

Universidad del Sureste

Cuadro Sinoptico de las proteínas.

Nombre del alumno: Diana Francisca Briones Ramirez

Catedratico: Yeny Karen Carales Hernandez

Taacahula, Chiapas

Proteínas

Estructura Primaria

La estructura primaria viene determinada por la secuencia de AA en la cadena proteica. Es decir el número de AA presentes y el orden en que están en los péptidos. Los azúcares de estructura a nivel primario son prácticamente limitados. Como en casi todos los péptidos en la 2ª AA diferentes, el número de estructuras posibles aumenta por los aminoácidos.

Generalmente el número de AA que forman un péptido oscila entre 50 y 300. Los enlaces peptídicos en la estructura primaria de un péptido son covalentes: son los enlaces peptídicos. El enlace peptídico es un enlace amido que se forma entre el grupo carbonilo de una AA con el grupo amino de otro, con eliminación de un molécula de agua.

Estructura Secundaria

La estructura secundaria de los péptidos o proteínas es el orden espacial de esqueleto proteico. Gracias a la formación de enlaces de hidrógeno entre los átomos que forman el esqueleto proteico, es decir, un tipo de enlace covalente, sin hacer referencia a la cadena lateral. Ej. Si son diferentes tipos de estructura secundaria, ordenado y desordenado.

Estructura ordenada. Ordenado (repetitivos donde se encuentran los enlaces alfa y cadenas beta) y no repetitivos donde se encuentran los giros beta y combata beta. Estructura secundaria no ordenada y estructura secundaria ordenada.

Estructura Terciaria

Esta es el modo de cada polipeptido. Se pliega en el espacio al caer, como se enrolla una determinada proteína ya sea globular o fibrosa. Es la disposición de los dominios en el espacio.

Esto ocurre por estabilización por interacciones hidrocarbónicas de fuerzas de van der Waals y de puentes de hidrógeno covalentes, entre otros. Conviene tener presente los enlaces covalentes y los puentes de hidrógeno.

La estructura terciaria se realiza de manera que los aminoácidos apolares se sitúan hacia el interior y los polares hacia el exterior.

Proteínas

Estructuras
Sudoroso
Fuerza

La estructura ceterminase se forma mediante la unión de enlaces débiles de varias cadenas polipeptídicas con estructura terciaria para formar un complejo proteico. Cada una de estas cadenas polipeptídicas recibe el nombre de protofibrila.

En cambio los niveles de la estructura de las proteínas puede tener forma más compacta que lo normal, como de la gama de proteínas oligoméricas de esas proteínas que constan con más de una cadena polipeptídica en la cual algunas puede existir un composición más o menos.

Funciones de las proteínas

Las proteínas determinan la forma y la estructura de las células y dirigen casi todos los procesos vitales. Las funciones de las proteínas son específicas de cada una de ellas y permiten a las células mantener su integridad.

Todas las proteínas realizan su función de la misma manera; por lo tanto selecciona a moléculas las proteínas estructurales se encargan a otras moléculas de la misma manera para organizar una estructura mayor.

Síntesis

Se conoce como síntesis de proteínas al proceso por el cual se componen nuevas proteínas a partir de los 20 aminoácidos esenciales. En este proceso se transcribe el ADN en ARN. La síntesis de proteínas se realiza en los ribosomas situados en el citoplasma celular.

En el proceso de síntesis los aminoácidos son transportados por ARN de transferencia. Este proceso depende para examinar el aminoácido sobre el ARN mensajero donde se unen en la posición adecuada para formar las nuevas proteínas.

Funciones de globulinas

Las globulinas son un grupo de proteínas de la sangre. Las globulinas juegan un papel importante en el funcionamiento del sistema de coagulación de la sangre y el combate contra infecciones.

Las globulinas se usan para diagnosticar enfermedades. Ejemplos: Enfermedad de la hepatitis, Enfermedad de los riñones, Problemas nutricionales, Enfermedades del sistema inmunológico, Ciertos tipos de cáncer.

Bibliografia:

ABDOU, A. How to spot a protein in a crowd, Nature 402, pages 716-720.

ALM, E. & Baker D. Prediction of protein-folding mechanisms from free-energy landscapes derived from native structures, Proc Natl

Acad Sci USA 96, 1999, pages 11305-11310

Anderson, N.G & Anderson, N.I. Twenty years of two-dimensional electrophoresis 17, 1996 pages 443-453.

Bauman, S. Biochemical Genomics, 1999.

Chothia C. One thousand families for the molecular biologist

Nature 357, 1992 pages 543-544.