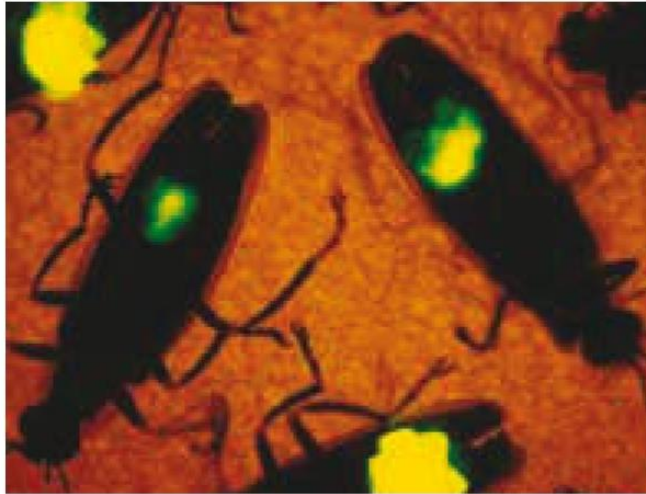


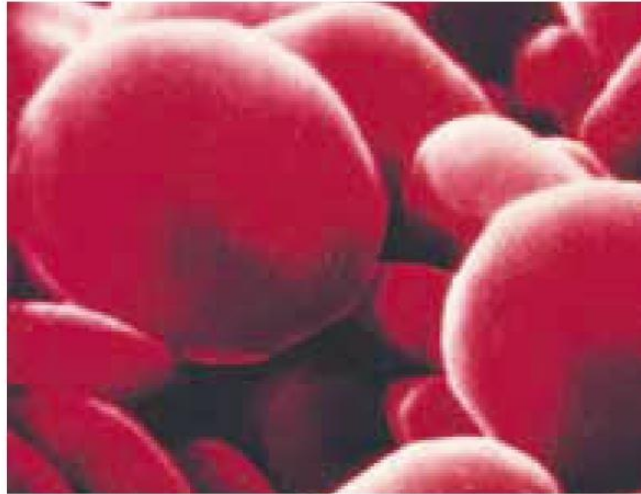
Capitolo 3 (testo Lehninger)

Amminoacidi, peptidi e proteine

Le proteine sono coinvolte in qualsiasi processo biologico!



(a)



(b)



(c)

Figura 3.1 Alcune funzioni delle proteine. (a) La luce prodotta dalle lucciole è il risultato di una reazione che coinvolge la proteina luciferina e l'ATP, catalizzata dall'enzima luciferasi (vedi il Box 13.1). (b) Gli eritrociti contengono una grande quantità di emoglobina, una proteina che trasporta ossigeno. (c) La proteina cheratina, sintetizzata da tutti i vertebrati, è il principale componente strutturale di capelli, squame, corna, lana, unghie e piume. Il rinoceronte nero è ormai vicino

all'estinzione perché in alcune parti del mondo è diffusa la credenza che la polvere ottenuta dal suo corno abbia proprietà afrodisiache. In realtà le proprietà chimiche del corno polverizzato di rinoceronte non sono diverse da quelle delle corna bovine polverizzate o delle unghie dell'uomo. [Fonti: (a) Jeff J. Daly/Alamy. (b) Bill Longcore/Science Source. (c) Mary Cooke/Animals Animals.]

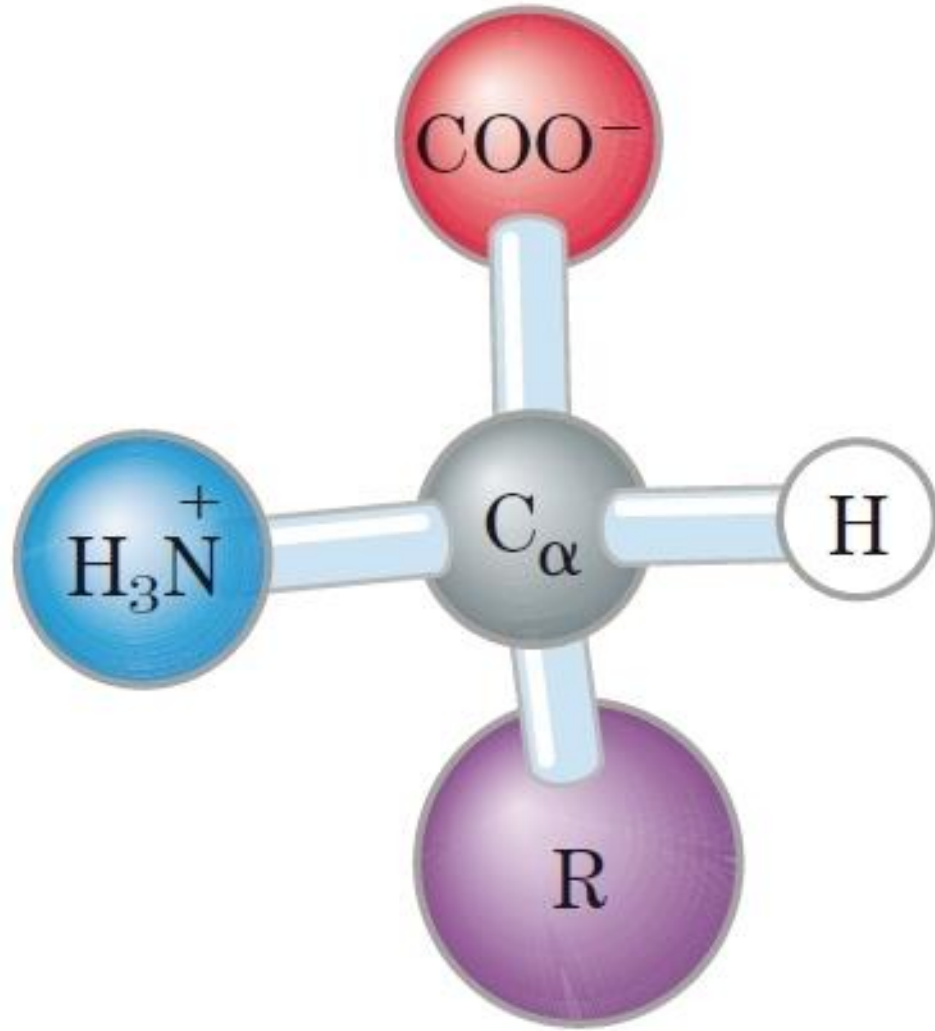


Figura 3.2 Struttura generale di un amminoacido. Questa struttura è comune a tutti gli α -amminoacidi, tranne uno (la prolina, un amminoacido ciclico, è l'eccezione.) Il gruppo R (o catena laterale, in color viola) è legato al carbonio α (in grigio) ed è diverso in ogni amminoacido.

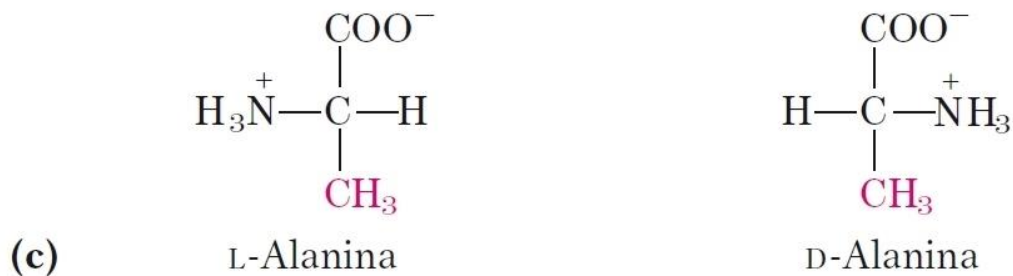
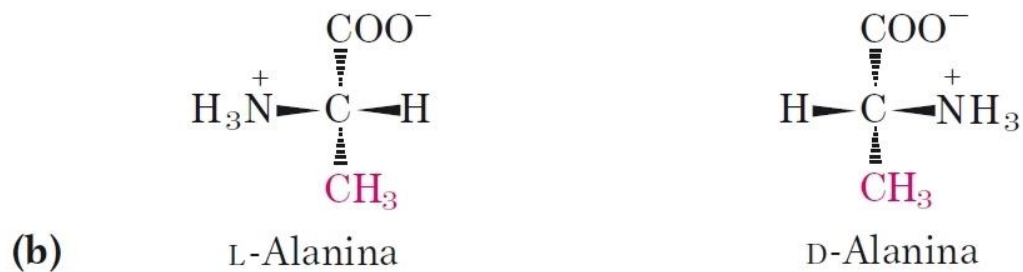
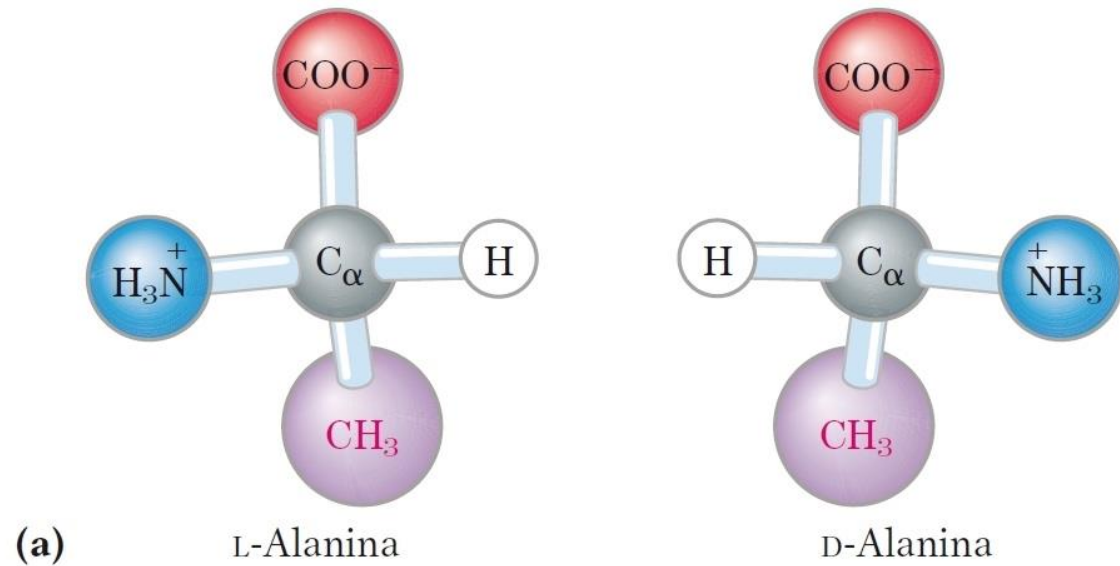
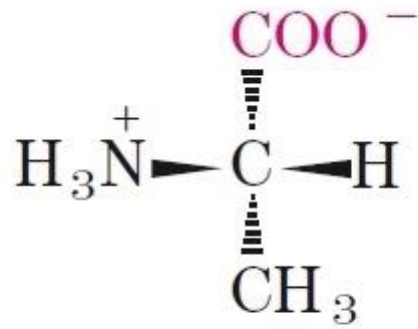
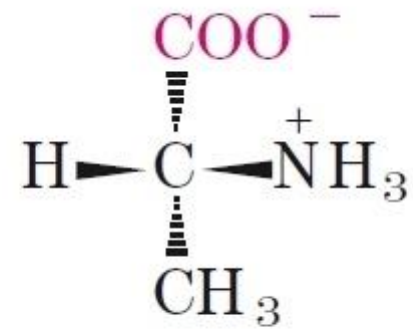


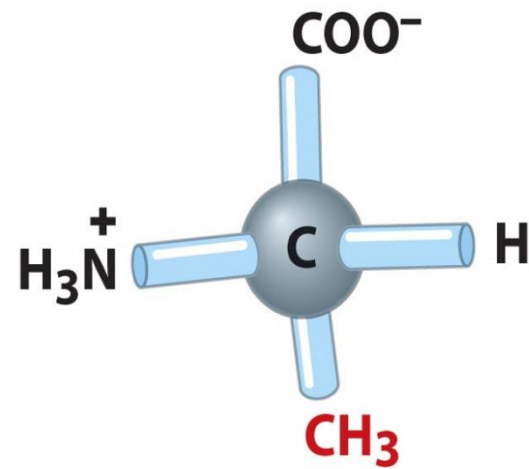
Figura 3.3 Stereoisomeria degli α -amminoacidi. (a) I due stereoisomeri dell'alanina, L- e D-alanina, sono immagini speculari non sovrapponibili l'una rispetto all'altra (enantiomeri). (b, c) Le due diverse convenzioni che descrivono la configurazione nello spazio degli stereoisomeri. Nelle formule in prospettiva (b) i legami cuneiformi solidi si proiettano sopra il piano del foglio, mentre i legami indicati da un cuneo tratteggiato puntano sotto il piano del foglio. Nelle formule di proiezione (c) si assume che i legami orizzontali si proiettino sopra il piano, quelli verticali sotto il piano del foglio. Le formule di proiezione vengono spesso usate senza riferirsi a specifiche configurazioni stereochimiche.



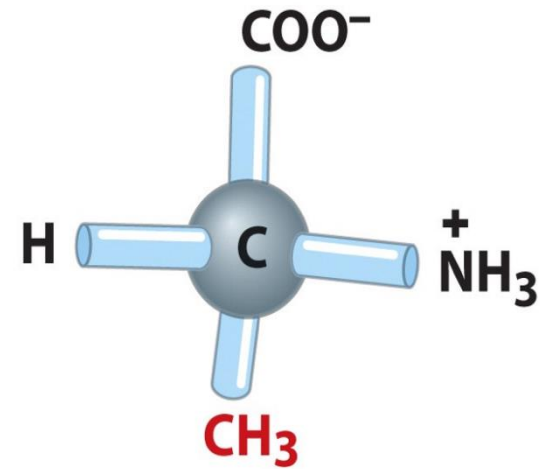
L-Alanina



D-Alanina



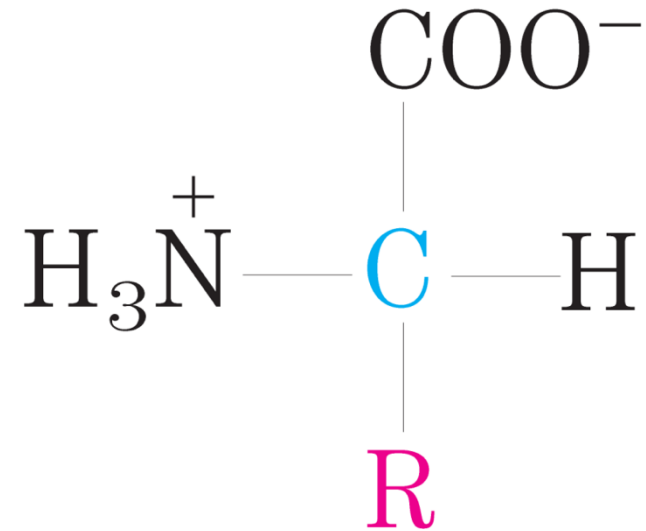
L-Alanine



D-Alanine

Gli amminoacidi naturali che costituiscono
Proteine e peptidi sono tutti : **L-amminoacidi**

AMMINOACIDI (AA) CELLULARI



Struttura generale di un α -amminoacido

R = catena laterale

Gli amminoacidi presenti nella cellula possono essere il prodotto di idrolisi delle proteine (α AA proteici o standard; α AA rari o non standard) o metaboliti liberi (AA non proteici).

Famiglie di amminoacidi

Gli amminoacidi che costituiscono le proteine sono 20 e sono codificati a livello del genoma.

Sulla base della natura della catena laterale sono raggruppati in 5 famiglie:

ALIFATICA NON POLARE
POLARE NON CARICA
AROMATICA



NEUTRI (POLARI E NON)

CARICA POSITIVAMENTE (BASICA)
CARICA NEGATIVAMENTE (ACIDA)



CARICHI

Amminoacidi "acidi"

Amminoacidi "basici"

Amminoacidi "neutri"



polari

non polari



contengono nella catena laterale un altro gruppo $-\text{CO}_2\text{H}$

contengono nella catena laterale un altro gruppo $-\text{NH}_2$

contengono nella catena laterale un eteroatomo

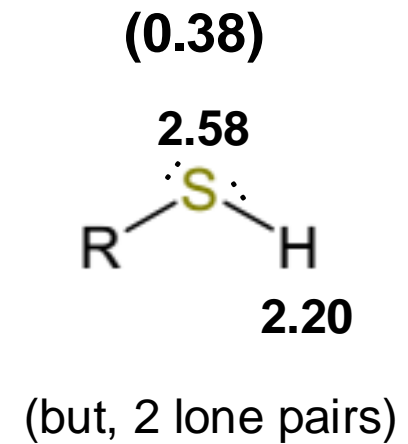
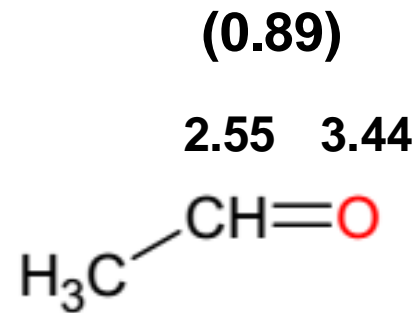
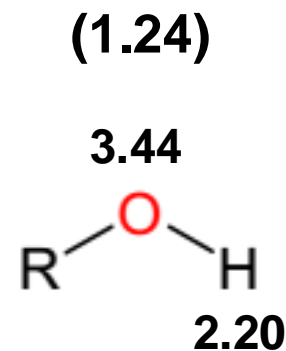
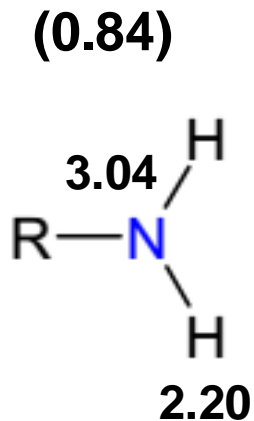
la catena laterale è idrocarburica

- **Gli amminoacidi sono raggruppati in base alla polarità della catena laterale (side-chain polarity):**

