

Struttura delle proteine



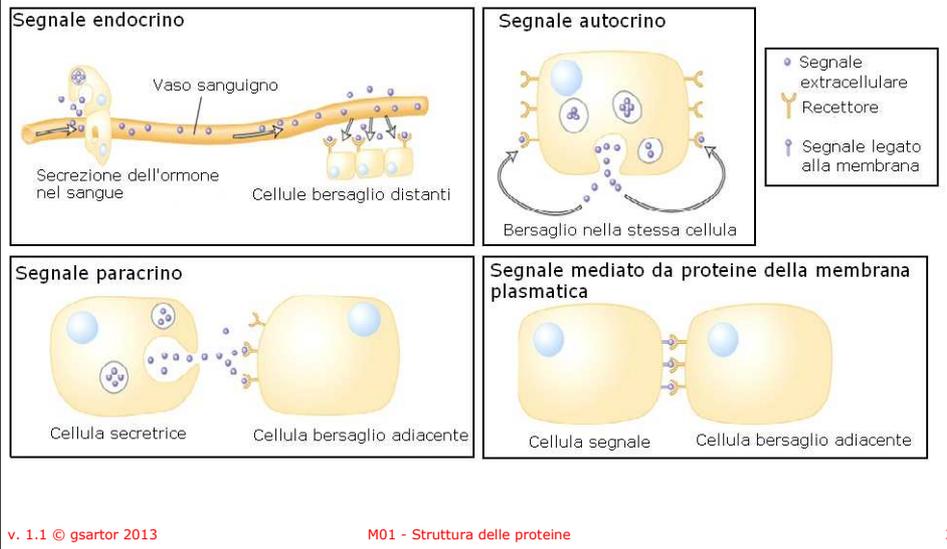
Copyright © 2001-2013 by Giorgio Sartor.
All rights reserved.

Versione 1.1 – sep 2013

Proteine

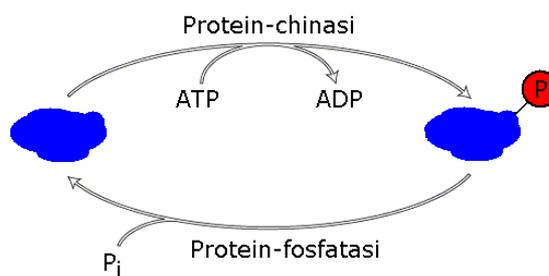
- Biomolecole, macromolecole
 - Più del 50% del peso secco di una cellula sono proteine
- Polimeri lineari di aminoacidi
- Possono essere trattate come stringhe
- Macchine molecolari
- Enzimi
- Proteine contrattili
 - Actina, miosina
- Proteine strutturali
 - Tropocollagene, cheratina
- Effettori
 - Insulina, egf
- Difesa
 - Immunoglobuline
- Recettori
 - CD4, ACh
- Repressori
 - Jun, Fos
- Chaperonine
 - GroEL
- Immagazzinamento
 - Ferritina

TRASDUZIONE DEL SEGNALE: comunicazione extracellulare



TRASDUZIONE DEL SEGNALE: comunicazione intracellulare

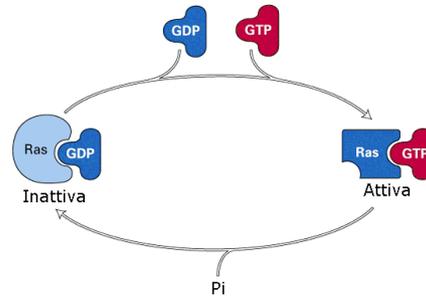
Protein chinasi



- L'attivazione dei recettori di superficie provoca variazioni del grado di fosforilazione di alcune proteine attraverso l'attivazione di chinasi.
- Le chinasi possono far **parte del recettore, essere nel citosol, o associate alla membrana plasmatica.**
- Ci sono due tipi di chinasi quelle che fosforilano la tirosina, e quelle che agiscono sulla serina o sulla treonina.
- L'attività catalitica delle chinasi viene modulata da **fosforilazioni**, dal **legame diretto ad altre proteine**, da **variazioni della concentrazione di secondi messaggeri**.
- All'attività delle chinasi si contrappone l'attività delle fosfatasi, che rimuovono i gruppi fosfato da specifiche proteine substrato.

TRASDUZIONE DEL SEGNALE: comunicazione intracellulare

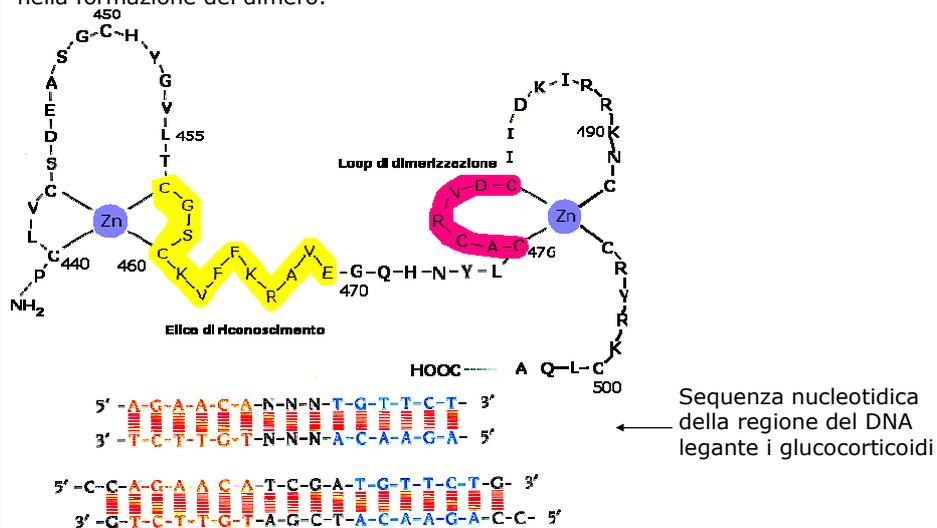
Proteine segnale intracellulari



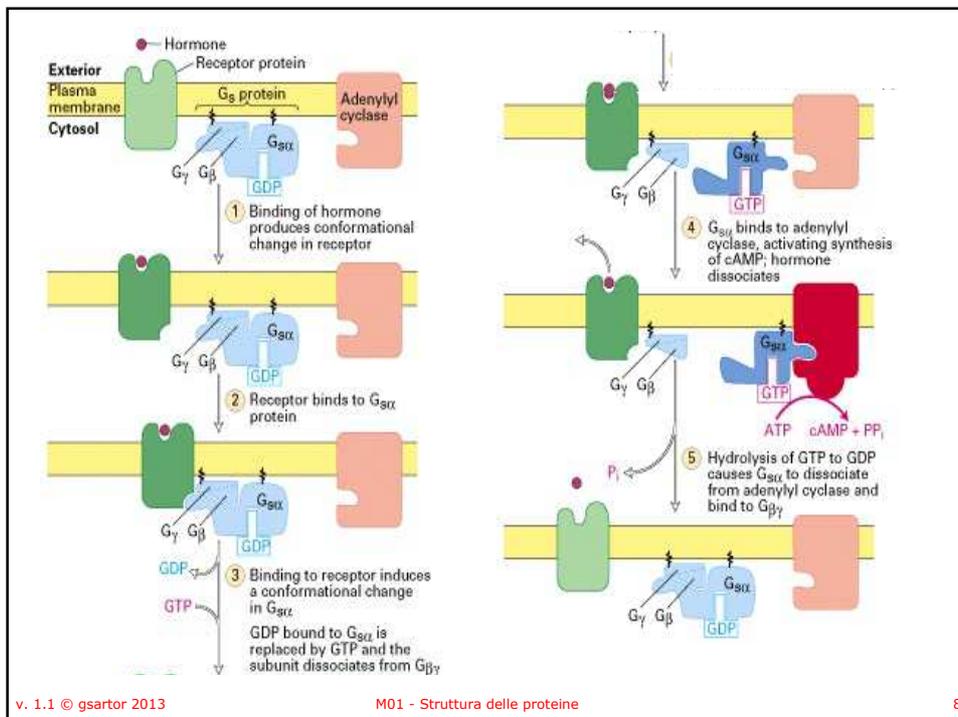
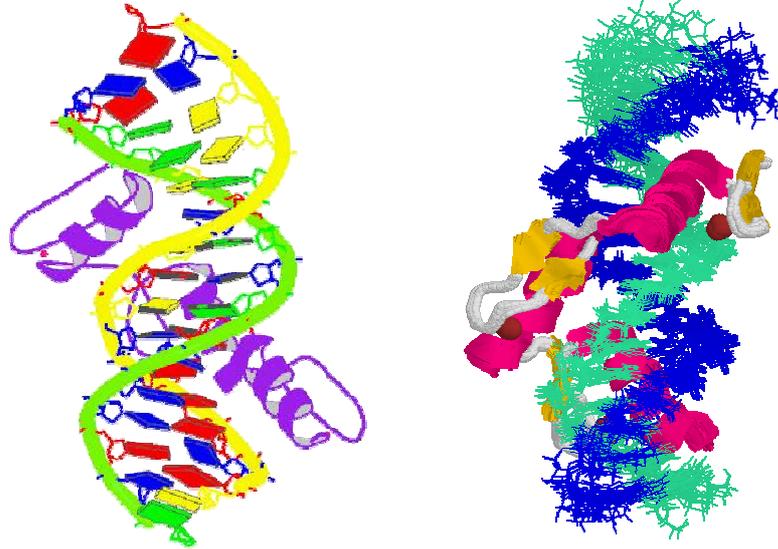
- Proteine che legano il GTP e agiscono come "interruttori" molecolari nelle vie metaboliche nelle vie della trasduzione del segnale. Esistono due classi con attività GTP-asi: la proteine G trimeriche che sono direttamente accoppiate ad alcuni recettori, e le proteine monomeriche Ras.
- In tutti e due i tipi di proteine, sono presenti regioni che promuovono l'attività di specifiche proteine effettrici per interazione diretta proteina-proteina. I domini si trovano nella loro conformazione attiva soltanto quando la switch protein è legata al GTP.

Sequenza AA del dominio di legame del DNA contenente Zn^{++} del recettore dei glucocorticoidi.

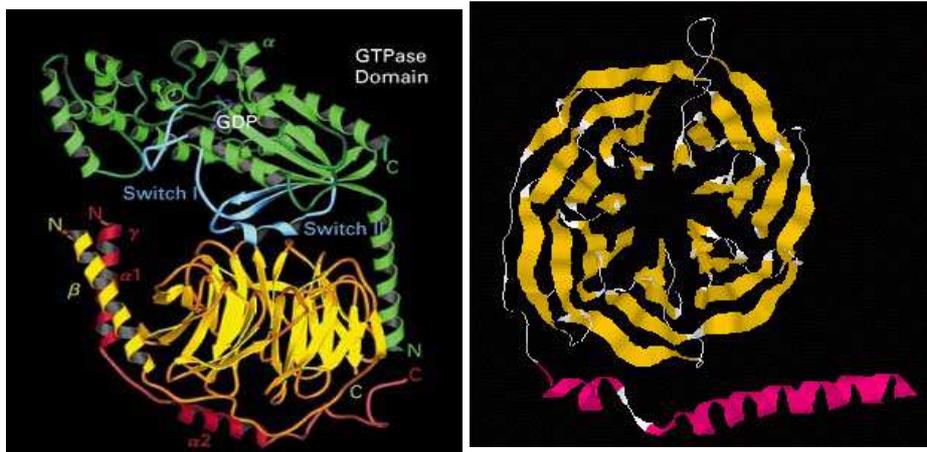
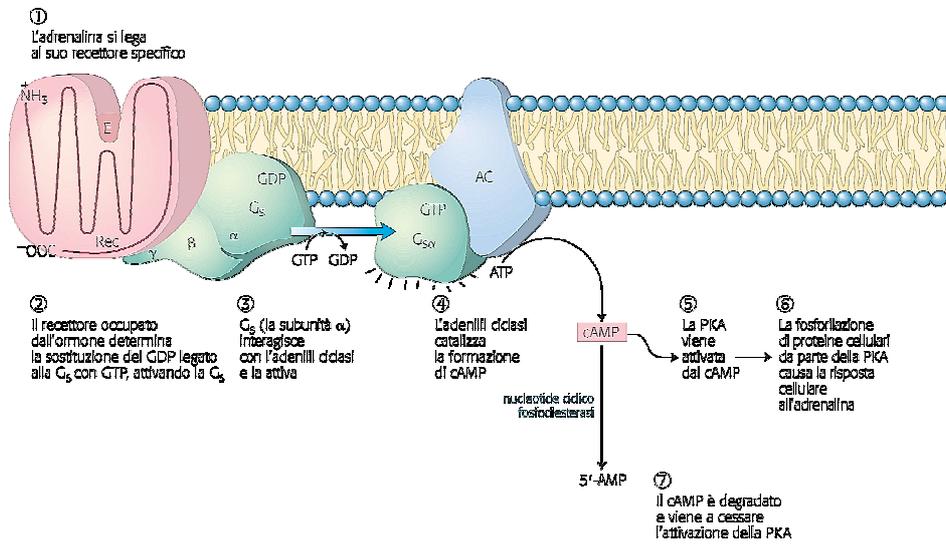
Ogni ione di Zn^{++} è legato a 4 residui di cisteina. Uno di questi stabilizza l'elica di riconoscimento (in giallo) che fornisce siti di legame ai DNA sequenza -specifici mentre nella altra regione contenente Zn^{++} è presente un loop (in viola) implicato nella formazione del dimero.

