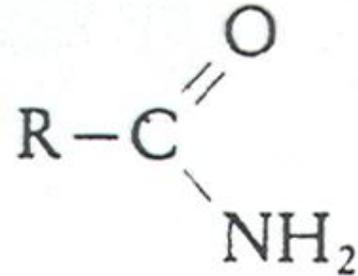


# AMIDI

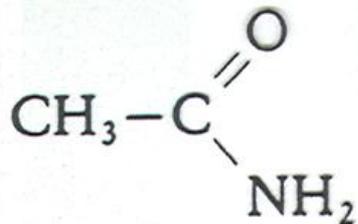
Le ammidi sono composti caratterizzati dal gruppo funzionale ammidico,  $-\text{CONH}_2$ , legato ad un residuo alifatico o aromatico:



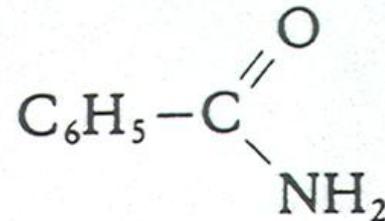
Possono considerarsi derivate dagli acidi carbossilici per sostituzione del gruppo  $-\text{OH}$  del carbossile con il gruppo  $-\text{NH}_2$ .

## Nomenclatura

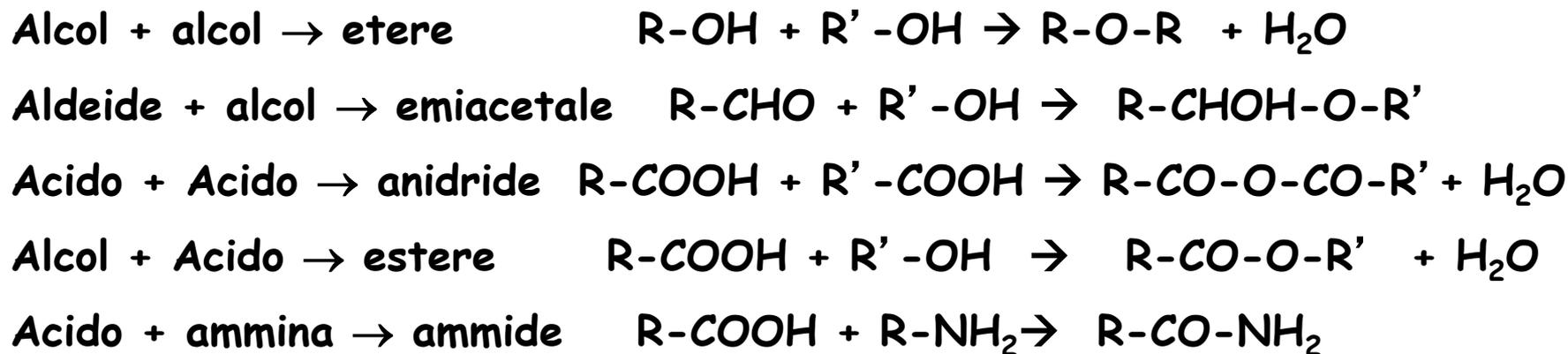
Le ammidi prendono il nome dall'acido corrispondente e il suffisso *-ico* o *-oico* dell'acido viene sostituito dal suffisso *-ammide*:



acetammide



benzammide



# AMMINE

Derivano dalla sostituzione di uno o più atomi di H con una molecola di ammoniaca ( $\text{NH}_3$ ).

Gruppo funzionale:  $\text{R-NH}_2$

Le AMMINE prendono il nome dal radicale idrocarburico cui si aggiunge la desinenza *-ammina*

Metilammina  $\text{CH}_3\text{-NH}_2$

Etilammina  $\text{CH}_3\text{-CH}_2\text{-NH}_2$

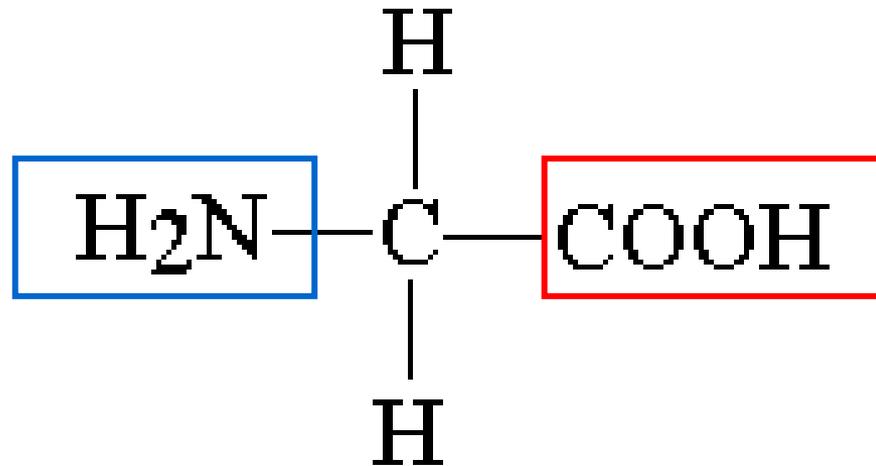
Hanno carattere basico, perché l'atomo di azoto ha una coppia di elettroni libera e può accettare un protone.



# AMINOACIDI

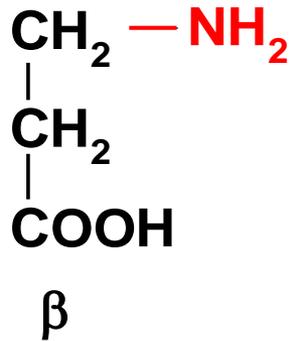
Hanno almeno un gruppo aminico  $-NH_2$   
e un gruppo carbossilico  $-COOH$

Il più semplice è la **GLICINA**



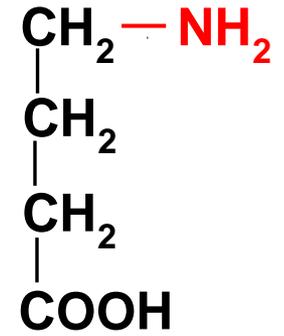
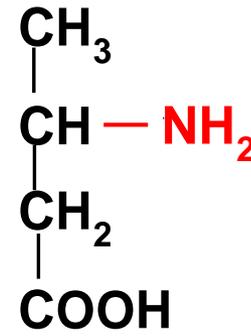
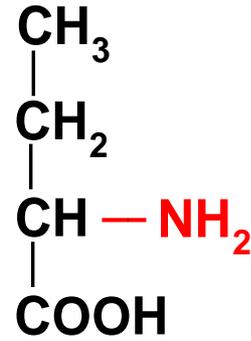
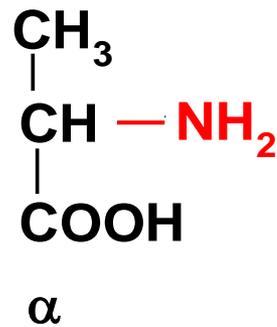
Ac. aminoacetico

In catene più lunghe il gruppo **aminico** può essere in posizione  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ , ecc.



Alanina

acido aminopropanoico



$\alpha$

$\beta$

$\gamma$

Acido aminobutirrico

AMINOACIDI

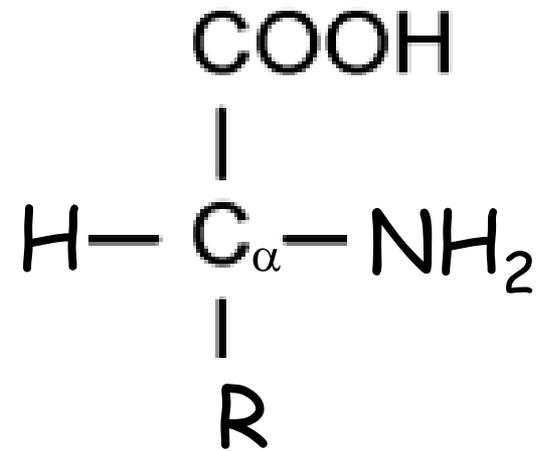
naturali

sintetici

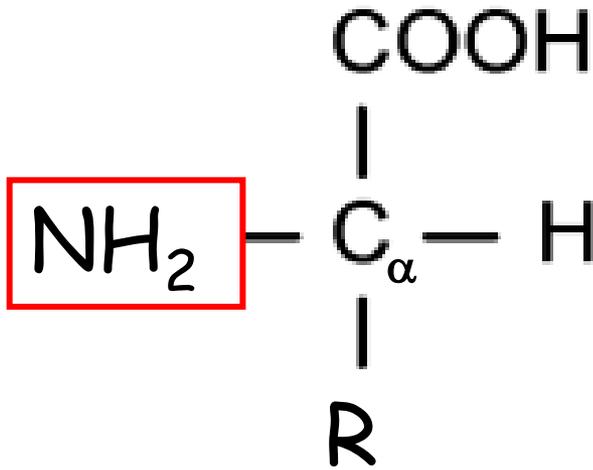
proteici

non proteici

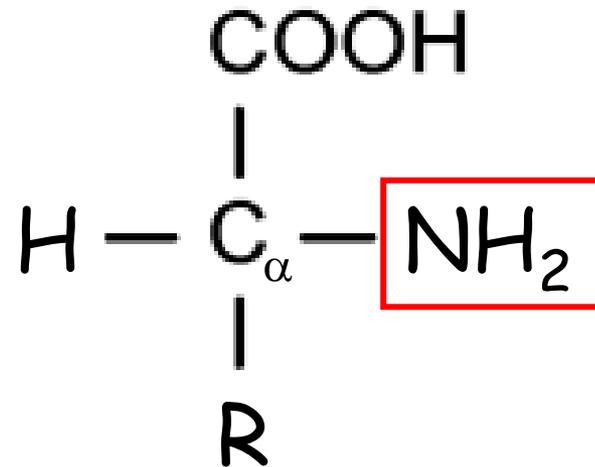
# Aminoacidi proteici



- ❑ la funzione aminica e la funzione carbossilica sono legate allo stesso atomo di carbonio: il C  $\alpha$  (alfa)
- ❑ il gruppo -R è diverso per i vari aminoacidi e costituisce la **catena laterale**
- ❑ in tutti gli aminoacidi proteici (tranne nella glicina) il **carbonio  $\alpha$  è asimmetrico**



L - aminoacido



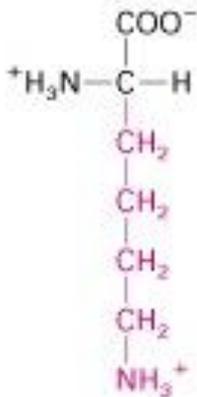
D - aminoacido

D, L si riferisce alla configurazione assoluta di una molecola

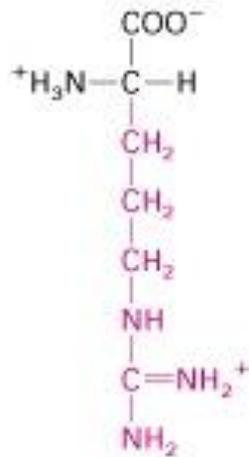
**TUTTI GLI AMINOACIDI PROTEICI SONO  
L-AMINOACIDI**

# AminoAcidi Idrofilici

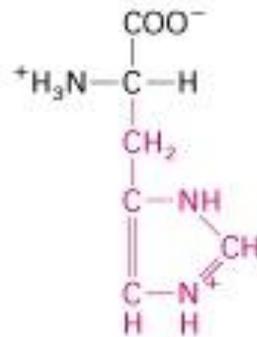
## Basic amino acids



**Lysine**  
(Lys or K)

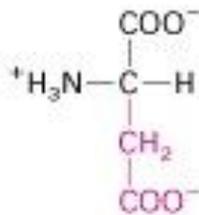


**Arginine**  
(Arg or R)

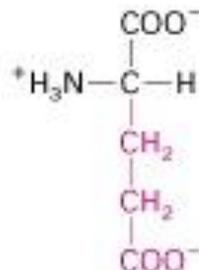


**Histidine**  
(His or H)

## Acidic amino acids

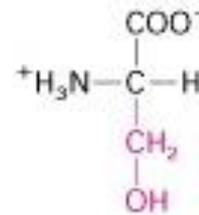


**Aspartic acid**  
(Asp or D)

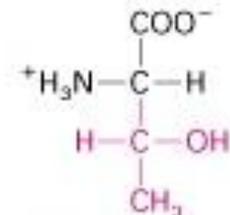


**Glutamic acid**  
(Glu or E)

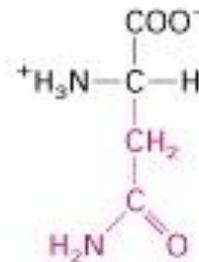
## Polar amino acids with uncharged R groups



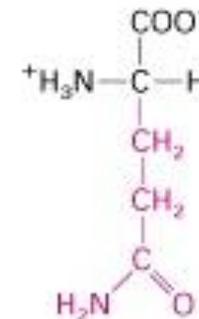
**Serine**  
(Ser or S)