- **Catene laterali polari:**

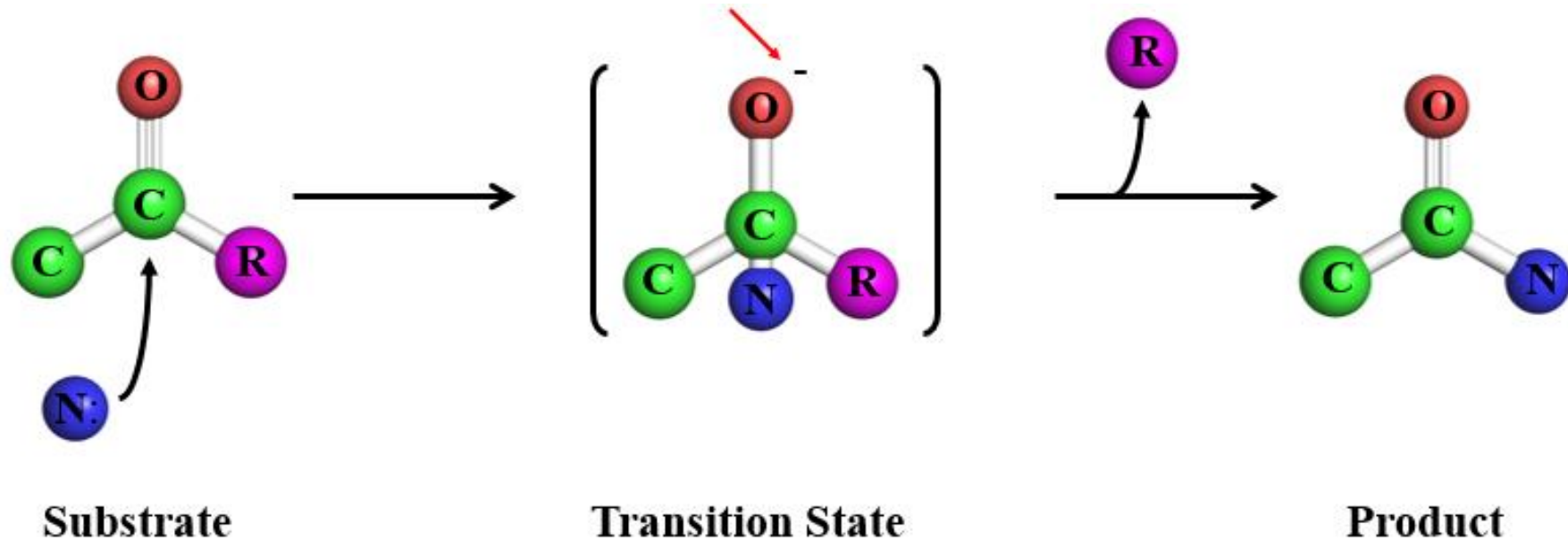
- A causa della differenza in **elettronegatività** (O,N)

- A causa delle differenze nella distribuzione della **densità elettronica** (S)



- **Guida la reattività chimica degli amminoacidi:**

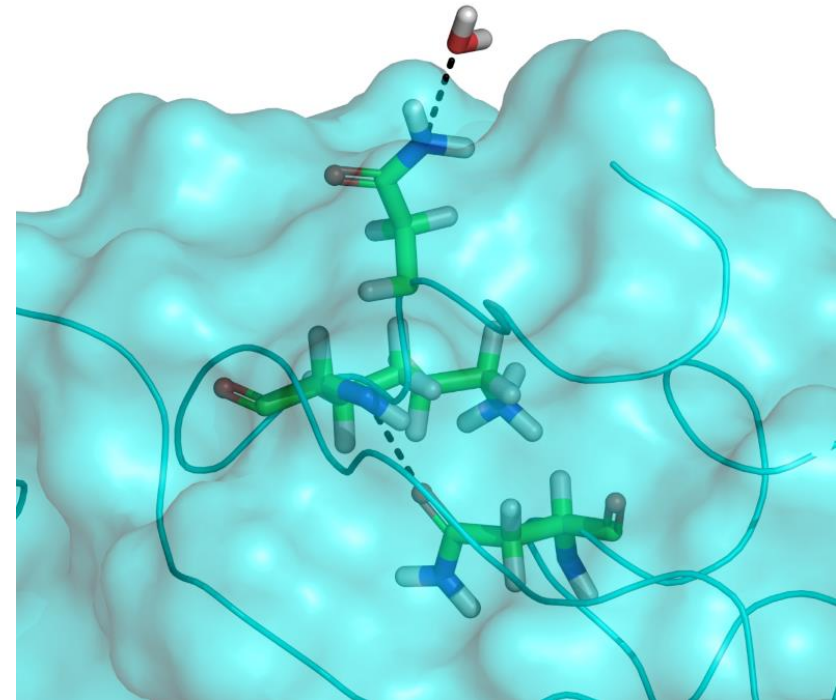
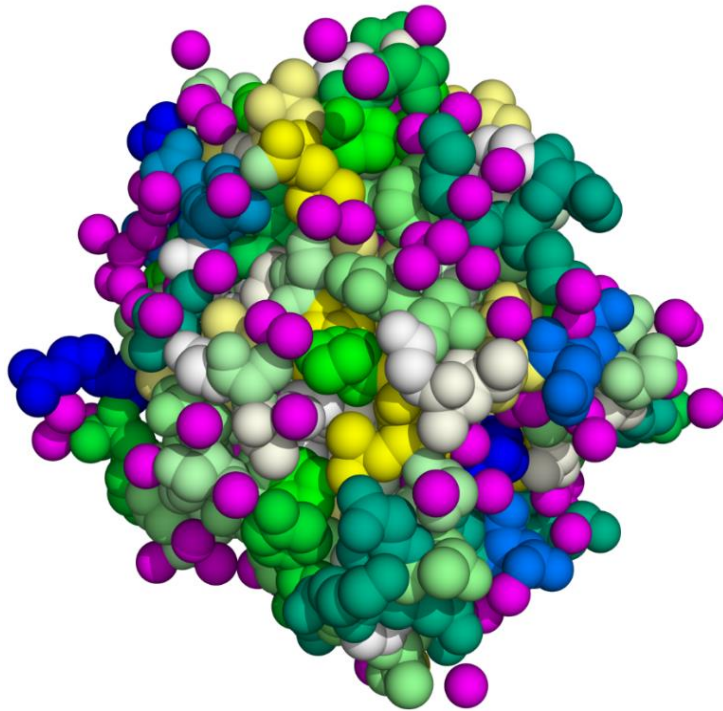
- L'Attacco nucleofilo; la Catalisi acido-base, etc...



Perchè la polarità è così importante?

Definisce il tipo di interazioni non covalenti che si possono instaurare :

- Guida i processi di **protein folding (=ripiegamento delle proteine nella loro struttura 3D)** e determina complessivamente le proprietà di una proteina e dei suoi siti attivi e di legame

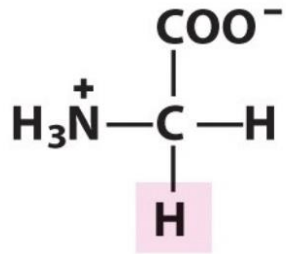


L I F V A G C S T W P Y Q H K N E D R

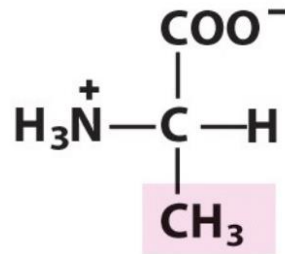
Hydrophobic

Hydrophilic

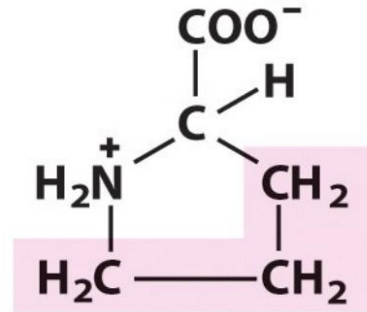
Nonpolar, aliphatic R groups



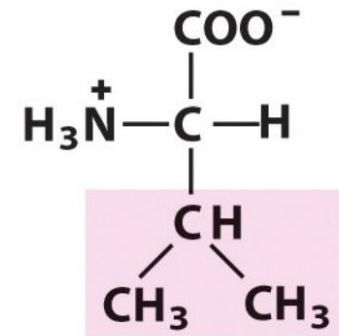
Glycine



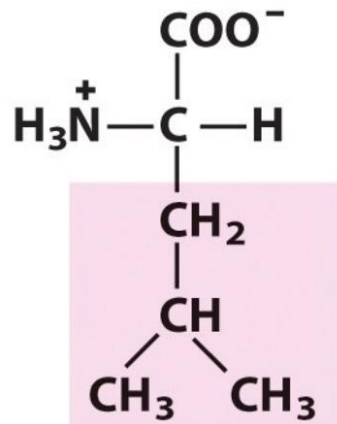
Alanine



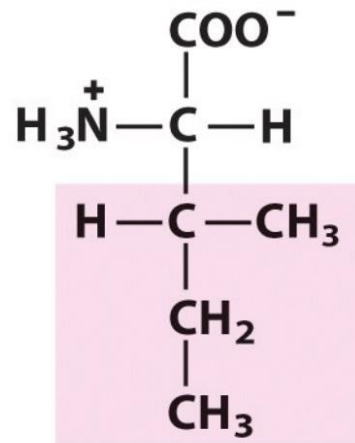
Proline



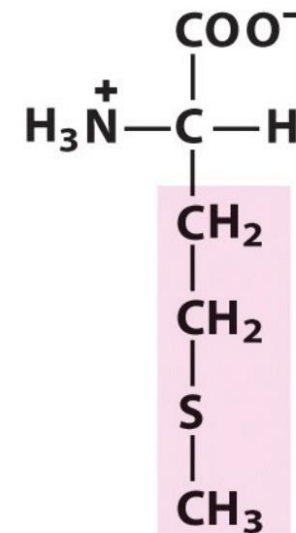
Valine



Leucine



Isoleucine



Methionine

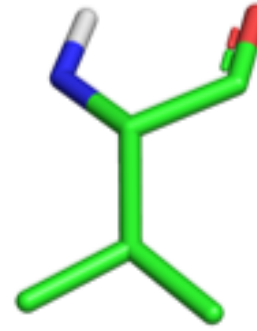
Contengono gruppi e legami tipo C-H, C-C, e C-S-C

Amino acids side-chain groups

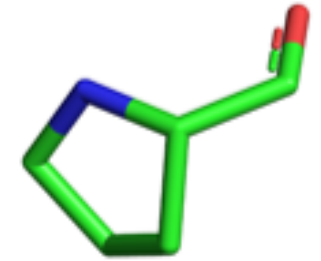
- Non polari, alifatici



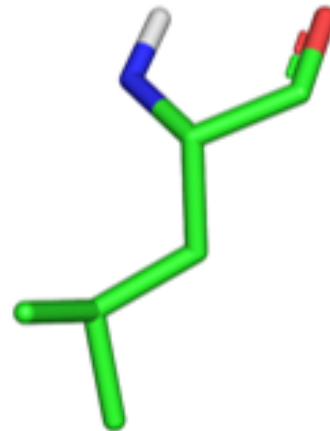
Alanine
(Ala, A)



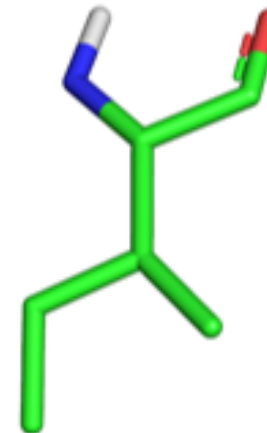
Valine
(Val, V)



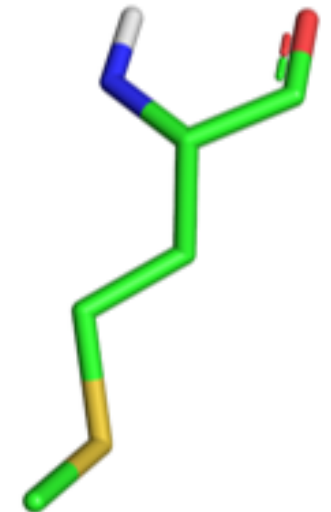
Proline
(Pro, P)



Leucine
(Leu, L)

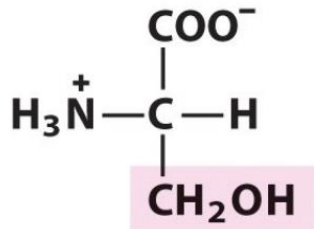


Isoleucine
(Ile, I)

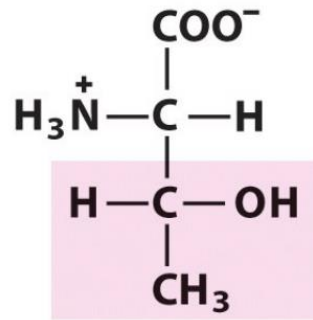


Methionine
(Met, M)

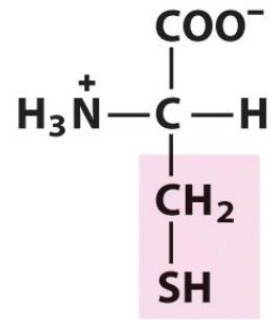
Polar, uncharged R groups



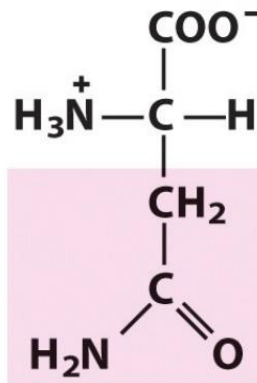
Serine



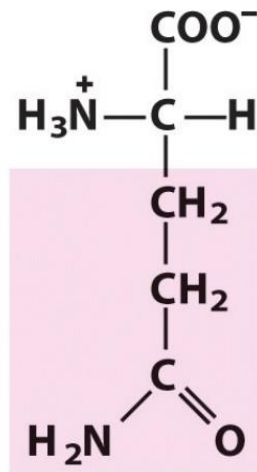
Threonine



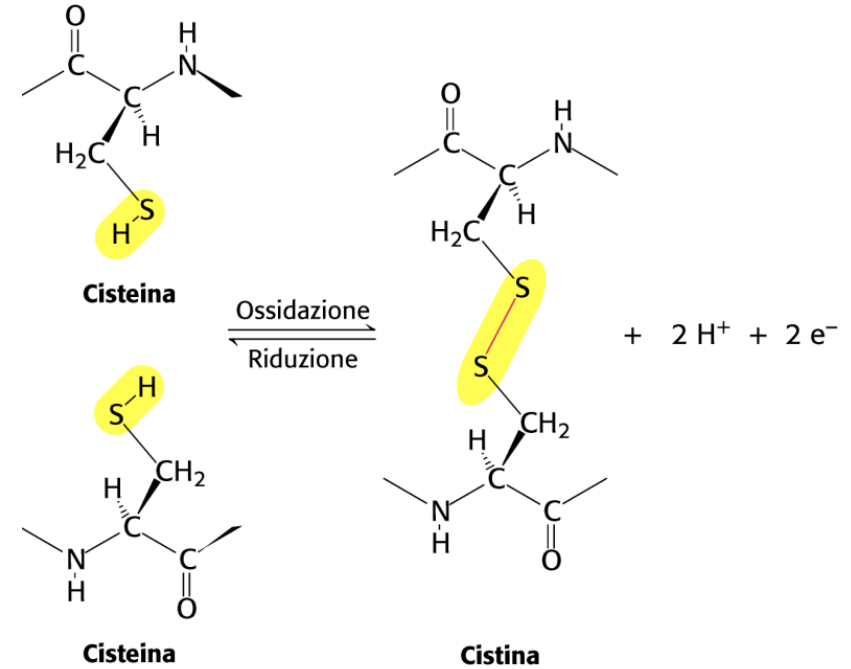
Cysteine



Asparagine



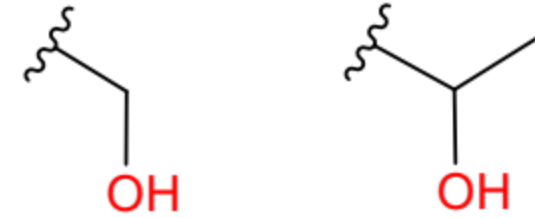
Glutamine



- **Polari- non carichi:**

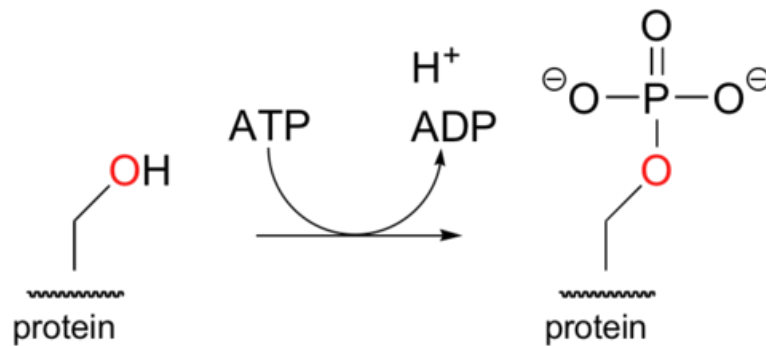
- **Serina/Treonina**

- 1. Fosforilazione, glicosilazione**

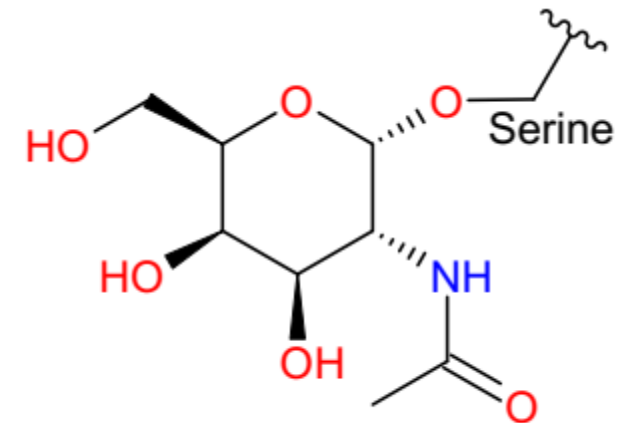


Serine

Threonine



Fosforilazione



N-acetylgalactosamine

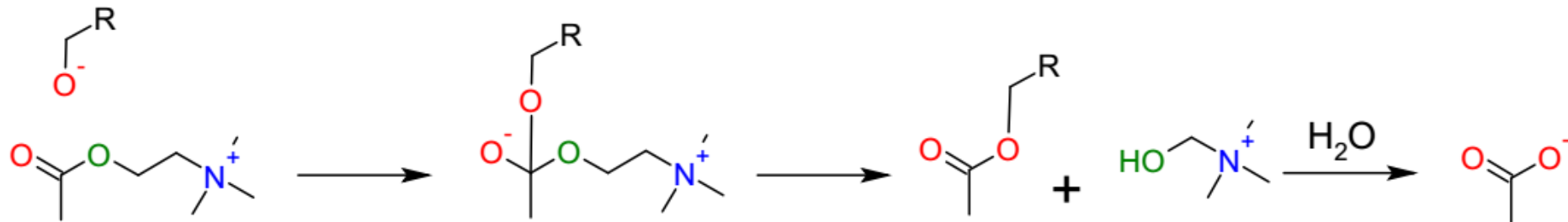
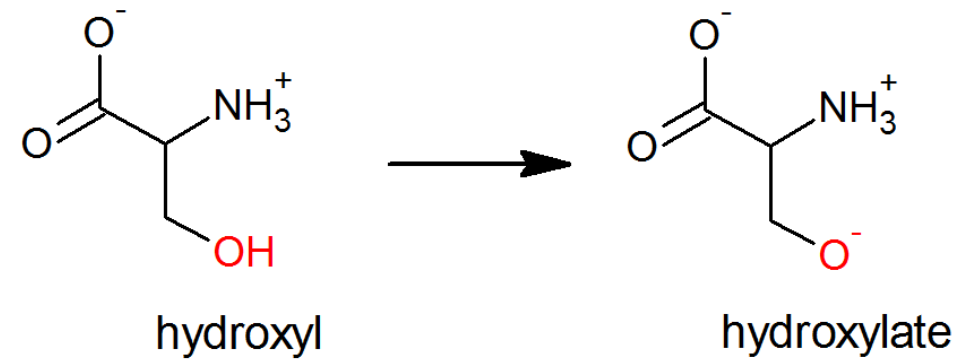
glicosilazione