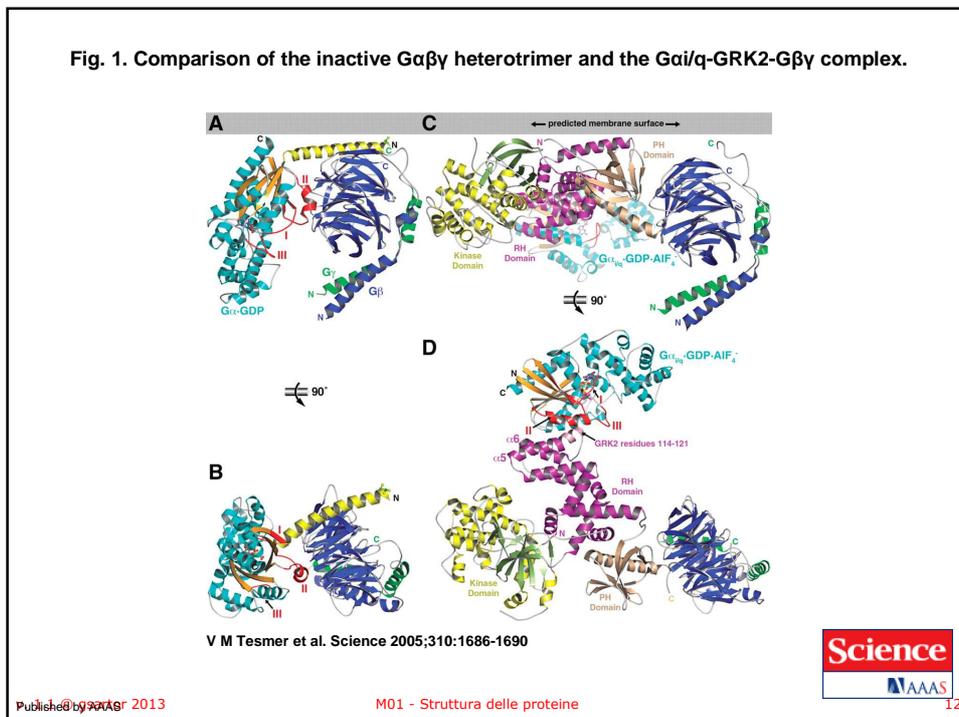
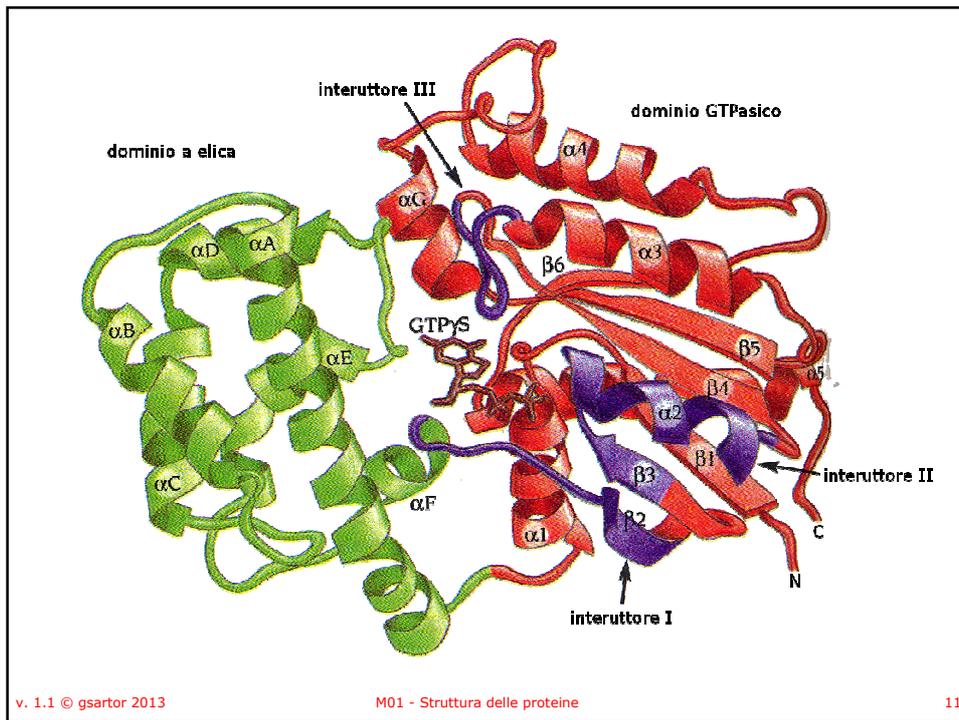


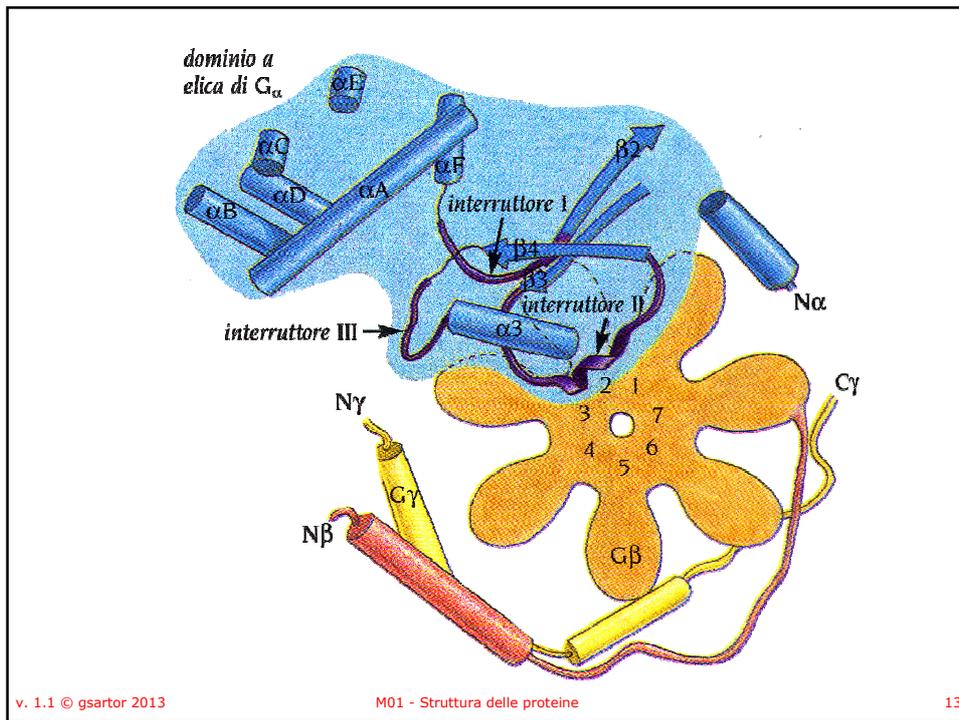
Sequenza AA del dominio di legame del DNA contenente Zn del recettore dei glucocorticoidi.



Recettori accoppiati a protein G e loro effettori





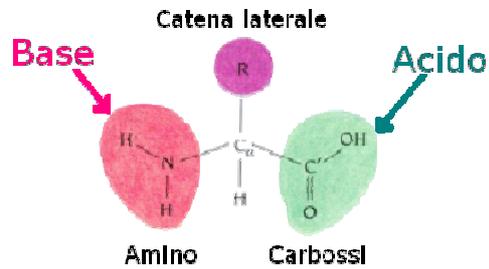


Struttura delle proteine

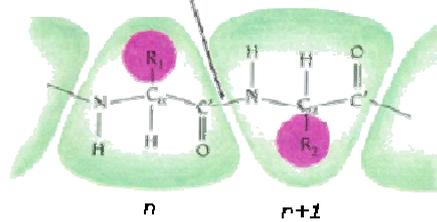
I fondamentali

The background of the text area features three green silhouettes of human figures in different poses: one is crouching, one is standing upright, and one is standing with arms raised.

Proteina

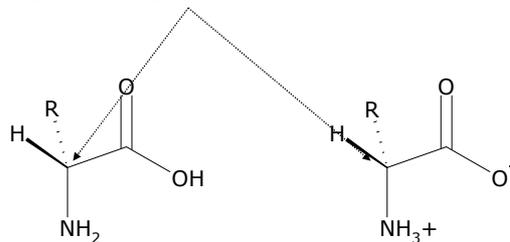


Legame peptidico



Aminoacidi

- Gli α -aminoacidi (AA) sono molecole che presentano almeno due gruppi funzionali,
 - il gruppo $-\text{COOH}$ e
 - il gruppo $-\text{NH}_2$
- Legati al carbonio α



Aminoacidi

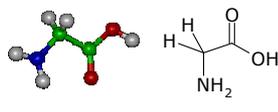
- Gli AA differiscono tra loro per il gruppo R
- I mammiferi utilizzano 20 AA diversi il cui gruppo R ha diverse proprietà polari e/o acido-base:
 - R alifatico (sei)
 - R aromatico (tre)
 - R idrossilato (due)
 - R contenente zolfo (due)
 - R acido e derivati (quattro)
 - R basico (tre)
 - R idrofobico (sette)
 - R polare (otto)
 - R carico (quattro)
 - glicina

Aminoacidi

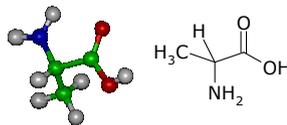
- Gli AA differiscono tra loro per il gruppo R
- I mammiferi utilizzano 20 AA diversi il cui gruppo R ha diverse proprietà polari e/o acido-base:
 - **R alifatico (sei)**
 - **R aromatico (tre)**
 - **R idrossilato (due)**
 - **R contenente zolfo (due)**
 - **R acido e derivati (quattro)**
 - **R basico (tre)**
 - R idrofobico (sette)
 - R polare (otto)
 - R carico (quattro)
 - glicina

Aminoacidi alifatici

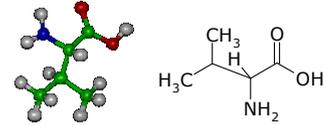
- Gli AA alifatici sono sei:



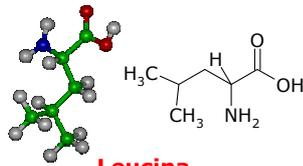
Glicina
Gly G



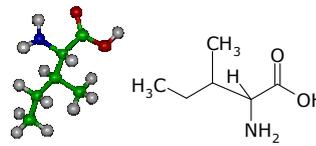
Alanina
Ala A



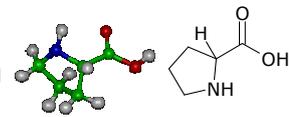
Valina
Val V



Leucina
Leu L



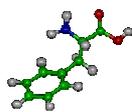
Isoleucina
Ile I



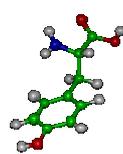
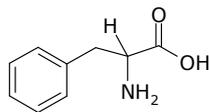
Prolina
Pro P

Aminoacidi aromatici

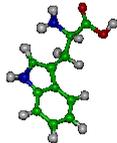
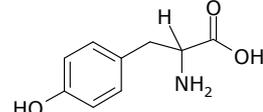
- Gli AA aromatici sono tre:



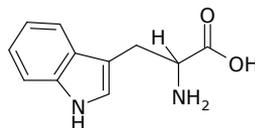
Fenilalanina
Phe F



Tirosina
Tyr Y

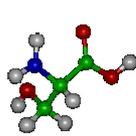


Triptofano
Trp W

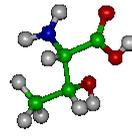
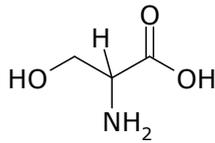


Aminoacidi idrossilati

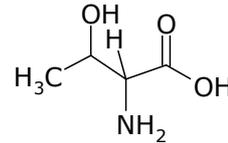
- Gli AA idrossilati sono due:



Serina
Ser S

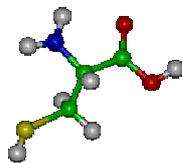


Treonina
Thr T

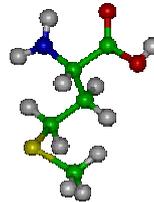
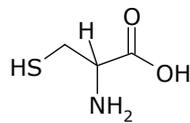


Aminoacidi contenenti zolfo

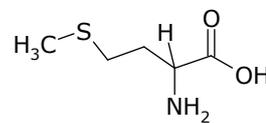
- Gli AA contenenti zolfo sono due:



Cisteina
Cys C

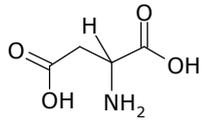
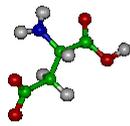


Metionina
Met M

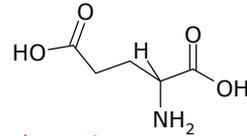
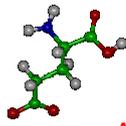


Aminoacidi acidi (e derivati)

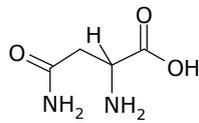
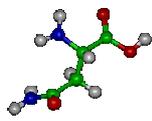
- Gli AA acidi sono due (e due le amidi):



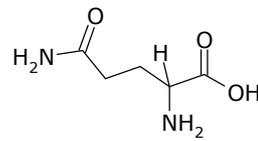
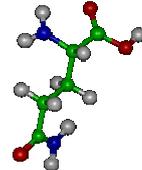
Acido aspartico
Asp D



Acido glutamico
Glu E



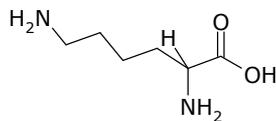
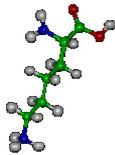
Asparagina
Asn N



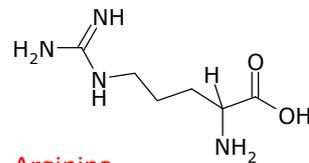
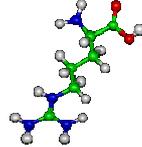
Glutamina
Gln Q

Aminoacidi basici

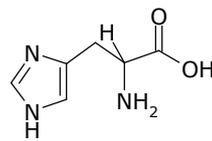
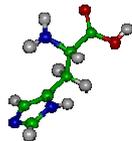
- Gli AA basici sono tre:



Lisina
Lys K



Arginina
Arg R



Istidina
His H

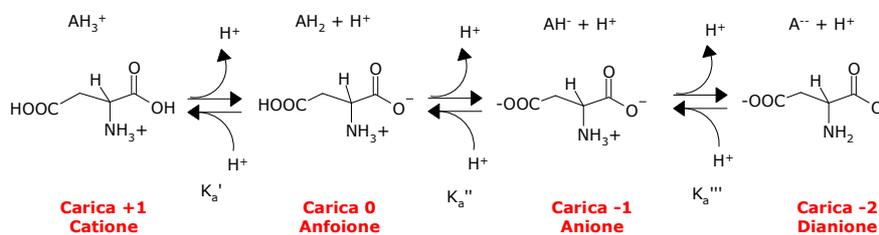
Proprietà acido-base degli AA

- Si definisce pI (punto isoelettrico) il valore di pH al quale l'AA ha carica netta 0, nel caso di un AA con catena laterale neutra è dato da:

$$pI = \frac{1}{2} (pK_a' (\alpha\text{-COOH}) + pK_a'' (\alpha\text{-NH}_3^+))$$

Proprietà acido-base degli AA acidi

- In presenza un gruppo acido oltre ai due gruppi funzionali -COOH e -NH_3^+ gli AA si comportano come acidi triprotici AH_3^+ .