**Threonine**  
(Thr or T)



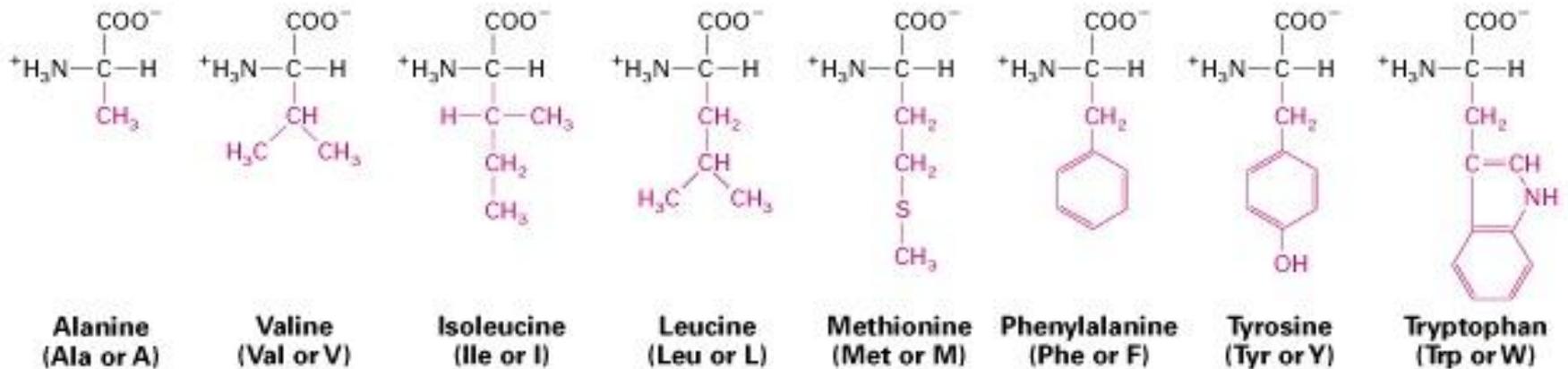
**Asparagine**  
(Asn or N)



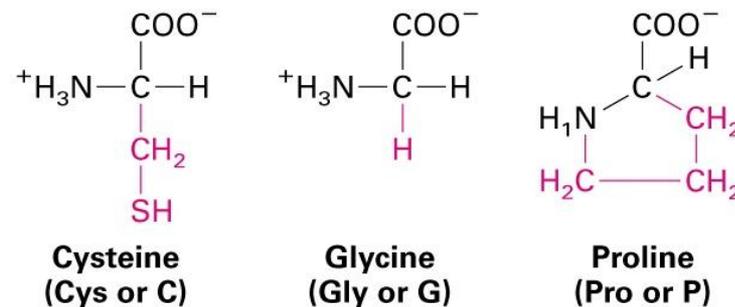
**Glutamine**  
(Gln or Q)

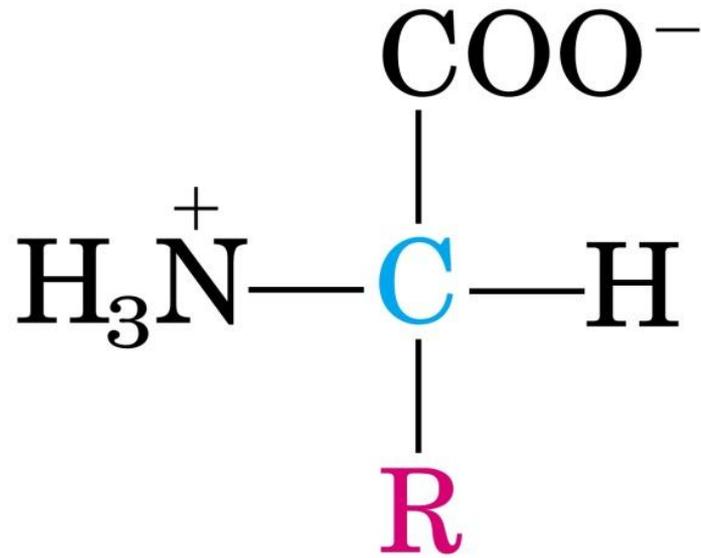
# Amino acidi idrofobici e amino acidi "speciali"

## HYDROPHOBIC AMINO ACIDS



## SPECIAL AMINO ACIDS

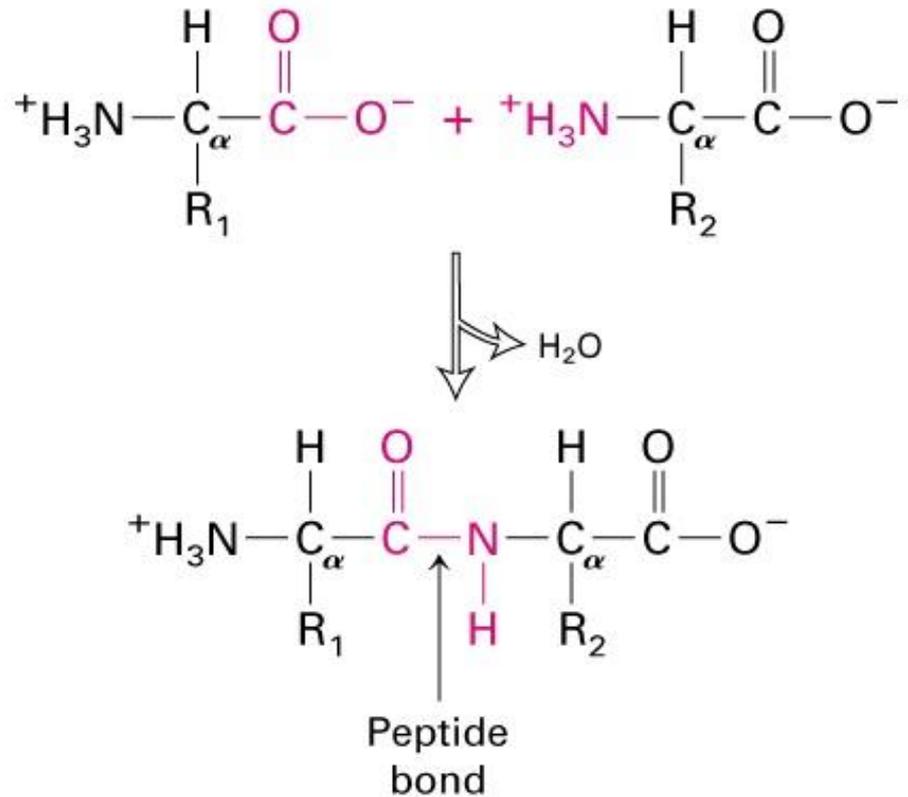




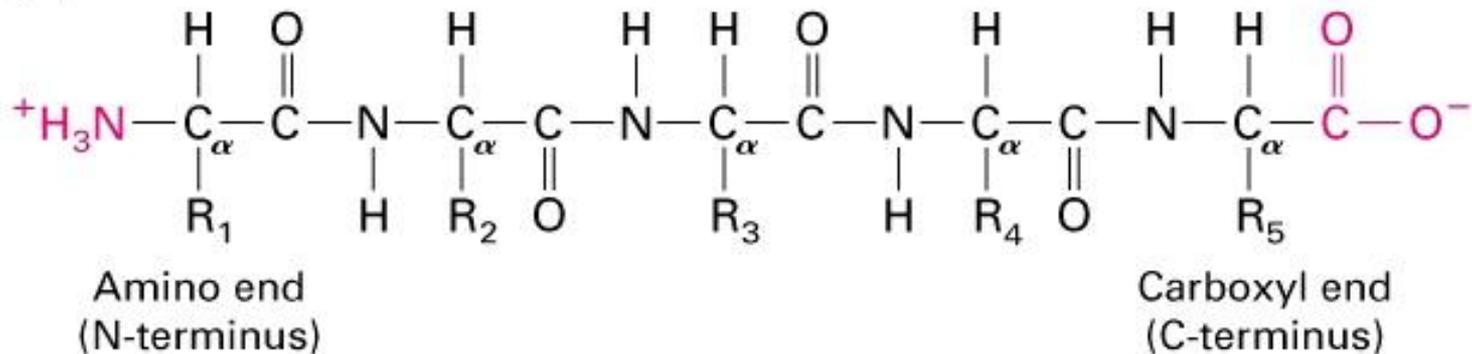
a pH fisiologico il gruppo carbossilico è dissociato  
e il gruppo aminico è protonato

# I legami peptidici uniscono gli aminoacidi in catene lineari

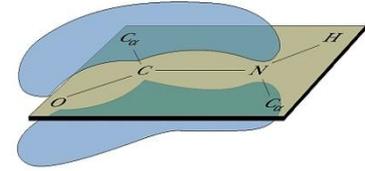
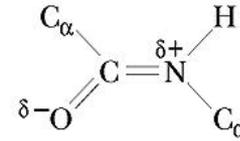
(a)



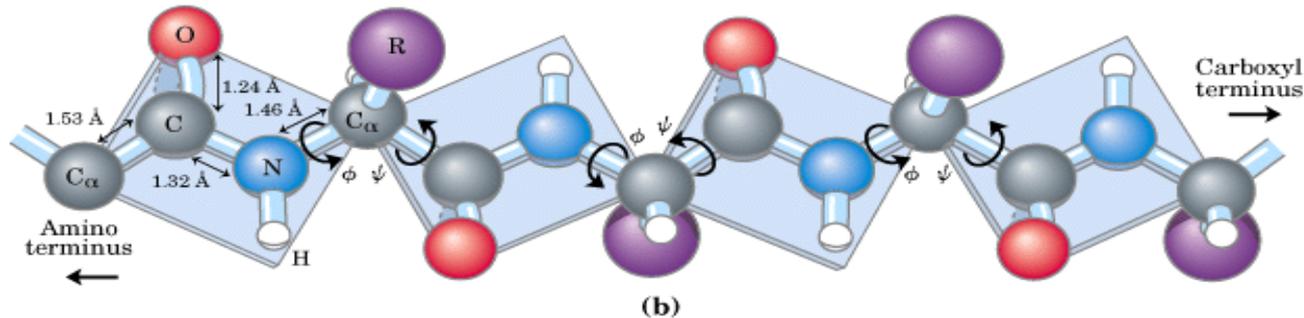
(b)



Il legame peptidico è planare  
Non può ruotare perché ha  
caratteristiche di doppio legame



Lo scheletro di una catena polipeptidica può essere immaginato come una serie di piani rigidi consecutivi che hanno in comune un punto di rotazione costituito dal carbonio  $\alpha$



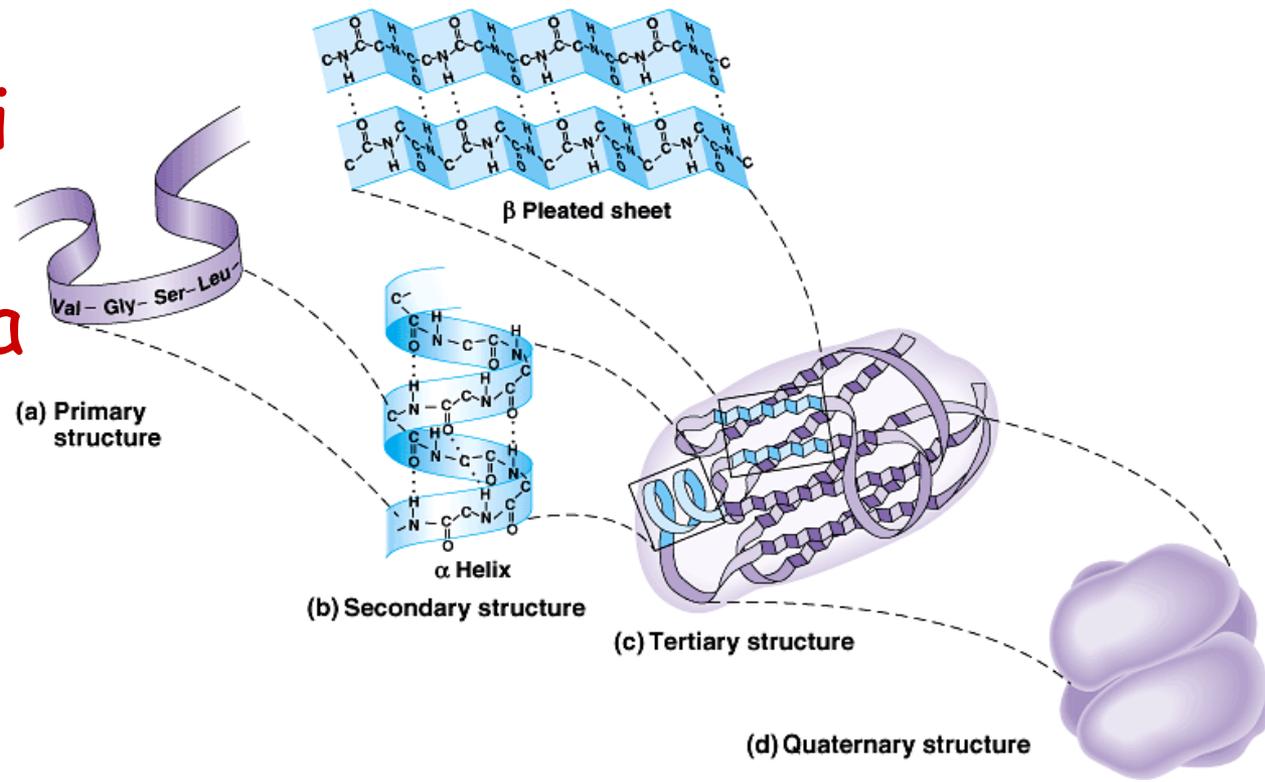
La rotazione è permessa solo intorno al legame N-C<sub>α</sub> (angolo  $\phi$ , phi) e al legame C<sub>α</sub>-C (angolo  $\psi$ , psi)

NELLE PROTEINE LE CATENE LATERALI DEGLI AMINOACIDI NON PARTECIPANO ALLA FORMAZIONE DEL LEGAME PEPTIDICO MA SPORGONO ALL'ESTERNO DELLA CATENA

- Le proteine sono catene non ramificate di aminoacidici
- La sequenza degli aminoacidi di una proteina determina la sua struttura tridimensionale (conformazione)