- **Polari-non carichi:**

- Serina/Treonina:

2. Deprotonazione → **catalisi nucleofila**

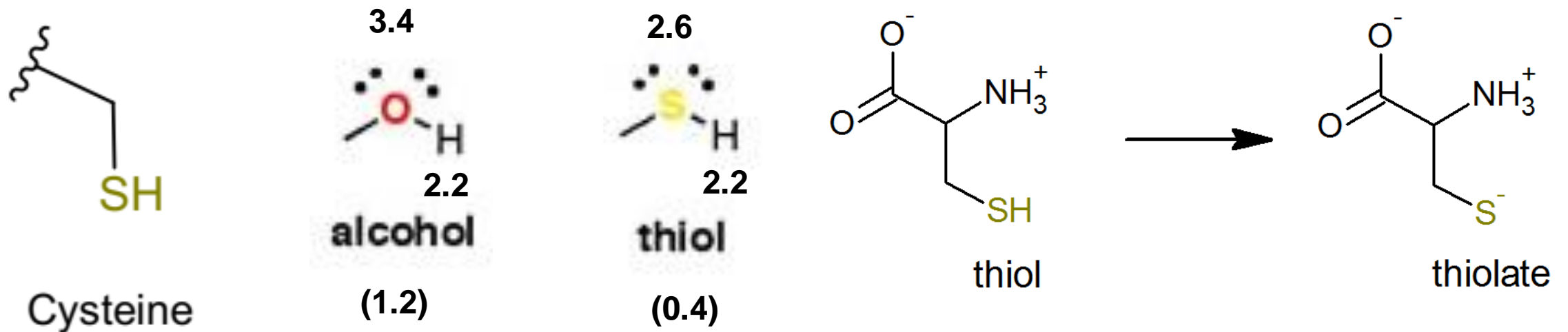
(serina/treonina-esterasi/proteasi)



- **Polari-non carichi:**

- Cisteina:

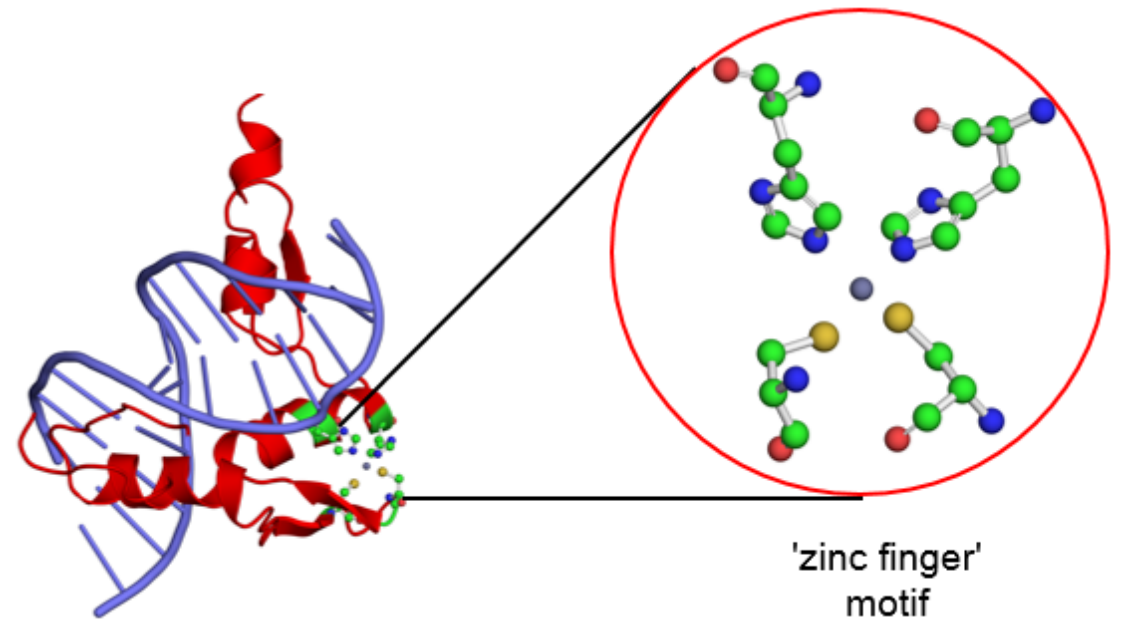
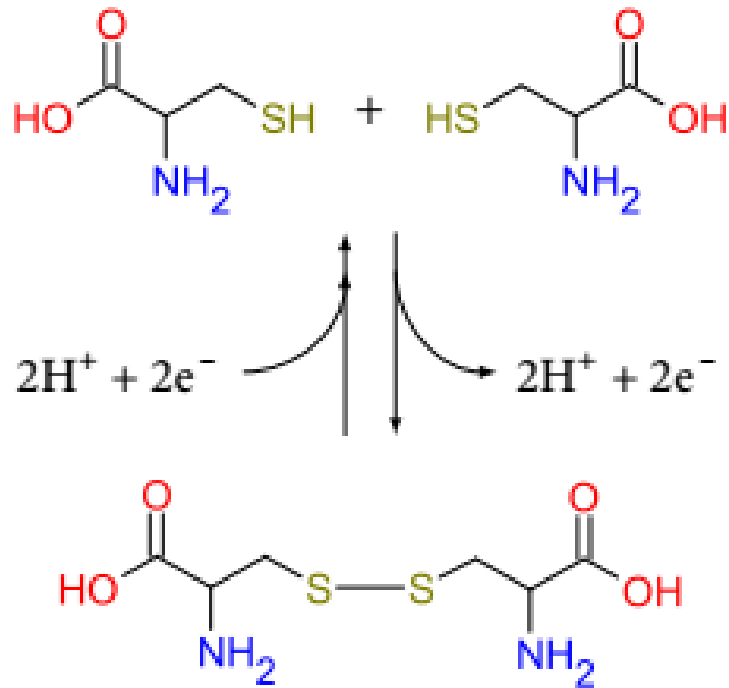
- S è più ingombrante di O/N → ha elettroni polarizzabili e **debole elettronegatività**
- può ossidarsi → ponti disolfuro, catalisi ossidoriduttiva
- **limitata pKa** (8.6) → deprotonazione* → **può dar luogo a catalisi nucleofila**



- **Polari-non carichi:**

- **Cisteina:**

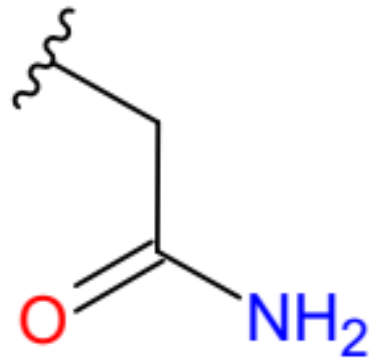
- S può ossidarsi e ridursi
- Può dar luogo a coordinazione di metalli e cluster metallici/misti



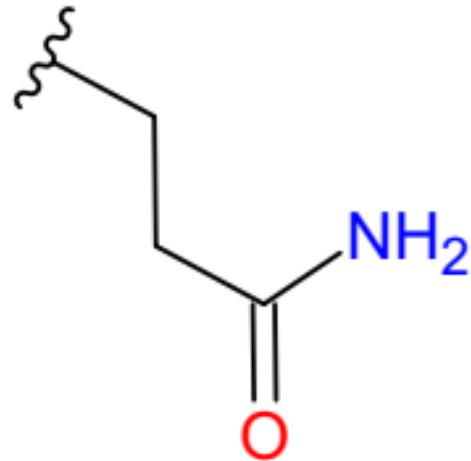
- **Polari –non carichi:**

- Asparagina/glutamina:

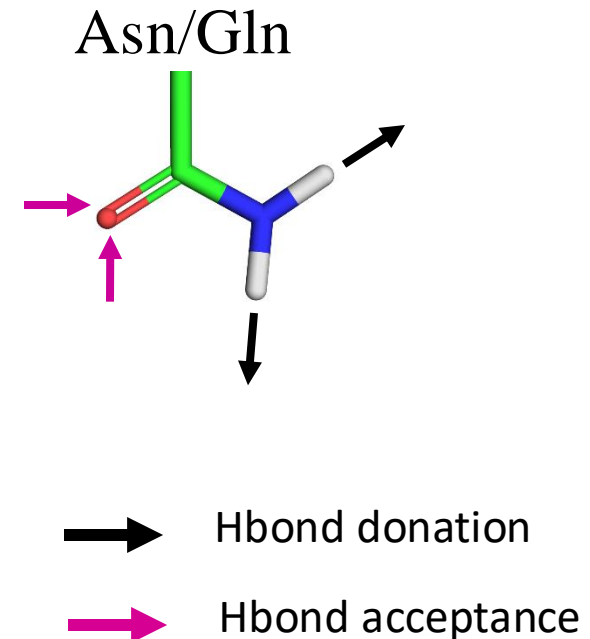
- Possono formare ponti idrogeno → **Hbond networks**



Asparagine



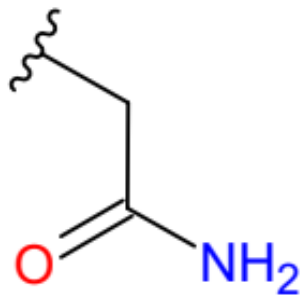
Glutamine



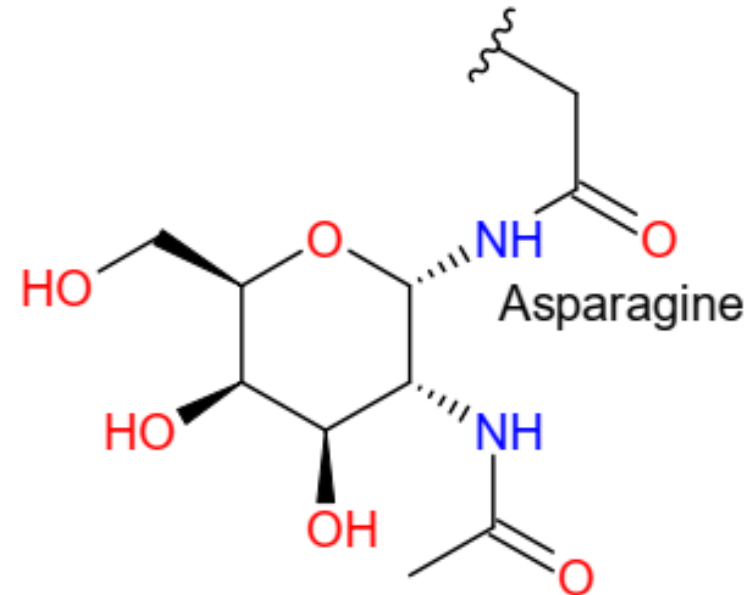
- **Polari-non carichi:**

- Asparagina:

- **Glycosilazione** *N*-linked

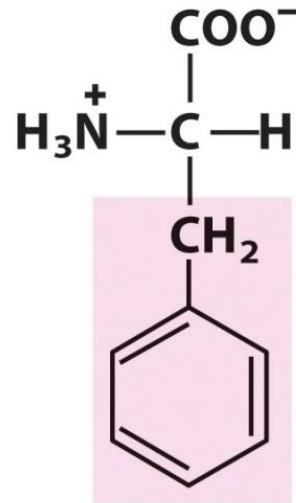


Asparagine

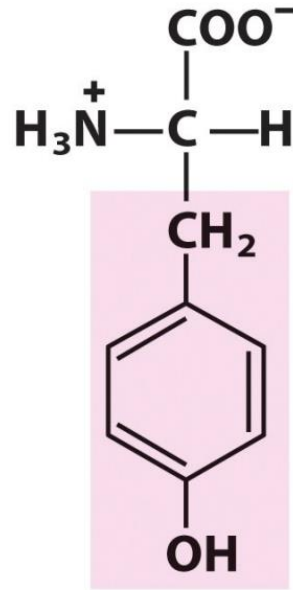


N-acetylgalactosamine

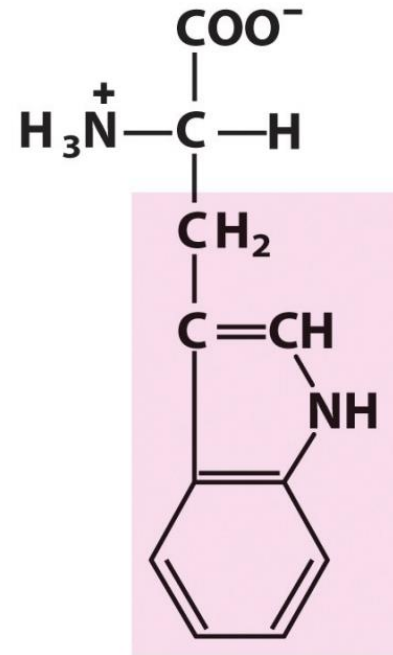
Aromatic R groups



Phenylalanine

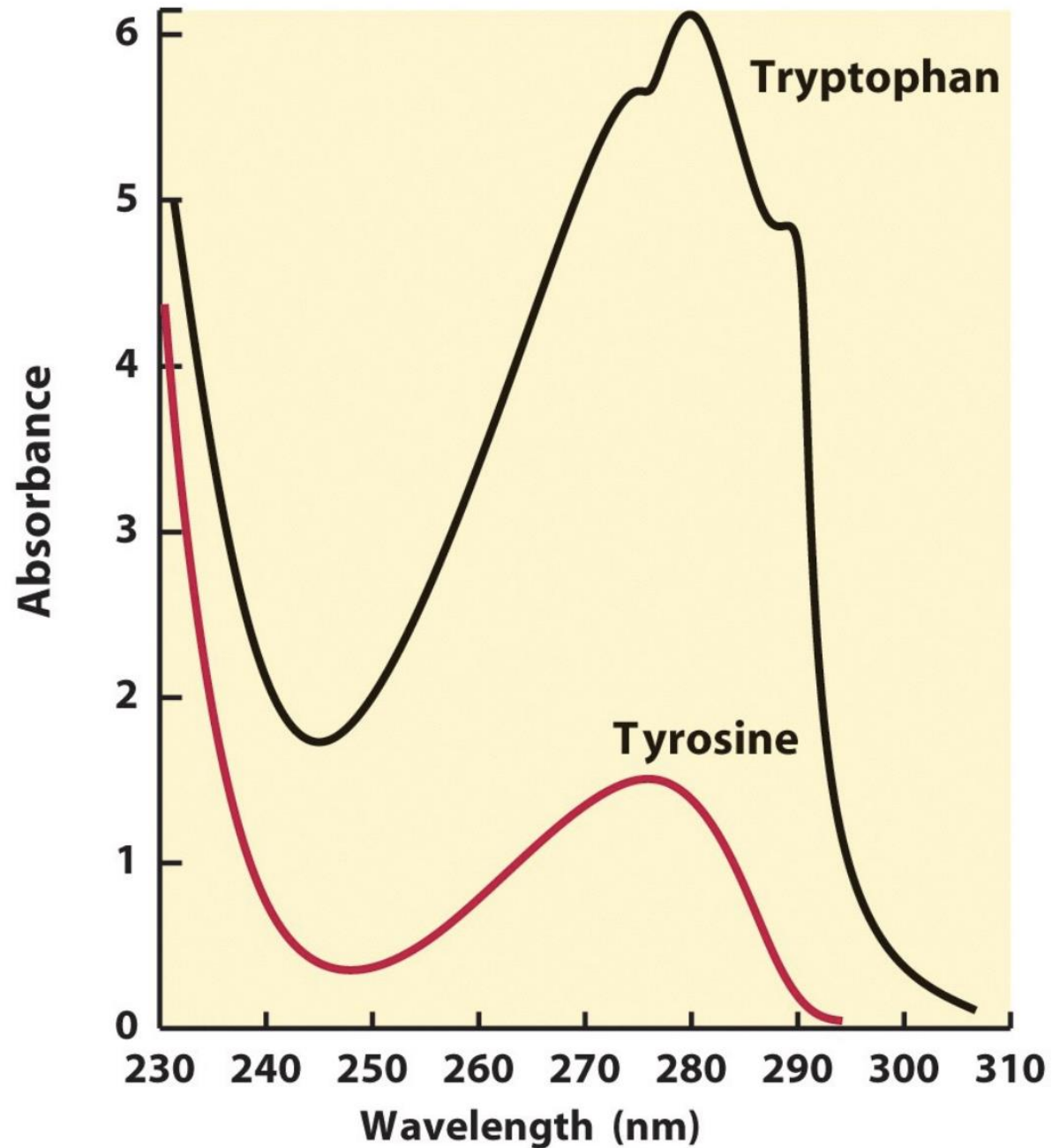


Tyrosine



Tryptophan

Phe, Trp non polari
Tyr polare non carica



Triptofano, Tirosina e in minor quantità Fenilalanina assorbono la luce UV. Questo è il motivo per cui le proteine possiedono un caratteristico picco di assorbimento a 280 nm.

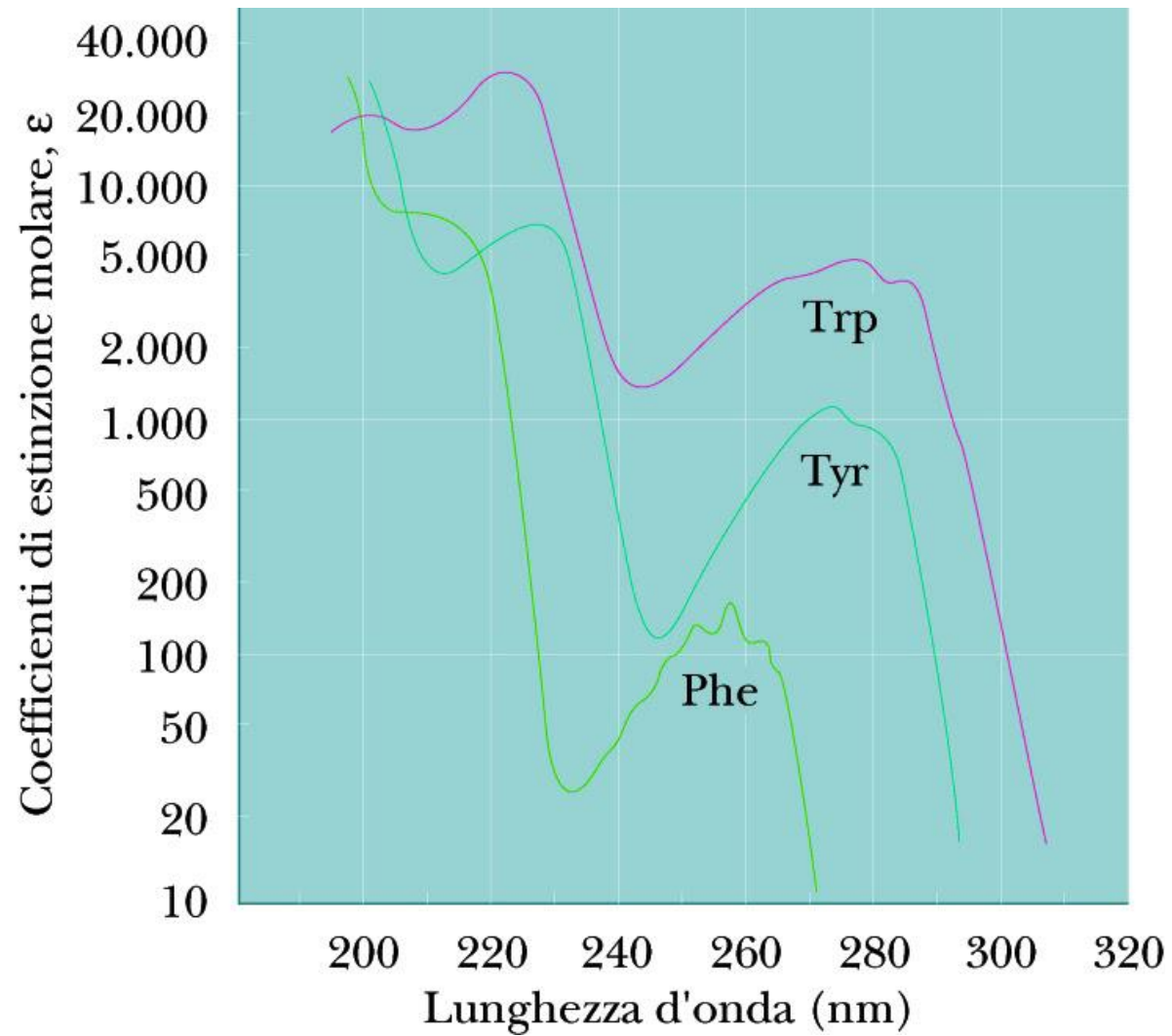
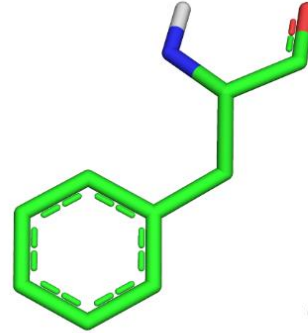


Figura 4.19 Gli spettri di assorbimento ultravioletto degli amminoacidi aromatici a pH 6 (Da Wetlaufer D. B., 1962. *Ultraviolet spectra of proteins and amino acids*. *Advances in Protein Chemistry* **17**: 303–390.)