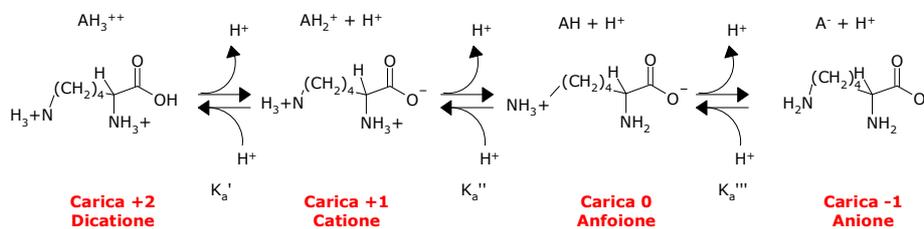
Proprietà acido-base degli AA acidi

- Il pI di un AA acido è dato dalla media dei due valori minori di pK_a :

$$pI = \frac{1}{2} (pK_a'_{(\alpha\text{-COOH})} + pK_a''_{(R\text{-COOH})})$$

Proprietà acido-base degli AA basici

- In presenza un gruppo basico oltre ai due gruppi funzionali $-\text{COOH}$ e $-\text{NH}_3^+$ gli AA si comportano come acidi triprotici AH_3^{++} .



Proprietà acido-base degli AA basici

- Mentre il pI di un AA basico è dato dalla media dei due valori maggiori di pK_a :

$$pI = \frac{1}{2} (pK_a''_{(\alpha-NH_3^+)} + pK_a'''_{(\epsilon-NH_3^+)})$$

Proprietà acido-base degli AA apolari

AA	pK_a'	pK_a''	pI
Gly	2.3	9.6	6.0
Ala	2.3	9.7	6.0
Val	2.3	9.6	6.0
Leu	2.4	9.6	6.0
Ile	2.4	9.7	6.1
Pro	2.0	10.6	6.3
Phe	1.8	9.1	5.5
Met	2.3	9.2	5.8
Ser	2.2	9.2	5.7
Thr	2.6	10.4	6.5
Trp	2.4	9.4	5.9

Proprietà acido-base degli AA polari

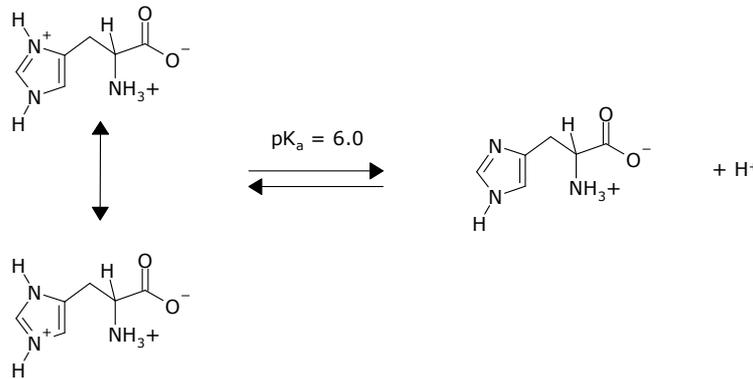
AA	pK_a'	pK_a''	pK_aR	pI
Cys	1.7	10.8	8.3	5.0
Tyr	2.2	9.1	10.1	5.7
Asp	2.1	9.8	3.9	3.0
Asn	2.0	8.8	-	5.4
Glu	2.2	9.7	4.3	3.2
Gln	2.0	9.1	-	5.7
His	1.8	9.2	6.0	7.6
Lys	2.2	9.0	10.5	9.8
Arg	2.2	9.0	12.5	10.8

Proprietà acido-base degli AA polari

AA	pK_a'	pK_a''	pK_aR	pI
Cys	1.7	10.8	8.3	5.0
Tyr	2.2	9.1	10.1	5.7
Asp	2.1	9.8	3.9	3.0
Asn	2.0	8.8	-	5.4
Glu	2.2	9.7	4.3	3.2
Gln	2.0	9.1	-	5.7
His	1.8	9.2	6.0	7.6
Lys	2.2	9.0	10.5	9.8
Arg	2.2	9.0	12.5	10.8

Istidina His H

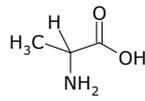
- His presenta un valore di pI vicino al pH fisiologico a causa della stabilizzazione per risonanza del catione imidazolico.



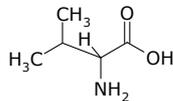
Aminoacidi

- Gli AA differiscono tra loro per il gruppo R
- I mammiferi utilizzano 20 AA diversi il cui gruppo R ha diverse proprietà polari e/o acido-base:
 - R alifatico (sei)
 - R aromatico (tre)
 - R idrossilato (due)
 - R contenente zolfo (due)
 - R acido e derivati (quattro)
 - R basico (tre)
 - **R idrofobico (sette)**
 - **R polare (otto)**
 - **R carico (quattro)**
 - **glicina**

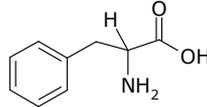
Aminoacidi idrofobici



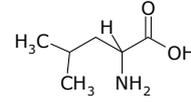
Alanina
Ala A



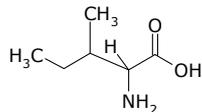
Valina
Val V



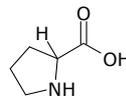
Fenilalanina
Phe F



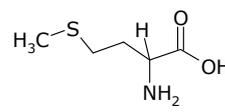
Leucina
Leu L



Isoleucina
Ile I

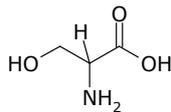


Prolina
Pro P

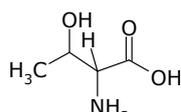


Metionina
Met M

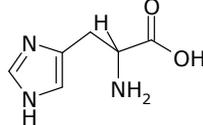
Aminoacidi polari



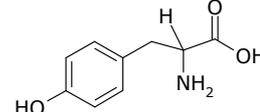
Serina
Ser S



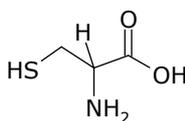
Treonina
Thr T



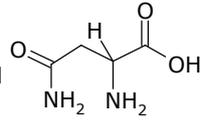
Istidina
His H



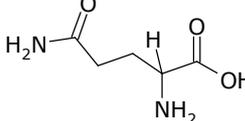
Tirosina
Tyr Y



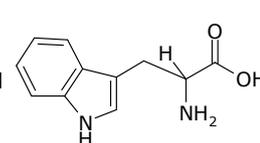
Cisteina
Cys C



Asparagina
Asn N

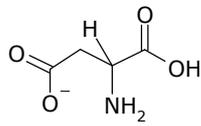


Glutamina
Gln Q

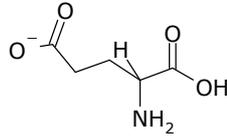


Triptofano
Trp W

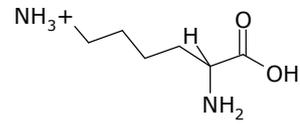
Aminoacidi carichi



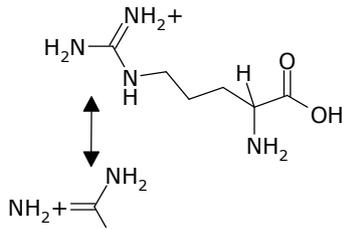
Acido aspartico
Asp D



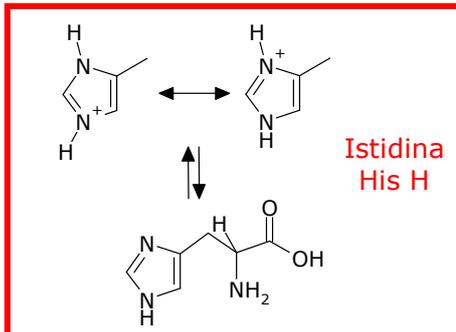
Acido glutamico
Glu E



Lisina
Lys K



Arginina
Arg R

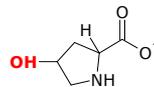


Istidina
His H

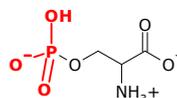
Aminoacidi modificati

- Modificazioni post-traduzionali

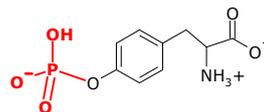
- 4-idrossiprolina



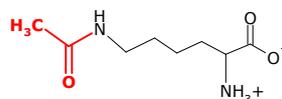
- O-fosfoserina



- O-fosfotirosina

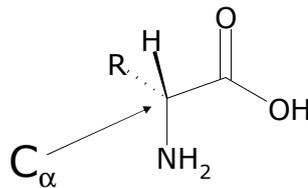


- N-Acetil lisina



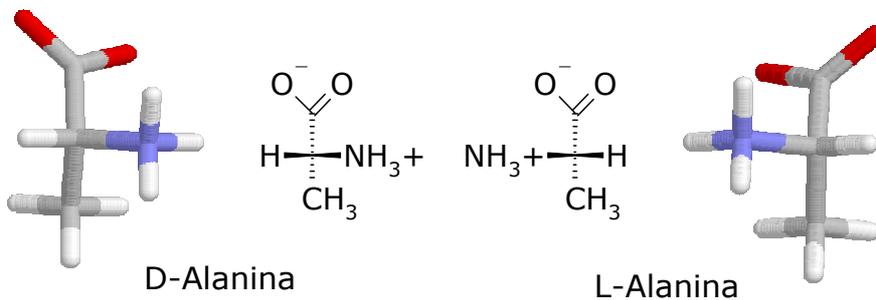
Isomeria ottica

- Tutti gli AA (esclusa la glicina) possiedono almeno un atomo di carbonio asimmetrico, il C_{α} .



Isomeria ottica

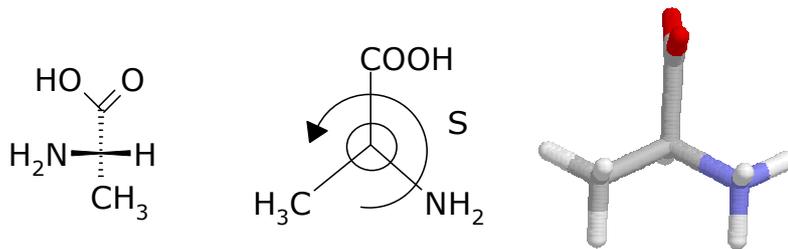
- Quindi possono esistere due isomeri D ed L



- In natura gli AA sono fondamentalmente in forma L, gli aminoacidi D si trovano in batteri.

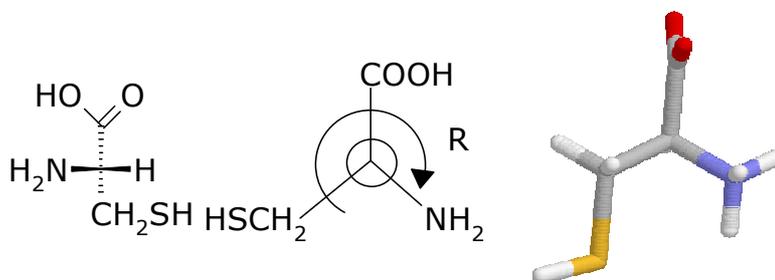
Isomeria ottica

- Per quanto riguarda la configurazione assoluta degli L-AA 18 sono S e uno (la cisteina) R.



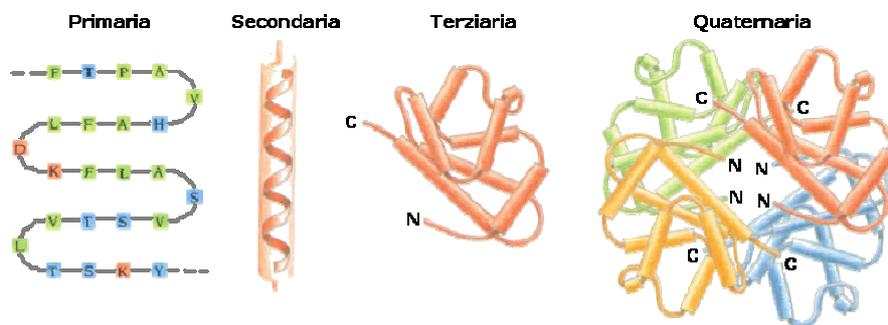
Isomeria ottica

- Per quanto riguarda la configurazione assoluta degli L-AA 18 sono S e uno (la cisteina) R.



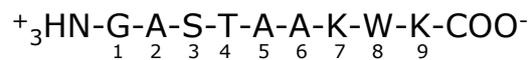


Gerarchia di strutture

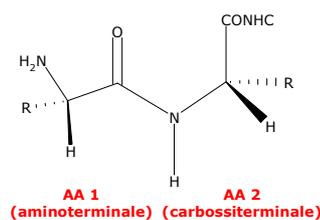
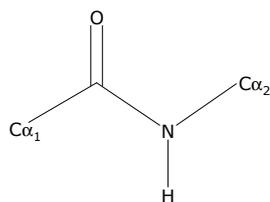


Struttura primaria

- Si definisce la struttura primaria di un peptide o di una proteina la sequenza a partire dall'AA aminoterminale (il primo) all'AA carbossiterminale (l'ultimo).