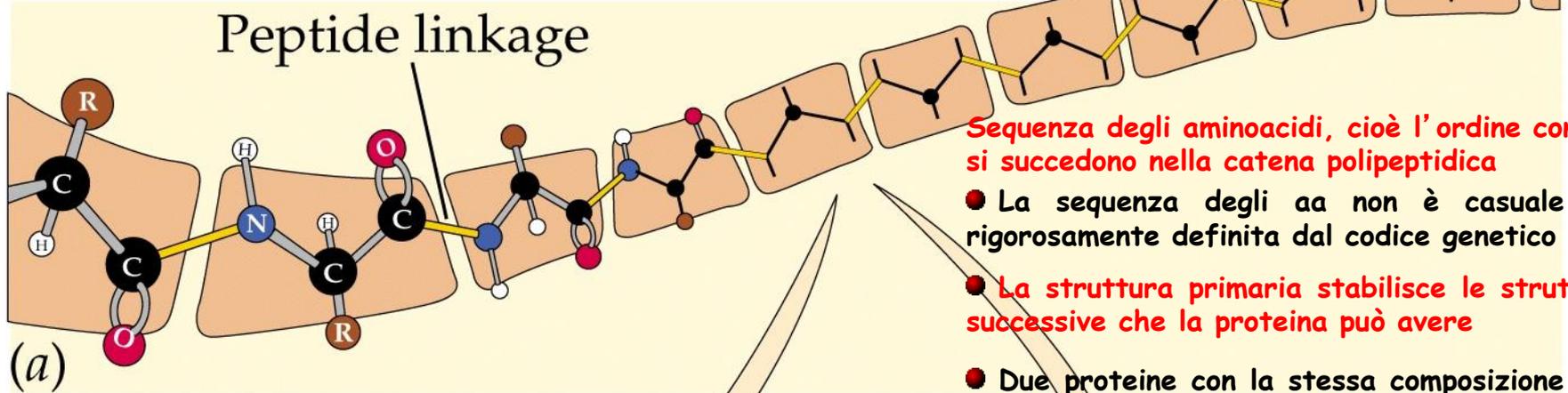
**La struttura determina la funzione  
della proteina**

# Quattro livelli strutturali determinano la forma di una proteina



- Primaria: sequenza lineare degli amino acidi
- Secondaria: organizzazione di parti della catena polipeptidica
- Terziaria: struttura tridimensionale completa della catena polipeptidica
- Quaternaria: associazione di due o più polipeptidi in una struttura complessa multi-subunità

# Primary structure



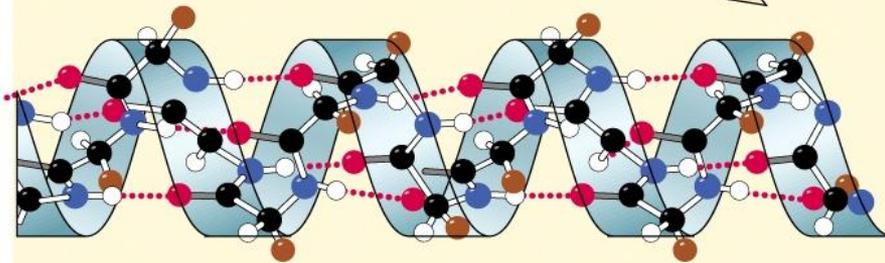
**Sequenza degli aminoacidi, cioè l'ordine con cui si succedono nella catena polipeptidica**

● La sequenza degli aa non è casuale ma rigorosamente definita dal codice genetico

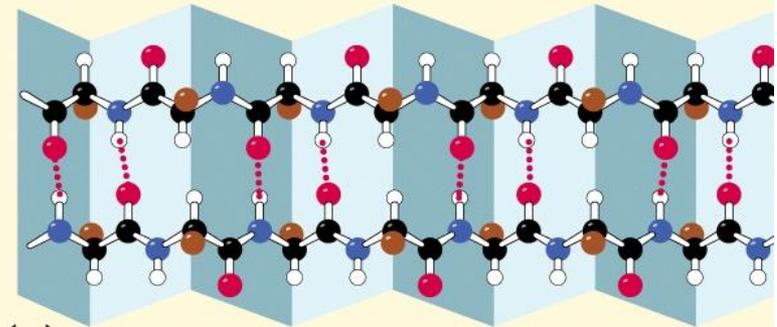
● La struttura primaria stabilisce le strutture successive che la proteina può avere

● Due proteine con la stessa composizione di aa ma con sequenza diversa sono due proteine diverse

# Secondary structure



(b)  $\alpha$  Helix

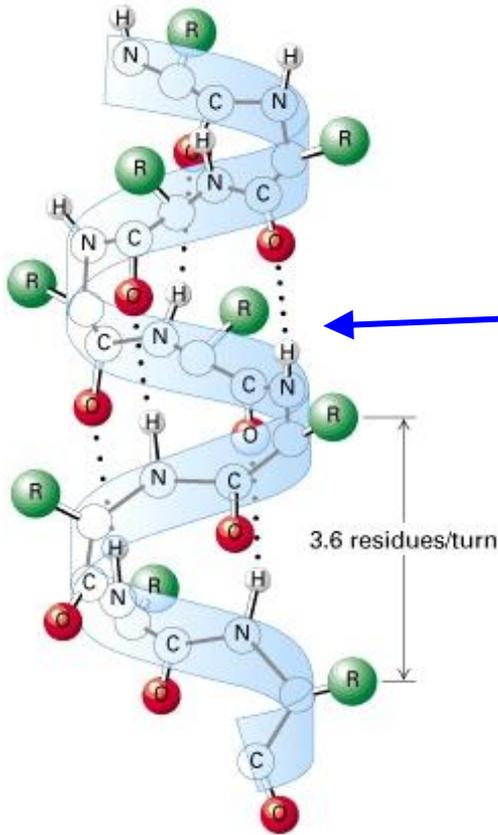


(c)  $\beta$  Pleated sheet

## $\alpha$ -ELICA:

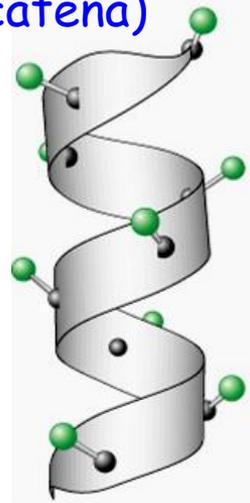
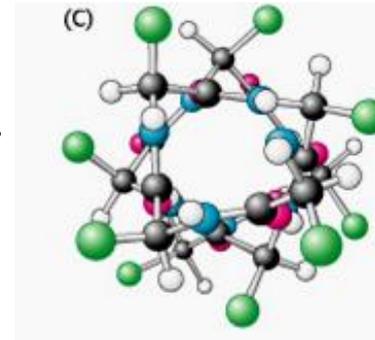
avvolgimento elicoidale della catena polipeptidica intorno ad un asse immaginario

L' avvolgimento è regolare e destrorso  
ogni spira dista dalla successiva 5,4 Å (passo dell' elica)



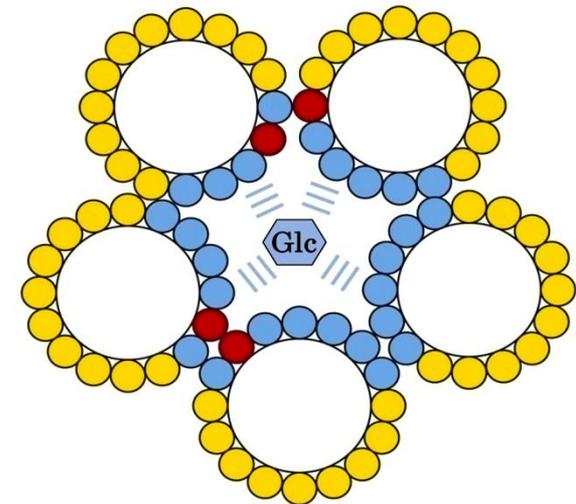
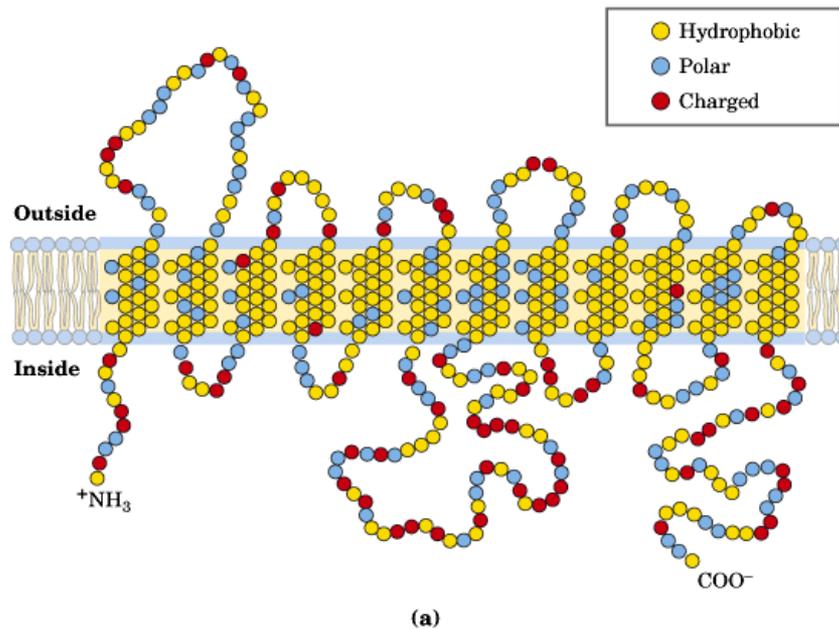
L'  $\alpha$ -elica è stabilizzata dai legami H (intracatena)

Le catene laterali degli aa sono rivolte all' esterno dell' elica.



La struttura ad  $\alpha$ -elica viene **interrotta** dalla presenza **della prolina e di aminoacidi con -R troppo "ingombranti"**

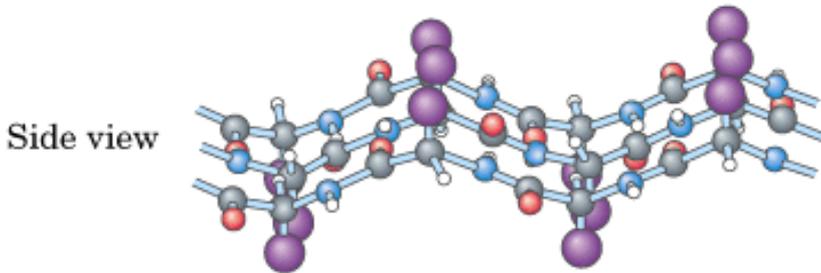
Molte  $\alpha$  eliche sono *anfipatiche*, hanno cioè un lato della superficie costituito prevalentemente da catene laterali idrofobiche, l'altro da catene idrofiliche



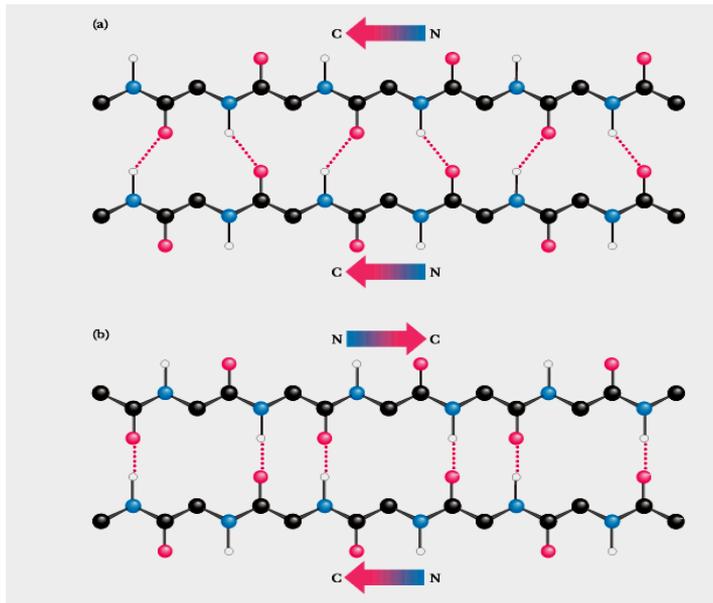
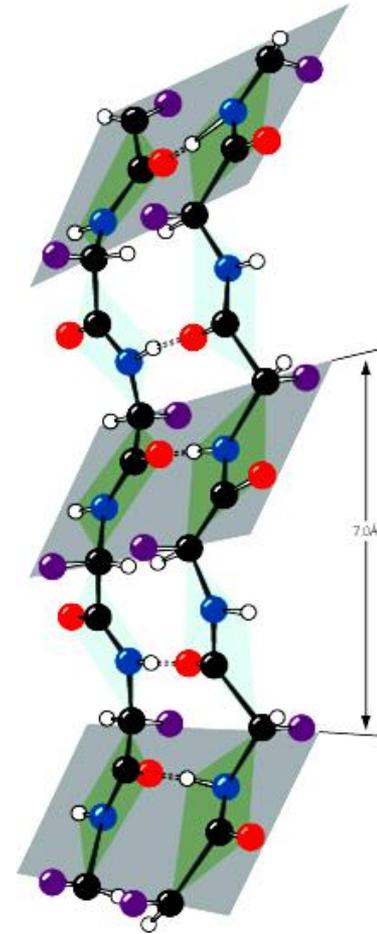
Trasportatore per il glucosio

La **STRUTTURA BETA** (pleated sheet) è caratterizzata dal ripiegamento a zig-zag della catena polipeptidica

Più catene si accostano e si formano legami H tra catene adiacenti (intercatena)