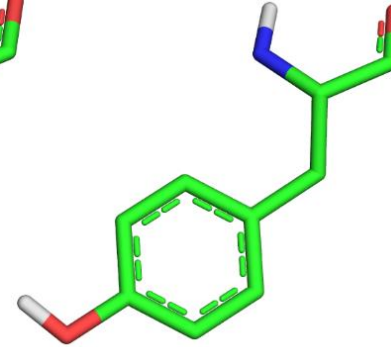
Amino acids side-chain groups

- **Residui Aromatici:**

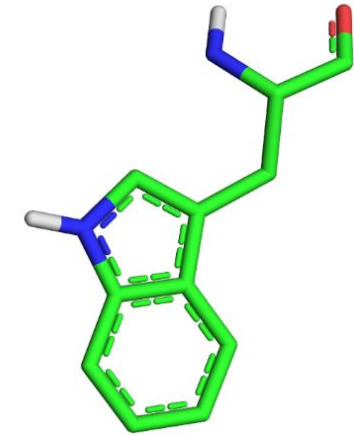
- Struttura planare
- Proprietà elettroniche peculiari della densità elettronica delocalizzata sull'anello



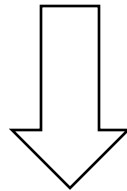
Phenylalanine
(Phe, F)



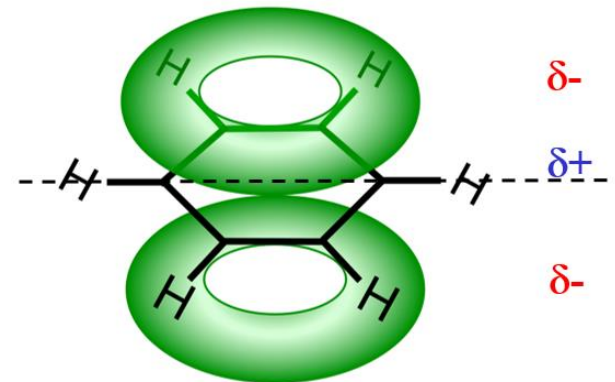
Tyrosine
(Tyr, Y)



Tryptophan
(Trp, W)

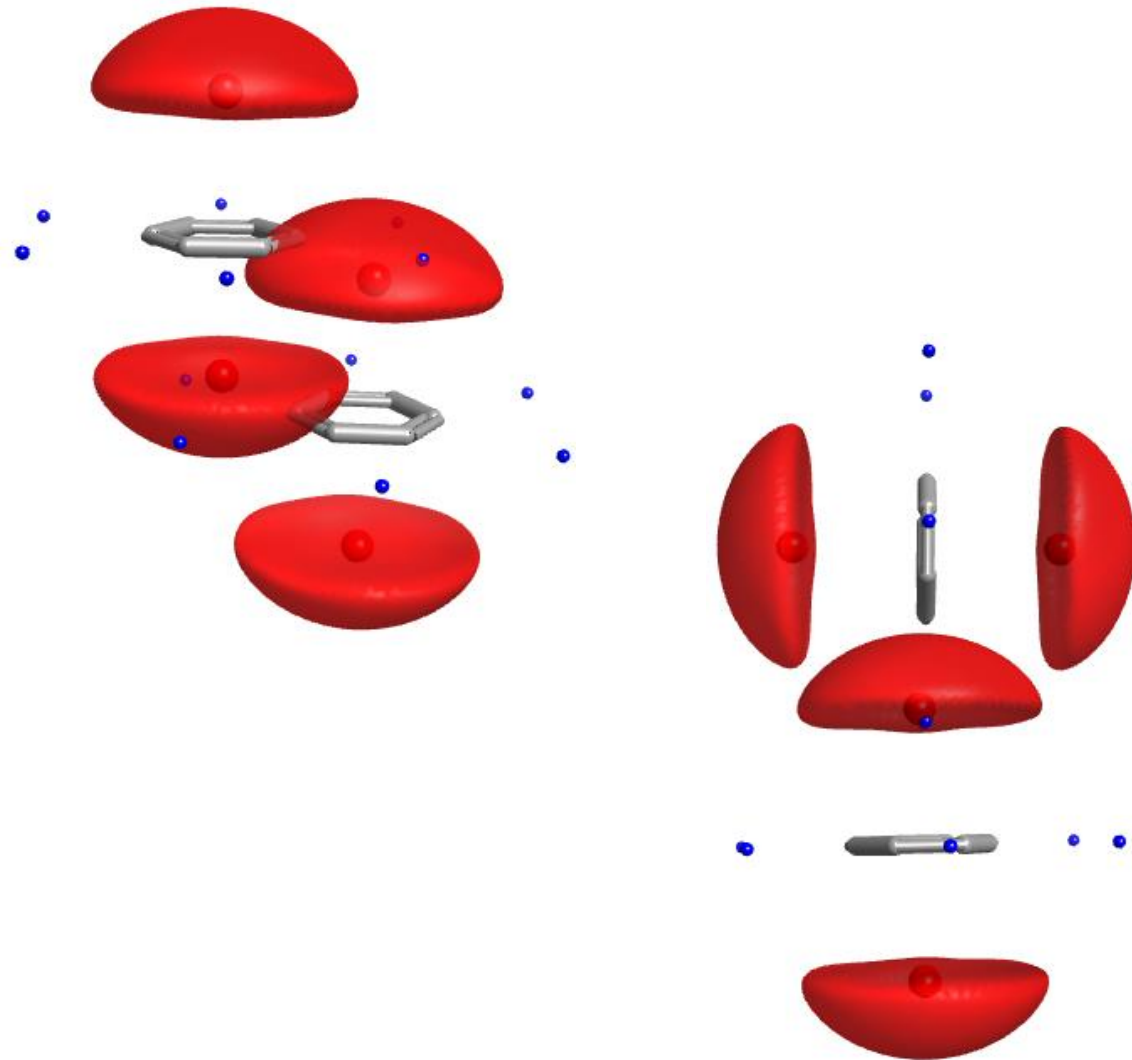
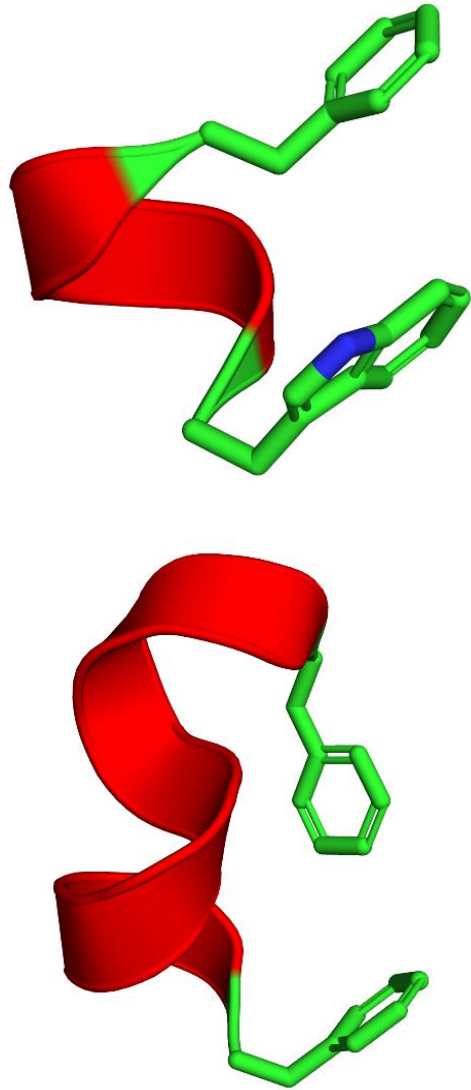


Interazioni specifiche con
altri residui aromatici e
con ligandi



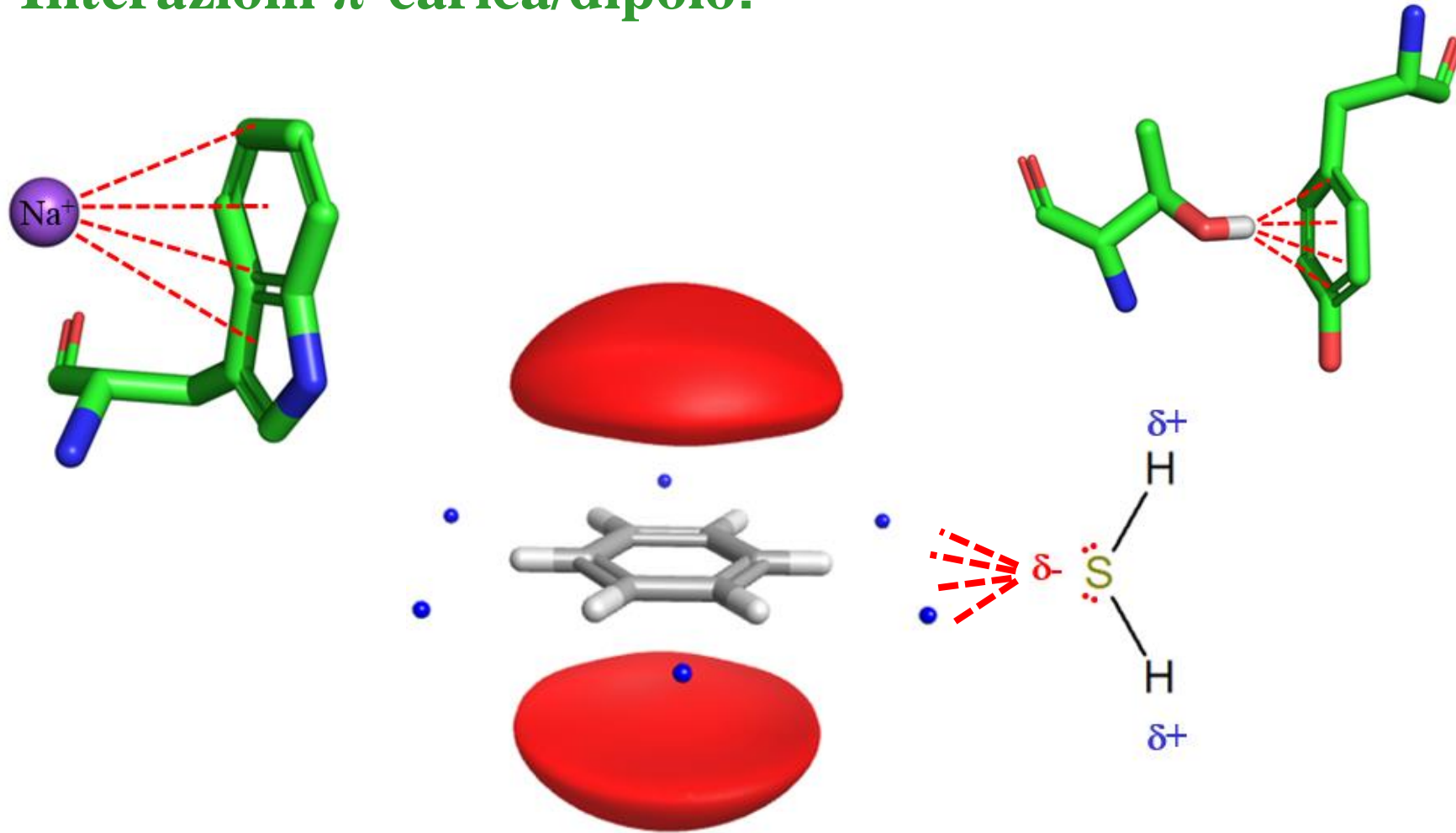
Interazioni Aromatiche

π - π interazioni:

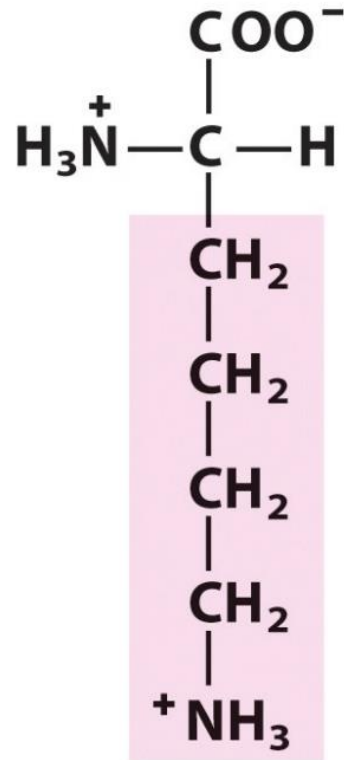


Interazioni Aromatiche

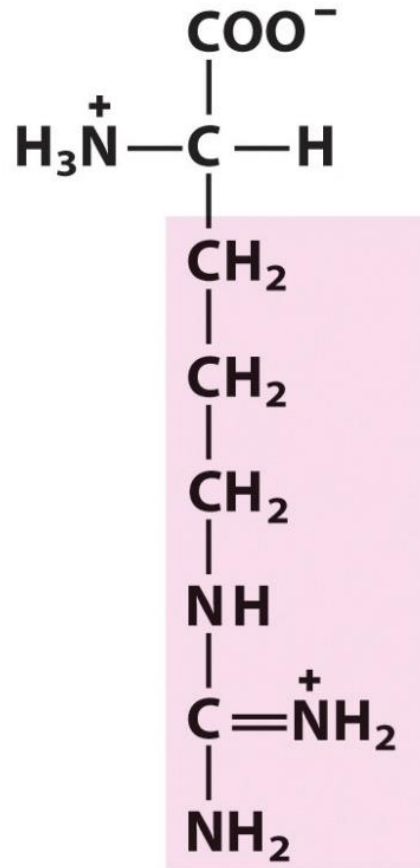
Interazioni π -carica/dipolo:



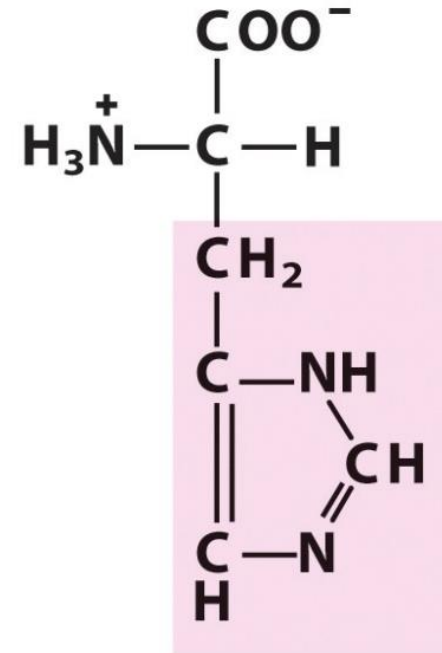
Positively charged R groups



Lysine

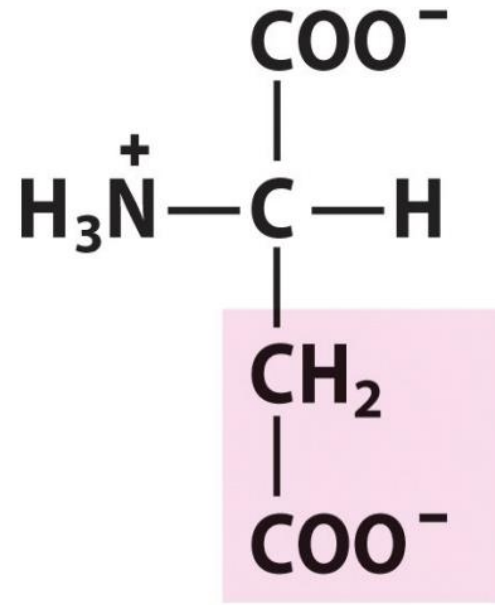


Arginine

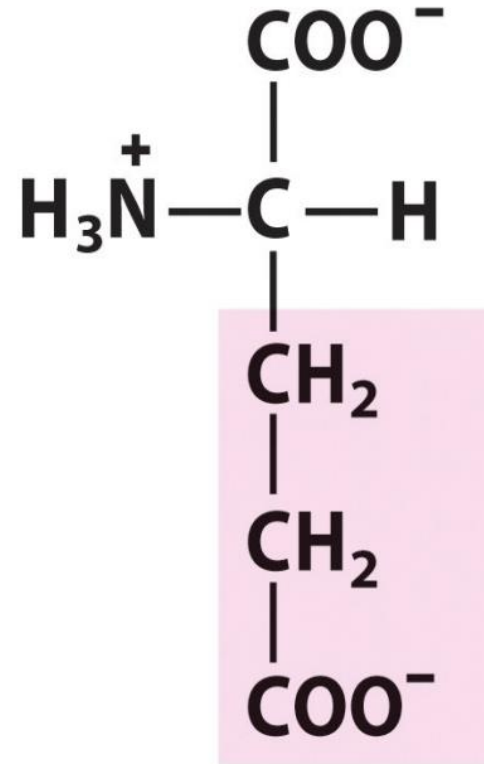


Histidine

Negatively charged R groups

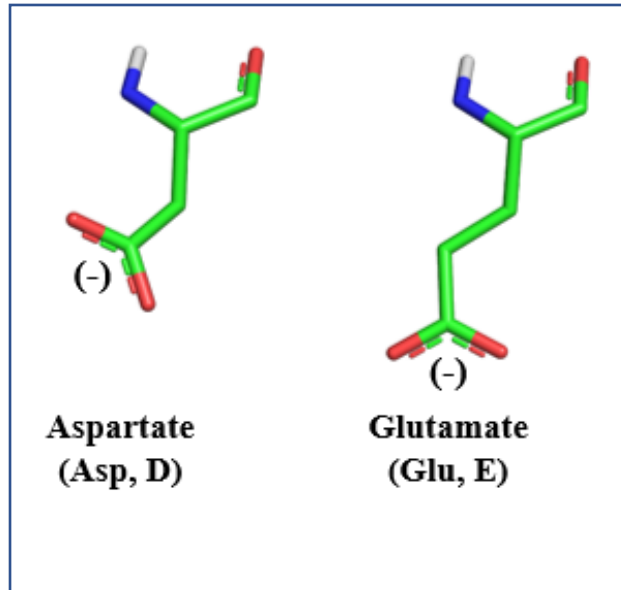


Aspartate



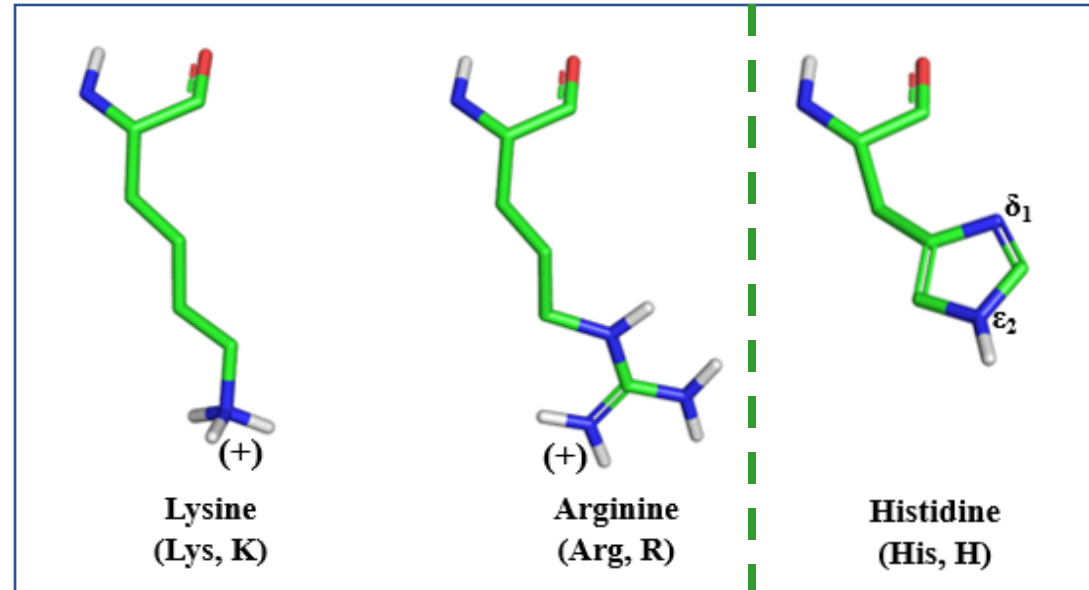
Glutamate

- Polari-carichi:



(3.9)

(4.3)



(10.4)

(12.3)

(6.5)



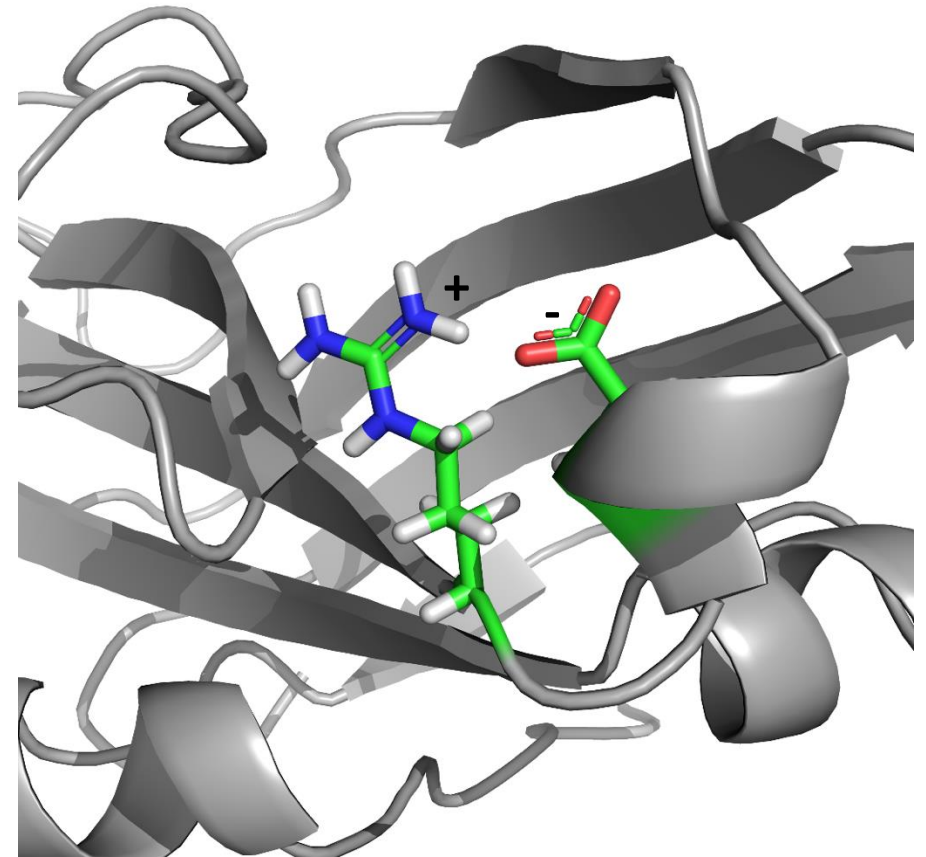
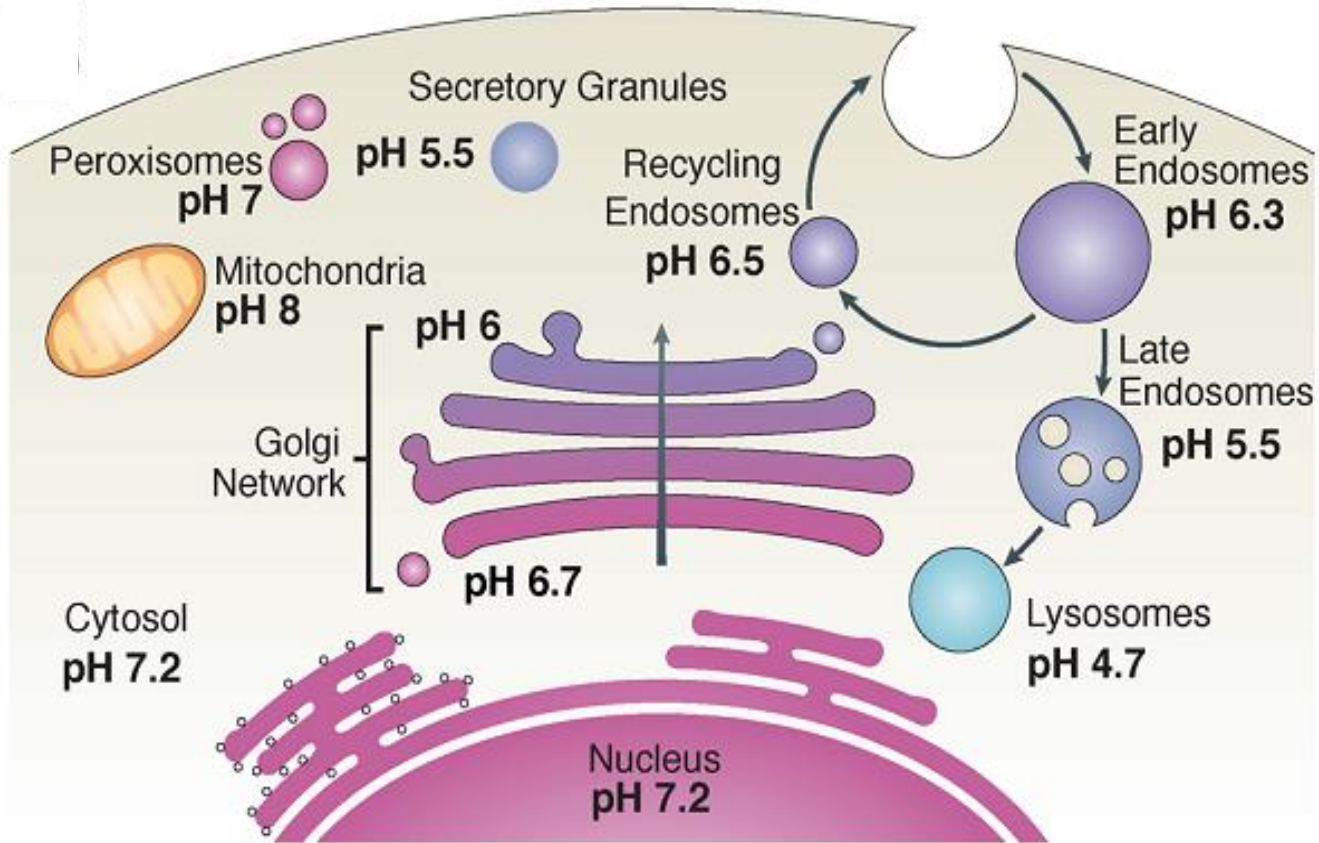
- Polari-carichi:

TABLE 2.3 *pKa* values of amino acid side chains.

Residue	Deprotonation Process ^{*a}	<i>pKa</i> _{int} ^{*b}	<i>pKa</i> _{prot} ^{*c}
Serine	$\text{R-OH} \longleftrightarrow \text{R-O}^- + \text{H}^+$	~13	
Threonine	$\text{R-OH} \longleftrightarrow \text{R-O}^- + \text{H}^+$	~13	
Arginine	$\text{R}_1=\text{NH}_2^+ \longleftrightarrow \text{R}_1=\text{NH} + \text{H}^+$	12.3 ^{*d}	
Lysine	$\text{R-NH}_3^+ \longleftrightarrow \text{R-NH}_2 + \text{H}^+$	10.4	10.5 ± 1.1
Tyrosine	$\text{R-OH} \longleftrightarrow \text{R-O}^- + \text{H}^+$	9.8	10.3 ± 1.2
Cysteine	$\text{R-SH} \longleftrightarrow \text{R-S}^- + \text{H}^+$	8.6	6.8 ± 2.7
Histidine	$\text{R}_1=\text{NH}^+-\text{R}_2 \longleftrightarrow \text{R}_1=\text{N}-\text{R}_2 + \text{H}^+$	6.5	6.6 ± 1.0
Glutamate	$\text{R-COOH} \longleftrightarrow \text{R-COO}^- + \text{H}^+$	4.3	4.2 ± 0.9
Aspartate	$\text{R-COOH} \longleftrightarrow \text{R-COO}^- + \text{H}^+$	3.9	3.5 ± 1.2

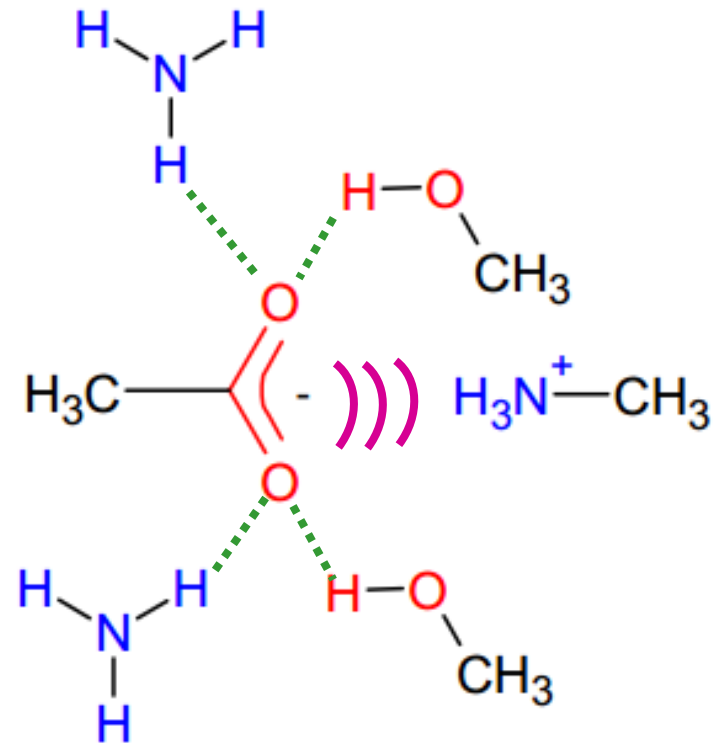
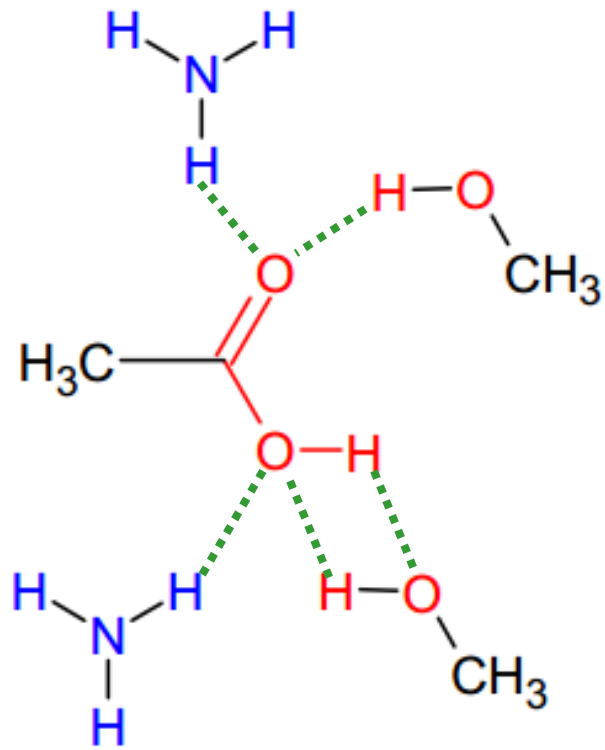
- **Polari-carichi:**

- Protonazione / stati di protonazione condizionati dai valori di pH nelle cellule



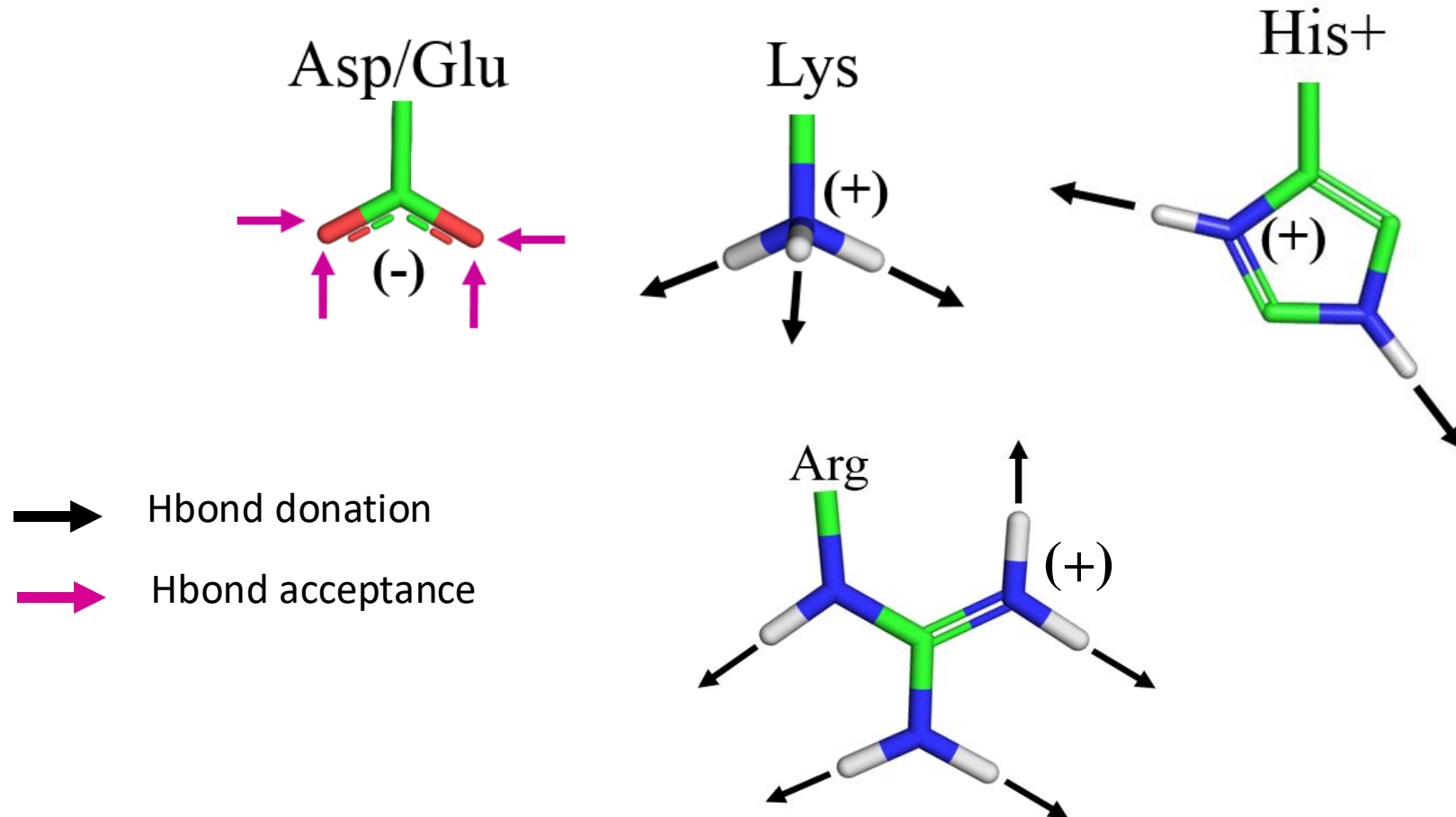
- **Polari-carichi:**

1. Interazioni favorevoli:



- **Polari-carichi:**

1. Interazioni favorevoli:



NON POLARI

Glicina	Gly	G
Alanina	Ala	A
Valina	Val	V
Leucina	Lau	L
Isoleucina	Ile	I
Metionina	Met	M

**POLARI,
NON CARICHI**

Serina	Ser	S
Prolina	Pro	P
Treonina	Thr	T
Cisteina	Cys	C
Asparagina	Asn	N
Glutammina	Gln	Q

AROMATICI

Fenilalanina	Phe	F
Tirosina	Tyr	Y
Triptofano	Trp	W

CARICHI POSITIVAMENTE

Lisina	Lys	K
Istidina	His	H
Arginina	Arg	R

CARICHI NEGATIVAMENTE

Acido aspartico	Asp	D
Acido glutammico	Glu	E

Aminoacidi. Tabella degli aminoacidi raggruppati in base alle caratteristiche chimiche del gruppo R. E' indicato il nome per esteso ed i codici internazionali a tre lettere ed a singola lettera.