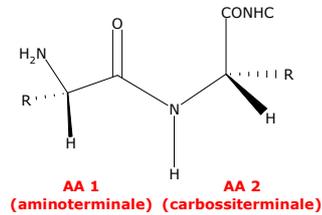
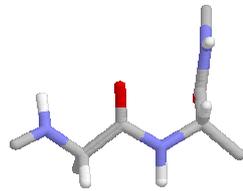


Il legame peptidico



- Gli AA si legano tra loro con un legame tra il gruppo carbossilico di un AA e il gruppo aminico dell'AA successivo.

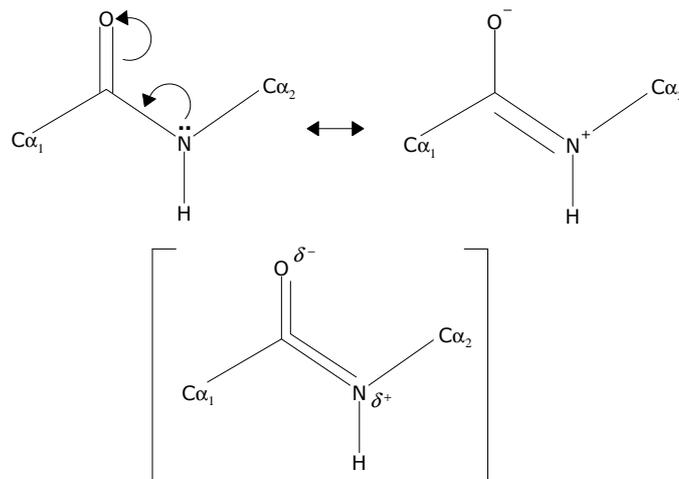
Il legame peptidico



- Gli AA si legano tra loro con un legame tra il gruppo carbossilico di un AA e il gruppo aminico dell'AA successivo.

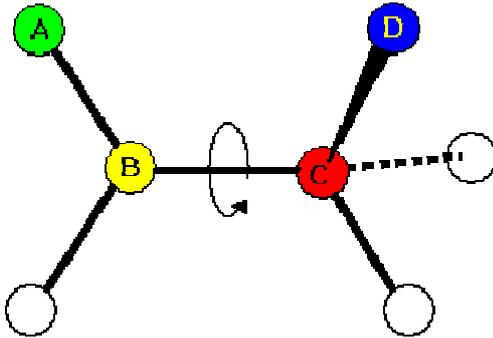
Il legame peptidico

- Il legame peptidico ha caratteristiche elettroniche che ne regolano la geometria.

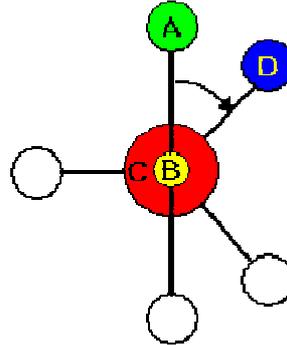


Angoli diedri

Angolo diedro A-B-C-D

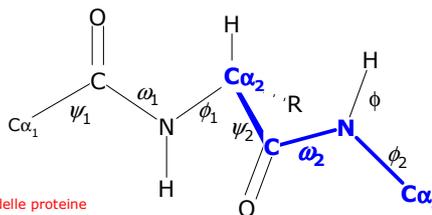
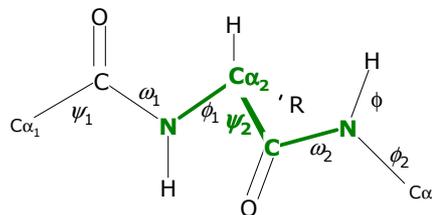
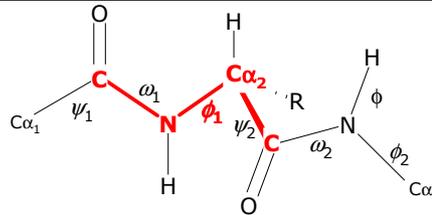


(+) orario
(-) antiorario

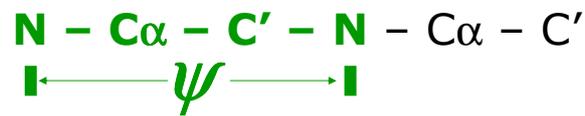


Angoli diedri

- ϕ (phi) C'-N-C α -C'
- ψ (psi) N-C α -C'-N
- ω (omega) C α -C'-N-C α



Angoli diedri



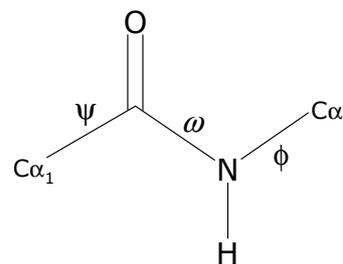
Il legame peptidico

- A causa della distribuzione degli elettroni il legame peptidico ha specifiche proprietà **geometriche**:

- I legami hanno lunghezze:

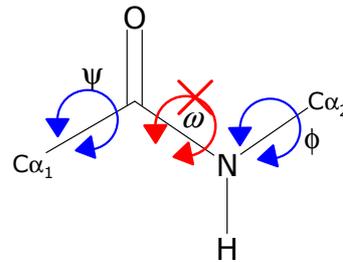
- C_α-C 1.52Å
- C=O 1.23Å
- C-N 1.33Å
- N-C_α 1.45Å

- Il legame ω generalmente *trans* (180°)

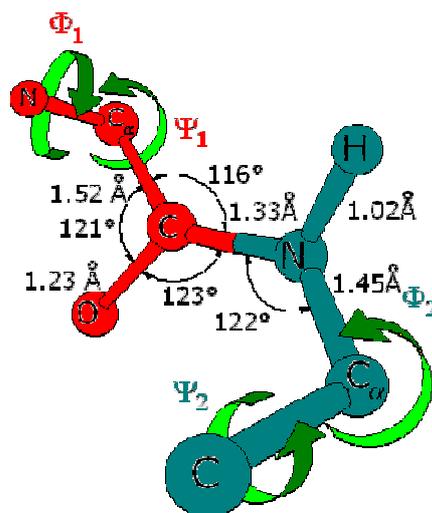


Il legame peptidico

- A causa della distribuzione degli elettroni il legame peptidico ha specifiche proprietà **geometriche**:
 - Non vi è libera rotazione intorno al legame C-N
 - Vi è libera rotazione solo intorno ai legami ϕ e ψ .

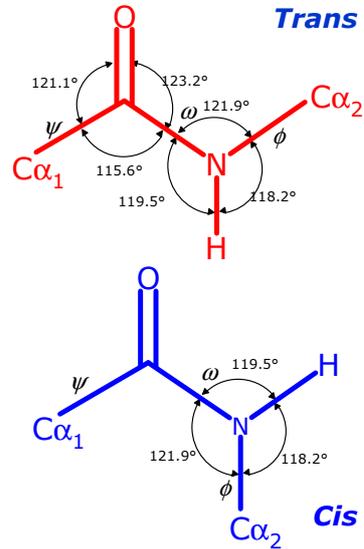


Il legame peptidico



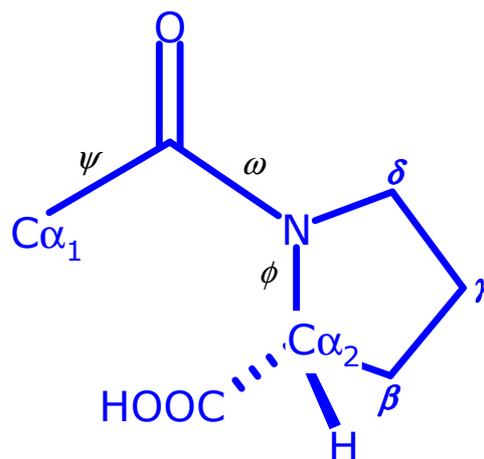
Il legame peptidico

- L'angolo ω tende ad essere planare **Trans (180°)** o **Cis (0°)** a causa della delocalizzazione degli elettroni π .
- **Trans** è più favorito di **Cis**:
 - Solo 116 su 32539 angoli in 154 strutture (0.36%) sono **Cis** (Stewart et al. 1990).
 - Alcune coppie di AA sono però spesso **Cis**: Tyr-Pro (25%), Ser-Pro (11%), X-Pro (6.5%)
- Questo permette la flessibilità dello scheletro della proteina attraverso gli angoli ϕ e ψ con la limitazione dell'ingombro sterico.



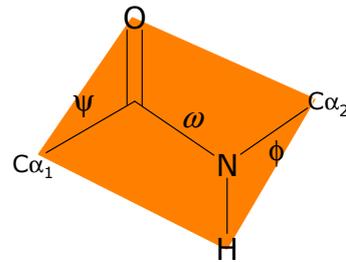
Prolina

- **Cis**:
 - Tyr-Pro (25%),
 - Ser-Pro (11%),
 - X-Pro (6.5%)



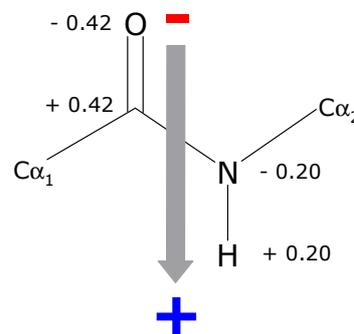
Il legame peptidico

- A causa della distribuzione degli elettroni il legame peptidico ha specifiche proprietà **geometriche**:
 - È planare.



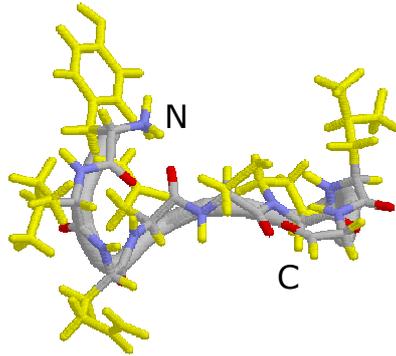
Il legame peptidico

- A causa della distribuzione degli elettroni il legame peptidico ha specifiche proprietà **elettriche**:
 - È dipolare.



Peptidi e proteine

- I peptidi e le proteine sono polimeri di AA legati tra loro da un legame peptidico.
- Fino a 20 AA il polimero è un peptide.



Protein folding

Ripiegamento

Fattori che influenzano la stabilità e l'attività delle proteine

- Interazioni non covalenti
 - Legami idrogeno (donatore/accettore)
 - Legami ionici
 - Forze di Van der Waals
 - Altri legami
- Interazioni covalenti
 - Ponti disolfuro

Interazioni non-covalenti

- Legame idrogeno $-C=O \cdots HN-$
 - C=O e NH: Legame peptidico
 - C=O : Glu, Asp, Gln, Asn
 - NH : Lys, Arg, Gln, Asn, His
 - OH : Ser, Thr, Glu, Asp, Tyr

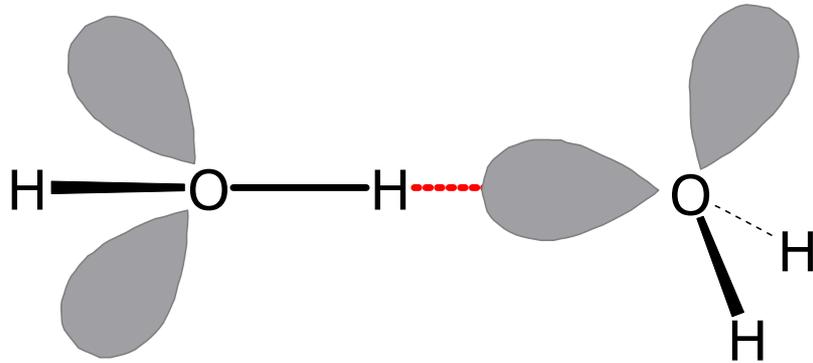
Interazioni non-covalenti

- Legami ionici $\text{COO}^- \text{ --- } ^+\text{H}_3\text{N}$
 - COO^- : Glu, Asp $\text{pKa} < 5$
 - NH_3^+ : Lys, Arg $\text{pKa} > 10$
- Forze di Van der Waals
 - Di natura elettrostatica, corta distanza
 - Interazioni dipolo-dipolo, ione-dipolo etc.

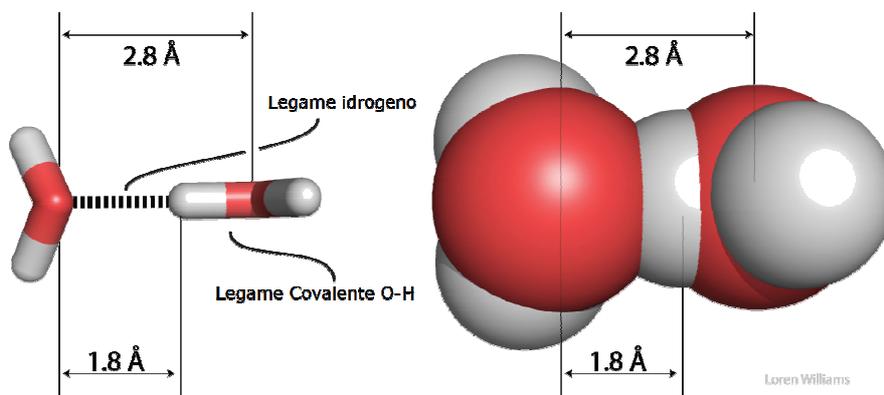
Interazioni non-covalenti

- Energia: $0.4 - 400 \text{ kJ}\cdot\text{mole}^{-1}$
- Dipendono dalla carica e dal momento dipolare
- Dipendono dalla distanza e dalla costante dielettrica del mezzo
 - $D = 80$ (H_2O)
 - $D = 2 - 4$ (proteina)

Legame idrogeno

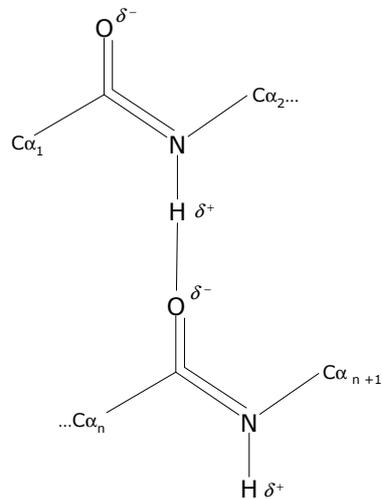


Legame idrogeno



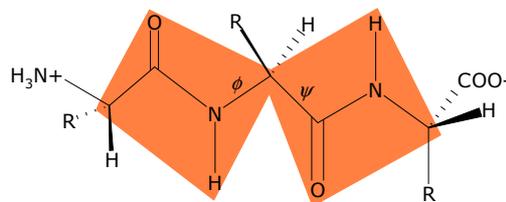
Struttura secondaria

- La struttura II delle proteine dipende dalla formazione di legami idrogeno tra atomi di ossigeno di un legame peptidico e atomi di azoto di un altro legame peptidico.
- La formazione dei legami H tra atomi avviene a causa:
 - della possibilità di rotazione intorno ai legami che coinvolgono il $C\alpha$
 - della distribuzione delle cariche nel legame peptidico che rende l'atomo di ossigeno carbonilico con carica parziale negativa e l'atomo di idrogeno con parziale carica positiva, ciò rende la condivisione di un atomo di idrogeno tra l'ossigeno e l'azoto.