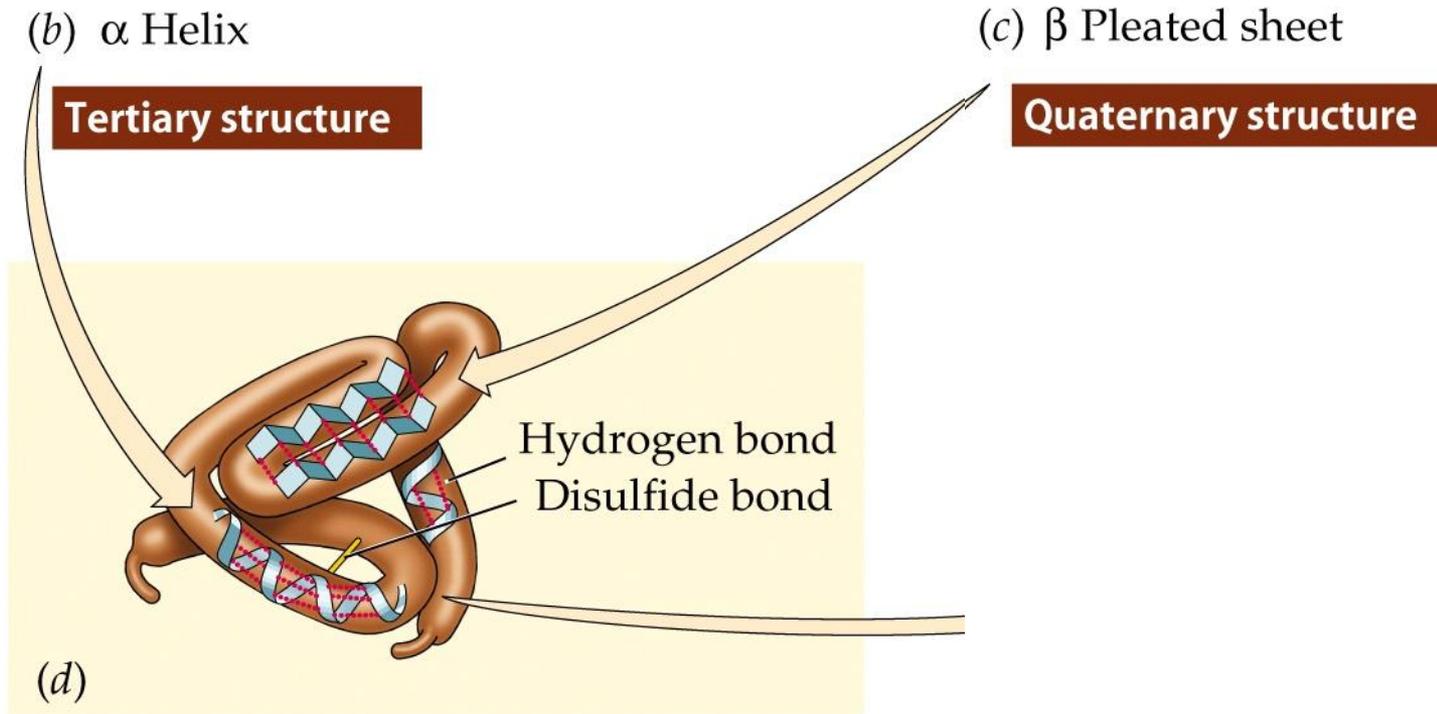


Gli -R degli aa sporgono al di sopra e al di sotto del piano individuato dalla catena polipeptidica



Le catene polipeptidiche possono essere parallele o antiparallele

La struttura terziaria è generata dal ripiegamento della catena polipeptidica.



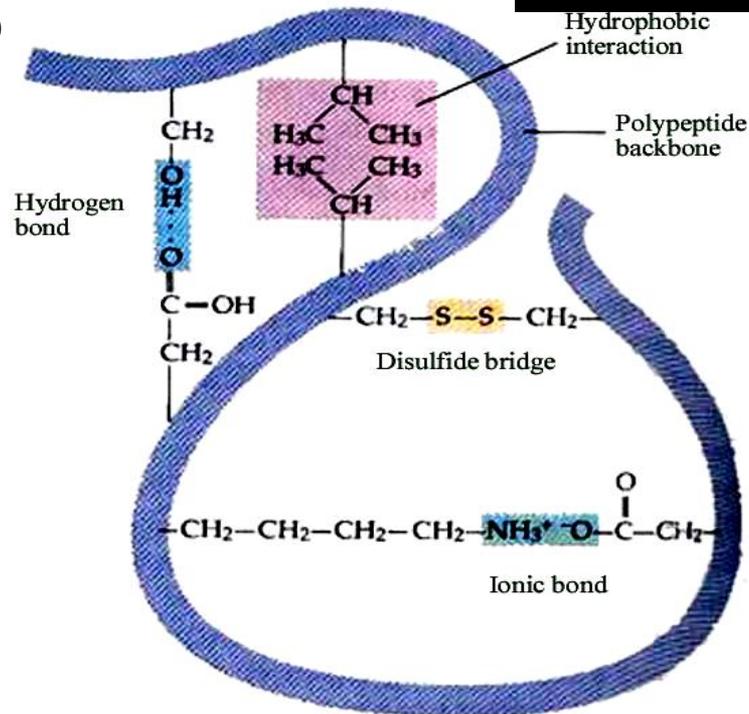
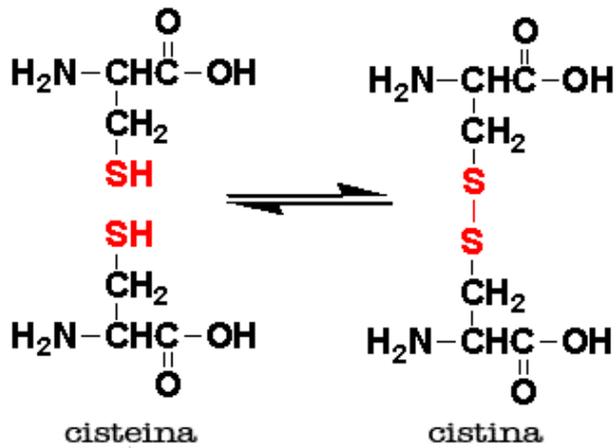
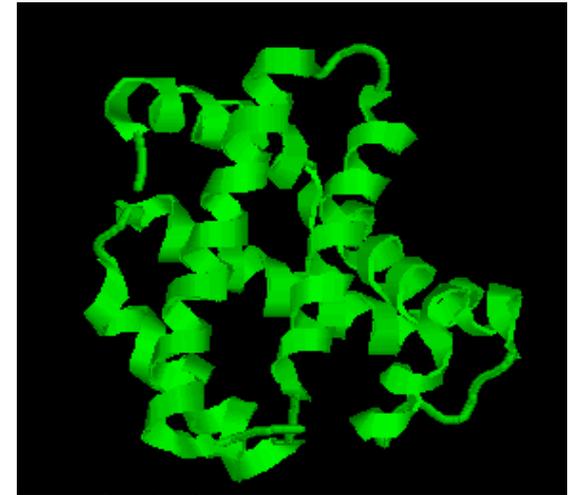
In una proteina possiamo trovare

- tratti ad  $\alpha$ -elica
- tratti con struttura beta
- tratti a struttura disordinata (random coiled)

La **STRUTTURA TERZIARIA** delle proteine è caratteristica delle proteine globulari nelle quali la catena polipeptidica si ripiega nello spazio **AGGOMITOLANDOSI**

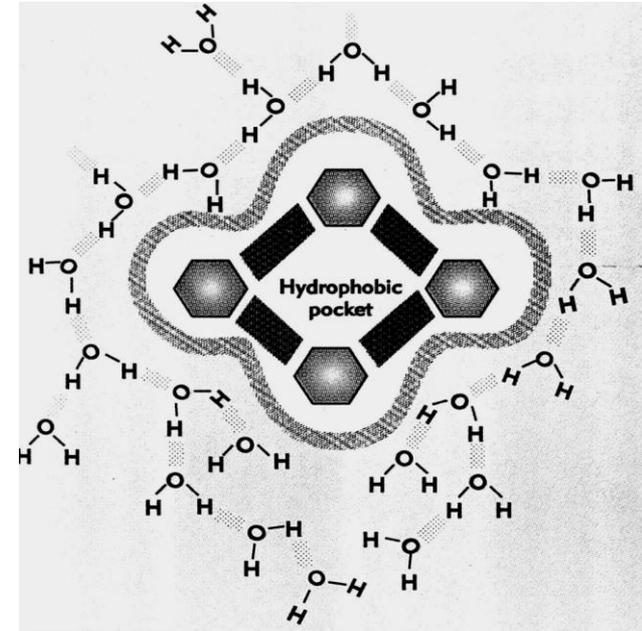
Legami che stabilizzano la struttura terziaria:

- Legami idrogeno
- Forze di Van der Waals
- Interazioni idrofobiche
- Ponti disolfuro



## Conseguenze del ripiegamento terziario

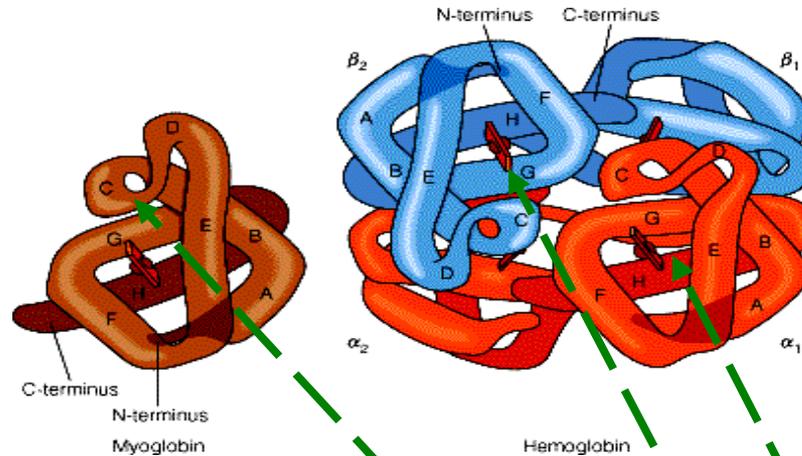
- Gli -R idrofobici si trovano all'interno (cuore idrofobico) e gli -R idrofilici all' esterno della proteina ad interagire con l'acqua.
- L'avvicinamento di -R lontani nella sequenza primaria può determinare la funzione della proteina



**PROTEINE FIBROSE:** sono formate da lunghe catene disposte parallelamente a formare strutture allungate lineari o planari

$\alpha$ -cheratina, fibroina , collageno

**PROTEINE GLOBULARI:** la catena si ripiega nello spazio in modo da assumere una forma sferica



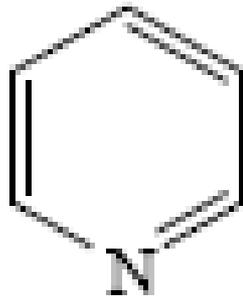
**Proteine semplici** sono costituite solo da aa

**Proteine coniugate** contengono un **GRUPPO PROSTETICO**

# Classificazione delle proteine basata sulla funzione

- ❖ Proteine catalitiche (enzimi)
- ❖ Proteine di trasporto
- ❖ Proteine di deposito
- ❖ Proteine di difesa
- ❖ Proteine del movimento
- ❖ Proteine di sostegno meccanico
- ❖ Proteine deputate alla trasmissione dei segnali

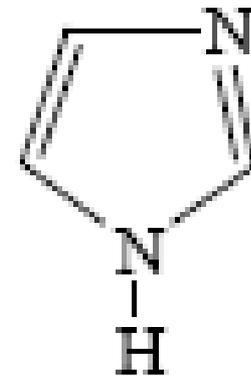
# Eterociclici Azotati



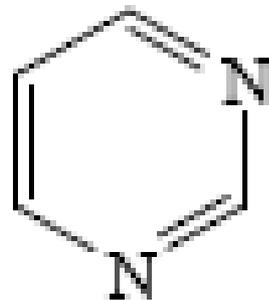
Piridina



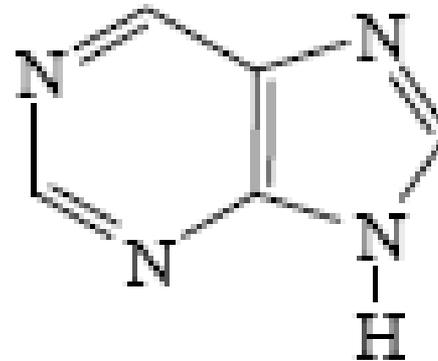
Pirrolo



Imidazolo



Pirimidina

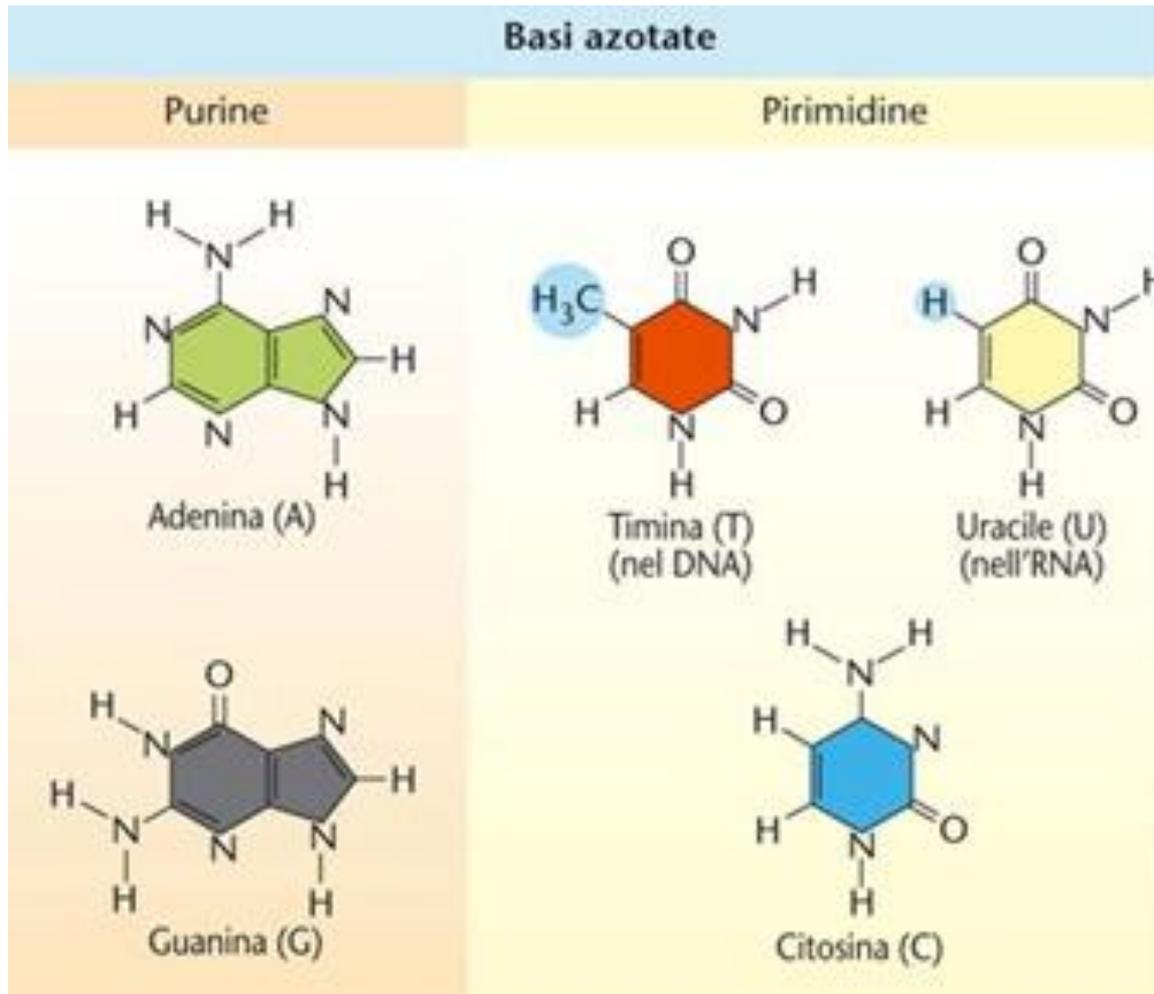


Purina

# BASI PURINICHE E PIRIMIDINICHE

Le basi puriniche sono formate da 2 anelli condensati, le pirimidiniche hanno un solo anello.