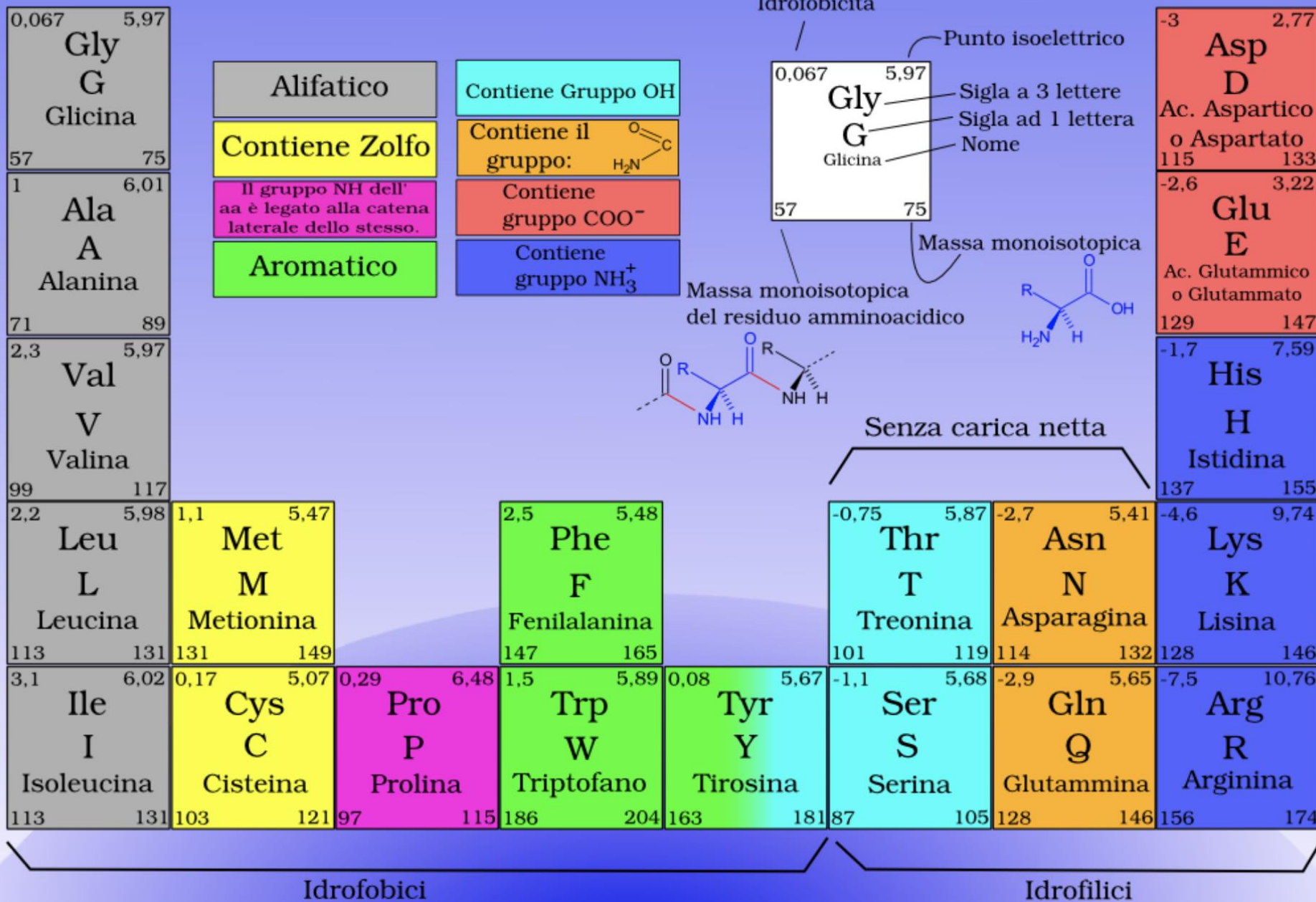


Tavola degli Amminoacidi Standard (L α AA)

75 0	Gly G Glicina 5,97
89 0	Ala A Alanina 6,01
117 0	Val V Valina 5,97
131 0	Leu L Leucina 5,98
131 0	Ile I Isoleucina 6,02

TIPO

Polare

Non Polare

GRUPPI

I: Alifatici

II: Il gruppo NH dell'AA è legato alla catena laterale dello stesso

III: Contenenti Zolfo

IV: Aromatici

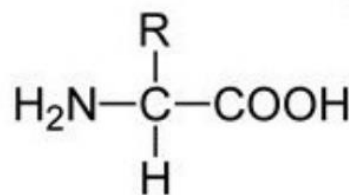
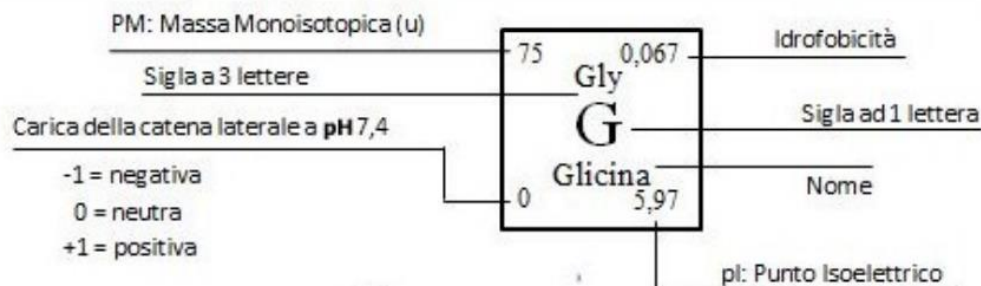
V: Aromatici e contenenti il gruppo OH

VI: Contenenti il gruppo OH

VII: Contenenti il gruppo O = C - NH₂

VIIIa: Contenenti il gruppo COO⁻ (ACIDI)

VIIIb: Contenenti il gruppo NH₃⁺ (BASICI)



BASICI
VIIIb

II		IIIa		IV	V		VI	IIIb	VII	VIIIa	VIIIb
				165 2,5 Phe F Fenilalanina 5,48			105 -1,1 Ser S Serina 5,68		132 -2,7 Asn N Asparagina 5,41	133 -3 Asp D Aspartato 2,77	146 -4,6 Lys K Lisina 9,74
115 0,29 Pro P Prolina 6,48	149 1,1 Met M Metionina 5,47	204 1,5 Trp W Tryptofano 5,89	181 0,08 Tyr Y Tirosina 5,67		119 -0,75 Thr T Treonina 5,87	121 Cys C Cisteina 5,07	146 -2,9 Gln Q Glutamina 5,65	147 -2,6 Glu E Glutammato 3,22	155 -1,7 His H Istidina 7,59	174 -7,5 Arg R Arginina 10,76	

IDROFOBICI

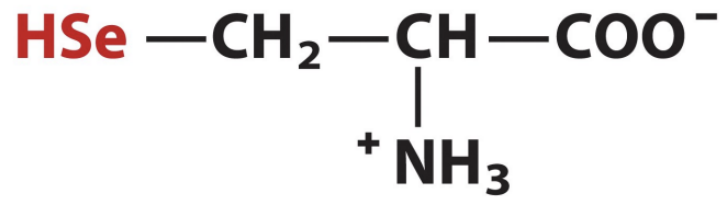
IDROFILICI

Tavola degli Amminoacidi Standard creata da Giacomo (giacomo90_10@libero.it)
Opera originale (Tavola degli Amminoacidi) di Domenico (domenico.somma@gmail.com)
www.molecularlab.it



Sono stati identificati oltre 300 residui non canonici che non sono distribuiti universalmente, sono di solito presenti in bassa abbondanza e in genere sono modifiche post-traduzionali di uno degli amminoacidi canonici (richiedono processi di catalisi enzimatica per avvenire....).

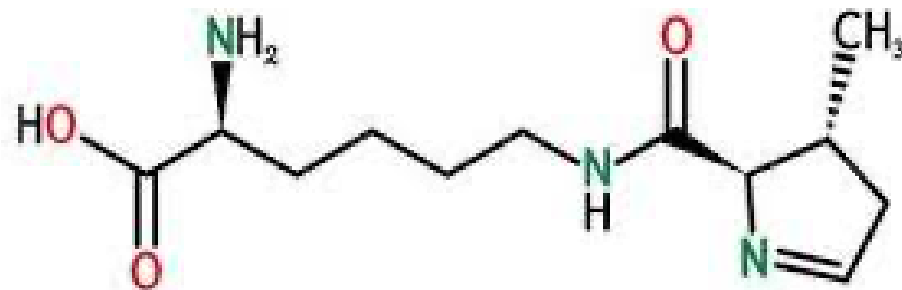
La selenocisteina e la pirrolisina fanno eccezione, in quanto questi due residui non canonici vengono introdotti nelle proteine durante la traduzione sfruttando quelli che sono tipicamente i codoni di stop. Quindi sono codificati geneticamente.....



Selenocysteine

SELENOCISTEINA:

- ✓ Deriva dalla Serina, per via catalitica
- ✓ E' presente in singola copia negli enzimi
- ✓ Ha ruolo di antiossidante
- ✓ E' più stabile della Cisteina

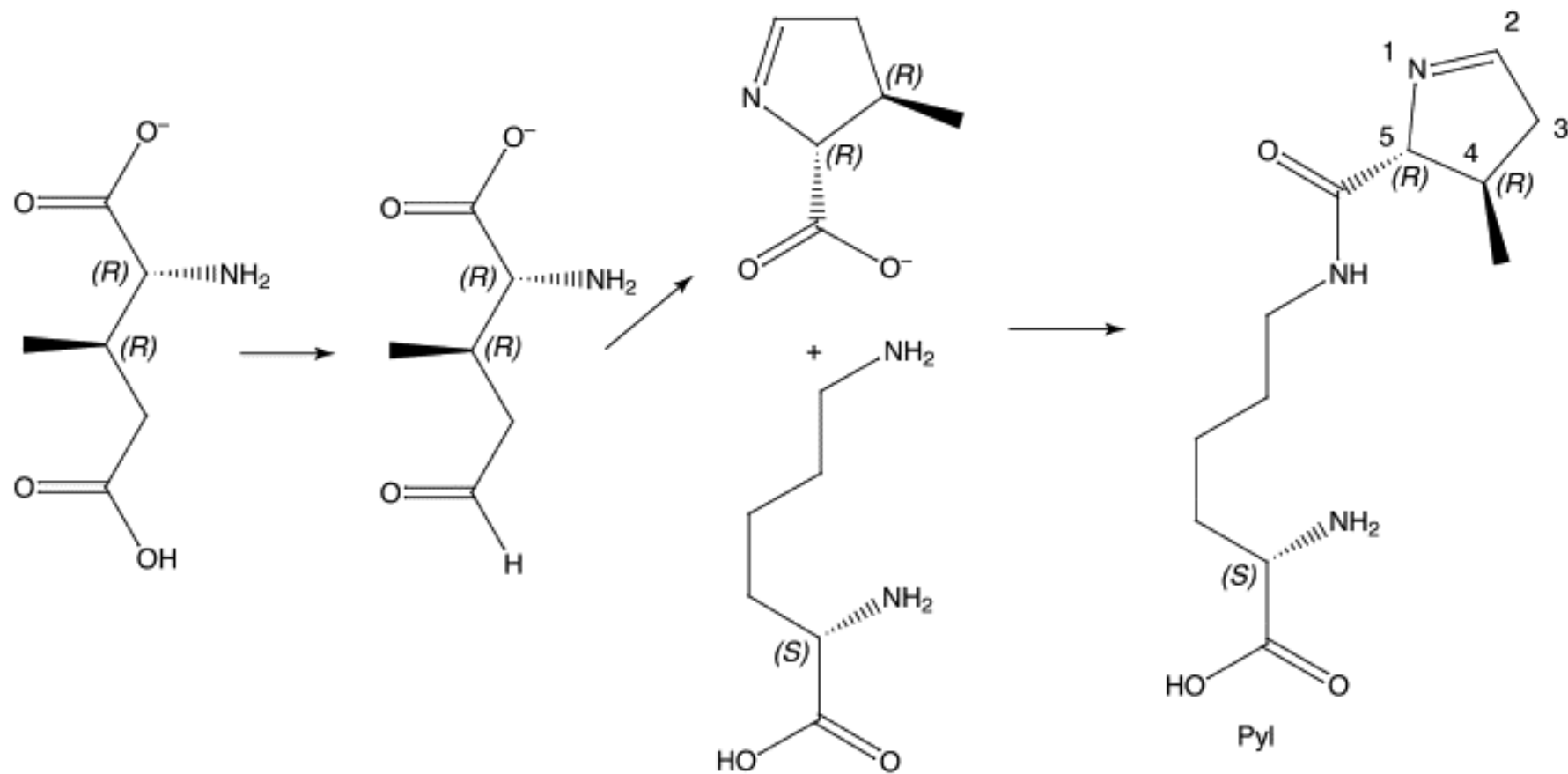


Pirrolysine

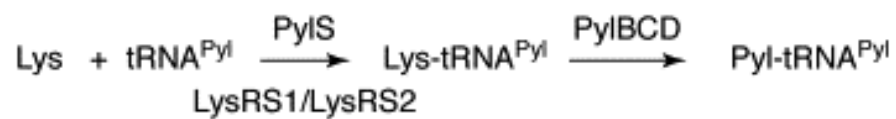
PIRROLISINA:

- ✓ scoperto circa 20 anni fa (in metanogeni)
- ✓ Struttura della Lys eccetto modificazione della catena laterale via legame con un gruppo diidropirrolo
- ✓ Ruolo chiave nel sito attivo in alcune metiltransferasi batteriche (trasferimento di metile)

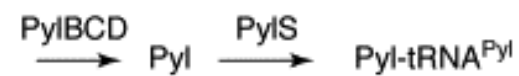
(a)



(b)

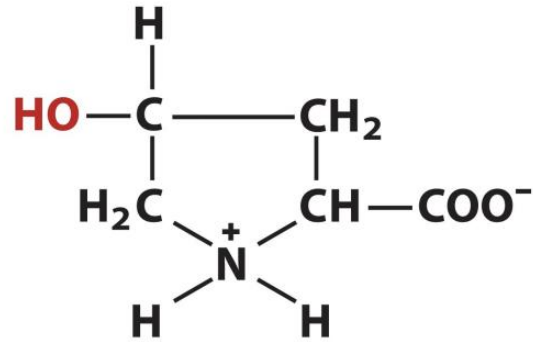


(c)



Amminoacidi non standard

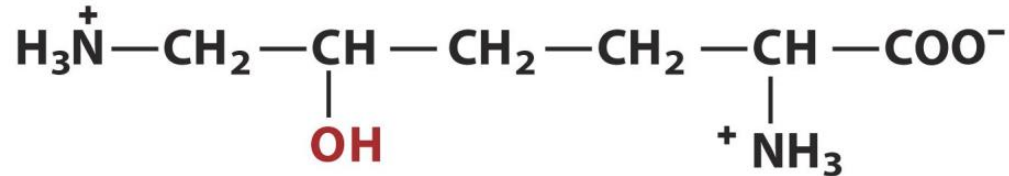
derivano dai 20 standard mediante modificazione chimica posttraduzionale



4-Hydroxyproline

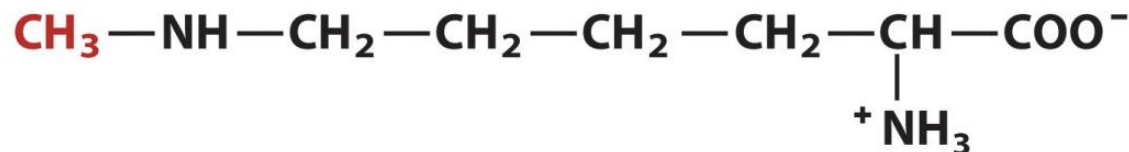
Proteine della parete cellulare, delle cellule vegetali e nel collageno

non idrossilazione: scorbuto



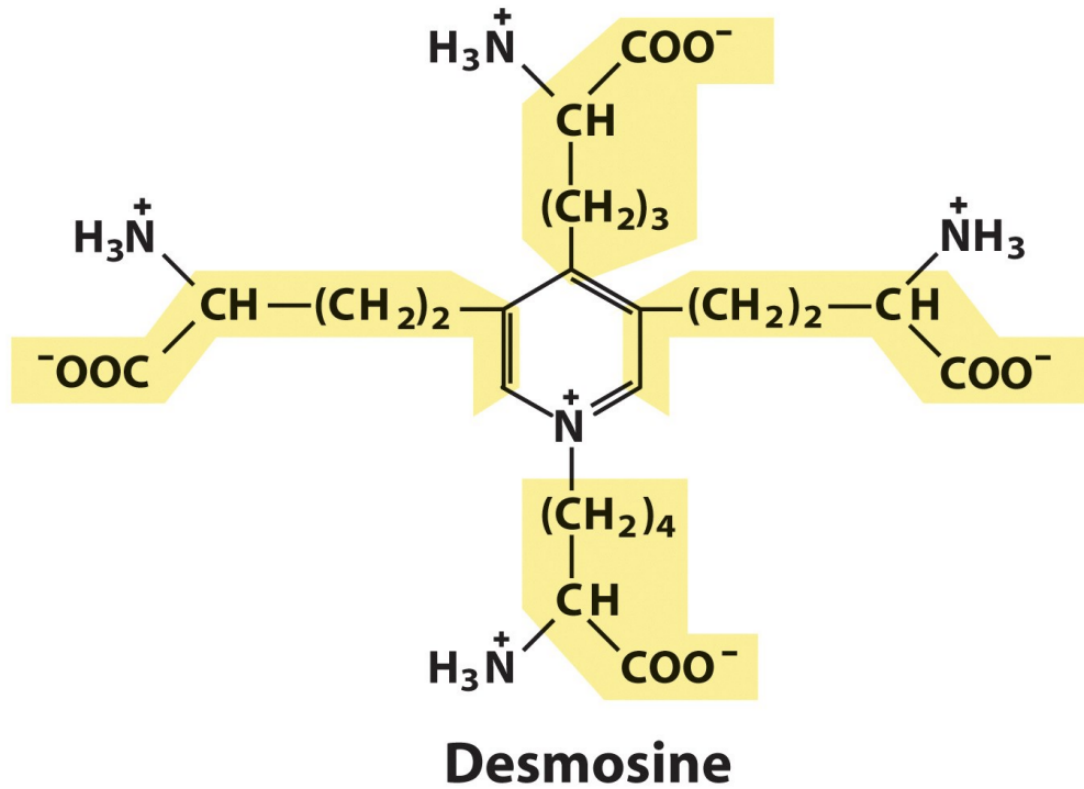
5-Hydroxylysine

collageno



6-N-Methyllysine

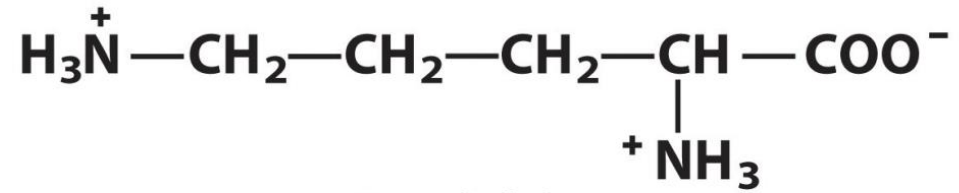
miosina



elastina

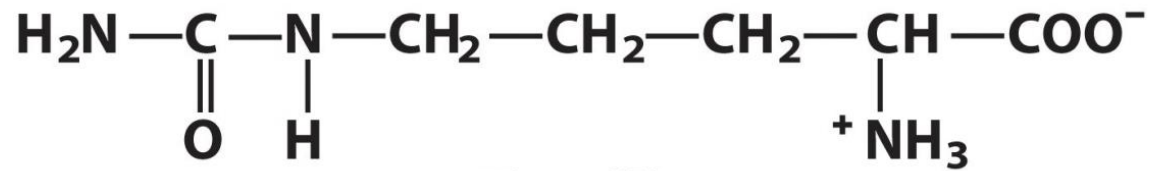
Deriva dall'unione di quattro residui di lisina ad un anello aromatico