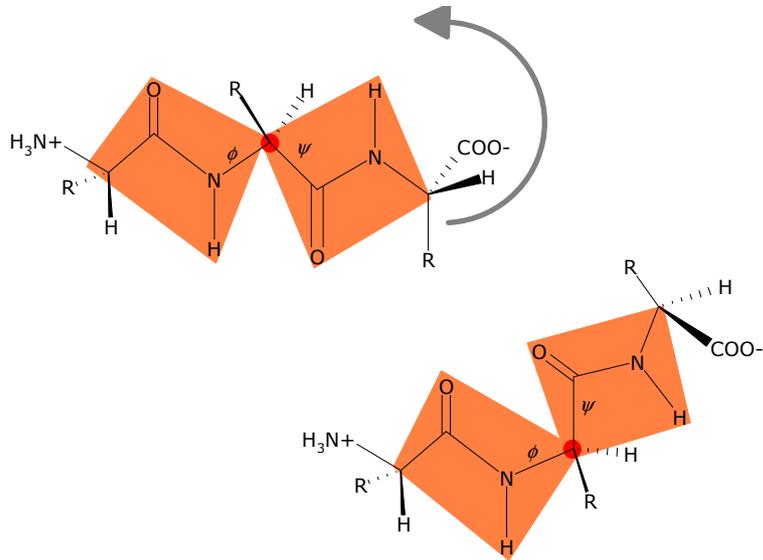


Struttura secondaria

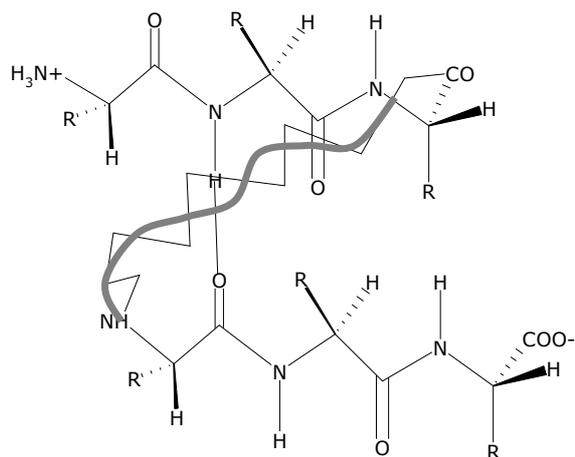
- La formazione dei legami H tra atomi avviene a causa della possibilità di rotazione intorno al legame tra il $C\alpha$ e l'atomo di azoto che lo precede (**angolo ϕ**) ed intorno ai legami tra il $C\alpha$ e l'atomo di carbonio (carbonilico) che lo segue (**angolo ψ**).



Struttura secondaria



Struttura secondaria



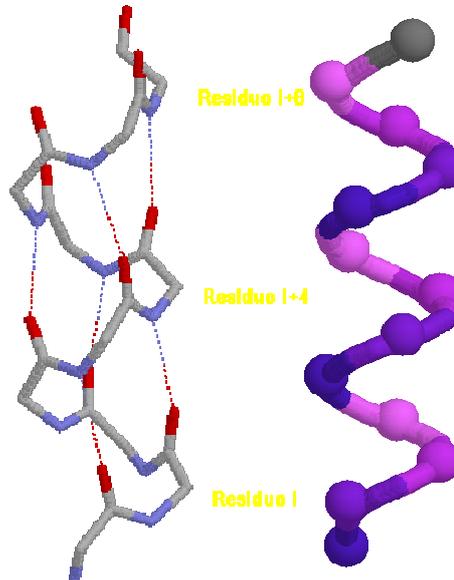
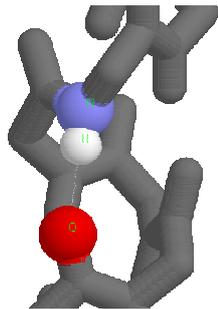
Struttura secondaria

- Poiché non tutte gli angoli di rotazione sono possibili a causa degli ingombri sterici, esistono dei minimi di energia conformazionale che corrispondono a particolari coppie di angoli ϕ e ψ ed alla formazione di legami H con, in alcuni casi, precise periodicità:
- Esistono diverse strutture II:
 - Eliche
 - Strutture β
 - Ripiegamenti (Turns)

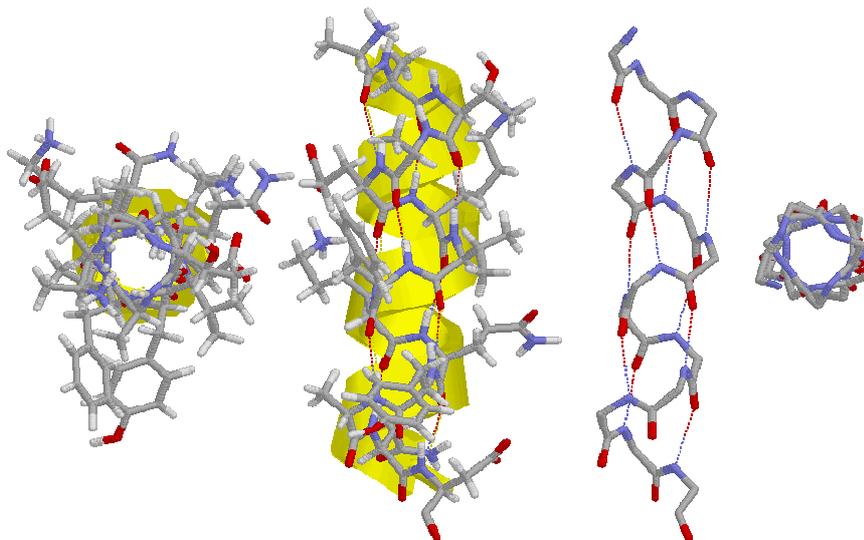


Geometria dell' α -elica

- Angoli ϕ e ψ negativi (-60° e -50°)
- Numero di residui per giro = 3.6
- Passo dell'elica = 5.4 \AA
- 1.5 \AA per residuo

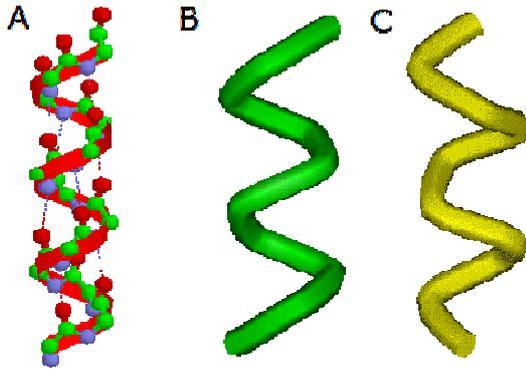


α -elica



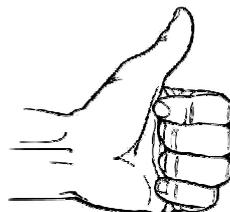
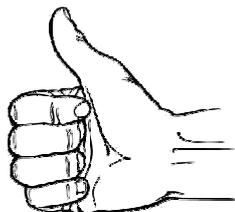
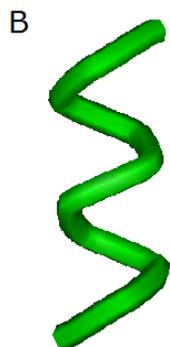
Eliche

- A: α -elica ideale
- B: α -elica destrorsa
- C: α -elica sinistrorsa

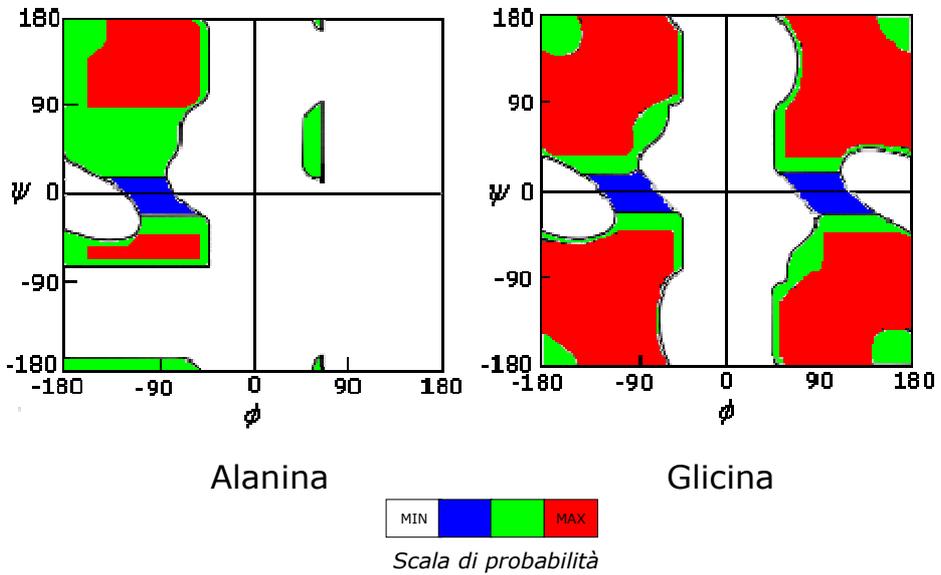


Mano Destra

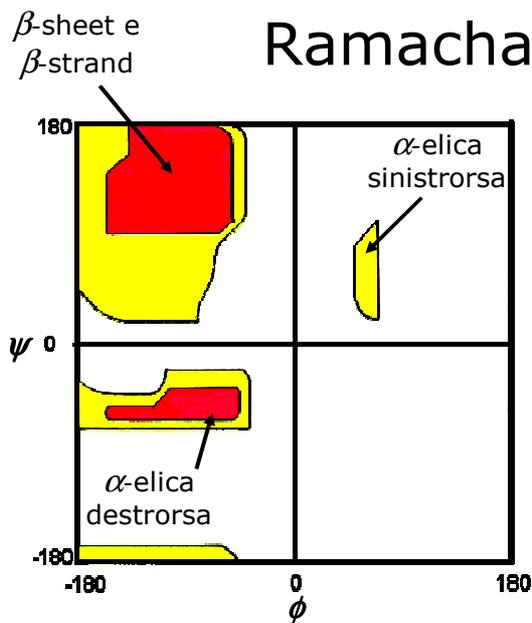
Mano Sinistra



Ramachandran plot

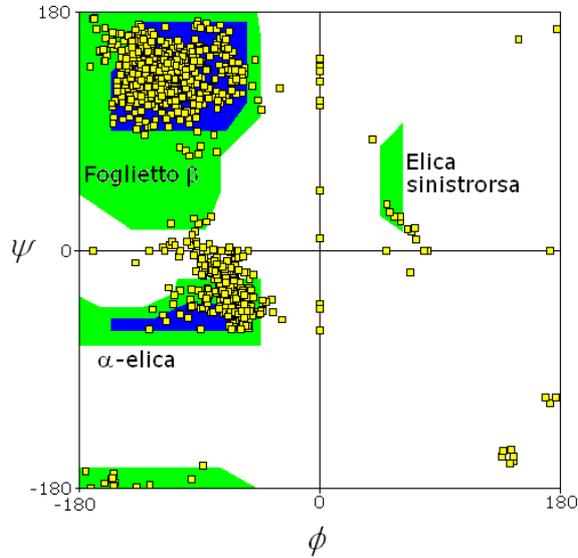


Ramachandran plot



- Si può rappresentare la distribuzione degli angoli ϕ e ψ in una qualunque proteina mettendo in grafico gli angoli.

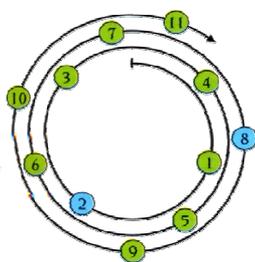
Ramachandran plot



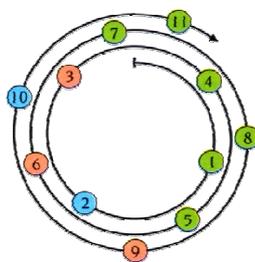
Si può rappresentare la distribuzione degli angoli ϕ e ψ in una qualunque proteina mettendo in grafico gli angoli.

