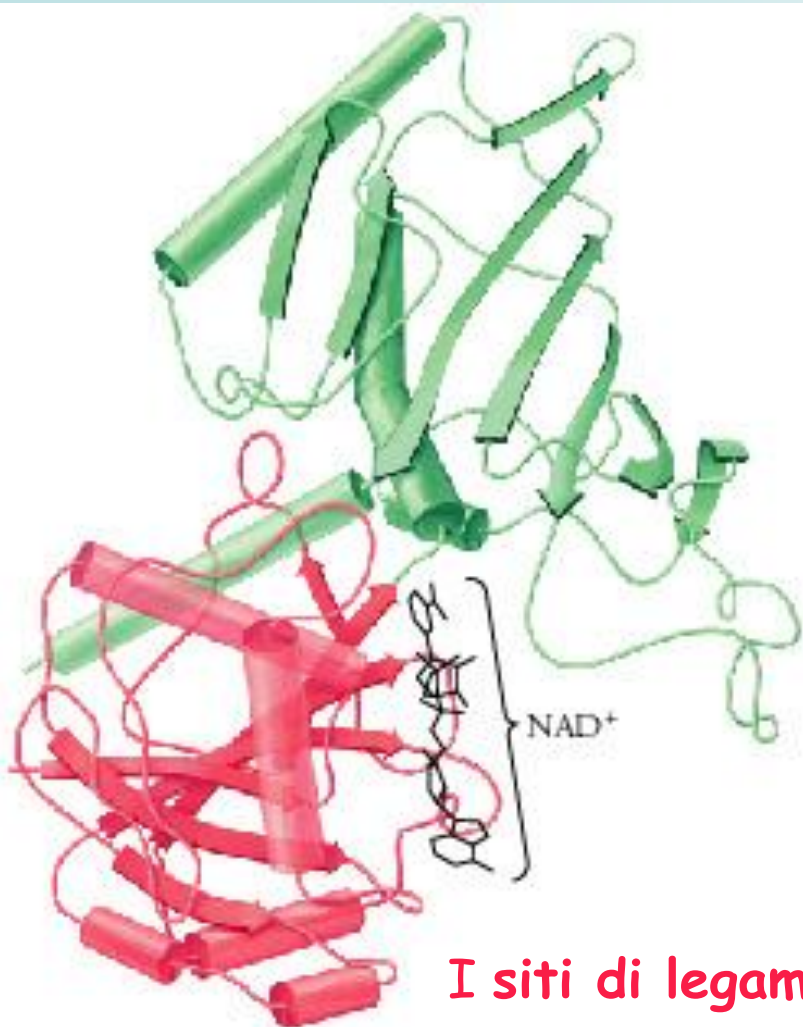


Migliore regolazione delle loro attività biologiche

Oligomeri = proteine contenenti + subunità

Protomeri = subunità identiche

GLICERALDEIDE-3-FOSFATO DEIDROGENASI



Le catene polipeptidiche contenenti + di 200 residui, si ripiegano in genere in 2 o + ripiegamenti detti **domini**

→ *Aspetto bi- o multi-lobato*

Ogni dominio: 100- 200 residui di a.a.

- *I domini sono unità strutturalmente indipendenti* con caratteristiche di piccole proteine globulari
- I domini hanno spesso *funzioni specifiche*, come quella di legare molecole piccole

La gliceraldeide-3 fosfato deidrogenasi ha 2 domini:

1 a cui si lega il NAD

1 per la gliceraldeide

I siti di legame sono le fessure che si generano fra domini adiacenti

Le molecole piccole sono quindi legate da gruppi



appartenenti a 2 domini adiacenti.