Sono dette "basi" perché alcuni azoti possono protonarsi sottraendo ioni  $H^+$  dalla soluzione.



Le basi puriniche e pirimidiniche sono costituenti dei

## NUCLEOTIDI

- hanno funzione energetiche (**ATP** è la moneta corrente per tutti gli scambi energetici della cellula),
- formano parte della molecola dei coenzimi **NAD<sup>+</sup>** e **FAD** (i trasportatori di elettroni nelle reazioni di ossido-riduzione del catabolismo ossidativo)
- sono le unità costitutive degli acidi nucleici (**DNA e RNA**)

# Acidi Nucleici

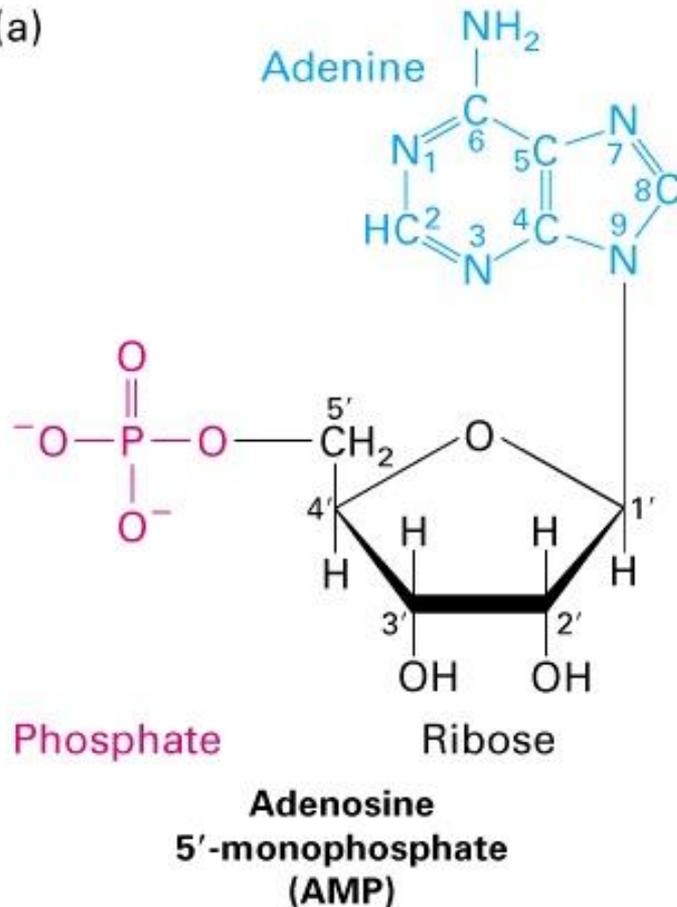
- DNA e RNA sono polimeri di nucleotidi
- L'acido deossiribonucleico (DNA) contiene l'informazione per la sequenza degli aminoacidi nelle proteine, in unità chiamate geni
- L'acido ribonucleico (RNA) entra nel macchinario cellulare che sceglie e unisce gli aminoacidi nella sequenza corretta

Il dogma centrale:

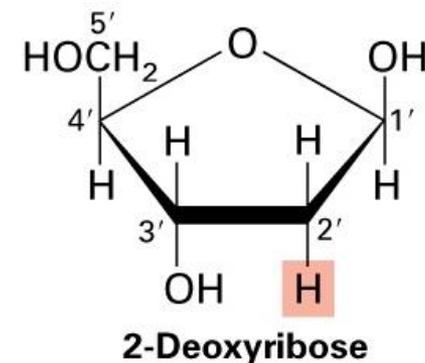
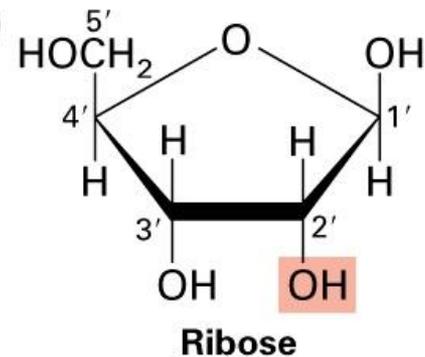
DNA → RNA → Proteine

# Gli acidi nucleici sono costituiti da nucleotidi. Tutti i nucleotidi hanno una struttura comune (1920-Levene)

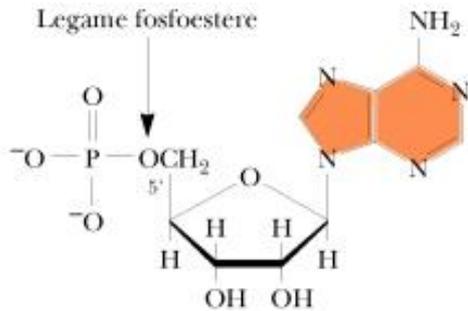
(a)



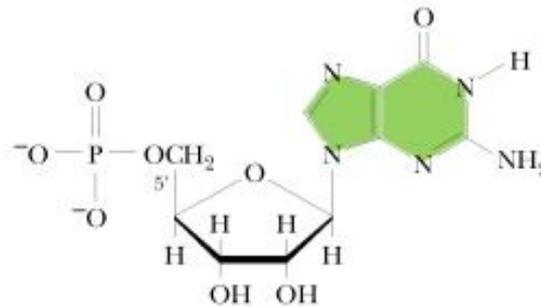
(b)



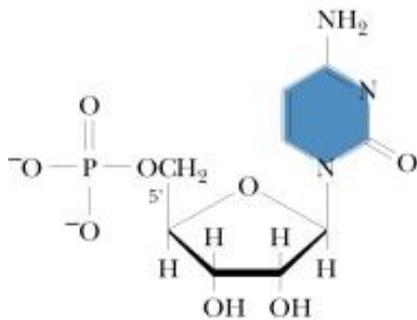
# Negli acidi nucleici ci sono cinque nucleotidi principali



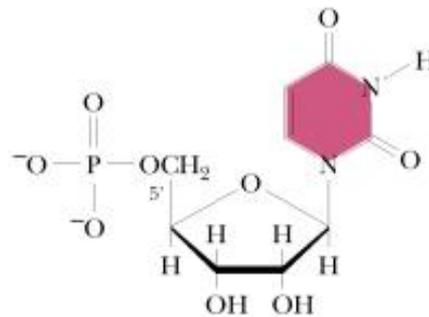
**Adenosina 5'-monofosfato**  
(o AMP o acido adenilico)



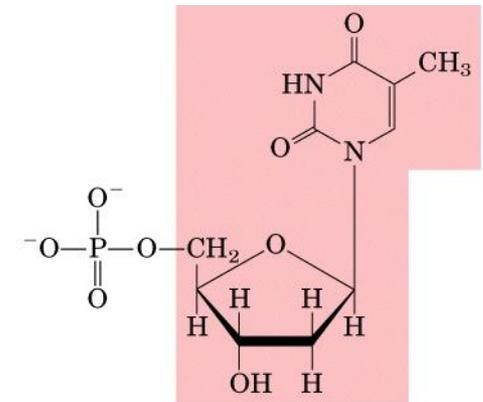
**Guanosina 5'-monofosfato**  
(o GMP o acido guanilico)



**Citidina 5'-monofosfato**  
(o CMP o acido citidilico)



**Uridina 5'-monofosfato**  
(o UMP o acido uridilico)



**Deoxythymidylate**  
(deoxythymidine  
5'-monophosphate)

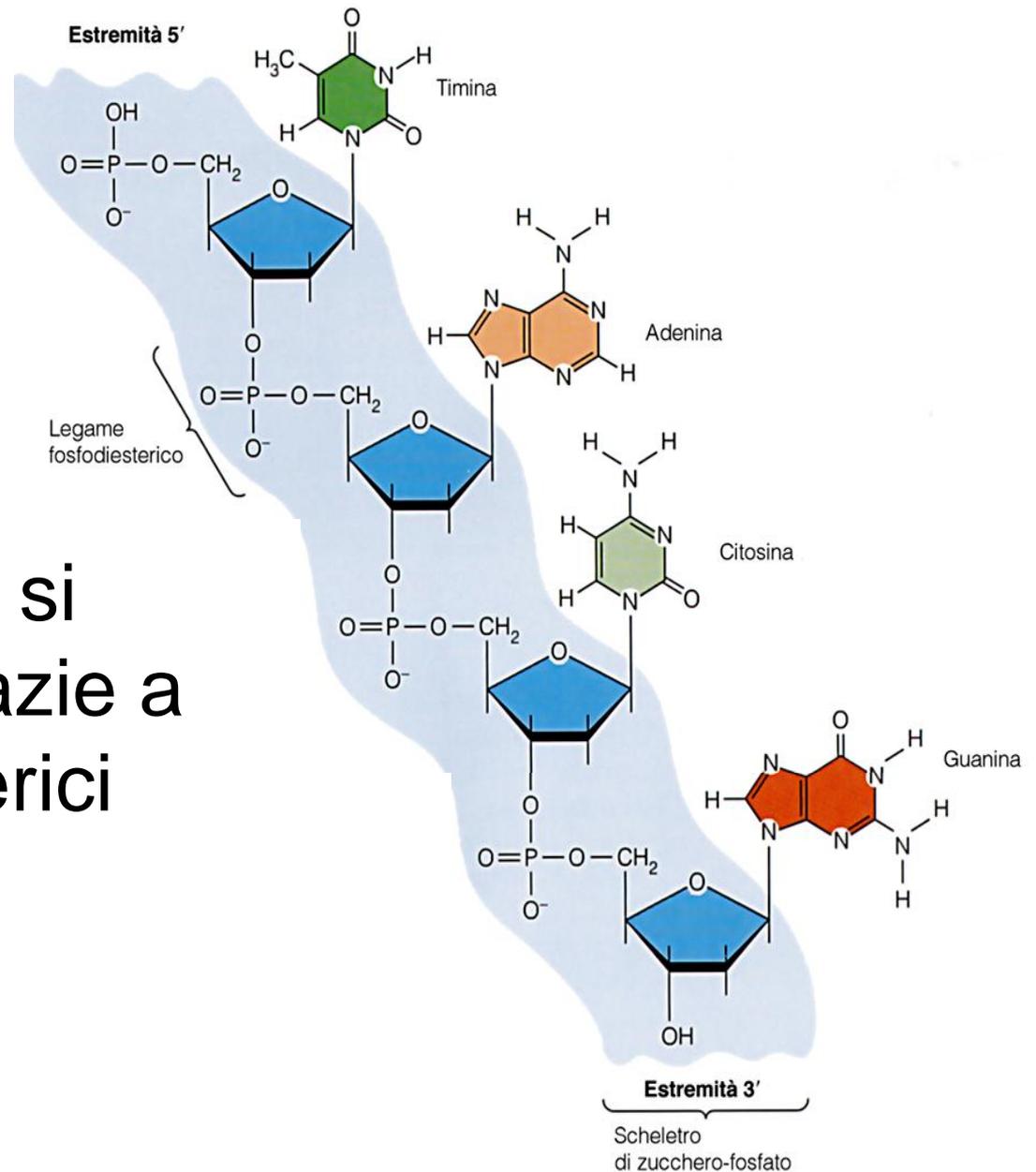
T, dT, dTMP

Deoxythymidine

## 3.3 *Distinguishing RNA from DNA*

NUCLEIC ACID	SUGAR	BASES
RNA	Ribose	Adenine Cytosine Guanine <b>Uracil</b>
DNA	Deoxyribose	Adenine Cytosine Guanine <b>Thymine</b>