AA preferiti delle α -eliche

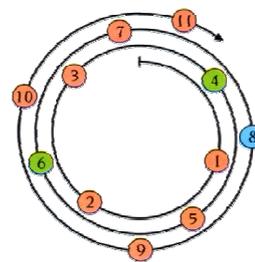
1. - Leu - Ser - Phe - Ala - Ala - Ala - Met - Asn - Gly - Leu - Ala -
2. - Ile - Asn - Glu - Gly - Phe - Asp - Leu - Leu - Arg - Ser - Gly -
3. - Lys - Glu - Asp - Ala - Lys - Gly - Lys - Ser - Glu - Glu - Glu -



citrato sintasi
 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11
 L S F A A M N C L A



alcol deidrogenasi
 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11
 L N E G E D L L R S G



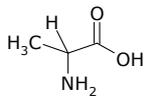
troponina C
 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11
 K E D A K G K S E E E

Caratteristiche

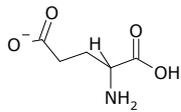
- Lunghezza media: 10 residui (3 giri di elica)
- Intervallo: da 4 a 40 residui
- Comunemente localizzata sulla superficie con un lato esposto l'altro verso l'interno
- Le eliche transmembrana sono fatte quasi completamente da AA idrofobici

Aminoacidi e α -elica

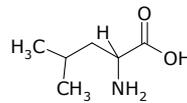
Buoni:



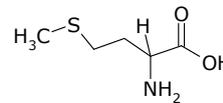
Alanina
Ala A



Acido glutamico
Glu E

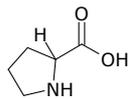


Leucina
Leu L

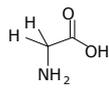


Metionina
Met M

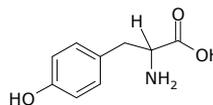
Cattivi:



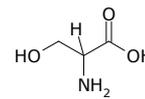
Prolina
Pro P



Glicina
Gly G



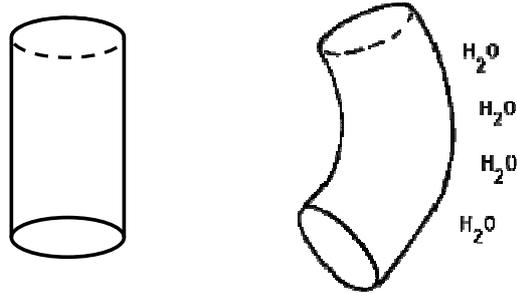
Tirosina
Tyr Y



Serina
Ser S

Distorsioni α -elica

- Contatti con altre strutture secondarie;
- Distribuzione del solvente asimmetrica;

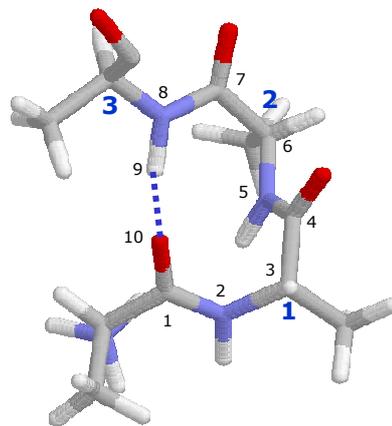


- Presenza nella sequenza di Pro e Gly

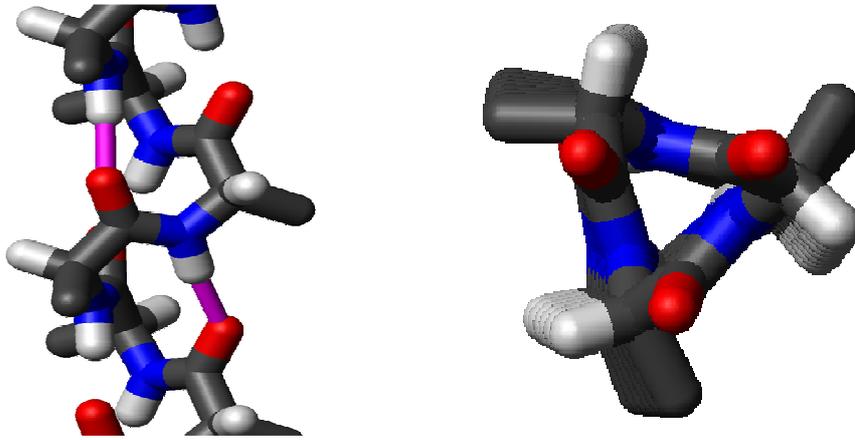
Elica 3_{10}

- Tre aminoacidi per giro.
- Il legame H forma un ciclo di dieci atomi.

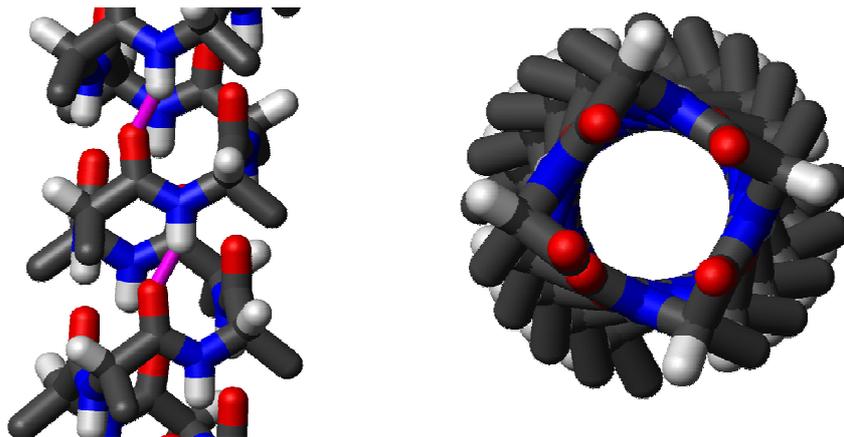
ψ e ϕ -49° , -26°



Elica 3_{10}

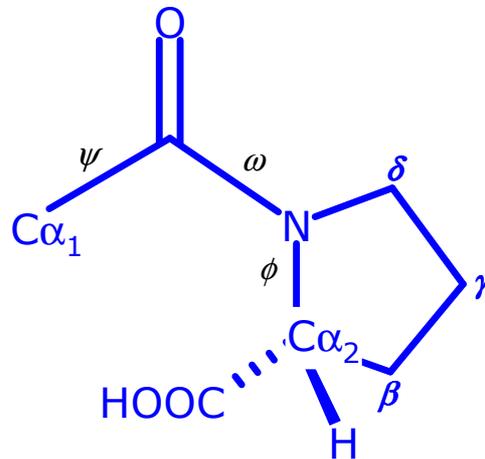


Elica π

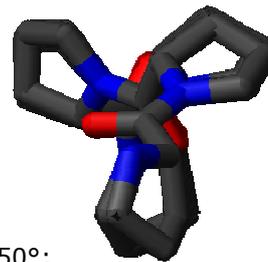
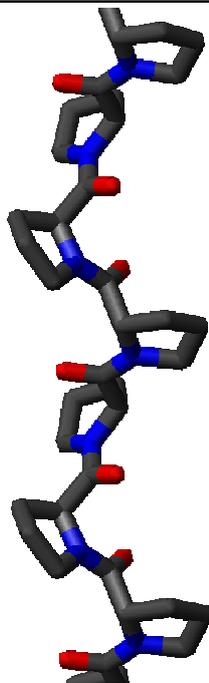


Prolina

- **Cis:**
 - Tyr-Pro (25%),
 - Ser-Pro (11%),
 - X-Pro (6.5%)

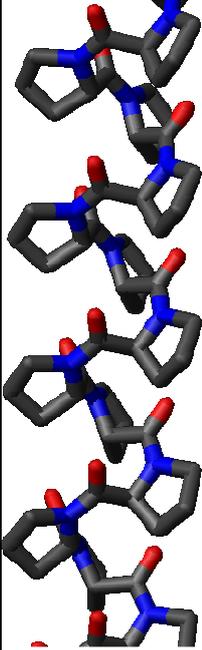
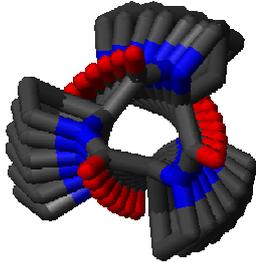


Poli-prolina tipo II



- Gli angoli ψ e ϕ sono circa -75° , 150° ;
- Tre residui per giro ($360^\circ/120^\circ = 3$)
- Passo circa di 3.1 Å.
- Struttura tipica di proteine fibrose (collagene, composto principalmente di prolina, idrossiprolina e glicina)
- Importante per l'interazione proteina-proteina e per l'interazione tra domini.
- Non ci sono legami idrogeno interni poiché l'azoto amidico e l'ossigeno sono distanti (circa 3.8 Å) e non correttamente orientati.

Poli-prolina tipo I

- L'elica PPI è meno densa dell'elica PPII poiché il legame ω è cis
- Gli angoli ψ e ϕ sono circa -75° e 160° , simili ma non uguali a all'elica PPII
- L'elica PPI è destrorsa con 3.3 residui per giro
- Il passo è più corto rispetto a PPII: circa 1.9 Å.
- Non ci sono legami idrogeno interni poiché l'azoto amidico e l'ossigeno sono distanti (circa 3.8 Å) e non correttamente orientati.

v. 1.1 © gsartor 2013

M01 - Struttura delle proteine

93

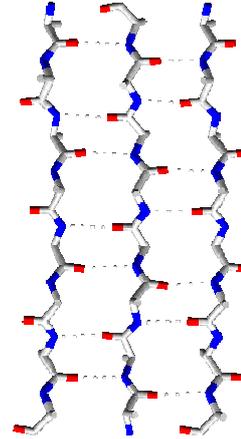


β -sheet e β -strand

- L'angolo ϕ è negativo e ψ è positivo.

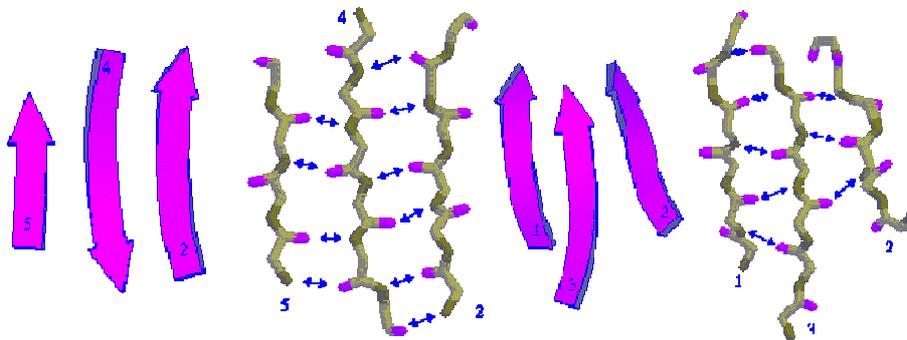


- Le strutture β sono caratterizzate dalla formazione di legami idrogeno tra catene adiacenti e non necessariamente orientate nello stesso verso.



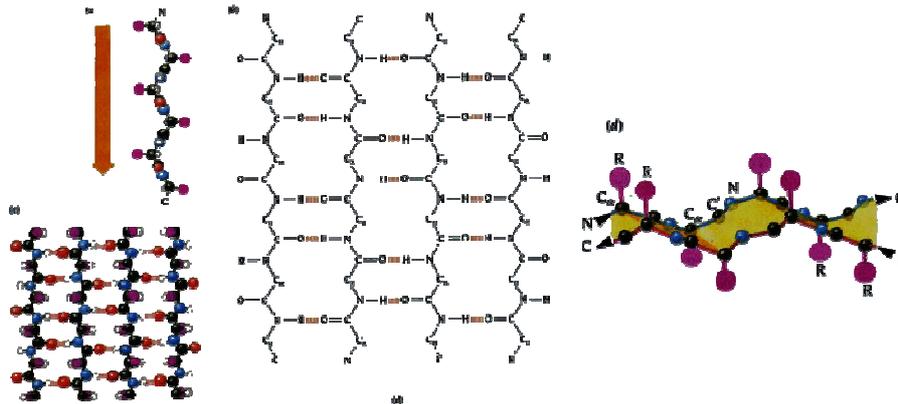
Diversi tipi di β -sheet

- I legami H che si formano dipendono dall'orientazione relativa delle catene

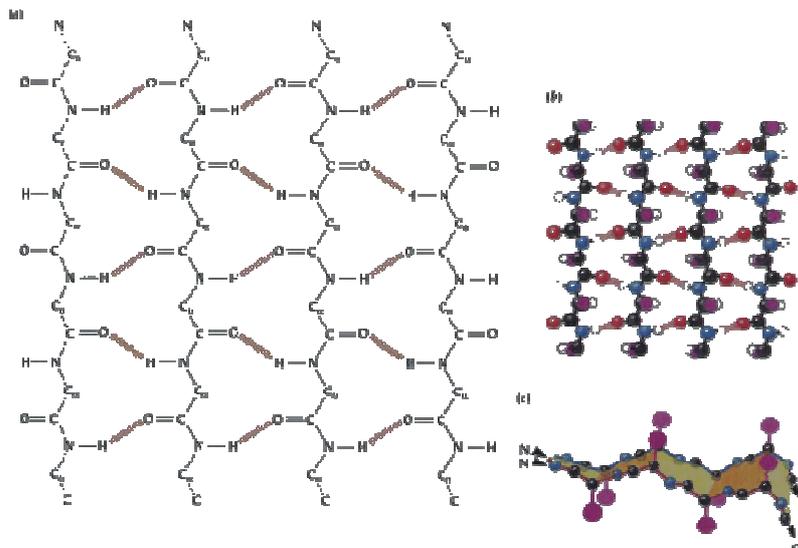


β -sheet antiparalleli

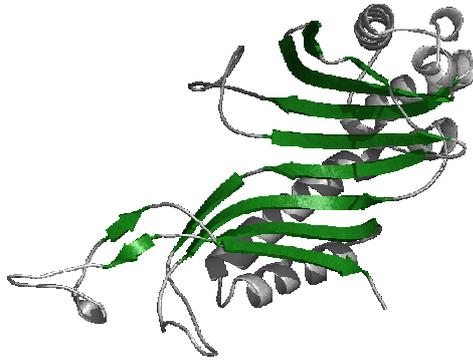
- Il foglietto β , al contrario dell' α elica, che è costituita da un'unica regione continua, risulta dalla combinazione di più regioni della catena polipeptidica. Queste regioni, dette filamenti β hanno di solito la lunghezza di 5-10 residui e una conformazione quasi completamente distesa.