AMMINOACIDI NON PROTEICI

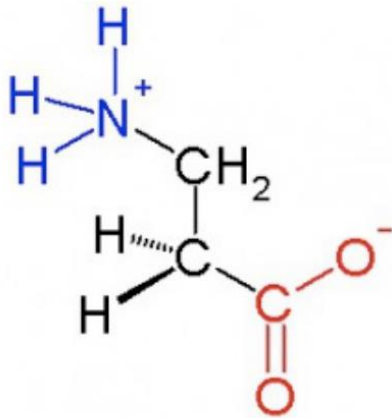


Ornithine

intermedi del ciclo
dell'urea



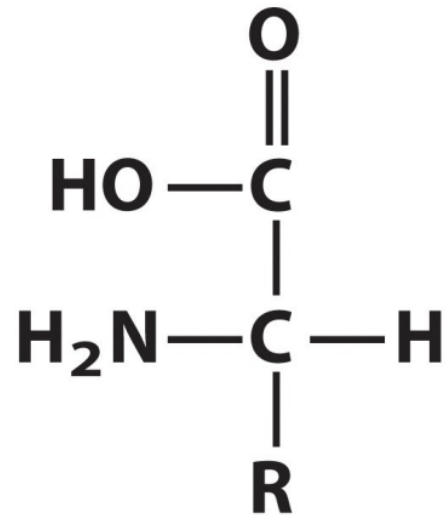
Citrulline



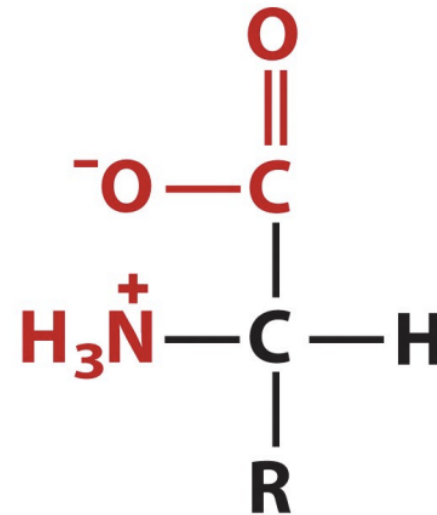
β -alanine

Componente dell'acido pantotenico

Tutti gli amminoacidi contengono almeno **due gruppi ionizzabili**, il gruppo carbossilico ed il gruppo amminico (α -imminico per la prolina). Questi gruppi sono acidi e basi deboli, quindi non completamente ionizzati. Per il fatto di possedere sia un gruppo acido che un gruppo basico gli amminoacidi sono definiti molecole **ANFOTERE**.

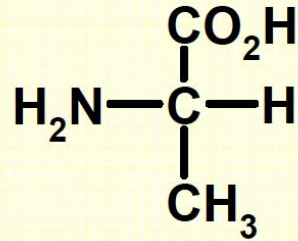


**Nonionic
form**

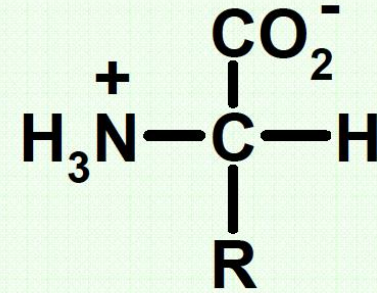


**Zwitterionic
form**

Gli α -aminoacidi naturali sono composti solidi cristallini, alto-fondenti, solubili in acqua



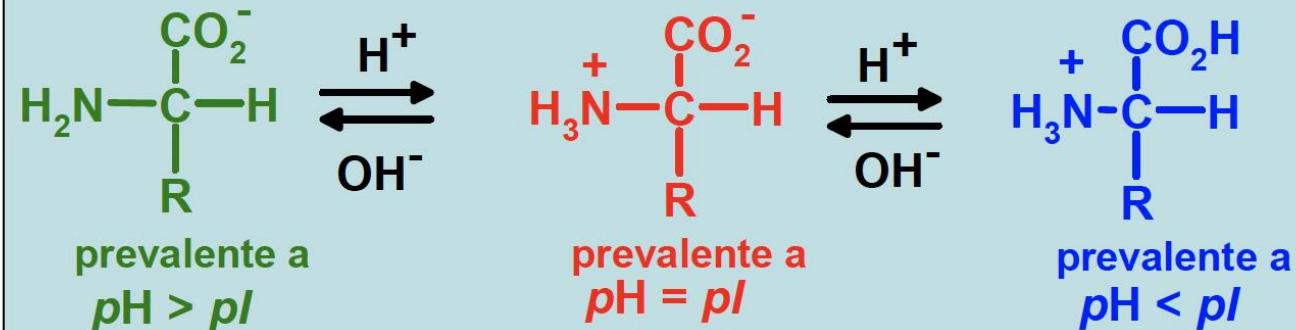
L'alanina NON E' MAI così



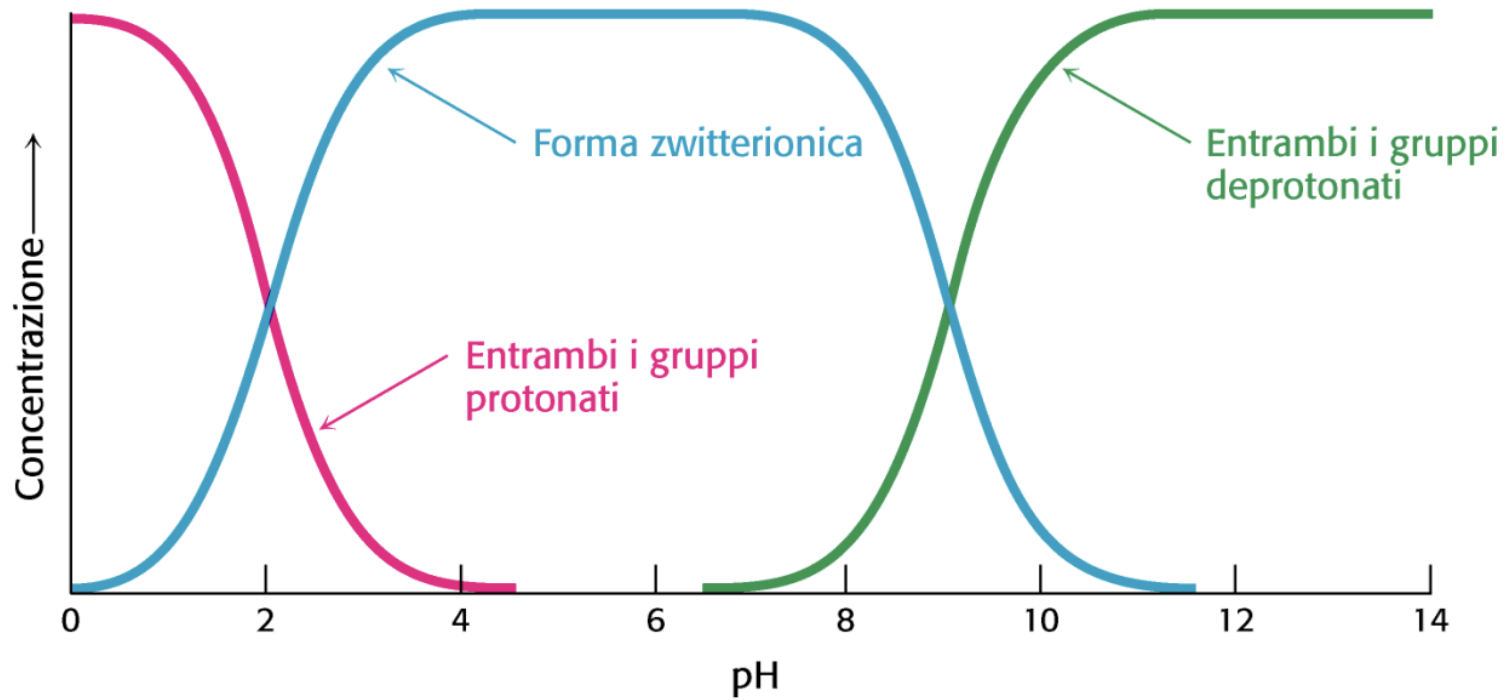
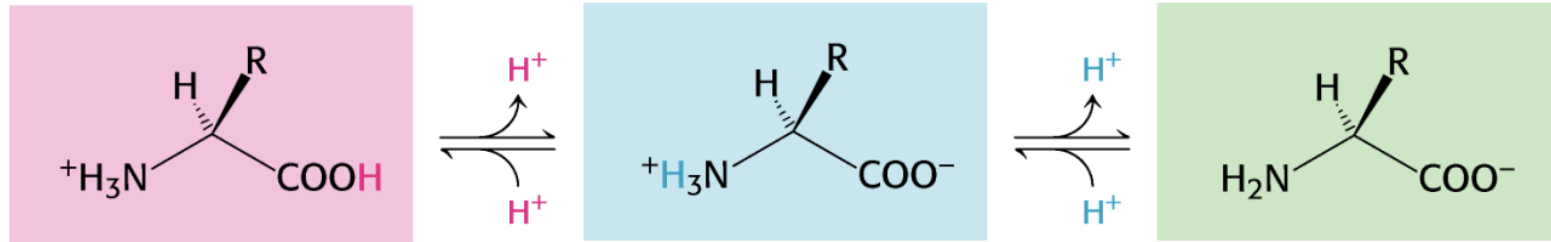
L'alanina è così allo stato solido e al punto isoelettrico

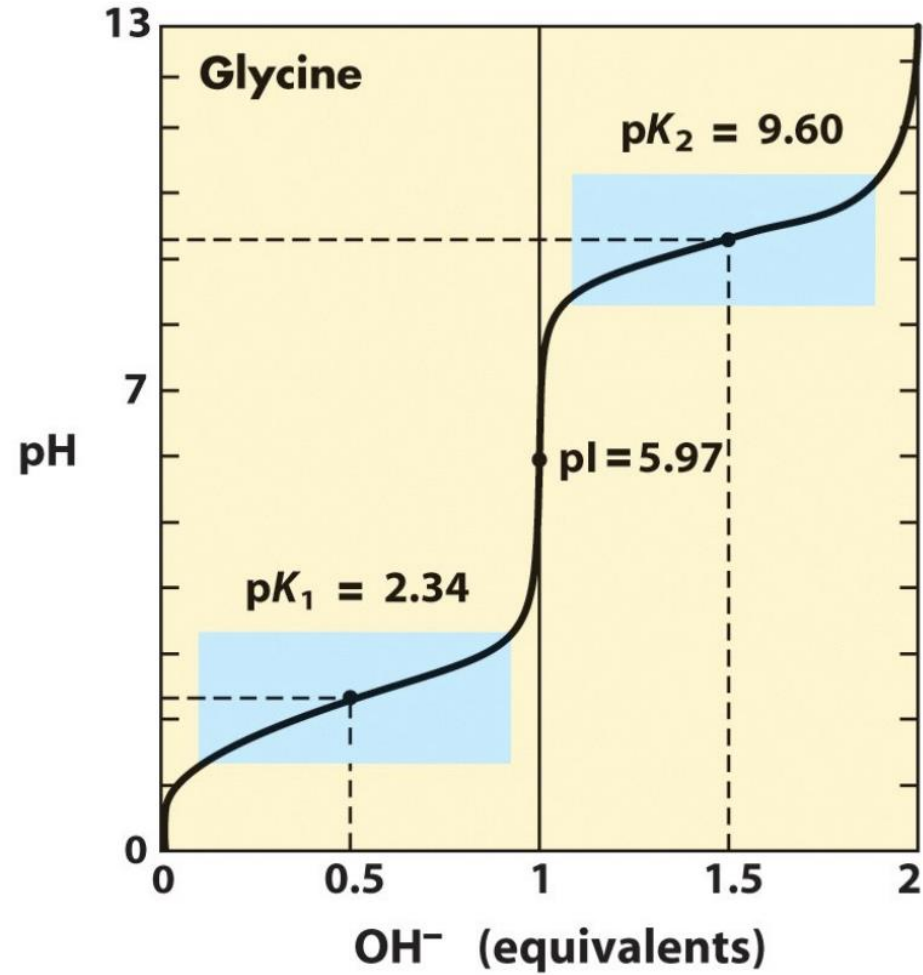
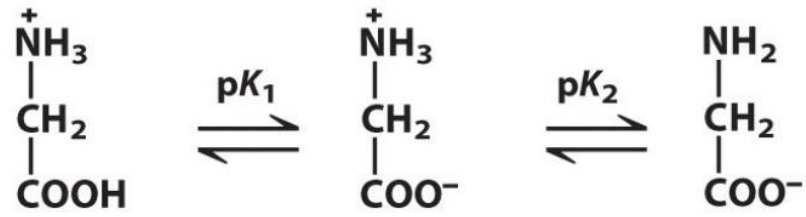
Si definisce **PUNTO ISOELETTRICO** quel valore di pH al quale l'amminoacido esiste in prevalenza come ione dipolare (complessivamente neutro). Al punto isoelettrico la concentrazione della forma cationica e di quella anionica sono uguali (e molto basse).

Per un amminoacido "neutro" il punto isoelettrico (che dipende soprattutto dai valori del pK_a di NH_3^+ e del pK_b di $-\text{CO}_2^-$) è attorno a 5.5-6.0.



STATO DI IONIZZAZIONE DI UN AA IN FUNZIONE DEL pH





Curva di titolazione della glicina

TABLE 3-1 Properties and Conventions Associated with the Common Amino Acids Found in Proteins

Amino acid	Abbreviation/ symbol	M_r	pK_a values		pK_R (R group)	pI	Hydropathy index*	Occurrence in proteins (%) [†]
			pK_1 (—COOH)	pK_2 (—NH ₃ ⁺)				
Nonpolar, aliphatic R groups								
Glycine	Gly G	75	2.34	9.60		5.97	-0.4	7.2
Alanine	Ala A	89	2.34	9.69		6.01	1.8	7.8
Proline	Pro P	115	1.99	10.96		6.48	1.6	5.2
Valine	Val V	117	2.32	9.62		5.97	4.2	6.6
Leucine	Leu L	131	2.36	9.60		5.98	3.8	9.1
Isoleucine	Ile I	131	2.36	9.68		6.02	4.5	5.3
Methionine	Met M	149	2.28	9.21		5.74	1.9	2.3
Aromatic R groups								
Phenylalanine	Phe F	165	1.83	9.13		5.48	2.8	3.9
Tyrosine	Tyr Y	181	2.20	9.11	10.07	5.66	-1.3	3.2
Tryptophan	Trp W	204	2.38	9.39		5.89	-0.9	1.4

*A scale combining hydrophobicity and hydrophilicity of R groups; it can be used to measure the tendency of an amino acid to seek an aqueous environment (- values) or a hydrophobic environment (+ values). See Chapter 11. From Kyte, J. & Doolittle, R.F. (1982) A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. *J. Mol. Biol.* **157**, 105-132.

[†]Average occurrence in more than 1,150 proteins. From Doolittle, R.F. (1989) Redundancies in protein sequences. In *Prediction of Protein Structure and the Principles of Protein Conformation* (Fasman, G.D., ed.), pp. 599-623, Plenum Press, New York.

TABLE 3-1 Properties and Conventions Associated with the Common Amino Acids Found in Proteins

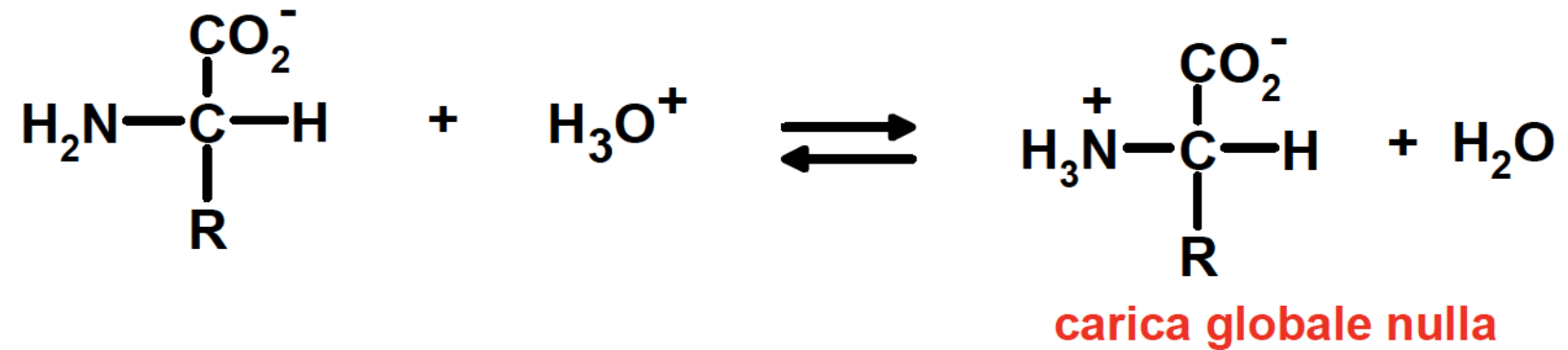
Amino acid	Abbreviation/ symbol	M_r	pK_a values		pK_R (R group)	pI	Hydropathy index*	Occurrence in proteins (%) [†]
			pK_1 (—COOH)	pK_2 (—NH ₃ ⁺)				
Polar, uncharged								
R groups								
Serine	Ser S	105	2.21	9.15		5.68	-0.8	6.8
Threonine	Thr T	119	2.11	9.62		5.87	-0.7	5.9
Cysteine	Cys C	121	1.96	10.28	8.18	5.07	2.5	1.9
Asparagine	Asn N	132	2.02	8.80		5.41	-3.5	4.3
Glutamine	Gln Q	146	2.17	9.13		5.65	-3.5	4.2
Positively charged								
R groups								
Lysine	Lys K	146	2.18	8.95	10.53	9.74	-3.9	5.9
Histidine	His H	155	1.82	9.17	6.00	7.59	-3.2	2.3
Arginine	Arg R	174	2.17	9.04	12.48	10.76	-4.5	5.1
Negatively charged								
R groups								
Aspartate	Asp D	133	1.88	9.60	3.65	2.77	-3.5	5.3
Glutamate	Glu E	147	2.19	9.67	4.25	3.22	-3.5	6.3

*A scale combining hydrophobicity and hydrophilicity of R groups; it can be used to measure the tendency of an amino acid to seek an aqueous environment (- values) or a hydrophobic environment (+ values). See Chapter 11. From Kyte, J. & Doolittle, R.F. (1982) A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. *J. Mol. Biol.* **157**, 105-132.