I singoli nucleotidi si legano tra loro grazie a legami fosfodiesterici

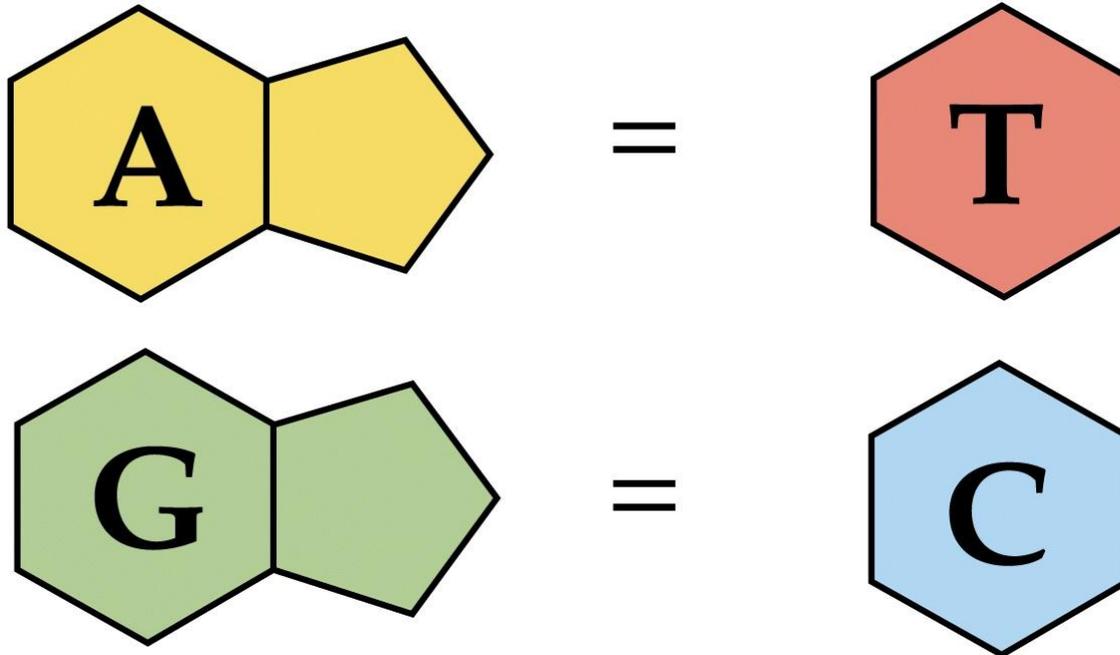


(a) DNA

# La struttura del DNA

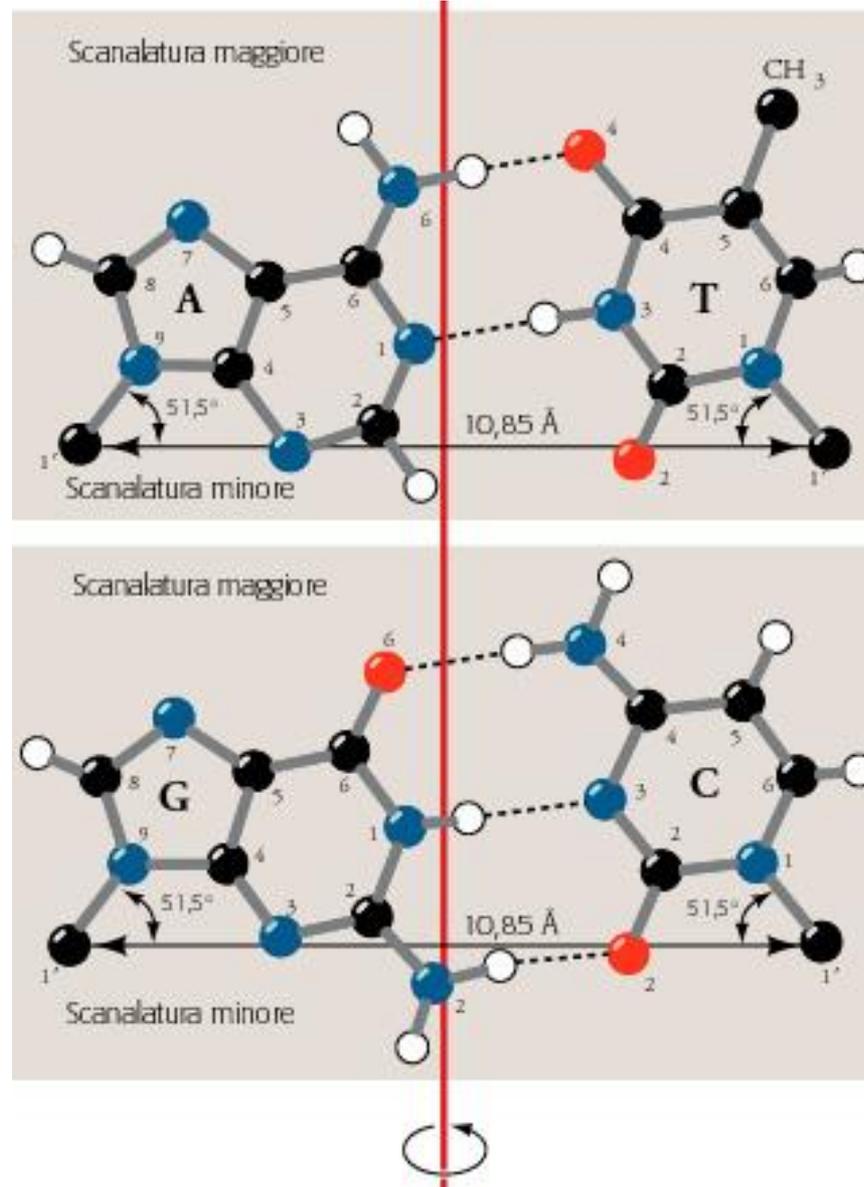
(Chargaff 1944-1952)

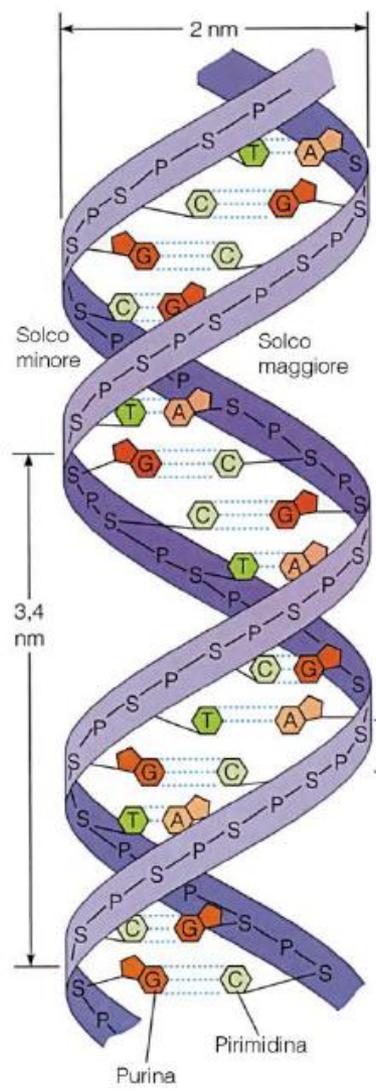
Nelle molecole di DNA ci sono eguali quantità di adenina e timina (A=T) e eguali quantità di guanina e citosina (G=C).



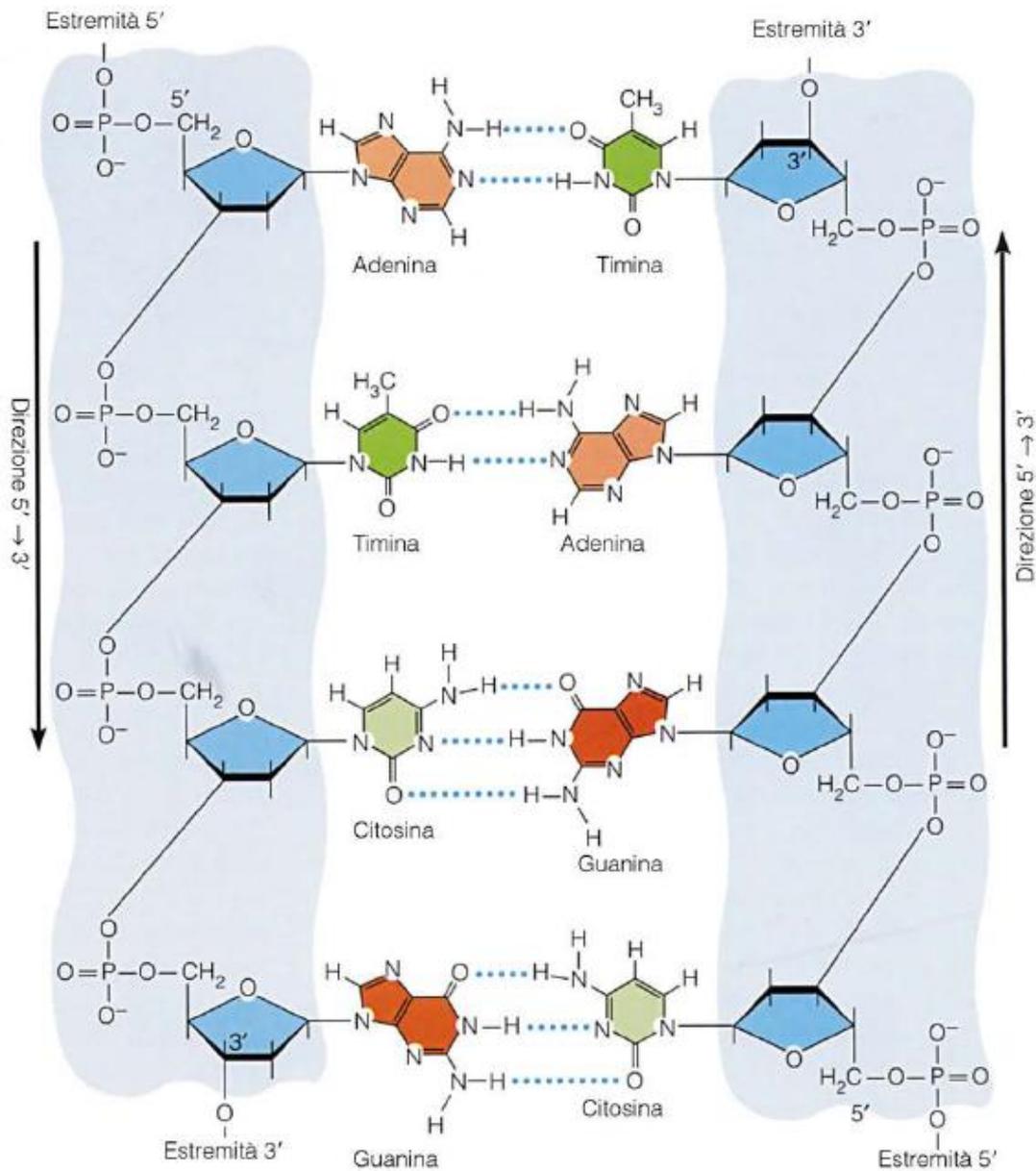
Purines = Pyrimidines

# Struttura del DNA



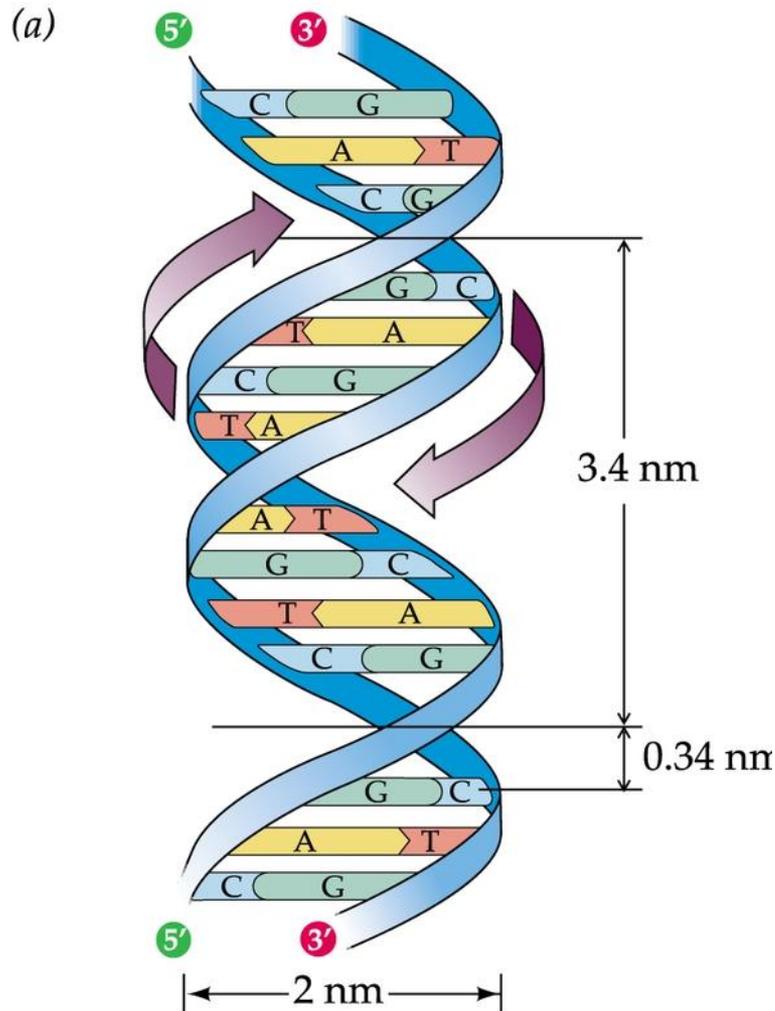


(a) Doppia elica



(b) Orientamento antiparallelo dei filamenti

# Il DNA nativo è una doppia elica di catene antiparallele complementari



La struttura è stabilizzata da:

## 1. Legami idrogeno

I due filamenti del DNA sono stabilizzati da legami idrogeno che si stabiliscono tra basi complementari (due in una coppia A:T e tre in una coppia G:C)