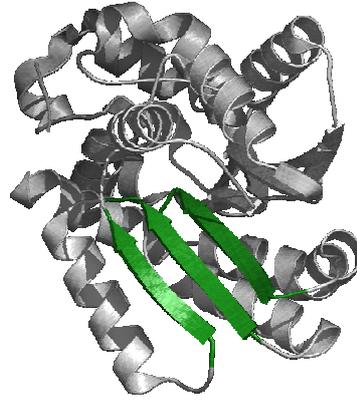
β -sheet paralleli



Urato ossidasi

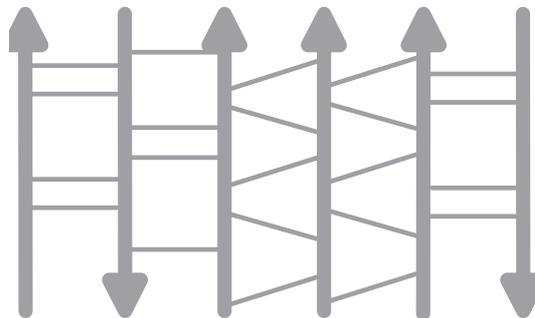


Catecolo
O-Metiltransferasi

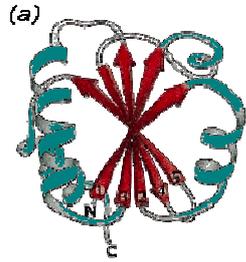


Diversi tipi di β -sheet

- I legami H che si formano dipendono dall'orientazione relativa delle catene

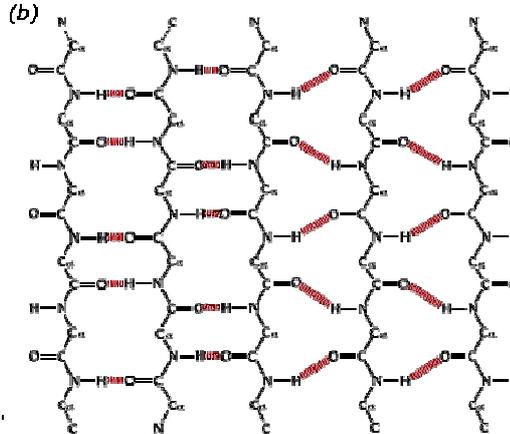


β -sheet



Solo circa il 20% dei foglietti è di tipo misto.

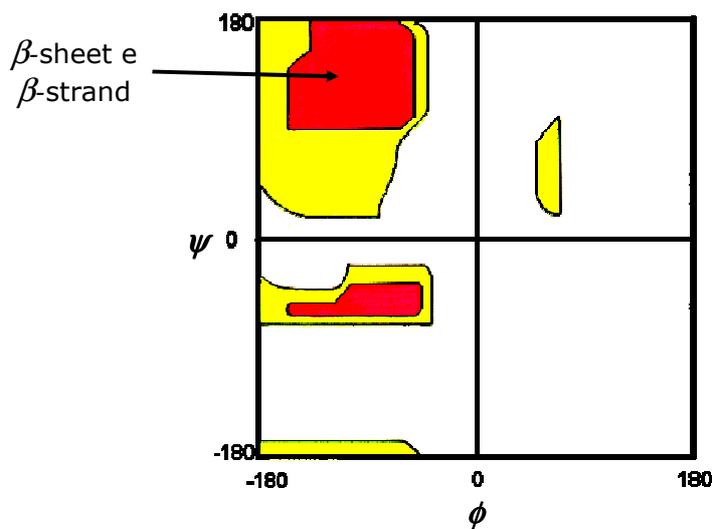
Quasi tutti hanno strand avvolte con orientazione fissa (avvolgimento a destra).

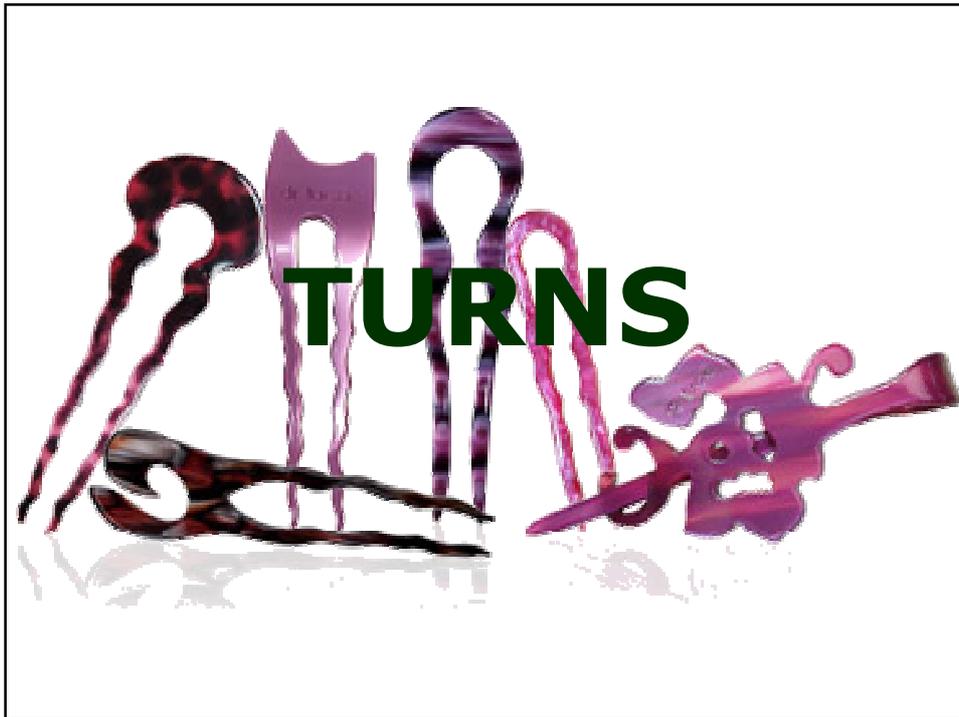


© 1999 GARLAND PUBLISHING INC.
A member of the Taylor & Francis Group

Solo il 20% dei filamenti contenuti nei foglietti β delle proteine di cui sia nota la struttura presenta un'associazione parallela da un lato e antiparallela dall'altro.

Ramachandran plot



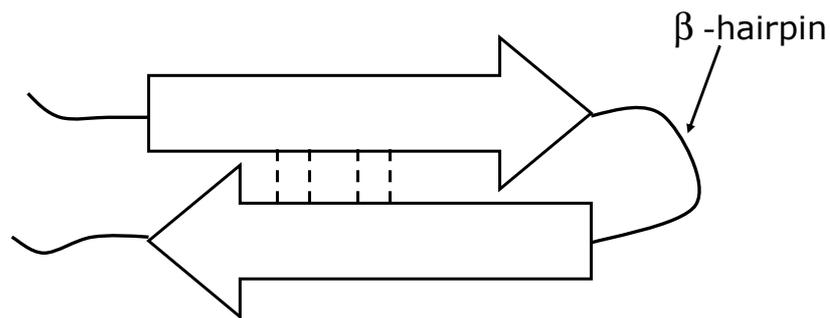


Turns

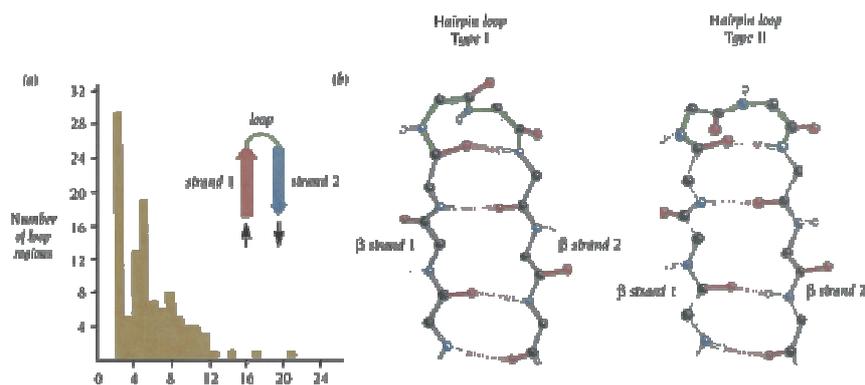
- I turns sono strutture composte di pochi AA,
- In genere fungono da collegamento tra eliche o strands.
 - β -hairpin Turns
 - Reverse Turns

β -hairpin loop

- Un tipo di loop che interviene tra due β -strand antiparallele.

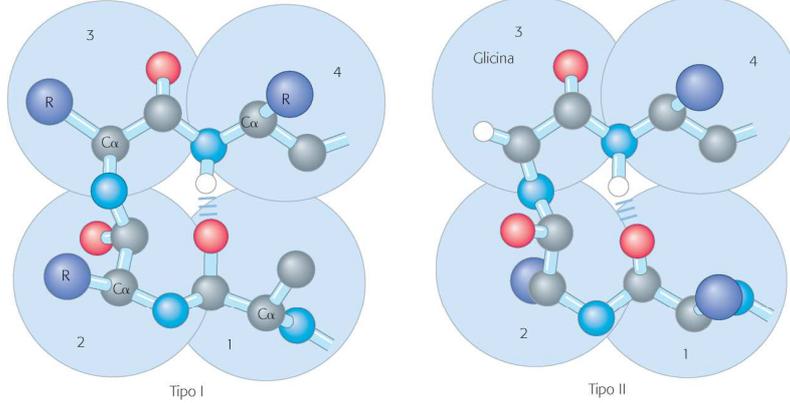


β -hairpin loop



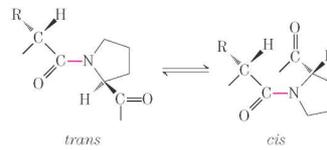
La struttura della maggior parte delle proteine risulta dalla combinazione di più elementi di struttura secondaria, α eliche e filamenti β , collegati da regioni loop di lunghezza e forma irregolare. Il core idrofobo, stabile, della molecola è costituito da una combinazione di elementi di struttura secondaria, mentre le regioni loop si trovano alla superficie della molecola. I gruppi $C'=O$ ed NH della catena principale presenti in questi loop, che in genere tra loro non formano legami a H, si trovano esposti al solvente e possono formare legami a H con molecole di acqua.

(a) Ripiegamenti β

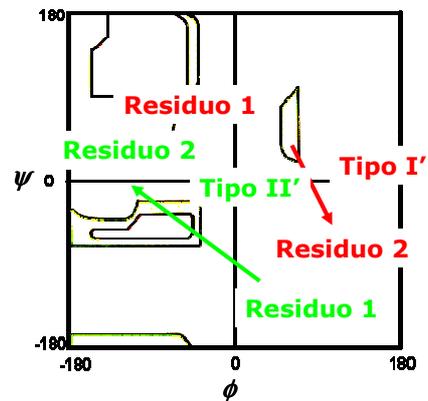
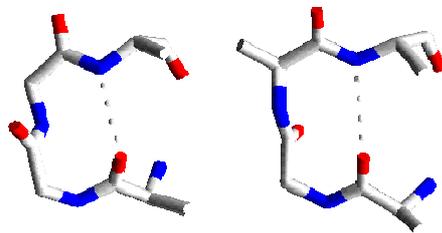


- Il ripiegamento β di tipo I ha nelle proteine una frequenza doppia rispetto al tipo II.
- Il tipo β II ha sempre una Gly alla terza posizione.
- Circa il 6% dei legami peptidici in cui e' coinvolto l'atomo di azoto imminico della prolina è in configurazione *cis* e molti di questi presenti nei ripiegamenti β .

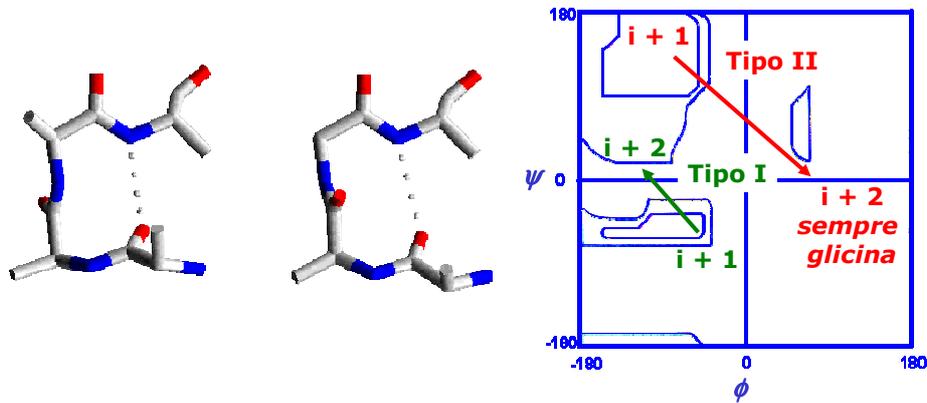
(b) Isomeri di prolina



β -hairpin Turns



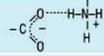
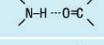
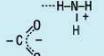
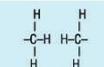
Reverse Turns



Strutture secondarie

Struttura	Angolo ϕ (medio)	Angolo ψ (medio)	Angolo ω	
α -elica	-57°	-47°	180°	destrorsa
β -sheet	-119°	$+113^\circ$	180°	parallelo
	-139°	$+135^\circ$	180°	antiparallelo
α -elica	$+57^\circ$	$+47^\circ$	180°	sinistrorsa
elica 3_{10}	-49°	-26°	180°	destrorsa
elica π	-57°	-80°	180°	destrorsa
Eliche di tipo II	-79°	$+150^\circ$	180°	PPII Poliprolina e poliglicina
PPI	-83°	$+158^\circ$	0°	

From **Protein Structure and Function** by Gregory A Petsko and Dagmar Ringe

Chemical Interactions that Stabilize Polypeptides				
Interaction	Example	Distance dependence	Typical distance	Free energy (bond dissociation enthalpies for the covalent bonds)
Covalent bond	$-C_{\alpha}-C-$	-	1.5 Å	356 kJ/mole (610 kJ/mole for a C=C bond)
Disulfide bond	$-Cys-S-S-Cys-$	-	2.2 Å	167 kJ/mole
Salt bridge		Donor (here N), and acceptor (here O) atoms <math><3.5\text{ Å}</math>	2.8 Å	12.5–17 kJ/mole; may be as high as 30 kJ/mole for fully or partially buried salt bridges (see text), less if the salt bridge is external
Hydrogen bond		Donor (here N), and acceptor (here O) atoms <math><3.5\text{ Å}</math>	3.0 Å	2–6 kJ/mole in water; 12.5–21 kJ/mole if either donor or acceptor is charged
Long-range electrostatic interaction		Depends on dielectric constant of medium. Screened by water. $1/r$ dependence	Variable	Depends on distance and environment. Can be very strong in nonpolar region but very weak in water
Van der Waals interaction		Short range. Falls off rapidly beyond 4 Å separation. $1/r^6$ dependence	3.5 Å	4 kJ/mole (4–17 in protein interior) depending on the size of the group (for comparison, the average thermal energy of molecules at room temperature is 2.5 kJ/mole)

