



DAFTAR ISI

| | |
|--|--------------|
| KATA PENGANTAR | v |
| DAFTAR ISI | vii |
| DAFTAR GAMBAR | xiii |
| DAFTAR TABEL | xxvii |
| BAB 1 ASAM AMINO | 1 |
| 1.1 Pengantar | 1 |
| 1.2 Protein Merupakan Rantai Polipeptida | 3 |
| 1.3 Kode Genetik Menentukan 20 Macam Rantai Samping Asam Amino | 5 |
| 1.4 Sistein Dapat Membentuk Jembatan Disulfida | 13 |
| 1.5 Unit-unit Peptida adalah Penyusun Struktur Protein | 15 |
| 1.6 Residu Glisin Dapat Membentuk Berbagai Macam Konformasi | 17 |
| 1.7 Konformasi Rantai Samping Tertentu Disukai Secara Energitika | 20 |
| 1.8 Banyak Protein yang Mengandung Atom Logam Intrinsik | 21 |
| BAB 2 IKATAN PEPTIDA | 25 |
| 2.1 Pendahuluan | 25 |
| 2.2 Tulang Punggung Polipeptida | 28 |
| 2.3 Rantai Samping Asam Amino | 30 |



DAFTAR ISI

| | |
|--|-----------|
| KATA PENGANTAR | v |
| DAFTAR ISI | vii |
| DAFTAR GAMBAR | xiii |
| DAFTAR TABEL | xxvii |
| BAB 1 ASAM AMINO | 1 |
| 1.1 Pengantar | 1 |
| 1.2 Protein Merupakan Rantai Polipeptida | 3 |
| 1.3 Kode Genetik Menentukan 20 Macam Rantai Samping Asam Amino | 5 |
| 1.4 Sistein Dapat Membentuk Jembatan Disulfida | 13 |
| 1.5 Unit-unit Peptida adalah Penyusun Struktur Protein | 15 |
| 1.6 Residu Glisin Dapat Membentuk Berbagai Macam Konformasi | 17 |
| 1.7 Konformasi Rantai Samping Tertentu Disukai Secara Energitika | 20 |
| 1.8 Banyak Protein yang Mengandung Atom Logam Intrinsik | 21 |
| BAB 2 IKATAN PEPTIDA | 25 |
| 2.1 Pendahuluan | 25 |
| 2.2 Tulang Punggung Polipeptida | 28 |
| 2.3 Rantai Samping Asam Amino | 30 |

| | | |
|--------------|---|------------|
| 2.4 | Penentuan Struktur Kovalen Protein | 53 |
| 2.5 | Sifat Urutan Asam Amino | 80 |
| 2.6 | Sintesis Peptida | 81 |
| BAB 3 | SIFAT ASAM AMINO DAN METABOLISME | 91 |
| | NITROGEN | |
| 3.1 | Pengantar | 91 |
| 3.2 | Sifat Asam-Basa dari Asam Amino | 92 |
| 3.3 | Analisis Asam Amino | 103 |
| 3.4 | Ikatan Peptida | 105 |
| 3.5 | Reaksi Sistein | 106 |
| 3.6 | Sintesis dan Sumber Asam Amino Berasal dari Makanan | 108 |
| 3.7 | Pencernaan Protein | 118 |
| 3.8 | Katabolisme Asam Amino | 125 |
| 3.9 | Pembuangan Kelebihan Nitrogen | 128 |
| 3.10 | Metabolisme Pirimidin dan Purin | 134 |
| 3.11 | Metabolisme Senyawa C_1 | 148 |
| 3.12 | Metabolisme Porfirin | 153 |
| BAB 4 | MOTIF STRUKTUR PENYUSUN PROTEIN | 161 |
| 4.1 | Pengantar | 161 |
| 4.2 | Interior Protein Bersifat Hidrofob | 162 |
| 4.3 | Alpha (α) Heliks adalah Elemen Penting dari Struktur Sekunder | 164 |
| 4.4 | α -Heliks Memiliki Momen Dipol | 167 |
| 4.5 | Beberapa Asam Amino Lebih Disukai dalam α -Heliks | 168 |
| 4.6 | Beta (β) Sheet Biasanya Memiliki Untai β yang Paralel atau Antiparalel | 170 |
| 4.7 | Daerah Loop Berada di Permukaan Molekul Protein | 174 |
| 4.8 | Gambaran Skematik Struktur Sekunder Protein | 176 |
| 4.9 | Diagram Topologi Berguna untuk Klasifikasi Struktur Protein | 179 |
| 4.10 | Elemen Struktur Sekunder Dihubungkan untuk Membentuk Motif Sederhana | 180 |