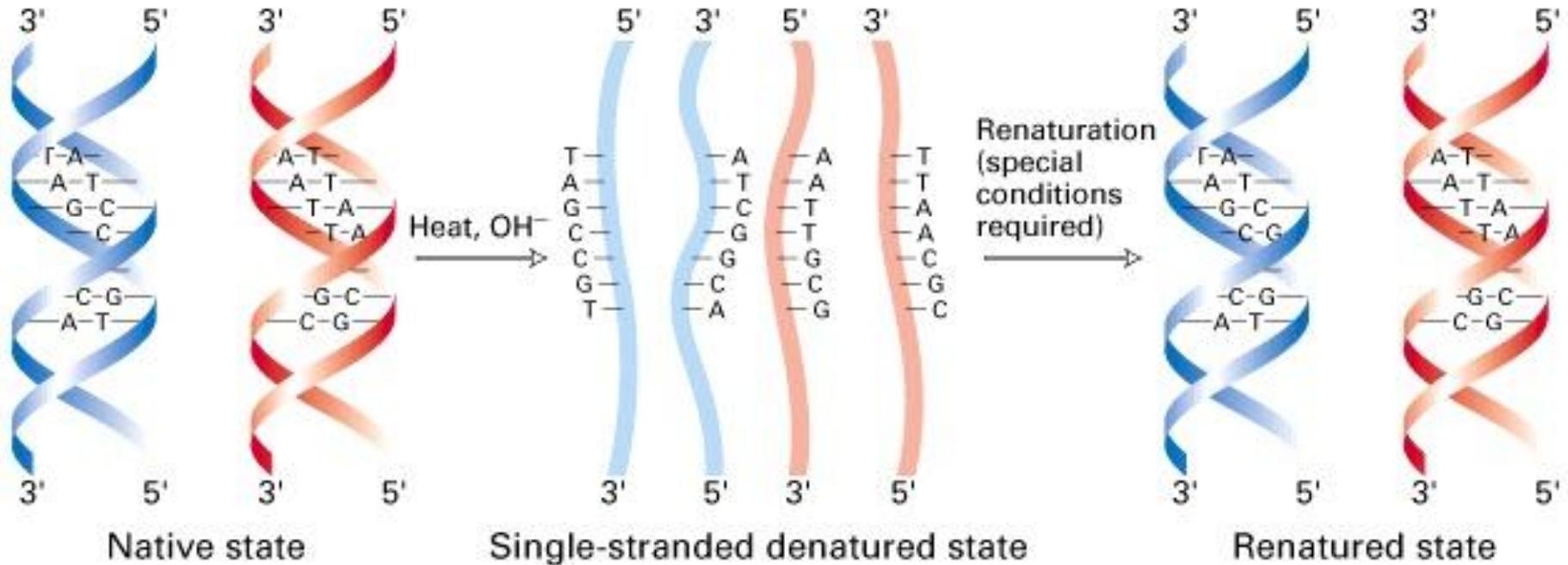
## 2. Interazioni ioniche

I gruppi fosfato, con carica negativa, sono situati sulla superficie esterna dove interagiscono con cationi  $Mg^{2+}$ , in modo da avere un effetto minimo l'uno sull'altro

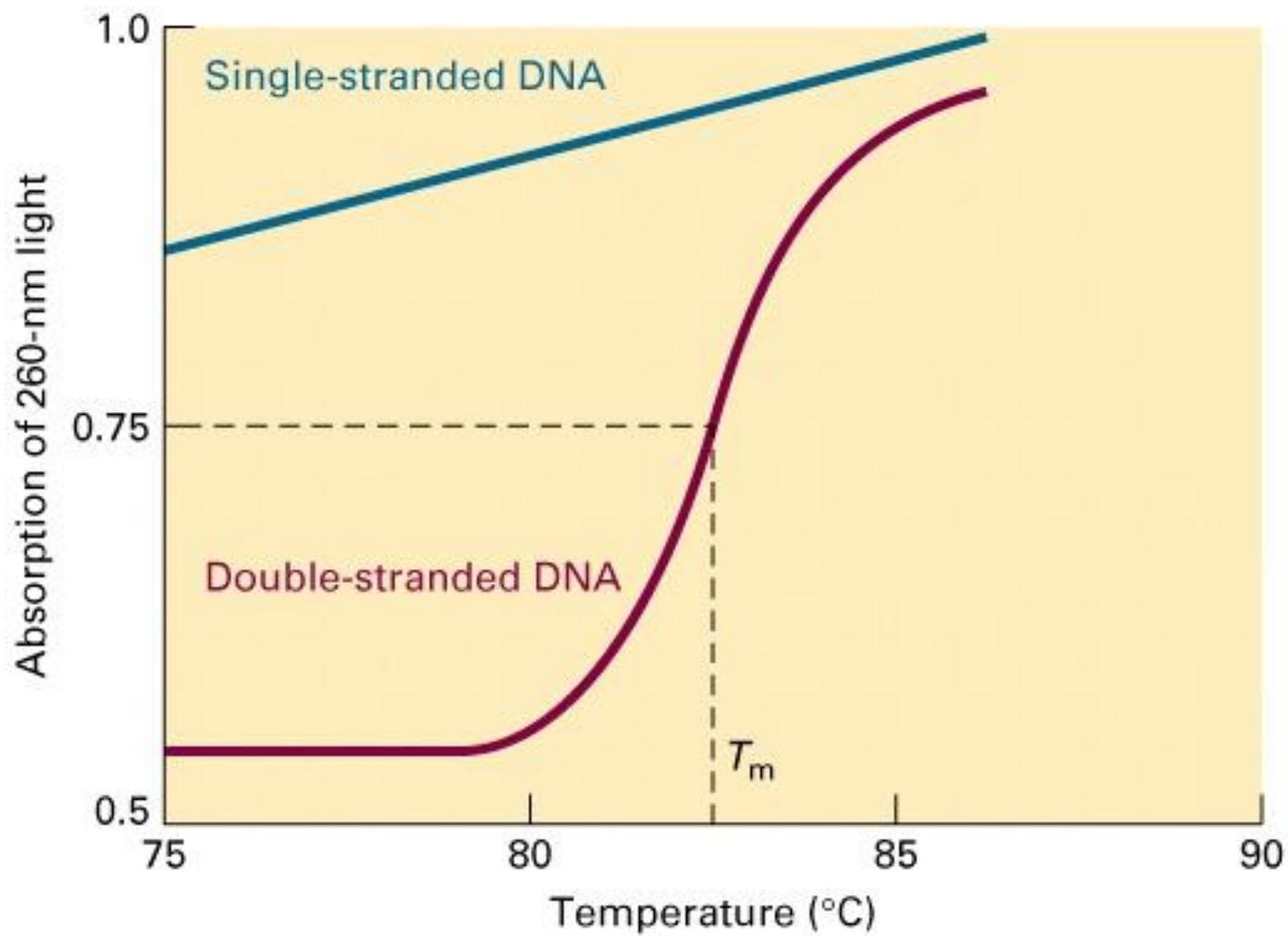
## 3. Interazioni idrofobiche

Il core della doppia elica

# Il DNA può andare incontro ad una separazione reversibile dei due filamenti



(a)



# Il modello di replicazione del DNA proposto nel 1953 da Watson e Crick

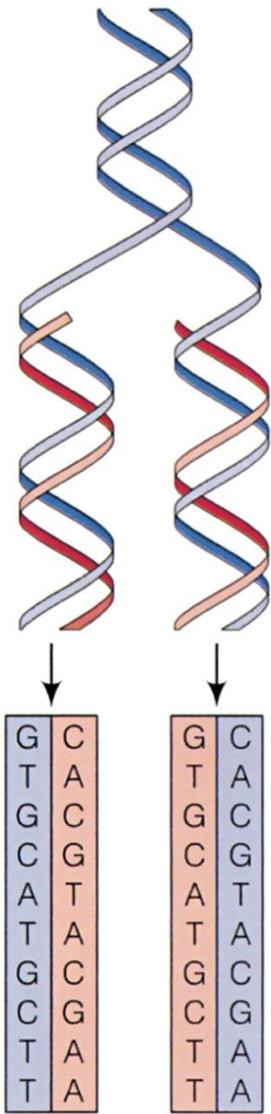
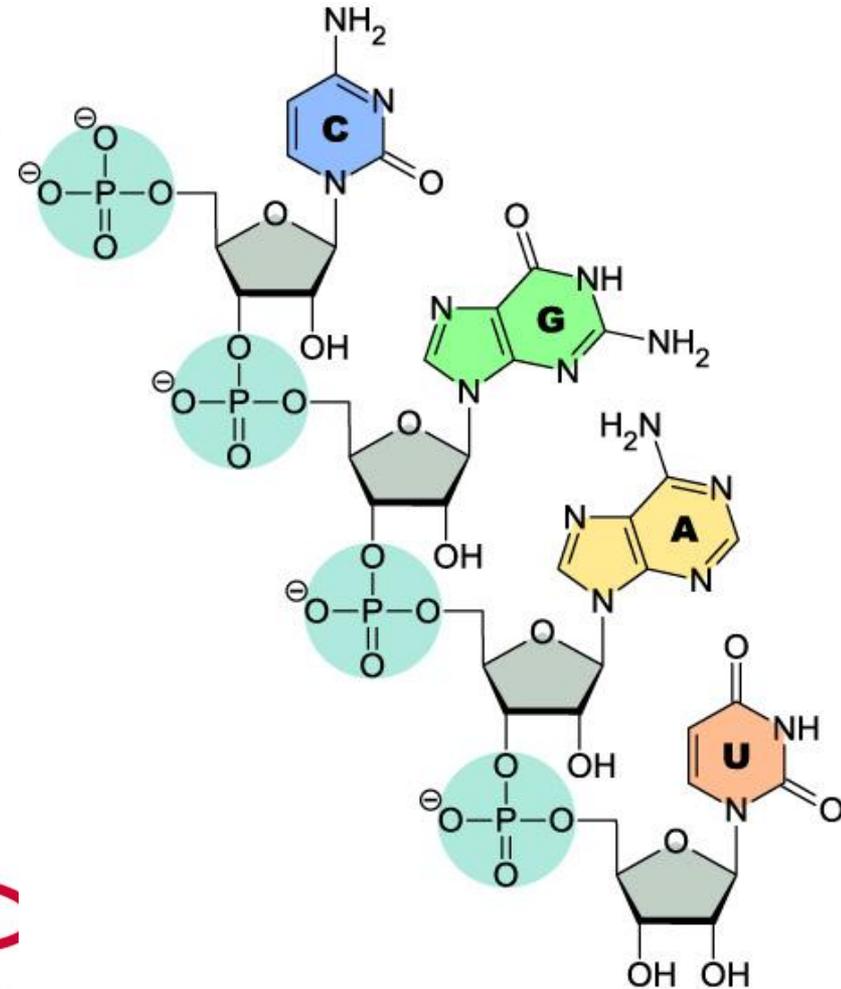


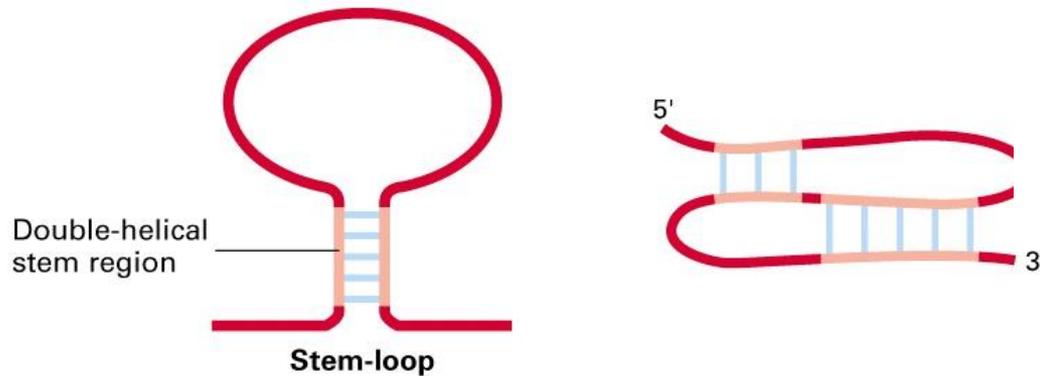
Figura 17-2

# La struttura dell'RNA

L' RNA è formato da un singolo filamento costituito da nucleotidi legati tra loro mediante legame fosfodiesterico.



(a) Secondary structure



Esistono diversi tipi di RNA:

mRNA: RNA messaggero; copia di un tratto di informazione genica (ottenuto tramite il processo di trascrizione del DNA) che verrà tradotto dai ribosomi per effettuare la sintesi proteica.

