

Soluzioni per il tuo controllo

1. La sequenza amminoacidica è fondamentale, ma la funzione dipende dalla struttura tridimensionale che la catena assume nello spazio. Il ripiegamento determina la posizione dei residui, la formazione di siti attivi o di legame e la capacità della proteina di interagire con altre molecole.

Per un approfondimento, si veda il paragrafo 29.1, 29.2, 29.3.

2. La struttura primaria è la sequenza lineare degli amminoacidi. La secondaria comprende organizzazioni locali regolari, come α -elica e foglietto β . La terziaria è il ripiegamento tridimensionale complessivo di una singola catena. La quaternaria riguarda l'associazione di più subunità polipeptidiche.

Per un approfondimento, si veda il paragrafo 29.2, 29.2.1, 29.2.2, 29.2.3, 29.2.4.

3. La struttura terziaria è stabilizzata dall'effetto idrofobico, da interazioni di van der Waals, legami a idrogeno, interazioni ioniche e ponti disolfuro. Il ripiegamento tende a portare i residui apolari all'interno della proteina e quelli polari o carichi verso la superficie acquosa.

Per un approfondimento, si veda il paragrafo 29.2.3.

4. La denaturazione comporta la perdita della struttura secondaria, terziaria e, se presente, quaternaria. In genere la struttura primaria rimane intatta. Poiché la funzione dipende dalla conformazione tridimensionale, la denaturazione porta spesso alla perdita dell'attività biologica.

Per un approfondimento, si veda il paragrafo 29.3.

5. Le proteine globulari sono compatte, spesso solubili e svolgono funzioni dinamiche come catalisi, trasporto e regolazione. Le proteine fibrose sono allungate, poco solubili e svolgono soprattutto funzioni strutturali o meccaniche, come nel caso di collagene, cheratina ed elastina.

Per un approfondimento, si veda il paragrafo 29.4, 29.4.1, 29.4.2.