© 1999–2004 New Science Press

v. 1.1 © gsartor 2013

M01 - Struttura delle proteine

111

Preferenze degli aminoacidi

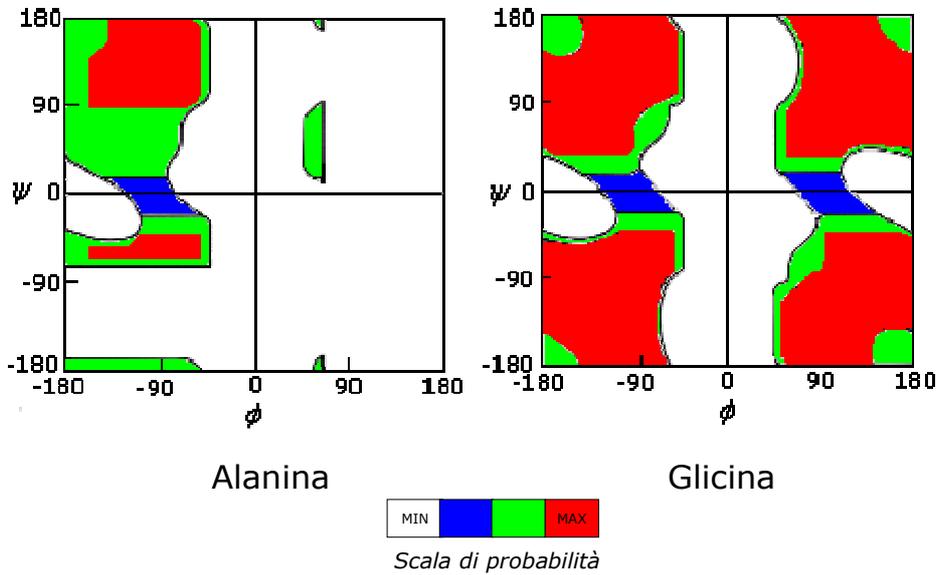
- Strutture ad elica:
 - Met (M) – Ala (A) – Leu (L) – Glu (E)
 - Gln (Q) – Lys (K)
- Strutture estese:
 - Thr (T) – Ile (I) – Val (V) – Phe (F) – Tyr (Y)
 - Trp (W)
- Strutture “disordinate”:
 - Gly (G) – Ser (S) – Pro (P) – Asp (N)
 - Asp (D)
- Nessuna:
 - Cys (C) – His (H) – Arg (R)

v. 1.1 © gsartor 2013

M01 - Struttura delle proteine

112

Ramachandran plot

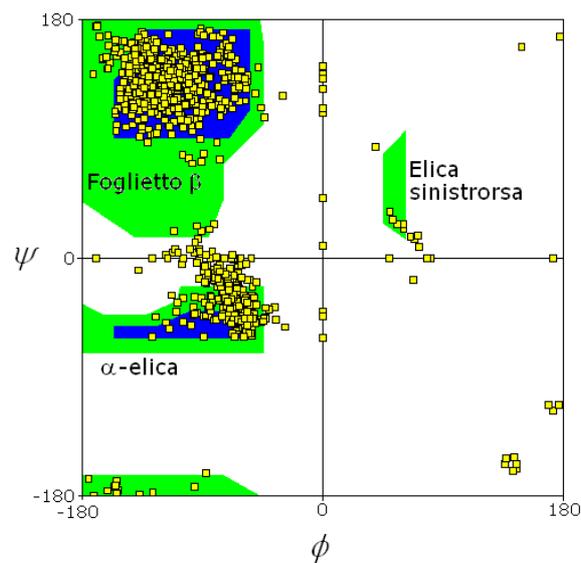


v. 1.1 © gsartor 2013

M01 - Struttura delle proteine

113

Ramachandran plot



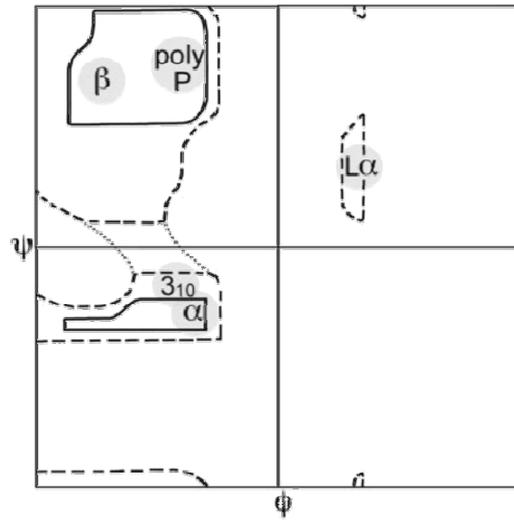
Si può rappresentare la distribuzione degli angoli ϕ e ψ in una qualunque proteina mettendo in grafico gli angoli.

v. 1.1 © gsartor 2013

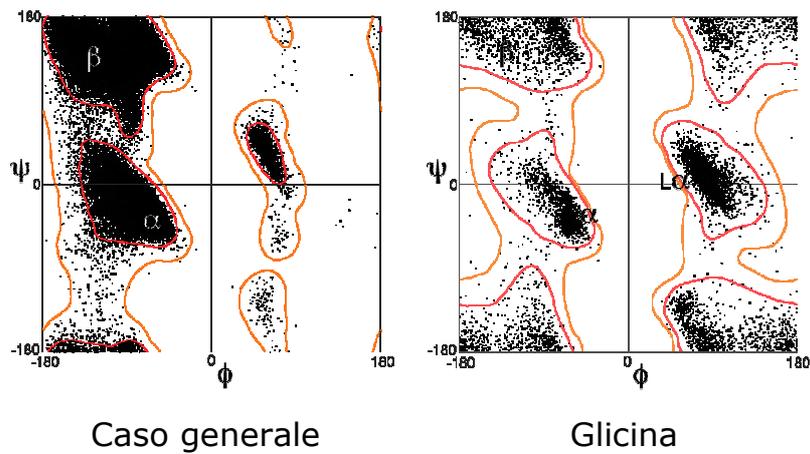
M01 - Struttura delle proteine

114

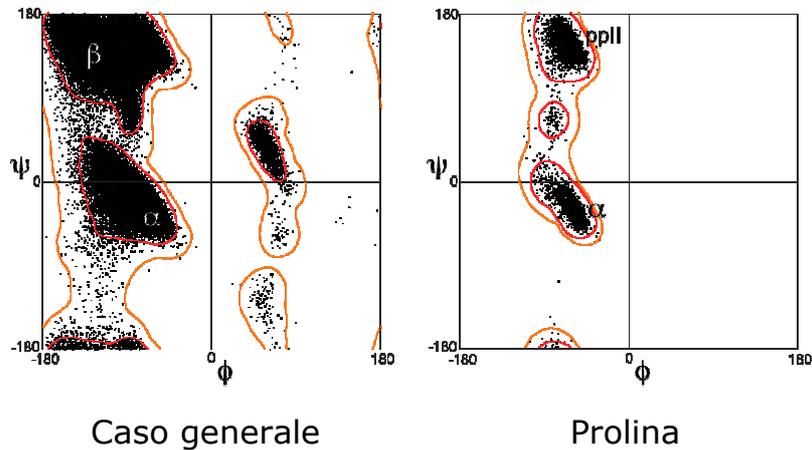
Ramachandran plot



Ramachandran plot



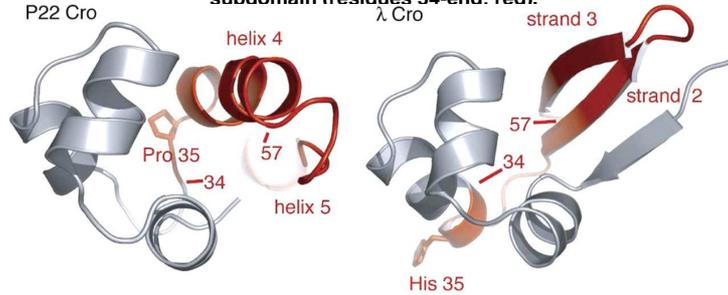
Ramachandran plot



Effetti globali

- Interazioni a lungo raggio (repulsive o attrattive) tra parti distanti della stessa proteina che possono sovrapporsi a effetti locali:
 - Sequenze di aminoacidi sono in struttura ad elica in una regione e la stessa sequenza è in beta in un'altra.
 - Conversione di struttura (elica \rightarrow strand) nella stessa proteina (prioni).

Ribbon diagrams of P22 Cro (left) and λ Cro (right) illustrating the conserved N-terminal DNA-recognition subdomain (residues 1–33; gray) and the highly divergent C-terminal dimerization subdomain (residues 34-end: red).



	34		57
P22	I P E K D A Y R L E I V T A G A L K Y Q E N A Y		
λ	I H A G R K I F L T I N A D G S V Y A E E V K P		

"chameleon" I D E K D A I F L T I Y T D G R L K M E E N A Y

SASF1 _____

SASF2 _____

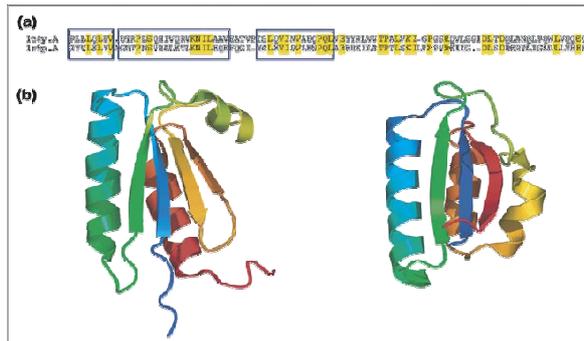
SASF3 _____

Anderson W J et al. Protein Engineering, Design and Selection 2011;protein.gzr027

© The Author 2011. Published by Oxford University Press. All rights reserved. For Permissions, please contact permissions@oup.com M01 - Struttura delle proteine



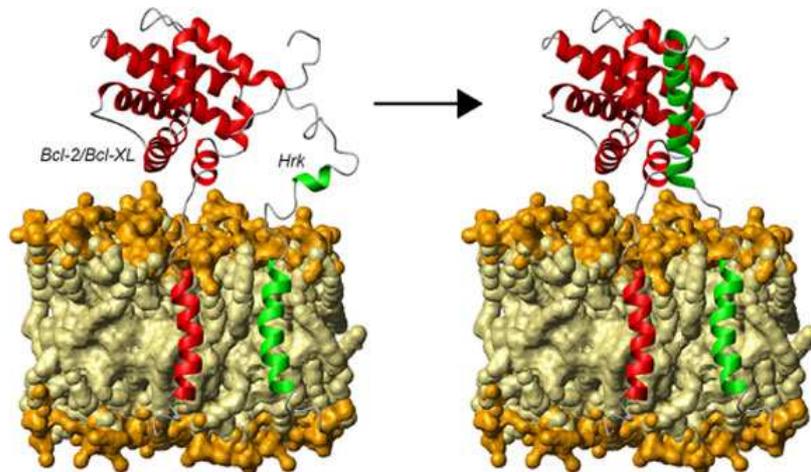
Figure 1



Comparison of (a) the sequences and (b) the structures of the SasA N-terminal domain (left, PDB code 1t4y) and the KaiB subunit (right, PDB code 1r5p). FASTA alignment of the two proteins is shown with identical residues highlighted and structurally equivalent segments boxed. Structures are rainbow coloured (blue–red) from the N to C termini, so aligned segments of the two proteins are the same colour. The structural cartoons in all figures were produced with PyMOL (<http://www.pymol.org>) [48].

Current Opinion in Structural Biology 2006, 16:399–408

www.sciencedirect.com



Disordered protein of the Bcl-2 family (green) linked to a cell membrane, which acquires structure by binding to its molecular target, in this case a structured protein (red) belonging to the same family. Protein names are shown. Source: [2] Barrera-Vilarmau, S., Obregón, P., de Alba, E. Intrinsic order and disorder in the Bcl-2 member Harakiri: Insights into its proapoptotic activity. PLoS ONE. 6, e21413 (2011).

Crediti e autorizzazioni all'utilizzo

- Questo materiale è stato assemblato da informazioni raccolte dai seguenti testi di Biochimica:
 - CHAMPE Pamela , HARVEY Richard , FERRIER Denise R. LE BASI DELLA BIOCHIMICA [ISBN 978-8808-17030-9] - Zanichelli
 - NELSON David L. , COX Michael M. I PRINCIPI DI BIOCHIMICA DI LEHNINGER - Zanichelli
 - GARRETT Reginald H., GRISHAM Charles M. BIOCHIMICA con aspetti molecolari della Biologia cellulare - Zanichelli
 - VOET Donald , VOET Judith G , PRATT Charlotte W FONDAMENTI DI BIOCHIMICA [ISBN 978-8808-06879-8] - Zanichelli
- E dalla consultazione di svariate risorse in rete, tra le quali:
 - Kegg: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes <http://www.genome.ad.jp/kegg/>
 - Brenda: <http://www.brenda.uni-koeln.de/>
 - Protein Data Bank: <http://www.rcsb.org/pdb/>
 - Rensselaer Polytechnic Institute: <http://www.rpi.edu/dept/bcbp/molbiochem/MBWeb/mb1/MB1index.html>
- Il materiale è stato inoltre rivisto e corretto dalla **Prof. Giancarla Orlandini** dell'Università di Parma alla quale va il mio sentito ringraziamento.

Questo ed altro materiale può essere reperito a partire da:

<http://www.ambra.unibo.it/giorgio.sartor/> oppure da <http://www.gsartor.org/>

Il materiale di questa presentazione è di libero uso per didattica e ricerca e può essere usato senza limitazione, purché venga riconosciuto l'autore usando questa frase:

Materiale ottenuto dal Prof. Giorgio Sartor

Università di Bologna a Ravenna

Giorgio Sartor - giorgio.sartor@unibo.it