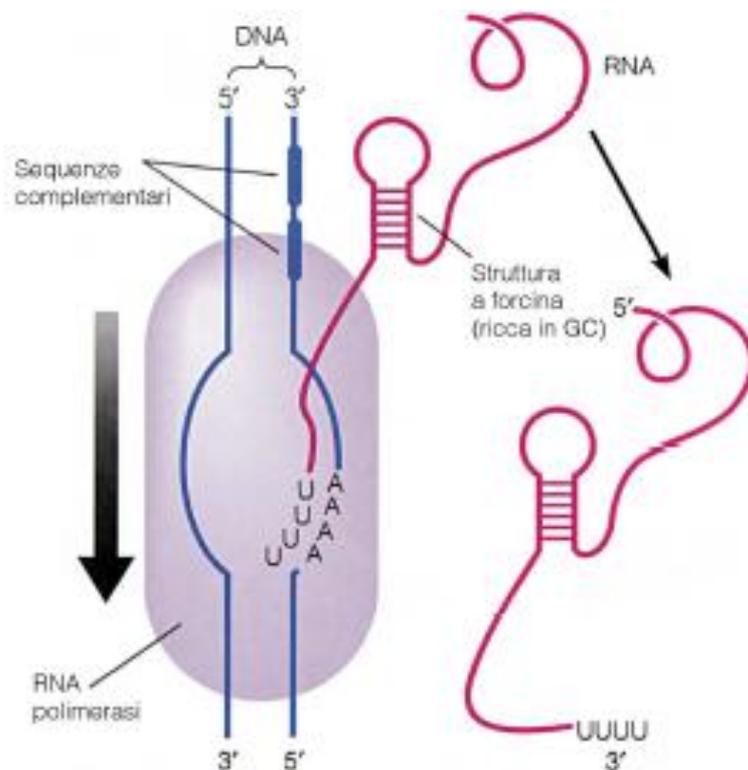
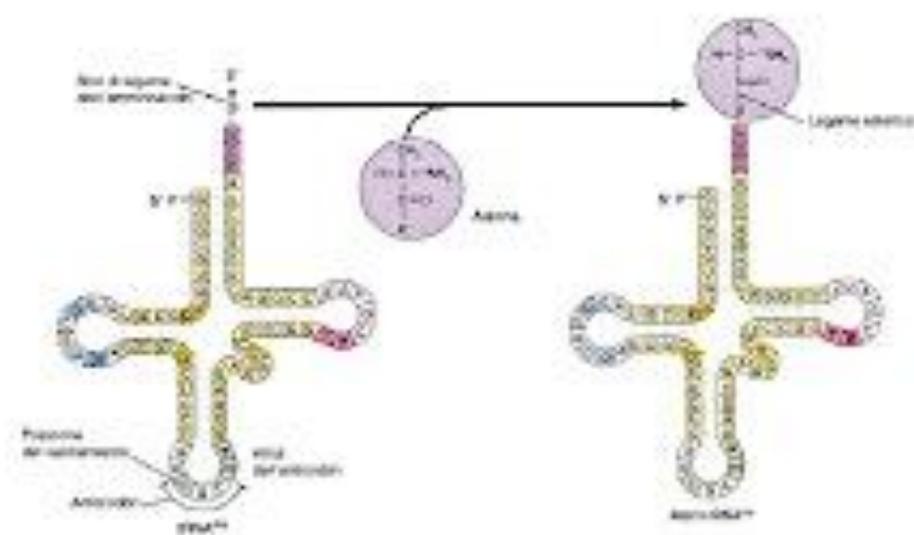
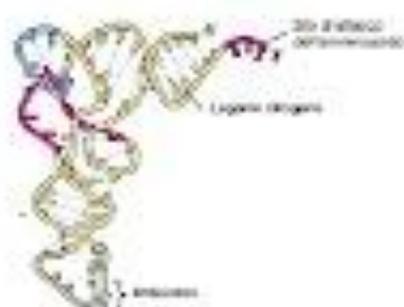


Figura 19-12



■ Sintesi covalente del tRNA, prima e dopo l'attacco dell'amminoacido

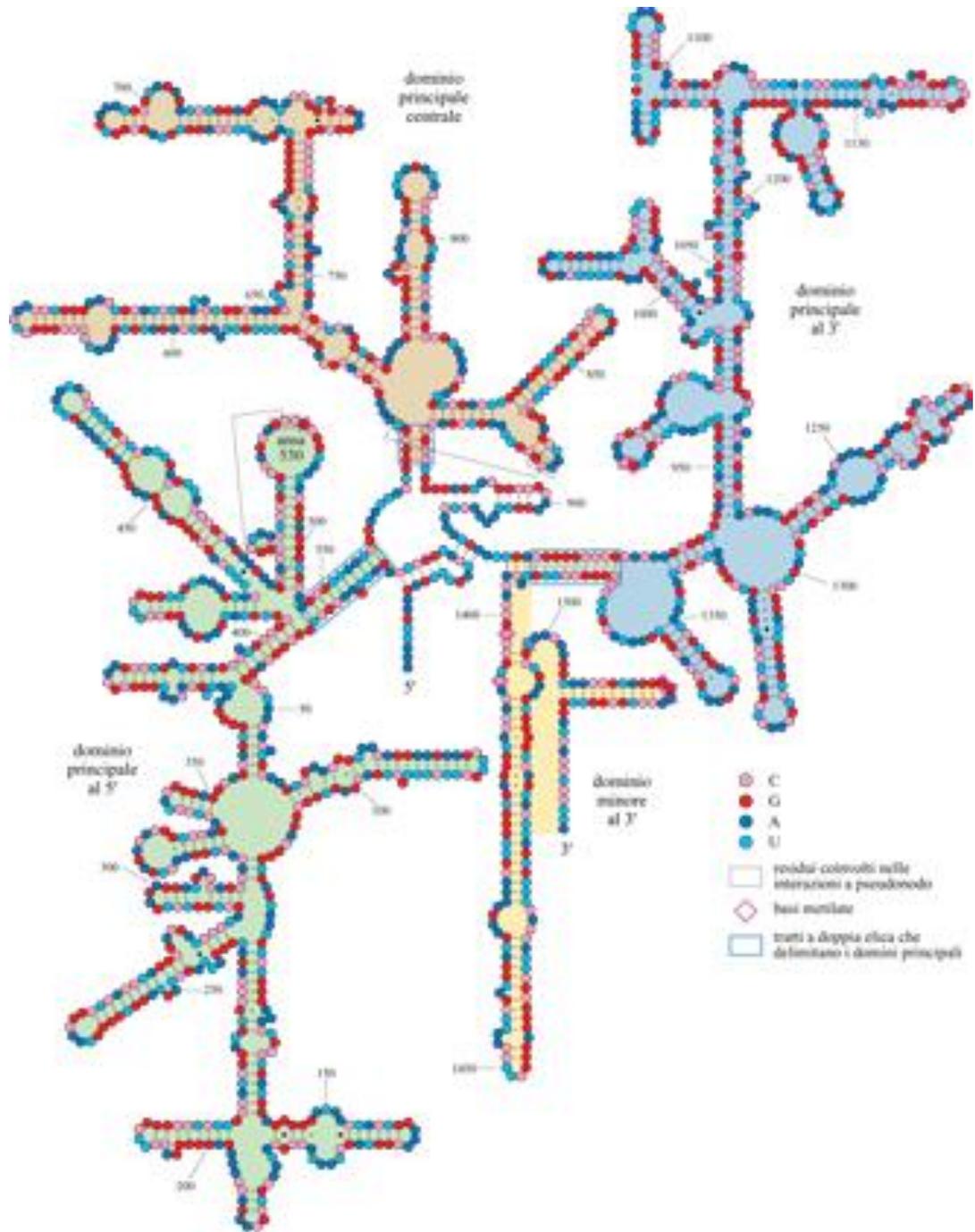
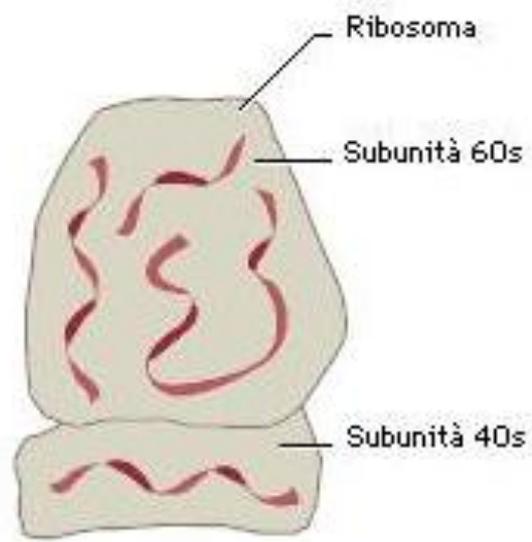


■ Sintesi covalente del tRNA



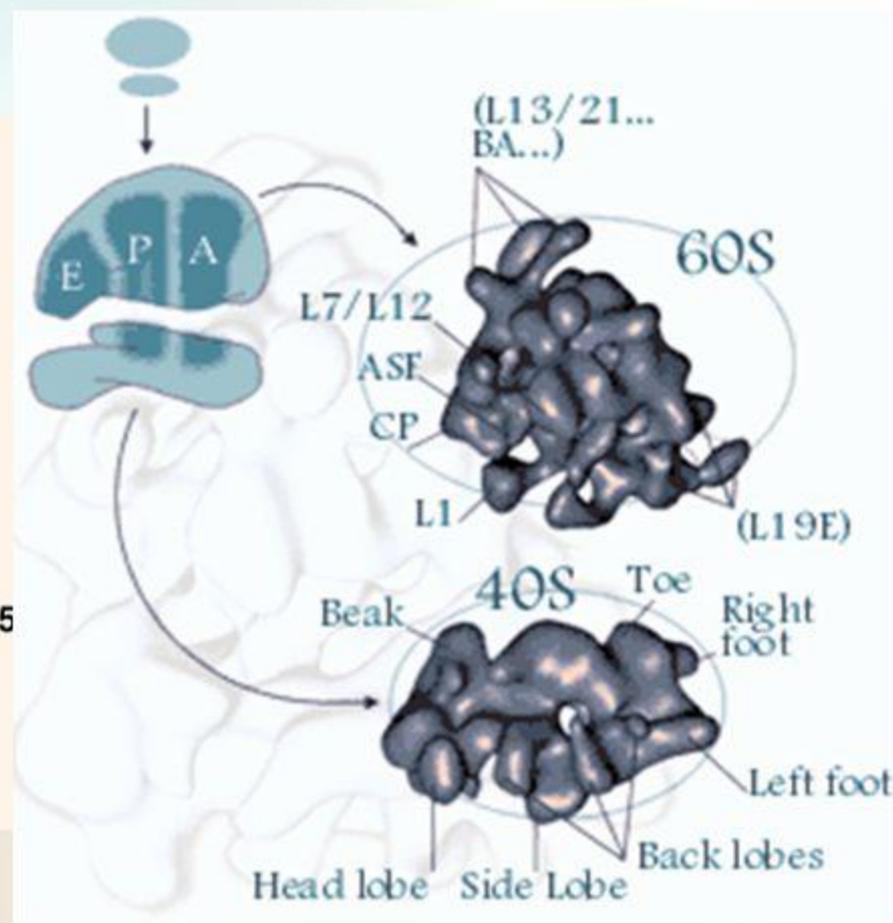
tRNA: RNA transfert  
 mediano il trasferimento  
 dell'AA dal citoplasma ai  
 ribosomi per la sintesi  
 proteica.

# RNA ribosomiale (r-RNA)

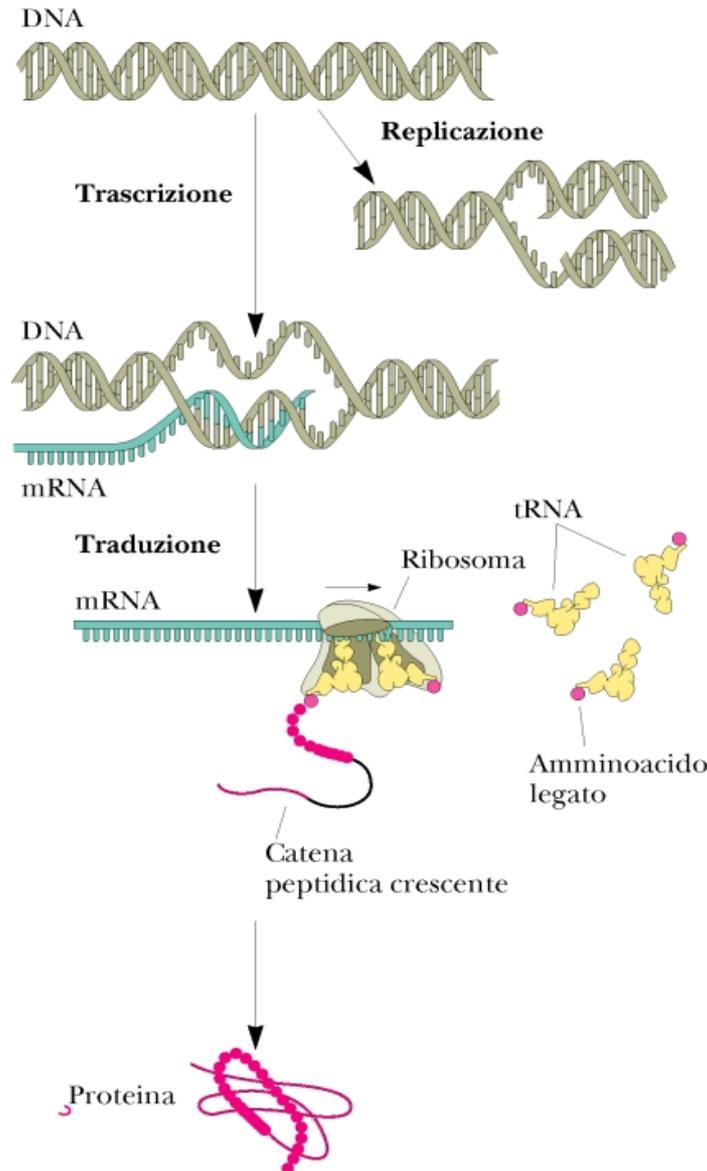


# RNA ribosomali o rRNA

- I ribosomi sono granuli scuri presenti nel citosol, sulla membrana nucleare e sul reticolo endoplasmatico rugoso (RER). Sono composti da **RNA ribosomiale (r-RNA)** e **materiale proteico**,
- si può suddividere in due parti:
- una **subunità grande** di 50 S avente almeno 34 proteine (L1-L34) e due molecole di RNA (23 S e 5 S),
- una **subunità piccola** di 30 S contenente almeno 21 proteine (S1-S21) ed un RNA di 16 S.



# Il processo fondamentale di trasferimento dell'informazione genetica in una cellula



## Replicazione

La replicazione produce due molecole identiche a quella originale, assicurando la trasmissione dell'informazione genetica alle cellule figlie con eccezionale fedeltà

## Trascrizione

La sequenza di basi nel DNA è riprodotta in una sequenza di basi complementari nella molecola di mRNA a singolo filamento.

## Traduzione

Nell'mRNA, codoni a tre basi, corrispondenti agli amminoacidi, determinano la sequenza amminoacidica di una proteina. I codoni sono riconosciuti dai tRNA che trasferiscono l'amminoacido appropriato. I ribosomi sono la macchina di sintesi delle proteine