| | | |
|--------------|---|------------|
| 4.11 | Motif Hairpin B Sering Muncul dalam Struktur Protein | 185 |
| 4.12 | Motif Kunci Yunani Ditemukan dalam B-Sheet Antiparalel | 186 |
| 4.13 | Motif B- α -B Terdiri Atas Dua Untai B Paralel | 188 |
| 4.14 | Molekul Protein Diorganisasikan dalam Hierarki Struktur | 190 |
| 4.15 | Rantai Polipeptida Besar Melipat Menjadi Beberapa Domain | 191 |
| 4.16 | Domain Dibangun dari Motif Struktur | 192 |
| 4.17 | Motif Sederhana Bergabung Membentuk Motif Kompleks | 193 |
| 4.18 | Struktur Protein Bisa Dibagi ke dalam Tiga Kelompok Utama | 195 |
| BAB 5 | PELIPATAN STRUKTUR PROTEIN | 199 |
| 5.1 | Pengantar | 199 |
| 5.2 | Pemurnian dan Karakterisasi Protein | 200 |
| 5.3 | Pelipatan Protein | 209 |
| 5.4 | Struktur Protein | 214 |
| 5.5 | Metode Penentuan Struktur Protein | 225 |
| BAB 6 | ASPEK-ASPEK DALAM BIOSINTESIS PROTEIN | 233 |
| 6.1 | Aspek-aspek Penting pada Sintesis Protein | 233 |
| 6.2 | Modifikasi Kovalen Polipeptida | 241 |
| 6.3 | Topogenesis | 259 |
| 6.4 | Biosintesis Peptida yang Tak Biasa | 262 |
| BAB 7 | REKAYASA STRUKTUR PROTEIN DAN APLIKASINYA | 267 |
| 7.1 | Pengantar | 267 |
| 7.2 | Protein Homolog Memiliki Struktur dan Fungsi Serupa | 268 |
| 7.3 | Protein Homolog Mempertahankan Inti Struktur dan Variabel Daerah Loop | 270 |
| 7.4 | Pengetahuan Mengenai Struktur Sekunder Diperlukan untuk Prediksi Struktur Tertier | 273 |

| | | |
|------|--|-----|
| 7.5 | Metode Prediksi Menggunakan Struktur Sekunder dari Jajaran Protein Homolog | 274 |
| 7.6 | Banyak Urutan Asam Amino Berbeda Membentuk Struktur Tiga Dimensi yang Serupa | 276 |
| 7.7 | Prediksi Struktur Protein dari Urutan Adalah Masalah Tak Terpecahkan | 277 |
| 7.8 | Metode <i>Threading</i> Bisa Menentukan Urutan Asam Amino Kepada Lipatan Tiga Dimensi yang Diketahui | 278 |
| 7.9 | Protein Bisa Dibuat Lebih Stabil Melalui Rekayasa | 281 |
| 7.10 | Jembatan Disulfida Meningkatkan Stabilitas Protein | 281 |
| 7.11 | Glisin dan Prolin Memiliki Efek Berlawanan pada Stabilitas | 284 |
| 7.12 | Menstabilkan Dipol-Dipol pada α -Heliks Meningkatkan Stabilitas | 285 |
| 7.13 | Mutan yang Mengisi Celah dalam Inti Hidrofob Tidak Menstabilkan Lisozim T4 | 287 |
| 7.14 | Protein Dapat Direkayasa dengan Metode Kombinasi | 288 |
| 7.15 | Phage Display Menghubungkan Pustaka Protein dengan DNA | 290 |
| 7.16 | Afinitas dan Spesifisitas Inhibitor Proteinase Bisa Dioptimalisasi oleh Phage Display | 292 |
| 7.17 | Lipatan Struktur Bisa Dikurangi Ukurannya dengan Fungsi Tetap Sama | 295 |
| 7.18 | Phage Display Pustaka Peptida Acak Mengidentifikasi Agonis Reseptor Eritropoietin | 297 |
| 7.19 | DNA Shuffling Memungkinkan Percepatan Evolusi Gen | 300 |
| 7.20 | Struktur Protein Dapat Dirancang dari Prinsip Pertama | 302 |
| 7.21 | Suatu Struktur B Telah Diubah Menjadi Struktur A Hanya dengan Mengubah Setengah Urutannya | 305 |

| | | |
|--------------|--|------------|
| BAB 8 | PENENTUAN STRUKTUR MOLEKUL PROTEIN | 311 |
| 8.1 | Beberapa Macam Teknik Digunakan untuk Mempelajari Struktur Molekul Protein | 311 |
| 8.2 | Kristal Protein Sulit untuk Tumbuh | 312 |
| 8.3 | Sumber Sinar-X Bisa Monokromatik atau Polikromatik | 316 |
| 8.4 | Data Sinar-X Direkam pada Plat Gambar atau oleh Detektor Elektronik | 318 |
| 8.5 | Aturan untuk Difraksi Diberikan oleh Hukum Bragg | 319 |
| 8.6 | Penentuan Fasa adalah Masalah Utama Kristalografi | 321 |
| 8.7 | Informasi Fasa Juga Bisa Diperoleh dengan Eksperimen <i>Multiwavelength Anomalous Diffraction</i> | 324 |
| 8.8 | Membangun Suatu Model Melibatkan Interpretasi Data yang Subjektif | 326 |
| 8.9 | Error dalam Model Awal Dihilangkan oleh Perbaikan | 328 |
| 8.10 | Kelebihan Teknologi Masa Kini Telah Sangat Mempengaruhi Kristalografi Protein | 329 |
| 8.11 | Difraksi Sinar-X Bisa Digunakan untuk Mempelajari Struktur Serat Sama Seperti Kristal | 331 |
| 8.12 | Struktur Biopolymer Bisa Dipelajari dengan Menggunakan Difraksi Serat | 334 |
| 8.13 | Metode NMR Menggunakan Sifat-sifat Magnet Inti Atom | 335 |
| 8.14 | Spektra NMR Dua Dimensi Protein Diinterpretasikan oleh Metode Penentuan Selanjutnya | 339 |
| 8.15 | Kecocokan Jarak Digunakan untuk Menurunkan Kemungkinan Struktur Suatu Molekul Protein | 341 |
| 8.16 | Penelitian Biokimia dan Struktur Molekul Memberikan Informasi Fungsi Komplementer | 344 |
| | CONTOH-CONTOH SOAL | 347 |
| | DAFTAR PUSTAKA | 385 |