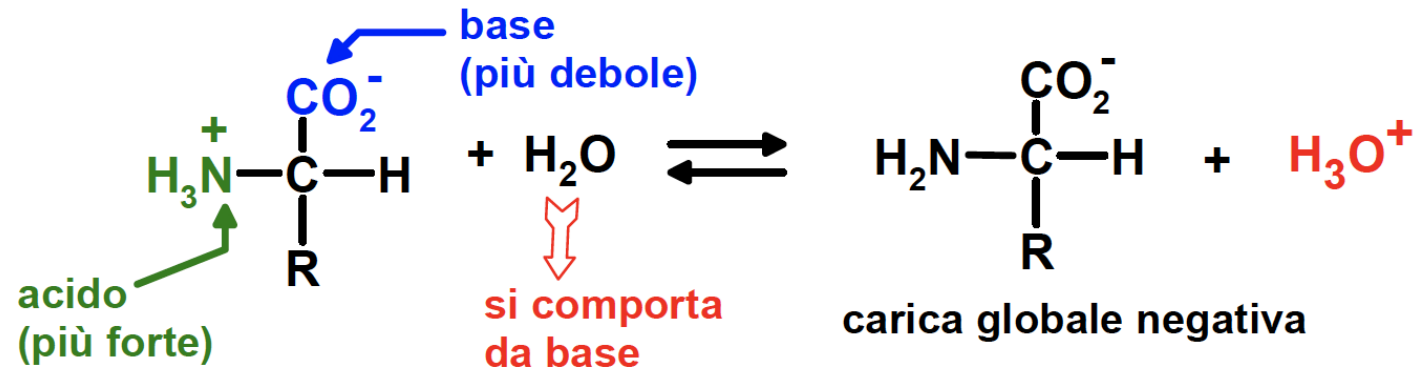
[†]Average occurrence in more than 1,150 proteins. From Doolittle, R.F. (1989) Redundancies in protein sequences. In *Prediction of Protein Structure and the Principles of Protein Conformation* (Fasman, G.D., ed.), pp. 599-623, Plenum Press, New York.

IN SOLUZIONE ACQUOSA LA STRUTTURA PREVALENTE DIPENDE DAL pH

➔ A pH 6 l'alanina ha una carica globale nulla.



A pH 7 in una soluzione di Alanina inizia a formarsi la forma anionica (= carica negativa inizia a prevalere)

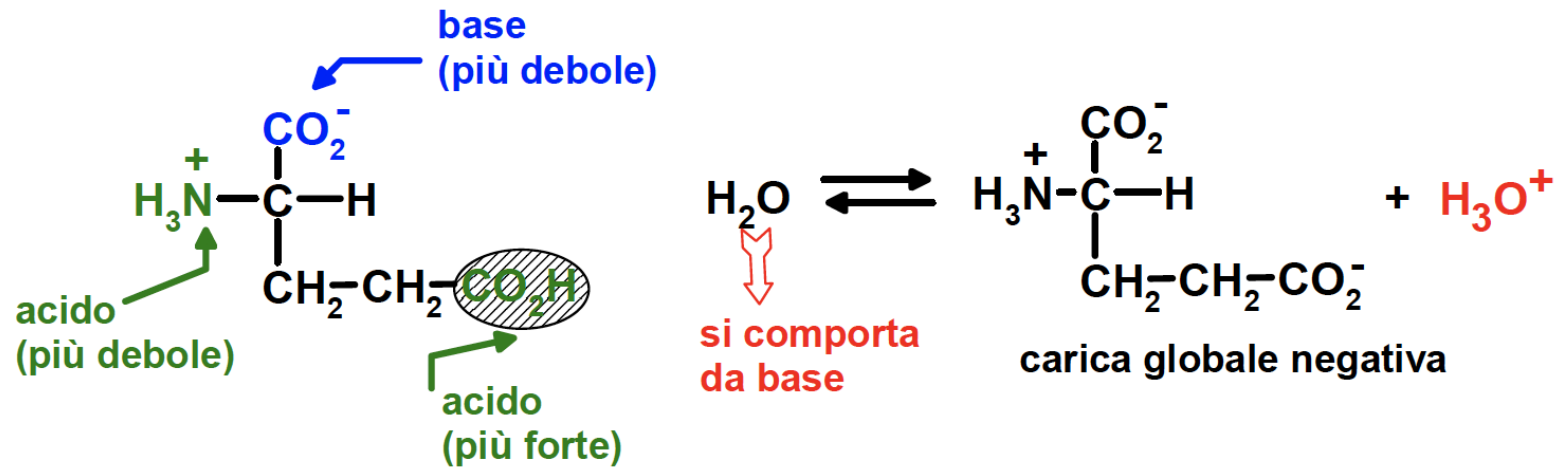


Per tornare allo ione dipolare bisogna aggiungere H₃O⁺

Come risultato della differenza di forza tra il centro acido ed il centro basico, **IN UNA SOLUZIONE ACQUOSA DI ALANINA** (amminoacido neutro non polare), l'amminoacido si deprotona (=globalmente anionico).

➔ Ogni aminoacido ha un punto isoelettrico diverso

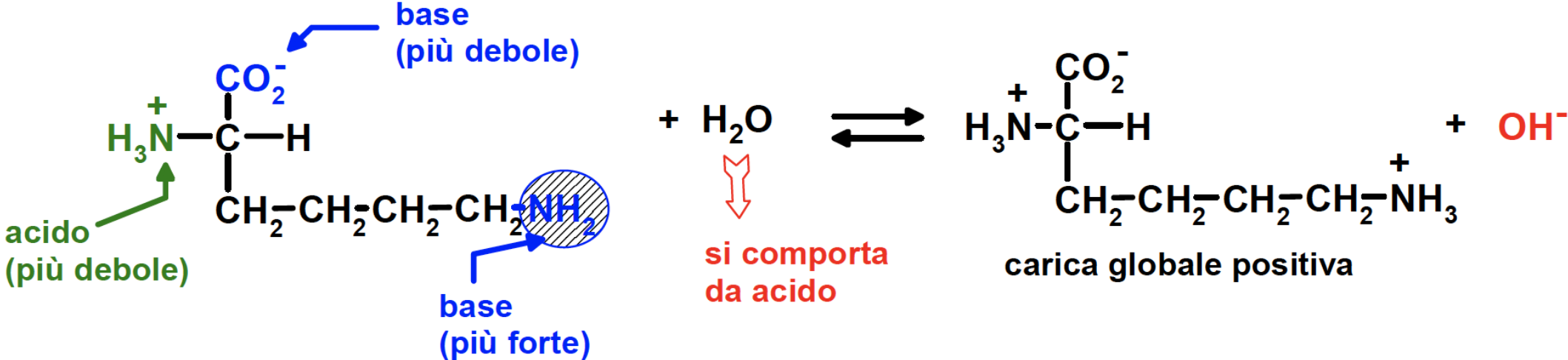
Una soluzione acquosa di un aminoacido "acido" è decisamente acida:



Per portare un aminoacido "acido" al punto isoelettrico E' NECESSARIA UNA CONCENTRAZIONE DI H_3O^+ MAGGIORE che per un aminoacido "neutro".

Il punto isoelettrico di aminoacidi "acidi" è ~ pH 3.

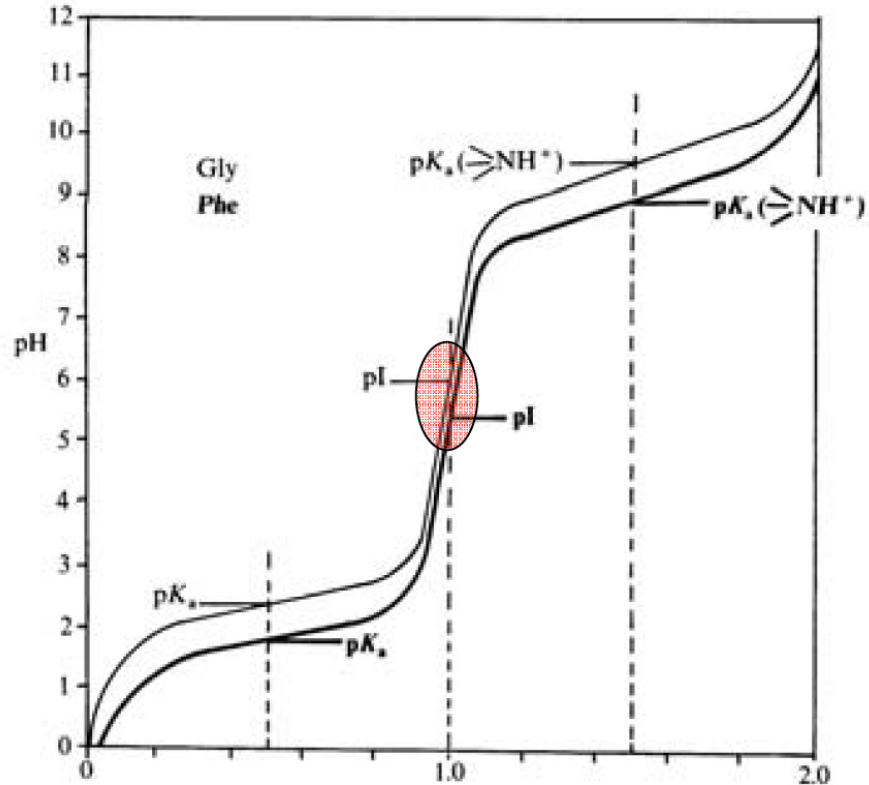
Una soluzione acquosa di un amminoacido "basico" è decisamente basica



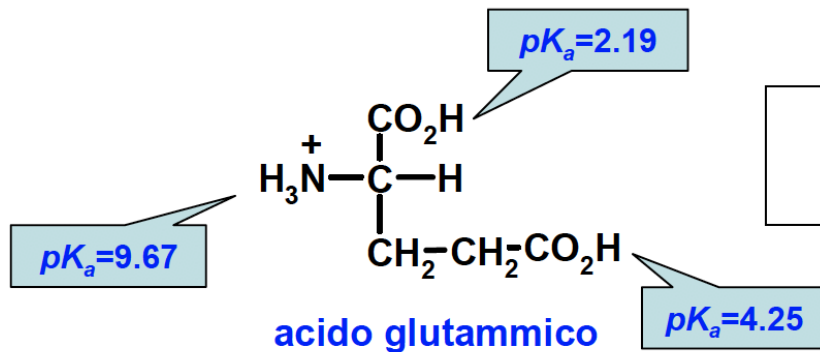
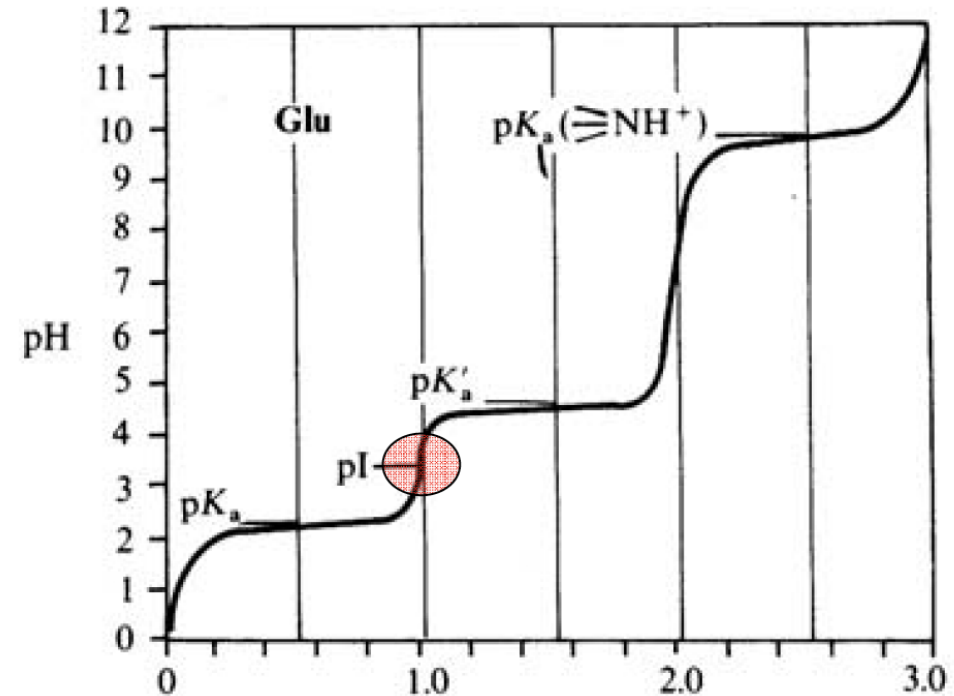
Per neutralizzare un amminoacido "basico" e portarlo al punto isoelettrico **BISOGNA AGGIUNGERE IONI OH⁻**.

Il punto isoelettrico di amminoacidi "basici" è nell'intervallo 9-10 di pH.

Confronto fra le curve di titolazione di glicina e fenilalanina

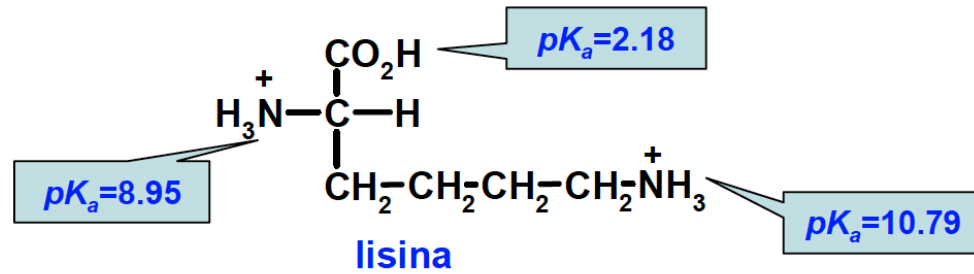
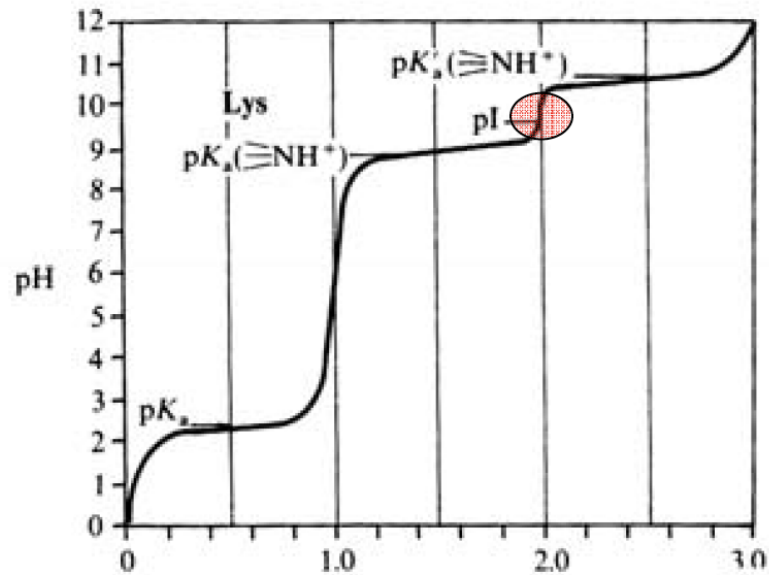


Curva di titolazione dell'acido glutammico (amminoacido "acido")

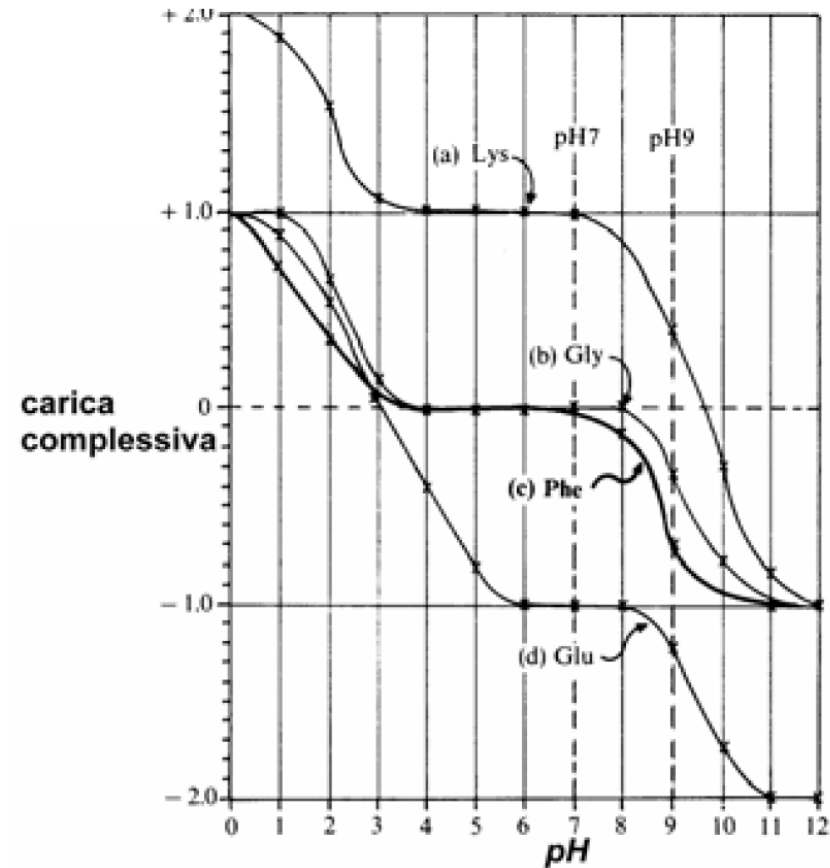


$$pI = \frac{pK_{a1} + pK_{a2}}{2} = \frac{2.19 + 4.25}{2} = \frac{6.44}{2} = 3.22$$

Curva di titolazione della lisina
(amminoacido "basico")



$$\begin{aligned}
 pI &= \frac{pK_{a2} + pK_{a3}}{2} = \frac{8.95 + 10.79}{2} \\
 &= \frac{19.74}{2} = 9.87
 \end{aligned}$$



E' significativo confrontare la carica complessiva dei quattro amminoacidi a pH diversi

Amminoacidi essenziali: non possono essere sintetizzati *in vivo* e devono quindi essere assunti con gli alimenti (proteine)

Sono essenziali per l'uomo:

- Valina
- Isoleucina
- Leucina
- Metionina
- Fenilalanina
- Triptofano
- Treonina
- Lisina

Ogni amminoacido è un reagente limitante: quando uno di essi viene a mancare la sintesi di qualsiasi proteina viene interrotta anche se sono presenti quantità abbondanti di tutti gli altri amminoacidi

Alimenti ricchi di AA essenziali:

Proteine di origine animale (carne, pesce, uova latte, formaggi)

Alimenti poveri di (o carenti di uno o più) AA essenziali:

Proteine di origine vegetale

Es: le proteine di farina di mais
sono povere di lisina e triptofano

le proteine di farina di riso
sono povere di lisina e treonina

le proteine di farina di grano
sono povere di lisina

le proteine di farina di soia
sono povere di metionina

Apporto giornaliero ottimale di proteine per un adulto:
circa 1g di proteine/Kg di peso corporeo